

封育和水平沟生态恢复措施对宁夏黄土丘陵区典型草原土壤生物学特性的影响

周瑶², 马红彬^{1,2}, 贾希洋², 沈艳^{1,2}, 周静静², 闫鹏科², 陆琪², 王建伟²

(1. 宁夏大学西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地, 银川 750021; 2. 宁夏大学农学院, 银川 750021)

摘要: 研究禁牧封育和水平沟生态恢复措施下黄土丘陵区典型草原土壤生物学特性变化, 以期为该区草地生态建设提供依据。采用空间梯度代替时间梯度的方法, 在宁夏黄土丘陵区典型草原, 选取未封育(放牧)、封育 3~15 a、水平沟整地后 1~15 a 的土壤, 分析 0—10、10—20、20—30、30—40 cm 土壤微生物数量、微生物生物量碳、量氮和土壤酶活性的变化特征及其相关性。结果表明: (1) 试验区土壤微生物类群以放线菌为主, 达到 86.18%~94.43%, 数量表现为放线菌>细菌>真菌, 土壤微生物总数、细菌和放线菌数、微生物生物量碳、量氮含量, 脲酶、蛋白酶、磷酸酶、蔗糖酶活性随着草地封育年限增加呈上升趋势, 但水平沟措施下随着整地年限延长呈上升—下降—上升的趋势, 2 种措施下土壤过氧化氢酶活性变化趋势与其他指标相反, 真菌数在封育 6 a 和水平沟 6 a 较低, 分别为 11.33、4.67 cfu/g; (2) 各处理下, 0—40 cm 土壤微生物和酶活性整体呈现上层土壤高于下层土壤, 土壤微生物、酶活性与有机碳等主要养分含量相关性显著 ($p < 0.05$); (3) 相近恢复年限下, 土壤微生物数量、微生物生物量碳、微生物生物量氮以及酶活性总体为封育草地高于水平沟 ($p < 0.05$); 研究认为, 禁牧封育较水平沟措施更有利于黄土丘陵区典型草原土壤微生物和酶活性的增加。

关键词: 黄土丘陵区典型草原; 土壤微生物; 土壤酶活性; 水平沟; 禁牧封育

中图分类号: S154.3

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242(2017)03-0263-08

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcbx.2017.03.044

Effects of Enclosure and Level Trench Engineering Ecological Restoration on Soil Biological Characteristics of Typical Steppe in Loess Hilly Area in Ningxia

ZHOU Yao², MA Hongbin^{1,2}, JIA Xiyang², SHEN Yan^{1,2},

ZHOU Jingjing², YAN Pengke², LU Qi², WANG Jianwei²

(1. State Key Laboratory Breeding Base of Land Degradation and Ecological Restoration of North-western China, Yinchuan 750021; 2. Agricultural College, Ningxia University, Yinchuan 750021)

Abstract: In order to provide the basis for ecological construction in the area of grassland, we studied the effects of enclosure and level trench ecological restoration on soil biological characteristics in the hilly Loess Plateau Gully steppe. Using the method of space gradient instead of time gradient, in typical steppe in the loess hilly area of Ningxia, we selected soils in areas which included the unenclosed (grazing), enclosed for 3—15 years, the level trench after 1—15 years, analyzed the change characteristics and relationship of the number of microorganisms, soil microbial biomass nitrogen and carbon, and soil enzyme activity the in 0—10 cm, 10—20 cm, 20—30 cm, and 30—40 cm soil layers. The results showed that: (1) Soil microbial community in the test area was dominated by actinomycetes, which accounted for 86.18%—94.43%, and the overall order was actinomycetes > bacteria > fungi, the amount of soil microorganisms, the number of bacteria and actinomycetes, microbial biomass carbon and nitrogen, urease, protease, phosphatase, sucrase activity all showed an upward change with the increase of enclosure ages, but they all showed an up-down-up trend in level trench, the change of soil catalase activity had a opposite trend between the enclosure and level trench, and the number of fungi was lower in FY6 and SP6, being 11.33 cfu/g and 4.67 cfu/g, respectively; (2) Under different treatments, in the 0—40 cm soil layer, microbial and enzyme activity in the upper soil was higher than in the underlying soil. The correlations between soil microorganism, enzyme activity and

收稿日期: 2016-12-11

资助项目: 国家自然科学基金项目(31460632); 中国科学院西部之光人才培养引进计划项目(XAB2015A10)

第一作者: 周瑶(1993—), 女, 硕士研究生, 主要从事草地生态与资源环境方面的研究。E-mail: 782421997@qq.com

通信作者: 马红彬(1975—), 男, 博士, 教授, 主要从事草地生态与草地管理方面的研究。E-mail: ma_hb@nxu.edu.cn

contents organic matter and main nutrients were significant ($p < 0.05$); (3) Within the similar recovery period, the number of soil microorganisms, microbial biomass carbon and nitrogen, and enzyme activity were generally higher in the enclosed grassland ($p < 0.05$); Our research showed that, compared with level trench, enclosure was more conducive to increase soil microorganisms and enzyme activities in typical steppe of the Loess Hilly Area.

Keywords: typical steppe in Loess Hilly Area; soil microorganism; soil enzyme activities; level trench; enclosure

土壤是植物赖以生存的物质基础^[1],是研究地上植被的基础和前提。土壤微生物和土壤酶是土壤中具有生命力的重要组成部分,虽在土壤中占的比例很小,但对土壤的物质转化和能量流动有着重要影响^[2],是土壤养分的储存库和肥力的活指标^[3],常被作为判断土壤质量和土壤性状恢复的重要指标^[4]。土地利用作为人类管理土地各种活动的综合反映,是影响土壤性状的最普遍因素^[5-6]。在全球草地生态退化的背景下,生态恢复过程中草地土壤性状的变化引起了广泛的关注^[7]。土壤微生物不仅受地上植被的影响,而且通过自身性质的改变反作用于植被,与植被形成相互作用^[8]。放牧、封育和水平沟等生态恢复措施对草地植被的干扰不同,导致了土壤性状和微生物特征发生差异^[9]。川西北不同恢复年限沙化草地土壤微生物生物量碳含量差异显著^[10]。相对裸地自然恢复模式,滇东石漠化地区采取的灌丛、针叶林、阔叶林生态恢复模式使土壤酶活性增加更多^[11]。围封措施显著提高了鄂尔多斯高原温性荒漠草原土壤微生物数量和土壤酶活性^[12]。可见,生态恢复措施对土壤微生物和酶活性影响显著。

