

DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2025.04.044; CSTR:32311.14.rswc.2025.04.044.

颜华玲, 林根根, 杨乔乔, 等. 不同植被恢复措施对中国南方侵蚀地区土壤固碳功能菌的影响[J]. 水土保持研究, 2025, 32(4):92-99.

Yan Hualing, Lin Gengen, Yang Qiaoqiao, et al. Effects of different vegetation restoration measures on soil carbon sequestration functional bacteria in eroded areas of South China[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2025, 32(4):92-99.

不同植被恢复措施对中国南方侵蚀地区 土壤固碳功能菌的影响

颜华玲¹, 林根根², 杨乔乔¹, 谭泽创¹, 王晓朋¹, 张越¹, 蒋芳市¹, 林金石^{1,2}

(1. 福建农林大学 金山水土保持科教园, 福州 350000; 2. 福建省长汀县水土保持站, 福建 龙岩 361000)

摘要: [目的] 探究土壤侵蚀地区植被恢复过程中土壤固碳功能菌的变化规律, 以为精确估算全球陆地生态系统微生物固碳潜力提供科学依据。[方法] 以长汀县严重侵蚀地区的 3 种植被恢复措施(小穴播草、等高草灌带和草灌乔混交)的样地作为研究对象, 并以未治理样地作为对照, 利用荧光定量 PCR 和 cbbL 高通量测序技术分析了植被恢复对土壤固碳功能菌群落的影响。[结果] 相较于对照样地, 植被恢复样地具有更高的固碳功能菌丰度和更多的固碳功能菌类群。其中, 小穴播草和等高草灌带样地中土壤固碳功能菌丰度分别比未治理样地显著增加 149.71 倍和 225.61 倍; 小穴播草、等高草灌带和草灌乔混交样地中固碳功能菌的 Shannon 指数分别比未治理样地显著增加 33.52%, 26.61% 和 54.18%。植被恢复措施还通过增加土壤总有机碳含量(48.30%, $p=0.002$)来改变固碳功能菌群落组成。同时, 3 种植被恢复措施均将侵蚀地区的固碳功能菌从以 Rhodovastum 为主转变为以 Nocardia 为主。[结论] 植被恢复显著改善了侵蚀地区的土壤肥力, 并对土壤固碳功能菌群落产生了积极影响。

关键词: 退化土壤; 微生物固碳; cbbL 基因; 总有机碳

中图分类号: S154.3

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2025)04-0092-08

Effects of different vegetation restoration measures on soil carbon sequestration functional bacteria in eroded areas of South China

Yan Hualing¹, Lin Gengen², Yang Qiaoqiao¹, Tan Zechuang¹, Wang Xiaopeng¹,
Zhang Yue¹, Jiang Fangshi¹, Lin Jinshi^{1,2}

(1. Jinshan Soil and Water Conservation Science and Education Park, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350000, China; 2. Soil and Water Conservation Station of Changting County, Longyan, Fujian 361000, China)

Abstract: [Objective] This study aims to explore the patterns of change in soil carbon sequestration functional bacteria during vegetation restoration in eroded areas, providing a scientific basis for accurately estimating the microbial carbon sequestration potential of global terrestrial ecosystems. [Methods] Sample plots were selected in severely eroded areas of Changting County, with three vegetation restoration measures (small-hole grass sowing, contour grass-shrub strips, and grass-shrub-tree mixed planting) as experimental treatments, and untreated sample plots as the control. Fluorescent quantitative PCR and cbbL high-throughput sequencing were used to analyze the effects of vegetation restoration on soil carbon sequestration bacterial communities. [Results] Compared with the untreated plots, the vegetation restoration plots exhibited a higher abundance of carbon sequestration functional bacteria and a greater diversity of carbon sequestration bacterial communities. Specifically, in the small-hole grass sowing and the contour grass-shrub strips, the abundance of carbon sequestration bacteria increased significantly by 149.71 times and 225.61 times, respectively, compared to the untreated plots. The Shannon index of carbon

收稿日期: 2024-12-15

修回日期: 2025-01-02

接受日期: 2025-01-07

资助项目: 福建省水利科技专项(KJG21009A); 水利部重大科技专项(SKS2022073)

第一作者: 颜华玲(1988—), 女, 福建福州人, 助理教师, 研究方向: 土壤侵蚀与治理。E-mail: ane8810@163.com

通信作者: 林金石(1980—), 男, 福建南平人, 教授, 研究方向: 土壤侵蚀与治理。E-mail: linjs18@163.com

<http://stbcyj.paperonce.org>

sequestration bacteria in the small-hole grass sowing, contour grass-shrub strips, and grass-shrub-tree mixed planting plots increased significantly by 33.52%, 26.61%, and 54.18%, respectively, compared to the untreated plots. Vegetation restoration measures also changed the composition of the carbon sequestration bacterial communities by increasing the total soil organic carbon content (48.30%, $p=0.002$). In addition, all three vegetation restoration measures shifted the dominant carbon sequestration bacteria in the eroded areas from *Rhodovastum* to *Nocardia*. [Conclusion] Vegetation restoration significantly improves soil fertility in eroded areas and has a positive impact on the soil carbon sequestration functional bacterial communities.

