

不同产量水平橡胶林土壤微生物群落组成及多样性研究

詹 杉^{1,2}, 吴 敏^{1,2*}, 马海洋³, 王桂花^{1,2}, 林琛茗^{1,2}, 茶正早^{1,2}, 王大鹏^{1,2*}

1. 中国热带农业科学院橡胶研究所, 海南海口 571101; 2. 儋州橡胶林土壤环境海南省野外科学观测站, 海南儋州 571737;
3. 中国热带农业科学院南亚热带作物研究所/海南省热带作物营养重点实验室, 广东湛江 524091

摘 要: 本研究选取不同产量水平（高产、中产、低产和死皮）的橡胶林，基于高通量测序技术分析土壤微生物群落组成、多样性及其与土壤理化性质的关系，以期为橡胶林土壤改良提供科学依据。结果表明：从 4 种产量水平橡胶林的土壤样本中共鉴定出 17 门、53 纲、99 目、164 科、305 属、385 种细菌种类，获得 2116 个 OTUs。共有的细菌优势门类为酸杆菌门（Acidobacteria）、变形菌门（Proteobacteria）和厚壁菌门（Firmicutes）。共获得 1622 个真菌 OTUs，分属 17 门、49 纲、113 目、242 科、424 属、644 种，其中担子菌门（Basidiomycota）、子囊菌门（Ascomycota）和被孢霉门（Mortierellomycota）为优势真菌门类。随着橡胶树产量水平的降低，土壤细菌群落丰富度呈下降趋势，但多样性指数无明显变化；真菌 Ace 指数、Chao1 指数呈增加趋势，Shannon 指数显著增加，Simpson 指数显著降低，表明随着产量水平的下降，橡胶林土壤真菌群落的丰富度和多样性均上升。主坐标（PCoA）分析表明，细菌或真菌群落结构在不同产量水平橡胶林间均存在显著差异。此外，优势菌门的相对丰度也存在不同程度的差异，土壤微生物群落特征与土壤 pH 和 C/N 等理化因子密切相关。RDA 分析表明，土壤 pH、速效钾和全氮是影响细菌优势门类的主要土壤理化因子，真菌优势菌门则主要受土壤 pH、速效钾和碳氮比的影响。

关键词: 橡胶林；砖红壤；微生物群落；多样性；土壤理化性质

中图分类号：S794.1；S154.36 文献标志码：A

Composition and Diversity of Soil Microbial Community in Soil of Rubber Plantations with Different Yield Levels

ZHAN Shan^{1,2}, WU Min^{1,2*}, MA Haiyang³, WANG Guihua^{1,2}, LIN Chenming^{1,2}, CHA Zhengzao^{1,2},
WANG Dapeng^{1,2*}

1. Rubber Research Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou, Hainan 571101, China; 2. Danzhou Soil Environment of Rubber Plantation, Hainan Observation and Research Station, Danzhou, Hainan 571737, China; 3. South Subtropical Crops Research Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences / Key Laboratory of Tropical Crops Nutrition of Hainan Province, Zhanjiang, Guangdong 524091, China

Abstract: In this study, the microbial community was analyzed by high-throughput sequencing technology in the soil of rubber plantation with different yield levels (high yield, middle yield, low yield and none yield), and relationship between microbial community and soil physical and chemical properties was also studied. A total of 2116 bacteria OTUs were obtained from all examined samples, which belonged to 17 phyla, 53 classes, 99 orders, 164 families, 305 genera and 385 species. The dominant phyla of bacterial community were Acidobacteria, Proteobacteria and Firmicutes. A total of 1622 fungal OTUs were obtained from all soil samples, which belonged to 17 phyla, 49 classes, 113 orders, 242 families, 424 genera and 644 species. The dominant phyla of fungal community were Basidiomycota, Ascomycota and Mortierellomycota. The abundance of soil bacteria community showed a downward trend was observed with the decreasing of the yield level of rubber trees, while the difference of bacterial diversity index was not significant. Ace index

收稿日期 2024-07-10; 修回日期 2024-07-19

基金项目 海南省自然科学基金项目 (No. 322QN411); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项 (No. 1630022024022); 国家天然橡胶产业技术体系项目 (No. CARS-34-GW-ZP2)。

作者简介 詹 杉 (1997—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 热带特色经济作物养分管理。*通信作者 (Corresponding author): 吴 敏 (WU Min), E-mail: wuminhainan@sina.com; 王大鹏 (WANG Dapeng), E-mail: longmushan@163.com。

and Chao1 index of soil fungi showed an upward trend, and Shannon index significantly increased, while the Simpson index decreased significantly, indicating that the richness and diversity of fungal community increased with the decreasing of the yield level. Principal coordinate analysis (PCoA) showed that the community structure of soil bacteria or fungi was significantly different under the treatments. In addition, the relative abundance of dominant bacterial phyla also varied to different degrees. The characteristics of soil microbial community were closely related to soil pH and C/N. According to redundancy analysis (RDA) results, soil pH, available potassium and total nitrogen were the main soil physical and chemical factors affecting the dominant bacterial phyla, while the dominant fungal phyla were mainly affected by soil pH, available potassium and C/N.

Keywords: rubber plantation; lateritic soil; microbial community; diversity; soil physical and chemical properties

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.12.017

橡胶树 (*Hevea brasiliensis*) 是热区典型的经济林作物。天然橡胶作为重要的战略资源, 在当今世界仍具有不可替代性。从 20 世纪 50 年代起, 我国开始大力发展天然橡胶产业, 现有橡胶种植面积约 113 万 hm^2 , 年产量约 80 万 t, 分别居世界第 3 和第 4 位^[1]。海南岛是我国橡胶树的主要种植区, 其种植面积约占全国种植面积的一半^[2]。然而受自然条件的制约, 以及天然橡胶消费量持续攀升, 当前我国的天然橡胶自给率不及 15%, 因此尽可能提高单产, 保障国产胶自给能力仍是我国天然橡胶产业的一项重要任务。但是经过长期连续的植胶生产, 海南植胶区存在土壤肥力持续下降和单产提升困难等严重问题^[3-4]。良好的土壤环境是橡胶树正常生长和产胶的基础, 土壤微生物群落作为土壤生态系统的重要组成部分, 在调节生态系统功能中起着关键作用^[5]。如植物生长、土壤养分循环、能量流动及污染物降解等^[6]。因此, 研究不同产量水平橡胶林土壤微生物特征差异及其与土壤环境因子的关系, 对于揭示土壤质量与橡胶树产胶量的关系, 以及橡胶林土壤改良具有重要的指导意义。

随着分子生物学等研究方法的发展, 国内外学者对土壤微生物多样性展开了更加全面的研究。如 GUO 等^[7]通过磷脂脂肪酸 (PLFAs) 分析方法检测海南岛不同土壤母质和种植年限橡胶林根际土壤微生物的群落特征。BAHRAM 等^[8]通过宏基因组学和 DNA 宏条形码技术测定全球尺度上的表层土样, 解析了土壤 pH 在土壤细菌群落多样性和组成方面的关键作用。近年来, 在土壤理化性质与土壤微生物群落结构互效等方面的研究也取得了一系列重要进展^[9-12]。与此同时, 橡胶林土壤微生物研究也开展了一定研究。杨帆^[13]的研究表明, 橡胶林土壤理化性质与微生物分布呈显著相关, 影响微生物分布的主要环境因子为

土壤速效钾、全钾和土壤含水量; 周玉杰等^[14]通过高通量测序研究不同林龄橡胶林土壤真菌的多样性及群落组成, 发现土壤钾元素含量是影响土壤真菌群落多样性的重要因素; 赵春梅等^[15]研究发现, 不同母质发育的橡胶林土壤真菌群落结构存在明显差异, 其关键影响因子为土壤有机碳、有效氮和全氮等。从上述研究来看, 橡胶林土壤微生物研究相对集中在土壤母质类型、林龄以及不同管理措施等方面, 而不同产量水平下橡胶林土壤微生物群落结构和多样性是否存在显著差异? 以及在此条件下, 哪些土壤理化因子与土壤微生物之间存在显著相关性? 仍缺乏深入研究。

