

沙化对高寒草地土壤碳、氮、酶活性及细菌多样性的影响

朱灵^{1,2}, 李易³, 杨婉秋³, 高永恒^{1,3}

(1.中国科学院、水利部成都山地灾害与环境研究所,成都 610041;

2.中国科学院大学,北京 100049;3.中国科学院成都生物研究所,成都 610041)

摘要: 高寒草地沙化是青藏高原生态安全的严峻威胁,研究沙化过程中土壤碳氮和微生物变化有助于揭示驱动高寒草地沙化演替的生物学机制。以川西北沙化高寒草地为研究对象,分析了未沙化、轻度沙化、中度沙化和重度沙化程度下土壤碳氮、酶活性以及细菌多样性的变化。结果表明:中度和重度沙化显著降低了土壤有机碳、溶解性有机碳、微生物量碳、全氮、可溶性总氮、可溶性有机氮、微生物量氮、硝态氮和铵态氮含量($P < 0.05$),但轻度沙化下的土壤有机碳、微生物量碳、硝态氮和铵态氮含量没有显著变化;土壤 β -葡萄糖苷酶、蔗糖酶、几丁质酶、脲酶和过氧化物酶活性通常随沙化的加剧而降低,下降速率最大的阶段出现在轻度沙化向中度沙化过渡的阶段;土壤细菌多样性随着沙化的加剧先增加后降低,最高细菌多样性出现在轻度沙化阶段,但不同沙化程度下土壤细菌群落结构并无显著差异。冗余分析表明,土壤碳、氮、酶活性与细菌多样性呈正相关关系;主成分分析表明,土壤有机碳、微生物量氮、过氧化物酶和几丁质酶对土壤优势菌的影响最大。因此,在轻度沙化阶段及时采取治理措施更能有效阻止土壤性质的恶化,在沙化土壤恢复过程中还需要关注少数菌群的重建作用。

关键词: 草地沙化; 土壤碳氮; 土壤细菌; 群落结构; 青藏高原

中图分类号: Q948; S151

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242(2021)03-0350-09

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcxb.2021.03.048

Effect of Desertification on Soil Carbon and Nitrogen, Enzyme Activity and Bacterial Diversity in Alpine Grassland

ZHU Ling^{1,2}, LI Yi³, YANG Wanqiu³, GAO Yongheng^{1,3}

(1. *Institute of Mountain Hazards and Environment, Chinese Academy of Sciences and*

*Ministry of Water Resources, Chengdu 610041; 2. *University of Chinese Academy of Sciences,**

*Beijing 100049; 3. *Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041**)

Abstract: Alpine grassland desertification is a serious threat to the ecological security of the Tibetan Plateau. Studying the variations in soil carbon, nitrogen and microorganisms during desertification processes is helpful to reveal the biological mechanism driving the desertification of alpine grassland. In this study, the variations of soil carbon and nitrogen, enzyme activity, and bacterial community diversity under the conditions of non-desertification, light desertification, medium desertification and heavy desertification were analyzed. The results showed that the medium and heavy desertification decreased soil organic carbon, dissolved organic carbon, microbial biomass carbon, total nitrogen, soluble total nitrogen, soluble organic nitrogen, microbial biomass nitrogen, nitrate nitrogen and ammonium nitrogen; while light desertification had no significant impacts on soil organic carbon, microbial biomass nitrogen, nitrate nitrogen and ammonium nitrogen. The β -D-Glucosidase, Sucrase, Chitinase, Urease and Peroxidase activities decreased with the increasing desertification, and the most drastic decline occurred at the stage from light to medium desertification. Soil bacterial diversity increased under light desertification, and then decreased under medium and heavy desertification, but there was no significant difference in soil bacterial community structure under different degrees of desertification. RDA showed that there was a significant positive correlation between soil enzyme activity and bacterial diversity. PCA showed that soil organic carbon, microbial biomass nitrogen, peroxidase, and chitinase had great impact on dominant bacteria species. Therefore, the protection measures taken at the light desertification stage could effectively

收稿日期: 2020-11-25

资助项目: 四川省重点研发计划项目(2018NZ0048); 国家重点研发计划项目(2016YFC0501802)

第一作者: 朱灵(1995—), 女, 在读硕士研究生, 主要从事高寒生态系统碳氮循环研究。E-mail: 1165612297@qq.com

通信作者: 高永恒(1977—), 男, 博士, 研究员, 主要从事高寒生态系统与全球变化研究。E-mail: yhgao@imde.ac.cn

prevent soil attributes from becoming a more severe condition in alpine grassland, in addition, the role of key bacterial communities also should be concerned during the restore process of desertificated soil.

Keywords: grassland desertification; soil carbon and nitrogen; soil bacteria; bacterial community diversity; Qinghai-Tibet Plateau

在气候及人类活动的影响下,草地沙化已经成为世界上多数干旱半干旱地区及部分半湿润地区最严重的环境问题之一^[1],引起了全球的广泛关注。草地沙化不仅损害草地植物群落结构及其生产力^[2],而且对土壤生态过程也造成极大的影响,进而致使生态系统结构紊乱、功能丧失。草地沙化对土壤的影响已日益受到重视,但现有的研究重点在于草地沙化对土壤碳、氮储量变化的影响^[1-2],对土壤碳氮关联的生物地球化学循环起主要作用的土壤酶和土壤微生物的研究却不足。土壤酶是碳氮循环的重要参与者^[3],能够促进土壤有机质转化,将其分解为植物可利用的矿质元素,也能够促进土壤氮素的氨化和硝化作用,维持着土壤氮素的有效性^[4]。土壤细菌是微生物中含量最多、丰富度最高的类群,能够有效促进有机质分解和营养物质释放^[5]。土壤酶活性与细菌多样性对环境变化敏感,它们是认识外界环境变化作用下土壤碳氮循环过程的重要窗口^[5-6],因此,研究不同沙化程度下土壤酶活性、细菌多样性与碳氮的关系有助于揭示沙化过程的生物学机制,从而为沙化草地的恢复和重建提供科学依据。当前我国草地沙化生态过程的研究集中在北方干旱、半干旱区域^[5,7],对青藏高原草地沙化影响土壤碳氮生物过程的认识尚不明确,特别是不同沙化程度对土壤酶活性与土壤中细菌多样性的影响明显不足。

青藏高原不仅是中国最大的高原,也是世界上平均海拔最高的高原,广泛分布着高寒草地。近年来沙化引起了青藏高寒草地持续退化和生产力的不断下降^[8],目前已有学者就沙化对高寒草地土壤结构和水分渗透等物理属性^[8-9]以及土壤养分有效性开展了研究^[10],但鲜有针对沙化影响青藏高原高寒草地土壤微生物属性的报道。川西北高寒草地位于青藏高原东缘,是我国长江、黄河两大水系的重要水源涵养区,也是我国五大牧区之一,在国家生态安全和区域发展格局中地位十分重要^[6]。由于受到超载放牧以及气候变化的影响^[11],川西北高寒草地退化明显,出现了连片的沙化土壤。该地区2009年的沙化面积已有82.19万hm²,预计2020年沙化面积将达到95.38万hm²^[12]。川西北草地沙化将直接威胁到黄河、长江两大河流的生态安全和区域可持续发展^[13],而且该地区属于生态脆弱地带,沙化一旦扩大将难以逆转。基于此,本文通过野外调查,利用空间代替时间的方法,

