

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw202312057

王莹, 丁涛, 周龙武, 等, 2025. 元宝山冷杉冬季根际土壤微生物沿海拔梯度的变化特征 [J]. 广西植物, 45(1): 147–160.

WANG Y, DING T, ZHOU LW, et al., 2025. Variation characteristics of rhizosphere soil microorganisms of *Abies yuanbaoshanensis* along altitude gradient in winter [J]. Guihaia, 45(1): 147–160.



元宝山冷杉冬季根际土壤微生物沿海拔梯度的变化特征

王莹^{1,2}, 丁涛^{2,4*}, 周龙武², 邓敏敏³, 杨宇萍³, 刘世男^{1*}

(1. 广西大学 林学院, 南宁 530004; 2. 广西壮族自治区 广西植物研究所, 广西喀斯特植物保育与恢复生态学重点实验室, 中国科学院 广西桂林 541006; 3. 融水苗族自治县元宝山国家级自然保护区管理中心, 广西 柳州 545300; 4. 桂林兴安 漓江源森林生态系统广西野外科学观测研究站, 广西 桂林 541316)

摘要: 为探究海拔对元宝山冷杉 (*Abies yuanbaoshanensis*) 根际土壤微生物群落的影响, 该研究通过 Illumina Miseq 高通量测序技术分析不同海拔梯度下元宝山冷杉冬季根际土壤微生物群落组成、多样性及其影响因子的变化。结果表明: (1) 海拔对理化性质影响显著 ($P < 0.05$)。 (2) 海拔对根际土壤微生物群落组成结构和多样性影响显著 ($P < 0.05$), 随海拔的上升, 细菌多样性呈现先上升后下降的趋势, 真菌多样性呈现显著下降的趋势。 (3) 土壤根际微生物群落结构及其多样性与环境因子密切相关, 土壤有机质、土壤全氮、土壤全钾、C : N、C : P、N : P 是影响微生物结构沿海拔变化的重要驱动因子 ($P < 0.05$), 土壤全磷、C : P 和 N : P 是影响微生物多样性沿海拔变化的重要驱动因子 ($P < 0.05$)。 该研究从土壤微生物学角度为濒危植物元宝山冷杉的保护提供了科学依据, 也为完善山地森林生态系统中微生物分布格局提供了数据支撑。

关键词: 元宝山冷杉, 微生物多样性, 海拔高度, 高通量测序, 土壤理化特性

中图分类号: Q948 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3142(2025)01-0147-14

Variation characteristics of rhizosphere soil microorganisms of *Abies yuanbaoshanensis* along altitude gradient in winter

WANG Ying^{1,2}, DING Tao^{2,4*}, ZHOU Longwu², DENG Minmin³,
YANG Yuping³, LIU Shinan^{1*}

(1. College of Forestry, Guangxi University, Nanning 530004, China; 2. Guangxi Key Laboratory of Karst Plant Conservation and Restoration Ecology, Guangxi Institute of Botany, Guangxi Zhuang Autonomous Region and Chinese Academy of Sciences, Guilin 541006, Guangxi, China; 3. Management Center of Yuanbaoshan National Nature Reserve, Rongshui Miao Autonomous County, Liuzhou 545300, Guangxi, China; 4. Guangxi Field Scientific Observation and Research Station of Xing'an Lijiang River Source Forest Ecosystem, Guilin 541316, Guangxi, China)

收稿日期: 2024-05-28 接受日期: 2024-09-14

基金项目: 广西青年科学基金项目(2021GXNSFBA196062)。

第一作者: 王莹(1998—), 硕士研究生, 研究方向为植物保育生物学, (E-mail) 3161921472@qq.com。

*通信作者: 刘世男, 博士, 讲师, 研究方向为森林培育, (E-mail) lsn_smile8866@126.com; 丁涛, 副研究员, 研究方向为植物保育生物学, (E-mail) dingtao@gxib.cn。

Abstract: To explore the effects of altitude on the rhizosphere soil microbial community of *Abies yuanbaoshanensis*, we utilized Illumina Miseq high-throughput sequencing technology to analyze the composition, diversity and influencing factors of the rhizosphere soil microbial community in winter across different altitude gradients. The results were as follows: (1) Altitude significantly affected the physicochemical properties ($P < 0.05$). (2) Altitude had a significant impact on the composition and diversity of the rhizosphere soil microbial community ($P < 0.05$), with bacterial diversity initially increasing before decreasing, while fungal diversity exhibited a significant decrease. (3) The structure and diversity of the rhizosphere soil microbial community were closely associated with environmental factors; soil organic matter, soil total nitrogen, soil total potassium, C : N, C : P, and N : P were identified as important drivers influencing the microbial community structure along the altitude gradient ($P < 0.05$), and total phosphorus, C : P and N : P were found to be significant drivers affecting microbial diversity along the altitude gradient ($P < 0.05$). This study provides a scientific reference for the conservation of *Abies yuanbaoshanensis*, an endangered plant, and offers the data support for improving the fungal and bacterial distribution patterns in the mountain forest ecosystem.

Key words: *Abies yuanbaoshanensis*, microbial diversity, altitude, high-throughput sequencing, physicochemical properties of soil

在山地森林生态系统中,随着海拔的垂直变化,众多生态因子随之改变,使得山地区域小气候、植被分布以及土壤理化性质产生梯度性差异,从而直接或间接地影响土壤微生物群落,最终导致土壤微生物群落在海拔梯度上呈现出多种模式的变化,包括单调递减、递增、单峰状、驼峰状或无规律等(张地等, 2012; Singh et al., 2013; Zhang et al., 2015; 庞丹波等, 2023)。不同区域和尺度的微生物多样性对海拔变化的响应存在差异性,差异的影响可能是多种环境因素以及尚未被充分识别的、与微生物特性紧密相关的潜在因素复合效应导致的结果(Beimforde et al., 2013; 曹瑞, 2017)。在全球气候变化的背景下,研究微生物群落对海拔变化的响应机制以及这种响应如何影响生态环境因子,有助于我们深入理解环境变化对地球微生物组的影响,为预测和应对气候变化带来的潜在影响提供科学依据(孟兆云等, 2023)。微生物作为山地森林生态系统的重要组成部分,在生态系统的调节中显现出显著的功能。它们既有利于稳固土壤结构,丰富生物多样性,保障森林生态的平衡发展,又在增强植物的生长适应力方面发挥了重要作用(吕剑薇, 2011; Zhang et al., 2015; 徐凡迪等, 2021)。根际作为植物、土壤和微生物三者共同作用的特殊微生态环境位点,不仅是能量交换和物质循环的关键界面,还是植物与土壤生态系统互动的重要场所。微生物对环境变化的高敏感度可以作为土壤生态系统变化的敏感预测指标,其复杂性

和独特性对于理解整个生态系统的功能和稳定性具有重要意义(杨扬等, 2011; 叶雯, 2019)。研究表明,根际微生物在植物的生态适应过程中发挥着至关重要的作用,在有效分解有机物为植物提供必要养分的同时,还会通过分泌土壤酶、有机酸以及生长刺激素来协助植物适应外部环境变化(史艳财等, 2018; 王博等, 2022; 王晶等, 2023)。因此,深入研究根际土壤微生物对于增强植物适应能力和抗逆性至关重要。

元宝山冷杉(*Abies yuanbaoshanensis*)是仅生长在广西元宝山的国家一级重点保护野生植物,具有极高的保护和研究价值(傅立国等, 1980)。元宝山冷杉作为极小种群野生植物之一,目前种群处于极度濒危的状态,分布范围极度狭窄,仅局限于元宝山海拔 1 750~2 050 m 的地带(李先琨和苏宗明, 2002)。野外现存种群数量不足 900 株,种群衰退严重,成年个体数量较少,其中老龄树占比最大,但长势衰弱,空心、枯顶等现象严重(欧祖兰等, 2002)。全球气候变化导致的连锁反应对元宝山冷杉这一极度濒危树种的生存构成了严重威胁,在元宝山高海拔地区,常出现季节性干旱、夏季暴雨、冬季降雪霜冻等不确定气候现象(宁世江等, 2009)。由于现有生境不断地被压缩和破碎化,因此亟须探究该物种的生存环境与对气候变化的适应能力来发展保护及扩大种群,否则种群衰退的趋势将难以逆转,极易走向灭绝的境地(黄仕训, 1998; 向巧萍, 2001; 王莹等, 2023)。根际土壤微生物对环境变化十分敏感,但是能增强植物

