

平茬对小叶锦鸡儿灌丛化草原 土壤微生物群落的影响

郝 广¹ 王小平¹ 丁新峰¹ 董 轲¹ 杨 楠¹ 高韶勃¹ 王金龙² 陈 磊¹
何兴东¹ 赵念席^{1*} 高玉葆¹

(¹南开大学生命科学学院, 天津 300071; ²天津农学院农学与资源环境学院, 天津 300071)

摘 要 为了明确土壤微生物群落组成和结构对草原灌丛平茬处理的响应,并分析土壤微生物群落组成、结构与土壤理化性质及地上部植物群落的关系,本研究以小叶锦鸡儿灌丛化的退化草原为对象,对小叶锦鸡儿灌丛实施平茬处理并设置未平茬对照,处理3个月后,对两种处理条件下灌丛间植物群落的组成和结构及土壤理化性质进行测定,并运用磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acid, PLFA)生物标记法分析两种处理下0~5和15~20 cm土层土壤微生物群落组成和结构。结果显示:(1)与对照相比,平茬样方植物群落地上总生物量有下降趋势,主要表现在褐沙蒿生物量的下降,物种数及Shannon指数显著增加,0~5 cm土壤pH显著降低,而15~20 cm土壤全碳、全氮及碳氮比显著提高;0~5 cm土壤总PLFAs、格兰氏阳性菌(G^+)、格兰氏阴性菌(G^-)、细菌(B)、真菌(F)以及放线菌(Act)PLFAs含量显著增加, G^+/G^- 显著降低。(2)冗余分析结果表明,土壤pH与 G^+ PLFAs含量呈正相关,与 G^- 、F及Act PLFAs含量呈负相关;土壤全氮与 G^+ 、 G^- 、F及Act PLFAs含量均呈正相关;Shannon指数与 G^+ PLFAs含量呈负相关,与 G^- 、F及Act PLFAs含量呈正相关;地上总生物量与 G^- 、F及Act PLFAs含量呈负相关。这些结果表明了土壤微生物群落组成和结构能够对草原灌丛平茬处理引起的地上部植物群落及土壤环境条件的变化快速响应,对土壤健康状况具有指示作用,可为内蒙古灌丛化草原的恢复提供科学指导。

关键词 平茬;小叶锦鸡儿;土壤微生物群落;磷脂脂肪酸

Effects of pruning on soil microbial community in the *Caragana microphylla*-encroached grassland. HAO Guang¹, WANG Xiao-ping¹, DING Xin-feng¹, DONG Ke¹, YANG Nan¹, GAO Shao-bo¹, WANG Jin-long², CHEN Lei¹, HE Xing-dong¹, ZHAO Nian-xi^{1*}, GAO Yu-bao¹ (¹College of Life Science, Nankai University, Tianjin 300071, China; ²College of Agronomy & Resources and Environment, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300071, China)

Abstract: To examine the response of soil microbial community to pruning of encroaching shrub species and explore the relationships between soil microbial community composition/structure and soil physicochemical properties and plant community, we set up treatment of pruning *Caragana microphylla* plots and control plots without pruning in the *C. microphylla*-encroached grassland of Inner Mongolia. Three months later, soil physicochemical properties were measured, composition and structure of plant communities were investigated, and soil microbial community composition and structure at the depths of 0–5 cm and 15–20 cm were analyzed by phospholipid fatty acids (PLFA) method. Compared with control, pruning treatment decreased the total aboveground biomass, with a significant decrease of *Artemisia intramongolica* biomass, while significantly increased species richness and Shannon index. Soil pH was significantly lower at 0–5 cm layer, and soil total carbon content, total nitrogen content, and C/N were significantly higher at 15–20

cm soil layer. The PLFAs contents of total microbes, Gram-positive bacteria (G^+), Gram-negative bacteria (G^-), bacteria (B), fungi (F) and actinomyces (Act) were significantly higher, and G^+/G^- was lower at 0–5 cm layer. Results of redundancy analysis (RDA) showed that soil pH was positively correlated with the PLFAs content of G^+ , and negatively correlated with that of G^- , F and Act. Soil total nitrogen content was positively correlated with PLFA contents of G^+ , G^- , B, F and Act, while Shannon index was negatively correlated with that of G^+ and positively correlated with that of G^- , F and Act. Total aboveground biomass was negatively correlated with the PLFAs contents of G^- , F and Act. These results indicated that soil microbial community composition and structure would respond rapidly to the changes of plant community and soil physico-chemical properties caused by pruning, which could be used as an indicator for soil health and provide guidance for the restoration of shrub-encroached grassland.

