

DOI:10.13870/j.cnki.stbxb.2025.01.002

CSTR:32310.14.stbxb.2025.01.002

郎彩芳, 吴传敬, 许恩兰, 等. 采伐剩余物不同处理方式对杉木林土壤酸解有机碳及土壤微生物群落的影响[J]. 水土保持学报, 2025, 39(1):

LANG Caifang, WU Chuanjing, XU Enlan, et al. Effects of different logging residue treatments on acid hydrolyzed soil organic carbon fractions and soil microbial communities in a Chinese fir plantation[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2025, 39(1):

采伐剩余物不同处理方式对杉木林土壤酸解 有机碳及土壤微生物群落的影响

郎彩芳^{1,3}, 吴传敬³, 许恩兰³, 林伟盛^{1,2,3}, 刘小飞^{1,2,3}, 郭剑芬^{1,2,3}

(1.福建省植物生理生态重点实验室, 福州 350117; 2.福建师范大学地理研究所, 福州 350117;

3.福建三明森林生态系统国家野外科学观测研究站, 福建 三明 365002)

摘要: [目的]酸解有机碳是土壤中重要的有机碳组分,其质量分数变化将影响土壤微生物群落组成,为探讨土壤酸解有机碳和微生物群落对森林采伐剩余物不同处理方式的响应。[方法]对福建三明格氏栲自然保护区杉木成熟林的采伐剩余物进行清除(R)、火烧(RB)和保留(RR)3种处理,在种植杉木3a后采集不同土层(0~10、10~20 cm)土壤,对土壤酸解有机碳组分(活性组分I、II及惰性组分)和微生物群落进行研究。[结果]1)采伐剩余物处理对0~10 cm土层土壤酸解有机碳组分无显著影响。10~20 cm土层,RR和R处理下活性组分I(LPI)质量分数(7.2、6.8 g/kg)明显高于RB(4.7 g/kg)处理,RB处理活性组分II(LPII)和惰性组分(RP)质量分数(1.06、3.59 g/kg)显著低于R(1.32、7.79 g/kg)处理。RB处理0~10 cm土层土壤酸解有机碳组分质量分数均明显高于10~20 cm土层。2)0~10 cm土层RB处理微生物生物量碳质量分数(335.1 mg/g)显著低于RR和R(540、453.7 mg/g)处理,不同处理各土层土壤微生物生物量氮均无显著性差异。各土层RR处理土壤微生物生物量磷和总PLFAs质量分数都显著高于RB处理。0~10 cm土层RB处理F:B显著高于RR和R处理,RR处理GP:GN显著高于RB和R处理。3)土壤酸解有机碳组分与总微生物生物量及各微生物类群PLFAs质量分数均呈正相关。[结论]保留采伐剩余物处理有利于将不同土壤有机碳组分质量分数维持在较高水平,并对土壤微生物生物量和土壤微生物群落组成具有积极作用。研究结果对于采取合理的杉木林经营措施和提高土壤生产力有重要意义。

关键词: 土壤酸解有机碳组分;采伐剩余物处理方式;微生物群落组成;杉木林

中图分类号:S714.6

文献标识码:A

文章编号:1009-2242-(2025)01-0000-00

Effects of Different Logging Residue Treatments on Acid Hydrolyzed Soil Organic Carbon Fractions and Soil Microbial Communities in a Chinese Fir Plantation

LANG Caifang^{1,3}, WU Chuanjing³, XU Enlan³, LIN Weisheng^{1,2,3}, LIU Xiaofei^{1,2,3}, GUO Jianfen^{1,2,3}

(1.Fujian Provincial Key Laboratory for Plant Eco-physiology, Fuzhou 350117, China;

2.Institute of Geography, Fujian Normal University, Fuzhou 350117, China;

3.Fujian Sanming Forest Ecosystem National Observation and Research Station, Sanming, Fujian 365002, China)

Abstract: [Objective] Acid hydrolyzed soil organic carbon fractions are important in soil, and the changes of their contents will affect soil microbial community composition. The study aimed to investigate the response of acid hydrolyzed soil organic carbon fractions and soil microbial communities to different logging residue treatments. [Methods] Three treatments, including residue removed (R), residue burnt (RB) and residue retained (RR), were applied to a Chinese fir plantation in the *Castanopsis kawakamii* Nature Reserve in Sanming, Fujian, and soils in different soil layers (0~10, 10~20 cm) were collected three years after

收稿日期:2024-06-04

修回日期:2024-09-22

录用日期:2024-10-12

网络首发日期(www.cnki.net):

资助项目:国家重点研发计划项目(2016YFD0600304);福建省科技厅对外合作项目(202210012);福建师范大学碳中和研究院自然科学基金项目(TZH2022-01)

第一作者:郎彩芳(2000—),女,硕士研究生,主要从事亚热带森林碳循环研究。E-mail:2074831884@qq.com

通信作者:郭剑芬(1977—),女,教授,博士,主要从事森林碳循环与全球变化研究。E-mail:jfguo@fjnu.edu.cn

<http://stbxb.alljournal.com.cn>

planting young Chinese fir to study acid hydrolyzed soil organic carbon fractions (labile fraction I, II and recalcitrant fraction) and microbial community. [Results] 1) Different logging residue treatments had no significant effect on acid hydrolyzed soil organic carbon fractions in the 0~10 cm soil layer. In the 10~20 cm soil layer, the content of labile fraction I (LP I) was significantly higher in the RR (7.2 g/kg) and R (6.8 g/kg) treatments than in the RB (4.7 g/kg) treatment, and the contents of labile fraction II (LP II, 1.06 g/kg) and recalcitrant fraction (RP, 3.59 g/kg) in the RB treatment were significantly lower than those in the R treatment (1.32 and 7.79 g/kg, respectively). The contents of acid hydrolyzed soil organic carbon fractions in the 0~10 cm soil layer of the RB treatment were all significantly higher than those in the 10~20 cm soil layer. 2) The microbial biomass carbon content of the RB treatment in the 0~10 cm soil layer (335.1 mg/g) was significantly lower than that of the RR (540 mg/g) and R (453.7 mg/g) treatments, but there was no significant difference in soil microbial biomass nitrogen in each soil layer among different treatments. Soil microbial biomass phosphorus content and total PLFAs in the two soil layers were significantly higher in the RR treatment than in the RB treatment. In the 0~10 cm soil layer, the F : B ratio was significantly higher in the RB treatment than in the RR and R treatments, while GP : GN ratio was significantly higher in the RR treatment than in the RB and R treatments. 3) There were positive correlations between acid hydrolyzed soil organic carbon fractions and total microbial biomass and PLFAs content of each microbial taxon. [Conclusion] Retention of logging residue treatments facilitated the maintenance of different soil organic carbon fractions at high levels and had a positive effect on soil microbial biomass and soil microbial community composition. This study is of great significance for taking reasonable management measures of Chinese fir plantations and improving soil productivity.

