

不同土地利用方式下第四纪古红土 细菌和真菌群落特征

张程程¹, 孙仲秀^{1*}, 王秋兵¹, 姜荧荧², 段斯译¹, 张永威¹, 孙福军¹

(1. 沈阳农业大学土地与环境学院, 110866; 2. 沈阳工学院, 113122)

摘要:【目的】明确不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌群落特征, 为古红土健康评价提供重要的生物性状数据, 并为古红土资源的合理利用和科学管理提供指导。【方法】以疏林荒草地、荒草地、林地、耕地第四纪古红土和附近处于同一地层的埋藏第四纪古红土为研究对象, 并以埋藏古红土作为对照组, 利用高通量测序技术对不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌群落的丰富度、多样性和群落组成的变化进行分析, 结合古红土理化性状, 系统揭示不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌的群落特征。【结果】①不同土地利用方式下第四纪古红土间微生物 α 多样性指数存在显著差异, 较埋藏古红土, 疏林荒草地、荒草地、林地和耕地古红土的细菌丰富度指数和多样性指数以及真菌的丰富度指数均显著增加, 耕地的真菌多样性指数显著降低。②埋藏古红土出露地表后不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌优势菌群的相对丰度发生显著变化。较埋藏古红土, 其他不同土地利用方式下古红土中变形菌门的相对丰度均显著降低, 酸杆菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门的相对丰度均显著增加; 疏林荒草地、荒草地和林地的子囊菌门的相对丰度显著降低, 疏林荒草地和耕地的担子菌门的相对丰度显著增加, 林地的被孢霉门的相对丰度显著增加。③古红土细菌和真菌群落的主坐标分析以及层次聚类分析显示, 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌群落结构发生变化, 其中, 荒草地与林地的群落结构最为相近。【结论】埋藏古红土出露地表后不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌丰富度、多样性以及群落组成都发生显著变化。研究结果可为开展古红土健康状况评价提供重要的生物性状数据, 并为科学地管理与利用古红土资源奠定基础。

关键词: 不同土地利用方式; 第四纪古红土; 土壤微生物; 细菌; 真菌; 群落特征

中图分类号: S154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 0564-3945(2023)04-0897-16

DOI: 10.19336/j.cnki.trtb.2022061407

张程程, 孙仲秀, 王秋兵, 姜荧荧, 段斯译, 张永威, 孙福军. 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌和真菌群落特征 [J]. 土壤通报, 2023, 54(4): 897-912

ZHANG Cheng-cheng, SUN Zhong-xiu, WANG Qiu-bing, JIANG Ying-ying, DUAN Si-yi, ZHANG Yong-wei, SUN Fu-jun. Characteristics of Bacterial and Fungal Communities in Quaternary Red Soils under Different Land-use Patterns[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2023, 54(4): 897-912

【研究意义】土壤微生物是土壤生态系统最为活跃的因素^[1], 能驱动土壤养分循环过程, 是土壤肥力的重要组成部分, 是维持土壤健康的关键因素^[2]。其中, 土壤细菌和真菌群落参与土壤的物质循环和能量流动^[3-4], 影响土壤有机质的转化与土壤团聚体形成, 能够促进植物生长^[5], 调节土壤微环境^[6]。同时, 它们的群落结构对土壤的生产能力、抗环境胁迫能力和生态系统功能发挥以及可持续发展起着至关重要的作用^[7-8], 对土壤环境的变化非常敏感, 能够及时反映土壤健康状况变化, 是衡量土壤健康重

要的生物学指标^[9]。

【前人研究进展】目前, 对不同土地利用方式下黑土、盐碱地以及黄土的微生物群落、酶活性等研究较多。在典型黑土区, 与裸地相比, 草地中土壤有机质含量增加^[10], 微生物丰富度增加; 盐碱地、耕地、园地和荒地利用方式下, 耕地土壤细菌群落丰富度和多样性大于园地和荒地^[11]; 黄土丘陵不同土地利用方式均改变了土壤养分含量^[12], 林地、天然草地和耕地利用方式下, 土壤微生物功能多样性变化较大, 总体趋势为林地 > 天然草地 > 耕地^[13], 不同

收稿日期: 2022-06-14; 修订日期: 2022-09-09

基金项目: 国家自然科学基金项目(42277285)、辽宁省教育厅科学研究经费项目(LSNQN202007)、辽宁地区黑土地健康评价体系构建与应用(2022JH2/101300167)、国家自然科学基金项目(41807002, 41771245)、科技基础资源调查专项课题(2021FY100405)、中国博士后科学基金面上项目(2018M640531)和辽宁省博士启动基金项目(20170520407)资助

作者简介: 张程程(2001-), 女, 辽宁省鞍山人, 在读本科。E-mail: 811806479@qq.com

*通讯作者: E-mail: sun19871001@126.com

酶活性随着撂荒年限的增加呈现出不同的变化趋势^[14]。而对不同土地利用方式下第四纪古红土微生物群落多样性和组成报道很少。

【本研究切入点】第四纪古红土颜色偏红，形成于第四纪早、中更新世湿热气候条件^[15]，在北纬 30°以南的地区分布广泛。古红土经历了一定程度的脱硅富铁铝和黏化过程，富含铁铝氧化物，因而颜色偏红、质地黏重^[16]。北方的古红土大多埋藏在地下，受到侵蚀、搬运等外营力的作用会露出地表。经过现代气候和人为活动等影响，经历了新的土壤发育过程，也经历侵蚀和结构破坏等。人为土地利用活动改变物质能量投入和地表覆被等，改变土壤物理、化学和生物学性质，影响土壤养分的循环与供应，从而影响微生物的群落特征^[17-18]，使古土壤性质更加复杂。

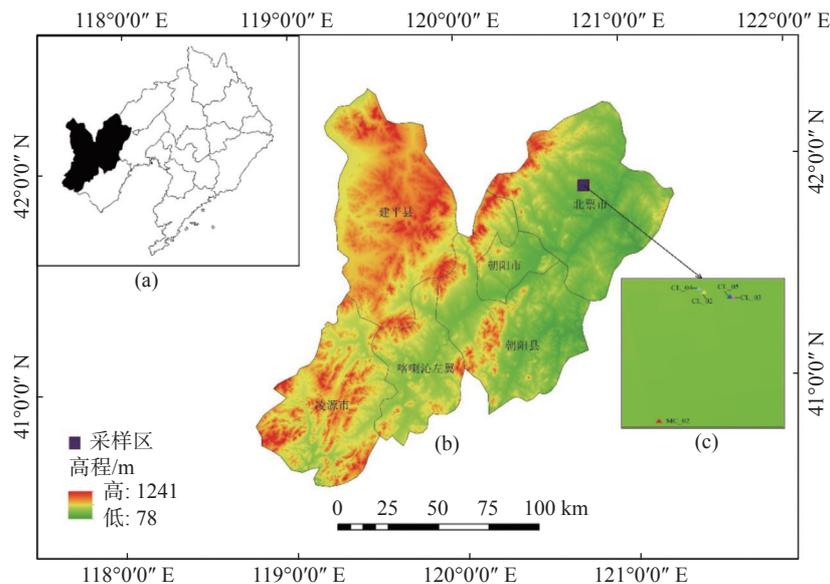
【拟解决的问题】本研究以广泛分布于辽宁省

朝阳市不同土地利用方式下的疏林荒草地、荒草地、林地和耕地等第四纪古红土为研究对象，与附近处于同一地层的埋藏古红土比较，分析不同土地利用方式下的第四纪古红土微生物的群落特征，研究结果为开展古红土健康状况评价提供重要数据，并为科学地管理与利用古红土资源奠定基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

通过查阅《中国土系志·辽宁卷》等土壤资料，同时结合野外考察，选取辽宁省朝阳市北票市为研究区（图 1），该区属于北温带大陆性季风气候，四季分明，雨热同期，日照充足，日温差较大，降水较少，年均日照时数 2850 ~ 2950 h，无霜期 120 ~ 155 d，年均气温 5.4 ~ 8.7 °C，年均降水量 450 ~ 580 mm。



注:a: 朝阳市在辽宁省位置; b: 研究区域位置; c: 局部放大获得的采样点分布图

图 1 研究区位置示意图

Fig.1 The location of the study area.

1.2 土壤样品采集

采样区域位于辽宁省朝阳市北票市五间房镇上油坊沟村。在同一个区域内，控制母质、地形、气候、生物以及时间等影响因素基本相同，选取不同土地利用方式下的疏林荒草地（CL_02）、荒草地（CL_03）、林地（CL_04）、耕地（CL_05）古红土（人为影响较大）和附近处于同一地层的埋藏在地下的古红土（MC_02）（人为影响较小，作为参比基准；土壤发生分类名称为北票红土（壤质红黏

土）^[19]）典型样地（图 2）。其中，疏林荒草地主要草本植物为黄背草，木本植物为荆条、春榆和油松等，植被覆盖度为 30%；荒草地主要植物为黄背草，植被覆盖度为 30%；林地主要植物为荆条、春榆等，植被覆盖度约为 35%；耕地生长季主要种植作物为玉米。使用直径为 3 cm 的土钻分别采集了疏林荒草地（CL_02）、荒草地（CL_03）、林地（CL_04）、耕地（CL_05）古红土和埋藏古红土（MC_02）的表层土壤样品。在每个样地，采集 0 ~ 20 cm 表层土壤

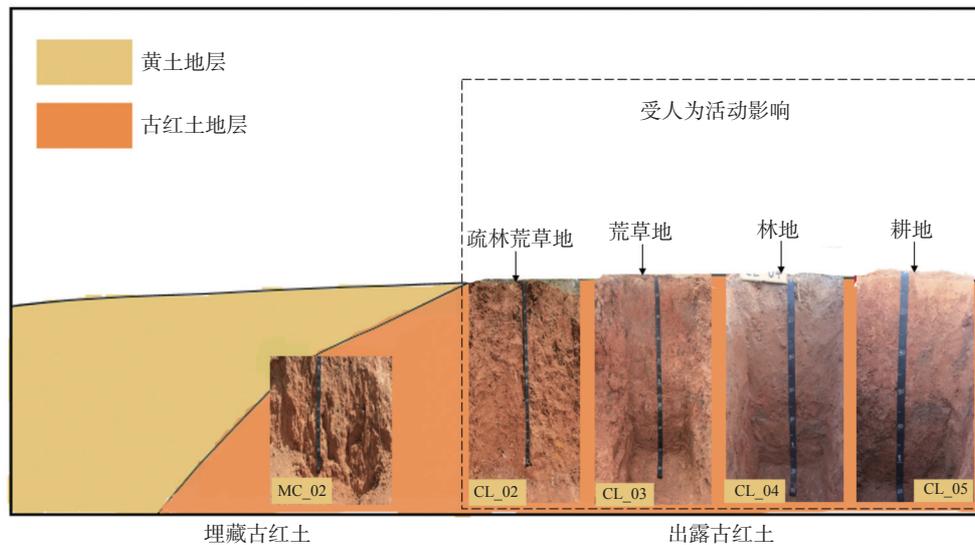


图2 古红土采样点分布示意图

Fig.2 The schematic distribution map of sampling sites

样品,使用内径为5 cm的土钻和100 cm³的环刀,沿“S”型曲线随机选取5点进行取样,戴无菌手套小心剔除根系残体与土壤表面凋落物,将同一处理土壤样品进行充分混合,形成一个混合样品,每个样地重复采样三次,分别装入无菌聚乙烯封口袋中,利用干冰进行保存运输,到达实验室立即放入-80 °C的冰箱保存,用于分析微生物群落结构。

