



# 长期人为干扰对桂西北喀斯特草地土壤微生物多样性及群落结构的影响

裴广廷 孙建飞 贺同鑫\* 胡宝清

南宁师范大学北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室, 南宁 530001; 南宁师范大学广西地表过程与智能模拟重点实验室, 南宁 530001

**摘要** 人为干扰是喀斯特草地正向演替的主要障碍因素, 从土壤微生物角度探讨草地对干扰的响应可为喀斯特生态恢复与科学利用提供依据。该研究依托中国科学院环江喀斯特生态系统观测站长期干扰监测样地, 通过高通量测序测定3个干扰模式(火烧、刈割、刈割除根)和1个对照(封育)处理的土壤细菌、真菌 $\alpha$ 多样性和群落结构, 并分析它们与环境因子(坡位、土壤理化性质)的关系, 揭示人为干扰对桂西北喀斯特草地土壤微生物的影响及机制。结果显示: 1)对于 $\alpha$ 多样性, 在中坡和下坡, 火烧均显著降低了真菌Chao1指数, 刈割均显著降低了细菌的香农指数和谱系多样性指数; 刈割除根在中、下坡分别显著降低了真菌Chao1指数和细菌香农指数。2)对于群落结构, 火烧、刈割和刈割除根在中、下坡均显著降低了酸杆菌门细菌相对丰度, 火烧在下坡使子囊菌门真菌相对丰度从74.49%显著降低至34.72%。3)冗余分析显示, 微生物生物量碳含量解释细菌和真菌 $\alpha$ 多样性变化的29.8%和26.8%以及细菌群落结构变化的31.7%; 细根生物量解释细菌 $\alpha$ 多样性和真菌群落结构变化的13.9%和10.3%。可见, 长期人为干扰对土壤微生物 $\alpha$ 多样性产生负面影响, 并显著改变微生物群落结构, 影响程度因干扰方式、微生物种类不同而异, 且受坡位调控。土壤微生物生物量碳含量和细根生物量的减少是人为干扰影响土壤微生物多样性和群落结构的重要因素。 $\alpha$ 多样性及子囊菌的减少将不利于土壤生态系统稳定性的维持, 酸杆菌的减少将不利于土壤有机质降解和铁循环。因此, 长期火烧、刈割等人为干扰将导致喀斯特草地生态系统功能发生退化。

**关键词** 喀斯特; 火烧; 刈割; 除根; 微生物多样性; 微生物群落结构; 高通量测序

裴广廷, 孙建飞, 贺同鑫, 胡宝清 (2021). 长期人为干扰对桂西北喀斯特草地土壤微生物多样性及群落结构的影响. 植物生态学报, 45, 74-84. DOI: 10.17521/cjpe.2020.0316

## Effects of long-term human disturbances on soil microbial diversity and community structure in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China

PEI Guang-Ting, SUN Jian-Fei, HE Tong-Xin\*, and HU Bao-Qing

Key Laboratory of Environment Change and Resources Use in Beibu Gulf, Ministry of Education, Nanning Normal University, Nanning 530001, China; and Guangxi Key Laboratory of Earth Surface Processes and Intelligent Simulation, Nanning Normal University, Nanning 530001, China

### Abstract

**Aims** Human disturbance is one of the main obstacles to the forward succession of karst grassland, exploring the response of grassland to disturbance in terms of soil microorganism can provide the basis for the restoration and rational utilization of karst land. Our objective was to study the effects of different human disturbances on soil microorganisms and the underlying mechanisms in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China.

**Methods** Three patterns of disturbances (burning, mowing, and mowing plus root removal) and one control treatment (enclosure) were conducted at the long-term monitoring plots in the Huanjiang Observation and Research Station for Karst Ecosystems, Chinese Academy of Sciences. We analyzed the changes of soil microbial diversity and community structure by high-throughput sequencing, and determined their relationships with environmental factors (slope position, soil physicochemical properties).

**Important findings** 1) For  $\alpha$  diversity, at both middle and lower slope positions, the burning treatment significantly reduced the fungal Chao1 index, while the mowing treatment significantly reduced the bacterial Shannon index and Pedigree diversity index. However, the mowing plus root removal treatment significantly reduced the

收稿日期Received: 2020-09-21 接受日期Accepted: 2020-11-24

基金项目: 国家自然科学基金(41807523和41701605)和广西自然科学基金(2017GXNSFBA198034、2017GXNSFBA198169和AD19110142)。Supported by the National Natural Science Foundation of China (41807523 and 41701605), and the Natural Science Foundation of Guangxi (2017GXNSFBA198034, 2017GXNSFBA198169 and AD19110142).

\* 通信作者Corresponding author (htx@nnnu.edu.cn)

fungal Chao1 index and the bacterial Shannon index, respectively, at middle and lower slope positions. 2) For microbial community structure, burning, mowing and mowing plus root removal treatments significantly reduced the relative abundance of Acidobacteria at both middle and lower slope positions, while the fire treatment significantly reduced the relative abundance of Ascomycota from 74.49% to 34.72% at the lower slope position. 3) Redundancy analysis showed that soil microbial biomass carbon explained 29.8% and 26.8% of the changes of bacterial and fungal  $\alpha$  diversity, respectively, and 31.7% of the changes of bacterial community structure. Root biomass explained 13.9% and 10.3% of the changes of bacterial  $\alpha$  diversity and fungal community structure, respectively. In conclusion, the three studied human disturbances have significantly negative influence on soil microbial  $\alpha$  diversity as well as having a significant change in and changed community structure, and the degree of influence varied among the pattern of disturbances and the type of microorganisms. Moreover, the effects were also regulated by slope position. Long-term human disturbances mainly affected the diversity and structure of soil microbial communities by changing soil microbial biomass carbon and root biomass. The decreases of  $\alpha$  diversity and Ascomycota will not be conducive to the maintenance of soil ecosystem stability, and the decrease of Acidobacteria will not facilitate to soil organic matter degradation and iron cycling. Therefore, the long-term human disturbances such as burning and mowing will induce the functional degradation of grassland ecosystem.

**Key words** karst; burning; mowing; root removal; microbial diversity; microbial community structure; high-throughput sequencing

Pei GT, Sun JF, He TX, Hu BQ (2021). Effects of long-term human disturbances on soil microbial diversity and community structure in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 45, 74-84. DOI: 10.17521/cjpe.2020.0316

中国的喀斯特面积居于世界首位, 其裸露面积约为90.7万km<sup>2</sup>, 约占国土总面积的10% (宋同清等, 2014)。西南地区是我国喀斯特最为集中分布区, 是典型的生态环境脆弱区(滕秋梅等, 2020), 其生态环境容量小, 人地矛盾尖锐, 对人类活动的影响十分敏感, 不合理的人类活动极易导致水土流失, 引发石漠化等生态问题(黄珣璠等, 2020)。火烧、刈割和放牧是喀斯特地区较为常见的人为干扰方式, 对石漠化恢复初期草地生态系统的稳定和演替产生严重威胁(陈香碧等, 2012; 许留兴等, 2015)。

土壤微生物是土壤养分循环的驱动者, 它控制着土壤有机质的分解与形成、碳氮循环等过程 (Fontúrbel *et al.*, 2012), 在生态系统功能和服务中发挥着重要作用(Philippot *et al.*, 2013)。已有研究表明, 生物多样性越高, 生态系统越可能趋于稳定 (Finlay *et al.*, 1997; Maron *et al.*, 2018; Morriss *et al.*, 2020); 相反, 生物多样性的减少将不利于生态系统的可持续发展(Naeem *et al.*, 2000)。细菌和真菌是微生物群落中的主要成员, 两者中一些特定的类群能分别完成有机质分解、硝化和反硝化等生态过程 (Bugg *et al.*, 2011; Philippot *et al.*, 2013), 因此人为干扰下微生物群落结构的改变将影响生态系统过程与功能的正常进行。因此, 研究土壤微生物多样性及群落结构对人为干扰的响应具有重要的生态学意义。

