

不同林龄杉木根际与非根际土壤微生物群落特征

郭文, 高李文, 彭紫薇, 韦明倩, 王玉哲, 胡亚林, 刘先

(福建农林大学 林学院, 福州 350002)

摘要:为探究中亚热带杉木土壤微生物群落随林龄变化特征,以中亚热带 7, 24, 34 a 生杉木人工林为研究对象,采用磷脂脂肪酸(PLFA)法分析其根际和非根际土壤微生物数量和群落结构及驱动土壤微生物变化的主要土壤环境因子。结果表明:随着杉木林龄的增长,非根际土壤各类微生物数量不断减少,根际土壤微生物数量不断增加,34 a 生杉木人工林细菌含量、革兰氏阴性菌含量、Cy : MONO 根际土壤显著高于非根际土壤,而其他各类微生物在根际和非根际土壤间均没有显著差异。相关分析和冗余分析结果表明:土壤环境因子对杉木土壤微生物群落有显著影响,其中有效磷和铵态氮含量对土壤微生物群落的影响较大,有效磷含量与土壤微生物群落呈正相关,土壤铵态氮含量与其呈负相关。因此,在杉木人工林管理过程中,可适当增加磷的输入,以增加土壤微生物数量,提高土壤质量,促进杉木的生长。

关键词:杉木; 根际与非根际土壤; 磷脂脂肪酸; 微生物群落

中图分类号:S714.3

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2022)06-0260-08

Characteristics of Microbial Community in Rhizosphere and Non-Rhizosphere Soil of *Cunninghamia Lanceolata* Plantation with Different Stand Ages

GUO Wen, GAO Liwen, PENG Ziwei, WEI Mingqian, WANG Yuzhe, HU Yalin, LIU Xian

(College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China)

Abstract: In order to explore the characteristics of the soil microbial communities of *Cunninghamia lanceolata* with forest stand age, in this study, *Cunninghamia lanceolata* plantation of various ages (7, 24, 34 years) were selected in the middle subtropics. Phospholipid fatty acid (PLFA) method was used to analyse the number and community structure of rhizosphere and non-rhizosphere soil microorganisms and the main soil environmental factors driving the changes of soil microbiome. The results showed that: With the increase of the age of the *Cunninghamia lanceolata* plantation, the number of microorganisms in non-rhizosphere soil decreased and increased. The contents of bacteria, Gram-negative bacteria and Cy : MONO in 34-year-old *Cunninghamia lanceolata* plantation were significantly higher than those in non-rhizosphere soil, but there was no significant difference in other microbiome between rhizosphere and non-rhizosphere soil. The results of redundancy analysis (RDA) showed that soil environmental factors had significant effects on the soil microbial community of *Cunninghamia lanceolata*, in which the contents of available phosphorus and ammonium nitrogen had great influence on soil microbial community, and the content of available phosphorus was positively correlated with soil microbial community. The content of soil ammonium nitrogen was negatively correlated with it. Therefore, in the process of Chinese fir plantation management, the input of phosphorus can be appropriately increased to increase the number of soil microorganisms, improve soil quality and promote the growth of *Cunninghamia lanceolata*.

Keywords: *Cunninghamia lanceolata*; Rhizosphere and non-rhizosphere soil; phospholipid fatty acid (PLFA); soil microbial community

收稿日期:2021-09-04

修回日期:2021-09-22

资助项目:国家自然科学基金(U1805243, 31700378)

第一作者:郭文(1995—),男,江西宜春人,硕士研究生,研究方向为森林理水与保土功能。E-mail:wenll20@163.com

通信作者:刘先(1985—),女,天津人,博士,讲师,主要从事土壤微生物生态学研究。E-mail:xianliu@fafu.edu.cn

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,其参与有机质分解、养分循环和能量流动等生态过程,在维护生态系统的养分平衡中起着重要的作用^[1-2]。土壤微生物不仅是土壤有效养分转化的动力,并且其本身也是土壤有效养分的供源和储源^[3],其数量和组成对土壤环境变化具有高敏感性,能够对土壤环境变化快速做出改变,可以综合反映土壤质量和肥力在不同时间及不同环境内的变化情况^[4-5]。同时,土壤微生物群落结构还可以反映土壤生态系统的稳定性,能够很好地指示在人工林经营管理过程中土壤生态功能的变化^[6]。

土壤微生物群落受植被类型^[7]、气候^[8]、土壤环境状况等^[9]因子的影响,这些因子相互作用共同影响土壤微生物数量和群落组成。同时,在人工林林分发育过程中,林内凋落物输入量、根系活力和微气候随林龄变化发生显著变化,从而使土壤微生物数量和群落组成在不同林龄间产生较大差异^[10]。根际作为植物与外界进行物质和能量交换的主要场所,是土壤微生物活动最频繁的区域^[11-12]。植物根系通过分泌各类有机物质来影响根际环境内的土壤性质^[13],从而影响微生物在根际土壤中的数量和组成。使得不同林龄林木间根际和非根际土壤间微生物含量及组成产生较大差异。根际和非根际土壤微生物群落的差异使根际有效养分含量发生变化,直接影响林木的生长。因此,探究不同林龄根际和非根际土壤微生物含量及组成对了解林木生长发育过程中土壤质量变化具有重要意义。

