

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2024.01.007

根际细菌在长刺蒺藜草氮素利用中的作用

马涛, 宋振, 付卫东, 张岳, 王忠辉, 袁至立, 王伊, 张国良*

中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081

摘要:【目的】入侵植物长刺蒺藜草在贫瘠土壤中能够快速生长和扩张, 形成单一优势群落。本研究分析长刺蒺藜草入侵对土壤氮循环及相关微生物群落的影响, 以期为揭示其入侵的微生物生态学机理提供理论依据。【方法】利用 16S rRNA 和 *nifH* 基因扩增子高通量测序技术分析长刺蒺藜草、披碱草、冰草、狗尾草根际土壤细菌及固氮菌群落结构和功能的差异。【结果】长刺蒺藜草入侵显著增加了土壤全氮和硝态氮含量, 显著降低了水溶性氮和铵态氮的含量。根际土壤高通量分析结果表明: 芽孢杆菌、蓝细菌、念珠藻、鱼腥藻、厚壁菌门在长刺蒺藜草固氮菌群落中有明显富集; 长刺蒺藜草可能通过增加变形菌门的相对丰度, 降低蓝细菌和厚壁菌门的相对丰度来提高其固氮能力, 促进对氮素的吸收利用; 硝化螺旋菌属和阿菲波菌属在长刺蒺藜草对氮素的利用过程中影响较小。【结论】长刺蒺藜草通过改变入侵地根际土壤细菌和固氮菌的群落结构, 影响根际土壤的氮素环境, 以利于自身生长。

关键词: 长刺蒺藜草; 根际细菌; 氮素利用机制; 入侵



开放科学标识码
(OSID 码)

Research on the effect of rhizosphere bacteria on nitrogen utilization of *Cenchrus longispinus*

MA Tao, SONG Zhen, FU Weidong, ZHANG Yue, WANG Zhonghui,
YUAN Zhili, WANG Yi, ZHANG Guoliang*

Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

Abstract: 【Aim】The invasive plant *Cenchrus longispinus* can grow rapidly and expand its population in nutrient-poor sandy soils, forming a single dominant community. This study analyzed the effect of *C. longispinus* on soil nitrogen cycle-related microbial communities to provide a theoretical basis for revealing the microbiological mechanisms of its invasion. 【Method】High-throughput sequencing of 16S rRNA and *nifH* gene amplicons was applied for analyzing the differences in community structures and functions of bacteria and nitrogen-fixing microorganisms in the rhizosphere soils of *C. longispinus*, *Elymus dahuricus*, *Agropyron cristatum*, and *Setaria viridis*. 【Result】*C. longispinus* could significantly elevate the levels of total nitrogen and nitrate nitrogen and reduce the contents of water-soluble nitrogen and ammonium nitrogen in soil. The results of soil high-throughput sequencing showed that *Bacillus*, *Cyanobacteria*, *Nostocales*, *Anabaena*, and *Firmicutes* were enriched in the nitrogen-fixing communities around the rhizosphere soil of *C. longispinus*. *C. longispinus* increased the relative abundance of *Proteobacteria* and decreased those of *Cyanobacteria* and *Firmicutes*, promoting its capacity for nitrogen fixation and utilization. *Nitrospirota* and *Afipia* were barely involved in nitrogen utilization by *C. longispinus*. 【Conclusion】*C. longispinus* could affect the community structures of bacteria and nitrogen-fixing microorganisms in the rhizosphere soil of invasive areas to improve soil nitrogen for its growth.

Key words: *Cenchrus longispinus*; rhizosphere bacteria; nitrogen utilization mechanism; intrusion

长刺蒺藜草 *Cenchrus longispinus* (Hack.) Fern 为禾本科蒺藜草属 *Cenchrus* 一年生草本植物(郭琼霞, 2011; 孙英华等, 2011), 是危害性极大的外来

入侵植物(曲波等, 2011; 万方浩等, 2002; 王瑞等, 2018; 朱明星, 2012)。长刺蒺藜草原产于北美洲及热带沿海地区(高晓萍和杨旋, 2008; 李振宇和

收稿日期(Received): 2023-02-11 接受日期(Accepted): 2023-08-13

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(41977203); 国家重点研发计划(2022YFC2601401, 2022YFC2601404)

作者简介: 马涛, 男, 硕士研究生。研究方向: 外来入侵植物。E-mail: 394249521@qq.com

* 通信作者(Author for correspondence), 张国良, E-mail: zhangguoliang@caas.cn

解焱,2002)。在国内主要分布于辽宁省西北部、内蒙古自治区东部、吉林省南部三省交会地区,总面积超过 100 万 hm^2 (安瑞军等,2014;董文信等,2010;高金会等,2022b;孙忠林等,2020)。长刺蒺藜草具有极强的耐旱、耐贫瘠等特性,可在短时间内形成单一优势群落,抑制其他牧草的生长,使草场的品质下降,优良牧草产量降低,对农牧业生产造成严重的经济损失。长刺蒺藜草刺苞非常坚硬,被牛羊等牲畜食用后,容易刺伤牛羊的口腔、肠胃,严重时造成肠胃穿孔引起死亡(王巍和韩志松,2005)。长刺蒺藜草现已成为对我国农牧区危害极大的外来入侵杂草(张小丽等,2023),并于2022年被列入中华人民共和国农业农村部科技教育司发布的《重点管理外来入侵物种名录》。

目前,对外来植物入侵机制的研究主要集中在营养元素利用、根际微生物群落等方面(戴沛良,2019;王慧敏,2018;周雨露,2016)。国内围绕长刺蒺藜草的入侵影响、防治技术、生物学特性、风险评估等开展了一系列研究(田迅等,2015;王坤芳和纪明山,2013;徐军等,2012;张婷等,2017;周立业等,2013,2014)。近年来,也有不少围绕其入侵机制特别是氮素利用的研究,如:王然(2020)研究表明,长刺蒺藜草入侵显著增加了根际土壤解磷菌的数量,从而提高了对磷元素的利用效率;高金会等(2022a)研究指出,长刺蒺藜草可通过改变入侵地根际土壤的解磷菌群落结构,从而间接影响根际土壤的磷素环境,以利于自身生长;张婷等(2017)研究发现,长刺蒺藜草入侵改变了土壤氮矿化速率、硝化速率和氨化速率,且有一定生物固氮能力。由此可见,长刺蒺藜草可以在贫瘠土地中快速生长,且对土壤氮素具有高效的利用机制,但其对根际细菌特别是固氮菌的作用,还缺乏深入探讨。

有鉴于此,本研究利用 16S rRNA 和 *nifH* 基因扩增子高通量测序技术分析长刺蒺藜草与主要伴生牧草根际土壤细菌及固氮菌群落结构和功能的差异,探讨长刺蒺藜草对氮素利用过程中根际细菌及固氮菌起到的具体作用,以期揭示其入侵的微生物生态学机理提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 供试植物 长刺蒺藜草种子为野外(采自吉林省白城市通榆县玉米 *Zea mays* L.田周边)成熟期

