不同扰动高寒草地土壤微生物数量时空变化特征

摘要:为揭示东祁连山高寒草地不同扰动生境中土壤三大类微生物和氮素生理群数量的时空变化特征,采用 2003 年、2011 年和 2017 年在相同样地(一年生、多年生、围栏内和围栏外草地)、相同研究方法(平板菌落计数)对草地土壤三大类微生物(真菌、细菌和放线菌)数量和氮素生理群(硝化细菌、反硝化细菌、好气性固氮菌和嫌气性固氮菌)数量进行时空动态比较。结果表明:(1)在相同时间、不同扰动生境中土壤三大类微生物和氮素生理群数量变化差异显著(p<0.05),均随着土层的加深而逐渐减少,具有明显的垂直分布规律;(2)在不同时间、不同扰动生境中,土壤三大类微生物和氮素生理群数量变化差异显著(p<0.05),土壤细菌、放线菌、硝化细菌和好气性固氮菌数量分布为 2003 年>2011 年>2017 年;真菌、反硝化细菌和嫌气性固氮菌数量分布为 2011 年>2017 年>2011 年>2011 年>2017 年。2011 年>2011 年>2017 年。2011 年>2011 年>2017 年。2011 年>2017 年。2011 年》2003 年相比较,一年生草地分别下降了 1.65,2.86 倍,多年生草地分别下降了 3.12,5.12 倍,围栏内草地分别下降了 3.05,4.09 倍,围栏外草地分别下降了 2.11,3.26 倍。综上,随着不合理放牧和人为利用方式,东祁连山高寒草地土壤微生物数量随时间变化逐渐减少,为此应对该地区草地的利用和保护给予足够的重视。

关键词: 东祁连山; 高寒草地; 土壤微生物; 氮素生理群; 草地退化; 时空特征

中图分类号:S812.2;S182

文献标识码:A

文章编号:1009-2242(2018)04-0177-07

DOI: 10. 13870/j. cnki. stbcxb. 2018. 04. 028

Spatial-temporal Variation of Soil Microorganism Quantity in Different Perturbed Alpine Meadows

LI Haiyun¹, YAO Tuo¹, ZHANG Jiangui¹, GAO Yamin¹,

WANG Lide², YANG Xiaomei¹, LI Qi¹, FENG Ying¹

(1. College of Pratacultural Science, Gansu Agricultural University, Key Laboratory of Grassland Ecosystem, Lanzhou 730070; 2. Gansu Desert Control Research Institute, Lanzhou 730070)

Abstract: In order to reveal the spatial and temporal variations of soil microbes in alpine grassland in Eastern Qilian Mountains, three species of grassland soil microbes (fungi, bacteria and antinomycete) were collected from the same study area (perennial cultivated grassland, inside the fence grassland, annual cultivated grassland and outside the fence grassland) in 2003, 2011 and 2017 using platelet count method. The results showed that: (1) At the same time, three types of soil microbes and nitrogen physiological populations were significant (p < 0.05) in different disturbance habitats, and they decreased gradually with the increase of the soil depth; (2) In different time and different disturbance habitats, three types of soil microorganisms and the number of nitrogen physiological groups were significant (p<0.05; specifically, the ranks of soil bacteria, actinomycetes, nitrifying bacteria and aerobic nitrogen fixing bacteria distribution were 2003>2011>2017; and the ranks of fungi, denitrifying bacteria and anaerobic nitrogen fixing bacteria quantity distribution were 2017>2011> 2003; (3) The total number of microorganisms in different disturbance habitat performance were 2003>2011> 2017. Compared with 2003, the total number of microbes in 2011 and 2017 decreased by 1, 65 and 2, 86 times. The perennial grassland decreased by 3. 12 and 5. 12 times respectively, the grassland within the enclosure decreased by 3.05 and 4.09 times, and the grassland decreased by 2.11 and 3.26 times respectively. In conclusion, with the unreasonable grazing and artificial utilization, the number of soil microorganisms in the alpine grassland of East Qilian Mountains gradually decreased with time. Therefore, we should pay enough attention to grassland utilization and protection in this area.

