

DOI:10.12171/j.1000-1522.20240199

不同林龄桉树人工林土壤细菌群落结构与功能多样性变化特征

樊容源¹ 叶绍明¹ 吴昊¹ 李梓华¹ 李林欣¹ 余春和²

(1. 广西大学林学院, 广西 南宁 530004; 2. 广西壮族自治区国有雅长林场, 广西 百色 533000)

摘要:【目的】探究林龄增长对桉树人工林土壤细菌群落的影响, 为提升桉树人工林土壤生态系统功能提供理论依据。【方法】以广西国有大桂山林场不同林龄(1、2、3、5、7 a)桉树人工林为研究对象, 分析不同林龄桉树人工林土壤理化性质、微生物生物量以及土壤细菌群落组成、共现网络、功能特征及其影响因素。【结果】(1)随林龄增长, 土壤总有机碳(TOC)、全氮(TN)、可溶性有机碳(DOC)、可溶性有机氮(DON)、微生物生物量碳(MBC)整体均呈先下降后上升的变化趋势, 微生物生物量氮(MBN)、微生物生物量磷(MBP)随林龄增长显著增加。(2)土壤养分 TOC/TN 表现出先上升后下降的趋势, MBN/TN、MBP/TP 表现为随林龄增长显著升高。MBC/MBN、MBC/MBP 则随林龄增长显著下降, 呈现“表层聚集性”特征。(3)细菌 α -多样性随土壤深度增加显著降低。土壤优势细菌类群为酸杆菌门、变形菌门。(4)共现网络分析得出, 细菌以共存作用为主导, 细菌间的协同作用较大, 7 a 林分的网络复杂性较高, 表明其细菌群落间相互作用更为复杂, 有利于土壤生物因子的稳定。细菌功能预测以糖代谢和氨基酸代谢为主, 大部分功能差异随林龄增长不显著。(5)TN、DON、TP、TN/TP 与较低丰度细菌群落 WPS-2 门、拟杆菌门、厚壁菌门显著正相关, 说明较低类群也可能在保持土壤稳定上发挥作用。【结论】土壤碳、氮、磷是桉树生长过程中的重要限制因素, 应注重早期桉树人工林的生长管理, 适当延长轮伐期, 施用有机肥或菌肥, 以提高细菌群落结构稳定性尤其是优势细菌类群的稳定, 这对改善桉树人工林土壤质量具有重要意义。

关键词: 桉树人工林; 土壤细菌; 群落结构; 功能多样性

中图分类号: S792.39 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-1522(2024)12-0041-12

引文格式: 樊容源, 叶绍明, 吴昊, 等. 不同林龄桉树人工林土壤细菌群落结构与功能多样性变化特征 [J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(12): 41-52. Fan Rongyuan, Ye Shaoming, Wu Hao, et al. Characteristics of changes in soil bacterial community structure and functional diversity in *Eucalyptus* sp. plantation of different ages [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(12): 41-52.

Characteristics of changes in soil bacterial community structure and functional diversity in *Eucalyptus* sp. plantation of different ages

Fan Rongyuan¹ Ye Shaoming¹ Wu Hao¹ Li Zihua¹ Li Linxin¹ Yu Chunhe²

(1. College of Forestry, Guangxi University, Nanning 530004, Guangxi, China;

2. State-Owned Yachang Forest Farm of Guangxi Zhuang Autonomous Region, Baise 533000, Guangxi, China)

Abstract: [Objective] Exploring the effects of forest age growth on soil bacterial communities in *Eucalyptus* sp. plantation can provide a theoretical basis for improving soil ecosystem function of eucalyptus plantation. [Method] Soil physical and chemical properties, microbial biomass, and soil bacterial community composition, co-occurrence network, functional characteristics, and their influencing factors were analyzed in eucalyptus plantation of different ages (1-year-old, 2-year-old, 3-year-old, 5-year-old, and

收稿日期: 2024-06-19 修回日期: 2024-07-08

基金项目: 国家自然科学基金项目(32260382)。

第一作者: 樊容源。主要研究方向: 土壤微生物。Email: 1324528915@qq.com 地址: 530004 广西南宁市大学东路 100 号广西大学林学院。

责任作者: 余春和, 高级工程师。主要研究方向: 森林培育和林业科技推广。Email: 377791579@qq.com 地址: 533000 广西百色市右江区站前大道 109 号。

本刊网址: <http://j.bjfu.edu.cn>; <http://journal.bjfu.edu.cn>

7-year-old) in the State-Owned Daguishan Forest Farm of Guangxi, southern China as the research object. [Result] (1) With the growth of stand age, soil total organic carbon (TOC), total nitrogen (TN), dissolved organic carbon (DOC), dissolved organic nitrogen (DON), and microbial biomass carbon (MBC) as a whole showed a decreasing and then increasing trend, and microbial biomass nitrogen (MBN) and phosphorus (MBP) increased significantly with the growth of stand age. (2) The soil nutrient stoichiometric ratios of TOC/TN showed an increasing and then decreasing trend, while MBN/TN and MBP/TP increased significantly with the age of forest, and MBC/MBN and MBC/MBP decreased significantly with stand age, which was characterized by “surface layer aggregation”, and TOC/TP, TN/TP, MBC/TOC and MBN/MBP showed different patterns and were greatly influenced by soil layer. TOC/TP, TN/TP, MBC/TOC, and MBN/MBP showed different patterns and were greatly influenced by soil layer. (3) α -diversity decreased significantly with increasing soil depth and dominant soil bacterial taxa were Acidobacteria and Proteobacteria phylum. (4) Co-occurrence network analysis showed that bacteria were dominated by co-occurrence, with greater synergistic effects among bacteria, and the network complexity was higher in 7-year-old stand, suggesting that its more complex interactions among bacterial communities were conducive to stabilization of soil biological factors. Bacterial functions were predicted to be dominated by carbohydrate metabolism and amino acid metabolism, and most of unctional differences were not significant with stand age. (5) TN, DON, TP, and TN/TP were significantly and positively correlated with lower abundance bacterial groups WPS-2 phylum, Bacteroidetes phylum, and Firmicutes phylum, suggesting that lower taxa may also play a role in maintaining soil stability. [Conclusion] It is initially shown that C, N and P in the soil of eucalyptus plantation are important limiting factors in growth process, and attention should be paid to the growth management of eucalyptus plantation in the early stage, appropriately lengthening the rotational period, and applying organic fertilizers or bacterial fertilizers to improve the stability of structure of bacterial community, especially the stability of dominant taxa, which is of great significance to the improvement of quality of eucalyptus plantation soils and sustainable development of eucalyptus plantation.

Key words: eucalyptus plantation; soil bacteria; community structure; functional diversity

土壤微生物是土壤生化过程的驱动者,在多个方面发挥着重要作用,包括促进土壤功能的实现(有机质分解、养分循环和土壤呼吸等),以及维持土壤结构稳定性(生物稳定性、团聚体稳定性等)^[1]。细菌群落是森林生态系统发育演替过程中重要的类群,约占全球生物量的15%^[2]。研究表明,细菌群落特征不仅在一定程度上可以作为土壤质量变化的敏感指标,还可以通过竞争或协同的方式驱动土壤有机质及养分循环^[3],这为我们在维持森林土壤健康和养分循环过程稳定等方面提供了新的思路^[4]。大量研究表明,土壤细菌群落多样性易受土壤盐度^[5]、土壤养分^[6]、含水率^[7]和植被^[8]等影响。在与土壤质量变化相关的细菌类群中,酸杆菌门(Acidobacteria)^[9]和变形菌门(Proteobacteria)^[10]是多数土壤生境的优势细菌类群。此外,细菌群落各物种间的网络互作关系及功能多样性对于预测土壤生态功能具有重要意义^[11]。有研究表明,土壤细菌群落功能氨基酸代谢和碳水化合物代谢较高,可有效提升土壤质量^[12],对森林生态系统经营和人工林地力管理有潜在贡献。

桉树(*Eucalyptus* sp.)是我国亚热带地区最为广

泛的造林树种之一^[13]。一般来说,桉树人工林的轮作时间为4~10年,较长的轮作时间有利于有机质的留存,而中国亚热带地区轮作时间通常不到7年^[14]。伴随着桉树人工林速生丰产和短轮伐周期的特性,其林下土壤在发生剧烈变化的同时也凸显了许多问题,如土壤肥力衰退,生物多样性降低等^[15]。林龄显著影响桉树人工林土壤理化特性进而影响土壤生态功能。有学者发现,1~5年生桉树人工林土壤全氮(total nitrogen, TN)、全磷(total phosphorus, TP)和速效磷(available phosphorus, AP)无显著差异,而在5年后,土壤有机质和微生物量显著增加^[16]。土壤微生物通过调节自身特性和机能以适应环境变化^[17],导致不同林龄阶段的微生物群落组成和功能存在特异性。因此,研究桉树人工林时间序列下土壤质量的变化与机制,土壤微生物在其中的作用不可忽视。研究土壤微生物与土壤质量的变化与耦合有助于揭示土壤微生物群落结构在林龄增长过程中发生变化的内在原因^[18]。

