

DOI:10.11686/cyxb2024071

http://cyxb.magtech.com.cn

阿斯太肯·居力海提, 孙宗玖, 于冰洁, 等. 封育对蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用特征的影响. 草业学报, 2025, 34(1): 29-40.

ASITAIKEN·Juli Haiti, SUN Zong-jiu, YU Bing-jie, et al. Effects of enclosure on soil microbial carbon source utilization characteristics of sagebrush desert grassland. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(1): 29-40.

封育对蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用特征的影响

阿斯太肯·居力海提¹, 孙宗玖^{1,2,3*}, 于冰洁¹, 迪达尔·比苏力旦¹, 李美莎¹, 敬一胜¹

(1. 新疆农业大学草业学院, 新疆 乌鲁木齐 830052; 2. 新疆草地资源与生态自治区重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830052; 3. 西部干旱荒漠区草地资源与生态教育部重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830052)

摘要:为探究蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用特征对封育的响应规律,以新疆昌吉回族自治州呼图壁县和玛纳斯县蒿类荒漠草地为对象,采取野外实地调查及室内分析相结合的方法,对封育内外土壤微生物碳源利用特征进行测定,并结合植被特征、土壤理化性质对其驱动因素进行分析。结果表明:1)封育后蒿类荒漠草地地上生物量及凋落物生物量分别显著增加142.53%~250.05%和135.68%~259.84% ($P < 0.05$), 0~10 cm、30~50 cm 土层土壤有机碳、全氮和全磷含量分别增加4.88%~35.33%、10.48%~46.58%和4.48%~21.88%,其中全氮和全磷含量部分变化显著 ($P < 0.05$); 2)封育后蒿类荒漠草地土壤微生物群落对6类碳源利用程度均明显增加,且两个土层表现一致 ($P > 0.05$); 3)封育后微生物群落功能多样性除呼图壁样地0~10 cm 土层外,其余土层 McIntosh 指数和 Shannon-Wiener 指数分别增加14.72%~47.01%和36.29%~74.76%,而 Simpson 指数降低1.09%~7.53% ($P > 0.05$)。封育提高了蒿类荒漠草地微生物多样性; 4)通过冗余分析,发现封育下蒿类荒漠草地0~10 cm 土层微生物碳源主要驱动因子为土壤有机碳和凋落物,而30~50 cm 土层则为土壤全磷和地上生物量。综上所述,封育加强了蒿类荒漠草地土壤微生物的代谢活性,推动了蒿类荒漠草地生态系统的养分循环和转化(有机碳、全氮和全磷),提高了蒿类荒漠草地微生物多样性,促进了蒿类荒漠退化草地的恢复。

关键词:封育; 蒿类荒漠草地; 碳源代谢活性; 微生物碳源多样性; Biolog-ECO 法

Effects of enclosure on soil microbial carbon source utilization characteristics of sagebrush desert grassland

ASITAIKEN·Juli Haiti¹, SUN Zong-jiu^{1,2,3*}, YU Bing-jie¹, DIDAER·Bisulidan¹, LI Mei-sha¹, JING Yi-sheng¹

1. College of Grassland Science, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China; 2. Xinjiang Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology, Urumqi 830052, China; 3. Key Laboratory of Grassland Resources and Ecology of Western Arid Region, Ministry of Education, Urumqi 830052, China

Abstract: This study was conducted in Hutubi and Manas Counties of Changji Hui Autonomous Prefecture in Xinjiang Uygur Autonomous Region, and investigated how soil microbial carbon source utilization patterns in sagebrush desert grassland changed in response to fencing enclosure. Field investigation and laboratory analyses were combined to measure and analyze the characteristics of soil microbial carbon source utilization both inside and outside the enclosure. Factors driving responses were examined based on vegetation characteristics and physicochemical properties of the soil. The results showed: 1) After fencing enclosure, the aboveground biomass (AGB) and

收稿日期: 2024-03-05; 改回日期: 2024-04-17

基金项目: 新疆维吾尔自治区重点实验室开放课题(2022D04003), 国家自然科学基金项目(32060408)和高校基本科研业务费(XJEDU2022J006)资助。

作者简介: 阿斯太肯·居力海提(1997-), 男, 维吾尔族, 新疆伊犁人, 在读博士。E-mail: astekin77@163.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: nmszj@21cn.com

litter biomass (LB) of sagebrush desert grassland were significantly increased by 142.53%–250.05% and 135.68%–259.84% ($P<0.05$), respectively. The contents of soil organic carbon (SOC), total nitrogen (TN) and total phosphorus (TP) in 0–10 cm and 30–50 cm soil layers were increased by 4.88%–35.33%, 10.48%–46.58% and 4.48%–21.88%, respectively, and the contents of total nitrogen and total phosphorus also showed significant changes ($P<0.05$). 2) The utilization by soil microbial communities of six categories of carbon source increased significantly after enclosure, and the behavior of surface and deeper soil layers was consistent ($P>0.05$). 3) After enclosure, the McIntosh index and Shannon–Wiener index increased by 14.72%–47.01% and 36.29%–74.76%, respectively, while the Simpson index decreased by 1.09%–7.53% ($P>0.05$), except in the 0–10 cm soil horizon in Hutubi County. Enclosure improved the microbial diversity of sagebrush desert grassland. 4) Through redundancy analysis, it was found that the main driving factors of microbial carbon source in the 0–10 cm soil layer were SOC and litter biomass, while the driving factors in the 30–50 cm soil layer were soil TP and aboveground biomass. In conclusion, the enclosure by fencing in sagebrush desert grassland was found to enhance the metabolic activity of soil microorganisms, thereby fostering nutrient cycling and transformation within the ecosystem, specifically in terms of SOC, TN and TP. Furthermore, this practice led to an improvement in microbial diversity, ultimately promoting the restoration of degraded grassland and enhancing the overall health and resilience of the sagebrush desert grassland ecosystem.

Key words: enclosure; sagebrush desert grassland; metabolic activity of carbon sources; microbial carbon source diversity; Biolog-ECO

土壤微生物作为表征土壤质量变化和生物活性的关键指标之一,对环境的变化十分敏感,已被公认为是土壤生态系统变动的重要预警指标^[1–3]。微生物主要通过对动植物残体的分解,参与整个草地生态系统的物质循环和能量流动,并在维持生态系统平衡、土壤质量,促进养分循环和改善土壤结构等方面,扮演着极其重要的角色^[3]。土壤微生物作为碳代谢过程的主要参与者,是不同种类碳源降解的驱动力,其群落构成和代谢活性不仅影响土壤生物地球化学循环与草地生态系统功能,更在全球碳循环和土壤有机碳稳定性方面发挥重要调节作用^[4]。因此土壤微生物碳源代谢活性研究被视为定量描述土壤环境微生物群落变化特征的关键指标之一,是探究生态恢复背景下碳循环过程的重要依据。与此同时,土壤深度是土壤性质的生态过滤器,土层深度的差异也影响着土壤微生物群落的组成、多样性及分布格局^[5],而目前关于土壤微生物的研究多集中在表层^[6–8],深层土壤研究相对较为滞后,因此探索不同深度土层微生物群落特征对于科学管理和恢复草地生态系统具有重要的意义。

