

红毛草不同程度入侵区土壤微生物群落结构和部分理化指标的比较及其相关性分析

张丽娜¹, 王桔红^{2a,①}, 陈文^{2b}, 陈学林¹, 陈晓芸^{2a}

(1. 西北师范大学生命科学学院, 甘肃 兰州 730070;

2. 韩山师范学院: a. 生命科学与食品科技学院, b. 旅游管理与烹饪学院, 广东 潮州 521041)

摘要: 采用磷脂脂肪酸(PLFAs)分析法比较了红毛草 [*Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb.] 非入侵区、轻度入侵区和重度入侵区土壤微生物群落结构的差异, 并对不同程度入侵区土壤部分理化指标的差异进行比较; 在此基础上, 对土壤中不同类型微生物含量与部分理化指标的相关性进行分析。结果表明: 在不同程度入侵区土壤中检测到 37 种微生物, 包括 28 种细菌、4 种放线菌、4 种真菌和 1 种原生动物, 其中, 细菌含量最高。6 种微生物的 PLFAs 含量较高, 且它们在 3 类入侵区均有分布; 27 种微生物的 PLFAs 含量较低, 且它们在 3 类入侵区也均有分布; 4 种微生物的 PLFAs 含量较低, 且它们仅分布在个别入侵区。随红毛草入侵程度加剧, 土壤中细菌、真菌和原生动物的含量均逐渐升高, 且它们在重度入侵区土壤中的含量分别较非入侵区增高 11.34%、19.60% 和 13.95%; 并且, 土壤中的微生物种类也逐渐升高。随着红毛草入侵程度的加剧, 土壤的过氧化氢酶活性逐渐下降, 蔗糖酶和脲酶活性以及 pH 值和含水量均逐渐升高, 而纤维素酶活性变化较小; 与非入侵区相比, 重度入侵区土壤的过氧化氢酶活性下降 59.27%, 而蔗糖酶和脲酶活性以及 pH 值和含水量分别升高 73.71%、68.60%、15.09% 和 32.95%。相关性分析结果表明: 土壤中的细菌含量与过氧化氢酶、蔗糖酶和脲酶活性以及 pH 值和含水量均存在极显著相关性 ($P < 0.01$), 相关系数分别为 -0.909、0.864、0.868、0.836 和 0.889; 土壤中的真菌含量与过氧化氢酶活性存在显著负相关 ($P < 0.05$), 与蔗糖酶活性和 pH 值存在极显著正相关, 相关系数分别为 -0.739、0.868 和 0.832。研究结果显示: 红毛草能够改变土壤的微生物群落结构及理化性质, 使土壤条件更利于红毛草的生长。

关键词: 红毛草; 入侵程度; 土壤微生物群落结构; 土壤理化指标; 磷脂脂肪酸(PLFAs); 相关性分析

中图分类号: Q948.12+2.3; S154 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2016)02-0033-08

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2016.02.04

Comparisons on microbial community structure and part of physicochemical indexes in soil of invasive zone of *Rhynchelytrum repens* with different degrees and their correlation analysis

ZHANG Li'na¹, WANG Juhong^{2a,①}, CHEN Wen^{2b}, CHEN Xuelin¹, CHEN Xiaoyun^{2a} (1. College of Life Sciences, Northwest Normal University, Lanzhou 730070, China; 2. Hanshan Normal University: a. School of Life Sciences and Food Technology, b. School of Tourism Management and Culinary Arts, Chaozhou 521041, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2016, 25(2): 33-40

Abstract: Difference in microbial community structure in soil of non-, mild- and severe-invasive zones of *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb. was compared by phospholipid fatty acids (PLFAs) analysis method, and difference in part of physicochemical indexes in soil of invasive zone with different degree was compared. On the basis, correlations of content of different types of microbes in soil with part of physicochemical indexes were analyzed. The results show that there are 37 species of microbes in soil of invasive zone with different degrees, which include 28 species of bacteria, 4 species of actinomyces, 4 species of fungi and 1 species of protozoan, in which, content of bacterium is the highest. PLFAs content of 6 species of microbes is high, and they distribute in all of three invasive zones; that of 27 species of

收稿日期: 2015-10-13

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31470021)

作者简介: 张丽娜(1990—),女,甘肃张掖人,硕士研究生,主要研究方向为植物学。

①通信作者 E-mail: wjuh1918@163.com

microbes is low, and they also distribute in all of three invasive zones; and PLFAs content of 4 species of microbes is low, and they distribute in individual invasive zones. With aggravation of invasive degree of *R. repens*, contents of bacterium, fungus and protozoan in soil all increase gradually, and their content in soil of severe-invasive zone is higher by 11.34%, 19.60% and 13.95% than that in non-invasive zone with a value of, respectively. And species of microbes in soil also increases gradually. With aggravation of invasive degree of *R. repens*, activity of catalase in soil decreases gradually, activities of sucrase and urease, pH value and water content of soil all increase gradually, while change in activity of cellulase of soil is small. Compared with non-invasive zone, activity of catalase in soil of severe-invasive zone decreases by 59.27%, while activities of sucrase and urease, pH value and water content in soil increase by 73.71%, 68.60%, 15.09% and 32.95%, respectively. The correlation analysis result shows that there is extremely significant correlation ($P < 0.01$) of content of bacterium in soil with activities of catalase, sucrase and urease, pH value and water content in soil, their correlation coefficient is -0.909 , 0.864 , 0.868 , 0.836 and 0.889 , respectively. There is significantly negative correlation ($P < 0.05$) of content of fungus in soil with catalase activity of soil, and extremely significantly positive correlation with sucrase activity and pH value of soil, their correlation coefficient is -0.739 , 0.868 and 0.832 , respectively. It is concluded that *R. repens* can change microbial community structure and physicochemical property of soil, which make soil condition more beneficial to *R. repens* growth.

