

温带草原退化对土壤剖面微生物学特征的影响

贺凤鹏^{1,2} 曾文静² 王墨迪² 曾辉^{1*} 王妮^{2*}

(1. 北京大学深圳研究生院 广东 深圳 518055)

(2. 北京大学城市与环境学院 北京 100871)

摘要:【目的】草地退化已成为我国草原当前面临的最主要问题。土壤微生物量和土壤酶活性是反映土壤养分和土壤环境质量的重要指标。揭示退化程度对温带草原土壤剖面微生物学特征的影响规律。【方法】以内蒙古温带草原为研究对象,选取成熟自然草地以及中、重度退化草地和极度退化草地4种典型不同退化程度的草地,按不同土壤深度分层采样并进行土壤微生物量和土壤微生物酶活性的测定。【结果】表层土壤微生物生物量及其酶活性在不同退化样地中呈现出一致的趋势:成熟自然样地>中度退化样地>重度退化样地>极度退化样地;10–20 cm 土层土壤微生物学特征与表层的差异随着退化程度的加深逐渐减少,甚至在极度退化样地中10–20 cm 层土壤微生物指标高于表层。【结论】表层土壤微生物生物量及其酶活性随着退化程度的加深而减少。同时,退化程度越严重,表层与10–20 cm 土层之间土壤微生物学特征的差异越小。这一结果为评价草地退化程度提供了新思路,为温带草原的恢复和重建提供了重要的理论依据。

关键词: 温带草原, 退化, 微生物量碳, 微生物量氮, 微生物酶活性

Effect of temperate grassland deterioration on soil microbiological characteristics at different depths

HE Feng-Peng^{1,2} ZENG Wen-Jing² WANG Zhao-Di² ZENG Hui^{1*} WANG Wei^{2*}

(1. Shenzhen Graduate School, Peking University, Shenzhen, Guangdong 518055, China)

(2. College of Urban and Environment, Peking University, Beijing 100871, China)

Abstract: [Objective] The deterioration of grasslands has become one of the major environmental problems in China. Both soil microbial biomass and extracellular enzyme activity are important indices, influencing soil nutrients and environmental quality. We aim to reveal the effect of grassland deterioration on soil microbiological characteristics along a depth profile. [Methods] The Inner Mongolia steppe was selected due to its typical deterioration features. We took samples at different depths (0 to 100 cm) from four grasslands including mature grassland, moderately deteriorated

Foundation item: National Natural Science Foundation of China (No. 31222011, 31270363, 31321061)

*Corresponding author: ZENG Hui: Tel/Fax: 86-755-26035585; E-mail: zengh@pku.edu.cn

WANG Wei: Tel/Fax: 86-10-62755923; E-mail: wangw@urban.pku.edu.cn

Received: July 28, 2015; Accepted: November 12, 2015; Published online (www.cnki.net): January 07, 2016

基金项目: 国家自然科学基金项目(No. 31222011, 31270363, 31321061)

*通讯作者: 曾辉: Tel/Fax: 86-755-26035585; E-mail: zengh@pku.edu.cn

王妮: Tel/Fax: 86-10-62755923; E-mail: wangw@urban.pku.edu.cn

收稿日期: 2015-07-28; 接受日期: 2015-11-12; 优先数字出版日期(www.cnki.net): 2016-01-07

grassland, severely deteriorated grassland and extremely deteriorated grassland. We measured soil microbial biomass and the activity of extracellular enzymes involved in carbon and nitrogen cycling. **[Results]** Microbial biomass and enzyme activity at the topsoil layer showed the same trend in different deteriorated grasslands: mature grassland > moderately deteriorated grassland > severely deteriorated grassland > extremely deteriorated grassland. The differences between the 10–20 cm and topsoil in microbial biomass and enzyme activity were reduced with deterioration, and the microbial biomass and enzyme activity at the 10–20 cm layer were higher than that at the topsoil in the extremely deteriorated grassland. **[Conclusion]** Microbial biomass and enzyme activity at the topsoil layer decreased with grassland deterioration. When the deterioration of grasslands became more severe, the differences in soil microbiological characteristics between the surface and the 10–20 cm soil were less. These results provide a new method for assessing the degradation of grasslands, and thus offer important theoretical bases for the restoration of degraded temperate grassland.

Keywords: Temperate grasslands, Deterioration, Microbial biomass carbon, Microbial biomass nitrogen, Microbial enzymes activity

我国温带草原分布广泛，占国土面积比例高达40%，是欧亚大陆温带草原植被类型的重要组成部分，具有重要的生态和经济价值，一直是生态研究的热点^[1-2]。全球变化背景下的气候干旱化，高强度农业利用方式下的长期过度放牧，都可能导致草地严重退化，已成为我国草原牧业和生态可持续发展的主要瓶颈^[3]。草地退化的核心是土壤退化，而土壤微生物是具有生命活力的主要组成，在土壤形成和演化过程中起着主导作用^[4]。土壤微生物生物量(简称 MB)和土壤微生物胞外酶活性则能较好地反应土壤质量状况及其对环境胁迫的适应与响应。前者是土壤有机质库和速效养分的一部分，它对环境变化十分敏感^[5]，并且易在短时间内发生大幅度的变化，是公认的土壤生态系统结构和功能演替的特征指示物^[6]。广义的 MB 包括微生物量碳(Microbial biomass carbon, MBC)、微生物量氮(Microbial biomass nitrogen, MBN)、微生物量磷(Microbial biomass phosphorus, MBP)和微生物量硫(Microbial biomass sulfur, MBS)^[7]，其中微生物量碳、氮的研究最多。土壤胞外酶是一种具有生物催化能力和蛋白质性质的高分子活性物质，主要来源于土壤微生物活动分泌、植物根系分泌和植物残体以及动物区系分解^[8]。其与有机质的分解、营养元素的循环、能量转移和环境质量等密切相关^[9]，它的活性不仅表征了土壤微生物活性的高低，也是衡

