

# 岩石—土壤—四川牡丹元素迁移体系中的微生物效应

冯玮娜, 彭培好, 谢成晟, 罗雯

(成都理工大学 地球科学学院, 四川 成都 610059)

**摘要:** [目的] 研究四川牡丹岩土环境背景以及微生物在元素迁移过程中的作用, 为了解营养元素的表生地球化学行为规律及微生物在元素迁移体系中的作用提供理论依据。[方法] 利用 ICP-OES 测定四川牡丹生境母岩、土壤以及种子的大量(P, S, K, Ca, Na, Mg, Al)、微量(Fe, Mn, Cu)营养元素含量, 同时利用 Illumina 高通量测序技术测定根际土壤中细菌、真菌的组成和结构。[结果] ①四川牡丹生长土壤以弱碱富钙为主要特征, 元素组成基本保留了母岩特征; ②元素从母岩到土壤中的迁移富集系数排序为: Ca>Na>S>P>Mg>K>Al>Fe>Mn>Cu, 植物吸收系数排序为: P>S>K>Cu>Mg>Ca>Na>Mn>Fe>Al; ③碱土金属淋溶率和铝铁率对土壤细菌的多样性(Alpha)影响显著, 但对真菌的影响不显著; ④P, Mn的迁移主要受母岩控制, 而Ca, Mg, Fe, S等元素的迁移富集受到了微生物的影响。[结论] 细菌和真菌在元素迁移体系中的作用相似, 主要参与Fe, S, Mg, Ca的相关反应过程。

**关键词:** 元素迁移; 风化淋溶; 土壤微生物; 四川牡丹

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2020)04-0067-08

中图分类号: S151.9

**文献参数:** 冯玮娜, 彭培好, 谢成晟, 等. 岩石—土壤—四川牡丹元素迁移体系中的微生物效应[J]. 水土保持通报, 2020, 40(4): 67-74. DOI: 10.13961/j.cnki.stbctb.2020.04.010; Feng Weina, Peng Peihao, Xie Chengsheng, et al. Microbial effects on elements migration in rock-soil-*Paeonia szechuanica* system [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2020, 40(4): 67-74.

## Microbial Effects on Elements Migration in Rock-Soil-*Paeonia Szechuanica* System

Feng Weina, Peng Peihao, Xie Chengsheng, Luo Wen

(School of Earth Sciences, Chengdu University of Technology, Chengdu, Sichuan 610059, China)

**Abstract:** [Objective] The environmental background of parent rock and soil of *Paeonia szechuanica* was studied in order to provide a theoretical reference for understanding the supergene geochemical behavior of nutrient elements and the role of microorganisms in elements migration. [Methods] The contents of nutrient elements (P, S, K, Ca, Na, Mg, Al, Fe, Mn, Cu) in the parent rocks, soil and the seeds of *Paeonia szechuanica* were measured by using ICP-OES. Meanwhile, the composition and structure of bacteria and fungi in the rhizosphere microorganisms were analyzed by using the Illumina platform. [Results] ① The soil of *Paeonia szechuanica* was characterized by alkalescence and rich calcium, and the element composition basically retained the characteristics of parent rock. ② The migration coefficients of elements migration from rocks into soil were listed as: Ca>Na>S>P>Mg>K>Al>Fe>Mn>Cu, and the absorption coefficients were listed as: P>S>K>Cu>Mg>Ca>Na>Mn>Fe>Al. ③ The leaching index of alkali metals and the ratio of Al to Fe showed a significant effect on soil bacterial diversity (Alpha), but not on fungi. ④ The migrations of P and Mn were mainly controlled by the parent rock, while the migrations of Fe, S, Mg, K, and Ca were affected by microorganisms. [Conclusion] The bacteria and fungi play similar roles in the elements migration system and mainly involve in the reaction process of Fe, S, Ca and Mg.

**Keywords:** elements migration; weathering and leaching; soil microorganisms; *Paeonia szechuanica*

土壤是地球关键带的重要组成部分, 生物和非生物在此进行着高频率的物质交换和能量、信息的传递<sup>[1-2]</sup>。土壤对成土母岩有一定的物质继承性, 土壤中大约 80%~100% 的钾、钙、镁和磷来自岩石的风

收稿日期: 2020-02-21

修回日期: 2020-04-18

资助项目: 国家科技部第二次青藏高原综合科学考察研究(2019QZKK0402, 2019QZKK0301); 四川省第二次全国重点保护野生植物资源调查项目(80303-SZA001)

第一作者: 冯玮娜(1995—), 女(汉族), 湖北省宜昌市人, 硕士研究生, 研究方向为农业地质。Email: 1043550343@qq.com。

通讯作者: 彭培好(1963—), 男(汉族), 山东省诸城市人, 教授, 主要从事生态恢复、生态环境地质等方面的研究。Email: peihao@163.com。

化输入<sup>[3]</sup>。成土母岩是植物矿质元素的初始来源,成土初期,岩体微裂隙及表面附着的微生物和低等植物在营养需求的驱动下直接与岩石作用,在促进岩石风化释放矿质元素的同时固定碳,为植物的生长储备条件;土壤中的动植物及微生物生活产生的酸性和具有生命活性的分泌物促进岩石矿物的进一步风化<sup>[2-3]</sup>。快速的风化并不等于可利用元素的快速补充,早期风化产物难以发生化学变化,而微生物快速多样的代谢过程所塑造的氧化还原微环境则为元素形态转化、次生矿物的进一步风化提供了动能<sup>[4-5]</sup>。土壤微生物的结构和功能深刻影响着全球元素(主要是碳氮)大循环和岩石—土壤—植物间的元素小循环<sup>[6-7]</sup>。然而,由于微生物种类繁多、功能多样、微生物群落间、微生物与其它生物和非生物关系复杂,其在土壤中所承担的生态功能至今未得到清晰的描述<sup>[8]</sup>。