1.3 测定方法

土壤化学指标测定:土壤pH采用玻璃电极法测定(土:水=1:2.5)^[20];土壤有机碳和全氮采用元素分析仪(Vario ELIII)测定,具体测定方法见文献^[21]。

土壤总DNA采用omega M5635-02试剂盒提取。提取方法按试剂盒说明书进行。DNA定量后,用核酸纯化仪纯化、质控,建立Illumina测序文库,在MiSeq机器上利用MiSeq Reagent Kit V3(600 cycles)进行2×250 bp的双端测序(派森诺生物,上海, <http://www.personalbio.cn>)。根据测序区域的选择,使用带Barcode的特异引物进行PCR扩增:338F(5'-barcode+ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增细菌16S rRNA基因V3V4区域,ITS5(5'-GGAA GTAAAAGTCGTAACAAGG-3')和ITS2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')扩增真菌ITS1基因区域。测序结果使用Vsearch方法去引物,拼接,质量过滤,去重,去嵌合体,聚类等步骤去除低质量序列,根据序列两端的序列结构和引物序列得出有效序列,校正序列方向。使用Vsearch软件将相似度阈

值97%以上的序列归为一个OTU(Operation Taxonomic Unit),生成OTU表格,采用QIIME2(2019.4)对OTU代表序列与16S rRNA基因序列数据库Greengenes和UNITE数据库进行比对,获得各个OTU的物种分类信息。

1.4 数据处理及分析

采用Excel 2019统计分析数据,用SPSS 26.0对数据进行单因素方差分析(One-way ANOVA)和最小显著差异法(LSD)检验差异显著性;采用Origin2021绘制图表。细菌和真菌测序数据已上传至组学原始数据存储归档库(GSA)(<http://bigd.big.ac.cn/gsa>),序列号分别为CRA008089和CRA008091。

2 结果与分析

2.1 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌群落特征

2.1.1 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌丰富度和多样性 稀释曲线能够反映测序数量对于样本多样性的影响程度,曲线平缓,表明测序结果很好地反映了样本所含有的微生物多样性,即使增加测序数量,也不能检测到更多尚未发现的OTU^[22]。随着测序数量的增加,古红土细菌的稀释曲线逐渐平缓(图3),说明本实验取样合理,取样数能够很好的反映土壤细菌的群落情况。

α 多样性表征了微生物群落的丰富度和多样性,其中Chao1指数和Observed species指数用于表征微

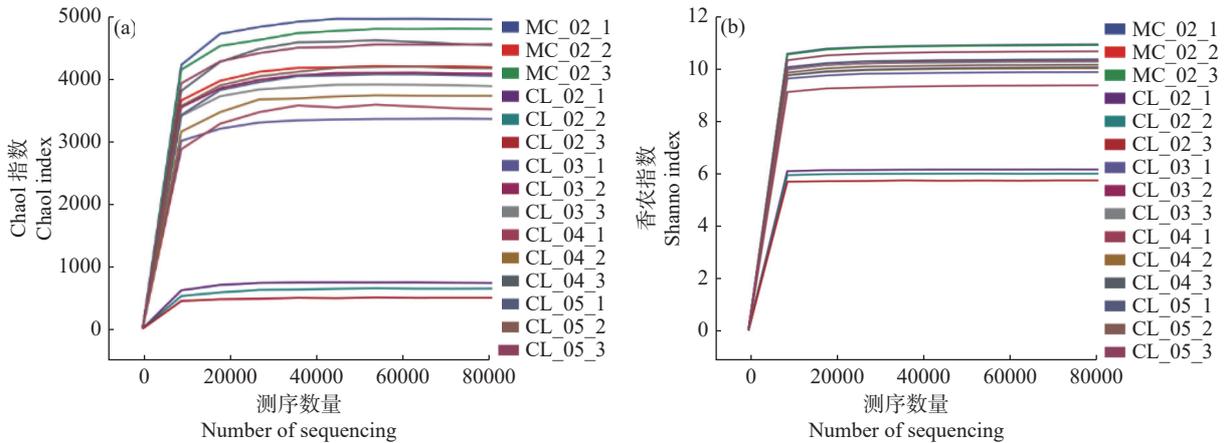


图 3 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌稀释曲线

Fig.3 Rarefaction curves of the bacteria in Quaternary Red soils under different land use patterns

生物的物种丰富度，指数越大，表明丰富度越高；香农指数和辛普森指数表征微生物的多样性，指数越大，表明多样性越高^[23]。本研究中不同土地利用方式下的疏林荒草地（CL_02）、荒草地（CL_03）、林地（CL_04）和耕地（CL_05）等第四纪古红土的 Chao1 指数和 Observed species 指数与埋藏古红土（MC_02）均有显著差异，并且 CL_05 与 CL_02、CL_03 也表现出显著差异，与 MC_02 相比，增加幅度呈 CL_05 > CL_04 > CL_03 > CL_02 的规律，表明不同土地利用方式下第四纪古红土细菌丰富度均增加，尤其是 CL_05 增加幅度最大。CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05 的香农指数和辛普森指数与 MC_02 差异显著，均显著增加，并且 CL_05 的香农指数显著高于 CL_02 和 CL_03，CL_05 的香农指数和辛普森指数最大，MC_02 最小，与 MC_02 相比，增加幅度呈现 CL_05 > CL_04 > CL_02 > CL_03 的规律，表明不同土地利用方式下第四纪古红土的细菌的多样性均增加，尤其是 CL_05 增加幅度最大。

2.1.2 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌群落结构与组成 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌 OTU 维恩图（图 4）可以看出，所有组均包含的 OTU 为 38 个，MC_02、CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05 含有的 OTU 分别为 1452、8626、9165、9268 和 10203 个，特有的 OTU 分别为 1238、6366、5600、5312 和 7477 个，CL_05 含有的 OTU 最多，其次为 CL_04、CL_03、CL_02，MC_02 最少，表明不同土地利用方式下第四纪古红土的细菌类群均增加，其中 CL_05 增加的最多。

不同土地利用方式下第四纪古红土细菌门水平

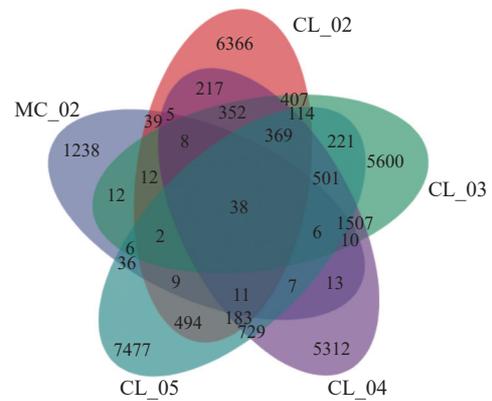


图 4 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌 OTU 维恩图

Fig.4 Soil bacterial OTU Venn diagram of Quaternary Red soils under different land use patterns

的组成（图 5）可以看出，不同土地利用方式下第四纪古红土共有的优势菌门种类（相对丰度 > 5%）包括变形菌门（Proteobacteria）和放线菌门（Actinobacteria）。除此之外，酸杆菌门（Acidobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）和绿弯菌门（Chloroflexi）为疏林荒草地和荒草地的优势菌门，酸杆菌门（Acidobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）和芽单胞菌门（Gemmatimonadetes）为林地的优势菌门，酸杆菌门（Acidobacteria）、拟杆菌门（Bacteroidetes）、绿弯菌门（Chloroflexi）和芽单胞菌门（Gemmatimonadetes）为耕地的优势菌门。

不同土地利用方式下第四纪古红土间的优势菌门变化较大。其中，不同土地利用方式下第四纪古红土变形菌门的相对丰度呈现 MC_02 > CL_04 > CL_03 > CL_02 > CL_05 的规律，MC_02 与其他不同土地利用方式均有显著差异，表明较埋藏古红土，

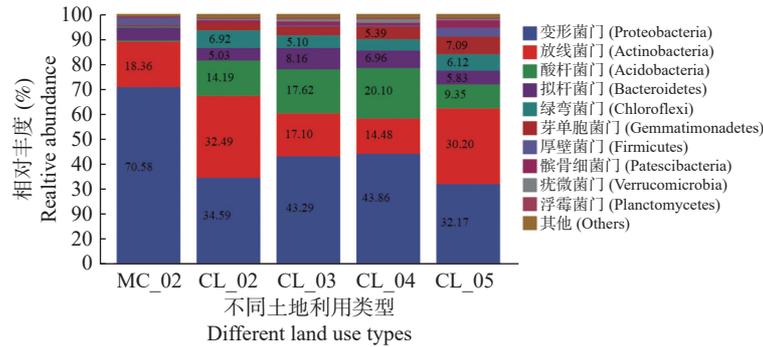


图5 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌门水平的组成

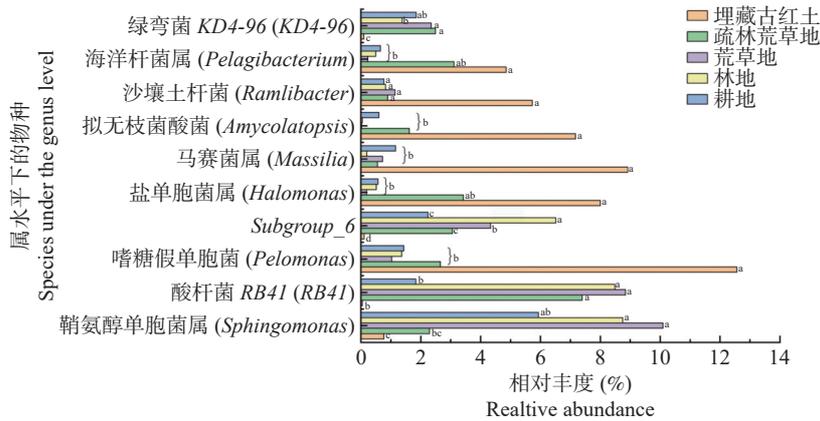
Fig.5 Bacteria compositions at the phylum level of Quaternary Red soils under different land-use patterns