杉木(*Cunninghamia lanceolata*)是我国南方重要的速生用材树种,种植面积广泛,在我国南方林业生产中占有重要的地位^[14],然而,随着杉木人工林面积的增加及长期的纯林经营及连栽等不良的经营措施,杉木人工林出现土壤理化性质恶化、养分循环失调、土壤地力衰退等问题^[15-16],已经严重制约了杉木人工林的可持续性经营。磷脂脂肪酸(PLFA)在自然生理条件下相对恒定,许多 PLFA 可以作为微生物群落结构的生物标记物^[17]。本文采用 PLFA 技术分析不同林龄杉木根际非根际土壤微生物群落特征,探究土壤微生物群落随林龄的变化特征和影响因子,以及不同林龄根际和非根际土壤微生物群落的差异。以期中亚热带杉木人工林可持续性经营和维持其土壤肥力提供科学依据,以实现更大的效益和价值。

1 材料与方法

1.1 研究区与样地概况

试验区位于福建省中北部福建农林大学西芹教学林场,地理位置大致为北纬 26°34′15″,东经 118°05′41″,地

处南方低山丘陵区,海拔 180~200 m,坡度为 25°左右。属中亚热带季风气候,年均温为 17.3℃,年降水量为 1 817 mm。本试验区土壤为黄红壤,土体含有少许石砾。主要林下植被主要有粗叶榕(*Ficus hirta* Vahl)、半边旗(*Pteris semipinnata* L)、狗脊蕨(*Woodwardia japonica*)、铁芒萁(*Dicranopteris linearis*)、海金沙(*Lygodium japonicum*)、荩草(*Arthraxon hispidus*)等。

在研究区内选取位置相近,立地条件基本一致的 3 个不同林龄(7,24,34 a)杉木人工林作为研究对象。在每个林龄杉木人工林分别设置 4 个 20 m×20 m 的样方,各样地间隔大于 50 m,对样地基本情况进行调查,杉木不同林龄人工林样地基本概况见表 1。

表 1 不同林龄杉木人工林基本概况

林龄/a	胸径/cm	树高/m	密度/hm ²	郁闭度	坡向	坡度/(°)
7	10.5±0.25	6.1±0.18	2850	0.6	东南	29
24	24.2±0.38	15.4±0.11	1594	0.8	南	25
34	27.9±0.57	16.1±0.10	1148	0.8	南	25

1.2 土壤采样与处理

2019 年 8 月,根据样地基本情况,在每块样地选取 3 棵生长状况一致的杉木作为标准木,采集根际和非根际土壤样品。根际土壤采用 Riley 等^[18]的抖落法收集,先去除标准木地表凋落物及残留覆盖物,在基部顺着根系挖取细根,去除块不含根系的土壤,抖落粘附在根系表面的土壤作为根际土(Rhizosphere, R),混匀并装入自封袋内,共 12 个根际土壤样品;同时在标准木树冠投影范围外,沿 S 型选取 5 个取样点采集 0—20 cm 土壤样品作为非根际土(Non-rhizosphere, S),将各取样点土壤混匀,共 12 个非根际土壤样品,将采集后的土壤样品密封低温保存并迅速带回实验室。采集的土壤样品过 2 mm 筛,去除石块、根系以及土壤动植物,一部分土壤自然风干,研磨后用于土壤理化性质分析;另一部分置于-80℃冰箱中保存用于土壤微生物 PLFA 测定。

1.3 土壤理化性质和微生物 PLFA 分析

土壤 pH 值用电极 pH 计测定(雷磁 PHS25,中国),水土比 2.5:1;土壤含水量用烘干法测定;土壤全碳全氮采用元素分析仪(vario ISOTOPE cube,德国)测定;土壤全磷用酸溶-钼锑抗比色法测定;土壤速效磷采用 NaHCO₃浸提-钼锑抗比色法^[19]测定;土壤铵态氮(NH₄⁺-N)、硝态氮(NO₃⁻-N)用 2 mol/L KCl 溶液浸提土壤后,用全自动间断分析仪(Smart Chem 200,意大利)测定;土壤可溶性有机碳采用总有机碳分析仪(TOC-VCPH/CPN,日本)测定;土壤可溶性有机氮用可溶性全氮(DTN)和可溶性无机氮(NO₃⁺-N 与 NH₄⁺-N 之和)含量相减而得。

土壤微生物群落测定根据 White 等^[20]的方法,将 3 g 冷冻干燥土壤加入土壤提取液(柠檬酸缓冲液:甲醇:氯仿=0.8:1:2)中浸提,用氮气吹干后溶于氯仿并利用 SPE-Si 柱进行纯化,纯化后加入甲醇

甲苯混合液和 KOH-甲醇溶液甲酯化,氮气吹干后用正己烷作为内标,上机用 GC-MS 分析仪进行分析,测定各磷脂脂肪酸含量,根据表 2 生物标记物表征各微生物群落。

表 2 检测土壤微生物群落磷脂脂肪酸标记物

微生物群落	磷脂脂肪酸标记物
细菌	14:0,i15:0,i15:0,a15:0,i16:0,i16:0,i17:0,a17:0,i18:0,i16:1ω7c,cy17:0,i18:1ω7c,cy19:0
真菌	18:1ω9c,i18:2ω6c
丛枝菌根真菌	16:1ω5c
放线菌	10Me16:0,i10Me17:1ω7c,i10Me18:1ω7c
革兰氏阳性菌	i15:0,a15:0,i16:0,i17:0,a17:0
革兰氏阴性菌	16:1ω7c,cy17:0,i18:1ω7c,cy19:0
饱和脂肪酸	14:0,i15:0,i16:0,i18:0
支链饱和脂肪酸	i15:0,a15:0,i16:0,i17:0,a17:0
单烯不饱和脂肪酸	16:1ω7c,i18:1ω7c
环丙烷脂肪酸	cy17:0,cy19:0

