

DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2024.03.029.

高伟, 叶功富, 岳新建, 等. 福建海岸沙地 5 种防护林土壤微生物群落特征[J]. 水土保持研究, 2024, 31(3): 204-212.

Gao Wei, Ye Gongfu, Yue Xinjian, et al. Soil Microbial Communities in Different Protection Forest Types in Coastal Sand Dunes of Fujian Province[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2024, 31(3): 204-212.

福建海岸沙地 5 种防护林土壤微生物群落特征

高伟^{1,2}, 叶功富², 岳新建³, 刘海³, 黄志群⁴

(1. 福建林业职业技术学院森林生态与碳汇计量研究所, 福建 南平 353011; 2. 福建省林业科学研究院, 福州 350012; 3. 福建省林业调查规划院, 福州 350001; 4. 福建师范大学 地理研究所, 福州 350007)

摘要: [目的] 探明福建海岸沙地不同防护林对土壤微生物群落的影响及机制, 为海岸带防护林森林质量提升提供科学依据。 [方法] 选择 5 种主要防护林为对象, 分别为次生林、木麻黄 (*Casuarina equisetifolia*) 人工林、湿地松 (*Pinus elliottii*) 人工林、厚荚相思 (*Acacia crassicaarpa*) 人工林和尾巨桉 (*Eucalyptus urophylla* × *E. grandis*) 人工林, 采用磷脂脂肪酸法 (Phospholipids fatty acid, PLFA) 比较了不同防护林的土壤微生物群落结构。 [结果] (1) 海岸沙地不同防护林土壤中共检测到 18 种 PLFA 生物标记, 在尾巨桉和次生林中种类最多, 湿地松和厚荚相思人工林最少。 (2) 土壤总磷脂脂肪酸、革兰氏阳性细菌和革兰氏阴性细菌含量均表现为尾巨桉和次生林较高, 厚荚相思和木麻黄人工林较低, 土壤真菌含量为尾巨桉林最高, 丛枝菌根菌含量为次生林最高, 真菌和丛枝菌根菌含量在其他防护林间无显著差异。 (3) 次生林的土壤微生物多样性和均匀度均高于 4 种人工林。 (4) 土壤 pH、细根碳氮含量为土壤微生物群落的主要影响因子, 其次为土壤全氮和硝态氮含量以及凋落物木质素/氮和细根碳氮比。 [结论] 不同防护林对土壤微生物群落的影响存在显著差异, 在海岸带木麻黄防护林中引种尾巨桉和乡土树种, 可以增加土壤微生物多样性, 提高森林生态功能。

关键词: 海岸沙地; 防护林; 土壤微生物群落; 磷脂脂肪酸; 亚热带

中图分类号: S154.3; S714.3

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2024)03-0204-09

Soil Microbial Communities in Different Protection Forest Types in Coastal Sand Dunes of Fujian Province

Gao Wei^{1,2}, Ye Gongfu², Yue Xinjian³, Liu Hai³, Huang Zhiquan⁴

(1. Institute of Forest Ecology and Carbon Sequestration Measurement, Fujian Forestry Vocational and Technical College, Nanping, Fujian 353011, China; 2. Fujian Academy of Forestry, Fuzhou 350012, China; 3. Forest Inventory and Planning Institute of Fujian Province, Fuzhou 350003, China; 4. Institute of Geography, Fujian Normal University, Fuzhou 350007, China)

Abstract: [Objective] The aims of this study are to understand the soil microbial communities in different protection forests in coastal sand dune ecosystem, and to provide theoretical basis for sustainable management of the protection forests. [Methods] A study was conducted to compare the effects of different forests on soil microbial composition and the relationship between soil microorganism and environmental factors by phospholipid fatty acid method (PLFA) in 5 forests including secondary forest, and plantations of *Casuarina equisetifolia*, *Pinus elliottii*, *Acacia crassicaarpa* and *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis*. [Results] (1) 18 kinds of PLFA biomarkers were detected in the soils of different protection forests in

收稿日期: 2022-10-30

修回日期: 2023-07-22

资助项目: 福建省林业科学研究项目 (2023FKJ31); 福建省科技计划项目 (2021L3017)

第一作者: 高伟 (1985—), 男, 山东青岛人, 博士, 高级工程师, 研究方向: 沿海防护林生态构建及海岸带生态系统恢复。E-mail: gao01271@163.com

通信作者: 黄志群 (1973—), 男, 福建龙岩人, 博士, 教授, 研究方向: 亚热带人工林经营及森林生态系统碳、氮循环。E-mail: zhiquanhuang@hotmail.com

<http://stbcyj.paperonce.org>

coastal sand dune ecosystem, which were most in *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* plantation and secondary forest, and least in *Pinus elliottii* and *Acacia crassicaarpa* plantations. (2) The contents of total PLFA, gram-positive bacteria and gram-negative bacteria were all higher in *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* plantation and secondary forest, and lower in *Acacia crassicaarpa* and *Casuarina equisetifolia* plantations. In addition, the fungi content was significantly higher in *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* plantation than in other forest types, the content of soil fungi in *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* plantation was the highest, and that of arbuscular mycorrhizal in secondary forest was the highest, no significant difference was found among other protection forests. (3) The soil microbial diversity and evenness of the secondary forest were higher than those of the four plantations. (4) The soil pH, fine root carbon and nitrogen contents had the greatest impact on soil microbial community, followed by soil total nitrogen and nitrate nitrogen contents, litter lignin/nitrogen and fine root carbon nitrogen ratio. [Conclusion] The effects of protection forests on soil microbial community are significantly different. The introduction of *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* and native trees in the coastal *Casuarina equisetifolia* protection forest can increase soil microbial diversity and improve forest ecological functions.

