

DOI:10.11686/cyxb2024280

http://cyxb.magtech.com.cn

王玉琴, 宋梅玲, 周睿, 等. 黄帚橐吾密度对土壤微生物群落特征的影响. 草业学报, 2025, 34(6): 99-109.

WANG Yu-qin, SONG Mei-ling, ZHOU Rui, et al. Response of soil microbial community diversity to patch density of *Ligularia virgaurea*. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(6): 99-109.

## 黄帚橐吾密度对土壤微生物群落特征的影响

王玉琴, 宋梅玲, 周睿, 王宏生

(青海大学畜牧兽医科学院, 三江源区高寒草地生态教育部重点实验室, 青海 西宁 810016)

**摘要:**土壤微生物与植物间存在紧密复杂的交互作用, 了解草地生态系统中植物与土壤微生物群落之间的关系十分必要。本研究以不同密度的黄帚橐吾斑块为对象, 根据密度等级设置6个斑块梯度(D<sub>0</sub>, D<sub>1</sub>, D<sub>2</sub>, D<sub>3</sub>, D<sub>4</sub>和D<sub>5</sub>), 通过高通量测序技术分析不同密度斑块的细菌和真菌群落结构变化特征, 探讨黄帚橐吾密度对高寒草地土壤微生物群落结构的影响。结果表明: 黄帚橐吾斑块的存在显著影响了土壤微生物群落的多样性和丰度。细菌菌群中变形菌门是优势菌门; 真菌菌群中子囊菌门、担子菌门和被孢霉菌门等成为主导群落, 其相对丰度在斑块间存在明显差异。土壤细菌群落 $\alpha$ -多样性指数在不同斑块间差异不显著, 而真菌群落的Chao1和ACE指数在D<sub>2</sub>斑块显著高于D<sub>5</sub> ( $P < 0.05$ ), Shannon和Simpson指数在D<sub>2</sub>和D<sub>5</sub>斑块显著高于D<sub>3</sub> ( $P < 0.05$ ), 真菌群落在D<sub>2</sub>斑块表现出较高的多样性。黄帚橐吾密度能够影响土壤微生物群落结构和多样性, 改变土壤微生物优势类群的丰富度, 该结果不仅揭示了黄帚橐吾斑块对土壤微生物群落物种组成及多样性的影响, 而且丰富了对高寒草地微生物多样性的认识, 对于高寒草地生态系统的保护和可持续利用具有重要的指导意义。

**关键词:**黄帚橐吾; 密度; 土壤微生物; 群落组成

## Response of soil microbial community diversity to patch density of *Ligularia virgaurea*

WANG Yu-qin, SONG Mei-ling, ZHOU Rui, WANG Hong-sheng

Qinghai University Academy of Animal and Veterinary Sciences, Key Laboratory of the Alpine Grassland Ecology in the Three Rivers Region, Ministry of Education, Xining 810016, China

**Abstract:** There exist close and complex interactions between soil microorganisms and plants, and it is essential to understand the relationship between plants and soil microbial communities in grassland ecosystems. This study investigated the soil bacterial and fungal populations in *Ligularia virgaurea* patches of different density. Specifically, patches were identified exhibiting a gradient of six patch densities (D<sub>0</sub>, D<sub>1</sub>, D<sub>2</sub>, D<sub>3</sub>, D<sub>4</sub>, and D<sub>5</sub>). High-throughput sequencing technology was used to analyze the structural changes of bacterial and fungal communities in patches of different density, and to explore the effects of *L. virgaurea* density on the soil microbial community structure in alpine grasslands. The results showed that the presence of *L. virgaurea* patches significantly affected the diversity and abundance of soil microbial communities. Proteobacteria was the dominant bacterial phylum, while Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota were the dominant fungal phyla, and their relative abundances varied significantly among patches. The  $\alpha$ -diversity index of soil bacterial communities did not differ significantly

收稿日期: 2024-07-16; 改回日期: 2024-09-18

基金项目: 青海省科技厅应用基础研究项目(2023-ZJ-723), 国家自然科学基金联合基金项目(U21A20183), 青海大学教育部重点实验室自主课题(2023-SJY-ZZ-01)和青海省“高端创新创业人才计划”拔尖人才培养计划项目资助。

作者简介: 王玉琴(1988-), 女, 甘肃兰州人, 副研究员, 博士。E-mail: qhuyuqinw@126.com

between different patches. However, the Chaol and ACE index of the fungal community were significantly higher ( $P < 0.05$ ) in  $D_2$  than in  $D_5$  patches, and the Shannon and Simpson index were significantly higher in  $D_2$  and  $D_5$  patches than in  $D_3$  ( $P < 0.05$ ), indicating higher diversity of fungal communities in  $D_2$  patches. In summary, the density of *L. virgaurea* can affect the structure and diversity of soil microbial communities, changing the richness of dominant microbial groups. This result not only reveals the impact of *L. virgaurea* patches on the species composition and diversity of soil microbial communities, but also enriches our understanding of microbial diversity in alpine grasslands. These data add to the growing body of information available to aid the protection and sustainable utilization of alpine grassland ecosystems.

**Key words:** *Ligularia virgaurea*; density; soil microorganism; community composition

土壤微生物是土壤生物中最重要的组成部分,广泛参与了土壤生态系统的能量流动、物质循环以及稳定性维持<sup>[1]</sup>,被认为是决定地上植被的建立和生态恢复能否成功的重要因子<sup>[2-3]</sup>。土壤微生物群落组成以及多样性不仅受土壤环境因子的影响,也与地上植物生产力和多样性紧密相关<sup>[4]</sup>,地上植物群落可以为微生物提供丰富和多样的食物资源,促进土壤微生物多样性,而微生物又对植物凋落物分解等营养循环过程进行调控,促进植物生产力和多样性<sup>[5-6]</sup>,同时,在植物生长过程中,根系会不断通过凋落物和分泌物对自然土壤中能促进自身生长发育的有益微生物类群进行聚集,形成稳定的有利于植物生长的微生物群落,不同植物有其特有的微生物群落<sup>[7]</sup>。可见,植被与土壤微生物形成了一个互惠共生的反馈系统<sup>[8]</sup>,地上植被如果发生变化,土壤微生物群落结构也随之变化。

