

中南林业科技大学学报

Journal of Central South University of Forestry & Technology

ISSN 1673-923X，CN 43-1470/S

《中南林业科技大学学报》2026年第8期

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923X.2026.08.019

论文标题： 沙柳机械沙障分解对土壤细菌及真菌群落组成的影响

作　　者： 张 霞，梁钰镁，高 永，等

收稿日期： 2025-07-16

引文格式： 张霞,梁钰镁,高永,等.沙柳机械沙障分解对土壤细菌及真菌群落组成的影响[J].中南林业科技大学学报,2026,46(8):195-204.

Zhang X, Liang Y M, Gao Y, et al. Effects of *Salix psammophila* sand barrier decomposition on soil bacterial and fungal community composition[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(8):195-204.

相关论文推荐

Recommended articles

基于广义加性混合模型(GAMM)的沙柳特征因子动态变化

Dynamic change of characteristic factors of *Salix cheilophila* based on generalized additive mixed models (GAMM)

滴灌施肥对桉树人工林土壤酶活性和细菌群落组成的影响

Effects of drip fertilization on soil enzyme activities and bacterial community composition in *Eucalyptus* artificial forest

滇中亚高山森林土壤细菌多样性及群落结构对N沉降的响应

Responses of soil bacterial diversity and community structure to N sedimentation in alpine forests in central Yunnan

寒温带落叶松林土壤细菌组成和多样性对雪盖的响应

Responses of soil bacterial composition and diversity to snow cover in cold temperate larch forests

林龄和林分密度对华北落叶松人工林土壤养分和细菌群落的影响

Effects of stand age and stand density on the soil nutrient and bacterial community of *Larix principis-rupprechtii* plantation

海南岛橡胶林土壤细菌群落多样性的季节变化及其影响因子

Seasonal changes and influencing factors of soil bacterial diversity in rubber plantations on Hainan island

Doi:10.14067/j.cnki.1673-923x.2026.08.019
http: //qks.csuft.edu.cn

沙柳机械沙障分解对土壤细菌及真菌群落组成的影响

张 霞[1]，梁钰镁[1]，高 永[1]，田 琦[2]，郭 鑫[3]，刘宗奇[4]

（1. 内蒙古农业大学 沙漠治理学院，内蒙古 呼和浩特 010018；2. 内蒙古大学 计算机学院，内蒙古 呼和浩特 010021；3. 鄂尔多斯市鄂托克前旗自然资源局，内蒙古 鄂尔多斯 016299；4. 内蒙古自治区林业科学研究院 内蒙古自治区沙地（沙漠）生态系统与生态工程重点实验室，内蒙古 呼和浩特 010010）

摘 要：【目的】探究沙柳机械沙障分解对土壤细菌及真菌群落组成的影响，揭示其与土壤性质及酶活性之间的关系，为荒漠化防治中的沙障材料优化和生态功能评估提供理论依据。【方法】以库布齐沙漠东南缘铺设 1、3、5 和 7 a 的沙柳机械沙障为对象，未铺设沙柳机械沙障的裸露沙地作为对照（CK），采用野外原位取样和室内分析相结合的方法，通过测定土壤理化性质和酶活性，并结合 Illumina MiSeq 高通量测序技术，分析不同铺设年限沙障条件下微生物群落的组成与多样性特征。运用单因素方差分析（One-way ANOVA）、Pearson 相关性分析和冗余分析（RDA）等方法，解析微生物群落与环境因子的关系。【结果】1）土壤有机碳（SOC）含量和含水率（SMC）随铺设年限的延长而显著增加（铺设 7 a 的 SOC 较铺设 1 a 增加 71.56%，SMC 增加 79.90%）；2）细菌群落的丰富度（Sobs、Ace 指数）在铺设 3 a 时达到峰值，而多样性（Shannon 指数）在铺设 7 a 时达到最高；3）随着铺设年限的延长，真菌群落的多样性与丰富度整体表现为增加趋势，其中篮状菌属 *Talaromyces* 在铺设 5 a 时物种相对丰度高达 83.25%；4）冗余分析表明，细菌群落受土壤有机碳和碱性磷酸酶（APh）驱动，真菌群落主要受碱性磷酸酶、含水率和脲酶（Ure）调控。【结论】机械沙障分解会改变土壤的理化性质与酶活性，进而显著影响微生物群落的结构和多样性。长期（5 ～ 7 a）铺设沙柳机械沙障可以促进功能微生物富集，提升区域生态功能，为荒漠生态系统恢复提供重要支撑。

关键词：沙柳沙障；腐烂分解；物种组成；多样性；土壤性质

中图分类号：S718.52 **文献标志码：**A **文章编号：**1673-923X(2026)08-0195-10

Effects of *Salix psammophila* sand barrier decomposition on soil bacterial and fungal community composition

Zhang Xia[1], Liang Yumei[1], Gao Yong[1], Tian Qi[2], Guo Xin[3], Liu Zongqi[4]

(1. College of Desert Control Science and Engineering, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, Inner Mongolia, China; 2. College of Computer Science, Inner Mongolia University, Hohhot 010021, Inner Mongolia, China; 3. Natural Resources Bureau of Ertokqian Banner, Ordos 016299, Inner Mongolia, China;4. Inner Mongolia Key Laboratory of Desert Ecological System, Inner Mongolia Academy of Forestry Sciences, Hohhot 010010, Inner Mongolia, China)

Abstract:【Objective】To explore the effects of the decomposition of *Salix psammophila* mechanical sand barriers on the composition of soil bacterial and fungal communities.【Method】*Salix psammophil*a sand barriers deployed for 1, 3, 5, and 7 years were selected as research objects, with bare sandy land as the control (CK). Field in-situ sampling, indoor indicator measurements, and Illumina MiSeq sequencing technology were employed to reveal the response relationships between bacterial and fungal diversity, soil properties, and enzyme activity during the decay process of Salix sand barriers.【Result】1) Soil organic carbon (SOC) and soil moisture content (SMC) increased significantly with the duration of deployment (SOC increased by 71.56% after 7 years compared to 1 year, and SMC increased by 79.90%); 2) Richness (Sobs and Ace indices) of bacterial communities peaked at 3 years of deployment, while diversity

收稿日期（Received）：2025-07-16 **修订日期**（Revised）：2025-10-30

基金项目：内蒙古自治区自然科学基金项目（2025QN03061）；国家重点研发计划项目（2024YFF1306300）；内蒙古自治区林业科学研究院开放课题（KF2024ZD05）；内蒙古农业大学高层次及优秀博士人才引进科研启动项目（NDYB2023-53）。

第一作者：张霞（2285876898@qq.com），硕士研究生。

通信作者：梁钰镁（liang490002878@163.com），讲师，博士，硕士研究生导师；高永（13948815709@163.com），教授，博士，博士研究生导师。

引文格式：张霞 , 梁钰镁 , 高永 , 等 . 沙柳机械沙障分解对土壤细菌及真菌群落组成的影响 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2026,46(8):195-204.
Zhang X, Liang Y M, Gao Y, et al. Effects of *Salix psammophila* sand barrier decomposition on soil bacterial and fungal community composition[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2026,46(8):195-204.

(Shannon index) was highest at 7; 3) Fungal diversity and richness generally showed an increasing trend, with *Talaromyces* dominating at 5 years, accounting for up to 83.25%, and the Shannon index of fungal communities significantly increased by 7 years; 4) Redundancy analysis indicated that bacterial communities were driven by SOC and alkaline phosphatase (APh), while fungal communities were primarily regulated by APh, SMC, and urease (Ure).【Conclusion】The decomposition of *Salix psammophila* mechanical sand barriers significantly influenced the structural and functional succession of microbial communities by altering soil physicochemical properties and enzyme activity, providing a scientific basis for optimizing sand barrier materials and evaluating ecological functions in desertification control.