1.4 数据处理

采用 SPSS 22.0 进行双因素方差分析,来检验林龄、根际及其交互作用对土壤理化性质和微生物群落特征的影响,事后检验采用最小显著性差异法(Least-significant difference,LSD)法,考虑到森林土壤的异质性和重复样品数,显著性水平设为 $p<0.1$ 。土壤微生物群落特征与土壤理化性质和养分的相关关系用 Pearson 相关分析检验。运用多元统计分析软件 Canoco 5.0 对不同林龄土壤微生物特征与土壤环境因子的关系进行冗余分析(Redundancy analysis,RDA)。

2 结果与分析

2.1 不同林龄杉木人工林根际和非根际土壤理化性质

土壤养分含量在不同林龄间具有显著差异(表 3, $p<0.1$),随林龄增加,根际和非根际土壤全磷,可溶性有机碳含量(DOC)显著降低,在 34 a 最小,硝态氮含量随林龄增加显著增加,在 24 a 最大。铵态氮含量在 34 a 非根际土壤高于根际土壤,可溶性有机氮含量在 7 a 根际土壤高于非根际土壤。而其他养分含量在不同林龄及根际和非根际土壤间均无显著差异。根际土壤 pH 值随林龄增加显著降低,在非根际土壤中则先减后增;根际和非根际土壤含水率随林龄增加均先增后减,在 24 a 达到最大。

2.2 不同林龄杉木林土壤各类群微生物 PLFAs 含量特征

不同林龄杉木林根际和非根际土壤微生物 PLFAs 含量进行分析结果表明,无论在根际还是非根际土壤,细菌群落 PLFA 含量均为最高,丛枝菌根真菌 PLFA 含量为最低(图 1)。根际土壤各类微生物群落 PLFAs 含量在不同林龄间存在差异,均在 34 a 含

量最高,7 a 含量最低。根际土壤总 PLFAs 含量表现为 $34\text{ a}>24\text{ a}>7\text{ a}$ 。而在非根际土壤中,细菌和放线菌 PLFAs 含量在 7 a 最高,在 34 a 最低,而真菌则在 24 a 最高。根际非根际土壤间,细菌 PLFAs 含量在 34 a 根际土壤显著高于非根际土壤,但在 7 a 和 24 a 两个人工林间没有显著差异,(表 4, $p<0.1$)。其他微生物群落在根际非根际间均没有显著差异。

随林龄增加,根际土壤革兰氏阳性菌革兰氏阳性菌(G^+)、革兰氏阴性菌(G^-)、支链饱和脂肪酸(TB-SAT)、单烯不饱和脂肪酸(MONO)、环丙烷脂肪酸(Cy)PLFAs 含量均在 34 a 最高,7 a 最低,而饱和脂肪酸(SAT)PLFAs 含量在 7 a 最高,24 a 最低。非根际土壤细菌群落各类 PLFAs 含量均在 34 a 达到最低(图 2)。在 7 a 和 24 a 杉木人工林中,根际土壤和非根际土壤细菌群落各类 PLFAs 含量没有显著差异,但在 34 a 中,根际土壤革兰氏阴性菌(G^-)和环丙烷脂肪酸(Cy)显著高于非根际土壤。