Keywords: acid hydrolyzed soil organic carbon fractions; logging residue treatments; microbial community composition; Chinese fir plantation

Received: 2024-06-04

Revised: 2024-09-22

Accepted: 2024-10-12

Online(www.cnki.net):

森林土壤碳(C)库是陆地生态系统中最大的碳库, 占全球陆地生态系统碳储量的 16%~26%^[1], 且土壤中的碳质量分数远高于植被或大气的碳质量分数, 即使是土壤有机碳(SOC)库的微小变化也使大气中的 CO₂ 发生显著变化^[2], 因此, 土壤有机碳在应对气候变化和实现碳中和方面发挥着举足轻重的作用。伐木作业产生大量的植被残留物可为土壤提供营养物质, 是森林土壤有机质的重要来源和土壤肥力的基础。采伐残留物不同的处理方式显著影响土壤有机碳组分。LI 等^[3]研究表明, 清除采伐残留物可通过减少凋落物输入和改善土壤环境以提高分解速度来降低土壤有机碳质量分数。保留采伐残留物使有机质输入土壤, 增加土壤有机碳的质量分数, 提高土壤的养分, 有利于植物的生长。与其他 2 种处理方式相比, 采伐残留物火烧对土壤理化性质的影响更为强烈, 通过土壤有机质的燃烧, 释放出可供植物吸收的营养物质, 从而改变森林生态系统中的有机碳库。目前, 关于采伐残留物处理方式对土壤酸解有机碳组分的影响及主要影响因素仍待进一步研究, 有利于选择合理的采伐残留物处理方式来维持土壤有机碳的稳定性。

微生物是土壤生态系统中最活跃的组成部分, 碳输入的数量和质量的变化明显影响微生物群落对底物的利用^[2]。微生物可将部分活性碳转化为惰性碳, 促进土壤碳积累。采伐剩余物的不同处理方式不仅可改变微生物生存所需营养物质的质量分数, 而且可改变土壤特性, 从而影响土壤有机质分解、微生物残体及其代谢产物累积等微生物过程^[4]。例如, 保留采伐剩余物为微生物生长创造适宜的环境, 而清除采伐剩余物却使土壤养分损失, 造成土壤微生物生长受抑制。采伐剩余物火烧虽然可使营养元素在短时间内大量释放出来, 但是, 高温使土壤中的许多微生物死亡, 所以, 火烧迹地大多不利于微生物生长^[5]。然而, 有关采伐剩余物不同处理方式对土壤微生物群落存在的影响仍需深入研究, 对探讨不同林地管理土壤碳固持机制有重要意义^[6]。

硫酸水解土壤有机碳的分组方法将土壤有机碳分为活性碳(LOC)和惰性碳(ROC), 是土壤酸解有机碳的主要组分, 通常被当作土壤碳动态的关键指标。因此, 酸解有机碳可更精准地评估土壤有机碳的稳定性, 更准确地分析土壤有机碳组分与土壤微生物群落组成

的关系。土壤酸解有机碳组分变化除与土壤自身性质有关外,还与微生物群落组成存在着密切的关系。THROCKMORTON 等^[7]研究表明,土壤微生物群落表现出特定的碳底物利用偏好。土壤中碳基质可用性的变化可能导致土壤微生物群落组成的可预测变化。土壤微生物可通过调整其群落结构、代谢和底物利用策略来适应碳底物的变化^[8]。例如,土壤中活性有机碳质量分数低可能刺激细菌对养分的竞争,从而引起微生物群落组成的变化^[9];而添加不稳定有机物后微生物群落组成以生长速率和吸收养分能力最具竞争力的种群为主^[10]。目前,有关土壤酸解有机碳组分与微生物群落的关系仍值得深入研究。

杉木是中国特有的速生用材树种。根据第九次全国森林资源清查结果^[1],杉木人工林面积达 17×10^6 hm^2 ,占全国人工林面积的 24%,它们在固碳、涵养水分等生态功能方面发挥着重要作用。对森林采伐剩余物进行保留、清除和火烧处理是我国林区主要的经营管理措施,而不得当的管理常导致土壤养分流失等问题,所以,为选出合理的经营方式,有必要对其展开研究。由于采伐剩余物处理方式对土壤酸解有机碳组分和微生物群落组成的影响研究还不够深入,因此,拟对福建省三明格氏栲自然保护区内 40 余年生的杉木成熟林采伐后的剩余物进行不同的处理(清除、火烧和保留),在种植杉木幼林 4 a 后分析 0~10,10~20 cm 土层中土壤酸解有机碳组分和微生物群落组成差异,并探究它们之间的关系,研究结果可为我国南方杉木人工林的可持续经营提供理论基础。

