

DOI: 10.11766/trxb201805210269

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.

ZHAO Hui, ZHOU Yunchao, REN Qifei. Evolution of Soil Microbial Community Structure and Functional Diversity in *Pinus Massoniana* Plantations with Age of Stand[J]. Acta Pedologica Sinica, 2020, 57(1): 227–238.

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*

赵 辉^{1,2}, 周运超^{1†}, 任启飞¹

(1. 贵州大学贵州省森林资源与环境研究中心/林学院, 贵阳 550025; 2. 铜仁学院, 贵州铜仁 554300)

摘 要: 土壤微生物在森林生态系统中起着至关重要的作用, 研究人工林演变中土壤微生物群落结构特征, 对评价人工林土壤质量动态变化和维持土壤微生态平衡具有重要意义。以亚热带地区马尾松人工林为研究对象, 采用磷脂脂肪酸 (Phospholipid fatty acid, PLFA) 和 BIOLOG 技术研究不同林龄 (13 a, 25 a, 38 a 和 58 a) 对土壤微生物群落结构和代谢功能多样性的影响。结果表明: 不同林龄土壤微生物类群均以细菌为主, 其次为真菌和放线菌, 最后为原生动物; 土壤微生物总 PLFAs 量、真菌数量和真菌/细菌均表现为 13 a 最高, 38 a 最低; 土壤细菌、革兰氏阳性细菌 (G^+)、革兰氏阴性细菌 (G^-) 和放线菌数量均 25 a 最高。层次聚类和主成分分析 (PCA) 结果表明, 林龄对土壤微生物群落结构产生显著影响, 13 a 和 25 a 林龄分别与 38 a 和 58 a 林龄的土壤微生物群落结构差异较大。冗余分析表明, 有机碳、全氮和 pH 是土壤微生物群落结构的主要影响因素。不同林龄土壤平均颜色变化率 (AWCD) 和微生物功能多样性指数 (香农指数、辛普森指数和 McIntosh 指数) 总体表现为 25 a > 13 a > 58 a > 38 a; 不同林龄土壤微生物对碳源的利用存在差异, 各林龄利用的主要碳源为氨基酸类、羧酸类和酚类, 其中 25 a 在各碳源中利用率最高。PLFA 和 BIOLOG 综合分析可知, 马尾松人工林种植 25 a 后, 土壤微生物群落结构稳定性和功能代谢活性明显降低, 加剧了土壤微生态失衡。

关键词: 马尾松人工林; 磷脂脂肪酸; BIOLOG; 土壤微生物群落

中图分类号: S714.3 文献标志码: A

Evolution of Soil Microbial Community Structure and Functional Diversity in *Pinus Massoniana* Plantations with Age of Stand

ZHAO Hui^{1,2}, ZHOU Yunchao^{1†}, REN Qifei¹

(1. Research Center of Forest Resources and Environment /College of Forestry in Guizhou Province, Guiyang 550025, China; 2. Tongren University, Tongren, Guizhou 554300, China)

Abstract: [Objective] Soil microbes, as an active component of the soil, play an essential role in the forest ecosystem. It is,

* 国家重点研发计划项目 (2017YFD0600304)、贵州省一流学科建设 (GNYL[2017]007) 和贵州省科学技术基金 (黔科合 LH 字 [2018]2035 号) 资助 Supported by the National Key Research and Development Program of China (No. 2017YFD0600304), the First-Class Discipline Construction in Guizhou Province (No. GNYL[2017]007) and the Science and Technology Foundation of Guizhou Province (No. [2018]2035)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: yczhou@gzu.edu.cn

作者简介: 赵 辉 (1983—), 男, 河南省驻马店市人, 博士研究生, 副教授, 主要从事土壤微生态研究。E-mail: yancao504@163.com

收稿日期: 2018-05-21; 收到修改稿日期: 2018-09-05; 优先数字出版日期 (www.cnki.net): 2018-12-10

therefore, of great significance to study characteristics of the soil microbial community structures in plantations different in evolution process to evaluation of dynamics of soil quality and maintenance of soil microecological balance in the plantations. 【 Method 】 In this paper, evolution of the soil microbial community structure and soil metabolic function diversity with age (13 a, 25 a, 38 a and 58 a) of *Pinus massoniana* plantations in subtropical China was explored using the phospholipid fatty acid (PLFA) method and BIOLOG technique. 【 Result 】 Results show that bacteria were the dominant soil microbe, fungi and actinomycetes followed in dominance, and protozoa did in the end in the soils of the plantations regardless of age; in terms of soil microbial total PLFAs, fungal population and fungal/bacteria, the plantation 13 a in age ranked first and that 38 a in age in the end, while in terms of soil biomass of bacteria, gram-positive bacteria (G^+), gram-negative bacteria (G^-) and actinomycetes, the plantation 25 a in age ranked first. Hierarchical clustering and principal component analysis (PCA) revealed that stand age did affect soil microbial community structure significantly, and as a result, soil microbial community structure in the plantations 13 a and 25 a old differed sharply from those in the plantations 38 a and 58 a old. Redundancy analysis (RDA) of soil PLFAs and soil nutrients shows that soil organic carbon, total nitrogen and pH were the main factors affecting soil microbial community structure. In the light of average well color development (AWCD) and microbial functional diversity indexes of the soil (Shannon indexes, Simpson indexes and McIntosh indexes) the plantations displayed an order of 25 a > 13 a > 58 a > 38 a; the plantations also varied sharply in utilization of carbon sources. Amino acids, carboxylic acids and amines were the main carbon sources in all the soils, and the plantation 25 a old was the highest in utilization rate of these carbon sources. 【 Conclusion 】 Both the PLFA and BIOLOG demonstrate that when the plantations of *Pinus massoniana* grow over 25 years, their soil microbial community structures lower in stability and their metabolic function does in activity, too significantly, which in turn exacerbates microecological imbalance in the soils of *Pinus massoniana* plantations.