Keywords: coastal sand dune; protection forest; soil microbial community; phospholipids fatty acid; subtropical China

土壤微生物是森林生态系统重要的组成部分,是凋落物分解、土壤肥力的形成与维持、养分循环和碳氮周转的主要驱动力^[1-2]。由于对土壤质量变化敏感,土壤微生物群落结构能够较快地指示生态环境和生态系统功能的变化^[3]。研究表明,树种是影响森林土壤微生物群落结构的重要因素^[4-5],原因是不同树种凋落物和根系分泌物中化学组成的差异,导致了微生物碳源和土壤环境的异质性^[6-7],从而使微生物群落组成呈现显著差异。因此,研究土壤微生物多样性和群落结构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。虽然对树种与土壤微生物群落的关系研究已经取得重要进展^[8-9],但在养分贫瘠且生境脆弱的沿海沙地上,有关造林树种与土壤微生物群落的研究仍存在不足。

海岸沙地是我国东南沿海的典型立地类型,土壤贫瘠且含盐量高,且强风和盐雾等自然干扰频繁,仅少量树种能在此栽培成功。木麻黄(*Casuarina equisetifolia*)作为东南沿海防护林的主栽树种,在改善生态环境和维护生态安全方面意义重大,特别在海岸风口地段具有不可替代的地位^[10]。但木麻黄连栽导致的更新困难,生产力下降等问题,严重影响了其生态效益的持续发挥。因此,从20世纪60年代开始,在福建海岸沙地上陆续引种了相思属、桉属和松属等树种来提高防护林的物种多样性和抗逆性,此外,经过长期保护,以乡土树种潺槁木姜子(*Litsea glutinosa*)为建群种的天然次生林也是海岸沙地上的重要防护林类型。近年来,已有研究陆续报道了海岸沙地防护

林的碳氮循环过程^[10-12],但有关树种类型与土壤微生物群落结构的关系仍知之甚少,从而导致在海岸带防护林的经营和管理上仍存在不较大确定性。

在森林生态系统中,优势树种凋落物组成是影响土壤微生物群落结构和功能的关键^[13-14]。Chang等^[15]研究发现海岸沙地上,凋落物和土壤碳氮比低的黄瑾林下土壤微生物磷脂脂肪酸量高于木麻黄,种植黄瑾可以增加木麻黄林的土壤肥力和微生物活性。在福建海岸沙地上,阔叶树种和针叶树种、固氮树种和非固氮树种并存,厘清不同树种的生态功能对于指导沿海防护林生态系统管理具有重要意义。基于此,本研究选择福建海岸沙地上的5种防护林(为次生林、木麻黄人工林、湿地松(*Pinus elliottii*)人工林、厚荚相思(*Acacia crassicaarpa*)人工林和尾巨桉(*Eucalyptus urophylla* × *E. grandis*)人工林),采用磷脂脂肪酸法(Phospholipid fatty acid, PLFA)比较不同林分的土壤微生物群落结构,探讨防护林类型对土壤微生物组成的影响,以期深入认识海岸带防护林树种的生态功能,为沿海防护林森林质量的精准提升提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于福建省东山县赤山国有防护林场(23°38'21.22"N, 117°24'22.17"E),位于福建省东南端,属于亚热带海洋性季风气候,1月份平均气温13.1℃,7月份平均气温27.3℃,多年平均气温为20.8℃,终年无霜冻,年平均降水1104 mm,干湿季明显,

雨季集中在 5—9 月,约占全年降水量的 61%,年相对湿度 80%,11 月—翌年 2 月为旱季,年均蒸发散量为 2 028 mm。土壤主要为典型砂质新成土,土层厚度 80—100 cm。

2014 年 12 月,选择海岸沙地上 5 种主要防护林类型作为试验样地,分别为次生林、尾巨桉人工林(简称尾巨桉林)、湿地松人工林(简称湿地松林)、厚荚相思人工林(简称厚荚相思林)、木麻黄人工林(简称木麻黄林),这 5 种林分均位于防护林后沿,间隔 2 km 左右,气候相似,土壤类型一致,海拔相近,平均坡度均 $<10^{\circ}$ 。样地的主要特征及表层土壤属性详见表 1。

表 1 海岸带 5 种森林类型林分概况和表层土壤特征

Table 1 Overview and surface soil characteristics of five forest types in the coastal zone

参数	尾巨桉林	湿地松林	次生林	厚荚相思林	木麻黄林
海拔/m	18.71	18.77	13.64	20.7	20.7
林龄/a	11	22	>50	22	22
平均胸径/cm	15.6	21	9.7	21.1	17.9
平均树高/m	11.4	13.9	5.6	12.5	14.9
林分密度/(株 \cdot hm $^{-2}$)	1290	1487	1392	944	1587
郁闭度	0.8	0.8	0.9	0.7	0.9
年凋落物量/(t \cdot hm $^{-2}$ \cdot a $^{-1}$)	12.32ab	12.99a	12.67a	10.06b	10.08b
凋落物碳含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	473.4bc	499.7ab	495.8c	513.6a	497.7ab
凋落物氮含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	9.21c	6.58d	16.41a	15.1b	8.83c
凋落物碳氮比	51.55b	77.12a	28.05c	34.07c	56.43b
凋落物纤维素含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	114.8d	217.9b	157.4c	172.1c	275.2a
凋落物木质素含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	179.9 e	365.9b	300.6c	449.3a	227.5d
凋落物木质素/氮	19.6c	56.5a	18.3c	29.8b	25.8b
细根生物量/(t \cdot hm $^{-2}$)	2.16ab	1.05b	2.77a	1.84ab	3.04a
细根碳含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	376.4ab	365.1b	378.0ab	304.8c	412.7a
细根氮含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	5.7c	6.3c	19.2a	10.5b	19.7a
细根碳氮比	69.9a	63.5a	19.8b	29.0b	20.9b
土壤温度/ $^{\circ}$ C	19.6b	20.1b	22.3a	21.9a	21.9a
土壤含水率/%	4.8ab	3.9bc	5.4a	3.4c	3.6c
土壤容重/(g \cdot cm $^{-3}$)	1.36b	1.23cd	1.17d	1.28bc	1.45a
土壤 pH	5.00b	4.65c	6.57a	4.73c	4.71c
土壤碳含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	6.65b	4.33b	12.71a	4.08b	3.17b
土壤氮含量/(g \cdot kg $^{-1}$)	0.54b	0.53bc	1.26a	0.53bc	0.27c
土壤碳氮比	11.97a	8.12b	9.91ab	7.7b	11.58a
土壤铵态氮含量/(mg \cdot kg $^{-1}$)	3.52c	3.78c	7a	6.27b	4.38c
土壤硝态氮含量/(mg \cdot kg $^{-1}$)	0.2b	1.14b	18.2a	1.47b	0.87b
土壤矿质氮含量/(mg \cdot kg $^{-1}$)	2.3b	3.9b	25.8a	6.5b	3.1b
可溶性有机碳含量/(mg \cdot kg $^{-1}$)	56.2b	40.4b	84.8a	42.2b	53.3b
可溶性有机氮含量/(mg \cdot kg $^{-1}$)	2.8bc	3.3bc	22.5a	6.8b	0.6c
土壤有效磷含量/(mg \cdot kg $^{-1}$)	0.57b	0.61b	20.49a	1.26b	0.89b

