

# 高寒草甸群落地表植被特征与土壤理化性状、土壤微生物之间的相关性研究

王长庭<sup>1,2</sup>, 龙瑞军<sup>3</sup>, 王根绪<sup>4</sup>, 刘伟<sup>2</sup>, 王启兰<sup>2</sup>, 张莉<sup>2,5</sup>, 吴鹏飞<sup>1</sup>

(1. 西南民族大学生命科学与技术学院, 四川 成都 610041; 2. 中国科学院西北高原生物研究所, 青海 西宁 810001;  
3. 兰州大学草地农业科技学院, 甘肃 兰州 730070; 4. 中国科学院水利部成都山地灾害与环境研究所,  
四川 成都 610041; 5. 中国科学院研究生院, 北京 100049)

**摘要:**以青藏高原高寒草甸4种主要草地类型为研究对象,分析了不同植被类型土壤的理化性质、土壤微生物数量、土壤酶活性与生态系统功能间的相互关系。结果表明,不同植被类型群落的土壤特性存在明显差异。藏高草甸沼泽化草甸0~40 cm土层土壤容重、土壤含水量、土壤有机质、土壤全氮和土壤速效氮含量明显不同于矮高草甸、小高草甸和金露梅灌丛草甸,土壤物理特性的改变(土壤养分、土壤容重、土壤湿度等)会引起植被组成、物种多样性变化;细菌数量和真菌数量与植物群落地上生物量之间存在显著正相关关系( $P < 0.05$ )、放线菌数量与生物量之间的相关性不显著,不同植被类型的群落生物量影响着土壤微生物数量和组成;不同草地类型植物群落地上生物量与土壤酶活性(磷酸酶、过氧化氢酶、蛋白酶、脲酶等)之间存在显著的正相关关系( $P < 0.05$ ),土壤酶活性对土壤有机质、腐殖质等的合成起到了积极作用。土壤酶活性的高低不仅影响了群落生物量,同时也影响群落物种多样性(物种丰富度),土壤酶活性的高低通过影响土壤微生物种类和数量、土壤养分含量,从而间接影响群落物种多样性。

**关键词:**高寒草甸; 物种多样性; 土壤微生物; 土壤酶活性; 生物量

中图分类号: Q948.15<sup>+</sup> 8; S154.3 文献标识码: A 文章编号: 1004-5759(2010)06-0025-10

生态学理论认为各种各样的生物和非生物因子决定着陆地植物群落的结构和动态。在空间和时间尺度上,气候变化、人类干扰、环境的严酷性、环境异质性和生物间的相互作用决定着植物群落组成和多样性<sup>[1]</sup>。生长限制性资源的有效性影响着生物群落的组成<sup>[2]</sup>。植物群落的变化总是与土壤的演化相关联,土壤的分异导致植被的变化,植被的变化影响着土壤发育<sup>[3]</sup>。植被特征和土壤环境的关系是生态学研究的重要领域,主要涉及植物群落演替阶段土壤特征的差异<sup>[4]</sup>;植物群落演替过程中土壤肥力变化综合评价<sup>[5,6]</sup>;从不同的景观尺度探讨植被与土壤特征空间格局<sup>[7]</sup>;高寒草甸、人工草地植被特征与土壤环境的关系<sup>[8,9]</sup>。

自20世纪80年代以来,广泛分布于青藏高原的高寒草甸生态系统在自然扰动与人为因素的干扰下,呈现出明显的退化趋势<sup>[10,11]</sup>,陆地生态系统的退化减少了物种多样性,群落生物量(地上、地下)和土壤养分的输入量,并加快了土壤有机质分解速率,从而影响到生态系统的物质循环<sup>[12,13]</sup>。而栖息在土壤中的异养型微生物群落调节着生态系统的一些关键过程,控制着生态系统的C、N循环,并且与植物多样性和生态系统功能之间存在一定的联系<sup>[14]</sup>。植物根系及其残体,土壤动物及其残体和微生物所分泌的酶是土壤中最活跃的部分,土壤酶和土壤微生物一起共同推动土壤的代谢过程<sup>[15]</sup>。因而,加强高寒草甸退化生态系统生物多样性保护和生态功能恢复是当前面临的主要任务,能否协调和实现这2个目标,必然涉及到物种多样性与生态系统功能的关系这一重要科学问题。

土壤作为植物生存的重要条件之一,一方面,对植物群落结构和功能产生重大影响,土壤环境的差异,会导致群落演替过程中物种多样性的变化,另一方面,土壤也是生态系统中诸多生态过程的参与者和载体,土壤结构和养分状况,是度量退化生态系统功能恢复与维持的关键指标之一<sup>[16]</sup>。对退化土壤生态系统的研究发现,土壤酶活性的高低不仅与土壤生态系统的退化有关,而且与土壤类型、植被特征、微生物数量、土壤动物类群及数量有

\*收稿日期: 2009-12-18; 改回日期: 2010-03-09

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(No. 30730069), 西南民族大学高层次人才引进项目和国家973计划项目(No. 2007CB411504)资助。

作者简介: 王长庭(1969), 男, 青海湟源人, 博士, 副研究员, 硕士生导师。E-mail: wcht6@hotmail.com, wct@nwiqb.ac.cn

关<sup>[17-20]</sup>。土壤微生物的种类、数量及土壤酶活性是评价土壤质量健康状况、土壤恢复过程及恢复潜力的重要指标<sup>[17-19]</sup>。本研究对高寒草甸不同植被类型植被特征与土壤微生物数量、酶活性及土壤有机碳和微生物量碳的关系进行了初步分析,旨在从土壤理化特征、微生物活性的角度,探讨土壤养分、微生物活性与物种多样性、生态系统功能之间的关系,为高寒草甸生态系统自然资源的合理利用及适应性管理提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