Key words: pruning; *Caragana microphylla*; soil microbial community; phospholipid fatty acids (PLFA).

土壤微生物群落结构在反映植物群落动态及生态系统过程中发挥着重要的作用 (Chaparro *et al.*, 2012)。一方面, 土壤微生物群落组成受土壤养分及其地上部植物组成的影响。在英格兰一系列草地类型中, 研究者发现, 土壤 pH 是影响微生物群落组成的重要因素 (de Vries *et al.*, 2012); 在内蒙古干旱和半干旱生态系统中, 微生物群落各组分均随土壤全氮含量的增加而增加 (Chen *et al.*, 2015), 也受植物多样性以及地上群落生物量的影响, 但对植物多样性的响应更敏感 (Milcu *et al.*, 2006)。另一方面, 微生物群落结构特征能够很好地反映其所处生境的特点, 如较低的革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌 (G^+/G^-) 表明环境胁迫程度较低, 较高的饱和脂肪酸/单烯不饱和脂肪酸 (SATFA/MUFA) 表示土壤养分可利用性较低, 而真菌/细菌 (F/B) 越高表明生态系统越稳定、持续 (Högberg *et al.*, 2013; Bragazza *et al.*, 2015)。因此, 及时了解土壤微生物群落组成和结构变化, 以及与地上部植物群落或土壤理化性质之间的关系, 对群落动态的预测及生态系统监测均具有重要的生态学意义 (van der Heijden *et al.*, 2007)。

在过去的几十年中, 全球气候变化和不合理的土地利用 (例如过度放牧) 造成的灌木入侵已成为干旱和半干旱区草原的主要生态问题之一 (Zhou *et al.*, 2017)。内蒙古典型草原作为我国北方重要的生态屏障, 具有重要的经济及生态价值 (Kang *et al.*, 2007)。然而, 由于不合理的利用, 该区域灌木化草地面积已达 $5.1 \times 10^6 \text{ hm}^2$, 占该区域草原面积的 15.8% (Peng *et al.*, 2013)。作为草地管理的主要方式之一, 对灌木平茬可通过抑制灌木生长来促进原生群落草本植物的生长, 进而对植物群落结构及土壤性质产生影响。如对柠条锦鸡儿 (*Caragana kor-*

shinskii) 灌木平茬处理后, 灌木下草地群落的物种丰富度、均匀度以及高度、盖度均较未平茬处理群落有所提高, 灌木间土壤养分、含水量增加, 土壤 pH 值降低 (于文涛, 2016; 周静静等, 2017); 小叶锦鸡儿 (*Caragana microphylla*) 灌木平茬处理与未平茬处理相比, 灌木间草地群落竞争格局减弱, 表现为中性种间关系的物种对比比例增加 (丁新峰等, 2019)。这些影响势必对土壤微生物的组成和结构产生影响。然而, 目前关于小叶锦鸡儿灌木平茬处理如何影响灌木化草原地下部微生物群落的组成和结构, 以及这些影响与地上部植物群落和土壤理化性质的关系很少被关注 (张强, 2011), 从而限制了我们对该区域小叶锦鸡儿灌木平茬的生态效应的合理评估。

本研究在内蒙古锡林郭勒盟正蓝旗选择一处小叶锦鸡儿灌木化草地, 并选择地形、坡度以及小叶锦鸡儿灌木丛盖度相对一致的区域, 实施平茬处理并设置未平茬作为对照, 分析小叶锦鸡儿平茬与否对灌木丛间地下部微生物群落的影响。基于已有研究结果, 相对于未平茬处理, 对小叶锦鸡儿实施平茬处理, 可提高其邻居草本群落的养分, 降低土壤 pH, 提高地上部群落的物种多样性等 (于文涛, 2016; 丁新峰等, 2019), 本研究就平茬处理与未平茬对照处理下地下部土壤微生物组成和结构特征, 提出如下假设: 与对照处理相比, 小叶锦鸡儿灌木平茬 (1) 可提高灌木丛间草本群落地下部微生物的 PLFAs 含量; (2) 可降低微生物群落 G^+/G^- 、SATFA/MUFA, 即可改善土壤营养状况。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究区概况

