

赤水河流域典型植被类型的土壤 微生物群落结构与多样性

肖 烨¹, 黄志刚², 李友凤³, 张于光⁴, 王 密⁵

(1.遵义师范学院 资源与环境学院, 贵州 遵义 563006; 2.遵义师范学院

生物与农业科技学院, 贵州 遵义 563006; 3.遵义师范学院 化学与化工学院, 贵州 遵义 563006;

4.中国林业科学研究院 森林生态环境与保护研究所 国家林业和草原局生物多样性保护重点实验室,

北京 100091; 5.贵州习水中亚热带常绿阔叶林国家级自然保护区管理局, 贵州 习水 564600)

摘 要:土壤微生物是反映土壤环境质量的重要指标,为明确赤水河流域典型植被类型土壤微生物群落特征及优势菌属,为生态系统的恢复与管理提供理论依据,采用高通量测序技术研究了赤水河流域的 5 种典型植被类型(灌丛、针阔混交林、常绿阔叶林、杉木林和竹林)土壤的微生物群落结构及多样性,并探讨了其主要影响因子。结果表明:(1)不同植被类型的细菌和真菌丰富度 Chao1 指数差异均不显著,说明二者所观测到的物种总数没有差异。Shannon 指数显示各植被类型微生物多样性存在一定差异,细菌多样性以竹林最低,显著性低于灌丛和针阔混交林($p < 0.05$);真菌多样性以灌丛和杉木林显著性高于其他 3 种植被类型($p < 0.05$)。(2)5 种植被类型土壤细菌优势门(相对丰度 $> 10\%$)主要有变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)和酸杆菌门(Acidobacteriota)。其中变形菌门(Proteobacteria)在灌丛、针阔混交林和常绿阔叶林中占绝对优势(相对丰度为 29.70%~33.62%),而放线菌门(Actinobacteriota)则在杉木林和竹林中最为丰富,相对丰度占比分别为 32.88%,29.88%。各植被类型土壤真菌门以子囊菌门(Ascomycota)为绝对优势菌群(相对丰度 $> 49\%$)。(3)5 种植被类型土壤细菌和真菌中优势菌属差异较大。在细菌属水平上,针阔混交林和竹林分别以未定名的 *Vicinamibacteriales* 和芽孢杆菌属(*Bacillus*)为优势,而其他 3 种植被类型则以节杆菌属(*Arthrobacter*)最丰富。在真菌属水平上,灌丛和常绿阔叶林中优势关键属为子囊菌门(Ascomycota)未分类真菌属(*unclassified_p_Ascomycota*),杉木林以被孢霉属(*Mortierella*)最丰富,而针阔混交林和竹林中均以沙蚕属(*Saitozyma*)相对丰度最高。(4)NMDS 分析表明,土壤细菌与真菌群落空间分布差异显著。(5)冗余分析表明,土壤含水量、pH 值和 TN(总氮)对土壤细菌群落结构具有显著性的影响,而 pH 值、容重、TOC(总有机碳)、TN 和 TP(总磷)对真菌群落结构影响显著。综合分析可知,针阔混交林土壤细菌群落较丰富,杉木林土壤真菌生长较旺盛,而灌丛土壤细菌和真菌多样性均较高,应采取有效措施提高主要林分土壤养分,从而激发微生物的生长,改善土壤环境。

关键词:赤水河流域; 植被类型; 微生物群落; 高通量测序; 环境因子

中图分类号:S154.37

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2022)06-0275-09

Soil Microbial Community Structure and Diversity of Typical Vegetation Types in Chishui River Basin

XIAO Ye¹, HUANG Zhigang², LI Youfeng³, ZHANG Yuguang⁴, WANG Mi⁵

(1.College of Resources and Environment, Zunyi Normal University, Zunyi, Guizhou 563006,

China; 2.College of Biology and Agriculture, Zunyi Normal University, Zunyi, Guizhou 563006, China;

3.College of Chemistry and Chemical Engineering, Zunyi Normal University, Zunyi, Guizhou 563006, China;

4.Key Laboratory of Biodiversity Conservation of National Forestry and Grassland Administration, Research Institute of Forest Ecology, Environment and Protection, CAF, Beijing 100091, China; 5.Guizhou Xishui Subtropical Evergreen Broad-leaved Forest National Nature Reserve Management Bureau, Xishui, Guizhou 564600, China)

收稿日期:2021-08-30

修回日期:2021-09-27

资助项目:贵州省省级科技计划项目(黔科合基础[2020]1Y194);贵州省普通高等学校青年科技人才成长项目(黔教合 KY 字[2019]105);遵义市科技局和遵义师范学院联合科技研发资金项目(遵市科合 HZ 字 268 号);遵义师范学院科研项目(遵师 BS[2019]30, BS[2019]33 号)

