

不同海拔红松林土壤微生物功能多样性*

韩冬雪 王宁 王楠楠 孙雪 冯富娟**

(东北林业大学, 哈尔滨 150040)

摘要 为全面了解红松林土壤微生物碳源利用特点,以长白山海拔700~1100 m红松林0~5和5~10 cm表土为研究对象,采用Biolog微平板法,分析了土壤微生物功能多样性沿海拔的垂直分布特征和变化规律。结果表明:不同海拔红松林土壤微生物功能多样性差异显著,平均每孔颜色变化率(AWCD)随培养时间延长而增加,同一深度土层的AWCD值随海拔升高而降低;Shannon、Simpson和McIntosh多样性指数也随海拔升高呈现下降趋势,且不同海拔间3个多样性指数差异显著;物种多样性和功能多样性表现出相同的变化规律。土壤微生物对6大类碳源利用强度存在差异,各海拔土壤微生物对氨基酸类碳源利用率最高,为优势碳源;主成分分析表明,不同海拔土壤微生物在碳源利用上有明显的空间分异,土壤微生物功能多样性垂直地带性差异主要体现在对碳水类、氨基酸类和羧酸类碳源的利用上,其中碳水类尤为突出。对不同海拔土壤微生物群落功能多样性聚类分析表明,样地植被组成会对土壤微生物组成和功能活性产生重要影响。

关键词 红松林 海拔 土壤微生物 功能多样性 Biolog

文章编号 1001-9332(2015)12-3649-08 **中图分类号** Q938 **文献标识码** A

Soil microbial functional diversity of different altitude *Pinus koraiensis* forests. HAN Dong-xue, WANG Ning, WANG Nan-nan, SUN Xue, FENG Fu-juan (*Northeast Forestry University, Harbin 150040*). -*Chin. J. Appl. Ecol.*, 2015, **26**(12): 3649-3656.

Abstract: In order to comprehensively understand the soil microbial carbon utilization characteristics of *Pinus koraiensis* forests, we took the topsoil (0-5 cm and 5-10 cm) along the 700-1100 m altitude in Changbai Mountains and analyzed the vertical distributed characteristics and variation of microbial functional diversity along the elevation gradient by Biolog microplate method. The results showed that there were significant differences in functional diversity of microbial communities at different elevations. AWCD increased with the extension of incubation time and AWCD at the same soil depth gradually decreased along with increasing altitude; Shannon, Simpson and McIntosh diversity index also showed the same trend with AWCD and three different diversity indices were significantly different along the elevation gradient; Species diversity and functional diversity showed the same variation. The utilization intensities of six categories carbon sources had differences while amino acids were constantly the most dominant carbon source. Principal component analysis (PCA) identified that soil microbial carbon utilization at different altitudes had obvious spatial differentiation, as reflected in the use of carbohydrates, amino acids and carboxylic acids. In addition, the cluster of the microbial diversity indexes and AWCD values of different altitudes showed that the composition of vegetation had a significant impact on soil microbial composition and functional activity.

Key words: *Pinus koraiensis* forest; altitude; soil microorganism; functional diversity; Biolog.

土壤微生物是构成土壤及整个生态系统的重要组成部分^[1],是土壤有机质和养分转化与循环的主要动力^[2-3],在生态系统中扮演着必不可少的角

色^[4],对陆地生态系统发挥着至关重要的功能^[5]。因此,研究土壤微生物对了解土壤肥力、土壤环境、土壤养分对植物的有效性以及土壤养分转化与循环具有重要意义^[6]。

土壤微生物群落多样性反映了群落总体的动态变化^[7],通过对土壤微生物多样性进行分析能够为

* 国家自然科学基金项目(41105104)、长白山科学研究院开放基金项目(201506)和中央高校基本科研业务费专项(2572015EA02)资助。

** 通讯作者。E-mail: ff9018@sina.com

2015-01-22 收稿,2015-09-11 接受。

解决森林生态环境失衡、保护和合理利用原始森林提供理论基础^[8]。其中土壤微生物群落功能多样性是表达土壤微生物群落状态与功能的重要指标之一,可以评价土壤中微生物的生态特征和土壤的肥力特征^[9-10]。微生物功能多样性信息对于明确不同环境中微生物群落的作用具有重要意义^[11]。此外,对于森林生态系统来说,土壤碳库的变化主要取决于土壤有机碳的稳定性^[12],土壤有机碳代表了地球表层陆地生态系统最大的碳库^[13],其微小变化将引起大气浓度的较大波动^[14]。土壤有机碳的重要组成部分是活性有机碳,活性有机碳是土壤微生物活动能源和土壤养分的驱动力^[13,15],微生物的碳代谢特征对于活性有机碳的循环及稳定性具有重要影响^[16]。

