

围栏工程对退化草地土壤理化性质和微生物群落的影响

樊丹丹^{1,2}, 刘艳娇¹, 曹慧丽¹, 陈昊², 孔维栋², 李香真^{3*}

1. 福建农林大学资源与环境学院, 土壤修复福建省高校工程中心, 福州 350002

2. 中国科学院青藏高原研究所, 青藏高原地球系统科学国家重点实验室, 北京 100101

3. 中国科学院成都生物研究所, 中国科学院环境与应用微生物重点实验室, 环境微生物四川省重点实验室, 成都 610041

摘要 围栏封育是恢复退化草场的主要措施, 但随着围栏年限增加, 围栏产生的不利影响日益凸显。土壤微生物是评价草地土壤质量的重要参数, 通过综述围栏工程对土壤理化性质、细菌、真菌和功能微生物类群的影响, 总结了土壤理化指标和土壤微生物对围栏封育的响应, 表明可以根据相关指标来综合评价退化草地土壤的恢复效果, 提出合理的围栏时间, 以进一步改善和恢复退化草地的生态功能。

关键词 围栏; 草地退化; 土壤理化性质; 土壤微生物

草地生态系统是世界上分布最广的陆地生态系统, 也是受人类活动影响最严重的区域。中国草原面积约为4亿公顷, 占全国土地面积的41.7%^[1]。放牧是草原利用的主要方式, 为牧区人民的生计奠定了基础。但是, 大多数草原由于过度放牧而面临退化的威胁^[2]。据统计, 中国90%的可利用草地呈现不同程度的退化, 其中20%以上是由过度放牧造成的^[3]。为应对区域环境问题, 中国政府启动了

一系列草地恢复计划, 如2003年的“退牧还草工程”和2011年的“草地生态保护计划”, 以期通过禁止放牧和增加草地植被生物量来缓解草地退化^[4-5]。退化草地的恢复是一个复杂而长期的过程, 而围栏被认为是控制退化和促进植被恢复的最有效方法^[6-7]。

围栏可以有效地促进草原的地上植被生长, 增加地上生物量, 改善土壤养分条件^[8-9]。但是随着

收稿日期: 2021-03-01; 修回日期: 2021-05-21

基金项目: 国家自然科学基金项目(42177101, 32161123004)

作者简介: 樊丹丹, 硕士研究生, 研究方向为微生物生态与草地资源管理, 电子信箱: fdandan1212@126.com; 李香真(通信作者), 研究员, 研究方向为微生物生理生态学、厌氧微生物生理学、环境基因组学和土壤微生物学, 电子信箱: lixz@cib.ac.cn

引用格式: 樊丹丹, 刘艳娇, 曹慧丽, 等. 围栏工程对退化草地土壤理化性质和微生物群落的影响[J]. 科技导报, 2022, 40(3): 41-51; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2022.03.004

围栏年限的增加,围栏的不利影响日益凸显。长期围栏导致草地的植物密度和物种多样性降低,并导致植物群落被少数具有强大定殖能力的物种所主导^[3]。同时,围栏导致草原土壤的显著酸化,尤其是表层土壤 pH 值的下降速率最大^[10]。进一步来说,围栏限制了野生动物,特别是大型野生哺乳动物的活动范围。长期围栏还会切断物种的基因交流,可能导致某些物种退化^[11-13]。此外,围栏的面积扩大,减少了野生动物的栖息地面积,一定程度上增加了非围栏地区的放牧压力,也加剧了野生动物与人类的冲突,野生动物伤人、伤家畜的事件频发,牧民的满意度降低^[14]。

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分,主要通过分解土壤有机质来调节土壤 CO₂ 的排放、养分循环以及其他重要的生态过程^[15-18]。土壤微生物群落可通过土地利用和管理实践得到显著改变。土地利用的变化会影响土壤理化参数、植物群落结构和根际功能,进而转化为对土壤微生物群落的不同影响^[19]。土壤某个特定理化性质的变化可以更好地预测整个给定的样地中微生物群落组成的变化,因此土壤微生物群落的变异性与不同的土壤理化性质有关^[17]。研究土壤微生物对围栏行为的响应在草原生态系统保护、恢复及重建中具有重要理论和实践意义。由于土壤微生物群落可以对环境条件的变化做出快速反应,其动态变化可以作为全面监测恢复过程的指标^[20]。因此,探讨围栏对草地土壤理化性质和土壤微生物群落的影响,对今后草原的科学化管理和退化草地恢复与重建提供决策依据具有重要的意义。

1 围栏对土壤理化因子的影响

1.1 围栏对土壤质地的影响

土壤细颗粒组分(<0.1 mm)增加是草地恢复的一个重要体现。有研究表明,土壤碳和养分主要存储在沙漠生态系统中的土壤细颗粒组分中^[21]。围栏能促进表层土壤的细粒化^[22],这是由于围栏后草地植被得到很大程度的恢复,植被的覆盖作用提高了土壤捕获被风吹散的细颗粒组分的能力,防止

土壤侵蚀^[9]。而土壤有机碳和全氮含量与黏粉粒含量呈显著正相关关系,这表明土壤细粒化的同时伴随着土壤有机碳和全氮的固存,黏粉粒在沙质土壤中起着关键的持留养分的作用^[9,23]。同时黏粒粒径较小,具有巨大的比表面积,吸附能力强,保水保肥能力强,因此黏粒含量的增加对土壤肥力提高具有重要意义^[23-24]。Pei 等^[25]对阿拉善荒漠草原典型退化地区的研究结果表明,围栏 2 年和 6 年退化草地土壤中的极细沙(0.10~0.05 mm)、粉粒(0.05~0.002 mm)和黏粒(<0.002 mm)的含量与放牧草地相比分别增加了 25.1%、43.1% 和 38.7%。Chen 等^[26]对科尔沁退化沙质草地研究发现,草地土壤表层(0~10 cm)中<0.05 mm 粒径颗粒含量约为 12.1%,是连续放牧草地的 74.4%。Ebrahimi 等^[9]在伊朗东南部干旱草地的研究表明,黏粉粒的含量随着围栏年限的增加而增加,而且草地土壤中黏粒含量增加的更显著,围栏 4 年和 6 年的草地土壤中黏粒的含量比围栏 2 年的草地分别增加了 54.5% 和 29.4%。

