

DOI: 10.5846/stxb202206191737

罗伶书, 王一佩, 杜盛. 模拟降雨减少对刺槐人工林土壤养分和微生物群落的影响. 生态学报, 2023, 43(14): 5916-5925.

Luo L S, Wang Y P, Du S. Effects of simulated rainfall reduction on soil nutrients and microbe community in *Robinia pseudoacacia* plantation. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(14): 5916-5925.

模拟降雨减少对刺槐人工林土壤养分和微生物群落的影响

罗伶书^{1,2}, 王一佩^{1,2}, 杜 盛^{2,3,*}

1 西北农林科技大学林学院, 杨凌 712100

2 西北农林科技大学黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室, 杨凌 712100

3 中国科学院水利部水土保持研究所, 杨凌 712100

摘要: 降雨是黄土高原地区土壤水分的最主要来源。为探明降雨减少对黄土高原半湿润区土壤养分和土壤微生物群落的影响, 以刺槐人工林为研究对象, 通过搭建透光遮雨板将部分穿透雨导流至样地外, 实施了 4 年减少总降雨输入约 47% 的处理, 测定了在不同降雨条件下林地的土壤养分含量、土壤微生物多样性及群落结构特征, 分析了土壤养分和土壤微生物对降雨减少的响应。结果表明: 减雨处理 4 年后 (1) 处理样地土壤有机碳、全氮、全磷含量均低于对照样地, 全氮含量差异达到显著水平 ($P < 0.05$)。 (2) 对照样地生长季和非生长季土壤微生物多样性差异不显著, 减雨处理样地非生长季的细菌均匀度显著低于处理样地生长季和对照样地非生长季 ($P < 0.05$); 降雨减少对细菌和真菌的群落结构有显著影响 ($P < 0.05$), 降雨减少显著降低了酸杆菌门 (Acidobacteria) 的相对丰度, 提高了放线菌门 (Actinobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、子囊菌门 (Ascomycota) 和被孢霉门 (Mortierellomycota) 的相对丰度 ($P < 0.05$)。 (3) 土壤有机碳、全氮含量与部分细菌相对丰度显著相关, 土壤全氮含量与被孢霉门真菌相对丰度显著正相关 ($P < 0.05$)。综上所述, 减雨处理 4 年对土壤养分含量影响较弱, 对细菌多样性影响显著, 对细菌和真菌群落结构有显著影响, 且土壤养分含量与土壤微生物相对丰度之间存在相关关系, 研究结果为进一步探讨降雨量持续减少对黄土高原半湿润区人工林的影响提供了理论参考。

关键词: 降雨减少; 土壤养分; 土壤微生物; 刺槐人工林

Effects of simulated rainfall reduction on soil nutrients and microbe community in *Robinia pseudoacacia* plantation

LUO Lingshu^{1,2}, WANG Yipei^{1,2}, DU Sheng^{2,3,*}

1 College of Forestry, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China

2 State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on the Loess Plateau, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China

3 Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Yangling 712100, China

Abstract: Rainfall is the main source of soil moisture in the Loess Plateau, China. In order to investigate the impact of rainfall reduction on soil nutrients and soil microbial communities of a *Robinia pseudoacacia* plantation in the sub-humid area of Loess Plateau, a rainfall reduction experiment was conducted. Rainfall exclusion was conducted by installing translucent panels to divert part of the throughfall outside the treatment plot. Rainfall partitioning investigation and the panel area for throughfall exclusion estimated that the treatment plot received about 47% reduction of the total rainfall input. After 4 years of treatment, soil nutrient content, soil microbial community structure and diversity were measured in the sample

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFC0504601)

收稿日期: 2022-06-19; 网络出版日期: 2023-03-23

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: shengdu@ms.iswc.ac.cn

plots with and without rainfall reduction. The main results are as follows: (1) The contents of soil organic carbon, total nitrogen, and total phosphorus in the treated plot were lower than those in the control plot, and the difference in the total nitrogen content reached a significant level ($P < 0.05$). (2) There was no significant difference in soil microbial diversity between growing and non-growing seasons in the control plot. The Simpson index of the treated plot during non-growing season was significantly lower than that in growing season and that of the control plot in non-growing season ($P < 0.05$). Rainfall reduction had a significant effect on the community structure of bacteria and fungi ($P < 0.05$). The rainfall reduction treatment significantly decreased the relative abundance of *Mcidobacteria*, but increased the relative abundance of *Actinobacteria*, *Chloroplexi*, *Ascomycota*, and *Mortierellomycota* ($P < 0.05$). (3) Both soil organic carbon and total nitrogen contents were significantly correlated with the relative abundance of some bacteria, and soil total nitrogen content was significantly positively correlated with the relative abundance of *Mortierellomycota* fungi ($P < 0.05$). In brief, the 4-year treatment of rainfall reduction resulted in a weak impact on soil nutrient content, but had significant effects on bacterial diversity, and the structure of bacterial and fungal community. There was also a correlation between soil nutrient content and the relative abundance of soil microorganisms. The results provided theoretical reference for further study on the impact of potentially continuous rainfall reduction on forest ecosystems in the sub-humid area of Loess Plateau, China.

Key Words: rainfall reduction; soil nutrients; soil microorganism; *Robinia pseudoacacia* plantation

在全球气候变化背景下,降雨格局的变化导致土壤水分发生变化。土壤水分是干旱半干旱地区植被稳定生长的主要限制因子^[1],对土壤生态系统功能和生物组成产生影响^[2],土壤水分变化不仅会改变土壤结构与理化性质^[3],还会改变微生物群落结构^[4]。黄土高原属于典型的生态脆弱区,土壤生态系统对大气降水具有较强的依赖性^[5],降雨格局的细微变化都将会在生态系统中产生蝴蝶效应^[6],对土壤生态系统产生不同层次的影响^[7-8]。

