

DOI: 10.5846/stxb201810252309

刘秉儒, 牛宋芳, 张文文. 荒漠草原区土壤粒径组成对柠条根际土壤微生物数量及酶活性的影响. 生态学报, 2019, 39(24): 9171-9178.

Liu B R, Niu S F, Zhang W W. Effects of soil particle size on enzyme activities and the amount of soil microorganism in rhizosphere of *Caragana korshinskii* in desert steppe. Acta Ecologica Sinica, 2019, 39(24): 9171-9178.

荒漠草原区土壤粒径组成对柠条根际土壤微生物数量及酶活性的影响

刘秉儒^{1,2,*}, 牛宋芳², 张文文²

1 北方民族大学生物科学与工程学院, 银川 750021

2 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

摘要: 柠条 (*Caragana korshinskii*) 是荒漠草原区主要的造林绿化树种, 研究其根际土壤微生物和酶活性与不同土壤类型土壤粒径组成的关系有重要意义, 然而土壤粒径对荒漠草原柠条根际土壤微生物数量和酶活性的影响知之甚少, 探讨土壤颗粒组分与微生物数量、土壤酶活性之间的关系, 以及土壤颗粒组成对荒漠草原区固沙灌木植物柠条根际土壤微生物数量及酶活性的影响, 可为揭示荒漠草原土壤退化及生态修复提供参考。以宁夏荒漠草原区土壤粒径组成差异显著的灰钙土、红黏土、风沙土环境下栽植的柠条为研究对象, 研究不同土壤颗粒组成对根际土壤微生物数量及酶活性的相互关系与影响。结果表明: 土壤微生物的数量表现为细菌>放线菌>真菌。根际土壤中的细菌、真菌数量显著高于非根际, 且在 3 种不同类型的土壤中随着细砂粒的增多, 真菌和放线菌数量逐渐降低, 而细菌数量呈先增大后减小的趋势; 根际与非根际土壤的蔗糖酶、碱性磷酸酶及过氧化氢酶活性均呈现出灰钙土>红黏土>风沙土的趋势, 红黏土根际土壤中的脲酶活性显著高于灰钙土与风沙土; 除过氧化氢酶外, 土壤酶活性表现为根际高于非根际, 在 3 种不同类型的土壤中随着细砂含量的增加, 土壤酶活性均呈递减趋势。土壤颗粒组成与微生物数量之间没有明显的相关性, 而与土壤酶活性之间显著相关, 土壤酶活性与黏粒、粉粒呈正相关, 与细砂、中砂呈负相关关系, 根际土壤中酶活性更高, 能够为植物及微生物提供更多的营养。

关键词: 荒漠草原; 柠条; 土壤粒径; 根际土壤; 土壤微生物; 酶活性

Effects of soil particle size on enzyme activities and the amount of soil microorganism in rhizosphere of *Caragana korshinskii* in desert steppe

LIU Bingru^{1,2,*}, NIU Songfang², ZHANG Wenwen²

1. College of Biological Science and Engineering, North Minzu University, Yinchuan 750021, China

2. Breeding Base of State Key Laboratory for Preventing Land Degradation and Ecological Restoration, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

Abstract: *Caragana korshinskii* is the main afforestation tree species in desert steppe, it is important to study the relationship between microorganisms and enzymes in rhizosphere soil and soil particle size composition. Soil types affect enzyme activities and the amount of microorganism in rhizosphere soil, soil particle size in different soil types is different, however, little is known about how soil particle size affect on enzyme activities and the amount of soil microorganism in rhizosphere of *Caragana korshinskii* planted in desert steppe. In this study, soil enzyme activities and the amount of soil microorganism in rhizosphere and non-rhizosphere soil in three soil types were analyzed, as well as soil particle size of sierozem, red clay soils, and aeolian sandy soils in Yanchi country of Ningxia. The results showed that the amount of bacteria in rhizosphere soil was significantly higher than that in non-rhizosphere soil, and the amount of fungi increased with

基金项目: 宁夏自然科学基金项目 (NZ15001); 国家自然科学基金项目 (31860158)

收稿日期: 2018-10-25; 网络出版日期: 2019-09-17

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: bingru.liu@163.com

the increase of fine sand grains in three soil types. The activities of sucrase, alkaline phosphatase, and catalase in rhizosphere and non-rhizosphere soil presented the tendency of sierozem > red clay soils > aeolian sand soils. The urease activity in red clay soils of rhizosphere was significantly higher than that in sierozem and aeolian sand soils. The amount of fungi and actinomycetes decreased gradually, while the amount of bacteria increased firstly and then decreased. The amount of bacteria and fungi were more abundant than bulk soil. With the increasing of fine sand content, the amount of fungi and actinomycetes gradually decreased while the amount of bacteria increased and then decreased. Soil enzyme activity in rhizosphere exceeded bulk except catalase. With the increasing of fine sand content, soil enzyme activity gradually decreased. There was no significant correlation between soil particle size and the amount of soil microorganism and soil enzyme activity presented a positive correlation with clay and silt sand but it negatively correlated with fine sand and medium sand, rhizosphere soil has higher enzyme activity and could provide more nutrients for plants and microorganisms.

