

DOI:10.13870/j.cnki.stbxb.2024.03.009

张蒙蒙,徐国策,张铁钢,等.放牧强度对荒漠草原土壤微生物群落特征的影响[J].水土保持学报,2024,38(3):

ZHANG Mengmeng, XU Guoce, ZHANG Tiegang, et al. Effects of grazing intensity on soil microbial community characteristics in desert steppe [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2024, 38(3):

放牧强度对荒漠草原土壤微生物群落特征的影响

张蒙蒙¹, 徐国策¹, 张铁钢², 方康¹, 拓梦瑶¹, 万顺¹, 王斌¹

(1.西安理工大学省部共建西北旱区生态水利国家重点实验室,西安 710048;

2.中国水利水电科学研究院内蒙古阴山北麓草原生态水文国家野外科学观测研究站,呼和浩特 010020)

摘要: [目的] 研究土壤微生物群落对放牧强度变化的响应机理,为荒漠草原生态保护和修复提供科学的理论和技术支撑。[方法] 以内蒙古荒漠草原为研究对象,研究不同放牧强度(未放牧、轻度放牧、中度放牧、高度放牧)对不同深度(0—20, 20—40 cm)土壤理化性质和土壤微生物群落组成及多样性的影响,分析土壤理化性质与土壤微生物群落间的交互作用。[结果] 相比于未放牧,中度放牧显著降低 0—20 cm 土层土壤全氮(TN)和土壤有机碳(TOC) ($p < 0.05$),分别降低 17.99% 和 19.23%,土壤容重(SBD)最大值出现在重度放牧条件下。20—40 cm 土层土壤理化性质在不同放牧强度下并无显著差异 ($p > 0.05$)。此外,放牧降低 0—20 cm 土层土壤中细菌群落的丰度和多样性,增加 20—40 cm 土层土壤细菌中群落的丰度与多样性。轻度和中度放牧条件下,0—20 cm 土层土壤真菌群落的丰度与多样性均有所增加,放牧对 20—40 cm 土层土壤真菌群落的丰度与多样性无显著影响 ($p > 0.05$)。[结论] Mantel 分析表明,荒漠草原土壤全氮是影响草原土壤细菌丰度随放牧强度变化的主要因素。研究成果对揭示土壤微生物在荒漠草原生态系统中的生态敏感性与实现荒漠草原的可持续管理具有一定科学指导意义。

关键词: 荒漠草原; 放牧强度; 土壤微生物; 土壤理化性质

中图分类号: S154.3

文献标识码: A

Effects of Grazing Intensity on Soil Microbial Community Characteristics in Desert Steppe

ZHANG Mengmeng¹, XU Guoce¹, ZHANG Tiegang², FANG Kang¹, TUO Mengyao¹,

WAN Shun¹, WANG Bin¹

(1.State Key Laboratory of Eco-Hydranlics in Northwest Arid Region of China, Xi'an University of Technology, Xi'an 710048, China; 2.Inner Mongolia Yin Mountain northern foothills grassland ecological hydrology national field scientific observation and research station, China Institute of Water Resources and Hydropower Research, Hohhot 010020, China)

Abstract: [Objective] Investigating the response mechanism of soil microbial communities to changes in grazing intensity can provide scientific theoretical and technical support for ecological protection and restoration of desert steppe. [Methods] Taking the desert steppe in Inner Mongolia as the research object, we studied the effects of different grazing intensities (no grazing, light grazing, medium grazing, and high grazing) on soil physicochemical properties and the composition and diversity of soil microbial communities at different soil depths (0—20 cm and 20—40 cm), the interactions between soil physicochemical properties and soil microbial communities were analyzed. [Results] Compared to no grazing, medium grazing significantly ($p < 0.05$) reduced the soil total nitrogen (TN) content (by 17.99%) and soil organic carbon (TOC) content (by 19.23%) at 0—20 cm depth. The maximum value of soil bulk density (SBD) appeared under high grazing

收稿日期: 2023-10-25

修回日期: 2023-12-15

录用日期: 2023-12-27

资助项目: 国家重点研发计划课题项目(2022YFF1300803); 中国水利水电科学研究院内蒙古阴山北麓草原生态水文国家野外科学观测研究站开放研究基金项目(YSS202113); 国家自然科学基金项目(42167007); 内蒙古自治区科技成果转化项目(2021CG0012)

第一作者: 张蒙蒙(1999—), 女, 内蒙古乌兰察布人, 硕士研究生, 主要从事水土保持方面的研究。E-mail: zhangmm1015@163.com

通信作者: 徐国策(1985—), 男, 河南洛阳人, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事水土流失与非点源污染模拟与调控的研究。E-mail: xuguoce_x@163.com

conditions. The soil physicochemical properties at 20–40 cm depth showed no differences ($p > 0.05$) under different grazing intensities. In addition, grazing decreased the abundance and diversity of bacterial communities at 20–40 cm depth, while increased the abundance and diversity of bacteria communities at 20–40 cm depth. Under light and moderate grazing conditions, the abundance and diversity of soil fungal communities at 0–20 cm depth increased, with no significant effect ($p > 0.05$) on the abundance and diversity of soil fungal communities at 20–40 cm depth. [Conclusion] Mantel tests showed that total nitrogen of desert steppe soil was the primary factor influencing the change of desert steppe soil bacterial abundance with grazing intensity. The research results contribute to understanding the ecological sensitivity of soil microbes and offer scientific guidance for achieving sustainable management in desert steppe ecosystems.