蒿类荒漠草地是新疆维吾尔自治区重要的春秋牧场,因植物产草量高、适口性好、耐牧性强等特点被视为新疆发展畜牧业的基础^[9–10]。但由于气候的极端干旱和草地生态环境的脆弱,加之人为干扰等因素导致蒿类荒漠草地处于严重退化状态。为了遏制草地退化的趋势,封育作为恢复退化草地最为经济有效的措施被广泛利用^[11–12]。目前针对封育对退化草地的恢复效果,国内外学者做了大量研究,大多集中在封育后退化草地的植物群落特征、土壤养分和微生物群落结构、多样性等方面^[13–20]。但关于土壤微生物碳源代谢对封育的响应和影响因素少见报道,亟待研究。基于此,本研究以位于天山北坡中段的呼图壁及玛纳斯县封育8年的蒿类荒漠草地为对象,通过测定分析封育内外草地植被生物量、0~10 cm及30~50 cm土层土壤理化性质及微生物碳源利用特征,拟解决:1)不同土层微生物代谢活性和功能多样性对封育的响应规律;2)封育背景下蒿类荒漠草地不同土层微生物碳源利用特征的影响因素,以期为蒿类荒漠草地的科学经营管理和生态系统的恢复及重建提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于新疆天山北坡中段昌吉回族自治州呼图壁县和玛纳斯县,均属典型大陆性干旱气候。呼图壁县

试验区位于43°58' N, 86°32' E, 海拔978 m, 年均降水量225 mm, 年均温6.79 °C, 年蒸发量2000 mm左右, 其草地类型为温性蒿类荒漠草地; 玛纳斯县试验区位于44°02' N, 86°07' E, 海拔904 m, 年均降水量172 mm, 年均温8.18 °C, 年蒸发量2000 mm左右, 其草地类型同为温性蒿类荒漠草地。两个试验区土壤类型均为灰漠土, 建群种为伊犁绢蒿(*Seriphidium transiliense*), 主要优势植物为叉毛蓬(*Petrosimonia sibirica*)、木地肤(*Kochia prostrata*)、角果藜(*Ceratocarpus arenarius*)等。

1.2 试验设计

在呼图壁县(Hutubi County, HTB)和玛纳斯县(Manas County, MNS)分别布置一个典型蒿类荒漠草地试验点, 每个试验点均设置2个处理即封育区(grazing exclusion plots, GE)和自由放牧对照区(freely grazing plots, FG)。封育区于2015年6月采用网围栏进行建设, 杜绝家畜的采食, 对照区位于封育区外围的自由放牧区。封育前, 围栏样地与对照样地在植被组成、群落特征及地形地貌上基本一致。截至2023年7月, 封育样地已围封8年。

1.3 野外调查及取样

2023年7月, 在每个封育处理区及对照区各设置4个典型样线, 样线间隔为50 m, 每个样线上布置5个1 m × 1 m的样方, 样方间距约为20 m。测定时, 记录各样方中的物种种类, 其中, 植物地上生物量(aboveground biomass, AGB, g·m⁻²)采用齐地刈割法, 同时测定地上凋落物生物量(litter biomass, LB, g·m⁻²), 均带回室内烘干(80 °C, 24 h)至恒重。地下生物量(belowground biomass, BGB, g·m⁻²)的测定, 每条样线上随机选择1个测定地上生物量及凋落物的样方, 布设面积为10 cm × 20 cm的小样方, 采用土块挖掘法, 获取0~10 cm和30~50 cm的土样, 置于做好标签的尼龙袋(孔径为0.5 mm)中, 带回室内, 采用水洗法获得地下生物量(80 °C, 24 h)^[20]。

土壤样品的收集, 采用5点取样法^[20]用直径为5 cm的土钻在测定草地群落生物量的样方内按土层0~10 cm和30~50 cm分层取样, 同时采用环刀法^[18](环刀体积为100 cm³)获取土壤容重及土壤含水量样品, 并将每条样线分别均匀混匀后, 放入密封袋中, 带回实验室。将其中一部分置于-20 °C冰箱冷藏保存, 用于测定土壤微生物代谢活性, 剩余部分在室内拣出植物根系、石砾等杂物后自然风干, 并将土样磨碎、混匀, 然后分别过2、1和0.25 mm筛贮存以备土壤样品的室内分析。

1.4 室内分析

采集后的土壤样品, 测定其理化性质, 依次为: 土壤含水量(soil water content, SWC)采用105 °C, 24 h烘干称重法^[18]测定; 土壤容重(bulk density, BD)采用环刀法^[18]测定; 土壤酸碱度(pondus hydrogenii, pH)使用pH计(雷磁pHS-2F酸度计, 中国)法(水土比为5:1)^[18]测定。土壤有机碳(soil organic carbon, SOC)、全氮(total nitrogen, TN)和全磷(total phosphorus, TP)含量依次采用重铬酸钾外加热法、凯式定氮仪(海能技术k9860, 中国)、HClO₄-H₂SO₄熔融-钼锑抗比色法进行测定^[21]。

土壤微生物代谢活性采用Biolog-ECO法测定^[22], 称取10 g新鲜的样品土壤, 置于已灭菌的装90 mL 0.85% NaCl溶液的三角瓶中, 25 °C、200 r·min⁻¹振荡30 min, 并用NaCl溶液稀释到10⁻³ g·mL⁻¹后, 向Biolog-ECO板的96个孔中加入150 μL稀释液, 将接种好的Biolog-ECO板于25 °C黑暗环境下培养10 d, 每隔24 h在Biolog-ECO板读数仪(赛默飞Multiskan GO全波长酶标仪, 中国)上测定590与750 nm波长下的吸光值, 并用OD₅₉₀值与OD₇₅₀值的差值来表征代谢活性, 用于后续分析。

1.5 碳源指标的计算

1.5.1 平均颜色变化率计算 试验中Biolog-ECO板上的碳源底物按照有机物化学官能团、微生物生理代谢途径以及生态功能的不同分成6个大类, 分别是氨基酸类(amino acid, 6种)、碳水化合物类(糖类)(carbohydrate, 12种)、羧酸类(carboxylic acid, 5种)、多聚体(polymer, 4种)、酚酸类(phenolic acid, 2种)和胺类(amine, 2种)共31种碳源底物, 以此分析土壤微生物对不同类型碳源的利用情况。平均颜色变化率(average well color development, AWCD)是指Biolog-ECO板孔的吸光度平均值, 代表样品土壤中微生物不同时间的平均活性, 按公式计算^[4]:

$$AWCD = \sum_{i=1}^{31} \frac{A_i - A_0}{31} \quad (1)$$

式中: A_i 为 Biolog-ECO 板上除空白孔外的各孔吸光值; A_0 为对照孔的吸光值; 31 为 Biolog-ECO 板中碳源数量。

1.5.2 微生物碳源多样性指数的计算 计算公式为^[4]:

Shannon—Wiener 多样性指数(H):

$$H = -\sum P_i \ln P_i \quad (2)$$

Simpson 优势度指数(D):

$$D = 1 - \sum P_i^2 \quad (3)$$

McIntosh 均匀度指数(U):

$$U = \sqrt{\sum n_i^2} \quad (4)$$

$$P_i = \frac{A_i - A_0}{\sum (A_i - A_0)} \quad (5)$$

式中: P_i 表示每种碳源与对照孔的吸光度差值和 31 种碳源总差值的比值; n_i 为第 i 孔的相对吸光度,即 $n_i = A_i - A_0$ 。

1.6 数据处理与分析

采用 Excel 2020 对数据进行预处理,利用 SPSS 25 对不同区域及不同处理的植物生物量、土壤理化性质以及微生物碳源特征和多样性指数使用独立样本 T 检验进行差异性分析,再用 Origin 2018 进行绘图,数据均用“均值±标准误”的形式展现。利用 Canoco for Windows 5 软件,对本研究中的植被生物量、土壤理化性质和微生物碳源指标进行冗余分析(redundancy analysis, RDA),旨在探讨微生物碳源指标的影响因素。同时,利用该软件所提供的数据绘制表格,直接呈现各环境变量对微生物碳源指标的解释率和显著性。

2 结果与分析

2.1 封育对生物量及土壤理化性质的影响

封育后蒿类荒漠草地地上生物量(aboveground biomass, AGB)及凋落物生物量(litter biomass, LB)均显著增加(表 1),与放牧区相比,呼图壁样地依次增加 142.53%、259.84%,玛纳斯样地依次为 250.05%、135.68% ($P < 0.05$),而地下生物量(BGB)仅有呼图壁样地封育区 30~50 cm 土层较放牧区显著增加 338.62% ($P < 0.05$);封育后 0~10 cm、30~50 cm 土层有机碳(SOC)、全氮(TN)、全磷(TP)均呈增加趋势,其中呼图壁和玛纳斯封育样地 0~10 cm 土层 TN 分别显著增加 14.13% 和 46.58% ($P < 0.05$),而 30~50 cm 土层仅在呼图壁样地显著增加 16.59% ($P < 0.05$);TP 仅在玛纳斯样地 0~10 cm 土层显著增加 12.99% ($P < 0.05$),而土壤 pH、容重、土壤含水量封育后变化均不显著(表 1)。

2.2 封育对土壤微生物群落代谢活性的影响

随着培养时间增加,封育内外蒿类荒漠土壤平均颜色变化率(average well color development, AWCD)值均呈增加趋势,但增加程度有一定的差异(图 1)。0~24 h 培养中,封育内外及不同土层 AWCD 值均无明显变化;48~240 h, AWCD 值急剧升高,微生物代谢活性增强,碳源被大幅度利用。240 h 后微生物生长步入平稳期,对碳源的利用趋于平缓,因此选取趋于平缓时(240 h)的 AWCD 值进行后续的计算和方差统计分析。此外,封育明显增强了玛纳斯(MNS)样地 0~10 cm 土层微生物代谢活性,但对呼图壁(HTB)样地影响不明显(图 1a),而 30~50 cm 土层封育两样地土壤微生物代谢活性均明显增强(图 1b)。

2.3 封育对不同土层碳源相对利用率变化的影响

封育均改变了蒿类荒漠草地不同土层的碳源相对利用率,且整体来看,氨基酸类、多聚物类和羧酸类为主要碳源,微生物对其利用程度相对较高(图 2)。0~10 cm 土层,封育增加了呼图壁样地微生物对糖类(9.7%~10.44%)、多聚物类(23.96%~39.36%)和氨基酸类碳源(23.61%~28.11%)的相对利用率,而玛纳斯样地则为糖类(8.16%~12.46%)和胺类碳源增加(4.08%~6.82%,图 2a)。30~50 cm 土层,封育后呼图壁样地糖类(7.32%~17.58%)和胺类碳源(0.49%~10.71%)的相对利用率增加,而玛纳斯样地则为胺类(0%~5.38%)和氨基酸类碳源增加(21.39%~26.52%,图 2b)。

表 1 封育对蒿类荒漠草地生物量及土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of enclosure on biomass and soil physicochemical properties of sagebrush desert grassland

项目 Item	指标 Index	土层 Soil layer (cm)	呼图壁 Hutubi		玛纳斯 Manas	
			放牧 Freely grazing	封育 Grazing exclusion	放牧 Freely grazing	封育 Grazing exclusion
生物量 Biomass (g·m ⁻²)	地上 Aboveground	—	82.29±10.08b	199.58±14.62a	64.30±10.66b	225.08±19.20a
	凋落物 Litter	—	9.91±3.06b	35.66±3.62a	9.39±1.54b	22.13±1.90a
土壤理化性质 Soil physico-chemical properties	地下 Belowground	0~10	164.45±72.15a	206.50±30.95a	253.42±149.84a	107.00±54.22a
		30~50	22.40±5.54b	98.25±29.03a	54.17±6.50a	23.83±10.13a
	酸碱度 pH	0~10	7.96±0.04a	7.91±0.10a	8.39±0.01a	8.32±0.09a
		30~50	8.28±0.16a	8.27±0.16a	8.39±0.10a	8.59±0.16a
	容重 Bulk density (g·cm ⁻³)	0~10	1.31±0.02a	1.31±0.03a	1.16±0.03a	1.24±0.04a
		30~50	1.40±0.09a	1.42±0.04a	1.25±0.09a	1.29±0.03a
	含水量 Water content (%)	0~10	4.62±1.05a	3.08±1.08a	1.97±0.50a	2.95±0.60a
		30~50	8.23±2.09a	5.66±0.93a	6.31±1.18a	5.13±0.95a
	有机碳 Organic carbon (g·kg ⁻¹)	0~10	15.78±1.01a	16.55±1.45a	12.34±2.60a	16.70±1.47a
		30~50	8.05±0.58a	9.31±1.48a	6.59±1.06a	7.85±0.71a
全氮 Total nitrogen (g·kg ⁻¹)	0~10	2.76±0.07b	3.15±0.07a	2.34±0.09b	3.43±0.13a	
	30~50	2.23±0.08b	2.60±0.09a	2.10±0.20a	2.32±0.23a	
全磷 Total phosphorus (g·kg ⁻¹)	0~10	0.73±0.02a	0.78±0.03a	0.77±0.01b	0.87±0.03a	
	30~50	0.67±0.03a	0.70±0.03a	0.64±0.08a	0.78±0.02a	

注：不同小写字母表示同一地区不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。— 表示此数据不分土层。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences between different treatments of the same region ($P < 0.05$). — represents this data does not divide soil layers.