对外界恶劣环境变化的适应能力。因此,为防止未来生境破坏导致元宝山冷杉物种灭绝,本研究于冬季采样,以不同海拔高度的元宝山冷杉根际土壤为研究对象,依托 Illumina Miseq 高通量测序平台对细菌和真菌进行高通量测序,分析不同海拔梯度根际土壤微生物群落结构组成、多样性变化与环境因子的关系,探讨元宝山冷杉在高寒生境下根际土壤微生物多样性的海拔分布格局及其驱动因子,了解其在全球气候变化下的植物适应能力。以期为元宝山冷杉这一濒危物种将来的迁地保护与野外回归的保护研究提供坚实的理论依据和技术支持,也为亚热带山地森林生态系统海拔分布规律的研究提供宝贵的基础数据与背景资料。

1 材料与方 法

1.1 研究区概况

本研究样品采集地为元宝山国家级自然保护区,位于广西柳州市融水苗族自治县(109°07′—109°13′ E、25°22′—25°32′ N),气候类型为中亚热带季风气候,热量丰富,降水充沛,年平均温度约为 16.4 ℃,年平均降水量约为 2 379 mm,无霜

期为 288 d,土壤类型主要为山地黄壤,地表腐殖质较厚,林分简单,主要伴生树种为南方铁杉、南方红豆杉等,林下寒竹覆盖度大,地衣、苔藓分布密集(黄仕训,1998;梁凌林和潘庆宝,2012)。

1.2 样品采集与处理

本实验于 2022 年 12 月冬季进行采样,根据元宝山冷杉的生长和分布情况,以 100 m 为 1 个海拔梯度,海拔分别为 1 750、1 850、1 950、2 050 m。因为极小种群植物往往在野外数量过少,自然条件的限制与物种的特殊性,所以只能在有限个体中进行采样,难以达到常规采样标准与要求,从而导致采样个体之间的树木生长性状存在差异(胡瑞等,2023)。每个海拔样方内随机选取 3 株生长旺盛且性状较为相似的元宝山冷杉采集其根际土壤,采样信息如表 1 所示。在周围距离树干 0.5 m 处除去表面凋落物和腐殖质层土壤后,挖开土壤挑选新鲜植物细根,将附着在细根上的土抖落,再用无菌软毛刷轻轻刷下紧贴根部的土壤作为根际土壤。将新鲜的土壤样品去除可见根和其他残留物后,进一步分成 3 份子样,一份装入铝盒中用于土壤含水量的测定,一份迅速置于密封保温箱(带干冰)内保存用于微生物群落多样性测定,另一份风干后过 2 mm 筛,用于测量土壤理化性质。

表 1 元宝山冷杉的采样点基本信息
Table 1 Basic information of sampling points of *Abies yuanbaoshanensis*

采样点 Sampling site	海拔 Altitude(m)	地理坐标 Geographic coordinate	平均胸径 Average DBH (cm)	坡位 Slope position	坡向 Slope aspect
白石坳 Baishiao	1 750	109°10'46.46" E、25°26'20.35" N	44.2	上坡 Up slope	东南 Southeast
白石上 Baishishang	1 850	109°10'49.95" E、25°26'20.14" N	25.7	上坡 Up slope	东南 Southeast
冷杉坪 Lengshanping	1 950	109°10'42.48" E、25°25'53.23" N	35.6	中坡 Mid slope	东北 Northeast
兰坪峰 Lanpingfeng	2 050	109°10'37.87" E、25°25'48.68" N	39.7	上坡 Up slope	东北 Northeast

1.3 土壤理化性质测定

土壤含水量(soil water content, SWC) 的测定采用烘干法;土壤酸碱度(potential of hydrogen, pH) 的测定采用《中华人民共和国国家环境保护标准:土壤 pH 值的测定 电位法》(HJ 962—2018);土壤有机碳(soil organic carbon, SOC) 采用重铬酸钾水合加热法;土壤全氮(total nitrogen, TN) 采用浓硫酸消煮-水杨酸钠分光光度法;土壤

全磷(total phosphorus, TP) 采用硫酸消煮-钼锑抗法;土壤全钾(total potassium, TK) 采样火焰分光光度计法。

1.4 土壤微生物总 DNA 提取、PCR 扩增及高通量测序

根据 ALFASoil DNA Extraction Kit 试剂盒(FINDROP, Guangzhou) 的操作说明,从 0.25 g 冷冻土壤样品中提取总 DNA。PCR 扩增程序如下:

94 ℃ 预变性 5 min, 94 ℃ 变性 30 s, 53 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 共循环 31 次; 在 72 ℃ 下延伸 8 min, 最后 12 ℃ 保持。引物对应区域: 真菌 ITS 区域的扩增引物为 ITS3-F (5'-GCATCGATGAAGAAGCAGC-3') 和 ITS4-R (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'); 细菌 16S rRNA 基因的扩增引物为 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')。PCR 扩增产物的定量测定、均一化、文库构建及上机测序等均由广东美格科技有限公司完成。

1.5 统计分析

利用 Excel 2013 软件进行数据计算, 利用 SPSS 20.0 软件进行单因素方差分析 (one-way ANOVA), 使用 Origin 8.0 软件进行绘图, 使用广东美格科技有限公司的 Illumina NovaSeq6000 (PE250) 平台进行微生物分析。 α 多样性使用 ACE 指数、Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数 4 个指标表征, β 多样性选择 Bray-Curtis 距离, 采用主坐标分析方法 (PCoA) 探究不同海拔下根际土壤细菌及真菌群落的差异。利用冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 揭示根际土壤环境因子和根际土壤微生物组成的相关性, 利用 Mantel Test 探究根际土壤环境因子与细菌和真菌群落多样性之间的相关性。

2 结果与分析

2.1 海拔对根际土壤理化性质的影响

元宝山冷杉根际土壤理化性质与化学计量比随海拔变化的测定结果见表 2 和表 3。数据表明, 元宝山冷杉根际土壤养分含量较高, 土壤理化性质与化学计量随海拔变化均有显著差异, 其中有机碳和 C:P、N:P 在 4 个海拔梯度间均有显著差异, 说明海拔对土壤理化性质和土壤化学计量有显著影响 ($P < 0.05$)。

2.2 不同海拔梯度元宝山冷杉根际土壤微生物群落组成的变化

通过 Illumina Miseq 测序平台对 4 个海拔的土壤样本的原始测序数据进行处理, 分别得到 402 729 条土壤细菌序列和 314 371 条真菌序列, 进行 OTUs 注释后得到 13 489 个细菌 OTUs 和 8 103 个真菌 OTUs, 细菌数量多于真菌。由图 1 可知, 不同海拔之间元宝山冷杉根际土壤微生物

群落组成结构相似, 相对丰度有一定差异, 但并未呈现明显的海拔分布格局。未分类或未识别的微生物相对丰度占比较高, 细菌群落组成在海拔间相对稳定, 真菌群落组成随海拔变化差异较大。

2.2.1 细菌群落组成差异分析 根据土壤基因组 DNA 序列分类学分析, 元宝山冷杉根际细菌 OTUs 归类为 13 门 36 纲 97 目 182 科 269 属 360 种。结果 (图 1, 表 4) 表明, 在门水平上, 酸杆菌门 (Acidobacteria, 46.15%)、变形菌门 (Proteobacteria, 28.69%) 以及放线菌门 (Actinobacteria, 10.52%) 为优势细菌门, 但随着海拔的上升, 优势门均无显著变化。在属水平上, 苔藓杆菌属 (Bryobacter, 5.42%)、酸热菌属 (Acidothermus, 5.34%)、独活假丝酵母属 (Candidatus_Solibacter, 4.88%)、Roseiarcus (3.53%) 和酸杆菌属 (Acidibacter, 2.16%) 为优势细菌属。其中, 酸热菌属、酸杆菌属在海拔梯度间存在显著差异 ($P < 0.05$), 其他属无显著变化。由图 2 可知, TK、C:N、N:P 与慢生根瘤菌属 (Bradyrhizobium) 呈显著相关 ($P < 0.05$); TP 与酸热菌属呈显著负相关 ($P < 0.05$); C:P、N:P 与酸热菌属呈显著正相关 ($P < 0.05$); SWC 与酸热菌属呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与苔藓杆菌属、独活假丝酵母属呈显著负相关 ($P < 0.05$); pH 与 Roseiarcus 呈显著正相关 ($P < 0.05$)。其中酸杆菌属、慢生根瘤菌属与海拔存在显著相关性 ($P < 0.05$), 说明海拔对细菌群落组成有一定的影响。

