

中亚热带地区米楮天然林土壤微生物群落结构的多样性

韩世忠^{1a}, 高人^{1a,1b,2*}, 李爱萍^{1a}, 马红亮^{1a,1b}, 尹云峰^{1a,1b}, 司友涛^{1a,1b},
陈仕东^{1a,1b}, 蔡献贺^{1a}, 程清平^{1a}, 郑群瑞³

(1. 福建师范大学, a. 地理科学学院; b. 湿润亚热带山地生态国家重点实验室培育基地, 福州 350007; 2. 福建武夷山森林生态系统国家定位研究站, 福建 武夷山 354315; 3. 建瓯万木林自然保护区管理站, 福建 建瓯 353105)

摘要: 为了解土壤微生物群落的结构, 采用磷脂脂肪酸方法对武夷山和建瓯的米楮(*Castanopsis carlesii*)天然林土壤微生物群落的结构多样性进行了研究。结果表明, 两地米楮天然林的土壤微生物群落组成十分丰富, 多样性指数、丰富度指数和均匀度指数分别为 2.92~3.01、25.84~28.23 和 0.88~0.90。0~10 cm 土层的磷脂脂肪酸总量、细菌特征脂肪酸、真菌特征脂肪酸、放线菌特征脂肪酸、革兰氏阳性菌和阴性菌特征脂肪酸含量均高于 10~20 cm 土层的, 且建瓯万木林自然保护区的高于武夷山国家级自然保护区。10~20 cm 土层的革兰氏阳性菌 / 革兰氏阴性菌高于 0~10 cm 土层的; 细菌特征脂肪酸含量显著高于真菌, 表明细菌在土壤微生物群落结构中处于优势地位。主成分分析表明, 土壤微生物群落结构的差异主要是由采样地点的不同引起。

关键词: 中亚热带; 米楮天然林; 微生物群落; 磷脂脂肪酸

doi: 10.11926/j.issn.1005-3395.2015.06.009

Soil Microbial Community Structure Diversities of *Castanopsis carlesii* Nature Forests in the Mid-subtropics of China

HAN Shi-zhong^{1a}, GAO Ren^{1a,1b,2*}, LI Ai-ping^{1a}, MA Hong-liang^{1a,1b}, YIN Yun-feng^{1a,1b},
SI You-tao^{1a,1b}, CHEN Shi-dong^{1a,1b}, CAI Xian-he^{1a}, CHENG Qing-ping^{1a}, ZHENG Qun-rui³

(1a. College of Geographical Sciences; 1b. Key Laboratory for Subtropical Mountain Ecology, Fujian Normal University, Fuzhou 350007, China; 2. State Forest Ecosystem Research Station of Wuyi Mountain (Fujian), Wuyishan 354315, Fujian, China; 3. Administrative Station of Jian'ou Wanmulin Nature Reserve, Jian'ou 353105, Fujian, China)

Abstract: In order to understand the soil microbial community structure, its diversities of *Castanopsis carlesii* forests in Wuyi Mountain and Jian'ou Wanmulin Nature Reserves at northern Fujian, eastern China were investigated by phospholipid fatty acid (PLFAs) method. The results showed that soil microbial community composition in *C. carlesii* forest was rich, the diversity index, richness index and evenness index of soil microbial communities for the two forests were 2.92–3.01, 25.84–28.23 and 0.88–0.90, respectively. The total PLFAs, bacterial PLFAs, fungal PLFAs, actinomycete PLFAs, gram-positive bacterial PLFAs, and gram-negative bacterial PLFAs at soil depth of 0–10 cm were higher than those of 10–20 cm, and those in Jian'ou were higher than those in Wuyi Mountain. The ratio of gram-positive bacterial PLFAs to gram-negative bacterial PLFAs at soil depth of 10–20 cm was higher than that of 0–10 cm. In each soil layer, the content of bacterial PLFAs was significantly higher than those of fungal PLFAs, accounting for 46.0%–50.2% and 10.0%–11.5%, respectively, indicating that

收稿日期: 2015-04-15

接受日期: 2015-05-19

基金项目: 国家自然科学基金项目(41271282, 31070548, 31170578)资助

作者简介: 韩世忠(1987~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为生态与环境。E-mail: 512073738@qq.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: r.gao@hotmail.com

bacteria were dominated in soil microbial community. Principal component analysis showed that the difference in soil microbial community structure came from the sampling site.

Key words: Mid-subtropics; *Castanopsis carlesii* Nature forest; Microbial community; PLFAs

土壤微生物作为森林生态系统的重要组成部分,在驱动生物地球化学循环,维持森林生态系统过程和功能等方面具有十分重要的作用^[1-2]。土壤微生物多样性既代表着土壤的生物活性,也反映了土壤生态胁迫机制对微生物群落的影响^[3],已成为国际土壤微生物学、土壤生态学以及全球变化生物学等领域的研究热点^[4-6]。由于土壤微生物种类多样、数量庞大,土壤环境复杂,传统的微生物研究方法往往会过低估计土壤微生物的群落结构组成,无法反映土壤微生物的真实信息,给准确了解微生物群落结构带来困难^[7]。磷脂脂肪酸(Phospholipid fatty acid, PLFAs)是活体微生物细胞膜的恒定组分,对环境变化敏感且在细胞死亡后迅速降解,因此特定菌群的 PLFAs 变化可以反映出原位土壤微生物群落结构的变化^[8-9]。磷脂脂肪酸方法具有试验条件要求低、测试功能多和稳定性好等优点,已被广泛应用于各种生态系统研究中^[10-11]。张地等^[5]研究了海拔对辽东栎(*Quercus liaotungensis*)林土壤微生物群落的影响,结果表明海拔不同,辽东栎林土壤微生物各类群含量均有差异,土壤温度和土壤含水量是主要控制因素,说明土壤微生物群落结构对环境变化十分敏感;罗达等^[12]对我国南亚热带地区格木(*Erythrophleum fordii*)、马尾松(*Pinus massoniana*)人工纯林及其混交林的研究表明,旱季土壤微生物的 PLFAs 总量及各微生物类群的 PLFAs 均显著高于雨季,土壤微生物群落结构组成受林分类型和季节的双重影响。然而对中亚热带不同区域同一植被类型土壤微生物群落结构多样性的研究还鲜见报道。本研究以福建省武夷山国家级自然保护区和建瓯万木林自然保护区内的米楮(*Castanopsis carlesii*)天然林为研究对象,采用磷脂脂肪酸方法研究中亚热带地区森林土壤微生物群落结构多样性,探讨相似植被因分布地点不同对

