

不同气候条件下潮土微生物群落的变化^①

汪峰^{1,2}, 蒋瑞霖¹, 李昌明^{1,2}, 孙波^{1*}

(1 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 针对气候变化的背景研究农田土壤微生物对气候变化的响应机制是调控农田土壤养分循环的理论基础。本研究基于设置在 3 个气候带(冷温带海伦、暖温带封丘和中亚热带鹰潭)的潮土移置试验, 利用磷脂脂肪酸(PLFA)分析方法研究了移置第 6 年土壤微生物群落的变化特征。结果表明, 在 3 种气候条件下潮土移置 6 年后土壤部分理化性质显著变化, 土壤有机质含量表现为冷温带最高而中亚热带最低; 在种植玉米的不同施肥处理中, 土壤中微生物总 PLFAs、革兰氏阳性细菌(G⁺)、革兰氏阴性细菌(G⁻)、细菌和放线菌 PLFAs 含量均表现为海伦>封丘>鹰潭, 真菌/细菌比值在冷温带最低; PLFA 图谱的主成分分析显示气候条件显著影响了土壤微生物的群落结构, 海伦和封丘位于 PC1 正轴, 而鹰潭位于负轴, 受气候影响较大的特征 PLFA 包括 18:1 ω 7c、16:1 ω 5c、16:0、18:0 和 18:2 ω 6,9c; 逐步回归分析显示温度、降雨和土壤有机质是影响微生物群落的主要因子。总体上, 气候条件的变化在短期内(6 年)改变了土壤微生物的群落结构, 可以影响农田生态系统的生物地球化学循环。

关键词: 微生物生物量; PLFA; 潮土; 土壤有机质; 气候条件; 土壤移置试验

中图分类号: Q938

土壤微生物是土壤生态系统中的重要组成部分, 驱动着碳、氮、磷、硫等地球化学循环^[1]。农田土壤中微生物是土壤肥力的核心, 对于维持农业生产力与环境健康质量具有重要意义。据预测, 地球表面气温在 21 世纪末将上升 1.1°C ~ 6.4°C, 温度上升致使大气环流和水文过程的改变从而降雨量也会发生变化^[2-3]。微生物一方面对环境条件极为敏感, 气候因素(如温度和降雨)会显著影响农田土壤微生物群落结构; 另一方面, 土壤微生物结构的改变可以影响其生成和消耗温室气体的功能, 从而对全球气候变化产生反馈^[4]。因此, 研究集约化管理方式下农田土壤微生物对气候变化的响应和反馈机制可以指导全球气候变化背景下的农田养分管理。

研究者主要是通过人工设施(如红外线增温、提高 CO₂ 浓度)模拟研究气候变化对土壤微生物及生态功能的影响。如在草原生态系统中的长期增温试验发现增温显著增加了易分解碳微生物群落, 但难分解碳的微生物却没有影响^[4]。人工模拟气候变化的设施往往不能真实地反映气候条件的综合变化, 如在人工增温同时往往会降低土壤含水量。近年来, 跨气候梯度

的野外土壤移置试验已经成为研究土壤微生物响应气候变化的重要方法^[5-8]。土壤移置试验的优势在于以自然的方式模拟气候的综合变化, 反映了温度、水分、光照等气候因子的协同作用。如 Vanhala 等^[7]发现土壤移置到温暖地区 2 年后, 微生物群落结构发生显著改变, 温度是主要影响因子。但也有研究发现气候变化导致的土壤含水量及土壤温度的共同变化是影响土壤微生物群落和功能的主要因子^[5]。

磷脂脂肪酸法是一种快速、可靠、经济的分析土壤微生物的方法, 已被广泛地应用到不同的土壤类型及生态系统中^[9-10]。磷脂脂肪酸(PLFA)是微生物细胞膜的重要组成部分, 在细胞死亡后快速降解, 因此可以表征活的微生物^[11]。不同微生物 PLFA 的碳原子数目、双键位置和异构性等具有特异性, 通过 PLFA 半定量测定, 不仅可以反映活体细胞微生物群落的信息, 还能精确测定土壤微生物活体微生物生物量, 这可以与其他分子生物学方法(如高通量测序和基因芯片方法)配合在不同尺度上研究微生物群落结构的变化规律^[12]。潮土是我国小麦、玉米主产区的重要农业土壤, 面积达 1.3 × 10⁵ km²。本研究基于中国东部

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目(2011CB100506)、国家自然科学基金项目(41271258)和中国科学院战略性先导科技专项(XDA05070303)资助。

* 通讯作者(bsun@issas.ac.cn)

