

高寒草甸退化对优势物种根际土壤微生物量及酶活性的影响

马 源,张德罡,周 恒,周会程,陈建纲

(甘肃农业大学 草业学院/草业生态系统教育部重点实验室/甘肃省草业工程实验室/中-美草地畜牧业可持续发展研究中心,甘肃 兰州 730070)

摘要:以祁连山东缘的4个不同退化程度(未退化、轻度退化、中度退化、重度退化)高寒草甸为研究对象,测定分析了高寒草甸退化对优势物种和土壤理化性质的影响,以及不同退化程度优势物种对根际土壤和非根际土壤中3大类微生物的数量、微生物生物量(碳、氮、磷)的含量以及酶活性的影响。结果表明:(1)随高寒草甸退化程度的加剧,植物群落多样性呈下降趋势,土壤中有有机碳、全氮、全磷和速效磷的含量呈逐渐降低的趋势;(2)随退化程度的加剧,根际和非根际土壤中3大类微生物的数量呈逐渐降低的趋势,并且不同退化程度下根际和非根际土壤中微生物的数量均表现为,细菌>放线菌>真菌;(3)随退化程度的加剧,根际和非根际土壤中微生物生物量MBC,MBN和MNP的含量和土壤蔗糖酶、蛋白酶、脲酶、过氧化氢酶的活性均呈逐渐降低的趋势,并且土壤中微生物生物量的含量和土壤酶的活性均表现为根际土壤高于非根际土壤。

关键词:高寒草甸;退化程度;土壤微生物;土壤酶

中图分类号:S154.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1009-5500(2019)04-0044-09

过度放牧和人类不合理的开发利用使祁连山自然保护区大面积的高寒草甸发生了严重的退化,祁连山东缘作为人类活动的密集区,是整个祁连山区域退化最严重的高寒草甸地区之一。现今对于高寒草甸的恢复和对自然生态的保护已经成为众多生态学家所关注的重点^[1],有研究报道,高寒草甸的退化主要是生态系统中能量流动和物质循环的不平衡造成^[2],而根际作为土壤-植物-微生物之间相互作用的界面,以及物质循环和能量交换的结点,不仅对土壤中养分转化具有重要意义,而且对根际微生物的活性具有较强的影响^[3-4],因此,了解不同退化程度根际和非根际土壤微生物的多样性以及土壤微生物的特征,对于研究草地

退化过程中土壤养分的循环具有重要作用。

土壤微生物作为影响地球化学循环的重要因子,不仅对改变土壤理化性质和促进植物生长发育具有重要意义^[5-6]。同时能够作为土壤中养分的储存库参与土壤中的养分循环^[7]。研究报道,土壤微生物生物量的多少与土壤的健康状况具有密切关系,当土壤中微生物生物量的含量降低时,其微生物的活性越差,最终表现为土壤退化程度越高^[8]。同样,土壤中微生物生物量的高低也可作为检测草地农业生态系统中物质循环能力强弱的指示性因子^[9]。此外,土壤微生物对环境的变化非常敏感,有研究报道,不同退化程度的土壤,其微生物生物量的多少和微生物的活性强弱均有较大差异^[10]。目前,大多数学者对草地退化的研究还集中在宏观生态学方面,例如土壤理化特性、群落结构以及植被特性等方面,而从生理生态学角度来探究草地退化机理的研究则相对较少,尤其是退化程度不同的草地其根际中土壤微生物生物学特性的变化规律尚不明晰。而根际作为土壤中物质交换的强烈区域,在调控土壤pH,养分的周转率和转化,微生物的活性以及酶的活性等方面相比较非根际土壤更为灵敏^[11],因

收稿日期:2019-01-10; **修回日期:**2019-04-22

基金项目:科技部国家重点研究发展计划(2016YFC0501902)资助

作者简介:马源(1989-),男,甘肃嘉峪关人,博士研究生。

E-mail:mayuan608@163.com

张德罡为通讯作者。

E-mail:zhangdg@gsau.edu.cn

此,试验通过对祁连山东缘 4 个不同退化程度的高寒草甸样地(未退化草甸、轻度退化草甸、中度退化草甸、重度退化草甸)展开研究,分析不同退化程度的高寒草甸对优势物种根际土壤和非根际土壤中 3 大类微生物数量,土壤微生物生物量的含量以及土壤酶活性的变化。为进一步了解草地退化对根际的影响,为高寒草甸恢复和重建提供一定的理论依据。

1 材料和方法

1.1 样地概况

研究地点位于甘肃省祁连山东缘,地理位置 E 102°44′11″~102°46′17″,N 37°11′42″~37°13′5″,其草地类型为寒温潮湿高山草甸类,土壤类型为亚高山

草甸土,山地黑钙土,山地草甸土,土壤含水量在 50%~80%,土壤 pH 6.94~8.17,显微碱性。海拔 2 869.8~3 008.3 m,年均温-0.1~0.6℃,全年≥0℃的积温为 1 360℃,年降水量 446 mm,主要集中在 7~9 月,年均蒸发量 1483~1 614 mm,气候寒冷潮湿,水热同期,平均相对湿度 55%,年日照时间 2 600 h^[18]。主要植被包括珠芽蓼(*Polygonum viviparum*)、早熟禾(*Poa annua*)、披碱草(*Elymus dahuricus*)、线叶嵩(*Carex capillifolia*)、矮嵩草(*Kobresia humilis*)、甘肃棘豆(*Oxytropis kansuensis*)、唐松草(*Thalictrum* spp.)、委陵菜(*Potentilla* spp.)、凤毛菊(*Saussurea* spp.)、扁蓿豆(*Melissilus ruthenicus*)、乳白香青(*Anaphalis lactea*)、狼毒(*Stellera chamaejasme*)等(表 1)。