Key words: *Pinus massoniana* plantation; Phospholipid fatty acid(PLFA); BIOLOG; Soil microbial community

土壤微生物是土壤的重要组成部分,在推动土壤养分转化、物质循环和能量流动中发挥极其重要的作用,并通过调控土壤养分来影响植物生长发育和群落结构演替^[1]。由于森林土壤生态系统的复杂性,相关研究认为土壤 pH^[2]、有效氮^[3]、地上植被^[4]和土壤水分^[5]等对土壤微生物群落结构影响较大。森林演变中植被凋落物和根系分泌物的差异,成为影响土壤微生物群落结构和代谢活性变化的重要因素。全球约 4% 的森林为人工林,人工林由于林分结构简单,植被群落演替对人工林土壤生态系统的影响尤为重要。鉴于土壤微生物群落结构和代谢功能多样性对人工林环境变化的灵敏性,土壤微生物群落结构特征可作为人工林演变引起土壤质量变化的重要预警及敏感指标之一^[6]。

马尾松 (*Pinus massoniana* Lamb.) 人工林适应性强、生长迅速、耐干旱与瘠薄,是我国亚热带地区种植面积最大的人工林,也是我国最重要的经济造林树种之一^[7],如何维持人工林持续经营已经成为许多学者和造林者关注的焦点。目前,桉树^[8]、湿地松^[6]、落叶松^[9]和樟子松^[10]等人工林在生长过程中已出现土壤地力衰退现象。而关于马尾松人工

林演变中是否出现地力衰退问题尚未达成共识。谭波等^[11]研究认为,随着林龄的增加土壤地力逐渐衰退;葛晓改等^[12]研究则认为,随着林龄的增加土壤肥力逐渐提高,未出现地力衰退。Mendes 和 Raaijmakers^[13]研究表明,土壤地力衰退将不可避免地打破土壤微生物群落动态平衡,同时土壤微生物群落失衡将进一步加剧土壤退化;由此可知,通过研究土壤微生物群落结构和功能多样性,对了解人工林土壤质量状况、防止地力衰退和更好地经营人工林具有重要的意义。目前,马尾松人工林的研究主要集中在土壤养分^[14]、酶活性^[12]、凋落物^[15]、植物多样性^[16]和土壤动物功能群^[17]等方面,并通过以上指标来反映人工林土壤质量状况。然而,目前关于土壤微生物群落结构特征在马尾松人工林生长过程中如何进行变化? 该方面的研究尚少见报道。为此,本文利用 PLFA 和 BIOLOG 技术,对亚热带地区马尾松人工林生长过程中土壤微生物群落结构及功能多样性进行研究,以揭示土壤微生物群落结构和功能多样性随林龄的变化规律以及驱动土壤微生物群落结构变化的主要环境因子,从微生物角度来解析土壤地力衰退问题,最终为实现人工林可持续

经营提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于贵州省林业科学院实验林场(106°44'20"E, 26°29'35"N), 属于典型的中亚热带季风气候, 年均气温 15.2℃, 平均最高气温 19.3℃, 最低气温 12℃, 年均降雨量 1 199 mm, 年均相对湿度 77%, 年均日照时数 1 412 h, 无霜期 278 d, 土壤类型为铝质常湿淋溶土, 成土母质为砂岩。

1.2 试验设计及样品采集

采取空间代时间的方法, 选择立地条件一致的不同林龄(13 a、25 a、38 a 和 58 a)马尾松人工林作为研究对象, 分别造林于 2004 年、1992 年、1979 年和 1959 年(基本情况见表 1)。林下灌木以梨叶悬钩子(*Rubus pirifolius*)和野桐(*Mallotus*

japonicus) 等为主; 草本以蕨(*Pteridium aquilinum*)、白茅(*Imperata cylindrica*)和芒萁(*Dicranopteris dichotoma*)等为主。于 2017 年 8 月在 4 个林龄内随机设置 3 个 20 m×20 m 的标准样地, 样地内采用直径 5 cm 土钻均匀采取 5 个枯枝落叶层下 0~10 cm 土壤样品, 混合成 1 个土样, 使用低温冰盒保存并迅速带回实验室。土样在室内去除石块、植物根系并过 2 mm 筛后, 最终分为三份, 一份 4℃ 冰箱保存, 用于微生物生物量碳、氮测定和 BIOLOG 分析, 一份 -80℃ 冰箱保存用于 PLFA 分析, 一份室内风干用于土壤理化指标测定。

1.3 分析方法

土壤理化性质: 采用鲍士旦^[18]的方法进行测定。土壤含水量(Moisture)采用烘干法测定; pH 采用电位法测定; 土壤有机碳(SOC)采用重铬酸钾氧化法测定; 全氮(TN)采用凯氏定氮法测定; 铵态氮采取靛酚蓝比色法测定; 硝态氮采取酚二磺酸比色法测定。

表 1 不同林龄马尾松人工林基本情况

Table 1 General information of the studied *Pinus massoniana* plantations different in stand ages

林龄	海拔	地理坐标	坡向	坡度	林分密度	平均树高	胸径
Stand ages	Elevation	Geographic coordinate	Aspect	Slope/°	Density	Mean tree height /m	Diameter at breast height/cm
/a	/m				/(ind·hm ⁻²)		
13	1 262	106°44'6"E, 26°31'29"N	NE	10	1 226	8.1	12.1
25	1 196	106°44'11"E, 26°32'27"N	SE	15	925	14.6	19.7
38	1 244	106°44'30"E, 26°33'5"N	SE	22	614	20.2	31.4
58	1 249	106°43'44"E, 26°32'57"N	SW	18	575	21.5	35.3

土壤微生物生物量碳、氮: 采用吴金水等^[19]的方法进行测定。微生物生物量碳采用氯仿熏蒸-容量分析法, 微生物生物量氮采取氯仿熏蒸-茚三酮比色法。

磷脂脂肪酸(PLFA): PLFA 测定采用修正的 Bligh 和 Dyer^[20]方法。称取相当于 8 g 烘干土的新鲜土样, 加入磷酸缓冲液 30 mL, 甲醇: 氯仿(2:1) 105 mL 混合液振荡 2 h 后, 分别加入氯仿 36 mL 和无菌水 36 mL, 避光浸提 18~24 h。有机相过滤、浓缩, 利用固相萃取技术, 通过 SPE 固相萃取小柱

(Bond Elute, 500 mg/3 mL) 进行脂肪酸分离, 氮吹仪浓缩后, 加氢氧化钾: 甲醇(1:1) 1 mL, 37℃ 加热 15 min 进行甲基化。加内标液(十九碳酸甲酯) 0.5 mL, 用气相色谱-质谱(Gas Chromatography-Mass Spectrometry, GC-MS)分析。用 MIDI 系统操作 GC-FID, 后续脂肪酸甲酯扫描和数据分析均由 MIDI Sherlock 微生物鉴定系统完成。根据总结文献出现的磷脂脂肪酸标记物, 对不同微生物的磷脂脂肪酸进行标记(见表 2)。

表 2 表征微生物类群的磷脂脂肪酸标记物

Table 2 PLFA biomarkers characteristic of soil microbial groups

微生物类群 Microbial group	磷脂脂肪酸标记物 PLFA biomarker	参考文献 Reference
革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria	i14: 0; i15: 0; a15: 0; i16: 0; i17: 0; a17: 0; i18: 0	[21]
革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria	16: 1ω7c; 17: 1ω8c; cy17: 0; 18: 1ω7c; cy19: 0	[22]
真菌 Fungi	18: 1ω9c; 18: 2ω6c; 18: 3ω6c; 16: 1ω5c	[21-23]
丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi	16: 1w5c	[22]
放线菌 Actinomycete	10Me16: 0; 10Me17: 0; 10Me18: 0	[21]
原生动 Protozoa	20: 4w6c; 20: 1w9c	[21]