本研究于 2005–2006 年 8 月在中国科学院海北高寒草甸生态系统开放实验站进行。地处 37°29′~37°45′ N, 101°12′~101°33′ E, 海拔 3 200~3 250 m。年平均气温-1.7℃, 1 月平均气温-14.8℃, 7 月平均气温 9.8℃。年平均降水量 600 mm, 降水量主要集中在下半年, 约占年降水量的 80%, 蒸发量 1 160.3 mm。主要植被类型有高寒草甸(alpine meadow)、高寒灌丛(alpine shrub)和沼泽化草甸(swamp meadow)。土壤为高山草甸土、高山灌丛草甸土和沼泽土。

### 1.2 研究方法

**1.2.1 群落调查与取样方法** 试验样地选择在植被较为均匀的小嵩草草甸(*K. pygmaea* meadow), 该类型的植物种类比较贫乏, 种的饱和度一般为 20~30 种/m<sup>2</sup>, 草层低矮, 分布均匀, 结构简单, 层次分化不明显, 仅为单层结构, 群落总覆盖度一般在 70%~90%, 土壤为草原化草甸土; 矮嵩草草甸(*K. humilis* meadow), 群落结构简单, 种的饱和度一般为 25~30 种/m<sup>2</sup>, 仅草本层 1 层, 群落总覆盖度一般在 60%~95%, 优势种主要是矮嵩草, 伴生种有叶蒿草(*K. capillifolia*)、异针茅(*Stipa aliena*)、高山唐松草(*Thalictrum alpinum*)等, 土壤为高山草甸土; 藏嵩草沼泽化草甸(*K. tibetica* of swamp meadow), 群落结构简单, 仅有草本层 1 层, 群落平均高度 10~25 cm, 群落总覆盖度 80%~95%, 优势种主要是藏嵩草, 伴生种有小金莲花(*Trollius pumilus*)、甘青报春(*Primula tangutica*)、星状风毛菊(*Saussurea stella*)等, 土壤为沼泽化草甸土; 金露梅灌丛(*Potentilla fruticosa* shrub), 群落层次分为上下 2 层, 灌丛高度达 40~90 cm, 群落总覆盖度为 60%~80%, 土壤为高山灌丛草甸土。面积分别为 50 m×50 m, 样地的地理位置等基本情况见表 1。用对角线法设置 10 个 50 cm×50 cm 的观测样方, 草本植物齐地面刈割, 烘干称取生物量, 灌木只采新萌发生长的枝叶。在植物生物量高峰期(8 月底)测定植物群落的种类组成及其特征值(盖度、高度、频度)<sup>[20]</sup>。

表 1 海北站不同类型草地地理位置和土壤特征

Table 1 Geographical position and edaphic characteristics in Haibei station

项目 Item	矮嵩草草甸 <i>K. humilis</i> meadow	小嵩草草甸 <i>K. pygmaea</i> meadows	藏嵩草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub
方位 Aspect	37°36.611′ N 101°18.794′ E	37°41.975′ N 101°16.560′ E	37°36.567′ N 101°19.200′ E	37°39.791′ N 101°19.577′ E
坡向 Slope	10°, SW	35°, NW	5°, E	5°, NE
海拔 Altitude (m)	3 196	3 398	3 386	3 352
土壤类型 Soil types	AMS	AMS	SMS	ASMS

SW: 西南 Southwest; NW: 西北 Northwest; NE: 东北 Northeast; SMS: 沼泽土 Swamp meadow soil; AMS: 高山草甸土 Alpine meadow soil; ASMS: 高山灌丛草甸土 Alpine shrub meadow soil.

在测定过地上生物量的同时, 采用 25 cm×25 cm 的样方, 分层(0~10, 10~20, 20~40 cm)测定地下生物量, 5 次重复。用细筛(1 mm)筛去土, 再用细纱布包好不同层的根系, 清水洗净, 并捡去石块和其他杂物, 在 80℃的烘箱内烘干至恒重并称重。同时采集 0~40 cm 土壤样品, 5 次重复, 风干后测定土壤基本成分。测试项目为土壤样品的全磷(钼锑抗比色法)、速效磷(碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法)、全氮和速效氮(凯氏法和康维皿法)及有机质含量(丘林法)<sup>[21]</sup>。

近地表层 0~10, 10~20 和 20~40 cm 的含水量测定: 用土钻法取土并称鲜重, 然后在 105℃的烘箱内烘干

至恒重并称重, 计算出土壤含水量, 本研究土壤含水量是指土壤水重量与干土重量的百分数。

于 2005 和 2006 年 8 月在测定过地下生物量的样方(25 cm × 25 cm), 采用土壤剖面法分层采集土壤样品(0 ~ 10, 10~ 20, 20~ 40 cm), 过筛(2 mm) 保存于 4℃ 冰箱中, 用于微生物数量、生物量和土壤酶活性的测定。

**1.2.2 微生物生物量碳** 采用灭菌-提取法<sup>[22]</sup>。称取 25.0 g 新鲜土样置于 150 mL 塑料瓶中, 放入内盛 100 mL 无醇 CHCl<sub>3</sub> 烧杯的真空干燥器内, 抽真空使 CHCl<sub>3</sub> 沸腾 5 min, 保持真空并在 25℃ 黑暗下灭菌 24 h, 将盛 CHCl<sub>3</sub> 的烧杯取出后反复抽真空直至除尽样品中的 CHCl<sub>3</sub> 为止。加入 100 mL 0.5 mol/L 的 K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 于塑料瓶内, 25℃ 恒温振荡 30 min 后过滤, 滤液中的碳用土壤有机碳分析仪(TOC-5000A, 日本 Shimadzu 公司生产) 测定, 同时另取未灭菌的土壤按上述方法提取测定碳。微生物生物量碳为两者之差除以转换系数 0.35。

**1.2.3 土壤微生物数量和酶活性** 采用比色法测定脲酶、磷酸酶、过氧化氢酶、多酚氧化酶、蛋白酶和蔗糖酶活性<sup>[15]</sup>。土壤微生物数量采用稀释平板法, 其中细菌测定用牛肉膏蛋白胨琼脂; 放线菌测定用改良高氏 1 号, 真菌测定用马丁氏<sup>[23]</sup>。

