

DOI: 10.11686/cyxb2024246

http://cyxb.magtech.com.cn

邓文辉, 宋珂辰, 张浩, 等. 降水变化条件下荒漠草原优势植物根际微生物群落结构和多样性特征研究. 草业学报, 2025, 34(5): 12-26.

DENG Wen-hui, SONG Ke-chen, ZHANG Hao, *et al.* Structure and diversity characteristics of the rhizosphere microbial community of dominant plants on the desert steppe under changing precipitation. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(5): 12-26.

降水变化条件下荒漠草原优势植物根际微生物群落结构和多样性特征研究

邓文辉¹, 宋珂辰¹, 张浩¹, 管思雨¹, 雍嘉仪¹, 胡海英^{1,2*}

(1. 宁夏大学林业与草业学院, 宁夏 银川 750021; 2. 宁夏草业工程研究中心, 宁夏 银川 750021)

摘要: 通过探究荒漠草原优势种植物根际土壤微生物对降水变化的响应, 以为荒漠草原植物根系与微生物互作机制提供理论依据。以宁夏荒漠草原优势种植物短花针茅、牛枝子、银灰旋花为研究对象, 设置了增雨50%、增雨30%、对照组、减雨30%、减雨50%共5个处理, 采用高通量测序的方法, 研究了不同降水量下, 荒漠草原优势种植物根际微生物群落结构与多样性差异。结果表明: 荒漠草原优势种植物的地上生物量随着降水的增加而增加, 与土壤含水量呈显著正相关($P < 0.05$)。3种优势植物根际土壤中, 细菌群落的优势菌门主要包括放线菌门、变形菌门、酸杆菌门以及拟杆菌门; 真菌群落的优势菌门有子囊菌门和担子菌门。在所有降水变化处理中, 根际细菌群落对水分的敏感性均高于真菌群落。其中, 在减雨30%处理下, 优势物种的真菌与细菌OTUs数量均达到最大值, 其根际土壤微生物活动最为强烈。银灰旋花根际细菌群落中的蓝藻门、拟杆菌门相对丰度高于牛枝子和短花针茅, 浮霉菌门、酸杆菌门的相对丰度低于牛枝子和短花针茅。牛枝子和短花针茅根际微生物群落的组成具有较高相似性, 而银灰旋花与牛枝子和短花针茅根际微生物群落相似度较低。在土壤理化性质中, 全磷与短花针茅根际土壤细菌群落多样性显著负相关($P < 0.05$); 全钾与银灰旋花根际细菌群落的多样性呈显著正相关($P < 0.05$), 与短花针茅真菌群落的多样性呈显著负相关($P < 0.05$); 土壤pH值与牛枝子根际土壤细菌群落的多样性显著正相关($P < 0.05$), 与银灰旋花根际土壤真菌群落多样性显著负相关($P < 0.05$)。短花针茅和牛枝子根际土壤微生物群落物种之间具有显著相关关系, 存在一定的互补共生效应。

关键词: 荒漠草原; 优势植物; 降水变化; 高通量测序; 根际微生物群落

Structure and diversity characteristics of the rhizosphere microbial community of dominant plants on the desert steppe under changing precipitation

DENG Wen-hui¹, SONG Ke-chen¹, ZHANG Hao¹, GUAN Si-yu¹, YONG Jia-yi¹, HU Hai-ying^{1,2*}

1. College of Forestry and Grassland, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. Ningxia Grassland and Pasture Engineering Research Center, Yinchuan 750021, China

Abstract: The aim of this study was to explore the responses of rhizosphere soil microorganisms of dominant plant species on the Ningxia desert steppe to changes in precipitation. The overall aim was to broaden our understanding of the interactions between microorganisms and the roots of important plants on the desert steppe. Three plant species were selected for analysis of their rhizobial communities: *Stipa breviflora*, *Lespedeza potaninii*, and *Convolvulus ammannii*. Five rainfall treatments were established: 50% increase in rainfall, 30% increase in rainfall, control

收稿日期: 2024-06-24; 改回日期: 2024-09-05

基金项目: 国家自然科学基金项目(32160406)和宁夏高等学校一流学科建设(草学学科)项目(NXYLXK2017A01)资助。

作者简介: 邓文辉(1999-), 男, 甘肃天水人, 在读硕士。E-mail: 1657187804@qq.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: haiying@nxu.edu.cn

group, 30% decrease in rainfall, and 50% decrease in rainfall. High-throughput sequencing data were analyzed to determine differences in the structure and diversity of the rhizosphere microbial communities of the three dominant species on the desert steppe under different precipitation treatments. The results showed that the aboveground biomass of dominant plant species on the desert steppe increased with increasing precipitation, and was significantly positively correlated with the soil water content ($P < 0.05$). In the rhizosphere soil of the three dominant plants, the dominant bacterial phyla were Actinomycetes, Proteobacteria, Acidobacteria, and Bacteroidetes. The dominant phyla in the fungal community were Ascomycetes and Basidiomycetes. In all the treatments, the rhizosphere bacterial communities were more sensitive than the fungal communities to the water level. The maximum numbers of fungal and bacterial operational taxonomic units, and the highest microbial activity in rhizosphere soil, were in the 30% decreased rainfall treatment. The relative abundance of Cyanobacteria and Bacteroidetes in the rhizosphere bacterial community was higher in *C. ammannii* than in *L. potaninii* and *S. breviflora*, while the relative abundance of Planctomycetota and Acidobacteriota in the rhizosphere bacterial community was lower in *C. ammannii* than in *L. potaninii* and *S. breviflora*. The rhizosphere microbial communities were similar in *L. potaninii* and *S. breviflora*, but that of *C. ammannii* was different. The diversity of the bacterial community in the rhizosphere of *S. breviflora* was significantly negatively correlated with total phosphorus ($P < 0.05$). The diversity of the bacterial community in the rhizosphere of *C. ammannii* was significantly positively correlated with total potassium ($P < 0.05$). However, the diversity of the total microbial community in the rhizosphere of *S. breviflora* was significantly negatively correlated with total potassium ($P < 0.05$). Soil pH was significantly positively correlated with the diversity of the rhizosphere soil bacterial community ($P < 0.05$), and negatively correlated with the diversity of the rhizosphere soil fungal microbial community ($P < 0.05$). There was a significant correlation between the rhizosphere soil microbial communities of *L. potaninii* and *S. breviflora*, and there was a certain complementary symbiotic effect.

Key words: desert steppe; dominant plants; precipitation variability; high-throughput sequencing; rhizosphere microbial community

土壤微生物是有机质的分解者,其与植物根系紧密联系,通过影响植物养分有效性,使植物生产力发生变化,因此,土壤微生物在提高荒漠草原生态系统生产力方面有着不可或缺的作用^[1]。降水是荒漠草原生态系统的主要限制因子,降水变化不仅通过改变土壤含水量和有机质含量从而影响微生物生长^[2],还可以通过改变植物群落的生物量和覆盖度,影响土壤微生物群落组成。植物根表面与植物非根际土壤之间,是根际土壤、植物与根际微生物群落紧密相互作用的场所,根际微生物群落通过参与土壤无机营养解离、生物固氮、代谢及互作过程,影响着植物的营养物质吸收和对环境胁迫的适应力。然而,由于植物物种的遗传特性、根际分泌物的不同以及根系构型等方面的差异,使得根际微生物群落组成数量及物种多样性各不相同^[3]。米扬等^[4]的研究认为在荒漠草原,适当降低土壤水分含量时,土壤微生物群落多样性及微生物丰富度会增加。杜滢鑫等^[5]对大庆盐碱地 9 种植物根际土壤微生物进行研究,得到了不同植物根际土壤微生物组成不同,而同一科的植物根际微生物组成相似的结论。Lauber 等^[6]研究表明,土壤养分和水分等因子能够直接或间接地改变土壤 pH,进而对微生物群落多样性产生综合影响。

细菌与真菌作为根际土壤微生物的两大主要类群,形态结构、生理功能以及对环境变化的敏感程度均有较大差异,细菌是单细胞生物,虽然有的可以形成集合体,如放线菌会有菌丝状的生长^[7],但本质上仍是个体细胞的聚集。真菌则既有单细胞形式(如酵母),也有复杂的多细胞结构(如霉菌和蘑菇),它们能形成发达的菌丝体网络,菌丝能够深入土壤,增加土壤的通气性与保水能力。有研究发现细菌群落在加氮处理下丰富度和多样性会显著降低,但真菌群落并无显著变化^[8],也有学者研究得知,细菌对环境变化的敏感性高于真菌,真菌对于环境胁迫的抗逆性更强^[9]。在细菌群落中,革兰氏阳性菌对环境胁迫的抗性更强,适宜生存在低养分的环境中^[10],其中,酸杆菌门(Acidobacteria)等革兰氏阳性细菌对土壤水分变化不敏感^[11]。

荒漠草原占据了宁夏天然草地总面积的1/2以上,构成了具有代表性的干旱生态系统^[12],其植被和微生物的生长依赖于土壤水分有效性。近些年来,关于降水变化对土壤微生物群落的影响研究越来越受到广大学者的关注。然而,针对荒漠草原优势植物根际微生物在降水变化条件下的结构与多样性特征的比较研究不足。本研究以荒漠草原3种优势植物为对象,设置不同降水量处理,对不同植物的根际微生物进行了16S rRNA和ITS高通量测序,分析了各优势种根际土壤中细菌和真菌群落结构及其多样性的变化,探究了不同物种根际土壤微生物对降水变化的响应特征,为荒漠草原植物根系与微生物互作机制提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

研究区位于宁夏东部的盐池县高沙窝镇俞家圈村(37°51′—38°10′ N, 107°10′—107°41′ E),地处毛乌素沙漠边缘。属鄂尔多斯台地向黄土高原过渡地带。为鄂尔多斯缓坡丘陵区,地势开阔平缓,境内大部分为山地和沙漠,地势西高东低、南高北低。研究区属温带大陆性季风气候,其特点是四季少雨多风、气候干燥、冬长夏短、春迟秋早。年平均气温8.3℃,年日照时数达2892.1h。年平均无霜期155d。年平均降水量273.5mm,主要集中在6—8月。试验地为典型荒漠草原植被特征。降水变化下群落植物组成与重要值结果表明,牛枝子(*Lespedeza potaninii*)、短花针茅(*Stipa breviflora*)、银灰旋花(*Convolvulus ammannii*)3种植物重要值远大于其他物种,为该荒漠草原植物群落的优势种(表1)。