近年来,受全球气候变暖以及人类活动的影响,高寒草地不断退化,草地群落结构单一,毒害草滋生蔓延,逐渐形成了以毒害草为优势种的毒草型退化草地<sup>[9]</sup>。毒害草种群的大肆扩张是草地植被退化的主要表现,是影响高寒草地生态系统健康与稳定的关键因素之一<sup>[10]</sup>。黄帚橐吾(*Ligularia virgaurea*)作为一种具有强竞争力的毒害草,凭借其快速的繁殖能力、分泌化感物质及家畜的拒食行为,在高寒草地中迅速扩散并形成斑块状分布<sup>[9]</sup>。黄帚橐吾斑块的形成和演变不仅影响草地的植被结构和功能,影响土壤养分循环,还对土壤微生物群落结构和多样性产生一定影响<sup>[11-12]</sup>。如石国玺等<sup>[13]</sup>研究发现黄帚橐吾可能通过改变生境中土壤微生物群落结构、代谢活性以及破坏草地土著优势植物与土壤微生物之间形成的长期反馈效应来加速其种群扩张;Shi等<sup>[14]</sup>研究得到黄帚橐吾通过改变土壤微生物的活性,使土壤环境及养分更有利于其种群数量的增加。同时,黄帚橐吾作为高寒草甸的土著入侵种<sup>[15-16]</sup>,其跟入侵植物一样,也可能会通过排斥本地优势植物种、改变土壤特性以及形成有利于自身的土壤环境来达到入侵的目的,其中就包括入侵植物通过分泌化感物质以及根系分泌物来影响土壤微生物结构及功能菌群组成<sup>[17-18]</sup>。因此,研究黄帚橐吾对土壤微生物结构和组成的影响对于进一步揭示黄帚橐吾的扩张机制具有重要的意义。然而,目前学者们对于黄帚橐吾扩张机制的研究主要从繁殖策略、化感作用、对植被和土壤影响以及根际微生物的研究等方面<sup>[13-14,19]</sup>,但关于黄帚橐吾密度对高寒草地土壤微生物群落影响的研究尚显不足,这限制了有关黄帚橐吾扩散对高寒草地生态系统响应机制的全面认识。基于此,本研究以高寒草甸黄帚橐吾密度斑块作为对象,采用高通量测序方法,分析黄帚橐吾不同密度斑块土壤微生物群落结构变化特征,探讨黄帚橐吾扩散对高寒草地土壤微生物群落结构的影响机制,该研究可为明晰黄帚橐吾扩散与土壤微生物相互作用以及反馈机制提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验区概况

试验样地位于青海省海北藏族自治州海晏县青海湖乡达玉德吉村(37°04'26" N, 100°54'34" E),海拔3250 m左右,该区属高原大陆性气候,日夜温差大,春季干旱多风,夏季凉爽,冬季漫长。年均气温1.8℃左右,年均降水量445 mm,降水主要集中在5-9月,年日照时数2600 h左右,无绝对无霜期。草地类型为高寒草甸草原,草地群落主要植物种类有黄帚橐吾、线叶嵩草(*Carex capillifolia*)、矮生嵩草(*Carex alataensis*)、高原早熟禾(*Poa*

*alpigena*)、垂穗披碱草(*Elymus nutans*)、异针茅(*Stipa aliena*)、蒹蓂豆(*Melilotoides ruthenica*)、美丽凤毛菊(*Saussurea pulchra*)、秦艽(*Gentiana macrophylla*)、钝裂银莲花(*Anemone obtusiloba*)和矮火绒草(*Leontopodium nanum*)等;土壤为高山草甸土。采样地为全年自由放牧,长期过度放牧导致黄帚橐吾种群密度持续增加,黄帚橐吾平均密度为 $60 \text{株} \cdot \text{m}^{-2}$ 。

### 1.2 试验设置

于2022年8月,在黄帚橐吾生长旺盛期,根据密度等级以及毒害草危害分级指标(DB63/T 241-2021)<sup>[20]</sup>,在黄帚橐吾危害严重但植被分布均匀且地势平坦的区域内随机选取6个不同密度的斑块,分别编号为 $D_0(0 \text{株} \cdot \text{m}^{-2})$ 、 $D_1(43 \text{株} \cdot \text{m}^{-2})$ 、 $D_2(99 \text{株} \cdot \text{m}^{-2})$ 、 $D_3(163 \text{株} \cdot \text{m}^{-2})$ 、 $D_4(332 \text{株} \cdot \text{m}^{-2})$ 和 $D_5(621 \text{株} \cdot \text{m}^{-2})$ ,每个斑块的直径大于100 cm,每个密度斑块重复6次,每个密度斑块间隔20 m,进行植被调查和土壤样品的采集工作<sup>[9]</sup>。

### 1.3 样品采集

在每个密度斑块的中心位置,选取一个 $0.5 \text{m} \times 0.5 \text{m}$ 的样方,统计样方内出现的植物种类,测定植物高度(直尺测量)、盖度(目测法),分种收获后在烘箱中烘至恒重,称量各物种的地上生物量。物种重要值=(相对高度+相对盖度+相对地上生物量)/3。在样方内,用内径为3.5 cm的土钻,在每个样方内沿对角线采集深度为0~20 cm的土壤样本。采集到的土壤样品过筛去杂后,冷藏保存并带回实验室后保存在 $-80 \text{ }^\circ\text{C}$ 的冰箱中,以确保其微生物群落的稳定性。随后,将土壤样本送往广州基迪奥生物科技有限公司进行微生物高通量测序,以深入了解土壤中的微生物组成和多样性。

### 1.4 数据统计分析

采用Omicsmart平台对土壤细菌和真菌高通量测序后的数据进行分析,并利用SPSS 22.0统计软件对不同斑块间土壤细菌和真菌群落的 $\alpha$ 多样性进行单因素方差分析,采用Pearson相关性分析黄帚橐吾密度与土壤微生物多样性的相关性,置信区间为95%,数据采用平均值±标准误的方式来表示。

## 2 结果与分析

### 2.1 黄帚橐吾斑块的植被概况

6个黄帚橐吾密度斑块从物种数量来看(表1),随着黄帚橐吾密度的增加,斑块内的物种数量并未出现明显的增减趋势,这表明黄帚橐吾的密度变化对斑块内的物种总数影响有限,斑块内的物种多样性保持相对稳定。在主要优势植物方面,在 $D_0$ 和 $D_1$ 中,高原早熟禾、矮生嵩草和线叶嵩草是斑块内的主要优势植物,随着黄帚橐吾密度的增加,优势物种的组成发生了明显变化,高原早熟禾、矮嵩草和线叶嵩草等物种的优势地位逐渐减弱,黄帚橐吾逐渐取代其他物种成为优势种。特别是在 $D_3$ 、 $D_4$ 和 $D_5$ 中,黄帚橐吾成为斑块内的绝对优势物种。

### 2.2 黄帚橐吾密度斑块土壤微生物群落OTU分析

根据细菌和真菌OTU组成Venn图可以得出(图1),土壤微生物群落在不同黄帚橐吾密度斑块间表现出一定的差异性。在细菌方面(图1a),各斑块土壤特有的OTUs数量分别为 $D_0$ 有705条、 $D_1$ 有662条、 $D_2$ 有696条、 $D_3$ 有697条、 $D_4$ 有539条以及 $D_5$ 有702条, $D_0$ 的OTUs数量最多,而 $D_4$ 的OTUs数量最少。在真菌方面(图1b),各斑块土壤特有的OTUs数量分别为 $D_0$ 有71条、 $D_1$ 有65条、 $D_2$ 有109条、 $D_3$ 有76条、 $D_4$ 有66条以及 $D_5$ 有64条。其中, $D_2$ 的OTUs数量最多,而 $D_5$ 的OTUs数量最少。细菌和真菌的核心OTU数量分别为2780和236条,这为本研究更深入地理解土壤微生物群落的组成和多样性提供了重要的线索。