BIOLOG: 称取相当于 10 g 干土的新鲜土样, 加入无菌生理盐水, 振荡 30 min 后于 4℃ 下静置 10 min, 然后吸取 1 mL 原液于 9 mL 无菌生理盐水中, 摇匀后用多通道移液器取 150 μL 提取液, 加入到生态板的每一个孔中, 每样 1 板, 每板 3 次重复。然后在 20℃ 下培养, 每 24 h 在 BIOLOG 读数仪读取 590 nm 下的光密度值, 连续培养 192 h。

1.4 数据处理

土壤微生物代谢活性用每孔颜色平均变化率 (Average well color development, AWCD) 描述, 计算公式如下:

$$AWCD = \sum(C_i - R) / n$$

式中, C_i 为各反应孔在 590 nm 下的吸光值; R 为 ECO 板对照孔的光密度值, n 为 Biolog-ECO 微平板的碳源数目, 计数为 31; $C_i - R < 0$ 的孔, 记为 0。本试验采用 Biolog-ECO 微平板培养 96 h 的光密度值来计算微生物群落结构代谢功能多样性指数 (香农多样性指数、辛普森优势度指数和 McIntosh 均匀度指数)。

$$\text{香农指数 } H = -\sum(P_i \times \ln P_i)$$

$$\text{辛普森指数 } D = 1 - \sum(P_i)^2$$

$$\text{McIntosh 指数 } U = \sqrt{\sum(C_i - R)^2}$$

式中, $P_i = (C_i - R) / \sum(C_i - R)$, 表示第 i 孔的相对吸

光值与所有整个微平板的相对吸光值总和的比率。

采用 SPSS21.0 统计软件, 通过单因素方差分析 (One-way ANOVA, $n = 3$, $P < 0.05$) 和多重比较检验不同林龄间微生物生物量碳和氮、理化性质、微生物 PLFA 含量、Biolog 碳源利用类型和多样性指数的差异显著性 ($P < 0.05$); 进行微生物群落层次聚类分析和制图。采用 Canoco4.5 软件进行主成分分析 (Principal component analysis, PCA) 和冗余分析 (Redundancy analysis, RDA)。

2 结果

2.1 不同林龄人工林土壤特征

林龄显著影响了土壤生物理化性质 ($P < 0.05$) (表 3)。微生物生物量碳在 13 a~38 a 逐渐减少, 13 a 和 25 a 分别与 38 a 和 58 a 之间有显著差异 ($P < 0.001$); 微生物生物量氮在 25 a 时达到最大, 38 a 最小, 并且 25 a 分别与 13 a、38 a 和 58 a 之间有显著差异 ($P < 0.001$)。土壤 pH 随着林龄的增加先上升后下降, 在 25 a 时达到最大。土壤含水量随着林龄的增加呈现递减趋势, 并且 13 a 分别与 25 a、38 a 和 58 a 之间有显著差异 ($P < 0.01$)。有机碳均在人工林演变中呈现先减少后增加, 最高值均出现在 13 a, 分别与 38 a 和 58 a 差异显著 ($P < 0.01$)。全氮、铵态氮和硝态氮由高到低依次为 25 a、13 a、58 a、

表 3 不同林龄马尾松人工林土壤生物理化性质

Table 3 Soil biological and physicochemical properties of the *Pinus massoniana* plantation relative to stand ages

林龄 Stand ages /a	微生物生物量		pH	含水量 Moisture/%	有机碳 SOC /(g·kg ⁻¹)	全氮 TN /(g·kg ⁻¹)	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N /(mg·kg ⁻¹)	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N /(mg·kg ⁻¹)	碳氮比 C/N
	碳 MBC /(mg·kg ⁻¹)	氮 MBN /(mg·kg ⁻¹)							
13	334.2±22.5a	73.22±7.79b	4.80±0.08b	22.36±1.19a	21.22±1.83a	0.85±0.03abc	3.09±0.16b	1.69±0.40b	24.73±1.76ac
25	326.0±20.1ac	116.8±9.9a	5.15±0.03a	19.54±1.26b	18.51±1.96b	1.00±0.14a	4.51±0.04a	2.98±0.10a	18.65±2.61b
38	217.5±17.0b	32.23±1.91c	4.53±0.10c	18.82±1.61bc	15.81±0.37b	0.65±0.11b	1.88±0.16d	2.41±0.15a	24.97±4.19a
58	238.1±28.0b	35.50±5.08c	4.49±0.07c	16.59±0.93c	16.00±0.68b	0.77±0.10b	2.31±0.37c	2.61±0.47a	20.82±1.92ab

注: 数值为平均值 ± 标准误差 (n=3), 字母不同代表处理间差异显著 (P<0.05)。下同 Note: Values shown are means and standard deviation (n=3). Different letters indicate significant differences between stands different in age (P<0.05). The same below

38 a。土壤 C/N 最高值出现在 38 a, 最小值为 25 a, 并且两者之间差异显著 (P<0.01)。

2.2 不同林龄对土壤微生物 PLFAs 含量的影响

不同林龄土壤微生物群落组成及 PLFAs 含量具有明显差异 (P<0.05), 共有 21 种 PLFAs 被标记到不同微生物类群 (表 4)。土壤微生物总 PLFAs 含量、真菌 PLFAs 量、原生动物的 PLFAs 量和真菌/细菌比随着人工林生长呈现“V”变化趋势, 最大值均出现在 13 a, 最小值出现在 38 a, 且相互之间差异显著 (P<0.01); 其中 cy19:0 在各林龄中含量均最高, 分别为 6.20 ± 0.40 nmol·g⁻¹、4.63 ± 1.58 nmol·g⁻¹、3.43 ± 0.79 nmol·g⁻¹ 和 4.2 ± 0.17 nmol·g⁻¹; 18:3ω6c、i18:0、20:1ω9c、17:1ω8c 和 i14:0 在所有林龄中含量相对较低。G⁺/G⁻比值在生长过程中均小于 1, 表明不同林龄土壤细菌均以 G⁻细菌为主。G⁺细菌、G⁻细菌、AMF 和放线菌数量均在 25 a 林龄中最高, 与 38 a、58 a 差异显著 (P<0.01)。i14:0、a15:0、a17:0、16:1ω7c、cy17:0、18:1ω7c、16:1ω5c、10Me16:0、10Me18:0 和 20:1ω9c 最大值均为 25 a, 其中除 10Me18:0 外, 其余均与 38 a、58 a 之间有显著差异 (P<0.05)。

