

京郊荒滩地短期植被恢复对土壤理化性质及微生物群落结构的影响

李晓娜, 王超, 张微微, 赵春桥, 史瑞双, 薛瑞彬, 樊冉冉

(北京市农林科学院北京草业与环境研究发展中心, 北京 100097)

摘要: 为了揭示京郊荒滩地植被恢复初期土壤理化性质与微生物群落结构的变化特征, 以补播苜蓿 (*Medicago sativa* L.)、补播无芒雀麦 (*Bromus inermis* Leyss) 为研究对象, 自然撂荒地作为对照, 采用高通量测序方法研究不同植被恢复模式土壤细菌与真菌的群落结构。结果表明: (1) 2 种植被恢复方式下土壤全氮含量显著高于对照, 补播无芒雀麦土壤全磷含量最高; (2) 2 种植被恢复方式短期内显著改善了土壤物理性质, 土壤容重显著低于对照, 补播无芒雀麦土壤田间持水量、毛管持水量与最大持水量最高, 补播苜蓿土壤饱和导水率最高; (3) 2 种植被恢复方式短期内对土壤微生物群落结构产生影响, 真菌中的子囊菌门、细菌中的蓝细菌门相对丰度增加, 真菌与细菌的生物多样性降低; (4) 相关性分析表明, 土壤有机质含量与真菌中的子囊菌门、细菌中的变形菌门、蓝细菌门数量存在显著正相关关系。2 种植被恢复方式短期内均不同程度的改善了土壤理化性质, 增加了固氮及降解有机质的微生物的数量及活性。

关键词: 荒滩地; 植被恢复; 微生物; 土壤理化性质

中图分类号: S154.2

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242(2019)05-0343-06

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcxb.2019.05.050

Effects of Short-term Vegetation Restoration on Soil Physicochemical Characteristics and Microbial Community Structures in the Wasteland of Beijing Suburb

LI Xiaona, WANG Chao, ZHANG Weiwei, ZHAO Chunqiao,

SHI Ruishuang, XUE Ruibin, FAN Ranran

(Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing

Research & Development Centre for Grass and Environment, Beijing 100097)

Abstract: In order to understand the effect of short-term vegetation restoration on soil physicochemical and microbial community structure, two plants (*Medicago sativa* L. and *Bromus inermis* Leyss) were reseeded in the wasteland of Yanqing County, Beijing, and the abandoned land was the CK. Soil bacterial community structures of the V3-V4 16S rDNA gene region and fungi community structures of ITS1-ITS2 were examined by high-throughput sequencing technologies. The results showed that: (1) The soil total nitrogen contents of two vegetation restoration modes were significantly higher than that of CK, and the soil total phosphorus content of reseeded brome grass was the highest. (2) In the short term, the soil physical properties were significantly improved by the two vegetation restoration modes, and the soil bulk density was significantly lower than that of CK. (3) The soil microbial community structure was affected by two vegetation restoration modes in a short period of time. The relative abundance of *ascomycetes* in fungi and *cyanobacteria* in bacteria increased and the biodiversity of fungi and bacteria decreased under two vegetation restorations. (4) Correlation analysis showed that there was a significant positive correlation between soil organic matter contents and the number of *ascomycetes*, *cyanobacteria*, and *proteobacteria*. The two vegetation restoration modes improved the soil physical and chemical properties, and promoted the amount and activity of microorganisms that fixed nitrogen and degraded organic matter.

Keywords: wasteland; vegetation restoration; microorganism; soil physicochemical

收稿日期: 2019-03-08

资助项目: 公益性行业(农业)科研专项(201503106); 北京市农林科学院科技创新能力建设专项(KJXC20180405, KJXC20180707)

第一作者: 李晓娜(1977—), 女, 副研究员, 主要从事农业面源污染生态阻控技术与受损生态系统植被恢复与重建研究。E-mail: lxn1977@126.com

近 20 年来,北京市开展了大规模的“退耕还林”工程,经过荒山造林、建设农田林网等措施的综合防治,已有效抵挡了从内蒙古等地入侵的风沙,京郊的坡地、沙荒地水土流失迅速下降,风沙危害大大减轻。但是部分乡村周边仍存在荒滩地,其土层浅薄,立地条件恶劣,且经常堆积建筑垃圾或生活垃圾,土壤理化性质差异极大,地上部植被呈斑秃状分布,生态系统稳定性差,植被恢复是其生态系统恢复与重建的第一步,是改善其生态环境的关键^[1]。