表 1 样地概况
Table 1 Basic condition of plots

样地	海拔/m	经纬度	优势植物	植被盖度/%	植被高度/cm	地上总生物量/(g·m ⁻²)
未退化草地(ND)	3 008.3	N 37°13′5″ E 102°44′11″	珠芽蓼,披碱草, 线叶嵩	98%~100%	20.87±2.91	403.31±7
轻度退化草地(LD)	2 940.2	N 37°11′58″ E 102°46′17″	线叶嵩草,矮生嵩 草,扁蓿豆	82%~85%	18.62±1.25	364.18±9
中度退化草地(MD)	2 869.8	N 37°11′42″ E 102°47′01″	矮生嵩草,线叶 嵩草,扁蓿豆	70%~78%	17.38±0.63	245.42±4
重度退化草地(SD)	2 893.6	N 37°12′5″ E 102°45′59″	乳白香青,矮生嵩 草,披碱草	32%~38%	2.16±0.26	99.05±11

1.2 样地设置与土壤样品采集

根据《天然草地退化、沙化、盐渍化的分级标准》(GB 19377-2003)^[12],于 2018 年 8 月在甘肃省天祝县金强河草原站附近选取未退化草地(ND),轻度退化草地(LD),中度退化草地(MD)以及重度退化草地(SD),每个样地设 50 m×50 m 的 1 个大样方,并且在大样方内通过 S 型取样法,选取 4 个样点,每个样地为 4 个重复,在每个样点里设置 1 m×1 m 的 1 个小样方,用方格法测定每个小样方中植物高度,植被盖度,植物种类以及植物数量,以确定该退化梯度下的优势植物。同时在小样方内选取 1 个 50 cm×50 cm 的样方用于采集地上生物量,最后在做样方的地方分别挖取 1 个长宽高为 0.15 m×0.15 m×0.20 m 的土块,用保鲜膜将土块包好并做好标记,放入干冰箱中运回实验室在无菌工作台中进行土壤样品的分离,包括根际土壤、非根际土壤以及用来测定土壤微生物生物量

的土壤样品。

试验室内需将土壤进行处理,优势植物根际土壤样品的采集参考 Chaudhary 的抖落法^[11],将所挖取的完整土体进行分离(根系分布范围内),先轻柔抖落大块不含根系的土壤,并通过人工手段取下附在根系周围的土壤(5~10 mm)为非根际土(bulk soil,BS),装入自封袋中混匀。抖落之后仍粘在植物根系上的土壤(0~2 mm)为根际土壤(rhizosphere soil,RS),用细毛刷收集装入无菌自封袋中。根际土(RS)和非根际土(BS)分为两部分,一部分保存为鲜样,一部分自然阴干,用作土壤相关指标的测定。

1.3 测定方法

1.3.1 土壤微生物量碳、氮、磷及微生物活性的测定
土壤微生物量碳,氮,磷采用氯仿熏蒸法^[13]。土壤微生物碳(MBC)采用高锰酸钾硫酸外加热法;土壤微生物氮(MBN)采用凯氏定氮法;土壤微生物磷(MBP)

采用碳酸钠浸提-钼锑抗比色法,并计算土壤微生物量碳,氮和磷。

土壤微生物量碳(mg/kg)=(E_C - E_{C0})/0.38

土壤微生物量氮(mg/kg)=(E_N - E_{N0})/0.54

土壤微生物量磷(mg/kg)=(E_P - E_{P0})/0.40

式中:E_C,E_N和E_P分别为熏蒸土样浸提液中碳,氮和磷的量;E_{C0},E_{N0}和E_{P0}分别为未熏蒸土样浸提液中碳,氮和磷的量;校正系数分别是K_C=0.38,K_N=0.54和K_P=0.4。

1.3.2 土壤微生物数量的测定 微生物真菌、细菌、放线菌采用平板涂抹法的方法测定^[14]。真菌和放线菌在28℃培养5~8 d,细菌在30℃培养3 d,然后对每1个平板进行菌落计数,按稀释倍数换算每克土的菌落总数。根际土壤和非根际土壤中真菌的数量采用马丁·孟加拉红琼脂培养基;细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基;放线菌采用改良高氏1号培养基。

1.3.3 土壤理化性质的测定 土壤有机碳(SOC),土壤全氮(TN),土壤全磷(TP)的测定依照《土壤分析技术规范》的方法^[15];土壤速效磷(AP)参考张德罡等^[16]高锰酸钾氧化-葡萄糖还原法的测定方法;土壤pH用去CO₂的蒸馏水(1:2.5土水比的浸提液)浸提后用pH计测定^[15];土壤样品中蔗糖酶(Invertase)、脲酶(UE)、过氧化氢酶(CAT)和蛋白酶(Protease)的活性使用苏州科铭生物公司的试剂盒(土壤蔗糖酶(comin SSC-2-Y)、土壤脲酶(comin SUE-2-Y)、土壤过氧化氢酶(comin SCAT-2-Y)、土壤蛋白酶(comin SNPT-2-Y))进行测定。

1.4 数据统计与分析

群落多样性计算^[17]:

玛格列夫指数:Ma=(S-1)/lnN

辛普森多样性指数:D=1-∑^s_{i=1}P_i²

香农-威纳指数H=-∑^s_{i=1}P_ilnP_i

均匀度指数:E=H/lnS

式中:S为物种数;P_i表示第*i*个种在全体物种中的重要性比例,N为全部种的个体数。

研究采用SPSS 19.0进行数据分析,采用单因素法进行差异显著性分析;利用Excel 2013进行数据整理;通过Origin 9.0进行图表绘制,利用R(3.5.1)语言做双变量相关分析。