采集不同沙化程度的土壤,分析有机碳、全氮、可溶性碳氮、微生物生物量碳氮等指标以及参与碳氮转化的土壤酶活性和细菌多样性,以期揭示沙化对高寒草地土壤碳氮的变化,并从土壤酶活性与细菌多样性角度解析沙化的生物学机制,为青藏高原沙化高寒草地的恢复和重建提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区地处青藏高原的东部,位于四川省阿坝藏族羌族自治州若尔盖唐克乡境内,地理坐标为33°19'N,102°60'E,海拔3490m,气候属于大陆性高原寒温带季风气候。年均降水量为791.95mm,降水主要集中在5—10月,年均气温为1.1℃,昼夜温差较大,最冷月平均气温-10.3℃,最热月平均气温10.9℃,极端最低气温-36℃,年均积雪期为76天,无绝对的无霜期,日照充足,太阳辐射强,年均日照时间2158.7h,太阳辐射年总量为6194MJ/m²^[10]。土壤类型以高寒草甸土为主,土地沙化呈扩大趋势^[12]。

1.2 样品采集

2019年8月对研究区进行实地调查,选择有连续沙化梯度的高寒草地进行采样。高寒草地面积约为4hm²,其中约有20%发生了沙化。参考向舒阳等^[6]对沙化草地的划分标准,根据草地盖度的不同,将其划分为未沙化草地(ND, non-desertification grassland,植物盖度90%)、轻度沙化草地(LD, light desertification grassland,植物盖度70%)、中度沙化草地(MD, medium desertification grassland,植物盖度45%)和严重沙化草地(HD, heavy desertification grassland,植物盖度10%)(图1)。不同沙化程度的样地相距10~20m,在不同沙化样地里,随机设置4个1m×1m的大样方,在4个大样方内,随机选取4个20cm×20cm的小样方,割去地表植被后,用小土铲挖取20cm的土壤剖面样品,手工挑出可见杂物与植物根系后,置于便携式冰箱内带回实验室。过2mm土筛处理后的土壤样品分成2份:一份放于冰箱4℃冷藏,用于测定土壤微生物生物量碳(MBC)和氮(MBN)、土壤酶活性以及细菌多样性分析;另一份土壤风干处理,用于测定土壤有机碳(SOC)、溶解性有机碳(DOC)、全氮(STN)、可溶性总氮(DTN)、硝态氮(NO₃⁻-N)以及铵态氮(NH₄⁺-N)含量。

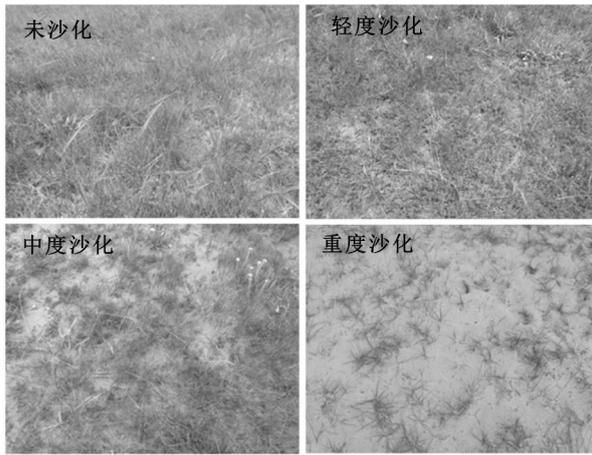


图 1 不同沙化程度的高寒草地

1.3 测定方法

1.3.1 土壤碳氮及酶活性分析 MBC、MBN 采用氯仿熏蒸法^[10]测定;SOC、DOC、STN、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 以及 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 分别采用重铬酸钾—外加加热法^[10]、TOC5000 仪^[14]、凯氏定氮法^[11]、KCl 浸提—流动分析仪^[15]测定;土壤蔗糖酶(saccharase)、脲酶(urease)、几丁质酶(chitinase)、过氧化物酶(peroxidase)和 β -葡萄糖苷酶活性(β -D-Glucosidase)利用 ELISA 试剂盒(上海酶联生物科技有限公司)测定^[14]。

1.3.2 土壤细菌测定分析 提取土壤样品的 DNA, 并进行 16S rDNA PCR 扩增;采用 QIIME 软件对数据进行质控,并进行各样品细菌多样性及各组间多样性比较分析;用 UPARSE 软件进行 OTU 聚类;采用 otutab—norm 算法(USEARCH v10)对 OTU 丰度表格进行均一化处理;并对 OTUs 进行分类,得到样本中门和属水平上的微生物种类与丰度;采用 R 语言 metastat 进行各组间细菌差异物种比较分析。用 Observed species、Chao1、Shannon 以及 PD Whole Tree 指数来评估样本的物种多样性,其中 Observed species 数值越高,表明样品物种丰富度越高,Chao1 指数用来估计物种总数,Shannon 和 PD Whole Tree 指数可以看出各组样本的复杂情况。

1.4 数据分析

采用 Microsoft Excel 2016 对测样原始数据进行整理汇总,利用 SPSS 21.0 对土壤碳氮与酶活性进行方差分析,并采用最小显著性差异法(least significant difference)法进行显著性检验;微生物使用 Vsearch 软件,根据 97% 的相似度进行 OTU(operational taxonomic unit)聚类,采用 otutab—norm 算法(USEARCH v10)对 OTU 丰度表格进行均一化处理。采用主坐标分析法(principal coordinate analysis,PCoA)比较微生物群落的差异;微生物多样性和优势菌与土壤因子间的关系分别做冗余分析(redundancy analysis, RDA)和主成分分析(principal