植被恢复过程中,地上植被的变化影响土壤微生物的产生,进而改变土壤的物理化学环境,而较好的土壤养分条件又可以促进植被的生长发育^[2],因此土壤微生物与植被、土壤理化性质之间紧密联系,相互影响^[3]。学者们^[4-7]针对不同区域植被恢复过程中土壤微生物量、群落结构、多样性展开了大量的研究结果表明,不同植被恢复模式之间土壤化学性质与微生物生物量存在显著性差异,地上部植被生长情况对土壤微生物群落结构与多样性指数均存在一定程度的影响^[8-13],影响土壤微生物数量与多样性的主要土壤因子是 pH、有机质与氮含量^[5-6,8]。前人研究大多采用空间代替时间的方法研究长期植被恢复对土壤理化性质及微生物的影响,而植被恢复初期,地上部植被变化对土壤理化性质与微生物群落结构影响鲜有报道。植被恢复初期,研究植被生长对土壤理化性质与微生物影响对于寻求快速、高效的恢复方式,维护良性的植被恢复进程具有重要的作用。本文采用高通量测序技术,研究京郊荒滩地植被恢复初期土壤微生物群落结构、多样性及与土壤理化性质的关系,为京郊荒滩地快速植被恢复技术的开发提供数据支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区域位于北京市延庆区大榆树镇姜家台村与陈家营村之间。该地区所在地理位置为 116°00′03″—116°01′30″E,40°26′30″—40°27′30″N,平均海拔 492 m,属于暖温带半湿润大陆性季风气候,气候冬冷夏凉,年平均气温 8.4 ℃,降雨少且主要集中在 7—9 月,多年平均降水量为 467 mm。土壤母质层主要以石灰岩为主,土壤类型主要为石灰性褐土。

1.2 样品采集

研究区域共占地面积 26.7 hm²,为废弃河道,因临近村庄,部分区域成为垃圾堆积地,因此土壤基础理化性质差异较大。在进行植被恢复之前将研究区域分成 27 块样地进行了土壤基本情况调研,并根据调研情况进行分区植被恢复。将土壤理化性质基本一致(表 1)的区域设置了自然撂荒(对照)、补播苜蓿

(*Medicago sativa* L.)、补播无芒雀麦(*Bromus inermis* Leyss)3 种处理,每个处理 6 次重复,每个重复种植面积 100~300 m²,随机分布于整个研究区域内。于 2017 年 9 月进行撒播,撒播前对播种区进行浅耕,浅耕深度 20 cm,按照苜蓿 4.5 g/m²、无芒雀麦 7.5 g/m²的密度进行撒播,播后用铁耙轻拉 1 遍,人工踩踏镇压,次年 7 月进行地上部植被调研。2018 年 9 月 28 日进行土壤样品采集,该区域土壤中石砾含量较多,20 cm 以下土壤>2 mm 石砾平均含量达到 27.9%,有效土壤含量较少,因此在本研究中采集 0—20 cm 土壤作为样本。每个重复下随机设置 3 个 1 m×1 m 的样方,每个样方内采用环刀采集 0—5 cm 原状土,用土钻采集 0—20 cm 土壤样品,一部分装入自封袋内作为土壤理化性质分析用土,一部分将石头、草根挑出分装于自封袋中,放于干冰中冷冻运回,运回后迅速进行土壤 DNA 提取。

表 1 试验区域土壤理化性质

指标	对照	补播苜蓿	补播无芒雀麦
pH	8.02	7.93	7.96
EC/(μS·cm ⁻¹)	138.80	142.00	149.20
有机质/(g·kg ⁻¹)	5.17	5.65	5.30
有效磷/(mg·kg ⁻¹)	16.85	16.98	17.83
速效钾/(mg·kg ⁻¹)	129.32	128.74	134.20
碱解氮/(mg·kg ⁻¹)	22.25	22.48	21.19
全氮/(g·kg ⁻¹)	0.40	0.42	0.47
阳离子交换量/(cmol·kg ⁻¹)	10.74	11.53	10.62
全磷/(g·kg ⁻¹)	0.49	0.54	0.54
含水量/%	5.96	5.92	5.89
田间持水量/%	27.32	29.71	28.54
毛管持水量/%	32.87	31.28	31.80
最大持水量/%	38.29	38.22	38.35
总孔隙度/(cm ³ ·cm ⁻³)	0.57	0.55	0.52
容重/(g·cm ⁻³)	1.31	1.30	1.33
饱和导水率/(10 ⁻⁴ cm·min ⁻¹)	8.17	7.78	7.78

1.3 土壤理化指标测定

采用环刀法测定土壤容重、田间持水量、最大持水量、毛管持水量和总孔隙度,其中田间持水量、最大持水量、毛管持水量为质量百分比,总孔隙度为体积百分比^[14];铝盒称重法测定土壤水分;电位计法测定土壤 pH(水土比 2.5:1);重铬酸钾容量法测定土壤有机质含量;半微量凯氏定氮法测定土壤全氮含量;氢氧化钠熔融—钼锑抗比色法测定土壤全磷含量;碱解扩散法测定土壤碱解氮含量;碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法测定土壤有效磷含量;乙酸铵浸提—原子吸收分光光度计法测定速效钾含量;乙酸铵交换法测定土壤阳离子交换量^[15]。

1.4 土壤微生物测定

1.4.1 土壤 DNA 抽提与测序 采用 E.Z.N.A.® soil

试剂盒 (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.) 进行总 DNA 抽提,提取步骤参照试剂盒说明书进行。提取到的 DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop2000 进行检测,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量;细菌用 338F(5'-ACTCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 引物对 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增,真菌用 ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')引物进行 PCR 扩增。

