

生态系统生境改变对土壤微生物群落结构的影响

林佳敏^{1,2}, 郑甜甜^{2*}, 袁慧兰², 鲍雪莲², 闵凯凯², 贾卫娜², 朱雪峰², 梁超²

(1. 辽宁大学, 辽宁 沈阳 110036; 2. 中国科学院沈阳应用生态研究所, 辽宁 沈阳 110016)

摘要:【目的】森林和农田生态系统的土壤有机碳和微生物群落结构存在显著差异, 为了预测生态系统对不断变化的环境条件的瞬时响应, 需明确土壤微生物群落结构对生境气候变化的响应。【方法】在我国北方地区同一纬度的森林和农田生态系统中设置土柱置换试验, 对生物标识物磷脂脂肪酸和土壤因子进行分析, 探究土柱置换两年后土壤微生物群落结构对生境改变的响应并明确影响微生物群落结构的主要土壤因子。【结果】①森林土壤置换到农田生境后, 上层土壤微生物生物量显著降低 ($P < 0.05$)。其中总微生物生物量下降了 28.2%, 细菌生物量下降了 27.9%, 真菌生物量下降了 44.1%, 革兰氏阴性菌生物量下降了 39.6%, 革兰氏阳性菌生物量下降了 18.8%, 放线菌生物量下降了 19.8%; 置换的下层土壤中仅革兰氏阴性菌生物量显著降低 ($P < 0.05$)。②农田土壤置换到森林生境后, 上层土壤各类群微生物生物量呈增加趋势, 但差异不显著; 而下层放线菌生物量和总微生物生物量显著下降 ($P < 0.05$)。③土壤微生物群落结构变化均与土壤因子显著相关, 其中土壤含水率对微生物群落结构变化的贡献率可占到 27.5%~50.9%。【结论】整体来说, 农田生境对森林土壤微生物的影响强度要大于森林生境对农田土壤微生物群落结构的影响。土壤含水率是生境改变后影响土壤微生物群落结构变化的主要因子。

关键词: 土柱置换; 土壤微生物; 磷脂脂肪酸; 土壤因子; 气候生境变化

中图分类号: S154.36 **文献标识码:** A **文章编号:** 0564-3945(2024)01-0149-12

DOI: 10.19336/j.cnki.trtb.2022070703

林佳敏, 郑甜甜, 袁慧兰, 鲍雪莲, 闵凯凯, 贾卫娜, 朱雪峰, 梁超. 生态系统生境改变对土壤微生物群落结构的影响 [J]. 土壤通报, 2024, 55(1): 149-160

LIN Jia-min, ZHENG Tian-tian, YUAN Hui-lan, BAO Xue-lian, MIN Kai-kai, JIA Wei-na, ZHU Xue-feng, LIANG Chao. Effects of Ecosystem Habitat Changes on the Response of Microbial Community Structure[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(1): 149-160

【研究意义】土壤微生物是陆地生态系统的主要调节者, 可通过分解和合成代谢直接或间接参与生态系统的物质循环和能量流动, 是保证陆地生态系统可持续发展的关键^[1-3]。由于土壤微生物与养分、土壤有机碳的数量和稳定性均具有较强的相关性, 因此土壤微生物的变化已经逐渐成为土壤质量和健康评价的生物指标之一^[4-5]。土壤微生物具有空间生物地理格局分布特征, 且不同的生境, 不同的土壤有机质背景下土壤微生物群落也有所差异, 因此生境变化对不同生态系统土壤微生物群落结构的影响也并不一致^[6]。我国温带森林与同纬度农田土壤相比, 森林土壤的有机质含量相对较高^[7-8]。另外, 森林生境气候适宜, 气温变化和缓, 相对湿度和绝对湿度

较大, 因此森林土壤微生物长期处于相对“富”的气候生境中。而农田土壤有机质含量相对较低, 农田生境气候由于暴露在阳光下时间较长, 农田土壤微生物长期处于相对“贫”的气候生境中, 因此, 森林土壤微生物生物量普遍高于农田生态系统土壤的微生物生物量^[9-10], 而不同生境中所形成的土壤微生物群落对生境干扰的响应及响应变化速度的快慢也不明确, 尤其是“富”气候的森林生境中土壤微生物对“贫”气候农田生境的响应及“贫”气候的农田生境中土壤微生物对“富”气候森林生境的响应也是不明确的, 而这对于不同有机质背景下, 土壤微生物调控土壤碳及养分对生境气候变化的反馈具有重要意义。深入认识生态系统生境的改变对不同有机质背景下

收稿日期: 2022-07-08; 修订日期: 2022-02-15

基金项目: 国家自然科学基金重点项目 (31930070)、王宽诚率先人才计划卢嘉锡国际团队 (GJTD-2019-10)、国家自然科学基金青年科学基金项目 (42107324)、沈阳市科技计划项目 (22-317-2-06) 和辽宁省博士科研启动基金计划项目 (2021-BS-016) 资助

作者简介: 林佳敏 (1998-), 女, 河北人, 硕士研究生, 主要研究方向为气候变化背景下土壤有机碳库动态与微生物参与机制研究。E-mail: 1874914002@qq.com

*通讯作者: E-mail: zhengtiantian@iae.ac.cn

的土壤微生物的影响, 可为森林和农田生态系统管理提供科学依据。

【前人研究进展】土壤微生物对外界环境气候变化具有高度敏感性^[4,11-12]。例如, 较细菌而言, 真菌对环境胁迫的耐受性较强, 其可通过分泌和释放胞外酶, 对难分解的底物具有较强的底物分解能力^[13-14]。另外, 在细菌群落中, 革兰氏阳性菌比革兰氏阴性菌对环境胁迫的抗性更强^[15], 相对更适宜在低养分环境中生存。研究认为土壤微生物群落对所处环境条件经历了长期的适应过程后, 移植到新环境条件可能迫使群落发生变化^[16-17]。生境变化可以通过影响土壤微生物群落的结构功能等内在特征影响土壤碳截获过程^[18-20]。最近的研究也表明, 在地球化学系统模型中深入的考虑土壤微生物群落及其在生物地球化学循环中的作用时, 可提高预测气候变化反馈的准确性^[21], 同时研究也表明微生物类群在调节土壤碳—气候反馈方面的重要性^[22]。

【本研究切入点】地球化学系统模型中关于生态系统生境气候下土壤微生物群落响应变化的数据支撑较少, 而气候因子又可能通过土壤地球化学成分的变化来影响微生物群落的功能结构。因此, 我们对生态系统生境变化过程中土壤微生物群落结构的响应变化及其主要的影响因子亟需深入的研究。研究表明不同气候带之间的土壤置换试验方法可以提供改变多种因素的气候变化条件。Zhao^[23]和Liu^[24]等人的研究发现土柱南移增加了土壤微生物多样性, 土柱北移降低了土壤微生物多样性。气候变暖也会导致微生物群落演替速率更快, 物种丰富度变化低, 这可能与高温下的微生物的高代谢率有关^[25]。其中, 真菌群落比细菌群落对气候变化更敏感^[26], 并且随着时间的推移, 改变气候条件可以导致稀有微生物和丰富微生物群落的连续演替, 因为稀有微生物在分类和功能上是多样的, 这有可能增加功能冗余, 增强土壤微生物群落抵御环境干扰的能力^[27]。以上开展的土柱置换试验的研究均在模拟气候变暖和变冷的土柱南移及北移, 而地球化学系统模型中关于生态系统生境气候下土壤微生物群落响应变化的数据支撑较少。Waldrop 等人在森林和邻近草原生态系统设置的土柱置换试验结果表明森林土壤转置到草原环境中, 土壤微生物群落发生了迅速的变化, 但当草原土壤转置森林环境中时, 土壤微生物群落并未发生显著变化^[28], 表明生态系统生境的变化会不

同程度的影响土壤微生物群落的组成和功能, 森林土壤中的微生物群落比草地土壤微生物对环境变化更敏感。森林和农田生态系统作为陆地生态系统的重要组成部分, 其环境气候差异较大, 土壤微生物的变化又是复杂的, 在很多方面会受到所处环境条件的影响, 然而目前关于森林和农田生态系统气候生境差异对微生物群落结构的影响的研究相对匮乏。因此本研究借助 2019 年 10 月份设置的同一纬度不同生态系统(长白山森林生态系统和吉林梨树县的农田生态系统)的土柱置换试验平台, 通过对土柱置换两年后的数据进行土壤微生物群落结构及土壤性质的分析, 从生态理论层面诠释不同生态系统生境变化下土壤微生物的响应变化, 以期加深对生境气候变化背景下关键微生物生态学过程的理解。

