

土壤微生物群落中的无竞争多样性^{*}

夏北成

(中山大学环境科学研究所, 广州 510275)

摘要 竞争是种群生态学和群落生态学中最重要的概念之一, 竞争一直被认为无处不在. 通过分子生物学方法对土壤微生物群落结构的研究, 发现在表层土壤的特殊环境下存在着一种无竞争的特殊群落. 在这个群落中具有极其丰富的微生物种类, 但其中没有显著的优势种群存在, 各种群具有基本相似的生态地位, 因此多样性很高. 这种特殊环境的特征是生存空间不具显著约束, 但具明显异质性, 营养资源极度丰富.

关键词 微生物群落, 多样性, 竞争

分类号 S 154. 36

在生态学研究, 关于多样性和竞争作用的讨论一直是中心话题. 对植物和动物群落的研究表明一般的群落格局中是大多数物种数量较少, 一部分物种数量中等, 只有很少的几个物种的数量非常丰富, 几乎没有发现过一个群落中包含的所有物种的丰盛度是相等的. 理论研究和经验都认为群落内部存在的竞争作用决定着群落内物种丰盛度的分布, 对自然种群和实验种群都是适应的. 然而, 对微生物群落却未曾有过如此肯定的结论, 因为我们对微生物种群和群落的直接观察阻碍了我们的研究进展. 存在于自然环境中的绝大多数微生物种类是不能在人工培养基上培养的, 因而对种群和群落的研究就很难深入进行, 所以对微生物群落结构我们知道的非常少. 在自然环境中微生物群落的结构是否与动物和植物群落的结构相似? 主导群落结构的生态因子是什么?

笔者经过一系列的研究, 应用现代分子生物学技术, 获得了多个不同环境中的微生物群落的克隆群落的基因型分布特征. 从这些克隆群落的结构特征, 我们认识到了微生物群落结构的一些特殊性. 对表层土壤环境中的微生物群落而言, 种间竞争作用表现很弱, 差不多每个种群的丰盛度都相同, 各自的个体数都很少, 但物种数则很丰富. 我们的研究结果表明表层土壤中有超过 800 个独立的基因型, 而一些特殊的环境中, 如深层土壤环境, 微生物种类就很少, 从一个相似的样品中只得到 30 多个独立的基因型^[1, 2].

1 研究方法与材料

从环境中直接采取土壤样品, 然后从土壤样品中提取微生物 (真菌菌类) 的 DNA, 对

^{*} 国家教委留学回国人员科研启动基金资助项目

收稿日期: 1998-07-10 夏北成, 男, 40 岁, 副教授

所获得的 DNA 进行纯化和 PCR 扩增, 检测扩增因子, 将扩增所获得的 16S 因子采用 TA 克隆技术, 将其转入到 *Escherichia coli* 中, 使 *E. coli* 携带被转移的目标基因, 并对获得的所有携带克隆因子的细胞再度进行 PCR 扩增, 然后对扩增的 16S 因子用内切酶消化, 最后经过特殊电泳进行 DNA 片段长度多态性 (RFLP) 图象分析^[2,3].

本研究采用了 2 批样品. 第 1 批样品为表层土壤样品, 取于 1995 年 12 月初, 在土壤被冻结前, 在美国 Michigan State University 的 Kellogg 生物实验站 (KBS) 的长期生态观测点的白杨树实验区取样^[1]. 第 2 批样品既包括表层土壤样品, 又有多个层次以下土壤样品, 取于 1996 年夏季, 在美国 Virginia 州 Mappsville 的 Abbott's Pits 取样. 该样品是专为深层土壤研究项目而取, 本研究从中分取出混匀的一小部分 (约 100 g). 取样采用经蒸汽清洁过的 Lexan 直线取样器及音速钻孔技术, 分别取得不同层次的土壤样品. 本研究获取深度分别为 5 157 325 404 和 705 cm 等 5 个样品^[2]. 取样区被丰富的多年生草本植物所覆盖, 样品取出后立即放入冷藏盒内, 带回实验室于 -20 °C 冷藏.

2 结果与讨论

2.1 不同土壤环境中的微生物优势种群

通过对不同土壤环境中微生物群落结构的研究, 获得了大量的微生物克隆群落结构. 从这些研究结果中可以很明显地看出表层土壤和表层以下土壤环境中微生物群落具有完全不同的结构^[4,5]. 表层土壤中的微生物种类 (不同的克隆基因类型) 极其丰富, 一般都多达几百种, 且没有明显的优势种类; 而表面以下的土壤环境中的微生物种类则明显少于表面土壤环境中的种类, 而随着土壤深度的加深, 优势种类逐渐明显. 表层以下土壤各层次以地下水水位线为界 (本次样品采集地的水位线位于样品 D 和 E 之间), 水位线以上群落结构中的优势种类还是不明显, 而水位线以下则出现极为明显的优势种 (表 1).