研究地点位于内蒙古自治区锡林郭勒盟正蓝旗

以北40 km一处小叶锦鸡儿灌丛化草地样地内(42°26'N, 116°00'E, 海拔1350 m)。该区域属典型中温带半干旱大陆性气候, 年平均气温1.5℃, 最低月(1月)平均气温-21℃, 最高月(7月)平均气温24.3℃, 年平均降水350 mm左右, 多集中在6—8月, 年蒸发量1950 mm, 年平均日照时数约为3050 h, 无霜期110 d左右。该样地原生植被以多年生禾草为主, 近几十年, 由于过度放牧干扰, 小叶锦鸡儿种群得以迅速扩张, 形成了以小叶锦鸡儿占优势的斑块状景观。目前, 小叶锦鸡儿在群落中的盖度约60%, 灌丛冠幅(3.26±0.15) m, 最大冠幅可达8.5 m。

1.2 平茬处理

在研究样地内, 选择地形、坡度以及小叶锦鸡儿灌丛盖度相对一致的区域, 设置9个50 m×50 m样区, 样区分布见丁新峰等(2019)。于2017年5月24日, 采用割灌机(东御动力230, Germany)对其中6个样区中小叶锦鸡儿灌丛进行平茬, 留茬高度7 cm, 割下部分随机散落在原地; 另外3个样区作为对照, 未进行任何处理。

1.3 群落调查及土壤采集

2017年8月10日, 在各个样区内(3个对照和6个平茬处理)选定与平均冠幅接近的1株小叶锦鸡儿灌丛, 并设置取样位置处理, 即在灌丛边缘同一方向不同距离(0.5、2.5 m处)分别设置0.5 m×0.5 m样方, 统计样方内所有物种及其密度, 并将样方内植物齐地面剪下, 以种为单位分别装袋, 105℃杀青2 h, 65℃烘干至恒重, 测定地上部生物量。同时按照五点法, 利用内径20 mm的土钻分别采集各样方内0~5 cm以及15~20 cm土壤样品。每份土壤样品分为两部分, 一部分保存于-80℃冰箱内, 用于土壤微生物的测定; 另一部分, 风干后过筛用于土壤理化性质的测定。

1.4 测定方法

1.4.1 土壤理化性质的测定 土壤全碳和全氮含量利用元素分析仪 vario EL cube (Elementer, Germany)测定, 并计算土壤C/N; 土壤pH利用STARTER 3100 pH计测定, 水土比为2.5:1。

1.4.2 土壤微生物的测定 采用磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acid, PLFA)温和甲酯化法(Zelles, 1999)和气质联用色谱分析仪(Agilent 7890GC, 5975MSD)进行土壤微生物生物标记分离。依据已有文献对含量高于1%的PLFAs按细菌(B)、格兰氏阳性菌(G⁺)、格兰氏阴性菌(G⁻)、真菌

(F)、放线菌(Act)类群进行鉴定, 按饱和脂肪酸(saturated fatty acid, SATFA)和单烯不饱和脂肪酸(monounsaturated fatty acid, MUFA)进行类型划分; 并计算微生物G⁺/G⁻, F/B, SATFA/MUFA(van der Heijden *et al.*, 2007; Hu *et al.*, 2014; Chen *et al.*, 2015; Zhou *et al.*, 2015; Chang *et al.*, 2017; Zhou *et al.*, 2017)。

1.5 数据分析

1.5.1 PLFA含量计算

$$PLFA (\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1} \text{DW}) = (PPLFA \times S \times V) / (POSTD \times D \times R \times W \times M)$$

式中, PPLFA和POSTD分别是样品和标准物质的峰值面积, S为内标标准物质的浓度(ng·μL⁻¹), D为稀释倍数, R为分取倍数, V为样品的测定体积(μL), W为土壤干重(g DW), M为对应的PLFA的相对分子质量。

1.5.2 植物群落多样性计算 (1) Margalef丰富度指数(Ma): $Ma = (S-1)/\ln N$

(2) Shannon指数(H):

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \ln P_i$$

(3) Pielou均匀度指数(J_e):

$$J_e = H/\ln S$$

式中, S为群落中植物物种数量, N为群落中全部植物物种的总密度, P_i为第i个植物物种在群落中的相对密度, 即N_i/N, N_i为第i个植物物种在群落中的密度。

1.5.3 统计分析 首先, 采用双因素方差分析(SPSS 22.0)来检测平茬处理、取样位置对地上部植物群落、土壤理化性质及微生物群落各个观测指标的影响, 结果发现取样位置、取样位置与平茬处理交互作用对各观测指标均无显著影响, 因此, 采用独立样本t检验来分析平茬与对照处理间各个观测指标平均值的差异显著性; 其次, 利用冗余分析(redundancy analysis, RDA)对土壤微生物特征与环境因子间的关系进行分析(Canoco for Windows 4.5)。