2 结果与分析

2.1 不同退化程度高寒草甸植物特征和土壤理化性质

祁连山东缘高寒草甸退化程度的加剧,从整体上分析,使植物群落类型在一定程度上发生了明显的改变,从未退化草甸到重度退化草甸莎草科植物枝叶嵩呈现逐渐消失的趋势,而菊科植物乳白香青则表现出增加的趋势,说明草地退化程度的加剧,使高寒草甸区植物可利用性降低。同时,植物群落盖度由100%下降到32%,植物平均高度由20.87 cm降低到2.16 cm,表明高寒草甸区的退化在一定程度上使植物群落的光能利用率下降,最终使土壤的理化性质发生改变(表2)。

并对4个梯度高寒草甸植物群落进行α-多样性分析可知,随退化程度的加剧,Margalef指数呈逐渐降低的趋势,Simpson多样性指数呈先上升后降低的趋势,Shannon-weiner指数和Pielou指数呈逐渐上升的趋势(表3)。

表2 不同退化程度高寒草甸土壤理化性质

Table 2 Soil physical and chemical properties of alpine meadows with different degrees of degradation

指标	ND		LD		MD		SD	
	根际土壤	非根际土壤	根际土壤	非根际土壤	根际土壤	非根际土壤	根际土壤	非根际土壤
SOC/(g/kg)	9.57±0.13 ^a	8.90±0.11 ^b	8.21±0.09 ^a	7.41±0.12 ^b	7.41±0.15 ^a	6.57±0.08 ^b	6.15±0.14 ^a	5.10±0.09 ^b
TN/(g/kg)	4.84±0.05 ^a	4.20±0.11 ^b	4.09±0.08 ^a	3.55±0.17 ^b	3.17±0.14 ^a	2.89±0.28 ^b	2.57±0.18 ^a	1.77±0.08 ^b
TP/(g/kg)	1.14±0.07 ^a	0.82±0.05 ^b	0.83±0.02 ^a	0.70±0.01 ^b	0.53±0.08 ^a	0.43±0.05 ^b	0.38±0.06 ^a	0.25±0.07 ^a
AP/(mg/kg)	28.7±0.85 ^a	22.8±1.74 ^b	24.8±1.42 ^a	22.4±0.97 ^a	14.2±1.12 ^a	9.81±1.89 ^b	19.1±1.17 ^a	14.24±1.50 ^b
pH	7.62±0.09 ^b	8.00±0.08 ^a	7.58±0.05 ^a	7.69±0.06 ^a	7.42±0.03 ^b	7.57±0.04 ^a	7.31±0.11 ^b	7.53±0.02 ^a

注:不同小写字母表示同一退化程度根际土壤与非根际土壤理化性质间差异显著(P<0.05)

表 3 高寒草甸不同退化程度的植物多样性

Table 3 Plant diversity of different degrees of degradation in alpine meadows

退化程度	指数	多样性指数	指数	指数
ND	2.336 7±0.13 ^a	2.387 4±0.14 ^b	0.881 6±0.07 ^c	0.822 3±0.04 ^b
LD	1.835 9±0.25 ^b	2.782 0±0.07 ^a	1.119 6±0.03 ^b	0.922 9±0.03 ^a
MD	1.577 9±0.12 ^b	2.692 6±0.11 ^a	1.169 4±0.11 ^{ab}	0.928 8±0.01 ^a
SD	1.168 3±0.09 ^c	2.537 9±0.03 ^{ab}	1.316 7±0.08 ^a	0.930 7±0.02 ^a

注:不同小写字母表示同一退化程度根际土壤与非根际土壤理化性质间差异显著($P<0.05$)

对退化程度不同的高寒草甸土壤理化性质分析可知(表 2),草地退化程度的加剧,使土壤中 SOC、TN、TP 和 AP 的含量降低,SOC 的含量从 9.57 降低至 6.15 g/kg;TN 的含量由 4.84 降低至 1.77 g/kg;TP 的含量由 0.82 下降至 0.25 g/kg;AP 的含量由 22.8 降低至 14.24 mg/kg,且差异性显著($P<0.05$)。土壤 pH 则呈现逐渐升高的趋势,由 7.51 上升至 8.08,这表明高寒草甸的退化降低了土壤中养分的含量,同时土壤环境由中性向偏碱性性转变。

2.2 不同退化程度高寒草甸土壤酶活性的特征

退化程度的加剧,导致非根际土壤中过氧化氢酶,脲酶以及蛋白酶的活性逐渐降低,变化分别为过氧化氢酶 70.28~66.66 mg/(g·h)、脲酶 812.01~442.79 μ g/(g·d)、蛋白酶 0.55~0.25 mg/(g·d);同时,根际土壤中过氧化氢酶、脲酶以及蛋白酶的活性与非根际土壤中酶活性的变化趋势一致,变化分别为过氧化氢酶 77.66~72.32 mg/(g·h)、脲酶 912.49~576.69 μ g/(g·d)、蛋白酶 0.62~0.34mg/(g·d)。根际土