第一作者:肖烨(1979—),女,湖南衡阳人,博士,副教授,主要从事湿地与环境研究。E-mail:xiaoye8417@sina.cn

通信作者:黄志刚(1978—),男,湖南常德人,博士,副教授,主要从事生态学研究。E-mail:huangzhigang2016@sina.com

Abstract: Soil microorganism is an important indicator of soil environmental quality. The characteristics and dominant species of soil microbial community under typical vegetation types in the Chishui River Basin were clarified in order to provide a theoretical basis for ecosystem restoration and management. In this study, high-throughput sequencing technology was used to determine the microbial community structure and diversity of soil in five typical vegetation types such as shrub (SH), mixed conifer broadleaf forest (MCBF), evergreen broad-leaved forest (EBF), Chinese fir forest (CFF) and bamboo forest (BF) and to investigate the main influencing factors. The results showed that: (1) There was no significant difference in the Chao1 index of bacteria and fungi among the different vegetation types, indicating that there was no difference in the total number of species observed among five vegetation types. The Shannon index showed that there were certain differences in microbial diversity among the five vegetation types. BF had the lowest bacterial diversity, which was significantly lower than that of SH and MCBF ($p < 0.05$). The fungal diversity in SH and CFF was significantly higher than that in the other three planting types ($p < 0.05$). (2) The dominant group of bacteria phylum (relative abundance $> 10\%$) in five vegetation types were Proteobacteria, Actinobacteriota and Acidobacteriota. Proteobacteria was dominant in SH, MCBF and EBF (the relative abundance ranged from 29.70% to 33.62%). But Actinobacteriota was the most abundant in CFF and BF, accounting for 32.88% and 29.88%, respectively. Ascomycota was the absolute dominant group of soil fungi in different vegetation types (with the highest relative abundance $> 49\%$). (3) The dominant genus in soil bacteria and fungi of five vegetation types were significantly different. At the genus level of bacteria, *Vicinamibacterales* and *Bacillus* were dominant in MCBF and BF, respectively. While *Arthrobacter* was the most dominant species in the other three vegetation types. At the fungal level, the dominant genus in SH and EBF was *unclassified_p_Ascomycota*. *Mortierella* was the most abundant taxa in CFF, while *Saitozyma* in MCBF and BF had the highest relative abundance. (4) NMDS analysis showed that there was significant differences in the spatial distribution of soil bacterial and fungal communities among different vegetation types. (5) Redundancy analysis showed that soil moisture content, pH value and TN had significant effects on soil bacterial community structure, while fungal community structure was significantly driven by pH, bulk density, TOC, TN and TP. Comprehensive analysis showed that MCNF had rich soil bacterial community and the growth of soil fungi in CFF was vigorous. While soil bacterial and fungal diversity were high in SH. It is necessary to take effective measures to improve soil nutrients of the main stand, to stimulate the growth of microorganisms and improve the soil environment.

Keywords: Chishui River Basin; vegetation type; microbial community; high-throughput sequencing; environmental factors

土壤微生物是森林生态系统重要的组成部分,它通过分解各种有机残体,在调节生态系统碳、氮循环中发挥着关键作用,是土壤养分转化及碳代谢的主要驱动力^[1]。由于土壤微生物对环境变化非常敏感,因此土壤微生物群落结构特征可作为反映植被更新和演替过程中土壤质量变化的关键指标^[2]。所以研究土壤微生物多样性和群落结构特征对评估土壤养分状况以及生态系统稳定性都具有重要意义。研究表明,森林植被演变过程中不同植被凋落物和根系分泌物的理化性质差异对微生物的生长具有选择性刺激作用,是影响土壤微生物群落结构及其功能变化的重要因素^[3]。土壤微生物的主要碳源来自于凋落物,不

同质量凋落物输入与分解使土壤环境发生变化,从而导致微生物群落组成呈现显著差异。植物根系分泌物中的多糖、有机酸、酚类和胞外酶等物质对微生物具有促进或抑制效应,此外,不同植物根际土壤微生物碳氮的富集程度不同,对土壤营养库的贡献率也存在较大差异^[4]。这些因素都会导致土壤微生物群落结构和多样性发生变化。许多研究表明,植物种类是影响土壤微生物群落组成、多样性、代谢功能以及生物量的重要驱动因子^[5]。夏北威^[6]研究发现,土壤微生物群落多样性和植物群落类型之间存在正相关关系。Zhao等^[7]对贵州喀斯特地区研究发现,不同植被类型导致土壤微生物群落微生物量差异显著。因

此,土壤微生物与地表植被类型密切相关。随着新技术的发展,宏基因组学方法为更多地了解微生物的“黑匣子”开辟了新途径。目前 Illumina MiSeq 高通量测序技术是土壤微生物群落研究广泛采用的一种方法,在林业相关研究中如封育、海拔、植被等^[8-10]对土壤微生物的影响研究等方面已经取得重要进展,但在生态环境脆弱的西南地区植物物种与微生物种属相关研究中尚存在不足。

赤水河是长江上游最重要的支流之一,地处云贵高原与四川盆地边缘的交界地带,流域内种质资源丰富,是长江流域重要的生物宝库。该流域属中亚热带范围,上游为典型的喀斯特地貌,而中下游则为丹霞景观,流经地区是红壤土层,碳酸岩面积约占 65%,土壤贫瘠,生态环境脆弱。近年来,赤水河流域(贵州段)由于特殊的地质地貌、气候条件及人类活动的影响导致土壤侵蚀、水土流失严重、养分贫乏等生态环境恶化,致使生物多样性丧失^[11]。这些生态退化效应会影响流域土壤微生物的群落组成,反之,土壤微生物的变化又会对生态系统结构与功能产生影响。目前对于赤水河流域的研究主要集中在植被空间变异、面源污染和动物多样性等,而从土壤微生物的角度探讨赤水河流域特殊地质背景下不同植被土壤生态环境质量变化的研究鲜少报道。赤水河流域植物物种组成及多样性的差异导致输入的有机物的质与量不同,此外,植物与土壤环境因子相互作用,共同影响流域内土壤微生物群落结构及功能。因此,本研究采用 Illumina Miseq

高通量测序分析流域内典型植被类型土壤细菌和真菌群落多样性差异及其影响因素,为赤水河流域生态系统功能的恢复和管理提供理论指导。

1 研究区概况与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于贵州习水中亚热带常绿阔叶林国家级自然保护区三岔河管理站内,该保护区地跨赤水河及其支流习水河 2 条水系,地处黔北边缘的习水县西北部(东经 105°50′—106°29′,北纬 28°07′—28°34′),属于亚热带湿润季风性气候,年平均气温 14.7℃,最冷与最热月份分别为 1 月(平均气温 4.3℃)和 7 月(平均气温 24.9℃)。年降水量为 900~1 300 mm,由于气候条件适宜,保护区孕育和保存了丰富的动植物资源,形成了典型的山地植被带。区内出露岩层主要为红砂岩,土壤以紫色土居多,其次为黄壤,黄棕壤最少。

1.2 样地设置和样品采集

在研究区内选择了灌丛、针阔混交林、常绿阔叶林、杉木林和竹林 5 种典型的植被类型(表 1)。去除地表枯落物及石砾后,在每种植被类型设置 3 个 10 m×10 m 样地,每个样地中按照 5 点混合取样法采集样方内 0—15 cm 表层根际土壤,共 15 个样品。所有样品装袋后储存在便携式低温冷冻箱中带回实验室。将采集的样品 1 分为二:一份经自然风干后研磨过 2 mm 筛用于土壤理化性质的测定,一份置于—80℃下冷冻保存,用于土壤微生物多样性检测。

