

# 红壤侵蚀区不同地层背景马尾松林 土壤理化特性及细菌多样性

黄偲祺<sup>1</sup>, 喻君保<sup>1</sup>, 朱晨璐<sup>1</sup>, 杨帆<sup>1</sup>, 武欣怡<sup>1</sup>, 韩雪洁<sup>1</sup>, 侯晓龙<sup>1,2,3</sup>

(1.福建农林大学 林学院, 福建 福州 350002; 2.南方红壤区水土保持国家林业和

草原局重点实验室, 福建 福州 350002; 3.海峡两岸红壤区水土保持协同创新中心, 福建 福州 350002)

**摘要:** [目的] 揭示土壤理化特性与细菌丰度之间的内在关系, 为红壤侵蚀区马尾松林水土流失分区精准治理提供参考。[方法] 以福建省长汀县红壤侵蚀区马尾松林为研究对象, 选择侏罗系中统漳平组中段( $J_2Z^2$ )、侏罗系中统漳平组下段( $J_2Z^1$ )、侏罗纪燕山期早期侵入岩( $\gamma_5^{(3)c}$ )、第四系全新统( $Q_h$ ) 4 种地层背景, 分析测定不同地层背景马尾松林土壤理化特性和细菌群落组成及多样性。[结果] 不同地层背景马尾松林土壤理化指标整体表现为:  $J_2Z^1 > J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{(3)c}$ ; 土壤养分含量各地层背景各有丰缺,  $J_2Z^1$  地层背景土壤有机质含量大于其他地层,  $Q_h$  地层背景氮含量大于其他地层, 而  $\gamma_5^{(3)c}$  地层背景磷和钾含量较高; 4 种地层背景土壤细菌差异操作分类单元(OTU)数目表现为:  $Q_h > J_2Z^2 > J_2Z^1 > \gamma_5^{(3)c}$ , 分别占总 OTU 数目的 21.62%, 18.29%, 16.79%, 12.08%; 细菌群落多样性表现为:  $J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{(3)c} > J_2Z^1$ ;  $J_2Z^1$  地层和  $Q_h$  地层土壤细菌多样性与土壤含水率和土壤 pH 值正相关,  $J_2Z^2$  地层与土壤容重以及全磷含量正相关,  $\gamma_5^{(3)c}$  地层与土壤钾含量和速效氮含量正相关。[结论] 红壤侵蚀区不同地层背景马尾松林土壤理化特性存在一定差异, 在植被恢复过程中应考虑地层背景因素进行分区治理, 细菌对不同地层背景土壤性质具有一定指示作用。

**关键词:** 水土流失; 土壤理化性质; 地层; 岩性; 细菌多样性; 红壤

**文献标识码:** A

**文章编号:** 1000-288X(2022)05-0087-09

**中图分类号:** S154.3, S725.7

**文献参数:** 黄偲祺, 喻君保, 朱晨璐, 等. 红壤侵蚀区不同地层背景马尾松林土壤理化特性及细菌多样性[J]. 水土保持通报, 2022, 42(5): 87-95. DOI: 10.13961/j.cnki.stbctb.2022.05.012; Huang Siqui, Yu Junbao, Zhu Chenlu, et al. Soil physicochemical characteristics and bacterial diversity of *Pinus massoniana* plantations in different strata backgrounds in red soil erosion areas [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2022, 42(5): 87-95.

## Soil Physicochemical Characteristics and Bacterial Diversity of *Pinus Massoniana* Plantations in Different Strata Backgrounds in Red Soil Erosion Areas

Huang Siqui<sup>1</sup>, Yu Junbao<sup>1</sup>, Zhu Chenlu<sup>1</sup>, Yang Fan<sup>1</sup>, Wu Xinyi<sup>1</sup>, Han Xuejie<sup>1</sup>, Hou Xiaolong<sup>1,2,3</sup>

(1.College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China;

2.Key Laboratory of State Forestry and Grassland Administration for Soil and Water Conservation in

Red Soil Region of South China, Fuzhou, Fujian 350002, China; 3.Collaborative Innovation Center for Soil and Water Conservation in the Red Soil Region on Both Sides of the Taiwan Straits, Fuzhou, Fujian 350002, China)

**Abstract:** [Objective] The intrinsic relationship between soil physical and chemical properties and bacterial abundance was determined in order to provide a reference for precise control of soil erosion in a *Pinus massoniana* forest in red soil erosion areas. [Methods] The study was conducted in a *P. massoniana* forest in the red soil erosion area of Changting County, Fujian Province. Four stratigraphic backgrounds were analyzed to determine their soil physicochemical properties and bacterial community composition and diversity in a

收稿日期: 2022-02-05

修回日期: 2022-04-11

资助项目: 福建省科技厅对外合作项目“引进台湾坡地喷混植生技术治理福建崩岗壁的研究”(2019I0007); 国家自然科学基金项目(31901298); 福建农林大学科技创新专项基金项目(CXZX2020143C, 71202103D)

第一作者: 黄偲祺(1996—), 男(汉族), 四川省自贡市人, 硕士研究生, 研究方向为退化地生态修复。Email: huangsiqui0524@163.com。

通信作者: 侯晓龙(1981—), 男(汉族), 山西省永济市人, 博士, 副教授, 主要从事退化地生态修复研究。Email: xl.hou@fafu.edu.cn。

*P. massoniana* forest. Those stratigraphic backgrounds were the middle member of the Zhangping Formation of the Middle Jurassic ( $J_2Z^2$ ), the lower member of the Zhangping Formation of the Middle Jurassic ( $J_2Z^1$ ), the early Yanshanian intrusive rocks of the Jurassic ( $\gamma_5^{2(3)c}$ ), and the Quaternary Holocene ( $Q_h$ ). [Results] The overall performance of the soil physical and chemical properties in the *Pinus massoniana* forest with different stratigraphic backgrounds followed the order of  $J_2Z^1 > J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{2(3)c}$ . The soil nutrient content was abundant and deficient in each stratum background. The soil organic matter content of the  $J_2Z^1$  was higher than that of other strata, the background nitrogen content of  $Q_h$  was higher than that of other strata, and the background content of phosphorus and potassium was higher in  $\gamma_5^{2(3)c}$ . The number of soil bacterial operational taxonomic units (OTU) in the four strata backgrounds followed the order of  $Q_h > J_2Z^2 > J_2Z^1 > \gamma_5^{2(3)c}$ , and accounted for 21.62%, 18.29%, 16.79%, and 12.08%, respectively, of the total number of OTUs. The diversity of the bacterial community followed the order of  $J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{2(3)c} > J_2Z^1$ . Soil bacterial diversity was positively correlated with soil water content and soil pH value in  $J_2Z^1$  and  $Q_h$ . Bacterial diversity in  $J_2Z^2$  was positively correlated with soil bulk density and total phosphorus content. Bacterial diversity in  $\gamma_5^{2(3)c}$  was positively correlated with soil potassium content and available nitrogen content, and positively correlated with soil total nitrogen content. [Conclusion] There were certain differences in the soil physical and chemical properties of a *P. massoniana* forest with different stratigraphic backgrounds in the red soil erosion area. In the process of vegetation restoration, stratigraphic background factors should be considered for regional governance. Bacteria have certain indications for soil properties of different stratigraphic backgrounds.