宁夏黄土丘陵区位于宁夏南部,地带性植被为典型草原,地形起伏大,易发生水土流失,生境脆弱。随着国家退耕还林(草)、退牧还草等工程的相继实施,黄土丘陵区典型草原生态恢复中采取了围栏封育、开挖水平沟和鱼鳞坑等工程措施,以期能拦蓄坡地径流,促进植被的快速恢复。目前,宁南典型草原已全面实施了围栏禁牧封育,一些地区水平沟扰动面积已占到了整个丘陵草原面积的 20% 以上。草地管理方式不仅可直接改变草地植被特征,而且能够影响草地土壤物质的循环,从而改变草地生态系统的状况。宁夏黄土丘陵区典型草原采取的封育、水平沟措施不仅改变了坡地径流,也可能使土壤性状发生变化,进而会影响到地上植被的恢复。但是,对封育、水平沟恢复措施下宁夏典型草原土壤性状变化的报道较少,有关水平沟工程措施后土壤生物学性状变化的研究就更少。因此,以宁夏黄土丘陵区典型草原生态恢复中常用的封育和水平沟措施为对象,在一个较长时间尺度上,研究封育和水平沟措施下典型草原土壤微生物数量、微生物生物量、土壤酶活性变化,以期为黄土丘陵区草地生态建设提供依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验区地处宁夏黄土丘陵区云雾山草原国家自然保护区,位于宁夏固原市北部 45 km 处,介于东经 106°21'—106°27',北纬 36°10'—36°17'。海拔 1 800 ~ 2 100 m 之间,为典型的黄土低山丘陵区。气候属于典型的中温带大陆性气候,年均气温 5 °C, ≥ 0 °C 的积温 2 882 °C,无霜期 137 d,年降水量 445 mm。地带性土壤为山地灰褐土,地带性植被为典型草原,优势种为本氏针茅(*Stipa bungeana*)、伴有大针茅(*S. grandis*)、百里香(*Thymus mongolicus*)、铁杆蒿(*Artemisia sacrorum*)、猪毛蒿(*A. scoparia*)、赖草(*Leymus secalinus*)、西山委陵菜(*Potentilla chinensis*)、星毛委陵菜(*P. acaulis*)、阿尔泰狗娃花(*Heteropappus altaicus*)等。多年的生态建设使该区天然草原中分布有不同年限的封育和水平沟草地,其中水平沟是在天然草地上沿等高线人工整地后隔带设置,整地深度 0.8~1.0 m,水平沟沟宽 1.0 m,上埂高 0.6 m,下埂高 0.2 m。虽然整地当年在水平沟中种植了沙打旺(*Astragalus adsurgens*),但经过自然演替,除整地 1 a 后的水平沟还有沙打旺存活外,其他年限的水平沟植被已变为自然植被。

1.2 试验设置

采用空间梯度代替时间梯度的方法,在云雾山草原国家自然保护区,根据禁牧封育和水平沟措施实施年限,选择海拔、坡度、坡向、坡位尽量接近的地段,设置 10 个处理,分别为未封育草地(放牧草地)、封育 3 a、封育 6 a、封育 10 a、封育 15 a、水平沟 1 a、水平沟 3 a、水平沟 6 a、水平沟 10 a、水平沟 15 a,每个处理 3 次重复。试验样地概况见表 1。

1.3 土样的采集

2015 年 7 月地上生物量最高时期,在各处理样地采用“S”形五点法采集土样。采集时除去凋落物,用土钻按 0—10, 10—20, 20—30, 30—40 cm 土层取样,3 次重复,然后将土样装在塑封袋放入 4 °C 的冷藏箱中带回实验室。在室内去除凋落物和根后,过 2 mm 筛后将土样分为 2 份,一份保存在 4 °C 下用于土壤微生物数量、土壤微生物生物量碳、量氮和土壤酶活性的测定;另一份常温存放用于土壤养分测定。

表 1 供试样地概况

恢复措施	编号	经纬度	海拔/m	分布主要植物	地上生物量
未封育(放牧)	F0	106°20′14.3″E,36°14′58.21″N	1950	大针茅,阿尔泰狗娃花,星毛委陵菜,狼毒(<i>Stellera chamaejasme</i>)	18.35±4.94
封育 3 a	F3	106°24′43.9″E,36°11′22.46″ N	1902	本氏针茅,大针茅,白草(<i>Pennisetum flaccidum</i>),早熟禾(<i>Poa annua</i>)	62.69±3.50
封育 6 a	F6	106°24′42.1″E,36°11′56.30″N	1902	本氏针茅,大针茅,赖草,百里香	69.67±7.61
封育 10 a	F10	106°24′9.96″E,36°12′2.34″N	1882	本氏针茅,大针茅,赖草,铁杆蒿	85.20±2.81
封育 15 a	F15	106°23′11.9″E,36°16′11.86″N	2103	本氏针茅,大针茅,赖草,铁杆蒿	163.85±11.29
水平沟 1 a	S1	106°27′6.87″E,36°18′16.42″N	1928	赖草,星毛委陵菜,猪毛菜(<i>Salsola col-lina</i>),沙打旺(整地当年人工种植)	31.83±4.00
水平沟 3 a	S3	106°19′42.90″E,36°16′3.25″N	1918	赖草,猪毛蒿,白草,星毛委陵菜	51.98±2.80
水平沟 6 a	S6	106°26′6.84″E,36°14′38.87″N	1799	大针茅,赖草,百里香,西山委陵菜	38.28±6.68
水平沟 10 a	S10	106°22′6.22″E,36°13′57.59″N	1963	本氏针茅,大针茅,赖草,百里香	68.00±7.64
水平沟 15 a	S15	106°24′9.96″E,36°12′2.34″N	1882	本氏针茅,大针茅,赖草,百里香	84.17±5.70

