

## 【黄河三角洲研究】

黄河三角洲刺槐防护林土壤理化性质  
和细菌群落研究张 勇<sup>1</sup>, 张 军<sup>1</sup>, 王 静<sup>2</sup>, 经 伟<sup>1</sup>, 张 茜<sup>3</sup>

(1. 山东航空学院 山东省黄河三角洲生态环境重点实验室, 山东 滨州 256603;

2. 江苏省土地勘测规划院, 江苏 南京 210017;

3. 潍坊理工学院 现代农业与环境学院, 山东 潍坊 262500)

**摘 要:**为探究黄河三角洲刺槐(*Robinia pseudoacacia*)枯梢与其根际土壤理化性质和土壤细菌群落结构的关系,以东营市河口区三大刺槐防护林(孤岛、军马五分场、九分场)为研究对象,分层采集健康和枯梢刺槐人工林根际土壤样品进行分析。结果表明:健康与枯梢刺槐根际土壤理化性质仅 pH 存在显著差异( $P=0.015$ )。不同土层间细菌空间异质性显著,各层独有 ASV 占比达 15%~27%;青枯菌属(*Ralstonia*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)在枯梢刺槐根际土壤中丰度显著下降,而硝化细菌(*Nitrospira*)在 60~80 cm 土层相对丰度增加约 10%;土壤细菌群落  $\beta$  多样性存在显著差异( $P=0.016$ )。db-RDA 显示 pH 是影响细菌群落结构的关键环境因子。刺槐根际土壤 pH 升高引起细菌群落改变,进而通过根际微环境导致枯梢现象,为黄河三角洲刺槐防护林的健康诊断与修复提供参考。

**关键词:**黄河三角洲;刺槐;防护林;枯梢;根际土壤;细菌群落;高通量测序

**中图分类号:** S 714.3 **文献标识码:** A **DOI:**10.13486/j.issn.2097-4973.2025.06.015

黄河三角洲是我国暖温带上最年轻、最广阔的河口三角洲之一<sup>[1]</sup>。刺槐(*Robinia pseudoacacia*)是豆科刺槐属的落叶乔木,具有一定的抗盐碱能力,自 20 世纪 70 年代起在黄河三角洲区域被广泛种植,如今黄河三角洲区域的人工刺槐林场已成为华东地区最大的刺槐人工林<sup>[2]</sup>。近年来该刺槐林出现大面积的枯梢甚至死亡现象,严重影响了其生态防护功能。截止到 2022 年,孤岛地区刺槐林面积已从最初的 6 666.67 hm<sup>2</sup> 减少至 2 400 hm<sup>2</sup><sup>[3]</sup>。目前,关于黄河三角洲刺槐防护林枯梢成因尚未达成共识。高云晓等认为刺槐的枯梢与水盐胁迫有关<sup>[4]</sup>。刘增文等认为是人工纯林的自贫、自毒和自衰效应导致树木枯梢<sup>[5]</sup>。根际土壤微生物是植物与土壤进行相互作用的核心媒介,其中,细菌作为数量最多、分布最广泛的微生物类群,参与有机物质分解、养分释放和能量转移等过程<sup>[6]</sup>,其多样性和活性对维持土壤生态系统稳定至关重要<sup>[7-8]</sup>。白世红等指出,刺槐枯梢与土壤 pH 和盐分显著相关,而非自毒效应<sup>[9]</sup>。Lee 等的研究表明刺

收稿日期:2025-10-31

基金项目:自然资源部长三角国土生态与土地利用野外科学观测研究站开放基金项目(2023YRDLELU06);滨州学院博士学位人员及具有硕士学位的高级职称人员科研启动费项目(2020Y22)

第一作者简介:张 勇(2001—),男,山东青岛人,硕士研究生,主要从事环境工程研究。

E-mail:m17852979581@163.com

通信作者简介:张 军(1978—),男,山东青岛人,高级工程师,博士,硕士生导师,主要从事生态环境保护与修复研究。

E-mail:zhangjun7807@163.com

槐枯梢是根际微生物失衡引起的<sup>[10]</sup>。然而,土壤 pH 如何通过影响根际土壤细菌群落结构进而调控刺槐健康状态尚缺乏系统性研究。

本研究以黄河三角洲人工刺槐防护林为研究对象,使用高通量测序技术和生物信息分析技术,系统比较健康与枯梢刺槐根际土壤理化性质和细菌群落结构差异,旨在揭示其内在关联,为黄河三角洲刺槐防护林健康诊断与修复提供参考。

