

文章编号:1000-2367(2021)06-0024-08

DOI:10.16366/j.cnki.1000-2367.2021.06.004

改变森林碳输入对土壤微生物磷脂脂肪酸群落组成的影响

赵灿灿,李印,张济麟,樊荣,马建婷,张加强,李玉洁,刘梦瑶

(河南大学 生命科学学院;全球变化生态学国际联合实验室,河南 开封 475000)

摘要:凋落物和植物根系是森林生态系统最重要的碳输入途径,深刻影响着土壤微生物的群落结构和功能,然而凋落物和植物根系如何影响微生物的群落结构以及其贡献仍然存在争议.以温带落叶阔叶林为研究对象,设置对照、凋落物移除、断根、断根+凋落物移除 4 种处理,探讨改变碳输入对土壤微生物磷脂脂肪酸群落组成的影响及内在机制.结果表明凋落物移除显著降低了微生物生物量碳和革兰氏阴性细菌比例,提高了革兰氏阳性细菌比例、革兰氏阳性细菌与阴性细菌比值、放线菌比例以及微生物生理压力,显著改变了微生物磷脂脂肪酸群落组成,而断根对微生物的群落结构没有明显影响.表明凋落物碳输入相比于植物根系对微生物磷脂脂肪酸群落组成起更重要的调控作用,凋落物主要通过改变土壤温度以及土壤碳、氮含量来调控微生物的群落组成.

关键词:凋落物;根系;微生物群落;磷脂脂肪酸;碳输入

中图分类号:Q938.1

文献标志码:A

土壤微生物作为分解者,是土壤养分转化与循环的动力,是土壤稳定态养分转变为有效养分的催化剂,其微小变化都会影响土壤碳氮库的有效性,在陆地生态系统养分循环中扮演着重要的角色.微生物生物量及其群落结构组成是影响土壤生态过程的重要驱动因子^[1].土壤微生物所利用的碳源主要来自两种途径:一种是地上凋落物,作为重要的有机质输入土壤,供微生物分解;另一种是植物韧皮部将光合产物向下运输,通过根系分泌物输入土壤^[2].气候变化和人类活动都会改变地上、地下碳输入的数量和质量,从而引起微生物生物量及其群落结构组成的变化.由于凋落物和植物根系在化学性质方面,以及向土壤输入有机质的量和方式不同,其对土壤微生物的影响也有所差异^[3].但凋落物和植物根系如何影响微生物的群落组成以及其贡献仍然存在争议.

凋落物淋溶物质及其分解产物中的有机碳能够为土壤微生物生长提供碳源,凋落物质量和数量的变化可以直接影响微生物,或者通过调节土壤温、湿度等微生境间接影响土壤微生物的组成和功能.研究表明,凋落物是调控土壤微生物的重要碳输入途径^[4-8].例如,去除凋落物比去除根系更剧烈地降低了微生物生物量碳和氮^[6];去除凋落物显著改变了微生物磷脂脂肪酸群落结构组成,而去除根系几乎没有影响^[5,7];去除凋落物显著降低了樟子松林土壤呼吸速率,而去除根系几乎没有影响^[8].然而越来越多的文献证明地下根系输入为土壤微生物贡献了更多的养分^[9-13].根系分泌物中含有大量可利用的有机化合物,包括糖类、碳酸离子、氨基酸、酶等.这类物质可以在几小时内迅速分解^[14],分解速度快于凋落物的分解.研究表明去除根系能显著降低土壤微生物生物量和磷脂脂肪酸含量^[3,10,12],强烈调控微生物的群落结构^[9,11,13].凋落物和植物根系对土壤微生物的相对贡献可能因生态系统类型、植物物种以及实验持续时间而不同^[15-16].碎屑的添加和去除实验(Detritus Input and Removal Treatment,DIRT)是通过改变地上、地下碳输入来研究植物与土壤微生物群落之间作用的有效方法^[17].本研究以温带落叶阔叶林为对象,利用 DIRT 实验改变凋落物和植物根系碳

收稿日期:2021-04-17;修回日期:2021-05-28.

基金项目:国家自然科学基金(U1804101);国家级大学生创新性实验训练计划项目(202010475094).

作者简介(通信作者):赵灿灿(1982-),女,黑龙江东宁人,河南大学副教授,博士,研究方向为土壤生态学,E-mail:cczhao2008@163.com.

输入,研究土壤微生物磷脂脂肪酸群落组成的响应规律,旨在加深对森林土壤养分循环的理解,为森林管理中提高土壤肥力提供参考.

1 材料与方法

1.1 样地介绍和实验设计

研究区域位于河南省鸡公山自然保护区(31°46′~31°52′N,114°01′~114°06′E),该区属暖温带季风气候,年平均气温为 15.2 °C,极端最高气温 40.9 °C,极端最低气温 -20.0 °C.年平均降雨量为 1 119 mm,全年约 90%的降雨发生在 4 月~10 月的生长季.土壤类型为黄棕沙壤土,pH 约为 4.4.植被类型为温带落叶阔叶林,优势树种有麻栎(*Quercus acutissima*)、栓皮栎(*Quercus variabilis*)、枫香(*Liquidambar formosana*)等^[18].