收稿日期:2017-12-25

资助项目:国家自然科学基金项目(31660688);中央引导地方科技发展专项(ydzx20176200004893)

第一作者:李海云(1989—),男,博士研究生,主要从事草地微生物多样性研究。E-mail;lihaiyun0923@163.com

通信作者:姚拓(1968—),男,博士,教授,主要从事草地土壤微生物和草地保护研究。E-mail:yaotuo@gsau.edu.cn

Keywords: Eastern Qilian Mountains; alpine grassland; soil microorganism; nitrogen bacteria groups; grassland degradation; spatial and temporal characteristics

祁连山位于我国青海省东北部与甘肃省西部边 境,是我国主要山脉之一。由于其地理位置比较特 殊,气候条件独特,形成了特殊的高寒脆弱生态系统, 这对河西绿洲农业生产与发展具有重要的生态保障 作用。其中位于祁连山东段"天祝高原"的天祝藏族 自治县是甘肃省重要的高寒草地分布地区,地处于青 藏高原、黄土高原和内蒙古高原的交汇地带,属青藏 高原东北边缘、祁连山东段,地貌以山地为主。该地 区的高寒草甸草原是发展高寒草地畜牧业的重要资 源,也是影响周边地区农业生产和生态安全的重要区 域。但是近些年,随着区域内人口的增加,畜牧业的 发展,人类活动正以前所未有的规模和强度影响并改 变着该地区的生态环境,加之高寒草地资源长期以来 缺乏科学管理,传统落后的利用方式、掠夺式经营、过 度放牧、鼠虫危害和气候变化的影响,使该地区草地 严重退化,生产力下降,生态环境恶化[1-2]。

土壤微生物在生态系统乃至地球生物圈中扮演 着非常重要的角色——分解者,是生物圈能量流动和 物质循环的驱动者,在土壤发育、土壤环境净化及生 态平衡维持等方面发挥着重要作用[3-4]。其中,土壤 微生物(细菌、放线菌和真菌)和氮素生理群(硝化细 菌、反硝化细菌、好气性固氮菌和嫌气性固氮菌)的生 物化学活性影响土壤肥力,进而影响草地植物生长发 育与土壤健康状况,同时土壤微生物种群结构与数量 对环境的变化十分敏感,可作为草地退化的预测指 标。许多学者对东祁连山高寒草地土壤和土壤微生 物在草地退化过程中变化规律进行了大量研究[5-7], 本课题组也在高寒草原草地退化微生物机制方面阐 述了东祁连山草地退化的微观机理[8-10]。然而,土壤 微生物在时间动态中的变化因受到时间跨度上的局 限性,仅仅只以季度为单位研究一年内的变化状况, 10年、20年甚至更大时间跨度上的研究几乎没有。 生态演替是个复杂而又漫长的过程,其改变必定要经 过一个相对较长的时间跨度上的过程,只有经过一段

较长的时间,通过对草地退化前后进行对比研究,才能较为准确地认识这种变化[11]。因此,为与前期研究结果[12-13]进行比较,2017年8月在研究区选取与2003年、2011年前期研究一致的相同样地、相同月份取样,采用相同的方法进行试验,以东祁连山高寒草地的几种常见干扰生境为主,即人类生产活动频繁的一年生人工草地、人类生产活动较弱的多年生人工草地、放牧强度小的围栏内天然草地和放牧强度大的围栏外天然草地作为研究对象,对不同扰动生境的土壤细菌、真菌、放线菌和氮素生理群数量及总数量进行测定研究,以期揭示草地生态系统现状和发展趋势,为利用保护和科学管理草地提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于甘肃省天祝县金强河地区,地理坐标为 $37^{\circ}11'$ — $37^{\circ}12'$ N, $102^{\circ}29'$ — $102^{\circ}33'$ E, 海拔 2 710 ~ 3 080 m。据甘肃农业大学草原站(海拔 2 960 m)记录,年平均气温—0.1 飞,1 月平均气温—18.3 飞,7 月平均气温 12.7 飞,>0 飞积温 1 380 飞; 水热同期,年日照时间 2 600 h,年平均降水量 416 mm,多为地形雨,集中于 7—9 月;年蒸发量 1 592 mm,无绝对无霜期,仅分冷热两季。土壤 pH 7.0 ~8.2,有机质含量 10% ~16%,土壤从河漫滩、阶地至高山依次为亚高山草甸土、亚高山黑钙土、亚高山栗钙土、亚高山灌从草甸土和高山灌从草甸土100