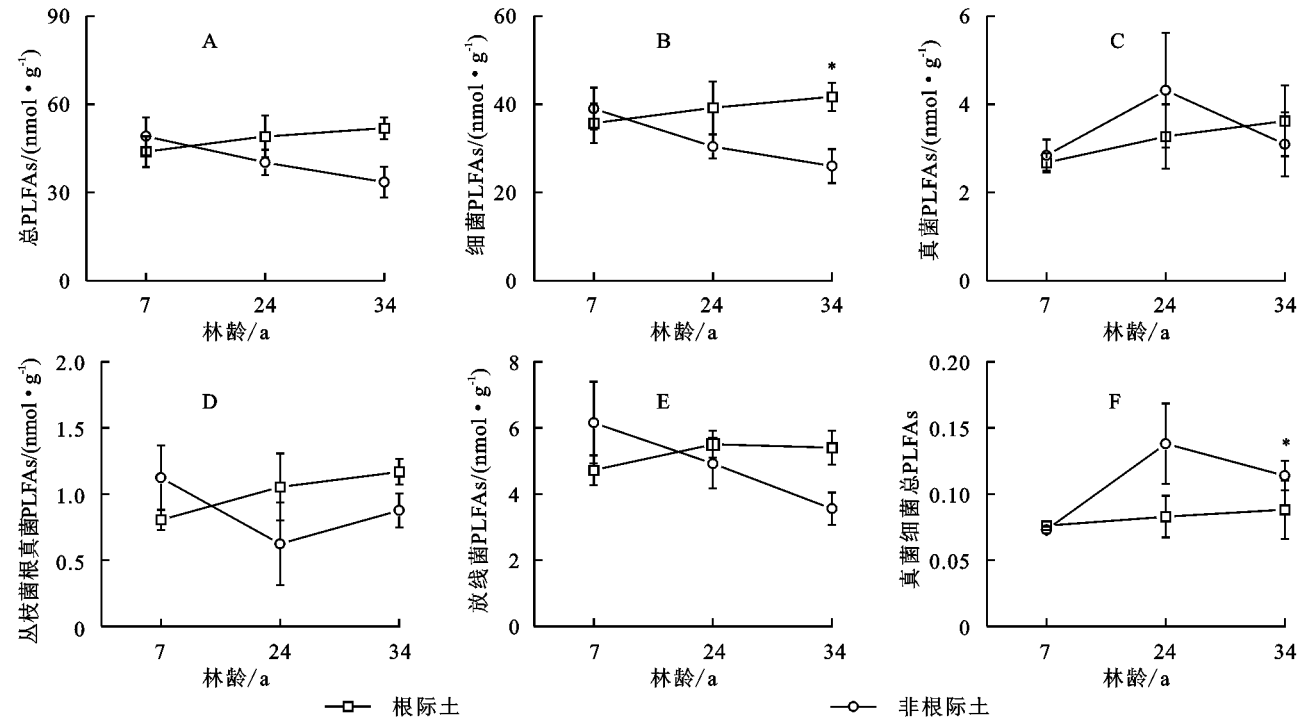
2.3 不同林龄杉木林根际和非根际土壤微生物群落结构

对表征土壤微生物群落结构的真菌:细菌、革兰氏阳性菌(G^+):革兰氏阴性菌(G^-)、环丙烷脂肪酸(Cy):单烯不饱和脂肪酸(MONO)、MONO:支链饱和脂肪酸(TBSAT)进行分析,林龄对各微生物结构没有显著影响,根际和非根际土壤间 Cy:MONO 和 MONO:TBSAT 具有显著差异,林龄和根际的交互作用对 MONO:TBSAT 具有显著影响(表 5)。7 a 杉木人工林中,Cy:MONO 根际显著高于非根际(图 3),而 34 a 杉木人工林中,MONO:TBSAT 非根际土壤显著高于根际土壤,Cy:MONO 根际土壤显著高于非根际土壤。

表 3 土壤基本理化性质

指标	土壤类型	林龄		
		7 a	24 a	34 a
pH 值	根际	4.49±0.01Aa	4.19±0.03Ba	4.18±0.06Bb
	非根际	4.51±0.02Aa	4.24±0.06Ba	4.41±0.05Aa
含水率/%	根际	29.88±0.76Ba	36.18±2.09Aa	30.09±1.04Ba
	非根际	30.31±0.92Ba	35.38±1.49Aa	30.19±0.29Ba
全碳/(g·kg ⁻¹)	根际	20.16±0.38Aa	22.52±1.31Aa	18.02±1.93Aa
	非根际	20.23±0.56Aa	18.95±2.02Aa	17.72±1.87Aa
全氮/(g·kg ⁻¹)	根际	1.32±0.00Aa	1.45±0.11Aa	1.30±0.19Aa
	非根际	1.35±0.04Aa	1.28±0.09Aa	1.28±0.13Aa
全磷/(g·kg ⁻¹)	根际	0.30±0.02Aa	0.30±0.01Aa	0.22±0.02Ba
	非根际	0.29±0.01Aa	0.32±0.01Aa	0.21±0.02Ba
C : N	根际	15.27±0.31Aa	15.56±0.30Aa	14.11±0.78Aa
	非根际	14.96±0.06Aa	14.69±0.63Aa	13.94±0.81Aa
C : P	根际	66.56±2.10Ba	75.55±5.28ABa	83.77±1.91Aa
	非根际	70.26±3.48Ba	58.81±5.68Ca	84.56±1.38Aa
N : P	根际	4.37±0.22Ba	4.87±0.44Ba	5.98±0.37Aa
	非根际	4.70±0.25Ba	3.99±0.24Ca	6.10±0.27Aa
有效磷/(mg·kg ⁻¹)	根际	2.04±0.54Aa	1.98±0.26Aa	1.77±0.15Aa
	非根际	2.49±0.29Aa	1.83±0.16Aa	1.59±0.29Aa
铵态氮/(mg·kg ⁻¹)	根际	5.38±1.01Aa	4.65±0.39Aa	5.38±0.26Ab
	非根际	6.22±0.37Aa	5.62±0.11Aa	5.98±0.35Aa
硝态氮/(mg·kg ⁻¹)	根际	1.28±0.33Ba	6.77±1.46Aa	4.72±0.64Aa
	非根际	2.05±0.41Ca	7.83±0.67Aa	4.55±0.21Ba
可溶性有机氮/(mg·kg ⁻¹)	根际	36.41±3.15Aa	37.32±9.22Aa	27.19±.08Aa
	非根际	33.00±2.28Aa	27.85±1.85Aa	26.39±1.32Aa
可溶性有机碳/(mg·kg ⁻¹)	根际	207.35±17.17Aa	100.92±0.20Ba	73.72±19.47Ba
	非根际	75.06±6.63ABb	99.25±11.72Aa	52.36±4.15Ba

注:(mean±SE,N=3),不同大写字母表示不同林龄存在显著差异,不同小写字母表示同林龄根际与非根际土存在显著差异。



注: * 表示相同林龄根际非根际土壤差异性显著,下同。

图 1 不同林龄杉木林土壤各类群微生物 PLFAs 含量

表 4 双因素方差分析林龄、根际及两者交互作用对土壤各类群微生物 PLFAs 的影响

因子	细菌	真菌	丛枝菌根真菌	放线菌	总磷脂脂肪酸	真菌/细菌
林龄(A)	0.71	0.43	0.67	0.39	0.79	0.18
根际(R)	<0.1*	0.72	0.44	0.58	0.13	0.12
林龄×根际(A×R)	0.12	0.61	0.20	0.10	0.14	0.32