2 结果与分析

2.1 平茬处理对植物群落组成及结构的影响

相对于对照处理, 平茬处理样区内植物群落Shannon指数显著增加, Margalef丰富度指数、Pielou均匀度指数无显著变化(表1); 群落内物种数有所增加, 新增物种包括多年生禾草华灰早熟禾、羊草以

表 1 不同处理条件下植物群落多样性指数
Table 1 Community diversity indices under different treatments

处理	Margalef 丰富度指数	Shannon 指数	Pielou 均匀度指数
对照	0.89±0.10	1.01±0.07	0.80±0.04
平茬	0.99±0.07	1.29±0.04 *	0.89±0.02

* 表示该平均值与对照平均值在 0.05 水平下显著差异。

表 2 不同处理条件下植物群落的组成及生物量
Table 2 Plant community composition and biomass under different treatments

植物 功能群	物种	生物量(g · m ⁻²)	
		对照	平茬
多年生 禾草	冰草	59.43±41.61	42.82±18.02
	<i>Agropyron cristatum</i>		
	糙隐子草	0.17±0.17	1.89±0.78
	<i>Cleistogenes squarrosa</i>		
	华灰早熟禾	-	2.86±1.85
	<i>Poa sinoglauca</i>		
多年生 杂类草	羊草	-	0.55±0.55
	<i>Leymus chinensis</i>		
	黄囊苔草	0.80±0.78	0.21±0.12
	<i>Carex korshinskyi</i>		
	地梢瓜	0.66±0.43	0.03±0.02
	<i>Cynanchum thesioides</i>		
半灌木	扁蓿豆	1.72±1.37	0.59±0.40
	<i>Melissilus ruthenicus</i>		
	野葱	-	0.01±0.01
	<i>Allium chrysanthum</i>		
	冷蒿	6.03±4.46	1.49±0.70
	<i>Artemisia frigida</i>		
一二年 生草本	褐沙蒿	38.94±24.89	0.06±0.05
	<i>Artemisia intramongolica</i>		
	黄蒿	23.66±14.92	25.67±9.75
	<i>Artemisia scoparia</i>		
总生物量		131.42±32.36	78.34±20.31

及多年生杂类草野葱;但植物群落生物量有下降趋势,主要是褐沙蒿生物量的显著下降(表 2)。

表 3 不同处理条件下土壤理化性质的独立样本 t 检验结果
Table 3 Results of independent samples t test for the soil physicochemical properties between treatments

变量	深度 0~5 cm			深度 15~20 cm		
	对照	平茬	P 值	对照	平茬	P 值
土壤全碳(g · kg ⁻¹)	6.17±2.27	6.27±0.22	0.967	1.52±0.10	4.79±0.76	0.001
土壤全氮(g · kg ⁻¹)	0.72±0.22	0.74±0.04	0.929	0.23±0.02	0.54±0.07	0.008
碳氮比	8.37±0.36	8.49±0.21	0.755	6.66±0.40	8.68±0.24	<0.001
土壤 pH	7.01±0.03	6.85±0.04	0.008	7.34±0.15	7.29±0.08	0.787

数据为平均值±标准误。

表 4 不同处理条件下土壤微生物群落结构特征
Table 4 Characteristics of microbial community structure under different treatments

	深度 0~5 cm		深度 15~20 cm	
	对照	平茬	对照	平茬
革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌 G ⁺ /G ⁻	3.94±0.13	2.99±0.20 *	4.04±0.27	3.97±0.18
真菌/细菌 F/B	0.27±0.01	0.25±0.01	0.23±0.04	0.21±0.02
饱和脂肪酸/单一不饱和脂肪酸 SATFA/MUFA	2.15±0.07	1.98±0.10	2.97±0.45	2.85±0.19

数据为平均值±标准误。* 表示该平均值与对照平均值在 0.05 水平下显著差异。

2.2 平茬处理对不同深度土壤理化性质的影响

不同深度的土壤理化性质对平茬处理的响应不同。其中,0~5 cm 层土壤全碳、全氮以及碳氮比在平茬与对照处理间均无显著差异,土壤 pH 值在平茬处理组显著低于对照组;15~20 cm 土壤中全碳、全氮以及碳氮比在平茬处理组均显著高于对照组($P<0.01$)(表 3)。