1.2 样地设置与土样采集

为与前期研究^[12-13]结果进行比较,2017年8月在研究区选取与前期研究一致的样地、相同月份取样,采用相同的方法进行试验,样地基本状况见表1。在样地中以5点混合法在0—20 cm(上层)和20—40 cm(下层)分别采集土壤样品,并将各点土样分层混合,装入灭菌袋迅速带回实验室后立即进行土壤微生物分离计数。

表 1 样地基本概况

生境	草地主要植被	海拔/m	扰动特点	备注
一年生草地	燕麦、小黑麦、老芒麦、香薷、委菱菜、	2913	人类生产活动频繁,人类扰动强度大,原始植	长期种植燕麦
	苜蓿等		被完全改变,植被种类单一	
多年生草地	垂穗披碱草、苔草、车前草、香薷等	2916	人类生产活动较弱,原始植被完全改变,植被	建植 10 年以上
			种类较多	
围栏内草地	篙草、苔草、香薷、扁蓄豆、披碱草、野	2930	除放牧外,无其他人类生产活动,放牧强度小。	长期围栏,冬春轻度放牧
	胡萝卜等		原始植被种类丰富	
围栏外草地	篙草、苔草、披碱草、扁蓄豆、棘豆、委	2947	家畜活动频繁,践踏严重	以牧道为主取样
	陵菜等			

1.3 测定指标与方法

土壤细菌、真菌、放线菌和好气性自生固氮菌数量采用平板菌落计数法测定;细菌数量采用牛肉膏蛋白胨培养基测定;真菌数量采用马丁—孟加拉红培养基测定;放线菌数量采用改良高氏一号培养基测定;土壤硝化细菌、反硝化细菌和嫌气性自生固氮菌数量采用稀释培养法测定;硝化细菌数量采用改良斯蒂芬逊培养基测定;反硝化细菌数量采用组合培养基测定;好气性自生固氮菌数量采用改良阿须贝(Ashby)无氮琼脂培养基测定;嫌气性自生固氮菌数量采用玉米面培养基测定;微生物数量计算参照蒋永梅等[14]的方法测定。

1.4 数据处理

采用 SPSS 21.0 统计软件进行数据整理和分析, 采用 Duncan 新复极差法进行差异显著性检验。

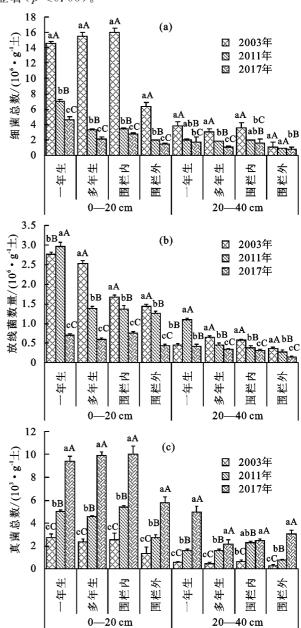
2 结果与分析

2.1 不同扰动生境土壤中三大微生物数量时空分布 特征

2.1.1 土壤细菌时空分布特征 从图 1a 可以看出, 在相同时间、同一土层中,细菌数量变化差异显著(p< 0.05)。在上、下层土壤中,2003年细菌数量变化表 现为:围栏内>多年生>一年生>围栏外和围栏内> 一年生>多年生>围栏外,上层是下层的 3.81~ 6.35倍;2011年表现为:一年生>围栏内>多年生> 围栏外,上层是下层的 1.79~3.41 倍;2017 年表现 为:一年生>围栏内>多年生>围栏外,上层是下层 的 $1.75\sim2.72$ 倍。在不同时间、不同扰动生境下,同 一土层细菌数量变化差异显著(p < 0.05),表现为: 2003 年>2011 年>2017 年。细菌数量在不同扰动 生境草地上、下层土壤中,2017年相较于2003年分 别下降 3.11~7.13,1.31~2.74 倍;相较于 2011 年 分别下降 1.29~1.49,1.18~1.63 倍。可见,不同扰 动生境草地土壤中细菌数量均随着土层深度和时间 的变化逐渐减小,且差异显著(p<0.05)。

