高 佩,李希来,张 静,等.微生物菌剂配施羊板粪对三江源区退化草地群落特征和土壤真菌多样性的影响 [J]. 中国环境科学, 2025,45(10):5823-5835.
Gao P, Li X L, Zhang J, et al. Effects of microbial agents combined with sheep manure on community characteristics and soil fungal diversity of a degraded meadow in the Three Rivers source region [J]. China Enviromental Science, 2025,45(10):5823-5835.

微生物菌剂配施羊板粪对三江源区退化草地群落特征和土壤真菌多样性的影响

高 佩[1,2],李希来[1,2*],张 静[2**],柴 瑜[1,2],李成一[2],李鑫慧[1,2],王 玥[2],赵筱妍[2],苗金花[2] (1.青海大学,省部共建三江源生态与高原农牧业国家重点实验室,西宁 青海 810016；2.青海大学农牧学院,西宁 青海 810016)

摘要：为明确微生物菌剂与羊板粪配施,对退化高寒草甸土壤真菌物种组成、群落多样性及功能结构的影响,以三江源区中度退化高寒草甸为研究对象,采用高通量测序、相关性分析和 FUNGuild 功能预测技术,分析了菌剂与羊板粪配施后其植物群落特征和土壤真菌群落特征变化.结果表明:微生物菌剂和羊板粪配施处理下,其他植物群落地上生物量、地下生物量、盖度和 Shannon-Wiener 多样性指数均较 CK 处理(Y0K0)显著增加,Y1K1(羊板粪:1500kg/hm^2,菌剂:250kg/hm^2)、Y2K1(羊板粪:3000kg/hm^2,菌剂:250kg/hm^2)、Y3K1 处理(羊板粪:6000kg/hm^2,菌剂:250kg/hm^2)显著提高了 Shannon-Wiener 多样性和生物量.微生物菌剂和羊板粪配施处理下,其他土壤真菌群落 OTU 数目、Shannon 指数、Ace 指数、Chao1 指数和 Pielou 指数较 CK 处理显著增加,真菌网络复杂程度提高,且网络以正相关关系为主.草地土壤子囊菌门、被孢霉门、担子菌门是高寒退化草地根际真菌群落的关键物种.冗余分析结果显示,12 个处理中真菌群落结构与 SEC(土壤电导率)呈现显著相关性(P<0.05),土壤真菌群落结构与植物群落特征、土壤理化特征在第Ⅰ和Ⅱ轴的解释率分别为 33.46%和 7.74%,SEC 是驱动高寒退化草地根际真菌群落改变的主要驱动因子.与 CK 处理(Y0K0)相比,微生物菌剂和羊板粪配施处理可显著提高土壤真菌中未知真菌、内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生真菌丰度,降低未定义腐生真菌、动物病原-粪便腐生-植物内生-植物外生-凋落物腐生-木头腐生真菌和动物病原-未定义腐生真菌的丰度.综上,微生物菌剂与羊板粪配施可促进退化高寒草甸土壤真菌恢复,改善土壤真菌区系,且以每公顷施用羊板粪 3 000kg、微生物菌剂 250kg 处理效果最好.

关键词：真菌群落结构；植物群落；三江源区；高通量测序；微生物菌剂添加
中图分类号：X172 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)10-5823-13

Effects of microbial agents combined with sheep manure on community characteristics and soil fungal diversity of a degraded meadow in the Three Rivers source region. GAO Pei[1,2], LI Xi-lai[2*], ZHANG Jing[1,2**], CHAI Yu[1,2], LI Cheng-yi[2], LI Xin-hui[1,2], WANG Yue[2], ZHAO Xiao-yan[2], MIAO Jin-hua[2] (1.State Key Laboratory of Sanjiangyuan Ecology and Plateau Agriculture and Animal Husbandry Jointly Built by the Provincial Department, Qinghai University, Xining 810016, China；2.College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining 810016, China). *China Enviromental Science*, 2025,45(10)：5823~5835

Abstract：This study attempted to clarify the effects of microbial inoculants combined with sheep manure on species composition, community diversity, and functional structure of soil fungi in a moderately degraded alpine meadow in the source region of “Three Rivers”. The changes in plant community and soil fungal community characteristics in the meadow after fertilization with both microbial agents and sheep manure were analyzed using high-throughput sequencing, correlation analysis, and FUNGuild function prediction techniques. The results showed that: Aboveground biomass, underground biomass, coverage and Shannon-Wiener diversity index of the plant community were significantly increased compared with the control (Y0K0). The YK1 (sheep manure: 1500kg/hm^2, microbial inoculum: 250kg/hm^2), Y2K1 (sheep manure: 3000kg/hm^2). Microbial agent: 250kg/hm^2), and Y3K1treatment (sheep manure: 6000kg/hm^2, microbial agent: 250kg/hm^2) all significantly improved plant diversity and biomass; Compared with the control, the number of OTU, Shannon index, Ace index, Chao1index and Pielou index of the soil fungal community were significantly increased aftr fertilization with both microbial inoculum and sheep manure, with improved fungal network complexity, and a mostly positively correlated network. Ascomycetes, Mortierella and Basidiomycetes were identified as the key species of the rhizosphere fungi community in the degraded alpine meadow; Redundancy analysis revealed a significant correlation between fungal community structure and soil electrical conductivity in all the 12 treatments (P<0.05). The first and second axes achieved an explanatory rate of 33.46% and 7.74% in characterizing the fungal and plant community structure and soil physical and chemical traits, respectively, and SEC was identified as the main factor driving the change of the rhizosphere

收稿日期：2025-02-28
基金项目：国家自然科学基金资助项目(U21A20191);青海省科学技术厅项目(2023-QY-210);高等学校学科创新引智计划项目(D18013)
* 责任作者, 教授, xilai-li@163.com; ** 教授, qh2001lxl@163.com

fungal community in the degraded alpine meadow; Compared with the control (Y0K0), all fertilization treatments increased the abundance of Unkdown fungi, Endophyte-Litter Saprotroph-Soil Saprotroph-Undefined Saprotroph while reducing Undefined Saprotroph, Animal Pathogen-Dung Saprotroph. Endophyte- Epiphyte- Plant Saprotroph-Wood Saprotropl and Animal Pathogen-Undefined Saprotroph. To sum up, all fertilization treatments using both microbial agents and sheep manure promoted the recovery of soil fungi in the degraded alpine meadow and improved soil fungal flora, with the Y2K1treatment (3000kg sheep manure plus 250kg microbial agents per hectare) being the most effective.

Key words: microbial agent supplement; fungal community structure; plant community; high-throughput sequencing; Three-River source region

三江源区作为青藏高原的重要生态屏障,兼具水源涵养、碳汇调节等关键生态服务功能和畜牧业发展等经济价值[1].近年来,受超载放牧与高原鼠兔等啮齿类动物种群暴发的影响,区域生态退化呈现植被盖度锐减、表土肥力衰退、物种丰富度下降[2-3],导致高寒草甸生态系统出现斑块化退化,其生态屏障效能与牧草生产功能持续衰减[4].针对这种斑块化退化高寒草甸,当地政府采取了养分添加[5]、鼠害防控[6]、围栏封育[7]、免耕补播等[4]一系列措施修复草地.其中,养分添加是改善草地群落结构、调控土壤理化性质和土壤真菌群落多样性的有效措施之一[8-9].

但在生产实践中,长期施加过量化学肥料、肥料利用效率低等问题导致土壤严重酸化、有机质含量降低,致使土壤真菌群落多样性减少、功能减弱[10],不利于三江源区高寒草甸可持续发展.真菌作为土壤微生物主要类群,其与土壤相互作用,有助于保持土壤生态系统稳定,草地植被群落恢复[11].有机肥施用可以提高土壤有机碳活性组分,促进土壤氮矿化率,增加土壤有机质,进而促进土壤真菌群落多样性恢复,加快植物生长,提高草地盖度和生物量[12-13].何冬冬等[14]、胡生斌等[15]和 Schwalb 等[16]研究表明,有机肥施用可通过优化真菌群落结构、提升物种多样性及功能多样性,显著改善土壤健康状况:其不仅能维持土壤生态功能稳定性,还能通过调节理化性质提高养分含量,进而促进真菌繁殖、增强碳源利用效率.

