

陈峰,张静,韩二牛,等. 乌拉特天然梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林土壤微生物多样性及其与土壤性质的关系[J]. 中国沙漠, 2022, 42(2): 207-214.

乌拉特天然梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林土壤微生物多样性及其与土壤性质的关系

陈峰¹, 张静², 韩二牛¹, 温苏雅拉图³, 李盛林¹,
王国林³, 王磊⁴, 王少昆⁵

(1. 巴彦淖尔市乌拉特国家级自然保护区管理局, 内蒙古 巴彦淖尔 015000; 2. 内蒙古林业和草原保护总站, 内蒙古 呼和浩特 010020; 3. 乌拉特梭梭林蒙古野驴国家级自然保护区乌拉特后旗管理站, 内蒙古 巴彦淖尔 015000; 4. 巴彦淖尔市乌拉山林业管护中心, 内蒙古 巴彦淖尔 015000; 5. 中国科学院西北生态环境资源研究院 乌拉特荒漠草原研究站, 甘肃 兰州 730000)

摘要: 梭梭(*Haloxylon ammodendron*)是优良的固沙树种,在干旱区生态建设和经济创收中起着重要的作用。本研究以内蒙古乌拉特后旗天然梭梭林为研究对象,对梭梭林下(Ha)和林外裸露沙地(BS)中土壤微生物多样性和土壤理化性质进行测定,并分析了微生物多样性与土壤性质的相关关系。结果表明:天然梭梭林土壤细菌和真菌的香浓多样性指数(Shannon)、物种丰富度指数(Chao1)和系统发育多样性指数(PD)均显著高于裸露土壤;梭梭林下土壤全碳和全氮比裸沙对照分别高1.73倍和2.12倍,土壤黏粉粒含量比裸沙土壤高2.6倍,林下土壤含水量显著低于裸沙对照。梭梭林改善了土壤养分和土壤质地,从而对土壤微生物多样性产生影响。土壤细菌和真菌多样性指数均与土壤全碳、全氮、pH值、电导率呈显著正相关,与碳氮比、含水量和细砂含量呈显著负相关。结构方程模型分析结果表明,地表植物和土壤pH值直接影响了土壤细菌多样性,土壤全碳和含水量直接影响了土壤真菌多样性,梭梭林的生长通过改变土壤全碳和含水量对土壤真菌多样性产生间接影响。

关键词: 梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林; 微生物多样性; 土壤特征; 高通量测序

文章编号: 1000-694X(2022)02-207-08

DOI: 10.7522/j.issn.1000-694X.2021.00131

中图分类号: Q938.1

文献标志码: A

0 引言

梭梭(*Haloxylon ammodendron*)是荒漠区生长的高大乔木,耐旱、耐风沙、耐贫瘠、耐盐碱,而且生长迅速,是优良的固沙树种,在干旱区生态建设和防沙治沙中起着重要作用^[1]。梭梭又是很好的饲用植物,是牧区牲畜,尤其是骆驼的重要采食植物;梭梭根部寄生的肉苁蓉是名贵的中药材,被称为“沙漠人参”,具有很高的经济价值^[2-4]。内蒙古乌拉特后旗北部保存着中国分布最东缘的天然梭梭林,总面积6.8万hm²。这里地处干旱荒漠区,恶劣的自然条件严重制约了当地社会经济的发展,20世纪50年

代开始,随着人口压力的激增,放牧超载严重,大片梭梭林遭到破坏,地表裸露,沙尘暴频繁,土地荒漠化迅速发展,生态环境严重退化。为了遏制这种退化,1985年,内蒙古自治区在这里建立了天然梭梭林保护区,2001年升级为国家级自然保护区。

生物多样性是生物与环境形成的生态复合体及其与各种生态过程的总和,包括动物、植物、微生物和它们所拥有的所有基因与其生存环境形成的复杂的生态系统,生物多样性研究在不同水平上表现为遗传多样性、物种多样性、生态系统多样性和景观多样性^[5]。近年来,随着气候变化与人类活动

收稿日期:2021-08-16; 改回日期:2021-10-19

资助项目:国家自然科学基金项目(41771117); 国家科技基础资源调查专项(2017FY100200); 内蒙古乌拉特梭梭林-蒙古野驴国家级自然保护区生态监测项目(E1900504)

作者简介:陈峰(1971—),男,内蒙古固阳县,工程师,研究方向为林学。E-mail: 814611411@qq.com

通信作者:王少昆(E-mail: wangsk@lzb.ac.cn)

的共同影响,干旱、半干旱区物种多样性在逐渐下降,严重影响了该区域退化土地的生态恢复及当地的经济的发展^[6-9]。生物多样性保护是地区、国家乃至全球最为关注的问题,中国自1992年签署联合国生物多样性公约以来,一直重视自然保护区的建设,并对其生物多样性进行调查和监测,因此,自然保护区中的物种多样性普查与保护显得尤为重要^[10]。