表 1 不同土壤层次的优势种群比较

样品	土壤深度 m	克隆总数 个	OTU 数 ¹⁾ 个	克隆数最 多的 OTU	前 3 个 OTU 克隆数 总克隆数
A	0.05	704	685	2	0.008 5
B	0.15	687	665	3	0.013
C	1.57	54	33	5	0.24
D	3.25	74	36	10	0.32
E	4.04	250	85	36	0.39
F	7.50	204	74	41	0.39

1) OTU 是基因型相同的克隆, 即唯一基因型, 又称为操作分类单位 (operational taxonomic units)

2.2 不同土壤层次群落结构比较

图 1 中显示了来自 6 个不同土壤层次的土壤微生物群落结构. 每个群落的种群 (在此为克隆种群) 按照其丰盛度从高到低依次排列. 图 1 中纵坐标表示所获得的克隆群落中该种群的克隆数, 横坐标表示每个群落的种群 (克隆群落) 数量. 从图中可以很直观地看出来来自不同土壤层次的微生物群落结构存在的明显差异: 表层微生物种类很多, 不同种群的丰盛度较均匀; 表面以下各层次的微生物群落的种群数量明显地减少, 但不同种群的丰盛度差异较大, 且随着土壤深度的加深, 丰盛度差异越来越大. 不同种群的多样性指数和均匀度指数如表 2.

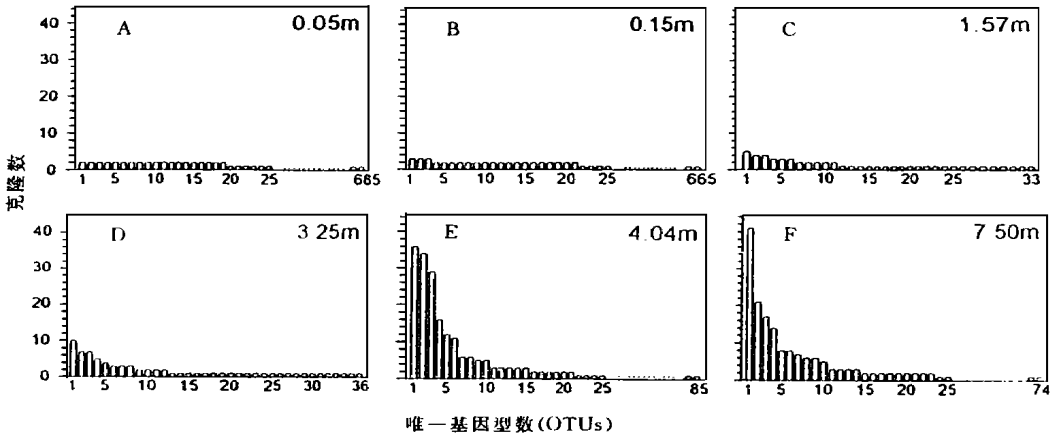


图 1 不同土壤层次的土壤微生物群落结构比较图

2.3 表层土壤微生物群落特征分析

从表 1 表 2 和图 1 中可以看出, 表层土壤微生物群落 (克隆群落) 具有极为丰富的种类 (以 OTU 表示), 与表层以下土壤中的微生物群落比较, OTU 数量相差很远, 同时总的克隆数也相差很远. 表层 OTU 数最多是 685 个, 而表层以下 OTU 数最多为 85 个, 而最少只有 33 个. 表层土壤微生物群落中克隆数最多的 OTU 的克隆数仅为 2, 而来自表面以下土壤中的微生物群落中克隆数最多的 OTU 的克隆数为 41 个. 这一结果显示在表面以下的各层次土壤的微生物群落中各群的丰盛度差异很大, 有明显的优势种群; 而在表层土壤中, 微生物群落中各种群间没有明显的丰盛度差异, 各种群在数量上的分布很均匀, 不存在优势种群. 与此结构类似的土壤微生物群落也在其他环境下发现, 如农业土壤环境和极地冻土环境^[6].

表 2 不同土壤微生物群落多样性指数与均匀度指数比较

土壤深度 /m	丰盛度最高的种群克隆数 /个	多样性指数	均匀度指数
0.05	2	2.903	0.9985
0.15	3	2.815	0.9972
1.57	5	1.443	0.9500
3.25	10	1.428	0.9037
4.04	36	1.517	0.7864
7.50	41	1.487	0.7467

在表层土壤环境中, 由于很容易受到各种环境因子的影响, 致使表层土壤环境不稳定, 各种生态因子在不同的时间出现剧烈波动. 这种环境因子的波动导致微生物种群的适应性策略的不同. 因为环境不断变化, 很难建立一个高水平的种群, 所以其生存策略就是在低水平下保存种群, 以适应环境的变化.