## 1 研究区概况

黄河三角洲位于山东省北部渤海南部黄河入海口沿岸(东经 118°07′—119°10′,北纬 36°55′—38°10′),总面积 5 400 km<sup>2</sup>。该区属暖温带半湿润大陆性季风气候,夏季高温湿润,冬季寒冷干燥,雨热同期,年平均降水量为 530~630 mm,年蒸发量为 1 900~2 400 mm。土壤 pH(7.5~8.5)和含盐量(1‰~6‰)较高,有机质含量较低(<1%)。主要人工林包括刺槐林、柽柳(*Tamarix chinensis*)林、旱柳(*Salix matsudana*)林、白蜡(*Fraxinus chinensis*)林等<sup>[11]</sup>。

## 2 材料与方法

### 2.1 样地设计与样品采集

2024 年 10 月,在孤岛、军马五分场、九分场(黄河故道)三个出现典型枯梢现象的人工刺槐试验林场,分别设置三块 30 m×30 m 的标准样地。在每个样地内依照美国林业局林冠健康分类指南分别选择一棵健康和枯梢刺槐<sup>[12]</sup>,在距离其树干 1 m 处呈环形等距离设置 10 个采样点,按 0~20 cm、20~40 cm、40~60 cm、60~80 cm、80~100 cm 五个土层取样,HR11~HR53 表示健康刺槐组,WR11~WR53 表示枯梢刺槐组,其后面第一个数字代表不同土层,第二个数字代表不同样地。土壤剔除根系、石块杂质过 2 mm 土壤筛,获得 90 份理化分析样品(3 个林场×3 个样地×2 种健康状态×5 个土层)。土壤样品经自然风干、研磨后,通过 2 mm 与 0.15 mm 孔径筛网备用。采用“抖根法”获取附着在根系表面的土壤<sup>[13]</sup>,剔除根系、石块杂质后,分装至无菌离心管,共获得 30 个微生物分析样本(2 种健康状态×3 个林场×5 个土层),经液氮速冻后存于-80 °C 冰箱,用于土壤细菌群落高通量测序与分析。

### 2.2 样品处理及测定

土壤容重(Bulk Density, BD)、饱和持水量(Saturated Holding Capacity, SHC)、毛管持水量(Capillary Holding Capacity, CHC)和田间持水量(Field Holding Capacity, FHC)用环刀法测量;土壤非毛管孔隙度(Non-Capillary Porosity, NCP)、毛管孔隙度(Capillary Porosity, CP)、总孔隙度(Total Porosity, Pt)由公式计算获得;土壤 pH 用 pH 计(FiveEasy FE22-Standard)测定;土壤电导率(Electrical Conductivity, EC)用电导率仪(SevenCompact S230)测定;土壤总碳(Total Carbon, TC)和总氮(Total Nitrogen, TN)用碳氮元素分析仪(Elementar Vario MACRO cube)测定;土壤速效钾(Available Potassium, AK)用 NH<sub>4</sub>Ac-火焰光度计(上海精密仪器-F100)测定<sup>[13-14]</sup>。

对用于测定土壤细菌的样品进行 DNA 提取,并采用 PCR 扩增 16S *rRNA* 的 V3~V4 区后<sup>[13]</sup>,运用 Illumina MiSeq(2×300 bp 双端测序)平台进行高通量测序,将测序所得结果截掉质量低的数据,以提高后续序列融合比率。测序结果经 QIIME2(2025.7)进行质控、去噪(DADA2 算法)和扩增子序列变异(Amplicon Sequence Variant, ASV)特征提取,导入 R 语言(V.4.5.1)进行统计分析<sup>[15]</sup>。

### 2.3 数据处理

刺槐土壤理化性质数据整理与统计使用 Excel 2019,独立样本 t 检验使用 SPSS(Statistics 26),主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)、细菌群落结构进行可视化、β 多样性分析、PERMANOVA 检验、距离冗余分析(distance-based redundancy analysis, db-RDA)和绘图用 R 语言<sup>[16]</sup>。

### 3 结果与分析

#### 3.1 土壤理化性质

对健康刺槐(HR)和枯梢刺槐(WR)土壤理化性质进行对比分析(表 1)发现仅 pH 存在显著差异( $P=0.015$ )。HR 土壤的 BD 略高于 WR;而 SHC 在两组间差异较小( $P>0.05$ )。HR 的 CHC 和 FHC 略低于 WR 的 CHC 和 FHC。土壤有效养分方面,两组土壤的 TN、TC 和 AK 含量差异不显著( $P > 0.05$ ), C : N 值均维持在 28~30。