Key Words: desert steppe; *Caragana korshinskii*; soil particle size; rhizosphere soil; soil microorganism; enzyme activity

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,参与土壤中有有机物质的分解,碳氮循环等重要的生理生态过程^[1]。细菌、真菌、放线菌是土壤中存在最多的三大类微生物,通过它们的数量能够反映土壤各因素对土壤微生物的影响^[2]。土壤酶参与土壤中大多数的物质转化与能量流动,能够表征土壤中碳、氮、磷等养分的循环状况,被作为衡量根际微生态环境的速效指标之一^[3]。根际作为植物根系-土壤-微生物三者之间进行物质交换的主要场所,受到植物根系、分泌物及微生物活动的影响,具有较高的生物酶活性,并对生态系统养分的动态分布、循环等发挥着重要作用^[4,5]。

现有研究发现,在不同的植物种类、生态型、化学型和基因型以及不同的发育阶段,根际微生物群落特征、土壤酶活性存在差异^[6],也有研究表明土壤类型影响根际微生物数量和酶活性^[7]、微生物活性^[8]、微生物的密度和活性^[9],不同的土壤类型在土壤颗粒组成之间存在很大的差异,但土壤颗粒组成对荒漠草原区固沙植物根际土壤微生物数量及酶活性的影响却未见报道。

柠条(*Caragana korshinskii*)是豆科灌木,抗逆性强,多种植于荒漠区用以防风固沙。本文选择宁夏盐池县荒漠草原区灰钙土、红黏土及风沙土种植的柠条为研究对象,研究不同土壤粒径组成对柠条根际土壤酶活性及微生物数量的影响,探讨土壤颗粒组分与微生物数量、土壤酶活性之间的关系,为荒漠草原土壤退化及恢复提供一定的参考。

1 材料与方法

1.1 研究区自然概况

研究区位于宁夏盐池县(106°30′—107°47′E, 37°04′—38°10′N)荒漠草原区,地处黄土高原与鄂尔多斯台地的交界地带,属于典型的大陆性季风气候,气候干燥,年降水约 250—350 mm,年蒸发量约 2500 mm,年平均气温在 8℃左右。由于该区域恶劣的环境条件,当地的土壤异质性大,主要土壤类型有风沙土、灰钙土、红黏土和黄绵土等,研究区灰钙土属于干旱土纲,灰钙土类,而风沙土与红粘土均属于初育土纲,其中研究区的红粘土属于积钙红粘土亚类,是发育在第四季更新世老黄土上的红黏土,土壤颗粒组成细砂含量占 40%左右,黏粉粒含量在 20%—30%之间。优势植物除了人工栽植的柠条,天然生长的主要有苦豆子(*Sophora alopecuroides*)、猪毛蒿(*Artemisia scoparia*)、蒙古冰草(*Agropyron mongolicum*)、短花针茅(*Stipa breviflora*)、牛心朴子(*Cynanchum komarovii*)等。柠条于 2000 年通过机播种子种植,用以防风固沙,种植模式为条带状播种,带宽 6 m,株距 1.0 m 左右。由于土壤质地不同,柠条长势差别较大,灌丛冠幅、高度、株高存在显著性差异。灰钙土质地的柠条冠幅在 1.32—1.65 m 之间,株高 0.7—1.4 m 之间,红黏土质地的柠条长势最差,较为低矮,冠幅在 0.62—1.35 m 之间,株高 0.45—0.9 m 之间,风沙土质地的柠条长势最好,冠幅在 1.85—3.12 m 之间,株高 1.2—1.9 m 之间。