Keywords: desert steppe; grazing intensity; soil microorganisms; soil physicochemical properties

Received: 2023-10-25

Revised: 2023-12-15

Accepted: 2023-12-27

土壤微生物作为地下生物群落的重要组成部分,它们既能提高土壤养分水平、改善土壤结构,又能够通过共生、寄生和病原菌积累等方式来调控植物生长及植被种内种间关系,在有机质的分解和土壤养分循环中扮演关键角色^[1]。已有研究^[2]表明,多样性较高的土壤微生物群落可表现出更为丰富的功能、更强的抗胁迫能力以及更高的维持生产和稳定性能力。土壤微生物多样性和群落组成受多种因素影响,包括土壤理化性质、土壤植被特性以及土壤小气候等。在全球范围内 Meta 分析已证实过量的氮富集显著降低土壤微生物功能群的生物量($p > 0.05$)^[3],在酸性土壤中,较低的 pH 水平导致土壤细菌多样性和丰富度水平的降低^[4]等。

草原放牧主要是通过家畜啃食植被、排泄物沉积和践踏等方式来影响土壤微生物群落结构。啃食影响草地植被生长及其多样性,导致其植物根际土壤微生物发生变化。尿液和粪便沉积增加土壤养分,加速土壤养分循环,刺激土壤微生物活动,促进植物生长。践踏通过改变土壤容重、孔隙度、持水力等物理性质影响土壤微生物群落组成^[5]。此外,有研究^[6]认为,深层土壤养分条件较差,微生物多样性和丰富度较低,所以,土壤微生物对土壤养分的影响可以忽略。而最新研究^[7]发现,放牧对草原微生物生物量,多样性等的影响可渗透到深层土壤。目前,关于放牧对土壤微生物群落结构与多样性的研究^[8]主要集中在表层土壤,对深层土壤的影响鲜少报道。因此,分析不同深度荒漠草原土壤微生物多样性和群落结构对放牧强度的响应,有助于更准确地评估放牧对草原生态系统影响。

中国草原面积约占国土面积的 40.9%,发挥着重要的生态系统功能,为广大农牧民提供基本的生产生活支持。中国荒漠草原是亚洲中部特有的旱生性最强的草原类型,也是干旱与半干旱区生态系统的主体

部分,分布在蒙古高原、鄂尔多斯高原、荒漠区山地等广阔区域^[9]。其中,内蒙古阴山北麓荒漠草原的面积最大,约 11.2 万 km²,是欧亚草原向欧亚非荒漠区过渡的一段十分脆弱的草原生态系统。然而全球变暖、频发极端气候事件及人类过度干扰等因素导致内蒙古草原正面临着严重的草地退化问题^[10]。有研究^[11]表明,放牧是人类干扰草原的主要方式,可能破坏草原植被丰富度和物种多样性。尽管如此,早期的研究^[12]表明,合理的放牧强度可能有助于维持草原的生态系统的稳定与可持续发展。因此,深入探讨不同放牧强度对草原生态系统的影响具有重要意义。

因此,针对这一现状,在内蒙古阴山北麓荒漠草原建立不同放牧强度的原位监测小区,开展放牧强度对荒漠草原不同土层下土壤微生物(包括细菌和真菌)多样性、群落组成变化特征及土壤微生物对土壤理化性质响应机理研究。以评估放牧强度对土壤微生物多样性、群落组成和土壤理化性质的影响,为草原生态恢复与可持续利用提供科学依据和指导建议。收集内蒙古荒漠草原区域不同放牧强度下 0–20 和 20–40 cm 土层土壤微生物群落特征以及土壤理化性质等数据。旨在阐明放牧对不同深度土壤微生物群落组成和多样性的影响,明确荒漠草原土壤微生物多样性和群落组成变化的主要驱动因子。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于内蒙古自治区包头市达尔罕茂明安联合旗希拉穆仁草原(41°21'N, 111°12'E, 图 1),属于低山丘陵草原区,地形平缓。研究区为中温带半干旱大陆性季风气候,多年平均气温 2.5 °C,多年平均降水量 281 mm,多年平均蒸发量为 2 305 mm,降水主要集中于 7–9 月,多年平均风速 4.5 m/s,年大风 63 天,沙尘暴 20–25 天。土壤为典型栗钙土,有效土层

厚度约为 40 cm,其下层为钙积层。植被群落呈典型草原特征,主要建群种为克氏针茅(*Stipa krylovii*)、羊草(*Leymus chinensis*)、糙隐子草(*Cleistogenes squarrosa*)、阿尔泰狗娃花(*Heteropappus altaicus*)和银灰旋花(*Convolvulus ammannii*)。

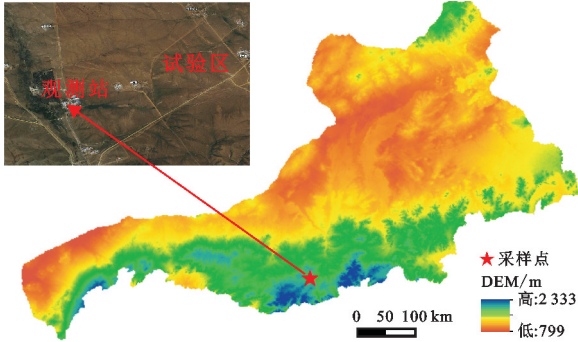


图1 研究区地理位置

Fig. 1 Geographic location map of the study area

1.2 试验小区布设与样品采集

试验小区布设根据中国农业行业载畜量标准和前人^[13]对内蒙古荒漠草原载畜率的研究结果,并结合研究区实际放牧情况,建立未放牧(CK, 0 羊单位/hm²)、轻度放牧(LG, 2 羊单位/hm²)、中度放牧(MG, 2 羊单位/hm²)和重度放牧(HG, 3 羊单位/hm²) 4 种放牧强度条件的监测小区。每种放牧强度 3 个重复,每个放牧小区面积为 100 m×100 m。

