

# 不同植被对桂西北岩溶地区土壤微生物多样性的影响

黄必乐, 邓慧莲, 解文惠, 杨晶晶, 钟其璇, 覃勇荣\*

河池学院化学与生物工程学院, 广西 宜州

Email: \*1595677337@qq.com

收稿日期: 2021年6月21日; 录用日期: 2021年7月19日; 发布日期: 2021年7月26日

## 摘要

为研究不同植被对桂西北岩溶地区土壤微生物多样性的影响, 选取了桂西北岩溶地区乡土树种枫香、青檀、任豆、柏木为优势种的植被, 以及外来树种桉树、湿地松为优势种的植被作为研究对象, 利用常规化学分析与分子微生物相结合的研究方法, 分析不同植被对土壤肥力及土壤微生物多样性的影响。结果表明: 长期种植外来树种会使土壤理化性质恶化, 影响土壤微生物的群落结构和物种多样性, 乡土树种样地的土壤优势菌为变形菌门, 外来树种样地的土壤优势菌为酸杆菌门; 以乡土树种为优势种的样地, 其土壤肥力、土壤微生物多样性均高于外来树种。综合考虑不同树种对岩溶地区土壤养分和土壤微生物群落结构的影响, 可以将任豆、柏木、青檀等乡土树种作为桂西北岩溶地区植被恢复和石漠化治理的优良先锋树种。

## 关键词

桂西北岩溶地区, 乡土树种, 外来树种, 土壤肥力, 土壤微生物多样性

# Effects of Different Vegetation on Soil Microbial Diversity in Karst Area of Northwest Guangxi

Bile Huang, Huilian Deng, Wenhui Xie, Jingjing Yang, Qixuan Zhong, Yongrong Qin\*

School of Chemistry and Biological Engineering, Hechi University, Yizhou Guangxi

Email: \*1595677337@qq.com

Received: Jun. 21<sup>st</sup>, 2021; accepted: Jul. 19<sup>th</sup>, 2021; published: Jul. 26<sup>th</sup>, 2021

\*通讯作者。

文章引用: 黄必乐, 邓慧莲, 解文惠, 杨晶晶, 钟其璇, 覃勇荣. 不同植被对桂西北岩溶地区土壤微生物多样性的影响[J]. 农业科学, 2021, 11(7): 658-677. DOI: 10.12677/hjas.2021.117090

## Abstract

In order to study the influence of different vegetation on the soil microbial diversity in the karst areas of northwest Guangxi, the vegetation with dominant species of native tree species *Liquidambar formosana*, *Pteroceltis tatarinowii*, *Zenia insignis*, and *Cupressus funebris* in karst areas of northwestern Guangxi, and vegetation with dominant species of *Eucalyptus robusta* and *Pinus elliottii* were selected as the research objects. Research methods combining conventional chemical analysis and molecular microbes are used to analyze the effects of different vegetation on soil fertility and soil microbial diversity. The results show that long-term planting of exotic tree species will deteriorate the physical and chemical properties of the soil and affect the community structure and species diversity of soil microorganisms. The dominant soil bacteria in the native tree species plot is the Proteobacteria, and the soil dominant bacteria in the exotic tree species plot is the Acidobacteria; The sample plot with native tree species as the dominant species has higher soil fertility and soil microbial diversity than exotic tree species. Considering the effects of different tree species on soil nutrients and soil microbial community structure in karst areas, native tree species such as *Zenia insignis*, *Cupressus funebris*, and *Pteroceltis tatarinowii* can be used as excellent pioneer trees for vegetation restoration and karst rocky desertification control in karst areas in Northwest Guangxi.

## Keywords

Karst Area in Northwest Guangxi, Native Tree Species, Exotic Tree Species, Soil Fertility, Soil Microbial Diversity

Copyright © 2021 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 前言

石漠化是由于对土地的不适当利用,使岩石裸露增加,导致土壤质量退化,生态遭到严重破坏,土地生产力严重下降的土地退化过程[1]。我国贵州和广西等喀斯特地区水土流失、岩石暴露等土地退化问题较严重[2]。截至2016年底,广西石漠化或潜在石漠化土地面积共为420.3万 $\text{hm}^2$ ,石漠化程度仅次于贵州省,与2011年相比,广西石漠化面积净减少39.3万 $\text{hm}^2$ ,治理已经初显成效,但与此同时,广西潜在石漠化面积反增37.6万 $\text{hm}^2$ ,说明导致广西土壤石漠化的因素依然存在,广西石漠化防范治理的任务依然十分艰巨[3]。河池地处桂西北,土地面积3.35万 $\text{km}^2$ ,是一个水热条件良好,岩石成土速率慢,且土壤侵蚀作用强烈的溶岩地区,溶岩面积2.211万 $\text{km}^2$ 。同时,河池市是我国少数民族和贫困人口集中分布地区[4]。土壤微生物在调节土壤养分、维持土壤生态系统平衡等方面具有重要的作用[5]。微生物通过光合、化能、分解等作用影响着植物的生长,土壤中细菌和放线菌数量的增加对植物的生长发育有益,而土壤真菌化会导致土壤肥力下降,增加土壤致病力[6],植物通过根系或凋落物向土壤环境释放各种有机物质(糖类、氨基酸类、生长因子等)和无机离子,改变土壤微生物生长的微生境,进而影响土壤微生物的群落结构。相关研究结果表明:土壤微生物种群数量、群落结构以及空间分布等,直接反映微生物的生境,同时可以客观反映土壤质量与土壤健康状况[5][6][7][8][9]。

桂西北岩溶地区石漠化面积广、程度深,生态环境脆弱。目前,针对于桂西北石漠化的治理,学者

们开展了不少研究工作,提出了一些有价值的建议,但以往的研究大部分是基于传统的手段和方法[10][11][12][13][14]。本研究旨在通过现代技术与传统方法的结合,即将分子生物学技术与传统的土壤理化分析方法结合,比较不同植被土壤微生物多样性和主要菌群的差异,及其与土壤肥力的相关性,从而揭示桂西北岩溶地区乡土树种与外来树种对土壤质量变化及土壤微生物多样性的影响,为岩溶地区植被恢复和石漠化地区生态恢复重建提供理论参考。

## 2. 材料与方法

### 2.1. 研究区域概况

本研究的地点选择在河池市宜州区及其周边区域,地理坐标为 106°34'~109°09'E, 23°41'~25°37'N,属于亚热带季风气候区,为典型的溶岩地区,热量丰富、光照充足,年日照时数为 1447~1600 h,气候温和,雨量充沛,年平均降雨量在 1200~1600 mm,降雨主要集中在 5~8 月,年均气温为 20.6℃,无霜期 327 d。

### 2.2. 样品的采集及处理

#### 2.2.1. 样地的选择

2019 年 5 月至 7 月,通过实地调查,在立地条件尽量一致的情况下,分别在罗城县四把镇龙马村向阳屯,环江县明伦镇吉祥村,宜州区怀远镇叶茂村、刘三姐镇下枳村和小龙村大长沙屯、龙降村明灯寨等地,选择优势种分别为枫香、柏木、任豆、青檀、桉树、湿地松的不同植被典型样地,以上样地的编号分别为:XYFS、JXBM、YMRD、XJQT、DCSAS、MDZSS,各调查样地的基本情况见表 1。

Table 1. List of different vegetation survey sample plots

表 1. 不同植被调查样地情况一览表

样品编号	优势树种	地理坐标	海拔/m	植被覆盖率/%	郁闭度
XYFS	枫香( <i>Liquidambar formosana</i> )	24°40'58.01"N, 108°47'34.91"E	324	100	0.8
MDZSS	湿地松( <i>Pinus elliottii</i> )	24°35'47.58"N, 108°44'55.36"E	222	100	0.5
DCSAS	桉树( <i>Eucalyptus robusta</i> )	24°34'26.45"N, 108°42'50.91"E	179	100	0.6
YMRD	任豆( <i>Zenia insignis</i> )	24°32'46.85"N, 108°30'51.22"E	167	100	0.8
XJQT	青檀( <i>Pteroceltis tatarinowii</i> )	24°32'32.35"N, 108°40'23.12"E	158	100	0.9
JXBM	柏木( <i>Cupressus funebris</i> )	25°10'20.83"N, 108°27'43.03"E	551	100	0.8

#### 2.2.2. 土壤样品的采集及处理

在每个调查样地,根据具体的地形地貌和植被的分布情况,用梅花形采样法采集优势树种根部周围 0~20 cm 深的表土。采样时,先清除采样点表面的凋落物、砾石及杂物,然后取 0~20 cm 的表土,过 10 目(孔径 2 mm)标准筛,将 5 个小样点的土壤样品充分混合均匀,用“四分法”取样。每个样地采集的土壤样品分为两份,其中一份带回实验室自然风干后,用微型土壤粉碎机将其粉碎过筛,装入自封袋中保存,用于理化性质的测定;另一份采集后迅速放入冰盒中低温保存,最大限度保持土壤微生物原有的种

群结构，带回实验室后置于一80℃的超低温冰箱中保存，用于土壤微生物 DNA 序列的测定。

## 2.3. 测定指标及方法

### 2.3.1. 土壤理化分析

土壤 pH 的测定用电位法(水土比为 2.5:1) [15];全磷含量的测定用氢氧化钠碱熔——钼蓝比色法[16];有效磷含量的测定用碳酸氢钠浸提——钼锑抗比色法[17];全氮含量的测定用凯式定氮法[18];速效氮含量的测定用碱解扩散法[19];全钾含量的测定用氢氧化钠碱熔——火焰光度计法[20];速效钾含量的测定用乙酸铵浸取——火焰光度计法[21];有机质含量的测定用重铬酸钾氧化——分光光度法(HJ615-2011) [22]。