土壤微生物群落对环境条件的改变较为敏感, 温度、水分、pH、养分等理化性质与微生物的生长和代谢紧密相关(陶玉柱和邱雪颖, 2013)。有研究发现, 火烧可提高或降低土壤含水量、pH和根系生物量等土壤性质进而刺激或抑制微生物群落多样性 (Vázquez *et al.*, 1993; Huffman & Madritch, 2018)。刈割和放牧则主要通过减少地上植被有机质输入来改变微生物多样性和群落结构(谭红妍, 2015)。由于干扰作用的机制不同, 三者对微生物多样性和群落结构的影响也可能不尽相同。另外, 微生物对人为干扰的响应还可能与植被类型、地形等环境因子相关 (Huffman & Madritch, 2018)。在西南喀斯特地区, 关于火烧、刈割、放牧等人为干扰方式方面的研究主要集中在地上植被部分(徐丽丽等, 2008; 向凯旋, 2019), 而关于人为干扰对地下土壤细菌和真菌多样性及其群落结构的影响还少有研究, 其驱动机制是什么, 也尚未清楚。

本研究以桂西北喀斯特草地生态系统为研究对象, 设置火烧、刈割、刈割除根3种不同的人为干扰方式, 采用高通量测序技术(基于16S rRNA和ITS基因分析), 通过测定细菌和真菌多样性指数及群落结构的变化, 并分析它们与环境因子之间的关系, 探究不同干扰方式对土壤微生物群落的影响及其内在机制, 以期对喀斯特生态系统的恢复与合理利用

DOI: 10.17521/cjpe.2020.0316

提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 研究区概况

长期干扰监测样地位于桂西北环江毛南族自治县中国科学院环江喀斯特生态系统观测研究站的木连综合试验示范区(24.72°–24.73° N, 108.30°–108.32° E)(陈洪松等, 2012)。研究区属于中亚热带季风气候, 年降水量为1 389 mm, 干湿季节明显(雨季: 4–9月, 旱季: 10–3月), 70%以上降水集中在雨季; 年平均气温为19.9 °C, 极端高温38.7 °C, 极端低温–5.2 °C, 全年无霜期为300–330天(刘艳等, 2014)。地貌类型为典型的喀斯特峰丛洼地, 土壤类型为白云岩发育的棕色石灰土, 沿坡向下土层平均厚度由10–30 cm增加到50–80 cm (陈洪松等, 2012; 刘艳等, 2014)。1985年之前研究区生态系统经历着频繁的火烧、刈割和放牧, 1985年研究区大部分居民外迁, 退化生态系统得以逐渐恢复, 植被类型以荒草地和稀疏灌丛为主(陈洪松等, 2012)。

1.2 样地设置和样品采集

2004年底, 选择土壤和植被较为均一且坡向、坡度条件基本相同的一面东南方向山坡, 鉴于喀斯

特山坡中下部被当地居民利用率较高(陈洪松等, 2012; 刘艳等, 2014), 按照表1在山坡中下部建立火烧、刈割、刈割除根和封育(对照) 4种处理模式。

2017年6月(长期干扰处理已有12年), 分别在每种处理模式下的中坡和下坡位置随机建立3个5 m × 10 m的样方, 共计24个样方(4个处理×2个坡位×3个重复)。为了减少喀斯特土壤分布高异质性的影响, 每个样方内按“S”形5点取样法采集0–10 cm表层土壤, 充分混合成一份土壤样品, 累计土壤采样点数为120个, 最终获取土壤样品数24份; 根钻(直径7 cm)随机采集每个样方内3个植物根系样品, 充分混合成一份根系样品, 累计根系采样点数为72个, 最终获取根系样品数24份(贺同鑫等, 2020)。

1.3 样品处理

土壤样品过2 mm筛, 挑出植物根系和石砾, 分成3份。一部分用于测定土壤干基含水量、微生物生物量碳(MBC)和微生物生物量氮(MBN)含量; 另一部分保存于–20 °C, 用于高通量测序分析。最后一部分风干, 用于测定土壤pH、有机碳(SOC)和总氮(TN)含量。

根系样品用去离子水洗净附着的土壤, 将活的≤2 mm细根挑出, 65 °C烘干, 称质量, 计算植物细根生物量。

表1 桂西北喀斯特草地生态系统样地基本特征

Table 1 Characteristics of studied plots in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China

干扰模式 Disturbance type	坡向 Slope aspect	平均坡度 Mean slope angle (°)	处理方法 Treatment process	植被现状 Vegetation status
封育 Enclosure	SE	33.0	保留原始植被, 作为对照 Control plot with native vegetation	以灌木为主, 并伴有大量草本分布 (由于自然恢复多年, 植被类型已由草本逐渐转变为灌木), 主要植被为黄荆、榉木、火棘、紫穗槐、小花楸木等。 The vegetation are dominated by shrubs and accompanied by numerous herbs (due to many years after natural recovery, the vegetation type has gradually changed from herbs to shrubs), and the dominant species are <i>Vitex negundo</i> , <i>Aralia chinensis</i> , <i>Pyracantha fortuneana</i> , <i>Amorpha fruticosa</i> , and <i>Swida parviflora</i> , etc.
火烧 Burning	SE	33.7	每年一月火烧一次 Burning in January of each year	中坡位以草本为主, 下坡位以草灌为主, 主要植被为白茅、蔓生莠竹、毛桐苗、紫穗槐苗等。 The middle slope position are dominated by herbs and the lower slope position are dominated by herb-shrub plants. The dominant species are <i>Imperata cylindrical</i> , <i>Microstegium vagans</i> , <i>Mallotus barbatus</i> , and <i>Amorpha fruticosa</i> , etc.
刈割 Mowing	SE	34.5	每年一月砍伐地上植被, 搬移出样地, 不去除植物根系 Cutting aboveground plants without root removal in January of each year	中坡位以草本为主, 下坡位以草灌为主, 主要植被为白茅、蔓生莠竹、紫穗槐苗等。 The middle slope position are dominated by herbs and the lower slope position are dominated by herb-shrub plants. The dominant species are <i>Imperata cylindrical</i> , <i>Microstegium vagans</i> , <i>Amorpha fruticosa</i> , etc.
刈割除根 Mowing plus root removal	SE	33.5	每年一月砍伐地上植被, 搬移出样地, 且去除植物根系 Cutting aboveground plants and removing roots in January of each year	以草本为主, 主要植被为白茅、蔓生莠竹等。 The vegetation are dominated by herbs, and the dominant species are <i>Imperata cylindrical</i> , <i>Microstegium vagans</i> , etc.

引用自刘艳等(2014)和贺同鑫等(2020)。SE, 东南。

Table data were referenced from Liu *et al.* (2014) and He *et al.* (2020). SE, southeast.

## 1.4 土壤理化性质的测定

土壤含水量采用烘干称质量法(105 °C, 24 h)测定; 土壤pH采用电极电位法(土水质量比为1:2.5)测定(李伟峰等, 2017; 李阳等, 2019)。

土壤SOC含量采用酸洗法(去除无机碳)测定(贺同鑫等, 2020)。

土壤TN含量采用元素分析仪(Isoprime vario ISOTOPE cube, Elementar, Frankfurt, Germany)测定(贺同鑫等, 2020)。

土壤MBC和MBN含量采用氯仿熏蒸-K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>浸提法测定(Vance *et al.*, 1987), 最后用TOC分析仪(multi N/C 2100, Analytik Jena GmbH, Jena, Germany)测定总有机碳和总有机氮含量, 以计算微生物生物量碳、氮含量。

## 1.5 高通量测序分析

土壤DNA的提取、PCR扩增和HiSeq测序均由北京诺禾致源科技股份有限公司([www.novogene.com](http://www.novogene.com))完成。基因组DNA的提取采用CTAB或SDS法。PCR扩增的引物包括16S V4区515F-806R, 18S V4区528F-706R, 18S V9区1380F-1510R, ITS1区ITS1FITS2, ITS2区ITS3-ITS4; PCR反应体系为Phusion Master Mix (2×) 15 μL, Primer (2 μmol·mol<sup>-1</sup>) 3 μL, gDNA (1 ng·μL<sup>-1</sup>) 10 μL, H<sub>2</sub>O 2 μL; 反应程序为98 °C预变性1 min, 30个循环(98 °C, 10 s; 50 °C, 30 s; 72 °C, 30 s)。最后使用HiSeq测序, 测序得到原始序列(Raw Data), 再进行拼接、过滤, 得到有效序列(Clean Data), 根据97%相似水平, 对序列进行聚类得到操作分类单(OTU)。