Keywords: *Salix psammophila* sand barrier; decomposition and decay; species composition; diversity; soil properties

荒漠化是全球干旱与半干旱地区面临的重大生态环境问题，严重影响区域生态安全与可持续发展 [1]。我国是世界上受荒漠化危害最严重的国家之一，荒漠化土地面积广，治理需求极为迫切 [2]。在多种荒漠化治理技术中，植物固沙措施因其良好的生态效益而被广泛应用。不同固沙植物如沙柳 *Salix psammophila*、沙蒿 *Artemisia ordosica* 和柠条 *Caragana korshinskii* 等，在固沙效果与持久性方面存在显著差异 [3-4]。其中，沙柳机械沙障以较强的机械稳定性和缓慢的分解特性，在我国北方沙区得到广泛应用，可以有效控制风蚀并改善地表微环境 [5]。铺设沙障不仅能够通过物理作用阻滞沙粒移动，还可以借助植物残体的分解释放有机质，显著改变土壤的理化性质。研究表明，沙柳沙障能够明显提高土壤有机碳（SOC）含量和土壤含水率（SMC），并调控土壤酶活性，如蔗糖酶（Suc）、脲酶（Ure）和碱性磷酸酶（APh）等 [6]。这些变化为土壤微生物群落的繁殖和演替提供了重要的资源基础与生境条件。土壤微生物作为生态系统功能的核心驱动者，其群落结构和多样性对土壤养分循环和生态系统稳定性具有重要作用 [7]。SOC 和 SMC 的提升能够为微生物提供充足的碳源和水分，促进如慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium* 和篮状菌属 *Talaromyces* 等功能类群的富集 [8-9]。此外，土壤酶是微生物代谢活性的关键指标，其活性变化不仅能间接反映养分转化状态，还能影响微生物群落构建。例如，碱性磷酸酶活性常与土壤磷有效性及真菌群落结构密切相关 [10]。细菌与真菌在生态策略和底物利用上存在明显分化，导致二者对环境因子的响应机制不同，这种差异是理解沙障降解过程中微生物群落演替与功能发挥的重要基础 [11]。

尽管已有研究关注到沙柳沙障对土壤微生物的局部影响，但针对不同铺设年限下细菌与真菌群落的动态变化，以及二者与环境因子的响应关系，仍缺乏系统性研究。本研究以库布齐沙漠东南缘不同铺设年限（1、3、5 和 7 a）的沙柳机械沙障为对象，通过野外采样与高通量测序技术，结合多元统计分析，重点探究以下内容：1）沙障分解过程中土壤微生物群落组成与多样性的时序变化特征；2）土壤理化性质与酶活性对微生物群落结构的作用；3）细菌与真菌群落对环境因子响应的差异。本研究结果旨在为沙障材料筛选、配置年限优化以及荒漠生态系统恢复提供理论依据与技术支持。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于库布齐沙漠东南缘（40°36′14″N，108°42′16″E），地处内蒙古鄂尔多斯独贵塔拉镇，是典型的温带干旱荒漠区。该地区年平均降水量为 260 mm，降水季节分配不均；年平均气温 5.5 ℃，极端最低气温 −30 ℃，极端最高气温 38 ℃；全年盛行西北风，平均风速 3.5 m/s，年大风日数约 30 d，风蚀作用显著；无霜期约 135 d，植物生长期较短。该区域以流动 - 半固定沙丘为主，植被覆盖度较低，优势种包括沙柳、沙蒿和沙米 *Agriophyllum squarrosum* 等沙生植物，对维持沙地生态系统稳定性具有重要作用。该区域风沙活动频繁，是荒漠化防治的重点区域之一。

1.2 试验设计与样品采集

选择铺设 1、3、5 和 7 a 的沙柳机械沙障样地，以裸露沙地作为对照样地（CK）。在各样地的对角线上随机选取间隔大于 3 m 的 4 个障格，每个障格的面积为 1 m×1 m，每个障格每条边的中间位置作为采样点。采集障体根际与根际周边的土壤样品，土层深度 15 ～ 20 cm，将同一个障格采集的 4 个点位的土壤均匀混合为 1 个样品，每个铺设年限取 4 个重复。采集的土壤样品分为 3 部分：一部分自然阴干，用于测定土壤基本性质；一部分放入无菌离心管中，低温保存，用于测定土壤酶活性；一部分暂存于无菌离心管，于干冰中低温保存，用于提取土壤细菌和真菌 DNA。

1.3　DNA 提取、PCR 扩增及高通量测序

使用 Fast DNA®SPIN Kit for Soil（MP Biomedicals，Solon，USA）试剂盒提取不同铺设年限沙柳机械沙障土样细菌及真菌 DNA，经 1% 琼脂糖凝胶电泳评估质量。以纯化 DNA 为模板，采用细菌引物 338F（5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3'）和 806R（5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'）扩增 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变异区域；真菌通过引物 ITS1F（5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3'）和 ITS2R（5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'）进行 PCR 扩增。PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测后，使用 Axy Prep DNA Gel Extraction Kit（Axygen Biosciences，Union City，CA，USA）切胶回收纯化，并用 Quanti Fluor ™ -ST 系统定量。最终委托上海美吉生物医药科技有限公司在 Illumina Miseq PE 300 平台上进行高通量测序。

1.4　土壤性质测定

采用重铬酸钾氧化法测定土壤有机碳含量；土壤含水率使用铝盒在 105 ℃下烘干测定；土壤 pH 值使用 pH 计测定；土壤蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基比色法（DNS 法）测定；碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定；脲酶活性采用苯酚钠 - 次氯酸钠比色法测定。