Key words: *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb.; invasive degree; microbial community structure in soil; physicochemical indexes in soil; phospholipid fatty acids (PLFAs); correlation analysis

外来植物(alien plants)是指在某一特定区域无自然分布但由于人类活动而引入并成功繁殖的植物。部分外来植物具有较强的适应力、竞争力和繁殖力,能够在引入地的自然或半自然生态系统或生境中快速定居、繁衍,并进一步扩散蔓延,改变引入地的生物群落组成和物种多样性,还可能对引入地的生态系统及人类的生产和生活造成严重影响和危害^[1],这些植物又被称为“入侵植物(invasive plants)”。

明确各地区的入侵植物种类及其入侵方式和特点已经成为入侵生物学的核心课题^[2]。目前,国内外学者已经对外来植物的入侵特性等开展了深入研究,并提出多种入侵理论^[3-7]。此外,还有一些学者从地上植物群落与地下土壤微生态互作的角度对外来植物的入侵机制开展研究,认为外来植物可能改变土壤的微生物群落结构、提高土壤中功能菌种群的数量和酶活性,从而促进土壤的营养循环,创造出有利于外来植物生存、竞争和扩张的土壤微环境,最终促使外来植物成功入侵^[8-12]。一些入侵植物也能够显著改变土壤微生物群落结构,增强土壤养分循环^[13-15]。植物可通过根系分泌物及地上凋落物等向土壤中的微生物提供生长和繁殖所需营养,外来植物定居到新生境后很可能会改变土壤中微生物的群落结构和多样性及与土壤养分循环相关的酶活性,同时,土壤微生物群落结构和功能的变化也会影响外来植物的入侵进程。因此,研究不同程度入侵区土壤微

生物群落的结构差异性可进一步明确外来植物在入侵过程中的生态作用及其与土壤微生物的互作关系,对于揭示外来植物入侵机制具有重要意义。

红毛草 [*Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb.]为禾本科(Poaceae)多年生草本植物,原产于南非热带地区,曾作为观赏植物和牧草被引入中国,并逃逸为野生种。由于红毛草耐热性强、种子萌发快,近年来已经在中国台湾、福建、香港、广东和海南等地大面积入侵^[16]。然而,迄今为止,关于红毛草入侵机制的研究甚少,关于其对土壤微生物群落结构影响的研究更是未见报道,仅见其种子寿命及萌发特性^[17]的相关研究报道。

鉴于此,作者通过磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acids, PLFAs)分析法对红毛草不同程度入侵区土壤的微生物群落结构和部分理化指标的差异进行了比较,并对不同类型土壤微生物含量与理化指标间的相关性进行了分析,以期揭示红毛草对土壤微生物群落结构及理化性质的影响,为外来植物入侵机制研究及其预测和防控提供基础数据和参考资料。

1 研究地概况和研究方法

1.1 研究地概况

研究地位于广东省潮州市的市郊,属亚热带海洋性季风气候,年均降水量1 300~2 400 mm,年均空气

相对湿度达到80%以上, ≥ 10 °C年积温7 300 °C ~ 7 890 °C, 年日照时数1 900 ~ 2 400 h, 年平均气温21.4 °C, 极端最高温39.6 °C, 极端最低温-0.5 °C。土壤为酸性砖红壤, 腐殖质较少, 有机质含量24.6 ~ 27.0 g · kg⁻¹、全氮含量1.67 ~ 2.04 g · kg⁻¹、速效磷含量26.00 ~ 27.99 mg · kg⁻¹、速效钾含量111.00 ~ 116.44 mg · kg⁻¹[18]。

在潮州市东北方向约20 km处(地理坐标为东经116°42'、北纬23°39')选择红毛草竞争演替明显且长势较好的区域作为研究区。根据红毛草和其他植物盖度情况将研究区划分为红毛草的重度入侵区、轻度入侵区和非入侵区, 每个区的面积为400 ~ 600 m², 植物总盖度均在90%以上。重度入侵区内, 红毛草为优势种群, 盖度为80% ~ 90%, 其他植物总盖度低于20%, 区内散生有鸭跖草(*Commelina communis* Linn.)和芒(*Miscanthus sinensis* Anderss.)等植物种类; 轻度入侵区内, 红毛草盖度为30% ~ 60%, 其他植物总盖度低于30%, 区内同样有鸭跖草和芒等植物分布, 且红毛草与鸭跖草和芒等植物处于竞争状态; 非入侵区(紧靠轻度入侵区域但无红毛草生长)内, 红毛草盖度为0%, 其他植物总盖度在90%以上, 混生有少量鸭跖草、芒及小型灌木和草本植物。