表1 荒漠草原植物群落物种组成与重要值

Table 1 Species composition and importance values of desert steppe plant communities

物种 Species	重要值 Important values				
	+50%	+30%	CK	-30%	-50%
短花针茅 <i>S. breviflora</i>	0.74±0.09	0.68±0.24	0.69±0.08	0.94±0.03	0.95±0.13
牛枝子 <i>L. potaninii</i>	0.44±0.06	0.31±0.07	0.21±0.01	0.47±0.03	0.19±0.08
银灰旋花 <i>C. ammannii</i>	0.10±0.04	0.16±0.04	0.30±0.05	0.20±0.02	0.21±0.06
米口袋 <i>Gueldenstaedtia verna</i>	0.26±0.03	0.07±0.01	0.12±0.06	0.08±0.01	0.12±0.07
砂珍珠豆 <i>Oxytropis racemosa</i>	0.18±0.05	0.02±0.01	0.10±0.06	0.05±0.04	0.06±0.02
二裂委陵菜 <i>Potentilla bifurca</i>	0.07±0.05	0.05±0.03	0.18±0.10	0.06±0.05	0.08±0.07
远志 <i>Polygala tenuifolia</i>	0.13±0.01	0.19±0.08	0.07±0.02	0.11±0.06	0.25±0.07
骆驼蒿 <i>Peganum nigellastrum</i>	0.18±0.08	0.12±0.04	0.06±0.02	0.17±0.09	0.14±0.09
赖草 <i>Leymus secalinus</i>	0.31±0.16	0.56±0.28	0.22±0.21	—	0.18±0.17
白草 <i>Pennisetum flaccidum</i>	0.24±0.13	0.08±0.04	0.40±0.08	0.03±0.01	0.22±0.16
猪毛蒿 <i>Artemisia scoparia</i>	0.45±0.03	0.15±0.05	0.42±0.21	—	—
猫头刺 <i>Oxytropis aciphylla</i>	0.02±0.01	0.08±0.07	0.23±0.03	—	0.02±0.01
老瓜头 <i>Vincetoxicum mongolicum</i>	—	0.01±0.00	—	0.16±0.05	—
地锦草 <i>Euphorbia humifusa</i>	0.06±0.04	—	—	—	0.04±0.01
甘草 <i>Glycyrrhiza uralensis</i>	—	—	—	0.25±0.14	0.13±0.03
乳浆大戟 <i>Euphorbia esula</i>	0.12±0.04	0.04±0.01	—	0.11±0.04	—

—: 无数据 No data. +50%: 增加50%降雨量 50% increase in rainfall; +30%: 增加30%降雨量 30% increase in rainfall; CK: 自然降雨量 Natural rainfall; -30%: 减少30%降雨量 30% decrease in rainfall; -50%: 减少50%降雨量 50% decrease in rainfall. 下同 The same below.

1.2 试验设计

模拟增减雨试验装置于2021年11月开始布设,采用单因素完全随机设计,设置增加50%降水量(+50%)、增加30%降水量(+30%)、自然降水量(CK)、减少30%降水量(-30%)、减少50%降水量(-50%)共5个处理。每个处理3次重复,共有15个试验小区,每个小区面积60m²(6m×10m)。水分控制装置采用固定遮雨棚,遮雨棚四周敞开,顶部均匀地安装透明的截雨装置(截雨装置夹角为60°,开口向上的V型聚碳酸树脂板),截雨装置连

接滴灌设施,通过控制截雨装置截留雨水实现减雨处理,将截留的雨水通过滴灌设施补充到增雨区域,实现增雨处理。同时,为了避免各小区之间水分扩散影响试验结果,设置宽度为3 m的缓冲带。

1.3 样品采集

于2023年7月,荒漠草原植被生长旺季(生物量高峰期),在处理小区选择地势相对平坦、植物长势均匀的区域,设置3个小样方(1 m×1 m),在每个样方内随机测量20株植物高度,求平均值作为样方冠层高度,将样方冠层平均高度作为样地冠层高度,再记录植物种密度、频度等生长状况,并进行地上生物量的采集,以上植被调查步骤参考米扬等^[4]的研究方法。于2023年8月,进行植物根际土壤样品的采集,在每个小区内画一条对角线,并确定这条对角线中点为第一个采样点,接下来,在这条对角线上选取与中心点距离相等的4个点为另外的取样点,在每个取样点上进行取样,采用整株挖掘法,每个点挖掘两株目标植物,将植物进行根系抖土后,用软毛刷将附着在根系表面的土壤刷下,去除杂物与植物残体,将同物种的样品混合均匀,迅速装入灭菌袋中带回实验室用液氮冷冻。

1.4 测定指标与方法

1)土壤理化性质测定:采用0~40 cm土层,参照《土壤农化分析》^[13]测定相关指标。全氮采用半微量凯氏定氮法测定;全磷采用钼锑抗比色法测定;全钾采用氢氧化钠熔融法测定;土壤pH采用酸度计(PHS-3C型酸度计,上海)测定(土水比为1:5)。

2)土壤含水量测定:使用土钻分别采集0~10 cm、10~20 cm、20~40 cm土层土壤,将土样装入带标签的铝盒称鲜重后,带回实验室,烘干(105 °C, 24 h)至恒重,测定土壤含水量。

3)物种重要值计算:

$$IV = RF + RC + RH$$

式中:IV为重要值(importance value);RF为相对频度(relative frequency);RC为相对盖度(relative coverage);RH为相对高度(relative height)。

$$RF = \frac{F_i}{\sum F_i}$$

$$RC = \frac{C_i}{\sum C_i}$$

$$RH = \frac{H_i}{\sum H_i}$$

式中: F_i 为某个物种的频度; $\sum F_i$ 为所有物种的总频度; C_i 为某个物种的盖度(m^2); $\sum C_i$ 为所有物种盖度之和(m^2); H_i 为某种植物种群的高度(m); $\sum H_i$ 为样方中所有植物高度之和(m)。

4)地上生物量测定:用收获法^[12]将1 m^2 植物齐地面分物种剪下后装入信封袋带回实验室称其鲜重。采用烘干法,在105 °C杀青30 min,继续于75 °C干燥箱(博泰GZX-DH,上海)烘干24 h,烘干后称其干重并记录地上生物量。

5)根际土壤微生物的测定及多样性指数的计算:对16S/ITS rRNA特定区段PCR产物进行高通量测序处理。具体测序过程为土壤样品→DNA提取和质量检测(Nanodrop+琼脂糖电泳)→经过PCR扩增、混样、建库→文库质量检测和上机测序Illumina(PE250,美国)→测序得到下机数据→数据拼接质控→优化数据→OTU聚类→生物信息学分析。使用MP试剂盒(美国)对样本进行DNA抽提和质量检测(琼脂糖电泳);细菌扩增正向引物为515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3'),反向引物为907R(5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3'),真菌采用特异引物(ITS3F/ITS4R)进行基因扩增,正向引物为ITS3F(5'-GCATCGATGAAGAACGC AGC-3'),反向引物为ITS4R(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')。微生物多样性指数的计算参考宋珂辰等^[12]的方法。

1.5 数据统计与分析

采用Excel 2023软件对数据进行基础处理,使用Origin 2024及R制图。地上生物量、土壤含水量和理化性质采用单因素ANOVA方差法分析显著差异,采用Duncan多重比较法检验不同处理和不同物种间土壤细菌及真菌

群落门水平间的显著性差异,采用单因素线性模型对微生物群落多样性进行方差分析。韦恩图采用R包 Venn Diagram 进行制作,主坐标分析(principal coordinate analysis)采用 *Bray* 算法,表示不同处理下微生物群落组成的差异,置信区间为 90%,相关性热图采用 Origin 2024 制作。

2 结果与分析

2.1 降水变化下优势植物的地上生物量特征

各优势植物的地上生物量随降水的递减整体呈降低的变化趋势(表 2)。其中,短花针茅、银灰旋花和牛枝子的地上生物量在增雨处理下与对照和减雨处理有显著差异($P < 0.05$),增雨处理间也有显著差异($P < 0.05$),但减雨两处理间差异不显著($P \geq 0.05$),同时,增雨和减雨处理下的地上生物量都与对照组有显著差异($P < 0.05$)。

2.2 降水变化下植物群落土壤水分含量、理化性质特征

不同降水变化下的土壤含水量和理化性质结果表明,0~10 cm、10~20 cm、20~40 cm 土层中的土壤含水量在不同处理之间有显著差异($P < 0.05$,表 3)。并且土壤含水量整体随着降水减少而呈递减趋势。同一处理下不同土层之间的全氮、全磷含量具有显著差异($P < 0.05$);在 20~40 cm 土层中,pH 在 CK 与 -30% 和 -50% 处理间出现显著差异($P < 0.05$)。全钾含量在各处理各土层间均无显著差异($P \geq 0.05$)。不同降水处理的相同土层之间,全氮和全磷含量均未达到显著差异($P \geq 0.05$)。

表 2 降水变化对优势植物地上生物量的影响

Table 2 Effects of precipitation changes on the aboveground biomass of dominant plants

处理 Treatment	地上生物量 Aboveground biomass ($\text{g}\cdot\text{m}^{-2}$)		
	短花针茅 <i>S. breviflora</i>	银灰旋花 <i>C. ammannii</i>	牛枝子 <i>L. potaninii</i>
+50%	43.67±1.15a	6.98±0.46a	7.58±0.25a
+30%	41.51±0.67b	4.30±0.03b	5.68±0.46b
CK	16.09±0.07c	2.97±0.34c	1.49±0.22c
-30%	13.07±0.39d	1.70±0.16d	0.59±0.07d
-50%	10.70±0.12d	1.87±0.19d	0.37±0.04d

同列不同小写字母表示不同处理间地上生物量差异显著($P < 0.05$)。Different lowercase letters in the same column indicate significant differences in aboveground biomass among different treatments ($P < 0.05$).