土壤水分对森林生态系统土壤地上-地下部分物质循环有重要作用,水分减少不仅影响凋落物分解和根周转向土壤释放养分的过程,还通过改变土壤养分的物理扩散与化学形态转化,影响植被对土壤养分的吸收^[9-10]。有研究表明,降水量强烈影响土壤水分和养分含量,降雨格局变化能显著影响不同养分之间的转化^[7],半湿润地区增碳固氮作用比干旱半干旱区更佳^[11];也有研究显示,降雨减少对黄土高原土壤养分含量没有显著影响^[12]。土壤微生物群落能敏感地预警土壤生态系统的微小改变^[13],对降雨变化作出迅速响应^[4]。土壤水分减少既可通过对微生物产生渗透压力直接改变微生物群落结构,又可通过影响植物光合作用间接影响土壤微生物可利用碳源,加之各类菌群对土壤水分的耐受性不同^[14],导致土壤微生物群落对降水变化的响应尚不明确^[15]。有研究显示,减雨处理增加了半干旱区土壤中细菌和真菌群落的丰富度,降低了其多样性,真菌群落对降水减少的响应比细菌更敏感^[16];另有研究表明,西北干旱区降水量改变对细菌多样性无显著影响,但对细菌群落组成产生了显著影响,且降水对细菌群落组成的影响取决于降水、植被和土壤性质之间的关系^[17],说明降雨改变条件下,土壤养分与土壤微生物之间存在密切关系,而目前关于黄土高原地区土壤微生物群落多样性与土壤养分之间相关性定量研究较少^[18]。

刺槐(*Robinia pseudoacacia*)人工林是黄土高原造林面积最大的树种,有较强的适应性和抗逆性,对土壤水分变化较为敏感,在黄土高原的水土保持和生态环境保护等方面发挥着重要作用^[19]。前人对全球气候变化背景下黄土高原生态系统水文过程、碳循环、土壤微生物群落等方面已有大量研究,但对于刺槐人工林土壤养分、微生物群落对降水量变化的响应研究较少。本研究以黄土高原半湿润区刺槐人工林为研究对象,通过降雨减少处理,探究土壤养分、土壤微生物群落结构及多样性对降雨减少的响应机制,并分析土壤养分与土壤微生物的关系。为未来气候变化条件下,维持黄土高原土壤生态系统稳定提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 研究区概况及样地布设

研究区位于陕西省咸阳市永寿县槐平林场($N34^{\circ}48'$, $E107^{\circ}58'$), 海拔 1430m, 地貌类型为黄土高原沟壑区, 气候类型为典型的暖温带大陆性气候, 年平均气温约为 10.8°C , 年降雨量约为 601.6mm, 降雨分布具有明显的季节性, 全年降雨主要发生在 7—9 月。该地区森林植被类型属于典型的暖温带落叶阔叶林, 土壤土层深厚, 土壤类型为褐土, 土壤呈粒状或团粒状结构, 心土多为黏粒。

在刺槐人工林内布设两个 $10\text{m}\times 20\text{m}$ 的固定样地, 分别为减雨处理样地和对照样地, 林龄 35 年(2015 年测), 林分密度 $1700\text{株}/\text{hm}^2$, 平均胸径 14.0cm, 平均树高 14.7m^[20]。在处理样地内距地面约 1.5m 高处搭设宽为 0.5m 的透光截雨板将截留的穿透雨导流至样地外。选择林内代表性位置和代表性样树进行穿透雨量和树干径流量收集实验, 根据林分内的平均穿透雨率和截雨板面积计算减雨率, 减雨量约占总降雨量的 47%, 样地基础信息和降雨分配数据在课题组前期研究中有详细介绍^[21]。此外, 在处理样地的四周边缘处理设 1m 深铝塑隔板(板高出地面 10cm 左右), 以阻隔样地内外土壤水分的交换。

1.2 土壤水分监测

在处理样地和对照样地分别选取不受人干扰, 对林内局部环境具有代表性的区域设置深为 100cm 的土壤剖面, 沿剖面垂直布设土壤水分监测探头(S-SMC-M005, Onset, 美国), 安装深度分别为 6、12、30、50、70cm 和 90cm, 数据存储于 HOBO 数据采集器中(Onset, 美国), 每小时记录一次平均值。为保证实验数据可靠性, 不定时使用土钻采集各层土壤, 采用烘干法测定土壤质量含水量, 结合土壤容重获得土壤体积含水量, 对水分监测探头获得的土壤含水量数据进行对比及校正。

本研究以表层土壤为研究对象, 对 12、20、50cm 处日均土壤含水量进行计算, 结果显示, 对照样地和处理样地土壤含水量年动态变化总体上呈现相同趋势, 且 12、20、50cm 土层深度土壤年总含水量皆为处理样地低于对照样地(图 1)。

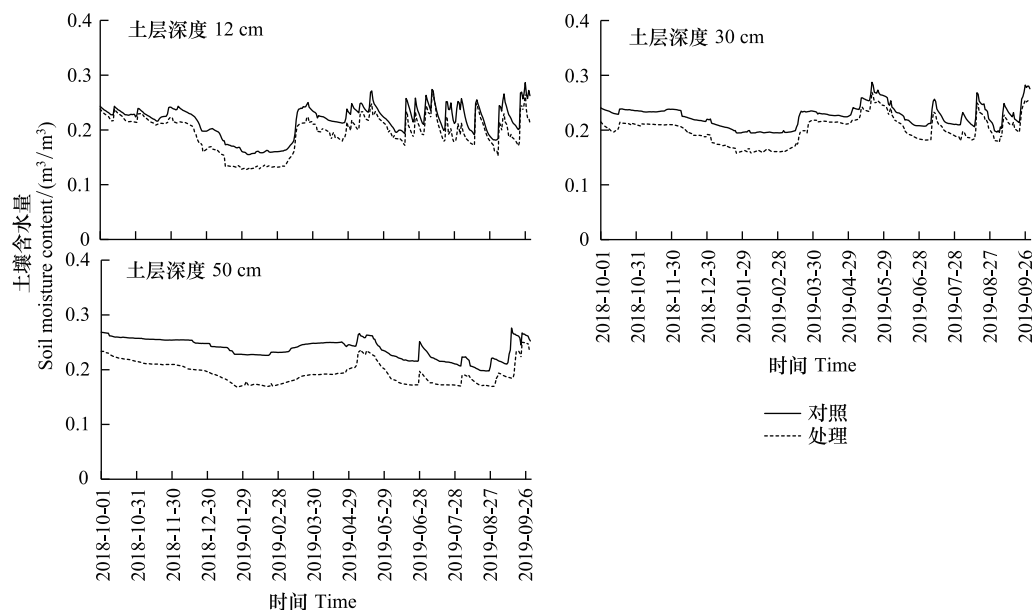


图 1 土壤含水量年动态变化

Fig.1 Annual dynamic change of soil moisture

1.3 样品采集与分析

于 2019 年 2 月和 8 月分别在处理样地和对照样地的一条对角线方向确定 3 个 $2\text{m}\times 2\text{m}$ 的样方, 每样方按