1.2 围栏对土壤含水量的影响

土壤水分既是对气候变化较为敏感的环境因子,也是生态系统水热平衡中的一个重要分量,对土壤物理性质和植被生长状况产生重要影响。由于牲畜的践踏,放牧草地土壤被压实,土壤容重增加,从而降低对水分的渗透与蓄积能力,土壤持水量和含水量减小^[3,27-28]。大量研究表明,围栏有利于土壤含水量增加^[6,15,29-30],这主要是因为围栏后植被生物量和盖度增加,土壤孔隙度增大,从而改善土壤通气性和渗透率,提高土壤保水能力^[24];高覆盖率的植被减少土壤水分蒸发,增加土壤持水能力^[6,31];凋落物堆积,增加腐殖层的水分传导性,增加土壤保水能力^[32]。Li 等^[33]在青藏高原东北部高寒草地的研究发现,随着围栏年限的增加,土壤含水量显著增加,且围封 6 年、9 年与 11 年的草地土壤含水量分别比放牧地高 66.0%、118.7% 和 135.4%。然而,陈智勇等^[34]对西藏申扎地区高寒草地的研究显示,退化草地围栏后土壤含水量先增加,围栏 7 年最高,后降低。这可能是由于长期围栏后,草地群落的地表破坏相对降低,出现土壤结皮,水

分的渗入受到限制,同时大量蒸腾作用造成土壤水分损耗,导致土壤含水量降低^[35]。

1.3 围栏对土壤pH值的影响

土壤pH值是影响草原土壤质量的重要因素,围栏可显著降低土壤pH值,改善土壤盐碱化^[36]。围栏引起的凋落物分解和根际过程的变化可能在土壤pH值的动态变化中起主要作用^[31,37]。由于放牧压力的消除,地上生物量、凋落物生物量和根系生物量增加,根际中的微生物代谢更加活跃,因此根系分泌大量有机酸,根系和土壤微生物释放的CO₂量增加,这导致草原土壤pH值降低^[24]。Ebrahimi等^[9]的研究结果显示,围栏4年和6年草地的土壤pH值明显低于围栏2年和过度放牧的草地。而地上生物量积累的增加和植物成分对相关阳离子的吸收是围栏草地土壤pH值降低的另一原因^[10,37]。在钙质草原土壤中,相较于阴离子,植物吸收更多的阳离子,这会降低根际pH值,因为它们从根部释放H⁺来保持电荷平衡^[38]。此外,在植物残体分解过程中,有机阴离子的微生物脱羧基作用和残留氮的氨化作用都可能导致pH值短期升高;随着分解过程的继续,植物残体的添加可以通过硝化作用降低土壤的pH值^[10]。此外,李以康等^[39]对青海湖区紫花针茅草原研究发现,围栏后土壤pH值略有升高。而Lu等^[23]对西藏高寒草地的研究表明,围栏与放牧样地土壤pH值没有显著差别,其酸碱度总体上保持稳定。

1.4 围栏对土壤养分的影响

围栏和土壤养分之间存在着复杂的关系。大量的研究表明,围栏可以显著增加土壤有机碳和总氮含量^[3,15,40]。土壤有机碳是由植物生产力、凋落物分解、根系周转和动物排泄物的碳输入量以及土壤呼吸、土壤侵蚀和淋溶过程中的碳输出量之间的平衡决定^[4,30]。因此,围栏对土壤有机碳具有刺激作用,因为围栏消除了牲畜放牧的干扰,并导致植物生物量和植被凋落物显著增加,从而减少了生态系统中牲畜啃食造成的碳输出^[3]。Gao等^[40]在青藏高原高寒草甸的研究结果表明,0~10 cm土层土壤有机碳含量在围栏5年和10年后分别是自由放牧区的土壤有机碳的1.4倍和2.0倍,而土壤总氮则比放

牧区高出1.3~1.8倍。中国西北荒漠草原围栏11年后,土壤有机碳和总氮含量增加,年平均生态系统C和N的固存率分别为0.47和0.09 Mg·ha⁻¹·yr⁻¹,并且土壤C和N的存储量在<20 cm的土壤中显著增加^[15]。以下几种潜在的机制可能导致围栏后碳、氮积累的显著增加。首先,围栏导致地上生物量和地下生物量的增加,从而增加了土壤总有机碳(SOC)和土壤总氮(STN)的存储水平,因为初级生产力是土壤碳和氮固存的主要驱动力^[41],因此,围栏将减少从土壤-植物系统到消费者的能量流出^[3],并增加碳和氮的存储量。其次,围栏增加了植被的覆盖率,并防止牲畜对退化草地的践踏,这可以保护土壤的团聚结构,使土壤不易受到水和风的侵蚀而导致碳和氮的损失^[42]。最后,放牧造成植被覆盖率降低,并刺激了土壤矿化,硝化和氨化作用。这些过程会导致干旱环境中土壤的呼吸速率和N₂O排放升高^[43-44]。因此,围栏区植被覆盖率的增加导致了较少的土壤表面暴露于风蚀,减少土壤呼吸和矿化作用造成的C和N的损失^[42]。此外,也有研究显示,围栏对土壤养分无影响,甚至不利于土壤肥力的恢复。例如,Lu等^[23]的研究结果表明,西藏高寒草地经过6~8年的围栏封育后,在0~15 cm和15~30 cm土层中,围栏草地的土壤有机碳、土壤有效氮和有效磷含量与未围栏封育草地没有差异。Bi等^[2]在中国西北地区的高山草甸的研究结果表明,围栏后SOC和STN的浓度和储存水平降低。这些情况的原因可能是放牧压力超过了草地的承载能力,以及放牧压力远远超过了这个能力而达到生态阈值^[4,23]。由于在综合研究中,大多数地点的放牧强度数据都是短期研究,因此无法详细说明围栏时期的历史放牧实践对土壤碳氮动态的影响。因此,围栏对草地土壤碳氮的作用不能一概而论,其最终的正负效应与退化草原的草地类型、所处的气候条件、放牧率以及利用历史等密切相关^[2,4,23,45]。另外,有研究表明黄土高原退化草原围栏17年后土壤有机碳和氮含量不再显著增加,可能是随着围栏年限的增加,草原生态系统碳氮循环逐渐趋于平衡状态,土壤有机碳和全氮的输入量与输出量接近,碳氮含量不再受到显著影响^[1]。这一结果与“动

