

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2015.04.007

黄土丘陵区不同植被类型根际微生物群落功能多样性研究

张 超¹, 刘国彬^{1,2}, 薛 蕙^{1*}, 王国梁¹

(1. 西北农林科技大学水土保持研究所 黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室, 陕西 杨凌 712100;
2. 中国科学院水利部水土保持研究所, 陕西 杨凌 712100)

摘要: 为了解生态恢复过程中土壤微生物功能特征, 采用 Biolog-Eco 微平板法分析了黄土丘陵区人工灌木(柠条 *Caragana korshinskii*、沙棘 *Hippophae rhamnoides*)、人工草地(沙打旺 *Astragalus adsurgens*、柳枝稷 *Panicum virgatum*)和天然草地(阿尔泰狗娃花 *Heteropappus altaicus*、茵陈蒿 *Artemisia capillaries*)的根际微生物碳源代谢多样性特征。结果表明: 柠条、阿尔泰狗娃花和茵陈蒿的根际微生物对糖类的代谢能力显著高于沙棘、沙打旺和柳枝稷; 阿尔泰狗娃花和茵陈蒿对氨基酸类、酚酸类和聚合物类的代谢能力较高。茵陈蒿和阿尔泰狗娃花的微生物代谢功能多样性高于其他 4 种植物。柠条、阿尔泰狗娃花和茵陈蒿具有相似的根际微生物代谢功能。黄土丘陵区植被类型显著影响微生物群落碳源利用能力, 天然草地根际微生物群落代谢功能多样性优于人工灌木和人工草地。

关键词: 黄土丘陵区; 植被类型; 根际; 微生物代谢功能群

中图分类号: S154.36

文献标识码: A

文章编号: 1007-0435(2015)04-0710-08

Functional Diversity of Rhizosphere Microbial Community of Different Vegetation Types in the Hilly-gully Region of Loess Plateau

ZHANG Chao¹, LIU Guo-bin^{1,2}, XUE Sha^{1*}, WANG Guo-liang¹

(1. State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on the Loess Plateau, Institute of Soil and Water Conservation, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi Province 712100, China; 2. Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Yangling, Shaanxi Province 712100, China)

Abstract: To explore the metabolic function of soil microbial community in the ecological restoration, the rhizosphere microbial carbon utilization diversity of artificial shrubland (*Caragana korshinskii*, *Hippophae rhamnoides*), artificial grassland (*Astragalus adsurgens*, *Panicum virgatum*), and natural grassland (*Heteropappus altaicus*, *Artemisia capillaries*) were analyzed on the abandoned cropland of hilly-gully region of Loess Plateau using Biolog-Eco microplate method. The results showed that the capabilities of soil microbes in metabolizing carbohydrates were significantly higher in the rhizosphere of *Caragana korshinskii*, *Heteropappus altaicus*, and *Artemisia capillaries* than that in the *Hippophae rhamnoides*, *Astragalus adsurgens*, and *Panicum virgatum*. Among the six plants, *Heteropappus altaicus* and *Artemisia capillaries* presented the higher capabilities of metabolizing amino acids, phenolic acids and polymers. The functional diversities of microbial community were higher in the rhizosphere of *Heteropappus altaicus* and *Artemisia capillaries* than that in the other test plants. *Caragana korshinskii*, *Heteropappus altaicus* and *Artemisia capillaries* had the similar microbial metabolic function. Vegetation types had a significant effect on the carbon utilization of rhizosphere microbial community in the abandoned cropland of hilly-gully region of Loess Plateau. Natural grassland had the more functional diversity of microbial metabolism than the artificial shrubland and artificial grassland.

Key words: Hilly-gully region of Loess Plateau; Vegetation types; Rhizosphere; Microbial metabolic functional community

收稿日期: 2014-08-04 修回日期: 2014-12-26

基金项目: 国家自然科学基金(41401621)(41371510); 陕西省科技基础研究项目(2014JQ5171); 中国科学院“西部之光”人才支持计划(2014)资助

作者简介: 张超(1985-), 男, 陕西宝鸡人, 博士, 助理研究员, 主要从事土壤微生物多样性研究, E-mail: zhangchaolynn@163.com; * 通信作者 Author for correspondence, E-mail: xuesha100@163.com

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,其生长、死亡和矿化与土壤理化性质的关系密切^[1],参与土壤中多种反应过程如矿化—同化、氧化—还原等,是土壤养分转化、有机碳代谢及污染物降解的主要驱动力^[2],对土壤微生物群落结构和功能的研究一直以来是土壤生态学研究的一个热点。由于受研究技术和方法的限制,以往人们对土壤微生物的研究多侧重于数量和生物量方面,微生物生物量虽然在反映微生物总量差异上具有较好的优越性,但要更全面地展现土壤微生物特征,还要结合微生物多样性的研究^[3]。土壤微生物功能多样性是指土壤微生物所能执行的功能范围以及这些功能的执行过程,如分解功能、营养传递功能以及促进抑制植物生长的功能等^[4]。目前,土壤微生物功能多样性研究主要基于群落生理学水平,其中又以 Biolog 碳源利用法最为普遍^[5-7],与传统的平板计数法相比,这种方法能比单纯了解微生物总数要行之有效,而且微生物对碳源的利用能力是表征土壤微生物生长情况的重要指标。目前,这种方法已广泛应用到不同耕作方式下的农业土壤^[8-9]、石油污染^[10]、重金属污染^[11-12]以及根际生态方面^[13-14]。