2.3 平茬处理对土壤微生物组成及结构的影响

在所有土壤样品中,含量大于 1% 的 PLFAs 共有 19 种,主要集中在 C₁₄~C₁₉ 范围内,占总含量的 87.6%。与对照相比,在 0~5 cm 层土壤总(Total) PLFAs、细菌(B) PLFAs、真菌(F) PLFAs、革兰氏阳性(G⁺) PLFAs、革兰氏阴性(G⁻) PLFAs 以及放线菌(Act) PLFAs 的含量在平茬处理条件下均显著增加($P<0.05$);而在 15~20 cm 土壤层,仅 Act PLFAs 的含量在平茬处理条件下显著增加($P<0.05$)(图 1)。对于微生物群落结构,仅土壤 0~5 cm 处 G⁺/G⁻在两种处理间差异显著,表现为平茬处理条件下显著低于对照处理($P<0.01$);F/B 及 SATFA/MUFA 在两种处理间均无显著差异(表 4)。

革兰氏阳性菌和真菌的相对含量在土壤微生物中占比较高。与对照相比,平茬处理后革兰氏阳性菌的相对丰度在 0~5 cm 土壤层有下降趋势,在 15~20 cm 层有上升趋势;革兰氏阴性菌的相对丰度在 0~5 与 15~20 cm 层均高于对照,且在 0~5 cm 层差异显著($P<0.05$);真菌的相对丰度在 0~5 与 15~20 cm 层均呈现下降趋势;放线菌则均表现为上升趋势(图 2)。

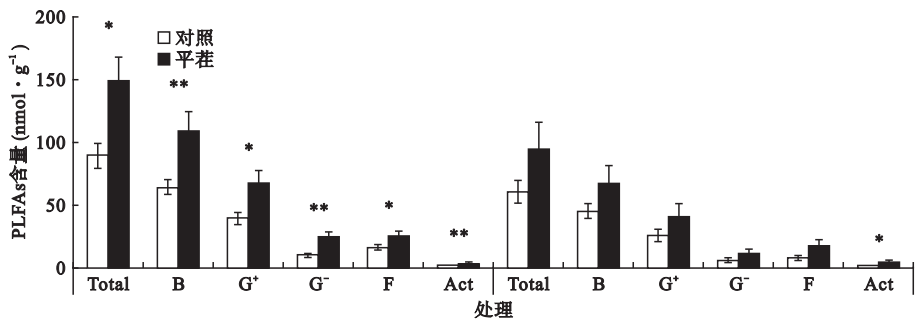


图 1 不同处理条件下土壤总磷脂脂肪酸 (Total)、细菌 (B)、真菌 (F)、革兰氏阳性菌 (G⁺)、革兰氏阴性菌 (G⁻) 和放线菌 (Act) 含量

Fig.1 Contents of PLFAs for total, bacteria (B), Gram-positive (G⁺), Gram-negative (G⁻), fungi (F) and actinomyces (Act) in soil under different treatments

* ,*P*<0.05; * * ,*P*<0.01。

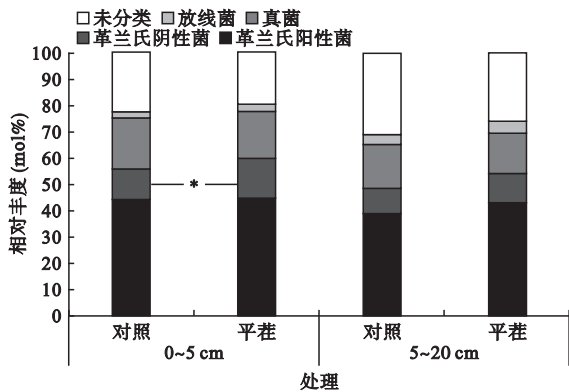


图 2 不同处理条件下微生物类群的相对丰度 (mol%)

Fig.2 Relative abundance (mol%) of microbial taxonomic groups under different treatments

2.4 微生物群落组成和结构变化的驱动因素

冗余分析结果表明,土壤理化性质、地上植物群落组成和结构在第一轴解释了微生物群落组成和结构总变异的 47.8%,在第二轴解释了总变异的 24.8%,表明环境因子对微生物群落组成和结构具有显著影响。其中,土壤 pH、土壤全氮分别解释了总变异的 25%和 9%,两个因子均与 G⁺呈正相关关系,与 G⁻、F 和 Act 呈负相关关系;Shannon 指数解释了总变异的 10%,其与 G⁺呈负相关关系,与 G⁻、F 和 Act 呈正相关关系;地上总生物量解释了总变异的 8%,其与 G⁻、F 和 Act 呈负相关关系(图 3,表 5)。