Keywords: degraded soil; microbial carbon sequestration; cbbL gene; total organic carbon

微生物固碳是指微生物通过光合作用或化能合成等生物化学途径,将大气中的二氧化碳转化为有机碳的过程^[1-2]。具有固碳功能的微生物广泛分布于各种生态系统中,如海洋^[3]、淡水湖泊^[4]、河流^[5]、湿地^[6]以及极地地区的冰原和冻土层^[7]。固碳功能菌主要通过卡尔文循环固定CO₂,该过程涉及到由cbbL基因编码的关键酶——核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(RubisCO)^[8]。RubisCO在卡尔文循环中起着至关重要的作用,直接影响光合作用的效率^[9]。由于cbbL基因高度保守且基因数据库中有大量序列信息,研究者们广泛使用cbbL功能基因分析环境样本,探究不同生态系统中固碳功能菌的多样性。Xu等^[10]通过分析水体中的cbbL基因,发现绿藻在水体表层(0~5 m)是主导的固碳微生物,而在更深的水层(10 m)主要是绿硫菌。季风云等^[11]在研究南海北部表层海水时,也发现含cbbL基因的固碳细菌主要包括变形菌门、蓝藻门和厚壁菌门,这些菌群是该区域的主要固碳生物。

固碳功能菌受到土壤类型、施肥方式、土层深度、根际效应和耕作方式等多种因素的影响^[12-14]。袁红朝等^[13]的研究表明,长期施肥显著改变了土壤中固碳功能菌的种群结构,其中专性自养菌的丰度减少,而兼性自养菌的丰度则有所增加。Yuan等^[14]对水稻土、旱地土和水旱轮作土壤中的固碳功能菌进行了研究,发现水稻土中的cbbL基因的数量和多样性明显高于其他土壤类型,菌群主要由兼性自养菌组成。目前,海洋和农田生态系统中固碳功能菌及其影响机制已得到广泛研究,然而针对土壤侵蚀再恢复生态系统中固碳功能菌的研究相对缺乏。

亚热带红壤侵蚀区因降水和土壤质地的原因,水土流失现象尤为严重。相关部门有针对性地实施了一系列恢复植被的措施,极大程度上发挥了水土保持的功能。由于不同树种的根系结构、冠层密度、地被物层以及生长速度和恢复能力的不同,其对土壤侵蚀的控制效果也有所不同^[12-14]。Li等^[15]研究了南方丘陵地区不同植被类型和恢复措施对土壤侵蚀的影响,发现选择适合当地条件的树种和合理构建植被群落能

够显著减少土壤侵蚀,提高土壤稳定性。Wang等^[16]探讨了选择合适的树种和合理构建植被群落在退化生态系统中的水土保持作用,结果表明针对当地环境选择适宜的树种并合理规划植被群落组成,是有效治理土壤侵蚀和恢复生态系统功能的关键。因此,了解植被演替过程中的土壤质量特征及其变化趋势,对于评估区域生境质量和生态服务功能至关重要。

为了补充现有研究的空白,本研究选取中国南方严重土壤侵蚀地区进行植被恢复的样地,并以未进行植被恢复的样地作为对照。通过使用荧光定量PCR和cbbL高通量测序技术,本研究旨在探索土壤侵蚀和植被恢复条件下固碳功能菌群落的变化模式,并深入研究其与土壤非生物因素之间的关系,从而为全球陆地生态系统中微生物固碳潜力的精确评估提供科学依据。

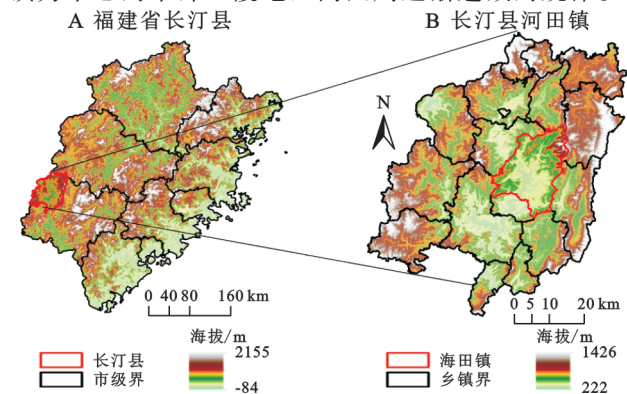
1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区域位于福建省龙岩市长汀县,其地理坐标介于北纬25°18′40″—26°02′05″,东经116°00′45″—116°39′20″(图1A)。该区域东西最宽66 km,南北最长80 km,总面积为3 099.52 km²。河田镇坐落在长汀县的中南部(图1B)。长汀县的地质结构较为复杂,主要由岩浆岩、变质岩和沉积岩构成,河田镇地区主要以花岗岩为主。该县的主要土壤类型为红壤,占全县土地总面积的79.8%。气候上,长汀县处于中亚热带季风气候区,夏季主要是南风,冬季则以北风为主。全县年平均气温15~19.5℃,7—8月份日照时数最多,全年平均降雨天数为145 d,平均降水量达到1 737 mm,而河田镇的年降雨量1 500~1 600 mm。

虽然长汀县属于亚热带常绿阔叶林区,包括针叶林、阔叶林、针阔混交林、竹林、亚热带灌丛和草丛等多种植被类型,但由于长期的人类活动,原始植被遭到了严重破坏,目前主要由人工林和次生林组成。根据福建省水土保持公报统计,2000年长汀县水土流失面积为70 363.98 hm²,占全县土地总面积的

22.72%。其中,轻度流失面积(30 670.45 hm²)最大,其次为强度和极强度流失,而剧烈流失所占比例最小。水土流失在空间分布上主要集中在以河田镇为中心的中部丘陵区,周边山区水土流失相对较轻。近年来,长汀县在水土流失治理方面取得了显著成效。遥感影像数据显示,到2017年,长汀县的水土流失面积从2009年的322.49 km²下降到245.32 km²,水土流失率从10.41%降至7.92%。从各乡镇的水土流失空间分布来看,长汀县的水土流失呈现出以河田镇为中心的中部丘陵地区向四周逐渐递减的规律。



