

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2019.04.009

不同植物对黄顶菊根际土壤微生物和土壤养分的影响

杜鄂巍, 王妍, 孙建茹, 闫静, 张凤娟*
河北大学生命科学学院, 河北保定 071002

摘要:【目的】不同植物对外来入侵植物的抵御能力不同,研究不同植物对入侵植物根际土壤生态的影响可为筛选入侵植物的竞争替代植物提供科学依据。【方法】利用同质园试验,以入侵植物黄顶菊为研究对象,设置黄顶菊单种、黄顶菊与不同植物(地肤、苘麻、苏丹草、反枝苋)混种处理,采用磷脂脂肪酸分析方法研究不同植物对黄顶菊根际土壤微生物群落结构的影响,并结合土壤养分的变化探究不同植物对黄顶菊根际土壤生态的影响。【结果】与黄顶菊单种相比,地肤和苘麻降低了黄顶菊根际微生物的总含量,改变了黄顶菊根际微生物群落结构。地肤、苘麻能竞争性抑制黄顶菊对铵态氮的吸收,从而抑制黄顶菊的生长。【结论】不同植物的抵御能力与其土壤生态有关,替代植物通过改变黄顶菊根际土壤微生物,抑制黄顶菊对氮的吸收,从而抑制黄顶菊的生长,实现对黄顶菊的替代控制。

关键词: 黄顶菊; 根际土壤微生物; 土壤养分; 土壤酶活性

Effects of different plants on soil microbial communities and nutrients in the rhizosphere soil of *Flaveria bidentis*

DU Ewei, WANG Yan, SUN Jianru, YAN Jing, ZHANG Fengjuan*
College of Life and Science, Hebei University, Baoding, Hebei 071002, China

Abstract:【Aim】Different plants have different resistance abilities to exotic species. Studying the influence mechanism of different species on the rhizosphere soil ecology of invasive species may provide a scientific basis for choosing the replacement plants.【Method】The homogenous garden experiment was used to study the ability of the four plants (*Kochia scoparia* (Linn.) Schrad, *Abutilon theophrasti* Medicus, *Sorghum sudanense* (Piper) Stapf and *Amaranthus retroflexus* L.) to resist the invasion of *F. bidentis*. There were five treatments in the experiment: the monoculture of *F. bidentis* and the mixture treatments that *F. bidentis* mixed with each of the four plants. The phospholipid fatty acid analysis method was used to study the effects of different plants on the microbial community structure and soil nutrient in the rhizosphere soil of *F. bidentis* to explored their mechanism on the rhizosphere soil ecology of *F. bidentis*.【Result】*K. scoparia* and *A. theophrasti* reduced the total microbial biomass and changed the microbial community structure of *F. bidentis* comparing to those in the monoculture treatment of *F. bidentis*. *K. scoparia* and *A. theophrasti* could competitively inhibit the absorption of ammonium nitrogen and then the growth of *F. bidentis*.【Conclusion】The resilience of different plants was related to the soil ecology. Replacement plants could inhibit growth of *F. bidentis* by changing the soil microbes in the rhizosphere soil and inhibiting nitrogen uptake of *F. bidentis*, which achieved the control of the growth and spread of *F. bidentis*.

Key words: *Flaveria bidentis*; rhizosphere soil microorganism; soil nutrients; soil enzyme activity

外来植物的成功入侵不仅依赖于其自身和入侵生态系统的特性 (Millbau *et al.*, 2005), 也取决于入侵植物与入侵生态系统的相互关系 (Byun & Brisson, 2013)。不同植物对入侵植物的抵御能力不同, 这既与植物的功能性状有关, 也与土壤养分状况密切相关 (Grigulis *et al.*, 2013; Wagg *et al.*, 2011)。植物性状和土壤微生物是影响碳、氮输入和输出过程的重要因素。在抵御入侵植物的替代植物筛选过程中, 研究者大多关注替代植物的植物性状, 忽略了土壤微生物在竞争中的作用。实际

上,植物性状与土壤微生物之间通过植物凋落物和植物根系分泌物建立了密切的联系,共同影响植物的竞争生长(Ehrenfeld & Scott, 2011)。目前,土壤微生物与植物生长和竞争能力之间的关系已有一些报道。例如,土壤病原菌积累能够直接从植物组织获取碳源和其他营养(Vitousek *et al.*, 1996),减少根部养分吸收能力(Klironomos, 2002),不利于植物生长;而共生菌能够提高植物获取土壤中有限营养元素的能力(Der *et al.*, 2008),提高植物产量,促进植物的生长(Wardle *et al.*, 2004)。关于外来入侵植物与土壤微生物方面的现有研究大多集中于外来入侵植物对土壤生态的影响(Wagg *et al.*, 2011),认为外来入侵植物改变入侵域土壤微生物群落结构(王桔红等, 2016),加速了土壤养分循环(Callaway *et al.*, 2004; Reinhart & Callaway, 2004),促进了入侵植物的生长和快速扩散(刘潮等, 2018; Marler *et al.*, 1999)。如Poon & Maherali (2015)发现葱芥 *Alliaria petiolate* (M.) Cavara et Grande 入侵可以降低入侵地土壤中丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizae fungi, AMF)的生物量,从而使本地植物在与葱芥竞争过程中受到排挤,最终实现外来种的入侵;Wang *et al.* (2013)发现许多外来入侵植物根部都会分泌一种对其根际病原体危害具有一定防御功能的化感物质(内消旋儿茶酚);Xiao *et al.* (2014)研究发现紫茎泽兰 *Ageratina adenophorum* Spreng、飞机草 *Chromolaena odorata* L.改变了土壤真菌群落,这种改变对入侵植物的生长具有积极影响,增加了紫茎泽兰和飞机草的生物量。不同的地上群落结构会间接导致地下微生物群落结构的变化(Saggar *et al.*, 1999),而微生物又能通过正反馈或负反馈作用调节地上植物的竞争与生长(Wagg *et al.*, 2011)。替代植物是否通过改变土壤微生物群落结构的变化,从而影响土壤养分的分配来抑制入侵植物的竞争与生长,这一机制尚不清楚。因此,探究替代植物有效防控入侵植物的土壤生态学机制,可为替代植物的筛选提供理论依据。