## 1.6 数据统计和分析

微生物生物量碳、氮含量计算公式:

$$M_{(C,N)} = \Delta E_{(C,N)} / k_{(C,N)}$$

式中,  $M_{(C,N)}$ 为微生物生物量碳或氮含量(mg·kg<sup>-1</sup>);  $\Delta E_{(C,N)}$ 为熏蒸处理减去未熏蒸处理有机碳或氮含量(mg·kg<sup>-1</sup>);  $k_{(C,N)}$ 为换算系数, 微生物生物量碳和氮分别取值0.45和0.54 (Brookes *et al.*, 1985; Vance *et al.*, 1987)。

使用R语言4.2中的‘vegan’包, 基于OTU和进化树计算微生物的 $\alpha$ 多样性指数: Chao1指数、香农指数、谱系多样性指数。Chao1指数代表微生物的物种丰富度, 香农指数代表微生物的物种均匀度, 谱系多样性指数代表微生物的遗传多样性。用非度量多维尺度分析(NMDS)分析不同干扰方式对微生物群落结构的影响; 并采用基于Bray-Curtis距离的多

元方差分析检验不同处理和不同坡位之间是否存在显著差异。用冗余分析(RDA)分析微生物多样性和群落结构与土壤理化性质之间的关系。用单因素方差分析和最小显著差异(LSD)分析土壤微生物多样性在不同干扰方式之间是否存在显著差异。方差分析在SPSS 18.0中完成。

## 2 实验结果

### 2.1 不同干扰方式对土壤理化性质的影响

相比封育处理, 火烧、刈割、刈割除根3种干扰方式对土壤含水量、pH和SOC含量均无显著影响( $p > 0.05$ , 表2)。刈割在中坡位使土壤TN含量显著增加了21.96% ( $p < 0.05$ , 表2), 其他干扰处理对土壤TN含量均无显著影响。然而, 无论是在中坡位还是在下坡位, 3种干扰方式均显著降低了土壤MBC含量( $p < 0.05$ , 表2), 且火烧降低幅度最大(在中下坡位分别比封育降低了73.56%和72.73%), 但是它们对土壤MBN含量无显著影响。同样的, 3种干扰方式均降低了土壤细根生物量, 火烧在下坡位使细根生物量显著降低了62.81% ( $p < 0.05$ , 表2)。

### 2.2 不同干扰方式对土壤微生物多样性的影响

总体上, 相比封育处理, 火烧、刈割和刈割除根均使微生物 $\alpha$ 多样性指数出现下降趋势(图1)。具体表现为: 火烧在中坡位和下坡位分别使真菌Chao1指数显著降低了3.91%和7.05% ( $p < 0.05$ , 图1)。刈割在中坡位和下坡位分别使细菌香农指数显著降低了6.53%和6.50% ( $p < 0.05$ , 图1), 也分别使细菌谱系多样性指数显著降低了13.88%和14.83% ( $p < 0.05$ , 图1), 且在下坡位使真菌Chao1指数显著下降了42.97%。刈割除根在下坡位使细菌香农指数显著降低了7.73% ( $p < 0.05$ , 图1), 在中坡位使真菌Chao1指数显著降低了4.57% ( $p < 0.05$ , 图1)。

### 2.3 不同干扰方式对土壤微生物群落结构的影响

非度量多维尺度分析和多元方差分析的结果显示, 细菌群落结构受干扰方式显著影响( $p < 0.01$ , 图2A), 具体表现为: 火烧、刈割和刈割除根与封育处理之间的细菌群落结构差异显著( $p = 0.003-0.004$ , 表3), 火烧与刈割除根之间无显著差异( $p = 0.153$ , 表3)。真菌群落结构不仅受干扰方式显著影响( $p < 0.01$ , 图2B), 且受坡位显著影响( $p < 0.05$ , 图2B), 具体表现为: 相比封育处理, 火烧、刈割和刈割除根与封育处理之间的真菌群落结构差异显著( $p = 0.002-0.003$ ,

表2 不同干扰方式对桂西北喀斯特草地生态系统土壤理化性质的影响(平均值±标准误)

Table 2 Effects of different disturbances on soil properties in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China (mean ± SE)

土壤性质 Soil property	中坡位 Middle slope position				下坡位 Lower slope position			
	封育 Enclosure	火烧 Burning	刈割 Mowing	刈割除根 Mowing plus root removal	封育 Enclosure	火烧 Burning	刈割 Mowing	刈割除根 Mowing plus root removal
含水量 Moisture (%)	40.49 ± 1.71 <sup>a</sup>	42.32 ± 0.44 <sup>a</sup>	42.99 ± 2.12 <sup>a</sup>	38.08 ± 1.28 <sup>a</sup>	48.41 ± 1.78 <sup>a</sup>	46.10 ± 2.84 <sup>a</sup>	44.22 ± 4.98 <sup>a</sup>	46.57 ± 2.54 <sup>a</sup>
pH	7.81 ± 0.04 <sup>a</sup>	7.88 ± 0.07 <sup>a</sup>	7.93 ± 0.05 <sup>a</sup>	7.98 ± 0.05 <sup>a</sup>	7.69 ± 0.10 <sup>a</sup>	7.73 ± 0.04 <sup>a</sup>	7.90 ± 0.08 <sup>a</sup>	7.82 ± 0.03 <sup>a</sup>
有机碳含量 Soil organic carbon content (g·kg <sup>-1</sup> )	53.89 ± 3.26 <sup>ab</sup>	62.31 ± 3.02 <sup>a</sup>	62.67 ± 4.06 <sup>a</sup>	50.61 ± 1.34 <sup>b</sup>	65.24 ± 4.84 <sup>a</sup>	47.11 ± 5.83 <sup>a</sup>	61.69 ± 8.92 <sup>a</sup>	58.70 ± 4.31 <sup>a</sup>
总氮含量 Total nitrogen content (g·kg <sup>-1</sup> )	3.78 ± 0.19 <sup>b</sup>	4.44 ± 0.31 <sup>ab</sup>	4.61 ± 0.17 <sup>a</sup>	4.00 ± 0.13 <sup>ab</sup>	5.88 ± 0.59 <sup>a</sup>	4.80 ± 0.49 <sup>a</sup>	4.89 ± 0.89 <sup>a</sup>	5.09 ± 0.35 <sup>a</sup>
碳氮比 Carbon-nitrogen ratio	14.29 ± 0.86 <sup>a</sup>	14.07 ± 0.35 <sup>a</sup>	13.56 ± 0.48 <sup>a</sup>	12.68 ± 0.59 <sup>a</sup>	11.14 ± 0.34 <sup>b</sup>	9.77 ± 0.34 <sup>c</sup>	12.78 ± 0.46 <sup>a</sup>	11.54 ± 0.34 <sup>b</sup>
微生物量碳含量 Microbial biomass carbon content (g·kg <sup>-1</sup> )	0.87 ± 0.08 <sup>a</sup>	0.23 ± 0.02 <sup>b</sup>	0.24 ± 0.03 <sup>b</sup>	0.44 ± 0.11 <sup>b</sup>	1.00 ± 0.04 <sup>a</sup>	0.27 ± 0.04 <sup>b</sup>	0.48 ± 0.09 <sup>b</sup>	0.42 ± 0.14 <sup>b</sup>
微生物量氮含量 Microbial biomass nitrogen content (g·kg <sup>-1</sup> )	0.25 ± 0.02 <sup>a</sup>	0.19 ± 0.02 <sup>a</sup>	0.18 ± 0.04 <sup>a</sup>	0.22 ± 0.03 <sup>a</sup>	0.25 ± 0.04 <sup>ab</sup>	0.20 ± 0.03 <sup>b</sup>	0.34 ± 0.02 <sup>a</sup>	0.20 ± 0.07 <sup>ab</sup>
细根生物量 Fine root biomass (g·m <sup>-2</sup> )	127.82 ± 16.23 <sup>a</sup>	102.61 ± 5.59 <sup>a</sup>	85.37 ± 22.03 <sup>a</sup>	68.14 ± 25.27 <sup>a</sup>	132.79 ± 39.01 <sup>a</sup>	49.38 ± 12.04 <sup>b</sup>	126.51 ± 11.93 <sup>a</sup>	77.42 ± 3.75 <sup>ab</sup>

不同小写字母表示不同处理之间差异显著( $p < 0.05$ )。

Different lowercase letters indicate significant differences among different treatments ( $p < 0.05$ ).