### 2.3.2. 土壤微生物 DNA 序列的测定

土壤微生物测序由深圳华大基因股份有限公司进行，测序区域为 16S-V4，注解数据库为 GreenGene 数据库。首先取质量合格的基因组 DNA 样品及引物配置成 PCR 反应体系，设置 PCR 反应参数进行扩增，PCR 扩增产物纯化后溶于 Elution Buffer，贴上标签，完成建库后使用 Agilent 2100 Bioanalyzer 对文库的片段范围及浓度进行检测，检测合格的文库根据插入片段大小，选择 HiSeq 平台进行测序[23]。实验流程见图 1。

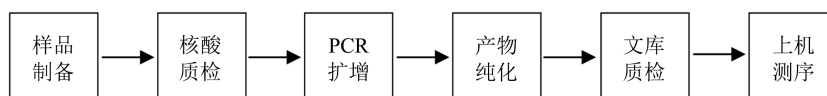


Figure 1. The basic process of soil microbial DNA sequencing  
图 1. 土壤微生物 DNA 测序的基本流程

### 2.3.3. 测序结果处理

去除 HiSeq 平台测序数据中低质量的 reads 后利用重叠关系使用软件 FLASH 将满足拼接条件的成对 reads 组装成 Tags [24]。去除嵌合体，将相似度在 97% 以上的 tags 聚类为一个 OTU，将 OTU 中丰度最大的序列作为代表序列，通过 RDP classifier (v2.2)软件将 OTU 代表序列与数据库比对进行物种注释，置信度阈值设置为 0.8 [25]，去除没有注释结果和注释为古菌的 OTU，剩余的 OTU 用于后期分析。

## 2.4. 数据处理

主要使用 Excel 2016 对原始实验数据进行录入与计算，用 SPSS 22.0 进行方差分析与相关性分析，用 Dunnett's T3 进行多重比较，用 Origin 2018 软件进行作图。

## 3. 结果与分析

### 3.1. 不同植被样地土壤理化性质差异比较

不同植被调查样地土壤理化性质测定的结果见表 2。

#### 3.1.1. 土壤 pH

由表 2 可知，以外来树种(湿地松、桉树)为优势种的植被样地，其土壤 pH 为酸性，以乡土树种(枫香、任豆、青檀、柏木)为优势种的植被，其土壤 pH 大部分为中性或弱酸性；其中编号为 MDZSS 和 DCSAS 两个样地均为强酸性土壤(pH < 4.5)，编号为 XYFS 样地为弱酸性土壤(pH = 5.5~6.5)，编号为 YMRD、XJQT、JXBM 三个样地为中性土壤(pH = 6.5~7.5)。种植桉树和湿地松会使土壤明显酸化；种植枫香时，虽然也会使土壤酸化，但酸化的程度没有种植桉树和湿地松明显；种植任豆、青檀、柏木三种乡土树种，则能使土壤的 pH 保持中性。

**Table 2.** Basic physical and chemical properties of soil in different vegetation survey plots  
**表 2.** 不同植被调查样地土壤的基本理化性质

样品编号	pH	土壤含水量 (%)	有机质 (g/kg)	全氮 (g/kg)	速效氮 (mg/kg)
XYFS	5.99 ± 0.02 <sup>d</sup>	2.91 ± 0.02 <sup>d</sup>	23.16 ± 0.44 <sup>de</sup>	1.98 ± 0.10 <sup>d</sup>	78.58 ± 4.79 <sup>e</sup>
MDZSS	4.07 ± 0.03 <sup>f</sup>	1.97 ± 0.01 <sup>f</sup>	26.71 ± 0.67 <sup>c</sup>	1.29 ± 0.06 <sup>e</sup>	119.59 ± 8.44 <sup>d</sup>
DCSAS	4.46 ± 0.01 <sup>e</sup>	2.34 ± 0.01 <sup>e</sup>	19.87 ± 0.86 <sup>e</sup>	1.70 ± 0.11 <sup>de</sup>	85.86 ± 3.54 <sup>e</sup>
YMRD	7.13 ± 0.01 <sup>c</sup>	7.68 ± 0.01 <sup>c</sup>	47.63 ± 1.36 <sup>b</sup>	3.31 ± 0.18 <sup>c</sup>	245.53 ± 8.21 <sup>c</sup>
XJQT	7.39 ± 0.02 <sup>b</sup>	9.67 ± 0.04 <sup>b</sup>	53.86 ± 0.44 <sup>b</sup>	5.55 ± 0.12 <sup>b</sup>	371.51 ± 3.53 <sup>b</sup>
JXBM	7.47 ± 0.02 <sup>a</sup>	10.28 ± 0.05 <sup>a</sup>	61.21 ± 0.85 <sup>a</sup>	6.53 ± 0.09 <sup>a</sup>	431.39 ± 5.82 <sup>a</sup>
样品编号	全磷 (mg/kg)	速效磷 (mg/kg)	全钾 (g/kg)	速效钾 (mg/kg)	
XYFS	119.94 ± 1.22 <sup>d</sup>	2.64 ± 0.04 <sup>cd</sup>	8.76 ± 0.19 <sup>a</sup>	29.21 ± 1.42 <sup>d</sup>	
MDZSS	72.26 ± 0.81 <sup>e</sup>	3.17 ± 0.06 <sup>c</sup>	4.74 ± 0.06 <sup>d</sup>	11.83 ± 1.20 <sup>f</sup>	
DCSAS	75.93 ± 2.86 <sup>e</sup>	3.51 ± 0.05 <sup>b</sup>	5.55 ± 0.07 <sup>c</sup>	16.24 ± 2.47 <sup>e</sup>	
YMRD	278.38 ± 1.54 <sup>b</sup>	3.26 ± 0.18 <sup>bc</sup>	8.36 ± 0.05 <sup>a</sup>	41.36 ± 2.49 <sup>c</sup>	
XJQT	357.38 ± 2.51 <sup>a</sup>	4.94 ± 0.09 <sup>a</sup>	6.15 ± 0.16 <sup>b</sup>	81.77 ± 1.32 <sup>a</sup>	
JXBM	159.45 ± 2.23 <sup>c</sup>	2.40 ± 0.09 <sup>d</sup>	6.06 ± 0.07 <sup>b</sup>	58.28 ± 0.34 <sup>b</sup>	

注：同列不同小写字母表示差异显著(0.05 水平)。

### 3.1.2. 土壤含水量

由表 2 可知, 本研究的不同植被样地土壤含水量在 1.97%~10.28% 之间, 以柏木、青檀等乡土树种为优势种的样地, 其土壤含水量显著高于以外来树种为优势种的样地, 不同植被样地土壤含水量高低排序为: JXBM > XJQT > YMRD > XYFS > DCSAS > MDZSS。由此可知, 乡土树种对根际土壤水分的保持能力显著优于外来树种。

### 3.1.3. 土壤有机质含量

由表 2 可知, 大部分乡土树种样地的土壤有机质含量高于外来树种样地, 但乡土树种枫香样地与外来树种桉树和湿地松样地却无显著差异, 不同植被样地土壤有机质含量高低排序为: JXBM > XJQT > YMRD > MDZSS > XYFS > DCSAS。土壤有机质主要来源于植物的凋落物及分泌物, 部分来源于动物和微生物残体, 是土壤肥力的重要指标之一[26]。按照我国第二次土壤普查养分分级表[27] (下文简称养分分级表), 柏木、青檀、任豆三个样地的土壤有机质含量达到一级标准(>40 g/kg); 枫香、湿地松样地的土壤有机质仅达到三级标准(>20~30 g/kg), 与青檀、柏木及任豆样地相比, 差了两个等级; 桉树样地的土壤有机质含量最低, 仅达四级标准(>10~20 g/kg)。

### 3.1.4. 土壤氮含量

由表 2 可知, 不同植被土壤全氮含量在 1.29~6.53 g/kg 之间, 其高低排序为: JXBM > XJQT > YMRD > XYFS > DCSAS > MDZSS, 乡土树种土壤全氮含量均高于外来树种。

本研究的不同植被样地土壤速效氮含量为 78.58~431.39 mg/kg。除枫香样地外, 其余乡土树种样地土壤速效氮含量均高于外来树种, 不同植被土壤速效氮含量高低排序为: JXBM > XJQT > YMRD > MDZSS > DCSAS > XYFS。

### 3.1.5. 土壤磷含量

由表 2 可知, 土壤全磷含量在 72.26~357.38 mg/kg 之间, 不同植被样地土壤全磷含量差异表现为: XJQT > YMRD > JXBM > XYFS > DCSAS > MDZSS, 乡土树种土壤全磷含量高于外来树种。

不同调查样地土壤速效磷含量为 2.40~4.94 mg/kg, 其高低排序为: XJQT > DCSAS > YMRD > MDZSS > XYFS > JXBM。在所有样地中, 青檀样地的速效磷含量最高。

### 3.1.6. 土壤钾含量

由表 2 可知: 土壤全钾含量在 4.74~8.76 g/kg 之间, 其含量高低排序为 XYFS > YMRD > XJQT > JXBM > DCSAS > MDZSS; 不同植被样地土壤全钾含量差异显著, 其中, 枫树样地土壤全钾含量最高, 湿地松样地全钾含量最低, 乡土树种土壤全钾含量均高于外来树种; 不同植被样地土壤速效钾含量为 11.83~81.77 mg/kg, 其高低排序为 XJQT > JXBM > YMRD > XYFS > DCSAS > MDZSS, 乡土树种土壤速效钾含量均高于外来树种。

### 3.1.7. 土壤肥力综合评价

因为不同植被样地的土壤理化性质差异较大, 因此, 为了说明本研究的不同植被样地土壤肥力的差异, 采用主成分分析法对 6 种不同植被样地土壤的理化指标进行综合分析[28] [29] [30]。由表 3 可知, 本研究中不同环境因子的 KMO 检验系数大于 0.5, Bartlett 的球形检验显示, 本研究近似卡方值为 416.99, 显著性值为 0.00 ( $P < 0.05$ ), 说明数据显著, 因此该数据可进行因子分析[31]。