注:表中数据为 4 个小区的平均值,同一行中不同字母代表在 0.05 水平差异显著,下同。

1.2 试验设计

2014 年 7 月分别在以上 5 种林型中选择有代表性的地段设置 4 个 20 m \times 20 m 的固定监测小区,每个小区间隔 10 m 以上。

次生林为可自然更新的乡土植被类型,林龄 50 a 以上,具有清晰的乔木层、灌木层和草本层,林冠层郁闭度较高,主要乔木优势树种为潺槁木姜子和朴树(*Celtis sinensis*),灌木层主要为毛果算盘子(*Glochidion eriocarpum*)、豺皮樟(*Litsea rotundifolia*)、土蜜树(*Bridelia tomentosa*)、鱗藤(*Anodendron affine*)等,草本层主要为沿阶草(*Ophiopogon bodinieri*)和荩草(*Arthraxon hispidus*)。木麻黄林、厚荚相思林和湿地松林为 1992 年造林,巨尾桉林为 2004 年造林,不同人工林林冠层郁闭度均在 0.7 以上,林下植被稀少。

2015 年 4 月在不同林分的 4 个小区中沿对角线均匀选择 10 个点采集 0—10 cm 土壤,土样混合后取大约 500 g 均分成 2 份用冰盒迅速带回实验室,将其中一份过 2 mm 筛后至于 -20° C 保存,并尽快进行 PLFA

的测定分析;另一份风干后过 0.149 mm 土壤筛后用于测定土壤理化性质。采集土壤样品的同时,采用容重圈(100 cm³)测定土壤容重,用数字式瞬时温度计(AM-11 T,Avalon 公司,美国)测定地下 10 cm 处的土壤温度(℃);采用烘干法测定 0—10 cm 土壤含水率。

土壤总有机碳和全氮采用元素分析仪(Vario EL III,Elementar Analysensysteme GmbH,Hanau,Germany)测定,土壤 pH 值以水土比 2.5 : 1 数字式酸度计测定。土壤中可溶性有机碳氮采用冷水浸提,浸提液中的可溶性有机碳用 TOC 分析仪(Vario

TOC Cube,Elementar,Germany)测定,可溶性有机氮用连续流动分析仪(AA3 Bran+Luebbe,Germany)分别测定,铵态氮和硝态氮采用经氯化钾溶液提取后用连续流动分析仪测定。

土壤微生物群落采用磷脂脂肪酸方法(PLFA)分析测定,磷脂脂肪酸的提取参考 White 等^[16]的方法,通过硅胶柱分离后,根据它们的气相色谱仪(Agilent 6 890 N,美国)停留时间结合 MIDI 微生物识别系统(MIDI Inc.,Newark,DE)来进行鉴定,根据已有研究结果,指示特定微生物的 PLFA 标记物见表 2。

表 2 微生物类型的生物标记
Table 2 Biomarkers of microbial types

微生物群落	磷脂脂肪酸标记物
革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria/G ⁺	i14 : 0,i15 : 0,a15 : 0,i16 : 0,i17 : 0,a17 : 0
革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria/G ⁻	16 : 1 w9c,16 : 1 w7c,cy 17 : 0,18 : 1 w7c,18 : 1 w5c,cy 19 : 0
真菌 Fungi	18 : 2 w6c,18 : 1 w9c
放线菌 Actinomycetes	10 me 16 : 0,10 me 17 : 0,10 me 18 : 0
丛枝菌根菌 Arbuscular mycorrhizal	16 : 1 w5c

1.3 数据处理

用所测得的 PLFA 数据计算多样性指数^[17-18],Shannon-Wiener 指数(*H*)计算公式为:

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \ln P_i$$

Simpson 指数(*D*)计算公式为:

$$D = 1 - \sum_{i=1}^S P_i^2$$

Pielou 均匀度指数(*J*)计算公式为:

$$J = H / \ln S$$

式中:*P_i* = *N_i* / *N*,*N_i* 为第 *i* 种磷脂脂肪酸含量;*N* 为该试验中所有磷脂脂肪酸含量总和;*S* 为同一样品中检测出的磷脂脂肪酸的种数。

采用单因素方差分析和 Duncan's 多重比较检验不同防护林对土壤理化性质、微生物群落结构的影响。采用 Pearson 相关分析和冗余分析(Redundancy analysis,RDA)检验土壤微生物指标与土壤理化性质、凋落物量和细根碳氮含量之间的相关性。方差分析和 Pearson 相关分析在 PASW Statistics 18.0 中进行,显著水平为 α = 0.05,冗余分析在 Canoco 5.0 中进行,采用 Origin 8.5 绘图。

2 结果与分析

2.1 不同防护林下土壤理化性质

由不同防护林的土壤理化性质可见(表 1),次生林土壤 pH、有机碳、全氮、铵态氮、硝态氮、总矿质氮、可溶性有机碳氮和有效磷含量均显著高于 4 种人工林。人工林之间土壤有机碳、硝态氮、总矿质氮、可

