

中国特有植物任豆对岩溶地区土壤微生物多样性的影响

邓慧莲^{1,2}, 蒋银妹¹, 陈业佳¹, 苏黎颖¹, 覃勇荣^{1*}

¹河池学院化学与生物工程学院, 广西 河池

²广西师范大学生命科学学院, 广西 桂林

收稿日期: 2025年9月7日; 录用日期: 2025年10月3日; 发布日期: 2025年10月13日

摘要

为了说明不同植被对桂西北岩溶地区土壤微生物多样性的影响,以中国特有植物任豆人工林为研究样地,选择保护状况良好的自然植被为对照样地,用高通量测序技术,分析了任豆样地和对照样地植物根部土壤细菌群落组成与物种多样性特征,测定了不同调查样地的土壤理化特性和土壤蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶及碱性磷酸酶活性,并对土壤微生物多样性与土壤理化特性的相关性进行分析。实验结果表明:(1)不同植被对岩溶地区土壤微生物多样性具有不同的影响,任豆树可有效增加土壤养分含量,优化其土壤微生物群落结构,提高土壤微生物物种多样性;(2)土壤微生物多样性受调查样地的土壤理化性质及多种环境因子的影响,其中,土壤pH值、有机质含量对土壤微生物群落结构及多样性影响最大;(3)在门、纲、目、科、属、种水平上,不同调查样地土壤微生物的特有种不同;任豆样地与人为干扰较少的自然植被对照样地土壤微生物群落结构相似,但任豆样地的物种多样性更高,说明任豆人工林样地已恢复到较好的状态。由此可见,以任豆为优势种的植被,能有效改善岩溶地区土壤微生物环境,促进土壤生态系统的恢复。

关键词

岩溶地区, 中国特有植物, 任豆, 土壤微生物多样性

Effects of Chinese Endemic Plant *Zenia insignis* Chun on Soil Microbial Diversity in Karst Area

Huilian Deng^{1,2}, Yinmei Jiang¹, Yeja Chen¹, Liying Su¹, Yongrong Qin^{1*}

¹School of Chemistry and Bio-Engineering, Hechi University, Hechi Guangxi

²College of Life Sciences, Guangxi Normal University, Guilin Guangxi

*通讯作者。

文章引用: 邓慧莲, 蒋银妹, 陈业佳, 苏黎颖, 覃勇荣. 中国特有植物任豆对岩溶地区土壤微生物多样性的影响[J]. 环境保护前沿, 2025, 15(10): 1330-1345. DOI: 10.12677/aep.2025.1510148

Received: September 7, 2025; accepted: October 3, 2025; published: October 13, 2025

Abstract

In order to illustrate the impact of different vegetation types on soil microbial diversity in the karst areas of northwest Guangxi, the Chinese endemic plant *Z. insignis* plantation was selected as the research site, and well protected natural vegetation was chosen as the control site. High throughput sequencing technology was used to analyze the composition and species diversity characteristics of plant root soil bacterial communities in *Z. insignis* and control plots. The soil physicochemical properties and activities of soil sucrase, urease, catalase, and alkaline phosphatase were measured in different survey plots, and the correlation between soil microbial diversity and soil physicochemical properties was analyzed. The experimental results showed that: (1) Different vegetation has different effects on soil microbial diversity in karst areas, and *Z. insignis* tree can effectively increase soil nutrient content, optimize its soil microbial community structure, and improve soil microbial species diversity; (2) The diversity of soil microorganisms is influenced by the soil physicochemical properties and various environmental factors of the surveyed plots. Among them, soil pH value and organic matter content have the greatest impact on the structure and diversity of soil microbial communities; (3) At the level of phylum, class, order, family, genus, and species, the unique species of soil microorganisms in different survey sites are different; The soil microbial community structure of the *Z. insignis* plot is similar to that of the natural vegetation control plot with less human interference, but the species diversity of the *Z. insignis* plot is higher, indicating that the *Z. insignis* artificial forest plot has been restored to a good state. From this, it can be seen that vegetation with *Z. insignis* as the dominant species can effectively improve the soil microbial environment in karst areas and promote the restoration of soil ecosystems.

Keywords

Karst Area, Endemic Plants of China, *Zenia insignis*, Soil Microbial Diversity

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,其种类繁多,群落结构复杂,积极参与土壤中的物质转化和能量流动,促进植物的生长繁殖[1],是评价土壤质量的重要生物指标[2]。目前,关于土壤微生物多样性的研究,多集中于不同耕作方式[3][4]、不同植被[5]、重金属胁迫[6][7]、不同施肥方式对土壤微生物群落结构的影响等方面[8],但关于岩溶地区土壤微生物多样性的研究相对较少。土壤酶是具有生物催化作用的特殊蛋白质[9],能够表征土壤中碳、氮、磷等物质循环状态[10],常被用作衡量土壤肥力高低、土壤质量及生态环境质量好坏的重要生物指标,可以从侧面说明微生物的活性[11]。

桂西北属于典型的喀斯特岩溶地区,生态环境脆弱,石漠化问题比较严重。任豆(*Zenia insignis* Chun)是桂西北岩溶地区常见的乡土树种,也是我国特有的二级保护植物,其适应能力强,生长速度快,根系发达,耐干旱瘠薄,因此是石漠化地区造林的优良树种。目前,关于任豆的相关研究,主要集中在发芽实验、育苗、栽培试验、板材加工、饲料开发、重金属吸附作用等方面,而关于任豆对岩溶地区土壤微生物多样性的影响鲜有报道[12]。因此,本研究拟从不同植被根部土壤微生物多样性的角度考虑,利用高通

量测序技术,从植物根部土壤细菌多样性、群落结构及其与土壤理化性质、土壤酶活性的相互关系等方面,通过对桂西北岩溶地区任豆人工林与保护状况良好的自然植被根部土壤微生物多样性的差异比较,说明任豆对岩溶地区土壤微生物多样性的影响,以便为岩溶地区植被恢复和石漠化治理提供理论参考。

2. 材料与方法

2.1. 土壤样品的采集及处理

本研究地点选择在广西河池市境内的宜州、都安、环江三个县(区)。在查阅文献和多次实地调查基础上,2021年1月至5月,分别到调查区域的39个不同采样点,采集了以任豆为优势种的人工林(退耕还林)样地及其邻近植被保护良好的自然植被对照样地0~20 cm的土壤样品。按五点采样法采集土样,充分混匀过筛后,取部分土壤样品装入灭菌袋中,将其密封并置于-86℃超低温冰冻箱中保存,用于测定土壤微生物多样性;另一部分土壤样品待自然风干后,用粉碎机将其粉碎,分别过20目、60目、100目的标准筛,密封于样品袋中并做好标记,用于土壤理化分析及酶活性的测定。

2.2. 实验方法

2.2.1. 土壤理化性质测定

土壤pH值测定用电位法,土壤水分含量测定用重量法,土壤有机质含量测定用重铬酸钾氧化-分光光度法,土壤全氮含量测定用半微量凯氏法,土壤碱解氮含量测定用碱解扩散法,土壤全磷含量测定用NaOH熔融-钼锑抗比色法,土壤速效磷含量测定用NaHCO₃浸提-钼锑抗分光光度法,土壤全钾含量测定用NaOH熔融-火焰光度法,土壤速效钾含量测定用乙酸铵浸取-火焰光度计法[13]。

2.2.2. 土壤酶活性的测定

土壤脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、蔗糖酶活性的测定,分别使用靛酚蓝比色法,磷酸苯二钠比色法,高锰酸钾滴定法和3,5-二硝基水杨酸比色法[14]。

2.2.3. 土壤微生物多样性的测定

采用16S rRNA测序技术分析研究样地植物根部土壤的微生物多样性。土壤微生物总DNA使用Mo-Bio PowerSoil® DNA Isolation Kit试剂盒进行提取。采用引物341F/806R与ITS5/ITS2分别扩增细菌16S rRNA基因V3-V4区与真菌ITS1区,后进行PCR扩增。扩增子于Illumina NovaSeq 6000平台进行PE250测序。所得序列经QIIME2质控、去噪后,以97%相似度进行OTU聚类,并分别通过Silva 138和UNITE 8.0数据库对细菌与真菌进行物种注释。

