

黄土高原沟壑区不同杏树嵌套种植模式对土壤微生物组成的影响

王金成, 井明博, 周天林, 刘建新, 王鑫

(甘肃省高校陇东生物资源保护与利用省级重点实验室 陇东学院 生命科学与技术学院, 甘肃 庆阳 745000)

摘要: [目的] 研究黄土高原地区土壤微生物群落结构及其主要生理类群在杏树不同嵌套种植模式中的地位 and 作用。[方法] 用“平板培养法”和常规方法, 研究了不同嵌套模式下土壤微生物三大类群、主要功能群组成、土壤全氮及有机质含量的变化, 并以系统聚类及主成分分析(PCA)等方法进行数据分析。[结果] (1) 土壤微生物总数量及三大类群数量以杏树与紫花苜蓿的嵌套模式最高($p < 0.05$), 杏树嵌套黄花菜和紫花苜蓿次之($p < 0.05$), 其余嵌套模式间无显著性变化($p > 0.05$); (2) 在杏树和紫花苜蓿的模式中土壤固氮菌数量、氨化细菌和纤维素分解菌数量最高($p < 0.05$), 杏树和黄花菜和紫花苜蓿嵌套模式次之($p < 0.05$); (3) 土壤微生物三大类群中, 土壤放线菌数量对 Shannon—Wiener 指数的大小变化起着较大作用; (4) 依据可培养微生物组成, 5 种嵌套模式可划分为 3 个类群, 嵌套植被对土壤微生物组成的影响不同, 紫花苜蓿对土壤微生物学性质的作用更强。[结论] 杏树在不同嵌套种植模式下土壤微生物群落结构组成与嵌套植被类型关系密切且具有其独特的规律及变化原因。

关键词: 沟壑区; 嵌套种植模式; 土壤微生物; 黄土高原

文献标识码: B

文章编号: 1000-288X(2015)02-0182-07

中图分类号: Q938.1⁺3

DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2015.02.036

Effects of Different Nested Planting Modes of *Prunus Armeniaca* on Soil Microbial Composition in Gully Areas of Loess Plateau

WANG Jincheng, JING Mingbo, ZHOU Tianlin, LIU Jianxin, WANG Xin

(University Provincial Key Laboratory for Protection and Utilization of Longdong Bio-resources

in Gansu Province, College of Life Science and Technology, Longdong University, Qingyang, Gansu 745000, China)

Abstract: [Objective] Studying the status and function of soil microbial-community structure and major functional microbial-groups on different *Prunus armeniaca* inter-plantation in the Loess Plateau region. [Methods] Three groups of soil microorganisms and major functional microbial-groups of soil were investigated based on the method of plate cultivation, and soil total nitrogen and organic matter were measured by conventional method; meanwhile, the dates were analyzed using hierarchical cluster as well as principal component analysis(PCA). [Results] (1) As for the total number of soil microorganisms and three major microbial groups, the highest values of them were found in the inter-plantation of *P. armeniaca* with alfalfa ($p < 0.05$), the values in the inter-plantation of *P. armeniaca* with daylily and alfalfa times followed ($p < 0.05$), and there was no significant difference among the rest inter-plantation patterns ($p > 0.05$); (2) Soil azotobacter, ammonifier and cellulose decomposing bacteria were all found with the highest numbers in the inter-plantation of *P. armeniaca* with alfalfa ($p < 0.05$), the second place was taken by numbers of these soil bacterial groups in the inter-plantation of *P. armeniaca* with lily and alfalfa ($p < 0.05$); (3) The actinomycetes group played a more important role in the changes of Shannon—Wiener index; (4) The five inter-plantations were classified into three patterns according to the composition of cultivable soil microbes using the methods

收稿日期: 2014-03-04

修回日期: 2014-04-01

资助项目: 甘肃省庆阳市科技支撑计划项目“多功能微生物发酵有机肥料的研制及其开发应用”(KN201317)

第一作者: 王金成(1985—), 男(汉族), 甘肃省两当县人, 硕士, 讲师, 主要从事于环境微生物学及分子微生物生态学领域的研究工作。

E-mail: wensent20002002@163.com。

通信作者: 王鑫(1956—), 男(汉族), 甘肃省镇原县人, 教授, 主要从事土壤学领域的研究工作。E-mail: wensent20002002@163.com。

of hierarchical cluster as well as principal component analysis; inter-plantation with alfalfa was found with the greatest effect on the composition of soil microbial community, as compared with other patterns. [Conclusion] There were some distinctive and intrinsic interlinks between the variation of soil microbial composition and inter-plantation patterns.