土壤样品采集于 2022 年 9 月。在 4 种放牧强度样地内采用“S”形采样法布设 5 个样点,采样前清除地面的枯枝落叶及腐殖质后,分别在 0—20 和 20—40 cm 土层取原状土,剔除土壤样品中明显的砂石、植物残体、根系等杂质,将每个土壤样品分为 2 份,1 份保存在 4 ℃ 进行理化分析,另 1 份装入 10 mL 无菌离心管中,低温保存用于后续测试分析。此外,在每个土层剖面采用小环刀切割未搅动的自然状态的土样,用于土壤容重的测定。本次试验共采集土壤样品 120 个。

1.3 土壤样品处理与测定

将采集的土样带回实验室,在实验室通风处自然风干后,土壤容重(SBD)采用环刀法^[14]测定;土壤 pH 使用土壤测速仪(JL—32)测定;土壤有机碳(TOC)采用德国耶拿公司生产的 multi N/C®3100C 分析仪测定;全氮(TN)测定采用 Foss 8400 全自动凯氏定氮仪测定;全磷(TP)使用全自动间断化学分析仪(Smart Chem 2000)测定,在上机前土壤样品需通过加入浓硫酸以及高温加热进行消解,消解后的消解液经过稀释,过滤后再上机测定;土壤颗粒粒径采用马尔文激光粒度仪(Mastersizer 3000)测定。

土壤微生物的 DNA 的提取是采用 CTAB 对样

本进行提取,之后利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度,取适量的样品于离心管中,使用无菌水稀释样品至 1 ng/μl。用 341F(5′—CCTAY-GGGRBGCASCAG—3′)和 806R(5′—GGACTAC-NNGGGTATCTAAT—3′)引物对 V3+V4 可变区进行 PCR 扩增。根据 PCR 产物浓度进行等量混样,充分混匀后使用 1×TAE 2% 浓度的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物,对目的条带使用 Universal DNA (TianGen, China) 纯化回收试剂盒进行回收。使用 NEB Next Ultra DNA Library Prep Kit 建库试剂盒进行文库构建,将构建好的文库使用安捷伦 5400 进行检测和 Q—PCR 定量;待文库合格后,使用 NovaSeq 6000 进行上机测序。以上工作均由深圳微科盟科技集团有限公司完成。

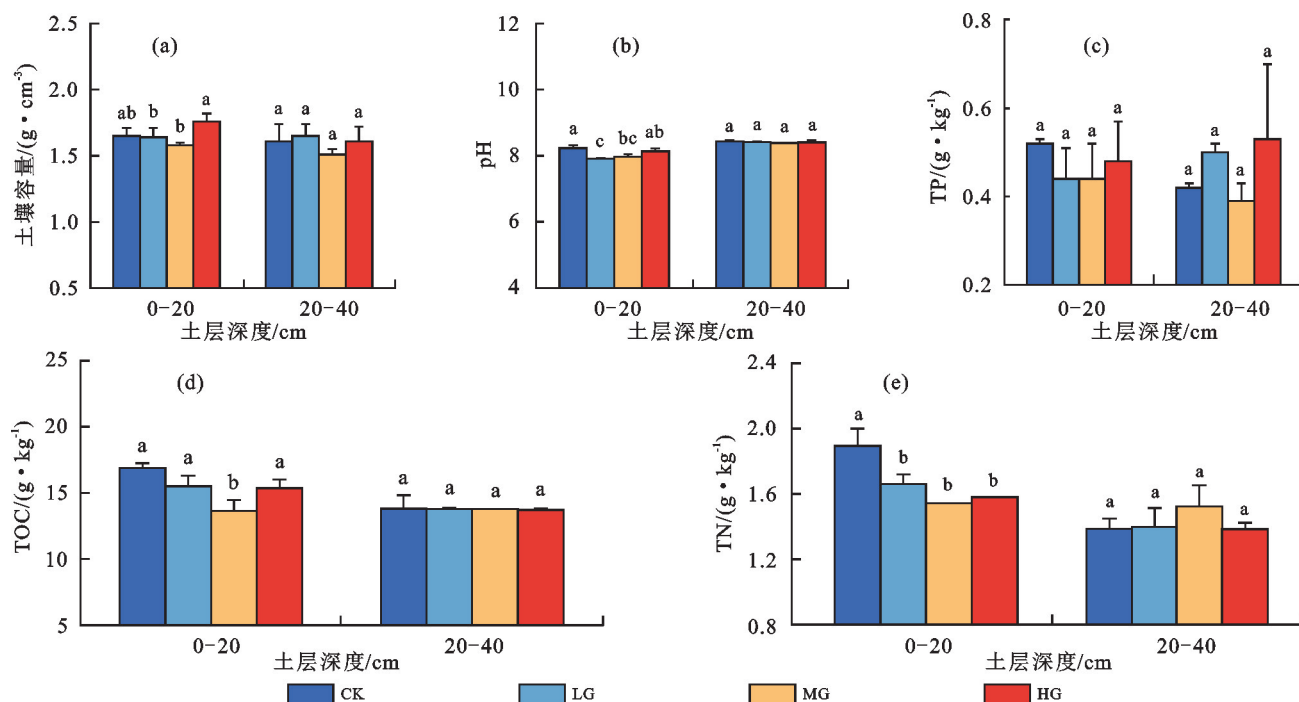
1.4 数据处理与统计分析

测序得到的原始数据进行 α 多样性指数及微生物群落组成等信息的计算、处理与分析。土壤理化性质数据采用 SPSS 26.0 软件(IBM, 美国)进行单因素方差分析(ANOVA)与多元线性回归分析。利用 Mantel 分析探讨土壤理化性质和微生物多样性以及群落组成之间的关系。基于 R project(MathSoft, 美国),利用 circlize、ggcor 和 ggplot 2 软件包进行微生物群落组成分析,以及影响土壤微生物群落结构的主控因素分析。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质变化特征