土壤微生物是陆地生态系统中最为活跃的组成部分,其多样性可作为土壤质量评价的重要指标^[11],土壤微生物多样性对土壤环境的变化响应非常敏感,不同生态系统类型中影响土壤微生物多样性的环境因子不尽相同^[12-15]。目前,有关人工梭梭林的研究较多^[1,16-20],而对于天然梭梭林方面的研究主要在梭梭林防风效果^[21]、梭梭与其寄生的肉苁蓉的关系^[3]、梭梭林下土壤粒径组成^[22]以及土壤动物方面。本研究以乌拉特天然梭梭林为研究对象,测定其林下土壤微生物多样性,分析天然梭梭林土壤微生物多样性与土壤理化性质的关系,为深刻认识干旱区天然梭梭林生态系统结构和功能提供依据。

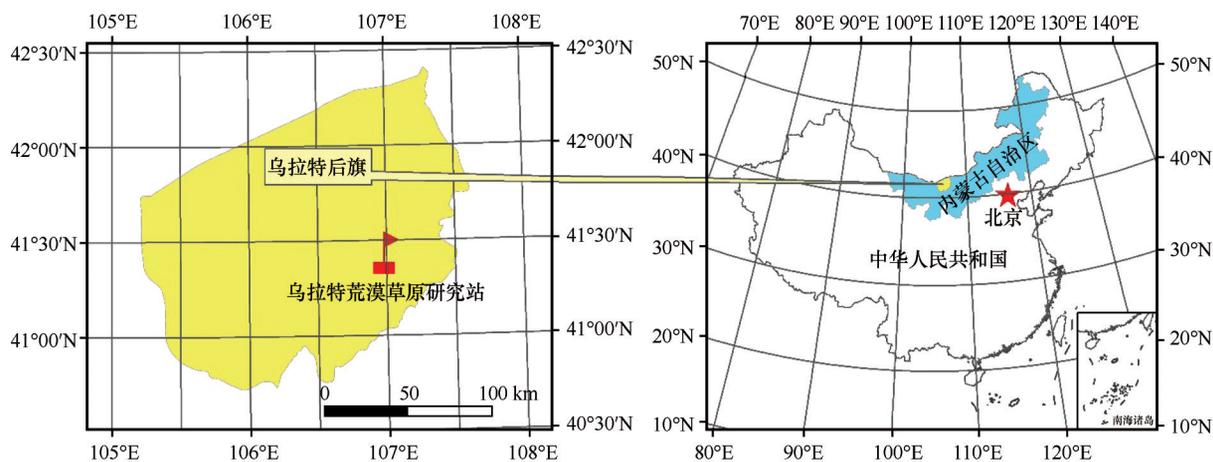


图1 研究区地理位置

Fig.1 Location of the studied area

1.2 试验设计及采样方法

在封育的天然梭梭林样地中,利用样线法布设5条100 m长的样线,每条样线的距离>50 m,沿样线每隔10 m布设一个取样点,在每个取样点用土钻采集0—20 cm的土壤;将天然梭梭林附近无植被的裸露沙地作为对照,对照土壤采集方法与天然梭梭林一致。将每条样线上10个取样点所采集的土壤进行混匀,过2 mm筛后,将土壤分为2

1 研究区概况及研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于内蒙古自治区巴彦淖尔市乌拉特后旗北部的天然梭梭林保护区(42°05.43'N、10°53.19'E,海拔1 657 m,图1),在中国科学院乌拉特荒漠草原研究站(乌拉特站)西北方向,属于典型的大陆性干旱气候,夏季干燥炎热,冬季寒冷干旱,春秋季短,春季多风。年均风速 $5 \text{ m}\cdot\text{s}^{-1}$,大风($>10 \text{ m}\cdot\text{s}^{-1}$)日达52 d;年降水量157 mm,7—8月降雨占全年总降水量的70%左右,年蒸发量3 715 mm;年均气温6.5 °C,极端最高气温42 °C,极端最低气温-41 °C, $\geq 10 \text{ °C}$ 积温2 000—3 000 °C,雨热同期;土壤类型以棕钙土和灰棕漠土为主。天然梭梭林中植物主要有梭梭、红砂(*Reaumuria songarica*)、唐古特白刺(*Nitraria tangutorum*)、膜果麻黄(*Ephedra przewalskii*)、霸王(*Sarcozygium xanthoxylon*)、沙拐枣(*Calligonum mongolicum*)、沙冬青(*Ammopiptanthus mongolicus*)、沙生针茅(*Stipa glareosa*)等,其中梭梭的盖度约20%^[2,23-25]。

