

浙江四明山典型林地土壤微生物群落结构和多样性研究

李东宾¹, 许志斌¹, 何立平¹, 吴家森², 李金朝^{3*}

(1. 宁波市林场, 浙江 宁波 315440; 2. 浙江农林大学, 浙江 杭州 311300; 3. 宁波城市职业技术学院, 浙江 宁波 315400)

摘要:为了解浙江四明山林地土壤微生物群落结构特征和多样性,探讨其与土壤肥力因子的关系,运用高通量测序技术,研究毛竹林、黄山松林、鹅掌楸林、樱花和红枫混交林4种典型林地,土壤微生物群落组成及多样性的变化。测序 OTUs 数量分析显示,黄山松林土壤的 OTUs 显著少于其他林地,特有 OTUs 也为最少;研究区域内,不同林地土壤细菌和真菌群落的 Shannon 指数和 Simpson 指数差异不显著,Ace 指数和 Chao 1 指数则差异明显,其中黄山松林土壤微生物的 Ace 和 Chao 1 指数显著小于其他林地。土壤微生物群落水平上群落组成分析显示,土壤细菌优势菌门主要包括变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和绿弯菌门,土壤真菌优势菌门主要包括子囊菌门、担子菌门和被孢菌门,不同林地之间土壤微生物群落丰度有明显差异。聚类分析显示各林地土壤微生物群落结构有较强的一致性和特异性。冗余分析结果显示,碱解氮、有效磷、速效钾、有机质等是影响区域林地土壤微生物群落结构多样性的主要因子。

关键词:林地;土壤微生物;群落结构;多样性;高通量测序

中图分类号:S154.36 文献标志码:A doi:10.3969/j.issn.1001-7380.2022.02.004

Soil microbial community structure and diversity of typical forest types in Siming Mountain area of Zhejiang Province

Li Dongbin¹, Xu Zhibin¹, He Liping¹, Wu Jiasen², Li Jinzhao^{3*}

(1. Ningbo Forest Farm, Ningbo 315440, China; 2. School of Environmental and Resource Sciences, Zhejiang A&F University, Hangzhou, 311300, China; 3. Ningbo City College of Vocational Technology, Ningbo 315400, China)

Abstract: To learn the structure characteristics and diversity of soil microbial community and its relationship with forest soil fertility factors in Siming Mountain area of Zhejiang Province, high-throughput sequencing technology was used to soil microbes with such 4 typical plantations as *Phyllostachys edulis* forest, *Pinus taiwanensis* forest, *Liriodendron chinensis* forest, and *Prunus serrulata* & *Acer palmatum* mixed forest. The OTUs quantity analysis showed that the OTUs with *P. taiwanensis* forest was significantly less than that of other plantations, as well as the least in the unique OTUs. The Shannon index and Simpson index of soil bacteria and fungi communities in different plantation showed no significantly different in the area, while the Ace index and Chao 1 index showed significantly different, especially significantly lower with *P. taiwanensis* forest. At the phylum level, soil microbial community composition analysis showed that the dominant phyla of soil bacteria mainly included Proteobacteria, Acidobacteria, Actinobacteria and Chloroflexi while the dominant fungi phyla mainly included Ascomycota, Basidiomycota and Mortierellomycota. There were significant differences in the abundance of soil microbial communities among plantations. Cluster analysis showed that soil microbial community structure of the forest types had the strong consistency and specificity. Redundancy analysis results showed that alkaline nitrogen, available phosphorus,

收稿日期:2022-01-28;修回日期:2022-02-18

基金项目:宁波市科学技术局公益类科技计划项目“四明山区域不同经营类型生态监测与对策研究”(2019C10027)

作者简介:李东宾(1987-),男,山东济南人,工程师,硕士。从事森林资源与生态研究。E-mail:472119680@qq.com

*通信作者:李金朝(1978-),女,江苏滨海人,讲师,硕士。从事生态学研究。E-mail:4438596@qq.com

available potassium, organic matter, acting as main environmental factors, affect soil microbial community structure diversity of forest types in Siming Mountain area.

Key words: Forest land; Soil microbe; Community structure; Diversity; High-throughput sequencing

土壤微生物是生态系统的重要组成部分,在生物圈的维持中起中枢作用,是土壤物质转换、能量流动和生物地化循环的主要推动者,其多样性研究在评价生态系统、维护生态平衡中发挥着重要作用^[1-2]。土壤是自然环境中最为复杂的异质体系,这决定了土壤微域环境的多样化和土壤微生物的高度多样性^[3]。大量研究证明不同的植被类型、气候类型、经营管理措施、土地利用方式、海拔梯度都会显著影响土壤微生物群落结构^[4-8]。对土壤微生物的传统研究方法受技术限制难以深入,而近几年发展的高通量测序技术通过特定基因片段进行测序,能快速高效、准确全面地分析微生物数据,目前已被广泛应用于土壤微生物多样性研究^[9]。

