

DOI: 10.11829/j.issn.1001-0629.2019-0073

周广帆, 杨殿林, 秦洁, 李青梅, 赵建宁. 丹江口水源涵养区退耕还草对土壤微生物和线虫群落的影响. 草业科学, 2019, 36(11): 2796-2805.

ZHOU G F, YANG D L, QIN J, LI Q M, ZHAO J N. Effects of the conversion of cropland to grassland on soil microbial and nematode communities in the Danjiangkou water source conservation area. Pratacultural Science, 2019, 36(11): 2796-2805.

丹江口水源涵养区退耕还草对土壤微生物和线虫群落的影响

周广帆^{1,2,3}, 杨殿林^{1,2}, 秦洁^{1,2}, 李青梅^{1,2}, 赵建宁^{1,2}

(1. 农业农村部环境保护科研监测所, 天津 300191; 2. 农业农村部产地环境污染防治重点实验室 / 天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191; 3. 沈阳农业大学园艺学院, 辽宁 沈阳 110866)

摘要: 研究丹江口水源涵养区退耕还草土壤微生物和线虫群落变化特征及相互作用机制, 为全面分析和评估退耕还草土壤生态效应提供基础数据, 也为库区生态环境保护和土地可持续利用提供科学的依据。2017年9月, 在丹江口水源涵养区上游选取退耕种植3年紫花苜蓿 (*Medicago sativa*) 草地作为退耕还草的代表样地, 以相邻未退耕的玉米 (*Zea mays*) 田为对照, 比较分析退耕还草土壤微生物和线虫群落变化及其相互作用。结果表明, 退耕还草改变了土壤微生物群落结构和多样性, 0-10和10-20 cm土层中微生物群落磷脂脂肪酸总量分别显著提高了59.13%和62.58% ($P < 0.05$)。土壤微生物与土壤有机碳、全氮和硝态氮极显著正相关 ($P < 0.01$), 与土壤pH和C/N显著负相关 ($P < 0.05$)。土壤微生物和土壤线虫相互作用, 土壤革兰氏阴性菌与土壤食细菌线虫显著负相关 ($P < 0.05$), 与食真菌线虫显著正相关 ($P < 0.05$), 土壤食微线虫结构改变。土壤微生物中革兰氏阴性菌与土壤线虫富集指数和结构指数显著正相关 ($P < 0.05$)。退耕还草土壤微食物网结构发生分异, 土壤线虫对土壤微食物网结构稳定性贡献更大。

关键词: 土壤微生物群落结构; 土壤线虫; 磷脂脂肪酸; 微食物网; 退耕还草

中图分类号: S154

文献标志码: A

文章编号: 1001-0629(2019)11-2796-10

Effects of the conversion of cropland to grassland on soil microbial and nematode communities in the Danjiangkou water source conservation area

ZHOU Guangfan^{1,2,3}, YANG Dianlin^{1,2}, QIN Jie^{1,2}, LI Qingmei^{1,2}, ZHAO Jianning^{1,2}

(1. Agro-environment Protection Institute Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin 300191, China;

2. Key Laboratory of Original Agro-environment Quality of Ministry of Agriculture / Tianjin Key Laboratory of Agro-environment and Agro-product Safety, Tianjin 300191, China;

3. College of Horticulture, Shenyang Agriculture University, Shenyang 110866, Liaoning, China)

Abstract: Studying the changes in characteristics and mechanisms of interaction between the soil microbial and nematode communities resulting from the conversion of cropland to grassland in the Danjiangkou water conservation area can provide primary data for comprehensive analysis and evaluation of the ecological effect of soil. Additionally, this can offer a scientific basis for the regional ecological environmental protection and sustainable land use. In September 2017, we chose three representative Alfalfa (*Medicago sativa*) grasslands (three years) for the conversion of cropland to grassland. The plots are located upstream of the Danjiangkou water conservation area. We also chose an uncultivated maize (*Zea mays*) field as

收稿日期: 2019-01-28 接受日期: 2019-05-05

基金项目: 国家自然科学基金 (41877343); 中国农业科学院科技创新工程协同创新任务 (CAAS-XTX2016015)

第一作者: 周广帆 (1992-), 女, 河南鹤壁人, 在读硕士生, 研究方向为草地资源利用与生态。E-mail: zhouguangfan2016@outlook.com

通信作者: 杨殿林 (1965-), 男, 内蒙古呼伦贝尔人, 研究员, 博士, 研究方向为农业生态及生物多样性。E-mail: yangdianlin@caas.cn

the control. In this study, we examined the effects of the conversion of farmland to grassland on the microbial organisms present in the soil and the interactions between the soil microbial and nematode communities. The results showed that the soil microbial community structure changed greatly after the cropland was converted into grassland in the Danjiangkou water source conservation area. The amount of total microbial phospholipid fatty acids in the 0 – 10 and 10 – 20 cm soil layers increased significantly by 59.13% and 62.58%, respectively ($P < 0.05$). The soil organic carbon, total nitrogen, and nitrate nitrogen contents had a positive correlation with the total phospholipid fatty acids (PLFAs) ($P < 0.01$), whereas, the soil pH and C/N negatively correlated with the total PLFAs ($P < 0.05$). As the main components of the soil micro-food web, there is an interaction between the nematodes and the microbial community. The soil G^- bacteria had a negative relationship with the abundance of bacterivores ($P < 0.05$), and a positive correlation with the abundance of fungivores ($P < 0.05$). Moreover, a significant positive correlation was observed between the G^- bacteria and nematode ecological index (EI and SI) ($P < 0.05$). This study indicated that the conversion of cropland to grassland changed the micro-food web structure, and soil nematode contributed more to the stability of the soil micro-food web.