以红松(*Pinus koraiensis*)为建群种的红松混交林是我国东北地区最有代表性的地带性顶极植被,是我国温带针阔混交林带内最典型、最多样、最重要的森林生态系统^[17]。红松阔叶林也是全球北方森林的组成部分。该区域气候寒冷、土壤潮湿、有岛状永久性冻土存在,属于全球气候变化敏感区域,对各种气候因素如气温、能量、水分和风速等有重新分配作用^[18],因此能对局部地区的气温、降水、CO₂排放和土壤碳库贮备等产生重大影响。红松林特殊的生态学意义早就引起了众多学者的关注,2010年娄鑫等^[18]对其土壤微生物功能多样性展开了研究,但截至目前对其功能多样性沿海拔分布规律的研究尚属空白,无法较为全面地评价不同海拔红松林土壤微生物的代谢特征。

长白山是研究温带森林对全球气候变化正负反馈的理想地带,具有显著的区域特性。长白山是红松分布的中心区之一,具有最具代表性的呈垂直梯度分布的原始红松林^[19]。本研究在长白山海拔700~1100 m的红松林内分别设立样地,以0~5 cm和5~10 cm表土为研究对象,采用Biolog-ECO微平板检测法分析了土壤微生物群落功能多样性沿海拔的垂直分布特征和变化规律,探讨其差异的形成机制,以期全面了解和评价红松林土壤微生物的碳源利用特点。研究结果将为阐明不同海拔红松林土壤有机碳动态及其碳循环特征提供理论基础,为系统地认识温带地区高山生态系统土壤碳循环规律提供参考。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究区概况

试验样地设在吉林省长白山自然保护区北坡

(41°41'49"—42°25'18" N, 127°42'55"—128°16'48" E),为受季风影响的典型的温带大陆性山地气候,具有冬季寒冷漫长、夏季短暂温凉的特点,土壤类型为暗棕壤。从山脚到山顶,年降水量变幅在800~1800 mm,年相对湿度为65~74%,年均气温在-7.3~4.9℃。本研究采用梯度格局法,在海拔700~1200 m之间每100 m选择有红松林分布的林地作为样地。海拔699~937 m分布着阔叶红松林,其中,699 m主要树种有:红松、色木槭(*Acer mono*)、紫椴(*Tilia amurensis*)、水曲柳(*Fraxinus mandshurica*)、蒙古栎(*Quercus mongolica*)、大青杨(*Populus ussuriensis*),818 m主要树种有:红松、白桦(*Betula platyphylla*)、紫椴、水曲柳、臭冷杉(*Abies nephrolepis*)、黄波罗(*Phellodendron amurense*)、红皮云杉(*Picea koraiensis*),937 m主要树种有:红松、紫椴、蒙古栎、臭冷杉、鱼鳞云杉(*P. jezoensis*)、白牛槭(*Acer mandshuricum*)、色木槭(*A. mono*)、裂叶榆(*Ulmus laciniata*)、落叶松(*Larix gmelinii*)、枫桦(*B. costata*)、山杨(*P. davidiana*);海拔1044 m分布着阔叶红松林与云冷杉红松林,主要树种有:红松、鱼鳞云杉、红皮云杉、臭冷杉、色木槭、紫椴、水曲柳、香杨(*P. koreana*)、青杨(*P. cathayana*)、落叶松(*L. gmelinii*)、青楷槭(*A. tegmentosum*);海拔1177 m分布着云冷杉红松林,主要树种有:红松、臭冷杉、鱼鳞云杉、长白落叶松(*L. olgensis*)、红皮云杉、白桦。

1.2 样品采集

每一林地内按“S”型布设10个1 m×1 m样方,采用自然土壤剖面取样法,根据土壤剖面的颜色、结构、质地、松紧度、湿度、植物根系分布等,自下而上采集5~10、0~5 cm的土壤样品。去除样方上的凋落物层及土壤动物等,用无菌袋将土样封装保存,放入有冰袋的泡沫盒中带回实验室,过2 mm筛后,一部分用于土壤微生物群落功能多样性的测定,另一部分土样风干,用于pH等土壤理化性质的测定(表1)。

1.3 Biolog-ECO分析

1991年,Garland和Mills^[20]首次将Biolog微孔板应用于土壤微生物群落的研究。本研究采用Biolog-ECO微平板法对不同海拔红松林土壤微生物功能多样性进行分析。具体方法参照Classen等^[21]。