Keywords: gully region; inter-plantation; soil microorganism; the Loess Plateau

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,在有机质分解、养分循环和植物营养等过程中发挥着关键作用;作为土壤中物质转化和养分循环的“驱动力”,土壤微生物是衡量土壤质量的重要指标之一,直接参与诸多生态过程,常被用来评价退化生态系统中生物群系与功能恢复之间的关系。其数量变化与土壤的通气性、水分状况、养分状况及有机含量等土壤理化指标密切相关^[1],其活性可在一定程度上反映土壤肥力。土壤微生物群落调控营养物质循环,促进营养元素固定、加速营养物质的循环和产生植物激素,为植物提供可利用的矿物质库^[2-5]。

杏树系蔷薇科(Rosaceae)杏属(*Armeniaca*)植物,是我国原生经济树种,也是世界性水果树种之一^[6];杏树以其抗逆性强,生长迅速、根系发达等优点,成为黄土高原沟壑区的主要造林树种,也是近年来该地区的主要经济林种之一^[7]。目前,对于杏树的研究大多集中在农林复合系统结构等方面,研究内容主要集中在农林复合系统中土壤理化性质、水分效应和养分循环等方面^[6-7],但有关杏树与不同经济作物嵌套种植模式中,尤其是其土壤微生物组成及其对土壤微生物群落的影响鲜有报道。本研究以陇东黄土高原南部沟壑区不同嵌套模式杏树林为研究对象,利用“平板培养法”研究土壤微生物 3 大类群及主要功能群组成,测定分析土壤全氮以及有机质含量在不同嵌套模式下的变化情况,研究结果将有助于认识土壤

微生物在杏树不同嵌套模式中的作用,为黄土高原经济植被新型种植模式的发展及水土流失的防治等提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于陇东黄土高原南部沟壑区庆阳市镇原县太平乡慕坪村西坡组,土壤类型为黄绵土,质地为沙土。地理坐标地处东经 107°38′—108°40′,北纬 35°69′—35°71′,海拔 1 380~1 400 m。该区属黄土高原沟壑地貌,是全国典型水土流失区之一,侵蚀面积 25 050.5 km²,占全区总面积的 92.4%,侵蚀模数 6 383~9 000 t/(hm²·a)。属暖温带半干旱季风气候区,光、热、水气候资源丰富,可一年两熟。由于季风的强烈影响,冬季寒冷干燥,春季多风且干旱少雨,夏季温暖多雨,水热同期,年降水量 400~600 mm,雨量分布不均,且主要集中在 7—9 月份,多年平均蒸发量 1 000 mm 以上,地面蒸发量为 350~560 mm,地下水水深,属雨养农业区,在黄绵土类区农业发展的主要限制因素是干旱,土壤瘠薄,水土流失严重^[8]。2002 年为了落实国家退耕还林还草和生态环境重建政策,该地区在地方政府统一部署下,全面实施了人工杏树林的营造工作,对保持水土,提高土壤质量,改善生态环境有着重要意义。为此,通过实地调查,选择了不同杏树嵌套模式作为研究样地(表 1)。

表 1 供试土壤样地基本情况

样地编号	嵌套模式	立地条件	主要植被分布与管理措施
A	杏树+紫花苜蓿	梯田,黄绵土,坡度 2°~5°,阳坡,株距 120 cm,行距 150~200 cm,2002 年秋季栽植。	树体长势最好,杏树叶色浓绿,已挂果;树高 200~350 cm,径粗 4~6 cm,成活率>90%;林下紫花苜蓿产草量 2 000~2 500 kg/667 m ² (普通管理)
B	杏树+荒草地	梯田,黄绵土,坡度 2°~5°,阳坡,株距 120 cm,行距 150~200 cm,2001 年秋季栽植。	树体长势差,杏树叶片发黄,未挂果;树高 80~200 cm,径粗 2~4 cm,成活率 50%~60%;林下为荒草(粗放管理)
C	杏树+黄花菜	梯田,黄绵土,坡度 0°~5°,阳坡,株距 120 cm,行距 150~200 cm,2001 年秋季栽植。	树体长势较好,杏树叶色浓绿,已挂果;树高 200~300 cm,径粗 4~5 cm,成活率>90%;林下为黄花菜(精细管理)
D	杏树+黄花菜+紫花苜蓿	坡黄,绵土,坡度 5°~10°,阳坡,株距 100 cm,行距 400 cm,2002 年秋季栽植。	树体长势较差,杏树叶色浓绿,未挂果;树高 200~300 cm,径粗 3~4 cm,成活率>90%;林下为黄花菜,苜蓿为散生分布,杂草丛生(精细粗放管理)
E	撂荒地	坡地黄绵土,坡度 5°~10°,阳坡。	各类杂草,作为对照

1.2 土壤样品采集

于 2010 年 6 月中旬在区内选择立地条件基本一致的具有代表性的样点(表 1)。先拨去土壤表层的浮土(约 5 cm)及石块、落叶等杂质后利用取土钻,按对角线五点取样法,在每一样地中采集 0—20 cm 深度的土壤,将 5 个点采集的土壤混匀成 1 个土样,每个样地取 3 个重复。用于土壤微生物数量分析的土样放在冷藏箱无菌自封袋内 4 ℃ 保存,48 h 内挑除草根,过 2 mm 灭菌土壤筛后测定微生物类群和数量。测定土壤养分所需的样品采用“四分法”取样,全部通过 1 mm 孔径筛,再从过 1 mm 孔径筛的土样中均匀取出 1/4,通过 0.149 mm 孔径筛^[9]。

