DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2026.06.036 CSTR:32311.14.rswc.2026.06.036
郭阳成, 亓宝, 王琦. 秦岭不同海拔土壤细菌群落特征与有机碳形态结构研究[J]. 水土保持研究,2026,33(6):233-242.
Guo Yangcheng, Qi Bao, Wang Qi. Research on soil bacterial community characteristics and organic carbon fraction structures at different altitudes in Qinling Mountains[J]. Research of Soil and Water Conservation,2026,33(6):233-242.

秦岭不同海拔土壤细菌群落特征与有机碳形态结构研究

郭阳成[1,2], 亓 宝[1,2], 王 琦[1,2]
(1.吉林农业大学 植物保护学院、菌物学院, 长春 130118; 2.食药用菌教育部工程研究中心, 长春 130118)

摘 要:[目的]探究秦岭地区不同海拔土壤细菌群落的变化特征及其环境驱动机制,为秦岭生态系统微生物地理分布格局的形成机制提供科学依据。[方法]选取低海拔(1 500 m,LA)、中海拔(2 000 m,MA)、高海拔(2 500 m,HA)3个试验点,利用Illumina二代高通量测序技术MiSeq对土壤细菌的16S rRNA V3-V4可变区进行测序,研究土壤细菌的多样性、物种组成和丰富度,并利用冗余分析对其与环境因子的关系进行探究。[结果]土壤轻组有机碳和重组有机碳随着海拔梯度的增加呈逐渐降低趋势;易氧化有机碳和可溶性有机碳平均值分别为249 mg/kg和19 mg/kg,随着海拔梯度的增加呈逐渐降低趋势。随着海拔升高,土壤细菌的Chao1,Ace,Shannon指数以及ASV数量均呈显著递减趋势,而细菌盖度与Simpson指数则无明显变化。在秦岭不同海拔土壤中,变形菌门(*Proteobacteria*)(相对丰度32%)、放线菌门(*Actinobacteria*)(相对丰度25%)和酸杆菌门(*Acidobacteria*)(相对丰度17%)为优势菌门;在菌纲水平上,α-变形菌纲(*α-Proteobacteria*)(相对丰度28%)、放线菌纲(*Actinobacteria*)(相对丰度22%)和酸杆菌纲(*Acidobacteria*)(相对丰度14%)占主导地位。冗余分析和Pearson相关性分析表明,pH值对土壤细菌主要门和纲贡献为负,SOC对土壤细菌主要门和纲贡献为正,pH,SOC是土壤细菌群落结构和多样性的主要影响因子。海拔梯度对细菌群落多样性有显著负向影响,路径系数为−0.74($p<0.01$),对细菌群落结构有正向影响,路径系数为0.59。土壤碳形态对细菌群落多样性有显著负向影响,路径系数为−0.89($p<0.01$),对细菌群落结构有正向影响,路径系数为0.61。[结论]随海拔的降低,土壤有机质输入增加不仅提高了活性有机碳含量,还促进了较为稳定的碳组分的累积,有助于提高土壤碳库的稳定性,而有机碳结构和微生物群落结构组成主要受pH影响。

关键词:秦岭; 土壤有机碳; 微生物; 高通量测序; 海拔梯度
中图分类号:S154.3; S153.6; Q938.1 **文献标识码:**A **文章编号:**1005-3409(2026)06-0233-10

Research on soil bacterial community characteristics and organic carbon fraction structures at different altitudes in Qinling Mountains

Guo Yangcheng[1,2], Qi Bao[1,2], Wang Qi[1,2]
(1.*College of Plant Protection and College of Mycology, Jilin Agricultural University, Changchun* 130118, *China*;
2.*Engineering Research Center of Ministry of Education for Edible and Medicinal Fungi, Changchun* 130118, *China*)

Abstract: [**Objective**] This study aims to investigate the variation characteristics and environmental driving mechanisms of soil bacterial communities at different altitudes in the Qinling Mountains and to provide a scientific basis for the formation mechanism of the geographical distribution pattern of microorganisms in the Qinling Mountains ecosystem. [**Methods**] Three experimental sites were selected at low altitude (1 500 m, LA), medium altitude (2 000 m, MA), and high altitude (2 500 m, HA). Using Illumina MiSeq second-generation high-throughput sequencing technology, the 16S rRNA V3-V4 variable region of soil bacteria was sequenced to

收稿日期:2025-12-14 **修回日期:**2025-12-26 **接受日期:**2026-01-09
资助项目:国家重点研发计划"秦巴山区黑木耳等食用菌良种及先进培植技术研究与应用示范"(2021YFD1600401)
第一作者:郭阳成(2000—),男,河南郑州人,硕士,研究方向:菌物学。E-mail:guoyangcheng2025@163.com
通信作者:王琦(1963—),女,黑龙江齐齐哈尔人,博士,教授,博士研究生导师,主要从事菌物(黏菌)系统学研究。E-mail:qiwang@jlau.edu.cn

study the diversity, species composition, and richness of soil bacteria, and redundancy analysis was used to explore the relationship between soil bacteria and environmental factors. [**Results**] The light fraction organic carbon and heavy fraction organic carbon in the soil showed a gradually decreasing trend with the increase of altitudinal gradient. The average values of easily oxidizable organic carbon and soluble organic carbon were 249 mg/kg and 19 mg/kg, respectively, and they also showed a decreasing trend with the increase of altitudinal gradient. With the increase in altitudinal gradient, the Chao1, Ace, Shannon indices, and ASV quantity of soil bacteria showed a significantly decreasing trend, while the changes in soil bacterial coverage and Simpson index were not significant. In soils at different altitudes in the Qinling Mountains, Proteobacteria (relative abundance 32%), Actinobacteria (relative abundance 25%), and Acidobacteria (relative abundance 17%) were the dominant bacterial phyla. At the class level, α-Proteobacteria (relative abundance 28%), Actinobacteria (relative abundance 22%), and Acidobacteria (relative abundance 14%) were dominant. Redundancy analysis and Pearson correlation analysis indicated that pH value had a negative contribution to the main phyla and classes of soil bacteria, while SOC had a positive contribution. pH and SOC were the main influencing factors of the structure and diversity of soil bacterial communities. For the altitudinal gradient, it had a significant negative impact on the diversity of bacterial communities, with a path coefficient of −0.74 ($p < 0.01$), and a positive impact, with a path coefficient of 0.59. Soil carbon fractions had a significant negative impact on the diversity of bacterial communities, with a path coefficient of −0.89 ($p < 0.01$), and a positive impact, with a path coefficient of 0.61. [**Conclusion**] As the altitude decreases, the addition of soil organic matter not only increases the content of active organic carbon, but also promotes the accumulation of relatively stable carbon components, which helps to enhance the stability of the soil carbon pool. The structure of organic carbon and the composition of microbial communities are mainly influenced by pH.