种子;选取披碱草 *Elymus dahuricus* Turcz.、狗尾草 *Setaria viridis* (L.) P. Beauv.和冰草 *Agropyron cristatum* (L.) Gaertn. 3种在长刺蒺藜草发生生境中常见的伴生植物作为本土对照植物,对照植物的种子均购于北京金土地农业技术研究所。挑取健康饱满的种子,2%的 NaClO 溶液消毒 10 min 后,用蒸馏水反复冲洗至澄清,室内自然晾干,供试验使用。

1.1.2 供试土壤 试验土壤采于长刺蒺藜草发生地科尔沁沙地南缘的辽宁省彰武县阿尔乡白音花农场,为原位砂质土。去除杂草等杂物及 2 cm 表层土壤,采集 2~10 cm 土层土壤带回实验室,过 1 mm 筛,作为盆栽试验用土。

1.1.3 主要试剂及仪器 土壤基因组 DNA 提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司];Pac Bio 三代高通量测序平台(美国太平洋生物科学公司)。

1.2 试验方法

1.2.1 试验设置及采样 试验在中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所实验室进行。以长刺蒺藜草主要入侵地生境的原位砂质土壤为培养基质(花盆直径约 22 cm,高约 20 cm),设置 4 个处理(T1:种植冰草;T2:种植长刺蒺藜草;T3:种植狗尾草;T4:种植披碱草),每个处理 5 个重复,试验期间(2022 年 12 月 10 日—2023 年 1 月 26 日)保持培养条件一致。培养结束后采集土壤样品,此时植物生长达到旺盛期。采样时先去表层土壤(2 cm 左右),然后采用抖土法获取植物根际土壤,分别将每个处理(5 个重复)的根际土壤样品充分混匀,再用四分法取约 10 g 新鲜土壤样品送测序公司(上海美吉生物医药科技有限公司)进行 16S rRNA 和 *nifH* 基因扩增子高通量测序;剩余的土壤样品自然风干后过筛,用于测定土壤理化性质。

1.2.2 土壤理化性质测定 土壤样本的理化性质由中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所分析测试中心测得。包括土壤 pH 值(电极法)、硝态氮和铵态氮(流动注射法)、全氮(半微量开氏法)、全磷(碳酸氢钠钼蓝法)、全钾(火焰光度法)、水解性氮(碱解扩散法)、有效磷(碳酸氢钠法)、速效钾(火焰光度法)等指标。

1.2.3 高通量测序 以土壤总 DNA 为模板,分别扩增 16S rRNA 基因和 *nifH* 基因序列,对扩增产物进行文库制备和库检——利用 Illumina HiSeq 平台对上述扩增子产物进行高通量测序,测序原始数据

经拼接、筛选、过滤后进行 OTU (operational taxonomic units) 聚类, 然后对数据进行 α -多样性、 β -多样性分析, 以及物种注释分类。并在上述分析基础上, 进行测序数据的高级分析, 包括组间物种差异显著性分析、组间群落结构差异分析以及环境因子关联分析等。

1.3 数据分析

根际土壤理化性质比较采用 Microsoft Excel 2016 进行数据处理, 采用 SPSS 16.0 (SPSS Inc. Chicago, IL) 进行单因素 ANOVA 方差分析及 LSD 多重比较。

Illumina 测序得到的 PE reads 进行样本拆分后, 先根据测序质量对双端 Reads 进行质控和过滤, 同时根据双端 Reads 之间的 overlap 关系进行拼接, 获得质控拼接之后的优化数据。使用序列降噪方法 (DADA2/Deblur 等) 处理优化数据, 获得扩增子序列变体 (amplicon sequence variant, ASV) 代表序列和丰度信息。基于 ASV 代表序列及丰度信息进行物种分类学分析、群落多样性分析以及物种差

异分析、相关性分析等一系列的统计学或可视化分析; 利用美吉生信云平台 (<http://www.majorbio.com/>) 进行生物信息学分析。

2 结果与分析

2.1 根际土壤的理化性质比较

由表 1 可知, 冰草 (T1)、长刺蒺藜草 (T2)、狗尾草 (T3) 处理的土壤全氮含量显著高于种植披碱草 (T4) ($P<0.05$); 冰草 (T1) 处理的土壤全磷、有效磷含量显著高于其他 3 个处理 ($P<0.05$); 长刺蒺藜草 (T2) 处理的土壤水溶性氮含量显著低于冰草 (T1) 处理 ($P<0.05$); 披碱草 (T4) 处理的土壤全钾含量显著高于狗尾草 (T3) 处理 ($P<0.05$); 披碱草 (T4)、狗尾草 (T3) 处理的 pH 值显著高于其他处理 ($P<0.05$); 各处理之间速效钾含量差异不显著 ($P>0.05$); 冰草 (T1)、长刺蒺藜草 (T2) 处理的土壤硝态氮含量显著高于狗尾草 (T3) 和披碱草 (T4) 处理 ($P<0.05$); 狗尾草 (T3) 处理的铵态氮含量显著高于其他 3 个处理 ($P<0.05$)。

表 1 不同处理根际土壤理化性质

Table 1 The physical and chemical properties of different treatment

处理 Treat- ment	有效磷含量 Available phosphorus content/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	速效钾含量 Rapidly available potassium content/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全氮含量 Total nitrogen content /%	全磷含量 Total phosphorus content /%	水溶性氮 含量 Water- soluble nitrogen content/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全钾含量 Total potassium content /%	pH 值 pH value	硝态氮含量 Nitrate nitrogen content/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	铵态氮含量 Ammonium nitrogen content/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)
T1	26.90±0.65a	42.4±3.20a	0.035±0.0004a	0.041±0.001a	24.76±1.56a	1.61±0.16ab	8.18±0.04c	2.03±0.03a	0.881±0.0224b
T2	10.87±0.34b	47.6±11.84a	0.034±0.0003a	0.028±0.001b	15.68±0.75b	1.52±0.19ab	8.46±0.02b	1.98±0.02a	0.007±0.0004d
T3	5.18±0.24c	24.4±1.28a	0.030±0.0008ab	0.028±0.002b	12.84±0.50b	1.16±0.16b	8.62±0.01a	0.66±0.02c	1.200±0.0616a
T4	5.74±0.26c	64.6±36.54a	0.029±0.0023b	0.031±0.001b	16.54±2.10b	1.83±0.15a	8.60±0.00a	0.78±0.03b	0.332±0.0076c

T1、T2、T3、T4 分别代表冰草、长刺蒺藜草、狗尾草、披碱草处理。同列不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$, LSD test)。

T1, T2, T3 and T4 respectively represent *Agropyron cristatum*, *Cenchrus longispinus*, *Setaria viridis* and *Elymus dahuricus* treatment. Different letters in the same column indicate significant differences among different treatments ($P<0.05$, LSD test).