1.2 样地设置与样品采集

土壤样品采集时间为 2017 年 7 月。灰钙土、红黏土和风沙土区域均为平地,每个样地选取 3 个 30 m×30 m 的样方(样地信息见表 1),每个样方中随机选 9 株柠条,采集深度为 5—20 cm^[5],使用抖落法^[10-11]采集根际土和非根际土(将根先挖出来,用枝剪将 5—20 cm 的根部剪下,过程中洒落的及之后抖落的土壤为非根际土,根上附着的土壤为根际土),采样的过程中每株柠条采集完后将采集工具用无菌水清洗,并用 75% 的酒精消毒以防土样被污染,将每 3 株的土壤混合后作为一份样品,每种土壤类型根际、非根际土壤样品各 9 个重复。将刚采集到的新鲜土壤立即放入 4℃ 的保温箱内后立即带回室内,一部分自然风干,风干后过 2 mm 筛用于土壤酶活性的测定;一部分鲜土进行土壤微生物数量的测定。

表 1 研究区采样点地理位置信息

Table 1 Geographical location of plots of research areas

土壤环境 Soil environment	样地 Sample plot	纬度 Latitude	经度 Longitude	海拔/m Altitude
灰钙土 Sierozem	1	N37°48'57.43"	E107°30'5.70"	1104.30
	2	N37°48'5.67"	E107°30'9.57"	1381.93
	3	N37°48'1.24"	E107°30'42.58"	1248.62
红黏土 Red clay soils	1	N37°49'8.79"	E107°30'20.47"	1125.00
	2	N37°49'8.88"	E107°30'20.49"	1115.07
	3	N37°49'6.98"	E107°30'19.09"	1213.50
风沙土 Aeolian sandy soils	1	N37°49'11.32"	E107°30'20.07"	1422.45
	2	N37°49'9.47"	E107°30'10.07"	1435.36
	3	N37°49'1.32"	E107°30'28.07"	1416.20

1.3 土壤理化性质及土壤微生物数量的测定方法

土壤颗粒粒径组成用马尔文激光粒度仪测定;土壤有机质采用重铬酸钾氧化-外加热法;土壤过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法,以 1 h 内消耗的 0.1 mol/L 高锰酸钾体积数表示;土壤脲酶活性采用苯酚钠-次氯酸钠比色法,以 24 h 每克土中产生的铵态氮毫克数表示;土壤碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法,以 24 h 每克土中释放的酚毫克数表示;土壤蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法,以 24 h 每克土中产生的葡萄糖毫克数表示^[12];土壤中细菌、真菌及放线菌数量采用稀释平板法^[13],其中土壤细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基,真菌采用玫瑰红培养基,放线菌用高氏一号培养基。

1.4 数据处理

数据保存在 Excel 2010, SPSS 17.0 进行统计分析,配对 *T* 检验分析根际与非根际土壤之间各指标的差异性,最小显著差异法(LSD)分析 3 种土壤之间的差异性,显著水平 0.05, Pearson 双尾检验相关性, Excel 2010 作表, Origin 19.1 作图。

2 结果分析

2.1 土壤粒径组成特征

不同土壤类型的颗粒组成有很大的差异(表 2)。土壤颗粒百分比在不同的土壤类型中有着明显的不同,其中粉粒和细砂粒在 3 种土壤中所占的比例较大,灰钙土、红黏土、风沙土的粉粒百分比含量分别为 45.59%、23.95%、6.20%,而细砂的体积含量分别为 44.60%、64.26%、82.03%。粘粒、粉粒在灰钙土、红黏土、风沙土中所占的比例逐渐降低,细砂和中砂含量逐渐增加(表 2)。

2.2 土壤微生物数量特征

土壤微生物主要包含细菌、真菌和放线菌三大类,本文中三类微生物的数量表现为细菌>放线菌>真菌(表 4)。根际土壤中的细菌、真菌数量显著高于非根际($P < 0.05$),放线菌数量在根际与非根际土壤中没有显

著差异 ($P>0.05$)。随着细砂粒的增多,根际土壤真菌和放线菌数量逐渐减小,细菌数量在红黏土中最高其中,与风沙土具有显著性差异;真菌数量在 3 种土壤均具有明显的差异。

表 2 土壤颗粒的体积百分比含量

Table 2 Soil particle size composition of different soil types

土壤类型 Soil types	粘粒 Clay particles <0.02 mm	粉粒 Silt particles 0.02—0.05 mm	细砂 Fine sand 0.05—0.25 mm	中砂 Medium sand 0.25—0.5 mm	粗砂 Coarse sand 0.5—1 mm
灰钙土 Sierozem	4.20±0.92	45.95±5.27	44.60±3.86	5.18±2.09	0.07±0.16
红黏土 Red clay soils	2.18±1.24	23.95±7.05	64.26±11.00	6.44±2.68	2.55±4.96
风沙土 Aeolian sandy soils	0.70±0.62	6.20±5.32	82.03±6.65	11.04±3.65	0.03±0.05