表 1 不同健康状态刺槐土壤理化性质

理化性质	健康状态	平均值±标准差	理化性质	健康状态	平均值±标准差
BD/(g·cm <sup>-3</sup> )	HR	1.431±0.083	EC/(μS·cm <sup>-1</sup> )	HR	127.285±35.509
	WR	1.417±0.075		WR	113.289±13.622
SHC/%	HR	34.679±3.004	pH*	HR	7.606±0.391
	WR	35.316±2.038		WR	7.892±0.118
CHC/%	HR	32.389±2.701	TN/(g·kg <sup>-1</sup> )	HR	0.376±0.131
	WR	32.828±2.064		WR	0.354±0.088
FHC/%	HR	30.749±2.413	TC/(g·kg <sup>-1</sup> )	HR	10.029±1.201
	WR	31.201±2.285		WR	10.089±1.270
NCP/%	HR	3.264±0.915	C : N	HR	28.393±6.060
	WR	3.528±0.795		WR	29.731±6.275
CP/%	HR	46.043±1.849	AK/(g·kg <sup>-1</sup> )	HR	3.397±2.988
	WR	46.309±1.254		WR	3.593±3.177
Pt/%	HR	49.306±2.397			
	WR	49.837±1.467			

注:(1)\*表示  $P<0.05$ ,差异显著;(2)HR 表示健康组、WR 表示枯梢组。

对以上 13 个土壤理化性质进行 PCA 分析,可得前两个主成分(PC1、PC2)分别解释了 40.7%和30.3%的总变异(累计 71%)(图 1),表明这两个主成分能够很好地反映样本间的差异特征。结果显示,HR 和 WR 样本在二维空间坐标中呈现出一定的分离趋势。

PC1 主要由 BD 和 FHC、CHC、SHC 主导,PC1 中得分较高的样本具有较低的土壤容重和较高的水分保持能力;得分较低的样本土壤容重较高、水分保持能力较低;这种差异反映了土壤结构的差异。PC2 主要由养分指标和孔隙结构主导,反映了土壤养分和空隙结构的相关性。PC2 中得分较高的样点表现为碳氮含量和速效钾含量较高,但是孔隙度偏低、土壤紧实度较大;得分较低的样本表现出良好的孔隙结构和透气性,但是土壤养分含量较低。

#### 3.2 土壤细菌群落

##### 3.2.1 土壤细菌的 ASV 统计

由 Venn 图(图 2)可知,在 HR 五个土层中,共有 824 个 ASV(占总 ASV 数量 6.68%)在所有土层中

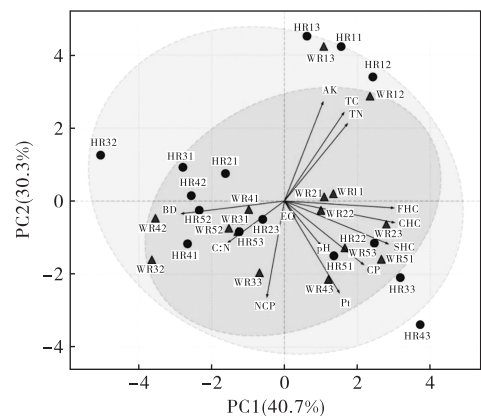


图 1 刺槐土壤理化性质 PCA 分析

共享(图 2A)。每个土层中独特的 ASV 占比分别为 14.83%(HR1)、19.85%(HR2)、13.13%(HR3)、11.28%(HR4)和 14.52%(HR5)。在 WR 五个土层中,共有 816 个 ASV(占总 ASV 数量的 6.38%)在所有土层中共享(图 2B)。每个土层的独特 ASV 占比分别为:15.40%(WR1)、12.79%(WR2)、12.94%(WR3)、16.47%(WR4)和 14.35%(WR5)。

从各土层独有 ASV 数量来看,HR 表现出明显的深度差异:表层土壤独有 1 829 个 ASV,HR2 增至 2 449 个后逐渐减少,HR4 最低(1 392 个),HR5 略有回升(1 792 个)。WR 的 ASV 的变化趋势有所差异,WR1 独有 1 968 个 ASV,在 WR4 达到最高(2 105 个),其余土层介于 1 635~1 834 个。整体上,各深度土层独有 ASV 数量均显著高于共享 ASV,表明不同土层细菌群落具有较强的异质性。

