

DOI:10.12403/j.1001-1498.20230389

油松人工林土壤微生物对结构调整的响应研究

法蕾¹, 裴顺祥¹, 杜满义¹, 马淑敏¹, 吴莎¹, 吴迪¹,
王海霞¹, 李佳林¹, 许基煌^{2*}

(1. 中国林业科学研究院华北林业实验中心, 北京九龙山暖温带森林国家长期科研基地, 北京 102300; 2. 中国林业科学研究院热带林业实验中心, 广西凭祥 532600)

摘要: [目的] 为评估结构调整对油松人工林生态系统的影响, 探索土壤微生物群落结构动态对结构调整干扰的响应机制。[方法] 利用高通量测序技术, 对结构调整后山西省中条山油松人工林林下土壤微生物的类群组成及多样性进行探究, 分析土壤微生物群落的组成结构、多样性及其与环境因素的相关性。[结果] 表明: 油松人工林结构调整能够降低土壤的 pH 值, 土壤养分含量显著低于对照样地。土壤微生物的优势菌群未发生较大的变化, 土壤的优势细菌类群是变形菌门、放线菌门、酸杆菌门, 而优势真菌类群为子囊菌门、担子菌门和被孢菌门。结构调整后油松人工林土壤微生物的丰富度显著增加, 多样性较对照样地略有增加, 但差异不显著。对结构调整前后的油松人工林微生物类群与土壤理化性质进行 RDA 分析, pH、总氮、土壤有机质和速效氮是驱动土壤微生物类群变化的主要因子。[结论] 结构调整后的油松人工林样地仍处于恢复期, 微生物类群结构与未调整样地相比具有相似性, 但调整后的土壤微生物类群更为丰富, 变形菌门和担子菌门的增加使得土壤中固氮菌的比例提高, 土壤微生物向有助于有机质分解的方向转换。

关键词: 油松人工林; 结构调整; 目标树经营; 土壤微生物; 微生物群落结构

中图分类号: S714.3

文献标识码: A

文章编号: 1001-1498(2024)x-0001-10

油松 (*Pinus tabulaeformis* Carriere.) 是我国华北地区典型的植被类型, 适应性强, 具有耐低温、干旱和瘠薄等特点^[1]。由于经营管理不到位, 人工营造的油松林存在生产力低下、生物多样性下降、稳定性差等问题。随着退化生态系统修复和恢复工程的实施, 大面积的油松人工林质量得到改善, 但对其恢复阶段和效果仍缺乏有效的评估。

土壤微生物种类在土壤生态系统养分循环和能量流动过程中起纽带作用^[2-3], 推动植物生长发育和群落演替^[4]。对森林采取不同经营措施能够改变林下小气候^[5], 并通过影响林下植物群落, 改变凋

落物和根系分泌物的组成^[6], 对土壤微生物群落造成影响。土壤微生物多样性是增强微生物功能和生态系统稳定性的重要因素^[5], 对环境人为扰动非常敏感^[7], 研究表明不同土地利用方式及森林管理措施在一定程度上干扰了土壤环境^[8], 导致土壤微生物群落发生改变^[9], 采伐活动会对土壤微生物群落的结构、多样性和丰度造成不同程度的影响^[10], 有利于土壤真菌群落进行养分循环^[11]。土壤微生物与植被形成相互作用的反馈体系, 既受到地上植被类型的影响, 又通过其自身性质的改变反作用于植被^[12]。土壤微生物可以反映生态系统土壤理化性质

收稿日期: 2023-10-07 修回日期: 2024-03-13

基金项目: 国家重点研发计划 (2016YFD060020304)

作者简介: 法蕾, 博士, 高级工程师。主要研究方向: 森林生态系统。电话: 13810697745 Email: fl050802@caf.ac.cn

* 通讯作者: 许基煌, 硕士, 高级工程师, 主要研究方向: 森林培育。电话: 13517512114 E-mail: xjhsoso@163.com

和功能多样性的恢复程度,是反映植被恢复进展的重要参考指标^[13],微生物群落的多样性水平与生态系统的结构、功能密不可分,其活性变化影响生态系统地球化学过程^[10]。

目标树经营是以单株林木为对象,通过伐除干扰木为目标树提供更多生长空间^[14],降低邻木冠层竞争,从而提高单株木质量的营林技术^[15]。前人相关的研究很多,主要关注目标树生长变化^[16-17]及目标树经营对林分生长与结构的影响机制^[15]。目标树经营对油松人工林养分动态和土壤微生物群落的影响机制需进一步研究。本研究以山西省中条山结构调整前后的油松人工林为研究对象,其中一块进行了多次的目标树经营,每次经营力度约为 25%,另一块则未进行相关的经营活动。探讨结构调整后油松人工林林下土壤养分及微生物群落结构的响应动态,梳理油松人工林土壤生态系统对结构调整的应对机制,有助于提高对人工林土壤生态恢复的认识,也为确定油松人工林的科学经营成效和提高油松人工林保护管理质量提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

中条山位于山西省西南部,地处 34°38′~35°37′N, 110°15′~112°37′,属太行山向南延伸的余脉,山体走向为北东-西南。该区属温暖带半湿润大陆性季风气候,年均温为 10.3~14.3℃,1月均温为-8.5~4.6℃,七月均温为 30.6~33.8℃,年均降水量为 524.3~654.3 mm,多集中在 7—9月,无霜期 190~229 d。油松人工林分布区土壤为淋溶褐土及山地褐土,土层较厚。主要森林植被类型有油松林、槲子栎 (*Quercus baronii*

Skan)林、侧柏 (*Platycladus orientalis* Linn.)林、栓皮栎 (*Quercus variabilis* Bl.)林、白桦 (*Betula platyphylla* Suk.)林和辽东栎 (*Quercus wutaishanica* Mary)林等。灌丛植被类型主要有三裂绣线菊 (*Spiraea trilobata* L.)灌丛、酸枣 (*Ziziphus jujuba* var. *spinosa* (Bunge) Hu ex H.F.Chow.)灌丛、连翘 (*Forsythia suspensa* Thunb.)灌丛、黄栌 (*Cotinus coggygria* Scop.)灌丛、荆条 (*Vitex negundo* var. *heterophylla* (Franch.) Rehd.)灌丛等。草本植物群落主要蒿类 (*Artemisia* spp.)草丛、白羊草 (*Bothriochloa ischaemum* (L.) Keng)草丛、薹草 (*Carex* spp.)草甸等。