【拟解决的关键科学问题】探究农田生境气候对不同层次森林土壤微生物的影响及森林生境气候对不同层次农田土壤微生物的影响; 明确影响土壤微生物群落结构变化的主要土壤因子。

1 研究地区和研究方法

1.1 野外试验布设

本研究选择处于温带的森林与农田生态系统, 进行同一纬度气候带不同生态系统的异地土柱置换培养试验。森林生态系统样地位于我国长白山国家森林公园自然保护区(42°29' N, 127°46' E), 海拔 756 m, 年均降雨量大约 1040 mm, 年均温为 1.5 °C, 主要树种为红松(*Pinus koraiensis*), 试验样地 0~15 cm 和 15~30 cm 土层的土壤碳含量分别为 45.86 g kg⁻¹ 和 10.17 g kg⁻¹、全氮含量分别为 4.26 g kg⁻¹ 和 1.25 g kg⁻¹、含水率分别为 50.25% 和 27.5%、pH 分别为 5.00 和 4.81。农田生态系统样地位于我国吉林省四平市梨树县高家村(43°19' N, 124°14' E), 海拔 143 m, 年均降雨量为 614 mm, 年均温为 6.9 °C, 样地周围以宽窄行模式种植玉米, 试验样地 0~15 cm 和 15~30 cm 土层的土壤碳含量分别为 15.09 g kg⁻¹ 和 13.78 g kg⁻¹、全氮含量分别为 1.54 g kg⁻¹ 和 1.12 g kg⁻¹、含水率分别为 18.75% 和 20.5%、pH 分别为 7.65 和 7.83。2019 年 10 月开始布置试验, 挖取森林(农田) 0~15 cm, 15~30 cm, 30~45 cm, 45~60 cm 土层土壤, 去除根系后将不同土层土壤分别混合均匀后, 在森林样地(农田样地)按照土层

依次放入一个直径为 50 cm, 深度 70 cm 的上下不封顶玻璃纤维圆筒内作为原位土柱的对照处理, 玻璃纤维圆筒可以隔绝周围土壤环境如微生物、植物根系等的干扰; 按以上方法将混匀后的森林(农田)土壤按照不同土层依次放入一个玻璃纤维圆筒内并置换至农田(森林)生态系统样地(图 1)。玻璃纤维圆筒内未种植作物, 定期对样地进行除草, 样地用纱网与周围环境隔离, 防止凋落物等掉入样地。所有处理均以每个生态系统样地随机分别选取四个区域按上述操作布置重复试验。考虑到 2 年的置换试验对深层次的影响较小, 因此本文只采用 0~15 cm 和 15~30 cm 土层的数据进行分析。

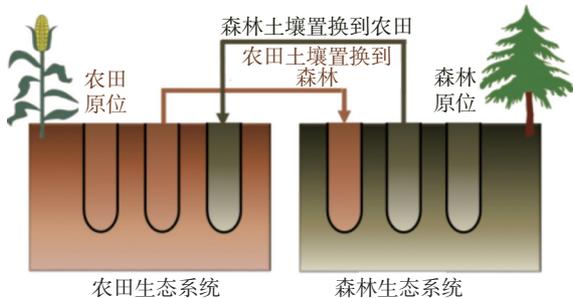


图 1 同一纬度森林和农田生态系统土柱置换试验示意图
Fig.1 Schematic diagram of soil reciprocal transplant experiments in different ecosystems at the same latitude

1.2 土壤样品采集与处理

2021 年 10 月对长白山和梨树两个试验样地中原位及置换土柱的土壤样品进行采集, 所有处理均在玻璃纤维圆筒内选取同一位置用土钻先取 0~15 cm 土层土壤, 再取 15~30 cm 土层土壤, 低温保存转运至实验室, 土壤样品过 2 mm 筛, 移除土壤样品中的石子和杂根, 用于测定磷脂脂肪酸(PLFA)的土壤样品保存在-40 °C; 测定土壤含水率(Moisture)、可溶性碳(Dissolved Organic Carbon, DOC)、速效氮(Available Nitrogen, AN, 铵态氮和硝态氮)的土壤样品存放于 4 °C; 土壤样品进行风干处理用于测定总碳(Total Carbon, TC)、总氮(Total Nitrogen, TN)和 pH 值。

1.3 土壤理化因子及土壤磷脂脂肪酸分析

风干后的土壤过 100 目筛, 根据元素分析仪的测定范围称取土壤样品, 进行全碳和全氮的测定; 称取 5 g 土壤样品, 按照水土比 5:1 的比例加入超纯水后震荡 1 h, 3500 rpm 离心 15 min, 抽滤后使用 TOC 分析仪测定 DOC; 称取 5 g 土壤样品, 按照

水土比 10:1 的比例加入 2 mol L⁻¹ 氯化钾溶液后震荡 1 h, 取出静置 30 min, 悬浊液过 0.45 μm 滤膜后使用流动分析仪测定 AN; 称取 5 g 土壤样品, 按照水土比 5:1 的比例加入超纯水后震荡 1 h, 静置 30 min 后用 pH 计测定土壤的 pH 值; 称取鲜土 105 °C 烘干至恒重即可得到土壤含水率。

将土壤样品真空冷冻干燥, 称取 4 g 土壤样品按照 0.8:1:2 的比例依次加入磷酸缓冲液、氯仿和甲醇。避光震荡后离心将上层清液倒入装有磷酸缓冲液: 氯仿为 1:1 的分液漏斗, 充分震荡后静置 8 h 以上分离氯仿相, 接着进行纯化、酯化。配置加有 19:0 内标的正己烷溶液, 使得内标浓度为 40 μg mL⁻¹, 将收集的 PLFA 用正己烷溶液充分溶解后, 在气相色谱仪(Agilent 7890B GC, Agilent Technologies, Santa Clara, CA, USA)上进行测定分析, 用 MIDI 软件("Sherlock Microbial Identification System", MIDI Inc., Newark, DE, USA)来鉴定 PLFA 峰值^[9]。根据已知的 19:0 内标浓度和土重, 计算单位土壤重量的 PLFA 含量(nmol g⁻¹), 筛选出需要的 PLFA(相对丰度 > 0.5% 以及 C 原子数 < 20)相加之和为土壤总微生物生物量^[29]。根据 PLFA 生物标识物的数据库, 分析微生物群落组成^[16]: 细菌(14:0 iso、15:0 iso、15:0 anteiso、15:1 iso ω6c、16:0 iso、17:0 iso、17:0 anteiso、17:1 iso ω9c、16:1 ω7c、16:1 ω9c、17:1 ω7c、17:0 cyclo ω7c、17:1 ω8c、18:1 ω5c、18:1 ω7c、19:0 cyclo ω7c、19:1 ω6c、21:1 ω3c、12:0、14:0、15:0、15:0 DMA、16:0、18:0、20:0)、革兰氏阳性菌(14:0 iso、15:0 iso、15:0 anteiso、15:1 iso ω6c、16:0 iso、17:0 iso 和 17:0 anteiso、17:1 iso ω9c)、革兰氏阴性菌(16:1 ω7c、16:1 ω9c、17:1 ω7c、17:0 cyclo ω7c、17:1 ω8c、18:1 ω5c、18:1 ω7c、19:0 cyclo ω7c、19:1 ω6c、21:1 ω3c)、真菌(16:1 ω5c、18:1 ω9c、18:2 ω6c)和放线菌(16:0 10-methyl、17:0 10-methyl、17:1 ω7c 10-methyl 和 18:0 10-methyl)。

1.4 统计分析

文章中所有数据结果均由 4 次重复的平均值 ± 标准误差(SE)计算得出。农田原位及置换后的土壤理化因子原数据符合正态分布, 所有 PLFA 数据、森林原位及置换后的土壤理化因子数据经对数转化后符合正态性分布。通过 SPSS 22.0 (Statistical

