

红砂植被盖度对土壤不同形态碳、氮 及细菌多样性的影响

刘秉儒^{1,2}

(1. 宁夏大学 西北退化生态系统恢复与重建省部共建教育部重点实验室, 宁夏 银川 750021;

2. 宁夏大学西部生态与生物资源开发联合研究中心, 宁夏 银川 750021)

摘 要:以自然恢复的红砂群落为研究对象,探讨黄土高原红砂植被不同盖度对土壤不同形态碳、氮及细菌多样性的影响,为该地区的人工生态恢复措施提供理论支撑。在兰州市南北两山植被恢复技术研究与示范基地,按照 5 级盖度分类法设置红砂植被盖度梯度,重点对土壤养分碳氮、微生物量碳氮和细菌多样性开展研究。结果表明:随着植被恢复,土壤有机碳(SOC)和全氮(TN)、土壤微生物碳(MBC)和微生物氮(MBN)逐渐提高,并且增加比较快,但是当总盖度达到 48.73%之后,增加比较缓慢,而且增加的差异不显著。相同的植被盖度对土壤有机碳、全氮和土壤微生物碳、氮的影响趋于一致。土壤细菌多样性随植被盖度有所增加,在植被盖度达到 48.73%后多样性维持在彼此接近的水平,尽管微生物多样性群落结构有差异。在植被稀疏、物种多样性较低的干旱坡地,红砂植被盖度增加明显改善了土壤生态功能,但是片面追求植被盖度的增加,对土壤特性改善有限。

关键词:红砂;植被盖度;土壤微生物量;细菌多样性;PCR-DGGE

中图分类号:S154.3; S153.6*1 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-7601(2009)04-0155-08

人类对自然生态系统的干扰已经引起全世界普遍关注,因此防止生态系统退化以及退化生态环境的恢复与重建,改善区域生态环境,实现可持续发展,已成为人类亟待解决的重要课题。在我国西北干旱区的发展战略中,生态建设是重要的内涵。干旱区缺水,强烈的太阳辐射和日夜剧烈变化的温差,对植物的生存适应有严重的影响,因而植被多是以稀疏的多年生旱生植丛为主,植被组成种类贫乏。随着干旱度增加,植被呈紧缩分布现象,且植被低矮而生物量极低,从而对环境庇护作用较弱,使这一区域的生态系统具有明显的脆弱性^[1],成为我国生态环境建设重点区域之一。

位于甘肃黄土高原陇中北部的兰州南北两山地区,因降水量低,蒸发量远大于降水量,致使荒山秃岭极目可见,水土流失严重,生态环境条件非常恶劣,植被稀疏,植物区系组成贫乏。由于人口的快速增长,对饲料和燃料需求不断增长使当地稀疏的植被遭受破坏,因此导致低有机质含量的土壤结构变差,土壤质量降低,植被恢复更加困难,由此形成恶性循环。兰州市南北两山地区生态恢复问题从 20 世纪 20 年代就开始了一系列重建和恢复退化生态系统的探索。早期以人工栽种乔木为主,80 年代以

后高扬程引黄上水灌溉造林,90 年代进一步扩大规模,全民动员开展植树造林。虽说南北两山的绿化卓有成效,但是大面积开展灌溉造林,投入大,成本极高,同时因自然条件恶劣,加之粗放经营和人为因素的干扰,造林成活率、保存率都很低,尤其在无灌溉条件下的荒山造林,成活和保存的林分非常少,且生长差,郁闭度极低^[2]。长期以来,始终存在着“生态建设就是植树造林”的片面认识,这主要是源于对自然地带性规律缺乏了解^[7]。干旱、半干旱区仅能在局部地段、山地的适宜部位植树,不宜大面积造林。由于气候制约着荒漠植被的发生、发展过程,环境因素却孕育了与其相适应的大量荒漠植物物种,因此,在黄土高原干旱区进行生态恢复时要优先选择当地适生的物种,尤其是乡土植物种。

红砂作为荒漠灌丛植被主要优势种和建群种之一,是典型泌盐植物,在我国的分布地区多为生态脆弱地带,分布区土壤不仅水分极度匮乏,而且含盐量高,多为盐碱化土壤,其抗逆性强,生态可塑性大,保水力极强而蒸腾强度低,具有很强的耐寒、耐盐、耐旱能力^[4],是干旱区黄土高原生态恢复建设优先选择的乡土植物种。

早期的生态恢复过程监测研究,更多地关注植

收稿日期:2008-09-03

基金项目:宁夏大学自然科学基金(ZR200833)

作者简介:刘秉儒(1971—),男,甘肃庆阳人,博士,助理研究员,主要从事植物生态学和土壤微生物生态学研究。E-mail:ecology008@sina.com。

被变化,近年来,土壤微生物在植被恢复过程中的变化和作用的研究开始受到人们的重视,特别是微生物种类和数量的变化以及它们在生态恢复过程中的作用受到人们越来越多的关注。大量的研究关注黄土高原植被恢复技术与措施^[5-7],而对土壤化学和微生物特性的研究相对较少。土壤质量的恢复与保育是黄土高原半干旱丘陵区植被建设及生态环境可持续发展的关键之一。本研究从植被及其土壤生态功能恢复的角度出发,以干旱地区生长的耐干旱、抗逆性强的优势红砂群落为研究对象,研究红砂植被不同盖度对土壤不同形态碳、氮及细菌多样性的影响,为制订本区域人工植被恢复措施和可持续管理提供理论支撑。

