

黄山常绿阔叶林驱动土壤真菌与细菌群落群落构建的生态过程不同

赵 荣, 解 雷, 方炎明

(南京林业大学 生物与环境学院, 江苏 南京 210037)

摘 要: 土壤微生物构建机制已在全球和区域尺度上进行了广泛的研究,但在局域尺度上对于土壤微生物,特别是细菌群落的构建及其驱动因素的研究仍有不足。本研究旨在从生物多样性的两个层面(物种多样性和系统发育多样性),在局域尺度上探讨植物多样性、土壤性质与微生物多样性之间的关系。Lefse 分析表明,在三种微生境中,细菌从属到门的丰富度差异显著;而只有一个微生境中的某些物种富含真菌。三种微生境的微生物物种多样性和系统发育多样性以及群落结构均存在显著差异。采用零模型分析方法对确定性生态过程和随机生态过程的相对重要性进行了量化。结果表明,细菌群落构建以同质选择为主,真菌群落构建以扩散限制为主。虽然微生物群落结构在局部尺度上趋同,但真菌和细菌群落构建的驱动力不同。线性回归和结构方程模拟的结果表明,与土壤性质相比,植物多样性对微生物物种多样性和系统发育多样性的影响更大。本研究强调了在亚热带森林土壤的局域尺度上,植物多样性在塑造微生物群落及多样性方面的重要性。

关键词: 微生物多样性; 植物多样性; 扩散限制; 同质选择; 森林动态监测样地; 亚热带常绿阔叶林