恶性入侵杂草黄顶菊 *Flaveria bidentis* (L.) Kuntze. 为一年生草本植物,原产地南美洲,2001年首次发现于我国天津、河北,是原环境保护部公布的第二批国家重点防控外来入侵植物(石青等, 2017)。黄顶菊对生物多样性、经济和环境造成了严重危害(Wan *et al.*, 2017)。至2017年,黄顶菊已

入侵华北4省1市(河北、山东、河南、山西和天津)的146个县541个乡镇(郑志鑫等, 2018)。研究表明,替代植物高丹草 *Sorghum bicolor* (L.) Moench、紫花苜蓿 *Medicago sativa* L.对土壤氮素转化利用能力比黄顶菊高,且能竞争性抑制黄顶菊对土壤磷素的吸收,有利于实现对黄顶菊的替代控制(马杰等, 2011)。黄顶菊和反枝苋 *Amaranthus retroflexus* L.、苘麻 *Abutilon theophrasti* Medicus 竞争生长时,黄顶菊处于弱势地位,究其原因是黄顶菊和这几种植物处于同一个生态位,竞争导致黄顶菊可利用营养资源减少,从而抑制其生长(吕远等, 2011)。替代植物地肤 *Kochia scoparia* (Linn.) Schrad、苘麻、苏丹草 *Sorghum sudanense* (Piper) Stapf 等对黄顶菊有一定的抑制作用(韩月龙等, 2019)。此外,不同本地植物在与黄顶菊竞争生长过程中增加了入侵域的细菌群落多样性(闫素丽等, 2011)、降低了真菌群落多样性(常瑞恒等, 2011)。那么,竞争替代植物如何改变黄顶菊根际土壤微生物群落结构和土壤养分,从而达到抑制黄顶菊生长的目的? 本研究拟采用野外同质园试验,研究不同植物在与黄顶菊竞争生长时,对黄顶菊根际微生物群落结构和土壤理化性质的影响,以期从土壤生态角度来研究不同植物对黄顶菊的抵御能力及相关作用机理,研究结果将为竞争替代植物的筛选提供重要的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验样地概况

试验样地位于河北省廊坊市中国农业科学院廊坊科研中试基地(39°30'42"E, 116°36'07"N),海拔(25±3)m,在气候分区上属于暖温带大陆性气候,该地土壤属棕色砂质黏壤土。

1.2 试验设计

根据植物的生长速度、是否耐贫瘠及其经济观赏效益,选择本地常见伴生种地肤、苘麻、苏丹草、反枝苋4种植物。采用田间同质园,设置不同植物与黄顶菊混种小区,分别为地肤与黄顶菊混种(H1)、苘麻与黄顶菊混种(H2)、苏丹草与黄顶菊混种(H3)、反枝苋与黄顶菊混种(H4)以及黄顶菊单种(H0),并以裸土小区(无种植植物,CK)作为对照,每个处理5个重复,一共设置30个小区。各样地随机分布,小区大小3 m×2 m,所有样地间距均设置为1 m。混种比例为1:1。每个小区平均种植6行,混种每行各播150粒种子,单种每行播

300 粒种子。播种后每 2 周浇 1 次水,每次滴灌 36 h。每 2 周进行人工除草,保持每个小区的植物种类不变。试验于 2016 年 4 月底播种。

1.3 土样采集

2016 年 9 月,对同质园小区进行土样采集,采用五点取样法,每个小区选取生长状况良好且能代表小区生长状况的黄顶菊 5 株,抖落根部非根际土壤,再用刷子将根上剩余的土壤轻轻刷下来,即得到根际土。将同一小区的 5 株黄顶菊的根际土壤混合为一个土样。裸土对照小区土壤的采集,去除表层干土,沿对角线随机选取 5 个点,挖取 0~20 cm 深的土壤。将采集的土壤样品放入自封袋,做好标记后立即带回实验室。采回的土样过 2 mm 筛后分成 2 份:一份储存于 4 ℃ 冰箱内,用于测定土壤微生物磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acids,PLFAs)含量;一份常温风干,用于测定土壤养分和酶活性。

1.4 检测指标与方法

1.4.1 土样养分和酶活性的测定 土壤速效磷含量采用钼锑抗比色法测定;硝态氮和铵态氮含量的测定采用 Smartchem 全自动间断化学分析仪(鲍士旦,1981);土壤 pH 用电位法测定。土壤蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定;土壤脲酶采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定;土壤磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法测定;土壤蛋白酶采用茚三酮比色法