1 材料与方 法

1.1 研究区概况与试验设计

试验样地位于福建省三明格氏栲自然保护区内

($117^{\circ}27'30'' \sim 117^{\circ}29'26''\text{E}$, $26^{\circ}09'39'' \sim 26^{\circ}12'09''\text{N}$),于 1964 年造林,林分密度为 3 000 株/ hm^2 ,有白花龙、杜荃山和 华山姜等 154 种林下植被,该区位于武夷山东段的支脉,地形主要是低山丘陵(海拔 250~500 m),土壤主要为红壤,属亚热带季风气候,雨热同期,四季分明。年降水量约 1 700 mm,年平均气温 19.5 $^{\circ}\text{C}$,7—8 月为降水集中期^[11],2014 年 7 月先将样地内 40 多年生杉木皆伐,此时保留密度为 1 200 株/ hm^2 ,坡度 30°,坡向 SW 25°,林分郁闭度为 0.62。取走树皮和树干,对样地内的采伐剩余物(叶、枝等)设置清除、火烧和保留 3 种处理方式,每种处理方式设置 3 个 15 m \times 15 m 的试验样地,样地按随机区组排列。同时,种植地径与苗高相近的 2 a 生杉木幼苗,每块样地种植 56 株^[12]。在 2018 年 7 月采集土壤样品,此时表面采伐剩余物已几乎完全分解,根据“S”形取样法随机选取 5 个取样点,去除表面凋落物后在 0~10、10~20 cm 土层分别取样。将钻取的土壤混合均匀后,立刻放进保温箱冷藏,并带回实验室。用镊子挑出可见的动植物残体后,一部分用来测定土壤理化性质和微生物;另一部分先放在室温中风干,再过 0.15 mm 的筛用来测定土壤总碳、活性碳和惰性碳等指标。

1.2 土壤理化性质测定

土壤 pH 通过使用 pH 计(STARTER 300, OHAUS, USA)来测定(水:土为 2.5:1),土壤碳氮元素分析仪(Elemental Analyzer Vario EL III, 德国)测定土壤总有机碳和全氮,用去离子水(水:土为 4:1)浸提后,分别用总有机碳分析仪(TOC-VC PH, 日本)和连续流动分析仪(Skalar San++, 荷兰)^[11]测定土壤可溶性有机碳和可溶性有机氮。采用高氯酸和硫酸消解钼锑抗比色法^[12]测定土壤全磷。土壤基本理化性质见表 1。

表 1 采伐剩余物各处理方式下土壤基本理化性质

Table 1 Basic soil physicochemical properties under different treatments of logging residues

土层深度/cm	处理	pH	含水率/%	总有机碳/($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	可溶性有机碳/($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全氮/($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	可溶性有机氮/($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全磷/($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)
0~10	RR	4.17 \pm 0.15a	29.13 \pm 0.04b	18.92 \pm 4.91a	55.08 \pm 0.60b	1.63 \pm 0.21a	2.73 \pm 0.98a	165.83 \pm 5.96a
	R	4.07 \pm 0.04a	31.88 \pm 0.01ab	19.09 \pm 2.97a	77.73 \pm 8.55a	1.60 \pm 0.15a	3.25 \pm 0.72a	139.72 \pm 10.00b
	RB	4.16 \pm 0.56a	34.90 \pm 0.03a	17.15 \pm 2.52a	51.56 \pm 6.53b	1.21 \pm 0.35a	2.62 \pm 1.05a	155.44 \pm 15.96ab
10~20	RR	4.13 \pm 0.17a	31.81 \pm 0.04a	14.31 \pm 3.86ab	55.63 \pm 0.86a	1.88 \pm 0.42a	2.16 \pm 2.69a	126.30 \pm 11.62a
	R	4.09 \pm 0.01a	27.59 \pm 0.01a	15.95 \pm 3.01a	47.49 \pm 8.47b	0.64 \pm 0.09b	0.19 \pm 0.21a	155.51 \pm 24.70a
	RB	4.16 \pm 0.08a	27.70 \pm 0.02a	9.43 \pm 1.01b	20.50 \pm 3.38b	1.34 \pm 0.23a	1.37 \pm 1.05a	138.14 \pm 19.56a

注:表中数据为平均值 \pm 标准差;同列不同字母表示同一土层不同处理间差异显著($p < 0.05$)。下同。

1.3 土壤有机碳组分测定

采用硫酸浸提法将土壤有机碳分为活性组分 I(可溶性糖类和淀粉等)、活性组分 II(纤维素等)和惰性组分(木质素等)3 类,在称好的土样中加入 20 mL 2.5 mol/L 的硫酸,用 105 $^{\circ}\text{C}$ 的电炉消煮 30 min 后离心,

再用 0.45 μm 的玻纤滤膜过滤(400 $^{\circ}\text{C}$ 下处理 3 h),得到主要包括淀粉等的活性组分 I(labile fraction I, LPI);将留有的土样清洗烘干,加入 2 mL 的 13 mol/L 硫酸,振荡离心,加去离子水使硫酸变成 1 mol/L,在 105 $^{\circ}\text{C}$ 下消煮 3 h 后离心并收集上清液,用 0.45 μm 滤膜过

滤,便可获得主要包括纤维素等的活性组分 II (labile fraction II, LPII);将剩下的土样继续用去离子水不断清洗后,放在 60 °C 下烘干,获得主要包括木质素等的难降解组分(recalcitrant fraction, RP)^[11]。

1.4 土壤微生物生物量碳氮磷测定

采用氯仿熏蒸-浸提法测定土壤微生物生物量碳(microbial biomass carbon, MBC)、微生物生物量氮(microbial biomass nitrogen, MBN),即称取 2 份 5 g 鲜土,一份用氯仿熏蒸 24 h,另一份不作处理,按 1:4(土:溶液)比例用 0.5 mol/L K₂SO₄ 溶液浸提,滤液经振荡、离心、过滤后使用总有机碳分析仪(TOC-VCPH, 日本)测定 MBC,使用连续流动分析仪(Skalar San++, 荷兰)测定 MBN,土壤微生物生物量磷(microbial biomass phosphorus, MBP)通过钼锑抗比色法^[13]测定。

