

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2018.05.001

三江源农牧交错区土壤微生物碳、氮以及群落碳代谢特征对一年生禾豆混播的响应

陈懂懂^{1,2}, 李奇^{1,2}, 陈昕^{1,2,3}, 贺福全^{1,2,3}, 赵新全^{1,2}, 徐世晓^{1,2}, 赵亮^{1,2*}

(1. 中国科学院高原生物适应与进化重点实验室, 青海 西宁 810008; 2. 中国科学院西北高原生物研究所, 青海 西宁 810008; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要:通过对三江源农牧交错区常见一年生牧草(小黑麦、燕麦和箭筈豌豆)进行不同种植处理,于当年收获后测定耕层0~20 cm土壤养分及微生物学性质,来研究牧草种植对土壤质量的影响。结果表明:小黑麦单播下的MBC及MBC/SOC%高于其他处理,且显著高于箭筈豌豆单播及箭筈豌豆与燕麦双优(1:2:2)处理($P<0.05$);研究区土壤微生物主要利用碳源类型为羧酸类、酚类化合物、碳水化合物和氨基酸;聚类分析发现小黑麦单播和种植燕麦单优势种(1:3:1)、箭筈豌豆单优势种(1:1:3)及小黑麦+燕麦双优势种(2:2:1),对土壤微生物特性的影响相似。小黑麦单播会加快土壤有机质周转,燕麦和箭筈豌豆双优势种混播有增加土壤有机质的潜力;作为土壤质量的指示因子,MBC比MBN更敏感;不同处理下,土壤微生物对碳的利用强度和类型相似。综合考虑土壤微生物活性和生产特性,在实际生产活动中不适宜箭筈豌豆单播。

关键词:单播;混播;微生物生物量;微生物碳代谢;三江源区

中图分类号:S154.36

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2018)05-1064-07

Response of Soil Microbial Biomass C and N, C Metabolism Characteristics of Microbes to Grass-Legume Mixtures of Annual Artificial Grassland in Sanjiangyuan Region

CHEN Dong-dong^{1,2}, LI Qi^{1,2}, CHEN Xin^{1,2,3}, HE Fu-quan^{1,2,3}, ZHAO Xin-quan^{1,2}, XU Shi-xiao^{1,2}, ZHAO Liang^{1,2*}

(1. Key Laboratory of Adaptation and Evolution of Plateau Biota, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining, Qinghai Province 810008, China; 2. Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining, Qinghai Province 810008, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: Different mixed sowing treatments of 3 annual forages (i. e. Triticale, Oats and *Vicia sativa*) in agro-pastoral ecotone of Sanjiangyuan region were carried out, and soil microbial properties, such as microbial biomass carbon and nitrogen, and carbon metabolism activity of microbes within 0~20 cm plough layer, were determined after harvest. The results showed that MBC and MBC/SOC% under triticale monoculture were higher than those under other treatments, and significantly higher than those under the *Vicia sativa* unicast and the 1:2:2 treatments ($P<0.05$), while no significant difference in other indicators between treatments was found. The carbon resources used by the soil microbes in the study area mainly included the carboxylic acid, phenolic acids, carbohydrates and amino acids. The cluster analysis found that the treatments of triticale unicast, 1:3:1, 1:1:3 and 2:2:1 had similar effects on soil microbial characteristics, and the microbial activity of which was greater than that under other treatments. The above results indicated that triticale unicast may promote turnover of soil organic matter, while mixed sowing of oats and *Vicia Sativa* had a potential to increase soil organic matter. As the indicator of soil quality, MBC was more sensitive than MBN. Soil microbes had similar carbon utilization intensity and types under differ-

收稿日期:2018-07-03;修回日期:2018-09-22

基金项目:国家重点研发计划项目(2016YFC0501805和2016YFC0501905);青海省自然科学基金青年项目(2017-ZJ-939Q);国家自然科学基金青年项目(31700394);青海省科技重大专项(2017-SF-A6)和中国科学院 STS项目(KFJ-STZ-ZDTP-013)资助

作者简介:陈懂懂(1982-),女,山东广饶人,博士,助理研究员,主要从事土壤生态学研究, E-mail: chendd@nwipb.cas.cn; *通信作者 Author for correspondence, E-mail: lzhaol@nwipb.cas.cn

ent treatments in the study area. Considering the soil microbial activity and production characteristics, *Vicia sativa* unicast in the actual production activities was not recommended.