1 研究区概况与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于兰州干旱地区生态植被恢复技术与示范基地(36°08'N, 103°49'E),位于甘肃省兰州市城区以北 35 km,为典型的半干旱黄土丘陵沟壑区,海拔在 1 715 ~ 1 900 m 之间。年平均降雨量 311 mm,其中 60% 的降雨集中在 7 ~ 9 月。年均气温 6.9℃,年均蒸发量 1 446.14 mm。实验所在地的土壤类型为黄绵土。

研究地区的自然植被呈现明显的阴阳坡分异。阳坡以典型的荒漠半灌木红砂为主,在阴阳坡或者半阴坡伴生有猪毛菜(*Salsola collina*)、碱蓬(*Suaeda glauca*)、狗尾草(*Setaria viridis*)、阿尔泰狗娃花(*Heteropappus alticus*)、细枝盐爪爪(*Kalidium gracile*)等一年生植物,红砂盖度 5% ~ 85%。

1.2 研究方法

1.2.1 采样方法 本研究区域位于黄土高原的阳坡,红砂是群落中的建群种,其生物量占总生物量的绝大部分,由于红砂植株个体高度增加不明显,以分枝扩展的形式来增加盖度,植株的冠幅和生物量呈显著的线性关系,因此红砂植被盖度对土壤不同形态 C、N 及微生物特性可能产生影响,本研究以植被盖度差异设计实验。在 2005 年 7 月中旬进行,在阳坡沿山顶向坡底方向,做 2 m × 2 m 样方,共计 60 个。以人工目测的方式估计盖度,按照 5 级盖度分类法对盖度进行分组^[8],然后以每组样地中总盖度在 ± 5% 范围内变化为依据,抽取 5 个样地作为重复。

在上述每个样地的样方内用土钻随机取 0 ~ 20 cm 土层的土样 5 个,混合为一个样,迅速捡去枯落物和可见根后分为两部分:一部分迅速保存在低温

条件下,运到实验室内过 2 mm 的土壤筛后装在密闭容器里,放置在 0 ~ 4℃ 的冰箱内保存,用于土壤微生物量和多样性分析;另一部分自然风干用于土壤理化特性分析。取无植被覆盖的土样作为对照。

1.2.2 土壤养分、微生物量的测定 土壤有机质含量采用重铬酸钾容量法—外加热法测定。土壤全氮采用半微量凯氏法来准确测定。土壤微生物量采用熏蒸—直接浸提法。在实验室内供试土壤调至 50% 的田间持水量,于 25℃ 下暗光培养 1 周,称取干重为 25.0 g 的新鲜土壤 3 份,用无水乙醇氯仿熏蒸,同时取不熏蒸的土壤作为对照,用半微量凯氏法测定浸提液的全氮含量^[8,9]。

在本测量方法中,微生物碳、氮的计算分别采用下列公式:

$$\text{微生物碳} = (\text{熏蒸的有机碳} - \text{未熏蒸的有机碳}) / 0.38 \quad (1)$$

$$\text{微生物氮} = (\text{熏蒸的全氮} - \text{未熏蒸的全氮}) / 0.45 \quad (2)$$

1.2.3 土壤细菌多样性分析 在参考 Zhou 等^[10]和 Krsek 等^[11]化学裂解法的基础上,作了技术改进从土壤样品中提取基因组 DNA;PCR 所用引物的序列和扩增方案参照 Schäfer 和 Muyzer^[12]的方法进行;变性梯度凝胶电泳(DGGE)用 Bio-Rad 公司 Dcode™ 基因突变检测系统,对 PCR 产物进行分离。从土壤样品中提取基因组 DNA 具体做法如下:

(1) DNA 的提取与纯化:

A. 称取 0.5 g 新鲜土壤于 5 ml 的离心管中,加入 1.35 ml 提取缓冲液(配比为 0.1 mol/L 磷酸盐(pH8.0),0.1 mol/L EDTA - Na₂,0.1 mol/L Tris - base(pH8.0),1.5 mol/L NaCl,1.0% CTAB)和 10 μl 溶菌酶(10 g/L),30℃ 水浴 15 min,然后加入 10 μl 蛋白酶 K(10 g/L),以 37℃ 恒温在摇床上 225 r/min 震荡 30 min。

B. 加入 150 μl 20% SDS,65℃ 水浴 2 h,每隔 15 ~ 20 min 轻轻摇动一次,摇匀泥浆。然后 8 000 r/min 速度离心 5 min,将上清液转移到新的离心管中。

C. 取 450 μl 提取缓冲液,加入原离心管,再加 50 μl 20% SDS,摇匀泥浆。65℃ 水浴 20 min,以同样速度离心 5 min,取上清液。再重复该步骤 1 次。

D. 在上清液中加入等体积的氯仿并摇匀,用 9 000 r/min 速度离心 15 min 后取上清液。于上清液中加入 0.6 倍体积的异丙醇,静置于室温下 2 h。

E. 用 10 000 r/min 的速度在 25℃ 下离心 20 min,弃掉上清液,晾干后加入 50 μl TE,溶解黏附于离心

管壁的 DNA 及其杂质,该溶液即为 DNA 粗提液。粗提物是否含有 DNA 可用 0.8% 的琼脂糖电泳进行检测(见图 1)。

F. 得到的 DNA 溶液用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳,将大于 2 kb 的 DNA 条带用 DNA 回收试剂盒(U - Gene Biotechnology Co. Ltd)进行纯化。