1.5 土壤微生物群落组成测定

通过测定微生物磷脂脂肪酸(phospholipid fatty

acid, PLFA)质量分数表征土壤微生物群落组成。使用改进的 Bligh Dyer 法提取土壤微生物的 PLFA,共包括 3 个步骤,首先是提取脂类,在称取好的冻干土壤中加入甲醇:氯仿:磷酸=2:1:0.8 的缓冲液进行萃取,并振荡离心,得到的上清液中混合进 6 mL 氯仿和 4.8 mL 磷酸,避光静置一夜,将下层有机相转移,并用氮吹仪吹干;其次是分离磷脂,将样品转移到萃取柱中,加入 8 mL 氯仿洗脱中性脂,10 mL 丙酮洗脱糖脂,8 mL 甲醇淋洗,得到磷脂并吹干;最后是甲醇酯化,加入 1 mL 1:1 的甲苯与甲醇和 1 mL 0.2 mol/L 的 KOH,经过 15 min 37 °C 的水浴后,加入 2 mL 正己烷、0.3 mL 的冰醋酸及 2 mL 超纯水,并涡旋离心,将上层有机相转移后用氮吹仪吹干,之后将其溶解在 200 μL 正己烷中,用气相色谱质谱联用仪(7 890 A-5 973 C, Agilent, 美国)测定和 MIDI 微生物识别系统(MIDIInc., Newark, DE)分析微生物 PLFAs 各组分的相对质量分数^[14],各类群微生物的磷脂脂肪酸标记见表 2。

表 2 各微生物类群的生物标记

Table 2 Biomarkers of various microbial groups

微生物类群	磷脂脂肪酸标记物
革兰氏阳性菌	i14:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, a17:0
革兰氏阴性菌	16:1 w7c, 18:1 w7c, cy17:0, cy19:0, 16:1 w9c, 17:1 w8c
真菌	18:2 w6c, 18:1 w9c, 18:2 w6, 9
放线菌	10 Me16:0, 10 Me17:0, 10 Me18:0
丛枝菌根真菌	16:1 w5c

1.6 数据统计

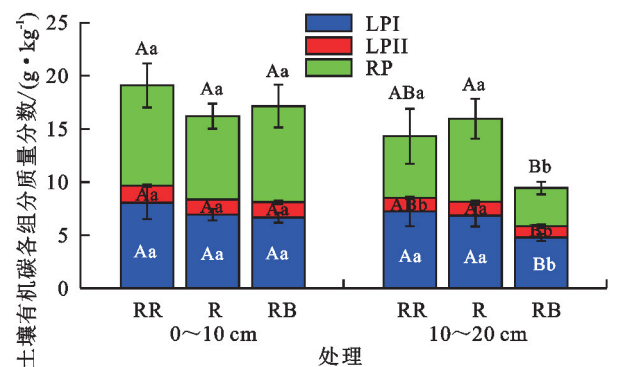
活性碳组分 I、II 及惰性碳组分之和等于土壤有机碳质量分数。采用单因素方差分析(one-way ANOVA)检验不同采伐剩余物处理或不同土层间土壤理化性质、土壤酸解有机碳组分和微生物群落组成的差异显著性。采用 Spearman 相关分析法分析土壤酸解有机碳组分与土壤微生物生物量和微生物群落组成的相关性。数据用 SPSS 21.0 软件进行分析,使用 Origin 2022 软件进行绘图。

2 结果与分析

2.1 采伐剩余物不同处理方式下土壤酸解有机碳组分

由图 1 可知,在 0~10 cm 土层,采伐剩余物不同处理土壤 LP I、LPII 和 RP 质量分数分别为 6.6~8.0、1.42~1.59、7.8~9.4 g/kg。不同处理间土壤酸解有机碳组分(LP I、LPII 和 RP)的质量分数差异均不显著($p > 0.05$)。10~20 cm 土层中, RB 处理的 LP I 质量分数(4.7 g/kg)显著低于 RR 处理(7.2 g/kg)和 R 处理(6.8 g/kg) ($p < 0.05$)。该土层土壤 LPII 和 RP 质量分数分别为 1.00~1.32、0.59~2.59 g/kg,其中, R 处理土壤 LPII 和 RP 质量分数均明显高

于 RB 处理($p < 0.05$),但与 RR 处理间差异不显著($p > 0.05$)。R 处理 0~10 cm 土层土壤, LP I、LPII 和 RP 质量分数与 10~20 cm 土层土壤均无显著差异($p > 0.05$), RR 处理 0~10 cm 土层土壤 LPII 质量分数显著高于 10~20 cm 土层, RB 处理 0~10 cm 土层土壤酸解有机碳组分质量分数都显著高于 10~20 cm 土层($p < 0.05$)。



注:图柱上方不同大写字母表示同一土层不同处理间差异显著,不同小写字母表示同一处理不同土层间差异显著($p < 0.05$)。下同。

图 1 采伐剩余物不同处理下土壤酸解有机碳各组分质量分数
Fig. 1 Contents of acid hydrolyzed soil organic carbon fractions under different treatments of logging residues

2.2 采伐剩余物不同处理方式下土壤微生物生物量和微生物群落组成

2.2.1 采伐剩余物不同处理方式下土壤微生物生物量 由图 2 可知,0~10 cm 土层 RR、R 处理土壤微生物生物量碳质量分数显著高于 RB 处理($p < 0.05$),不同采伐剩余物处理中,仅 RR 处理 0~10 cm 土层土壤微

生物生物量碳质量分数显著高于 10~20 cm 土层($p < 0.05$)。不同处理各土层土壤微生物生物量氮均无显著差异($p > 0.05$)。不同土层中均为 RR 处理土壤微生物生物量磷显著高于 RB 处理($p < 0.05$),但是,同一处理不同土层间土壤微生物生物量磷质量分数差异不显著($p > 0.05$)。

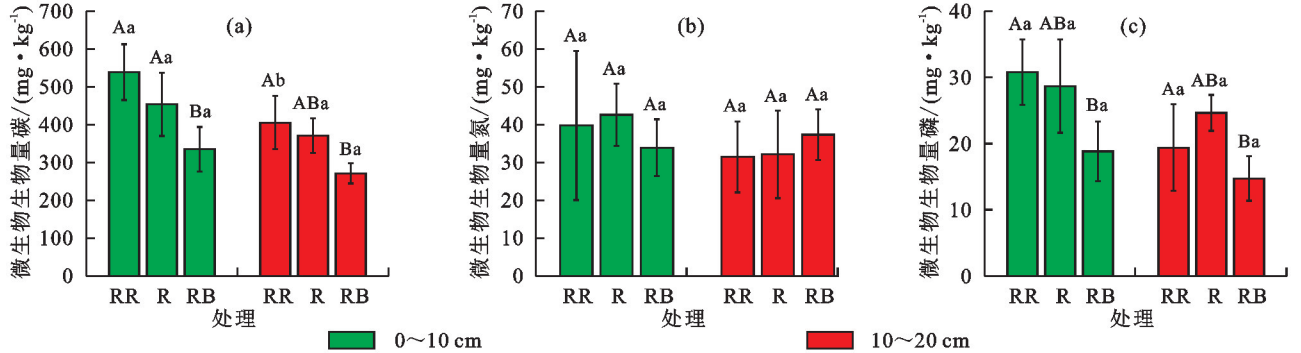


图 2 采伐剩余物不同处理下土壤微生物生物量碳氮磷质量分数

Fig.2 Soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus contents under different treatments of logging residues