(蔡燕飞,2002; 关松荫,1986)。

1.4.2 土壤微生物群落结构的测定 参照 Frostegård *et al.* (1993) 和 Kourtev *et al.* (2002) 的方法:①取 4 g 待测土样后置于 50 mL 离心管,然后向离心管中加 20 mL KOH-甲醇溶液 ($0.2\text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$),于水浴锅中 37 ℃ 水浴 1 h,每 10 min 涡旋一次($2000\text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$);②水浴 1 h 完成后加入 3 mL 的醋酸溶液($1\text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$),充分摇匀;③再加入 10 mL 正己烷,充分混匀后 $1000\text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$ 离心 15 min,吸取上层液置于试管之中,在氮气流下吹干;④向吹干的试管中加入 1 mL 含有内标 19:0 的正己烷-甲基丁基醚溶液(比例为 1:1),充分溶解后将溶液转至气相色谱进样(GC)小瓶。

测定标准品及提取的样品,气相色谱设置条件如下:首先使柱温以 $5\text{ }^{\circ}\text{C} \cdot \text{min}^{-1}$ 的速率从 170 ℃ 升高到 260 ℃,然后以 $40\text{ }^{\circ}\text{C} \cdot \text{min}^{-1}$ 的速率升高到 310 ℃,维持 90 s;将气化室温度设置为 250 ℃、将检测器温度设置为 300 ℃;以氢气($2\text{ mL} \cdot \text{min}^{-1}$)作为载气,以氮气($30\text{ mL} \cdot \text{min}^{-1}$)作为尾吹气;柱前压为 68.95 kPa;进样量 1 μL ,分流比 100:1。根据加入内标 19:0 的量可以计算出不同 PLFAs 的峰面进而得出不同类型微生物的量。不同土壤微生物类群与磷脂脂肪酸的对应关系如表 1 所示,参照表 1 得出各种土壤微生物类群的总量。

表 1 不同土壤微生物类群与磷脂脂肪酸的对应关系
Table 1 Phospholipid fatty acids used in analysis of different soil microbial group

土壤微生物类群 Soil microbial group	磷脂脂肪酸 Phospholipid fatty acids
革兰氏阴性细菌 Gram negative bacteria	12:0; 12:0 20H; 13: 20H; 14:0; 16:0 20H; 16:1 ω 9c; 17:0; 17:1 ω 8c; 17:0 cy-clo; 17:0 iso 30H; 18:0; 18:1 ω 5c; 19:0 cyclo ω 8c; 18:1 ω 7c-11 methyl; 10:0 30H
革兰氏阳性细菌 Gram positive bacteria	13:0 anteiso; 13:0 iso; 14:0 anteiso; 14:0 iso; 15:0 anteiso; 15:0 iso; 15:1 iso G; 16:0 iso; 16:1 iso H; 17:0 anteiso; 17:0 iso; 19:0 anteiso; 19:0 iso; 20:0 iso; 11:0 20H
放线菌 Actinobacteria	14:1 ω 5c; 17:0 10-methyl; 18:0 10-methyl TBSA
真菌 Fungi	18:1 ω 9c; 18:3 ω 6,9,12c
丛枝菌根真菌 AMF	16:1 ω 5c
原生生物 Protozoa	20:4 ω 6,9,12,15c
真菌/细菌 F/B	(18:1 ω 9c+18:3 ω 6,9,12c)/(12:0+12:0 20H+13:0 20H+14:0+16:0 20H+16:1 ω 9c+17:0+17:1 ω 8c+17:0 cyclo+17:0 iso 30H+18:0+18:1 ω 5c+19:0 cyclo ω 8c+18:1 ω 7c-11 methyl+10:0 30H+13:0 anteiso+13:0 iso+14:0 anteiso+14:0 iso+15:0 anteiso+15:0 iso+15:1 iso G+16:0 iso+16:1 iso H+17:0 anteiso+17:0 iso+19:0 anteiso+19:0 iso+20:0 iso+11:0 20H)
革兰氏阴性细菌/革兰氏阳性细菌 G-/G+	(12:0+12:0 20H+13:0 20H+14:0+16:0 20H+16:1 ω 9c+17:0+17:1 ω 8c+17:0 cy-clo+17:0 iso 30H+18:0+18:1 ω 5c+19:0 cyclo ω 8c+18:1 ω 7c-11 methyl+10:0 30H)/(13:0 anteiso+13:0 iso+14:0 anteiso+14:0 iso+15:0 anteiso+15:0 iso+15:1 iso G+16:0 iso+16:1 iso H+17:0 anteiso+17:0 iso+19:0 anteiso+19:0 iso+20:0 iso+11:0 20H)

1.5 数据分析

磷脂脂肪酸成分分析采用美国 MIDI 公司生产的基于细菌细胞脂肪酸成分鉴定的 Sherlock MIS 4.5 系

统。根据加入内标 19:0 的量可以计算出不同 PLFAs 的吸光度,进而得出不同类型微生物的量。试验数据采用平均值 $\pm$ 标准差表示,用 Excel 2010 软件统计作

图,利用 SPSS 21.0 统计软件进行单因素方差分析 (One-way ANOVA),采用 Duncan's 多重比较进行之后的两两比较, $P=0.05$ 。对各样地土壤微生物群落组成进行主成分分析 (principal components analysis, PCA),计算各因子的贡献率,利用主成分分析因子的载荷量算出各因子作用的大小,以确定它们的权重。采用 Canoco 4.5 软件对土壤微生物和土壤养分酶活性二者进行典范对应分析 (canoninal correspondence analysis, CCA),以土壤微生物作为物种变量,土壤养分和酶活性数据作为环境变量进行典范对应分析,确定土壤微生物和各因子之间的关系。