数据为平均数±标准差

表 3 不同类型土壤中柠条根际与非根际土壤有机碳含量

Table 3 Soil organic carbon on the rhizosphere soil of different soil types

指标 Index	位置 Position	灰钙土 Sierozem	红黏土 Red clay soils	风沙土 Aeolian sandy soils
有机碳 Soil organic carbon/(g/kg)	根际	7.42±1.16Bb	8.71±1.09Aa	6.59±0.6BCa
	非根际	9.73±0.76Aa	7.23±0.95Bb	2.75±0.36Cb

数据为平均数±标准差

表 4 土壤微生物数量特征

Table 4 The characteristic of soil microorganisms number of *C. korshinskii* in different soil types

土壤微生物 soil microorganism	位置 Position	灰钙土 Sierozem	红黏土 Red clay soils	风沙土 Aeolian sandy soils
细菌 Bacteria/(10^{-7} cfu/g)	根际	3.15±0.09Aa	3.48±0.24Aa	1.48±0.2Ba
	非根际	1.35±0.2Bb	2.24±0.11Ab	0.55±0.19Cb
真菌 Fungi/(10^{-3} cfu/g)	根际	15.17±0.49Aa	5.23±0.32Ba	3.57±0.21Ca
	非根际	2.17±0.21Bb	3.53±0.5Ab	2.13±0.15Ba
放线菌 Actinomycete/(10^{-4} cfu/g)	根际	40.33±7.23Aa	25.00±3.61Ba	24.67±6.11Ba
	非根际	43.67±2.19Aa	24.00±1.15Ba	25.00±1.15Ba

每一行大写字母不同表示三种类型土壤之间具有显著性差异,每一列小写字母不同表示根际与非根际土壤之间具有显著性差异

2.3 土壤酶活性特征

土壤酶主要来源于植物根系及微生物的活动^[14],在不同土壤中其根际及非根际土壤酶活性之间存在显著性差异 ($P<0.05$) (图 1)。脲酶、蔗糖酶、碱性磷酸酶的根际酶活性高于非根际,除风沙土中碱性磷酸酶根际与非根际之间差异不显著外,均存在显著性差异 ($P<0.05$),过氧化氢酶活性表现为非根际土壤高于根际土壤,但差异不显著 ($P>0.05$)。在 3 种土壤中,根际与非根际土壤的蔗糖酶、碱性磷酸酶及过氧化氢酶活性均呈现出灰钙土>红黏土>风沙土的趋势,红黏土根际土壤中的脲酶活性显著高于灰钙土与风沙土 ($P<0.05$)。

2.4 相关性分析

为进一步了解土壤酶活性与微生物数量之间的相互关系,对土壤微生物数量与土壤酶活性之间作了 Pearson 相关性分析,由表 5 可知,微生物数量与酶活性呈正相关关系,细菌与蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶之间存在极显著的正相关 ($P<0.01$),相关系数分别为 0.88、0.771、0.769;真菌与蔗糖酶、碱性磷酸酶极显著正相关 ($P<0.05$),与脲酶呈显著正相关 ($P<0.05$);放线菌与蔗糖酶、碱性磷酸酶具有极显著的相关性 (0.637、0.655);过氧化氢酶与 3 种微生物数量之间均不存在显著的相关关系。土壤酶之间具有相互促进的关系,碱性磷酸酶对土壤中的其他酶活性均具有明显的正相关关系。

不同土壤粒径组成对土壤微生物数量及土壤酶活性的相关性分析如表 6 所示。微生物数量与土壤颗粒分布之间没有显著的相关性,而土壤酶活性与土壤颗粒组成相关性较大。脲酶与活性与土壤中的粉粒呈显著正相关,与细砂呈先显著负相关,与中砂呈极显著负相关关系;过氧化氢酶与粘粒、粉粒含量呈极显著正相关,