**Keywords:** soil erosion; soil physicochemical properties; stratum; lithology; bacterial diversity; red soil

福建省长汀县是中国南方典型红壤水土流失区, 经过长期强度治理形成了大面积以马尾松(*Pinus massoniana*)纯林为主的初步治理区, 已治理区植被以马尾松和芒萁(*Dicranopteris pedata*)为主, 植被单一、群落简单, 生态仍较脆弱, 容易出现退化甚至恶化的问题。马尾松林水土流失精准治理和生态功能提升成为当前长汀亟需解决的重要课题<sup>[1]</sup>。长汀县红壤侵蚀初步治理区海拔、气候等环境因子变化不大, 长期的治理措施和干扰程度也均相似, 但是, 不同治理区植被恢复效果差异明显, 导致这种差异的原因可能与土壤特性密切相关。地层岩性是影响土壤的主要因素, 不同地层背景的岩性存在差异, 发育形成的土壤特性也各不相同<sup>[2]</sup>。地层岩性存在一定差异可能是造成长汀红壤侵蚀区植被组成和分布格局差异的重要原因之一<sup>[3-4]</sup>。

研究表明, 不同地层岩性土壤理化性质存在一定差异, 侏罗系地层背景土壤 pH 值低于寒武系和奥陶系, 但速效磷含量最高<sup>[5]</sup>; 粉砂岩区和砂砾岩区土壤土壤养分含量较高, 长石石英砂岩区和花岗岩区土壤养分含量偏低<sup>[2]</sup>。土壤细菌被认为是生态系统中重要的生物学指标, 对土壤理化特性极为敏感, 其多样性不仅能反映生态系统的复杂性, 还能较早地反映生态系统的变化<sup>[6-7]</sup>。不同地层岩性条件下土壤细菌丰度与多样性存在一定差异, 梁月明等<sup>[8]</sup>研究发现白云

岩发育形成的土壤中固氮菌和 AM 真菌丰度最低, 而石灰岩中最高, 并且土壤固氮菌丰度与速效磷、有机碳显著正相关, AM 真菌则与土壤全氮、黏粒含量显著正相关。刘映良等<sup>[9]</sup>研究发现: 玄武岩、石英砂岩、长石石英砂岩等 6 种岩性发育形成土壤化学性质和微生物数量存在显著差异, 且不同岩性条件下土壤微生物数量均细菌占优, 土壤微生物数量与一种或几种化学特性存在显著相关性。长汀县红壤侵蚀区岩性种类丰富, 难以简单区分岩性差异, 而地层作为成层的岩石总称, 可以有效区别有明显差异的岩层, 但是, 目前对长汀县红壤侵蚀区不同地层岩性背景土壤特性及细菌多样性还不清楚。

鉴于此, 以长汀县朱溪河和罗地河小流域为研究对象, 选择 2 个流域内侏罗系中统漳平组中段( $J_2Z^2$ )、侏罗系中统漳平组下段( $J_2Z^1$ )、侏罗纪燕山期早期侵入岩( $\gamma_5^{2(3)c}$ )、第四系全新统( $Q_h$ )这 4 种主要地层背景, 测定 4 种地层背景下马尾松林土壤理化特性和细菌群落组成, 比较不同地层背景土壤理化特性和土壤细菌多样性的差异, 揭示土壤理化特性与细菌丰度之间的内在关系, 以期红壤侵蚀区马尾松林水土流失分区精准治理提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验地朱溪河和罗地河小流域位于福建省长汀

县河田镇,地理坐标:东经 116°23′—116°30′,北纬 25°36′—25°41′。属于典型的红壤区,土壤层较薄或不发育,厚度一般小于 50 cm。治理过程中主要以飞播马尾松林和补植为主,不同区域采取的措施基本相同。经过 30 a 多的治理,地表植被覆盖有明显改善,现有植被以马尾松、芒萁为主。试验地主要包括

侏罗系漳平组下段( $J_2Z^1$ ),侏罗系漳平组中段( $J_2Z^2$ ),侏罗纪燕山期早期侵入岩[ $\gamma_5^{2(3)c}$ ]和第四系全新统( $Q_h$ )4 种地层背景,各地层背景岩性特征具体见表 1。每个地层背景选取坡度 10°左右、海拔 300 m 左右、坡向一致的 4 个样地,各样地地形因子情况具体见表 2。

表 1 长汀县不同地层背景岩性特征

地层代码	地 层	主要岩性	矿物组成
$J_2Z^2$	侏罗系中统漳平组中段	紫红色砂岩	长石为主
$\gamma_5^{2(3)c}$	侏罗纪燕山期早期侵入岩	钾长花岗岩	黑云母为主
$Q_h$	第四系全新统	砂砾卵石、黏土、砂、淤泥、泥炭夹贝壳	石英为主
$J_2Z^1$	侏罗系中统漳平组下段	杂色细砂岩、粉砂岩	长石为主

表 2 长汀县样地地形因子

地层代码	样地编号	坡度	海拔	坡向
$J_2Z^1$	1	6.93	296	阴坡
	2	8.30	289	阴坡
	3	6.38	313	阴坡
	4	13.49	336	阴坡
$J_2Z^2$	1	7.21	330	阴坡
	2	6.88	300	阴坡
	3	9.85	305	阴坡
	4	8.05	286	阴坡
$Q_h$	1	7.95	331	阴坡
	2	9.49	311	阴坡
	3	6.86	313	阴坡
	4	7.95	304	阴坡
$\gamma_5^{2(3)c}$	1	8.64	320	阴坡
	2	11.95	301	阴坡
	3	12.13	315	阴坡
	4	9.93	295	阴坡

1.2 试验设计与土壤样品采集

根据试验地地层情况,在朱溪河小流域、罗地河小流域选择 4 个主要地层背景区内各选择 4 个调查样地,总共选取了 16 个样地。于 2020 年 9 月在每个样地的上、中、下部挖土壤剖面,分别采集 0—20, 20—40 cm 土层土壤样品各约 1 kg,装入土壤采样袋中带回实验室,用于测定土壤化学性质,共计采集土样 96 个;在每个样地的上中下部用环刀分别采集 0—20 cm,20—40 cm 原状土,用于土壤容重和持水特性测定,共计采集土样 96 个;同时,在每个样地上、中、下部取 0—40 cm 土层土壤样品,混合后低温保存,用于 16 s rRNA 细菌测序,共采集 16 个土壤样品。

1.3 土壤理化特性测定方法

土壤容重、持水特性和孔隙性质采用环刀法测定<sup>[10]</sup>,采集原状土后先称鲜土重;浸水 24 h(沙壤土)使其达到水饱和后称重,用于计算最大持水量;然后,

置沙 2 h 后称重,用于计算毛管持水量;然后,置沙 48 h 后称重,用于计算最小持水量;最后,烘干至恒重。计算土壤容重、自然含水量、毛管孔隙和非毛管孔隙。

采用电位法水土比 2.5 : 1 测定土壤 pH 值;采用碳氮分析仪(德国 Elementar, Vario max)测定土壤全碳和全氮含量;采用 HF-HClO<sub>4</sub>-HNO<sub>3</sub> 消煮,电感耦合等离子体发射光谱仪(美国 PE-OPTIMA 8000)测定土壤全磷和全钾含量;采用氧化镁浸提—扩散法和酚二磺酸比色法流动分析仪(荷兰 Skalar San +)测定土壤速效氮含量;采用盐酸—硫酸浸提—钼锑抗比色法多功能酶标仪(美国 Spectramax M4)测定土壤有效磷含量;采用乙酸铵浸提原子吸收分光光度计(TAS-990)测定土壤速效钾含量<sup>[11]</sup>。