component analysis,PCA)。

2 结果与分析

2.1 沙化对土壤碳及酶活性的影响

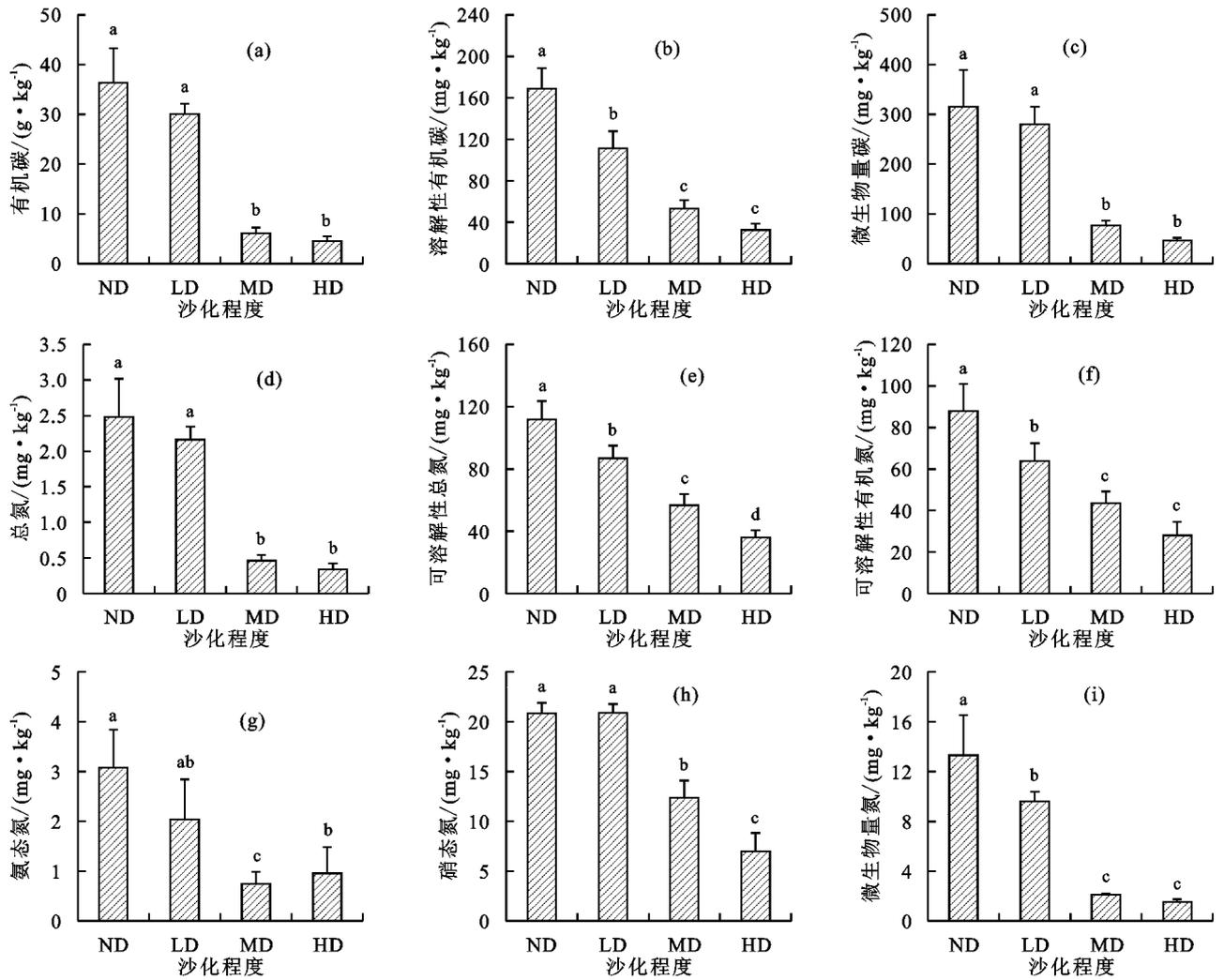
2.1.1 沙化对土壤碳氮的影响 由图 2 可知,沙化导致了土壤 SOC、DOC、MBC、STN、DTN、SON、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 和 MBN 不同程度的下降。与未沙化相比,轻度沙化显著降低了土壤 DOC、DTN、DON、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 和 MBN 含量,中度沙化和重度沙化显著降低了所有碳氮指标,其中 SOC 与 MBN 下降幅度最大,两者在中度沙化下分别降低了 83.1% 和 87.5%,在重度沙化下分别降低了 84.2% 和 88.6%。

2.1.2 沙化对土壤酶活性的影响 由图 3 可知,土壤中 β -葡萄糖苷酶、蔗糖酶、几丁质酶、过氧化物酶和脲酶活性在不同沙化程度间存在不同程度的差异。与未沙化相比,轻度沙化显著降低了几丁质酶和过氧化物酶活性($P < 0.05$),但没有显著改变其他 3 种酶活性;中度沙化和重度沙化显著降低了 5 种土壤酶活性,其中蔗糖酶、几丁质酶和过氧化物酶在统计学上达到极显著性差异($P < 0.01$)。5 种土壤酶活性下降最为剧烈的阶段出现在轻度沙化向中度沙化过渡的阶段。

2.2 沙化对土壤细菌多样性及群落结构的影响

2.2.1 不同沙化程度下土壤细菌组成结构 图 4 和图 5 分别为门和属级别丰度较高的前 15 种菌群的相对丰度,其中,丰度最高的 3 个门为 Verrucomicrobia(疣微菌门)、Acidobacteria(酸杆菌门)、Proteobacteria(变形菌门);丰度最高的 3 个属为 *Candidatus Udaeobacter*、RB41、*Bacillus*(芽孢杆菌属)。在门水平上,随着沙化程度的增加,Verrucomicrobia(疣微菌门)、Acidobacteria(酸杆菌门)丰度有增加的趋势,Proteobacteria(变形菌门)丰度有降低的趋势;重度沙化与中度沙化下的土壤细菌物种组成相似。在属水平上,物种丰度最高的 *Candidatus Udaeobacter*,随着沙化的加剧,其相对丰度越来越高;RB41 在中度沙化和重度沙化下的相对丰度相差不大,但其在轻度沙化和未沙化中的相对丰度反而更低。

图 6 为每个差异物种在各组间的丰度情况,其中 *Paenibacillus*(类芽孢杆菌属)、ADurb.Bin063.1、IS.44、MND1、*Ellin6067*、*Gemmatimonas*(芽单胞菌属)、*Chthonomonas*、*Bryobacter*、*Sphingomonas*(鞘氨醇单胞菌属)、*Noviherbaspirillum*、*Nitrospira*(硝化螺菌属)对土壤沙化响应敏感,沙化过程降低了这些菌属群落的相对丰度,但沙化对 *Terrimonas*、*Ferruginibacter*、*Aquicella* 影响不明显。



注:图柱上方不同小写字母表示不同处理间差异显著($P < 0.05$)。下同。

图2 沙化程度对土壤碳氮的影响

2.2.2 沙化对土壤细菌群落的多样性的影响 由图7可知,随着沙化程度的加剧,土壤微生物多样性呈现先增加后降低的趋势,其中轻度沙化土壤微生物多样性最高,重度沙化土壤微生物多样性最小,但不同沙化土壤微生物多样性的变化是轻微的,它们之间的差异不显著。

2.2.3 不同沙化程度下土壤细菌群落结构差异 为了比较组间群落结构差异是否显著,采用MRPP分析,得到A值、Observe-Delta值、Expect-delta值和P值(表1)。由表1可知,未沙化与重度沙化间土壤细菌群落结构Expect-delta值的差别最大,中度沙化与重度沙化间的Expect-delta值差别最小,但所有差别均未达到显著水平,因此,不同沙化程度下土壤细菌群落结构并无显著差异。

2.3 土壤碳氮与土壤细菌多样性的关系

2.3.1 土壤细菌多样性指数与土壤碳氮的冗余分析 图8a为SOC、DOC、MBN等碳氮指标与Observed species、Chao1、Shannon以及PD Whole Tree多样性指数的冗余分析(RDA),图中轴2累计解释变量为94.55%,因此冗余分析排序结果可信。2个变量