作者简介: 汪峰(1982—), 男, 安徽潜山人, 博士研究生, 主要研究方向为微生物生态学。E-mail: fangous8@gmail.com

南北梯度带上设置的潮土移置试验,利用 PLFA 分析方法研究不同施肥措施下土壤微生物量和群落结构对气候条件的响应,揭示气候条件变化和施肥管理共同影响的关键微生物类群,为提出适应水热条件变化的农田养分管理措施提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

2005 年 10 月,在中国科学院生态系统研究网络中海伦(N)、封丘(M)和鹰潭(S)设置长期土壤置换试验平台^[13-14]。海伦为半湿润的中冷温带季风气候,年均温 1.5℃,年均降雨 550 mm;封丘为半湿润的暖温带季风气候,年均温 13.9℃,年均降雨 605 mm;鹰潭为湿润的中亚热带季风气候,年均温 17.6℃,年均降雨 1 795 mm。本试验选取在 3 种气候条件下的潮土为研究对象,潮土为黄河冲击物发育而成,按 FAO 国际土壤分类参比系统中属于 Cambisol,在中国系统分类中属于淡色潮润雏形土^[15]。

试验设置 2 个处理:不施肥(CK);施肥(NPK),施肥量为 N 150 kg/hm²、P₂O₅ 75 kg/hm²、K₂O 60 kg/hm²,肥料分别为尿素、(NH₄)₂HPO₄和 KCl。每个小区设置 3 个重复。各小区每年种一季夏玉米,海伦为海育 6 号;封丘为郑单 958;鹰潭为澄海 11 号,雨养不灌溉,人工定时除草。土壤样品于 2011 年玉米收获后 2 天内采集,用不锈钢土钻(2 cm)按“S”形采集表层 20 cm 耕层土壤。混合后采用四分法留取试验用土量,装入无菌密封塑料袋中 4℃ 低温保藏带回。除去石块和根系,一部分土样风干后进行理化性质分析,另一部分放入 4℃ 冰箱,测定硝态氮、铵态氮和 PLFA 分析。鲜土项目的测定在 2 周内完成。

1.2 土壤理化性质测定

土壤 pH 采用玻璃电极测定,水土比 2.5:1;土壤有机质采用重铬酸钾容量法测定;全氮采用半微量开氏法测定;全磷采用碳酸钠熔融法,速效磷采用 Olsen-P 法,钼锑抗比色测定;全钾用氢氧化钠熔融法,速效钾用醋酸铵浸提,火焰光度法测定;土壤氨态氮和硝态氮用 2 mol/L KCl 溶液浸提,流动分析仪测定。具体方法参考常规农业化学分析方法^[16]。

1.3 磷脂脂肪酸分析

磷脂脂肪酸的提取用的是修改后的 Bligh-Dyer 法^[9,17]。应用 MIDI Sherlock 微生物鉴定系统(MIDI, Newark, DE, USA)分析 PLFAs 其组成。19:0 脂肪酸甲酯(FAME)作为内标加入样品按照峰面积比值定量分析 PLFA 的含量。细菌的特征脂肪酸包含 i14:0、

a15:0、i15:0、15:0、a17:0、cy17:0、i17:0、17:0、i16:0、16:1 ω 5c、16:1 ω 9c、18:1 ω 5c、18:1 ω 7c 和 cy19:0,其中 i15:0、a15:0、i16:0、i17:0 及 a17:0 划分为革兰氏阳性细菌(G⁺),而 cy17:0、18:1 ω 7c 及 cy19:0 归为革兰氏阴性细菌(G⁻)。放线菌特征 PLFA 为 10ME17:0 和 10ME18:0,而真菌特征脂肪酸为 18:1 ω 9c^[18-20]。

1.4 数据处理及统计分析

为了更好地对土壤 PLFAs 图谱进行降噪处理,首先删除在 PLFAs 测定的 3 个重复中只检出 1 次的土壤样品测定值。然后将特定 PLFAs 含量的测定值转化为相对丰度值(relative abundance),即将每个土壤样品中某个特定 PLFAs 含量除以该样品的总 PLFAs 含量。最后进行主成分分析(PCA)。

单因素和多因素方差分析(ANOVA)在 SPSS16.0 (SPSS Inc., Chicago, Illinois)完成;主成分分析(PCA)和降趋势对应分析(DCA)利用 Vegan 软件包(<http://vegan.r-forge.r-project.org/>)在 R-2.13.2(<http://www.R-project.org/>)中完成。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