随着第 3 代测序技术的发展, 高通量测序技术在测定微生物多样性和群落组成方面具有明显优势, 为土壤微生物研究提供了更加丰富的技术手段^[16-18]。本研究以不同产量水平 (高产、中产、低产和死皮) 的橡胶林为研究对象, 基于高通量测序技术比较分析不同产量水平下橡胶林土壤微生物群落结构和多样性的差异特征, 并探讨不同土壤理化性质与土壤微生物间的相互关系, 以期对橡胶林土壤改良和定向培育提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于海南省儋州市中国热带农业科学院试验场七队和红洋队基地 (108°56'~109°46'E, 19°11'~19°52'N), 属于热带季风气候区, 多年年均气温 23.5 °C, 年均日照时数 2100 h, 年均降雨量 1650 mm, 旱季雨季交替明显。试验区均为二代橡胶林, 土壤类型为花岗岩片麻岩发育的砖红壤。

1.2 方法

1.2.1 样地设置与基本情况 共设置 4 个处理: 高产 (HY), 株产 6 kg 及以上; 中产 (MY), 株产 4~5 kg; 低产 (LY), 株产低于 3 kg; 死皮 (NY),

株产为 0 kg。在中国热带农业科学院儋州试验场七队选取高产橡胶林和中产橡胶林,红洋队选取低产橡胶林和死皮橡胶林。每种产量水平橡胶林均设置有 3 个地块,地块面积为 15 m×20 m,共计 12 块样地。橡胶树品种为热研 7-33-97,每 666.67 m² 种植 32 株左右,株行距为 3.5 m×6.0 m,于 2004 年种植,2011 年开割,割龄为 12 a。2022 年高产、中产、低产橡胶林每株干胶产量分别为 6.7、4.9、2.0 kg。试验橡胶树采取的割制是 S/2 d4 1.5% ET(即 1/2 树围,4 d1 刀,1.5% 乙烯利刺激)。研究区内橡胶树的立地条件、栽培技术、管理措施及割胶制度基本一致。

1.2.2 样品采集 于 2023 年 9 月采集土壤样品。取样前去除地面植被和凋落物,然后按照“S”形取样法在同一样方内采取表层土壤的 5 个样点,将其混合成 1 个土样,每份混合土样约 500 g,将混合土样装袋封存后立即放入冰盒(4℃)。带回实验室后将土样分装为多份,其中一份(约 3 g)装入无菌塑料管中,随后放入冰箱(-80℃)保存,用于土壤微生物分析;另一部分经风干、研磨后,过 2 mm 筛,用于土壤基础理化性质分析。同时留出部分原始土样存于-80℃冰箱备用。

1.2.3 样品分析 (1) 土壤基本理化性质测定。使用 pH 计以 1:2.5 土水比测定土壤 pH;采用元素分析仪测定土壤有机质(SOM)和全氮(TN)含量;有效磷(AP)经盐酸-氟化铵提取,采用连续流动分析仪法测定;速效钾(AK)经中性乙酸铵浸提,采用火焰光度计测定。

(2) DNA 抽提、扩增及测序。土壤样品微生物总 DNA 提取和测序由美吉生物医药科技(上海)有限公司完成。利用试剂盒(Omega Bio-Tek, Norcross, GA, USA)从土壤样本中提取总 DNA 样本,然后以其为模版进行 PCR 扩增。其中,细菌群落分析采用 27F(5'-AGRGTTYGATYMTGG-

CTCAG-3')和 1492R(5'-RGYTACCTTGTTACGACTT-3')引物扩增 16S rRNA 基因全长,真菌群落分析利用 ITS1F(5'-CTTGGTCATTTA-GAGGAAGTAA-3')和 ITS4R(5'-TCCTCCGCT-TATTGATATGC-3')引物扩增 ITS 全长。PCR 反应组分主要为模板 DNA、上下游引物、Fast Pfu DNA 聚合酶、反应缓冲液及 dNTPs 混合液。反应程序:95℃预变性 3 min;95℃变性 30 s,60℃退火 30 s,72℃延伸 45 s,循环 27 次;72℃稳定延伸 10 min,最后于 4℃保存。重复 3 次(PCR 仪:T100 Thermal Cycler PCR, USA)。产物在 2% 琼脂糖凝胶中进行电泳检测后对其进行纯化,并通过 Qubit 4.0(Thermo Fisher Scientific, USA)对纯化产物进行定量。纯化的 PCR 产物按等摩尔比混合,在 Pacbio Sequel IIe System 平台进行测序。

1.3 数据处理

基于 97% 相似度,通过 Uparse 7.1 软件对优化序列进行 OTU 聚类。在 OTU 水平上计算土壤样本微生物的 Alpha 多样性指数。对比 unite8.0/its_fungi 数据库,采用 RDP Classifier 进行 OTU 物种分类注释,对不同分类水平下微生物群落分布进行可视化处理。采用 SPSS 20.0 软件对试验数据进行方差分析;采用 Origin 2022 软件进行微生物多样性指数与土壤因子的相关性分析。采用 Canoco 5.0 软件进行微生物群落组成与土壤理化因子的冗余分析。

2 结果与分析

2.1 不同产量水平橡胶林土壤理化性质比较

由表 1 可知,不同产量水平橡胶林样地土壤 pH 均低于 5.00。其中,高、中产橡胶林土壤 pH 显著高于低产和死皮橡胶林,死皮橡胶林土壤 pH<4.5,为强酸性土壤。土壤有机质和全氮含量以高产、中产和死皮样地较高,低产橡胶林最低,

表 1 不同产量水平橡胶林土壤理化性质
Tab. 1 Soil physical and chemical properties in rubber plantations at different yield levels

处理 Treatment	pH	有机质 OM/(g·kg ⁻¹)	全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	有效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	速效钾 AK/(mg·kg ⁻¹)	碳氮比 C/N
高产	4.78±0.08 ^a	21.01±4.75 ^a	1.05±0.28 ^a	12.76±3.38 ^b	65.57±6.13 ^b	11.69±0.50 ^c
中产	4.94±0.20 ^a	17.33±3.15 ^a	0.79±0.17 ^a	3.52±0.73 ^c	94.49±9.23 ^a	13.49±1.30 ^{bc}
低产	4.59±0.06 ^b	12.17±0.29 ^b	0.43±0.07 ^b	19.08±5.89 ^a	46.99±2.18 ^c	16.14±1.77 ^a
死皮	4.21±0.03 ^c	19.05±0.86 ^a	0.79±0.07 ^a	25.29±4.37 ^a	55.32±1.29 ^c	14.23±0.82 ^b

注:不同小写字母表示差异显著(P<0.05)。
Note: Different lowercase letters indicate significant difference (P<0.05).

且显著低于其他橡胶林；土壤有效磷含量以低产和死皮橡胶林最高，中产橡胶林最低，速效钾含量的变化规律则与其相反；碳氮比以低产橡胶林最高，且显著高于其他产量橡胶林。

2.2 不同产量水平橡胶林土壤微生物群落组成和多样性分析

2.2.1 土壤微生物群落多样性特征 在 Alpha 多样性分析中，Ace 与 Chao1 指数可用于估计群落中的物种数，而 Shannon 与 Simpson 指数用于衡量物种多样性^[19]。由表 2 可知，土壤细菌和真菌群落 Coverage 指数均超过 95%，覆盖率较好，说明本次测序深度满足要求。土壤微生物群落多样性在不同

产量橡胶林间存在明显差异。高、中、低产橡胶林间细菌和真菌的丰富度指数差异不明显。与高、中、低产橡胶林相比，死皮橡胶林中细菌群落丰富度显著下降，而真菌群落的丰富度则显著提升。不同产量橡胶林下细菌群落多样性无显著差异，而真菌 Shannon 指数在高、中、低产橡胶林之间达到显著性水平，且多样性随产量下降显著上升。与细菌群落相比，真菌群落多样性变化更加显著。从高产、中产、低产、死皮不同产量水平看，Ace 指数、Chao1 指数及 Shannon 指数呈增加趋势，Simpson 指数呈降低趋势，表明随着产量水平的下降，橡胶林真菌群落的丰富度和多样性均上升。

表 2 不同产量水平橡胶林土壤微生物多样性指数
Tab. 2 Soil microbial diversity indexes in rubber plantations of different yield levels