注:基于标准地图服务系统下载的审图号GS(2024)0650号的标准地图制作,底图未做修改。

图1 研究区的地理位置

Fig. 1 Geographical location of the study area

1.2 样地选择

根据前苏联专家扎斯拉夫斯基“相似流域平行对比”,本研究在长汀县河田镇选取3种典型植被恢复措施(小穴播草治理措施、等高草灌带治理措施、

草灌乔混交治理措施)的样地作为研究对象。3种治理措施开始时间都是2000年,气候条件基本相同,治理前都属于极强烈侵蚀,样地信息详见表1。长汀县的地带性植被遭到了严重破坏,目前主要由人工林和次生林组成。未治理样地(CK)(25°39'54.7"N, 116°28'22.5"E)地表植被稀少,主要由芒萁(*Dicranopteris dichotoma*)及少量的灌木为主。小穴播草治理措施(VR₁)(25°40'37.5"N, 116°22'20.5"E)的关键技术:冬季在山顶和山脊的马尾松(*Pinus massoniana*)之间挖播种穴;次年春季用宽叶雀稗(*Paspalum wettsteinii*)草籽、有机复合肥、稻田土拌匀后直接播于穴面上,以达到快速草被覆盖。等高草灌带治理措施(VR₂)(25°40'28.3"N, 116°27'33.3"E)的关键技术:在坡面,沿等高线挖水平沟,沟内施加有机复合肥作为基肥;在沟内种植宽叶雀稗(*Paspalum wettsteinii*)和胡枝子(*Lespedeza bicolor*);沟间挖穴种植乔木,如枫香(*Liquidambar formosana*)、木荷(*Schima superba*)、杨梅(*Myrica rubra*)、闽粤栲(*Tsoongiodendron odorum*)等。草灌乔混交治理措施(VR₃)(25°40'28.3"N, 116°27'33.3"E)的关键技术:在坡面整地挖穴,施用有机复合肥作为基肥;穴内种植乔木和灌木,乔木以木荷(*Schima superba*)、杨梅(*Myrica rubra*)、枫香(*Liquidambar formosana*)为主,灌木为胡枝子(*Lespedeza bicolor*);在山脊和上坡挖水平沟种草。3种植物恢复措施均对补种的植被进行追肥,连续追施3 a(尿素75 kg/hm²),林分郁闭后实行封禁管理。

表1 样地信息

Table 1 Sample plot information

样地	海拔/m	坡度	坡向	植被覆盖率/%		平均侵蚀模数/(t·m ² ·a ⁻¹)	
				治理前	治理后	治理前	治理后
CK	350	22°	东北	15	18	8580	9000
VR ₁	345	13°	东北	16	95	8580	980
VR ₂	360	15°	东	15	93	8580	980
VR ₃	330	19°	西北	18	92	8580	980

注:CK表示土壤侵蚀样地;VR₁表示小穴播草治理措施;VR₂表示等高草灌带治理措施;VR₃表示草灌乔混交治理措施。

1.3 土壤样品采集

根据对照样地(CK)的特定条件(面积、海拔和坡向),本研究采用地理信息系统(GIS)技术结合无人机现场调查的数据在3个植被恢复地区选出具有相似特征的研究样地。2024年1月,我们在研究样地内随机选择8个10 m×10 m的样方。样方内,按照“S”采样法采集5个0—20 cm土层的土壤,并混合均匀,共计40个样品。土壤样品去除石块和根系等杂物后,过2 mm筛,并分为三部分:一部分自然风干,用于土壤理化性质的测定;另一部分保存在-4℃冰箱,用于可溶性有机碳的测定;剩余土样保存在-70℃冰

箱,用于固碳功能菌测序。

1.4 指标的测定方法

1.4.1 土壤理化性质的测定 本研究采用pH计(BPH-252, Guangdong, China)测定土壤pH,水土比为2.5:1;采用环刀法测定土壤容重;采用碱解扩散法测定土壤碱解氮含量;采用NaHCO₃浸提—钼锑抗比色法测定土壤有效磷含量;采用NH₄Ac浸提—原子吸收法测定土壤速效钾含量;土壤总有机碳含量采用元素分析仪(Elementar vario EL cube, Elementar Analysensysteme GmbH, Germany)测定;可溶性有机碳用去离子水浸提新鲜土样后经滤膜(0.45 μm)过滤,滤液再用总有机

碳分析仪(TOC-LCPH,SHIMADZU,China)测定^[15-16]。

1.4.2 固碳功能菌丰度的测定 使用试剂盒(Omega Bio-Tek, Norcross, USA)对土壤进行DNA提取。对目的基因引物进行PCR扩增,扩增结束后进行琼脂糖凝胶电泳,以检查扩增产物是否符合测序要求。使用引物K2f(5'-ACCA YCAAGCCSAAGCTSGG-3')和V2r(5'-GCCTTCSAGCTTGCCSACCRC-3')对 cbbL 固碳功能菌 rDNA 进行扩增^[8]。cbbL 固碳功能菌扩增条件为 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 30 s, 进行 30 个循环; 72 °C 延伸 10 min, 最后终止于 4 °C。采用相同的反应体系和反应条件, 对不同浓度梯度的质粒 DNA 样本进行定量 PCR 扩增(引物扩增效率 $R^2 > 0.99$), 根据标准曲线方程计算土样中特定固碳功能菌的丰度。

1.4.3 固碳功能菌群落组成的测定 采用 Mag Beads Fast DNA Kit for Soil(MP Biomedicals, CA, USA)试剂盒对土壤进行DNA提取。对抽提完成的DNA进行0.8%琼脂糖凝胶电泳进行分子大小判断, 利用 Nanodrop 对DNA进行定量。功能基因项目选择约 490 bp 的 cbbL 基因进行测序。使用特异性引物 K2f(5'-ACCA YCAAGCCSAAGCTSGG-3')和V2r(5'-GCCTTCSAGCTTGCCSACCRC-3')进行PCR扩增^[8]。扩增步骤如下: 98 °C 预变性 5 min, 进入扩增循环共 35 次, 每次 98 °C 变性 30 s, 60 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 45 s, 最终延伸 72 °C 共 5 min, 保存于 12 °C。扩增结果通过 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 切取目的片段后采用分选磁珠法回收。PCR 产物使用 Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit 在 Microplate reader 上定量, 根据每个样品所需的数据量进行混样。使用 Illumina TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 建库, 合格的文库在 Illumina NovaSeq 6000 机器上利用