2.2.2 采伐剩余物不同处理方式下土壤微生物群落组成 由表 3 可知,0~10 cm 土层中,细菌、真菌、放线菌、丛枝菌根真菌 PLFAs 质量分数和总 PLFAs 质量分数在 R 处理与 RB 处理间无显著差异($p > 0.05$),但它们均显著低于 RR 处理($p < 0.05$)。10~20 cm 土层 RR 处理土壤真菌、放线菌、丛枝菌根真菌 PLFAs 质量分数和总 PLFAs 质量分数明显高于 RB 处理($p < 0.05$)。RR

处理下 0~10 cm 土层土壤细菌、真菌、放线菌、丛枝菌根真菌 PLFAs 质量分数和总 PLFAs 质量分数均明显高于 10~20 cm 土层土壤($p < 0.05$)。在 0~10 cm 土层 RB 处理下,土壤真菌和细菌 PLFAs 质量分数的比值(F : B)显著高于 RR 和 R 处理,RR 处理土壤革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌 PLFAs 质量分数的比值(GP : GN)显著高于 RB 和 R 处理($p < 0.05$)。

表 3 采伐剩余物不同处理下土壤微生物磷脂脂肪酸质量分数

Table 3 Soil microbial PLFAs contents under different treatments of logging residues

项目	0~10 cm 土层			10~20 cm 土层		
	RR	R	RB	RR	R	RB
革兰氏阳性菌/(nmol·g ⁻¹)	30.43±7.68Aa	17.38±1.14Ba	17.01±3.48Ba	16.62±3.59Ab	13.63±3.05Aa	9.69±1.28Ab
革兰氏阴性菌/(nmol·g ⁻¹)	28.08±5.98Aa	21.02±1.32Ba	18.17±3.53Ba	17.17±2.98Ab	16.19±3.75Aa	10.48±1.86Ab
放线菌/(nmol·g ⁻¹)	16.23±3.09Aa	10.68±0.39Ba	10.24±1.48Ba	11.51±4.10Ab	8.68±1.51ABa	6.18±1.17Ba
丛枝菌根真菌/(nmol·g ⁻¹)	3.16±0.16Aa	2.28±0.25Ba	1.81±0.41Ba	1.81±0.69Ab	1.63±0.61Aa	0.80±0.15Bb
真菌/(nmol·g ⁻¹)	12.47±2.62Aa	8.26±0.71Ba	9.43±1.87Ba	7.92±2.89Ab	5.72±1.16ABa	4.39±1.08Ba
革兰氏阳性菌:革兰氏阴性菌	1.08±0.06Aa	0.83±0.01Ba	0.94±0.03Ba	0.96±0.05Aa	0.84±0.03Aa	0.94±0.16Aa
真菌:细菌	0.22±0.03Ba	0.21±0.01Ba	0.27±0.01Aa	0.23±0.04Aa	0.19±0.01Aa	0.22±0.03Ab
总磷脂脂肪酸/(nmol·g ⁻¹)	90.36±18.87Aa	59.62±3.47Ba	56.67±10.64Ba	55.02±14.09Ab	45.85±9.99ABb	31.54±4.85Bb

注:同列不同大写字母表示同一土层不同处理间差异显著;不同小写字母表示同一处理不同土层间差异显著($p < 0.05$)。下同。

2.3 采伐剩余物不同处理方式下土壤酸解有机碳组分与土壤微生物生物量和微生物群落组成的关系

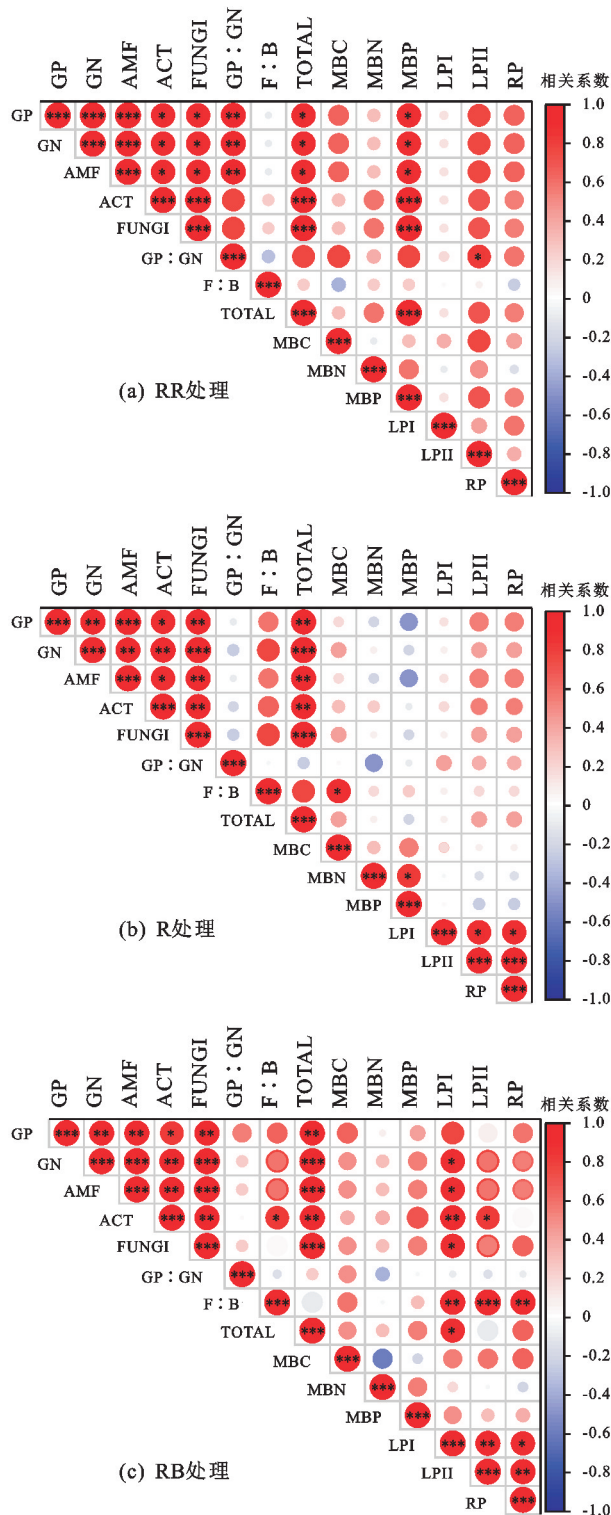
由图 3 可知,3 种处理下微生物生物量碳氮磷与 LPI、LPII 和 RP 无显著相关性($p < 0.05$)。RB 处理下,GN、AMF、ACT、FUNGI 与 LPI 呈显著正相关,ACT 与 LP II 呈显著正相关,F : B 与酸解土壤有机碳各组分均呈显著正相关,总微生物生物量(TOTAL)与 LP I 也存在显著正相关($p < 0.05$)。RR 和 R 处理下,各微生物类群与土壤酸解有机碳的各组分均呈不