其他不同土地利用方式的变形菌门相对丰度均显著降低 ($P < 0.05$)。放线菌门的相对丰度呈现 CL_02 > CL_05 > MC_02 > CL_03 > CL_04 的规律, 其中 CL_02 和 CL_05 显著高于 MC_02、CL_03 和 CL_04, 表明较埋藏古红土, CL_02 和 CL_05 中放线菌门的相对丰度显著增加 ($P < 0.05$), CL_03 和 CL_04 中放线菌门的相对丰度降低, 但不显著。酸杆菌门的相对丰度呈现 CL_04 > CL_03 > CL_02 > CL_05 > MC_02 的规律, MC_02 与其他不同土地利用方式均表现出了显著差异, 表明较埋藏古红土, 其他不同土地利用方式下第四纪古红土酸杆菌门的相对丰度均显著增加, 其中 CL_04 增加的最为显著 ($P < 0.05$)。拟杆菌门的相对丰度呈现 CL_03 > CL_04 > CL_05 > CL_02 > MC_02 的规律, 其中, CL_03 和 CL_04 与其他不同土地利用方式间均表现出显著差异, 表明较埋藏古红土, CL_03 和 CL_04 的拟杆菌门的相对丰度均显著增加 ($P < 0.05$)。绿弯菌门的相对丰度呈现 CL_02 > CL_05 > CL_03 > CL_04 > MC_02 的规律, MC_02 与其他不同土地利用方式均表现出显著差异, 表明较埋藏古红土, 其他不同土地利用方式下第四纪古红土的绿弯菌门的相对丰度均显著增加, 其中 CL_02 增加最为显著 ($P < 0.05$)。芽单胞菌门的相对丰度呈现出 CL_05 > CL_04 > CL_03 > CL_02 > MC_02 的规律, MC_02 与其他不同土地利用方式均表现出显著差异, 表明较埋藏古红土, 其他不同土地利用方式下第四纪古红土的芽单胞菌门的相对丰度均显著增加, 其中 CL_05 增加最为显著 ($P < 0.05$)。

第四纪古红土中还出现了厚壁菌门 (Firmicutes)、髌骨细菌门 (Patescibacteria)、疣微菌门 (Verrucomicrobia) 和浮霉菌门 (Planctomycetes) 等非优势菌门 (相对丰度 < 5%), 其中厚壁菌门

(Firmicutes) 在不同土地利用方式之间无显著差异; CL_05 的髌骨细菌门 (Patescibacteria) 相对丰度显著高于其他土地利用方式 ($P < 0.05$); CL_04 的疣微菌门 (Verrucomicrobia) 的相对丰度显著高于 CL_02 和 MC_02 ($P < 0.05$); CL_04 的浮霉菌门 (Planctomycetes) 显著高于 MC_02 ($P < 0.05$), 说明埋藏古红土出露地表后受到不同利用活动影响, 显著地改变了细菌在门水平上的群落组成。其中, CL_03 与 CL_04 细菌门组成最为相似, 除了芽单胞菌门和髌骨细菌门, 二者绝大多数细菌门相对丰度无显著差异, CL_02 和 CL_05 组成较为相似, 除了酸杆菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门和髌骨细菌门, 其他细菌门相对丰度无显著差异。

进一步对不同土地利用方式下第四纪古红土细菌主要属水平的组成比较分析 (图6), 结果表明古红土中的细菌在属水平上的群落组成发生了显著变化。MC_02 中鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和 RB41 分布最少, 在 CL_03 中分布最多, MC_02 中的 Subgroup_6 分布最少, 在 CL_04 中分布最多; KD4-96 在 MC_02 中分布最少, 在 CL_02 中分布最多, MC_02 与其他土地利用方式均有显著性差异, 表明 CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05 的鞘氨醇单胞菌属、RB41、Subgroup_6 和 KD4-96 的相对丰度均显著增加。嗜糖假单胞菌 (*Pelomonas*)、盐单胞菌属 (*Halomonas*)、马赛菌属 (*Massilia*)、拟无枝菌酸菌 (*Amycolatopsis*) 和海洋杆菌属 (*Pelagibacterium*) 在 MC_02 中分布最多。其中嗜糖假单胞菌、马赛菌属和拟无枝菌酸菌属在 MC_02 中显著高于 CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05, 盐单胞菌属和海洋杆菌属在 MC_02 中显著高于 CL_03、CL_04 和 CL_05, 说明不同土地利用方式古红土中嗜糖假单胞菌、马赛菌属和拟无枝菌酸菌属的相对丰



注: d_Bacteria; p_Chloroflexi; c_KD4-96; d_Bacteria; p_Acidobacteria; c_Subgroup_6; o_Pyrinomonadales; f_Pyrinomonadaceae; g_RB41

图 6 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌属水平的组成

Fig.6 Bacteria compositions at the genus level of Quaternary Red soils under different land-use patterns

度显著降低。

2.1.3 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌群落结构差异分析 基于 bray-curtis 距离矩阵的 PCoA 分析 (图 7), 结果表明不同土地利用方式下第四纪古红土之间的群落组成差异明显。在 PCo1 轴上 CL_03 和 CL_04 投影距离最近, CL_03 和 CL_04 远离其他土地利用类型, 在 PCo2 轴上 CL_03、CL_04 和 MC_02 投影距离最近, CL_03、CL_04 和 MC_02 与 CL_02 和 CL_05 投影距离明显分开, CL_02 和 CL_05 投影距离较接近, 由此可知 CL_03 与 CL_04 群落组成最为相似, CL_02 与 CL_05 群落组成较相似。

层次聚类分析以等级树的形式展示样本间的相似度, 聚类树的分枝长度用于反映样本间的相似程

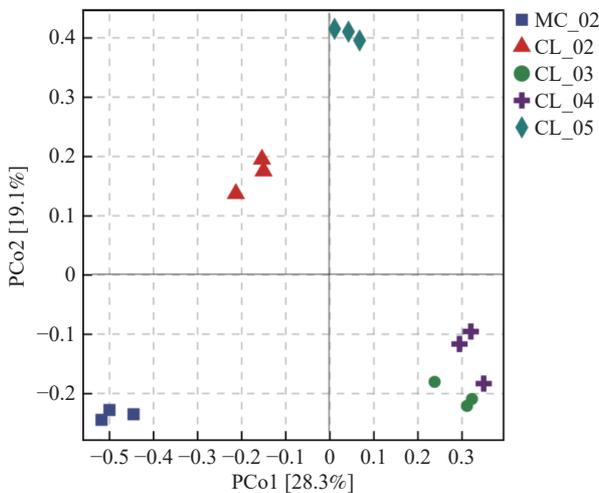


图 7 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌群落主坐标分析
Fig.7 Principal coordinate analysis (PCoA) of bacterial community structure for Quaternary Red soils under different land-use patterns

度。供试不同土地利用方式下第四纪古红土细菌群落层次聚类分析 (图 8), 结果表明它们的细菌群落结构存在差异。聚类树共分为三个大分枝, MC_02 的三个样本为一类, CL_03 的所有样本和 CL_04 的所有样本聚为一类, CL_02 的所有样本和 CL_05 的所有样本聚为一类, 表明出露地表不同土地利用方式下第四纪古红土与埋藏古红土的细菌群落差异较大, 其中荒草地和林地古红土细菌群落相似度最高, 疏林荒草地和耕地古红土细菌群落相似度较高, 进一步证实了 PCoA 的分析结果。

2.2 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌群落特征

2.2.1 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌丰富度和多样性 随着测序数量的增加, 古红土样本的稀释曲线逐渐趋于平缓 (图 9), 说明本实验取样合理, 取样数能够很好的反映土壤真菌的群落情况。

古红土 Chao1 指数与 Observed species 指数均表现出 CL_05 > CL_03 > CL_04 > CL_02 > MC_02 的规律 (表 1), 其中 CL_05 的真菌丰富度显著高于其他土地利用方式古红土, MC_02 的真菌丰富度显著低于其他土地利用方式古红土, CL_03、CL_04 和 CL_02 的真菌丰富度之间差异不显著, 说明不同土地利用方式下古红土真菌的丰富度显著增加。香农指数呈现出 CL_04 > MC_02 > CL_03 > CL_02 > CL_05 的规律, CL_04 与 CL_05 差异显著, 与 MC_02、CL_03 和 CL_02 之间无显著差异, CL_04 古红土真菌多样性增加, CL_02 和 CL_03 古红土真菌多样性降低, CL_05 古红土真菌多样性降低显著。

2.2.2 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌群落结构与组成 从不同土地利用方式下第四纪古红土

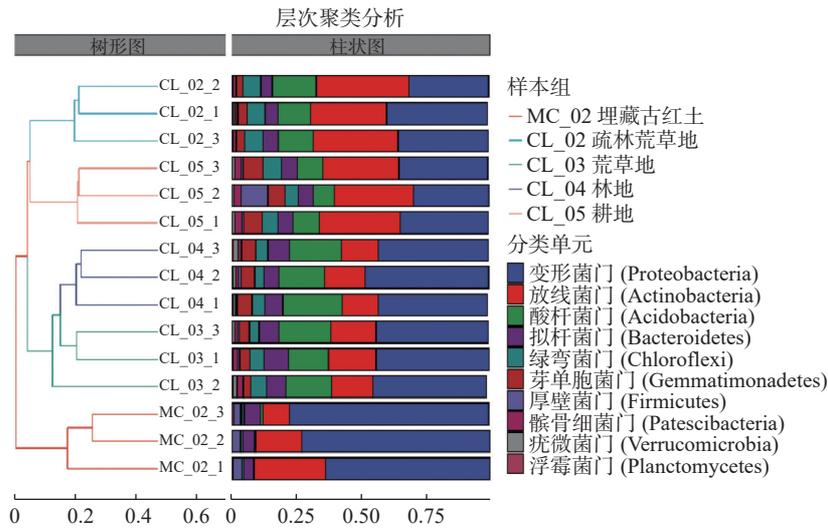


图 8 不同土地利用方式下第四纪古红土细菌群落的层次聚类分析

Fig.8 Hierarchical clustering analysis of soil bacterial communities of Quaternary Red soils under different land-use patterns