量土壤肥力的重要指标^[10]。土壤酶学特征也是土壤质量演变的潜在指标体系^[11]。水解酶类是土壤中存在较多的一类酶，能够参与土壤中有有机物质的转化，主要通过裂解有机化合物中糖苷键、脂键、肽键等把高分子有机化合物水解成能被植物吸收、微生物利用的小分子营养物质。其中， β -1,4-葡萄糖苷酶(BG)可降解纤维素，是参与碳循环最为重要的水解酶。 β -1,4-N-乙酰基葡萄糖胺酶(NAG)和亮氨酸氨基肽酶(LAP)是参与氮循环的重要水解酶，前者可水解几丁质、肽聚糖和氨基葡萄糖，后者可水解蛋白质、亮氨酸和多肽氮末端的疏水氨基酸^[12]。

目前，国内外学者已经对草地退化做了大量的研究，但是大部分都集中于退化现状及其驱动力、植物群落结构及其稳定性、生物量变化及其土壤肥力水平^[13-17]，仅有的土壤微生物研究也大多集中于表层土壤，深层土壤中微生物生物量和酶活性对草原退化的适应和响应规律仍不清楚。一般情况下，草地生态系统土壤微生物学特征随着土层深度的增加而减少。丁玲玲等^[18]研究报道，在东祁连山不同高寒草地土壤微生物数量随着土层的加深减少。卢虎等^[19]研究结果也表明在青藏高原东北缘天祝高寒地区土壤微生物量碳、氮上层高于下层，最大值出现在0–10 cm。但是牛得草等^[20]在研究发现，围封和放牧条件下土壤微生物量碳、氮和土壤酶活性在不同土层(0–10 cm 和 10–20 cm)间的高低规律

不一致: 土壤微生物量碳、氮含量均表现为表层土壤高于下层土壤, 而酶活性的规律却相对较复杂。

据此, 本研究针对不同退化程度的内蒙古温带草原, 围绕 5 个不同深度土壤(0–10、10–20、20–40、40–60、60–100 cm)分析了土壤微生物生物量和酶活性的变化规律, 研究了在同一地理气候条件下, 退化程度对土壤微生物生物量和酶活性垂直变化的影响, 为温带草原的恢复和重建提供重要的理论基础。

1 材料与方法

1.1 实验区概况

研究区域位于内蒙古自治区克什克腾旗南部乌兰布统(图 1)。该区域年平均降水量约为 400 mm, 7、8 月降雨量最多, 占全年的 51%。年平均温度为 $-1.4\text{ }^{\circ}\text{C}$, 冬季时间较长, 为每年的 10 月到次年的 4 月。当地土壤类型为栗钙土, 表层土壤主要为砂和粉砂^[21]。该区域的主要植被类型为羊草草原, 根据其受人为活动影响和退化指数(非退化指示种占样地物种总数的比例, 0–1)的大小^[21], 将草地分为 4 个不同的退化程度: 极度退化草地, 即沙化草地(0.34)、重度退化草地(0.40)、中度退化草地(0.54)、成熟的自然草地(0.74) (图 1)。

1.2 实验设计

2011 年在不同退化程度的草地上分别选取 $100\text{ m}\times 100\text{ m}$ 的草地围封作为实验样地, 包括射击场成熟自然草地(Mature grassland, MG), 该样地于 2000 年起围封禁牧, 现恢复状况良好, 物种丰富; 元宝山中度退化草地 (Moderately deteriorated grassland, MDG), 该样地原为牧场; 公主湖重度退化草地(Severely deteriorated grassland, SDG), 十几年前为植被状况良好的优质牧场, 后来因过度放牧导致植被退化; 公主湖极度退化草地 (Extremely deteriorated grassland, EDG), 物种最少, 各实验样地的植被属性详见表 1。

2014 年 8 月, 在每块样地随机选取 3 个 $5\text{ m}\times 5\text{ m}$ 的样方, 分别在每个样方内按照“S”型选取 5 个样点, 在每个样点上分别取 0–10、10–20、20–40、40–60、60–100 cm 5 层土壤, 并将同一样方中的 5 个样点相同深度的土壤分别混匀作为实验样本。采集的土样立即用自封袋密封放入冰盒中, 运回实验室置于 $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冷藏待用。各实验样地土壤的理化性质详见表 2。

土壤微生物量碳、氮测定采用氯仿熏蒸浸提法, 浸提液在总有机碳/总氮分析仪(Multi N/C

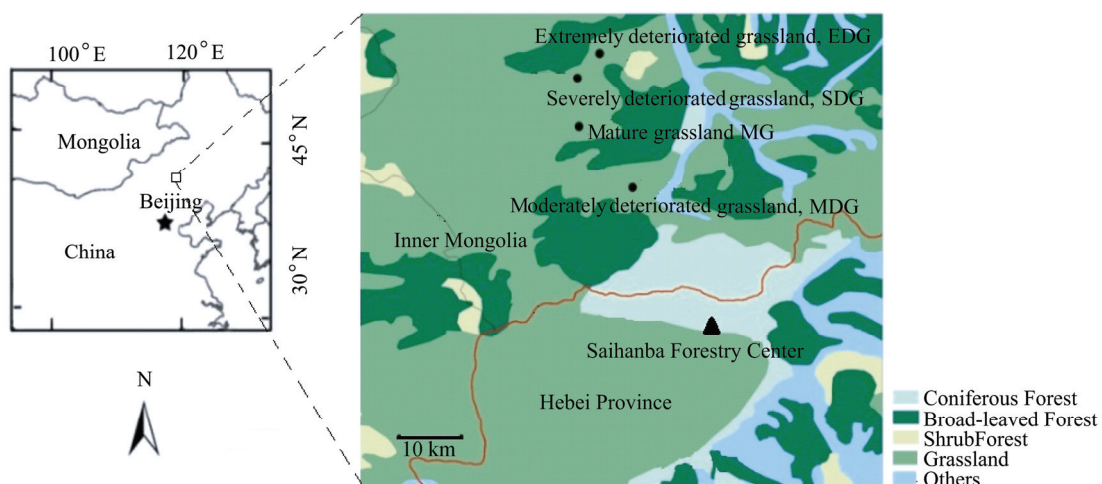


图 1 研究区域及样地分布示意图

Figure 1 Geographical location of the sampling sites and experimental plots

表 1 不同退化程度草地的基本植被特征
Table 1 The basic vegetation characteristics of different deteriorated degree grassland