**Table 3. KMO and Bartlett test**  
**表 3. KMO 和 Bartlett 检验**

KMO 测量取样适当性	Bartlett 的球形检验	
	0.61	近似卡方
	df	36
	显著性	0.00

土壤 pH、有机质等土壤理化因子组成主成分的方差贡献率及特征值见表 4。由此可知, 6 个主成分已经包含全部的原有信息, 其中前 3 个主成分特征值较大(大于 1), 能较好反应总体特征, 为使各主成分明显区分, 经旋转后, 第 1、2、3 主成分方差贡献率分别由 56.807%、20.635%、13.795%变为 49.429%、26.637%、15.171%, 前 3 个主成分累计贡献率 91.237%, 即前 3 个主成分进行分析时, 仅丢失原有信息的 8.763%, 但 91.237%的信息仍得以保留[28]。

**Table 4. Principal component eigenvalues and contribution rate**  
**表 4. 主成分特征值和贡献率**

项目	初始特征值方差			旋转平方和载入方差		
	特征值	方差贡献率%	累计贡献率%	特征值	方差贡献率%	累计贡献率%
第 1 主成分	5.113	56.807	56.807	4.449	49.429	49.429
第 2 主成分	1.857	20.635	77.442	2.397	26.637	76.066
第 3 主成分	1.242	13.795	91.237	1.365	15.171	91.237
第 4 主成分	0.710	7.883	99.120			
第 5 主成分	0.075	0.832	99.952			
第 6 主成分	0.004	0.048	100.000			

旋转后主成分对应的特征值见表 5, 在第 1 主成分特征值较大的有 pH、有机质、含水量、速效氮、全氮, 在第 2 主成分特征值较大的有 pH、全磷、速效钾, 在第 3 主成分特征值较大仅有全钾。

**Table 5.** The eigenvalues corresponding to the principal components after rotation  
**表 5.** 旋转后主成分对应的特征值

指标	元件		
	第 1 主成分	第 2 主成分	第 3 主成分
pH	0.772	0.555	0.292
有机质	0.986	0.002	-0.062
全磷	0.205	0.970	-0.026
速效磷	0.132	0.256	-0.779
含水量	0.972	0.212	-0.034
速效氮	0.966	0.168	-0.146
全氮	0.960	0.179	-0.066
速效钾	0.142	0.927	0.027
全钾	0.020	0.344	0.801

说明: 旋转方法为具有 Kaiser 正规化的最大变异法。

计算不同植被样地土壤在各主成分上的得分, 样地在各主成分上的得分相加即为综合得分, 综合得分反映了土壤的肥力大小, 其结果见表 6。第 1 主成分中, 排名前三的是柏木、青檀、任豆, 它们的有机质、含水量等含量较高; 第 2 主成分中, 排名前三的是青檀、任豆、枫香, 它们的全磷、速效钾含量较高; 第 3 主成分中, 排名前三的是枫香、任豆、柏木, 它们的全钾含量较高。6 种不同植被样地土壤肥力大小排序为: 柏木 > 青檀 > 任豆 > 枫香 > 湿地松 > 桉树。相对而言, 柏木、青檀、任豆样地为高肥力土壤样地, 枫香、湿地松、桉树样地为低肥力土壤样地。

**Table 6.** Principal component score, comprehensive score and ranking  
**表 6.** 主成分得分、综合得分及排序

树种	第 1 主成分得分	第 2 主成分得分	第 3 主成分得分	综合得分	排序
柏木	1.63	-0.72	0.50	68.71	1
青檀	0.94	0.73	-1.43	44.14	2
任豆	0.43	0.10	0.77	35.66	3
枫香	-0.65	-0.31	1.38	-19.69	4
湿地松	-0.90	-0.69	-0.68	-73.17	5
桉树	-0.81	-0.96	-0.81	-78.16	6

## 3.2. 不同植被样地的土壤细菌 Tags、OTU 差异比较

### 3.2.1. 细菌测序数据过滤及 Tag 连接

经 PCR 扩增后, 不同植被样地的土壤细菌测序数据过滤结果见表 7。由此可知, 不同植被样地的土壤细菌原始测序数据 Raw Data 长度为 44.73~45.79 Mbp。经过过滤后得到的高质量测序数据 Clean Data 均为 37.5 Mbp, 数据保留率 81.90%~83.84%, 因而能较真实反映土壤细菌群落结构。

**Table 7.** Filtering table of soil bacterial sequencing data of different vegetations  
**表 7.** 不同植被土壤细菌测序数据过滤表

样品编号	Raw Data (Mbp)	Clean Data (Mbp)	数据保留率(%)
DCSAS	44.99	37.5	83.35
JXBM	45.05	37.5	83.25
MDZSS	44.95	37.5	83.43
XJQT	45.55	37.5	82.32
XYFS	45.79	37.5	81.90
YMRD	44.73	37.5	83.84

对过滤后获得的 Clean Data 进行拼接, 结果见表 8。由此可知, 不同植被样地土壤细菌测序的原始序列在各样地约为 75,000 条, 拼接率均在 99.5% 以上, 拼接后去除引物序列后共得到 441,673 条 Tags。

**Table 8.** Tags connection  
**表 8.** Tags 连接

样品编号	Total Pairs Read Number (条)	Connect Tag Number (条)	Connect Ratio (%)	Tags Without Primer (条)
DCSAS	75,035	74,949	99.89	73,834
JXBM	75,034	74,959	99.90	73,880
MDZSS	75,037	74,970	99.91	72,686
XJQT	75,034	74,946	99.88	73,647
XYFS	75,052	74,875	99.76	73,915
YMRD	75,035	74,966	99.91	73,711

### 3.2.2. 细菌 OTU 聚类

经过数据筛选, 去除低质量的 DNA 序列片段, 将序列片段拼接后进行 OTU 聚类, 不同植被样地的土壤细菌 OTU 聚类结果见表 9。由此可知, YMRD 的 OTU 数量最多, 达到 4413; XYFS、JXBM、XJQT 的 OTU 次之, 也均达到 3000 以上; DCSAS、MDZSS 的 OTU 数量较低, 分别为 1930 和 1511。YMRD 和 DCSAS 的 OTU 数量相差高达 2902, 表明不同植被样地土壤的 OTU 数量存在较大差异, 也表明不同植被样地的土壤细菌群落存在较大差异。

**Table 9.** Statistics of OTU clustering results of soil bacterial communities in different vegetations  
**表 9.** 不同植被土壤细菌群落 OTU 聚类结果统计

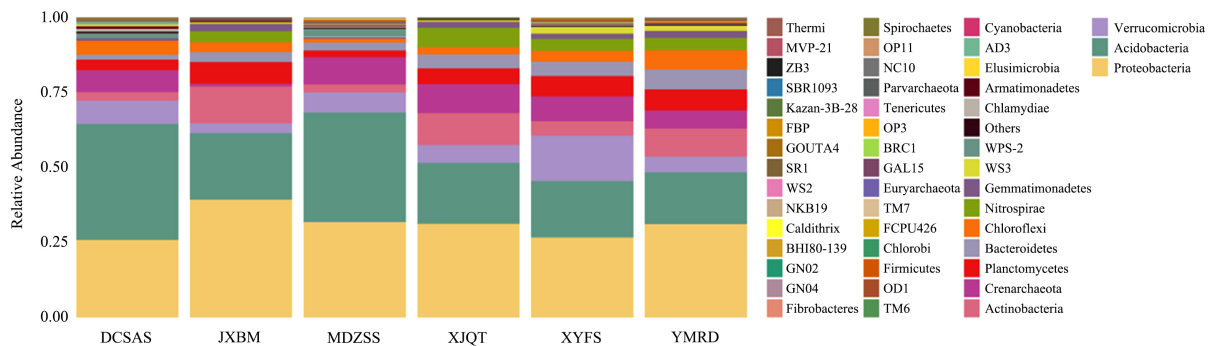
样品编号	Tag 数量(条)	OTU 数量(种)
DCSAS	50,338	1930
JXBM	47,364	3747
MDZSS	52,368	1511
XJQT	49,821	3013
XYFS	45,903	3883
YMRD	49,062	4413



### 3.3. 不同水平上土壤细菌群落组成

#### 3.3.1. 门水平

桂西北地区蕴藏着巨大的微生物资源，在门水平上，本研究的不同植被样地的土壤细菌物种丰度柱状图见图 2，图中每种颜色代表一种细菌门类，颜色比例大小表示该细菌门类的物种相对丰度大小。从图 2 中可见，不同植被样地的土壤细菌物种组成相似，但所占比例不同。其中，DCSAS 样地土壤共检测到细菌 29 门，JXBM 样地土壤共检测到细菌 38 门，MDZSS 样地土壤共检测到细菌 27 门，XJQT 样地土壤共检测到细菌 36 门，XYFS 样地土壤共检测到细菌 40 门，YMRD 样地土壤共检测到细菌 42 门。



**Figure 2.** Histogram of species abundance of soil bacterial communities in different vegetation plots (phylum)  
**图 2.** 不同植被样地土壤细菌群落物种丰度柱状图(门)