四明山区域是宁波市重要的水源涵养地和绿色生态屏障,具有重要的生态地位^[10]。四明山镇是国内有名的樱花红枫之乡,目前花木栽植面积约2 000 hm²,占到全镇林地总面积的23%。化肥农药过量施用及花木大量带土销售,致使山林水源涵养、水土保持、生态安全等功能逐渐下降,这已引起社会与当地政府部门的高度重视。目前关于四明山区域的研究主要集中在森林旅游、地质地貌、植物资源、生态安全、产业转型以及生态修复的相关研究与新闻报道^[11-19],而有关林地土壤微生物的研究鲜有报道。本研究运用高通量测序技术,分析了区域内毛竹 [*Phyllostachys edulis* (Carriere) J. Houzeau] 林、黄山松 (*Pinus taiwanensis* Hayata) 林、鹅掌楸 [*Liriodendron chinensis* (Hemsl.) Sarg.] 林、樱花 (*Prunus serrulata*) 及红枫 [*Acer palmatum* ‘Atropurpureum’ (Van Houtte) Schwerim] 混交林4种典型林地土壤微生物群落组成及多样性的差异,旨在揭示不同林地类型土壤微生物群落结构和多样性的变化,为林地的保护利用及生态修复提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区域位于浙江省余姚市四明山镇境内,地处四明山脉之巔,与海曙、奉化、嵊州、上虞4县(市)区相邻,东经120°55′—122°16′,北纬28°51′—

30°33′,平均海拔在700 m左右。气候属于典型的中亚热带季风气候,光照充足,雨量充沛。研究区域内大部分母岩为砂砾岩,土壤以黄壤为主^[10]。

1.2 土壤样品采集

本研究通过相邻样地比较法,2020年4月在踏查的基础上,选择区域内海拔(750 m)、坡度(10°)、林龄(30 a)基本一致,具有典型代表的毛竹林(ZL)、黄山松林(ZY)、鹅掌楸林(KY)和樱花红枫混交林(HM)作为试验林地(见表1),参照《土壤环境质量监测技术规范》,每种林地区块内分别设置3块20 m×20 m样地,样地内采取“S”布点,采集耕作层(0—30 cm)混合土壤样品。样品采集后拣出杂草、碎石和植物根系,混匀,按照“四分法”取1 kg放入无菌塑料袋内,于冰盒内带回实验室,并于-20℃下保存。在24 h之内,过2 mm的网筛,一部分风干用于土壤理化性质的测定,一部分放入-80℃冰箱保存,用于土壤微生物高通量测序。

表1 不同森林样地基本情况

森林类型	林龄/a	平均胸径/cm	平均树高/m	冠幅/cm ²	密度/(株/hm ²)	郁闭度/%
ZL	30	9.5±0.5	12.0±1.0	4.0±0.6	4 833±586	95.0
ZY	30	23.2±4.6	10.5±2.0	12.0±2.5	833±153	90.0
KY	30	23.6±2.9	15.0±2.5	12.0±2.0	800±100	90.0
HM	30	6.5±3.1	5.0±2.0	4.0±0.8	2 900±458	80.0

1.3 分析方法

1.3.1 土壤化学性质 采用电位法测定pH值,重铬酸钾容量法测定土壤有机质(SOM),EDTA-铵盐滴定法测定阳离子交换量(CEC),凯氏法测定全氮(TN),扩散法测定碱解氮(AN),碳酸氢钠熔融-钼锑抗比色法测定全磷(TP),盐酸-氟化铵浸提钼锑抗比色法测定有效磷(AP),氢氧化钠熔融-原子吸收分光光度法测定全钾(TK),乙酸铵-火焰光度计法测定速效钾(AK)^[20]。

1.3.2 高通量测序 土壤样品送至美吉生物医药科技(上海)有限公司进行DNA提取和高通量测序。使用软件FLASH对测序得到双端序列数据进行拼接,同时用软件Trimmomatic对拼接的质量和效果进行质控过滤得到优化数列;利用Uparse软件平台按照97%相似水平下的可操作分类单元

(OTU)进行生物信息统计分析;基于 OTU 进行稀释性曲线分析,软件 Qiime 计算土壤微生物的 Alpha 多样性指数(Shannon 和 Simpson)、丰富度指数(Ace 和 Chao1)和覆盖度指数(Coverage)。对比细菌 Silva 16S rRNA 数据库和真菌 Unite ITS 分类学数据库,采用 RDP Classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析,并在门分类水平上统计每个样品的群落组成。利用软件 Qiime 计算 beta 多样性距离矩阵进行层级聚类分析,使用非加权组平均法算法构建树状结构,然后用 R 语言作图画树。采用软件 Canoco 进行基于距离的冗余分析(db-RDA),探讨土壤化学指标与细菌、真菌群落关联分析。

1.4 数据分析

运用 Excel 进行数据统计与整理,用 SPSS 软件

进行单因素方差分析,用 R 软件进行绘图。

2 结果与分析

2.1 土壤化学性质分析

不同林地的土壤环境因子如表 2 所示,土壤 pH,CEC,TN,TP,TK 含量在不同林地间无显著性差异。pH 值介于 4.90—5.41,为典型的酸性土壤;CEC 为 11.71—16.53 cmol/kg,HM 的 CEC 最小;TP,TK 含量表现为 HM 略大于其他林地($P>0.05$)。SOM,AN,AP,AK 含量在不同林地间的差异明显。ZY,ZL,KY 的 SOM 含量显著高于 HM($P<0.05$);HM 的 AN,AP 显著高于其他林地($P<0.05$);AK 含量为 109.85—191.54 mg/kg,其中 KY 显著高于其他林地($P<0.05$)。