态不平衡”理论是一致的,该理论指出,在短时间内扰动导致生态系统碳库的时间变化,但不会影响长期的碳动态^[46]。

2 围栏对土壤微生物的影响

2.1 围栏对细菌群落的影响

作为草原生态系统的一个重要组成部分,土壤细菌群落可以介导草地生态系统中的生物地球化学循环^[47]。在动态环境中,细菌对外部干扰非常敏感,而且土壤细菌的微小变化可能导致植物-土壤系统中养分转化的显著变化^[47-49]。有学者对青藏高原研究发现,放牧的高山草甸中的土壤微生物群落受土壤N和P水平的共同限制,而通过围栏管理可以缓解这一限制^[7]。因此,围栏引起的养分可利用性的变化会影响微生物群落本身的丰度和组成,同时也会影响植物群落,而且通过植物的生长和生存提供微环境和养分来影响微生物群^[50-51]。目前,围栏对土壤细菌多样性的影响没有统一的结论。Cheng等^[17]对中国半干旱地区草地研究,发现围栏33年草地的土壤细菌多样性(Shannon和Simpson指数)高于放牧区,土壤养分增加,富营养型细菌(如放线菌门和变形杆菌门)是这些半干旱草原土壤中最丰富的菌门。也有研究表明,围栏降低青藏高原典型草原土壤细菌的多样性,这与较高的土壤含水量有关^[5]。同时,不同草原类型和围栏年限中细菌群落存在显著的差异。Yao等^[36]对内蒙古羊草草原和大针茅草原相同围栏时间序列的研究表明,围栏时间序列中羊草草原的 α 多样性指数变化不显著,而大针茅草原中 α 多样性指数显著增加;羊草草原的土壤细菌组成可能在恢复时间的7~13年之间发生重大变化,而在恢复的13~33年之间,某些分类单元的相对丰度没有显著差异,这表明适度的围栏时间有利于退化草原的恢复。

围栏草地土壤微生物群落的演替模式一直是研究的热点。与植物群落相比,有限的实验证据表明微生物群落结构或组成的可预测模式在次生演替^[52]或生态系统恢复^[53]期间发生。而且与植物群落相比,微生物群落对环境条件变化的反应速度更

快,并且可能提供恢复轨迹的早期指示^[54]。大量研究发现,在围栏的草地土壤中细菌群落组成具有明显的演替模式,而且在围栏的不同时间序列中发现了截然不同的细菌群落^[20,55-56]。以往的研究发现,随着围栏年限的变化,细菌群落显示从快速生长的嗜营养类群(变形细菌)向缓慢生长的贫营养类群(放线菌)过渡^[56],其特征表现为沿时间序列, α 变形菌门和 γ 变形菌门的丰度减少,而酸杆菌门的丰度增加^[20]。这种变化可能是由于土壤中C和N底物的增加所致,这与早期的有机碳和总氮含量更高有关。具有 r 策略的微生物群落,例如变形杆菌的某些类群,通常在演替的早期阶段占据主导地位,这表明竞争较弱,资源利用率较高^[55]。随着生态系统的成熟,具有 K 策略的微生物群落(如嗜酸细菌)开始主导细菌群落^[20]。

2.2 围栏对真菌群落的影响

真菌在生态系统过程中起着重要作用,例如降解难以降解的有机物化合物,从而释放矿物质养分和二氧化碳^[57]。围栏排除牲畜践踏会增加植物的覆盖范围,增强土壤团聚体的结构,从而促进土壤微生物的活动和生长^[21,58]。也可以说,围栏为不同微生物物种相互影响提供了更多机会。Zhang等^[50]对黄土高原不同围栏时期(0、10、25和35年)草地研究,结果表明,在围栏25年之前,围栏增加了真菌群落的多样性、微生物生物量和酶活性,随后下降,这表明长期围栏可能对该草地产生负面影响。通过对围栏8年的中国北方沙生针茅荒漠草原研究发现,真菌网络比细菌网络对围栏更为敏感^[59]。围栏8年以来,由于植物组成的变化和土壤总有机碳的减少,真菌群落为了应对养分不足而竞争有限的营养物质,从而加剧了真菌竞争,降低了其群落的稳定性^[60-61],因此在这种情况下引发了对沙生针茅荒漠草原的负面影响。同时,也有研究表明,围栏降低青藏高原典型草原土壤真菌多样性,表现为放牧>5年围栏>10年围栏^[5]。此外,真菌群落的丰度和组成也受到围栏的影响^[62]。但是,真菌在较低的分类学水平(例如属和种)下分类困难,这使得对营养物可利用性的潜在反应的分析更加复杂。这是由于数据库中许多土壤真菌的代表性不足,以及

使用二代扩增子测序技术获得的短序列读数所致。同时,研究发现5种养分因素解释了所观察到的真菌群落的丰度和组成总变化的中等百分比(16%),这表明对围栏导致的真菌群落中营养物浓度变化产生了独特的物种分类响应^[62-63]。还有一些证据表明,真菌,特别是菌根真菌,与细菌相比,其扩散和定殖能力较差,这也可能导致真菌群落在涉及植被去除的干扰后的恢复较慢^[64]。

丛枝菌根真菌(AMF)是草原土壤中最具代表性的真菌之一,可与大多数植物形成共生体,并进一步成为植被适应恶劣环境的生长策略^[65]。但是,目前的数据表明,AMF对围栏的反应是不一致的。Su等^[66]对围栏30年以上内蒙古典型草原研究,结果表明围栏草地土壤中AMF的孢子密度和物种丰富度高于过度放牧的草地。Guo等^[67]对内蒙古典型草原和草甸草原上的牧场(围栏10~12年)进行研究,发现围栏增加草甸草原的AMF的菌根发生频率和定殖强度,但降低典型草原中的AMF的菌根发生频率和定殖强度,这归因于2种草原之间土壤质量、植物种类和AMF系统型的差异。他们也发现,2种草原类型之间的AMF多样性差异很大,并且2种草原类型中AMF多样性对围栏的响应也不同。Valyi等^[68]认为,AMF群落组成随寄主植物而变化很大,围栏改变了植被物种的组成及其将碳分配给根和菌根真菌的能力,因此也可能会改变AMF的定殖和多样性。

