

黄顶菊(*Flaveria bidentis*)入侵对土壤微生物功能多样性的影响

赵晓红^{1,2}, 皇甫超河², 曲波^{1*}, 王月娟^{2,3}, 王慧², 刘红梅², 杨殿林^{2*}

(1.沈阳农业大学园艺学院, 辽宁 沈阳 110866; 2.农业部环境保护科研监测所, 天津 300191; 3.山东农业大学植物保护学院, 山东 泰安 271018)

摘要:外来植物入侵对土壤生物多样性的影响已成为生态学领域的研究热点之一。运用 Biolog 技术和氯仿熏蒸浸提法研究了黄顶菊入侵对土壤微生物群落功能多样性及土壤微生物量的影响。结果表明,黄顶菊入侵后土壤微生物代谢活性显著升高;土壤微生物群落平均吸光值(*A*WCD)的变化趋势为:入侵地根际土(RPS)>入侵地根围土(BS)>未入侵地(CK),且差异显著;而 CK 的功能多样性指数(*H*)高于 BS,RPS 亦高于 BS,差异均显著($P<0.05$)。主成分分析结果表明,黄顶菊入侵使土壤微生物群落的碳源利用方式和代谢功能发生改变。对不同碳源利用的分析结果表明,糖类、氨基酸类、羧酸类和聚合物为土壤微生物利用的主要碳源。入侵样地 BS 和 RPS 的微生物量碳分别比 CK 高 27.05%、121.52%;BS 和 RPS 的微生物量氮分别比 CK 高 37.40%、79.80%。相关性分析表明,*A*WCD 与微生物量碳和微生物量氮均呈极显著正相关($P<0.01$)。由此可知,黄顶菊入侵增强了入侵地土壤微生物代谢活性,降低了土壤微生物群落的功能多样性,增加了土壤微生物量碳、氮水平。

关键词:入侵植物;黄顶菊;土壤微生物;功能多样性;Biolog

中图分类号:S154.36

文献标志码:A

文章编号:2095-6819(2014)02-0182-08

doi: 10.13254/j.jare.2014.0044

Effects of *Flaveria bidentis* Invasion on Soil Microbial Functional Diversity

ZHAO Xiao-hong^{1,2}, HUANGFU Chao-he², QU Bo^{1*}, WANG Yue-juan^{2,3}, WANG Hui², LIU Hong-mei², YANG Dian-lin^{2*}

(1.College of Horticulture, Shenyang Agriculture University, Shenyang 110866, China; 2.Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture, Tianjin 300191, China; 3.College of Plant Protection, Shandong Agricultural University, Taian 271018, China)

Abstract: The influence of invasive plant invasion on soil biodiversity has become one of popular issues of ecology. In present study, the effect of *Flaveria bidentis*, an invasive plant, on functional diversity of soil microbial communities and soil microbial biomass was investigated by using Biolog-ECO technique and chloroform fumigation extraction. Soil samples were collected in invaded area bulk soil(BS), rhizosphere soil(RPS) and non-invasion area (CK) in August, 2012. The results showed that the soil microbial metabolic activity significantly increased following the invasion of *F.bidentis*. The average well color development(*A*WCD) which directly reflected the microbial activities changed as following: RPS>BS>CK, with significant difference($P<0.05$). The CK was significantly higher in Shannon-Wiener index(*H*) of soil microbial community than BS with significant rhizosphere effect detected. The principal component analysis (PCA) indicated that the variance contribution rate of PC1 and PC2 were 45.68% and 19.83%, respectively. Carbon source utilization ways of soil microbial community changed following the invasion of *F.bidentis*. The main carbon source of soil microorganisms were sugars, amino acids, carboxylic acid and polymer. Soil microbial biomass carbon of BS and RPS were increased by 27.05%、121.52% compared with CK, soil microbial biomass nitrogen of BS and RPS were also increased by 37.40%、79.80%. Correlation analysis showed that the *A*WCD had highly significantly ($P<0.01$) positive correlation with soil microbial biomass carbon and nitrogen. Therefore, the function of soil microbial metabolism and soil microbial biomass carbon and nitrogen were enhanced, while the soil microbial community functional diversity was reduced following the invasion of *F. bidentis*.

Keywords: invasive plant; *Flaveria bidentis*; soil microbial; functional diversity; Biolog

收稿日期:2014-03-06

基金项目:天津市自然科学基金项目(12JCQNJC09800);公益性行业(农业)科研专项经费项目(201103027)

作者简介:赵晓红(1985—),女,内蒙古呼和浩特人,硕士研究生,主要从事入侵植物生态学研究。E-mail:zhaoxiaohongde@126.com

*通信作者:曲波 E-mail:syau_qb@163.com

杨殿林 E-mail:yangdianlin@caas.cn

黄顶菊(*Flaveria bidentis*)是菊科、堆心菊族、黄顶菊属一年生杂草,原产于南美洲,后来传播到非洲、欧洲、澳大利亚和亚洲的一些国家^[1],2001年,我国天津和河北的衡水市首次发现黄顶菊,但有调查推断,其早在1996年便已传入我国^[2]。黄顶菊对生境适应性强,耐盐碱和干旱,生态幅广泛,具有繁殖能力强、种子产量大、且种子小而轻、易于扩散等特点,有“生态杀手”之称^[3]。2010年,黄顶菊被列入环境保护部和中国科学院发布的《中国第二批外来入侵物种名单》;2013年亦被列入《国家重点管理外来入侵物种名录(第一批)》。