然而,羊板粪有机肥存在生效慢、肥效低及养分流失严重等问题,通过将其与微生物菌剂配施不仅可加速羊板粪分解,还可提高羊板粪养分利用率[17].李明星等[18]、朱诗君等[19]和 Chen 等[20]研究表明,微生物菌剂与有机肥配施在土壤改良中具有协同增效作用:相较于单施有机肥,二者混施可显著提升土壤养分含量与有效磷水平,优化土壤理化性质,同时通过增强微生物活性有效降低病害发生率,实现促生增产与生态修复的双重效益.因此,研究微生物菌剂与羊板粪有机肥配施对治理三江源区斑块化退化高寒草甸有极其重要的经济、社会和生态效益.截至目前,关于有机肥和微生物菌剂配施相关研究主要集中在农作物和园艺作物方面[18-20],退化草地恢复中很少使用,且主要集中在二者配施对土壤理化性质的影响[21].关于微生物菌剂与羊板粪有机肥配施如何影响退化高寒草甸植物群落结构和土壤真菌多样性知之甚少.本文通过高通量测序技术,分析土壤真菌多样性,探讨三江源区高寒草地土壤真菌多样性和土壤理化性质对菌剂和羊板粪配施的响应特征,旨在从土壤真菌多样性和理化性质角度评价微生物菌剂与羊板粪配施对退化草地的改良效果,为该区或同类地区退化草地修复提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于青海省河南蒙古族自治县境内(34°41′07″N,101°46′02″E),该区平均海拔达 3750m,具有典型的高原气候特征:年降水量 590~620mm,年日照时数维持在 2551~2577h,年平均气温约为 4℃.草地生态系统属于高寒草甸类型,呈现中度退化状态,地表出现斑块状裸露区域,整体植被覆盖度较低.群落物种组成以莎草科、禾本科和杂类草为主,其中优势物种包含矮生嵩草(*Carex alatauensis*)、高山嵩草(*Carex parvula*)、垂穗披碱草(*Elymus nutans*)及肉果草(*Lancea tibetica*).研究样地具体特征详见图 1.

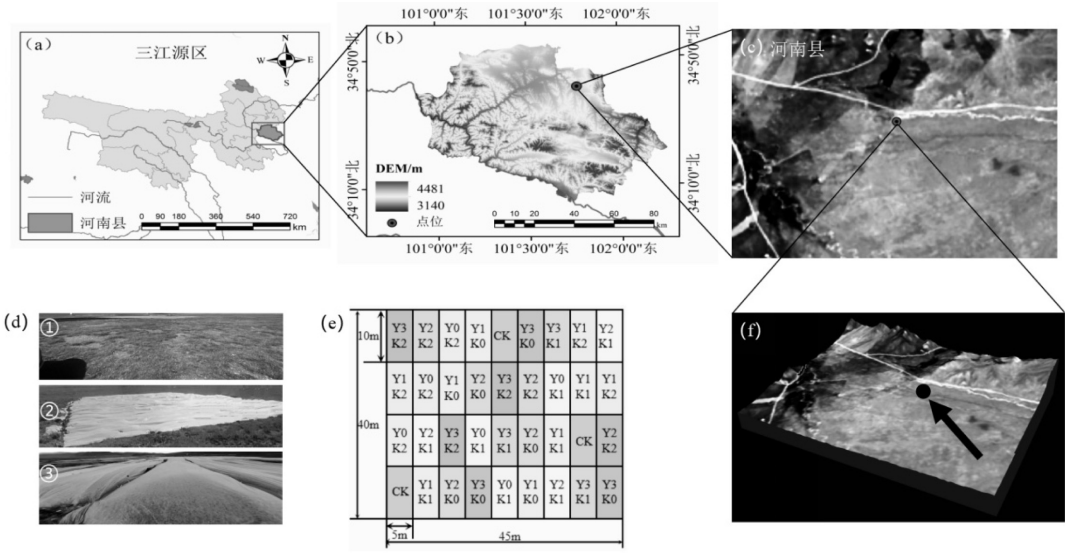


图 1　研究区、试验地和样地设计

Fig.1　Location map of the study area and the experimental site and set-up of sampling plots

(a)三江源区,(b)河南蒙古族自治县,(c)、(f)试验地 3D 视图,(d)①:播种前景观,②、③播种完成后景观,(e)样地设计

1.2　试验设计

2023 年 5 月进行养分添加,结合团队前期研究成果、肥料使用说明和草地退化现状,羊板粪设置 0,1500,3000,6000kg/hm^2 4 个施用量,微生物菌剂设置 0,250,500kg/hm^2 3 个施用量,共 12 个处理[4-5,12].12 个处理肥料施用量见表 1.通过人工条播方式对样地进行补播,播种后镇压、铺设无纺布.每个处理重复 3 次,共计 36 个小区,小区面积为 40m^2(10m×4m).供试草种为同德短芒披碱草(*Elymus breviaristatus* Keng cv.Tongde)、青海中华羊茅(*Festuca sinensis* Keng cv.Qinghai)、青海草地早熟禾(*Poa pratensis* cv. Qinghai),其播量分别为 31.250,10.375,10.375kg/hm^2.羊板粪有机质含量≥45.0%,N+P_2O_5+K_2O≥5.0%,枯草芽胞杆菌生物菌剂活菌数≥5 亿/g^1.试验用牧草种子、羊板粪来源于河南县草原工作站,供试微生物菌肥由内蒙古兰晶生态科技有限公司提供.同年 10 月,测量土壤理化性质,12 个处理土壤电导率、含水量、有机质、无机碳、全氮、全磷含量见表 1.

表 1　12 个处理土壤环境因子特征

Table 1　Characteristics of soil parameters in 12 fertilization treatments

处理	羊板粪施用量 (kg/hm^2)	菌剂施用量 (kg/hm^2)	电导率 (μS/cm)	含水率 (%)	有机质 (%)	无机碳 (g/kg)	全氮 (g/kg)	全磷 (g/kg)
Y0K0	0	0	285.00±17.35a	20.68±0.54ef	1.30±0.34e	9.92±1.01d	2.05±0.42c	0.39±0.06d
Y1K0	1 500	0	299.67±12.06a	20.33±3.96f	1.41±0.10de	13.30±1.53bcd	3.24±0.15ab	0.47±0.02bc
Y2K0	3 000	0	268.33±11.72b	30.62±5.81abc	2.14±0.03c	15.29±2.30abc	3.09±0.39ab	0.45±0.04cd
Y3K0	6 000	0	239.67±6.11c	27.08±3.02cde	1.88±0.23d	14.79±1.19abcd	3.09±0.24ab	0.43±0.05cd
Y0K1	0	250	227.67±7.02cd	26.12±4.42cdef	1.50±0.11de	10.74±3.15cd	2.65±0.16b	0.42±0.03cd
Y1K1	1 500	250	180.00±7.00g	35.26±0.75a	2.21±0.24c	19.29±0.56a	3.26±0.55a	0.55±0.03a
Y2K1	3 000	250	174.33±9.07g	32.31±4.05ab	3.43±0.42a	17.76±2.17ab	2.97±0.23ab	0.51±0.04ab
Y3K1	6 000	250	206.33±6.43ef	25.27±0.81def	2.81±0.50b	17.07±3.44ab	3.37±0.30a	0.53±0.01ab
Y0K2	0	500	223.00±7.21d	26.37±6.09cdef	1.56±0.19de	11.08±4.02cd	2.97±0.33ab	0.44±0.02cd
Y1K2	1 500	500	195.67±5.51f	30.83±1.44abc	2.18±0.05c	15.63±3.9abc	3.30±0.25a	0.47±0.01bc
Y2K2	3 000	500	198.00±6.25f	27.96±1.07cd	3.20±0.16ab	17.23±2.35ab	3.10±0.30ab	0.45±0.02cd
Y3K2	6 000	500	216.00±7.00de	25.11±1.33def	2.78±0.37b	16.08±2.98ab	3.10±0.08ab	0.43±0.02cd

注:数据为平均值±标准差;同列数据间不同小写字母表示在P<0.05水平上差异显著.下同.

1.3　植物群落调查与土壤样品采集

2023 年 10 月,在试验小区中随机选取 5 个

0.5m×0.5m 样方,调查植物群落物种组成、植株高度、物种株数、物种分盖度和群落总盖度.以样方中物种数量表示 Species(物种)丰富度指数;某一物种平均植株高度代表该物种植株高度;物种分盖度和群落总盖度采用网格法测定,以 5 个样方的平均值表示.将样方中的植物齐地面刈割,称重,为地上部鲜质量;用直径 10cm 的根钻采集 0~20cm 根系样品,清洗、分离出植物根系,称重,计算地下部鲜质量.将植物地上部、植物根系放在烘箱中杀青(105℃,30min)、烘干(65℃,48h)至恒重,称重,得到地上部生物量、地下部生物量.

2023 年 10 月,进行土壤样品采集.按照 5 点混合取样法使用直径 5cm 土钻钻取 0~10cm 土壤样品 5 钻于密封袋中.将土壤样品均匀混合为 1 份土样,分成 3 份,1 份在避光处阴干,用于测定土壤有机质、无机碳、全氮、全磷含量,1 份湿土冰冻置于−20℃冰箱冷藏,用于测定土壤质量含水量,1 份湿土冰冻置于−80℃超低温冰箱冷藏,用土壤真菌 ITS 扩增子高通量测序.