2.2 根际土壤微生物和固氮微生物群落样本层级聚类分析

基于 Bray-Curtis 距离, 对长刺蒺藜草、冰草、狗尾草、披碱草共 20 例根际土壤样本的属水平物种组成进行展示并进行层级聚类分析。样本中根际微生物群丰度排名靠前的菌群分别是 RB41、*Vicinamibacteraceae*、芽孢杆菌 *Bacillus* Cohn.、鞘氨醇单胞菌 *Sphingomonas* sp.、*Vicinamibacterales*、JG30-KF-CM45、芽单胞菌科、*Gemmatimonadaceae*、微枝形杆菌属 *Microvirga* sp.、KD4-96。从图 1 中可以看出, 长刺蒺藜草 (T2) 与冰草 (T1) 处理微生物种群最为

靠近且枝长较短, 狗尾草 (T3) 处理次之, 披碱草 (T4) 处理距离最远且枝长较长, 说明长刺蒺藜草 (T2) 与冰草 (T1) 处理的土壤微生物种群相似性最高, 狗尾草 (T3) 处理次之, 与披碱草 (T4) 处理的土壤微生物种群相似性最低; 根际土壤固氮菌群落样本中丰度排名靠前的菌群分别是斯克尔曼氏菌属 *Skermanella*、固氮氢自养单胞菌属 *Azohydromonas*、慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium* Jordan.、芽孢杆菌、鞘氨醇单胞菌、类芽孢杆菌属 *Paenibacillus* Ash, Priest, Collin.、鱼腥藻 *Anabaena* Bory.、甲基杆菌 *Methylobacterium* Green, Bousfield.。

从图 2 中可以看出,长刺蒺藜草(T2)与冰草(T1)处理微生物种群最为靠近且枝长较短,披碱草(T4)次之,狗尾草(T3)距离最远且枝长较长,说明长刺蒺藜草(T2)与冰草(T1)处理的根际土壤固氮

菌种群相似性最高,披碱草(T4)次之,与狗尾草(T3)处理的土壤微生物种群相似性最低。综上所述可以看出总体微生物和固氮微生物在长刺蒺藜草(T2)与冰草(T1)处理中种群相似性最高。