之间夹角的余弦值表示二者的相关性,除 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 对Chao1指数无显著影响外,其他土壤碳氮指标与细菌多样性指数均呈正相关。

2.3.2 土壤碳氮与优势菌的主成分分析 采用PCA对不同沙化程度下的土壤细菌优势菌和碳氮关系进行了分析。由图8b可知,SOC与MBN对土壤中Chloroflexi(绿弯菌门)、Proteobacteria(变形菌门)等优势菌影响最大,说明SOC和MBN是影响研究区土壤细菌群落主要因素。其中SOC和MBN与Chloroflexi(绿弯菌门)、Proteobacteria(变形菌门)、Armatimonadetes(装甲菌门)呈显著正相关,SOC与Acidobacteria(酸杆菌门)、Verrucomicrobia(疣微菌门)呈显著负相关,MBN与Verrucomicrobia(疣微菌门)呈负相关。

2.4 土壤酶活与土壤细菌多样性的关系

2.4.1 细菌多样性指数与土壤酶活冗余分析 土壤细菌 α 多样性用Observed species、Chao1、Shannon以及PD Whole Tree等指数来反映。从冗余分析结果(图9a)来看,土壤细菌 α 多样性与土壤脲酶、几丁质酶、过氧化物酶、 β -葡萄糖苷酶和蔗糖酶相关指数均大于0,呈正相

关系。其中,Shannon 指数受土壤酶活性影响最大,与土壤脲酶、 β -葡萄糖苷酶呈显著正相关;细菌 α 多样性中 PD—Whole Tree、Observed species、Chao1 指数与土壤几丁质酶和过氧化物酶未达到显著相关性。