表 1 研究区样地基本概况

植被类型	经纬度	样地优势群落	海拔/m	坡度/(°)	坡向
灌丛(SH)	28°30′09″N,106°24′09″E	马桑(<i>Coriaria sinica</i> Maxim)、黄荆(<i>Vitex negundo</i>)、竹	928	24	西偏北 26°
		叶椒(<i>Zanthoxylum planispinum</i>)、女贞忍冬(<i>Lonicera ligustrina</i>)等			
针阔混交林(MCBF)	28°30′01″N,106°24′16″E	福建柏(<i>Fokienia hodginsli</i> (Dunn) Henry et Thomas)、	955	20	东偏南 63°
		马尾松(<i>Pinus massoniana</i>)、厚皮栲(<i>Castanopsis chunii</i>)、日本杜英(<i>Elaeocarpus japonicus</i>)等			
常绿阔叶林(EBF)	28°31′45″N,106°23′51″E	石栎(<i>Lithocarpus glabra</i>)、楠木(<i>Phoebe zhennan</i>)、	991	32	西偏北 73°
		贵州山柳(<i>Clethra pinfaensis</i>)等			
杉木林(CFF)	28°32′23″N,106°23′46″E	杉木纯林(<i>Cunninghamia lanceolata</i>)	1025	41	西偏北 77°
竹林(BF)	28°32′16″N,106°23′40″E	楠竹(<i>Phyllostachys pubescens</i>)	1028	11	西偏北 9°

1.3 分析方法

土壤理化性质测定:土壤含水量采用烘干法测定,土壤容重采用环刀法测定,土壤 pH 值按土:水=1:2.5 稀释振荡后静置 30 min 后采用雷磁 pH 计测定。土壤有机碳(TOC)采用 K₂Cr₂O₇-H₂SO₄ 外加热法测定,土壤全氮(TN)和全磷(TP)分别采用全自动凯氏定氮仪和钼锑抗比色法进行分析^[12]。

高通量测序:利用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对土壤细菌和真菌群落进行分析。在制造商说明书的指导下,使用土壤 DNA 试剂盒(OMEGA Bio-Tek, Inc., Norcross, Georgia, USA)从 0.5 g 混合土壤中提取基因组 DNA。用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量,用 NanoDrop 2000 测定 DNA 浓度和纯度。细菌引物^[13]序列使用 338F(5′-ACTC-

CTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGAC-TACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16SrRN 基因 V3—V4 区进行 PCR 扩增;使用 ITS1F (5'-CTTG-GTCATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')对 ITS1 区进行 PCR 扩增(PCR 型号为 ABI GeneAmp © 9700 型)。每个样本 3 个重复。建库及测序工作委托中国上海美吉生物医药科技有限公司完成。采用 fastp (version 0.20.0) 软件对原始测序序列进行质控, flash (version 1.2.7) 软件进行拼接;使用 uparse 软件 (version 7.1) 根据 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类并剔除嵌合体获得有效序列。通过 RDP classifier (version 2.2) 对每条序列进行物种分类注释。

1.4 数据处理

所有数据采用 SPSS 18.0 进行统计分析,使用 Mothur 微生物软件计算各微生物特征指标,采用方差分析(ANOVA, IBM SPSS 18.0)比较土壤理化性质和微生物多样性指数平均值之间的差异,Tukey 检验在 $p<0.05$ 水平和 95% 置信水平上确定显著性。利用 R 语言工具绘制各个样品在门、属水平上相对丰度大于 1% 的物种图。用 R 语言 (version 3.3.1) vegan 软件包进行非度量多维度 NMDS 分析细菌和真菌群落结构差异,以及冗余分析(db-RDA)探讨土壤环境因子对细菌和真菌群落的影响。

表 2 赤水河流域 5 种典型植被土壤微生物多样性指数 (Chao 1 和 Shannon)

植被 类型	细菌		真菌		细菌		真菌	
	OTU 数/个	OTU 数/个	Chao1	Shannon	Chao1	Shannon	Chao1	Shannon
SH	1005	617	1839.86±153.02a	6.04±0.29a	647.38±38.58a	4.88±0.09a		
MCBF	1017	364	2157.94±52.22a	6.39±0.09a	565.285±60.58a	3.76±0.24b		
EBF	946	427	2135.37±366.64a	5.79±0.14ab	590.53±65.67a	3.74±0.33b		
CFF	934	682	2240.93±181.25a	5.62±0.35ab	612.88±71.91a	4.68±0.05a		
BF	769	411	2068.97±226.37a	5.47±0.38b	679.87±54.49a	4.18±0.49b		

注:表中数据为 3 个数值的平均值±标准误;同列数据后不同小写字母间代表各植被类型间差异显著($p<0.05$)。多重均值比较采用 Duncan 检验法;同列不同字母表示差异显著($p<0.05$),下同。

2.2 各植被类型土壤微生物群落结构组成

2.2.1 土壤细菌群落结构组成 5 种植被土壤中门水平细菌群落结构见图 1,共得到 11 个细菌类群(不包括相对丰度<1% 的类群),优势种群结构相似,但丰度存在差异。5 种植被类型土壤中的优势细菌门(相对丰度>10%)主要有变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)和酸杆菌门(Acidobacteriota),此外,杉木林和竹林中还包括厚壁菌门(Firmicutes)。其中,在灌丛、针阔混交林和常绿阔叶林中以变形菌门(Proteobacteria)占绝对优势,其相对丰度分别为 29.70%,31.94%,33.62%;而酸杆菌门(Acidobacteriota)在针阔混交林中位居其次(相对丰度为 22.92%),灌丛和常绿阔叶林则