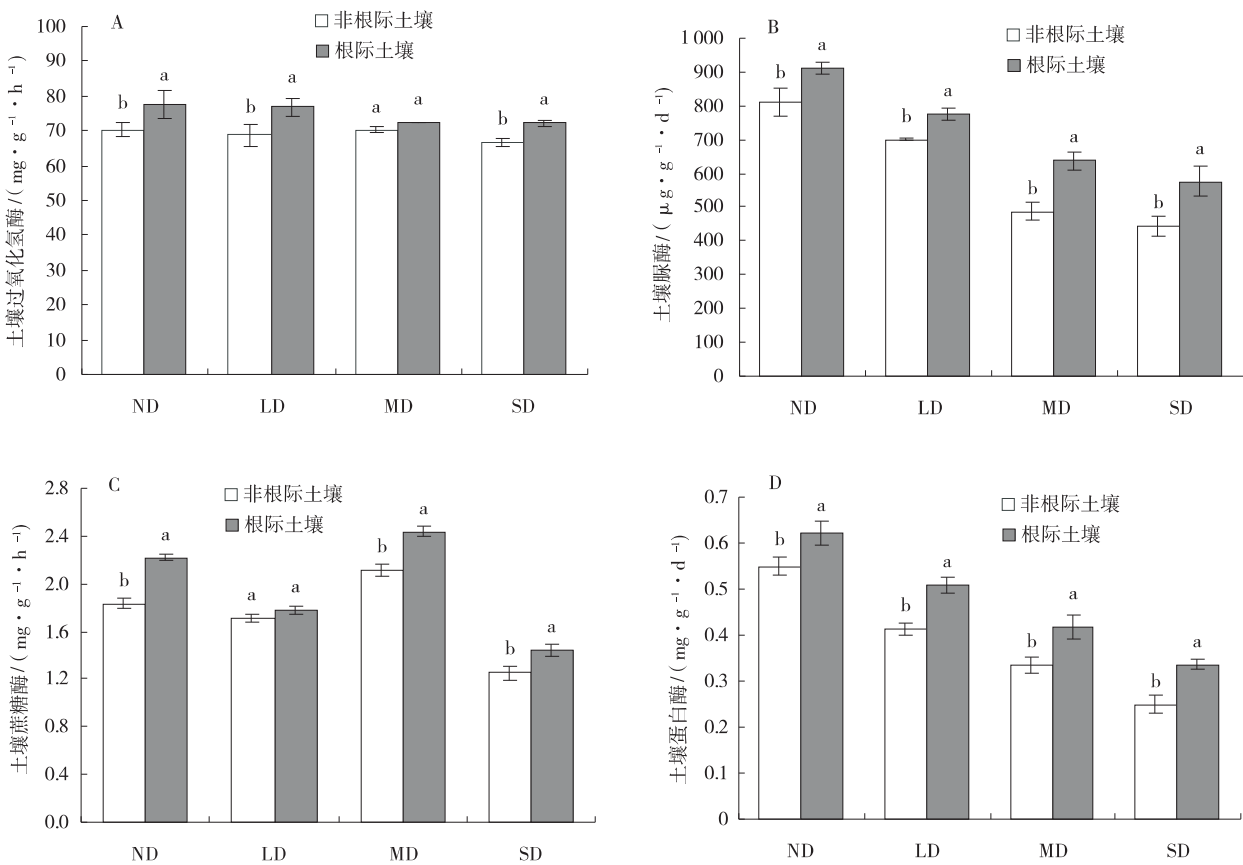


图 1 不同退化程高寒草甸根际与非根际土壤酶活性

Fig. 1 Rhizosphere and non-rhizosphere soil enzyme activities in different degraded alpine meadows

注:不同小写字母表示同一退化程度根际土壤与非根际土壤理化性质间差异显著($P<0.05$)

壤和非根际土壤中土壤蔗糖酶的含量在中度退化草甸中活性最高,为 2.44 mg/(g·h)和2.12 mg/(g·h)。退化程度的加剧,导致根际和非根际土壤中脲酶和土壤蛋白酶的活性均表现为差异性显著($P<0.05$)。过氧化氢酶表现为在中度退化程度下根际和非根际土壤差异不显著($P>0.05$),其他 3 个退化程度下差异显著($P<0.05$)。土壤蔗糖酶的活性在轻度退化程度下差异不显著($P>0.05$),其他 3 个退化程度下差异性显著($P<0.05$)(图 1)。

2.3 高寒草甸退化对土壤微生物数量的变化特征

祁连山东缘不同退化程度高寒草甸根际土壤和非根际土壤中 3 大类土壤微生物数量总体表现为细菌>放线菌>真菌(表 4)。高寒草甸退化程度的加剧,使

根际土壤和非根际土壤中真菌的数量表现为 ND>LD>MD>LD,且数量变化范围分别从 4.12 到 1.74($\times 10^3$ cfu/g),3.92 到 1.37($\times 10^3$ cfu/g);根际土壤和非根际土壤中细菌的数量表现为 ND>MD>LD>LD,数量变化范围分别从 2.05 到 0.55($\times 10^6$ cfu/g),1.67 到 0.41($\times 10^3$ cfu/g);根际土壤和非根际土壤中放线菌的数量表现为 ND>LD>MD>LD,且数量变化范围分别从 1.73 到 0.37($\times 10^6$ cfu/g),1.54 到 0.28($\times 10^6$ cfu/g)。并且在同一退化程度下根际与非根际土壤中真菌、细菌以及放线菌的数量均差异性显著($P<0.05$)。可见,根际土壤中 3 大类微生物的数量高于非根际土壤的微生物数量,说明根际区域微生物的活性更加强烈。