份,一份装入无菌自封袋中,用于提取DNA进行高通量测序,一份风干后测定土壤理化性质,包括机械组成、pH值、电导率、碳和氮含量;同时,采集原状土装入容重盒中,用烘干法测定土壤含水量和土壤容重。为了确保样品采集过程和运输过程中样品不被污染,所用土钻和土壤筛均用75%酒精进行消毒,采集者全程佩戴口罩和一次性无菌手套。

1.3 测定方法

1.3.1 微生物多样性

土壤微生物(细菌和真菌)多样性测定采用高通量测序。首先,利用土壤DNA提取试剂盒(Qiagen Power Soil DNA KF Kit,德国)按照说明提取土壤总DNA。然后,对土壤总DNA进行PCR扩增,细菌(16S)和真菌(ITS)的扩增引物分别采用通用引物515F-907R^[26]和ITS1F-2043R^[27]。将PCR产物进行纯化(AxyPrep DNA Gel Extraction Kit, USA)后,上机进行高通量测序(Illumina MiSeq platform, USA)。测序产物去除引物(primers)和测序标签(barcodes)后获得原始数据(raw reads),然后利用Fastp对原始数据进行质量控制,双端拼接后(pair-end)获得质控数据(clean reads);将相似度 $\geq 97\%$ 的序列利用UPARSE进行聚类,形成一个OTU(operational taxonomic unit)^[28],每个OTU代表一个物种,每个OTU中所包含的clean reads序列数代表这个OTU在样本中的数量。

1.3.2 土壤理化性质

土壤机械组成采用湿筛法测定,土壤pH值采用Multiline P4仪pH探头测定(水土比为2.5:1),电导率采用Multiline P4仪电导率探头测定(水土比为5:1),土壤全碳含量和全氮含量采用元素分析仪测定(Elementar, Germany),土壤水分含量采用烘干法测定,土壤容重采用环刀法测定^[29]。

1.4 数据分析

微生物多样性指数分别采用物种丰富度指数(Chao1)、香浓多样性指数(Shannon)和系统发育多样性指数(PD)表示,多样性指数利用mothur软件进行计算^[30]。

$$\text{Chao1} = S_{\text{obs}} + \frac{n_1(n_1 - 1)}{2(n_2 + 1)} \quad (1)$$

$$\text{Shannon} = - \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N} \quad (2)$$

$$\text{PD} = \sum L_i \quad (3)$$

式中: S_{obs} 为实际OTU个数; n_1 为只含有一条序列的OTU个数; n_2 为只含有两条序列的OTU个数; n_i 为第*i*个OTU所含的序列数; N 为一个样本中所有OTU个数; L_i 为所有OTU构建的系统发育树中第*i*条分枝的长度^[31]。

基本的数据分析和绘图采用Microsoft Excel和Origin软件分析和绘制,差异性采用One-way ANO-

VA和LSD检验,数值采用平均值 \pm 标准误的形式,显著水平为 $P < 0.05$;利用Amos软件中的结构方程模型(SEM)分析影响土壤微生物多样性的直接和间接因素。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物多样性