2.1.2 土壤放线菌时空分布特征 从图 1b 可以看出,在相同时间、同一土层中,放线菌数量变化差异显著(p<0.05)。在上、下层土壤中,2003 年放线菌数量变化表现为:一年生>多年生>围栏内>围栏外和多年生>围栏内>一年生>围栏外,上层是下层的 2.93~6.15 倍;2011 年表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏外,上层是下层的 2.69~4.62 倍;2017 年表现为:围栏内>一年生>多年生>围栏外和一年生>多年生>围栏内>围栏外,上层是下层的 2.69~4.62 倍;2017 年表现为:围栏内>一年生>多年生>围栏外和一年生>多年生>围栏内>围栏外,上层是下层的 2.69~4.62 倍;2017 年表现为:围栏内>用栏外,上层是下层的 2.67~2.90 倍。在不同时间、不同扰动生境下,同一

土层中放线菌数量变化差异显著(p<0.05),表现为:2003年>2011年>2017年(除一年生草地)。放线菌数量在不同扰动生境草地上下层土壤中,2017年相较于2003年分别下降了2.22~3.92,1.07~2.47倍,相较于2011年分别下降了1.81~4.2,1.23~2.61倍。可见,不同扰动生境草地土壤中放线菌数量均随着土层深度和时间变化逐渐减小,且差异显著(p<0.05)。



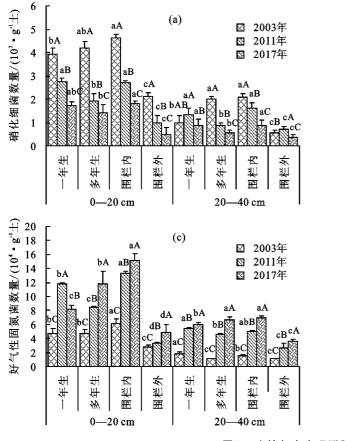
注:图柱上方不同小写字母表示不同干扰生境草地土壤同一土层间差异达到显著水平(p<0.05);不同大写字母表示同一干扰生境草地土壤不同土层间差异达到显著水平(p<0.05)。下同。

图 1 土壤三大微生物数量时空分布特征

2.1.3 土壤真菌时空分布特征 从图 1c 可以看出, 在相同时间、同一土层中,真菌数量(除围栏外草地) 变化差异显著(p<0.05)。在上、下层土壤中,2003 年真菌数量表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏 外和围栏内》一年生》多年生》围栏外,上层是下层的 $2.33\sim3.54$ 倍; 2011 年表现为:围栏内》一年生》多年生》围栏外,上层是下层的 $2.33\sim3.54$ 倍; 2017 年表现为:围栏内》多年生》一年生》围栏外和一年生》围栏外》围栏内》多年生,上层是下层的 $1.87\sim4.55$ 倍。在不同时间、不同扰动生境下,同一土层中真菌数量变化差异显著 (p<0.05),表现为: 2017 年》 2011 年》 2003 年。真菌数量在不同扰动生境土壤中,2017 年相较于 2003 年分别上升了 $3.37\sim4.25$, $3.98\sim9.93$ 倍,相较于 2011 年分别上升了 $1.86\sim2.16$, $1.09\sim3.95$ 倍。可见,不同扰动生境草地土壤中,真菌数量随着土层深度逐渐减小,随着时间变化逐渐增加,且差异显著 (p<0.05)。

2.2 不同扰动生境土壤微生物氮素生理数量时空分 布特征

2.2.1 硝化细菌时空分布特征 从图 2a 可以看出,



在相同时间、同一土层中,硝化细菌数量变化差异显 著(p < 0.05)。在上、下层土壤中,2003 年硝化细菌 数量变化表现为:围栏内>多年生>一年生>围栏外 和一年生>围栏内>多年生>围栏外,上层是下层的 2.16~4.05 倍;2011 年表现为:一年生>围栏内>多 年生>围栏外和多年生>一年生>围栏内>围栏外, 上层是下层的 $1.4\sim2.27$ 倍; 2017 年表现为:围栏内> 一年生>多年生>围栏外,上层是下层的 1.35~2.65 倍。在不同时间、不同扰动生境下,同一土层细菌数量 变化差异较显著(p < 0.05),表现为:2003 年>2011 年>2017年。硝化细菌数量在不同扰动生境草地 上、下层土壤中,2017年相较于2003年分别下降 2.26~4.64,1.35~2.14 倍,相较于 2011 年分别下 降 1.13~3.69,1.57~2.06 倍。可见,不同扰动生境 草地土壤中,硝化细菌数量均随着土层深度和时间变 化逐渐减小,且差异显著(p < 0.05)。