2.3. 数据处理

每个样品均做3个重复,结果取平均值。使用QIIME2软件分析土壤微生物测序数据,为了保证OTU聚类及后续分析的准确性,对样品的所有原始序列进行质控、纠正测序错误的序列、拼接、去嵌合体等步骤,得到有效序列并进行聚类分析,形成有代表性的OTU。将OTU与数据库进行比对获得物种注释信息,用于比较分析样品之间的物种组成差异。实验数据使用Excel 2019和SPSS 22.0进行处理和分析。

3. 结果与分析

3.1. 调查样地的土壤理化特性及土壤酶活性

不同植被调查样地的土壤理化特性及土壤酶活性测定结果见表1。由此可知,不同采样点之间,任豆人工林和对照样地植物根部土壤的理化特性有较明显的差异,大部分样地任豆根部土壤的pH值、SOM、

TN、AN、TP、AP、TK、SUC、CAT 高于对照样地,说明任豆能有效改善土壤质量,并使其恢复到较好的水平;任豆样地与对照样地的 MC、AK、URE、ALP 总体相差不大,说明任豆人工林样地已恢复到较好的状态。

Table 1. Comparison of soil basic physical and chemical characteristics and soil enzyme activity in different vegetation survey sites
表 1. 不同植被调查样地土壤基本理化特性与土壤酶活性的比较

样品 编号	pH	MC/%	SOM/g·kg ⁻¹	TP/g·kg ⁻¹	AP/mg·kg ⁻¹	TN/g·kg ⁻¹	AN/mg·kg ⁻¹	TK/g·kg ⁻¹	AK/mg·kg ⁻¹	SUC/mg·g ⁻¹	URE/mg·g ⁻¹	ALP/mg·g ⁻¹	CAT/mg·g ⁻¹
YMRD 01	7.80 ± 0.04	5.28 ± 0.11	115.45 ± 3.73	3.92 ± 0.37	10.80 ± 0.19	2.37 ± 0.05	103.36 ± 1.03	4.52 ± 0.20	87.61 ± 1.63	44.34 ± 2.69	1.04 ± 0.04	1.61 ± 0.17	1.39 ± 0.01
YMDZ 01	7.47 ± 0.05	7.77 ± 0.11	103.47 ± 2.90	4.25 ± 0.34	10.04 ± 2.06	1.55 ± 0.05	196.92 ± 7.71	5.97 ± 0.07	123.60 ± 1.21	49.71 ± 2.03	0.81 ± 0.06	2.07 ± 0.14	0.95 ± 0.18
YMRD 02	7.08 ± 0.02	5.93 ± 0.18	82.87 ± 2.04	4.22 ± 0.35	7.39 ± 0.20	1.19 ± 0.07	249.69 ± 31.93	6.10 ± 0.14	98.50 ± 2.71	53.64 ± 4.62	0.40 ± 0.02	1.50 ± 0.05	0.65 ± 0.01
YMDZ 02	7.42 ± 0.04	7.49 ± 0.08	101.08 ± 2.25	4.15 ± 0.33	6.85 ± 1.10	1.45 ± 0.07	191.45 ± 11.34	5.85 ± 0.02	148.17 ± 4.59	47.79 ± 1.20	0.80 ± 0.03	1.66 ± 0.14	1.04 ± 0.03
QTRD	7.95 ± 0.05	4.20 ± 0.08	86.57 ± 1.62	3.68 ± 0.05	6.29 ± 0.33	1.07 ± 0.02	198.73 ± 22.63	3.77 ± 0.11	120.03 ± 2.69	34.04 ± 0.58	0.59 ± 0.03	1.84 ± 0.12	0.86 ± 0.07
QTDZ	7.92 ± 0.04	2.79 ± 0.06	62.05 ± 5.58	3.61 ± 0.59	5.96 ± 0.48	0.88 ± 0.05	137.34 ± 4.01	3.30 ± 0.04	61.03 ± 1.15	26.43 ± 5.48	0.38 ± 0.00	1.72 ± 0.13	1.05 ± 0.10
XBFR D	6.10 ± 0.09	3.10 ± 0.01	74.65 ± 2.06	4.12 ± 0.30	7.12 ± 1.22	1.13 ± 0.15	221.65 ± 18.00	2.97 ± 0.10	89.78 ± 3.11	63.87 ± 2.59	0.38 ± 0.01	1.34 ± 0.10	0.76 ± 0.02
XBFD Z	5.86 ± 0.01	2.62 ± 0.03	65.08 ± 1.27	4.27 ± 0.16	6.28 ± 0.42	0.79 ± 0.04	216.21 ± 25.75	2.86 ± 0.08	41.41 ± 0.60	24.68 ± 0.89	0.15 ± 0.01	1.01 ± 0.02	1.31 ± 0.04
MLRD 01	7.24 ± 0.06	5.38 ± 0.26	117.78 ± 8.35	4.56 ± 0.18	12.60 ± 0.32	1.30 ± 0.14	199.82 ± 7.71	5.11 ± 0.19	160.28 ± 5.87	65.71 ± 0.56	0.57 ± 0.05	1.74 ± 0.10	0.92 ± 0.10
MLDZ 01	7.48 ± 0.02	9.91 ± 0.24	115.69 ± 3.63	3.90 ± 0.91	13.33 ± 1.04	2.03 ± 0.17	268.24 ± 5.68	4.15 ± 0.09	196.86 ± 10.79	75.77 ± 1.09	1.32 ± 0.01	1.88 ± 0.17	1.31 ± 0.06
MLRD 02	6.80 ± 0.11	5.01 ± 0.06	96.51 ± 3.08	4.57 ± 0.42	8.56 ± 1.17	1.18 ± 0.08	160.87 ± 16.96	6.08 ± 0.17	144.92 ± 2.21	65.04 ± 3.04	0.41 ± 0.02	1.90 ± 0.09	0.86 ± 0.05
MLRD 03	6.69 ± 0.08	4.46 ± 0.14	92.37 ± 2.34	4.62 ± 0.41	12.23 ± 1.82	1.00 ± 0.06	215.10 ± 22.12	5.96 ± 0.29	98.73 ± 3.23	69.89 ± 4.04	0.47 ± 0.05	1.24 ± 0.05	0.66 ± 0.04
MLDZ 2-3	7.26 ± 0.06	7.82 ± 0.11	107.75 ± 1.19	4.55 ± 0.10	10.45 ± 1.44	1.67 ± 0.21	244.58 ± 11.34	5.51 ± 0.19	193.25 ± 3.10	64.58 ± 0.82	1.36 ± 0.04	1.85 ± 0.16	1.05 ± 0.06
JTRD0 1	7.38 ± 0.03	6.95 ± 0.13	102.70 ± 0.61	4.59 ± 0.07	8.48 ± 0.82	1.36 ± 0.14	146.33 ± 29.86	5.12 ± 0.36	154.23 ± 4.09	29.34 ± 2.15	1.16 ± 0.07	1.68 ± 0.08	1.30 ± 0.03
JTDZ0 1	7.71 ± 0.03	9.24 ± 0.09	115.16 ± 6.70	4.07 ± 0.08	13.58 ± 1.71	1.43 ± 0.02	181.99 ± 20.59	3.92 ± 0.03	191.08 ± 0.91	56.30 ± 3.41	1.65 ± 0.04	1.86 ± 0.06	1.40 ± 0.01
JTRD0 2	7.68 ± 0.04	5.89 ± 0.03	102.19 ± 1.93	5.67 ± 0.47	9.17 ± 0.38	1.28 ± 0.16	82.26 ± 5.15	5.36 ± 0.50	88.20 ± 1.52	43.77 ± 2.91	0.94 ± 0.04	1.97 ± 0.23	1.26 ± 0.03
JTRD0 3	7.81 ± 0.04	5.13 ± 0.12	94.96 ± 2.31	5.19 ± 0.40	6.20 ± 1.57	0.97 ± 0.03	145.23 ± 9.77	2.89 ± 0.07	75.54 ± 4.30	26.12 ± 1.17	1.06 ± 0.08	1.29 ± 0.13	1.38 ± 0.05
JTDZ2- 3	7.76 ± 0.06	8.31 ± 0.19	125.65 ± 9.92	5.18 ± 0.41	9.84 ± 0.34	1.39 ± 0.04	184.54 ± 6.70	2.32 ± 0.04	186.83 ± 4.01	57.18 ± 5.08	1.63 ± 0.02	1.08 ± 0.12	3.48 ± 0.11
JTRD0 4	7.10 ± 0.10	4.54 ± 0.45	86.02 ± 5.33	5.76 ± 0.62	9.30 ± 1.19	0.92 ± 0.09	125.57 ± 0.51	4.05 ± 0.22	74.03 ± 3.27	38.85 ± 5.68	0.57 ± 0.03	0.70 ± 0.06	0.87 ± 0.04
JTDZ0 4	7.67 ± 0.02	9.01 ± 0.07	129.62 ± 9.44	4.11 ± 0.20	18.17 ± 0.83	1.48 ± 0.10	197.75 ± 6.19	3.59 ± 0.07	137.74 ± 11.58	21.48 ± 0.79	1.87 ± 0.02	0.95 ± 0.01	2.20 ± 0.06