表 3 降水变化对土壤理化性质、土壤含水量的影响

Table 3 Effects of precipitation changes on soil physicochemical properties and soil moisture content

项目 Item	土层深度 Soil depth (cm)	处理 Treatment				
		+50%	+30%	CK	-30%	-50%
全氮 Total nitrogen (TN, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	0~10	0.63±0.10aA	0.53±0.06aA	0.59±0.12aA	0.56±0.07aA	0.57±0.13aA
	10~20	0.45±0.08bA	0.46±0.08abA	0.33±0.06bA	0.39±0.11abA	0.40±0.02bA
	20~40	0.36±0.05bA	0.35±0.02bA	0.42±0.03bA	0.37±0.06bA	0.37±0.03bA
全磷 Total phosphorus (TP, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	0~10	0.59±0.07aA	0.53±0.04abA	0.51±0.04bA	0.52±0.05abA	0.51±0.07aA
	10~20	0.45±0.05bA	0.46±0.07bA	0.38±0.03cA	0.42±0.06bA	0.42±0.03aA
	20~40	0.58±0.07abA	0.56±0.03aA	0.60±0.04aA	0.57±0.04aA	0.52±0.07aA
全钾 Total potassium (TK, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	0~10	18.36±0.79aA	18.08±0.25aA	19.11±1.35aA	17.53±0.28aA	17.87±0.05aA
	10~20	18.55±0.44aA	17.38±0.30aA	18.74±0.38aA	17.69±0.20aA	17.96±0.39aA
	20~40	18.13±0.75aA	17.95±0.42aA	18.99±0.53aA	17.43±0.37aA	17.70±0.49aA
pH	0~10	8.95±0.07aA	8.87±0.17abA	7.62±1.84aA	8.79±0.40aA	9.02±0.16aA
	10~20	9.15±0.75aA	8.76±0.04bA	8.78±0.11aA	8.98±0.22aA	8.98±0.14aA
	20~40	8.99±0.18aAB	9.01±0.05aAB	8.83±0.09aB	9.08±0.12aA	9.08±0.07aA
土壤含水量 Soil moisture content (GWC, %)	0~10	9.81±2.45aA	3.14±0.64cB	1.87±0.28cBC	1.85±0.20abBC	1.16±0.14cC
	10~20	6.06±0.19bA	6.23±0.04bA	3.31±0.13bB	2.33±0.13aC	4.07±0.53bB
	20~40	10.29±0.49aB	14.92±1.46aA	4.94±0.08aC	3.81±0.16aC	4.81±0.43aC

同列不同小写字母表示相同处理不同土层间差异显著($P < 0.05$);同行不同大写字母表示相同土层不同处理间差异显著($P < 0.05$)。Different lowercase letters in the same column indicate significant differences among different soil layers of the same treatment ($P < 0.05$). Different uppercase letters in the same row indicate significant differences among different treatments of the same soil layer ($P < 0.05$).

2.3 降水变化条件下不同优势种根际土壤细菌群落相对丰度与物种组成特征

优势植物间根际土壤细菌群落在门水平上丰度结果表明(图 1a),牛枝子的根际土壤中优势菌群为放线菌门(Actinobacteriota, 26.2%)、变形菌门(Proteobacteria, 14.3%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 13.9%)。银灰旋花的根际土壤中优势菌群为放线菌门(20.3%)、拟杆菌门(Bacteroidota, 18.8%)、变形菌门(18.5%)、蓝藻门(Cyanobacteria, 10.8%)。短花针茅的根际土壤中优势菌群为放线菌门(22.0%)、变形菌门(14.7%)、酸杆菌门(14.3%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 10.6%)。牛枝子与短花针茅根际土壤优势菌门组成比较接近,但牛枝子的放线菌门相对丰度(26.2%)比短花针茅(22.0%)多 4.2%。银灰旋花中拟杆菌门相对丰度(18.8%)比牛枝子(8.5%)和短花针茅(9.9%)分别多 10.3% 和 8.9%,浮霉菌门(Planctomycetota, 5.0%)相对丰度比牛枝子(9.9%)与短花针茅(9.4%)分别少 4.9% 和 4.4%,蓝藻门相对丰度(10.8%)比牛枝子(2.0%)与短花针茅(3.3%)分别多 8.8%、7.5%,酸杆菌门相对丰度(7.7%)比牛枝子(13.9%)与短花针茅(14.3%)分别少 6.2%、6.6%。

不同处理间细菌群落在门水平上丰度结果表明(图 1b),相对丰度大于 1% 的有放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、浮霉菌门、蓝藻门、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、粘菌门(Myxomycota)、装甲菌门(Armatimonadota)10 个门,共占 93.35%~95.37%,其他菌门占 4.63%~6.65%。

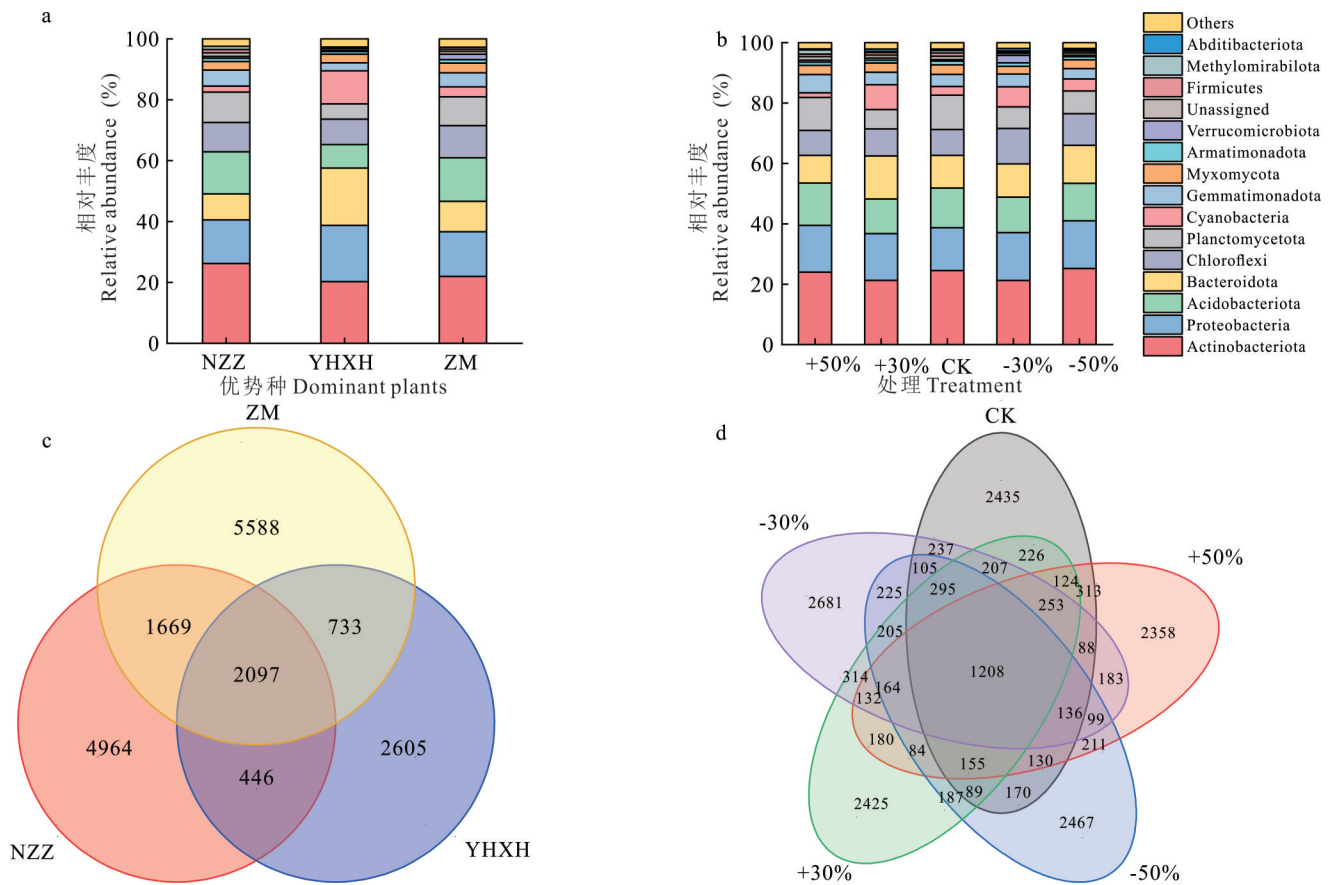


图 1 根际土壤细菌群落相对丰度差异与韦恩图

Fig. 1 Differences in the relative abundance of bacterial communities in rhizosphere soil and Venn diagram

a: 不同物种根际细菌群落门水平相对丰度 Relative abundance of rhizosphere bacterial community at phylum levels of different species; b: 不同降水处理根际细菌群落门水平相对丰度 Relative abundance of rhizosphere bacterial community at phylum levels under different precipitation treatments; c: 不同物种根际土壤细菌群落的韦恩图 Venn diagram of rhizosphere soil bacterial community of different species; d: 不同降水处理根际土壤细菌群落的韦恩图 Venn diagram of rhizosphere soil bacterial community under different precipitation treatments. NZZ: 牛枝子 *L. potaninii*; ZM: 短花针茅 *S. breviflora*; YHXH: 银灰旋花 *C. ammannii*. Actinobacteriota: 放线菌门; Proteobacteria: 变形菌门; Acidobacteriota: 酸杆菌门; Bacteroidota: 拟杆菌门; Chloroflexi: 绿弯菌门; Planctomycetota: 浮霉菌门; Cyanobacteria: 蓝藻门; Gemmatimonadota: 芽单胞菌门; Myxomycota: 粘菌门; Armatimonadota: 装甲菌门; Verrucomicrobiota: 疣微菌门; Unassigned: 未分类菌门; Firmicutes: 厚壁菌门; Methylomirabilota: 巴纽尔斯基菌门; Abditibacteriota: 芽枝霉门; Others: 其他门类。下同 The same below.