土壤微生物多样性是生物多样性的重要组成部分。然而,土壤是自然环境中最为复杂的异质体系,这就决定了土壤微域环境的多样化和土壤微生物的高度多样性^[4]。近年来,关于黄顶菊对入侵地土壤生态系统的研究大多集中在土壤养分含量^[5-6]、细菌群落多样性^[7-8]和真菌群落多样性^[9]等方面,有关黄顶菊入侵对土壤微生物群落功能多样性的研究却尚无报道。外来入侵植物是导致入侵地土壤微生物群落组成和功能发生波动的一个主要因素^[10],可以通过直接或间接的方式影响入侵地土壤微生物群落的结构和功能多样性,从而阻碍本土植物的生长和更新^[11]。群落多样性作为反映土壤微生物生态学特征的关键指标^[12],已成为生态学研究领域的热点和焦点,其研究方法也在不断的改进和完善^[13-14]。其中,Biolog分析法通过测定微生物对单一碳源利用程度来反映微生物群体水平的生理特征,以此研究微生物群落的功能多样性。

本文以典型黄顶菊入侵地土壤为研究对象,采用含有31种不同单一碳源的Biolog-ECO微平板检测技术,分析碳源平均颜色变化率(AWCD)、6类碳源利用率、主成分分析因子载荷等指标,目的在于:(1)探明黄顶菊入侵对土壤微生物群落的主要碳源利用类型以及对不同碳源的利用情况的影响;(2)揭示黄顶菊入侵后土壤微生物群落碳源利用特征的变化,以期阐明黄顶菊入侵的机制提供基础数据,也为黄顶菊的预防和治理提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于天津市静海县黄顶菊重发区(38°35'30''N,116°42'45''E),海拔2.4 m。属于暖温带大陆性季风气候,四季分明,年均气温约为11.8℃,年均降水量870 mm,年均无霜期193 d,土壤类型为盐渍化

潮土,pH偏碱。入侵样地主要伴生植物有狗尾草(*Setaria viridis*)、猪毛菜(*Salsola collina*)、芦苇(*Phragmites australis*)和黄花蒿(*Artemisia annua*)等。

1.2 试验设计和土壤样品采集

试验地为黄顶菊危害的典型荒地生境,形状近正方形,根据是否有黄顶菊入侵将试验区分为2个样地:(1)本土植物样地(CK)。样地内没有黄顶菊,仅生长有本土植物;(2)黄顶菊入侵样地。样地内生长有黄顶菊和本土植物,有记载的黄顶菊发生年限在5年以上,发生盖度在60%~100%之间。在每个样地中随机建立5个面积为5 m×5 m的小区,每个小区为1个重复,各小区间距>5 m。于2012年8月12日采集土样,由于植物对土壤环境的影响受根区位置的影响,因此入侵样地土样分根际土(rhizosphere soil, RPS)和根围土(bulk soil, BS)取样。RPS采用抖落法,将每个小区中的10个植株的根际土混合为1个土样;BS利用5点采样法,采集0~10 cm表土,组成1个混合土样。在取样前去除地面植物和凋落物等有机杂质。CK采样方法同入侵样地BS采样方法。土样装于塑料自封袋中用冰盒带回实验室。将每个小区采集的土样过2 mm筛后分成2份,一份储存在-20℃冰箱,用于分子生物学试验;一份风干用于土壤理化性质测定,理化的测定数据为5个重复所获结果。

1.3 试验方法

1.3.1 土壤理化性质测定

土壤有机质的测定采用重铬酸钾外加热法,全氮含量采用半微量开氏法,铵态氮和硝态氮含量的测定采用KCl浸提法^[15]。

1.3.2 Biolog测定

土壤微生物功能多样性用Biolog方法进行测定^[16]:称取相当于10 g干土重量的新鲜土样,在超净工作台中将土壤加入盛有90 mL 0.85%无菌NaCl的三角瓶中,封口后,在摇床上250 r·min⁻¹震荡30 min,静置10 min后取5 mL上清液加入45 mL 0.85%无菌NaCl溶液中,重复以上过程,将溶液稀释1 000倍。用8通道加样器将稀释液接种到Biolog-ECO生态培养板的96个孔中,每孔分别接种150 μL稀释后的悬液。将接种好的培养板放在28℃恒温培养箱中培养,分别于24、48、72、96、120、144、168 h在Biolog微孔板读数仪(Biolog Inc., USA)上读取培养板在590 nm和750 nm波长下的吸光值。

1.3.3 土壤微生物量碳、微生物量氮测定

采用氯仿熏蒸-K₂SO₄提取法,每个重复取6份

新鲜土壤,每份 10 g(按干重转换),培养 24 h 后,3 份采用氯仿熏蒸 24 h,另 3 份不熏蒸,加入 50 mL 0.5 mol·L⁻¹ K₂SO₄ 溶液浸提土壤。应用 Multi N/C 3100 总有机碳/总氮分析仪(德国耶纳分析仪器分析公司)进行测定^[17]。