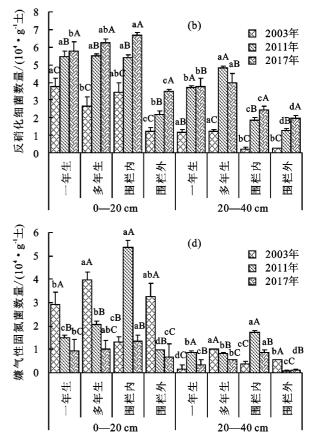


图 2 土壤氮素生理群数量时空分布特征

2.2.2 反硝化细菌时空分布特征 从图 2b 可以看出,在相同时间、同一土层中,反硝化细菌数量变化差异显著(p<0.05)。在上、下层土壤中,2003 年反硝化细菌数量变化表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏外和多年生>一年生>围栏外>围栏内,上层是下层的2.19~15.67 倍;2011 年表现为:多年生>一年生>围栏内>围栏外,上层是下层的1.14~2.90 倍;2017 年表现

为:围栏内>多年生>一年生>围栏外和多年生>一年生>围栏内>围栏外,上层是下层的 1.53~2.72 倍。在不同时间、不同扰动生境下,同一土层中反硝化细菌数量变化差异显著(p<0.05),表现为:2017 年>2011 年>2003 年。反硝化细菌数量在不同扰动生境草地上、下层土壤中,2017 年相较于 2003 年分别上升 1.54~2.91,3.21~11.14 倍,相较于 2011 年分别上升 1.05~1.61,

0.83~1.53倍。可见,不同扰动生境草地土壤中,反硝化细菌数量随着土层深度逐渐减小,随着时间变化逐渐增加,且差异显著(*p*<0.05)。

2.2.3 好气性固氮菌时空分布特征 从图 2c 可以 看出,在相同时间、同一土层中,好气性固氮菌数量变 化差异显著(p < 0.05)。在上、下层土壤中,2003年 好气性固氮菌数量变化表现为:围栏内>多年生>一 年生>围栏外和一年生>围栏内>多年生>围栏外, 上层是下层的 $2.54 \sim 4.26$ 倍; 2011 年表现为: 围栏 内>一年生>多年生>围栏外和一年生>围栏内> 多年生>围栏外,上层是下层的 1.24~2.65 倍;2017 年表现为:围栏内>多年生>一年生>围栏外,上层 是下层的 1.33~2.18 倍。在不同时间、不同扰动生 境下,同一土层中好气性固氮菌数量变化差异较显著 (p < 0.05),表现为:2017年>2011年>2003年。好 气性固氮菌数量在不同扰动生境草地上下层土壤中, 2017 年相较于 2003 年分别上升 1.74~2.48,3.21~ 5.96 倍,相较于 2011 年分别上升 0.7~1.47,1.1~ 1.46 倍。可见,不同扰动生境草地土壤中,好气性固 氮菌数量随着土层深度逐渐减小,随着时间变化逐渐 增加,且差异显著(p < 0.05)。

2.2.4 嫌气性固氮菌时空分布特征 从图 2d 可以 看出,在相同时间、同一土层中,嫌气性固氮菌数量变 化差异显著(p < 0.05)。在上、下层土壤中,2003 年 嫌气性固氮菌数量变化表现为:多年生>围栏外>一 年生>围栏内和一年生>多年生>围栏外>围栏内, 上层是下层的 3.41~21.1 倍;2011 年表现为:围栏 内>多年生>一年生>围栏外,上层是下层的 1.78~ 13.71 倍; 2017 年表现为:围栏内>多年生>一年 生>围栏外,上层是下层的 1.55~2.71 倍。在不同 时间、不同扰动生境下,同一土层中嫌气性固氮菌数 量变化差异较显著(p < 0.05),表现为:2003年> 2011年>2017年。嫌气性固氮菌数量在不同扰动生 境草地上下层土壤中,2017年相较于2003年分别降 低 0.96~4.86,1.43~3.98 倍,相较于 2011 年分别 降低 0.41~4.59,0.58~2.5 倍。可见,不同扰动生 境草地土壤中,嫌气性固氮菌数量均随着土层深度和 时间变化逐渐减小且差异显著(p < 0.05)。