表 2 不同林地土壤化学性质

林地	pH	CEC/(cmol/kg)	SOM/(g/kg)	TN/(g/kg)	TP/(g/kg)	TK/(g/kg)	AN/(mg/kg)	AP/(mg/kg)	AK/(mg/kg)
ZL	5.41±0.97 a	15.16±3.24 a	84.39±15.88 b	2.14±0.14 a	0.78±0.32 a	31.86±3.51 a	102.35±18.01 b	2.63±0.92 b	109.85±16.73 c
ZY	4.65±0.90 a	16.53±3.38 a	125.21±20.52 a	2.78±0.93 a	0.96±0.53 a	32.16±1.74 a	121.90±11.08 b	3.97±1.13 b	151.21±14.88 b
KY	5.18±0.95 a	14.64±3.19 a	80.89±15.52 b	2.26±0.29 a	0.89±0.53 a	34.57±2.63 a	118.42±7.55 b	2.86±1.09 b	191.54±18.91 a
HM	4.90±0.92 a	11.71±2.92 a	36.32±11.30 c	2.40±0.48 a	1.34±0.54 a	38.64±1.87 a	179.76±19.33 a	131.08±19.76 a	143.67±17.62 bc

注:结果数据为平均值±标准误;同列数据后不同小写字母表示差异达 0.05 显著水平。

2.2 土壤微生物 OTUs 分析

4 种林地中,土壤细菌有效序列总数为 491 159 条,按 97%相似性将有效序列划分 4 436 个 OTUs,共包含 32 门 82 纲 207 目 343 科 611 属 1 233 种。由图 1 可知,共有 1 286 个细菌 OTUs,占总序列数的 30.0%。ZY 的细菌 OTUs 数为 2 468,显著低于其他林地的 2 877—2 953,ZY 特有细菌 OTUs 数量也是最少,为 236。HM 具有较少的 OTUs 数量,但特有的细菌 OTUs 数显著大于其他林地。

土壤真菌有效序列总数为 679 428 条,按照 97%相似性,将有效序列划分为 3 255 个 OTUs,共包含 17 门 52 纲 119 目 265 科 491 属 670 种。由图 1 可知,共有真菌 OTUs 223 个,只占总序列数的 6.85%。ZY 的真菌 OTUs 个数 1 052,显著少于其他林地,其特有真菌 OTUs 也是最少(347),KY 的特有真菌 OTUs 最多,为 581。不同林地土壤真菌 OTUs

及特有 OTUs 顺序一致,均为 KY>ZL>HM>ZY。

2.3 土壤微生物 Alpha 多样性分析

由表 3 可知,土壤细菌和真菌样本文库的 Coverage 指数范围为 98.5%—99.7%,说明本次测序结果覆盖度高,能够代表林地土壤微生物的真实情况。本研究中,不同林地土壤细菌群落的 Shannon 指数差异不显著,ZY 细菌群落 Simpson 指数显著小于 KY,ZL。不同林地土壤真菌群落的 Shannon 指数和 Simpson 指数均无显著差异。Shannon 和 Simpson 指数分析表明各林地土壤微生物多样性基本一致,ZY 的细菌数量分布均匀度好于其他类型。ZY 的细菌群落丰度显著少于 ZL,KY,其真菌群落丰度显著少于 KY,ZL 和 HM,表明 ZY 土壤微生物丰度显著小于其他 3 种林地。综合 Alpha 指数的对比发现,在整体水平上细菌多样性要高于真菌,这和土壤 OTUs 的数量对比结果一致。