SBD、pH、TP、TN、TOC 含量分布特征见图 2。在 0—20 cm 土层,CK 条件下 SBD、pH、TP、TN 和 TOC 含量分别为 1.65 g/cm³, 7.76, 0.52, 1.89, 16.9 g/kg, 与 CK 相比, LG、MG 和 HG 条件下的 SBD、TP、TOC 无显著差异($p > 0.05$)。其中, HG 条件下的 SBD 含量最大,为 1.76 g/cm³。LG 和 MG 条件下 TP 含量最小,均为 0.44 g/kg。MG 条件下 TOC 含量最小,为 13.65 g/kg。与 CK 相比, LG、MG 和 HG 条件下的 pH、TN 含量具有显著差异($p < 0.05$), LG 和 MG 条件显著降低 pH($p < 0.05$),在 LG 条件下最小(pH=7.29)。LG、MG 和 HG 条件显著降低 TN 含量($p < 0.05$),在 MG 条件下最小(TN=1.55 g/kg)。在 20—40 cm 土层, SBD、pH、TP、TN 和 TOC 含量在 4 种放牧强度中均无显著差异($p > 0.05$)。总体上, 20—40 cm 土层土壤 pH 含量高于 0—20 cm 土层, TN 和 TOC 含量低于 0—20 cm 土层。



注:图柱上方的不同小写字母表示不同条件间的差异显著($p < 0.05$)。下同。

图 2 不同放牧强度不同土层土壤理化性质

Fig. 2 Physico-chemical properties of soil in different soil layers with different grazing intensities

由图 3 可知,研究区土壤颗粒以砂粒为主,4 种放牧强度下砂粒含量均 $> 40\%$ 。在 0—20 cm 土层,砂粒含量均由大到小依次为 $\text{LG} > \text{HG} > \text{CK} > \text{MG}$,其中,MG 条件的砂粒含量占比为 43%。黏粒含量

由大到小依次为 $\text{MG} > \text{HG} > \text{CK} > \text{LG}$,其中,MG 条件的黏粒含量占比为 31%。粉粒含量无明显变化。相比于 0—20 cm 土层,20—40 cm 土层的 4 种放牧强度下土壤颗粒含量变化不明显。

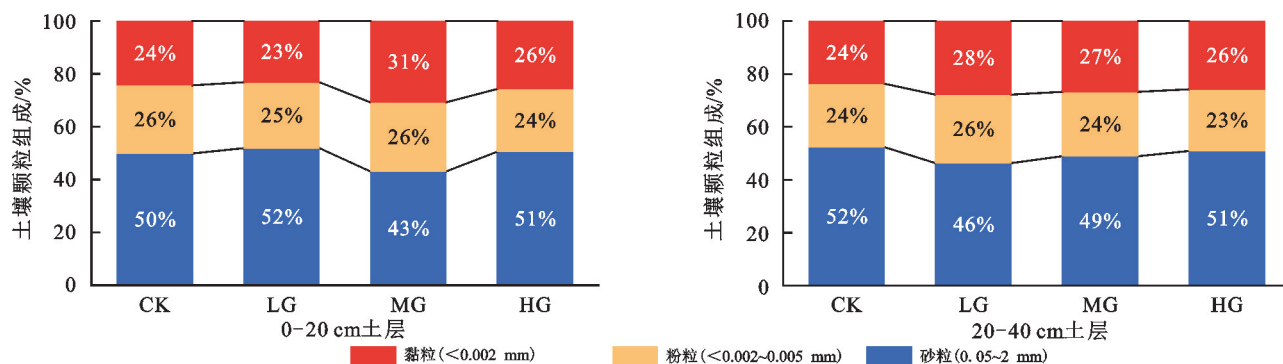


图 3 不同放牧强度不同土层土壤颗粒组成

Fig. 3 Soil particle composition in different soil layers with different grazing intensities

2.2 土壤微生物群落组成分析

选择门水平丰度排名前 10 的菌种对细菌与真菌群落组成的分析(图 4),放牧对土壤微生物群落组成的影响取决于微生物类群和土壤深度,不同深度土壤细菌和真菌群落组成对放牧强度的变化响应不同。在 0—20 cm 土层,3 种放牧强度细菌优势菌门均为放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)与酸杆菌门(Acidobacteria),4 类菌门占有所有土壤细菌群落总丰度的 78.2%~95.3%。相比于 CK, LG 条件下,放线菌门和绿弯

菌门的丰度显著增加($p < 0.05$); MG 显著降低 58.36% 的变形菌门丰度($p < 0.05$); HG 下酸杆菌门含量最高,占细菌总丰度的 13.22%。在 20—40 cm 土层,相比于 CK,放线菌门丰度随放牧强度增加有上升趋势,在 LG 条件下最大(67.98%),变形菌门丰度随放牧强度增加有下降趋势,但均未达到显著水平($p > 0.05$)。在真菌群落中,不同放牧强度不同土壤深度第一优势菌门皆为子囊菌门(Ascomycota),并在 20—40 cm 土层 CK 中最大(47.57%)。此外被孢霉菌门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)

cota)也同为优势菌门。与 CK 相比,LG 显著增加 0—20 cm 土层下子囊菌门的丰度($p<0.05$)。与 0—20 cm 土层土壤相比,20—40 cm 土层土壤中真菌群