1.2 试验方法

2018年选取中条山油松人工林作为研究对象,选取两块林龄相近,坡向、坡度和海拔等地形因子、土壤类型基本相似的林地作为研究对象,一块样地自 2000年以来只选择并标记目标树和干扰树,未进行间伐作业,该样地作为对照样地 (CK)。另一块样地自 2000年起每 4年 1次,进行了多次目标树经营,目标树经营密度为 300株·hm⁻²,该样地为经营样地 (TZ)。经营样地内选取生长力旺盛、状态良好、干形饱满通直、没有机械损伤和病虫害的林木作为目标树,干扰树为冠层影响目标树生长的林木。间伐强度设计为 25%,在间伐强度控制下,从干扰树中随机选择采伐木,12月进行间伐作业。

2018年 6—8月在两个样地各设置 3个 20 m × 20 m的样方,共计 6个样方。对 2个样地进行基本状况调查,包括:平均树高、平均胸径、林龄、林分密度等。并进行土壤样本的采集。

表 1 样地基本情况表

Table 1 Basic information of *Pinus tabulaeformis* sample plot

样地编号 Sample plot No	林龄 Age/a	海拔 Elevation/m	坡向 Aspect	坡度 Slope/(°)	郁闭度 Canopy/%	林分密度 Density/(株·hm ⁻²)	平均胸径 Average of DBH/cm	平均树高 Average of height/m
CK	39	1997	S	30	0.75	2475	12.9	7.7
TZ	46	1985	S	28	0.72	675	15.3	8.3

注: S代表南, CK代表未进行结构调整的对照样地, TZ代表已进行结构调整的样地

Notes: S represents the south, CK represents the control plot without structural adjustment, TZ represents the plot with structural adjustment

1.3 土壤样品采集测定

在每个样方内按照“S”形选取 3个土壤采样点均匀混合采样,先去除土壤表面的凋落物,采集

0~20 cm土壤样品。剔除根、石块等杂质混合土样,放入消毒无菌的自封袋,置于 4℃冷藏箱保存并尽快带回实验室,过 2 mm筛,一部分保存于

-80 °C 冰箱中, 用于土壤微生物多样性分析; 另外一部分土壤样品自然风干, 用于土壤理化性质分析。

有机质 SOM 含量采用重铬酸钾氧化-分光光度法测定; 全氮 TN 含量采用凯氏定氮法测定 (LY/T 1228-2015) [18]; 速效氮 (AN) 采用碱解扩散法测定; 全磷 (TP) 和速效磷 (Olsen-P) 采用等离子发射光谱法 (仪器名称 IRIS Intrepid II XSP) 测定, pH 采用 pH 酸度计法 (仪器名称 HANNA pH 211 酸度计)。

1.4 土壤 DNA 提取、PCR 扩增和测序

利用 MP-Fast DNA Spin kit for soil 试剂盒 (Omega Biotek, Norcross, GA, U.S.) 进行土壤 DNA 提取, DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop 2000 进行检测, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量; 细菌利用 515F(GTGCCAGCMGCCGCGG) 和 907R(CCGTCAATTCMTTTRAGTTT) 引物对 V4-V5 可变区进行 PCR 扩增, 真菌利用 ITS1 (CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA) 和 ITS2 (GCTGCGTTCTTCATCGATGC) 引物进行 PCR 扩增, 利用 Miseq 2 × 250 bp 测序 (上海天昊生物科技有限公司)。

1.5 数据处理

基于 OTU 计算 Chao1 丰度指数, 覆盖度 (Coverage) 和 Shannon 多样性指数。在门水平上统计每个样品的群落组成, 进行主成分分析 (PCA)。利用冗余分析 (RDA) 研究土壤化学指标与微生物群落关系。利用 SPSS18.0 软件, 通过单因素方差分析 (One-way analysis) 对各样地之间的显著性差异进行分析, 采用 Pearson 相关系数对微生物丰度和土壤理化性质进行相关性分析。

2 结果与分析

2.1 结构调整对油松人工林土壤理化性质的影响

对多次结构调整的油松人工林和 CK 样地的土壤理化性质进行测定, 每个样地土壤理化性质以所有测定值的平均值表征。结果显示, 与 CK 样地相比, 多次结构调整后的油松人工林土壤化学性质差异显著 (表 2)。土壤有机质、全氮、碱解氮、Olsen-P、pH 值均显著低于 CK 对照样地 ($p < 0.05$)。土壤 C/N 略高于对照样地, 但差异不显著。由此可见, 结构调整后油松人工林土壤养分较对照样地有所降低, 但 C/N 值差异不大。

表 2 结构调整前后的土壤理化性质

Table 2 Physical and chemical properties of soil before and after structural adjustment

样地 Plots	有机质 SOM/ (g·kg ⁻¹)	全氮 TN/ (g·kg ⁻¹)	全磷 TP/ (g·kg ⁻¹)	pH	C/N	碱解氮 AN/ (mg·kg ⁻¹)	速效磷 Olsen-P/ (mg·kg ⁻¹)
CK	69.01 ± 4.00 a	3.35 ± 0.25 a	0.65 ± 0.13 a	7.15 ± 0.62 a	20.52 ± 0.45 a	285.93 ± 6.62 a	6.51 ± 0.35 a
TZ	48.73 ± 7.05 b	2.26 ± 0.45 b	0.47 ± 0.15 a	6.47 ± 0.30 b	21.51 ± 1.65 a	180.38 ± 26.59 b	4.89 ± 0.18 b

注: 表中数据为均值 ± 标准差 (n=3), 不同小写字母表示不同处理之间差异显著 ($p < 0.05$)

Notes: Different lowercase letters indicate significant differences between different treatments ($p < 0.05$)