黄土高原作为我国生态建设的重点区域,生态环境恶劣,加之长期的人为活动干扰,自然植被遭到破坏,水土流失较为严重。植被恢复可以有效减少径流、泥沙和养分的流失,从而保护区域环境。目前关于该地区生态恢复中植被群落结构以及土壤理化性质等方面已开展了一些研究工作^[15-16],但有关植被对土壤微生物群落功能影响的研究还鲜有报道。土壤微生物对环境变化很敏感,可以灵敏地反映土壤质量的变化,这在贫瘠干旱的土壤中尤为重要。本研究以黄土丘陵区坡耕地退耕后6种典型植被恢复类型的根际土壤为研究对象,采用 Biolog-Eco 微平板技术研究土壤微生物群落功能多样性的变化特征,旨在探讨黄土丘陵区不同植被类型对土壤微生物群落功能的影响,解析植被和土壤微生物群落的相互关系,为该地区植被恢复方式的选择以及土壤质量的评价提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于中国科学院安塞水土保持实验站的墩山(E 109°19'23'', N 36°51'30''),海拔为1330 m;多年平均降雨量为510 mm,但年际变化大且年

内分配不均,其中60%以上集中于7—9月;地形破碎,沟壑纵横,属黄土高原丘陵沟壑地貌,亦为典型的侵蚀环境;土壤为黄土母质上发育的黄绵土,土壤抗冲抗蚀能力差,水土流失严重;土壤质地类型为粉砂壤土,砂粒含量占19.0%,粉粒65.2%,黏粒15.8%,流域植被属于暖温带落叶阔叶林区向暖温带草原区过渡的森林草原植被。1938—1973年,由于毁林开荒及人类活动的影响,地带性植被已经破坏殆尽,流域生态系统严重退化。

1.2 样地选择与样品采集

根据流域地貌特征、植被以及土地利用状况,以典型性和代表性为原则,在流域内选择种植前均为坡耕地,坡度坡向相似,年限均为8年的人工灌木林,包括柠条(*Caragana korshinskii*)林、沙棘(*Hippophae rhamnoides*)林,人工草地,包括沙打旺(*Astragalus adsurgens*)、柳枝稷(*Panicum virgatum*)和天然草地,包括阿尔泰狗娃花(*Heteropappus altaicus*)、茵陈蒿(*Artemisia capillaries*),共6种植被类型,其基本特征及林下植被如表1^[17]所示。

土壤样品于2009年8月采集,采集方法为Riley等^[18]的抖落法:在试验样地选取3个20 m×20 m研究小区,在每个小区按S型选取6点,用铁铲挖取具有完整根系的土体(体积大小视根系本身的范围而定),先轻轻抖落大块不含根系的土壤,然后用力将根表面附着的土壤全部抖落下来,迅速装入塑料袋内(根际土)。所有土壤样品带回室内充分混匀后过2 mm筛后4℃冷藏,用于测定微生物代谢功能特征。

1.3 土壤微生物功能多样性测定

土壤微生物代谢活性和功能多样性采用 Biolog-Eco 方法测定^[19]。

微生物底物利用模式用含有31种不同底物和1个空白(水)的 Biolog-Eco 微平板(Biolog-Hayward, USA)。具体操作步骤为:称取相当10 g干土重的鲜土,在超净工作台中将土壤加入盛有100 mL无菌水的三角瓶中,加无菌棉花塞,200 r·min⁻¹振荡30 min,静止澄清后,取10 mL上清液加入无菌水,然后按逐步稀释法,使溶液的最终浓度为10⁻³ g·mL⁻¹。用移液器将制备的土壤溶液分别接种至 Biolog-Eco 平板的各孔中。每孔150 μL,每个样32孔,每块板3个重

复。将接好种的 Biolog-Eco 盖好盖子在 25℃ 恒温箱中培养 7 d。每隔 24 h 用 Biolog 读板仪在

590 nm 波长下进行自动读数,并记录测定的吸光值。

表 1 样地基本特征

Table 1 Description of sample plot

植被类型 Vegetation types	优势植物 Dominant vegetation	坡向 Slope aspect	坡度 Slope degree/°	海拔 Altitude/m	其他植物 Minor herbaceous
人工灌木 Artificial shrubland	柠条 <i>Caragana korshinskii</i> 沙棘 <i>Hippophae rhamnoides</i>	N	20	1257	铁杆蒿 <i>Artemisia sacrorum</i> 艾蒿 <i>Artemisia argyi</i> ; 长芒草 <i>Stipa bungeana</i> 兴安胡枝子 <i>Lespedeza davurica</i>
人工草地 Artificial grassland	沙打旺 <i>Astragalus adsurgens</i> 柳枝稷 <i>Panicum virgatum</i>	NE 10°	20	1235	苦苣菜 <i>Lactucaindic</i> 早熟禾 <i>Poa annua</i> ; 阿尔泰狗哇花 <i>Heteropappus altaicus</i> 长芒草 <i>Stipa bungeana</i> ;
天然草地 Natural grassland	阿尔泰狗哇花 <i>Heteropappus altaicus</i> 茵陈蒿 <i>Artemisia capillaries</i>	NW 10°	24	1311	铁杆蒿 <i>Artemisia sacrorum</i> . 胡枝子 <i>Lespedeza davurica</i> ; 二裂委陵菜 <i>Potentilla bifurca</i>
		N	27	1298	