1.4 数据分析

选取在 0~2 范围内的 OD 值进行分析^[18]。采用微平板每孔颜色平均变化率(average well color development, *AWCD*)来表示微生物整体活性,*AWCD* 计算方法如下:

$$AWCD = \sum (C - R) 590 - 750 / n$$

式中:*C* 为每个有碳源的光密度值;*R* 为对照孔的光密度值;*n* 为 Biolog-ECO 微平板上供试碳源的种类数,*n* 值为 31,3 次重复。

根据 Biolog-ECO 板不同反应孔的吸光值大小,采用培养 96 h 的微生物代谢活性值作为土壤微生物的特征值^[19]。计算公式如下:

$$\text{Shannon-Wiener 多样性指数 } H = -\sum (P_i \cdot \ln P_i)$$

$$\text{Shannon-Wiener 均匀度指数 } E = H / \ln S$$

$$\text{Simpon 优势度指数 } D = 1 - \sum P_i^2$$

式中:*S* 是有颜色变化的孔的数目,*P_i* 为第 *i* 个孔的相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比值,计算公式为: $P_i = C - R / \sum (C - R)$ 。

选取 96 h 的 OD 值进行主成分分析(principal component analysis, PCA)。

试验数据用 Excel 2003 进行处理,采用 SPSS 16.0 进行多重方差分析(ANOVA)、主成分分析和相关性分析。

2 结果与分析

2.1 黄顶菊入侵对土壤理化性质的影响

黄顶菊入侵后土壤理化性质发生显著变化(表 1)。BS 土壤有机质和全氮含量均显著高于 CK,分别比 CK 高 7.72%、31.34%;而 RPS 则分别比 CK 高 18.53%、126.87%。但是,与 CK 比,BS 的 pH 值和硝态氮含量则呈现下降的趋势,且差异达均显著水平。入

侵地中所有土壤养分含量均存在明显的根际效应。

2.2 土壤微生物群落平均吸光值(*AWCD*)的动态变化

从培养开始计时,每隔 24 h 测定 *AWCD* 值,得到该值随时间的动态变化图(图 1)。*AWCD* 值的变化速度(斜率)和最终能达到的 *AWCD* 值反映了土壤微生物利用某一碳源的能力,通常认为变化幅度较大的样品具有较高的碳源利用能力,也常常具有较高的微生物丰度^[20],这在一定程度上可以反映土壤中微生物种群的数量和结构特征。由图 1 知,*AWCD* 的变化趋势为:RPS > BS > CK,且除 24 h 外,差异均显著($P < 0.05$)。从图 1 中还可以发现,随着培养时间的延长,不同处理 *AWCD* 值的上升快慢存在差异,黄顶菊入侵地 RPS 和 BS 的 *AWCD* 值上升较快,说明碳源被迅速利用,然而 CK 的 *AWCD* 值上升却非常缓慢。这表明黄顶菊入侵增加了土壤微生物代谢活性。

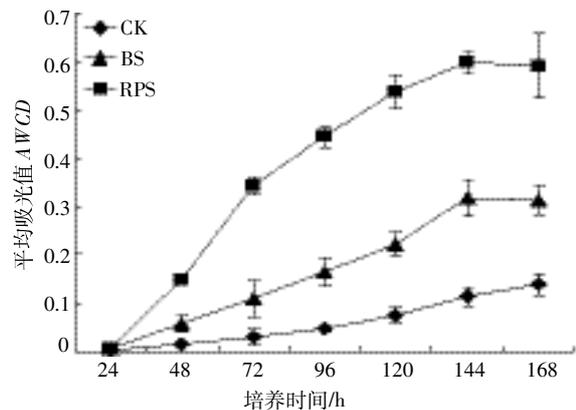


图 1 土壤微生物群落 *AWCD* 值随时间的动态变化
Figure 1 *AWCD* dynamics with incubation time

2.3 土壤微生物群落多样性指数的变化

土壤微生物的功能多样性是通过土壤微生物群落物种多样性指数(*H*)、均匀度指数(*E*)、优势度指数(*D*)分别来表征的。本研究采用培养 96 h 的数据计算土壤微生物多样性指数,由表 2 知,CK 的 *H* 高于 BS,由于根际效应的存在,RPS 的 *H* 也高于 BS,差异显著($P < 0.05$);CK 的 *D* 要高于 BS,差异显著($P < 0.05$)。

表 1 黄顶菊入侵对土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of *Flaveria bidentis* invasion on soil chemical and physical properties

样地类型	pH 值	有机质/g·kg ⁻¹	全氮/g·kg ⁻¹	铵态氮/mg·kg ⁻¹	硝态氮/mg·kg ⁻¹
CK	8.48±0.05a	20.72±0.78c	0.67±0.04c	10.77±0.2b	10.00±0.40b
BS	8.36±0.03b	22.32±0.89b	0.88±0.05b	10.17±0.51b	8.11±0.27c
RPS	8.24±0.03c	24.56±0.76a	1.52±0.09a	12.22±0.84a	14.10±0.78a

