

DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2026.01.023; CSTR:32311.14.rswc.2026.01.023.

江冰,高丽倩,孙会,等.沙地植被恢复类型对生物结皮微生物群落组成的影响[J].水土保持研究,2026,33(1):63-70.

Jiang Bing, Gao Liqian, Sun Hui, et al. Effects of vegetation restoration types on microbial community composition of biological soil crusts in sandy land[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2026, 33(1): 63-70.

沙地植被恢复类型对生物结皮微生物群落组成的影响

江冰¹,高丽倩¹,孙会²,王鹏³,赵允格¹,张朝乾¹

(1.西北农林科技大学水土保持科学与工程学院(水土保持研究所),水土保持与荒漠化整治全国重点实验室,陕西杨凌712100;2.陕西省环境科学研究院,西安710061;3.宁夏大学地理科学与规划学院,银川750021)

摘要: [目的] 探究不同沙地植被恢复类型对生物结皮微生物群落组成的影响,为沙地生态系统管理提供理论依据。[方法] 采用高通量测序技术,以裸露沙地为对照,分析了草本、灌木、灌草共生等植被恢复类型下生物结皮微生物群落组成及多样性的变化特征。[结果] (1) 与裸露沙地细菌群落优势门变形菌门(Proteobacteria)及优势属不动杆菌属(*Acinetobacter*)相比,草本、灌木、灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落优势门均为蓝藻门(Cyanobacteria),草本、灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落优势属均为微枝形杆菌属(*Microvirga*),灌木植被恢复类型优势属则为RB41。而各植被恢复类型下生物结皮真菌群落优势门则与裸露沙地一致,均为子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)。(2) 不同的植被恢复类型均显著提高了生物结皮细菌和真菌群落的 α -多样性,其中细菌群落Shannon指数和Chao1指数表现为灌草共生>灌木>草本>裸露沙地,真菌群落则表现为草本>灌草共生>灌木>裸露沙地。(3) 生物结皮细菌群落 β -多样性受植被恢复类型影响显著,而真菌群落 β -多样性可能受非植被因素影响更大。[结论] 植被恢复类型显著影响生物结皮细菌群落物种组成,增加生物结皮微生物多样性,但对真菌群落的影响不显著。

关键词: 植被类型;生物土壤结皮;真菌;细菌;群落组成;多样性

中图分类号:S154.3

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2026)01-0063-08

Effects of vegetation restoration types on microbial community composition of biological soil crusts in sandy land

Jiang Bing¹, Gao Liqian¹, Sun Hui², Wang Peng³, Zhao Yunge¹, Zhang Zhaoqian¹

(1.College of Soil and Water Conservation Science and Engineering (Institute of Soil and Water Conservation), Northwest A&F University, State Key Laboratory of Soil and Water Conservation and Desertification Control, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2.Shaanxi Provincial Academy of Environmental Science, Xi'an 710061, China; 3.School of Geography and Planning, Ningxia University, Yinchuan 750021, China)

Abstract: [Objective] This study aims to investigate the effects of different vegetation restoration types on the microbial community composition of biological soil crusts (biocrusts) in sandy ecosystems, providing a theoretical basis for the management of sandy ecosystems. [Methods] High-throughput sequencing technology was employed, with bare sandy land as the control, to analyze the variation characteristics of microbial community composition and diversity in biocrusts under different vegetation restoration types, including herbaceous, shrub, and symbiotic shrub and herb. [Results] (1) Compared to bare sandy land where the dominant bacterial phylum was Proteobacteria and the dominant genus was *Acinetobacter*, the dominant bacterial phylum in biocrusts under the vegetation restoration types of herbaceous, shrub, and symbiotic shrub and herb was Cyanobacteria. The dominant bacterial genus was *Microvirga* under herbaceous and symbiotic shrub-herb types, while the dominant

收稿日期:2025-03-06

修回日期:2025-04-03

接受日期:2025-04-20

资助项目:宁夏回族自治区重点研发计划(2022BEG03053);中国科学院“西部之光”人才培养计划(XAB2022YW01)

第一作者:江冰(2001—),女,内蒙古赤峰市人,硕士研究生,研究方向为生物结皮。E-mail:1619476370@qq.com

通信作者:高丽倩(1986—),女,河北省石家庄市人,博士,副研究员,研究方向为生物结皮及其生态功能。E-mail:glq@nwafu.edu.cn

<http://stbcyj.paperonice.org>

genus was RB41 under the vegetation restoration type of shrub. In contrast, the dominant fungal phyla in biocrusts across all vegetation restoration types were consistent with those in bare sandy land, namely Ascomycota and Basidiomycota. (2) All vegetation restoration types significantly increased the α -diversity of both bacterial and fungal communities in biocrusts. For bacterial communities, Shannon and Chao1 indices followed the order: symbiotic shrub and herb > shrub > herbaceous > bare sandy land. For fungal communities, the order was herbaceous > symbiotic shrub and herb > shrub > bare sandy land. (3) The β -diversity of bacterial communities was significantly influenced by vegetation restoration types, while the β -diversity of fungal communities appeared to be more affected by non-vegetation factors. [Conclusion] Vegetation restoration types significantly affect bacterial community composition and enhance microbial diversity in biocrusts, but exhibit no significant impact on fungal communities.