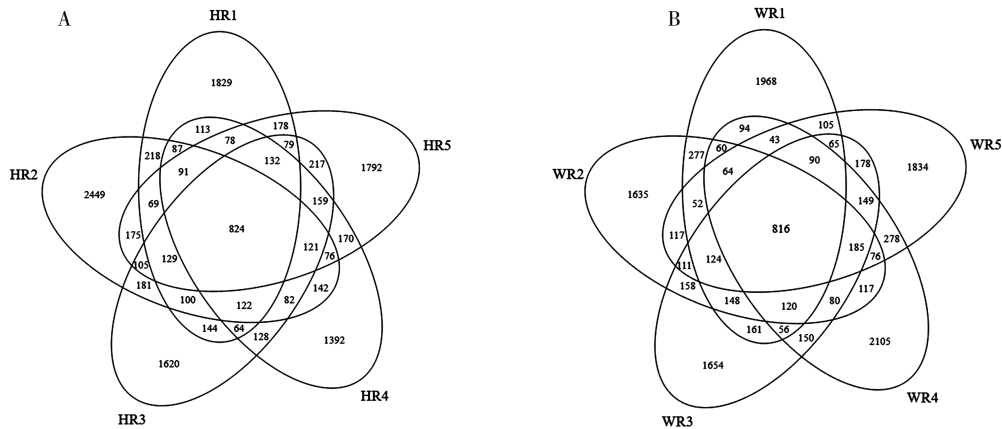


图 2 刺槐根际土壤 ASV 数 Venn 图

### 3.2.2 土壤群落组成

对健康和枯梢刺槐根际土壤细菌群落相对丰度前 20 位的优势属进行统计分析(图 3)。在 HR 的根际土壤中(图 3A),相对丰度最高的优势菌属主要包括青枯菌属(*Ralstonia*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、硝化细菌(*Nitrospira*)、*MND1* 和 *MIZ17* 等。特别是在 HR1 和 HR4 中,青枯菌属的相对丰度显著高于其他菌属,分别约为 31%和 35%。假单胞菌属在 HR1 和 HR4 的土层中的相对丰度也相对较高,分别约为 15%和 17%。硝化细菌在 HR1 和 HR3 中相对丰度稍低(5%),其余三个土层相对丰度保持稳定。

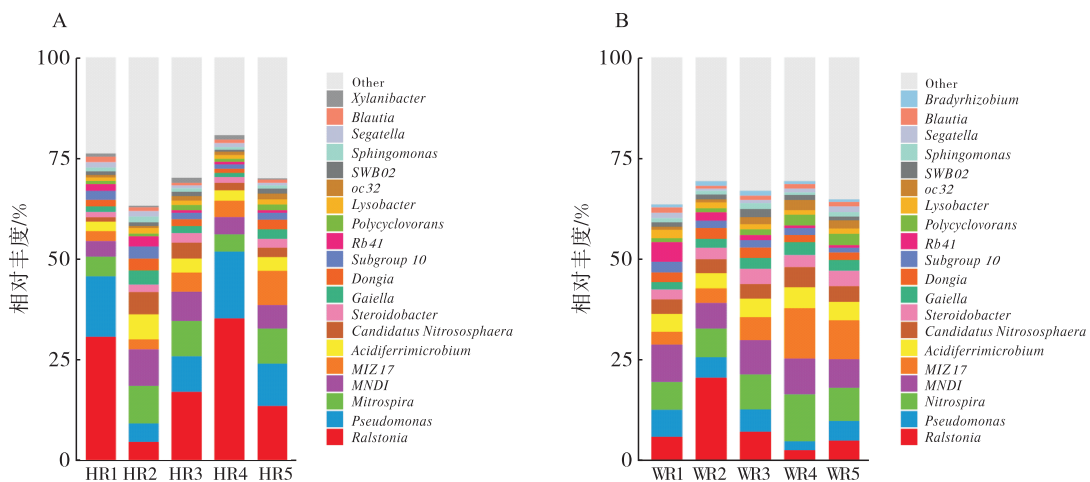


图 3 土壤细菌相对丰度前 20 优势属

在 WR 的根际土壤中(图 3B),青枯菌属、假单胞菌属、硝化细菌、*MND1* 和 *MIZ17* 仍然是优势属,但相对丰度发生了显著改变。青枯菌属在 WR1、WR3、WR4 土层中的相对丰度显著减少,在 WR2 土层中的相对丰度显著增加,由 5%增加到 20%。假单胞菌属的相对丰度变化趋势与青枯菌属相同,在除 WR2

外的其他土层中的相对丰度下降。硝化细菌在 WR4 中相对丰度增加较多(10%)，其余土层变化不大。

### 3.2.3 细菌群落 β 多样性

对根际土壤细菌群落进行基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析(PCoA)(图 4)，结果显示，HR 组和 WR 组刺槐根际土壤细菌群落结构存在显著差异( $P=0.016, R^2=0.102$ )。HR 组样本(图 4 中圆形点)在 PCoA 空间中主要分布于 PC1 负值和 PC2 正值区域，分布相对集中，组内样本间变异较小，群落结构协调。WR 组样本(图 4 中三角形点)主要分布于 PC1 正值区域，分布较为分散，组内差异较大，群落结构变异程度增加，稳定性不足。