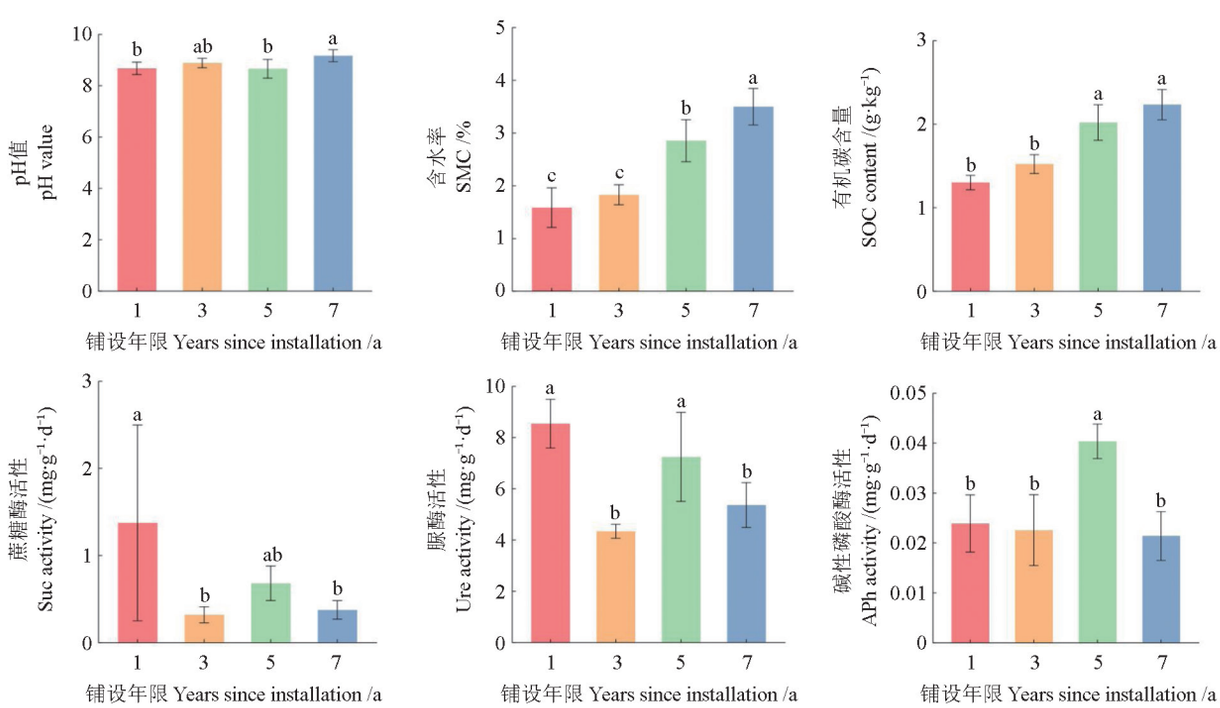
1.5　数据分析

利用 Usearch 软件以 97% 相似度对非重复序列进行 OTU（Operational taxonomic units）聚类，获得代表序列。代表序列与 Unite 真菌 ITS 数据库（Release 8.0 http://unite.ut.ee/index.php）进行比对，获取分类信息，并采用 RDP classifier 贝叶斯算法进行物种分类，在属水平统计真菌和细菌物种组成，并基于 mothur 软件计算 Alpha 多样性指数。对土壤的基本性质、微生物 Alpha 多样性指数经方差齐性检验后，运用 SPSS 27.0 软件进行单因素方差分析（One-way ANOVA），组间比较采用最小显著差异法（LSD），多重比较采用 Duncan 法（$P < 0.05$）。运用 GraphPad Prism 10.0 软件绘制柱状图，Pearson 相关性分析图由 Origin 2021 软件生成，运用 Canoco 5.0 软件完成环境因子与群落结构的冗余分析（RDA）。

2　结果与分析

2.1　不同年限沙柳机械沙障土壤基本性质变化

沙柳机械沙障在不同铺设年限（1、3、5、7 a）条件下对土壤性质及酶活性的影响如图 1 所示。总体而言，随着铺设年限的延长，土壤性质整体呈改善态势。土壤 pH 值在不同铺设年限间无显著差异，土壤有机碳含量和含水率随着铺设年限的



不同小写字母表示在不同铺设年限间差异显著（$P < 0.05$）。下同。
The different lowercase letters indicate significant differences between different installation durations($P < 0.05$). The same below.

图 1　不同铺设年限沙柳机械沙障土壤性质及酶活性

Fig. 1　Soil characteristics and enzyme activities in *Salix psammophila* sand barriers at different installations

延长显著增加（$P < 0.05$），二者均在铺设 1 a 时最低而铺设 7 a 时达到最高。在土壤酶活性方面，土壤蔗糖酶在不同铺设年限间无显著差异；土壤脲酶和碱性磷酸酶活性随着铺设年限的延长均呈先减少后增加再减少的趋势，铺设 5 a 时的碱性磷酸酶活性显著高于其他年限，比铺设 1、3 和 7 a 分别提升 67.0%、78.8% 和 88.8%。

2.2　不同年限沙柳机械沙障细菌物种组成及多样性

2.2.1　属水平细菌物种组成

如图 2 所示，不同铺设年限的沙柳机械沙障细菌 Top 5 属的物种相对丰度按照大小排序依次为：*norank_f_Sandaracinaceae*、链霉菌属 *Streptomyces*、慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium*、分枝杆菌属 *Mycobacterium* 和土微菌属 *Pedomicrobium*。*norank_f_Sandaracinaceae* 和土微菌属的相对丰度随着铺设年限的延长呈先上升后下降的趋势，均在铺设 5 a 时达到峰值，分别为 6.14% 和 2.49%。而链霉菌属和分枝杆菌属的相对丰度随着铺设年限的延长呈先下降后上升的趋势，均在铺设 3 a 时物种相对丰度最小。慢生根瘤菌属的物种丰度整体上呈上升趋势，在铺设 7 a 时达到 3.46%。

2.2.2　OTU 水平细菌多样性

基于 OTU 水平的土壤细菌群落多样性分析表明，沙柳机械沙障不同铺设年限对土壤细菌群落的多样性及结构具有显著影响（图 3）。Sobs 指数与 Ace 指数反映了沙柳机械沙障分解过程中土壤细菌群落的丰富度，整体均呈上升趋势，说明随着铺设年限的延长，沙柳沙障细菌丰富度逐渐增加；Shannon 指数整体呈先上升后下降趋势，Simpson 指数整体呈下降趋势，说明在 OTU 水平细菌多样性增加。Sobs 指数在不同铺设年限间差异显著（$P < 0.05$），铺设 3 a 时达到最高，显著高于铺设 1 和 7 a；Ace 指数的变化趋势与 Sobs 指数一致；Shannon 指数在不同年限间差异显著（$P < 0.05$），铺设 7 a 时达到最高，显著高于其他年限；Simpson 指数在不同年限间无显著差异。综上，沙柳机械沙障分解过程对土壤细菌群落的丰富度、多样性及均匀性存在显著影响。

2.3　不同年限沙柳机械沙障真菌物种组成及多样性

2.3.1　属水平真菌物种组成

如图 4 所示，铺设不同年限的沙柳机械沙障细菌 Top 5 属的物种丰度按照大小排序依次为篮状菌属 *Talaromyces*、木霉属 *Trichoderma*、锥壳菌属 *Coniolariella*、柄孢壳菌属 *Podospora* 和柱顶孢霉属 *Scytalidium*。篮状菌属和木霉属的相对丰度随着铺设年限的延长呈先上升后下降的趋势，篮状菌属在铺设 5 a 时达到峰值（83.25%），木霉属在铺设 3 a 时达到峰值（30.39%）。而锥壳菌属和柄孢壳菌属的相对丰度随着铺设年限的延长呈先下降后上升的趋势，均在铺设 3 a 时最小。柱顶孢霉属物种相对丰度整体呈上升趋势，铺设 7 a 时物种丰度达到 6.20%。