Graphics Crop, Princeton, USA) 对符合正态分布的数据进行统计分析, 运用配对样本 T 检验来计算森林(农田)土壤置换到同纬度农田(森林)生态系统环境后, 土壤理化因子和微生物群落发生的变化差异。通过 Canoco 软件 (version 4.5 for Windows; Ithaca, NY, US) 进行冗余分析 (RDA), 基于蒙特卡洛排列检验 (999 permutations), 确定环境因子与微生物生物量的相关关系。用 R 软件 (<http://www.Rproject.org>) 进行 MRPP (Multi Response Permutation Procedure) 分析生态系统环境变化对土壤微生物群落结构的影响。

表 1 森林和农田土壤原位及置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)土壤理化因子变化

Table 1 The changes of edaphic factors at topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) of forest and cropland *in situ* and after translocation

分组 Group	pH	含水率 Moisture (%)	全碳 Total carbon (g kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen (g kg ⁻¹)	速效氮 Available nitrogen (mg kg ⁻¹)	可溶性碳 Dissolved organic carbon (g kg ⁻¹)
森林原位上层土壤 (F ₁)	5.10 ± 0.11 a	61.7 ± 3.4 a	48.48 ± 3.85 a	4.11 ± 0.40 a	93.88 ± 9.94 a	0.45 ± 0.04 a
置换到农田的森林上层土壤 (FT ₁)	5.12 ± 0.06 a	46.8 ± 1.6 b	45.59 ± 4.09 a	3.87 ± 0.51 a	56.88 ± 3.69 b	0.38 ± 0.05 b
森林原位下层土壤 (F ₂)	5.13 ± 0.07 a	38.9 ± 2.9 a	20.17 ± 4.40 a	1.93 ± 0.36 a	48.61 ± 3.46 a	0.37 ± 0.04 a
置换到农田的森林下层土壤 (FT ₂)	4.93 ± 0.12 b	33.3 ± 2.7 a	18.65 ± 4.62 a	1.78 ± 0.39 a	59.21 ± 8.26 a	0.26 ± 0.07 b
农田原位上层土壤 (C ₁)	8.09 ± 0.04 a	24.0 ± 1.5 b	14.81 ± 1.89 a	1.48 ± 0.11 a	33.55 ± 1.92 a	0.30 ± 0.07 b
置换到森林的农田上层土壤 (CT ₁)	8.01 ± 0.09 a	29.1 ± 1.6 a	15.31 ± 1.47 a	1.46 ± 0.09 a	34.59 ± 2.38 a	0.35 ± 0.06 a
农田原位下层土壤 (C ₂)	8.13 ± 0.04 a	26.0 ± 1.1 a	14.84 ± 1.61 a	1.20 ± 0.07 a	35.21 ± 2.12 a	0.25 ± 0.04 b
置换到森林的农田下层土壤 (CT ₂)	8.09 ± 0.07 a	29.8 ± 1.8 a	14.48 ± 1.54 a	1.19 ± 0.09 a	35.41 ± 1.59 a	0.39 ± 0.02 a

注: 不同分组中, 同列不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

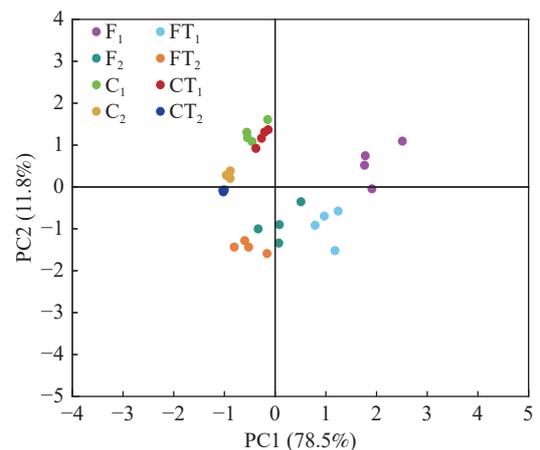
2.2 生境改变对不同层次土壤微生物群落结构的影响

PCA 结果表明, 森林土壤置换到农田生境后, 上层及下层土壤微生物群落结构均发生了显著变化 (F_1 vs FT_1 , MRPP, $A = 0.47$, $P = 0.021$; F_2 vs FT_2 , MRPP, $A = 0.25$, $P = 0.047$), 生境改变对上层土壤微生物群落结构的影响程度大于下层土壤微生物 (图 2)。磷脂脂肪酸的数据分析也发现, 森林土壤置换到农田生境后, 上层土壤微生物群落结构对生境变化的响应显著大于下层土壤 (图 3a)。具体来说, 土壤中细菌、真菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌和放线菌的生物量在上层土壤中均显著降低, 而下层土壤置换后, 只有革兰氏阴性菌生物量显著降低。另外, 由于真菌生物量的降低程度大于细菌生物量降低程度, 导致森林土壤两个层次的真菌与细菌的比值 (F/B) 均显著降低 (图 4a)。而由于革兰氏阴性菌生物量降低程度大于革兰氏阳性菌生物量降低程度, 因此两个土壤层次的革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌的比值 (G^+/G^-) 均显著升高 (图 4c)。

2 结果与分析

2.1 生境改变对不同土层土壤理化因子的影响

森林和农田土壤置换后, 生境条件的改变显著影响了土壤理化因子 (表 1)。森林土壤置换到农田生境后, 上层土壤含水率、可溶性碳、速效氮含量均显著下降, pH、全碳及全氮无显著变化; 下层土壤 pH、可溶性碳含量显著下降, 其他指标无显著变化。农田土壤置换到森林生境后, 上层土壤含水率和可溶性碳含量显著升高, pH、全碳、全氮及速效氮无显著变化; 下层土壤可溶性碳含量显著升高, 其他指标无显著变化。



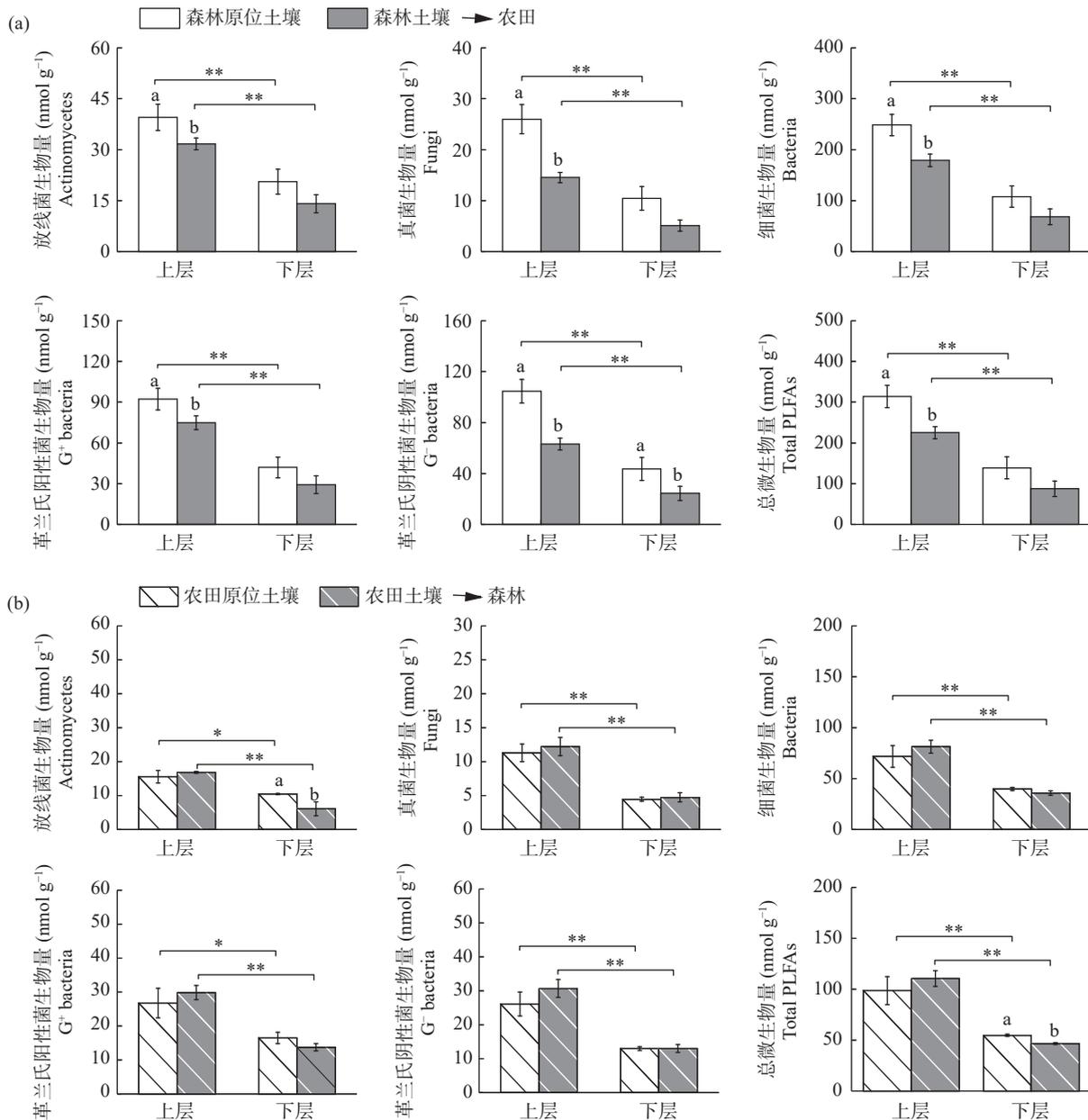
注: F_1 : 森林原位上层土壤 (0~15 cm); FT_1 : 置换到农田的森林上层土壤 (0~15 cm); F_2 : 森林原位下层土壤 (15~30 cm); FT_2 : 置换到农田的森林下层土壤 (15~30 cm); C_1 : 农田原位上层土壤 (0~15 cm); CT_1 : 置换到森林的农田上层土壤 (0~15 cm); C_2 : 农田原位下层土壤 (15~30 cm); CT_2 : 置换到森林的农田下层土壤 (15~30 cm)。