1.2 研究方法

1.2.1 土壤样品的采集 于2014年10月, 采用五点取样法在不同程度入侵区内各选取5个面积2 m × 2 m的样方, 样方间距3 ~ 5 m, 且各样方的光照和土壤质地等微生境基本相同。在每个重度和轻度入侵区样方内各挑选10 ~ 12株生长良好的红毛草植株, 清除样株周围的地面植物和凋落物, 挖出样株根部, 轻轻抖落与根系粘附程度较小的大块土粒, 收集紧密附着在根系上的土壤; 在每个非入侵区样方中, 收集靠近轻度入侵区但并无红毛草生长的非植物根际土壤, 并去除土壤中的石块、植物根系和动物等杂物。将同一程度入侵区的5份土样混匀并置于无菌取样袋中, 粉碎并过筛(孔径0.833 mm), 将每个区的土样分成2份: 一份约200 g, 置于-70 °C冰箱中保存, 用于土壤微生物群落结构分析; 另一份约400 g, 置于4 °C冰箱中保存, 用于土壤理化指标测定。

1.2.2 土壤微生物群落结构的测定 采用PLFAs分析法[19]测定土壤的微生物群落结构, 使用Agilent GC6890N气相色谱仪(美国安捷伦科技有限公司)和Sherlock MIS 4.5微生物自动鉴定系统(Sherlock

Microbial Identification System, 美国MIDI公司)对土壤中的微生物类型进行鉴定[20], 并记录各入侵区土壤中每种微生物的PLFAs含量。将气相色谱图信息进行量化处理, 转化成数据形式。根据张秋芳等[21]的研究结果确认特定生物标记指示的微生物类型。

1.2.3 土壤理化指标的测定 对土壤中的过氧化氢酶、蔗糖酶、纤维素酶和脲酶活性进行检测, 并对土壤pH值和含水量进行测定。过氧化氢酶活性测定采用高锰酸钾滴定法[22], [23]323-324, 酶活性采用1 g土壤消耗0.1 mol · L⁻¹ KMnO₄溶液的体积表示, 即mL · g⁻¹。蔗糖酶和纤维素酶活性测定采用3,5-二硝基水杨酸比色法[23]274-276, 其中, 蔗糖酶活性采用培养24 h后1 g土壤中的蔗糖酶质量表示, 即mg · g⁻¹; 纤维素酶活性采用培养72 h后1 g土壤中的纤维素酶质量表示, 即mg · g⁻¹。脲酶活性测定采用苯酚-次氯酸钠比色法[23]294-297, 酶活性采用培养24 h后1 g土壤中的NH₃-N质量表示, 即mg · g⁻¹。参照郭治兴等[24]的方法将蒸馏水与土样按照2.5:1.0(m:m)的比例混匀后, 采用METTLER FE20K台式酸度计[梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司]测定土壤pH值; 采用烘干法[25]测定土壤含水量, 即称取10 g土样, 40 °C烘干至恒质量后, 使用BSA224S万分之一电子天平[赛多利斯科学仪器(北京)有限公司]精确称量, 根据公式“含水量 = [(干燥前质量 - 干燥后质量) / 干燥前质量] × 100%”计算土壤含水量。

1.3 数据统计分析

采用SPSS 19.0软件对不同入侵区土壤的理化指标进行差异显著性分析, 并对其与不同类型微生物含量进行相关性分析。

2 结果和分析

2.1 不同程度入侵区土壤微生物群落结构的比较

从红毛草不同程度入侵区土壤中共检测到37种PLFAs生物标记(表1), 即37种土壤微生物。根据相关文献[26-31]确定, 细菌有28种, 放线菌和真菌各有4种, 原生动物有1种, 并且革兰氏阳性细菌有13种, 革兰氏阴性细菌有8种。

由表1还可见: 不同程度入侵区土壤中的微生物可分成3类。第1类含量高且在不同程度入侵区土壤中均有分布, 包括16:0(指示细菌)、15:0 iso(指示革兰氏阳性细菌)、18:1 w7c(指示革兰氏阴性细

表 1 红毛草不同程度入侵区土壤中各类型磷脂脂肪酸 (PLFAs) 生物标记的含量

Table 1 Content of different types of phospholipid fatty acids (PLFAs) biomarkers in soil of invasive zone of *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb. with different degrees