2.2.2 真菌群落组成差异分析 根据土壤基因组 DNA 序列分类学分析, 元宝山冷杉根际真菌 OTUs 归类为 27 门 66 纲 122 目 168 科 231 属 76 种。结果 (图 1, 表 4) 表明, 在门水平上, 子囊菌门 (Ascomycota, 44.39%) 和担子菌门 (Basidiomycota, 40.00%) 为优势真菌门, 其中担子菌门在海拔之间存在显著差异 ($P < 0.05$)。在属水平上, 大团囊菌属 (Elaphomyces, 11.59%)、蜡壳耳属 (Sebacina, 5.47%)、红菇属 (Russula, 4.97%) 和丝膜菌属 (Cortinari, 4.97%) 为优势真菌属。其中, 红菇属随海拔的上升呈显著下降的趋势 ($P < 0.05$), 其他真菌属无显著变化。此外, 本研究还发现 Pseudohydnum 和 Leuconeurospora 为海拔 1 750 m 特有真菌属。由图 2 可知, TK、TP、C:N 与暗金钱菌属 (Phaeocollybia) 呈负显著相关 ($P < 0.05$), TK、TP 与 Cenococcum 呈正显著相关 ($P < 0.05$); N:P、

表 2 不同海拔元宝山冷杉根际土壤理化性质

Table 2 Physicochemical properties of rhizosphere soils of *Abies yuanbaoshanensis* at different altitudes

海拔 Altitude (m)	酸碱度 pH	土壤含水量 SWC (%)	土壤有机碳 SOC (g·kg ⁻¹)	全氮 TN (g·kg ⁻¹)	全磷 TP (g·kg ⁻¹)	全钾 TK (g·kg ⁻¹)
1 750	3.59±0.07a	50.08±5.32b	466.17±24.16c	27.65±1.05b	1.59±0.17b	1.29±0.15b
1 850	3.41±0.03ab	54.85±3.39a	498.30±5.75b	32.85±0.97a	1.33±0.04b	0.91±0.02c
1 950	3.40±0.19b	30.51±4.22c	552.50±12.82a	33.60±0.14a	1.83±0.06a	1.32±0.25b
2 050	3.39±0.08b	45.43±2.59b	410.87±14.71d	20.67±0.48c	1.86±0.09a	2.58±0.10a

注：表中数据为均值±标准差；同列数据后不同字母表示不同海拔下土壤理化性质存在显著性差异($P<0.05$)。下同。
Note: The data in the table are $\bar{x}\pm s$; different letters after the same column of data indicate significant differences in physicochemical properties of soil at different altitudes($P<0.05$). The same below.

表 3 不同海拔元宝山冷杉根际土壤化学计量

Table 3 Rhizosphere soil stoichiometry of *Abies yuanbaoshanensis* at different altitudes

海拔 Altitude (m)	碳氮比 C : N	碳磷比 C : P	氮磷化 N : P
1 750	16.87±0.56b	269.90±4.02c	16.02±0.33c
1 850	15.17±0.40c	373.88±7.77a	24.64±0.47a
1 950	16.44±0.43b	302.82±16.96b	18.40±0.56b
2 050	19.89±0.80a	221.38±2.91d	11.15±0.58d

C : P 与暗金钱菌属呈正显著相关($P<0.05$) ;SWC 与红菇属、鹅膏菌属(*Amanita*) 呈显著正相关($P<0.05$) ;pH 与丝膜菌属呈显著正相关($P<0.05$) 。其中,鹅膏菌属、红菇属、暗金钱菌属与海拔呈显著相关($P<0.05$) ,说明海拔对真菌群落组成有一定影响。

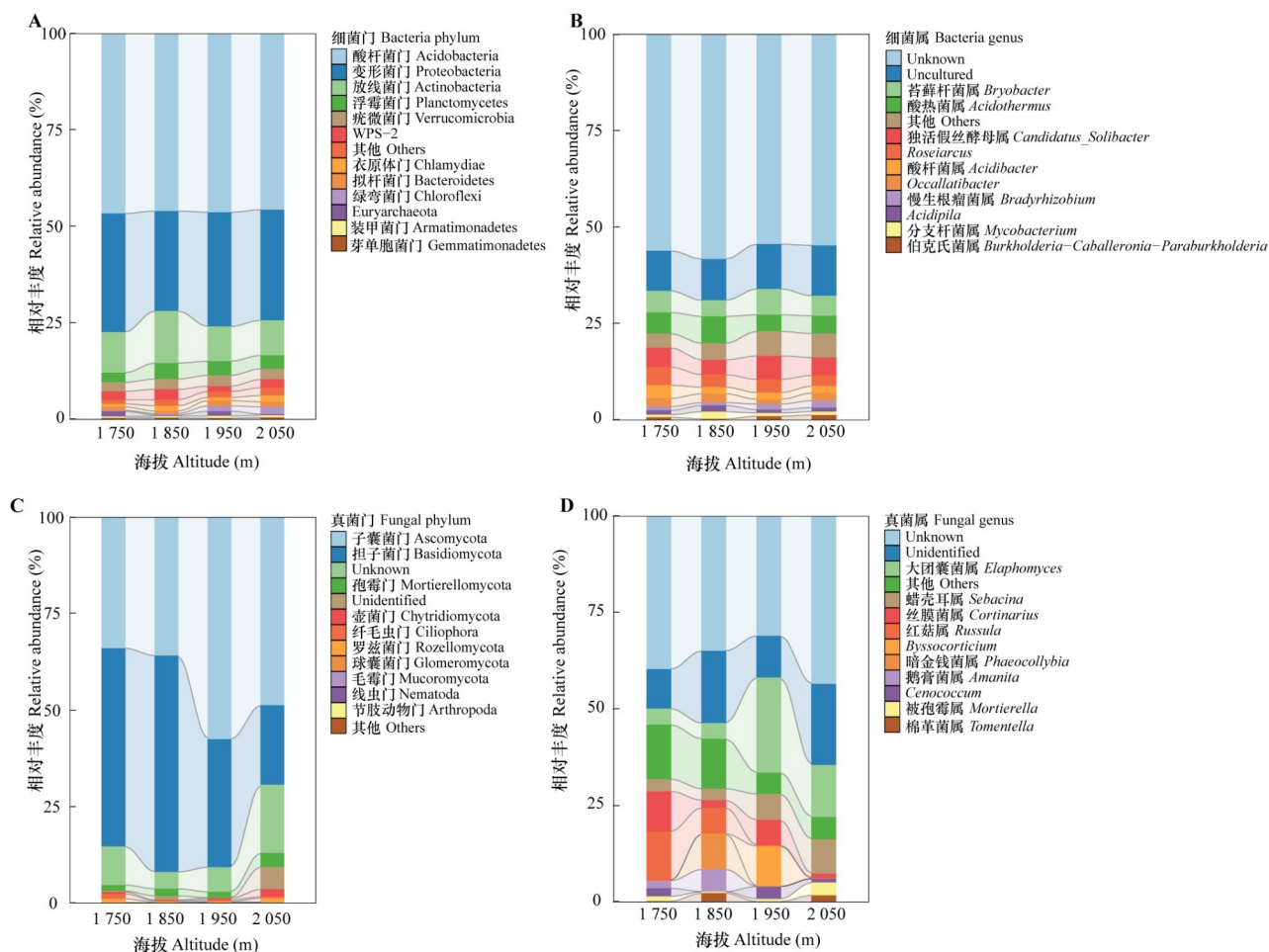
2.2.3 微生物群落结构与环境因子的关系 不同海拔梯度变化往往会使其林分所处的气候与土壤性质发生变化,进而影响土壤微生物的群落组成。本研究采用 RDA 分析元宝山冷杉根际土壤环境因子对群落组成的影响。由图 3 可知,海拔 (altitude, Alt) 是限制元宝山冷杉根际土壤微生物群落组成的最重要因素。细菌群落中,第 1 轴序对所有环境因子的解释率为 19.41%,第 2 轴序解释全部变量的 13.08%;真菌群落中第 1 轴序和第 2 轴序分别解释了 15.11%和 12.87%的结构变化。结果表明,环境因子与元宝山冷杉根际土壤微生物群落的变异存在显著的相关性,海拔对细菌和真菌群落均有显著影响($P<0.05$)。

环境因子中 SOC、TN 对细菌群落有显著影响($P<0.05$) ,TK、C : N、C : P、N : P 对细菌群落具有极显著影响($P<0.01$) ;SOC、TN、N : P 对真菌群落有显著影响($P<0.05$) ,TK、C : N、C : P 对真菌群落具有极显著影响($P<0.01$) ,说明土壤养分限制和碳氮磷之比是驱动元宝山冷杉不同海拔根际土壤细菌和真菌群落结构变异的关键因子。