**1.3 计算方法**<sup>[24]</sup>

丰富度指数:  $R = S$

群落多样性 Shannon-Weiner 指数:  $H' = - \sum_{i=1}^s P_i \ln P_i$

Simpson 指数:  $D = 1 - \sum_{i=1}^s P_i^2$

均匀度 Pielou 指数:  $J = \frac{- \sum_{i=1}^s P_i \ln P_i}{\ln S}$

式中,  $P_i$  为种  $i$  的相对重要值[(相对高度+ 相对盖度+ 相对频度)/3],  $S$  为种  $i$  所在样方的物种总数。

以上数据均采用 SPSS 软件和 DPS 软件进行统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同植被类型土壤理化性质

不同植被类型 0~ 40 cm 土层土壤含水量存在明显差异(表 2), 藏嵩草沼泽化草甸土壤含水量(74.62%) 显著高于小嵩草草甸(35.78%)、矮嵩草草甸(38.86%)、金露梅灌丛(34.64%)。不同植被类型 0~ 40 cm 土层土壤容重也有显著差异(表 2), 藏嵩草沼泽化草甸土壤容重(0.593 g/cm<sup>3</sup>) 显著低于小嵩草草甸(0.968 g/cm<sup>3</sup>)、矮嵩草草甸(1.03 g/cm<sup>3</sup>)、金露梅灌丛(0.953 g/cm<sup>3</sup>)。藏嵩草沼泽化草甸土壤有机质、土壤全氮和土壤速效氮含量明显高于其他 3 个植被类型(表 2)。

### 2.2 不同植被类型植物群落特征

物种多样性测度结果(表 3) 表明, 矮嵩草草甸植物的丰富度最大, 小嵩草草甸次之, 金露梅灌丛第 3, 藏嵩草沼泽化草甸最小, 分别由 33, 31, 26, 20 种植物组成。

若以物种多样性指数( $H'$ ) 和( $D$ ) 为依据, 依次为矮嵩草草甸 > 小嵩草草甸 > 金露梅灌丛 > 藏嵩草沼泽化草甸。植物种群的这种分布格局与试验观察测定各植物群落的种类组成和结构特征相一致, 即在矮嵩草草甸植物群落当中, 种的分布比较均匀, 优势种较多, 从而形成多优势种植物群落。小嵩草草甸、金露梅灌丛和藏嵩草沼泽化草甸其群落中仅有 1 或 2 种优势种, 而且在群落中占有非常明显的优势地位。它们的均匀度指数( $J$ ) 依次为矮嵩草草甸 > 小嵩草草甸 > 金露梅灌丛 > 藏嵩草沼泽化草甸(表 3)。不同的环境资源和环境异质性是形成群落结构特征、物种多样性分布格局差异的主要原因之一。处在不同生态环境条件下的矮嵩草草甸、小嵩草草甸、金露梅灌丛和藏嵩草沼泽化草甸的物种多样性与其物种丰富度和均匀度的变化趋于一致。

### 2.3 不同植被类型土壤微生物数量的变化

不同植被类型土壤中, 藏嵩草沼泽化草甸其细菌数量(平均值) 均极显著高于其他 3 个类型草地各层的细菌数量( $P < 0.01$ ) (表 4); 而放线菌和真菌的数量(平均值) 则极显著低于其他 3 个类型草地各层的细菌数量( $P < 0.01$ ) (表 4)。随着土壤层次的加深, 微生物数量梯形减弱, 不同类型草地土壤微生物以细菌占绝对优势, 因而土壤微生物数量主要取决于细菌数量。

表 2 不同植被类型 0~ 40 cm 土层土壤理化性质的变化

Table 2 Change of soil physics and chemistry in four alpine meadow at 0~ 40 cm

soil layer plant communities (Mean  $\pm$  SD)

群落类型 Community types	年份 Year	土壤有机质 Soil organic matter (%)	土壤全氮 Soil total N (%)	土壤全磷 Soil total P (%)	土壤速效氮 Soil available N (mg/kg)	土壤速效磷 Soil available P (mg/kg)	土壤容重 Soil bulk density (g/cm <sup>3</sup> )	土壤含水量 Moisture (%)
矮蒿草甸 <i>K. humilis</i> meadow	2003	10.71 $\pm$ 0.14 b	0.58 $\pm$ 0.09 b	0.06 $\pm$ 0.01 a	31.60 $\pm$ 0.57 b	9.52 $\pm$ 0.83 a	1.004 $\pm$ 0.024 a	37.82 $\pm$ 0.04 b
	2004	10.12 $\pm$ 0.03 b	0.53 $\pm$ 0.01 b	0.07 $\pm$ 0.02 a	30.40 $\pm$ 0.14 b	12.19 $\pm$ 0.30 a	1.058 $\pm$ 0.012 a	39.33 $\pm$ 0.06 b
	2005	10.35 $\pm$ 0.16 b	0.54 $\pm$ 0.05 b	0.06 $\pm$ 0.01 a	30.88 $\pm$ 0.56 b	11.58 $\pm$ 0.51 a	1.028 $\pm$ 0.014 a	39.44 $\pm$ 0.15 b
小蒿草甸 <i>K. pygmaea</i> meadow	2003	12.33 $\pm$ 0.81 b	0.60 $\pm$ 0.09 b	0.07 $\pm$ 0.00 a	33.75 $\pm$ 0.07 b	7.54 $\pm$ 1.30 a	0.949 $\pm$ 0.073 a	35.24 $\pm$ 0.03 b
	2004	12.19 $\pm$ 0.30 b	0.57 $\pm$ 0.04 b	0.06 $\pm$ 0.02 a	40.30 $\pm$ 5.37 b	12.06 $\pm$ 1.05 a	0.979 $\pm$ 0.058 a	36.97 $\pm$ 0.04 b
	2005	12.15 $\pm$ 0.02 b	0.59 $\pm$ 0.03 b	0.06 $\pm$ 0.02 a	35.86 $\pm$ 2.35 b	11.53 $\pm$ 1.22 a	0.976 $\pm$ 0.044 a	35.14 $\pm$ 0.11 b
藏蒿草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	2003	26.11 $\pm$ 0.85 a	1.26 $\pm$ 0.01 a	0.06 $\pm$ 0.01 a	81.60 $\pm$ 0.57 a	11.03 $\pm$ 0.51 a	0.554 $\pm$ 0.032 b	72.84 $\pm$ 0.05 a
	2004	24.10 $\pm$ 0.99 a	1.19 $\pm$ 0.05 a	0.06 $\pm$ 0.00 a	81.80 $\pm$ 2.12 a	15.18 $\pm$ 1.16 a	0.638 $\pm$ 0.030 b	75.91 $\pm$ 0.06 a
	2005	24.98 $\pm$ 0.51 a	1.22 $\pm$ 0.03 a	0.06 $\pm$ 0.01 a	80.46 $\pm$ 2.08 a	13.36 $\pm$ 1.12 a	0.586 $\pm$ 0.031 b	75.12 $\pm$ 0.08 a
金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub	2003	9.96 $\pm$ 1.03 b	0.50 $\pm$ 0.03 b	0.07 $\pm$ 0.00 a	34.50 $\pm$ 2.12 b	8.22 $\pm$ 0.64 a	0.942 $\pm$ 0.021 a	34.40 $\pm$ 0.22 b
	2004	11.05 $\pm$ 0.21 b	0.43 $\pm$ 0.08 b	0.07 $\pm$ 0.01 a	29.10 $\pm$ 0.42 b	13.70 $\pm$ 1.56 a	0.961 $\pm$ 0.017 a	35.20 $\pm$ 0.30 b
	2005	10.25 $\pm$ 0.20 b	0.47 $\pm$ 0.05 b	0.06 $\pm$ 0.01 a	32.46 $\pm$ 2.55 b	11.58 $\pm$ 1.38 a	0.955 $\pm$ 0.016 a	34.33 $\pm$ 0.55 b