1.4 数据处理

微生物整体活性指标采用微平板每孔颜色平均变化率(average well color development, AWCD)来描述,可以评判微生物群落碳源利用的总能力;用 Shannon 多样性指数(H)和 Simpson 多样性指数(D)来评判土壤微生物碳源的代谢功能多样性^[20]。

颜色平均变化率(AWCD)

$$AWCD = \sum_{i=1}^{31} (R_i - R_0) / 31 \quad (1)$$

式中, R_i 是除对照孔外的吸光值, R_0 是对照孔的吸光值。AWCD 值反映了微生物对不同碳源代谢的总体情况,其变化速率反映了微生物的代谢活性,AWCD 值增加越快,表明微生物的代谢活性越高。

Shannon 多样性指数(H):

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

式中, p_i 为第 i 孔的相对吸光值与整个平板相对 AWCD 总和的比率。

Simpson 多样性指数(D):

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

所用数据采用 SPSS 15.0 统计软件处理,采用方差分析、多重比较(Duncan 法, $\alpha = 0.05$)和主成分分析等方法,所有数据为 3 次重复的平均值。

2 结果与分析

2.1 不同植物类型根际微生物 AWCD 变化

由图 1 可知,从接种到培养 24 h,各土壤样品 AWCD 无明显变化,微生物几乎没有代谢碳源;24~168 h 内 AWCD 快速增加,表明微生物生长进入

指数生长期,碳源开始被大量利用,随后持续平缓的升高直至试验结束。Eco 板培养下,不同土壤样品微生物 AWCD 值随时间变化均呈近“S”形曲线,符合微生物利用基质的一般生长曲线规律。各样品的土壤 AWCD 在培养 120 h 后均以阿尔泰狗哇花和茵陈蒿最高,柠条和沙棘次之,沙打旺和柳枝稷则最低。

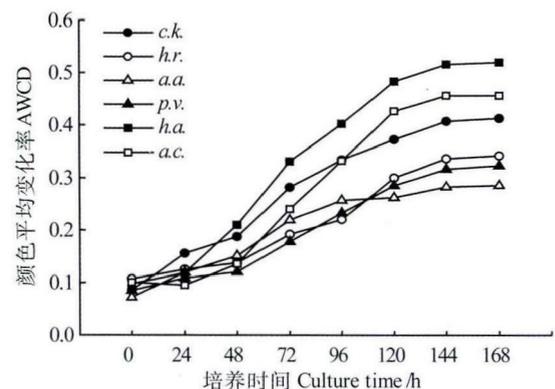


图 1 不同植被根际微生物 AWCD 值随培养时间变化

Fig. 1 The changes of rhizosphere microbial AWCD under different plants with the variation of culture time
注(Note): c. k.: 柠条 *Caragana korshinskii*; h. r.: 沙棘 *Hippophae rhamnoides*; a. a.: 沙打旺 *Astragalus adsurgens*; p. v.: 柳枝稷 *Panicum virgatum*; h. a.: 阿尔泰狗哇花 *Heteropappus altaicus*; a. c.: 茵陈蒿 *Artemisia capillaries*, 下同(The same as below)

2.2 不同植被类型根际微生物对 6 类碳源的 AWCD 值

由表 2 可知,不同植物根际微生物对 6 种碳源的代谢效率有所差异,其中,阿尔泰狗哇花、茵陈蒿和柠条对于糖类和聚合物类碳源的代谢活性显著高于沙棘、沙打旺和柳枝稷($P < 0.05$);羧酸类

表现为阿尔泰狗哇花、茵陈蒿、柠条和沙棘之间无显著差异,但均明显高于沙打旺和柳枝稷;胺类表现为沙打旺和柠条最高,茵陈蒿和沙棘次之,柳枝稷和阿尔泰狗哇花最低。酚酸类表现为茵陈蒿、阿尔泰狗哇花>柠条、沙棘、柳枝稷>沙打旺。土壤微生物对单一碳源利用的颜色平均变化率

随培养时间的变化如图 2 所示。不同植物对于 6 种碳源的利用效率均呈“S”型变化,即在培养初期,微生物利用碳源能力缓慢,随后快速增长,120 h 后趋于平缓。在培养过程中,植物对于同一种碳源的 AWCD 值在不同时间与 144 h 培养结束时的变化趋势基本一致。

表 2 不同植被类型根际土壤微生物培养 168 h 后 6 类碳源利用的平均吸光值

Table 2 Average well color development of utilizing six carbon sources of soil microbe at different vegetation types after cultured for 148 h