样地 Sites	物种丰富度 Species richness	生物量 Biomass (g)	主要物种 Main species
MG	69	403.27±60.18	羊草(<i>Leymus chinensis</i>)、伊尔库特雀麦(<i>Bromus japonicas</i>)、无芒雀麦、硬 质早熟禾(<i>Poa sphondylodes</i>)、黄囊薹草(<i>Carex korshinskyi</i>)、地榆 (<i>Sanguisorba officinalis</i>)、北柴胡(<i>Bupleurum chinense</i>)
MDG	43	306.99±86.44	贝加尔针茅(<i>Stipa baicalensis</i>)、羊草、硬质早熟禾、腺毛委陵菜(<i>Potentilla longifolia</i>)、黄囊薹草
SDG	52	268.20±53.31	贝加尔针茅、伊尔库特雀麦、硬质早熟禾、黄囊薹草、腺毛委陵菜、星 毛委陵菜、冷蒿(<i>Artemisia frigida</i>)、茵陈蒿(<i>Artemisia capillaris</i>)
EDG	32	278.32±91.05	羊草、黄囊薹草、沙蓬(<i>Agriophyllum squarrosum</i>)、狗尾草(<i>Setaria viridis</i>)、 马唐(<i>Digitaria sanguinalis</i>)、无芒雀麦

注：地上生物量数据为平均值±标准误。

Note: Biomass values were means±standard error.

表 2 不同退化程度草地不同土层的土壤基本理化指标
Table 2 Basic physical and chemical indicators of soil in different sampling sites and soil layers

S	D	T (°C)	SWC (%)	pH	DOC (mg/kg)	TOC (g/kg)	DN (mg/kg)	TN (g/kg)
MG	1	24.8±2.6ABb	0.085±0.008Ca	6.18±0.08Aa	198.06±22.52Bb	36.95±7.03Bc	26.92±5.65Bb	3.04±0.53Bc
	2	17.3±1.4Aa	0.080±0.005Ba	6.22±0.07Aa	137.03±14.26Aa	32.23±3.74Bbc	18.63±2.43ABab	2.61±0.28Bbc
	3	16.2±0.8Aa	0.075±0.005Ca	6.39±0.09Aab	117.37±4.04Aa	23.22±1.97Cab	16.02±0.39Aa	1.80±0.16Cab
	4	15.5±0.4Aa	0.074±0.003Ba	6.51±0.08Ab	129.91±1.30Ba	18.78±1.03Ca	16.64±1.28Ba	1.42±0.73Ca
	5	15.9±1.4Aa	0.085±0.004Ba	6.36±0.06Aab	100.98±11.21Aa	12.39±1.72Ba	12.86±1.31Aba	0.88±0.13Ba
MDG	1	21.1±1.6Ab	0.037±0.003Ba	6.41±0.02Ba	134.05±16.81Aa	12.07±0.77Ae	20.67±2.13ABc	1.12±0.08Aa
	2	18.7±1.1ABa	0.033±0.003Aa	6.49±0.02Bab	136.26±16.72Aa	9.47±0.75Ad	17.90±1.97ABbc	0.92±0.03Aab
	3	18.6±0.5Ba	0.033±0.003ABa	6.58±0.02Bb	113.05±11.62Aa	7.61±1.08Ac	13.50±1.47Aab	0.69±0.04Ab
	4	18.2±0.6Aa	0.033±0.003Aa	6.68±0.04Bc	105.20±5.64Aa	5.53±0.50Ab	14.64±1.71ABab	0.56±0.04Ac
	5	17.8±0.7Aa	0.033±0.003Aa	6.75±0.04Bc	102.44±7.23Aa	3.30±0.50Aa	11.75±0.80ABa	0.41±0.04Ad
SDG	1	25.9±3.1Bb	0.027±0.003ABa	6.64±0.04Ca	112.19±4.57Ab	10.51±0.92Aa	13.58±0.40Ab	1.03±0.08Aa
	2	20.8±2.0BCa	0.040±0.001Aa	6.62±0.03Ba	116.57±2.56Ab	12.96±1.14Ac	13.77±0.25Ab	1.23±0.12Ac
	3	19.5±0.6BCa	0.038±0.003Aa	6.72±0.05Bab	114.47±9.70Ab	12.72±0.63Bc	14.18±0.81Ab	1.23±0.05Bc
	4	19.5±0.3Ba	0.030±0.001Aa	6.74±0.04Bab	105.21±8.68Aab	8.84±0.43Bb	11.25±0.79Aa	0.81±0.04Bb
	5	18.5±0.5Ba	0.030±0.001Aa	6.79±0.02Bb	89.75±2.24Aa	4.91±0.35Aa	10.42±0.38Aa	0.53±0.02Aa
EDG	1	30.1±0.6Cc	0.017±0.003Aa	6.69±0.03Cb	97.48±4.98Aa	3.16±0.12Ac	17.03±1.59ABab	0.42±0.03Abc
	2	21.8±2.3Cb	0.033±0.003Ab	6.53±0.01Ba	155.43±7.99Ac	10.32±0.35Ac	22.75±1.88Bc	1.01±0.08Ac
	3	19.9±0.5Cab	0.043±0.003Bb	6.75±0.03Bbc	128.06±2.25Ab	9.52±0.31ABc	19.56±1.06Bbc	0.92±0.05Ac
	4	19.5±0.3Ba	0.040±0.006Ab	6.84±0.03Bcd	98.54±1.88Aa	6.59±0.43Ab	14.78±1.10ABa	0.63±0.05Ab
	5	19.1±0.3Ba	0.033±0.007Ab	6.91±0.07Bd	92.35±1.86Aa	3.02±0.43Aa	13.91±0.87Ba	0.37±0.03Aa