续表

JTRD0	6.64 ± 0.02	4.26 ± 0.12	74.42 ± 2.46	3.28 ± 0.06	11.25 ± 0.20	0.77 ± 0.03	144.86 ± 16.48	4.21 ± 0.37	106.53 ± 1.09	55.34 ± 2.76	0.60 ± 0.01	1.46 ± 0.09	0.68 ± 0.04
5													
JTDZ0	7.82 ± 0.06	7.14 ± 0.09	107.26 ± 3.04	2.70 ± 0.21	14.89 ± 2.20	1.09 ± 0.04	196.90 ± 16.99	3.57 ± 0.35	118.45 ± 9.08	52.17 ± 4.98	0.60 ± 0.05	0.33 ± 0.03	0.86 ± 0.04
5													
HYRD	7.64 ± 0.05	6.89 ± 0.02	90.56 ± 1.56	2.70 ± 0.39	15.05 ± 1.70	0.94 ± 0.05	157.23 ± 19.56	3.80 ± 0.14	62.65 ± 2.23	65.58 ± 0.93	0.60 ± 0.04	0.07 ± 0.01	0.75 ± 0.04
01													
HYDZ	6.29 ± 0.07	4.04 ± 0.02	89.56 ± 3.38	2.85 ± 0.14	13.73 ± 2.28	0.93 ± 0.05	148.50 ± 15.45	5.59 ± 0.40	46.90 ± 3.13	64.12 ± 1.94	0.50 ± 0.02	0.07 ± 0.04	0.51 ± 0.04
01													
HYRD	5.27 ± 0.49	3.07 ± 0.01	102.69 ± 0.86	2.95 ± 0.24	15.11 ± 1.54	0.69 ± 0.04	163.06 ± 5.95	3.52 ± 0.49	50.90 ± 0.60	17.36 ± 1.29	0.35 ± 0.04	0.20 ± 0.02	0.51 ± 0.03
02													
HYDZ	4.89 ± 0.08	2.51 ± 0.04	109.73 ± 8.41	3.21 ± 0.30	17.44 ± 2.45	0.66 ± 0.05	147.29 ± 22.31	6.79 ± 0.20	31.80 ± 1.04	14.69 ± 2.85	0.31 ± 0.02	0.24 ± 0.05	0.55 ± 0.03
02													
BYRD	6.47 ± 0.37	7.27 ± 0.03	84.41 ± 4.60	3.13 ± 0.15	24.31 ± 1.82	1.08 ± 0.10	208.19 ± 29.86	7.20 ± 0.20	63.62 ± 1.04	42.25 ± 3.73	1.42 ± 0.07	0.08 ± 0.01	0.51 ± 0.02
BYDZ	6.71 ± 0.45	6.08 ± 0.03	74.09 ± 6.39	2.88 ± 0.24	21.78 ± 1.01	0.91 ± 0.04	224.21 ± 22.69	6.46 ± 0.12	56.78 ± 4.43	39.97 ± 1.90	1.31 ± 0.19	0.14 ± 0.07	0.41 ± 0.03
LRRD0	7.26 ± 0.01	9.65 ± 0.03	80.09 ± 1.97	2.34 ± 0.05	22.26 ± 1.93	1.21 ± 0.11	142.20 ± 21.22	11.26 ± 0.22	110.32 ± 2.82	58.46 ± 11.40	1.11 ± 0.09	0.09 ± 0.00	0.87 ± 0.03
1													
LRRD0	6.36 ± 0.38	7.98 ± 0.01	59.79 ± 1.77	2.51 ± 0.09	19.40 ± 3.45	1.21 ± 0.13	74.61 ± 4.64	16.78 ± 0.69	100.34 ± 7.23	41.21 ± 9.00	1.12 ± 0.06	0.05 ± 0.02	1.10 ± 0.04
2													
LRDZ1	6.78 ± 0.44	9.49 ± 0.01	93.35 ± 2.80	2.32 ± 0.13	19.82 ± 1.17	1.52 ± 0.04	108.95 ± 11.19	11.86 ± 0.90	167.20 ± 6.10	36.10 ± 2.72	0.98 ± 0.05	0.09 ± 0.04	1.27 ± 0.04
-2													
DSRD0	6.96 ± 0.24	7.45 ± 0.20	57.33 ± 2.92	2.86 ± 0.16	37.33 ± 4.18	1.11 ± 0.26	195.46 ± 3.62	14.12 ± 0.90	92.57 ± 3.95	44.95 ± 12.39	0.92 ± 0.01	1.86 ± 0.17	0.51 ± 0.04
1													
DSRD0	7.40 ± 0.02	7.25 ± 0.06	91.64 ± 1.20	3.20 ± 0.17	42.15 ± 3.31	1.03 ± 0.02	171.44 ± 4.63	14.46 ± 0.50	125.43 ± 2.75	60.77 ± 6.43	1.64 ± 0.19	2.13 ± 0.21	0.69 ± 0.06
2													
DSDZ1	7.36 ± 0.02	8.48 ± 0.05	79.23 ± 3.83	2.17 ± 0.12	20.89 ± 0.41	1.02 ± 0.05	133.58 ± 6.69	15.39 ± 0.72	176.27 ± 5.59	43.83 ± 6.90	1.66 ± 0.08	1.79 ± 0.17	1.10 ± 0.08
-2													
SCRD	6.55 ± 0.12	2.89 ± 0.05	34.50 ± 2.61	2.61 ± 0.18	22.87 ± 1.51	0.53 ± 0.09	90.63 ± 2.57	7.40 ± 0.35	49.77 ± 1.56	13.66 ± 4.88	0.55 ± 0.05	0.85 ± 0.06	0.31 ± 0.06
SCDZ	6.39 ± 0.02	4.10 ± 0.08	60.26 ± 2.13	2.35 ± 0.13	26.83 ± 5.86	0.86 ± 0.05	124.48 ± 6.18	7.33 ± 0.50	40.67 ± 1.07	35.22 ± 4.16	0.71 ± 0.02	0.99 ± 0.12	0.56 ± 0.03
XBRD	7.01 ± 0.17	9.35 ± 0.05	72.89 ± 2.15	3.08 ± 0.29	17.72 ± 4.63	1.12 ± 0.19	89.17 ± 5.67	12.19 ± 0.35	90.83 ± 1.31	61.20 ± 1.59	0.56 ± 0.07	0.18 ± 0.08	0.46 ± 0.04
01													
XBRD	7.56 ± 0.01	10.20 ± 0.12	96.01 ± 5.64	2.67 ± 0.30	50.41 ± 1.74	1.32 ± 0.12	189.02 ± 5.65	8.13 ± 0.31	102.43 ± 7.90	54.98 ± 7.65	1.51 ± 0.06	0.50 ± 0.10	0.91 ± 0.02
02													
XBDZ1	7.26 ± 0.50	10.75 ± 0.20	100.63 ± 5.50	3.34 ± 0.81	4.90 ± 0.75	1.13 ± 0.11	130.06 ± 3.04	12.79 ± 0.39	123.99 ± 6.15	68.96 ± 0.93	0.85 ± 0.05	0.16 ± 0.04	0.92 ± 0.01
-2													

注：① 样地编号中，YM、QT、XB、ML、JT、HY、BY、LR、DS、SC 分别表示采样点叶茂、清潭、祥贝、明利、旧屯、怀远、北牙、拉仁、独山、三岔，字母 RD 和 DZ 表示任豆样地和对照样地；② 土壤理化指标中，字母 MC、SOM、TN、TP、TK、AN、AP、AK、SUC、URE、ALP、CAT 分别为水分、有机质、全氮、全磷、全钾、碱解氮、速效磷、速效钾含量及蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性，下同。