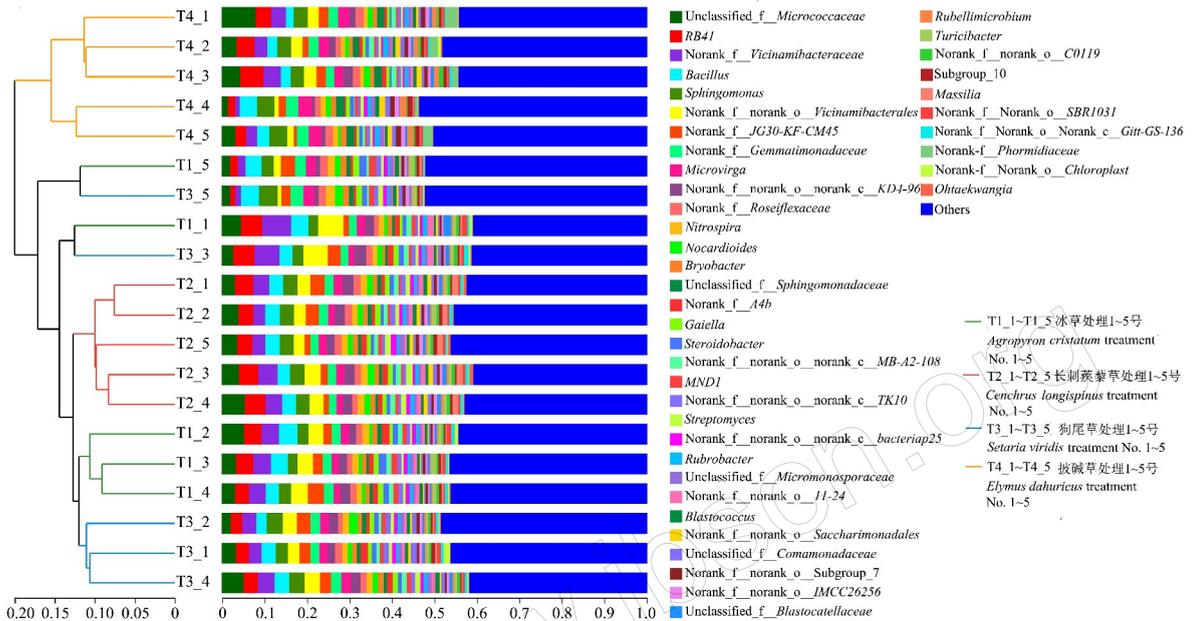


图 1 根际土壤微生物样本层级聚类树图

Fig.1 Hierarchical clustering tree of rhizosphere soil microbial samples

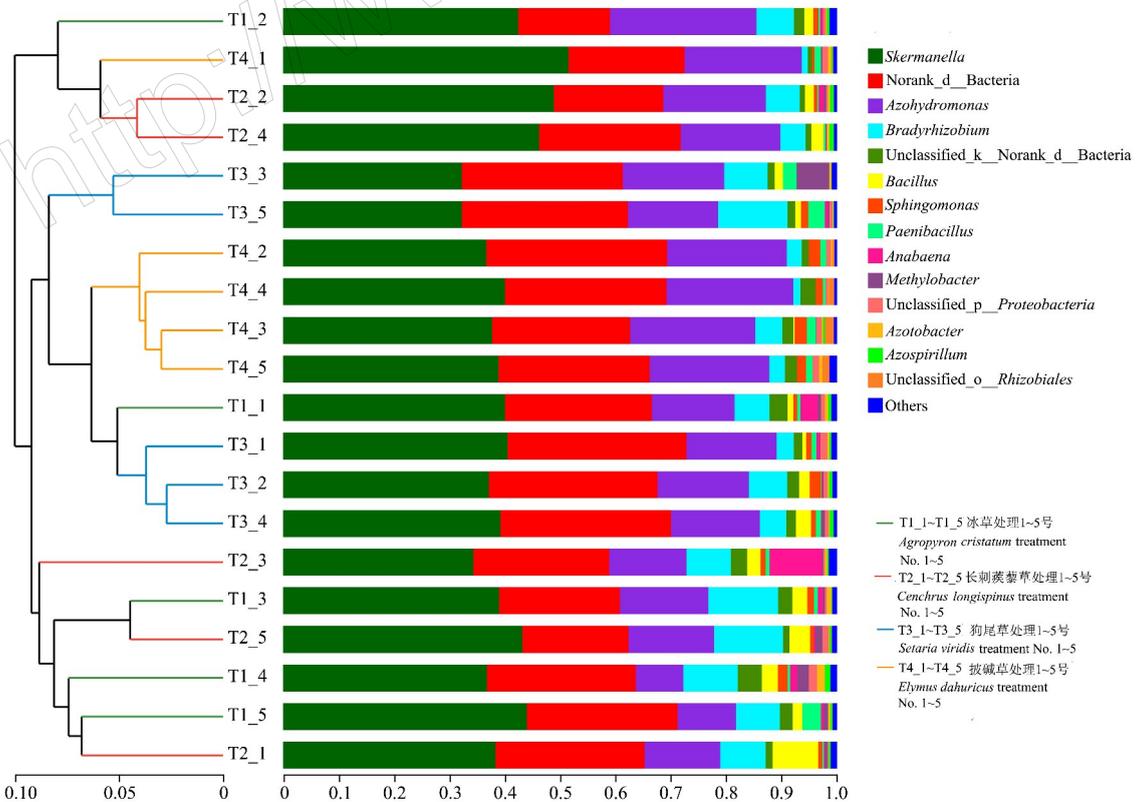


图 2 根际土壤固氮微生物样本层级聚类树图

Fig.2 Hierarchical clustering tree of rhizosphere soil nitrogen-fixing microorganism samples

2.3 根际土壤微生物和固氮微生物群落 PCA 分析

由图 3A 可以看出,冰草(T1)、长刺蒺藜草(T2)、狗尾草(T3)处理均位于 PC1 负半轴,与位于 PC1 正半轴的披碱草(T4)处理的根际土壤微生物群落组成明显区分开,长刺蒺藜草(T2)与狗尾草(T3)处理的微生物种群距离最近,说明长刺蒺藜草(T2)与狗尾草(T3)处理的根际土壤微生物群落结

构相似值最高。长刺蒺藜草(T2)处理与其伴生植物根际土壤总体微生物群落之间差异显著($R = 0.3163, P = 0.002$);由图 3B 可以看出,长刺蒺藜草(T2)与冰草(T1)根际土壤固氮微生物群落结构相似性最高。长刺蒺藜草(T2)与其伴生植物根际土壤固氮微生物群落之间差异显著($R = 0.3183, P = 0.001$)

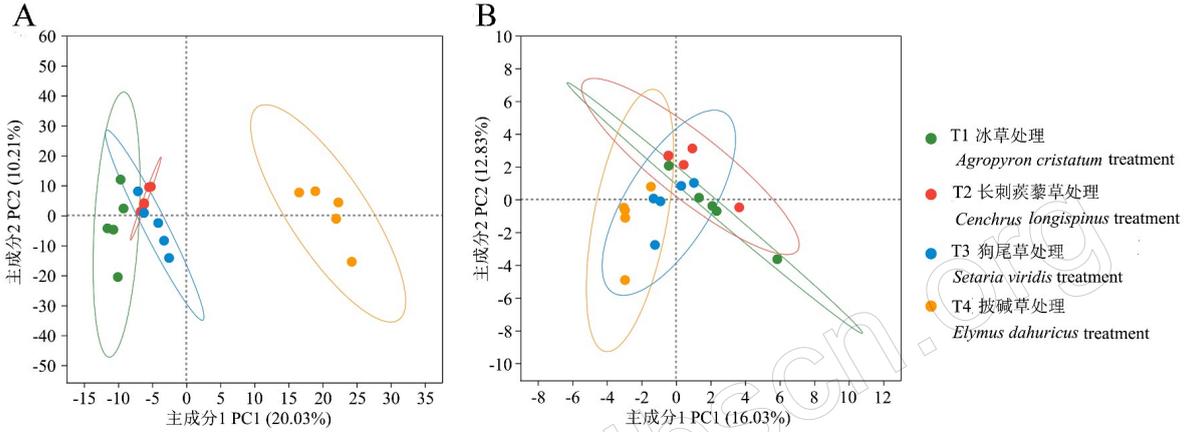


图 3 根际土壤微生物(A)与固氮微生物(B)PCA 散点图

Fig.3 PCA scatter plot of rhizosphere soil microorganisms (A) and nitrogen-fixing microorganisms (B)

2.4 根际土壤微生物和固氮微生物群落 Venn 图分析

由图 4A 可知,根际土壤微生物 4 个处理共有的 OTU 为 391 个,其中披碱草(T4)根际土壤微生物群落数最高,为 610 个 OTU;冰草(T1)次之,为 588 个 OTU;再次是狗尾草(T3),为 579 个 OTU;长刺蒺藜草(T2)的根际土壤微生物群落数最低,为 528 个 OTU。长刺蒺藜草(T2)特有的 OTU 为 25

个,占长刺蒺藜草根际土壤微生物 OTU 总数的 4.7%;由图 4B 可知,根际土壤固氮微生物 4 个处理共有的 OTU 为 15 个,其中狗尾草(T3)根际土壤固氮微生物群落数最高,为 28 个 OTU;长刺蒺藜草(T2)和冰草(T1)次之,为 25 个 OTU;披碱草(T4)的根际土壤固氮微生物群落数最低,为 20 个 OTU。长刺蒺藜草(T2)特有的 OTU 为 1 个,占长刺蒺藜草根际土壤固氮微生物 OTU 总数的 4%。

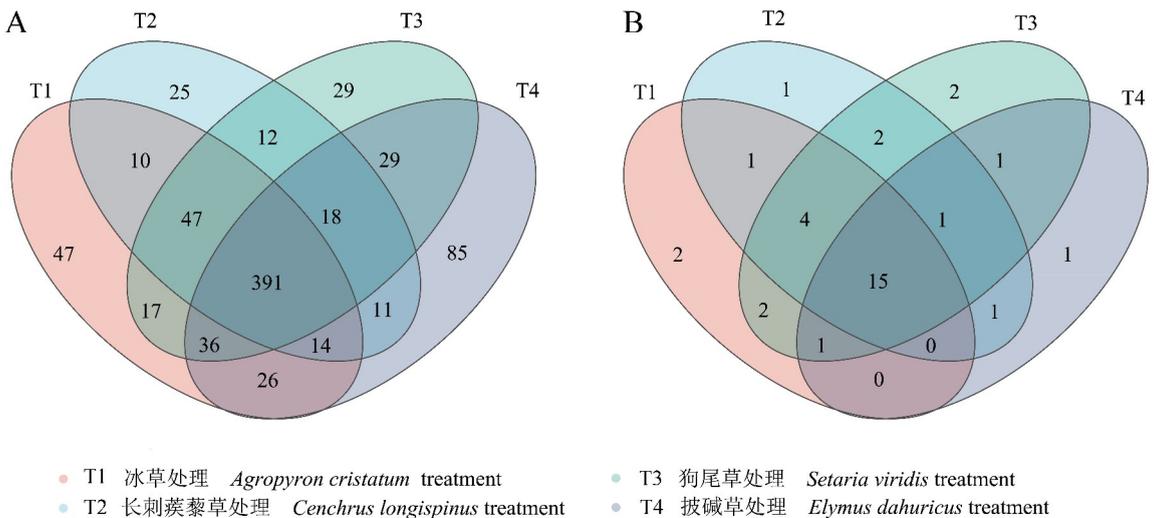


图 4 根际土壤微生物(A)与固氮微生物(B) Venn 图

Fig.4 Venn diagram of rhizosphere soil microorganisms (A) and nitrogen-fixing microorganisms (B)