注：S：样地；D：土壤深度；T：土壤温度；SWC：土壤含水量；DOC：可溶性有机碳含量；DN：可溶性氮含量；TOC：总有机碳含量；TN：总氮含量。第二列中1：0-10 cm；2：10-20 cm；3：20-40 cm；4：40-60 cm；5：60-100 cm。表中数据为平均值±标准误；同一列中不同大写字母表示同一土层不同退化程度之间的差异显著性，不同小写字母表示同一退化程度下不同土层之间的差异显著性(Duncan's 多重比较, P=0.05)。

Note: S: Sites; D: Soil depth; T: Soil temperature; SWC: Soil water content; DOC: Dissolved organic carbon; DN: Dissolved nitrogen; TOC: Total organic carbon; TN: Total nitrogen. Column 2: 1: 0-10 cm, 2: 10-20 cm, 3: 20-40 cm, 4: 40-60 cm, 5: 60-100 cm. Values were means±standard error; Different uppercase letters in each column indicate significant difference at the same layer; Different lowercase letters in each column indicate significant difference in different degraded grassland (Duncan's multiple range test, P=0.05).

3100, 德国耶拿公司)测定^[22-23]; β -1,4-葡萄糖苷酶、 β -1,4-N-乙酰基葡萄糖胺酶和亮氨酸氨基肽酶用微孔板荧光法测定^[24]。

1.3 数据分析

双因素方差分析用于分析退化程度和土层深度对土壤微生物各项指标的影响, Pearson 相关性分析用来分析土壤微生物生物量和酶活性与土壤性质的相关性。统计分析使用 SPSS 20.0 完成, 画图

使用 Sigmaplot 12.5 完成。

2 结果与分析

2.1 不同退化程度的温带草原土壤微生物量碳的变化

在 0-10 cm 的表层土壤, 土壤微生物量碳成熟自然样地>中度退化样地>重度退化样地>极度退化样地(图 2A), 且成熟自然样地土壤微生物量碳显著高于其他退化程度的样地, 说明随着退化程度的加

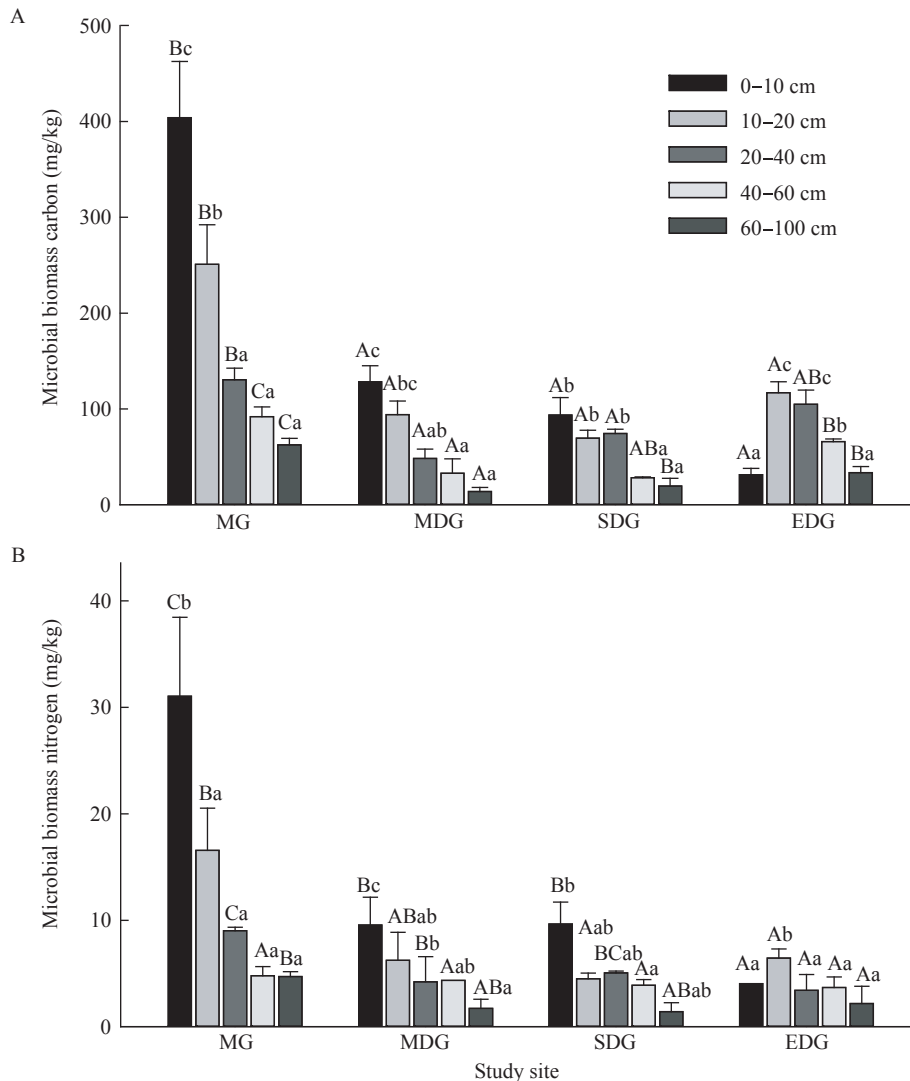


图 2 不同退化程度的温带草地不同深度土壤微生物量的变化

Figure 2 Soil microbial biomass in different deteriorated grasslands at different depths

注: 不同大写字母表示同一土层不同退化程度之间的差异显著性, 不同小写字母表示同一退化程度下不同土层之间的差异显著性 (Duncan's 多重比较, $P=0.05$); 误差棒代表标准误。

Note: Different uppercase letters indicate significant difference at the same layer, different lowercase letters in each column indicate significant difference in different deteriorated grassland (Duncan's multiple range test, $P=0.05$); Error bars indicate standard errors.