Keywords: soil microbial community structure; soil nematode; microbial phospholipid fatty acids; soil micro-food web; the conversion of cropland to grassland

Corresponding author: YANG Dianlin E-mail: yangdianlin@caas.cn

退耕还草是我国重大的生态建设工程。退耕还草后土壤团聚体稳定性增加, 土壤结构改善^[1], 土壤微生物和线虫群落结构改变^[2-4], 土壤固碳效益提高^[5], 土壤生态系统功能得以可持续发展^[6]。

土壤微生物在物质循环和能量流动过程中起重要作用, 其群落结构和多样性与土壤生态系统稳定性关系密切^[7-8]。土壤微生物群落结构在不同土地利用类型之间存在着明显的差异^[9], 植被类型影响微生物群落碳源利用能力^[10], 种植豆科植物可以增加土壤微生物生物量^[11], 退耕还草可以改变土壤微生物群落特征^[12]。土壤线虫常被用作指示土壤食物网状况和土壤健康的后生动物^[13-14], 不同的土地利用方式和植被类型改变土壤线虫的群落结构^[15-18]。土壤微生物和土壤线虫之间的相互作用构成了土壤微食物网最重要的一部分, 影响土壤有机质分解和养分循环^[19], 从而调节土壤生态系统功能^[20]。

丹江口水源涵养区位于南北气候分界的过渡地带, 是南水北调中线工程核心水源区、国家级生态示范区和鄂西北国家级重点生态功能保护区, 也是国家集中连片特殊困难地区。丹江口水源涵养区生态环境脆弱, 80% 以上土地属于土石山区和丘陵沟壑区。频繁的人类活动造成了土地退化, 退耕还草是其进行生态保护的重要举措。目前针对丹江口水源涵养区的研究大多集中于水土流失, 鲜有土壤生态效应相关报道。为此, 研

究丹江口水源涵养区退耕还草土壤微生物和线虫群落变化特征, 探讨土壤微生物和土壤线虫群落相互作用机制, 可为全面分析和评估水源涵养区退耕还草的土壤生态效应提供基础数据, 也为库区生态环境保护和土地可持续利用提供科学的依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况及试验设计

试验区位于湖北省十堰市郧阳区, 隶属秦巴山区, 地处 $32^{\circ}25' - 33^{\circ}16' N$, $110^{\circ}07' - 111^{\circ}16' E$, 亚热带大陆性季风气候, 年均气温 $15.4^{\circ}C$, 年均降水量 $769.6 mm$, 无霜期 $244 \sim 255 d$ 。在研究区内选取 3 个具有代表性的退耕 3 年的紫花苜蓿 (*Medicago sativa*, MS) 草地作为退耕样地, 每块退耕样地均选取相邻 ($< 10 m$) 长期种植玉米 (*Zea mays*, ZM) 的农田作为对照, 土壤类型为泥质岩黄棕壤。样地海拔高度、坡向坡位基本一致。紫花苜蓿地和玉米农田均按常规管理: 紫花苜蓿年刈割 4 次, 玉米收获后秸秆不还田, 紫花苜蓿地施肥量为 $N 120 kg \cdot hm^{-2}$, $P_2O_5 75.0 kg \cdot hm^{-2}$; 玉米田施肥量为 $N 315 kg \cdot hm^{-2}$, $P_2O_5 100 kg \cdot hm^{-2}$ 。

1.2 土壤样品采集

2017 年 9 月, 在每个取样区各布设 6 个 $10 m \times 10 m$ 的样方, 按照“等量、多点、混合”的原则, 每

个样方内按“S”形选取 10 个采样点，用内径为 5 cm 的土钻，按 0 – 10 和 10 – 20 cm 分层取样，四分法混匀后取 1 kg 左右的新鲜土样放入无菌自封袋内，及时放入 4 ℃ 冰盒带回，共 72 份土壤样品。将土样分成 3 份，一份于室内自然风干待测土壤理化，一份土样保存于-70 ℃ 冰箱待测土壤微生物，一份新鲜土样用于土壤线虫的分离鉴定。

1.3 土壤微生物磷脂脂肪酸的测定分析

土壤微生物磷脂脂肪酸的提取与分析采用 Bligh-Dyer 法^[21]：取保存于-70 ℃ 超低温冰箱内的土壤样品在冷冻干燥机内进行冻干处理；取 3 g 冻干土于特氟龙离心管，加单相提取剂(氯仿：甲醇：柠檬酸 = 1：2：0.8) 水平震荡离心提取总脂，加缓冲液过夜保存，提取下层氯仿相，氮气吹干；经氯仿活化的 SPE 柱收集磷脂，氮气吹干；将所得磷脂加入甲醇甲苯混合液(1：1) 进行甲酯化，氮气吹干，用正己烷溶解后保存于样品瓶内，然后采用 HP6890 气相色谱-HP5973 质谱联用仪(GC-MS) 进行分析。测定时，以十九烷酸甲酯(19:00) 作为内标，脂肪酸的定量方法采用峰面积和内标曲线法。然后根据不同微生物群落磷脂脂肪酸的分子结构和基团位置，可将其分为放线菌、细菌、革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌和真菌^[22]。细菌总量以细菌、革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌加和表示，土壤微生物 PLFAs 总量以检测得到的特征脂肪酸加和表示(表 1)。

1.4 土壤线虫鉴定与群落分析

土壤线虫分离采用浅盘法^[23]：分离 – 过筛 – 冲洗后，加入固定液保存，在解剖镜和体式显微镜

下分别进行计数和鉴定。鉴定参照 Bongers 的分类图^[24] 和尹文英^[25] 《中国土壤动物检索图鉴》利用形态学方法鉴定。土壤线虫数量折算成每百克干土中含有的线虫条数。在分析土壤线虫群落时，可根据线虫取食生境和线虫形态学特征将土壤线虫分为食细菌类群(bacterivores, Ba)、食真菌类群(fungivores, Fu)、植物寄生类群(plant parasites, Pp)、捕/杂食类群(predators/omnivores, Op)^[26]，营养类群均按相对丰度计算。群落结构指数使用通路指数(nematode channel ratio, NCR)、富集指数(enrichment index, EI)、结构指数(structure index, SI) 来表示^[27]。

土壤理化采用实验室常规方法测定^[28]。

1.5 数据分析

退耕样地与未退耕样地之间的土壤微生物群落显著性差异(*t* 检验, $P < 0.05$) 采用 SPSS17.0 分析，用平均值和标准误表示测定结果，运用 OriginPro 9.1 软件作图；土壤微生物与土壤理化因子和土壤线虫群落之间采用 Pearson 相关性分析；退耕还草微食物网结构差异分析采用主成分分析，土壤理化因子、土壤微生物和土壤线虫群落三者之间关系采用冗余分析，用 Canoco 5 软件作图。