Keywords: Qinling Mountains; soil organic carbon; microorganisms; high-throughput sequencing; altitudinal gradient

微生物作为生态系统的核心驱动者,在土壤环境中发挥着不可替代的作用。它们通过分解有机物质、调控养分循环,直接促进植物生长,同时维系着土壤碳功能的稳定性[1-3]。土壤微生物群落结构(包括细菌、真菌、古菌等的组成、多样性和功能群分布)与土壤有机碳的形态特征之间存在密切的动态互馈关系[2-3]。一方面,微生物作为有机碳分解与转化的核心驱动者,其群落结构直接调控着不同碳组分的周转速率与路径:例如,真菌及其菌丝网络往往促进大团聚体的形成,有利于颗粒态有机碳的物理保护;而某些细菌类群则倾向于利用易降解的可溶性有机碳或通过分泌胞外酶破解难降解的芳香族化合物,从而影响顽固性有机碳的积累[2]。另一方面,土壤有机碳的不同形态(如颗粒态有机碳、矿物结合态有机碳、可溶性有机碳等)通过提供差异化的碳源与栖息微环境,反过来塑造了微生物的群落组成与功能[3-4]。这种相互作用共同决定了土壤碳库的稳定性与周转动态,是理解土壤碳循环响应环境变化的关键机制。

海拔作为重要的环境梯度因子,通过影响温度与降水等气候要素,形成了显著的空间异质特征。海拔梯度变化不仅直接影响土壤理化性质(如pH值、养分有效性)和植被分布格局,还能够改变地表凋落物输入与根系分泌物组成等,进而驱动土壤微生物群落结构与功能的垂直分异[5-6]。因此,海拔变化形成的天然环境梯度,为解析微生物群落演变规律提供了理想的研究平台。目前,土壤微生物群落多样性对海拔梯度的响应模式尚无统一定论。例如,日本富士山和秦岭东坡的细菌多样性均呈“单峰型”分布,而意大利阿尔卑斯山的真菌多样性则随海拔升高逐渐下降[5-7]。相比之下,韩国汉拿山的细菌多样性在中海拔最低,呈现“U”型分布[8]。除多样性分布模式外,微生物群落的海拔分布特征同样备受关注。如Islam等[9]研究发现,喜马拉雅山濒危植物*Trillium govanianum*根际微生物群落结构具有显著海拔差异:变形菌门(Proteobacteria)丰度随海拔升高而增加,放线菌门(Actinobacteriota)则显著下降,酸杆菌门(Acidobacteriota)在中海拔区占优势。林惠瑛等[10]的研究表明武夷山黄山松林不同海拔细菌群落结构差异显著,其中酸杆菌门和绿弯菌门(Chloroflexi)丰度均随海拔升高递增。此外,土壤微生物群落的海拔分布格局受到多种因素的影响。例如,长白山森林土壤细菌群落不同海拔间的差异性是由于pH变

化引起的[11]。而Li等[12]在北京东灵山的研究发现了土壤有效磷(Available Phosphorus, AP)和碳氮比(C/N)在影响土壤微生物分布方面的重要作用。然而,因不同研究区域的环境条件和生态系统类型差异显著,导致现有研究结果间也存在较大差异。因此,进一步探究不同海拔梯度下微生物群落的分布格局及其驱动机制,对于揭示微生物多样性变化的潜在规律具有重要意义。

秦岭不同海拔区域作为中国气候分界线和生态安全屏障,其独特的地理格局对区域降水分布和气候调节功能产生了深远的影响。位于秦岭不同海拔火地塘林区,以其超过90%的森林覆盖率和典型垂直带谱特征,成为研究土壤微生物群落海拔分布和有机碳结构组成的天然试验平台。如周煜杰等[13]探讨了秦岭火地塘林区不同海拔土壤真菌群落的海拔分异规律,揭示土壤有效磷含量、pH和海拔是该地区真菌群落变化的核心驱动因素;王海华[14]研究发现,秦岭火地塘地区不同海拔油松、华山松根际微生物群落结构的季节变化受土壤养分含量的显著影响。红桦(*Betula albosinensis*)作为该区域的优势树种之一,不仅具有显著的经济价值,更是山地生态恢复的先锋树种,在涵养水源、碳汇固存以及生物多样性保护等关键生态过程中,发挥着不可替代的屏障作用。然而,目前针对秦岭不同海拔地区红桦林的研究多聚焦于土壤营养成分以及森林群落结构与稳定性,对红桦林土壤微生物群落沿海拔梯度的分布特征及其驱动因素的系统研究仍较匮乏。分子生物学技术的发展,如高通量测序和分子生态网络分析,为深入解析森林土壤细菌群落多样性及功能提供了有力工具。本研究选取秦岭不同海拔典型植被红桦林为研究对象,运用高通量测序技术,探究低海拔(1 500 m, LA)、中海拔(2 000 m, MA)、高海拔(2 500 m, HA)下土壤细菌群落结构组成和有机碳分子结构,并阐明其对海拔的响应机制,为揭示秦岭生态系统微生物地理分布格局的形成机制提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　研究区概况

研究区位于陕西省宁陕县秦岭山区林场(33°18′—34°26′N,106°04′—110°40′E),海拔1 420～2 574 m,年平均温度8～10 ℃,年降水量900～1 200 mm,年日照数1 100～1 300 h,无霜期170 d,属北亚热带山地气候。土壤类型主要有山地棕壤、暗棕壤和山地草甸土,腐殖质层较厚,土壤肥力高,且结构良好。林区地形复杂,坡度一般在20°～50°。

1.2　样品采集

2025年6月于秦岭不同海拔林区采集土壤样本(表1),采样地海拔高度分别设置为低海拔(1 500 m, LA)、中海拔(2 000 m, MA)、高海拔(2 500 m, HA),每个海拔梯度内设置4个10 m×10 m的重复样地,样地间隔≥15 m。所选样地的地形、坡度、坡向基本一致。在每个样地内,采用“S”型取样法选取5个采样位点,使用土壤取样器采集0—10 cm土层土壤,去除可见根系与碎石后,将同一样地内的土样充分混匀,过2 mm尼龙筛以剔除落叶及有机残体。过筛后土样分为3份:一份置于阴凉通风处自然晾干,风干后取其部分研磨并通过0.15 mm(100目)筛用于全量养分测定,剩余部分保持2 mm粒径用于pH与速效养分测定;另一份立即放入4 ℃冰箱保存,用于土壤酶活性测定;最后一份立即放入−80 ℃冰箱中保存,用于微生物分析。

表1　秦岭不同海拔样地基本情况

Table 1　Basic information on sample plots at different altitudes in Qinling Mountains