岩石风化与元素循环直接影响土壤营养结构,从而进一步影响植物生长和生态演化<sup>[9-11]</sup>。例如,中国干旱及半干旱区,土壤元素平衡(P, S, Be, Al, Mo, Pb, Cd, Ni)对禾本科、莎草科、豆科植物的生长有重要影响。中国干旱区,磷是控制草甸草原发展的关键因素之一<sup>[12]</sup>。四川牡丹是一种自然分布带狭窄的极小种群<sup>[13]</sup>,多生长于营养贫瘠的坡积物上,其独特的基质条件和营养循环特点尚未得到深入研究。本文就四川牡丹生境的岩土元素组成特点进行研究,并描述几种大量、微量营养元素的迁移富集规律,分析细

菌、真菌在元素迁移吸收过程中的效应,为了解营养元素的表生地球化学行为规律、微生物在元素迁移体系中的作用提供理论依据,同时为研究四川牡丹及其它干旱河谷地带性植被的基质条件与营养循环提供参考数据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集

四川牡丹生长于岷江及大渡河上游海拔 2 204~2 800 m 的干旱河谷地带,谷坡多在 30°~40°之间,有的甚至更高。土壤层薄、石砾多、成熟度低。根据四川牡丹野外分布调查结果,于 2018 和 2019 年 8 月下旬在四川牡丹的 5 个集中分布区(见表 1),分别选择 3~5 个四川牡丹分布较集中的地点划分 5 m×5 m 的样方。每个样方内随机选择 3 株四川牡丹,于地茎 30 cm 范围内根系分布密集处采集土壤,混合为 1 份土壤样品。四川牡丹生长的土壤层极薄,故在除去土壤表层枯落物后垂直挖取土壤截面至砾石层,不分层取样。同时使用经 75%酒精消毒的铁铲、无菌手套等取样工具,取根茎抖落土壤于无菌密封袋中,并立即使用冰袋保存送回实验室。收集样方内所有植株已成熟的种子。对照区域地质图在四川牡丹垂直分布带的上、中、下部各寻找一处母岩出露处采集母岩样品。共取得 35 件土壤样品(包括 12 件根际土壤样品),17 件岩石样品以及 25 件植物种子样品。

表 1 研究区样点布置

样地	地层岩性	土壤类型	经纬度	海拔/m
样点 1	志留系,平武通化组;千枚岩片岩变砂岩夹灰岩	黄棕壤	30°58'31"N,101°42'06"E	2 449
样点 2	海相上三叠统,雅江松潘杂谷脑组一两河口组;变砂岩板岩	暗棕壤	31°59'46"N,102°01'02"E	2 695
样点 3	海相上三叠统,雅江松潘杂谷脑组一两河口组;变砂岩板岩	黄棕壤	31°59'57"N,102°01'01"E	2 514
样点 4	海相中—上三叠统,雅江松潘杂谷脑组一两河口组;变砂岩板岩夹灰岩	褐土	31°35'57"N,103°16'09"E	2 437
样点 5	海相上三叠统,雅江松潘杂谷脑组一两河口组;变砂岩板岩厚层巨大	棕壤	31°42'2"N,102°1'18"E	2 305

### 1.2 元素含量测定

取岩石、自然风干后的土壤粉碎并过 75 μm 200 筛目筛,经 105 °C 烘干 2 h 后使用硝酸、氢氟酸 3 : 2 微波消解<sup>[14]</sup>。

植物种子先后于烘箱 105 °C 烘干 30 min,80 °C 烘干 4 h,过 60 目筛,采用硝酸、双氧水 8 : 2 湿法消解。所有消解后的样品经过滤,ICP-OES 测定 P, S, K, Na, Ca, Mg, Al, Fe, Mn, Cu 的含量(岩石、土壤中的元素含量以氧化物计)<sup>[14]</sup>。取自然风干,过 60 目筛

的土壤电位法<sup>[15]</sup>测定土壤 pH 值。

### 1.3 微生物基因测序

使用 ZymoBIOMICSTM DNA Minipre Kit 提取试剂盒提取根际土壤的细菌和真菌 DNA,经 PCR 扩增及检测(扩增引物详见表 2),产物回收后,使用 TruSeq DNA PCR-Free Sample Prep Kit 所建文库,于 Illumina HiSeq 2500 平台 PE250 模式测序。测序结果经过 Trimmomatic2976 质控及除杂,在 97% 的一致性水平上进行 OTU 聚类及分类注释<sup>[16]</sup>。

表 2 土壤细菌及真菌 PCR 扩增引物序列<sup>[17-18]</sup>

菌类	扩增区域	引物序列
细菌	V4	515 F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')806 R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')
真菌	ITS 2	ITS3_KYO2(5'-GATGAAGAACYAGY RAA -3')ITS4(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')

