



农业资源与环境学报

CSCD 核心期刊
中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

吉林省中部地区退耕还林对黑土土壤细菌和真菌群落结构的影响

王玖程, 王兴明, 董思奇, 张冰, 王钊, 周雪, 高强

引用本文:

王玖程, 王兴明, 董思奇, 张冰, 王钊, 周雪, 高强. 吉林省中部地区退耕还林对黑土土壤细菌和真菌群落结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2023, 40(4): 917–926.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2022.0465>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

生物炭对烤烟成熟期根际真菌群落结构的影响及功能预测分析

李茂森, 王丽渊, 杨波, 刘福童, 张勇江, 任天宝, 张福建

农业资源与环境学报. 2022, 39(5): 1041–1048 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0318>

连作对云南典型烟区植烟土壤细菌群落多样性的影响

敖金成, 李博, 阎凯, 李永梅

农业资源与环境学报. 2022, 39(1): 46–54 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0721>

深松和秸秆还田对灌耕灰钙土土壤细菌多样性和群落结构的影响

温美娟, 杨思存, 王成宝, 霍琳

农业资源与环境学报. 2023, 40(2): 423–433 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2022.0209>

西北半干旱荒漠草原与耕地土壤可培养微生物多样性及分布特征比较

李彦林, 陈吉祥, 周永涛, 杨智, 王永刚, 张继义, 岳靓

农业资源与环境学报. 2016, 33(3): 244–252 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2015.0257>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

王玖程, 王兴明, 董思奇, 等. 吉林省中部地区退耕还林对黑土土壤细菌和真菌群落结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2023, 40(4): 917-926.
WANG J C, WANG X M, DONG S Q, et al. Effects of the Grain for Green Project on bacteria and fungi community structure in the black soil of central Jilin Province, China[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2023, 40(4): 917-926.

吉林省中部地区退耕还林对黑土土壤细菌和真菌群落结构的影响

王玖程^{1,2}, 王兴明³, 董思奇^{1,2}, 张冰^{1,2}, 王钊^{1,2}, 周雪^{1,2*}, 高强^{1,2}

(1. 吉林农业大学资源与环境学院, 长春 130118; 2. 吉林省商品粮基地土壤资源可持续利用重点实验室, 长春 130118; 3. 长春市九台区城子街道办事处综合服务中心, 长春 130500)

摘要:为揭示退耕还林对土壤细菌和真菌群落结构的影响,以吉林省城东村耕地及其相邻退耕20年的杨树林地为研究对象,采用高通量测序技术分析细菌和真菌的多样性、群落结构特征和共现性关系。结果表明:退耕还林后,土壤细菌多样性降低,真菌的多样性及丰富度均显著增加。退耕后细菌的丰度变化并非全部体现在优势物种上,放线菌门(Actinobacteriota)丰度由28.19%减少到26.12%,而酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)丰度分别从16.83%、15.94%增加至22.50%、18.42%,真菌的丰度变化主要体现在优势物种上,子囊菌门(Ascomycota)丰度由46.54%减少到35.93%,担子菌门(Basidiomycota)丰度由41.34%减少到31.52%,而被孢霉门(Mortierellomycota)丰度则由7.14%增加到24.22%。退耕还林前后细菌和真菌群落结构均发生了显著变化,真菌在退耕前后的差异更大。土壤真菌、细菌的共现网络在还林后具有更多的节点数及边数,共现性关系更复杂,连结性更高。冗余分析(RDA)表明土壤细菌和真菌群落结构均受土壤pH、有机质、速效钾、碱解氮、速效磷的影响($P < 0.05$)。研究表明,退耕还林显著影响吉林省中部地区黑土土壤细菌和真菌群落结构及多样性,退耕后土壤微生物的相互关系更复杂,抗干扰能力更强。

关键词:退耕还林; 土壤细菌; 土壤真菌; 群落结构; 网络分析

中图分类号:S154.3

文献标志码:A

文章编号:2095-6819(2023)04-0917-10

doi: 10.13254/j.jare.2022.0465

Effects of the Grain for Green Project on bacteria and fungi community structure in the black soil of central Jilin Province, China

WANG Jiucheng^{1,2}, WANG Xingming³, DONG Siqi^{1,2}, ZHANG Bing^{1,2}, WANG Zhao^{1,2}, ZHOU Xue^{1,2*}, GAO Qiang^{1,2}

(1. College of Resource and Environment, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China; 2. Key Laboratory of Sustainable Utilization of Soil Resources in the Commodity Grain Bases in Jilin Province, Changchun 130118, China; 3. Comprehensive Service Center of Chengzi Subdistrict Office, Jiutai District, Changchun 130500, China)

Abstract: To determine the effect of the Grain for Green Project on the soil bacteria and fungi community structure, soil samples were collected from arable land in Chengdong Village, Jilin Province, and its adjacent poplar woodlands that have been restored for 20 years. The diversity, community structure characteristics, and networks of bacteria and fungi were analyzed using high-throughput sequencing technology. Our results showed that the diversity of soil bacteria decreased, whereas the diversity and abundance of fungi increased significantly after reforestation. Changes in the abundance of bacteria after farmland retirement were not reflected in the dominant species. The abundance of Actinobacteriota decreased from 28.19% to 26.12%. However, the abundances of Acidobacteriota and Proteobacteria increased from 16.83% and 15.94% to 22.50% and 18.42%, respectively. Changes in the abundance of fungi were mainly reflected in the dominant species; the abundance of Ascomycota decreased from 46.54% to 35.93%, Basidiomycota decreased from 41.34% to 31.52%, and

收稿日期: 2022-07-15 录用日期: 2022-09-05

作者简介: 王玖程(1996—), 男, 吉林汪清人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: wjc19961023@163.com

*通信作者: 周雪 E-mail: xuezhou@jlau.edu.cn

基金项目: 吉林省基础研究计划基金项目(20190201274JC)

Project supported: Jilin Provincial Research Foundation for Basic Research, China(20190201274JC)

Mortierellomycota increased from 7.14% to 24.22%. Both bacterial and fungal communities were significantly different after reforestation; however, the difference in fungal communities was greater. The network analysis of soil bacteria and fungi showed more nodes and edges, complex co-occurrence relationships, and higher connectivity after restoration. Redundancy analysis showed that soil bacterial and fungal community structures were affected by soil pH, organic matter, available potassium, available nitrogen and available phosphorus ($P<0.05$). The results indicated that the community structure and diversity of soil bacteria and fungi in the black soil of central Jilin Province were significantly affected by the Grain for Green Project, and the networks of fungi and bacteria were more complex and more resistant to interference after reforestation.