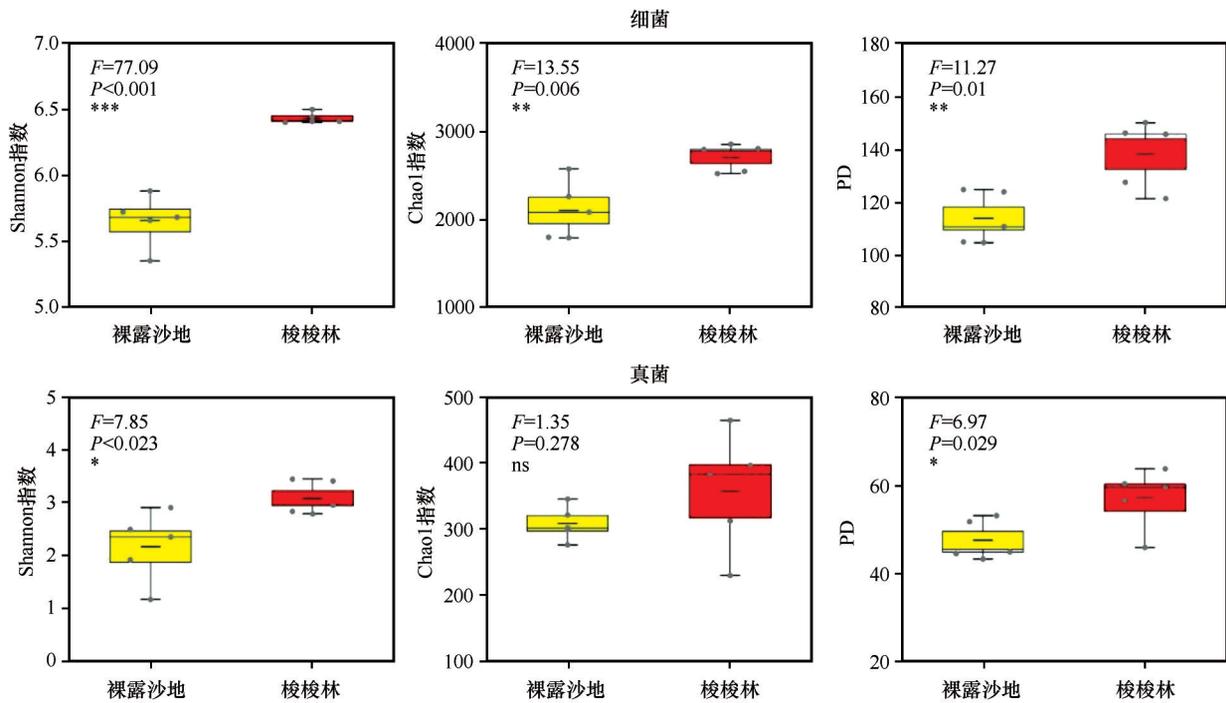
天然梭梭林土壤细菌的香浓多样性指数(Shannon, $P < 0.001$)、物种丰富度指数(Chao1, $P < 0.001$)和系统发育多样性指数(PD, $P = 0.005$)均显著高于对照裸露土壤(图2)。天然梭梭林对土壤真菌多样性的影响小于土壤细菌,其中,天然梭梭林真菌的香浓多样性指数(Shannon)和系统发育多样性指数(PD)显著高于对照土壤($P < 0.05$);土壤真菌的物种丰富度指数(Chao1)在两者之间没有显著差异($P > 0.05$)。

2.2 土壤理化性质

天然梭梭林样地土壤理化性质与对照裸露沙地差异显著(表1)。梭梭林土壤全碳和全氮含量分别是裸露沙地的1.73倍和2.12倍,差异显著;梭梭林土壤含水量显著低于对照样地,两者容重无差异;梭梭林和裸露沙地均显碱性,pH值大于9,梭梭林土壤碱性更强;梭梭林土壤电导率是裸露沙地的3倍;梭梭林和裸露沙地土壤粗砂含量无差异,均占70%左右,梭梭林土壤黏粉粒含量显著高于对照土壤。总体来说,梭梭林样地土壤养分和质地均优于裸露沙地。

2.3 土壤微生物多样性与土壤理化性质的相关关系

从土壤微生物多样性指数与土壤理化性质的Pearson相关系数可以看出(表2),土壤细菌Shannon多样性指数与土壤全碳、全氮、pH值、电导率和黏粉粒含量呈显著正相关,与C:N、含水量和细砂含量呈显著负相关;细菌Chao1丰富度指数和系统发育多样性指数与土壤因子之间的相关关系与Shannon多样性指数相似。土壤真菌Shannon多样性指数与土壤全碳、全氮、pH值和电导率呈显著正相关,与C:N、土壤含水量和细砂含量呈显著负相关;真菌Chao1丰富度指数与所测土壤因子均无显著相关关系;真菌系统发育多样性指数(PD)与pH



箱式图数据(平均值±标准误)单因素方差分析结果*($P<0.05$)、**($P<0.01$)和***($P<0.001$)表示处理之间微生物多样性指数差异显著,ns表示两者无显著差异($P>0.05$)

图2 土壤细菌和真菌的多样性指数

Fig.2 Soil bacterial and fungal diversity indices

表1 天然梭梭林与裸露沙地土壤理化性质的差异

Table 1 Differences of soil physicochemical properties between natural *Haloxylon ammodendron* forest and bare soil

土壤理化性质	样地类型		F	P
	裸露沙地	梭梭林		
全碳	0.415±0.048	0.719±0.037	24.91**	0.001
全氮	0.017±0.003	0.036±0.002	33.65***	<0.001
碳氮比	25.220±1.569	19.911±0.245	11.16*	0.01
土壤水分含量	5.486±0.189	3.027±0.178	89.433***	<0.001
容重	1.572±0.022	1.535±0.025	1.23 ^{ns}	0.299
pH值	9.010±0.095	9.744±0.072	38.21***	<0.001
电导率	72.44±6.13	219.46±11.24	131.85***	<0.001
粗砂(0.1—2 mm)	69.08±2.19	71.59±2.55	0.56 ^{ns}	0.48
细砂(0.05—0.1 mm)	27.91±2.09	20.54±1.74	7.32*	0.03
黏粉粒(<0.05 mm)	3.01±0.14	7.86±0.99	23.75**	0.001

