

开垦对荒漠土壤微生物群落结构特征的影响

王银亚^{1a,2}, 李晨华¹, 马 健¹

(1. 中国科学院新疆生态与地理研究所 a. 荒漠与绿洲国家重点实验室, b. 阜康荒漠生态系统国家站, 新疆 乌鲁木齐 830011; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 以古尔班通古特沙漠南缘典型流域(玛纳斯河、吉木萨尔河、三工河、四工河、水磨河)的绿洲农田与毗邻荒漠土壤为研究对象,采用磷脂脂肪酸(PLFA)方法分析不同开垦年限的土壤微生物生物量、群落结构、多样性变化特征。结果表明:荒漠开垦后,土壤微生物总 PLFA 含量、真菌 PLFA、细菌 PLFA、革兰氏阳性菌(G^+)和革兰氏阴性菌(G^-)PLFA 含量均显著增加。荒漠开垦 5 a 内,细菌 PLFA 与 G^- PLFA 增长更强烈,使得真菌 PLFA/细菌 PLFA 比值降低了 48%, G^+ PLFA/ G^- PLFA 比值(革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌的 PLFA 比值)降低了 67%。但随着开垦年限的延长,这两个比值没有显著变化,表明与开垦年限相比,荒漠的开垦行为对土壤微生物群落结构有着更加强烈的影响。随着开垦年限的增加,土壤微生物群落多样性总体呈上升趋势。虽然荒漠在开垦 50 a 后多样性指数略有下降,但仍远高于荒漠土壤。土壤微生物总 PLFA 含量和大部分菌群 PLFA 含量与土壤电导率显著负相关,与全氮和有机碳显著正相关。荒漠在开垦过程中灌溉增加了土壤水分且降低了土壤盐分,全氮和有机碳含量增加,这些改变是土壤微生物群落变化的主要原因。荒漠开垦有助于提高土壤微生物 PLFA 含量、改善土壤微生物的群落结构、丰富土壤微生物群落多样性,有利于土壤质量的提高。

关键词: 古尔班通古特沙漠; 开垦年限; 生物群落; 磷脂脂肪酸

文章编号: 1000-694X(2017)03-0514-09

DOI: 10. 7522/j. issn. 1000-694X. 2016. 00019

中图分类号: Q938. 1

文献标志码: A

0 引言

土壤微生物在维持生态系统稳定和功能方面起着重要作用,其群落结构及多样性特征是评价土壤质量的重要指标^[1-2]。土地利用方式或管理措施的改变,会显著影响土壤养分状况与土壤微生物群落结构和多样性^[3-4]。围垦使土壤有机碳含量迅速降低,围垦 16 a 后土壤微生物总磷脂脂肪酸(PLFA)及各菌群含量都显著降低,提示土壤围垦过程中微生物与土壤肥力之间的紧密关系^[5]。黑土由草地向农田直至裸地的发展过程中,土壤有机质含量大幅度降低且土壤结构恶化,土壤微生物群落多样性也相应呈逐渐下降趋势^[6]。

在干旱区,当荒漠开垦为农田,极显著地改变了土地利用方式和覆被,相应地引起植被、凋落物、土壤养分与水分等一系列的变化,引起土壤微生物群落结构和多样性的改变,进而影响到土壤功能,甚至是土壤质量与环境效应^[7]。李易麟等^[8]的研究表明开垦活动增加了荒漠土壤养分。罗格平等^[9]发现天

山北坡荒漠变绿洲的土地开发利用模式,不仅没有使天山北坡的土壤质量和生态环境退化,反而使局部地区出现了好转。然而,当前干旱区土壤微生物的相关研究主要围绕灰漠土与细菌群落展开^[10],不能涵盖新疆复杂的土壤类型与作物耕作历史,其研究结论需要进一步验证。而且,土壤微生物群落对荒漠开垦的响应如何,存在怎样的效应,目前尚不清楚。