微生物 Microorganism	处理 Treatment	OUTs 数目 OUTs number	Ace 指数 Ace index	Chao 1 指数 Chao 1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Coverage 指数 Coverage index
细菌	高产	1487	1334.05±46.68 ^{ab}	1331.9±29.79 ^{ab}	5.58±0.26 ^a	0.015±0.008 ^a	0.9776±0.0014 ^a
	中产	1558	1384.29±57.28 ^a	1393.63±66.60 ^a	5.72±0.17 ^a	0.010±0.003 ^a	0.9760±0.0009 ^a
	低产	1528	1418.45±53.17 ^a	1419.78±58.56 ^a	5.85±0.13 ^a	0.008±0.001 ^a	0.9754±0.0003 ^a
	死皮	1381	1267.35±31.96 ^b	1270.77±66.15 ^b	5.56±0.08 ^a	0.013±0.003 ^a	0.9774±0.0020 ^a
真菌	高产	490	376.29±27.86 ^b	376.72±37.16 ^b	1.49±0.16 ^c	0.590±0.030 ^a	0.9963±0.0001 ^a
	中产	593	357.95±23.37 ^b	357.42±20.12 ^b	2.68±0.36 ^b	0.240±0.080 ^b	0.9976±0.0007 ^a
	低产	734	439.32±76.45 ^b	442.89±73.81 ^b	3.84±0.22 ^a	0.070±0.020 ^c	0.9979±0.0009 ^a
	死皮	814	538.57±38.53 ^a	540.98±40.08 ^a	4.00±0.31 ^a	0.060±0.010 ^c	0.9965±0.0016 ^a

注：不同小写字母表示差异显著（ $P<0.05$ ）。
Note: Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$).

基于 abund-jaccard 算法的主坐标分析（PCoA）表明，细菌和真菌群落结构在不同处理间均存在极显著差异（细菌： $R=1.000$ ， $P=0.001$ ；真菌： $R=0.710$ ， $P=0.001$ ）。第 1 主成分（PC1）和第 2 主成分（PC2）共同解释了细菌群落结构差异的 78.05%（图 1A）。不同处理的土壤细菌群落在二维空间中未重叠，分布位置相对分散，说明不同产量水平橡胶林土壤细菌群落结构差异较为明显。同一处理下各样本点彼此非常接近，群落组成分散差异不大，表明样点在 OUT 水平上细菌组成具有相似性。对真菌而言，PC1 和 PC2 共同解释了真菌群落结构差异的 64.20%（图 1B）。4 种产量水平橡胶林所占空间相对比较独立，低产和死皮橡胶林对应的点在图中较为集中，且距离较近，二者与高、中产橡胶林均有一定分离。说明低产与死皮橡胶林土壤真菌群落组成的变异性较小，高、中产橡胶林土壤真菌群落与低产橡

胶林之间存在显著差异。
2.2.2 土壤微生物群落组成 4 个产量水平橡胶林的 12 个土壤样本中共获得 554 573 条细菌优化序列，平均序列长度为 1453 bp。按照 97%相似度进行聚类分析，共得到 17 门、53 纲、99 目、164 科、305 属、385 种和 2116 个 OTUs。由图 2A 可知，4 个处理的细菌 OTUs 数目分别为高产 1487 个、中产 1558 个、低产 1528 个、死皮 1381 个。共有的 OTUs 为 821 个，各处理所特有的 OTUs 数量不一致，其中高产橡胶林独有的细菌 OTUs 数最多，为 133 个；共获得 512 696 条有效真菌序列，平均长度为 653 bp。所有真菌基因序列经鉴定分为 17 门、49 纲、113 目、242 科、424 属、644 种，共得到 1622 个 OTUs。由图 2B 可知，土壤真菌群落不同产量水平橡胶林下的 OTUs 数分别为高产 490 个、中产 593 个、低产 734 个、死皮 814 个。共有的 OTUs 数为 123 个，死皮橡

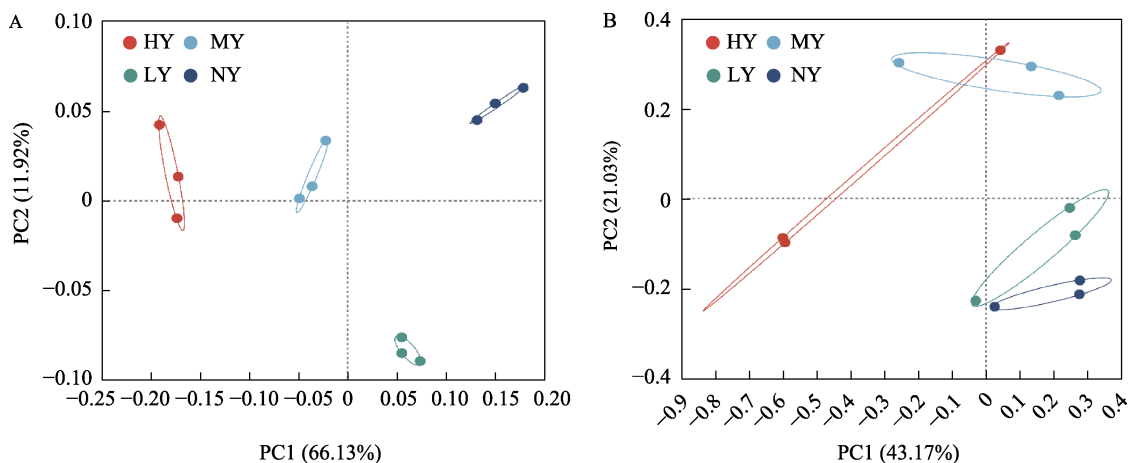


图 1 不同产量水平橡胶林土壤细菌 (A) 和真菌 (B) OTU 水平的 PCoA 分析

Fig. 1 PCoA analysis of soil bacteria (A) and fungi (B) at OTU level of different yield levels

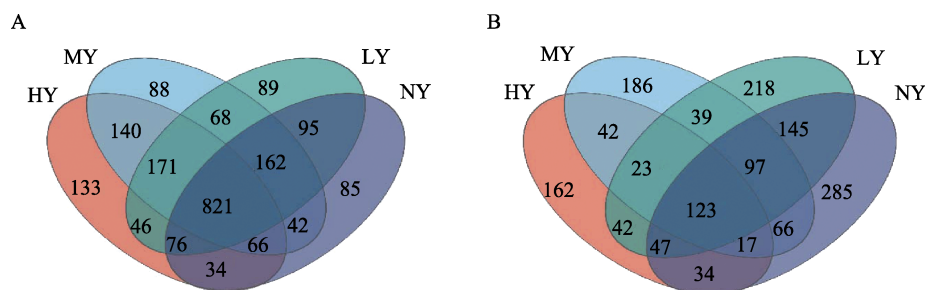


图 2 土壤细菌 (A) 和真菌 (B) 群落韦恩图

Fig. 2 Venn diagram of soil bacterial (A) and fungal (B) communities

胶林特有的 OTUs 数最多, 为 285 个, 高产橡胶林所特有的 OTUs 数最少, 为 162 个。

由图 3A 可知, 4 种产量水平橡胶林的土壤细菌群落结构组成相近, 各处理土壤细菌共有的优势门类为酸杆菌门 (Acidobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes)。其中, 酸杆菌门的相对丰度为 21.44%~33.98%, 在死皮林中的丰度显著高于其他处理; 变形菌门相对丰度为 22.75%~27.61%, 在高、中、低产林中丰度较高; 厚壁菌门相对丰度为 18.54%~23.79%, 浮霉菌门 (Planctomycetes) 相对丰度为 7.03%~9.34%, 二者的相对丰度在各橡胶林中无显著差异; 与死皮橡胶林相比, 高产橡胶林中疣微菌门 (Verrucomicrobia, 3.36%~7.28%) 的相对丰度显著降低; 高产橡胶林中放线菌门 (Actinobacteria, 1.71%~6.17%) 的相对丰度则显著高于其他处理 (表 3)。在真菌群落中, 担子菌门 (Basidiomycota, 19.33%~82.92%)、子囊菌门 (Ascomycota, 8.31%~32.13%)、被孢霉门 (Mortierellomycota, 5.58%~46.69%) 和罗兹菌门 (Rozellomycota,