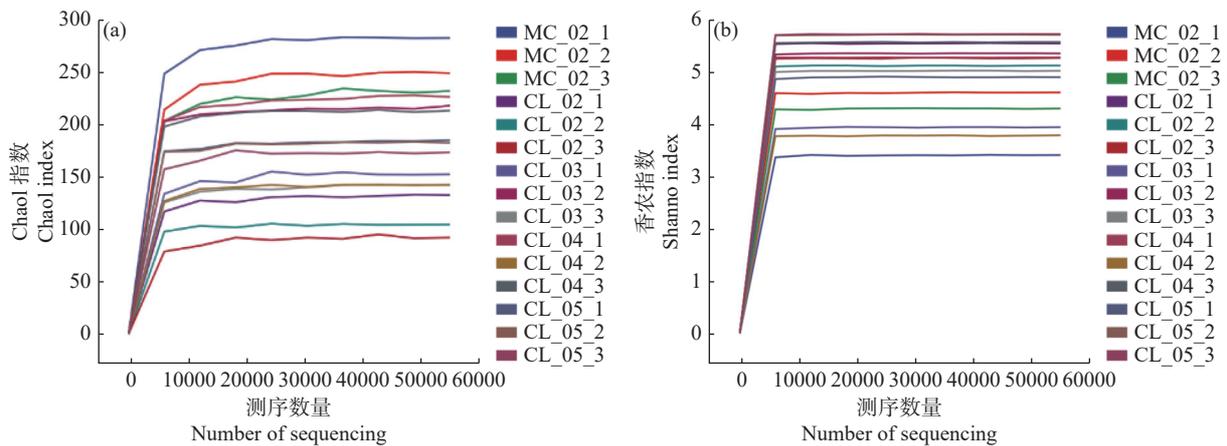


图 9 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌稀释曲线

Fig.9 Rarefaction curves of the fungi in Quaternary Red soils under different land use patterns

表 1 不同土地利用方式下第四纪古红土微生物 OTU 水平上 α 多样性(均值 ± 标准差)

Table 1 The alpha diversities of Quaternary Red soils under different land-use patterns at the level of OTU (Mean ± SD)

微生物 Microorganism	土地利用方式 Land-use pattern	Chao1 指数 Chao1 index	物种数目指数 Observed species index	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index
细菌	MC_02	624.461 ± 119.083 c	616.700 ± 119.568 c	5.962 ± 0.212 d	0.954 ± 0.011 b
	CL_02	3777.563 ± 373.039 b	3754.800 ± 368.817 b	10.154 ± 0.236 bc	0.995 ± 0.002 a
	CL_03	3931.893 ± 538.495 b	3890.567 ± 550.564 b	9.823 ± 0.389 c	0.993 ± 0.004 a
	CL_04	4263.643 ± 263.501 ab	4202.233 ± 255.552 ab	10.403 ± 0.258 ab	0.996 ± 0.002 a
	CL_05	4649.870 ± 403.485 a	4599.367 ± 397.124 a	10.721 ± 0.358 a	0.997 ± 0.002 a
真菌	MC_02	110.670 ± 20.366 c	108.667 ± 20.835 c	5.301 ± 0.214 a	0.946 ± 0.013 a
	CL_02	171.571 ± 40.814 b	168.900 ± 40.974 b	4.762 ± 0.736 ab	0.894 ± 0.074 ab
	CL_03	194.510 ± 45.361 b	192.767 ± 44.644 b	4.863 ± 0.951 ab	0.897 ± 0.081 ab
	CL_04	180.885 ± 6.116 b	179.933 ± 6.165 b	5.433 ± 0.472 a	0.941 ± 0.037 a
	CL_05	255.064 ± 25.179 a	251.833 ± 27.134 a	4.095 ± 0.622 b	0.798 ± 0.103 b

注: 同列不同字母表示差异达5%为显著水平, 下同。

真菌的 OTU 维恩图 (图 10) 可以看出, 所有组中均包含的 OTU 为 9 个, MC_02、CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05 含有的 OTU 分别为 273、394、491、

446 和 559 个, 特有的 OTU 分别为 189、295、333、290 和 428 个。其中 CL_05 含有的 OTU 最多, 其次为 CL_04、CL_03、CL_02, MC_02 最少, 表明不

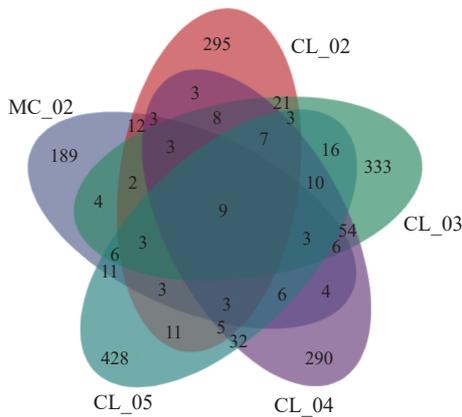


图 10 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌 OTU 维恩图
Fig.10 Soil fungi OTU Venn diagram of Quaternary Red soils under different land-use patterns

同土地利用方式下第四纪古红土真菌类群均增加，其中 CL_05 增加最多。

不同土地利用方式下第四纪古红土真菌门水平的组成 (图 11) 可以看出，不同土地利用方式下第四纪古红土共有的优势真菌门为子囊菌门 (Ascomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota)，被

孢霉门 (Mortierellomycota) 为荒草地和林地古红土的优势菌门。不同的土地利用方式下第四纪古红土间的优势菌门变化较大，而非优势菌门变化较小。不同土地利用方式中子囊菌门的相对丰度呈现 MC_02 > CL_05 > CL_02 > CL_03 > CL_04 的规律，MC_02 与 CL_02、CL_03 和 CL_04 之间有显著性差异，表明较埋藏古红土，CL_02、CL_03 和 CL_04 古红土子囊菌门的相对丰度显著降低，其中 CL_04 降低最显著 ($P < 0.05$)。担子菌门的相对丰度呈现 CL_05 > CL_02 > CL_04 > MC_02 > CL_03 的规律，CL_05 和 CL_02 与 MC_02 和 CL_03 差异显著，表明较埋藏古红土，CL_05 和 CL_02 古红土的担子菌门的相对丰度显著增加 ($P < 0.05$)。被孢霉门相对丰度呈现 CL_04 > CL_03 > MC_02 > CL_02 > CL_05 的规律，CL_04 与其他土地利用方式间差异显著，表明较埋藏古红土，CL_04 古红土的被孢霉门的相对丰度显著增加 ($P < 0.05$)，CL_02 和 CL_05 被孢霉门的相对丰度降低，但降低不显著。

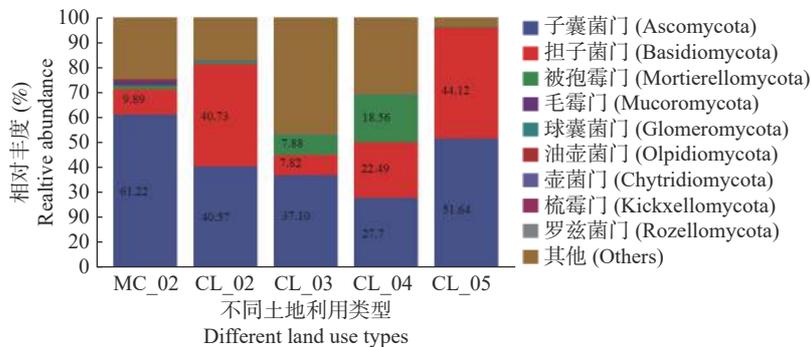
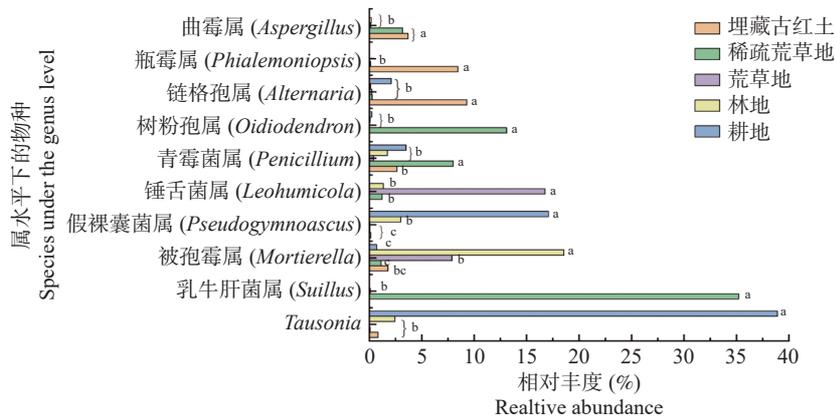


图 11 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌门水平的组成
Fig.11 Fungi compositions at the phylum level of Quaternary Red soils under different land-use patterns

古红土中还存在毛霉门 (Mucoromycota)、球囊菌门 (Glomeromycota)、油壶菌门 (Olpidiomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、梳霉门 (Kickxellomycota) 和罗兹菌门 (Rozellomycota) 等非优势菌门。其中，油壶菌门、壶菌门和罗兹菌门在不同土地利用方式古红土中差异不显著；毛霉门在 MC_02 中最多，与其他土地利用方式差异显著，表明不同土地利用方式下古红土中毛霉门的相对丰度显著降低 ($P < 0.05$)；球囊菌门在 CL_04 中分布最多，在 MC_02 中没有分布，表明不同土地利用方式下古红土中球囊菌门的相对丰度增加，并且 CL_04 增加的最为显著 ($P < 0.05$)。罗

兹菌门在 CL_04 和 CL_03 中均有分布，在 MC_02、CL_02 和 CL_05 中没有分布，表明只有 CL_04 和 CL_03 古红土中罗兹菌门的相对丰度增加。

对不同土地利用方式下第四纪古红土真菌属水平的组成分析 (图 12 和表 2)，结果表明 Tausonia 和假裸囊菌属 (Pseudogymnoascus) 在 CL_05 中分布最多，Tausonia 和假裸囊菌属 (Pseudogymnoascus) 所占百分比呈现 CL_05 > CL_04 > MC_02 > CL_02 > CL_03 的规律，其中 CL_05 与 CL_04、MC_02、CL_02 和 CL_03 之间差异显著，表明较 MC_02，CL_05 中 Tausonia 和假裸囊菌属 (Pseudogymnoascus) 的相对丰度显著增加，CL_02