目前,对桉树人工林短周期生长过程中土壤细菌和地力变化问题的研究还不够全面,对它们之间

的共变关系讨论不够深入,特别是缺乏对细菌群落如何响应桉树人工林营造的驱动机制的理解。明确不同细菌群落在桉树人工林不同生长阶段的主导作用,对于准确反映土壤环境变化和林木生长发育具有重要意义。本研究以广西大桂山林场桉树人工林土壤为研究对象,探讨桉树人工林短周期种植年限对土壤养分变化的影响,以及土壤细菌群落结构与功能多样性特征对林龄变化的响应,以期为桉树人工林轮伐周期和土壤可持续利用提供理论依据。

1 研究区概况与研究方法

1.1 研究区概况

本研究地点位于中国广西贺州国有大桂山林场(23°58'33"~24°14'25"N, 111°20'05"~111°54'39"E)。该地区属中南亚热带过渡区,湿润亚热带季风气候,年平均气温 19.3 °C, 平均年降水量 2 056 mm。土壤主要为砂页岩风化后的红壤,土壤质地为壤土和黏壤土^[19]。在桉树造林之前,这里被自然生长的灌木覆盖。2010 年后,逐渐开始种植桉树人工林,行间距均为 2 m × 3 m。桉树人工林下优势植物有桃金娘(*Rhodomyrtus tomentosa*)、三叉苦(*Melicope pteleifolia*)、鸭脚木(*Schefflera octophylla*)、盐肤木(*Rhus chinensis*)、五节芒(*Miscanthus floridulus*)、黄茅草(*Heteropogon contortus*)、铁芒萁(*Dicranopteris linearis*)等。

1.2 样地设置与样品采集

通过对研究区林分的全面踏查,确保所选林分具有相似的生境,如土壤类型、坡度和坡向等。采用“空间代替时间”的方法,于 2022 年 6 月选取了 1、2、3、5、7 年生(1、2、3、5、7 a)共 5 个桉树人工林作为研究对象。5 种林分采用完全随机区组设计,每个林龄林分之间距离 1 000 ~ 2 000 m。在每个林分中,距离林分边缘 50 m 的位置,随机设置 3 个样方(20 m × 20 m),样方间距在 50 m 以上。共设置 15 个样地(5 个林龄林分 × 3 个重复)。在每个样方内,随机选择 5 个 1 m × 1 m 的小样方(设在等株行距间),由上至下采集 0 ~ 20 cm、20 ~ 40 cm 土层原状土样,去除凋落物残渣和石块,将小样方 5 个采样点土壤分层混合为一个土壤样品,共计 30 个土样。分别标记后装入无菌密封袋,放入有冰袋的冰盒带回实验室,一部分土壤样品经预处理后自然风干,用于理化性质测定,一部分土壤样品置于 -80 °C 冰箱,用于后续高通量测序。

1.3 土壤理化性质与微生物生物量测定

在 105 °C 下烘干新鲜土壤样品 72 h,测定土壤含水率(soil water content, SWC)。按土壤与去离子

水 1:2.5 的比例配置溶液测定土壤 pH 值^[20]。使用总有机碳分析仪(Multi N/C 3 100 TOC/TN)固体模块测定土壤中的总有机碳(total organic carbon, TOC),液体模块测定可溶性有机碳(dissolved organic carbon, DOC)和可溶性有机氮(dissolved organic nitrogen, DON)^[21]。凯氏定氮法^[20]测定总氮,土壤全磷用氢氧化钠碱熔-钼锑抗比色法测定,有效磷采用碳酸氢钠浸提法测定^[20]。采用熏蒸浸提-仪器分析法测定微生物生物量碳(microbial biomass carbon, MBC)和微生物生物量氮(microbial biomass nitrogen, MBN)^[22],微生物生物量磷(microbial biomass phosphorus, MBP)采用氯仿熏蒸法测定^[23]。

1.4 细菌 DNA 提取、高通量测序和生物信息学分析

用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法从样品中提取基因组 DNA^[24]。通过琼脂糖凝胶电泳确认 DNA 纯度和浓度后,使用无菌水将样品稀释至 1 mg/μL。以稀释后的基因组 DNA 为模板,利用引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')和 806R(5'-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3')扩增细菌的 16S rDNA 的 V3-V4 序列。根据扩增区域选择使用带 barcode 的特异性引物、New England Biolabs 公司的 Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer 和高效高保真酶进行 PCR,以确保扩增效率和准确性。将 PCR 产物混合均匀后在 2% 1 × TAE 琼脂糖凝胶上电泳纯化,选择主带为 400 ~ 450 bp 的序列,对凝胶进行切割,以获得目标条带。使用新英格兰生物实验室提供的 NEB Next® Ultra™ DNA 试剂盒制备文库,并进行定量分析。分析结束后,使用 Illumina NovaSeq 6000(Illumina, San Diego, CA, USA)平台进行测序,获得原始数据。为了使信息分析结果更加准确可靠,对原始数据进行拼接,并对嵌合体进行过滤,以获得有效数据^[25]。使用 DADA 2 进行有效标记以获得扩增子序列(amplicon sequence variant, ASV)。16S 区域使用 Silva 138.1 数据库进行分类注释,采用 QIIME 2.0 软件进行物种标注^[25]。利用 PICRUST2 获得相关的功能预测信息表,并映射到 KEGG 数据库中,根据 KEGG 数据库中的功能分类,按数据库二级分类进行分析和统计^[26]。

1.5 数据分析

使用 SPSS 22.0 进行双因素方差分析(Two-way ANOVA)和事后检验(Tukey's HSD),检验土壤理化性质的统计差异。采用最小显著性差异检验不同林龄及土层各指标大小,并计算不同林龄和土层深度的化学计量比。皮尔逊相关分析用于计算土壤养分及其化学计量比、微生物生物量及其化学计量比与细菌类群及功能之间的相关性。使用 origin 2024 软

件进行绘图。选取各林龄相对丰度前 300 的 ASV 丰度,使用 R 语言中“psych”程序包计算细菌之间相关性,设置 $R > 0.8$ 且 $P < 0.05$ 。在 Gephi 中,对细菌共现网络进行可视化,并进行拓扑分析。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

在 0~20 cm 土层中,1、2、3 a 林分土壤 SWC 显著大于 5 a 和 7 a 林分($P < 0.05$,表 1)。除 5 a 林分外,其他林分 0~20 cm 土层 SWC 显著高于 20~40 cm 土层($P < 0.05$)。除 1 a 林分外,pH 在不同土层间差异不显著,3 a 和 5 a 林分 pH 显著高于 7 a 林分($P < 0.05$)。土壤 C、N、P 组分含量因林龄增长和土层加深而产生差异。其中,在 0~20 cm 土层,土壤 TOC、TN、DOC 和 DON 含量在 1 a 林分较高,随林龄增长显著降低,至 7 a 林分再次回升;土壤 TP 和 AP 以 2 a 林分为最高。在 20~40 cm 土层,除 DOC 外,土壤 TOC、TN 和 DON 含量规律与 0~20 cm 土层一致,即随林龄增加先降低后增加。在土层差异上,除 3、7 a 林分 DOC 外,0~20 cm 土层土壤 TOC、TN、DOC 和 DON 含量均显著高于 20~

40 cm 土层($P < 0.05$)。除 5 a 林分外,0~20 cm 土层 TP 和 AP 含量显著高于 20~40 cm 土层($P < 0.05$)。

2.2 土壤养分与微生物生物量化学计量特征

0~20 cm 土层中,土壤 MBC、MBN 含量随林龄增长总体呈先降低后增加的趋势,1 a 林分的 MBC 含量显著高于其余林分($P < 0.05$),3 a 与 7 a 的 MBN 含量较高,3、5 与 7 a 的 MBP 含量较高($P < 0.05$)。在 20~40 cm 土层中,MBC 含量随林龄增长显著降低,MBP 含量随林龄增长逐渐增加。土壤 MBC、MBN 和 MBP 含量在 7 a 时均处于较高水平,在 2 a 和 3 a 时均处于较低水平(图 1)。

土壤 C、N、P 及化学计量比和 MBC、MBN、MBP 及化学计量比受到林龄的显著影响(图 2)。在 0~20 cm 土层中,土壤 TOC/TN、TOC/TP 和 TN/TP 随林龄增长呈先下降再升高的趋势(图 2a~c)。1、3 和 5 a 林分的 TOC/TN 显著高于 2 a 林分,1 a 和 5 a 林分 TOC/TP 显著高于 2、3 和 7 a 林分,1 a 林分 TN/TP 显著高于 2、3 a 林分。在 20~40 cm 土层中,土壤 TOC/TN 和 TOC/TP 随林龄增长先升高再下降,均以 3 a 林分最高($P < 0.05$)。除 5 a 林分外,TN/TP 在各林龄林分中差异不显著($P > 0.05$)。

