



研究报告

森林母土异地迁播后的土壤真菌和细菌变化

李振江^{1,2} 沈有信^{*1} 赵高卷^{1,2} 余泽芬³ 陈发军^{1,2} 肖桂英⁴

1 中国科学院西双版纳热带植物园 云南 西双版纳 666303

2 中国科学院大学 北京 100049

3 云南大学 云南 昆明 650091

4 建水县林业技术推广所 云南 红河 654399

摘要:【背景】森林土壤中携带了大量种子和微生物,已经被广泛用于各种退化生态系统的植被恢复。但是,关于土壤迁播到退化生态系统后的真菌和细菌群落变化研究较少。【目的】研究土壤迁播后真菌和细菌的组成和多样性,比对其与森林母土和受体土壤之间的物种组成与群落差异。【方法】通过 Illumina HiSeq 高通量测序,获取迁播 15 个月的土壤、森林母土及受体土壤中真菌和细菌特征值,比对其多样性和丰富度。【结果】3 类样地真菌优势菌门为担子菌门和子囊菌门,细菌优势菌门为酸杆菌门、变形菌门、放线菌门和绿弯菌门,土壤迁播后显著改变了真菌和细菌优势菌门的相对丰度。主成分分析表明 3 类样地真菌和细菌群落组成存在显著差异。聚类分析表明迁播土壤与受体土壤聚类距离更近,物种组成更相似,真菌和细菌优势属与受体土壤无显著差异。迁播土壤的真菌和细菌丰富度和多样性与森林母土差异显著($P < 0.05$)。【结论】森林土壤迁播 15 月后,其细菌和真菌物种组成逐步趋同于受体土壤。该结果为进一步研究石漠化微生物生态系统、改善和提升土壤迁播技术提供支撑。

关键词: 迁播土壤,受体土壤,森林母土,微生物多样性,石漠化,高通量测序

Changes of soil fungi and bacteria after forest mother soil transplantation

LI Zhen-Jiang^{1,2} SHEN You-Xin^{*1} ZHAO Gao-Juan^{1,2} YU Ze-Fen³ CHEN Fa-Jun^{1,2}
XIAO Gui-Ying⁴

1 Xishuangbanna Tropical Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Xishuangbanna, Yunnan 666303, China

2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

3 Yunnan University, Kunming, Yunnan 650091, China

4 Jianshui County Forestry Technology Promotion Institute, Honghe, Yunnan 654399, China

Abstract: [Background] Forest topsoil transplantation has been widely used in the restoration of degraded ecosystems because it carries a large number of seed banks and microbial communities. However, there are few studies had been carried out on the changes of fungi and bacteria communities after soil

Foundation item: National Key Research and Development Program of China (2016YFC0502504)

***Corresponding author:** E-mail: yxshen@xtbg.ac.cn

Received: 13-11-2019; **Accepted:** 04-03-2020; **Published online:** 19-03-2020

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFC0502504)

***通信作者:** E-mail: yxshen@xtbg.ac.cn

收稿日期: 2019-11-13; **接受日期:** 2020-03-04; **网络首发日期:** 2020-03-19

transplantation. **[Objective]** This study compared the composition and diversity of fungi and bacteria of transplanted soil to its mother soil and receptor soil. **[Methods]** Using Illumina HiSeq high-throughput sequencing technology, the characteristics of fungi and bacteria of mother soil, 15 months of transplanted soil and receptor soil were obtained, and their diversity and richness were compared. **[Results]** *Basidiomycota* and *Ascomycota* were the dominant fungi in the three soil types; *Acidobacteria*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* and *Chloroflexi* were the dominant bacteria, the relative abundance of dominant fungi and bacteria changed significantly after soil transplantation. PCA analysis showed that there were significant differences in community structure of fungi and bacteria among the three soil types. UPGMA analysis showed that the distance between the transplanted soil and the receptor soil was closer, the species composition of the transplanted soil was more similar to the receptor soil, and there was no significant difference between the dominant genera of fungi and bacteria in the transplanted soil and the receptor soil. After transplantation, the abundance and diversity of fungi and bacteria were significantly different from its mother soil. **[Conclusion]** The composition and diversity of bacteria and fungi of transplanted soil turned toward the receptor soil after 15 months. The findings provide a theoretical reference for further study of microbial ecosystem on rocky desertification environment, and provide a scientific base for the improvement of soil translocation technology.

Keywords: Transplanted soil, Receptor soil, Forest mother soil, Microbial diversity, Rocky desertification, High-throughput sequencing

土壤微生物对土壤的形成和发育、土壤肥力和物质循环、种子萌发、植物生存与生长均有积极作用^[1],对维持土壤生态系统的稳定具有重要意义^[2]。为了适应生存条件的变化,土壤微生物能改变代谢活性,敏感地响应土壤环境因子变化,常被视为土壤环境变化的指示因子^[3]。真菌和细菌是土壤微生物中的重要组成部分,与生态系统的健康密切相关^[4]。

中国南方岩溶区域的石漠化已经成为严重的生态问题。恢复石漠化区的退化植被是石漠化治理最重要的任务之一^[5]。迁播森林土壤,激发内部的土壤种子库来重新构建植物群落已成为生态恢复的一种新方式。澳大利亚的实践表明,采矿区简单的表土复垦(新矿区表土迁播到旧矿区)后构建的新植物群落与原植物群落的相似性不高^[6]。云南石林的研究则表明,迁播后的森林母土萌发的幼苗群落与母土和受体均有关,且受到环境因子的强烈影响^[7]。推测认为幼苗萌发阶段土壤微生物的作用未得到有效发挥^[8]。土壤微生物是种子萌发和植物生长不可或缺的条件^[9],Morpeth 等关于土壤微生物对月季幼苗萌发的研究表明,未灭菌的土壤幼苗萌发率显著高于灭菌的土壤幼苗萌发率^[10]。梁作盼

等^[11]的研究表明,土壤微生物对紫茎泽兰的生长有显著的正反馈效应且显著提高其竞争优势。

本研究通过 Illumina HiSeq 高通量测序技术比对迁播土壤、受体土壤和森林母土微生物群落组成及其多样性,解析土壤迁播于受体后的微生物群落组成和多样性变化,为研究石漠化生态系统和土壤迁播技术对石漠化生态系统恢复的作用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