注:以下分析中用代号名称代替处理名称。

1.4 测定项目和方法

1.4.1 可培养土壤微生物数量的测定 可培养微生物群落的数量选真菌、细菌和放线菌代表土壤总体微生物数量^[13]。采用平板涂布法测定土壤细菌(稀释梯度为 10⁻²,10⁻³,10⁻⁴)、放线菌(稀释梯度为 10⁻³,10⁻⁴,10⁻⁵)和真菌(稀释梯度为 10⁰,10⁻¹,10⁻²)数量,每个稀释梯度 3 次重复,其中细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基,真菌采用孟加拉红培养基,放线菌采用高氏 1 号培养基。

1.4.2 土壤微生物生物量碳、量氮的测定 将土样采用氯仿熏蒸一浸提法处理后,土壤微生物生物量碳采用重铬酸钾容量法测定,土壤微生物生物量氮采用全自动凯氏定氮法测定^[13]。

1.4.3 土壤酶活性的测定 蔗糖酶活性采用 3,5—二硝基水杨酸比色法测定,蛋白酶活性采用福林酚法测定,过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法测定,磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定,土壤脲酶活性采用靛酚比色法测定^[14]。

1.4.4 土壤养分的测定 有机碳含量采用重铬酸钾容量法测定,全氮含量采用全自动凯氏定氮法测定,速效钾和全磷采用近红外光谱法测定,碱解氮含量采用碱解扩散吸收法测定^[15]。

1.5 数据分析方法

基础数据用 Excel 计算及作图,用 DPS 7.05 软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同恢复措施下土壤微生物数量的变化

从土壤微生物类群组成看(表 2),试验区 0—40 cm 土层以放线菌占绝对优势,占微生物总量的 86.18%~94.43%;细菌次之,占微生物总量的 5.34%~13.46%;真菌最少,仅占微生物总量的 0.24%~0.93%。恢复措施对土壤微生物数量影响显著($p<0.05$)。封育措施下,微生物总量、细菌和放线菌数量均表现为从 F3

到 F15 随封育年限的延长而增加;真菌数量表现为 F0 和 F6 较低,F15 最高。水平沟措施下,随着整地年限增加,微生物总量呈先上升后下降再上升的趋势,以 S15 最高,为 31.94×10^3 cfu/g;细菌和放线菌数量变化规律与微生物总量相似,但真菌数量随整地年限增加呈现先下降再上升趋势。封育措施与水平沟措施相比,F3 和 F6 土壤细菌数量分别高于 S3 和 S6,F0、F10、F15 放线菌数量分别高于 S1、S10、S15,F6 和 F10 真菌数量分别高于 S6 和 S10;其他相近恢复年限情况下,3 种微生物数量在 2 种恢复方式下接近;微生物总量方面,F3 和 S3 接近,其他年限水平沟均低于相近年限封育草地。垂直分布方面(图 1),微生物总量和放线菌数量在各措施下表现为随着土壤深度的增加而呈现下降的趋势;细菌数量除 F3 表现为 10—20 cm 土层最高外,其他处理下随着土层加深呈现下降趋势;真菌数量在 F6 和 F10 措施下表现为 10—20 cm 土层最高,在未封育草地中随土壤深度的增加呈上升趋势,其他各处理下随土层加深而下降。