2.3 不同海拔梯度元宝山冷杉根际土壤微生物群落多样性的变化

2.3.1 α 多样性 ACE 指数、Chao1 指数反映群落丰富度,指数越大丰富度越高;Shannon 指数、Simpson 指数反映群落多样性,Shannon 指数越大多样性越高,Simpson 指数越小多样性越高。结果(图 4)表明,元宝山冷杉根际土壤 α 多样性随海拔变化均有显著性差异($P<0.05$) ,其中海拔为 1 950 m 的细菌多样性最高,海拔为 1 750 m 真菌多样性最高。随着海拔梯度的上升,元宝山冷杉根际细菌和真菌的丰富度均呈先下降后上升的趋势;细菌多样性总体呈先上升后下降的趋势,真菌多样性呈显著下降的趋势。

2.3.2 β 多样性 基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 主坐标分析结果如图 5 所示,细菌群落中,4 个海拔的样品距离相对集中,说明不同海拔间细菌群落结构较为相似,海拔为 1 850 m 的组内样品距离相对集中,说明样品重复性较好。真菌群落中,4 个海拔的样品分布均较为分散,海拔为 1 850 m 的组内样品距离相对集中,与其他海拔组间距离较远,说明组内重复性较好,组间差异性略大,其他 3 个海拔组内样品较为分散,说明组内群落结构差异



A. 细菌在门水平的丰度; B. 细菌在属水平的丰度; C. 真菌在门水平的丰度; D. 真菌在属水平的丰度。

A. Abundance of bacteria at phylum level; B. Abundance of bacteria at the genus level; C. Abundance of fungi at phylum level; D. Abundance of fungi at genus level.

图 1 不同海拔根际土壤微生物群落结构

Fig. 1 Soil microbial community structure at different altitudes

较大。元宝山冷杉根际土壤细菌和真菌 β 多样性并未随海拔呈现规律性变化。

综合运用多种统计方法,包括 MRPP、Adonis、Anosim、Amova,探究不同海拔分组之间元宝山冷杉根际细菌和真菌群落结构差异的显著性。由表 5 可知,Anosim 分析中 R 值大于 0,说明元宝山冷杉不同海拔分组间细菌和真菌群落组成、结构存在显著性差异 ($P < 0.05$)。

2.3.3 微生物群落多样性与环境因子的关系 通过 Mantel Test 分析揭示元宝山冷杉根际土壤微生物群落的 α 多样性、 β 多样性与环境因子的关系 (图 6)。由图 6 可知,海拔与细菌群落的 α 多样性呈显著性相关 ($P < 0.05$)。在细菌群落中,土壤

TP、TK、C : N、N : P、C : P 是影响细菌群落 α 多样性的主要环境因子 ($P < 0.05$),土壤 TP、N : P 和 C : P 是影响细菌群落 β 多样性的主要环境因子 ($P < 0.05$)。在真菌群落中,土壤 TN、TP、C : P、N : P 是影响真菌群落 α 多样性的关键环境因子 ($P < 0.05$),真菌群落 β 多样性与环境因子无显著相关性 ($P > 0.05$)。

3 讨论

3.1 土壤环境因子与微生物群落结构的相关性

本研究发现,在门、属水平上,元宝山冷杉根际土壤微生物群落的优势种类不随海拔而发生改

表 4 不同海拔根际土壤门-属水平上的相对丰度
Table 4 Relative abundance of rhizosphere soil at phylum-genus level at different altitudes

微生物 Microorganism			分类水平 Classification level				相对丰度 Relative abundance (%)			
							1 750 m	1 850 m	1 950 m	2 050 m
细菌 Bacterium	门 Phylum	酸杆菌门 Acidobacteria					46.63.±3.60a	46.01±6.16a	46.32±7.70a	46.07±4.47a
		变形菌门 Proteobacteria					30.74±5.83a	25.87±6.30a	29.57±5.51a	28.61±2.96a
		放线菌门 Actinobacteria					10.50±1.04a	13.49±3.21a	9.00±1.82a	9.10±2.97a
	属 Genus	苔藓杆菌属 Bryobacter					5.62±0.21a	4.16±0.25a	6.71±0.14a	5.18±0.44a
		酸热菌属 Acidothermus					5.49±0.95ab	6.97±0.76a	4.29±0.41b	4.60±0.14b
		独活假丝酵母属 Candidatus_Solibacter					4.97±0.17a	3.85±0.23a	6.07±0.22a	4.64±0.46a
		Roseiarcus					4.70±0.40a	3.23±0.25a	3.43±0.17a	2.77±0.45a
		酸杆菌属 Acidibacter					3.40±0.65a	1.69±0.34b	1.72±0.10b	1.81±0.49b
		子囊菌门 Ascomycota					33.93.±6.28a	35.86±8.72a	57.53±6.60a	48.68±8.62a
		担子菌门 Basidiomycota					51.34±7.32a	56.02±6.70a	33.14±538b	20.64±3.93b
真菌 Fungus	门 Phylum	袍霉门 Mortierellomycota					1.51±0.23a	1.85±0.66a	1.50±0.61a	3.61±0.18a
		大团囊菌属 Elaphomyces					4.19±0.77a	4.06±0.25a	24.64±6.66a	13.46±3.18a
		蜡壳耳属 Sebacina					3.16±0.64a	2.98±0.55a	6.75±0.59a	8.89±0.45a
	属 Genus	红茹属 Russula					12.74±0.39a	6.75±0.87b	0.27±0.03c	0.11±0.04c
		丝膜菌属 Cortinarius					10.40±0.96a	1.90±0.63a	6.50±0.95a	1.13±0.11a

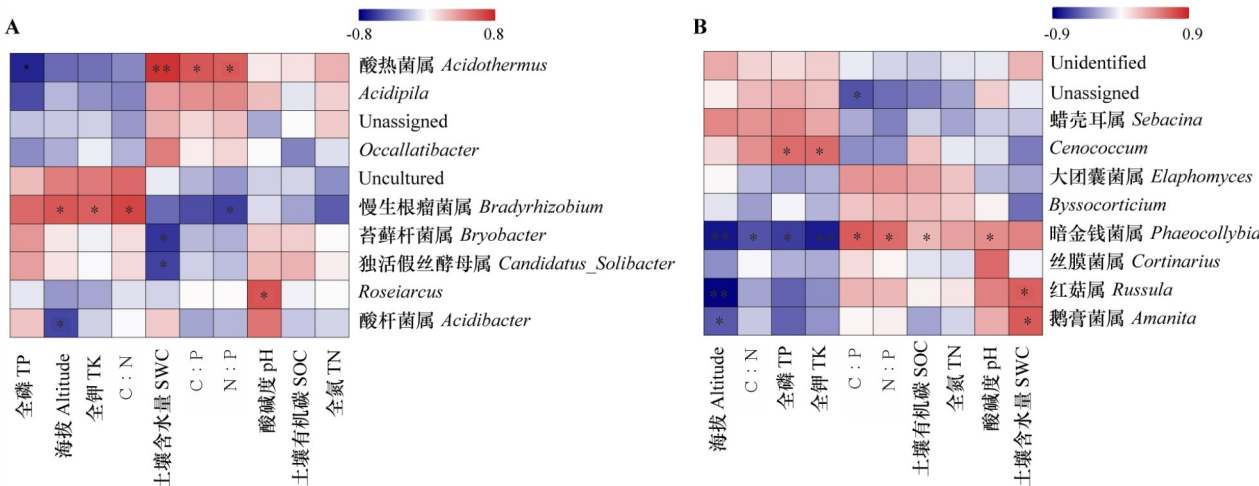
注：表中数据为均值±标准差；不同字母表示不同海拔下土壤相对丰度存在显著性差异（ $P<0.05$ ）。

Note: The data in the table are $\bar{x}\pm s$; different letters indicate significant differences in soil relative abundance at different altitudes ($P<0.05$).