得到的产物使用 2%琼脂糖凝胶进行电泳检测,利用 QuantiFluor™-ST (Promega, USA) 进行检测定量。根据 Illumina MiSeq 平台 (Illumina, San Diego, USA) 标准操作规程将纯化后的扩增片段构建 PE 2 * 300 的文库。构建好的文库利用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。原始数据上传至 NCBI 数据库中。

1.4.2 数据处理 为了使信息分析的结果更加准确、可靠,原始测序序列首先使用 Trimmomatic 软件质控,使用 FLASH 软件进行拼接,使用 UPARSE 软

件(version 7.1 <http://drive5.com/uparse/>), 根据 97%的相似度对序列进行 OTU 聚类,并在聚类的过程中去除单序列和嵌合体。利用 RDP classifier (<http://rdp.cme.msu.edu/>)对每条序列进行物种分类注释,比对 Silva 数据库,设置比对阈值为 70%。

微生物群落 α 多样性采用 sobs 指数、ACE 物种丰富度指数、Shannon 指数和 Simpson 指数来表征。利用 vegan 软件包在 R 语言中,基于真菌与细菌 OTU 组成及土壤环境因子的矩阵进行分析,解析真菌、细菌群落结构与土壤环境因子间的关系。

2 结果与分析

2.1 植被恢复初期地上部植被生长情况

从表 2 可以看出,补播苜蓿与补播无芒雀麦 2 种植被恢复方式与对照(自然撂荒)相比,植被覆盖度均有了不同程度的增加,分别增加了 142.9%和 122.9%。苜蓿的平均密度高于无芒雀麦。对照植物物种组成与 2 种植被恢复方式的共生植物物种组成基本相同,均以反枝苋、稗草、狗尾草、藜为主。

表 2 试验区域植被生长情况

处理	盖度/%	平均密度/ (株·m ⁻²)	主要共生植物
对照	35	128	反枝苋(<i>Amaranthus retroflexus</i> L.),稗草(<i>Echinochloa crusgalli</i> (L.) Beauv.),狗尾草(<i>Setaria viridis</i> (L.) Beauv.),藜(<i>Chenopodium album</i> L.),毛马唐(<i>Digitaria chrysoblephara</i> Fig.),虎尾草(<i>Chloris virgate</i> Sw.),猪毛菜(<i>Salsola collina</i> Pall.),猪毛蒿(<i>Artemisia scoparia</i> Waldst. et Kit.),胡枝子(<i>Lespedeza bicolor</i> Turcz.)
补播苜蓿	85	887	反枝苋(<i>Amaranthus retroflexus</i> L.),稗草(<i>Echinochloa crusgalli</i> (L.) Beauv.),狗尾草(<i>Setaria viridis</i> (L.) Beauv.),地肤(<i>Kochia scoparia</i> (L.) Schrad.),藜(<i>Chenopodium album</i> L.),毛马唐(<i>Digitaria chrysoblephara</i> Fig.),猪毛菜(<i>Salsola collina</i> Pall.),大籽蒿(<i>Artemisia sieversiana</i> Ehrhart ex Willd.),打碗花(<i>Calystegia hederacea</i> Wall.ex. Roxb.),虎尾草(<i>Chloris virgate</i> Sw.)
补播无芒雀麦	78	619	反枝苋(<i>Amaranthus retroflexus</i> L.),稗草(<i>Echinochloa crusgalli</i> (L.) Beauv.),狗尾草(<i>Setaria viridis</i> (L.) Beauv.),地肤(<i>Kochia scoparia</i> (L.) Schrad.),藜(<i>Chenopodium album</i> L.),毛马唐(<i>Digitaria chrysoblephara</i> Fig.),虎尾草(<i>Chloris virgate</i> Sw.),独行菜(<i>Lepidium apetalum</i>),牻牛儿苗(<i>Erodium stephanianum</i> Willd.)

2.2 植被恢复对土壤理化性质的影响

2.2.1 植被恢复对土壤化学性质的影响 虽然植被恢复仅有 1 年时间,补播苜蓿、补播无芒雀麦 2 种植被恢复方式对土壤理化性质产生了影响。由表 3 可知,补播苜蓿、补播无芒雀麦土壤全氮含量显著高于对照,EC、有机质、有效磷、速效钾、碱解氮含量及阳离子交换量与对照相比无显著差异;补播无芒雀麦土壤全磷含量显著高于对照,补播苜蓿土壤全磷含量从数值上看高于对照,但统计分析结果差异并不显著。初步说明在该区域采取补播苜蓿与补播无芒雀麦 2 种植被恢复方式与自然撂荒相比,有利于土壤化学性质的改善。