PLFAs 生物标记类型 PLFAs biomarker type	微生物类型 ¹⁾ Type of microbe ¹⁾	不同入侵区土壤的 PLFAs 含量/% PLFAs content in soil of different invasive zones		
		非入侵区 Non-invasive zone	轻度入侵区 Mild-invasive zone	重度入侵区 Severe-invasive zone
16:0	细菌 Bacterium	15.320 0	16.276 7	15.993 3
19:0 iso	细菌 Bacterium	0.163 3	0.156 7	0.156 7
20:0	细菌 Bacterium	0.563 3	0.540 0	0.573 3
14:0 iso	细菌 Bacterium (G+)	0.566 7	0.650 0	0.650 0
15:1 iso w9c	细菌 Bacterium (G+)	0.150 0	0.110 0	0.133 3
15:1 iso G	细菌 Bacterium (G+)	0.243 3	0.326 7	0.393 3
15:0 anteiso	细菌 Bacterium (G+)	3.840 0	3.556 7	3.533 3
15:0 iso	细菌 Bacterium (G+)	9.200 0	8.190 0	7.923 3
14:0 anteiso	细菌 Bacterium (G+)	0.000 0	0.000 0	0.080 0
16:0 iso	细菌 Bacterium (G+)	3.963 3	4.076 7	4.476 7
16:0 anteiso	细菌 Bacterium (G+)	0.200 0	0.170 0	0.140 0
17:0 iso	细菌 Bacterium (G+)	3.110 0	2.720 0	2.766 7
17:0 anteiso	细菌 Bacterium (G+)	2.026 7	1.973 3	2.033 3
18:0 iso	细菌 Bacterium (G+)	0.270 0	0.266 7	0.246 7
16:1 20H	细菌 Bacterium (G+)	1.573 3	1.323 3	1.303 3
16:0 20H	细菌 Bacterium (G+)	0.000 0	0.000 0	0.090 0
12:0	细菌 Bacterium (G-)	0.210 0	0.153 3	0.230 0
14:0	细菌 Bacterium (G-)	1.103 3	0.983 3	0.873 3
16:1 w9c	细菌 Bacterium (G-)	0.750 0	0.000 0	0.000 0
17:1 w8c	细菌 Bacterium (G-)	0.386 7	0.470 0	0.430 0
17:0 cyclo	细菌 Bacterium (G-)	2.250 0	2.550 0	2.240 0
18:1 w7c 11-methyl	细菌 Bacterium (G-)	0.686 7	0.673 3	0.730 0
18:1 w7c	细菌 Bacterium (G-)	5.410 0	6.190 0	6.100 0
18:1 w5c	细菌 Bacterium (G-)	1.440 0	1.266 7	1.383 3
17:0	放线菌 Actinomycete	0.783 3	0.713 3	0.873 3
16:0 10-methyl	放线菌 Actinomycete	6.330 0	6.236 7	6.496 7
17:0 10-methyl	放线菌 Actinomycete	0.656 7	0.760 0	0.830 0
18:0 10-methyl, TBSA	放线菌 Actinomycete	3.803 3	3.606 7	3.526 7
18:3 w6c (6,9,12)	真菌 Fungus	0.300 0	0.360 0	0.340 0
18:2 w6,9c/18:0 anteiso	真菌 Fungus	2.533 3	3.650 0	4.810 0
18:1 w9c	真菌 Fungus	5.303 3	6.186 7	6.376 7
16:1 w5c	真菌 Fungus (AMF)	3.130 0	3.716 7	3.313 3
20:4 w6,9,12,15c	原生动物 Protozoan	1.230 0	1.153 3	1.166 7
16:1 iso G	细菌 Bacterium (R)	0.000 0	0.376 7	0.423 3
19:0 cyclo w8c	细菌 Bacterium (B)	6.250 0	5.406 7	6.310 0
18:0	细菌 Bacterium (H)	4.380 0	4.333 3	4.580 0
20:1 w9c	细菌 Bacterium (H)	0.396 7	0.453 3	0.340 0

¹⁾G+: 革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria; G-: 革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria; AMF: 丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi; R: 雷尔氏菌属 *Ralstonia*; B: 伯克霍尔德菌 *Burkholderia* sp.; H: 嗜热解氢杆菌 *Hydrogenobacter thermophilus*.

菌)、16:0 10-methyl(指示放线菌)、18:1 w9c(指示真菌)和 19:0 cyclo w8c(指示伯克霍尔德菌)共 6 种微生物;第 2 类含量较低但在不同程度入侵区土壤中均有分布,共 27 种微生物;第 3 类含量较低且仅分布在个别入侵区土壤中,其中,14:0 anteiso(指示革兰氏阳性细菌)和 16:0 20H(指示革兰氏阳性细菌)仅出现

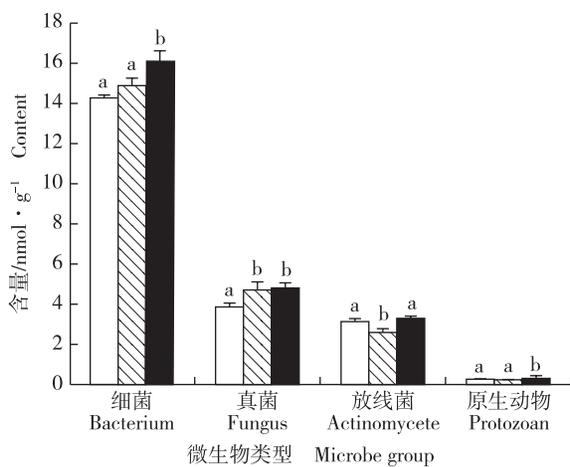
在重度入侵区土壤中,16:1 iso G(指示雷尔氏菌属)出现在重度和轻度入侵区土壤中,而 16:1 w9c(指示革兰氏阴性细菌)则仅出现在非入侵区土壤中。