照五点法选取 5 个点,去除地表枯落物和腐殖质后,对 0—20cm 土层进行土壤取样,分别将每个样方取得的 5 个样品均等混匀后再用四分法选取足够土样,用自封袋密封之后放入冰盒带回实验室,处理后分成两份,一份用于土壤理化性质的分析,另一份保存于-80℃冰箱至土壤微生物测定。

土壤有机碳含量测定采用重铬酸钾-硫酸氧化法,全氮含量测定采用凯氏定氮法,全磷含量采用钼锑抗比色法测定。土壤细菌基于 16S rDNA 分子对应的 DNA 序列区、真菌基于内转录间区(ITS)进行高通量测序,提取的 DNA 经过聚合酶链式反应(PCR)扩增后,依托 Agilent 2100 生物分析仪(Agilent,美国)和 Illumina(Kapa Biosciences, Woburn, MA, 美国)评估,在 NovaSeq PE250 平台上对库进行排序^[22],利用 overlap 将双端数据进行拼接,并进行质控、嵌合体过滤,通过“去重复”聚类获得单碱基精度的代表序列,然后使用扩增子序列变异体(ASVs)的概念构建类操作分类单元(OTU)表,获得最终的特征值表和特征值序列,并进一步进行多样性分析、物种分类注释和差异性分析等。

1.4 数据分析

采用 Excel 2016 软件进行数据记录及整理,SPSS 软件对处理样地和对照样地的土壤养分进行单因素方差分析(ANOVA),对不同处理下土壤微生物群落多样性采用最小差异性显著分析(LSD)进行差异性显著检验($P < 0.05$),对土壤养分含量及其比值与微生物相对丰度进行 Pearson 相关性分析,用 Origin 2018 和 R 软件制图。

2 结果与分析

2.1 土壤养分含量变化

土壤养分测定结果表明,处理样地表层土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)和全磷(TP)含量均低于对照样地,仅 TN 含量的差异达到显著水平。处理样地和对照样地表层土壤的碳氮比(C/N)、碳磷比(C/P)和氮磷比(N/P)差异不显著(表 1)。

表 1 不同降雨条件下的土壤养分含量

Table 1 Soil nutrient content under different treatment

养分指标 Nutrient indicators	土壤养分含量 Soil nutrient content/(g/kg)		显著性 Significance <i>P</i>	养分指标 Nutrient indicators	土壤养分含量 Soil nutrient content/(g/kg)		显著性 Significance <i>P</i>
	C	T			C	T	
有机碳 SOC	5.54±0.02	4.89±0.20	0.08	碳氮比 C/N	3.53	3.41	0.23
全氮 TN	1.56±0.00	1.42±0.01	0.04	碳磷比 C/P	8.47	7.78	0.35
全磷 TP	0.66±0.00	0.63±0.00	0.29	氮磷比 N/P	2.39	2.27	0.43

C:对照 Control;T:处理 Treatment;TN: Total N; TP: Total P; SOC: Soil organic carbon

2.2 降雨减少对土壤微生物群落的影响

2.2.1 土壤微生物的特征值分布

根据细菌和真菌菌群特征值数绘制韦恩图(97%相似性),直观地呈现两样地共有和特有的特征值数目。图 2 结果显示,处理样地和对照样地共有细菌特征值数 4365 个,对照样地特有特征值数 5387,处理样地特有特征值数 3757 个;处理样地和对照样地共有的真菌特征值数为 4472 个,对照样地和处理样地特有特征值数分别为 6729 和 4575 个。此外,对照样地的细菌和真菌特征值总数均高于处理样地,说明降雨减少降低了土壤微生物的群落种类。

2.2.2 土壤微生物多样性分析

表 2 为不同降雨条件下土壤微生物群落在 0.03 距离下的 Alpha 多样性指数,土壤细菌群落 Observed species 物种数目、Goods coverage 微生物覆盖度、Chao1 指数、Shannon 多样性指数的差异性都没有达到显著水平,非生长季处理样地、生长季处理样地与非生长季对照样地的 Simpson 指数差异性显著($P < 0.05$),说明非生长季减雨处理样地的均匀度显著降低;处理样地和对照样地土壤真菌群落的 5 个多样性指数在不同季节差异都不显著,说明减雨对土壤真菌多样性的影响没有达到显著水平。

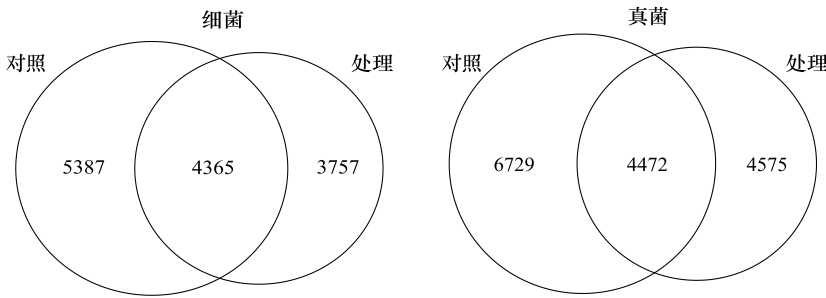


图2 土壤细菌和真菌特征值分布韦恩图/个

Fig.2 Venn diagram of feature value distribution of soil bacteria and fungi

表2 不同降雨条件下土壤细菌和真菌的 Alpha 多样性指数

Table 2 Alpha diversity index of soil bacteria and fungi under different treatment

土壤微生物 Soil microorganism	处理季节 Seasonal treatment	样地 Sample plot	操作分类单元 Observed otus	覆盖度 Goods coverage	Chao1 指数 Chao1 index	香农维纳指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index
细菌 Bacteria	生长季	C	1639.3333a	0.9852a	1739.9171a	9.9327a	0.9983a
		T	1606.3333a	0.9859a	1701.2311a	9.8980a	0.9983a
	非生长季	C	1563.5556a	0.9874a	1645.2036a	9.9019a	0.9983a
		T	1511.7778a	0.9877a	1597.2194a	9.7624a	0.9972b
真菌 Fungi	生长季	C	1311.1111a	0.9969a	1359.0032a	6.4028a	0.9478a
		T	1419.3333a	0.9968a	1477.6118a	6.8892a	0.9544a
	非生长季	C	1633.7778a	0.9958a	1706.6923a	7.0168a	0.9504a
		T	1455.3333a	0.9967a	1508.8869a	7.0890a	0.9680a