图 2 生境改变对森林和农田土壤不同层次微生物群落结构主成分分析

Fig.2 Principal component analysis (PCA) of microbial community structure in forest and cropland soils

农田土壤置换到森林生境后, PCA 结果表明上层土壤的微生物群落结构无显著变化(图 2)。磷脂脂肪酸数据分析也发现农田土壤置换到森林生境增加了上层土壤微生物生物量, 但并未呈现显著影响(图 3b)。PCA 分析发现, 森林生境使下层农田土壤微生物群落结构发生了显著变化 (C_2 vs CT_2 , MRPP, $A = 0.25$,

$P = 0.04$, 图 2)。进一步分析发现, 生境改变显著降低下层土壤放线菌生物量和总微生物生物量, 但对其他微生物群落结构无显著影响。另外, 生境改变对于农田上层和下层土壤中的 F/B 和 G^+/G^- 比值均无显著影响(图 4b, d)。



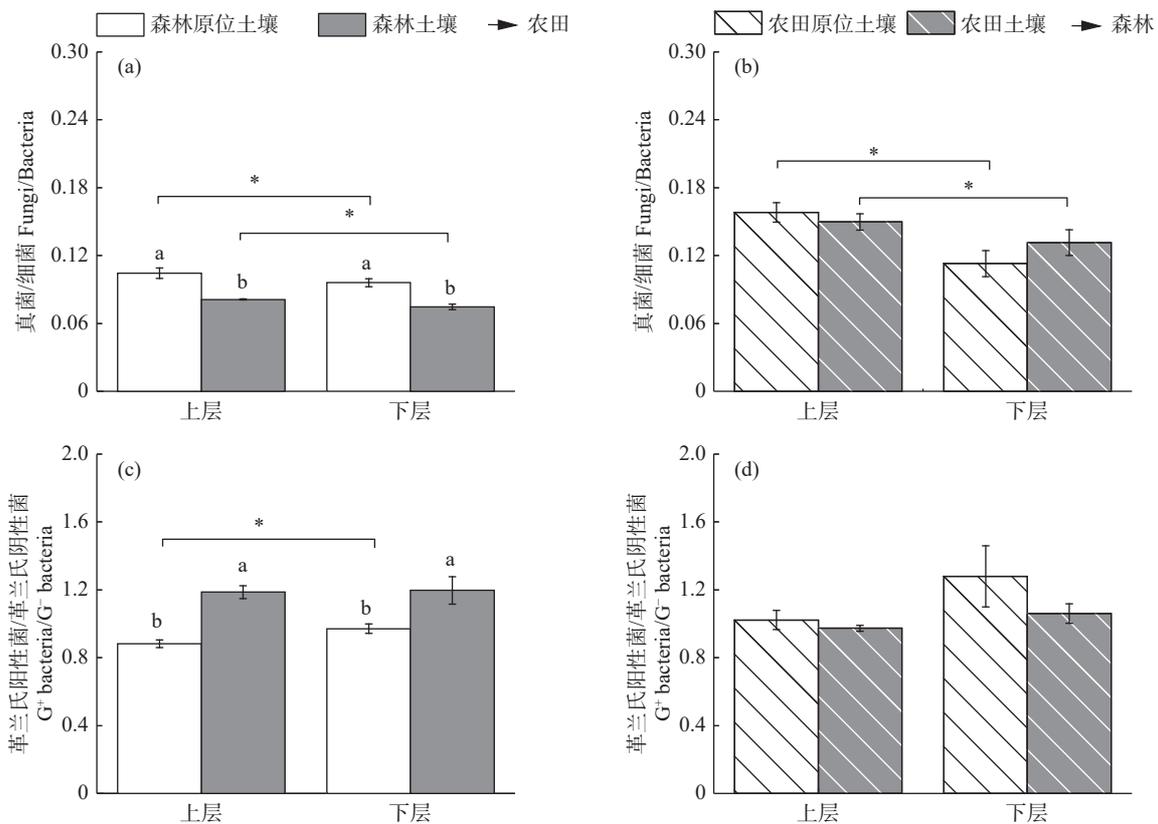
注: 不同字母表示原位土壤和置换土壤同一土层间显著差异 ($P < 0.05$), “*” ($P < 0.05$) 和 “**” ($P < 0.01$) 表示两个土层间显著差异。

图 3 森林(a)和农田(b)土壤置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)微生物群落结构变化

Fig.3 The alteration in the microbial community structure at topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) after soil translocation between forest (a) and cropland (b) ecosystem

PCA 数据表明, 森林和农田土壤的原位和置换处理中, 两个土壤层次间的微生物群落结构均具有显著差异 (F_1 vs F_2 , MRPP, $A = 0.60$, $P = 0.03$;

FT_1 vs FT_2 , MRPP, $A = 0.63$, $P = 0.03$; C_1 vs C_2 , MRPP, $A = 0.56$, $P = 0.02$; CT_1 vs CT_2 , MRPP, $A = 0.67$, $P = 0.03$, 图 2), 其中农田原位土壤两个层



注:不同字母表示在同一土层原位土壤和置换土壤之间显著差异 ($P < 0.05$), “*” ($P < 0.05$) 表示两个土层间显著差异。

图 4 森林和农田土壤置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)土壤真菌与细菌的比值(a, b)、革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌比值(c, d)

Fig.4 The ratio of fungi to bacteria (a, b) and G^+ to G^- bacteria (c, d) at topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) after soil translocation between forest and cropland ecosystem

次间微生物群落结构的差异小于农田土壤置换后两个层次间微生物群落结构的差异 (C_1 vs C_2 , MRPP, $A=0.56$, $P=0.02$; CT_1 vs CT_2 , MRPP, $A=0.67$, $P=0.03$), 说明农田土壤置换到森林生境后增加了两个层次间的土壤微生物群落结构的差异, 这可能是因为相比于下层土壤, 上层土壤对生境改变的响应快, 进而导致土壤层次之间微生物群落结构差异的增加。进一步对磷脂脂肪酸数据进行分析, 结果表明森林原位上层土壤的 G^+/G^- 显著低于下层土壤, 当森林土壤置换到农田生态系统后, 由于上层土壤中革兰氏阴性细菌的生物量显著降低, 因此导致土壤上层和下层之间的 G^+/G^- 差异由显著转变为不显著 (图 4c)。森林原位和森林置换到农田的土壤两个层次间微生物群落结构的差异无显著变化。