总体来看,在红毛草不同程度入侵区土壤中均表现为细菌含量最高,真菌和放线菌次之,原生动物含量最低。其中,16:0(指示细菌)和 15:0 iso(指示细

菌)的含量最高,分别为 15.320 0% ~ 16.276 7% 和 7.923 3% ~ 9.200 0%。

对红毛草不同程度入侵区土壤中的细菌、真菌、放线菌和原生动动物含量进行比较分析,结果(图 1)表明:随着红毛草入侵程度的加剧,土壤中的细菌、真菌和原生动动物的含量均呈现逐渐升高的趋势。与非入侵区相比,重度入侵区土壤中的细菌含量提高了 11.34%,真菌含量提高了 19.60%,原生动动物含量提高了 13.95%。差异显著性分析结果显示:与非入侵区相比,重度入侵区土壤中的细菌、真菌和原生动动物含量均显著提高($P < 0.05$),但土壤中的放线菌含量无显著变化($P > 0.05$)。

对红毛草不同程度入侵区土壤中 PLFAs 含量高于 $1 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$ 的各类型 PLFAs 生物标记的含量进行分析。结果(表 2)显示:非入侵区土壤中有 6 种 PLFAs 生物标记,分别为 16:0、15:0 iso、18:1 w7c、19:0 cyclo w8c、16:0 10-methyl 和 18:1 w9c。与非入侵区相比,轻度入侵区土壤中增加 2 种 PLFAs 生物标记,分别为 16:0 iso 和 18:2 w6, 9c/18:0 anteiso;重度入侵区土壤中增加 4 种 PLFAs 生物标记,分别为 16:1 w5c、16:0 iso、15:0 anteiso 和 18:0。说明随着红毛草入侵程度的加剧,土壤中的微生物种类增加,即红毛草入侵可能提高了土壤微生物的多样性。



□: 非入侵区 Non-invasive zone; ▨: 轻度入侵区 Mild-invasive zone; ■: 重度入侵区 Severe-invasive zone.

不同的小写字母表示同一类型微生物含量在不同入侵区间差异显著 ($P < 0.05$) Different small letters indicate the significant difference in content of the same microbe among different invasive zones ($P < 0.05$).

图1 红毛草不同程度入侵区土壤中各类型微生物含量的比较
Fig. 1 Comparison on content of different types of microbes in soil of invasive zone of *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb. with different degrees

表2 红毛草不同程度入侵区土壤中各类型磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记的含量(PLFAs 含量高于 $1 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$)

Table 2 Content of different types of phospholipid fatty acids (PLFAs) biomarkers in soil of invasive zone of *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb. with different degrees (PLFAs content above $1 \text{ nmol} \cdot \text{g}^{-1}$)

PLFAs 生物标记类型 Type of PLFAs biomarker	含量/ $\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}$ Content
非入侵区 Non-invasive zone	
16:0	3.448 5
15:0 iso	2.184 2
18:1 w7c	1.110 8
19:0 cyclo w8c	1.225 3
16:0 10-methyl	1.785 0
18:1 w9c	1.088 9
轻度入侵区 Mild-invasive zone	
16:0	3.823 2
15:0 iso	1.997 6
18:1 w7c	1.330 1
19:0 cyclo w8c	1.313 8
16:0 10-methyl	1.314 0
18:1 w9c	1.390 4
18:2 w6,9c/18:0 anteiso	1.056 0
16:0 iso	1.070 1
重度入侵区 Severe-invasive zone	
16:0	4.372 7
15:0 iso	2.320 6
18:1 w7c	1.516 9
19:0 cyclo w8c	1.265 1
16:0 10-methyl	1.675 5
18:1 w9c	1.516 1
16:1 w5c	1.006 0
18:0	1.054 8
15:0 anteiso	1.007 8
16:0 iso	1.095 2

2.2 不同程度入侵区土壤理化指标的比较

对不同程度入侵区土壤中过氧化氢酶、蔗糖酶、纤维素酶和脲酶活性的分析结果(表 3)表明:随着红毛草入侵程度的加剧,土壤中过氧化氢酶活性不断下降,表现为非入侵区最高、重度入侵区最低;土壤中蔗糖酶和脲酶活性不断升高,表现为重度入侵区最高、非入侵区最低;土壤中纤维素酶活性则先升高后降低,表现为轻度入侵区最高、重度和非入侵区均较低。与非入侵区相比,重度入侵区土壤中过氧化氢酶活性降低了 59.27%,蔗糖酶和脲酶活性分别提高了 73.71% 和 68.60%,纤维素酶活性基本无变化。不同程度入侵区土壤的过氧化氢酶活性有显著差异;非入侵区土壤的蔗糖酶活性与轻度和重度入侵区有显著差异,但后两者间差异不显著($P > 0.05$);重度入侵区

表3 红毛草不同程度入侵区土壤部分理化指标的比较 ($\bar{X} \pm SE$)¹⁾Table 3 Comparison on part of physicochemical indexes in soil of invasive zone of *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb. with different degrees ($\bar{X} \pm SE$)¹⁾

入侵区 ¹⁾ Invasive zone ¹⁾	过氧化氢酶活性/ $\text{mL} \cdot \text{g}^{-1}$ Catalase activity	蔗糖酶活性/ $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ Sucrase activity	纤维素酶活性/ $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ Cellulase activity	脲酶活性/ $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1}$ Urease activity	pH 值 pH value	含水量/% Water content
NZ	9.60±0.77a	1.94±0.31a	0.22±0.004a	0.86±0.04a	5.83±0.02a	8.80±0.21a
MZ	7.44±0.37b	2.82±0.24b	0.23±0.01a	0.97±0.04a	6.33±0.07b	10.10±0.15b
SZ	3.91±0.58c	3.37±0.12b	0.22±0.01a	1.45±0.10b	6.71±0.07c	11.70±0.26c

¹⁾ 同列中不同的小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$) Different small letters in the same column indicate the significant difference ($P < 0.05$).