1.4 数据处理

AWCD反映微生物群落整体代谢活性^[22-24]:

$$AWCD = \sum (C_i - R) / 31$$

表 1 不同海拔样地的土壤理化性质

Table 1 Physicochemical parameters of soils at different altitudes

处理 Treatment	碱解氮 Available N (mg · kg ⁻¹)	速效磷 Available P (mg · kg ⁻¹)	速效钾 Available K (mg · kg ⁻¹)	总有机碳 TOC (g · kg ⁻¹)	含水率 Water content (%)	pH
I _a	407.75	68.17	488.04	71.33	50.79	5.41
I _b	372.75	50.20	554.88	59.44	43.96	5.23
II _a	418.25	53.89	403.32	65.39	38.03	5.62
II _b	278.25	41.20	422.52	101.05	27.97	5.35
III _a	530.25	54.95	1027.08	77.28	57.97	5.43
III _b	565.25	46.49	691.68	59.44	52.30	5.20
IV _a	407.75	60.24	678.72	83.22	51.61	5.32
IV _b	276.50	42.79	252.96	56.19	32.54	5.13
V _a	318.50	52.31	278.88	89.17	34.17	5.02
V _b	162.75	17.41	164.64	62.42	30.19	4.94

海拔 Altitude: I: 700 m; II: 800 m; III: 900 m; IV: 1000 m; V: 1100 m. a) 0~5 cm; b) 5~10 cm. TOC: Total organic carbon. 下同 The same below.

Shannon 指数^[25-26]:

$$H = - \sum P_i \ln P_i$$

Simpson 指数^[23,26]:

$$D = 1 - \sum P_i^2$$

McIntosh 指数^[23,27]:

$$U = \sqrt{\sum n_i^2}$$

式中: C_i 为第 i 个碳源孔 OD 值; R 为对照孔 OD 值, 若 $C_i - R \leq 0$, 计为 0; n_i 是第 i 孔的相对吸光度值; P_i 为 n_i 与整个平板相对吸光值总和的比率.

采用 SPSS 19.0 软件进行主成分分析 (PCA) 和单因素方差分析 (one-way ANOVA), 用 S-N-K 法进行差异显著性检验, 显著性水平设为 $\alpha = 0.05$ ^[22,27]; 采用 Sigmaplot 12.5 软件绘图.

2 结果与分析

2.1 土壤微生物对碳源利用的动力学特征

平均每孔颜色变化率 (AWCD) 反映了微生物群落对单一碳源的利用强度, 是微生物群落功能多样性的一个重要指标, 可作为微生物整体活性的有效指标反映土壤微生物的代谢活性^[28]. 从图 1 可以看出, 随着培养时间的增加 AWCD 值也逐渐增加. 24~168 h AWCD 值快速增加, 说明微生物不断适应 ECO 板各孔的环境, 处于指数生长期, 碳源被大量利用, 此时微生物代谢活性旺盛; 随着培养时间的延长, 168 h 以后缓慢步入稳定期.

土壤微生物群落的 AWCD 值随着海拔的增加逐渐降低. 700~900 m AWCD 值为上层土大于下层土, 1000~1100 m 为下层土大于上层土.

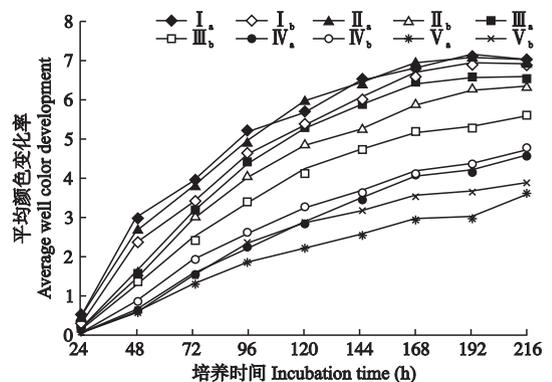


图 1 不同海拔土壤微生物平均颜色变化率

Fig.1 Average well color development of soil microorganisms at different altitudes.

海拔 Altitude: I: 700 m; II: 800 m; III: 900 m; IV: 1000 m; V: 1100 m. a) 0~5 cm; b) 5~10 cm. 下同 The same below.

2.2 土壤微生物群落多样性指数分析

对 168 h 的 AWCD 值进行了 Shannon、Simpson 和 McIntosh 多样性指数分析, 可以在数量特征上相对反映土壤微生物群落物种组成和个体数量分布的情况^[7]. 由表 2 可知, 随着海拔升高, 上、下土层的 3 个指数均表现出下降的趋势, 700~900 m 表现为上层土壤大于下层, 而 1000 和 1100 m 为下层土壤大于上层, 与 AWCD 值随海拔的变化规律一致. 不同海拔之间 Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数均差异显著, 而不同土层间 3 个多样性指数的差异均未达到显著水平. 对所有土样的 3 个指数和 AWCD 值进行聚类分析, 10 个土样基本上聚成两部分: 700~900 m 聚到一起, 1000 和 1100 m 聚到一起 (图 2).