补播苜蓿与补播无芒雀麦 2 种植被恢复方式之

间土壤 pH、EC、有机质、有效磷、速效钾、碱解氮、阳离子交换量、全氮、全磷差异均不显著。

2.2.2 植被恢复对土壤物理性质的影响 由表 4 可知,种植 1 年补播苜蓿与补播无芒雀麦显著改善了土壤的物理性质。与对照相比,补播无芒雀麦显著增加了土壤的田间持水量、毛管持水量和最大持水量;补播苜蓿土壤饱和导水率显著高于对照;补播苜蓿与补播无芒雀麦两种植被恢复方式均显著降低了土壤容重;2 种植被恢复方式之间,补播无芒雀麦土壤田间持水量、毛管持水量与最大持水量显著高于补播苜蓿;种植 1 年,补播苜蓿与补播无芒雀麦土壤的水稳性团聚体分形维数、总孔隙度与对照相比差异不显著。

表 3 不同植被恢复方式下土壤化学性质变化

指标	对照	补播苜蓿	补播无芒雀麦
pH	8.29±0.15ab	8.35±0.12a	8.18±0.15b
EC/(μS·cm ⁻¹)	117.58±28.58a	115.51±23.36a	121.66±31.74a
有机质/(g·kg ⁻¹)	5.41±0.20a	8.66±3.80a	9.73±2.33a
有效磷/(mg·kg ⁻¹)	10.41±6.54a	11.34±6.66a	9.52±2.72a
速效钾/(mg·kg ⁻¹)	132.20±34.49a	140.83±40.24a	171.50±29.17a
碱解氮/(mg·kg ⁻¹)	33.37±16.87a	30.11±8.94a	28.49±8.24a
阳离子交换量/(cmol·kg ⁻¹)	7.92±1.04a	8.51±2.76a	9.70±1.34a
全氮/(g·kg ⁻¹)	0.30±0.02b	0.50±0.11a	0.49±0.01a
全磷/(g·kg ⁻¹)	0.40±0.10b	0.51±0.11ab	0.06±0.08a

注:表中为平均值±标准差;同行不同小写字母表示不同处理间土壤化学性质差异显著(P<0.05)。下同。

表 4 不同植被恢复方式下土壤物理性质变化

处理	田间 持水量/%	毛管 持水量/%	最大 持水量/%	总孔隙度/ (cm ³ ·cm ⁻³)	容重/ (g·cm ⁻³)	饱和导水率/ (10 ⁻⁴ cm·min ⁻¹)
对照	17.61±2.48b	21.78±3.00b	24.93±2.22b	0.62±0.14a	1.46±0.05a	9±5b
补播苜蓿	17.89±3.66ab	21.27±3.14b	27.05±4.21b	0.53±0.11a	1.28±0.07b	16±7a
补播无芒雀麦	24.82±4.63a	28.26±4.49a	33.82±5.68a	0.49±0.20a	1.29±0.10b	10±3ab

2.3 植被恢复对土壤微生物群落结构的影响

2.3.1 植被恢复对土壤真菌群落组成的影响 由图 1 可知,对照与 2 种植被恢复方式土壤中的真菌优势菌门均为子囊菌门,可占各样本真菌群落总量的 75%以上。与对照相比,补播苜蓿与补播无芒雀麦土壤中子囊菌门丰度增加,接合菌门丰度降低。补播苜蓿与补播无芒雀麦在短期内对土壤担子菌门无显著影响。

同时对 2 种植被恢复方式土壤中不同科的真菌群落相对丰度与对照进行多重比较(图 2),发现补播苜蓿土壤中子囊菌门的小大卫霉科与生赤壳科相对丰度显著高于对照与无芒雀麦,对照土壤中子囊菌门的毛壳菌科与接合菌门的被孢霉科显著高于补播苜蓿与补播无芒雀麦。

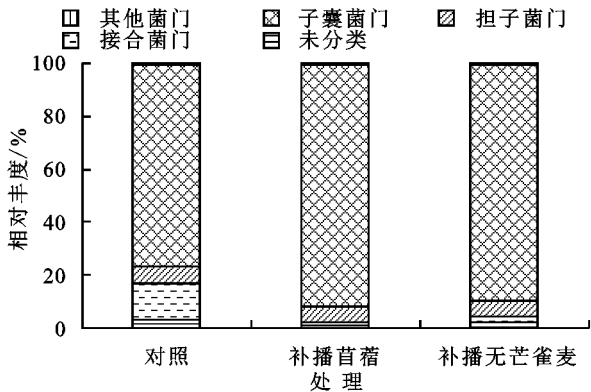
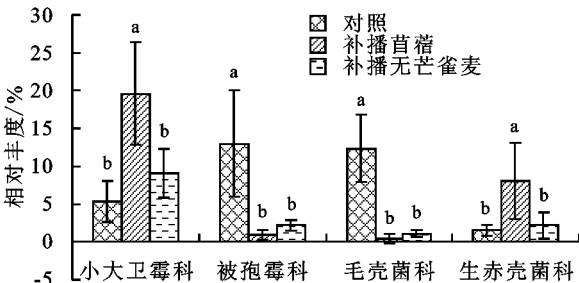