深, 表层土壤的微生物量碳减少; 在 10–100 cm 深的土层中成熟自然样地的土壤微生物量碳显著高于其他样地, 其中在 10–20 cm 土层中成熟自然样地是中度退化样地的 2.67 倍、重度退化样地的 3.61 倍、极度退化样地的 2.15 倍。同时, 随着土层的加深, 各个退化程度草地土壤微生物量碳的变化趋势不同。其中, 随着退化程度的加深, 10–20 cm 层的土壤微生物量碳的含量相较于 0–10 cm 层差异性减少(表 3)。双因素方差分析结果显示(表 4), 退化程度对土壤微生物生物量碳的影响极显著($P<0.001$), 不同深度对土壤微生物生物量碳造成的差异也极显著($P<0.001$), 且深度与退化程度的交互作用也极显著($P<0.001$)。

2.2 不同退化程度的温带草原土壤微生物量氮的变化

由图 2B 可以看出, 在 0–40 cm 的各土层间, 成熟自然样地土壤微生物量氮与其他样地间均存在显著差异, 高出一倍以上, 而随着草地退化程度的加深, 土壤微生物量氮含量的变化情况在各土层中并不一致, 这说明草地退化程度与土壤中微生物量氮的负相关规律仅在土壤表层中呈现。其中, 10–20 cm 层土壤微生物量氮含量相较于表层土壤的变化率分别为-46.6%、-34.8%、-53.4%、+59.6%(表 3)。双因素方差分析结果显示(表 4), 退化程度对土壤微生物生物量氮的影响是极显著的($P<0.001$), 不同深度对土壤微生物生物量氮造成的差异也极显著($P<0.001$), 但是深度与退化程度的交互作用不显著($P=0.217$)。

2.3 不同退化程度的温带草原土壤微生物水解酶活性的变化

在土壤表层, 各种水解酶的活性均随退化程度加深而降低, 即酶活性成熟自然样地>中度退化样地>重度退化样地>极度退化样地(图 3)。此外, 在成熟自然样地, BG、NAG、LAP 的活性在 0–10 cm 很高, 到 10–20 cm 时分别骤减 69.5%、57.4%、53.6%, 之后缓慢下降。重度退化样地和极度退化

表 3 10–20 cm 土壤相较于表层土壤微生物学特征的变化率
Table 3 The change rate of soil microbial characteristics between 10–20 cm and 0–10 cm layer

Type	MG (%)	MDG (%)	SDG (%)	EDG (%)
MBC	-37.9	-26.6	-25.5	+271.0
MBN	-46.6	-34.8	-53.4	+59.6
BG	-69.5	-53.5	-14.4	-6.6
NAG	-57.4	-43.2	-3.7	+22.1
LAP	-53.6	-49.6	-1.0	+0.6

表 4 双因素方差分析结果
Table 4 Two-way ANOVA results

类型 Type	因子 Factors	df	F 值 F value	P 值 P value
MBC	退化梯度	3	41.94	<0.001
	土壤深度	4	22.11	<0.001
	退化梯度×土壤深度	12	9.57	<0.001
MBN	退化梯度	3	9.56	<0.001
	土壤深度	4	8.24	<0.001
	退化梯度×土壤深度	12	1.40	0.217
BG	退化梯度	3	13.44	<0.001
	土壤深度	4	17.70	<0.001
	退化梯度×土壤深度	12	8.82	<0.001
NAG	退化梯度	3	21.34	<0.001
	土壤深度	4	18.45	<0.001
	退化梯度×土壤深度	12	10.84	<0.001
LAP	退化梯度	3	32.93	<0.001
	土壤深度	4	9.93	<0.001
	退化梯度×土壤深度	12	6.25	<0.001

样地中的 NAG 酶活性在 10–20 cm 时都有明显上升, 且在 20–100 cm 土层中重度退化样地的 3 种酶的活性显著高于其它样地。随着退化程度的加深, 10–20 cm 层的 BG 酶和 LAP 酶活性相较于表层降低的幅度变小(表 3)。双因素方差分析结果显示(表 4), 退化程度对 3 种土壤微生物水解酶的影响极显著($P<0.001$), 不同深度对土壤微生物生物水解酶造成的差异也极显著($P<0.001$), 且深度与退化程度的交互作用也极显著($P<0.001$)。

