
成都生物所揭示亚高山森林次生演替过程中土壤微生物群落动态及驱动因素

作者：writer 来源：中国科学院

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/13185.html>

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

西南亚高山森林是我国第二大林区，形成了“草-灌木-次生林-原生林”完整的连续次生演替序列。目前，未有关于该地区次生演替过程中土壤微生物群落动态及其驱动机制的研究。因此，探究西南亚高山次生演替中土壤细菌和真菌群落结构如何随植被恢复而变化的问题十分重要。

演替过程中，土壤非生物特性是调控土壤微生物群落的关键环境因素，表层土壤的质量能被土壤微生物迅速响应，还能为微生物的生存提供空间。地上植物功能性状也可导致细菌和真菌群落响应植物群落演替的变化，植物通过土壤中具有物种特异性的根系分泌物来吸引特定的根际微生物。已知土壤细菌和真菌群落会随植物性状发生变化进而反映植物生产力。在互惠反馈循环中，土壤生物区系通过调节固氮、矿质养分转化等过程来调节植物与土壤环境。然而，现有研究对土壤真菌和细菌群落状况及其与植被群落结构关系的研究有限。长期的生态学研究表明，微生物对生态系统演替过程中的环境变化非常敏感。因此，研究不同类群土壤微生物群落对亚高山次生演替的响应及影响机制，对于深刻理解亚高山森林地下生态过程及影响机制十分重要。

中国科学院成都生物研究所地表过程与生态系统管理项目组博士生强薇等在研究员庞学勇的指导下，选择西南亚高山“草-灌木-次生林-原生林”完整的次生演替序列，采用高通量测序、Mantel检验和双向相关网络分析等方法，探讨森林次生演替过程中土壤微生物群落结构变化及其驱动机制。结果表明，亚高山森林次生演替过程中土壤细菌和真菌群落结构发生了明显变化（图1）。其中，细菌群落结构与土壤酸性磷酸酶、亮氨酸氨基肽酶、土壤水分和地上植被群落显著相关，

Mortierella

）作为优势属随着演替梯度的增加而减少。相

反，Cortinarius和Russula

的比例在演替过程中增加（图3）。在探索微生物群落与植被群落关系的过程中，优势菌属反映了演替阶段和植被状况，土壤微生物群落与地上植被之间的联系随着演替进程在网络中逐渐清晰（图2），细菌群落和真菌群落均与非生物和生物因素密切相关，而优势真菌对演替的反应明显，并能与植物群落建立密切的关系。该研究对于深刻了解亚高山森林次生演替过程中土壤微生物群落的驱动机制具有重要意义。

近日，相关研究成果以Aboveground vegetation and soil physicochemical properties jointly drive the shift of soil microbial community during subalpine secondary succession in southwest

China为题，发表在Catena

上。研究工作得到国家自然科学基金、国家重点研发计划和中科院等的资助。

[论文链接](#)