同列相同小写字母表示处理间差异不显著($P>0.05$),不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

对土壤微生物群落进行 Beta 分析,观察不同样本间的距离得到群落间的差异。由图 3 可以看出,处理样地和对照样地土壤细菌群落大部分没有重叠,群落组成差异极显著($P<0.01$),说明减雨处理对土壤细菌的群落结构影响较大;土壤真菌群落大部分分布密集,但有部分群落分布分散,群落组成差异达到了显著水平($P<0.05$),说明降雨减少对土壤真菌群落结构也有影响。

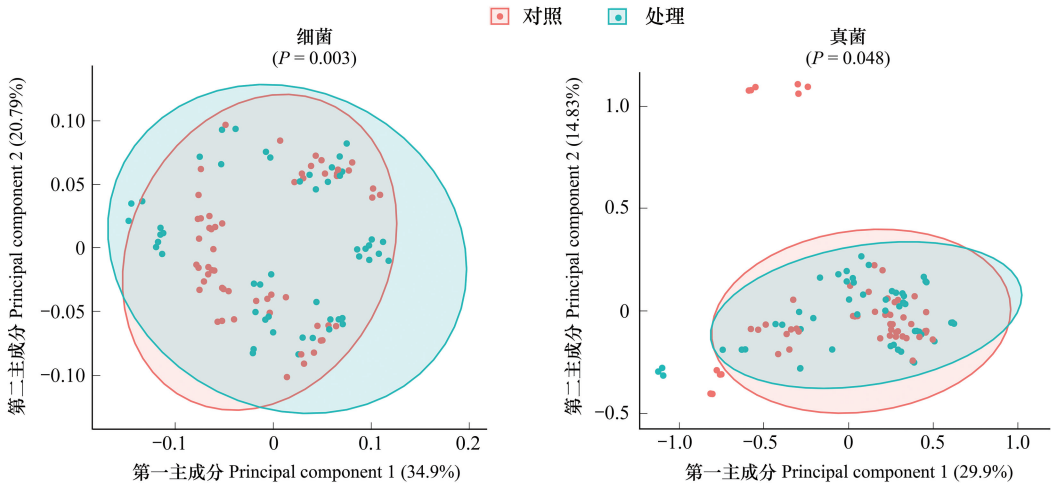


图3 不同降雨条件下土壤细菌和真菌的 Beta 多样性分析

Fig.3 Beta diversity of soil bacteria and fungi under different treatment

2.2.3 土壤微生物群落结构及显著性差异分析

图 4 是土壤细菌在门水平相对丰度排前 30 的菌群,色块长度表示物种所占相对丰度的比例。其中,细菌群落相对丰度排前五的主要门为:变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes),以上 5 种细菌相对丰度占细菌群落总和的 80%以上,其中变形菌门为两种处理下的最优门。

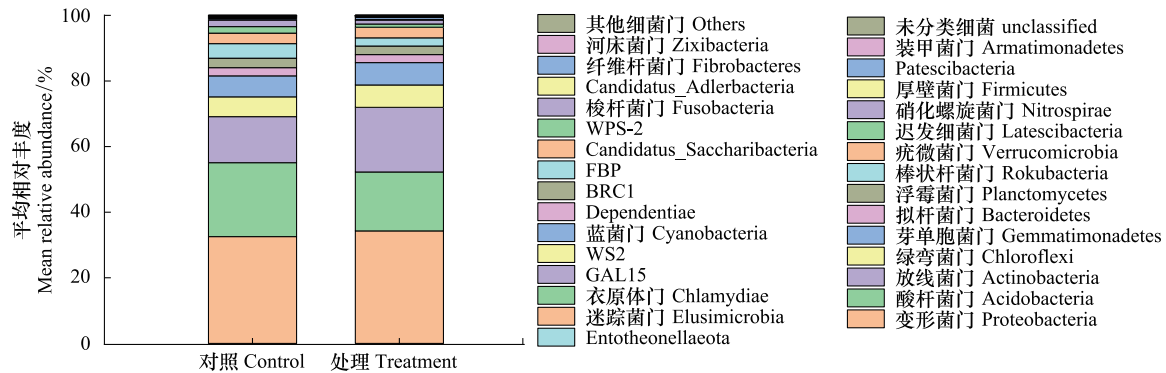


图 4 不同降雨条件下土壤主要细菌群落在门水平相对丰度的变化

Fig.4 Changes of relative abundance of main soil bacterial communities at phylum level under different treatment

土壤真菌在门水平相对丰度排前五的主要门为(除未分类真菌(Fungi_unclassified)):子囊菌门(Ascomycota)、接合菌门(Zygomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota),以上 5 种真菌占总体真菌的 99%以上,其中子囊菌门是两种处理下的最优门(图 5)。

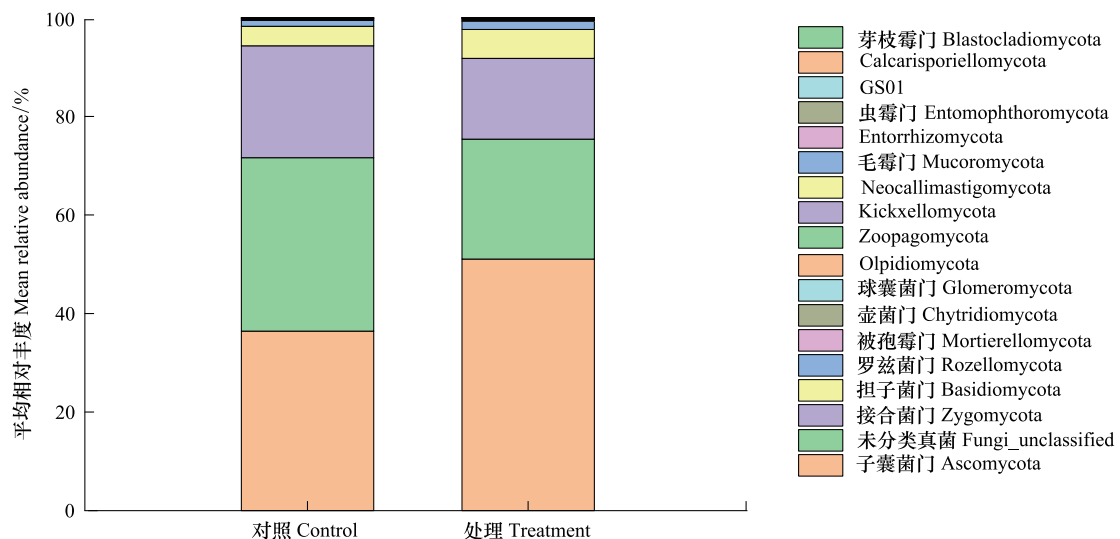


图 5 不同降雨条件下土壤主要真菌群落在门水平相对丰度的变化

Fig.5 Changes of relative abundance of main soil fungal communities at phylum level under different treatment