NovaSeq 6000 SP Reagent Kit(500 cycles)进行 2×250 bp 的双端测序。

1.5 数据统计与分析

本研究使用 Excel 对数据进行预处理。对数据进行正态性检验和方差齐性检验后, 使用 SPSS 19.0 软件中单因素方差分析来确定指标在不同措施间是否存在显著差异($p < 0.05$); 相关性分析用于计算不同参数间的相关性系数, 显著性水平均设置为 $p < 0.05$ 。使用 Canoco5 软件中冗余分析(RDA)用于分析土壤性质对微生物群落的影响, 并使用方差分解分析(VPA)来揭示不同环境因子对微生物群落结构变异的相对贡献。

2 结果与分析

2.1 不同植被恢复措施对土壤性质的影响

植被恢复措施明显改善侵蚀地区的土壤结构, 并提升了土壤养分(表2)。其中, VR₁, VR₂和VR₃样地的土壤容重分别比CK样地显著降低了5.11%, 9.56%和10.05%($p < 0.05$); 土壤碱解氮在VR₁和VR₃样地的含量分别比CK样地显著增加了6.06倍和11.05倍($p < 0.05$); 有效磷在VR₁和VR₃样地的含量分别比CK样地显著增加了51.25%和65.08%($p < 0.05$); 速效钾在VR₃样地的含量比CK样地显著增加了1.99倍; VR₁和VR₃样地中的总有机碳含量分别比CK样地显著增加了2.51倍和5.94倍, 而在VR₃样地的含量分别比VR₁和VR₂样地显著增加了136.21%和97.62%($p < 0.05$); VR₂和VR₃样地中的可溶性有机碳含量分别比CK样地显著增加了1.54倍和4.16倍, 而在VR₃样地的含量分别比VR₁和VR₂显著增加了1.03倍和2.72倍($p < 0.05$)。综上所述, 不同的植被恢复措施均显著提高了侵蚀地区的土壤养分含量, 从而增强了土壤肥力, 促进了植被的可持续恢复。

表2 不同植被恢复样地的土壤性质

Table 2 Soil properties of different vegetation restoration plots

样地	pH	容重/ (g·cm ⁻³)	碱解氮/ (mg·kg ⁻¹)	有效磷/ (mg·kg ⁻¹)	速效钾/ (mg·kg ⁻¹)	总有机碳/ (g·kg ⁻¹)	可溶性有机碳/ (mg·kg ⁻¹)
CK	4.72±0.05a	1.52±0.02a	6.93±0.30c	4.41±0.32b	20.64±0.93b	3.56±0.11c	41.07±1.24c
VR ₁	5.27±0.26a	1.44±0.01b	48.88±3.62b	6.67±0.42a	30.01±2.95b	12.52±1.80b	56.95±2.37c
VR ₂	4.81±0.03a	1.37±0.03c	13.03±1.32c	4.99±0.19b	34.01±1.23b	10.48±1.14b	104.43±4.37b
VR ₃	4.69±0.07a	1.37±0.02c	83.48±9.06a	7.28±0.60a	61.81±7.28a	24.74±4.19a	211.80±22.99a

注: CK表示土壤侵蚀样地; VR₁表示小穴播草治理措施; VR₂表示等高草灌带治理措施; VR₃表示草灌乔混交治理措施。不同小写字母表示在0.05水平上存在显著差异。下表同。

2.2 不同植被恢复措施对固碳功能菌丰度和多样性的影响

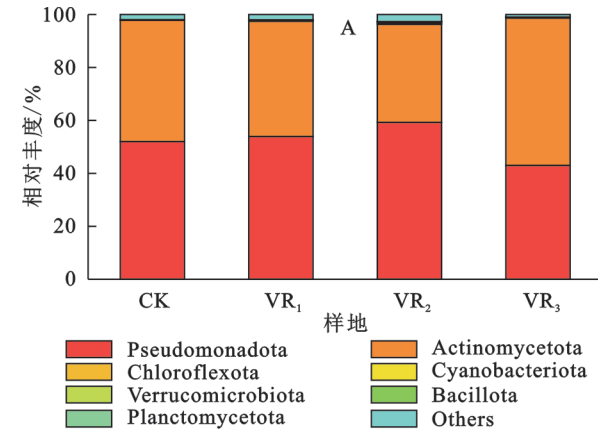
VR₁和VR₃样地中土壤固碳功能菌丰度分别比CK样地显著增加149.71倍和225.61倍($p < 0.05$)(表3); VR₃样地中土壤固碳功能菌丰度比VR₁和VR₂样

地分别显著增加50.37%和477.29%($p < 0.05$); VR₁样地中土壤固碳功能菌丰度比VR₂样地显著增加2.84倍($p < 0.05$)(表3)。VR₁, VR₂和VR₃样地中固碳功能菌的Chao₁指数分别比CK样地显著增加3.10倍、1.84倍和3.49倍($p < 0.05$); VR₁和VR₃样地中固

碳功能菌的 Chao1 指数分别比 VR₂ 样地显著增加 44.68% 和 58.35% ($p < 0.05$); VR₁, VR₂ 和 VR₃ 样地中固碳功能菌的 Shannon 指数分别比 CK 样地显著增加 33.52%, 26.61% 和 54.18% ($p < 0.05$); VR₃ 样地中土壤固碳功能菌的 Shannon 指数比 VR₁ 和 VR₂ 样地分别显著增加 15.47% 和 21.77% ($p < 0.05$)。综上所述, 植被恢复不仅能够增加土壤中的固碳功能菌数量, 还能显著提升其多样性。