同程度的正相关。

3 讨论

3.1 采伐剩余物不同处理方式对土壤酸解有机碳组分的影响

土壤有机碳在土壤肥力中发挥着关键作用,而土壤有机碳的累积易受到采伐等森林管理措施的影响,所以,研究采伐剩余物对土壤酸解有机碳组分的影响,可为选择合理经营方式来提高杉木林土壤生产力提供一定依据。



注:GP、GN、FUNGI、ACT、AMF 分别为革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、真菌、放线菌、丛枝菌根真菌;GP:GN 为革兰氏阳性菌:革兰氏阴性菌;F:B 为真菌:细菌;TOTAL 为总磷脂脂肪酸。大小和颜色表示相关性强度。*、**、*** 分别表示 $p < 0.05$ 、 $p < 0.01$ 、 $p < 0.001$ 。

图 3 土壤酸解有机碳组分与土壤微生物生物量和微生物群落组成的斯皮尔曼相关性分析

Fig.3 Spearman correlations between acid hydrolyzed soil organic carbon fractions and soil microbial biomass and microbial community composition

本研究表明,采伐剩余物保留处理亚表层土壤有机碳活性组分质量分数高于清除和火烧处理,可能是由于活性有机碳大多来源于植物凋落物,地表凋落物减少可能导致土壤活性碳的质量分数显著降低^[15],所以,火烧和清除采伐剩余物后没有地表残留物的归还使土壤中活性碳的输入减少,而保留采伐剩余物可将大量有机碳和养分归还给土壤,为微生物提供碳源,产生激发效应,从而增加活性碳组分^[10]。惰性有机碳大多数都是烷基碳,烷基碳的主要成分是长链脂肪、木栓质和角质等较稳定的土壤有机碳形态。周焘等^[16]研究表明,惰性有机碳质量分数与土壤碳固持呈显著正相关。本研究中,剩余物火烧后 10~20 cm 土层土壤惰性碳质量分数减小,说明火烧降低土壤的碳固持能力。

0~10 cm 土层各处理土壤酸解有机碳组分质量分数间差异不显著,可能是因为采伐后经过多年杉木的种植,土壤表层的采伐剩余物已几乎完全分解,取样时不同处理下表层土壤的凋落物量相差很少,且此时表层的土壤可能已出现碳饱和的状况,所以,不同处理对该土层有机碳组分的影响不能很好地表现出来。火烧处理下表层土壤各酸解有机碳组分质量分数与亚表层土壤差异明显,可能是因为采伐剩余物火烧对土壤的影响通常限于表层,且影响程度随土层深度增加而降低^[17]。

3.2 采伐剩余物不同处理方式对土壤微生物生物量的影响

不同的采伐剩余物处理可改变有机物质的输入、地上和地下小气候(例如,土壤温度和湿度),进而引起土壤微生物生物量的改变,因此,土壤微生物生物量对采伐剩余物处理方式的响应研究在评价土壤肥力乃至土壤健康方面有重要意义^[18]。本研究发现,与保留采伐剩余物相比,其他 2 种处理下微生物生物量碳的质量分数都相对下降,说明保留处理有利于提高土壤微生物生物量碳,丰富的有机质可为微生物进行自我合成和代谢提供碳源^[15]。本研究中,采伐剩余物保留处理表层土壤微生物生物量磷质量分数相对高于另外 2 种处理,可能是由于保留采伐剩余物可提高土壤中的有机碳质量分数,充足的碳源保证微生物的生长和繁殖,从而可将一些有机磷和无机磷转化为微生物生物量磷^[19]。由于森林火烧时土壤表层温度可达 500 °C,超过大部分微生物所能忍受的上限,所以,由火烧引起的高温可直接杀死大量的土壤微生物,使土壤微生物生物量下降^[20]。PELLEGRINI 等^[21]研究发现,森林中被烧毁的地块的微生物生物量约为火烧 5 a 后未被烧毁的地块的 1/3。火烧之后微生物生物量磷质

量分数显著低于保留处理,可能是由于微生物死亡之后其体内固定的磷被矿化从而转化为可利用的有效磷进入土壤中^[18],导致其质量分数下降。本研究中,随着土层深度的增加,微生物生物量逐渐减少,可能是由于夏季光照增加、温度升高,土壤表层的生物活动剧烈,促进采伐剩余物的分解,而亚表层土壤有机质和地下碳输入较少,微生物可利用的碳源少^[18,22]。