研究地区位于云南省建水县东部面甸镇,地理位置为 N23°42', E102°57', 海拔 1 497±3 m。本区属典型的亚热带季风气候区,干湿季分明。年平均温度 18.5 °C,月平均最高温度 27.5 °C (7 月),月平均最低温度 11.6 °C (1 月),绝对最高气温 42 °C,绝对最低气温 6 °C,≥10 °C 的有效积温在 2 895 °C 左右。年平均降雨量 780.1 mm,无霜期 305 d,85% 以上的降雨集中分布在雨季(5-9 月)。年蒸发量(2 600 mm 左右)大于降雨量,具有干热河谷特征。

地带性次生林(森林母土)和石漠化迹地(受体土壤)是建水县面甸镇地区主要的两大植被类型。地带性次生林植被群落表现为:干扰相对较小,森

林植被未经过激烈破坏, 偶见大树, 物种丰富, 生物多样性较强。物种以灌乔木为主, 主要以铁橡栎 (*Quercus baronii*)、黄连木 (*Pistacia chinensis*)、假虎刺 (*Carissa spinarum*)、小石积 (*Osteomeles anthyllidifolia*)、短萼海桐 (*Pittosporum brevicalyx*)、栎叶琵琶 (*Eriobotrya prinoidea*)、白枪杆 (*Fraxinus malacophylla*)、肤盐木 (*Rhus chinensis*) 和滇合欢 (*Dalbergia kingiana*) 等为优势树种, 覆盖面积占 80% 左右。

石漠化迹地表现为地表和基岩裸露, 杂草丛生, 太阳辐射强, 大气降水常通过地表径流、岩溶裂隙、落水洞、洼地等快速直接渗入地下岩溶空间, 地表蓄水的能力差, 最终导致该地区瘠薄、干燥、裸露的生境面积不断扩大。植被以草本为主, 主要是扭黄茅 (*Heteropogon contortus*)、鬼针草 (*Bidens pilosa*)、节节麦 (*Aegilops squarrosa*)、地石榴 (*Ficus tikoua*) 和狼毒 (*Stellera chamaejasme*) 等, 层盖度达 90% 以上。两样地相距约 5 km, 中间未发现其他次生林, 地形和海拔相似, 碳酸盐基岩来源相同。

1.2 土壤迁播及样品采集

2017 年 5 月于受体土壤立地随机选择 10 个 5×5 m 样方, 为了防止原生草本及其土壤种子库对迁播土壤的影响, 移除受体土壤立地表层 10 cm 土壤。于森林样地内机械布设 1×1 m 样点, 采集表层 10 cm 土壤, 土壤采集比例为地面面积的 2%, 累计采土 160 m²。将采集的母土及时运输到受体地, 机械混匀, 称重后平均迁播于各受体样方内, 受体样地四周各留置 0.5 m 走道用于试验数据观察和检测, 各样方实际迁土面积为 4×4 m, 管护并监测植物幼苗萌发。2018 年 9 月, 在迁播样地一共记录到 40 个物种 (灌木 8 种, 乔木 6 种, 藤本 3 种和草本 23 种), 其中很多优势物种来自母体森林, 比如铁橡栎 (*Quercus baronii*)、白枪杆 (*Fraxinus malacophylla*)、滇合欢 (*Dalbergia kingiana*)、假虎刺 (*Carissa spinarum*)、白刺花 (*Sophora davidii*)、山莓 (*Rubus corchorifolius*)、铜钱树 (*Paliurus hemsleyanus*)

和小石积 (*Osteomeles anthyllidifolia*)。

2018 年 10 月, 分别对迁播土壤、受体土壤及森林母土进行土壤样品采集。母土森林和受体样地分别设置 3 个 5×5 m 的样方, 各样方内按“Z”字形路线选取 5 个采样点, 用 100 cm³ 环刀取表土, 混合后按四分法取不少于 1 kg 土样。对于迁播土壤采样, 在每个 5×5 m 样方内设置 3 个取样点, 用相同的方法进行采样。3 个样地的样品均分为两份: 一份带回实验室阴干过筛, 用于土壤理化性质测定; 一份干冰冷藏运送到生物公司检测土壤真菌和细菌多样性。

1.3 主要试剂和仪器

PowerSoil[®] DNA Isolation Kit, MOBIO 公司。电泳仪, 北京市六一生物技术有限公司; Illumina HiSeq 2500 测序仪, Illumina 公司; PCR 仪, Applied Biosystems 公司。

1.4 土壤养分测定

根据中华人民共和国林业行业标准进行测定: 电位法测定土壤悬液 pH (LY/T 1239-1999); 重铬酸钾氧化-外加热法测定土壤有机质 (soil organic matter, SOM) (LY/T 1237-1999); 碱解-扩散法测定土壤水解氮 (hydrolysable nitrogen, Hy.N) (LY/T 1228-2015); 凯氏定氮法测定土壤全氮 (total nitrogen, T.N) (LY/T 1228-2015); 酸溶法测定土壤全磷 (total phosphorus, T.P) (LY/T 1232-2015); 碳酸氢钠浸提法测定土壤有效磷 (available phosphorus, A.P) (LY/T 1232-2015); 酸溶法测定土壤全钾 (total potassium, T.K) (LY/T 1234-2015); 1 mol/L 乙酸铵浸提测定土壤速效钾 (available potassium, A.K) (LY/T 1234-2015); 1 mol/L 乙酸铵浸提测定土壤全钙 (total calcium, T.Ca) (LY/T 1234-2015)^[12-13]。