Key words: Unicast, Mixed sowing, Soil microbial biomass, Microbial carbon metabolism, Sanjiangyuan region

土壤微生物在生态系统响应环境变化过程中具有极为显著的作用^[1], 其能调控生态系统物质和能量流动^[2-3], 同时又受到植被、土壤理化特性等生物和非生物因素直接或间接的影响^[4-5]。土壤环境是各种植物赖以生存的物质基础, 土壤微生物作为土壤环境组分的关键部分, 对干扰和环境变化很敏感^[6], 被认为是土壤质量的指示因子^[7]。在各种生态驱动因子中, 微生物及其微生物量(soil microbial biomass, SMB)库被认为是控制生态系统功能的重要生态驱动力, 是土壤扰动的敏感生物指标^[8]。微生物熵是指微生物生物量碳、氮等在土壤有机碳以及总氮等中所占的比例^[9], 表明了土壤碳氮与土壤微生物相关以及被利用的程度^[10]。作为评价土壤质量的重要指标^[11-12], 土壤微生物功能多样性比物种多样性的评价更容易操作, 并且直接与土壤功能相关^[13]。以 BIOLOG 微孔板碳源代谢为基础的定量分析为研究土壤微生物群落代谢多样性和功能多样性提供了一种更为简单和快速的方法, 被广泛应用于评价不同土地利用方式、不同土壤类型以及不同植被类型下的土壤微生物功能多样性^[11-12, 14]。对土地利用方式的相关研究发现, 从自然生态系统向耕地的转变显著降低了微生物生物量^[15], 也有研究认为农田土壤施肥促进了土壤微生物的生长发育^[16]。

同德县位于青海省东南腹地, 地处三州(海南州、果洛州、黄南州)五县(玛沁县、河南县、泽库县、贵南县、兴海县)交接处, 是三江源重要的农牧交错区^[17-18]。该区自 2002 年开展了大规模的草地生态建设, 并将人工种草及草地改良作为一项基本措施, 长期以来, 青海草原工作者的工作多集中在基于适应性强、高产优质牧草品种的筛选、驯化等研究, 并培育出一些适应高寒气候的牧草品种^[19-21]。对不同混播方式的研究多集中于产量以及生产性能方面^[22], 而关于牧草种植对土壤质量的影响方面研究较少^[23]。本实验通过对高寒区一年生牧草进行单播及不同混播处理, 并测定耕层 0~20 cm 土壤养分以及微生物生物量碳(microbial biomass carbon, MBC)、微生物量氮(microbial biomass nitrogen, MBN)和群落碳代谢功能, 评

价不同处理对土壤质量的影响, 为农牧交错区的土壤改良提供数据支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验地设在青海省海南州农牧交错区, 实验在同德县县城以东 5 公里处的同德牧场进行。地理坐标 34°38'~35°39' N, 100°08'~101°98' E, 位于青藏高原东部, 平均海拔 3 700 m。属大陆高原性气候, 年日照时数 2 550~2 760 h, 年均温 -3.7~-6.1℃, 年降水 427.2 mm, 多集中于 6—9 月, 雨热同季, 冷暖两季分明。全县草地面积 47.16 万 hm², 草地类型主要为高寒草甸、高寒草地、山地干草原^[24]。土壤以暗栗钙土为主。牧场试验地多用于优质牧草选育等工作^[23]。

1.2 实验设计及取样

选取同德牧场 5 m × 5 m 的小区 40 个, 相邻小区之间间隔 50 cm。于 2016 年 5 月播种, 选取当地常见种, 即小黑麦(*Triticale rimpau*)、燕麦(*Avena sativa* L.)和箭筈豌豆(*Vicia sativa* L.)为实验对象, 按照表 1 组合, 设置 10 个处理, 在小区内行播, 行间距 30 cm, 每个处理 4 个重复, 完全随机排列。每种单株播种比例决定组合是单优势种, 双优势种或者是均匀混播。

在播种之前整个小区内土壤是匀质的, 种植期间施肥量均一致(在播种前于每个小区采集 1 个样品, 每 4 个混为 1 个混合样, 共 10 个混合样, 测定土壤背景值)。施肥为磷酸二胺[(NH₄)₂HPO₄]和尿素(CH₄N₂O), 小区(面积为 25 m²)施肥量分别为 281.11 g 和 112.44 g, 频率为 1 年 1 次, 时间为播种之前。播种之前的土壤背景值为土壤有机质(soil organic matter, SOM): 39.87 ± 5.32 g · kg⁻¹, 全氮(soil total nitrogen, TN): 2.39 ± 0.22 g · kg⁻¹, 土壤无机氮(soil inorganic N, N_{inorg}): 47.05 ± 12.30 mg · kg⁻¹, 土壤无机碳(soil inorganic C, SIC): 11.66 ± 1.48 g · kg⁻¹, 碳氮比(C/N): 9.67 ± 0.93, pH 值: 7.78 ± 0.04。