2.3 土壤微生物群落结构及其与土壤养分的相关性

基于 PLFAs 层次聚类分析结果显示, 不同林龄土壤微生物群落结构差异明显, 除 38 a-1 外, 其他林龄的 3 个重复均聚类在一起。其中, 13 a 和 25 a、38 a 和 58 a 距离较近 (图 1a)。

主成分分析进一步证实了不同林龄土壤微生物群落结构差异明显 (图 1b), PC1 和 PC2 共解释了

土壤微生物群落结构总变异的 86.2%, 其中第一主成分解释了总变异的 73.9%, 第二主成分解释了总变异的 12.3%, 这两个主成分能够解释原始变量。13 a、25 a 分别与 38 a 和 58 a 在 PC1 和 PC2 上逐渐分离, 并且在 PC1 和 PC2 上分离都较大, 说明林龄对土壤微生物群落结构影响较大; 38 a 和 58 a 相聚较近, 说明群落结构相似性较大。

通过对土壤微生物类群 PLFAs 进行除趋势对应分析 (Detrended correspondence analysis, DCA), 得到轴梯度最大值为 0.159, 表明选择线性模型 (RDA) 进行分析比较适合。由图 2 可知, G⁺细菌、细菌、放线菌和 G⁻细菌最大值分布在 25 a, 真菌/细菌最大值分布在 13 a, 该结论与表 4 结果相符。全氮、有机碳、微生物生物量碳、微生物生物量氮、pH 和铵态氮与 G⁺细菌、细菌、放线菌、G⁻细菌和微生物总 PLFAs 含量呈显著正相关关系; 土壤含水量与真菌呈显著正相关关系; C/N 与土壤微生物类群 (G⁺/G⁻除外) 呈负相关关系。

2.4 土壤微生物功能多样性

AWCD 值 (平均每孔颜色变化率) 反映土壤微生物群落的总体活性, 是土壤微生物对单一碳源利用能力的一个重要指标。由图 3 可知, 在 192 h 培养时间内, AWCD 值随着时间增加而逐渐增大, 表明微生物对底物碳源的利用能力总体增强。在培养 24 h 内微生物活性增加不明显, 24 h 以后微生物活性逐渐增强, 120 h~168 h 增加速率最大, 168 h 后 AWCD 值增加速率趋于平缓。不同林龄土壤微生物群落对碳源利用能力由强到弱依次为 25 a、13 a、

表 4 不同林龄马尾松人工林土壤微生物 PLFAs 类群和含量

Table 4 Groups and contents of PLFAs in the *Pinus massoniana* plantation relative to stand ages

磷脂脂肪酸标记 PLFA biomarker	PLFAs 含量 PLFAs content/ (nmol·g ⁻¹)			
	13 a	25 a	38 a	58 a
革兰氏阳性细菌 G ⁺ bacteria				
i14 : 0	0.16±0.01b	0.65±0.25a	0.12±0.04b	0.11±0.26b
i15 : 0	3.93±0.57a	3.28±0.24ab	2.59±0.39b	2.87±0.17b
a15 : 0	1.3±0.12b	2.15±0.8a	1±0.24b	1.39±0.06b
i16 : 0	2.14±0.17a	1.6±0.49b	1.21±0.18c	1.43±0.24bc
i17 : 0	1.25±0.08a	1.14±0.32ac	0.69±0.15b	0.72±0.06b
a17 : 0	0.83±0.08ab	1.19±0.37a	0.53±0.12b	0.59±0.03b
i18 : 0	0.19±0.02a	0.18±0.04ab	0.11±0.02b	0.12±0.01b
Σ	9.81±1.03ac	10.2±1.30a	6.26±1.11b	6.93±0.44b
革兰氏阴性细菌 G ⁻ bacteria				
16 : 1ω7c	1.53±0.14b	2.04±0.6a	0.93±0.22c	1.04±0.06c
17 : 1ω8c	0.28±0.04a	0.24±0.07ab	0.15±0.03c	0.17±0.03bc
cy17 : 0	0.79±0.12ab	1.05±0.33a	0.49±0.12b	0.51±0.04b
18 : 1ω7c	2.47±0.13b	4.49±1.46a	2.36±0.38b	2.21±0.09b
cy19 : 0	6.20±0.69a	4.63±0.46b	3.1±0.26c	3.9±0.1bc
Σ	11.27±1.10ac	12.46±1.23a	7.02±1.54b	7.83±0.35b
细菌总量 Total bacteria Σ				
	21.07±2.13ac	22.66±2.53a	13.28±2.92b	14.76±0.94ab
真菌 Fungi				
18 : 1ω9c	5.61±0.1a	3.98±1.35b	2.21±0.5c	2.67±0.2bc
18 : 2ω6c	4.33±0.47a	2.40±0.44b	1.34±0.27c	2.02±0.33bc
18 : 3ω6c	0.22±0.02a	0.2±0.05ac	0.1±0.02b	0.15±0.02b
16 : 1 w5c (丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi)				
	1.11±0.08ac	1.49±0.44a	0.54±0.15b	0.65±0.04b
Σ	11.27±0.66a	8.07±2.03b	4.18±0.89c	5.49±0.6bc
放线菌 Actinobacteria				
10Me16 : 0	3.51±0.3b	4.18±0.21a	2.16±0.46c	2.29±0.18c
10Me17 : 0	0.56±0.03a	0.24±0.07c	0.28±0.04bc	0.35±0.05b
10Me18 : 0	0.94±0.12ab	1.11±0.29a	0.71±0.12b	0.85±0.06ab
Σ	5±0.25ac	5.53±1.65a	3.15±0.62b	3.48±0.29b
原生动物 Protozoa				
20 : 4w6c	0.46±0.02a	0.40±0.14ab	0.29±0.05b	0.33±0.02ab
20 : 1w9c	0.18±0.02ac	0.22±0.04a	0.1±0.02b	0.08±0.02b
Σ	0.64 ± 0.02a	0.63 ± 0.10ab	0.38 ± 0.04b	0.41 ± 0.01b
磷脂脂肪酸总量 Total PLFA				
	37.99±3a	36.89±4.01ac	21.00±4.49b	24.14±1.62b
阳性/阴性 G ⁺ /G ⁻				
	0.87±0.01ab	0.82±0.02b	0.89±0.03a	0.88±0.05a
真菌/细菌 F/B				
	0.53±0.03a	0.36±0.02bc	0.32±0.01c	0.37±0.03b