1.3 土样测定与数据处理

土壤微生物数量测定采用稀释平板法。细菌用牛肉膏蛋白胨培养基,放线菌用高氏 I 号培养基,真菌用孟加拉红培养基(成品,北京银桥生物有限公司),氨化细菌用蛋白胨琼脂培养基,固氮菌用改良阿须贝无氮琼脂培养基,纤维素分解菌用赫奇逊氏培养基^[9-10]。

土壤含水量采用烘干法,土壤 pH 值采用 pH 计法测定,全氮含量采用凯氏定氮法测定,土壤有机质采用重铬酸钾—外加热法^[11]。

利用 SPSS 16.0 统计分析软件对数据进行处理分析,用 Origin 6.0 软件作图。以 Shannon—Wiener 指数^[12]作为土壤可培养微生物的综合性指标,计算公式为:

$$H' = -\sum P_i \ln P_i$$

式中: H' ——Shannon—Wiener 指数; P_i ——样品中第 i 种类群个体所占比例。

2 结果与分析

2.1 不同嵌套模式下土壤微生物 3 大类群组成及土壤养分的变化

表 2 为不同嵌套模式杏树林土壤微生物三大类群及土壤养分状况。 F 检验结果显示,不同嵌套模式

间土壤微生物总数量及细菌数量差异极显著($F_{总数量} = 66.855 > F_{0.01}$; $F_{细菌} = 69.369 > F_{0.01}$, $p < 0.01$);多重比较($\alpha = 0.05$)结果显示不同嵌套模式间土壤微生物总数量及细菌数量相互之间皆差异显著($p < 0.05$),其中嵌套模式 A 土壤微生物总数以及细菌数量皆为最高,嵌套模式 D 土壤微生物总数以及细菌数量次之,其余嵌套模式土壤微生物总数量和细菌数量之间均无显著性差异($p > 0.05$)。不同嵌套模式间土壤放线菌数量差异极显著($F_{放线菌} = 53.483 > F_{0.01}$, $p < 0.01$);多重比较(Duncan, $\alpha = 0.05$)结果表明,不同嵌套模式相互之间放线菌数量差异显著($p < 0.05$),不同嵌套模式之间表现出不同的变化规律。嵌套模式 A 的土壤放线菌数量最高,模式 C 和 D 次之且相互之间无显著性差异($p > 0.05$),对照组 E 土壤放线菌数量最低。此外,土壤真菌数量在不同嵌套模式间无显著性差异($F_{真菌} = 0.721 < F_{0.01}$, $p > 0.05$)。不同嵌套模式之间,土壤有机质及全氮含量之间呈相似的变化趋势。土壤有机质和全氮含量在不同嵌套模式间差异极显著($F_{有机质} = 19.581 > F_{0.01}$; $F_{全氮} = 32.885 > F_{0.01}$, $p < 0.01$);多重比较(Duncan, $\alpha = 0.05$)结果显示,不同嵌套模式相互之间土壤有机质及全氮含量差异显著($p < 0.05$),其中嵌套模式 A 和 D 有机质及全氮含量最高且相互之间均无显著性差异($p > 0.05$),模式 C 和对照组 E 有机质及全氮含量次之且相互之间亦无显著性差异($p > 0.05$),嵌套模式 B 有机质和全氮含量最低,而嵌套模式 B 与 C 之间全氮含量无显著性差异($p > 0.05$)。土壤含水量在不同嵌套模式下差异极显著($F_{含水量} = 40.027 > F_{0.01}$, $p < 0.01$);多重比较(Duncan, $\alpha = 0.05$)结果表明,不同嵌套模式相互之间土壤含水量差异显著($p < 0.05$),不同嵌套模式之间亦表现出不同的变化规律。嵌套模式 A 和 D 的土壤放线菌数量最高,模式 C 次之,模式 B 与对照组 E 土壤含水量最低且相互之间无显著性差异($p > 0.05$)。