变,其相对丰度在不同海拔间有所差异,但未呈现明显的海拔分布模式。酸杆菌门、变形菌门、放线菌门为优势细菌门,而子囊菌门与担子菌门为优势真菌门,这与汪运祥等(2023)研究小尺度海拔梯度和曹丽花等(2022)研究大尺度海拔梯度的研究结果相似,说明海拔尺度的大小不会显著影响优势微生物的组成结构。微生物作为食物链中的分解者,能够有效分解和转化腐殖质改良土壤养分;同时,土壤养分因子也是导致微生物群落结构变化的重要因素。本研究中,5个优势门均有利于有机质的分解,促进养分循环,可能是由于元宝山自然保护区地处亚热带季风气候区,该区域水热条件得天独厚,雨热同期气候特征显著,当地气候条件有利于土壤有机质的积累和凋落物的分解,为各类微生物提供了丰富的底物来源。喜营

养类的细菌和真菌类群得益于这一优势环境得以大量繁殖和生长,使得各海拔梯度上与代谢和分解作用相关的微生物相对丰度均占据显著优势地位。该类微生物不仅有利于当地土壤养分的循环,也为当地的生态平衡和生物多样性保护提供了重要支撑。

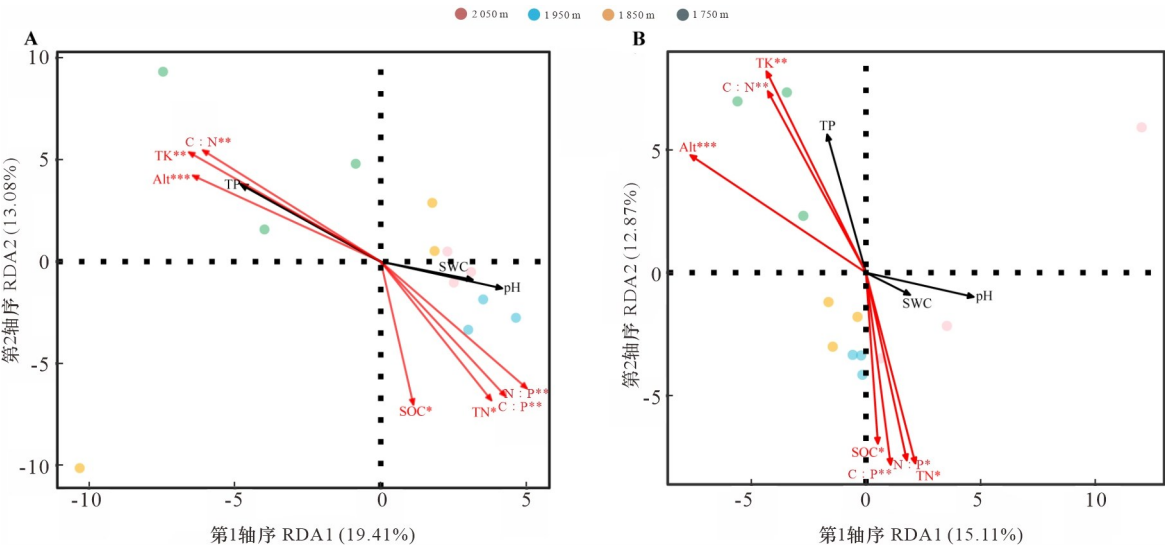
酸杆菌门可有效促进土壤中的木质素分解,而变形菌门在土壤中有有机质、氮、磷、硫的循环中发挥着关键作用,其活动状况直接反映了土壤的营养状况(肖锐等,2023),与本研究养分较高的海拔处丰度较高研究结果一致。放线菌门中的众多类群能够分泌出纤维素酶、几丁质酶以及过氧化物酶等多种酶类,对土壤有机质的矿化过程至关重要,有助于有机质的分解和土壤肥力的提升(de Vries & Shade, 2013)。作为真菌界中最大的类



A. 细菌属与环境因子的相关性热图; B. 真菌属与环境因子的相关性热图。*, $P<0.05$; **, $P<0.01$ 。
A. Heat map of correlation between bacterial genera and environmental factors; B. Heat map of correlation between fungi genera and environmental factors. *, $P<0.05$; **, $P<0.01$.

图 2 土壤微生物群落属与环境因子相关性分析

Fig. 2 Correlation analysis of soil microbial community genera and environmental factors



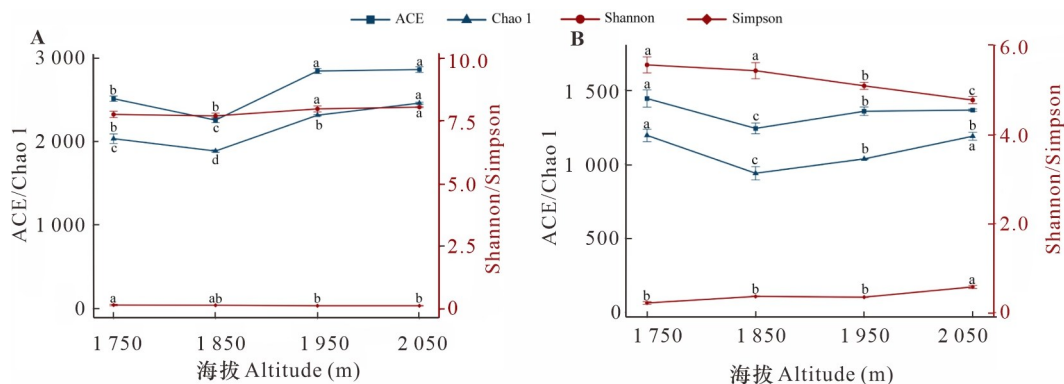
A. 土壤根际细菌 RDA 分析; B. 土壤根际真菌 RDA 分析。*, $P<0.05$; **, $P<0.01$; ***, $P<0.001$ 。下同。红色线条表示存在显著或极显著差异。
A. RDA analysis of soil rhizosphere bacteria; B. RDA analysis of soil rhizosphere fungi. *, $P<0.05$; **, $P<0.01$; ***, $P<0.001$. The same below. Red lines indicate significant or very significant differences.

图 3 不同海拔土壤环境因子分析

Fig. 3 Analysis of soil environmental factors at different altitudes

群,子囊菌以其出色的分解和降解能力著称,本研究中海拔间虽无显著性差异,但在1 950 m 海拔处

高于其他海拔 8.85%~23.60%,该菌能与宿主形成共生关系,进而增强生态系统的养分循环效率



A. 细菌; B. 真菌。不同小写字母表示不同海拔丰富度和多样性指数差异显著 ($P < 0.05$)。下同。

A. Bacterium; B. Fungus. Different lowercase letters indicate significant differences in richness and diversity indices at different altitudes ($P < 0.05$). The same below.

图 4 不同海拔根际土壤 α 多样性

Fig. 4 α diversity of rhizosphere soil at different altitudes

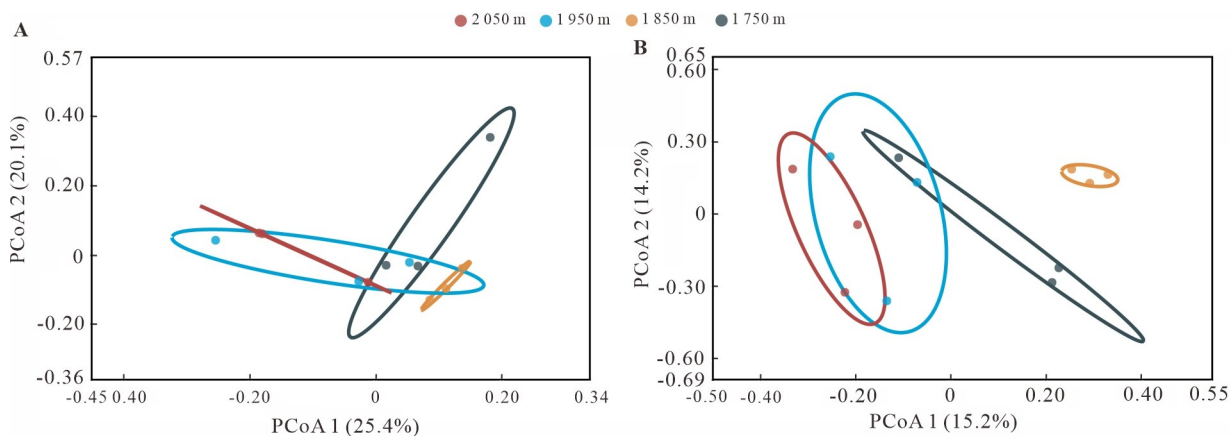


图 5 不同海拔根际土壤微生物的 PCoA 分析

Fig. 5 PCoA analysis of rhizosphere soil microorganisms at different altitudes

以及对环境压力的抵御能力,因此子囊菌是导致 1950 m 海拔对环境变化的适应能力较强的原因。然而,担子菌门在分解难降解化合物方面的能力更强,尤其擅长分解复杂的木质化植被纤维(王芳和图力古尔,2014;肖锐等,2023)。随海拔梯度的上升担子菌相对丰度逐渐下降 ($P < 0.05$),在海拔 1750 m 处的相对丰度显著高于高海拔处,可能是因为元宝山冷杉低海拔处伴生树种多,林下枯枝落叶丰富,木质素含量较高,有利于担子菌的生长,使其成为土壤真菌的优势类群,从而加快当地