牛枝子、短花针茅、银灰旋花中共有 OTUs 数量为 2097, 占其各自总 OTUs 数量的比例分别为 22.80%、20.79%、35.66%, 各组特有的 OTUs 数量分别为 4964、5588、2605 个, 占其总 OTUs 数量的比例分别为 53.98%、55.40%、44.30%, 可以看出短花针茅与牛枝子特有 OTUs 所占比例较高, 而银灰旋花根际土壤细菌共有物种数量高于短花针茅与牛枝子, 并且特有物种较低(图 1c)。

5 个处理中共有的 OTUs 数量为 1208, +50%、+30%、CK、-30%、-50% 各处理特有的 OTUs 数量分别为 2358、2425、2435、2681、2467 个, OTUs 总数量分别为 5818、6248、6171、6532、5930 个, 各处理特有的 OTUs 数量占其总 OTUs 数量的比例为 40.53%、38.81%、39.46%、41.04%、41.60%。可以看出, 随着降水梯度的减少, 特有微生物的数量上升, 在 -30% 处理下, 细菌微生物数量达到最高(图 1d)。

2.4 降水变化条件下不同优势种根际土壤真菌群落相对丰度与物种组成特征

优势植物间根际土壤真菌群落在门水平上丰度结果表明(图 2a), 子囊菌门(Ascomycota)相对丰度最高, 其在不同植物中的相对丰度为短花针茅(73.8%) > 银灰旋花(72.3%) > 牛枝子(67.6%)。担子菌门(Basidiomycota)相对丰度排名第二, 其丰度在不同植物中为牛枝子(21.7%) > 短花针茅(16.5%) > 银灰旋花(16.4%)。

不同降水处理下的根际土壤真菌群落在门水平上丰度结果表明(图 2b), 子囊菌门和担子菌门在不同处理间相对丰度为 84.2%~94.1%。其中子囊菌门在 -50% 处理下相对丰度最高, 为 77.7%, 在 +50% 处理下最低, 为 62.2%, 比对照组降低 11.7%。担子菌门在 +50% 处理下最高, 为 30.2%, 在 -30% 处理下最低, 为 15.0%, 且 +50% 比对照组增加了 15.2%。

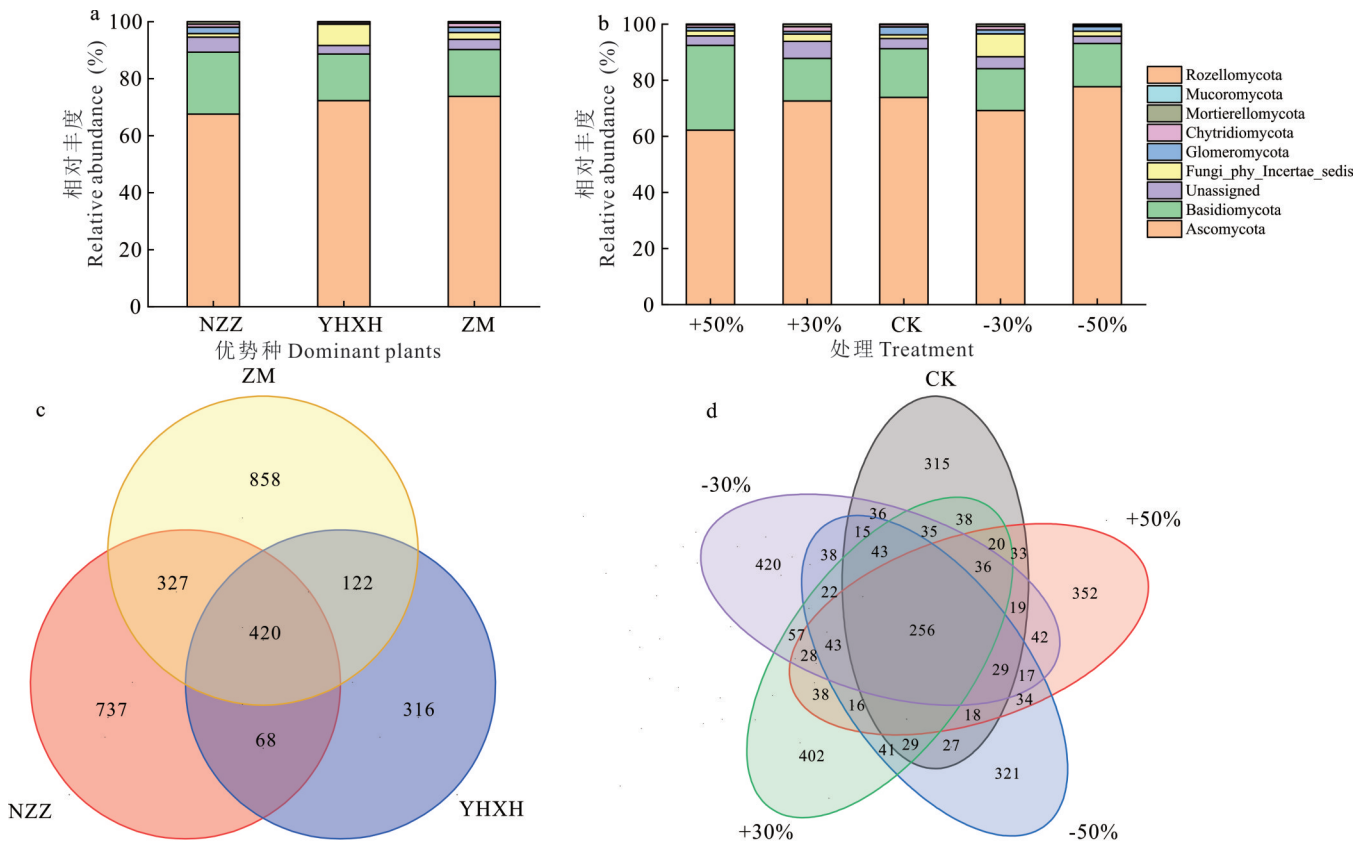


图 2 根际土壤真菌群落相对丰度差异与韦恩图

Fig. 2 Differences in the relative abundance of fungal communities in rhizosphere soil and Venn diagram

a: 不同物种根际真菌群落门水平相对丰度 Relative abundance of rhizosphere fungal community at phylum level of different species; b: 不同降水处理根际真菌群落门水平相对丰度 Relative abundance of rhizosphere fungal community at phylum levels under different precipitation treatments; c: 不同物种根际土壤真菌群落的韦恩图 Venn diagram of rhizosphere soil fungal communities of different species; d: 不同降水处理根际土壤真菌群落的韦恩图 Venn diagram of the fungal community in rhizosphere soil under different precipitation treatments. Ascomycota: 子囊菌门; Basidiomycota: 担子菌门; Glomeromycota: 球囊菌门; Chytridiomycota: 壶菌门; Mortierellomycota: 被孢菌门; Rozellomycota: 隐真菌门。下同 The same below.

优势植物间根际土壤真菌群落组成分析结果表明,短花针茅、牛枝子、银灰旋花样品中共有OTUs数量为420,特有OTUs数量分别为858、737、316,占其总OTUs数量的比例为49.68%、47.49%、34.13%(图2c)。其中,短花针茅与牛枝子特有OTUs所占比例较高,银灰旋花根际真菌共有物种数量虽然高于短花针茅和牛枝子,但其特有物种较低。

不同处理下真菌群落OTUs数量分析结果表明,5个处理中共有的OTUs数量为256(图2d)。+50%、+30%、CK、-30%、-50%各处理特有OTUs数量分别为352、402、315、420、321,占其总OTUs数量的比例分别为34.89%、35.51%、32.24%、36.97%、32.86%。在-30%处理下,真菌特有OTUs数量与OTUs总量均达到最大值。

2.5 降水量变化下3种优势植物根际土壤细菌多样性指数特征

降水变化对细菌群落多样性的影响结果表明,Chao1、ACE、Shannon指数均为短花针茅>牛枝子>银灰旋花。牛枝子的ACE、Chao1指数呈波动状态,在-50%处理下达到最大值,Shannon指数趋于稳定,Simpson指数在-50%处理下最小(图3)。短花针茅的Chao1、ACE指数呈‘W’型变化趋势,Shannon指数趋于稳定,Simpson指数在+30%处理下达到最大。银灰旋花的Chao1、ACE指数由大到小排列为CK>+50%>-30%>+30%>-50%,Shannon指数在对照组最大,在-50%处理下最小,Simpson指数变化幅度较大,其中-50%处理数值最大。各物种间均有极显著差异($P<0.01$),各处理间均无显著差异($P\geq 0.05$)。Simpson指数在物种与处理综合作用下有显著差异($P<0.05$),其余指数在物种与处理之间无显著交互作用($P\geq 0.05$)。