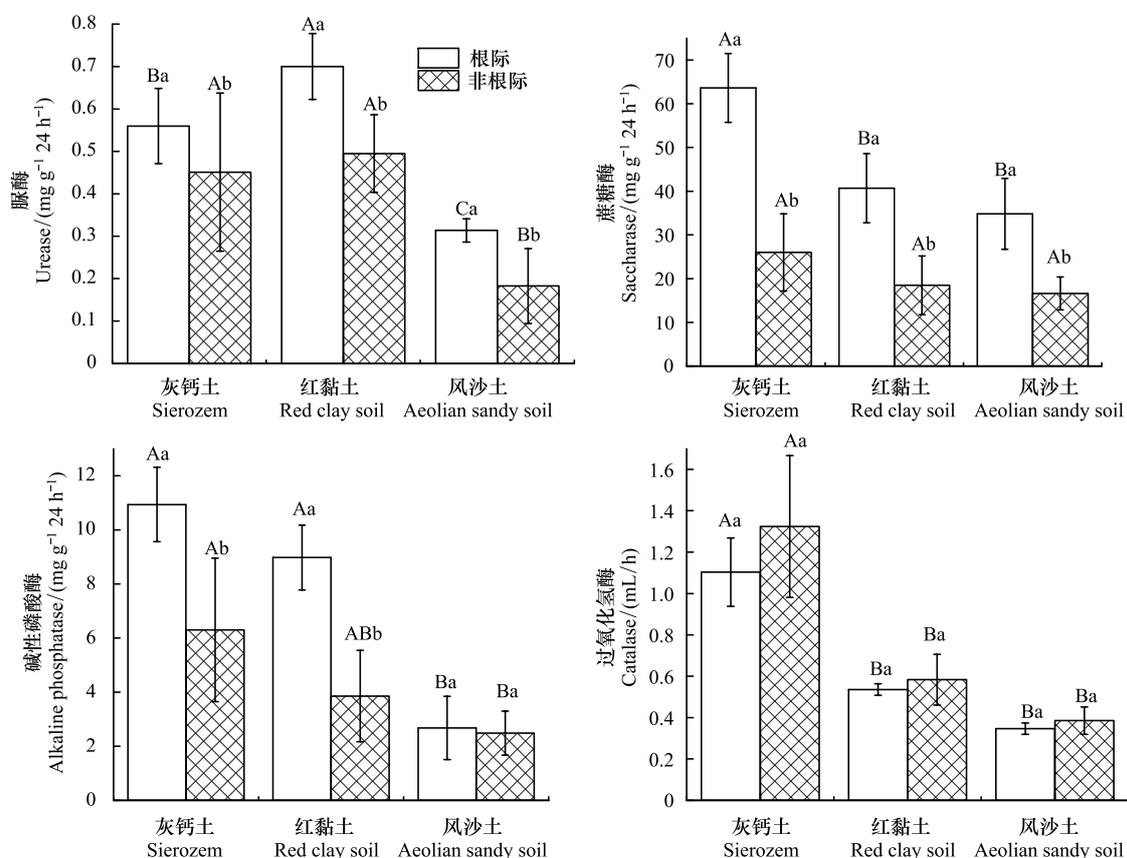


图1 柠条根际土壤酶活性特征

Fig.1 The characteristic of enzyme activities of *C. korshinskii* in different soil types

图中大写字母不同表示3种土壤之间具有显著性差异,小写字母不同表示根际与非根际之间具有显著性差异

与细砂、中砂含量呈极显著负相关;蔗糖酶与粘粒、粉粒呈显著正相关,与细砂呈显著负相关;碱性磷酸酶与粉粒呈极显著正相关,与细砂呈极显著负相关关系。

表5 土壤酶活性与微生物数量的相关性分析

Table 5 Correlation between soil enzyme activities and the number of soil microorganism

指标 Indexes	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	放线菌 Actinomycetes	脲酶 Urease	过氧化氢酶 Catelase	蔗糖酶 Invertase
真菌 Fungi	0.650 **					
放线菌 Actinomycetes	0.584 *	0.858 **				
脲酶 Urease	0.880 **	0.473 *	0.424			
过氧化氢酶 Catelase	0.192	0.370	0.226	0.348		
蔗糖酶 Invertase	0.771 **	0.696 **	0.637 **	0.637 **	0.441	
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase	0.769 **	0.738 **	0.655 **	0.806 **	0.572 *	0.710 **

* 表示在 0.05 水平显著; ** 表示在 0.01 水平显著

3 讨论

3.1 根际与非根际土壤微生物数量及酶活性分析

大量根际土壤研究表明,土壤养分、微生物数量、酶活性在根际与非根际土壤之间差异较大,存在明显的根际效应,即根际土壤相对富营养化,这可能是由于根系分泌物诱导微生物活动并释放生物酶^[15],或是不同的植物在根系形态,根诱导的化学、生物化学及生物学的变化,根与土壤的相互作用等方面都有很大的差

表 6 土壤粒径组成与微生物数量及酶活性的相关性分析

Table 6 Correlation among soil particle size, soil enzyme activities and the number of soil microorganism