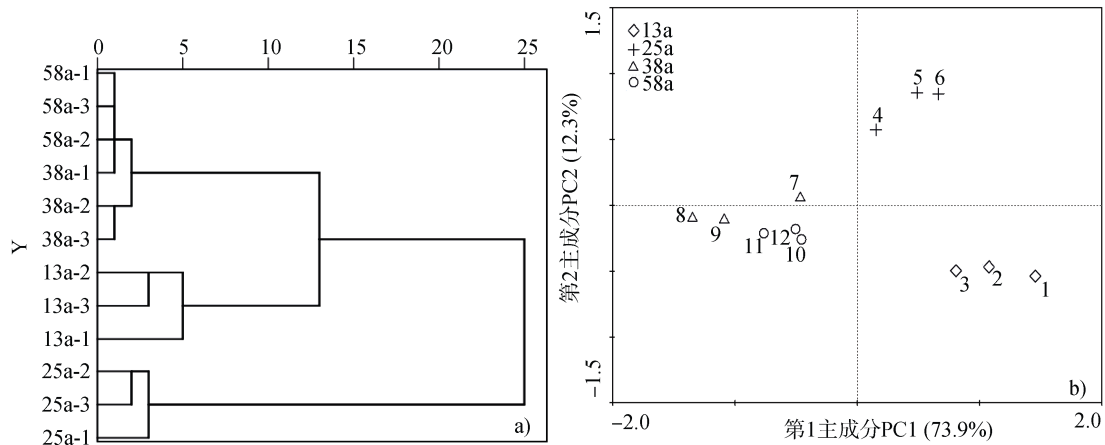
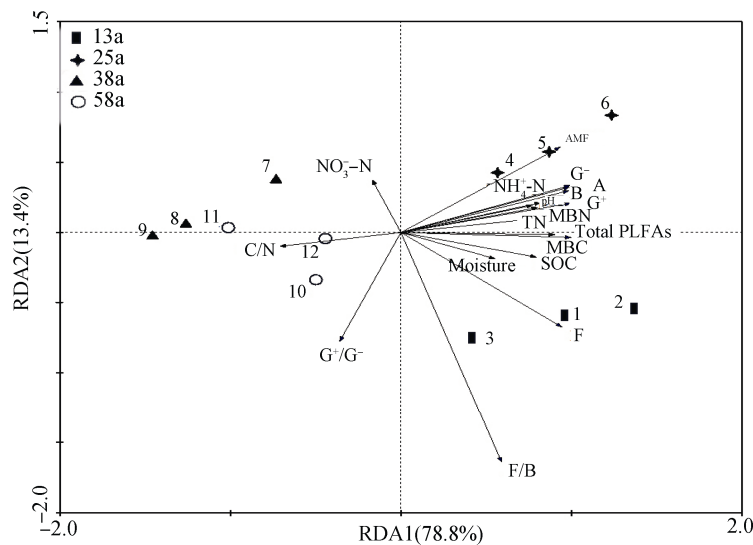


图 1 不同林龄土壤磷脂脂肪酸结构层次聚类树 (a) 和主成分分析 (b)

Fig. 1 Hierarchical clustering tree (a) and principal components analysis (b) of composition of the phospholipid fatty acid in the soil of *Pinus massoniana* plantation relative to stand ages



B: 细菌 Bacteria; G⁺: 革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria; G⁻: 革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria; G⁺/G⁻: 革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌 Ratio of gram-positive bacteria to gram-negative bacteria; F: 真菌 Fungi; A: 放线菌 Actinobacteria; F/B: 真菌/细菌 Ratio of fungi to bacteria; Total PLFA: 总磷脂脂肪酸 Total phospholipid fatty acids; SOC: 土壤有机碳 Soil organic carbon; Moisture: 土壤含水量; TN: 全氮 Total nitrogen.

图 2 土壤微生物类群与土壤养分的冗余分析

Fig. 2 Redundancy analysis (RDA) of relationships among soil microorganism groups and soil nutrients

58 a、38 a, 可知 25 a 林龄土壤微生物代谢活性强于其他林龄。

本研究 Biolog-ECO 微平板中的 31 种碳源划分为碳水化合物类、羧酸类、氨基酸类、聚合物类、酚类和胺类。由表 5 可知, 不同林龄土壤微生物对 6 种碳源利用存在差异 ($P < 0.05$), 其中氨基酸、羧酸类和酚类是主要的碳源, 其次为胺类和聚合物类, 碳水化合物类利用率最低。25 a 林龄土壤微生物对 6 类碳源的利用均最高, 除氨基酸外, 与其他林龄

差异均显著 ($P < 0.05$)。38 a 林龄土壤微生物对碳水化合物、羧酸类、聚合物类和酚类利用率最低, 对氨基酸的利用率仅次于 25 a, 高于 13 a 和 58 a。

香农指数、辛普森指数和 McIntosh 指数分别用来研究微生物群落种数及其个体数和分布均匀程度。由表 6 可知, 3 种多样性指数的变化趋势一致, 大小顺序均为 $25 a > 13 a > 58 a > 38 a$ 。13 a~25 a 人工林土壤微生物群落的物种丰富度指数、优势度指数和均匀度指数增加, 25 a~38 a 3 种土壤微生物多样

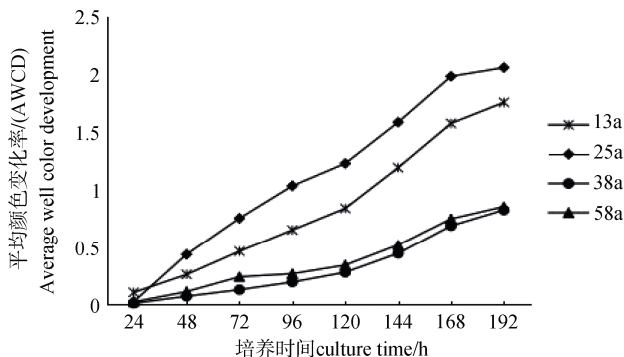


图3 不同林龄土壤微生物群落 AWCD 在培养时间下动态变化

Fig. 3 Dynamics of AWCD of the soil microbial community in soil samples of the plantation with incubation time relative to stand ages

性指数下降, 随后逐渐升高。不同林龄土壤微生物群落的香农指数和 McIntosh 指数差异显著 ($P < 0.05$), 辛普森指数差异不显著 ($P > 0.05$)。