0.73%~5.38%) 为橡胶林土壤的优势真菌门 (图 3B, 表 4)。不同处理间土壤优势真菌门相对丰度具有较大差异。高产橡胶林中担子菌门相对丰度高达 82.92%, 显著高于其他橡胶林; 子囊菌门和罗兹菌门在高产橡胶林中的相对丰度则显著低于其他橡胶林; 被孢霉门的相对丰度以中产橡胶林最高, 依次是死皮橡胶林、低产橡胶林、高产橡胶林。此外, 4 种产量水平橡胶林还存在一些共同的少数类菌群 (相对丰度不足 1.00%), 如壶菌门 (Chytridiomycota)、捕虫霉门 (Zoopagomycota) 和球囊菌门 (Glomeromycota) 等菌群, 且死皮橡胶林中少数类菌群相对其他橡胶林较为丰富。

从属水平来看, 4 种橡胶林下的细菌群落均含有 *unclassified_f_Acidobacteriaceae*、新芽孢杆菌属 (*Neobacillus*)、*unclassified_f_Gemmataceae*、西索恩氏菌属 (*Chthoniobacter*)、*unclassified_o_Hyphomicrobiales*、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、*Vicinamibacter*、*unclassified_f_Bacillaceae*、*unclassified_o_Rhodospirillales* 等 (图 4A)。以酸杆菌门中酸杆菌纲的 *unclassified_f_Acidobacteriaceae*

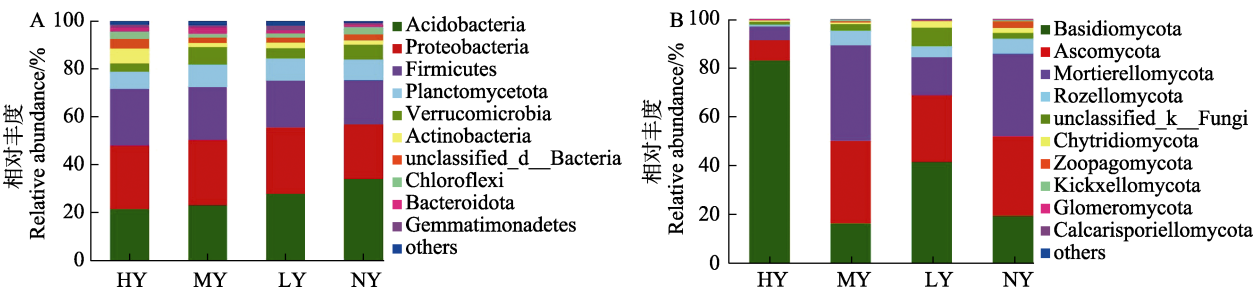


图 3 门水平上橡胶林土壤细菌 (A) 和真菌 (B) 群落组成
Fig. 3 Soil bacterial (A) and fungal (B) composition in rubber plantations at phylum level

表 3 不同产量水平橡胶林土壤细菌群落门水平相对丰度

处理 Treatment	相对丰度 Relative abundance/%					
	酸杆菌门 Acidobacteria	变形菌门 Proteobacteria	厚壁菌门 Firmicutes	浮霉菌门 Planctomycetes	疣微菌门 Verrucomicrobia	放线菌门 Actinobacteria
高产	21.44±4.33 ^b	26.51±2.65 ^a	23.79±10.07 ^a	7.03±1.71 ^a	3.36±0.66 ^b	6.17±0.60 ^a
中产	23.16±5.08 ^b	27.09±1.99 ^a	22.13±5.53 ^a	9.34±0.55 ^a	7.28±1.02 ^a	1.71±0.55 ^b
低产	27.92±1.57 ^{ab}	27.61±0.70 ^a	19.63±2.84 ^a	9.18±2.19 ^a	4.22±0.48 ^b	2.28±1.57 ^b
死皮	33.98±5.08 ^a	22.75±0.89 ^b	18.54±4.22 ^a	8.48±0.37 ^a	6.29±1.32 ^a	1.72±0.98 ^b

注：不同小写字母表示差异显著（ $P<0.05$ ）。
Note: Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$).

表 4 不同产量水平橡胶林土壤真菌群落门水平相对丰度

处理 Treatment	相对丰度 Relative abundance/%					
	担子菌门 Basidiomycota	子囊菌门 Ascomycota	被孢霉门 Mortierellomycota	罗兹菌门 Rozellomycota	壶菌门 Chytridiomycota	捕虫霉门 Zoopagomycota
高产	82.92±1.17 ^a	8.31±1.76 ^b	5.58±1.25 ^d	0.73±0.02 ^b	0.41±0.20 ^b	0.12±0.02 ^b
中产	19.58±3.84 ^c	25.91±7.58 ^a	46.69±9.06 ^a	3.31±1.32 ^{ab}	0.76±0.42 ^b	0.62±0.44 ^b
低产	41.52±0.35 ^b	23.28±1.99 ^a	19.44±0.85 ^c	4.36±0.57 ^a	2.47±1.03 ^a	0.24±0.11 ^b
死皮	19.33±1.37 ^c	32.13±4.77 ^a	33.79±3.61 ^b	5.38±2.69 ^a	2.51±1.16 ^a	2.30±1.08 ^a

注：不同小写字母表示差异显著（ $P<0.05$ ）。
Note: Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$).

（18.73%）和厚壁菌门中芽孢杆菌纲的新芽孢杆菌（7.13%）所占比例最多，为优势类群。各橡胶林中土壤 *unclassified_f__Acidobacteriaceae* 的丰度差异较大，依次为 NY（25.50%）>LY（20.98%）>MY（14.99%）>HY（13.44%）。

土壤真菌在属水平上丰度 $\geq 1.00\%$ 的属有 16 个，以被孢霉属（*Mortierella*, 23.14%）、皮磨属（*Dermoloma*, 12.80%）和 *unclassified_c__Dothideomycetes*（5.35%）的相对丰度较高，其次为原隐球菌属（*Saitozyma*, 4.19%）、伞菌属（*Agaricus*, 3.71%）、秃马勃属（*Calvatia*, 3.08%）、*unclassified_f__Lycoperdaceae*（2.67%）、*unclassified_p__Chytridiomycota*（2.57%）、*unclassified_p__Roze-*

llomycota（2.48%）、*unclassified_p__Ascomycota*（2.04%）等（图 4B）。各橡胶林真菌优势属和相对丰度存在差异。高产橡胶林中优势属依次为皮磨属（51.21%）、被孢霉属（11.37%）、*unclassified_p__Chytridiomycota*（5.08%）、疣孢霉属（*Verruconis*, 2.42%）、原隐球菌属（1.48%）等；中产橡胶林中优势属依次为被孢霉属（39.00%）、*unclassified_c__Dothideomycetes*（19.39%）、*unclassified_o__GS11*（3.85%）、秃马勃属（3.12%）、*unclassified_p__Rozellomycota*（1.84%）等；低产橡胶林中优势属依次为被孢霉属（15.33%）、伞菌属（12.85%）、*unclassified_f__Lycoperdaceae*（10.21%）、秃马勃属（8.43%）、*unclassified_p__Roze-*

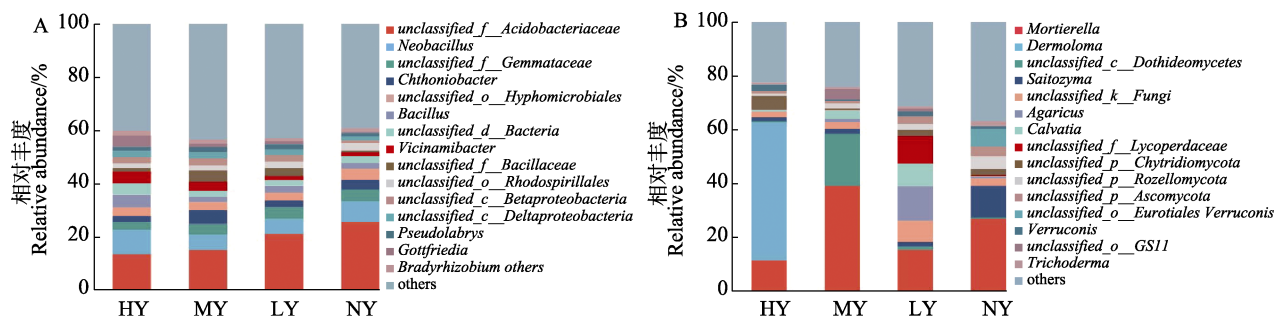


图 4 属水平上橡胶林土壤细菌 (A) 和真菌 (B) 群落组成

Fig. 4 Soil bacterial (A) and fungal (B) composition in rubber plantations at genus level