1.4 土壤细菌测定方法

采用 HiPure Soil DNA Kits 从土壤样品提取 DNA,通过琼脂糖凝胶电泳进行 DNA 质量检测,检验样本是否发生降解,是否污染。用带有 barcode 的特异引物对 16 S rDNA 的 V3-V4 区进行 PCR 扩增,引物序列为 341 F(CCTACGGGNGGCWGCAG)和 806 R (GGACTACHVGGGTATCTAAT)。PCR 扩增条件:第一轮扩增 94 ℃变性 2 min,再 98 ℃变性 10 s,然后 55 ℃退火 30 s,再 68 ℃延伸 30 s,30 个循环后 68℃延伸 5 min。第二轮扩增 94℃变性 2 min,再 98 ℃变性 10 s,然后 65 ℃退火 30 s,再 68 ℃延伸 30 s,重复 12 次。使用 AMPure XP Beads 对第二轮扩增产物进行纯化,用 ABI Step One Plus Real-Time-PCRSytem(LifeTechnologies,产地美国)进行定量,根据 Novaseq6000 的 PE250 模式 pooling 上机测序。

1.5 数据处理与分析

土壤理化特性数据和微生物多样性数据使用 SPSS 25.0 统计软件进行分析,采用单因素方差分析

(one-way ANOVA) 法分析。Raw reads 采用 FASTP 0.18.0 软件过滤后拼接得到 Effective tag。Effective tag 采用 Usearch 软件进行聚类分析。操作分类单元(OTU)采用 R 语言 VennDiagram 包进行 Venn 分析。Chao 1,ACE,Shannon,Pielou 等  $\alpha$  多样性指数和样本距离采用 QIIME 软件分析。细菌组间差异采用 R 语言 vegan 包进行 NMDS 和 ANOSIM 差异分析。细菌差异物种采用 LEfSe 软件进行分析。细菌多样性与土壤环境因子的相互关系采用 Canoco 5 软件进行冗余分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同地层背景土壤理化特性比较

2.1.1 土壤物理性质 不同地层背景马尾松林土壤物理性质见表 3。0—20 cm 土层,  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景土壤容重最大,  $J_2Z^1$  最小,  $J_2Z^2$  和  $Q_h$  居中;  $J_2Z^1$  地层

背景土壤最大持水量、田间持水量、毛管持水量和毛管孔隙均最大,  $J_2Z^2$  和  $Q_h$  其次,  $\gamma_5^{2(3)c}$  最小, 且  $J_2Z^1$  地层背景土壤这 3 个持水性指标均显著大于  $\gamma_5^{2(3)c}$  ( $p < 0.05$ ); 土壤非毛管孔隙表现为:  $\gamma_5^{2(3)c} > Q_h > J_2Z^2 > J_2Z^1$ , 其中  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景显著大于  $J_2Z^2$  和  $J_2Z^1$  ( $p < 0.05$ ); 20—40 cm 土层, 土壤容重  $J_2Z^2$  地层背景最大, 其次为  $Q_h$  和  $\gamma_5^{2(3)c}$ ,  $J_2Z^1$  最小;  $J_2Z^1$  地层背景土壤最大持水量、田间持水量、毛管持水量和毛管孔隙均最大, 且土壤田间持水量、毛管持水量显著大于其他地层背景 ( $p < 0.05$ )。毛管持水量和毛管孔隙均表现为:  $J_2Z^1 > J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{2(3)c}$ , 土壤最大持水量表现为:  $J_2Z^1 > Q_h > \gamma_5^{2(3)c} > J_2Z^2$ , 田间持水量则表现为  $J_2Z^1 > Q_h > J_2Z^2 > \gamma_5^{2(3)c}$ 。以上结果表明: 不同地层背景土壤物理特性存在一定差异,  $J_2Z^1$  地层背景土壤物理特性整体优于其他地层背景, 而  $\gamma_5^{2(3)c}$  相对较差,  $J_2Z^2$  和  $Q_h$  居中。

表 3 长汀县不同地层背景马尾松林土壤物理性质

地 层	土层/ cm	容重/ ( $\text{g} \cdot \text{cm}^{-3}$ )	自然含水量/ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	最大持水量/ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	毛管持水量/ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	田间持水量/ ( $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	非毛管 孔隙/%	毛管 孔隙/%
$Q_h$	0—20	1.28±0.03 <sup>a</sup>	135.59±10.63 <sup>ab</sup>	344.66±23.55 <sup>ab</sup>	265.60±8.43 <sup>a</sup>	237.03±14.36 <sup>ab</sup>	9.69±0.56 <sup>bc</sup>	33.92±3.05 <sup>a</sup>
	20—40	1.29±0.02 <sup>A</sup>	140.52±12.46 <sup>AB</sup>	361.95±18.67 <sup>AB</sup>	270.04±18.93 <sup>A</sup>	247.05±19.21 <sup>B</sup>	11.50±1.91 <sup>B</sup>	34.50±2.58 <sup>A</sup>
$J_2Z^1$	0—20	1.25±0.05 <sup>a</sup>	164.40±23.91 <sup>b</sup>	377.89±13.26 <sup>b</sup>	315.56±8.22 <sup>b</sup>	267.67±6.76 <sup>b</sup>	7.71±0.13 <sup>a</sup>	38.35±1.05 <sup>a</sup>
	20—40	1.28±0.06 <sup>A</sup>	160.83±2.69 <sup>B</sup>	376.24±17.81 <sup>B</sup>	322.30±17.87 <sup>B</sup>	284.45±16.59 <sup>C</sup>	9.43±1.01 <sup>AB</sup>	38.93±2.91 <sup>A</sup>
$J_2Z^2$	0—20	1.28±0.06 <sup>a</sup>	159.21±24.67 <sup>ab</sup>	359.37±14.47 <sup>ab</sup>	281.70±20.49 <sup>a</sup>	229.79±11.67 <sup>ab</sup>	8.34±0.34 <sup>ab</sup>	33.19±3.72 <sup>a</sup>
	20—40	1.34±0.02 <sup>A</sup>	157.68±18.39 <sup>AB</sup>	337.49±28.13 <sup>A</sup>	273.85±25.02 <sup>A</sup>	218.10±9.86 <sup>A</sup>	8.66±2.12 <sup>A</sup>	37.75±3.84 <sup>A</sup>
$\gamma_5^{2(3)c}$	0—20	1.33±0.12 <sup>a</sup>	130.95±13.58 <sup>a</sup>	333.31±31.01 <sup>a</sup>	255.28±22.65 <sup>a</sup>	200.87±43.34 <sup>a</sup>	10.29±1.33 <sup>c</sup>	33.61±4.78 <sup>a</sup>
	20—40	1.29±0.04 <sup>A</sup>	138.68±17.71 <sup>A</sup>	345.43±22.46 <sup>AB</sup>	262.23±17.72 <sup>A</sup>	210.90±16.97 <sup>A</sup>	10.38±1.26 <sup>AB</sup>	33.80±5.12 <sup>A</sup>

注:表中同一列数据后不同小写字母表示 0—20 cm 土层不同地层背景间差异显著( $p < 0.05$ ),不同大写字母表示 20—40 cm 土层不同地层背景间差异显著( $p < 0.05$ )。下同。