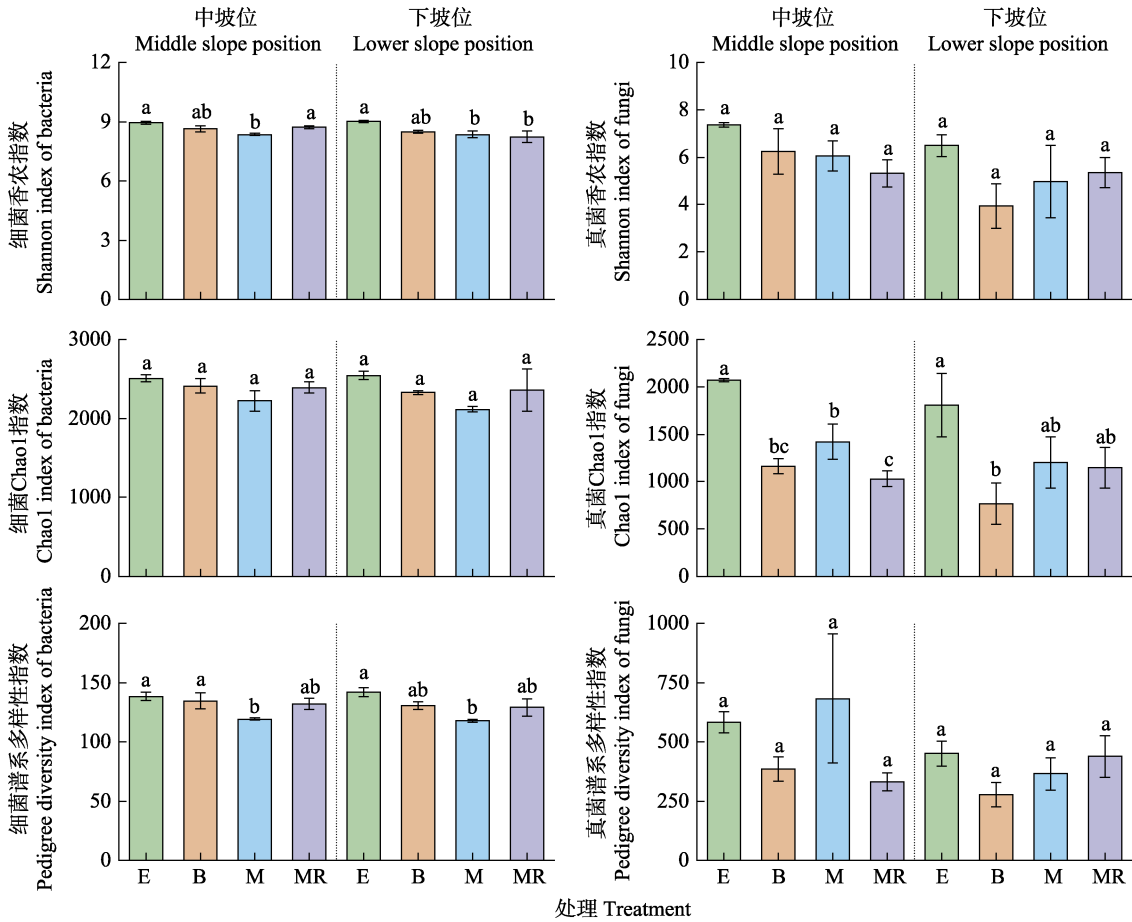


图1 不同干扰方式对桂西北喀斯特草地生态系统土壤微生物多样性的影响(平均值±标准误)。B, 火烧; E, 封育; M, 刈割; MR, 刈割除根。不同小写字母表示不同处理之间差异显著( $p < 0.05$ )。

Fig. 1 Effects of different disturbances on soil microbial diversity in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China (mean ± SE). B, burning; E, enclosure; M, mowing; MR, mowing plus root removal. Different lowercase letters indicate significant differences among different treatments ( $p < 0.05$ ).

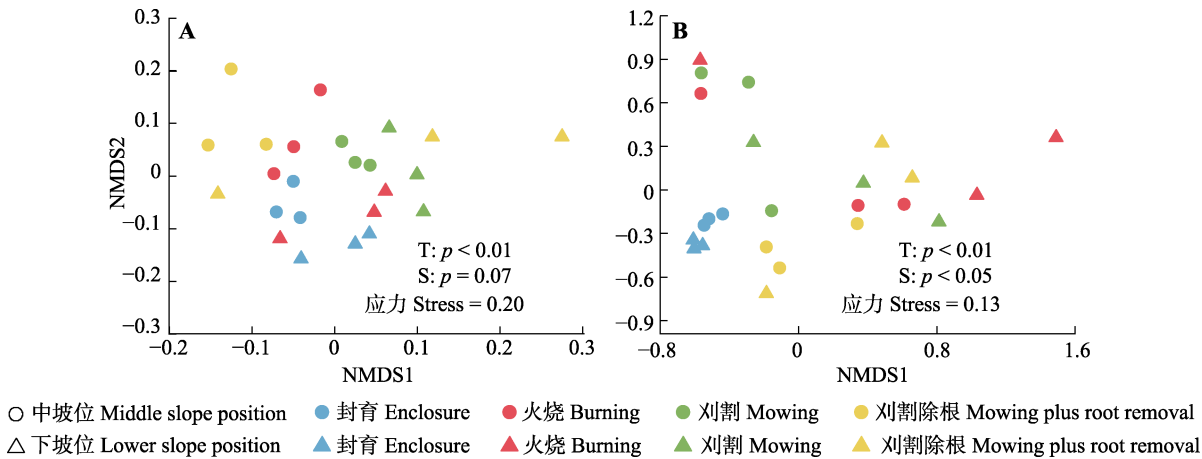


图2 不同干扰方式对桂西北喀斯特草地生态系统土壤微生物群落结构影响的非度量多维尺度分析。A, 细菌群落。B, 真菌群落。S, 坡位; T, 处理。

Fig. 2 Non-metric multidimensional scale analysis for the effects of different disturbances on soil microbial community structures in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China. A, Bacterial community. B, Fungal community. S, slope position; T, treatment.

表3 不同干扰方式对土壤微生物群落结构影响的多元方差分析结果  
Table 3 Results of Adonis analysis for the effects of different disturbances on microbial community structures

干扰方式 Disturbance	细菌 Bacteria		真菌 Fungi	
	F	p	F	p
封育-火烧 Enclosure-Burning	11.10	0.003	3.28	0.002
封育-刈割 Enclosure-Mowing	11.10	0.004	2.00	0.002
封育-刈割除根 Enclosure-Mowing plus root removal	5.82	0.004	3.19	0.003
火烧-刈割 Burning-Mowing	2.16	0.004	1.30	0.138
火烧-刈割除根 Burning-Mowing	1.46	0.153	1.61	0.061
刈割-刈割除根 Mowing-Mowing plus root removal	2.94	0.003	1.68	0.036
中坡位-下坡位 Middle slope position-Lower slope position	1.90	0.070	2.17	0.003

F, 分布统计量; p, 显著性。p < 0.05 表示统计显著。  
F, distribution statistics; p, significant value. p < 0.05 indicates statistical significance.