表 1 实验设计
Table 1 The design of experiments

处理 Treatment	小区播种量			行播量			
	Sowing amount in the small quadrat/g · 25m ⁻²			Sowing amount in each row/g · 0.3×5m ⁻²			
	小黑麦 Triticale	燕麦 Oats	箭筈豌豆 Vicia Sativa	小黑麦 Triticale	燕麦 Oats	箭筈豌豆 Vicia Sativa	收获前产量 Yields / g · m ⁻²
	/225 kg · ha ⁻¹	/225 kg · ha ⁻¹	/187.5 kg · ha ⁻¹				
1	562.22	0.00	0.00	35.14	0.00	0.00	454.09±33.65
2	0.00	562.22	0.00	0.00	35.14	0.00	482.29±78.51
3	0.00	0.00	468.52	0.00	0.00	29.28	269.93±51.42
4(3:1:1)	337.33	112.44	93.70	21.08	7.03	5.86	520.39±111.00
5(1:3:1)	112.44	337.33	93.70	7.03	21.08	5.86	502.71±79.67
6(1:1:3)	112.44	112.44	281.11	7.03	7.03	17.57	509.47±86.01
7(2:2:1)	224.89	224.89	93.70	14.06	14.06	5.86	484.44±77.20
8(2:1:2)	224.89	112.44	187.41	14.06	7.03	11.71	538.45±111.25
9(1:2:2)	112.44	224.89	187.41	7.03	14.06	11.71	453.97±38.97
10(1:1:1)	187.41	187.41	156.17	11.71	11.71	9.76	485.73±37.22

注:处理从 1 到 10 依次为小黑麦单播,燕麦单播,箭筈豌豆单播,3:1:1(小黑麦单优势种混播),1:3:1(燕麦单优势种混播),1:1:3(箭筈豌豆单优势种混播),2:2:1(小黑麦+燕麦双优势种混播),2:1:2(小黑麦+箭筈豌豆双优势种混播),1:2:2(燕麦+箭筈豌豆双优势种混播),1:1:1(三种均匀混播),下同。

Notes:Orders From 1 to 10 are Triticale,Oats,Vicia Sativa,3:1:1,1:3:1,1:1:3,2:2:1,2:1:2,1:2:2,and 1:1:1,respectively. The same as below.

1.3 样品采集及测定

于 2016 年 10 月 15 日,采集耕层 0~20 cm 深度土壤样品。在每个小区用 5 cm 土钻随机采集 3 点,组成一个混合样,共 40 个混合样。所有样品立即带回实验室,过 2 mm 筛,去除根及其他杂物后,分成 2 部分。一部分风干,保留一部分进行土壤 pH 测定,另一部分过 0.15 mm 筛,用于土壤养分等测定;一部分 4℃ 冰箱内保鲜保存,用于土壤可浸提碳氮,土壤无机氮(N_{inorg},铵态氮和硝态氮之和),微生物量碳、氮(MBC,MBN)及群落功能测定。

土壤有机碳(soil organic C,SOC)用硫酸—重铬酸钾氧化法;土壤全氮(TN)采用凯氏定氮法;土壤无机碳(SIC)用碳酸测定仪测定;土壤含水量采用烘干法;pH 值用 PHS-3C 型 pH 计测定^[25]。N_{inorg}用氯化钾(KCl,2 mol · L⁻¹)浸提后,用荷兰 Skalar San++ 连续流动分析仪测定,通过可浸提土壤全氮(total dissolved N,TDN)减去 N_{inorg} 可得土壤可浸提有机氮(dissolved organic N,DON);土壤 MBC,MBN 采用氯仿熏蒸浸提法,其中未熏蒸对照样品中浸提出的 C、N 视为土壤可浸提有机碳(dissolved organic C,DOC)和 TDN^[26]。

土壤微生物群落功能多样性采用 BIOLOG 法,取 4℃ 保存土壤 10 g,加 90 ml 灭菌生理盐水(0.85%)在摇床上振荡 60 min,然后将土壤样品稀释 100 倍,再从中取 150 μL 该悬浮液接种到 BIOLOG 微平板中的每一个孔中,最后将接种好的板置于 25℃ 的恒温培养箱中培养,每隔 24 h 在 BIOLOG

读数仪上读数^[27]。每个有培养基孔的颜色变化通过每隔 24 h,在 590 nm(显色+浊度)和 750 nm(浊度)波长下记录的光密度(OD)值表示^[27-28]。通过减去对照来校正每个孔的吸光度值。每个孔的最终值是 590 nm 值减去 750 nm 值。负读数设为零^[28]。每个微平板中的微生物活性用 AWCD 值表示^[29]。此处选择 72 h 的光密度值来计算底物碳源多样性^[30],OD 值<0.25 定义为零^[31]。

根据化学性质相似的底物组合(碳源),可将 31 种碳源归为 6 类:即氨基酸类(6 种)、胺类(2 种)、碳水化合物(10 种)、羧酸类(7 种)、酚类化合物(2 种)、聚合物类(4 种)^[32]。