*, **和***分别代表在 $P<0.05$, $P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平上两者差异显著。

值、电导率和黏粉粒含量显著正相关,与土壤含水量显著负相关。

利用结构方程模型分析了影响梭梭林土壤细菌多样性和真菌多样性的关键环境因子(图3)。结果可知,直接影响梭梭林土壤细菌多样性的环境因子是地表植物和pH值;同时,梭梭林的生长通过改

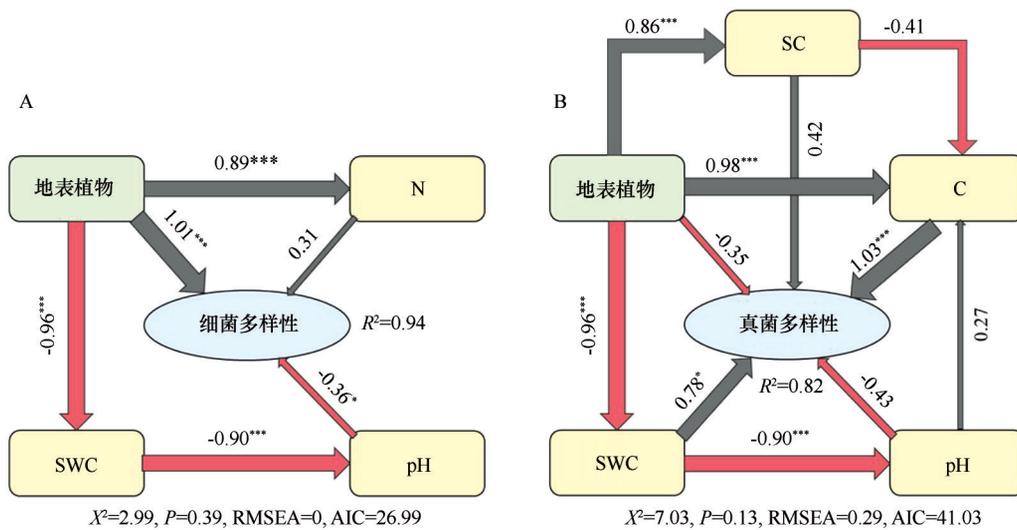
变土壤含水量和pH值,进而对土壤细菌多样性产生间接影响。直接影响梭梭林土壤真菌多样性的环境因子是土壤全碳和土壤含水量,梭梭林的生长通过改变土壤全碳含量和土壤含水量,对土壤真菌多样性产生间接影响。因此,梭梭林的生长直接影响了土壤细菌多样性,间接通过影响土壤pH值对

表 2 微生物多样性指数与土壤理化性质的 Person 相关性

Table 2 Pearson's correlations among soil microbial diversity indices and soil physicochemical properties

微生物多样性指数		土壤理化性质									
		C	N	C:N	SWC	BD	pH	EC	CS	FS	SC
细菌多样性指数	Shannon	0.88***	0.89***	-0.76*	-0.91***	-0.41	0.82**	0.95***	0.34	-0.74*	0.80**
	Chao1	0.88***	0.87**	-0.69*	-0.71*	-0.29	0.71*	0.73*	0.60	-0.84**	0.56
	PD	0.85**	0.83**	-0.58	-0.62	-0.37	0.66*	0.68*	0.59	-0.78**	0.44
真菌多样性指数	Shannon	0.88***	0.85**	-0.67*	-0.67*	-0.36	0.76*	0.64*	0.51	-0.73*	0.50
	Chao1	0.46	0.40	-0.21	-0.38	-0.63	0.50	0.30	0.33	-0.42	0.21
	PD	0.52	0.53	-0.49	-0.75*	-0.35	0.72*	0.65*	-0.15	-0.27	0.77**

C:全碳;N:全氮;C:N:碳氮比;SWC:土壤水分含量;BD:容重;pH:pH值;EC:电导率;CS:粗砂含量;FS:细砂含量;SC:黏粉粒。*、**和***分别代表在 $P<0.05$ 、 $P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平上显著相关。



黑色箭头代表正相关,红色箭头代表负相关,线条的粗细代表相关性强弱,*、**和***分别表示在 $P<0.05$ 、 $P<0.01$ 和 $P<0.001$ 水平上显著相关;

通过对所有土壤因子自相关检验后,最终选择地表植物、土壤含水量、pH值、全碳含量(C)、全氮含量(N)和黏粉粒含量(SC)最为影响土壤微生物多样性的关键土壤因子;SEM模型中用Shannon指数分别代表(A)和(B)中的细菌多样性和真菌多样性

图 3 结构方程模型(SEM)分析环境因子对土壤细菌多样性(A)和真菌多样性(B)的直接和间接影响

Fig. 3 The direct and indirect effects of environmental factors on soil bacterial diversity (A) and fungal diversity (B) using structural equation modeling (SEM)