Keywords: vegetation type; biological soil crusts; fungi; bacteria; community composition; diversity

沙地主要分布在我国北方干旱—半干旱过渡带,普遍面临土地贫瘠、可利用水资源短缺及生物多样性贫乏等问题^[1]。植被恢复被视为缓解土壤沙化,改善土壤结构,提高生物多样性及增强生态系统稳定性的有效措施^[2-3]。自20世纪80年代,在我国干旱—半干旱过渡带相继启动了“三北防护林工程”和“退耕还林还草工程”等重大生态项目^[4],通过封山育林育草、植树造林、草地恢复等一系列措施修复脆弱生态系统,并取得了显著成效。据统计,两项工程累积造林面积已达6400万 hm^2 ^[5-6],草地面积大幅度增加,地表覆盖状况明显改善。与此同时,生物结皮覆盖面积也达到72万 hm^2 ^[7],是沙地生态系统恢复中重要的地表覆被,与植被共同影响沙地生态系统的稳定性。

生物土壤结皮(简称生物结皮)是由土壤微生物与藻类、地衣、藓类植物通过假根、菌丝、分泌物等与土壤颗粒胶结形成复合层状结构^[8]。作为沙地生态系统的重要组成部分,生物结皮微生物群落在驱动土壤养分循环和促进植被定殖等方面发挥着关键作用^[9-10]。然而,生物结皮微生物群落极易受到植被恢复类型等因素的影响,不同植被类型可能通过改变地表微环境影响微生物群落组成。研究表明,当沙蒿作为先锋植物时,通过稳定土壤表层环境,促进生物结皮形成,并显著增加生物结皮蓝细菌的相对丰度^[11]。以樟子松、油松、柠条为主的灌木林显著改变生物结皮细菌和真菌群落的组成和数量^[12]。贺郝钰等^[13]进一步揭示了腾格里沙漠地区灌丛内生物结皮微生物群落多样性的变化规律。而李发祥等^[14]则研究了草地生态系统中生物结皮微生物多样性变化特征。尽管已知植被类型能够影响生物结皮微生物群落特征,但在沙地生态系统中,针对不同植被恢复类型对生物结皮微生物群落组成的研究仍存在不足。

为此,本研究以毛乌素沙地为研究区,以不同植

被恢复类型下生物结皮微生物群落为研究对象,以裸露沙地为对照,基于高通量测序技术,研究不同植被恢复类型对生物结皮微生物群落物种组成与多样性的影响,以期对沙地生态系统管理提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于宁夏灵武市白芨滩国家级自然保护区,地处毛乌素沙地南缘,总面积约8万 hm^2 。该区属于典型的温带大陆性气候,干旱少雨,蒸发强度大,年降水量约为255.2 mm,主要集中在7—9月,冬长夏短,全年日照时数达3080.2 h,无霜期157 d。土壤类型以风沙土为主,其次为灰钙土或淡灰钙土。植被恢复类型以灌木林地和草地为主,其中,灌木林地主要树种包括沙柳(*Salix cheilophila* Schneid)、柠条(*Caragana intermedia*)、旱柳(*Salix matsudana* Koidz.)、小叶杨(*Populus simonii*)、樟子松(*Pinus sylvestris* var. *Mongolica*)、沙拐枣(*Calligonum mongolicum* Turcz.)等;草地优势物种包括五星蒿(*Bassia dasphylla*)、沙蒿(*Artemisia desertorum* Spreng)、赖草(*Leymus secalinus* Tzvel)、芦苇(*Phragmites australis*)、芨芨草(*Achnatherum splendens*)等。在不同植物间隙,自然形成了大量的生物结皮,经调查其盖度在50%以上。

1.2 样地设置

在研究区内选取人工或自然恢复的灌木、草本、灌草共生植被地区作为样地,并以裸露沙地为对照,样地概况见表1。

1.3 样品采集

在每个样地植被间隙设置3个1 m×1 m的样方,每个样方中采用5点法采集生物结皮层,并混合为一个混合样,每个处理共采集3个混合样品。所有样品采集后置于冰盒内保存,并迅速运回实验室用于微生物群落分析。

表 1 样地概况
Table 1 Overview of sampling sites

植被类型	样地大小/hm ²	主要植被	植被盖度/%	生物结皮盖度/%	有机质/(g·kg ⁻¹)	速效磷/(mg·kg ⁻¹)	铵态氮/(mg·kg ⁻¹)	硝态氮/(mg·kg ⁻¹)
裸露沙地	97.49	无	0	0	0.15±0.02	0.26±0.10	3.09±0.09	0.67±0.04
草本	5.05	赖草、五星蒿	20.3±0.33	66.0±10.02	0.89±0.27	28.35±3.13	13.10±0.38	3.37±0.03
灌木	63.83	柠条、沙柳、沙拐枣等	41.3±6.96	51.6±13.39	0.78±0.10	22.06±1.49	13.87±1.56	2.38±0.37
灌草	33.59	柠条、沙蒿、猪毛菜等	38.6±15.13 (灌木) 32.5±12.67 (草本)	65.2±10.34	1.03±0.26	39.54±0.86	21.43±1.54	1.93±0.06