## 2 数据处理

元素迁移累积系数 =  $(X_{\text{土壤}}/Al_{\text{土壤}})/(X_{\text{岩石}}/Al_{\text{岩石}})$ , 表征某元素(X)相对于参比元素 Al 的迁移累积特征。植物吸收富集系数 =  $(X_{\text{植物}}/X_{\text{土壤}}) \times 100\%$ , 表征元素从土壤到植物的生物吸收特征。土壤风化淋溶率以土壤、岩石的风化淋溶指数之比表示, 指数包括: 铝铁系数 ( $A_f$ ) =  $Al_2O_3/Fe_2O_3$ , 碱金属淋溶系数 ( $K_n$ ) =  $(Na_2O + K_2O)/Al_2O_3$ , 碱土金属淋溶系数 ( $C_m$ ) =  $(CaO + MgO)/Al_2O_3$  和铝化率 ( $\alpha$ ) =  $Al_{\text{土壤}}/Al_{\text{母岩}}$ <sup>[19]</sup>。微生物物种多样性(Alpha)指数包括丰富度指数 ACE 和 Chao1, 多样性指数 Shannon, Simpson(此处以 1-Simpson 指数的值计)和 InvSimpson<sup>[16,20]</sup>。

使用 Canoco 5 默认程序进行主成分分析和冗余分析, SPSS 25 进行因子分析和 Person 相关性分析, R 3.6.1 的 corr.test 函数对元素含量和微生物丰度

进行 Spearman 相关分析 ( $p < 0.05$ ), 并基于相关性结果使用 igraph 程序包构建网络图。

## 3 结果与分析

### 3.1 元素迁移富集特征

与华东地台沉积盖层相比, 四川牡丹生长区母岩的 Cu, S 含量丰富, Ca, Mg 含量较低(表 3)。K, Ca, Na 的最大值与最小值均相差四倍以上, 反映各样地母岩的盐基储量差异较大。四川牡丹生长土壤 pH 值介于 7.4~8.0 之间(表中未列出), 呈弱碱性。与全国表层土壤相比, 四川牡丹生长土壤中 S, Ca, Cu 含量偏高, 尤其是 Ca 远超过全国表层土壤钙含量的 95% 区间。S, Cu 在各样点间含量差异较大, 其最大值与最小值之比分别为 4.89, 3.24。植物种子中 Al, Fe 含量差异较大, 最大值与最小值之比分别为 3.08, 3.45。

表 3 研究区岩石、土壤、植物元素含量

元素	岩石			土壤				植物		元素迁移	
	岩石均值	Max/Min	沉积盖层 <sup>[21]</sup>	土壤均值	Max/Min	全国均值 <sup>[22]</sup>	95% 区间 <sup>[22]</sup>	植物均值	Max/Min	迁移富集系数	吸收系数/%
P	495	1.55	580	728	2.32	573	—	1972	1.26	1.09	287
S	708	3.56	210	940	4.89	261	—	1340	1.22	1.20	193
K	1.25	5.59	2	1.43	1.15	1.86	0.94~2.79	0.33	1.33	1.03	23
Ca	0.84	6.18	10.30	7.72	1.93	1.84	0.01~4.8	0.35	1.51	9.43	4.76
Na	1.23	12.10	1.11	0.82	2.41	1.02	0.01~2.27	0.02	2.21	1.40	2.24
Mg	0.87	2.37	2.41	1.23	1.91	0.78	0.02~1.64	0.10	1.16	1.04	8.85
Al	4.61	1.89	5.72	6.40	1.21	6.62	3.37~9.87	0.008	3.08	1.00	0.13
Fe	3.51	4.18	2.84	3.99	1.34	2.94	1.05~4.84	0.022	3.45	0.92	0.56
Mn	533	1.79	620	544	2.02	583	130~1786	7.62	1.17	0.80	1.40
Cu	94	1.39	16	45	3.24	22.6	7.3~55.1	5.81	1.61	0.34	12.98

注: K, Ca, Na, Mg, Al, Fe 单位为 %, P, S, Mn, Cu 单位为  $10^{-6}$ 。全国均值和 95% 区间值均为全国 A 层土壤。

土壤营养元素的迁移富集系数排序为:  $Ca > Na > S > P > Mg > K > Al > Fe > Mn > Cu$ 。其中 P, S, K, Ca, Na, Mg 的迁移富集系数大于 1, 在土壤中相对富集, Fe, Mn, Cu 的迁移富集系数小于 1, 表示其相对于 Al 发生了淋失。四川牡丹种子的元素吸收系数排序为:  $P > S > K > Cu > Mg > Ca > Na > Mn > Fe > Al$ 。其中 P, S 的富集系数大于 100%, 表示其在四川牡丹种子中相对于土壤富集(见表 3)。Al, Fe 均是植物所需的微量元素, 其吸收率均不到 1%。

### 3.2 元素组合特征

成土过程中诸多因素的干扰使得相互影响的元素之间往往难以呈现出线性关系, 通过主成分分析探讨元素间的潜在关联有助于理解成土过程中的元素行为规律<sup>[23]</sup>。母岩与土壤之间的元素组成差异由主

成分 1 解释, 各样地之间的元素组成差异由主成分 2 解释(见图 1)。因子向量向主轴的投影为因子贡献率。相对于母岩, 土壤以高  $Al_2O_3$ , CaO 含量和低 Cu,  $Na_2O$  含量为最主要特征。这与元素迁移富集顺序稍有偏差, 因为主成分分析更关注样点间的总体组成差异。岩石在各样点间的组成差异由主成分 2 解释,  $K_2O$ ,  $Na_2O$ ,  $Fe_2O_3$  是最主要的载荷因子, 表明 3 者含量不同是母岩元素组成的主要差异。相较于母岩, 各样点土壤的组成较为相似, 这符合均一化理论, 同时表明 5 个样点的成土过程基本相似。