2 结果与分析

2.1 土壤微生物样品测序结果

通过双末端测序(Paired-End)并优化后,15 个土样共获得 900 012 条有效序列(Effective Tags),总碱基数 37 444 534 bp,优化序列长度主要集中在 413~419 bp,平均碱基长度为 416.04 bp。序列长度和数量是将序列匹配到数据库从而产生基因注释的关键,因此根据这些优质序列分析得到的物种多样性其真实性具有重要的参考价值。15 个土样中的微生物归属于 32 门、88 纲、201 目、319 科、560 属和 1 164 种,土壤微生物多样性指数见表 2。从表 2 可以看出,针阔混交林的细菌 OTU 数最多,高于其他植被类型;而杉木林真菌 OTU 数最多。微生物多样性指数表明 5 种植被类型的细菌和真菌群落丰富度 Chao1 指数差异均不显著,说明各植被类型细菌和真菌所观测到的物种总数没有差异。细菌多样性 Shannon 指数表明,竹林细菌 Shannon 指数最低,与常绿阔叶林和杉木林差异不显著,但显著性低于灌丛和针阔混交林($p<0.05$),说明灌丛和针阔混交林细菌多样性较高,竹林细菌多样性最低。由真菌 Shannon 指数可知,针阔混交林、常绿阔叶林和竹林之间差异不显著,但均显著性低于灌丛和杉木林($p<0.05$),说明灌丛和杉木林真菌多样性最高。整体而言,细菌的多样性要高于真菌。

以放线菌门(Actinobacteriota)次之,其相对丰度分别为 23.45%,26.68%。在杉木林和竹林中以放线菌门(Actinobacteriota)最为丰富,相对丰度占比分别为 32.88%,29.88%,变形菌门(Proteobacteria)为二者土壤中次优势菌群,相对丰度分别为 25.15%,25.85%。其余细菌门在各植被类型中占比均低于 10%。

5 种植被类型土壤在细菌属分类水平上共得到 38 个类群(不包括相对丰度小于 1% 的类群,图 1),但优势种群结构在各植被类型中较大差异。灌丛、常绿阔叶林和杉木林中以节杆菌属(Arthrobacter)占最大优势,其相对丰度分别为 3.97%,8.00%,14.00%。针阔混交林以未定名的 Vicinamibacterales (5.89%)最丰富,竹林以芽

孢杆菌属(*Bacillus*)相对丰度占比最高(10.44%)。

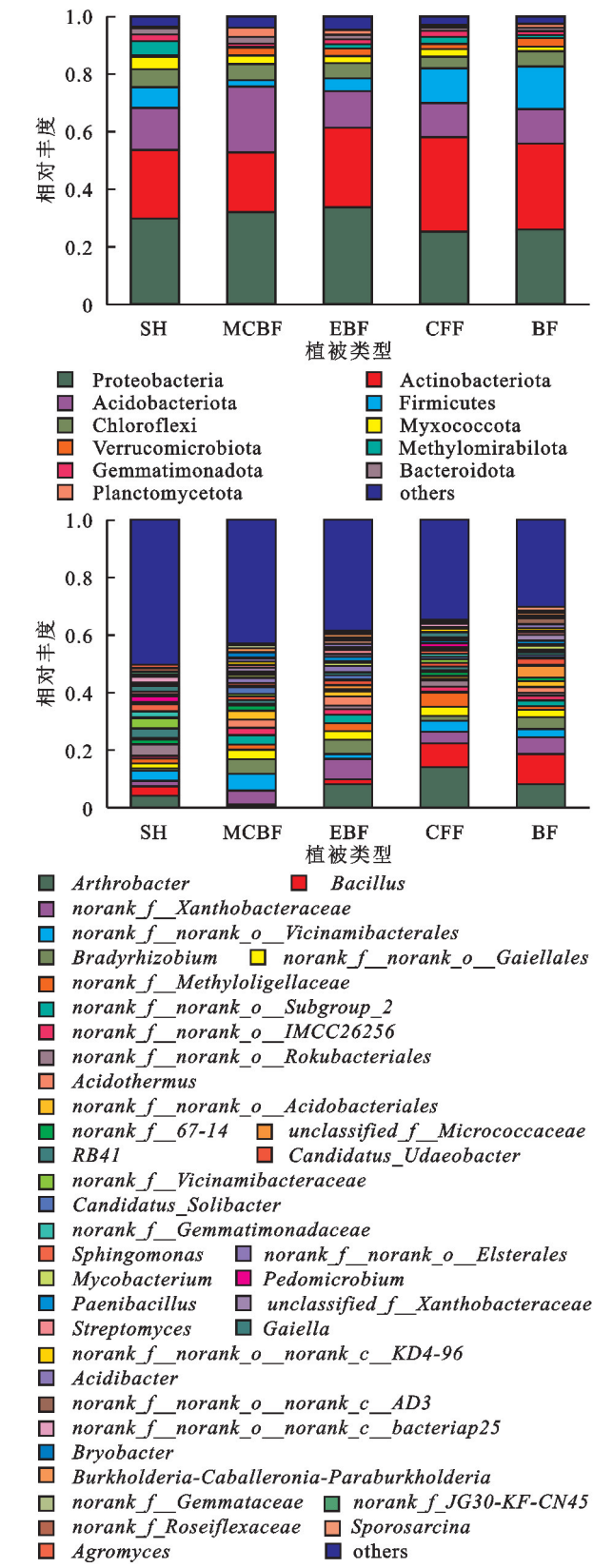


图 1 赤水河流域 5 种植被类型土壤细菌门和属群落结构组成

2.2.2 土壤真菌群落结构组成 根据真菌门水平分布柱状图(图 2),5 种植被类型土壤中共得到 7 个真菌类群(不包括相对丰度<1%的类群)。子囊菌门(Ascomycota)在各植被类型土壤中为绝对优势菌

群(相对丰度>49%),其中在灌丛和杉木林中相对丰度值分别达到 78.12%,73.87%,在针阔混交林、常绿阔叶林和竹林中相对丰度值相差不大,为 49.18%~50.61%。其次,除了杉木林以球囊菌门(Mortierellomycota)相对丰度(11.45%)次之外,其余 4 种植被类型均以担子菌门(Basidiomycota)次之,相对丰度为 12.74%~43.74%。而其余真菌类群在各植被类型土壤中相对丰度值均低于 10%。