指标 Indexes	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	放线菌 Actinomycetes	脲酶 Urease	过氧化氢酶 Catalase	蔗糖酶 Invertase	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase
粘粒 Clay particles	0.283	0.366	0.175	0.393	0.826 **	0.477 *	0.581 *
粉粒 Silt particles	0.397	0.458	0.252	0.511 *	0.905 **	0.523 *	0.696 **
细砂 Fine sand	-0.412	-0.455	-0.238	-0.492 *	-0.864 **	-0.531 *	-0.704 **
中砂 Middle sand	-0.430	-0.240	-0.117	-0.627 **	-0.681 **	-0.428	-0.546 *
粗砂 Coarse sand	0.357	-0.075	-0.124	0.293	-0.167	0.155	0.194

异^[16],杨阳等^[17]认为是由于根系从外界不断摄取养分及根系分泌物向根表面迁移,使根周围的微环境中土壤养分情况变得复杂;Dakora 等^[18]认为是根由于根系分泌物的活动,提高植物对养分的吸收并间接刺激有益细菌群落介导过程,使根际微生物数量及生物量增加。本研究中得出柠条根际土壤中细菌、真菌数量,脲酶、蔗糖酶、碱性磷酸酶及土壤呼吸强度与非根际土壤存在较大的差异,可能原因是由于柠条是豆科灌木,根部的根瘤菌固定空气中游离的氮,增加土壤氮含量,促进氮素的循环^[19],使土壤中脲酶活性较高,而根际土壤中容纳了大部分的根系分泌物及根表皮的脱落物,能够为微生物提供更多的营养,使根际土壤中微生物数量较多^[20]。另一方面,已有研究证明,高的酶活性能够使底物更好的分解,导致根际中的营养物质具有更高的可利用性^[21],本研究中除过氧化氢酶活性表现为非根际土略高于根际土,蔗糖酶、脲酶及磷酸酶活性均表现为根际土壤较高且差异显著,表明植物可以从根际土壤中吸收更多可利用的养分,有助于植物生长及其对生长环境的适应。因此,根际土壤中含有更高的酶活性,能够为植物及微生物提供更多的营养。

3.2 土壤粒径组成对土壤微生物数量与酶活性的影响分析

土壤粒径组成决定土壤中水分及养分的贮存与转运^[22]。不同类型土壤在土壤粒径组成上差异很大,灰钙土中所含的粉粒和细砂最多,红黏土中细砂粒占 60%左右,风沙土中细砂含量最高,可能与每种土壤的起源有关^[3],造成土壤有机质含量、土壤中生物体的种类等方面有差别^[23]。本研究中可以看出随着粉粒的增多,细砂含量下降,过氧化氢酶、蔗糖酶、碱性磷酸酶活性呈递增趋势。这可能是由于土壤中细颗粒的越多,土壤胶体越丰富,吸收的养分就越多,使土壤中碳、氮等养分增加^[24-25],有研究表明,土壤中较高的有机质含量可以使土壤酶保持在较高的水平^[26],水解酶活性与有机质、全氮、全磷之间呈显著正相关^[27],土壤中的酶活性才会随之增加。本研究中脲酶在红粘土中的活性高于风沙土与灰钙土,可能是由于红粘土的质地较硬,植物为了适应环境,通过根系的作用,改变根周围的土壤环境,脲酶的作用比在灰钙土及红粘土中更大,活性更高。除了粒径外,影响微生物和酶活性的土壤因素还有其他,其中有机质含量是非常重要的,本研究中不同类型土壤中柠条根际与非根际土壤有机碳含量研究表明,红粘土柠条根际土壤有机碳含量增加最显著,说明通过根系的作用,改变根周围的土壤环境,使土壤酶保持在红粘土较高的水平,使其活性提高。

本研究中发现在 3 种不同类型的土壤中随着细砂粒的增多,真菌和放线菌数量逐渐降低,而细菌数量呈先增大后减小的趋势,可能是由于根际分泌物在土壤与根的交界面造成物质运输的速度不同,养分存在一定的差异,影响微生物的数量;另一方面,土壤细菌对土壤碳循环有重要作用,体现在对不稳定碳源的响应,促进植物快速生长和适应不同环境的能力上^[28],在 3 种土壤中,红黏土质地较硬,细菌的快速增加,利于植物在恶劣环境中生存;本研究中,随着细砂含量的增多,土壤中脲酶活性与细菌数量表现为一致性,土壤中脲酶活性较高,有利于提高土壤中氮素的利用率,并促进土壤氮素循环^[12],土壤中有很多细菌参与了土壤氮循环,如疣微菌门与土壤氮含量之间存在负相关关系^[29],作为土壤细菌中的优势菌种放线菌门和变形菌门,土壤放线菌门参与了土壤中的碳氮循环^[30],因此,土壤脲酶活性高可能也会造成土壤细菌含量增加。Zhou 等^[31]认为土壤微生物数量的差异可能与土壤孔隙度、含水量及颗粒组成有关,但本研究的相关性分析表明土壤颗粒组成与细菌、真菌及放线菌之间的相关性并不明显。何芳兰等^[32]研究沙化对土壤微生物数量的研究表明,土壤中粘粒、粉粒的含量能够影响微生物的数量,但是也会受到土壤理化性质与植被的影响,显然,本研究中,荒漠草