1.4 指标测定及方法

1.4.1 土壤理化性质 土壤电导率测定:2023 年 10 月,选择晴朗天气的早上 8:00~10:00、中午 12:00~14:00、下午 16:00~18:00,在每个试验小区中采用美国 Spectium 公司生产的时域反射 TDR350 土壤电导仪在原样点测定 0~10cm 土层土壤电导率,重复 3 次,持续测量 3d.土壤质量含水量和土壤养分指标测定均参考《土壤农化分析》第三版[22].

1.4.2 植物多样性指数 选择 Simpson 多样性指数(D)、Shannon−Wiener 多样性指数(H)、Pielou 均匀度指数(E)、Species 丰富度指数(R)4 个植物多样性指标,其计算公式为:

(1)Simpson 多样性指数(D),$D=1-\Sigma P_i^2$;

(2)Shannon−Wiener 多样性指数(H),$H=-\Sigma P_i \ln P_i$;

(3)Pielou 均匀度指数(E),$E=-\Sigma P_i \ln P_i / \ln S$;

(4)Species 丰富度指数(R),R=样方中观察到的物种数.

式中:P_i 为第 i 种的个体数占群落中总个体数的比例,$P_i=N_i/N$,N_i 为第 i 种的个体数,N 为所有物种个体数总和.S 为群落中的所有物种总个体数.

1.4.3 土壤真菌 DNA 提取、PCR 扩增及测序 利用美国 Omega 公司的 E.Z.N.A.® Soil DNA Kit DNA 抽提试剂盒提取土壤样品 DNA,通过 1%琼脂糖凝胶电泳和 Nanodrop 2000 分光光度计对提取的 DNA 进行纯度和浓度检测.使用真菌通用引物对 ITS1 区域进行 PCR 扩增.PCR 扩增产物测序工作由上海美吉生物科技有限公司完成,高通量测序平台为 Illumina Nextseq2000.

1.5 数据处理

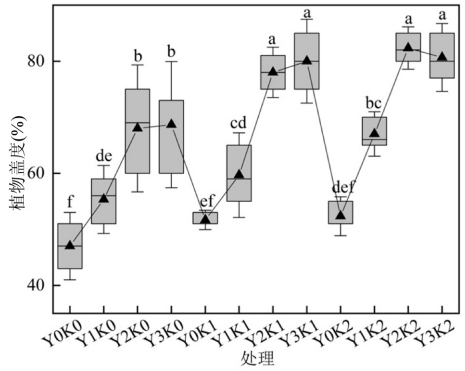
使用 Microsoft Excel 2019 进行原始数据整理,运用 SPSS 25.0 进行数据统计分析,采用 Origin 2024 绘图.利用 Networkx(version1.11)计算物种之间的相关性,构建分子网络图.利用 R3.5.2 软件绘制土壤理化因子、植物多样性、真菌多样性之间的相关性热图.利用 Canoco5 对植物群落特征、土壤理化性质、土壤真菌多样性进行 RDA 分析.所有土壤真菌数据分析均在美吉生物云平台(https://cloud.majorbio.com)上进行.

2 结果与分析

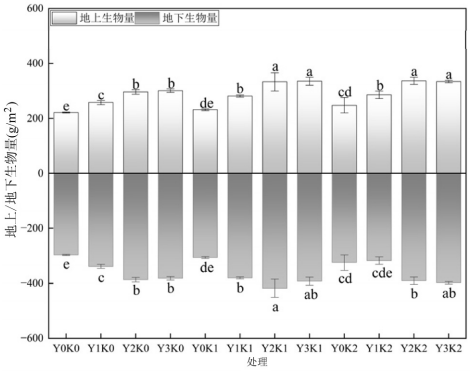
2.1 微生物菌剂与羊板粪配施退化高寒草甸植物群落特征

2.1.1 盖度和生物量 如图 2(a)所示,除 Y0K1 和 Y0K2 处理,其余 9 个施肥处理植植物盖度均显著高于 CK 处理(Y0K0).其中,Y0K0 处理盖度仅为 47.0%,其他 11 个施肥处理群落盖度为 51.7%~82.3%,较 CK 处理提高 10.0%~75.1%,其中 Y2K2 处理群落盖度最高(82.3%).与 CK 处理相比,微生物菌剂配施羊板粪显著提高了群落盖度,同时,研究发现配施对群落盖度的提升作用明显优于单施微生物菌剂和单施羊板粪.

微生物菌剂配施羊板粪对草地生产力的影响如图 2(b)所示.CK 处理(Y0K0)地上生物量为 221.65g/m^2、地下生物为 296.39g/m^2,其他 11 个施肥处理地上生物量在 232.16~336.87g/m^2、地下生物量在 305.73~417.83g/m^2 之间,其中 Y2K2 处理地上生物量最高、Y2K1 处理地下生物量最高,较 CK 处理增幅分别为 52.0%和 41.0%,差异显著.与 Y0K0 处理相比,单施羊板粪可显著提高生物量,其地上生物量增幅为 16.3%~36.1%、地下生物量增幅为 14.0%~28.8%,生物量随羊板粪施用量增加而增加,在此基础上配施微生物菌剂能够进一步提高群落地上、地下生物量.



(a)植物盖度



(b)生物量

图 2　不同施肥处理下植被盖度和生物量特征

Fig.2　Characteristics of vegetation coverage and biomass under different fertilization treatments

表 2　不同施肥处理下植物多样性指数变化

Table 2　Changes of plant diversity index under different fertilization treatments

处理 Treatment	Simpson 多样性指数	Shannon−Wiener 多样性指数	Pielou 均匀度指数	Species 丰富度指数
Y0K0	0.70±0.10a	1.39±0.34ab	0.33±0.08ab	5.67±1.53ab
Y1K0	0.59±0.12ab	1.10±0.27ab	0.25±0.06abc	4.33±0.58b
Y2K0	0.63±0.07ab	1.08±0.16ab	0.23±0.06bc	5.00±1.00ab
Y3K0	0.54±0.17ab	1.37±0.25ab	0.29±0.05abc	5.67±1.15ab
Y0K1	0.70±0.06a	1.44±0.24a	0.33±0.04ab	5.67±0.58ab
Y1K1	0.67±0.03ab	1.53±0.18a	0.33±0.05ab	6.67±1.53a
Y2K1	0.57±0.03ab	1.19±0.03ab	0.25±0.01abc	6.00±1.00ab
Y3K1	0.69±0.18a	1.45±0.51a	0.29±0.10ab	6.33±1.15ab
Y0K2	0.73±0.06a	1.48±0.18a	0.34±0.01a	6.66±0.58a
Y1K2	0.61±0.04ab	1.27±0.14ab	0.26±0.03abc	5.67±0.58ab
Y2K2	0.53±0.12ab	1.21±0.17ab	0.25±0.03abc	5.33±1.53ab
Y3K2	0.48±0.14b	0.94±0.26b	0.18±0.06c	5.67±1.53ab

2.1.2　植物多样性　菌剂与羊板粪配施对退化高寒草甸植物群落植物多样性的影响如表 2 所示,处理不同其多样性指数多不相同.与 CK 处理(Y0K0)相比,微生物菌剂与羊板粪配施,降低了植物群落 Simpson 多样性指数和 Pielou 均匀度指数,Y3K2 处理二者与 Y0K0 处理相比,分别降低 31.43%和 45.45%,差异显著.适量微生物菌剂和羊板粪配施可提高 Shannon−Wiener 指数和 Species 丰富度指数,其中 Y1K1 处理 2 种多样性指数分别为 1.53、6.67,较 Y0K0 处理分别增加了 5.86%、17.54%,差异显著.

2.2　微生物菌剂与羊板粪配施土壤真菌类群及群落分布特征

2.2.1　土壤真菌类群分析　由图 3 可知,12 个处理共存在 3 940 个土壤真菌 OTU,12 个处理共同拥有 OTU 为 253 个.Y0K0、Y1K0、Y2K0、Y3K0、Y0K1、Y1K1、Y2K1、Y3K1、Y0K2、Y1K2、Y2K2、Y3K2 处理特有的土壤真菌 OTU 分别为 73、137、111、97、122、142、160、149、140、109、145、123 个.与 Y0K0 处理相比,11 个施肥处理土壤特有 OTU 数目均得到提高.

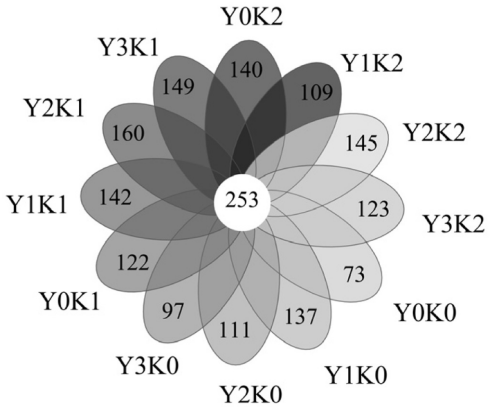


图 3　土壤真菌韦恩图

Fig.3　Wayne diagram of soil fungi

2.2.2　土壤真菌群落组成及相对丰度的变化 12 个处理中土壤真菌门水平相对丰度如图 4(a)所示.土壤真菌门水平排序前 4 的真菌门为:子囊菌门(Ascomycota,47.08%~77.80%)、被孢霉门(Mortierellomycota,12.57%~36.07%)、担子菌门(Basidiomycota,6.10%~11.43%)和 unclassified_k_Fungi(1.75%~4.94%).CK 处理(Y0K0)与 11 个施肥处理相比,土壤真菌门相对丰度差异明显,与 Y0K0 处理相比,11 个施肥处理均可提高土壤真菌中被孢霉门、担子菌门和 unclassified_k_Fungi 丰度,并降低子囊菌门丰度.