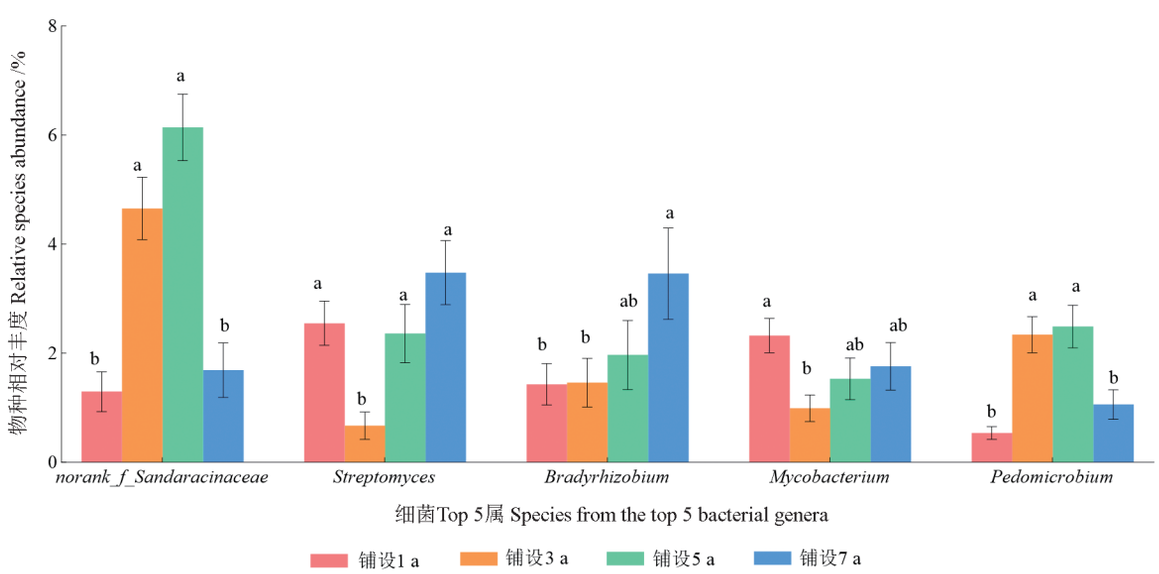


图 2　细菌 Top 5 属物种相对丰度

Fig. 2　Relative abundance of species from the top 5 bacterial genera

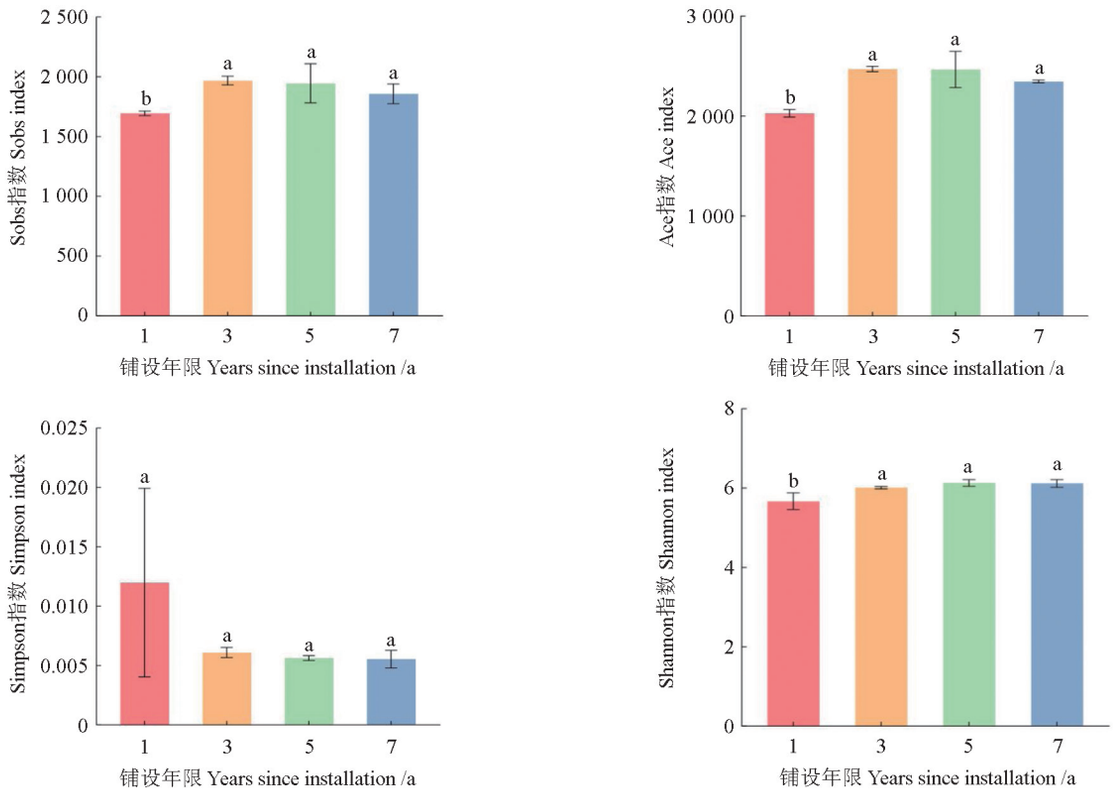


图 3　不同铺设年限沙柳机械沙障 OTU 水平细菌 Alpha 多样性指数

Fig. 3　OTU-level bacterial alpha diversity in *Salix psammophila* barriers across installation ages

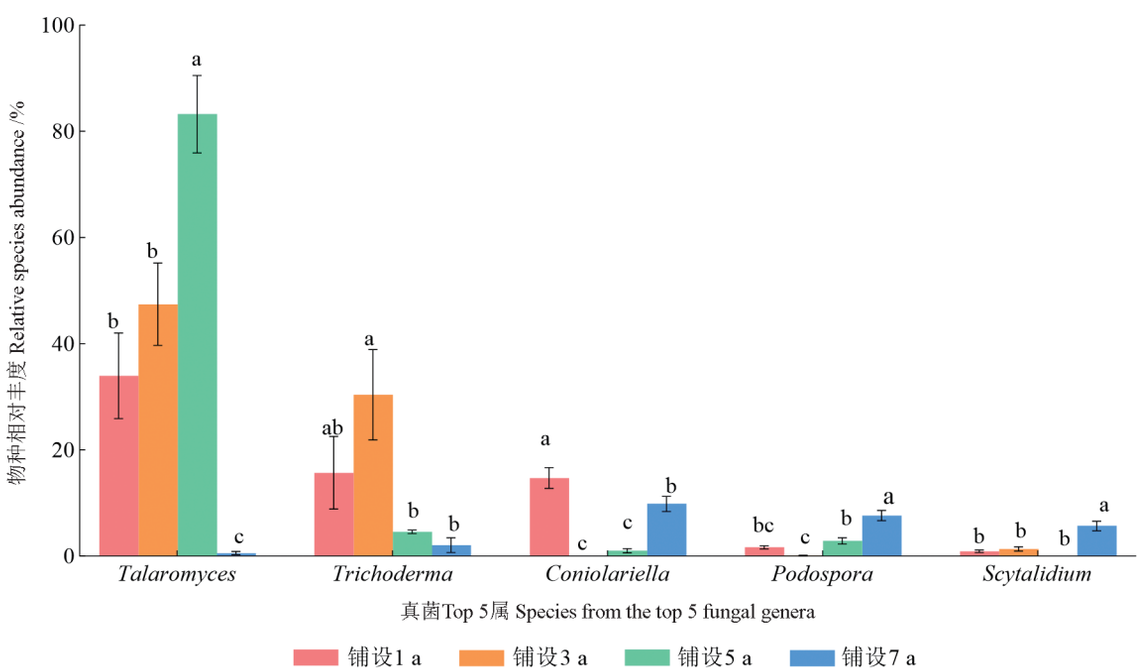


图 4　真菌 Top 5 属物种相对丰度

Fig. 4　Relative abundance of species from the top 5 fungal genera

2.3.2　OTU 水平真菌多样性

基于 OTU 水平的土壤真菌群落多样性分析显示，沙柳沙障铺设年限对土壤真菌群落的多样性及结构存在显著影响（图 5）。在群落丰富度层面，Sobs 指数和 Ace 指数均表明，铺设 3 a 的沙柳沙障土壤真菌群落丰富度最高，显著高于其他铺设年限（$P < 0.05$）。铺设 3 a 的 Sobs 指数和 Ace 指数较铺设 1 a 分别提高了 82.5% 和 78.3%。在群落多样性方面，Shannon 指数和 Simpson 指数的变化趋势相反，铺设 7 a 时 Shannon 指数达到最高，