2.1.2 土壤化学特性 不同地层背景马尾松林土壤化学性质见表 4。0—20 cm 土层,  $Q_h$  地层背景土壤 pH 值、全氮和速效氮均最大,  $\gamma_5^{2(3)c}$  其次,  $J_2Z^1$  和  $J_2Z^2$  最低; 并且  $Q_h$  地层背景土壤全氮和速效氮显著高于其他 3 个地层背景 ( $p < 0.05$ );  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景土壤全磷和有效磷最高,  $J_2Z^2$  其次,  $Q_h$  和  $J_2Z^1$  较低, 其中  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景土壤全磷含量显著高于其他 3 个地层背景; 土壤全钾和速效钾表现为:  $\gamma_5^{2(3)c} > J_2Z^1 > J_2Z^2 > Q_h$ , 且  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景土壤全钾和速效钾含量显著高于其余 3 个地层背景;  $J_2Z^1$  地层土壤有机质最高,  $J_2Z^2$  其次,  $Q_h$  和  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层较低, 且  $J_2Z^1$  地层背景显著高于  $Q_h$  和  $\gamma_5^{2(3)c}$  ( $p < 0.05$ )。20—40 cm 土层, 土壤 pH 值表现为:  $\gamma_5^{2(3)c} > Q_h > J_2Z^1 > J_2Z^2$ , 但各个地层无显著差异 ( $p > 0.05$ ); 土壤全氮、全磷、全

钾、速效氮和有机质含量规律与 0—10 cm 土层规律一致; 土壤有效磷含量表现为:  $\gamma_5^{2(3)c} > J_2Z^2 > Q_h > J_2Z^1$ ; 土壤速效钾含量表现为:  $J_2Z^1 > J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{2(3)c}$ , 且  $J_2Z^1$  地层背景显著高于其他 3 个地层背景 ( $p < 0.05$ )。以上结果表明, 不同地层背景土壤养分含量同样存在一定差异, 各地层均有丰缺,  $J_2Z^1$  地层背景土壤有机质较高,  $Q_h$  地层背景土壤氮素含量较高,  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景土壤磷素和钾素含量较高。

### 2.2 不同地层背景土壤细菌 16 S rDNA 测序分析

不同地层背景马尾松林土壤细菌测序稀释和聚类特征见图 1。从图 1a 可看出, 4 种地层背景土壤细菌初期大量物种被检出, 后期低丰度的物种逐渐被检出。从图 1b 可看出, 4 种地层土壤细菌物种丰富度逐渐增大, 分布逐渐均匀。4 种地层背景马尾松林土壤



细菌覆盖度指数均在 99.6% 以上,表明测序数据量合理,且能够反应 4 种地层背景土壤细菌群落的真实情况。

不同地层背景马尾松林土壤细菌 OTU 数目见

图 2。4 种地层岩性土壤细菌差异 OTU 数表现为: $Q_h>J_2Z^2>J_2Z^1>\gamma_5^{2(3)c}$ , 分别是 485, 420, 327, 234 个, 分别占各自 OUT 总数的 21.62%, 18.29%, 16.79% 和 12.08%。

表 4 长汀县不同地层背景马尾松林土壤化学性质

地 层	土层/ cm	pH 值	全氮/ (g · kg <sup>-1</sup> )	全磷/ (mg · kg <sup>-1</sup> )	全钾/ (g · kg <sup>-1</sup> )	速效氮/ (mg · kg <sup>-1</sup> )	有效磷/ (mg · kg <sup>-1</sup> )	速效钾/ (mg · kg <sup>-1</sup> )	有机质/ (g · kg <sup>-1</sup> )
$Q_h$	0—20	4.84±0.24 <sup>a</sup>	0.494±0.006 <sup>b</sup>	51.73±6.41 <sup>a</sup>	3.65±0.60 <sup>c</sup>	46.94±6.47 <sup>a</sup>	8.13±0.42 <sup>a</sup>	39.63±4.22 <sup>c</sup>	5.345±0.250 <sup>a</sup>
	20—40	4.92±0.19 <sup>A</sup>	0.464±0.016 <sup>b</sup>	64.85±4.65 <sup>A</sup>	2.86±0.66 <sup>C</sup>	37.33±20.39 <sup>A</sup>	8.30±0.41 <sup>A</sup>	26.73±2.58 <sup>C</sup>	4.660±1.345 <sup>A</sup>
$J_2Z^1$	0—20	4.78±0.18 <sup>a</sup>	0.149±0.082 <sup>a</sup>	57.61±12.25 <sup>a</sup>	5.19±0.45 <sup>a</sup>	8.54±0.66 <sup>b</sup>	6.80±0.46 <sup>a</sup>	53.95±10.20 <sup>b</sup>	8.040±0.310 <sup>a</sup>
	20—40	4.75±0.21 <sup>A</sup>	0.150±0.081 <sup>A</sup>	75.6±3.46 <sup>A</sup>	4.84±0.24 <sup>A</sup>	8.03±1.12 <sup>B</sup>	4.21±0.51 <sup>A</sup>	36.13±3.77 <sup>B</sup>	7.290±0.330 <sup>B</sup>
$J_2Z^2$	0—20	4.63±0.24 <sup>a</sup>	0.211±0.061 <sup>a</sup>	65.41±11.26 <sup>a</sup>	4.44±0.60 <sup>a</sup>	10.50±3.45 <sup>b</sup>	11.65±1.04 <sup>a</sup>	41.48±6.73 <sup>c</sup>	7.825±0.230 <sup>6a</sup>
	20—40	4.69±0.22 <sup>A</sup>	0.168±0.078 <sup>A</sup>	103.75±9.16 <sup>B</sup>	4.73±0.88 <sup>A</sup>	8.90±0.39 <sup>B</sup>	8.14±7.91 <sup>A</sup>	33.54±10.53 <sup>C</sup>	7.170±0.380 <sup>B</sup>
$\gamma_5^{2(3)c}$	0—20	4.79±0.33 <sup>a</sup>	0.251±0.049 <sup>a</sup>	93.51±10.74 <sup>b</sup>	5.80±0.38 <sup>b</sup>	23.75±4.90 <sup>ab</sup>	20.16±4.17 <sup>a</sup>	65.19±10.58 <sup>a</sup>	5.110±0.380 <sup>b</sup>
	20—40	4.96±0.35 <sup>A</sup>	0.230±0.038 <sup>A</sup>	125.25±18.57 <sup>C</sup>	5.77±0.43 <sup>B</sup>	14.35±10.73 <sup>B</sup>	14.62±3.55 <sup>A</sup>	54.78±3.10 <sup>A</sup>	5.330±0.395 <sup>C</sup>