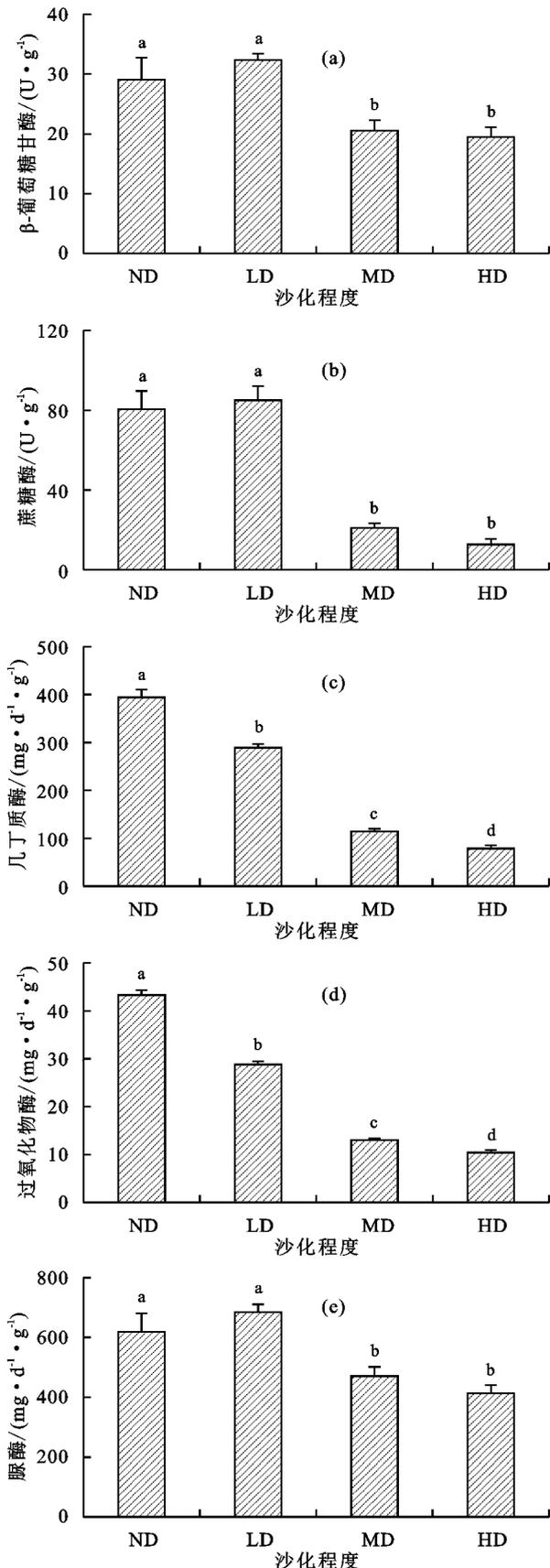


图 3 不同沙化程度下土壤酶活的变化

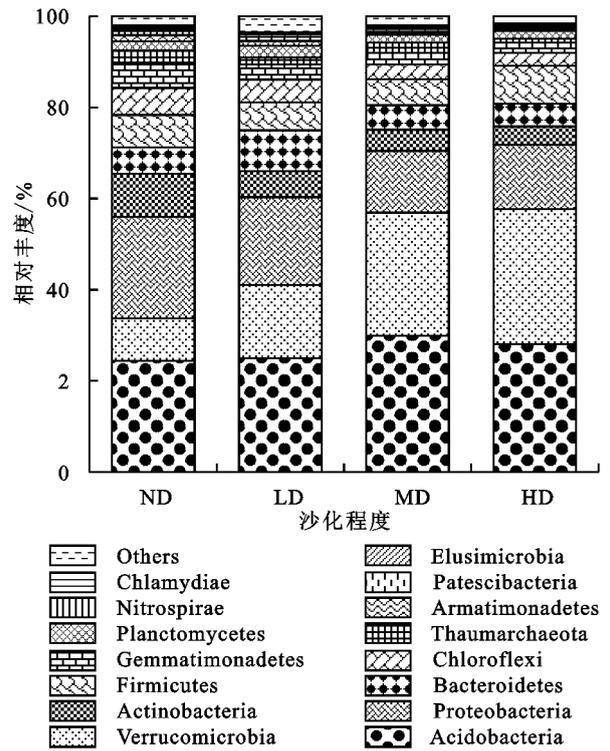


图 4 门水平上 top15 的物种相对丰度

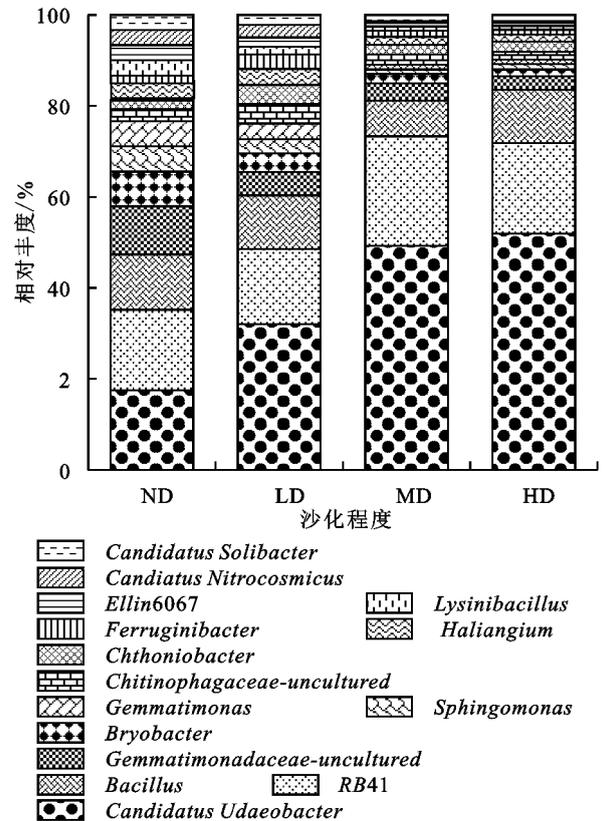


图 5 属水平上 top35 的物种相对丰度

2.4.2 土壤细菌群落结构与土壤酶活主成分分析
在门的水平上,丰度前 15 名的土壤细菌与土壤酶活性的主成分分析(图 9b)表明,对细菌门水平上丰度影响最大的土壤酶分别为过氧化物酶、几丁质酶和 β -葡萄糖苷酶。其中, Verrucomicrobia (疣微菌门)、Armatimonadetes (装甲菌门) 相对丰度与几丁

质酶活性呈显著负相关关系,但 Proteobacteria(变形菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)相对丰度却与几丁质酶活性成显著正相关关系; Verrucomicrobia(疣微菌门)、Actinobacteria(放线菌门)、Chloroflexi(绿弯菌门)、Gemmatimonadetes(芽单胞菌门)与过氧化物酶活性呈显著正相关, Armatimonadetes(装甲菌门)相对丰度与过氧化物酶活性成呈现出显著

正相关关系, Verrucomicrobia(疣微菌门)相对丰度与过氧化物酶活性也呈显著负相关关系。从细菌门类来说, Chloroflexi(绿弯菌门)相对丰度与土壤酶活相关性最好,与蔗糖酶、几丁质酶、过氧化物酶活性均呈现出显著正相关关系;从土壤酶活来说,几丁质酶与土壤过氧化物酶活对土壤中优势门类细菌的影响最大。

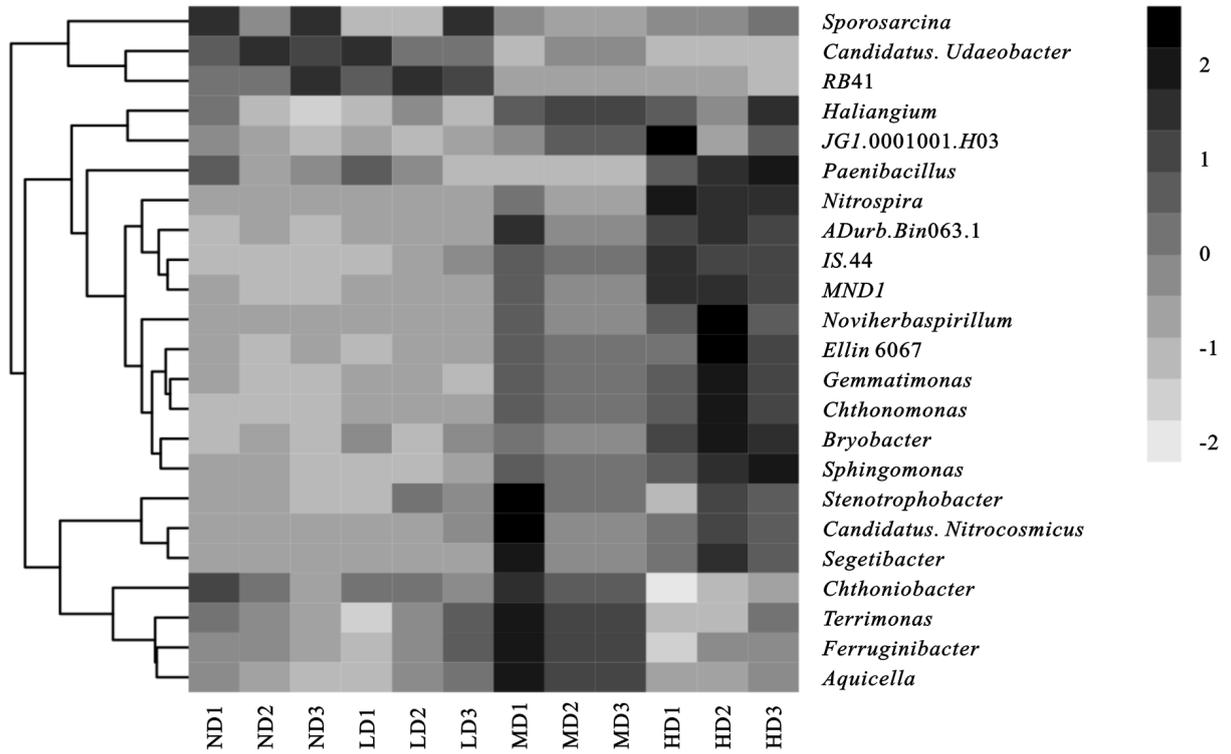
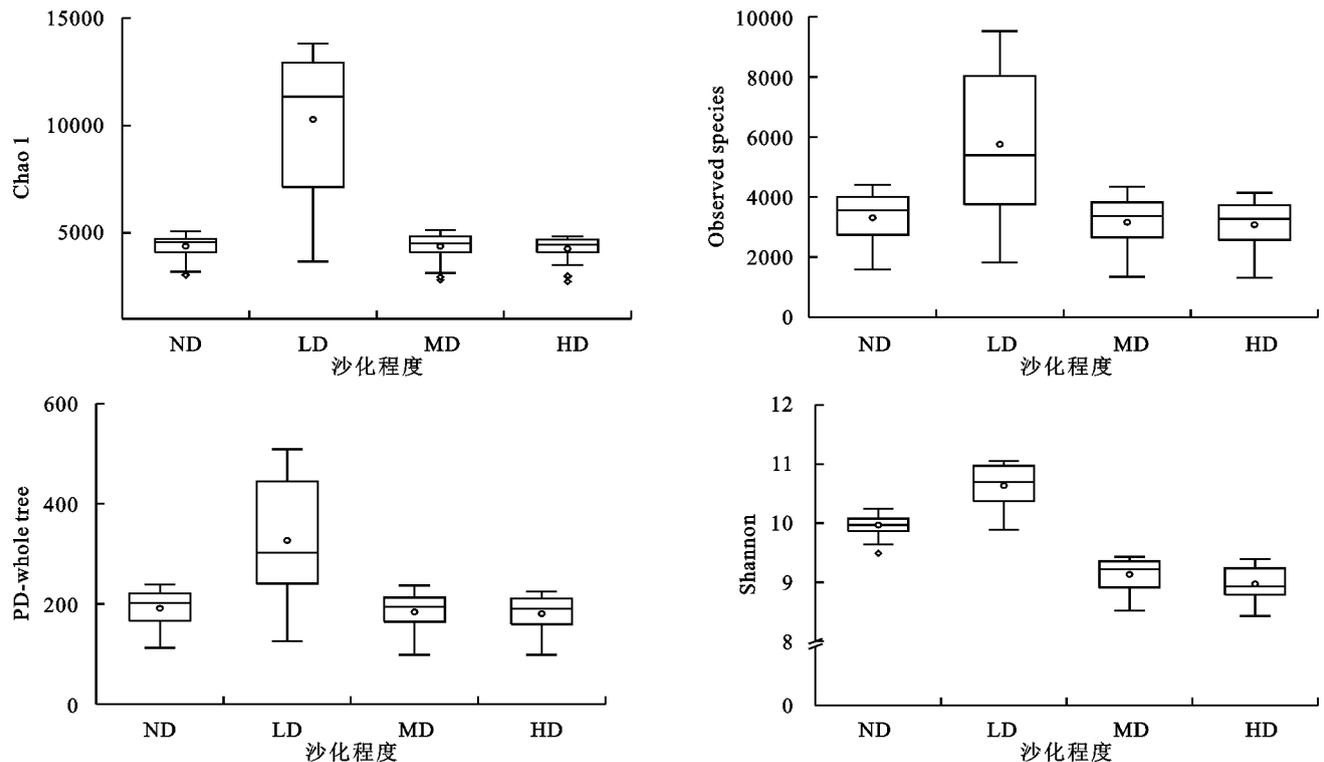