²⁾ NZ: 非入侵区 Non-invasive zone; MZ: 轻度入侵区 Mild-invasive zone; SZ: 重度入侵区 Severe-invasive zone.

土壤的脲酶活性与非入侵区和轻度入侵区有显著差异,但后两者间差异不显著;各入侵区土壤的纤维素酶活性无显著差异。

由表3还可以看出:随着红毛草入侵程度的加剧,土壤的pH值和含水量均不断升高。与非入侵区相比,重度入侵区土壤的pH值提高了15.09%,含水量提高了32.95%。差异显著性分析结果表明:3个不同程度入侵区土壤中的过氧化氢酶活性存在显著差异。

2.3 土壤微生物含量与土壤理化指标的相关性分析

相关性分析结果(表4)显示:土壤的细菌、放线菌、真菌和原生动物含量与过氧化氢酶活性呈负相关,其中,细菌含量与过氧化氢酶活性极显著负相关 ($P < 0.01$),相关系数为-0.909;真菌含量与过氧化氢

酶活性显著负相关 ($P < 0.05$),相关系数为-0.739。细菌、放线菌、真菌和原生动物含量与蔗糖酶和脲酶活性均呈正相关,其中,细菌和真菌含量均与蔗糖酶活性极显著正相关,相关系数分别为0.864和0.868;细菌含量还与脲酶活性极显著正相关,相关系数为0.868。细菌、放线菌、真菌和原生动物含量与纤维素酶活性均无显著相关性 ($P > 0.05$),其中,细菌和放线菌含量与纤维素酶活性呈负相关,而真菌和原生动物含量则与纤维素酶活性呈正相关。

由表4还可以看出:土壤中的细菌和真菌含量与pH值呈极显著正相关,相关系数分别为0.836和0.832。土壤中的细菌、放线菌、真菌和原生动物含量与含水量存在不同程度正相关,但仅细菌含量与含水量呈极显著相关性,相关系数为0.889。

表4 红毛草入侵区土壤中不同类型微生物含量与部分理化指标间的相关性分析

Table 4 Correlation analysis on content of different types of microbes with part of physicochemical indexes in soil of invasive zone of *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubb.

微生物类型 Type of microbe	相关系数 ¹⁾ Correlation coefficient ¹⁾					
	过氧化氢酶活性 Catalase activity	蔗糖酶活性 Sucrase activity	纤维素酶活性 Cellulase activity	脲酶活性 Urease activity	pH 值 pH value	含水量 Water content
细菌 Bacterium	-0.909**	0.864**	-0.049	0.868**	0.836**	0.889**
真菌 Fungus	-0.739*	0.868**	0.201	0.666	0.832**	0.646
放线菌 Actinomycete	-0.318	0.052	-0.343	0.499	0.107	0.209
原生动物 Protozoan	-0.642	0.398	0.100	0.666	0.530	0.658

¹⁾ **: $P < 0.01$; *: $P < 0.05$.

3 讨论和结论

通常,外来植物在入侵地成功定居后,其种群数量迅速扩张,从而形成单优群落,不仅造成入侵地植物群落结构改变和生物多样性丧失,而且改变植物进入土壤的时间、数量、质量和空间结构,并改变根际土壤微生物的群落结构和功能,打破地上和地下生态系统的原有关系,增强外来植物的竞争力并加速其入侵

进程^[32]。本研究结果表明:红毛草大量定居后土壤中的微生物种类及含量均增加,与部分研究者^[13,33-34]的相关研究结果相似,说明外来植物大量定居可以改变其根际土壤的微生物种类和含量,尤其是能够增加一些具有特殊功能细菌的数量。土壤中的细菌是植物生长的主要驱动力之一,外来植物大量定居后可通过增加与土壤养分循环相关的细菌数量来加速土壤的养分循环,进而提高植物根系对土壤养分的利用率,促进其自身的生长、竞争和扩散^[13]。真菌具有耐

酸性,可形成网状菌丝并与植物根系结合形成共生体,促使植物获得更多的土壤养分,利于植物生长^[35]。红毛草入侵对其根际土壤中真菌的生长也有一定的促进作用;然而,一年蓬 [*Erigeron annuus* (Linn.) Pers.]和加拿大蓬 [*Conyza canadensis* (Linn.) Cronq.]的大量定居却显著抑制了土壤中的真菌数量^[15]。推测这可能是因为不同入侵植物根系的分泌物不同,并且这些分泌物可能对不同土壤微生物有不同的影响。因此,外来植物定居到新生境后,在一定条件下快速蔓延生长,导致本土生物逐渐单一化,这一过程可能会引起土壤微生物群落结构的改变,从而对地上植物的生长发育有较大影响。