原区土壤颗粒组成对微生物数量的影响并不显著,这说明在荒漠草原区水分应该是重点关注对象,在土壤理化性质中除了土壤有机碳,哪些或哪个指标对其影响更为显著还有待于进一步研究。

4 结论

通过对荒漠草原区不同土壤颗粒组成对根际土壤酶活性及微生物数量的影响及相互关系的研究,有如下重要结论:土壤微生物的数量表现为细菌>放线菌>真菌。根际土壤中的细菌、真菌数量显著高于非根际,且在3种不同类型的土壤中随着细砂粒的增多,真菌和放线菌数量逐渐降低,而细菌数量呈先增大后减小的趋势;根际与非根际土壤的蔗糖酶、碱性磷酸酶及过氧化氢酶活性均呈现出灰钙土>红黏土>风沙土的趋势,红黏土根际土壤中的脲酶活性显著高于灰钙土与风沙土。除过氧化氢酶外,土壤酶活性表现为根际高于非根际,在3种不同类型的土壤中随着细砂含量的增加,土壤酶活性均呈递减趋势;土壤颗粒组成与微生物数量之间没有明显的相关性,而与土壤酶活性之间显著相关,土壤酶活性与粘粒、粉粒呈正相关,与细砂、中砂呈负相关关系。根际土壤中酶活性更高,能够为植物及微生物提供更多的营养。

参考文献 (References):

- [1] 鲁顺保, 张艳杰, 陈成榕, 徐志红, 郭晓敏. 基于 BIOLOG 指纹解析三种不同森林类型土壤细菌群落功能差异. 土壤学报, 2013, 50(3): 618-623.
- [2] Somova L A, Pechurkin N S. Functional, regulatory and indicator features of microorganisms in man-made ecosystems. *Advances in Space Research*, 2001, 27(9): 1563-1570.
- [3] 弋良朋, 张辉. 滨海4种盐生植物根际土壤酶活性特征与主要养分的关系. 生态环境学报, 2011, 20(2): 270-275.
- [4] Chaudhary D R, Gautam R K, Yousuf B, Mishra A, Jha B. Nutrients, microbial community structure and functional gene abundance of rhizosphere and bulk soils of halophytes. *Applied Soil Ecology*, 2015, 91: 16-26.
- [5] Nicolitch O, Colin Y, Turpault M P, Uroz S. Soil type determines the distribution of nutrient mobilizing bacterial communities in the rhizosphere of beech trees. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 103: 429-445.
- [6] Marschner P, Yang C H, Lieberei R, Crowley D E. Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(11): 1437-1445.
- [7] 赵辉, 赵铭钦, 程玉渊, 王文基, 卢叶. 河南南阳烟区不同类型土壤的根际和非根际微生物及酶活性变化. 土壤通报, 2010, 41(5): 1057-1063.
- [8] Girvan M S, Bullimore J, Pretty J N, Osborn A M, Ball A S. Soil type is the primary determinant of the composition of the total and active bacterial communities in arable soils. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(3): 1800-1809.
- [9] Chiarini L, Bevivino A, Dalmastrì C, Nacamulli C, Tabacchioni S. Influence of plant development, cultivar and soil type on microbial colonization of maize roots. *Applied Soil Ecology*, 1998, 8(1/3): 11-18.
- [10] Riley D, Barber S A. Bicarbonate accumulation and pH changes at the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) root-soil interface. *Soil Science Society of America Journal*, 1969, 33(6): 905-908.
- [11] Riley D, Barber S A. Salt accumulation at the soybean (*Glycine max* (L.) Merr) root-soil interface. *Soil Science Society of America Journal*, 1970, 34(1): 154-155.
- [12] 邵文山, 李国旗, 陈科元, 赵盼盼. 荒漠草原4种常见植物群落土壤酶活性比较. 西北植物学报, 2016, 36(3): 579-587.
- [13] 李振高, 骆永明, 滕应. 土壤与环境微生物研究方法. 北京: 科学出版社, 2008.
- [14] 臧逸飞, 郝明德, 张丽琼, 张昊青. 26年长期施肥对土壤微生物量碳、氮及土壤呼吸的影响. 生态学报, 2015, 35(5): 1445-1451.
- [15] 邱权, 李吉跃, 王军辉, 王宁, 孙奎, 何茜, 苏艳, 潘昕. 西宁南山4种灌木根际和非根际土壤微生物、酶活性和养分特征. 生态学报, 2014, 34(24): 7411-7420.
- [16] Zhang C, Liu G B, Xue S, Song Z L. Rhizosphere soil microbial activity under different vegetation types on the Loess Plateau, China. *Geoderma*, 2011, 161(3/4): 115-125.
- [17] Richardson A E, Barea J M, McNeill A M, Prigent-Combaret C. Acquisition of phosphorus and nitrogen in the rhizosphere and plant growth promotion by microorganisms. *Plant and Soil*, 2009, 321(1/2): 305-339.
- [18] 杨阳, 刘秉儒. 荒漠草原不同植物根际与非根际土壤养分及微生物量分布特征. 生态学报, 2015, 35(22): 7562-7570.
- [19] Dakora F D, Phillips D A. Root exudates as mediators of mineral acquisition in low-nutrient environments. *Plant and Soil*, 2002, 245(1): 35-47.