表 1 不同林龄和土层土壤理化性质的变化特征

Tab. 1 Characteristics of changes in soil physicochemical properties in different ages and soil layers

林龄/a Stand age/year	SWC/%		pH		TOC/(g·kg ⁻¹)		TN/(g·kg ⁻¹)		DOC/(mg·kg ⁻¹)		DON/(mg·kg ⁻¹)		TP/(g·kg ⁻¹)		AP/(mg·kg ⁻¹)	
	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm	0~ 20 cm	20~ 40 cm
	1	17.81 ± 0.03 a*	16.10 ± 0.01 b	3.54 ± 0.07 a*	3.26 ± 0.09 b	32.08 ± 7.27 a***	9.88 ± 3.18 b	2.91 ± 0.24 a***	0.72 ± 0.05 ab	215.08 ± 52.53 a***	147.88 ± 28.57 b	37.23 ± 3.45 a***	17.34 ± 2.2 ab	0.30 ± 0.03 b***	0.17 ± 0.04 b	7.93 ± 0.34 b***
2	18.35 ± 0.02 a*	16.34 ± 0.01 b	3.46 ± 0.06 ab	3.47 ± 0.19 ab	18.20 ± 2.46 bc***	7.45 ± 1.83 bc	2.16 ± 0.17 ab***	0.91 ± 0.30 a	208.55 ± 7.12 a***	144.73 ± 14.93 b	29.45 ± 2.56 b***	15.23 ± 3.36 b	0.38 ± 0.02 a***	0.26 ± 0.07 a	8.46 ± 0.32 a***	3.01 ± 0.22 c
3	19.21 ± 0.01 a*	18.59 ± 0.01 a	3.56 ± 0.12 a	3.53 ± 0.23 a	18.47 ± 3.29 bc***	7.45 ± 0.21 bc	1.79 ± 0.11 b***	0.63 ± 0.08 b	158.17 ± 10.71 c	214.76 ± 53.03 a**	28.70 ± 3.00 b***	12.78 ± 1.78 bc	0.31 ± 0.04 b***	0.14 ± 0.02 c	8.11 ± 0.10 ab***	4.40 ± 0.07 b
5	13.47 ± 0.02 b	16.44 ± 0.02 b*	3.52 ± 0.06 a	3.51 ± 0.11 a	21.10 ± 3.3 b***	10.41 ± 2.34 ab	1.78 ± 0.35 b***	0.58 ± 0.12 b	183.07 ± 9.28 ab**	133.11 ± 17.55 b	31.66 ± 5.64 ab***	14.51 ± 2.96 b	0.20 ± 0.04 c	0.28 ± 0.05 a*	8.02 ± 0.10 ab***	4.23 ± 0.39 b
7	14.98 ± 0.19 b*	13.28 ± 0.01 c	3.27 ± 0.12 b	3.37 ± 0.08 b	22.79 ± 4.75 ab***	12.98 ± 2.23 a	2.34 ± 0.37 ab***	0.89 ± 0.35 a	220.37 ± 49.03 a	191.85 ± 9.13 a	33.11 ± 4.21 a***	20.45 ± 4.33 a	0.29 ± 0.04 b*	0.21 ± 0.02 a	8.28 ± 0.13 ab***	4.70 ± 0.21 a

注:不同小写字母表示不同林龄之间有显著差异($P < 0.05$);*、**和***表示不同土层之间存在显著差异,显著性分别为 $P < 0.05$ 、 $P < 0.01$ 和 $P < 0.001$ 。SWC.土壤含水率;pH.土壤酸碱度;TOC.总有机碳;TN.全氮;DOC.可溶性有机碳;DON.可溶性有机氮;TP.全磷;AP.有效磷。下同。Notes: different lowercase letters indicate significant differences ($P < 0.05$) between varied stand ages; *, ** and *** indicate significant differences between varied soil horizons, with significance of $P < 0.05$, $P < 0.01$ and $P < 0.001$, respectively. SWC, soil water content; pH, soil acidity and alkalinity; TOC, total organic carbon; TN, total nitrogen; DOC, dissolved organic carbon; DON, dissolved organic nitrogen; TP, total phosphorus; AP, effective phosphorus. Same as below.

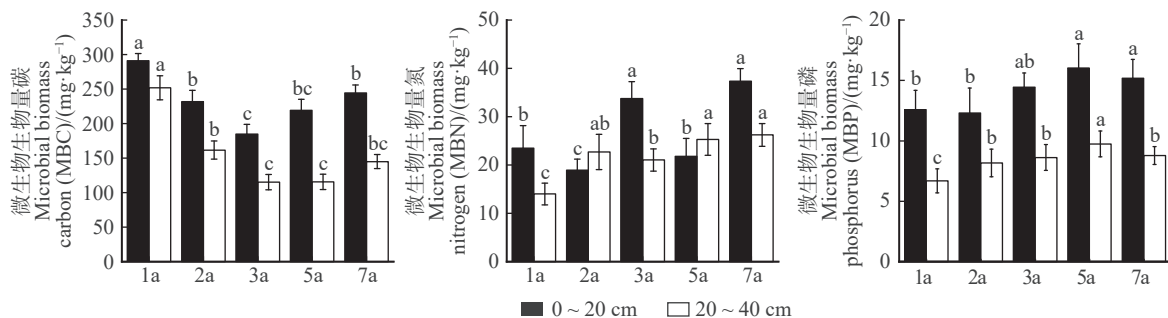


图 1 不同林龄和土层土壤微生物生物量变化特征

Fig. 1 Characterization of soil microbial biomass changes in different stand ages and soil layers

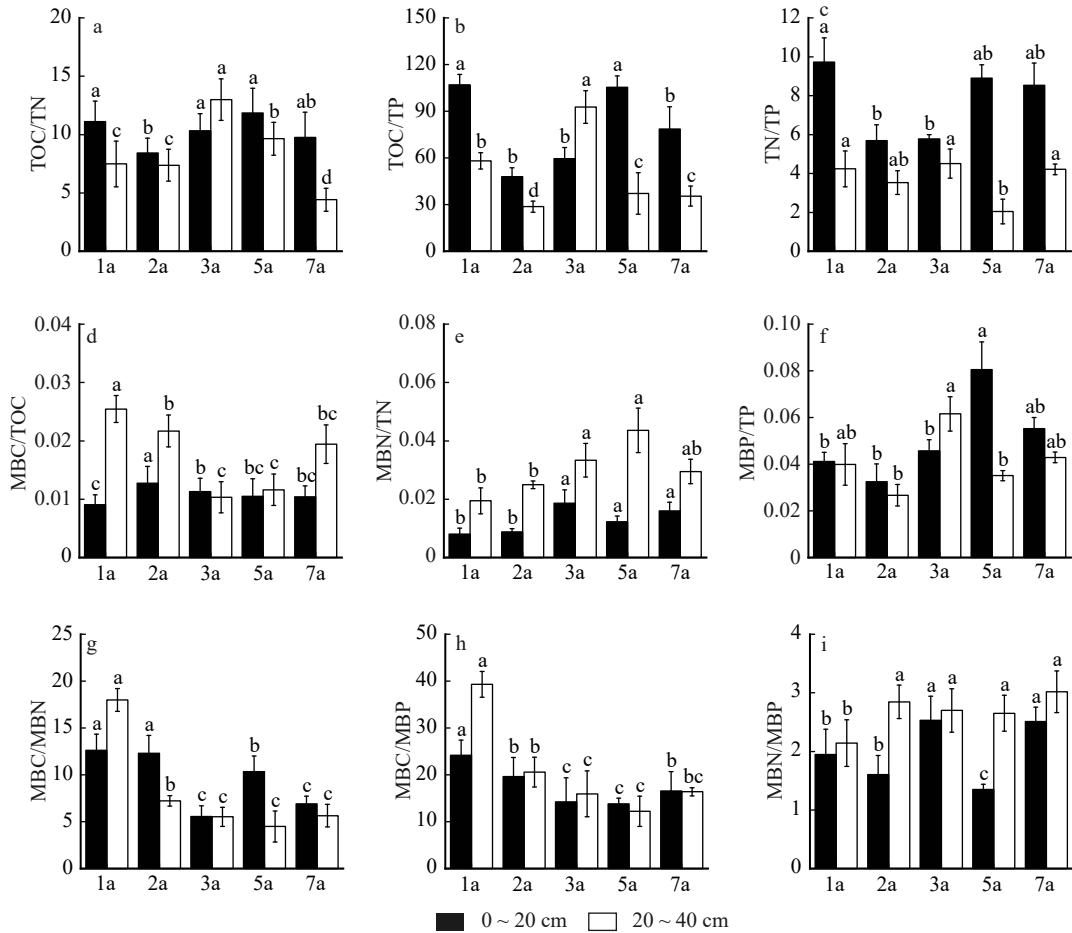


图 2 不同林龄和土层土壤养分和微生物生物量化学计量比变化特征

Fig. 2 Characteristics of changes in stoichiometric ratios of soil nutrients and microbial biomass in different stand ages and soil layers