3 讨论

3.1 不同林龄对土壤微生物群落结构和功能多样性的影响

土壤微生物数量、种类和功能多样性受环境因

子影响较大, 如植物群落、根系分泌物、凋落物和土壤养分等因素。本研究结果表明, 人工林演变中土壤微生物总 PLFAs 量为 $21.00 \sim 37.99 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$, 低于四川省阿坝地区的云杉人工林^[24], 高于江西省九连山地区常绿阔叶林、马尾松纯林、马尾松阔叶混交林^[25], 造成土壤微生物 PLFAs 含量差异性的因素可能是植被类型和土壤养分的时空异质性。Merilä 等^[26]研究认为, 森林土壤微生物群落结构与林下物种丰富度及多样性呈正相关关系, 陈小红等^[16]研究表明, 马尾松人工林生长过程中林下物种丰富度及多样性呈下降趋势。由此可知, 在人工林演变中土壤微生物 PLFAs 含量降低, 与本研究结果一致。不同林龄土壤微生物群落 AWCD 值变化规律为 $25a > 13a > 58a > 38a$, 香农指数、辛普森指数和 McIntosh 指数也证明了该结果。本研究由于立地条件一致, 因此人工林演变中植物群落结构的差异, 可能是土壤微生物群落结构和功能多样性发生显著变化的主要因素。

Maisto 等^[27]研究表明, 森林土壤养分主要来源于凋落物。马尾松人工林的凋落物主要为针叶, 真菌主要负责分解针叶中难分解的木质素、纤维素和丹宁酸等物质, 最终使养分归还土壤。本研究土壤

表5 不同林龄土壤微生物对碳源的利用

Table 5 Carbon source utilization by soil microbes relative to stand ages

林龄 Stand ages/a	碳水化合物 Carbohydrate	羧酸类 Carboxylic acids	氨基酸 Amino acids	聚合物类 Polymer	酚类 Phenols	胺类 Amines
13	0.22±0.22b	0.3±0.35b	0.41±0.37b	0.37±0.17bc	0.95±0.51b	0.15±0.09b
25	0.59±0.29a	1.07±0.27a	1.14±0.12a	0.85±0.06a	2.05±0.41a	0.99±0.1a
38	0.04±0.01b	0.16±0.1b	0.51±0.35ab	0.20±0.1c	0.54±0.45b	0.2±0.16b
58	0.05±0.28b	0.19±0.17b	0.34±0.41b	0.57±0.18b	0.57±0.43b	0.14±0.12b

表6 不同林龄土壤微生物群落功能多样性指数

Table 6 Functional diversity indexes of the soil microbial community relative to stand ages

林龄 Stand ages/a	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	McIntosh 指数 McIntosh index
13	2.54±0.28ab	0.89±0.02a	3.60±1.42b
25	3.03±0.12a	0.94±0.01a	7.78±1.09a
38	2.26±0.44b	0.79±0.05a	2.05±0.19b
58	2.35±0.26b	0.84±0.04a	2.86±1.34b

微生物总 PLFAs 和真菌数量随林龄的增加呈现“V”变化趋势(表 4),可能与凋落物和土壤养分含量有关。在人工生长过程中,13 a 由于林木密度较大,光照不足,致使凋落物增多,同时养分归还速率快,导致土壤养分含量高。25 a 处于杆材阶段,林木竞争力较大,天然整枝强度较大,导致凋落物较多。38 a 处于成熟阶段,经过了稀疏竞争效应,林分密度低,凋落物减少,养分过多储存在生物体内,养分归还周期长,最终导致土壤养分含量低,微生物可利用养分减少,微生物 PLFAs 含量降低。58 a 处于过熟期,林木对养分吸收逐渐减少,枯枝落叶归还量增多,导致土壤养分含量有所增加,有利于土壤微生物对养分的吸收利用,使土壤微生物 PLFAs 总量和各类群数量有所增加。同时,人工林在 38 a 和 58 a 时,凋落物中含有较多难降解的物质如纤维素和木质素等,这些物质中 C/N 相对较高,较高的 C/N 会导致土壤中氮的缺乏,从而抑制土壤微生物活性^[28]。

Wu 等^[6]研究表明,土壤养分与土壤微生物功能多样性之间密切相关,土壤养分含量的下降将不可避免地降低微生物多样性。BIOLOG 技术主要检测的为可培养的细菌类群,通过 PLFA 结果可知,不同林龄土壤细菌数量高低依次为 25 a、13 a、58 a、38 a(表 4),由此可知,在一定程度上土壤微生物群落结构组成能够反映微生物群体代谢活性。造林 25 a 后,随着土壤养分和 pH 明显降低,对林下植物生长抑制程度较大,导致林下物种丰富度较小^[16],林下植物及土壤养分交互作用使土壤微生物功能多样性和代谢活性明显降低。人工林演变中土壤微生物利用的主要碳源为氨基酸类、羧酸类和酚类,与胡婵娟等^[29]研究结果不同,可能由于林分类型不同,导致植物群落结构和根系分泌物不同,影响土壤微生物对碳源的利用率。13 a 人工林对胺类利用率最低,25 a、38 a 和 58 a 人工林对碳水化合物类利用最低。由此可知,人工林演变中土壤微生物功能差异主要由底物造成。

3.2 土壤微生物类群 PLFAs 与土壤养分的相关性

本研究中,不同林龄土壤微生物类群均以细菌为主,约占总 PLFAs 量的 55%~63%,其次为真菌,占总 PLFAs 量的 20%~30%,最后为放线菌和原生动植物。Qiu 等^[30]研究认为,土壤微生物量碳氮比能够反映真菌/细菌比。王宁等^[31]研究认为,土壤微生物

量碳氮比在 1~5 时,土壤细菌占优势,并且微生物生物量碳氮比越小,细菌占比例越大;13 a 和 25 a 林龄土壤生物量碳氮比低于 38 a 和 58 a(表 3),可能由于 13 a 和 25 a 林龄根系活力强,分泌出较多适合细菌生长的物质,最终导致细菌数量多,土壤微生物生物量碳氮比低。Shen 等^[32]研究认为,土壤 pH 是影响土壤细菌的主要因素。冗余分析表明,土壤 pH 与多数微生物类群之间呈显著正相关关系(图 2);造林 25 a 后土壤细菌数量减少,可能由于针叶分解过程中产生的酸性物质富集,导致土壤 pH 降低,较低的 pH 抑制细菌生长。Chatterjee 等^[33]研究认为土壤 pH 在针叶林中随着林龄的增加而降低,与本结果不一致。本研究土壤 pH 在 13 a~25 a 有所增加,可能由于该时期人工林生长较快,对养分需求量较多,导致土壤中氮的转化加快,铵态氮和硝态氮含量增加,根系在吸收硝态氮时分泌出 OH^- 来维持细胞膜内外电荷平衡,最终通过土壤中 OH^- 来协调人工林土壤中的酸碱度^[34]。Djukic 等^[35]研究表明, G^- 细菌在土壤养分充足的环境中生长较快, G^+ 细菌较多的分解木质素等物质,对环境胁迫能力强于 G^- 细菌。造林 25 a 后 G^- 细菌数量总体减少,导致土壤 G^+/G^- 比例升高;由此可知,随着林龄的增加,土壤肥力下降可能是影响 G^- 细菌生长的主要因素。罗达等^[36]研究表明,土壤养分与丛枝菌根真菌 PLFAs 量的关系十分密切,土壤全氮和铵态氮与丛枝菌根真菌 PLFAs 量呈显著正相关关系。王卫霞等^[37]研究表明,马尾松人工林土壤丛枝菌根真菌 PLFAs 量随着 pH 的增加而增加。在本研究中,随着林龄的增加,土壤丛枝菌根真菌 PLFAs 量呈现“N”变化趋势,在 25 a 林龄土壤丛枝菌根真菌 PLFAs 量最大(表 4),可能与该时期人工林土壤全氮、铵态氮和 pH 较高有关。Boyle 等^[38]研究认为 F/B 可以用来指示土壤生态系统的稳定性。在本研究中,随着人工林演变 F/B 比值逐渐减少,表示土壤生态系统稳定性变差,土壤质量逐渐退化。