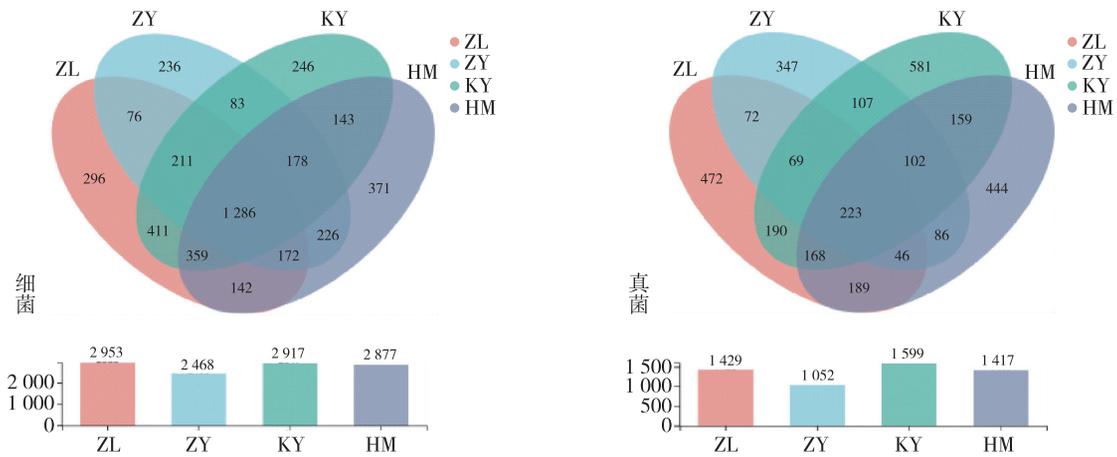


图 1 不同林地土壤细菌和真菌 OTUs 图

表 3 土壤细菌和真菌 Alpha 多样性指数

菌类	林地	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao1 指数	Coverage 指数
细菌	ZL	5.91±0.07 a	0.013 5±0.001 8 a	2 733.30±162.02 a	2 704.55±137.83 a	0.985 8±0.002 2 a
	ZY	5.81±0.07 a	0.008 8±0.001 1 b	2 211.80±51.54 b	2 211.52±101.68 b	0.98 74±0.002 2 a
	KY	5.70±0.21 a	0.018 9±0.005 4 a	2 684.88±144.99 a	2 676.59±173.55 a	0.984 6±0.001 1 a
	HM	5.88±0.18 a	0.010 2±0.003 1 ab	2 638.80±274.91 ab	2 642.30±319.56 ab	0.986 0±0.001 2 a
真菌	ZL	4.56±0.62 a	0.052 3±0.051 2 a	1 082.50±137.03 a	1 082.80±125.85 a	0.995 9±0.001 4 a
	ZY	3.74±0.58 a	0.072 9±0.043 4 a	811.84±50.15 b	826.70±48.18 b	0.996 6±0.000 4 a
	KY	4.48±0.14 a	0.051 8±0.014 1 a	1 112.30±67.28 a	1 118.99±80.64 a	0.997 3±0.000 5 a
	HM	4.20±0.28 a	0.048 1±0.012 5 a	1 013.10±79.36 a	1 016.19±51.98 a	0.997 1±0.000 6 a

注:数据为平均值±标准误;数据后不同小写字母表示同类型微生物不同林地类型间差异显著($P<0.05$)。

2.4 土壤微生物群落结构分析

如图 2 所示,4 种林地土壤中细菌的前 10 类优势菌门依次为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、浮霉菌门(Planctomycetes)、WPS-2、拟杆菌门(Bacteroidetes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、膜骨细菌门(Patescibacteria)。前 4 类优势菌门细菌的总相对丰度在 0.84—0.89 之间,其中变形菌门相对丰度均为最高,HM 林地的变形菌门相对丰度为 0.27,明显低于其他林地(0.38—0.40)。ZY 林地土壤中酸杆菌门的相对丰度最大(0.26),HM 林地最小(0.20)。ZY 林地土壤中放线菌门的相对丰度最大(0.19),ZL 林地最小(0.12)。HM 林地土壤中前 3 类细菌优势菌门的相对丰度明显低于其他林地,绿弯菌门相对丰度则明显高于其他林地。

各林地土壤中真菌的前 6 类优势菌门,依次为子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢菌门(Mortierellomycota)、unclassified-k-fungi、罗兹菌门(Rozellomycota)、毛霉菌门(Mucoromycota)。子囊菌门、担子菌门和被孢菌门是 4 种林地土壤的主要优势真菌菌门。子囊菌门相对丰度除 ZY 外,在其他林地中均为最大。在 ZL 和 KY 林地土壤中相对丰度分别为 0.58 和 0.55,明显大于 HM 和 ZY 的 0.40 与 0.35。担子菌门在 ZY 林地土壤中达到最高,为 0.44,在其余 3 个类型中所占比值为 0.22—0.30。被孢菌门在 ZL 林地土壤的相对丰度显著低于其他 3 种林地。前 3 类优势真菌菌门在 HM 林地土壤中相对丰度为 0.71 显著小于 ZL, ZY, KY 林地土壤的 0.93, 0.88, 0.91。HM 林地土壤中 unclassified k-fungi、罗兹菌门、毛霉菌门以及 unclassified-d-Eukaryota 的相对丰度,均显著大于其他 3 种林地。

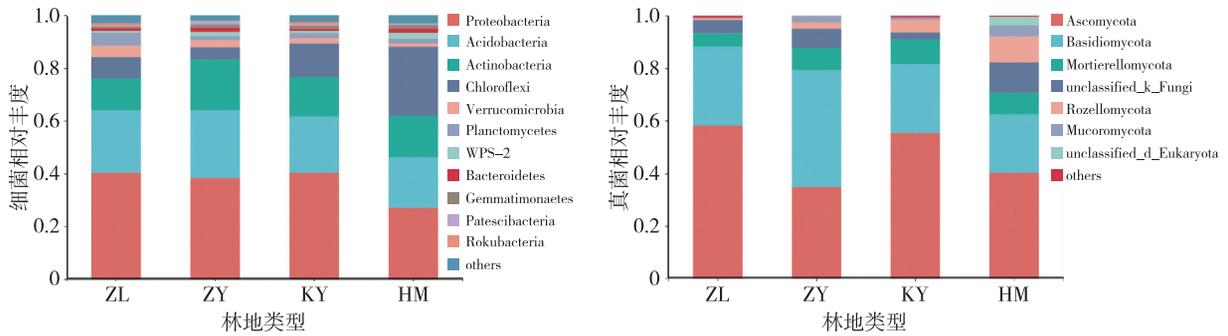


图 2 门分类水平上不同林地土壤细菌和真菌群落组成

2.5 Beta 多样性分析

为研究不同样本群落结构的相似性或差异关系,可对样本群落距离矩阵进行聚类分析,构建样本层级聚类树。由图 3 可知,在土壤微生物样本层级聚类分析中,各林地样品都归为一类,显示出各林地土壤微生物群落结构都有较强的特异性和独

立性。在细菌群落结构聚类树中,ZL 和 KY 距离较近归为一类,ZY 和 HM 归为一类。而在真菌群落聚类树中,HM 和 KY 距离最近化为一类,ZL 和其他 2 种林地距离最远,单独划为一类。综合 2 个聚类树相似距离可知,4 种林地土壤细菌群落相似度显著高于真菌群落的相似度。