Keywords: Grain for Green Project; soil bacteria; soil fungi; community structure; co-occurrence network

为遏制空气质量持续恶化、土地沙漠化、盐碱化、植被退化、水土流失加剧等一系列由森林退化引发的生态环境问题,在1999年西部大开发战略中,四川、陕西、甘肃3个省率先开展了退耕还林试点,由此揭开了我国退耕还林的序幕。自2002年起,全国25个省(自治区、直辖市)全面实施了退耕还林政策。截止到2019年,我国退耕还林(草/湿地)面积已经超过5亿亩(1亩=1/15 hm²)。在退耕还林的过程中,土地利用方式的改变会导致植被、土壤及土壤微生物发生变化。植被恢复在保护土壤过程中起着关键的作用,所以它是退耕还林项目最紧迫的任务之一。植被恢复会导致土壤水热及其他因素的改变,进而使土壤的理化性质发生改变,如土壤有机质含量增加^[1-2]、土壤容重降低、孔隙度增加、土壤入渗性能提高等^[3-4]。彭文英等^[5]研究发现,退耕还林后土壤有机质含量显著增加,退耕年限越长,植物群落越丰富。杨越等^[6]发现退耕还林实施后植被对土壤理化性质产生积极作用,不同退耕还林模式对土壤理化性质的影响存在差异。目前,对于退耕还林过程的关注点多集中在退耕还林过程中的植被恢复状况、植被格局变化及退耕地土壤性质改良等方面,对农田退耕还林后土壤微生物群落的演替特征尚缺乏足够了解。土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,在土壤物质转化与能量传递方面有重要作用^[7-10]。因此,了解土壤微生物群落在退耕还林前后的变化至关重要。本研究选取吉林省内退耕还林20年的杨树林地土壤,以林地周围未退耕的农田土壤作为对照,采用高通量测序技术,分析了退耕还林前后土壤细菌和真菌的群落结构、多样性及共现性网络关系的变化,以期为全面评价退耕还林的生态效益提供数据支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

供试土壤为黑土,采自吉林省长春市九台区城东

村(126°02'E,44°37'N)玉米地和林地,该地区属于中温带大陆性季风气候,年均气温6.8℃,年平均降雨量577 mm,降雨集中在7月。在退耕前,该地区种植玉米,退耕后种植杨树,退耕年限为20年。

1.2 采样方法

根据退耕还林时间,选择两个不同的区域进行对照,通过评估年轮和查阅历史文献,确定两个采样地点分别为未退耕持续耕作施肥的玉米地(PM)和相邻退耕20年末施肥自然恢复林地(P)。农田设置5个1 m×1 m的样方,每个样方间距3 m;林地设置5个5 m×5 m的样方,每个样方间距5 m。样方内使用“M”形五点采样法,取0~13 cm的表层土混为1个土样,每个样地采集5组土壤样本,共得到10个土壤样本。样本带回实验室后,迅速去除动植物残体及石块等,过2 mm孔径无菌网筛后混合均匀,将土壤样品分成两部分,分别用于微生物的提取和土壤理化性质的检测。

1.3 土壤理化性质测定

参照《土壤农化分析》^[11]测定土壤理化性质,包括pH值和有机质、速效磷、速效钾、碱解氮含量。

1.4 DNA提取、Illumina测序和数据处理

选用FastDNA™ SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, CA, 美国)试剂盒,按试剂盒的步骤进行土壤总DNA的提取。选择细菌16S rRNA基因V3~V4高变区域进行扩增,引物为341F(CCTAYGGGRBGCASCAG)和806R(GGACTACNNGGTATCTAAT),真菌选择ITS2区,引物为ITS3-2024F(GCATCGATGAAGAAC-GCAGC)和ITS4-2409R(TCCTCCGCTTATT-GATAT-GC)。PCR扩展产物用QIA Quick Gel extraction Kit (Qiagen, CA, 美国)纯化回收。16S rRNA基因的测序在Illumina Miseq平台上完成。

1.5 数据分析

土壤理化性质数据采用Microsoft Excel 2016软件进行处理,显著性分析采用SPSS 22.0进行。微生

物α多样性反映群落内部物种组成和个体数量分布特征^[12],本研究选取Chao指数和Shannon指数,分别表征微生物群落的丰富度和多样性^[13]。

Chao指数:采用Chao1算法估计样本中所含OTU的数目,Chao1在生态学中常用来估计物种总数,Chao1值越大,说明该样本中物种丰富度越高。计算公式如下:

$$S_{Chao1} = S_{obs} + \frac{n_1(n_1 - 1)}{2(n_2 + 1)} \tag{1}$$

式中: S_{Chao1} 为估计的OTU数; S_{obs} 为实际观测到的OTU数; n_1 为含有一条序列的OTU数目; n_2 为含有两条序列的OTU数目。

Shannon指数:用来估算样本中微生物多样性的指数之一,Shannon值越大,说明群落多样性越高。

$$H_{Shannon} = - \sum_{i=1}^{S_{obs}} \frac{n_i}{N} \times \ln \frac{n_i}{N} \tag{2}$$

式中: n_i 为第*i*个OTU所含的序列数; N 为所有的序列数。

非度量多维尺度(NMDS)分析:运用QIIME计算β多样性距离矩阵,采用R语言(Version 3.3.1)vegan软件包^[14-15]进行NMDS分析和制图。

ANOSIM分析:首先利用距离算法(默认Bray-Curtis)计算两两样品间的距离,然后将所有距离从小到大进行排序,按公式(3)计算*R*值,之后将样品进行置换,重新计算*R**值,*R**大于*R*的概率即为*P*值。

$$R = \frac{\overline{r_b} - \overline{r_w}}{\frac{1}{4} [n(n - 1)]} \tag{3}$$

式中: $\overline{r_b}$ 为组间(Between groups)距离排名的平均值; $\overline{r_w}$ 为

组内(Within groups)距离排名的平均值; n 为样品总数。

根据群落柱形图(Bar图)分类学分析结果可以得知,不同样本在各分类水平(如域、界、门、纲、目、科、属、种、OTU等)上的物种组成情况,利用R语言工具制图。同时基于样本中群落丰度数据,运用Wilcox秩和检验方法,计算样本间差异性,运用DP动态规划(Welch's confidence inverted)方法计算影响大小;运用Welch T检验的方法计算置信区间,使用R语言的Stats包和Python的Scipy包进行运算。

用冗余分析(RDA)方法分析凋落物化学组分和土壤因子与微生物群落的相互关系,通过Bioenv函数判断环境因子与样本群落分布差异的最大Pearson相关系数,通过最大相关系数得到环境因子子集。通过Permutest分析来判断RDA分析的显著性。利用R语言Vegan包进行RDA分析和制图。

对于退耕前后土壤类型,使用R(Version 4.0.2)中的“Psych”计算细菌和真菌类群(门水平)之间的Spearman相关系数,并采用FDR(False discovery rate)方法校正,选择相关系数|*r*|>0.8且*P*<0.05的显著相关关系构建共生网络。使用交互式平台Gephi(0.9.2)对网络进行可视化。计算退耕前后网络层次的拓扑特征,即节点数、边数、平均连通度、网络直径、模块化、聚类系数和平均路径长度。