潮土移置 6 年后各处理的部分土壤理化性质见表 1。在同一地点,施肥显著增加了土壤的全磷和速效磷;另外,施肥效应在不同的地点表现不同,施肥显著降低了冷温带土壤 pH,显著增加了冷温带和中亚热带的土壤速效钾含量。由于施肥对土壤性质有影响,我们分别对施肥和不施肥处理的潮土理化性质在 3 个地点分别进行比较。对于施肥处理,潮土移置到冷温带时土壤有机质和速效钾含量显著增加而铵态氮含量显著降低;土壤移置到中亚热带时有机质含量降低全磷含量升高。对于不施肥处理,移置到冷温带土壤有机质含量升高铵态氮含量降低,移置到中亚热带的土壤铵态氮含量升高。多因素方差分析结果表明:施肥影响土壤 pH、有机质、全氮、全磷、速效磷和速效钾;气候影响土壤 pH、有机质、速效钾和铵态氮;施肥和气候的交互影响土壤速效钾含量($P < 0.05$)。总之,该结果表明气候类型和施肥共同影响土壤理化性质。

2.2 PLFA 分析

土壤样品微生物群落 PLFAs 种类丰富,一共检测到了 25 种 PLFAs,碳原子个数为 11~20,包括各种饱和的、不饱和的、分支的和环状的 PLFAs。有 18 个 PLFAs 存在于所有的样品中,其相对丰度存在差异。样品中优势 PLFAs 主要由 16:0、18:0、18:1 9c、

表 1 潮土移置 6 年后不同试验各处理下的土壤部分理化性质
Table 1 Soil physicochemical properties under different treatments after 6-year transplantation

土壤性质	N-NPK	N-CK	M-NPK	M-CK	S-NPK	S-CK
pH	7.95 ± 0.19 b	8.37 ± 0.01 a	7.74 ± 0.20 bc	8.14 ± 0.05 ab	7.39 ± 0.09 c	7.77 ± 0.09 bc
有机质(g/kg)	11.58 ± 0.29 a	10.29 ± 0.51 ab	9.68 ± 0.75 bc	8.31 ± 0.30 cd	7.84 ± 0.44 d	7.93 ± 0.34 d
全氮(g/kg)	0.72 ± 0.09 a	0.57 ± 0.02 a	0.79 ± 0.11 a	0.54 ± 0.03 a	0.65 ± 0.13 a	0.53 ± 0.01 a
全磷(g/kg)	0.69 ± 0.03 ab	0.57 ± 0.01 d	0.66 ± 0.02 bc	0.58 ± 0.01 d	0.73 ± 0.03 a	0.62 ± 0.00 cd
全钾(g/kg)	17.1 ± 0.3a	17.4 ± 0.2 a	17.6 ± 0.3 a	17.5 ± 0.2 a	18.2 ± 0.7 a	17.7 ± 0.1 a
速效磷(mg/kg)	9.12 ± 2.09 a	5.26 ± 0.29 bc	7.84 ± 0.71 ab	3.46 ± 0.20 c	9.59 ± 0.70 a	5.87 ± 0.21 bc
速效钾(mg/kg)	125.0 ± 7.2 a	80.8 ± 3.6 bc	84.2 ± 3.3 bc	73.3 ± 0.8 c	90.8 ± 0.8 b	75.0 ± 1.4 c
铵态氮(mg/kg)	0.51 ± 0.02 c	0.46 ± 0.06 c	0.91 ± 0.09 ab	0.78 ± 0.08 b	1.01 ± 0.10 ab	1.02 ± 0.06 a
硝态氮(mg/kg)	7.19 ± 0.91 a	5.95 ± 0.88 ab	6.83 ± 0.92 ab	4.15 ± 0.32 ab	3.78 ± 0.43 b	6.29 ± 1.81 ab

注：同一行数据小写字母不同表示处理间差异达到 $P < 0.05$ 显著水平；表中处理前缀 N-表示海伦、M-表示封丘、S-表示鹰潭，每个研究区包括两个处理：NPK(施肥)、CK(不施肥)，下同。

16:1 5c 和 18:1 7c 构成，占样品总 PLFA 的 64%。值得注意的是，施肥和气候显著影响了土壤 PLFA 图谱，如：17:1 8c、cy17:0 和 20:0 仅在 N-NPK 处理；a16:0 在 S-NPK 处理；15:0 3OH 在 M-CK 处理；i14:0 在暖温带和冷温带以及 16:0 2OH 在冷温带的土壤中被检测到。

土壤中总 PLFAs 能较好地反映土壤微生物总量水平。不同处理的土壤总 PLFAs 含量受气候和施肥影响(图 1)。不同地点土壤中的总 PLFAs 水平大致是海伦(N) > 封丘(M) > 鹰潭(S)；施肥处理降低了土壤总 PLFAs 量，且在 3 个地点表现一致。不同的微生物类群也受气候和施肥的影响(表 2)，革兰氏阳性细菌 G^+ 、革兰氏阴性细菌 G^- 、细菌和放线菌 PLFAs 含量在施肥和不施肥处理中均表现为海伦 > 封丘 > 鹰潭；真菌在 M-CK 处理中最高，而在 S-NPK 处理中含量最低。施肥对微生物群的影响在不同的地点表现不同，如：施肥降低了暖温带和中亚热带但增加了冷温带土壤的细菌和真菌生物量。真菌细菌比值会显著影响土壤