1.4 数据分析

Biolog 数据主要包括:AWCD 和 Shannon—Wiener 多样性指数(H')^[31]。

平均每孔颜色变化率(average well color development,AWCD)计算^[25]:

$$AWCD = \sum OD_i / 31$$

式中:OD_i 为每个培养基矫正后的光密度值,31 为培养基数。

其中,OD_i 为每类别中底物的校正 OD 值,N 为每类别中底物的数量^[28]。

多样性通过 Shannon—Wiener 多样性指数(H')来估测^[30]:

$$H' = - \sum p_i (\ln p_i)$$

其中 p_i 是第 i 种底物 AWCD 占有所有底物 AWCD 的比率。

所有统计分析都在 SPSS 16.0 中进行。测定指标(包括土壤容重, pH, SOC, TN, SIC, N_{inorg} 等理化性质, 以及 MBC, MBN, DOC, DON 及碳代谢多样性及 AWCD 值等)均采用单因素方差分析(one-way ANOVA); LSD 检验分析在 $P < 0.05$ 比较平均值(若方差不齐, 则采用 Tamhane's 检验)。用层序聚类分析(Hierarchical Cluster Analysis)中的平均距离法分析处理之间的相似性。

2 结果与分析

2.1 土壤基础理化性质

如表 2 所示, 不同处理下土壤基础理化性质差异不显著。尽管如此, 与播种前相比, 土壤 SOC 含量除箭筈豌豆单播组和小黑麦单优势种混播组外, 均有不同程度增加。与播种前相比, 多数处理组 SIC 有稍微下降。三个双优处理组(小黑麦+燕麦、小黑麦+箭筈豌豆以及燕麦+箭筈豌豆双优)的土壤 TN 稍有增加。与种植前相比, 多数处理下土壤 C/N 增加, 土壤 N_{inorg} 显著下降。

表 2 土壤基础理化性质

Table 2 Soil basic physiochemical properties

处理	容重	pH	土壤水分	有机碳	无机碳	全氮	碳氮比	无机氮
Treatment	BD/ $g \cdot cm^{-3}$		Soil water/ %	SOC/ $g \cdot kg^{-1}$	SIC/ $g \cdot kg^{-1}$	TN/ $g \cdot kg^{-1}$	Soil C:N	$N_{inorg}/mg \cdot kg^{-1}$
小黑麦 Triticale	1.71±0.22	7.79±0.06	19.87±4.35	23.63±0.93	10.52±1.59	2.36±0.17	10.04±0.58	9.65±2.84
燕麦 Oats	1.78±0.14	7.81±0.08	19.20±0.04	23.75±1.92	9.70±1.03	2.33±0.14	10.20±0.99	7.69±1.87
箭筈豌豆 Vicia Sativa	1.73±0.15	7.87±0.16	18.43±0.03	22.22±2.93	11.26±2.41	2.36±0.26	9.39±0.52	8.59±1.56
3:1:1	1.60±0.17	7.87±0.10	20.06±0.04	20.70±5.37	11.92±2.97	2.26±0.21	9.26±2.44	7.77±2.22
1:3:1	1.85±0.23	7.88±0.12	18.37±4.56	23.33±1.64	11.68±3.82	2.34±0.29	10.05±0.77	8.90±2.88
1:1:3	1.66±0.18	7.86±0.10	18.49±4.91	23.78±0.59	10.74±1.06	2.41±0.09	9.87±0.46	7.72±1.66
2:2:1	1.77±0.19	7.85±0.07	15.61±2.27	23.66±1.60	10.91±1.61	2.46±0.12	9.61±0.46	8.69±2.43
2:1:2	1.71±0.28	7.81±0.10	17.42±2.91	24.59±0.71	10.54±0.96	2.45±0.12	10.06±0.49	8.03±2.29
1:2:2	1.76±0.18	7.79±0.10	15.69±2.17	24.62±1.11	10.81±2.12	2.42±0.11	10.18±0.60	8.06±1.65
1:1:1	1.70±0.08	7.82±0.08	18.75±3.71	23.24±1.85	11.01±1.95	2.37±0.19	9.81±0.50	9.73±3.56

2.2 土壤微生物量和微生物熵

小黑麦单播方式下, MBC 和 MBC/SOC% 显著高于箭筈豌豆单播组($P < 0.05$)以及箭筈豌豆与燕麦双优处理组($P < 0.05$), 同时也高于其他处