2.3 土壤微生物群落对不同类型碳源的利用强度
Biolog-ECO 板中共含有 31 种碳源^[11,22], 其中

表2 土壤微生物群落多样性指数

Table 2 Diversity index of soil microbial communities

处理 Treatment	Shannon 指数 <i>H</i>	Simpson 指数 <i>D</i>	McIntosh 指数 <i>U</i>
I _a	3.29±0.02a	0.96±0.00a	41.89±1.58a
I _b	3.30±0.04a	0.96±0.00a	41.23±3.93a
II _a	3.32±0.00a	0.96±0.00a	39.78±1.89a
II _b	3.24±0.01a	0.96±0.00a	37.33±1.41a
III _a	3.25±0.03ab	0.96±0.00a	40.40±0.62a
III _b	3.13±0.03ab	0.95±0.00a	35.42±2.51a
IV _a	3.11±0.02b	0.95±0.00a	28.31±2.42b
IV _b	3.01±0.03b	0.95±0.00a	30.30±0.70b
V _a	2.78±0.05c	0.93±0.01b	24.68±1.21b
V _b	2.84±0.03c	0.93±0.00b	28.47±0.58b

同列不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$) Different letters in the same column meant significant difference among treatments at 0.05 level. 下同 The same below.

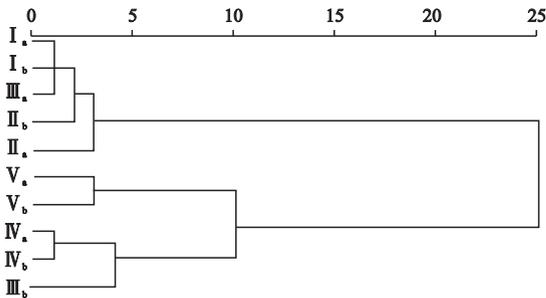


图2 不同海拔土壤微生物群落多样性指数聚类分析

Fig.2 Cluster analysis of diversity index of soil microbial communities at different altitudes.

碳水类(10种)、氨基酸类(6种)、羧酸类(7种)、多聚物(4种)、酚酸类(2种)和胺类(2种)。由图3得知,不同海拔红松林土壤微生物群落对不同类型碳源的利用强度明显不同,随着海拔的升高,其对不同类型碳源的利用强度均呈下降趋势。其中,对碳水类

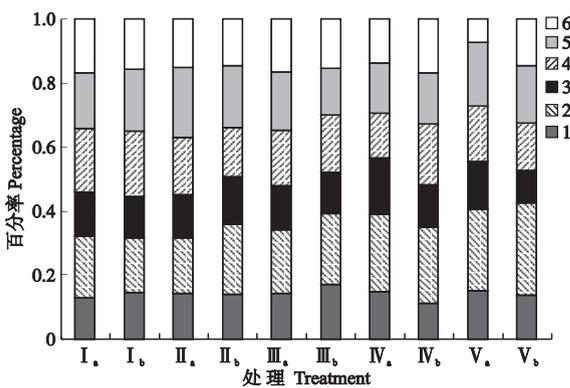


图3 不同海拔土壤微生物群落对不同碳源的利用率

Fig.3 Use efficiency of carbon sources by soil microbial communities at different altitudes.

1) 碳水化合物类 Carbohydrate; 2) 氨基酸类 Amino acids; 3) 羧酸类 Carboxylic acids; 4) 多聚物 Polymer; 5) 酚酸类 Phenolic acids; 6) 胺类 Amine.

和多聚物类碳源的利用强度受海拔影响较大,特别是对羧酸类碳源的利用在各海拔间的差异达到极显著水平;而氨基酸类、酚酸类和胺类则差异均不显著。不同土层间,除羧酸类碳源的利用强度差异显著外,其余均未达到显著差异水平。整体来看,土壤微生物对氨基酸类碳源利用最多,其次是多聚物和酚酸类,对碳水类、羧酸类和胺类碳源的利用则相对较少。可见红松林下土壤微生物比较偏好的碳源类型为氨基酸类、多聚物和酚酸类。

2.4 不同海拔土壤微生物群落功能的主成分分析

对培养 168 h 的 AWCD 值进行微生物群落功能主成分分析(PCA),其中第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)的方差贡献率分别为 72.8% 和 13.1%,累积方差贡献率为 85.9%,说明 PC1 和 PC2 是微生物群落碳源利用变异的主要来源,可以解释变异的绝大部分信息。从图 4 可以看出,不同海拔红松林土壤微生物群落在碳源利用上有明显的空间分离,而且在 PC1 和 PC2 上的得分系数均差异显著,可见土壤微生物群落碳代谢特征受海拔的显著影响。在 PC2 轴上,各样地土壤微生物碳源利用的主成分分析得分排序为:700 m > 800 m > 900 m > 1000 m > 1100 m,与 AWCD 值和多样性指数的分析结果一致,总体呈现随海拔升高对碳源利用活性下降的趋势。土壤微生物群落明显分为 3 簇:700 m 上层土和 800 m 上层土聚为一簇,1000 和 1100 m 聚为一簇,其他为一簇。表明 700 m 上层土和 800 m 上层土土壤微生物对 31 种碳源的利用比较相似,1000 和 1100 m 样地土壤微生物对 31 种碳源的利用相似。