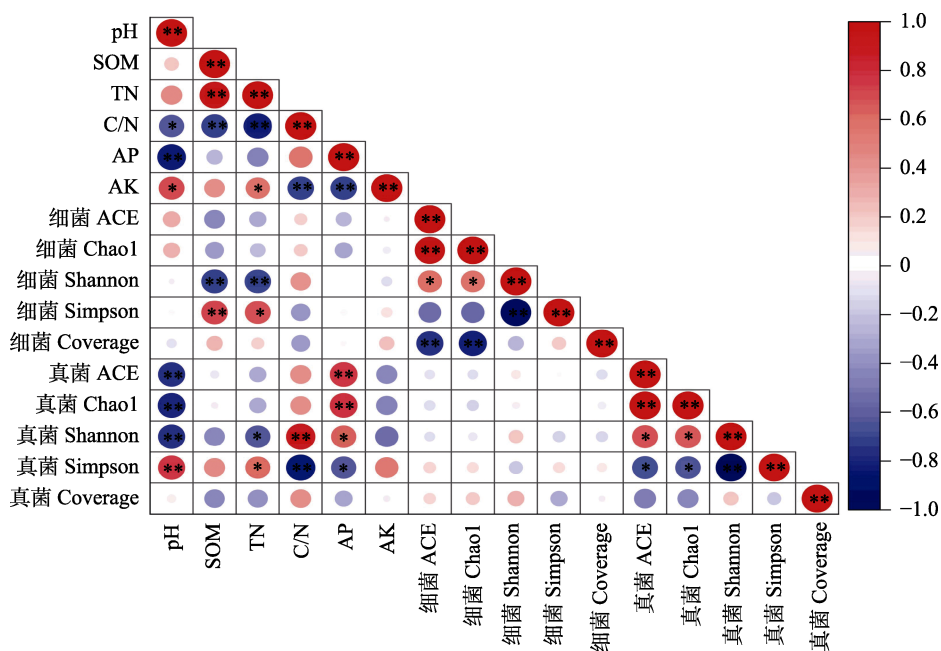
p_Ascomycota (2.75%) 等; 死皮橡胶林中优势属依次为被孢霉属 (26.85%)、原隐球菌属 (11.74%)、*unclassified_o_Eurotiales* (6.60%)、*unclassified_p_Rozellomycota* (4.83%)、*unclassified_p_Ascomycota* (3.50%) 等。

2.3 土壤微生物群落与理化因子的相关性分析

对土壤理化因子与微生物多样性指数进行相关性分析。结果显示, 土壤 pH 与速效钾 (AK) 呈显著正相关, 与碳氮比 (C/N) 和有效磷 (AP) 分别呈显著和极显著负相关。土壤有机质 (SOM) 与全氮 (TN) 呈极显著正相关, C/N 与 SOM 和 TN 均呈极显著负相关。土壤因子与微生物群落相互作用, SOM、TN 与细菌 Shannon 指数呈极显著正相关, 与细菌 Simpson 指数呈负相关。真菌

丰富度指数 ACE 与 AP 呈极显著正相关关系, 与 pH 呈极显著负相关。真菌 Shannon 指数与 C/N 呈极显著正相关, 与 pH、TN 均呈负相关关系 (图 5)。不同土壤理化性质对微生物群落多样性特征影响各不相同, pH 和 TN 对不同产量橡胶林土壤微生物群落多样性影响较大。

通过冗余分析 (RDA) 分析不同样本细菌和真菌门类与不同土壤因子间的相关性 (图 6)。RDA1 (41.32%) 和 RDA2 (19.11%) 共解释土壤中细菌群落变异的 60.43%, 且主要影响因素为土壤 pH、TN 和 AK。其中, 酸杆菌门与土壤 C/N、AP 呈正相关, 与 pH 呈负相关。变形菌门则与 pH 呈正相关, 与 SOM 呈负相关。厚壁菌门、放线菌门与 pH、SOM、TN 呈正相关关系, 与土壤 C/N



*表示显著相关 ($P < 0.05$); **表示极显著相关 ($P < 0.01$)。

* indicates significant correlation ($P < 0.05$); ** indicates extremely significant correlation ($P < 0.01$).

图 5 土壤性质与微生物多样性指数的相关性分析

Fig. 5 Correlation analysis between soil properties and microbial diversity index

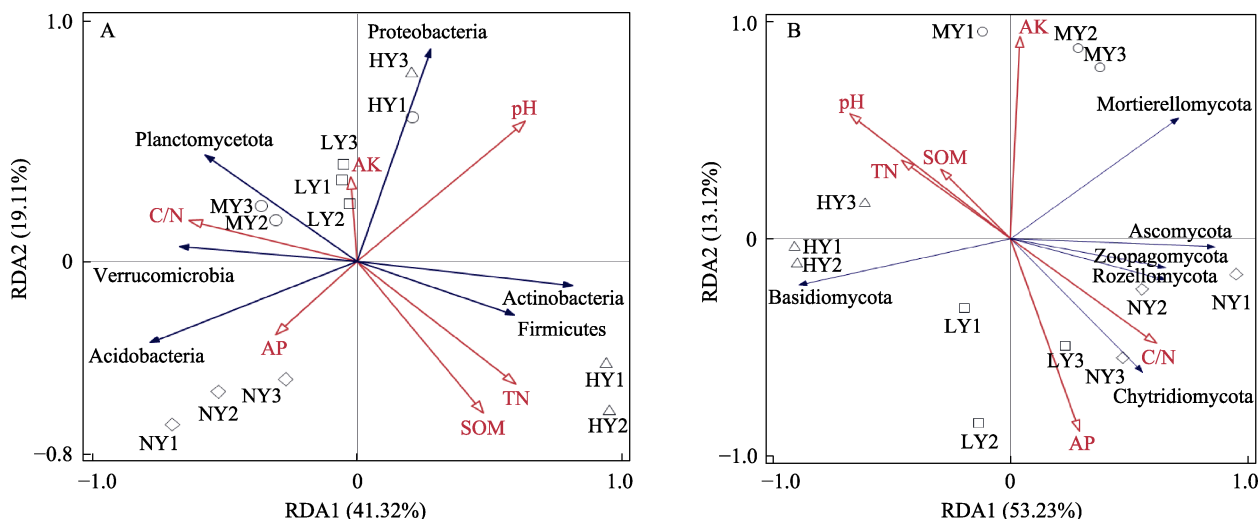


图 6 土壤性质与主要细菌 (A) 和真菌 (B) 门类的 RDA 分析

Fig. 6 RDA analysis of soil properties and main bacterial (A) and fungal (B) phyla

呈负相关。次优势类群浮霉菌门、疣微菌门与 TN、SOM 呈负相关关系 (图 6A)。对真菌群落而言, RDA1 和 RDA2 累积解释率达 66.35%, pH 是显著影响真菌群落组成的最主要的因子, 其次为 AK 和 C/N。其中, C/N 与子囊菌门、捕虫霉门、罗兹菌门、壶菌门呈正相关, 与担子菌门呈负相关, 而 pH 与 TN 对这些真菌门类的影响则相反 (图 6B)。AK 对被孢霉门有促进作用, 而对壶菌门有一定的抑制作用。结果表明, 不同的菌落组成对不同土壤环境因子的响应程度不同, pH 是本研究中土壤细菌和真菌群落结构的主要土壤限制因子。

土壤因子与微生物优势属间的相关性分析如表 5 所示。土壤 pH 与细菌群落的 *Vicinamibacter* 呈显著正相关, 与 *unclassified_f_Acidobacteriaceae*、*unclassified_o_Rhodospirillales* 呈显著负相关; SOM、TN 与新芽孢杆菌属呈显著正相关, 与 *unclassified_f_Gemmatobacteriaceae* 呈显著负相关; C/N 与 *unclassified_f_Acidobacteriaceae*、*unclassified_f_Gemmatobacteriaceae* 呈正相关, 与 *Vicinamibacter*、芽孢杆菌属呈负相关; AP 与 *unclassified_f_Acidobacteriaceae*、*unclassified_o_Rhodospirillales* 呈显著正相关, 与 *Vicinamibacter*、*unclassified_c_Betaproteobacteria* 呈显著正相关; AK 与西索恩氏菌属呈极显著正相关。真菌优势属与土壤理化性质的相关性较弱。pH 与原隐球菌属、*unclassified_p_Rozellomycota* 呈显著负相关; SOM、TN 与 *unclassified_f_Lycoperdaceae* 呈显著负相关, C/N 与 *unclassified_f_Lycoperdaceae* 呈正相关; AK 与 *unclassified_c_Dothideomycetes*