注: 不同植物群落数据, 不同字母表示数据间差异显著 (DMRT 法,  $P < 0.05$ )。

Note: Data of same year of different community followed by the different letters were significantly different at 0.05 levels. Duncan's multiple range tests.

表 3 不同草地类型植物群落物种丰富度、多样性和生物量

Table 3 Richness, diversity, biomass of plant community in different grassland

项目 Item	小蒿草甸 <i>K. pygmaea</i> meadow	矮蒿草甸 <i>K. humilis</i> meadow	藏蒿草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub
物种数 Number of species	31	33	20	26
Simpson 指数 Simpson index	0.959 8	0.977 2	0.876 2	0.951 9
Shannon-Weiner 指数 Shannon-Weiner index	3.472 7	3.547 2	2.530 5	3.300 1
Pielou 指数 Pielou index	0.935 1	0.943 1	0.844 7	0.920 9
地上生物量 Aboveground biomass (g/m <sup>2</sup> )	280.88 $\pm$ 28.23	303.08 $\pm$ 23.76	357.48 $\pm$ 15.81	247.56 $\pm$ 13.73
地下生物量 Belowground biomass (g/m <sup>2</sup> )	3 023.68 $\pm$ 204.32	2 139.68 $\pm$ 153.28	13 915.04 $\pm$ 652.00	2 348.91 $\pm$ 47.71

## 2.4 不同植被类型土壤酶活性的变化

不同植被类型群落土壤酶活性的变化表明, 脲酶和纤维素酶活性在藏蒿草沼泽化草甸 0~ 40 cm 土层酶活性显著高于其他 3 种草地类型的土壤酶活性 ( $P < 0.05$ ) (图 1a, e), 而过氧化氢酶、多酚氧化酶、蛋白酶和蔗糖酶活性 (0~ 40 cm) 在藏蒿草沼泽化草甸明显低于其他 3 种草地类型的酶活性 (图 1f, g, b, d) ( $P < 0.05$ ), 金露梅灌丛草甸土壤磷酸酶活性 (0~ 40 cm) 显著高于其他 3 种草地类型的酶活性 (图 1c) ( $P < 0.05$ )。脲酶、磷酸酶、纤维素酶、过氧化氢酶、多酚氧化酶、蛋白酶和蔗糖酶在土壤剖面中的分布总趋势与土壤微生物数量的分布规律一致, 即随着土壤层次的加深而梯形减弱 (图 1)。

## 2.5 土壤微生物数量与群落物种丰富度、生物量的关系

在自然状态下, 群落的生物量不仅取决于群落的结构特征和功能, 它还反映群落在演替过程中土壤特征和土壤资源的持续供给能力。因此, 分析群落生物量、物种丰富度与土壤微生物数量之间的相关关系, 来解释和说明

植被的变化和土壤演化的内在联系,则更有一定的意义。为了使两变量间的相关关系得到真实的反映,采用了偏相关分析,分别探讨了不同植被类型地上生物量( $X_1$ )、地下生物量( $X_2$ )、物种数( $X_3$ )、Shannon-Weiner 指数( $H'$ )( $X_4$ )、Simpson 指数( $D$ )( $X_5$ )和 Pielou 均匀度指数( $J$ )( $X_6$ )与细菌、真菌和放线菌( $Y$ )间的相关性(表 5~7)。

通过偏相关分析发现,细菌数量与 4 种不同植被类型群落地上生物量之间存在显著正相关关系( $P < 0.05$ ),除小嵩草草甸土壤细菌数量与地下生物量显著正相关( $P < 0.05$ );真菌数量与植物群落地上生物量之间存在显著正相关关系( $P < 0.05$ ),除小嵩草草甸土壤真菌数量与地下生物量显著负相关( $P < 0.05$ );放线菌数量与生物量之间的相关性不显著,除矮嵩草草甸土壤放线菌和地下生物量之间呈显著负相关。