C、N 循环速率，是一个非常重要的指标。结果显示，施肥并没有显著影响真菌/细菌(图 1)，但当潮土移置到冷温带时真菌/细菌显著降低($P < 0.05$)。

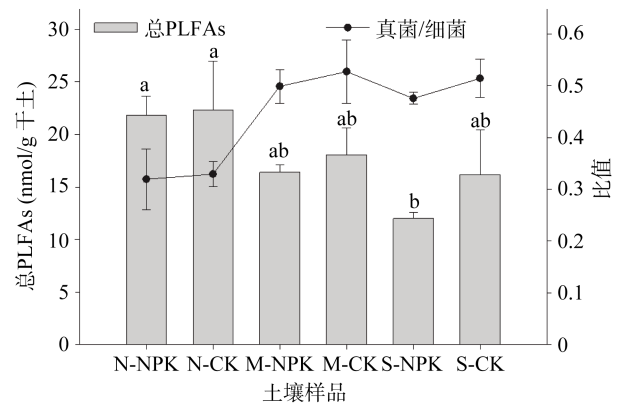


图 1 潮土移置 6 年后不同施肥处理下的土壤总微生物量 PLFAs 及真菌细菌比值

Fig. 1 Total PLFAs for soil microbial biomass and the ratio of fungi to bacterial biomass under different fertilization treatments after 6-year transplantation

表 2 潮土移置 6 年后不同施肥处理下革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、细菌、真菌和放线菌的 PLFAs 量 (nmol/g, 以干土计)

Table 2 The amounts of Gram-positive bacterial, Gram-negative bacterial, bacterial, fungal and actinobacterial PLFAs (nmol/g dry soil) under different fertilization treatments after 6-year transplantation

处理	G^+ 细菌	G^- 细菌	细菌	真菌	放线菌
N-NPK	2.33 ± 0.14 a	0.31 ± 0.10 a	5.82 ± 1.17 a	1.73 ± 0.04 ab	0.85 ± 0.04 a
N-CK	2.52 ± 0.31 a	0.23 ± 0.16 a	4.82 ± 0.55 ab	1.61 ± 0.30 ab	0.83 ± 0.09 a
M-NPK	2.04 ± 0.05 ab	0.25 ± 0.08 a	3.15 ± 0.10 bc	1.57 ± 0.13 ab	0.79 ± 0.02 ab
M-CK	1.74 ± 0.04 b	0.15 ± 0.00 a	4.15 ± 1.01 abc	2.17 ± 0.50 a	0.66 ± 0.02 bc
S-NPK	1.59 ± 0.08 b	0.12 ± 0.01 a	2.21 ± 0.19 c	1.05 ± 0.08 b	0.51 ± 0.02 c
S-CK	1.62 ± 0.23 b	0.11 ± 0.02 a	2.80 ± 0.77 bc	1.42 ± 0.37 ab	0.52 ± 0.07 c

注：同一列中数据小写字母不同表示处理间差异达到 $P < 0.05$ 显著水平。

通过 DCA 分析 PLFAs 图谱得到每个轴的长度均 < 3，说明基于线性模型的主成分分析(PCA)能够较好地进行 PLFAs 图谱分析。主成分的第一轴和第二轴

分别解释了 51.1% 和 17.6% 的总变异(图 2)。M 和 N 的样品(除 N-CK)位于 PC1 的正轴，而 S 样品位于 PC1 的负轴；施肥处理按 PC2 轴区分开来，PC2 正轴分

布着施肥处理(除 S-NPK)样品, 负轴为不施肥处理样品(图 2)。大部分 PLFAs 位于中心点, 说明其受气候和施肥的影响较小, 可能是潮土移置前的固有物种(图 2B)。18:1 7c 和 16:1 5c 位于 PC1 的正向,

16:0、18:0 和 18:2 6,9c 位于 PC1 的负向, 说明这些 PLFAs 是受气候影响的主要微生物类群。同样 18:1 7c、18:2 6,9c 及 16:0 是受施肥影响的微生物类群。