呈极显著正相关。结果表明, 与微生物属水平相关性较高的因子为 pH 和 C/N。

3 讨论

3.1 不同产量橡胶林土壤微生物群落组成与多样性特征

微生物群落的丰富度与多样性对生态系统恢复和可持续发展至关重要。研究表明, 土壤中微生物类型由“细菌型”向“真菌型”转变, 会加剧土壤连作障碍, 从而影响土壤健康和植物生长^[20]。本研究结果显示, 正常产胶的橡胶林土壤细菌丰富度指数和多样性指数均高于死皮橡胶林, 而死皮橡胶林土壤中真菌群落的丰度和多样性更高。一方面, 死皮橡胶林土壤呈强酸性, 土壤中的高浓度氢离子抑制细菌生长^[21]; 另一方面, 土壤中微生物存在竞争排斥作用^[22], 土壤中细菌多样性的增加间接或直接地影响真菌的生长。因此可能导致研究区死皮橡胶林中细菌群落丰度较低而真菌群落丰度和多样性高的结果。相对而言, 高、中、低产橡胶林间土壤细菌和真菌群落的丰富度差异不明显。这可能与高、中、低产橡胶林的种植方式、施肥管理措施、林下植被类型以及土壤类型等相差不大有关。

土壤微生物群落结构分析表明, 不同产量水平橡胶林土壤的优势细菌门为酸杆菌门、变形菌门和厚壁菌门, 三者占比之和超过土壤细菌的 70%, 与以往研究结果^[23]相似。各橡胶林土壤细菌群落中以酸杆菌门丰度最高, 酸杆菌门的 *unclassified_f_Acidobacteriaceae* 在所有属中占

表 5 土壤理化性质与微生物优势属的相关性分析
Tab. 5 Correlation analysis between soil physical and chemical properties and microbial dominant genera

微生物 Microorganism	优势属 Dominant genera	pH	有机质 OM	全氮 TN	碳氮比 C/N	有效磷 AP	速效钾 AK
细菌	<i>unclassified_f__Acidobacteriaceae</i>	-0.843**	-0.401	-0.514	0.635*	0.634*	-0.498
	新芽孢杆菌属 <i>Neobacillus</i>	0.010	0.702*	0.678*	-0.470	0.075	-0.150
	<i>unclassified_f__Gemmataceae</i>	-0.449	-0.593*	-0.675*	0.707*	0.479	-0.102
	西索恩氏菌属 <i>Chthoniobacter</i>	0.056	0.057	-0.008	0.019	-0.524	0.712**
	<i>unclassified_o__Hyphomicrobiales</i>	-0.511	-0.024	-0.060	-0.025	0.520	-0.087
	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	0.302	0.560	0.612*	-0.500	-0.145	-0.204
	<i>Vicinamibacter</i>	0.628*	0.421	0.522	-0.693*	-0.600*	0.440
	<i>unclassified_f__Bacillaceae</i>	0.545	-0.282	-0.227	0.175	-0.538	0.555
	<i>unclassified_o__Rhodospirillales</i>	-0.635*	-0.362	-0.427	0.431	0.677*	-0.335
	<i>unclassified_c__Betaproteobacteria</i>	0.807**	-0.143	-0.054	-0.046	-0.604*	0.384
真菌	被孢霉属 <i>Mortierella</i>	-0.088	0.131	0.084	-0.056	-0.326	0.403
	皮霉属 <i>Dermoloma</i>	0.305	0.281	0.388	-0.553	-0.072	0.015
	<i>unclassified_c__Dothideomycetes</i>	0.531	0.100	0.123	-0.195	-0.558	0.732**
	原隐球菌属 <i>Saitozyma</i>	-0.764**	0.150	-0.010	0.252	0.441	-0.212
	伞菌属 <i>Agaricus</i>	-0.024	-0.561	-0.497	0.398	0.173	-0.424
	秃马勃属 <i>Calvatia</i>	0.097	-0.528	-0.566	0.619*	-0.048	-0.209
	<i>unclassified_f__Lycoperdaceae</i>	-0.047	-0.640*	-0.640*	0.682*	0.404	-0.421
	<i>unclassified_p__Chytridiomycota</i>	0.028	0.363	0.360	-0.227	0.018	-0.271
	<i>unclassified_p__Rozellomycota</i>	-0.665*	-0.088	-0.199	0.326	0.388	-0.296
	<i>unclassified_p__Ascomycota</i>	-0.460	-0.120	-0.181	0.231	0.496	-0.390

注：*表示显著相关（ $P<0.05$ ）；**表示极显著相关（ $P<0.01$ ）。
Note: * indicates significant correlation ($P<0.05$); ** indicates extremely significant correlation ($P<0.01$).

比最高，揭示了橡胶林土壤营养条件贫瘠这一特点。随着土壤 pH 下降，橡胶林土壤酸杆菌门的丰度呈现出明显的上升趋势。酸杆菌作为嗜酸菌，可以在缺氧的酸性条件下生存，具有较强的逆境适应性，在降解林地中难分解的植物残留物中起重要作用^[24]。这一结论在本研究中也得到了验证。此外，随着产胶量的增加，橡胶林土壤中变形菌门、厚壁菌门以及放线菌门的数量占比均有所上升。通常变形菌多存在于土壤有机质含量较为丰富的土壤中。厚壁菌和放线菌的增加可能是由于它们能形成芽孢，对于干旱和极端环境的适应能力较强。放线菌绝大多数是腐生菌，可分解蛋白质、木质素和纤维素等物质，对土壤有机质的转化以及植物的生长有促进作用。这些土壤中的功能微生物数量与土壤养分转化能力及微生物对环境的适应性是相互关联的^[25]。担子菌门、子囊菌门和被孢霉门是 4 种产量水平橡胶林土壤的主要优势真菌门类，该结果与李明美等^[26]在海南橡胶区开展的土壤优势真菌类群研究一致。不同产

量水平橡胶林土壤各优势真菌门的相对丰度存在差异。其中，高产橡胶林中担子菌门的相对丰度高达 82.92%，显著高于其他橡胶林，子囊菌门和被孢霉门的相对丰度则显著低于其他处理，在一定程度上有利于橡胶树的生长和产胶。

3.2 橡胶林土壤理化因子与微生物群落结构的相关性

土壤微生物群落组成及其多样性对土壤理化性质的响应程度各不相同^[27]。相关性分析表明，细菌丰富度指数（Ace、Chao1）与土壤 pH 呈正相关，与 SOM 呈负相关。细菌多样性指数（Shannon）与 SOM、TN 呈显著负相关。对于真菌而言，Ace、Chao1 和 Shannon 指数均与土壤 AP 呈显著正相关，与 pH 呈极显著负相关，与 LAN 等^[28]认为 pH 是海南和西双版纳地区土壤微生物多样性的重要影响因子的结果相似。孙倩等^[29]研究表明，土壤有效磷与土壤真菌丰度和多样性呈显著正相关，可能是由于菌根真菌可以通过分泌磷酸酶和有机酸^[30-31]，加快土壤有机磷的矿化和无机磷的

活化^[32-33]。另一方面, LIU 等^[34]在亚热带森林的研究中发现丛枝菌根真菌能促进有效态有机磷的积累。土壤 C/N 作为评估真菌功能基因丰富度的理想因子, 与真菌分布密切相关^[8]。本研究中土壤 C/N 与真菌群落丰度和多样性均呈正相关, 这与 LIAO 等^[35]的研究结果一致。