2.5 根际土壤微生物和固氮微生物群落 Bar 图分析

群落柱形图展示冰草(T1)、长刺蒺藜草(T2)、狗尾草(T3)、披碱草(T4) 4 种处理的不同样本在门水平上的根际土壤微生物群落组成。从图 5 中可以看出,变形菌门 Proteobacteria、放线菌门 Actinobacteriota、酸杆菌门 Acidobacteriota、绿弯菌门 Chloroflexi 在根际土壤微生物群落样本中丰度占比

较高,硝化菌门 Nitrospirota、蓝细菌门 Cyanobacteria 和其他菌门在根际土壤微生物群落样本中丰度占比较低;变形菌门、厚壁菌门 Firmicutes 在根际土壤固氮微生物群落样本中丰度占比较高,蓝细菌门和其他菌门在根际土壤固氮微生物群落样本中丰度占比较低。

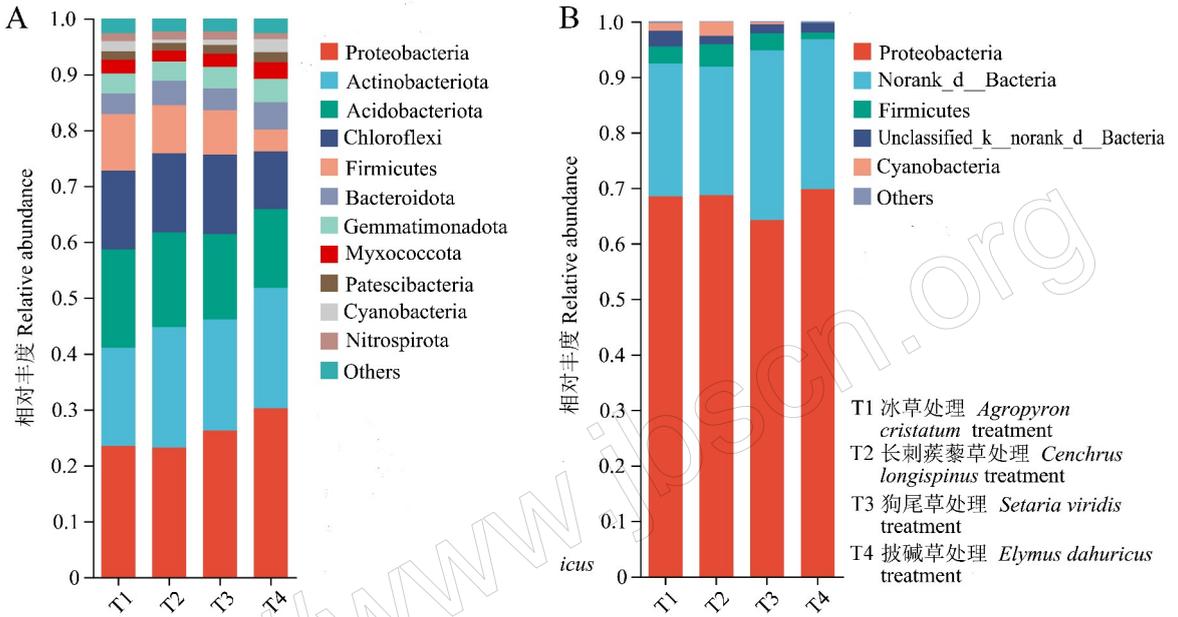


图 5 根际土壤微生物 (A) 与固氮微生物 (B) 群落 Bar 图

Fig.5 Bar diagram of rhizosphere soil microorganism (A) and nitrogen-fixing microbial (B) communities

2.6 根际土壤微生物和固氮微生物群落组比较分析

将根际土壤微生物进行属水平上的多组差异比较分析,由图 6 可知,长刺蒺藜草(T2)处理的根际土壤微生物链霉菌属 *Streptomyces* 丰度高于其他处理;长刺蒺藜草(T2)处理的微枝形杆菌属丰度低于其他处理。由图 7 可见,长刺蒺藜草(T2)处理的根际土壤固氮微生物芽孢杆菌、鱼腥藻丰度高于其他处理;固氮自养单胞菌属、慢生根瘤菌属、芽孢杆菌、鱼腥藻、甲基杆菌在长刺蒺藜草(T2)处理及其伴生植物根际土壤固氮菌群落之间差异显著 (Kruskal-Wallis 秩和检验, FDR 多重检验校正, Tukey-kramer 检验)。

2.7 根际土壤微生物和固氮微生物群落 LEfSe 分析

对根际土壤微生物进行由门到属水平上的 LEfSe 比较分析,结果(图 8A)发现,根际土壤微生物群落中没有与长刺蒺藜草(T2)处理显著富集的菌群;而图 8B 中,根际土壤固氮菌群落中有厚壁菌门 p_Firmicutes、芽孢杆菌纲 c_Bacilli、芽孢杆菌目

o_Bacillales、芽孢杆菌科 f_Bacillaceae、芽孢杆菌 g_Bacillus、蓝细菌 p_Cyanobacteria、念珠藻目 o_Nostocales、念珠藻科 f_Nostocaceae、鱼腥藻 g_Anabaena 在长刺蒺藜草(T2)处理中显著富集 (LDA 阈值为 4)。

2.8 根际土壤微生物和固氮微生物群落相关性 Heatmap 图分析

对根际土壤微生物排名前 20 的属与环境因子进行 Spearman 相关性分析,结果如图 9 所示。在根际土壤微生物群落中,鞘氨醇单胞菌属与水溶性氮呈显著负相关 ($P < 0.05$);硝化螺旋菌属 *Nitrospira* 与硝态氮呈显著正相关 ($P < 0.05$);黄色类固醇杆菌属 *Fiavobacterium* Bergey.、MND1 与铵态氮呈极显著正相关 ($P < 0.01$, 图 9A)。在根际土壤固氮菌群落中(图 9B),阿菲波菌属 *Afipia* 与全氮呈显著负相关 ($P < 0.05$),鱼腥藻、固氮菌与全氮呈显著正相关 ($P < 0.05$);芽孢杆菌、鱼腥藻与硝态氮呈显著正相关 ($P < 0.05$)。