2 结果与分析

2.1 土壤基本理化性质

表1为退耕还林前后土壤的基本理化性质。由表1可以看出,退耕还林前后土壤理化性质具有显著

表1 退耕还林前后土壤基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of the soils before and after the Grain for Green Project

采样点 Sample point	pH	速效钾 Available potassium/ (mg·kg ⁻¹)	速效磷 Available phosphorus/ (mg·kg ⁻¹)	有机质 Organic matter/ (g·kg ⁻¹)	碱解氮 Alkaline hydrolysis nitrogen/ (mg·kg ⁻¹)
P1	5.89±0.06a	212.33±8.02a	16.24±0.21b	30.06±0.77a	95.31±8.57b
P2	5.84±0.11a	211.33±6.51a	14.82±3.1b	28.61±0.18a	99.96±4.09b
P3	5.79±0.10a	213.00±6.08a	17.51±0.36b	28.61±0.56a	95.44±4.89b
P4	5.85±0.07a	212.00±5.00a	16.81±0.38b	28.70±0.22a	105.46±8.74b
P5	5.96±0.06a	216.00±5.29a	17.44±0.49b	29.71±0.51a	105.25±5.67b
PM1	4.30±0.08b	134.67±5.51b	40.35±0.31a	27.20±0.32b	170.56±8.93a
PM2	4.33±0.05b	137.00±6.00b	40.43±0.27a	25.66±0.51b	164.14±7.35a
PM3	4.31±0.08b	136.67±8.08b	40.74±0.18a	26.99±0.20b	169.82±5.60a
PM4	4.25±0.05b	134.67±8.33b	41.30±1.58a	26.44±0.52b	167.39±6.30a
PM5	4.37±0.07b	136.33±7.57b	41.52±0.39a	27.21±0.20b	164.88±4.95a

注:不同小写字母表示采样点间差异显著(*P*<0.05)。
Note: Different lowercase letters indicate significant differences among sample points (*P*<0.05).

性差异,其中土壤pH、速效钾、有机质含量在退耕还林后均显著提升($P<0.05$),而速效磷、碱解氮含量则显著降低($P<0.05$)。

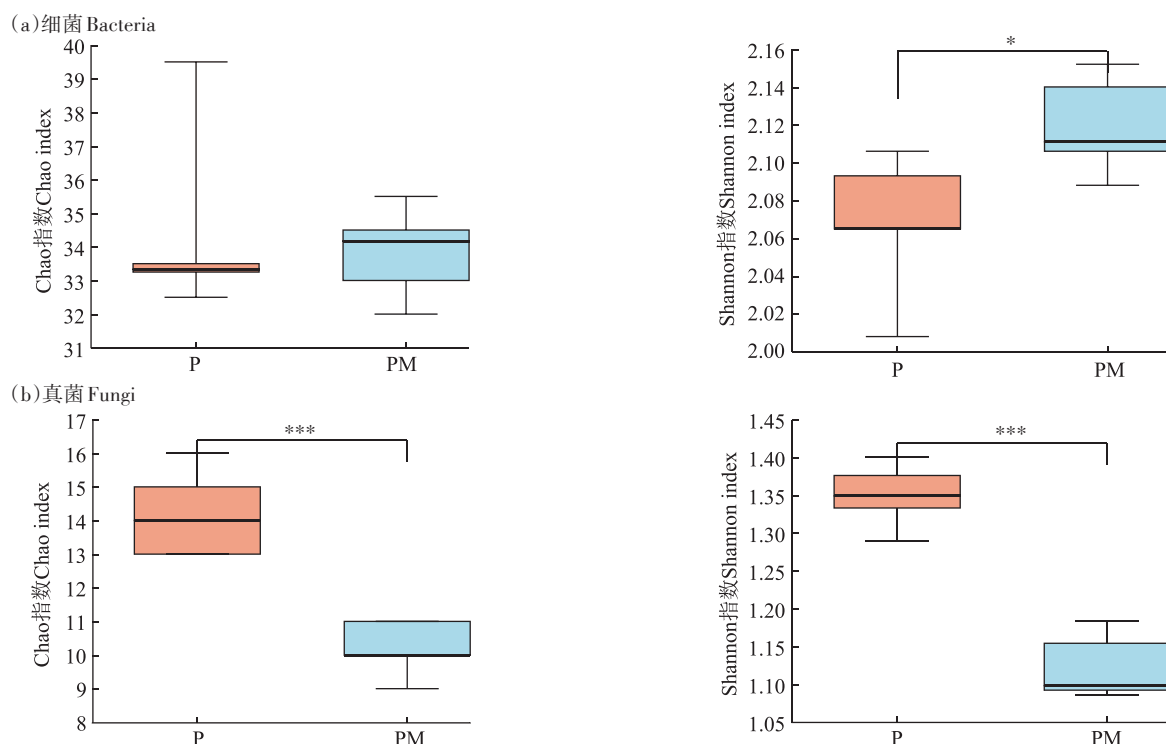
2.2 土壤细菌和真菌群落多样性和结构

图1为退耕还林前后土壤细菌和真菌群落的多样性(Shannon指数)和丰富度(Chao指数)。由图可知,退耕后较退耕前细菌Shannon指数显著降低($P<0.05$),Chao指数无明显变化,说明细菌物种多样性有所降低且物种丰富度变化不明显。由图1可以看出,退耕后真菌Shannon指数和Chao指数较退耕前均显著增加($P<0.001$),说明真菌物种多样性和物种丰富度均变化显著且有所增加。

图2为退耕前后土壤细菌和真菌群落的NMDS分析和基于Bray-Curtis距离的ANOSIM相似性分析。由图可以看出,细菌和真菌群落退耕前后均在排序空间中形成了明显的聚类(Stress值分别为0.002和0.0001)。细菌($P=0.004$)和真菌($P=0.004$)群落的组成在退耕前后存在显著差异,且真菌在退耕前后的差异更大。

图3所示为退耕前后土壤微生物丰度及差异性。将代表性OTU序列与微生物参考数据库进行比对,

共得到5个真菌门和13个细菌门,由图3a可以看出,主导细菌为放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi),占细菌序列75%以上。在退耕还林后,放线菌门(Actinobacteriota)丰度由28.19%减少到26.12%,而酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)丰度分别从16.83%和15.94%增加至22.50%和18.42%。退耕前后细菌丰度变化并非全部体现在优势菌门上,绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)在退耕后丰度显著减少($P<0.05$),甲基肌酐门(Methylomirabilota)、黏球菌门(Myxococcota)、拟杆菌门(Bacteroidota)在退耕后丰度显著增加($P<0.05$)。由图3b可以看出,对于真菌而言,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)在真菌群落中起主导作用,占总真菌序列的80%以上。退耕还林后,子囊菌门(Ascomycota)丰度由46.54%减少到35.93%,担子菌门(Basidiomycota)丰度由41.34%减少到31.52%,而被孢霉门(Mortierellomycota)丰度则由7.14%增加到24.22%。退耕前后真菌丰度变化主要体现在优势菌门上,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、



P为退耕还林后;PM为退耕还林前。* $P<0.05$;*** $P<0.001$ 。下同。

P represents after the Grain for Green Project; PM represents before the Grain for Green Project. * $P<0.05$; *** $P<0.001$. The same below.