注：* 表示相同林龄根际非根际土壤差异性显著，下表同。

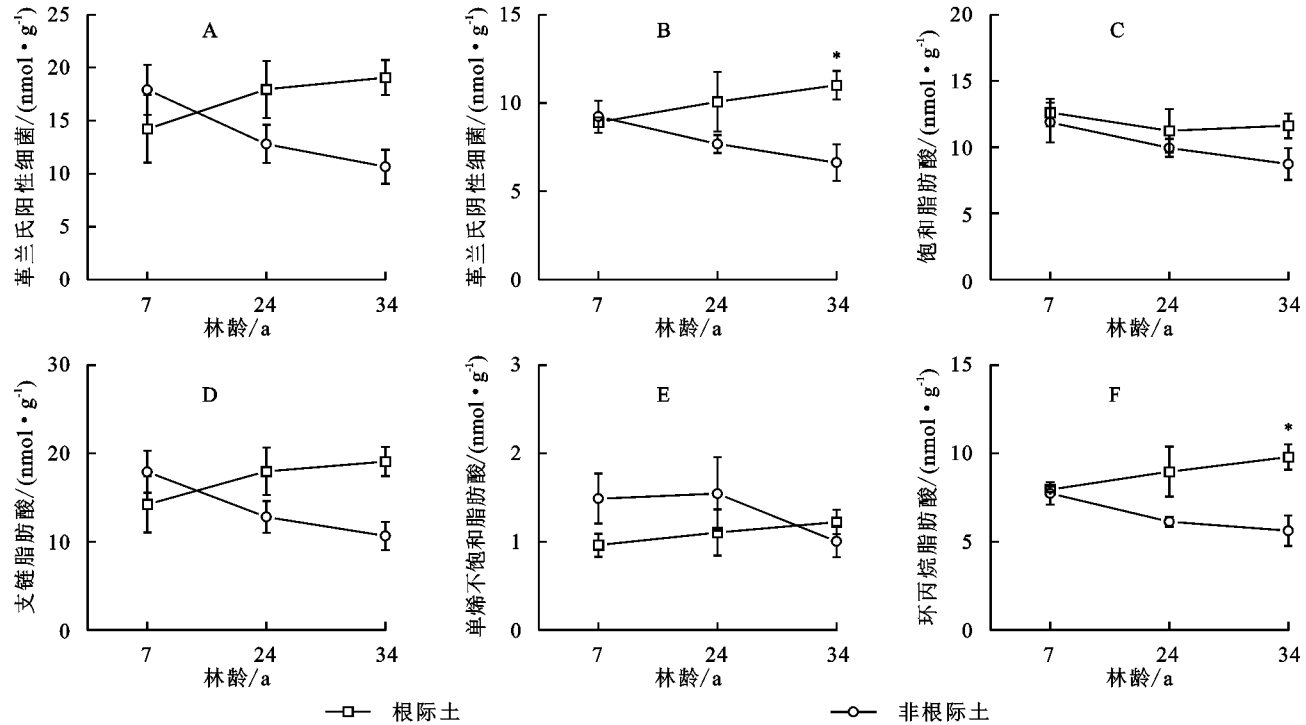


图 2 不同林龄杉木林土壤细菌群落 PLFA 含量

表 5 双因素方差分析林龄、根际及两者交互作用对微生物群落 PLFAs 结构的影响

因子	G ⁺	G ⁻	SAT	TBSAT	MONO	Cy	G ⁺ /G ⁻	Cy/MONO	MONO/TBSAT
林龄(A)	0.87	0.96	0.24	0.87	0.71	0.93	0.89	0.69	0.32
根际(R)	0.1	<0.05**	0.12	0.1	0.25	<0.01***	0.8	<0.001***	<0.01***
林龄×根际(A×R)	<0.1*	<0.1*	0.66	<0.1*	0.31	<0.1*	0.22	0.63	<0.1*

注：G⁺ 为革兰氏阳性菌；G⁻ 为革兰氏阴性菌；SAT 为饱和脂肪酸；TBSAT 为支链饱和脂肪酸；MONO 为单烯不饱和脂肪酸；Cy 为环丙烷脂肪酸。

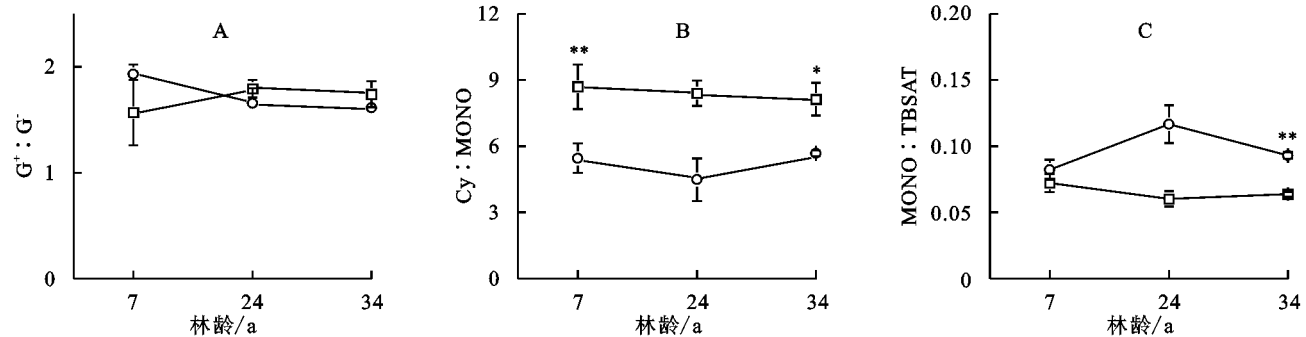


图 3 不同林龄杉木林土壤微生物群落结构

2.4 土壤理化性质对土壤微生物群落特征的影响

相关性分析表明,细菌、总 PLFA 量和 G⁺ 与土壤有效磷含量呈极显著正相关(表 6, $p<0.05$),与铵态氮含量呈极显著负相关;真菌与硝态氮含量呈显著正相关($p<0.1$);丛枝菌根真菌与土壤碳磷比呈极显著正相关,与氮磷比呈显著正相关;放线菌与土壤有