1.4 土壤理化指标测定

土壤有机质采用重铬酸钾外加热法;速效钾采用原子吸收法;铵态氮与硝态氮采用流动分析法。

1.5 微生物总 DNA 提取与 PCR 扩增

微生物样品总 DNA 提取和测序由美吉生物医药科技(上海)有限公司完成。使用 Omega Bio-tek (Norcross, GA, U.S.) 试剂盒从样本中提取总 DNA 样本,并以其为模板进行 PCR 扩增。其中,细菌群落分析采用 27F(5'-AGRGTTYGATYMTGGCTCAG-3') 和 1492 R(5'-RGYTACCTTGTACGACTT-3') 引物对 16 S rRNA 基因全长进行扩增;真菌群落分析则使用 ITS1 F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS4 R(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') 引物对 ITS 区域进行扩增。PCR 反应体系主要包含模板 DNA、引物、Fast Pfu DNA 聚合酶、反应缓冲液以及 dNTPs 混合液。PCR 反应程序如下:首先进行预变性,95 °C 持续 3 min;随后进入循环阶段,95 °C 变性 30 秒,60 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 45 s,共循环 27 次;最后在 72 °C 下延伸 10 min,反应结束后将产物保存于 4 °C。每个样品均进行三次 PCR 反应,使用的仪器为美国 ABI GeneAmp® 9700 型 PCR 仪。PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测后进行纯化,并利用 Qubit 4.0(美国 Thermo Fisher Scientific 公司)进行定量分析。纯化的 PCR 产物按等摩尔比混合,在 Pacbio Sequel IIe System 平台上进行测序。

1.6 微生物多样性

1.6.1 α -多样性 选取 Chao1 丰富度估计指数(Chao1 Estimator)和 Shannon 多样性指数(Shannon Diversity Index)评估生物结皮层细菌和真菌群落 α 多样性,计算公式如下:

Chao1 丰富度估计指数:

$$S_{\text{Chao1}} = S_{\text{obs}} + n_1(n_1 - 1)/2(n_2 + 1) \quad (1)$$

式中: S_{Chao1} 为估计的 OTU 数; S_{obs} 为观测到的 OTU 数; n_1 为仅含 1 条序列的 OTU 数目; n_2 为仅含 2 条序

列的 OTU 数目^[15]。

Shannon 多样性指数:

$$H_{\text{Shannon}} = - \sum_{i=1}^S \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N} \quad (2)$$

式中: n_i 为第 i 个 OTU 所含的序列数; N 为所有 OTU 的总序列数^[16]。

1.6.2 β -多样性 基于物种丰度计算 Bray-Curtis 距离矩阵,用于检验样本间生物结皮微生物群落结构的相似性及组间差异。为了直观展示样本间的差异,选取 PCoA 主坐标方法对数据进行可视化处理^[17]。

1.7 数据处理与统计分析

采用美吉云平台与 SPSS 22.0 统计软件(IBM, USA)进行生物结皮微生物多样性指标数据分析与差异显著性检验(ANOVA, LSD, $p < 0.05$)。对于微生物群落结构分析,基于 Bray-Curtis 距离矩阵,使用美吉云平台与 R 语言的 vegan 包(version 2.6-4)进行主坐标分析(PCoA),并通过 ANOSIM 检验(999 permutations)量化组间差异显著性(R 值 > 0.25 视为显著分离)。

2 结果与分析

2.1 植被恢复类型对生物结皮微生物群落结构和丰度的影响

不同植被恢复类型下生物结皮细菌群落在门水平上共鉴定出 11 个门类(图 1A)。裸露沙地细菌群落中变形菌门(Proteobacteria)占绝对优势,占比为 62.8%,其次为放线菌门(Actinobacteriota),占比为 16.1%。不同植被类型下生物结皮细菌群落则显著不同于裸露沙地。其中,草本和灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落(相对丰度 $> 10\%$)主要包括蓝藻门(Cyanobacteria)、变形菌门、放线菌门、绿弯菌门(Chloroflexi),而灌木类型下除以上细菌门类还包括酸杆菌门(Acidobacteriota)。草本、灌木及灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落优势门均为蓝藻门,相对丰度分别为 34.8%,21.4%,24.5%。草

本恢复类型下生物结皮细菌的次优势门为变形菌门,相对丰度为 18.9%,而灌木和灌草共生类型则为放线菌门,相对丰度分别为 20.1% 和 23.0%。

生物结皮真菌群落共鉴定出 5 个门类,子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为所有样地的优势门类(图 1B)。裸露沙地中真菌群落高度单一化,子囊菌门相对丰度高达 90.9%,担子菌门相对丰度为 8.8%,两门类总丰度达 99.7%。与裸露沙地相

比,子囊菌门在草本、灌木和灌草共生植被类型下生物结皮中相对丰度分别降至 76.3%,89.2% 和 70.5%,但依然保持优势地位。担子菌门作为次优势门,在草本和灌草共生植被类型下的相对丰度分别增至 10.6% 和 9.7%,而在灌木植被类型下则降至 4.2%。此外,未分类真菌(others)在草本、灌木和灌草类型下生物结皮真菌群落相对丰度分别增至 10.1%,16.6% 和 19.5%,可能反映特殊生境下的潜在新类群。