土壤微生物群落的影响,为理解该地区微生物调节的生物地球化学过程提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 研究样地概况和样地设置

试验地分别位于福建省武夷山国家级自然保护区(27°33' N, 117°27' E)和建瓯万木林自然保护区(27°03' N, 118°09' E)。武夷山国家级自然保护区为典型中亚热带季风气候,平均海拔 1000~1100 m,年均温为 19.4℃,年均降水量达 1731.4 mm,年均蒸发量为 1466 mm,相对湿度为 81%,全年无霜期达 277 d,土壤为花岗岩发育的普通山地红壤。建瓯万木林自然保护区地处武夷山和鹞峰山之间,属亚热带海洋性季风气候,年均温为 19.3℃,年均降水量达 1600~1800 mm,日照时数为 1612 h,无霜期达 286 d,相对湿度 80%,土壤为花岗岩发育的普通山地红壤。

在两个保护区的米楮天然林内,武夷山国家级自然保护区按照上坡、中坡和下坡分别设置 3 个 10 m×10 m 样地;建瓯万木林自然保护区沿等高线设置 9 个 10 m×10 m 样地,每个样地用尼龙细线隔成 25 个 2 m×2 m 的小样方。试验样地基本概况见表 1,样地中植株密度、平均胸径和平均高度根据胸径大于 2 cm 的树木计算;林龄为优势木的平均树龄。

1.2 土壤样品采集和处理

2014 年 3 月在每块样地按照均匀采样法,用土钻采集 0~10 cm 和 10~20 cm 土层土壤各 25 钻,分层混匀后用聚乙烯塑料袋封装迅速带回实验室,人工挑除凋落物、细根和小石块等杂物,过 2 mm 尼龙筛后一部分土壤样品放在阴凉通风处晾干,用于土壤有机碳和总氮分析;另一部分土壤样品保存

表 1 米楮天然林样地的基本概况

Table 1 Basic status of plots in *Castanopsis carlesii* nature forest

地点 Position	密度 Density (ind. hm ⁻²)	林龄 Age (a)	平均胸径 Mean DBH (cm)	平均树高 Mean height (m)	海拔 (m) Elevation	坡向 Aspect	坡度 Slope
武夷山 Wuyi Mount.	5600	50	10.0	7.4	610	西北 NW	20°
建瓯 Jian'ou	2800	200	15.1	9.5	510	西 W	20°

在 4℃ 用于土壤微生物生物量碳/氮、pH、溶解性有机质、硝态氮、铵态氮等的测定。用于土壤微生物群落结构分析的为混合土壤样品,武夷山样地按照坡位和土层混合成 6 个样品,建瓯样地按排列顺序每相邻 3 块为 1 组,按土层混合成 6 个样品。土壤含水量采用铝盒烘干法测定;土壤 pH 用玻

璃电极 pH 计测定,水土比 2.5:1 (V/V);土壤有机碳和总氮采用 CN 元素分析仪(Elementar Vario EL III, Elementar, 德国)测定;土壤砂粒(>50 μm)、粉粒(2~50 μm)和黏粒(<2 μm)的体积百分含量用激光粒度仪(Master Sizer-2000, Malven, 英国)测定。两地的土壤基本理化性质见表 2。

表 2 土壤理化性质

Table 2 Physical and chemical properties of soil

	武夷山 Wuyi Mountain		建瓯 Jian'ou	
	0~10 (cm)	10~20 (cm)	0~10 (cm)	10~20 (cm)
pH	4.85±0.07	4.79±0.23	4.55±0.08	4.54±0.17
总氮 Total nitrogen (g kg ⁻¹)	1.96±0.18	1.14±0.25	2.14±0.37	1.28±0.20
有机碳 Organic carbon (g kg ⁻¹)	33.92±4.34	17.62±3.29	36.55±1.51	21.32±2.38
C/N	17.30±2.39	15.47±1.95	16.96±3.41	16.37±2.11
总磷 Total phosphorus (mg kg ⁻¹)	27.67±3.51	23.29±2.74	56.23±4.95	48.87±1.89
有效磷 Available phosphorus (mg kg ⁻¹)	6.62±1.25	5.71±2.39	7.36±0.84	6.13±1.95
砂粒 Sand (%)	46.3±3.58	54.1±4.76	22.5±2.01	21.8±5.87
粉粒 Powder (%)	42.2±4.36	33.4±2.81	65.1±8.63	64.0±6.28
黏粒 Clay (%)	11.4±1.17	12.5±1.64	12.4±0.58	14.2±1.96

n=3.

1.3 土壤微生物磷脂脂肪酸测定

土壤磷脂脂肪酸(PLFAs)提取过程主要参照 Bossio 等^[13]的方法。称取相当于 8 g 干土的新鲜土壤样品,置于 50 mL 离心管中,加入提取液(含 5 mL 磷酸缓冲液、6 mL 三氯甲烷和 12 mL 甲醇),震荡 2 h 后于 25℃ 下 3000×*g* 离心 10 min,往离心管沉淀中加入 23 mL 提取液重复提取 1 次,将两次上清液倒入含 12 mL 三氯甲烷和 12 mL 磷酸缓冲液的分液漏斗中静置过夜。将分液漏斗中的下层溶液转移到试管,在 30~32℃ 水浴下 N₂ 浓缩。浓缩后的磷脂脂肪酸用三氯甲烷分 5 次(每次 200 μL)转移到活性硅胶小柱,向活性硅胶小柱中加入 5 mL 三氯甲烷和 10 mL 丙酮,抽滤后弃去,再加入 5 mL 甲醇,抽滤后用试管收集甲醇,在 30~32℃ 水浴下 N₂ 浓缩。依次向试管中加入 1 mL 甲醇:甲苯(1:1)、1 mL 0.2 mol L⁻¹ 氢氧化钾,震荡均匀于 37℃ 水浴 15 min,再依次加入 0.3 mL 1 mol L⁻¹ 醋酸、2 mL 正己烷和 2 mL 超纯水,低速振荡 10 min。将上层溶液转移到小试管,下层再加入 2 mL 正己烷重复提取 1 次,合并上层溶液用 N₂ 吹干,最后用 200 μL 正己烷溶解,以 19:0 甲酯(Supelco 公司)为内标,用气相色谱仪中的 MIDI 软件系统(MIDI, Inc.,