图 6 差异物种的热图聚类



注:—为中位值;◇为极端值;○为平均值;—为最大(小)值。

图 7 不同沙化程度下土壤细菌多样性指数

3 讨论

3.1 沙化对土壤碳氮及酶活性的影响

沙化对高寒草地土壤碳含量有显著影响,随着沙化程度的加重,土壤溶解性有机碳、土壤微生物量碳含量显著降低,这与大多数研究^[1,16]结果一致。土壤碳流失的主要原因是沙化导致植被的丧失以及土壤质地的退化。土壤表层的碳积累主要来源于植物地上生物量和根系生物量的碳输入^[1],而沙化过程伴随着土壤水分含量的降低,致使植被覆盖度和生物量降低,植物向土壤中输入的碳随之减少,最终导致土壤有机碳减少^[17];另一方面,植物受损后,土壤易于发生风蚀而被带走大量细颗粒^[8],细颗粒的减少削弱了土壤中碳的保持能力,从而加速了土壤碳的损失^[18]。

此外,在沙化过程中随着植被的减少,裸地会增多,进而导致水土流失增加,土壤溶解性有机碳随之减少,最终加剧了土壤碳的损失。

表 1 MRPP 组间差异分析

组别	A	Observe-Delta	Expect-delta	P-value
HD-MD	0.0095	0.2960	0.2989	0.40
HD-LD	0.2641	0.3011	0.4077	0.10
HD-ND	0.3331	0.3087	0.4629	0.10
MD-LD	0.2495	0.3065	0.4084	0.10
MD-ND	0.3129	0.3142	0.4572	0.10
LD-ND	0.1948	0.3192	0.3964	0.10

注:Observe-Delta 值越小说明组内差异小,Expect-delta 值越大说明组间差异大;A>0 说明组间差异大于组内差异,A<0 说明组内差异大于组间差异;P<0.05 说明差异显著。

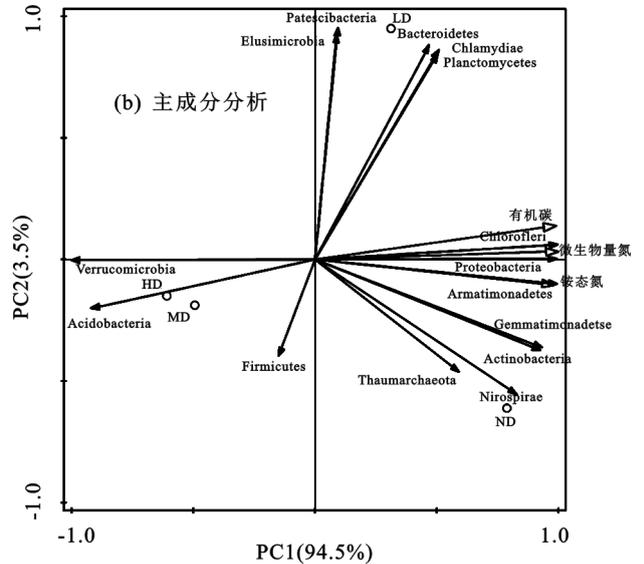
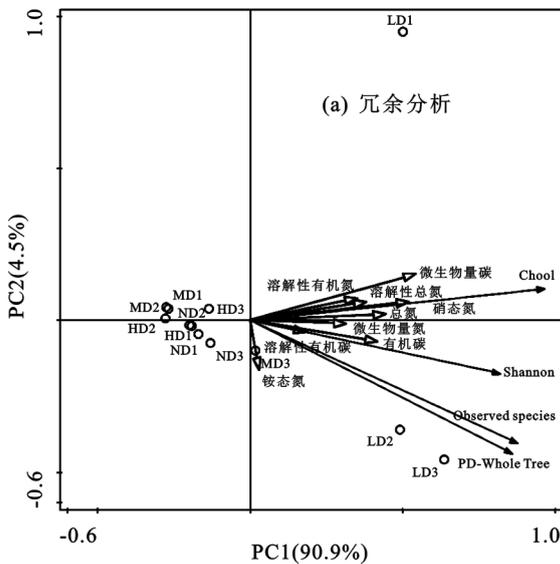


图 8 土壤碳氮与细菌多样性及优势菌间冗余分析和主成分分析

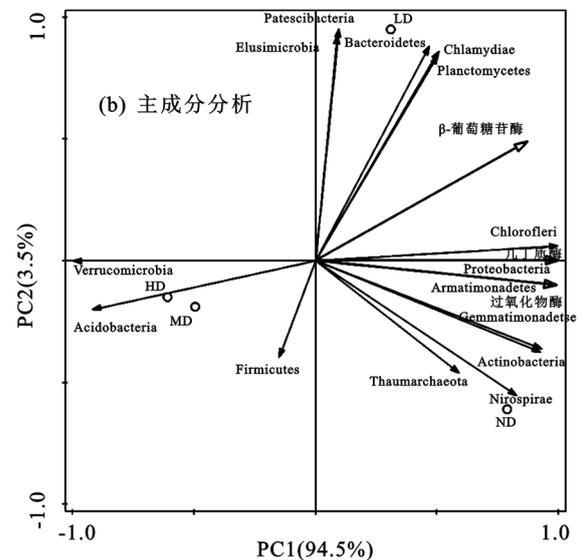
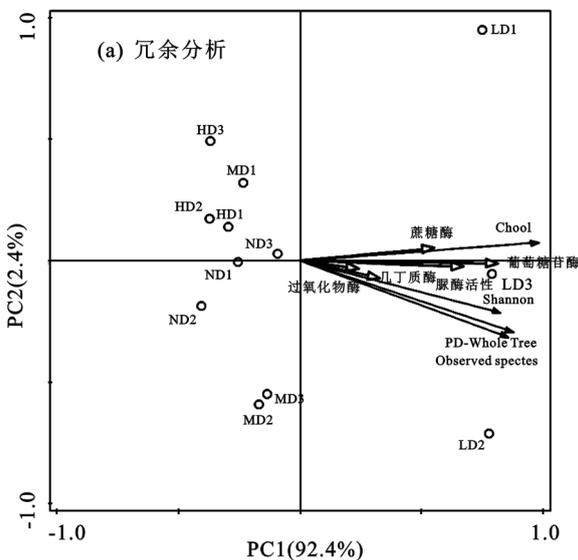