因子 1 和因子 2 分别指示母岩中大量元素(氧化物)和微量元素(见图 1)。主要存在两个元素组合: ①因子 1 的主要正载荷因子为  $Al_2O_3$ ,  $Fe_2O_3$ , S,  $K_2O$ , P, CaO; ②因子 2 的主要正载荷因子为 Mn, Cu。

土壤中存在两个组合：①因子 1 的主要正载荷因子 P, S, Mn, Cu；②一二象限的  $\text{Fe}_2\text{O}_3$ ,  $\text{K}_2\text{O}$ ,  $\text{CaO}$ ,  $\text{MgO}$ ,  $\text{Al}_2\text{O}_3$  (见图 1)。对比图 1 中的各元素组成特征可知, 母岩与土壤的元素 (氧化物) 组合基本相似, 反映土壤对母岩的物质继承性。不同之处在于土壤的 P, S 移入了 Mn, Cu 的组合中 (其中 P 与 Mn 相关性显著, 图 3), 表明两种元素在母岩和土壤中的主要存在形式可能不同。

此外, pH 值与  $\text{K}_2\text{O}$ ,  $\text{CaO}$  同是因子 1 的主要负

载荷因子, 表明土壤酸碱度与土壤 K, Ca 的迁移积累可能存在相互影响 (见图 1)。因子 1 指示基质的营养限制, 其主要正载荷因子 Al, Mn, P (其中 Al 分别与 Mn, P 显著相关) 在种子中的含量均受到岩石和土壤元素组成的影响; 因子 2 的正载荷因子 S, Fe, Mg, Cu 均受到微生物活动的影响, 其中 S, Mg, Fe 两两之间显著相关。Fe 和 Mg 无论是在岩石、土壤还是植物中均在一个组合内, 虽然两者没有显著的相关关系, 但仍可以推测两者在迁移吸收过程中存在潜在相互影响。

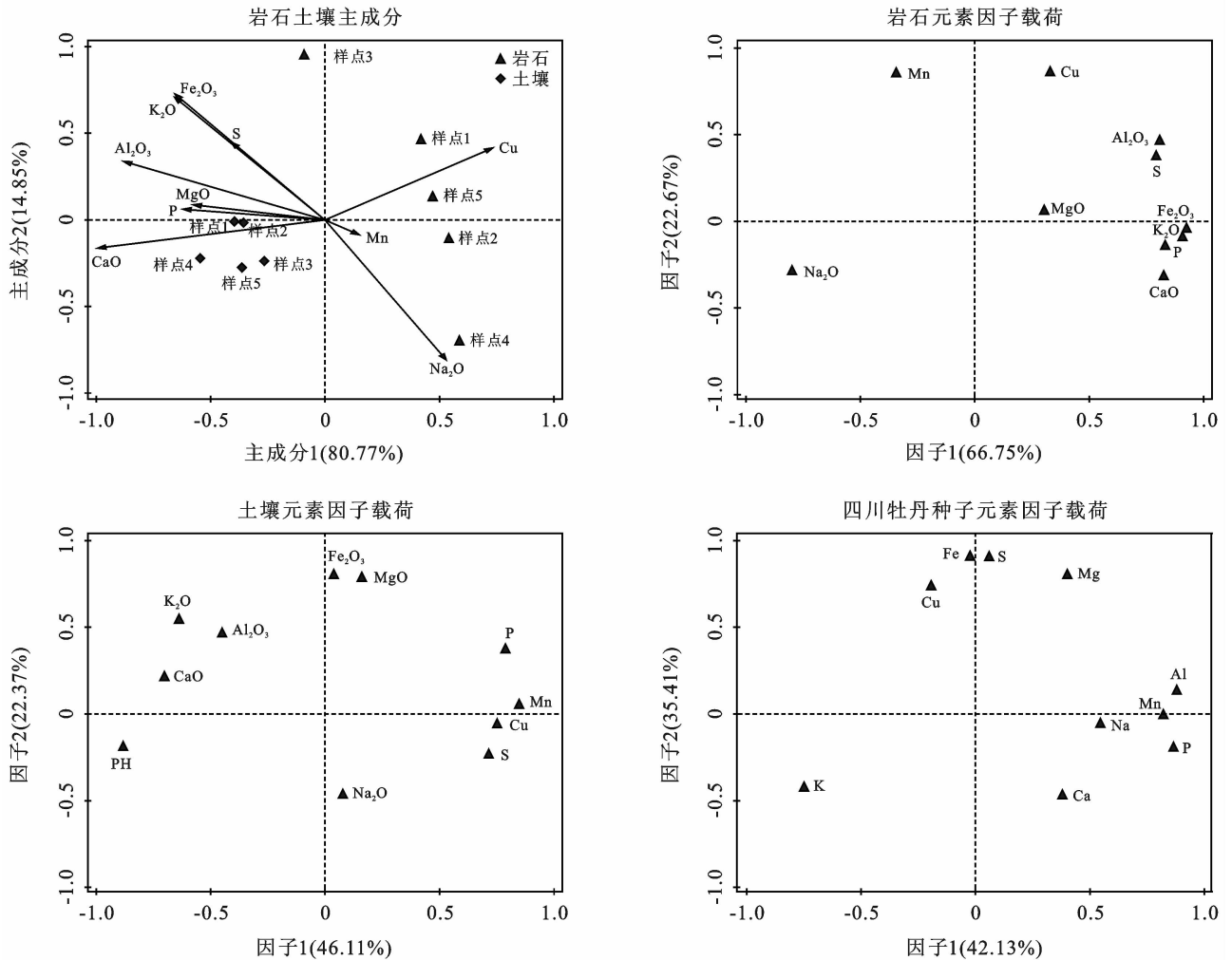


图 1 岩石、土壤、植物种子的元素组成特征

### 3.3 土壤环境与微生物多样性

铝铁率、碱金属和碱土金属淋溶率越小, 铝化系数越高表明土壤经历的风化淋溶程度越强, 成熟度越高。钙的高度聚集 (见表 3) 使得碱土金属淋溶率在此处并不适宜作为衡量土壤风化程度的指标, 因此, 碱土金属淋溶率仅作为衡量  $\text{CaO}$ ,  $\text{MgO}$  相对淋溶或富集情况的度量。碱金属淋溶率在 0.3~1 之间, 铝化系数和铝铁率多在 0.8~2 之间, 总体表现为土壤淋溶程度较弱 (见表 4)。