相关研究证实, 绝大多数优势菌门均与土壤理化因子有一定的相关性^[36-37]。冗余分析结果显示, 优势类群变形菌门、担子菌门与土壤 pH 呈正相关, 酸杆菌门和子囊菌门则与 pH 呈负相关, 与 C/N 和 AP 呈正相关。浮霉菌门、罗兹菌门和壶菌门均与 C/N 呈正相关, 与 SOM、TN 呈负相关。结果显示, pH、TN 和 AK 是本研究中土壤细菌群落组成的关键限制因子, pH、AK 和 C/N 则是影响真菌群落组成的主要因子。由此可见, 橡胶林中土壤微生物群落结构与土壤 pH、N、K 元素密切相关。这与前人^[31, 38]认为土壤微生物群落结构主要受土壤 pH 影响的研究结果相同。海南位于热带地区受亚热带季风影响, 高温多雨, 使土壤中碱性离子 (K^+) 被淋洗, 土壤 pH 下降导致土壤酸化, 从而阻碍土壤生物的生长^[39], 因此钾元素可能对土壤微生物群落结构的发展具有抑制效应。已有研究证明, 微生物群落结构的环境因子多为有机碳、TN 和 pH^[40-42]。赵春梅等^[15]证实了 SOM、AN、TN 和 C/N 是橡胶林土壤真菌群落结构的最主要影响因素。有机碳为微生物生长提供能量和碳源^[43], 而氮有效性增加往往对微生物生长产生负面影响^[44]。本研究中土壤有机质含量与真菌群落组成的相关性较弱且不显著, 其原因可能是研究区域土壤全氮与有机质呈极显著正相关, 全氮对微生物群落结构的限制掩盖了有机质的作用。同时, 不同细菌和真菌优势属类与土壤 pH、C/N 等理化因子也呈现一定的相关性。如芽孢杆菌与土壤 SOM、TN 呈显著正相关, 其相对丰度随着产量水平的下降呈明显下降趋势。芽孢杆菌作为土壤中的典型有益菌类, 对土壤养分积累和植物生长均有正向作用。有研究表明用芽孢杆菌对花生幼苗进行灌根处理, 不仅能促进茎的伸长及鲜重增加, 还能增加根际土壤速效养分含量^[45]。

通过对不同产量水平橡胶林下土壤微生物群落组成分析发现, 无论门或属水平, 土壤真菌群落组成较细菌差异更加明显。本研究土壤细菌和真菌的分类信息在门、纲、目的水平上比较明确,

在科和属的水平上尚未明确分类的类群占比较大, 排名前 15 的属中约 50% 为未分类属, 这可能与测序区间的选择和比对数据库有关。此外, 本研究中土壤微生物群落特征与其他土壤理化性质之间的互作关系仍有待探究。

参考文献

- [1] 荣凤云. 推进我国天然橡胶产业稳定发展问题研究[J]. 农业科研经济管理, 2023(1): 17-20.
RONG F Y. Analysis on the development prospect of natural rubber industry[J]. Management for Economy in Agricultural Scientific Research, 2023(1): 17-20. (in Chinese)
- [2] 唐贤慧, 郭澎湃, 罗微, 茶正早, 杨红竹, 贝美容, 刘锐金, 何长辉. 基于主成分分析的海南橡胶园土壤化学肥力的评价[J]. 热带生物学报, 2022, 13(1): 36-41.
TANG X H, GUO P T, LUO W, CHA Z Z, YANG H Z, BEI M R, LIU R J, HE C H. Evaluation of soil chemical fertility of Hainan rubber plantation based on principal component analysis[J]. Journal of Tropical Biology, 2022, 13(1): 36-41. (in Chinese)
- [3] 王大鹏, 王秀全, 成镜, 何鹏, 韦家少. 海南植胶区养分管理现状与改进策略[J]. 热带农业科学, 2013, 33(9): 22-27.
WANG D P, WANG X Q, CHENG J, HE P, WEI J S. Current status of nutrient management in Hainan rubber planting areas and improvement strategies[J]. Chinese Journal of Tropical Agriculture, 2013, 33(9): 22-27. (in Chinese)
- [4] 刘锐金, 黄华孙. “十四五”时期推动天然橡胶产业健康发展的思考[J]. 中国热带农业, 2021(4): 5-12.
LIU R J, HUANG H S. Thoughts on promoting the sound development of natural rubber industry during the 14th Five-Year Plan period[J]. Industry Development, 2021(4): 5-12. (in Chinese)
- [5] DELGADO-BAQUERIZO M, MAESTRE F T, REICH P B, JEFFRIES T C, GAITAN J J, ENCINAR D, BERDUGO M, CAMPBELL C D, SINGH B K. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. Nature Communications, 2016, 7: 10541.
- [6] BENDER S F, WAGG C, VAN DER HEIJDEN M G A. An underground revolution: biodiversity and soil ecological engineering for agricultural sustainability[J]. Trends in Ecology and Evolution, 2016, 31(6): 440-452.
- [7] GUO H C, WANG W B, LUO X H, WU X P. Variations in rhizosphere microbial communities of rubber plantations in Hainan island, China[J]. Journal of Rubber Research, 2013, 16(4): 243-256.
- [8] BAHRAM M, HILDEBRAND F, FORSLUND S K,

- ANDERSON J L, SOUDZILOVSKAIA N A, BODEGOM P M, BENGTSOON-PALME J, ANALAN S, COELHO L P, HAREND H, HUERTA-CEPAS J, MEDEMA M H, MALTZ M R, MUNDRA S, OLSSON P A, PENT M, PÖLME S, SUNAGAWA S, RYBERG M, TEDERSOO L, BORK P. Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. *Nature*, 2018, 560: 233-237.
- [9] LAUBER C L, HAMADY M, KNIGHT R, FIERER N. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. *Applied and Environment Microbiology*, 2009, 75(15): 5111-5120.
- [10] ROUSK J, BÅÅTH E, BROOKES P C, LAUBER C L, LOZUPONE C, CAPORASO J G, KNIGHT R, FIERER N. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *The ISME Journal*, 2010, 4: 1340-1351.
- [11] 唐欣, 刘世荣, 许涵, 张于光. 海南尖峰岭热带山地雨林 60 hm² 动态监测样地土壤微生物物种估算[J]. *林业科学*, 2019, 55(12): 84-92.
- TANG X, LIU S R, XU H, ZHANG Y G. Estimation of soil microbial species in a 60 hm² dynamic monitoring plot of tropical mountain rain forest in Jianfengling, Hainan, China[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2019, 55(12): 84-92. (in Chinese)
- [12] PHILIPPOT L, CHENU C, KAPPLER A, RILLIG M C, FIERER N. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, 22: 226-239.
- [13] 杨帆. 热带雨林转变为橡胶林对土壤微生物的影响研究[D]. 昆明: 云南师范大学, 2016.
- YANG F. Research on microorganism changes under the transformation from tropical rain forests to rubber plantations[D]. Kunming: Yunnan Normal University, 2016. (in Chinese)
- [14] 周玉杰, 李建华, 张广宇, 王宁, 谭文丽, 王永鹏, 王春燕, 王华锋. 基于高通量测序的橡胶林土壤真菌多样性及群落组成分析[J]. *南方农业学报*, 2018, 49(9): 1729-1735.
- ZHOU Y J, LI J H, ZHANG G Y, WANG N, TAN W L, WANG Y P, WANG C Y, WANG H F. Analysis of soil fungal diversity and community composition of rubber plantations based on high-throughput sequencing[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2018, 49(9): 1729-1735. (in Chinese)
- [15] 赵春梅, 王文斌, 张永发, 薛欣欣, 罗雪华, 罗梁元, 吴小平. 不同母质橡胶林土壤真菌群落结构特征及其与土壤环境因子的相关性[J]. *南方农业学报*, 2021, 52(7): 1869-1876.
- ZHAO C M, WANG W B, ZHANG Y F, XUE X X, LUO X H, LUO L Y, WU X P. Characterization of soil microbial community structure among different parent materials in rubber plantation[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(7): 1869-1876. (in Chinese)
- [16] XUN W B, HUANG T, ZHAO J, RAN W, WANG B R, SHEN Q R, ZHANG R F. Environmental conditions rather than microbial inoculum composition determine the bacterial composition, microbial biomass and enzymatic activity of reconstructed soil microbial communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 90: 10-18.
- [17] YANG Y J, WU P F. Soil bacterial community varies but fungal community stabilizes along five vertical climate zones[J]. *Catena*, 2020, 195: 104841.
- [18] LIU M, LV X G, ZHANG W G, JIANG M, TIAN L, QIN L, ZOU Y C. Biological interactions control bacterial but not fungal β diversity during vegetation degradation in saline-alkaline soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 919: 170826.
- [19] PENG M, JIA H, WANG Q. The effect of land use on bacterial communities in saline-alkali soil[J]. *Current Microbiology*, 2017, 74: 325-333.
- [20] YIM B, SMALLA K, WINKELMANN T. Evaluation of apple replant problems based on different soil disinfection treatments-links to soil microbial community structure?[J]. *Plant Soil*, 2013, 366 (1/2): 617-631.
- [21] ROUSK J, BROOKES P C, BÅÅTH E. Contrasting soil pH effects on fungal and bacterial growth suggest functional redundancy in carbon mineralization[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(6): 1589-1596.
- [22] ELDRIDGE D J, DELGADO-BAQUERIZO M, TRAVERS S K, VAL J, OLIVER I, HAMONTS K, SINGH B K. Competition drives the response of soil microbial diversity to increased grazing by vertebrate herbivores[J]. *Ecology*, 2017, 98(7): 1922-1931.
- [23] LELOUP J, BAUDE M, NUNAN N, MERIGUET J, DAJOZ I, ROUX X L, RAYNAUD X. Unravelling the effects of plant species diversity and aboveground litter input on soil bacterial communities[J]. *Geoderma*, 2018, 317: 1-7.
- [24] 杨安娜, 陆云峰, 张俊红, 吴家森, 徐金良, 童再康. 杉木人工林土壤养分及酸杆菌群落结构变化[J]. *林业科学*, 2019, 55(1): 119-127.
- YANG A N, LU Y F, ZHANG J H, WU J S, XU J L, TONG Z K. Changes in soil nutrients and Acidobacteria community structure in *Cunninghamia lanceolata* plantations[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2019, 55(1): 119-127. (in Chinese)
- [25] VACHERON J, DESBROSSES G, BOUFFAUD M L, TOURAINE B, MOËNNE-LOCCOZ Y, MULLER D, LEGENDRE L, WISNIEWSKI-DYÉ F, PRIGENT-COMBARET C. Plant growth-promoting rhizobacteria and root system func-