表3), 火烧与刈割以及刈割除根之间无显著差异( $p = 0.138, p = 0.061$ , 表3)。

细菌群落主要以变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteria)为主, 它们的相对丰度分别为30.60%–42.53%、25.71%–35.92%和9.82%–17.53% (图3)。火烧、刈割和刈割除根处理在中、下坡位均显著降低了酸杆菌门细菌的相对丰度, 在中坡位它们分别使酸杆菌门细菌的相对丰度从15.05%减少至10.56% ( $p < 0.05$ )、从15.05%减少至10.97% ( $p < 0.05$ ), 以及从15.05%减少至11.30% ( $p < 0.05$ ), 在下坡位分别使酸杆菌门细菌从17.53%减少至11.63% ( $p < 0.05$ )、从17.53%减少至11.81% ( $p < 0.05$ ), 以及从17.53%减少至

9.82% ( $p < 0.05$ )(图3)。

真菌群落主要以子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和接合菌门(Zygomycota)为主, 它们的相对丰度分别为34.72%–85.44%、2.16%–31.52%和3.51%–31.23% (图3)。相比封育处理, 在中坡位刈割除根使担子菌门真菌的相对丰度从10.23%降低至2.16% ( $p < 0.05$ ), 在下坡位火烧使子囊菌门真菌的相对丰度从74.49%降低至34.72% ( $p < 0.05$ )(图3)。

#### 2.4 不同干扰方式下土壤微生物多样性和群落结构与土壤理化性质的相关关系

冗余分析的结果显示, 土壤MBC含量与香农指数、Chao1指数和谱系多样性指数呈正相关关系(图4A、4C), 土壤MBC含量能解释细菌多样性变化的29.80% ( $p = 0.012$ , 表4), 能解释真菌多样性变化的26.80% ( $p = 0.008$ , 表4); 土壤中细根生物量(FRB)也与香农指数、Chao1指数和谱系多样性指数呈正相关关系(图4A、4C), 能解释细菌多样性变化的13.9% ( $p = 0.038$ , 表4)。

土壤MBC含量与硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、护微菌门(Tectomicrobia)、酸杆菌门、浮霉菌门(Planctomycetes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门呈正相关关系(图4B), 它能解释细菌群落结构变化的31.70% ( $p = 0.002$ , 表4)。土壤中细根生物量(FRB)与子囊菌门、球囊菌门(Glomeromycota)呈正相关关系(图4D), 能解释真菌群落结构变化的10.30% ( $p = 0.088$ , 表4)。



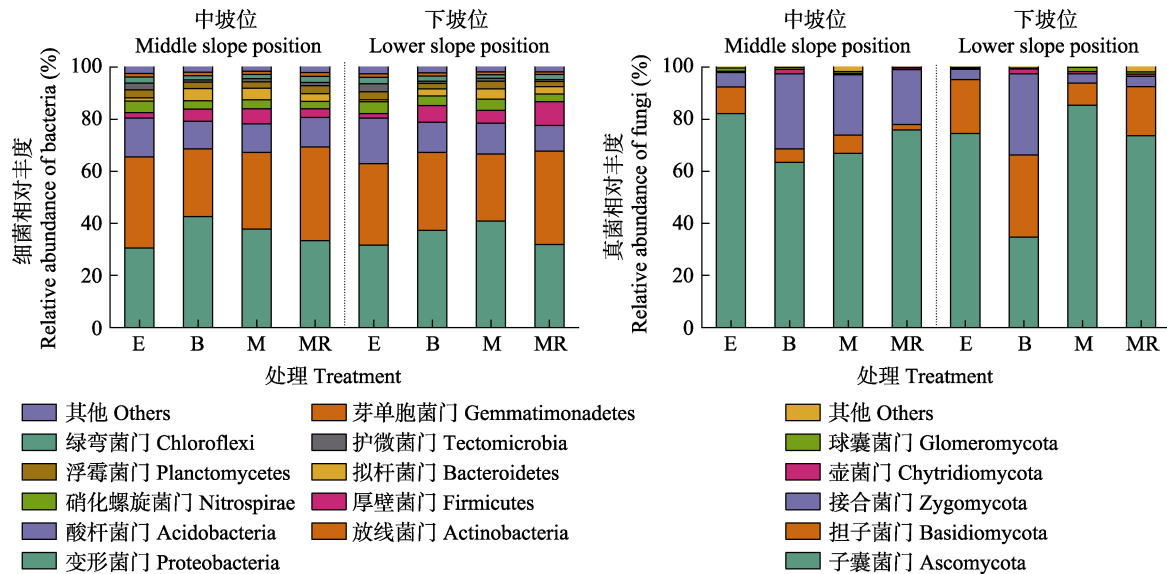


图3 不同干扰方式对桂西北喀斯特草地生态系统土壤微生物群落门水平相对丰度的影响。B, 火烧; E, 封育; M, 刈割; MR, 刈割除根。

Fig. 3 Effects of different disturbances on the relative abundance of microbial communities at phylum level in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China. B, burning; E, enclosure; M, mowing; MR, mowing plus root removal.

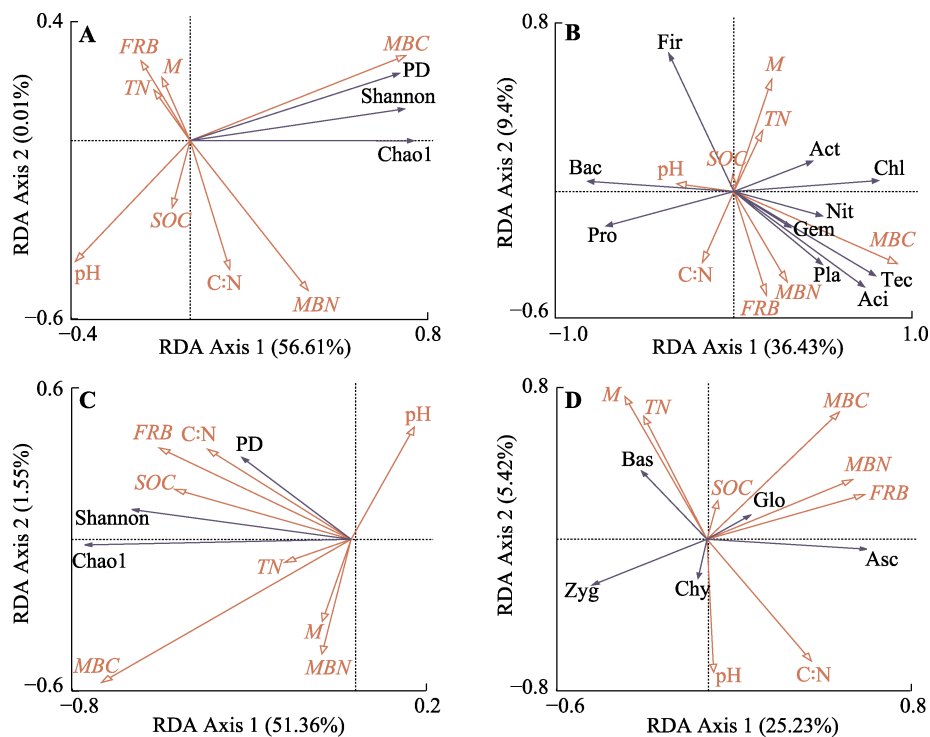


图4 桂西北喀斯特草地生态系统土壤性质与土壤微生物多样性和群落结构的冗余分析。A, 细菌多样性。B, 细菌群落结构。C, 真菌多样性。D, 真菌群落结构。C:N, 碳氮比; FRB, 细根生物量; M, 含水量; MBC, 微生物生物量碳含量; MBN, 微生物生物量氮含量; SOC, 有机碳含量; TN, 总氮含量。Chao1, Chao1指数; PD, 谱系多样性指数; Shannon, 香农指数。Aci, 酸杆菌门; Act, 放线菌门; Asc, 子囊菌门; Bac, 拟杆菌门; Bas, 担子菌门; Chl, 绿弯菌门; Chy, 壶菌门; Fir, 后壁菌门; Gem, 芽单胞菌门; Glo, 球囊菌门; Nit, 硝化螺旋菌门; Pla, 浮霉菌门; Pro, 变形菌门; Tec, 护微菌门; Zyg, 接合菌门。

Fig. 4 RDA analysis for the relationship between soil properties and microbial diversity and community in a karst grassland ecosystem of northwestern Guangxi, China. A, bacterial diversity. B, bacterial community structure. C, fungal diversity. D, fungal community structure. C:N, carbon-nitrogen ratio; FRB, Fine root biomass; M, moisture; MBC, microbial biomass carbon content; MBN, microbial biomass nitrogen content; SOC, soil organic carbon content; TN, total nitrogen content. Chao1, Chao1 index; PD, Pedigree diversity index; Shannon, Shannon index. Aci, Acidobacteria; Act, Actinobacteria; Asc, Ascomycota; Bac, Bacteroidetes; Bas, Basidiomycota; Chl, Chloroflexi; Chy, Chytridiomycota; Fir, Firmicutes; Gem, Gemmatimonadetes; Glo, Glomeromycota; Nit, Nitrospirae; Pla, Planctomycetes; Pro, Proteobacteria; Tec, Tectomicrobia; Zyg, Zygomycota.