2.3 土壤因子对土壤微生物群落结构的影响

通过冗余分析 (RDA) 的方法探究土壤因子对整体土壤微生物群落结构的影响 (表 2, 图 5)。结果表明, 无论是森林土壤置换到农田生境中还是农田土壤置换到森林生境中, 土壤微生物群落结构变化均与土壤理化因子显著相关 (表 2, 图 5)。森林

土壤置换到农田生境后, 土壤理化因子分别解释了上层土壤和下层土壤的 96.5% 和 96.8% 的微生物群落结构变化 (图 5a, b)。其中土壤含水率和速效氮是生境改变后影响森林上层土壤微生物群落结构变化的主要因子, 分别解释了 50.9% ($P=0.002$) 和 44.8% ($P=0.022$) 的土壤微生物群落结构变化 (表 2)。进一步对影响土壤微生物群落变化的主要土壤因子与各微生物群落分类进行相关性分析, 结果表明在上层土壤中, 土壤含水率、速效氮与放线菌、细菌、真菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌呈显著正相关 (图 5a, 图 6a)。另外, 土壤含水率与 F/B 呈显著正相关, 与 G^+/G^- 呈显著负相关 (图 6a)。下层土壤微生物群落结构的变化主要与含水率显著相关, 含水率解释了 38.8% ($P=0.014$) 的土壤微生物群落结构变化 (表 2), 进一步相关性分析结果表明土壤含水率与放线菌、细菌、真菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌生物量显著正相关 (图 6b)。农田土壤置换到森林生态系统后, 土壤理化因子分别解释了上层土壤和下层土壤 86.5% 和 94.7% 的土壤微生物群落结构变化 (图 5c, d)。其中含水率是影

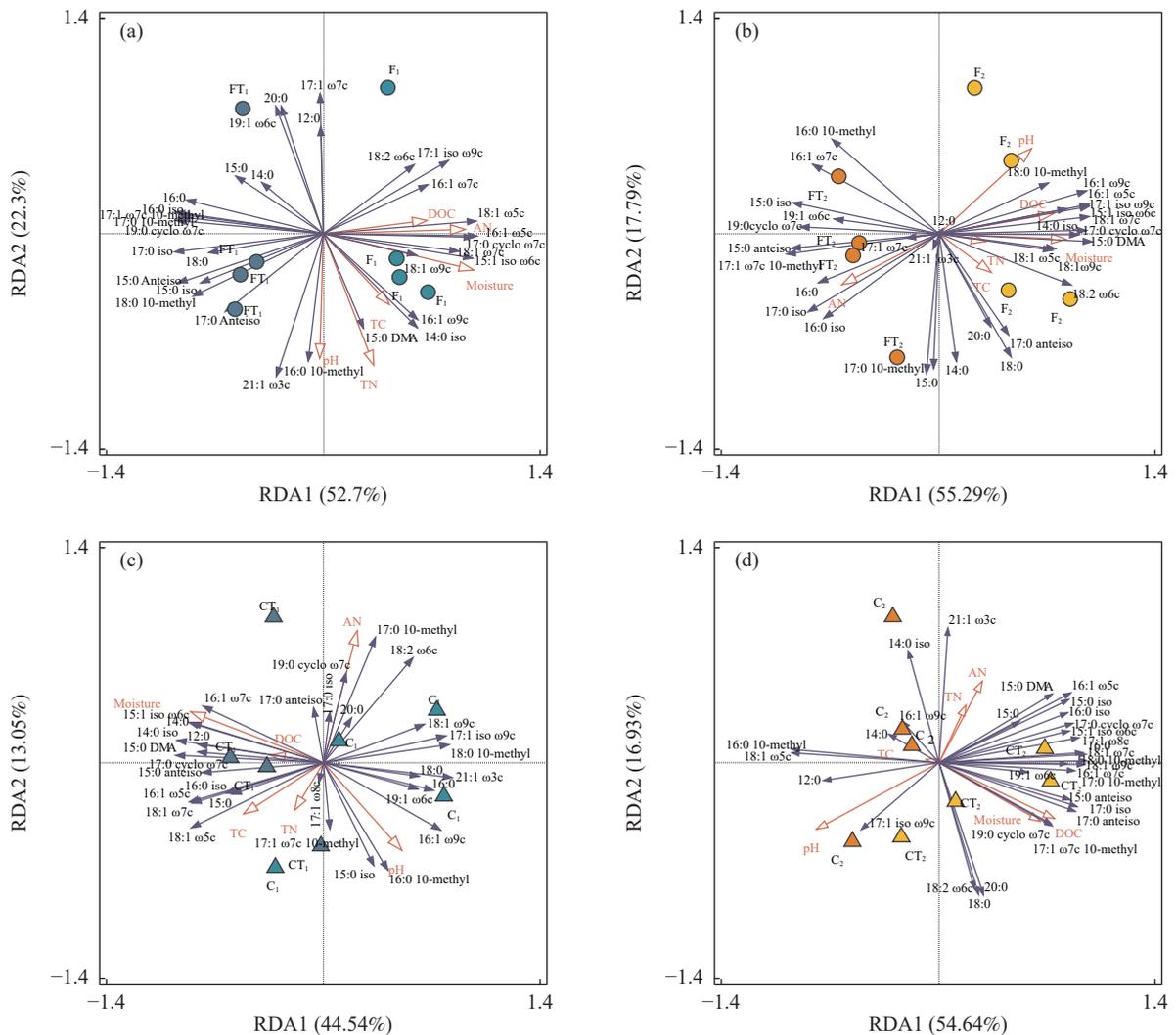
响上层土壤微生物群落结构变化的主要因子, 解释了该土层 35.6% ($P=0.012$) 的土壤微生物群落结构变化 (表 2), 含水率与革兰氏阴性菌生物量显著正相关 (图 6c)。与下层土壤微生物群落结构变化显著相关的土壤理化因子是 pH 和可溶性碳, 其分别解

释了该土层 38.4% ($P=0.018$) 和 35.4% ($P=0.03$) 的微生物群落变化 (表 2), 其中 pH 与革兰氏阴性菌、真菌、F/B 均显著负相关, 与放线菌生物量显著正相关, 可溶性碳与放线菌生物量显著负相关 (图 6d)。

表 2 森林和农田土壤置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)土壤因子与微生物群落结构冗余分析解释度

Table 2 Percentage of variance of edaphic variables in explaining variation in the soil microbial community structure at topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) after soil translocation between forest and cropland ecosystem