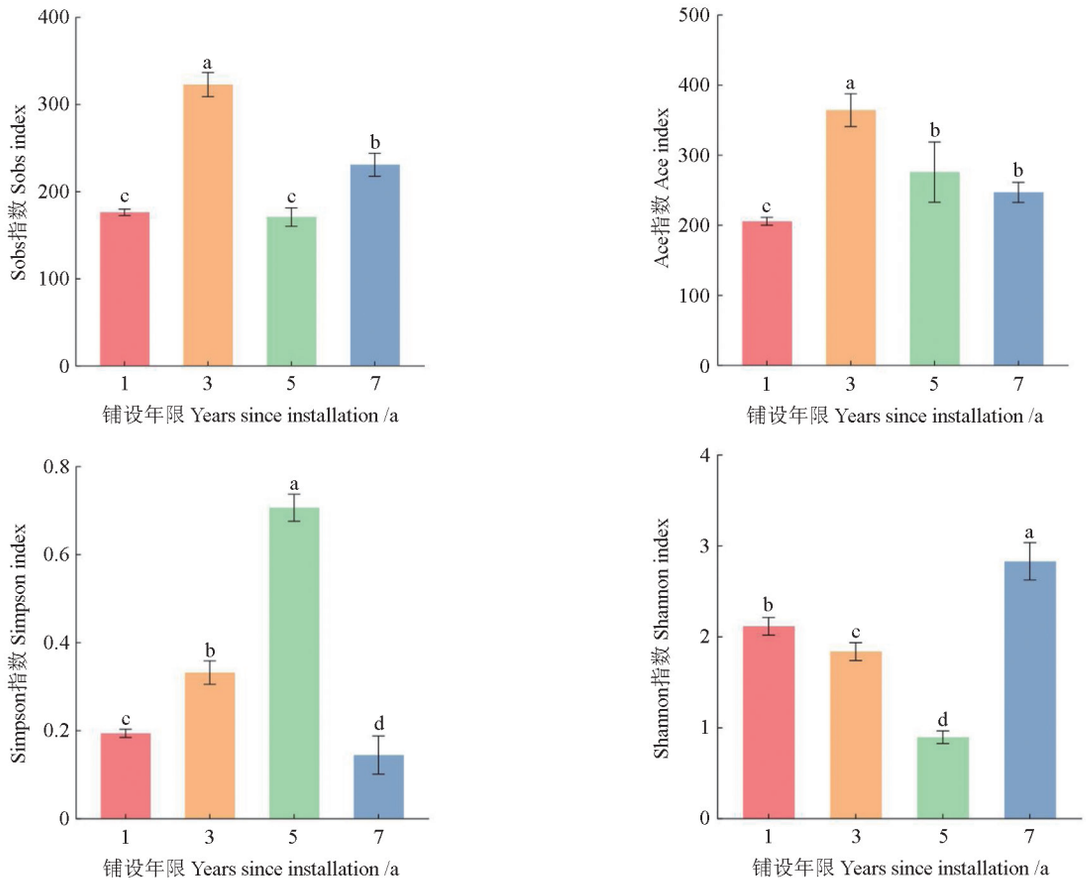


图 5 不同铺设年限沙柳机械沙障 OTU 水平真菌 Alpha 多样性指数

Fig. 5 OTU-level fungal alpha diversity in *Salix psammophila* barriers across installation ages

显著高于其他年限（$P < 0.05$）；而 Simpson 指数最低，显著低于其他年限（$P < 0.05$）。结果表明，铺设 7 a 时土壤真菌群落具有最高的物种多样性和最均匀的物种分布。

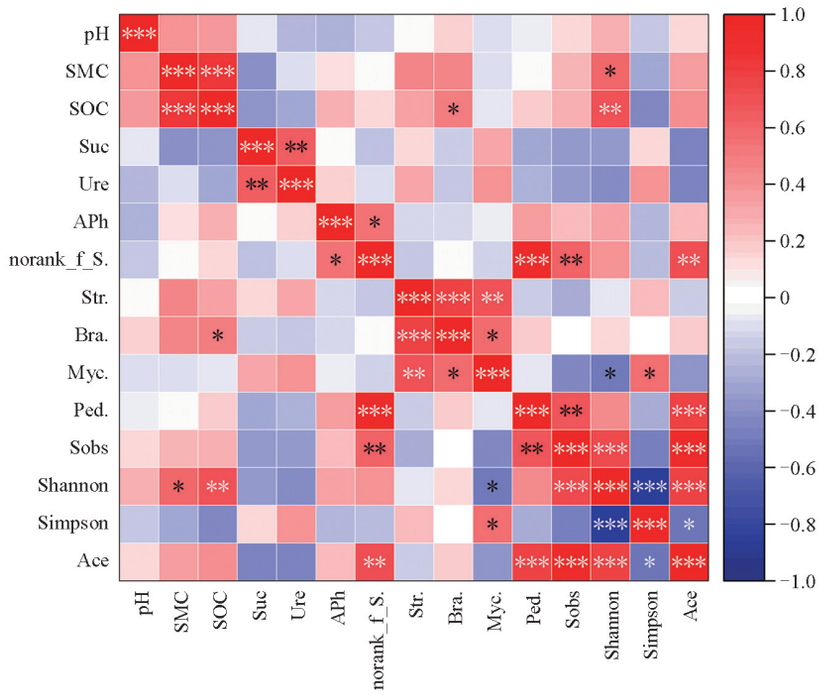
2.4 土壤优势菌群与环境因子的相关性分析

2.4.1 土壤细菌优势菌群与环境因子的相关性分析

沙柳机械沙障分解过程中土壤性质、细菌优势菌群及 Alpha 多样性之间的相关性分析（图 6）表明，SMC 和 SOC 是影响细菌群落结构和多样性的主要环境因子，与多数细菌属和多样性指数呈正相关。从土壤性质来看，pH 值与多数细菌属以及多样性指数的相关性较弱，但与 Shannon 指数呈弱正相关，说明 pH 值对细菌多样性存在一定正向影响；土壤含水率、土壤有机碳含量与链霉菌属、慢生根瘤菌属呈正相关，同时与 Shannon 指数和 Ace 指数也呈正相关，说明土壤水分和有机碳可以促进细菌群落多样性与丰富度的提升。从土壤酶活性来看，蔗糖酶活性、脲酶活性与 Shannon 指数、Ace 指数呈负相关，与分枝杆菌属呈正相关，说明这 2 种酶更有利于特定菌属的生存繁衍；碱性磷酸酶活性与 *norank_f_Sandaracinaceae* 属、土微菌属呈正相关，说明其对这 2 个菌属的生长有促进作用。细菌属间的相关性分析结果显示，*norank_f_Sandaracinaceae* 属与土微菌属呈显著正相关，说明这些菌属可以在相似生境中共存；链霉菌属与慢生根瘤菌属、分枝杆菌属呈显著正相关，表明三者之间存在协同作用。土微菌属与 Sobs 指数、Ace 指数呈显著正相关，说明该菌属对细菌群落的丰富度有重要贡献。