实验始于 2016 年初,采取完全区组实验设计,共设置 4 个处理,分别为:1)对照,维持自然状态不进行人为干扰;2)凋落物移除,将样方内地表凋落物全部移除,每月进行一次;3)断根,沿样方四周挖 1 m 深壕沟,并在壕沟内埋入尼龙网,尼龙网孔径大小为 50 μm,可以阻断周围根系向样方内生长,而不影响样方真菌菌丝等生长;4)断根+凋落物移除,排除所有乔木资源输入.每个处理设置 4 个重复样方,共 16 个样方,每个样方面积为 4×4 m².

1.2 样品采集与测定

于 2017 年 8 月 15 日上午 9:00—11:00,测定土壤呼吸、土壤湿度和温度.土壤呼吸速率采用土壤碳通量自动测量系统(Li-8100,USA)测定,测定前 24 h 将土壤呼吸环嵌入样方内土壤中,并去除表层植被,以减少因呼吸环嵌入对土壤的扰动.测定土壤呼吸速率的同时用 Li-8100 配备的水分和温度传感器测定 10 cm 深度土壤湿度和温度.同日进行土壤样品采集,采用直径为 5 cm 的土钻在每个样方取 5 钻 0~10 cm 深度的土样并充分混合,挑除土壤样品中可见的石块和植物根系,过 2 mm 孔径筛后将新鲜样品带回实验室进行微生物分析,其余风干样品用于土壤理化性质分析.

土壤微生物群落组成采用磷脂脂肪酸提取法测定.称取相当于 8.0 g 干土的土壤样品于聚四氟乙烯离心管中,使用 $V_{\text{氯仿}}:V_{\text{甲醇}}:V_{\text{柠檬酸提取剂}}=1:2:0.8$ 提取 2 次后进行洗脱,再加入氢氧化钾-甲醇溶液进行甲酯化,正己烷萃取后,利用气相色谱分析仪(Agilent 7890A,USA)联合微生物鉴定系统软件(MIDI Inc.,USA)分析测定磷脂脂肪酸.磷脂脂肪酸种类与微生物类型的对应关系见表 1.微生物生理压力指数的计算为脂肪酸 19:0cy 与其前体 18:1ω7 的比值.微生物生物量碳采用氯仿熏蒸提取法测定,在 25 °C 用无酒精氯仿真空熏蒸 24 h,熏蒸与对照样品的有机碳差值即微生物生物量碳,有机碳用总有机碳分析仪(Elementar vario TOC,Germany)测定,转换系数为 0.45^[19].

土壤有机碳和总氮采用燃烧法用半常量元素分析仪(Elementar vario MACRO CUBE,Germany)测定.土壤速效氮包括铵态氮和硝态氮,用 2 mol·L⁻¹氯化钾提取和过滤后,全自动化学分析仪(SmartChem 200,

Italy)测定.所有指标的计算以干土为基准.

1.3 统计分析

微生物磷脂脂肪酸换算为物质的量比例后进行统计分析.双因素方差分析用于检验凋落物移除、断根以及它们之间的交互作用对土壤微生物和土壤性质的影响;多重比较用于检验各指标在不同处理中的差异;回归分析用于检验土壤微生物与土壤碳氮含量之间的关系.以上分析均用 SPSS 21.0 进行.冗余分析用于检验微生物群落结构组成与土壤理化性质之间的关系,用 Canoco 5.0 进行分析.

表 1 土壤微生物的磷脂脂肪酸标识

Tab.1 Phospholipid fatty acids (PLFAs) biomarkers for soil microbes

微生物类型	磷脂脂肪酸种类
细菌	i15:0,a15:0,i16:0,i17:0,a17:0,16:1ω7,17:1ω8,18:1ω7,cy17:0,cy19:0
革兰氏阳性细菌	i15:0,a15:0,i16:0,i17:0,a17:0
革兰氏阴性细菌	16:1ω7,17:1ω8,18:1ω7,cy17:0,cy19:0
放线菌	10me18:0
真菌	18:2ω6.9,18:1ω9
丛枝菌根真菌	16:1ω5

2 结 果

2.1 改变碳输入途径对土壤微生物群落组成和功能的影响

凋落物移除显著降低了微生物生物量碳的 26.8%，而断根对微生物生物量碳没有显著影响(图 1,表 2)。凋落物移除和断根对总磷脂脂肪酸、细菌、真菌和丛枝菌根真菌比例均没有显著影响,但是凋落物移除明显增加了革兰氏阳性细菌比例,降低了革兰氏阴性细菌比例,从而增加革兰氏阳性细菌与阴性细菌比值,断根对革兰氏阳性细菌和阴性细菌比例均无影响.凋落物移除增加了放线菌比例,断根对放线菌没有影响(表 2,图 1)。

表 2 凋落物和根系对土壤微生物和土壤性质影响的双因素方差分析

Tab. 2 Two-way ANOVA of the effects of litter and root on soil microbes and soil characters