3.2. 土壤细菌物种 Venn 图分析

本研究的样本共 39 个，按植被类型和地域差异两个不同角度进行分组，第一大组为自然植被对照组 (DZ) 17 个样本和以任豆为优势种的任豆组(RD) 22 个样本，第二大组为都安组(DA) 6 个样本、环江组(HJ) 14 个样和宜州组(YZ) 19 样本。OTU Venn 图可清楚地展示样品之间特有或共有的 OTU。图 1 和图 2 为

不同调查样地土壤细菌群落的 Venn 图。由图 2 可知，RD 组特有的土壤细菌 OTU 数为 12210，且高于 DZ 组，说明种植任豆能在一定程度上优化土壤微生物的生长环境。由图 1 可知，YZ 特有的土壤细菌 OTU 数为 10054，HJ 为 5872，DA 为 2850，YZ 特有的土壤细菌 OTU 最高。

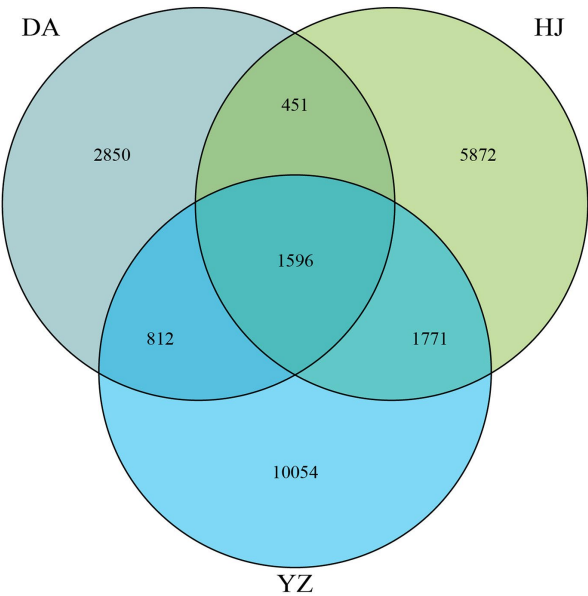


Figure 1. Venn diagram of soil bacteria in different survey areas
图 1. 不同调查区域土壤细菌的 Venn 图

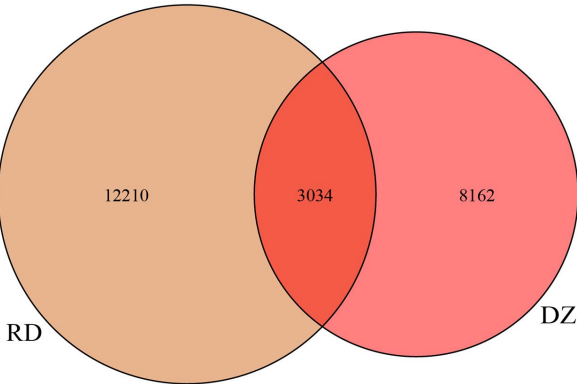


Figure 2. Venn diagram of soil bacteria in different vegetation plots
图 2. 不同植被样地土壤细菌的 Venn 图

3.3. 土壤细菌群落的 Alpha 多样性

Alpha 多样性是指一个样本中物种的多样性。常用 Observed OUT、Shannon 以及 Chao1 指数等表示，指数值愈高，表明该样品物种多样性愈复杂。由表 2 和表 3 可知，不同调查样地土壤样品细菌的覆盖率均达 98%以上，能够比较真实反映被测样品中土壤细菌群落的情况。在不同植被样地中，RD 的细菌 Alpha 多样性指数大于 DZ，说明任豆样地土壤微生物菌群高于对试样地；在不同区域调查样地中，Alpha 多样性指数大小排序是：DA > YZ > HJ，说明都安组的土壤细菌群落丰富度和多样性高于其他地区。

Table 2. Soil bacterial diversity index of different vegetation plots
表 2. 不同植被样地土壤细菌多样性指数

样品 编号	Chao1 指数	Faith's Phylogenetic Diversity 指数	Observed OTU 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率 Coverage
RD	919.28	63.02	912.05	9.20	0.998	0.98
DZ	842.94	59.98	835.47	9.05	0.998	0.98

Table 3. Soil bacterial diversity index of survey sites in different regions
表 3. 不同区域调查样地土壤细菌多样性指数

样品 编号	Chao1 指数	Faith's Phylogenetic Diversity 指数	Observed OTU 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	覆盖率 Coverage
YZ	911.72	62.87	903.58	9.13	0.997	0.98
HJ	820.24	58.45	813.64	9.06	0.997	0.98
DA	958.00	65.57	951.5	9.33	0.998	0.98

3.4. 土壤细菌群落的 Beta 多样性

β 多样性是对不同样品间的细菌群落构成进行比较。本研究对群落组成结构进行 NMDS 分析, 由图 3 和图 4 可知, RD 与 DZ 间细菌群落结构不存在显著差异($p > 0.05$)。DA 与 HJ、YZ 间细菌群落结构存在显著差异($p < 0.05$), HJ 与 YZ 间细菌群落结构不存在显著差异($p > 0.05$)。

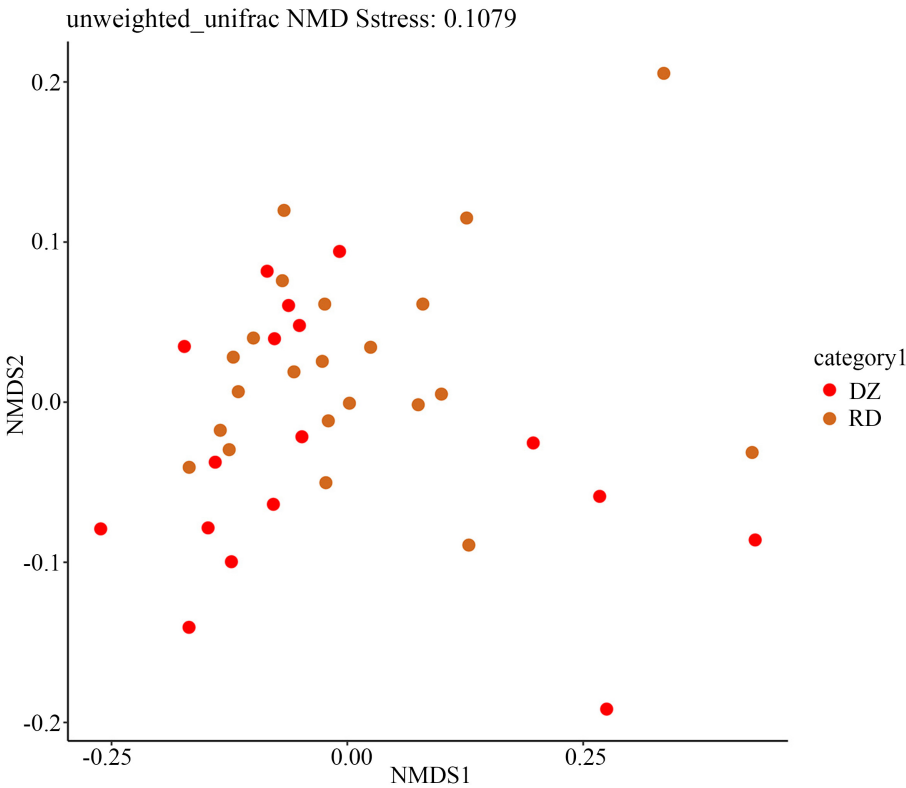


Figure 3. Comparison of soil microbial β diversity in different vegetation plots
图 3. 不同植被样地土壤微生物 β 多样性比较