Newark, DE)进行分析测定。

PLFAs 总量表示土壤微生物总生物量,13 种 PLFA (i14:0、i15:0、a15:0、i16:0、i17:0、a17:0、16:1ω9c、16:1ω7c、16:1ω6c、cy17:0、18:1ω7c、18:1ω5c、cy19:0ω8c)的量表示细菌生物量,其中 i14:0、i15:0、a15:0、i16:0、i17:0 和 a17:0 的量估算革兰氏阳性菌,16:1ω9c、16:1ω7c、16:1ω6c、cy17:0、18:1ω7c、18:1ω5c 和 cy19:0ω8c 的量估算革兰氏阴性菌^[14-15];18:1ω9c、18:2ω6,9c 的量表示真菌生物量^[16-17];10Me16:0、10Me17:0、10Me18:0 的量表示放线菌生物量^[18-19]。

1.4 数据处理

所有数据均采用 Excel 2007 和 SPSS 17.0 进行统计分析和作图,土壤样品间的显著性检验采用单因子方差分析(ANOVA)和最小显著差数法(LSD),显著性水平设定为 $\alpha=0.05$;土壤微生物群落结构的主成分分析采用 Canoco for Windows 4.5 软件处理。土壤微生物群落结构多样性水平用 Shannon 多样性指数(*H*)、Margalef 丰富度指数(*S*)和 Pielou 均匀度指数(*J*)表示。Shannon 多样性指数: $H=-\sum P_i \ln P_i$; Pielou 均匀度指数: $J=H/\ln S$;其中 P_i =

N_i/N , N 为 PLFA 总含量, N_i 为每种 PLFA 含量, S 为 PLFA 种类数。

2 结果和分析

2.1 土壤微生物磷脂脂肪酸含量

根据不同类群微生物的特征脂肪酸含量和脂肪酸的总量可以估算出土壤微生物的生物量。对两地土壤中含量大于 0.5% 的脂肪酸种类进行统计和归类(表 3), 可见, 磷脂脂肪酸总量(PLFAs 总量)、细菌特征脂肪酸(细菌 PLFAs)、真菌特征脂肪酸(真

菌 PLFAs)、放线菌特征脂肪酸(放线菌 PLFAs)、革兰氏阳性菌(G^+)和革兰氏阴性菌(G^-)特征脂肪酸含量均表现为建瓯 0~10 cm > 建瓯 10~20 cm > 武夷山 0~10 cm > 武夷山 10~20 cm。总体来看, 相同土层建瓯万木林自然保护区土壤微生物各类群及 PLFAs 总量都大于武夷山国家级自然保护区的; 两地的土壤细菌、真菌、放线菌 PLFAs 和总量均表现为 0~10 cm > 10~20 cm, 建瓯万木林自然保护区不同土层土壤各微生物类群 PLFAs 及总量的差异显著, 而武夷山国家级自然保护区的差异不显著。

表 3 土壤细菌、真菌、放线菌的磷脂脂肪酸含量(nmol g^{-1})

Table 3 PLFAs contents (nmol g^{-1}) of bacteria, fungi, actinomycetes in soil

	土层 Layer (cm)	细菌 Bacteria	G^+	G^-	真菌 Fungi	放线菌 Actinomycete	总和 Total
武夷山 Wuyi Mount.	0~10	11.63±0.49a	5.48±0.30a	6.14±0.19a	2.77±0.08a	2.68±0.21ac	24.32±1.63a
	10~20	9.62±2.78a	4.55±1.35a	5.07±1.43a	2.39±0.77a	2.32±0.70a	20.94±6.17a
建瓯 Jian'ou	0~10	24.29±2.87b	11.32±1.43b	12.97±1.44b	5.29±1.01b	5.84±0.74b	48.41±6.17b
	10~20	14.25±2.20a	6.99±1.05a	7.26±1.16a	2.90±0.67a	3.73±0.61c	29.04±4.73a

$n=3$; G^+ : 革兰氏阳性菌; G^- : 革兰氏阴性菌; 同列不同字母表示差异显著($P<0.05$)。

$n=3$; G^+ : Gram-positive bacterial; G^- : Gram-negative bacterial. Data followed different letters within column indicate significant difference at 0.05 level.

2.2 磷脂脂肪酸含量的变化

从图 1 可知, 两地米楮林土壤微生物群落的 PLFAs 种类十分丰富, 一共检测到 31 种 PLFAs, 碳原子个数为 14~20, 有饱和的、不饱和的、分支的和环状的 PLFAs。有 18 种 PLFAs 存在于所有的土壤样品中, 但相对丰度存在差异, 其中优势 PLFAs 主要有 i15:0、16:0、10Me16:0、18:1 ω 9c、18:1 ω 7c 和 cy19:0 ω 8c, 占 PLFAs 总量的 53.8%~57.8%。此外, 不同土壤样品的 PLFAs 图谱明显不同, 反映出土壤微生物群落结构存在差异, 如 16:1 ω 11c 为武夷山 0~10 cm 土层特有, 而 i17:1、i18:0 和 18:02OH 为武夷山 10~20 cm 土层特有。在 PLFAs 丰度方面, 无论是单一 PLFAs 含量还是 PLFAs 总量, 两土层均表现出建瓯土壤高于武夷山的, 表明建瓯万木林自然保护区土壤微生物群落更加丰富。

2.3 土壤中主要微生物类群

从图 2: A 可见, 两地米楮林土壤中华兰氏阳性菌 PLFAs/革兰氏阴性菌 PLFAs 为 0.87~0.96, 且 10~20 cm 土层高于 0~10 cm 土层, 方差分析表明, 两地米楮林 10~20 cm 土层的差异显著, 而 0~10 cm