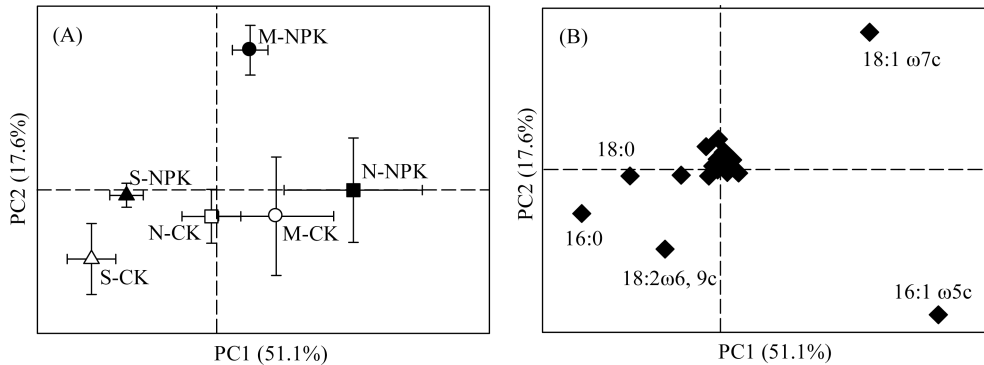


图 2 潮土移置 6 年后不同施肥处理下潮土 PLFA 图谱的主成分分析(A)和 PLFA 的载荷因子分析(B)

Fig. 2 Principal component analysis (PCA) of the PLFA pattern from Chao soils (A) and loadings of the individual PLFAs from the PCA of the PLFA data (B) under different fertilization treatments after 6-year transplantation

2.3 微生物群落与环境因子的关系

逐步回归分析表明不同地区的年均温对土壤微生物总量、革兰氏阳性细菌、细菌类群有显著的影响(表 3)。土壤中的真菌和放线菌与年平均降雨量呈显著相关。土壤有机质作为土壤重要的性质显著影响了土壤革兰氏阴性细菌和放线菌。该结果表明气候和土壤因子共同影响了土壤微生物群落结构。

表 3 基于逐步回归法筛选出与不同微生物群显著相关的环境因子

Table 3 The variables correlated significantly to different microbial groups in Chao soils based on stepwise regression analysis

因子	相关变量	R ²
总 PLFAs	年均温	0.357*
G ⁺ 细菌	年均温	0.613*
G ⁻ 细菌	土壤有机质	0.345*
细菌 PLFA	年均温	0.488*
真菌 PLFA	年降雨量	0.220*
放线菌 PLFA	土壤有机质、年降雨量	0.776**

注: ** 表示相关性达到 $P < 0.01$ 显著水平, *表示相关性达到 $P < 0.05$ 显著水平。

3 讨论

土壤移置试验表明潮土在移置到不同气候条件 6 年后, 土壤的基本理化性质发生了显著变化(表 1), 施用无机肥料不仅降低土壤 pH、提高了土壤矿质养分含量, 而且提高了土壤有机质水平(中亚热带鹰潭试验点除外)。施肥显著地增加了玉米地上部和地下部生物量, 同时也增加了根系分泌物数量, 地下根系等残留物分解形成有机质。另外, 施肥降低了潮土微生物生物量(图 1), 可能导致土壤微生物分解有机质

能力下降。对红壤的研究也表明, 与不施肥相比, 施用氮磷钾肥减少了微生物总 PLFAs 量, 而施用有机肥增加了微生物总 PLFAs 量^[9]。

气候条件的变化显著影响了土壤有机质的含量水平。土壤有机质含量与微生物活动有着密切联系, 异养微生物消耗土壤有机质作为自身能量来源。本研究在潮土移置在 3 种气候条件下 6 年后, 土壤有机质含量与土壤微生物总量(总 PLFA)均呈现出海伦 > 封丘 > 鹰潭的趋势(表 1、图 1)。土壤微生物数量与土壤有机质含量之间似乎存在着不协同的变化, 其可能原因包括: 纬度高的地区(冷温带海伦)昼夜温差较大, 有利于植物养分的积累, 一部分养分会输送到地下转化成有机质, 因此高纬度地区有较高的有机质积累。微生物群落在受到外界环境干扰时在一定程度上表现出抵抗力(Resistance)、恢复力(Resilience)及功能冗余(Redundancy)的特性, 在一定的温度范围内, 温度越低, “休眠”微生物越多^[21]; 气温上升虽然降低了微生物生物量, 但显著提高了微生物活性, 加速了土壤有机质的分解, 所以导致从冷温带到中亚热带土壤有机质的分解增加。气候变化显著影响了土壤微生物群落结构(图 2), 不同的微生物类群分解利用土壤有机质的能力也不同。Biolog 的研究表明, 主导土壤有机质分解的微生物类群由腐解初期(0.5 年)的利用碳水化合物型转变为腐解后期(2 年)的利用氨基酸型^[22]。Zhou 等^[4]在增温试验中也发现增温处理的有机质水平和土壤微生物总 PLFA 均高于对照, 证实了增温诱使的微生物群落变化是导致土壤呼吸对温度敏感性降低的重要因素, 然而微生物群落组成与