真菌的许多已知功能是由特定的真菌类群来介导的,例如腐生真菌(分解顽固有机物的真菌)、共生菌(菌根真菌)或病原体^[69]。研究发现草地去除牲畜引起真菌群落变化,增加了木材腐生物、植物病原体和AMF的多样性,同时降低了动物病原体和粪腐生物的多样性^[70]。而且发现植物多样性和覆盖率的提高与植物病原体的增加有关。植物群落多样性高可能同时具有更大的根系生物量和多样的根系分泌物,从而为真菌提供了丰富的资源。同时,这些结果支持了资源多样性假说,即植物生产力决定土壤真菌的多样性^[71],而植物和真菌之间的相互作用取决于养分的输入。

2.3 围栏对土壤氮循环功能微生物类群的影响

土壤氮循环是生态系统的重要功能过程,参与其过程的微生物在一定程度上能够反映生态环境状况,对于退化草地的修复具有生物指示作用。*chiA*基因参与有机氮的分解和氨化作用,*nifH*基因用于编码固氮作用中的固氮还原酶,*amoA-AOA*基因和*amoA-AOB*基因用于编码氨单加氧酶表征硝化作用,*nirK*基因和*nirS*基因用于编码反硝化作用中的亚硝酸盐还原酶,*narG*基因和*norZ*基因用于编码反硝化作用中的硝酸盐还原酶和氧化亚氮还原酶,因此,通常采用以上功能基因来评估土壤微生物参与氮循环的生态功能^[16,72]。此外,先前研究确定了以(*chiA+nifH*)/(*amoA-AOA+amoA-AOB*)的比率和反硝化细菌(*nirK*和*nirS*基因)基因丰度的总和,来评估微生物氮存储和排放的潜力^[73]。Song等^[16]对黄土高原围栏35年的半干旱草原的研究结果表明,长期围栏可提高草地微生物氮的转化潜力,其特征在于有机氮分解微生物(*chiA*)、氨氧化古菌(*amoA-AOA*)、氨氧化细菌(*amoA-AOB*)、反硝化细菌(*nirK*和*nirS*)和固氮菌(*nifH*)基因丰度增加,并且与放牧草地相比,围栏草地土壤的(*chiA+nifH*)/(*amoA-AOA+amoA-AOB*)和(*nirK+nirS*)值更高,这表明围栏不仅改善了微生物的氮存储潜力,而且增加了氮排放潜力。通过对内蒙古3种不同类型草地进行的研究发现,围栏增加土壤固氮菌(*nifH*)和反硝化细菌(*nirK*)基因丰度^[74]。此外,长期围栏可能增加了反硝化活性,从而增加了草地气态氮的损失^[16]。而且土壤水分是影响反硝化的关键因素,当土壤水分增加时,反硝化率较高^[74]。也有研究表明,频繁的牲畜放牧抑制固氮还原酶,并导致固氮微生物固氮能力下降^[75]。因此,廖李容等^[72]对黄土高原云雾山不同围栏年限的草地研究,结果显示,与放牧相比,围栏35年的草地固氮菌(*nifH*)和氨氧化细菌(*amoA-AOB*)的基因丰度增加,分别增加了67.8%和17.6%,但与上述结果相反,围栏降低了反硝化细菌(*nirK*)基因丰度。这可能与不同研究的围栏年限以及放牧强度不同有关,这表明围栏对固氮过程和反硝化作用的影响不同。

2.4 围栏对固碳微生物类群的影响

在自然界中,微生物有多种CO₂固定途径,其中卡尔文循环(CBB)是生物固碳最主要的途径,广泛存在于大多数自养生物中^[76]。核酮糖-1,5-二磷酸羧化酶/加氧酶(RubisCO)是催化卡尔文循环第一步反应的关键酶,存在4种形式(form I, II, III和IV),其中form I是自然中RubisCO酶最主要的存在形式^[76-77]。Form I在真核生物和细菌中发现,是由8个大亚基和8个小亚基(L8S8)组成的环状构型分子,并且form I RubisCO酶的大亚基由*cbbL*基因编码,并且按照氨基酸组成的进化距离进一步分为“red-like”和“green-like”2个类群^[78-79]。其中“green-like”类群又可以分为蓝细菌及绿藻类的IA、IB 2类,“red-like”类群可分为细菌类的IC和非绿藻类的ID 2类^[80]。

土壤微生物固碳过程在生态系统碳输入方面发挥重要作用,尤其是在寒冷、干旱的极端环境中^[81]。对内蒙古围栏草地无光条件下的土壤固碳微生物研究发现,围栏土壤中¹⁴C标记的微生物量碳(MBC)的固定率(14.05%)高于放牧土壤中的¹⁴C标记的微生物量碳(MBC)的固定率(7.08%),且在所有土壤样品中都可以检测到“red-like”的*cbbL*基因,但是不能检测到“green-like”的*cbbL*基因,这表明围栏增加了化能自养型固碳微生物的固碳量^[79]。随着围栏时间的延长,植物覆盖率增加,SOC、STN等土壤养分和水分含量更高,土壤pH值降低,而土壤固碳微生物群落受土壤有机碳、温度、含水量及pH值的显著影响^[80-81]。Zhao等^[81]对青藏高原3种草原类型的土壤固碳微生物研究表明,土壤固碳微生物丰度从荒漠草原、草原到草甸大幅增加,并且随着年平均降水量、NH₄⁺-N和地上植物生物量(APB)的增加,固碳微生物丰度显著增加。Guo等^[80]认为,固碳微生物基因丰度和RubisCO酶活性随着海拔升高而显著增加,并且通过结构方程模型(SEM)进一步表明土壤RubisCO酶活性仅来自自养微生物,并且通过NH₄⁺和土壤水含量间接增加,但是通过温度间接降低,其中水分和NH₄⁺抵消了低温对自养微生物及其酶活性的抑制作用。此外,研究发现,在干旱和半干旱地区,植被恢复降低了土壤养分的可