- [20] Zheng Y R, Xie Z X, Gao Y, Jiang L H, Shimizu H, Tobe K. Germination responses of *Caragana korshinskii* Kom. to light, temperature and water stress. *Ecological Research*, 2004, 19(5): 553-558.
- [21] Wardle D A. A comparative assessment of factors which influence microbial biomass carbon and nitrogen levels in soil. *Biological Reviews*, 1992, 67(3): 321-358.
- [22] 魏茂宏, 林慧龙. 江河源区高寒草甸退化序列土壤粒径分布及其分形维数. *应用生态学报*, 2014, 25(3): 679-686.
- [23] Ai C, Liang G Q, Sun J W, Wang X B, Zhou W. Responses of extracellular enzyme activities and microbial community in both the rhizosphere and bulk soil to long-term fertilization practices in a fluvo-aquic soil. *Geoderma*, 2012, 173-174: 330-338.
- [24] 苏永中, 赵哈林. 农田沙漠化过程中土壤有机碳和氮的衰减及其机理研究. *中国农业科学*, 2003, 36(8): 928-934.
- [25] 邓廷飞, 刘彦, 颜秋晓, 何腾兵, 高安勤. 贵州典型山银花土壤机械组成与养分特性及其关系. *水土保持学报*, 2014, 28(5): 209-214.
- [26] 隋跃宇, 焦晓光, 高崇生, 程伟, 张兴义, 刘晓冰. 土壤有机质含量与土壤微生物量及土壤酶活性关系的研究. *土壤通报*, 2009, 40(5): 1036-1039.
- [27] 李林海, 邱莉萍, 梦梦. 黄土高原沟壑区土壤酶活性对植被恢复的响应. *应用生态学报*, 2012, 23(12): 3355-3360.
- [28] Baker B J, Sheik C S, Taylor C A, Jain S, Bhasi A, Cavalcoli J D, Dick G J. Community transcriptomic assembly reveals microbes that contribute to deep-sea carbon and nitrogen cycling. *The ISME Journal*, 2013, 7(10): 1962-1973.
- [29] 张海芳, 刘红梅, 赵建宁, 李刚, 赖欣, 李洁, 王慧, 杨殿林. 模拟氮沉降和降雨变化对贝加尔针茅草原土壤细菌群落结构的影响. *生态学报*, 2018, 38(1): 244-253.
- [30] 方宇, 王飞, 李清华, 林诚, 何春梅. 连续水旱轮作对水稻冷浸田土壤细菌群落结构的影响. *土壤学报*, 2018, 55(2): 515-525.
- [31] Zhou H X, Liu J E, Zhou J, Qin P. Effect of an alien species *Spartina alterniflora* Loisel on biogeochemical processes of intertidal ecosystem in the Jiangsu Coastal Region, China. *Pedosphere*, 2008, 18(1): 77-85.
- [32] 何芳兰, 金红喜, 王锁民, 韩生慧, 曾荣, 马俊梅. 沙化对玛曲高寒草甸土壤微生物数量及土壤酶活性的影响. *生态学报*, 2016, 36(18): 5876-5883.