理组, 但差异不显著。而虽然 MBN, MBN/TN% 在所有处理间不存在显著差异, 小黑麦单播和三种牧草均匀混播处理的两个指标比其他处理略高(表 3)。

表 3 土壤微生物生物量及碳代谢特征

Table 3 Soil microbial biomass and C metabolism characteristics

处理	微生物量碳	MBC/SOC%	可浸提有机碳	微生物量氮	MBN/TN%	可浸提有机氮	H'	AWCD
Treatment	MBC/ $mg \cdot kg^{-1}$		DOC/ $mg \cdot kg^{-1}$	MBN/ $mg \cdot kg^{-1}$		DON/ $mg \cdot kg^{-1}$		(192 h)
小黑麦 Triticale	495.25±104.16 ^a	2.09±0.24 ^a	111.77±22.57	121.88±27.96	5.12±1.29	14.33±3.69	3.02±0.15	1.02±0.10
燕麦 Oats	436.35±65.12 ^{ab}	1.84±0.14 ^{ab}	112.42±24.70	103.53±23.07	4.43±0.95	15.05±4.38	3.03±0.14	1.06±0.08
箭筈豌豆 Vicia Sativa	370.77±100.39 ^b	1.67±0.35 ^b	106.72±30.82	98.84±21.20	4.20±0.83	14.13±4.94	3.04±0.06	1.04±0.12
3:1:1	411.90±86.63 ^{ab}	2.01±0.29 ^a	100.63±28.67	99.65±26.60	4.45±1.23	14.91±4.71	3.06±0.10	1.05±0.16
1:3:1	451.02±116.96 ^{ab}	1.91±0.36 ^{ab}	97.04±30.47	108.08±28.66	4.66±1.08	13.05±4.18	3.05±0.10	1.03±0.13
1:1:3	455.37±98.46 ^{ab}	1.92±0.36 ^{ab}	100.20±26.65	117.43±31.21	4.85±0.92	13.63±3.96	2.97±0.25	1.01±0.13
2:2:1	466.54±114.66 ^{ab}	1.98±0.42 ^{ab}	98.04±25.91	113.09±32.87	4.59±0.79	13.19±3.47	3.02±0.08	1.01±0.13
2:1:2	410.31±64.88 ^{ab}	1.67±0.16 ^{ab}	110.22±36.26	106.67±31.09	4.35±0.20	15.03±5.75	3.03±0.17	1.02±0.11
1:2:2	384.04±119.46 ^b	1.56±0.28 ^b	113.33±39.26	110.87±40.12	4.56±1.14	14.28±4.93	2.98±0.10	0.97±0.07
1:1:1	421.91±85.52 ^{ab}	1.81±0.18 ^{ab}	103.06±31.55	126.74±35.97	5.31±1.31	12.91±4.44	3.05±0.10	1.05±0.09

注: 同列中不同小写字母之间表示差异显著($P < 0.05$)

Note: different letters indicate significant difference at the 0.05 level.

2.3 不同处理下的土壤微生物对碳源的利用

BIOLOG 试验结果(AWCD)显示,随着培养时间的延长,不同处理下的土壤微生物群落对碳源利用程度均逐渐增大,到 192 h 基本趋于平稳(图 1)。且各处理下土壤微生物对碳源利用多样性(H')及代谢强度(AWCD)均差异不显著,只有燕麦和箭筈豌豆双优势种混播处理下的 AWCD 值稍低于其他处理组(表 3)。所有处理下的土壤微生物主要利用碳源类型为羧酸类、酚类化合物、碳水化合物和氨基酸,对胺类和复合物类的利用程度相对较低(图 2)。

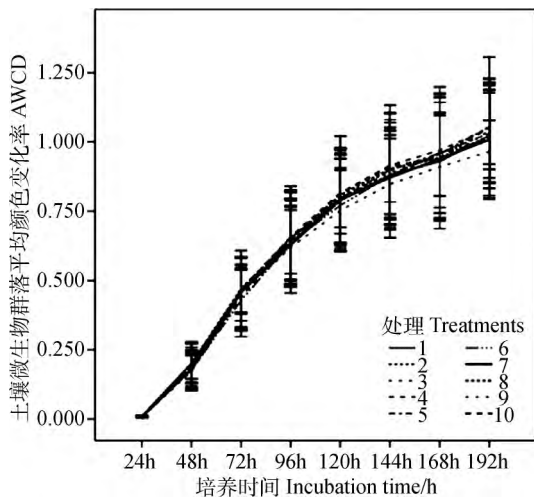


图 1 不同处理下土壤微生物群落对总碳源的利用强度变化
Fig. 1 Utilization intensity of soil microbial communities to total carbon sources under different treatments