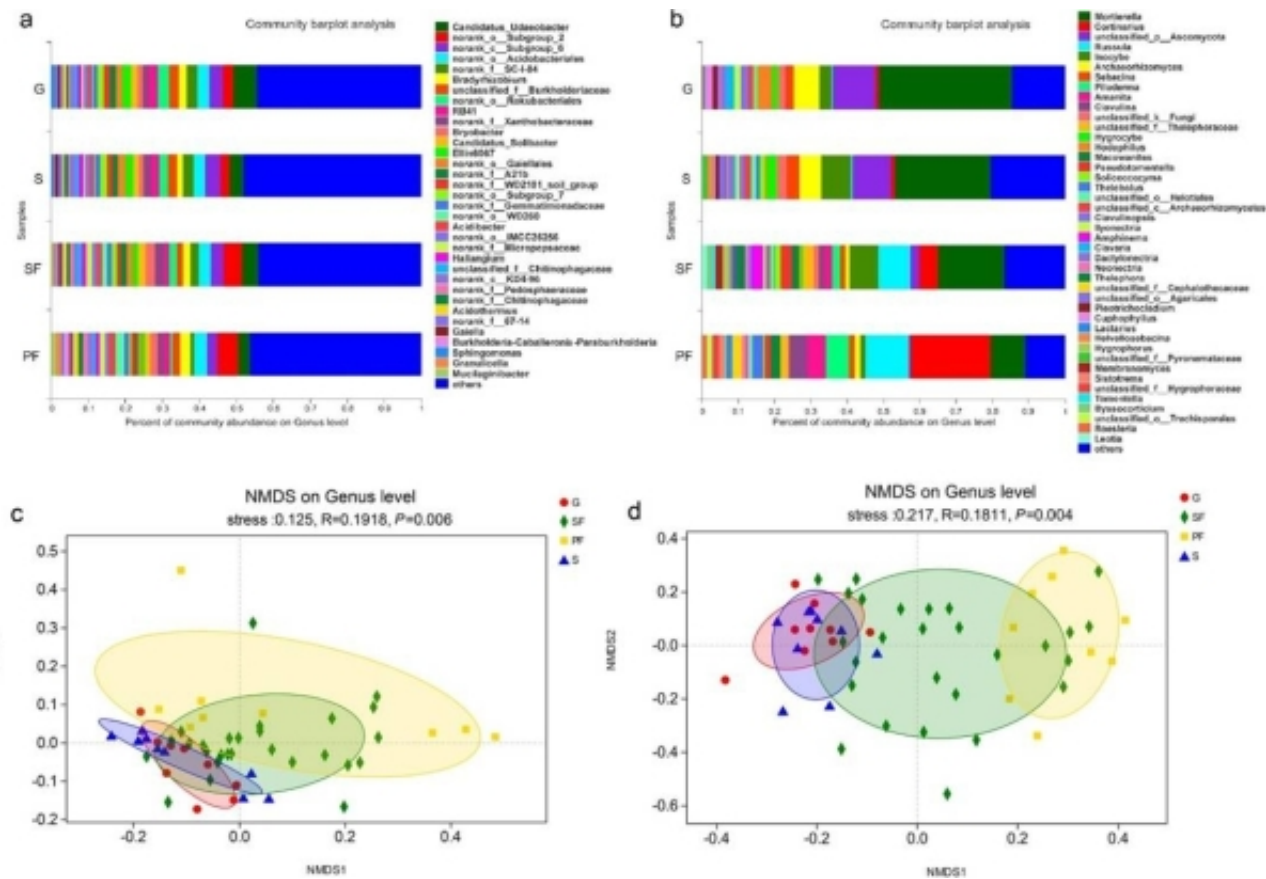


图1.土壤细菌和真菌群落的多样性及其在演替梯度上的响应

图2.不同演替阶段真菌类群与植物物种的关系网络

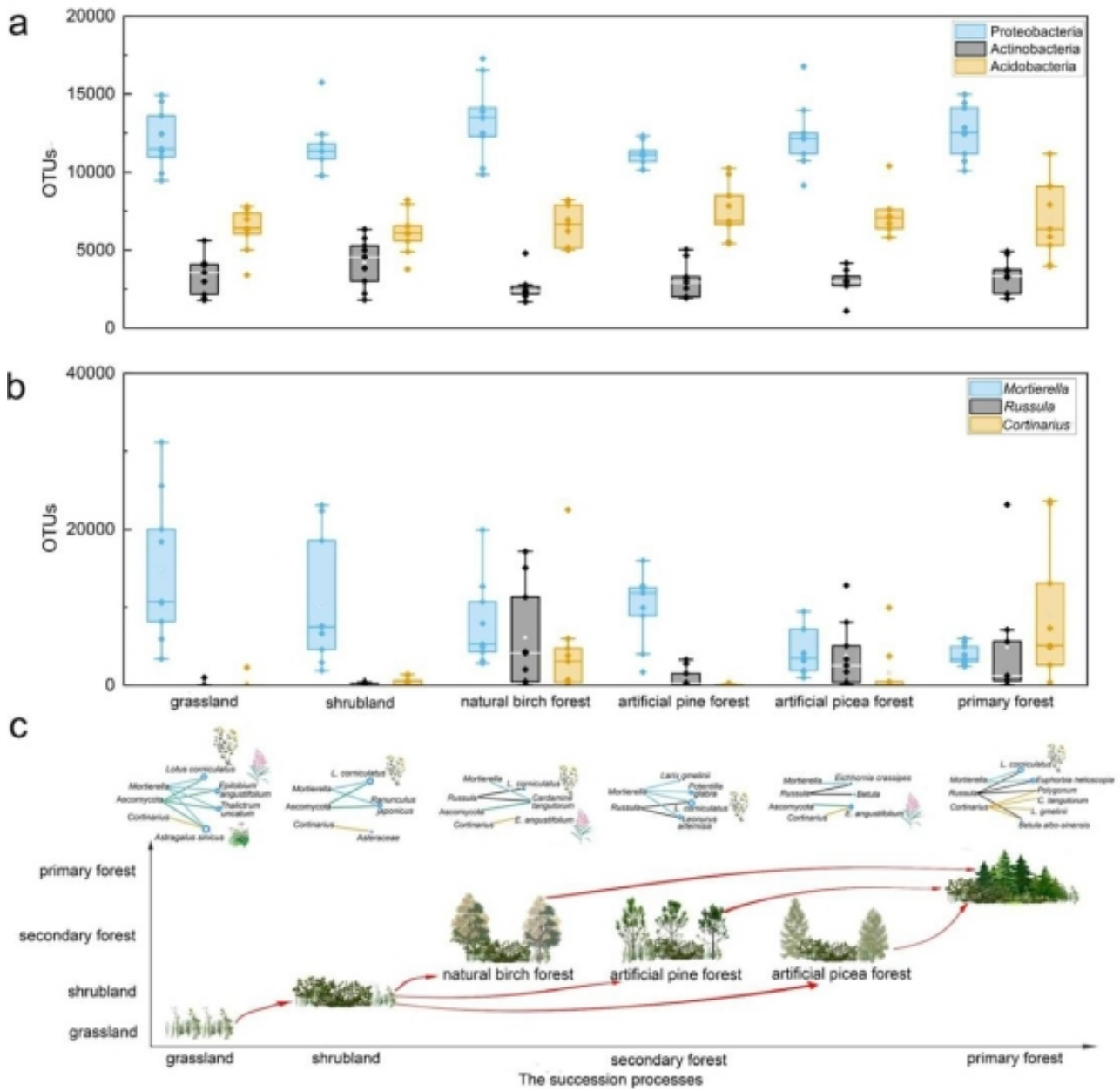


图3.高山森林土壤优势微生物群落的演替动态。图a、b代表了不同演替阶段真菌和细菌优势类群的OTUs

研究团队单位：成都生物研究所

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://www.iikx.com)转发