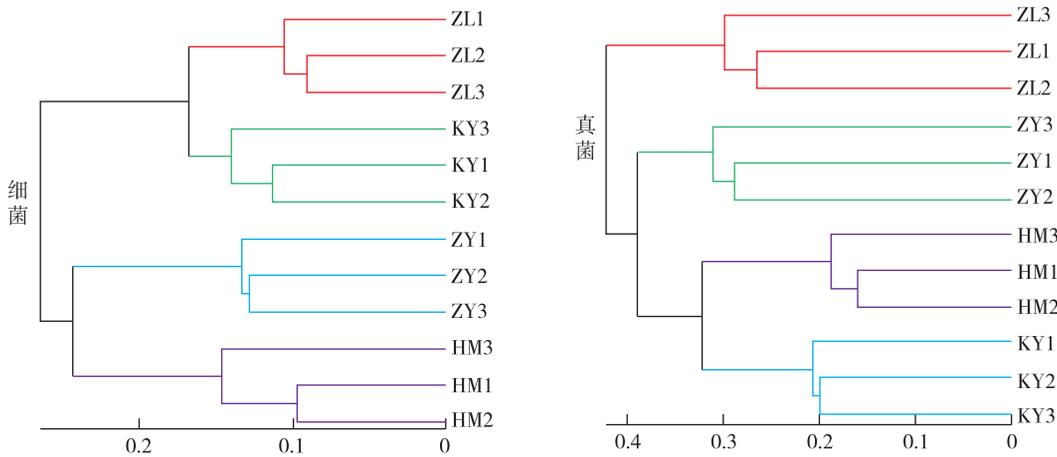


图 3 土壤微生物细菌和真菌群落结构相似性聚类分析图

2.6 环境因子对土壤微生物的影响

环境因子与土壤微生物冗余分析结果显示(见图 4),细菌 db-RDA 分析前 2 个排序轴累积贡献率为 49.14%,真菌 db-RDA 分析前 2 个排序轴累积贡献率为 39.17%。图 4 中处理间距离越接近,表示微生物群落组成结构越相似,各林地土壤样本分布较为集中,说明林地内土壤微生物群落一致性较好。土壤细菌 db-RDA 分析中 ZL 和 KY、HM 和 ZY 距离较近,明显划为 2 类;土壤真菌 db-RDA 分析中 HM 和 KY 距离较近,而 ZL 和 3 种林

地表现为明显偏离;这个结果和土壤微生物聚类分析结果一致。土壤细菌与 AN,AP,AK 等高度相关,土壤真菌则与 AN,AP,AK,SOM 等高度相关,说明 AN,AP,AK,SOM 等环境因子对土壤微生物群落结构和多样性有重要作用。其中 AN,AP,TK,TP 有很强正相关性,SOM 和 CEC 的正相关性也较强,TN 和 pH 则表现出强负相关性。ZL 土壤微生物受 AN,AP,TK,TP 影响较大,ZY 土壤微生物受 pH 影响较大,HM 土壤微生物受 SOM,CEC,AK 的影响较大。

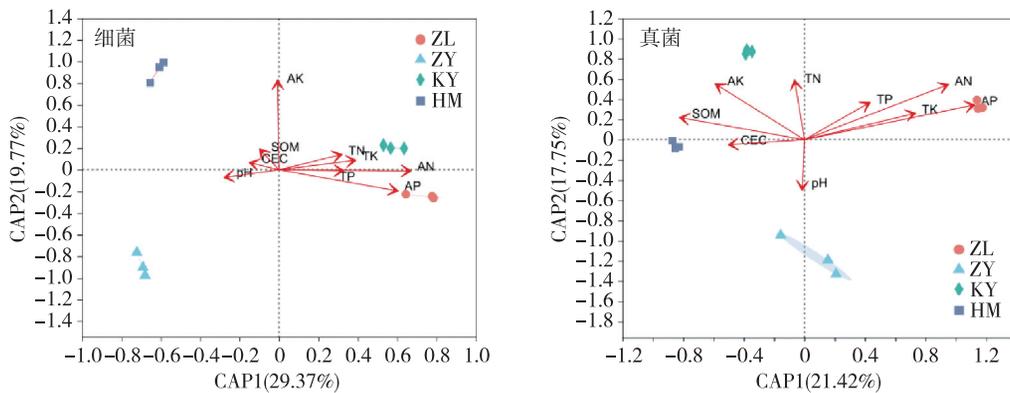


图 4 土壤微生物与环境因子的 db-RDA 分析图

3 讨论

3.1 森林类型对土壤微生物群落多样性的影响

大量研究表明,一定空间尺度上具有相似的环境条件下,随着植被类型的不同,土壤微生物活性和群落结构表现出一定的差异^[21-22]。样本的 OTUs 数量和微生物多样性指数能表明群落丰度和多样性。Shannon 和 Simpson 指数分析表明研究的 4 种林地类型土壤微生物的多样性差别不大,但黄山松林具有较低微生物 OTUs 和特有 OTUs 数量以及 Ace 和 Chao1 指数最低,说明黄山松林土壤微生物的丰度是 4 种林地最小的。樱花红枫林土壤微生物群落多样性并没有因为长期的施肥管理而与其他 3 种林地存在显著差异,这与杨亚东等、张静等^[5,23]的研究结论一致,表明长期施肥并不会显著改变土壤微生物的多样性。林地的不同会导致凋落物和根系分泌物产生差异,从而影响土壤微生物群落结构和多样性。由于松林枝叶残体富含油脂等难分解有机物及抑菌成分等,抑制了黄山松林土壤中微生物的丰度,而对微生物的多样性影响不大。这和杨喜田等^[21]对太行山区不同植被群落土壤微生物学特征变化研究得出的阔叶林土壤微生物数量大于针叶林的结论基本吻合,和程智超等^[24]研究结果有所差别,其研究发现在温带森林生态系统中针叶林土壤微生物的多样性指数显著低于针阔混交林和阔叶林。