图1 退耕还林前后土壤细菌和真菌群落的 α 多样性指数

Figure 1 The α diversity indexes of soil bacterial and fungal communities before and after the Grain for Green Project

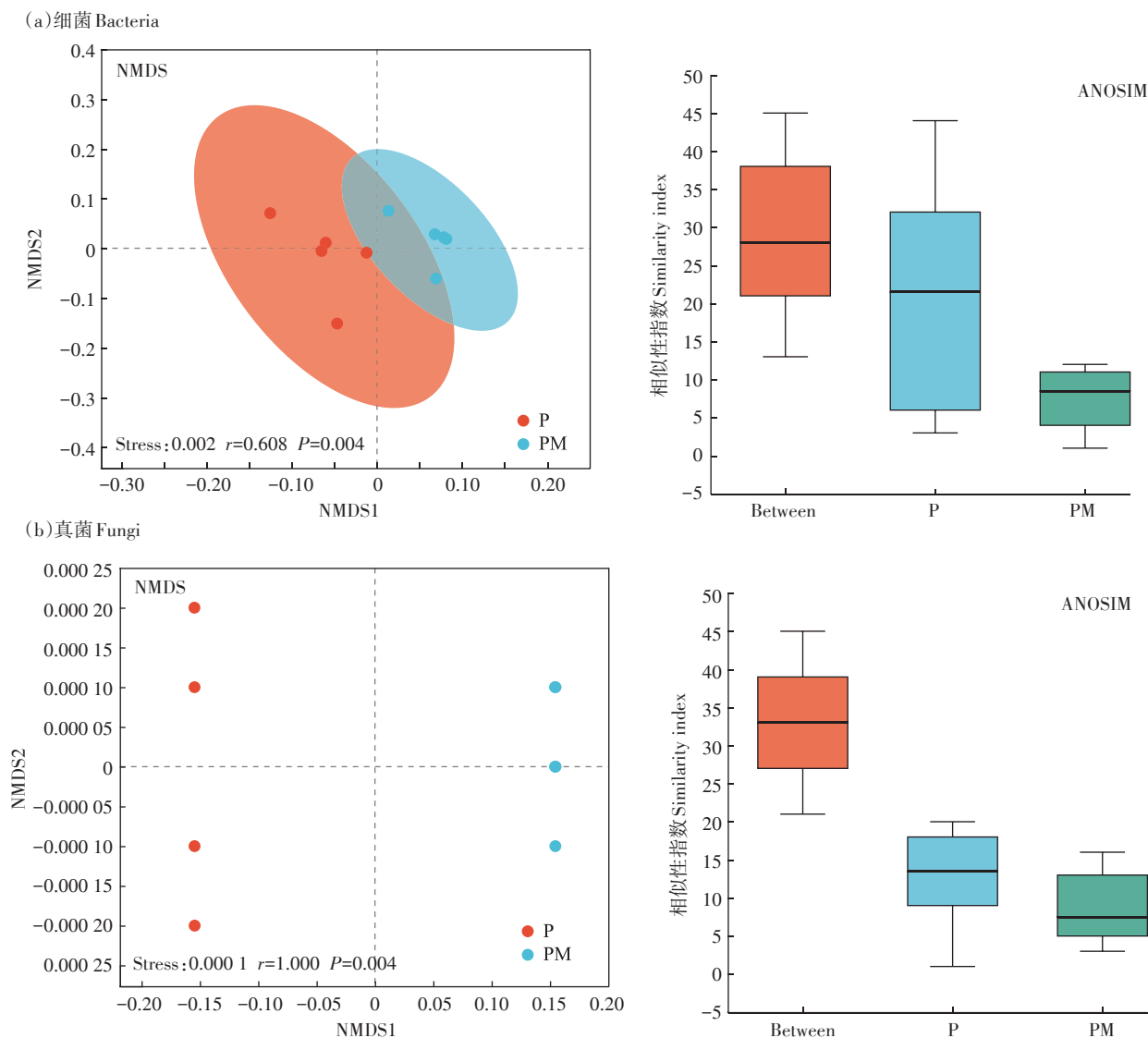


图2 退耕还林前后土壤细菌和真菌NMDS分析及ANOSIM相似性分析

Figure 2 NMDS and ANOSIM similarity analysis of soil bacteria and fungi before and after the Grain for Green Project

捕虫霉门(Zoopagomycota)在退耕后丰度显著减少($P<0.05$),被孢霉门(Mortierellomycota)在退耕后丰度显著增加($P<0.05$)。总体来说退耕前后细菌丰度变化幅度较真菌小。综上所述,退耕还林过程显著影响了土壤细菌和真菌群落多样性及结构组成。

2.3 群落结构与环境因子关联分析

图4为退耕前后环境因子变化与土壤微生物群落之间的冗余分析结果,其中,红色箭头代表土壤性质,蓝色箭头代表优势菌门,箭头越长代表影响越显著。结果显示退耕还林前后土壤分别聚集在二维排列图的不同位置,表明土壤微生物群落存在显著差异,这与图2的NMDS分析结果一致。

由图4a可以看出,供试土壤基本理化性质能够

解释89.38%的细菌群落变化,退耕前后土壤微生物细菌群落组成与土壤碱解氮($P=0.002$, $R^2=0.954$)、速效磷($P=0.004$, $R^2=0.942$)、pH($P=0.003$, $R^2=0.950$)、有机质($P=0.001$, $R^2=0.900$)、速效钾($P=0.001$, $R^2=0.955$)具有显著相关性,同时酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)与土壤有机质、速效钾含量和pH值呈正相关,放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)与土壤速效磷、碱解氮含量呈正相关。

由图4b可以看出,供试土壤基本理化性质可以解释88.48%的土壤真菌群落变化,退耕前后土壤微生物真菌群落组成与土壤碱解氮($P=0.013$, $R^2=0.914$)、速效磷($P=0.002$, $R^2=0.947$)、pH($P=0.007$, $R^2=$