1.5 土壤微生物测定

1.5.1 土壤 DNA 的提取

采用 DNA 提取试剂盒提取土壤总 DNA。用 1.8% 琼脂糖凝胶电泳评价 DNA 质量, 然后将 DNA

保存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$, 用作后续反应。

1.5.2 土壤微生物 PCR 扩增

用通用引物对与衔接子序列和条形码序列组合扩增细菌 16S rRNA 基因 V3-V4 区域(正向引物 5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3'; 反向引物 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')和真菌 ITS1 区域(正向引物 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTA A-3'; 反向引物 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATG C-3')。两个目标区域 PCR 反应体系: $2\times\text{KOD FX Neo Buffer } 25\text{ }\mu\text{L}$, 正、反向引物($10\text{ }\mu\text{mol/L}$)各 $1.5\text{ }\mu\text{L}$, $\text{KOD FX Neo } (1\text{ U}/\mu\text{L})\ 1\text{ }\mu\text{L}$, $\text{dNTPs } (2\text{ mmol/L})\ 10\text{ }\mu\text{L}$, $\text{DNA } 5\text{ }\mu\text{L}$, ddH_2O 补足 $50\text{ }\mu\text{L}$ 。PCR 反应条件: $95\text{ }^{\circ}\text{C } 5\text{ min}$; $95\text{ }^{\circ}\text{C } 1\text{ min}$, $50\text{ }^{\circ}\text{C } 1\text{ min}$, $72\text{ }^{\circ}\text{C } 1\text{ min}$, 15 个循环; $72\text{ }^{\circ}\text{C } 7\text{ min}$ 。对目标区域 PCR 纯化后进行 Solexa PCR, 反应体系 ($40\text{ }\mu\text{L}$): 目的区域 PCR 纯化产物 $10\text{ }\mu\text{L}$, $\text{MPPI-a } (10\text{ }\mu\text{mol/L})\ 1\text{ }\mu\text{L}$, $\text{MPPI-b } (10\text{ }\mu\text{mol/L})\ 1\text{ }\mu\text{L}$, $2\times\text{Phusion HF MM } 20\text{ }\mu\text{L}$, $\text{ddH}_2\text{O } 8\text{ }\mu\text{L}$ 。PCR 反应条件: $98\text{ }^{\circ}\text{C } 30\text{ s}$; $98\text{ }^{\circ}\text{C } 10\text{ s}$, $65\text{ }^{\circ}\text{C } 30\text{ s}$, $72\text{ }^{\circ}\text{C } 30\text{ s}$, 10 个循环; $72\text{ }^{\circ}\text{C } 7\text{ min}$ 。反应结束后, 用 1.8% 的琼脂糖凝胶检验。参照电泳初步定量结果, 使用 Qubit 荧光定量系统对 PCR 产物进行检测定量, 之后按照每个样本的测序量要求, 根据精确定量结果进行相应比例的混合。使用 Illumina HiSeq 2500 平台($2\times 250\text{ paired ends}$)对纯化的合并样品进行高通量测序分析。

1.6 数据分析

使用 QIIME (V1.8.0)软件中的 UCLUST 对 Tags 在 97% 的相似度水平下进行聚类, 获得 OTU, 并基于 SILVA (细菌)和 UNITE (真菌)分类学数据库对 OTU 进行分类学注释。利用 QIIME 软件生成不同分类水平上的物种丰度表, 再利用 R 语言工具绘制成样品各分类学水平下的群落结构图。使用 Mothur (V1.30)软件, 对样品 α 多样性指数进行评估。将样品所含序列数进行标准化后, 使用 QIIME 软件进行 β 多样性(Beta diversity)分析。采用 Microsoft Excel 2010 对土壤微生物、碳、氮、磷、

钾、钙和有机质数据进行初步处理, 转用 SPSS 软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 森林母土异地迁播后的土壤理化性质变化

森林母土异地迁播 15 个月后, 迁播土壤 pH 值与森林母体和受体土壤间无显著差异, 其值变动于 (6.69 ± 0.19) – (6.94 ± 0.11) 之间(表 1)。全碳、全氮、土壤有机质含量表现为迁播土壤>森林母体>受体土壤, 但迁播土壤的全碳、全氮、土壤有机质含量与受体土壤有显著差异($P<0.05$), 而与森林母土间差异不显著。全磷、有效磷、全钾含量表现为森林母土>迁播土壤>受体土壤, 森林母土与受体土壤间的全磷、有效磷、全钾含量差异显著($P<0.05$), 两者和迁播土壤间差异不显著。速效钾含量表现为森林母土>受体土壤>迁播土壤, 迁播土壤的速效钾含量和森林母土间差异显著, 两者和受体土壤间差异不显著($P<0.05$)。水解氮和全钙含量三者间无显著差异。

2.2 森林母土、迁播土壤和受体土壤微生物群落

Illumina HiSeq 高通量测序并优化后共获得 675 401 条真菌有效序列, 总碱基数为 2 277 bp, 平均长度为 253 bp, 共产生 1 289 个 OTU, 其中迁播区 1 071 个 OTU, 受体 1 102 个 OTU, 母体 663 个 OTU; 细菌有效序列 567 197 条, 总碱基数

表 1 不同处理土壤理化性质

Table 1 Physicochemical properties of soil under different treatments

项目 Items	迁播土壤(T) Transplanted soil	受体土壤(R) Receptor soil	森林母土(M) Forest mother soil
pH	6.69±0.19a	6.94±0.11a	6.77±0.06a
T.C (g/kg)	65.45±0.40a	44.53±0.32b	51.31±0.60ab
T.N (g/kg)	5.26±0.05a	3.64±0.04b	4.12±0.02ab
Hy.N (mg/kg)	299.33±41.93a	248.33±4.63a	259.67±14.15a
SOM (g/kg)	120.04±2.57a	84.14±0.66b	89.55±1.72ab
T.P (g/kg)	1.03±0.02ab	0.65±0.02b	1.50±0.44a
A.P (mg/kg)	3.05±0.33ab	2.36±0.30b	3.83±0.14a
T.K (g/kg)	7.36±0.06ab	5.39±0.18b	12.33±0.46a
A.K (mg/kg)	184.67±1.53b	236.67±4.62ab	275.00±2.00a
T.Ca (g/kg)	10.04±0.56a	9.85±0.50a	7.10±0.21a

注: 同行数字后不同小写字母表示具有显著性差异($P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters after the same line of numbers indicate significant differences ($P<0.05$).