表 2 不同嵌套模式杏树林土壤微生物三大类群及土壤养分状况

样地 编号	细菌/ (10^5 cfu · g ⁻¹)	真菌/ (10^5 cfu · g ⁻¹)	放线菌/ (10^5 cfu · g ⁻¹)	总数/ (10^5 cfu · g ⁻¹)	pH 值	含水量/ %	有机质/ (g · kg ⁻¹)	全氮/ (g · kg ⁻¹)
A	600.00 ± 5.77 ^a	22.28 ± 1.21 ^a	46.34 ± 0.88 ^a	668.25 ± 7.52 ^a	8.03 ± 0.02 ^a	13.55 ± 0.21 ^a	9.87 ± 0.11 ^a	0.92 ± 0.01 ^a
B	423.56 ± 6.67 ^c	23.69 ± 2.73 ^a	30.38 ± 0.33 ^b	477.00 ± 9.51 ^c	8.03 ± 0.02 ^a	10.57 ± 0.31 ^b	8.47 ± 0.13 ^b	0.81 ± 0.01 ^b
C	436.63 ± 8.82 ^c	21.00 ± 1.16 ^a	34.76 ± 0.33 ^{cd}	492.33 ± 9.24 ^c	7.85 ± 0.16 ^a	11.81 ± 0.08 ^c	9.43 ± 0.23 ^c	0.83 ± 0.01 ^{bc}
D	496.68 ± 9.67 ^b	21.58 ± 0.89 ^a	36.27 ± 0.88 ^d	546.75 ± 9.67 ^b	8.01 ± 0.05 ^a	13.31 ± 0.34 ^a	9.98 ± 0.51 ^a	0.91 ± 0.01 ^a
E	433.13 ± 9.56 ^c	24.00 ± 0.58 ^a	27.33 ± 1.21 ^e	480.32 ± 7.22 ^c	8.04 ± 0.03 ^a	10.11 ± 0.18 ^b	9.31 ± 0.11 ^b	0.84 ± 0.00 ^c

注:数值为平均值±标准误;同列不同小写字母表示差异显著($p < 0.05$)。下同。

图 1 为不同嵌套模式下土壤可培养微生物 Shannon—Wiener 指数。 F 检验结果显示,不同模式下

土壤微生物 Shannon—Wiener 指数差异极为显著($F = 9.066 > F_{0.01}$, $p < 0.01$)。多重比较(Duncan, $\alpha = 0.05$)

结果显示,不同嵌套模式间 Shannon—Wiener 指数总体上呈增加趋势,模式 D($0.463\ 6\pm 0.014\ 4$)和对照组 E($0.462\ 2\pm 0.002\ 9$) Shannon—Wiener 指数最高,且相互之间无显著性差异($p>0.05$);模式 B($0.427\ 8\pm 0.011\ 6$)和 C($0.427\ 8\pm 0.008\ 5$)次之,两者之间亦无显著性差异($p>0.05$);模式 A($0.395\ 5\pm 0.004\ 7$)最低。

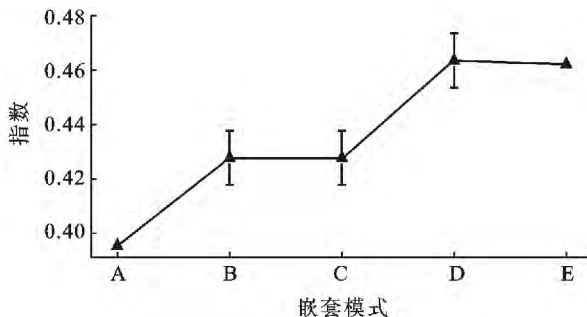


图 1 不同嵌套模式下土壤可培养微生物 Shannon—Wiener 指数

土壤微生物数量组成是土壤、植被、气候及人为干扰等多方面因素对微生物综合作用的结果^[13]。黄土高原果树经济林土壤微生物组成研究主要集中在苹果树方面,且研究主要集中在林龄对土壤微生物组成的影响,土壤养分的分布以及杂草对苹果树土壤根际微生物影响等方面^[14-16],就杏树嵌套模式下土壤微生物组成研究未见报道。本研究中,以土壤微生物总数量、细菌以及放线菌数量来看,模式 A(杏树+紫花苜蓿)明显高于其他嵌套模式,究其原因可能是由于:首先,嵌套豆科植物(紫花苜蓿)可增加土壤养分含量^[17-19],土壤养分的增加也有利于土壤微生物的生长繁殖;第二,豆科植物能够通过自身的生物固氮满足土壤微生物对氮素需求^[20-22];第三,本研究样地土壤为典型的黄土高原沙土,土壤碱性化程度较高(表 2),细菌、放线菌及真菌有着不同的生长环境条件要求,细菌和放线菌通常比较适合在中性至偏碱性的土壤环境生长,而真菌生长更适合偏酸性的土壤环境^[9]。综上所述,相对于其他嵌套模式,模式 A 土壤微生物数量最高。土壤真菌在不同嵌套模式下无显著性变化可能是由于土壤碱性化程度较高,抑制了土壤真菌的生长^[23],因此不同嵌套模式之间土壤真菌未呈现出显著变化规律。魏卫东^[24]研究了高寒地区种植紫花苜蓿对土壤养分的影响,表明随着种植年限增加,土壤有机质、全氮、碱解氮含量显著增加;高峻等^[7]研究了黄土丘陵沟壑区杏树—黄芪复合系统对土壤理化性质的影响,结果表明杏树—黄芪复合系统和清耕杏园中土壤理化性质均存在明显差异,全氮、全钾以及速效氮、速效钾、土壤有机质含量较清耕杏园土壤显