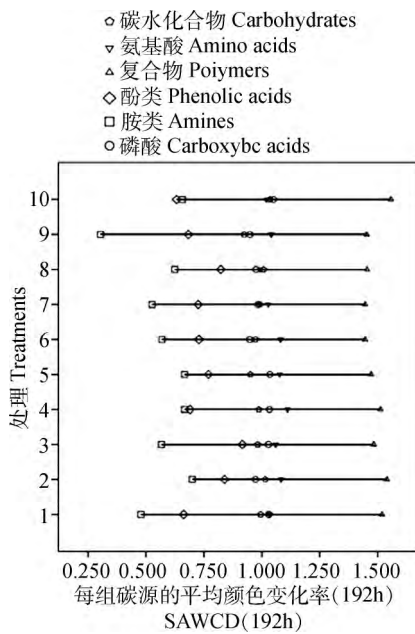


图 2 不同处理下土壤微生物群落对六类碳源的利用强度
Fig. 2 Utilization intensity of soil microbial communities to six types of carbon sources under different treatments

2.4 聚类分析

从聚类分析看,根据土壤微生物特性(表 3),把所有处理分成 2 大类,其中小黑麦单播和种植燕麦单优势种(1 : 3 : 1)、箭筈豌豆单优势种(1 : 1 : 3)以及小黑麦+燕麦双优势种(2 : 2 : 1),对土壤微生物特性的影响相似,微生物活性大于其他处理。而将草产量(表 1)考虑进去之后,箭筈豌豆单播处理下生产特性远低于其他处理,故综合考虑土壤微生物活性和生产特性,在实际生产活动中不适宜箭筈豌豆单播。

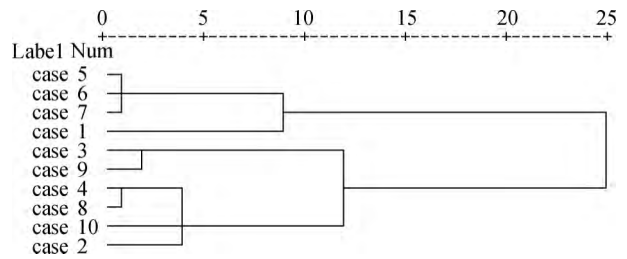


图 3 聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of soil microbial factors under different treatments

注:case 1-小黑麦单播;case 2-燕麦单播;case 3-箭筈豌豆单播;case 4-3 : 1 : 1;case 5-1 : 3 : 1;case 6-1 : 1 : 3;case 7-2 : 2 : 1;case 8-2 : 1 : 2;case 9-1 : 2 : 2;case 10-1 : 1 : 1
Note:case 1-Triticale,case 2-Oats,case 3-Vicia sativa,case 4-3 : 1 : 1,case 5-1 : 3 : 1,case 6-1 : 1 : 3,case 7-2 : 2 : 1,case 8-2 : 1 : 2,case 9-1 : 2 : 2,case 10-1 : 1 : 1

3 讨论

3.1 不同混播处理下的土壤基础理化性质

与种植前相比,各混播处理下土壤容重和 pH 并无明显差异,可能由于耕作制度的进行导致整个区域土壤容重值和 pH 偏高^[33]。与播种前相比,土壤 SOC 含量除箭筈豌豆单播和小黑麦单优势种混播外,均有不同程度增加,其中以燕麦和箭筈豌豆双优势种混播处理下增加最多(6.44%),这与该处理下土壤微生物活性相对较弱相呼应(表 3)。虽然与播种前相比,多数处理下 SIC 有稍微下降,但与其它地区相比^[30-32],研究区有相对较高的 SIC 含量,可能是因为该区土壤的干旱和较高的 pH^[33,37]。多数处理下土壤 C/N 的增加,表明研究区土壤有机碳存在固持的潜力^[34]。与种植前相比,土壤 N_{inorg} 显著降低,表明种植区植物对氮的利用强度较大或者该研究区存在氮素限制^[23]。

3.2 不同混播处理下的土壤微生物量和微生物熵

微生物量被认为是一种比土壤有机质更为灵敏的评价土壤质量的指标,土壤微生物量与土壤养分关系密切,是反映土壤生物学质量变化的重要指标,其含量高低反映周转速率^[39]。小黑麦单播方式下,MBC、MBC/SOC%高于其他混播处理,说明单播小黑麦的土壤中微生物对碳的利用强度较大,碳周转速率相对较高。在所有处理下,MBC/SOC%和MBN/TN%变化范围分别为1.56%~2.09%和4.20%~5.31%,表明区域内土壤微生物对氮的利用强于对碳的利用^[10]。Liu等认为MBC比MBN和微生物生物量磷(MBP)更易于分析,使其成为未来其他实用分析的潜在工具^[40],而我们的结果也显示,在一年生牧草混播处理实验中,MBC比MBN更加敏感。

3.3 不同处理下的土壤微生物对碳源的利用

土壤微生物在BIOLOG微平板上的AWCD值是反映土壤微生物活性,即对碳源利用能力的一个重要指标,其值越大说明微生物对碳源的代谢能力越强^[27,30]。研究土壤微生物群落对不同碳源利用能力的差异,有助于全面了解微生物群落代谢功能特征。BIOLOG试验结果(AWCD)显示,不同混播处理下的土壤微生物群落对总碳源代谢强度差异不显著,表明研究区的土壤微生物群落存在相似的碳源利用潜力,这可能与土壤中类似的根系分泌物有关^[14],也可能是因为实验期(1年)较短,微生物群落组成短期内还未发生较大变化。