2.4.2 土壤真菌优势菌群与环境因子的相关性分析

沙柳沙障分解过程中土壤性质与真菌群落及多样性之间的相关性分析如图 7 所示。土壤 pH 值、含水率和有机碳含量显著影响真菌群落结构，其中柄孢壳菌属和柱顶孢霉属与这些因子呈正相关。蔗糖酶和脲酶活性与真菌多样性指数呈负相关，但对锥壳菌属的生长有促进作用。篮状菌属与 Simpson 指数呈显著正相关，表明其作为优势类群可显著降低群落均匀度。同时，真菌属之间存在显著的相关性，如柄孢壳菌属与柱顶孢霉属协同共存，而篮状菌属与锥壳菌属、柄孢壳菌属、柱顶孢霉属存在竞争关系。柄孢壳菌属与 SMC、SOC 呈极显著正相关，木霉属与 SOC 呈显著负相关，篮状菌属则与 pH 值呈显著负相关。Alpha 多样性分析显示，Sobs 指数与脲酶活性呈极显著负相关。

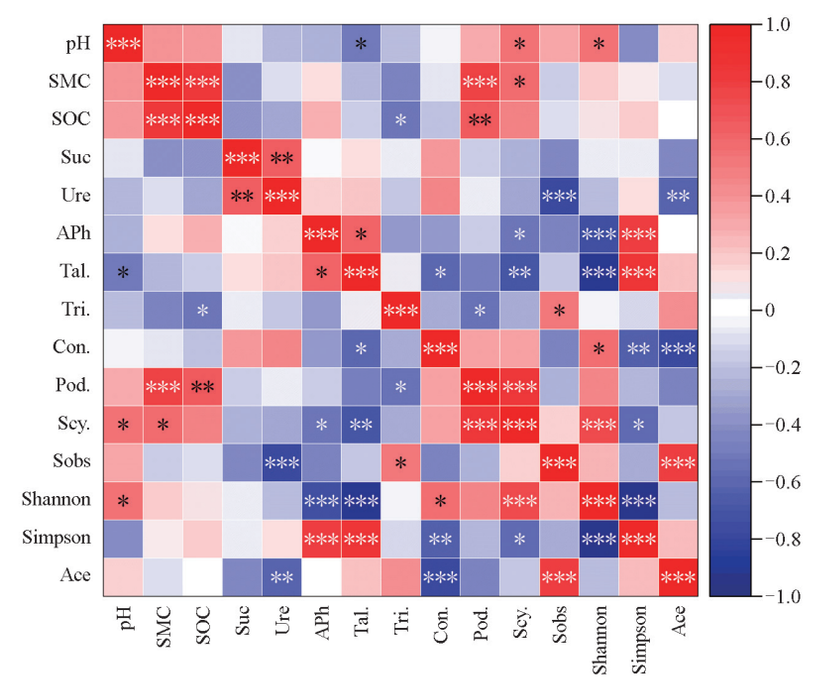


norank_f_S. 为 *norank_f_Sandaracinaceae* 属；Str. 为链霉菌属；Bra. 为慢生根瘤菌属；Myc. 为分枝杆菌属；Ped. 为土微菌属。*，$P < 0.05$；**，$P < 0.01$；***，$P < 0.001$。下同。

norank_f_S. denotes *norank_f_Sandaracinaceae*; Str. denotes *Streptomyces* species; Bra. denotes *Bradyrhizobium* species; Myc. denotes *Mycobacterium* species; Ped. denotes *Pedobacter* species. *, $P < 0.05$; **, $P < 0.01$; ***, $P < 0.001$. The same below.

图 6　土壤细菌优势菌及多样性与环境因子的相关性

Fig. 6　Correlation between dominant soil bacterial species, diversity and environmental factors



Tal. 为篮状菌属；Tri. 为木霉属；Con. 为锥壳菌属；Pod. 柄孢壳菌属；Scy. 为柱顶孢霉属。

Tal. denotes *Talaromyces* species; Tri. represents *Trichoderma* species; Con. is a member of the genus *Coniolariella;* Pod. indicates *Podospora* species; Scy. signifies *Scytalidium* species.

图 7　真菌优势菌及多样性与环境因子的相关性

Fig. 7　Correlation between dominant fungal species, diversity and environmental factors

2.5　土壤优势菌群与环境因子的 RDA 分析

如图 8A 所示，以沙柳机械沙障土壤性质和部分酶活性为解释变量，以细菌优势菌及多样性指数为响应变量进行冗余分析。结果表明，*norank_f_Sandaracinaceae* 属（norank_f_S.）和土微菌属（Ped.）主要受到 APh 的正向作用，但土微菌属受到 Suc 和 Ure 的负向作用；慢生根瘤菌属（Bra.）主要受到 pH 值、SOC、SMC 的正向作用；pH 值、

SMC、SOC、Suc、Ure 与慢生根瘤菌属、链霉菌属（Str.）呈正相关，与 APh 呈负相关；分枝杆菌属（Myc.）主要受到 Suc 和 Ure 的正向作用，受到 APh 的负向作用。Sobs 指数、Ace 指数、Shannon 指数与 APh、SOC、pH 值、SMC 呈正相关，与 Suc 和 Ure 呈负相关，而 Simpson 指数与 Suc、Ure 呈正相关，与 APh、SOC、pH 值、SMC 呈负相关。综上，SOC 和 APh 是影响细菌物种丰度和群落多样性的主要环境因子。

如图 8B 所示，以沙柳机械沙障土壤性质和部分酶活性为解释变量，以真菌优势菌及多样性指数为响应变量进行冗余分析。结果表明，篮状菌属（Tal.）与 APh、Ure、Suc 呈正相关，与 SOC、SMC、pH 值呈负相关；木霉属（Tri.）与 pH 值呈正相关，且主要受到 APh、SOC、SMC、Ure 和 Suc 的负向作用；锥壳菌属（Con.）和柄孢壳菌属（Pod.）主要受 APh 的负向作用，与其他环境因子呈正相关；柱顶孢霉属（Scy.）主要受 pH 值、SMC、SOC 的正向作用，受到 APh 的负向作用。APh 对 Simpson 指数的正向作用最大，pH 值对 Shannon 指数的正向作用最大；Ace 指数和 Sobs 指数受到 pH 的正向作用，受 Suc 和 Ure 的负向作用最大。综上，APh、SMC 和 Ure 是显著影响真菌物种丰度和群落多样性的主要环境因子。

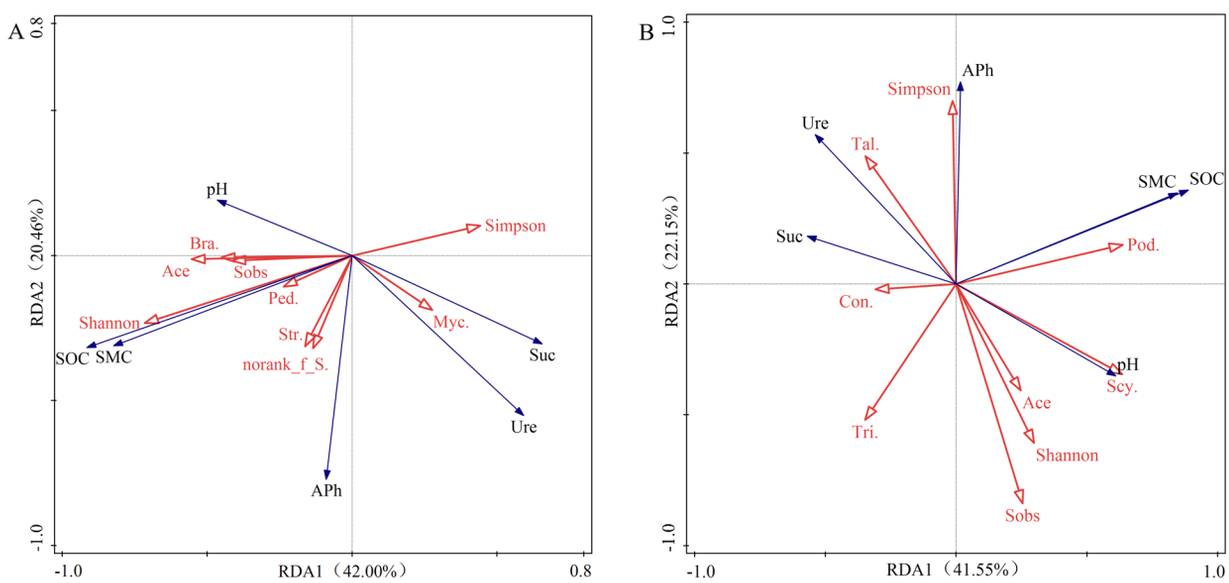


图 8 真菌及细菌优势属及多样性与环境因子的 RDA 分析

Fig. 8 RDA analysis of dominant fungal and bacterial genera and their diversity in relation to environmental factors