的土壤养分循环。

本研究发现,优势菌属中,仅有细菌类群的酸热菌属、酸杆菌属和真菌类群的红菇属在海拔梯度上具有显著性差异 ($P < 0.05$),其他无显著变化,而土壤含水量与酸热菌属呈显著正相关 ($P < 0.05$),酸杆菌属、红菇属与海拔梯度呈显著负相关 ($P < 0.05$)。本研究还发现,真菌优势属中大部分均为外生菌根真菌,如红菇属、蜡壳耳属、丝膜菌属等。外生菌根真菌形成的菌根网络连接植物宿主与菌根真菌,有助于植物宿主的水分与养分

表 5 不同海拔元宝山冷杉根际真菌群落组成和结构差异的统计分析
Table 5 Statistical analysis of rhizosphere fungus community composition and structure difference of *Abies yuanbaoshanensis* at different altitudes

微生物 Microorganism	MPRR		Anosim		Adonis		Amova	
	A	P	R	P	R ²	P	Σ ²	P
细菌 Bacterium	0.073 5	0.023	0.265	0.013	0.370	0.02	0.011 9	0.013
真菌 Fungus	0.005 0	0.003	0.611	0.001	0.344	0.006	0.046 1	0.002

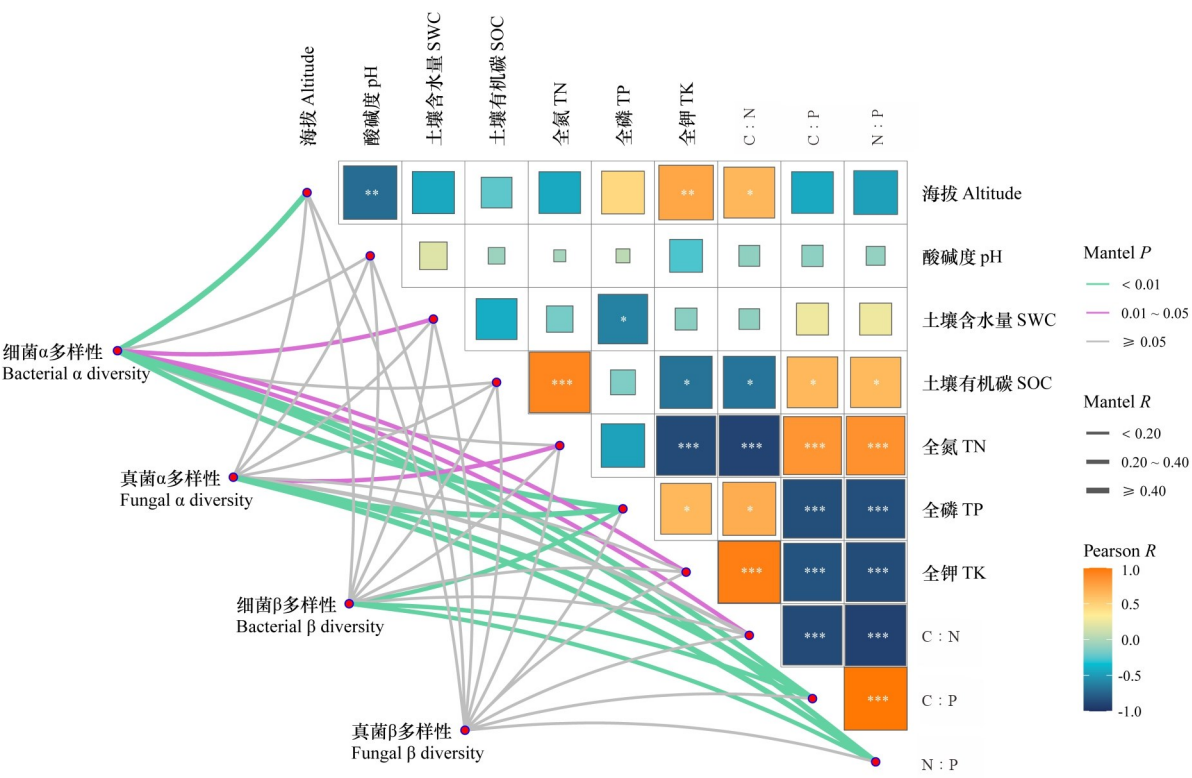


图 6 土壤微生物多样性与环境因子的相关性
Fig. 6 Relationship between microbial diversity and environmental factors

吸收,增强其在恶劣环境的抗逆性,利于维持树木种群生态系统稳定(李敏和高秀宏,2021)。因此,这些优势微生物属在改善土壤养分和促进植物生长中发挥着重要作用,而推测红菇属可能有利于提高元宝山冷杉在低海拔中的适应能力,增强抵御恶劣环境的抗逆性,但该推测还有待于进一步研究。此外,本研究还发现 *Pseudohydnum* 和 *Leuconeurospora* 为海拔1 750 m 特有真菌属。

不同尺度上,海拔梯度对生物分布的影响因素呈现出多样性差异。在大尺度上,气候是主导

微生物群落分布的关键因素;而小尺度上,长期适应于某一气候带的种群通常占据相似的气候生态位,不同地点间土壤因子的差异是影响土壤微生物组成和丰度变化的主导因素(Yelle et al., 2008; Hanaka et al., 2019)。本研究开展于较小尺度的海拔梯度(1 750~2 050 m),发现海拔是限制元宝山冷杉根际土壤微生物群落组成最重要的因素,在所有环境因子中,SOC、土壤 TN、TK、C : N、C : P、N : P 均具有显著影响,土壤理化因子与微生物组成结构变化密切相关。其中,不同海拔下

的土壤养分以及碳氮磷比是造成元宝山冷杉根际土壤微生物群落组成结构差异的重要原因。

3.2 土壤环境因子与微生物群落多样性的相关性

山地森林生态系统是研究土壤微生物群落和气候变化的天然场所,海拔梯度变化会改变气候环境,影响植被类型,改变土壤性质,进而对微生物多样性产生显著影响(郭辉和唐卫平,2020)。根际土壤虽仅占土体总体积的1%~3%,但其作为植物-土壤-微生物与其环境条件相互作用最为活跃且独特的生态位点,其微生物会通过改善土壤养分来增强植物在逆境中的适应能力(王博等,2022)。相较于动植物,土壤微生物的海拔分布格局研究尚处于初级阶段且大多数集中在表层土壤,目前研究单一木本植物的根际土壤微生物的海拔分布格局较为少见。前人研究表明,土壤微生物多样性往往没有普适性的海拔梯度变化规律(张地等,2012; Singh et al., 2013; Zhang et al., 2015; 庞丹波等,2023)。

本研究表明,元宝山冷杉根际土壤的微生物多样性和丰富度在不同海拔生境下差异显著($P<0.05$),微生物多样性沿海拔梯度有较为明显的分布模式,海拔为1 950 m的细菌多样性最高,海拔为1 750 m的真菌多样性最高。随着海拔的上升,元宝山冷杉细菌和真菌的丰富度均呈先下降后上升的趋势,并且不同海拔梯度之间微生物群落丰富度指数存在显著性差异($P<0.05$),与同为研究小尺度海拔梯度上的微生物群落的汪运祥等(2023)的研究结果一致。细菌多样性随海拔的上升呈现出先上升后下降的趋势,在1 950 m时多样性为最高,与贡嘎山峨眉冷杉和紫果云杉的趋势相似(熊文君等,2021;高本强等,2022);真菌群落多样性则随海拔的上升呈显著下降的趋势($P<0.05$),海拔1 750 m处最高,2 050 m最低,与马缨杜鹃、天目山银杏和青海云杉等的趋势相似(熊涵,2021;吴狄等,2022;孟兆云等,2023)。研究表明,土壤碳氮磷含量的变化往往是导致植物影响土壤微生物群落多样性的间接途径,植物会通过凋落物与根系分泌物来吸收调节C、N、P的含量,改善土壤的理化特性,进而影响土壤微生物群落(郑雪芳等,2010;曹丽花等,2022;汪运祥等,2023;肖锐等,2023),本研究结果印证了此观点。本研究发现,土壤TP、C:P和N:P共同显著影响了细菌和真菌 α 多样性($P<0.05$),海拔、SWC、