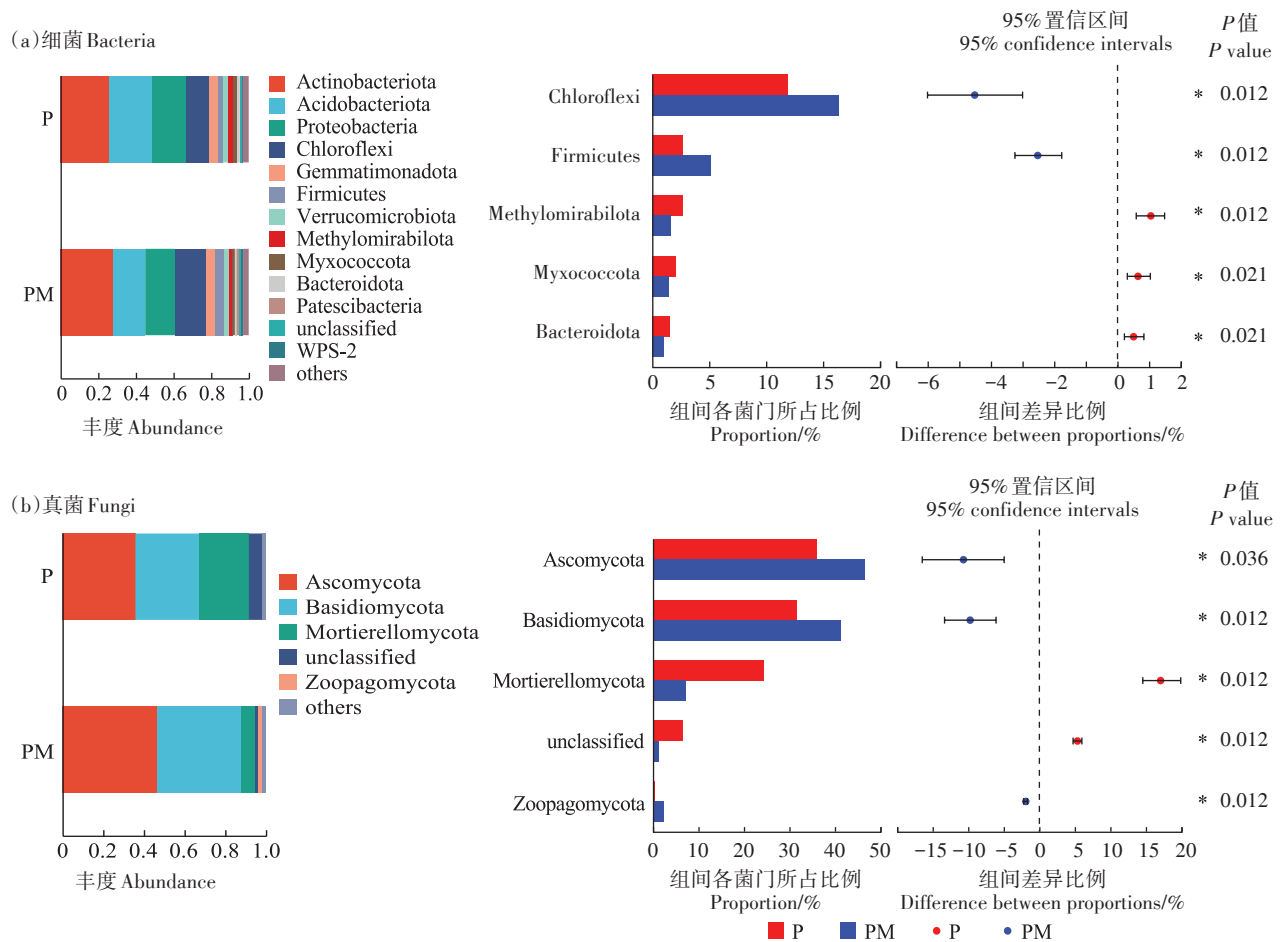
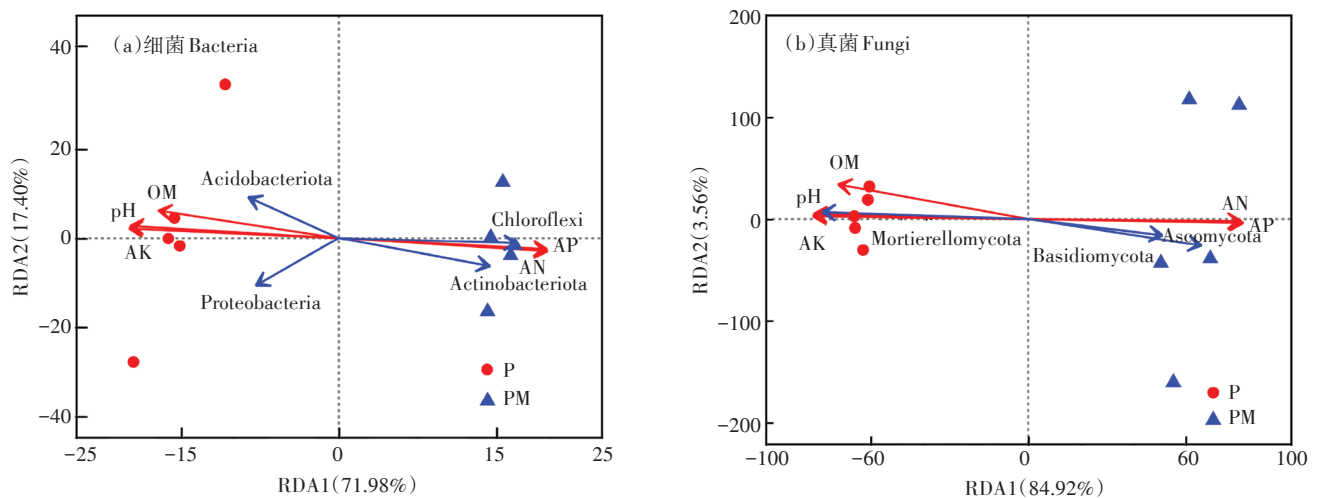


图3 退耕还林前后土壤细菌和真菌的丰度及差异性分析

Figure 3 Abundance analysis and diversity analysis of soil bacteria and fungi before and after the Grain for Green Project



OM为有机质;AK为速效钾;AP为速效磷;AN为碱解氮。

OM is organic matter; AK is available potassium; AP is available phosphorus; AN is alkaline hydrolysis nitrogen.