溶性有机碳和有效磷含量均无显著差异。尾巨桉林的土壤 pH 显著高于其他人工林,土壤全氮含量显著高于木麻黄林;厚荚相思林的土壤铵态氮含量显著高于其他人工林,土壤可溶性有机氮含量显著高于木麻黄林,湿地松林和厚荚相思林的土壤碳氮比均显著低于尾巨桉林和木麻黄林。

2.2 不同防护林下土壤微生物群落 PLFA 图谱

PLFA 分析结果表明(表 3),5 种防护林土壤中共测到 18 种 PLFA 生物标记,其中尾巨桉和次生林为 18 种,湿地松林和厚荚相思林为 16 种,木麻黄林为 17 种。不同防护林土壤中占比重较高的磷脂脂肪酸类型分别为代表革兰氏阳性细菌的 i15 : 0 和 i6 : 0,代表革兰氏阴性细菌的 cy19 : 0,代表放线菌的 10 me 16 : 0 和代表真菌的 18 : 1 w9 c,其中,i15 : 0 在 5 种林分类型中占比均最高,是海岸沙地上最主要的土壤微生物类群。次生林土壤中的 i14 : 0,a15 : 0,i17 : 0,16 : 1 w9c,16 : 1 w7c,18 : 1 w7c,16 : 1 w5c,10 me 18 : 0 含量均显著高于 4 种人工林。尾巨桉林土壤中的 cy17 : 0,cy19 : 0,10 me 17 : 0,18 : 2 w6c,18 : 1 w9 c 显著高于其他 4 种林分,i14 : 0,a17 : 0,16 : 1 w7c 和 18 : 1 w7c 显著高于其他 3 种人工林,湿地松林和次生林的 cy19 : 0,10 me 17 : 0 含量显著高于木麻黄林。

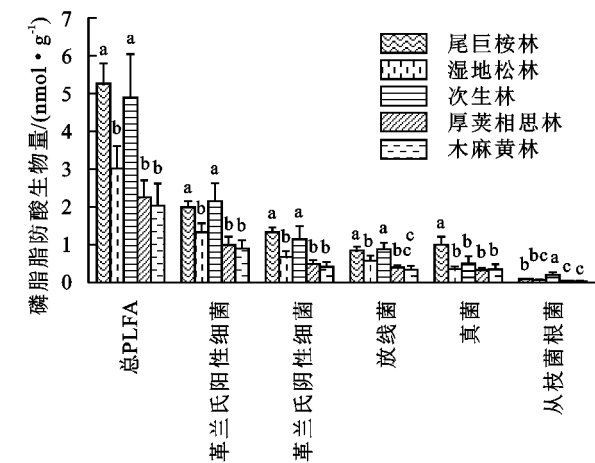
2.3 不同防护林下土壤微生物各菌群 PLFA 含量

由图 1 可见,尾巨桉林和次生林的土壤总 PLFA、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、放线菌无显著差异,均显著高于其他 3 种人工林。而湿地松、厚荚相思和木麻黄林之间,土壤总 PLFA、革兰氏阳性细菌、革兰

氏阴性细菌均无差异。此外,湿地松林土壤放线菌含量显著高于木麻黄林,土壤真菌含量为尾巨桉林最高,丛枝菌根菌含量为次生林最高,尾巨桉林次之,厚荚相思和木麻黄林最低。

表 3 不同林分类型土壤中的磷脂脂肪酸含量

Table 3 Phospholipid fatty acid content in soil of different forest types						nmol/g
磷脂脂肪酸	尾巨桉林	湿地松林	次生林	厚荚相思林	木麻黄林	
i14 : 0	0.03±0.002b	0.01±0.008c	0.09±0.022a	0.003±0.001c	0.01±0.009c	
i15 : 0	0.79±0.06a	0.47±0.08b	0.77±0.31a	0.33±0.08b	0.26±0.08b	
a15 : 0	0.23±0.01b	0.17±0.01bc	0.34±0.12a	0.13±0.03c	0.12±0.02c	
i16 : 0	0.53±0.07a	0.38±0.11ab	0.56±0.21a	0.31±0.07b	0.28±0.09b	
i17 : 0	0.21±0.04b	0.17±0.04b	0.31±0.10a	0.12±0.03b	0.12±0.03b	
a17 : 0	0.19±0.04b	0.13±0.01c	0.27±0.07a	0.10±0.01c	0.10±0.01c	
16 : 1 w9c	0.02±0.01b	—	0.05±0.02a	—	0.004±0.001b	
16 : 1 w7c	0.17±0.02b	0.10±0.04c	0.29±0.08a	0.06±0.01c	0.08±0.02c	
cy17 : 0	0.20±0.01a	0.11±0.02b	0.1±0.06b	0.09±0.02b	0.06±0.01b	
18 : 1 w7c	0.26±0.03b	0.09±0.02c	0.36±0.13a	0.08±0.01c	0.07±0.02c	
18 : 1 w5c	0.01±0.01a	—	0.02±0.01a	—	—	
cy19 : 0	0.68±0.06a	0.38±0.07b	0.41±0.20b	0.26±0.06bc	0.20±0.08c	
16 : 1 w5c	0.09±0.01b	0.06±0.02b	0.22±0.09a	0.04±0.01b	0.04±0.01b	
10 me 16 : 0	0.57±0.06a	0.39±0.08b	0.58±0.21a	0.28±0.05b	0.23±0.07b	
10 me 17 : 0	0.12±0.02a	0.08±0.02b	0.09±0.02b	0.05±0.01c	0.05±0.01c	
10 me 18 : 0	0.16±0.03b	0.11±0.03bc	0.28±0.09a	0.07±0.002c	0.07±0.02c	
18 : 2 w6c	0.47±0.15a	0.10±0.01b	0.16±0.10b	0.12±0.02b	0.15±0.06b	
18 : 1 w9c	0.53±0.06a	0.26±0.06c	0.38±0.13b	0.21±0.04c	0.20±0.07c	