呼吸作用的协同变化关系仍然需要进一步研究。

土壤中细菌 PLFAs 含量尤其是革兰氏阳性细菌受气候变化的影响较大(表 2), 中亚热带气候条件下移置的潮土 G^+/G^- (革兰氏阳性细菌对革兰氏阴性细菌的比值)高于暖温带和冷温带。高比例的革兰氏阳性细菌一般认为是土壤环境从富营养(copiotrophic)到寡营养(oligotrophic)的转变^[23], 节杆菌(Arthrobacter)等革兰氏阳性细菌对环境胁迫如饥饿的耐受能力强于假单胞菌(Pseudomonas)等革兰氏阴性细菌^[24]。Kourtev 等^[25]研究表明土壤中 G^+/G^- 升高与土壤有机质质量下降有密切关联。本研究中移置的潮土在中亚热带气候条件下(鹰潭)有机质特别是易被分解的有机质下降迅速, 可能会导致土壤中寡营养型细菌增多。Zhou 等^[4]运用基因芯片技术发现升温主要影响了解解易分解有机碳的微生物而非分解难分解有机碳的微生物, 证实了我们的推测。

真菌/细菌比会显著影响土壤碳氮循环速率, 对于表征农田土壤有机质积累和分解有着重要的作用。根据土壤中碎屑分解的难易程度不同, 划分为真菌主导型和细菌主导型的两种有机物分解途径^[26]。细菌主导型途径主要发生在营养丰富的土壤中, 这些土壤富含容易分解的有机质, 有较快的碳周转和营养循环速度^[27]; 而真菌主导型途径为慢周转方式, 多存在于酸性土壤中, 偏好低营养难分解纤维素和木质素等有机物, 底物循环时间相对较长^[28]。相对于冷温带, 在热量丰富的中亚热带和暖温带条件下潮土中易分解的有机物能够较快地分解, 真菌在分解难利用有机物方面起到更重要的作用, 因此在暖温带和中亚热带条件下潮土的真菌/细菌比高于冷温带(图 1)。真菌菌丝是不易被分解的微生物, 作为对土壤低营养条件的反馈, 增加真菌生物量可能是提高土壤碳沉积的重要方式^[29-30]。

除了土壤有机质外, 气候因素的温度或降雨是影响微生物总量和各类群微生物的关键因子(表 3)。研究已经表明在大空间尺度下土壤微生物的分布具有显著的地理分布特征^[31], 其中温度和降雨等气候条件是控制土壤微生物分布的重要因子。一些人工模拟试验研究表明, 单个因子如增温或 CO_2 倍增导致微生物群落和生态功能的显著改变^[4, 32], 而土壤移置试验研究也证明温度和降雨条件的改变在较短时间内(<2 年)改变了土壤微生物群落结构^[5, 7]。气候因子能直接或间接地影响微生物^[33], 温度能影响到微生物的适应性、活性和代谢速率, 水分胁迫作用也对微生物类群有着直接的影响; 气候因子的间接影响是通过气候条件变化引起植物生长和土壤等其他性质改

变、最终影响土壤微生物的变化。本研究中的气候条件的变化导致了土壤理化性质改变(如 pH 的改变), 可能对土壤微生物群落结构有着重要的间接影响。需要说明的是, 由于气候条件变化的激发效应, 导致植物、土壤微生物、土壤性质的协同变化, 各因子相互作用共同适应又构成对气候变化的反馈。

磷脂脂肪酸法分析微生物群落可以敏感地反映环境条件的变化, 可以适用于不同的土壤类型^[11]。该方法也存在一些缺点: 不能在物种水平上指示哪些种群发生的变化, 单一 PLFA 只能表示基于一定 PLFA 功能类群划分的一类微生物, 而不能指示其进化分类关系。不同种微生物的 PLFAs 的标准化定量、检测技术和定性解读工作还需要完善。尽管 PLFA 方法可以提取培养和未培养的微生物, 但也只是一部分的 PLFA 被提取出来, 提取方法急需改进。但是, PLFA 方法在土壤微生物定量、三大类群微生物群落及特定微生物类群(好养、厌氧微生物)群落结构变化的研究方面具有优势, 未来应结合培养方法(BIOLOG)和分子生物学方法(DGGE、基因芯片技术或高通量测序技术)更加全面地表征土壤微生物^[4, 9]。