TK和C:N也是显著影响细菌 α 多样性的关键因子($P<0.05$),而TN则是显著影响真菌 α 多样性的关键因子($P<0.05$)。元宝山冷杉根际土壤细菌 β 多样性主要受土壤TP、N:P、C:P共同影响,而真菌 β 多样性与环境因子无关,这与汪运祥等(2023)的研究结果有所不同。不同区域和尺度的微生物多样性往往对海拔变化的响应存在差异,其影响因素具有高度的复杂性和多样性,而与本研究产生差异的原因可能是汪运祥等(2023)针对的是低海拔的常绿阔叶树种丝栗栲,而本研究则是针对高海拔的针叶树种元宝山冷杉,微生物群落结构受到不同种类凋落物和根系分泌物的调控,同时土壤有机质含量、pH值以及微气候等环境因素也会间接影响微生物群落,从而导致土壤微生物多样性对土壤性质的响应表现出显著的差异性。土壤理化因子与微生物多样性变化密切相关,其中不同海拔下的土壤养分以及碳氮磷比是造成元宝山冷杉根际土壤微生物群落多样性差异的重要原因。

3.3 不足之处

本研究的树种为极小种群——元宝山冷杉,由于受到自然条件和物种特殊性的限制,过少的野外植株使本次采样难以符合标准采样方法,使本研究数据除了受到海拔影响外,还受到一定的采样树种个体性状的影响,后续将开展调查采样树种个体性状差异的微生物群落特征来补充本次试验数据。尽管许多研究已指出季节变化会导致土壤温度、湿度以及植物生长状态的变化,进而间接影响土壤微生物群落,但是关于群落组成和多样性变化的具体机制尚未清晰(郑裕雄等,2018)。元宝山冷杉的种子通常在气温逐渐下降的10月中下旬趋于成熟并自行脱落,随着气温回升与雨水增多开始萌发(王莹等,2023)。在此过程中,越冬期的安全性对于种子的萌发至关重要。虽然低温环境会减弱植物根系对根际微生物的影响,但较低的土壤温度可以为山地生态系统中创造相对稳定的栖息地,使得养分波动和微生物代谢活动相对减少。同时,冬季的根际土壤中的养分较高(熊文君等,2021),为种子的越冬提供了有利的环境条件。因此,本研究选在冬季进行采样并探讨不同海拔高度的元宝山冷杉根际土壤在高寒生境下的土壤特性和微生物群落特征对环境变化的响应机制,分析对元宝山冷杉生长发育有促进影响

的微生物。但是,本研究缺少季节变化的研究,仅在冬季采样无法透彻研究元宝山冷杉微生物群落随时空分布格局的变化,在今后研究中我们将通过多季节的采样和分析,全面探讨微生物群落不同季节的变化规律。

4 结 论

本研究利用高通量测序技术分析不同海拔梯度元宝山冷杉根际土壤微生物群落的差异,揭示了山地森林生态系统中单一植物元宝山冷杉根际微生物群落在海拔上的分布格局与驱动因素。结果表明,微生物多样性沿海拔梯度的变化有较为明显的模式,细菌多样性呈先上升后下降的趋势,真菌多样性呈现不断下降的趋势($P < 0.05$)。海拔对根际土壤微生物结构组成具有显著影响($P < 0.05$),但未呈现明显的海拔分布模式,其中真菌群落受海拔影响强于细菌群落。环境因子关联分析进一步显示,不同海拔梯度下的土壤养分以及碳氮磷比是造成元宝山冷杉根际土壤微生物群落多样性和组成结构差异的关键因子($P < 0.05$)。本研究结果为后续元宝山冷杉的生态保护和恢复提供了更为精确和科学的依据。

参考文献:

- BEIMFORDE C, FELDBERGK, NYLINDER S, et al., 2014. Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: Combining fossil and molecular data [J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 78(1): 386–398.
- CAO LH, LIU HM, YANG H, et al., 2022. Soil microbial distribution and fungal community composition at different altitudes on Sejila Mountain, Southeastern Tibet [J]. *Journal of Soil Water Conservation*, 36(6): 371–378. [曹丽花, 刘合满, 杨红, 等, 2022. 色季拉山不同海拔土壤微生物及真菌群落组成特征 [J]. *水土保持学报*, 36(6): 371–378.]
- CAO R, 2017. The changes in soil microbial community structure with the altitudes and critical periods [D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University: 1–57. [曹瑞, 2017. 土壤微生物群落结构随海拔和关键时期的变化 [D]. 雅安: 四川农业大学: 1–57.]
- DE VRIES FT, SHADE A, 2013. Controls on soil microbial community stability under climate change [J]. *Frontiers in Microbiology*, 4(1): 265–272.
- FU LG, LÜ YJ, MO XL, 1980. The genus *Abies* discovered for the first time in Guangxi and Hunan [J]. *Journal of Systematics and Evolution*, 18(2): 205–210. [傅立国, 吕庸浚, 莫新礼, 1980. 冷杉属植物在广西与湖南首次发现 [J]. *植物分类学报*, 18(2): 205–210.]
- GAO BQ, QI R, ZHAO Y, et al., 2022. Diversity and influencing factors of bacteria in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Picea purpurea* at different altitudes in the upstream of Taohe River [J]. *Microbiology China*, 49(9): 3604–3616. [高本强, 齐瑞, 赵阳, 等, 2022. 洮河上游不同海拔紫果云杉根际与非根际土壤细菌多样性及影响因素 [J]. *微生物学通报*, 49(9): 3604–3616.]
- GUO H, TANG WP, 2020. Enzyme activity and microbial community diversity in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Larix principis-rupprechtii* [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 29(11): 2163–2170. [郭辉, 唐卫平, 2020. 不同林龄华北落叶松根际与非根际土壤酶和土壤微生物研究 [J]. *生态环境学报*, 29(11): 2163–2170.]
- HANAKA A, OZIMEK E, MAJEWSKA M, et al., 2019. Physiological diversity of spitsbergen soil microbial communities suggests their potential as plant growth-promoting bacteria [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(5): 1207–1221.
- HU R, WU X, WU YG, et al., 2023. Traits of fine roots and composition of microbial communities of *Abies beshanzuensis* at different altitudes [J]. *Journal of Forest and Environment*, 43(1): 84–91. [胡瑞, 吴宪, 吴友贵, 等, 2023. 不同海拔百山祖冷杉细根性状及微生物群落组成 [J]. *森林与环境学报*, 43(1): 84–91.]
- HUANG SX, 1998. Preliminary study on the causes of the endangerment of *Abies yuanbaoshanensis* [J]. *Rural Eco-Environment*, 14(1): 6–9. [黄仕训, 1998. 元宝山冷杉濒危原因初探 [J]. *农村生态环境*, 14(1): 6–9.]
- LI M, GAO XH, 2021. Community structure and driving factors for rhizosphere ectomycorrhizal fungi of *Betula platyphylla* in Daqing Mountain [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 40(5): 1244–1252. [李敏, 高秀宏, 2021. 大青山白桦根围外生菌根真菌群落结构及其驱动因素 [J]. *生态学杂志*, 40(5): 1244–1252.]
- LI XK, SU ZM, 2002. The endangered causes and protection strategy of *Abies yuanbaoshanensis* [J]. *Journal of Beihua University (Natural Science)*, 3(1): 80–83. [李先琨, 苏宗明, 2002. 元宝山冷杉种群濒危原因与保护对策