落组成无显著变化($p>0.05$)。
总体上看,土壤真菌群落组成受放牧强度的影响低于土壤细菌群落。

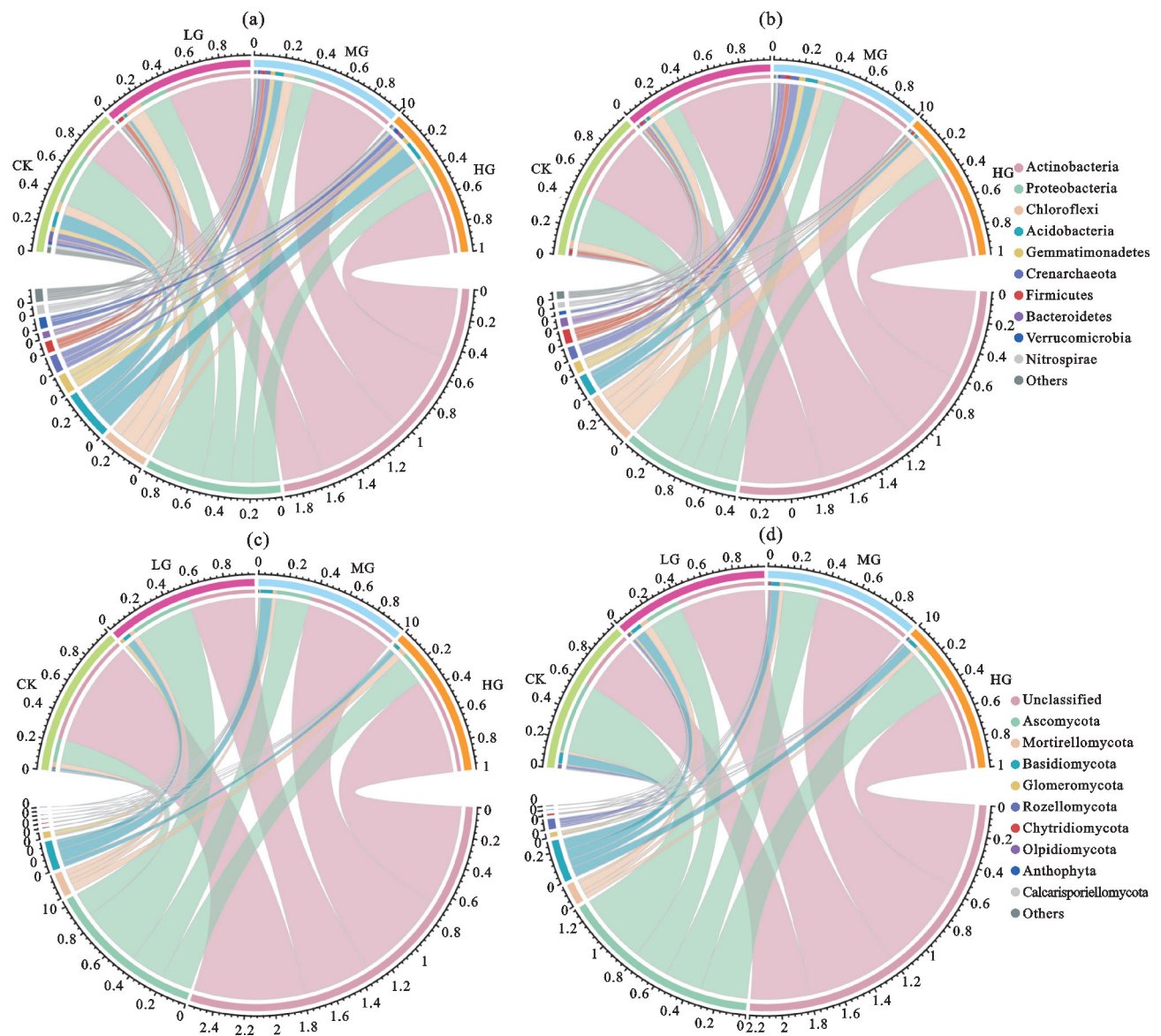


图 4 不同放牧强度不同土层门水平下土壤微生物群落组成

Fig. 4 Differences in soil microbial community composition in different soil layers under different grazing intensities at phylum level

2.3 土壤微生物多样性分析

微生物群落 α 多样性指数见表 1。在 0—20 cm 土层,与对照组 CK 相比,土壤细菌群落 α 多样性指数降低。其中,Shannon 指数最低值出现在 LG 中,为 9.15,Chao 1 指数在 LG 条件下出现最低值。在 20—40 cm 土层,土壤细菌中 2 种指数均呈先增高后降低趋势,且两者最大值均出现在 MG。在 0—20 cm 土层,土壤真菌 Shannon 指数随放牧强度呈先增加后减小趋势,在 MG 中出现最大值,为 6.08,而 Chao 1 指数最大值出现在 MG。在 20—40 cm 土层,土壤真菌 Shannon 指数和 Chao 1 指数均随着放牧强

度的增加而增加。总体来说,土壤细菌群落的 α 多样性高于土壤真菌群落的 α 多样性。放牧降低 0—20 cm 土层土壤细菌 α 多样性,增加 20—40 cm 土层土壤细菌 α 多样性。土壤真菌 α 多样 0—20 cm 土层低于 20—40 cm 土层。