土层差异不显著。真菌 PLFAs/细菌 PLFAs 比率在两地均较低(图 2: B), 0~10 cm 土层分别为 0.24 和 0.25; 10~20 cm 土层分别为 0.22 和 0.20, 达差异显著水平。真菌 PLFAs/PLFAs 总量比率同样很低, 而细菌 PLFAs/PLFAs 总量比率则相对较高(图 2: C, D), 真菌 PLFAs 占 PLFAs 总量的 10.0%~11.5%, 且 0~10 cm 土层高于 10~20 cm 土层, 武夷山的高于建瓯的, 且不同土层间和不同地点间均没有显著差异; 细菌 PLFAs/PLFAs 总量比率为 0.46~0.50, 建瓯的显著高于武夷山的, 说明与真菌相比, 细菌在两地米楮天然林土壤中处于优势地位。

2.4 土壤微生物群落结构多样性

由表 4 可知, 两地米楮林土壤微生物群落多样性指数、丰富度指数和均匀度指数存在差异, 分别为 2.92~3.01、25.84~28.23 和 0.88~0.90, 这表明两地点森林土壤中微生物群落结构组成十分丰富。武夷山 0~10 cm 土层的土壤微生物多样性指数、丰富度指数和均匀度指数都低于 10~20 cm 土层的; 而建瓯 0~10 cm 土层的土壤微生物多样性指数和均匀度指数低于 10~20 cm 土层的, 但丰富度指数

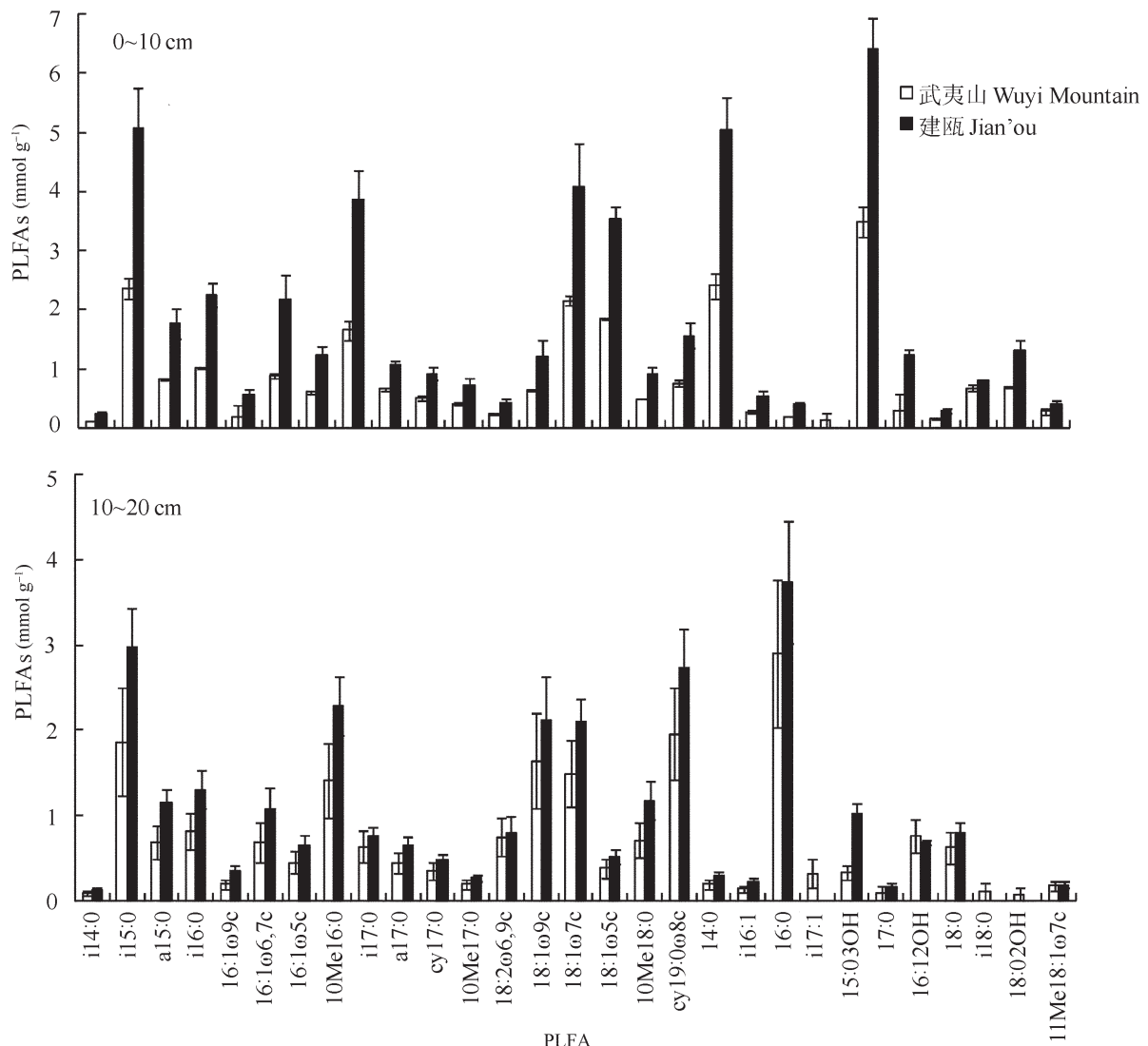


图1 米楮林土壤中各 PLFAs 含量的变化
Fig. 1 Changes in PLFAs contents of soil in of *Castanopsis carlesii* forests

则高于 10~20 cm 土层的。

在 0~10 cm 土层,武夷山的土壤微生物多样性指数和均匀度指数高于建瓩的,丰富度指数则低于建瓩的;而在 10~20 cm 土层,武夷山的土壤微生物多样性指数、丰富度指数和均匀度指数都高于建瓩的。方差分析表明,不同地点和不同土层间的多样性指数、丰富度指数和均匀度指数差异均不显著。

2.5 土壤微生物群落结构

根据磷脂脂肪酸种类和含量,对两地米楮林土壤微生物群落组成进行主成分分析(图 3)。结果表明,主成分 1 (PC1)对 PLFAs 总量变异的贡献率为 97.2%,主成分 2 (PC2)对 PLFAs 总量变异的贡献率为 1.4%,他们累计解释了微生物群落结构变化的