植被类型 Vegetation types	糖类 Carbohydrate	氨基酸类 Amino acids	羧酸类 Carboxylic acids	胺类 Amines	酚酸类 Phenolic acids	聚合物类 Polymers
<i>c. k.</i>	0.49±0.03 ^a	0.29±0.05 ^c	0.36±0.04 ^a	0.38±0.03 ^{ab}	0.29±0.05 ^b	0.57±0.07 ^a
<i>h. r.</i>	0.34±0.04 ^b	0.34±0.05 ^{bc}	0.33±0.02 ^a	0.35±0.02 ^b	0.24±0.02 ^{bc}	0.45±0.03 ^b
<i>a. a.</i>	0.32±0.03 ^b	0.18±0.02 ^d	0.21±0.03 ^b	0.42±0.03 ^a	0.17±0.03 ^c	0.40±0.05 ^b
<i>p. v.</i>	0.30±0.04 ^b	0.30±0.08 ^{cd}	0.25±0.04 ^b	0.31±0.02 ^{bc}	0.31±0.04 ^b	0.31±0.03 ^c
<i>h. a.</i>	0.52±0.08 ^a	0.39±0.04 ^{ab}	0.30±0.03 ^a	0.25±0.08 ^c	0.59±0.12 ^a	0.72±0.10 ^a
<i>a. c.</i>	0.43±0.05 ^a	0.46±0.06 ^a	0.31±0.02 ^a	0.34±0.06 ^b	0.54±0.14 ^a	0.69±0.09 ^a

注:同列不同字母表示差异显著($P<0.05$)

Note: Means in column followed by the different letter were significantly different at 0.05 level

由图 3 可知,不同植被类型下根际土壤微生物群落对碳源利用的多样性指数差异显著,说明植被类型对根际微生物群落功能多样性具有明显影响。6 种植物中,阿尔泰狗哇花和茵陈蒿的 Shannon 多样性指数显著高于柠条、沙棘、沙打旺和柳枝稷, Simpson 指数表现为茵陈蒿和阿尔泰狗哇花最高,柠条和沙棘次之,沙打旺和柳枝稷最低。以上结果说明天然草地相对于人工灌木和人工草地来说有利于提高土壤微生物群落功能多样性。

2.3 根际微生物对碳源利用的主成分分析

对培养 168 h 的 31 种碳源底物利用情况进行主成分分析(Principal Component Analysis, PCA),共提取了 3 个主成分,累积贡献率达到 90.7%,可以较全面地概括变量的大部分信息(表 3),载荷值越高,表示该种碳源对主成分的影响越大。由表 3 可知,影响第 1 主成分(Principal Component 1, PC1)的碳源主要有 D-半乳糖、 γ -内酯、D-木糖/戊醛糖、i-赤藓糖醇、D-甘露醇、L-丝氨酸、1-磷酸葡萄糖、D-苹果酸,表明影响第 1 主成分的碳源主要是糖类、氨基酸类和羧酸类。影响第 2 主成分的碳源主要有 6 种,包括 β -甲基-D-葡萄糖苷、丙酮酸甲酯、L-苯丙氨酸、N-乙酰-D 葡萄糖氨、 γ -羟丁酸和腐胺,表明影响第 2 主成分的碳源主要是糖类和羧酸类。影响第 3

主成分(PC3)的碳源主要有 6 种,包括丙酮酸甲酯、吐温 40、肝糖、衣康酸、 α -丁酮酸和 α -D-乳糖,表明影响第 3 主成分的碳源主要是糖类、氨基酸类、羧酸类和聚合物类。以上结果可说明,糖类、氨基酸类和羧酸类是黄土丘陵区根际土壤微生物利用的主要碳源。

主成分分析主成分的提取原则是相对应特征值大于 1 的前 m 个主成分,据此原则,共提取了 5 个主成分,累积贡献率达到 94.3%。其中第 1 主成分(PC1)的贡献率为 36.7%,第二主成分(PC2)的贡献率为 21.5%,第 3~5 主成分的贡献率分别为 16.8%,11.4%和 7.9%。选取前 2 个主成分进行分析,以 PC1 为横轴,PC2 为纵轴,以不同植被在 2 个主成分上的得分值为坐标作图,得到不同植被根际微生物碳源利用的主成分分析图(图 4)。由图 4 可知,6 种植物类型的 AWCD 值在 PC 轴上的分布可分为 2 大类。在 PC1 和 PC2 轴上,柠条、阿尔泰狗哇花和茵陈蒿分布在 X 轴均分布在正方向上,且 3 者间距离较近,而沙棘、沙打旺和柳枝稷分布在 PC1 轴的负方向上,3 者间距离较近,这种分布差异表明,柠条、阿尔泰狗哇花和茵陈蒿 3 种植物的根际微生物群落具有相似的碳源利用模式,即具有相似的糖类和氨基酸类的代谢方式,而沙棘、沙打旺和柳枝稷根际微生物群落对羧酸类和酚酸类的代谢方式相似。