MBC/TOC、MBN/TN 在不同土层差异较大, 两者均在 20~40 cm 土层较高(图 2d~f)。在 20~40 cm 土层中, MBC/TOC 随林龄增长呈先降低后升高的趋势, MBN/TN 随林龄增长逐渐升高, MBP/TP 随林龄增长呈先升高再下降趋势。在 0~20 cm 土层中, MBC/TOC 以 2 a 林分最高, 1 a 和 2 a 林分 MBN/TN 显著低于其余林分, MBP/TP 则以 5 a 林分最高。

MBC/MBN 和 MBC/MBP 在各土层均随林龄增长显著降低($P < 0.05$), 以 3、5 和 7 a 林分最低(图 2g~i)。在 0~20 cm 土层中, MBN/MBP 以 3 a 和 7 a 林分最高, 在 20~40 cm 土层中, 除 1 a 林分外无显著差异($P > 0.05$)。

2.3 不同林龄桉树人工林土壤细菌群落结构与多样性

相似聚类得到 ASV 细菌序列 11 055 条。其中, 98.86% 的序列被归类到了 40 个不同的细菌门中, 进一步细分为 115 个纲、256 个目、401 个科以及 750 个属。 α -多样性(Chao1、Shannon、Simpson)结果表明, 1 a 和 7 a 林分中细菌群落总体多样性较高。在土层剖面上, 0~20 cm 土层 α -多样性均显著高于

20~40 cm 土层($P < 0.05$, 图 3)。

本研究重点分析了相对丰度前十的细菌门属, 以相对丰度大于 10% 的类群为优势细菌类群(图 4)。酸杆菌门是最主要的优势菌类群, 其相对丰度在 ASV 序列中占 29.77%~46.06%, 其次是变形菌门, 相对丰度在 18.37%~26.66% 之间。这两种菌类的丰度在生长过程中逐渐增加(图 4a)。Subgroup-2 属(11.68%~23.23% ASV 序列)丰度在各林龄中都显著高于其他菌属, 在生长过程中逐渐升高(图 4b)。与 1 a 和 2 a 林分相比, 5 a 和 7 a 林分中优势门属菌群的相对丰度更高。

分析细菌门和属水平的共线网络(图 5), 发现不同林龄林分的土壤中, 酸杆菌门、变形菌门、绿弯菌门(Chloroflexi)以及 Subgroup_2、HSB_OF53-F07 和普雷沃菌属(*Prevotella*)是主要细菌群落, 它们在各自土壤细菌共现网络中扮演着核心角色。在门和属水平上, 正相关系数均大于负相关系数, 表明细菌群落之间的协同作用较大, 拮抗作用较小。此外, 属水平各个林龄的正相关系数大多高于门水平, 表明在生长过程中, 土壤细菌属群落水平协同性更强。

就网络拓扑特征而言, 在门水平上, 1 a 和 7 a 林

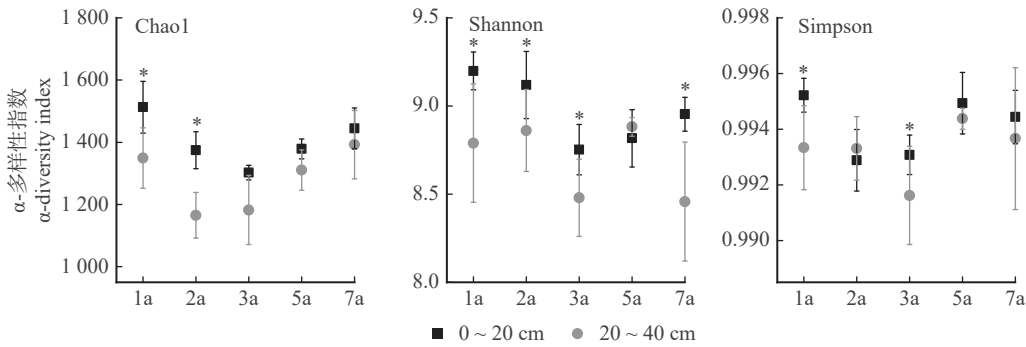
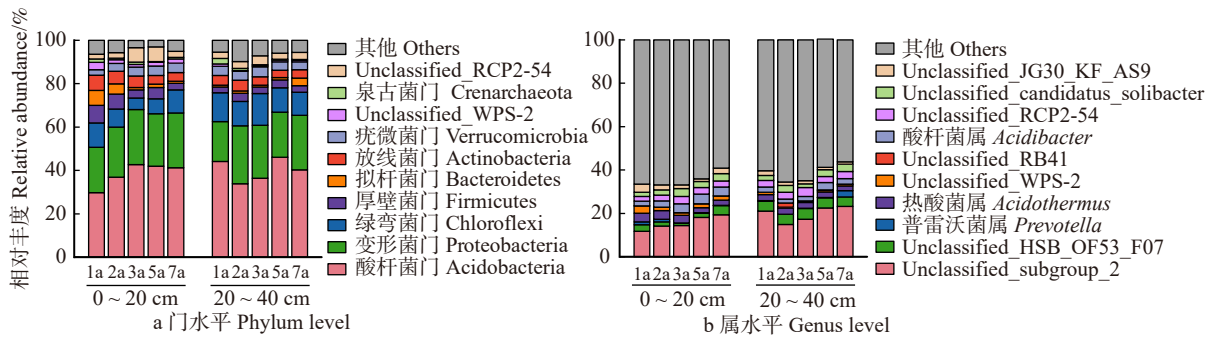
图3 不同林龄和土层桉树人工林土壤细菌群落 α -多样性变化特征Fig. 3 Characteristics of changes in α -diversity of soil bacterial communities in eucalyptus plantation of different stand ages and soil layers

图4 不同林龄和土层土壤细菌门和属水平群落组成

Fig. 4 Soil bacterial community composition at phylum and genus levels in different ages and soil layers

分的网络边数均高于其余林分(表2)。与2a林分相比,其他4种林分土壤细菌群落具有更高的平均聚类系数、图密度、平均加权度、路径平均长度和模块化。7a林分的边数、图密度、路径平均长度和模块化系数为最高,表明2a林分的土壤细菌网络复杂性较低,而7a林分网络复杂性较高,细菌群落结构和功能具有较高分类的。在属水平上,各林分也有类似的网络拓扑特征。

2.4 不同林龄桉树人工林土壤细菌群落功能

在第2层级上,共识别出39个潜在细菌功能,其中前10个潜在功能占总功能类群丰度的62.55%(图6)。在这些功能中,糖代谢占比最高(11.07%),其次是氨基酸代谢(10.55%)、膜运输(8.74%)、复制与修复(7.08%)、能量代谢(5.81%)、转录(4.31%)、脂质代谢(3.89%)、复制因子与维生素代谢(3.86%)、细胞过程和信号传导(3.83%)以及细胞运动(3.37%)。研究表明,不同林龄的林分在糖代谢、能量代谢和脂质代谢功能中差异均不显著($P > 0.05$)。1a林分氨基酸代谢显著高于其余林分($P < 0.05$)。除5a林分外,膜运输功能在其余林分中差异不显著。在复制与修复功能上,7a林分显著低于3a和5a林分。1a林分转录功能最强,与5、7a林分差异显著。在辅助因子与维生素代谢上,2a林分显著高于其余林分。3、5和7a林分细胞过程和信号传导值显著高于1a林分($P < 0.05$)。细胞运动功能以1a林分为最低。