4 结论

在气候变化的背景下, 研究潮土农田土壤微生物受气候变化的影响对于农田养分管理具有非常重要的意义。本研究基于在中国东部热量梯度带(冷温带海伦、暖温带封丘、中亚热带鹰潭)设置的土壤移置试验, 结合 PLFA 分析方法, 研究了潮土移置到不同气候条件下 6 年后土壤微生物群落结构的变化。研究结果表明, 气候条件变化显著影响了土壤微生物的群落结构, 温度、降雨和土壤有机质是影响微生物群落的主控因子。在种植玉米的潮土中, 土壤微生物总 PLFAs、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、细菌和放线菌 PLFAs 含量均表现为海伦 > 封丘 > 鹰潭, 而真菌/细菌比值在冷温带的移置潮土中最低。在 6 年的潮土置换试验中, 由于气候条件的变化影响到作物地上部的生长和地下部分土壤微生物群落的变化, 导致土壤理化性质的变化, 尤其是土壤有机质水平随着水热条件的升高而下降。

参考文献:

- [1] Falkowski PG, Fenchel T, Delong EF. The microbial engines that drive Earth's biogeochemical cycles[J]. Science, 2008, 320(5 879): 1 034-1 039
- [2] IPCC. Summary for policymakers, in Climate Change 2007: The Scientific Basis. Contribution of the Working Group I

- to the Fourth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change[M]. New York: Cambridge University Press, 2007
- [3] Andrews T, Forster PM. The transient response of global-mean precipitation to increasing carbon dioxide levels[J]. *Environmental Research Letters*, 2010, 5(2): 1–6
- [4] Zhou J, Xue K, Xie J, Deng Y, Wu L, Cheng X, Fei S, Deng S, He Z, Nostrand JDV, Luo Y. Microbial mediation of carbon-cycle feedbacks to climate warming[J]. *Natural Climate Change*, 2012, 2: 106–110
- [5] Waldrop MP, Firestone MK. Response of microbial community composition and function to soil climate change[J]. *Microbial Ecology*, 2006, 52(4): 716–724
- [6] Link SO, Smith JL, Halvorson JJ, Bolton H. A reciprocal transplant experiment within a climatic gradient in a semiarid shrub-steppe ecosystem: Effects on bunchgrass growth and reproduction, soil carbon, and soil nitrogen[J]. *Global Change Biology*, 2003, 9(7): 1 097–1 105
- [7] Vanhala P, Karhu K, Tuomi M, Björklöf K, Fritze H, HyvÄrinen H, Liski J. Transplantation of organic surface horizons of boreal soils into warmer regions alters microbiology but not the temperature sensitivity of decomposition[J]. *Global Change Biology*, 2011, 17(1): 538–550
- [8] Lazzaro A, Gauer A, Zeyer J. Field-scale transplantation experiment to investigate structures of soil bacterial communities at pioneering sites[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, 77(23): 8 241–8 248
- [9] Zhong WH, Gu T, Wang W, Zhang B, Lin XG, Huang QR, Shen WS. The effects of mineral fertilizer and organic manure on soil microbial community and diversity[J]. *Plant and Soil*, 2010, 326(1/2): 511–522
- [10] Grayston SJ, Griffith GS, Mawdsley JL, Campbell CD, Bardgett RD. Accounting for variability in soil microbial communities of temperate upland grassland ecosystems[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2001, 33(4/5): 533–551
- [11] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: A review[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 29(2): 111–129
- [12] Bossio DA, Scow KM, Gunapala N, Graham KJ. Determinants of soil microbial communities: Effects of agricultural management, season, and soil type on phospholipid fatty acid profiles[J]. *Microbial Ecology*, 1998, 36(1): 1–12
- [13] 孙波, 郑宪清, 胡锋, 李辉信, 孔滨, 王帘里, 隋跃宇. 水热条件与土壤性质对农田土壤硝化作用的影响[J]. *环境科学*, 2009, 30(1): 206–213
- [14] 汪峰, 曲浩丽, 丁玉芳, 孙波, 崔中利, 曹慧. 三种农田土壤中氨氧化细菌 amoA 基因多样性比较分析[J]. *土壤学报*, 2012, 49(2): 347–353
- [15] 龚子同, 张甘霖. 中国土壤系统分类: 我国土壤分类从定性向定量的跨越[J]. *中国科学基金*, 2006(5): 293–296
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000
- [17] Brant JB, Sulzman EW, Myrold DD. Microbial community utilization of added carbon substrates in response to long-term carbon input manipulation[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38(8): 2 219–2 232
- [18] Zelles L, Bai QY, Rackwitz R, Chadwick D, Beese F. Determination of phospholipid-derived and lipopolysaccharide-derived fatty-acids as an estimate of microbial biomass and community structures in soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1995, 19(2/3): 115–123
- [19] Kourtev PS, Ehrenfeld JG, Haggblom M. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil[J]. *Ecology*, 2002, 83(11): 3 152–3 166
- [20] Bach LH, Grytnes JA, Halvorsen R, Ohlson M. Tree influence on soil microbial community structure[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42(11): 1 934–1 943
- [21] Allison SD, Martiny JBH. Resistance, resilience, and redundancy in microbial communities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2008, 105: 11 512–11 519
- [22] 王晓玥, 蒋瑀霁, 隋跃宇, 孙波. 田间条件下小麦和玉米秸秆腐解过程中微生物群落的变化[J]. *土壤学报*, 2012, 49 (5): 163–171
- [23] Saetre P, Baath E. Spatial variation and patterns of soil microbial community structure in a mixed spruce-birch stand[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2000, 32(7): 909–917
- [24] Kieft TL, Ringelberg DB, White DC. Changes in ester-linked phospholipid fatty-acid profiles of subsurface bacteria during starvation and desiccation in a porous-medium[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1994, 60(9): 3 292–3 299
- [25] Kourtev PS, Ehrenfeld JG, Haggblom M. Experimental analysis of the effect of exotic and native plant species on the structure and function of soil microbial communities[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2003, 35(7): 895–905
- [26] 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): 4 741–4 748
- [27] Ingwersen J, Poll C, Streck T, Kandeler E. Micro-scale modelling of carbon turnover driven by microbial succession at a biogeochemical interface[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(4): 864–878
- [28] Blagodatskaya EV, Anderson TH. Interactive effects of pH and substrate quality on the fungal-to-bacterial ratio and qCO₂ of microbial communities in forest soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1998, 30(10/11): 1 269–1 274
- [29] Bailey VL, Smith JL, Bolton H. Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2002, 34(7): 997–1 007
- [30] Jastrow JD, Amonette JE, Bailey VL. Mechanisms controlling soil carbon turnover and their potential application for enhancing carbon sequestration[J]. *Climatic Change*, 2007, 80(1/2): 5–23
- [31] Martiny JBH, Bohannon BJM, Brown JH, Colwell RK, Fuhrman JA, Green JL, Horner-Devine MC, Kane M, Krumins JA, Kuske CR, Morin PJ, Naeem S, Övreås L,