2.2 结构调整对油松人工林土壤门水平的细菌结构的影响

对未进行结构调整的油松人工林对照样地 CK 进行采样, 共采集到细菌涉及 35 门 63 纲 76 目 (图 1a), 相对丰度大于 1% 的主要细菌门类有: 变形菌门 (Proteobacteria, 29.5%)、酸杆菌门 (Acidobacteria, 21.14%)、放线菌门 (Actinobacteria, 14.74%)、浮霉菌门 (Planctomycetes, 5.87%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes, 5.77%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 3.55%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, 3.42%), candidate_division_WPS-1, 2.06%、疣

微菌门 (Verrucomicrobia, 1.84%)、匿杆菌门 (Latescibacteria, 1.11%)、厚壁菌门 (Firmicutes, 1.60%)、糖化细菌门螺旋体菌门 (Candidatus_Saccharibacteria, 1.59%)、装甲菌门 (Armatimonadetes, 1.44%)。另外, 还检测到一些, 如: 迷踪菌门 (Elusimicrobia)、衣原体门 (Chlamydiae)、小基因组菌总门 (Microgenomates)、俭菌总门 (Parcubacteria)、Ignavibacteriae、BRC1、Cyanobacteria、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae)、Hydrogenedentes 等, 相对丰度之和为 2.7%。其中相对丰度超过 7% 的门有变形菌门、放线菌门和酸杆菌门。

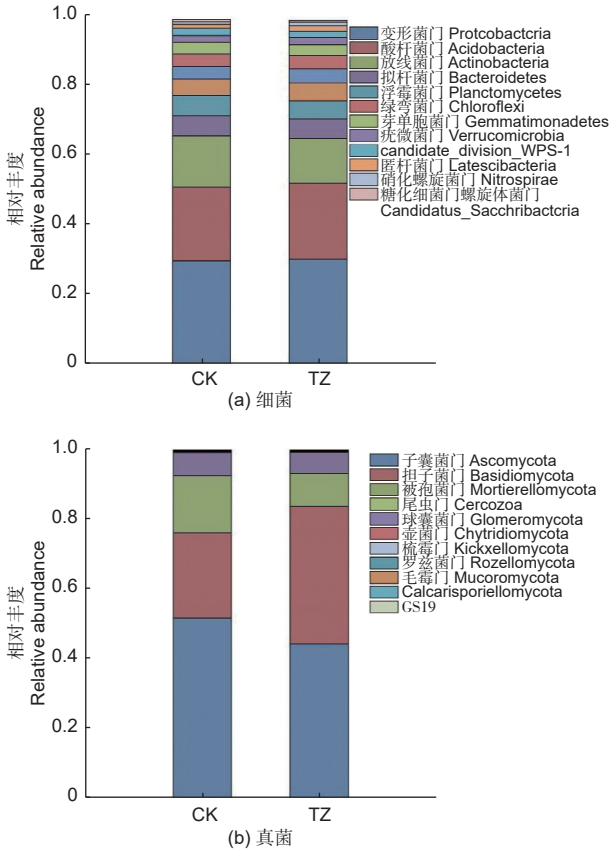


图 1 结构调整后油松人工林土壤微生物类群门水平物种组成

Fig. 1 Histogram of species composition of soil bacterial species in *Pinus tabulaeformis* plantations after structural

结构调整后的油松林 TZ 样地中土壤微生物类群，经过数据质控和去除嵌合体，总共获得 OTU17 262 个，34 门 63 纲 78 目，涉及主要的细菌门类为：变形菌门（30.03%）、酸杆菌门（21.8%）、放线菌门（12.88%）、拟杆菌门（5.5%）、浮霉菌门（5.27%）、绿弯菌门（3.88%）、芽单胞菌门（3.05%）、疣微菌门（2.12%）、(candidate_division_WPS-1, 1.85%)、匿杆菌门（1.51%）、硝化螺旋菌门（1.02%）。另外，还检测到一些，如：糖化细菌门螺旋体菌门、厚壁菌门、装甲菌门、衣原体门、俭菌总门、迷踪菌门、衣原体门、迷踪菌门、Ignavibacteriae、杂食菌门 (Omnitrophica) 等，相对丰度之和为 2.08%。其中相对丰度超过 7% 的门有变形菌门、放线菌门和酸杆菌门。结构调整后样地细菌类群和对照样地一样，主要由这三个菌门的细菌构成 (图 1a)。

由图 2 (a) 可以看出，进行结构调整后，土壤微生物类群发生一定的变化，在门水平上，TZ 样地的土壤细菌变形菌门、酸杆菌门要高于对照样地，而 TZ 样地的放线菌门、浮霉菌门、拟杆菌门要低于对照样地 CK。

2.3 油松人工林结构调整前后土壤门水平的真菌结构

油松人工林未进行结构调整的 CK 对照样地，

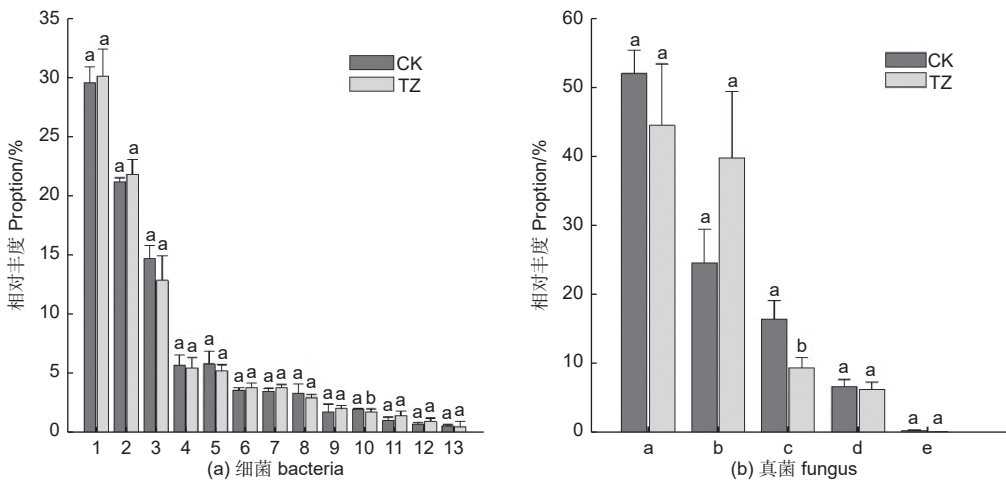


图 2 结构调整后油松人工林土壤微生物类群门水平比例图

Fig. 2 Ratio diagram of soil bacterial flora in *Pinus tabulaeformis* plantations before and after structural adjustment