著增加;刘恩斌^[25]进行了种植紫花苜蓿提高黄土坡地土壤肥力试验研究,结果表明,种植紫花苜蓿能提高土壤肥力,提高土壤有机质、全氮、碱解氮含量,并随着种植年限的延长,提高肥力的幅度增大。上述研究与本研究结果相似,究其原因:首先,不同嵌套模式下,模式 A 和 D 土壤全氮含量最高,不难看出此两种模式中均有紫花苜蓿的参与,可能是由于豆科植物生物固氮作用。第二,模式 A 和 D 土壤有机质含量亦为最高,已有研究^[26]表明,干旱区初级生产力越高,土壤就有可能固定更多的有机质,本研究中模式 A 和 D 土壤养分明显高于其他模式,加之土壤微生物数量亦为最高,土壤综合肥力以及物质循环趋于良好,因此,土壤有机质含量明显高于其他模式;第三,本研究中,土壤含水量总体相对较低,但相比之下模式 A 和 D 土壤含水量均为最高且相互之间无显著性差异,原因可能是由于模式 A 中,虽然以粗放式管理为主,但此模式中树高达 200~350 cm,径粗 4~6 cm,成活率>90%,相对于其他模式,其根基相对发达,持水能力相对较高,而模式 D 为粗放精细式管理,加之此模式中植被相对丰富(杏树+紫花苜蓿+黄花菜),因此有助于土壤持水能力提高。模式 A 和 D 土壤含水量相对较高,模式 B 和 C 次之,对照组 E 最低,原因可能是由于:第一,粗放式管理的模式 A 以及粗放精细式管理的模式 D,有助于林间凋落物还田可以减少土壤侵蚀,减少土壤水分蒸发,增加土壤有机质,改善土壤结构,为土壤微生物创造较为有利的生长繁殖环境^[27],同时促进了整个果园土壤生态系统中碳、氮等土壤养分的循环,进而有助于杏树林植被的生长,因此上述两种嵌套模式的土壤含水量较高;第二,模式 A 和 D,杏树树体均达 300 cm 左右,其发达的根系能够起到良好的保水能力。本研究中,依据 3 大类群微生物数量对 Shannon—Wiener 指数建立的最优回归方程中,只有细菌和放线菌参与该方程的构建中,表明真菌对 Shannon—Wiener 指数的变化影响不大。细菌和放线菌的偏回归系数均达到极显著水平($p<0.01$),放线菌数量的偏回归系数为 0.220,细菌数量的偏回归系数为-0.027。细菌的偏回归系数皆为负值,说明不同嵌套模式下,模式 A 最高的细菌数量导致不同模式中模式 A 土壤可培养微生物 Shannon—Wiener 指数低于其他模式。从偏回归系数绝对值大小来看,前者是后者的 8.15 倍,说明放线菌数量的变化要比细菌数量的变化对多样性变化的影响大。

2.2 不同嵌套模式下土壤微生物主要功能群组成的变化

图 2 为不同嵌套模式下土壤微生物主要功能群

的组成。 F 检验结果显示,土壤微生物各功能群在不同嵌套模式间均具有极显著差异($F_{固氮菌} = 33.138 > F_{0.01}$; $F_{氨化细菌} = 19.564 > F_{0.01}$; $F_{纤维素分解菌} = 55.103 > F_{0.01}$, $p < 0.01$)。

对不同嵌套模式间各主要类群分别进行多重比较(Duncan, $\alpha = 0.05$),就土壤固氮菌来看,不同嵌套模式之间差异显著($p < 0.05$),模式 A (3.60×10^8 cfu/g)和 D (3.47×10^8 cfu/g)土壤固氮菌数量最高且相互之间无显著性差异($p > 0.05$),模式 B (2.47×10^8 cfu/g)和 C (2.63×10^8 cfu/g)次之且两者之间亦无显著性差异($p > 0.05$),对照组 E (1.90×10^8 cfu/g)土壤固氮菌数量最低。土壤氨化细菌数量在不同嵌套模式下差异显著($p < 0.05$),模式 A (3.70×10^8 cfu/g), C (3.53×10^8 cfu/g)和 D (3.50×10^8 cfu/g)土壤氨化细菌数量最高且相互之间无显著性差异($p > 0.05$),模式 B (3.64×10^8 cfu/g)和对照组 E (2.80×10^8 cfu/g)氨化细菌数量相对较低且二者之间亦无显著性差异($p > 0.05$)。不同嵌套模式之间,土壤纤维素分解菌数量之间差异显著($p < 0.05$),模式 A (5.43×10^8 cfu/g)和 D (4.13×10^8 cfu/g)土壤纤维素分解菌数量最高且相互之间无显著性差异($p > 0.05$),其余嵌套模式 B (2.93×10^8 cfu/g), C (3.07×10^8 cfu/g), E (2.56×10^8 cfu/g)土壤纤维素分解菌数量相对较低且三者相互之间亦无显著性差异($p > 0.05$)。