- Reysenbach AL, Smith VH, Staley JT. Microbial biogeography: Putting microorganisms on the map[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2006, 4(2): 102–112
- [32] He Z, Xu M, Deng Y, Kang S, Kellogg L, Wu L, Nostrand JDV, Hobbie SE, Reich PB, Zhou J. Metagenomic analysis reveals a marked divergence in the structure of belowground microbial communities at elevated CO₂[J]. *Ecology Letters*, 2010, 13(5): 564–575
- [33] Castro HF, Classen AT, Austin EE, Norby RJ, Schadt CW. Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(4): 999–1 007

Changes of Soil Microbial Communities in Chao Soil Under Different Climate Conditions

WANG Feng^{1,2}, JIANG Yu-ji¹, LI Chang-ming^{1,2}, SUN Bo^{1*}

(1 *State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences)*, Nanjing 210008, China; 2 *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing* 100049, China)

Abstract: Understanding the mechanisms of soil microbial community response to climate change is critical to maintain agricultural productivity and environmental sustainability in farmland ecosystem. By combining soil transplant experiment and PLFA (Phospholipid fatty acid) technique, this study explored the structure of microbial communities in Chao soil located at Hailun, Fengqiu and Yingtan for 6 years. The results unveiled that change of climate regimes altered some soil physicochemical properties. Soil organic matter (SOM) content was the highest in Hailun while lowest in Yingtan. The amounts of total PLFAs, Gram-positive, Gram-negative, bacterial and actinobacterial PLFAs were followed the sequence of Hailun > Fengqiu > Yingtan, and fungi to bacteria ratio was lowest in the Hailun. The PCA (Principal component analysis) showed that the structure of soil microbial communities were significantly affected by the changed climate regimes, and the samples located to the right along PC1 for Hailun and Fengqiu while left for Yingtan. The dominant PLFAs were 18:1 ω 7c, 16:1 ω 5c, 16:0, 18:0 and 18:2 ω 6, 9c which were easily affected by climate regimes. Stepwise multiple regression analysis showed that annual average temperature, rainfall and SOM were the dominant factors in shaping soil microbial communities. Together, these results suggested that soil exposure to new climate regime for short time could cause a significant change of microbial community, which consequently affected biogeochemical cycles in farmland ecosystem.

Key words: Microbial biomass, PLFA, Chao soil, Soil organic matter, Climate regime, Soil transplant experiment