为 3 777 bp, 平均长度为 419.7 bp, 共产生 1 591 个 OTU, 其中迁播区 1 587 个 OTU, 受体 1 575 个 OTU, 母体 1 543 个 OTU。

样品稀释曲线显示, 随持续抽样的增加, 真菌和细菌 OTU 出现的速率均趋于平缓(图 1), 文库的覆盖率(coverage)已超过 99% (表 2), 说明在此环境下样品的 OTU 不会随测序数量的增加而显著增多, 本次测序深度可以反映土壤真菌、细菌的真实情况。

土壤真菌的优势门类为子囊菌门(*Ascomycota*, 35.84%)和担子菌门(*Basidiomycota*, 28.01%)。被孢霉门(*Mortierellomycota*, 2.99%)等其余类群的平均相对丰度较低(相对丰度 0.5%–5%) (图 2A)。土

壤细菌优势门类为酸杆菌门(*Acidobacteria*, 30.20%)、变形菌门(*Proteobacteria*, 30.34%)、放线菌门(*Actinobacteria*, 18.36%)、绿弯菌门(*Chloroflexi*, 5.87%), 它们的平均相对丰度大于 5%。相对丰度较低(相对丰度 0.5%–5%)的类群有芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*, 4.82%)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 2.79%)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*, 2.34%)、罗卡氏菌(*Rokubacteria*, 2.04%)、浮霉菌门(*Planctomycetes*, 0.51%) (图 2B)。

对门分类学水平下土壤中相对丰度大于 5% 的类群比较分析表明: 迁播土壤的子囊菌门(*Ascomycota*)相对丰度极显著地高于森林母体 ($P<0.01$), 迁播土壤担子菌门(*Basidiomycota*)相对

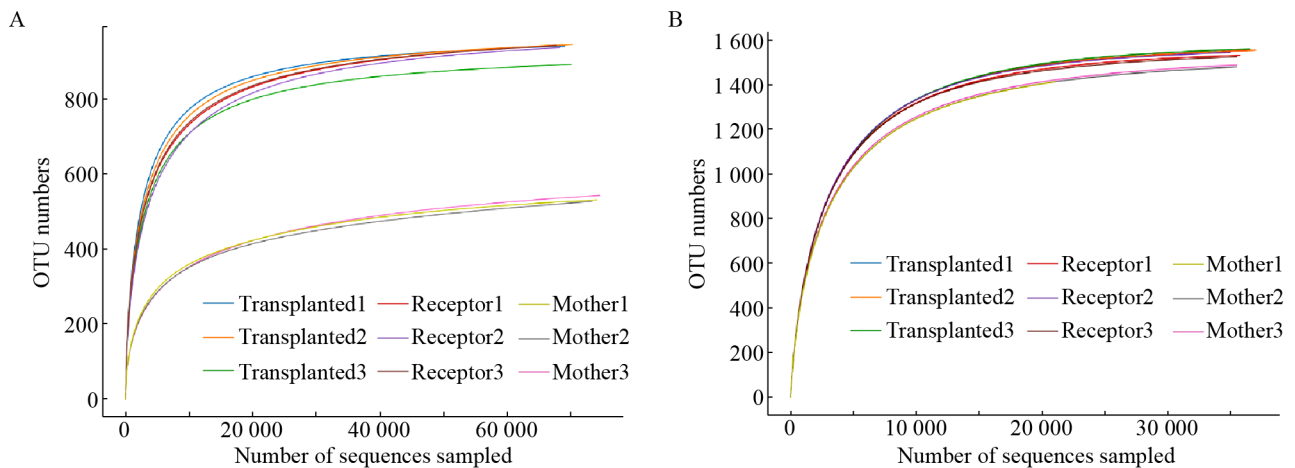


图 1 相似度 97%条件下不同处理土壤真菌(A)和细菌(B)的样品稀释曲线

Figure 1 Sample dilution curves of soil fungi (A) and bacteria (B) under similar conditions at 97%

表 2 不同处理土壤真菌和细菌丰富度指数与多样性指数

Table 2 Richness and diversity of fungi and bacteria under different treatments soil

项目 Items	真菌 Fungi			细菌 Bacteria		
	迁播土壤(T) Transplanted soil	受体土壤(R) Receptor soil	森林母土(M) Forest mother soil	迁播土壤(T) Transplanted soil	受体土壤(R) Receptor soil	森林母土(M) Forest mother soil
ACE	941.95±29.07a	964.94±1.78a	589.01±15.85b	1 573.37±2.00a	1 553.28±9.02a	1 508.08±16.62b
Chao1	948.91±29.80a	973.23±1.07a	611.7±54.49b	1 577.78±.76a	1 560.18±8.41b	1 522.29±11.34c
Simpson	0.014 3±0.01a	0.011 3±0.00a	0.036 9±0.00b	0.007±0.00a	0.006±0.00b	0.006±0.00b
Shannon	5.413 7±0.24a	5.399 6±0.10a	4.082 5±0.06b	6.334±0.01a	6.363±0.02a	6.286±0.03b
Coverage	0.999 4±0.00	0.999 1±0.00	0.998 9±0.00	0.998±0.00	0.998±0.00	0.996±0.00

注: 同列数字后不同小写字母表示具有显著性差异($P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters after the same line of numbers indicate significant differences ($P<0.05$).