- [J]. 北华大学学报(自然科学版), 3(1): 80-83.]
- LIANG LL, PAN QB, 2012. Current situation and protection of *Abies yuanbaoshanensis* [J]. Inner Mongolia Forestry Investigation and Design, 18(4): 12-14. [梁凌林, 潘庆宝, 2012. 元宝山冷杉资源现状及保护初探 [J]. 内蒙古林业调查设计, 18(4): 12-14.]
- LÜ JW, 2011. Microbial community structure of the rhizosphere of *Rhododendron chysanthum* Pall. along an altitude gradient [D]. Changchun: Jilin University: 1-51. [吕剑薇, 2011. 不同海拔长白山牛皮杜鹃根际与非根际土壤微生物群落结构 [D]. 长春: 吉林大学: 1-51.]
- MENG ZY, LI M, YANG XJ, et al., 2023. Composition of fungal community in rhizosphere soil of *Picea crassifolia* and its response to altitude change [J]. Mycosystema, 42(7): 1635-1650. [孟兆云, 李敏, 杨勋爵, 等, 2023. 青海云杉根围土壤真菌群落组成及对海拔变化的响应 [J]. 菌物学报, 42(7): 1635-1650.]
- NING SJ, LI F, HE CX, 2009. Key biodiversity area — Guangxi Yuanbao Mountain scientific expedition report [M]. Guilin: Guangxi Science and Technology Press: 1-414. [宁世江, 李锋, 何成新, 2009. 生物多样性关键地区——广西元宝山科学考察研究 [M]. 桂林: 广西科学技术出版社: 1-414.]
- OU ZL, LI XK, SU ZM, et al., 2002. Interconnection among main tree populations of *Abies yuanbaoshanensis* community [J]. Chinese Journal of Ecology, 21(1): 14-18. [欧祖兰, 李先琨, 苏宗明, 等, 2002. 元宝山冷杉群落主要树木种群间联结关系的研究 [J]. 生态学杂志, 21(1): 14-18.]
- PANG DB, WU MY, ZHAO YR, et al., 2023. Soil microbial community characteristics and the influencing factors at different elevations on the eastern slope of Helan Mountain, Northwest China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 34(7): 1957-1967. [庞丹波, 吴梦瑶, 赵娅茹, 等, 2023. 贺兰山东坡不同海拔土壤微生物群落特征及其影响因素 [J]. 应用生态学报, 34(7): 1957-1967.]
- SHI YC, ZOU R, TANG JM, et al., 2018. Structural and functional diversity of rhizosphere microbial community of *Heteroplex* [J]. Guihaia, 38(1): 1-10. [史艳财, 邹蓉, 唐健民, 等, 2018. 异裂菊属根际微生物群落结构及功能多样性 [J]. 广西植物, 38(1): 1-10.]
- SINGH D, SHI L, ADAMS JM, 2013. Bacterial diversity in the mountains of South-West China: Climate dominates over soil parameters [J]. Journal of Microbiology, 51(4): 439-447.
- WANG B, QIN F, SHI YC, et al., 2022. Comparison of microbial functional diversity between rhizosphere and non-rhizosphere of *Heteroplexis microcephala* [J]. Journal of Guangxi Normal University (Natural Science Edition), 40(6): 237-246. [王博, 覃芳, 史艳财, 等, 2022. 小花异裂菊根际与非根际微生物功能多样性比较 [J]. 广西师范大学学报(自然科学版), 40(6): 237-246.]
- WANG F, BAU TOLGOR, 2014. Research advances in the diversity of soil fungi [J]. Journal of Fungal Research, 12(3): 178-186. [王芳, 图力古尔, 2014. 土壤真菌多样性研究进展 [J]. 菌物研究, 12(3): 178-186.]
- WANG J, ZHANG HP, SU X, et al., 2023. Microbial diversity in rhizosphere soil of *Anemone altaica* [J]. Guihaia, 43(8): 1467-1477. [王晶, 张会萍, 苏晓, 等, 2023. 阿尔泰银莲花根际土壤微生物多样性研究 [J]. 广西植物, 43(8): 1467-1477.]
- WANG Y, WEN SJ, LUO DM, et al., 2023. Study on the seed characteristics and seed germination characteristics of the rare and endangered plant *Abies yuanbaoshanensis* [J]. Journal of Guangxi Academy of Sciences, 39(2): 161-168. [王莹, 文淑均, 罗定明, 等, 2023. 珍稀濒危植物元宝山冷杉种实特征及种子萌发特性研究 [J]. 广西科学院学报, 39(2): 161-168.]
- WANG YX, WU HX, HE DM, et al., 2023. Changes of soil microbial community along the altitude gradient in the natural stand of *Castanopsis fargesii* in the Guoyan Mountain [J]. Forest Research, 36(6): 134-143. [汪运祥, 吴航涅, 何冬梅, 等, 2023. 郭岩山自然保护区丝栗栲天然林分土壤微生物群落沿海拔梯度变化 [J]. 林业科学研究, 36(6): 134-143.]
- WU D, YANG T, LIN CF, et al., 2022. Elevational distribution of soil diazotrophic community in root zone of *Ginkgo biloba* in Tianmu Mountain [J]. Soils, 54(5): 958-967. [吴狄, 杨腾, 林臣峰, 等, 2022. 天目山银杏根区土壤固氮微生物群落沿海拔梯度的分布特征 [J]. 土壤, 54(5): 958-967.]
- XIANG QP, 2001. A preliminary survey on the distribution of rare and endangered plants of *Abies* in China [J]. Guihaia, 21(2): 113-118. [向巧萍, 2001. 中国的几种珍稀濒危冷杉属植物及其地理分布成因的探讨 [J]. 广西植物, 21(2): 113-118.]
- XIAO R, TAN L, WU L, et al., 2023. Microbial community structure and diversity in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Kochia scoparia* under Cd stress [J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 25(8): 203-215. [肖锐, 谭璐, 吴亮, 等, 2023. 镉胁迫下地肤根际与非根际土壤微生物群落结构及多样性 [J]. 中国农业科技导报,

- 25(8): 203–215.]
- XIONG WJ, ZHU H, LI JB, et al., 2021. Spatiotemporal distribution patterns and drivers of bacterial communities in the rhizosphere and bulk soil under an *Abies fabri* forest on Gongga Mountain [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 27(5): 1130–1137. [熊文君, 祝贺, 李家宝, 等, 2021. 贡嘎山峨眉冷杉根际、非根际土壤细菌群落的时空分布及影响因素 [J]. 应用与环境生物学报, 27(5): 1130–1137.]
- XIONG H, 2021. Effects of different altitudes on community structure of soil fungi, rhizosphere fungi and root endophytic fungi in *Rhododendron delavayi* Franch [D]. Guiyang: Guizhou Normal University: 1–59. [熊涵, 2021. 不同海拔对马缨杜鹃土壤真菌、根际真菌和根内生真菌群落结构的影响 [D]. 贵阳: 贵州师范大学: 1–59.]
- XU FD, LI SF, SU JR, 2021. Changes of soil bacterial community structure at the secondary successional stages in the *Pinus yunnanensis* forest [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 32(3): 887–894. [徐凡迪, 李帅锋, 苏建荣, 2021. 云南松林次生演替阶段土壤细菌群落的变化 [J]. 应用生态学报, 32(3): 887–894.]
- YANG Y, LIU BJ, FANG JY, et al., 2011. The study on characteristics of microbes and enzyme activity in rhizosphere and out-rhizosphere soil of tea garden at various ages [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 27(27): 118–121. [杨扬, 刘炳君, 房江育, 等, 2011. 不同植茶年龄茶树根际与非根际土壤微生物及酶活性特征研究 [J]. 中国农学通报, 27(27): 118–121.]
- YE W, 2019. Microbial biodiversity in rhizospheric soil of *Torreya grandis* ‘Merrillii’ [D]. Hangzhou: Zhejiang Agriculture & Forestry University: 1–60. [叶雯, 2019. 香榧根际土壤微生物多样性研究 [D]. 杭州: 浙江农林大学: 1–60.]
- YELLE DJ, RALPH J, LU F, et al., 2008. Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete [J]. Environmental Microbiology, 10(7): 1844–1849.
- ZHANG D, ZHANG YX, QU LY, et al., 2012. Effects of altitude on soil microbial community in *Quercus liaotungensis* forest [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 23(8): 2041–2048. [张地, 张育新, 曲来叶, 等, 2012. 海拔对辽东栎林地土壤微生物群落的影响 [J]. 应用生态学报, 23(8): 2041–2048.]
- ZHANG YG, CONG J, LU H, et al., 2015. Soil bacterial diversity patterns and drivers along an elevational gradient on Shennongjia Mountain, China [J]. Microbial Biotechnology, 8(4): 739–746.
- ZHENG XF, SU YK, LIU B, et al., 2010. Microbial community diversity in tea root zone soils at different elevations [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 18(4): 866–871. [郑雪芳, 苏远科, 刘波, 等, 2010. 不同海拔茶树根系土壤微生物群落多样性分析 [J]. 中国生态农业学报, 18(4): 866–871.]
- ZHENG YX, CAO JL, YANG ZJ, et al., 2018. Impacts of nitrogen deposition on soil microbial community structure in subtropical natural evergreen broad-leaved forest relative to season [J]. Acta Pedologica Sinica, 55(6): 1534–1544. [郑裕雄, 曹际玲, 杨智杰, 等, 2018. 氮沉降对亚热带常绿阔叶天然林不同季节土壤微生物群落结构的影响 [J]. 土壤学报, 55(6): 1534–1544.]

(责任编辑 李 莉 王登惠)