2 结果与分析

2.1 不同植物对黄顶菊根际土壤酶活性和养分的影响

从表 2 可见,与裸土对照 (CK) 相比,黄顶菊单种处理 (H0) 的酸性磷酸酶、脲酶、蛋白酶活性显著升高,碱性磷酸酶活性降低,表明黄顶菊入侵后改变了土壤的酶活性。与黄顶菊单种处理 (H0) 相比,地

肤与黄顶菊混种处理 (H1) 碱性磷酸酶、蛋白酶活性显著升高,脲酶活性显著降低;苘麻与黄顶菊混种处理 (H2) 脲酶、蛋白酶活性显著降低;苏丹草与黄顶菊混种处理 (H3) 酸性磷酸酶、脲酶活性显著升高;反枝苋与黄顶菊混种处理 (H4) 碱性磷酸酶和脲酶活性显著升高。说明不同植物在与黄顶菊竞争生长中改变了黄顶菊根际土壤酶活性。

从表 3 可知,黄顶菊入侵显著降低土壤硝态氮含量,显著增加土壤速效磷和铵态氮含量。与黄顶菊单种 (H0) 处理相比,不同植物与黄顶菊混种处理中,土壤速效磷含量均显著减少。地肤与黄顶菊混种处理 (H1) 中,土壤 pH 值、铵态氮含量显著增加;苘麻与黄顶菊混种处理 (H2) 中,土壤 pH 显著降低,铵态氮含量显著增加;苏丹草与黄顶菊混种处理 (H3) 中,铵态氮含量显著减少;反枝苋与黄顶菊混种处理 (H4) 中,土壤 pH 值显著减少。说明不同植物在与黄顶菊竞争生长中改变了黄顶菊根际土养分含量。

表 2 不同植物对黄顶菊根际土壤酶活性的影响
Table 2 Effect of different plants on rhizosphere soil activities of *F. bidentis*

处理 Treatment	根际土壤酶活性 Rhizosphere soil enzyme activity/($\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{h}^{-1}$)			
	酸性磷酸酶 Acid phosphatase	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase	脲酶 Urease	蛋白酶 Protease
CK	0.85±0.11d	0.21±0.12bc	3.46±0.17d	3.06±0.14c
H0	1.00±0.03bc	0.16±0.09c	4.60±0.12b	4.55±0.09b
H1	0.94±0.05bcd	0.84±0.49a	4.02±0.20c	4.79±0.06a
H2	1.05±0.03b	0.28±0.16bc	3.96±0.44c	3.30±0.19c
H3	1.35±0.04a	0.23±0.13bc	5.39±0.39a	4.62±0.06ab
H4	0.94±0.28bcd	0.55±0.32b	5.83±0.01a	4.56±0.11b

同列数据 (平均值±标准差) 后不同字母表示差异显著 ($P<0.05$)。CK; 对照; H0: 黄顶菊单种; H1: 地肤+黄顶菊; H2: 苘麻+黄顶菊; H3: 苏丹草+黄顶菊; H4: 反枝苋+黄顶菊。

The data (mean ± SD) in the same column with the different letters indicate significant differences ($P<0.05$). CK; Blank; H0: *F. bidentis*; H1: *K. scoparia*+*F. bidentis*; H2: *A. theophrasti*+*F. bidentis*; H3: *S. sudanense*+*F. bidentis*; H4: *A. retroflexus*+*F. bidentis*.

2.2 不同处理中黄顶菊根际土壤养分与土壤酶活性相关性分析

从表 4 可以看出,土壤碱性磷酸酶活性与酸性磷酸酶活性极显著正相关($r=0.57$);蛋白酶活性与碱性磷酸酶活性显著正相关($r=0.42$);铵态氮含量与脲酶活性极显著负相关($r=-0.53$);速效磷含量与碱性磷酸酶活性极显著正相关($r=0.66$),与蛋白酶活性显著正相关($r=0.42$);硝态氮含量与蛋白酶活性显著负相关($r=-0.43$),与速效磷含量极显著负相关($r=-0.56$)。

2.3 不同植物对黄顶菊根际土壤微生物的影响

2.3.1 土壤微生物 PLFAs 总量的变化 图 1 表示不同植物 (组合) 对黄顶菊根际土壤微生物 PLFAs 总量的影响,与空白裸土对照相比,黄顶菊单种的 PLFAs 含量增加了 18%,说明黄顶菊入侵显著增加土壤中 PLFAs 的含量。与黄顶菊单种处理 (H0) 相比,地肤与黄顶菊混种处理 (H1) 中,黄顶菊根际土壤中 PLFAs 含量降低 11%。表明地肤在与黄顶菊竞争生长中改变了黄顶菊根际微生物的含量。

表 3 不同植物对黄顶菊根际土壤养分的影响

Table 3 Effect of different plants on rhizosphere soil nutrients *F. bidensis*

处理 Treatment	pH	铵态氮含量 Ammonium nitrogen content/ (mg · kg ⁻¹)	硝态氮含量 Nitrate nitrogen content/ (mg · kg ⁻¹)	速效磷含量 Effective phosphorus content/ (μg · g ⁻¹)
CK	8.16±0.01b	3.09±0.17c	3.47±0.38a	0.19±0.06c
H0	8.10±0.02bc	4.66±1.49b	2.14±0.07c	2.87±0.17a
H1	8.18±0.02a	13.60±4.69a	2.53±0.14b	1.25±0.27b
H2	8.04±0.00e	16.48±1.13a	1.98±0.29d	1.25±0.49b
H3	8.08±0.01cd	2.92±0.45c	2.43±0.14b	1.15±0.22b
H4	8.09±0.02d	4.90±2.54b	2.12±0.33c	1.28±0.32b