2.3 不同扰动生境土壤微生物总数量时空分布特征

从图 3a 可以看出,在相同时间、不同扰动生境中,围栏外草地土壤细菌总数量与其他 3 种扰动生境草地间差异显著(p<0.05)。在不同扰动生境中,2003 年土壤细菌总数量表现为:围栏内>多年生>一年生>围栏外;2011 年表现为:为一年生>围栏内>多年生>围栏

外;2017年表现为:一年生〉围栏内〉多年生〉围栏外。在不同时间不同扰动生境下,土壤细菌总数量变化差异较显著(p<0.05)。细菌总数量随时间变化表现:2003年>2011年>2017年。2011年、2017年的土壤细菌总数量与2003年相比较,一年生草地分别下降了2.04,2.87倍;多年生草地分别下降了3.62,5.64倍;围栏内草地分别下降了3.61,4.58倍;围栏外草地分别下降了2.61,3.31倍。

在相同时间、不同扰动生境中,土壤放线菌总数量的变化差异较大(p<0.05)。在不同扰动生境中,2003年土壤放线菌总数量表现为:一年生>多年生>围栏内>围栏外;2011年表现为:一年生>多年生>围栏内>围栏外;2017年表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏内>围栏外。在不同时间、不同扰动生境下,土壤放线菌总数量变化差异显著(p<0.05)。除一年生草地,放线菌总数量随时间变化表现为:2003年>2011年>2017年。2011年、2017年的土壤放线菌总数量与2003年相比较,一年生草地分别上升1.26倍,下降2.87倍;多年生草地分别下降1.74,3.39倍;围栏内草地分别下降1.29,2.13倍;围栏外草地分别下降1.18,3.10倍。

在相同时间、不同扰动生境中,土壤真菌总数量的变化差异较小(图 3c)。在不同扰动生境中,2003年土壤真菌总数量表现为:一年生〉围栏内〉多年生〉围栏外;2011年表现为:一年生〉围栏内〉多年生〉围栏外;2017年表现为:一年生〉围栏内〉多年生〉围栏外。在不同时间、不同扰动生境下,土壤真菌数量变化差异显著(p<0.05)。土壤真菌数量随时间变化表现为:2003年>2011年>2017年。2011年、2017年的土壤真菌总数量与2003年相比较,一年生草地分别上升了1.99,4.28倍;多年生草地分别上升了2.18,4.26倍;围栏内草地分别上升了2.42,3.95倍;围栏外草地分别上升了2.13,5.31倍。

在相同时间、不同扰动生境中,土壤微生物总数量变化差异显著(p<0.05)(图 3d)。2003年微生物总数量表现为:围栏内>多年生>一年生>围栏外;2011年表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏外;2017年表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏外。在不同时间、不同扰动生境下,土壤微生物总数量变化差异显著(p<0.05)。微生物总数量随时间变化表现为:2003年>2011年>2017年。2011年、2017年的微生物总数量与2003年相比较,一年生草地分别下降1.65,2.86倍;多年生草地分别下降3.12,5.12倍;围栏内草地分别下降3.05,4.09倍;围栏外草地分别下降2.11,3.26倍。