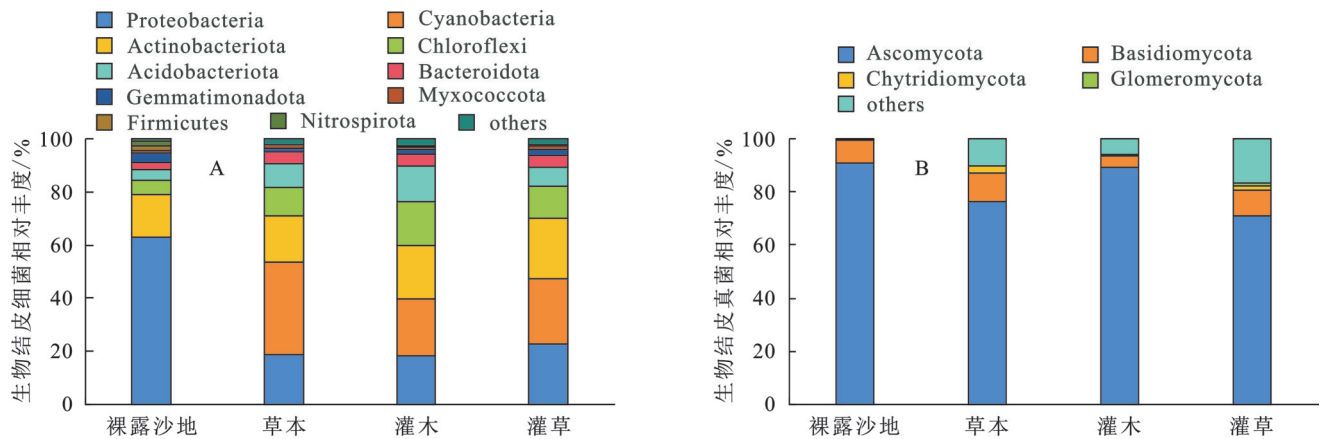


图 1 门水平上不同植被恢复类型下生物结皮细菌和真菌群落物种相对丰度
 Fig. 1 Relative species abundance of bacterial and fungal communities in biocrusts at phylum level under different vegetation restoration types

属水平分析显示(图 2),裸露沙地细菌群落以不动杆菌属(*Acinetobacter*)为单一优势类群,相对丰度为 20.5%;草本和灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落均以微枝形杆菌属(*Microvirga*)为优势属,相对丰度分别为 6.6% 和 59.0%,而灌木植被恢复类型则是 RB41 为优势属,相对丰度为 7.9%。真菌群落中,裸

露沙地以皮状新丝孢酵母属(*Cutaneotrichosporon*)、未分类真菌(*unclassified_k_Fungi*)、未分类子囊菌(*unclassified_p_Ascomycota*)为优势属,每种优势属相对丰度均为 16.8%;而草本、灌木和灌草共生植被恢复类型则均以未分类子囊菌为优势类群,相对丰度分别为 22.2%,52.8%,19.4%。

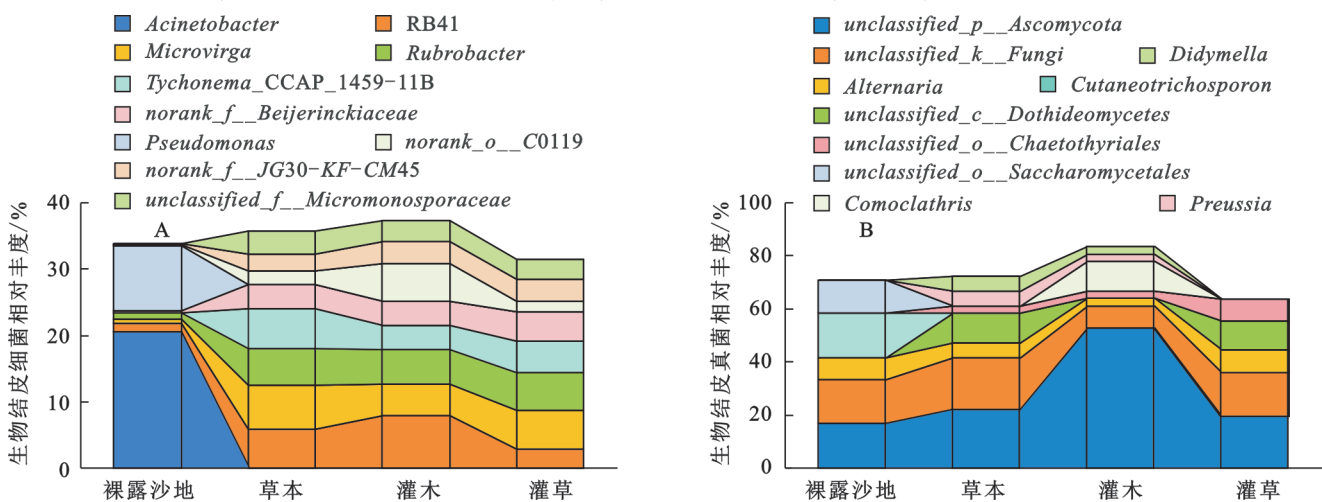


图 2 属水平上不同植被恢复类型生物结皮细菌和真菌群落物种相对丰度
 Fig. 2 Relative species abundance of bacterial and fungal communities in biocrusts at genus level under different vegetation restoration types

2.2 植被恢复类型对生物结皮微生物 α -多样性的影响

不同植被类型下生物结皮微生物群落的 Shannon 多样性指数与 Chao1 指数均显著高于裸露沙地 ($p < 0.05$),但 3 种植被恢复类型之间生物结皮

细菌和真菌群落的 Shannon 多样性指数与 Chao1 指数均无显著差异 ($p > 0.05$) (表 3)。与裸露沙地相比,草本、灌木和灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落的 Shannon 指数分别增加了 10.3%,24.8% 和

25.5%, Chao1 指数分别增加了 89.6%, 116.6% 和 120.7%, 其中灌草共生恢复类型下生物结皮细菌群落的 Shannon 指数和 Chao1 指数增幅最大, 且数值最高。与裸露沙地相比, 生物结皮真菌群落在草本、灌