表层土壤环境由于受人类活动的影响以及在植物和土壤动物的作用下, 可供微生物利用的资源非常丰富, 与表层以下土壤相比, 其资源的丰富度对微生物群落而言可以是无限的, 而表层以下则相对缺乏, 有时可能是重要的限制因素. 表层土壤环境中的资源的相对

无限性成为表层土壤微生物群落多样性极高的重要原因。

2.4 空间异质性对表层微生物群落结构的影响

空间异质性是表层土壤环境的另一个重要特征。当表层土壤处于缺水状态时, 土壤颗粒上缺少可供微生物体自由运动的水层或水膜, 使得群落内部微生物种群或个体之间缺少交换。表层土壤中存在有非常复杂的成分, 颗粒物性质差异很大, 即有土壤母质, 又有非母质的成分, 如有机质、腐殖质、生物残骸等。不同的颗粒物质地相差很大, 它们的表面性质、电荷、粒径、空隙度和吸附力等方面的差异远远大于表层以下各层次的土壤颗粒间的性质差异。

从微观上分析, 因为电荷的存在, 土壤颗粒之间具有一定的间距。而这些土壤颗粒之间的联系则是靠土壤颗粒外的水膜。这层水膜既提供了微生物活动所需要的介质, 同时在这介质中还溶解了微生物生命活动所需要的营养。土壤微生物是异养型生物, 最基本的营养物质是碳素营养。从理论分析可知, 如果在某个生境中许多的生物共享某个有限的营养源, 那么他们之间必然发生竞争, 竞争的结果必然使得各自的生境重叠, 生境重叠必将引起部分物种在丰盛度上的退让, 种群的竞争力只能使其处在一种较低的水平, 而那些竞争力强的种群则在数量上处于优势。表层土壤环境中, 特别是具有丰富植被的表层土壤环境, 具有十分丰富的各类营养源, 对于利用不同营养源的微生物都能拥有充分的营养物质, 这种营养源的异质性土壤表层微生物群落极度丰富的重要条件之一。表层土壤由于受蒸发和重力的影响, 表层土壤环境中常常是处在土壤水分不饱和的状态, 而土壤颗粒间的水膜存在着不连续性, 这使得微生物群落中种群与种群间生境的交换受到阻碍, 严重时可能是以土壤颗粒为生境单元而被分隔。不同土壤颗粒间的表面性质的差异也使得生境单元间的交换存在着物理的和化学因素的阻碍。

参 考 文 献

- 1 夏北成, Zhou J Z, Tiedje J M. 分子生物学方法在微生物生态学中的应用. 中山大学学报, 1998, 37 (2): 97~ 101
- 2 夏北成, Zhou J Z, Tiedje J M. 土壤微生物群落及其活性与植被的关系. 中山大学学报 1998, 37 (3): 94~ 98
- 3 Zhou J Z, Bruns M A, Tiedje J M. DN A recovery from soil of diverse composition. *Appl and Environ Microbiol*, 1996, 62 316~ 322
- 4 Xia B C, Zhou J Z, Tiedje J M. SSU rRNA clone diversity in soil from poplar monoculture and diverse plant communities. *Forum on Environmental Remediation and Environmental Toxicology and Microbial Ecology*, 1996, 11 9~ 11
- 5 Zhou J Z, Xia B C, Tiedje J M. Molecular analysis of spatial heterogeneity of Microbial community compositions and interactions in subsurface environment. *Forum on Environmental Remediation and Environmental Toxicology and Microbial Ecology*, 1996 23~ 25
- 6 Borneman J, Skroch P W, O'Sullivan K M, et al. Molecular microbial diversity of an agricultural soil in Wisconsin. *Appl Environ Microbiol*, 1996, 62 1935~ 1943

Noncompetitive Community Diversity in Surface Soil Microbial Community

Xia Beicheng^{*}

Abstract Competition is one of the most important concepts in traditional ecology. This paper gives some special soil microbial community got by molecular methods from different soil level. Some communities in surface soil are noncompetitive in their construction very abundant species, equivalent populations numerically and no dominant species. The diversity is very high. Environmental heterogeneity in spatial and nutrient is a key factor to determines this unusual ecological community structure.

Keywords microbial community, diversity, competition

^{*} Institute of Environmental Science, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China