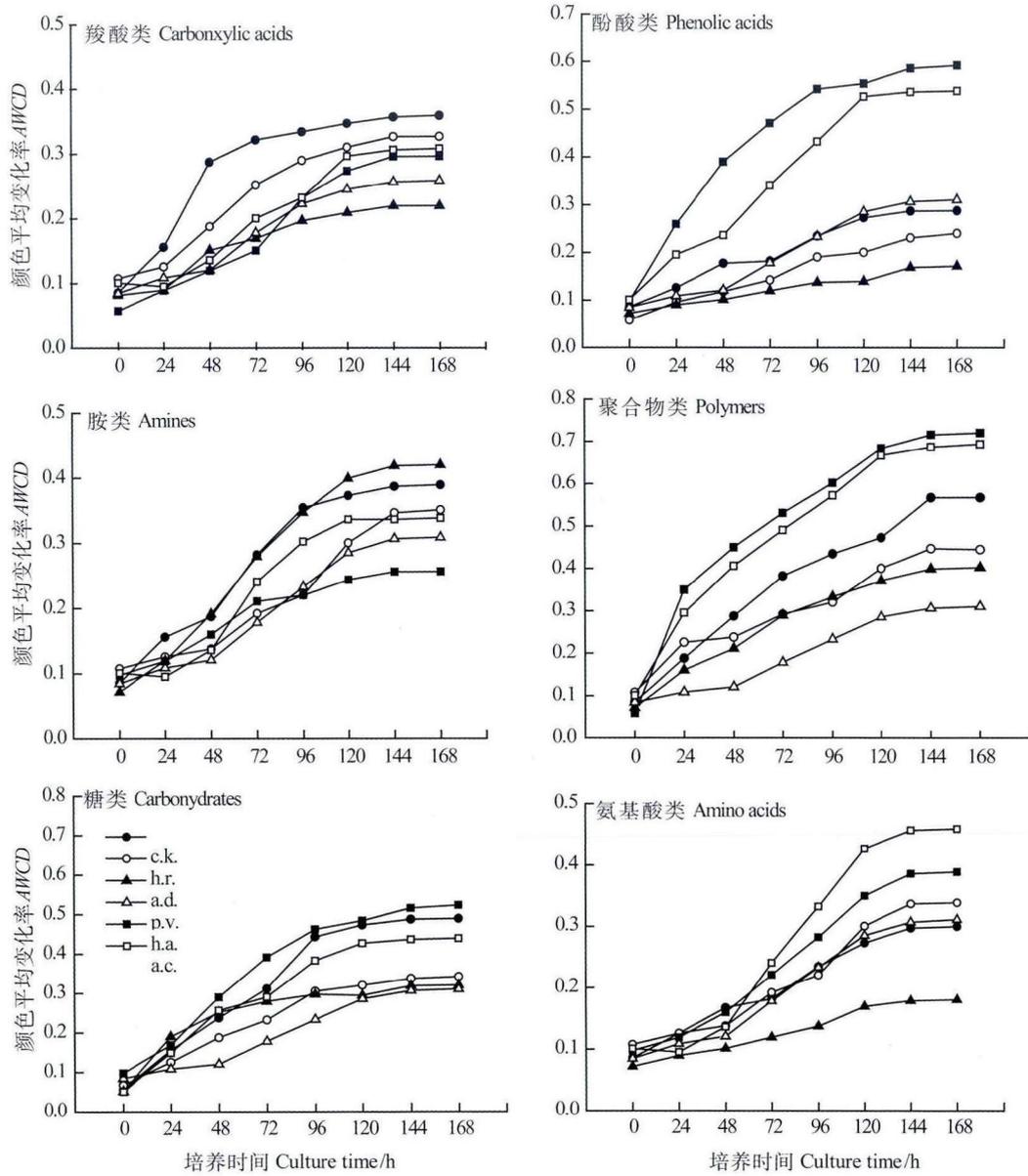


图 2 6类碳源的 AWCD 值随培养时间变化

Fig. 2 The changes of AWCD of six carbon sources with the variation of culture time

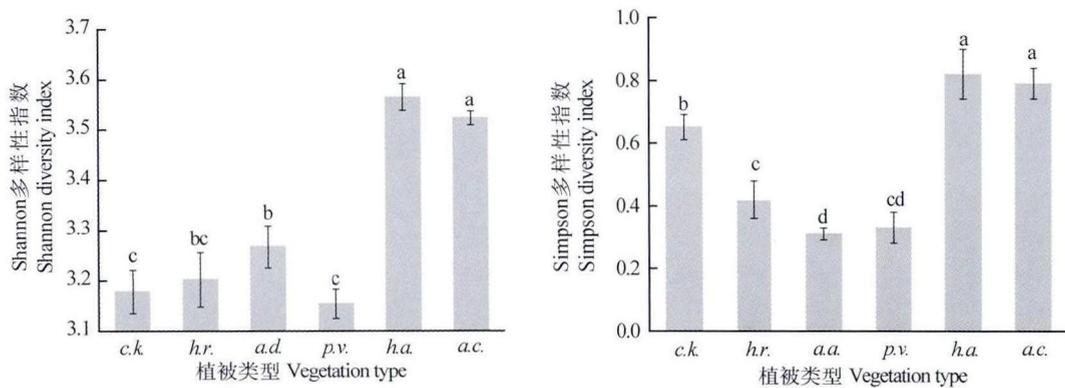


图 3 不同植被根际微生物代谢功能多样性指数

Fig. 3 Diversity index of carbon source metabolism of rhizosphere soil microbe under different plants