注: Tausonia; d_Fungi; p_Basidiomycota; c_Tremellomycetes; o_Cystofilobasidiales; f_Mrakiaceae; g_Tausonia; s_Tausonia_pullulans

图 12 不同土地利用方式下第四纪古红土属水平上真菌的组成

Fig. 12 Fungi compositions at the genus level of Quaternary Red soils under different land-use patterns

表 2 不同土地利用方式下第四纪古红土在属水平上真菌的相对丰度比较(均值 ± 标准差)

Table 2 Comparisons of fungi relative abundances at the genus level between Quaternary Red soils under different land-use patterns (Mean ± SD)

真菌属 Fungi genus	MC_02	CL_02	CL_03	CL_04	CL_05
Tausonia	0.822 ± 0.723 b	0.077 ± 0.134 b	0.001 ± 0.002 b	2.428 ± 2.317 b	38.914 ± 17.336 a
乳牛肝菌属 (<i>Suillus</i>)	0.000 ± 0.000 b	35.224 ± 15.870 a	0.095 ± 0.089 b	0.000 ± 0.000 b	0.002 ± 0.004 b
被孢霉属 (<i>Mortierella</i>)	1.770 ± 1.924 bc	1.113 ± 0.753 c	7.877 ± 5.692 b	18.565 ± 5.518 a	0.686 ± 0.170 c
假裸囊菌属 (<i>Pseudogymnoascus</i>)	0.138 ± 0.239 c	0.057 ± 0.072 c	0.049 ± 0.073 c	2.992 ± 1.468 b	17.078 ± 1.743 a
锤舌菌属 (<i>Leohumicola</i>)	0.000 ± 0.000 b	1.211 ± 2.098 b	16.746 ± 4.643 a	1.337 ± 1.094 b	0.024 ± 0.042 b
青霉菌属 (<i>Penicillium</i>)	2.628 ± 2.028 b	7.999 ± 3.463 a	0.395 ± 0.388 b	1.715 ± 0.755 b	3.503 ± 2.349 b
树粉孢属 (<i>Oidiodendron</i>)	0.000 ± 0.000 b	13.090 ± 1.900 a	0.035 ± 0.057 b	0.064 ± 0.107 b	0.237 ± 0.101 b
链格孢属 (<i>Alternaria</i>)	9.294 ± 3.169 a	0.268 ± 0.251 b	0.242 ± 0.357 b	0.113 ± 0.190 b	2.097 ± 0.510 b
瓶霉属 (<i>Phialemoniopsis</i>)	8.436 ± 3.327 a	0.110 ± 0.155 b	0.000 ± 0.000 b	0.000 ± 0.000 b	0.007 ± 0.012 b
曲霉属 (<i>Aspergillus</i>)	3.705 ± 2.667 a	3.181 ± 1.164 a	0.123 ± 0.213 b	0.188 ± 0.324 b	0.026 ± 0.043 b

和 CL_03 中 Tausonia 和 假 裸 囊 菌 属 (*Pseudogymnoascus*) 的相对丰度降低, 但不显著。乳牛肝菌属 (*Suillus*)、青霉菌属 (*Penicillium*) 和 树粉孢属 (*Oidiodendron*) 在 CL_02 中分布最广泛, 在 MC_02 和 CL_04 中无乳牛肝菌属 (*Suillus*), 分布呈现 CL_02 > CL_03 > CL_05 的规律, 表明 CL_02、CL_03 和 CL_05 乳牛肝菌属 (*Suillus*) 的相对丰度增加, CL_02 增加最为显著, 青霉菌属 (*Penicillium*) 在 CL_02 中分布最广泛, 分布呈现 CL_02 > CL_05 > MC_02 > CL_04 > CL_03 的规律, CL_02 与 CL_05、MC_02、CL_04 和 CL_03 有显著性差异, CL_05 与 MC_02、CL_04 和 CL_03 无显著差异, 表明 CL_02 和 CL_05 青霉菌属 (*Penicillium*) 的相对丰度增加, CL_02 增加的显著, CL_03 和 CL_04 中青霉菌属 (*Penicillium*) 的相对丰度降低。树粉孢属 (*Oidiodendron*) 在 CL_02 中分布最广泛, 在 MC_02 中未出现, CL_02 与其他土地利用方式没有显著差异, 分布呈现 CL_02 > CL_05 > CL_04 >

CL_03 > MC_02 的规律, 表明不同土地利用方式下第四纪古红土的树粉孢属 (*Oidiodendron*) 的相对丰度增加, CL_02 增加的最为显著。被孢霉属 (*Mortierella*) 在 CL_04 中分布最广泛, 与其他土地利用方式均有显著差异, 分布呈现 CL_04 > CL_03 > MC_02 > CL_02 > CL_05 的规律, 表明 CL_04 和 CL_03 的被孢霉属 (*Mortierella*) 的相对丰度增加, CL_04 增加的显著, CL_02 和 CL_05 的被孢霉属 (*Mortierella*) 的相对丰度降低; 锤舌菌属 (*Leohumicola*) 在 CL_03 中分布最广泛, 在 MC_02 中未出现, CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05 的锤舌菌属 (*Leohumicola*) 的相对丰度均增加, CL_03 增加显著。链格孢属 (*Alternaria*)、瓶霉属 (*Phialemoniopsis*) 和曲霉属 (*Aspergillus*) 在 MC_02 中分布最广泛, 其中 MC_02 中的链格孢属 (*Alternaria*)、瓶霉属 (*Phialemoniopsis*) 在 CL_02、CL_03、CL_04 和 CL_05 中都有显著性差异, MC_02 中的曲霉属 (*Aspergillus*) 与 CL_03、

CL_04 和 CL_05 有显著性差异, 表明不同土地利用方式下第四纪古红土的链格孢属 (*Alternaria*)、瓶霉属 (*Phialemoniopsis*) 和曲霉属 (*Aspergillus*) 的相对丰度降低。

2.2.3 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌群落结构差异分析 基于 bray-curtis 距离矩阵的 PCoA 分析 (图 13), 结果表明不同土地利用方式下第四纪古红土之间的真菌群落组成差异明显。在 PCo1 轴上 CL_04 与 MC_02 投影距离最近, CL_04 与 CL_03 投影距离次之, CL_03、CL_04 和 MC_02 与其他土地利用类型明显分开, CL_02 和 CL_05 投影距离最远, 在 PCo2 轴上 CL_03 与 CL_04 投影距离最近, CL_02 与 CL_05 投影距离次之, 综合分析可以得出 CL_03 与 CL_04 群落组成最为相似。

供试不同土地利用方式下第四纪古红土真菌群落的层次聚类分析 (图 14), 结果表明它们的真菌群落结构存在差异。聚类树共分为四个大分枝, CL_03 的所有样本和 CL_04 的所有样本聚为一类, CL_05 的所有样本、CL_02 的所有样本和 MC_02 的

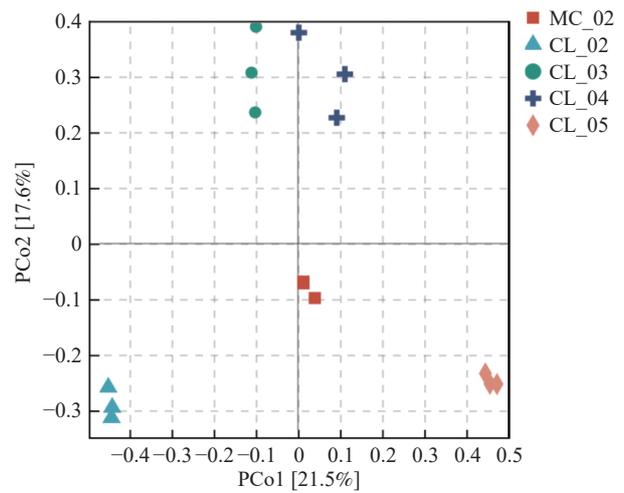


图 13 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌群落主坐标分析
Fig.13 Principal coordinate analysis (PCoA) of fungi community structure for Quaternary Red soils under different land-use patterns

所有样本分别聚为一类, 表明出露地表不同利用方式下第四纪古红土的真菌群落差异较大, 其中荒草地和林地土壤真菌群落相似度最高, 进一步证实了 PCoA 的分析结果。

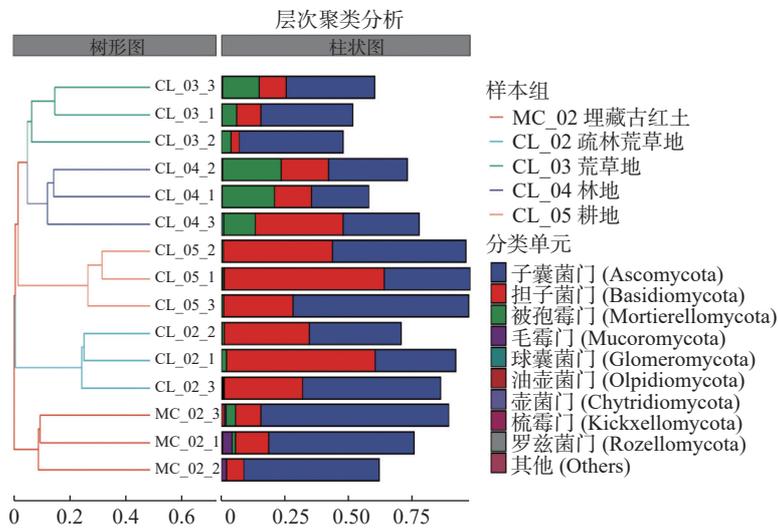


图 14 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌群落的层次聚类分析
Fig.14 Hierarchical clustering analysis of soil fungi communities of Quaternary Red soils under different land-use patterns

3 讨论

3.1 不同土地利用方式下第四纪古红土的微生物群落特征变化

土壤微生物的丰富度和多样性指数可以用于反映土壤微生物群落的特征。供试不同土地利用方式下第四纪古红土细菌丰富度和多样性总体上呈现出相同的变化趋势, 耕地古红土细菌丰富度和细菌多

样性大小显著高于荒草地、疏林荒草地和埋藏古红土, 其中埋藏古红土最小, 耕地与林地无显著差异; 不同土地利用方式下第四纪古红土真菌的丰富度和多样性呈现出相反的变化趋势, 耕地的真菌丰富度显著高于林地和埋藏古红土, 林地和埋藏古红土的真菌多样性显著高于耕地; 荒草地和林地细菌和真菌群落相似度最高。