土壤细菌多样性产生影响;梭梭林的生长对土壤真菌没有直接影响,通过改变土壤全碳含量和土壤含水量而间接对土壤真菌多样性产生影响。

3 讨论

土壤微生物多样性对生态系统的稳定性产生着极大的影响^[32]。荒漠区天然梭梭林样地土壤微生物多样性显著高于裸露土壤,说明梭梭林的存在对维持荒漠区生态系统的稳定性起着关键作用。梭梭林具有良好的防风固沙功能,在干旱半干旱沙区建植了大面积的人工梭梭林,所以以往很多论文往往针对人工建植的梭梭林进行研究。研究表明,

梭梭林具有很好的防风效果,1—2 m高的梭梭林带防风效能30%左右^[21];梭梭林两行一带的阻沙效果最好,总输沙量可以较少45%左右^[1];梭梭林在有效防风固沙的同时,增加了土壤表层细颗粒物含量^[22];而土壤细颗粒物(黏粉粒)在维持土壤结构中起着主要作用,增加了土壤养分含量^[33],同时提高了林下植被的盖度和多样性^[34];梭梭林的建植由于提高了养分的输入,从而显著增加了土壤微生物数量^[20]。天然梭梭林的建植年代比人工梭梭林更加久远,因此,防风固沙、提高土壤养分和微生物多样性的效果比人工梭梭林更显著。

土壤微生物作为生态系统中最活跃的组成

部分,在生态系统能量流动、养分循环、土壤形成、植物生长等方面起着重要的作用,微生物多样性可作为评价生态系统稳定性的重要指标^[11,35-36]。影响土壤微生物多样性的环境因素很多,主要包括气候因子、植物因子和土壤因子^[37],土壤是影响微生物多样性最直接的因素,一般来说,养分越高的土壤中微生物多样性越高^[38-39]。很多研究表明,土壤pH是影响细菌多样性的关键因子^[12,14,40-41],本研究的结果验证了这一普遍性规律。然而,影响真菌多样性的因素在不同生态系统或不同土地利用情况下差异较大,草地生态系统中植物物种多样性决定了土壤真菌多样性^[42];沙地生态系统中地上生物量和土壤碳氮比是影响真菌多样性的主要因子^[43];人工林地土壤真菌多样性主要受林木种类和土壤水分的影响^[44];山地森林生态系统中土壤真菌多样性受土壤pH、有机质、含水量和速效磷的影响最大^[45];湿地生态系统中全磷和氯离子是影响土壤真菌的主要环境因子^[46];农田生态系统中土壤有机碳和pH是影响真菌多样性的关键土壤因子^[47]。本研究结果表明,天然梭梭林土壤细菌多样性主要受植物和土壤pH的共同影响;真菌多样性主要受土壤全碳和土壤含水量的直接影响,梭梭林的生长通过改变土壤养分和含水量对真菌多样性产生间接影响。

4 结论

乌拉特天然梭梭林土壤细菌和真菌物种丰富度指数(Chao1)、香浓多样性指数(Shannon)和系统发育多样性指数(PD)均显著高于裸露土壤;梭梭林改善了土壤养分条件,全碳和全氮含量比裸沙对照提高2倍左右;梭梭林由于防风阻沙效果,其林下土壤黏粉粒含量比裸沙土壤高2.6倍,天然梭梭林土壤pH显碱性(pH>9)。

土壤细菌和真菌多样性指数均与土壤全碳、全氮、pH值、电导率呈显著正相关,与碳氮比、含水量和细砂含量成显著负相关。结构方程模型分析结果表明,地表植物和pH值直接影响了土壤细菌多样性,土壤全碳和土壤含水量直接影响了土壤真菌多样性,梭梭林的生长通过改变土壤全碳和含水量对土壤真菌多样性产生间接影响。

参考文献:

[1] 徐高兴,徐先英,王立,等.梭梭不同密度与配置固沙效果风

- 洞模拟试验[J].干旱区资源与环境,2019,33(9):189-195.
- [2] 宋朝枢,贾昆峰.乌拉特梭梭林自然保护区科学考察集[M].北京:中国林业出版社,2000.
- [3] 张斌,隋罡,黄忠胜.乌拉特后旗着力保护梭梭林和肉苁蓉资源[J].内蒙古林业,2012(5):34.
- [4] 谷占强,马玲,武剑宏,等.乌拉特后旗肉苁蓉产业发展方兴未艾[J].内蒙古林业,2018(10):26.
- [5] 马克平,钱迎倩.生物多样性保护及其研究进展[J].应用与环境生物学报,1998(1):96-100.
- [6] 赵生龙,左小安,张铜会,等.乌拉特荒漠草原群落物种多样性和生物量关系对放牧强度的响应[J].干旱区研究,2020,37(1):168-177.
- [7] 吴建国,周巧富,李艳.中国生物多样性保护适应气候变化的对策[J].中国人口·资源与环境,2011,21(增1):435-439.
- [8] 赵哈林.人类活动和气候变化对科尔沁沙质草地植物多样性的影响[C]//中国草学会牧草育种专业委员会学术研讨会论文集,2007.
- [9] 沈芳芳,刘影,罗昌泰,等.陆地生态系统植物和土壤微生物群落多样性对全球变化的响应与适应研究进展[J].生态环境学报,2019,28(10):2129-2140.
- [10] 郭子良,邢韶华,崔国发.自然保护区物种多样性保护价值评价方法[J].生物多样性,2017,25(3):312-324.
- [11] Romaniuk R, Giuffrè L, Costantini A, et al. Assessment of soil microbial diversity measurements as indicators of soil functioning in organic and conventional horticulture systems[J]. Ecological Indicators, 2011, 11(5): 1345-1353.
- [12] 周桔,雷霆.土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望[J].生物多样性,2007,15(3):306-311.
- [13] 马琳.土壤微生物多样性影响因素及研究方法综述[J].乡村科技,2019,(33):112-113.
- [14] 赵轻舟,王艳芬,崔骁勇,等.草地土壤微生物多样性影响因素研究进展[J].生态科学,2018,37(3):204-212.
- [15] 刘怡萱,曹鹏熙,马红梅,等.青藏高原土壤微生物多样性及其影响因素研究进展[J].环境生态学,2019,1(6):1-7.
- [16] 张珂,苏永中,王婷,等.荒漠绿洲区不同种植年限人工梭梭林土壤化学计量特征[J].生态学报,2016,36(11):3235-3243.
- [17] 刘江,张立欣,徐先英.不同退化程度的人工梭梭林地土壤理化特征[J].西北林学院学报,2019,34(4):36-42.
- [18] 罗青红,宁虎森,陈启民.人工梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林固沙过程中植被与土壤耦合关系[J].中国沙漠,2018,38(4):780-790.
- [19] 苏永中,刘婷娜.流动沙地建植人工固沙梭梭林的土壤演变过程[J].土壤学报,2020,57(1):84-91.
- [20] 席军强,杨自辉,郭树江,等.人工梭梭林对沙地土壤理化性质和微生物的影响[J].草业学报,2015,24(5):44-52.
- [21] 厉静文,包岩峰,郭浩,等.梭梭(*Haloxylon ammodendron*)林带防风效果的风洞试验[J].中国沙漠,2020,40(3):77-84.
- [22] 郭向东,王树森,罗于洋,等.干扰程度对巴音温都尔沙漠天然梭梭林表层土壤粒径特征影响的研究[J].内蒙古林业科技,2019,45(4):35-38.