注: 不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

Note: Different letters indicate significant difference ($P < 0.05$)

表 4 不同碳源主成分得分系数
Table 4 PCA scores of different carbon sources

碳源 Carbon substrates	主成分 1 PC1	主成分 2 PC2	主成分 3 PC3
β-甲基-D-葡萄糖苷 β-methyl-D-glucoside	0.177	0.851	-0.051
D-半乳糖酸 γ-内酯 D-galactonic acid γ-lactone	0.905	-0.008	0.236
L-精氨酸 L-arginine	-0.108	-0.004	0.914
丙酮酸甲酯 Pyruvic acid methyl ester	0.444	0.929	-0.028
D-木糖/戊醛糖 D-Xylose	0.885	-0.064	-0.285
D-半乳糖醛酸 D-Galacturonic Acid	-0.532	0.237	0.473
L-天门冬酰胺 L-asparagine	-0.227	0.672	0.116
吐温 40 Tween 40	-0.156	-0.178	0.828
i-赤藓糖醇 i-erythritol	0.912	-0.426	-0.036
2-羟基苯甲酸 2-hydroxybenzoic acid	-0.463	-0.137	0.576
L-苯丙氨酸 L-phenylalanine	0.162	0.925	-0.412
吐温 80 Tween 80	-0.017	0.253	0.557
D-甘露醇 D-mannitol	0.845	-0.455	0.122
4-羟基苯甲酸 4-hydroxybenzoic acid	0.046	-0.277	0.462
L-丝氨酸 L-serine	0.799	0.199	-0.365
α-环式糊精 α-cyclodextrin	-0.281	0.693	0.117
N-乙酰-D-葡萄糖胺 N-acetyl-D-glucosamine	-0.295	0.831	-0.131
γ-羟丁酸 γ-hydroxybutyric acid	0.396	0.861	-0.081
L-苏氨酸 L-threonine	-0.054	0.643	-0.145
肝糖 Glycogen	-0.064	0.116	0.786
D-葡糖胺酸 D-glucosaminic acid	0.581	-0.192	0.267
衣康酸 Itaconic acid	0.247	-0.149	0.871
甘氨酸-L-谷氨酸 Glycyl-L-glutamic acid	-0.236	0.113	0.428
D-纤维二糖 D-cellobiose	-0.603	0.019	0.143
1-磷酸葡萄糖 Glucose-1-phosphate	0.879	-0.391	-0.047
α-丁酮酸 α-ketobutyric acid	-0.029	-0.118	0.908
苯乙胺 Phenylethylamine	0.658	0.375	-0.116
α-D-乳糖 α-D-lactose	-0.182	-0.579	0.825
D, L-α-磷酸甘油 D, L-α-glycerol phosphate	-0.473	0.304	0.158
D-苹果酸 D-malic acid	0.872	0.045	-0.246
腐胺 Putrescine	-0.035	0.906	-0.010

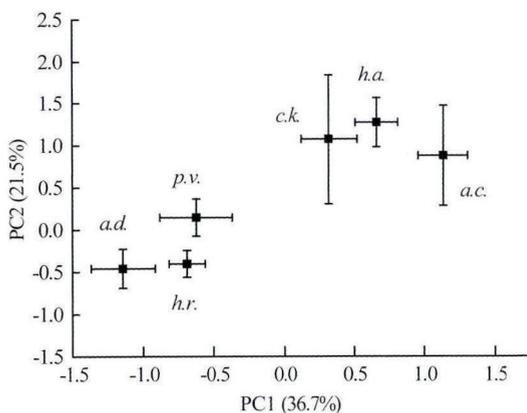


图 4 不同植被类型根际微生物碳源代谢主成分分析
Fig. 4 PCA for the carbon metabolization of rhizosphere microbial communities under different plants

3 讨论

Biolog-Eco 微平板中共有 31 种碳源,碳源每孔

AWCD 值的变化可反映土壤微生物量和微生物区系的变化。由于 Biology 盘中存在高浓度的碳源,有些细菌类群能利用碳源迅速生长和繁殖,从而改变了微生物原有生理类群的结构。土壤微生物个体数量多且种群丰富,AWCD 值则较大;若土壤微生物个体数量少而种群丰富,AWCD 值则在开始时较小,但随着培养时间延长,微盘中丰富的碳源使微生物不断繁殖,AWCD 值会逐渐增加;若种群丰富度差(即种类少),而某些种类的微生物数量多,则培养开始时 AWCD 值增加较快,但较早达到最大值,因为当能被利用的碳源消耗尽后,AWCD 值不再增加^[21]。可见,土壤微生物群落酶联反应速度和最终能达到的程度与群落能利用单一碳底物的微生物的数目和种类有关,土壤中不同的微生物群落结构会产生不同的碳源利用模式。本研究结果表明,黄土丘陵区坡耕地退耕后 6 种植被根际土壤微生物群落对碳源的利用量及代谢活性不同,对碳源的利用能