图4 退耕还林前后细菌和真菌的冗余分析

Figure 4 RDA of bacteria and fungi before and after the Grain for Green Projects

0.932)、有机质 ($P=0.014$, $R^2=0.743$)、速效钾 ($P=0.007$, $R^2=0.935$)均具有显著相关性,同时被孢霉门(Mortierellomycota)与土壤有机质、速效钾含量和pH值呈正相关,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)与土壤碱解氮、速效磷含量呈正相关。

2.4 共现性网络分析

分别构建退耕还林前后土壤细菌和真菌的共现性网络(图5),网络中的节点代表群落中的物种,节点的大小代表该物种的丰度,边代表物种间的联系,红色为正相关,蓝色为负相关。在土壤细菌群落中,退耕前包含81个节点和194条边,退耕后包含86个节点和383条边(表2)。从图5可以看出,退耕后土

壤中细菌连接数较多,相互作用更复杂,网络平均连通度和聚类系数较高,说明细菌种间物质信息传递效率更高,对外界有敏感的响应,但是群落结构更加脆弱。退耕前和退耕后网络关系中正相关数(63.54%和60.57%)均大于负相关数,表明退耕前后细菌物种间协作关系大于竞争关系。在土壤真菌群落中,退耕前包含66个节点和180条边,退耕后包含88个节点和298条边(表2)。从图5可以看出,退耕后土壤中真菌连接数较多,相互作用更复杂,网络平均连通度和聚类系数较高,说明真菌种间物质信息传递效率更高,对外界有敏感的响应,但是群落结构更加脆弱。退耕前和退耕后网络关系中正相关数(63.89%和

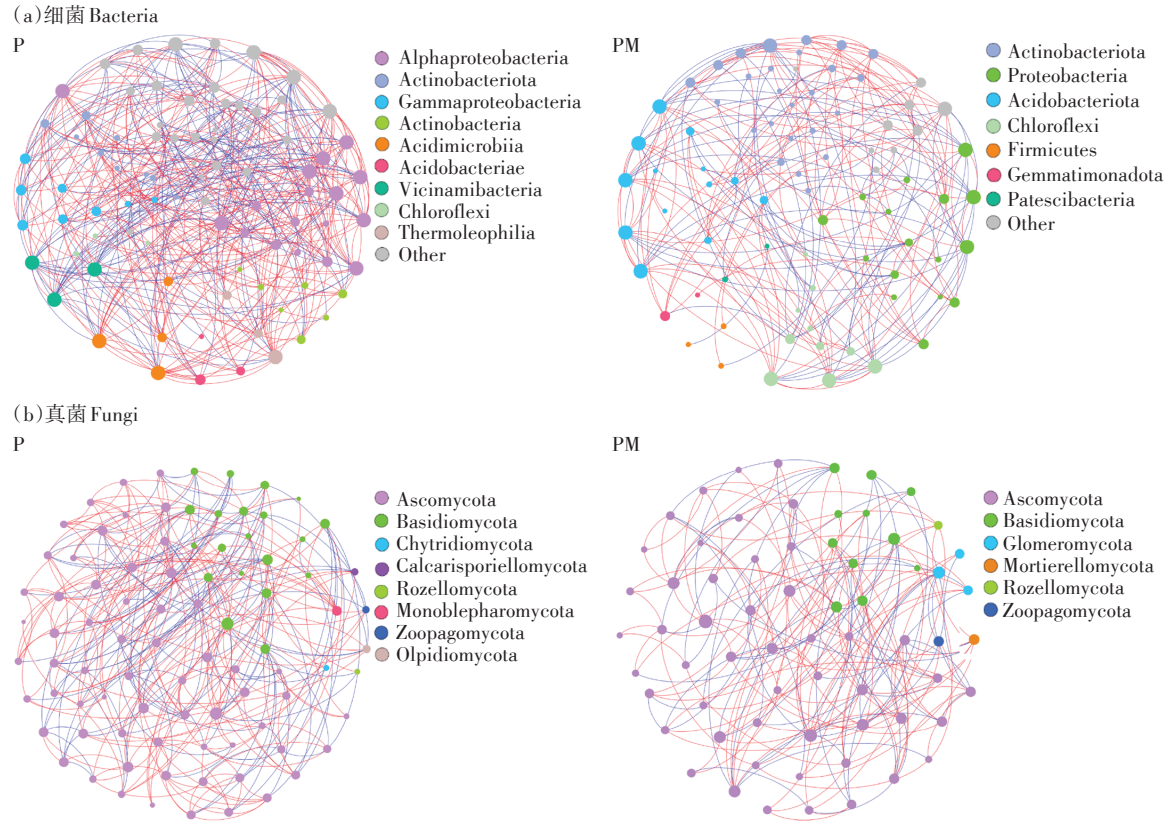


图5 退耕还林前后土壤微生物菌群间的网络互作分析

Figure 5 Network analysis of bacteria and fungi community before and after the Grain for Green Project

表2 退耕还林前后土壤微生物分子生态网络特征参数

Table 2 Characteristic parameters of the molecular ecological network of soil microorganisms before and after the Grain for Green Project

微生物 Microorganism	样地 Site	节点数 Node number	连接数 Link number	平均连通度 Average degree	网络直径 Network diameter	模块性 Modularity	聚类系数 Clustering coefficient	平均路径长度 Average path distance
真菌	P	88	298	6.921	8	0.635	0.466	3.859
	PM	66	180	5.552	5	0.347	0.065	2.594
细菌	P	86	383	8.907	1	0.738	1.000	1.000
	PM	81	194	2.395	1	0.715	0.401	1.000

61.74%)均大于负相关数,表明退耕前后真菌物种间协作关系大于竞争关系。

3 讨论

植被恢复过程会造成凋落物、根系形态和分泌物的差异,并一定程度地改变土壤理化性质。本研究发现,退耕前后土壤pH值及速效磷、速效钾、碱解氮、有机质含量均出现明显差异($P<0.05$),表明退耕还林显著影响土壤基本理化性质,这与常海涛等^[16]对退耕还林与还草影响土壤理化性质的研究和苏成西等^[17]对不同退耕还林模式改良土壤效应的研究结果一致,退耕还林后土壤有机质含量的增加可能是受地表植被凋落物的矿化分解、转化累积的影响^[2]。同时由于有机质含量的增加,土壤环境得到改善,土壤化学活性增强,导致土壤阳离子交换量有所增加,从而影响土壤pH的变化。退耕后土壤碱解氮和速效磷含量显著降低,是由于农田在耕作时会施用肥料,为作物生长提供充足的氮、磷、钾等营养元素^[18],但退耕还林后的次生林处于自然生长状态,没有肥料补充。

研究结果表明,退耕还林改变了土壤的细菌和真菌群落的多样性,退耕还林后细菌多样性有所降低,这一发现与龙家辉等^[19]对石漠化地区退耕还林的研究以及张露琪等^[20]对退耕地土壤微生物群落变化的研究结果一致。而真菌多样性在退耕还林后明显增加,可能是由于退耕还林使玉米地向杨树林地转变,植物种类改变,凋落物增加,而细菌和真菌的营养偏好不同^[10],因此退耕还林前后细菌和真菌多样性的变化趋势不一致。