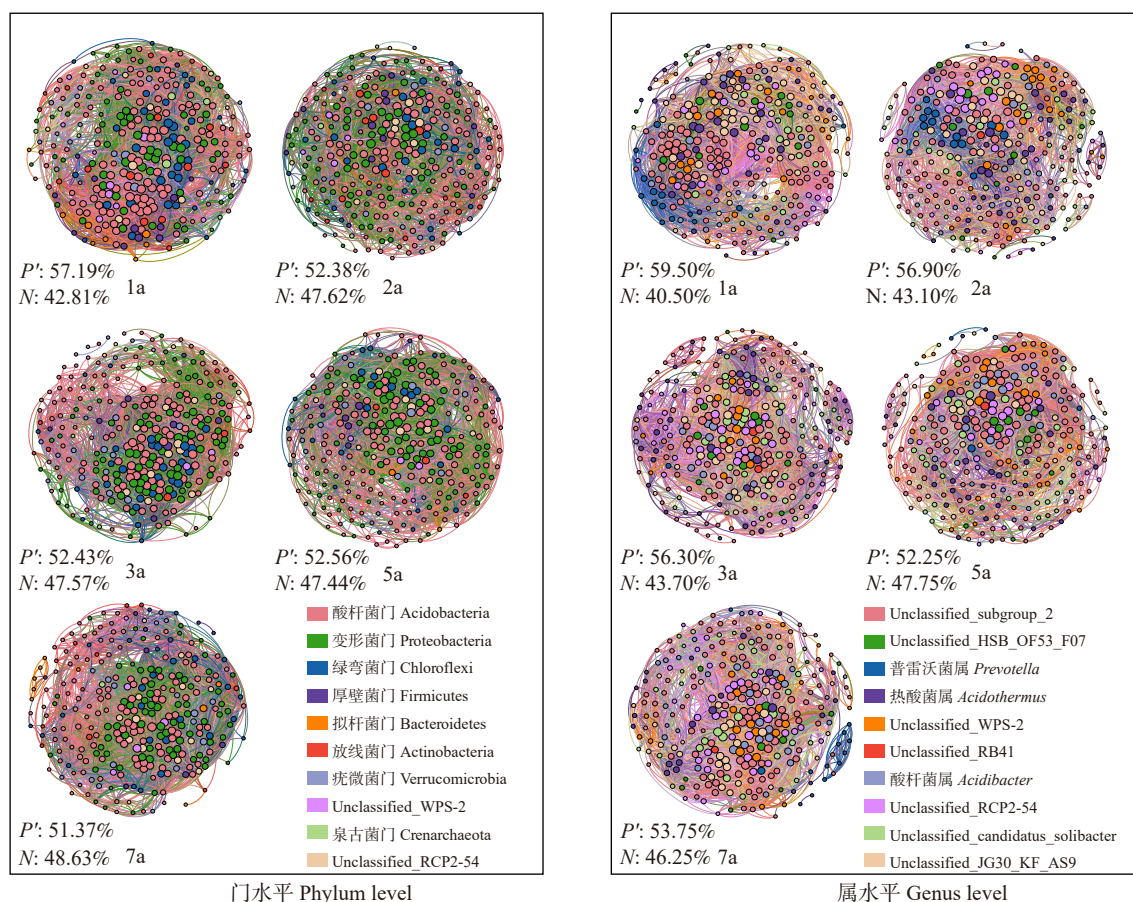
2.5 细菌门水平功能与各土壤因子相关性

优势细菌类群酸杆菌门与糖代谢功能呈极显著正相关($P < 0.01$),变形菌门与糖代谢功能呈极显著负相关($P < 0.01$)。较低丰度的细菌群落,如厚壁菌门、拟杆菌门和放线菌门,与膜运输蛋白丰度呈显著正相关($P < 0.05$,图7)。相关分析表明,细菌群落Chao1、Shannon和Simpson指数都与土壤TN、DON和TN/TP呈显著正相关($P < 0.05$,图8)。在群落组成上,细菌群落与土壤理化性质、微生物生物量和化学计量比有较强正相关性,其中,放线菌门、拟杆菌门和厚壁菌门总体上与TN、DON、TP、MBC和TN/TP显著正相关($P < 0.05$),WPS-2与多数理化性质呈极显著正相关($P < 0.01$)。

3 讨论

3.1 土壤理化性质、微生物生物量和化学计量比对林龄的响应

随着林龄的增长和土层的加深,土壤中C、N、P及其组分的变化趋势是一致的,但TOC、DOC、TN、DON、TP和AP并没有持续积累。在林木成熟前,植物生长主要依赖枯枝落叶溶解产生的溶解有机质以及种植后第1年(1a)施肥所释放的有机养分^[27],所以大部分土壤养分在1a林分显著高于其余林分。随着施肥产生的有机质和前期生长产生的枯枝落叶被消耗分解,2a和3a时各类有机养分含量



节点根据相对丰度前 10 的门水平和属水平着色。P' 正相关系数; N 负相关系数。Nodes are colored according to top 10 relative abundance at phylum and genus levels. P', positive correlation coefficient; N, negative correlation coefficient.

图 5 桉树人工林细菌群落门、属水平共现网络分析

Fig. 5 Co-occurrence network analysis at phylum and genus levels of bacterial communities in eucalyptus plantation

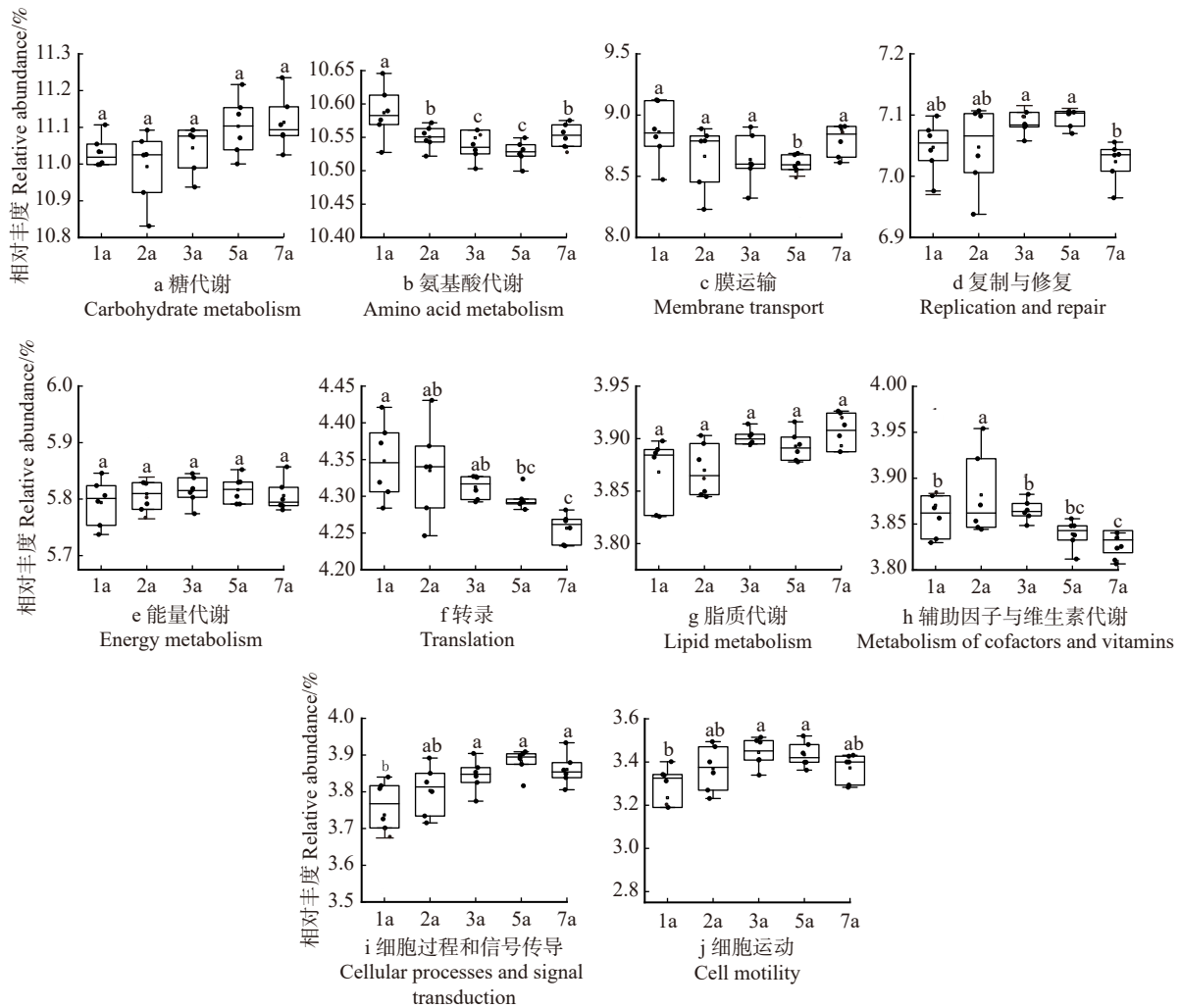
表 2 桉树人工林土壤细菌门和属水平的共现网络参数

Tab. 2 Co-occurrence network parameters at phylum and genus levels for soil bacteria in eucalyptus plantation

林龄/a Stand age/year	水平 Level	边 Edge	节点 Node	平均聚类系数 Average clustering coefficient	网络直径 Network diameter	图密度 Graph density	路径平均长度 Average path length	平均加权度 Average weighting	模块化 Modularized
1	门 Phylum	7 353	300	0.597	7	0.164	2.449	49.020	0.378
2		4 544	300	0.517	8	0.103	2.358	30.497	0.330
3		6 861	300	0.630	7	0.200	2.348	59.463	0.288
5		6 238	300	0.569	6	0.140	2.537	41.726	0.350
7		7 746	300	0.613	6	0.174	2.675	51.813	0.414
1	属 Genus	6 016	300	0.602	6	0.137	2.494	40.843	0.438
2		4 262	300	0.597	6	0.096	2.576	28.508	0.345
3		6 327	300	0.659	8	0.145	2.448	43.467	0.338
5		4 898	300	0.567	5	0.109	2.638	32.653	0.376
7		6 520	300	0.608	6	0.142	2.452	42.321	0.429

下降。随桉树林龄增长,到 5 a 时,生长速度趋缓,林分郁闭度增加,凋落物含量增多,林下微环境相互作用复杂。这些变化可能促进植物-土壤-微生物之间相互作用,从而有助于各类有机质及养分的积累^[28]。此外,在养分分布上,土壤 C、N、P 及其组分垂直变

化呈现出“表层聚集性”特征,TN 和 DON 主要聚集在 0~20 cm 土层,表明表层土壤是亚热带桉树人工林储存 N 元素的主要部位^[29]。DOC 和 DON 沿土层增加显著减少,可能是由于矿物表面的吸附作用或 DOC 和 DON 中极不稳定化合物的矿化所致^[30]。在



选取前 10 功能基因丰度作图。The top 10 functional gene abundances are selected for mapping.