项目	林分起源	经纬度	坡向	海拔/m	优势植被	林下植被	植被盖度/%
低海拔(LA)	天然次生林	108°27′15″E 33°26′11″N	南坡	1498	红桦林	油松、胡枝子、火绒草、秦岭蒿	95
中海拔(MA)	天然次生林	108°25′23″E 33°26′58″N	南坡	2005	红桦林	胡枝子、火绒草、马先蒿	92
高海拔(HA)	天然次生林	108°26′09″E 33°25′03″N	南坡	2502	红桦林	胡枝子、火绒草、马先蒿、唐松草	88

1.3　土壤理化性质和有机碳的测定

土壤pH按水土比为2.5∶1使用pH计测定;土壤有机质(Soil Organic Matter, SOM)、全氮(Total Nitrogen, TN)含量分别采用重铬酸钾外加热法、凯氏定氮法;全磷(Total Phosphorus, TP)采用硫酸—高氯酸消煮—钼锑抗分光光度法测定。

易氧化有机碳(Easily Oxidizable Organic Carbon, EOC),轻组分有机碳(Light Fraction Organic Carbon, LOC)、重组分有机碳(Heavy Fraction Organic Carbon, HOC)、颗粒有机碳(Particulate Organic Carbon, POC)、矿物态结合碳(Mineral-Associated Organic Carbon, MOC)和可溶性有机碳(Dissolved Organic Carbon, DOC)参照文献[15]的方法测定。

1.4　土壤细菌群落分析

1.4.1　*土壤DNA提取和测序*　本研究采用试剂盒法提取土壤总DNA,并通过琼脂糖凝胶电泳对其浓度及

完整性进行定量分析。随后，基于蓝色荧光定量系统对PCR扩增产物进行检测，并将各样本扩增产物按等摩尔比混合。混合产物经磁珠纯化后，对目标片段进行验证。进一步借助MiSeq测序平台完成文库构建与双端测序，回收产物经洗脱纯化后通过电泳进行质检，然后对原始测序数据进行质控过滤，获得高质量序列。最后采用FLASH等工具对原始序列进行优化处理。

1.4.2 *生物信息分析及数据处理* 首先对每个样品的测序数据进行序列拆分、质量剪切与拼接处理。随后，基于QIIME平台对高通量序列进行进一步分析，具体包括：对有效序列进行聚类操作，将相似度≥97%的序列归并为同一分类单元（ASVs），并从中选取代表序列进行物种注释[4]。

测序深度指数Coverage：该指数可用于评估测序数据的代表性，数值越高，表明测序的完整性和准确性越好，所反映的微生物群落真实情况也更为可靠。

细菌丰度和多样性指数选择Chao1指数、Ace指数、Simpson指数、Shannon指数。

1.5 数据分析

运用Excel 2019整理基础数据及绘图。采用SPSS 20.0统计软件进行试验数据处理，用方差分析法（Analysis of Variance，ANOVA）进行差异显著性分析，以及邓肯法进行组间多重分析。利用QIIME2.0计算微生物多样性指数，FastUniFrac进行NMDS排序，采用AMOS 21.0构建、验证并解析结构方程模型（Structural Equation Model，SEM）。

2 结果与分析

2.1 秦岭不同海拔土壤理化性质

由表2可知，秦岭不同海拔土壤pH值变化范围为6.03～7.89，平均值为6.67，随着海拔梯度的增加，土壤pH值呈逐渐增加趋势；土壤有机碳SOC变化范围为9.11～12.11 g/kg，平均值为11.07 g/kg，随着海拔梯度的增加，SOC呈逐渐降低趋势；NH_4^+-N和NO_3^--N的平均值分别为5.27 mg/kg和5.00 mg/kg，最大值都出现在低海拔，随着海拔梯度的增加，NH_4^+-N和NO_3^--N呈逐渐降低趋势；对于TN，与SOC变化趋势相一致，随着海拔梯度的增加呈逐渐降低趋势，平均值为0.57 g/kg，TP的变化趋势并不明显，不同海拔之间差异均不显著（$p>0.05$）。

表2 秦岭不同海拔土壤理化性质

Table 2 Soil physicochemical properties at different altitudes in Qinling Mountains

项目	pH	SOC/（g·kg^{-1}）	TN/（g·kg^{-1}）	TP/（g·kg^{-1}）	NH_4^+-N/（mg·kg^{-1}）	NO_3^--N/（mg·kg^{-1}）
低海拔（LA）	6.03±0.22b	12.11±2.10a	0.67±0.02a	0.18±0.01a	6.12±0.51a	6.12±0.21a
中海拔（MA）	6.09±0.12b	11.98±2.04b	0.52±0.04b	0.20±0.01a	5.67±0.22b	5.78±0.42b
高海拔（HA）	7.89±0.17a	9.11±1.32c	0.51±0.03b	0.24±0.02a	4.02±0.39c	3.10±0.51c
p值	<0.05	<0.05	<0.05	>0.05	<0.05	<0.05
F值	233.4	210.2	198.3	67.5	211.2	185.6
平均值	6.67±0.17	11.07±1.53	0.57±0.03	0.20±0.01	5.27±0.35	5.00±0.39

注：不同小写字母表示差异显著（$p<0.05$），下同。

2.2 秦岭不同海拔土壤有机碳形态结构

表3为秦岭不同海拔土壤有机碳形态结构，由表可知，海拔梯度对土壤碳形态产生了显著影响。土壤轻组有机碳LOC变化范围在0.38～0.59 g/kg之间，平均值为0.47 g/kg，随着海拔梯度的增加，LOC呈逐渐降低趋势；土壤重组有机碳HOC变化范围在2.12～3.67 g/kg之间，平均值为2.85 g/kg，随着海拔梯度的增加，HOC呈逐渐降低趋势；易氧化有机碳EOC和可溶性有机碳DOC平均值分别为249 mg/kg和19 mg/kg，随着海拔梯度的增加，EOC和DOC呈逐渐降低趋势。

2.3 秦岭不同海拔土壤细菌多样性分析

表4为秦岭不同海拔90个土壤样品中的优化序列、ASV数量及多样性指数，通过对秦岭不同海拔采集的90份土壤样品进行高通量测序，共获得35 864条高质量序列，平均长度为8 966 bp，在97%相似度水平下进行分析。各样品文库的Coverage指数均接近99%，表明测序深度充分，能够较好反映土壤细菌群落的实际组成。由表4结果可知，不同海拔土壤细菌群落的丰度与多样性变化趋势一致：随着海拔升高，土壤细菌的Chao1指数、Ace指数、Shannon指数及ASV数量均呈逐渐下降趋势，其中土壤细菌盖度和Simpson指数变化幅度较小。

2.4 秦岭不同海拔土壤细菌门水平分类和纲水平分类

高通量测序结果显示，研究区土壤样品中共检出细菌32门、69纲、178目。经质控过滤后，从25 678条有效序列中获得19 871条高质量序列，其中超过99%的序列可鉴定至细菌门水平。如图1所示，土壤细菌群落的优势菌门为变形菌门（相对丰度32%）、放线菌门（相对丰度25%）和酸杆菌门（相对丰度