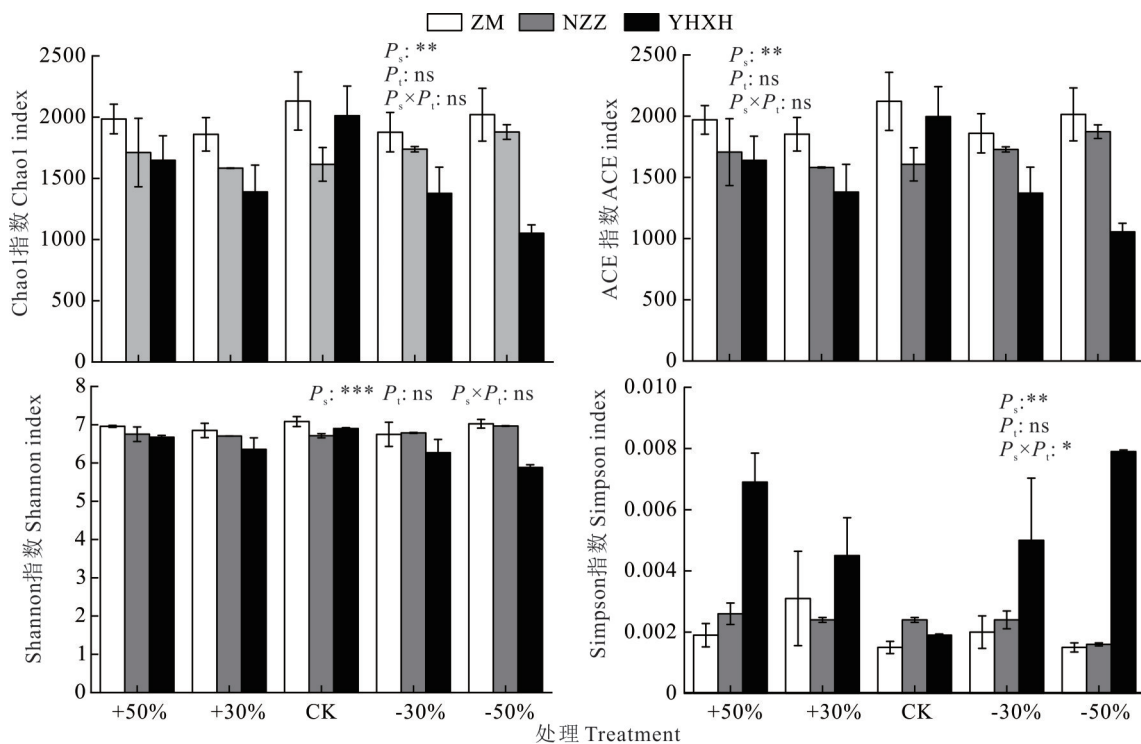


图3 降水变化对细菌微生物群落多样性指数的影响

Fig. 3 Effect of precipitation change on bacterial microbial community diversity index

s: 物种 Species; t: 处理 Treatment. *代表有显著影响($P<0.05$); **代表有极显著影响($P<0.01$); ***代表极显著差异($P<0.001$); ns代表无显著影响。* represents significant influence ($P<0.05$); ** represents extremely significant influence ($P<0.01$); *** represents extremely significant difference ($P<0.001$); ns represents no significant influence ($P\geq 0.05$). 下同 The same below.

2.6 降水量变化下3种优势植物根际土壤真菌微生物多样性指数特征

不同降水处理下短花针茅的Chao1、ACE指数均大于对照组,在+30%处理下达到最高;Shannon指数趋于稳定,Simpson指数在+50%、-50%处理下较高(图4)。不同降水处理下牛枝子的Chao1、ACE指数在-30%

处理下达到最高,随降水呈现波动性变化;Shannon指数随降水减少而增加,在-30%处理下达到最高,随后在-50%处理下降低,Simpson指数随降水量的减少而减少。不同降水处理下银灰旋花的Chao1、ACE、Shannon指数均为对照组最高,呈现倒‘V’型分布,Simpson指数有较大的变化,随水分减少而降低,但在-30%处理下达到最大。各物种间有显著差异($P < 0.05$),各降水处理间无显著差异($P \geq 0.05$),物种与降水处理之间无显著交互作用($P \geq 0.05$)。

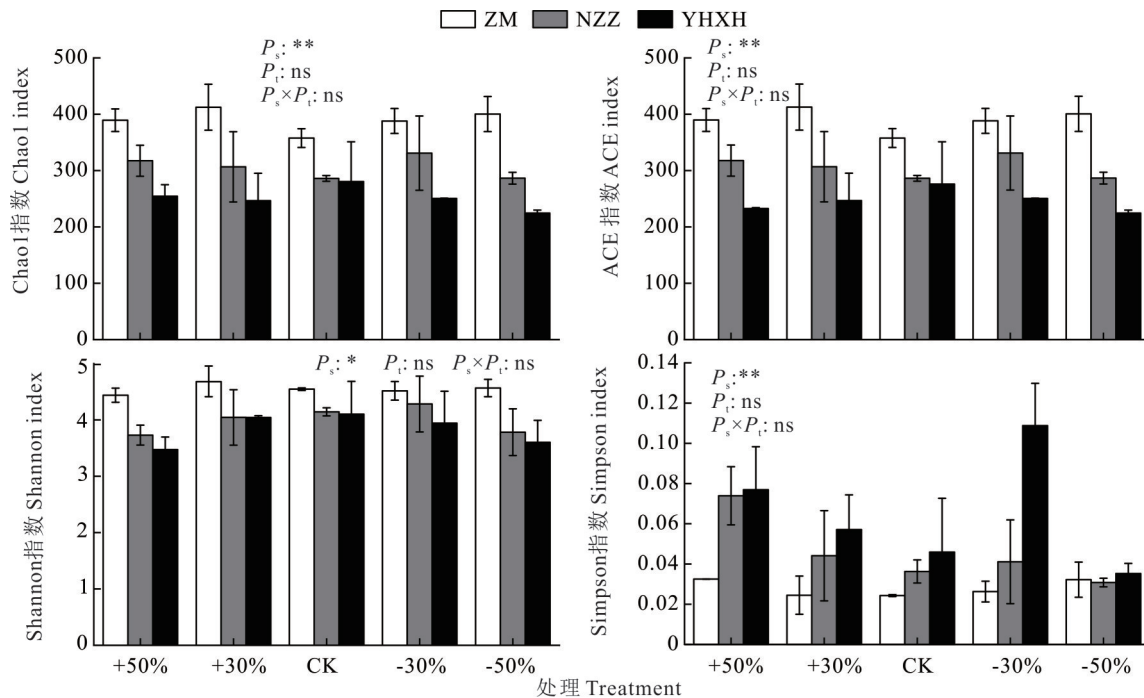


图4 降水变化对真菌微生物群落多样性指数的影响

Fig. 4 Effect of precipitation changes on fungal microbial community diversity index

2.7 降水量变化下3种优势植物根际土壤微生物的主坐标分析

优势植物根际土壤中细菌群落主坐标分析中(图5a),短花针茅和牛枝子样本点聚集,且重合分布较多。银灰旋花与牛枝子重合范围较小,与短花针茅没有重合。不同降水量下细菌群落主坐标分析结果表明,PC1轴的贡献率为27.28%,PC2轴为14.35%,降水变化对优势植物根际微生物的影响以PC1为主,CK、-50%主要分布于PC1的负半轴,+50%、-30%两处理主要分布于PC1的正半轴,说明在+50%和-30%处理下,土壤细菌群落组成发生了明显变化(图5b)。

优势植物根际土壤中真菌群落主坐标分析结果表明,短花针茅与牛枝子在PC1轴上都处于负半轴,而银灰旋花在PC1轴上处于正半轴,3种植物根际真菌群落组成存在明显差异(图5c)。不同降水量下,优势植物根际土壤真菌群落主坐标分析中(图5d),PC1轴的贡献率为17.37%,PC2轴为10.03%,总贡献率为27.40%,其中,各降水处理下的真菌群落相互重叠,分离不明显,但覆盖面积明显不同。

2.8 优势植物根际土壤微生物群落多样性与土壤理化性质、土壤含水量和地上生物量的关系

短花针茅根际细菌的ACE指数与全磷呈显著负相关($P < 0.05$,图6a),真菌的ACE指数与全钾呈显著负相关($P < 0.05$),微生物群落中拟杆菌门与pH、蓝藻门与细菌的ACE指数、子囊菌门与全氮呈显著负相关($P < 0.05$),变形菌门与放线菌门、酸杆菌门呈显著负相关($P < 0.05$),酸杆菌门与拟杆菌门呈显著负相关($P < 0.05$),拟杆菌门与放线菌门、浮霉菌门呈显著负相关($P < 0.05$),蓝藻门与放线菌门、酸杆菌门、浮霉菌门呈显著负相关($P < 0.05$),担子菌门与变形菌门、子囊菌门、拟杆菌门呈显著负相关($P < 0.05$)。地上生物量与土壤含水量呈显

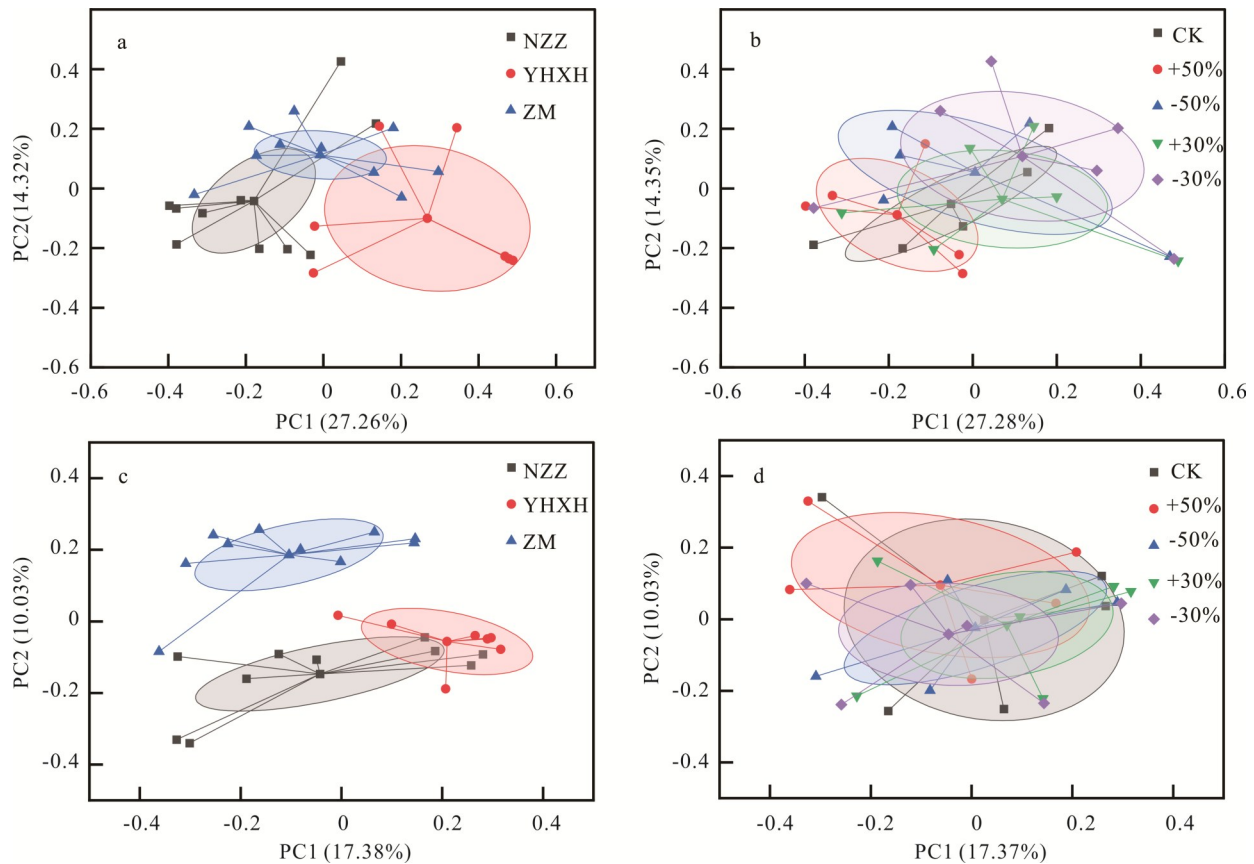


图 5 不同植物与不同降水处理下根际土壤细菌、真菌群落结构的主坐标分析

Fig. 5 Principal coordinate analysis of bacterial and fungal community structure in rhizosphere soil under different plant and precipitation treatments