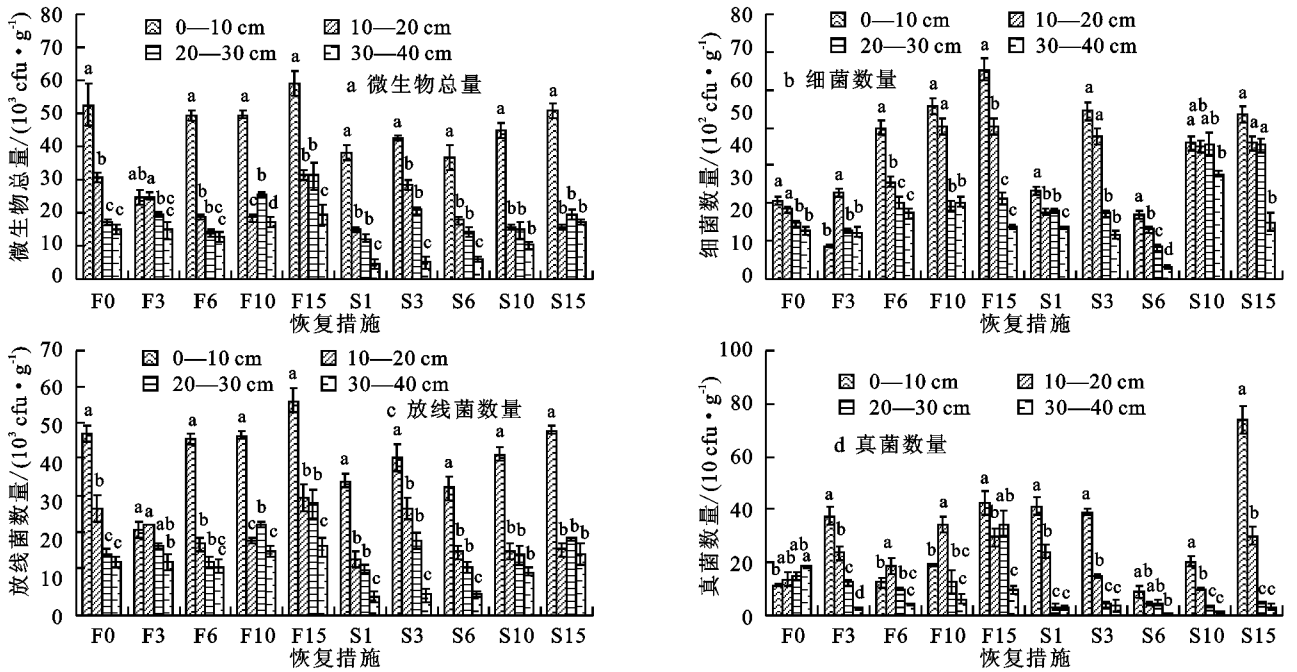
2.2 不同恢复措施下土壤微生物生物量碳、量氮的变化

由图 2 可知,封育措施下,土壤微生物生物量碳、量氮均表现为从 F3 到 F15 随着年限的延长而增加;F0 高于 F3,说明一定程度的放牧能够增加土壤微生物生物量的积累。水平沟措施下,土壤微生物生物量随整地年限的延长呈先上升后下降再上升的趋势,S15 含量达到最高,微生物生物量碳、量氮含量分别为 143.16,45.89 mg/kg。相近恢复年限下,F3 和 F15 微生物生物量碳分别高于 S3 和 S15;F0、F6、F10、F15 微生物生物量氮高于相近年限水平沟措施,但 F3 微生物生物量氮低于 S3。垂直分布方面,不同恢复措施下,土壤微生物生物量含量整体上表现为表层向深层递减($p<0.05$)。

表 2 不同恢复措施下 0—40 cm 土壤微生物数量

恢复措施	微生物总量/ (10 ³ cfu · g ⁻¹)	细菌		放线菌		真菌	
		数量/ (10 ² cfu · g ⁻¹)	比例/%	数量/ (10 ³ cfu · g ⁻¹)	比例/%	数量/ (10 ³ cfu · g ⁻¹)	比例/%
F0	30.64±2.15b	16.58±0.93c	5.41	28.83±2.09b	94.11	14.58±1.12bc	0.48
F3	22.52±1.40cde	14.08±1.23cd	6.25	20.92±1.26cde	92.90	19.08±1.66b	0.85
F6	26.61±1.66bc	27.42±1.88b	10.31	23.75±1.46bcd	89.27	11.33±1.23cd	0.43
F10	30.81±1.19b	30.42±2.32ab	9.87	27.58±1.02b	89.53	18.25±1.38b	0.59
F15	38.93±3.10a	33.83±2.05a	8.69	35.25±2.88a	90.56	29.17±2.76a	0.75
S1	19.33±1.00e	18.17±0.79c	9.40	17.33±1.02e	89.67	17.92±1.66b	0.93
S3	27.10±2.04bc	27.75±2.18b	10.24	24.17±1.88bc	89.19	15.50±1.18bc	0.57
S6	19.68±1.77de	10.50±0.38d	5.34	18.58±1.72de	94.43	4.67±0.79e	0.24
S10	24.95±1.83cd	33.58±1.95a	13.46	21.50±1.75cde	86.18	8.83±0.79de	0.35
S15	31.94±1.78b	32.42±2.05ab	10.15	28.42±1.97b	88.97	28.08±2.53a	0.88

注：表中数据为 4 层土层微生物数量平均值±标准误；同列数据后不同字母表示不同恢复措施间差异显著 ($p<0.05$)。



注：不同小写字母者表示同一恢复措施不同土层间差异显著 ($p<0.05$)。

图 1 不同恢复措施土壤微生物数量垂直变化

2.3 不同恢复措施下土壤酶活性的变化

0—40 cm 土层土壤蔗糖酶、蛋白酶、磷酸酶和脲酶活性随着封育年限的延长呈上升的趋势(图 3), F15 草地土壤酶活性达到最高 ($p<0.05$), 而过氧化氢酶活性呈现相反变化。水平沟措施下, 蔗糖酶、蛋白酶活性酶、磷酸酶和脲酶活性随着整地年限的延长均表现为上升—下降—上升的变化, 过氧化氢酶活性呈先下降再上升的趋势, 在 S6 最低。封育和水平沟措施相比, 除 F3 蔗糖酶活性小于 S3、F10 和 F15 过氧化氢酶活性小于对应的 S10 和 S15 外, 其他封育年限下 5 种酶活性均大于相近年限的水平沟土壤。垂直分布方面, 封育措施下, 随着土层的加深, 土壤脲酶、过氧化氢酶、蛋白酶、磷酸酶、蔗糖酶活性呈显著性下降 ($p<0.05$), 表层土壤酶活性显著大于下层土壤; 水平沟措施下, 除 S15 的脲酶和磷酸酶活性、S6 处理的脲酶活性 0—40 cm 土层垂直变异差异不显著

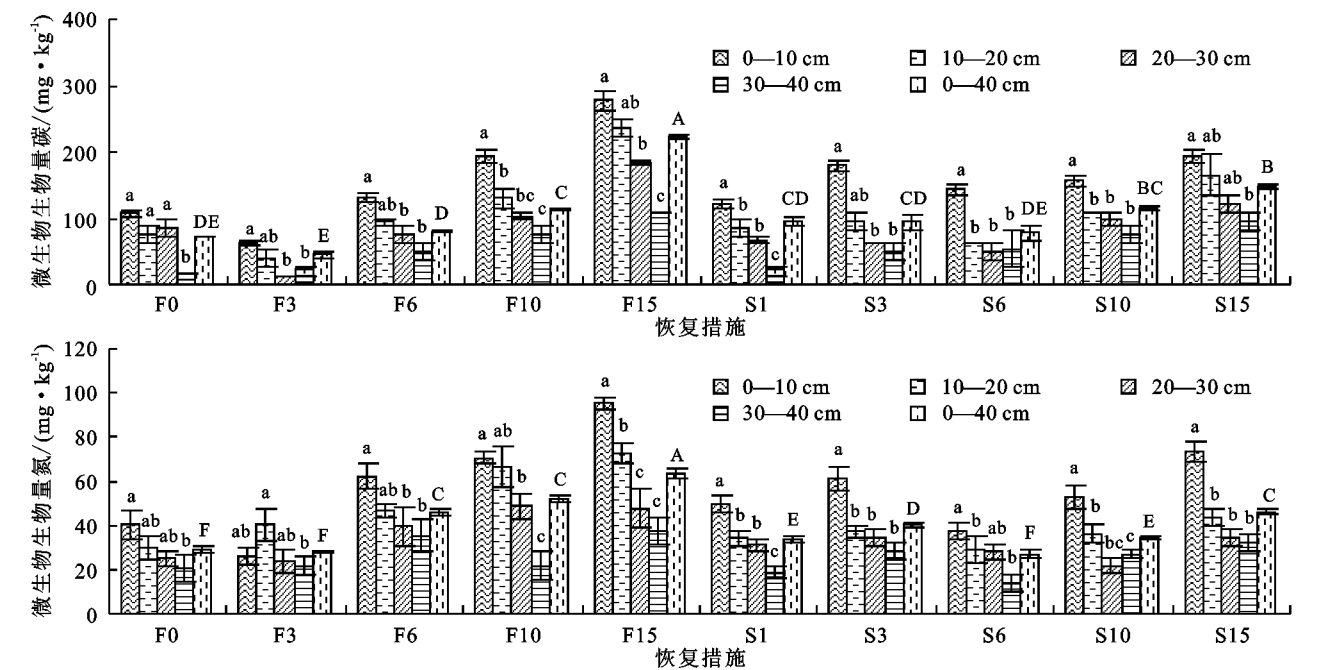
外 ($p>0.05$), 其他水平沟处理各酶活性均随着土层的加深显著下降 ($p<0.05$)。