用性,限制了兼性自养微生物的生长,同时被侵蚀耕地的微生物固碳率比次生草地上更高,这说明植被恢复降低微生物固定CO₂的潜力^[77]。

2.5 围栏对有机质分解微生物类群的影响

有机质分解微生物控制着凋落物的聚合部分(例如纤维素)的分解^[82]。纤维素分解是土壤碳转化的关键过程,主要通过内切葡聚糖苷酶(EG)、外切葡聚糖苷酶(纤维二糖水解酶,CBH)和β-葡萄糖苷酶(纤维二糖酶,BG)的协同作用来完成的,其中由真菌的糖基水解酶7家族纤维二糖水解酶I基因(*cbh I*)编码的纤维二糖水解酶(CBH)通常被认为催化纤维素分解的限速步骤^[82-83]。有研究表明,纤维素分解真菌主要分布在土壤的枯枝落叶层或有机层,其中*cbh I*基因在枯枝落叶层表现出更高的多样性和更高的表达序列比例,而高表达的*cbh I*基因的几种真菌类群丰度较低,但对土壤的分解过程具有重要作用^[84]。

纤维素分解真菌的数量和分解强度反映了土壤微生物对有机残体分解的速度和程度,直接关系到土壤有机质的形成与积累。围栏增加了土壤有机质含量^[3,15,40],土壤有机质与微生物量碳(MBC)呈显著的正相关关系^[85],因而增加了纤维素分解真菌的数量,有助于纤维素降解与养分释放。研究表明,外源纤维素的加入和保持原来生态系统的稳定能增加土壤中纤维素分解真菌的数量^[86]。免耕和秸秆覆盖等保护性耕作能够明显提高土壤中纤维素分解真菌数量和多样性,这可能是由于秸秆覆盖增加了土壤有机质含量,免耕减少了对土壤的扰动,增加了底物利用率^[83]。相似地,围栏去除了牲畜对草地的践踏,增加了植被凋落物,这可能会导致纤维素分解真菌数量和多样性增加。Lopez-Sangil等^[87]的研究结果表明,围栏5年后,草地和稀树草原土壤表层的腐生真菌生长速率受到明显的促进,土壤细菌生长速率没有受到明显影响,同时围栏4年后,在灌木丛地带也观察到类似趋势;这可能是围栏导致土壤中活跃的微生物群落快速迁移,从而在有机质输入的分解过程中有利于真菌的控制。同时,围栏也意味着木质纤维素基质(草本凋落物)的增加,以及可能的根,纤维素分解真菌的

分解尤其适合于这些基质^[50,86]。因此,这些现象更符合土壤真菌分解者所谓的缓慢通道,这也解释了围栏后真菌活性增加的原因。此外,围栏导致的植物生物量的变化会增加土壤表层SOM的积累,同时降低其总体质量(可生物降解性),更有利于土壤真菌的活动^[9]。

3 结论

土壤理化性质和土壤微生物群落不同围栏年限存在明显的差异,因此全面考虑不同退化草地的最佳围栏年限对于草地恢复尤为重要。此外,由于退化草原所处的环境条件、利用历史等不同,因此最佳围栏年限不仅应与围栏效应相结合,而且还应与当地环境(即降水、风、冻融)和当地政策相结合。例如,在围栏时应考虑水文状况、养分和风蚀及其在干旱和湿润地区的相互作用的影响。另外,考虑到围栏也可能对野生动物的迁移和繁殖产生负面影响,因此建议围栏年限不应太长。同时,短期围栏是恢复退化草地的必要条件和重要条件。根据上述研究,认为轻度和中度退化的草地可以通过降低放牧强度和建立围栏,在10至20年内恢复到其初始状态。但是,对于严重退化的草地,仅依靠围栏是不行的,还必须采取其他措施如补播和施肥等。同时,土壤微生物如何响应围栏与其他措施的综合管理措施,是否存在叠加效果,还有待进一步研究。

关于围栏对土壤微生物的影响以及通过土壤微生物各种特性评估草地土壤恢复的研究越来越受重视。目前,虽然基本确定了应该针对土壤微生物的哪几种指数进行分析,但是很难明确哪种指数是最佳指示指标,为了解决这个问题,需要对土壤微生物随围栏的变化进行更加深入的研究,进而对于如何评价土壤质量做出合理的解释。此外,本文总结了围栏引起土壤微生物各种变化,但是还不清楚土壤微生物的数量和多样性受到抑制时土壤恢复效果较好,还是土壤微生物产生功能冗余时表示土壤恢复效果较好。

基于上述问题,以下3方面应进一步加强相关

研究。

1) 加强最佳围栏年限与其他综合措施相结合的研究。首先,不同的退化草地的退化程度、所处的环境条件以及利用历史不同,全面考虑不同退化草地的最佳围栏年限对于草地恢复尤为重要。对于严重退化的草地,单纯依靠围栏并不足以解决问题,可能会造成土壤结皮,不利于草地的恢复。其次,土壤微生物对不同人为干扰响应不同,其对退化草地的恢复效果是叠加还是抵消还不清楚,需要进一步加强这方面的研究,为更有效的恢复退化草地提供科学的依据,以期维护草地长久良好地发展下去。

2) 加强对土壤功能微生物的研究。土壤是进行各种物质(如碳、氮、磷、硫等)循环进程的场所,这些循环都是由土壤微生物驱动完成的。其次,土壤微生物数量庞大、体积微小、种类丰富。单纯从大的分类群方面进行分析,往往会造成没有侧重点以及缺少针对性,很难揭示土壤微生物对人为干扰发生变化的本质和规律。因此,加强对功能微生物类群的研究,更有利于深入研究土壤微生物是如何响应围栏行为,并且能够提供更直接有利的数据。

3) 加强对植物多样性和土壤微生物多样性相互关系的研究。首先,植物种类及其多样性是构成整个草地生态系统的最重要的部分。围栏最先直接影响地表植被,进而对土壤微生物形成间接影响。其次,实验区域不同,植被种类不同,从而生存的土壤微生物类群也不同。因此,加强这方面的研究,对于明确草地土壤微生物对围栏的响应机制有重要的意义。

参考文献(References)

- [1] 王玉红, 马天娥, 魏艳春, 等. 黄土高原半干旱草地封育后土壤碳氮矿化特征[J]. 生态学报, 2017, 37(2): 378-386.
- [2] Bi X, Li B, Fu Q, et al. Effects of grazing exclusion on the grassland ecosystems of mountain meadows and temperate typical steppe in a mountain-basin system in Central Asia's arid regions, China[J]. Science of the Total En-