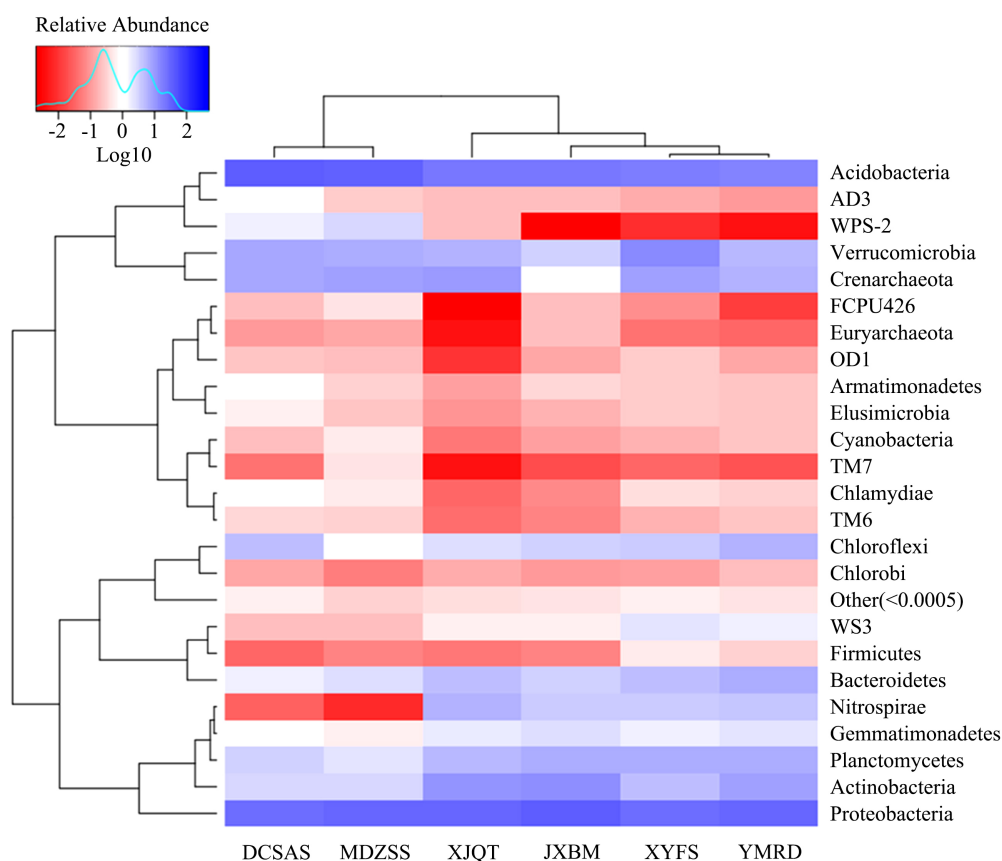
**Table 10.** The relative abundance of soil bacteria at the phylum level  
**表 10.** 门水平土壤细菌相对丰度表

细菌种类	样地编号					
	DCSAS (%)	JXBM (%)	MDZSS (%)	XJQT (%)	XYFS (%)	YMRD (%)
变形菌门(Proteobacteria)	25.88	39.23	31.86	31.28	26.64	31.13
酸杆菌门(Acidobacteria)	38.61	22.15	36.37	20.17	18.80	17.29
放线菌门(Actinobacteria)	2.76	12.30	2.74	10.67	4.68	9.28
浮霉菌门(Planctomycetes)	3.40	7.29	2.26	5.17	6.74	6.90
硝化螺旋菌门(Nitrospirae)	0.03	3.62	0.01	6.41	3.89	4.09
拟杆菌门(Bacteroidetes)	1.70	3.36	2.70	4.74	4.68	6.70
绿弯菌门(Chloroflexi)	4.59	3.29	1.18	2.40	3.69	6.40
疣微菌门(Verrucomicrobia)	7.78	3.26	6.65	5.95	15.20	5.24
芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)	0.81	2.39	0.57	1.99	1.74	2.30
泉古菌门(Crenarchaeota)	7.40	0.84	9.06	9.66	8.37	6.09
WS3	—	0.58	—	0.57	2.32	1.80
WPS-2	1.70	—	2.79	—	—	—
稀有门类	5.35	1.70	3.83	0.98	3.24	2.78

注：—表示该门类相对丰度低于 1%或检测不到，样地所有相对丰度 ≤1%合并为稀有门类。

在本研究的不同植被样地土壤中,土壤细菌相对丰度大于1%的细菌菌群相对丰度总和分别为93.82%、96.88%、95.60%、98.45%、96.75%、97.22%,其具体分布见表10。其中,外来树种的土壤细菌优势菌均为酸杆菌门,次优势菌均为变形菌门,而乡土树种的土壤细菌优势菌为变形菌门,次优势菌为酸杆菌门,与之相反。在相对丰度大于1%的门类中,发现外来树种有WPS-2,乡土树种则没有;乡土树种有芽单胞菌门、硝化螺旋菌门,外来树种则没有发现这两个门类。在门水平上,外来树种土壤细菌物种组成及丰度上没有明显的差异;乡土树种样地中,枫香样地相对于柏木、青檀、任豆三个树种的样地,疣微菌门的相对丰度较高,而放线菌门的相对丰度较低。

OTU 聚类结果显示不同植被样地土壤间 OTU 数量存在巨大差异,表明不同样地土壤细菌物种差异较大,影响样品聚类,为消除该影响,遂对不同样地土壤细菌相对丰度进行标准化处理(进行以10为底的log转化)。图3为在门水平上不同样地土壤细菌丰度热图,图中纵向的聚类结果表示土壤细菌在不同样地间群落差异情况,如果两个样地之间距离越近,相连接的线段(枝长)越短,则说明两个样地之间土壤细菌的物种组成及丰度越相似。由图3可以看出YMRD、XYFS聚为一类,且枝长最短,说明YMRD、XYFS两个样地土壤细菌的组成种类及丰度最相似;DCSAS、MDZSS聚为另一类,说明其在细菌的组成种类及丰度上相似度高;DCSAS、MDZSS聚成的类别与YMRD、XYFS、JXBM、XJQT聚成的类别通过最长的枝相连,说明外来物种与乡土树种在土壤微生物物种组成的相似情况存在较大差异。横向聚类可以看出不同细菌种类在6个样地间丰度相似情况,相似度高则分在同一支上,如硝化螺旋菌门和芽单胞菌门就在同一支上,说明硝化螺旋菌门和芽单胞菌门在桂西北不同植被样地土壤中丰度情况最相似。