12 个处理中土壤真菌属水平物种相对丰度如图 4(b)所示.属水平下土壤真菌中,被孢霉属

(*Mortierella*,12.57%~36.07%)、毛霉属(*Pseudaleuria*, 1.38%~11.11%)、unclassified_k_Fungi(1.75%~4.94%)是 12 个处理中相对丰度排名前 3 的真菌属(相对丰度>1%).属水平土壤真菌在 12 个处理中相对丰度存在明显差异.与 Y0K0 处理相比,11 个施肥处理均可提高属水平土壤真菌中被孢霉属和 unclassified_k_Fungi 丰度,除 Y1K2 处理外,其余 10 个施肥处理均可降低属水平土壤真菌中毛霉属丰度.

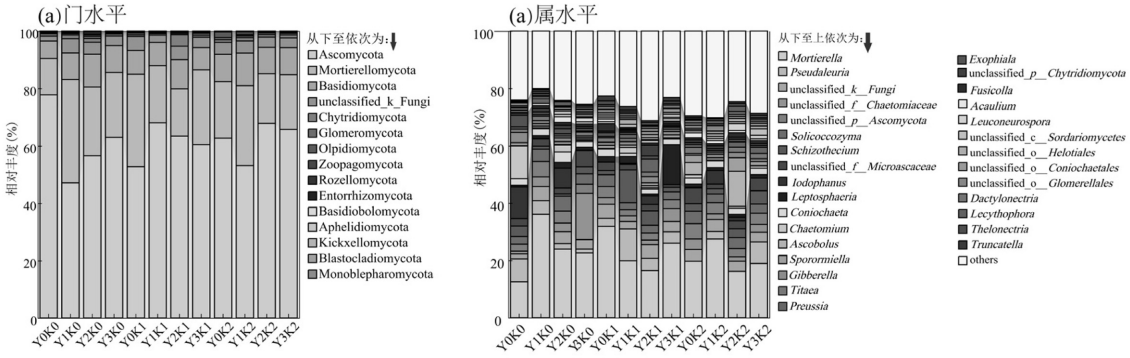


图 4 不同施肥处理土壤真菌群落门和属水平相对丰度

Fig.4 Relative abundance of soil fungal community at phylum level and genus levels in 12 fertilization treatments

2.3 微生物菌剂与羊板粪配施真菌多样性差异

2.3.1 土壤真菌群落α多样性分析 如图 5 所示,11 个施肥处理土壤真菌 OTU 数目、Shannon 指数、Ace 指数、Chao1 指数、Pielou 指数均高于 CK 处理(Y0K0).其中,Y2K1 处理 OTU 数目、Shannon 指数、Ace 指数、Chao1 指数、Pielou 指数均最高,分别为 688、4.87 、725.78、738.09 和 0.746,与 Y0K0 处理相比分别提高 44.5%、32.7%、42.1%、41.1%和 25.3%,且均达到显著水平(P<0.05).Simpson 指数在 12 个处理间无显著差异,表现为 Y0K0>Y3K0>Y3K1>Y2K2>Y1K1>Y1K0>Y2K0>Y1K2>Y0K2>Y3K2>Y2K1>Y1K1.上述结果表明,微生物菌剂配施羊板粪较 Y0K0 处理、单施羊板粪、单施微生物菌剂处理可增加土壤真菌 OTU 数目,提高除 Simpson 指数外的其他土壤真菌群落多样性指数,综合效果以 Y2K1 处理最好.

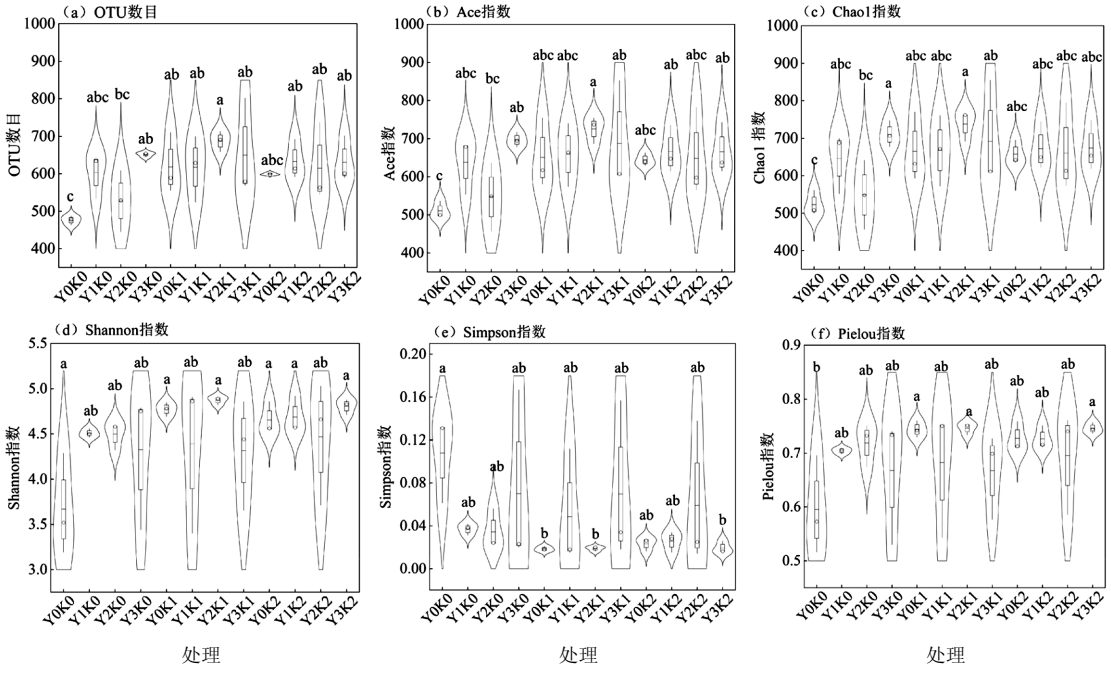


图 5 不同施肥处理下土壤真菌α多样性

Fig.5 Changes of α diversity of soil fungi in 12 fertilization treatments

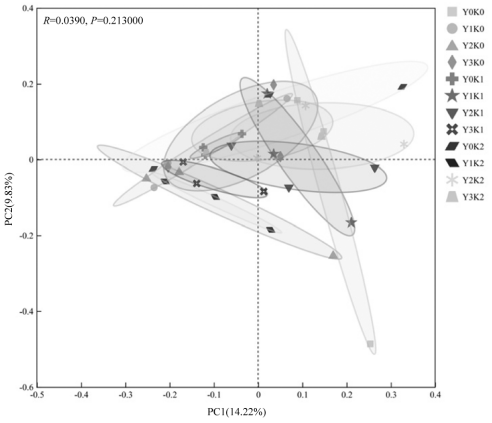


图 6　不同施肥处理下土壤真菌群落 PCoA 分析

Fig.6　PCoA analysis results of the soil fungal community in 12 fertilization treatments

2.3.2　土壤真菌群落 β 多样性(PCoA)分析　基于 Bray−Curtis 距离,对 12 个处理进行 PCoA 分析,结果如图 6 所示.Y0K0 处理土壤真菌聚集性较低,组内变异大;其他 11 个施肥处理,土壤真菌聚集性较高,组内变异小,其中 Y3K1 处理聚集性最高,组内变异最小.PC1 轴解释率为 14.22%,PC2 轴解释率为 9.83%,累计解释率为 24.05%,组间无显著差异(P=0.213).

2.4　微生物菌剂与羊板粪配施真菌单因素相关网络变化

为探究 Y0K0 处理和 11 个施肥处理土壤真菌属水平单因素分子网络特征和土壤真菌群落之间相互关系,构建了基于属水平的单因素相关网络(图 7).发现 12 个处理土壤真菌网络拓扑特性不同,即养分添加量不同,土壤真菌网络结构特征明显改变.土壤真菌网络在 Y3K0 处理边数最多(444 条),其次是 Y3K1 处理(412 条),而 Y0K0 处理边数仅为 402 条,和 Y3K3 处理相比降低了 10.45%.真菌网络节点数在 Y3K0 处理下最多,其次为 Y3K1 处理.真菌网络的正相关性在 Y3K0 处理最高,为 66.67%,其次为 Y1K1 处理,为 66.38%,Y3K2 处理为仅 48.57%,较 Y3K0 和 Y1K1 处理降低了 27.15%、26.83%.在真菌单因素相关网络中,担子菌门、子囊菌门、接合菌门、壶菌门是 12 个处理中最重要的连接节点.