3.2 森林类型对土壤微生物群落结构特征的影响

研究发现,4 种林地土壤细菌群落主要为变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和绿弯菌门等类群,这与杨亚东等、邓楚璇等研究结果基本一致^[5,25]。土壤中酸杆菌门、变形菌门、放线菌门细菌群落的生态

幅较宽,其分布受环境影响较小有关,是许多类型土壤中的细菌优势群落^[26-27]。根据土壤细菌对碳矿化潜力和生长速率的不同分为富营养型和贫营养型 2 种。富营养型细菌生活在营养丰富的环境中,主要碳源是易分解碳,贫营养型细菌主要分解营养贫瘠土壤深层难降解的碳^[28]。所涉林地由于长期栽种樱花、红枫等园林苗木,土壤腐殖质含量下降,导致耐贫瘠的微生物菌群增多,富营养型菌群多样性减少,从而表现出变形菌门丰度明显降低、绿弯菌门丰度显著增大。这与邓楚璇等^[25]对彭州市境内 5 种常见土地利用方式下的土壤细菌和真菌进行了群落结构分析,其中农业用地由于长期栽种同种作物,表现为变形菌丰度偏低、绿弯菌较高的结果基本一致。王峰等^[29]对茶园土壤细菌群落研究也得出类似结论,其研究表明常规施肥处理土壤中绿弯菌门相对丰度显著增加。

真菌群落的子囊菌门、担子菌门和被孢菌门是研究区域内 4 种林地类型土壤的真菌优势群落,这与多数研究结果基本一致^[30-31]。本研究子囊菌门、担子菌门是占比最大的真菌群落,是最主要的真菌分解者。因为黄山松林土壤有机质含量和总孔隙度较高,通气性良好,且土壤 pH 较低,有利于提高担子菌门的丰度,所以黄山松林土壤中担子菌门丰度最高,显著大于其他林地,这与范雅倩等^[32]研究结果相似。子囊菌门是土壤中的关键分解群落,能够降解木质素等难降解物质,除黄山松林地外,在其他林地土壤中相对丰度均为最高。

研究表明不同林地的土壤微生物优势群落基本一致,但相对丰度却差异显著,周佳等^[33]在水稻根际土壤细菌群落结构多样性的研究中也得出一致结论。在微生物相似度聚类分析也可以看出,同

一类型林地的微生物群落结构一致性较好,不同林地微生物群落结构差异明显。不同林地土壤细菌群落结构相似度显著大于真菌群落的相似度,说明林地的不同对土壤真菌群落的影响更大,这与吕江等^[34]对高速公路边坡植被修复对土壤微生物群落的影响结果一致。

3.3 土壤微生物与土壤环境因子的关系

土壤环境因子的变化显著影响土壤微生物群落的组成和活性,因此不同林地土壤环境因子的差异能够导致土壤微生物群落发生显著的变化^[35]。因为在区域尺度上具有相同的气候和水文条件,4种林地土壤的pH、全氮、全磷、全钾含量及阳离子交换量基本一致。樱花红枫混交林长时间的人为活动与化学肥料的施入,导致土壤有机质含量显著低于其他3种林地,而碱解氮和有效磷含量显著大于其他类型($P<0.05$),本研究结果与刘成刚等的研究结果^[36]基本一致。推断这是导致其土壤前3优势菌门丰度显著下降,绿弯菌门相对丰度明显升高,以及其他相关菌门丰度产生显著差异的主要原因。冗余分析表明土壤微生物群落主要受碱解氮、有效磷、速效钾等速效养分和有机质等的影响,这和丁建莉等^[37]关于东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应研究结果基本一致。

土壤pH值是影响土壤微生物的多样性和群落组成的关键因子^[6]。本研究中不同林地土壤的pH值无显著差异($P>0.05$),微生物群落差异受pH影响不大。程智超等^[24]、程亮等^[38]对土壤微生物的研究也得到相似结论。土壤微生物群落结构及其多样性构成受多种因子复合影响,不同林地土壤主要理化性质如何导致微生物群落的改变,以及相应的变化如何影响区域的生态系统,这些仍需深入探讨研究。

4 结论

四明山区4种典型林地的土壤微生物群落多样性基本一致,黄山松林的细菌和真菌群落丰度显著小于其他林地。林地土壤细菌优势群落主要为变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和绿弯菌门,真菌优势群落主要包括子囊菌门、担子菌门和被孢菌门菌群。不同林地的土壤微生物群落相对丰度差异显著,尤其是樱花红枫混交林因为过多的人为干预,导致主要优势微生物群落的相对丰度明显降低。聚类分析显示出各林地的土壤微生物群落结构有