17%),其次为绿弯菌门、芽单胞菌门和厚壁菌门,这6类菌门约占总序列95%;拟杆菌门和硝化螺旋菌门也属于主要菌门。此外,还发现了27个稀有细菌门类,相对丰度低于1%。

表3　秦岭不同海拔对土壤有机碳的影响

Table 3　Effects of different altitudes on soil organic carbon in Qinling Mountains

项目	轻组有机碳LOC/(g·kg^{-1})	重组有机碳HOC/(g·kg^{-1})	易氧化有机碳EOC/(mg·kg^{-1})	可溶性有机碳DOC/(mg·kg^{-1})
低海拔(LA)	0.59±0.04a	3.67±0.21a	298±25a	23.2±2.2a
中海拔(MA)	0.43±0.06b	2.76±0.19b	238±21b	19.7±3.1b
高海拔(HA)	0.38±0.05c	2.12±0.24c	212±18c	14.2±1.8c
p值	<0.05	<0.05	<0.05	<0.05
F值	176.8	231.1	209.8	199.7
平均值	0.47±0.05	2.85±0.27	249±21	19.0±2.2

表4　秦岭不同海拔土壤细菌多样性分析

Table 4　Analysis of soil bacterial diversity at different altitudes in Qinling Mountains

项目	读数	0.97分类水平					
		ASV	Ace指数	Chao指数	盖度	Shannon指数	Simpson指数
低海拔(LA)	9546	2809	4390	3978	0.9923	7.98	0.0034
中海拔(MA)	9109	2719	4014	3812	0.9912	7.10	0.0023
高海拔(HA)	8243	2632	3825	3703	0.9905	6.34	0.0012
平均值	8966	2720	4076	3831	0.9913	7.14	0.0023

在细菌纲分类水平上,α-变形菌纲(相对丰度28%)、放线菌纲(相对丰度22%)和酸杆菌纲(相对丰度14%)为优势类群,其次为β-变形菌纲、嗜热油菌纲和芽单胞菌纲,共占总序列约95%;此外也检出杆菌纲和δ-变形菌纲等,但相对丰度较低(图2)。

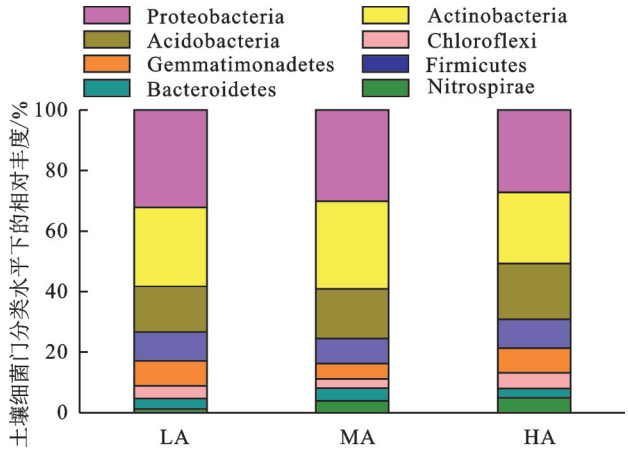


图1　秦岭不同海拔土壤细菌门水平分类

Fig. 1　Phylum-level classification of soil bacteria at different altitudes in Qinling Mountains

2.5　秦岭不同海拔土壤微生物群落结构分布

非度量多维尺度分析(Non-Metric Multidimensional Scaling, NMDS)结果表明(图3),细菌群落结构的胁迫系数(stress)为0.121。该系数反映实际生态距离与低维空间映射距离的偏差程度,本研究所得数值均低于0.2的可接受阈值,证实分析结果具有可靠性。基于ANOSIM分析,R值(范围0~1)表征组内相似性与组间差异性,当R值趋近1且$p<0.05$时,表明组间差异具有统计学意义。本研究中,细菌群落的R值达到0.812($p=0.001$),充分证实不同海拔对土壤细菌群落的分布影响较大。

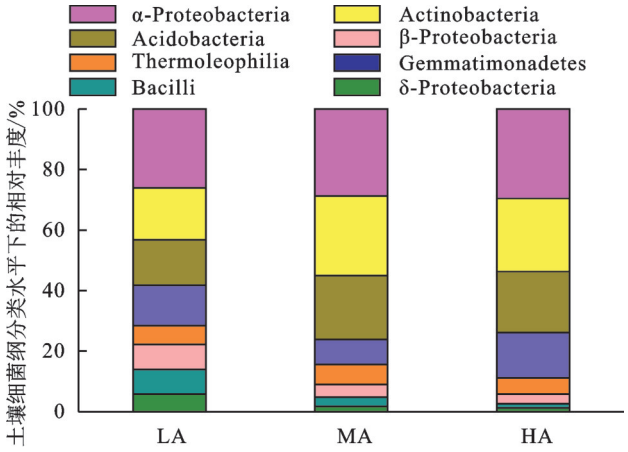


图2　秦岭不同海拔土壤细菌纲水平分类

Fig. 2　Class-level classification of soil bacteria at different altitudes in Qinling Mountains

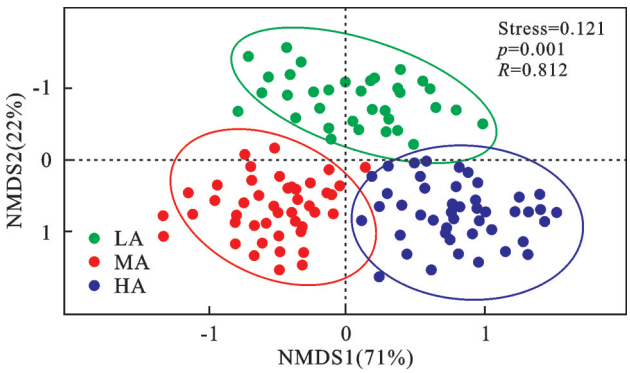


图3　秦岭不同海拔土壤细菌群落分布

Fig. 3　Distribution of soil bacterial communities at different altitudes in Qinling Mountains

2.6 土壤有机碳与细菌群落结构的相关性

土壤理化性质和细菌群落结构的相关性采用Mantel检验方法(Mantel tests)分析。相关性分析表明，Proteobacteria，Acidobacteria，Actinobacteria，Firmicutes，Nitrospirae的相对丰富度与土壤pH值呈显著的负相关；Proteobacteria，Acidobacteria，Chloroflexi，Gemmatimonadetes，Firmicutes，Nitrospirae与碳形态呈显著的正相关；Proteobacteria，Actinobacteria，Acidobacteria，Gemmatimonadetes，Firmicutes，Nitrospirae与NH_4^+-N呈显著的正相关；Proteobacteria，Acidobacteria，Chloroflexi，Gemmatimonadetes，Bacteroidetes，与NO_3^--N呈显著的正相关；Proteobacteria，Chloroflexi，Gemmatimonadetes，Firmicutes，Bacteroidetes与TN呈显著的正相关；不同细菌门相对丰富度与TP没有显著的相关性(图4和图5)。综上，与秦岭不同海拔土壤细菌群落相关性较大的土壤化学指标是pH，SOC和碳形态指标。