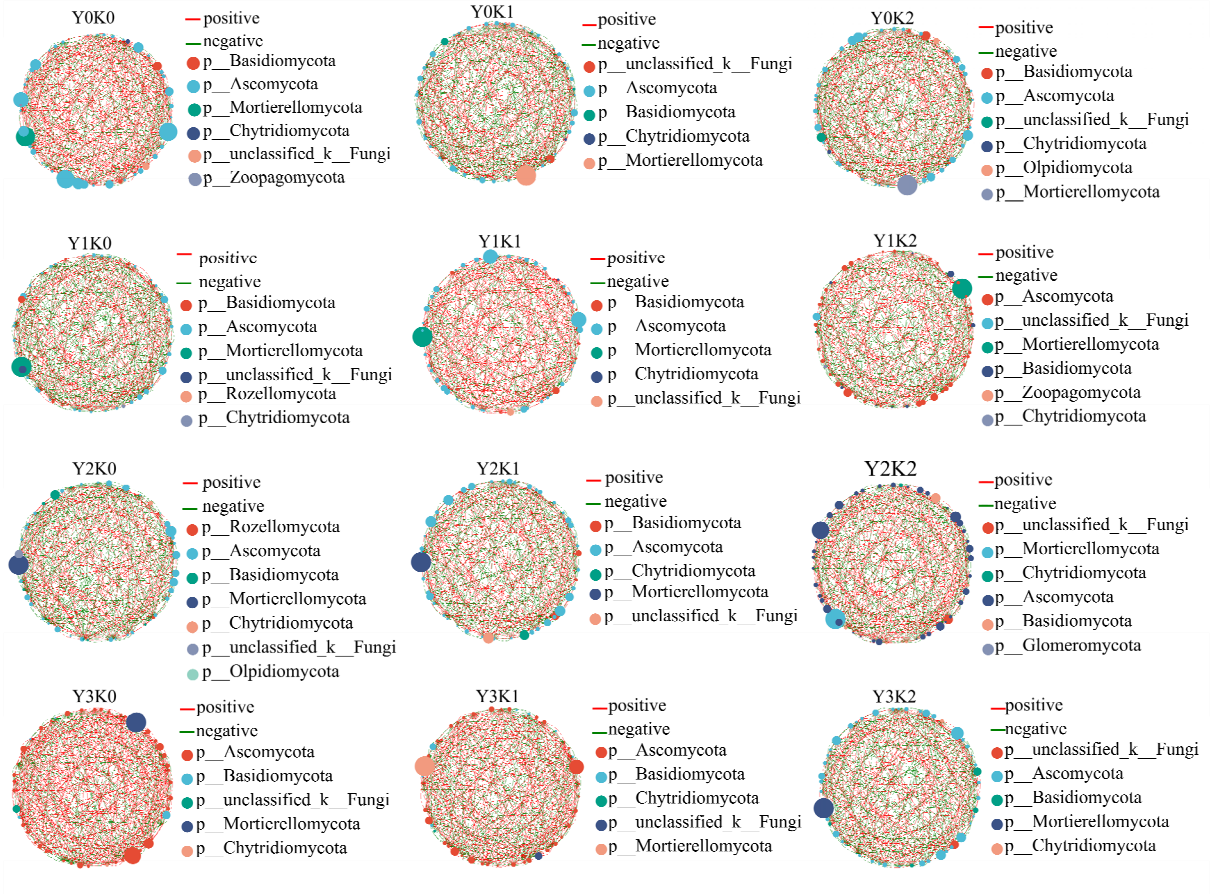


图 7　真菌基于属水平的单因素相关网络

Fig.7　Diagram of the fungal network at the genus level in 12 fertilization treatments

2.5 土壤环境因子、植物群落特征与真菌群落结构的耦合关系

采用Mantel test分析12个处理中土壤理化性状、植物群落特征与土壤真菌群落多样性的相关性.结果表明(图8),真菌群落Chao1指数与土壤全氮和地上生物量呈极显著相关(P<0.01),与土壤电导率呈显著相关(P<0.05);土壤真菌 Shannon 指数仅与植物盖度呈显著相关(P<0.05);土壤真菌 Simpson 指数与土壤电导率、土壤全氮和植物盖度呈显著相关(P<0.05);土壤真菌 Ace 指数与土壤全氮和地上生物量呈显著相关(P<0.05);土壤真菌 OTU 数目与土壤电导率、土壤全氮和地上鲜质量呈现出显著相关性(P<0.05).

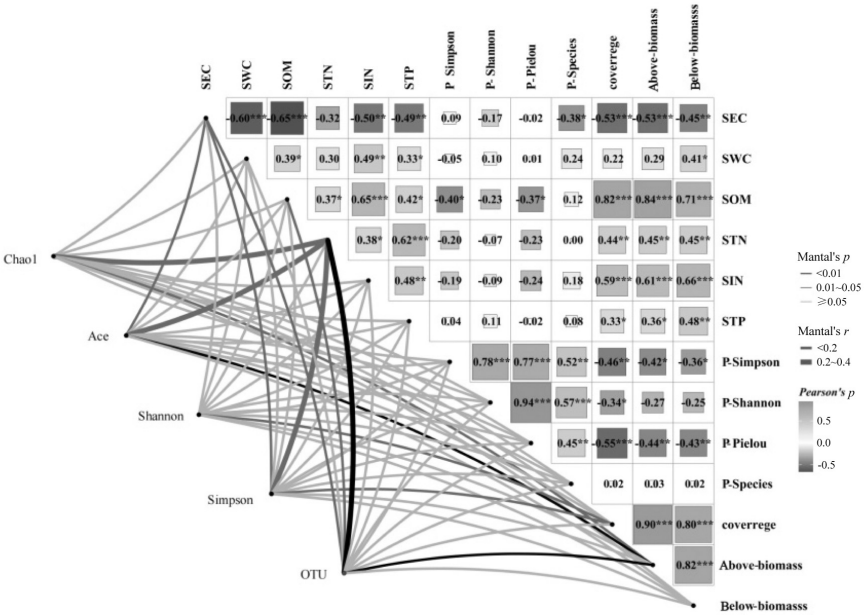


图 8 土壤理化性状、植物群落特征与土壤真菌群落结构的 Mantal 分析

Fig.8 Mantal analysis of soil physical and chemical properties, plant community characteristics and soil fungal community structure

不同星号表示显著水平,*表示 P < 0.05,**表示 P < 0.01,***表示 P < 0.001

SEC:土壤电导率; SWC:土壤含水率; S0M:有机质; STN:全氮; SIN:无机态氮; STP:全磷; P−Simpson:植物辛普森指数; P−Shannon:植物香农指数; P-pielou:均匀度指数;P−Species:Species 丰富度指数; coverage:植物盖度; above−biomass:地上生物量; below−biomasss:地下生物量

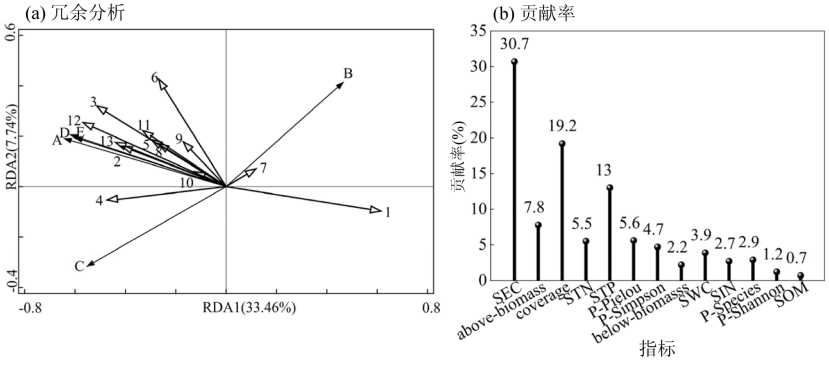


图 9 土壤理化性状、植物群落特征与土壤真菌群落结构的 RDA 分析

Fig.9 RDA analysis results of soil physical and chemical properties, plant community characteristics and soil fungal community structure

A:Otu; B:Simpson; C:Shannon; D:Ace; E:Chao 1; 1:土壤电导率; 2:土壤含水率; 3:有机质; 4:全氮; 5:无机态氮; 6:全磷; 7:植物辛普森指数; 8:植物香农指数; 9:植物均匀度指数; 10:植物 Species 丰富度指数; 11:植物盖度; 12:地上生物量; 13:地下生物量

以土壤真菌群落结构为响应变量,分别以植物群落特征、土壤理化特征为解释变量进行 RDA 分

析,结果见图 9.土壤真菌群落结构与植物群落特征、土壤理化特征在第 I 和 II 轴的解释率分别为 33.46%和 7.74%,SEC 箭头连线最长,贡献率为 30.7%,且达到显著水平,表明其是对土壤真菌群落结构影响最大的因子.SEC、P-Simpson 与 Simpson 指数成正相关,与 Shannon 指数、OTU 数目、Ace 指数、Chao 1 指数成负相关,其余植物群落特征、土壤理化特征与除 Simpson 指数外的其他土壤真菌多样性指数均呈正相关关系.