效磷含量呈显著正相关;G⁻ 与土壤有效磷含量和土壤可溶性有机氮含量呈极显著正相关;真菌/细菌与硝态氮含量呈显著正相关;G⁺:G⁻ 与土壤有效磷含量呈极显著正相关($p<0.01$),与铵态氮含量呈显著负相关。冗余分析(RDA)结果表明第一轴和第二轴分别解释了土壤微生物群落结构变异的 59.4%,13.4%

(图 4)。土壤环境对微生物群落有显著影响,其中土壤有效磷、铵态氮、可溶性有机氮、全碳、全氮含量对土壤微生物群落结构的影响较大,尤其是土壤有效磷、铵态氮含量的影响最大。

表 6 土壤微生物群落结构与土壤理化性质相关性分析

项目	C/N	C/P	N/P	AP	NH ₄ ⁺ -N	NO ₃ ⁻ -N	DON	DOC
B	-0.04	0.15	0.12	0.53 **	-0.50 **	0.01	0.44	0.20
F	-0.15	-0.12	-0.08	0.10	-0.09	0.42 *	0.08	0.08
AMF	0.03	0.51 **	0.42 *	0.20	-0.29	-0.09	0.23	-0.18
ACT	-0.04	-0.22	-0.18	0.57 **	-0.34	-0.01	0.22	0.09
总 PLFAs	-0.06	0.09	0.08	0.53 **	-0.49 **	0.05	0.41	0.18
F : B	-0.14	-0.22	-0.15	-0.16	0.06	0.44 *	-0.17	-0.02
G ⁺	-0.10	0.18	0.17	0.60 ***	-0.53 **	0.08	0.37	0.09
G ⁻	0.03	0.23	0.16	0.28 **	-0.40	0.07	0.47 **	0.16
SAT	0.03	-0.03	-0.06	0.50 **	-0.44 *	-0.19	0.48 *	0.45 *
TBSAT	-0.10	0.18	0.17	0.60 ***	-0.53 **	0.08	0.37	0.09
MONO	-0.31	-0.22	-0.09	0.35	-0.11	0.32	0.15	-0.03
Cy	0.10	0.30	0.19	0.23	-0.40 *	-0.002	0.48 **	0.18
G ⁺ : G ⁻	-0.24	0.02	0.09	0.77 ***	-0.46 *	0.07	0.02	-0.08
Cy : MONO	0.44 *	0.19	0.01	-0.26	-0.11	-0.35	0.19	0.33
MONO : TBSAT	-0.30	-0.38	-0.22	-0.20	0.32	0.37	-0.19	-0.12

注: * 代表 $p<0.1$; ** 代表 $p<0.05$; *** 代表 $p<0.01$, $n=36$ 。C : N 为碳氮比; C : P 为碳磷比; N : P 为氮磷比; AP 为有效磷; NH₄⁺-N 为铵态氮; NO₃⁻-N 为硝态氮; DON 为可溶性有机氮; DOC 为可溶性有机碳; B 为细菌; F 为真菌; AMF 为丛枝菌根真菌; ACT 为放线菌; G⁺ 为革兰氏阳性菌; G⁻ 为革兰氏阴性菌; SAT 为一般饱和脂肪酸; TBSAT 为支链饱和脂肪酸; MONO 为单烯不饱和脂肪酸; Cy 为环丙烷脂肪酸。

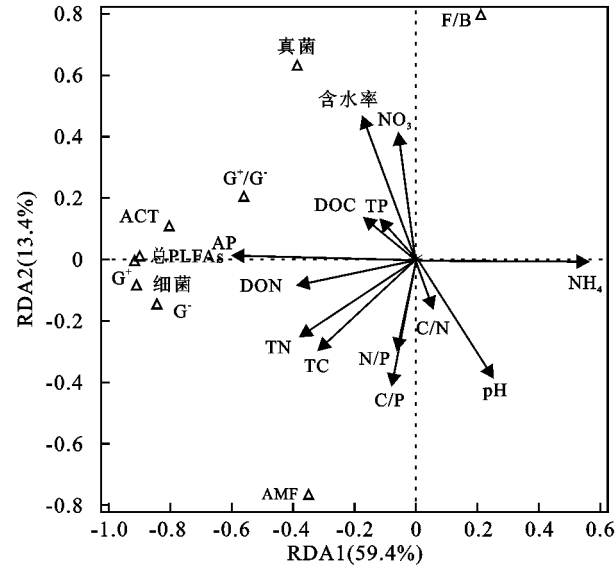


图 4 不同林龄杉木土壤微生物结构与土壤因子之间的冗余分析

3 讨论

在森林生态系统中,林木林龄的变化能够改变土壤环境,使土壤微生物随环境变化而发生改变^[10]。本研究中,随着杉木林龄的增加,根际土壤各类微生物 PLFAs 含量不断增加,而在非根际土壤中不断减少,并且细菌含量在 34 a 根际土壤显著高于非根际土壤。这可能与杉木自身特性及土壤环境变化有关,

在根际土壤中,杉木主要通过根系活动来改变根际环境,随着杉木林龄的增加,根系显著生长,根系活力和分泌速率增强^[21],并且根际沉积使养分在根际富集^[22],进而促进了根际微生物的生长。而非根际土壤直接与地表腐殖质层接触,其土壤微生物受凋落物及土壤养分含量的影响较大^[23]。在杉木人工纯林的生长发育过程中,其凋落物较少,因而其对土壤养分具有高吸收,低归还的特点^[24],而在其造林前期,采伐迹地保留了大量的枝叶,增加了养分归还量,同时炼山等措施产生的黑炭能够在短期内显著提高土壤中有效养分含量^[25-26],使非根际土壤微生物含量在生长前期较低,随着养分的消耗,土壤微生物含量逐渐增加。在土壤微生物群落中,细菌群落占主导地位,已有研究表明,土壤 pH 值是影响土壤细菌群落组成的重要因素^[27]。相对较低的 pH 值适合细菌的生长,使得细菌在根际土壤高于非根际土壤。