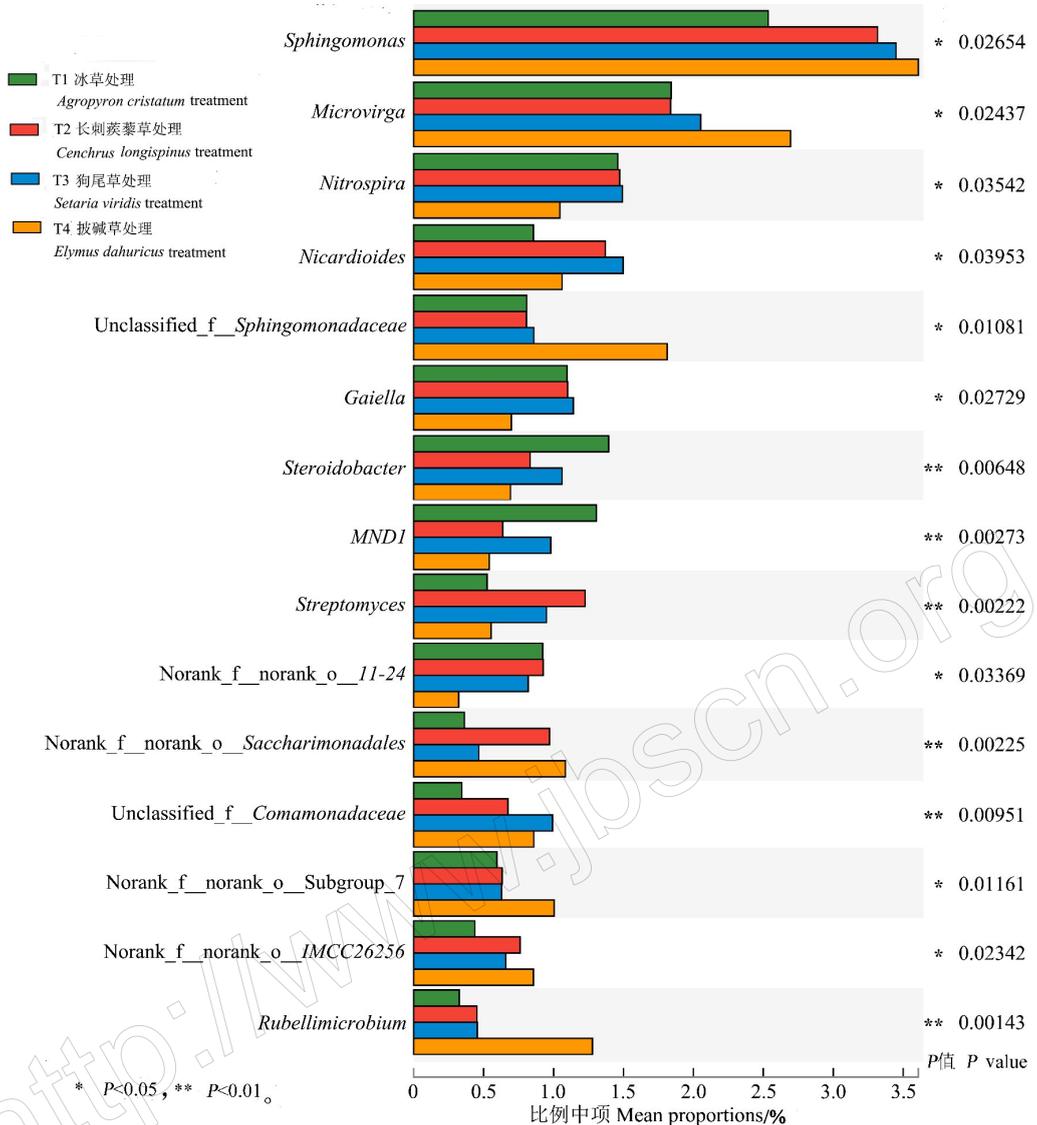


图 6 根际土壤微生物多组比较柱状图

Fig.6 Rhizosphere soil microorganism multi-group comparison bar graph

3 讨论

研究表明,入侵植物可以通过改变土壤微生态环境来促进自身的入侵。如:美洲商陆 *Phytolacca americana* L.入侵显著降低根际土壤的全氮、全磷和硝态氮含量,提高速效钾含量,且不同生长年限的美洲商陆根际土壤微生物群落中细菌群落的β多样性差异显著,特定细菌功能群的丰度显著增加(孟昀昊,2022);互花米草 *Spartina alterniflora* Lois.入侵增加了土壤微生物的群落多样性,提高了土壤中微生物群落的丰富度和均匀度,Shannon、Richness、Pielou 指数均有增加(李慧颖,2021);紫茎泽兰 *Ageratina adenophora* (Sprengel) R. M. King & H. Robinson.入侵则依靠其根际的固

氮菌促进自身生长(王咏舟,2014),并改变了土壤中微生物群落结构,提高了土壤的硝态氮、氨态氮、氨氧化细菌和真菌的数量(Niu *et al.*,2007);糖蜜草 *Melinis minutiflora* p.Beauv.的入侵增加了土壤硝态氮含量,降低了土壤铵态氮含量,通过改变氨氧化细菌丰富度使氨态氮转化为硝态氮(Ribeiro *et al.*,2017)。本研究结果表明,长刺蒺藜草与其伴生植物根际土壤细菌及固氮菌群落之间差异显著,且与狗尾草和冰草种群相似性最高;其入侵提高了土壤全氮和硝态氮含量,降低了水溶性氮和土壤铵态氮含量(Daims *et al.*,2015),改变了土壤环境,这可能是加速其扩散蔓延的原因之一。

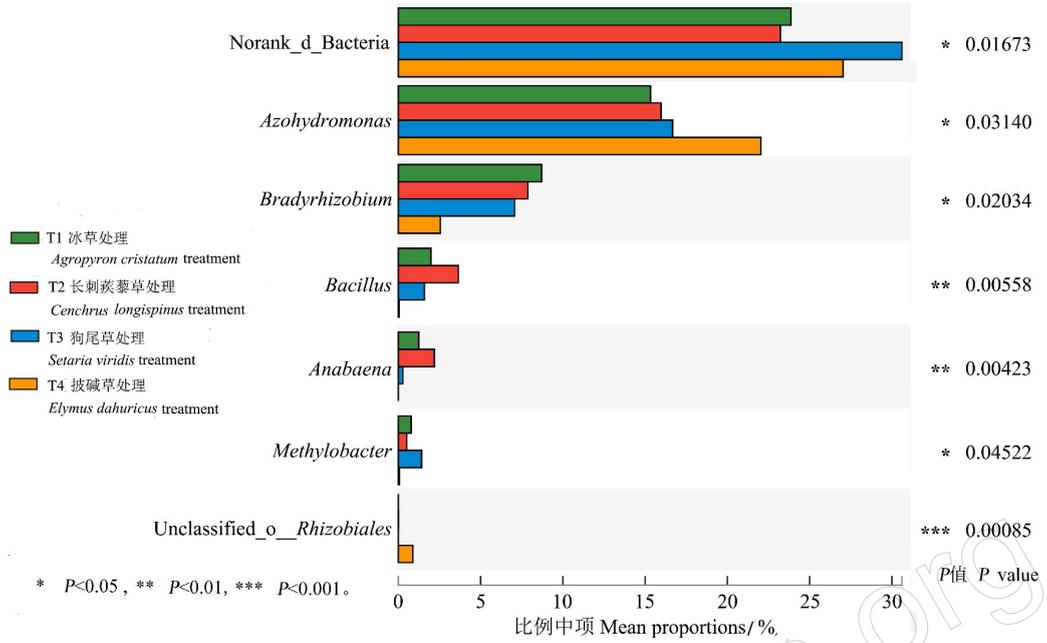


图 7 根际土壤固氮微生物多组比较柱状图
Fig.7 Rhizosphere soil nitrogen-fixing microbes multi-group comparison bar graph