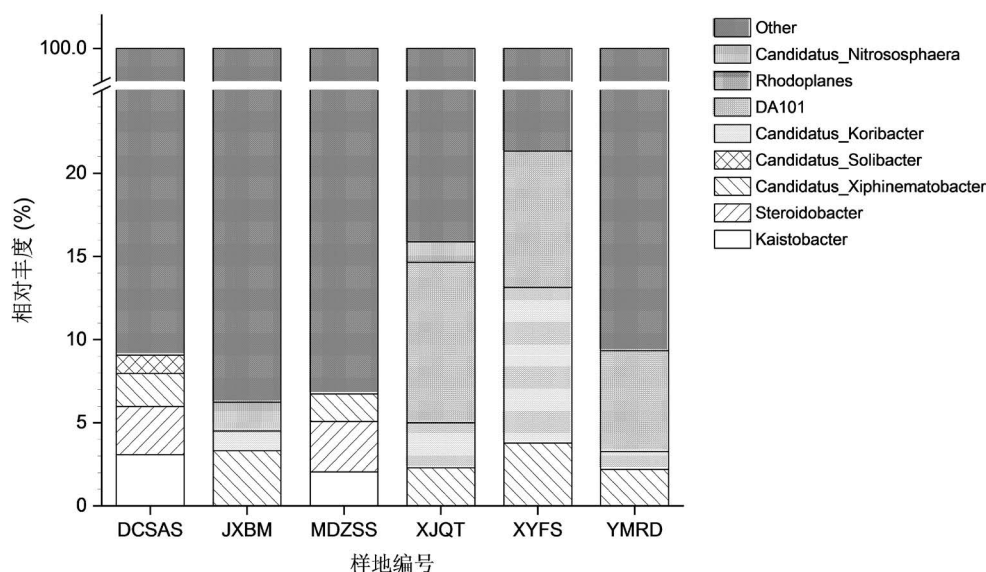


**Figure 3.** Species abundance heat map of soil bacterial communities in different places (phylum)

**图3.** 不同样地土壤细菌群落物种丰度热图(门)

### 3.3.2. 属水平

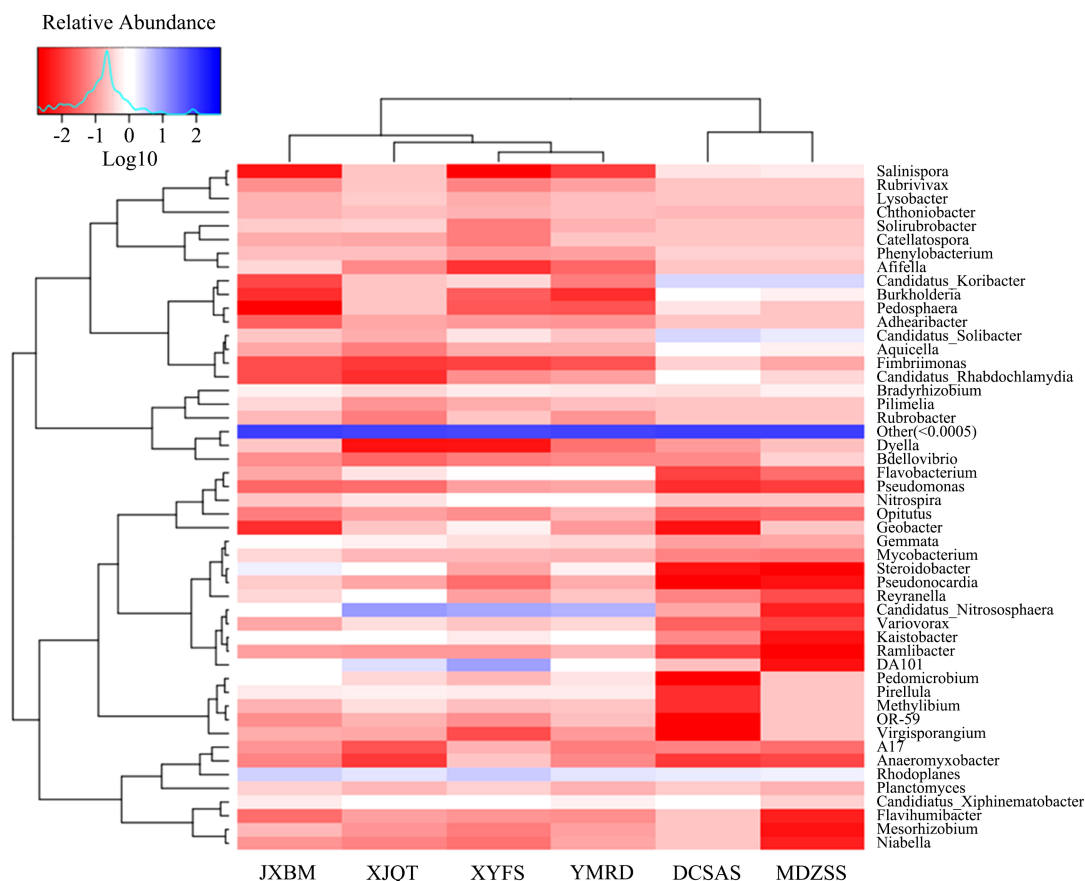
本研究的不同样地土壤细菌在属水平上物种丰度情况见图 4。由此可知,在属水平上,DCSAS、JXBM、MDZSS、XJQT、XYFS、YMRD 六个样地土壤细菌稀有属(相对丰度小于 1%的细菌菌群)相对丰度总和分别为 90.93%、93.77%、93.26%、84.13%、78.66%、90.66%,除 XJQT、XYFS 两个样地外,其余样地土壤细菌稀有属均达到 90%以上。在优势属(相对丰度大于等于 1%)中,Candidatus-Solibacter 在 DCSAS、MDZSS 两个样地相对丰度大小分别为 3.08%、2.05%,Candidatus-Koribacter 在 DCSAS、MDZSS 两个样地相对丰度大小分别为 2.90%、3.03%,而在 JXBM、XJQT、XYFS、YMRD 四个样地中 Candidatus-Solibacter、Candidatus-Koribacter 相对丰度低于 1%或检测不到;红游动菌属(*Rhodoplanes*)在各样地相对丰度大小为 DCSAS (1.98%)、JXBM (3.33%)、MDZSS (1.66%)、XJQT (2.29%)、XYFS (3.78%)、YMRD (2.20%); 氨氧化菌属(*Candidatus-Nitrososphaera*)在 XJQT、XYFS、YMRD 三个样地相对丰度分别为 9.66%、8.20%、6.08%,在 DCSAS、JXBM、MDZSS 三个样地相对丰度低于 1%或检测不到; DA101 在 JXBM、XJQT、XYFS、YMRD 在四个样地相对丰度分别为 1.18%、2.71%、9.36%、1.06%,在 DCSAS、MDZSS 三个样地相对丰度低于 1%或检测不到; 甾类菌属(*Steroidobacter*)在 JXBM、XJQT 相对丰度分别为 1.73%、1.21%,其余样地相对丰度低于 1%或检测不到;Candidatus-Xiphinematobacter 在 DCSAS 样地相对丰度大小 1.11%,其余样地相对丰度低于 1%或检测不到。其中,Candidatus-Solibacter 为 DCSAS 样地的优势属,红游动菌属为 JXBM 样地的优势属,Candidatus-Koribacter 为 MDZSS 样地的优势属,氨氧化菌属为 XJQT、YMRD 两个样地的优势属,A101 为 XYFS 样地的优势属。



**Figure 4.** Histogram of species abundance at genus level (species with species abundance less than 1% are merged into Others)

**图 4.** 属水平物种丰度柱状图(物种丰度低于 1%的物种合并成 Others)

本研究的桂西北岩溶地区不同植被样地土壤细菌属水平上聚类结果见图 5。由此可见,属水平上,不同乡土树种中 YMRD、XYFS 两个样地土壤细菌的组成种类及丰度最相似,JXBM 与其他乡土树种在土壤细菌的组成种类及丰度差异最大;DCSAS 和 MDZSS 两个样地在属水平上,连接的线段长于门水平上的聚类结果,也表明了 DCSAS 和 MDZSS 属水平差异大于门水平。此外,乡土树种与外来树种在属水平上,土壤细菌的组成种类及丰度相差也较大,表明外来树种可以影响当地土壤细菌的群落结构。



**Figure 5.** Species abundance heat map of soil bacterial communities in different vegetations (genus)  
**图 5.** 不同植被土壤细菌群落物种丰度热图(属)

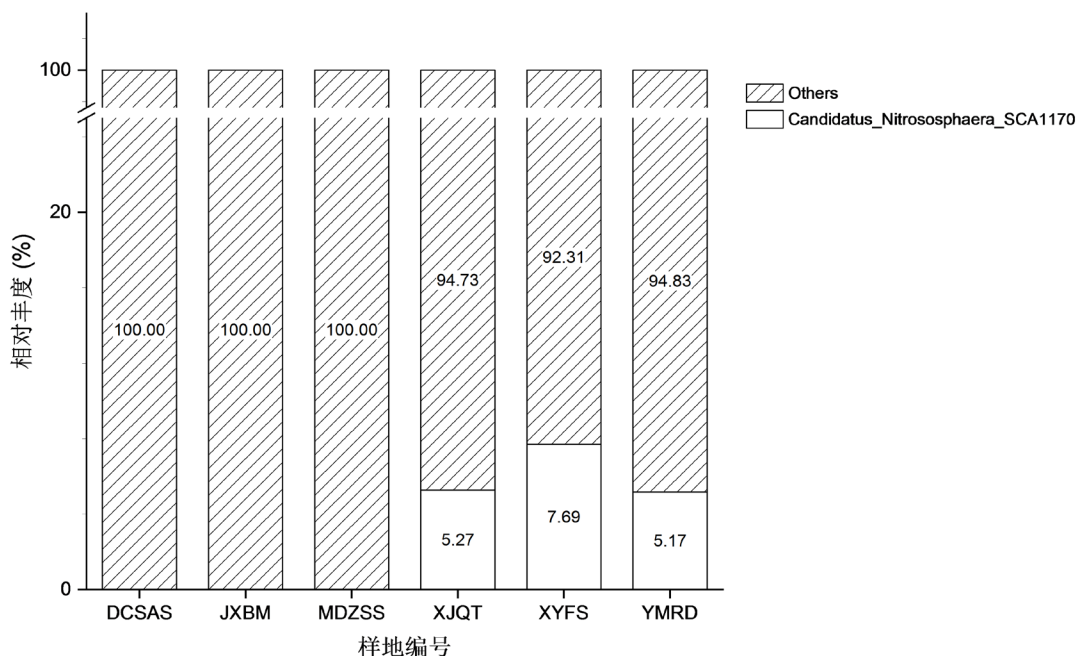
### 3.3.3. 种水平

不同植被样地土壤细菌在种水平物种丰度情况见图 6。由此可知,在种水平上,DCSAS、JXBM、MDZSS 三个样地稀有种(相对丰度小于 1%的细菌菌群,下同)相对丰度总和为 100.00%,无优势种(相对丰度大于 1%的细菌菌群,下同);XJQT、XYFS、YMRD 三个样地稀有种相对丰度总和分别为 94.73%、92.31%、94.83%,优势种均为氨氧化菌属-SCA1170 (Candidatus-Nitrososphaera-SCA1170)

### 3.4. 土壤细菌丰富度及多样性比较

不同植被样地土壤细菌的多样性指数见表 11。土壤细菌测序的深度通常用 coverage 指数衡量,coverage 数值越高,表示样品中 DNA 序列被检测出来的越高,该指数越接近 1,说明样品中的所有物种测序时已经基本覆盖。由表 11 可知,6 个样品的 coverage 指数均大于 0.97,最高达到了 0.993,说明本次测序深度几乎覆盖样品中的所有土壤细菌,能较好的反映样品中土壤细菌的真实情况。土壤细菌群落的丰富度通常用 chao 指数衡量, chao 指数越大,细菌丰富度也越大。不同样地土壤细菌丰富度 chao 指数由高到低排序为: YMRD > JXBM > XYFS > XJQT > DCSAS > MDZSS,外来树种土壤细菌丰富度均低于乡土树种。土壤细菌多样性通常用 shannon 指数衡量, shannon 指数越小,则多样性越小。在所研究的样地中,任豆样地的土壤细菌多样性最高,其丰富的土壤细菌,表明任豆能够给土壤微生物提供更多元化的营养,满足不同微生物生命活动中对养分的不同需求。不同植被样地土壤细菌多样性指数大小排序为: YMRD > JXBM > XYFS > XJQT > DCSAS > MDZSS。在土壤细菌多样性中,任豆样地土壤细菌多样

性最高, 湿地松样地土壤细菌多样性最低, 乡土树种土壤细菌多样性均高于外来树种。综上分析, 乡土树种的土壤细菌丰度、多样性均大于桉树、湿地松两个引种的外来树种, 说明乡土树种更有利于土壤细菌丰富度、多样性的提高。



**Figure 6.** Histogram of horizontal species abundance (species with species abundance less than 1% are merged into Others)

**图 6.** 种水平物种丰度柱状图(物种丰度低于 1% 的物种合并成 Others)

**Table 11.** Soil bacterial diversity of different vegetations (OTU level)

**表 11.** 不同植被土壤细菌多样性(OTU 水平)

样地编号	多样性指数		
	coverage	Chao	shannon
DCSAS	0.992	2237.90	5.91
JXBM	0.976	4819.16	6.81
MDZSS	0.993	1823.79	5.56
XJQT	0.981	3991.12	6.28
XYFS	0.975	4788.65	6.48
YMRD	0.974	5632.93	7.02

### 3.5. 土壤细菌功能预测

#### 3.5.1. 一级功能预测

将土壤细菌 16S 基因序列的种属信息导入数据库中, 与数据库中已知基因功能的基因序列进行对比, 从而获得该基因的功能预测结果。在本研究中, 桂西北岩溶地区不同植被样地获得的一级生物代谢通路功能基因预测结果见图 7。由图 7 可知, 本研究中不同植被样地土壤微生物(细菌)一级生物代谢通路功能