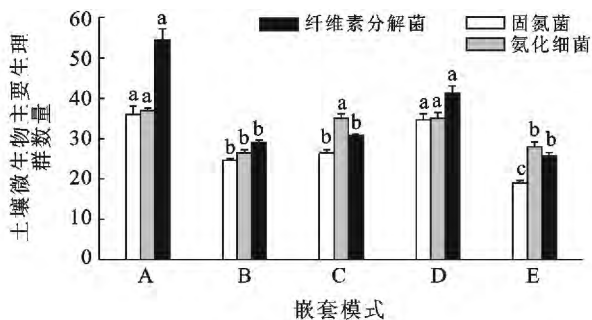


图 2 不同嵌套模式下土壤微生物主要功能群的组成

本研究所涉及的土壤微生物主要功能群可分为两大类:一类与氮素转化有关,包括固氮菌和氨化细菌;另一类是与纤维素的分解有关的纤维素分解菌。氮是植被营养循环中最重要的元素之一。氮素在土壤中的转化包括固氮作用和氨化作用等过程,土壤微生物氮素生理群数量的变化一定程度上反映了土壤氮素营养的水平 and 转化效率。本研究中,模式 A 为杏树+紫花苜蓿的嵌套模式,由于豆科植物能够通过自身的生物固氮满足土壤微生物对氮素需求^[20-22],且有助于增加土壤养分含量^[17-19],因此,模式 A 下土壤固氮菌数量为 5 种嵌套模式中最高;模式 D 为杏树+紫

花苜蓿+黄花菜的嵌套模式,说明豆科植物的引入同时增加嵌套植被种类亦能有助于土壤固氮作用的提高,进而促进土壤微生物数量的增加,从而有助于土壤综合肥力的提高。而模式 B 和 C 的嵌套模式分别是杏树+撂荒地和杏树+黄花菜,土壤固氮菌数量相对于模式 A 和 D 为低,说明单独引入黄花菜或撂荒地中直接种植杏树,土壤固氮程度相对较低。土壤氨化细菌方面,研究表明,氨化细菌与土壤透气性成正相关关系^[28],本研究中模式 B 和 D 氨化细菌数量最低且两者之间无显著性差异,且不难看出这两种模式均有撂荒地参与,这可能是由于撂荒地的土壤透气性低于其他嵌套模式而引起的。模式 A 纤维素分解菌数量最高,模式 D 次之,且两者之间无显著性差异,而模式 B, C, E 土壤纤维素分解菌数量较低,3 者之间亦无相关性差异。土壤纤维素分解在土壤纤维素的转化中起着极为重要的作用,与土壤氮素供给水平密切相关^[4],说明模式 A 和 D 的氮素循环较好,此外,虽然模式 B 的嵌套植被为黄花菜且为精细式管理,但由于黄花菜在每年采收完毕后均被农民拔除,因此模式 B 的植被归还量的减少,可能是此模式土壤纤维素分解菌数量较低的又一原因。

2.3 不同嵌套模式对土壤微生物组成的影响

2.3.1 不同嵌套模式微生物组成的聚类分析 采用平方欧氏距离作为样本之间的相异性指标,类间距运算方法采用组间平均联接法(between-groups linkage),根据不同嵌套模式间土壤微生物数据变化规律进行系统聚类。图 3 为不同嵌套模式间系统聚类树状图。如图 3 所示,根据不同嵌套模式间土壤微生物数值变化规律,进行系统聚类。结果显示,嵌套模式 A—E 若在 8.33~11.67 相异性水平间进行截取,可划分为 2 类:第 1 类为模式 A、模式 D、模式 C 和模式 B 组成;第 2 类为对照组 E。很明显第一类为杏树林,而模式 E 为撂荒地。若在 3.33~8.33 相异性水平间进行截取,可划分为 3 类:第 1 类由模式 A、模式 D 和模式 C 组成,显然模式 A 和 D 中均有豆科植物紫花苜蓿参与,而模式 C 为杏树与黄花菜嵌套模式;第 2 类为模式 B,此为杏树+荒草地,土壤微生物数量明显少于前者;第 3 类为对照组 E 撂荒地,土壤微生物数量最低。

2.3.2 不同嵌套模式微生物组成的 PCA 分析 经 KMO 检验, KMO 取值为 0.721, 适合做 PCA 分析。因此对 5 种嵌套模式进行 PCA 分析后结果显示:共提取出 2 个主成分,第一主成分的特征值为 2.530;第二主成分的特征值为 2.469,二者累计方差贡献率达到 99.976%,说明可以反映事物的原来面貌^[29],其结

果如图 4。PCA 分析表明(图 4),第一主成分上来看,包括嵌套模式 A,B,C 和 D,另一类是是对照组 E,体现了嵌套种植模式对土壤微生物群落的影响。第二主成分,5 种嵌套模式微生物群落被分成了 3 个不同的组,第一组为模式 A 和 D,这两种嵌套模式中均有固氮植物紫花苜蓿的参与,体现嵌套种植固氮植物对杏树林土壤微生物群落的影响;第二组为模式 C 和 B,这两种模式中均搭配了嵌套植物黄花菜和杂草,体现出植物对土壤微生物群落的影响的同时也说明所选嵌套植被之间亦存在差异;第三组为本研究设置的对照组 E。