土地利用类型不同地表植被类型不同^[24], 进一步影响土壤养分与微生物群落结构^[25], 且土壤养分与微生物群落结构存在相关性^[26], 土壤有效养分的增加会使土壤生物量增加, 进而会增加土壤微生物多样性^[27-28]。植被类型不同, 通过地表凋落物和植物根系归还到土壤中的植物残体数量不同^[29], 形成的有机质等养分含量不同。由于林地的主要植物类型为荆条、春榆和灌丛等, 多为多年生木本植物, 生物量大, 年归还量大, 形成较多有机质等土壤养分^[30], 其中有机碳含量为 17.7 g kg^{-1} , 全氮含量为 1.6 g kg^{-1} , 全磷含量为 0.7 g kg^{-1} , 加之地表常年被未腐解的枯枝落叶覆盖, 营造了较好的微生物生存环境, 古红土中的微生物多样性较高。耕地受耕种、施肥以及富含多种养分的秸秆还田等影响^[31], 增加了土壤中的养分含量, 有机碳含量为 7.5 g kg^{-1} , 全氮含量为 0.6 g kg^{-1} , 全磷含量为 0.6 g kg^{-1} , 土壤微生物丰富度和多样性随之增高^[32]。与其他地区研究相比, 可能是辽西半干旱气候条件下, 土壤水分条件受到了限制, 直接影响了地表植被的生物量与归还量, 明显限制了林地古红土生境的优越性, 同时耕地精细的管理方式下微生物群落与林地相当。这也与前人研究结果一致, 即合理施肥的农田有利于维持土壤微生物群落结构和功能的多样性^[33]。

而疏林荒草地的主要植物为草本的黄背草等,

伴有木本的荆条、春榆和油松等, 荒草地主要植物类型为黄背草, 多为一年生草本植物, 每年也有植物归还, 但由于植被覆盖度低, 归还到土壤形成的有机质等土壤养分含量低^[34], 微生物多样性小于林地, 这与前人研究长期绝对休闲土壤不利于微生物多样性的维持结论一致^[33]。埋藏于地下的古红土未经人类干扰, 少有物质能量投入, 因此微生物丰富度和多样性较其他土地利用类型低。

土壤含水量会影响土壤微生物的活性和群落特征^[35]。有研究表明地表植被覆盖度高和植被凋落物覆盖地表, 会降低水分的蒸腾作用, 同时降水滞留地表的时间延长, 增加土壤的入渗水分^[36]。本研究区域属于半干旱气候, 年均降水量少, 荒草地和林地古红土较其他土地利用类型含水量高, 容重较低(图 15e), 孔隙度较大, 分别为 0.54% 和 0.48% , 为土壤微生物提供透气环境, 利于土壤微生物活动, 这可能是荒草地和林地古红土微生物群落相似性高的原因。同时, 出露地表的耕地、林地、疏林荒草地和荒草地古红土的 pH 依次降低(图 15a), 对应细菌群落多样性依次降低, 这也说明了 pH 是影响细菌群落多样性的重要因素, 与前人研究酸性土壤细菌群落多样性随着 pH 的升高而升高一致^[37]。

相较于其他土地利用类型, 耕地古红土的真菌多样性最低。这可能是由于耕地中碳氮比最高

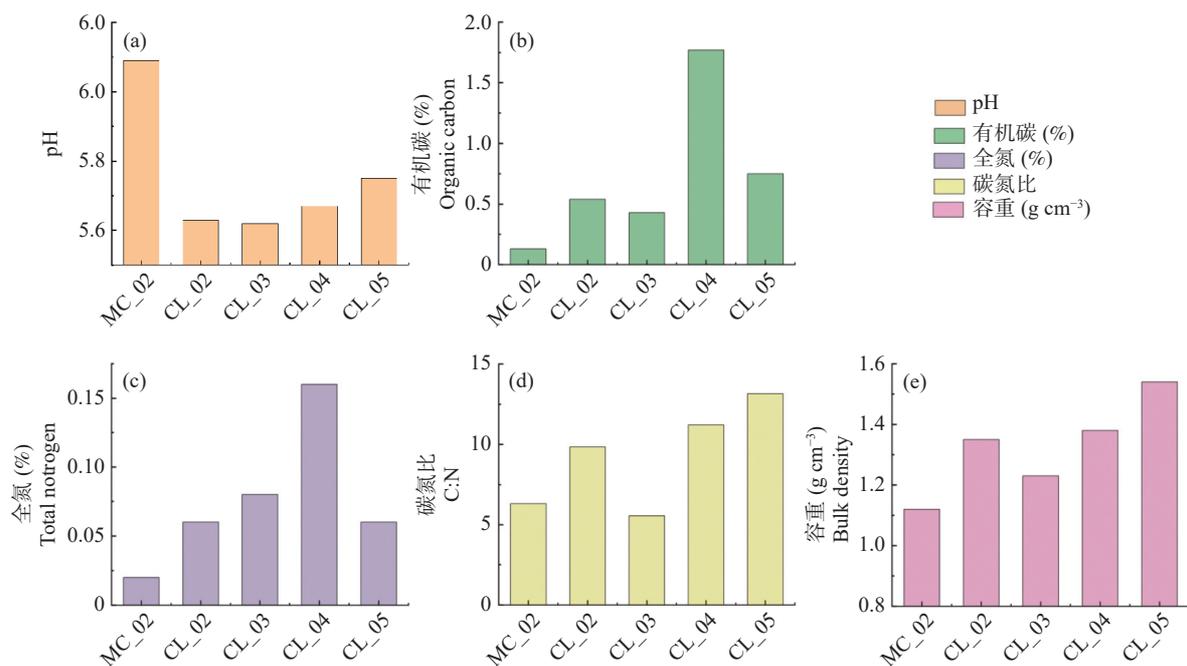


图 15 不同土地利用方式下第四纪古红土 pH、有机碳、全氮、碳氮比值和容重比较

Fig. 15 Comparisons of pH, organic carbon, total nitrogen and bulk density between Quaternary Red soils under different land use patterns

(图 15d), 可能是有机肥以及秸秆添加, 其中秸秆干物质约 40% 以上都是由碳素组成^[38], 增加土壤含碳量, 使碳氮比升高, 没有充足的氮, 农作物生长吸收大量的氮, 与真菌“争氮”, 抑制真菌生长^[39-41]。这与前人研究施生物炭和秸秆会降低土壤真菌群落物种多样性, 而增加真菌群落物种丰富度一致^[42]。埋藏古红土真菌多样性次之, 这可能与土壤质地有关, 埋藏古红土质地为黏壤土, 黏粒含量高, 具有较强的保水性, 有机物质受土壤黏粒的保护^[43-44], 相较于其他土地利用类型的粉壤土, 有利于水分的保持和微生物繁衍, 土壤微生物多样性较高。林地土壤真菌多样性最高, 这可能与土壤团聚体的稳定性有关, 林地每年的枯枝落叶归还量大, 经微生物分解成为有机质进入土壤, 植物根系也会通过分泌作用和归还, 将有机质输入土壤^[21], 一方面在有机质的胶结作用下, 形成以 $> 0.5 \text{ mm}$ 为主的团聚体^[34], 另一方面处于分解状态的植物根系和真菌菌丝通过缠绕作用形成大的团聚体^[45], 有利于真菌菌丝的形态生长和繁衍^[46], 因此林地古红土真菌多样性大, 这与前人研究在大于 0.25 mm 的大团聚体中真菌生物量随粒径的增大而增多^[47], 大团聚体有利于提高土壤微生物多样性一致^[48-49]。

3.2 不同土地利用方式下第四纪古红土的微生物群落组成变化

较埋藏古红土, 不同土地利用方式下第四纪古红土微生物群落的基本组成发生变化。不同土地利用方式下的第四纪古红土中广泛分布适应能力强的变形菌门和放线菌门^[50-51], 属于优势菌门。其中, 变形菌门中的鞘氨醇单胞菌属能耐受营养贫瘠的环境, 适应能力较强^[52], 在不同土地利用方式下古红土中均有分布。放线菌门的拟无枝菌酸菌的相对丰度在埋藏古红土最高, 显著高于其他土地利用类型, 可能是因为其他土地利用方式下古红土中枯枝落叶腐解过程中产生的纤维素抑制了拟无枝菌酸菌的生长^[53]。有研究表明, 酸杆菌门是典型的贫营养型细菌^[54], 大量投入营养物质会抑制其生长, 而本研究中酸杆菌门在养分含量较高的林地和荒草地分布广泛, 这是由于第四纪古红土沉积物发育地区土壤养分含量较气候湿润地区偏低, 地表植被以及枯枝落叶给土壤带来的养分含量的增加不足以抑制其生长, 反而促进了其繁殖生长。加之林地和荒草地等木本或草本植物的枯枝落叶中含有纤维素^[32], 酸杆菌微生物可以

分解植物纤维素等大分子聚合物并摄取养分^[55], 适宜在林地和荒草地中生长。其中, 林地古红土中的有机碳含量最高(图 15b), 土壤呈酸性, 有利于酸杆菌的生长^[56], 其相对丰度达最高, 与前人研究酸杆菌是森林土壤细菌的主要菌群结果一致^[57], 荒草地与林地相当。拟杆菌门在荒草地和林地中相对丰度高于其他土地利用类型, 可能是因为拟杆菌门更适宜生活在营养状况良好的土壤中^[58]。绿弯菌门的相对丰度在埋藏古红土中最低, 其他土地利用类型中的相对丰度均显著增加, 可能是埋藏古红土出露地表后受到不同土地利用方式下地表植被覆盖的影响^[59], 例如植物生物量、根系和凋落物等显著高于埋藏古红土, 为绿弯菌门创造适宜的环境, 利于其生长。芽单胞菌门的相对丰度在埋藏古红土中最低, 其他土地利用方式下古红土中的相对丰度均显著增加, 可能是因为芽单胞菌门是植物促生菌, 可以与植物相互作用, 进行生物固氮^[60], 植物分泌植物激素促使其生长, 表明芽单胞菌门适宜生长在有植物分布的环境, 与前人研究生草后芽单胞菌门相对丰度增加结论一致^[23]。有研究表明, 土壤中某些微生物成为优势物种, 会抑制另一些物种的繁殖生长, 从而导致细菌总体多样性下降^[61], 本研究中埋藏古红土细菌多样性最低, 这可能是由于埋藏于地下的古红土黏重, 加之长期压实导致其容重较大、孔隙度较小, 水分移动受阻, 养分含量较低等不利于微生物生存, 另外, 生存能力较强的变形菌门成为优势物种也一定程度上抑制了其他细菌的繁殖生长。