3 讨 论

3.1 沙柳机械沙障分解对细菌及真菌物种组成与多样性的影响

本研究结果表明，沙柳机械沙障的分解过程对土壤细菌与真菌的群落组成与多样性具有显著影响。细菌群落方面，随着沙障铺设年限延长，土壤细菌丰富度在铺设 3 a 时达到峰值，而多样性在铺设 7 a 时最高。这一现象可能源于沙障分解早期（1～3 a）为细菌提供了易降解碳源（如纤维素），促进了链霉菌属的快速定殖，细菌丰富度显著提升 [12-13]；铺设后期（5～7 a）木质素等难降解物质累积，有利于功能多样化的共生菌和腐生菌发育，从而提升群落均匀性 [14]。

真菌群落方面，真菌群落丰富度在铺设 3 a 时显著升高，而多样性在铺设 7 a 时达到峰值，这可能是由于铺设早期（3 a）沙柳沙障组织分解，释放大量木质纤维素复合物，为丝状真菌（如篮状菌属、木霉属）提供了专属底物，推动其快速扩张，导致丰富度激增 [15]。特别是篮状菌属在铺设 5 a 时物种相对丰度高达 83.25%，可能是较强的木质素降解能力使其在沙障分解中后期占据绝对优势，推动沙障残体的结构性崩解 [16]。铺设 7 a 时，真菌群落多样性达到最高，可能是因为生态位分化与功能互补逐步建立，群落结构趋于稳定与复杂 [17]。

3.2 土壤环境因子对细菌及真菌物种组成的影响

本研究通过 RDA 和 Pearson 相关性分析，系统揭示了土壤理化性质与酶活性对微生物群落结构的影响。结果表明，细菌与真菌对环境因子的响应存在显著差异。细菌群落主要受 SOC 与 APh

驱动。SOC 随着铺设年限的延长显著增加（铺设 7 a 较铺设 1 a 提升 71.56%），促进了链霉菌属和慢生根瘤菌属的富集 [16]，SOC 的提升可能会显著影响土壤微生物的碳利用策略，从而改变群落结构 [18]。而 APh 作为磷循环关键酶，其活性在铺设 5 a 时达到峰值，这与细菌丰富度的最高值同步，表明磷循环关键酶可能通过调控营养供给间接塑造微生物群落 [19-20]，这些菌群可能通过分泌胞外酶参与碳转化 [21]，并与 APh 活性协同提升磷素有效性。

真菌群落则主要受 APh、SMC 和 Ure 调控。柄孢壳菌属与 SMC、SOC 呈极显著正相关（$P < 0.01$），表明其在水分与碳源充足条件下更具竞争优势，可能参与木质素降解与腐殖质形成 [22-23]；而篮状菌属与 pH 值显著负相关 [24]，体现其对酸性微环境的适应性 [25]，这可能与沙障分解过程中有机酸释放所导致的 pH 值下降密切相关，说明微环境酸化是真菌群落结构重塑的重要驱动力 [22]；木霉属与 SOC 呈负相关，可能因其在贫碳环境中通过竞争性代谢策略占据优势 [26]。沙柳沙障分解过程中，SOC、SMC 和 APh 等因子的变化驱动了微生物群落演替，细菌丰富度在铺设 3 a 时达峰值，多样性在铺设 7 a 时最高，真菌丰富度在铺设 3 a 时激增，且篮状菌属 *Talaromyces* 在铺设 5 a 时占优势 [22]。同时，RDA 分析表明，细菌受 SOC 和 APh 驱动 [27]，真菌受 APh、SMC 和 Ure 调控 [28]，这些因素促进了功能微生物富集与生态功能提升。

4　结　论

本研究通过分析不同铺设年限沙柳机械沙障对土壤微生物群落的影响发现，沙障分解过程显著改变了土壤细菌及真菌群落物种组成及多样性。细菌群落的丰富度在铺设 3 a 时达到峰值，而多样性在铺设 7 a 时最高，真菌群落的丰富度和多样性分别在铺设 3 和 7 a 时显著增加，表明微生物群落随沙障分解呈现动态变化。土壤环境因子分析显示，有机碳和碱性磷酸酶是驱动细菌群落演变的核心因子，真菌群落则主要受碱性磷酸酶、土壤含水率和脲酶调控。篮状菌属在铺设 5 a 时物种相对丰度高达 83.25%，其较强的木质素降解能力可能加速沙障降解。微生物群落变化与土壤酶活性密切相关，APh 活性峰值与真菌丰富度最高值同步出现，表明磷循环关键酶可能通过养分调控塑造真菌群落。本研究揭示了沙柳沙障通过改变土壤性质及酶活性来调控微生物群落组成与多样性的机制，为荒漠化防治提供了理论依据，未来研究可进一步解析微生物功能基因的生态作用。

参考文献：

[1] 张亮霞 , 张媛平 . 中国荒漠化防治政策与技术发展历程综述 [J]. 内蒙古林业科技 ,2025,51(1):59-64.
Zhang L X, Zhang Y P. Overview of China’s desertification control policy and techniques development history[J]. Journal of Inner Mongolia Forestry Science & Technology,2025,51(1):59-64.

[2] 吴洁 , 余灏哲 , 刘雨青 . 荒漠化影响全球近一半人口 [J]. 生态经济 ,2025,41(8):5-8.
Wu J, Yu H Z, Liu Y Q. Desertification affects nearly half of the global population[J]. Ecological Economy,2025,41(8):5-8.

[3] Feng J, Wu Y S, Lu L Y, et al. Effects of the types and ages of vegetation restoration on land surface roughness in the Eastern Hobq desert, northern China[J]. Science of the Total Environment, 2024,955:176837.

[4] 王晓华 , 许昊 , 锁岚 , 等 . 基于广义加性混合模型 (GAMM) 的沙柳特征因子动态变化 [J]. 中南林业科技大学学报 ,2024, 44(9):60-70,104.
Wang X H, Xu H, Suo L, et al. Dynamic changes of characteristic factors of *Salix cheilophila* based on generalized additive mixed model (GAMM)[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2024,44(9):60-70,104.

[5] 高永 , 邱国玉 , 丁国栋 , 等 . 沙柳沙障的防风固沙效益研究 [J]. 中国沙漠 ,2004,24(3):365-370.
Gao Y, Qiu G Y, Ding G D, et al. Effect of *Salix psammophila* checkerboard on reducing wind and stabilizing sand[J]. Journal of Desert Research,2004,24(3):365-370.