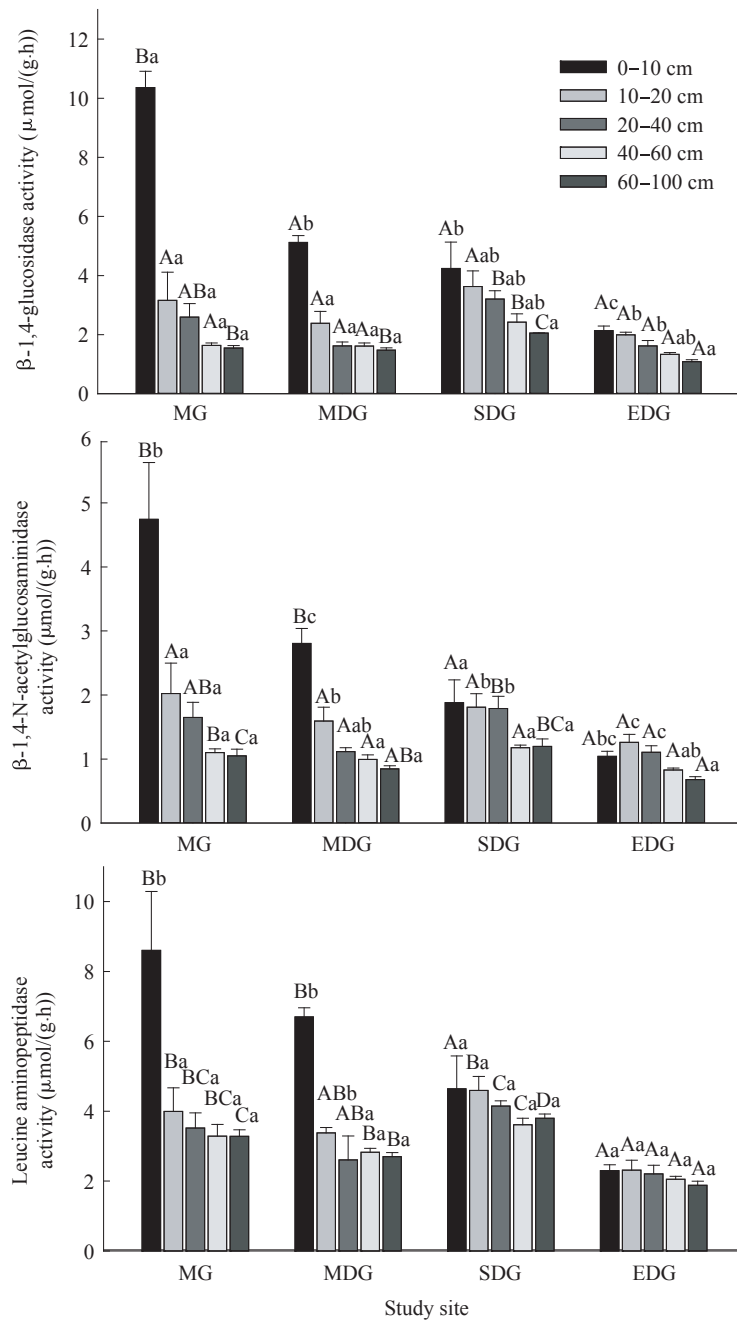


图3 不同退化程度的温带草原不同深度土壤水解酶的活性

Figure 3 Hydrolytic enzyme activities soil microbial biomass in different deteriorated grasslands at different depths

注：不同大写字母表示同一土层不同退化程度之间的差异显著性，不同小写字母表示同一退化程度下不同土层之间的差异显著性 (Duncan's 多重比较, $P=0.05$)；误差棒代表标准误。

Note: Different uppercase letters indicate significant difference at the same layer, different lowercase letters in each column indicate significant difference in different deteriorated grassland (Duncan's multiple range test, $P=0.05$); Error bars indicate standard errors.

3 讨论

3.1 退化程度对温带草原土壤微生物学特征的影响

研究发现，表层土壤微生物生物量及其酶活性随着退化程度的加深而减少，这与前人的研究结果一致^[25-26]。这是由于土壤微生物量和酶活性的大小与土壤中有机质的含量以及土壤中的理化性质密切相关。本研究中土壤微生物量和酶活性与土壤中的可溶性有机碳、土壤总有机碳、土壤可溶性氮以及总氮含量显著正相关，与土壤含水量显著正相关以及与土壤 pH 显著负相关(表 5)。即随着草地退化程度的加剧，表层土壤含水量急剧下降，土壤微生物赖以生存的能源和营养物质减少，适于微生物生存的土壤环境严重恶化，同时 pH 值增加也导致了土壤微生物量的显著下降^[2]。土壤有机质又是土壤中酶促底物的主要供源，BG、NAG、LAP 是参与碳氮循环重要的酶，其活性与土壤中碳氮的含量有关，同时土壤 pH 强烈影响有机大分子物质的生物降解和矿化过程，从而直接影响土壤酶参与生化反应的速度^[27]。

相比于土壤微生物量氮，退化程度在不同土层对土壤微生物量碳的影响更明显，这是因为土壤微生物生物量碳具有极高的灵敏度，可以在土壤全碳变化之前反映出土壤微小的变化^[28]。如 Holt^[28] 报道了澳大利亚东北部两类半干旱草原群落，重度放牧 6-8 a 后土壤有机碳含量没有显著变化，但土壤微生物生物量碳分别下降了 51% 和 24%。这一结果在 Hoyle 等的研究中也得到了证明^[29]。

严重退化样地中 10-100 cm 各土层土壤微生物酶活性比其他 3 种退化程度高，可能是因为随着退化程度的加深，土壤微生物群结构发生变化，不同群落结构的酶活性对环境变化响应的不同造成的。土壤微生物群落结构与土壤的质地、pH、总碳氮、可溶性碳氮以及微生物量碳氮含量相关^[30]。不同的微生物群落对于有机质底物的消耗能力不同^[31]，因此土壤有机质的变化可以引起微生物群落结构的变化^[32]。退化程度引起土壤总的有机碳氮和可溶性碳氮的变化，因此导致了土壤微生物群落结构的变化。同时，土壤微生物群落是由一系列具有不同最适 pH 值的微生物种类组成^[33]，不同的 pH 也会影

表 5 土壤微生物量和酶活力与土壤性质的 Pearson 相关性分析

Table 5 Pearson's correlation coefficients between soil properties and soil microbial biomass and enzyme activities

Type	MBC	MBN	BG	NAG	LAP
MBC	1				
MBN	0.941**	1			
BG	0.732**	0.709**	1		
NAG	0.757**	0.733**	0.974**	1	
LAP	0.596**	0.605**	0.899**	0.907**	1
T	0.061	0.040	0.520**	0.442**	0.475**
SWC	0.601**	0.521**	0.403**	0.447**	0.416**
pH	-0.688**	-0.613**	-0.536**	-0.577**	-0.592**
DOC	0.687**	0.579**	0.737**	0.772**	0.634**
TOC	0.822**	0.709**	0.674**	0.731**	0.611**
DN	0.627**	0.434**	0.676**	0.670**	0.486**
TN	0.837**	0.721**	0.690**	0.750**	0.615**

注：*：在 0.05 水平上显著；**：在 0.01 水平上显著。

Note: *: Indicate significant difference *P* at 0.05 level; **: Indicate significant difference *P* at 0.01 level.