31 种碳源在 2 个主成分上的载荷值见表 3,初始载荷因子反映主成分与碳源利用的相关系数,载荷因子越高表示碳源对主成分的影响越大^[29]。从表 3

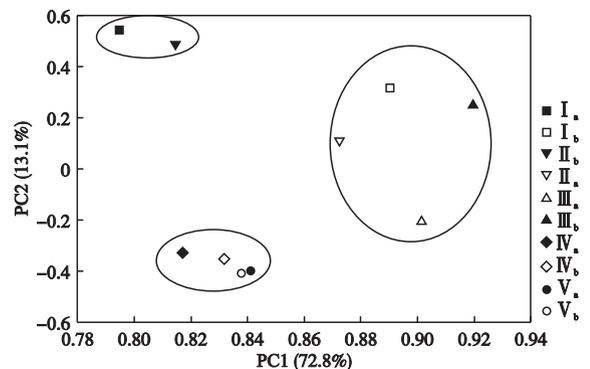


图4 不同海拔土壤微生物群落功能的主成分分析

Fig.4 Principal component analysis of soil microbial community function at different altitudes.

表 3 31 种碳源与主成分 1、2 的相关系数

Table 3 Correlation coefficients of 31 carbon sources with PC1 and PC2

类别 Category	碳源类型 Chemical guild	主成分 1 PC1	主成分 2 PC2	类别 Category	碳源类型 Chemical guild	主成分 1 PC1	主成分 2 PC2		
碳水化合物类 Carbohydrate	β-甲基-D-葡萄糖苷 β-methyl-D-glucoside	0.748	-0.151	羧酸类 Carboxylic acids	丙酮酸甲酯 Pyruvic acid methyl ester	0.788	0.059		
	D-半乳糖酸-γ-内脂 D-galactonic acid-γ-lactone	0.715	0.336		D-半乳糖醛酸 D-galacturonic acid	0.131	-0.677		
	D-木糖 D-xylose	0.349	0.377		γ-羟丁酸 γ-hydroxybutyric acid	0.646	-0.307		
	i-赤藓糖醇 i-erythritol	0.895	0.199		D-葡萄糖胺酸 D-glucosaminic acid	0.887	-0.315		
	D-甘露醇 D-mannitol	-0.234	0.328		衣康酸 Itaconic acid	0.897	0.098		
	N-乙酰-D-葡萄糖胺 N-acetyl-D-glucosamine	0.088	0.809		α-丁酮酸 α-ketobutyric acid	0.583	-0.424		
	D-纤维二糖 D-cellobiose	0.906	-0.201		D-苹果酸 D-malic acid	0.704	-0.439		
	α-D-葡萄糖-1-磷酸 α-D-glucose-1-phosphate	0.767	-0.345		多聚物类 Polymer	吐温 40 Tween 40	0.856	0.228	
	α-D-乳糖 α-D-lactose	0.949	-0.023		吐温 80 Tween 80	0.781	0.457		
	D,L-α-磷酸甘油 D,L-α-glycerol phosphate	0.584	-0.387		α-环式糊精 α-cyclodextrin	0.732	-0.021		
	氨基酸类 Amino acids	L-精氨酸 L-arginine	0.740		0.008	肝糖 Glycogen	0.874	-0.169	
		L-天门冬酰胺 L-asparagine	0.447		0.280	酚酸类 Phenolic acids	2-羟基苯甲酸 2-hydroxy benzoic acid	0.797	-0.263
		L-苯基丙氨酸 L-phenylalanine	0.769		-0.152	4-羟基苯甲酸 4-hydroxy benzoic acid	0.820	0.375	
		L-丝氨酸 L-serine	0.415		0.637	胺类 Amine	苯乙胺 Phenylethyl-amine	0.959	0.034
		L-苏氨酸 L-threonine	0.566		0.213	腐胺 Putrescine	0.593	0.373	
		甘氨酸-L-谷氨酸 Glycyl-L-glutamic acid	0.905		0.125				

可以看出,与 PC1 具有较高相关性的碳源有 17 种,其中碳水化合物类 5 种、氨基酸类 3 种、羧酸类 3 种、多聚物 3 种、酚酸类 2 种、胺类 1 种;与 PC2 具有较高相关性的碳源有 3 种,包括碳水化合物类 1 种、氨基酸类 1 种、羧酸类 1 种。综合与 PC1 和 PC2 具有较高相关性的碳源类型发现,对土壤微生物群落代谢特征起分异作用的主要碳源类型为碳水类、氨基酸类和羧酸类,即微生物功能多样性的垂直地带性差异主要体现在对碳水类、氨基酸类和羧酸类碳源的利用上,其中碳水类碳源尤为突出。