同列数据(平均值±标准差)后不同字母表示差异显著($P<0.05$)。CK;对照;H0;黄顶菊单种;H1;地肤+黄顶菊;H2;苘麻+黄顶菊;H3;苏丹草+黄顶菊;H4;反枝苋+黄顶菊。

The data(mean ± SD) in the same column with the different letters indicate significant differences ($P<0.05$). CK; Blank; H0; *F. bidensis*; H1; *K. scoparia*+*F. bidensis*; H2; *A. theophrasti*+*F. bidensis*; H3; *S. sudanense*+*F. bidensis*; H4; *A. retroflexus*+*F. bidensis*.

表 4 不同处理中黄顶菊根际土壤养分与土壤酶活性相关性

Table 4 Correlations between soil nutrients and soil enzyme activities of rhizosphere of *F. bidensis*

指标 Factors	酸性磷酸酶 Acid phosphatase	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase	脲酶 Urease	蛋白酶 Protease	pH	速效磷 Effective phosphorus	铵态氮 Ammonium nitrogen
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase	0.57 * *						
脲酶 Urease	-0.36	-0.05					
蛋白酶 Protease	0.29	0.42 *	-0.08				
pH	-0.17	-0.01	-0.32	0.30			
速效磷 Effective phosphorus	0.37	0.66 * *	-0.13	-0.42 * *	-0.20		
铵态氮 Ammonium nitrogen	-0.17	-0.39	-0.53 * *	0.32	0.19	-0.14	
硝态氮 Nitrate nitrogen	-0.26	-0.24	0.03	-0.43 *	0.36	-0.56 * *	-0.37

* 和 * * 分别表示在 $P<0.05$ 和 $P<0.01$ 水平上差异显著。
* and * * represent significant difference at $P<0.05$ and $P<0.01$ level respectively.

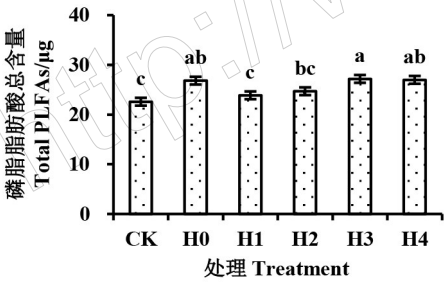


图 1 不同植物对黄顶菊根际土壤 PLFAs 总量的影响

Fig.1 Effect of different plants on the content of total PLFAs of rhizosphere soil of *F. bidensis*

不同字母表示差异显著($P<0.05$)。CK;对照;H0;黄顶菊单种;H1;地肤+黄顶菊;H2;苘麻+黄顶菊;H3;苏丹草+黄顶菊;H4;反枝苋+黄顶菊。

The different letters indicate significant differences ($P<0.05$).

CK; Blank; H0; *F. bidensis*; H1; *K. scoparia*+*F. bidensis*; H2; *A. theophrasti*+*F. bidensis*; H3; *S. sudanense*+*F. bidensis*; H4; *A. retroflexus*+*F. bidensis*.

2.3.2 不同植物对黄顶菊根际土壤微生物各类群的影响 从表 5 可知,与裸土对照(CK)相比,黄顶菊入侵后革兰氏阳性菌、真菌、AMF 显著增加。地肤与黄顶菊混种处理(H1)中,革兰氏阴性菌、放线菌、真菌、AMF 的 PLFAs 含量均显著低于黄顶菊单种处理;苘麻与黄顶菊混种处理(H2)中,放线菌、真菌的 PL-

FAs 含量均显著低于黄顶菊单种处理;苏丹草与黄顶菊混种处理(H3)中,革兰氏阳性菌 PLFAs 含量显著高于黄顶菊单种处理;革兰氏阴性菌和真菌的含量显著低于黄顶菊单种处理;反枝苋与黄顶菊混种处理(H4)中革兰氏阴性菌的 PLFAs 显著高于黄顶菊单种处理;放线菌、真菌的 PLFAs 含量显著低于黄顶菊单种。与黄顶菊单种处理(H0)相比,所有处理中原生生物的 PLFAs 含量均显著增加。真菌与细菌的比值(F/B)均呈降低趋势;革兰氏阴性菌与革兰氏阳性菌的比值(G^-/G^+)在地肤与黄顶菊混种处理(H1)中显著增加,在其他处理中均显著降低。

2.3.3 黄顶菊根际土壤微生物群落结构的主成分分析 不同植物与黄顶菊竞争生长对黄顶菊的根际土壤微生物的影响不同。主成分分析结果(图 2A)表明,主成分 1(贡献率 26.22%)、主成分 2(贡献率 17.61%)和主成分 3(贡献率 11.61%)的累计总贡献率为 55.44%。3 个主成分基本上能把不同处理的微生物群落结构区分开。对土壤微生物群落结构来说,裸土对照处理(CK)在主成分 1、主成分 2 的负方向,主成分 3 的正方向;黄顶菊单种处理