真菌和细菌是土壤生态系统中重要的微生物群落,其参与有机质的分解,是土壤肥力的重要指标之一,细菌占主导地位的土壤肥力较高^[28],此外,真菌:细菌能够表征生态系统的稳定性,比值越大,表明土壤系统越稳定^[29]。本研究发现,细菌在杉木人工林土壤处于主导地位,且真菌:细菌的比值随林龄的增加没有显著差异,说明杉木人工林林龄的增加并

没有改变土壤生态系统的稳定性。 $G^+ : G^-$ 常用来指示土壤营养状况,比值越大营养胁迫越大^[30],同时 $Cy : MONO$ 和 $MONO : TBSAT$ 也可以表征养分限制和环境胁迫的程度^[29]。本研究中,根际和非根际土壤 $G^+ : G^-$, $Cy : MONO$ 和 $MONO : TBSAT$ 在不同林龄间没有显著差异,但 $Cy : MONO$ 和 $MONO : TBSAT$ 在 34 a 根际土壤均显著高于非根际土壤。这表明杉木人工林随林龄变化营养状况没有较大变化,但在 34 a 中,非根际土壤微生物受到的环境胁迫(如养分含量、水分等)大于根际土壤。

土壤微生物结构与群落组成受多种因素影响,一方面,其受植被类型、气候、人类活动等因素的影响,另一方面,还受到土壤养分含量的影响^[31]。相关分析和冗余分析表明,土壤养分含量是土壤微生物群落结构和组成的主要影响因子,这与前人对土壤微生物含量的研究结果一致^[32]。其中铵态氮与细菌、 G^- 和总 PLFAs 含量呈显著负相关。已有研究表明,土壤中过量的铵态氮会抑制微生物吸收利用其他形态的氮源,从而抑制微生物的生长^[33]。土壤有效磷与各微生物群落(除真菌外)呈显著正相关,在中亚热带森林中土壤普遍存在磷限制,当土壤存在磷限制状况时,土壤微生物能够分泌较多与磷相关的酶来提高有机磷的矿化,促进有效磷含量^[34]。土壤真菌含量与硝态氮呈显著正相关,丛枝菌根真菌与 $C : P$ 和 $N : P$ 呈显著正相关,说明土壤中 N 和 P 含量一定程度上会影响土壤微生物群落。此外,可溶性有机物是土壤养分迁移及损失的主要形式,其主要来源于微生物的活动和有机质的分解^[10],本研究中,土壤 DON 和 DOC 对微生物群落呈显著正相关关系,对微生物的活动具有显著影响。

4 结论

随林龄的增加,杉木人工林根际土壤各类微生物数量不断增加,而在非根际土壤中不断减少,细菌数量在 34 a 根际土壤显著高于非根际土壤,在其他微生物及其他林龄间均无显著差异。

土壤有效磷和铵态氮含量是驱动土壤微生物变化的最主要因素,主要原因是中亚热带地区主要存在磷限制,土壤微生物能够分泌更多的有效磷供杉木吸收利用。因此,在杉木人工林经营管理过程中,应当适当增施磷肥,以提高土壤微生物数量,确保杉木的良好发育。

参考文献:

[1] Singh B K, Dawson L A, Macdonald C A, et al. Impact of biotic and abiotic interaction on soil microbial communities

and functions: A field study[J]. *Applied Soil Ecology*, 2009, 41(3): 239-248.

[2] 张薇,魏海雷,高洪文,等.土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J]. *生态学杂志*, 2005, 24(1): 48-52.

[3] 牛小云,孙晓梅,陈东升,等.辽东山区不同林龄日本落叶松人工林土壤微生物、养分及酶活性[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(9): 2663-2672.

[4] 胡亚林,汪思龙,颜绍旭.影响土壤微生物活性与群落结构因素研究进展[J]. *土壤通报*, 2006, 37(1): 170-176.

[5] Kong A Y Y, Scow K M, Holmes W E, et al. Microbial community composition and carbon cycling within soil microenvironments of conventional, low-input, and organic cropping systems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(1): 20-30.

[6] Vries F, Hoffland E, Eekeren N V, et al. Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(8): 2092-2103.

[7] Hackl E, Zechmeister B S, Bodrossy L, et al. Comparison of diversities and compositions of bacterial populations inhabiting natural forest soils[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70(9): 5057-5065.

[8] De V, Ashley S. Controls on soil microbial community stability under climate change[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, 4(5): 265-280.

[9] Zheng Q, Hu Y T, Zhang S S, et al. Soil multifunctionality is affected by the soil environment and by microbial community composition and diversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 136: 107521.

[10] 罗明霞,胡宗达,刘兴良,等.川西亚高山不同林龄粗枝云杉人工林土壤微生物生物量及酶活性[J]. *生态学报*, 2021, 41(14): 5632-5642.

[11] 张学利,杨树军,张百习.我国林木根际土壤研究进展[J]. *沈阳农业大学学报*, 2002, 33(6): 461-465.

[12] 邵秋雨,董醇波,韩燕峰,等.植物根际微生物组的研究进展[J]. *植物营养与肥料学报*, 2021, 27(1): 144-152.

[13] 张学利,杨树军,张百习,等.不同林龄樟子松根际与非根际土壤的对比[J]. *福建林学院学报*, 2005, 25(1): 1-4.

[14] 赵坤,田大伦.会同杉木人工林成熟阶段生物量的研究[J]. *中南林学院学报*, 2000, 20(1): 7-13.