2 结果

2.1 退耕还草土壤微生物群落变化

退耕还草土壤微生物群落组成发生改变。退耕种植紫花苜蓿草地中，共检测出 44 种生物标记的特征磷脂脂肪酸，在对照玉米田中，仅检测到

表 1 表征微生物类群的磷脂脂肪酸标记物
Table 1 PLFA biomarkers characteristic of the soil microbial groups

微生物类型 Microbial group	特征磷脂脂肪酸 Characteristics of phospholipid fatty acids
放线菌 Actinomycetes	10Me18:0, 10Me19:0
细菌 Bacteria	11:0, 11:1 ω 1, 11Me19:0, 11Me20:0, 12:0, 14Me18:0, 15:0, 16:0, 17:0, 17:1 ω 7c, i17:1 ω 5c, 18:0, 18:1 ω 7, 18:1 ω 8, 18:1 ω 11, 18:1 ω 10t, 18:2 ω 7,10, 19:0, 19:1 ω 9, 20:5 ω 3,6,9, 24:3,11,14,17
革兰氏阳性菌 Gram-positive bacteria	i14:0, a15:0, i16:0, a17:0, i17:0, 18:1 ω 10, i18:0, i19:0
革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	16:1 ω 9c, 16:1 ω 7c, 18:1 ω 5c, 18:1 ω 5t, 18:1 ω 7c, 18:1 ω 9t, 19:1 ω 9c, 20:1 ω 7c, 20:1 ω 9c, cy17:0, cy19:0
真菌 Fungi	16:1 ω 5, 18:1 ω 5, 18:1 ω 9, 18:1 ω 9c, 18:2 ω 6,9

42 种特征磷脂脂肪酸。在与未退耕农田相比，退耕种植紫花苜蓿增加了土壤微生物群落磷脂脂肪酸含量。0 – 10 cm 土层中，土壤微生物 PLFAs 的总量增加了 59.13% ($P < 0.05$)，放线菌 PLFAs 含量增加了 64.35% ($P < 0.05$)，细菌 PLFAs 含量增加 64.34% ($P < 0.01$)，真菌 PLFAs 含量增加 135.19% ($P < 0.01$)，革兰氏阳性菌 PLFAs 含量增加 68.88% ($P < 0.05$)，革兰氏阴性菌 PLFAs 含量增加 85.83% ($P < 0.01$)；10 – 20 cm 土层中，土壤微生物 PLFAs 的总量增加了 62.58% ($P < 0.05$)，真菌 PLFAs 含量增加 100.00% ($P < 0.05$)，革兰氏阳性菌 PLFAs 含量增加 71.05% ($P < 0.05$)，细菌 PLFAs、放线菌 PLFAs 和革兰氏阴性菌 PLFAs 含量分别增加 52.18%、48.62% 和 57.92%，但均未达显著差异 ($P > 0.05$) (图 1)。在退耕还草样地和未退耕农田中，均以细菌 PLFAs 含量占比最高，土壤中真菌 PLFAs 含量增长较快，真菌/细菌比值有增加趋势，但未达显著性差

异，退耕还草对土壤真菌群落的影响高于细菌群落 (图 1)。

2.2 退耕还草条件下土壤微生物与理化因子之间的关系

退耕还草土壤微生物群落特征脂肪酸含量与土壤理化因子存在显著相关关系 ($P < 0.05$)。土壤放线菌、细菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、微生物 PLFAs 总量与土壤含水量、硝态氮极显著正相关 ($P < 0.01$)，与土壤 pH 和 C/N 比极显著负相关 ($P < 0.01$)；土壤真菌 PLFAs 与土壤 C/N 比显著负相关 ($P < 0.05$)；土壤放线菌、细菌、革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、真菌和微生物 PLFAs 总量与土壤有机碳和全氮含量极显著正相关 ($P < 0.01$) (表 2)。F/B 与土壤含水量显著负相关 ($P < 0.05$)，与土壤 pH 显著正相关，与土壤有机碳、全氮、硝态氮含量极显著负相关 ($P < 0.01$)。