2.4 土壤微生物和酶活性与土壤养分的相关性

土壤微生物、酶活性和土样主要养分因子密切相关(表 3)。细菌含量与蔗糖酶、蛋白酶显著正相关 ($p<0.05$), 与脲酶极显著正相关 ($p<0.01$); 放线菌含量与蛋白酶和全磷显著正相关 ($p<0.05$), 与蔗糖酶、磷酸酶、全氮、有机碳、碱解氮和速效钾极显著正相关 ($p<0.01$); 真菌含量与蔗糖酶、磷酸酶、脲酶、全氮、有机碳和碱解氮显著正相关 ($p<0.05$); 蔗糖酶活性与全氮含量呈显著性相关 ($p<0.05$), 与有机碳和碱解氮含量极显著性正相关 ($p<0.01$); 蛋白酶活性与全氮、全磷和碱解氮含量显著正相关 ($p<0.05$), 与有机碳极显著正相关 ($p<0.01$); 过氧化氢酶活性与全氮、有机碳、全磷、碱解氮和速效钾负相关; 磷酸酶活性与全磷含量显著正相关 ($p<0.05$),

与全氮、有机碳和碱解氮含量极显著正相关($p<0.01$);脲酶活性与其他指标相关性不显著($p>0.05$);微生物生物量碳、量氮含量与有机碳和碱解氮显著正相关($p<0.05$);细菌、放线菌、真菌、有机碳和碱解

氮与地上生物量显著相关($p<0.05$),微生物生物量碳、量氮、蔗糖酶、蛋白酶、磷酸酶和脲酶与地上生物量极显著相关($p<0.01$),过氧化氢酶与地上生物量负相关。



注:不同小写字母表示同一恢复措施不同土层间差异显著($p<0.05$);大写字母表示同一土层不同恢复措施间差异显著($p<0.05$)。下同。

图 2 不同恢复措施草地土壤微生物生物量碳、量氮变化

表 3 土壤微生物、酶活性和土壤养分的相关性

指标	细菌	放线菌	真菌	微生物 生物量碳	微生物 生物量氮	蔗糖酶	蛋白酶	过氧 化氢酶	磷酸酶	脲酶	全氮	有机碳	全磷	碱解氮	速效钾
放线菌	0.37														
真菌	0.46	0.53													
微生物生物量碳	0.70*	0.66*	0.66*												
微生物生物量氮	0.77**	0.63*	0.65*	0.83**											
蔗糖酶	0.61*	0.76**	0.67*	0.86**	0.88**										
蛋白酶	0.62*	0.70*	0.53	0.5	0.72*	0.79**									
过氧化氢酶	0.3	-0.24	0.02	-0.19	-0.25	-0.36	0.04								
磷酸酶	0.6	0.79**	0.67*	0.69*	0.89**	0.91**	0.92**	-0.2							
脲酶	0.89**	0.39	0.68*	0.75**	0.89**	0.77**	0.68*	0.06	0.76**						
全氮	0.29	0.88**	0.61*	0.53	0.60*	0.72*	0.68*	-0.27	0.78**	0.44					
有机碳	0.37	0.83**	0.69*	0.62*	0.73*	0.81**	0.74**	-0.27	0.88**	0.58	0.96**				
全磷	0.3	0.72*	0.55	0.28	0.54	0.52	0.68*	-0.06	0.73*	0.41	0.90**	0.87**			
碱解氮	0.39	0.84**	0.66*	0.64*	0.75**	0.79**	0.71*	-0.26	0.87**	0.58	0.95**	0.99**	0.87**		
速效钾	0.08	0.76**	0.4	0.18	0.3	0.36	0.54	-0.02	0.56	0.16	0.89**	0.79**	0.91**	0.79**	
生物量	0.66*	0.62*	0.65*	0.85**	0.88**	0.97**	0.77**	-0.27	0.88**	0.82**	0.57	0.72*	0.38	0.69*	0.2

注: * 表示显著相关($p<0.05$); ** 表示极显著相关($p<0.01$)。

3 讨论

3.1 不同恢复措施对典型草原土壤微生物数量的影响

土地利用方式对土壤微生物群落结构的影响较大^[16],草地在不同管理方式下,土壤微生物区系组成和数量有较大差异^[17]。研究表明,放牧草地土壤微生物数量减少,封育草地因为没有家畜的采食与践踏,生物量和土壤养分增加,土壤结构得到了改善,更有利于土壤微生物的生长^[18],但也研究发现微生物数量在适度放牧草地和刈割草地高于完全禁牧草地,适当放牧有利于微生物活性增强^[19]。本研究中放牧草地微生物总数量和