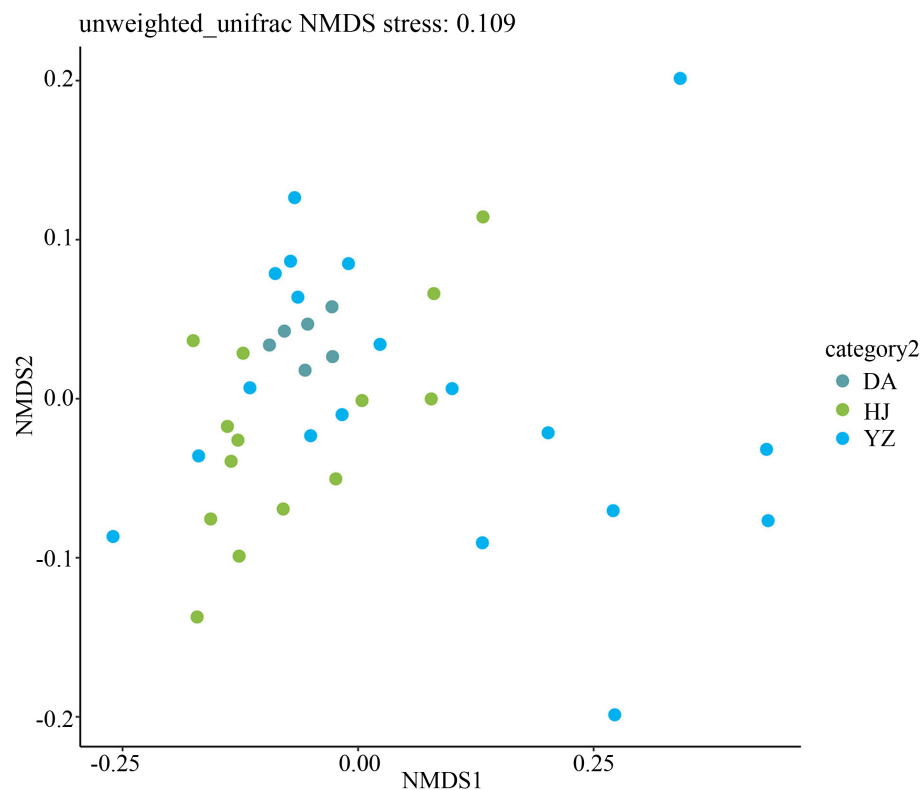


Figure 4. Comparison of soil microbial β diversity in different regional survey sites
图 4. 不同区域调查样地土壤微生物 β 多样性比较

3.5. 土壤细菌群落结构分析

3.5.1. 门水平

不同调查样地植物根部土壤细菌门水平的物种相对丰度分析结果见表 4，相对丰度大于 5% 的优势菌门分别为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门、硝化螺旋菌门。DA 的放线菌门与绿弯菌门的相对丰度分别为 26.47% 和 7.93%，两者的相对丰度高于 HJ 和 YZ；YZ 变形菌门与厚壁菌门的相对丰度分别为 31.67% 和 6.70%，其细菌相对丰度高于 DA 和 HJ；HJ 的酸杆菌门与硝化螺旋菌门的相对丰度高于 DA 和 YZ；RD 中的酸杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门的相对丰度明显高于 DZ，DZ 中的变形菌门、放线菌门的相对丰度明显高于 RD。说明在门水平上，不同调查样地的土壤细菌群落结构相似，但丰度有一定的差异。

Table 4. Comparison of relative abundance of soil bacterial phyla at different survey sites
表 4. 不同调查样地土壤细菌门水平的相对丰度比较

细菌类群	相对丰度(%)				
	DA	HJ	YZ	DZ	RD
变形菌门(Proteobacteria)	29.19	28.63	31.67	30.85	29.69
放线菌门(Actinobacteria)	26.47	26.09	26.12	27.15	25.39
酸杆菌门(Acidobacteria)	19.09	19.24	16.14	17.19	18.11
绿弯菌门(Chloroflexi)	7.93	7.68	6.00	6.49	7.22

续表

厚壁菌门(Firmicutes)	5.55	6.06	6.70	5.30	7.07
硝化螺旋菌门(Nitrospirae)	5.84	6.55	6.02	6.19	6.18
疣微菌门(Verrucomicrobia)	1.16	1.25	2.56	2.37	1.49
拟杆菌门(Bacteroidetes)	1.67	1.51	1.70	1.54	1.69
芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)	1.21	1.08	1.23	1.05	1.27
浮霉菌门(Planctomycetes)	0.54	0.60	0.59	0.61	0.57
WS3	0.41	0.64	0.42	0.43	0.54
Unspecified_Bacteria	0.29	0.22	0.18	0.23	0.20
AD3	0.06	0.02	0.17	0.11	0.09
稀有门类	0.59	0.42	0.51	0.49	0.48

3.5.2. 纲水平

不同调查样地植物根部土壤细菌纲水平的物种相对丰度分析结果见表 5。相对丰度大于 5%的纲有 Alphaproteobacteria、Thermoleophilia、Acidobacteria_6、Actinobacteria、Deltaproteobacteria、Nitrospira 和 Bacilli, 其中 Alphaproteobacteria、Thermoleophilia、Acidobacteria_6 在各组的相对丰度均大于 10%, 占比最高; 在不同植被样地中, DZ 的 Alphaproteobacteria、Thermoleophilia 相对丰度高于 RD, RD 的 Acidobacteria_6 相对丰度高于 DZ; 在不同区域调查样地中, Alphaproteobacteria 和 Thermoleophilia 在 YZ 的相对丰度最高, Acidobacteria_6 在 HJ 的相对丰度最高。

Table 5. Comparison of relative abundance of soil bacterial classes at different survey sites

表 5. 不同调查样地土壤细菌纲水平的相对丰度比较

细菌类群	相对丰度(%)				
	DA	HJ	YZ	DZ	RD
α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)	16.12	15.21	18.30	17.78	16.14
嗜热油菌纲(Thermoleophilia)	12.45	12.69	12.76	13.32	12.20
酸杆菌纲(Acidobacteria_6)	13.85	14.28	10.04	11.47	12.67
放线菌纲(Actinobacteria)	6.72	5.94	7.08	6.69	6.56
δ -变形菌纲(Deltaproteobacteria)	5.95	6.43	6.77	6.71	6.37
硝化螺旋菌纲(Nitrospira)	5.84	6.55	6.02	6.19	6.18
杆菌纲(Bacilli)	5.22	5.84	6.47	5.15	6.75
酸微杆菌(Acidimicrobiia)	5.48	5.14	4.54	5.14	4.71
β -变形菌纲(Betaproteobacteria)	4.48	4.64	4.22	3.93	4.78
Ellin6529	2.75	2.98	2.22	2.43	2.69
γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)	2.64	2.36	2.38	2.43	2.40
[Chloracidobacteria]	2.41	1.89	1.98	1.93	2.07
[Spartobacteria]	1.03	1.10	2.42	2.20	1.38
MB_A2_108	1.58	1.83	1.39	1.53	1.61
厌氧菌纲(Anaerolineae)	1.51	1.25	0.67	0.82	1.15
稀有纲类	11.98	11.88	12.72	12.27	12.33

3.5.3. 目水平

不同调查样地植物根部土壤细菌目水平的物种相对丰度分析结果见表 6。在 RD、DZ、DA、HJ、YZ 五组调查样地中, 相对丰度大于 1% 的细菌菌群相对丰度之和分别为 73.75%、74.96%、73.25%、74.31%、74.58%, 其共有的优势菌目为 Rhizobiales、iii1_15、Gaiellales、Actinomycetales、Nitrospirales、Bacillales, 且相对丰度均大于 5%。

Table 6. Comparison of relative abundance of soil bacterial orders at different survey sites

表 6. 不同调查样地土壤细菌目水平的相对丰度比较

细菌类群	相对丰度(%)				
	DA	HJ	YZ	DZ	RD
根瘤菌目(Rhizobiales)	12.15	11.06	13.08	12.63	11.89
iii1_15	12.40	12.85	9.12	10.42	11.38
Gaiellales	8.78	8.98	9.04	9.45	8.62
放线菌目(Actinomycetales)	6.30	5.51	6.68	6.26	6.16
硝化螺旋菌目(Nitrospirales)	5.84	6.55	6.02	6.19	6.18
芽孢杆菌目(Bacillales)	5.17	5.82	6.47	5.13	6.74
酸微菌目(Acidimicrobiales)	5.48	5.14	4.54	5.14	4.71
土壤红杆菌目(Solirubrobacterales)	3.67	3.71	3.73	3.87	3.58
红螺菌目(Rhodospirillales)	2.64	3.06	3.98	3.90	3.09
互营杆菌目(Syntrophobacterales)	3.06	3.37	3.60	3.69	3.24
Unspecified_Ellin6529	2.75	2.98	2.22	2.43	2.69
粘球菌目(Myxococcales)	1.94	1.93	2.01	1.91	2.02
Unspecified_Betaproteobacteria	2.03	2.26	1.66	1.73	2.09
[Chthoniobacterales]	1.03	1.10	2.42	2.20	1.38
稀有目类	26.75	25.69	25.42	25.04	26.25