### 2.3 黄帚橐吾密度斑块土壤微生物物种组成分析

根据土壤样品中获取的细菌序列信息,可以发现黄帚橐吾密度斑块细菌在门水平上识别为10个优势类群(相对丰度 $>1\%$ )(图2a),分别为变形菌门(Proteobacteria, 25.78%~27.21%)、酸杆菌门(Acidobacteria, 15.89%~17.64%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 10.38%~11.13%)、疣微菌门(Verrucomicrobia, 8.13%~11.13%)、放线菌门(Actinobacteria, 6.71%~7.94%)、拟杆菌门(Bacteroidetes, 6.08%~7.79%)、髌骨菌门(Patescibacteria, 6.07%~8.15%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 3.73%~4.39%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 3.88%~4.25%)、厚壁菌门(Firmicutes, 0.55%~5.85%)。变形菌门为该样地的主导菌门。随着黄帚橐吾密度

表 1 黄帚橐吾斑块基本植被概况

Table 1 Basic vegetation condition of *L. virgaurea* patch

斑块 Patch	物种数 Number of species	主要优势植物(重要值) The main dominant plants (importance value)
D <sub>0</sub>	22.25±0.75a	高原早熟禾 <i>P. alpigena</i> (13.65%)、矮嵩草 <i>C. alatauensis</i> (12.81%)、线叶嵩草 <i>C. capillifolia</i> (7.96%)、钝裂银莲花 <i>A. obtusiloba</i> (4.95%)
D <sub>1</sub>	24.25±1.25a	高原早熟禾 <i>P. alpigena</i> (10.85%)、矮嵩草 <i>C. alatauensis</i> (9.96%)、黄帚橐吾 <i>L. virgaurea</i> (8.74%)、线叶嵩草 <i>C. capillifolia</i> (7.97%)
D <sub>2</sub>	23.50±1.50a	高原早熟禾 <i>P. alpigena</i> (13.74%)、矮嵩草 <i>C. alatauensis</i> (10.60%)、黄帚橐吾 <i>L. virgaurea</i> (9.47%)、线叶嵩草 <i>C. capillifolia</i> (6.30%)
D <sub>3</sub>	24.25±1.25a	黄帚橐吾 <i>L. virgaurea</i> (15.98%)、矮嵩草 <i>C. alatauensis</i> (10.70%)、高原早熟禾 <i>P. alpigena</i> (10.03%)、线叶嵩草 <i>C. capillifolia</i> (9.38%)
D <sub>4</sub>	25.00±0.82a	黄帚橐吾 <i>L. virgaurea</i> (25.75%)、高原早熟禾 <i>P. alpigena</i> (10.19%)、矮嵩草 <i>C. alatauensis</i> (9.53%)、线叶嵩草 <i>C. capillifolia</i> (5.96%)
D <sub>5</sub>	22.25±0.48a	黄帚橐吾 <i>L. virgaurea</i> (34.74%)、高原早熟禾 <i>P. alpigena</i> (8.21%)、矮嵩草 <i>C. alatauensis</i> (6.56%)、线叶嵩草 <i>C. capillifolia</i> (5.31%)

注：同列不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )。

Note: Different letters in the same column meant significant difference at  $P < 0.05$  level.

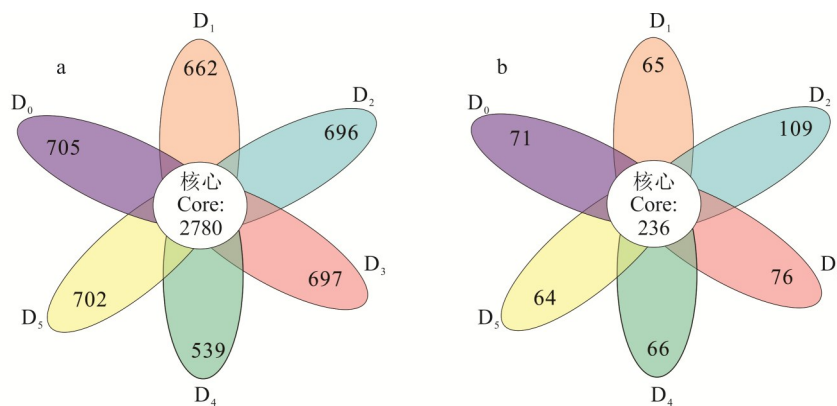


图 1 不同黄帚橐吾密度斑块土壤细菌(a)和真菌(b)序列 OTUs Venn 分析

Fig. 1 The OTUs Venn analysis of soil bacteria (a) and fungi (b) under different density patches of *L. virgaurea*

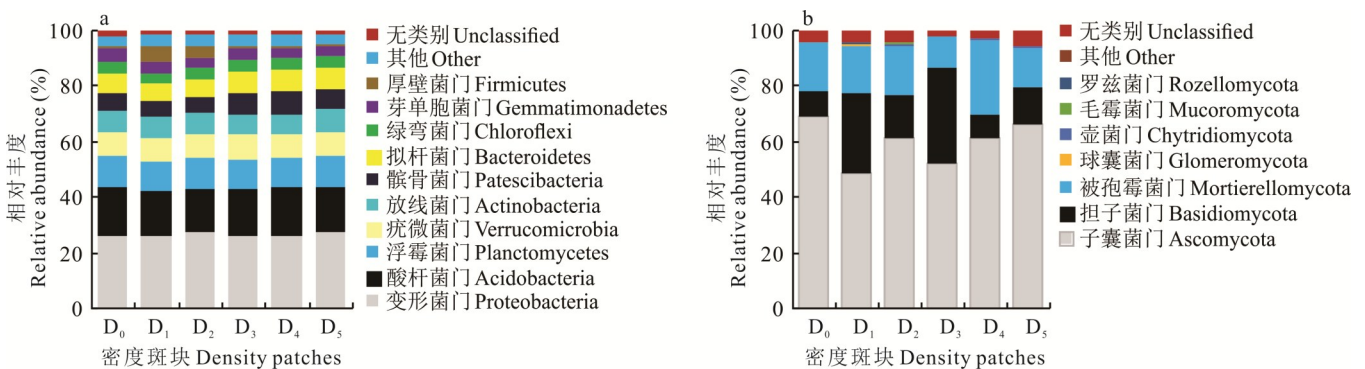


图 2 不同黄帚橐吾密度斑块土壤细菌(a)和真菌(b)门水平物种组成

Fig. 2 Soil bacteria (a) and fungi (b) species composition of phylum level in different density patches of *L. virgaurea*