表 4 不同类型草地土壤中微生物数量平均值

Table 4 The mean value of microbe quantity in different type grassland soil

群落类型 Community types	土壤层次 Soil layer (cm)	细菌 Bacteria ( $\times 10^6$ /g 干土 Dry Soil)	真菌 Fungi ( $\times 10^4$ /g 干土 Dry Soil)	放线菌 Actinomycetes ( $\times 10^5$ /g 干土 Dry Soil)
矮嵩草草甸 <i>K. humilis</i> meadow	0~10	43.57 B	6.850 A	13.340 AB
	10~20	9.71 C	1.820 BC	5.250 A
	20~40	4.09 C	1.080 C	4.170 AB
	0~40	19.12 BC	3.250 B	7.580 AB
小嵩草草甸 <i>K. pygmaea</i> meadow	0~10	21.48 B	7.870 A	16.440 A
	10~20	10.43 C	4.930 AB	9.440 A
	20~40	6.28 C	2.870 B	5.630 A
	0~40	12.73 C	5.220 AB	10.500 A
藏嵩草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	0~10	125.20 A	0.333 B	0.167 C
	10~20	117.60 A	0.162 C	0.157 C
	20~40	37.10 A	0.156 C	0.089 C
	0~40	93.30 A	0.217 C	0.138 C
金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub	0~10	36.87 B	9.490 A	8.210 B
	10~20	26.35 B	6.730 A	5.170 B
	20~40	20.33 B	5.080 A	2.410 BC
	0~40	27.85 B	7.100 A	5.260 B

注: 同列数据不同字母表示数据间差异极显著(DMRT法,  $P < 0.01$ )。

Note: Data in each column followed by the different letters were significantly different at 0.01 levels. Duncan's multiple range tests.

## 2.6 土壤酶活性与群落物种丰富度、生物量的关系

相关分析表明,矮嵩草草甸群落地上生物量随着过氧化氢酶和脲酶活性的增强而增加,相关系数  $r_s$  ( $r_s$  表示 Spearman correlation) 分别为 0.79 和 0.82 ( $P < 0.05$ ); 群落植物多样性(物种数)仅与蛋白酶之间有显著的负相关( $r_s = -0.82$ ,  $P < 0.05$ )。

小嵩草草甸群落地上生物量与蛋白酶、多酚氧化酶和磷酸酶活性存在明显的正相关关系,相关系数  $r_s$  分别为 0.84, 0.83, 0.81 ( $P < 0.05$ ); 群落植物多样性(物种数)与纤维素分解酶活性呈显著正相关( $r_s = 0.85$ ,  $P < 0.05$ ) 关系。

藏嵩草沼泽化草甸群落地上生物量随蛋白酶、多酚氧化酶和过氧化氢酶活性的增强而增加,相关系数  $r_s$  分别为 0.83, 0.90, 0.86 ( $P < 0.05$ ); 群落植物多样性(物种数)与磷酸酶活性呈显著正相关( $r_s = 0.91$ ,  $P < 0.05$ ) 关系。

金露梅灌丛地上生物量与磷酸酶、纤维素分解酶和蔗糖酶活性之间显著相关,相关系数  $r_s$  分别为 0.87, 0.80, 0.83 ( $P < 0.05$ ); 群落植物多样性(物种数)与多酚氧化酶活性呈显著正相关( $r_s = 0.84$ ,  $P < 0.05$ ) 关系。

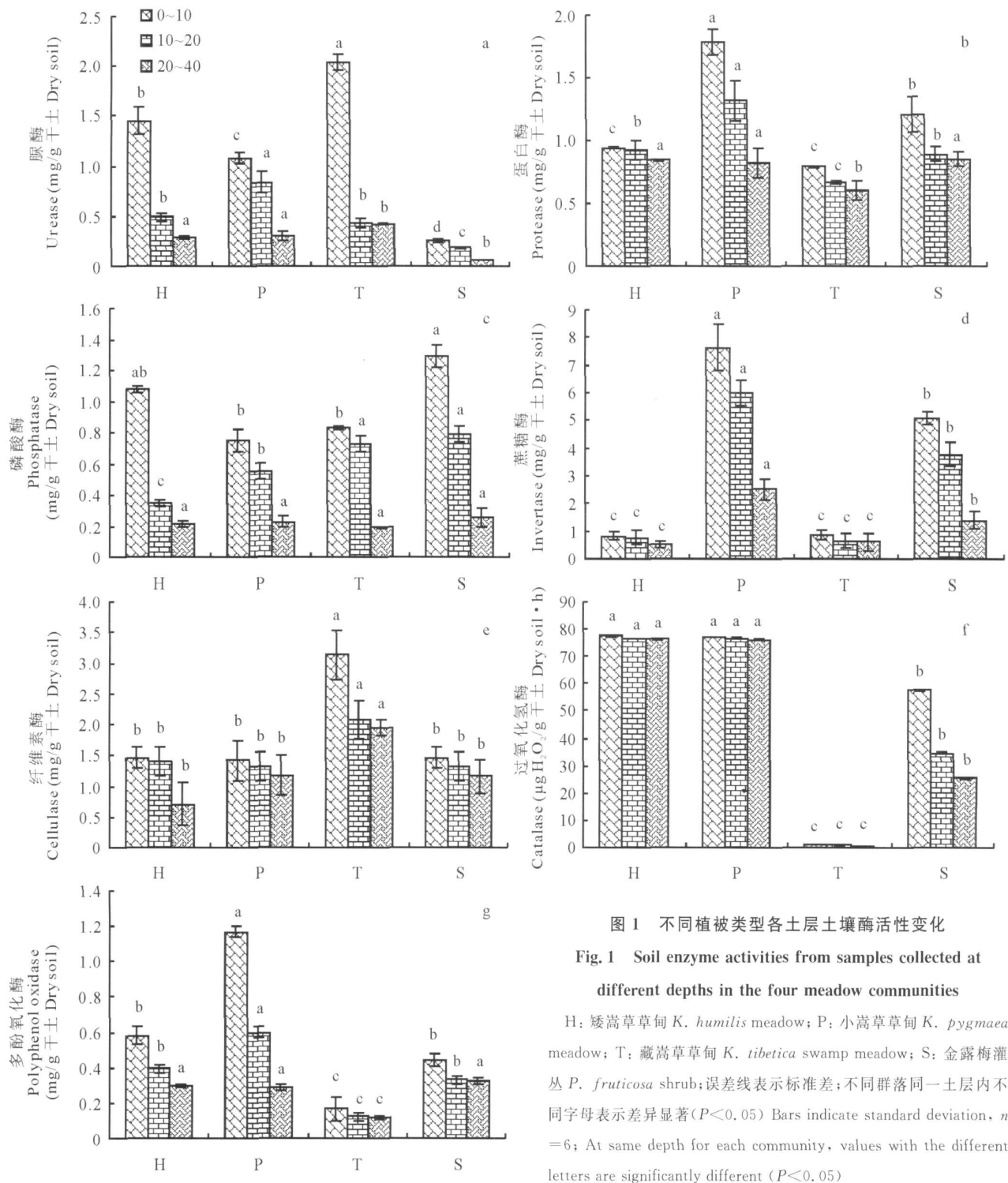


图 1 不同植被类型各土层土壤酶活性变化

Fig. 1 Soil enzyme activities from samples collected at different depths in the four meadow communities