土壤细菌和真菌的群落结构分析结果显示,退耕还林前后土壤真菌群落结构组成的差异大于细菌,可能是由于真菌比细菌对环境变化更加敏感^[21]。真菌的差异主要体现在优势物种上^[22],退耕前后子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度均有显著变化,该结果与张露琪等^[23]对典型农田退耕后土壤真菌群落的演替研究结果一致。子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)均以腐生营养型为主,是植物纤维素和木质素等难降解有机质的主要分解者,其在土壤养分循环中发挥着重要功能^[24],而且担子菌作为菌根真菌的重要成员,能够拮抗根部病原菌对植物生长的影响,为植物生长提供健康的土壤微生物生态环境^[25]。真菌群落中,子囊菌门(Ascomycota)在演替早期能够在贫瘠的土壤中生存^[26-27],而后期以担子菌门(Basidiomycota)为主,其往

往与土壤养分相关^[28-29]。本研究发现子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度变化幅度更大,可能是由于子囊菌门(Ascomycota)较担子菌门(Basidiomycota)具有更高的基因替代速率^[30]。但与真菌丰度变化不同,细菌丰度在退耕前后的丰度变化并非全部体现在优势物种上,绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)、甲基肌酐门(Methylospirillum)、黏球菌门(Myxococcota)、拟杆菌门(Bacteroidota)丰度均发生显著变化,其中绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidota)参与土壤木质素的降解,是土壤碳循环的主要菌门^[31-32]。RDA结果显示退耕前后土壤性质的变化导致土壤细菌和真菌群落结构的变化,这与丁建莉等^[33]开展的东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应研究结果一致,即土壤微生物会随着土壤性质的改变而改变。细菌群落中,酸杆菌门(Acidobacteriota)的相对丰度与土壤pH值显著相关,该结果与前人研究^[34]结果一致。在本研究中,退耕还林后担子菌门(Basidiomycota)丰度减少,其作用主要是降解顽固有机质^[35],使土壤有机质得到积累,含量升高,因此,担子菌门(Basidiomycota)丰度与有机质含量呈负相关。综上所述,土壤环境因子的差异是影响土壤细菌和真菌群落组成的主要控制因素。

利用生态网络对退耕还林前后土壤细菌和真菌微生物群落相互作用进行研究,网络的节点数和连接数反映网络的规模和关系复杂程度,退耕后细菌及真菌具有较多的网络节点数、最大的连接数和最大聚集系数,网络规模大且复杂程度高。共现性网络中的正相关和负相关可以表示微生物之间不同的相关关系,微生物间生态位一致或存在协作关系呈现正相关关系,若存在竞争或捕食关系则呈负相关关系^[36]。本研究发现,退耕还林后细菌和真菌的相互关系更为复杂,可能会更高效地进行物质传输和利用^[37],且抵御环境扰动的能力也更强。

4 结论

(1)退耕还林后,土壤性质发生了改变,土壤有机质含量、pH值显著提高,碱解氮含量显著降低。

(2)退耕还林后,土壤细菌多样性显著降低,土壤真菌多样性和丰富度均显著升高,退耕还林前后土壤真菌和细菌群落结构均具有显著差异,且真菌群落组成的差异大于细菌,表明真菌比细菌对退耕引起的环境变化更加敏感。

(3)退耕还林后,土壤微生物具有更大的网络规

模及复杂程度,土壤微生物之间进行更高效的物质传输,但物种间的相互关系同退耕前一致,以协作关系为主。

参考文献:

- [1] 温仲明,郝晓慧,焦峰,等.黄土高原森林边缘区退耕地植被自然恢复及其对土壤养分变化的影响[J]. 草业学报, 2007, 16(1):16-23. WEN Z M, HAO X H, JIAO F, et al. Spontaneous succession and its impact on soil nutrient on abandoned farmland in the northern edge of the forest zone on the Loess Plateau[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2007, 16(1):16-23.
- [2] 林虹,陈先刚.乌蒙山区环境中退耕还林主要林分土壤有机碳变化对比[J]. 环境与发展, 2018, 30(2):112-113. LIN H, CHEN X G. Comparison of the changes of soil organic carbon in the main forest units in the Wurn and mountain areas of Wumeng, Gansu, China[J]. *Environment and Development*, 2018, 30(2):112-113.
- [3] 彭文英,张科利,陈瑶,等.黄土坡耕地退耕还林后土壤性质变化研究[J]. 自然资源学报, 2005, 20(2):272-278. PENG W Y, ZHANG K L, CHEN Y, et al. Study on the change of soil properties after returning farmland to forest on loess slope[J]. *Journal of Natural Resources*, 2005, 20(2):272-278.
- [4] 彭万里.不同土地退耕类型对土壤物理性质的影响[J]. 防护林科技, 2021(4):13-15. PENG W L. Effect of different land conversion types on soil physical properties[J]. *Protection Forest Science and Technology*, 2021(4):13-15.
- [5] 彭文英,张科利,杨勤.退耕还林对黄土高原地区土壤有机碳影响预测[J]. 地域研究与开发, 2006, 25(3):94-99. PENG W Y, ZHANG K L, YANG Q. Forecast of impact of the returning farms to forests on soil organic carbon of Loess Plateau[J]. *Areal Research and Development*, 2006, 25(3):94-99.
- [6] 杨越,杨依天,武智勇,等.冀北坝上地区不同退耕还林模式对土壤理化性质的影响[J]. 中国农学通报, 2020, 36(15):54-59. YANG Y, YANG Y T, WU Z Y, et al. Different modes of returning farmland to forest in Bashang area of northern Hebei: effects on soil physicochemical properties[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2020, 36(15):54-59.
- [7] DELGADO-BAQUERIZO M, ELDRIDGE D J, OCHOA V, et al. Soil microbial communities drive the resistance of ecosystem multifunctionality to global change in drylands across the globe[J]. *Ecology Letters*, 2017, 20(10):1295-1305.
- [8] FIERER N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, 15: 579-590.
- [9] BANNING N C, GLEESON D B, GRIGGA H, et al. Soil microbial community successional patterns during forest ecosystem restoration[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, 77(17):6158-6164.
- [10] LIU J, JIA X Y, YAN W M, et al. Changes in soil microbial community structure during long-term secondary succession[J]. *Land Degradation & Development*, 2020, 31(9):1151-1166.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社, 2000. BAO S D. *Agrochemical analysis of soil*[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [12] 樊瑾,李诗瑶,杜雅仙,等.火电厂周边不同生物结皮细菌群落特征差异及其影响因素[J]. 应用生态学报, 2021, 32(11):4107-4118. FAN J, LI S Y, DU Y X, et al. Differences of bacterial communities in different biological soil crusts around thermal power plant and their influencing factors[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, 32(11):4107-4118.
- [13] 杨贵森,张志山,赵洋,等.沙坡头地区凋落物分解及其对土壤微生物群落的影响[J]. 应用生态学报, 2022, 33(7):1810-1818. YANG G S, ZHANG Z S, ZHAO Y, et al. Decomposition of litters and its effects on soil microbial community in Shapotou area, China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(7):1810-1818.
- [14] LI S F, HUANG X B, SHEN J Y, et al. Effects of plant diversity and soil properties on soil fungal community structure with secondary succession in the *Pinus yunnanensis* forest[J]. *Geoderma*, 2020, 379: 114646.
- [15] MONTAGNA M, BERRUTI A, BIANCIOTTO V, et al. Differential biodiversity responses between kingdoms (plants, fungi, bacteria and metazoa) along an Alpine succession gradient[J]. *Molecular Ecology*, 2018, 27(18):3671-3685.
- [16] 常海涛,赵娟,刘佳楠,等.退耕还林与还草对土壤理化性质及分形特征的影响:以宁夏荒漠草原为例[J]. 草业学报, 2019, 28(7):14-25. CHANG H T, ZHAO J, LIU J N, et al. Changes in soil physico-chemical properties and related fractal features during conversion of cropland into agroforestry and grassland: a case study of desertified steppe in Ningxia[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2019, 28(7):14-25.
- [17] 苏成西,尚宇南,洪云洪,等.普洱市不同退耕还林模式改良土壤效应研究[J]. 中国水土保持, 2013(11):46-50. SU C X, SHANG Y N, HONG Y H, et al. Improving soil effects after different returning farmland to forest in Pu'er City of Yunnan[J]. *Soil and Water Conservation in China*, 2013(11):46-50.
- [18] 吴祥云,张黎,丁玉荣,等.科尔沁沙地农牧交错带土地利用方式对土壤特性的影响[J]. 水土保持学报, 2006(4):116-119. WU X Y, ZHANG L, DING Y R, et al. Effect of land use on soil properties in inter-distributing area of farming and pasturing of Keerqin sandy land[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2006(4):116-119.
- [19] 龙家辉,蓝家程,姜勇祥.喀斯特石漠化地区退耕还林对土壤细菌群落的影响[J]. 农技服务, 2020, 37(7):8-10. LONG J H, LAN J C, JIANG Y X. Effect of returning farmland to forest on soil bacterial community in Karst rocky desertification area[J]. *Agricultural Technology Service*, 2020, 37(7):8-10.
- [20] 张露琪.退耕地土壤微生物群落随植被演替的变化特征[D]. 昆明:云南大学, 2018:38-41. ZHANG L Q. Succession of soil microbial communities across the vegetation chronosequences in abandoned farmland[D]. Kunming: Yunnan University, 2018:38-41.
- [21] WANG J, LIU G B, ZHANG C, et al. Higher temporal turnover of soil fungi than bacteria during long-term secondary succession in a semi-arid abandoned farmland[J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, 194: 104305.
- [22] 李姝江,朱天辉,刘子雄.两种退耕还林模式对土壤微生物优势类