力也不同。总体来说,阿尔泰狗哇花和茵陈蒿的 AWCD 值高于柠条、沙棘、沙打旺和柳枝稷,说明天然草地根际微生物的代谢功能优于人工灌木和人工草地,较高的 Shannon 多样性指数和 Simpson 多样性指数也证明了这一结果。导致这种差异的原因主要与植物种类有关。植被是土壤微生物赖以生存的有机营养物和能量的重要来源,影响着土壤微生物定居的环境。在植物生长过程中,有机物以及根系分泌物的不断增多为根际周围的微生物提供了充足的碳源和氮源,刺激了微生物的生长,然而由于植被本身生理特性的差异,其根系分泌物的种类和数量有所差异,进而导致根际微生物结构组成的不同。本课题组在之前的研究中采用 PLFA 方法分析了这 6 种植物根际微生物群落组成^[22],发现阿尔泰狗哇花和茵陈蒿的革兰氏细菌含量明显高于其他 4 种植物,其微生物种类数量也高于柠条、沙棘、沙打旺和柳枝稷。因此,阿尔泰狗哇花和茵陈蒿较为复杂的微生物群落结构组成是造成碳源代谢能力较高原因之一,而这种原因与其作为天然杂草具有较高频率的光合、呼吸速率有关。当前诸多报道也阐述了植物本身是引起根际微生物功能变化的直接原因^[23-24]。Grayston 等^[25]研究表明,不同草地类型之间微生物群落结构和活性的不同主要与所提供土壤的碳氮源的数量和质量有关,Zhang 等^[26]研究也发现了类似的现象,阿尔泰狗哇花和茵陈蒿的根际有机碳、全氮、微生物量,以及酶活性也高于其他 4 种植物,丰富的碳氮源为微生物提供了大量的营养来源,为更多微生物提供了生存环境,导致土壤微生物利用资源异质性增加,从而提高了微生物对碳源的利用能力。

通过对单一碳源的 AWCD 值变化的分析,发现虽然天然草地对于 31 种碳源的平均利用能力高于人工灌木和人工草地,但不同植被对同一种碳源的 AWCD 值有所不同,例如,柠条、阿尔泰狗哇花和茵陈蒿对糖类的代谢能力较高;柠条和沙棘对羧酸类的代谢能力较高;沙打旺对胺类的代谢能力较高,这些结果表明植物微生物对糖类、氨基酸、羧酸、胺类、酚酸以及聚合物的利用具有选择性,曹成有^[27]、张海芳^[28]等研究发现了类似的现象,其原因可能与植物自身的生理特性(吸收、蒸腾)以及组织成分(光合产物、根系分泌物)等有关^[29],具体原因需将植物地下微生物群落以及地上生理特征结合起来做进一步研究。主成分分析结果表明,黄土丘陵区不同植被类型下根际微生物群落的碳源利用模式

和能力有所差异,这表明不同植物根际土壤微生物具有不同的碳源底物利用模式,这与安韶山等^[2]研究结果相同。这是由于不同植被类型导致植物群落结构发生了变化,而植物种类又影响了微生物多样性及土壤中的碳分配^[21],植被通过影响土壤环境,改变了土壤微生物群落^[30]。根据 31 种碳源利用情况,6 种植物可以分成 2 类:柠条、茵陈蒿和阿尔泰狗哇花根际微生物群落具有相似的碳源利用模式,土壤微生物群落代谢功能相似,而沙棘、沙打旺和柳枝稷微生物群落碳源利用模式及代谢功能相似。

本研究结果表明,Biolog-Eco 微平板可以有效区分不同植物根际微生物群落组成,当前诸多报道也阐述了这一事实^[21,31]。然而,由于 Biolog 方法主要是针对可培养的细菌类群,对于不可培养的且具有特殊功能的微生物无法检测,因此,此方法能够有效评价微生物群落代谢功能多样性,但对于具体微生物种群的鉴定仍需结合其他检测手段。

4 结论

植被类型是影响黄土丘陵区根际微生物群落代谢功能的重要因素。6 种植物类型中,阿尔泰狗哇花和茵陈蒿的根际微生物对糖类、氨基酸类的代谢能力及其功能多样性指数高于其他 4 种植物。总体而言,天然草地根际微生物群落代谢功能多样性优于人工灌木和人工草地。