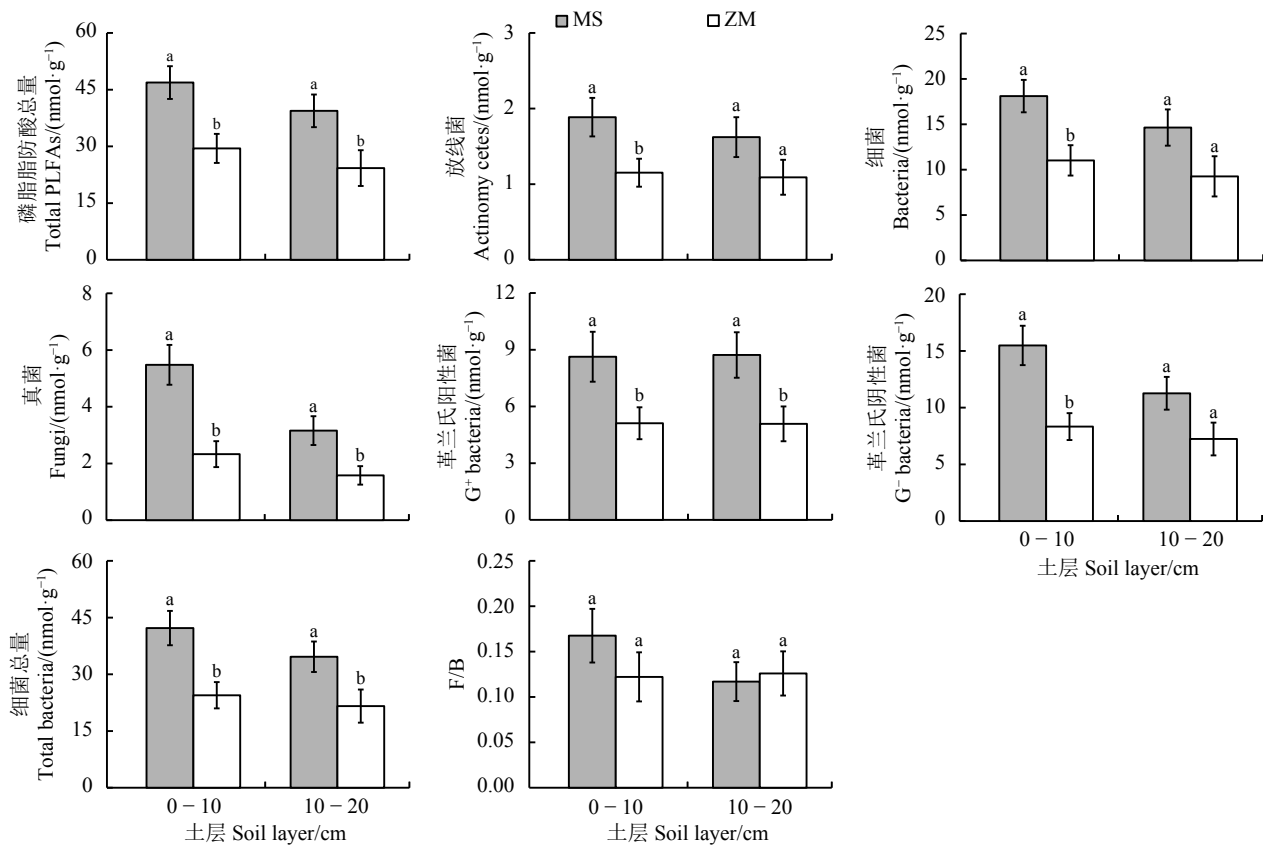


图 1 退耕还草土壤微生物 PLFAs 特征

Figure 1 Phospholipid fatty acid (PFLA) characteristics of the soil microbes during the conversion of cropland to grassland
MS 表示紫花苜蓿田，ZM 表示玉米田，下图同。同一土层不同字母表示不同植被类型间差异显著 ($P < 0.05$)。
MS and ZM are alfalfa and maize filed, respectively, similarly for the following figures. Different lowercase letters within the same soil depth indicate significant difference between different vegetations at the 0.05 level.

2.3 退耕还草土壤微生物和土壤线虫群落的相互作用

退耕还草土壤微生物群落和土壤线虫群落相互作用。土壤微生物 PLFAs 含量与土壤线虫数量之间极显著正相关 ($P < 0.01$), 其中革兰氏阴性菌与食细菌线虫负相关 ($P < 0.05$), 与食真菌线虫正相关 ($P < 0.05$)。细菌总量与通路指数显著负相关 ($P <$

0.05)。革兰氏阴性菌与通路指数极显著负相关 ($P < 0.01$), 与土壤线虫富集指数和结构指数显著正相关 ($P < 0.05$) (表 3)。

2.4 退耕还草土壤环境因子变化对土壤微食物网的影响

主成分分析表明, 退耕还草以土壤微生物和土壤线虫群落为主的土壤微食物网结构发生明显的变

表 2 土壤微生物群落与土壤理化因子的相关性
Table 2 Correlation between the soil microbial community and soil physical and chemical factors

指标 Parameter	土壤含水量 Soil water content	pH	有机碳 Organic carbon	全氮 Total N	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N	有效磷 Available P	碳/氮 C/N
放线菌 Actinomycetes	0.391**	-0.616**	0.479**	0.612**	0.040	0.529**	-0.075	-0.521**
细菌 Bacteria	0.478**	-0.558**	0.452**	0.612**	-0.059	0.484**	-0.043	-0.594**
革兰氏阳性菌 G ⁺ bacteria	0.334**	-0.418**	0.650**	0.782**	0.164	0.559**	-0.167	-0.545**
革兰氏阴性菌 G ⁻ bacteria	0.371**	-0.509**	0.665**	0.738**	0.160	0.454**	-0.127	-0.436**
细菌总量 Total bacteria	0.435**	-0.537**	0.613**	0.752**	0.073	0.540**	-0.113	-0.581**
真菌 Fungi	0.194	-0.161	0.324**	0.366**	0.092	0.233*	0.005	-0.249*
总 PLFAs Total PLFAs	0.423**	-0.552**	0.624**	0.764**	0.086	0.548**	-0.083	-0.599**
真菌/细菌 F/B	-0.251*	0.300*	-0.311**	-0.368**	-0.037	-0.322**	-0.033	0.231

**表示极显著相关($P < 0.01$), *表示显著相关($P < 0.05$)。下同。
** indicate extremely significant correlation at the 0.01 level, and * indicate significant correlation at the 0.05 level; similarly for the following tables.

表 3 土壤微生物群落与土壤线虫的相关性
Table 3 Relationship between the soil microbial community and soil nematodes

指标 Parameter	磷脂脂肪酸总量 Total PLFAs	放线菌 Actinomycetes	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	革兰氏阳性菌 G ⁺ bacteria	革兰氏阴性菌 G ⁻ bacteria	细菌总量 Total bacteria
线虫数量 N	0.507**	0.509**	0.454**	0.349**	0.473**	0.392**	0.480**
食细菌线虫 Ba	-0.142	-0.101	-0.110	0.063	-0.158	-0.245*	-0.171
食真菌线虫 Fu	0.152	0.113	0.087	0.007	0.207	0.255*	0.180
植物寄生性线虫 Pp	0.104	0.159	0.230	-0.034	0.030	0.006	0.117
捕/杂食线虫 Op	-0.063	-0.104	-0.120	-0.024	-0.076	-0.001	-0.083
通路指数 NCR	-0.219	-0.133	-0.186	-0.011	-0.212	-0.321**	-0.245*
富集指数 EI	0.167	0.187	0.153	0.105	0.188	0.236*	0.199
结构指数 SI	0.157	0.142	0.138	0.082	0.066	0.278*	0.158

N, soil nematode number; Ba, bacterivores; Fu, fungivores; Pp, plant parasites; Op, predators/omnivores; NCR, nematode channel ratio; EI, enrichment index; SI, structure index.