基因包括：稀有基因(丰度小于 5%合并为稀有基因，5.87%~6.38%)、环境信息处理(11.46%~13.03%)、遗传信息处理(16.00%~16.77%)、代谢(50.81%~51.58%)以及未知的功能基因(13.59%~14.20%)，每种功能基因在不同植被样地土壤中相对丰度基本一致，波动不大。生物运动需要能量，而能量的产生就在生物的新陈代谢中，因而微生物基因中约一半为代谢基因，才能保持正常的能量供应。

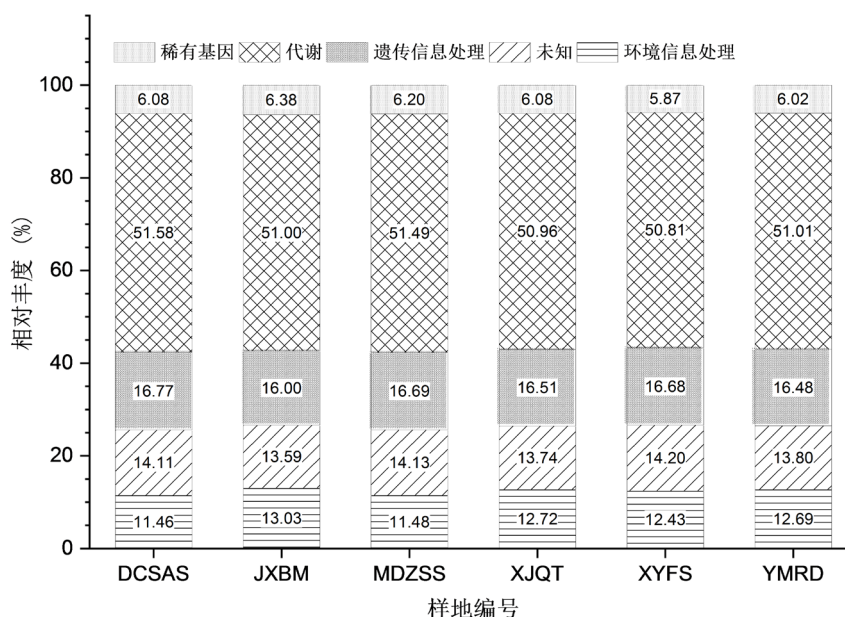


Figure 7. The function prediction results of the first-level functional layer of soil bacteria in different vegetations (abundance less than 5% merged into rare genes)

图 7. 不同植被土壤细菌一级功能层的功能预测结果(丰度小于 5%合并为稀有基因)

### 3.5.2. 二级功能预测

不同植被样地土壤细菌的二级功能预测结果见表 12。在土壤细菌二级功能中，共检测到细胞外结构、细胞骨架等 24 种基因功能，其中乡土树种与外来树种土壤细菌基因在编码细胞外结构、细胞骨架等多个功能上基因含量波动不大，但在编码防御机制、碳水化合物运输和代谢、细胞壁/膜/包络生物发生三种基因含量差异较大(该基因在乡土树种平均含量与外来树种平均含量大于 0.5%)。

## 3.6. 土壤养分与土壤微生物的相关性

### 3.6.1. 理化性质与土壤细菌多样性

桂西北岩溶地区不同环境因子(土壤养分)与土壤细菌丰度前十的种类(门) Spearman 相关性分析结果见表 13。由此可知，放线菌门与土壤 pH、含水量等 6 种环境因子相关性较大，而变形菌门、硝化螺旋菌门及芽单胞菌门与一种或两种环境因子相关性较大；疣微菌门、泉古菌门等 4 种门类与环境因子均无显著相关性。在 9 种不同环境因子中，土壤 pH 与浮霉菌门、硝化螺旋菌门等 5 种细菌显著相关，速效钾、全氮等 6 种环境因子与一至两门细菌种类相关，而全钾与速效磷与土壤细菌无显著相关性。

### 3.6.2. 土壤肥力与微生物种类的相关性

不同土壤肥力样地的细菌种类相对丰度大小(相对丰度前十的门类)分析结果见表 14。由此可知，桉树等低肥力样地土壤在放线菌门、芽单胞菌门两个门类的相对丰度显著低于柏木等高肥力土壤，而在拟杆菌门、酸杆菌门等门类上无显著差异。

**Table 12.** The function prediction results of the secondary functional layer of soil bacteria in different vegetations  
**表 12.** 不同植被土壤细菌二级功能层的功能预测结果

基因功能	样地编号					
	DCSAS (%)	JXBM (%)	MDZSS (%)	XJQT (%)	XYFS (%)	YMRD (%)
细胞外结构	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
细胞骨架	0.02	0.03	0.03	0.03	0.04	0.04
处理和修饰	0.02	0.05	0.02	0.05	0.04	0.05
染色质结构和动力学	0.05	0.06	0.05	0.07	0.07	0.07
细胞周期控制, 细胞分裂, 染色体分割	0.72	0.88	0.73	0.91	0.86	0.90
核苷酸迁移和代谢	2.03	2.00	2.04	2.09	2.03	2.07
细胞运动	1.94	2.38	1.97	2.30	2.30	2.27
防御机制	2.56	1.92	2.50	1.85	2.00	1.91
次生代谢物的生物合成、运输和分解代谢	2.27	2.50	2.29	2.33	2.21	2.33
细胞内贩运、分泌和病毒迁移	3.03	3.05	3.03	2.94	3.05	2.97
脂质运输和代谢	3.42	3.84	3.47	3.70	3.49	3.63
翻译后修饰、蛋白质周转和伴侣分子	3.72	3.75	3.76	3.90	3.88	3.86
辅酶运输和代谢	3.94	4.39	3.96	4.47	4.30	4.40
无机物输送与代谢	4.01	4.41	4.06	4.45	4.40	4.45
翻译、核糖体结构与生物发生	4.84	4.77	4.92	5.26	5.05	5.09
复制、重组和修复	5.18	5.55	5.05	5.59	5.57	5.59
碳水化合物运输和代谢	6.73	5.65	6.61	5.45	5.75	5.71
能源生产和转换	6.29	6.49	6.37	6.80	6.42	6.60
细胞壁/膜/包络生物发生	7.08	6.40	7.10	6.29	6.58	6.41
信号转导机制	6.74	6.89	6.65	6.67	7.00	6.84
转录	7.53	7.29	7.41	7.07	7.13	7.09
氨基酸输送和代谢	7.56	7.72	7.67	7.70	7.40	7.61
功能未知	7.77	7.61	7.82	7.65	7.91	7.60
一般功能预测	12.55	12.39	12.49	12.43	12.54	12.51

**Table 13.** Correlation analysis between soil environmental factors and soil bacterial species (phylum)

**表 13.** 土壤环境因子与土壤细菌种类(门)的相关性分析

环境因子	Pro	Aci	Ver	Act	Cre	Pla	Bac	Chl	Nit	Gem
全钾	-0.268	-0.780	0.0506	0.207	-0.029	0.752	0.785	0.644	0.532	0.577
速效钾	0.481	-0.670	-0.383	0.892*	-0.197	0.544	0.448	-0.038	0.892*	0.768
土壤含水量	0.711	-0.659	-0.622	0.992**	-0.521	0.650	0.473	0.138	0.767	0.869*
有机质	0.831*	-0.582	-0.709	0.970**	-0.560	0.569	0.414	0.020	0.672	0.806
全磷	0.212	-0.702	-0.334	0.742	0.087	0.453	0.724	0.210	0.875*	0.697
速效磷	-0.210	-0.019	-0.193	0.154	0.611	-0.304	0.123	-0.200	0.399	-0.035
全氮	0.751	-0.556	-0.562	0.950**	-0.561	0.592	0.256	-0.053	0.706	0.786
速效氮	0.843*	-0.484	-0.720	0.944**	-0.567	0.495	0.265	-0.081	0.622	0.737
pH	0.525	-0.881*	-0.323	0.955**	-0.446	0.851*	0.688	0.302	0.903*	0.977**

注: 相关性在 0.01 级别(双尾)显著用\*\*标出, 在 0.05 级别(双尾)显著用\*标出。用土壤细菌英文前三个字母表示该门类, 具体细菌种类参见表 10, 如 Pro 表示变形菌门, 下同。

**Table 14.** Soil fertility and relative abundance of soil bacterial species (phylum level)  
**表 14.** 土壤肥力与土壤细菌种类相对丰度(门水平)

细菌种类(门水平)	土壤细菌相对丰度(%)	
	低肥力植被	高肥力植被
酸杆菌门	31.26 ± 10.85 <sup>a</sup>	19.87 ± 2.44 <sup>a</sup>
变形菌门	28.13 ± 3.25 <sup>a</sup>	33.88 ± 4.64 <sup>a</sup>
疣微菌门	9.88 ± 4.64 <sup>a</sup>	4.82 ± 1.40 <sup>a</sup>
泉古菌门	8.28 ± 0.83 <sup>a</sup>	5.53 ± 4.44 <sup>a</sup>
绿弯菌门	3.15 ± 1.77 <sup>a</sup>	4.03 ± 2.10 <sup>a</sup>
浮霉菌门	4.13 ± 2.33 <sup>a</sup>	6.45 ± 1.13 <sup>a</sup>
放线菌门	3.39 ± 1.12 <sup>b</sup>	10.75 ± 1.51 <sup>a</sup>
拟杆菌门	3.02 ± 1.51 <sup>a</sup>	4.94 ± 1.68 <sup>a</sup>
芽单胞菌门	1.04 ± 0.62 <sup>b</sup>	2.23 ± 0.21 <sup>a</sup>
硝化螺旋菌门	1.31 ± 2.23 <sup>a</sup>	4.71 ± 1.49 <sup>a</sup>

注：同一行不同小写字母表示差异显著(P < 0.05)。

### 3.6.3. 土壤肥力与土壤细菌的相关性

土壤细菌从土壤生态系统中获取营养物质，营养物质的多寡决定着土壤细菌的分布，土壤肥力与土壤细菌不同种类的 Spearman 相关性分析见表 15，由此可知，土壤肥力与疣微菌门呈显著负相关，与芽单胞菌门、放线菌门呈显著正相关，与绿弯菌门、泉古菌门等其他 7 个门类细菌无显著相关性。