[15] 陈龙池,汪思龙,陈楚莹.杉木人工林衰退机理探讨[J]. *应用生态学报*, 2004, 15(10): 1953-1957.

[16] 夏丽丹,于姣姣,邓玲玲,等.杉木人工林地力衰退研究进展[J]. *世界林业研究*, 2018, 31(2): 37-42.

[17] 格格. PLFA 作为生物标记物在土壤微生物研究中的应用[J]. *呼伦贝尔学院学报*, 2018, 26(1): 93-99.

[18] Riley D, Barber S A. Salt accumulation at the soybean

(*Glycine max.* (L.) Merr.) root-soil interface[J]. Soil Science Society of America Journal, 1970,34(1):154-155.

[19] 鲁如坤.土壤农业化学分析方法[M].北京:中国农业科技出版社,1999.

[20] White D C, Stair J O, Ringelberg D B. Quantitative comparisons of in situ microbial biodiversity by signature biomarker analysis[J]. Journal of Industrial Microbiology, 1996,17(3):185-196.

[21] 李娇,蒋先敏,尹华军,等.不同林龄云杉人工林的根系分泌物与土壤微生物[J].应用生态学报,2014,25(2):325-332.

[22] 李从娟,李彦,马健,等.干旱区植物根际土壤养分状况的对比研究[J].干旱区地理,2011,34(2):222-228.

[23] 艾超,孙静文,王秀斌,等.植物根际沉积与土壤微生物关系研究进展[J].植物营养与肥料学报,2015,21(5):1343-1351.

[24] 马祥庆,黄宝龙.人工林地力衰退研究综述[J].南京林业大学学报,1997,21(2):79-84.

[25] 杜大俊,张秋霞,任丽红,等.马尾松采伐迹地火烧黑炭对土壤营养元素含量的短期影响[J].水土保持学报,2019,33(5):157-162.

[26] 王玉哲,刘俊第,严强,等.马尾松林采伐迹地火烧黑炭对土壤活性碳氮库的影响[J].生态学报,2018,38(20):7198-7207.

[27] 刘传和,贺涵,何秀古,等.不同连作年限菠萝园土壤差异代谢物和细菌群落结构分析[J].生物技术通报,2021,37(8):162-175.

[28] 吴凡,李传荣,崔萍,等.不同肥力条件下的桑树根际微生物种群分析[J].生态学报,2008,28(6):2674-2681.

[29] 刘顺,吴珍花,郭晓敏,等.不同林龄陈山红心杉土壤微生物群落结构特征[J].应用与环境生物学报,2016,22(3):510-517.

[30] 谷晓楠,贺红土,陶岩,等.长白山土壤微生物群落结构及酶活性随海拔的分布特征与影响因子[J].生态学报,2017,37(24):8374-8384.

[31] 刘丽,徐明恺,汪思龙,等.杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化[J].生态学报,2013,33(15):4692-4706.

[32] 楚海燕,李若南,李靖雯,等.中亚热带森林转换对土壤微生物群落结构的影响[J].应用与环境生物学报,2019,25(1):23-28.

[33] 油伦成,李东坡,武志杰,等.稳定性铵态氮肥在黑土和褐土中的氮素转化特征[J].应用生态学报,2019,30(4):1079-1087.

[34] 陆宇明,许恩兰,吴东梅,等.凋落物双倍添加和移除对米楮林土壤水解酶活性及其化学计量比的影响[J].水土保持学报,2021,35(4):313-320.

~~~~~

(上接第 259 页)

[23] 杨晓静,左德鹏,徐宗学.基于标准化降水指数的云南省近 55 年旱涝演变特征[J].资源科学,2014,36(3):473-480.

[24] 张璐,朱仲元,王慧敏,等.基于 SPEI 的锡林河流域气象干旱风险分析[J].水土保持研究,2020,27(2):220-226.

[25] 周园园,师长兴,范小黎,等.国内水文序列变异点分析方法及在各流域应用研究进展[J].地理科学进展,2011,30(11):1361-1369.

[26] 王卫光,黄茵,邢万秋,等.基于 SPEI 的海河流域干旱时空演变特征及环流成因分析[J].水资源保护,2020,36(3):8-13.

[27] 范倩倩,赵安周,张安兵,等.1965—2015 年海河流域干旱时空变化特征分析[J].农业现代化研究,2019,40(3):507-517.

[28] 王文静,延军平,刘永林,等.基于综合气象干旱指数的海河流域干旱特征分析[J].干旱区地理,2016,39(2):336-344.

[29] 钱代丽,管兆勇,王黎娟.近 57 a 夏季西太平洋副高面积的年代际振荡及其与中国降水的联系[J].大气科学学报,2009,32(5):677-685.

[30] 袁瑞强,龙西亭,王鹏,等.白洋淀流域地下水更新速率[J].地理科学进展,2015,34(3):381-388.

[31] 崔水莲.海河流域干旱缺水对生态环境的影响分析(1965—1989 年)[J].华北水利水电大学学报:社会科学版,2021,37(1):48-55.

[32] 闫欣,牛振国.1990—2017 年白洋淀的时空变化特征[J].湿地科学,2019,17(4):436-444.

[33] 赵志杰.环境变化对白洋淀流域径流的影响研究[J].南水北调与水利科技,2013,11(2):58-60,63.

[34] 胡珊珊,郑红星,刘昌明,等.气候变化和人类活动对白洋淀上游水源区径流的影响[J].地理学报,2012,67(1):62-70.

[35] 李海涛,凤蔚,王凯霖,等.雄安新区地下水资源概况、特征及可开采潜力[J].中国地质,2021,48(4):1112-1126.