注:同一指标不同字母代表树种间差异显著,误差线代表标准误差,下同。

图 1 不同林分类型特征微生物类群 PLFA 总量

Fig. 1 Total PLFA of microbial groups with different stand types

由图 2 可见,土壤中细菌群落占主导地位,其次为真菌和放线菌,丛枝菌根菌极少。湿地松林和次生林的革兰氏阳性细菌相对丰度最高,尾巨桉林最低,而革兰氏阴性细菌相对丰度则以尾巨桉林和次生林最高,木麻黄林最低。湿地松林、厚荚相思林和次生林的放线菌相对丰度较高,尾巨桉人工林最低。真菌丰度则为尾巨桉林和木麻黄林最高,湿地松和次生林较低。次生林中丛枝菌根菌的相对丰度最高,湿地松林次之,尾巨桉林最低。

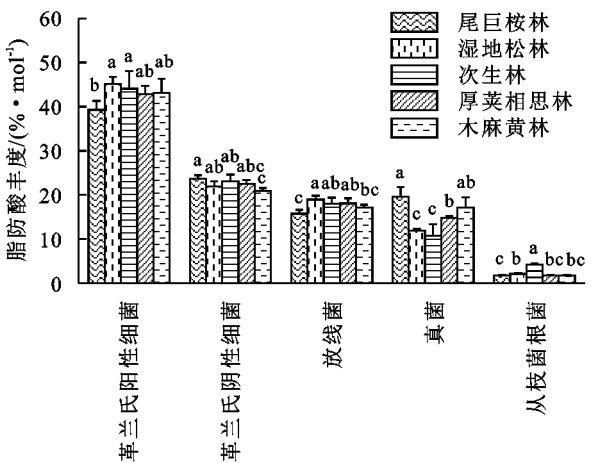


图 2 不同林分类型土壤磷脂脂肪酸摩尔丰度

Fig. 2 Abundance of phospholipid fatty acids in soil of different forest types

由图 3 可见,5 种林分中真菌/细菌比值以尾巨桉林和木麻黄林最高,其次为厚荚相思林,次生林最低;革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值为尾巨桉林最小,湿地松林和木麻黄林最高;cy17 : 0/16 : 1 w7c 比值以厚荚相思林最高,其次为尾巨桉林和湿地松林,次生林最小;不同林型间 cy19 : 0/18 : 1 w7c 比值均差异显著,湿地松林最高,其次为厚荚相思林和木麻黄林,次生林最小。

2.4 不同防护林下土壤微生物多样性

由表 4 可见,次生林的多样性和均匀度均高于 4

种人工林,不同人工林间 Pielou 均匀度无显著差异,木麻黄林的微生物多样性与尾巨桉林无显著差异,但均高于湿地松林和厚荚相思林,尾巨桉林的微生物 Sipson 指数显著高于厚荚相思林,其他人工林之间土壤微生物多样性无显著差异。

2.5 土壤微生物群落结构与土壤、细根和凋落物性质的关系

由表 5 可见,土壤 pH、全氮、有机碳与土壤总 PLFA、革兰氏阳性细菌、放线菌和丛枝菌根菌均呈显著正相关,细根碳含量与所有菌群 PLFA 量均呈显著正相关,而土壤碳氮比和凋落物木质素/氮与所有菌群 PLFA 量均呈显著负相关,凋落物碳含量与总 PLFA、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、放线菌和丛枝菌根菌含量呈显著负相关。此外,真菌/细菌比值与土壤可溶性有机氮、硝态氮、铵态氮、凋落物木质素含量和细根氮含量呈显著负相关。cy17 : 0/16 : 1 w7c 与土壤 pH、全氮、可溶性有机碳氮、硝态氮和细根氮含量呈显著负相关,与凋落物碳含量呈显著

正相关;cy19 : 0/18 : 1 w7c 与土壤 pH、全氮、有机碳、可溶性有机碳氮、硝态氮、凋落物和细根氮含量呈显著负相关,与土壤碳氮比、凋落物碳含量、凋落物碳氮比和木质素/氮呈显著正相关。

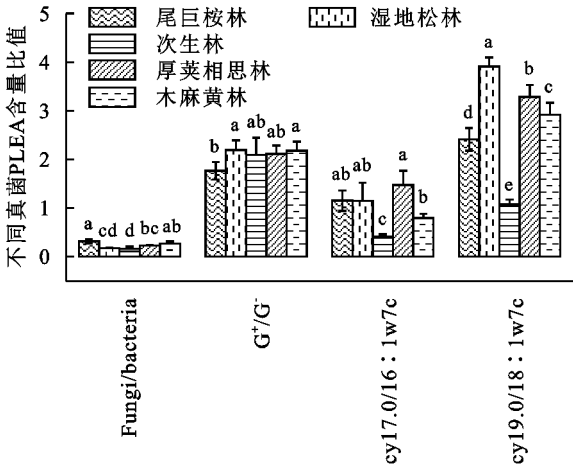


图 3 不同林分类型土壤微生物不同菌群 PLFA 比值
Fig. 3 PLFA ratio of different microbial groups in soil of different forest types

表 4 不同林分类型土壤中微生物多样性与均匀度

Table 4 Microbial diversity and evenness in soil of different forest types

多样性指数	林分类型				
	尾巨桉林	湿地松林	次生林	厚荚相思林	木麻黄林
Shannon-Wiener 多样性	2.513bc	2.484c	2.625a	2.477c	2.526b
Sipson 多样性	0.905bc	0.901cd	0.916a	0.900d	0.908b
Pielou 均匀度	0.912b	0.917b	0.944a	0.915b	0.925b

表 5 土壤 PLFA 与土壤、凋落物和细根性质的 Pearson 相关性

Table 5 Pearson correlation between soil PLFA and soil, litter, and fine root properties