木和灌草共生植被恢复类型下 Shannon 多样性指数分别增加了 0.94, 0.76, 0.93 倍, Chao1 指数分别增加了 8.8, 8.6, 8.2 倍, 其中在草本恢复类型下的 Shannon 多样性指数和 Chao1 指数增幅最大, 且数值最高。

表 3 不同植被类型下生物结皮中微生物 α -多样性指数

Table 3 Microbial α -diversity indices in biocrusts under different vegetation restoration types

组别	细菌		真菌	
	Shannon 多样性指数	Chao1 多样性指数	Shannon 多样性指数	Chao1 多样性指数
裸露沙地	4.27±0.11b	705.80±89.09b	1.95±1.50b	33.00±29.69b
草本	4.71±0.64ab	1338.30±43.83a	3.79±0.10a	322.30±47.37a
灌木	5.33±0.35a	1528.47±61.73a	3.43±0.18a	317.79±57.75a
灌草	5.36±0.40a	1557.35±266.84a	3.77±0.28a	304.21±34.90a

注:不同小写字母表示多样性指数在不同处理间差异显著($p < 0.05$)。

2.3 植被恢复类型对生物结皮微生物 β -多样性的影响

生物结皮细菌群落主坐标分析显示(图 3A), 生物结皮细菌群落在草本和灌草共生植被恢复类型间存在部分重叠现象, 但与灌木恢复类型相互分散, 第一和第二轴的方差贡献率分别是 65.67% 和 26.36%, 总贡献率为 92.03%。生物结皮真菌群落在灌木、草本和灌草共生植被恢复类型间存在小部分重叠, 第一和第二轴的方差贡献率分别是 85.06% 和 10.03%,

总贡献率为 95.09%(图 3B)。由于裸露沙地与植被恢复类型间差异较大, 因此, 为了评估不同植被恢复类型是否对生物结皮细菌和真菌群落影响显著, 排除裸露沙地干扰后, 通过 ANOSIM 检验对不同植被恢复类型下生物结皮细菌和真菌群落进行差异性分析(表 4), 结果表明, 不同植被恢复类型对生物结皮细菌群落存在显著影响($p < 0.05$), 而对真菌群落无显著影响($p > 0.05$)。

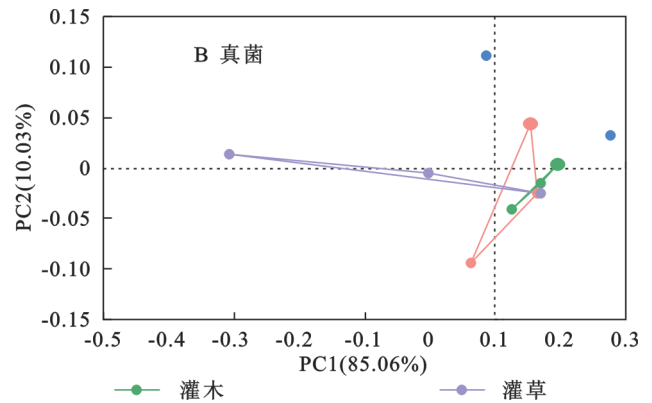
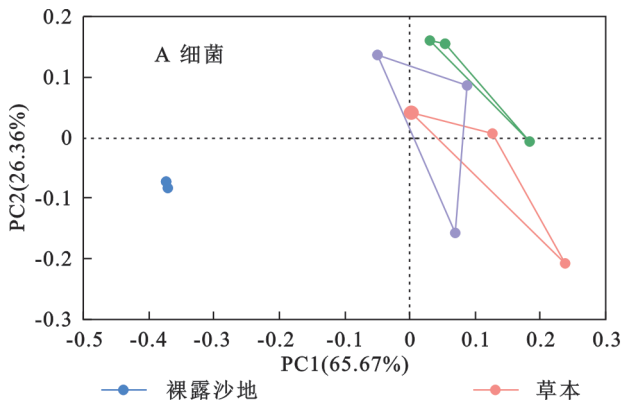


图 3 不同植被恢复类型下生物结皮细菌和真菌群落的 PCoA 分析

Fig. 3 PCoA analysis of bacterial and fungal communities in biocrusts under different vegetation restoration types

表 4 不同植被恢复类型下生物结皮细菌和真菌群落 ANOSIM 检验

Table 4 ANOSIM test of bacterial and fungal communities in biocrusts under different vegetation restoration types

群落	方差来源	Df	TV	MV	F 值	R ²	p 值
细菌	Group	3	0.33	0.11	4.40	0.65	0.02
	Residuals	7	0.17	0.02		0.35	
	Total	10	0.50			1.00	
真菌	Group	3	0.05	0.02	0.38	0.14	0.86
	Residuals	7	0.33	0.05		0.86	
	Total	10	0.38			1.00	

注: $p < 0.05$ 表示差异显著。

3 讨论

3.1 不同植被恢复类型下生物结皮微生物群落特征变化

对于生物结皮微生物群落组成的已有研究发现, 毛乌素沙地、腾格里沙漠、古尔班通古特沙漠以及北美的科罗拉多高原中生物结皮中细菌群落包括变形菌门、蓝藻门、放线菌门、拟杆菌门和酸杆菌门^[18-19], 真菌群落包括子囊菌门、担子菌门^[20]。与本研究的细菌、真菌物种组成在门水平上基本一致, 但受地域、环境以及植被类型等因素的影响其优势物种存在一定差异。本研究中, 在裸露沙地时, 细菌群落的优势门为变形菌门, 次优势门为放线菌门。随着不同植被类