(2) PCR 扩增及变性梯度凝胶电泳:

PCR 扩增引物采用对大多数细菌和古细菌的 16S rRNA 基因 V3 区具有特异性的引物对(F357GC, R518),序列分别为:F357GC(以下简称 P1)5' - CGC CCG CCG CGC GCG GCG GCG GCG GCA CGG GGG GCC TAC GGG AGG CAG CAG - 3', R518(以下简称 P2)5' - ATT ACC GCG GCT GCT GG - 3'(Shanghai Sangon Biotechnology Co. Ltd)。PCR 采用 25 μ l 反应体系:体系浓度 10mM Tris - HCl (pH8.3), 50 mM KCl, 5 mM MgCl₂, 250 μ M(each)dNTP, Taq DNA 聚合酶 1.25 U,引物 P1(10 μ M)2.5 μ l,引物 P2(10 μ M) 2.5 μ l,加 DNA 模板 10 ng(2 μ l)。PCR 反应采用梯度降落策略,每个循环后复性温度下降 0.5 $^{\circ}$ C,具体反应条件参见文献[12]。PCR 反应产物可以用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳来检测(见图 2)。

变性梯度凝胶电泳(DGGE)使用 8% 的聚丙烯酰胺凝胶(丙烯酰胺:双丙烯酰胺 = 37.5:1, W/V),变性剂浓度适合的范围为 35% ~ 55%。每个加样孔中加入含 10% 溴酚兰的 PCR 样品 20 ~ 25 μ l。电泳运行条件:1 $\times$ TAE 电泳缓冲液,120 V 的电压,60 $^{\circ}$ C 恒温、恒压电泳 6 h。

(3) 染色、照相:本实验采用银染法对凝胶染色。将染色后的胶片用 FUJIFILM LAS-3000 (FUJIFILM, Japan)凝胶成像系统拍照,获得 DGGE 条带图谱(图 3)。在获得 DGGE 条带图谱后,需要对图谱

进行统计学分析,阐述不同样品间的关系,从而合理的解释复杂的条带图谱。

1.3 数据分析

实验数据用 SPSS 13.0 软件分析,比较用 Turkey's - b 单因素方差分析(ANOVA),相关性分析用 Pearson's test 分析。DGGE 的指纹图谱分析运用 Multi Gauge V 3.0 software(FUJIFILM, Japan)分析软件对条带位置和强度进行统计分析,来揭示微生物多样性的一些基本指标和规律。采用下列多样性指标:丰富度指数(S)、Shannon-Wiener 指数(H')和均匀度指数(E_H)。

Shannon-Wiener 指数(H')和均匀度指数(E_H)分别用下列公式来计算^[13~15]:

$$H' = - \sum_{i=1}^i P_i \ln P_i = - \sum_{i=1}^i (N_i/N) \ln (N_i/N) \quad (3)$$
$$E_H = H' / \ln S \quad (4)$$

式中, P_i 是某个条带亮度与所有条带总亮度的比值; S 为每个样品群落中的所有物种数目。

相似系数(S_{AB})用来计算两个土壤样品之间的基因多样性相似性,计算公式^[15,16]:

$$S_{AB} = M_{AB}/N \quad (5)$$

M_{AB} 是 A 和 B 土壤样品之间,DGGE 图谱上共有带的数量, N 是 A 和 B 土壤中条带的总数量。

2 结果与分析

2.1 土壤有机碳、氮的变化

植被使土壤有机碳、氮含量升高,且升高量随着红砂群落盖度增加而增加,在较低的盖度阶段土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)增加比较快,但是总盖度达到 48.73% 之后,SOC、TN 增加缓慢,且方差分析表明差异不显著(表 1)。

表 1 不同盖度红砂群落土壤(0~20 cm)养分与微生物量

Table 1 Soil nutrients and microbial biomass at different plant cover of Reaumuria soongorica

样本编号 Sample No.	盖度 Plant cover(%)	SOC (g/kg)	TN (g/kg)	MBC (mg/kg)	MBN (mg/kg)
1	0	3.22 $\pm$ 0.29 a	0.208 $\pm$ 0.02 a	74.07 $\pm$ 1.89 a	10.95 $\pm$ 0.47 a
2	4.62	3.93 $\pm$ 0.22 ab	0.291 $\pm$ 0.03 b	113.63 $\pm$ 6.11 ab	12.71 $\pm$ 0.91 ab
3	26.65	4.63 $\pm$ 0.10 bc	0.307 $\pm$ 0.02 bc	136.78 $\pm$ 12.85 b	16.75 $\pm$ 2.25 abc
4	48.73	4.66 $\pm$ 0.10 c	0.318 $\pm$ 0.03 cd	139.79 $\pm$ 5.79 bc	19.48 $\pm$ 2.42 bc
5	67.35	4.78 $\pm$ 0.14 c	0.373 $\pm$ 0.01 cd	142.66 $\pm$ 13.45 bc	20.44 $\pm$ 1.99 bc
6	84.26	4.93 $\pm$ 0.08 c	0.398 $\pm$ 0.01 cd	179.64 $\pm$ 2.78 c	23.32 $\pm$ 2.72 cd