较强的一致性和特异性。冗余分析结果说明碱解氮、有效磷、速效钾、有机质等是影响该区域林地土壤微生物群落结构多样性主要环境因子。

参考文献:

- [1] 毕江涛,贺达汉.植物对土壤微生物多样性的影响研究进展[J].中国农学通报,2009,25(9):244-250.
- [2] 林先贵,胡君利.土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能[J].土壤学报,2008,45(5):892-900.
- [3] 沈菊培,张丽梅,郑袁明,等.土壤宏基因组学技术及其应用[J].应用生态学报,2007,18(1):212-218.
- [4] 宋战超,王晖,刘世荣,等.南亚热带混交人工林树种丰富度与土壤微生物多样性和群落组成的关系[J].生态学报,2020,40(22):8265-8273.
- [5] 杨亚东,王志敏,曾昭海.长期施肥和灌溉对土壤细菌数量、多样性和群落结构的影响[J].中国农业科学,2018,51(2):290-301.
- [6] 张旭博,徐梦,史飞.藏东南林芝地区典型农业土地利用方式对土壤微生物群落特征的影响[J].农业环境科学学报,2020,39(2):331-342.
- [7] 纪立东,郭鑫年,孙权,等.宁夏引黄灌区不同土地利用方式土壤微生物群落多样性研究[J].生态环境学报,2020,29(3):516-524.
- [8] 孟苗婧,郭晓平,张金池,等.海拔变化对凤阳山针阔混交林地土壤微生物群落的影响[J].生态学报,2018,38(19):7057-7065.
- [9] 楼骏,柳勇,李延.高通量测序技术在土壤微生物多样性研究中的研究进展[J].中国农学报,2014,30(15):256-260.
- [10] 李东宾,何立平,李修鹏,等.四明山区域野生杜鹃资源现状与保护对策[J].中国野生植物资源,2021,40(1):77-81.
- [11] 苗国丽,王卫兵,陈开超,等.四明山国家森林公园景观质量评价[J].浙江林业科技,2012,32(2):76-80.
- [12] 廖佰翠,陈燕飞,戴仕运.浙江省四明山国家森林公园生态旅游评价[J].宁波大学学报(人文科学版),2015,28(5):105-111.
- [13] 周彬,雷凤瑶,虞虎,等.四明山国家森林公园游客游憩动机[J].林业科学,2019,55(5):163-168.
- [14] 许锐,戴雪荣,师育新,等.基于ASTER-GDEM数据的浙东四明山地貌特征研究[J].华东师范大学学报(自然科学版),2018(1):154-162.
- [15] 鲍迪尔,莫金文,侯勃,等.宁波四明山土地利用变化特征[J].浙江农业科学,2017,58(9):1626-1628,1632.
- [16] 王翰华,罗淑青,倪梦茜,等.四明山国家森林公园药用植物资源调查与分析[J].浙江林业科技,2018,38(1):91-95.
- [17] 成迪芳,程路,黄鹤楼,等.宁波四明山樱花花期预报模型及检验[J].江苏林业科技,2021,48(1):11-15.
- [18] 尹昌霞,马仁锋,费佳宁.基于生态安全的宁波四明山区景观格局调控[J].上海国土资源,2019,40(1):17-22.
- [19] 沈颖,王利平,郑云晓,等.四明山区花木转型升级发展模式探析[J].现代园艺,2018(7):23.

(下转第51页)