响微生物的群落结构及其酶活性。蔡晓布等^[34]研究证明：与正常草地相比，中度和严重退化草地中细菌、真菌数量均显著下降，真菌降幅远高于细菌，而放线菌的数量呈相反的趋势，微生物区系严重失衡。

3.2 不同退化程度的温带草原土壤微生物学特征随深度的变化

除表层外，10–100 cm 土壤微生物生物量及酶活性随着土壤深度的加深而减少，这一结果与前人的研究结果相一致^[30,35]。这是因为随着深度的加深，土壤容重变大，孔隙度变小，限制了土壤微生物的正常活动；有机质也随土层的加深而急剧下降，pH 变大，地下生物量也随之下降；土壤温度的降低及土壤水分的减少，限制了土壤微生物的代谢产酶能力^[36]。由于这些因素的综合作用，土壤微生物生物量及酶活性随着土层的加深逐渐降低。

退化程度改变了 10–20 cm 土层比表层土壤微生物生物量和酶活性低的趋势。本研究发现土壤的微生物生物量和酶活性随着退化程度的加深在 10–20 cm 土层与表层的差异逐渐减小，在极度退化样地中 10–20 cm 土层高于表层(表 3)。这是由于随着退化程度的加深草地植被变得稀少(表 1)，土壤表层直接裸露在空气中，土壤沙化严重，且表层的温度变化幅度大(表 2)，不利于土壤微生物的生长，导致土壤微生物的分布空间的下移。

4 结论

本研究对内蒙古温带草原的成熟自然草地以及中、重度退化草地和沙化草地 4 种典型不同退化程度的草地土壤研究发现：退化程度强烈影响表层土壤微生物学特征，表层 0–10 cm 土壤微生物生物量及其酶活性随着退化程度的加深而减少；同时，草原退化对深层土壤的影响相对较小，导致表层与深层土壤微生物性质之间的差异随着退化程度的加深逐渐减少，极度退化的样地 10–20 cm 层微生物指标甚至高于表层。本研究验证了传统测定退化程度的方法是开展多点采样(须未退化土壤作为对

照)，比较成熟土壤和退化土壤的表层的代表性。同时退化降低了次表层土壤与表层土壤之间的差异，为草地退化指标的确立提供了一种新思路 and 理论依据。

参考文献

- [1] Chen ZZ, Wang SP. The Typical Steppe Ecosystem[M]. Beijing: Science Press, 2000 (in Chinese)
陈佐忠, 汪诗平. 中国典型草原生态系统[M]. 北京: 科学出版社, 2000
- [2] Kang L, Han XG, Zhang ZB, et al. Grassland ecosystems in China: review of current knowledge and research advancement[J]. Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences, 2007, 362(1482): 997-1008
- [3] Zhang L, Yang YX, Zhan XY, et al. Responses of a dominant temperate grassland plant (*Leymus chinensis*) to elevated carbon dioxide and nitrogen addition in China[J]. Journal of Environment Quality, 2010, 39(1): 251-259
- [4] Nielsen NM, Winding A. Microorganisms as indicators of soil health[R]. National Environment Research Institute, Denmark. Technical Report No. 388, 2002: 11-37
- [5] Somova LA, Pechurkin NS. Functional, regulatory and indicator features of microorganisms in man-made ecosystems[J]. Advances in Space Research, 2001, 27(9): 1563-1570
- [6] Huang CY. Soil Science[M]. Beijing: China Agricultural Press, 2000: 50-64 (in Chinese)
黄昌勇. 土壤学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 50-64
- [7] Wu JS, Lin QM, Huang QY, et al. The Measurement Method of Soil Microbial Biomass and Its Application[M]. Beijing: Meteorological Press, 2006 (in Chinese)
吴金水, 林启美, 黄巧云, 等. 土壤微生物生物量测定方法及其运用[M]. 北京: 气象出版社, 2006
- [8] Liu SJ, Xia X, Chen GM, et al. Study progress on functions and affecting factors of soil enzymes[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2011, 27(21): 1-7 (in Chinese)
刘善江, 夏雪, 陈桂梅, 等. 土壤酶的研究进展[J]. 中国农学通报, 2011, 27(21): 1-7
- [9] Yao XH, Min H, Lu ZH, et al. Influence of acetamiprid on soil enzymatic activities and respiration[J]. European Journal of Soil Biology, 2006, 42(2): 120-126
- [10] de la Paz Jimenez M, de la Horra A, Pruzzo L, et al. Soil quality: a new index based on microbiological and biochemical parameters[J]. Biology and Fertility of Soils, 2002, 35(4): 302-306
- [11] Bandick AK, Dick RP. Field management effects on soil enzyme activities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1999, 31(11): 1471-1479
- [12] Sinsabaugh RL, Hil BH, Follstad Shah JJ. Ecoenzymatic stoichiometry of microbial organic nutrient acquisition in soil and sediment[J]. Nature, 2009, 462(7274): 795-798
- [13] Shi HL, Wang QJ, Jing ZC, et al. Community succession and species diversity of man-made pratum as well as degenerated pratum on 'Heitutan land' in the area covered by the headwaters of Yellow River and Yangtze River[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2005, 25(4): 655-661 (in Chinese)
史惠兰, 王启基, 景增春, 等. 江河源区人工草地及“黑土滩”退化草地群落演替与物种多样性动态[J]. 西北植物学报, 2005, 25(4): 655-661
- [14] Zhou HK, Zhao XQ, Zhou L, et al. A study on correlations between vegetation degradation in the 'alpine meadow' of the Qinghai Tibetan Plateau[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2005, 14(3): 31-40 (in Chinese)