表4 冗余分析中土壤性质对微生物多样性和群落结构变化的解释率  
Table 4 Explain rates for the contribution of soil properties on variations in microbial  $\alpha$  diversity and community structure in Redundancy analysis (RDA)

土壤性质 Soil property	$\alpha$ 多样性 $\alpha$ diversity				群落结构 Community structure			
	细菌 Bacteria		真菌 Fungi		细菌 Bacteria		真菌 Fungi	
	<i>E</i> (%)	<i>p</i>	<i>E</i> (%)	<i>p</i>	<i>E</i> (%)	<i>p</i>	<i>E</i> (%)	<i>p</i>
含水量 Moisture (%)	1.90	0.408	0.40	0.832	4.50	0.202	7.00	0.17
pH	4.50	0.188	0.30	0.852	2.60	0.37	0.60	0.868
有机碳含量 Soil organic carbon content ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )	0.20	0.82	5.10	0.188	2.50	0.402	0.10	0.972
总氮含量 Total nitrogen content ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )	0.80	0.572	1.40	0.536	1.00	0.728	4.10	0.46
碳氮比 Carbon-nitrogen ratio	5.30	0.166	10.90	0.072	0.50	0.854	1.00	0.784
微生物生物量碳含量 Microbial biomass carbon content ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )	29.80	0.012	26.80	0.008	31.70	0.002	1.60	0.744
微生物生物量氮含量 Microbial biomass nitrogen content ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )	0.20	0.792	6.30	0.176	3.10	0.322	6.10	0.23
细根生物量 Fine root biomass ( $\text{g}\cdot\text{m}^{-2}$ )	13.90	0.038	1.80	0.474	3.40	0.292	10.30	0.088

$p < 0.05$ 表示统计显著。E, 解释率;  $p$ , 显著性。  
 $p < 0.05$  indicates statistical significance. E, explanation rate;  $p$ , significant value.

3 讨论

3.1 不同干扰方式对土壤微生物多样性的影响

总体上, 火烧、刈割、刈割除根均在不同程度上降低了喀斯特草地土壤微生物多样性, 这种影响因不同干扰方式、不同微生物(细菌和真菌)类型而不同(图1)。比如, 火烧显著降低了真菌的Chao1指数, 但是不影响细菌 $\alpha$ 多样性(图1), 说明真菌 $\alpha$ 多样性对火烧干扰的响应比细菌更为敏感。有研究表明, 土壤细菌比真菌更耐热(Bollen, 1969; 陶玉柱和邸雪颖, 2013), 细菌的致死温度比真菌要高出40 °C (Choromanska & DeLuca, 2002), 且细菌的耐高温种类远高于真菌(Bárcenas-Moreno & Bååth, 2009)。因此, 火烧引起的高温容易导致真菌细胞的溶解和死亡, 进而可能改变真菌群落的微生物量和多样性(Hart *et al.*, 2005)。D'Ascoli等(2005)的研究也发现, 火烧对真菌群落的影响大于细菌群落。另外, 由于植物根系相比微生物的热致死温度更低(陶玉柱和邸雪颖, 2013), 且地下植物根系与真菌菌根存在共生关系, 火烧导致的植物根系死亡也可能是影响真菌多样性的重要因素。本研究结果显示, 火烧干扰显著降低了土壤细根生物量(表2), 支持了这个结论。

相比火烧, 刈割显著降低了细菌的香农指数和谱系多样性指数且在下坡位显著降低了真菌的Chao1指数, 而刈割除根在中、下坡位分别显著降低了细菌香农指数和真菌Chao1指数(图1), 说明刈割和刈割除根对细菌和真菌 $\alpha$ 多样性都存在显著影响。刈割干扰的显著特征是把地上植物收割走, 刈割除根则连同地上植物和地下根系都收割走, 两者

均直接导致有机生物量输入减少进而可能影响微生物多样性。本研究发现, 刈割和刈割除根处理确实不同程度上减少了细根生物量(表2), 且细根生物量的减少能解释细菌 $\alpha$ 多样性变化的13.9% (表4)。由于根系与微生物的生长或活性均存在紧密联系(Ohtonen & Väre, 1998), 特别是根际效应(Grayston, 2000), 因此无论是火烧、刈割还是刈割除根干扰引起根系生物量的减少都将不利于微生物多样性的维持。

以前的研究表明, 土壤含水量和pH是土壤微生物多样性的主要影响因素(Xu *et al.*, 2004; 韩丛丛等, 2014)。土壤含水量对维持微生物正常代谢至关重要, 土壤含水量适量时土壤微生物量和多样性达到最大(韩丛丛等, 2014), 但是过多或过少都会抑制土壤微生物活性(Xu *et al.*, 2004)。pH指示土壤酸碱度, 它可以通过改变微生物细胞膜的通透性和稳定性及微生物的酶活性来影响微生物的多样性(Högberg & Read, 2006; 韩丛丛等, 2014)。然而, 在我们的研究中, 人为干扰没有显著影响土壤含水量和pH (表2), 这与先前的一些研究结果(Vázquez *et al.*, 1993; Abril *et al.*, 2005)并不一致。另外我们发现, 人为干扰下显著减少土壤MBC含量(表2), MBC含量的减少能分别解释细菌和真菌 $\alpha$ 多样性变化的29.80%和26.8% (图4; 表4), 这表明土壤MBC含量也是人为干扰影响微生物 $\alpha$ 多样性的重要因素。最近发表的一项研究发现, 氮添加干扰下微生物 $\alpha$ 多样性与MBC含量也存在显著的正相关关系(Wang *et al.*, 2020)。

3.2 不同干扰方式对土壤微生物群落结构的影响

本研究发现, 喀斯特草地土壤细菌群落主要以



变形菌门、放线菌门和酸杆菌门为主,而真菌群落主要以子囊菌门、担子菌门和接合菌门为主(图3)。火烧、刈割、刈割除根对细菌和真菌的群落结构均存在显著影响(图2;表3)。对于细菌群落,相比封育处理,火烧、刈割和刈割除根3种人为干扰方式均显著降低了酸杆菌门细菌的相对丰度(图3)。有研究表明,酸杆菌门细菌在生态系统功能中的多个方面发挥着重要作用:第一,酸杆菌门细菌不仅具有降解植物残体多聚物的功能,如*Telmatobacter bradus*被发现能够降解纤维素(Pankratov *et al.*, 2012; 王光华等, 2016);酸杆菌门细菌还能参与单碳化合物的代谢(王光华等, 2016),如Pankratov等(2008)研究发现往土壤中添加甲醇能促进酸杆菌门细菌的生长。第二,酸杆菌门细菌在生态系统中参与铁循环,如*Geothrix fermentans*和*Acidobacterium capsulatum*都被证明是具有异化铁还原能力的酸杆菌门细菌(Coates *et al.*, 1999; Lu *et al.*, 2010; 王光华等, 2016)。因此,在喀斯特草地生态系统中,人为干扰引起酸杆菌门细菌的减少将不利于土壤中有机质的降解和铁的循环。