图 6 基于 ASV 功能预测信息表的细菌功能随林龄增长变化特征

Fig. 6 Characteristics of bacterial function with age based on ASV function prediction information table

7 a 林分中,地上凋落物的增加为土壤提供了更多的易分解碳源,并提供了稳定的微环境,使得土壤微生物生物量显著增加^[31]。但除 7 a 林分各土层均具有较高的 DOC、DON 和 AP 含量外,可溶性养分在 2 a 和 3 a 林分含量较低,这可能是由于桉树在 2 a、3 a 阶段生长迅速,需要大量的土壤养分^[32],凋落物的养分返还未能及时弥补养分的不足,导致溶解性养分含量供应不足^[33]。此外,长期种植单一的纯林会引发根系和枯枝落叶分泌化感物质,影响土壤微环境,阻碍有机质的分解转化^[34]。总之,随着林分年龄的增加,桉树人工林土壤中 C、N、P 组分并没有持续积累,这表明林分年龄应被视为人工林可持续管理的一个重要因素。

3.2 土壤细菌群落结构和功能多样性对林龄的响应

研究表明,林分年龄与土层对细菌群落均有显著影响。1 a 和 7 a 林分中较高的 Chao1 和 Shannon 指数表明其具有更丰富的细菌群落和更高的物种多样性(图 3)。可以推测前期的无机和有机

施肥在短时间内显著影响了 1 a 林分土壤微生物群落的组成。随着林分年龄增长和土层加深,细菌群落多样性及丰富度减小,表明林分生长过程中土壤有机质的供求关系出现失衡,微生物获得的养分供应不足^[35]。然而,人工林树冠的差异也可能通过根系和枯枝落叶基质影响土壤细菌 α -多样性^[36]。酸杆菌门(寡营养细菌)和变形菌门(富营养细菌)以及酸杆菌门下的 Subgroup_2 属是本研究的优势细菌类群(图 4),它们具有巨大的形态、生理和代谢多样性^[37]。富营养细菌依赖于资源的可用性,快速生长,而寡营养细菌则以牺牲生长速度为代价高效利用资源,从而维持土壤养分的平衡状态。有研究指出,富营养细菌在养分丰富的栖息地具有优势,而寡营养细菌更适合在养分贫瘠或酸性土壤中生存,这说明酸杆菌门和变形菌门可能在桉树人工林土壤生态环境构建和物质循环过程中相互拮抗,共同占据了重要生态位^[38]。在门水平和属水平的共现网络分析中(图 5),正相关边数多于负相关边数,说明各菌群之

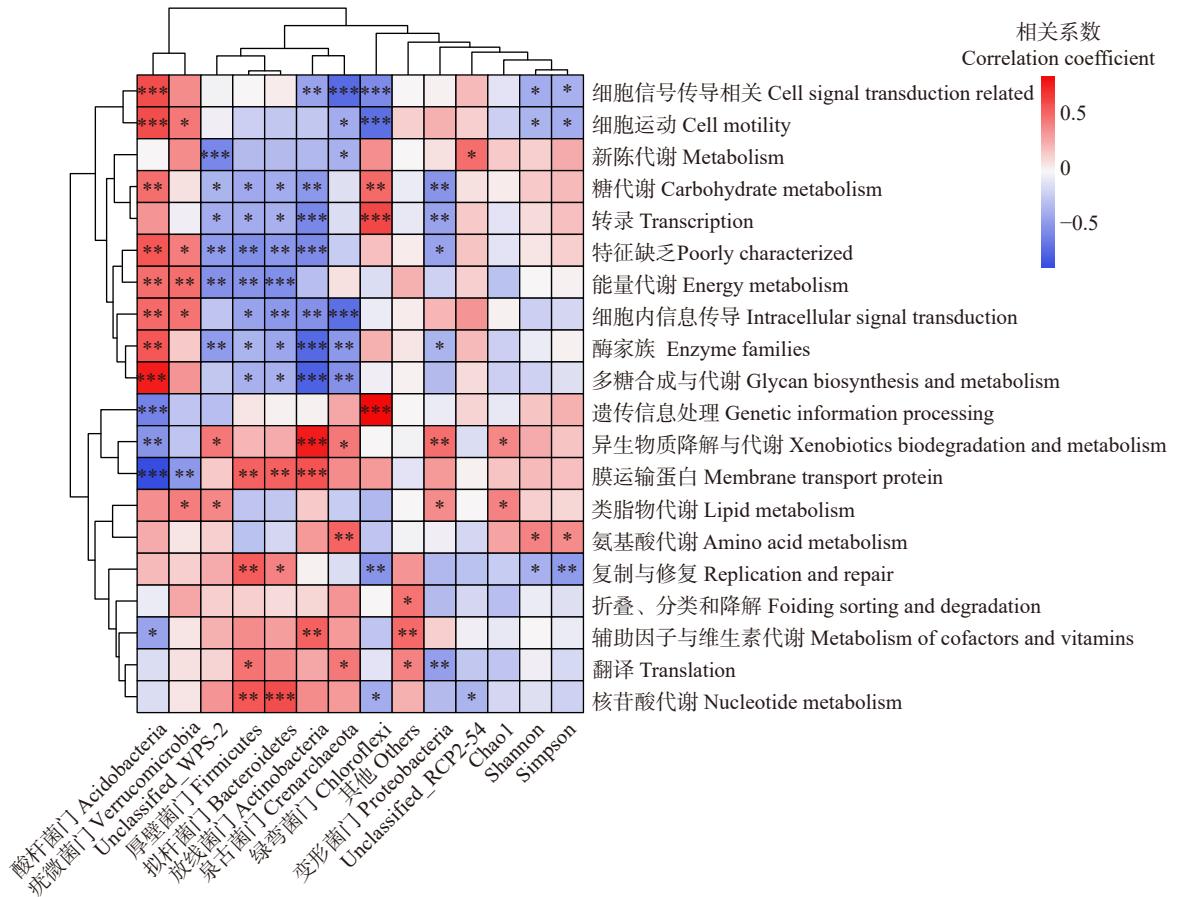


图 7 土壤细菌门水平组成与细菌功能的关系

Fig. 7 Relationship between soil bacterial composition at phylum level and bacterial function

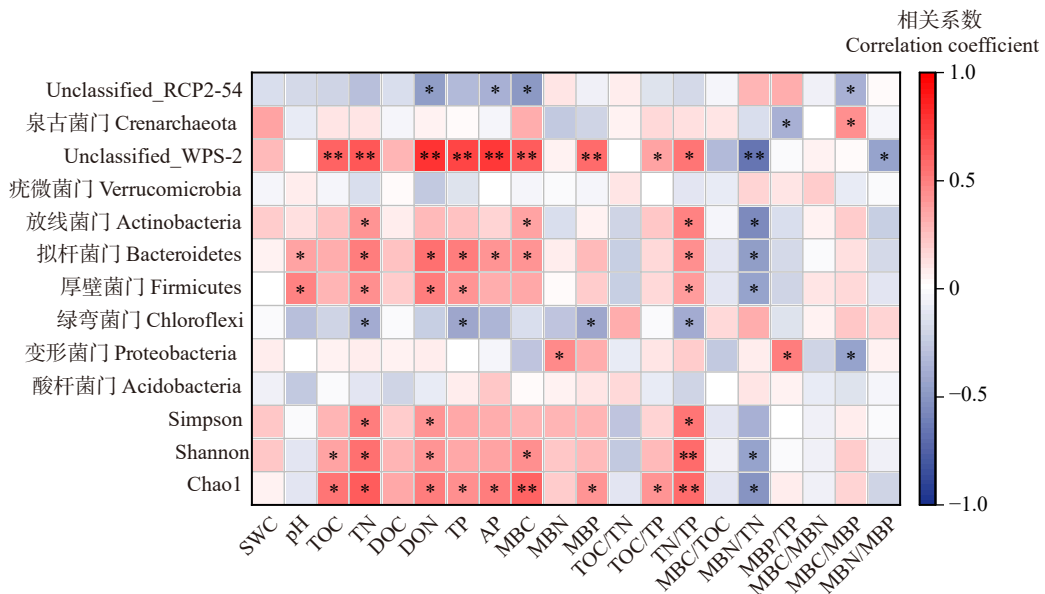


图 8 土壤因子、微生物量与土壤细菌门水平的相关性分析

Fig. 8 Correlation analysis of soil factors, microbial biomass, and soil bacterial at phylum level