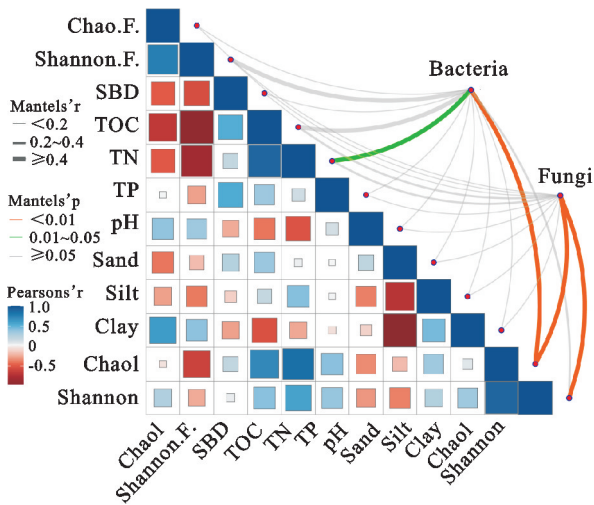
2.4 土壤微生物的影响因素分析

土壤微生物与环境因子相关性分析见图 5。Mantel 分析表明,土壤细菌群落组成与土壤 TN 含量呈显著相关($p<0.05$)。结果表明,影响土壤细菌多样性和群落组成的主要驱动因子为 TN。而相比于土壤细菌,土壤真菌受土壤理化影响较小。

表 1 不同放牧强度不同土层土壤微生物 α 多样性

Table 1 Soil microbial α-diversity in different soil layers with different grazing levels

土层深度/cm	放牧强度	细菌		真菌	
		Chao 1 指数	Shannon 指数	Chao 1 指数	Shannon 指数
0—20	CK	3 409±113a	10.61±0.36a	380±59a	4.46±0.36a
	LG	2 189±129a	9.15±0.19a	265±28a	5.53±0.51a
	MG	2 450±36a	9.89±0.08a	657±43a	6.08±1.12a
	HG	2 604±79a	9.95±0.13a	484±12a	5.37±0.77a
20—40	CK	1 346±189a	7.05±0.52a	420±17a	5.90±0.06a
	LG	2 002±105a	9.20±0.09a	506±9a	5.97±0.12a
	MG	2 397±47a	10.02±0.13a	707±15a	6.42±0.27a
	HG	2 196±86a	9.70±0.11a	792±26a	6.71±0.34a



注：Chao 1. F 和 Shannon. F 分别表示真菌群落 α 多样性，Chao 1 和 Shannon 表示细菌群落 α 多样性。

图 5 细菌与真菌门水平丰度排名前 10 的菌种与土壤微生物 α 多样性和土壤理化性质的 Mantel 分析

Fig. 5 Mantel analysis of the top ten bacterial and fungal phylum-level abundances in relation to soil microbial alpha diversity and soil physicochemical properties

由图 5 可知，在所测得的土壤理化性质中，分别筛选与土壤细菌多样性相关性较高的 TN 因子和与土壤真菌多样性相关性较高的土壤 SBD、TN 与 TOC 因子进行多元线性回归分析。由表 2 可知，土壤 TN 含量对土壤细菌多样性的动态变化解释程度为 23.3%。土壤 SBD、TN、TOC 含量对土壤真菌多样性的动态变化解释程度为 76.9%，土壤 SBD、TN、TOC 是影响土壤真菌多样性的主要因子。

表 2 多元回归分析结果

Table 2 Results of multiple regression analysis

类型	多元线性回归方程	R ²
细菌	$y_1 = 3.618x_1 + 3.859$	23.3%
真菌	$y_2 = -1.50x_1 - 0.262x_2 - 2.336x_3 + 15.738$	76.9%

注：x₁ 为全氮含量；x₂ 为有机碳含量；x₃ 为土壤容重含量。

3 讨论

3.1 放牧强度与土壤深度对土壤微生物的影响

土壤环境受放牧强度与土层深度的影响，从而影响土壤微生物群落结构的组成和丰富度。已有研究^[15]表明，氮素增加显著影响细菌群落结构，提高富营养型细菌类群的相对丰度，降低贫营养型细菌丰度；酸杆菌门的相对丰度随着 pH 的降低而增加；子囊菌门适宜在高肥力的土壤环境中生长，且其相对丰度随磷肥的施入而升高。本研究发现，在 0—20 cm 土层，放牧增加放线菌门的相对丰度，减少富营养型细菌变形菌门的相对丰度，表明在不同放牧强度下，不同土层细菌优势菌门的相对丰度会发生变化，与前人^[16]研究相似。吕睿等^[17]研究发现，放线菌门与土壤肥力，植被覆盖度等呈正相关，此外，黄土高原碱性土壤中的主要优势菌门为放线菌门，而本研究发现，相比于 CK 组，不同放牧强度均增加放线菌门相对丰度，是由于荒漠草原地区土壤含水量低且太阳辐射强度大，造成一定程度上土壤营养物质含量减少且草原地表植被覆盖度低。而放线菌是一种需氧菌其生存环境略干燥，菌丝体具有较强的抗干燥能力；其产生的孢子能够抵抗外界不利的环境条件，使其成为优势菌群；其次，放线菌门具有能够对木质素和纤维素进行分解的能力^[18]，为土壤微生物的生长提供更多的营养物质。此外，本研究发现，放牧影响下酸杆菌门，绿弯菌门相对丰度均有所增加，是因为酸杆菌具有很强的适应能力，酸杆菌被认为是土壤中持久性最高的优势门之一。而绿弯菌为光能自养细菌，属于寡营养型细菌，具有较强的耐贫瘠与抗旱性能力^[19]。