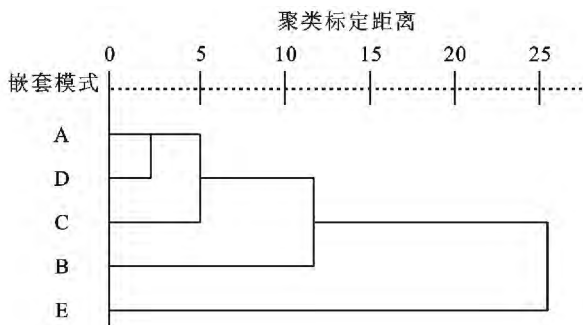


图 3 不同嵌套模式间系统聚类树状图

从图 4 可以看出,距离较近的模式 A 和 D 土壤微生物群落聚合为一个组,组成点集 I,即它们的相似性最大,说明固氮植物在杏树嵌套模式中的作用显著,而它们与组成点集 II(模式 C 和 B)之间距离则相对稍远,尤其与组成点集 III(对照组 E)距离最远,说明它们之间的相似性极小。此外,点集 II 与点集 I 距离相对于点集 III 更为接近,说明杏树林嵌套植被后,土壤微生物群落发生变化,体现出了嵌套植被对杏树林土壤微生物群落的影响。PCA 排序将 5 种嵌套模式划分为 3 个类群,与系统聚类的结果也相互印证。

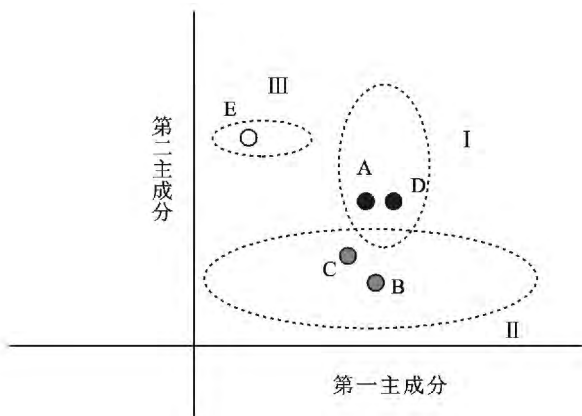


图 4 不同嵌套模式 PCA 排序图

3 结论

(1) 黄土高原沟壑区杏树林在不同嵌套种植模式下,土壤微生物 3 大类群数量呈现规律性的变化。就土壤微生物 3 大类群数量来看,杏树+紫花苜蓿的嵌套种植模式最高,杏树+紫花苜蓿+黄花菜的嵌套模式次之。不同嵌套模式下,模式 A 最高的细菌数量导致不同模式中模式 A 土壤可培养微生物 Shannon—Wiener 指数低于其他模式。真菌对土壤微生物 Shannon—Wiener 指数的变化影响不大。从偏回归系数绝对值大小来看,放线菌数量的变化要比细菌数量的变化对多样性变化的影响大。

(2) 土壤中氮素生理群及纤维素分解菌的数量组成与嵌套模式密切相关。豆科植物紫花苜蓿对土壤环境变化起着极为重要的作用。固氮菌、氨化细菌和纤维素分解菌数量不同嵌套模式表现出了独特的变化规律,模式 A 下土壤固氮菌数量、氨化细菌和纤维素分解菌数量为 5 种嵌套模式中最高,模式 D 次之,说明豆科植物的引入同时增加嵌套植被种类亦能有助于土壤固氮作用的提高,进而促进土壤微生物数量的增加,从而有助于土壤综合肥力的提高,亦能说明模式 A 和 D 的氮素循环较好。而模式 B 和 C 的嵌套模式分别是杏树+撂荒地和杏树+黄花菜,土壤固氮菌数量相对于模式 A 和 D 为低,说明单独引入黄花菜或撂荒地中直接种植杏树,土壤固氮程度相对较低。

(3) 系统聚类结果显示,紫花苜蓿参与的模式 A 和 D 之间相似性最高。PCA 分析表明,在第一主成分上,嵌套模式 A,B,C 和 D 较为集中,体现了嵌套种植模式对土壤微生物群落的影响。第二主成分可分为 3 个组,除第 3 组为对照组外,在第 1 组(模式 A 和 D)中均有固氮植物紫花苜蓿的参与,体现嵌套种植固氮植物对杏树林土壤微生物群落的影响;第 2 组由模式 C 和 B 组成,均搭配了嵌套植物黄花菜和杂草,说明植物对土壤微生物群落的影响的同时也说明所选嵌套植被之间亦存在差异。此外,相对于点集 III,点集 II 与点集 I 的距离更为接近,说明杏树林嵌套其他植被科引起土壤微生物群落的变化,说明嵌套植被对杏树林土壤微生物群落的影响。

(4) 黄土高原沟壑区杏树林的最优嵌套种植模式为杏树+紫花苜蓿和杏树+紫花苜蓿+黄花菜,且倡导增加土地归还量,这将有助于杏树林土壤微生物群落的分布均匀性和稳定性以及碳、氮循环的完整性。