表 4 不同退化程度高寒草甸土壤微生物数量

Table 4 Soil micro-organism number at different degraded degree alpine meadow

微生物 种类	退化程度							
	未退化草甸 ND		轻度退化草甸 LD		中度退化草甸 MD		重度退化草甸 SD	
	非根际	根际	非根际	根际	非根际	根际	非根际	根际
真菌 ($\times 10^3$ cfu/g)	3.92 $\pm$ 0.02 ^b	4.12 $\pm$ 0.03 ^a	2.67 $\pm$ 0.01 ^b	3.06 $\pm$ 0.02 ^a	2.41 $\pm$ 0.04 ^b	2.87 $\pm$ 0.02 ^a	1.37 $\pm$ 0.01 ^b	1.74 $\pm$ 0.01 ^a
细菌 ($\times 10^6$ cfu/g)	1.67 $\pm$ 0.02 ^b	2.05 $\pm$ 0.01 ^a	1.51 $\pm$ 0.01 ^b	1.74 $\pm$ 0.02 ^a	1.67 $\pm$ 0.03 ^b	1.82 $\pm$ 0.01 ^a	0.41 $\pm$ 0.03 ^b	0.55 $\pm$ 0.04 ^a
放线菌 ($\times 10^6$ cfu/g)	1.54 $\pm$ 0.03 ^b	1.73 $\pm$ 0.03 ^a	1.41 $\pm$ 0.04 ^b	1.62 $\pm$ 0.02 ^a	1.15 $\pm$ 0.01 ^b	1.31 $\pm$ 0.03 ^a	0.28 $\pm$ 0.02 ^b	0.37 $\pm$ 0.03 ^a

注:不同小写字母表示同一退化程度根际土壤与非根际土壤微生物数量间差异显著($P<0.05$),下同

2.4 不同退化程度高寒草甸土壤微生物生物量特征

退化程度的加剧,导致非根际土壤中 MBC, MBN 和 MBP 的含量逐渐降低,且变化分别为 MBC 432.41~177.28 mg/kg,MBN 31.06~17.05 mg/kg,MBP 27.21~12.28 mg/kg;根际土壤中 MBC 和 MBN 的变化与非根际土壤保持一致,变化分别为: MBC 486.32~236.77 mg/kg,MBN 34.71~19.11 mg/kg,但根际土壤中的 MBP 的含量呈先下降后上升的趋势,且变化为 MBP 30.95~19.32 mg/kg,中度退化草甸中根际 MBP 的含量低于重度退化草甸中的 MBP 含量。同时,根际土壤和非根际土壤中 MBC 的含量差异性显著($P<0.05$);MBN 的含量在未退化和退化草甸中差异显著($P<0.05$),但在中度退化和重度退化草甸中差异不显著($P>0.05$);MBP 的含量在 4 个不同退化程度下均为显著性差异($P<0.05$)(图 2)。

3 讨论

3.1 高寒草甸退化对植物多样性和土壤理化性质的影响

有研究报道当外界环境发生变化时将会导致生态系统中植物群落的多样性发生改变^[18],同时,植物群落的变化必然会导致土壤中有机储备的变化^[19],而土壤中有机物质的变化会促使土壤中微生物的组成和数量发生根本性变化^[20]。因此,研究高寒草甸退化过程中优势物种的变化趋势,有助于进一步揭示植物与土壤微生物之间的相关性。试验发现,随高寒草甸退化程度的加剧,从未退化草地到重度退化草地,草地上植物物种数量呈逐渐降低的趋势,并且优势物种从以莎草科为主的线叶嵩逐渐变为以菊科为主的乳白香青,说明植物群落的类型发生了改变,与刘振国等^[21]人的研究结论有相似性。研究发现随着高度较高的线叶嵩

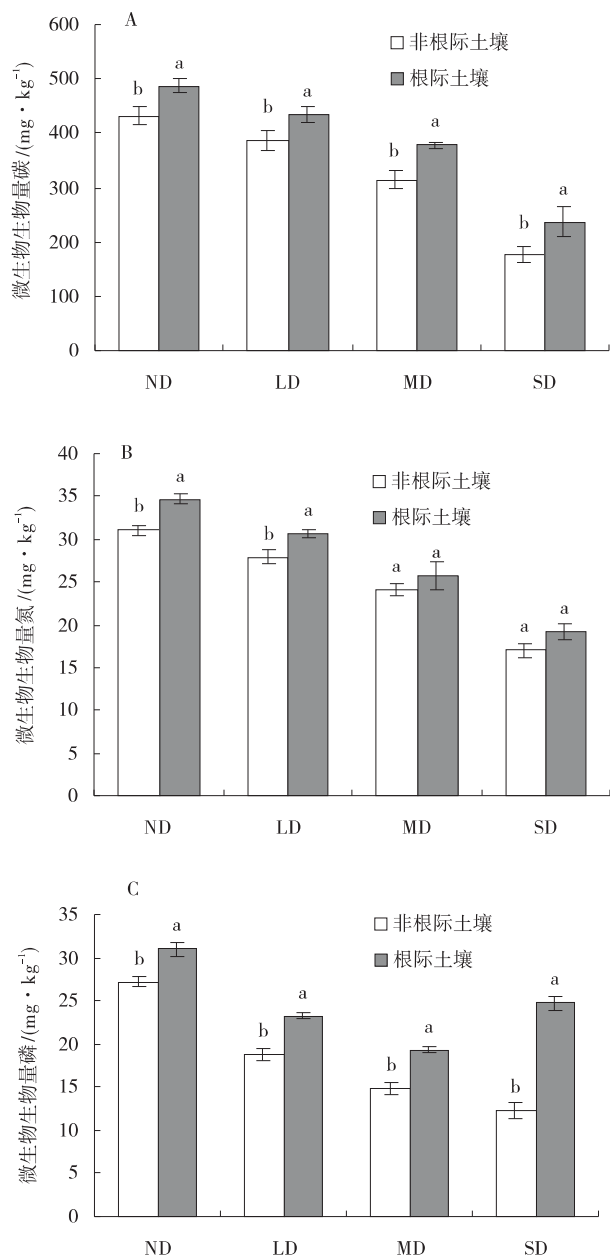


图 2 不同退化程高寒草甸根际与非根际
土壤酶活性

Fig. 2 Rhizosphere and non-rhizosphere soil enzyme activities in different degraded alpine meadows