2.3 不同植被恢复措施对固碳功能菌群落组成的影响

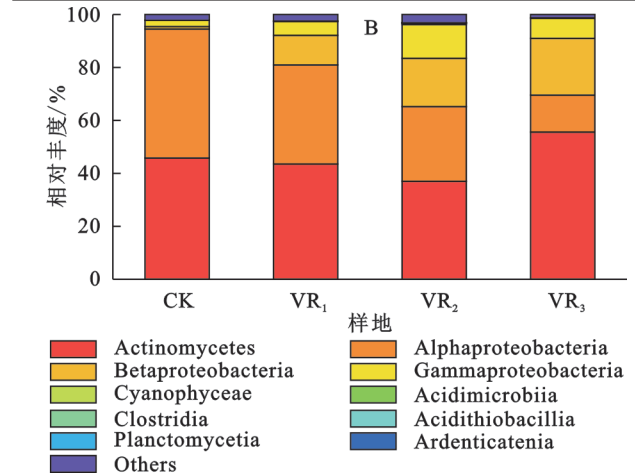
Pseudomonadota 和 Actinomycetota 是研究区的主要固碳功能菌, 两者的相对丰度之和的范围是 96.27%~98.67% (图 2A)。其中, CK, VR₁ 和 VR₂ 样地的主导固碳功能菌都是 Pseudomonadota, 而 VR₃ 样地的则是 Actinomycetota。其中, VR₃ 样地中 Actinomycetota 的相对丰度分别比 CK, VR₁ 和 VR₂ 样地增加 21.52%, 27.81% 和 50.29%。在纲水平上, VR₁, VR₂ 和



VR₃ 样地的主导固碳功能菌都是 Actinomycetes, 平均相对丰度是 45.38% (图 2B)。而, Alphaproteo-bacteria 则是土壤侵蚀样地中的主导固碳功能菌。其中 Alphaproteobacteria 在 VR₁, VR₂ 和 VR₃ 样地中的相对丰度分别比 CK 样地降低 23.16%, 42.05% 和 71.40%; Betaproteobacteria 在 VR₁, VR₂ 和 VR₃ 样地中的相对丰度分别比 CK 样地增加 11.13 倍、18.79 倍和 22.27 倍。

表 3 不同植被恢复样地的固碳功能菌丰度和多样性
Table 3 Abundance and diversity of carbon sequestration functional bacteria in different vegetation restoration plots

样地	固碳功能菌丰度 (copy/g)	Chao1	Shannon
CK	$1.13 \times 10^6 \pm 2.93 \times 10^5$ c	519.69 ± 41.69 c	4.49 ± 0.25 c
VR ₁	$1.71 \times 10^6 \pm 2.23 \times 10^5$ b	2133.09 ± 201.74 a	6.00 ± 0.45 b
VR ₂	$4.45 \times 10^7 \pm 1.34 \times 10^7$ c	1474.40 ± 226.47 b	5.69 ± 0.23 b
VR ₃	$2.57 \times 10^8 \pm 2.62 \times 10^7$ a	2334.74 ± 162.39 a	6.92 ± 0.17 a



注: CK 表示土壤侵蚀样地; VR₁ 表示小穴播草治理措施; VR₂ 表示等高草灌带治理措施; VR₃ 表示草灌乔混交治理措施。下图同。

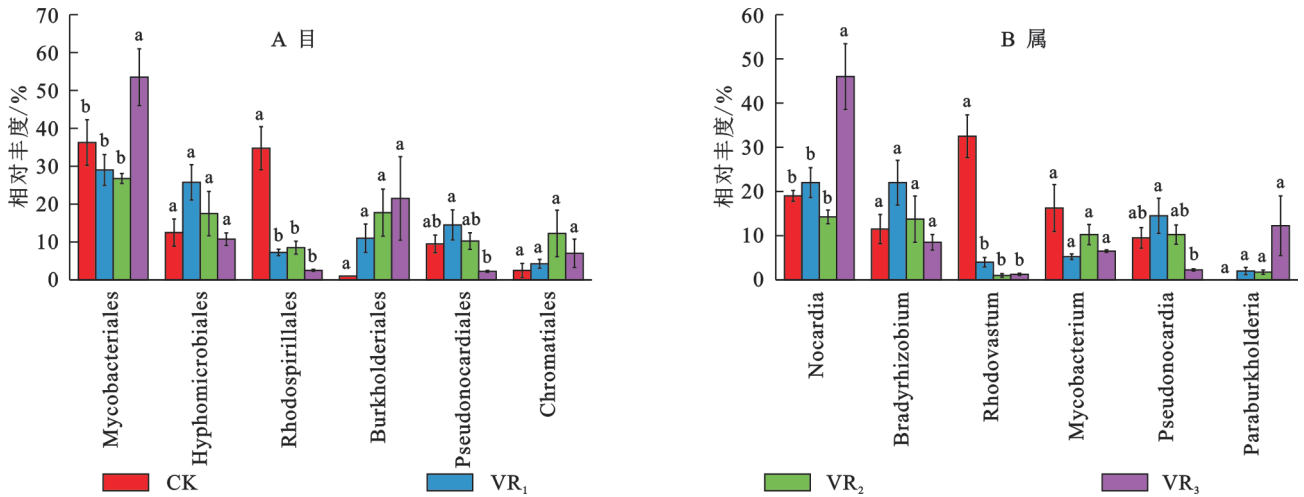
图 2 门和纲水平上不同植被恢复样地的土壤固碳功能菌群落组成

Fig. 2 Composition of soil carbon sequestration functional bacterial communities in different vegetation restoration plots at phylum and class levels

在目水平上, Mycobacteriales 是 4 个样地中分布最多的固碳功能菌 (图 3A)。其中, VR₃ 样地中 Mycobacteriales 的相对丰度分别比 CK, VR₁ 和 VR₂ 样地显著增加 47.79%, 84.82% 和 98.33% ($p < 0.05$); VR₁, VR₂ 和 VR₃ 样地中 Rhodospirillales 的相对丰度分别比 CK 样地显著降低 79.37%, 75.32% 和 92.50% ($p < 0.05$); VR₁ 样地中 Pseudonocardiales 的相对丰度比 VR₃ 样地显著降低 84.88% ($p < 0.05$)。在属水平上, VR₁, VR₂ 和 VR₃ 样地的主导固碳功能菌都是 Nocardia, 平均相对丰度是 27.53% (图 3B)。然而, 土壤侵蚀样地中主导固碳功能菌则是 Rhodovastum。其中, VR₃ 样地中 Nocardia 的相对丰度分别比 CK, VR₁ 和 VR₂ 样地显著增加 1.45 倍、1.12 倍和 2.18 倍 ($p < 0.05$); VR₁, VR₂ 和 VR₃ 样地中 Rhodovastum 的相对丰度分别比 CK 样地显著降低 6.65 倍、37.38 倍和 22.22 倍 ($p < 0.05$)。