指标	L	R	L 与 R 交互作用	指标	L	R	L 与 R 交互作用
微生物生物量碳	5.692 *	0.989	0.149	丛枝菌根真菌	0.001	0.702	0.582
总磷脂脂肪酸	0.219	0.213	1.325	微生物压力指数	5.162 *	3.126	0.956
细菌	1.257	0.251	0.311	土壤呼吸	0.788	9.740 **	2.965
革兰氏阳性细菌	10.293 **	1.000	0.595	土壤湿度	4.836 *	0.463	0.183
革兰氏阴性细菌	3.800	0.219	0.042	土壤温度	5.101 *	0.026	0.014
革兰氏阳性细菌/阴性细菌	10.392 **	0.825	0.610	土壤有机碳	12.307 **	2.203	0.080
放线菌	5.558 *	2.033	0.064	土壤总氮	11.183 **	1.766	0.170
真菌	2.834	1.416	0.181	土壤 NH ₄ ⁺	1.392	0.207	4.830 *

注:L和R分别代表凋落物移除和断根,* $P<0.05$,** $P<0.01$ 。

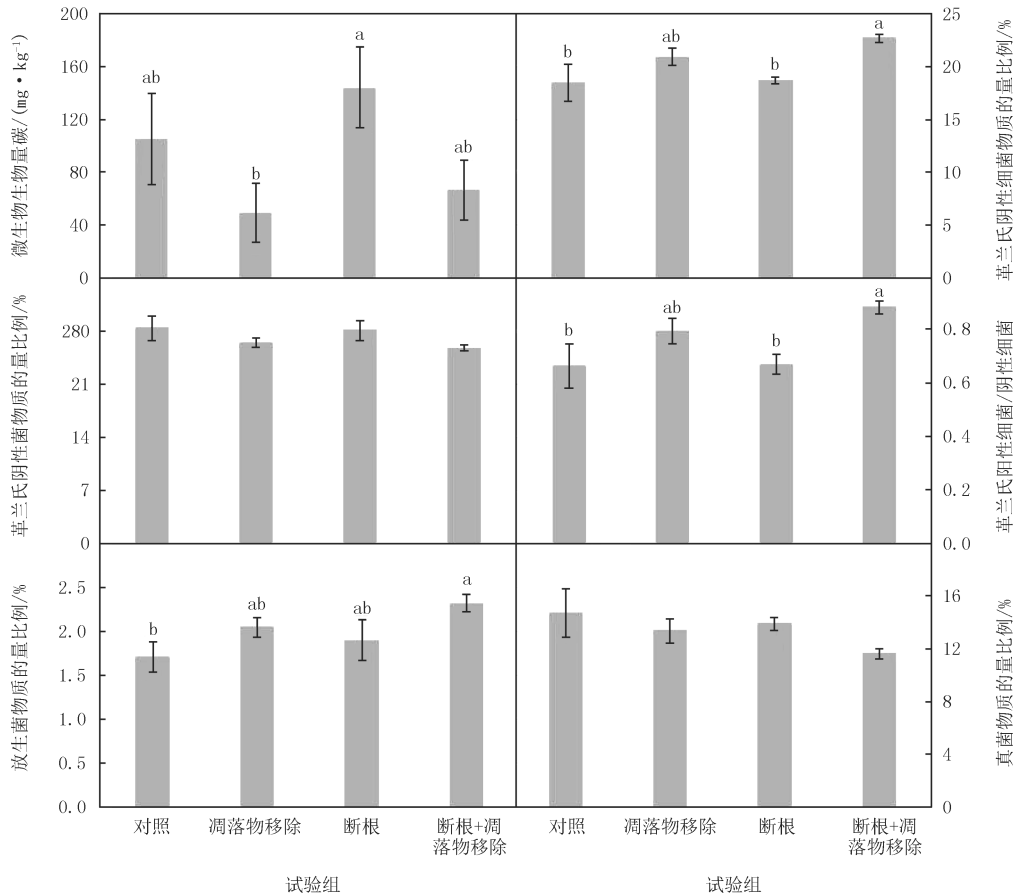


图1 不同处理对土壤微生物各类群的影响

Fig.1 Effects of different treatments on soil microbial groups

凋落物移除增加了微生物生理压力指数,但断根没有明显影响.断根显著降低了土壤呼吸的 12.4%,而凋落物移除对土壤呼吸速率没有影响(图 2,表 2).