和珠芽蓼等物种的退出,相对低矮的乳白香青和矮生蒿草逐渐增加,同时对不同退化程度草地进行样方调查发现,随退化程度的加剧草地群落的高度和盖度呈现降低趋势,这种变化是因为草地群落中优势物种的改变导致植物群落的生产力发生了改变,与肖玉等^[22]的研究具有相似的特性,随着退化程度的加剧植物群落组分是植物群落结构和生产力变化的核心。

研究发现同一退化程度下,根际土壤中养分含量高于非根际土壤,并且根际土壤的 pH 高于非根际土壤的 pH,这是因为根际过程在一定程度上提高了土

壤中阴阳离子的交换能力,同时植物根系能够分泌大量的有机酸,从而提高了 H^+ 的浓度。而在不同退化程度下发现,随退化程度的加剧,根际和非根际土壤中 pH 均有一定程度的下降,是因为优势物种发生变化,导致其根系分泌物的种类和数量发生变化而造成,需要做进一步的试验和论证。有研究报道,植物的生长和发育对土壤中的养分含量起到重要的作用,并且土壤的养分状况能够正向的反应草甸的健康状态,因此,土壤养分含量的多少能够直接决定植物的生长优劣和植物的生产力强弱^[23-25]。

土壤酶作为存在于土壤中的生物催化剂,是土壤系统最活跃的部分,能够催化和激活土壤中难溶性的养分,使其变为易被植物吸收的状态^[26],同时,土壤中微生物的活性和数量与土壤酶有直接关系^[27],因此,土壤酶是检验土壤质量和微生物活性的重要指标。试验发现,随退化程度的加剧,根际土壤和非根际土壤中 4 种酶的活性呈逐渐降低的趋势,并且根际土壤中酶的活性高于非根际土壤中酶的活性(图 1),说明在根际土壤中微生物的活性和数量远远高于非根际土壤,同时,根际养分含量高于非根际养分含量(表 2),进一步说明土壤养分的表聚效应^[23]。这与李海云等^[23]、刘江等^[28]和胡雷等^[29]的研究结果一致。在同一退化程度下由于根际土壤中微生物的活性较高、水热条件和通气性良好以及根系分泌物主要在根系表层富集,使得根际土壤酶的活性显著高于非根际土壤。而随着退化程度的加剧,由于外界环境和植物自身的原因限制了土壤中酶的活性。因此,大量研究表明草地的退化降低了土壤中酶的活性。土壤中过氧化氢酶的活性随退化程度的加剧变化不明显,而其他 3 个酶的活性具有显著地变化,说明过氧化氢酶对高寒草甸的退化不敏感。

3.2 高寒草甸退化对土壤微生物生物量的影响

土壤微生物量作为反映土壤良好状态的关键性指标,能够快速表征微生物的活跃性^[30]。因此,通过对微生物生物量的研究能够帮助人们进一步探究植物-土壤-土壤微生物之间的互作关系。土壤微生物生物量受到多种生态因素影响,其中,包括植被类型^[31],土壤质地等^[11]。随高寒草甸退化程度的加剧,土壤中 MBC, MBN 和 MBP 的含量呈现逐渐降低的趋势,与 Zhao 等^[10]报道的结果相似。这些发现表明,植物群落的改变以及植被盖度的降低能够减少土壤中 MBC,

MBN 和 MBP 的含量。从另一方面分析,由于高寒草甸在太阳直射下,导致土壤的水土保持能力和养分的流失加速,因此,当草甸区样地退化严重时,植被盖度和高度的下降,从而使微生物的生长和发育受到抑制。从微生物生物量的角度分析,未退化样地的植物盖度和高度显著强于重度退化草地,因此,ND 中土壤中微生物生物量显著高于 SD,与研究结果一致,植物的多样性能够反映土壤中微生物的生物量。同时研究发现,根际土壤中 MBC,MBN 和 MNP 含量显著高于非根际土壤中,这就进一步说明,植物根系分泌物的减少和植物凋落物数量的降低,使土壤中养分的基底物质含量降低,从而制约土壤微生物生物量的生长和繁衍,这与张超等^[32]的研究结果具有相似性。因此,而土壤微生物对于草地农业生态系统的动态响应非常剧烈。