型的恢复,生物结皮的逐渐形成后,细菌群落中蓝藻门逐渐占据优势地位,在草本恢复类型下生物结皮中变形菌门优势逐渐下降,成为次优势门。而在灌木及灌草共生类型下生物结皮中放线菌门仍为次优势门,但变形菌门优势地位消失。变形菌门属于异养细菌^[21],能够适应高温、干旱、厌氧条件等极端沙地环境,并在这种环境中发挥重要作用。相比之下,生物结皮中的蓝藻门属于自养细菌^[11],在水分匮乏且土壤稳定性差的沙地环境中难以固定存活。当植物恢复后,冠层的遮盖减少太阳直射,茎叶的蒸腾作用提高微环境中的空气湿度,根系的网络结构有助于沙地环境的稳定^[12-13]。同时,植物根系分泌物与枯落物有助于沙地中碳、氮、磷等速效养分逐渐积累^[11-13],为生物结皮的形成提供良好的生存条件,使蓝藻门逐渐占据优势地位^[22]。因此,由于沙地微环境与养分资源的变化,使变形菌门的优势逐渐被蓝藻门所替代。而放线菌门不仅能在养分贫瘠的裸露沙地发挥固碳作用,还能够降解灌木等木本植被枯落物中的纤维素和木质素^[23],因此,在灌木与灌草共生类型下生物结皮中放线菌门依然是仅次于蓝藻门的第二大优势门。

本研究表明,与裸露沙地相比,当草本、灌木、灌草共生等植被类型改变时,生物结皮真菌群落中子囊菌门的相对丰度下降 1.7%~20.1%,而未分类真菌的相对丰度则上升 10.0%~19.4%。这种变化可能一方面由于不同植被类型与生物结皮大量恢复,引进大量有利于植被共生的未知真菌门类,改变了原有的资源分配以及生存环境^[24],降低子囊菌门的竞争力。另一方面由于未知真菌的增加,使其真菌群落结构发生改变,从而一定程度上削弱子囊菌门优势。在综上所述,无论是门水平还是属水平,植被恢复类型均影响生物结皮细菌与真菌群落物种组成,但由于生物结皮中还存在大量未知菌群,因此,植被类型与生物结皮微生物群落之间关系仍需进一步探究。

3.2 不同植被恢复类型下生物结皮微生物群落多样性的变化

不同植被类型可能通过植物根系分泌物与枯落物分解,改变土壤养分输入,进而提高生物结皮微生物群落多样性。本研究结果表明,植被恢复类型显著提高生物结皮微生物群落 α -多样性。在裸露沙地中,环境恶劣,水分条件有限,养分来源少,土壤微生物物种丰富度相对较少。相比之下,灌木、草本、灌草共生植被在生长发育过程中,根系将分泌糖类、有机酸等物质,促进土壤中碳源形成,吸引更多有利于植被根系生长的细菌与真菌群落,生物结皮微生物多样性及丰富度也会受到植物根际效应影响^[25]。还

有研究表明,柠条、沙蒿、五星蒿等沙地植被通过根系的代谢活动以及枯落物分解,改变土壤中氮素含量及存在形式,有利于微生物群落生长繁殖,进而促进生物结皮层微生物群落多样性^[26-27]。本研究表明,3种植被类型下生物结皮细菌、真菌的 α -多样性无显著差异,主要原因可能是由于3个样地地形、气候、生物结皮类型等条件相似,这些环境因素对生物结皮微生物群落多样性变化起到主要作用,而植被类型对生物结皮微生物 α -多样性影响较小。

根据 ANOSIM 检验结果显示,植被恢复类型差异显著影响生物结皮细菌群落相似性,而对生物结皮真菌群落相似性影响不显著。有研究发现,细菌群落具有广泛的生态位,能够在不同环境条件下生存,并且具有较强的繁殖能力^[28-29]。相比之下,真菌群落与某些植被存在特定的共生关系,对环境的适应性较差,繁殖速度慢。当植被类型发生变化时,生物结皮细菌群落能够快速适应环境变化,快速繁殖,并与藻类、苔藓类植物共同形成生物结皮^[30]。相较而言,真菌群落适应能力差且个体较大,即使植被类型改变,裸露沙地中原有的真菌群落优势物种依然在生物结皮真菌群落中占据优势地位。

4 结论

(1) 与裸露沙地细菌群落优势门变形菌门、优势属不动杆菌属相比,草本、灌木、灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落优势门则均为蓝藻门,草本、灌草共生植被恢复类型下生物结皮细菌群落优势属均为微枝形杆菌属,但灌木植被恢复类型优势属为 RB41。而生物结皮真菌群落则与裸露沙地真菌群落一致,优势门仍是子囊菌门与担子菌门。

(2) 植被恢复类型均显著增加生物结皮微生物 α -多样性,其中生物结皮细菌群落 Shannon 多样性指数、Chao1 多样性指数均呈现出灌草共生 > 灌木 > 草本 > 裸露沙地;生物结皮真菌群落 Shannon 指数、Chao1 指数均呈现出草本 > 灌草共生 > 灌木 > 裸露沙地。

(3) 植被恢复类型显著影响生物结皮细菌群落 β -多样性,而生物结皮真菌群落 β -多样性可能受更多非植被因素影响。

参考文献 (References):