(H0)在主成分1负方向,主成分2、主成分3的正方向,说明黄顶菊入侵后改变了土壤的微生物群落结构。地肤与黄顶菊混种处理(H1)和苘麻与黄顶菊混种处理(H2)的主成分1、主成分2和主成分3分布在原点附近,且两个处理有重叠,说明两个处理的土壤微生物群落结构差异不大;苏丹草与黄顶菊混种处理(H3)的土壤微生物群落结构在主成分1的正方向,主成分2、主成分3的原点附近;反枝苋与黄顶菊混种处理(H4)的土壤微生物群落结构在主成分1的正方向,主成分2的原点附近,主成分3的负方向;所有处理与黄顶菊单种处理均无重叠,说明不同植物与黄顶菊混种处理均改变了土壤的微生物群落结构。

载荷因子分析结果如图 2B 所示,结合图 2A 可

以看出,不同的植物与黄顶菊混种的优势脂肪酸不同。结合不同处理黄顶菊根际土壤微生物 PLFAs 量得出,黄顶菊单种处理(H0)的优势脂肪酸为 18 : 1 ω5c、17 : 0 10-methyl、18 : 3 ω6c (6,9,12);地肤与黄顶菊混种处理(H1)中的优势脂肪酸为 11 : 0 iso、15 : 1 iso G;苘麻与黄顶菊混种处理(H2)的优势脂肪酸为 11 : 0 iso;苏丹草与黄顶菊处理(H3)的优势脂肪酸为 14 : 0 anteiso;反枝苋与黄顶菊混种处理(H4)的优势脂肪酸 10 : 0 3OH、18 : 1 ω9c;对黄顶菊有抑制作用的植物地肤和苘麻的组合中黄顶菊的根际土壤的优势脂肪酸均含有 11 : 0 iso,且含量显著高于其他处理。由此表明,不同的植物对黄顶菊根际土壤微生物群落结构的影响有明显不同。

表 5 不同植物对黄顶菊根际土壤微生物各类群的影响
Table 5 Effect of different plants on soil microbial groups of rhizosphere soil of *F. bidensis*

处理 Treatment	PLFAs 含量/(μg·g ⁻¹)						真菌/细菌 (F/B)	革兰氏阴性细菌/ 革兰氏阳性细菌 (G ⁻ /G ⁺)
	革兰氏阴性 细菌 Gram negative bacteria	革兰氏阳性 细菌 Gram positive bacteria	放线菌 Actinobacteria	真菌 Fungi	丛枝菌根 真菌 AMF	原生生物 Protozoa		
CK	5.50±0.57bc	5.64±0.55d	1.26±0.08ab	4.13±0.65b	0.75±0.11d	0.41±0.06a	0.33±0.04ab	0.98±0.03a
H0	5.74±0.62b	7.16±0.77bc	1.40±0.39a	5.02±0.82a	1.56±0.29ab	0.00±0.00b	0.36±0.11a	0.80±0.01c
H1	5.44±0.24c	6.20±0.24c	1.04±0.09c	3.44±0.36bc	1.19±0.05c	0.35±0.06a	0.27±0.03bc	0.88±0.02b
H2	5.71±0.13b	7.74±0.16ab	1.08±0.04c	3.12±0.04c	1.35±0.04bc	0.33±0.04a	0.21±0.01c	0.74±0.02d
H3	4.95±0.17d	8.23±0.20a	1.12±0.03b	3.53±0.06bc	1.45±0.04b	0.35±0.02a	0.25±0.01c	0.60±0.01e
H4	6.11±0.07a	7.80±0.16ab	1.19±0.04b	4.05±0.04b	1.75±0.03a	0.37±0.03a	0.27±0.00bc	0.78±0.03c

同列数据(平均值±标准差)后不同字母表示差异显著($P<0.05$)。CK:对照;H0:黄顶菊单种;H1:地肤+黄顶菊;H2:苘麻+黄顶菊;H3:苏丹草+黄顶菊;H4:反枝苋+黄顶菊。
The data (mean ± SD) in the same column with the different letters indicate significant differences ($P<0.05$). CK: Blank; H0: *F. bidensis*; H1: *K. scoparia*+*F. bidensis*; H2: *A. theophrasti*+*F. bidensis*; H3: *S. sudanense*+*F. bidensis*; H4: *A. retroflexus*+*F. bidensis*.

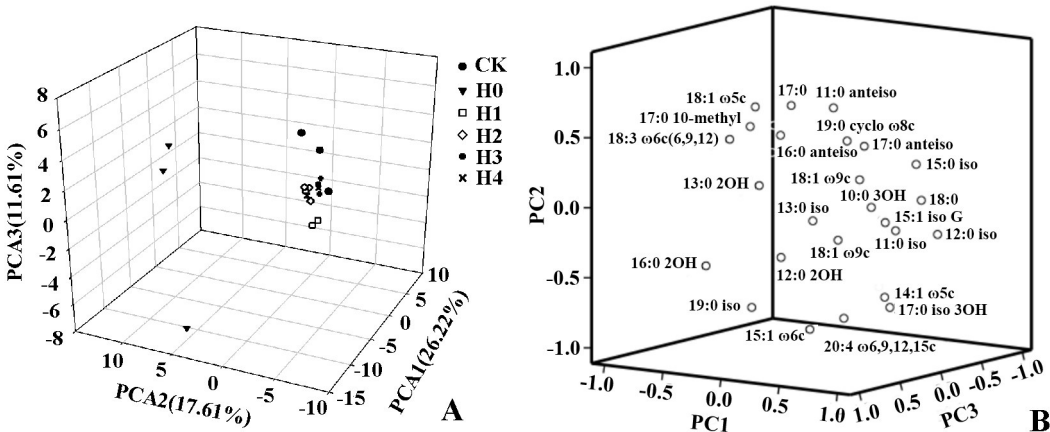


图 2 黄顶菊根际土壤微生物群落结构的主成分分析及载荷因子贡献
Fig.2 Principal components analysis of PLFAs profiles from rhizosphere soil microbial communities and loadings factors of PLFAs contributing to soil microbial communities ordination pattern of *F. bidensis*
A: 主成分;B:载荷因子贡献。
A: The principal components; B: Load factor contribution.