3.3 高寒草甸退化对土壤微生物数量与组成的影响

在高寒草甸生态系统中,土壤微生物的群落结构对外界环境和土壤状况有较强的依附性,微生物的群落结构对外界资源的变化具有耐受性和灵敏性^[33],因此,微生物群落结构能够准确并迅速反应土壤微域的变化状况。研究发现,高寒草甸随退化程度的加剧,土壤中真菌、细菌、放线菌的数量呈逐渐降低的趋势,这与试验中植物群落多样性的改变,土壤养分状况,土壤酶的活性以及土壤微生物生物量的变化具有一致性,这说明,微生物的群落结构与环境因子均有关系,都是外部环境的变化使整个土壤微环境发生改变。由于草地生态系统发生了逆向演替的现象,使草地的覆盖度降低,从而使太阳光直射土壤层,抑制了一部分微生物的生长,并伴随大量微生物的死亡,这与薛亚芳等^[34]研究的结果具有相似性。同时对比微生物群落结构中真菌、细菌、放线菌的数量可知,在高寒草甸土壤中细菌>放线菌>真菌,这与该地区土壤 pH 有相关性,真菌能够适应偏酸环境,而细菌和放线菌适应偏碱环境。因此,土壤中真菌的数量显著低于细菌和放线菌的数量,这与王国荣等^[35]的研究一致。研究还发现,不同退化样地微生物的群落结构表现为根际土壤显著高于非根际土壤,其原因是,不同优势物种根际过程以及土壤酶活性对微生物群落起到一定的调控作用。因此,高寒草甸的退化对于土壤中微生物数量与组成有深远的影响。

4 结论

(1)高寒草甸区域发生退化时,将会导致退化区域

植物的种类、数量、高度以及盖度不断降低;根际和非根际土壤养分不断降低,同时根际和非根际土壤中过氧化氢酶、脲酶以及蛋白酶的活性等相关酶的活性不断下降;根际和非根际土壤中微生物生物量碳、氮和磷的含量不断下降,并且根际和非根际土壤中真菌、细菌以及放线菌的数量表现为逐渐降低的趋势;(2)同一退化程度中,根际土壤中 SOC、TN、TP 以及 AP 的含量均显著高于非根际土壤,同时根际土壤中 pH 低于非根际土壤;根际土壤中土壤过氧化氢酶、土壤脲酶、土壤蛋白酶以及土壤蔗糖酶的活性均显著高于非根际土壤;根际土壤中 MBC,MBN 和 MBP 的含量显著高于非根际土壤;土壤 3 大类微生物数量,根际土壤显著高于非根际土壤;(3)不同退化程度高寒草甸根际土壤和非根际土壤中 3 大类土壤微生物数量总体表现为细菌>放线菌>真菌;(4)草地退化过程中,优势物种的改变对草地微生物群落具有重要的影响,同时,根际过程对草地植物的生长和发育尤为重要。

参考文献:

- [1] Grigulis K,Lavorel S,Krainer U,*et al.* Relative contributions of plant traits and soil microbial properties to mountain grassland ecosystem services[J]. *Journal of Ecology*, 2013,101(1):47—57.
- [2] Gao Y,Schumann M,Chen H,*et al.* Impacts of grazing intensity on soil carbon and nitrogen in an alpine meadow on the eastern Tibetan Plateau[J]. *Applied Ecology & Environmental Research*,2008,6(3):69—79.
- [3] Haichar F E Z,Santaella C,Heulin T,*et al.* Root exudates mediated interactions belowground[J]. *Soil Biology and Biochemistry*,2014,77:69—80.
- [4] 吴林坤,林向民,林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J]. *植物生态学报*,2014,38(3):298—310.
- [5] Chapman E,Cadilloquiroz H,Childers D L,*et al.* Soil microbial community composition is correlated to soil carbon processing along a boreal wetland formation gradient[J]. *European Journal of Soil Biology*,2017,82:17—26.
- [6] 周正虎,王传宽. 生态系统演替过程中土壤与微生物碳氮磷化学计量关系的变化[J]. *植物生态学报*,2016,40(12):1257—1266.
- [7] 蒋婧,宋明华. 植物与土壤微生物在调控生态系统养分循环中的作用[J]. *植物生态学报*,2010,34(8):979—988.
- [8] Zhou H,Zhang D,Jiang Z,*et al.* Changes in the soil microbial communities of alpine steppe at Qinghai-Tibetan