2.4 侵蚀再恢复生态系统中土壤固碳功能菌与土壤性质的关系

相关性分析表明, 土壤固碳功能菌的丰度和 Chao1 指数均与容重呈显著负相关, 而与碱解氮、有效磷、速效钾、总有机碳、可溶性有机碳呈显著正相关 ($p < 0.05$) (图 4)。土壤固碳功能菌的 Shannon 指数则与 pH 呈显著正相关 ($p < 0.05$)。Nocardia 的相对丰度与碱解氮、速效钾、总有机碳、可溶性有机碳呈显著正相关 ($p < 0.05$); Rhodovastum 的相对丰度与容重呈显著正相关, 而碱解氮、有效磷、速效钾、总有机碳、可溶性有机碳呈显著负相关 ($p < 0.05$); Myc-obacterium 的相对丰度与有效磷呈显著负相关 ($p < 0.05$); Pseudonocardia 的相对丰度与速效钾、可溶性有机碳呈显著负相关 ($p < 0.05$); Paraburkholderia 的相对丰度与碱解氮、有效磷、速效钾、总有机碳、可溶性有机碳呈显著正相关 ($p < 0.05$)。



注:不同小写字母表示在 0.05 水平上存在显著差异。

图 3 目和属水平上不同植被恢复样地的土壤固碳功能菌群落组成

Fig. 3 Composition of soil carbon sequestration functional bacterial communities in different vegetation restoration plots at order and genus levels

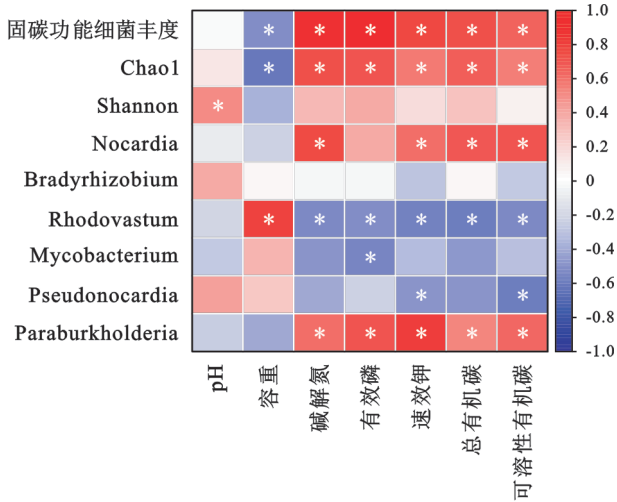


图 4 固碳功能菌与土壤理化性质的相关性分析 (* $p < 0.05$)
Fig. 4 Correlation analysis between carbon sequestration functional bacteria and soil physicochemical properties (* $p < 0.05$)

冗余分析表明,不同样地间固碳功能菌群落组成的差异是由土壤性质所导致的,解释度高达 54.45% (图 5A)。其中,总有机碳和容重是导致固碳功能菌群落组成变异的主要因素(图 5B)。总有机碳是影响固碳功能菌群落组成的主导因素,解释率可达 48.30%。由此可知,植被恢复措施对土壤理化性质的改善,显著改变了土壤中固碳功能菌的群落组成和多样性,促进了土壤生态系统的健康和稳定。

3 讨论

3.1 植被恢复对侵蚀地区土壤肥力的改善

土壤侵蚀是指土壤表层因风、水或其他外力作用而被破坏和搬运的过程^[1]。土壤侵蚀不仅会造成严重的水土流失,还伴随着土壤有机碳的迁移与空间再分布。有机碳的持续流失不仅导致土壤肥力下

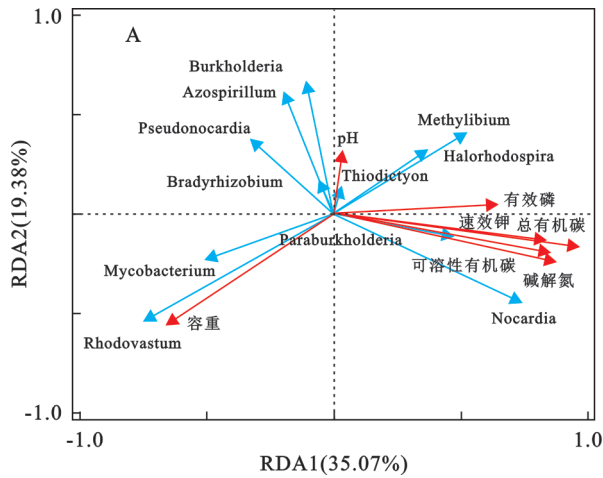
降^[11],影响农作物产量,还会对生态环境产生负面影响,增加温室气体的释放^[14],从而加剧气候变化。研究表明,植被覆盖度对土壤侵蚀有直接影响^[2],当植被覆盖度低于 30% 时,土壤侵蚀的风险显著增加。此外,当植被覆盖度减少时,降雨量成为侵蚀加剧主导因素^[15-16]。因此,结合长汀县的气候和土壤条件,大量降雨以及酸性强且结构脆弱的土壤共同作用,加上人为大规模的植被破坏,必将加剧水土流失。