- tainable Conference 2015, Bali, Indonesia; 2016.
- [54] 陈学森, 邓秀新, 章文才. 培养基及培养条件对银杏愈伤组织黄酮产量的影响[J]. 园艺学报, 1997, 24(4): 373-377.
- [55] 陈颖, 曹福亮. 不同银杏外植体器官的分化[J]. 东北林业大学学报, 2006, 34(6): 4-6.
- [56] 邵菊芳, 朱红威, 于文峰, 等. 抗氧化剂和吸附剂促进银杏愈伤组织生长及防止褐化作用研究[J]. 福建林业科技, 2009, 36(3): 117-120.
- [57] 杨林, 周吉源. 银杏细胞悬浮培养及黄酮的产生[J]. 中央民族大学学报(自然科学版), 2002, 11(1): 55-58.
- [58] 李春斌, 王关林, 岳玉莲, 等. 培养条件对银杏悬浮培养细胞黄酮合成影响研究[J]. 大连理工大学学报, 2003, 43(3): 287-291.
- [59] 王关林, 李春斌, 方宏筠. 提高银杏悬浮培养细胞内酯合成的研究[J]. 园艺学报, 2002, 29(4): 321-325.
- [60] 莫小路, 黄学林. 银杏悬浮培养细胞的生长、分化与萜内酯化合物的积累[J]. 生物工程学报, 2004, 20(3): 445-449.
- [61] 都兴范, 王关林. 芦荟汁对银杏悬浮培养细胞的生长及次生代谢产物合成的影响[J]. 生物技术, 2000, 10(3): 17-19.
- [62] 崔明月, 曲亚男, 蒋丽娜, 等. 抑制剂对多酚氧化酶抑制作用[J]. 食品工业, 2019, 40(6): 225-229.
- [63] 王馨雨, 杨绿竹, 王婷, 等. 植物多酚氧化酶的生理功能、分离纯化及酶促褐变控制的研究进展[J]. 食品科学, 2020, 41(9): 222-237.
- [64] NISSEN S J, SUTTER E G. Stability of IAA and IBA in nutrient medium to several tissue culture procedures [J]. HortScience, 1990, 25(7): 800-802.
- [65] 刘根林, 梁珍海, 朱军. 活性炭在植物组织培养中的作用概述[J]. 江苏林业科技, 2001, 28(5): 46-48.
- [66] 王港, 杨秀平, 李周岐. 活性炭对组织培养中几种植物激素的吸附作用[J]. 林业科技开发, 2006, 20(6): 26-27.
- [67] 孙占育, 孙志强, 曹斌. 活性炭在促进组培苗植物生根中的作用[J]. 湖南农业科学, 2010(7): 3-5.
- [68] 莫小路, 黄学林, 孟辰. 银杏悬浮细胞叶绿体的分化与黄酮类产物积累[J]. 中山大学学报(自然科学版), 2003, 42(6): 94-97.
- [69] 林茜, 韩晓华, 高营营, 等. 红豆杉组织培养中的褐化现象及防控策略[J]. 南方园艺, 2015, 26(2): 45-47.
- [70] LIVADARIU O, RAICIU A, BARBU L. Preliminary research on getting callus in *Ginkgo biloba* L. [J]. Romanian Biotechnological Letters, 2019, 24(1): 20-29.
- [71] 段勇. 抑制山药中多酚氧化酶活性的研究[J]. 食品工程, 2018(4): 34-36.
- [72] 刘佳佳, 郭勇, 郑穗平, 等. 高产黄酮苷银杏悬浮培养细胞系选育和继代培养稳定性研究[J]. 生物工程学报, 2001, 17(1): 94-97.
- [73] 张梅, 杨燕, 盛鹏, 等. 植物组织培养中褐化现象控制方法分析[J]. 种子科技, 2022, 40(3): 91-93.
- (上接第23页)
- [20] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [21] 杨喜田, 宁国华, 董慧英, 等. 太行山区不同植被群落土壤微生物学特征变化[J]. 应用生态学报, 2006, 17(9): 1761-1764.
- [22] 郑华, 欧阳志云, 王效科, 等. 不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响[J]. 应用生态学报, 2004, 15(11): 2019-2024.
- [23] 张静, 李会琳, 王岚, 等. 土地利用方式改变以及长期施肥处理对酸性土壤微生物群落结构的影响[J]. 四川环境, 2017, 36(6): 36-44.
- [24] 程智超, 杨立宾, 隋心, 等. 黑龙江中央站黑嘴松鸡国家级自然保护区不同森林类型土壤微生物功能多样性分析[J]. 环境科学研究, 2021, 34(5): 177-1186.
- [25] 邓楚璇, 周英, 李上官, 等. 基于高通量测序的土壤微生物群落结构对土地利用方式的响应[J]. 四川林业科技, 2021, 42(1): 16-24.
- [26] 丁新景, 黄雅丽, 敬如岩, 等. 基于高通量测序的黄河三角洲4种人工林土壤细菌结构及多样性研究[J]. 生态学报, 2018, 38(16): 5857-5864.
- [27] 薛晓敏, 王来平, 韩雪平, 等. 不同树盘覆盖对矮砧苹果园土壤微生物群落结构和多样性的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(4): 1528-1536.
- [28] 乔沙沙, 周永娜, 刘晋仙, 等. 关帝山针叶林土壤细菌群落结构特征[J]. 林业科学, 2017, 53(2): 89-99.
- [29] 王峰, 陈玉真, 吴志丹, 等. 化肥减施对茶园土壤细菌群落结构及多样性的影响[J]. 茶叶学报, 2020, 61(4): 160-167.
- [30] 刘爽, 王雅, 刘兵兵, 等. 晋西北不同土地管理方式对土壤碳氮、酶活性及微生物的影响[J]. 生态学报, 2019, 39(12): 4376-4389.
- [31] 刘君, 王宁, 崔岱宗, 等. 小兴安岭大亮子河国家森林公园不同生境下土壤细菌多样性和群落结构[J]. 生物多样性, 2019, 27(8): 911-918.
- [32] 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.
- [33] 周佳, 周灵芝, 劳承英, 等. 短期不同耕作方式对水稻根际土壤细菌群落结构多样性的影响[J]. 南方农业学报, 2020, 51(10): 2401-2411.
- [34] 吕江, 赵晖, 袁宗浩, 等. 高速公路边坡植被修复对土壤微生物群落的影响[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2021, 50(3): 420-426.
- [35] 焦克, 张旭博, 徐梦, 等. 藏东南典型暗针叶林不同土壤剖面深度微生物群落特征研究[J]. 生态学报, 2021, 41(12): 4864-4875.
- [37] 丁建莉, 姜昕, 关大伟, 等. 东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应[J]. 中国农业科学, 2016, 49(22): 4408-4418.
- [36] 刘成刚, 薛建辉. 喀斯特石漠化山地不同类型人工林土壤的基本性质和综合评价[J]. 植物生态学报, 2011, 35(10): 1050-1060.
- [37] 丁建莉, 姜昕, 关大伟, 等. 东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应[J]. 中国农业科学, 2016, 49(22): 4408-4418.
- [38] 程亮, 王信, 郭青云. 青藏高原不同生境土壤细菌群落结构特征及其与环境的关系[J]. 干旱地区农业研究, 2019, 37(1): 18-26.