### 3.3 影响土壤细菌群落的关键环境因子

对 HR 与 WR 根际土壤细菌群落进行环境因子的基于距离的冗余分析(db-RDA)(图 5)。HR 组和 WR 组在 db-RDA2 轴上表现出部分分离，HR 组更趋向于坐标轴下半部分，WR 组更趋向于坐标轴上半部分，表明树木健康状况通过改变土壤性质影响了细菌群落组成。HR 组主要分布在 db-RDA2 的负值区域，而 WR 组在两轴上呈现更分散的分布。pH 对细菌群落表现出最强的影响，其向量指向 db-RDA2 的正方向，表明较高的 pH 值与特定的细菌群落组成相关，特别是在部分 WR 组中。EC 和 BD 向量指向 db-RDA2 的负值区域，与 pH 呈负相关，可能与健康树木样本相关联。CP 和 C:N 沿 db-RDA1 和 db-RDA2 表现出中等程度的影响，TC 和 NCP 对细菌群落组成的影响相对较弱。

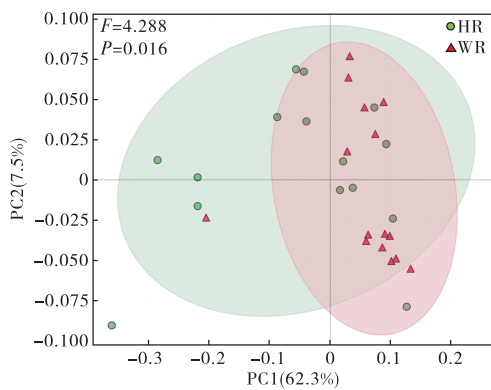


图 4 健康和枯梢刺槐根际土壤细菌群落 PCoA

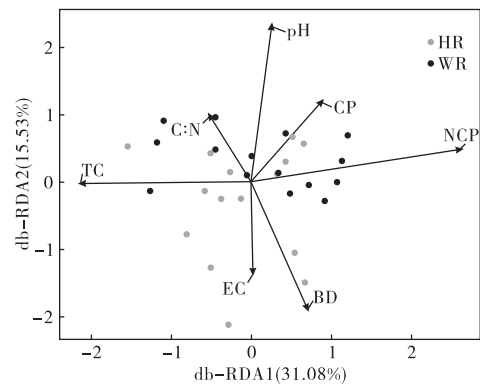


图 5 环境因子对根际土壤细菌群落影响的 db-RDA

## 4 讨论

### 4.1 刺槐防护林枯梢关键环境因子

对健康刺槐和枯梢刺槐根际土壤理化性质系统对比，发现只有 pH 存在显著差异( $P=0.015$ )，枯梢刺槐根际土壤 pH( $7.89 \pm 0.12$ )显著高于健康刺槐( $7.61 \pm 0.39$ )。其他理化性质如 EC、BD、持水量等水分和盐分指标均无显著差异( $P>0.05$ )，这与传统“水盐胁迫”假说存在差异<sup>[17-18]</sup>，pH 升高可能是黄河三角洲刺槐枯梢更关键的环境驱动因子。

db-RDA 结果显示，pH 是影响细菌群落结构的关键环境因子，向量方向与枯梢样本的分布方向一致。结果显示，pH 升高 0.28(从 7.61 升至 7.89)就会导致细菌群落结构发生显著变化( $P=0.016$ )，这表明了根际土壤细菌对 pH 变化的高度敏感性。pH 对微生物群落结构的强烈影响已被广泛证实<sup>[19-21]</sup>。有研究发现 pH 直接影响细菌细胞膜电位和酶活性，改变细菌的生长和竞争能力<sup>[22]</sup>。此外，有研究证实 pH 能改变土壤养分(如磷、铁、锰)的有效性，间接影响依赖这些养分的细菌类群<sup>[23]</sup>。

黄河三角洲刺槐根际土壤 pH 升高可能有以下原因：该区域地下水位波动导致盐基离子( $\text{Na}^+$ 、 $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{Mg}^{2+}$ )向表层迁移，碱性盐(如  $\text{Na}_2\text{CO}_3$ 、 $\text{NaHCO}_3$ )富集使 pH 升高<sup>[1]</sup>；长期人工林经营导致土壤有机质消耗(本研究中两组土壤有机碳含量均约  $10 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ )，缓冲能力下降，pH 更易波动<sup>[24]</sup>；黄河三角洲成土母

质(黄河冲积物)本身 pH 偏高(7.5~8.5)<sup>[11]</sup>。这些因素综合作用,使部分刺槐林地根际土壤 pH 超过刺槐的最适范围(7.0~7.5),触发根际微生物群落改变。

#### 4.2 pH 驱动的细菌群落结构改变

Venn 图分析显示,不同土层细菌空间异质性显著,各土层独有 ASV 占比达 15%~27%,远高于共享 ASV(8%~9%)。健康刺槐表现出“表层高-中层最高-深层递减”的模式,而枯梢刺槐在 60~80 cm 深度独有 ASV 数达到最高。这种差异反映了健康刺槐表层根系活跃,根系分泌物丰富,吸引促生和共生细菌富集<sup>[25]</sup>。枯梢刺槐根系活性下降,深层产生有机残体,吸引腐生菌和厌氧菌分解有机质<sup>[26]</sup>。