间多是互利共生关系。有研究表明,当土壤中的营养物质充足时,菌群间多协同合作关系^[39],这与本研究结论一致,即 1 a 和 7 a 林分较高土壤有机质含量支撑着细菌群落更大的正相关性。

随林龄的增加,桉树人工林土壤细菌主要功能

多样性没有显著变化,这可能表明桉树人工林土壤细菌主要功能在短期种植中趋于稳定,物质代谢以糖代谢和氨基酸代谢为主。此外,相对丰度较高的酸杆菌门与糖代谢显著正相关,这可能意味着酸杆菌门承担起了整个桉树生长过程中重要的代谢功

能。而丰度较低的 WPS-2 门、厚壁菌门、拟杆菌门和放线菌门在膜运输、复制与修复等功能上发挥作用。这一发现与之前的结论相呼应,即酸杆菌门与变形菌门处在适宜生态位,它们在细菌功能贡献上处于主导地位^[40]。这些结果表明,酸杆菌门和变形菌门支撑着桉树人工林土壤的群落结构,使较低丰度的细菌群落也能发挥不同的作用。1 a 林分在各项功能上表现较为显著,表明人为施肥不仅提高了细菌多样性,而且可能丰富和提高了细菌功能^[41]。此外,稀有细菌具有更大的网络规模和复杂性,对土壤理化性质变化响应与优势细菌类群存在显著差异。因此,未来的研究需要更多地关注稀有细菌对森林动态的响应变化^[42]。

3.3 土壤细菌群落功能和土壤因子的关系

在一定程度上,土壤微生物群落组成和类型可以反映出土壤质量的变化^[43]。本研究发现,关键土壤因子 TN、DON、TP 和 TN/TP 正向驱动了细菌群落组成,这与蔡锰柯等^[44]研究结论相似,表明林龄的增加可能更有利于提高土壤物理性质和促进土壤养分含量积累。此外,有研究表明,以酸杆菌门主导的优势细菌类群与土壤 pH 显著正相关^[45],但在本研究中,酸杆菌相对丰度与土壤 pH 值相关性并不显著,这可能与酸杆菌亚群不同,甚至同一亚群不同的酸杆菌种对土壤环境因子响应存在差异有关^[46]。此外,研究发现相对丰度占比最高的酸杆菌门和变形菌门对土壤环境因子并不敏感,这可能源于酸杆菌门与变形菌门在土壤环境中存在拮抗作用,宏观上表现出对部分土壤环境因子不敏感。研究还发现相对丰度越低的一些细菌门类,更容易受土壤氮磷元素的影响而产生显著改变,如: RCP2-54 门、放线菌门、厚壁菌门、拟杆菌门等,这是由于其菌群总数较小进而更容易因环境细微改变而出现较大响应^[43]。

4 结 论

随着林龄增长,桉树人工林土壤养分和微生物生物量先降低再增加,在 7 a 林分中达到最高值,表现出明显的表聚效应。细菌对土壤有机质的利用效率受土壤养分含量限制。1 a 和 7 a 林分土壤细菌多样性最高,酸杆菌门、变形菌门及其门下为优势细菌类群。细菌间的协同作用较大,7 a 林分的网络复杂性较高,细菌群落间相互作用更为复杂。糖代谢是酸杆菌门主要预测功能,表明其在碳代谢上可能占据主导地位,较低类群的细菌也在保持土壤稳定性方面发挥作用。

参 考 文 献

[1] Cui Y, Fang L, Guo X, et al. Responses of soil microbial

communities to nutrient limitation in the desert-grassland ecological transition zone[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 642(1): 45–55.

[2] Barona Y M, Phillips R, Milo R. The biomass distribution on Earth[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2018, 115(25): 6506–6511.

[3] Wang Z, Wang H, Chen Z, et al. Ecological niche differences regulate the assembly of bacterial community in endophytic and rhizosphere of *Eucalyptus*[J/OL]. *Forest Ecology and Management*, 2022, 524: 120521[2024-05-27]. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2022.120521>.

[4] 毛晓雅,刘晋仙,贾彤,等. 芦芽山华北落叶松林土壤剖面细菌群落分布格局[J]. *环境科学*, 2023, 44(6): 3376–3385.

Mao X Y, Liu J X, Jia T, et al. Distribution pattern of bacterial community in soil profile of *Larix principis-rupprechtii* forest in Luya Mountain[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(6): 3376–3385.

[5] Hu W, Ran J, Dong L, et al. Aridity-driven shift in biodiversity-soil multifunctionality relationships[J]. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 5350[2024-02-12]. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-25641-0>.

[6] 张健飞,王淳,徐雯雯,等. 华北落叶松不同代际人工林土壤养分及细菌群落变化特征[J]. *北京林业大学学报*, 2020, 42(3): 36–45.

Zhang J F, Wang C, Xu W W, et al. Changes in soil nutrients and bacterial communities of *Larix principis-rupprechtii* plantations of different generations[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2020, 42(3): 36–45.

[7] 李娜,王宝荣,安韶山,等. 黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应[J]. *环境科学*, 2020, 41(9): 4284–4293.

Li N, Wang B R, An S S, et al. Response of soil bacterial community structure to precipitation change in grassland of Loess Plateau[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(9): 4284–4293.

[8] 杨安娜,李曾燕,牟凌,等. 上海大金山岛不同植被类型土壤细菌群落的变异[J]. *植物生态学报*, 2024, 48(3): 377–389.

Yang A N, Li Z Y, Mou L, et al. Variation in soil bacterial community across vegetation types in Dajinshan Island, Shanghai[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2024, 48(3): 377–389.

[9] Ma X D, Qu H T, Liao S M, et al. Changes in assembly processes and differential responses of soil microbial communities during mining disturbance in mining reclamation and surrounding grassland[J/OL]. *Catena*, 2023, 231: 107332[2024-02-12]. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2023.107332>.

[10] 高禾苗,任爱天,张绍聪,等. 西藏高原不同树龄核桃林土壤细菌多样性及其影响因素分析[J]. *北京林业大学学报*, 2023, 45(11): 100–109.

Gao H M, Ren A T, Zhang S C, et al. Soil bacterial diversity and its influencing factors of walnut forests with different stand ages in Xizang Plateau of northwestern China[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2023, 45(11): 100–109.