a: 不同物种根际细菌群落 Rhizosphere bacterial communities of different species; b: 不同降水处理根际细菌群落 Rhizosphere bacterial community under different precipitation treatments; c: 不同物种根际真菌群落 Rhizosphere fungal communities of different species; d: 不同降水处理根际真菌群落 Rhizosphere fungal communities under different precipitation treatments.

著正相关($P < 0.05$), 浮霉菌门与细菌群落的 ACE 指数、全氮、酸杆菌门、担子菌门呈显著正相关($P < 0.05$), 担子菌门与全氮呈显著的正相关($P < 0.05$), 拟杆菌门与蓝藻门、子囊菌门呈显著正相关($P < 0.05$)。

牛枝子根际土壤细菌的 ACE 指数与 pH 呈显著的正相关($P < 0.05$, 图 6b), 地上生物量与土壤含水量呈显著的正相关($P < 0.05$), 拟杆菌门与蓝藻门、全磷呈显著的正相关($P < 0.05$), 变形菌门与地上生物量呈显著的正相关($P < 0.05$), 担子菌门与全氮呈显著的正相关($P < 0.05$), 子囊菌门与放线菌门、拟杆菌门呈显著的正相关($P < 0.05$)。放线菌门与地上生物量、变形菌门呈显著的负相关($P < 0.05$), 酸杆菌门与变形菌门、拟杆菌门呈显著的正相关($P < 0.05$), 浮霉菌门与变形菌门、拟杆菌门呈显著的正相关($P < 0.05$), 子囊菌门与真菌的 ACE 指数、全氮、酸杆菌门、浮霉菌门、担子菌门呈显著的正相关($P < 0.05$)。

银灰旋花根际土壤细菌的 ACE 指数与全钾呈显著的正相关($P < 0.05$, 图 6c), 地上生物量与土壤含水量呈显著的正相关($P < 0.05$), 酸杆菌门与细菌群落的 ACE 指数、全钾、放线菌门呈显著的正相关($P < 0.05$), 浮霉菌门与细菌群落的 ACE 指数、全钾、放线菌门、酸杆菌门呈显著的正相关($P < 0.05$), 拟杆菌门与变形菌门、蓝藻门呈显著的正相关($P < 0.05$), 担子菌门与全氮呈显著的正相关($P < 0.05$)。真菌的 ACE 指数与 pH 呈显著的负相关($P < 0.05$), 变形菌门与细菌的 ACE 指数、放线菌门、酸杆菌门、浮霉菌门呈显著的负相关($P < 0.05$), 拟杆菌门与细菌的 ACE 指数、放线菌门、酸杆菌门呈显著的负相关($P < 0.05$), 蓝藻门与细菌的 ACE 指数、全钾、地上生物量、放线菌门、酸杆菌门、浮霉菌门呈显著的负相关($P < 0.05$)。

3 讨论

3.1 降水变化下土壤微生物群落变化特征

研究认为,降水变化可以影响土壤含水量、pH值和营养物质含量,从而改变土壤矿化过程,影响土壤微生物群落的组成^[14],土壤微生物群落的丰富度、多样性和丰度与土壤水分有效性呈正相关^[15],而根际土壤微生物更能直接感知植物如何有效吸收利用土壤养分和适应干旱环境。

本研究对荒漠草原优势物种的根际土壤进行测序分析,发现3种优势植物的根际土壤细菌群落总OTUs远大于真菌群落总OTUs,且不同降水处理下3种优势植物根际土壤中细菌群落的特有OTUs所占的百分比均高于真菌群落,由此可得出在荒漠草原,细菌群落对降水变化的敏感程度要高于真菌群落,与Chen等^[16]的研究结果相似,其原因可能是细菌能够利用环境中的简单化合物快速合成核糖体,从而拥有更快的扩散速度,表现出更快的群落变化特征。在-30%处理下,优势种植物根际土壤的细菌群落和真菌群落总OTUs均达到最大值,分别为2681和420,而在+50%处理下,植物根际土壤的细菌群落与真菌群落的OTUs均有所降低,分别为2358和352,赵宇等^[17]的研究认为降水量增加,微生物多样性和丰富度有增有减。李冰等^[18]认为增加降水量可以使土壤通透性降低,从而影响微生物群落的呼吸速率,导致微生物的活性降低。在荒漠草原,放线菌门、变形菌门、酸杆菌门被认为是细菌群落的主要组成部分^[19],子囊菌门和担子菌门是真菌群落中的重要组成成分^[20]。本研究中,放线菌门在+50%处理和-50%处理下相对丰度较高,分别为24.01%和25.23%,高于-30%处理(21.29%),这是因为放线菌门对环境变化有很强的敏感性,能够通过增加细胞壁的厚度来应对环境中降水的变化^[21],所以在增加降水或减少降水的情况下放线菌门都能快速适应外界环境的变化,以保持较高的增长速率^[22]。真菌能够凭借其发达的菌丝网络,有效地从水分匮乏的土壤孔隙中汲取必要的水分与养分,以确保其生命机能的持续进行^[23]。不同降水梯度下植物根际土壤真菌群落的优势菌门均为子囊菌门和担子菌门。其中子囊菌门的相对丰度(62.2%~77.7%)远大于担子菌门(15.0%~30.2%),原因在于子囊菌门属于不敏感菌群,无论湿润或干旱条件均能生存,而担子菌门属于干旱敏感类菌群,易受到水分变化的影响^[24],同时两者之间对资源存在竞争关系^[23]。总体来看,在不同降水处理下,不论细菌或真

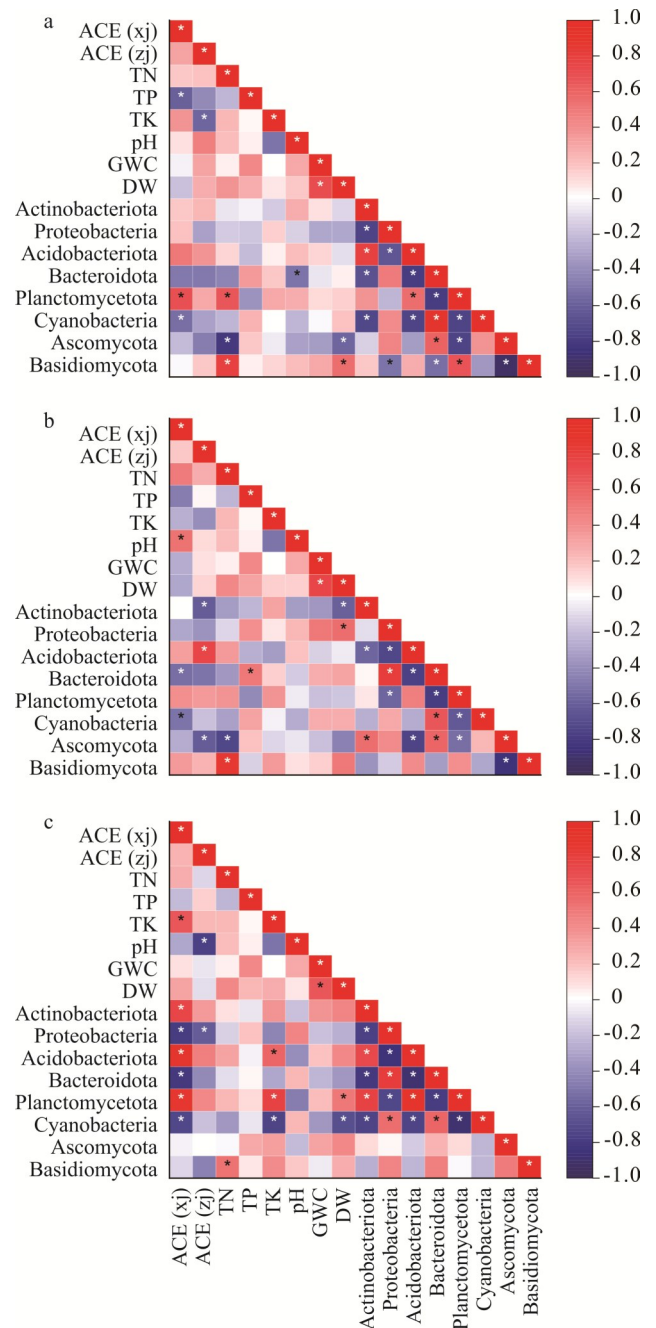


图6 优势植物根际土壤微生物群落多样性与植物地上生物量及其环境因子的相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis of soil microbial community diversity in the rhizosphere of dominant plants, aboveground biomass of plants and their environmental factors

a: 短花针茅 *S. breviflora*; b: 牛枝子 *L. potaninii*; c: 银灰旋花 *C. ammannii*. ACE(xj): 细菌群落的ACE指数 ACE index of bacterial communities; ACE(zj): 真菌群落的ACE指数 ACE index of fungal communities; TN: 全氮 Total nitrogen; TP: 全磷 Total phosphorus; TK: 全钾 Total potassium; GWC: 土壤含水量 Soil moisture content; DW: 地上生物量 Aboveground biomass.