土壤中的微生物通过分泌酶的方式参与土壤生态系统的营养循环,因此,土壤酶活性变化可反映土壤中各种生化过程的强度和方向^[36]。由于土壤中的蔗糖酶绝大部分由植物根际土壤微生物分泌,与土壤中微生物数量及土壤呼吸强度有关,其酶促作用产生的葡萄糖是植物和微生物的营养源,因此,土壤中的蔗糖酶活性直接影响植物生长^[37]。随着红毛草入侵程度的加剧,土壤中的蔗糖酶活性不断增强,与非入侵区相比,其活性升高了73.71%,说明红毛草的定居极大地提高了土壤中蔗糖酶的活性,使土壤熟化程度明显升高,进而加剧了红毛草的入侵进程。过氧化氢酶则能够反映土壤的氧化强度,其活性还能够显示土壤的氧化还原能力^[38];当土壤中的过氧化氢酶活性降低时,植物根部受到的氧化胁迫加剧,根部组织的细胞壁和细胞膜被破坏,使根部组织更易受病原菌感染,最终可能导致植物发生病害^[39]。红毛草重度入侵区土壤的过氧化氢酶活性较非入侵区降低了59.27%,这很可能是导致红毛草入侵区本地植物大量减少的主要因素。脲酶活性与土壤的全氮和速效氮含量等肥力因子关系密切,可以表征土壤的肥力水平,反映土壤的养分状况。随着红毛草入侵程度的加剧,土壤中的脲酶活性逐渐升高,其中重度入侵区脲酶活性较非入侵区增加了68.60%,脲酶活性升高可能影响土壤正常的生化过程,进而使土壤的养分及结构向有利于红毛草生长与扩散的方向转变。

杨江山等^[40]认为土壤中的酶活性与土壤中不同类型微生物的含量存在一定相关性,一切导致土壤微生物数量变化的因素都能够直接或间接影响土壤中的酶活性。本研究结果表明:红毛草根际土壤中的细菌、真菌、放线菌和原生动物的含量均与过氧化氢酶、蔗

糖酶、纤维素酶和脲酶活性存在一定相关性。推测致使红毛草根际土壤中的微生物和酶活性发生变化的根本原因很可能是红毛草自身可分泌一些特殊的化学物质,这些化学物质改变了其根际土壤的性质,使其微生物群落结构、酶活性和pH值等更适合红毛草生长而不利于当地植物生长,但关于其根系分泌物的具体情况还需要进一步研究。随着红毛草入侵程度的加剧,根际土壤的pH值明显升高,并且土壤pH值与细菌和真菌含量存在极显著正相关,而与放线菌和原生动物的含量呈不显著正相关,说明土壤pH值能够影响不同类型土壤微生物的分布和活动。随着红毛草入侵程度的加剧,其根际土壤的含水量也有所提高,但总体偏低,并且土壤含水量仅与细菌含量呈极显著正相关,与真菌、放线菌和原生动物的含量的相关性均不显著,据此推测红毛草可能具有较强的抗旱能力,但其具体抗旱机制仍需深入研究。

综上所述,红毛草大量定居能够改变土壤的微生物群落结构和理化性质。随着红毛草入侵程度的加剧,土壤中的微生物种数增加、蔗糖酶和脲酶活性增强、过氧化氢酶活性降低。土壤中细菌含量与过氧化氢酶、蔗糖酶和脲酶活性以及pH值和含水量均呈极显著相关性,真菌含量与过氧化氢酶和蔗糖酶活性以及pH值呈显著或极显著相关性,而放线菌和原生动物的含量与土壤理化指标间的相关性均不显著。

参考文献:

- [1] 刘雪艳,王从彦,王磊,等. 入侵植物对土壤酶活性及土壤微生物群落影响的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2013, 41(4): 304-306.
- [2] ALPERT P, BONE E, HOLZAPFEL C. Invasiveness, invasibility and the role of environmental stress in the spread of non-native plants [J]. Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics, 2000, 3: 52-66.
- [3] ELTON C S. The Ecology of Invasions by Animals and Plants [M]. London: Methuen, 1958.
- [4] WOLFE L M. Why alien invaders succeed: support for the escape-from-enemy hypothesis [J]. American Naturalist, 2002, 160: 705-711.
- [5] CALLAWAY R M, THELEN G C, RODRIGUEZ A, et al. Soil biota and exotic plant invasion [J]. Nature, 2004, 427: 731-733.
- [6] CALLAWAY R M, ASCHEHOUG E T. Invasive plants versus their new and old neighbors: a mechanism for exotic invasion [J]. Science, 2000, 290: 521-523.
- [7] 吴锦容,彭少麟. 化感:外来入侵植物的“Novel Weapons” [J]. 生态学报, 2005, 25(11): 3093-3097.