土壤真菌是土壤生态系统中的重要分解者，在土壤生态系统中发挥着养分转化、土壤聚集、分解枯落物等重要作用。门分类水平上，子囊菌门、被孢霉菌门和担子菌门为所有样地土壤中的优势真菌门类，与前人^[20]研究结果基本一致。在本研究中，放牧显著增加

0—20 cm 土层土壤深度子囊菌门($p < 0.05$),是因为子囊菌门具有较高的进化速度,可更快适应环境的变化。此外,子囊菌门是土壤中主要的分解者,能够分解土壤中木质素和角质素等难降解的有机质,是养分循环和能量流动的主要驱动力^[21]。总体来说,放牧影响下土壤细菌群落丰度变化高于土壤真菌群落,可能是因为真菌类群比细菌类群更容易通过菌丝生长获得植物和土壤的养分,从而降低放牧对其产生的负面影响。

一些研究^[22]表明,轻度或中度放牧对土壤表层细菌和真菌多样性均有正向影响。本研究发现,在 0—20 cm 土层, LG 和 MG 条件下土壤真菌多样性具有增加趋势,此效应在 HG 下消失。而 0—20 cm 土层土壤细菌多样性却呈降低趋势,与一些研究^[23]结果并不一致。可能是因为家畜种类和放牧强度设置的差异。一般来说,由于不同家畜的饮食偏好、放牧季节和放牧强度的不同,导致不同家畜对植物群落、土壤碳分配和微生物的影响是不同的,进而对土壤微生物群落影响也不同。也有可能是因为放牧造成土壤基质的减少,从而导致细菌微生物多样性降低。此外放牧增加 20—40 cm 土层土壤细菌真菌多样性,可能是由于放牧导致土壤微生物类群间竞争作用减少,允许更多的微生物类群共存^[24]。

3.2 土壤微生物的主控因素分析

土壤理化性质在塑造微生物群落方面发挥着重要作用。适度的放牧能刺激植物生物量向地下重新分配,有助于保持土壤水分和促进植物根系生长并增加植物根系分泌物,从而提高土壤微生物的丰度和多样性^[25]。然而,过度放牧导致的家畜践踏、啃食植被和排泄等行为改变草原植被覆盖度与土壤理化性质,形成不利于微生物生存的环境。本研究通过 Mantel 分析与多元线性回归分析发现,土壤理化性质中氮素含量是影响土壤中微生物群落的关键环境要素。与已有研究^[26]结果有所不同,其认为土壤 pH 是影响土壤微生物群落组成的最重要因素。此差异一方面是源于研究区气候环境与土壤质地等因素的差异;另一方面,源于家畜践踏、啃食植被以及排泄行为对土壤 TN 含量影响显著,使氮素成为影响土壤中微生物群落的关键环境要素。相关研究^[27]表明,氮素可直接影响微生物生物量,例如,氮富集在未放牧草地上具有正向效应,而在放牧草地上具有负向效应,说明氮富集引起的微生物生物量变化与环境因素密切相关。因此,本研究区的环境特点使得 TN 成为导致土壤微生物群落组成和多样性变化的主要原因。此外,本研究还发现,土壤微生物丰度与 TOC 含量呈正相关,与他人^[28]研究结果一致。

4 结论

(1)放牧强度对 0—20 cm 土层土壤理化性质有显著影响($p < 0.05$)。而 20—40 cm 土层土壤理化性质受放牧强度影响较小。

(2)放牧降低 0—20 cm 土层细菌群落的丰度和多样性,提高 20—40 cm 土层土壤细菌群落的丰度与多样性,中度放牧下增加幅度最大。

(3)轻度和中度放牧增加 0—20 cm 土层真菌群落的丰度与多样性,但在 20—40 cm 土层,放牧对土壤真菌群落的丰度与多样性无显著影响($p > 0.05$)。

(4)放牧引起的土壤全氮的变化是改变内蒙古荒漠草原土壤微生物多样性和群落组成的主要驱动因素。

(5)适度放牧增加荒漠草原土壤微生物多样性和丰度。

参考文献:

- [1] NOTTINGHAM A T, FIERER N, TURNER B L, et al. Microbes follow Humboldt: Temperature drives plant and soil microbial diversity patterns from the amazon to the andes[J]. The Bulletin of the Ecological Society of America, 2019, 100(1): e01452.
- [2] ZHANG Y, LI J, TAN J, et al. An overview of the direct and indirect effects of acid rain on plants: Relationships among acid rain, soil, microorganisms, and plants [J]. Science of The Total Environment, 2023, 873: e162388.
- [3] ZHANG T A, CHEN H Y H, RUAN H H. Global negative effects of nitrogen deposition on soil microbes [J]. The ISME Journal, 2018, 12: 1817-1825.
- [4] CHENG Y T, XU G C, WANG X K, et al. Contribution of soil aggregate particle size to organic carbon and the effect of land use on its distribution in a typical small watershed on Loess Plateau, China [J]. Ecological Indicators, 2023, 155: e110988.
- [5] JING L H, MIPAM T D, AI Y, et al. Grazing intensity alters soil microbial diversity and network complexity in alpine meadow on the Qinghai-Tibet Plateau [J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2023, 353: e108541.
- [6] CHEN D M, SALEEM M, CHENG J H, et al. Effects of aridity on soil microbial communities and functions across soil depths on the Mongolian Plateau [J]. Functional Ecology, 2019, 33(8): 1561-1571.
- [7] WANG J, XIAO Y M, WANG B, et al. Different effects of long-term grazing exclusion and growth stages on soil fungi and bacteria in an alpine steppe on the Qinghai-Tibetan Plateau [J]. Global Ecology and Conservation, 2023, 47: e02641.
- [8] PREM E M, REITSCHULER C, ILLMER P. Live-stock grazing on alpine soils causes changes in abiotic