表 4 研究四川牡丹生长区的土壤风化淋溶率均值

样点	碱金属淋溶率	碱土金属淋溶率	铝化系数	铝铁率
样点 1	1.010	5.349	1.150	0.844
样点 2	0.507	3.044	1.495	1.137
样点 3	0.843	1.944	1.027	1.910
样点 4	0.303	4.345	2.164	0.860
样点 5	0.877	4.799	1.550	1.164

对细菌群落 Alpha 多样性和土壤风化淋溶率做冗余分析。前两个主轴共解释了总变量的 74.68% (见图 2)。4 种风化率指数所指示的风化程度与微生物多样性之间的关系并不一致,表明四川牡丹生长土壤的风化进程并不是控制根际土壤微生物群落的主要因素。但是,碱土金属淋溶率( $C_m$ :  $F=4.7$ ,  $p=0.036$ )和铝铁率( $A_f$ :  $F=3.0$ ,  $p=0.04$ )两个解释变量仍然可以很好地解释细菌的多样性。碱土金属淋溶率与细菌多样性指数(Shannon, Simpson 和 InvSimpson)呈正相关,与物种丰富度指数(ACE, Chao1)呈负相关, $A_f$  则正好相反。这表明随着土壤 Ca, Mg, Fe 相对积累程度加深,细菌多样性增加而丰富度反而有降低的趋势。所有指标均无法解释真菌的 Alpha 多样性,表明四川牡丹根际真菌对土壤环境变化的响应不如细菌敏感。

碱土金属淋溶率与细菌的拟杆菌门(Bacteroidetes)、Epsilonbacteraeota 呈高度正相关,与硝化

螺旋菌门(Nitrospirae)呈负相关,这三类细菌多具有与硝化相关的代谢途径(见表 5)。铝铁率与真菌的座囊菌纲(Dothideomycetes)相关性显著,铝化系数与盘菌纲(Pezizomycetes)和伞菌纲(Agaricomycetes)相关性显著。上述菌类均是根际土壤中的优势菌种<sup>[16]</sup>。

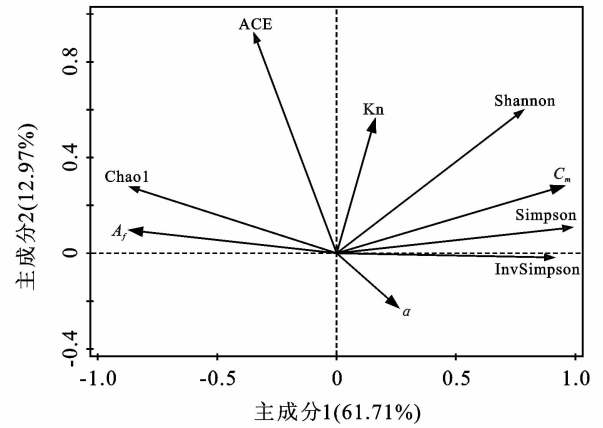


图 2 土壤风化淋溶率与细菌多样性冗余分析

表 5 土壤风化淋溶率与微生物相关性

项目	细菌门			真菌纲			
	Bacteroidetes	Epsilonbacteraeota	Nitrospirae	Leotiomyces	Dothideomycetes	Pezizomycetes	Agaricomycetes
碱金属淋溶率	0.374	0.194	-0.481	0.780	0.475	-0.766	-0.627
碱土金属淋溶率	0.921*	0.980*	-0.888*	0.691	-0.833	0.203	0.394
铝铁率	-0.781	-0.878	0.552	-0.368	0.963*	-0.423	-0.486
铝化系数	0.039	0.147	-0.072	0.584	-0.244	0.881*	0.911*

注: \* 表示在 0.05 水平显著相关。

### 3.4 网络分析

网络图便于反映微生物之间、元素之间、微生物与元素之间直接或间接的相关关系。模块 1 与微生物均无显著相关性,这部分主要包括岩石元素,以及土壤的 P, Mn 和植物的 P, Al, Mn(图 3)。说明 P, Mn 在岩石—土壤—四川牡丹种子的迁移体系中可能主要受控于母岩。微生物主要影响模块 2, 3, 其中包括土壤元素: K, Ca, Mg, Al, Fe 和种子元素: K, Na, Ca, Mg, Fe, S。此外,土壤 S、植物 Cu 以及岩石 Cu, Mn, Mg, P, S 的含量同样与部分微生物的丰度显著相关。岩石和土壤微生物可通过土壤的桥梁作用产生相互影响,而这一过程如何发生在网络图中并未体现。

对比可知, Epsilonbacteraeota 将岩石的 Mn 元素连接进入模块 2 中, 细菌类的疣微菌门(Verrucomicrobia)、厚壁菌门(Firmicutes)、Latescibacteria 和真菌类的粪壳菌纲(Sordariomycetes)、锤舌菌纲(Leotiomyces)、盘菌纲(Pezizomycetes)、古菌根菌纲(Archaeorhizomycetes)作为一个整体将土壤 Ca 和植物 Mg 连接到模块 2 中, 变形菌门(Proteobacteria)、