菌,它们的多样性变化程度均较为微弱,这一现象暗示了在荒漠草原优势植物根际微生物群落整体上对于降水变化的响应具有一定的滞后性。

3.2 优势植物根际土壤微生物群落变化特征

不同植物由于其根际分泌物的特性和含量的差异,会对根际微生物群落的结构、活性及功能产生显著影响^[25]。

本研究中,短花针茅和牛枝子根际土壤中细菌与真菌微生物群落数量高于银灰旋花,其原因可能是短花针茅拥有发达的根系结构^[26],能够积累丰富的微生物群体;牛枝子作为豆科植物,拥有强大的固氮能力,意味着其根际存在大量根瘤菌,同时,牛枝子根际能够分泌大量过氧化氢酶和脲酶,能够提升土壤肥力水平,从而提高微生物群落的数量^[27];而银灰旋花根系属于轴根型,且地上生物量少,可能影响了微生物数量的积累。银灰旋花根际土壤细菌群落中蓝藻门、拟杆菌门的相对丰度分别比牛枝子高8.8%、10.3%,比短花针茅高7.5%、8.9%,这可能是短花针茅能够通过高效吸收特定营养元素(如氮等),降低根际环境中这些元素的浓度^[28],使生长过程中需要这些营养物质的蓝藻门微生物含量下降^[29]。研究发现,拟杆菌门相对丰度越高,其植物对环境的抵抗能力越强^[30],说明银灰旋花作为典型的旱生植物,应对干旱生境时根际细菌群落中拟杆菌门响应积极,这可能与植物种属特异性有关。3种优势植物根际土壤的真菌群落中子囊菌门占据绝对优势地位,相对丰度分别为短花针茅73.8%、牛枝子67.6%和银灰旋花72.3%,这与Zuo等^[20]的研究结果相吻合,进一步验证了子囊菌门的优势地位。短花针茅、牛枝子和银灰旋花的多样性指数均有显著差异,表明即使在同一生态系统中,不同物种对环境的应对策略也有所不同^[31]。短花针茅根际细菌群落和真菌群落的Chao1指数和Shannon指数多数高于牛枝子和银灰旋花,说明短花针茅根际微生物数量以及活跃度最高而银灰旋花根际微生物多样性指数变化幅度最大。在不同降水处理下,短花针茅和牛枝子的细菌群落ACE指数的极差分别是268.45和292.20,而银灰旋花细菌群落ACE指数的极差为941.93,可见,银灰旋花群落稳定性不如短花针茅和牛枝子。通过主坐标分析,短花针茅和牛枝子在微生物群落组成中群落成分相似度较高,而与银灰旋花根际微生物群落组成相似度较低。这与植被调查研究结果一致,短花针茅和牛枝子通常作为短花针茅草原群落建群种和优势种,而银灰旋花多为伴生种^[32]。贾渊等^[33]的研究发现,受银灰旋花根系分泌物影响的土壤中,有机质、全氮、全磷、有效氮、有效磷的含量均小于短花针茅根际土壤,且随时间的增加差距逐渐增大。说明,这3种植物中短花针茅和牛枝子可能存在一定的互生关系,而银灰旋花可能有一定的化感作用,表现出明显的种属特异性。

3.3 植物根际微生物群落结构和土壤理化性质间的关系

土壤微生物的多样性变化受到多种环境因素的影响^[34]。随着降水的减少,微生物群落对土壤养分的吸收速率逐渐降低,导致土壤中全氮、全磷和全钾明显积累^[35],植物吸收土壤养分时,亦会对微生物群落的稳定性产生影响^[36]。本研究,短花针茅和牛枝子根际微生物中拟杆菌门与蓝藻门显著正相关($P < 0.05$),担子菌门与浮霉菌门显著正相关($P < 0.05$),但在银灰旋花根际微生物群落中这种相关性并不显著($P \geq 0.05$)。进一步说明了短花针茅和牛枝子根际土壤微生物群落物种之间具有一定的互生关系。

本研究中,土壤全磷与短花针茅根际细菌群落多样性显著负相关($P < 0.05$),全钾与短花针茅根际的真菌群落多样性显著正相关($P < 0.05$),与银灰旋花根际细菌群落多样性显著负相关($P < 0.05$)。说明,不同植物根际土壤微生物群落结构的差异影响了植物对土壤养分的吸收利用,磷可能是土壤中的限制性养分元素^[37],全钾对短花针茅根际真菌群落组成具有促进作用,提高了短花针茅的抗旱性。降水较强的情况下,磷会非常容易被雨水冲刷,导致土壤表层磷流失严重,而荒漠草原中pH值更易受全氮、氮磷比变化影响,并表现出负相关^[38]。

有研究发现pH对微生物多样性有显著影响^[39],且pH值微小的变化就能够降低近50%的微生物群落代谢活性^[40]。在相关性分析中,pH值与牛枝子根际的细菌群落多样性有显著正相关($P < 0.05$),与银灰旋花根际真菌群落多样性具有显著的负相关($P < 0.05$),研究表明牛枝子根际能够分泌大量的过氧化氢酶^[41],会影响土壤细菌群落多样性,由此可见,土壤pH会对牛枝子根际细菌群落多样性产生显著影响,促进了牛枝子根际养分分解与获取。综上,在降水增加的情况下,虽然植物地上生物量显著增加,但植物根际土壤中的细菌、真菌群落受到的影响

并不显著,并没有体现在微生物的多样性上。不同优势种根际土壤的微生物群落存在较大差异,但不同植物根际土壤中微生物的变化因素有哪些,以及在不同降水梯度下,植物本身分泌物发生了何种变化,在复杂的根际环境中细菌群落和真菌群落互相影响的机制,仍需进一步研究。

4 结论

荒漠草原优势种植物的地上生物量随着降水的增加而增加,与土壤含水量呈显著正相关($P < 0.05$)。3种优势种植物根际土壤中,细菌群落的优势菌门主要包括放线菌门、变形菌门、酸杆菌门以及拟杆菌门;真菌群落的优势菌门有子囊菌门和担子菌门。在所有降水变化处理中,根际细菌群落对水分的敏感性均高于真菌群落。其中,在-30%处理下,优势物种的真菌与细菌 OTUs 数量均达到最大值,其根际土壤微生物活动最为强烈。银灰旋花根际细菌群落中的蓝藻门、拟杆菌门相对丰度高于牛枝子和短花针茅,浮霉菌门、酸杆菌门的相对丰度低于牛枝子和短花针茅。牛枝子和短花针茅根际微生物群落的组成具有较高相似性,银灰旋花根际微生物群落与其相似度较低。在土壤理化性质中,全磷与短花针茅根际土壤细菌群落多样性显著负相关($P < 0.05$);全钾与银灰旋花根际土壤细菌群落的多样性呈显著负相关($P < 0.05$),与短花针茅真菌群落的多样性呈显著正相关($P < 0.05$);土壤 pH 值与牛枝子根际土壤细菌群落的多样性显著正相关($P < 0.05$),与银灰旋花根际土壤真菌群落多样性显著负相关($P < 0.05$)。短花针茅和牛枝子根际土壤微生物群落物种之间具有显著相关关系,存在一定的互补共生效应。

参考文献 References:

- [1] Luo S P, He B H, Zeng Q P, *et al.* Effects of seasonal variation on soil microbial community structure and enzyme activity in a Masson pine forest in Southwest China. *Journal of Mountain Science*, 2020, 17(6): 1398–1409.
- [2] Yang X, Zhu K, Loik M E, *et al.* Differential responses of soil bacteria and fungi to altered precipitation in a meadow steppe. *Geoderma*, 2021, 384: 114812.
- [3] Smilauer P, Kosnar J, Kotilinek M, *et al.* Contrasting effects of host identity, plant community, and local species pool on the composition and colonization levels of arbuscular mycorrhizal fungal community in a temperate grassland. *New Phytologist*, 2020, 225(1): 461–473.
- [4] Mi Y, Guo R, Wang Y, *et al.* Responses of soil bacterial and fungal communities to precipitation in the desert steppe ecosystem of Ningxia. *Acta Prataculturae Sinica*, 2023, 32(11): 81–92.
米扬, 郭蓉, 王媛, 等. 宁夏荒漠草原土壤细菌与真菌群落对降水变化的响应. *草业学报*, 2023, 32(11): 81–92.
- [5] Du Y X, Xie B M, Cai H S, *et al.* Structural and functional diversity of rhizosphere microbial community of nine plant species in the Daqing saline-alkali soil region. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(3): 740–747.
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. *生态学报*, 2016, 36(3): 740–747.
- [6] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15): 5111–5120.
- [7] Shao J Z, Guo X, Yuan X Y, *et al.* A study on screening and biocontrol effect of antagonistic actinomycetes against tomato early blight. *Journal of Zhejiang Normal University (Natural Sciences)*, 2023, 46(4): 416–424.
邵嘉朱, 郭鑫, 袁歆瑜, 等. 抗番茄早疫病放线菌的筛选与防效研究. *浙江师范大学学报(自然科学版)*, 2023, 46(4): 416–424.
- [8] Zhang W, Wang R Z, Li T T, *et al.* Responses of bacterial and fungal community to long-term nitrogen application in Loess Plateau. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2024, 30(2): 232–241.
张薇, 王润泽, 李彤彤, 等. 黄土区农田土壤细菌和真菌群落对长期施氮的响应特征. *植物营养与肥料学报*, 2024, 30(2): 232–241.
- [9] Bailey V L, Smith J L, Jr H B. Novel antibiotics as inhibitors for the selective respiratory inhibition method of measuring fungal: bacterial ratios in soil. *Biology & Fertility of Soils*, 2003, 38(3): 154–160.
- [10] Teng F, Guo G P, Zhao Y, *et al.* Study of the tolerance difference between gram positive and gram negative bacteria to potassium sorbate. *Journal of Food Science and Biotechnology*, 2012, 31(4): 417–422.