注:数值后同列不同字母表示差异显著($P < 0.05$)。下同。

表2 土壤微生物群落多样性指数
Table 2 Diversity indices for soil microbial communities

处理	多样性指数(<i>H</i>)	均匀度指数(<i>E</i>)	优势度指数(<i>D</i>)
CK	2.23±0.33a	0.68±0.10a	0.98±0.01a
BS	1.95±0.40b	0.55±0.11a	0.73±0.17b
RPS	2.77±0.08a	0.67±0.02a	0.93±0.01ab

2.4 主成分分析

2.4.1 不同碳源在主成分上的载荷值

为了进一步了解黄顶菊入侵对土壤微生物群落代谢能力的影响,利用培养 96 h 的数据,对 31 种碳源底物利用情况进行主成分分析。主成分分析中的因子载荷值可反映不同土壤碳源利用的差异,绝对值越大,表明该碳源的影响越大,在众多碳源中起主要分异作用^[21]。Biolog-ECO 板上的 31 种碳源在前 2 个主成分上的载荷值见表 3,将 Biolog-Eco-Plate 的 31 种碳源底物分为 6 大类^[22]:糖类(7 种)、氨基酸类(6 种)、

羧酸类(9 种)、聚合物(4 种)、胺类(2 种)、代谢中产物和次生代谢物(3 种)。由表 3 可知,第一主成分(PC1)具有较高相关性的碳源有 17 种,其中糖类 5 种、氨基酸类 4 种、羧酸类 3 种、聚合物 1 种、胺类 1 种、其他 3 种,表明影响第一主成分的碳源主要有糖类、氨基酸类和羧酸类。而与第二主成分(PC2)具有较高相关性的碳源有 8 种,其中糖类 1 种、氨基酸 1 种、羧酸类 4 种、聚合物 2 种,表明影响第二主成分的碳源主要有羧酸类和聚合物。

2.4.2 土壤微生物群落利用碳源的主成分分析

土壤微生物群落功能主成分分析用于研究微生物对碳源利用的特点。通过主成分分析可以在降维后的主元向量空间中,用点的位置直观地反映出不同土壤微生物群落功能多样性的变化^[23]。根据此原则,共提取出了 6 个主成分,累计贡献率达 96.72%,表明这 6 个主成分可以解释群体总的遗传方差。其中第一主

表3 31种碳源的主成分载荷因子
Table 3 Loading factors of principle components of 31 sole-carbon sources

序号	碳源类型	PC1	PC2	序号	碳源类型	PC1	PC2
A2	β-甲基-D-葡萄糖苷(糖类) β-Methyl-D-Glucoside	0.971	-0.02	E2	N-乙酰-D-葡萄糖氨(糖类) N-Acetyl-D-Glucosamine	0.806	-0.049
A3	D-半乳糖酸 γ-内酯(羧酸类) D-Galactonic Acid γ-Lactone	0.860	-0.00	E3	γ-羟丁酸(羧酸类) γ-Hydroxybutyric Acid	0.156	0.807
A4	L-精氨酸(氨基酸类) L-Arginine	0.493	-0.610	E4	L-苏氨酸(氨基酸类) L-Threonine	-0.740	-0.078
B1	丙酮酸甲酯(其他) Pyruvic Acid Methyl Ester	0.920	-0.206	F1	肝糖(聚合物) Glycogen	-0.066	0.804
B2	D-木糖(糖类) D-Xylose	0.400	0.860	F2	D-葡糖胺酸(羧酸类) D-Glucosaminic Acid	0.602	-0.670
B3	D-半乳糖醛酸(羧酸类) D-Galacturonic Acid	0.837	-0.122	F3	衣康酸(羧酸类) Itaconic Acid	-0.425	-0.173
B4	L-天门冬酰胺(氨基酸类) L-Asparagine	0.918	-0.155	F4	甘氨酸-L-谷氨酸(氨基酸类) Glycyl-L-Glutamic Acid	0.189	0.322
C1	吐温 40(聚合物) Tween40	0.422	0.588	G1	D-纤维二糖(糖类) D-Cellobiose	0.417	0.331
C2	i-赤藓糖醇(糖类) i-Erythritol	0.827	-0.054	G2	1-磷酸葡萄糖(其他) Glucose-1-Phosphate	0.952	0.034
C3	2-羟基苯甲酸(羧酸类) 2-Hydroxy Benzoic Acid	0.090	0.776	G3	α-丁酮酸(羧酸类) α-Ketobutyric Acid	0.023	0.848
C4	L-苯丙氨酸(氨基酸类) L-Phenylalanine	0.857	-0.114	G4	苯乙胺(胺类) Phenylethylamine	-0.710	0.151
D1	吐温 80(聚合物) Tween 80	0.645	-0.707	H1	α-D-乳糖(糖类) α-D-Lactose	0.616	0.587
D2	D-甘露醇(糖类) D-Mannitol	0.987	-0.012	H2	D, L-α-磷酸甘油(其他) D, L-α-Glycerol Phosphate	0.818	0.367
D3	4-羟基苯甲酸(羧酸类) 4-Hydroxy Benzoic Acid	0.578	-0.047	H3	D-苹果酸(羧酸类) D-Malic Acid	0.201	-0.316
D4	L-丝氨酸(氨基酸类) L-Serine	0.915	0.254	H4	腐胺(胺类) Putrescine	0.903	0.206
E1	α-环式糊精(聚合物) α-Cyclodextrin	0.477	-0.247				