变量	总 PLFA	革兰氏 阳性细菌	革兰氏 阴性细菌	放线菌	真菌	丛枝菌 根菌	真菌/ 细菌	cy17 : 0/ 16 : 1 w7c	cy19 : 0/ 18 : 1 w7c
土壤 pH	0.562 **	0.645 **	0.518 *	0.625 **	0.146	0.881 **	-0.401	-0.683 **	-0.903 **
土壤全氮	0.480 *	0.548 *	0.430	0.551 *	0.129	0.771 **	-0.414	-0.491 *	-0.736 **
土壤有机碳	0.483 *	0.514 *	0.443	0.507 *	0.249	0.702 **	-0.221	-0.426	-0.679 **
土壤碳氮比	-0.881 **	-0.919 **	-0.847 **	-0.920 **	-0.552 *	-0.808 **	0.246	0.220	0.465 *
可溶性有机碳	0.300	0.355	0.297	0.322	0.029	0.499 *	-0.303	-0.457 *	-0.741 **
可溶性有机氮	0.366	0.446 *	0.321	0.453 *	-0.015	0.749 **	-0.461 *	-0.503 *	-0.736 **
土壤铵态氮	-0.014	0.047	-0.032	0.099	-0.270	0.266	-0.444 *	-0.231	-0.407
土壤硝态氮	0.333	0.438	0.270	0.424	-0.069	0.723 **	-0.513 *	-0.638 **	-0.787 **
凋落物碳含量	-0.656 **	-0.706 **	-0.611 **	-0.659 **	-0.393	-0.698 **	0.065	0.557 *	0.658 **
凋落物氮含量	0.170	0.247	0.138	0.204	-0.104	0.503 *	-0.294	-0.225	-0.624 **
凋落物碳氮比	-0.237	-0.287	-0.209	-0.234	-0.047	-0.457 *	0.092	0.225	0.675 **
凋落物木质素含量	-0.400	-0.313	-0.418	-0.313	-0.560 *	-0.126	-0.499 *	0.393	0.369
凋落物木质素/氮	-0.829 **	-0.834 **	-0.802 **	-0.822 **	-0.622 **	-0.700 **	-0.003	0.264	0.645 **
细根氮含量	0.215	0.328	0.152	0.293	-0.165	0.670 **	-0.474 *	-0.642 **	-0.735 **
细根碳含量	0.745 **	0.738 **	0.740 **	0.785 **	0.531 *	0.581 **	-0.107	-0.387	-0.336
细根碳氮比	0.179	0.091	0.232	0.138	0.363	-0.255	0.302	0.411	0.404

3 讨论

已有研究表明,底物的有效性是影响土壤微生物

群落组成的重要原因^[19-20]。土壤革兰氏阳性细菌偏好于利用新鲜的植物残体作为微生物碳源,而革兰氏阴性细菌偏好于利用土壤有机碳作为碳源^[21-22]。

本研究中,不同海防林中土壤细菌群落均占主导地位,尾巨桉林和次生林的土壤总 PLFA、革兰氏阳性细菌和革兰氏阴性细菌含量均较高,而厚荚相思和木麻黄人工林均较低。究其原因,首先,尾巨桉林和次生林具有较高的年凋落物量底物。此外,次生林的凋落物和细根具有较低的碳氮比(表 1),其分解速率和养分有效性较高,从而提高了土壤的有机碳含量,同时刺激了革兰氏阳性和阴性细菌的生长。尾巨桉林凋落物具有较低的木质素/氮,这使其具有比其他人工林更高的凋落物分解速率和土壤有机碳含量,从而加速了革兰氏阳性细菌和阴性细菌的生长。厚荚相思虽然具有相对较高的凋落物氮含量和较低的碳氮比,但其凋落物的木质素含量显著高于其他林型,而根据已有研究,在决定不同森林生态系统凋落物分解速率时,木质素浓度比氮浓度更具影响^[23],可见,较高的木质素含量可能限制了厚荚相思凋落物的分解。木麻黄凋落物主要为小枝,其中含有较高的单宁含量^[24-25],这会降低其凋落物的分解速率。以上因素共同限制了厚荚相思和木麻黄人工林中土壤微生物的生长。

在森林土壤中,真菌和细菌代谢所利用的底物不同,真菌相对于细菌需要吸收更多的碳来组成真菌生物量^[26],因此碳氮比高的底物更有利于真菌的生长,碳氮比低的底物会导致宿主为了响应高的氮有效性而供给真菌的碳量较小^[27]。本研究中,尾巨桉人工林土壤真菌的含量显著大于其他林分,真菌相对丰度以尾巨桉人和木麻黄人工林最高,次生林最小,这同样与不同林分凋落物和细根碳氮比以及土壤矿质氮和可溶性有机氮含量有关,尾巨桉人工林凋落物和细根的碳氮比较高,土壤的有效氮含量较低,更适合真菌的生长,而次生林凋落物和细根的碳氮比较低,土壤氮有效性较高,抑制了真菌的生长,导致真菌生物量含量相对较低。此外,施肥试验表明,土壤中磷素有效性的增加会提高细菌的相对含量^[28],本研究中次生林的低真菌/细菌比值也可能与其土壤中的高有效磷含量有关(表 1)。

本研究中,湿地松人工林具有较高的革兰氏阳性细菌和放线菌摩尔丰度,同时湿地松、厚荚相思和木麻黄人工林中革兰氏阳性细菌与革兰氏阴性细菌的比值高于尾巨桉人工林和次生林。有研究表明,在基质有效性较高的环境中,革兰氏阴性细菌的生长速率比革兰氏阳性细菌更快^[29],因此次生林和尾巨桉人工林较高的底物有效性可能加速了土壤中革兰氏阴性细菌的生长,从而导致其革兰氏阳性细菌与革兰氏

阴性细菌的比值小于其他林型。此外,革兰氏阳性细菌和放线菌被认为是降解木质素和纤维素的重要菌群^[29],而本研究中,厚荚相思凋落物中木质素含量较高,木麻黄和湿地松凋落物中具有较高的纤维素含量,这可能为革兰氏阳性细菌和放线菌的生长提供了更多的基质,从而提高了其摩尔丰度。另外,革兰氏阳性细菌与革兰氏阴性细菌的比值还可用于指示土壤的营养状况,该比值越高,表示营养胁迫越强烈^[30],本研究中革兰氏阳性细菌与革兰氏阴性细菌的比值与土壤可溶性有机氮、铵态氮和硝态氮均呈显著的负相关,这在一定程度上指示了不同林分类型土壤的养分状态。