对于真菌群落,相比封育处理,刈割除根显著降低了担子菌门真菌的相对丰度,而火烧显著降低了子囊菌门真菌的相对丰度(图3)。有研究表明,担子菌门真菌在生态系统功能特别是碳循环过程中发挥着重要作用,因为担子菌门真菌(特别是Agaricomycetes)能产生胞外水解酶和氧化酶参与木质纤维素降解(Sergentani *et al.*, 2016)。Bastida等(2016)研究发现土壤溶解有机碳(DOC)含量随担子菌门真菌相对丰度的增加而增加,进一步证实了担子菌门真菌在土壤碳循环中的重要性。另外,有研究表明,子囊菌门真菌能增强土壤抗侵蚀能力,在土壤的稳定性方面发挥重要作用(Challacombe *et al.*, 2019),这个特征在易发生水土流失的喀斯特生态系统中尤为重要。因此,由火烧干扰引起的子囊菌门真菌的减少将可能削弱喀斯特草地生态系统土壤的抗侵蚀能力,从而降低其稳定性。

尽管土壤水分、pH、有机质含量等土壤理化性质被认为是影响土壤微生物群落结构的主要因素(李娜等, 2012),但是本研究发现人为干扰下的微生物群落结构与土壤含水量、pH、碳氮含量并不存在显著的相关性(图4;表4),MBC含量和细根生物量的改变才是影响土壤微生物群落结构变化的主要因

素,人为干扰引起MBC含量的减少能解释细菌群落结构变化的31.70%,而细根生物量的减少能解释真菌群落结构变化的10.30% (图4;表4)。因此,在用模型预测未来人为干扰下喀斯特草地土壤微生物群落结构变化的方向和强度时,MBC含量和细根生物量应被考虑为重要的调控因素。

## 4 结论

火烧、刈割、刈割除根对土壤微生物 $\alpha$ 多样性产生负面影响,并显著改变微生物群落结构,其影响与改变程度因干扰方式、微生物类型(细菌、真菌)不同而异,且受坡位调控。火烧、刈割、刈割除根导致 $\alpha$ 多样性显著降低及火烧导致子囊菌门真菌相对丰度显著减少,将不利于喀斯特草地生态系统稳定性的维持;火烧、刈割、刈割除根导致酸杆菌门细菌相对丰度显著减少,将不利于土壤有机质的降解和铁元素的循环。在本研究区域,土壤微生物生物量碳含量和细根生物量的减少是人为干扰影响土壤微生物多样性和群落结构的重要因素。

**致谢** 感谢中国科学院亚热带农业生态研究所张伟和刘坤平两位老师在样地调查和选择方面给予的帮助和建议。

## 参考文献

- Abril A, Barttfeld P, Bucher EH (2005). The effect of fire and overgrazing, disturbs on soil carbon balance in the dry Chaco forest. *Forest Ecology and Management*, 206, 399-405.
- Bárcenas-Moreno G, Bååth E (2009). Bacterial and fungal growth in soil heated at different temperatures to simulate a range of fire intensities. *Soil Biology & Biochemistry*, 41, 2517-2526.
- Bastida F, Torres IF, Moreno JL, Baldrian P, Ondoño S, Ruiz-Navarro A, Hernández T, Richnow HH, Starke R, García C, Jehmlich N (2016). The active microbial diversity drives ecosystem multifunctionality and is physiologically related to carbon availability in Mediterranean semi-arid soils. *Molecular Ecology*, 25, 4660-4673.
- Bollen GJ (1969). The selective effect of heat treatment on the microflora of a greenhouse soil. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, 75, 157-163.
- Brookes PC, Kragt JF, Powlson DS, Jenkinson DS (1985). Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: the effects of fumigation time and temperature. *Soil Biology & Biochemistry*, 17, 831-835.
- Bugg TDH, Ahmad M, Hardiman EM, Singh R (2011). The emerging role for bacteria in lignin degradation and

- bio-product formation. *Current Opinion in Biotechnology*, 22, 394-400.
- Challacombe JF, Hesse CN, Bramer LM, McCue LA, Lipton M, Purvine S, Nicora C, Gallegos-Graves LV, Porras-Alfaro A, Kuske CR (2019). Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis. *BMC Genomics*, 20, 976. DOI: 10.1186/s12864-019-6358-x.
- Chen HS, Yang J, Fu W, He F, Wang KL (2012). Characteristics of slope runoff and sediment yield on karst hill-slope with different land-use types in northwest Guangxi. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 28, 121-126. [陈洪松, 杨静, 傅伟, 何菲, 王克林 (2012). 桂西北喀斯特峰丛不同土地利用方式坡面产流产沙特征. 农业工程学报, 28, 121-126.]
- Chen XB, Su YR, He XY, Qin WG, Wei YW, Liang YM, Wu JS (2012). Effect of human disturbance on composition of the dominant bacterial group *Proteobacteria* in karst soil ecosystems. *Acta Pedologica Sinica*, 49, 354-363. [陈香碧, 苏以荣, 何寻阳, 覃文更, 魏亚伟, 梁月明, 吴金水 (2012). 不同干扰方式对喀斯特生态系统土壤细菌优势类群——变形菌群落的影响. 土壤学报, 49, 354-363.]
- Choromanska U, DeLuca TH (2002). Microbial activity and nitrogen mineralization in forest mineral soils following heating: evaluation of post-fire effects. *Soil Biology & Biochemistry*, 34, 263-271.
- Coates JD, Ellis DJ, Gaw CV, Lovley DR (1999). *Geothrix fermentans* gen. nov., sp. nov., a novel Fe(III)-reducing bacterium from a hydrocarbon-contaminated aquifer. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 49, 1615-1622.
- D'Ascoli R, Rutigliano FA, de Pascale RA, Gentile A, de Santo AV (2005). Functional diversity of the microbial community in Mediterranean maquis soils as affected by fires. *International Journal of Wildland Fire*, 14, 355-363.
- Finlay BJ, Maberly SC, Cooper JI (1997). Microbial diversity and ecosystem function. *Oikos*, 80, 209-213.
- Fontúrbel MT, Barreiro A, Vega JA, Martín A, Jiménez E, Carballas T, Fernández C, Díaz-Raviña M (2012). Effects of an experimental fire and post-fire stabilization treatments on soil microbial communities. *Geoderma*, 191, 51-60.
- Grayston SJ (2000). Rhizodeposition and its impact on microbial community structure and function in trees. *Phyton-Annales Rei Botanicae*, 40, 27-36.
- Han CC, Yang Y, Liu BR, Xie YZ (2014). Influencing factors of soil microbial diversity in grassland. *Pratacultural Science*, 31, 2242-2250. [韩丛丛, 杨阳, 刘秉儒, 谢应忠 (2014). 草地土壤微生物多样性影响因子. 草业科学, 31, 2242-2250.]
- Hart SC, DeLuca TH, Newman GS, MacKenzie MD, Boyle SI (2005). Post-fire vegetative dynamics as drivers of microbial community structure and function in forest soils. *Forest Ecology and Management*, 220, 166-184.
- He TX, Hu BQ, Zhang JB, Zhang SM, Pang Y, Pei GT, Hu G, Zhang W, Sun JF (2020). Fine root effects on the retention and availability of soil carbon and nitrogen after ten years of vegetation restoration in a karst slope ecosystem. *Acta Ecologica Sinica*, 40. DOI: 10.5846/stxb202006231627. [贺同鑫, 胡宝清, 张建兵, 张诗萌, 庞榆, 裴广廷, 胡刚, 张伟, 孙建飞 (2020). 植被恢复十年喀斯特坡地细根对土壤碳氮存留与可利用性的影响. 生态学报, 40. DOI: 10.5846/stxb202006231627.]
- Högberg P, Read DJ (2006). Towards a more plant physiological perspective on soil ecology. *Trends in Ecology & Evolution*, 21, 548-554.
- Huang YF, Shu YG, Xiao SY, Chen MJ (2020). Quantification of soil nutrient levels and enzyme activities in different grassland categories in karst mountains. *Acta Pratacultural Sinica*, 29, 93-104. [黄珂璠, 舒英格, 肖盛杨, 陈梦军 (2020). 喀斯特山区不同草地土壤养分与酶活性特征. 草业学报, 29, 93-104.]
- Huffman MS, Madritch MD (2018). Soil microbial response following wildfires in thermic oak-pine forests. *Biology and Fertility of Soils*, 54, 985-997.
- Li N, Zhang LM, Zhang XP (2012). The discussion of affecting factors on soil microbial community structure. *Natural Science Journal of Harbin Normal University*, 28, 70-74. [李娜, 张利敏, 张雪萍 (2012). 土壤微生物群落结构影响因素的探讨. 哈尔滨师范大学自然科学学报, 28, 70-74.]
- Li WF, Ye YC, Zhu AF, Rao L, Sun K, Yuan J, Guo X (2017). Spatio-temporal variation of pH in cropland of Jiangxi Province in the past 30 years and its relationship with acid rain and fertilizer application. *Journal of Natural Resources*, 32, 1942-1953. [李伟峰, 叶英聪, 朱安繁, 饶磊, 孙凯, 袁颀, 郭熙 (2017). 近30 a江西省农田土壤pH时空变化及其与酸雨和施肥量间关系. 自然资源学报, 32, 1942-1953.]
- Li Y, Xu XH, Sun W, Shen Y, Ren TT, Huang JH, Wang CH (2019). Effects of different forms and levels of N additions on soil potential net N mineralization rate in meadow steppe, Nei Mongol, China. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 43, 174-184. [李阳, 徐小惠, 孙伟, 申颜, 任婷婷, 黄建辉, 王常慧 (2019). 不同形态和水平的氮添加对内蒙古草甸草原土壤净氮矿化潜力的影响. 植物生态学报, 43, 174-184.]
- Liu Y, Song TQ, Cai DS, Zeng FP, Peng WX, Du H (2014). Soil fertility characteristics under different land use patterns in depressions between karst hills. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 25, 1561-1568. [刘艳, 宋同清, 蔡德所, 曾馥平, 彭晚霞, 杜虎 (2014). 喀斯特峰丛洼地不同土地利用方式土壤肥力特征. 应用生态学报, 25, 1561-1568.]
- Lu SP, Gischkat S, Reiche M, Akob DM, Hallberg KB, Küsel K (2010). Ecophysiology of Fe-cycling bacteria in acidic sediments. *Applied and Environmental Microbiology*, 76, 8174-8183.
- Maron PA, Sarr A, Kaisermann A, Lévêque J, Mathieu O, Guigue J, Karimi B, Bernard L, Dequiedt S, Terrat S,