本研究发现植被恢复措施明显改善了侵蚀地区的土壤肥力状况,与 Wang 等的研究结果一致^[17]。原因主要包括以下几点:(1) 植物的枯枝落叶在土壤表层累积,其被分解后将大部分营养元素归还土壤,从而增加土壤养分^[15-16];(2) 植被通过其冠层和地被物(包括枯枝落叶层)截留和吸收水分^[18],减少降雨对土壤的冲刷,并增加土壤水分的入渗,从而保持水土,减少产沙;(3) 植被根系穿插生长,打破土壤的紧实结构,改善土壤的孔隙度和通气性,有利于植物根系的呼吸和养分吸收;(4) 根系的分泌物及其分解产生的有机质能使土壤颗粒结合,形成坚固的团聚体,从而提高土壤的抗侵蚀能力^[16]。Zhang 等^[19]在严重受红壤侵蚀地区的研究中发现,植被的恢复显著降低了土壤侵蚀和养分的流失。Zheng 等^[20]在黄土高原的长期监测数据分析中也表明,植被破坏会导致严重的水土流失,而植被恢复能有效遏制这种现象。

3.2 植被恢复对侵蚀地区固碳功能菌的影响

与侵蚀地区相比,3种植被构建模式均增加了土壤固碳功能菌的丰度和多样性。已有众多研究证明,植被恢复对于提升微生物多样性有显著效果^[15-16]。然而,植被恢复对土壤碳固定过程中的关键功能群——固碳功能菌的影响受到的关注较少。研究表明,土壤

侵蚀会导致土壤有机质和养分的流失,从而直接引发微生物多样性和功能性的下降^[19]。由于资源可用性的减少限制了微生物的代谢活动和种群构成,这进一步削弱了它们对土壤功能性的支持能力^[16-18]。



注:图 A 为土壤理化性质与固碳功能菌群的冗余分析;图 B 为各个因子对固碳功能菌群组成变异的解释度;“*”表示该变量在 0.05 水平上对因变量有显著影响。

图 5 土壤理化性质与固碳功能菌的冗余分析

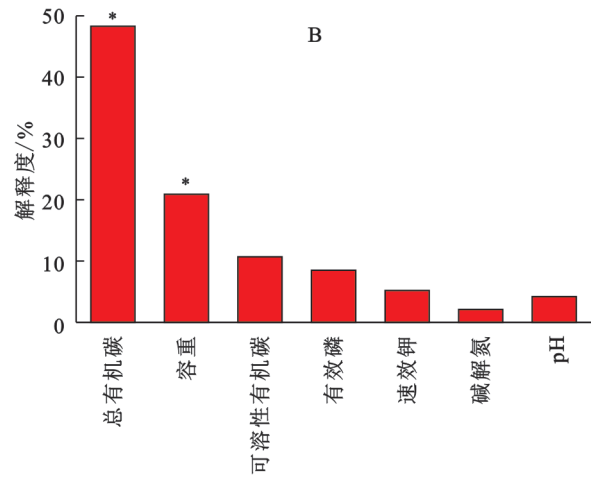
Fig. 5 Redundancy analysis of soil physicochemical properties and carbon sequestration functional bacteria

本研究发现,3种植被恢复措施都将侵蚀地区的固碳功能菌群落由以 Rhodovastum 为主转变为以 Nocardia 为主。Rhodovastum 是能够在光合作用过程中利用有机物作为碳源,同时也能在缺乏光照的环境中通过有机物或无机物进行异养生长。Nocardia 在自然环境中担任分解有机物的角色,因此在生态系统的物质循环中具有关键作用。由此可知,植被恢复后,植物残体和根系分泌物的增加为 Nocardia 提供了更多的养分来源,提升了其在群里的占比^[13]。因此,Nocardia 相对丰度的提升具有指示土壤肥力增高的潜在意义。

植被恢复导致的林分变化对固碳功能菌的群落构成产生了显著影响。这种影响可能源于不同植被的凋落物具有不同的理化特性,并且在其分解过程中释放的分泌物可能促进了微生物的生长,进而导致土壤中固碳功能菌群落的变化^[21]。Wu 等^[22]的研究发现,高寒草甸、草原和森林这 3 种植被类型拥有各自独特的固碳微生物群落。有研究表明土壤 pH、碳氮比和有机碳等土壤性质显著影响固碳功能菌群落结构^[15-17],与本文发现固碳功能菌群落结构主要受到总有机碳的显著影响具有相似性。因为碳是构成生命的基本元素物质,同时是调控微生物生长和代谢的重要元素^[22]。

总之,固碳功能菌在侵蚀劣地植被恢复中发挥着多重正面影响,不仅直接通过生物固碳促进气候变化的缓解,还间接通过改善土壤环境促进植被恢复,形成了一个相互促进的良性循环。这一过程展示了微生物与植物、土壤之间的复杂而紧密的相互作用。

与之相反,3种植被恢复措施均可以通过增加侵蚀地区的土壤有机质和养分含量以及提高资源可用性途径来重新激活细菌多样性和功能性,从而提高土壤固碳的能力。



4 结论

(1) 3种植被恢复措施均明显改善了侵蚀地区的土壤结构,并提升了土壤养分。其中,草灌乔混交样地的总有机碳含量比未治理样地显著增加了 5.94 倍;

(2) 3种植被恢复措施均提高了侵蚀地区的固碳功能菌丰度和多样性。其中,草灌乔混交样地固碳功能菌的丰度和 Shannon 指数分别比未治理样地显著增加了 225.61 倍和 54.18%;

(3) 小穴播草和等高草灌带样地的主导固碳功能菌均是 Pseudomonadota,而草灌乔混交样地的则是 Actinomycetota;

(4) 不同植被恢复措施对土壤总有机碳的提升效果的差异,是导致固碳功能菌群落组成改变的主导因素,解释率可达 48.30%。

参考文献 (References):

- [1] 詹泽东,西广越,任柄璋,等.黑龙江省齐齐哈尔五县碳储量空间变化规律及固碳潜力研究[J].地质通报,2024,43(9):1470-1484.
Zhan Z D, Xi G Y, Ren B Z, et al. The spatial changes of carbon storage and carbon fixation potential in five counties of Qiqihar, Heilongjiang Province[J]. Geological Bulletin of China, 2024,43(9): 1470-1484.
- [2] 周萌,梁志鹏,邹天祥,等.红层区耕地土壤有机碳储量估算与固碳潜力分析[J].中山大学学报:自然科学版,2024,63(3):12-20.
Zhou M, Liang Z P, Zou T X, et al. Estimation of organic carbon storage and carbon sequestration potential of culti-