图 1 植被恢复对土壤真菌群落组成影响

2.3.2 植被恢复对土壤细菌群落组成的影响 补播苜蓿、补播无芒雀麦与对照土壤样本中的细菌优势菌门为变形菌门、放线菌门与酸杆菌门,这与已有的土壤微生物群落结构研究^[16-17]结果相符。补播苜蓿土壤中的变形菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、螺旋体门相对丰度均高于对照,放线菌门、酸杆菌门、绿湾菌门、芽

单胞菌门相对丰度低于对照;补播无芒雀麦土壤中拟杆菌门、蓝细菌门、螺旋体门相对丰度高于对照,酸杆菌门、绿湾菌门低于对照;2 种植被恢复方式之间,补播苜蓿土壤中的变形菌门、拟杆菌门、螺旋体门相对丰度高于补播无芒雀麦,放线菌门、酸杆菌门、绿湾菌门、芽孢单菌门低于补播无芒雀麦(图 3)。



注:图中不同小写字母表示不同处理间真菌相对丰富差异显著(P<0.05)。下同。

图 2 不同植被恢复土壤真菌群落多重比较

将对对照与 2 种植被恢复方式不同科的细菌群落进行多重比较(图 4),补播苜蓿与补播无芒雀麦土壤中变形菌门的鞘脂单胞菌科、丛毛单胞菌科、红杆菌科、草酸杆菌科,拟杆菌门的噬纤维菌科相对丰度均显著高于对照,芽单胞菌门的芽单胞菌科相对丰度显著低于对照。

2.3.3 植被恢复对土壤微生物多样性的影响 Sob 指数、Chao 指数与 ACE 指数均反映土壤中微生物的物种丰富度,从表 5 可以看出,补播苜蓿与补播无芒雀麦土壤细菌与真菌的物种丰富度均显著低于对照;Simpson 指数与 Shannon 指数反映土壤中微生物的多样性,Simpson 指数越低,Shannon 指数越高说明物种多样性越高,补播苜蓿与补播无芒雀麦土壤真菌与细菌 Shannon 指数显著低于对照,初步说明补播

苜蓿与无芒雀麦短期内降低了土壤真菌与细菌的微生物多样性。

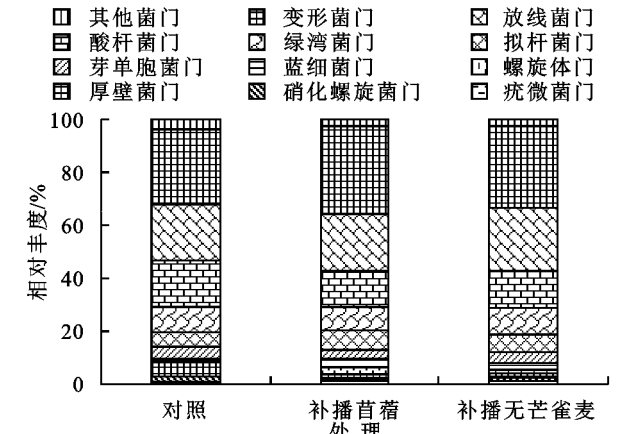


图 3 植被恢复对细菌群落组成影响

2.4 土壤理化性质与微生物相关性分析

对土壤理化性质与真菌、细菌优势菌群 OTU 数进行相关性分析(表 6),结果表明,在本研究区域内补播苜蓿与无芒雀麦短期内土壤 pH、EC、有效磷、

有效氮、含水量、孔隙度、容重与土壤真菌、细菌的优势菌群无显著相关性,真菌中的子囊菌门,细菌中的变形菌门、蓝细菌与土壤有机质含量存在显著正相关关系,细菌中的酸杆菌门、绿湾菌门与土壤有机质含量呈显著负相关关系,细菌中的螺旋体门与土壤全磷存在显著正相关关系,硬壁菌门与土壤田间持水量存在显著正相关关系。

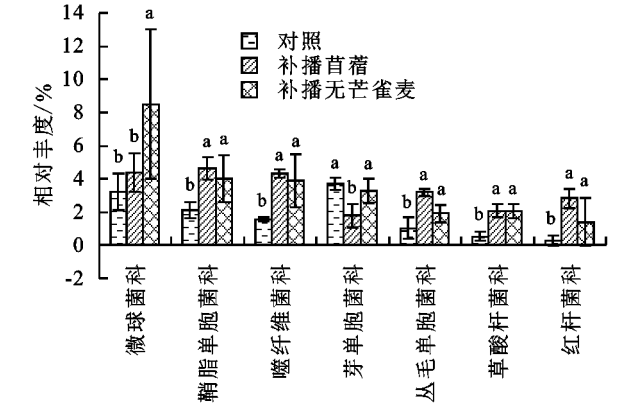


图 4 不同植被恢复土壤细菌群落多重比较

表 5 植被恢复对土壤微生物多样性影响

微生物	处理	Sobs 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	ACE 指数	Chao 指数
真菌	对照	560±90a	4.35±0.30a	0.031±0.008a	587±101a	591±104a
	补播苜蓿	316±44c	3.31±0.30b	0.090±0.027a	366±50b	370±43b
	补播无芒雀麦	425±31b	3.43±0.49b	0.105±0.074a	458±44b	464±48b
细菌	对照	2846±94a	6.88±0.03a	0.003±0.001a	3147±105a	3167±93a
	补播苜蓿	2268±408b	6.37±0.25b	0.005±0.001a	2712±403b	2774±380b
	补播无芒雀麦	2655±99ab	6.51±0.19b	0.011±0.009a	3057±132ab	3076±146ab