3.5.4. 科水平

不同调查样地植物根部土壤细菌科水平的物种相对丰度分析结果见表 7。由此可知, DA、HJ 和 RD 的优势菌群均为未指明的菌科 Unspecified_iii1_15, 其相对丰度分别为 9.31%、10.17%、9.04%, 其中 HJ 的相对丰度最大; YZ 和 DZ 的优势菌科分别为 Hyphomicrobiaceae 和 Gaiellaceae, 其相对丰度分别为 9.09% 和 9.11%。DA 的次优势菌科为 Hyphomicrobiaceae、Gaiellaceae 以及未指明菌科 0319_6A21; HJ 的次优势菌科为 Gaiellaceae、Hyphomicrobiaceae 以及未指明菌科 0319_6A21, YZ 的次优势菌科为 Gaiellaceae、未指明菌科 Unspecified_iii1_15、Bacillaceae 和 0319_6A21, RD 的优势菌科为 Hyphomicrobiaceae、Gaiellaceae 以及 Bacillaceae, DZ 的次优势菌为 Hyphomicrobiaceae、未指明菌科 Unspecified_iii1_15 以及未指明菌科 0319_6A21。说明在科水平上, 不同调查样地植物根部的土壤细菌群落结构组成相似, 但优势菌科不同, 相对丰度也有差异。

Table 7. Comparison of relative abundance of soil bacterial families at different survey sites

表 7. 不同调查样地土壤细菌科水平的相对丰度比较

细菌类群	相对丰度(%)				
	DA	HJ	YZ	DZ	RD
生丝微菌科(Hyphomicrobiaceae)	8.42	8.29	9.09	9.01	8.46
Unspecified_iii1_15	9.31	10.17	7.30	8.13	9.04

续表

Gaiellaceae	8.36	8.68	8.69	9.11	8.26
0319_6A21	5.29	5.52	5.27	5.37	5.36
芽孢杆菌科(Bacillaceae)	4.37	4.86	5.47	4.30	5.68
互营杆菌科(Syntrophobacteraceae)	3.06	3.37	3.60	3.69	3.24
Unspecified_Solirubrobacterales	2.69	2.99	2.83	3.10	2.69
Unspecified_Ellin6529	2.75	2.98	2.22	2.43	2.69
Unspecified_Betaproteobacteria	2.03	2.26	1.66	1.73	2.09
红螺菌科(Rhodospirillaceae)	1.40	1.34	2.31	1.88	1.78
[Chthoniobacteraceae]	1.03	1.10	2.42	2.20	1.38
EB1017	1.65	1.63	1.50	1.59	1.56
慢生根瘤菌科(Bradyrhizobiaceae)	1.37	1.07	1.97	1.51	1.58
Unspecified_0319_7L14	1.58	1.83	1.33	1.49	1.59
Unspecified_Rhodospirillales	1.24	1.69	1.53	1.91	1.26
mb2424	2.16	1.72	1.07	1.39	1.53
小单芽孢菌科(Micromonosporaceae)	1.71	1.24	1.39	1.25	1.49
稀有科类	41.59	39.23	40.35	39.89	40.33

3.5.5. 属水平

不同调查样地植物根部土壤细菌属水平的物种相对丰度分析结果见表 8。相对丰度大于 1%的菌属共有 17 个,其中未指明菌属 Unspecified_iii1_15、Unspecified_Gaiellaceae、Rhodoplanes、Unspecified_0319_6A21、Bacillus 以及 Unspecified_Syntrophobacteraceae 为各调查样地植物根部土壤细菌的共优菌属,其相对丰度均大于 3%;在 DA、HJ、YZ、RD 和 DZ 组中,相对丰度均大于 4.70%的优势菌属有 Unspecified_iii1_15、Unspecified_Gaiellaceae、Unspecified_0319_6A21 以及 Rhodoplanes,其累计相对丰度分别为 28.71%、29.09%、27.66%、28.37%、28.30%。由此可见,在不同区域调查样地中,HJ 优势菌属的相对丰度占比最大,其次为 DA 和 YZ;在不同植被调查样地中,RD 和 DZ 的优势菌属相对丰度仅差 0.07%。

Table 8. Comparison of relative abundance of soil bacterial genera at different survey sites

表 8. 不同调查样地土壤细菌属水平的相对丰度比较

细菌类群	相对丰度(%)				
	DA	HJ	YZ	DZ	RD
Unspecified_iii1_15	9.31	10.17	7.30	8.13	9.04
Unspecified_Gaiellaceae	8.36	8.68	8.69	9.11	8.26
Rhodoplanes	5.75	4.72	6.40	5.76	5.64
Unspecified_0319_6A21	5.29	5.52	5.27	5.37	5.36
Bacillus	3.99	4.57	4.59	3.86	4.98
Unspecified_Syntrophobacteraceae	3.05	3.37	3.60	3.69	3.23
Unspecified_Solirubrobacterales	2.69	2.99	2.83	3.10	2.69
Unspecified_Ellin6529	2.75	2.98	2.22	2.43	2.69
Unspecified_Betaproteobacteria	2.03	2.26	1.66	1.73	2.09
Unspecified_Hyphomicrobiaceae	1.30	2.01	1.52	1.88	1.48

续表

Unspecified_EB1017	1.65	1.63	1.50	1.59	1.56
Unspecified_0319_7L14	1.58	1.83	1.33	1.49	1.59
Unspecified_Rhodospirillales	1.24	1.69	1.53	1.91	1.26
Unspecified_mb2424	2.16	1.72	1.07	1.39	1.53
Unspecified_Rhodospirillaceae	0.89	0.97	1.80	1.42	1.32
Unspecified_C111	1.55	1.48	1.14	1.38	1.28
Unspecified_Myxococcales	1.18	1.16	1.23	1.17	1.22
Others	50.21	42.24	46.31	45.88	47.77

3.5.6. 种水平

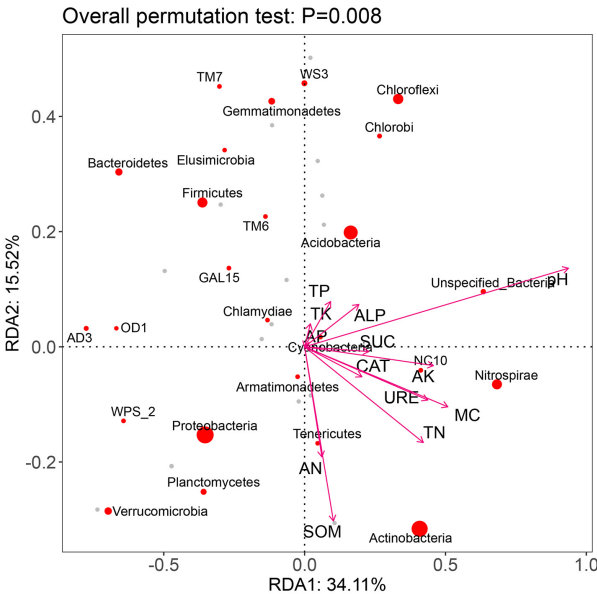
不同调查样地植物根部土壤细菌种水平的相对丰度分析结果见表 9。由此可知, Unspecified_iii1_15、Unspecified_Gaiellaceae、Unspecified_Rhodoplanes、Unspecified_0319_6A21 为各组调查样地的共优种, 且相对丰度均大于 4.7%; 在不同区域调查样地中, DA 和 HJ 的优势菌种均为未分类菌种 Unspecified_iii1_15, 相对丰度分别 9.31%和 10.17%; YZ 的优势菌种为未分类菌种 Unspecified_Gaiellaceae, 相对丰度为 8.69%; 在不同植被样地中, RD 的优势菌种为未分类菌种 Unspecified_iii1_15, 相对丰度为 9.04%; DZ 的优势菌种为未分类菌种 Unspecified_Gaiellaceae, 相对丰度为 9.11%。

Table 9. Comparison of relative abundance of soil bacterial species levels in different survey plots
表 9. 不同调查样地土壤细菌种水平的相对丰度比较