对处理样地 and 对照样地细菌群落的相对丰度进行差异性检验,由图 6 结果显示,处理样地酸杆菌门、棒状杆菌门(Rokubacteria)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、迟发细菌门(Latescibacteria)、迷踪菌门(Elusimicrobia)、Entotheonellaeota、BRC1、GAL15 相对丰度显著低于对照样地($P < 0.05$);处理样地放线菌门、绿弯菌门、Patescibacteria、FBP 相对丰度显著高于对照样地($P < 0.05$),是不同降雨条件下细菌群落出现差异的重要菌。

真菌群落中处理样地子囊菌门、被孢霉门相对丰度显著高于对照样地($P < 0.05$),虫霉门(Entomophthoromycota)显著低于对照样地($P < 0.05$),是导致处理样地和对照样地真菌群落出现差异的重要菌(图 7)。

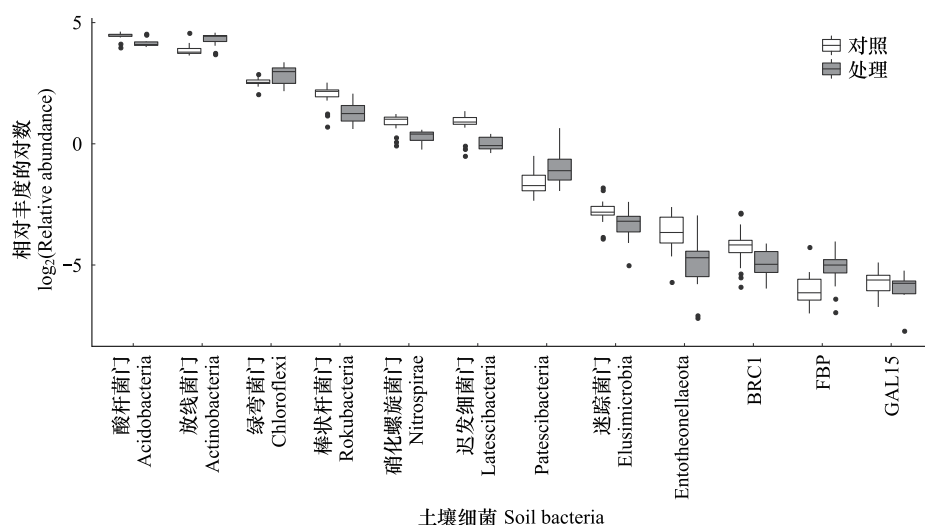


图6 不同降雨条件下土壤细菌在门水平的差异性

Fig.6 Differences of soil bacteria at phylum level under different treatment

2.3 土壤养分与土壤微生物的相关性分析

对不同降雨条件下相对丰度发生显著变化的细菌和真菌菌群的相对丰度与土壤养分进行相关性分析,结果显示(图8),土壤养分间相互影响,SOC含量与TN含量、C/N呈极显著正相关($P < 0.01$),与C/P、N/P呈显著正相关($P < 0.05$);土壤TN含量与C/N、C/P显著正相关($P < 0.05$)。土壤养分与土壤微生物相互作用,SOC、TN含量与细菌FBP相对丰度极显著负相关($P < 0.01$),与BRC1相对丰度显著正相关($P < 0.05$),土壤C/N与FBP细菌相对丰度显著负相关($P < 0.05$);TN含量与被孢霉门(Mortierellomycota)真菌相对丰度显著正相关($P < 0.05$)。此外,部分菌群的相对丰度相互影响。

3 讨论

3.1 降雨减少对土壤养分的影响

本研究中,对照样地和处理样地土壤TN含量差异显著,土壤SOC、TP、C/N、C/P、N/P含量差异不显著,这与前人对黄土高原土壤养分研究的结果相似^[12,18];然而,Matías^[23]等研究三种对比气候对地中海型生态系统土壤C、N、P组分的影响,发现在生长季降雨量减少的情况下,土壤养分含量随着土壤含水量的降低而增加,降雨量减少会导致土壤中养分的积累,与本研究结果相反,由此可见,土壤养分含量可能还与生态环境、植物类型及水分胁迫的时间和强度有关。土壤养分含量也与土壤养分循环相关的许多复杂的生态过程有关^[24],本研究中不同降雨条件下土壤TN含量差异显著,土壤SOC含量差异性达到了0.08,TP含量差异较小,可能与降雨减少改变了土壤养分输入的质与量有关,凋落物分解和土壤细根周转作为土壤碳、氮的主要来源,其在分解和转化过程中会逐渐向土壤释放养分。王一佩^[22]对该研究区不同降雨条件下林地生产量及凋落物分解速率的研究表明,降雨减少显著降低了该研究区凋落物、细根年生产