[参 考 文 献]

- [1] 杨玉盛, 邱仁辉, 俞新妥, 等. 杉木连栽土壤微生物及生化特性的研究[J]. 生物多样性, 1999, 7(1): 1-7.
- [2] 王金成, 李海燕, 梁健. 黄土高原子午岭不同林龄天然油松林土壤微生物组成研究[J]. 水土保持通报, 2010, 30(1): 43-48.
- [3] Steenwerth K L, Jackson L E, Calderon F J, et al. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(11): 1599-1611.
- [4] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration [J]. European Journal of Soil Science, 2003, 54(4): 801-808.
- [5] Insam H, Hitzl W. Data evaluation of community-level physiological profiles: A reply to letter of Howard [J]. Soil Biology & Biochemistry, 1999, 31(8): 1198-1200.
- [6] 蒲光兰, 袁大刚, 胡学华, 等. 土壤干旱胁迫对 3 个杏树品种生理生化特性的影响[J]. 浙江林业学院学报, 2005, 22(4): 375-379.
- [7] 高峻, 郑曼, 孟平, 等. 黄土丘陵沟壑区杏树-黄芪复合系统对土壤理化性质的影响[J]. 林业科学研究, 2008, 21(5): 719-723.
- [8] 庆阳地区土壤普查办公室. 甘肃庆阳土壤[M]. 甘肃兰州: 甘肃科学技术出版社, 1989: 1-30.
- [9] 姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其试验技术[M]. 北京: 科学出版社, 2006.
- [10] 许光辉, 郑洪元. 土壤微生物分析方法手册[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 176-179.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2002: 21-32.
- [12] 孙儒泳. 动物生态学原理[M]. 3 版. 北京: 北京师范大学出版社, 2001: 398-399.
- [13] 闵红, 和文祥, 李晓明, 等. 黄土丘陵区植被恢复过程中土壤微生物数量演变特征[J]. 西北植物学报, 2007, 27(3): 588-593.
- [14] 李智卫, 王超, 陈伟, 等. 不同树龄苹果园土壤微生物生态特征研究[J]. 土壤通报, 2011, 42(2): 302-306.
- [15] 张强, 魏钦平, 齐鸿雁, 等. 北京果园土壤营养状况和微生物种群调查分析[J]. 中国农学通报, 2009, 25(17): 162-167.
- [16] 吕德国, 赵新阳, 马怀宇, 等. 覆草对苹果园土壤养分和微生物的影响[J]. 贵州农业科学, 2010, 38(6): 104-106.
- [17] 李会科, 赵政阳, 张广军. 种植不同牧草对渭北苹果园土壤肥力的影响[J]. 西北林学院学报, 2004, 19(2): 31-34.
- [18] 齐鑫山, 丁卫建, 王仁卿, 等. 果园间种白三叶草对土壤生态及果树生产的影响[J]. 农村生态环境, 2005, 21(2): 13-17.
- [19] 郝淑英, 刘蝴蝶, 牛俊玲, 等. 黄土高原区果园生草覆盖对土壤物理性状、水分及产量的影响[J]. 土壤肥料, 2003(1): 25-27.
- [20] Rowe E C, Hairiah K, Giller K E, et al. Testing the safety-net role of hedgerow tree roots by ^{15}N placement at different soil depths [J]. Forestry Sciences, 1999, 60(1/3): 81-93.
- [21] Akinnifesi F K, Kang B T, Sanginga N, et al. Nitrogen use efficiency and N-competition between *leucaena* hedgerows and maize in an alley cropping system [J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 1997, 47(1): 71-80.
- [22] Lehmann J, Weigl D, Droppelmann K, et al. Nutrient cycling in an agroforestry system with runoff irrigation in Northern Kenya [J]. Agroforestry Systems, 1999, 43(1/3): 49-70.
- [23] 张国盛, 黄高宝. 农田土壤有机碳固定潜力研究进展 [J]. 生态学报, 2005, 25(2): 351-357.
- [24] 魏卫东. 高寒地区种植紫花苜蓿对土壤养分的影响 [J]. 安徽农业科学, 2008, 36(7): 2828-2829.
- [25] 刘恩斌. 种植紫花苜蓿提高黄土坡地土壤肥力试验研究 [J]. 陕西农业科学, 2007(4): 60-62.
- [26] 罗珠珠, 黄高宝, 张国盛. 不同耕作方式对黄土高原旱地表容重和水分入渗的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 2005, 23(5): 7-11.
- [27] 李玲玲, 黄高宝, 张仁陟, 等. 免耕秸秆覆盖对旱作农田土壤水分的影响 [J]. 水土保持学报, 2005, 19(5): 95-96.
- [28] 张文婷, 来航线, 王延平, 等. 黄土高原不同植被坡地土壤微生物区系特征 [J]. 生态学报, 2008, 28(9): 4228-4234.
- [29] 付必谦. 生态学试验原理与方法 [M]. 北京: 科学出版社, 2006: 214-222.