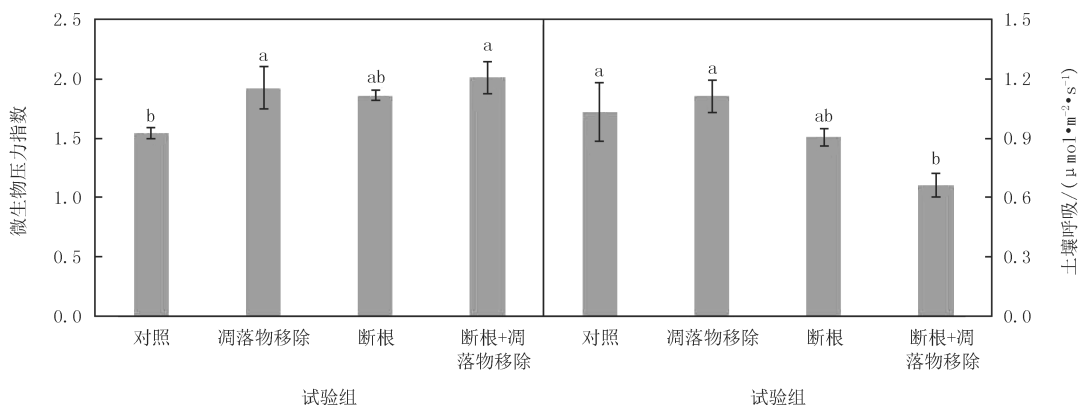


图2 不同处理对土壤微生物压力和土壤呼吸的影响

Fig.2 Effects of different treatments on soil microbial stress and soil respiration

2.2 改变碳输入途径对土壤理化性质的影响

双因素方差分析结果显示凋落物移除显著降低了土壤湿度,从而提高了土壤温度,但断根对土壤湿度和温度没有影响.凋落物移除分别降低了土壤有机碳和总氮的 18.8%和 15.6%,断根对土壤有机碳和总氮没有影响(图 3,表 2).凋落物移除和断根的交互作用显著影响了土壤铵态氮含量,对其他指标影响均不显著(表 2).

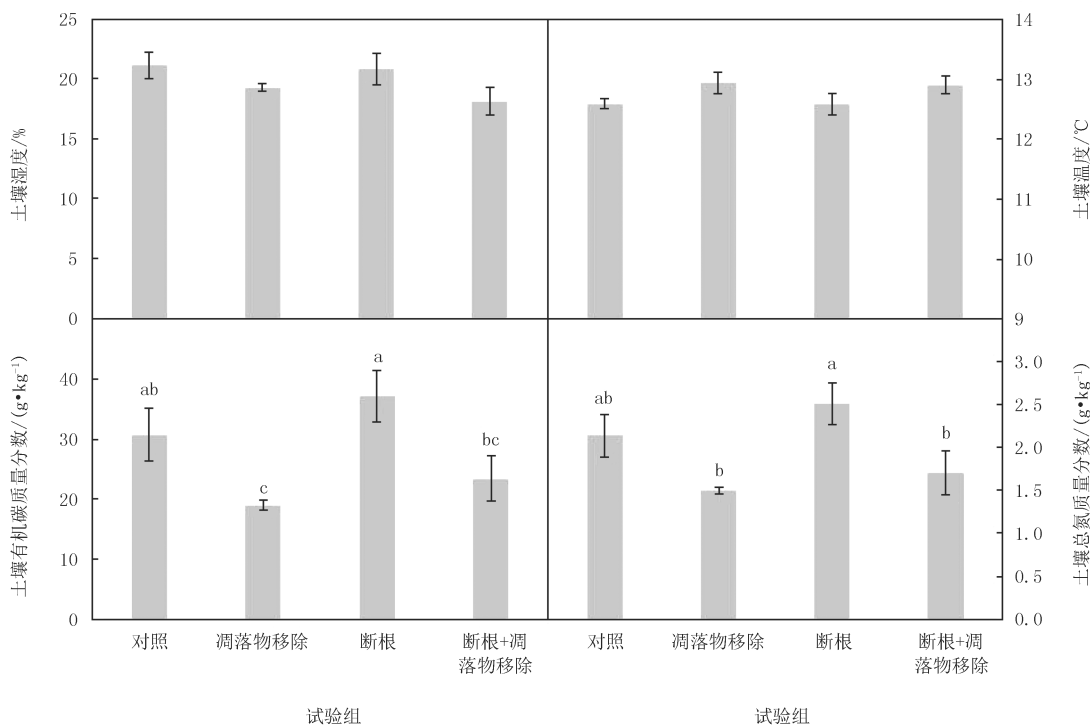


图3 不同处理对土壤理化性质的影响

Fig.3 Effects of different treatments on soil physicochemical properties

2.3 土壤微生物群落结构与理化性质的关系

通过对磷脂脂肪酸图谱分析共发现 67 种磷脂脂肪酸,冗余分析剔除部分稀有脂肪酸,选取其中 49 种进行分析.冗余分析的横轴和纵轴分别解释了微生物群落结构变异的 33.6%和 17.4%,总解释率为 51.0% (图 4).凋落物移除处理和不移除处理沿横轴明显分离,表明凋落物移除显著改变了微生物群落结构组成.微生物群落结构受环境因子影响显著,革兰氏阳性细菌/阴性细菌比值、土壤温度、土壤有机碳、土壤总氮、微生物

物生物量碳与轴 1 显著相关,相关系数分别为 -0.941 、 -0.661 、 0.569 、 0.562 、 0.569 (图 4).