- Plateau under different degradation levels[J]. *Science of The Total Environment*, 2019, 651: 2281—2291.
- [9] 张莉, 党军, 刘伟, 等. 高寒草甸连续围封与施肥对土壤微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 2012, 23(11): 3072—3078.
- [10] Zhao J, Nie Y J, Qiao Z J, *et al.* Preliminary Investigation of the Relationship between Vegetation Types and Soil Microbial Flora and Biomass in Northern Shanxi Province[J]. *International Journal of Agricultural and Biology*, 2018, 20(7): 1695—1700.
- [11] Chaudhary D R, Gautam R K, Yousuf B, *et al.* Nutrients, microbial community structure and functional gene abundance of rhizosphere and bulk soils of halophytes[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, 91: 16—26.
- [12] 苏大学, 张自和, 陈佐忠. GB19377-2003 天然草地退化, 沙化, 盐渍化的分级指标[S]. 北京: 中国标准出版社, 2003.
- [13] 蒋永梅, 姚拓, 田永亮, 等. 不同管理措施对高寒草甸土壤微生物量季节性变化的影响[J]. *草原与草坪*, 2016, 36(5): 105—110.
- [14] 李振高, 骆永明, 滕应. 土壤与环境微生物研究法[M]. 科学出版社, 2008.
- [15] 全国农业技术推广服务中心. 土壤分析技术规范[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [16] 张德罡, 马玉寿. 草原土壤速效磷测定方法的比较[J]. *草业科学*, 1995(3): 70—72.
- [17] 毛亮, 周杰, 郭正刚. 青藏高原高寒草原区工程迹地面积对其恢复植物群落特征的影响[J]. *生态学报*, 2013, 33(11): 3547—3554.
- [18] Nilsson M C, Wardle D A, Deluca T H. Belowground and aboveground consequences of interactions between live plant species mixtures and dead organic substrate mixtures[J]. *Oikos*, 2008, 117(3): 439—449.
- [19] 吴秀芝, 阎欣, 王波, 等. 荒漠草地沙漠化对土壤养分和胞外酶活性的影响[J]. *生态环境学报*, 2018, 27(6): 1082—1088.
- [20] Chen X, Hou F, Wu F, *et al.* Bacterial and Fungal Community Structures in Loess Plateau Grasslands with Different Grazing Intensities[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 606.
- [21] 刘振国, 李镇清. 退化草原冷蒿群落 13 年不同放牧强度后的植物多样性[J]. *生态学报*, 2006, 26(2): 475—482.
- [22] 肖玉, 陈米贵, 周杰, 等. 青藏高原腹地青藏苔草草原不同退化程度的植物群落特征[J]. *应用与环境生物学报*, 2014, 20(4): 639—645.
- [23] 李海云, 张建贵, 姚拓, 等. 退化高寒草地土壤养分、酶活性及生态化学计量特征[J]. *水土保持学报*, 2018, 32(5): 287—295.
- [24] 张生楹, 张德罡, 柳小妮, 等. 东祁连山不同退化程度高寒草甸土壤养分特征研究[J]. *草业科学*, 2012, 29(7): 1028—1032.
- [25] 赵云, 陈伟, 李春鸣, 等. 东祁连山不同退化程度高寒草甸土壤有机质含量及其与主要养分的关系[J]. *草业科学*, 2009, 26(5): 20—25.
- [26] 关松荫, 孟昭鹏. 不同垦殖年限黑土农化性状与酶活性的变化[J]. *土壤通报*, 1986(4): 157—159.
- [27] 单贵莲, 初晓辉, 罗富成, 等. 围封年限对典型草原土壤微生物及酶活性的影响[J]. *草原与草坪*, 2012, 32(1): 1—6.
- [28] 刘江, 徐先英, 张荣娟, 等. 不同退化程度人工梭梭林对土壤理化性质与生物学特性的影响[J]. *草业学报*, 2017, 26(12): 1—12.
- [29] 胡雷, 王长庭, 王根绪, 等. 三江源区不同退化演替阶段高寒草甸土壤酶活性和微生物群落结构的变化[J]. *草业学报*, 2014, 23(3): 8—19.
- [30] Waid J S. Does soil biodiversity depend upon metabiotic activity and influences[J]. *Applied Soil Ecology*, 1999, 13(2): 0—158.
- [31] 朱万泽, 王金锡, 张秀艳, 等. 华西雨屏区不同恢复阶段湿性常绿阔叶林的土壤微生物多样性[J]. *生态学报*, 2007, 27(4): 1386—1396.
- [32] Zhang C, Liu G, Xue S, *et al.* Rhizosphere soil microbial activity under different vegetation types on the Loess Plateau, China[J]. *Geoderma*, 2011, 161(3—4): 1—125.
- [33] 曹艳峰, 李彦, 李晨华, 等. 荒漠灌木梭梭 (*Haloxylon ammodendron*) 周围土壤微生物的空间分布[J]. *生态学报*, 2016, 36(6): 1628—1635.
- [34] 薛亚芳, 宗宁, 何念鹏, 等. 长期围封和自由放牧对高寒草甸土壤微生物群落结构及碳源代谢多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(8): 2705—2712.
- [35] 王国荣, 陈秀蓉, 韩玉竹, 等. 东祁连山高寒灌丛土壤微生物的分布特征[J]. *草原与草坪*, 2006(3): 27—30.

Effects of alpine meadow degradation on microbial biomass and enzyme activities in rhizosphere soil of dominant species

Ma Yuan,Zhang De-gang,Zhou-Heng,Zhou Hui-cheng,Chen Jian-gang

*(College of Pratacultural Science,Gansu Agricultural University/Key Laboratory of Grassland Ecosystem/
Ministry of Education Sion-U. S. Centers for Grazing Land Ecosystem Sustainability)*

Abstract: To explore the effects of changes in dominant species on soil enzymes and soil microbial characteristics during the degradation of alpine meadows. In this study, we used four different degrees of degradation (Non-degraded, Light-degraded, Moderate-degraded and severely-degraded grasslands) alpine meadows in the Qilian Mountains of the northeastern were chosen as the research area. Characteristic changes of the physico-chemical properties of dominant species and soils,the number of three major types of microorganisms in rhizosphere soil and non-rhizosphere soils of dominant species with different degrees of degradation,microbial organisms the amount of carbon (nitrogen,phosphorus) and the effect of enzyme activity were determined and analyzed in alpine meadows under different degrees of degradation. The results showed that: (1) With the increase of the degradation degree of alpine meadow,the diversity of plant community showed a downward trend accompanied by the change of dominant species,while the content of organic carbon,total nitrogen,total phosphorus and available phosphorus in soil gradually decreased. (2) With the increase of degradation degree,the number of three types of microorganisms in rhizosphere and non-rhizosphere soils gradually decreased,and the number of microorganisms in rhizosphere and non-rhizosphere soils under different degrees of degradation showed that bacteria>actinomycetes> fungi. (3) With the increase of degradation degree,the contents of microbial biomass (MBC,MBN,MNP) and the activities of soil enzymes (sucrose,protease,urease,catalase) in rhizosphere and non-rhizosphere soil gradually decreased,and the content of microbial biomass and soil enzyme activity in the soil were recognized as rhizosphere soil was higher than non-rhizosphere soil. The results of this study provide new ideas for the interaction between plants and soil microbes,and provide a scientific basis for vegetation restoration in ecologically fragile areas.

Key words: alpine meadow;degree of degradation;soil microbes;soil enzymes