的增加,变形菌门的相对丰度并非直线上升,而是呈现出一种“N”形变化轨迹。在D<sub>2</sub>和D<sub>5</sub>这两个密度节点上,变形菌门的相对丰度较高。不同密度斑块细菌优势类群的相对丰度存在一定差异,如厚壁菌门丰度在D<sub>1</sub>最高,之后随着密度的增加呈降低趋势。

土壤真菌在门水平上属于子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢霉菌门(Mortierellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、毛霉菌门(Mucoromycota)和罗兹菌门(Rozellomycota)7个门类(图2b)。其中,子囊菌门、担子菌门和被孢霉菌门在斑块中均表现出明显的优势地位。具体来说,子囊菌门在土壤真菌群落中的占比为46.53%至67.34%,担子菌门和被孢霉菌门分别为12.46%至27.90%和10.80%至26.35%,这3个优势菌群在各斑块中的总占比均超过88%,最高时甚至接近96%,成为土壤真菌群落中的重要组成部分。

从属分类水平上来看(图3a),黄帚橐吾不同密度斑块的土壤细菌群落中RB41菌的丰度最高,是该环境下的优势菌属,其丰度在6.42%至7.69%之间波动。随着黄帚橐吾密度的增加,RB41的丰度呈略微降低的趋势,其次为Candidatus\_Udaeobacter菌,相对丰度为6.19%~6.97%,并且在D<sub>3</sub>斑块的丰度达到了最高。另外,鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*)的相对丰度在2.04%~3.25%之间,在D<sub>1</sub>斑块的丰度最高,其次是D<sub>5</sub>。此外,本研究还发现Terrimonas菌和Ellin6055菌的相对丰度均大于1%,属于该环境中的常见类群。而其他的菌属类群相对丰度均低于1%,可视为稀有类群。

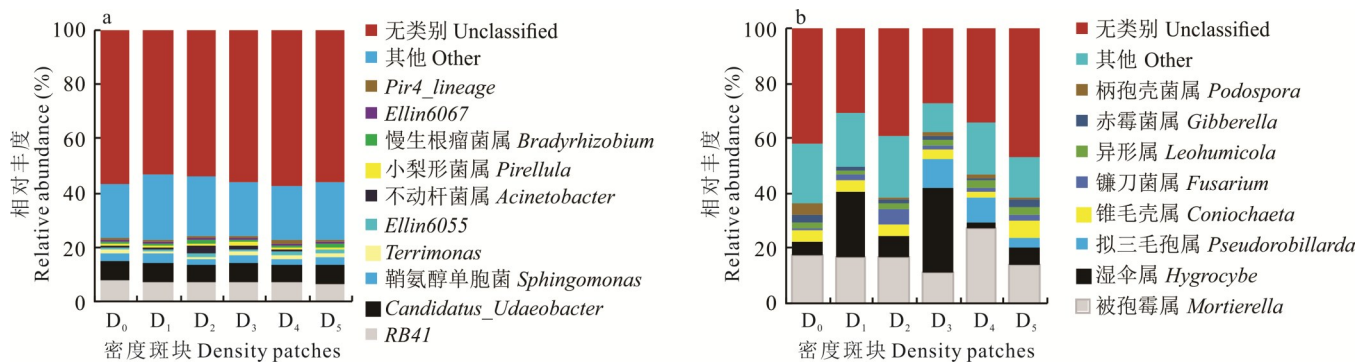


图3 不同黄帚橐吾密度斑块土壤细菌(a)和真菌(b)属水平物种组成

Fig. 3 Soil bacteria (a) and fungi (b) species composition of genus level in different density patches of *L. virgaurea*

黄帚橐吾不同密度斑块对真菌群落的影响存在明显差异(图3b),被孢霉属(*Mortierella*)真菌是这些斑块中的主导者,它们的相对丰度都超过了10%,特别是在D<sub>4</sub>斑块中,其丰度明显高于其他斑块。其次是湿伞属(*Hygrocybe*)真菌,它们在各个斑块中的分布呈较大的差异,丰度范围从2.35%到30.17%不等,在D<sub>3</sub>和D<sub>1</sub>这两个斑块中,湿伞属真菌的丰度分别达到了30.17%和23.64%,成了这两个斑块的优势类群。此外,还有一些真菌属如锥毛壳属(*Coniochaeta*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、异形属(*Leohumicola*)以及赤霉菌属(*Gibberella*),它们的相对丰度也均超过了1%,属于这些斑块中的常见真菌类群。而在D<sub>3</sub>斑块中,本研究还发现拟三毛孢属(*Pseudorobillarda*)真菌的相对丰度超过了10%,在D<sub>4</sub>和D<sub>5</sub>斑块中其丰度也超过了1%。同时,D<sub>0</sub>斑块的柄孢壳菌属(*Podospora*)真菌也表现出了较高的丰度,超过了1%。可见,黄帚橐吾密度斑块的土壤真菌类群呈现出多样化的特点。

#### 2.4 黄帚橐吾密度斑块土壤微生物群落多样性的变化

土壤微生物 $\alpha$ -多样性指数在不同斑块间有一定的差异。在细菌群落中(图4),D<sub>2</sub>斑块的Chao1指数和ACE指数最高,其次是D<sub>0</sub>和D<sub>3</sub>,而D<sub>4</sub>和D<sub>5</sub>相对较低,然而,各密度斑块之间差异并不显著。D<sub>4</sub>斑块的Shannon指数和Simpson指数略高于其余斑块,但各密度斑块间的差异不显著。在真菌群落中(图5), $\alpha$ -多样性指数均在D<sub>2</sub>斑块达到最大值,尤其是Chao1指数和ACE指数,在D<sub>2</sub>处显著高于D<sub>5</sub>,这反映了D<sub>2</sub>斑块中真菌种类的丰富性更高,同时,Shannon指数和Simpson指数均在D<sub>2</sub>达到最大值,且均显著高于D<sub>3</sub>( $P < 0.05$ )。总体来说,真菌群落在D<sub>2</sub>斑块的 $\alpha$ -多样性指数最高,与其他斑块相比具有明显优势。