不同土地利用方式下第四纪古红土优势真菌门的相对丰度存在显著差异, 其中子囊菌门和担子菌门为古红土的优势真菌门, 与前人相关研究结果一致^[58]。前人研究表明子囊菌门的相对丰度降低, 可能与土壤中的全氮含量有关^[62-63], 本研究中埋藏古红土的全氮含量最低, 为 0.2 g kg^{-1} , 子囊菌门的相对丰度最高, 出露地表后不同土地利用方式下第四纪古红土全氮含量均增加(图 15c), 疏林荒草地为 0.6 g kg^{-1} , 荒草地为 0.8 g kg^{-1} , 林地为 1.6 g kg^{-1} , 耕地为 0.6 g kg^{-1} , 对全氮和子囊菌门进行相关性分析, 发现全氮和子囊菌门在 0.05 水平呈显著的负相关关系 ($r = -0.89$, $\text{sig.} = 0.043$), 表明氮素的增加导致土壤真菌群落组成发生变化, 随着土壤全氮含量增加, 子囊菌门的相对丰度呈现降低的趋势。耕地古红土中担子菌门的相对丰度最高, 疏林荒草地次之,

可能是因为担子菌门能降解纤维素^[64-66],而秸秆中含有较多纤维素,疏林荒草地中油松凋落物也有木质素、纤维素和丹宁等物质^[67],为古红土提供了大量的养分来源,使得耕地古红土和疏林荒草地古红土的担子菌门的相对丰度增加^[68]。有研究报道被孢霉门能够提高土壤中的可溶性有机碳含量^[69],较其他土地利用方式古红土,林地地表覆盖生物量大,枯枝落叶归还量大,为被孢霉门提供了适宜的生存环境,相对丰度最高,参与腐殖化过程形成的有机质含量最高。不同的菌属适宜生长的环境条件不同,青霉菌属的相对丰度在疏林荒草地古红土中最高,链格孢属和曲霉属在埋藏古红土中相对丰度最高。其中链格孢属和曲霉属真菌是引起植物叶枯病的主要病原菌^[70-72],植物被感染后,会通过不同信号通路,调控不同的抗性植保素来抵御病原菌入侵^[73],经过长期拮抗作用,使链格孢菌属在有植物分布的疏林荒草地、荒草地、林地和耕地中少有分布,广泛分布于第四纪埋藏古红土中。前人研究青霉菌属相对丰度在林地中较高^[74],与本研究有异同点,可能是分析鉴定方法的不同,土壤微生物数量巨大,种类繁多,传统的稀释平板法鉴定真菌不能覆盖土壤中绝大多数微生物,难以反映微生物群落多样性全貌^[75]。相较于稀释平板法鉴定真菌,本研究采用的以 Illumina 公司为代表的 Miseq 二代测序技术,具有通量高、重复性好、读长合适等优点,降低了传统操作产生的误差。也可能是与植被类型有关,植被类型多样性影响土壤真菌的分布,前人研究区林分结构复杂,植被类型多样,有利于土壤中的真菌繁殖生长,相较于本研究区植物种类较单一的林地,疏林荒草地增加了草本植物的覆盖,从而使得青霉菌属相对丰度在疏林荒草地中最高。

4 结论

与埋藏古红土比较,疏林荒草地、荒草地、林地和耕地均改变了第四纪古红土微生物的丰富度和多样性。其中,细菌的丰富度和多样性均显著增加,耕地增加幅度最大,丰富度和多样性最高,林地次之;真菌的丰富度均显著增加,耕地增加幅度最大,丰富度最高,荒草地次;除林地中古红土真菌多样性增加外,其他土地利用方式下第四纪古红土中真菌的多样性均降低,耕地降低显著,多样性最低。

埋藏古红土出露地表后不同土地利用方式下第

四纪古红土优势菌群的相对丰度发生变化。其中,变形菌门和子囊菌门的丰富度最高,是不同土地利用方式下第四纪古红土的优势菌门。相较于埋藏古红土,疏林荒草地、荒草地、林地和耕地古红土中变形菌门的丰富度均显著降低,子囊菌门在疏林荒草地、荒草地和林地中均显著降低,在耕地中降低不显著。疏林荒草地古红土中放线菌门、酸杆菌门、拟杆菌门和绿弯菌门以及担子菌门的相对丰度显著增加,荒草地中酸杆菌门、拟杆菌门和绿弯菌门以及被孢霉门的相对丰度显著增加,林地中酸杆菌门、拟杆菌门和芽单胞菌门以及被孢霉门的相对丰度显著增加,耕地中酸杆菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门以及担子菌门的相对丰度显著增加。

参考文献:

- [1] 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.
- [2] 朱永官,彭静静,韦中,等.土壤微生物组与土壤健康[J].中国科学:生命科学,2021,51(1):1-11.
- [3] 李世贵,吕天晓,顾金刚,等.土壤微生物分子生态学研究方法[J].中国土壤与肥料,2008,(6):1-4,14.
- [4] Huang Q, Wang J. The 19-years inorganic fertilization increased bacterial diversity and altered bacterial community composition and potential functions in a paddy soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 144: 60-67.
- [5] Kennedy AC. Bacterial diversity in agroecosystems[J]. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 1999, 74(1-3): 65-76.
- [6] Singh B K, Bardgett R D, Smith P, et al. Microorganisms and climate change: terrestrial feedbacks and mitigation options[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2010, 8(11): 779-790.
- [7] Chen Q L, Cui H L, Su J Q, et al. Antibiotic Resistomes in Plant Microbiomes[J]. *Trends in Plant Science*, 2019, 24(06): 530-541.
- [8] Wagg, Cameron, Franz, et al. Soil biodiversity and soil community composition determine ecosystem multifunctionality[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111: 5266-5270.
- [9] Pankhurst C, Hawke B, McDonald H, et al. Evaluation of soil biological properties as potential bioindicators of soil health[J]. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 1995, 35(7): 1015-1028.
- [10] 胡芳,王芳,韩晓增,等.不同土地利用方式下典型黑土区土壤微生物群落演替规律[J/OL].土壤学报:1-10[2022-03-25].
- [11] 林耀奔,杨建辉,叶艳妹.盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J].环境科学学报,2019,39(4):1266-1273.
- [12] 夏光辉,郭青霞,卢庆民,等.黄土丘陵区不同土地利用方式下

- 土壤养分及生态化学计量特征[J]. *水土保持通报*, 2020, 40(2): 140 – 147, 153.
- [13] 蔡进军, 董立国, 李生宝, 等. 黄土丘陵区不同土地利用方式土壤微生物功能多样性特征[J]. *生态环境学报*, 2016, 25(4): 555 – 562.
- [14] 钟泽坤, 杨改河, 任成杰, 等. 黄土丘陵区撂荒农田土壤酶活性及酶化学计量变化特征[J]. *环境科学*, 2021, 42(1): 411 – 421.
- [15] 韩春兰, 王秋兵, 孙福军, 等. 辽宁朝阳地区第四纪古红土特性及系统分类研究[J]. *土壤学报*, 2010, 47(5): 836 – 846.
- [16] 刘良梧, 龚子同. 古红土的发育与演变[J]. *海洋地质与第四纪地质*, 2000, (3): 37 – 42.
- [17] 马琳. 浅析土地利用变化对土壤性质的影响[J]. *种子科技*, 2018, 36(9): 8, 10.
- [18] 及利, 杨雨春, 王君, 等. 不同土地利用方式下酚酸物质与土壤微生物群落的关系[J]. *生态学报*, 2019, 39(18): 6710 – 6720.
- [19] 王秋兵, 韩春兰, 孙福军, 等. 《中国土系志·辽宁卷》[M]. 科学出版社, 2020: 1 – 397.
- [20] 于立忠, 张景普, 刘利芳, 等. 间伐对不同肥力日本落叶松人工林土壤酶活性的影响[J]. *生态学杂志*, 2017, 36(11): 3017 – 3027.
- [21] 段斯译, 孙仲秀, 王秋兵, 等. 不同土地利用方式下第四纪古红土团聚体的组成比较研究[J]. *土壤通报*, 2020, 51(3): 587 – 596.
- [22] 李栋, 侯建革, 李艳, 等. 黑果腺肋花楸酒对肝损伤小鼠肠道菌群的影响[J]. *食品研究与开发*, 2021, 42(15): 27 – 33.
- [23] 钱雅丽, 梁志婷, 曹铨, 等. 陇东旱作果园生草对土壤细菌群落组成的影响[J]. *生态学杂志*, 2018, 37(10): 3010 – 3017.
- [24] 秦红灵, 袁红朝, 张慧, 等. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2011, 48(3): 594 – 602.
- [25] Battle-Aguilar J, Brovelli A, Porporato A, et al. Modelling soil carbon and nitrogen cycles during land use change. A review[J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2011, 31(2): 251 – 274.
- [26] Carney, KM, Matson, et al. The influence of tropical plant diversity and composition on soil microbial communities[J]. *Microbial Ecology*, 2006, 52(2): 226 – 238.
- [27] Galicia L, Garcya-Oliva F. The effects of C, N and P additions on soil microbial activity under two remnant tree species in a tropical seasonal pasture[J]. *Applied Soil Ecology*, 2004, 26(1): 31 – 39.
- [28] Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, et al. Effect of nitrogen and phosphate fertilisers on microbial and nematode diversity in pasture soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(7-8): 953 – 964.
- [29] Guo L B, Halliday M J, Siakimotu S, et al. Fine root production and litter input: Its effects on soil carbon[J]. *Plant and Soil*, 2005, 272(1-2): 1 – 10.
- [30] Ledo A, Smith P, Zerihum A, et al. Changes in soil organic carbon under perennial crops[J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(7): 1 – 11.
- [31] 吴凤芝, 沈彦辉, 周新刚, 等. 添加小麦和燕麦秸秆对连作黄瓜生长及土壤微生物群落结构的调节作用[J]. *中国农业科学*, 2015, 48(22): 4585 – 4596.
- [32] 于少鹏, 史传奇, 胡宝忠, 等. 古大湖湿地盐碱土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. *生态学报*, 2020, 40(11): 3764 – 3775.
- [33] 孙瑞, 孙本华, 高明霞, 等. 长期不同土地利用方式下土壤微生物特性的变化[J]. *植物营养与肥科学报*, 2015, 21(3): 655 – 663.
- [34] 段斯译, 孙仲秀, 王秋兵, 等. 不同土地利用方式下第四纪古红土有机碳分布特征研究[J]. *土壤通报*, 2021, 52(5): 1078 – 1084.
- [35] Yan N, Marschner P, Cao W, et al. Influence of salinity and water content on soil microorganisms[J]. *International Soil and Water Conservation Research*, 2015, 3(4): 316 – 323.
- [36] 常飞龙, 王晓龙, 李恒鹏, 等. 巢湖典型低山丘陵区不同土地利用类型壤中流养分流失特征[J]. *生态与农村环境学报*, 2012, 28(5): 511 – 517.
- [37] Fierer N, Jackson RB. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(3): 626 – 631.
- [38] 杨志谦, 王维敏. 秸秆还田后碳、氮在土壤中的积累与释放[J]. *土壤肥料*, 1991, (5): 43 – 46.
- [39] Peng C, Lai S, Luo X, et al. Effects of long term rice straw application on the microbial communities of rapeseed rhizosphere in a paddy-upland rotation system[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 557: 231 – 239.
- [40] Yang S, Xiao Y, Xu J, et al. Effect of straw return on soil respiration and NEE of paddy fields under water-saving irrigation[J]. *PLoS One*, 2018, 13(10): 1932 – 6203.
- [41] 韩新忠, 朱利群, 杨敏芳, 等. 不同小麦秸秆还田量对水稻生长、土壤微生物生物量及酶活性的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2012, 31(11): 2192 – 2199.
- [42] 郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 等. 生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响[J/OL]. *环境科学*: 1-16[2022-03-13].
- [43] 徐龙晓, 荀咪, 宋建飞, 等. 土壤质地和砧木对苹果根际微生物功能多样性及其碳源利用的影响[J]. *园艺学报*, 2020, 47(8): 1530 – 1540.
- [44] Franzluebbers A J, and, et al. Active fractions of organic matter in soils with different texture[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28(10 – 11): 1367 – 1372.
- [45] 江春玉, 刘萍, 刘明, 等. 不同肥力红壤水稻土根际团聚体组成和碳氮分布动态[J]. *土壤学报*, 2017, 54(1): 138 – 149.
- [46] 李孝梅, 李永梅, 乌达木, 等. 玉米间作大豆、萝卜对红壤不同粒径水稳性团聚体碳氮分布的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2022, (1): 104 – 111.
- [47] 罗红燕. 土壤团聚体中微生物群落的空间分布及其对耕作的响应[D]. 西南大学, 2009.
- [48] 罗红燕, 蒋先军, 谢德体, 等. 真菌和细菌生物量在土壤团聚体中的分布和耕作响应[J]. *生态学报*, 2009, 29(8): 4588 – 4594.
- [49] 李景, 吴会军, 武雪萍, 等. 长期不同耕作措施对土壤团聚体特征及微生物多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2014, 25(8): 2341 – 2348.