表 5 解释土壤微生物组成和结构总变异的主要环境因子
Table 5 Main environmental factors contributing to variation of soil microbial composition and structure

环境因子	对总变异的贡献 (%)
土壤 pH	25
Shannon 指数	10
土壤全氮	9
地上总生物量	8

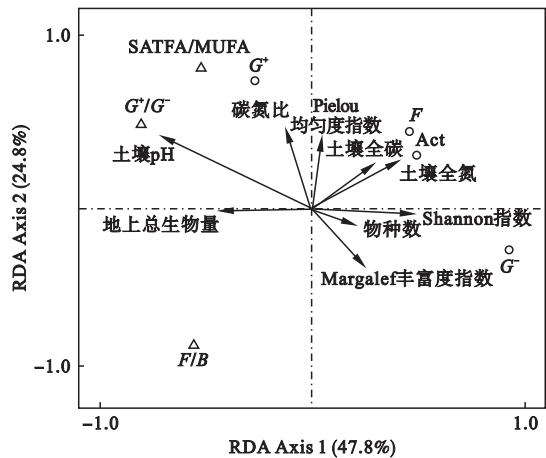


图 3 土壤微生物群落特征与环境因子的冗余分析

Fig.3 Relationships between soil microbial community characteristics and environmental factors by redundancy analysis (RDA)

3 讨论

土壤微生物在土壤形成、生态系统生物地球化学循环等方面发挥着重要作用(Delgado-Baquerizo *et al.*, 2016)。在小叶锦鸡儿平茬处理条件下,土壤总 PLFAs 及各类群(G⁺、G⁻、F 及 Act) PLFAs 含量均高于对照(图 1),微生物群落对平茬处理的响应同时受到地上部植物群落特征和土壤理化性质的影响。首先,平茬处理后,半灌木褐沙蒿生物量急剧下降(下降 99.8%),而生长较慢的多年生禾草占据其空余生态位,群落多样性增加,这可为微生物的生长提供更多样的生长环境,增加微生物的多样性(Ushio *et al.*, 2013; Eisenhauer, 2016)。本研究发现,Shannon 指数与 G⁻、F 和 Act 呈正相关关系。相似的结果在其他研究也有发现,如 Milcu 等(2006)在人工控制条件下研究了土壤微生物对地上植物物种及

功能群多样性的响应,发现微生物群落对地上植物多样性的响应比对生物量的响应更敏感。这主要归因于植物多样性的增加使得植物凋落物和根系分泌物的生化组成增加,从而提高了进入分解系统的资源的质量,这不仅有利于提高土壤微生物的多样性,改变微生物的群落组成和结构,而且还会影响微生物的活性,如土壤微生物生物量、呼吸等 (Milcu *et al.*, 2006; Nilsson *et al.*, 2008)。其次,小叶锦鸡儿灌丛平茬处理后,草本植物增加,将减少植物蒸腾作用,增加根系蓄水能力,使得土壤含水量增加,从而使得土壤 pH 下降,在干旱半干旱草原区主要表现为 pH 从碱性向中性移动 (于文涛, 2016)。基于 RDA 结果,土壤 pH 能解释微生物群落组成和结构总变异的 25%,且与多个指标间表现为负相关关系,即 pH 的降低 (趋向中性) 有利于微生物的生长 (表 3)。土壤 pH 在决定土壤微生物群落组成中起主导作用在很多研究中都有发现 (Acosta-Martínez *et al.*, 2000; Högborg *et al.*, 2007), 如 Acosta-Martínez 等 (2000) 在研究北美农业生态系统时发现,较高 (偏碱性) 的土壤 pH 能降低土壤微生物生物量。土壤 pH 可反映多种化学反应的累积效应 (Lauber *et al.*, 2008), 如 pH 的降低会促进碱解氮、速效磷、速效钾等物质形成 (刘娜娜等, 2014); 提高土壤各类养分含量 (于文涛, 2016); 土壤 pH 能够改变许多化合物的溶解度,改善植物的根系以及提高土壤酶活性 (Acosta-Martínez *et al.*, 2000), 因此,其对微生物的影响也是多方面的。另外, RDA 结果显示土壤全氮能解释微生物群落总变异的 9%, 且土壤全氮含量与土壤微生物 PLFAs 含量呈正相关关系 (图 3, 表 5), 与已有研究结果一致 (Mitchell *et al.*, 2012)。