在真菌属水平柱状图上可以看出(图 2),5 种植被类型土壤中共得到 65 个真菌类群(不包括相对丰度<1%的类群),其优势菌群差异显著。在灌丛和常绿阔叶林中优势关键属为子囊菌门(Ascomycota)未分类真菌属(*unclassified_p_Ascomycota*),相对丰度分别为 13.14%,17.11%。杉木林以被孢霉属(*Mortierella*)相对丰度最高(11.45%),针阔混交林和竹林中以沙蜥属(*Saitozyma*)相对丰度占比最高,分别为 16.09%,10.16%。其余属的比例均较低,同时具有未分类真菌属存在。

2.3 土壤微生物群落组成差异分析

非度量多维尺度(NMDS)分析表明,5 种植被的土壤样品在排序空间中形成了不同的聚类(图 3)。各土壤样品分布的差异表明,土壤细菌和真菌群落受到植被类型的显著影响。此外,常绿阔叶林和竹林的细菌群落聚类相似,其他 3 种植被类型之间细菌群落聚类不相似(图 3A),说明不同植被之间细菌群落组成存在明显差异。相比之下,5 种植被类型土壤真菌群落分离趋势更加明显,差异显著(图 3B),说明真菌群落对不同生境更敏感。

2.4 土壤环境因子对土壤微生物多样性的影响

2.4.1 土壤环境因子分析 由表 3 可知,5 种植被类型土壤中常绿阔叶林、杉木林和竹林的土壤含水量均显著高于灌丛和针阔混交林($p<0.05$)。pH 值以灌丛最高,偏碱性(pH 值=8.03),其余 4 种植被类型均偏酸性,pH 值范围为 5.19~5.66。容重以竹林最低,显著性低于其他植被类型($p<0.05$)。土壤养分中,竹林的 TOC[(25.14±4.36) g/kg]、TN[(2.62±0.58) g/kg]和 TP[(0.64±0.06) g/kg]含量均最高,显著性高于其他植被类型($p<0.05$)。各植被类型之间 C/N 差异不显著。

2.4.2 土壤环境因子与土壤微生物多样性的相关性分析 如图 4A—B 所示,前两个轴(db-RDA1 和 db-RDA2)分别解释了 5 个植被样本细菌和真菌物种总方差的 34.37%,25.87%。由图 4A 可知,含水量、TN 和 TOC 与第一排序轴(db-RDA1)呈正相关,相关系数分别为 0.702 5,0.381 7,0.296 9,主要对竹林和常绿阔叶林细菌群落多样性的影响程度最大。TP 与第二排序轴

(db-RDA2)呈正相关,相关系数为0.927 7,对杉木林的影响最高。而灌丛主要受 pH 值和容重的影响最大,针阔混交林主要受 C/N 的影响较大。

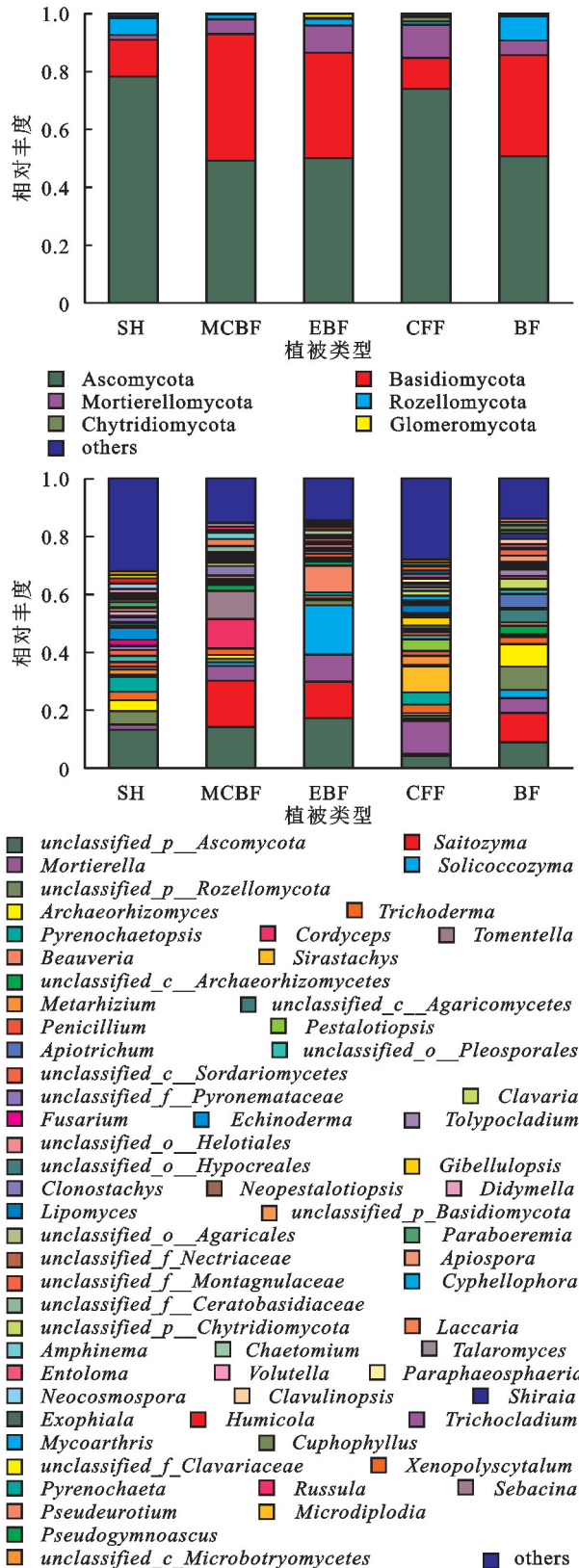


图 2 赤水河流域 5 种植被类型土壤真菌在门和属群落结构组成
总体而言,土壤环境因子中含水量($p=0.001$)、pH 值($p=0.001$)和 TN($p=0.046$)对土壤细菌群落结构具

有显著性的影响。由图 4B 可知,7 个土壤理化指标中, TOC($p=0.02$)和 TN($p=0.009$)与第一排序轴成正相关,主要影响竹林真菌群落多样性。而 pH 值($p=0.001$)、容重($p=0.03$)和 TP($p=0.001$)与第一排序轴均成负相关,相关系数分别为 $-0.995\ 9$, $-0.423\ 3$, $-0.103\ 7$,这几个指标主要对灌丛真菌群落多样性影响最大。其余理化指标对真菌群落多样性的影响不显著($p>0.05$)。总体而言,土壤环境因子中 pH 值($p=0.001$)、容重($p=0.030$)、TOC($p=0.020$)、TN($p=0.009$)和 TP($p=0.001$)显著影响真菌群落结构。