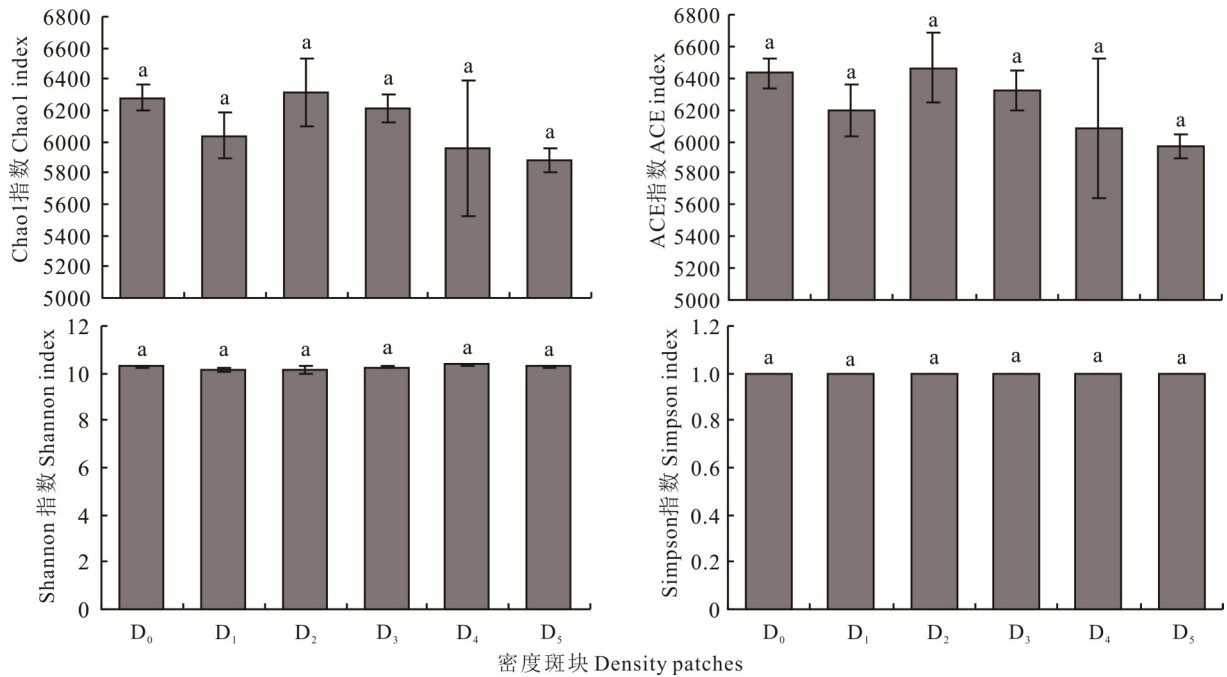


图4 不同黄帚囊吾密度斑块土壤细菌群落 $\alpha$ -多样性

Fig. 4  $\alpha$ -diversity of soil bacterial communities in different density patches of *L. virgaurea*

不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )。Different letters meant significant difference at  $P < 0.05$  level. 下同 The same below.

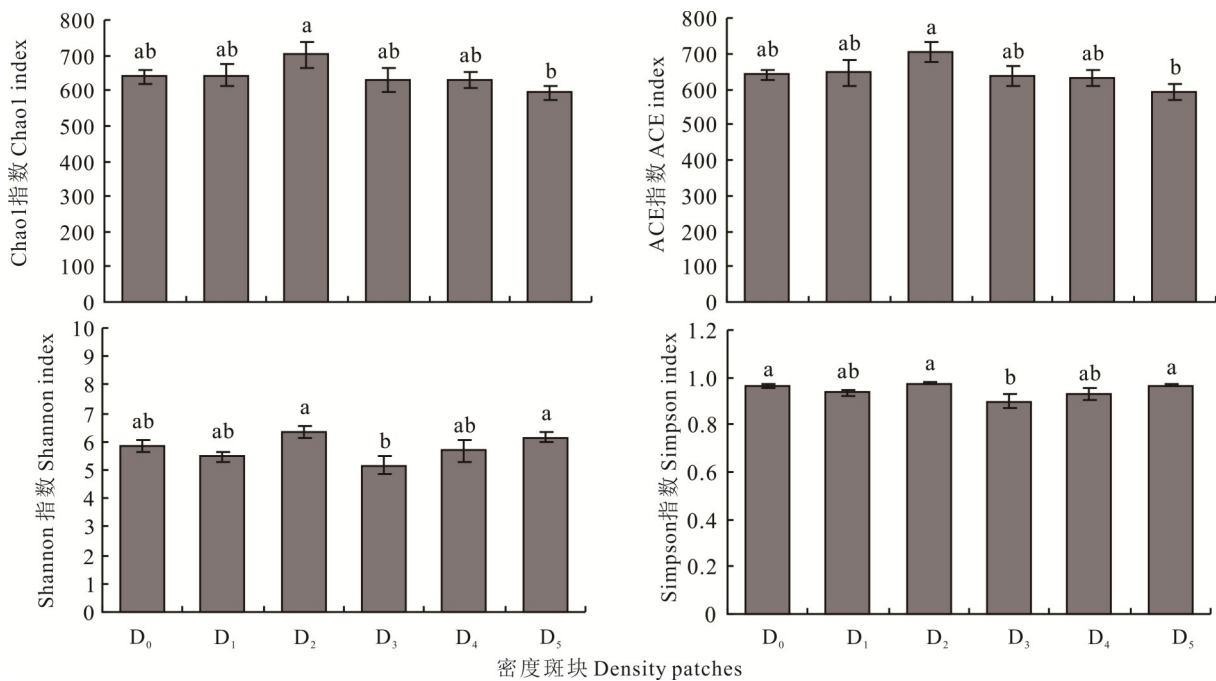


图5 不同黄帚囊吾密度斑块土壤真菌群落 $\alpha$ -多样性

Fig. 5  $\alpha$ -diversity of soil fungal communities in different density patches of *L. virgaurea*

## 2.5 黄帚囊吾密度与土壤微生物多样性的相关性分析

通过分析黄帚囊吾密度与土壤微生物多样性的关系可知(表2),黄帚囊吾密度与土壤微生物的ACE和Chao1指数呈负相关关系,其中,与土壤细菌的ACE指数以及土壤真菌的ACE指数和Chao1指数显著负相关 ( $P < 0.05$ )。黄帚囊吾密度与土壤微生物的Shannon和Simpson指数呈正相关关系,但相关性不显著。

表 2 黄帚囊吾密度与微生物多样性的相关系数

Table 2 Correlation coefficients between *L. virgaurea* density and microbial diversity

指标 Index	微生物 Microorganism	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	ACE 指数 ACE index	Chaol 指数 Chaol index
黄帚囊吾密度 Density of <i>L. virgaurea</i>	细菌 Bacteria	0.251	0.282	-0.362*	-0.321
	真菌 Fungi	0.197	0.096	-0.403*	-0.359*

\*:  $P < 0.05$ .