微生物群落结构能够很好地反映土壤环境的胁迫程度、资源可利用性 (Zelles *et al.*, 1995; Djukic *et al.*, 2013)。SATFA/MUFA 可反映微生物在应对环境胁迫下的适应策略,经常被用来作为土壤养分可利用性的重要指示 (Zelles *et al.*, 1995)。其中 SATFA/MUFA > 1 表示土壤养分的可利用率较低 (Carrasco *et al.*, 2010), 与 1 偏离越远则土壤养分可利用率越低。本实验研究区 SATFA/MUFA 均高于 1, 范围在 1.98 ~ 2.97, 表明该生态系统中土壤养分的可利用率非常低。与对照相比,平茬处理条件下,灌丛间 0 ~ 5、15 ~ 20 cm 土壤层 SATFA/MUFA 存在下降趋势,表明平茬处理后生境环境胁迫程度降低,土壤养分的可利用率增加,这与小叶锦鸡儿灌丛平

茬后,截留作用减弱,资源岛内表层土壤向四周扩散有关。另外,有研究表明, G^- 更倾向于将植物枯落物、植物根以及真菌分泌物作为碳源,即适应资源相对丰富的环境 (Manzoni *et al.*, 2012), 在营养较丰富的环境中, G^- 比 G^+ 生长更迅速 (Djukic *et al.*, 2013)。本研究发现,平茬处理后,0 ~ 5 cm 土层中 G^- 的相对含量显著增加而 G^+ 的相对含量显著降低,为平茬处理能改善土壤环境提供了直接证据。此外, RDA 结果显示土壤理化性质与 G^+/G^- 、SATFA/MUFA 相关性显著,表明即使短期处理导致的土壤环境波动, G^+/G^- 、SATFA/MUFA 也能快速做出反应。以上结果为 G^+/G^- 、SATFA/MUFA 能对短期环境变化迅速响应提供了实验证据。

4 结 论

灌丛间土壤微生物 PLFAs 含量在小叶锦鸡儿灌丛平茬后显著增加,同时微生物群落组成和结构能够对平茬处理引起的地上部植物群落及土壤环境条件的变化进行快速响应,对土壤环境的胁迫程度、资源可利用性具有指示作用,这些结果人为干扰可加速小叶锦鸡儿灌丛化草原向典型草原恢复提供了实验证据。

参考文献

- 丁新峰, 郝 广, 董 轲, 等. 2019. 平茬处理对小叶锦鸡儿灌丛邻居植物群落空间格局的影响. 生态学报, **39**(11): 4011–4020.
- 刘娜娜, 田秋英, 张文浩. 2014. 内蒙古典型草原优势种冷蒿和克氏针茅对土壤低磷环境适应策略的比较. 植物生态学报, **38**(9): 905–915.
- 于文涛. 2016. 平茬措施对柠条生理特征及土壤理化性质的影响 (硕士学位论文). 杨凌: 西北农林科技大学.
- 张 强. 2011. 晋西北小叶锦鸡儿 (*Caragana microphylla*) 人工灌丛营养特征与土壤肥力状况研究 (硕士学位论文). 太原: 山西大学.
- 周静静, 马红彬, 周 瑶, 等. 2017. 荒漠草原不同带间距人工柠条林平茬对林间生境的影响. 草业学报, **26**(5): 40–50.
- Acosta-Martínez V, Tabatabai MA. 2000. Enzyme activities in a limed agricultural soil. *Biology and Fertility of Soils*, **31**: 85–91.
- Bragazza L, Bardgett RD, Mitchell EA, *et al.* 2015. Linking soil microbial communities to vascular plant abundance along a climate gradient. *New Phytologist*, **205**: 1175–1182.
- Carrasco L, Gatteringer A, Fließbach A, *et al.* 2010. Estimation by PLFA of microbial community structure associated with the rhizosphere of *Lygeum spartum* and *Piptatherum milia-*