图 9 土壤酶活性和细菌多样性及优势菌间冗余分析和主成分分析

土壤氮含量随沙化程度的加剧而降低,其主要也是由地表植物盖度的降低和土壤质地的退化导致。土壤铵态氮和硝态氮主要来自于土壤有机氮的氨化

和硝化作用,这 2 个过程均受土壤微生物作用的影响^[19],随着土地沙化程度的加剧,植物量降低,微生物数量及活性均下降^[6],所以导致铵态氮和硝态氮含

量降低;另外,土壤质地与氮含量密切相关,通常土壤粉粒和黏粒有利于氮素的固定^[11]。随着沙化的加剧,土壤细颗粒流失,土壤氮素含量也会随之降低。在本研究中,土壤碳氮快速流失发生在沙化的中后期(轻度沙化向中度和重度沙化过渡阶段),而在沙化早期(未沙化—轻度沙化)下降速率较小,这与在青藏高原沙化草地的研究^[16]结果一致。

土壤蔗糖酶、脲酶、几丁质酶、过氧化物酶和 β -葡萄糖苷酶活性在中度和重度沙化下显著低于未沙化,但轻度沙化只降低了几丁质酶和过氧化氢酶活性。土壤蔗糖酶、 β -葡萄糖苷酶及过氧化氢酶主要参与土壤有机碳转换^[4],脲酶和几丁质酶作用于土壤氮素转换^[6]。土壤酶主要由微生物和根系分泌释放到土壤中^[6],随着沙化的进行,植物生长受限,根系活力下降,根系分泌的酶量随之减少。同时,由于植被退化,凋落物减少,植物向土壤中输入的有机质含量降低,土壤中微生物可利用的物质和能量减少,进而影响土壤微生物活性,其向土壤输入的胞外酶含量降低;另一方面,由于沙化过程改变了土壤质地,不利于土壤酶的附着,导致其活性下降。此外,土壤含水量与酶活性密切相关,适宜的水分含量能提高其活性^[20]。沙化过程伴随着土壤水分的损失,随着土壤水分含量的持续下降,土壤酶功能受到抑制,其活性自然降低。本研究中,沙化过程抑制了 5 种土壤酶活性,从而延缓了土壤碳氮转换的速率,降低了土壤有机碳和氮的含量。因此,土壤酶活性的减退是沙化降低土壤碳氮含量及有效性的一个重要生物学途径。

3.2 沙化对土壤细菌多样性及群落结构的影响

本研究中细菌丰度最高的 3 个门为 Verrucomicrobia(疣微菌门)、Acidobacteria(酸杆菌门)和 Proteobacteria(变形菌门),这与杨秉珣等^[5]在川西北高原草地土壤发现的 3 种主要优势菌(Proteobacteria(变形菌门)、Actinobacteria(放线菌门)、Acidobacteria(酸杆菌门)有较大重合。而沙化影响了土壤细菌优势群落,这与前人^[21]研究结果一致。随着沙化的加剧,在门水平上,Verrucomicrobia(疣微菌门)、Acidobacteria(酸杆菌门)丰度有增加的趋势,Proteobacteria(变形菌门)丰度有降低的趋势,是因为 Acidobacteria(酸杆菌门)大多属于寡营养类群^[22],随着沙化的进行,土壤的营养下降,有利于寡营养菌群的生长,促进了酸杆菌门(Acidobacteria)的生长。此外,Acidobacteria(酸杆菌门)属于嗜酸菌,研究地区土壤呈酸性,有利于 Acidobacteria(酸杆菌门)菌群生长。与其他地区的土壤优势菌相比,本研究中 Verrucomicrobia(疣微菌门)的相对丰度更大,这可能与 Verrucomicrobia(疣微菌门)更能适应川西北草

地的土壤环境有关。

不同沙化程度土壤微生物多样性存在差异,随着沙化程度的加剧,土壤微生物多样性存在下降的趋势,重度沙化土壤中微生物多样性最小。这是由于沙化导致了土壤养分的流失和土壤质地的破坏^[8,10],菌群的生活环境受到破坏,部分菌群的生长和繁殖受到了抑制,出现了菌群多样性的下降^[23]。此外,随着沙化过程的加剧,伴随着植被的更替和退化,植物根系分泌活性减弱,这些都会影响土壤细菌多样性^[24]。值得注意的是,微生物多样性最高没有出现在未沙化土壤,却出现在轻度沙化土壤,这与 Zong 等^[25]的研究结果相似。出现上述结果的原因可以用干扰假说来解释,即只有当干扰频率适中时,细菌物种的生存机会最高,群落多样性最高^[26]。此外有研究^[27]表明,在沙化的早期阶段,植物总是将更多的生物量分配到地下,以避免随着干扰程度的增加而增加损害,地下生物量的增多也有利于更多的土壤细菌生长,从而使得该阶段细菌的多样性指数最高。此外,本研究结果显示,不同沙化程度下的土壤微生物多样性存在差异,但群落结构并无显著差异,说明沙化过程主要造成了高寒草地土壤细菌中少数群落的变化,但并未造成群落的大幅度变化,基本上维持了原有土壤细菌的群落结构。

3.3 土壤碳氮、酶活性与细菌多样性及群落的相互关系

土壤碳氮与细菌群落 Observed species、Chaol、Shannon 以及 PD-Whole Tree 指数均呈正相关,这是由于在沙化中,地上植物向土壤输入的碳氮减少,加之土壤质地的改变不利于碳氮元素附着,土壤细菌可利用的碳氮减少,因此多样性下降。土壤脲酶和 β -葡萄糖苷酶与细菌群落丰富度(Shannon 指数)存在显著正相关关系,这是由于土壤酶除了由土壤微生物、动植物的残体分泌而来,土壤微生物中的细菌也是土壤酶的主要来源之一^[28],因此土壤酶活性与细菌存在直接相关关系。优势细菌门类与土壤酶活性的相关性表明,Chloroflexi(绿弯菌门)、Verrucomicrobia(疣微菌门)、Proteobacteria(变形菌门)、Armatimonadetes(装甲菌门)、Gemmatimonadetes(芽单胞菌门)与土壤酶活之间存在显著正负相关性,但其他优势菌门类与土壤酶活性的相关性不显著。这可能是由于土壤中细菌种类众多,不同细菌在土壤中的作用存在差别,所以,土壤酶活性与土壤细菌之间存在着复杂的而非单一的关系,并不是每种细菌都是土壤酶的来源。