注/Notes:图 a:1—变形菌门 (Proteobacteria), 2—酸杆菌门 (Acidobacteria), 3—放线菌门 (Actinobacteria), 4—拟杆菌门 (Bacteroidetes), 5—浮霉菌门 (Planctomycetes), 6—未定菌 (Unassigned), 7—绿弯菌门 (Chloroflexi), 8—芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes), 9—疣微菌门 (Verrucomicrobia), 10—candidate_division_WPS-1, 11—匿杆菌门 (Latescibacteria), 12—硝化螺旋菌门 (Nitrospirae), 13—糖化细菌门螺旋体菌门 (Candidatus_Saccharibacteria)。图 b:a—子囊菌门 (Ascomycota), b—担子菌门 (Basidiomycota), c—被孢菌门 (Mortierellomycota), d—未定菌 (Unassigned), e—罗兹菌门 (Rozellomycota)

共采集到真菌涉及 14 门 42 纲 111 目 (图 1b), CK 油松纯林中的主要真菌门类为: 子囊菌门 (Ascomycota, 51.7%)、担子菌门 (Basidiomycota, 24.42%)、被孢菌门 (Mortierellomycota, 16.32%), 另外还检测到一些如: 尾虫门 (Cercozoa)、球囊菌门 (Glomeromycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、梳霉门 (Kickxellomycota)、罗兹菌门 (Rozellomycota)、毛霉门 (Mucoromycota)、Calcarisporiellomycota、GS19 等, 相对丰度之和为: 0.93%。其中相对丰度超过 7% 的门有子囊菌门、担子菌门、被孢菌门。

结构调整后的油松纯林 TZ 样地经过数据质控和去除嵌合体, 共获得真菌 OTU 5 926 个, 涉及 15 门 44 纲 116 目, 相对丰度超过 7% 的主要真菌门类为: 子囊菌门 (44.22%)、担子菌门 (39.48%)、被孢菌门 (9.35%) (图 1b)。另外还检测到一些如球囊菌门 (1.32%)、尾虫门、壶菌门、罗兹菌门、梳霉门、毛霉门等, 相对丰度之和为 0.75%。

由图 2b 可以看出, 在土壤微生物真菌门水平上, 结构调整后的 TZ 样地子囊菌门, 被孢菌门要低于 CK 样地, 而结构调整后 TZ 样地的担子菌门要高于对照 CK 样地。说明结构调整后土壤真菌类群结构也产生相应变化。

2.4 结构调整前后油松人工林土壤微生物类群结构

对多个样品中所共有的 OTU 数目进行统计以反映样品的相似性以及重叠情况。对各样本细菌 OTU 矩阵进行分析 (图 3), 各样地细菌 OTU 数量总计为 17 947 个, 其中共有 OTU 8 652 个, 占比 48.21%。对对照样地的独有 OTU 1 956 个, 占比 10.90%; 结构调整后样地独有的 OUT 为 7 339 个, 占比 40.89%, 高于对照样地 29.99%, 结构调整后 TZ 样地独有土壤细菌 OUT 占比明显高于 CK 样地。

对各样本真菌 OTU 矩阵进行分析 (图 4), 各样地真菌总计 OTU 数量为 8 067 个, 其中共有 OUT 为 2 692 个, 占比 33.37%, 对对照样地 CK 独有 OTU 2 141 个, 占比 26.54%; 结构调整后样地独有的真菌 OUT 为 3 234 个, 占比 40.09%, 高于对照样地的 13.55%。结构调整后 TZ 样地独有

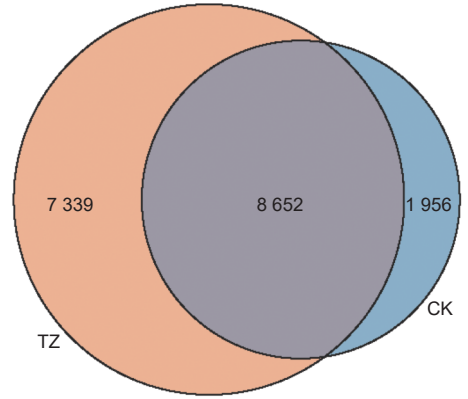


图 3 结构调整后油松人工林土壤细菌类群 Venn 图
Fig. 3 Venn diagram of soil bacterial community in *Pinus tabulaeformis* plantations before and after structural adjustment

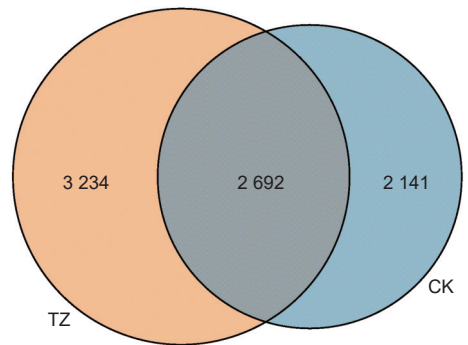


图 4 结构调整后油松人工林土壤真菌类群 Venn 图
Fig. 4 Venn diagram of soil fungi in *Pinus tabulaeformis* Plantation before and after structural adjustment

真菌 OUT 占比明显高于 CK 样地。

2.5 结构调整后油松人工林土壤微生物多样性与丰富度

由表 3 可知油松人工林进行结构调整后, 土壤菌群的丰富度和多样性有所改变。相较于对照样地, 结构调整后, 土壤中观察到的细菌 OUT 总数和真菌 OUT 总数均大于调整前。结构调整后的油松人工林样地土壤细菌类群和真菌类群的 Chao1 指数都显著高于调整前。结构调整后的油松人工林样地土壤 ACE 指数也要显著高于调整前 ($p < 0.05$) (图 5a、b)。由此可见, 结构调整后, 土壤微生物群落的丰富度比调整前有了显著提升, 土壤微生物群落更加丰富。结构调整后油松人工林的土壤真菌与细菌的多样性 (Shannon 和 Simpson 指数) 在结构调整前后差异不显著 ($p > 0.05$) (表 3)。