98.6%。从图 3 可以看出,在横向坐标轴上(PC1),武夷山的土壤样品主要分布在坐标轴中轴线的左侧,而建瓩的主要分布在坐标轴中轴线的右侧,反映了不同地点土壤微生物群落结构存在差异;在纵向坐标轴上(PC2),两地的土壤样品几乎均匀的分布在坐标轴中轴线的两侧,并没有明显区分开,反映了不同样方间群落结构较为相似。

3 讨论和结论

本研究采用磷脂脂肪酸方法分析了中亚热带地区两个自然保护区米楮天然林的微生物群落结构组成,结果表明,两地的土壤细菌、真菌、放线菌 PLFAs 含量和 PLFAs 总量均表现为 0~10 cm 土层

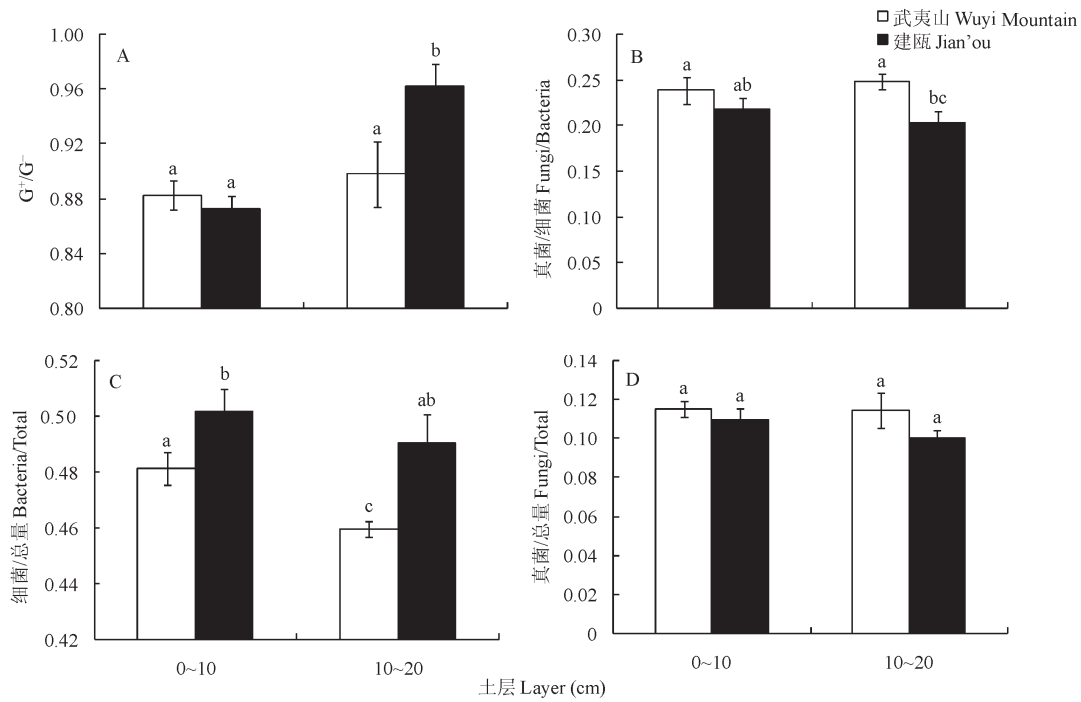


图2 两地米楮林土壤微生物类群间的 PLFAs 比率

Fig. 2 PLFAs ratio among soil microbial populations in *Castanopsis carlesii* forest at two sites

表4 土壤微生物群落的多样性指数、丰富度指数及均匀度指数

Table 4 Diversity index, richness index and evenness index of soil microbial communities

	土层 Layer (cm)	多样性指数 Diversity index (<i>H</i>)	丰富度指数 Richness index (<i>S</i>)	均匀度指数 Evenness index (<i>J</i>)
武夷山 Wuyi Mount.	0~10	2.928±0.030a	26.32±0.58a	0.895±0.011a
	10~20	3.008±0.013a	28.23±1.53a	0.900±0.013a
建瓯 Jian'ou	0~10	2.916±0.004a	27.09±1.24a	0.885±0.001a
	10~20	2.956±0.008a	25.84±0.37a	0.897±0.002a

n=3.

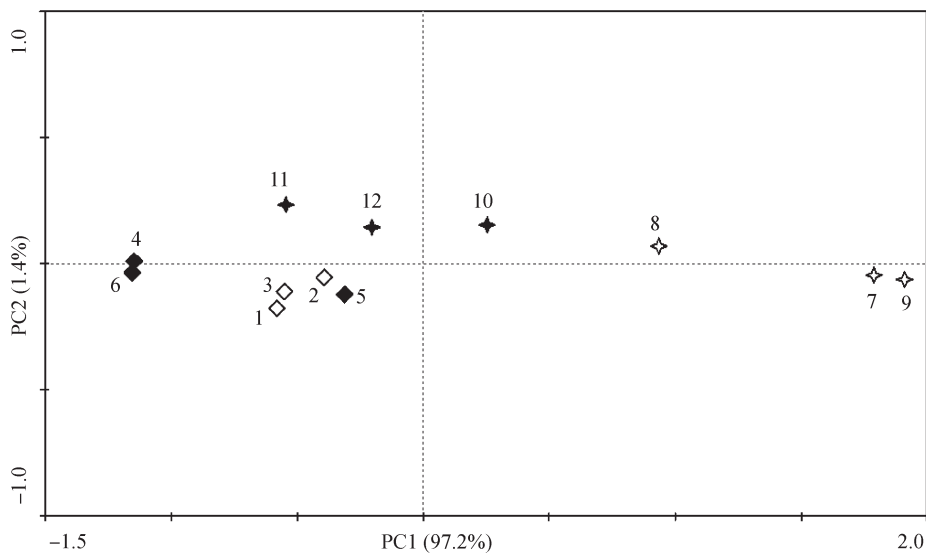


图3 土壤微生物群落 PLFAs 组成的主成分分析。1-3: 武夷山 0~10 cm; 4-6: 武夷山 10~20 cm; 7-9: 建瓯 0~10 cm; 10-12: 建瓯 10~20 cm。

Fig. 3 Principal component analysis of soil PLFAs compositions in microbial communities. 1-3: 0-10 cm in Wuyi Mount.; 4-6: 10-20 cm in Wuyi Mount.; 7-9: 0-10 cm in Jian'ou; 10-12: 10-20 cm in Jian'ou