[11] Gong X, Jarvie S, Wen J, et al. Compared with soil fungal

- diversity and microbial network complexity, soil bacterial diversity drives soil multifunctionality during the restoration process[J/OL]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 354: 120379[2024-02-17]. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2024.120379>.
- [12] 李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 等. 不同海拔鬼箭锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测 [J]. *环境科学*, 2023, 44(4): 2304-2314.
Li Y Y, Xu T T, Ai Z, et al. Diversity and predictive functional of *Caragana jubata* bacterial community in rhizosphere and non-rhizosphere soil at different altitudes[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(4): 2304-2314.
- [13] 杨钙仁, 张秀清, 蔡德所, 等. 广西主要人工林凋落物分解过程及其对淋溶水质的影响 [J]. *应用生态学报*, 2012, 23(1): 9-16.
Yang G R, Zhang X Q, Cai D S, et al. Litter decomposition of dominant plantations in Guangxi and its effects on leachate quality[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2012, 23(1): 9-16.
- [14] Yao X Y, Zhang Q C, Zhou H J, et al. Introduction of *Dalbergia odorifera* enhances nitrogen absorption on *Eucalyptus* through stimulating microbially mediated soil nitrogen-cycling[J]. *Forest Ecosystems*, 2021, 8(1): 1-12.
- [15] 段春燕, 何成新, 徐广平, 等. 桂北不同林龄桉树人工林土壤养分及生物学特性 [J]. *热带作物学报*, 2019, 40(6): 1213-1222.
Duan C Y, He C X, Xu G P, et al. Soil nutrients and biological characteristics in *Eucalyptus* plantations of different planting ages at north Guangxi[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2019, 40(6): 1213-1222.
- [16] 竹万宽, 许宇星, 王志超, 等. 不同生长阶段尾巨桉人工林土壤-微生物化学计量特征 [J]. *浙江农林大学学报*, 2021, 38(4): 692-702.
Zhu W K, Xu Y X, Wang Z C, et al. Soil-microbial stoichiometry of *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* plantation at different growth stages[J]. *Journal of Zhejiang A & F University*, 2021, 38(4): 692-702.
- [17] 兰秀, 刘永贤, 宋同清, 等. 广西不同龄级桉树人工林植被与土壤特征及相关分析 [J]. *中南林业科技大学学报*, 2022, 42(7): 127-136.
Lan X, Liu Y X, Song T Q, et al. Characteristics and correlation analysis of vegetation and soil of *Eucalyptus* plantations of different ages in Guangxi[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2022, 42(7): 127-136.
- [18] 郭文, 高李文, 彭紫薇, 等. 不同林龄杉木根际与非根际土壤微生物群落特征 [J]. *水土保持研究*, 2022, 29(6): 260-267.
Guo W, Gao L W, Peng Z W, et al. Characteristics of microbial community in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Cunninghamia lanceolata* plantation with different stand ages[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2022, 29(6): 260-267.
- [19] 赵子麒, 李一华, 黄康庭, 等. 桉树人工林土壤细菌群落对不同免炼山林地更新模式的季节动态响应 [J]. *中南林业科技大学学报*, 2022, 42(3): 39-52.
Zhao Z Q, Li Y H, Huang K T, et al. Seasonal dynamic response of soil bacterial community of *Eucalyptus* plantation to different without slash-burning woodland renewal models[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2022, 42(3): 39-52.
- [20] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
Bao S D. *Soil and agricultural chemistry analysis*[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [21] Edwards K A, Jefferies R L. Inter-annual and seasonal dynamics of soil microbial biomass and nutrients in wet and dry low-Arctic sedge meadows[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 57: 83-90.
- [22] 李万年, 黄则月, 赵春梅, 等. 望天树人工幼林土壤微生物量碳氮及养分特征 [J]. *北京林业大学学报*, 2020, 42(12): 51-62.
Li W N, Huang Z Y, Zhao C M, et al. Characteristics of soil microbial biomass C, N and nutrients in young plantations of *Parashorea chinensis*[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2020, 42(12): 51-62.
- [23] 李炎龙, 季荣博, 吴云, 等. 我国北方 3 种典型土壤-作物体系中微生物量磷库特征 [J]. *生态学报*, 2022, 42(8): 3325-3332.
Li Y L, Ji R B, Wu Y, et al. Soil microbial biomass phosphorus pool in farmlands of the Northern China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(8): 3325-3332.
- [24] Doyle J J. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue[J]. *Phytochemical Bulletin*, 1987, 19(1): 11-15.
- [25] Lan Y H, Wang S Q, Zhang H, et al. Intercropping and nitrogen enhance eucalyptus productivity through the positive interaction between soil fertility factors and bacterial communities along with the maintenance of soil enzyme activities[J]. *Land Degradation & Development*, 2023, 34(8): 2403-2417.
- [26] 闫冰, 付嘉琦, 夏嵩, 等. 厌氧氨氧化启动过程细菌群落多样性及 PICRUSt2 功能预测分析 [J]. *环境科学*, 2021, 42(8): 3875-3885.
Yan B, Fu J Q, Xia S, et al. Diversity and PICRUSt2-based predicted functional analysis of bacterial communities during the start-up of ANAMMOX[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(8): 3875-3885.
- [27] Lee M H, Park J H, Matzner E. Sustained production of dissolved organic carbon and nitrogen in forest floors during continuous leaching[J]. *Geoderma*, 2018, 310(1): 163-169.
- [28] Lan Y H, Zhang H, He Y Q, et al. Legume-bacteria-soil interaction networks linked to improved plant productivity and soil fertility in intercropping systems[J/OL]. *Industrial Crops and Products*, 2023, 196: 116504[2024-02-17]. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2023.116504>.
- [29] 焦宏哲, 李欢, 陈惠, 等. 氮沉降对杉木人工林土壤可溶性有机质数量和结构的影响 [J]. *生态学报*, 2021, 41(4): 1593-1602.
Jiao H Z, Li H, Chen H, et al. Effects of nitrogen deposition on the quantity and structure of soil dissolved organic matter of *Cunninghamia lanceolata* plantations with different depths[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(4): 1593-1602.
- [30] Sanderman J, Baldock J A, Amundson R. Dissolved organic carbon chemistry and dynamics in contrasting forest and grassland

- soils[J]. Biogeochemistry, 2008, 89(2): 181–198.
- [31] Chung H, Zak D R, Reich P B, et al. Plant species richness, elevated CO₂, and atmospheric nitrogen deposition alter soil microbial community composition and function[J]. Global Change Biology, 2007, 13(5): 980–989.
- [32] 詹学齐. 马尾松林冠下套种阔叶树 20 年间土壤肥力变化 [J]. 北京林业大学学报, 2018, 40(6): 55–62.
Zhan X Q. Changes in soil fertility after interplanting pure *Pinus massioniana* plantations with broadleaved forest under the canopy during 20 years[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2018, 40(6): 55–62.
- [33] Xu Y X, Du A P, Wang Z C, et al. Effects of different rotation periods of *Eucalyptus* plantations on soil physiochemical properties, enzyme activities, microbial biomass and microbial community structure and diversity[J/OL]. Forest Ecology & Management, 2020, 456: 117683[2024–02–17]. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2019.117683>.
- [34] Zhu L Y, Wang X H, Chen F F, et al. Effects of the successive planting of *Eucalyptus urophylla* on soil bacterial and fungal community structure, diversity, microbial biomass, and enzyme activity[J]. Land Degradation & Development, 2019, 30(6): 636–646.
- [35] Li X G, Ding C F, Hua K, et al. Soil sickness of peanuts is attributable to modifications in soil microbes induced by peanut root exudates rather than to direct allelopathy [J/OL]. Soil Biology & Biochemistry, 2014, 78: 149–159[2014–07–19]. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2014.07.019>.
- [36] 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.
- [37] Dang P, Yu X, Le H, et al. Effects of stand age and soil properties on soil bacterial and fungal community composition in Chinese pine plantations on the Loess Plateau[J]. PLoS One, 2017, 12(10): 1–18.
- [38] Kielak A M, Castellane T C L, Campanharo J C, et al. Characterization of novel *Acidobacteria* exopolysaccharides with potential industrial and ecological applications[J/OL]. Scientific Reports, 2017, 7: 41193[2017–01–24]. <https://doi.org/10.1038/srep41193>.
- [39] Bashir S, Iqbal A, Hasnain S. Comparative analysis of endophytic bacterial diversity between two varieties of sunflower *Helianthus annuus* with their PGP evaluation[J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2020, 27(2): 720–726.
- [40] Chen Y J, Neilson J W, Priyanka K, et al. Life-history strategies of soil microbial communities in an arid ecosystem[J]. The ISME Journal, 2021, 15(3): 649–657.
- [41] Dong X, Du X, Sun Z H, et al. Effects of residue retention and removal following thinning on soil bacterial community composition and diversity in a *Larix olgensis* plantation, Northeast China[J]. Forests 2021, 12(5): 559[2021–04–29]. <https://doi.org/10.3390/f12050559>.
- [42] Liao Z X, Ye S M, Wang S Q. Soil bacterial community structure as affected by stand age in Chinese fir plantations: insights at the aggregate scale[J]. Land Degradation & Development [J]. 2023, 34(2): 389–402.
- [43] Wang C, Masoudi A, Wang M, et al. Land-use types shape soil microbial compositions under rapid urbanization in the Xiong'an New Area, China[J/OL]. The Science of the Total Environment, 2021, 777: 145976[2021–02–27]. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.145976>.
- [44] 蔡锰钊, 韩海荣, 程小琴, 等. 山西太岳山不同林龄华北落叶松林土壤微生物群落结构特征 [J]. 北京林业大学学报, 2022, 44(5): 86–93.
Cai M K, Han H R, Cheng X Q, et al. Characteristics of soil microbial community structure with different plantation ages in larch forest in Taiyue Mountain of Shanxi Province, northern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2022, 44(5): 86–93.
- [45] 何中声, 谷新光, 江蓝, 等. 戴云山南坡不同海拔森林土壤优势细菌群落特征及影响因素 [J]. 北京林业大学学报, 2022, 44(7): 107–116.
He Z S, Gu X G, Jiang L, et al. Characteristics and its influencing factors of forest soil dominant bacterial community in different elevations on the southern slope of Daiyun Mountain, Fujian Province of eastern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2022, 44(7): 107–116.
- [46] Navarrete A A, Kuramae E E, de Hollander M, et al. Acidobacterial community responses to agricultural management of soybean in Amazon forest soils[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, 83(3): 607–621.

(责任编辑 孟瑶 李 契
责任编辑 臧润国)