放线菌数量变化可能与家畜排泄物影响了微生物的能源物质来源和数量、以及微生物生存环境有关^[19]。水平沟整地后土壤微生物数量呈先上升后下降再上升的趋势,这是因为整地时使先前的地上植物凋落物和地下植物根系回填在到浅层土壤,加之整地后播种的沙打旺的短期生长,土壤环境前期有利于微生物的生存。但水平沟的植被恢复较慢,回填到土壤凋落物和根系因不断分解而减少,加之播种的沙打旺群落 3 a 后死亡,微生物生存环境变差、数量下降。随着整地年限的延长和水平沟植被的恢复演替,生物量的逐渐积累,整地 10 a 后微生物数量又呈上升变化。水平沟整地改变了草地原有的

土层结构和地上植被,从而使微生物的生存环境发生变化,致使土壤微生物数量相对封育草地少。在垂直分布上,典型草原微生物数量最大的土层在 0—10 cm 中,微生物数量具有明显表聚性^[19]。

3.2 不同恢复措施典型草原土壤微生物生物量碳、量氮的影响

土壤微生物生物量是植物养分转化和循环的驱动力,对土壤肥力起着重要作用^[3],土地利用方式对土壤微生物生物量碳、量氮的影响明显^[20-21]。土壤微生物生物量碳、量氮的含量是土壤微生物生命活动的直接结果^[22],根系对于土壤中碳、氮的吸收与微生物对碳、氮的需求是一种竞争的关系,植物对土壤中碳、氮的需求越大,土壤微生物生物量碳、量氮值就越小^[23]。但也有研究表明,较多的根系和凋落物输入土壤可以增加土壤的养分,而且可以改善土壤的保水保肥效果,为微生物提供丰富的能源物质^[24],这与本研究中封育和水平沟措施下草地土壤微生物生物量碳、量氮差异显著、2 种措施下微生物生物量变化规律不太一致的结果相似。放牧草地土壤微生物生物量碳变化可能与放牧家畜排泄物和践踏使更多植物进入土壤有关^[25]。封育和水平沟措施影响着土壤微生物量及土壤其他性质,不同的恢复措施使原本一致的土壤属性发生改变,从而引起土壤微生物量的变化^[2]。

3.3 不同恢复措施对典型草原土壤酶活性的影响

土壤酶是有机质分解过程中的生物催化剂^[26],在土壤养分循环以及植被生长所需养分的供给过程中起着重要的作用,可以反映出土壤养分,尤其是氮、磷的转化能力的强弱^[27]。土壤蔗糖酶、蛋白酶、过氧化氢酶、脲酶和磷酸酶与土壤中元素的转化分解有关,表明了土壤有机残体的转化情况^[28]。草地封育后,土壤表层植被覆盖层增加,拦蓄降水最多,蒸发减少,土壤酶活性得到一定程度提高^[29]。水平沟措施下,由于整地将原生植被回填,导致原生植被遗体分布于不同土层,虽然经过多年恢复,但植被仍没有恢复到原来的状况,致使蔗糖酶、蛋白酶、磷酸酶和脲酶活性低于相同恢复年限的封育草地,且随着整地年限延长呈升高—下降—升高的变化规律。2 种措施下过氧化氢酶活性的变化规律与其他 4 种酶不尽一致,这与过氧化氢酶活性的高低表征了土壤解毒能力的强弱,其活性高低与土壤产生过氧化氢气体的多少有关^[30]。

3.4 土壤微生物和酶活性与土壤养分的相关性

土壤微生物生物量与土壤养分关系密切,土壤养分含量高,土壤微生物生物量就高^[31],土壤微生物生物量碳、量氮也受土壤有机质含量的影响^[32]。脲酶、蛋白酶、磷酸酶、蔗糖酶与土壤中氮含量有关,而过氧化氢酶与土壤中有机质和腐殖质有关^[33]。关于土壤微生物特征、土壤酶活性和土壤养分的相关性报道很多,但结果并不一致,这可能是因为地域性土壤类型的差异和土地利用方式的不同而引起的^[25,30]。本研究中,土壤有机质是影响土壤微生物量的重要因素。有机质含量越高,能够为