细菌类群	相对丰度(%)				
	DA	HJ	YZ	DZ	RD
Unspecified_iii1_15	9.31	10.17	7.30	8.13	9.04
Unspecified_Gaiellaceae	8.36	8.68	8.69	9.11	8.26
Unspecified_Rhodoplanes	5.75	4.72	6.40	5.76	5.64
Unspecified_0319_6A21	5.29	5.52	5.27	5.37	5.36
Unspecified_Syntrophobacteraceae	3.05	3.37	3.60	3.69	3.23
Unspecified_Solirubrobacterales	2.69	2.99	2.83	3.10	2.69
Unspecified_Ellin6529	2.75	2.98	2.22	2.43	2.69
Unspecified_Bacillus	2.60	2.53	2.50	2.27	2.72
Unspecified_Betaproteobacteria	2.03	2.26	1.66	1.73	2.09
Unspecified_Hyphomicrobiaceae	1.30	2.01	1.52	1.88	1.48
Unspecified_EB1017	1.65	1.63	1.50	1.59	1.56
Unspecified_0319_7L14	1.58	1.83	1.33	1.49	1.59
Unspecified_Rhodospirillales	1.24	1.69	1.53	1.91	1.26
Unspecified_mb2424	2.16	1.72	1.07	1.39	1.53
Unspecified_Rhodospirillaceae	0.89	0.97	1.80	1.42	1.32
Others	49.35	46.91	50.78	49.71	49.54

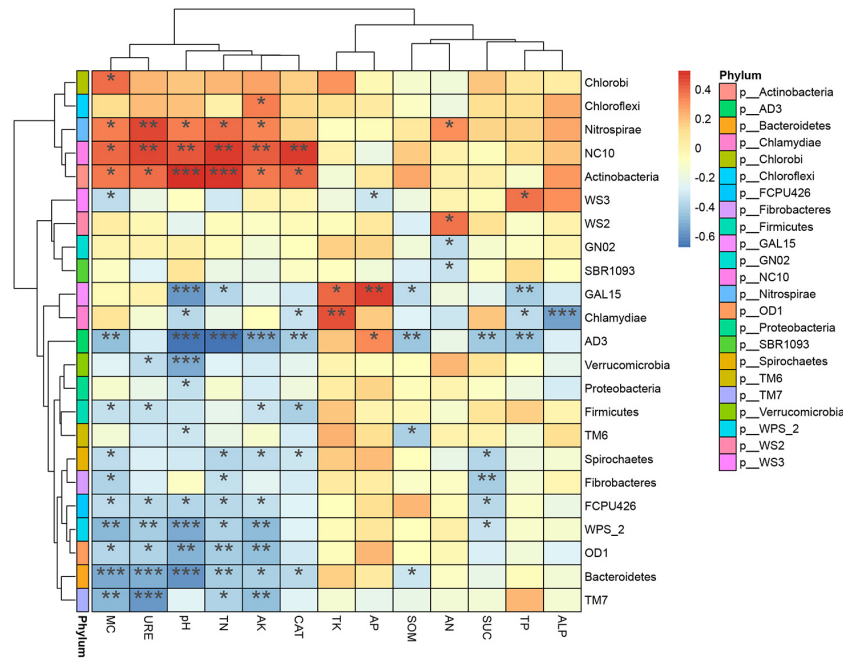
3.6. 土壤细菌群落与环境因子的相关性

为了说明环境因子对土壤细菌群落结构的影响，可对门水平的植物根部土壤细菌物种多样性与土壤理化因子的相关性进行比较分析，结果见图 5 和图 6。



注：点代表物种，箭头表示环境因子，箭头连线长度表示环境因子与细菌群落分布和种类分布的相关程度。

Figure 5. RDA analysis of soil environmental factors and soil bacterial community structure
图 5. 土壤环境因子与土壤细菌群落结构的 RDA 分析



注：X 轴上为环境因子，Y 轴为物种。 $0.01 \leq p < 0.05$, $0.001 \leq p < 0.01$, $p < 0.001$ 。

Figure 6. Thermal map of correlation between microbial species and environmental factors at phylum level
图 6. 门水平的微生物物种与环境因子相关性热图

由此可知, pH 和 SOM 与土壤细菌群落结构及种群分布的相关性最大; 在被测的 4 种土壤酶中, URE 与细菌群落结构组成的相关性最大, 说明这三者对细菌群落的组成与分布影响较大。其中, 变形菌门与 AN、SOM 呈正相关性, 与 pH 呈显著负相关; 放线菌门与 AN、SOM、SUC 呈正相关, 与 TN、pH、呈极显著正相关, 与 MC、URE、AK、CAT 呈显著正相关性; 疣微菌门与 AN、SOM 呈正相关, 与 pH、URE 分别呈极显著或显著负相关; 硝化螺旋菌门与 AK、TN、pH、MC 呈显著正相关性, 与 AP 呈负相关; 厚壁菌门与 CAT、AK、URE、MC 呈显著负相关, 与 TK、TP 呈正相关; 绿弯菌门与 AK 呈显著正相关性; 拟杆菌门与 MC、URE、pH、TN 呈极显著负相关, 与 AK、CAT、SOM 呈显著负相关, 与 AP 呈正相关; 酸杆菌门与 AK、SUC、pH、ALP、TK、TP、AP 呈正相关性, 但不显著; 浮霉菌门与 AN、SOM、TN 呈正相关, 但不显著。

4. 讨论

4.1. 不同植被对植物根部土壤细菌多样性的影响

本研究选用的对照样地与任豆人工林样地相邻, 其生境的地质背景基本一致。对照样地主要处于受人为干扰后的自然恢复早中期阶段, 其植被类型以灌草丛为主, 常见的优势物种有荩草、类芦、箬竹、干花豆(*Fordia cauliflora*)、红背山麻秆(*Alchornea trewioides*)、火棘(*Pyracantha fortuneana*)等。群落结构简单, 乔木层缺失, 灌木层盖度较低, 草本层盖度较高, 历史上存在间歇性的放牧和薪柴采集活动, 这些干扰可能是导致其植被退化、演替停滞的主要原因。在本研究中, 植物根部土壤细菌 Alpha 多样性和 Bate 多样性的分析结果, 均表明任豆样地土壤细菌的多样性高于对照样地, 且两者土壤细菌群落结构相似度较高。说明岩溶地区植被破坏之后, 退耕还林或者种植任豆能改善土壤质量, 使被破坏的土壤生态系统逐步得到恢复, 并达到较好的水平。任豆为豆科植物, 属于落叶乔木[15], 具有根瘤, 能通过固氮作用将氮固定, 促进氮循环, 叶片凋落后分解速度快, 可为土壤提供养分, 增加土壤肥力; DA 样地微生物多样性最高、HJ 样地为最低, 这可能与气温、降雨、海拔等环境因素有关。在河池市都安、宜州、环江三个县(区)中, 都安县气候炎热, 环江县气候温凉, 宜州区则介于两者之间。土壤微生物群落结构容易受到气温、季节变化、海拔以及地形等因素影响, 在相同的气候和土壤条件下, 不同地区的土壤微生物多样性之间也存在差异[16]。

4.2. 不同植被对植物根部土壤细菌群落结构的影响

在门水平上, 不同调查样地土壤细菌的优势菌门均为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门、硝化螺旋菌门。在本研究中, 丰度最高的都是变形菌门、其次为放线菌门、酸杆菌门, 其相对丰度均大于 15%, 该结果与杨美玲[17]相关研究结果相似。变形菌门之所以在各种植物根际微生物中占据数量优势, 可能是因为它在各种植物的根际微生物中增长速度比较快, 具有较强的适应能力[18]。放线菌门为干旱半干旱区中分布较广的微生物菌群, 能利用简单的小分子化合物维持自身的生存和生长, 其菌丝体能够降解土壤中难溶性物质, 并对自然界中碳、氮物质的循环起着重要作用, 该细菌的相对丰度越高, 越能适应低温、营养匮乏等极端的生态环境[19]。酸杆菌门具有降解植物残体和植物纤维素等大分子聚合物, 其分布与土壤 pH 值、全磷、水分等环境因子有关[20]。厚壁菌门中许多种类为革兰氏阳性菌, 能够形成芽孢, 抵抗干旱、高温和营养胁迫等不良环境条件。此外, 该菌门细菌的部分菌群参与了碳、氮循环的关键过程, 如一些细菌种类具有发酵能力, 可降解简单碳水化合物并产生有机酸; 还有一些细菌种类参与反硝化作用或氮固定。因此, 厚壁菌门菌群的出现, 可能意味着任豆根部土壤中有有机质转化和氮素利用过程的增强, 反映了生态系统功能微生物类群对植物恢复过程的响应。在各分类水平上, DA、HJ、YZ、RD 和 DZ 组的优势菌群相同, 但相对丰度有差异, 说明其土壤细菌的分布和群落结构组成相