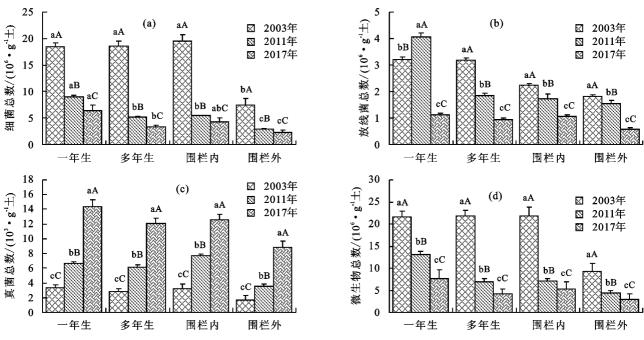


图 3 土壤微生物总数量时空分布特征

3 讨论

土壤微生物在草地土壤物质转化过程中起着巨 大作用,与土壤肥力关系密切。土壤微生物数量分布 受当地气候条件、水热状况、土壤营养状况、土壤质 地、植被组成和覆盖度的综合影响[15]。不同生境对 细菌、放线菌、真菌数量及微生物总数量的影响复 杂[6-11]。从本研究结果可以看到,在不同干扰生境中 土壤微生物数量变化较大,表现为:细菌>放线菌> 真菌,并且具有明显的垂直分布规律,土壤微生物数 量随着土层的加深而逐渐减少。这是因为土壤表层 有机质丰富,植物根系也多分布在该层,根系是植物 吸收营养元素的主要区域,也是微生物活动最为活跃 的区域[16]。根际各类群微生物趋向性聚居在植物根 系,并通过各自的代谢活动,分解转化根系分泌物和 脱落物,从而为植物生长提供有效养分,因此该层土 壤微生物活性最高[17]。此外,土壤微生物多分布在 土壤表层,与凋落物关系密切,在地表聚积大量凋落 物,营养源充分,加之水热和通气状况较好,有利于微 生物的生长和繁殖[18-20]。

在相同时间、不同扰动生境中,土壤微生物数量的变化差异较大,总体表现为:一年生>围栏内>多年生>围栏外。这是因为一年生人工草地经过多年的人为利用,完全改变了生境中的植被种类,加之农作施肥和土壤透气性增强及土壤有机质丰富等原因,微生物数量最多;围栏内草地经适当放牧有利于土壤微生物数量有所增加;多年生草地已逐渐向天然草地演替,但其与一年生草地有相似的人为活动,故其数量也较

大;而围栏外草地由于家畜放牧强度大,踩踏频繁,导 致植被种类少,地上凋落物少,土壤贫瘠,土壤透气性 差,微生物数量少[9-10]。此外,本研究与前期研 究[12-13] 结果相比,在不同时间、不同扰动牛境中,土壤 细菌、放线菌和真菌数量变化差异比较显著(p< 0.05),土壤细菌、放线菌和氮素生理群(硝化细菌和 好气性固氮菌)数量分布为:2003年>2011年>2017 年;真菌和氮素生理群(反硝化细菌和嫌气性固氮菌) 数量分布为: 2017 年> 2011 年> 2003 年; 4 种不同 扰动生境中,微生物总数量时间的变化表现为:2003 年>2011年>2017年。2011年、2017年的微生物总 数量与 2003 年相比较,一年生草地分别下降了1.65, 2.86 倍;多年生草地分别下降了 3.12,5.12 倍;围栏 内草地分别下降了 3.05,4.09 倍;围栏外草地分别下 降了 2.11,3.26 倍。这表明东祁连山高寒草地土壤 微生物数量随时间变化逐渐减少,究其原因是草地植 被及土壤退化引起土壤营养物质减少、土水热和通气 状况变差,引起微生物生存与繁殖环境变劣,使其数 量和活性大幅下降[21-22],草地退化直接影响地表植物 的分布,因此也必然对土壤微生物造成影响;反之土 壤微生物的改变引起了土壤理化性质的改变,加剧了 这一过程,草地土壤微生物与植被、土壤之间存在着 一定的互作与联系。草地不合理放牧和人为利用方 式若不加强保护,继续过度放牧,将会使植被一土壤 微生物—土壤肥力生态链失去平衡,应该紧紧抓住土 壤微生物与土壤间的正相关关系,从调整土壤微生物 区系组成入手,通过人为改善土壤微环境,合理调整 植物种群结构,使得土壤微生物结构比例合理,才能

从根本上改善土壤性状,充分发挥土壤肥力。因此, 在东祁连山高寒草地生态系统的管理及开发利用中, 不但要注重草地植被,同时更要关注土壤环境的变 化,提高土壤质量和健康状况,对于发展畜牧业经济 和保护生态环境具有重要的指导意义。

4 结论

- (1)在相同时间、不同扰动生境中,土壤三大类微生物和氮素生理群数量变化差异显著(p<0.05),均随着土层的加深而逐渐减少,具有明显的垂直分布规律;
- (2)在不同时间、不同扰动生境中,土壤三大类微生物和氮素生理群数量变化差异显著(p<0.05),土壤细菌、放线菌、硝化细菌和好气性固氮菌数量分布为:2003年>2011年>2017年;真菌、反硝化细菌和嫌气性固氮菌数量分布为:2017年>2011年>2003年;
- (3)不同扰动生境中微生物总数量变化表现为: 2003年>2011年>2017年。2011年、2017年的微生物总数量与2003年相比较,一年生草地分别下降了1.65,2.86倍;多年生草地分别下降了3.12,5.12倍;围栏内草地分别下降了3.05,4.09倍;围栏外草地分别下降了2.11,3.26倍。