- [8] 王志勇, 方治伟, 江雪飞, 等. 空心莲子草入侵对土壤 AM 真菌生物量和群落结构的影响——以湖北省典型区域为例[J]. 应用与环境生物学报, 2013, 19(1): 105-112.
- [9] 吴红英, 孔云, 姚允聪, 等. 间作芳香植物对沙地梨园土壤微生物数量与土壤养分的影响[J]. 中国农业科学, 2010, 43(1): 140-150.
- [10] 徐成东, 董晓东, 陆树刚. 红河流域的外来入侵植物[J]. 生态学杂志, 2006, 25(2): 194-200.
- [11] 马晔, 沈珍瑶. 外来植物的入侵机制及其生态风险评估[J]. 生态学杂志, 2006, 25(8): 983-988.
- [12] WARDLE D A, BARDGETT R D, KLIRONOMOS J N, et al. Ecological linkages between aboveground and belowground biota [J]. Science, 2004, 304: 1629-1633.
- [13] 牛红榜, 刘万学, 万方浩. 紫茎泽兰 (*Ageratina adenophora*) 入侵对土壤微生物群落和理化性质的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(7): 3051-3060.
- [14] 杨琼, 梁羽, 杨剑, 等. 入侵植物薇甘菊的根际土壤微生物特征[J]. 生态科学, 2015, 34(2): 148-155.
- [15] 王从彦, 向继刚, 杜道林. 2种入侵植物对根际土壤微生物种群及代谢的影响[J]. 生态环境学报, 2012, 21(7): 1247-1251.
- [16] 曾宪锋, 林晓单, 邱贺媛, 等. 粤东地区外来入侵植物的调查研究[J]. 福建林业科技, 2009, 36(2): 174-179.
- [17] 陈彦, 杨中艺, 袁剑刚. 红毛草 *Rhynchelytrum repens* (Willd.) C. E. Hubbard 的繁殖特性[J]. 中山大学学报(自然科学版), 2013, 52(5): 112-117.
- [18] 曾招兵, 汤建东, 刘一峰, 等. 广东耕地土壤有机质的变化趋势及其驱动力分析[J]. 土壤, 2013, 45(1): 84-90.
- [19] FROSTEGÅRD A, BÅÅTH E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 1996, 22: 59-65.
- [20] 吴愉萍, 徐建明, 汪海珍, 等. Sherlock MIS 系统应用于土壤细菌鉴定的研究[J]. 土壤学报, 2006, 43(4): 642-647.
- [21] 张秋芳, 刘波, 林营志, 等. 土壤微生物群落磷脂脂肪酸 PLFA 生物标记多样性[J]. 生态学报, 2009, 29(8): 4127-4137.
- [22] 曹慧, 孙辉, 杨浩, 等. 土壤酶活性及其对土壤质量的指示研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2003, 9(1): 105-109.
- [23] 关松荫. 土壤酶及其研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [24] 郭治兴, 王静, 柴敏, 等. 近30年来广东省土壤 pH 值的时空变化[J]. 应用生态学报, 2011, 22(2): 425-430.
- [25] 张学礼, 胡振琪, 初士立. 土壤含水量测定方法研究进展[J]. 土壤通报, 2005, 36(1): 118-123.
- [26] BOSSIO D A, FLECK J A, SCOW K M, et al. Alteration of soil microbial communities and water quality in restored wetlands[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38: 1223-1233.
- [27] BOSSIO D A, SCOW K M. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns [J]. Microbial Ecology, 1998, 35: 265-278.
- [28] KOURTEV P S, EHRENFELD J G, HAGGBLOM M. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil[J]. Ecology, 2002, 83: 3152-3166.
- [29] WHITE D C, DAVIS W M, NICKELS J S, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractable lipid phosphate [J]. Oecologia, 1979, 40: 51-62.
- [30] JOERGENSEN R G, POTTHOFF M. Microbial reaction in activity, biomass and community structure after long-term continuous mixing of a grassland soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37: 1249-1258.
- [31] JAIN D K, STROES-GASCOYNE S, PROVIDENTI M, et al. Characterization of microbial communities in deep groundwater from granitic rock [J]. Canadian Journal of Microbiology, 1997, 43: 272-283.
- [32] JORDAN N R, LARSON D L, HUERD S C. Soil modification by invasive plants: effects on native and invasive species of mixed-grass prairies[J]. Biological Invasions, 2008, 10: 177-190.
- [33] 王志勇, 江雪飞, 郑慧, 等. 空心莲子草入侵对土壤细菌群落结构及其多样性的影响[J]. 化学与生物工程, 2011, 28(11): 17-21.
- [34] 李会娜, 刘万学, 万方浩. 紫茎泽兰和黄顶菊入侵对土壤微生物群落结构和旱稻生长的影响[J]. 中国生态农业学报, 2011, 19(6): 1365-1371.
- [35] 聂呈荣, 曾任森, 骆世明, 等. 三裂叶螞蛄菊对水稻化感作用的初步研究[J]. 作物学报, 2004, 30(9): 942-946.
- [36] 刘雪艳, 王从彦, 王磊, 等. 入侵植物对土壤酶活性及土壤微生物群落影响的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2013, 41(4): 304-306.
- [37] 吴小虎, 徐军, 董丰收, 等. 5种除草剂对土壤蔗糖酶和脲酶活性的影响[J]. 农药学报, 2015, 17(2): 179-184.
- [38] 鲁萍, 郭继勋, 朱丽. 东北羊草草原主要植物群落土壤过氧化氢酶活性的研究[J]. 应用生态学报, 2002, 13(6): 675-679.
- [39] 陈慧, 杨志玲, 袁志林, 等. 白术连作根际土壤的理化性质及微生物区系变化[J]. 植物资源与环境学报, 2014, 23(1): 24-29.
- [40] 杨江山, 张恩和, 黄高宝, 等. 保护性耕作对麦药轮作土壤酶活性和微生物数量的影响[J]. 生态学报, 2010, 30(3): 824-829.

(责任编辑: 佟金凤)