2.2 土壤微生物量的变化

无植被覆盖的土壤微生物碳(MBC)含量为 74.07 mg/kg,有植被的土壤 MBC 变化范围在 113.63

~ 179.64 mg/kg 之间,MBC 随盖度增加呈增加的趋势,MBC 增加显著,但是盖度 $\geq$ 48.73% 以后,土壤 MBC 增加缓慢。无植被覆盖的土壤微生物氮

(MBN)含量为 10.95 mg/kg,有植被的土壤 MBC 变化范围在 12.71 ~ 23.32 mg/kg 之间,MBN 和土壤 MBC 有着相同的变化趋势(表 1)。

2.3 土壤细菌多样性

2.3.1 DNA 抽提、纯化和 PCR - DGGE

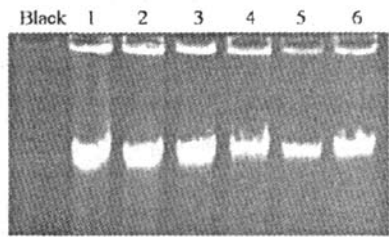
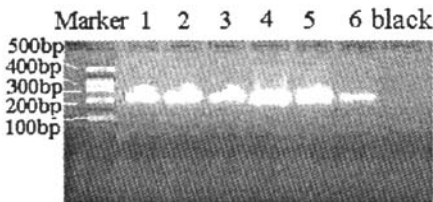


图 1 各个土壤样品抽提所得 DNA 经过 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳结果

Fig.1 Agarose gel(0.8%) electrophoresis from extracted genomic DNA of soil samples

从土壤中获得 的总 DNA 经过 PCR 扩增结果如图 2 所示。由此可得知,经过 PCR 反应,获得了各个样品中的土壤微生物的 16SrDNA 基因 V3 区的特异扩增片断(大小在 230 bp 左右)。



Marker: marker 2 (500 bp); black:空白加样孔; 1 ~ 6:土壤样品

Marker: marker 2(500 bp); Black: no sample;1 ~ 6: soil samples

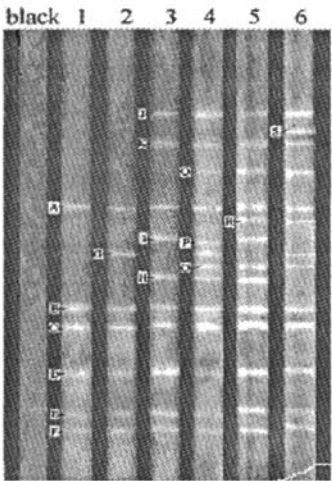
图 2 细菌 16SrDNA PCR 产物琼脂糖凝胶(1.5%)电泳检测结果

Fig.2 Agarose gel (1.5%) electrophoresis detected the PCR products of 16S rDNA gene fragment amplified from extracted genomic DNA

各个土壤样品的变性梯度凝胶电泳 (DGGE)图谱如图 3 所示,每个土壤样品经过 DGGE 都可以分离出数目不等的电泳条带,且各条带的强度和迁移率各不相同。

2.3.2 DGGE 图谱分析 DGGE 技术被广泛地用作分子工具比较微生物群落的多样性和监视种群动态,已经成为微生物群落遗传多样性和动态分析的强有力工具,并被广泛用于环境样品中的微生物多样性检测和种群演替的研究。对 DGGE 图谱分析中,较早应用的是聚类分析(Clustering)方法。近几年,多维尺度分析 (Multidimensional scaling, MDS) 和主成分分析 (Principal component analysis, PCA) 在 DGGE 图谱分析中应用较多^[17]。但是近来一些研

究者认为,不利用 PCA 等统计分析方法,可以直接观察到 DGGE 图谱不同样本间的显著差异,所以不需要进行统计学分析。



说明:1:无植被覆盖土壤;2 ~ 6:红砂群落不同盖度下的土壤样品;Black:空白加样孔

Note: Site 1: without overlying plant of *Reaumuria soongorica*. Site 2 ~ 6: with different plant cover of *Reaumuria soongorica* community. Black: no sample.