- 周华坤, 赵新全, 周立, 等. 青藏高原高寒草甸的植被退化与土壤退化特征研究[J]. 草业学报, 2005, 14(3): 31-40
- [15] Wang CT, Long RJ, Wang QL, et al. Changes in soil organic carbon and microbial biomass carbon at different degradation successional stages of alpine meadow in headwater region of three rivers in China[J]. Journal of Applied and Environmental Biology, 2008, 14(2): 225-230 (in Chinese)
王长庭, 龙瑞军, 王启兰, 等. 三江高寒草甸不同退化梯度演替阶段土壤有机碳和微生物量碳的变化[J]. 应用与环境微生物学报, 2008, 14(2): 225-230
- [16] Zhou HK, Zhao XQ, Wen J, et al. The characteristics of soil and vegetation of degenerated alpine steppe in the Yellow River Source Region[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2012, 21(5): 1-11 (in Chinese)
周华坤, 赵新全, 温军, 等. 黄河源区高寒草原的植被退化和土壤退化特征[J]. 草业学报, 2012, 21(5): 1-11
- [17] Cai XB, Zhang YQ, Shao W. Characteristics of soil fertility in alpine steppe at different degradation grades[J]. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(3): 1034-1044 (in Chinese)
蔡晓布, 张永青, 邵伟. 不同退化程度高寒草原土壤肥力变化特征[J]. 生态学报, 2008, 28(3): 1034-1044
- [18] Ding LL, Long RJ, Qi B, et al. Soil microbial carbon and nitrogen contents of different kinds of alpine grassland in the Eastern Qilian mountains[J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2005, 40(5): 639-645 (in Chinese)
丁玲玲, 龙瑞军, 祁彪, 等. 东祁连山高寒草地土壤微生物碳氮研究[J]. 甘肃农业大学学报, 2005, 40(5): 639-645
- [19] Lu H, Yao T, Li JH, et al. Vegetation and soil microorganism characteristics of degraded grasslands[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2015, 24(5): 34-43 (in Chinese)
卢虎, 姚拓, 李建宏, 等. 高寒地区不同退化草地植被和土壤微生物特征及其相关性研究[J]. 草业科学, 2015, 24(5): 34-43
- [20] Niu DC, Jiang SG, Qin Y, et al. Effects of grazing and fencing on soil microorganisms and enzymes activities[J]. Pratacultural Science, 2013, 30(4): 528-534 (in Chinese)
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
- [21] Liu HY, Yin Y, Tian YH, et al. Climatic and anthropogenic controls of topsoil features in the semi-arid East Asian steppe[J]. Geophysical Research Letters, 2008, 35(4): L04401
- [22] Brookes PC, Landman A, Pruden G, et al. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: a rapid direct extraction method for measuring microbial biomass nitrogen in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1985, 17(6): 837-842
- [23] Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703-707
- [24] Saiya-Cork KR, Sinsabaugh RL, Zak DR. The effects of long term nitrogen deposition on extracellular enzyme activity in an *Acer saccharum* forest soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(9): 1309-1315
- [25] Wang Y, Shen QR, Shi RH, et al. Soil microbial biomass and its ecological effects[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 1996, 19(4): 45-51 (in Chinese)
王岩, 沈其荣, 史瑞和, 等. 土壤微生物量及其生态效应[J]. 南京农业大学学报, 1996, 19(4): 45-51
- [26] Wei WD, Liu YH. Characteristics analysis of soil microbial biomass carbon on degraded alpine crasslands[J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalia Sinica, 2014, 23(2): 205-210 (in Chinese)
魏卫东, 刘育红. 不同退化程度高寒草地土壤微生物量碳特征分析[J]. 西北农业学报, 2014, 23(2): 205-210
- [27] Wan ZM, Song CC. Advance on response of soil enzyme activity to ecological environment[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2009, 40(4): 951-956 (in Chinese)
万忠梅, 宋长春. 土壤酶活性对生态环境的响应研究进展[J]. 土壤通报, 2009, 40(4): 951-956
- [28] Holt JA. Grazing pressure and soil carbon, microbial biomass and enzyme activities in semi-arid northeastern Australia[J]. Applied Soil Ecology, 1997, 5(2): 143-149
- [29] Hoyle FC, Murphy DV, Fillery IRP. Temperature and stubble management influence microbial CO₂-C evolution and gross transformation rates[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(1): 71-80
- [30] Cookson WR, Murphy DV, Roper MM. Characterizing the relationships between soil organic matter components and microbial function and composition along a tillage disturbance gradient[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(3): 763-777
- [31] Campbell CD, Chapman SJ, Cameron CM, et al. A rapid microtiter plate method to measure carbon dioxide evolved from carbon substrate amendments so as to determine the physiological profiles of soil microbial communities by using whole soil[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(6): 3593-3599
- [32] Calderon FJ, Jackson LE, Scow KM, et al. Short-term dynamics of nitrogen, microbial activity, and phospholipid fatty acids after tillage[J]. Soil Science Society of America Journal, 2001, 65(1): 118-126
- [33] Shah Z, Adams WA, Haven CDV. Composition and activity of the microbial population in an acidic upland soil and effects of liming[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1990, 22(2): 257-263
- [34] Cai XB, Qian C, Zhang YQ. Characterization of soil biological properties on degraded alpine grassland[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2007, 18(8): 1733-1738 (in Chinese)
蔡晓布, 钱成, 张永清. 退化高寒草原土壤微生物学性质的变化[J]. 应用生态学报, 2007, 18(8): 1733-1738
- [35] Luo J, Tillman RW, White RE, et al. Variation in denitrification activity with soil depth under pasture[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 30(7): 897-903
- [36] van Bruggen AHC, Semenov AM. In search of biological indicators for soil health and disease suppression[J]. Applied Soil Ecology, 2000, 15(1): 13-24