H: 矮嵩草草甸 *K. humilis* meadow; P: 小嵩草草甸 *K. pygmaea* meadow; T: 藏嵩草草甸 *K. tibetica* swamp meadow; S: 金露梅灌丛 *P. fruticosa* shrub; 误差线表示标准差; 不同群落同一土层内不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ ) Bars indicate standard deviation,  $n = 6$ ; At same depth for each community, values with the different letters are significantly different ( $P < 0.05$ )

### 3 讨论

#### 3.1 不同植被类型土壤理化特征的变化

土壤是植物生长的基质, 其理化特性决定着植物群落类型的分布, 同时植物群落又反作用于土壤, 改善其生境条件, 使群落得以发展。土壤有机质、氮素和磷素等是土壤主要的养分指标, 同时有机质还是形成土壤结构的重要因素, 直接影响土壤肥力、持水能力、土壤抗侵蚀能力和土壤容重等, 是土壤特性的重要指标之一<sup>[25]</sup>。通过对不同植被类型土壤的理化性质分析, 表明不同植被类型的土壤特性存在明显差异。如藏嵩草沼泽化草甸 0~40 cm 土层土壤容重、土壤含水量、土壤有机质、土壤全氮和土壤速效氮含量明显不同于其他 3 个植被类型(表

表 5 不同植被类型群落生物量、多样性与土壤细菌的偏相关系数

Table 5 Partial coefficient between biomasses, diversity and soil bacteria in the different vegetation types

群落类型 Community types	偏相关关系 Partial correlation	偏相关系数 Partial coefficient	<i>t</i> 检验值 <i>t</i> test value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
矮蒿草甸 <i>K. humilis</i> meadow	$r(y, X_1)$	0.999 6	58.082 1	0.000 3
	$r(y, X_5)$	- 0.999 9	61.049 8	0.000 3
	$r(y, X_6)$	- 0.999 8	54.850 2	0.000 3
小蒿草甸 <i>K. pygmaea</i> meadow	$r(y, X_2)$	0.999 7	43.304 4	0.000 5
	$r(y, X_3)$	0.999 8	51.769 2	0.000 4
	$r(y, X_5)$	- 0.999 4	29.020 1	0.001 2
藏蒿草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	$r(y, X_1)$	0.998 5	18.522 7	0.002 9
	$r(y, X_5)$	- 0.997 5	14.127 8	0.005 0
	$r(y, X_6)$	0.999 4	15.272 0	0.004 3
金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub	$r(y, X_1)$	0.988 3	6.483 9	0.023 0
	$r(y, X_2)$	0.939 5	2.743 6	0.111 1
	$r(y, X_4)$	0.453 8	0.509 3	0.661 2

表 6 不同植被类型群落生物量、多样性与土壤真菌的偏相关系数

Table 6 Partial coefficient between biomasses, diversity and soil fungi in the different vegetation types

群落类型 Community types	偏相关关系 Partial correlation	偏相关系数 Partial coefficient	<i>t</i> 检验值 <i>t</i> test value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
矮蒿草甸 <i>K. humilis</i> meadow	$r(y, X_1)$	0.997 7	14.629 2	0.004 6
	$r(y, X_2)$	- 0.999 5	30.853 8	0.001 0
	$r(y, X_5)$	- 0.996 9	12.598 6	0.006 2
小蒿草甸 <i>K. pygmaea</i> meadow	$r(y, X_2)$	- 0.995 3	10.272 3	0.009 3
	$r(y, X_3)$	- 0.999 0	22.916 4	0.001 9
	$r(y, X_5)$	0.988 9	6.650 0	0.021 9
藏蒿草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	$r(y, X_1)$	0.974 2	4.313 7	0.049 8
	$r(y, X_2)$	0.988 6	3.916 0	0.034 1
	$r(y, X_6)$	- 0.975 8	4.650 0	0.041 9
金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub	$r(y, X_1)$	0.966 9	4.813 7	0.045 3
	$r(y, X_2)$	0.935 3	2.131 3	0.166 7
	$r(y, X_5)$	0.973 5	5.154 2	0.041 1

表 7 不同植被类型群落生物量、多样性与土壤放线菌的偏相关系数

Table 7 Partial coefficient between biomasses, diversity and soil actinomycetes in the different vegetation types

群落类型 Community types	偏相关关系 Partial correlation	偏相关系数 Partial coefficient	<i>t</i> 检验值 <i>t</i> test value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
矮蒿草甸 <i>K. humilis</i> meadow	$r(y, X_1)$	- 0.995 2	10.181 4	0.009 5
	$r(y, X_4)$	0.971 2	4.076 5	0.055 2
	$r(y, X_5)$	0.984 7	5.649 5	0.029 9
小蒿草甸 <i>K. pygmaea</i> meadow	$r(y, X_2)$	- 0.759 2	1.166 3	0.363 8
	$r(y, X_4)$	- 0.973 5	4.256 1	0.051 0
	$r(y, X_5)$	0.903 8	2.112 1	0.169 1
藏蒿草沼泽化草甸 <i>K. tibetica</i> swamp meadow	$r(y, X_1)$	0.678 3	0.923 1	0.453 4
	$r(y, X_2)$	0.582 9	0.717 3	0.547 6
	$r(y, X_3)$	0.274 7	0.285 7	0.802 0
金露梅灌丛 <i>P. fruticosa</i> shrub	$r(y, X_2)$	- 0.500 1	0.577 5	0.622 0
	$r(y, X_4)$	0.876 8	1.823 1	0.209 9
	$r(y, X_5)$	- 0.740 6	1.102 2	0.385 3