细菌属水平分析揭示了 pH 升高导致的关键功能类群变化,假单胞细属和青枯菌属在健康刺槐根际土壤中丰度较高(20%~32%)。假单胞细属具有分解有机质、溶磷和生物防治等多种促生功能<sup>[27-28]</sup>,在枯梢组中假单胞细属在绝大部分土层中的相对丰度出现下降(除 WR2 中丰度少量增加)。青枯菌属属于一个复杂的类群,包含促生菌(如部分非病原性菌株,具有固氮、溶磷功能)和植物病原菌(如青枯雷尔氏菌引起青枯病)。在健康刺槐根际土壤中,青枯菌属的高丰度(20%~35%)主要为非病原性促生菌株,发挥着促进植物生长的作用。在枯梢刺槐中,青枯菌属仅在 20~40 cm 层异常升高,其他土层丰度下降,这可能因为在此土层丰度增加的青枯菌属大部分为植物病原菌,其他土层减少的为良性或中性菌种。有研究表明 pH 的升高对促生菌类菌属有抑制作用,而对致病菌属起到促进作用<sup>[28-30]</sup>。硝化细菌在枯梢刺槐深层(60~80 cm)相对丰度增加约 10%,提示氮循环过程改变,可能导致氮素流失加快,进一步削弱刺槐的养分获取能力<sup>[31-32]</sup>。

PCoA 显示二者细菌群落结构存在显著差异( $P=0.016$ )。这一发现支持了“群落组成比多样性更能反映生态系统健康状态”的观点<sup>[33-34]</sup>。健康组样本在 PCoA 空间中分布集中,表明群落结构稳定;枯梢组样本分布分散,表明群落稳定性较差,这种现象可能是刺槐健康恶化的微生物预警信号<sup>[35]</sup>。

综上所述,pH 升高通过抑制促生菌、促进病原菌和硝化菌及改变垂直分布模式,导致根际微生物群落从“促生型”向“失衡型”转变,这种转变削弱了刺槐的养分获取和抗逆能力。

#### 4.3 刺槐枯梢的微生物学机制与管理启示

黄河三角洲刺槐根际土壤 pH 升高引起细菌群落改变,根际微环境变化引发了刺槐枯梢。pH 由于地下水位波动、土壤水分蒸发和土壤有机质消耗等原因升高。pH 升高抑制假单胞细属和青枯菌属属良性和中性菌的繁殖,促进青枯菌属属中病原菌的繁殖,同时促进硝化细菌富集,导致氮素流失加快。细菌促生功能(固氮、溶磷、生防)减弱,群落稳定性下降( $P=0.016$ ),根际微环境失衡。刺槐养分获取和抗逆能力削弱,地上部分出现枯梢症状。值得注意的是,植物健康恶化后可能通过根系分泌物改变、根系死亡等途径进一步影响土壤 pH 和微生物群落<sup>[36-37]</sup>,形成正反馈循环,使枯梢症状不断加剧。

## 5 结论

通过系统研究黄河三角洲刺槐防护林健康与枯梢刺槐根际土壤(0~100 cm)理化性质及其细菌群落结构得到如下结论:枯梢刺槐根际土壤 pH( $7.89\pm 0.12$ )显著高于健康刺槐( $7.61\pm 0.39$ , $P=0.015$ ),pH 升高是驱动细菌群落结构变化的关键环境因子;pH 升高导致关键促生菌属青枯菌属和假单胞细属丰度在枯梢刺槐多数土层中显著下降(20%~33%),而硝化细菌在深层(60~80 cm)相对丰度增加约 10%;枯梢刺槐根际细菌群落  $\beta$  多样性显著不同( $P=0.016$ ),群落稳定性下降。本研究为黄河三角洲刺槐防护林的健康诊断与修复提供了科学依据。

## 参考文献:

- [1] 曲芷程,栗云召,于君宝,等.黄河口湿地典型植物群落土壤水,盐入渗过程模拟[J].生态学杂志,2022,41(5):903-911.