### 3 讨论

#### 3.1 黄帚囊吾斑块密度变化对土壤微生物物种组成的影响

本研究分析得到不同密度的黄帚囊吾斑块土壤中的细菌群落结构表现出了一定的共性,在门水平上涵盖了变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)和放线菌门(Actinobacteria)等核心菌群,其中,变形菌门以其强大的适应能力成为优势菌门。有研究显示,草地植物种类、生长状况等因素能够决定不同微生物种类的富集<sup>[21]</sup>,该结果不仅验证了变形菌门在干旱区土壤微生物类群中的主导地位,也突显了其在维持草地生态系统稳定性中的关键作用<sup>[22]</sup>。另外,多数学者对土壤微生物群落的研究表明土壤优势细菌门为变形菌门,不同生态系统类型在不同生境下的土壤中所展现出的优势细菌门类,呈现出一定的相似性,这说明土壤中优势细菌门类具有优越的环境适应性,并未显示出对特定生境或植物类型的强烈依赖性<sup>[23-24]</sup>。同时,本研究也与王占青等<sup>[25]</sup>的结果一致,即变形菌门是黄帚囊吾斑块土壤中的优势菌群<sup>[26]</sup>,同时,有研究表明变形菌门参与土壤碳氮循环<sup>[27]</sup>, $D_2$ 和 $D_5$ 变形菌门的相对丰度较高,这可能是黄帚囊吾在该密度下对土壤养分的需求增加,另外,土壤酸杆菌门的相对丰度表现为 $D_4$ 略高于其余斑块,但与对照基本相同,酸杆菌门在营养匮乏的土壤中更有竞争力<sup>[28]</sup>,这在一定程度上说明该样地的养分贫瘠。在属水平上,不同密度斑块的优势菌属均为Pyrinomonadaceae科的RB41。RB41属于酸杆菌门,其能在贫瘠的土壤环境中将难降解的木质素和纤维素进行分解,进而为土壤提供养分,在土壤的碳循环以及贫瘠土壤的物质代谢中均发挥重要作用<sup>[29-30]</sup>,在本研究中RB41丰度较高的结果也进一步证实了黄帚囊吾危害草地的养分水平较低,土壤贫瘠,但该结果具体与土壤养分数据是否匹配还需进一步研究,同时,该研究结果与王占青等<sup>[25]</sup>对黄帚囊吾斑块微生物群落优势菌属研究的结果存在差异,这或许与伴生种类及土壤环境的特异性有关。另外,随着黄帚囊吾密度的增加,土壤优势细菌属的丰度有降低趋势,这可能与黄帚囊吾的凋落物和根系分泌物有关系。植物分泌的化感物质对土壤微生物群落结构造成影响<sup>[31]</sup>,以及凋落物及分解过程对土壤微生物均产生影响<sup>[32]</sup>。

在真菌方面,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉菌门(Mortierellomycota)成为本研究中的主导菌群,这与高寒草甸的多数研究结果相一致<sup>[33-34]</sup>。同时,不同斑块间优势群落的丰度有明显差异,这可能是由于黄帚囊吾造成土壤木质素含量增高,而子囊菌门是木质化植物碎屑的最主要分解者<sup>[35]</sup>。子囊菌门和担子菌门作为优势门广泛存在于农田、果园和草地等生态系统中,它们大多为腐生菌,具有降解木质素的作用,其能够分解顽固性底物释放生物可利用的营养元素,在促进植物生长发育、提高土壤肥力等方面起着重要作用<sup>[36]</sup>。它们通过降解有机物质、参与养分循环、与其他微生物产生相互作用等方式,对土壤的肥力和生态系统的稳定性产生积极影响。子囊菌门中的一些真菌还能够与植物形成共生关系,提高植物的抗逆性和养分吸收能力。担子菌门中的一些种类能够分解纤维素等难降解物质,促进土壤有机质的转化<sup>[37-38]</sup>。被孢霉菌门是对土壤养分含量变化极其敏感的类群,是土壤养分含量变化的标志物,其相对丰度与土壤养分含量呈正相关关系<sup>[39]</sup>,总之,土壤真菌的群落结构复杂多样,子囊菌门、担子菌门和被孢霉菌门作为其中的优势菌群,在维持土壤生态平衡和促进土壤健康方面发挥着重要作用。在属水平上,土壤真菌以被孢霉属为优势类群,有研究表明被孢霉属真菌是土壤碳及养分转化的关键微生物成员,在土壤中促进了凋落物的降解,参与土壤中磷的循环,具有一定的解磷功能<sup>[40-41]</sup>。另外,在 $D_1$ 和 $D_3$ 中土壤真菌湿伞属(*Hygrocybe*)为优势类群,这与王占青等<sup>[25]</sup>的湿伞菌在黄帚囊吾斑块草地中丰

度较高的研究结果一致,进一步印证了湿伞属在黄帚橐吾斑块草地中的重要地位。

### 3.2 黄帚橐吾斑块密度对土壤微生物多样性的影响

通过对不同黄帚橐吾密度斑块土壤细菌和真菌的特有 OTUs 数量以及  $\alpha$ -多样性分析发现,土壤细菌和真菌多样性对黄帚橐吾密度的变化表现出不同的响应,随着黄帚橐吾密度的增加,土壤细菌的 OTU 和多样性呈先下降后上升的趋势,而真菌则呈先增加后减少的趋势,该结果与尹亚丽<sup>[42]</sup>研究发现土壤细菌的 OTU 随着退化程度的增加呈逐渐降低的趋势不一致,这种差异可能源于毒草型退化草地与其他类型退化草地生态特性的不同,也可能是在黄帚橐吾密度较低时,其根系可能尚未对土壤微生物环境产生显著影响,但随着密度的增加,黄帚橐吾的根系分泌物、凋落物等开始逐渐改变土壤的化学和物理性质。这些变化可能导致部分细菌种类受到抑制,从而降低了 OTU 数量和多样性。然而,当黄帚橐吾密度达到一定程度后,其可能创造了一个相对稳定且特殊的微环境,这个环境对某些特定类型的细菌更为有利,从而导致细菌 OTU 数量和多样性重新上升。对于真菌,这可能是因为其与细菌在土壤中的生态位和生存策略有所不同。在黄帚橐吾密度增加的过程中,真菌可能更早地适应并受益于这些变化,比如根系分泌物可能为某些真菌提供了丰富的营养来源,导致其 OTU 数量和多样性上升<sup>[43]</sup>。然而,随着密度的进一步增加,土壤环境的剧烈变化可能开始对真菌产生不利影响,导致其 OTU 数量和多样性下降。另外,本研究发现土壤细菌  $\alpha$ -多样性指数在各斑块间差异均不显著,这可能与土壤细菌的多样性与土壤细菌优势群落的相对多度有关<sup>[44]</sup>,此外,在本研究中由于土壤细菌的优势菌群相同,使得土壤细菌多样性在各斑块间差异不明显。

土壤真菌群落 OTU 和多样性指数均为 D<sub>2</sub> 斑块最高,这说明黄帚橐吾密度为 D<sub>2</sub> 时,土壤真菌的优势菌群更为丰富。土壤微生物的多样性可以用来评价高寒草甸的退化程度<sup>[45]</sup>,因此本研究的结果表明 D<sub>2</sub> 斑块的草地退化不严重,当黄帚橐吾密度为 D<sub>2</sub> 时,对草地微生物的多样性有促进作用,随着黄帚橐吾入侵程度的加剧,原本植物与土壤微生物之间形成的平衡共生关系可能受到破坏,从而导致土壤微生物多样性的下降<sup>[17]</sup>。另外,通过分析发现黄帚橐吾密度与土壤微生物多样性之间存在一定的相关性,其中,黄帚橐吾密度与土壤微生物 ACE 指数和 Chaol 指数呈负相关关系,该结果进一步说明黄帚橐吾改变了土壤微生物的物种丰度。