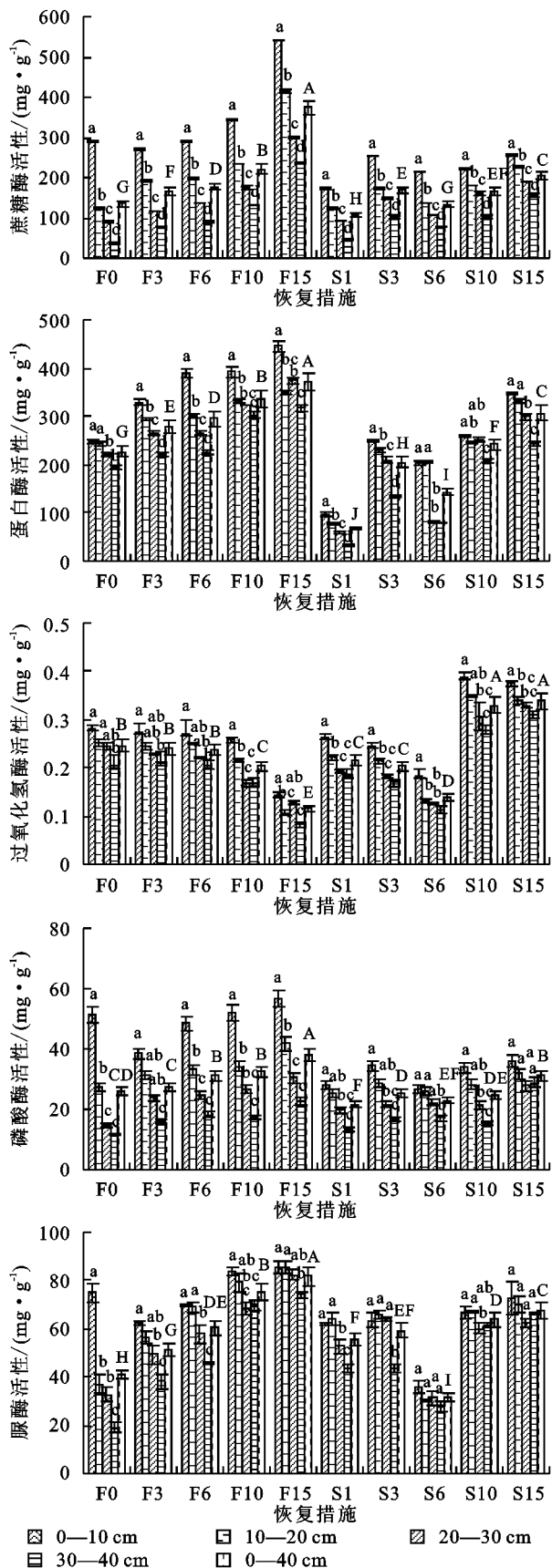


图 3 不同恢复措施草地土壤酶活性变化

微生物在进行自身合成与代谢过程中提供的碳、氮物质来源以及能量来源就越多^[34],这与沈艳等^[35]在典型草原的研究结论类似,但与金发会等^[36]在石灰性土壤上有关微生物生物量碳、量氮与土壤养分含量的相关性结果并不完全一致。土壤微生物、酶活性间以及它们与土壤主要肥力因子间具一定相关性,也说明土壤酶可以用来表征土壤肥力状况^[37]。

水平沟措施是宁夏黄土丘陵区典型草原坡地广泛采取的一种退化草地生态恢复措施,一个重要原因是水平沟能够拦蓄一定的坡地径流,但是本研究表明,相近年限下,水平沟土壤微生物和酶活性总体低于禁牧封育草地。因此,实践中应该结合实际情况,因地制宜实施水平沟措施。由于客观原因,土壤生物学特性中有关土壤动物方面的研究没有开展,这还有待于今后进一步研究。

4 结论

(1)宁夏典型草原土壤微生物类群以放线菌为主,达到86.18%~94.43%。土壤微生物总数量,细菌和放线菌数量,微生物生物量碳、量氮,脲酶、蛋白酶、磷酸酶、蔗糖酶活性随着草地封育年限增加呈上升趋势,但水平沟措施下随着整地年限延长呈现上升—下降—上升的趋势,土壤过氧化氢酶活性变化相反。

(2)封育和水平沟措施下,0—40 cm土壤微生物、土壤酶活性具有明显的表聚性。微生物、酶活性与土壤主要养分具一定相关性,有机质是影响土壤微生物量的重要因素。

(3)相近恢复年限下,土壤微生物数量、微生物生物量碳、量氮以及酶活性总体表现为封育草地高于水平沟,说明封育措施较水平沟措施更有利于草地土壤微生物和酶活性的增加。

参考文献:

- [1] 赵学春,来利明,朱林海,等. 三工河流域琵琶柴群落特征与土壤因子的相关分析[J]. 生态学报,2014,34(4):1-12.
- [2] 张海燕,肖延华,张旭东,等. 土壤微生物量作为土壤肥力指标的探讨[J]. 土壤通报,2006,37(3):422-425.
- [3] 赵彤,闫浩,蒋跃利,等. 黄土丘陵区植被类型对土壤微生物量碳氮磷的影响[J]. 生态学报,2013,33(18):5616-5622.
- [4] 蔡晓布,钱成,张永清. 退化高寒草原土壤生物学性质的变化[J]. 应用生态学报,2007,18(8):1733-1738.
- [5] 徐敏云,李培广,谢帆,等. 土地利用和管理方式对农牧交错带土壤碳密度的影响[J]. 农业工程学报,2011,27(7):320-325.
- [6] 赵锦梅,张德罡,刘长仲,等. 祁连山东段高寒地区土地利用方式对土壤性状的影响[J]. 生态学报,2012,32(2):548-556.
- [7] 韩新辉,佟小刚,杨改河,等. 黄土丘陵区不同退耕还林地土壤有机碳库差异分析[J]. 农业工程学报,2012,28

- (12):223-229.
- [8] Sinha S, Masto R E, Ram L C, et al. Rhizosphere soil microbial index of tree species in a coal mining ecosystem[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(9): 1824-1832.
- [9] 沈艳,马红彬,谢应忠,等. 宁夏典型草原土壤理化性状对不同管理方式的响应[J]. 水土保持学报,2012,26(5):84-88.
- [10] 彭佳佳,胡玉福,蒋双龙,等. 生态恢复对川西北沙化草地土壤活性有机碳的影响[J]. 水土保持学报,2014,28(6):251-255.
- [11] 舒树森,赵洋毅,胡慧蓉,等. 基于结构方程的滇东石漠化地区土壤理化性质和酶活性的研究[J]. 土壤保持通报,2016,36(3):338-345.
- [12] 罗冬,王明玖,郑少龙,等. 围封对荒漠草原土壤微生物数量及其酶活性的影响[J]. 生态环境学报,2016,25(5):760-767.
- [13] 姚槐应,黄昌勇. 土壤微生物生态和实验技术[M]. 北京:科学出版社,2006.
- [14] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社,1986.
- [15] 刘光崧,蒋能慧. 土壤理化分析与剖面描述[M]. 北京:中国标准出版,1996.
- [16] Jangid K, Williams M A, Franzluebbers A J, et al. Relative impacts of land-use, management intensity and fertilization upon soil microbial community structure in agricultural systems[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2008, 40(11): 2843-2853.
- [17] 张成霞,南志标. 放牧对草地土壤微生物影响的研究述评[J]. 草业科学,2010,27(1):65-70.
- [18] 王晓龙,胡峰,李辉信,等. 红壤小流域不同土地利用方式对土壤微生物量碳氮的影响[J]. 农业环境科学学报,2006,25(1):143-147.
- [19] 郭明英,朝克图,尤金成,等. 不同利用方式下草地土壤微生物及土壤呼吸特性[J]. 草地学报,2012,20(1):42-48.
- [20] 徐华勤,章家恩,冯丽芳,等. 广东省不同土地利用方式对土壤微生物量碳氮的影响[J]. 生态学报,2009,29(8):4112-4118.
- [21] 吴建国,艾丽. 祁连山3种典型生态系统土壤微生物活性和生物量碳氮含量[J]. 植物生态学报,2008,32(2): 465-476.
- [22] 汪文霞,周建斌,严德翼,等. 黄土区不同类型土壤微生物量碳、氮好人可溶性有机碳、氮的含量及其关系[J]. 水土保持学报,2006,20(6):103-106.
- [23] 黄靖宇,宋长春,宋艳宇,等. 湿地垦殖对土壤微生物量及土壤溶解有机碳、氮的影响[J]. 环境科学,2008,29(5):1380-1387.
- [24] 盛海彦,李松龄,曹广民. 放牧对祁连山高寒金露梅灌丛草甸土壤微生物的影响[J]. 生态环境,2008,17(6): 2319-2324.
- [25] 贾伟,周怀平,解文艳,等. 长期有机无机肥配施对褐土