化(图2)。PC 1 和 PC 2 共解释了总变异的 94.53%，其中 Axis 1 解释了总变异的 89.86%，Axis 2 解释了总变异的 4.67%。退耕还草样地和未退耕农田在 PC 1 上明显分离，退耕还草土壤微食物网结构发生分异。

土壤环境因子与土壤微生物和线虫群落冗余分析(图3)表明，RDA 排序图的典型轴 1 和轴 2 分别解释退耕还草土壤微食物网的总体变异的 86.10%

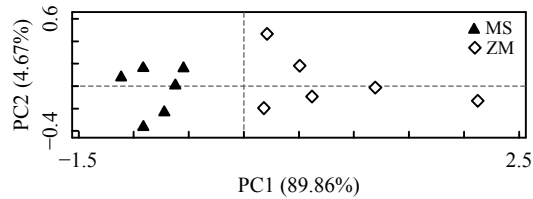


图 2 退耕还草土壤微生物和线虫结构的主成分分析

Figure 2 Principal component analysis of the soil microorganisms and nematodes in the conversion of cropland to grassland

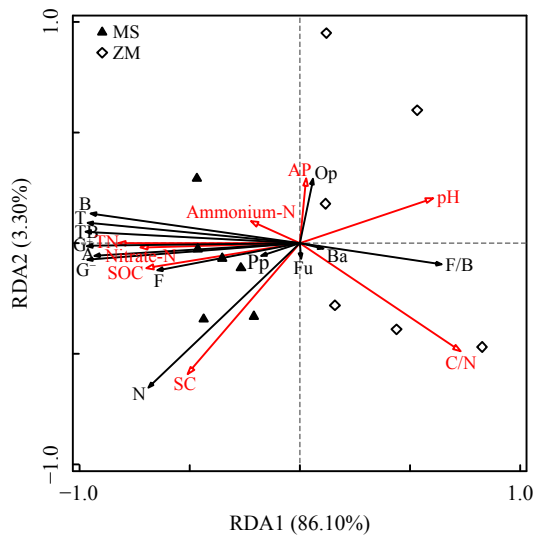


图 3 土壤理化因子与土壤生物群的冗余分析

Figure 3 Redundancy analysis between the soil properties and soil biota

SC, 土壤含水量; Ammonium-N, $\text{NH}_4\text{-N}$; Nitrate-N, $\text{NO}_3\text{-N}$; TN, 全氮; SOC, 土壤有机碳; AP, 有效磷; C/N, 碳/氮; T, 总 PLFAs; A, 放线菌 PLFAs; B, 细菌 PLFAs; G^+ , 革兰氏阳性菌 PLFAs; G^- , 革兰氏阴性菌 PLFAs; TB, 总细菌 PLFAs; F, 真菌 PLFAs; F/B, 真菌/细菌; N, 土壤线虫数量; Ba, 食细菌线虫; Fu, 食真菌线虫; Pp, 植物寄生性线虫; Op, 捕/杂食线虫。

SC, soil moisture content; Ammonium -N, ammonium nitrogen; Nitrate-N, nitrate nitrogen; TN, total nitrogen; SOC, soil organic carbon; AP, effective phosphorus; C/N, carbon/nitrogen; T, total PLFAs; A, actinomycetes PLFAs; B, bacteria PLFAs; G^+ , gram-positive bacteria PLFAs; G^- , gram-negative bacteria PLFAs; TB, total bacteria PLFAs; F, fungi PLFAs; F/B, fungi/bacteria; N, soil nematode number; Ba, bacterivores; Fu, fungivores; Pp, plant parasites; Op, predators/omnivores.

和 3.30%，其中 pH ($P = 0.046$)，土壤有机碳 ($P = 0.018$)，硝态氮 ($P = 0.008$)，全氮 ($P = 0.002$)，C/N ($P = 0.008$) 对土壤微生物和线虫群落产生显著影响，表明退耕还草土壤环境因子改变了土壤微食物网结构。从 RDA 排序图上可以看出，土壤环境因子对土壤微食物网结构差异具有较大贡献。土壤有机碳、全氮和硝态氮含量与土壤微生物群落正相关；土壤 pH 和 C/N 与土壤微生物群落负相关，表明土壤微生物群落受到土壤环境因子的调控作用极强。土壤线虫群落与土壤微生物相比对土壤微食物网稳定性贡献更大。土壤微生物、细菌、真菌、放线菌与植物寄生性线虫数量和土壤线虫数量正相关，之间存在极强的相互作用，土壤食细菌线虫与土壤微生物群落负相关，但与细菌/真菌比正相关，表明土壤食细菌线虫的捕食作用改变了土壤微生物群落结构。退耕还草通过改变土壤环境因子影响土壤微生物和线虫群落变化，进而稳定了土壤食物网结构。

3 讨论与结论

土壤微生物群落结构和多样性受植被、土壤环境因子和凋落物的影响^[29-31]。退耕还草通过植被、耕作和管理方式的变化对土壤微生物群落结构产生一定的影响。本研究通过 PLFA 法测定土壤微生物群落发现，丹江口水源涵养区退耕还草提高了土壤微生物磷脂脂肪酸含量，改变了土壤微生物群落结构，与多数研究结果一致^[3, 12, 32]，这是因为玉米长期种植导致土壤微生物总磷脂脂肪酸含量较低^[33]，而紫花苜蓿具有极强的固氮能力，根系分泌物增加，不仅提高土壤养分含量，也为土壤微生物提供了更多的碳源，土壤微生物增加^[34]。退耕还草土壤微生物群落中真菌比细菌有较高的增长速率，可能是因为土壤真菌和细菌偏好利用具有不同碳氮比的有机物。退耕还草土壤微生物群落与碳、氮养分正相关 ($P < 0.05$)，土壤微生物促进碳、氮循环过程，在物质循环和能量流动过程中起重要作用，提升土壤生态系统服务功能^[35]。土壤 pH 和 C/N 是表征土壤资源有效性的主要指标^[36-37]，土壤 pH 和 C/N 降低与土壤微生物 PLFAs 负相关^[37-38]，可能是因为 pH 的改变，土壤有机物分解过程发生变化，产生具有不同碳氮比的有机

物质, 食物资源的改变引起土壤微生物结构变化, 但土壤微生物对不同有机物质的利用能力还有待进一步研究。退耕还草显著影响土壤微生物群落结构, 有效的土壤管理措施和科学的利用方式有助于恢复土壤生态功能^[39]。