图 3 不同植物盖度下土壤中细菌群落的 DGGE 图谱

Fig.3 DGGE profile of bacterial communities under different plant cover of *Reaumuria soongorica* community

表 2 各个土壤样品中 DGGE 图谱条带数量统计

Table 2 Numbers statistic of DGGE bands in each soil sample						
条带名称 Bands	泳道 1 Lane 1	泳道 2 Lane 2	泳道 3 Lane 3	泳道 4 Lane 4	泳道 5 Lane 5	泳道 6 Lane 6
A	+	+	+	+	+	+
B	+	+	+	+	+	+
C	+	+	+	+	+	+
D	+	+	+	+	+	+
E	+	+	+	+	+	+
F	+	+	+	+	+	+
G		+		+		+
H			+	+	+	
I			+		+	
J			+	+	+	+
K			+	+	+	+
O				+	+	+
P				+		
Q				+	+	+
R					+	+
S						+
条带数目 Total	6	7	10	13	13	13

本实验 16S rRNA 扩增的 DGGE 条带的图像分析(图 3、表 2)表明:在 6 种土样中,总共有 16 个优势细菌 DNA 条带,有植被覆盖的土壤样品中条带的数量在 7~13 之间变化,说明不同植被盖度影响细菌多样性和结构。无植被覆盖的土壤中,条带最少,只有 6 条,分别是条带 A、B、C、D、E、F,而且,这 6 个条带在后来的所有土壤中都出现,说明这些微生物为该类型土壤中的常见类型,广布于该类型土壤之中;植被盖度极低(总盖度 4.62%)时土壤有 7 条带,比无植被覆盖样地的土壤多了一个条带 G,这可能是植物的定居引起微生物群落的变化;当盖度提高到 26.65%,土样中微生物的条带增加到了 10 个,除了 6 个常见条带,有 4 个新的条带 H、I、J、K,细菌群落多样性明显增加。在植物总盖度 48.73% 时,土壤中的条带增加到 13 条,此后随着盖度的增加,土壤中的条带都增加到 13 条,说明丰富度没有变化,但是可以看出条带位置不完全相同,均匀度有明显的差别(表 3),微生物群落结构亦不相同。

表 3 运用 DGGE 图谱计算的土壤细菌多样性指数

Table 3 Soil bacterial diversity indices estimated by the DGGE profiles

样本编号 Sample No.	Shannon-wiener indexs <i>H'</i>	Richness <i>S</i>	Evenness <i>E_H</i>
1	0.778	6	-1.012
2	0.845	7	-1.105
3	1	10	-1.400
4	1.114	13	-1.526
5	1.114	13	-1.596
6	1.114	13	-1.656

说明:Richness(S) 根据 DGGE 图谱中条带的数量而得。

Note: Richness (S) was represented by the band number of the DGGE profiles.

同时,不同植被盖度的土壤中细菌的相似性通过这些土壤常见 DGGE 条带的相似系数反映出来,利用公式(5)可以比较不同样地土壤(0~20 cm)细菌群落的相似性。结果显示不同植被盖度的土壤细菌在基因信息方面具有不同的相似程度(表 4)。

3 讨论与结论

3.1 讨论

3.1.1 植被盖度对土壤有机碳、氮的影响 植被覆盖对土壤特性的影响主要归因于植物根的分泌物和枯枝持续向土壤中输入有机质和能量。土壤有机质是土壤的重要成分,是植物的养分来源和土壤微生物生命活动的能量来源^[18]。土壤有机质通过改善

表 4 不同样地土壤(0~20 cm)细菌群落相似系数

Table 4 Similarity coefficient of soil bacterial community at different sites

样本编号 Sample No.	1	2	3	4	5	6
1		0.8921	0.6547	0.4804	0.4804	0.4804
2	6		0.5241	0.5385	0.3187	0.5385
3	6	6		0.5241	0.7338	0.3145
4	6	7	9		0.5604	0.5604
5	6	6	10	11		0.5604
6	6	7	8	11	11	

注:表格上部数据是群落相似系数,下部是共有的 DGGE 条带数量。

Note: The data above diagonal are coefficient of community similarity and those down are number of common DGGE bands.

土壤团粒结构,改善土壤的水、肥、气、热等环境条件,提高土壤的抗侵蚀能力,为植被恢复提供可靠的条件。将本实验土壤有机质数据,与同地区的农田和弃耕地数据^[19,20],以及 Zhou 等^[21]在美国采集的 29 个低碳土壤样品的有机质含量(4.58 mg/g)相比较,发现研究区域土壤有机碳的含量也偏低,同属于低碳土壤环境,这进一步说明荒漠植物红砂对土壤有机质的要求不高,能够在贫瘠的土地上生长。

植被覆盖减少为土壤侵蚀的发生提供了内部条件,我国的西北地区是多风地区,雨量虽少但比较集中,这是引起土壤侵蚀的外部条件。我国许多研究也表明,黄土高原种草的坡地比不种草的坡地地面径流减少 47%,冲刷量减少 77%^[22]。坡向和坡位也影响到土壤有机质的积累,即使在同一坡向,坡位也影响土壤有机质的积累。植被覆盖程度低的样地,处于较高坡位,因此也有更高的土壤侵蚀机会而导致土壤有机质的降低。本研究区域大面积的土壤表面植被覆盖程度很低,而且降水稀少、集中,山地坡度大,易产生水土流失,导致养分流失,影响到土壤有机质的积累。