- vironment, 2018, 630: 254–263.
- [3] Wu G L, Du G Z, Liu Z H, et al. Effect of fencing and grazing on a Kobresia-dominated meadow in the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Plant and Soil*, 2009, 319(1/2): 115–126.
- [4] Xiong D P, Shi P L, Zhang X Z, et al. Effects of grazing exclusion on carbon sequestration and plant diversity in grasslands of China A meta-analysis[J]. *Ecological Engineering*, 2016, 94: 647–655.
- [5] Fan D D, Kong W D, Wang F, et al. Fencing decreases microbial diversity but increases abundance in grassland soils on the Tibetan Plateau[J]. *Land Degradation & Development*, 2020, 31(17): 2577–2590.
- [6] Deng L, Zhang Z N, Shangguan Z P. Long-term fencing effects on plant diversity and soil properties in China[J]. *Soil & Tillage Research*, 2014, 137: 7–15.
- [7] Wang J, Wang X T, Liu G B, et al. Fencing as an effective approach for restoration of alpine meadows: Evidence from nutrient limitation of soil microbes[J]. *Geoderma*, 2020, 363: 10.
- [8] Liu M, Zhang Z C, Sun J, et al. Restoration efficiency of short-term grazing exclusion is the highest at the stage shifting from light to moderate degradation at Zoige, Tibetan Plateau[J]. *Ecological Indicators*, 2020, 114: 9.
- [9] Ebrahimi M, Khosravi H, Rigi M. Short-term grazing exclusion from heavy livestock rangelands affects vegetation cover and soil properties in natural ecosystems of southeastern Iran[J]. *Ecological Engineering*, 2016, 95: 10–18.
- [10] Hong J, Xu X, Pang B, et al. Significant soil acidification caused by grazing exclusion across China's grassland areas[J]. *Land Degradation & Development*, 2021, 32(2): 535–545.
- [11] Riley S P D, Pollinger J P, Sauvajot R M, et al. A southern California freeway is a physical and social barrier to gene flow in carnivores[J]. *Molecular Ecology*, 2006, 15(7): 1733–1741.
- [12] Linnell J D C. Refugee fences fragment wildlife[J]. *Nature*, 2016, 529(7585): 156.
- [13] Pokorny B, Flajsman K, Centore L, et al. Border fence: A new ecological obstacle for wildlife in Southeast Europe[J]. *European Journal of Wildlife Research*, 2017, 63(1): 6.
- [14] Sun J, Liu M, Fu B J, et al. Reconsidering the efficiency of grazing exclusion using fences on the Tibetan Plateau [J]. *Science Bulletin*, 2020, 65(16): 1405–1414.
- [15] Wang K B, Deng L, Ren Z P, et al. Grazing exclusion significantly improves grassland ecosystem C and N pools in a desert steppe of Northwest China[J]. *Catena*, 2016, 137: 441–448.
- [16] Song Z L, Wang J, Liu G B, et al. Changes in nitrogen functional genes in soil profiles of grassland under long-term grazing prohibition in a semiarid area[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 673: 92–101.
- [17] Cheng J M, Jing G H, Wei L, et al. Long-term grazing exclusion effects on vegetation characteristics, soil properties and bacterial communities in the semi-arid grasslands of China[J]. *Ecological Engineering*, 2016, 97: 170–178.
- [18] Bardgett R D, Wardle D A, Yeates G W. Linking above-ground and below-ground interactions: How plant responses to foliar herbivory influence soil organisms[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1998, 30(14): 1867–1878.
- [19] Yang F, Niu K C, Collins C G, et al. Grazing practices affect the soil microbial community composition in a Tibetan alpine meadow[J]. *Land Degradation & Development*, 2019, 30(1): 49–59.
- [20] Banning N C, Gleeson D B, Grigg A H, et al. Soil microbial community successional patterns during forest ecosystem restoration[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, 77(17): 6158–6164.
- [21] Wang G H, Munson S M, Yu K L, et al. Ecological effects of establishing a 40-year oasis protection system in a northwestern China desert[J]. *Catena*, 2020, 187: 13.
- [22] Su Y Z, Li Y L, Cui H Y, et al. Influences of continuous grazing and livestock exclusion on soil properties in a degraded sandy grassland, Inner Mongolia, northern China[J]. *Catena*, 2005, 59(3): 267–278.
- [23] Lu X, Yan Y, Sun J, et al. Short-term grazing exclusion has no impact on soil properties and nutrients of degraded alpine grassland in Tibet, China[J]. *Solid Earth*, 2015, 6(4): 1195–1205.
- [24] 熊好琴, 段金跃, 王妍, 等. 围栏禁牧对毛乌素沙地土壤理化特征的影响[J]. *干旱区资源与环境*, 2012, 26(3): 152–157.
- [25] Pei S F, Fu H, Wan C G. Changes in soil properties and vegetation following enclosure and grazing in degraded Alxa desert steppe of Inner Mongolia, China[J]. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 2008, 124(1/2): 33–39.
- [26] Chen Y P, Li Y Q, Zhao X Y, et al. Effects of grazing exclusion on soil properties and on ecosystem carbon and nitrogen storage in a sandy rangeland of Inner Mongolia, Northern China[J]. *Environmental Management*,