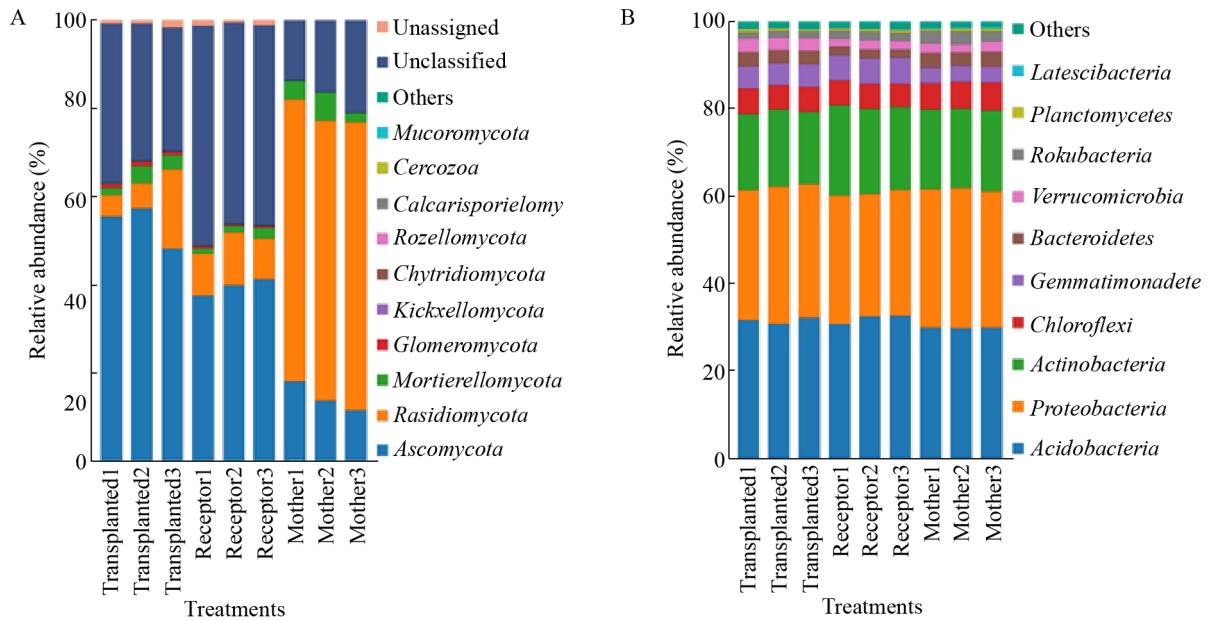


图 2 不同处理土壤真菌(A)和细菌(B)群落在门水平上的组成和相对丰度

Figure 2 Composition and relative abundance of fungi (A) and bacteria (B) communities at the phylum level under different treatments

丰度极显著地低于森林母体($P < 0.01$); 迁播土壤酸杆菌门(*Acidobacteria*)相对丰度显著高于森林母土($P < 0.05$), 迁播土壤变形菌门(*Proteobacteria*)相对丰度显著高于受体土壤($P < 0.05$), 迁播土壤放线菌门(*Actinobacteria*)相对丰度极显著地低于受体土壤($P < 0.01$), 迁播土壤绿弯菌门(*Chloroflexi*)相对丰度极显著地低于森林母土($P < 0.01$)。

2.3 迁播土壤微生物与森林母土和受体土壤的差异

对 3 类样地土壤真菌和细菌群落进行主成分分析(principal component analysis, PCA)发现, 土壤真菌(图 3A)第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)贡献率分别为 65.16%和 18.13%, 累计贡献率超过 80%, 3 类样地组间存在显著差异($R=1.00$, $P=0.003$), 3 类样地样点间有显著分离, 说明组间差异大于组内差异; 土壤细菌(图 3B)第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)贡献率分别为 49.45%和 34.83%, 累计贡献率超过 80%,

3 类样地组间存在显著差异($R=0.753$, $P=0.006$), 3 类样地样点间有显著分离, 说明组间差异大于组内差异。

UPGMA 聚类树显示, 迁播土壤真菌(图 4A)和细菌(图 4B)聚类距离与受体土壤更近, 真菌和细菌物种组成均与受体土壤更相似, 与森林母土差异更大。丰度排名前十的优势属柱状图显示, 真菌和细菌丰度排名前十的优势属与受体土壤无显著差异($P > 0.05$)。

2.4 森林表土异地迁播后的土壤微生物多样性变化

真菌和细菌丰富度用 ACE 和 Chao1 指数表示, 多样性程度用 Simpson 指数和 Shannon 指数表示。迁播土壤真菌丰富度和多样性指数与森林母土差异极显著($P < 0.01$), 与受体土壤无显著差异($P > 0.05$); 迁播土壤细菌丰富度和多样性指数与森林母土差异显著($P < 0.05$), ACE 和 Shannon 与受体土壤无显著差异($P > 0.05$) (表 2)。

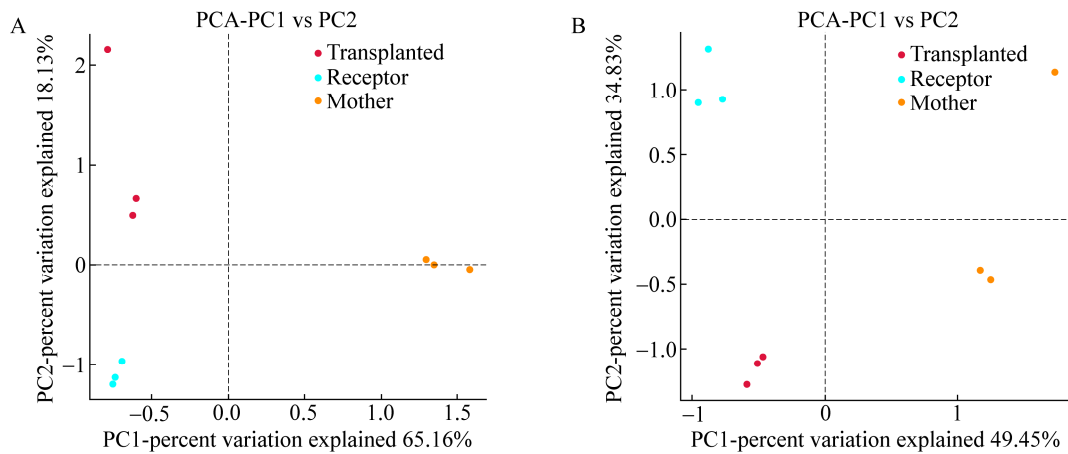


图 3 土壤真菌(A)和细菌(B) β 多样性的主成分分析

Figure 3 Principal component analysis (PCA) of β diversity of fungi (A) and bacteria (B)