说明不同替代植物与黄顶菊竞争生长能改变根际土的优势脂肪酸。通过典范性对应分析发现,11:0 iso与铵态氮含量相关,说明地肤和苘麻通过改变土壤微生物使得土壤氮的活化能力提高。这种改变可能与地肤和苘麻的根系分泌物有关。Zu *et al.* (2007)研究表明,喜树 *Camptotheca acuminata* 能够通过根系分泌物改变紫茎泽兰根际真核微生物群落结构,从而抑制其传播。黄顶菊根际聚集的 AMF 在竞争生长中对黄顶菊产生了偏利反馈,有助于黄顶菊的入侵(张玉曼等,2015; Zhang *et al.*, 2017)。在本研究中,地肤与黄顶菊混种根际土中 AMF 含量显著低于黄顶菊单种土壤。土壤中根际分泌物可以直接或间接抑制或促进一些 AMF 的生长,从而影响入侵植物的生长(于文清等,2012)。推测地肤可能通过根系分泌物改变 AMF 与黄顶菊的互惠共生关系从而影响黄顶菊的生长。

综上所述,地肤、苘麻能竞争性抑制黄顶菊对铵态氮的吸收从而对黄顶菊的生长产生抑制作用;地肤、苘麻能够改变黄顶菊入侵地的微生物群落结构从而影响黄顶菊对养分的吸收,这可能与其根系分泌物有关,而这些根系分泌物与黄顶菊的化感作用之间是否存在相互作用,到底是如何影响微生物群落结构变化,需要更进一步的研究。

参考文献

鲍士旦, 1981. 土壤农化分析. 3 版. 北京: 中国农业出版社.

蔡燕飞, 廖宗文, 2002. 土壤微生物生态学研究方法进展. 土壤与环境, 11(2): 167-171.

常瑞恒, 皇甫超河, 杨殿林, 常泓, 2011. 生物替代对黄顶菊根际土壤真菌群落多样性的影响. 中国农学通报, 27(33): 60-66.

关松荫, 1986. 土壤酶及其研究方法. 北京: 农业出版社.

韩月龙, 杨康, 孔令杰, 柳旭, 闫静, 张风娟, 2019. 不同植物(组合)对入侵杂草黄顶菊功能性状的影响. 生物安全学报, 28(2): 140-146.

皇甫超河, 张天瑞, 刘红梅, 李刚, 赖欣, 杨殿林, 2010. 三种牧草植物对黄顶菊田间替代控制. 生态学杂志, 29(8): 1511-1518.

蒋智林, 刘万学, 万方浩, 李正跃, 2008. 紫茎泽兰与非洲狗尾草单、混种群落土壤酶活性性和土壤养分的比较. 植物生态学报, 32(4): 900-907.

李科利, 2018. 种间竞争对入侵植物黄顶菊氮素利用策略的影响. 硕士学位论文. 北京: 中国农业科学院.

刘潮, 韩利红, 宋培兵, 张亚萍, 2018. 土壤微生物对紫茎泽兰与我国西南当地植物生长的影响. 江苏农业科学, 46(7): 104-107.

吕远, 王贵启, 郑丽, 倪汉文, 2011. 入侵植物黄顶菊与本地植物的竞争. 生态学杂志, 30(4): 677-681.

罗雪晶, 2018. 不同入侵时间外来菊科植物根际土壤微生物和土壤养分的比较研究. 硕士学位论文. 保定: 河北大学.

马杰, 皇甫超河, 易津, 杨殿林, 2011. 4 种替代植物对黄顶菊入侵土壤养分和酶活性的影响. 生态环境学报, 20(5): 805-812.

石青, 陈雪, 罗雪晶, 陈凤新, 任晓鸿, 2017. 京津冀外来入侵植物的种类调查与分析. 生物安全学报, 26(3): 215-223.

王桔红, 张丽娜, 陈学林, 陈文, 2016. 入侵植物对根际土壤微生物群落影响的研究进展. 生态科学, 35(6): 204-210.

闫静, 张晓亚, 陈雪, 王月, 张风娟, 万方浩, 2016. 三叶鬼针草与不同本地植物竞争对土壤微生物和土壤养分的影响. 生物多样性, 24(12): 1381-1389.

闫素丽, 皇甫超河, 李刚, 左照江, 马杰, 杨殿林, 2011. 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. 植物生态学报, 35(1): 45-55.

于文清, 周文, 万方浩, 刘万学, 2012. 丛枝菌根真菌(AMF)对外来植物入侵反馈机制的研究进展. 生物安全学报, 21(1): 1-8.

张玉曼, 王月, 李乔, 张风娟, 万方浩, 2015. AM 真菌影响入侵植物黄顶菊与本土物种狗尾草竞争生长的机理研究. 西北植物学报, 35(6): 1215-1221.

郑志鑫, 王瑞, 张风娟, 万方浩, 2018. 外来入侵植物黄顶菊在中国的地理分布格局及其时空动态. 生物安全学报, 27(4): 295-299.