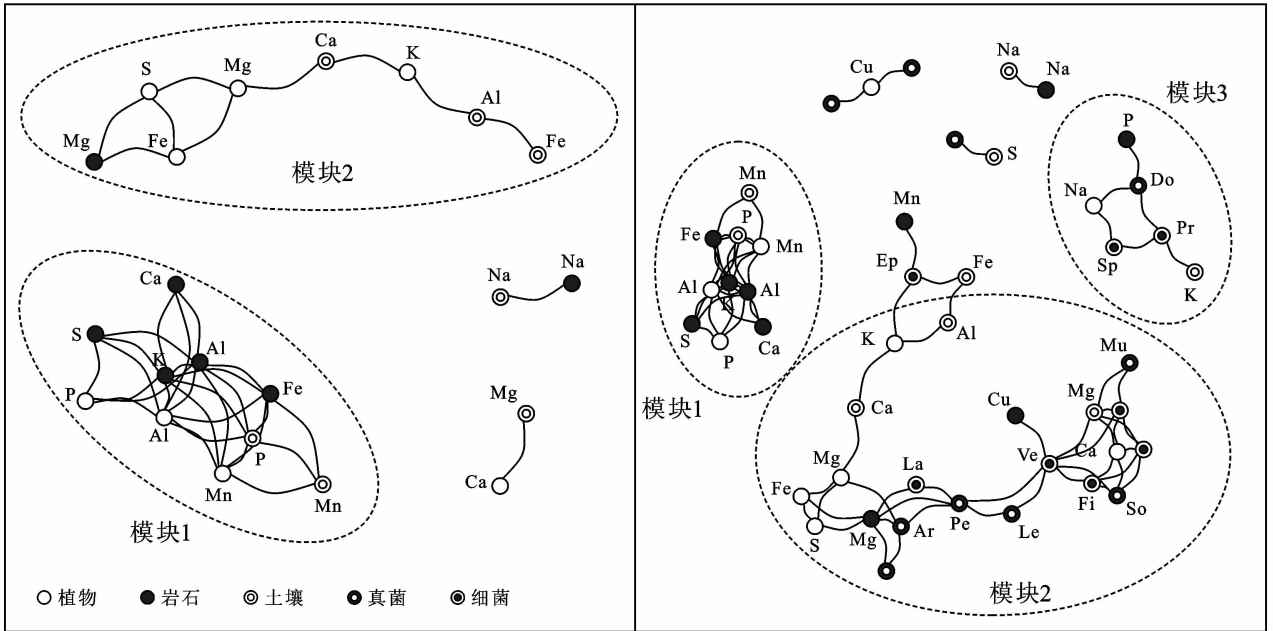
螺旋体门(Spirochaetes)和座囊菌纲(Dothideomycetes)将模块 3 中的元素连接成为一个整体。上述微生物作为连接多种元素的节点, 在营养反馈与调节上可能具有重要意义。微生物的加入使整个网络趋于复杂, 它们不仅为元素间的反应提供了更多的途径还改变了元素之间的关系。细菌和真菌之间没有明显的分区, 表明其在元素循环中的主要功能相似。

## 4 讨论

(1) 四川牡丹的基质条件。四川牡丹生长土壤以弱碱积钙为主要特征。母岩钙含量低, 不足以形成高钙土壤。其分布区少雨干燥的气候特点(年干燥度约 1.6~2.5)或为土壤钙化提供条件<sup>[13]</sup>。除 Ca 在土壤中发生大量积聚外, K, Na, Mg 相对于 Al 均发生轻微的富集。一方面, 四川牡丹生长区受焚风效应影响, 在高水分蒸发状态下, 盐分可随着土壤毛细管道上移并在表土层积聚, 这一现象易发生在干旱、半干旱及半湿润区<sup>[24]</sup>。另一方面, 土壤中的盐基组分可能存在外源输入。四川牡丹生长区属于青藏高原

东南缘,构造抬升导致山体破碎,河谷谷坡陡峭,水土流失严重,初期风化产物在重力及流水作用下堆积于谷坡凹陷或坡度减缓处发育成壤是植被发展的基础<sup>[25]</sup>,谷坡上部土体及岩体经风化淋失的元素同样易

在此汇集沉淀<sup>[26]</sup>,最终可在植被、气候等作用下形成盐基组分的富集。相比于一般的植物吸收顺序,Cu较之 Ca,Mg,Na 位置较靠前,但 4 者含量均在正常范围内。



a 岩石—土壤—四川牡丹种子元素网络图

b 微生物与元素网络图

注:基于 spearman 相关,显著性  $p < 0.05$ 。Ar=Archaeorhizomycetes, Do=Dothideomycetes, Le=Leotiomycetes, Pe=Pezizomycetes, So=Sordariomycetes, Mu=Mucoromycetes, Ep=Epsilonbacteraeota, Fi=Firmicutes, La=Latescibacteria, Pr=Proteobacteria, Sp=Spirochaetes, Ve=Verrucomicrobia。