- [2] 于法稳,方兰. 黄河流域生态保护和高质量发展的若干问题[J]. 中国软科学,2020(6):85-95.
- [3] WANG H,ZHONG Y,PU R,et al. Dynamic analysis of *Robinia pseudoacacia* forest health levels from 1995 to 2013 in the Yellow River Delta, China using multitemporal Landsat imagery[J]. International journal of remote sensing,2018,39(12):4232-4253.
- [4] 高云晓,庞元湘,毛培利,等. 黄腐酸有机肥对盐胁迫下刺槐幼苗生长的影响[J]. 西南林业大学学报(自然科学),2019,39(2):36-43.
- [5] 刘增文,段而军,付刚,等. 秦岭北山几种典型人工纯林土壤性质极化问题研究[J]. 土壤,2008,40(6):997-1001.
- [6] CHEPSENGON J,MOLELEKI L N. Rhizosphere bacterial interactions and impact on plant health[J]. Current opinion in microbiology,2023,73:102297.
- [7] YANG L,QIAN X,ZHAO Z,et al. Mechanisms of rhizosphere plant-microbe interactions: molecular insights into microbial colonization[J]. Frontiers in plant science,2024,15:1491495.
- [8] HALDAR S,SENGUPTA S. Plant-microbe cross-talk in the rhizosphere: insight and biotechnological potential[J]. The open microbiology journal,2015,9:1-7.
- [9] 白世红,马风云,李树生,等. 黄河三角洲不同退化程度人工刺槐林土壤酶活性,养分和微生物相关性研究[J]. 中国生态农业学报,2012,20(11):1478-1483.
- [10] LEE S M,KONG H G,SONG G C,et al. Disruption of Firmicutes and Actinobacteria abundance in tomato rhizosphere causes the incidence of bacterial wilt disease[J]. The ISME journal,2021,15(1):330-347.
- [11] 安然,马风云,崔浩然,等. 黄河三角洲刺槐臭椿混交林与纯林土壤细菌群落结构和多样性特征分析[J]. 生态学报,2019,39(21):7960-7967.
- [12] SCHOMAKER M E,ZARNOCH S J,BECHTOLD W A,et al. Crown-condition classification: a guide to data collection and analysis[M]. Asheville: U. S. Department of Agriculture Forest Service,2007.
- [13] ZHANG J,XIN Y,ZHAO Y. Diversity and functional potential of soil bacterial communities in different types of farmland shelterbelts in mid-western Heilongjiang, China[J]. Forests,2019,10(12):1115.
- [14] ZHANG J,ZHAO Y,XIN Y. Changes in and evaluation of surface soil quality in *Populus* × *xiaohei* shelterbelts in midwestern Heilongjiang province, China[J]. Journal of forestry research,2021,32(3):1221-1233.
- [15] ZHANG J,JING W,JI K,et al. Soil characteristics and bacterial community characteristics of shelterbelts of different tree species in black soil region of China[J]. Scientific reports,2025,15(1):8723.
- [16] 江其朋,余佳敏,王金峰,等. 土壤理化性质驱动烤烟根际细菌群落的组配及其共现性网络互作[J]. 微生物学报,2023,63(3):1168-1184.
- [17] 宋音,王红,路开宇,等. 基于 CCA 方法的黄河三角洲不同健康刺槐林的土壤属性研究[J]. 江西农业学报,2017,29(10):48-53.
- [18] 姜焕焕,李嘉钦,陈刚,等. 解磷微生物及其在盐碱土中的应用研究进展[J]. 土壤,2021,53(6):1125-1131.
- [19] ZHOU X,TAHVANAINEN T,MALARD L,et al. Global analysis of soil bacterial genera and diversity in response to pH[J]. Soil biology and biochemistry,2024,198:109552.