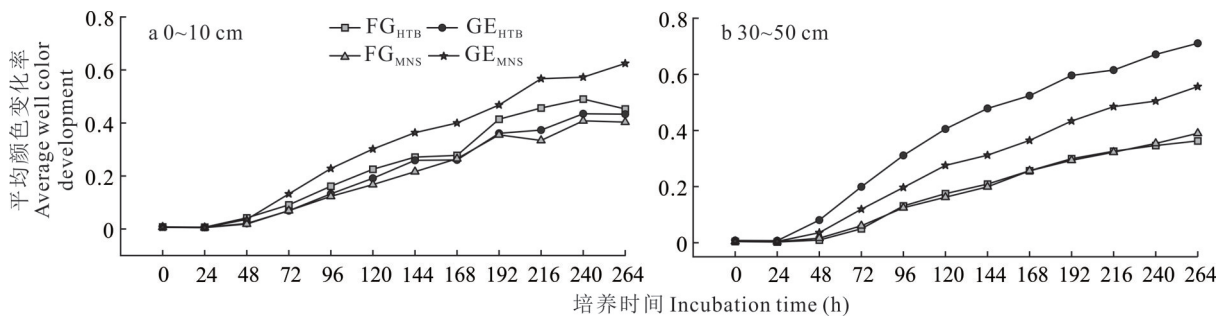


图 1 封育对蒿类荒漠草地不同土层土壤微生物群落代谢活性的影响

Fig. 1 Effects of enclosure on the metabolic activity of soil microbial communities in different soil layers of sagebrush desert grassland

HTB: 呼图壁县 Hutubi County; MNS: 玛纳斯县 Manas County; GE: 封育区 Grazing exclusion plots; FG: 放牧区 Freely grazing. 下同 The same below.

2.4 封育对土壤微生物碳源利用程度的影响

封育对不同区域蒿类荒漠草地及不同土层的微生物碳源利用程度的影响并不一致(图 3)。呼图壁样地,封育仅显著降低了 0~10 cm 土层羧酸类碳源的 AWCD 值 ($P < 0.05$),其余碳源利用均变化不显著 ($P > 0.05$,图 3a),而 30~50 cm 土层仅酚酸类碳源出现降低,其余均为增加,但变化不显著 ($P > 0.05$,图 3b);玛纳斯样地,封育后 0~10 cm 土层 6 大类碳源 AWCD 值均呈增加趋势 ($P > 0.05$,图 3c),而 30~50 cm 土层酚酸类碳源出现降低,其余 5 类碳源均为增加,其中仅氨基酸类碳源显著增加 85.00% ($P < 0.05$)。

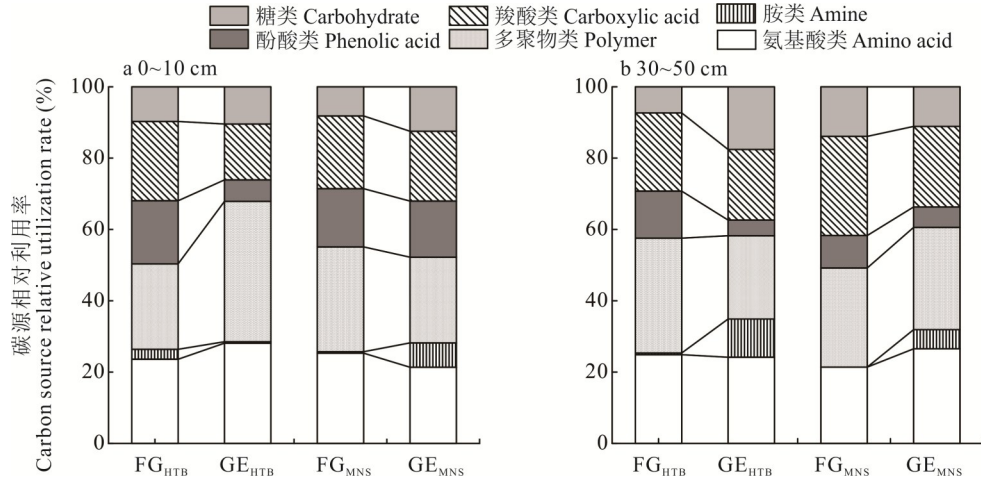


图2 封育背景下蒿类荒漠草地碳源相对利用率变化

Fig. 2 Changes in the relative utilization rate of carbon sources in sagebrush desert grassland under the background of enclosure

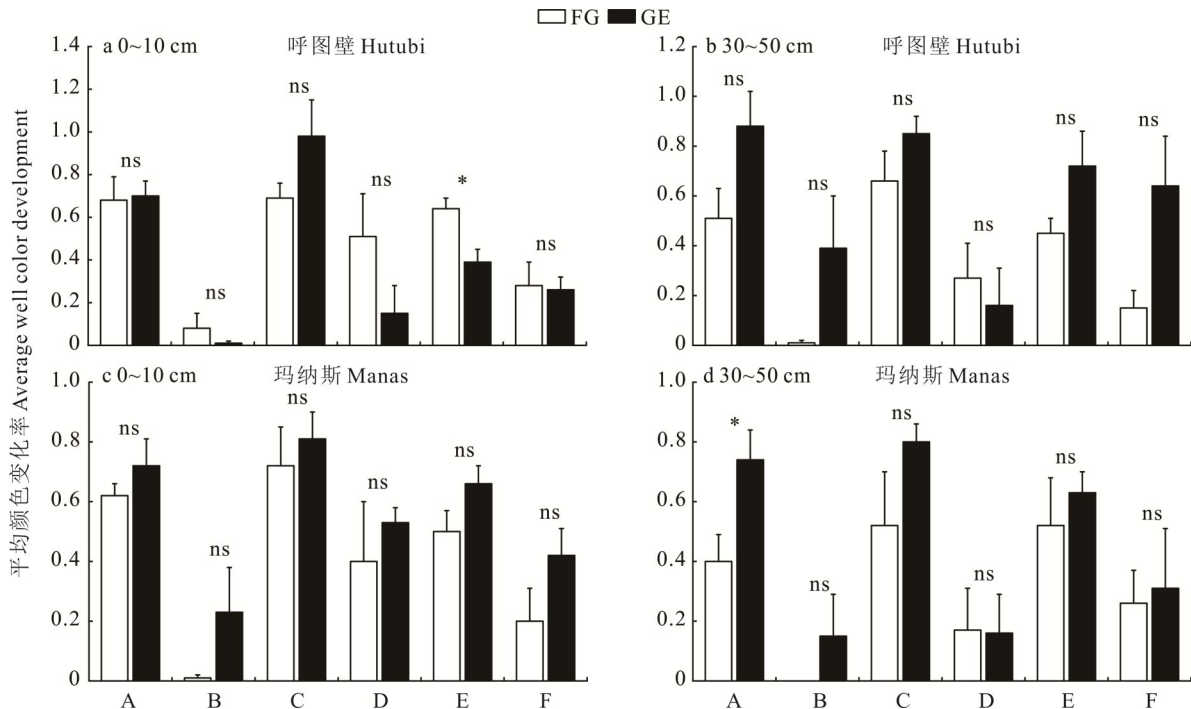


图3 封育背景下蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用程度

Fig. 3 Soil microbial carbon source utilization in sagebrush desert grassland under the background of enclosure

*: $P < 0.05$; ns: $P > 0.05$. A: 氨基酸类 Amino acid; B: 胺类 Amine; C: 多聚物类 Polymer; D: 酚酸类 Phenolic acid; E: 羧酸类 Carboxylic acid; F: 糖类 Carbohydrate. 下同 The same below.