表 6 土壤理化性质与优势菌群相关性分析

	微生物	pH	EC	有机质	有效磷	碱解氮	阳离子 交换量	全磷	含水量	田间 持水量	总孔隙度	容重
真菌	子囊菌门 <i>Ascomycota</i>	-0.596	0.030	0.685 *	0.103	0.255	0.152	0.491	-0.067	-0.297	-0.480	-0.451
	担子菌门 <i>Basidiomycota</i>	0.547	-0.467	-0.358	-0.103	0.000	-0.370	-0.430	-0.188	0.091	0.073	0.226
	接合菌门 <i>Zygomycota</i>	0.401	0.358	-0.539	-0.018	-0.316	0.200	-0.406	0.297	0.455	0.170	0.159
	变形菌门 <i>Proteobacteria</i>	-0.059	-0.250	0.733 *	-0.267	0.502	-0.233	0.350	-0.217	-0.650	0.067	0.034
	放线菌门 <i>Actinobacteria</i>	0.209	0.100	-0.267	0.150	-0.544	-0.017	-0.317	-0.200	0.483	-0.117	-0.134
细菌	酸杆菌门 <i>Acidobacteria</i>	0.301	0.283	-0.683 *	0.283	-0.494	0.117	-0.517	0.067	0.567	0.350	0.193
	绿湾菌门 <i>Chloroflexi</i>	0.273	0.335	-0.720 *	0.184	-0.458	0.209	-0.452	0.243	0.510	0.142	0.046
	拟杆菌门 <i>Bacteroidetes</i>	-0.527	-0.100	0.583	-0.017	0.351	0.083	0.550	-0.067	-0.383	-0.217	-0.143
	芽单胞菌门 <i>Gemmatimonadetes</i>	0.310	0.367	-0.367	-0.067	-0.017	0.217	-0.333	0.350	0.433	0.300	0.193
	蓝细菌门 <i>Cyanobacteria</i>	-0.427	-0.200	0.867 * *	-0.133	0.151	-0.100	0.500	-0.350	-0.183	-0.550	-0.387
	螺旋体门 <i>Saccharibacteria</i>	-0.544	-0.167	0.417	-0.167	0.050	0.067	0.717 *	-0.267	-0.233	-0.417	-0.487
	硬壁菌门 <i>Firmicutes</i>	-0.226	0.117	-0.633	0.033	-0.234	0.267	0.167	0.033	0.683 *	0.217	-0.025
	硝化螺旋菌门 <i>Nitrospirae</i>	0.368	0.133	-0.667	0.100	-0.310	0.033	-0.500	0.167	0.550	0.183	0.185

注：* 表示土壤理化性质与优势菌群相关性显著($P<0.05$)；* * 表示土壤理化性质与优势菌群相关性极显著($P<0.01$)。

3 讨论与结论

3.1 植被恢复对土壤理化性质的影响

在本研究中,研究区域荒滩地土壤养分含量处于较低水平(表 1),通过补播苜蓿与补播无芒雀麦 2 种植物恢复方式,短期内土壤全氮、全磷、有机质与对照

相比均有不同程度增加,这与王昭艳等^[18]在红壤丘陵陵区的研究结果一致,同时通过植物根系的生长土壤容重降低,饱和导水率增加,与李裕元等^[19]在水蚀风蚀交错带的研究结果相同。其他学者^[20]通过对植被恢复时期较长的区域研究发现,植被恢复对土壤碱解氮、速效钾等有效态养分及土壤总孔隙度有提

高的效应,在本研究中,因植被恢复时期较短,对有效养分和孔隙度的提高效应没有表现出来,说明在该区域荒滩地植被恢复过程中,采取人工补播方式短期内能够有效改善土壤理化性质,主要表现在土壤全氮、全磷、有机质与容重方面,有效态养分的改善需要一个长期的过程。

3.2 植被恢复对土壤微生物的影响

植被恢复过程中,根系向土壤分泌质子、离子及有机物质,改善了根际土壤环境,促进了土壤微生物数量及活性^[6]。本研究中,对照与 2 种植被恢复方式下土壤中真菌与细菌的优势菌门均无变化,真菌优势菌门为子囊菌门,细菌优势菌门为变形菌门、放线菌门与酸杆菌门,这与已有的土壤微生物群落结构研究^[16-17,21]结果相符。