## 4 结论

随着黄帚橐吾斑块密度的变化,土壤细菌和真菌的优势菌群和多样性等方面均表现出不同的变化趋势。土壤细菌的优势菌群为变形菌门(Proteobacteria),优势菌属为酸杆菌门(Acidobacteria)的 *RB41*,土壤真菌的优势菌群为子囊菌门(Ascomycota),被孢霉属(*Mortierella*)为优势菌属,且不同密度斑块间微生物组成在门和属水平上存在明显差异。土壤细菌群落的  $\alpha$ -多样性指数在不同斑块间差异均不显著,真菌群落的  $\alpha$ -多样性指数均为 D<sub>2</sub> 最高,以及黄帚橐吾密度与土壤微生物的 ACE 指数和 Chaol 指数呈负相关关系。研究结果表明黄帚橐吾的扩张会对高寒草甸的土壤微生物产生明显影响,该研究不仅揭示了黄帚橐吾对土壤微生物群落结构的影响,还深入探讨了土壤微生物在草地生态系统中的重要作用,为更好地理解草地生态系统的平衡与稳定提供了宝贵的线索。下一步将会深入研究这些优势菌群的分布特点及其与土壤环境的关系,这将对于更好地揭示黄帚橐吾的扩张机制以及理解土壤生态系统的功能具有重要意义。

### 参考文献 References:

- [1] Bennett J A, Maherali H, Reinhart K O, *et al.* Plant-soil feedbacks and mycorrhizal type influence temperate forest population dynamics. *Science*, 2017, 355(6321): 181–184.
- [2] Boerner R E, Coates A T, Yaussy D A, *et al.* Assessing ecosystem restoration alternatives in eastern deciduous forests: the view from belowground. *Restoration Ecology*, 2008, 16(3): 425–434.
- [3] Harris J. Soil microbial communities and restoration ecology: facilitators or followers? *Science*, 2009, 325(5940): 573–574.
- [4] Liu J J, Li J H, Ji Y, *et al.* Relationship between soil microbial community composition and soil physicochemical properties in riparian zone of Huihe wetland. *Acta Agraria Sinica*, 2023, 31(5): 1393–1405.  
刘晶晶, 李金花, 季燕, 等. 辉河湿地河岸带土壤微生物群落组成与土壤理化关系. *草地学报*, 2023, 31(5): 1393–1405.

- [5] Leff J W, Bardgett R D, Wilkinson A, *et al.* Predicting the structure of soil communities from plant community taxonomy, phylogeny, and traits. *The ISME Journal*, 2018, 12(7): 1794–1805.
- [6] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, *et al.* Ecological linkages between aboveground and belowground biota. *Science*, 2004, 304(5677): 1629–1633.
- [7] Bao H Y, Li Y, Deng X Z, *et al.* Effects of different root exudates and plant litter input on soil microbial enzyme activities and residues in alpine desertified grassland. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2023, 29(1): 1–10.  
包寒阳, 李杨, 邓先智, 等. 根系分泌物和凋落物对高寒沙化草地土壤微生物的影响. *应用与环境生物学报*, 2023, 29(1): 1–10.
- [8] Niu Q M, Shan G L, Luo Q, *et al.* Effect of invasion and diffusion of poisonous weeds on soil microbial diversity in subalpine meadow in northwest Yunnan. *Acta Agrestia Sinica*, 2023, 31(7): 1996–2004.  
牛琼梅, 单贵莲, 罗钦, 等. 毒害草入侵扩散对滇西北亚高山草甸土壤微生物多样性的影响. *草地学报*, 2023, 31(7): 1996–2004.
- [9] Wang Y Q, Song M L, Zhou R, *et al.* Characteristics of plant community structure of different *Ligularia virgaurea* density patches in alpine meadow. *Acta Agrestia Sinica*, 2022, 30(9): 2264–2272.  
王玉琴, 宋梅玲, 周睿, 等. 高寒草甸不同黄帚橐吾密度斑块的植物群落结构特征. *草地学报*, 2022, 30(9): 2264–2272.
- [10] Xiao L, Liu G B, Li P, *et al.* Ecoenzymatic stoichiometry and microbial nutrient limitation during secondary succession of natural grassland on the Loess Plateau, China. *Soil and Tillage Research*, 2020, 200: 104605.
- [11] Ai M H. The effects and mechanism of noxious weed *Ligularia virgaurea* removal on soil microbial community in Qinghai–Tibet Plateau. Lanzhou: Lanzhou University, 2022.  
艾梦涵. 青藏高原毒杂草黄帚橐吾移除对土壤微生物群落的影响及机制研究. 兰州: 兰州大学, 2022.
- [12] Ade L, Millner J P, Hou F J. The dominance of *Ligularia* spp. related to significant changes in soil microenvironment. *Ecological Indicators*, 2021, 131: 108183.
- [13] Shi G X, Wang W Y, Jiang S J, *et al.* Effects of the spreading of *Ligularia virgaurea* on soil physicochemical property and microbial functional diversity. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2018, 42(1): 126–132.  
石国玺, 王文颖, 蒋胜竞, 等. 黄帚橐吾种群扩张对土壤理化特性与微生物功能多样性的影响. *植物生态学报*, 2018, 42(1): 126–132.
- [14] Shi X M, Li X G, Wu R M, *et al.* Changes in soil biochemical properties associated with *Ligularia virgaurea* spreading in grazed alpine meadows. *Plant and Soil*, 2011, 347(1/2): 65–78.
- [15] Marler M J, Zabinski C A, Callaway R M. Mycorrhizae indirectly enhance competitive effects of an invasive forb on a native bunchgrass. *Ecology*, 1999, 80(4): 1180–1186.
- [16] Mou D, Zhang S B, Ou W Y, *et al.* Prospects for replacement control for native invader *Ligularia virgaurea*. *Journal of Biosafety*, 2020, 29(4): 235–241.  
牟丹, 张世彬, 欧为友, 等. 土著入侵种黄帚橐吾的替代防控展望. *生物安全学报*, 2020, 29(4): 235–241.
- [17] Peng X Y, Li Y C, Wang X L, *et al.* Effects of invasive plants on soil microbial communities: a review. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2019, 36(5): 1019–1027.  
彭鑫怡, 李永春, 王秀玲, 等. 植物入侵对土壤微生物的影响. *浙江农林大学学报*, 2019, 36(5): 1019–1027.
- [18] Li B, Li Y Y. The interaction between invasive and native species in the biological invasion. *Sichuan Environment*, 2009, 28(1): 64–67.  
李冰, 李玉瑛. 生物入侵中入侵种与土著种的相互作用. *四川环境*, 2009, 28(1): 64–67.
- [19] Xie T P, Zhang G F, Zhao Z G, *et al.* Intraspecific competition and light effect on reproduction of *Ligularia virgaurea*, an invasive native alpine grassland clonal herb. *Ecology and Evolution*, 2014, 4(6): 817–825.
- [20] Qinghai Province grassland station. Technical specification for comprehensive treatment of toxic grass in grassland, DB63/T 241-2021. Market Supervision Administration of Qinghai Province, 2021.  
青海省草原总站. 草地毒害草综合治理技术规范, DB63/T 241-2021. 青海省市场监督管理局, 2021.
- [21] Walters W A, Jin Z, Youngblut N, *et al.* Large-scale replicated field study of maize rhizosphere identifies heritable microbes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2018, 115(28): 7368–7373.
- [22] Orlando J, Alfaro M, Bravo L, *et al.* Bacterial diversity and occurrence of ammonia-oxidizing bacteria in the Atacama desert soil during a “desert bloom” event. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42(7): 1183–1188.
- [23] Zhang X F, Zhao L, Liu Y Z, *et al.* Soil moisture effect on bacterial and fungal community in Beilu River (Tibetan Plateau)