3.3 采伐剩余物不同处理方式对土壤微生物群落组成的影响

土壤微生物群落组成受到植被、凋落物等影响,采伐剩余物里不稳定碳和养分进入土壤后可为微生物提供物质和能量,进而影响土壤微生物群落组成^[23],因此,通过合理的采伐剩余物处理方式改善土壤微生物群落组成来保持土壤健康有着极其重要的意义。本研究表明,保留采伐剩余物处理 2 土层各种微生物质量分数在 3 种处理中最高,可能是由于保留采伐剩余物增加土壤有机质的输入,有利于提高微生物生物量,而清除处理使地表直接损失大量有机物,微生物生物量和代谢活性较低^[22],采伐剩余物火烧使土壤中的养分挥发,可能抑制微生物的生长^[24],使土壤微生物各类群质量分数降低。细菌与真菌的比值可反映生态系统的稳定性和土壤营养状况。本研究中,F : B 均 < 1,表明细菌占绝对优势。火烧处理下的 F : B 明显高于其他 2 种处理,可能是由于火烧处理后土壤恢复时,微生物调整自身结构用于分解更为复杂的碳,导致 F : B 呈增长趋势^[25]。此外,较高的 GP : GN 有利于土壤中惰性碳的积累^[26]。本研究中,采伐剩余物保留处理下表层土壤 GP : GN 明显高于清除和火烧处理,所以,从此角度来看,保留采伐剩余物有利于土壤碳固持。不同采伐剩余物处理下,0~10 cm 土层土壤细菌、真菌、放线菌、丛枝菌根真菌质量分数均高于 10~20 cm 土层土壤,可能是因为森林采伐或火烧对土壤微生物群落组成的影响主要体现在表层土壤,对亚表层的影响较弱,与大多数相关研究^[17,27]结果一致。

3.4 采伐剩余物不同处理方式下土壤酸解有机碳组分与土壤微生物群落的关系

本研究发现,采伐剩余物不同处理方式下土壤微生物群落组成与土壤酸解有机碳组分呈正相关,主要是因为底物碳数量和质量是土壤中微生物群落组成变化的主要驱动因素之一^[28],且有相关研究^[2]表明,土壤活性有机碳组分与土壤微生物丰度的变化有相关性。通常,真菌、放线菌门和大多数革兰氏阳性菌属于寡营养分类群(*k* 策略),而大多数革兰氏阴性菌属于富营养分类群(*r* 策略)^[20]。寡营养微生物在活

性有机碳有限或惰性有机碳丰富的土壤中富集,可通过分解惰性有机碳(烷基碳),为其新陈代谢提供能量来源,以此适应寡营养环境^[20]。富营养微生物生长得更快,能利用土壤中的活性有机碳。RB 处理下,革兰氏阴性菌与土壤有机碳活性组分 I 呈显著正相关,说明革兰氏阴性菌更喜欢利用土壤中可溶性糖类有机碳活性组分 I。本研究表明,真菌群落与有机碳组分 II 变化呈正相关,可能是由于纤维素可刺激真菌生长^[29],而且,真菌是土壤中纤维素的主要分解者^[28]。本研究中,放线菌与惰性有机碳呈正相关,与放线菌属于孢子形成细菌,可通过菌丝渗透到植物组织中来分解更多的惰性有机碳有关^[8]。本研究发现, RB 处理下,放线菌与土壤中活性有机碳呈显著正相关,与 GOLDFARB 等^[28]研究结果一致。可见,土壤微生物群落组成对不同采伐剩余物处理下土壤有机碳组分的变化起着重要的调控作用^[22]。

4 结论

采伐剩余物火烧处理使亚表层土壤酸解有机碳各组分质量分数下降,而保留处理下土壤各微生物质量分数在所有处理中达到最高,对土壤微生物产生积极的影响。土壤微生物群落组成与土壤酸解有机碳组分呈正相关。因此,不同采伐剩余物处理方式下,土壤酸解有机碳组分与微生物群落相互作用影响着土壤有机碳固持。尤其是采伐剩余物保留更有利于杉木人工林土壤持续固碳,在营林管理措施中建议优先选择此采伐剩余物处理方式。

参考文献:

- [1] WANG H L, WANG J C, ZHANG Y, et al. Spatial distribution of soil organic carbon and its response to forest growth and soil layer in *Cunninghamia lanceolata* plantations in mid-subtropical China[J]. Forest Ecology and Management, 2023, 545: e121302.
- [2] REN C J, WANG T, XU Y D, et al. Differential soil microbial community responses to the linkage of soil organic carbon fractions with respiration across land-use changes[J]. Forest Ecology and Management, 2018, 409: 170-178.
- [3] LI Y, AJLOON F H, WANG X F, et al. Temporal effects of thinning on soil organic carbon and carbon cycling-related enzyme activities in oak-pine mixed forests[J]. Forest Ecology and Management, 2023, 545: e121293.
- [4] OSBURN E D, AYLWARD F O, BARRETT J E. Historical land use has long-term effects on microbial community assembly processes in forest soils[J]. Isme Communications, 2021, 1(1): e48.
- [5] 叶钰倩. 间伐导致的杉木人工林根际土壤微生物学特性