- and biotic soil properties and thus in abundance and activity of microorganisms engaged in the methane cycle [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2014, 62: 22-29.
- [9] MAESTRE F T, BENITO B M, BERDUGO M, et al. Biogeography of global drylands [J]. *New Phytologist*, 2021, 231(2): 540-558.
- [10] 徐国策, 赵超志, 熊萍, 等. 土地利用和景观格局对秦岭典型流域水质时空变化的影响 [J]. *西北水电*, 2023(4): 1-7.
XU G C, ZHAO C Z, XIONG P, et al. Impact of land use and landscape pattern on spatial-temporal change of water quality in typical watersheds of Qinling mountains [J]. *Northwest Hydropower*, 2023(4): 1-7.
- [11] GAO J J, CARMEL Y. A global meta-analysis of grazing effects on plant richness [J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2020, 302: e107072.
- [12] YANG X, ZANG J Y, FENG J L, et al. High grazing intensity suppress soil microorganisms in grasslands in China: A meta-analysis [J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 177: e104502.
- [13] 杨雅楠, 杨振奇, 郭建英. 放牧强度对荒漠草原植被、土壤及其侵蚀特征的影响 [J]. *水土保持通报*, 2022, 42(4): 66-73.
YANG Y N, YANG Z Q, GUO J Y. Effects of grazing intensity on features of vegetation, soil and its erosion in a steppe desert [J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2022, 42(4): 66-73.
- [14] KOIODZIEJ B, BRYK M, ANTONKIEWICZ J. Temporal and spatial variability of physical and chemical properties in reclaimed soil after sulphur borehole mining [J]. *Soil and Tillage Research*, 2024, 237: e105980.
- [15] YANG Y, ZHANG Y E, YU X X, et al. Soil microorganism regulated aggregate stability and rill erosion resistance under different land uses [J]. *Catena*, 2023, 228: e107176.
- [16] 张彬, 刘满强, 钱刘兵, 等. 土壤微生物群落抵抗力和恢复力研究进展 [J]. *生态学报*, 2023, 43(14): 5674-5685.
ZHANG B, LIU M Q, QIAN L B, et al. Resistance and resilience of soil microbial communities: Progress and perspective [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(14): 5674-5685.
- [17] 吕睿, 常帆, 张兴昌, 等. 黄土高原土壤细菌和真菌群落结构及其多样性对菌糠有机肥响应机制研究 [J]. *环境生态学*, 2022, 4(增 1): 40-49.
LÜ Z, CHANG F, ZHANG X C, et al. Study on the response mechanism of soil bacterial and fungal community structure and diversity to mushroom bran organic fertilizer in Loess Plateau [J]. *Environmental Ecology*, 2022, 4(S1): 40-49.
- [18] WANG Y, LUO X X, ZHANG L L. Draft genome sequence of *glycomyces fuscus* TRM 49117, isolated from a hypersaline soil sample [J]. *Genome Announcements*, 2017, 5(50): e01258.
- [19] GONCALVES O S, SANTANA M F. The coexistence of monopartite integrative and conjugative elements in the genomes of acidobacteria [J]. *Gene*, 2021, 777: e145476.
- [20] LIU C, WANG S N, YAN J, et al. Soil fungal community affected by regional climate played an important role in the decomposition of organic compost [J]. *Environmental Research*, 2021, 197: e111076.
- [21] 张蕾, 王强, 杨新月, 等. 黄土丘陵区退耕还林对土壤真菌群落的影响 [J]. *环境科学*, 2023, 44(3): 1758-1767.
ZHANG L, WANG Q, YANG X Y, et al. Effect of the process of returning farmland to forest in the loess hilly area on soil fungal communities [J]. *Environmental Science*, 2023, 44(3): 1758-1767.
- [22] 许延琴, 周冰倩, 刘隋赞, 等. 模拟氮沉降对土壤酶活性和微生物组成的影响 [J]. *生态学报*, 2023, 43(20): 8417-8429.
XU Y Q, ZHOU B Q, LIU S Y H, et al. Effects of simulated nitrogen deposition on soil enzyme activity, microbial community composition and stoichiometric characteristics of short-term enclosed grassland around Urumqi [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(20): 8417-8429.
- [23] WU Y, CHEN D M, DELGADO-BAQUERIZO M, et al. Long-term regional evidence of the effects of livestock grazing on soil microbial community structure and functions in surface and deep soil layers [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 168: e108629.
- [24] XU H W, YOU C M, TAN B, et al. Effects of livestock grazing on the relationships between soil microbial community and soil carbon in grassland ecosystems [J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 881: e163416.
- [25] WILSON C H, STRICKLAND M S, HUTCHINGS J A, et al. Grazing enhances belowground carbon allocation, microbial biomass, and soil carbon in a subtropical grassland [J]. *Global Change Biology*, 2018, 24(7): 2997-3009.
- [26] KERFAHI D, GUO Y P, DONG K, et al. pH is the major predictor of soil microbial network complexity in Chinese forests along a latitudinal gradient [J]. *Catena*, 2024, 234: e107595.
- [27] MUNKAGER V, ALTENBURGER A, PRIEM A, et al. Soil microorganisms decrease barley biomass uniformly across contrasting nitrogen availability [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2021, 104: e103311.
- [28] XUN W B, YAN R R, REN Y, et al. Grazing-induced microbiome alterations drive soil organic carbon turnover and productivity in meadow steppe [J]. *Microbiome*, 2018, 6(1): e170.