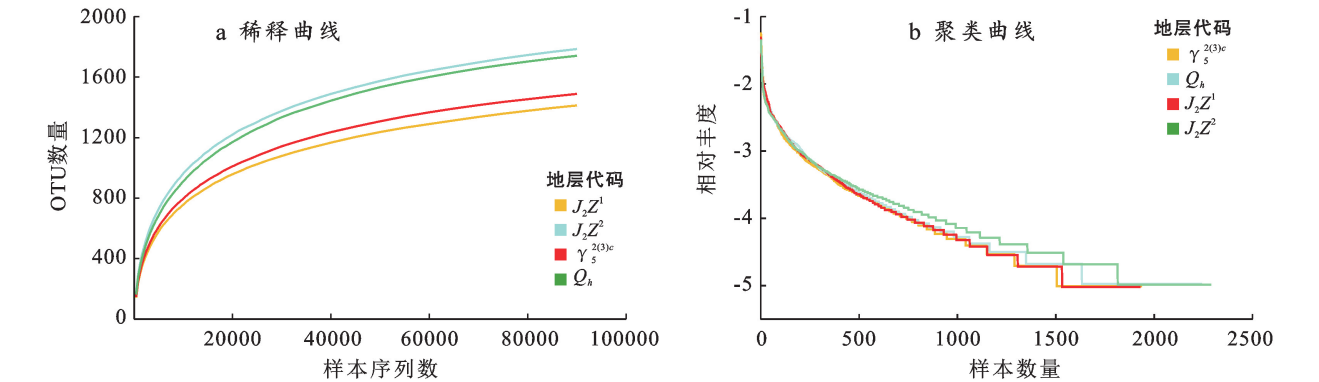


图 1 长汀县不同地层背景土壤细菌 16 S rDNA 分析稀释和聚类特征

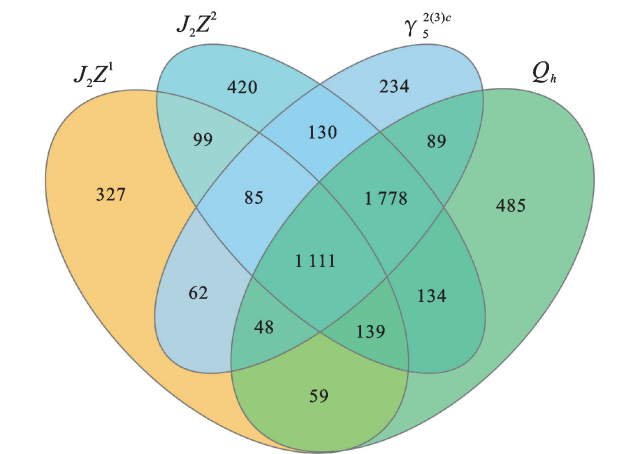
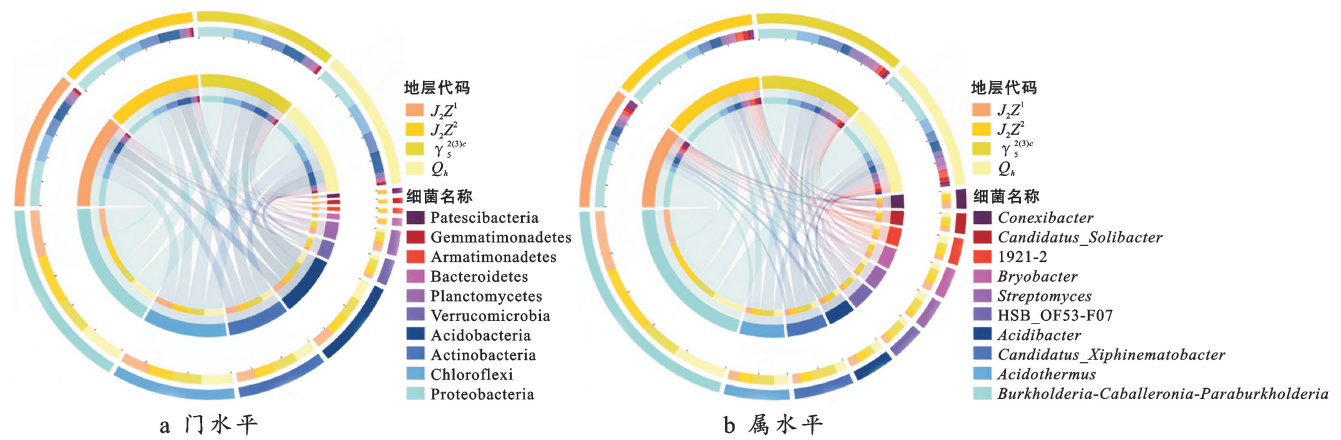


图 2 长汀县不同地层背景土壤细菌基于 OTU 的 Venn 图

2.3 不同地层背景土壤细菌群落组成及差异物种

2.3.1 不同地层背景土壤细菌群落组成 不同地层背景土壤细菌优势物种组成比例及其在样本中的分布见图 3。从图 3a 可看出,变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacte-

ria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)细菌在 4 种地层土壤细菌中均为优势物种,这 6 类细菌门相对丰度占 91.3% 以上。 $\gamma_5^{2(3)c}$  地层土壤中疣微菌门(Verrucomicrobia)相对丰度显著高于  $J_2Z^1$  地层,  $J_2Z^1$  地层土壤中芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)相对丰度显著高于  $Q_h$  地层( $p<0.05$ );从图 3b 可看出,伯克霍尔德氏菌属(*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*)、热酸菌属(*Acidothermus*)、*Candidatus Xiphinematobacter*、酸杆菌属(*Acidobacter*)、HSB\_OF53-F07,链霉菌属(*Streptomyces*)、布氏杆菌属(*Bryobacter*)均为 4 种地层土壤细菌优势物种,这 7 类细菌属的相对丰度占 23.0% 以上。其中,热酸菌属(*Acidothermus*)和 *Candidatus Xiphinematobacter* 属相对丰度均表现为  $\gamma_5^{2(3)c}>J_2Z^2>Q_h>J_2Z^1$ , 并且  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层显著高于  $J_2Z^1$  地层;  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层土壤中链霉菌属(*Streptomyces*)显著高于  $J_2Z^1$ 、 $J_2Z^2$  和  $Q_h$  地层( $p<0.05$ )。



注:上半圈表示不同地层背景下物种组成情况,外层彩带不同颜色表示不同地层背景,内层彩带不同颜色表示不同物种,彩带长度表示该物种在该地层背景中的相对丰度;下半圈表示该分类学水平下不同物种在不同地层背景下的分布比例情况,外层彩带不同颜色表示不同物种,内层彩带不同颜色表示不同地层背景,彩带长度表示不同地层在该物种的分布比例。细菌门和属的中文名称见正文 2.3.1。

图 3 长汀县不同地层马尾松林土壤细菌物种组成

2.3.2 不同地层背景土壤细菌差异物种  $J_2Z^1$  和  $J_2Z^2$  地层土壤细菌丰度差异物种如图 4a 所示,  $J_2Z^1$  地层背景土壤细菌特有物种有: Phycisphaerae、肠杆菌目 (Enterobacteriales)、肠杆菌科 (Enterobacteriaceae);  $J_2Z^2$  地层马尾松林土壤细菌特有物种为: URHD0 088, *Edaphobacter*, *Subdoligranulum*。

$J_2Z^1$  和  $\gamma_5^{(3)c}$  地层土壤细菌丰度差异物种如图 4b 所示,  $J_2Z^1$  地层土壤细菌特有物种有: 肠杆菌目 (Enterobacteriales)、肠杆菌科 (Enterobacteriaceae);  $\gamma_5^{(3)c}$  地层土壤细菌特有物种有: 脱硫弧菌目 (Desulfovibrionales)、小单孢菌目 (Micromonosporales)、链霉菌目 (Streptomycetales)、脱硫弧菌科 (Desulfovibrionaceae)、小单孢菌科 (Micromonosporaceae)、链霉菌科 (Streptomycetaceae)、JG30\_KF\_AS9, *Edaphobacter*、加氏乳杆菌 (*Lactobacillus gasseri*)。