2.5 封育对土壤微生物碳源利用多样性指数的影响

封育后不同区域蒿类荒漠草地及不同土层的微生物碳源利用多样性指数变化均不一致(图4)。封育增加了呼图壁和玛纳斯样地0~10 cm、30~50 cm土层均匀度指数(McIntosh index),但仅呼图壁30~50 cm土层显著增加47.01%($P < 0.05$,图4a,d)。除呼图壁0~10 cm土层香农-维纳指数(Shannon-Wiener index)降低外,其余地区及土层封育后Shannon-Wiener指数均增加,但处理间差异不显著($P > 0.05$,图4b,e),而辛普森指数(Simpson index)两样地各土层均为降低,但不显著($P > 0.05$,图4c,f)。

2.6 冗余分析

通过对蒿类荒漠草地上生物量、凋落物量、地下生物量和土壤理化性质及微生物碳源进行冗余分析(图5)

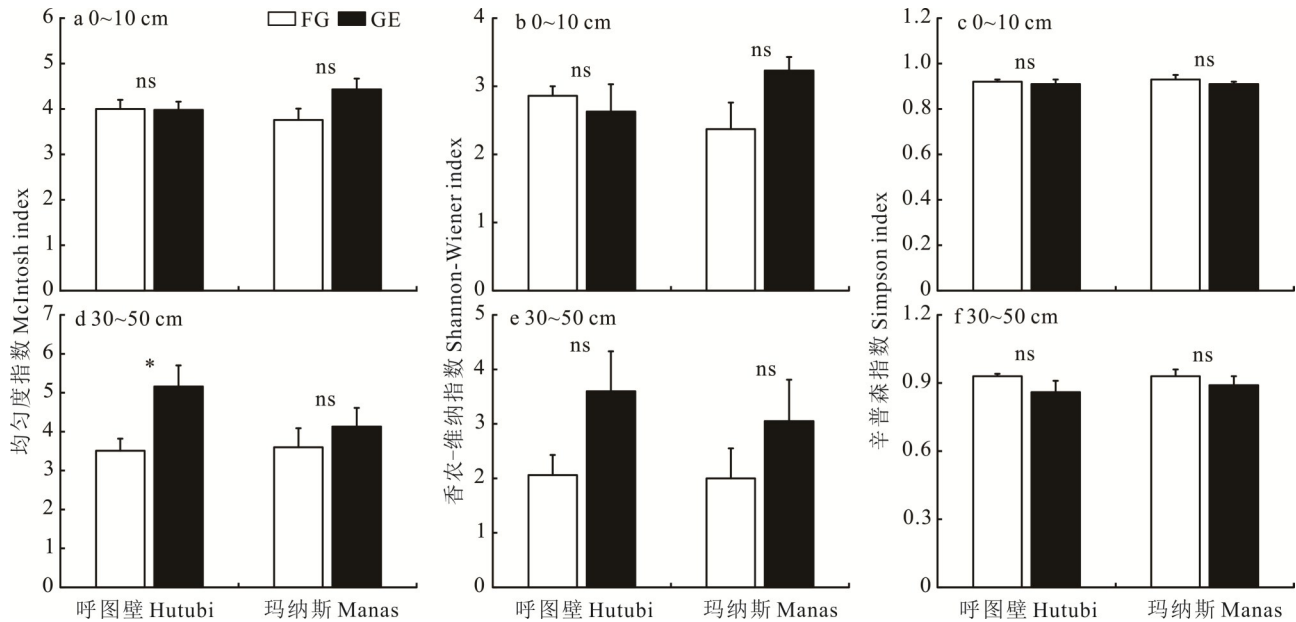


图 4 封育对蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用多样性指数的影响

Fig. 4 Effects of enclosure on soil microbial carbon source utilization diversity index of sagebrush desert grassland

表明,0~10 cm 土层,封育下植物生物量及土壤理化性质指标解释了微生物群落碳代谢 75.52% 的变异,较放牧(70.06%)增加了 5.46%,其中第一主成分解释了 49.76%,第二主成分解释了 25.76%(图 5a,b);封育后微生物碳源多样性指数(U 、 H)及微生物碳源酚酸类(phenolic acid)、羧酸类(carboxylic acid)和糖类(carbohydrate)与土壤 TP、pH 的关系由正相关变成负相关,而与凋落物量(LB)的关系则由负相关变为正相关(图 5a,b,表 2)。30~50 cm 土层,封育下植物生物量及土壤理化性质指标解释了微生物群落碳代谢 83.85% 的变异,较放牧(77.02%)增加了 6.83%,其中第一主成分解释了 70.03%,第二主成分解释了 13.82%(图 5c,d);封育后微生物碳源多样性指数(U 、 H)及微生物碳源氨基酸类、胺类和糖类与 LB、BGB 的关系由正相关变成负相关,而与 AGB(除多样性指数 U 外)、TP 关系则由负相关变为正相关(图 5c,d,表 2)。

3 讨论

3.1 封育背景下蒿类荒漠草地土壤微生物群落对碳源代谢活性的影响

平均颜色变化率能够反映微生物群落随培养时间的推移,其代谢活性的大小变化^[23]。本研究发现,围栏封育后蒿类荒漠草地土壤微生物活性随培养时间的延长呈增强趋势,封育明显提高了微生物对碳源的利用程度(图 1),这与薛亚芳等^[24]的研究结果一致。其原因可能为:1)封育排除了家畜的干扰,使蒿类荒漠草地植被生物量、凋落物生物量及地下生物量出现一定程度的增加(表 1),导致其向土壤输送的养分增加,增加的分解底物,进而提高了微生物的活性;2)蒿类荒漠草地由于自身生态环境的严酷性和生态系统的脆弱性,对外界环境的变化具有高度敏感性,微生物也同样如此,因此在封育后,植物群落和土壤特性发生变化,改变了蒿类荒漠草原有的生态环境,促进了生态系统的能量流动和物质循环,进而改变了微生物的群落组成和活性。在封育后植物群落整体长势更佳,改善了土壤理化特性,从而带动了土壤微生物活性的增强。此外,本研究还发现,蒿类荒漠草地土壤碳源中氨基酸类、多聚物类和羧酸类处于主导地位,微生物对其利用程度相对较高(图 2)。这可能是由于蒿类荒漠草地生态系统具有干旱、半干旱的气候条件以及土壤贫瘠、养分不足的特点。在这种特殊环境下,由于生物多样性相对偏低,植被对养分的需求也相对较低,进一步导致它们在生长过程中产生的有机物和其他碳源较少。为应对这一挑战,微生物利用氨基酸、多聚物和羧酸类等较为丰富且稳定的碳源成为一种生存策略^[25]。另外在蒿类荒漠草地中,由于地上地下生物量较小,有机物的分解和循环速度相对较慢。这意味着氨基酸、多聚物和羧酸类等碳源可以在土壤中长期留存,为微生物提供持续的碳源供应。