环丙烷脂肪酸和单烯不饱和脂肪酸的比值($\text{cy17} : 0/16 : 1 \text{ w7c}$, $\text{cy19} : 0/18 : 1 \text{ w7c}$)与土壤养分状态和 pH 有关,这些比值的升高常伴随着细菌生长率的降低和碳限制的增加^[31-32]。本研究中,湿地松和厚荚相思人工林中两比值均较高,次生林均较低,这意味着湿地松和厚荚相思人工林土壤的碳基质有效性相对较低。此外,有研究表明,土壤中 $\text{cy19} : 0$ 的 PLFA 含量会随着 pH 的升高而显著降低^[33],本研究中, $\text{cy19} : 0/18 : 1 \text{ w7c}$ 与土壤 pH 呈显著的负相关,与已有研究一致。可见,海岸沙地上不同林型的土壤微生物群落可能受到不同程度的生理胁迫,尤其是 pH 胁迫和由底物不足引发的饥饿胁迫。

植物多样性的增加为土壤微生物提供了较多类型的食物供给,从而会提高微生物群落的多样性^[2,34]。因此,本研究中次生林的土壤微生物多样性和均匀度均大于 4 种人工林。研究表明,土壤微生物群落组成和土壤 pH 值高度相关^[19,33,35]。在一个北方森林土壤的研究中,细菌 PLFA 量会随着 pH 值的增加而增加,而真菌与细菌的比值则逐渐下降^[19,36]。本研究中,土壤 pH 值与不同微生物菌群均呈显著的正相关,但 pH 值最高的次生林,其土壤中真菌的相对丰度及真菌与细菌的比值均最低,说明随着 pH 的升高,土壤中细菌的丰度逐渐升高,而真菌的丰度逐渐降低。有研究认为,土壤 pH 值的增加常会伴随着丛枝菌根菌的增加^[35,37-38],本研究中,次生林的土壤丛枝菌根菌含量和摩尔丰度均显著高于其他林分类型,与已有研究结果一致。

除 pH 外,土壤有机质和氮有效性被认为是调控土壤微生物生物量和群落结构的关键因素^[39-40]。本研究中,土壤总 PLFA、革兰氏阳性细菌、放线菌和丛枝菌根菌含量均与土壤有机碳和全氮呈显著正相关。

此外,革兰氏阳性细菌、放线菌和丛枝菌根菌含量还与土壤可溶性有机氮含量呈显著正相关,这主要是由于土壤可溶性有机质的增加为微生物的生长提供了更多的养分投入。综上,不同林型凋落物和细根化学性质的特殊性对土壤微生物的生长具有选择性的刺激作用,从而影响了微生物的群落特征。

4 结论

(1)福建海岸沙地5种防护林土壤中的微生物群落,共检测到18种PLFA生物标记,其中尾巨梭和次生林中种类最多,湿地松和厚荚相思人工林种类最少。

(2)土壤总磷脂脂肪酸、革兰氏阳性细菌和革兰氏阴性细菌含量均表出现为尾巨梭和次生林较高,厚荚相思和木麻黄林较低,土壤真菌含量为尾巨梭林最高,丛枝菌根菌含量为次生林最高,真菌和丛枝菌根菌含量在其他防护林间无显著差异。

(3)次生林的多样性和均匀度均高于4种人工林。

(4)在木麻黄防护林中引种尾巨梭和乡土树种,可以增加土壤微生物多样性,提高森林生态功能。

参考文献(References):

- [1] Torsvik V L, Goksyr J, Daae F L. High diversity in DNA of soil bacteria[J]. Applied & Environmental Microbiology, 1990,56(3):782-787.
- [2] 罗达,刘顺,史作民,等.川西亚高山不同林龄云杉人工林土壤微生物群落结构[J].应用生态学报,2017,28(2): 519-527.
Luo D, Liu S, Shi Z M, et al. Soil microbial community structure in *Picea asperata* plantations with different ages in subalpine of western Sichuan, Southwest China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2017,28(2): 519-527.
- [3] Wang M, Qu L Y, Ma K M, et al. Soil microbial properties under different vegetation types on Mountain Han [J]. Science China Life Sciences, 2013,56(6):561-570.
- [4] Cai Y F, Barber P, Dell B, et al. Soil bacterial functional diversity is associated with the decline of *Eucalyptus gomphocephala*[J]. Forest Ecology and Management, 2010,260(6):1047-1057.
- [5] Hu L, Xiang Z Y, Wang G X, et al. Changes in soil physicochemical and microbial properties along elevation gradients in two forest soils[J]. Scandinavian Journal of Forest Research, 2016,31(3):1-27.
- [6] McGuire K L, Fierer N, Bateman C, et al. Fungal community composition in neotropical rain forests; the influence of tree diversity and precipitation[J]. Microbial Ecology, 2012,63(4):804-812.
- [7] Aneja M K, Sharma S, Fleischmann F, et al. Microbial colonization of beech and spruce litter: Influence of decomposition site and plant litter species on the diversity of microbial community[J]. Microbial Ecology, 2006, 52(1):127-135.
- [8] 施秀珍,王建青,黄志群,等.树种多样性对土壤微生物群落结构和元素生物地球化学循环的影响研究进展[J].生态学报,2022,42(15):6092-6102.
Shi X Z, Wang J Q, Huang Z Q, et al. Research progresses in the effects of tree species diversity on soil microbial communities and biogeochemical cycling of elements[J]. Acta Ecologica Sinica, 2022,42(15):6092-6102.
- [9] Merilä P, Strömmer R, Fritze H. Soil microbial activity and community structure along a primary succession transect on the land-uplift coast in western finland[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002,34(11):1647-1654.
- [10] Xiao S S, Ye G F, Zhang L H, et al. Soil heterotrophic respiration in *Casuarina equisetifolia* plantation at different stand ages[J]. Journal of Forestry Research, 2009,20(4):301-306.
- [11] Gao W, Huang Z Q, Ye G F, et al. Effects of forest cover types and environmental factors on soil respiration dynamics in a coastal sand dune of subtropical China[J]. Journal of Forestry Research, 2018,29(6): 1645-1655.
- [12] Gao W, Lin M M, Huang Y R, et al. Effects of forest types and environmental factors on soil microbial biomass in a coastal sand dune of subtropical China[J]. Journal of Resources and Ecology, 2020,11(5):454-465.
- [13] Bezemer T M, Lawson C, Hedlund K, et al. Plant species and functional group effects on abiotic and microbial soil properties and plant-soil feedback responses in two grasslands[J]. Journal of Ecology, 2006,94(5):893-904.
- [14] Ushio M, Wagai R, Balser T, et al. Variations in the soil microbial community composition of a tropical montane forest ecosystem: Does tree species matter? [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(10): 2699-2702.
- [15] Chang E H, Chen C T, Chen T H, et al. Soil microbial communities and activities in sand dunes of subtropical coastal forests[J]. Applied Soil Ecology, 2011,49(5):256-262.
- [16] White D, Davis W, Nickels J, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractable lipid phosphate[J]. Oecologia, 1979,40(1):51-62.
- [17] 孙海新,刘训理.茶树根际微生物研究[J].生态学报, 2004,24(7):1353-1357.
Sun H X, Liu X L. Microbes studies of tea rhizosphere