高于 10~20 cm 土层,表明随着土层深度增加,土壤微生物生物量降低。田倩^[20]等对广东鹤山两种人工林不同土层土壤微生物群落结构的研究表明,土壤细菌和真菌 PLFAs 含量以及 PLFAs 总量均为 0~20 cm>20~40 cm>40~60 cm,并且与土壤有机碳、全氮含量呈正相关关系;韩梅等^[21]对卧龙自然保护区落叶阔叶天然林植被下土壤微生物区系的研究表明,细菌、真菌和放线菌数量均表现为 FH 层>A 层>B 层>C 层,且细菌>放线菌>真菌。本研究结果均与他们类似,这可能是树木残枝落叶分解后输入土壤的有机碳主要聚集在土壤表层,并且上层土壤通气状况良好,根系分泌物较多,为土壤微生物生长提供了良好的环境,而下层通气状况较差,土壤微生物生长受到抑制,从而表现出上层土壤微生物生物量大于下层的趋势^[21],说明土层深度是影响土壤微生物的重要因子之一。

一般认为,不同类型土壤中革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌会有所差异,其比值可以反映出细菌群落结构的变化^[22]。已有研究表明,与革兰氏阴性菌相比,革兰氏阳性菌对环境胁迫的适应能力更强,高比例的革兰氏阳性菌被认为是土壤环境从“富营养”到“寡营养”的转变^[23-24]。Kourtev 等^[25]的研究表明,土壤中革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌升高与土壤有机质含量密切相关。本研究结果表明,10~20 cm 土层的革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌高于 0~10 cm 土层的,表明随着土层的加深,土壤有机质降低以及土壤环境恶化的状况更有利于“寡营养型”细菌的积累。土壤微生物在森林生态系统有机质分解过程中发挥着十分重要的作用,其中的真菌分解和细菌分解是最主要的两个分解途径。有研究表明,真菌/细菌比值越高,生态系统就越稳定,说明真菌/细菌比率能够在一定程度上反映出土壤食物网的结构和功能对不同土壤条件的响应^[26-27]。细菌主导型分解途径主要发生在营养丰富的土壤中,这些土壤富含易分解的有机质,有较快的碳周转和养分循环速度^[28];而真菌主导型分解途径多存在于酸性土壤中,偏好低营养、难分解纤维素和木质素以及高碳氮比的有机物^[29]。较高的真菌/细菌比率能够驱动土壤内源碳底物进一步矿化,加速土壤生态系统氮流失,提高土壤生态系统的稳定性,体现出真菌的重要作用^[26]。本研究中真菌/细菌比率为 0.20~0.25,真菌 PLFAs 占 PLFAs 总量的 10.0%~11.5%,而细菌 PLFAs 占 PLFAs 总量高

达 46.0%~50.2%,这远低于农业土壤中真菌 PLFAs 占 PLFAs 总量的 60%~70%^[30],也低于草原土壤中真菌/细菌的 0.77~0.93^[31],但高于北方农牧交错带 4 种土壤的真菌/细菌(0.05~0.08)^[30],与南亚热带地区两种植被类型(针叶林和荷木林)土壤真菌 PLFAs 占 PLFAs 总量小于 9%^[20]的结果相近。这表明与真菌相比,细菌在两地米楮林土壤中处于优势地位,细菌途径是分解有机质的主要途径,这可能与本研究试验地所处的中亚热带地区高温湿热的环境更有利于细菌生长有关^[32]。

两地米楮林土壤微生物多样性指数、丰富度指数和均匀度指数平均值分别为 2.92~3.01、25.84~28.23 和 0.88~0.90,表明两地森林土壤微生物群落结构组成十分丰富。虽然本研究中两个自然保护区均为典型的米楮常绿阔叶天然林,海拔高度、土壤类型、气候特征等环境因子都非常相似,土壤微生物多样性指数、丰富度指数和均匀度指数也差别不大,但建瓯万木林自然保护区土壤中各微生物类群均高于武夷山国家级自然保护区的,这可能与植物群落演替的不同阶段有关。建瓯万木林自然保护区内的米楮天然林林龄在 200 a 以上,植物群落演替已经接近顶极阶段,微生物群落结构相对稳定,并且微生物活性维持在较高水平,表现出植物和分解者之间的协同进化作用^[33];而武夷山国家级自然保护区米楮林林龄约 50 a,属于天然次生林,处于演替前期阶段,此时土壤可供林木生长的有效元素含量减少,林木生长需求能力大于土壤微生物的转化能力,表现出各类群微生物生物量大幅下降的趋势^[34]。也有研究认为,中等林龄的次生林土壤微生物生物量碳显著高于其他林龄,与土壤微生物生物量显著相关的土壤有机碳呈现出先增加后降低的趋势^[35]。由此可见,植被类型不同,或植物群落的演替阶段不同,土壤微生物的结构和组成也不相同。另一方面,土壤的粒径和发育程度可能会对土壤微生物产生影响。罗红燕等^[36]对亚热带紫色水稻土中真菌和细菌的研究表明,土壤真菌生物量和细菌生物量与团聚体的粒径显著相关。由于建瓯万木林自然保护区土壤发育时间较长,土壤颗粒以粉粒为主(表 2),而武夷山国家级自然保护区土壤发育时间较短,土壤颗粒以砂粒为主,并且土壤有机质含量远低于建瓯万木林自然保护区土壤。这些土壤颗粒的空间分布、形状和大小各异,而且组成也差异较大,直接影响到土壤颗粒中微生物

物与环境间的物质和能量交换^[37],进而影响到土壤微生物量与群落组成。此外,土壤养分含量也是影响土壤微生物的重要因子之一,有研究认为,土壤中有效磷含量的增加可以促进丛枝菌根(AM)真菌的生长发育^[38],本研究中用于表征真菌生物量的磷脂脂肪酸 18:1 ω 9c 和 18:2 ω 6,9c 在建瓯万木林自然保护区土壤中高于武夷山国家级自然保护区土壤,这是否与建瓯万木林自然保护区土壤中较高的磷含量有关,还有待进一步研究。

致谢 中国科学院华南植物园周丽霞和付淑霞两位老师在磷脂脂肪酸的提取和测定等方面给予指导和帮助,在此表示感谢!