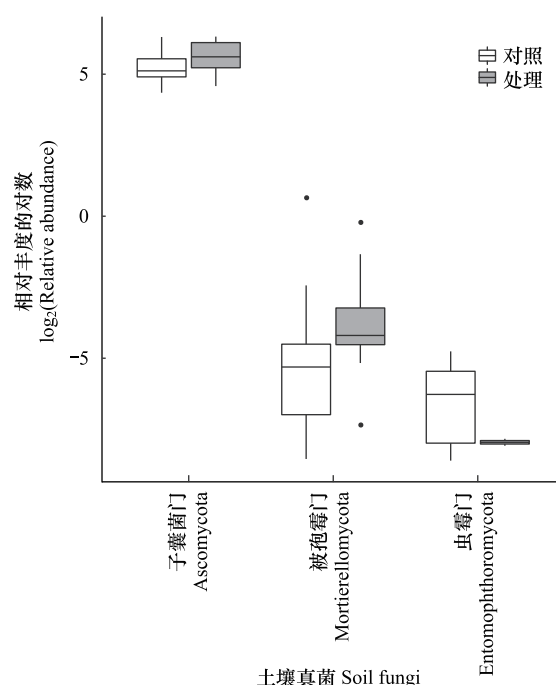


图7 不同降雨条件下土壤真菌在门水平的差异性

Fig.7 Differences of soil fungi at phylum level under different treatment

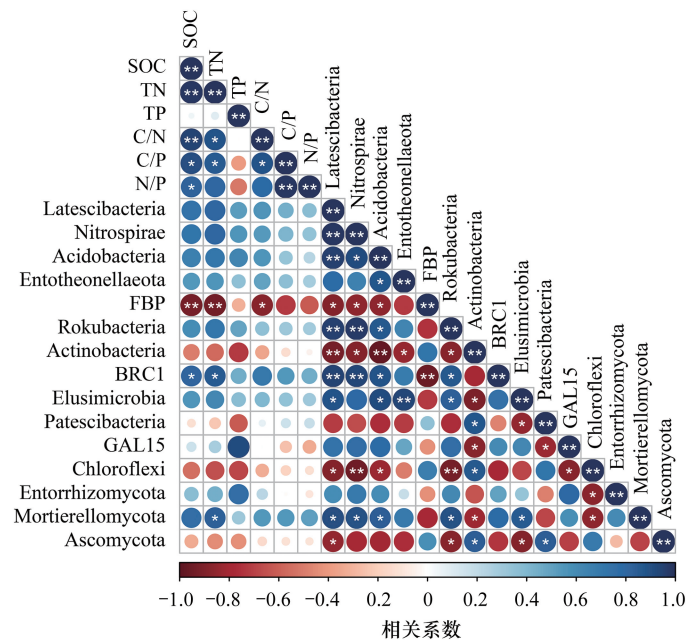


图 8 不同降雨条件下土壤养分与土壤微生物的相关性分析

Fig.8 Correlation analysis between soil nutrient and soil microorganisms under different treatment

SOC:土壤有机碳 Soil organic carbon; TN:全氮 Total nitrogen; TP:全磷 Total phosphorus; *:在 0.01 级别相关性显著; *:在 0.05 级别相关性显著

量,降低了其凋落物分解速率,导致减雨处理样地 SOC、TN 含量低于对照样地。磷主要是在土壤母质的长期风化沉积过程中形成的,变化缓慢且受水分影响较小,因此不同降雨条件下 TP 含量差异较小。此外,土壤呼吸强度^[25]、植物对养分的利用^[26]等会影响土壤养分的输出,导致不同降雨条件下土壤养分含量出现差异。

3.2 降雨减少对土壤微生物的影响

本研究显示,处理样地细菌和真菌特征值总数均低于对照样地,真菌的特征值总数高于细菌。郑佳华^[27]等和向前胜^[28]等对于干旱区的研究中都发现细菌的 OTU 数均高于真菌,与本研究结果相反,说明该地区土壤真菌比细菌具有更高的适应性。Alpha 多样性显示,处理样地非生长季细菌均匀度显著低于生长季,也显著低于对照样地非生长季的细菌均匀度,而各处理下真菌多样性差异不显著,说明该样地部分细菌菌群的耐旱力较弱和适冷性较低^[29-30],其原因可能是真菌有菌丝体,可以充分利用土壤中的水分^[31],对土壤水分变化的耐受能力更高。Beta 多样性显示,处理样地和对照样地细菌和真菌群落结构差异都达到显著水平,进一步证明降雨减少对黄土高原半湿润区的土壤微生物群落结构有显著影响。

本研究表明,降雨减少没有改变土壤微生物菌群组成种类,但改变了土壤微生物菌群组成丰度。土壤细菌主要门为变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes),与前人对黄土高原的研究结果基本相同^[32-33]。在这几个主要门中,降雨减少显著降低了酸杆菌门相对丰度,有研究证明酸杆菌丰度随着干旱强度的增加而减少^[34],且酸杆菌可分解难降解的碳源^[35],处理样地较低的土壤含水量和碳氮养分限制了酸杆菌的生长。降雨减少显著提高了放线菌门和绿弯菌门的相对丰度,放线菌广泛分布于干旱土壤,土壤中更高的氧气含量有利于放线菌生长^[15],绿弯菌门丰度与土壤含水量呈负相关关系^[36],处理样地土壤含水量低,通透性高,为放线菌和绿弯菌的生长提供了较好地条件。在土壤真菌群落组成中,子囊菌门 (Ascomycota)、接合菌门 (Zygomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、罗兹菌门 (Rozellomycota) 和被孢霉门 (Mortierellomycota) 为真菌主要门,与前人对黄土高原的研究结果相同^[37]。降雨减少显著提高了子囊菌门和被孢霉门的相对丰度,处理样地子囊菌相对丰

度高于对照样地,其原因是子囊菌为腐生菌,是分解植物残体和降解有机物的重要菌群^[38],水分作为林地影响凋落物分解速率的关键因子^[39],处理样地较低的土壤含水量降低了凋落物分解速率,导致其土壤表层覆盖丰富的植物残体待分解,提高了子囊菌的丰度;被孢霉门真菌为好氧真菌^[40],处理样地通气性良好的土壤环境为其生长繁殖提供了生长条件。本研究中大部分土壤微生物对降雨减少不敏感,其原因可能是多数土壤微生物具有较强的环境适应能力,在面对土壤含水量减少时,微生物通过体内渗透调节机制合成可溶性有机物,利用积累的高浓度溶质来保持体内的水势与外界环境相平衡^[41]。

3.3 土壤养分与土壤微生物的相互作用

本研究表明,不同降雨条件下,FBP、BRC1 两种细菌相对丰度与土壤 SOC、TN 含量相关性显著,SOC、TN 含量是影响细菌群落的主要因素,这与赵萌等^[42]对杉木人工林的研究结果相似。酸杆菌门、放线菌门等主要细菌菌群相对丰度和土壤养分之间的关系不显著,这与他人的研究结果不同^[27,43],这可能与不同林地环境下细菌的表达存在差异有关。本研究中,TN 含量与被孢霉门真菌相对丰度显著正相关,被孢霉门主要为土壤中的腐生物,可以通过合成和分泌草酸来溶解土壤中的矿质,加速土壤养分释放^[44],此外,腐生物对植被的分解与土壤 N 含量有关^[45],土壤中 N 含量升高可以加速植被分解。其他重要真菌与土壤 SOC、TN、TP 含量之间相关性不显著,这可能与真菌对环境的适应性有关,有研究表明,优势真菌的胁迫耐受性和与营养吸收相关的基因数量正在显著增加^[46]。不同门水平微生物多样性会相互影响,这可能与土壤微生物间多种功能互相作用有关,这种互相作用同时也受到养分的驱动^[47]。本研究中土壤养分相互影响,土壤 SOC 含量和 TN 含量、C/N 之间极显著正相关,与 C/P、N/P 之间显著正相关;土壤 TN 含量和 C/N、C/P 之间显著正相关。由此可见,土壤生态系统中各营养元素间相互作用,各土壤因素之间相互协调作用共同维持土壤生态系统的平衡。