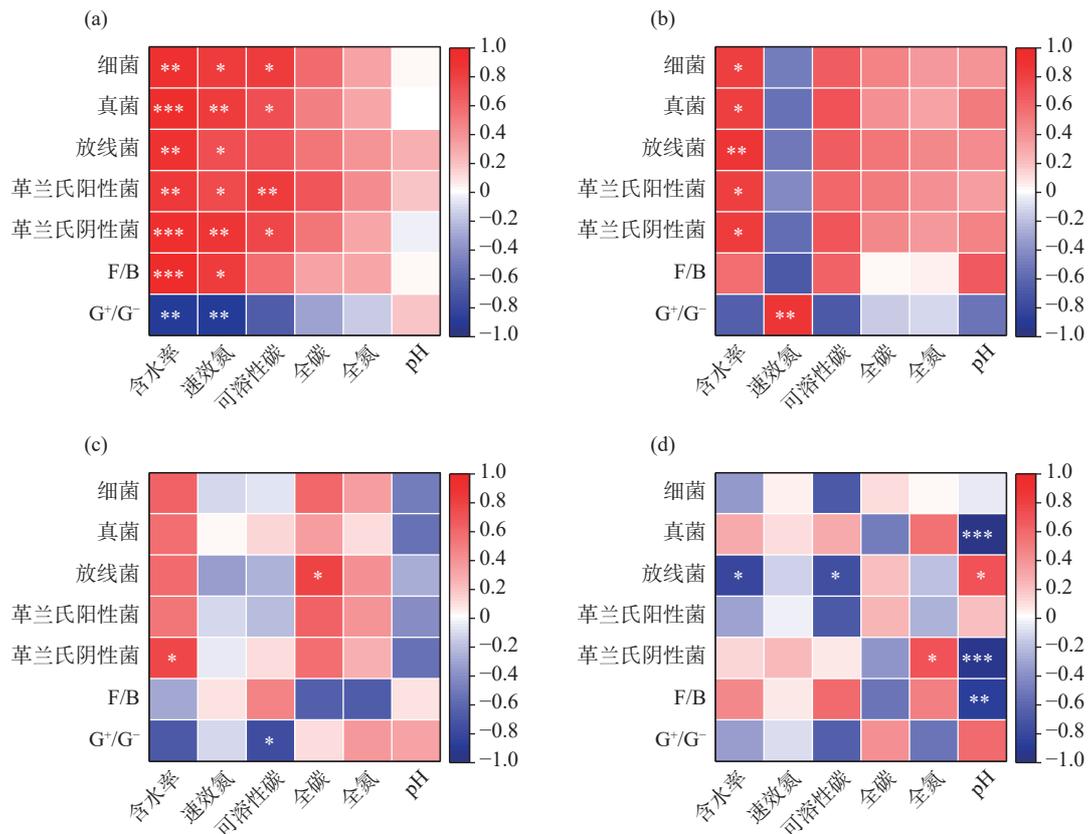
分组 Group	含水率 Moisture		速效氮 Available nitrogen		pH		可溶性碳 Dissolved organic carbon		全碳 Total carbon		全氮 Total nitrogen	
	解释率(%) Explains	P值 P value	解释率(%) Explains	P值 P value	解释率(%) Explains	P值 P value	解释率(%) Explains	P值 P value	解释率(%) Explains	P值 P value	解释率(%) Explains	P值 P value
	森林上层土壤	50.9	0.002	44.8	0.022	16.5	0.286	26	0.09	16.8	0.314	22.7
森林下层土壤	38.8	0.014	26.3	0.096	27.1	0.082	30.6	0.082	11.1	0.562	9.6	0.682
农田上层土壤	35.6	0.012	13.6	0.456	18.7	0.228	12.3	0.558	17.6	0.202	9.5	0.758
农田下层土壤	27.5	0.09	12.7	0.502	38.4	0.018	35.4	0.03	6.5	0.82	8.8	0.674



注:a: 森林上层土壤 (0~15 cm); b: 森林下层土壤 (15~30 cm); c: 农田上层土壤 (0~15 cm); d: 农田下层土壤 (15~30 cm)。

图 5 森林和农田土壤置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)土壤因子与微生物群落结构冗余分析

Fig.5 RDA analysis of edaphic factors and microbial community structure at topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) after soil translocation between forest and cropland ecosystem



注:a: 森林上层土壤(0~15 cm); b: 森林下层土壤(15~30 cm); c: 农田上层土壤(0~15 cm); d: 农田下层土壤(15~30 cm); F/B: 真菌/细菌; G⁺/G⁻: 革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌。

图 6 森林和农田土壤置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)土壤因子与微生物生物量相关性分析

Fig.6 Correlation analysis of edaphic factors and microbial biomass at topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) after soil translocation between forest and cropland ecosystem

3 讨论

3.1 生境改变对上层土壤微生物群落结构的影响

本研究表明, 置换到农田生境后的森林上层土壤中细菌、真菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌及放线菌生物量显著降低(图 3a), 同时研究发现, 对于森林土壤置换到农田生境后, 土壤含水率和速效氮是影响整个土壤微生物群落结构的主要土壤因子(表 2, 图 5a)。我们进一步对土壤因子与各个微生物分类之间的分析, 结果表明土壤含水率, 速效氮与细菌、真菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、放线菌生物量呈显著正相关(图 6)。土壤因子分析发现森林土壤置换到农田生境后, 土壤含水率, 土壤速效氮含量显著降低(表 2)。究其原因, 除森林生态系统本身降雨量大于农田生态系统外, 森林生态系统的林冠层和草本层对降水均有一定的截留能力, 而农田生态系统的功能层次结构较为单一, 水分散蒸较快, 对降水的截留能力较弱, 导致了森林土壤置换到农田生态系统后含水率下降^[30]。加之速效

氮也是水溶性的, 所以含水率降低的同时导致速效氮降低。土壤含水率及速效养分的降低可能抑制了土壤中细菌、真菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、放线菌生物量的增长。研究认为, 土壤含水率和速效养分是影响微生物生物量的重要因素^[31-32]。土壤含水率的降低会抑制土壤微生物的活性, 一方面作为营养成分输入细胞的通道, 土壤中水分的降低会导致通道变薄甚至断裂, 水溶性底物的析出沉淀, 导致微生物可利用的养分减少^[33-35]; 另一方面, 微生物细胞与环境直接接触, 当土壤含水率降低时, 为维持细胞内外渗透压, 微生物浓缩胞内物质浓度, 当浓缩达到阈值时有机体死亡, 为应对这种情况, 它们可能形成不透性的细胞壁, 导致它们不能吸收其他营养物质, 影响微生物活性^[34]。另外, 速效养分也是微生物生长的主要影响因子, 低营养环境下, 微生物会更多的分泌胞外酶去分解底物从而获得所需的能量和碳源以维持较低的生长, 所以生物量较低^[36-37]; 而高营养环境下, 微生物可直接分解可利用

底物用于自身生长,而减少胞外酶的分泌^[38-39],进而更加促进土壤微生物生物量的增加^[40]。同时我们的研究也发现土壤含水率,速效氮与 F/B 呈显著正相关,与 G^+/G^- 呈显著负相关(图 6)。这可能是由于森林土壤置换到农田生境后,速效氮与含水率的下降使得真菌生物量的降低程度大于细菌生物量降低程度(图 3a),因此降低了 F/B(图 4a)。由于细菌在水分受限的条件下反应较敏感,而相对高含水率范围内,含水率的降低对细菌影响较小^[41-43]。同时,研究发现真菌群落对硝酸盐变化响应较敏感^[36],速效氮含量的降低会导致真菌生物量降低^[37],这可能是导致真菌生物量降低程度大于细菌生物量的原因。另外,森林土壤置换到农田生境后,速效氮与含水率的下降使得革兰氏阴性菌生物量降低程度大于革兰氏阳性菌生物量降低程度,因此显著增高了 G^+/G^- (图 4c)。一般来说较高的 G^+/G^- 比值意味着所处的环境有着相对较贫的营养条件^[44]。与森林土壤置换到农田生境对土壤微生物的生物量的影响相比,森林生态系统环境对农田土壤微生物的生物量的影响相对较小,这可能是相比于森林土壤微生物而言,农田土壤微生物对环境的胁迫具有适应性,对生境改变的响应较弱。农田土壤置换到森林生境后,上层土壤微生物类群生物量均有上升趋势,但差异不显著(图 2,图 3b),同样影响土壤微生物群落结构变化的土壤因子是土壤含水率(表 2,图 5c),主要原因也是森林和农田生态系统地上植被的功能层次结构差异。再一次表明土壤含水率与土壤微生物生物量呈正相关关系,森林生境中水分的蒸发强度较农田生境弱,因此置换到森林生境的农田土壤的含水率增加,促进了农田土壤微生物的生物量的增长,但并未呈现统计学上的显著差异。

3.2 生境改变对下层土壤微生物群落结构的影响

与置换到农田生境的森林上层土壤微生物相比,置换到农田的森林下层土壤微生物的变化较小,仅革兰氏阴性细菌的生物量显著降低。冗余分析(RDA)表明,土壤含水率是影响整个土壤微生物群落结构的主要土壤因子(表 2,图 5b)。由于土壤含水率与革兰氏阴性细菌的生物量呈显著正相关(图 6b),因此我们认为对于下层土壤中革兰氏阴性细菌而言,生境改变所引起的土壤含水率的降低也降低了革兰氏阴性细菌的生物量,进而引起了土壤微生物群落结构的改变。因为革兰氏阴性细菌对