2)。土壤性状的变化(土壤养分、土壤容重、土壤湿度等)引起植被组成、物种多样性变化(表 2, 3)。作为对土壤营养异质性分布的反应,植物在养分丰富的局部环境中能选择性的改变其根系的生长,从而增加养分的吸收<sup>[26]</sup>。土壤养分含量尤其是土壤有机质是土壤微生物的 C 源和 N 源。有机质能增强土壤孔隙度、通气性和结构性,有显著的缓冲作用和持水力,含有大量的植物营养元素,是微生物的营养源和能源。藏嵩草沼泽化草甸群落地上、地下生物量显著高于其他植被类型,说明了土壤中养分含量的高低直接影响着群落的生产力,土壤养分越丰富,群落生产力越高,有机质和养分丰富的土壤环境促进植物茂盛生长和植被良好发育。

### 3.2 土壤微生物数量的变化对不同植被类型群落生物量、多样性的影响

从不同植被类型群落土壤微生物的变化来看,藏嵩草沼泽化草甸土壤微生物群落组成明显不同于其他 3 种植被类型土壤微生物组成,即细菌的数量显著高于另外 3 种草地类型,而放线菌和真菌的数量却明显较低(表 4)。生长限制性资源的有效性影响着生物群落的组成<sup>[2]</sup>,而且对土壤微生物群落来说,土壤资源的有效性受到枯枝落叶和植物根系中有机成分的限制<sup>[27]</sup>。在不同的空间和时间尺度上,植物生产水平(如腐殖质)的高低影响着微生物群落生物量和功能<sup>[28]</sup>。植物群落生产力比物种丰富度更能影响到土壤微生物群落的组成<sup>[14]</sup>。群落物种丰富度最低的藏嵩草沼泽化草甸地上、地下生物量明显高于其他类型草地群落生物量,特别是地下生物量。另外,从土壤微生物数量与土壤理化性质之间的关系来看,藏嵩草沼泽化草甸土壤含水量与细菌数量呈显著正相关( $r_s = 0.94, P < 0.05$ ),而与真菌呈显著负相关( $r_s = -0.85, P < 0.05$ ),这可能与细菌喜欢湿润,能耐受低氧水平有关,良好的水分条件促使土壤各层细菌数量增加,而抑制了放线菌、真菌的生长发育。不同植被类型 3 种微生物类群与土壤有机质、土壤全氮、土壤容重显著相关。土壤养分含量越高,微生物数量越多;土壤容重越大(土壤容重越大,土壤颗粒组成越紧实,通气性变差,土壤有机质等养分的含量较低),土壤微生物数量越少。不同植被类型其不同的群落生物量影响着土壤微生物群落生物量、组成,例如在藏嵩草沼泽化草甸虽然物种丰富度较低,但群落生产力的提高,更好地为微生物的生长发育提供了丰富的碳、氮源。

### 3.3 土壤酶活性的变化对不同植被类型群落生物量、多样性的影响

就植物来说,需要不同的酶来吸收土壤中的养分,而土壤微生物正是这些酶的主要资源<sup>[29]</sup>。土壤中的蔗糖酶、过氧化氢酶、多酚氧化酶、纤维素酶活性的高低直接影响到土壤有机质、腐殖质的形成,是表征土壤碳素循环速度、土壤腐殖化强度大小和有机质积累程度的重要指标,同样脲酶、磷酸酶、蛋白酶是参与氮素循环的酶,其活性的高低可以作为土壤肥力的指标<sup>[30-33]</sup>。有研究表明,土壤中可供植物利用的营养元素的多少,与土壤酶活性的高低直接相关;在良好的有机养分状况下,土壤酶活性较高,其对土壤中营养元素的矿质化作用强度愈大,愈有利于系统内的营养物质循环<sup>[34-36]</sup>。本研究发现,不同草地类型植物群落生物量与土壤酶活性之间存在显著的正相关关系,这些与生物量呈正相关的土壤酶(磷酸酶、过氧化氢酶、蛋白酶、脲酶等)均参与了土壤碳、氮循环,对土壤有机质、腐殖质等的合成起到了积极作用。土壤酶活性的高低不仅影响了群落生物量,同时也影响群落物种多样性,土壤酶活性的高低通过影响土壤微生物种类和数量、土壤养分含量,从而间接影响群落物种多样性。

### 参考文献:

- [1] Rosenzweig M L. Species Diversity in Space and Time[M]. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1995.
- [2] Tilman D. Secondary succession and the pattern of plant dominance along experimental nitrogen gradients[J]. Ecological Monographs, 1987, 57: 189-214.
- [3] 曲国辉, 郭继勋. 松嫩平原不同演替阶段植物群落和土壤特性的关系[J]. 草业学报, 2003, 12(1): 18-22.
- [4] 卢其明, 林琳, 庄雪影, 等. 车八岭不同演替阶段植物群落土壤特征的初步研究[J]. 华南农业大学学报, 1997, 18(3): 48-52.
- [5] 张庆费, 宋永昌, 由文辉. 浙江天童植物群落次生演替与土壤肥力的关系[J]. 生态学报, 1999, 19(2): 174-178.
- [6] Kellner O, Redbø T, Orstenson P R. Effects of elevated nitrogen deposition on field layer vegetation on coniferous forest[J]. Ecological Bulletins, 1995, 44: 227-237.
- [8] 王长庭, 龙瑞军, 王启兰, 等. 三江源区不同建植年代人工草地群落演替与土壤养分变化[J]. 应用与环境生物学报, 2009,



15(6): 737-744.