参考文献:

- [1] 李绍良,陈有君,关世英,等. 土壤退化与草地退化关系的研究[J]. 干旱区资源与环境,2002,16(1):92-95.
- [2] 侯扶江,南志标,肖金玉,等.重牧退化草地的植被、土壤及其耦合特征[J].应用生态学报,2002,13(8):915-922.
- [3] Zak D R, Holmes W E, White D C, et al. Plant diversity, soil microbial communities and ecosystem function: Are there any links? [J]. Ecology, 2003, 84(8): 2042-2050.
- [4] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, et al. Ecological linkages between aboveground and belowground biota[J]. Science, 2004, 304 (5677); 1629-1633.
- [5] 杨成德,龙瑞军,薛莉,等.东祁连山高寒草本草地土壤 微生物量及酶的季节动态[J].中国草地学报,2014,36 (2):78-84.
- [6] 张俊忠,陈秀蓉,杨成德,等.东祁连山高寒草地土壤微生物三大类群的时空动态特征[J]水土保持学报,2008,22(5):167-171.
- 「7] 韩玉竹,陈秀蓉,王国荣,等.东祁连山高寒草地土壤微

- 生物分布特征初探[J]. 草业科学,2007,24(4):14-18.
- [8] 卢虎,李显刚,姚拓,等. 高寒生态脆弱区"黑土滩"草地植被与土壤微生物数量特征研究[J]. 草业学报,2014,23(5):214-222.
- [9] 卢虎,姚拓,曹莉,等. 高寒生态脆弱区不同扰动生境土壤微生物数量的变化[J]. 土壤通报,2013,44(5):1140-1145.
- [10] 姚拓,龙瑞军. 天祝高寒草地不同扰动生境土壤三大类微生物数量动态研究[J]. 草业学报,2006,15(2);93-96.
- [11] 姚拓,王刚,张德罡,等. 天祝高寒草地植被、土壤及土壤微生物时间动态的比较[J]. 生态学报,2006,26(6): 1926-1932.
- [12] 马丽萍. 天祝高寒草地不同干扰生境土壤微生物数量时空动态研究[D]. 兰州:甘肃农业大学,2004.
- [13] 卢虎. 高寒生态脆弱区不同干扰生境土壤微生物数量特征及时间动态研究[D]. 兰州:甘肃农业大学,2011.
- [14] 蒋永梅,师尚礼,田永亮,等. 高寒草地不同退化程度下土壤微生物及土壤酶活性变化特征[J]. 水土保持学报, 2017,31(3):244-249.
- [15] 马文文,姚拓,靳鹏,等. 荒漠草原 2 种植物群落土壤微生物及土壤酶特征[J]. 中国沙漠,2014,34(1):176-183.
- [16] 马红梅,邵新庆,张建全,等.玉树高寒草甸不同利用方式下土壤微生物的特性[J].草地学报,2015,23(1):75-81.
- [17] 吴林坤,林向民,林文雄,等. 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.
- [18] Li X W, Li M D, Dong S K, et al. Temporal-spatial changes in ecosystem services and implications for the conservation of alpine rangelands on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. The Rangel and Journal, 2015, 37(1):31-43.
- [19] Chabrerie K L, Puget R, Desaire S, et al. Relationship between plant and soil microbial communities along a successional gradient in a chalk grassland in north-western France[J]. Applied Soil Ecology, 2003, 24(1):43-56.
- [20] Loreau M, Naeem S, Inchausti P, et al. Biodiversity and ecosystem functioning: Current knowledge and future challenges[J]. Science, 2001, 294 (5543): 804-808.
- [21] 蒲琴,胡玉福,何剑锋,等. 植被恢复模式对川西北沙化草地土壤微生物量及酶活性研究[J]. 水土保持学报,2016,30(4):323-328.
- [22] 牛得草,江世高,秦燕,等. 围封与放牧对土壤微生物和 酶活性的影响[J]. 草业科学,2013,30(4):528-534.