土壤微生物生物量碳随土壤有机碳和土壤总氮的增加而升高,相关系数分别为 0.470 和 0.482 .而革兰氏阳性细菌与阴性细菌比值随土壤有机碳和土壤总氮的增加而降低,相关系数分别为 -0.538 和 -0.542 (图 5).

3 讨论

3.1 凋落物对土壤微生物的影响

凋落物移除显著降低了微生物生物量碳和土壤碳、氮含量(图 1、3; $P < 0.05$),表明森林凋落物是微生物代谢底物的主要来源,其输入量的改变会引起土壤有机碳含量和微生物生物量发生较大变化^[20].我们的结果与其他研究一致^[21-23],例如在热带森林去除凋落物 7 a 后,土壤微生物生物量降低 68% ^[22],亚热带常绿阔叶林去除凋落物 2 a 能降低微生物生物量 19% ^[23].

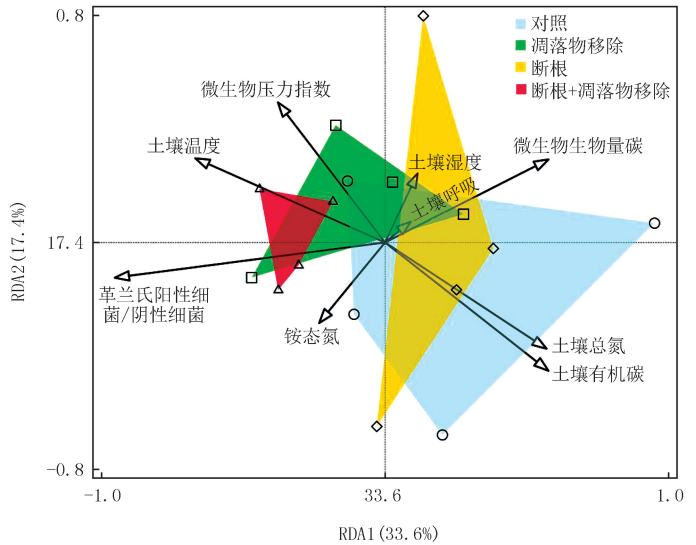


图4 土壤微生物群落结构与理化性质的冗余分析
Fig.4 Redundancy analysis of soil microbial community structure and physicochemical properties

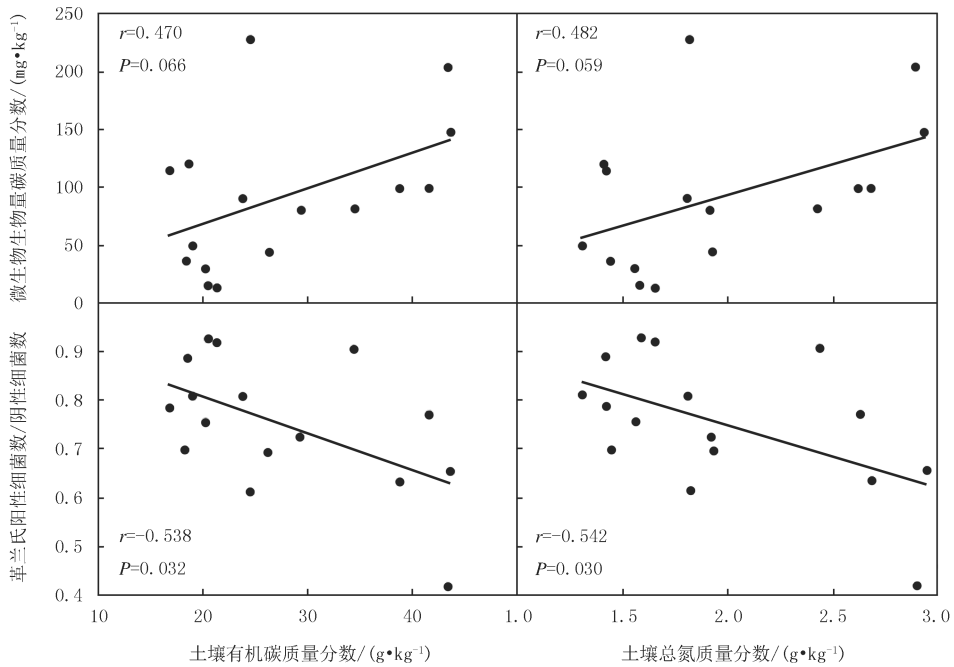


图5 土壤微生物与土壤碳氮的相关关系

Fig.5 Correlational relationship between soil microbes and soil carbon and nitrogen

本研究发现凋落物移除 1.5 a 显著提高了革兰氏阳性细菌比例,从而提高了革兰氏阳性细菌与阴性细菌比值,凋落物移除还增加了放线菌比例以及微生物生理压力(图 1、2; $P < 0.05$),说明凋落物在调控土壤微生物磷脂脂肪酸群落组成中发挥着重要作用,土壤微生物对凋落物输入响应非常敏感.凋落物影响革兰氏阳性细菌与阴性细菌比值可以归因于不同微生物群落对碳源利用的选择性.革兰氏阴性细菌会优先利用新鲜输入的植物残体作为碳源,而革兰氏阳性细菌则主要利用土壤有机质中的碳源^[24].凋落物移除后其淋溶物