从表5可知，土壤EOC和DOC与细菌门的优势菌Proteobacteria，Actinobacteria，Acidobacteria相对丰度呈显著的正相关，土壤EOC和DOC与细菌门的优势菌Chloroflexi，Gemmatimonadetes，Firmicutes，Bacteroidetes相对丰度呈显著的负相关。土壤HOC和LOC与细菌门的优势菌相对丰度均没有显著的相关性。

从表6可知，土壤EOC和DOC与细菌纲的优势菌α－Proteobacteria，Actinobacteria，Acidobacteria、β－Proteobacteria，Thermoleophilia相对丰度呈显著的正相关，土壤EOC和DOC与细菌纲的优势菌Gemmatimonadetes，Bacilli、δ－Proteobacteria相对丰度呈显著的负相关。土壤HOC和LOC与细菌纲的优势菌相对丰度均没有显著的相关性。

表5 土壤有机碳形态与土壤优势细菌门相对丰度的相关性

Table 5 Correlation between soil organic carbon fractions and relative abundance of dominant bacterial phyla in soil

项目	EOC	HOC	DOC	LOC
Proteobacteria	0.687**	0.143	0.623**	0.034
Actinobacteria	0.545*	0.254	0.675**	0.309
Acidobacteria	0.712**	0.221	0.717**	0.212
Chloroflexi	−0.612**	−0.156	−0.502*	−0.099
Gemmatimonadetes	−0.417*	−0.009	−0.498*	−0.231
Firmicutes	−0.623**	−0.112	−0.512*	−0.109
Bacteroidetes	−0.512*	−0.256	−0.502*	−0.298
Nitrospirae	0.012	0.011	0.301	0.034

注：*，**分别表示在0.05，0.01水平上差异显著。

表6 土壤有机碳形态与土壤优势细菌纲相对丰度相关性

Table 6 Correlation between soil organic carbon fractions and relative abundance of dominant bacterial classes in soil

项目	EOC	HOC	DOC	LOC
α-Proteobacteria	0.699**	0.012	0.678**	0.113
Actinobacteria	0.675**	0.209	0.543*	0.215
Acidobacteria	0.717**	0.176	0.734**	0.287
β-Proteobacteria	0.502*	0.218	0.666**	0.134
Thermoleophilia	0.512*	0.189	0.566*	0.014
Gemmatimonadetes	−0.575*	−0.278	−0.509*	−0.198
Bacilli	−0.455*	−0.201	−0.452*	−0.243
δ-Proteobacteria	−0.517*	0.118	−0.501*	−0.011

注：*，**分别表示在0.05，0.01水平上差异显著。

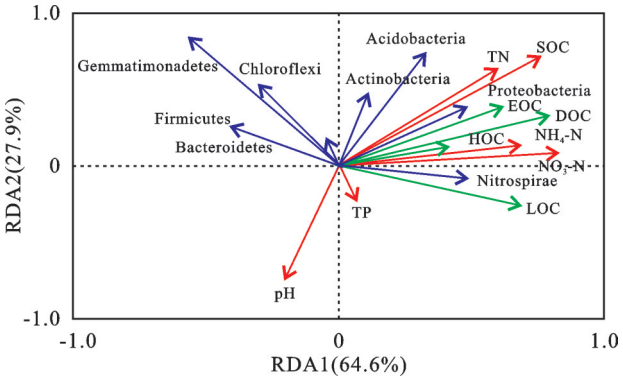


图4 基于门水平下的土壤细菌分布与环境因子的关系

Fig. 4 Relationship between soil bacterial distribution at phylum level and environmental factors

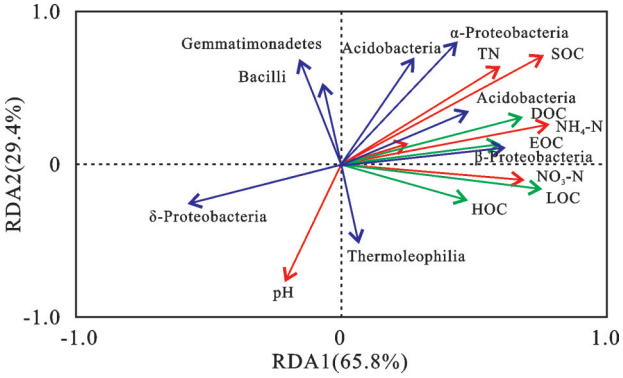


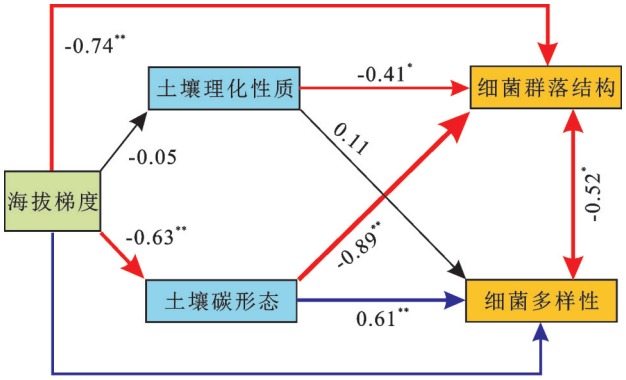
图5 基于纲水平下的土壤细菌分布与环境因子的关系

Fig. 5 Relationship between soil bacterial distribution at class level and environmental factors

2.7 秦岭不同海拔环境因素对土壤细菌群落结构的影响

采用结构方程模型探讨秦岭不同海拔环境因素对土壤细菌群落结构的影响，图6中卡方自由度比值为0.51，小于3证明模型适配度较好。对于海拔梯度，对细菌群落多样性有显著负向影响，路径系数为−0.74($p<0.01$)，对细菌群落多样性有正向影响，路径系数为0.59。土壤碳形态对细菌群落结构有显著负向影响，路径系数为−0.89($p<0.01$)，对细菌群落