退耕还草条件下土壤微生物群落和线虫群落之间极显著正相关 ($P < 0.01$), 这是因为土壤微生物数量的增加, 为土壤线虫提供了丰富的食物资源, 从而线虫数量增加, 而土壤食微线虫对微生物的适度捕食会促进土壤微生物数量和多样性增加^[40-42], 这是一个相互作用的过程。表示食微线虫结构比例的通路指数 (NCR) 与土壤细菌总量、革兰氏阴性菌显著相关 ($P < 0.05$), 革兰氏阴性菌增加了食真菌线虫数量, 降低了食细菌线虫数量, 改变食微线虫结构, 表明土壤线虫食微结构受到土壤微生物的调控。富集指数一般用于评估食物网对可利用资源的响应, 而结构指数可以较好地指示干扰程度和食物网的变化^[43]。土壤革兰氏阴性菌数量与土壤线虫富集指数和结构指数正相关, 说明退耕还草提高了土壤革兰氏阴性菌的活性, 增加了可利用资源的有效性, 降低了土壤受到的干扰程度, 土壤微食物网更稳定。土壤微生物和土壤线虫之间的捕食关系构成了土壤微食物网最重要的一部分, 影响土壤有机质分解和养分循环, 增加了土壤可利用资源的有效性^[44], 从而促进土壤生态效应^[20]。

土壤微食物网结构的改变能够影响土壤生态系统功能^[45], 植物根系及其分泌物是土壤微食物网的主要物质和能量来源^[46], 退耕还草会引起土壤微食物网的结构变化。退耕还草土壤微食物网结构发生分异。冗余分析表明土壤环境因子的变化对土壤微食物网产生显著影响。退耕还草土壤碳、氮养分和 pH 对土壤微生物和土壤线虫群落的改变有极大的贡献, 这与 Maaroufi 等^[47] 研究结果类似,

土壤碳、氮为土壤微生物提供了丰富的食物资源, 土壤微生物反过来又可以分解和促进土壤养分循环。植物寄生性线虫与土壤微生物群落正相关, 土壤中食微线虫结构受到了土壤中 C/N 的调控, 且真菌/细菌显著影响了土壤食细菌线虫和植物寄生性线虫, 说明退耕还草改变了植物群落和土壤养分条件, 植物通过释放大量的根系分泌物, 不仅向微生物提供资源, 还向植物寄生性线虫提供资源^[48], 从而调控土壤微生物活性和土壤线虫结构。在土壤微食物网中, 与土壤微生物相比土壤线虫群落稳定性更高, 这是因为土壤线虫分布于土壤微食物网中多个营养级, 对土壤环境因子变化具有缓冲作用。土壤线虫通过与土壤微生物的相互作用, 加速凋落物分解和养分释放^[49], 促进了土壤碳氮养分积累和转化。土壤微生物和线虫群落还会影响土壤的代谢熵和有机碳库^[4, 50], 土壤环境因子与土壤微生物和线虫之间的相互作用还有待进一步研究。

综上, 丹江口水源涵养区退耕种植 3 年紫花苜蓿草地土壤微生物群落结构发生改变, 多样性增加, 但真菌/细菌无显著性差异。土壤微生物与土壤碳氮养分正相关 ($P < 0.05$), 与土壤 pH 和 C/N 负相关 ($P < 0.05$), 退耕还草促进了土壤碳氮养分的积累与转化。土壤微生物和土壤线虫相互作用, 土壤革兰氏阴性菌与土壤食细菌线虫负相关, 与食真菌线虫正相关, 改变了土壤食微线虫结构。土壤微生物与土壤线虫富集指数和结构指数显著正相关 ($P < 0.05$), 表明退耕还草土壤微生物和线虫的相互作用促进了土壤资源可利用性增加, 降低了土壤受到的干扰, 提高了土壤食物网稳定性。退耕还草土壤微食物网结构发生分异, 环境因子对土壤微生物群落调控作用要大于土壤线虫群落, 土壤线虫对土壤微食物网结构稳定性贡献更大。

参考文献 References:

- [1] 李柏桥, 付玉, 李光录, 张腾, 郑腾辉. 退耕年限与方式对土壤团聚体稳定性及有机碳分布的影响. 干旱地区农业研究, 2017, 35(3): 244-250.
- LI B Q, FU Y, LI G L, ZHANG T, ZHANG T H. Effects of age and type of conversion from cropland to forest land and grassland on stability and organic carbon in soil aggregates. Agricultural Research in the Arid Areas, 2017, 35(3): 244-250.