根据化学性质相似的标准,对底物碳源进行组合后分析^[31],发现不同处理下土壤微生物主要利用羧酸类、酚类化合物、碳水化合物和氨基酸,对胺类和复合物类的利用程度相对较低,明显区别于高寒区其他天然草地^[14]。而培养基多样性指数(H')表明的是土壤微生物群落利用碳源类型的多与少,即功能多样性^[11]。研究表明,燕麦和箭筈豌豆双优势种的组合中,土壤微生物对碳源利用类型较少,利用强度偏低,但与其他混播或者单播处理差异不显著。以上结果表明,研究区域在不同混播处理下,土壤微生物对碳的利用强度和利用类型相似。

4 结论

单播小黑麦的土壤中微生物对碳的利用强度较大,碳周转速率相对较高,从另一方面讲,小黑麦单

播可能会促进土壤有机质分解;而燕麦和箭筈豌豆双优势种混播有增加土壤有机质的潜力;土壤微生物对氮的利用强于对碳的利用,作为土壤质量的指示因子,MBC比MBN更加敏感;研究区域不同处理下,土壤微生物对碳源的利用强度和利用类型均相似;进行小黑麦单播和种植燕麦单优势种、箭筈豌豆单优势种以及小黑麦+燕麦双优势种,对土壤微生物特性的影响相似,其微生物活性大于其他处理。综合考虑土壤微生物活性和生产特性,在实际生产活动中不适宜箭筈豌豆单播。

参考文献

- [1] Zak D R, Pregitzer K S, Burton A J, *et al.* Microbial responses to a changing environment: implications for the future functioning of terrestrial ecosystems[J]. *Fungal Ecology*, 2011, 4(6): 386-395
- [2] Chapin F S, Zavaleta E S, Eviner V T, *et al.* Consequences of changing biodiversity[J]. *Nature*, 2000, 405(6783): 234-242
- [3] Qi Y B, Chen T, Pu J, *et al.* Response of soil physical, chemical and microbial biomass properties to land use changes in fixed desertified land[J]. *Catena*, 2018(160): 339-344
- [4] Bardgett R D, Jones A C, Jones D L, *et al.* Soil microbial community patterns related to the history and intensity of grazing in sub-montane ecosystems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(12-13): 1653-1664
- [5] Putten W V D, Bardgett R D, Bever J D, *et al.* Plant-soil feedbacks: the past, the present and future challenges[J]. *Journal of Ecology*, 2013, 101(2): 265-276
- [6] Davidson E A, Ackerman I K. Changes in soil carbon inventories following cultivation of previously untilled soils[J]. *Biogeochemistry*, 1993, 20(3): 161-193
- [7] Anderson T H. Microbial eco-physiological indicators to assess soil quality [J]. *Agriculture, Ecosystem and Environment*, 2003, 98(1): 285-293
- [8] Singh J S, Gupta V K. Soil microbial biomass, A key soil driver in management of ecosystem functioning[J]. *Science of the Total Environment*, 2018(634): 497-500
- [9] Sparling G P. Ratio of microbial biomass carbon to soil organic carbon as a sensitive indicator of changes in soil organic matter [J]. *Australian Journal of Soil Research*, 1992, 30(2): 195-207
- [10] Zhou H M, Zhang D X, Wang P, *et al.* Changes in microbial biomass and the metabolic quotient with biochar addition to agricultural soils: a meta-analysis[J]. *Agriculture, Ecosystem and Environment*, 2017(239): 80-89
- [11] 郑华, 欧阳志云, 方治国, 等. BIOLOG在土壤微生物群落功能多样性研究中的应用[J]. *土壤学报*, 2004, 41(3): 456-461
- [12] 胡可, 王利宾. BIOLOG微平板技术在土壤微生态研究中的应用[J]. *土壤通报*, 2007, 38(4): 819-821
- [13] Chapman S J, Campbell C D, Artz R R E. Assessing CLPPs Using MicroResp™. A Comparison with Biolog and multi-SIR