4 结论

4 年降雨减少处理,降低了林地 SOC、TN、TP 含量,处理样地和对对照样地 TN 含量差异达到显著水平。降雨减少对细菌多样性影响显著,降低了非生长季细菌的均匀度,显著改变了细菌和真菌的群落结构。降雨减少显著提高了细菌菌群中放线菌门、绿弯菌门的相对丰度,降低了酸杆菌门的相对丰度;降雨减少显著增加了真菌菌群中子囊菌门和被孢霉门相对丰度。土壤细菌菌群相对丰度主要受 SOC、TN 含量的影响,土壤真菌群落相对丰度受土壤养分含量影响较小,其中土壤 TN 含量与被孢霉门真菌相对丰度呈显著相关关系,部分微生物相对丰度间会相互影响。本研究揭示了降雨减少条件下刺槐人工林土壤养分及土壤微生物群落的变化及其主要驱动因素,为未来降雨减少条件下对黄土高原刺槐人工林的研究提供了理论依据。

参考文献 (References):

- [1] 姜娜,邵明安. 黄土高原小流域不同坡地利用方式的水土流失特征. 农业工程学报, 2011, 27(6): 36-41.
- [2] Westra S, Fowler H J, Evans J P, Alexander L V, Berg P, Johnson F, Kendon E J, Lenderink G, Roberts N M. Future changes to the intensity and frequency of short-duration extreme rainfall. *Reviews of Geophysics*, 2014, 52(3): 522-555.
- [3] Chen Y L, Chen L Y, Peng Y F, Ding J Z, Li F, Yang G B, Kou D, Liu L, Fang K, Zhang B B, Wang J, Yang Y H. Linking microbial C:N:P stoichiometry to microbial community and abiotic factors along a 3500-km grassland transect on the Tibetan Plateau. *Global Ecology and Biogeography*, 2016, 25(12): 1416-1427.
- [4] Knapp A K, Beier C, Briske D D, Classen A T, Luo Y Q, Reichstein M, Smith M D, Smith S D, Bell J E, Fay P A, Heisler J L, Leavitt S W, Sherry R, Smith B, Weng E S. Consequences of more extreme precipitation regimes for terrestrial ecosystems. *BioScience*, 2008, 58(9): 811-821.
- [5] 陈伟,李亚新,王红阳,王佳,孙从建. 黄土丘陵区坡耕地与撂荒地土壤水分对降雨的响应特征. 生态学报, 2022, 42(1): 332-339.
- [6] 王博,段玉玺,王伟峰,李晓晶,刘源,刘宗奇. 油蒿灌丛群落浅层土壤水分对不同降雨格局的响应. 应用生态学报, 2020, 31(5): 1571-1578.
- [7] 张玉林,陆永兴,尹本丰,李永刚,周晓兵,张元明. 模拟降雨变化对古尔班通古特沙漠土壤养分及酶活性的影响. 生态学报, 2022, 42(5): 1739-1749.
- [8] 李璠,颜亮东,赵梦凡,张娟. 三江源地区生长季降水特征对土壤水分的影响. 干旱区资源与环境, 2022, 36(6): 121-128.
- [9] Schmidt M W I, Torn M S, Abiven S, Dittmar T, Guggenberger G, Janssens I A, Kleber M, Kögel-Knabner I, Lehmann J, Manning D A C, Nannipieri P, Rasse D P, Weiner S, Trumbore S E. Persistence of soil organic matter as an ecosystem property. *Nature*, 2011, 478(7367): 49-56.
- [10] Santonja M, Fernandez C, Proffit M, Gers C, Gauquelin T, Reiter I M, Cramer W, Baldy V. Plant litter mixture partly mitigates the negative effects of extended drought on soil biota and litter decomposition in a Mediterranean oak forest. *Journal of Ecology*, 2017, 105(3): 801-815.