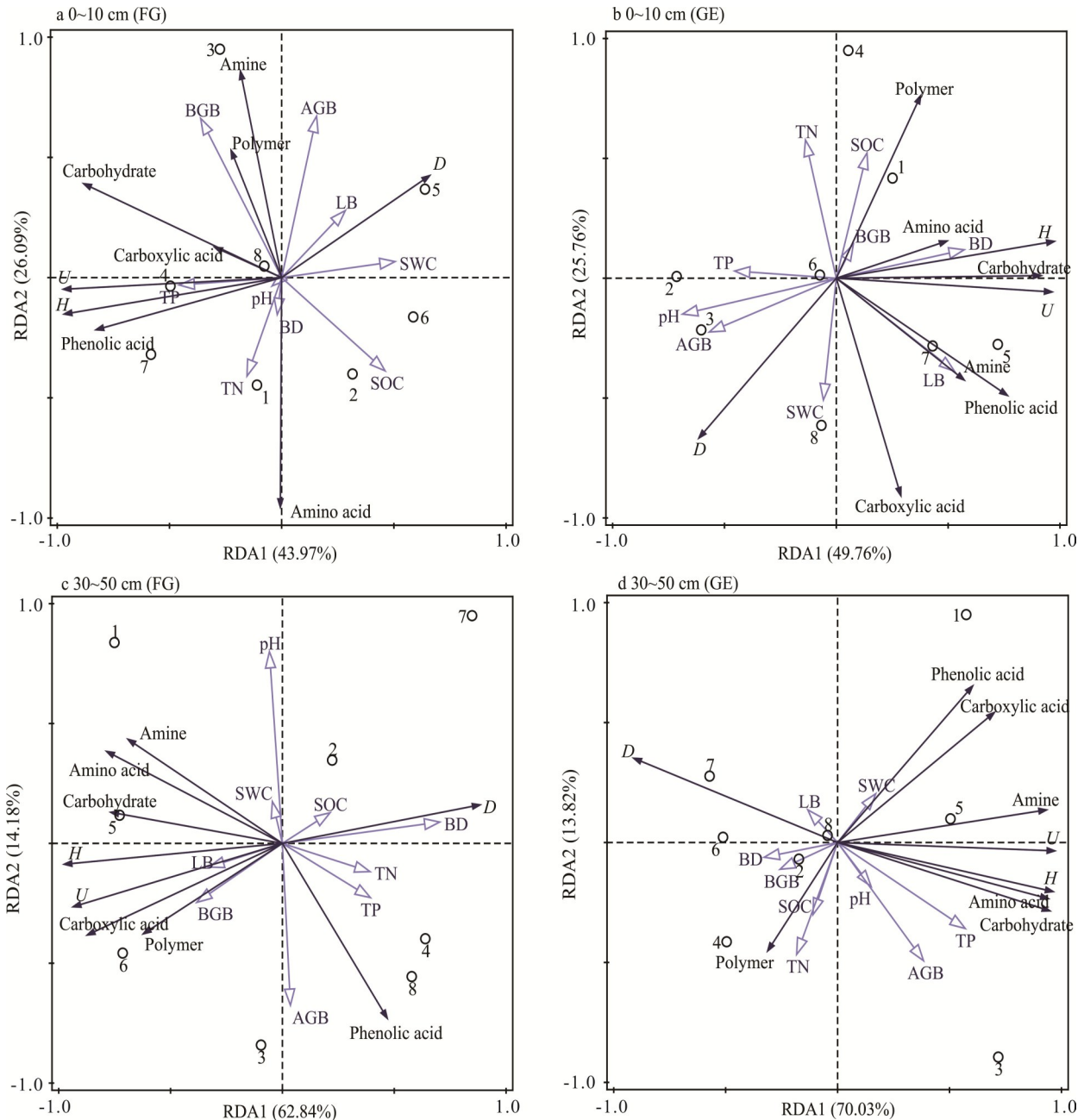


图5 蒿类荒漠草地生物量、土壤理化性质及土壤微生物碳源的RDA分析

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of biomass, soil physicochemical properties and soil microbial carbon sources of sagebrush desert grassland

AGB: 地上生物量 Aboveground biomass; LB: 凋落物生物量 Litter biomass; BGB: 地下生物量 Belowground biomass; SWC: 土壤含水量 Soil water content; BD: 土壤容重 Bulk density; pH: 土壤酸碱度 Pondus hydrogenii; SOC: 土壤有机碳 Soil organic carbon; TN: 全氮 Total nitrogen; TP: 全磷 Total phosphorus; Amino acid: 氨基酸类; Carbohydrate: 糖类; Carboxylic acid: 羧酸类; Polymer: 多聚体; Phenolic acid: 酚酸类; Amine: 胺类. H: Shannon-Wiener 多样性指数 Shannon-Wiener index; D: Simpson 优势度指数 Simpson index; U: McIntosh 均匀度指数 McIntosh index.

3.2 封育背景下蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用程度与多样性指数的变化

从整体上看,封育背景下蒿类荒漠草地不同土层土壤微生物碳源利用程度均表现为增加趋势(图3),这与敬洁等^[3]的研究结果一致,这可能是由于封育改变了蒿类荒漠草地地上植物群落特征和地下土壤养分含量(表1),促进了整个生态系统的养分循环,提高了土壤微生物的养分供应,进一步增加了微生物群落数量和多样性,最终使微生物代谢活性增强,对碳源的利用程度增加^[3]。

表 2 影响蒿类荒漠草地土壤微生物碳源的环境变量解释率及显著性

Table 2 Explanatory rates and significance of environmental variables affecting soil microbial carbon sources of sagebrush desert grassland

项目 Item	指标 Index	土层 Soil layer (cm)	解释率 Explanation rate (%)		显著性 Significance (P)	
			放牧 Freely grazing	封育 Grazing exclusion	放牧 Freely grazing	封育 Grazing exclusion
生物量 Biomass	地上 Aboveground	0~10	17.0	22.1	0.254	0.168
		30~50	8.2	14.0	0.686	0.356
	凋落物 Litter	0~10	12.1	20.5	0.592	0.204
		30~50	8.2	2.7	0.556	0.954
	地下 Belowground	0~10	22.1	2.6	0.208	0.996
		30~50	11.9	6.3	0.456	0.740
土壤理化性质 Soil physicochemical properties	酸碱度 pH	0~10	6.2	27.4	0.908	0.070
		30~50	10.4	6.5	0.548	0.714
	容重 Bulk density	0~10	8.2	18.3	0.816	0.250
		30~50	32.0	8.9	0.062	0.656
	含水量 Water content	0~10	18.0	9.0	0.272	0.716
		30~50	3.2	3.8	0.972	0.910
	有机碳 Organic carbon	0~10	17.5	16.4	0.256	0.296
		30~50	4.6	7.1	0.908	0.710
	全氮 Total nitrogen	0~10	9.0	10.5	0.746	0.678
		30~50	13.2	8.2	0.424	0.652
	全磷 Total phosphorus	0~10	11.6	15.7	0.588	0.398
		30~50	13.3	25.6	0.446	0.182