- [2] LANDI S, PAPINI R, D'ERRICO G, BRANDI G, ROCCHINI A, ROVERRSI P F, BAZZOFFI P, MOCALI S. Effect of different set-aside management systems on soil nematode community and soil fertility in north, central and south Italy. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2018, 261: 251-260.
- [3] 刘晶, 张跃伟, 张巧明, 徐少君. 土地利用方式对豫西黄土丘陵区土壤团聚体微生物生物量及群落组成的影响. *草业科学*, 2018, 35(2): 771-780.
- LIU J, ZHANG Y W, ZHANG Q M, XU S J. Effect of different land use types on soil aggregates microbial biomass and community composition in the Loess Hilly region of west Henan. *Pratacultural Science*, 2018, 35(2): 771-780.
- [4] JIANG Y, SUN B, JIN C, WANG F. Soil aggregate stratification of nematodes and microbial communities affects the metabolic quotient in an acid soil. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 60: 1-9.
- [5] 刘淑娟, 张伟, 王克林, 苏以荣. 桂西北典型喀斯特峰丛洼地退耕还林还草的固碳效益评价. *生态学报*, 2016, 36(17): 5528-5536.
- LIU S J, ZHANG W, WANG K L, SU Y R. Evaluation of carbon sequestration after conversion of cropland to forest and grassland projection in karst peak-cluster depression area of northwest Guangxi, China. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(17): 5528-5536.
- [6] FRANCINI G, HUI N, JUMPPONEN A, KOTZE D, ROMANTSCHUK M, ALLEN J, SETALA H. Soil biota in boreal urban greenspace: Responses to plant type and age. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 118: 145-155.
- [7] 张静, 温仲明, 李鸣雷, 朱朵菊, 陶宇, 曾鸿文. 外来物种刺槐对土壤微生物功能多样性的影响. *生态学报*, 2018, 38(14): 4964-4974.
- ZHANG J, WEN Z M, LI M L, ZHU D J, TAO Y, ZENG H W. Effects of the exotic black locust on the functional diversity of soil microorganisms. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(14): 4964-4974.
- [8] 李晶, 刘玉荣, 贺纪正, 郑袁明. 土壤微生物对环境胁迫的响应机制. *环境科学学报*, 2013, 33(4): 959-967.
- LI J, LIU Y R, HE J Z, ZHENG Y M. Insights into the responses of soil microbial community to the environmental disturbances. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2013, 33(4): 959-967.
- [9] ZHANG G, ZHENG C, WANG Y, LI Y, XIN Y. Soil organic carbon and microbial community structure exhibit different responses to three land use types in the north China plain. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section B: Soil & Plant Science*, 2015, 65(4): 341-349.
- [10] 张超, 刘国彬, 薛莲, 王国梁. 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. *草地学报*, 2015, 23(4): 710-717.
- ZHANG C, LIU G B, XUE S, WANG G L. Functional diversity of rhizosphere microbial community of vegetation types in the hilly-gully region of loess plateau. *Acta Agrestia Sinica*, 2015, 23(4): 710-717.
- [11] ZHAO J, ZENG Z, HE X, CHEN H, WANG K. Effects of monoculture and mixed culture of grass and legume forage species on soil microbial community structure under different levels of nitrogen fertilization. *European Journal of Soil Biology*, 2015, 68: 61-68.
- [12] 鹿士杨, 彭晚霞, 宋同清, 曾馥平, 杜虎, 王克林. 喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式的土壤微生物特性. *生态学报*, 2012, 32(8): 2390-2399.
- LU S Y, PENG W X, SONG T Q, ZENG F P, DU H, WANG K L. Soil microbial properties under different grain-for-green patterns in depressions between karsthills. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(8): 2390-2399.
- [13] BONGERS T. The maturity index: An ecological measure of environmental disturbance based on nematode species composition. *Oecologia*, 1990, 83(1): 14-19.
- [14] FERRIS H, BONGERS T, GOEDE RGMD. A framework for soil food web diagnostics: extension of the nematode faunal analysis concept. *Applied Soil Ecology*, 2001, 18(1): 13-29.
- [15] SIMONE C, MARCEL C, ALEXANDRAI J W, ANNE E, ANIA V, WOLFGANG W W, NICO E. Plant species richness sustains higher trophic levels of soil nematode communities after consecutive environmental perturbations. *Oecologia*, 2017, 184(3): 715-728.
- [16] PAN F, XU Y, MCLAUGHLIN N B, XUE A G, YU Q, HAN X, LIU W, ZHAN L, ZHAO D, LI C. Response of soil nematode community structure and diversity to long-term land use in the black soil region in China. *Ecological Research*, 2012, 27(4): 701-714.

- [17] FRANCISCO F N, DAMARIS G V. Soil nematodes associated with different land uses in the Los Tuxtlas Biosphere Reserve, Veracruz, Mexico. *Revista Mexicana De Biodiversidad*, 2017, 88: 1-10.
- [18] ZHONG S, ZENG H, JIN Z. Influences of different tillage and residue management systems on soil nematode community composition and diversity in the tropics. *Soil Biology & Biochemistry*, 2017, 107: 234-243.
- [19] INGHAM R E, TROFYMOW J A, INGHAM E R, COLEMAN D C. Interactions of bacteria, fungi, and their nematode grazers: Effects on nutrient cycling and plant growth. *Ecological Monographs*, 1985, 55(1): 119-140.
- [20] SOHLENIUS B. Influence of cropping system and nitrogen input on soil fauna and microorganisms in a swedish arable soil. *Biology and Fertility of Soils*, 1990, 9(2): 168-173.
- [21] BLIGH E G, DYER W J. A rapid method of total lipid extraction and purification. *Canadian Journal of Biochemistry and Physiology*, 1959, 37: 911-917.
- [22] 姚晓东, 王妮, 曾辉. 磷脂脂肪酸法在土壤微生物群落分析中的应用. *微生物学通报*, 2016, 43(9): 2086-2095.
YAO X D, WANG W, ZENG H. Application of phospholipid fatty acid method in analyzing soil microbial community composition. *Microbiology China*, 2016, 43(9): 2086-2095.
- [23] 毛小芳, 李辉信, 陈小云, 胡锋. 土壤线虫三种分离方法效率比较. *生态学杂志*, 2004, 23(3): 149-151.
MAO X F, LI H X, CHEN X Y, HU F. Extraction efficiency of soil nematodes by different methods. *Chinese Journal of Ecology*, 2004, 23(3): 149-151.
- [24] BONGERS T. De nematoden van Nederland. Zeist: Stichting Uitgeverij Koninklijke Nederlandse Natuurhistorische Vereniging, 1988.
- [25] 尹文英. 中国土壤动物检索图鉴. 北京: 科学出版社, 1998
YIN W Y. Pictorial Keys to Soil Animals of China. Beijing: Science Press, 1998.
- [26] YEATES G W, BONGERS T, GOEDE R G M D, FRECKMAN D W, GEORGIEVA S S. Feeding habits in soil nematode families and genera: An outline for soil ecologists. *Journal of Nematology*, 1993, 25(3): 315-331.
- [27] BONGERS T, BONGERS M. Functional diversity of nematodes. *Applied Soil Ecology*, 1998, 10(3): 239-251.
- [28] 鲍士旦. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社, 2005.
BAO S D. Soil Agrochemical Analysis. Beijing: China Agricultural Press, 2005.
- [29] 宋敏, 邹冬生, 杜虎, 彭晚霞, 曾馥平, 谭秋锦, 范夫静. 不同土地利用方式下喀斯特峰丛洼地土壤微生物群落特征. *应用生态学报*, 2013, 24(9): 2471-2478.
SONG M, ZOU D S, DU H, PENG W X, ZENG F P, TAN Q J, FAN F J. Characteristics of soil microbial populations in depressions between karst hills under different land use patterns. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(9): 2471-2478.
- [30] YUAN Y, DAI X, XU M, WANG H, FU X, YANG F. Responses of microbial community structure to land-use conversion and fertilization in southern china. *European Journal of Soil Biology*, 2015, 70: 1-6.
- [31] MOON J B, WARDROP D H, BRUNS M A V, MILLER R M, NAITHANI K J. Land-use and land-cover effects on soil microbial community abundance and composition in headwater riparian wetlands. *Soil Biology & Biochemistry*, 2016, 97: 215-233.
- [32] 李飞, 刘振恒, 贾甜华, 李珊珊, 白彦福, 郭灿灿, 王惟惟, 孔猛, 张涛, IQBAL A, 周华坤, 贾宇, 尚占环. 高寒湿地和草甸退化及恢复对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响. *生态学报*, 2018, 38(17): 6006-6015.
LI F, LIU Z H, JIA T H, LI S S, BAI Y F, GUO C C, WANG W W, KONG M, ZHANG T, IQBALI A, ZHOU H K JIA Y, SHANG G H. Functional diversity of soil microbial community carbon metabolism with the degradation and restoration of alpine wetland and meadows. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(17): 6006-6015.
- [33] 时鹏, 王淑平, 贾书刚, 高强, 孙晓强. 三种种植方式对土壤微生物群落组成的影响. *植物生态学报*, 2011, 35(9): 965-972.
SHI P, WANG S P, JIA S G, GAO Q, SUN X Q. Effects of three planting patterns on soil microbial community composition. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2011, 35(9): 965-972.
- [34] 张超. 黄土丘陵区根际微生物对退耕地植被恢复的响应. 杨凌: 中国科学院大学博士学位论文, 2013.
ZHANG C. Rhizosphere microbial response to the revegetation of abandoned Cropland in the Hilly Loess Region. PhD Thesis. Yangling: The University of Chinese Academy of Sciences, 2013.
- [35] AISLABIE J, DESLIPPE J R, DYMOND J R. Soil microbes and their contribution to soil services.// Landcare Research, Ecosystem