质以及分解产物迅速下降,主要利用土壤有机质的革兰氏阳性细菌相对增多.这种底物质量决定土壤微生物群落组成的假设也得到了其他一些研究的证实^[25-26].本研究中凋落物移除增加了放线菌比例,是由于丝状结构的放线菌与难分解碳组分的降解密切相关,当凋落物减少时放线菌含量升高^[27-28].放线菌生长发育缓慢但较为耐旱,凋落物移除使土壤湿度显著降低,减轻了放线菌与细菌和真菌竞争的压力,从而使耐旱的放线菌所占比例增加^[21].凋落物除了直接影响微生物,还通过降低土壤湿度,提高土壤温度,降低土壤碳、氮含量等(图 4)改变环境因子间接影响土壤微生物的组成和功能^[29-30].

3.2 根系对土壤微生物的影响

本研究中断根对微生物生物量及各类群磷脂脂肪酸含量均无显著影响(表 2; $P > 0.05$),表明根系对土壤微生物群落结构组成的影响非常有限,其作用远不及凋落物碳输入,这与很多研究结果并不一致. BRANT 等^[9]的 DIRT 实验发现根系去除处理样方比对照有更多的放线菌和较少的真菌磷脂脂肪酸含量,显著改变了微生物群落组成. WANG 等^[11]发现断根增加了微生物中细菌、真菌和放线菌含量,而降低了革兰氏阴性与阳性细菌比值以及细菌与真菌比值,根系对微生物群落的调控作用远远大于凋落物. LIU 等^[13]发现断根降低了革兰氏阳性细菌和放线菌含量,不利于土壤固碳.一般认为根系是植物—土壤综合体最具活力的部分,控制着植物与土壤的水分和养分交换,另外根系具有更新快的特性,养分可以通过根系周转途径由植物流向土壤^[31].根系分泌物中含有大量易利用的化合物,包括糖类、碳酸离子、氨基酸、有机酸、胞外酶、维生素等,对土壤微生物的数量和活性具有积极意义^[32-33].本研究中根系对土壤微生物群落结构组成几乎没有影响,可能有以下两种原因,第一,细根的再生和细根存储的淀粉不断向土壤提供碳水化合物.断根后可以促进样方内植物生长更多的细根并产生根系分泌物^[34],存活根中的淀粉储备和新鲜死根的分解可以维持微生物生长^[35].这可以从土壤营养含量体现出来,断根对土壤元素含量均没有显著影响,表明此森林生态系统养分充足,短期断根并不影响微生物的养分供应.第二,菌根真菌的作用使得断根对微生物群落的影响不明显.实验中的断根处理采用挖壕沟并埋尼龙网法,真菌菌丝一般直径在 $10 \mu\text{m}$ 以下,尼龙网孔径不影响真菌菌丝的正常生长穿透.大多数可以与植物形成共生关系,其巨大的菌丝网络系统能够运输碳源和矿质养分^[36].因此尽管切断了植物根系的直接输入,巨大的菌丝系统运输的养分可以保证微生物的供应.

断根显著降低了土壤呼吸(图 2, $P < 0.05$),表明根系对微生物活性影响较强. HANSON 等^[37]研究发现热带人工林去除根系,土壤呼吸下降 56%. 汪金松等^[2]发现温带人工林切根使土壤呼吸下降 11%. 去除根系降低土壤呼吸速率是由于一方面去除根系降低了自养呼吸,另一方面去除根系引起的根系凋落物和分泌物减少,而降低土壤异养呼吸^[38]. 去除根系切断了植物生理活动的维持呼吸,阻止植物地上部分光合产物向地下部分分配并通过根系分泌向土壤中的碳输入,微生物活性受到明显抑制^[2].

4 结 论

本研究通过在温带落叶阔叶林的野外控制实验,评估凋落物和植物根系的移除对土壤微生物磷脂脂肪酸群落组成的影响,发现凋落物移除显著降低了微生物生物量,改变了微生物群落结构组成,而断根对土壤微生物的影响非常有限,凋落物比根系在调控微生物群落组成中更重要.研究明确了凋落物碳输入在影响土壤微生物和环境因子中的作用,为进一步理解温带落叶阔叶林的碳循环过程提供了数据支持.

参 考 文 献

- [1] FRATERRIGO J M, BALSER T C, TURNER M G. Microbial community variation and its relationship with nitrogen mineralization in historically altered forests[J]. *Ecology*, 2006, 87(3): 570-579.
- [2] 汪金松, 赵秀海, 张春雨, 等. 改变 C 源输入对油松人工林土壤呼吸的影响[J]. *生态学报*, 2012, 32(9): 2768-2777.
WANG J S, ZHAO X H, ZHANG C Y, et al. Changes of carbon input influence soil respiration in a *Pinus tabulaeformis* plantation[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(9): 2768-2777.
- [3] 张伟东, 汪思龙, 颜绍旭, 等. 杉木根系和凋落物对土壤微生物学性质的影响[J]. *应用生态学报*, 2009, 20(10): 2345-2350.
ZHANG W D, WANG S L, YAN S K, et al. Effects of root system and litter of Chinese fir on soil microbial properties[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2009, 20(10): 2345-2350.
- [4] MOORE-KUCERA J, DICK R P. Application of ^{13}C -labeled litter and root materials for in situ decomposition studies using phospholipid