多样性有正向影响,路径系数为0.61。结果表明,土壤碳组分对细菌群落多样性有负向影响,对细菌群落结构有正向影响。



注:红色箭头表示负相关,蓝色箭头表示正相关,箭头的宽度与相关系数成正比,$p<0.05$。

图 6　海拔梯度对土壤微生物群落结构的影响

Fig. 6　Effects of altitudinal gradient on soil microbial community structure

3　讨　论

秦岭不同海拔土壤pH随海拔升高而显著增加,这与赵明松等[16]在河南西部研究得出的海拔与土壤pH呈显著正相关结果相同。这种格局可能主要源于凋落物分解所驱动的土壤酸化强度的变化,低海拔区域气温较高,秦岭植被茂盛,凋落物输入量大且土壤有机质含量丰富,显著促进了微生物活动。正如Singh等[8]的研究指出,凋落物分解过程会产生单宁、有机酸等酸性物质,在低海拔活跃的微生物代谢环境下,大量酸性中间产物持续积累,导致土壤pH值降低,酸化加剧。相反,高海拔地区气温低,凋落物输入少且分解慢,微生物活动相对较弱,酸性物质生成较少,土壤酸化较弱,pH相对低海拔较高。因此,低海拔强酸化与高海拔弱酸化的差异,最终使土壤pH随海拔升高而升高。此外,土壤TP含量随海拔升高而升高,这可能与高海拔红桦林土壤中更高的磷酸酶活性有关。磷酸酶在土壤代谢过程中发挥着重要作用,能够将土壤中的有机磷化合物水解为无机磷,从而增加土壤中可利用磷的含量[17]。值得注意的是,本研究发现土壤NH_4^+-N和NO_3^--N含量相对较高,这可能源于土壤较高的脲酶活性和固氮功能,脲酶活性的增强可促进有机氮矿化,而固氮作用加强则有利于大气氮的生物固定,这共同导致了土壤氮素的相对富集。土壤EOC(易氧化碳)、LOC(轻组分有机碳)、HOC(重组分有机碳)的增加表明,有机质的加入不仅提高了土壤活性有机碳含量,还促进了较为稳定的碳组分累积,这有助于提高土壤碳库的稳定性。海拔梯度对DOC(可溶性有机碳)的影响较大,表明海拔越低,输入的碳源更容易被微生物利用。随着海拔的逐渐增加,土壤水分含量增加,土壤的通气性和保水率也上升,然而温度降低,抑制了土壤微生物的生理活性,减缓了土壤中的物质转化。

微生物群落多样性是维系生态系统物质循环的核心动力,其丰富的物种组成与功能差异,能显著促进碳、氮、磷等关键营养盐的生物地球化学循环过程[3, 18]。海拔梯度改变了土壤环境参数(如pH值、有机质含量等),从而显著改变土壤微生物的群落结构特征和生物多样性水平[3]。秦岭不同海拔土壤细菌多样性指数呈现降低趋势,这与前人的研究结果一致。低海拔地区土壤较高的NH_4^+-N和NO_3^--N含量和有机碳含量为细菌生长繁殖提供了优越的营养条件,从而提升了该区域土壤细菌的丰度、物种丰富度及群落均匀度。在微生物群落组成方面,变形菌门作为优势细菌菌群,这些优势菌门普遍具有分解和转化土壤有机质的功能,而林区土壤中丰富的有机质为其提供了适宜的生长环境。已有研究证实,该菌门通过参与氮磷循环的关键生化过程,显著促进速效养分的转化与释放,同时在有机物质降解中扮演核心角色[19-20]。与之功能互补的拟杆菌门则以其突出的有机物分解能力著称,特别是在大分子有机物的矿化过程中发挥不可替代的作用[21-22]。本研究结果显示,随着海拔的增加,变形菌门相对丰度显著提升,变形菌门作为土壤优势菌群,凭借其卓越的代谢可塑性(包括有机质降解、固氮作用及植物生长促进等多元功能),在驱动土壤养分循环和维持根际微生态平衡中发挥着核心作用[22]。变形菌门细菌通过其特有的氮磷代谢途径(包括固氮、硝化、反硝化及有机磷矿化等关键过程),显著促进土壤养分的生物有效性转化,同时在复杂有机质的分解与矿化过程中扮演着不可替代的生态功能角色[23-24]。本研究中低海拔土壤变形菌门丰度最高,说明土壤物理结构的优化显著改善了通气条件和水分保持能力,同时加速了有机物质的分解转化过程,这种微环境改良为变形菌门的增殖创造了有利条件,最终导致其群落相对丰度的显著提升。值得注意的是,不同海拔土壤微生物群落在属水平上表现出显著差异,这与β多样性分析结果一致,进一步证实了土壤微生物群落在海拔上展现出较强的空间异质性。

土壤作为土壤微生物生存和繁衍的生境,其理化特性通过直接调控微生物的生长繁殖、代谢活性和种间竞争关系,成为驱动土壤微生物群落结构动

态演替的关键性环境决定因子。这些理化参数的变化会显著影响微生物的生态位分化,进而导致群落组成在时间和空间尺度上发生规律性的演替变化[25-26]。植物根系分泌物通过调控土壤理化性质(如pH值、养分有效性等)和微环境条件,直接或间接地塑造了根际微生物群落的组成特征和多样性格局[27]。本研究结果显示,根系分泌物有助于提升土壤微生物多样性,优化群落结构,进而促进养分循环与植物生长。冗余分析表明,秦岭山地土壤微生物多样性与养分含量随海拔变化表现出显著协同变化规律,这与多数山地生态研究结论相一致。其相互作用机制主要体现为海拔差异导致的土壤有机碳、氮等养分的空间分异,直接制约着微生物群落的代谢活性与组成结构;同时,微生物通过增强酶活性等途径,又反向驱动着有机质的转化与养分释放过程。海拔梯度导致的植物群落与土壤理化性质分异,是影响微生物群落空间格局的重要因素。土壤pH值是调控微生物群落结构的关键环境因子,本研究中,土壤pH与微生物群落组成呈显著负相关。此外,本研究发现土壤全磷与微生物群落结构无显著关联。这可能与研究区土壤类型及磷素形态有关,土壤中的磷主要来源于母岩风化,高海拔低温限制了风化与释放,同时植物吸收导致磷持续消耗、补充不足,使得土壤全磷普遍偏低。这种低含量且难利用的磷形态,削弱了磷与微生物群落间的耦合关系。相关性分析表明,环境因子可影响土壤细菌群落组成与多样性,土壤碳组分对细菌群落多样性有负向影响,对细菌群落结构有正向影响。马媛等[28]在天山北坡雪岭云杉林土壤微生物群落的研究中,发现氮素、pH、年均降水量和年均温度是影响细菌群落的关键环境因子。万盼等[29]在甘肃小陇山油松(*Pinus tabulaeformis*)林和柴胡(*Bupleurum chinense*)林土壤研究中发现影响土壤细菌群落结构的关键环境因子包括pH、有机碳和土壤湿度。秦岭不同海拔土壤细菌群落,有机碳结构组成和pH主要影响其分布。pH较低的低海拔地区主要富集了酸杆菌门如酸杆菌纲、酸杆菌目,酸杆菌门在低海拔的富集可能和其嗜酸性有关[28]。这暗示了秦岭火地塘地区红桦土壤细菌与有机碳结构之间的密切关系,对植物适应高海拔环境具有重要意义。