$J_2Z^1$  和  $Q_h$  地层土壤细菌丰度差异物种如图 4c 所示。  $J_2Z^1$  地层土壤细菌特有物种有: Phycisphaerae, Tepidisphaerales, WD2 101\_soil\_group;  $Q_h$  地层马尾松林土壤细菌特有物种为: 芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、芽单胞菌纲 (Gemmatimonadetes)、芽单胞菌目 (Gemmatimonadales)、芽单胞菌科

(Gemmatimonadaceae), *Edaphobacter*。

$J_2Z^2$  地层和  $\gamma_5^{(3)c}$  地层土壤细菌丰度差异显著的物种如图 4d 所示,  $J_2Z^2$  地层马尾松林土壤细菌特有物种有: 酸微菌纲 (Acidimicrobiia)、vadinHA49;  $\gamma_5^{(3)c}$  地层马尾松林土壤细菌特有物种为: 乳酸杆菌科 (Lactobacillaceae)、乳酸杆菌属 (*Lactobacillus*)、格氏乳酸杆菌 (*Lactobacillus gasseri*)。

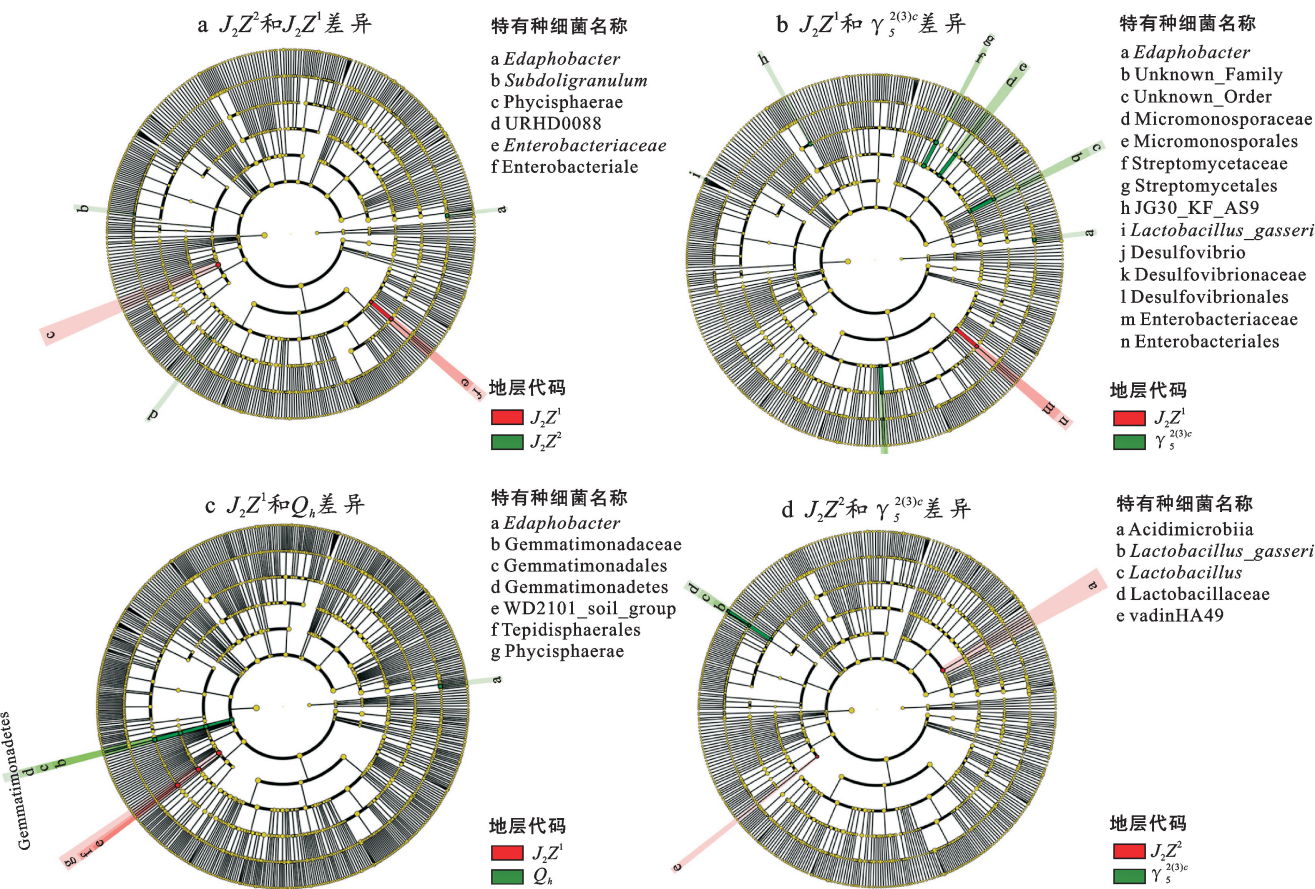
## 2.4 不同地层背景土壤细菌群落多样性

不同地层背景土壤细菌群落  $\alpha$  多样性见表 5。4 种地层背景下马尾林土壤细菌 Chao 1 指数、ACE 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数均表现为:  $J_2Z^2 > Q_h > \gamma_5^{(3)c} > J_2Z^1$ , 并且  $J_2Z^2$  地层土壤细菌群落的 Chao 1 指数、ACE 指数和 Shannon 指数显著高于  $J_2Z^1$  和  $\gamma_5^{(3)c}$  地层 ( $p < 0.05$ ); 说明  $J_2Z^2$  地层土壤细菌物种多样性和丰富度高于  $J_2Z^1$  和  $\gamma_5^{(3)c}$  地层。

通过 4 种地层背景马尾松林土壤细菌群落结构差异多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS), 并结合 ANOSIM 组间差异检验 ( $R = 0.255, p = 0.001$ ), 结果见图 5。4 种地层背景土壤细菌群落结构差异显著,  $\gamma_5^{(3)c}$  和  $J_2Z^1$  地层土壤细菌群落结构差异极显著。

表 5 长汀县不同地层背景马尾松林土壤细菌群落  $\alpha$  多样性

地层代码	Chao 1 指数 $\times 10^3$	ACE 指数 $\times 10^3$	Shannon 指数	Pielou 指数
$J_2Z^1$	1.706 $\pm$ 0.186 <sup>a</sup>	1.689 $\pm$ 0.163 <sup>a</sup>	7.374 $\pm$ 0.381 <sup>a</sup>	0.702 $\pm$ 0.030 <sup>a</sup>
$J_2Z^2$	2.047 $\pm$ 0.134 <sup>b</sup>	2.047 $\pm$ 0.135 <sup>c</sup>	7.964 $\pm$ 0.398 <sup>b</sup>	0.736 $\pm$ 0.035 <sup>a</sup>
$\gamma_5^{(3)c}$	1.729 $\pm$ 0.179 <sup>a</sup>	1.737 $\pm$ 0.179 <sup>ab</sup>	7.416 $\pm$ 0.305 <sup>a</sup>	0.702 $\pm$ 0.021 <sup>a</sup>
$Q_h$	1.975 $\pm$ 0.361 <sup>ab</sup>	1.980 $\pm$ 0.357 <sup>bc</sup>	7.862 $\pm$ 0.463 <sup>ab</sup>	0.730 $\pm$ 0.029 <sup>a</sup>