与对照相比,2 种植被恢复方式增加了真菌中子囊菌门的丰度,通过分析土壤理化性质与微生物的相关性,发现真菌中的子囊菌门与土壤有机质含量存在显著正相关关系。子囊菌门的真菌多为腐生菌,对降解土壤有机质起着重要作用^[22],说明 2 种植被恢复方式通过增加土壤有机质含量促进了子囊菌门的数量及活性。

酸杆菌多存在于营养贫瘠的土壤环境中,其丰度与碳的可用性呈负相关关系^[16],本研究结果表明,对照土壤中酸杆菌门高于 2 种植被恢复的土壤,且通过相关性分析发现酸杆菌门与土壤有机质含量呈显著负相关关系,与前人^[16]结论相符。与对照相比,补播苜蓿增加了土壤变形菌门的丰度,而变形菌门与碳的利用有关^[16],在本研究中,变形菌门 OTU 数量与土壤有机质存在显著正相关关系。补播苜蓿与补播无芒雀麦 2 种植被恢复方式与对照相比土壤蓝细菌门丰度增加,蓝细菌门中多种菌具有固氮功能,初步说明苜蓿与无芒雀麦 2 种植物对于土壤固氮微生物具有促进作用。同时补播苜蓿土壤样本中拟杆菌门、螺旋体门丰度高于对照和补播无芒雀麦,这可能与动物喜采食苜蓿,其粪便携带有关。

通过比较对照与 2 种植被恢复方式土壤微生物多样性,发现补播苜蓿与无芒雀麦短期内降低了土壤真菌与细菌的微生物多样性。有可能是苜蓿与无芒雀麦单一物种的快速生长对土壤微生物群落的组成和功能产生了影响,从而降低了土壤微生物多样性。Christina 等^[23]对不同植物的研究发现短时间内植物种类就能够改变微生物的群落组成,在本研究中得到了进一步证实。

从研究结果来看,2 种植被恢复方式均不同程度的改善了土壤理化性质,增加了固氮及降解有机质的微生物的数量及活性,但同时也降低了土壤微生物多

样性,因此需进一步关注地上部植物群落的演替及土壤微生物的群落结构,必要时采用多种草本植物混合播种的方式促进生态系统的良性发展。

土壤微生物能够对外界环境的细微变化做出快速而敏感的反应^[24],其不仅受植被类型、土壤养分等因素的影响,也受到温度、湿度等生态环境因子的影响,因此,今后可就生态环境因子、植物类型及生长、土壤理化特征对土壤微生物群落的影响及其相互关系进行进一步的研究,为区域植被恢复提供理论支持。

参考文献:

- [1] 彭少麟.恢复生态学与植被重建[J].生态科学,1996,15(2):26-31.
- [2] 张燕燕,曲来叶,陈利顶,等.黄土丘陵沟壑区不同植被类型土壤微生物特性[J].应用生态学报,2010,21(1):165-173.
- [3] Carney K M, Matson P A. Plant communities, soil microorganisms, and soil carbon cycling: Does altering the world belowground matter to ecosystem functioning [J] Ecosystems,2005,8(8):928-940.
- [4] 卢晓强,杨万霞,奚月明,等.喀斯特地区不同植被恢复类型对土壤化学及微生物生物量的影响[J].南京林业大学学报(自然科学版),2015,39(5):73-80.
- [5] 杨旭,曾庆春,白涛,等.采石场废弃地不同植被恢复模式对土壤微生物数量的影响[J].贵州农业科学,2016,44(6):167-171.
- [6] 戴雅婷,侯向阳,闫志坚,等.库布齐沙地两种植被恢复类型根际土壤微生物和土壤化学性质比较[J].生态学报,2016,36(20):6353-6364.
- [7] 陈彦芹,叶彦辉,韩艳英,等.西藏半干旱河谷地区植被恢复对土壤养分和微生物的影响[J].江苏农业科学,2018,46(21):272-275.
- [8] 胡芳,杜虎,曾馥平,等.典型喀斯特峰丛洼地不同植被恢复对土壤养分含量和微生物多样性的影响[J].生态学报,2018,38(6):2170-2179.
- [9] 杨君珑,刘小龙,李帆,等.六盘山生态移民迁出区不同植被恢复模式土壤微生物功能多样性研究[J].环境学报,2018,27(12):2193-2199.
- [10] 杨宁,邹冬生,杨满元,等.衡阳紫色土丘陵坡地不同植被恢复阶段土壤微生物群落多样性的变化[J].林业科学,2016,53(8):146-156.
- [11] 张蓉,于亚军.煤矸山复垦林地和草地土壤微生物多样性和群落组成的差异及其影响因素[J].生态学杂志,2018,37(6):1662-1668.
- [12] 钱叶,侯怡铃,宋波,等.龙门山地震带不同植被类型土壤微生物群落多样性分析[J].福建师范大学学报(自然科学版),2019,35(1):88-95.
- [13] 张浩,吕茂奎,谢锦升.红壤侵蚀区芒萁对土壤微生物群落结构的影响[J].生态学报,2018,38(5):1639-1649.

tion in an effluent irrigated field [J]. *Environmental Pollution*, 2017, 227: 560-568.