参考文献

- [1] Steenwerth K L, Jackson L E, Calderon F J, *et al.* Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2002, 34(11): 1599-1611
- [2] Dick R P. Soil enzyme activities as integrative indicators of soil health[C]//Pankhurst C. E., Doube B. M., Gupta V. V. S. R.. *Biological Indicators of Soil Health*. CAB International, Wallingford, 1997: 121-156
- [3] 安韶山,李国辉,陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. *生态学报*, 2011, 31(18): 5225-5234
- [4] 林先贵. *土壤微生物研究原理与方法*[M]. 北京: 高等教育出版社, 2008
- [5] 章家恩,蔡燕飞,高爱霞,等. 土壤微生物多样性实验研究方法概述[J]. *土壤学报*, 2004, 36(4): 346-350
- [6] 郑华,欧阳志云,方治国,等. BILOG 在土壤微生物群落功能多样性研究中的应用[J]. *土壤学报*, 2004, 41(3): 456-461
- [7] 滕应,黄昌勇,龙健,等. 复垦红壤中牧草根际微生物群落功能多样性[J]. *中国环境科学*, 2003, 23(3): 295-299
- [8] 杨宇虹,陈冬梅,晋艳,等. 不同肥料种类对连作烟草根际土壤

- 微生物功能多样性的影响[J]. 作物学报, 2011, 37(1): 105-111
- [9] Lawlor K, Knight B P. Comparison of methods to investigate microbial populations in soils under different agricultural management[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2000, 33(2): 129-137
- [10] 宋雪英, 宋玉芳, 孙铁晰, 等. 矿物油污染土壤中芳烃组分的生物降解与微生物生长动态[J]. 环境科学, 2004, 25(3): 115-119
- [11] 滕应, 黄昌勇, 骆永明, 等. 铅锌银尾矿区土壤微生物活性及其群落功能多样性研究[J]. 土壤学报, 2004, 41(1): 113-119
- [12] Stefanowicz A M, Niklinska M, Laskowski R. Pollution-induced tolerance of soil bacterial communities in meadow and forest ecosystems polluted with heavy metals[J]. European Journal of Soil Biology, 2009, 45(4): 363-369
- [13] Söderberg K H, Probanza A, Jumpponen A, et al. The microbial community in the rhizosphere determined by community-level physiological profiles (CLPP) and direct soil- and cfu-PLFA techniques[J]. Applied Soil Ecology, 2004, 25(2): 135-145
- [14] 张海涵, 唐明, 陈辉, 等. 黄土高原5种造林树种菌根根际土壤微生物群落多样性研究[J]. 北京林业大学学报, 2008, 30(3): 85-90
- [15] 杜峰, 山仑, 梁宗锁. 陕北黄土丘陵区撂荒演替研究-群落组成与结构分析[J]. 草地学报, 2005, 13(2): 140-144
- [16] Zhang C, Liu G B, Xue S, et al. A comparison of soil qualities of different revegetation types in the Loess Plateau, China[J]. Plant and Soil, 2011, 347(1): 163-178
- [17] 薛蕊, 刘国彬, 张超. 黄土丘陵区不同植被对根际土壤微生物特性的影响[J]. 草地学报, 2011, 19(4): 577-583
- [18] Riley D, Barber S A. Bicarbonate accumulation and pH changes at the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) root-soil interface [J]. Soil Science Society of America Journal, 1969, 33(6): 905-908
- [19] Garland J L, Mills A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole carbon source utilization[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57(8): 2351-2359
- [20] Schutter M, Dick R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2001, 33(11): 1481-1491
- [21] Pignataro A, Moscatelli M C, Mocali S, et al. Assessment of soil microbial functional diversity in a coppiced forest system [J]. Applied Soil Ecology, 2012, 62: 115-123
- [22] Zhang C, Xue S, Liu G B, et al. Effect of different vegetation types on the rhizosphere soil microbial community structure in the Loess Plateau of China[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2013, 12(11): 2103-2113
- [23] Andersen R, Grasset L, Thormann M N, et al. Changes in microbial community structure and function following Sphagnum peatland restoration [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2010, 42(2): 291-301
- [24] Campbell C D, Cameron C M, Bastias B A, et al. Long term repeated burning in a wet sclerophyll forest reduces fungal and bacterial biomass and responses to carbon substrates[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2008, 40(9): 2246-2252
- [25] Grayston S J, Campbell C D, Bardgett R D, et al. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques[J]. Applied Soil Ecology, 2004, 25(1): 63-84
- [26] Zhang C, Liu G B, Xue S, et al. Rhizosphere soil microbial activity under different vegetation types on the Loess Plateau, China [J]. Geoderma, 2011, 161(4): 115-125
- [27] 曹成有, 姚金冬, 韩晓姝, 等. 科尔沁沙地小叶锦鸡儿固沙群落土壤微生物功能多样性[J]. 应用生态学报, 2011, 22(9): 2309-2315
- [28] 张海芳, 李刚, 宋晓龙, 等. 内蒙古贝加尔针茅草原不同利用方式土壤微生物功能多样性[J]. 生态学杂志, 2012, 31(5): 1143-1149
- [29] Ladygina N, Hedlund K. Plant species influence microbial diversity and carbon allocation in the rhizosphere [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2010, 42(2): 162-168
- [30] 孟庆杰, 许艳丽, 李春杰, 等. 不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2008, 27(7): 1134-1140
- [31] Yin R, Deng H, Wang H L, et al. Vegetation type affects soil enzyme activities and microbial functional diversity following re-vegetation of a severely eroded red soil in subtropical China [J]. Catena, 2014, 115: 96-103

(责任编辑 赵欢)