成分(PC1)贡献率是 45.68%,权重最大;第二主成分(PC2)贡献率是 19.83%;第 3~6 主成分贡献率分别是 12.94%、8.75%、6.13%、3.39%,因其贡献率较小,所以以 PC1 和 PC2 作图,以区分不同处理间的微生物代谢特征。

从图 2 可以看出,不同处理在 PC 轴上出现了明显的分布差异,其中 RPS 土壤的微生物代谢多样性类型具有较大的变异(分散的数据点)。同时可以看出,BS、RPS 的大部分点分布在 PC2 负轴上,CK 分布在正轴上,表明黄顶菊入侵使土壤微生物群落对碳源的代谢特征产生了差异。

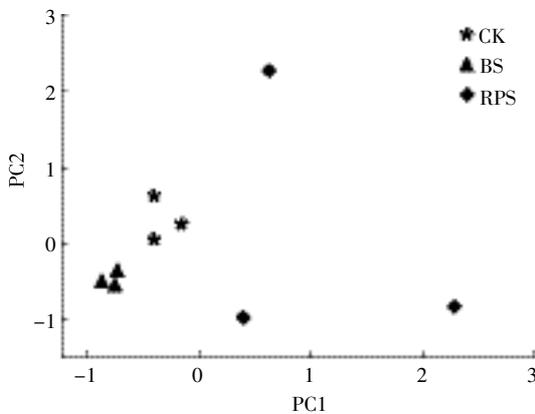


图 2 不同处理土壤微生物碳源利用主成分分析

Figure 2 Principal component analysis for carbon utilization of soil microbial communities in different treatments

2.5 黄顶菊入侵对土壤微生物量的影响

土壤微生物量是指除了植物根系和体积大于 $5 \times 10^3 \mu\text{m}^3$ 的土壤动物以外的土壤中所有活有机体的生物量^[24]。从图 3 可以看出,黄顶菊入侵之后,土壤微生物量碳、氮均显著上升($P < 0.05$)。其中,入侵样地 BS 和 RPS 的微生物量碳分别比 CK 高 27.05%、121.52%;BS 和 RPS 的微生物量氮分别比 CK 高 37.4%、79.80%。

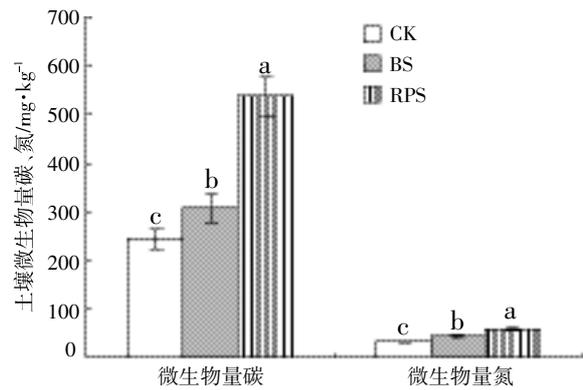


图 3 土壤微生物量碳、微生物量氮

Figure 3 Microbial biomass carbon, nitrogen of soil in sampling sites

2.6 土壤微生物功能多样性与土壤微生物量的相关关系

将 96 h 平均颜色变化率 ($AWCD$)、多样性指数 (H)、均匀度指数 (E)、Simpson 优势度指数 (D) 与土壤微生物量碳、微生物量氮进行相关分析。如表 4 所示, $AWCD$ 与微生物量碳和微生物量氮均呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 多样性指数 (H) 与优势度指数 (D) 呈显著负相关 ($P < 0.05$)。

3 讨论

植物对土壤环境的重要影响之一是改变土壤微生物群落特征。外来入侵植物可以通过根系分泌物、淋溶物、凋落物腐解等释放化感物质进入土壤,改变土壤养分和微生物,从而获得竞争优势^[25]。这种变化可能促进其入侵并抑制其他植物的生长。Biolog 方法用于环境微生物群落的研究,具有灵敏度高,分辨能力强;无需对微生物进行纯种分离培养;且测定方法简便等优点。可通过对多种单一碳源利用的测定得到被测微生物群落的代谢特征,分辨微生物群落微小的变化,也可以最大限度地保留微生物群落原有的代谢特征,该方法已经被广泛应用于评价土壤微生物总的

表 4 土壤微生物功能多样性与土壤微生物量的相关性

Table 4 Correlative coefficients among soil microbial functional diversity and soil microbial biomass