注:①图中细菌的纲、目、科、属中文名称见 2.3.2 正文;②圆圈层从内到外代表了从界到属的 7 个分类水平,不同颜色代表在相应分类水平上富集的细菌种类差异水平显著,黄色节点代表组间无差异的细菌种类。

图 4 长汀县不同地层背景土壤细菌组间差异物种进化分支图

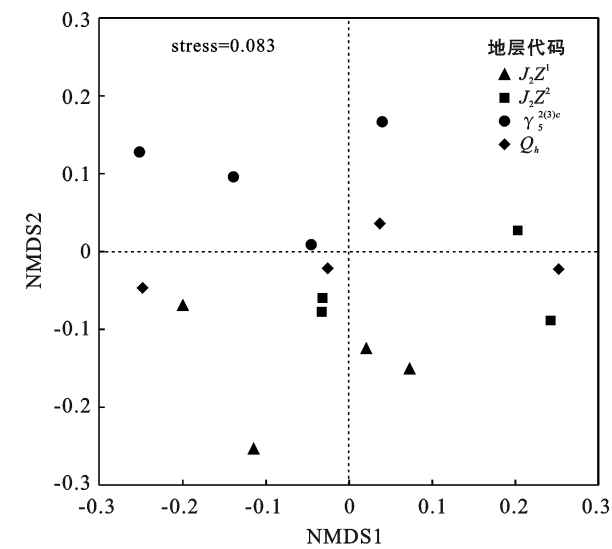
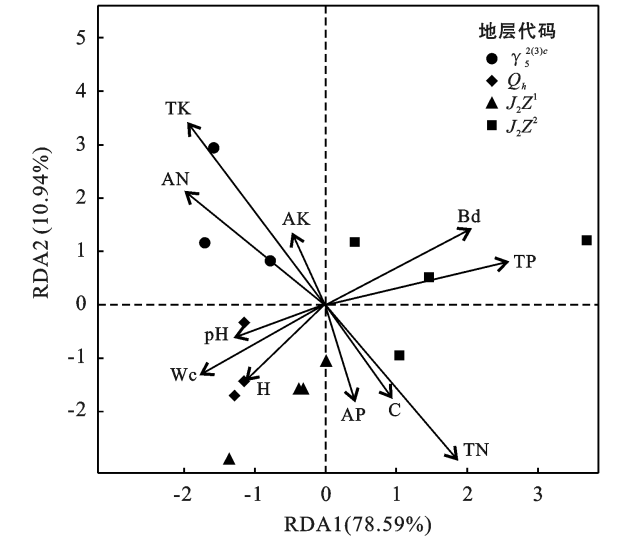


图 5 基于 OTU 信息的多维尺度分析

2.5 不同地层岩性土壤特性与细菌群落冗余分析

不同地层背景马尾松林土壤特性与细菌群落冗余分析见图 6。 $\gamma_5^{2(3)c}$  地层土壤细菌多样性与土壤钾含量和速效氮含量正相关,而与土壤全氮含量负相关; $J_2Z^1$  地层和  $Q_h$  地层土壤细菌多样性与土壤含水率

和土壤 pH 值正相关,而与土壤全磷含量负相关; $J_2Z^2$  地层土壤细菌多样性与土壤容重和全磷含量正相关,而与土壤 pH 值负相关; $J_2Z^1$  地层和  $J_2Z^2$  地层土壤细菌多样性均与土壤有机质含量正相关。



注:TN,TP,TK,AN,AP,AK,C,Wc,Bd 分别代表土壤全氮、全磷、全钾、速效氮、速效磷、速效钾、有机质、土壤含水率、土壤容重。

图 6 长汀县不同地层背景土壤微生物与环境因子冗余分析



### 3 讨论

地层的差异决定了岩性的成因、构造和化学成分,是影响土壤特性的重要因素<sup>[12]</sup>。本研究发现侏罗系中统漳平组下段土壤含水量能均大于其他地层,这可能与该地层细砂岩含量较高有关,较细砂岩可以减小降水入渗,增强持水性能<sup>[13]</sup>。本研究还发现 4 个地层背景土壤化学特性存在一定差异,这些差异和地层背景有一定关系。4 个地层背景土壤 pH 值均较低,其中,侏罗纪燕山期早期侵入岩在整个长汀红壤侵蚀区分布广泛,面积占整个调查区面积 50% 以上,此地层背景处于酸性侵入岩浆发育最猛烈的时期,因此风化形成的土壤 pH 值较低<sup>[14]</sup>,这可能是长汀红壤侵蚀区土壤偏酸的原因之一;第四系全新统地层背景土壤氮含量较高,而此地层背景风化层以黏土为主,黏粒可以与土壤有机物质结合形成无极—有机团聚体,增强了土壤对有机物质的吸附能力,而 95% 以上的氮素存在于有机物质中<sup>[15]</sup>,这可能是土壤氮含量高的原因。而侏罗系中统漳平组中段和侏罗系中统漳平组下段分别以中粒砂岩和细砂岩为主,砂粒的含量高,土壤氮含量低,这个结果也与其他相关研究一致<sup>[16]</sup>。侏罗纪燕山期早期侵入岩土壤钾含量较高,此地层岩性以钾长石花岗岩为主,矿物组成主要为肉红色含黑云母,黑云母结构中存在易交换性钾和难交换性钾的交互层,这是导致侏罗纪燕山期早期侵入岩土壤钾含量高的原因,并且黑云母可使得其风化土壤酸化严重<sup>[17]</sup>。侏罗系中统漳平组中段和下段背景岩性长石含量较高,其中钾长石最为丰富,二者土壤钾含量相对较高,说明地层岩性影响了土壤理化性质。

土壤细菌丰度以及土壤细菌群落结构与土壤理化性质存在密切关系<sup>[18]</sup>。本研究发现, $J_2Z^2$  地层土壤细菌多样性最高,并且变形菌门相对丰度高于其他 3 个地层背景。 $J_2Z^2$  地层以中粒砂岩为主,与变形菌喜爱的砂砾环境接近<sup>[19]</sup>,因此, $J_2Z^2$  地层土壤变形菌门相对丰度最高; $J_2Z^2$  地层背景下土壤中毛管持水量较高,提高了微环境的异质性,降低了细菌之间的直接接触和资源竞争,从而促进细菌群落发展<sup>[20]</sup>; $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景下岩石多为中细粒结构,这与放线菌喜欢的细粒环境接近,使得  $\gamma_5^{2(3)c}$  背景下放线菌门相对丰度最高<sup>[21]</sup>;本研究发现,4 种地层背景下土壤细菌群落结构差异显著,但在门水平上优势门相对丰度占总丰度的 91.3% 以上,表明不同地层背景下土壤细菌群落结构差异主要是丰度较低的特有物种。这与韩博远等<sup>[22]</sup>和梁月明等<sup>[8]</sup>研究一致。