参考文献

- [1] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils [J]. *Plant Soil*, 1995, 170(1): 75–86. doi: 10.1007/BF02183056.
- [2] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles [J]. *Science*, 2008, 320(5879): 1034–1039. doi: 10.1126/science.1153213.
- [3] Zhang Q F, Liu B, Lin Y Z, et al. The diversity of phospholipid fatty acid (PLFA) biomarker for the microbial community in soil [J]. *Acta Ecol Sin*, 2009, 29(8): 4127–4137. doi: 10.3321/j.issn:1000-0933.2009.08.014.
张秋芳, 刘波, 林营志, 等. 土壤微生物群落磷脂脂肪酸PLFA生物标记多样性 [J]. *生态学报*, 2009, 29(8): 4127–4137. doi: 10.3321/j.issn:1000-0933.2009.08.014.
- [4] Waldrop M P, Firestone M K. Seasonal dynamics of microbial community composition and function in oak canopy and open grassland soils [J]. *Microb Ecol*, 2006, 52(3): 470–479. doi: 10.1007/s00248-006-9100-6.
- [5] Zhang D, Zhang Y X, Qu L Y, et al. Effects of altitude on soil microbial community in *Quercus liaotungensis* forest [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2012, 23(8): 2041–2048.
张地, 张育新, 曲来叶, 等. 海拔对辽东栎林地土壤微生物群落的影响 [J]. *应用生态学报*, 2012, 23(8): 2041–2048.
- [6] Fierer N, McCain C M, Meir P, et al. Microbes do not follow the elevational diversity patterns of plants and animals [J]. *Ecology*, 2011, 92(4): 797–804. doi: 10.1890/10-1170.1.
- [7] Yu S, Wang J K, Li S Y. Effect of long-term fertilization on soil microbial community structure in corn field with the method of PLFA [J]. *Acta Ecol Sin*, 2008, 28(9): 4221–4227. doi: 10.3321/j.issn:1000-0933.2008.09.019.
于树, 汪景宽, 李双异. 应用PLFA方法分析长期不同施肥处理对玉米地土壤微生物群落结构的影响 [J]. *生态学报*, 2008, 28(9): 4221–4227. doi: 10.3321/j.issn:1000-0933.2008.09.019.
- [8] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: A review [J]. *Biol Fert Soils*, 1999, 29(2): 111–129. doi: 10.1007/s003740050533.
- [9] Liu B R, Jia G M, Chen J, et al. A review of methods for studying microbial diversity in soils [J]. *Pedosphere*, 2006, 16(1): 18–24. doi: 10.1016/S1002-0160(06)60021-0.
- [10] Zhong W H, Gu T, Wang W, et al. The effects of mineral fertilizer and organic manure on soil microbial community and diversity [J]. *Plant Soil*, 2010, 326(1): 511–522. doi: 10.1007/s11104-009-9988-y.
- [11] Grayston S J, Griffith G S, Mawdsley J L, et al. Accounting for variability in soil microbial communities of temperate upland grassland ecosystems [J]. *Soil Biol Biochem*, 2001, 33(4): 533–551. doi: 10.1016/S0038-0717(00)00194-2.
- [12] Luo D, Shi Z M, Tang J C, et al. Soil microbial community structure of monoculture and mixed plantation stands of native tree species in south subtropical China [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2014, 25(9): 2543–2550.
罗达, 史作民, 唐敬超, 等. 南亚热带乡土树种人工纯林及混交林土壤微生物群落结构 [J]. *应用生态学报*, 2014, 25(9): 2543–2550.
- [13] Bossio D A, Scow K M. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: Phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns [J]. *Microb Ecol*, 1998, 35(3): 265–278. doi: 10.1007/s002489900082.
- [14] Zak D R, Ringelberg D B, Pregitzer K S, et al. Soil microbial communities beneath *populus grandidentata* grown under elevated atmospheric CO₂ [J]. *Ecol Appl*, 1996, 6(1): 257–262. doi: 10.2307/2269568.
- [15] Sampedro L, Jeannotte R, Whalen J K. Trophic transfer of fatty acids from gut microbiota to the earthworm *Lumbricus terrestris* L. [J]. *Soil Biol Biochem*, 2006, 38(8): 2188–2198. doi: 10.1016/j.soilbio.2006.02.001.
- [16] Marhan S, Kandeler E, Scheu S. Phospholipid fatty acid profiles and xylanase activity in particle size fractions of forest soil and casts of *Lumbricus terrestris* L. (Oligochaeta, Lumbricidae) [J]. *Appl Soil Ecol*, 2007, 35(2): 412–422. doi: 10.1016/j.apsoil.2006.06.003.
- [17] Frostegård A, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil [J]. *Biol Fert Soils*, 1996, 22(1): 59–65. doi: 10.1007/BF00384433.
- [18] Joergensen R G, Potthoff M. Microbial reaction in activity, biomass, and community structure after long-term continuous mixing of a grassland soil [J]. *Soil Biol Biochem*, 2005, 37(7): 1249–1258. doi: 10.1016/j.soilbio.2004.11.021.
- [19] Potthoff M, Steenwerth K L, Jackson L E, et al. Soil microbial community composition as affected by restoration practices in California grassland [J]. *Soil Biol Biochem*, 2006, 38(7): 1851–