新疆北部绿洲分布最为广泛,自 20 世纪 50 年代尤其是 80 年代以来,大面积的荒漠已经转变为农田^[11]。在干旱区,水资源是绿洲形成和发展的重要因素^[12]。从天山积雪作为起点,顺着河流引灌而下,从南至北自然形成不同开垦年限的绿洲农田。本文以北疆的 5 个典型流域(玛纳斯河、吉木萨尔河、三工河、四工河、水磨河)的荒漠绿洲土壤为代表,采用 PLFA 方法对不同开垦年限的农田与毗邻荒漠土壤的微生物生物量与群落结构和多样性进行对比分析,并对各菌群 PLFA 与土壤理化性质的关系进行研究,以阐明绿洲形成过程中土壤微生物群落变

收稿日期:2015-12-25; 改回日期:2016-03-01

资助项目:国家自然科学基金项目(41671114,41301102)

作者简介:王银亚(1990—),女,河南人,硕士研究生,主要从事土壤生态与微生物生态的研究。E-mail: 905860125@qq.com

通信作者:马健(E-mail: majian@ms. xjb. ac. cn)

化特征,为新疆农业的可持续发展提供理论基础。

1 材料与研究方法

1.1 研究区概况

采样地点分布于新疆北部地区的五个典型流域

(玛纳斯河、吉木萨尔河、三工河、四工河、水磨河)。这五个流域气候条件相似,均为典型的温带大陆性干旱半干旱气候,冬季漫长而寒冷,夏季炎热而干燥,春秋温凉短暂,气温变化剧烈,年平均气温 6.5℃,年降水量 110~190 mm^[13]。每个流域都含有多种土壤类型、自然植被均以荒漠植被为主(表 1)。

表 1 采样点基本情况

Table 1 Basic characteristics of sampling points				
流域名称	经度(E)	纬度(N)	土壤类型	荒漠主要植被
玛纳斯河	84°42'—86°33'	43°27'—45°58'	灰漠土、棕钙土、棕漠土、潮土;盐土、灌耕土、等	梭梭、琵琶柴、多枝怪柳、猪毛菜、碱蓬、白刺、等
吉木萨尔河	88°30'—89°30'	43°00'—45°23'		
三工河	87°50'—88°10'	44°05'—44°24'		
四工河	88°07'—88°32'	43°23'—44°14'		
水磨河	86°37'—88°58'	42°42'—44°08'		

1.2 样品采集

2014 年 6 月分别沿着玛纳斯河、吉木萨尔河、三工河、四工河、水磨河实地调查。根据土壤开垦时间、作物耕作历史、相关部门的土地利用记载及当地居民提供的信息,选取了 7 个不同开垦年限的土壤,共计 60 个取样地点。所选取的样点均是常规管理与施肥的农田,肥料种类与用量差异不大,5 个流域均选取管理方式相似的农田,以避免作物品种的干扰。当地农民通常根据作物的效益来决定下一年的作物品种,开垦年限越长,作物品种越多样且种植历史复杂,因此,作物品种在本研究中不是主要影响因素。本实验所涉及到 6 个荒漠开垦为农田后的不同年代序列的土壤,包括 3、5、10、20、50、100 a,对每个流域各农田样点毗邻的荒漠土壤(0 a)进行采集,作为对照设置^[14]。韩文炎等^[15]研究发现 9—11 月土壤微生物丰富且稳定,本研究土壤样品于 2014 年 9 月 15 日至 10 月 3 日期间进行采集。鉴于表层土壤受到土地利用及管理措施的影响最为直接^[16],本研究以 S 形布点采集表层(0~20 cm)土壤样品。土壤样品混匀后装入无菌纸袋。将所取土样置于保鲜箱中,运回实验室,去除细根、石块等杂物后过孔径为 2 mm 的筛子。用四分法将土壤样品分成两份,一份用于土壤理化性质的测定,另一份保存在-20℃的恒温冰箱中,用于土壤微生物生物量和群落特征分析。

1.3 测定方法

土壤基本理化性质采用常规分析法测定^[17]。土壤 pH 值和电导率采用水土比 1:5 待测液测定;

土壤有机碳、全氮、全磷含量分别采用重铬酸钾外加热法、半微量凯氏法和硫酸、高氯酸熔融-钼锑抗比色法测定;土壤有效氮、有效磷、速效钾含量分别采用碱解蒸馏法、0.5 mol·L⁻¹ NaHCO₃ 浸提钼锑抗比色法、火焰光度法测定。