- [1] 闫峰,吴波.近 40a 毛乌素沙地荒漠化过程研究[J].干旱区地理,2013,36(6):987-996.
Yan F, Wu B. Desertification progress in mu us sandy land over the past 40 years[J]. Arid Land Geography, 2013,36(6):987-996.
- [2] Tariq A, Ullah A, Graciano C, et al. Combining differ-

- ent species in restoration is not always the right decision: monocultures can provide higher ecological functions than intercropping in a desert ecosystem[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024,357:120807.
- [3] 于钊,李奇铮,王培源,等.退化和恢复过程驱动的荒漠草地生态系统有机碳密度变化[J].*中国沙漠*,2022,42(2):215-222.
Yu Z, Li Q Z, Wang P Y, et al. Changes of organic carbon density in desert steppe ecosystem driven by degradation and restoration[J]. *Journal of Desert Research*, 2022,42(2):215-222.
- [4] Fu B J, Liu Y X, Meadows M E. Ecological restoration for sustainable development in China[J]. *National Science Review*, 2023,10(7): nwad033.
- [5] 秦家炜.内蒙古三北防护林工程区林分退化现状与特征分析[J].*内蒙古林业调查设计*,2022,45(4):59-62,76.
Qin J W. Stand degradation status and characteristics analysis of Three-North Shelterbelt Project area in Inner Mongolia[J]. *Inner Mongolia Forestry Investigation and Design*, 2022,45(4):59-62,76.
- [6] 张旭峰,刘雅静,吴水荣,等.中国林草业助推 2030 年可持续发展目标的实践进展与展望[J].*林草政策研究*, 2024,4(4):1-9.
Zhang X F, Liu Y J, Wu S R, et al. Contributions of China's forestry and grassland to achieving sustainable development goals 2030 [J]. *Journal of Forestry and Grassland Policy*, 2024,4(4):1-9.
- [7] 冯秀绒,卜崇峰,郝红科,等.基于光谱分析的生物结皮提取研究:以毛乌素沙地为例[J].*自然资源学报*,2015,30(6):1024-1034.
Feng X R, Bu C F, Hao H K, et al. Research on biological soil crust extraction by spectral analysis in mu us desert, China[J]. *Journal of Natural Resources*, 2015,30(6):1024-1034.
- [8] Weber B, Belnap J, Büdel B, et al. What is a biocrust: a refined, contemporary definition for a broadening research community[J]. *Biological Reviews*, 2022,97(5):1768-1785.
- [9] Miralles I, Ortega R, del Carmen Montero-Calasanz M. Functional and biotechnological potential of microbiome associated with soils colonised by cyanobacteria in drylands[J]. *Applied Soil Ecology*, 2023,192:105076.
- [10] 许文文,赵燕翘,王楠,等.人工生物土壤结皮对草本植物群落组成与多样性的影响[J].*中国沙漠*,2022,42(5):204-211.
Xu W W, Zhao Y Q, Wang N, et al. Effects of artificial biological soil crusts on the composition and diversity of herbaceous plant communities [J]. *Journal of Desert Research*, 2022,42(5):204-211.
- [11] 刘军.沙蒿胶固沙性能及其对土壤微生物和生物结皮培育的影响[D].北京:北京林业大学,2016.
Liu J. Sand-fixing performance of *Artemisia sphaerocephala* gum and its influence on soil microorganism and biological crust cultivation[D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2016.
- [12] 边丹丹.黄土丘陵区不同植被状况下土壤生物结皮对土壤生物学性质的影响[D].陕西杨凌:西北农林科技大学,2011.
Bian D D. Effects of soil biological crust on soil biological properties under different vegetation conditions in Loess Hilly Region[D]. Yangling, Shaanxi: Northwest A&F University, 2011.
- [13] 贺郝钰,刘蔚,常宗强,等.沙区生物土壤结皮演替对表层土壤养分和微生物群落组成的影响[J].*干旱区地理*,2024,47(10):1724-1734.
He H Y, Liu W, Chang Z Q, et al. Effects of biological soil crust succession on soil nutrients, microbial community composition in desert regions[J]. *Arid Land Geography*, 2024,47(10):1724-1734.
- [14] 李发祥,张涛,罗玉珠,等.黄河源区黑土滩人工草地地表结皮与未结皮区土壤微生物多样性[J].*草地学报*, 2018,26(1):45-52.
Li F X, Zhang T, Luo Y Z, et al. Soil microbial diversity in surface crust and non-crust of artificial grassland in black soil region of the Yellow River source region [J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2018,26(1):45-52.
- [15] Chao A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population[J]. *Scandinavian Journal of Statistics*, 1984,11(4):265-270.
- [16] Shannon C E. A mathematical theory of communication [J]. *Bell System Technical Journal*, 1948,27(3):379-423.
- [17] Bray J R, Curtis J T. An ordination of the upland forest communities of southern Wisconsin [J]. *Ecological Monographs*, 1957,27(4):325-349.
- [18] 李靖宇,张琇.腾格里沙漠不同生物土壤结皮微生物多样性分析[J].*生态科学*,2017,36(3):36-42.
Li J Y, Zhang X. Microbial diversity analysis of different biological soil crusts in Tengger desert[J]. *Ecological Science*, 2017,36(3):36-42.
- [19] 张雅丽,张丙昌,赵康,等.毛乌素沙地不同类型生物结皮细菌群落差异及其驱动因子[J].*生物多样性*,2023,31(8):83-93.
Zhang Y L, Zhang B C, Zhao K, et al. Variation of bacterial communities and their driving factors in different types of biological soil crusts in Mu Us sandy land[J]. *Biodiversity Science*, 2023,31(8):83-93.
- [20] Zhang T, Jia R L, Yu L Y. Diversity and distribution of soil fungal communities associated with biological soil crusts in the southeastern Tengger Desert (China) as revealed by 454 pyrosequencing [J]. *Fungal Ecology*, 2016,23:156-163.
- [21] Spain A M, Krumholz L R, Elshahed M S. Abundance,

- composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria [J]. *The Isme Journal*, 2009,3(8):992-1000.
- [22] 刘乐汉,吕杰,马媛,等. 古尔班通古特沙漠藻类结皮中微生物群落空间分异特征[J]. *生态学报*, 2023,43(5):1923-1935.
- Liu Y H, Lv J, Ma Y, et al. Spatial differentiation of microbial communities in Gurbantungut Desert algae crust, Xinjiang, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023,43(5):1923-1935.
- [23] 侯超,张成富,张孙健,等. FAST周边喀斯特峰丛洼地不同演替阶段土壤微生物群落变化[J]. *环境科学与技术*, 2024,47(8):174-185.
- Hou C, Zhang C F, Zhang S J, et al. Changes of soil microbial communities in different succession stages in karst peak cluster depression around FAST[J]. *Environmental Science & Technology*, 2024,47(8):174-185.
- [24] Aqeel M, Ran J Z, Hu W G, et al. Plant-soil-microbe interactions in maintaining ecosystem stability and coordinated turnover under changing environmental conditions[J]. *Chemosphere*, 2023,318:137924.
- [25] 李杨,刘梅,孙庆业. 不同植物群落下铜尾矿废弃地生物结皮中真菌群落结构的比较[J]. *生态学报*, 2016,36(18):5884-5892.
- Li Y, Liu M, Sun Q Y. Comparing the fungal community structure in biological soil crusts obtained under different plant communities in a copper mine tailings [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016,36(18):5884-5892.
- [26] 吕海波. 黄土高原退耕柠条林对土壤理化性质的影响研究[J]. *生态环境学报*, 2013,22(1):47-49.
- Lyu H B. The effect of restored *Caragana korshinskii* shrubwood on soil physicochemical properties in Loess area [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2013,22(1):47-49.
- [27] Yao Y F, Zhao Z N, Wei X R, et al. Effects of shrub species on soil nitrogen mineralization in the desert-loess transition zone [J]. *Catena*, 2019,173:330-338.
- [28] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017,15(10):579-590.
- [29] Grube M, Berg G. Microbial consortia of bacteria and fungi with focus on the lichen symbiosis [J]. *Fungal Biology Reviews*, 2009,23(3):72-85.
- [30] Koua F H M, Kimbara K, Tani A. Bacterial-biota dynamics of eight bryophyte species from different ecosystems [J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2015,22(2):204-210.

(上接第62页)

- [22] Gatto L W. Soil freeze-thaw-induced changes to a simulated rill: potential impacts on soil erosion [J]. *Geomorphology*, 2000,32(1/2):147-160.
- [23] 蒋婷婷,潘华利,艾一帆,等. 冻融循环及含水率对冰碛土力学特性影响[J]. *地质科技通报*, 2024,43(2):238-252.
- Jiang T T, Pan H L, Ai Y F, et al. Effect of freeze-thaw cycles and water content on the mechanical properties of moraine soil [J]. *Bulletin of Geological Science and Technology*, 2024,43(2):238-252.
- [24] 王文刚,王彬,顾汪明,等. 冻融循环对黑土团聚体稳定性与微结构特征的影响[J]. *水土保持学报*, 2022,36(1):66-73.
- Wang W G, Wang B, Gu W M, et al. Effect of freeze-thaw cycles on soil aggregate stability and microstructure of black soil [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2022,36(1):66-73.
- [25] 顾汪明,周金星,王彬,等. 冻融循环作用对黑土水稳性团聚体特征的影响[J]. *中国水土保持科学*, 2020,18(4):45-52.
- Gu W M, Zhou J X, Wang B, et al. Effects of freeze-thaw cycle on the characteristics of black soil water-stable aggregates [J]. *Science of Soil and Water Conservation*, 2020,18(4):45-52.
- [26] Xing H, Huang Y H, Chen X Y, et al. Comparative study of soil erodibility and critical shear stress between loess and purple soils [J]. *Journal of Hydrology*, 2018,558:625-631.
- [27] Gilley J E, Elliot W J, Laflen J M, et al. Critical shear stress and critical flow rates for initiation of rilling [J]. *Journal of Hydrology*, 1993,142(1/2/3/4):251-271.
- [28] 王晨洋,马超,王玉杰,等. 水力梯度影响下 WEPP 模型估计细沟侵蚀参数的可行性分析[J]. *农业工程学报*, 2017,33(8):126-133.
- Wang C F, Ma C, Wang Y J, et al. Feasibility analysis of parameters estimation for rill erosion in WEPP model under different hydraulic gradients [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2017,33(8):126-133.
- [29] Zhang G H, Liu B Y, Nearing M A, et al. Soil detachment by shallow flow [J]. *Transactions of the Asae*, 2002,45(2):351-357.
- [30] Ari F, Saygin S D, Temiz C, et al. Effects of initial soil moisture on rill erodibility and critical shear stress factors in the WEPP model across diverse soil types [J]. *International Soil and Water Conservation Research*, 2025,13(1):1-14.