3.1.2 植被盖度对土壤微生物量变化的影响 土壤微生物量虽然仅占土壤中碳的 2%~3%、氮的 3%~5%,但它极其重要,是促使土壤有机物和植物养分转化、循环的动力因素,是植物矿质养分的源和汇^[23]。土壤微生物量的变化主要受环境条件(干湿、气温)和植物生长等因子的综合影响。干旱季节,微生物数量少,活性低,对土壤中有机残体的矿化和转化速度慢或停止;雨季,土壤水分充足,在温度适宜时土壤微生物大量繁殖,对土壤中残体的分解转化速度快,矿化快,提供给植物的有效养分数量大幅度增加。另外,土壤的有效氮主要是土壤胶体表面吸附和粘土矿物层间固定的铵态氮和土壤中的

硝态氮。越来越多的研究表明,土壤微生物特性和生物化学特性(比如微生物碳、酶活性和易分解的有机质)均可作为土壤生态系统胁迫或恢复的敏感指标^[24]。

植被恢复通过改善土壤养分状况进而间接地影响土壤微生物生物量,Jenkinson 和 Powlson^[25]认为植被恢复过程中,植物生物量增加,枯枝落叶也随之增加,导致土壤有机质增加,微生物可利用的能源物质增多,微生物量也有所提高。土壤有机质会为微生物的生长提供碳氮和能源,但是红砂是多年生超旱生小灌木,群丛多样性很低,枯枝落叶本来就少,在北方大风天气下,枯枝物仅依靠灌丛截留。另外,本研究结果也证实有机碳含量低的土壤通常微生物量含量也低^[26,27]。

3.1.3 植被盖度对土壤细菌多样性的影响 植被是影响环境的重要因素,土壤微生物的多样性及变异性(多型性),反映了它们对环境的适应性^[28]。植被通过影响土壤环境,进而影响到土壤微生物的结构和多样性。Tiedie 曾提出有关微生物群落多样性变化的以下几个假设:从微生物群落多样性的全球格局来看,植物群落类型初步决定了微生物群落的组成,土壤微生物群落多样性与覆盖于土壤上的植物群落多样性呈正相关;从微生物群落多样性的区域格局来看,土壤微生物群落多样性与覆盖于土壤上的植被群落生产力和多样性呈正相关,随着植物群落存在的年限增长而增加。从不同土壤及覆盖其上的植被与土壤微生物群落结构和多样性的关系来看,植被使土壤中的微生物种类更丰富,群落多样性更高,但是表层土壤(0~20 cm)微生物没有明显的优势种群,种间竞争作用较弱^[29]。Gelsomino 等^[31]比较了来自不同地理位置的 16 种土壤微生物 DGGE 图谱后指出,土壤类型是决定土壤微生物群落结构的主要因素,相同的土壤类型,土壤微生物群落结构也相似。Mccaig 等^[32]运用多样性指数和相似性系数,发现在改良和未改良的荒漠草地土壤微生物群落之间没有明显差异(可能是由于太低的植被盖度所致),而且 DGGE 图谱上没有发现个体多样性的差异。用本研究中的方法检测时,通过比较植被使微生物群落多样性增加,而且不同植被盖度的土壤样品中细菌菌群多样性有差异,可能是表层土壤环境由于受植被的影响,加上由于植物根系存在而导致的空间异质性,可以满足各种微生物的生存需求,使各种群都处在相对均一的水平^[33]。根据生态学的一般原理,这是种群间竞争作用较弱的结果。但是盖度增加土壤细菌群落相似性变化小。可能是

低碳的土壤中微生物多样性偏低,另一方面因为有着相同的土壤类型,土壤微生物群落结构相似性较高所致。

3.2 结 论

在植被稀疏、物种多样性较低的干旱地区,红砂植被盖度增加明显改善了土壤生态功能,但是植被盖度增加到一定程度之后,对土壤特性改变的影响不显著。因此,在干旱缺水地区不宜片面追求植被盖度的增加。生态恢复是一项具有不确定性的、长期的、需要资源投入的任务,在对生态系统进行恢复前必须深思熟虑,集思广益比单独依赖某一项措施或者技术会更好。

致谢:特别感谢兰州市南北两山绿化指挥部朱恭工程师在野外试验给予的帮助,感谢兰州大学勾辛博士、储诚进博士以及宁夏大学宋乃平教授、宁夏农牧厅杨静提出的修改意见,同时感谢审稿人对本文的许多有益建议。

参 考 文 献:

- [1] 黄培祐. 干旱区免灌植被及其恢复[M]. 北京:科学出版社, 2002:46—50.
- [2] 王春燕. 兰州市南北两山环境绿化工程景观空间格局及其生态系统服务功能研究[D]. 兰州:兰州大学, 2005.
- [3] 任 海,刘 庆,李凌浩. 恢复生态学导论(第二版)[M]. 北京:科学出版社, 2008:156.
- [4] 刘家琼,邱明新,蒲锦春,等. 我国典型超旱生植物——红砂[J]. 植物学报, 1982, 24(5):485—488.
- [5] 黄志霖,傅伯杰,陈项利. 恢复生态学 with 黄土高原生态系统的恢复与重建问题[J]. 水土保持学报, 2002, 16(3):122—125.
- [6] 徐文梅,刘长海,廉振民. 陕北黄土高原退化生态系统的恢复与重建[J]. 西北林学院学报, 2005, 20(3):23—25.
- [7] 徐建辉,郑 度. 干旱区生态建设应遵循地带性规律[N]. 科学时报, 2006, 9. 22. <http://www.cas.cn/html/Dir/2006/09/11/14/30/51.htm>.
- [8] Kalembsa S J, Jenkinson D S. A comparative study of titrimetric and gravimetric methods for the determination of organic carbon in soil[J]. Journal of The Science of Food and Agriculture, 1973, 24:1085—1090.
- [9] 林启美,吴玉光,刘焕龙. 熏蒸法测定土壤微生物量碳的改进[J]. 生态学杂志, 1999, 18(2):63—66.
- [10] Zhou J, Bruns M A, Tiedie J M. DNA recovery from soils of diverse composition[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62:316—322.
- [11] Kreck M, Wellington E M H. Comparison of different methods for the isolation and purification of total community DNA from soil[J]. Journal of Microbiological Methods, 1999, 39:1—16.
- [12] Schäfer, H, Muyzer G. Denaturing gradient gel electrophoresis in marine microbial ecology[C]//Paul J H. Methods in Microbiology,

- London: Academic Press, 2001, 30: 425—468.
- [13] Van Hannen E J, Zwart G, Van Agterveld M P, et al. Change in bacterial and eukaryotic community structure after mass lysis of filamentous cyanobacteria associated with viruses[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65: 795—801.
- [14] Lavian I L, Vishnevetsky S, Barness G, et al. Soil microbial community and bacterial functional diversity at Machu Pochu, King George Island, Antarctica[J]. *Polar Biology*, 2001, 24: 411—416.
- [15] Luo H F, Qi H Y, Zhang H X. Diversity surveys of soil bacterial community by cultivation-based methods and molecular fingerprinting techniques[J]. *Journal of Environmental Science*, 2004, 16: 581—584.
- [16] McCaig A E, Glover L A, Prosser J. Numerical analysis of grassland bacterial community structure under different land management regimes by using 16S ribosomal DNA sequence data and denaturing gradient gel electrophoresis banding patterns[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67: 4554—4559.
- [17] Araya R, Takagi T, Takagi T. Bacterial activity and community composition in stream water and biofilm from an urban river determined by fluorescent in situ hybridization and DGGE analysis[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 43: 111—119.
- [18] Zak D R, Grigal D R, Gleeson S, et al. Carbon and nitrogen cycling during old-field succession: constraints on plant and microbial biomass[J]. *Biogeochemistry*, 1990, 11: 111—129.
- [19] Jia G M, Cao J, Wang G. Influences of land management on soil nutrients and microbial biomass in the central loess plateau in northwest China[J]. *Land Degradation and Development*, 2005, 16: 455—462.
- [20] 贾国梅, 方向文, 刘秉儒, 等. 黄土高原植被自然演替过程中微生物碳的大小和活性的动态[J]. *中国沙漠*, 2006, 26(4): 580—584.
- [21] Zhou J, Xia B, Treves D S, et al. Spatial and resource factors influencing high microbial diversity in soil[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68: 326—334.
- [22] 苏大学. 草地生态建设——防止水土流失及洪水灾害的重要举措[J]. *中国科学院院刊*, 1999, 14(2): 124—126.
- [23] Jenkinson D S, Ladd J N. Microbial biomass in soil: measurement and turnover[C]//EA Paul, Jn Ladd. *Soil Biochemistry*. New York: Marcel Dekker, 1981: 415—472.
- [24] Insam H, Parkinson D, Domsch K H. The influence of microclimate on soil microbial biomass level[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1989, 21: 211—221.
- [25] Jenkinson D S, Powlson D S. The effects of biocides treatments on metabolism in soil: VA method for measuring soil biomass[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1976, 8: 209—213.
- [26] Dias-Ravina M, Acea M J, Carbanas T. Microbial biomass and its contribution to nutrient concentration in forest soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1993, 25: 25—31.
- [27] Guggenberger G, Zech W. Soil organic matter composition under primary forest pasture and secondary forest succession Region Hueter Norte Costa Rica[J]. *Forest Ecology Management*, 1999, 124: 93—104.
- [28] 杨芳, 王开运, 方德华, 等. 川西亚高山针叶林土壤微生物生态研究展望[J]. *内蒙古林业科技*, 2004, (2): 26—32.
- [29] Tiedje J M, Nusslen K, Xia B C. The vast world of microbial diversity [C]//JST. *Proceeding of the 5th Japan science and technology corporation*. Tokyo: International Symposium-New Frontiers in Microbiology, 1997: 26—28.
- [30] 夏北成, Zhou J Z, Tiedje J M. 植被对土壤微生物群落结构的影响[J]. *应用生态学报*, 1998, (9): 296—300.
- [31] Gelsomino A, Keijzer-Wolters A, Cacco G. Assessment of bacterial community structure in soil by polymerase chain reaction and denaturing gradient gel electrophoresis[J]. *Journal of Microbiology Methods*, 1999, 38: 1—15.
- [32] McCaig A E, Glover L A, Prosser J. Numerical analysis of Grassland bacterial community structure under different land management regimes by using 16S ribosomal DNA sequence data and denaturing gradient gel electrophoresis banding patterns[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67: 4554—4559.
- [33] Xia B C, Zhou J, Tiedje J M. Molecular analysis of spatial heterogeneity of microbial community compositions and interactions in sub-surface environment [R]. *Forum on Environmental Remediation and Environmental Toxicology and Microbial Ecology*, 1996: 23—25.