微生物群落的功能多样性一般是由 Shannon—Wiener 指数、McIntosh 指数和 Simpson 指数共同反映,多样性越丰富,土壤微生态系统越复杂,功能越稳定^[26-27]。本研究发现,封育后呼图壁和玛纳斯蒿类荒漠草地 0~10 cm、30~50 cm 土层的均匀度 (McIntosh 指数) 均呈增加趋势,而优势度 (Simpson 指数) 呈降低趋势,这说明封育后蒿类荒漠草地微生物稀有物种比例增加,提高了微生物多样性。不同微生物物种对不同类的碳源利用程度不一,因此稀有物种的增加促进了封育样地胺类等匮乏碳源的增加,最终增强了微生物代谢活性。另外,Shannon—Wiener 指数在封育后整体呈增加趋势也证实了这一观点,微生物群落丰富度提高,微生物多样性增加,加强了微生物代谢活性。

3.3 封育背景下蒿类荒漠草地土壤微生物碳源影响因素分析

冗余分析结果表明,封育改变了蒿类荒漠草地土壤微生物碳源利用能力和多样性的影响因素。具体而言,封育后 0~10 cm 土层微生物碳源多样性指数 (U 、 H) 及糖类与土壤有机碳含量、凋落物生物量的相关性发生了由负转正的变化,这主要是由于封育使蒿类荒漠草地上生物量及凋落物生物量显著增加 (表 1, $P < 0.05$), 导致其向土壤输送养分增加,进而增加了土壤的养分含量 (SOC、TN、TP), 因此通过 RDA 分析,可以得出结论:有机碳含量和凋落物生物量是 0~10 cm 土层微生物碳源的主要驱动因素,这与 Li 等^[28] 和 Wang 等^[29] 的研究结果相一致。而在 30~50 cm 土层中,封育使微生物碳源多样性指数 (U) 及微生物碳源氨基酸类、胺类和糖类与全磷和地上生物量的负相关关系转变为正相关关系。这与 Li 等^[30] 的研究结果一致,土壤磷作为重要的营养元素之一,其含量增加能够显著提高微生物的代谢活性,促进微生物多样性^[4]。在本研究中封育使地上生物量显著增加 (表 1, $P < 0.05$), 使草地地上养分进入土壤的深层,从而提高了土壤 30~50 cm 土层的全磷含量,进而提高了微生物碳源的利用能力和多样性,因此同样通过 RDA 分析得出:在 30~50 cm 土层中,全磷和地上生物量是微生物碳源主要的驱动因子。

4 结论

本研究提供的数据为探索封育背景下蒿类荒漠草地不同土层微生物碳源利用特征的变化提供了重要和新的信息。本研究结果表明:封育8年显著增加了蒿类荒漠草地上生物量和凋落物生物量($P < 0.05$),提高了0~10 cm及30~50 cm土层土壤有机碳、全氮和全磷含量,其中全氮和全磷含量部分显著增加($P < 0.05$),封育有利于恢复蒿类荒漠退化草地。此外,本研究发现封育增加了蒿类荒漠草地土壤微生物群落功能多样性的McIntosh指数和Shannon-Wiener指数,降低了Simpson指数,且两个土层多样性指数表现一致($P > 0.05$),说明封育提高了草地微生物多样性,加强了微生物代谢活性,推动了蒿类荒漠草地生态系统的养分循环和转化(有机碳、全氮和全磷),促进了蒿类荒漠退化草地的恢复。另外,通过RDA分析,进一步认识到封育下蒿类荒漠草地不同土层微生物碳源利用特征的影响因素并不一致,0~10 cm土层主要驱动因子为土壤有机碳含量和凋落物生物量,而30~50 cm土层为土壤全磷含量和地上生物量。因此在维持蒿类荒漠草地生态系统平衡的基础上,进一步稳定和提提高植物群落特征和多样性,不仅能够增强向草地土壤养分输送的能力和促进土壤微生物的多样性和活性,还将有力推动草-土-微生物生态系统的协同发展,实现蒿类荒漠草地生态系统的整体优化与可持续性。

参考文献 References:

- [1] Chu H Y, Sun H B, Tripathi B M, *et al.* Bacterial community dissimilarity between the surface and subsurface soils equals horizontal differences over several kilometers in the western Tibetan Plateau. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(5): 1523–1533.
- [2] Ren C, Zhang W, Zhong Z, *et al.* Differential responses of soil microbial biomass, diversity, and compositions to altitudinal gradients depend on plant and soil characteristics. *Science of the Total Environment*, 2017, 610: 750–758.
- [3] Jing J, Zhang M Y, Gao Y H. Effects of enclosure on soil microbial carbon utilization in an alpine steppe. *Ecological Science*, 2021, 40(3): 25–32.
敬洁, 张梦瑶, 高永恒. 围栏禁牧对高寒草原土壤微生物碳源利用的影响. *生态科学*, 2021, 40(3): 25–32.
- [4] Chen Y S, Ma Y P, Wang H M, *et al.* Carbon source utilization by soil bacteria at different lengths of time after introducing shrubs to the desert steppe. *Acta Prataculturae Sinica*, 2023, 32(6): 30–44.
陈彦硕, 马彦平, 王红梅, 等. 荒漠草原不同年限灌丛引入过程土壤细菌碳源利用特征. *草业学报*, 2023, 32(6): 30–44.
- [5] Zhou Y, Geng X D, Wang C Z. Effect of soil depth on carbon source utilization ability of rhizosphere microorganisms of *Paeonia ostii*. *Journal of Southwest Forestry University*, 2023, 43(6): 185–191.
周英, 耿晓东, 汪成忠. 不同土壤深度丹凤根际微生物碳源利用能力的研究. *西南林业大学学报(自然科学)*, 2023, 43(6): 185–191.
- [6] Wang W Q, Yang L, Cheng Z B, *et al.* Study on soil microbial biomass carbon source metabolism in different types of sodic saline-alkali soil in arid area. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2019, 33(6): 158–166.
王巍琦, 杨磊, 程志博, 等. 干旱区不同类型盐碱地土壤微生物碳源代谢活性研究. *干旱区资源与环境*, 2019, 33(6): 158–166.
- [7] Jin Z L, Liu G P, Zhou M T, *et al.* Soil enzyme activity and microbial carbon metabolism along an altitudinal gradient in grasslands of Karst mountain. *Research of Soil and Water Conservation*, 2020, 27(3): 37–44.
金章利, 刘高鹏, 周明涛, 等. 喀斯特山地草地土壤酶活性及土壤微生物碳代谢活性研究. *水土保持研究*, 2020, 27(3): 37–44.
- [8] Zhang Q, Wang X, Zhang Z, *et al.* Linking soil bacterial community assembly with the composition of organic carbon during forest succession. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 173: 108790.
- [9] Zhou S J, Dong Y Q, Asitaiken·J L H T, *et al.* Quantitative characteristics and diversity of sagebrush desert plant communities on the northern slope of Tianshan Mountains. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2023, 60(9): 2298–2305.
周时杰, 董乙强, 阿斯太肯·居力海提, 等. 天山北坡蒿类荒漠植物群落数量特征及其多样性. *新疆农业科学*, 2023, 60(9): 2298–2305.
- [10] Asitaiken·J L H T, Dong Y Q, Li J, *et al.* Effects of grazing exclusion on nutrition and stoichiometry characteristics of *Artemisia* desert vegetation and soil. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2021, 35(11): 157–164.
阿斯太肯·居力海提, 董乙强, 李靖, 等. 禁牧对不同气候区蒿类荒漠植被和土壤养分及化学计量特征的影响. *干旱区资源*