- 差异[D].南京:南京林业大学,2019.
- YE Y Q. Thinning caused differences of microbial characteristics in rhizosphere soil of Chinese fir plantation [D].Nanjing: Nanjing Forestry University,2019.
- [6] XIANG H M, LUO X Z, ZHANG L L, et al. Forest succession accelerates soil carbon accumulation by increasing recalcitrant carbon stock in subtropical forest topsoils[J].*Catena*,2022,212:e106030.
- [7] THROCKMORTON H M, BIRD J A, DANE L, et al. The source of microbial C has little impact on soil organic matter stabilisation in forest ecosystems[J].*Ecology Letters*,2012,15(11):1257-1265.
- [8] GUO X W, LUO Z K, SUN O J. Long-term litter type treatments alter soil carbon composition but not microbial carbon utilization in a mixed pine-oak forest[J].*Biogeochemistry*,2021,152(2):327-343.
- [9] QIU H S, LIU J Y, BOORBOORI M R, et al. Effect of biochar application rate on changes in soil labile organic carbon fractions and the association between bacterial community assembly and carbon metabolism with time[J].*The Science of the Total Environment*, 2023,855:e158876.
- [10] RODRIGUEZ-RAMOS J C, CALE J A, CAHILL J F Jr, et al. Changes in soil fungal community composition depend on functional group and forest disturbance type [J].*New Phytologist*,2021,229(2):1105-1117.
- [11] 吴传敬,郭剑芬,许恩兰,等.采伐残余物不同处理方式对杉木幼林土壤有机碳组分和相关酶活性的影响[J].*土壤学报*,2019,56(6):1504-1513.
- WU C J, GUO J F, XU E L, et al. Effects of logging residue on composition of soil carbon and activity of related enzymes in soil of a young Chinese fir plantation as affected by residue handling mode[J].*Acta Pedologica Sinica*,2019,56(6):1504-1513.
- [12] 蒋宗培,籍焯,刘雨晖,等.老龄杉木人工林林下植被组成与多样性特征[J].*亚热带资源与环境学报*,2020,15(3):32-38.
- JIANG Z K, JI Y, LIU Y H, et al. Composition and diversity of understory vegetation of 50 years old Chinese fir plantation[J].*Journal of Subtropical Resources and Environment*,2020,15(3):32-38.
- [13] 张冠华,牛俊,易亮,等.不同植茶年限土壤—微生物生物量碳氮磷化学计量特征[J].*应用生态学报*,2023,34(4):969-976.
- ZHANG G H, NIU J, Y L, et al. Ecological soil and microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in tea plantations[J].*Chinese Journal of Applied Ecology*, 2023,34(4):969-976.
- [14] 宋宇迪,樊昊心,姚槐应.纳米银胁迫下土壤微生物磷脂脂肪酸的响应特征[J].*武汉工程大学学报*,2023,45(6):655-662.
- SONG Y D, FAN H X, YAO H Y. Response characteristics of soil microbial phospholipid fatty acids under silver nanoparticles stress[J].*Journal of Wuhan Institute of Technology*,2023,45(6):655-662.
- [15] 郭传阳,林开敏,郑鸣鸣,等.间伐对杉木人工林土壤微生物生物量碳氮的短期影响[J].*南京林业大学学报:自然科学版*,2020,44(5):125-131.
- GUO C Y, LIN K M, ZHENG M M, et al. Short-term effects of thinning on soil microbial biomass carbon and nitrogen in a *Cunninghamia lanceolata* plantation[J].*Journal of Nanjing Forestry University: Natural Sciences Edition*,2020,44(5):125-131.
- [16] 周焘,王传宽,周正虎,等.抚育间伐对长白落叶松人工林土壤碳、氮及其组分的影响[J].*应用生态学报*,2019,30(5):1651-1658.
- ZHOU T, WANG C K, ZHOU Z H, et al. Effects of thinning on soil carbon and nitrogen fractions in a *Larix olgensis* plantation[J].*Chinese Journal of Applied Ecology*,2019,30(5):1651-1658.
- [17] ZHANG Y K, BISWAS A. The effects of forest fire on soil organic matter and nutrients in boreal forests of North America: A review[M]//*Adaptive Soil Management: from Theory to Practices*. Singapore: Springer, 2017:465-476.
- [18] 王涛,万晓华,程蕾,等.杉木采伐迹地营造阔叶树种对土壤微生物生态化学计量特征的影响[J].*应用生态学报*,2020,31(11):3851-3858.
- WANG T, WAN X H, CHENG L, et al. Effects of broadleaved tree species on soil microbial stoichiometry in clear-cut patches of *Cunninghamia lanceolata* plantation[J].*Chinese Journal of Applied Ecology*,2020,31(11):3851-3858.
- [19] BHATTACHARYYA S S, ROS G H, FURTAK K, et al. Soil carbon sequestration: An interplay between soil microbial community and soil organic matter dynamics[J].*The Science of the Total Environment*, 2022,815:e152928.
- [20] BOWD E J, BANKS S C, BISSETT A, et al. Direct and indirect disturbance impacts in forests[J].*Ecology Letters*,2021,24(6):1225-1236.
- [21] PELLEGRINI A F A, HARDEN J, GEORGIU K, et al. Fire effects on the persistence of soil organic matter and long-term carbon storage[J].*Nature Geoscience*,2022,15:5-13.
- [22] WANG X, GAO S H, CHEN J Q, et al. Response of functional diversity of soil microbial community to forest cutting and regeneration methodology in a Chinese fir plantation[J].*Forests*,2022,13(2):e360.
- [23] CHEN C, WENG Y L, HUANG K T, et al. Decompo-

- sition of harvest residues and soil chemical properties in a *Eucalyptus urophylla* × *grandis* plantation under different residue management practices in Southern China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2023, 529; e120756.
- [24] DOOLEY S R, TRESEDER K K. The effect of fire on microbial biomass: A meta-analysis of field studies[J]. *Biogeochemistry*, 2012, 109(1): 49-61.
- [25] 刘思泽. 马尾松根际微生物群落特征对间伐的初期响应及其环境驱动因子研究[D]. 成都: 四川农业大学, 2021.
- LIU S Z. Preliminary response of rhizosphere microbial community characteristics of *Pinus massoniana* to thinning and its environmental driving factors [D]. Chengdu: Sichuan Agriculture University, 2021.
- [26] JENKINSON D. Measuring soil microbial biomass[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36(1): 5-7.
- [27] AMMITZBOLL H, JORDAN G J, BAKER S C, et al. Diversity and abundance of soil microbial communities decline, and community compositions change with severity of post-logging fire [J]. *Molecular Ecology*, 2021, 30(10): 2434-2448.
- [28] GOLDFARB K C, KARAOZ U, HANSON C A, et al. Differential growth responses of soil bacterial taxa to carbon substrates of varying chemical recalcitrance[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011, 2: e94.
- [29] TIAN Q X, YANG X L, WANG X G, et al. Microbial community mediated response of organic carbon mineralization to labile carbon and nitrogen addition in topsoil and subsoil[J]. *Biogeochemistry*, 2016, 128(1): 125-139.