Effects of different plant cover of *Reaumuria soongorica* on soil carbon and nitrogen in different variety and soil bacterial diversity

LIU Bing-ru^{1,2}

(1. Key Lab for Restoration and Reconstruction of Degraded Ecosystem in Northwest China of

Ministry of Education, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China; 2. United Research

Center for Exploitation of Ecology and Resources in West China, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China)

Abstract: Soil quality restoration and soil management is the key for vegetation restoration and eco-environment sustainable development for the hilly region of the semiarid Loess Plateau. In order to provide scientific reference for vegetation restoration and soil care in the Loess Plateau, the change of soil carbon and nitrogen in different variety and soil bacterial diversity was studied by designing five gradient levels of plant cover of *Reaumuria soongorica* at Lanzhou Experiment Base of Environmental Afforestation of South-North Mountains. The results showed: soil organic carbon (SOC), total nitrogen (TN), soil microbial biomass C (MBC) and microbial biomass N (MBN) gradually increased with vegetation

cover, SOC, TN, MBC and MBN increased quickly before the vegetation cover approaching 48.73%. There were similar trend between soil microbial biomass (MBC and MBN) and nutrients (SOC and TN) under the same vegetation cover, which indicted that the organic fertilizer could provide energy for the growth of microbe. Soil bacterial diversity increased with vegetation cover, and then gradually remained at a quite constant level, although soil microbial community's structure was different from each other under different vegetation cover. It implies that in arid and semiarid areas with sparse vegetation and lower plant diversity, the increase of the vegetation cover of *Reaumuria soongorica* changed obviously the ecological function of the soil. However, the unilateral increase of vegetation cover will have less effect to the soil properties.

Key words: *Reaumuria soongorica*; plant cover; microbial biomass; soil bacterial diversity; PCR-DGGE

(上接第 154 页)

参考文献:

- [1] 张 娥. 浅谈利用秸秆覆盖改良土壤技术措施[J]. 甘肃林业, 2005, (2): 29.
- [2] 杨德荣. 旱作机械化保护性耕作技术[J]. 山东农机, 2004, (5): 16—17.
- [3] 胡 芬, 梅旭荣, 陈尚漠, 等. 秸秆覆盖对春玉米农田土壤水分的调控作用[J]. 中国农业气象, 2001, 22(1): 5—18.
- [4] 王树楼, 王 茹, 丁玉川. 旱地玉米免耕整秆半覆盖耕作技术研究[J]. 耕作与栽培, 1994, (4): 11—14.
- [5] 田 慧, 谭周进, 屠乃美, 等. 少免耕土壤生态学效应研究进展[J]. 耕作与栽培, 2006, (5): 10—12.
- [6] 李淑高. 土壤酶与土壤肥力[C]//中国土壤学会. 中国土壤的合理利用与培肥(下册). 北京: 科学出版社, 1983: 37—42.
- [7] 唐 艳, 杨林林, 叶家颖. 银杏园土壤酶活性与土壤肥力的关系研究[J]. 广西植物, 1999, 19(3): 277—281.
- [8] 郑文教, 王良睦, 林 鹏. 福建和溪亚热带雨林土壤酶活性的研究[J]. 生态学杂志, 1995, 14(6): 16—20.
- [9] 曹 慧, 孙 辉, 杨 浩, 等. 土壤酶活性及其对土壤质量的指示研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2003, 9(1): 105—109.
- [10] 张焱华, 吴 敏, 何 鹏, 等. 土壤酶活性与土壤肥力关系的研究进展[J]. 安徽农业科学, 2007, 35(34): 11139—11142.
- [11] 杨招弟, 蔡立群, 张仁陟, 等. 不同耕作方式对旱地土壤酶活性的影响[J]. 土壤通报, 2008, 39(3): 514—517.
- [12] 巩 杰, 黄高宝, 陈利顶, 等. 旱作麦田秸秆覆盖的生态综合效应研究[J]. 干旱地区农业研究, 2003, 21(3): 69—73.

Effect of different amount of straw mulching on soil enzyme activities in dry land

LI Qian, ZHANG Rui, JIA Zhi-kuan

(Research Center of Agriculture in the Arid and Semiarid Areas, Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: Field fixed position experiments were conducted to study the effect of different amount of straw covering on soil enzyme activities in Heyang Country of Shaanxi Province. The results showed that: Straw covering could accelerate soil enzymatic activities, in the layer between 0 cm and 20 cm the activities of invertase and alkaline phosphatase were 46.9% and 9.0% higher respectively than that in the control and reached the maximum when the fields were mulched with 9 000 kg/hm² of maize straw; Urease activity reached the maximum when the fields were mulched with 13 500 kg/hm² of maize straw, and urease activity in the surface increased by 3.6 times compared to the control; With the increase of soil depth, the activities of urease, invertase and catalase reduced, and the difference of alkaline phosphatase activity in different levels was not significant.

Key words: spring maize; straw mulching; soil enzyme activities