- [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(7):1353-1357.
- [18] 字洪标, 向泽宇, 王根绪, 等. 青海不同林分土壤微生物群落结构(PLFA)[J]. *林业科学*, 2017, 53(3):21-32.
- Zi H B, Xiang Z Y, Wang G X, et al. Profile of soil microbial community under different stand types in Qinghai Province(PLFA)[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2017, 53(3):21-32.
- [19] Högberg M, Högberg P, Myrold D. Is microbial community composition in boreal forest soils determined by pH, C-to-N ratio, the trees, or all three[J]. *Oecologia*, 2007, 150(4):590-601.
- [20] Grayston S, Campbell C, Bardgett R D, et al. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques[J]. *Applied Soil Ecology*, 2004, 25(1):63-84.
- [21] 丁国昌, 万晓华, 杨起帆, 等. 亚热带树种转换对林地土壤微生物群落结构和功能的影响[J]. *应用生态学报*, 2017, 28(11):3751-3758.
- Ding G C, Wan X H, Yang Q F, et al. Effects of tree species transition on soil microbial community composition and functions in subtropical China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28(11):3751-3758.
- [22] Kramer C, Gleixner G. Variable use of plant- and soil-derived carbon by microorganisms in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(11):3267-3278.
- [23] Rahman M M, Tsukamoto J, Rahman M, et al. Lignin and its effects on litter decomposition in forest ecosystems[J]. *Chemistry and Ecology*, 2013, 29(6):540-553.
- [24] Zhang L H, Zhang S J, Ye G F, et al. Changes of tannin and nutrients during decomposition of branchlets of *Casuarina equisetifolia* plantation in subtropical coastal areas of China[J]. *Plant, Soil and Environment*, 2018, 59(2):74-79.
- [25] Ye G F, Zhang S J, Zhang L H, et al. Age-related changes in nutrient resorption patterns and tannin concentration of *Casuarina equisetifolia* plantations[J]. *Journal of Tropical Forest Science*, 2012, 24(4):546-556.
- [26] Frey S, Thiet R K, Batten K M. Bacterial and fungal contributions to carbon sequestration in agroecosystems[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2006, 70(2):555-569.
- [27] Nilsson L O, Giesler R, Bååth E, et al. Growth and biomass of mycorrhizal mycelia in coniferous forests along short natural nutrient gradient[J]. *New Phytologist*, 2005, 165(2):613-622.
- [28] Tan H, Barret M, Mooij M, et al. Long-term phosphorus fertilisation increased the diversity of the total bacterial community and the phoD phosphorus mineraliser group in pasture soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, 49(6):661-672.
- [29] Kelly J, Favila E, Hundal L, et al. Assessment of soil microbial communities in surface applied mixtures of Illinois River sediments and biosolids[J]. *Applied Soil Ecology*, 2007, 36(2/3):176-183.
- [30] Hammesfahr U, Heuer H, Manzke B, et al. Impact of the antibiotic sulfadiazine and pig manure on the microbial community structure in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(7):1583-1591.
- [31] Moore-kucera J, Dick R. PLFA profiling of microbial community structure and seasonal shifts in soils of a Douglas-fir chronosequence[J]. *Microbial Ecology*, 2008, 55(3):500-511.
- [32] Sampedro I, Giubilei M, Cajthaml T, et al. Short-term impact of dry olive mill residue addition to soil on the resident microbiota[J]. *Bioresource Technology*, 2009, 100(23):6098-6106.
- [33] Iovieno P, Alfani A, Bååth E. Soil microbial community structure and biomass as affected by *Pinus pinea* plantation in two Mediterranean areas[J]. *Applied Soil Ecology*, 2010, 45(1):56-63.
- [34] Gessner M, Swan C, Dang C, et al. Diversity meets decomposition[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2010, 25(6):372-380.
- [35] Bååth E, Anderson T H. Comparison of soil fungal/bacterial ratios in a pH gradient using physiological and PLFA-based techniques[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(7):955-963.
- [36] Bardgett R D, Frankland J, Whittaker J B. The effects of agricultural practices on the soil biota of some upland grasslands[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 1993, 45(1):25-45.
- [37] Rousk J, Brookes P, Bååth E. The microbial PLFA composition as affected by pH in an arable soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(3):516-520.
- [38] Liu L, Gundersen P, Zhang T, et al. Effects of phosphorus addition on soil microbial biomass and community composition in three forest types in tropical China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 44(1):31-38.
- [39] Griffiths B, Ritz K, Ebbelwhite N, et al. Soil microbial community structure: Effects of substrate loading rates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 31(1):145-153.
- [40] Craine J, Morrow C, Fierer N. Microbial nitrogen limitation increase decomposition[J]. *Ecology*, 2007, 88(8):2105-2113.