- Services in New Zealand: Conditions and Trends. Lincoln: Manaaki Whenua Press, 2013: 143-161.
- [36] NIELSEN U N, OSLER G H R, CAMPBELL C D, BURSLEM D F R P, VANDER W R. The influence of vegetation type, soil properties and precipitation on the composition of soil mite and microbial communities at the landscape scale. *Journal of Biogeography*, 2010, 37(7): 1317-1328.
- [37] SHEN C, XIONG J, ZHANG H, FENG Y, LIN X, LI X, LIANG W, CHU H. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on changbai mountain. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 57: 204-211.
- [38] DJUKIC I, ZEHETNER F, MENTLERR A, GERZABEK M H. Microbial community composition and activity in different alpine vegetation zones. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42(2): 155-161.
- [39] LAGERLOF J, ADOLFSSON L, BORJESSON G, EHLERS K, VINYOLLES G P, SUNDH I. Land-use intensification and agroforestry in the Kenyan Highland: Impacts on soil microbial community composition and functional capacity. *Applied Soil Ecology*, 2014, 82: 93-99.
- [40] FU S, FERRIS H, BROWN D, PLANT R. Does the positive feedback effect of nematodes on the biomass and activity of their bacteria prey vary with nematode species and population size? *Soil Biology & Biochemistry*, 2005, 37(11): 1979-1987.
- [41] TRAP J, BONKOWSKI M, PLASSARD C, VILLENAVE C, BLANCHART E. Ecological importance of soil bacterivores for ecosystem functions. *Plant & Soil*, 2016, 398(1): 1-24.
- [42] JIANG Y, LIU M, ZHANG J, CHEN Y, CHEN X, CHEN L, LI H, ZHANG X, SUN B. Nematode grazing promotes bacterial community dynamics in soil at the aggregate level. *The Isme Journal*, 2017, 11: 2705-2717.
- [43] BONGERS T, FERRIS H. Nematode community structure as a bioindicator in environmental monitoring. *Trends in Ecology & Evolution*, 1999, 14(6): 224-228.
- [44] SOHLENIUS B. Influence of cropping system and nitrogen input on soil fauna and microorganisms in a swedish arable soil. *Biology & Fertility of Soils*, 1990, 9(2): 168-173.
- [45] 杜晓芳, 李英滨, 刘芳, 宿晓琳, 李琪. 土壤微食物网结构与生态功能. *应用生态学报*, 2018, 29(2): 403-411.
- DU X F, LI Y B, LIU F, SU X L, LI Q. Structure and ecological functions of soil micro-food web. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29(2): 403-411.
- [46] 高明, 周保同, 魏朝富, 谢德体, 张磊. 不同耕作方式对稻田土壤动物、微生物及酶活性的影响研究. *应用生态学报*, 2004, 185(7): 1177-1181.
- GAO M, ZHOU B T, WEI C F, XIE D T, ZHANG L. Effect of tillage system on soil animal, microorganism and enzyme activity in paddy field. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 185(7): 1177-1181.
- [47] MAAROUFI N I, PALMQVIST K, BACH L H, BOKHORST S, LIESS A, GUNDALE M J, KARDOL P, NORDIN A, MEUNIER C L. Nutrient optimization of tree growth alters structure and function of boreal soil food webs. *Forest Ecology and Management*, 2018, 428: 46-56.
- [48] PAPTAEODOROU E M, KORDATOS H, KOUSERAS T. Differential responses of structural and functional aspects of soil microbes and nematodes to abiotic and biotic modifications of the soil environment. *Applied Soil Ecology*, 2012, 61: 26-33.
- [49] 王阳, 王雪峰, 张伟东. 土壤线虫群落对森林凋落物分解主场效应的作用. *生态学报*, 2018, 38(21): 7840-7849.
- WANG Y, WANG X F, ZHANG W D. Effect of soil nematode communities on the home-field advantage of forest litter decomposition. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(21): 7840-7849.
- [50] JIANG Y, QIAN H, WANG X, CHEN L, LIU M, LI H, SUN B. Nematodes and microbial community affect the sizes and turnover rates of organic carbon pools in soil aggregates. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 119: 22-31.

(责任编辑 王芳)