4 结论

(1)土壤有机碳、微生物量碳、总氮、铵态氮和硝态氮含量在未沙化与轻度沙化间没有显著差异;在中度和重度沙化后,土壤碳氮含量迅速下降,说明沙化过程

中土壤碳氮的大幅变化主要发生在沙化的中后期。

(2)土壤细菌群落多样性随着沙化的加剧先升高后降低,最高多样性指数出现在轻度沙化阶段,说明轻度沙化是土壤细菌多样性变化的拐点。综合土壤碳氮和细菌多样性变化,可以推测,在轻度沙化阶段采取保护与治理等手段有助于较快速恢复土壤的性能。

(3)沙化过程中细菌群落结构并无显著差异,说明该土壤沙化主要引起了少数细菌菌群结构的变化,例如,*Paenibacillus*(类芽孢杆菌属)、*Gemmatimonas*(芽单胞菌属)等,这些特定菌属对高寒草地沙化具有重要指示作用,在沙化草地的恢复过程中,需要关注土壤中少数关键菌群群落,如 *Paenibacillus*(类芽孢杆菌属)、*Gemmatimonas*(芽单胞菌属)等的重建。

参考文献:

- [1] An H, Li Q L, Yan X, et al. Desertification control on soil inorganic and organic carbon accumulation in the topsoil of desert grassland in Ningxia, northwest China [J]. *Ecological Engineering*, 2019, 127: 348-355.
- [2] Cheng L L, Lu Q, Wu B, et al. Estimation of the Costs of Desertification in China: A Critical Review [J]. *Land Degradation and Development*, 2018, 29(4): 975-983.
- [3] Ge G F, Li Z J, Fan F L, et al. Soil biological activity and their seasonal variations in response to long-term application of organic and inorganic fertilizers [J]. *Plant and Soil*, 2010, 326(S1/2): 331.
- [4] 边雪廉,赵文磊,岳中辉,等.土壤酶在农业生态系统碳、氮循环中的作用研究进展[J]. *中国农学通报*, 2016, 32(4): 171-178.
- [5] 杨秉珣,刘泉,董廷旭.川西北不同沙化程度草地土壤细菌群落特征[J]. *水土保持研究*, 2018, 25(6): 45-52.
- [6] 舒向阳,胡玉福,杨雨山,等.川西北草地沙化对土壤可溶性有机氮及酶活性的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2018, 36(1): 72-77.
- [7] Kroepfl A I, Cecchi G A, Villasuso N M, et al. Degradation and recovery processes in semi-arid patchy rangelands of northern patagonia, argentina [J]. *Land Degradation and Development*, 2013, 24(4): 393-399.
- [8] 赵改红,旦增塔庆,魏学红.青藏高原高寒草地沙化特征的研究进展[J]. *草原与草坪*, 2012, 32(5): 83-89.
- [9] 李春桃,楚可要,刘经星,等.西藏东部沙化土壤改性研究[J]. *科技资讯*, 2008(33): 92-94.
- [10] 费凯,胡玉福,舒向阳,等.若尔盖高寒草地沙化对土壤活性有机碳组分的影响[J]. *水土保持学报*, 2016, 30(5): 327-330.
- [11] 蒋双龙,胡玉福,蒲琴,等.川西北高寒草地沙化过程中土壤氮素变化特征[J]. *生态学报*, 2016, 36(15): 4644-4653.
- [12] 石承苍,涂军.近 40 年四川省若尔盖高原土地荒漠化遥感监测研究[J]. *西南农业学报*, 2009, 22(6): 1662-1664.
- [13] 杨雨薇,吴迪.若尔盖县土地沙漠化研究进展[J]. *安徽农学通报*, 2019, 25(18): 98-101, 104.
- [14] 朱灵,张梦瑶,高永恒.高寒草原土壤有机碳矿化对水氮添加的响应[J]. *水土保持通报*, 2020, 40(1): 30-37.
- [15] 王玉红,马天娥,魏艳春,等.黄土高原半干旱草地封育后土壤碳氮矿化特征[J]. *生态学报*, 2017, 37(2): 378-386.
- [16] Hu Y F, Jiang S L, Yuan S, et al. Changes in soil organic carbon and its active fractions in different desertification stages of alpine-cold grassland in the eastern Qinghai-Tibet Plateau [J]. *Environmental Earth Sciences*, 2017, 76(1): e348.
- [17] Fornara D A, Tilman D. Plant functional composition influences rates of soil carbon and nitrogen accumulation [J]. *Journal of Ecology*, 2008, 96(2): 314-322.
- [18] Kibblewhite M G, Bellamy P H, Brewer T R, et al. An exploration of spatial risk assessment for soil protection: Estimating risk and establishing priority areas for soil protection [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, 473: 692-701.
- [19] 颜淑云,周志宇,秦彧,等.玛曲高寒草地不同利用方式下土壤氮素含量特征[J]. *草业学报*, 2010, 19(2): 153-159.
- [20] 李海云,张建贵,等.退化高寒草地土壤养分、酶活性及生态化学计量特征[J]. *水土保持学报*, 2018, 32(5): 287-295.
- [21] 罗旦,陈吉祥,程琳,等.陕北沙化区 3 种主要植物根际土壤细菌多样性与土壤理化性质相关性分析[J]. *干旱区资源与环境*, 2019, 33(3): 151-157.
- [22] 冯慧琳,徐辰生,何欢辉,等.生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制[J]. *环境科学*, 2020, 41(1): 422-432.
- [23] Tang Z S, An H, Zhu G Y, et al. Beta diversity diminishes in a chronosequence of desertification in a desert steppe [J]. *Land Degradation and Development*, 2018, 29(3): 543-550.
- [24] 周倩,黄安诚.植物根系化合物调控微生物菌群研究进展[J]. *植物生理学报*, 2020, 56(11): 2288-2295.
- [25] Zong N, Shi P L. Soil properties rather than plant production strongly impact soil bacterial community diversity along a desertification gradient on the Tibetan Plateau [J]. *Grassland Science*, 2020, 66: 197-206.
- [26] Bongers F, Poorter L, Hawthorne W D, et al. The intermediate disturbance hypothesis applies to tropical forests, but disturbance contributes little to tree diversity [J]. *Ecology Letters*, 2009, 12(8): 798-805.
- [27] Wilson C H, Strickland M S, Hutchings J A, et al. Grazing enhances belowground carbon allocation, microbial biomass, and soil carbon in a subtropical grassland [J]. *Global Change Biology*, 2018, 24(7): 2997-3009.
- [28] Wang X B, Song D L, Liang G Q, et al. Maize biochar addition rate influences soil enzyme activity and microbial community composition in a fluvio-aquic soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, 96: 265-272.