表 4 土壤微生物多样性指数与理化性质的相关系数

Table 4 Correlation coefficients of physiochemical properties and diversity indices of soil microbial community

	AWCD	H	D	U
碱解氮 Available N	0.484	0.538	0.515	0.483
速效磷 Available P	0.449	0.529	0.547	0.389
速效钾 Available K	0.460	0.548	0.550	0.480
总有机碳 TOC	-0.125	-0.047	-0.007	-0.163
含水率 Water content	0.386	0.452	0.415	0.409
pH	0.814 *	0.869 *	0.845 *	0.730 *

* P<0.05.

2.5 土壤微生物代谢特性与土壤理化性质的相关性

从表 4 可以看出,碱解氮、速效磷、速效钾含量和含水率与微生物的代谢活性和群落多样性呈正相关,pH 与微生物的代谢活性和群落多样性呈显著正相关,总有机碳含量与微生物的代谢活性和群落多样性呈负相关关系。

3 讨 论

在本研究中,随着培养时间的延长,AWCD 值呈上升趋势,且随着海拔的升高 AWCD 值下降,与吴则焰等^[30]对武夷山不同海拔植被带(常绿阔叶林、针叶林、亚高山矮林、高山草甸)土壤微生物群落多样性的研究规律一致。他们发现,土壤平均颜色变化率随培养时间延长而逐渐增加,同一深度土层的 AWCD 值随海拔升高而逐渐降低,其原因是土壤养分含量随海拔发生变化所致。从表 1 可以看出,本研究样地的土壤养分含量随着海拔的升高,除总有机碳外,碱解氮、速效磷和速效钾含量均呈现下降趋

势,而且 AWCD 值和 3 个多样性指数也与碱解氮、速效钾和速效磷含量呈正相关(表 4),从而进一步验证了土壤养分的垂直地带性变化是土壤微生物功能活性差异的影响因素之一。通常情况下,随土层加深,微生物活性会呈现下降的趋势^[8,10,30],但本研究发现海拔 1000 和 1100 m 下层土的 AWCD 值高于上层土,可能是由于 1000 和 1100 m 样地地表几乎全被苔藓植物覆盖,而苔藓植物对土壤有一定的改造能力,其渗滤液具有抗菌性,可以通过渗滤液影响微生物活性,从而影响微生物群落结构^[31]。

Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数分别表征土壤中微生物群落的丰富度、优势度及均匀度^[7,32]。随着海拔升高,3 个多样性指数均呈现下降趋势,且各海拔之间 Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数均差异显著。可见海拔对土壤微生物群落多样性产生了显著的影响,且与 AWCD 值随海拔的变化规律一致。这与华建峰等^[32]对砷矿区农田土壤微生物的研究结果一致。

土壤微生物群落对不同类碳源的利用强度存在一定的差异,各海拔红松林土壤微生物对氨基酸类碳源的利用率最高,为优势碳源,主要包括 L-天门冬酰胺、L-精氨酸和 L-丝氨酸;微生物功能多样性的垂直地带性差异主要体现在对碳水类、氨基酸类和羧酸类碳源的利用上。姜鑫等^[33]对凉水自然保护区的原始红松林土壤微生物多样性研究中也得出了相同的结论。崔晓阳等^[34]在对原始森林土壤 NH_4^+ / NO_3^- 生境特征和某些针叶树种的适应性研究中发现,喜 NH_4^+ 的针叶树种根部分布着具有较高活性的可将游离 NH_4^+ 转化为谷氨酸的几种酶; Vinolas 等^[35]也发现,植物能够帮助将土壤中的 NH_4^+ 转化为氨基酸。因此,在红松林土壤中以 NH_4^+ 占绝对优势的“氮营养生境”下, NH_4^+ 主要在红松根部通过 GS/GOGAT 途径同化为氨基酸,为微生物提供了氨基酸类碳源。那么,土壤微生物表现出的对碳源利用的“喜铵性”可能是对土壤环境长期的进化适应。

土壤微生物对 31 种碳源的利用主成分分析得知,5 个海拔中,1000 和 1100 m 样地土壤微生物对碳源的利用特征更为相似(图 4),这和样地的植物群落组成有一定的关系。从海拔 1000 m 开始由阔叶红松林向云冷杉红松林过渡,样地中针叶树种比例增大,因此作为主要输入碳源的凋落物中增加了大量难以分解的木质素^[36],不同碳源的输入可能导致土壤微生物代谢特征发生一定的改变,使其对碳源