**Table 15.** Correlation between soil fertility and soil bacterial species

**表 15.** 土壤肥力与土壤细菌种类的相关性

	Aci	Pro	Ver	Cre	Chl	Pla	Act	Bac	Gem	Nit
肥力水平	-0.488	0.488	-0.878 <sup>*</sup>	-0.293	0.098	0.683	0.878 <sup>*</sup>	0.683	0.878 <sup>*</sup>	0.683

## 4. 讨论

### 4.1. 细菌种类差异

本研究通过高通量测序和土壤理化分析相结合，讨论了乡土树种与外来树种在桂西北岩溶地区土壤细菌群落结构组成与土壤养分的差异，在门水平上，变形菌门和酸杆菌门在不同植被样地土壤细菌群落组成中占绝对优势。一些研究者发现，在种植香蕉[32]、玉米[33]、白桦[34]、茶树[35]等植物的土壤细菌丰度中，变形菌门都比较高，因此推测变形菌门在各种植物土壤细菌群落的组成中占优势，可能是由于其生长速度较快[36]，从而在竞争中处于优势。本研究的柏木、青檀等土壤有机质含量较高的样地中，土壤细菌中的变形菌门丰度也较高，这与李晓娜等[37]在荒滩植被恢复的研究结果一致；酸杆菌门属寡营养嗜酸细菌，能够降解复杂的木质素与纤维素[38]，其对 pH 有一定的耐受性，在偏酸性土壤中丰度较高[39]。本研究还发现，在桉树、湿地松这些酸性低肥力土壤样地中，酸杆菌门为优势菌，与前人研究结果一致。

在本研究中，变形菌门与酸杆菌门相对丰度比值中，DCSAS = 0.67、MDZSS = 0.87，土壤均为强酸性土壤，土壤肥力也较低；而在 JXBM = 1.77、XJQT = 1.55、YMRD = 1.80、XYFS = 1.41，土壤为中性或微酸性土壤，土壤肥力也较高，因而，可以通过变形菌门与酸杆菌门相对丰度比值，初步确定土壤肥



力(笔者拟定变形菌门与酸杆菌门相对丰度比值大于 1.5 为高肥力土壤,在 1 至 1.5 为中肥力土壤,低于 1 为底肥力土壤),但又因土壤微生物的生长受海拔、温度、气候、土壤类型以及人为活动等诸多因素影响,变形菌门与酸杆菌门相对丰度比值大小与土壤肥力关系有待进一步验证,同时其他非优势菌与土壤肥力的关系也有待进一步研究。

在属水平上,本研究的不同植被样地土壤存在着大量的稀有属细菌,丰富的细菌库增加了土地的潜在价值。*Candidatus-Solibacter*、*Candidatus-Koribacter*,在桉树、湿地松两个强酸性土壤样地相对丰度较大,对强酸性土壤表现出较强的耐性;红游动菌属在黑暗好氧条件下能很好生长,本研究涉及的样地植被郁闭度较高,可为其提供黑暗好氧的条件,故而在各种植被土壤中均有分布有红游动菌属;氨氧化菌属最适 pH 值为 7.0~8.5,能利用铵盐的氧化满足自身能量需求,是一种化能自养细菌,故而在青檀、枫香、任豆三个中性土壤样地相对丰度较高,在桉树、湿地松两个强酸性土壤样地相对丰度低于 1%或检测不到,但其在柏木样地相对丰度低于 1%或检测不到,其原因有待进一步研究。

左锐[40]在研究水质演化中发现放线菌门起主要作用,放线菌门与水质质量具有强相关性;张健飞[41]、陈雪花[42]等在土壤养分研究中发现,放线菌门与土壤养分也具有较大的相关性。在本研究中,放线菌门与土壤 pH、土壤含水量等 6 种不同环境因子相关性较大,与前人研究一致,鉴于放线菌门对土壤养分具有较大的相关性,因而可将放线菌门作为衡量土壤理化特性好坏的生物指标。

## 4.2. 土壤理化性质的差异

在土壤含水量方面,人工种植的湿地松及桉树,其土壤含水量显著低于乡土树种为优势种的样地,该研究结果与王学春的研究结果一致[43]。以外来树种为优势种的样地土壤含水量较低,是由于桉树、湿地松等速生树种对水分需求大,造成根系周围土壤水分含量低,同时土壤有机质具有涵养水源的能力[26],在桉树、湿地松样地土壤有机质含量低,因而土壤涵养的水分较少。另外,可能是由于大面积人工造林导致的森林覆盖增加,能显著促进陆面蒸散发,造成区域土壤水分下降[44]。

土壤养分影响植物、微生物的生长发育,决定着土壤生态系统的结构和功能[45]。根据综合比较分析,桂西北不同植被调查样地土壤肥力高低排序为:柏木 > 青檀 > 任豆 > 枫香 > 湿地松 > 桉树。由于本研究的样地大多为石山坡地,夏季丰沛的雨水冲刷,会造成部分土壤养分的流失[46],而本研究样品的采集正值多雨的夏季,同时也是植物生长的旺季,土壤养分消耗较多,所以,测得的土壤肥力指标可能会有所降低。

## 4.3. 土壤细菌丰富度与多样性的差异

在本研究中,乡土树种土壤细菌群落丰富度、多样性均高于外来树种,土壤细菌聚类结果也表明,两者的土壤细菌群落结构存在明显差异,其中,任豆样地土壤细菌丰富度及多样性为最高,湿地松样地最低,这可能与植物对环境的适应性有关。由于乡土树种在与土壤细菌长期的协同进化过程中,能更好地为其周边的土壤细菌提供多元化营养物质和适宜的微环境,从而使土壤中细菌群落随之增多,但外来树种因种植密度、树种单一及植物化感作用等多种因素的影响,不能为土壤细菌提供多元化营养物质和适宜的微环境,所以其根际土壤微生物群落结构及多样性与乡土树种有较大差异。任豆属于豆科植物,能与固氮细菌通过共生关系将氮固定,并且任豆属于落叶乔木,叶片凋落后能为土壤增加养分,因而任豆样地土壤丰富度及多样性均高于其他物种。在土壤有机质含量中,青檀、柏木、任豆土壤有机质含量较高,分解之后能为微生物的生长提供更多元化的营养物质,Xun [47]等研究发现,土壤中有有机物质的积累,可以改善土壤细菌群落结构,增加土壤微生物生物量,本文的研究结果与其研究结果一致。

外来树种在生长发育过程中,通过与土壤生态系统复杂的相互关系,影响其生长区域的土壤理化性

质及根际土壤微生物群落结构。研究发现,葱芥、地肤、苘麻等植物能够改变入侵地的土壤微生物群落结构,从而影响其他植物对养分的吸收,降低生物的多样性[48]。与本研究的结论,与该研究的结论相似。

#### 4.4. 土壤细菌功能预测的差异

由表 12 比较可知,在基因二级功能预测上,乡土树种与外来树种在编码防御机制、碳水化合物运输和代谢、细胞壁/膜/包络生物发生这三种基因含量差异较大。在编码这三种基因中,外来树种平均含量均高于乡土树种,编码防御机制、细胞壁/膜/包络生物发生这两种基因含量较高,可能是土壤细菌对外来树种导致的强酸性土壤的适应;DCSAS、MDZSS 编码碳水化合物运输和代谢基因含量较高,可能是 DCSAS、MDZSS 两个样地土壤肥力较低,微生物为了维持正常生命活动,提高了碳水化合物运输和代谢基因的表达,才能保证足够的能量。

#### 4.5. 桂西北岩溶地区植被恢复先锋树种的选择

从生态效益方面考虑,在桂西北地区岩溶地区植被恢复和石漠化治理中,应当把乡土树种作为生态恢复的先锋树种,本研究中,以柏木、青檀、任豆、枫香等乡土树种为优势种的样地,其土壤微生物多样性、pH 值、土壤含水量、有机质等土壤肥力指标均优于外来种桉树、湿地松的样地。任豆、青檀、柏木等乡土树种耐贫瘠,生长速度快,根系发达,穿透能力强,且相互形成根网,具有很好的固土保水能力,对岩溶地区的特殊生境具有很好的适应性[49] [50],可以涵养水源和有效减少山体滑坡、泥石流等自然灾害的发生。因此,在建设壮美广西,共圆复兴梦想的伟大征程中,乡土树种在岩溶地区生态环境保护中的重要作用应引起人们的重视。

### 5. 结论

根据以上实验结果及分析讨论,可以初步得到以下结论:1) 不同植被对土壤养分及土壤微生物群落结构的影响不同,乡土树种的土壤肥力和土壤微生物多样性均高于外来树种,不同植被样地土壤肥力的高低排序为:柏木 > 青檀 > 任豆 > 枫香 > 湿地松 > 桉树;土壤细菌多样性的大小排序为:任豆 > 柏木 > 枫香 > 青檀 > 桉树 > 湿地松。2) 外来树种样地的土壤理化性质较差,土壤微生物可能通过增加表达编码防御机制的基因,从而主动适应环境。3) 综合考虑不同树种对岩溶地区土壤养分和土壤微生物群落结构的影响,可以将任豆、柏木、青檀等乡土树种作为桂西北岩溶地区植被恢复和石漠化治理的优良先锋树种。

### 基金项目

广西自然科学基金(桂科自 0832273),桂西北岩溶地区石漠化综合防治实验室(校政发[2016] 91 号),河池学院硕士专业学位建设基金课题(2016HJA007),广西高校大学生创新创业计划训练项目(201910605084)。

### 参考文献

- [1] 袁道先. 岩溶石漠化问题的全球视野和我国的治理对策与经验[J]. 草业科学, 2008, 25(9): 19-25.
- [2] 岳坤前. 中国南方典型石漠化地区地下水流失防治技术初步研究与示范[D]: [硕士学位论文]. 贵阳: 贵州师范大学, 2016.
- [3] 国家林业和草原局. 中国岩溶地区石漠化状况公报(简版) [N]. 人民日报, 2018-12-14(12).
- [4] 江正洋. 广西河池市石漠化片区的治贫对策[J]. 经济研究参考, 2018(17): 43-46..
- [5] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望[J]. 生物多样性, 2007, 15(3): 306-311.