2.6　微生物菌剂与羊板粪配施土壤真菌功能预测

基于 FUNGuild 分析,进行 12 个处理土壤真菌菌群功能预测(图 10).共发现 28 种营养类型,排名前 4 的土壤真菌营养类型分别为未定义腐生真菌、未知真菌、内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生真菌、动物病原-粪便腐生-植物内生-植物外生-凋落物腐生-木质素腐生真菌.其中,Y0K0 处理土壤真菌以未定义腐生真菌为主,相对丰度高达 34.13%,其次为未知真菌,相对丰度为 13.42%;YIK1 处理土壤真菌中未定义腐生真菌相对丰度最高,为 23.80%,其次为内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生真菌,相对丰度为 19.87%;Y3K1 处理土壤真菌中内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生真菌占比最高,相对丰度高达 26.03%.与 CK 处理(Y0K0)相比,11 个施肥处理可提高土壤真菌中未知真菌、内生-凋落物腐生-土壤腐生-未定义腐生真菌丰度,降低动物病原-粪便腐生-植物内生-植物外生-凋落物腐生-木质素腐生真菌、未定义腐生真菌和动物病原-未定义腐生真菌丰度.



图 10　不同处理真菌 FUNGuild 功能多样性相对丰度

Fig.10　Relative abundance diagram of functional diversity of FUNGuild fungi in 12 treatments

3　讨论

3.1　微生物菌剂与羊板粪配施对退化高寒草甸植被群落特征的影响

近年来,三江源区高寒草甸生态系统呈现斑块化退化特征,具体表现为地表裸露区域持续扩张,土壤理化性状劣变趋势加剧,土壤酶活性呈现整体下降趋势,有效养分供给能力急剧衰减,土壤肥力已成为制约退化草地植被恢复的核心限制因子[12].研究表明,在退化高寒草甸土壤中联合施用羊板粪与微生物菌剂可产生协同改良效应:羊板粪为微生物活动提供碳源基质,功能菌群则加速其腐殖化进程,促使养分转化效率提升.该组合措施既能改善土壤孔隙结构,增强气体交换与水分渗透能力,又可优化植物根系吸收效能,在减少 30%羊板粪用量的前提下,仍能使土壤肥力指标获得显著提升,并有效缓解土壤理化性质恶化趋势[23-25].另外,Y2K1 和 Y2K2 处理组对土壤碳氮磷循环产生显著促进作用,而 Y3K1 和 Y3K2 处理组则出现养分累积抑制现象,显示出羊板粪和微生物菌肥施用量可能存在“饱和值”或“门限效应”[23-24].这一结果与对玉米的相关研究中所观察到的“高剂量菌肥投放偶尔导致微生物群落内部竞争或土壤养分转化效率降低”的结果一致[23,25].

任思雨等[26]发现,菌剂配施羊板粪能有效改善植被生长状况,修复后草地地上/地下生物量均出现显著提升;李泽藩等[27]在温带草原改良研究中也证实,菌剂与羊板粪配施可加速植被发育进程,修复后

草地生物量增幅明显,植物群落物种多样性指数显著提高.本试验中,单施羊板粪即可使高寒草甸植被盖度及生物量指标显著提升,其群落生物量随羊板粪用量增加呈现正相关增长,其中地上生物量增幅达 16.3%~36.1%,地下生物量增幅为 14.0%~28.8%;而在羊板粪施用基础上增配微生物菌剂,可进一步增强植被恢复效果,这种增益效应可能源于配施不仅能提供更均衡的养分供给,还能提高土壤养分分解速度,改善土壤团粒结构并提升土壤通气透水性及保肥能力,从而构建更适宜的植被生长微环境.值得注意的是,尽管所有处理组都表现出一定的增产效果,但不同配比处理对生物量和盖度的增益效应存在差异,Y2K1 和 Y2K2 处理组对植被盖度及生物量表现出显著促进作用,而 Y3K1 和 Y3K2 处理组则出现轻微抑制现象,也进一步显示出肥料施用量或菌群密度可能存在“饱和值”或“门限效应”[23,28-29].

3.2 微生物菌剂与羊板粪配施对退化高寒草甸土壤真菌多样性的影响

三江源区退化高寒草甸其生境条件恶劣,表现为土壤贫瘠、气温低、辐射强,上述因素共同制约了土壤真菌的种群扩增与物种多样性发展.研究证实,羊板粪添加能有效改善这一困境,其施用不仅可提升土壤肥力水平,促进嗜营养型真菌的快速增殖与种群建立,从而影响真菌群落结构[30].同时,微生物菌剂添加则可通过外源真菌的引入,显著提升真菌群落的功能多样性,增强了土壤真菌固碳效能及养分周转能力[31].本研究表明,不同修复措施对土壤真菌群落的影响存在显著差异,尤以羊板粪与菌剂配施效果最为突出,Y2K1 处理 Shannon−Wiene 指数显著高于 Y_0K_0(CK)处理及单一施肥处理.这一现象可能归因于两方面机制:一方面,羊板粪通过改善土壤团粒结构增强了水分保持、并分循环与气体交换能力,为真菌群落构建了更适宜的微生境[32];另一方面,菌剂携带的外源真菌与土著种群在养分充足的条件下形成互补增殖效应,进一步丰富了群落组成[33-35].这种“基质改良+生物接种”的联合策略,为退化高寒草甸的生态系统修复提供了科学依据.

不同施肥措施对土壤真菌群落结构组成影响不同.何晓冰等[36]在探究菌剂添加对真菌群落演替的影响时发现,随着菌肥投入量的增加,被孢霉门的比例呈现显著上升趋势,而子囊菌门的优势度则逐步降低.该真菌群落演替规律与两类真菌的营养生态位分化密切相关:被孢霉门作为典型的嗜营养型真菌,其种群规模与土壤肥力水平呈现显著正相关;子囊菌门成员多具有寡营养特性,更适应在贫瘠环境中生存,当土壤养分条件改善时,其生态位优势会被削弱[37-38].此外,该门真菌多属好氧类型,而羊板粪腐解过程会加速土壤氧气消耗,形成厌氧微环境,进一步限制其种群扩展[37-38].本研究结果显示,施肥处理组较 Y_0K_0 处理,其被孢霉门比例显著提升,而子囊菌门优势度显著下降,这与已有研究结论具有一致性.

单因素相关网络分析可解析土壤真菌群落内部相互作用及群落稳定性.本研究中,微生物菌剂和羊板粪配施处理,土壤真菌单因素相关网络呈现出显著的正相关主导特征,表明群落成员间形成了互利共生、代谢协同的合作关系.Lyu 等[11],王丹等[39]研究证实,真菌群落稳定性与网络边数及节点数呈显著正相关.Y3K0 和 Y3K1 处理下网络拓扑结构的复杂程度(边数与节点数)显著提升,表明该措施有效增强了根际真菌群落的稳定性,提升了其抵御环境胁迫的能力[40].作为土壤微生物群落核心类群,土壤真菌关键物种在调控微生物群落组装过程、优化土壤微环境及提升生态系统生产力方面具有关键作用.本研究鉴定出担子菌门、子囊菌门、接合菌门和壶菌门为施肥处理中土壤真菌关键节点类群,这些真菌类群在退化高寒草甸土壤生态修复中扮演着核心功能角色.其通过强化物种间相互作用网络,对改善土壤肥力条件和促进植被恢复方面具有显著贡献.

Mantel 检验结果表明,土壤真菌 Chao1 指数与地上生物量及土壤全氮含量间存在极显著正相关关系(P<0.01),这表明养分添加等生态修复措施不仅能促进退化高寒草甸的植被恢复,同时可促进土壤肥力恢复,而土壤肥力提升、植被恢复反过来亦可对土壤真菌群落多样性产生积极影响,构建良性生态循环[11].土壤电导率可直观反映土壤盐渍化程度,土壤电导率越高土壤盐分含量越高[41-42].熊辉等[43]在梨园系统的研究中发现,有机肥和菌肥施用在降低土壤电导率的同时,显著提升了真菌群落多样性.本研究发现菌肥与羊板粪配施可显著降低土壤电导率,同时冗余分析表明土壤电导率与土壤真菌群落

显著相关(P<0.05),即土壤电导率可显著影响真菌群落结构和功能,是驱动高寒退化草地根际真菌群落的关键因子.电导率驱动真菌群落优化的作用路径主要体现在以下 3 个方面:(1)养分供给调控—低电导率环境可增强氮磷等矿质养分的生物有效性,促进被孢霉门等嗜营养型真菌的种群扩张.(2)渗透胁迫缓解—电导率下降降低土壤溶液渗透压,有效减少真菌细胞质壁分离损伤,为担子菌门等盐敏感类群创造适宜生境,推动群落向多样化演替.(3)酶促反应激活:低盐分胁迫下,水解酶活性提高,可加速有机质分解进程,为真菌群落提供持续稳定的能量供给.综上所述,在退化高寒草甸修复中,通过合理施肥(如羊板粪+菌剂)调控土壤电导率,可显著提升真菌物种丰富度,同时增强群落稳定性[41-44].