似。任豆是我国南方的速生树种，与根瘤菌共生，能够通过生物固氮作用将大气中的氮转化为可利用形态，促进氮循环，该树种凋落物具有氮含量高、碳氮比低的特点，属于易分解有机质，其快速分解释放出的氮源与易利用碳源有助于提升土壤肥力。这些特性进一步促进土壤中富营养型细菌的生长，并增强参与碳氮循环功能微生物群的代谢活性。由于任豆树对岩溶环境具有极强的适应能力，能有效改善其根际土壤环境，促进植物的营养代谢和物质循环[21]，因此，种植任豆能促进其根际土壤微生物生长环境的优化，从而影响其根际土壤微生物群落结构。

4.3. 环境因子对植物根部土壤细菌多样性及群落结构的影响

本研究结果表明，土壤 pH 值和 SOM 对细菌群落结构的影响显著。pH 值是反映土壤性质的重要指标，也是影响作物生长和土壤健康程度的重要因素[22]，土壤 pH 值与 SOM 是影响土壤细菌群落组成、物种多样性以及群落分布的重要环境因子[23] [24]，本研究所得结果与之一致。在检测的 4 种土壤酶中，脲酶与细菌群落结构和种群分布有较大的相关性，说明土壤酶活性对土壤微生物群落结构及物种多样性具有重要的影响[25]。放线菌门、硝化螺旋菌门、绿弯菌门均与 AK 具有显著正相关；放线菌门、硝化螺旋菌门均与 TN、MC、URE、pH 值具有显著正相关性，本实验所得的结果与郑武扬[26]等人相似。因为诸多原因，本研究仅基于单一时间点采样，所以未能揭示研究区域不同植被土壤微生物群落的动态演替过程；此外，本研究侧重于不同植被土壤细菌群落结构分析，缺乏功能基因及代谢通量层面的探讨，可能限制了对其生态功能机制的深入解析。因此，如若条件许可，可以对不同植被调查样地开展长期的动态监测，并整合宏组学技术深入解析土壤微生物生态功能机制，揭示植物-土壤-微生物互作过程[27]。

5. 结论

(1) 不同植被对桂西北岩溶地区土壤微生物多样性具有不同的影响，任豆可有效改善土壤的基本理化特性，优化其土壤微生物群落结构，提高土壤微生物物种多样性；

(2) 土壤理化特性及多种环境因子对土壤微生物多样性具有重要的影响，其中，土壤 pH 值、有机质含量对土壤微生物群落结构及物种多样性影响的最大；

(3) 任豆样地与自然植被对照样地土壤微生物群落结构相似，但其物种多样性更高，说明任豆人工林样地已恢复到较好的状态。

基金项目

桂西北地方资源保护与利用工程中心资助项目(桂教科研[2012]9 号)，河池学院高层次人才科研启动费项目(XJ2018GKQ016)，广西高校大学生创新创业训练计划项目(202310605036)。

参考文献

- [1] 李震, 张清壮, 许石剑, 等. 土壤耕层重构对烤烟农艺性状和根际土壤微生物多样性的影响[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2021, 36(4): 727-733.
- [2] 陈峰, 张静, 韩二牛, 等. 乌拉特天然梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林土壤微生物多样性及其与土壤性质的关系[J]. 中国沙漠, 2022, 42(2): 207-214.
- [3] 孟凡钢, 张鸣浩, 饶德民, 等. 大豆连作、轮作对土壤微生物多样性影响的研究进展[J]. 大豆科技, 2017(6): 10-15.
- [4] 刘会芳, 韩宏伟, 王强, 等. 不同蔬菜与番茄轮作对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响[J]. 微生物学报, 2021, 61(1): 167-182.
- [5] 张变华, 靳东升, 张强, 等. 不同植物种植对矿区复垦土壤微生物多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2019, 36(3): 355-360.

- [6] 张雪晴, 张琴, 程园园, 等. 铜矿重金属污染对土壤微生物群落多样性和酶活力的影响[J]. 生态环境学报, 2016, 25(3): 517-522.
- [7] 刘莹, 王丽华, 郝春博, 等. 酸性矿山废水库周边土壤微生物多样性及氨氧化菌群落研究[J]. 环境科学, 2014, 35(6): 2305-2313.
- [8] 吴晓宗, 王岩. 生物有机肥防治烟草青枯病及对土壤微生物多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2019(4): 193-199.
- [9] 李博文, 刘洋, 李宗霖, 等. 生物炭对土壤酶活性影响的机理研究进展[J]. 材料导报, 2022, 36(7): 163-168.
- [10] 刘秉儒, 牛宋芳, 张文文. 荒漠草原区土壤粒径组成对柠条根际土壤微生物数量及酶活性的影响[J]. 生态学报, 2019, 39(24): 9171-9178.
- [11] 王凯, 厉萌萌, 刘德权, 等. 腾格里沙漠不同组成生物结皮特征及其对土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2022, 42(14): 1-10.
- [12] 苏黎颖, 高秀丽, 马秋妮, 等. 任豆凋落物理化特性对土壤微生物多样性的影响研究综述[J]. 农业科学, 2024, 14(4): 481-488.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第三版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [14] 许光辉, 郑洪元. 土壤微生物分析方法手册[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 261-266.
- [15] 梁文杰, 应苗苗, 戎建涛, 等. 不同盐胁迫对任豆种子萌发的影响[J]. 浙江农业科学, 2019, 60(9): 1551-1553.
- [16] 马思远, 王海花, 林雨彬, 等. 海南不同区域槟榔根际土壤细菌多样性研究[J]. 海南师范大学学报(自然科学版), 2021, 34(2): 139-147.
- [17] 杨美玲, 张霞, 王绍明, 等. 基于高通量测序的裕民红花根际土壤细菌群落特征分析[J]. 微生物学通报, 2018, 45(11): 2429-2438.
- [18] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 等. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, 36(3): 740-747.
- [19] 张玲豫, 齐雅柯, 焦健, 等. 河西走廊沙地芦苇(*Phragmites australis*)根际土壤微生物群落多样性[J]. 中国沙漠, 2021, 41(6): 1-9.
- [20] 向前胜, 张登山, 孙奎, 等. 高寒地区不同海拔梯度西北小檗生境土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. 西北植物学报, 2021, 41(6): 1036-1050.
- [21] 唐文秀, 盘波, 隗红燕, 等. 广西不同种源任豆种子萌发和幼苗生长特性的对比研究[J]. 种子, 2019, 38(12): 93-98.
- [22] 张君红, 王健宇, 孟泽昕, 等. 土壤微生物多样性通过共现网络复杂性表征高寒草甸生态系统多功能性[J]. 生态学报, 2022, 42(7): 2542-2558.
- [23] Kaiser, K., Wemheuer, B., Korolkow, V., Wemheuer, F., Nacke, H., Schöning, I., *et al.* (2016) Driving Forces of Soil Bacterial Community Structure, Diversity, and Function in Temperate Grasslands and Forests. *Scientific Reports*, 6, Article No. 33696. <https://doi.org/10.1038/srep33696>
- [24] Griffiths, R.I., Thomson, B.C., James, P., Bell, T., Bailey, M. and Whiteley, A.S. (2011) The Bacterial Biogeography of British Soils. *Environmental Microbiology*, 13, 1642-1654. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2011.02480.x>
- [25] 高慧芳, 许佳音, 孟婷, 等. 太子参根际土壤微生物多样性及其与土壤主要理化因子的相关性[J]. 福建农业学报, 2021, 36(3): 345-357.
- [26] 郑武扬, 王艳霞, 王月江, 等. 石漠化治理区不同优势树种根际土壤酶活性与土壤理化性质和微生物数量的关系[J]. 东北林业大学学报, 2021, 49(1): 96-100.
- [27] 邓慧莲, 陈乐, 黄必乐, 等. 任豆根际土壤微生物群落结构及多样性的季节变化[J]. 农业科学, 2022, 12(3): 196-213.