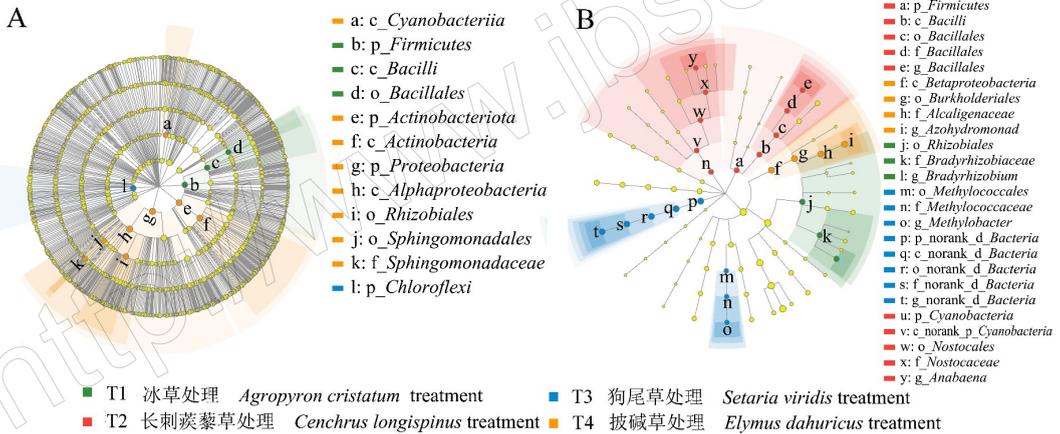


图 8 根际土壤微生物 (A) 与固氮微生物 (B) LEfSe 多级物种层级树图

Fig.8 Hierarchical tree of multilevel species LEfSe of rhizosphere soil microorganisms (A) and nitrogen-fixing microorganisms (B)

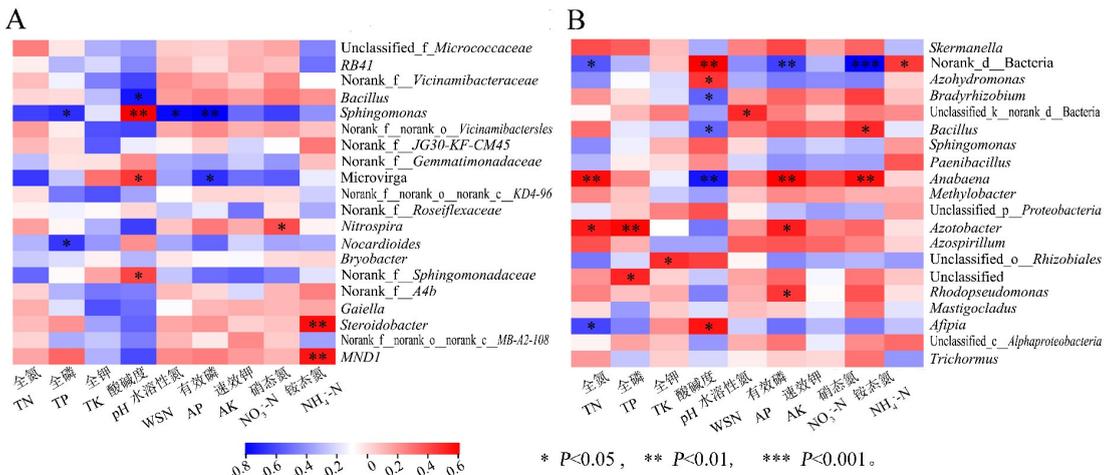


图 9 根际土壤微生物 (A) 和固氮微生物 (B) 与环境因子相关性 Heatmap 图
Fig.9 Heatmap of correlations between rhizosphere soil microorganisms (A) and nitrogen-fixing microorganisms (B) with environmental factors

综上所述,变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、链霉菌属、硝化螺旋菌属、黄色类固醇杆菌属、*MND1* 可能是长刺蒺藜草氮素利用中起主要作用的根际土壤细菌群落,Daims *et al.* (2015) 研究也表明硝化螺旋菌属是氮循环微生物群落的关键组成部分。在本研究中,硝化螺旋菌属与硝态氮呈显著正相关,表明在本研究中硝化螺旋菌属的变化对长刺蒺藜草氮素利用影响很大。鞘氨醇单胞菌属与水溶性氮呈显著负相关,阿菲波菌属与全氮呈显著负相关,表明在本研究中鞘氨醇单胞菌属与阿菲波菌属的变化对氮素利用影响不大。长刺蒺藜草处理中显著富集且与其他处理有显著性差异的固氮菌类群有芽孢杆菌、蓝藻、念珠藻、鱼腥藻,表明其在长刺蒺藜草对于氮素的利用中可能起重要的作用。综上,变形菌门、厚壁菌门、芽孢杆菌、鱼腥藻、固氮自养单胞菌属、慢生根瘤菌属、甲基杆菌、蓝藻、念珠藻、固氮菌可能是长刺蒺藜草氮素循环中起主要作用的根际土壤固氮菌群落。孙圆圆(2020)对蜡样芽孢杆菌 *Bacillus cereus* 介导的紫茎泽兰及其天敌泽兰实蝇的生态适应性机制的研究表明,蜡样芽孢杆菌对紫茎泽兰生长具有偏利作用,与本研究芽孢杆菌对长刺蒺藜草生长具有正反馈作用结果一致。

本研究中,形成特殊固氮微生物类群的可能原因:一是长刺蒺藜草入侵提高了土壤全氮和硝态氮含量,降低了水溶性氮和铵态氮的含量,这可能会创造对其自身有利的土壤环境;二是在干旱和半干旱地区长刺蒺藜草具有控制其耐旱能力和促进其传播的独特分子机制(柏超,2018);三是长刺蒺藜草根分泌的固氮酶释放量显著高于伴生植物冰草、狗尾草和披碱草,以适应干旱贫瘠的生境。本研究深入分析了长刺蒺藜草根际土壤细菌及固氮菌与氮素循环相关的重要微生物类群结构,初步探究了根际细菌在长刺蒺藜草氮素利用中的重要作用,为长刺蒺藜草入侵的生态学机理研究奠定了一定的理论基础。