- ceum* growing in semiarid mine tailings. *Microbial Ecology*, **60**: 265–271.
- Chang C, Wu F, Yang W, *et al.* 2017. The microbial community in decaying fallen logs varies with critical period in an alpine forest. *PLoS ONE*, **12**: e0182576.
- Chaparro JM, Shefflin AM, Manter DK, *et al.* 2012. Manipulating the soil microbiome to increase soil health and plant fertility. *Biology and Fertility of Soils*, **48**: 489–499.
- Chen D, Mi J, Chu P, *et al.* 2015. Patterns and drivers of soil microbial communities along a precipitation gradient on the Mongolian Plateau. *Landscape Ecology*, **30**: 1669–1682.
- de Vries FT, Manning P, Tallwin JRB, *et al.* 2012. Abiotic drivers and plant traits explain landscape-scale patterns in soil microbial communities. *Ecology Letters*, **15**: 1230–1239.
- Delgado-Baquerizo M, Maestre FT, Reich PB, *et al.* 2016. Carbon content and climate variability drive global soil bacterial diversity patterns. *Ecological Monographs*, **86**: 373–390.
- Djukic I, Zehetner F, Watzinger A, *et al.* 2013. In situ carbon turnover dynamics and the role of soil microorganisms therein: A climate warming study in an alpine ecosystem. *FEMS Microbiology Ecology*, **83**: 112–124.
- Eisenhauer N. 2016. Plant diversity effects on soil microorganisms: Spatial and temporal heterogeneity of plant inputs increase soil biodiversity. *Pedobiologia*, **59**: 175–177.
- Högberg MN, Högberg P, Myrold DD. 2007. Is microbial community composition in boreal forest soils determined by pH, C-to-N ratio, the trees, or all three? *Oecologia*, **150**: 590–601.
- Högberg MN, Högbom L, Kleja DB. 2013. Soil microbial community indices as predictors of soil solution chemistry and N leaching in *Picea abies* (L.) Karst. forests in S. Sweden. *Plant and Soil*, **372**: 507–522.
- Hu Y, Xiang D, Veresoglou SD, *et al.* 2014. Soil organic carbon and soil structure are driving microbial abundance and community composition across the arid and semi-arid grasslands in northern China. *Soil Biology and Biochemistry*, **77**: 51–57.
- Kang L, Han X, Zhang Z, *et al.* 2007. Grassland ecosystems in China: Review of current knowledge and research advancement. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, **362**: 997–1008.
- Laubert CL, Strickland MS, Bradford MA, *et al.* 2008. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types. *Soil Biology and Biochemistry*, **40**: 2407–2415.
- Manzoni S, Taylor P, Richter A, *et al.* 2012. Environmental and stoichiometric controls on microbial carbon-use efficiency in soils. *New Phytologist*, **196**: 79–91.
- Milcu A, Partsch S, Langel R. 2006. The response of decomposers (earthworms, springtails and microorganisms) to variations in species and functional group diversity of plants. *Oikos*, **112**: 513–524.
- Mitchell RJ, Hester AJ, Campbell CD, *et al.* 2012. Explaining the variation in the soil microbial community: Do vegetation composition and soil chemistry explain the same or different parts of the microbial variation? *Plant and Soil*, **351**: 355–362.
- Nilsson MC, Wardle DA, Deluca TH. 2008. Belowground and aboveground consequences of interactions between live plant species mixtures and dead organic substrate mixtures. *Oikos*, **117**: 439–449.
- Peng H, Li X, Li G, *et al.* 2013. Shrub encroachment with increasing anthropogenic disturbance in the semiarid Inner Mongolian grasslands of China. *Catena*, **109**: 39–48.
- Ushio M, Balser TC, Kitayama K. 2013. Effects of condensed tannins in conifer leaves on the composition and activity of the soil microbial community in a tropical montane forest. *Plant and Soil*, **365**: 157–170.
- van der Heijden MG, Bardgett RD, van Straalen NM. 2007. The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, **11**: 296–310.
- Zelles L, Bai QY, Rackwitz R, *et al.* 1995. Determination of phospholipid- and lipopolysaccharide-derived fatty acids as an estimate of microbial biomass and community structures in soils. *Biology and Fertility of Soils*, **19**: 115–123.
- Zelles L. 1999. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: A review. *Biology and Fertility of Soils*, **29**: 111–129.
- Zhou L, Li H, Shen H, *et al.* 2017. Shrub-encroachment induced alterations in input chemistry and soil microbial community affect topsoil organic carbon in an Inner Mongolian grassland. *Biogeochemistry*, **136**: 311–324.
- Zhou Y, Clark M, Su J, *et al.* 2015. Litter decomposition and soil microbial community composition in three Korean pine (*Pinus koraiensis*) forests along an altitudinal gradient. *Plant and Soil*, **386**: 171–183.

作者简介 郝 广,男,1994年生,硕士研究生,主要从事草原生态学研究,已发表论文3篇。E-mail: haoguang_imu@163.com

责任编辑 魏中青