- permafrost soils with different vegetation types. *Journal of Applied Microbiology*, 2013, 114(4): 1054–1065.
- [24] Zhang X L, Sun X Y, An B S, *et al.* Soil microbial community structure in different ecosystem types of the Lhasa River Basin. *Chinese Journal of Ecology*, 2024, 43(6): 1728–1737.  
张晓黎, 孙向阳, 安宝晟, 等. 拉萨河流域不同生态系统类型土壤微生物群落结构特征. *生态学杂志*, 2024, 43(6): 1728–1737.
- [25] Wang Z Q, Zhang J X, Yang X L, *et al.* Characteristics of soil microbial diversity in different patches of alpine meadow. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, 29(9): 1916–1926.  
王占青, 张杰雪, 杨雪莲, 等. 高寒草甸不同斑块草地土壤微生物多样性特征研究. *草地学报*, 2021, 29(9): 1916–1926.
- [26] Zhou T Q, Kong W D, Chen H. Research progress of grassland soil microorganisms in Qinghai–Tibet Plateau. *Chinese Journal of Ecology*, 2023, 42(4): 983–990.  
周天祺, 孔维栋, 陈昊. 青藏高原草地土壤微生物研究进展. *生态学杂志*, 2023, 42(4): 983–990.
- [27] Kersters K, de Vos P, Gillis M, *et al.* Introduction to the Proteobacteria//The prokaryotes, New York: Springer, 2006: 3–37.
- [28] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354–1364.
- [29] Stone B W, Li J H, Koch B J, *et al.* Nutrients cause consolidation of soil carbon flux to small proportion of bacterial community. *Nature Communications*, 2021, 12: 3381.
- [30] Kalam S, Basu A, Ahmad I, *et al.* Recent understanding of soil Acidobacteria and their ecological significance: A critical review. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 580024.
- [31] Xiao Y, Huang Z G, Li Y F, *et al.* Soil microbial community structure and diversity of typical vegetation types in Chishui River Basin. *Research of Soil and Water Conservation*, 2022, 29(6): 275–283.  
肖焯, 黄志刚, 李友凤, 等. 赤水河流域典型植被类型的土壤微生物群落结构与多样性. *水土保持研究*, 2022, 29(6): 275–283.
- [32] She T, Tian Y. Effects of litter diversity on decomposition process and soil microbial characteristics in forest ecosystems. *Ecological Science*, 2020, 39(1): 213–223.  
余婷, 田野. 森林生态系统凋落物多样性对分解过程和土壤微生物特性影响研究进展. *生态科学*, 2020, 39(1): 213–223.
- [33] Wang Y F, Wei S P, Cui H P, *et al.* Distribution and diversity of microbial community along a vertical permafrost profile, Qinghai–Tibetan Plateau. *Microbiology China*, 2016, 43(9): 1902–1917.  
王艳发, 魏士平, 崔鸿鹏, 等. 青藏高原冻土区土壤垂直剖面中微生物的分布与多样性. *微生物学通报*, 2016, 43(9): 1902–1917.
- [34] Yan P, Du Y D, Jiang A X, *et al.* Response of soil fungal community structures and interaction networks to salinity in the Yellow River Delta. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(11): 3818–3828.  
颜培, 杜远达, 姜爱霞, 等. 黄河三角洲土壤真菌群落结构及互作网络对盐度的响应. *分子植物育种*, 2021, 19(11): 3818–3828.
- [35] de Araujo A S F, Bezerra W M, dos Santos V M, *et al.* Fungal diversity in soils across a gradient of preserved Brazilian Cerrado. *Journal of Microbiology*, 2017, 55(4): 273–279.
- [36] Geng D Z, Huang J H, Huo N, *et al.* Characteristics of soil microbial and nematode communities under artificial *Medicago sativa* grasslands with different cultivation years in semi-arid region of Loess Plateau, Northwest China. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, 31(4): 1365–1377.  
耿德洲, 黄菁华, 霍娜, 等. 黄土高原半干旱区不同种植年限紫花苜蓿人工草地土壤微生物和线虫群落特征. *应用生态学报*, 2020, 31(4): 1365–1377.
- [37] Beimforde C, Feldberg K, Nylinder S, *et al.* Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: Combining fossil and molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, 78: 386–398.
- [38] Frey S D, Knorr M, Parrent J L, *et al.* Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests. *Forest Ecology and Management*, 2004, 196(1): 159–171.
- [39] Curran H J, Fischer S L, Dryer F L. The reaction kinetics of dimethyl ether. II: Low-temperature oxidation in flow reactors. *International Journal of Chemical Kinetics*, 2000, 32: 741–759.
- [40] Ning Q, Chen L, Li F, *et al.* Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(1): 206–217.

- 宁琪, 陈林, 李芳, 等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响. 土壤学报, 2022, 59(1): 206—217.
- [41] Osorio N W, Habte M. Soil phosphate desorption induced by a phosphate-solubilizing fungus. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2014, 45(4): 451—460.
- [42] Yin Y L. Study on soil-microorganism interation in degraded alpine meadow at the three-river source region. Xining: Qinghai University, 2020.
- 尹亚丽. 三江源区退化高寒草甸土壤—微生物互作研究. 西宁: 青海大学, 2020.
- [43] Callaway R M, Cipollini D, Barto K, *et al.* Novel weapons: Invasive plant suppresses fungal mutualists in America but not in its native Europe. *Ecology*, 2008, 89(4): 1043—1055.
- [44] Wu Y, Chen D, Saleem M, *et al.* Rare soil microbial taxa regulate the negative effects of land degradation drivers on soil organic matter decomposition. *Journal of Applied Ecology*, 2021, 58(8): 1658—1669.
- [45] Li F, Liu Z H, Jia T H, *et al.* Functional diversity of soil microbial community carbon metabolism with the degradation and restoration of alpine wetlands and meadows. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(17): 6006—6015.
- 李飞, 刘振恒, 贾甜华, 等. 高寒湿地和草甸退化及恢复对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响. 生态学报, 2018, 38(17): 6006—6015.