- tioning[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2013, 4: 356.
- [26] 李明美, 全飞, 孙树晴, 兰国玉, 杨川, 吴志祥. 近自然管理方式对橡胶林根际土壤真菌群落结构和多样性的影响[J]. *南方农业学报*, 2022, 53(4): 1121-1130.
- LI M M, QUAN F, SUN S Q, LAN G Y, YANG C, WU Z X. Effects of close-to-natural management on the community structure and diversity of fungi in the rhizosphere soil of rubber plantation[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2022, 53(4): 1121-1130. (in Chinese)
- [27] QIAO Y F, MIAO S J, ZHONG X, ZHAO H F, PAN S Q. The greatest potential benefit of biochar return on bacterial community structure among three maize-straw products after eight year field experiment in Mollisols[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 147: 103432.
- [28] LAN G Y, WU Z X, LI Y W, CHEN B Q. The drivers of soil bacterial communities in rubber plantation at local and geographic scales[J]. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 2020, 66(3): 358-369.
- [29] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 康建宏. 宁夏中部干旱带不同作物根际土壤真菌群落多样性及群落结构[J]. *微生物学通报*, 2019, 46(11): 2963-2972.
- SUN Q, WU H L, CHEN F, KANG J H. Fungal community diversity and structure in rhizosphere soil of different crops in the arid zone of central Ningxia[J]. *Microbiology China*, 2019, 46(11): 2963-2972. (in Chinese)
- [30] TOLJANDER J F, LINDAHL B D, PAUL L R, ELFSTRAND M, FINLAY R D. Influence of arbuscular mycorrhizal mycelial exudates on soil bacterial growth and community structure[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, 61(2): 295-304.
- [31] ZHANG H Z, SHI L L, WEN D Z, YU K L. Soil potential labile but not occluded phosphorus forms increase with forest succession[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2016, 52: 41-51.
- [32] FUJII K, AOKI M, KITAYAMA K. Reprint of "Biodegradation of low molecular weight organic acids in rhizosphere soils from a tropical montane rain forest"[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 56: 3-9.
- [33] FAN Y X, ZHONG X J, LIN F, LIU C C, YANG L M, WANG M H, CHEN G S, CHEN Y M, YANG Y S. Responses of soil phosphorus fractions after nitrogen addition in a subtropical forest ecosystem: insights from decreased Fe and Al oxides and increased plant roots[J]. *Geoderma*, 2019, 337: 246-255.
- [34] LIU Y, ZHANG G H, LUO X Z, HOU E Q, ZHENG M H, ZHANG L L, HE X J, SHEN W J, WEN D Z. Mycorrhizal fungi and phosphatase involvement in rhizosphere phosphorus transformations improves plant nutrition during sub-tropical forest succession[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 153: 108099.
- [35] LIAO H, ZHANG Y C, ZUO Q Y, DU B B, CHEN W L, WEI D, HUANG Q Y. Contrasting responses of bacterial and fungal communities to aggregate-size fractions and long-term fertilizations in soils of northeastern China[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 635: 784-792.
- [36] LAUBER C L, STRICKLAND M S, BRADFORD M A, FIERER N. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(9): 2407-2415.
- [37] 万盼, 胡艳波, 张弓乔, 王宏翔, 李录林, 王鹏, 惠刚盈. 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.
- WAN P, HU Y B, ZHANG G Q, WANG H X, LI L L, WANG P, HUI G Y. Soil bacterial communities under *Pinus tabulaeformis* Carr. and *Bupleurum chinense* plantations at Xiaolongshan mountain of Gansu province[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(17): 6016-6024. (in Chinese)
- [38] 李永春, 梁雪, 李永夫, 王祈, 陈俊辉, 徐秋芳. 毛竹入侵阔叶林对土壤真菌群落的影响[J]. *应用生态学报*, 2016, 27(2): 585-592.
- LI Y C, LIANG X, LI Y F, WANG Q, CHEN J H, XU Q F. Effects of *Phyllostachys edulis* invasion of native broadleaf forest on soil fungal community[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2016, 27(2): 585-592. (in Chinese)
- [39] 胡波, 张会兰, 王彬, 王云琦, 郭平, 刘春霞, 唐晓芬. 重庆缙云山地区森林土壤酸化特征[J]. *长江流域资源与环境*, 2015, 24(2): 300-309.
- HU B, ZHANG H L, WANG B, WANG Y Q, GUO P, LIU C X, TANG X F. Analysis on the forest soil acidification and mechanisms in Chongqing Jinyun mountain[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 2015, 24(2): 300-309. (in Chinese)
- [40] 罗达, 刘顺, 史作民, 冯秋红, 刘千里, 张利, 黄泉, 何建社. 川西亚高山不同林龄云杉人工林土壤微生物群落结构[J]. *应用生态学报*, 2017, 28(2): 519-527.
- LU D, LIU S, SHI Z M, FENG Q H, LIU Q L, ZHANG L, HUANG Q, HE J S. Soil microbial community structure in *Picea asperata* plantations with different ages in subalpine of western Sichuan, Southwest China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, 28(2): 519-527. (in Chinese)
- [41] 字洪标, 向泽宇, 王根绪, 阿的鲁骥, 王长庭. 青海不同林分土壤微生物群落结构(PLFA)[J]. *林业科学*, 2017, 53(3): 21-32.
- ZI H B, XIANG Z Y, WANG G X, ADE L J, WANG C T. Profile of soil microbial community under different stand types in Qinghai province[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2017,

- 53(3): 21-32. (in Chinese)
- [42] 王莹燕, 王子芳, 黄容, 吕盛, 高明. 缙云山不同森林植被下土壤微生物群落结构特征研究[J]. 土壤学报, 2019, 56(5): 1210-1220.
- WANG Y Y, WANG Z F, HUANG R, LYU S, GAO M. Characterization of soil microbial community structure as affected by vegetation in Jinyun mountain[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(5): 1210-1220. (in Chinese)
- [43] GRIFFITHS B S, RITZ K, EBBLEWHITE N, DOBSON G. Soil microbial community structure: effects of substrate loading rates[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 31(1): 145-153.
- [44] CRAINE J M, MORROW C, FIERER N. Microbial nitrogen limitation increases decomposition[J]. Ecology, 2007, 88(8): 2105-2113.
- [45] 黄文茂, 韩丽珍, 王欢. 两株芽孢杆菌对花生幼苗生长及其根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 微生物学通报, 2020, 47(11): 3551-3563.
- HUANG W M, HAN L Z, WANG H. Effects of two *Bacillus* spp. strains on the growth of peanut seedling and microbial community structure in rhizosphere soil[J]. Microbiology China, 2020, 47(11): 3551-3563. (in Chinese)