- [9] 王启兰, 曹广民, 王长庭. 放牧对小嵩草草甸土壤酶活性及土壤环境因素的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2007, 13(5): 856-864.
- [10] 李香真, 曲秋皓. 蒙古高原草原土壤微生物量碳氮特征[J]. 土壤学报, 2002, 39: 97-104.
- [11] 孙睿, 刘昌明, 朱启疆. 黄河流域植被覆盖度动态变化与降水的关系[J]. 地理学报, 2001, 56: 667-672.
- [12] 王长庭, 王启兰, 景增春, 等. 不同放牧梯度下高寒小嵩草草甸植被根系和土壤理化特征的变化[J]. 草业学报, 2008, 17(5): 9-15.
- [13] 王启兰, 王长庭, 杜岩功, 等. 放牧对高寒嵩草草甸土壤微生物量碳的影响及其与土壤环境的关系[J]. 草业学报, 2008, 17(2): 39-46.
- [14] 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: 2042-2050.
- [15] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1983: 182-266.
- [16] 吴彦, 刘庆, 乔永康, 等. 亚高山针叶林不同恢复阶段群落物种多样性变化及其对土壤理化性质的影响[J]. 植物生态学报, 2001, 25: 648-655.
- [17] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration[J]. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54: 801-808.
- [18] Deacon L J, Millera E J P, Frankland J C, *et al.* Diversity and function of decomposer fungi from a grassland soil[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38: 7-20.
- [19] Giai C, Boerner R E J. Effects of ecological restoration on microbial activity, microbial functional diversity, and soil organic matter in mixed oak forests of southern Ohio, USA[J]. *Applied Soil Ecology*, 2007, 35: 281-290.
- [20] 王长庭, 龙瑞军, 曹广民, 等. 三江源地区主要草地类型土壤碳氮海拔变化特征及其影响因素[J]. 植物生态学报, 2006, 30: 441-449.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [22] Vance E D, Brooks P C, Jenkinson D S. An extraction method for measure soil microbial biomass C[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1987, 19: 703-707.
- [23] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 1985.
- [24] 马克平, 刘玉明. 生物群落多样性的测度方法 I.  $\alpha$  多样性的测度方法(下)[J]. 生物多样性, 1994, 2: 231-239.
- [25] 鲁如坤, 时正元. 退化红壤肥力障碍特征及重建措施 III. 典型地区红壤磷素积累及其环境意义[J]. 土壤, 2000, 6: 310-314.
- [26] Pickett S T A, Kolasa J, Armesto J. The ecological community: A comment on the role of empiricism in ecology[J]. *Oikos*, 2002, 54: 515-525.
- [27] Smith J L, Paul E A. The significance of soil microbial biomass estimations[A]. In: Bollag J, Stotsky G. *Soil Biochemistry*[M]. New York, USA: Marcel Dekker, 1990: 357-396.
- [28] Zak D R, Grigal D F, Gleeson S, *et al.* Carbon and nitrogen cycling during secondary succession: Constraints on plant and microbial biomass[J]. *Biogeochemistry*, 1990, 11: 111-129.
- [29] Tabatabai T, Dick W A. Enzymes in soil[A]. In: Burns R G, Dick R P. *Enzymes in the Environment*[M]. New York, USA: Marcel Dekker, 2002: 567-596.
- [30] 胡斌, 段昌群, 王震洪, 等. 植被恢复措施对退化生态系统土壤酶活性及肥力的影响[J]. 土壤学报, 2002, 39: 604-608.
- [31] 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: 105-109.
- [32] 王友保, 张莉, 刘登义. 灰渣场土壤酶活性与植被和土壤化学性质的关系[J]. 应用生态学报, 2003, 14: 110-112.
- [33] 邱莉萍, 刘军, 王益权, 等. 土壤酶活性和土壤肥力关系的研究[J]. 植物营养与肥料学报, 2004, 10: 277-280.
- [34] 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.
- [35] 焦婷, 常根柱, 周学辉, 等. 高寒草甸草场不同载畜量下土壤酶与土壤肥力的关系研究[J]. 草业学报, 2009, 18(6): 98-104.
- [36] 侯彦会, 周学辉, 焦婷, 等. 甘肃永昌县放牧草地土壤脲酶活性与土壤肥力的关系初探[J]. 草业学报, 2009, 18(4): 111-

**Relationship between plant communities, characters, soil physical and chemical properties,  
and soil microbiology in alpine meadows**

WANG Chang-ting<sup>1,2</sup>, LONG Ruijun<sup>3</sup>, WANG Gerxu<sup>4</sup>, LIU Wei<sup>2</sup>,  
WANG Qifan<sup>2</sup>, ZHANG Li<sup>2,5</sup>, WU Pengfei<sup>1</sup>

(1. College of Life Science and Technology, Southwest University for Nationalities, Chengdu 610041, China; 2. Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810001, China; 3. College of Pastoral Agriculture Science and Technology, Lanzhou University, Lanzhou 730070, China; 4. Institute of Mountain Hazards and Environment, CAS, Chengdu 610041, China; 5. Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

**Abstract:** This study examined the relationship between soil physical and chemical properties, soil microbial quantity, soil enzyme activities, and ecosystem function in alpine meadows. There were obvious discrepancies in the soil characteristics of different vegetations. Soil bulk density, soil moisture, soil organic matter, soil total nitrogen and soil available nitrogen were significantly different in the 0–40 cm soil layer in *Kobresia tibetica* swamp meadow from those in a *K. humilis* meadow, *K. pygmaea* meadow, and a *Potentilla frolicosa* shrub. The changes in community composition and plant species diversity resulted from variations in soil properties. Bacterial and fungal quantities showed a positive linear correlation with community biomass in four grasslands ( $P < 0.05$ ), while actinomycete quantities showed no significant relationship with community biomass. The quantity and composition of soil microbes were influenced by different community biomass in different vegetations. Although aboveground biomasses showed significant correlation with different enzyme activities. These enzymes (urease, protease and phosphatase) were involved in soil carbon and nitrogen cycles. Soil enzyme activities influenced not only community biomass, but also plant species diversity (plant species richness) and community composition.

**Key words:** alpine meadow; plant diversity; soil microbe; soil enzyme activity; biomass