表 3 结构调整前后土壤微生物类群丰富度与多样性指数表

Table 3 Soil microbial community richness and diversity index before and after structural adjustment

类型 Microbial type	林型 Forest type	Observed	Chao1	ACE	Shannon	Simpson
真菌 Fungi	TZ	2 085.33 ± 192.18 a	3 085.36 ± 243.23 a	3 098.72 ± 211.11 a	4.67 ± 0.23 a	$3.29 \times 10^{-2} \pm 6.28 \times 10^{-3}$ a
	CK	1 730.83 ± 44.31 b	2 287.53 ± 82.00 b	2 290.22 ± 98.74 b	4.79 ± 0.04 a	$2.25 \times 10^{-2} \pm 3.89 \times 10^{-4}$ a
细菌 Bacteria	TZ	6 530.5 ± 371.93 a	10 787.59 ± 637.49 a	10 635.7 ± 656.84 a	6.91 ± 0.06 a	$3.83 \times 10^{-3} \pm 2.51 \times 10^{-4}$ a
	CK	5 185.17 ± 376.38 b	7 315.26 ± 548.3 b	7 309.20 ± 540.79 b	6.76 ± 0.10 a	$3.85 \times 10^{-3} \pm 6.49 \times 10^{-4}$ a

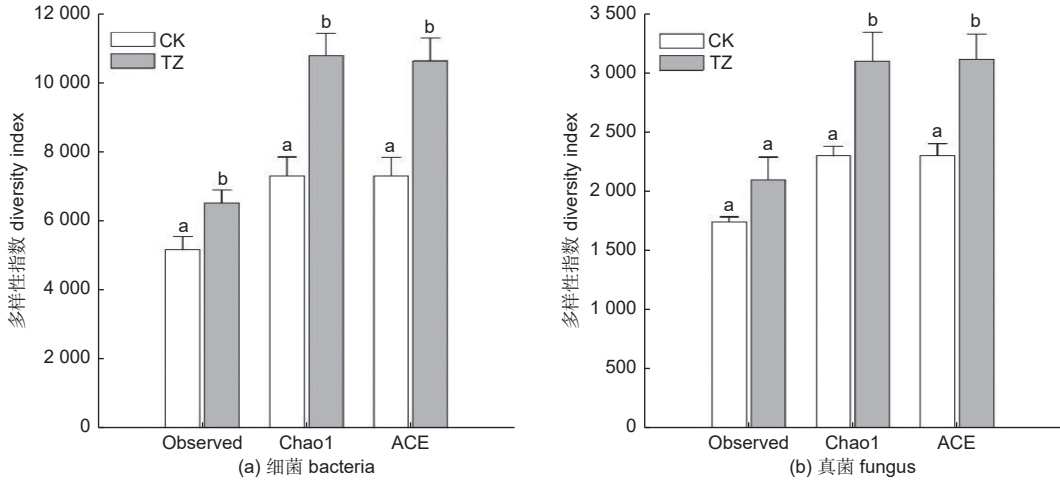


图 5 结构调整油松人工林样地土壤微生物丰富度对比

Fig. 5 Comparison of soil bacterial abundance in *Pinus tabulaeformis* plantations before and after structural adjustment

2.6 油松人工林环境因子对土壤微生物结构的影响

为研究油松人工林下土壤微生物与土壤环境因子的关系,对油松人工林 CK 与 TZ 样地基于 OTU 水平细菌群落与土壤理化性质进行 RDA 分析,对于油松人工林土壤细菌群落与环境的 RDA 分析显示(图 6),RDA 前两个排序轴分别解释了 35.93%、19.78% 的细菌多样性变化,6 个主要的土壤理化因子共解释了 55.71% 的总特征值,表明前两轴的贡献值可以较好地解释各因子对土壤细菌群落结构的影响。结构调整对油松对人工林下细菌群落有显著性影响。其中对土壤细菌多样性影响较大的有 SOM ($r^2=0.64$), TN ($r^2=0.66$), TP ($r^2=0.44$), AN ($r^2=0.59$), pH ($r^2=0.93$), 与第一轴的相关性较大。速效磷 ($r^2=0.68$) 与轴 2 的相关性较大。pH、SOM、TN、AN、速效磷是影响油松人工林下细菌类群变化的主要驱动因子 ($p < 0.05$),具有显著的协同作用。

基于 OTU 水平真菌群落与土壤理化性质进行 RDA 分析,对于油松人工林下的真菌群落(图 7),

RDA 前两个排序轴分别解释了 25.23% 和 22.08% 的真菌多样性变化,解释了 47.31% 的总特征值,其中对土壤真菌多样性影响较大的有 SOM ($r^2=0.87$)、TN ($r^2=0.92$)、AN ($r^2=0.96$)、pH ($r^2=$

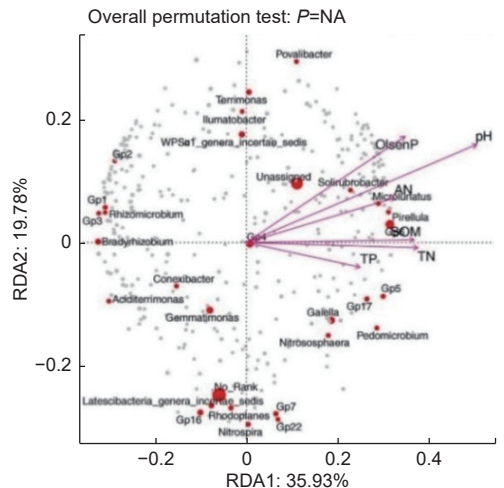


图 6 细菌群落与环境因子的 RDA 分析

Fig. 6 RDA analysis of bacterial communities and environmental factors

0.61) 和 Olsen-P ($r^2=0.88$), 与第一轴的相关性较大。TP ($r^2=0.75$) 与第二轴的相关性较大。表明 SOM、TN、TP、AN、pH 和 Olsen-P 是驱动油松人工林下土壤真菌类群变化的主要因子。SOM、TN、TP、AN、和 Olsen-P ($p<0.05$) 具有显著的协同作用。