- [6] 袁仁文, 刘琳, 张蕊, 范淑英. 植物根际分泌物与土壤微生物互作关系的机制研究进展[J]. 中国农学通报, 2020, 36(2): 26-35.
- [7] 崔涵. 山东农田重金属健康风险及其与土壤微生物丰度相关性的研究[D]: [硕士学位论文]. 济南: 山东大学, 2018.
- [8] 涂佳. 泡桐人工林土壤质量评价与施肥对土壤微生物特征的影响[D]: [博士学位论文]. 长沙: 中南林业科技大学, 2018.
- [9] 董梅. 生物参数作为土壤健康评价指标体系研究[J]. 上海蔬菜, 2015(6): 4-6.
- [10] 刘伊, 陈蕾. 生态文明语境下广西石漠化问题探析[J]. 西安文理学院学报(社会科学版), 2009, 12(4): 61-63.
- [11] 孙全民, 吴慧玲, 吴曼菲. 广西石漠化环境影响因素及其生态治理研究[J]. 环境保护与循环经济, 2018, 38(10): 45-48+58.
- [12] 覃勇荣, 苏盛, 黄小梅, 白新高, 牟光福. 不同植被对石漠化地区土壤微生物数量的影响[J]. 河池学院学报, 2016, 36(5): 1-8.
- [13] 刘旭辉, 覃珊, 覃勇荣, 叶美凤, 潘振兴. 不同植被对石漠化地区土壤纤维素分解酶活性的影响[J]. 中国农学通报, 2010, 26(18): 335-340.
- [14] 刘旭辉, 覃勇荣, 周振旺, 张康, 潘振兴, 刘倩, 等. 不同植被对广西石漠化地区土壤有机质的影响[J]. 中国农学通报, 2009, 25(18): 394-398.
- [15] 高飞, 李昌伟, 于跃跃, 李宏明. 改进电位法测定土壤 pH 方法的探讨[J]. 中国农技推广, 2014, 30(7): 41-43.
- [16] 赵立红, 刘亚丽. 两种酸介质与国标方法测定土壤全磷的对比[J]. 光谱实验室, 2009, 26(2): 320-323.
- [17] 谢学俭, 陈晶中, 王正梅, 汤莉莉. 土壤速效氮速效磷指标测定方法研究[J]. 江苏农业科学, 2007(5): 235-237+251.
- [18] 张薇, 付昀, 李季芳, 孟霞, 杨君. 基于凯氏定氮法与杜马斯燃烧法测定土壤全氮的比较研究[J]. 中国农学通报, 2015, 31(35): 172-175.
- [19] 贺毅. 扩散法测定土壤中的水解性氮[J]. 华北自然资源, 2020(2): 95-97+100.
- [20] 王敏. 碱熔-火焰光度法测定土壤全钾应注意的问题[J]. 辽宁林业科技, 2016(6): 75-76.
- [21] 栾慧, 高一娜, 刘红, 王美玉, 郭淑杰, 程晓丽, 等. 土壤速效钾测定方法的影响因素[J]. 绿色科技, 2016(16): 159-160.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] Douglas, W.F., Bing, M., Pawel, G., Sengamalay, N., Ott, S., Brotman, R.M., et al. (2014) An Improved Dual-Indexing Approach for Multiplexed 16S rRNA Gene Sequencing on the Illumina MiSeq Platform. *Microbiome*, 2, Article No. 6. <https://doi.org/10.1186/2049-2618-2-6>
- [24] Magoc, T. and Salzberg, S. (2011) FLASH: Fast Length Adjustment of Short Reads to Improve Genome Assemblies. *Bioinformatics*, 27, 2957-2963. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr507>
- [25] Wang, Q., Garrity, G.M., Tiedje, J.M. and Cole, J.R. (2007) Naive Bayesian Classifier for Rapid Assignment of rRNA Sequences into the New Bacterial Taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology*, 73, 5261-5267. <https://doi.org/10.1128/AEM.00062-07>
- [26] 张勇, 庞学勇, 包维楷, 尤琛, 汤浩茹, 胡庭兴. 土壤有机质及其研究方法综述[J]. 世界科技研究与发展, 2005, 27(5): 72-78.
- [27] 张建兵, 蔡芸霜, 冯春梅, 盛凯, 李宛怡, 汪军能, 等. 广西滨海农田土壤养分特征及其与我国主要沿海区域土壤养分的比较[J]. 安徽农业科学, 2019, 47(9): 55-59.
- [28] 任丽娟, 赵连生, 陈雅坤, 王建平, 卜登攀. 基于主成分分析和聚类分析方法综合评价东北地区不同品种全株玉米青贮饲料的青贮品质[J]. 动物营养学报, 2020, 32(8): 3856-3868.
- [29] 宋艳红, 史正涛, 王连晓, 冯泽波. 纳板河流域不同植被类型下土壤肥力综合评价[J]. 上海农业学报, 2018, 34(4): 29-35.
- [30] 唐健, 覃祚玉, 王会利, 邓小军, 石媛媛, 农必昌. 广西杉木主产区连栽杉木林地土壤肥力综合评价[J]. 森林与环境学报, 2016, 36(1): 30-35.
- [31] 方海涛, 李文英. 基于因子分析的广东省城市综合经济实力评价[J]. 改革与开放, 2020(3): 6-8.
- [32] 邓大豪, 邓涛, 周游, 汪军, 杨腊英, 郭立佳, 等. 不同品种香蕉种植地土壤微生物多样性及其对土壤理化性质的响应[J]. 热带作物学报, 2019, 40(9): 1858-1864.

- [33] 李万星, 李丹, 靳鲲鹏, 李小霞, 曹晋军, 刘永忠. 晋东南旱作区玉米秸秆不同覆盖方式下土壤微生物多样性变化[J]. 北方农业学报, 2019, 47(4): 40-46.
- [34] 高秀宏, 李敏, 卢萍, 吕桂芬, 牛艳芳. 呼和浩特市大青山白桦根际土壤细菌群落结构研究[J]. 生态学报, 2019, 39(10): 3586-3596.
- [35] 杨广容, 马燕, 蒋宾, 马会杰, 谢瑾, 吕才有, 等. 基于 16S rDNA 测序对茶园土壤细菌群落多样性的研究[J]. 生态学报, 2019, 39(22): 8452-8461.
- [36] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 唐璐, 郭长虹. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, 36(3): 740-747.
- [37] 李晓娜, 王超, 张微微, 赵春桥, 史瑞双, 薛瑞彬, 等. 京郊荒滩地短期植被恢复对土壤理化性质及微生物群落结构的影响[J]. 水土保持学报, 2019, 33(5): 343-348+357.
- [38] Pankratov, T.A., Ivanova, A.O., Dedysh, S.N. and Liesack, W. (2011) Bacterial Populations and Environmental Factors Controlling Cellulose Degradation in an Acidic *Sphagnum* Peat. *Environmental Microbiology*, **13**, 1800-1814. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2011.02491.x>
- [39] 张小青. 荒漠植被土壤细菌群落结构与多样性研究[D]: [硕士学位论文]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2019.
- [40] 左锐, 李桥, 孟利, 杨洁, 翟远征, 王金生, 等. 地下水波动带中细菌群落结构与水质响应关系[J]. 中国环境科学, 2020, 40(4): 1687-1697.
- [41] 张健飞, 王淳, 徐雯雯, 黄选瑞, 张志东. 华北落叶松不同代际人工林土壤养分及细菌群落变化特征[J]. 北京林业大学学报, 2020, 42(3): 36-45.
- [42] 陈雪花, 杨静. 祁连山东部不同退化草地土壤细菌群落与环境因子的关系研究[J]. 西部林业科学, 2020, 49(1): 1-8+15.
- [43] 王学春, 王红妮, 陶诗顺. 川西南丘陵区人工桉树林土壤养分与水分变迁规律[J]. 东北林业大学学报, 2014, 42(9): 66-71.
- [44] 王克林, 岳跃民, 陈洪松, 吴协保, 肖峻, 祁向坤, 等. 喀斯特石漠化综合治理及其区域恢复效应[J]. 生态学报, 2019, 39(20): 7432-7440.
- [45] 谭长强, 彭玉华, 申文辉, 何琴飞, 郑威, 何峰. 广西都安地区 5 种森林类型土壤机械组成及其肥力比较[J]. 生态科学, 2017, 36(2): 119-125.
- [46] 杨兴, 庞鑫, 曹卓冰, 彭培好, 谢成晟, 李伟. 模拟降雨条件下工程边坡土壤磷素流失特征[J]. 水土保持通报, 2020, 40(1): 24-29+42.
- [47] Xun, W., Zhao, J., Xue, C., Zhang, G., Ran, W., Wang, B., *et al.* (2015) Significant Alteration of Soil Bacterial Communities and Organic Carbon Decomposition by Different Long-m Fertilization Management Conditions of Extremely Low-Roductivity Arable Soil in South China. *Environmental Microbiology*, **18**, 1907-1917. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13098>
- [48] 杜鄂巍, 王妍, 孙建茹, 闫静, 张凤娟. 不同植物对黄顶菊根际土壤微生物和土壤养分的影响[J]. 生物安全学报, 2019, 28(4):292-300.
- [49] 宋凤鸣, 刘建华, 刘登彪, 史正军, 王文明. 3 种丛枝菌根真菌对任豆生长和抗旱性的影响研究[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2018, 38(6):97-105.
- [50] 曾铮, 曾文明. 青檀群落特征及根系形态特征研究[J]. 湖南林业科技, 2018, 45(4): 49-53+60.