- [23] 王少昆,赵学勇,贾昆峰,等. 乌拉特荒漠草原小针茅(*Stipa klemenzii*)群落土壤细菌多样性及垂直分布特征[J]. 中国沙漠, 2016, 36(6): 1564-1570.
- [24] 曲浩,赵学勇,王少昆,等. 乌拉特荒漠草原不同植被群落对土壤碳、氮的影响[J]. 草业科学, 2014, 31(3): 355-360.
- [25] 璠珉,田凯,潘瑞萍. 乌拉特保护区内封育措施对天然梭梭林恢复过程的影响[J]. 内蒙古林业调查设计, 2015, 38(3): 41-44.
- [26] Mohd Yusoff M Z, Hu A, Feng C, et al. Influence of pretreated activated sludge for electricity generation in microbial fuel cell application[J]. *Bioresource Technology*, 2013, 145: 90-96.
- [27] Adams R I, Mileto M, Taylor J W, et al. Dispersal in microbes: fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances[J]. *The ISME Journal*, 2013, 7(7): 1262-1273.
- [28] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, 10(10): 996-998.
- [29] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [30] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(23): 7537.
- [31] 贾鹏,杜国祯. 生态学的多样性指数: 功能与系统发育[J]. 生命科学, 2014, 26(2): 153-157.
- [32] 贺纪正,李晶,郑袁明. 土壤生态系统微生物多样性-稳定性关系的思考[J]. 生物多样性, 2013, 21(4): 411-420.
- [33] 李学斌,张义凡,陈林,等. 荒漠草原典型群落土壤粒径和养分的分布特征及其关系研究[J]. 西北植物学报, 2017, 37(8): 1635-1644.
- [34] 李得禄,李昌龙,姜生秀. 梭梭林下土壤结皮对黄花补血草种群分布格局影响[J]. 草业科学, 2020, 37(11): 2223-2233.
- [35] Chapin Iii F S, Matson P A, Vitousek P M. Principles of Terrestrial Ecosystem Ecology[M]. Berlin, Germany: Springer, 2002.
- [36] Wigginton S, Amador J A. Soil: Microbial Ecology [M]. Boca Raton, USA: CRC Press, 2020.
- [37] Wang S, Zuo X, Awada T, et al. Changes of soil bacterial and fungal community structure along a natural aridity gradient in desert grassland ecosystems, Inner Mongolia [J]. *CATENA*, 2021, 205: 105470.
- [38] Sessitsch A, Weilharter A, Gerzabek M H, et al. Microbial population structures in soil particle size fractions of a long-term fertilizer field experiment[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(9): 4215-4224.
- [39] Gebhardt M, Fehmi J S, Rasmussen C, et al. Soil amendments alter plant biomass and soil microbial activity in a semi-desert grassland[J]. *Plant and Soil*, 2017, 419(1): 53-70.
- [40] Scola V, Ramond J, Frossard A, et al. Namib desert soil microbial community diversity, assembly, and function along a natural xeric gradient [J]. *Microbial Ecology*, 2018, 75(1): 193-203.
- [41] Maestre F, Delgado-Baquerizo M, Jeffries T, et al. Increasing aridity reduces soil microbial diversity and abundance in global drylands[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015: 112.
- [42] Brodie E, Edwards S, Clipson N. Soil fungal community structure in a temperate upland grassland soil[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 45(2): 105-114.
- [43] Wang S, Zuo X, Zhao X, et al. Responses of soil fungal community to the sandy grassland restoration in Horqin Sandy Land, northern China[J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2016, 188(1): 1-13.
- [44] 曹红雨,高广磊,丁国栋,等. 呼伦贝尔沙区4种生境土壤真菌群落结构和多样性[J]. 林业科学, 2019, 55(8): 118-127.
- [45] Zhou Y, Jia X, Han L, et al. Fungal community diversity in soils along an elevation gradient in a *Quercus aliena* var. *acuteserrata* forest in Qinling Mountains, China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 167: 104104.
- [46] Yang Y, Cheng W, Pan X, et al. Soil bacterial and fungal diversities and its putative association with the distribution of *Oncocmelania hupensis* in the Dongting Lake marshlands, China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 157: 103720.
- [47] Ye G, Lin Y, Luo J, et al. Responses of soil fungal diversity and community composition to long-term fertilization: field experiment in an acidic Ultisol and literature synthesis [J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 145: 103305.

Soil microbial diversity and its relationship with soil physicochemical properties in Urat natural *Haloxylon ammodendron* forest

Chen Feng¹, Zhang Jing², Han Erniu¹, Wensuyalatu³, Li Shenglin¹,
Wang Guolin³, Wang Lei⁴, Wang Shaokun⁵

(1. Bureau of Urat National Nature Reserve in Bayan Nur City, Bayan Nur 015000, Inner Mongolia, China; 2. Master Station of Forestry and Grassland Protection in Inner Mongolia, Hohhot 010020, China; 3. Urat Rear Banner Station of Urat *Haloxylon ammodendron* and *Equus hemionus* National Nature Reserve, Bayan Nur 015000, Inner Mongolia, China; 4. Bayan Nur Wulashan Forestry Management and Protection Center, Bayan Nur 015000, Inner Mongolia, China; 5. Urat Desert-grassland Research Station, Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, China)

Abstract: *Haloxylon ammodendron* is a widely used plant species for sand stabilization. It plays an important role in arid land development ecologically and economically. We chose natural *H. ammodendron* forest (Ha) to measure the soil microbial diversity and soil physicochemical properties, and analyze their relationships in Urat Rear Banner of Inner Mongolia. Bare sand (BS) was set as control. The results showed that both the soil bacterial and fungal diversities, including Shannon diversity index, Chao1 richness index and Phylogenetic diversity index were significantly higher in Ha than those in BS. Soil total carbon and nitrogen content were 1.73 and 2.21 times higher in Ha than those in BS. Soil silt and clay content was 2.6 times higher in Ha than that in BS. Soil water content was significantly lower in Ha than that in BS. *H. ammodendron* improved soil nutrients and soil texture, and consequently impact on soil microbial diversity. Soil bacterial and fungal diversities were positively correlated with soil total carbon and nitrogen contents, pH and electrical conductivity, while negatively correlated with soil C:N, soil water content and fine sand content. Structural equation models (SEM) revealed that vegetation and soil pH directly influenced soil bacterial diversity. Soil fungal diversity was directly influenced by soil total carbon and soil water content, and indirectly influenced by vegetation.

Key words: *Haloxylon ammodendron*; microbial diversity; soil property; high throughput sequencing