- 群的影响[J]. 水土保持通报, 2014, 34(2): 186–191. LI S J, ZHU T H, LIU Z X. Effects of two models of forest rehabilitation on dominant groups of soil microbes[J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2014, 34(2): 186–191.
- [23] 张露琪, 张志明, 张丽梅, 等. 典型农田退耕后土壤真菌与细菌群落的演替[J]. 生态学报, 2019, 39(8): 2715–2722. ZHANG L Q, ZHANG Z M, ZHANG L M, et al. Succession of soil fungal and bacterial communities in a typical chronosequence of abandoned agricultural lands[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(8): 2715–2722.
- [24] 王楠, 潘小承, 王传宽, 等. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(5): 2476–2484. WANG N, PAN X C, WANG C K, et al. Effects of simulated acid rain on soil fungal structure and diversity in the transition zone of *Phyllostachys moso* broad-leaved forest[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(5): 2476–2484.
- [25] STERKENBURG E, BAHR A, BRANDSTRÖM D M, et al. Changes in fungal communities along a boreal forest soil fertility gradient[J]. *New Phytologist*, 2015, 207(4): 1145–1158.
- [26] JUMPPONEN A. Soil fungal community assembly in a primary successional glacier forefront ecosystem as inferred from rDNA sequence analyses[J]. *New Phytologist*, 2003, 158: 569–578.
- [27] GLEESON D B, KENNEDY N M, CLIPSON N, et al. Characterization of bacterial community structure on a weathered pegmatitic granite[J]. *Microbial Ecology*, 2006, 51: 526–534.
- [28] BASTIAN F, BOUZIRI L, NICOLARDOT B, et al. Impact of wheat straw decomposition on successional patterns of soil microbial community structure[J]. *Soil Biol & Biochem*, 2009, 41: 262–275.
- [29] ZUMSTEG A, LUSTER J, GÖRANSSON H, et al. Bacterial, archaeal and fungal succession in the forefield of a receding glacier[J]. *Microbial Ecology*, 2012, 63: 552–564.
- [30] 王海英, 郭守玉, 黄满荣, 等. 子囊菌较担子菌具有更快的进化速率和更高的物种多样性[J]. 中国科学: 生命科学, 2010, 40(8): 731–737. WANG H Y, GUO S Y, HUANG M R, et al. Ascomycetes have faster evolution rate and higher species diversity than Basidiomycetes[J]. *Scientia Sinica (Vita)*, 2010, 40(8): 731–737.
- [31] 鲜文东, 张潇潼, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, 60(9): 1801–1820. XIAN W D, ZHANG X T, LI W J. Research status and prospect on bacterial phylum Chloroflexi[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, 60(9): 1801–1820.
- [32] LYDELL C, DOWELL L, SIKAROODI M, et al. A population survey of members of the phylum Bacteroidetes isolated from salt marsh sediments along the east coast of the United States[J]. *Microbial Ecology*, 2004, 48(2): 263–273.
- [33] 丁建莉, 姜昕, 关大伟, 等. 东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应[J]. 中国农业科学, 2016, 49(22): 4408–4418. DING J L, JIANG X, GUAN D W, et al. Responses of micropopulation in black soil of northeast China to long-term fertilization and crops[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2016, 49(22): 4408–4418.
- [34] JONES R T, ROBESON M S, LAUBER C L, et al. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses[J]. *The International Society for Microbial Ecology Journal*, 2009, 3(4): 442–453.
- [35] VOŘÍŠKOVÁ J, BALDRIAN P. Fungal community on decomposing leaf litter undergoes rapid successional changes[J]. *The ISME Journal*, 2013, 7: 477–486.
- [36] LAYEGHIFARD M, HWANG D M, GUTTMAN D S. Disentangling interactions in the microbiome: a network perspective[J]. *Trends in Microbiology*, 2017, 25(3): 217–228.
- [37] 张冰, 孙晨翔, 文湘华. F/M对活性污泥微生物生态网络的影响[J]. 环境科学, 2021, 43(3): 1529–1534. ZHANG B, SUN C X, WEN X H. Impacts of F/M ratio on microbial networks in activated sludge[J]. *Environmental Science*, 2021, 43(3): 1529–1534.