本研究利用 PLFA 法和 BIOLOG 法分析不同林龄马尾松人工林土壤微生物群落结构特征的演变规律,取得了较好结果。但 PLFA 法和 BIOLOG 法仍然存在不足,PLFA 法分类水平较低,不能检测到土壤微生物种的水平;BIOLOG 法只能表征土壤中快速生长或富营养微生物活性,不能直接获取土壤微生物群落结构的详细信息。因此,在今后的研究中

可以结合高通量测序技术,这样将有助于更深入地解析土壤微生物群落结构多样性在不同林龄间的演变规律。

4 结 论

造林 13~25 a,土壤微生物总 PLFAs 含量变化不明显,其中细菌、丛枝菌根真菌、放线菌、G⁺细菌和 G⁻细菌数量增加,微生物代谢活性增强,从生态角度来看该生长阶段未出现地力衰退现象,可以维持马尾松人工林的正常生长。38 a 人工林土壤养分含量、微生物群落结构和代谢活性均最低,说明造林 25 a 后土壤地力逐渐衰退。造林 58 a 土壤养分含量、微生物群落结构和代谢活性均高于 38 a,但差异不显著,并且微生物群落结构相似,说明造林 38 a 后土壤地力衰退稍微缓和,但效果不明显。因此,在马尾松人工林经营管理中应注意造林 25 a 后的土壤养分状况,可以采取施用有机肥、微生物肥料和增加植物多样性等措施,通过调节土壤微生物群落结构和代谢活性来缓解土壤地力衰退,最终实现马尾松人工林的可持续经营。

参考文献 (References)

- [1] Dai Y T, Yan Z J, Jie J H, et al. Soil bacteria diversity in rhizosphere under two types of vegetation restoration based on high throughput sequencing. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, 54 (3): 735—748. [戴雅婷, 闫志坚, 解继红, 等. 基于高通量测序的两种植被恢复类型根际土壤细菌多样性研究. *土壤学报*, 2017, 54 (3): 735—748.]
- [2] Högberg M N, Högberg P, Myrold D D. Is microbial community composition in boreal forest soils determined by pH, C-to-N ratio, the trees, or all three? *Oecologia*, 2007, 150 (4): 590—601.
- [3] Rasche F, Knapp D, Kaiser C, et al. Seasonality and resource availability control bacterial and archaeal communities in soils of a temperate beech forest. *ISME Journal*, 2011, 5 (3): 389—402.
- [4] Hackl E, Zechmeisterboltenstern S, Bodrossy L, et al. Comparison of diversities and compositions of bacterial populations inhabiting natural forest soils. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70 (9): 5057—5065.
- [5] Brockett B F T, Prescott C E, Grayston S J. Soil moisture is the major factor influencing microbial community structure and enzyme activities across seven biogeoclimatic zones in western Canada. *Soil Biology & Biochemistry*, 2012, 44 (1): 9—20.
- [6] Wu Z, Haack S E, Lin W, et al. Soil microbial community structure and metabolic activity of *Pinus elliottii* plantations across different stand ages in a subtropical area. *PLoS One*, 2015, DOI: 10.1371/journal.pone.0135354.
- [7] Hong W, Wu C Z. *Pinus massoniana* plantation management model and its application. Beijing: China Forestry Publishing House, 1999. [洪伟, 吴承祯. 马尾松人工林经营模式及其应用. 北京: 中国林业出版社, 1999.]
- [8] Zhang K, Zheng H, Chen F L, et al. Impacts of replacement of *Pinus* with *Eucalyptus* on soil nutrients and enzyme activities. *Acta Pedologica Sinica*, 2015, 52 (3): 646—653. [张凯, 郑华, 陈法霖, 等. 桉树取代马尾松对土壤养分和酶活性的影响. *土壤学报*, 2015, 52 (3): 646—653.]
- [9] Liu S R, Li C Y. Nutrient cycling and stability of soil fertility in *Larch* plantation in the eastern part of Northern China. *Journal of Northeast Forestry University*, 1993, 21 (2): 19—24. [刘世荣, 李春阳. 落叶松人工林养分循环过程与潜在地力衰退趋势的研究. *东北林业大学学报*, 1993, 21 (2): 19—24.]
- [10] Yang T, Xu H, Li H, et al. Soil nutrient, microorganism and enzyme activity in *Pinus sylvestris* plantations. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2005, 19 (3): 50—53. [杨涛, 徐慧, 李慧, 等. 樟子松人工林土壤养分、微生物及酶活性的研究. *水土保持学报*, 2005, 19 (3): 50—53.]
- [11] Tan B, Wu F Z, Yang W Q, et al. Population structure of soil arthropod in different age *Pinus massoniana* plantations. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24 (4): 1118—1124. [谭波, 吴福忠, 杨万勤, 等. 不同林龄马尾松人工林土壤节肢动物群落结构. *应用生态学报*, 2013, 24 (4): 1118—1124.]
- [12] Ge X G, Xiao W F, Zeng L X, et al. Relationships between soil nutrient contents and soil enzyme activities in *Pinus massoniana* stands with different ages in three gorges reservoir area. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2012, 23 (2): 445—451. [葛晓改, 肖文发, 曾立雄, 等. 三峡库区不同林龄马尾松土壤养分与酶活性的关系. *应用生态学报*, 2012, 23 (2): 445—451.]
- [13] Mendes R, Raaijmakers J M. Deciphering the rhizosphere microbiome for disease-suppressive bacteria. *Science*, 2011, 332 (6033): 1097—1103.
- [14] Xiang W H, Tian D L. Nutrient cycling in *Pinus massoniana* stands of different age classes. *Acta Phytocologica Sinica*, 2002, 26 (1): 89—95. [项文化, 田大伦. 不同年龄阶段马尾松人工林养分循环的研究. *植物生态学报*, 2002, 26 (1): 89—95.]