参考文献

安瑞军,王永忠,田迅,王汉朋,2014. 外来恶性杂草少花蒺藜草重发区的调查研究现状. *杂草科学*, 32(2): 28-32.
柏超,2018. 基于 iTRAQ 技术的少花蒺藜草耐旱性的分子

机制研究. 博士学位论文. 北京:中国农业科学院.
戴沛良,2019. 红树植物与互花米草根际微生物群落对不同潮位梯度的响应. 硕士学位论文. 厦门:厦门大学.
董文信,赵桂玲,陈明川,李秀华,2010. 光梗蒺藜草生物学特性调查. *内蒙古林业*, 413(1): 22.
高金会,王然,宋振,郭玲玲,付卫东,王忠辉,马涛,王伊,张国良,2022. 少花蒺藜草入侵对根际土壤磷细菌群落多样性的影响. *生物安全学报*, 31(4): 327-335.
高金会,张国良,付卫东,马涛,袁至立,宋振,2022. 基于宏基因组测序解析长刺蒺藜草入侵对根际土壤氮循环的影响. *植物保护学报*, 49(5): 1349-1357.
高晓萍,杨旋,2008. 疏花蒺藜在阜新的分布、危害及防控措施. *植物检疫*, 22(1): 64-65.
郭琼霞,2011. 长刺蒺藜草 (*Cenchrus longispinus*) 传入中国的风险性研究. *江西农业学报*, 23(12): 68-70.
李慧颖,2021. 广西北部湾滩涂入侵植物互花米草根际微生物群落分析及促生菌、新种的挖掘. 硕士学位论文. 南宁:广西民族大学.
李振宇,解焱,2002. 中国外来入侵种. 北京:中国林业出版社.
孟昫昊,2022. 美洲商陆入侵的植物——土壤反馈机制探究. 硕士学位论文. 烟台:鲁东大学.
曲波,朱明星,王巍,韩志松,吕林有,李天来,2011. 4种环境因子对少花蒺藜草 (*Cenchrus pauciflorus* Benth.) 种子萌发的影响. *种子*, 30(3): 28-30, 35.
孙英华,吕林有,赵艳,2011. 少花蒺藜草入侵风险评估及其防控策略. *安徽农业科学*, 39(8): 4580-4581.
孙圆圆,2020. 蜡样芽孢杆菌介导的紫茎泽兰及其天敌泽兰实蝇的生态适应性机制. 硕士学位论文. 扬州:扬州大学.
孙忠林,淑琴,高凯,周立业,田迅,郭福纯,王海滨,2020. 少花蒺藜草入侵现状、适应机制和防控策略. *草地学报*, 28(5): 1196-1202.
田迅,张志新,陈艳东,2015. 科尔沁沙地不同地区少花蒺藜草种子库与种子活力结构特征. *中国草地学报*, 37(6): 85-90.
万方浩,郭建英,王德辉,2002. 中国外来入侵生物的危害与管理对策. *生物多样性*, 10(1): 119-125.
王慧敏,2018. 刺萼龙葵和银毛龙葵对根际土壤微生物群落的影响. 硕士学位论文. 北京:中国农业科学院.
王坤芳,纪明山,2013. 几种除草剂对入侵生物少花蒺藜草的防治效果. *生物安全学报*, 22(1): 38-42.
王然,2020. 少花蒺藜草对磷元素高效利用的土壤微生态机制. 硕士学位论文. 北京:中国农业科学院.
王瑞,周忠实,张国良,郭建英,高尚宾,孙玉芳,付卫东,张付斗,万方浩,2018. 重大外来入侵杂草在我国的分布

- 危害格局与可持续治理. 生物安全学报, 27(4): 317-320.
- 王巍, 韩志松, 2005. 外来入侵生物——少花蒺藜草在辽宁地区的危害与分布. 草业科学, 22(7): 63-64.
- 王咏舟, 2014. 根际共生固氮菌对紫茎泽兰 (*Ageratina adenophora*) 入侵力的影响研究. 硕士学位论文. 昆明: 云南大学.
- 徐军, 李青丰, 王树彦, 2012. 科尔沁沙地外来入侵植物光梗蒺藜草的种子库分布格局. 干旱区资源与环境, 26(11): 184-187.
- 张婷, 付卫东, 张瑞海, 宋振, 柏超, 黄成成, 张国良, 2017. 少花蒺藜草入侵对沙质草地氮库的影响. 应用生态学报, 28(5): 1522-1532.
- 张小丽, 陈泽柠, 武正军, 2023. 气候变化情景下少花蒺藜草在中国的分布区变化. 广西植物, 43(4): 658-669.
- 周立业, 汪丽萍, 刘庭玉, 2013. 科尔沁沙地人工固沙林群落中少花蒺藜草种群动态及群落多样性研究. 草地学报, 21(1): 87-91.
- 周立业, 张玉霞, 杨秀梅, 田迅, 姜健, 2014. 科尔沁沙地典型人工固沙林群落中少花蒺藜草入侵地土壤特性. 草地学报, 22(6): 1381-1384.
- 周雨露, 2016. 外来入侵植物对本地物种生长及氮素获取策略的影响. 硕士学位论文. 北京: 北京林业大学.
- 朱明星, 2012. 危害严重的外来入侵植物少花蒺藜草. 新农业 (13): 20-21.
- DAIMS H, LEBEDEVA E V, PJEVAC P, HAN P, HERBOLD C, ALBERTSEN M, JEHLICH N, PALATINSZKY M, VIERHEILIG J, BULAEV A, KIRKEGAARD R H, VON BERGEN M, RATTEI T, BENDINGER B, NIELSEN P H, WAGNER M, 2015. Complete nitrification by *Nitrospira* bacteria. *Nature*, 528: 504-509.
- NIU H B, LIU W X, WAN F H, LIU B, 2007. An invasive aster (*Ageratina adenophora*) invades and dominates forest understories in China: altered soil microbial communities facilitate the invader and inhibit natives. *Plant and Soil*, 294(1/2): 73-85.
- RIBEIRO P C D, MENENDEZ E, DA SILVA D L, BONIECK D, RAMÍREZ-BAHENA M H, RESENDE-STOIANOFF M A, PEIX A, VELÁZQUEZ E, MATEOS P F, SCOTTI M R, 2017. Invasion of the Brazilian campo rupestre by the exotic grass *Melinis minutiflora* is driven by the high soil N availability and changes in the N cycle. *Science of the Total Environment*, 577: 202-211.

(责任编辑: 郑姗姗)