4 结 论

本文研究了秦岭不同海拔土壤细菌群落特征与有机碳形态结构,结果显示:秦岭不同海拔土壤pH随海拔升高而显著增加,这种格局可能主要源于凋落物分解所驱动的土壤酸化强度的变化。土壤TP含量随海拔升高而升高,这可能与高海拔红桦林土壤中更高的磷酸酶活性有关。土壤NH_4^+-N和NO_3^--N含量相对较高,这可能源于土壤较高的脲酶活性和固氮功能,脲酶活性的增强可促进有机氮矿化,而固氮作用加强则有利于大气氮的生物固定,这共同导致了土壤氮素的相对富集。土壤EOC(易氧化碳)、LOC(轻组分有机碳)、HOC(重组分有机碳)在低海拔的增加表明,有机质的加入不仅提高了土壤活性有机碳含量,还促进了较为稳定的碳组分的累积,有助于提高土壤碳库的稳定性。海拔梯度对DOC(可溶性有机碳)的影响较大,表明海拔越低,输入的碳源更容易被微生物利用。随着海拔升高,土壤细菌的Chao1,Ace,Shannon指数以及ASV数量均呈显著递减趋势,而细菌盖度与Simpson指数则无明显变化。在秦岭不同海拔土壤中,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria)为优势菌门;在菌纲水平上,放线杆菌纲(Actinobacteria)、α-变形菌纲(α- Proteobacteria)和酸杆菌纲(Acidobacteria)占主导地位。相关性分析表明,环境因子可影响土壤细菌群落组成与多样性,土壤碳组分对细菌群落多样性有负向影响,对细菌群落结构有正向影响。秦岭不同海拔土壤细菌群落,有机碳结构组成和pH主要影响其分布。pH较低的低海拔地区主要富集了酸杆菌门如酸杆菌纲、酸杆菌目,酸杆菌门在低海拔的富集可能和其嗜酸性有关。

参考文献(References):

[1] 袁春玲,韦思茹,唐家兴,等.贡嘎山子梅村不同海拔土壤微生物多样性分析[J].四川师范大学学报(自然科学版),2025,48(6):804-817.
Yuan C L, Wei S R, Tang J X, et al. Analysis of soil microbial diversity at different altitudes in zimei village, Gongga Mountain[J]. Journal of Sichuan Normal University (Natural Science), 2025,48(6):804-817.

[2] 李新洋,于可豪,林宇乐,等.高、低海拔下红豆杉根际土壤细菌对比[J].东北林业大学学报,2025,53(8):106-112.
Li X Y, Yu K H, Lin Y L, et al. Comparison of soil bacteria in the rhizosphere of *Taxus* at high and low altitude [J]. Journal of Northeast Forestry University, 2025, 53 (8):106-112.

[3] 贺莉莎,何霞红,冯永钰,等.土壤微生物群落结构对海拔梯度的响应及影响因素[J].水土保持研究,2025,32(5):152-162.
He L S, He X H, Feng Y Y, et al. Response of soil microbial community structure to elevation gradients and its influencing factors [J]. Research of Soil and Water Conservation, 2025,32(5):152-162.

[4] 普蕾,周宇杨,和滢埝,等.基于高通量测序方法研究不同海拔梯度云南松根际根内细菌群落多样性[J].西部林业科学,2024,53(3):133-143.
Pu L, Zhou Y Y, He Y N, et al. Bacterial community diversities in the rhizosphere and root of *Pinus yunnanensis* at different altitudes based on high-throughput sequencing[J]. Journal of West China Forestry Science, 2024,53(3):133-143.

[5] Singh D, Takahashi K, Kim M, et al. A hump-backed trend in bacterial diversity with elevation on mount fuji, Japan[J]. Microbial Ecology, 2012,63(2):429-437.

[6] D′Alò F, Baldrian P, Odriozola I, et al. Composition and functioning of the soil microbiome in the highest altitudes of the Italian Alps and potential effects of climate change [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2022,98(3): fiac025.

[7] 魏诗雨,宋天骄,罗佳宜,等.秦岭火地塘针叶林土壤细菌群落的海拔分布格局[J].生物多样性,2024,32(9):64-76.
Wei S Y, Song T J, Luo J Y, et al. Altitudinal distribution patterns of soil bacterial communities in the Huoditang coniferous forests of the Qinling Mountains[J]. Biodiversity Science, 2024,32(9):64-76.

[8] Singh D, Lee-Cruz L, Kim W S, et al. Strong elevational trends in soil bacterial community composition on Mt. *Halla*, South Korea[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014,68:140-149.

[9] Islam S U, Mangral Z A, Hussain K, et al. Unravelling diversity, drivers, and indicators of soil microbiome of *Trillium govanianum*, an endangered plant species of the Himalaya[J]. Environmental Research, 2023,227:115819.

[10] 林惠瑛,周嘉聪,曾泉鑫,等.武夷山黄山松林土壤细菌群落特征沿海拔梯度的分布模式[J].生态学杂志,2022,41(8):1482-1492.
Lin H Y, Zhou J C, Zeng Q X, et al. Distribution pattern of soil bacterial community characteristics in a *Pinus taiwanensis* forest along an Elevational gradient of Wuyi Mountains[J]. Chinese Journal of Ecology, 2022, 41(8):1482-1492.

[11] 谷晓楠,贺红士,陶岩,等.长白山土壤微生物群落结构及酶活性随海拔的分布特征与影响因子[J].生态学报,2017,37(24):8374-8384.
Gu X N, He H S, Tao Y, et al. Soil microbial community structure, enzyme activities, and their influencing factors along different altitudes of Changbai Mountain [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017,37(24):8374-8384.

[12] Li G X, Xu G R, Shen C C, et al. Contrasting elevational diversity patterns for soil bacteria between two ecosystems divided by the treeline[J]. Science China Life Sciences, 2016,59(11):1177-1186.

[13] 周煜杰,贾夏,赵永华,等.秦岭火地塘真菌群落海拔分布格局[J].应用生态学报,2021,32(7):2589-2596.
Zhou Y J, Jia X, Zhao Y H, et al. Altitude distribution of fungal community in Huoditang in Qinling Mountains, Northwest China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021,32(7):2589-2596.

[14] 王海华.秦岭火地塘油松、华山松根际和根内微生物群落的季节动态[D].陕西杨凌:西北农林科技大学,2016.
Wang H H. Seasonal dynamics of rhizospheric and root endophytic microbe communities of *Pinus tabulaeformis* and *Pinus armandii* in Qinling Huodingtang[D]. Yangling, Shaanxi: Northwest A & F University, 2016.

[15] 向航.土地利用方式对陇中黄土高原土壤理化性质及微生物群落特征的影响[D].兰州:甘肃农业大学,2025.
Xiang H. Effects of land use types on soil physicochemical properties and microbial community characteristics in the longzhong Loess Plateau[D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2025.