1860. doi: 10.1016/j.soilbio.2005.12.009.
- [20] Tian Q, Xia H P, Zhou L X. Analysis of soil microbial diversity by phospholipid fatty acid method in coniferous forest and *Schima superba* plantation in Heshan, Guangdong Province [J]. *J Trop Subtrop Bot*, 2011, 19(2): 97–104. doi: 10.3969/j.issn.1005–3395.2011.02.001.
田倩, 夏汉平, 周丽霞. 磷脂脂肪酸法分析鹤山针叶林和荷木林的土壤微生物多样性 [J]. *热带亚热带植物学报*, 2011, 19(2): 97–104. doi: 10.3969/j.issn.1005–3395.2011.02.001.
- [21] Han M, Jiao R Z, Dong Y H. Distribution pattern of microbes in the deciduous broad-leaved forest soil and screening of function bacteria in Wolong Nature Reserve [J]. *Sci Silv Sin*, 2013, 49(10): 113–117. doi: 10.11707/j.10017488.20131018.
韩梅, 焦如珍, 董玉红. 卧龙自然保护区落叶阔叶林土壤微生物分布规律及功能菌的筛选 [J]. *林业科学*, 2013, 49(10): 113–117. doi: 10.11707/j.10017488.20131018.
- [22] Frostegård Å, Bååth E, Tunlio A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis [J]. *Soil Biol Biochem*, 1993, 25(6): 723–730. doi: 10.1016/0038-0717(93)90113-P.
- [23] Wang Q K, Wang S L. Soil microbial properties and nutrients in pure and mixed Chinese fir plantations [J]. *J For Res*, 2008, 19(2): 131–135. doi: 10.1007/s11676-008-0022-7.
- [24] Saetre P, Bååth E. Spatial variation and patterns of soil microbial community structure in a mixed spruce-birch stand [J]. *Soil Biol Biochem*, 2000, 32(7): 909–917. doi:10.1016/S0038-0717(99)00215-1.
- [25] Kourtev P S, Ehrenfeld J G, Håggblom M. Experimental analysis of the effect of exotic and native plant species on the structure and function of soil microbial communities [J]. *Soil Biol Biochem*, 2003, 35(7): 895–905. doi:10.1016/S0038-0717(03)00120-2.
- [26] de Vries F T, Hoffland E, van Eekeren N, et al. Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management [J]. *Soil Biol Biochem*, 2006, 38(8): 2092–2103. doi:10.1016/j.soilbio.2006.01.008.
- [27] Cao Z P, Li D P, Han X M. The fungal to bacterial ratio in soil food webs, and its measurement [J]. *Acta Ecol Sin*, 2011, 31(16): 4741–4748.
曹志平, 李德鹏, 韩雪梅. 土壤食物网中的真菌/细菌比率及测定方法 [J]. *生态学报*, 2011, 31(16): 4741–4748.
- [28] Ingwersen J, Poll C, Streck T, et al. Micro-scale modelling of carbon turnover driven by microbial succession at a biogeochemical interface [J]. *Soil Biol Biochem*, 2008, 40(4): 864–878. doi:10.1016/j.soilbio.2007.10.018.
- [29] Blagodatskaya E V, Anderson T H. Interactive effects of pH and substrate quality on the fungal-to-bacterial ratio and qCO_2 of microbial communities in forest soils [J]. *Soil Biol Biochem*, 1998, 30(10): 1269–1274. doi: 10.1016/S0038-0717(98)00050-9.
- [30] Wen Q, Lin Q M, Zhao X R, et al. Application of PLFA analysis in determination of soil microbial community structure in woodland, cropland and grassland in farmland-pasture inter-leaving zone of north china [J]. *Acta Ped Sin*, 2008, 45(2): 321–327. doi: 10.3321/j.issn:0564–3929.2008.02.018.
文倩, 林启美, 赵小蓉, 等. 北方农牧交错带林地、耕地和草地土壤微生物群落结构特征的PLFA分析 [J]. *土壤学报*, 2008, 45(2): 321–327. doi: 10.3321/j.issn:0564–3929.2008.02.018.
- [31] Chiu C Y, Chen T H, Imberger K, et al. Particle size fractionation of fungal and bacterial biomass in subalpine grassland and forest soils [J]. *Geoderma*, 2006, 130(3): 265–271. doi:10.1016/j.geoderma.2005.01.025.
- [32] Zhou L X, Yi W M, Yi Z G, et al. Soil microbial characteristics in rehabilitation process of degraded ecosystems in Heshan [J]. *J Trop Subtrop Bot*, 2004, 12(3): 202–206. doi: 10.3969/j.issn.1005–3395.2004.03.002.
周丽霞, 蚁伟民, 易志刚, 等. 鹤山退化生态系统恢复过程中土壤微生物的特性 [J]. *热带亚热带植物学报*, 2004, 12(3): 202–206. doi: 10.3969/j.issn.1005–3395.2004.03.002.
- [33] Hansen R A. Red oak litter promotes a microarthropod functional group that accelerates its decomposition [J]. *Plant Soil*, 1999, 209(1): 37–45. doi: 10.1023/A:1004506414711.
- [34] Jiao R Z, Yang C D, Sun Q W, et al. Changes in soil microbial amount and biomass during the development of Chinese fir plantation [J]. *Sci Silv Sin*, 2005, 41(6): 163–165. doi: 10.3321/j.issn:1001–7488.2005.06.028.
焦如珍, 杨承栋, 孙启武, 等. 杉木人工林不同发育阶段土壤微生物数量及其生物量的变化 [J]. *林业科学*, 2005, 41(6): 163–165. doi: 10.3321/j.issn:1001–7488.2005.06.028.
- [35] Jia G M, Cao J, Wang C Y, et al. Microbial biomass and nutrients in soil at the different stages of secondary forest succession in Ziwulin, northwest China [J]. *For Ecol Manage*, 2005, 217(1): 117–125. doi:10.1016/j.foreco.2005.05.055.
- [36] Luo H Y, Jiang X J, Xie D T, et al. Distribution patterns of, and the effects of tillage type on, bacterial and fungal biomass within soil water-stable aggregates [J]. *Acta Ecol Sin*, 2009, 29(8): 4588–4594. doi: 10.3321/j.issn:1000–0933.2009.08.069.
罗红燕, 蒋先军, 谢德体, 等. 真菌和细菌生物量在土壤团聚体中的分布和耕作响应 [J]. *生态学报*, 2009, 29(8): 4588–4594. doi: 10.3321/j.issn:1000–0933.2009.08.069.
- [37] Vieubl   L, Chenu C, Soulas G. Variability of pesticide mineralization in individual soil aggregates of millimeter size [J]. *Dev Soil Sci*, 2002, 28(1): 127–136. doi:10.1016/S0166–2481(02)80049–6.
- [38] Peng Y L, Yang M N, Cai X B. Influence of soil factors on species diversity of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi in *Stipa* steppe of Tibet Plateau [J]. *Chin J Appl Ecol*, 2010, 21(5): 1258–1263.
彭岳林, 杨敏娜, 蔡晓布. 西藏高原针茅草地土壤因子对丛枝菌根真菌物种多样性的影响 [J]. *应用生态学报*, 2010, 21(5): 1258–1263.