- fatty acids[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2008,40(10):2485-2493.
- [5] 万晓华,黄志群,何宗明,等.改变碳输入对亚热带人工林土壤微生物生物量和群落组成的影响[J].*生态学报*,2016,36(12):3582-3590.
WAN X H,HUANG Z Q,HE Z M,et al.Changes of above-and belowground carbon input affected soil microbial biomass and community composition in two tree species plantations in subtropical China[J].*Acta Ecologica Sinica*,2016,36(12):3582-3590.
- [6] 林宝平,何宗明,郝士垒,等.去除根系和凋落物对滨海沙地3种防护林土壤碳氮库的短期影响[J].*生态学报*,2017,37(12):4061-4071.
LIN B P,HE Z M,GAO S L,et al.Short-term effects of root exclusion and litter removal on sandy soil carbon and nitrogen pools in three coastal plantation forests[J].*Acta Ecologica Sinica*,2017,37(12):4061-4071.
- [7] LUO X,XU J C,KARUNARATHNA S C,et al.Short-term study of subalpine forest soils reveals that microbial communities are strongly influenced by the litter and organic layers[J].*Current Research in Environmental & Applied Mycology(Journal of Fungal Biology)*,2018,8(2):224-237.
- [8] 何可宜,沈亚文,冯继广,等.植物残体输入改变对樟子松人工林土壤呼吸及其温度敏感性的影响[J].*北京大学学报(自然科学版)*,2021,57(2):361-370.
HE K Y,SHEN Y W,FENG J G,et al.Effects of altered plant detritus input on soil respiration and its temperature sensitivity in a *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantation[J].*Acta Scientiarum Universitatis Pekinensis*,2021,57(2):361-370.
- [9] BRANT J B,MYROLD D D,SULZMAN E W.Root controls on soil microbial community structure in forest soils[J].*Oecologia*,2006,148(4):650-659.
- [10] KRAMER C,TRUMBORE S,FROBERG M et al.Recent(< 4 year old)leaf litter is not a major source of microbial carbon in a temperate forest mineral soil[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2010,42(7):1028-1037.
- [11] WANG Q,HE T,WANG S,et al.Carbon input manipulation affects soil respiration and microbial community composition in a subtropical coniferous forest[J].*Agricultural and Forest Meteorology*,2013,178:152-160.
- [12] WANG J J,PISANI O,LIN L H,et al.Long-term litter manipulation alters soil organic matter turnover in a temperate deciduous forest [J].*Science of The Total Environment*,2017,607:865-875.
- [13] LIU X F,LIN T C,VADEBONCOEUR M A,et al.Root litter inputs exert greater influence over soil C than does aboveground litter in a subtropical natural forest[J].*Plant and Soil*,2019,444(1/2):489-499.
- [14] JONES D L,KEMMITT S J,WRIGHT D,et al.Rapid intrinsic rates of amino acid biodegradation in soils are unaffected by agricultural management strategy[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2005,37(7):1267-1275.
- [15] EISSFELLER V,BEYER F,VALTANEN K,et al.Incorporation of plant carbon and microbial nitrogen into the rhizosphere food web of beech and ash[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2013,62:76-81.
- [16] ZHANG P,NEHER D A,LI B,et al.The impacts of above-and belowground plant input on soil microbiota;invasive *Spartina alterniflora* versus native *Phragmites australis*[J].*Ecosystems*,2018,21(3):469-481.
- [17] CROW S E,LAJTHA K,FILLEY T R,et al.Sources of plant-derived carbon and stability of organic matter in soil:implications for global change[J].*Global Change Biology*,2009,15(8):2003-2019.
- [18] LIU T,MAO P,SHI L,et al.Contrasting effects of nitrogen deposition and increased precipitation on soil nematode communities in a temperate forest[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2020,148:107869.
- [19] ZHAO C C,MIAO Y,YU C D,et al.Soil microbial community composition and respiration along an experimental precipitation gradient in a semiarid steppe[J].*Scientific Reports*,2016,6:24317.
- [20] XU S,LIU L,SAYER E J.Variability of above-ground litter inputs alters soil physicochemical and biological processes;a meta-analysis of litterfall-manipulation experiments[J].*Biogeosciences*,2013,10(11):7423-7433.
- [21] XIONG Y M,XIA H P,LI Z A,et al.Impacts of litter and understory removal on soil properties in a subtropical *Acacia mangium* plantation in China[J].*Plant and Soil*,2008,304(1/2):179-188.
- [22] LI Y,XU M,SUN O,et al.Effects of root and litter exclusion on soil CO₂ efflux and microbial biomass in wet tropical forests[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2004,36(12):2111-2114.
- [23] FENG W,ZOU X,SCHAEFER D.Aboveand belowground carbon inputs affect seasonal variations of soil microbial biomass in a subtropical monsoon forest of southwest China[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2009,41(5):978-983.
- [24] KRAMER C,GLEIXNER G.Variable use of plant-and soil-derived carbon by microorganisms in agricultural soils[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2006,38(11):3267-3278.
- [25] LECKIE S E.Methods of microbial community profiling and their application to forest soils[J].*Forest Ecology and Management*,2005,220(1/2/3):88-106.
- [26] POTTHAST K,HAMER U,MAKESCHIN F.Impact of litter quality on mineralization processes in managed and abandoned pasture soils in Southern Ecuador[J].*Soil Biology & Biochemistry*,2010,42(1):56-64.
- [27] MCCARTHY A J,WILLIAMS S T.Actinomycetes as agents of biodegradation in the environment;a review[J].*Gene*,1992,115(1/2):189-192.