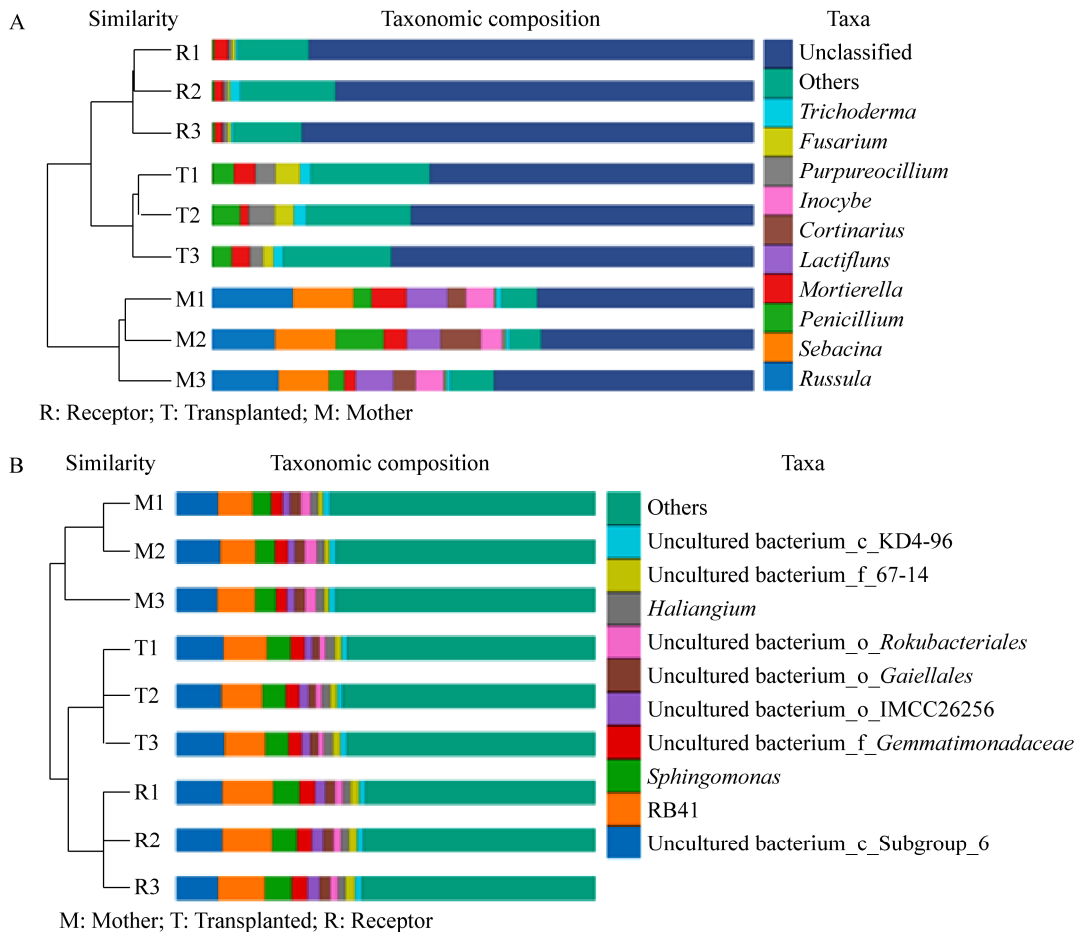


图 4 土壤真菌(A)和细菌(B)聚类树柱状图组合图

Figure 4 UPGMA combined with histogram chart of fungi (A) and bacteria (B)

注: 右侧图注代表物种丰度排名前十的物种, 其他归为 Others, 未注释到的类群归为 Unclassified.

Note: The right note represents the top 10 species by table species abundance, the others are classified as others, and the uncommented species are classified as unclassified.

3 讨论与结论

土壤微生物是陆地生态系统的重要组成部分^[14]。门分类学水平下绝大多数土壤中的优势真菌有子囊菌门、担子菌门、接合菌门、壶菌门和球囊菌门^[15-17]; 细菌有变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、浮霉菌门、厚壁菌门、疣微菌门和芽胞菌门^[18-22]。本研究中检测到子囊菌门和担子菌门、酸杆菌门、变形菌门、放线菌门和绿弯菌门, 与常见的土壤优势菌相同。但是, 土壤迁播后, 微生物群落的各门类的相对丰度发生变化, 如子囊菌门和酸杆菌门相对丰度增加(显著高于森林母土), 担子菌门相对丰度降低(显著低于森林母土), 这可能与迁播后的土壤环境改变有关。子囊菌门适宜生活在通气性较好的土壤环境中^[15], 在人为搬运和再植过程中, 土层变松软, 通透性增强, 为子囊菌门生长提供了有利条件。酸杆菌门的生长与土壤总氮成正相关性^[23], 而担子菌门生长与土壤氮呈负相关^[24], 因此, 担子菌门的相对丰度降低而酸杆菌门相对丰度增加。迁播土壤中变形菌门相对丰度仍显著高于受体土壤, 可能与迁播土壤中有较丰富的碳氮源有关。Fierer 假说认为, 当土壤中碳氮源输入增加时, 变形菌门等富营养型菌群丰度增加^[25]。土壤 pH 值越高放线菌门和绿弯菌门丰度越低^[26-27], 尽管土壤迁播后的 pH 值比受体略有增加(表 1), 但放线菌门和绿弯菌门相对丰度极显著低于受体土壤, 其机理尚待进一步研究。

植被恢复会促进微生物群落的改变^[28-29]。本研究中森林母土区植被以乔木为主, 受体土壤区植被以草本为主, 而迁播区则是迁播土壤中所携带的种子库萌发和生长 15 个月后的新植物群落。植物种子萌发、幼苗建立和新群落的构建过程中, 土壤微环境发生变化, 新群落构建与土壤真菌、细菌群落的变化过程相互促进、相互作用, 促使土壤真菌和细菌群落组成与多样性发生改变。当然, 植物群落的构建过程和结果及微生物的变化过程和结果也会影响土壤的理化性质^[30]。土壤微生物对所依存

的微环境极其敏感, 会对环境胁迫做出响应^[31]。森林土壤迁播到石漠化迹地(受体)后, 离开了原来的林冠保护, 置于石漠化迹地的强光和开阔生境下, 其光、温、水等环境因子发生剧烈变化, 大量的枯落物分解, 释放出碳和有机质, 增高了土壤的氮(表 1)。由此引发了真菌和细菌群落的组成和生物多样性的变化。生境土壤养分组成和含量高低影响土壤微生物^[32-33], 有机质升高会导致真菌和细菌多样性升高^[23]。本研究中迁播土壤有机质含量升高(表 1), 使真菌和细菌丰富度和多样性指数增高。主成分分析表明, 3 类样地土壤真菌和细菌群落组成存在显著差异。UPGMA 聚类树(图 4)和排名前十的优势属柱状图(图 4)显示, 石漠化样地经过为期 15 个月的森林表土迁播后, 迁播土壤真菌和细菌群落物种组成与受体更相似, 与受体土壤聚类距离更近, 而与森林母土的距离更远。迁播土壤的真菌和细菌丰富度指数和多样性指数与受体土壤无显著差异($P>0.05$)。表明土壤迁播之后受到石漠化迹地生态胁迫和植被的影响, 为适应新的生境, 其微生物群落的组成和结构向受体土壤微生物变化。