对油松人工林土壤微生物多样性和土壤化学性质进行 Pearson 相关分析, 结果 (表 4) 显示, 细菌群落 Observed、Chao1、ACE 与 SOM、TP 呈现显著负相关 ($p<0.05$), 与 TN、AN 呈现极显著负相关 ($p<0.01$), 细菌群落 Simpson 多样性与 pH 值呈现显著负相关 ($p<0.05$), Shannon 多样性与 C/N 呈现显著正相关 ($p<0.05$)。真菌群落的 Observed、Chao1、ACE 与 TN、AN 呈现显著负相关 ($p<0.05$), 而 Simpson 和 Shannon 多样性与环境的相关性不明显 ($p>0.05$)。

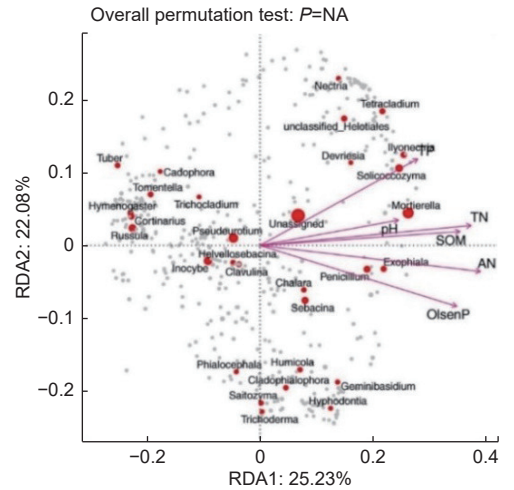


图 7 真菌群落与环境因子的 RDA 分析

Fig. 7 RDA analysis of fungal communities and environmental factors

表 4 土壤微生物多样性与土壤化学性质的相关性

Table 4 Correlation between soil bacterial diversity and soil chemical properties

Pearson相关性 Pearson correlation	有机质 SOM/ (g·kg ⁻¹)	全氮 TN/ (g·kg ⁻¹)	全磷 TP/ (g·kg ⁻¹)	速效氮 AN/ (g·kg ⁻¹)	速效磷 Olsen-P/ (g·kg ⁻¹)	pH	C/N	
细菌 bacteria	Observed	-0.829*	-0.943**	-0.886*	-0.943**	-0.657	-0.429	0.643
	Chao1	-0.829*	-0.943**	-0.886*	-0.943**	-0.657	-0.429	0.538
	ACE	-0.829*	-0.943**	-0.886*	-0.943**	-0.657	-0.429	0.538
	Shannon	-0.486	-0.657	-0.771	-0.657	-0.086	0.143	0.797*
	Simpson	-0.314	-0.257	-0.086	-0.257	-0.657	-0.886*	0.086
真菌 fungus	Observed	-0.771	-0.829*	-0.714	-0.829*	-0.6	-0.314	0.314
	Chao1	-0.771	-0.829*	-0.714	-0.829*	-0.6	-0.314	0.314
	ACE	-0.771	-0.829*	-0.714	-0.829*	-0.6	-0.314	0.314
	Shannon	0.143	-0.143	-0.314	-0.143	0.2	-0.086	0.6
	Simpson	-0.6	-0.543	-0.257	-0.543	-0.771	-0.257	-0.143

注/Notes: ** $p<0.01$, * $p<0.05$

3 讨论

3.1 结构调整干扰后油松人工林土壤微生物类群构成

3.1.1 土壤细菌类群 本文对油松人工林结构调整干扰后的林下土壤微生物类群特征进行了研究, 鉴定出变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria) 等均是油松人工林 CK 与 TZ 样地的优势菌门。研究显示, 植被类型及组成种很大程度上能够决定土壤细菌和真菌的群落结构^[19], 所以, 进行结构调整

虽然会对森林结构、植被覆盖率等产生一定的影响, 但调整前后油松人工林依然具有类似的生境, 所以两个样地仍具有相似的微生物群落组成结构, 但在不同层次分类水平上的丰度不同。

对油松人工林进行以目标树经营为主的多次结构调整后, 森林郁闭度降低, 林下的微气候环境随之发生了改变, 植被光合作用增强, 提高了对土壤养分的利用率, 根系分泌物变化, 影响了土壤微生物群落。变形菌门属于异养型细菌^[20], 该门类包含很多能与植物共生的固氮细菌, 有益于土壤固氮^[21]。

油松人工林进行结构调整后,土壤细菌变形菌门高于对照样地 CK。可见多次结构调整能够提高油松人工林土壤中固氮菌的比例。酸杆菌门在酸性条件下的相对丰度较高^[22]。油松人工林进行多次结构调整后,土壤 pH 值较调整前的对照样地有所降低,更适于酸杆菌门的生存,说明多次结构调整后,油松人工林土壤养分环境出现酸化的倾向,更适合酸杆菌门的生存。

放线菌是土壤中最重要有机质分解者之一^[23]。是常见的 k 策略细菌^[24],降解稳定的高分子化合物^[25]。油松人工林进行多次结构调整后,密度大幅降低,枯落物减少,土壤碳输入降低。放线菌宜在有氧环境中生活^[26],油松人工林土壤经多次人为活动干扰后更为紧实,土壤氧含量降低,导致放线菌数量受影响降低。变形菌门属于典型的 r 策略细菌^[27],一些容易分解的有机质会刺激 r 对策的细菌快速增长。结构调整提高了油松人工林对养分和光照的利用率,促进了油松根系的进一步生长,产生的根系分泌物会刺激 r 对策的变形菌门增加^[35],这类细菌的增长放过来也会导致对土壤有机质的降解的增加。变形菌门细菌的增加表明土壤微生物细菌类群在向固氮和更利于土壤有机质分解的方向转化。