- 2012, 50(4): 622–632.
- [27] Wang D, Liu Y, Wu G L, et al. Effect of rest-grazing management on soil water and carbon storage in an arid grassland (China)[J]. *Journal of Hydrology*, 2015, 527: 754–760.
- [28] Veldhuis M P, Howison R A, Fokkema R W, et al. A novel mechanism for grazing lawn formation: Large herbivore-induced modification of the plant-soil water balance[J]. *Journal of Ecology*, 2014, 102(6): 1506–1517.
- [29] Su J S, Jing G H, Jin J W, et al. Identifying drivers of root community compositional changes in semiarid grassland on the Loess plateau after long-term grazing exclusion[J]. *Ecological Engineering*, 2017, 99: 13–21.
- [30] Wu G L, Liu Z H, Zhang L, et al. Long-term fencing improved soil properties and soil organic carbon storage in an alpine swamp meadow of Western China[J]. *Plant and Soil*, 2010, 332(1–2): 331–337.
- [31] Rukshana F, Butterly C R, Xu J M, et al. Organic anion-to-acid ratio influences pH change of soils differing in initial pH[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, 14(2): 407–414.
- [32] Robichaud P R. Fire effects on infiltration rates after prescribed fire in Northern Rocky Mountain forests, USA [J]. *Journal of Hydrology*, 2000, 231: 220–229.
- [33] Li W, Liu Y Z, Wang J L, et al. Six years of grazing exclusion is the optimum duration in the alpine meadow-steppe of the north-eastern Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Scientific Reports*, 2018, 8: 13.
- [34] 陈智勇, 谢迎新, 刘苗. 围栏封育高寒草地植物地上生物量和物种多样性对关键调控因子的响应[J]. *草业科学*, 2019, 36(4): 1000–1009.
- [35] 张克斌, 卢晓杰, 李瑞. 北方农牧交错带沙地生物结皮研究[J]. *干旱区资源与环境*, 2008(4): 147–151.
- [36] Yao M J, Rui J P, Li J B, et al. Soil bacterial community shifts driven by restoration time and steppe types in the degraded steppe of Inner Mongolia[J]. *Catena*, 2018, 165: 228–236.
- [37] Dakora F D, Phillips D A. Root exudates as mediators of mineral acquisition in low-nutrient environments[J]. *Plant and Soil*, 2002, 245(1): 35–47.
- [38] Tornquist C G, Hons F M, Feagley S E, et al. Agroforestry system effects on soil characteristics of the Sarapiquí region of Costa Rica[J]. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 1999, 73(1): 19–28.
- [39] 李以康, 张法伟, 林丽, 等. 青海湖区紫花针茅草原封育导致的土壤养分时空变化特征[J]. *应用与环境生物学报*, 2012, 18(1): 23–29.
- [40] Gao Y H, Zeng X Y, Schumann M, et al. Effectiveness of exclosures on restoration of degraded alpine meadow in the eastern tibetan plateau[J]. *Arid Land Research and Management*, 2011, 25(2): 164–175.
- [41] De Deyn G B, Cornelissen J H C, Bardgett R D. Plant functional traits and soil carbon sequestration in contrasting biomes[J]. *Ecology Letters*, 2008, 11(5): 516–531.
- [42] He N P, Yu Q, Wu L, et al. Carbon and nitrogen store and storage potential as affected by land-use in a *Leymus chinensis* grassland of northern China[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(12): 2952–2959.
- [43] Polley H W, Frank A B, Sanabria J, et al. Interannual variability in carbon dioxide fluxes and flux-climate relationships on grazed and ungrazed northern mixed-grass prairie[J]. *Global Change Biology*, 2008, 14(7): 1620–1632.
- [44] Giese M, Brueck H, Gao Y Z, et al. N balance and cycling of Inner Mongolia typical steppe: A comprehensive case study of grazing effects[J]. *Ecological Monographs*, 2013, 83(2): 195–219.
- [45] Xiong D P, Shi P L, Sun Y L, et al. Effects of grazing exclusion on plant productivity and soil carbon, nitrogen storage in alpine meadows in northern Tibet, China[J]. *Chinese Geographical Science*, 2014, 24(4): 488–498.
- [46] Luo Y Q, Weng E S. Dynamic disequilibrium of the terrestrial carbon cycle under global change[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2011, 26(2): 96–104.
- [47] van der Heijden M G A, Bardgett R D, van Straalen N M. The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems [J]. *Ecology Letters*, 2008, 11(3): 296–310.
- [48] Bragazza L, Bardgett R D, Mitchell E A D, et al. Linking soil microbial communities to vascular plant abundance along a climate gradient[J]. *New Phytologist*, 2015, 205(3): 1175–1182.
- [49] Deng Q, Cheng X L, Hui D F, et al. Soil microbial community and its interaction with soil carbon and nitrogen dynamics following afforestation in central China[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 541: 230–237.
- [50] Zhang C, Liu G B, Song Z L, et al. Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 124: 47–58.
- [51] Haichar F E, Marol C, Berge O, et al. Plant host habitat and root exudates shape soil bacterial community structure[J]. *ISME Journal*, 2008, 2(12): 1221–1230.
- [52] Kuramae E E, Gamper H A, Yergeau E, et al. Microbial secondary succession in a chronosequence of chalk grasslands[J]. *ISME Journal*, 2010, 4(5): 711–715.
- [53] Gros R, Monrozier L J, Faivre P. Does disturbance and restoration of alpine grassland soils affect the genetic structure and diversity of bacterial and N₂-fixing popula-