项目	$AWCD$	多样性指数(H)	均匀度指数(E)	优势度指数(D)	微生物量碳	微生物量氮
$AWCD$	1.000	0.480	-0.118	0.014	0.981**	0.964**
多样性指数(H)	—	1.000	-0.209	-0.617*	0.597	0.523
均匀度指数(E)	—	—	1.000	0.411	-0.080	0.071
优势度指数(D)	—	—	—	1.000	0.103	-0.010
微生物量碳	—	—	—	—	1.000	0.942**
微生物量氮	—	—	—	—	—	1.000

注:两尾检验,“**”表示 $P < 0.01$,“*”表示 $P < 0.05$ 。

功能多样性^[26]。由于 Biolog 方法主要依赖于微生物群体的生理活性,作为研究微生物群落功能多样性的方法仍然存在一些不足,如该方法较适用于检测和鉴定土壤中快速生长或富营养微生物类群的活性,而不适用于反映土壤中生长缓慢或不能培养的微生物信息;土壤微生物在 Biolog 板内生长时,由于湿度、渗透压和 pH 值等的变化,会引起微生物对碳源底物实际利用能力的改变^[27]。本文中的土壤微生物功能多样性主要是从碳源利用角度阐述的,指的是土壤整体微生物代谢功能的多样性。而土壤功能微生物多样性则是应用分子生物学技术(如 DGGE、T-RFLP 和 RT-PCR 等)对某一基因序列及其特征表达的功能信息,来判定土壤中的功能菌群,诸如现在已经比较熟悉的氨氧化细菌、反硝化细菌、甲烷氧化菌等,进而分析其结构、遗传等多样性。

土壤微生物群落对 Biolog 微平板中各类碳源利用情况的差异反映了土壤中微生物群落代谢功能的不同^[28]。碳源平均颜色变化率及其功能多样性指数可以反映土壤微生物的活性及其功能多样性^[9]。本研究中,土壤微生物群落平均吸光值(AWCD)表现为 RPS>BS>CK。较高的 AWCD 值意味着土壤微生物群落有更高的能力去代谢不同的简单分子底物,反映了土壤微生物群落拥有较高的代谢活性。由此可知,黄顶菊入侵增强了土壤微生物的代谢活性。这与陈华^[29]、鲁海燕^[30]的研究结果相似。在特定的生长环境内,土壤微生物群落可以形成与本地植物相对协调稳定的生态关系,然而土壤微生物群落也是易变的,它会受到外来植物入侵和植物群落多样性变化的影响^[31]。于兴军等^[32]应用 Biolog-Ecoplate™ 方法测定了紫茎泽兰(*Eupatorium adenophorum*)入侵对土壤细菌群落特征的影响,结果显示改变土壤细菌群落可能是紫茎泽兰入侵过程中的一个重要组成部分,外来入侵植物可以通过改变入侵地土壤微生物群落结构,阻碍本地植物的生长和更新。本研究发现,黄顶菊入侵降低了土壤微生物代谢功能的多样性,但存在明显的根际效应。根际效应是由于植物根系产生的分泌物和脱落物为根际区土壤微生物提供有效碳源和氮源,因而根际的土壤微生物在数量和种群上比非根际土壤微生物多,并随之带来一系列土壤生化过程的连锁效应,导致根际土壤理化性质与生物学特性不同于非根际土壤,即表现出根际效应(rhizosphere effects)^[33]。同时,本文的主成分分析表明,黄顶菊入侵改变了土壤微生物群落对碳源的代谢特征。

土壤微生物量在很大程度上能够反映出土壤微生物的活性,常被用来评价微生物的活性参数^[34]。有研究发现外来入侵植物豚草(*Ambrosia artemisiifolia*)^[35]和绿毛山柳菊(*Hieracium pilosella*)^[36]的入侵提高了土壤微生物量碳、氮的含量。本研究也发现,黄顶菊入侵地土壤微生物量碳、氮含量明显高于 CK,且存在明显的根际效应。这表明黄顶菊入侵样地微生物活动要比 CK 的强烈,土壤碳源、氮源的平均可利用性也要比 CK 的高。本研究的相关性分析表明,AWCD 与微生物量碳、氮均呈极显著正相关。由此说明土壤微生物代谢活性的变化可能是导致土壤微生物量变化的主要原因。有研究发现,植物凋落物的增加为土壤提供了丰富的有机物质,促进了土壤微生物的大量繁殖^[37]。黄顶菊入侵后能够快速形成单优群落,且生物量大,地上凋落物向土壤输入增多,导致土壤微生物代谢活性增强,土壤微生物量的增加。

4 结论

总体来说,黄顶菊入侵增强了土壤微生物的代谢活性,提高了土壤微生物量,降低了 BS 微生物的功能多样性,但增加了自身 RPS 微生物的功能多样性水平。这种变化可能利于黄顶菊在抑制本地植物生长的同时增强自身竞争能力,实现进一步成功入侵。

参考文献:

- [1] 刘全儒. 中国菊科植物一新归化属——黄菊属[J]. 植物分类学报, 2005, 43(2): 178-180.
LIU Quan-ru. *Flaveria* Juss. (Compositae), a newly naturalized genus in China[J]. *Acta Phytotaxonomica Sinica*, 2005, 43(2): 178-180. (in Chinese)
- [2] 李少青,倪汉文,方宇,等. 黄顶菊种子休眠与种子寿命研究[J]. 杂草科学, 2010(2): 18-21.
LI Shao-qing, NI Han-wen, FANG Yu, et al. The study on seed dormancy and seed longevity of *Flaveria bidentis*[J]. *Weed Science*, 2010(2): 18-21. (in Chinese)
- [3] 张风娟,徐兴友,陈凤敏,等. 黄顶菊茎叶浸提液对白菜和水稻幼苗化感作用的初步研究[J]. 西北植物学报, 2008, 28(8): 1669-1674.
ZHANG Feng-juan, XU Xing-you, CHEN Feng-min, et al. Allelopathic effect of aqueous extract of *Flaveria bidentis* (L.) Kunth on Chinese cabbage and rice seedlings growth[J]. *Acta Bot Boreal-Occident Sin*, 2008, 28(8): 1669-1674. (in Chinese)
- [4] 沈菊培,张丽梅,郑袁明,等. 土壤宏基因组学技术及其应用[J]. 应用生态学报, 2007, 18(1): 212-218.
SHEN Ju-pei, ZHANG Li-mei, ZHENG Yuan-ming, et al. Methodology and application of soil metagenomics[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, 18(1): 212-218. (in Chinese)

- [5] 杨 星,张利辉,郑 超,等. 黄顶菊入侵对土壤养分和酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2012,18(4): 907-914.
YANG Xing, ZHANG Li-hui, ZHENG Chao, et al. Effects of *Flaveria bidentis* invasion on soil microbial communities, enzyme activities and nutrients[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2012, 18(4): 907-914.(in Chinese)
- [6] 张天瑞,皇甫超河,白小明,等. 黄顶菊入侵对土壤养分和酶活性的影响[J]. 生态学杂志,2010,29(7): 1353-1358.
ZHANG Tian-rui, HUANGFU Chao-he, BAI Xiao-ming, et al. Effects of *Flaveria bidentis* invasion on soil nutrient contents and enzyme activities[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2010, 29(7): 1353-1358.(in Chinese)
- [7] 闫素丽,皇甫超河,李 刚,等. 四种牧草植物替代控制对黄顶菊入侵土壤细菌多样性的影响[J]. 植物生态学报,2011,35(1): 45-55.
YAN Su-li, HUANGFU Chao-he, LI Gang, et al. Effects of replacement control with four forage species on bacterial diversity of soil invaded by *Flaveria bidentis*[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2011, 35(1): 45-55.(in Chinese)
- [8] 纪巧凤,宋 振,张国良,等. 黄顶菊入侵对土壤磷细菌多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报,2014,31(2): 175-181.
JI Qiao-feng, SONG Zhen, ZHANG Guo-liang, et al. Effects of *Flaveria bidentis* on the diversity of phosphorus bacteria in soil[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2014, 31(2): 175-181.(in Chinese)
- [9] 常瑞恒,皇甫超河,杨殿林,等. 生物替代对黄顶菊根际土壤真菌群落多样性的影响[J]. 中国农学通报,2011,27(33): 60-66.
CHANG Rui-heng, HUANGFU Chao-he, YANG Dian-lin, et al. Effects of biological replacement on fungi communities' diversity of soil invaded by *Flaveria bidentis*[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, 27(33): 60-66.(in Chinese)
- [10] Wolfe B E, Klironomos J N. Breaking new ground: soil communities and exotic plant invasion[J]. *Bioscience*, 2005, 55: 477-487.
- [11] Hawkes C V, Belnap J, Dantonio C, et al. Arbuscular mycorrhizal assemblages in native plant roots change in the presence of invasive exotic grasses[J]. *Plant and Soil*, 2006, 281: 369-380.
- [12] 靳正忠,雷加强,徐新文,等. 极端干旱区防护林地土壤微生物多样性[J]. 生态学报,2009,29(8): 4548-4559.
JIN Zheng-zhong, LEI Jia-qiang, XU Xin-wen, et al. Microbial diversities of shelter forest soils in the extremely arid area[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(8): 4548-4559.(in Chinese)
- [13] Macdonald C A, Thomas N, Robinson L, et al. Physiological, biochemical and molecular responses of the soil microbial community after afforestation of pastures with *Pinus radiata*[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41: 1642-1651.
- [14] 夏志超,孔垂华,王 朋,等. 杉木人工林土壤微生物群落结构特征[J]. 应用生态学报,2012,23(8): 2693-2700.
XIA Zhi-chao, KONG Chui-hua, WANG Peng, et al. Characteristics of soil microbial community structure in *Cunninghamia lanceolata* plantation[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2012, 23(8): 2693-2700.(in Chinese)
- [15] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版)[M]. 北京:中国农业出版社,2000.
BAO Shi-dan. *Soil agricultural chemistry analysis (3th Edition)*[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.(in Chinese)
- [16] Schutter M, Dick R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 36: 1576-1596.
- [17] 吴金水,林启美,黄巧云,等. 土壤微生物生物量测定方法及其应用[M]. 北京:气象出版社,2006:54-71.
WU Jin-shui, LIN Qi-mei, HUANG Qiao-yun, et al. The determination method of soil microbial biomass and its application[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2006: 54-71.(in Chinese)
- [18] Grove J A, Kautola H, Javadpour S, et al. Assessment of changes in the microorganism community in a biofilter[J]. *Biochemical Engineering Journal*, 2004, 18(2): 111-114.
- [19] 时 鹏,高 强,王淑平,等. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报,2010,30(22): 6173-6182.
SHI Peng, GAO Qiang, WANG Shu-ping, et al. Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(22): 6173-6182.(in Chinese)
- [20] Zabinski C A, Gannon J E. Effects of recreational impacts on soil microbial communities[J]. *Environmental Management*, 1997, 21: 233-238.
- [21] 林 青,曾 军,马 晶,等. 新疆地震断裂带次生植物根际土壤微生物碳源利用[J]. 应用生态学报,2011,22(9): 2297-2302.
LIN Qing, ZENG Jun, MA Jing, et al. Microbial carbon utilization in rhizosphere soils of secondary plants in earthquake fault zone of Xinjiang[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2011, 22(9): 2297-2302.(in Chinese)
- [22] Gloria R L, Miren O, Ibone A, et al. Relationship between vegetation diversity and soil functional diversity in native mixed-oak forests[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40: 49-60.
- [23] 席劲瑛,胡洪营,钱 易. Biolog 方法在环境微生物群落研究中的应用[J]. 微生物学报,2003,43(1): 138-141.
XI Jin-ying, HU Hong-ying, QIAN Yi. Application of biolog system in the study of microbial community[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2003, 43(1): 138-141.(in Chinese)
- [24] Paul E A, Ladd J N. *Soil biochemistry*[M]. New York: Marcel Dekker, 1981: 415-471.
- [25] Bais H P, Park S W, Weir T L, et al. How plants communicate using the underground information superhighway[J]. *Trends in Plant Science*, 2004, 9(1): 26-32.
- [26] Campbell C D, Grayston S J, Hirst D J. Use of rhizosphere carbon sources in sole carbon source tests to discriminate soil microbial communities[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, 30: 33-41.
- [27] Li C G, Li X M, Wang J G. Effect of soybean continuous cropping on bulk and rhizosphere soil microbial community function[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(4): 1144-1150.
- [28] 孔维栋,刘可星,廖宗文,等. 不同腐熟程度有机物料对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报,2005,25(9): 2291-2296.
KONG Wei-dong, LIU Ke-xing, LIAO Zong-wen, et al. Effects of organic matters on metabolic functional diversity of soil microbial com-