- 滕菲, 郭桂萍, 赵勇, 等. 革兰氏阳性菌和阴性菌对山梨酸钾的耐受差异性. 食品与生物技术学报, 2012, 31(4): 417–422.
- [11] Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of Acidobacteria ecology in soils. Biotechnology Bulletin, 2016, 32(2): 14–20.
王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展. 生物技术通报, 2016, 32(2): 14–20.
- [12] Song K C, Wang X, Xu D M, *et al.* Effects of short-term nitrogen addition on soil biological properties in desert steppe. Journal of Soil and Water Conservation, 2022, 36(3): 303–310, 318.
宋珂辰, 王星, 许冬梅, 等. 短期氮添加对荒漠草原土壤微生物特征的影响. 水土保持学报, 2022, 36(3): 303–310, 318.
- [13] Bao S D. Soil agrochemical analysis. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
鲍士旦. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [14] Al-Arjani A B F, Hashem A, Abd_Allah E F. Arbuscular mycorrhizal fungi modulates dynamics tolerance expression to mitigate drought stress in *Ephedra foliata* Boiss. Saudi Journal of Biological Sciences, 2020, 27(1): 380–394.
- [15] Tuo Y F, Shen F Y, Yang C P, *et al.* Effects of rainfall on phosphorus, organic matter and pH in different land use types in Middle Yunnan Plateau. Ecology and Environmental Sciences, 2020, 29(5): 942–950.
脱云飞, 沈方圆, 杨翠萍, 等. 滇中高原降雨对不同地类土壤磷素、有机质和pH变化的影响. 生态环境学报, 2020, 29(5): 942–950.
- [16] Chen J, Wang P, Wang C, *et al.* Fungal community demonstrates stronger dispersal limitation and less network connectivity than bacterial community in sediments along a large river. Environmental Microbiology, 2020, 22(3): 3121–3131.
- [17] Zhao Y, Ye H, Wu Z D, *et al.* Effects of nitrogen deposition and precipitation changes on the soil ammonia-oxidizing bacteria community in desert steppe. China Environmental Science, 2024, 44(10): 5757–5765.
赵宇, 叶贺, 武振丹, 等. 氮沉降和降水变化对荒漠草原土壤氨氧化细菌群落的影响. 中国环境科学, 2024, 44(10): 5757–5765.
- [18] Li B, Zhu W W, Han C, *et al.* Soil respiration and its influencing factors in a desert steppe in northwestern China under changing precipitation regimes. Chinese Journal of Plant Ecology, 2023, 47(9): 1310–1321.
李冰, 朱湾湾, 韩翠, 等. 降水量变化下荒漠草原土壤呼吸及其影响因素. 植物生态学报, 2023, 47(9): 1310–1321.
- [19] Liu C. Response of soil microbial community to simulated precipitation in *Stipa breviflora* desert steppe. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2021.
刘晨. 短花针茅荒漠草原土壤微生物群落对模拟降水的响应. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2021.
- [20] Zuo Y, Hu Q, Zhang K, *et al.* Host and tissue affiliations of culturable endophytic fungi associated with xerophytic plants in the desert region of northwest China. Agronomy, 2022, 12(3): 12030727.
- [21] Manzoni S, Schimel J P, Porporato A. Responses of soil microbial communities to water stress: results from a meta-analysis. Ecology, 2012, 93(4): 930–938.
- [22] Ventura M, Canchaya C, Tauch A, *et al.* Genomics of Actinobacteria: Tracing the evolutionary history of an ancient phylum. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2007, 71(3): 495–548.
- [23] Guo R, Wu X D, Wang Z J, *et al.* Responses of soil bacterial and fungal communities to altered precipitation in a desert steppe. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023, 34(6): 1500–1508.
郭蓉, 吴旭东, 王占军, 等. 荒漠草原土壤细菌和真菌群落对降水变化的响应. 应用生态学报, 2023, 34(6): 1500–1508.
- [24] Huang Q, Jiao F, Huang Y, *et al.* Response of soil fungal community composition and functions on the alteration of precipitation in the grassland of Loess Plateau. Science of the Total Environment, 2021, 751: 142273.
- [25] Cui Z L, Ye X F, Zhang Y, *et al.* The rhizosphere microbiome assembly and plant health. Journal of Microbiology, 2022, 42(6): 1–9.
崔中利, 叶现丰, 张宇, 等. 根际微生物组组装与植物健康. 微生物学杂志, 2022, 42(6): 1–9.
- [26] Yang Y D, Ma J L, Ma H B, *et al.* Effects of grazing exclusion on root trait characteristics of dominant plants in the desert steppe. Pratacultural Science, 2023, 40(6): 1507–1517.
杨彦东, 马静利, 马红彬, 等. 封育对荒漠草原优势植物根系性状特征的影响. 草业科学, 2023, 40(6): 1507–1517.
- [27] Liu L D, Xie Y Z, Qiu K Y, *et al.* The soil enzyme activities of three plant communities in Yanchi, Ningxia. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2014, 28(4): 153–156.
刘丽丹, 谢应忠, 邱开阳, 等. 宁夏盐池沙地3种植物群落土壤酶活性变化的初步研究. 干旱区资源与环境, 2014, 28(4): 153–156.

- [28] Zhang H, Jiang N, Fan L R, *et al.* Effects of long-term nutrient addition on microbial community in soil of *Stipa baicalensis* steppe in the Inner Mongolia, China. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, 44(3): 1130–1139.
张昊, 姜娜, 樊林染, 等. 长期养分添加对贝加尔针茅草原土壤微生物群落的影响. *生态学报*, 2024, 44(3): 1130–1139.
- [29] Zhang J Z, Wang Q, Ma W L, *et al.* A review on the effect of inorganic carbon on blue-green algae growth. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, 24(7): 1245–1252.
张君枝, 王齐, 马文林, 等. 水体无机碳升高对蓝绿藻生长和种群竞争的影响研究进展. *生态环境学报*, 2015, 24(7): 1245–1252.
- [30] Wei Y C, Chen J X, Wang Y G, *et al.* Analysis of bacterial diversity in the rhizosphere soil of *Salsola passerina* and its correlation with the soil physical and chemical properties. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2022, 24(5): 209–217.
魏艳晨, 陈吉祥, 王永刚, 等. 荒漠植物珍珠猪毛菜根际土壤细菌多样性与土壤理化性质相关性分析. *中国农业科技导报*, 2022, 24(5): 209–217.
- [31] Wang J F. Effect of controlled precipitation on soil bacterial community in desert steppe of western Loess Plateau. Lanzhou: Northwest Normal University, 2021.
王军锋. 控制降水对黄土高原西部荒漠草原土壤细菌群落的影响研究. 兰州: 西北师范大学, 2021.
- [32] Hu H Y, Li H X, Ni B, *et al.* Characteristic of typical vegetation community and water use efficiency of dominant plants in desert steppe of Ningxia. *Journal of Zhejiang University (Agriculture & Life Sciences)*, 2019, 45(4): 460–471.
胡海英, 李惠霞, 倪彪, 等. 宁夏荒漠草原典型群落的植被特征及其优势植物的水分利用效率. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2019, 45(4): 460–471.
- [33] Jia Y, Gao X F. Microecological effects of root exudates from three plant on different ecological niche in Inner Mongolia desert steppe. *Journal of Inner Mongolia Normal University (Natural Science Edition)*, 2019, 48(2): 167–170, 176.
贾渊, 高雪峰. 内蒙古荒漠草原不同生态位三种植物根系分泌物的微生态效应研究. *内蒙古师范大学学报(自然科学汉文版)*, 2019, 48(2): 167–170, 176.
- [34] Yang Y, Chen K L, Zhang N, *et al.* Responses of soil microbial community to different precipitation gradients in the alpine wetlands of Qinghai Lake Basin. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2022, 28(2): 290–299.
杨阳, 陈克龙, 章妮, 等. 青海湖流域高寒湿地土壤微生物群落对不同降水梯度的响应. *应用与环境生物学报*, 2022, 28(2): 290–299.
- [35] Shang L R, Wan L Q, Li X L. Effects of organic fertilizer on soil bacterial community diversity in *Leymus chinensis* steppe. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(13): 2614–2624.
商丽荣, 万里强, 李向林. 有机肥对羊草草原土壤细菌群落多样性的影响. *中国农业科学*, 2020, 53(13): 2614–2624.
- [36] Abbasi A O, Salazar A, Oh Y, *et al.* Reviews and syntheses: Soil responses to manipulated precipitation changes—an assessment of meta-analyses. *Biogeosciences*, 2020, 17(14): 3859–3873.
- [37] Lin H Y, Zhou J C, Zeng Q X, *et al.* Soil enzyme stoichiometry revealed the changes of soil microbial carbon and phosphorus limitation along an elevational gradient in a *Pinus taiwanensis* forest of Wuyi Mountains, Southeast China. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(1): 33–41.
林惠瑛, 周嘉聪, 曾泉鑫, 等. 土壤酶计量揭示了武夷山黄山松林土壤微生物沿海拔梯度的碳磷限制变化. *应用生态学报*, 2022, 33(1): 33–41.
- [38] Guan Y Q, Li G, Pan X, *et al.* Effects of changing rainfall frequency on the soil carbon, nitrogen, and phosphorus ecostochimetrics in the Gahai wet meadow, Gannan. *Arid Zone Research*, 2023, 40(6): 916–925.
关宇淇, 李广, 潘雪, 等. 降雨频率对甘南尕斯海湿草甸土壤碳氮磷化学计量特征的影响. *干旱区研究*, 2023, 40(6): 916–925.
- [39] Li X, Qi Z, Yu X, *et al.* Soil pH drives the phylogenetic clustering of the arbuscular mycorrhizal fungal community across subtropical and tropical pepper fields of China. *Applied Soil Ecology*, 2021, 165: 103978.
- [40] Fernández-Calvino D, Bååth E. Growth response of the bacterial community to pH in soils differing in pH. *FEMS Microbiology Ecology*, 2010, 73(1): 149–156.
- [41] Jiang Y L, Lei Y B, Yang Y, *et al.* Divergent assemblage patterns and driving forces for bacterial and fungal communities along a glacier forefield chronosequence. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 118: 207–216.