植物群落和微生物群落稳定性是一个长期评价的结果,本研究受限于时间,仅探讨了修复第 1a 的植物群落特征和土壤真菌群落修复效果,相关结论只是初步结果.在未来研究中,应在更大地域范围内开展多点试验或长期定位监测,明确不同处理下的最佳施肥组合.这些研究将为精准调控土壤-植物系统提供更扎实的理论基础,有助于在三江源区等相对脆弱的生态区构建高效、可持续的生态修复草地.

4　结论

4.1　微生物菌剂和羊板粪配施处理后草地植物群落 Shannon- Wiener 多样性指数、生物量、盖度与 CK(Y_0K_0)处理相比显著增加,Y2K2 处理地上生物量最高(336.87g/m^2),较 CK 处理增幅高达 52.0%.

4.2　Y2K1 处理土壤真菌群落 OTU 数目、Shannon 指数、Ace 指数、Chao1 指数和 Pielou 指数均较 CK 处理显著增加,增幅分别为 44.5%、32.7%、42.1%、41.1%和 25.3%.同时,网络复杂程度上升,且网络以正相关关系为主.子囊菌门、被孢霉门、担子菌门、unclassified_k_Fungi 是高寒退化草地根际真菌群落的关键物种.

4.3　草地土壤电导率是驱动高寒退化草地根际真菌群落变化的关键土壤因子,贡献率为 30.7%.与 CK 处理相比,微生物菌剂与羊板粪配施土壤真菌响应功能群中凋落物腐生营养型、土壤腐生营养型和交叉营养型相对丰度明显增多.

参考文献:

[1] 杨　冲,王春燕,王文颖,等.青藏高原黄河源区高寒草地土壤营养特征变化及质量评价 [J]. 生态环境学报, 2022,31(5):896-908.
Yang C, Wang C Y, Wang W Y, et al. Changes of soil nutrient characteristics and quality evaluation of alpine grassland in the source region of the Yellow River on the Qinghai-Tibet Plateau [J]. Journal of Ecological Environment, 2022,31(5):896-908.

[2] Niu Y, Zhu H, Yang S, et al. Overgrazing leads to soil cracking that later triggers the severe degradation of alpine meadows on the Tibetan Plateau [J]. Land Degradation and Development, 2019,30(10):1234-1257.

[3] 童生春,李国荣,李进芳,等.黄河源高寒草甸退化秃斑地土壤基本特征及其风蚀规律 [J]. 水土保持研究, 2023,30(4):10-17.
Tong S C, Li G R, Li J F, et al. Soil basic characteristics and wind erosion law of degraded bald spots in alpine meadow of the Yellow River source [J]. Soil and water conservation research, 2023,30(4):10-17.

[4] 段成伟,李希来,马盼盼,等.人工修复措施对退化高寒草甸土壤养分及酶活性的影响 [J]. 西北农业学报, 2022,31(4):431-440.
Duan C W, Li X L, Ma P P, et al. Effects of artificial restoration measures on soil nutrients and enzyme activities in degraded alpine meadow [J]. Journal of Northwest Agriculture, 2022,31(4):431-440.

[5] 柴　瑜,李希来,于金峰,等.有机肥施用量对黄河源不同坡向退化高寒草甸土壤团聚体及有机碳的影响 [J]. 草地学报, 2022,30(7):1613-1620.
Chai Y, Li X L, Yu J F, et al. Effects of organic fertilizer application rate on soil aggregates and organic carbon of degraded alpine meadow in different slopes of the Yellow River source [J]. Acta Grassland, 2022,30(7):1613-1620.

[6] 柴　瑜,李希来,马盼盼,等.施肥和控鼠对退化高寒草甸植物-土壤-微生物碳氮磷化学计量特征的影响 [J]. 中国草地学报, 2023,45(1):12-22.
Chai Y, Li X L, Ma P P, et al. Effects of fertilization and rodent control on the stoichiometric characteristics of plant-soil- microorganism carbon, nitrogen and phosphorus in degraded alpine meadow [J]. Journal of China Grassland, 2023,45(1):12-22.

[7] 杨鹏年,李希来,李成一,等.黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应 [J]. 环境科学, 2023,44(4):2293-2303.
Yang P N, Li X L, Li C Y, et al. Response of soil microbial diversity to long-term enclosure in the degraded alpine meadow in the source region of the Yellow River [J]. Environmental Science, 2023,44(4):2293-2303.

[8] 王　玲,施建军,董全民,等.氮、磷添加对高寒草原群落多样性和生物量的影响 [J]. 草地学报, 2019,27(6):1633-1642.
Wang L, Shi J J, Dong Q M, et al. Effects of nitrogen and phosphorus addition on community diversity and biomass of alpine grassland [J]. Acta Grassland, 2019,27(6):1633-1642.

[9] Liu Y, Xu X, Wei D, et al. Plant and soil responses of an alpine steppe on the Tibetan Plateau to multi-level nitrogen addition [J]. Plant and soil, 2013,373:515-529.

[10] Han Y, Ma Z L, Chen R, et al. Organic substitution regulated the soil microbial communities by modifying nutrient limitations in saline-alkaline soils [J]. Agricultural Water Management, 2025,316:

109586.

[11] Lyu L L, Gao P, Cai Z C, et al. Topographic habitat drive the change of soil fungal community and vegetation soil characteristics in the rhizosphere of kengyilia thoroldiana in the sanjiangyuan region [J]. Journal of Fungi, 2025,11(7):531.

[12] 高 佩,李希来,柴 瑜,等.羊板粪与枯草芽孢杆菌配施对退化高寒草甸土壤养分及酶活性的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2024,(11):29-36.
Gao P, Li X L, Chai Y, et al. Effects of combined application of sheep manure and Bacillus subtilis on soil nutrients and enzyme activities in degraded alpine meadow [J]. China Soil and Fertilizer, 2024,(11):29-36.

[13] 张 波,李江荣,郭亮娜,等.有机肥添加对土壤微生物的影响研究进展 [J]. 吉林林业科技, 2024,53(6):27-32.
Zhang B, Li J R, Guo L N, et al. Research progress on the effect of organic fertilizer addition on soil microorganisms [J]. Jilin Forestry Science and Technology, 2024,53(6):27-32.

[14] 何冬冬,魏欣琪,林紫婷,等.不同有机肥对植烟红壤真菌群落结构及功能的影响 [J]. 植物营养与肥料学报, 2020,26(11):2081-2094.
He D D, Wei X Q, Lin Z T, et al. Effects of different organic fertilizers on the structure and function of fungal community in tobacco-growing red soil [J]. Acta Plant Nutrition and Fertilizer, 2020,26(11):2081-2094.

[15] 胡生斌,李长慧,于中阳,等.羊板粪和颗粒有机肥配施对高寒矿区土壤理化性质及真菌群落多样性的影响 [J]. 青海农林科技, 2024,(4):9-14,123.
Hu S B, Li C H, Yu Z Y, et al. Effects of combined application of sheep manure and granular organic fertilizer on soil physical and chemical properties and fungal community diversity in alpine mining areas [J]. Qinghai Agriculture and Forestry Science and Technology, 2024,(4):9-14,123.

[16] Schwalb S A, Li S W, Hemkemeyer M, et al. Long term differences in fertilisation type change the bacteria: archaea: fungi ratios and reveal a heterogene ous response of the soil microbial ionome in a Haplic Luvisol [J]. Soil Biology & Biochemistry, 2023,177:108892.

[17] 刘 芳,汪航飞,蒲春燕,等.不同施肥对葡萄苗根际微生物量、土壤酶活性和生理的影响 [J]. 四川农业大学学报, 2023,41(2):318-324.
Liu F, Wang H F, Pu C Y, et al. Effects of different fertilization on rhizosphere microbial biomass, soil enzyme activity and physiology of grape seedlings [J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2023,41(2):318-324.

[18] 李明星,江 慧,李锐定,等.功能菌剂偶联有机肥对秸秆还田及土壤生物学特性的影响研究 [J]. 中国环境科学, 2025,45(2):870-881.
Li M X, Jiang H, Li R D, et al. Effects of functional microbial inoculum coupled with organic fertilizer on straw returning and soil biological characteristics [J]. China Environmental Science, 2025,45(2):870-881.