3 讨论

3.1 赤水河流域不同植被类型土壤微生物群落多样性差异

不同植被群落因其所处的土壤环境的异质性从而导致土壤微生物多样性存在一定差异。本研究发现不同植被类型土壤细菌多样性有显著差异,以针阔混交林细菌多样性较高,竹林的最低,这说明细菌多样性与植被种类有关。针阔混交林凋落物种类多,成分复杂,汪思龙等^[14]研究表明混交林通过改善土壤环境,增加土壤微生物类群和酶活性,促进土壤养分循环,因而有助于土壤微生物多样性的增加。此外,在酸性土壤中(pH 值 <6.0),土壤微生物的生长活性随 pH 值的降低而下降^[15],竹林土壤 pH 值为 5.66,不利于某些细菌类群的生长,因而造成细菌多样性降低。也可能与竹林所处海拔最高有关, Nottingham 等^[9]研究表明土壤微生物多样性会随海拔升高而下降。真菌多样性则以杉木林最高,这可能与具有较高的 C/N 比(12.27)有关。Yao 等^[16]研究认为 C/N 较高的土壤基质中可能富含一些有利于某些真菌生长的物质,如木质素和多酚类等,因而具有较高的真菌多样性。虽然研究中针阔混交林的 C/N 比(12.98)也较高,但其真菌多样性却较低,这可能是针叶树根系所分泌的化感物质降低了根区真菌的种类。

3.2 赤水河流域不同植被类型土壤微生物群落结构特征

不同植被类型土壤细菌群落中既有相似种群,又具有各自独特的优势菌群。本研究中 5 种植被类型土壤细菌在门水平上优势菌群主要有变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)和酸杆菌门(Acidobacteria),与大多数学者对不同来源土壤细菌多样性的分析结果基本一致^[8,10]。变形菌门(Proteobacteria)多为兼性或好氧细菌,分布广泛且适应环境能力强,在研究区各植被类型土壤中均有较高的丰度。放线菌对纤维素和木质素具有很强的分

解能力,其丰富的菌群有助于枯落物的快速分解,研究表明,纤维素分解菌的生物量和多样性在有机碳含量较高的森林土壤中更高^[17],杉木林和竹林的土壤有机碳含量(分别为 15.09,25.14 g/kg)均较高,因而其放线菌门(Actinobacteriota)较丰富。酸杆菌门(Acidobacteria)能够降解植物纤维素和其他高分子聚合物,在环境中分布较广。本研究发现相比于其他

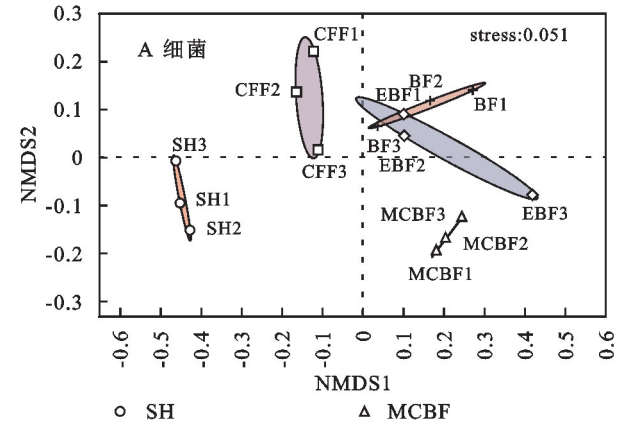
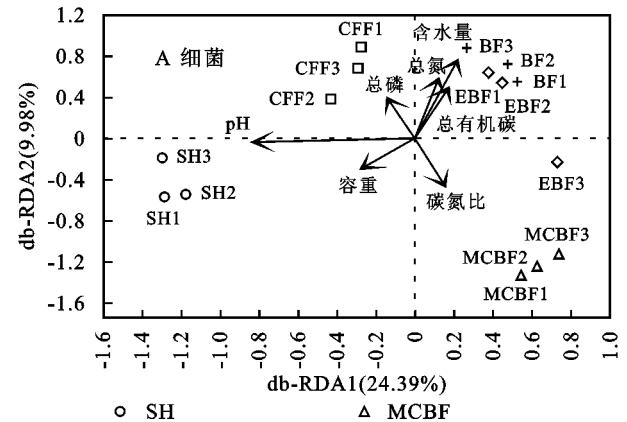


图 3 NMDS 显示了细菌和真菌的微生物群落结构

植被类型	含水量/%	pH 值	容重/(g·cm ³)	总有机碳(TOC)/(g·kg ⁻¹)	总氮(TN)/(g·kg ⁻¹)	总磷(TP)/(g·kg ⁻¹)	C/N
SH	16.38±1.36b	8.03±0.05a	1.50±0.14a	13.59±2.42b	1.33±0.15b	0.43±0.01b	10.22±0.72a
MCBF	15.37±0.41b	5.31±0.37b	1.42±0.20a	13.24±0.34b	1.02±0.24b	0.22±0.02c	12.98±3.36a
EBF	25.21±1.45a	5.19±0.38b	1.50±0.17a	14.54±2.82b	1.40±0.16b	0.23±0.02c	10.39±1.55a
CFF	27.29±8.64a	5.47±0.29b	1.37±0.13a	15.09±3.05b	1.23±0.09b	0.27±0.03c	12.27±3.02a
BF	28.43±2.95a	5.66±0.43b	0.96±0.21b	25.14±4.36a	2.62±0.58a	0.64±0.06a	9.60±0.62a