- 与环境, 2021, 35(11): 157—164.
- [11] Li S Y, Cui Y X, Sun Z J, *et al.* Effect of grazing exclusion on soil organic carbon and stoichiometry characteristics of soil microbial biomass in sagebrush desert. *Acta Prataculturae Sinica*, 2023, 32(6): 58—70.
李思媛, 崔雨萱, 孙宗玖, 等. 封育对蒿类荒漠草地土壤有机碳及土壤微生物生物量生态化学计量特征的影响. *草业学报*, 2023, 32(6): 58—70.
- [12] Ye H W, Sun Z J, Liu H X, *et al.* Effects of grazing exclusion on the temporal stability of aboveground biomass of sagebrush desert grassland. *Acta Agrestia Sinica*, 2023, 31(4): 1163—1172.
冶华薇, 孙宗玖, 刘慧霞, 等. 封育对蒿类荒漠草地植被地上生物量时间稳定性的影响. *草地学报*, 2023, 31(4): 1163—1172.
- [13] Zhang Y, Asiya·M L K, Xin X P, *et al.* Effects of fencing and grazing on the community structure, biomass and forage quality of temperate steppe in Xinjiang. *Acta Agrestia Sinica*, 2020, 28(3): 815—821.
张宇, 阿斯娅·曼力克, 辛晓平, 等. 禁牧与放牧对新疆温性草原群落结构、生物量及牧草品质的影响. *草地学报*, 2020, 28(3): 815—821.
- [14] Yang J, Zhan W, Wang X T. Effects of enclosure on plant community characteristics of degraded alpine steppe in northern Tibet. *Chinese Journal of Grassland*, 2020, 42(6): 44—49, 140.
杨军, 詹伟, 王向涛. 10年围栏封育对藏北退化高寒草甸植物群落特征的影响. *中国草地学报*, 2020, 42(6): 44—49, 140.
- [15] Liu J K, Zhang K B, Feng X, *et al.* Effects of enclosure regimes on community characteristics and soil physicochemical properties in desert grasslands. *Ecology and Environmental Sciences*, 2021, 30(3): 445—452.
刘建康, 张克斌, 冯湘, 等. 封育方式对荒漠草原群落特征及土壤理化性质的影响. *生态环境学报*, 2021, 30(3): 445—452.
- [16] Zhou Z Y, Li F R, Chen S K, *et al.* Dynamics of vegetation and soil carbon and nitrogen accumulation over 26 years under controlled grazing in a desert shrubland. *Plant and Soil*, 2011, 341: 257—268.
- [17] Wang Z, Zhang Q, Staley C, *et al.* Impact of long-term grazing exclusion on soil microbial community composition and nutrient availability. *Biology and Fertility of Soils*, 2019, 55(2): 121—134.
- [18] Jiang A J, Dong Y Q, Asitaiken·J L H T, *et al.* Effects of grazing exclusion on soil bacterial community characteristics in different grassland types. *Acta Agrestia Sinica*, 2022, 30(10): 2600—2608.
姜安静, 董乙强, 阿斯太肯·居力海提, 等. 封育对不同草地类型土壤细菌群落特征的影响. *草地学报*, 2022, 30(10): 2600—2608.
- [19] Zeng Q, An S, Liu Y. Soil bacterial community response to vegetation succession after fencing in the grassland of China. *Science of the Total Environment*, 2017, 609: 2—10.
- [20] Zhang C, Liu G, Song Z, *et al.* Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 124: 47—58.
- [21] Bao S D. Soil agricultural and chemistry analysis (The Third Edition). Beijing: China Agriculture Press, 2000.
鲍士旦. 土壤农化分析(第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [22] Li H, Li X M, Yao Q Z, *et al.* Biolog-ECO analysis of rhizosphere soil microbial community characteristics of five different plants in two different grasslands. *Microbiology China*, 2020, 47(9): 2947—2958.
李慧, 李雪梦, 姚庆智, 等. 基于Biolog-ECO方法的两种不同草原中5种不同植物根际土壤微生物群落特征. *微生物学通报*, 2020, 47(9): 2947—2958.
- [23] Qu T B, Yu M, Zhu Y, *et al.* Utilization of carbon sources by soil bacteria in different plant functional groups in the Songnen Steppe. *Pratacultural Science*, 2016, 33(12): 2398—2406.
曲同宝, 于淼, 朱悦, 等. 松嫩草地不同植物功能群土壤细菌的碳源利用. *草业科学*, 2016, 33(12): 2398—2406.
- [24] Xue Y F, Zong N, He N P, *et al.* Influence of long-term enclosure and free grazing on soil microbial community structure and carbon metabolic diversity of alpine meadow. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29(8): 2705—2712.
薛亚芳, 宗宁, 何念鹏, 等. 长期围封和自由放牧对高寒草甸土壤微生物群落结构及碳源代谢多样性的影响. *应用生态学报*, 2018, 29(8): 2705—2712.
- [25] Liu M X, Liu X, Zhao Y, *et al.* Effects of film mulching on soil microbial carbon source metabolism in dry-farmland. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(22): 9213—9225.
刘美霞, 刘秀, 赵燕, 等. 地膜覆盖对旱作春玉米农田土壤微生物碳源代谢的影响. *生态学报*, 2022, 42(22): 9213—9225.
- [26] Zhu K, Wang R, Li G, *et al.* Carbon sources metabolic characteristics of rhizosphere bacterial and fungal community in different

growth stages of maize in albic soil. *Ecology and Environmental Sciences*, 2018, 27(5): 885–891.

朱珂, 王蕊, 李刚, 等. 白浆土玉米不同生长时期根际土壤细菌和真菌群落碳源代谢特征. *生态环境学报*, 2018, 27(5): 885–891.

- [27] Zhang X J, An L Y, Liu Y, *et al.* Effects of soil bacterial diversity on soil carbon metabolism based on gradient dilution method. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(3): 768–777.
张秀娟, 安丽芸, 刘勇, 等. 基于梯度稀释法分析细菌多样性对土壤碳代谢的影响. *生态学报*, 2020, 40(3): 768–777.
- [28] Li Q, Feng J, Wu J, *et al.* Spatial variation in soil microbial community structure and its relation to plant distribution and local environments following afforestation in central China. *Soil and Tillage Research*, 2019, 193: 8–16.
- [29] Wang Y, Zhang C, Zhang G, *et al.* Carbon input manipulations affecting microbial carbon metabolism in temperate forest soils—A comparative study between broadleaf and coniferous plantations. *Geoderma*, 2019, 355: 113914.
- [30] Li J, Cooper J M, Li Y, *et al.* Soil microbial community structure and function are significantly affected by long-term organic and mineral fertilization regimes in the North China Plain. *Applied Soil Ecology*, 2015, 96: 75–87.