- [50] 董 静, 邢锦城, 温祝桂, 等. 苏北滩涂盐碱地3种典型盐生植物根际土壤细菌多样性及群落结构分析[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(8): 212 - 218.
- [51] 马晓英, 马 琨, 周 艳, 等. 土壤细菌群落组成对有机与无机培肥措施响应[J]. *西北农业学报*, 2019, 28(10): 1698 - 1707.
- [52] 台喜生, 冯佳丽, 李 梅, 等. 鞘氨醇单胞菌在生物降解方面的研究进展[J]. *湖南农业科学*, 2011, (7): 21 - 25.
- [53] 韩梦颖, 王雨桐, 高 丽, 等. 降解秸秆微生物及秸秆腐熟剂的研究进展[J]. *南方农业学报*, 2017, 48(6): 1024 - 1030.
- [54] Fierer N, Lauber C L, Ramirez K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(5): 1007 - 1017.
- [55] 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.
- [56] 许 楠, 刑军会, 隋 心, 等. 土地利用方式对高寒地区湿地土壤细菌群落结构和多样性的影响[J]. *江苏农业科学*, 2021, 49(24): 233 - 240.
- [57] Turlapati S A, Minocha R, Bhiravarasa P S, et al. Chronic N-amended soils exhibit an altered bacterial community structure in Harvard Forest, MA, USA[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, 83(2): 478 - 493.
- [58] 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.
- [59] 杨 磊, 张玉龙, 姜同轩, 等. 开垦对盐渍化弃耕地土壤细菌群落组成和结构的影响[J]. *新疆农业科学*, 2018, 55(4): 726 - 736.
- [60] 南丽丽, 郭全恩, 谭杰辉, 等. 轮作休耕模式对土壤细菌群落的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2020, 38(6): 128 - 134.
- [61] 严淑娟, 刘 茗, 刘彩霞, 等. 毛竹纯林土壤微生物多样性高于杉木纯林[J/OL]. *土壤学报*: 1 - 16[2022-04-30].
- [62] Wang M, Shi S, Lin F, et al. Response of the soil fungal community to multi-factor environmental changes in a temperate forest[J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, 81: 45 - 56.
- [63] 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.
- [64] Philippe V, Baldauf S L, Corinne L, et al. Extensive fungal diversity in plant roots[J]. *Science*, 2002, 295(5562): 2051.
- [65] Yelle D J, Wei D, Ralph J, et al. Multidimensional NMR analysis reveals truncated lignin structures in wood decayed by the brown rot basidiomycete *Postia placenta*[J]. *Environmental Microbiology*, 2011, 13(4): 1091 - 1100.
- [66] Osono T, Takeda H. Fungal decomposition of *Abies* needle and *Betula* leaf litter[J]. *Mycologia*, 2006, 98(2): 172 - 179.
- [67] 王 凯, 齐悦彤, 刘建华, 等. 油松与榆树人工林植物-凋落叶-土壤碳、氮、磷化学计量特征[J]. *生态学杂志*, 2022, 41(3): 427 - 434.
- [68] 代红翠, 张 慧, 薛艳芳, 等. 不同耕作和秸秆还田下褐土真菌群落变化特征[J]. *中国农业科学*, 2019, 52(13): 2280 - 2294.
- [69] 宁 琪, 陈 林, 李 芳, 等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J]. *土壤学报*, 2022, 59(1): 206 - 217.
- [70] 贺占雪, 马建鹏, 杨 斌, 等. 云南主栽核桃品种对 *Alternaria alternata* 叶枯病的抗病性评价[J]. *植物保护*, 2019, 45(4): 195 - 200 + 235.
- [71] 谭仲廷, 李安定, 杨 瑞, 等. 百香果连作对土壤真菌群落结构的影响[J]. *分子植物育种*, 2022, 20(4): 1373 - 1382.
- [72] 刘艳梅, 朱建兰. 甘肃省土壤曲霉属(*Aspergillus* Mich. ex Link: Fr.)的种[J]. *西北农业学报*, 2005, 14(4): 145 - 148 + 157.
- [73] 吴劲松. 植物对病原微生物的“化学防御”: 植保素的生物合成及其分子调控机制[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(7): 2161 - 2167.
- [74] 董爱荣, 吕国忠, 吴庆禹, 等. 小兴安岭凉水自然保护区森林土壤真菌的多样性[J]. *东北林业大学学报*, 2004, 32(1): 8 - 10.
- [75] 杨立宾, 隋 心, 朱道光, 等. 大兴安岭兴安落叶松林土壤真菌群落特征研究[J]. *中南林业科技大学学报*, 2017, 37(12): 76 - 84.

Characteristics of Bacterial and Fungal Communities in Quaternary Red Soils under Different Land-use Patterns

ZHANG Cheng-cheng¹, SUN Zhong-xiu^{1*}, WANG Qiu-bing¹, JIANG Ying-ying²,
DUAN Si-yi¹, ZHANG Yong-wei¹, SUN Fu-jun¹

(1. College of Land and Environment, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China;

2. Shenyang Institute of Technology, Shenyang 113122, China)

Abstract: [Objective] Clarifying the characteristics of bacterial and fungal communities in Quaternary Red soils under different land-use patterns will provide important biological property data for evaluating the health status of Red soils, and to provide guidance for the rational utilization and scientific management of Quaternary Red soil resources. [Method] Quaternary Red soils in sparse forest grassland, grassland, woodland, cultivated land and their nearby buried Quaternary Red soils underlying loess from the same stratum were taken as the research objects, and the buried Quaternary Red soil was taken as the control group. The high-throughput sequencing technology was used to determine the abundance, diversity and community composition changes of bacterial and fungal communities in Quaternary Red soils under different land use patterns. Combined with soil physical-chemical properties, the community characteristics of bacteria and fungi in Quaternary Red soils under different land use patterns were systematically addressed. [Result] There were significant differences between the α -diversity index of microbes in Quaternary Red soils under different land-use patterns. Compared to the buried Quaternary Red soil, the bacterial abundance index, diversity index, and fungal abundance index of Quaternary Red soils of sparse forest grassland, grassland, woodland, and cultivated land increased significantly, while the fungal diversity index of cultivated land decreased significantly. The relative abundance of dominant bacterial and fungal communities in Quaternary Red soils changed significantly under different land-use patterns following the buried Quaternary Red soils eroded to the land surface. Compared to the buried Quaternary Red soil, the relative abundance of Proteobacteria in Quaternary Red soils under other land-use patterns significantly decreased, while the relative abundance of Acidobacteria, Chloroflex and Gemmatimonadetes significantly increased. The relative abundance of Ascomycota decreased significantly in the sparse forest grassland, grassland and woodland, while the relative abundance of Basidiomycota increased significantly in the sparse forest and cultivated land, and the relative abundance of Mortierellomycota increased significantly in the woodland. The principal coordinates and hierarchical clustering analysis showed that the community structure of bacterial and fungal in Quaternary Red soils changed under different land-use patterns, and the community structure of the Quaternary Red soil of sparse forest grassland was the most similar to that of woodland. [Conclusion] The bacterial and fungal abundance, diversity, and community composition of Quaternary Red soils changed significantly under different land-use patterns following buried ancient red soils exposed to the ground surface. The research results could provide important biological property data for diagnosing the Quaternary Red soil health status, and a foundation for scientific management and utilization of Quaternary Red soil resources.

Key words: Land-use pattern; Quaternary Red soil; Soil microorganism; Bacteria; Fungi; Community characteristics

[责任编辑: 刘轶飞]