[16] 赵明松,陈宣强,徐少杰,等.基于MGWR的土壤pH值空间建模及其影响因素分析[J].环境科学,2023,44(12):6909-6920.
Zhao M S, Chen X Q, Xu S J, et al. Spatial prediction modeling for soil pH based on multiscale geographical weighted regression(MGWR)and its influencing factors [J]. Environmental Science, 2023,44(12):6909-6920.

[17] 马寰菲,胡汗,李益,等.秦岭不同海拔土壤团聚体稳定性及其与土壤酶活性的耦合关系[J].环境科学,2021,42(9):4510-4519.
Ma H F, Hu H, Li Y, et al. Stability of soil aggregates at different altitudes in Qinling Mountains and its coupling relationship with soil enzyme activities[J]. Environmental Science, 2021,42(9):4510-4519.

[18] 黄云鑫,杨阳,张鹏,等.土壤微生物调控生态系统碳汇功能研究进展[J].生态学报,2025,45(17):8297-8310.
Huang Y X, Yang Y, Zhang P, et al. Review on soil microbes regulating ecosystem carbon sink function[J]. Acta Ecologica Sinica, 2025,45(17):8297-8310.

[19] 张胜男,唐凯,高海燕,等.白桦林地土壤细菌群落特征及其驱动作用[J].森林工程,2024,40(2):27-35.
Zhang S N, Tang K, Gao H Y, et al. Characteristics and driving effects of soil bacterial communities in *Betula platyphylla* forest[J]. Forest Engineering, 2024, 40(2):27-35.

[20] 熊涵,刘彦伶,李渝,等.长期不同施肥模式对黄壤旱地土壤细菌群落结构和土壤养分的影响[J].应用生态学报,2023,34(7):1949-1956.
Xiong H, Liu Y L, Li Y, et al. Effects of long-term fertilization patterns on bacterial community structure and soil nutrients in dryland of yellow soil[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023,34(7):1949-1956.

[21] 萨如拉,于淼,李媛媛,等.不同年限玉米秸秆还田对土壤微生物多样性的影响[J].中国土壤与肥料,2023(11):34-40.
Sa R L, Yu M, Li Y Y, et al. Effects of maize straw returning for different years on soil microbial diversity [J]. Soils and Fertilizers Sciences in China, 2023(11): 34-40.

[22] 黄俊杰,陆雅海.土壤拟杆菌与梭菌分解多糖类有机物质的研究进展与展望[J].微生物学通报,2022,49(3):1147-1157.
Huang J J, Lu Y H. Decomposition of soil polymeric organic matter by Bacteroidetes and Clostridia: Progress and perspectives[J]. Microbiology China, 2022,49(3):1147-1157.

[23] 白雨欣,刘灵芝,安婷婷,等.长期不同施肥对棕壤细菌群落结构和碳代谢功能的影响[J].中国农业科学,2025,58(8):1579-1590.
Bai Y X, Liu L Z, An T T, et al. Eeffects of long-term fertilization on bacterial community structure and carbon metabolic functions in brown soil[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2025,58(8):1579-1590.

[24] 戴华鑫,梁太波,李彩斌,等.烟秆生物炭还田对植烟黄棕壤养分、细菌群落结构与功能的影响[J].南方农业学报,2023,54(2):476-487.
Dai H X, Liang T B, Li C B, et al. Effects of tobacco-stalk biochar returning on soil nutrients, the structure and functioning of bacterial communities in tobacco-planting yellow-brown fields [J]. Journal of Southern Agriculture, 2023,54(2):476-487.

[25] 张蒙蒙,徐国策,张铁钢,等.放牧强度对荒漠草原土壤微生物群落特征的影响[J].水土保持学报,2024,38(3):306-313.
Zhang M M, Xu G C, Zhang T G, et al. Effects of grazing intensity on soil microbial community characteristics in desert steppe[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2024,38(3):306-313.

[26] 张萌,卢杰,张新军.从微观角度浅析土壤微生物多样性的影响因素[J].四川林业科技,2022,43(4):149-154.
Zhang M, Lu J, Zhang X J. Analysis on the influencing factors of soil microbial diversity from microscopic perspective [J]. Journal of Sichuan Forestry Science and Technology, 2022,43(4):149-154.

[27] 吴昌昊,刘敬泽.根际微生物影响因素及其与植物互作研究进展[J].河北师范大学学报(自然科学版),2022,46(6):603-613.
Wu C H, Liu J Z. Research progress on influencing factors of rhizosphere microorganisms and their interaction with plants [J]. Journal of Hebei Normal University (Natural Science), 2022,46(6):603-613.

[28] 马媛,田路露,吕杰,等.天山北坡雪岭云杉森林土壤微生物群落及影响因素研究[J].生态环境学报,2024,33(1):1-11.
Ma Y, Tian L L, Lü J, et al. Soil microbial communities and influencing factors of *Picea schrenkiana* forest on the northern slope of Tianshan Mountains[J]. Ecology and Environment Sciences, 2024,33(1):1-11.

[29] 万盼,胡艳波,张弓乔,等.甘肃小陇山油松与柴胡栽培土壤细菌群落特征[J].生态学报,2018,38(17):6016-6024.
Wan P, Hu Y B, Zhang G Q, et al. Soil bacterial communities under *Pinus* tabulaeformis Carr. and *Bupleurum chinense* plantations at Xiaolongshan Mountain of Gansu Province [J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(17):6016-6024.

(上接第232页)

[25] 王雁南,杜峰,隋媛媛,等.黄土丘陵区撂荒群落演替序列种根系对氮素施肥方式和水平的形态响应[J].生态学报,2017,37(9):2913-2925.
Wang Y N, Du F, Sui Y Y, et al. Morphological responses of six successional plant species in old-fields of the Loess Plateau to the pattern and level of nitrogen application in a pot experiment [J]. Acta Ecologica Sinica, 2017,37(9):2913-2925.

[26] 杜峰,梁宗锁,徐学选,等.陕北黄土丘陵区撂荒草地群落生物量及植被土壤养分效应[J].生态学报,2007,27(5):1673-1683.
Du F, Liang Z S, Xu X X, et al. The community biomass of abandoned farm and its effects on soil nutrition in the Loess Hilly Region of Northern Shaanxi, China [J]. Acta Ecologica Sinica, 2007,27(5):1673-1683.

[27] 房凯,王迎新,黄建辉,等.内蒙古典型草原不同退化阶段植被恢复的养分限制因子解析[J].植物生态学报,2025,49(1):7-18.
Fang K, Wang Y X, Huang J H, et al. Deciphering the nutrient factors limiting vegetation restoration under different degradation stages in typical steppe of Nei Mongol, China[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2025,49(1):7-18.