图 3 微生物与元素网络关系图

(2) 元素组合特点。P 和 S 是表生系统中较为活跃的元素,两者组合关系的变化可能与其赋存形式、元素迁移动力等因素有关。岩石中的 S 与 Ca,K,Al,Fe 在同一组合内且相关性显著(图 3),表明 S 可能主要以硫酸盐、硫化物等形式存在于岩石中,而土壤中的 S 可能主要以 Cu 或 Mn 的硫化物形式存在(见图 1)。碱性土壤中的 P 多以 Ca-P 的形式存在<sup>[25]</sup>,但 P 与 Mn 的相关性说明土壤中可能有相当一部分 P 以 Mn-P 形式存在<sup>[27]</sup>。四川牡丹生长土壤常以坡积物为成土母质,土壤成熟度低,因此土壤元素组成得以保留其母岩的主要特征,其主要造岩元素组合关系未发生变化,这一特征在干旱、半干旱区等风化程度弱的区域较为常见<sup>[28]</sup>。

(3) 土壤环境与微生物多样性。一般而言,土壤微生物的多样性和丰富度随着土壤风化程度的加深而趋于增加<sup>[29]</sup>。这一点并未在四川牡丹的根际土壤微生物中体现,其原因可能在于微生物群落中普遍存在的结构冗余,即多个群落单元共同行使同一项功能的现象,使得微生物对环境变化有一定的承载能力,微小的环境变化与群落结构间往往没有确定关

系<sup>[30]</sup>。但是,Ca,Mg,Fe 的相对积累程度仍然是控制细菌多样性的主要因素之一。钙镁可通过改变微生物代谢活性及途径影响微生物群落结构。Rosenberg 和 Balland<sup>[31-32]</sup>通过控制试验证明钙镁可直接影响土壤微生物的生物量、活性,以及改变微生物的矿物风化能力。铁对微生物来说是理想的电子传递载体,微生物与 Fe 的反应控制着有机物矿化、反硝化等关键性土壤元素循环过程<sup>[33]</sup>。元素迁移对微生物的影响并非单向作用,如土壤中钙镁含量的变化可影响细菌从云母中提取铁的能力<sup>[32]</sup>,进而推动多种元素的迁移。

(4) 微生物与元素迁移。本文以网络模块为单元分析微生物在元素迁移体系中的作用,模块 2 是整个网络的核心,几乎所有元素都与某类微生物或微生物群存在直接或间接的相关关系(见图 3)。其中 Ca, Mg,Fe,S 是微生物链接进入该网络的主要节点,亦是微生物作用的主要对象。上述元素的相互作用间接影响着包括 Mn, Al, K, Cu 在内的诸多元素的活动。所有关键节点的真菌均属于子囊菌门,其中包括多种菌根和地衣,被认为是陆地植被进化的关键<sup>[34]</sup>。

细菌中的厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)和变形菌门(Proteobacteria)广泛寄生于岩石中,对岩石的风化和土壤的初始形成有着重要作用<sup>[35]</sup>。其中以典型的铁氧化细菌——变形菌门(Proteobacteria)的希瓦氏菌(*Shewanella*)的研究最为广泛<sup>[2]</sup>。由于缺少诸如植物、流水、气候、地形等关键性因子,微生物与元素是如何发生相互作用的我们并未得知。

## 5 结论

(1) 四川牡丹生长土壤以弱碱富钙为主要特征。元素迁移富集系数排序为:Ca>Na>S>P>Mg>K>Al>Fe>Mn>Cu;吸收系数排序为:P>S>K>Cu>Mg>Ca>Na>Mn>Fe>Al。

(2) 母岩元素组成特征在土壤中基本得以保留,P和S在成土过程中较为活跃。

(3) Ca,Mg,Fe的相对淋溶或相对积累程度是四川牡丹根际土壤细菌多样性的主要控制因素之一。

(4) P和Mn在岩石—土壤—四川牡丹种子中的迁移主要受岩石组分控制。细菌和真菌在元素迁移体系中的作用相似,主要参与Fe,S,Mg,K,Ca的相关反应过程。参与其中的主要细菌菌门包括Epsilonbacteraeota,Verrucomicrobia,Firmicutes,Lateiscibacteria,Spirochaetes,Proteobacteria。主要真菌菌纲包括Sordariomycetes,Leotiomycetes,Pezizomycetes,Archaeorhizomycetes和Dothideomycetes。

(5) 在干旱、碱性条件下,土壤化学反应相对较弱,多种矿物(元素)难以发生溶解,植物根系—微生物耦合风化作用常是有效的应对措施。这一过程十分复杂,过去常以模拟试验的方式进行研究,但这与自然状态下的过程相却甚远。本文直接测定四川牡丹生长土壤营养元素含量以及微生物组成,但这种方式难以揭示特定物种的作用。因此在门、纲水平进行研究,并不强调微生物与元素、矿物间的对应关系,而是试图寻找参与元素循环过程的主要微生物类群以及微生物与之作用的主要元素,以期为使用矿物、矿物—微生物等手段改善四川牡丹及干旱河谷地带性植被的基质营养条件提供指导或参考。

### [ 参 考 文 献 ]

[1] Richter D D, Billings S A. 'One physical system': Tansley's ecosystem as Earth's critical zone [J]. *New Phytologist*, 2015,206(3):900-912.

[2] 朱永官,段桂兰,陈保冬,等. 土壤—微生物—植物系统中矿物风化与元素循环[J]. *中国科学:地球科学*, 2014,1(6):1107-1116.

[3] 黄建辉,韩兴国. 森林生态系统的生物地球化学循环:理论和方法[J]. *植物学报*,1995,12(S2):195-223.

[4] Carney K M, Hungate B A, Drake B G, et al. Altered soil microbial community at elevated CO<sub>2</sub> leads to loss of soil carbon [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2007,104(12):4990-4995.