[17] 辜娇峰,周航,杨文弢,等.复合改良剂对镉砷化学形态及在水稻中累积转运的调控[J].*土壤学报*, 2016, 53(6): 1576-1585.

[18] 施培俊,王冠华,吴迪,等.几种有机、无机钝化剂对铜污染土壤的钝化效果研究[J].*环境工程*, 2016, 34(6): 173-176.

[19] Tang J, Zhu W, Kookana R, et al. Characteristics of biochar and its application in remediation of contaminated soil [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2013, 116(6): 653-659.

[20] 刘维涛,周启星.不同土壤改良剂及其组合对降低大白菜镉和铅含量的作用[J].*环境科学学报*, 2010, 30(9): 1846-1853.

[21] 钟振宇,赵庆圆,陈灿,等.腐殖酸和含磷物质对模拟铅污染农田土壤的钝化效应[J].*环境化学*, 2018, 37(6): 1327-1336.

[22] 宋琳琳,铁梅,张朝红,等.施用污泥对土壤重金属形态分布和生物有效性的影响[J].*应用生态学报*, 2012, 23(10): 2701-2707.

[23] 韦小了,牟力,付天岭,等.不同钝化剂组合对水稻各部位吸收积累 Cd 及产量的影响[J].*土壤学报*, 2019, 56(4): 863-894.

[24] 宋波,唐丽嵘.桂林市土壤和蔬菜镉含量调查及食用安全性评估[J].*生态与农村环境学报*, 2012, 28(3): 238-242.

[25] 段桂兰,王芳,岑况,等.秸秆及生物炭添加对猪粪沼渣施肥水稻重金属积累的影响[J].*环境科学学报*, 2017, 37(11): 4287-4295.

[26] 王丹,魏威,梁东丽,等.土壤铜、铬(VI)复合污染重金属形态转化及其对生物有效性的影响[J].*环境科学*, 2011, 32(10): 3113-3120.

(上接第 342 页)

[15] Nickolov Z S, Nikolay Goutev A, Matsuura H. Hydrogen bonding in concentrated aqueous solutions of 1, 2-dimethoxyethane: Formation of water clusters [J]. *Journal of Physical Chemistry A*, 2001, 105(48): 10884-10889.

[16] Chang K T, Weng C I. The effect of an external magnetic field on the structure of liquid water using molecular dynamics simulation [J]. *Journal of Applied Physics*, 2006, 100(4): 43917-43920.

[17] 杨晓红.磁化水及在农业上应用的磁化机理分析[J].*德州学院学报*, 2003, 19(6): 42-45.

[18] 王录,郭建曜,刘秀梅,等.磁化水灌溉对盐渍化土壤生化性质的影响[J].*核农学报*, 2018, 32(1): 150-156.

[19] 李春艳,张巨松,向雁玲,等.密度与氮肥对机采棉生长特性及产量的影响[J].*南京农业大学学报*, 2018, 41(4): 633-639.

[20] 韩秋成,任爱民,张玉娟,等.不同耕作方式对棉花生长发育的影响[J].*河北农业科学*, 2014, 18(2): 7-9.

(上接第 348 页)

[14] 国家林业局. LY/T 1215-1999.森林土壤水分—物理性质的测定[S].北京:中国标准出版社,1999:22-24.

[15] 鲁如坤.土壤农化分析方法[M].北京:中国农业科学技术出版社,2000:12,24,107,146-195.

[16] 高雪峰,韩国栋,张国刚.短花针茅荒漠草原土壤微生物群落组成及结构[J].*生态学报*, 2017, 37(15): 5129-5136.

[17] 赵爱花,杜晓军,臧婧,等.宝天曼落叶阔叶林土壤细菌多样性[J].*生物多样性*, 2015, 23(5): 649-657.

[18] 王昭艳,左长清,曹文洪,等.红壤丘陵区不同植被恢复模式土壤理化性质相关分析[J].*土壤学报*, 2011, 48(4): 715-724.

[19] 李裕元,邵明安,陈洪松,等.水蚀风蚀交错带植被恢复对土壤物理性质的影响[J].*生态学报*, 2010, 30(16): 4306-4316.

[20] 刘洋,侯占山,赵爽,等.太行山片麻岩山区造地边坡植被恢复过程中植物多样性与土壤特性的演变[J].*生态学报*, 2018, 38(15): 5331-5339.

[21] 寇文伯,黄正云,张杰,等.鄱阳湖湖泊细菌群落组成及结构:以松门山为例[J].*生态学报*, 2015, 35(23): 7608-7614.

[22] 何苑皞,周国英,王圣洁,等.杉木人工林土壤真菌遗传多样性[J].*生态学报*, 2014, 34(10): 2725-2736.

[23] Christina W, Heikki S. Do plant species of different resource qualities form dissimilar energy channels below-ground [J]. *Applied Soil Ecology*, 2010, 44(3): 270-278.

[24] Pascual J A, Garcia C, Hernandez T, et al. Soil microbial activity as a biomarker of degradation and remediation processes [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 32(13): 1877-1883.