- Chabbi A, Ranjard L (2018). High microbial diversity promotes soil ecosystem functioning. *Applied and Environmental Microbiology*, 84, e02738-17. DOI: 10.1128/aem.02738-17.
- Morris A, Meyer K, Bohannan B (2020). Linking microbial communities to ecosystem functions: What we can learn from genotype-phenotype mapping in organisms. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 375, 20190244. DOI: 10.1098/rstb.2019.0244.
- Naeem S, Hahn DR, Schuurman G (2000). Producer-decomposer co-dependency influences biodiversity effects. *Nature*, 403, 762-764.
- Ohtonen R, Väre H (1998). Vegetation composition determines microbial activities in a boreal forest soil. *Microbial Ecology*, 36, 328-335.
- Pankratov TA, Kirsanova LA, Kaparullina EN, Kevbrin VV, Dedysh SN (2012). *Telmatobacter bradus* gen. nov., sp. nov., a cellulolytic facultative anaerobe from subdivision 1 of the *Acidobacteria*, and emended description of *Acidobacterium capsulatum* Kishimoto et al. 1991. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62, 430-437.
- Pankratov TA, Serkebaeva YM, Kulichevskaya IS, Liesack W, Dedysh SN (2008). Substrate-induced growth and isolation of *Acidobacteria* from acidic Sphagnum peat. *The ISME Journal*, 2, 551-560.
- Philippot L, Spor A, Hénault C, Bru D, Bizouard F, Jones CM, Sarr A, Maron PA (2013). Loss in microbial diversity affects nitrogen cycling in soil. *The ISME Journal*, 7, 1609-1619.
- Sergentani AG, Gonou-Zagou Z, Kapsanaki-Gotsi E, Hatzinikolaou DG (2016). Lignocellulose degradation potential of Basidiomycota from Thrace (NE Greece). *International Biodeterioration & Biodegradation*, 114, 268-277.
- Song TQ, Peng WX, Du H, Wang KL, Zeng FP (2014). Occurrence, spatial-temporal dynamics and regulation strategies of karst rocky desertification in southwest China. *Acta Ecologica Sinica*, 34, 5328-5341. [宋同清, 彭晚霞, 杜虎, 王克林, 曾馥平 (2014). 中国西南喀斯特石漠化时空演变特征、发生机制与调控对策. 生态学报, 34, 5328-5341.]
- Tan HY (2015). *Study on Impact of Grazing and Mowing on Soil's Microbial Properties and Aboveground Vegetation*. Master degree dissertation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing. 8-34. [谭红妍 (2015). 放牧与刈割对草甸草原土壤微生物性状及植被特征的影响. 硕士学位论文, 中国农业科学院, 北京. 8-34.]
- Tao YZ, Di XY (2013). Fire interference on forest soil microbial communities and the mechanism: a review. *Scientia Silvae Sinicae*, 49(11), 146-157. [陶玉柱, 邸雪颖 (2013). 火对森林土壤微生物群落的干扰作用及其机制研究进展. 林业科学, 49(11), 146-157.]
- Teng QM, Shen YY, Xu GP, Zhang ZF, Zhang DN, Zhou LW, Huang KC, Sun YJ, He W (2020). Characteristics of soil carbon pool management indices under different vegetation types in karst mountainous areas of North Guangxi. *Chinese Journal of Ecology*, 39, 422-433. [滕秋梅, 沈育伊, 徐广平, 张中峰, 张德楠, 周龙武, 黄科朝, 孙英杰, 何文 (2020). 桂北喀斯特山区不同植被类型土壤碳库管理指数的变化特征. 生态学报, 39, 422-433.]
- Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS (1987). An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biology & Biochemistry*, 19, 703-707.
- Vázquez FJ, Acea MJ, Carballas T (1993). Soil microbial populations after wildfire. *FEMS Microbiology Ecology*, 13, 93-103.
- Wang C, Wang X, Pei GT, Xia ZW, Peng B, Sun LF, Wang J, Gao DC, Chen SD, Liu DW, Dai WW, Jiang P, Fang YT, Liang C, Wu NP, Bai E (2020). Stabilization of microbial residues in soil organic matter after two years of decomposition. *Soil Biology & Biochemistry*, 141, 107687. DOI: 10.1016/j.soilbio.2019.107687.
- Wang GH, Liu JJ, Yu ZH, Wang XZ, Jin J, Liu XB (2016). Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils. *Biotechnology Bulletin*, 32, 14-20. [王光华, 刘俊杰, 于镇华, 王新珍, 金剑, 刘晓冰 (2016). 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展. 生物技术通报, 32, 14-20.]
- Xiang KX (2019). *Effects of Fire on Shrub Forest in Central Karst Desertification Area of Guizhou Province, China*. Master degree dissertation, Guizhou University, Guiyang. 8-44. [向凯旋 (2019). 火烧对喀斯特灌丛林的影响. 硕士学位论文, 贵州大学, 贵阳. 8-44.]
- Xu LK, Baldocchi DD, Tang JW (2004). How soil moisture, rain pulses, and growth alter the response of ecosystem respiration to temperature. *Global Biogeochemical Cycles*, 18, GB4002. DOI: 10.1029/2004gb002281.
- Xu LL, Yu YZ, Wang KL, Chen HS, Yue YM (2008). Effects by different human disturbances on haddock community soil seed bank in northwest Guangxi karst region. *Carsoologica Sinica*, 27, 309-315. [徐丽丽, 于一尊, 王克林, 陈洪松, 岳跃民 (2008). 不同人为干扰方式对桂西北喀斯特草丛群落土壤种子库组成与分布的影响. 中国岩溶, 27, 309-315.]
- Xu LX, Xiong KN, Zhang JH, Chi YK, Chen Y, Liu CM (2015). The problems and resolutions of grassland ecosystem in karst of southwest China. *Pratacultural Science*, 32, 828-836. [许留兴, 熊康宁, 张锦华, 池永宽, 谌妍, 刘成名 (2015). 西南喀斯特地区草地生态系统面临的问题及对策. 草业科学, 32, 828-836.]

特邀编委: 张朝晖 责任编辑: 李 敏