土壤微生物对土壤品质^[34]、植物种子的萌发和幼苗建立具有重要作用^[9]。石漠化生态恢复和治理是一项十分艰巨的工程, 土壤微生物群落在植物群落构建中发挥着重要作用。本研究仅选取了一个时间段(迁播 15 个月后), 无法评估森林表土迁播后的微生物群落变化过程, 难以对植物群落构建的影响进行全面评估, 但是可以为在生态恢复和治理过程中应用的土壤迁播技术提供一定的科学价值和理论依据。

REFERENCES

- [1] Zhu YG, Shen RF, He JZ, et al. China soil microbiome initiative: progress and perspective[J]. Bulletin of Chinese Academy of Sciences, 2017, 32(6): 554-565 (in Chinese)
朱永官, 沈仁芳, 贺纪正, 等. 中国土壤微生物组: 进展与展望[J]. 中国科学院院刊, 2017, 32(6): 554-565
- [2] He JZ, Li J, Zheng YM. Thoughts on the microbial diversity-stability relationship in soil ecosystems[J]. Biodiversity Science, 2013, 21(4): 411-420 (in Chinese)

- 贺纪正, 李晶, 郑袁明. 土壤生态系统微生物多样性-稳定性关系的思考[J]. 生物多样性, 2013, 21(4): 411-420
- [3] Zhang JD, Li SY, Sun XY, et al. Analysis of soil bacterial diversity in urban parks with different ages by high throughput sequencing[J]. Microbiology China, 2019, 46(1): 65-74 (in Chinese)
张骏达, 李素艳, 孙向阳, 等. 基于高通量测序技术的不同年代公园绿地土壤细菌多样性[J]. 微生物学通报, 2019, 46(1): 65-74
- [4] Wu XZ, Liu BR, Yan X, et al. Response of soil microbial biomass and microbial entropy to desertification in desert grassland[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(8): 2691-2698 (in Chinese)
吴秀芝, 刘秉儒, 阎欣, 等. 荒漠草地土壤微生物生物量和微生物熵对沙漠化的响应[J]. 应用生态学报, 2019, 30(8): 2691-2698
- [5] Huang FZ, Li DX, Wang B, et al. Niche characteristics of dominant populations of tropical karst seasonal rainforest implications for vegetation restoration in rock desertification region[J]. Guangxi Sciences, 2018, 25(5): 599-610 (in Chinese)
黄甫昭, 李冬兴, 王斌, 等. 喀斯特季节性雨林优势种群生态位特征及其对石漠化地区植被修复的启示[J]. 广西科学, 2018, 25(5): 599-610
- [6] Koch JM, Hobbs RJ. Synthesis: is Alcoa successfully restoring a jarrah forest ecosystem after bauxite mining in Western Australia?[J]. Restoration Ecology, 2007, 15(S4): S137-S144
- [7] Shen YX, Gao L, Xia X, et al. Successional distance between the source and recipient influence seed germination and seedling survival during surface soil replacement in SW China[J]. PLoS One, 2013, 8(11): e79125
- [8] Wubs ERJ, van der Putten WH, Bosch M, et al. Soil inoculation steers restoration of terrestrial ecosystems[J]. Nature Plants, 2016, 2(8): 16107
- [9] An J, Wu N, Zhang YM. Effects of sand sterilization on seed germination, seedling growth and rhizosphere formation of *Stipagrostis pennata*[J]. Journal of Desert Research, 2016, 36(2): 399-405 (in Chinese)
安晶, 吴楠, 张元明. 沙土灭菌对羽毛针禾(*Stipagrostis pennata*)种子萌发、幼苗生长及根鞘形成的影响[J]. 中国沙漠, 2016, 36(2): 399-405
- [10] Mopeth DR, Hall AM. Microbial enhancement of seed germination in *Rosa corymbifera* 'Laxa'[J]. Seed Science Research, 2000, 10(4): 489-494
- [11] Liang ZP, Li LQ, Wan FH, et al. Feedback of soil biota on *Ageratina adenophora* growth and competitiveness with native plant: a comparison of different sterilization methods[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2016, 24(9): 1223-1230 (in Chinese)
梁作盼, 李立青, 万方浩, 等. 土壤微生物对紫茎泽兰生长与竞争的反馈: 不同灭菌方法的比较[J]. 中国生态农业学报, 2016, 24(9): 1223-1230
- [12] State Forestry Administration. LY/T 1237-1999 Determination of organic matter in forest soil and calculation carbon-nitrogen ratio[S]. Beijing: Standards Press of China, 1999 (in Chinese)
国家林业局. LY/T 1237-1999 森林土壤有机质的测定及碳氮比的计算[S]. 北京: 中国标准出版社, 1999
- [13] State Forestry Administration. LY/T 1228-2015 Nitrogen determination methods of forest soils[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016 (in Chinese)
国家林业局. LY/T 1228-2015 森林土壤氮的测定[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016
- [14] Xu F, Cai TJ, Yang X, et al. Effect of cultivation and natural restoration on soil bacterial community diversity in marshland in the Sanjiang Plain[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(22): 7412-7421 (in Chinese)
徐飞, 蔡体久, 杨雪, 等. 三江平原沼泽湿地垦殖及自然恢复对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 生态学报, 2016, 36(22): 7412-7421
- [15] Lu M, Tian K, Sun XY, et al. Variation of soil fungal community characteristics of typical wetland in Napahai between dry wet seasons under different waterlogging conditions[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2018, 54(2): 98-109 (in Chinese)
陆梅, 田昆, 孙向阳, 等. 纳帕海典型湿地土壤真菌群落特征的积水条件和干湿季节变化[J]. 林业科学, 2018, 54(2): 98-109
- [16] Chen XB, Zhu DQ, Zhao CC, et al. Community composition and diversity of fungi in soils under different types of *Pinus koraiensis* forests[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(5): 1221-1234 (in Chinese)
陈秀波, 朱德全, 赵晨晨, 等. 不同林型红松林土壤真菌群落组成和多样性[J]. 土壤学报, 2019, 56(5): 1221-1234
- [17] Tang DL, Tu XL, Fu C, et al. Illumina MiSeq sequencing-based fungal community of rhizosphere soils along root of ramie[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2018, 31(10): 2160-2164 (in Chinese)
汤涤洛, 涂修亮, 付聪, 等. 基于高通量测序的苧麻根际土壤真菌群落结构[J]. 西南农业学报, 2018, 31(10): 2160-2164
- [18] Wang YY, Guo DF. The application of 454 high-throughput sequencing technology into analysing the diversity of soil fungi in the field planting *Tamarix chinensis* and *Angiospermae*[J]. Biotechnology Bulletin, 2016, 32(7): 48-53 (in Chinese)
王艳云, 郭笃发. 应用高通量测序技术研究怪柳、獐茅土壤真菌多样性[J]. 生物技术通报, 2016, 32(7): 48-53