利用的种类和强度均发生变化。刘秉儒等^[29]和吴则焰等^[30]也指出,地上的植物多样性会通过凋落物的差异对土壤微生物功能代谢产生重要影响。此外,对土壤微生物的多样性指数和 AWCD 值进行聚类分析(图 2),700~900 m 聚到一起,1000 和 1100 m 聚到一起,更为有力地证明了红松林中针叶和阔叶树种的比例会对土壤微生物的组成和功能活性产生重要的影响。

综上所述,长白山不同海拔红松林土壤微生物群落代谢特征具有较为明显的垂直地带性差异。

参考文献

- [1] Li FL, Liu M, Li ZP, *et al.* Changes in soil microbial biomass and functional diversity with a nitrogen gradient in soil columns. *Applied Soil Ecology*, 2013, **64**: 1-6
- [2] Gryta A, Frać M, Oszust K. The application of the biolog ecoplate approach in ecotoxicological evaluation of dairy sewage sludge. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 2014, **174**: 1434-1443
- [3] Djukic I, Zehetner F, Mentler A, *et al.* Microbial community composition and activity in different alpine vegetation zones. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, **42**: 155-161
- [4] Zhang HF, Li G, Song XL, *et al.* Changes in soil microbial functional diversity under different vegetation restoration patterns for Hulunbeier Sandy Land. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, **33**: 38-44
- [5] Li T, Wang P, Wang PX. Microbial diversity in surface sediments of the Xisha trough the South China Sea. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, **28**: 1166-1173
- [6] Rani A, Porwal S, Sharma R, *et al.* Assessment of microbial diversity in effluent treatment plants by culture dependent and culture independent approaches. *Biore-source Technology*, 2008, **99**: 7098-7107
- [7] Lu S-B (鲁顺保), Zhang Y-J (张艳杰), Chen C-R (陈成榕), *et al.* Analysis of functional differences between soil bacterial communities in three different types of forest soils based on Biolog fingerprint. *Acta Pedologica Sinica* (土壤学报), 2013, **50**(3): 618-623 (in Chinese)
- [8] Xiong Y (熊毅), Guo Y-C (郭彦萃), Zhang Z (张志). Study on the microbial diversity of primary Korean pine forests and artificial forests. *Acta Agriculturae Zhejiangensis* (浙江农业学报), 2014, **26**(1): 159-164 (in Chinese)
- [9] Luo X-Q (罗希茜), Hao X-H (郝晓晖), Chen T (陈涛), *et al.* Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil.

- Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2009, **29**(2): 740–748 (in Chinese)
- [10] Fan R-Y (范瑞英), Yang X-Y (杨小燕), Wang E-H (王恩姮), *et al.* Comparative studies on functional diversity of soil microbial community of larch plantations with different ages in black soil region, northeastern China. *Journal of Beijing Forestry University* (北京林业大学学报), 2013, **35**(2): 63–68 (in Chinese)
- [11] Preston-Mafham J, Boddy L, Randerson PF. Analysis of microbial community functional diversity using sole-carbon-source utilisation profiles: A critique. *FEMS Microbiology Ecology*, 2002, **42**: 1–14
- [12] Zhang J (张 剑), Wang S-L (汪思龙), Sui Y-H (隋艳晖), *et al.* Stability of soil carbon pool under Chinese fir plantation ecosystems different in growing stage. *Journal of Ecology and Rural Environment* (生态与农村环境学报), 2010, **26**(6): 539–543 (in Chinese)
- [13] Sun B-W (孙宝伟), Yang X-D (杨晓东), Zhang Z-H (张志浩), *et al.* Relationships between soil carbon pool and vegetation carbon return through succession of evergreen broad-leaved forests in Tiantong region, Zhejiang Province, Eastern China. *Chinese Journal of Plant Ecology* (植物生态学报), 2013, **37**(9): 803–810 (in Chinese)
- [14] Fan Y-X (范跃新), Yang Y-S (杨玉盛), Yang Z-J (杨智杰), *et al.* Seasonal dynamics and content of soil labile organic carbon of mid-subtropical evergreen broad-leaved forest during natural succession. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2013, **33**(18): 5751–5759 (in Chinese)
- [15] Sun W-J (孙伟军), Fang X (方 晰), Xiang W-H (项文化), *et al.* Active pools of soil organic carbon in subtropical forests at different successional stages in central Hunan, China. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2013, **33**(24): 7765–7773 (in Chinese)
- [16] Ma Y (马 驿), Peng J-J (彭金菊), Wang Y (王芸), *et al.* Effects of ciprofloxacin on microbial biomass carbon and carbon metabolism diversity of soil microbial communities. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2013, **33**(5): 1506–1512 (in Chinese)
- [17] Qiu Y (丘 阳), Gao L-S (高露双), Zhang X (张雪), *et al.* Effect of climate change on net primary productivity of Korean pine (*Pinus koraiensis*) at different successional stages of broad-leaved Korean pine forest. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2014, **25**(7): 1870–1878 (in Chinese)
- [18] Lou X (娄 鑫). The Study of Soil Microbial Changing in the Evolution of Broadleaved Korean Pine Forest. Master Thesis. Harbin: Northeast Forestry University, 2010 (in Chinese)
- [19] Yu D-P (于大炮), Wang S-Z (王顺忠), Tang L-N (唐立娜), *et al.* Relationship between tree-ring chronology of *Larix olgensis* in Changbai Mountains and the climate change. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2005, **16**(1): 14–20 (in Chinese)
- [20] Garland JL, Mills AL. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization. *Applied and Environmental Microbiology*, 1991, **57**: 2351–2359
- [21] Classen AT, Boyle SI, Haskins KE, *et al.* Community-level physiological profiles of bacteria and fungi: Plate type and incubation temperature influences on contrasting soils. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, **44**: 319–328
- [22] Liao M, Xie XM, Peng Y, *et al.* Characteristics of soil microbial community functional and structure diversity with coverage of *Solidago canadensis* L. *Journal of Central South University of Technology*, 2013, **20**: 749–756
- [23] Jin Z, Ji FY, Xu X, *et al.* Microbial and metabolic characterization of a denitrifying phosphorus-uptake/side stream phosphorus removal system for treating domestic sewage. *Biodegradation*, 2014, **25**: 777–786
- [24] Velasco AG, Probanza A, Mañero FJG, *et al.* Effect of fire and retardant on soil microbial activity and functional diversity in a Mediterranean pasture. *Geoderma*, 2009, **153**: 186–193
- [25] Kong WD, Zhu YG, Fu BJ, *et al.* Effect of long-term application of chemical fertilizers on microbial biomass and functional diversity of a black soil. *Pedosphere*, 2008, **18**: 801–808
- [26] Lin R-Y (林瑞余), Rong H (戎 红), Zhou J-J (周军建), *et al.* Impact of allelopathic rice seedlings on rhizospheric microbial populations and their functional diversity. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2007, **27**(9): 3644–3654 (in Chinese)
- [27] Xie XM, Liao M, Ma AL, *et al.* Effects of contamination of single and combined cadmium and mercury on the soil microbial community structural diversity and functional diversity. *Chinese Journal of Geochemistry*, 2011, **30**: 366–374
- [28] Xiang Z-Y (向泽宇), Zhang L (张 莉), Zhang Q-F (张全发), *et al.* Soil nutrients and microbial functional diversity of different stand types in Qinghai Province. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2014, **50**(4): 22–31 (in Chinese)
- [29] Liu B-R (刘秉儒), Zhang X-Z (张秀珍), Hu T-H (胡天华), *et al.* Soil microbial diversity under typical vegetation zones along an elevation gradient in Helan

- Mountains. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2013, **33**(22): 7211–7220 (in Chinese)
- [30] Wu Z-Y (吴则焰), Lin W-X (林文雄), Chen Z-F (陈志芳), *et al.* Variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in mid-subtropical forest. *Chinese Journal of Plant Ecology* (植物生态学报), 2013, **37**(5): 397–406 (in Chinese)
- [31] Tian W-L (田维莉), Sun S-Q (孙守琴). Ecological functions of bryophyte: Recent research progress. *Chinese Journal of Ecology* (生态学杂志), 2011, **30**(6): 1265–1269 (in Chinese)
- [32] Hua J-F (华建峰), Lin X-G (林先贵), Jiang Q (蒋倩), *et al.* Diversity of carbon source metabolism of microbial community in farmland soils in an arsenic mining area. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2013, **24**(2): 473–480 (in Chinese)
- [33] Lou X (娄鑫), Cui X-Y (崔晓阳). The study of soil microbial diversity in temperate forest secondary succession process. *Chinese Journal of Soil Science* (土壤通报), 2011, **42**(3): 557–561 (in Chinese)
- [34] Cui X-Y (崔晓阳), Song J-F (宋金凤). Soil NH_4^+ / NO_3^- nitrogen characteristics in primary forests and the adaptability of some coniferous species. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2005, **25**(11): 3082–3092 (in Chinese)
- [35] Vinolas LC, Vallejo VR, Jones DL. Control of amino acid mineralization and microbial metabolism by temperature. *Soil Biology & Biochemistry*, 2001, **33**: 1137–1140
- [36] Song Y (宋媛), Zhao X-Z (赵溪竹), Mao Z-J (毛子军), *et al.* SOC decomposition of four typical broad-leaved Korean pine communities in Xiaoxing'an Mountain. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2013, **33**(2): 443–453 (in Chinese)

作者简介 韩冬雪,女,1990年生,硕士研究生.主要从事土壤微生物研究. E-mail: 924355198@qq.com

责任编辑 肖红