- [11] 才璐, 罗珠珠, 王林林, 牛伊宁, 李玲玲, 蔡立群. 基于 Meta-analysis 研究中国北方苜蓿土壤水分和养分效应. 中国草地学报, 2021, 43(2): 64-74.
- [12] Zhang L H, Xie Z K, Zhao R F, Zhang Y B. Plant, microbial community and soil property responses to an experimental precipitation gradient in a desert grassland. *Applied Soil Ecology*, 2018, 127: 87-95.
- [13] 唐玉妹, 魏朝富, 颜廷梅, 杨林章, 慈恩. 土壤质量生物学指标研究进展. 土壤, 2007, 39(2): 157-163.
- [14] 朱义族, 李雅颖, 韩继刚, 姚槐应. 水分条件变化对土壤微生物的影响及其响应机制研究进展. 应用生态学报, 2019, 30(12): 4323-4332.
- [15] 李娜, 王宝荣, 安韶山, 焦峰, 黄倩. 黄土高原草地土壤细菌群落结构对于降水变化的响应. 环境科学, 2020, 41(9): 4284-4293.
- [16] 杨阳, 章妮, 蒋莉莉, 陈克龙. 青海湖高寒草地土壤理化性质及微生物群落特征对模拟降水的响应. 草地学报, 2021, 29(5): 1043-1052.
- [17] Na X, Yu H L, Wang P, Zhu W W, Niu Y B, Huang J Y. Vegetation biomass and soil moisture coregulate bacterial community succession under altered precipitation regimes in a desert steppe in northwestern China. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 136: 107520.
- [18] 王誉陶, 李建平, 井乐, 张翼, 张娟. 模拟降雨对黄土高原典型草原土壤化学计量及微生物多样性的影响. 生态学报, 2020, 40(5): 1517-1531.
- [19] 刘美君, 吕金林, 陈秋文, 杨洁, 李国庆, 杜盛. 黄土丘陵区两典型造林树种生长季树干直径微变化动态及其影响因素. 应用生态学报, 2021, 32(5): 1673-1680.
- [20] 何秋月, 闫美杰, 张建国, 杜盛. 黄土高原半湿润区刺槐树干液流对人工截留降雨输入及环境因子的响应. 植物生态学报, 2018, 42(4): 466-474.
- [21] 何秋月. 黄土高原半湿润区刺槐人工林蒸腾耗水特征对降雨减少的响应[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2020.
- [22] 王一佩. 半湿润黄土区刺槐人工林生产力和土壤微生物群落对降雨减少的响应[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2020.
- [23] Matías L, Castro J, Zamora R. Soil-nutrient availability under a global-change scenario in a Mediterranean mountain ecosystem. *Global Change Biology*, 2011, 17(4): 1646-1657.
- [24] 樊利华, 周星梅, 吴淑兰, 向君, 钟晓燕, 唐雪滋, 王彦杰. 干旱胁迫对植物根际环境影响的研究进展. 应用与环境生物学报, 2019, 25(5): 1244-1251.
- [25] 崔羽, 严思维, 吴建召, 林勇明, 王道杰. 震区植被恢复初期土壤理化性质与土壤呼吸间的关系. 山地学报, 2019, 37(1): 9-20.
- [26] 苏波, 韩兴国, 黄建辉, 渠春梅. 植物的养分利用效率(NUE)及植物对养分胁迫环境的适应策略. 生态学报, 2000, 20(2): 335-343.
- [27] 郑佳华, 赵萌萌, 王琪, 张峰, 张彬, 张军. 利用方式对大针茅草原土壤微生物群落结构及多样性的影响. 生态学报, 2022, 42(12): 4998-5008.
- [28] 向前胜, 张登山, 孙奎, 王宁. 高寒地区不同海拔梯度西北小檗生境土壤微生物群落结构及多样性分析. 西北植物学报, 2021, 41(6): 1036-1050.
- [29] Griffiths B S, Ritz K, Ebbelwhite N, Dobson G. Soil microbial community structure: effects of substrate loading rates. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 31(1): 145-153.
- [30] 马大龙, 刘梦洋, 陈泓硕, 姜雪薇, 臧淑英. 积雪覆盖变化对大兴安岭多年冻土区土壤微生物群落结构的影响. 生态学报, 2020, 40(3): 789-799.
- [31] Schimel J P, Mikan C. Changing microbial substrate use in Arctic tundra soils through a freeze-thaw cycle. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(8): 1411-1418.
- [32] 毛瑾, 朵莹, 邓军, 程杰, 程积民, 彭长辉, 郭梁. 冬季增温和减雪对黄土高原典型草原土壤养分和细菌群落组成的影响. 植物生态学报, 2021, 45(8): 891-902.
- [33] 刘晓华, 魏天兴. 高通量测序分析黄土高原退耕还林区土壤细菌群落特征. 环境科学, 2021, 42(9): 4489-4499.
- [34] Barnard R L, Osborne C A, Firestone M K. Responses of soil bacterial and fungal communities to extreme desiccation and rewetting. *The ISME Journal*, 2013, 7(11): 2229-2241.
- [35] Tiwari R, Kumar K, Singh S, Nain L, Shukla P. Molecular detection and environment-specific diversity of glycosyl hydrolase family 1 β -glucosidase in different habitats. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1597.
- [36] 罗奉奉, 付跃, 李雪凤, 刘鑫泰, 高丽霞, 覃勇荣. 基于高通量测序的坡豪湖湿地土壤细菌群落结构分析. 江西农业学报, 2021, 33(10): 87-96.
- [37] 马欣, 罗珠珠, 张耀全, 牛伊宁, 李玲玲, 蔡立群, 蔡雪梅, 刘家鹤. 黄土高原雨养区不同种植年限紫花苜蓿土壤真菌菌落的分布特征. 干旱地区农业研究, 2021, 39(3): 162-170.
- [38] 陈惠君, 莫雅芳, 封红梅, 王家妍, 曾馥平, 宋同清, 彭晚霞, 杜虎, 王枫. 喀斯特峰丛洼地不同森林类型土壤真菌群落结构及影响因素. 农业现代化研究, 2021, 42(6): 1146-1157.
- [39] Rowland L, Da Costa A C L, Oliveira A A R, Almeida S S, Ferreira L V, Malhi Y, Metcalfe D B, Mencuccini M, Grace J, Meir P. Shock and stabilisation following long-term drought in tropical forest from 15 years of litterfall dynamics. *Journal of Ecology*, 2018, 106(4): 1673-1682.
- [40] 徐惠昌, 尤龙辉, 游惠明, 余锦林, 程分生, 叶功富, 黄勇来, 黄爱珍, 李建民. 不同土壤管理模式对锥栗园土壤真菌群落组成的影响. 果树学报, 2021, 38(11): 1942-1955.
- [41] Schimel J, Balser T C, Wallenstein M. Microbial stress-response physiology and its implications for ecosystem function. *Ecology*, 2007, 88(6): 1386-1394.
- [42] 赵萌, 方晰, 田大伦. 第2代杉木人工林地土壤微生物数量与土壤因子的关系. 林业科学, 2007, 43(6): 7-12.
- [43] 孙海, 王秋霞, 张春阁, 李乐, 刘政波, 刘宁, 邵财, 张亚玉, 严珺, 李跃雄. 不同树叶凋落物对人参土壤理化性质及微生物群落结构的影响. 生态学报, 2018, 38(10): 3603-3615.
- [44] Wang S N, Cheng J K, Li T, Liao Y C. Response of soil fungal communities to continuous cropping of flue-cured tobacco. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 19911.
- [45] Tedersoo L, Sánchez-Ramírez S, Kõljalg U, Bahram M, Döring M, Schigel D, May T, Ryberg M, Abarenkov K. High-level classification of the Fungi and a tool for evolutionary ecological analyses. *Fungal Diversity*, 2018, 90(1): 135-159.
- [46] Egidio E, Delgado-Baquerizo M, Plett J M, Wang J T, Eldridge D J, Bardgett R D, Maestre F T, Singh B K. A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 2369.
- [47] 李前, 李忠武, 聂小东, 刘窑军, 童迪, 肖林辉, 申志高, 石林. 水土流失防治措施对马尾松林土壤微生物群落分子生态网络的影响. 土壤学报, 2022, 59(3): 819-832.