[5] 沈菊培,贺纪正. 微生物介导的碳氮循环过程对全球气候变化的响应[J]. *生态学报*,2011,31(11):2957-2967.

[6] Calvaruso C, Turpault M P, Frey-Klett P, et al. Increase of apatite dissolution rate by Scots pine roots associated or not with *Burkholderia glathei* PML1(12)Rp in open-system flow microcosms [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2013,106(S):287-306.

[7] Zaharescu D G, Burghelea C I, Dontsova K, et al. Ecosystem composition controls the fate of rare earth elements during Incipient soil genesis [J]. *Scientific Reports*, 2017,7(1):2273-2286.

[8] 杨海花,东秀珠,黄力,等. 典型生境重要地球元素循环的微生物驱动机制:第77期“双清论坛”综述[J]. *中国科学基金*,2013,27(3):133-137.

[9] Hahm W J, Riebe C S, Lukens C E, et al. Bedrock composition regulates mountain ecosystems and landscape evolution [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2014,111(9):3338-3343.

[10] Ravi S, D'Odorico P, Breshears D, et al. Aeolian processes and the biosphere [J]. *Reviews of Geophysics*, 2011,49(3):114-123.

[11] Ravi S, Breshears D D, Huxman T E, et al. Land degradation in drylands: Interactions among hydrologic-aeolian erosion and vegetation dynamics [J]. *Geomorphology*, 2010,116(3/4):236-245.

[12] Wang X M, Lou J P, Cai D W, et al. Effects of earth surface processes on the heterogeneity of surface soil elements and the responses of vegetation elements in the Otindag Desert, China [J]. *Catena*, 2019,183:43208.

[13] 周晓慧,王娟,刘贤安,等. 四川牡丹种实性状与环境因子的关系[J]. *东北林业大学学报*,2018,46(9):41-45,58.

[14] 中华人民共和国生态环境保护部. HJ832-2017 土壤和沉积物金属元素总量的消解微消解法[S]. 北京:中国环境科学出版社,2017.

[15] 中华人民共和国国家环境保护部. HJ962-2018 土壤pH测定:电位法[S]. 北京:中国环境科学出版社,2018.

[16] 冯玮娜,彭培好. 四川牡丹根际微生物及种子内生菌组成[J]. *东北林业大学学报*,2020,48(1):88-94.

[17] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, et al. Global

- patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011,108(11S):4516-4522.
- [18] Toju H, Tanabe A S, Yamamoto S, et al. High-coverage ITS primers for the DNA-based identification of ascomycetes and basidiomycetes in environmental samples [J]. PLoS One, 2012,7(7):e40863.
- [19] 王为,周尚哲,李炳元,等. 崂山山顶风化坑化学风化过程的岩石化学与矿物学证据[J]. 第四纪研究,2012,32(1):158-166.
- [20] Tuomisto H. A diversity of beta diversities; straightening up a concept gone away(Part 1): Defining beta diversity as a function of alpha and gamma diversity [J]. Ecography, 2010,33(1):2-22.
- [21] 迟清华,鄢明才. 应用地球化学元素丰度数据手册[M]. 北京:地质出版社,2007.
- [22] 魏复盛,郑春江,刘志虹. 中国土壤元素背景值[M]. 北京:中国环境科学出版社,1990.
- [23] Bini C, Sartori G, Wahsha M, et al. Background levels of trace elements and soil geochemistry at regional level in NE Italy [J]. Journal of Geochemical Exploration, 2011,109(1/3):125-133.
- [24] 杨帆,刘华忠,张华,等. 东天山地区土壤中碱性障与元素分布的关系[J]. 物探与化探,2011,35(4):438-442.
- [25] 王会儒,陈国鹏,王飞,等. 干旱河谷植物生态适应与植被恢复[J]. 西北林学院学报,2015,30(5):60-67.
- [26] 吴涌泉. 基于微地形下的紫色砂岩和泥岩土壤剖面分异特性研究[D]. 重庆:西南大学,2010.
- [27] 宋照亮,朱兆洲,杨成,等. 西南乌江流域石灰岩风化过程中锰和磷的迁移富集[J]. 浙江林学院学报,2008,25(6):705-710.
- [28] 郝立波,陆继龙,马力. 浅覆盖区土壤化学成分与基岩化学成分的关系及其意义:以大兴安岭北部地区为例[J]. 中国地质,2005,32(3):477-482.
- [29] Silvana T, Kamlesh J, Ivester A H, et al. Microbial community succession and bacterial diversity in soils during 77000 years of ecosystem development [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2008,64(1):129-140.
- [30] 贺纪正,李晶,郑袁明. 土壤生态系统生物多样性—稳定性关系的思考[J]. 生物多样性,2013,21(4):412-421.
- [31] Torres M A, Dong S, Nealsen K H, et al. The kinetics of siderophore-mediated olivine dissolution [J]. Geobiology, 2019,17(4):401-416.
- [32] Balland-Bolou-Bi C, Poszwa A. Effect of calco-magnesian amendment on the mineral weathering abilities of bacterial communities in acidic and silicate-rich soils [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2012,50:108-117.
- [33] 胡敏,李芳柏. 土壤微生物铁循环及其环境意义[J]. 土壤学报,2014,51(4):683-698.
- [34] Beimforde C, Feldberg K, Nylander S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the *Ascomycota lineages*: Combining fossil and molecular data [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014,78:386-398.
- [35] 牟文婷,张涛,孙建,等. 新疆特殊生境岩石内生细菌末端限制性片段长度多态性技术分析[J]. 微生物学报,2012,52(3):381-388.