[6] 赵晨 , 高永 , 党晓宏 , 等 . 不同铺设年限沙柳沙障土壤养分的变化 [J]. 四川农业大学学报 ,2022,40(4):583-590.
Zhao C, Gao Y, Dang X H, et al. Changes surrounding soil nutrients of *Salix psammophila* sand barriers in different setting years[J]. Journal of Sichuan Agricultural University,2022,40(4): 583-590.

[7] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017,15:579-590.

[8] Delgado-Baquerizo M, Oliverio A M, Brewer T E, et al. A global atlas of the dominant bacteria found in soil[J]. Science, 2018,359:320-325.

[9] Tedersoo L, Bahram M, Zobel M. How mycorrhizal associations drive plant population and community biology[J]. Science, 2020,367:eaba1223.

[10] Sinsabaugh R L, Hill B H, Follstad S J J. Ecoenzymatic stoichiometry of microbial organic nutrient acquisition in soil and sediment[J]. Nature,2009,462:795-798.

[11] Wang C Q, Kuzyakov Y. Mechanisms and implications of bacterial-

fungal competition for soil resources[J]. The ISME Journal, 2024,18(1):wrae073.

[12] 王瑞东 . 沙柳机械沙障暴露大气段劣化过程及损伤机理研究 [D]. 呼和浩特 : 内蒙古农业大学 ,2022:41-50.
Wang R D. Degradation process and damage mechanism of *Salix psammophila* sand barriers in atmospheric exposure section[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University,2022: 41-50.

[13] 龚萍 , 高永 , 迟悦春 . 沙柳沙障腐蚀过程中微生物的作用 [J]. 内蒙古农业大学学报 (自然科学版),2011,32(3):138-142.
Gong P, Gao Y, Chi Y C. The role of microorganisms during *Salix psammophila* checkerboard corrosion[J]. Journal of Inner Mongolia Agricultural University (Natural Science Edition),2011, 32(3):138-142.

[14] 王进军 , 韦慧仙 , 鲍飞 , 等 . 土壤中木质素降解菌株的筛选及产酶条件优化 [J]. 江苏农业科学 ,2023,51(16):210-222.
Wang J J, Wei H X, Bao F, et al. Screening of lignin-degrading bacteria and optimization of enzyme production conditions[J]. Jiangsu Agricultural Sciences,2023,51(16):210-222.

[15] Baldrian P. Fungal laccases-occurrence and properties[J]. FEMS Microbiology Reviews,2006,30:215-242.

[16] 梁钰镁 , 高永 , 王瑞东 , 等 . 沙柳沙障腐烂过程对土壤微生物生物量及酶活性的影响 [J]. 水土保持学报 ,2022,36(2): 305-311.
Liang Y M, Gao Y, Wang R D, et al. Effects of *Salix psammophila* sand barriers decay on soil microbial biomass and enzymes activities[J]. Journal of Soil and Water Conservation,2022,36(2): 305-311.

[17] 王海浪 , 付伟 , 伍松林 , 等 . 丛枝菌根真菌生态功能及群落调控 [J]. 植物生态学报 ,2026,50(3):515-535.
Wang H L, Fu W, Wu S L, et al. Ecological functions and community regulation of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Chinese Journal of Plant Ecology,2026,50(3):515-535.

[18] 许悦 , 齐琳 , 卢雨辰 , 等 . 肥料管理对农田土壤固碳的影响 : 机制、调控因素与可持续策略 [J]. 浙江大学学报 (农业与生命科学版),2026,52(2):181-190.
Xu Y, Qi L, Lu Y C, et al. Impact of fertilizer management on soil carbon sequestration in farm-lands: mechanisms, regulatory factors, and sustainable strategies[J]. Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Sciences),2026,52(2):181-190.

[19] Houbraken J, De Vries R P, Samson R A. Modern taxonomy of biotechnologically important *Aspergillus* and *Penicillium* species[J]. Advances in Applied Microbiology,2014,86:199-249.

[20] 薛舒文 , 张栋栋 , 加沙来提 • 阿塔吾拉 , 等 . 氮、磷添加对半灌木荒漠土壤微生物养分利用的影响 [J]. 生态学报 ,2026, 46(10):5545-5558.
Xue S W, Zhang D D, Jiashalaiti·Atawula, et al. Effects of nitrogen and phosphorus addition on microbial nutrient use traits in a semishrub desert[J]. Acta Ecologica Sinica,2026,46(10):5545-5558.

[21] 姚欣妮 , 李春杰 . 土壤微生物提升退化草地地力研究进展 [J]. 草业科学 ,2025,42(4):916-932.
Yao X N, Li C J. Progress in research on the microbial enhancement of soil fertility in degraded grasslands[J]. Pratacultural Science,2025,42(4):916-932.

[22] 梁钰镁 , 高永 , 党晓宏 , 等 . 不同年限沙柳沙障沙埋部腐化特性及真菌群落特征 [J]. 应用与环境生物学报 ,2022,28(2): 339-345.
Liang Y M, Gao Y, Dang X H, et al. Decay and fungal community characteristics of sand-buried sections of *Salix psammophila* sand barriers at different ages[J].Chinese Journal of Applied and Environmental Biology,2022,28(2):339-345.

[23] 冯华奇 , 宋阿琳 , 沈晗 , 等 . 木质素对烤烟农艺性状和土壤微生物群落的影响 [J]. 中国土壤与肥料 ,2025(1):151-162.
Feng H Q, Song A L, Shen H, et al. Effects of lignin on agronomic traits and soil microbial communities of flue-cured tobacco[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China,2025(1):151-162.

[24] Gao H, Wang Y N, Luo Q, et al. Bioactive metabolites from acid-tolerant fungi in a Thai mangrove sediment[J]. Frontiers in Microbiology,2021,11:609952.

[25] 段晓婷 , 高永 , 梁钰镁 , 等 . 沙柳沙障沙埋段 5 种木腐真菌的生物学特性 [J]. 水土保持通报 ,2022,42(1):93-98.
Duan X T, Gao Y, Liang Y M, et al. Biological characteristics of five wood-rot fungi in sand-buried section of *Salix cheilophila*[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2022,42(1):93-98.

[26] 李佩忆 , 周于聪 , 李雅乾 , 等 . 深绿木霉中碳代谢抑制因子 CRE1 功能特性研究 [J]. 中国生物工程杂志 ,2018,38(6):17-25.
Li P Y, Zhou Y C, Li Y Q, et al. Study on functional properties of carbon catabolite repressor CRE1 in *Trichoderma atroviride*[J]. China Biotechnology,2018,38(6):17-25.

[27] 罗旦 , 陈吉祥 , 程琳 , 等 . 陕北沙化区 3 种主要植物根际土壤细菌多样性与土壤理化性质相关性分析 [J]. 干旱区资源与环境 ,2019,33(3):151-157.
Luo D, Chen J X, Cheng L, et al. Analysis of bacteria diversity in the rhizosphere soil of three main plants and its correlation with the soil physical and chemical properties in the desertification area of northern Shaanxi[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment,2019,33(3):151-157.

[28] 高海燕 , 张胜男 , 杨制国 , 等 . 科尔沁沙地油松固沙林土壤真菌群落结构及功能 [J]. 干旱区研究 ,2025,42(1):118-126.
Gao H Y, Zhang S N, Yang Z G, et al. Structure and function of soil fungal community in *Pinus tabuliformis* sand-fixing forests in Horqin sandy land[J]. Arid Zone Research,2025,42(1): 118-126.

[本文编校：戴欧琳]