- [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2007, 7(6): 406-410
- [14] 翟文婷, 陈懂懂, 李奇, 等. 放牧强度对环青海湖地区高寒草原土壤微生物群落代谢特征的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2017, 23(4): 0685-0692
- [15] 郭芳芳, 李永梅, 李朝丽, 等. 版纳河流域土地利用变化对土壤有机碳及微生物生物量碳和氮的影响[J]. *生态学杂志*, 2012, 31(10): 2473-2478
- [16] 陈小燕, 吕家珑, 张红, 等. 子午岭不同植被类型土壤微生物量与有机酸含量[J]. *干旱地区农业研究*, 2008, 26(3): 167-170
- [17] 许茜, 李奇, 陈懂懂, 等. 近 40a 三江源地区土地利用变化动态分析及预测[J]. *干旱区研究*, 2018, 35(3): 695-704
- [18] 李亚娟, 曹广民, 龙瑞军, 等. 三江源土地利用方式对草地植物生物量及土壤特性的影响[J]. *草地学报*, 2016, 24(3): 524-529
- [19] 施建军, 马玉寿, 董全民, 等. “黑土型”退化草地优良牧草筛选试验[J]. *草地学报*, 2007, 15(6): 543-555
- [20] 秦爱琼, 朱勇, 马金英, 等. 藏北地区 9 种牧草栽培试验初报[J]. *草业与畜牧*, 2012, 33(04): 27-29
- [21] 陈鸿洋, 傅华, 黄德君, 等. 高寒地区垂穗披碱草优异种质资源筛选[J]. *中国农业科学*, 2013, 46(4): 841-848
- [22] 郑伟, 朱进忠, 库尔班, 等. 不同混播方式下禾豆混播草地种间竞争动态研究[J]. *草地学报*, 2010, 18(4): 568-575
- [23] 陈懂懂, 李奇, 刘哲, 等. 9 种牧草对青海同德牧区土壤特性的影响[J]. *草原与草坪*, 2016, 36(4): 41-47
- [24] 周华坤, 赵新全, 王启基, 等. 青海省同德县草地现状及畜牧业可持续发展策略[J]. *草原与草坪*, 2007, 27(04): 7-12
- [25] 鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000
- [26] Chen D D, Zhao L, Li Q, *et al.* Response of soil carbon and nitrogen to 15-year experimental warming in two alpine Habitats (*Kobresia* Meadow and *Potentilla* Shrubland) on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Polish Journal of Environmental Studies*, 2016, 25(6): 2305-2313
- [27] Chen L J, Li C S, Feng Q, *et al.* Shifts in soil microbial metabolic activities and community structures along a salinity gradient of irrigation water in a typical arid region of China[J]. *Science of the Total Environment*, 2017(598): 64-70
- [28] Classen A T, Boyle S I, Haskins K E, *et al.* Community-level physiological profiles of bacteria and fungi: plate type and incubation temperature influences on contrasting soils[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 44(3): 319-328
- [29] Garland J L, Mills A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1991, 57(8): 2351-2359
- [30] Zak J C, Willig M R, Moorhead D L, *et al.* Functional diversity of microbial communities: a quantitative approach[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1994, 26(9): 1101-1108
- [31] Frac M, Oszust K, Lipiec J. Community Level Physiological Profiles (CLPP), Characterization and Microbial Activity of Soil Amended with Dairy Sewage Sludge[J]. *Sensors*, 2012, 12(3): 3253-3268
- [32] Feigl V, Ujaczki é, Vaszita E, *et al.* Influence of red mud on soil microbial communities: Application and comprehensive evaluation of the Biolog EcoPlate approach as a tool in soil microbiological studies[J]. *Science of the Total Environment*, 2017(595): 903-911
- [33] Li C L, Li Q, Zhao L, *et al.* Land-use effects on organic and inorganic carbon patterns in the topsoil around Qinghai Lake basin, Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Catena*, 2016(147): 345-355
- [34] Wu H B, Guo Z T, Gao Q, *et al.* Distribution of soil inorganic carbon storage and its changes due to agricultural land use activity in China[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2009, 129(4): 413-421
- [35] 刘哲, 陈懂懂, 李奇, 等. 土地利用方式对高寒草甸生态系统土壤无机碳的影响[J]. *水土保持通报*, 2016, 36(5): 288-294
- [36] Liu S L, Tang Y H, Zhang F W, *et al.* Changes of soil organic and inorganic carbon in relation to grassland degradation in Northern Tibet[J]. *Ecological Research*, 2017, 32(3): 395-404
- [37] Bronick C J, Lal R. Soil structure and management: a review [J]. *Geoderma*, 2005, 124(1-2): 3-22
- [38] 高寒, 王宏燕, 李传宝, 等. 玉米秸秆不同腐解处理还田对黑土碳氮比的影响研究[J]. *土壤通报*, 2013, 44(6): 1392-1397
- [39] 张宝泉, 李红红, 马虎, 等. 渭北旱塬区不同年限苜蓿对土壤主要养分及微生物量的影响[J]. *草地学报*, 2015, 23(6): 1190-1196
- [40] Liu D, Huang Y M, An S S, *et al.* Soil physicochemical and microbial characteristics of contrasting land-use types along soil depth gradients[J]. *Catena*, 2018(162): 345-353

(责任编辑 闵芝智)