

森林次生演替过程中土壤细菌群落 α 多样性和 β 多样性的驱动机制

戴寒丹

(西北农林科技大学林学院, 陕西杨凌 712100)

摘要: 对跨时空尺度的土壤微生物多样性模式产生和维持的机制的综合理解是生态学的一个核心目标。土壤微生物多样性的形成可能受多种机制的调控作用, 已有的研究多聚焦于随机和确定性过程(局域构建过程), 该团队前期研究率先将物种库假说引入微生物生态理论, 最新的研究发现物种库对多样性的调控作用存在明显差异。由此可见, 局域物种的组成与多样性何种情况下受物种库的调控成为解析多样性机制的关键所在。为了解决这一科学问题, 本研究将首次运用“饱和理论”解决物种库何时重要这一问题。饱和理论描述了一个局域群落是否依赖于物种库, 并包含了两种关于局域丰富度与物种库大小的关系的理论曲线, 提供了一个新的视角来理解物种库和局域构建过程的作用。当明确考虑不饱和或饱和情况时, 控制土壤细菌多样性的机制可能截然不同。因此, 我们建立了一个概念模型, 整合演替, 局域构建过程和饱和理论以促进对森林次生演替过程中土壤细菌多样性驱动机制的理解。针对以上科学问题, 选择了 6 个来自不同纬度的典型森林演替序列, 进行了土壤微生物的高通量测序分析, 探讨森林次生演替过程中土壤细菌多样性的变化模式及机制, 并对概念模型进行了科学论证。研究表明, 土壤细菌群落是不饱和的, 森林次生演替过程中土壤细菌 α 多样性和 β 多样性由不同驱动机制的。森林次生演替过程中土壤细菌 α 多样性线性依赖于物种库; 土壤细菌 β 多样性主要受局域群落构建过程的影响, 而异质性筛选是局域群落构建过程中驱动土壤细菌 β 多样性的最关键影响机制。该研究系统阐明了森林次生演替过程中土壤细菌 α 多样性和 β 多样性形成机制, 研究结果为深入理解微生物多样性的形成机制以及辨析不同机制的相对重要性提供了全新的认识视角。