- munity under pot incubation conditions[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(9): 2291–2296. (in Chinese)
- [29] 陈 华. 外来植物与土壤微生物的关系研究[D]. 济南: 山东大学, 2011.
- CHEN Hua. The researches about the relation between exotic plants and soil biota[D]. Jinan: Shandong University, 2011. (in Chinese)
- [30] 鲁海燕. 秦岭西部油松和日本落叶松人工林土壤微生物多样性及其生态功能的变化特征[D]. 兰州: 兰州大学, 2010.
- LU Hai-yan. Change characteristics of soil microbial diversity and ecological function in *Pinus tabulaeformis* and *Larix kaempferi* plantation in West Qinling Mountains [D]. Lanzhou: Lanzhou University, 2010. (in Chinese)
- [31] Kourtev P S, Ehrenfeld J G, Haegglom M. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil[J]. *Ecology*, 2002, 83(11): 3152–3166.
- [32] 于兴军, 于 丹, 卢志军, 等. 一个可能的植物入侵机制: 入侵中可能通过改变入侵地土壤微生物群落影响本地种的生长[J]. *科学通报*, 2005, 50(9): 896–903.
- YU Xing-jun, YU Dan, LU Zhi-jun, et al. A possible mechanism of plant invasion: invasion of soil microbial communities are likely to invasion by changing the influence the growth of local species[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2005, 50(9): 896–903. (in Chinese)
- [33] Phillips R P, Fahey T J. The influence of soil fertility on rhizosphere effects in Northern Hardwood forest soils[J]. *Soil Science Society of America*, 2008, 72: 453–461.
- [34] Schutter M, Dick R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33: 1481–1491.
- [35] Qin Z, Xie J F, Quan G M, et al. Impacts of the invasive annual herb *Ambrosia artemisiifolia* L. on soil microbial carbon source utilization and enzymatic activities[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2014, 60: 58–66.
- [36] Sagar S, McIntosh P, Hedley C, et al. Changes in soil microbial biomass, metabolic quotient and organic matter turnover under hieracium(*H. pilosella* L.)[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 30: 232–238.
- [37] 薛 蕊, 刘国彬, 戴全厚, 等. 黄土丘陵区人工灌木林恢复过程中的土壤微生物生物量演变[J]. *应用生态学报*, 2008, 19(3): 517–523.
- XUE Sha, LIU Guo-bin, DAI Quan-hou, et al. Dynamic changes of soil microbial biomass in the restoration process of shrub plantations in loess hilly area[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2008, 19(3): 517–523. (in Chinese)