- vated soil in red beds area[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2024,63(3):12-20.
- [3] Böhnke S, Perner M. Unraveling Rubisco form I and form II regulation in an uncultured organism from a deep-sea hydrothermal vent via metagenomic and mutagenesis studies[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017,8:1303.
- [4] 屈秋实, 蹇斯桢, 陈安国, 等. 基于文献计量的海洋碳汇研究热点与趋势分析[J]. *河北地质大学学报*, 2024,47(2):102-109.
Qu Q S, Jian S H, Chen A G, et al. Analysis of hot spots and trends in ocean carbon sink research based on bibliometrics [J]. *Journal of Hebei GEO University*, 2024,47(2):102-109.
- [5] 唐阳, 刘永超, 杨渐, 等. 青藏高原北部湖泊表层沉积物参与卡尔文循环的固碳基因多样性及其影响因素[J]. *地球科学*, 2018,43(S1):19-30.
Tang Y, Liu Y C, Yang J, et al. Gene diversity involved in kalvin pathway of carbon fixation and its response to environmental variables in surface sediments of the northern Qinghai-Tibetan Plateau Lakes [J]. *Earth Science*, 2018,43(S1):19-30.
- [6] 周文昌, 史玉虎, 潘磊, 等. 基于固碳服务价值评价的洪湖湿地保护对策[J]. *湿地科学与管理*, 2017,13(4):8-11.
Zhou W C, Shi Y H, Pan L, et al. Conservation strategies for Honghu Lake wetland ecosystem based on carbon sequestration service valuation [J]. *Wetland Science & Management*, 2017,13(4):8-11.
- [7] 刘大海, 董通, 刘超, 等. 海洋碳汇分类方法框架探索与构建[J]. *海洋科学进展*, 2024,42(2):358-369.
Liu D H, Dong T, Liu C, et al. Exploration and construction of methodological system for ocean carbon sink classification [J]. *Advances in Marine Science*, 2024,42(2):358-369.
- [8] 肖海兵. 黄土高原侵蚀与植被恢复驱动下土壤有机碳矿化与固定特征及其微生物作用机制[D]. 北京: 中国科学院大学, 2019.
Xiao H B. Soil organic carbon mineralization and sequestration and its microbial influencing mechanisms under the driving of water erosion and vegetation restoration on the Loess Plateau [D]. Beijing: Chinese Academy of Sciences, 2019.
- [9] 蒋婷婷, 岳凤凤, 聂刘旺. 谈谈光合作用中 CO₂ 固定的几个主要途径[J]. *生物学教学*, 2022,47(7):89-91.
Jiang T T, Yue F F, Nie L W. On several main ways of CO₂ fixation in photosynthesis [J]. *Biology Teaching*, 2022,47(7):89-91.
- [10] Xu H H, Tabita F R. Ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase gene expression and diversity of Lake Erie planktonic microorganisms [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1996,62(6):1913-1921.
- [11] 季风云, 明红霞, 李洪波, 等. 南海表层海水参与卡尔文循环的固碳基因多样性研究[J]. *环境科学学报*, 2016,36(11):4037-4043.
Ji F Y, Ming H X, Li H B, et al. Diversity of CO₂ fixation gene in the surface waters of northern South China Sea in the Calvin cycle [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2016,36(11):4037-4043.
- [12] Qin J, Li M, Zhang H F, et al. Nitrogen deposition reduces the diversity and abundance of *cbbL* gene-containing CO₂-fixing microorganisms in the soil of the *Stipa baicalensis* steppe [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021,12:570908.
- [13] 袁红朝, 秦红灵, 刘守龙, 等. 长期施肥对稻田土壤固碳功能菌群落结构和数量的影响[J]. *生态学报*, 2012,32(1):183-189.
Yuan H Z, Qin H L, Liu S L, et al. Abundance and composition of CO₂ fixing bacteria in relation to long-term fertilization of paddy soils [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2012,32(1):183-189.
- [14] Yuan H Z, Ge T D, Wu X H, et al. Long-term field fertilization alters the diversity of autotrophic bacteria based on the ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (RubisCO) large-subunit genes in paddy soil [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2012,95(4):1061-1071.
- [15] Li J J, Zhou X M, Yan J X, et al. Effects of regenerating vegetation on soil enzyme activity and microbial structure in reclaimed soils on a surface coal mine site [J]. *Applied Soil Ecology*, 2015,87:56-62.
- [16] Wang Z G, Hoffmann T, Six J, et al. Human-induced erosion has offset one-third of carbon emissions from land cover change [J]. *Nature Climate Change*, 2017,7:345-349.
- [17] Wang X P, Zhou M, Yue H, et al. Effects of different artificial vegetation restoration modes on soil microbial community structure in the soil erosion area of Southern China [J]. *Catena*, 2024,237:107803.
- [18] Wang X P, Zhou M, Wang H, et al. Depth-dependent responses of the soil bacterial community under vegetation restoration in soil erosion areas of Southern China [J]. *Land Degradation & Development*, 2024,35(3):1142-1154.
- [19] Zhang S L, Zhang X Y, Liu X B, et al. Spatial distribution of soil nutrient at depth in black soil of NorthEast China: A case study of soil available potassium [J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2013,95(3):319-331.
- [20] Zheng F L. Effect of vegetation changes on soil erosion on the Loess Plateau [J]. *Pedosphere*, 2006,16(4):420-427.
- [21] Cai X W, Zhang D, Wang Y Q, et al. Shift in soil microbial communities along ~160 years of natural vegetation restoration on the Loess Plateau of China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022,173:104394.
- [22] Wu J Q, Ma W W, Li G, et al. Vegetation degradation along water gradient leads to soil active organic carbon loss in Gahai wetland [J]. *Ecological Engineering*, 2020,145:105666.