胁迫环境的响应较为敏感,因此在下层土壤中,生境的改变先引起了革兰氏阴性细菌的响应,同时,也导致了 G^+/G^- 的变化。农田土壤置换到森林后,并未显著影响上层土壤微生物的生物量,却显著降低下层农田土壤放线菌的生物量,加之细菌,革兰氏阳性菌及革兰氏阴性菌均呈下降趋势,从而使得土壤总微生物量降低,导致微生物群落结构发生显著变化(图 2,图 3b)。RDA 分析发现 pH 和可溶性碳是影响森林生境中农田下层土壤微生物群落结构的主要土壤因子(表 2,图 5d)。与农田原位下层土壤相比,置换到森林生境中的农田下层土壤的可溶性碳含量显著增高, pH 变化但并不显著,表明农田下层土壤置换到森林生境后,可溶性碳的增高可能使得放线菌的生物量降低(图 6d)。虽然目前对于放线菌的生态分类并不明确,有的研究认为放线菌对活性碳的响应较为敏感,属于富营养分类^[45],也有研究认为放线菌生长缓慢,生态行为表现得像寡营养微生物^[46]。而在我们的研究中,由于长期生存在农田的下层土壤中,我们更偏向的认为农田下层土壤中的放线菌为寡营养细菌,因此当农田下层土壤置换到森林生境中,可溶性碳含量的增加降低了放线菌的生物量。由于土壤微生物群落结构可能不由单一因素决定,是不同因素共同作用的结果^[47-48],因此我们猜测土壤微生物对于可溶性碳的利用过程可能会与 pH 的变化形成双重调控,影响森林生境中农田下层土壤微生物群落结构的改变。

综上所述(图 7),土壤含水率是影响农林生态系统生境改变下土壤微生物群落结构的主要土壤因子。森林土壤置换到农田生境两年后显著降低了森林上层土壤微生物的生物量,而农田土壤置换到森林生境两年后对农田上层土壤微生物生物量的影响并不显著,但却显著降低了下层土壤放线菌的生物量,加之细菌和革兰氏阳性菌的生物量均呈下降趋势,进而导致总微生物生物量显著下降。据此,我们认为“富”气候森林生境中的土壤微生物,经过“贫”气候农田生境的胁迫后,即使土壤有机碳和养分足够,也会显著降低上层土壤微生物生物量;而“贫”气候农田生境中的土壤微生物转置到“富”气候的森林生境中,其土壤微生物量并未显著增加。

4 结论

森林和农田生态系统的生境差异使得森林和农

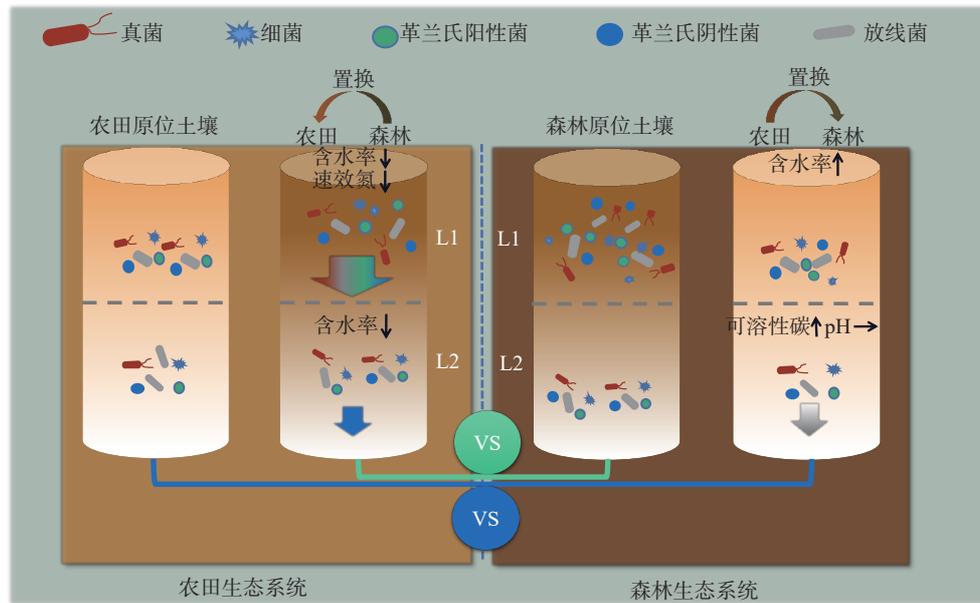


图 7 森林和农田土壤置换后上层(0~15 cm)和下层(15~30 cm)土壤因子与微生物群落结构变化示意图

Fig.7 A simplified conceptual model to explain the changes of edaphic factor and microbial community structure in the topsoil (0~15 cm) and subsoil (15~30 cm) after soil translocation between forest and cropland ecosystem

田土壤微生物的响应策略不同。森林土壤置换到农田生态系统后,森林上层土壤总微生物量、革兰氏阴性细菌、革兰氏阳性细菌、真菌及放线菌的生物量均显著下降。森林生境并未显著增加上层农田土壤微生物量,但显著降低了下层放线菌生物量和总微生物生物量。总的来说,土壤含水率是生境改变后影响土壤微生物群落结构变化的主要土壤因子。阐明森林和农田生态系统土壤微生物对生态系统生境变化的响应规律有助于正确评估不同生态系统的结构与功能及其对环境变化的抵抗潜力。

参考文献:

- [1] Lucas R W, Casper B B, Jackson J K, et al. Soil microbial communities and extracellular enzyme activity in the New Jersey Pinelands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39(10): 2508 – 2519.
- [2] Schimel J. Microbial ecology: Linking omics to biogeochemistry[J]. *Nature Microbiology*, 2016, 1(2): 15028.
- [3] Bonanomi G, Filippis F D, Cesarano G, et al. Linking bacterial and eukaryotic microbiota to litter chemistry: Combining next generation sequencing with ^{13}C CPMAS NMR spectroscopy[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 129: 110 – 121.
- [4] Hermans S M, Buckley H L, Case B S, et al. Bacteria as emerging indicators of soil condition[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2017, 83(1): 02826 – 16.
- [5] 朱永官, 彭静静, 韦中, 等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. *中国科学: 生命科学*, 2021, 51(01): 1 – 11.
- [6] Tiedje J M, Bruns M A, Casadevall A, et al. Microbes and Climate Change: a Research Prospectus for the Future[J]. *mBio*, 2022, 00800-22.
- [7] Shao P S, Liang C, Lynch L, et al. Reforestation accelerates soil organic carbon accumulation: Evidence from microbial biomarkers[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 131: 182 – 190.
- [8] Yang Y L, Xie H T, Mao Z, et al. Fungi determine increased soil organic carbon more than bacteria through their necromass inputs in conservation tillage croplands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 167: 108587.
- [9] 邵鹏帅, 解宏图, 鲍雪莲, 等. 森林次生演替和土壤层对微生物群落结构的影响[J]. *生态学杂志*, 2020, 39(5): 9.
- [10] 张常仁, 杨雅丽, 程全国, 等. 不同耕作模式对东北黑土微生物群落结构和酶活性的影响[J]. *土壤与作物*, 2020, 9(04): 335 – 347.
- [11] Kim M, Heo E, Kang H, et al. Changes in soil bacterial community structure with increasing disturbance frequency[J]. *Microbial Ecology*, 2013, 66(1): 171 – 181.
- [12] Mau R L, Liu C M, Aziz M, et al. Linking soil bacterial biodiversity and soil carbon stability[J]. *The ISME Journal*, 2015, 9(6): 1477 – 1480.
- [13] Bailey V L, Smith J L, Bolton H. Novel antibiotics as inhibitors for the selective respiratory inhibition method of measuring fungal: bacterial ratios in soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2003, 38(3): 154 – 160.
- [14] Six J, Frey S D, Thiet R K, et al. Bacterial and Fungal Contributions to Carbon Sequestration in Agroecosystems[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2006, 70(2): 555 – 569.
- [15] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological

- classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354 – 64.
- [16] Balsler T C, Firestone M K. Linking microbial community composition and soil processes in a California annual grassland and a mixed-conifer forest[J]. *Biogeochemistry*, 2005, 73: 395 – 415.
- [17] Fierer N, Schimel J P. Effects of drying–rewetting frequency on soil carbon and nitrogen transformations[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(6): 777 – 787.
- [18] Schimel J P, Schaeffer S M. Microbial control over carbon cycling in soil[J]. *Frontiers Microbiology*, 2012, 3: 348.
- [19] Zhang Q, Wu J J, Yang F, et al. Alterations in soil microbial community composition and biomass following agricultural land use change[J]. *Scientific Reports*, 2016, 6(1): 36587.
- [20] Zhao S C, Li K J, Zhou W, et al. Changes in soil microbial community, enzyme activities and organic matter fractions under long-term straw return in north-central China[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2016, 216: 82 – 88.
- [21] Wieder W R, Bonan G B, Allison S D. Global soil carbon projections are improved by modelling microbial processes[J]. *Nature Climate Change*, 2013, 3(10): 909 – 912.
- [22] Li H, Yang S, Semenov M V, et al. Temperature sensitivity of SOM decomposition is linked with a K-selected microbial community[J]. *Global change biology*, 2021, 27(12): 2763 – 2779.
- [23] Zhao M X, Xue K, Wang F, et al. Microbial mediation of biogeochemical cycles revealed by simulation of global changes with soil transplant and cropping[J]. *The ISME Journal*, 2014, 8(10): 2045 – 2055.
- [24] Liu S S, Wang F, Xue K, et al. The interactive effects of soil transplant into colder regions and cropping on soil microbiology and biogeochemistry[J]. *Environmental Microbiology*, 2014, 17(3): 566 – 576.
- [25] Liang Y T, Jiang Y J, Wang F, et al. Long-term soil transplant simulating climate change with latitude significantly alters microbial temporal turnover[J]. *The ISME Journal*, 2015, 9(12): 2561 – 2572.
- [26] Zhao M X, Sun B, Wu L W, et al. Dissimilar responses of fungal and bacterial communities to soil transplantation simulating abrupt climate changes[J]. *Molecular Ecology*, 2019.
- [27] Liang Y T, Xiao X, Nuccio E E, et al. Differentiation strategies of soil rare and abundant microbial taxa in response to changing climatic regimes[J]. *Environmental microbiology*, 2020, 22(4): 1327 – 1340.
- [28] Waldrop M P, Firestone M K. Response of microbial community composition and function to soil climate change[J]. *Microbial Ecology*, 2006, 52(4): 716 – 724.
- [29] Liang C, Gutknecht J L, Balsler T C. Microbial lipid and amino sugar responses to long-term simulated global environmental changes in a California annual grassland[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6: 385.
- [30] 王轶浩, 王彦辉, 李振华, 等. 重庆铁山坪马尾松天然次生林降雨截持与贮水特征[J]. *生态学报*, 2021, 41(16): 6542 – 6551.
- [31] Landesman W J, Nelson D M, Fitzpatrick M C. Soil properties and tree species drive β -diversity of soil bacterial communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 76: 201 – 209.
- [32] Andre F C, Chantal H, Keith H, et al. Thirty-seven years of soil nitrogen and phosphorus fertility management shapes the structure and function of the soil microbial community in a Brown Chernozem[J]. *Plant and Soil*, 2009, 315(1/2): 137 – 184.
- [33] Brockett B F, 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[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 44(1/2): 9 – 20.
- [34] Schimel J P. Life in Dry Soils: Effects of Drought on Soil Microbial Communities and Processes[J]. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 2018, 49(1): 409 – 432.
- [35] Carson J K, Gonzalez-Quinones V, Murphy D V, et al. Low pore connectivity increases bacterial diversity in soil[J]. *Applied and environmental microbiology*, 2010, 76(12): 3936 – 3942.
- [36] Francioli D, Schulz E, Lentendu G, et al. Organic Amendments: Microbial Community Structure, Activity and Abundance of Agriculturally Relevant Microbes Are Driven by Long-Term Fertilization Strategies[J]. *Frontiers in microbiology*, 2016, 7: 1446.
- [37] 杨寅, 邱钰明, 王中斌, 等. 不同主伐方式对兴安落叶松(Larix gmelinii)根际土壤理化性质及微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2020, 40(21): 7621 – 7629.
- [38] Burns R G, DeForest J L, Marxsen J, et al. Soil enzymes in a changing environment: current knowledge and future directions[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 58: 216 – 234.
- [39] Castle S C, Sullivan B W, Knelman J, et al. Nutrient limitation of soil microbial activity during the earliest stages of ecosystem development[J]. *Oecologia*, 2017, 185(3): 513 – 524.
- [40] Zheng T T, Liang C, Xie H T, et al. Rhizosphere effects on soil microbial community structure and enzyme activity in a successional subtropical forest[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2019, 95(5).
- [41] Bouskill N J, Lim H C, Borglin S, et al. Pre-exposure to drought increases the resistance of tropical forest soil bacterial communities to extended drought[J]. *The ISME Journal*, 2013, 7(2): 384 – 394.
- [42] Na X F, Yu H L, Wang P, et al. Vegetation biomass and soil moisture coregulate bacterial community succession under altered precipitation regimes in a desert steppe in northwestern China[J]. *Soil Biology Biochemistry*, 2019, 136: 107520.
- [43] Ding X L, Chen S Y, Zhang B, et al. Warming yields distinct accumulation patterns of microbial residues in dry and wet alpine grasslands on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2020, 56.
- [44] Rajendran N, Matsuda O, Rajendran R, et al. Comparative description of microbial community structure in surface sediments

- of eutrophic bays[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 1997, 34(1): 26 – 33.
- [45] Wang X X, Zhang W, Zhou F, et al. Distinct regulation of microbial processes in the immobilization of labile carbon in different soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 142: 107723.
- [46] Li J, Zhu T, Singh B K, et al. Key microorganisms mediate soil carbon-climate feedbacks in forest ecosystems[J]. *Science Bulletin*, 2021, 66(19): 2036 – 2044.
- [47] Bååth E, Anderson T H. Comparison of soil fungal/ bacterial ratios in a pH gradient using physiological and PLFA-based techniques[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(7): 955 – 963.
- [48] 姜懿珊, 孙迎韬, 张 干, 等. 森林土壤微生物与植物碳源的磷脂脂肪酸及其单体同位素研究[J]. *地球化学*, 2022, 51(1): 9 – 18.

Effects of Ecosystem Habitat Changes on the Response of Microbial Community Structure

LIN Jia-min^{1,2}, ZHENG Tian-tian^{2*}, YUAN Hui-lan², BAO Xue-lian², MIN Kai-kai²,
JIA Wei-na², ZHU Xue-feng², LIANG Chao²

(1. Liaoning University, Shenyang 110036, China; 2. Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China)

Abstract: [Objective] There exists significant differences in soil organic carbon and microbial community structure between forest and cropland ecosystems. It is possible to clarify the response of soil microbial communities to changes in habitat climate in order to predict the transient response of ecosystems to changing environmental conditions. [Method] Soil translocation experiments were set up between forest and cropland ecosystems in the the northern of China. The study explored the microbial community structure after cropland soil translocated to forest ecosystem and forest soil translocated to cropland ecosystem for two years using biomarker-phospholipid fatty acids, and analyzed the edaphic factors for to investigate the relationships between the alteration of microbial community structure and edaphic factors under changed climate habitats in forest and cropland ecosystems. [Result] ① The biomass of all microbial groups in the topsoil decreased significantly after the forest soil translocated to the cropland ecosystem ($P < 0.05$). Specially, the total microbial biomass, bacterial biomass, fungal biomass, gram-negative bacterial biomass, gram-positive bacterial biomass and actinomycete biomass decreased 28.2%, 27.9%, 44.1%, 39.6%, 18.8% and 19.8% respectively. In the subsoil, only gram-negative bacterial biomass significantly reduced ($P < 0.05$). ② For the cropland soil translocated to the forest ecosystem, general increased in the biomass of all microbial groups at the topsoil, significantly decreased in total microbial and actinomycete biomass at subsoil ($P < 0.05$). ③ The redundancy analysis showed that there was a significant correlation between the changes in soil microbial community structure and edaphic factors. The contribution of soil moisture to microbial community structure was from 27.5% to 50.9%. [Conclusion] Overall, the effect of cropland environment on forest soil microorganisms is more stronger than the influence of forest ecosystem on cropland microbial community structure. Soil moisture is the predominated to influence soil microbial community structure.

Key words: Soil translocation; Soil microorganisms; Phospholipid fatty acids; Edaphic factor; Climate change

[责任编辑: 刘轶飞]