BYUN C, BLOIS S, BRISSON J, 2013. Plant functional group identity and diversity determine biotic resistance to invasion by an exotic grass. *Journal of Ecology*, 101(1): 128-139.

CALLAWAY R M, THELEN G C, RODRIGUEZ A, HOLBEN W E, 2004. Soil biota and exotic plant invasion. *Nature*, 427: 731-733.

CALLAWAY R M, CIPOLLINI D, BARTO K, THELEN G C, HALLETT S G, PRATI D, PRATI D, 2008. Novel weapons: invasive plant suppresses fungal mutualists in America but not in its native europe. *Ecology*, 89(4): 1043-1055.

DER HEIJDEN M G, BARDGETT R D, VAN STRAALEN N M, 2008. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 11(3): 296-310.

EHRENFELD J G, SCOTT N A, 2001. Invasive species and the soil: effects on organisms and ecosystem processes1. *Ecological Applications*, 11(5): 1259-1260.

- FENG Y L, LEI Y B, WANG R F, CALLAWAY R M, VALIENTEBANUET A, INDERJIT, LI Y P, ZHENG Y L, 2009. Evolutionary tradeoffs for nitrogen allocation to photosynthesis versus cell walls in an invasive plant. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 106(6): 1853–1856.
- FROSTEGÅRD Å, TUNLID A, BÅÅTH E, 1993. Phospholipid fatty acid composition, biomass, and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. *Applied and Environmental Microbiology*, 59(11): 3605–3617.
- GRIGULIS K, LAVOREL S, KRAINER U, LEGAY N, BAXENDALE C, DUMONT M, KASTL E, AMOLDI C, BARDGETT R D, POLY F, POMMIER T, SCHLOTTER M, TAPPEINER U, JEAN M B, CLÉMENT J C, 2013. Relative contributions of plant traits and soil microbial properties to mountain grassland ecosystem services. *Journal of Ecology*, 101(1): 47–57.
- KLIRONOMOS J N, 2002. Feedback with soil biota contributes to plant rarity and invasiveness in communities. *Nature*, 417: 67–70.
- KOURTEV P S, EHRENFELD J G, HÄGGELOM M, 2002. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil. *Ecology*, 83(11): 3152–3166.
- MARLER M J, ZABINSKI C A, CALLAWAY R M, 1999. Mycorrhizae indirectly enhance competitive effects of an invasive forb on a native bunchgrass. *Ecology*, 80(4): 1180–1186.
- MILLBAU A, NUS I, DE RAEDEMAECKER F, REHEUL D, DE CAUWER B, 2005. Invasion in grassland gaps: the role of neighbourhood richness, light availability and species complementarity during two successive years. *Functional Ecology*, 19(1): 27–37.
- POON G T, MAHERALI H, 2015. Competitive interactions between a nonmycorrhizal invasive plant, *Alliaria petiolata*, and a suite of mycorrhizal grassland, old field, and forest species. *Peer J*, 3(7): e1090.
- REINHART K O, CALLAWAY R M, 2004. Soil biota facilitate exotic acer invasions in Europe and north America. *Ecological Applications*, 14(6): 1737–1745.
- SAGGAR S, MCINTOSH P D, HEDLEY C B, KNICKER H, 1999. Changes in soil microbial biomass, metabolic quotient, and organic matter turnover under *Hieracium* (*H. pilosella* L.). *Biology and Fertility of Soils*, 30(3): 232–238.
- VITOUSEK P M, DANTONIO C M, LOOPE L, WESTBROOKS R, 1996. Biological invasions as global environmental change. *American Scientist*, 84(5): 468–478.
- WAGG C, JANSÁ J, STADLER M, SCHMID B, DER HEIJDEN M G, 2011. Mycorrhizal fungal identity and diversity relaxes plant-plant competition. *Ecology*, 92(6): 1303–1313.
- WAN F H, JIANG M X, ZHAN A B, 2017. *Biological invasions and its management in China*. Berlin: Springer.
- WANG C M, LI T C, JHAN Y L, WENG J H, CHOU C H, 2013. The impact of microbial biotransformation of catechin in enhancing the allelopathic effects of rhododendron formosanum. *PLoS ONE*, 8(12): e85162.
- WARDLE D A, BARDGETT R D, KLIRONOMOS J N, SETALLA H, DER PUTTEN W H, WALL D H, 2004. Ecological linkages between aboveground and belowground biota. *Science*, 304: 1629–1633.
- XIAO H F, FENG Y L, SCHAEFER D, YANG X, 2014. Soil fungi rather than bacteria were modified by invasive plants, and that benefited invasive plant growth. *Plant and Soil*, 387(1/2): 253–264.
- ZHANG F J, CHEN F X, LI Q, XU H Y, JIA Y Y, 2015. Effects of nitrogen addition on the competition between the invasive species *Flaveria bidentis* and two native species. *Russian Journal of Ecology*, 46(4): 325–331.
- ZHANG F J, LI Q, CHEN F X, XU H Y, INDERJIT, WAN F, 2017. Arbuscular mycorrhizal fungi facilitate growth and competitive ability of an exotic species *Flaveria bidentis*. *Soil Biology & Biochemistry*, 115: 275–284.
- ZU Y G, GAO C Y, WANG W J, YANG F J, LIU Y, WANG M, ZHAO Y G, 2007. Characteristics of the microbial community in rhizosphere of *camptotheca acuminata* cultured with exotic invasive plant *eupatorium adenophorum*. *Science in China*, 50(1): 22–30.

(责任编辑:郑姗姗 郭莹)