- [19] Philippot L, Andersson SGE, Battin TJ, et al. The ecological coherence of high bacterial taxonomic ranks[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2010, 8(7): 523-529
- [20] Janssen PH. Identifying the dominant soil bacterial taxa in libraries of 16S rRNA and 16S rRNA genes[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(3): 1719-1728
- [21] Yang XC, Han ZZ, Ruan XY, et al. Composting swine carcasses with nitrogen transformation microbial strains: Succession of microbial community and nitrogen functional genes[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 688: 555-566
- [22] Ellis RJ, Morgan P, Weightman AJ, et al. Cultivation-dependent and independent approaches for determining bacterial diversity in heavy-metal-contaminated soil[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(6): 3223-3230
- [23] Wei ZW, Li YY, Jiang W, et al. Diversity of acidobacteria in rhizosphere soils of common trees in Wuxi[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2018, 37(9): 2649-2656 (in Chinese)
魏志文, 李韵雅, 江威, 等. 无锡地区常见树木根际土壤酸杆菌多样性[J]. *生态学杂志*, 2018, 37(9): 2649-2656
- [24] Wang XZ, Liu SZ, Ma YD, et al. PCR-DGGE analysis of effect of grazing on bacteria and fungal community in rhizosphere soil of *Artemisia frigida*[J]. *Journal of Inner Mongolia Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2017, 38(6): 38-47 (in Chinese)
王鑫朝, 刘守赞, 马元丹, 等. 放牧对冷蒿根际土壤细菌和真菌多样性影响的 PCR-DGGE 分析[J]. *内蒙古农业大学学报: 自然科学版*, 2017, 38(6): 38-47
- [25] Fierer N, Bradford MA, Jackson RB. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354-1364
- [26] Zeng QC, Dong YH, An SS. Bacterial community responses to soils along a latitudinal and vegetation gradient on the Loess Plateau, China[J]. *PLoS One*, 2016, 11(4): e0152894
- [27] Qiao SS, Zhou YN, Liu JX, et al. Characteristics of soil bacterial community structure in coniferous forests of Guandi mountains, Shanxi Province[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2017, 53(2): 89-99 (in Chinese)
乔沙沙, 周永娜, 刘晋仙, 等. 关帝山针叶林土壤细菌群落结构特征[J]. *林业科学*, 2017, 53(2): 89-99
- [28] Bai L, Fan XD, Wang JY, et al. Responses of microbial communities to plant communities during secondary succession of grassland in Loess Plateau[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2018, 27(10): 1801-1808 (in Chinese)
- 白丽, 范席德, 王洁莹, 等. 黄土高原草地次生演替过程中微生物群落对植物群落的响应[J]. *生态环境学报*, 2018, 27(10): 1801-1808
- [29] Li XN, Wang C, Zhang WW, et al. Effects of short-term vegetation restoration on soil physicochemical characteristics and microbial community structures in the wasteland of Beijing suburb[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2019, 33(5): 343-348, 357 (in Chinese)
李晓娜, 王超, 张微微, 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
- [30] Wang SH, Zhu YJ, Wang YF, et al. Effect of vegetation types on soil physicochemical property in East Island and Yongxing Island of Xisha Islands[J]. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 2019, 27(4): 383-390 (in Chinese)
王森浩, 朱怡静, 王玉芳, 等. 西沙群岛主要岛屿不同植被类型对土壤理化性质的影响[J]. *热带亚热带植物学报*, 2019, 27(4): 383-390
- [31] Long HF, Su WC, Xia C. Relationship between soil organic matter and number of microorganisms of different cropping patterns in desertification region[J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, 36(10): 57-62 (in Chinese)
龙海飞, 苏维词, 夏春. 石漠化地区土壤有机质与微生物数量关系研究[J]. *环境科学与技术*, 2013, 36(10): 57-62
- [32] Wang JY, Wang ML, Zhang FH. Soil microbial properties under typical halophytic vegetation communities in arid regions[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(8): 2363-2372 (in Chinese)
王静娅, 王明亮, 张凤华. 干旱区典型盐生植物群落下土壤微生物群落特征[J]. *生态学报*, 2016, 36(8): 2363-2372
- [33] Liang YM, Su YR, He XY, et al. Effects of lithology on the abundance and composition of soil nitrogen-fixing bacteria and arbuscular mycorrhizal fungal communities in karst shrub ecosystem[J]. *Environmental Science*, 2017, 38(3): 1253-1261 (in Chinese)
梁月明, 苏以荣, 何寻阳, 等. 岩性对喀斯特灌丛土壤固氮菌与丛枝菌根真菌群落结构及丰度的影响[J]. *环境科学*, 2017, 38(3): 1253-1261
- [34] Liu ZX, Hu RW, Liu H, et al. Effects of inoculating microorganisms in the rhizosphere soil of fluecured tobacco planting on soil physical properties[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2019, 50(3): 571-576 (in Chinese)
刘智炫, 胡瑞文, 刘卉, 等. 接种烤烟根际土壤微生物对土壤物理特性的影响[J]. *土壤通报*, 2019, 50(3): 571-576