- [15] Ge X G, Xiao W F, Zeng L X, et al. Relationships between litter substrate quality and soil nutrients in different aged *Pinus massoniana* stands. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32 (3): 852—862. [葛晓改, 肖文发, 曾立雄, 等. 不同林龄马尾松凋落物基质质量与土壤养分的关系. *生态学报*, 2012, 32 (3): 852—862.]
- [16] Chen X H, Zhao A J, Zhang J, et al. Understory plant diversity and environmental characteristics of different age *Pinus massoniana* plantations. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2017, 35 (2): 186—192. [陈小红, 赵安玖, 张健, 等. 不同林龄马尾松林下植物多样性与环境特征. *四川农业大学学报*, 2017, 35 (2): 186—192.]
- [17] Zhou H Y, Zhang D J, Zhang J, et al. Effects of canopy density on the functional group of soil macro fauna in *Pinus massoniana* plantations. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28 (6): 1860—1868. [周泓杨, 张丹桔, 张捷, 等. 马尾松人工林郁闭度对大型土壤动物功能群的影响. *应用生态学报*, 2017, 28 (6): 1860—1868.]
- [18] Bao S D. Analysis of soil agrochemica. 3rd ed. BeiJing: China Agriculture Press, 2000. [鲍士旦. 土壤农化分析. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.]
- [19] Wu J S, Lin Q M, Huang Q Y, et al. Soil microbial biomass — Methods and application. Beijing : China Meteorological Press, 2006. [吴金水, 林启美, 黄巧云, 等. 土壤微生物生物量测定方法及其应用. 北京: 气象出版社, 2006.]
- [20] Bligh E G, Dyer W J. A rapid method of total lipid extraction and purification. *Canadian Journal of Biochemistry and Physiology*, 1955, 33: 911—917.
- [21] Frostegård A, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. *Biology and Fertility of Soils*, 1996, 22 (1—2): 59—65.
- [22] Bååth E, Anderson T H. Comparison of soil fungal/bacterial ratios in a pH gradient using physiological and PLFA-based techniques. *Soil Biology & Biochemistry*, 2003, 35 (7): 955—963.
- [23] Zelles L, Bai Q Y, Rackwitz R, et al. Determination of phospholipid and lipopolysaccharide-derived fatty acids as an estimate of microbial biomass and community structures in soils. *Biology and Fertility of Soils*, 1995, 19 (2—3): 115—123.
- [24] 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. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28 (2): 519—527. [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. *应用生态学报*, 2017, 28 (2): 519—527.]
- [25] Yang J L, Fu X L, Ma Z Q, et al. Characteristics of soil microbial community in five forest types in mid-subtropical China. *Research of Environmental Sciences*, 2015, 28 (5): 720—727. [杨君珑, 付晓莉, 马泽清, 等. 中亚热带 5 种类型森林土壤微生物群落特征. *环境科学研究*, 2015, 28 (5): 720—727.]
- [26] Merilä P, Malmivaaralämsä M, Spetz P, et al. Soil organic matter quality as a link between microbial community structure and vegetation composition along a successional gradient in a boreal forest. *Applied Soil Ecology*, 2010, 46 (2): 259—267.
- [27] Maisto G, de Marco A, Meola A, et al. Nutrient dynamics in litter mixtures of four Mediterranean maquis species decomposing in situ. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43 (3): 520—530.
- [28] Chen Y L, Kang L H, Malajczuk N, et al. Selecting ectomycorrhizal fungi for inoculating plantations in south China: Effect of *Scleroderma* on colonization and growth of exotic *Eucalyptus globulus*, *E. urophylla*, *Pinus elliottii*, and *P. radiata*. *Mycorrhiza*, 2006, 16 (4): 251—259.
- [29] Hu C J, Fu B J, Liu G H, et al. Soil microbial functional and diversity under typical artificial wood lands in the hillyarea of the Loess Plateau. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29 (2): 727—733. [胡婵娟, 傅伯杰, 刘国华, 等. 黄土丘陵沟壑区典型人工林下土壤微生物功能多样性. *生态学报*, 2009, 29 (2): 727—733.]
- [30] Qiu S J, Ju X T, Ingwersen J, et al. Changes in soil carbon and nitrogen pools after shifting from conventional cereal to greenhouse vegetable production. *Soil & Tillage Research*, 2010, 107 (2): 80—87.
- [31] Wang N, Yang X, Li S L, et al. Seasonal dynamics of soil microbial biomass carbon-nitrogen in the *Korean pine* mixed forests along elevation gradient. *Scientia Silvae Sinicae*, 2016, 52 (1): 150—158. [王宁, 杨雪, 李世兰, 等. 不同海拔红松混交林土壤微生物量碳、氮的生长季动态. *林业科学*, 2016, 52 (1): 150—158.]
- [32] Shen C, Xiong J, Zhang H, et al. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 57: 204—211.
- [33] Chatterjee A, Ingram L J, Vance G F, et al. Soil processes and microbial community structures in 45- and 135-year-old Lodgepole pine stands. *Canadian Journal of Forest Research*, 2009, 39 (11): 2263—2271.
- [34] Zhao X M, Sun X Y, Wang H Y, et al. Dynamics of soil nutritional factors and pH value of triploid *Populus tomentosa* plantation. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30 (13): 3414—3423. [赵雪梅, 孙向阳, 王海燕, 等. 三倍体毛白杨速生林土壤养分因子及 pH 值动态变化. *生态学报*, 2010, 30 (13): 3414—3423.]
- [35] Djukic I, Zehetner F, Watzinger A, et al. In situ carbon turnover dynamics and the role of soil microorganisms therein: A climate warming study in an alpine ecosystem.

- FEMS Microbiology Ecology, 2013, 83 (1): 112—124.
- [36] 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. Chinese Journal of Applied Ecology, 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. 应用生态学报, 2014, 25 (9): 2543—2550.]
- [37] Wang W X, Shi Z M, Luo D, et al. Characteristics of soil microbial biomass and community composition in three types of plantations in southern subtropical area of China. Chinese Journal of Applied Ecology, 2013, 24 (7): 1784—1792. [王卫霞, 史作民, 罗达, 等. 南亚热带 3 种人工林土壤微生物生物量和微生物群落结构特征. 应用生态学报, 2013, 24 (7): 1784—1792.]
- [38] Boyle S A, Yarwood R R, Bottomley P J, et al. Bacterial and fungal contributions to soil nitrogen cycling under Douglas fir and Red alder at two sites in Oregon. Soil Biology & Biochemistry, 2008, 40 (2): 443—451.

(责任编辑: 卢 萍)