[19] 朱诗君,王丽丽,金树权,等.微生物菌剂菌肥对西瓜连作障碍的缓解作用 [J]. 中国农学通报, 2023,39(28):48-53.
Zhu S J, Wang L L, Jin S Q, et al. Alleviating effect of microbial inoculum fertilizer on continuous cropping obstacle of watermelon [J]. chinese agricultural science bulletin, 2023,39(28):48-53.

[20] Chen W, Teng Y, Li Z, et al. Mechanisms by which organic fertilizer and effective microbes mitigate peanut continuous cropping yield constraints in a red soil of south China [J]. Applied soil ecology, 2018,128:23-34.

[21] Baruah G, Molau U, Jägerbrand A K, et al. Impacts of seven years of experimental warming and nutrient addition on neighbourhood species interactions and community structure in two contrasting alpine plant communities [J]. Ecological Complexity, 2018,33:31-40.

[22] 鲍士旦.土壤农化分析 [M]. (第三版).北京:中国农业出版社, 2000:25-100.
Bao S D. Soil agrochemical analysis [M]. (Third Edition). Beijing: China Agricultural Press, 2000:25-100.

[23] 左丽峰.菌剂与不同肥料配施对土壤肥力及玉米生长发育影响的研究 [D]. 晋中:山西农业大学, 2005.
Zuo L F. Study on the effect of microbial inoculum combined with different fertilizers on soil fertility and corn growth and development [D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2005.

[24] Tian X G, Zhang X, Yang G P, et al. Effects of microbial fertilizer application on soil ecology in saline–alkali fields [J]. Agronomy, 2024,15(1):14.

[25] Wan S X, Li F, Wang J, et al. Effects of phosphate-solubilizing microbial agents on the growth of maize seedlings and the bacterial community structure and phosphorus forms in rhizosphere soil [J]. China Soil and Fertilizer, 2024,(2):80-88.

[26] 任思雨,刘雨涵,刘颖慧,等.复合微生物菌剂对退化草地植物生长和土壤质量的影响 [J]. 生态学报, 2025,45(7):1-12.
Ren S Y, Liu Y H, Liu Y H, et al. Effects of compound microbial agents on plant growth and soil quality in degraded grassland [J]. Acta Ecologica Sinica, 2025,45(7):1-12.

[27] 李泽藩,张振豪,董书明,等.施肥对退化草地植被生产力和群落结构特征的影响 [J]. 草地学报, 2024,23(9):2973-2981.
Li Z F, Zhang Z H, Dong S M, et al. Effects of fertilization on vegetation productivity and community structure characteristics of degraded grassland [J]. Acta Grassland, 2024,23(9):2973-2981.

[28] 吕亮雨,段国珍,李发毅,等.微生物菌剂对枸杞生长及土壤养分的影响 [J]. 江苏农业科学, 2023,51(1):168-175.
Lv L Y, Duan G Z, Li F Y, et al. Effects of microbial agents on the growth of Lycium barbarum and soil nutrients [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2023,51(1):168-175.

[29] 吕亮雨,施建军,蔡宗程,等.粪肥配施化肥对退化高寒草原牧草生产和土壤养分的影响 [J]. 草地学报, 2025,33(6):2023-2032.
Lv L Y, Shi J J, Cai Z C, et al. Effects of manure combined with chemical fertilizer on forage production and soil nutrients in degraded alpine grassland [J]. Acta Grassland, 2025,33(6):2023-2032.

[30] Liu H Y, Xu W, Li J Y, et al.Short-term effect of manure and straw application on bacterial and fungal community compositions and abundances in an acidic paddy soil [J]. Journal of Soils and Sediments, 2021,21(9):1-15.

[31] Wu Q C, Chen Y, Dou X H, et al.Microbial fertilizers improve soil quality and crop yield in coastal saline soils by regulating soil bacterial and fungal community structure [J]. The Science of the Total Environment, 2024,949:175127.

[32] 乔千洛,武燕茹,李钦瑶,等.商品有机肥和羊板粪对高寒矿区人工草地和土壤特性的影响 [J]. 草地学报, 2024,32(8):2659-2669.

Qiao Q L, Wu Y R, Li Q Y, et al. Effects of commercial organic fertilizer and sheep manure on artificial grassland and soil characteristics in alpine mining area [J]. Acta Grassland, 2024,32(8): 2659−2669.

[33] 冯海萍,陈　卓,杨　虎.微生物菌剂对连作芹菜根际土壤真菌群落多样性与结构的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 2024,42(2):53−61,70.
Feng H P, Chen Z, Yang H. Effects of microbial agents on the diversity and structure of rhizosphere soil fungal communities of continuous cropping celery [J]. Agricultural Research in Arid Areas, 2024,42(2): 53−61,70.

[34] 高熙楞,孔　涛,李华孙,等.古龙酸母液、木霉菌与活性污泥配施对矸石山黑麦草生理特性及土壤微生物性质的影响 [J]. 生态环境学报, 2023,32(9):1709−1718.
Gao X C, Kong T, Li H S. Effect of combined application residue after evaporation, *Trichoderma longibrachiatum* and activated sludge on physiological characteristics of perennial ryegrass and soil microbial properties in gangue hill [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2023,32(9):1709-1718.

[35] 祝　静,于　存.长枝木霉菌肥对玉米生长、土壤肥力和根际微生物的影响 [J]. 生物技术通报, 2022,38(4):230−241.
Zhu J, Yu C. Effects of *Trichoderma longibrachiatum* on maize growth, soil fertility and rhizosphere microorganism [J]. Soil and Crops, 2022, 11(4):458−469.

[36] 何晓冰,卜亚艇,许跃奇,等.不同微生物菌剂对烤烟根际微生物群落的影响 [J]. 浙江农业科学, 2024,65(12):2869−2877.
He X B, Bu Y T, Xu Y Q, et al. Effects of different microbial agents on rhizosphere microbial community of flue−cured tobacco [J]. Zhejiang Agricultural Sciences, 2024,65(12):2869−2877.

[37] Boer W, Folman L B, Summerbell R C, et al. Living in a fungal world: Impact of fungi on soil bacterial niche development [J]. FEMS microbiology reviews, 2005,29(4):795−811.

[38] 王梓廷.土壤微生物群落分布和多样性对保护性耕作的响应及其机制 [D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2018.
Wang Z Y. Response of soil microbial community distribution and diversity to conservation tillage and its mechanism [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2018.

[39] 王　丹,李心怡,卢　涵,等.设施蔬菜栽培对土壤微生物群落结构及微生物互作的影响 [J]. 中南农业科技, 2024,45(11):13−22.
Wang D, Li X Y, Lu H, et al. Effects of protected vegetable cultivation on soil microbial community structure and microbial interaction [J]. Central South Agricultural Science and Technology, 2024,45(11): 13−22.

[40] Shen M, Chen X D, Zhang X L, et al. Changes in arbuscular mycorrhizal fungal attributes along a chronosequence of black locust (Robinia pseudoacacia) plantations can be attributed to the plantation−induced variation in soil properties [J]. Science of the Total Environment, 2017,599/600:273−283.

[41] 田　乾,张卫青,乌兰图雅,等.畜粪及粪金龟对内蒙古典型草原土壤电导率和pH值的影响 [J]. 干旱区资源与环境, 2024,38(8):179−188.
Tian G, Zhang W Q, Ulan T Y, et al. Effects of livestock manure and dung beetles on soil conductivity and pH value of typical grasslands in Inner Mongolia [J]. Resources and Environment in Arid Areas, 2024,38(8):179−188.

[42] 邵孝候,张宇杰,常婷婷,等.生物有机肥对盐渍土壤水盐动态及番茄产量的影响 [J]. 河海大学学报(自然科学版), 2018,46(2):153−160.
Shao X H, Zhang Y J, Chang T T, et al. Effects of bio−organic fertilizer on water and salt dynamics and tomato yield in saline soil [J]. Journal of Hohai University (Natural Science Edition), 2018,46(2): 153−160.

[43] 熊　辉,张鲜花,撒成辉,等.施肥对天然割草地植物群落、土壤养分及微生物的影响 [J]. 中国草地学报, 2025,47(6):34−45.
Xiong H, Zhang X H, Sa C H, et al. Effects of fertilization on plant communities, soil nutrients,and microorganisms in natural mowing grassland [J]. Journal of China Grassland, 2025,47(6):34−45.

[44] 颜珲璘.高寒地区禾/豆混播草地微生物与牧草互作机制研究 [D]. 西宁:青海大学, 2023.
Yan H L. Study on interaction mechanism between microorganisms and forage biomass in Grass-legume mixtures in alpine region [D]. Xining: Qinghai University, 2023.

作者简介：高　佩(1996−),女,河南驻马店人,青海大学博士研究生,主要从事高寒草地生态修复研究.发表论文 18 篇.1639245486@qq.com.