- [28] KELLY J J, FAVILA E, HUNDAL L S, et al. Assessment of soil microbial communities in surface applied mixtures of Illinois River sediments and biosolids[J]. *Applied Soil Ecology*, 2007, 36: 176-183.
- [29] DENG Q, CHENG X, HUI D, et al. Soil microbial community and its interaction with soil carbon and nitrogen dynamics following afforestation in central China[J]. *Science of The Total Environment*, 2016, 541: 230-237.
- [30] BANI A, PIOLI S, VENTURA M, et al. The role of microbial community in the decomposition of leaf litter and deadwood[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, 126: 75-84.
- [31] DORNBUSH M E, ISENHART T M, RAICH J W. Quantifying fine-root decomposition: an alternative to buried litterbags[J]. *Ecology*, 2002, 83(11): 2985-2990.
- [32] LANDI L, VALORI F, ASCHER J, et al. Root exudates effects on the bacterial communities, CO₂ evolution, nitrogen transformations and ATP content of rhizosphere and bulk soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38(3): 509-516.
- [33] 倪惠菁, 苏文会, 范少辉, 等. 养分输入方式对森林生态系统土壤养分循环的影响研究进展[J]. *生态学杂志*, 2019, 38(3): 863-872.
NI H J, SU W H, FAN S H, et al. Responses of forest soil nutrient cycling to nutrient input modes: A review[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2019, 38(3): 863-872.
- [34] WU J, LIU Z, WANG X, et al. Effects of understory removal and tree girdling on soil microbial community composition and litter decomposition in two Eucalyptus plantations in South China[J]. *Functional Ecology*, 2011, 25: 921-931.
- [35] ZELLER B, LIU J X, BUCHMANN N, et al. Tree girdling increases soil N mineralization in two spruce stands[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(5): 1155-1166.
- [36] WANG B, QIU Y L. Phylogenetic distribution and evolution of mycorrhizas in land plants[J]. *Mycorrhiza*, 2006, 16(5): 299-363.
- [37] HANSON P J, EDWARDS N T, GARTEN C T, et al. Separating root and soil microbial contributions to soil respiration: a review of methods and observations[J]. *Biogeochemistry*, 2000, 48(1): 115-146.
- [38] 黄梓敬, 徐侠, 张惠光, 等. 根系输入对森林土壤碳库及碳循环的影响研究进展[EB/OL]. (2020-09-23)[2021-04-17]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1161.s.20200923.1247.004.html>.
HUANG Z J, XU X, ZHANG H G, et al. Advances on effects of root input on forest soil carbon pool and carbon cycle[EB/OL]. (2020-09-23)[2021-04-17]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1161.s.20200923.1247.004.html>.

Effects of alterations in carbon inputs on soil microbial phospholipid fatty acid community composition in forest

Zhao Cancan, Li Yin, Zhang Jilin, Fan Rong, Ma Jianting, Zhang Jiaqiang, Li Yujie, Liu Mengyao

(International Joint Research Laboratory for Global Change Ecology; School of Life Sciences, Henan University, Kaifeng 475000, China)

Abstract: Litter and plant roots are the most important carbon input pathways in forest ecosystem, which profoundly affect soil microbial community composition and related functions. However, how litter and plant roots affect microbial community composition and their relative contributions are still controversial. In this study, four treatments were established including control, litter removal, root exclusion, and root exclusion plus litter removal in a temperate broadleaved deciduous forest. The objective is to investigate the effects of changing carbon inputs on soil microbial phospholipid fatty acid community composition and its internal mechanism. The results showed that litter removal significantly decreased microbial biomass carbon and percentage of Gram-negative bacteria, increased percentage of Gram-positive bacteria, the ratio of Gram-positive / Gram-negative bacteria, percentage of actinomycetes, and microbial physiological stress, which significantly changed microbial phospholipid fatty acid community composition. However, root exclusion had no obvious impact on microbial community structure. This findings suggest that litter carbon input play a more important role in regulating microbial phospholipid fatty acid community composition than plant roots. Litter regulates microbial community composition mainly by altering soil temperature and soil carbon and nitrogen content.

Keywords: litter; root; microbial community; phospholipid fatty acid; carbon inputs