3.1.2 土壤真菌类群 森林土壤真菌主要利用植物凋落物及根系分泌物来维持生活,凋落物的丰富程度和品质高低直接决定微生物的数量及群落结构^[28]。TZ 样地与 CK 样地土壤真菌在组成上具有一定的相似性,均是子囊菌门为优势菌种,担子菌次之,但在门、纲和属的相对丰度上存在一定差异,这种相似性可以作为衡量土壤稳定性的指标。该研究结果与湖南杉木人工林^[29]、关帝山森林土壤^[30]、辽西北风沙区^[31]土壤中优势真菌门类群相一致。担子菌和子囊菌在通气好的土壤条件下生长较好^[32],构成了油松人工林下土壤有机质的主要分解者^[33]。担子菌门一般与植物根系形成共生,结构调整后,油松人工林林分密度降低,林下清理较为干净,油松根系进一步发展,更利于担子菌的生长。子囊菌多分解油松人工林凋落物中难以分解的木质素、单宁、树脂和蜡质等物质。结构调整后油松人工林凋落物输入减少,土壤有机质降低,C/N 增加,pH 降低,土壤偏酸化,表明土壤分解难度增加,这对腐生性真菌影响最大^[34]。子囊菌是

营腐生、寄生等方式的微生物,受土壤环境影响而丰富度降低。多次结构调整后,子囊菌门,被孢菌门均低于 CK 样地,土壤担子菌丰度的增加,林下土壤真菌类群由子囊菌占主导地位向担子菌子囊菌共同占主导的方向转变。

3.2 结构调整对油松人工林土壤微生物多样性的影响

油松人工林进行多次结构调整后,采伐活动带来的土壤扰动以及植被损失造成一定的水土流失,同时油松人工林内密度降低,空隙增大,更利于目标树的生长,加剧了根系对养分的摄取。TZ 样地内土壤养分含量显著低于 CK 样地 ($p < 0.05$),导致油松人工林土壤微生物的类群结构也随之发生明显变化,TZ 样地土壤微生物的种类和数量都要高于 CK 样地,样地细菌和真菌的独有种类也大于对照样地,与万盼的研究结果类似^[2]。土壤微生物多样性 Shannon 指数和 Simpson 指数无显著差异,但 Chao1 指数和 ACE 指数显著高于 CK 样地,表明结构调整前后,油松人工林均能保持土壤生态系统的功能多样性,但结构调整导致林内土壤微生物的丰富度显著提升,增加了地下的生态位。结构调整后油松人工林样地土壤 pH 值低于对照样地,土壤细菌的群落多样性与 SOM、TN、TP、AN 和 pH 值、C/N 呈现显著的相关性,而真菌的多样性则与 TN 和 AN 显著相关,机构调整后细菌对土壤养分环境更为敏感,这可能与真菌群落对土壤 pH 适应范围较宽有关^[31],真菌是生态幅度较广的菌群,而细菌则比较敏感^[35]。RDA 分析显示,pH、SOM、TN、AN 是驱动油松人工林林下土壤微生物类群变化的主要驱动因子。结构调整后土壤有机质和 TN、AN 显著低于对照样地。

4 结论

油松人工林生长过程中,结构的不合理会导致林分问题逐渐凸显,进行结构调整有助于提高林分质量。进行多次结构调整后,土壤微生物类群结构发生了明显变化。(1)土壤微生物类群结构较 CK 样地更加丰富,固氮菌比例提高,微生物多样性增加,表明多次结构调整后土壤微生物未趋于稳定,仍处于恢复阶段;(2)采伐扰动带来的养分变化影响了土壤微生物的生存环境,更利于适应酸性环境的微生物生存,使微生物类群向更利于土壤

有机质分解的方向转化; (3) pH、SOM、TN、AN 是驱动油松人工林林下土壤微生物类群变化的主要驱动因子。因此, 在进行多次结构调整后的恢复期要注意改善土壤养分条件, 增强土壤微生物类群的稳定性和多样性, 有助于提高油松人工林生态系统的稳定。

致谢: 感谢京津冀华北平原森林生态系统国家定位观测研究站。

参考文献:

- [1] 王 玲. 油松人工林植被-凋落物-土壤特征的密度效应[D]. 北京: 北京林业大学, 2020.
- [2] 万 盼, 胡艳波, 张弓乔, 等. 甘肃小陇山油松与柴胡栽培土壤细菌群落特征[J]. 生态学报, 2018, 38 (17): 6016-6024.
- [3] 张晓红, 张会儒, 卢 军, 等. 美国目标树经营体系及其经营效果研究进展[J]. 世界林业研究, 2016, 29 (1): 91-96.
- [4] JOVARD M, PESSIOT J, NOUAILLE R, *et al.* Microbial diversity supporting dark fermentation of waste[J]. Trends Biotechnol, 2014, 32(11): 549-550.
- [5] 陈 悦, 吕光辉, 李 岩. 独山子区优势草本植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. 生态学报, 2018, 38 (9): 3110-3117.
- [6] BLANCO J A, IMBERT J B, CASTILLO F J. Influence of site characteristics and thinning intensity on litterfall production in two *Pinus sylvestris* L. Forests in the western Pyrenees[J]. Forest Ecology and Management, 2006, 237(1-3): 342-352.
- [7] 段梦成. 抚育间伐对油松人工林群落特征的影响[D]. 北京: 中国科学院大学, 2018.
- [8] 武朋辉, 白高平, 党坤良, 等. 抚育间伐对秦岭南坡油松中龄林生长的影响[J]. 中南林业科技大学学报, 2017, 37 (1): 20-26.
- [9] 邓娇娇, 周永斌, 殷 有, 等. 油松和蒙古栎混交对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2017, 36 (11): 3028-3035.
- [10] 党 鹏. 黄土高原油松林土壤微生物及其对抚育间伐的响应[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2018.
- [11] 刘志宇, 张忠辉, 杨凯麟, 等. 不同经营方式的云冷杉针阔混交林土壤真菌群落结构[J]. 东北林业大学学报, 2023, 51 (3): 124-129.
- [12] 喻素芳, 余光辉, 李远发, 等. 马尾松林经不同强度采伐后与肉桂混交对土壤微生物功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2017, 36 (9): 2438-2446.
- [13] ZUO X A, WANG S K, LV P, *et al.* Plant functional diversity enhances associations of soil fungal diversity with vegetation and soil in the restoration of semiarid sandy grassland[J]. Ecology & Evolution, 2016, 6(1): 318-328.
- [14] 张 辉, 蔡一冰, 胡亚楠, 等. 目标树经营模式对杉木人工林生长及土壤肥力的短期影响[J]. 西北林学院学报, 2022, 37 (1): 191-197.
- [15] 张晓红, 张会儒. 蒙古栎次生林垂直结构特征对目标树经营的响应[J]. 北京林业大学学报, 2019, 41 (5): 56-65.
- [16] 任 蕾, 徐端妙, 吴初平, 等. 杉木人工林目标树经营技术参数的研究[J]. 浙江林业科技, 2019, 39 (2): 1-6.
- [17] 石 乐, 李际平, 赵春燕, 等. 基于林木竞争关系的闽楠人工林目标树密度研究[J]. 林业资源管理, 2017 (4): 37-43.
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 271-272.
- [19] 雷 蕾. 马尾松林土壤呼吸与微生物对不同采伐方式的响应[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2015.
- [20] WYNN J G, BIRD M I, VELLE L, *et al.* Continental-scale measurement of the soil organic carbon pool with climatic, edaphic, and biotic controls[J]. Global Biogeochemical Cycles, 2006, 20(1): 1-12.
- [21] 陈 进, 徐 明, 邹 晓, 等. 黔中地区马尾松林土壤细菌群落结构特征研究[J]. 微生物学杂志, 2021, 41 (4): 12-22.
- [22] BARMS S M, CAIN E C, Sommerville, *et al.* Acidobacteria phylum sequences in uranium-contaminated subsurface sediments greatly expand the known diversity within the phylum[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(9): 3113-3116.
- [23] HARTMANN M, HOWES C G, VANINSBERGHE D, *et al.* Significant and persistent impact of timber harvesting on soil microbial communities in Northern coniferous forests[J]. The ISME Journal., 2012, 6(12): 2199-2218.
- [24] 杨世福, 马玲玲, 陈芸芝, 等. 鼎湖山季风常绿阔叶林演替系列土壤细菌群落的变化特征[J]. 生态环境学报, 2022, 31 (12): 2275-2282.
- [25] 高尚坤. 马尾松人工林不同营林措施下土壤微生物群落特征及其响应机制研究[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2017.
- [26] LIU J, JIA X Y, YAN W N, *et al.* Changes in soil microbial community structure during long-term secondary succession[J]. Land Degradation and Development, 2020, 31(9): 1151-1166.
- [27] FIERER N, BRADFORD M A, JACKSON R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [28] ZHANG C, LIU G B, SONG Z L, *et al.* Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 124: 47-58.
- [29] 何苑焯, 周国英, 王圣洁, 等. 杉木人工林土壤真菌遗传多样性[J]. 生态学报, 2014, 34 (10): 2725-2736.
- [30] 乔沙沙, 周永娜, 柴宝峰, 等. 关帝山森林土壤真菌群落结构与遗传多样性特征[J]. 环境科学, 2017, 38 (6): 2502-2512.
- [31] 邓娇娇, 朱文旭, 张 岩, 等. 辽西北风沙区不同人工林土壤真菌群落结构及功能特征[J]. 林业科学研究, 2020, 33 (1): 44-54.
- [32] 隋 心, 张荣涛, 许 楠, 等. 三江平原不同退化阶段小叶章湿地土壤真菌群落结构组成变化[J]. 环境科学, 2016, 37 (9): 3598-3605.

- [33] YELLE D J, RALPH J, LU F, *et al.* Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(7): 1844-1849.
- [34] KIVLIN S N, HAWKES C V. Tree species, spatial heterogeneity, and seasonality drive soil fungal abundance, richness, and composition in Neotropical rainforests[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(12): 4662-4673.
- [35] 秦 红, 李昌晓, 任庆水. 不同土地利用方式对三峡库区消落带土壤细菌和真菌多样性的影响[J]. *生态学报*, 2017, 37 (10): 3494-3504.

Dynamics of Soil microbial Groups in *Pinus tabulaeformis* Plantation in Response to Stand Structure Adjustment

FA Lei¹, PEI Shun-xiang¹, DU Man-yi¹, MA Shu-min¹, WU Sha¹, WU Di¹,
WANG Hai-xia¹, LI Jia-lin¹, XU Ji-huang²

(1. Experimental Center of Forestry in North China, Chinese Academy of Forestry, Beijing Jiulong Mountain National Long-term Scientific Research Base of Warm Temperate Forests, Beijing 102300, China; 2. Experimental center of tropical forestry Chinese academy of forestry, Pingxiang 532600, Guangxi, China)

Abstract: [Objective] We explore the response mechanism of soil microbial community structure dynamics to the interference of stand structure adjustment in order to evaluate the impact of management treatment on the ecosystem of *Pinus tabulaeformis* Plantation. [Methods] Based on *Pinus tabulaeformis* plantations in Zhongtiao Mountain, Shanxi Province, we explored the group composition and diversity of soil microorganisms under the stand structure adjustment through the high-throughput sequencing technology to analyze the composition and structure, diversity of soil microbial community and its correlation with environmental factors. [Results] The results showed that stand structure adjustment could reduce the pH value of soil and the content of soil nutrients. The dominant flora of soil microorganisms did not change significantly. *Proteus*, *actinomycetes* and *Acidobacteria* were the dominant bacterial groups in the soil of *Pinus tabulaeformis* plantation, while the dominant fungal groups were *Ascomycetes*, *Basidiomycetes* and *Mortierella*. The richness of soil microorganisms in *Pinus tabulaeformis* plantation increased significantly after adjustment, but the difference was not significant. RDA analysis showed that pH, total nitrogen, soil organic matter and available nitrogen were the main factors driving changes in soil microbial community structure. [Conclusion] The treated *Pinus tabulaeformis* plantation is still in the disturbance recovery period. The microbial community structure is similar to that of the control treatment, but is more abundant in *Pinus tabulaeformis* plantation after stand structure adjustment, which improves the proportion of nitrogen fixing bacteria in the soil. The increase in *Proteobacteria* and *Basidiomycota* leads to soil microorganisms shift towards organic matter decomposition.

Keywords: *P. tabuliformis* plantation; structural adjustment; target tree management; soil microorganism; soil microbial community structure

(责任编辑: 张 研)