- tions[J]. *Environmental Microbiology*, 2006, 8(11): 1889–1901.
- [54] Harris J. Soil Microbial Communities and Restoration Ecology: Facilitators or Followers[J]. *Science*, 2009, 325(5940): 573–574.
- [55] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354–1364.
- [56] Zhou Z H, Wang C K, Jiang L F, et al. Trends in soil microbial communities during secondary succession[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2017, 115: 92–99.
- [57] Grau O, Geml J, Perez-Haase A, et al. Abrupt changes in the composition and function of fungal communities along an environmental gradient in the high Arctic[J]. *Molecular Ecology*, 2017, 26(18): 4798–4810.
- [58] Zhao F Z, Ren C J, Shelton S, et al. Grazing intensity influence soil microbial communities and their implications for soil respiration[J]. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 2017, 249: 50–56.
- [59] Chen L, Shi J, Bao Z, et al. Soil fungal networks are more sensitive to grazing exclusion than bacterial networks[J]. *PeerJ*, 2020, 8: e9986.
- [60] Marcos M S, Bertiller M B, Olivera N L. Microbial community composition and network analyses in arid soils of the Patagonian Monte under grazing disturbance reveal an important response of the community to soil particle size[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 138: 223–232.
- [61] Wang S, Wang X B, Han X G, et al. Higher precipitation strengthens the microbial interactions in semi-arid grassland soils[J]. *Global Ecology and Biogeography*, 2018, 27(5): 570–580.
- [62] Wang Z, Zhang Q, Staley C, et al. Impact of long-term grazing exclusion on soil microbial community composition and nutrient availability[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2019, 55(2): 121–134.
- [63] Leibold M A, Holyoak M, Mouquet N, et al. The meta-community concept: A framework for multi-scale community ecology[J]. *Ecology Letters*, 2004, 7(7): 601–613.
- [64] Hedlund K, Griffiths B, Christensen S, et al. Trophic interactions in changing landscapes: Responses of soil food webs[J]. *Basic and Applied Ecology*, 2004, 5(6): 495–503.
- [65] Tian H, Gai J P, Zhang J L, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi associated with wild forage plants in typical steppe of eastern Inner Mongolia[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2009, 45(4): 321–327.
- [66] Su Y Y, Guo L D. Arbuscular mycorrhizal fungi in non-grazed, restored and over-grazed grassland in the Inner Mongolia steppe[J]. *Mycorrhiza*, 2007, 17(8): 689–693.
- [67] Guo Y J, Du Q F, Li G D, et al. Soil phosphorus fractions and arbuscular mycorrhizal fungi diversity following long-term grazing exclusion on semi-arid steppes in Inner Mongolia[J]. *Geoderma*, 2016, 269: 79–90.
- [68] Valyi K, Rillig M C, Hempel S. Land-use intensity and host plant identity interactively shape communities of arbuscular mycorrhizal fungi in roots of grassland plants[J]. *New Phytologist*, 2015, 205(4): 1577–1586.
- [69] Eldridge D J, Delgado-Baquerizo M. Functional groups of soil fungi decline under grazing[J]. *Plant and Soil*, 2018, 426(1–2): 51–60.
- [70] Wang J, Liu G B, Zhang C, et al. Effect of long-term de-stocking on soil fungal functional groups and interactions with plants[J]. *Plant and Soil*, 2020, 448(1–2): 495–508.
- [71] Hiiesalu I, Bahram M, Tedersoo L. Plant species richness and productivity determine the diversity of soil fungal guilds in temperate coniferous forest and bog habitats[J]. *Molecular Ecology*, 2017, 26(18): 4846–4858.
- [72] 廖李容, 王杰, 张超, 等. 禁牧对半干旱草地土壤氮循环功能基因丰度和氮储量的影响[J]. *应用生态学报*, 2019, 30(10): 3473–3481.
- [73] Li D D, Zhang X Y, Green S M, et al. Nitrogen functional gene activity in soil profiles under progressive vegetative recovery after abandonment of agriculture at the Puding Karst Critical Zone Observatory, SW China[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 125: 93–102.
- [74] Ding K, Zhong L, Xin X P, et al. Effect of grazing on the abundance of functional genes associated with N cycling in three types of grassland in Inner Mongolia[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2015, 15(3): 683–693.
- [75] Lindsay E A, Colloff M J, Gibb N L, et al. The abundance of microbial functional genes in grassy woodlands is influenced more by soil nutrient enrichment than by recent weed invasion or livestock exclusion[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(16): 5547–5555.
- [76] Tabita F R. Microbial ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase: A different perspective[J]. *Photosynthesis Research*, 1999, 60(1): 1–28.
- [77] Xiao H B, Li Z W, Deng C X, et al. Autotrophic bacterial community and microbial CO₂ fixation respond to vegetation restoration of eroded agricultural land[J]. *Ecosystems*, 2019, 22(8): 1754–1766.
- [78] Watson G M F, Tabita F R. Microbial ribulose 1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase: A molecule for phylogenetic and enzymological investigation[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 1997, 146(1): 13–22.
- [79] Yang J, Kang Y M, Sakurai K, et al. Fixation of carbon dioxide by chemoautotrophic bacteria in grassland soil under dark conditions[J]. *Acta Agriculturae Scandinavi-*

- ca Section B—Soil and Plant Science, 2017, 67(4): 362–371.
- [80] Guo G X, Kong W D, Liu J B, et al. Diversity and distribution of autotrophic microbial community along environmental gradients in grassland soils on the Tibetan Plateau[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(20): 8765–8776.
- [81] Zhao K, Kong W D, Wang F, et al. Desert and steppe soils exhibit lower autotrophic microbial abundance but higher atmospheric CO₂ fixation capacity than meadow soils[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2018, 127: 230–238.
- [82] Li Y C, Li Y F, Chang S X, et al. Linking soil fungal community structure and function to soil organic carbon chemical composition in intensively managed subtropical bamboo forests[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2017, 107: 19–31.
- [83] 陈坤, 李传海, 朱安宁, 等. 长期保护性耕作对纤维素降解基因 *cbh I* 多样性的影响[J]. 土壤学报, 2015, 52(2): 406–414.
- [84] Baldrian P, Kolarik M, Stursova M, et al. Active and total microbial communities in forest soil are largely different and highly stratified during decomposition[J]. ISME Journal, 2012, 6(2): 248–258.
- [85] Anderson T H, Domsch K H. Ratios of microbial biomass carbon to total organic carbon in arable soils[J]. Soil Biology & Biochemistry, 1989, 21(4): 471–479.
- [86] 顾爱星, 张艳, 石书兵, 等. 秸秆覆盖法对土壤微生物区系的影响[J]. 新疆农业大学学报, 2005, 28(4): 64–68.
- [87] Lopez-Sangil L, Rousk J, Wallander H, et al. Microbial growth rate measurements reveal that land-use abandonment promotes a fungal dominance of SOM decomposition in grazed Mediterranean ecosystems[J]. Biology and Fertility of Soils, 2011, 47(2): 129–138.

On the effect of fencing on physicochemical property and microbial community of grassland soils

FAN Dandan^{1,2}, LIU Yanjiao¹, CAO Huili¹, CHEN Hao², KONG Weidong², LI Xiangzhen^{3*}

1. Engineering Research Center of Soil Remediation of Fujian Province University, College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China
2. State Key Laboratory of Tibetan Plateau Earth System Science (LATPES), Institute of Tibetan Plateau Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China
3. Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Key Laboratory of Environmental and Applied Microbiology, Chinese Academy of Sciences, Environmental Microbiology Key Laboratory of Sichuan Province, Chengdu 610041, China

Abstract Fencing is a major measure for restoration of degraded grassland and has been widely adopted all over the world. However, with the increase of fencing duration the adverse effects of fencing have become increasingly prominent. Soil microorganism is a key parameter for evaluating soil quality. The present paper summarizes the effects of fencing on soil physicochemical properties, bacteria, fungi and functional microorganism groups. Two key questions are addressed, namely responses of soil properties and microbial community to the fencing activity, and how to use indicators to evaluate the effect of soil restoration and propose a reasonable fencing duration for sustainable improvement and restoration of ecological functions of degraded grasslands.

Keywords fencing; grassland degradation; soil physicochemical property; soil microorganism ●



(责任编辑 徐丽娇)