- 微生物生物量碳、氮及酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2008, 14(4): 700-705.
- [26] 向泽宇, 王长庭, 宋文彪, 等. 草地生态系统土壤酶活性研究进展[J]. 草业科学, 2011, 28(10): 1801-1806.
- [27] 王光华, 金剑, 韩晓增, 等. 不同土地管理方式对黑土土壤微生物量碳和酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2007, 18(6): 1275-1280.
- [28] 文都日乐, 张静妮, 李刚, 等. 放牧干扰对贝加尔针茅草原土壤微生物与酶活性的影响[J]. 草地学报, 2010, 18(4): 517-522.
- [29] 邱莉萍, 张兴昌, 程积民. 坡向坡位和撂荒地对云雾山草地土壤酶活性的影响[J]. 草业学报, 2007, 16(1): 87-93.
- [30] 徐华勤, 章家恩, 冯丽芳, 等. 广东省典型土壤类型和土地利用方式对土壤酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, 16(6): 1464-1471.
- [31] 刘姣, 刘长发, 李盛德, 等. 翅碱蓬对盐沼沉积物微生物生物量及 β -氨基化细菌群落的影响: 以双台河口为例[J]. 生态学报, 2016, 36(24): 1-10.
- [32] 胡亚林, 王思龙, 黄宇, 等. 凋落物化学组成对土壤微生物学性状及土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2005, 25(10): 2662-2668.
- [33] 郭永盛, 李鲁华, 危常州, 等. 施氮肥对新疆荒漠草原生物量和土壤酶活性的影响[J]. 农业工程学报, 2011, 27(1): 249-256.
- [34] 尹桂彬, 李月华, 窦德泉. 不同生态恢复措施对百花山边坡土壤特性的影响[J]. 北京农学院学报, 2013, 28(1): 12-15.
- [35] 沈艳, 马红彬, 谢应忠, 等. 宁夏典型草原土壤微生物特征对不同管理方式的响应[J]. 草业科学, 2012, 29(6): 863-868.
- [36] 金发会, 李世清, 卢红玲, 等. 石灰性土壤微生物量碳、氮与土壤颗粒组成和氮矿化势的关系[J]. 应用生态学报, 2007, 18(12): 2739-2746.
- [37] 焦婷, 常根柱, 周学辉, 等. 高寒草甸草场不同载畜量下土壤酶与土壤肥力的关系研究[J]. 草业学报, 2009, 18(6): 98-104.

(上接第 262 页)

- [2] 战秀梅, 韩晓日, 高子勤. 大豆连作的危害与连作障碍机理[C]//中国土壤学会青年工作委员会. 青年学者论土壤与植物营养科学—第七届全国青年土壤暨第二届全国青年植物营养科学工作者学术讨论会论文集. 北京: 中国农业出版社, 2000: 454-460.
- [3] Liu X B, Li Y S, Han B J, et al. Yield response of continuous soybean to one-season crop disturbance in a previous continuous soybean field in Northeast China[J]. Field Crops Research, 2012, 138(10): 52-56.
- [4] Tirado F F, López C P, Requena J C. A methodological proposal for life cycle Inventory of fertilization in energy crops: The case of Argentinean soybean and Spanish rapeseed[J]. Biomass and Bioenergy, 2013, 58(10): 104-116.
- [5] 李建明, 吴景贵. 不同有机物料对土壤和环境影响差异性的研究进展[C]//中国环境科学学会. 中国环境科学学会学术年会论文集. 北京: 中国环境科学出版社, 2013: 31-38.
- [6] 宋蒙亚, 李忠佩, 刘明, 等. 不同有机物料组合对土壤养分和生化性状的影响[J]. 中国农业科学, 2013, 46(17): 3594-3603.
- [7] Aguilera J, Motavalli P P, Gonzales M A, et al. Initial and residual effect of organic and inorganic amendments on soil properties in a pato-based cropping system in the Bolivian Andean Highlands[J]. American Journal of Experimental Agriculture, 2012, 2(4): 641-666.
- [8] Bandyopadhyay K K, Misra A K, Ghosh P K, et al. Effect of integrated use of farmyard manure and chemical fertilizers on soil physical properties and productivity of soybean[J]. Soil and Tillage Research, 2010, 110(1): 115-125.
- [9] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第 3 版. 北京: 中国农业出版社, 1999: 12-240.
- [10] 赵亮. 不同有机物料对土壤肥力的影响[D]. 陕西 杨凌: 西北农林科技大学, 2012.
- [11] 董志新, 卜玉山, 刘秀珍, 等. 不同有机物料对土壤养分和酶活性的影响[J]. 山西农业大学学报, 2014, 34(3): 220-225.
- [12] 梁尧, 韩晓增, 宋春, 等. 不同有机物料还田对东北黑土活性有机碳的影响[J]. 中国农业科学, 2011, 44(17): 3565-3574.
- [13] 陈安强, 付斌, 鲁耀, 等. 有机物料输入稻田提高土壤微生物碳氮及可溶性有机碳氮[J]. 农业工程学报, 2015, 31(21): 160-167.
- [14] 王芳, 张金水, 高鹏程, 等. 不同有机物料培肥对渭北旱塬土壤微生物学特性及土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2011, 17(3): 702-709.