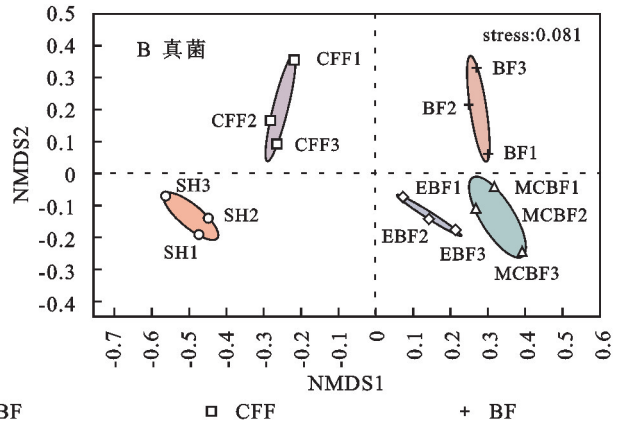


注:轴 1 和轴 2 的值是对应轴可以解释的百分比。

图 4 基于距离的冗余分析(db-RDA)土壤环境因子与微生物群落结构的关系。

本研究中各植被类型土壤真菌类群中子囊菌所占比均较高,这与范雅倩等^[20]的研究结果一致,这说明子囊菌门对不同土壤环境的适应能力较强。子囊菌门(Ascomycota)偏好通气较好的土壤条件,对于木质素和角质素等一些难以降解的有机质具有很强的分解能力,是土壤中重要的真菌分解者,有利于土壤养分循环,提升土壤质量。优势菌群担子菌门(Basidiomycota)在各植被土壤中位居第二(杉木林

植被类型,酸杆菌门在针阔混交林中具有较高的丰度值(22.92%),这可能是由于其具有最低的 TN 含量(1.02 g/kg)和较低的 pH 值(5.31)。Ramirez 等^[18]研究表明增加施氮量会降低酸杆菌的相对丰度。此外,酸杆菌门易于在酸性土壤中繁殖,Griffiths 等^[19]研究发现土壤中酸杆菌相对丰度与土壤 pH 值之间存在显著性负相关关系。



3.3 土壤环境因子对不同植被类型土壤微生物群落结构的影响

水分可以通过改变微生物代谢活性、细胞渗透

性、土壤养分循环状况、pH 值等直接或间接影响土壤微生物群落组成,微生物尤其是细菌,在水势相对较高的生境中具有更高的活性,但土壤含水量过高或过低均不利用细菌生长。本研究中水分对细菌多样性有一定影响,但对真菌多样性的影响不明显。db-RDA 分析结果表明,pH 值对细菌和真菌群落均具有显著影响。一些研究表明,土壤 pH 值不仅是影响细菌类群的主要因素^[22],还可通过改变植物群落结构调控真菌群落结构,已有研究表明真菌在酸性土壤(pH 值=5.5)中生长得最好^[23]。本研究除了灌丛外,其他植被类型土壤都呈酸性 pH 值为 5.19~5.66,因此有利于真菌生长。碳、氮、磷作为土壤中的主要营养元素对土壤微生物群落结构变化具有重要的影响作用。本研究中发现细菌群落受 TN 含量影响较大,这与费裕翀等^[24]的研究结果一致,他们在研究中发现外源氮输入对土壤细菌群落的多样性具有低促高抑的效应,当氮输入过高时,有利于某些专性细菌大量繁殖,导致细菌群落结构多样性降低。此外,碳、氮、磷养分对土壤真菌群落的多样性同样具有较大的影响作用。土壤有机碳是土壤真菌赖以生存的碳源,能促进真菌的生长繁殖。Yang 等^[25]对黄土高原地区的研究中也发现,土壤有机碳是驱动真菌多样性的重要因素。生态系统中真菌群落的分布与土壤氮含量密切相关,较高的氮素能促进真菌生长和功能发挥^[26]。此外,磷元素同样是影响真菌群落结构和多样性关键因子^[27]。因此,提高土壤养分有助于真菌的生长。与刘旻霞等^[28]的研究结果一致,土壤容重也是影响真菌丰度的主要因素之一。

4 结论

赤水河流域 5 种植被类型根际土壤微生物群落结构表现出一定的差异性。除了常绿阔叶林和竹林的细菌群落聚类相似外,其他几种植被类型细菌和真菌群落空间分布差异显著。细菌多样性以灌丛和针阔混交林较高,竹林最低,真菌多样性以灌丛和杉木林最高。5 种植被类型土壤细菌门均以变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)和酸杆菌门(Acidobacteriota)为优势菌群,真菌门以子囊菌门(Ascomycota)最为丰富,物种相对丰度存在一定差异,而在属分类水平上各植被类型土壤微生物优势种群结构差异较大。土壤微生物群落受土壤环境因子的影响显著,其中含水量、pH 值和 TN 对土壤细菌群落有显著的影响,真菌群落主要受 pH 值、容重、TOC、TN 和 TP 的影响较大。相对于细菌而言,真菌对土壤环境因子更敏感。本文揭示了赤水河流域典型植被类型土

壤微生物群落结构及多样性的差异,这可以用来指示不同植被类型土壤生态环境变化,从而为该保护区土壤恢复与管理提供参考依据。但是对于不同植被类型下凋落物的质量、数量及分解速率与微生物的互作关系未能进行探讨,需进一步详细研究。

参考文献:

- [1] 翟辉,张海,张超,等.黄土崆状丘陵区不同类型林分土壤微生物功能多样性[J].林业科学,2016,52(12):84-91.
- [2] Wu L H, Liu J L, Zhao J. Pyrosequencing: based assessment of bacterial community structure in Wuliangsu Hai Wetland[J]. Advanced Materials Research, 2014, 955/959(30):459-462.
- [3] 赵辉,周运超,任启飞.不同林龄马尾松人工林土壤微生物群落结构和功能多样性演变[J].土壤学报,2020,57(1):227-238.
- [4] 丁令智,满秀玲,肖瑞晗,等.寒温带森林根际土壤微生物量碳氮含量生长季内动态变化[J].林业科学,2019,55(7):178-186.
- [5] 杨云礼,徐明,邹晓,等.不同植被类型对黔中山地丘陵区土壤细菌群落特征的影响研究[J].生态与农村环境学报,2021,37(4):518-525.
- [6] 夏北威.植被对土壤微生物群落结构的影响[J].应用生态学报,1998,9(3):296-300.
- [7] Zhao C, Long J, Liao H, et al. Dynamics of soil microbial communities following vegetation succession in a karst mountain ecosystem, Southwest China[J]. Scientific reports, 2019,9(1):1-10.
- [8] 张胜男,闫德仁,黄海广,等.短期封育对科尔沁沙地榆树疏林土壤微生物群落结构的影响[J].生态学杂志,2020,39(9):2860-2867.
- [9] Nottingham A T, Noah F, Turner B L, et al. Microbes follow humboldt: temperature drives plant and soil microbial diversity patterns from the amazon to the andes[J]. Ecology, 2018,99(11):2455-2466.
- [10] 刘洋,黄懿梅,曾全超.黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究[J].环境科学,2016,37(10):3931-3938.
- [11] 赵静,唐剑波,黄尚书,等.赤水河流域水土流失类型区划分及防治对策[J].湖北农业科学,2015,54(14):3369-3371.
- [12] 鲍士旦.土壤农化分析[M].北京:中国农业出版社,2000.
- [13] 李金业,陈庆锋,李青,等.黄河三角洲滨海湿地微生物多样性及其驱动因子研究[J].生态学报,2021,41(15):1-10.
- [14] 汪思龙,黄志群,王清奎,等.凋落物的树种多样性与杉木人工林土壤生态功能[J].生态学报,2005,25(3):474-480.
- [15] Koga K, Suehiro Y, Matsuoka S T, et al. Evaluation of growth activity of microbes in tea field soil using microbial calorimetry[J]. Journal of Bioscience and

Bioengineering, 2003,95(5):429-434.

[16] Yao S R, Merwin I A, Bird G W, et al. Orchard floor management practices that maintain vegetative or biomass groundcover stimulate soil microbial activity and alter soil microbial community composition [J]. Plant and Soil, 2005,271(1/2):377-389.

[17] Yang J K, Zhang J J, Yu H Y, et al. Community composition and cellulase activity of cellulolytic bacteria from forest soils planted with broad-leaved deciduous and evergreen trees[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2014,98:1449-1458.

[18] Ramirez K S, Craine J M, Fierer N. Consistent effects of nitrogen amendments on soil microbial communities and processes across biomes [J]. Global Change Biology, 2012,18(6):1918-1927.

[19] Griffiths R I, Thomson B C, James P, et al. The bacterial biogeography of British soils [J]. Environmental Microbiology, 2011,13:1642-1654.

[20] 范雅倩,安菁,梁晨.北京市松山国家级自然保护区典型植被群落的土壤微生物群落结构特征[J].北方园艺,2021(1):81-86.

[21] Ferreira de Araujo A S, Bezerra W M, Santos V M, et al. Fungal diversity in soils across a gradient of preserved Brazilian Cerrado[J]. Journal of Microbiology, 2017, 55(4):273-279.

[22] Crowther T W, Van Den Hoogen J, Wan J, et al. The global soil community and its influence on biogeochemistry[J]. Science, 2019, 365 (6455).DOI: 10.1126/science.aav0550.

[23] 孙英杰,何成新,徐广平,等.广西十万大山地区不同植被类型土壤微生物特征[J].生态学杂志,2015,34(2): 352-359.

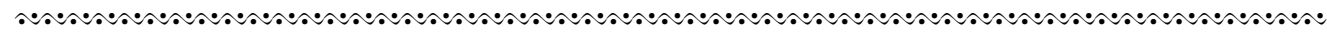
[24] 费裕翀,叶义全,郑宏,等.外源氮素调控 C/N 比对杉木林凋落叶细菌群落结构的影响[J].生态学报,2021,41 (5):2011-2023.

[25] Yang Y, Dou Y X, Huang Y M, et al. Links between soil fungal diversity and plant and soil properties on the Loess Plateau[J]. Frontiers in Microbiology, 2017,8. DOI:10.3389/fmicb.2017.02198.

[26] Zhang C, Wang J, Liu G, et al. Impact of soil leachate on microbial biomass and diversity affected by plant diversity[J]. Plant and Soil, 2019,439(1):505-523.

[27] He D, Shen W J, Eberwein J, et al. Diversity and co-occurrence network of soil fungi are more responsive than those of bacteria to shifts in precipitation seasonality in a subtropical forest [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017,115:499-510.

[28] 刘旻霞,蒋晓轩,李全弟,等.兰州北山不同植被土壤可培养微生物丰度变化特征及影响因素[J].中国环境科学,2020,40(6):2683-2691.



(上接第 274 页)

[11] Etemadi H, Smoak J M, Karami J. Land use change assessment in coastal mangrove forests of Iran utilizing satellite imagery and CA-Markov algorithms to monitor and predict future change[J]. Environmental Earth Sciences, 2018,77(5):1-13.

[12] 何丹,金凤君,周璟.基于 Logistic-CA-Markov 的土地利用景观格局变化:以京津冀都市圈为例[J].地理科学,2011,31(8):903-910.

[13] 黄焕春,运迎霞.基于改进 logistic-CA 的城市形态多情景模拟预测分析:以天津滨海地区为例[J].地球信息科学学报,2013,15(3):380-388.

[14] 史名杰,武红旗,贾宏涛,等.基于 MCE-CA-Markov 和 InVEST 模型的伊犁谷地碳储量时空演变及预测[J/OL].农业资源与环境学报,2021,38(6):1010-1019.

[15] 杨洁,谢保鹏,张德罡.基于 InVEST 和 CA-Markov 模型

型的黄河流域碳储量时空变化研究[J].中国生态农业学报(中英文),2021,29(6):1018-1029.

[16] 龚文峰,王鑫鑫,曹凯华,等.基于 RS 和 GIS 五常市土地利用变化及模拟研究[J].黑龙江大学工程学报, 2019,10(2):15-22.

[17] 吴婷.基于 CLUE-S 模型的南京市土地利用变化模拟[D].武汉:武汉大学,2019.

[18] 阮俊杰,苏敬华,黄宇驰,等.上海市青浦区土地利用时空格局模拟研究[J].中国农学通报,2018,34(3):112-119.

[19] Pontius R G, Schneider L C. Land-cover change model validation by an ROC method for the Ipswich watershed, Massachusetts, USA[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2001,85(1/3):239-248.

[20] 朱凯妮.基于 CA-Markov 和 CLUE-S 模型的德昌县耕地预测对比研究[D].天津:天津工业大学,2020.