- [20] WU Y, ZENG J, ZHU Q, et al. pH is the primary determinant of the bacterial community structure in agricultural soils impacted by polycyclic aromatic hydrocarbon pollution[J]. *Scientific reports*, 2017, 7(1): 40093.
- [21] PU H, YUAN Y, QIN L, et al. pH drives differences in bacterial community  $\beta$ -diversity in hydrologically connected lake sediments[J]. *Microorganisms*, 2023, 11(3): 676.
- [22] JIN Q, KIRK M F. pH as a primary control in environmental microbiology: 2. Kinetic perspective [J]. *Frontiers in environmental science*, 2018, 6: 101.
- [23] DAI Z, GUO X, LIN J, et al. Metallic micronutrients are associated with the structure and function of the soil microbiome[J]. *Nature communications*, 2023, 14(1): 8456.
- [24] CHEN X, ZUO H, YAN M, et al. Differential responses of soil C, N, and P ecological stoichiometric characteristics to different configurations of edge-locked forests in the Kubuqi Desert[J]. *Front plant science*, 2025, 16: 1520024.
- [25] BARDGETT R D, VAN DER PUTTEN W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning [J]. *Nature*, 2014, 515: 505-511.
- [26] KWATCHO KENGDO S, MCCORMACK M L, OSTONEN I, et al. Fine-root dynamics in deeper soils: a critical but overlooked component of ecosystem responses to climate warming[J]. *New phytologist*, 2025, 247(6): 2507-2513.
- [27] YANG R H, DU X N, KHOJASTEH M, et al. Green guardians: The biocontrol potential of *Pseudomonas*-derived metabolites for sustainable agriculture[J]. *Biological control*, 2025, 201: 105699.
- [28] YANG Y, SHI Y, FANG J, et al. Soil microbial network complexity varies with pH as a continuum, not a threshold, across the North China Plain[J]. *Frontiers in microbiology*, 2022, 13: 895687.
- [29] MENDES R, GARBEVA P, RAAIJMAKERS J M. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms[J]. *FEMS microbiology reviews*, 2013, 37(5): 634-663.
- [30] ROUSK J, BROOKES P C, BÅÅTH E. The microbial PLFA composition as affected by pH in an arable soil[J]. *Soil biology and biochemistry*, 2010, 42(3): 516-520.
- [31] HU J, ZHAO Y, YAO X, et al. Dominance of comammox *Nitrospira* in soil nitrification[J]. *Science of the total environment*, 2021, 780: 146558.
- [32] SUN D, TANG X, ZHAO M, et al. Distribution and diversity of comammox *Nitrospira* in coastal wetlands of China[J]. *Frontiers in microbiology*, 2020, 11: 589268.
- [33] HERNANDEZ D J, DAVID A S, MENGES E S, et al. Environmental stress destabilizes microbial networks[J]. *The ISME journal*, 2021, 15(6): 1722-1734.
- [34] YI J, LO L S H, CHENG J. Dynamics of microbial community structure and ecological functions in estuarine intertidal sediments[J]. *Frontiers in marine science*, 2020, 7: 585970.
- [35] BOLIN L G, LAU J A. Microbial responses to stress cryptically alter natural selection on plants [J]. *New phytologist*, 2024, 242(5): 2223-2236.
- [36] ZHANG Y, SHEN H, HE X, et al. Fertilization shapes bacterial community structure by alteration of soil pH[J]. *Frontiers in microbiology*, 2017, 8: 1325.
- [37] XIE H T, CHEN Z M, FENG X X, et al. L-theanine exuded from *Camellia sinensis* roots regulates element cycling in soil by shaping the rhizosphere microbiome assembly[J]. *Science of the total*

environment, 2022, 837:155801.

## Study on the soil physicochemical characters and bacterial communities of *Robinia pseudoacacia* protection forest in the Yellow River Delta

ZHANG Yong<sup>1</sup>, ZHANG Jun<sup>1</sup>, WANG Jing<sup>2</sup>, JING Wei<sup>1</sup>, ZHANG Xi<sup>3</sup>

(1. Shandong Key Laboratory of Eco-Environmental Science for the Yellow River Delta, Shandong University of Aeronautics, Binzhou 256603, China;

2. Jiangsu Province Land Surveying and Planning Institute, Nanjing 210017, China;

3. College of Modern Agriculture and Environment, Weifang Institute of Technology, Weifang 262500, China)

**Abstract:** To explore the relationship between dieback of *Robinia pseudoacacia* and its rhizosphere soil physicochemical characters and bacterial community structure in the Yellow River Delta, three major *Robinia pseudoacacia* shelter forests (Island, Warhorse Fifth Farm, and Ninth Farm) in Hekou District, Dongying City were selected as study sites. Rhizosphere soil samples from both healthy and dieback *Robinia pseudoacacia* protection forest were collected in five layers for testing. Comparative analysis revealed: Among the physicochemical characters of rhizosphere soil between healthy and dieback *Robinia pseudoacacia*, only pH showed significant differences ( $P=0.015$ ). Bacterial spatial heterogeneity among different soil layers was significant, with unique ASVs (Amplicon Sequence Variants) in each layer accounting for 15%~27%. The abundance of *Ralstonia* and *Pseudomonas* significantly decreased in the rhizosphere soil of dieback *Robinia pseudoacacia*, while the relative abundance of *Nitrospira* increased by approximately 10% in the 60~80 cm soil layer. The  $\beta$  diversity of soil bacterial communities showed significant differences ( $P=0.016$ ). db-RDA indicated that pH was the key environmental factor influencing bacterial community structure. This study reveals that the increase in rhizosphere soil pH causes alterations in bacterial communities, and that the rhizosphere microenvironment triggers the dieback phenomenon, providing a scientific basis for health diagnosis and restoration of *Robinia pseudoacacia* protection forests in the Yellow River Delta.

**Keywords:** the Yellow River Delta; *Robinia pseudoacacia*; protection forest; dieback; rhizosphere soil; bacterial community; high-throughput sequencing

(责任编辑:王新亮)

**引用格式** 张勇,张军,王静,等.黄河三角洲刺槐防护林土壤理化性质和细菌群落研究[J].山东航空学院学报,2025,42(6):116-124.

ZHANG Y,ZHANG J,WANG J,et al. Study on the soil physicochemical characters and bacterial communities of *Robinia pseudoacacia* protection forest in the Yellow River Delta[J]. Journal of Shandong University of Aeronautics,2025,42(6):116-124.