本研究发现,第四系全新统地层土壤细菌多样性

与土壤含水量呈正相关关系,姚宝辉等<sup>[23]</sup>研究也发现土壤含水量是退化草地土壤微生物分布的重要影响因素之一。本研究还发现侏罗系中统漳平组中段和侏罗系中统漳平组下段土壤有机质含量与土壤细菌多样性正相关,原因是有机质是土壤细菌的主要碳源,有机质的丰缺极大影响了土壤细菌的多样性<sup>[24]</sup>。此外,侏罗系中统漳平组中段土壤细菌多样性与土壤全量磷和速效磷含量正相关,侏罗系中统漳平组下段土壤细菌多样性与土壤速效磷含量正相关,这是由于磷主要来源是岩石的风化,磷元素分布差异与地层岩性差异直接有关,这种分布差异直接影响到土壤细菌多样性<sup>[25]</sup>。侏罗纪燕山期早期侵入岩地层背景下土壤细菌多样性与土壤全氮含量呈负相关,而与土壤速效氮含量呈正相关,这可能是因为土壤细菌更多参与速效氮养分的循环,对土壤全氮循环的影响较小<sup>[26]</sup>。综上,不同地层背景下马尾松林土壤特性与细菌差异明显,且各地层影响土壤细菌多样性的驱动因子各不相同,长汀红壤侵蚀区退化地恢复过程中应考虑地层背景的影响,且土壤细菌对不同地层背景土壤特性具有一定的指示作用。

### 4 结论

(1) 4 个地层背景马尾松林土壤理化性质存在一定差异, $J_2Z^1$  地层背景土壤容重、持水性能以及毛管孔隙最好, $J_2Z^2$  和  $Q_h$  其次, $\gamma_5^{2(3)c}$  最差;4 个地层背景土壤养分含量各有丰缺, $Q_h$  地层背景土壤全氮和速效氮含量较高, $\gamma_5^{2(3)c}$  地层背景土壤磷和钾含量较高, $J_2Z^1$  和  $J_2Z^2$  地层土壤有机质含量较高。

(2) 4 个地层背景马尾松林土壤细菌特有 OTU 数表现为: $Q_h > J_2Z^2 > J_2Z^1 > \gamma_5^{2(3)c}$ ;  $J_2Z^1$  地层较其他 3 个地层未发现差异物种 *Edaphobacter*;  $J_2Z^2$  和  $Q_h$  地层土壤细菌多样性高于  $J_2Z^1$  和  $\gamma_5^{2(3)c}$  地层。

(3)  $Q_h$  地层土壤细菌多样性与土壤含水量正相关,与土壤全磷含量负相关; $J_2Z^1$  地层土壤细菌多样性与土壤有机质含量正相关,与土壤全磷含量负相关; $J_2Z^2$  地层土壤细菌多样性与土壤有机质和全磷含量正相关,与 pH 值负相关; $\gamma_5^{2(3)c}$  地层土壤细菌多样性与土壤速效氮含量正相关,与土壤全氮含量负相关。

### [ 参 考 文 献 ]

- [1] Wang Bangwen, Wang Yunqiang. Relationships between the characteristics of soil and understory in a *Pinus massoniana* forest in Southern China [J]. Catena, 2019, 176: 352-361.
- [2] 张恋,王宇飞,罗建林,等. 地层岩性对植物群落分布特征的影响[J]. 中国地质调查, 2021, 8(6): 78-86.
- [3] 黄智军,刘青青,颜耀,等. 不同郁闭度马尾松林土壤元素



- 生态化学计量特征[J].森林与环境学报,2021,41(5):456-463.
- [4] 李宗勋,李启艳,侯晓龙,等.不同自然降雨等级下不同郁闭度马尾松林的水土流失特征[J].水土保持学报,2020,34(1):27-33.
- [5] 董建华,赵伟明,赵科理,等.基于地质背景的山核桃林地土壤肥力因子分析[J].经济林研究,2018,36(4):52-58.
- [6] Panke-Buisse K, Poole A C, Goodrich J K, et al. Selection on soil microbiomes reveals reproducible impacts on plant function [J]. The ISME Journal, 2015,9(4):980-989.
- [7] Card S M, Quideau S A. Microbial community structure in restored riparian soils of the Canadian prairie pothole region [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010,42(9):1463-1471.
- [8] 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.
- [9] 刘映良,熊应鸿,谢双喜,等.不同岩性土体上马尾松土壤微生物与岩性关系的研究[J].贵州师范大学学报(自然科学版),2007,25(3):11-16.
- [10] 尹秋龙,焦菊英,寇萌.极端强降雨条件下黄土丘陵沟壑区不同植被类型土壤水分特征[J].自然资源学报,2015,30(3):459-469.
- [11] 陈海滨,马秀丽,陈志彪,等.南方稀土矿区水土保持植物根际土壤碳氮及 pH 特征[J].土壤学报,2016,53(5):1334-1341.
- [12] 张建东,王丽,赫栗涛,等.岚皋县岩石、土壤和农产品中硒分布规律研究[J].土壤通报,2022,53(1):195-203.
- [13] 罗雅曦,刘任涛,张静,等.腾格里沙漠草方格固沙林土壤颗粒组成、分形维数及其对土壤性质的影响[J].应用生态学报,2019,30(2):525-535.
- [14] 陆鹿,严立龙,李秋环,等.洋底高原及其对地球系统意义研究综述[J].岩石学报,2016,32(6):1851-1876.
- [15] 葛楠楠,石芸,杨宪龙,等.黄土高原不同土壤质地农田土壤碳、氮、磷及团聚体分布特征[J].应用生态学报,2017,28(5):1626-1632.
- [16] 商素云,姜培坤,宋照亮,等.亚热带不同林分土壤表层有机碳组成及其稳定性[J].生态学报,2013,33(2):416-424.
- [17] 陶继华,岑涛,龙文国,等.华南印支期弱过铝质和强过铝质花岗岩中黑云母的矿物化学及其岩石成因制约[J].地学前缘,2015,22(2):64-78.
- [18] Herold N, Schöning I, Gutknecht J, et al. Soil property and management effects on grassland microbial communities across a latitudinal gradient in Germany [J]. Applied Soil Ecology, 2014,73:41-50.
- [19] 黄龙,包维楷,李芳兰,等.土壤结构和植被对土壤微生物群落的影响[J].应用与环境生物学报,2021,27(6):1725-1731.
- [20] Yang Yang, Dou Yanxing, Huang Yimei, et al. Links between soil fungal diversity and plant and soil properties on the loess plateau [J]. Frontiers in Microbiology, 2017,8:2198.
- [21] Hemkemeyer M, Dohrmann A B, Christensen B T, et al. Bacterial preferences for specific soil particle size fractions revealed by community analyses [J]. Frontiers in Microbiology, 2018,9:149.
- [22] 韩博远,张闻,胡芳雨,等.模拟及实际根系分泌物对芘污染土壤微生物群落的影响[J].环境科学,2022,43(2):1077-1088.
- [23] 姚宝辉,王缠,张倩,等.甘南高寒草甸退化过程中土壤理化性质和微生物数量动态变化[J].水土保持学报,2019,33(3):138-145.
- [24] Wang Tianyang, Flint S, Palmer J. Magnesium and calcium ions: Roles in bacterial cell attachment and biofilm structure maturation [J]. Biofouling, 2019,35(9):959-974.
- [25] Xiong Jinbo, Liu Yongqin, Lin Xiangui, et al. Geographic distance and pH drive bacterial distribution in alkaline lake sediments across Tibetan Plateau [J]. Environmental Microbiology, 2012,14(9):2457-2466.
- [26] Bowles T M, Acosta-Martínez V, Calderón F, et al. Soil enzyme activities, microbial communities, and carbon and nitrogen availability in organic agroecosystems across an intensively-managed agricultural landscape [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014,68:252-262.