PLFA 生物标记法是一种定性和定量分析土壤微生物群落组成和多样性的方法^[18],本研究采用该方法对土壤 PLFA 含量和群落组成进行评价。称取相当于 8.0 g 干土的新鲜土样,运用甲醇-氯仿-柠檬酸缓冲液震荡提取总脂,经过硅胶柱分离纯化得到 PLFAs,采用 Agilent 6890N 气相色谱仪分析 PLFAs 的组成,内标是正十九烷酸甲酯(19:0)^[19]。PLFAs 的鉴定使用美国 MIDI 公司开发的 Sherlock MIS 4.5 系统。所有检测到的 PLFAs 用来计算其总浓度和物种数量。

磷脂脂肪酸的浓度可表示微生物的生物量,磷脂脂肪酸的类别数量可表示微生物群落结构^[20]。PLFA 总量反映了土壤微生物总生物量^[21]。本研究用到的 PLFA 生物标记分组具体如下:革兰氏阳性菌(G⁺)通过 i12:0、a13:0、i14:0、a14:0、i15:0、a15:0、i16:0、a16:0、i17:0、a17:0 来表征^[22];革兰氏阴性菌(G⁻)通过 16:1w5t、18:1w7c、17:1w8c、cy17:0、16:1 2OH 来表征;普通细菌通过 12:0、14:0、15:0、17:0 来表征^[22-23];G⁺、G⁻和普通细菌综合代表细菌。真菌通过 16:1w5c、16:1w5t、18:1w7c、18:1w9c、18:1w9t 来表征^[24]。放线菌通过 10Me16:0、10Me17:0、10Me18:0 来表征^[25-26]。

1.4 数据处理

利用 Excel 进行数据预处理,采用 SPSS 软件

进行方差分析、相关性分析与多样性指数分析。

2 结果与分析

2.1 荒漠开垦过程中土壤理化性质的变化

将 5 个流域作为 5 个重复,计算不同开垦年限土壤性质的变化,其中荒漠作为对照设置。从荒漠到开垦 100 a 的农田,土壤各理化性质随开垦年限

增加的变化趋势有所不同(表 2),土壤电导随着开垦年限的增长持续下降,全磷(除 5 a)、全氮(除 5 a)和有效氮含量则持续增长。有机碳和有效磷含量在开垦初期有所下降,之后随着开垦年限逐渐增加。同时,全氮含量随开垦时间稳步增加。但有机碳与全氮含量在开垦 50 a 和 100 a 的土壤中没有显著差别($P>0.05$)。pH 在开垦初期(<5 a)有所上升,然后持续下降,开垦 100 a 的土壤中最达到最低。

表 2 荒漠开垦过程中土壤理化性质的变化
Table 2 The change of soil physicochemical properties in desert reclamation process

开垦年限	pH 值	电导率 /(mS · cm ⁻¹)	有机碳含量 /(g · kg ⁻¹)	全氮含量 /(g · kg ⁻¹)	全磷含量 /(g · kg ⁻¹)	有效氮含量 /(mg · kg ⁻¹)	有效磷含量 /(mg · kg ⁻¹)	速效钾含量 /(mg · kg ⁻¹)
0	8.04±0.14 ^a	2.84±0.07 ^a	7.15±0.22 ^c	0.54±0.03 ^d	0.79±0.02 ^{ab}	28.93±1.22 ^d	20.34±1.02 ^b	362.55 48.21 ^a
3	8.24 0.26 ^a	1.05 0.05 ^b	5.93 0.31 ^d	0.70 0.01 ^c	0.80 0.03 ^{ab}	33.15 2.55 ^d	15.98 1.12 ^c	336.29 26.34 ^a
5	8.14 0.28 ^a	0.97 0.05 ^b	6.46 0.16 ^d	0.69 0.01 ^c	0.67 0.06 ^c	37.62 2.08 ^d	12.37 0.55 ^c	259.64 33.51 ^b
10	7.90 0.09 ^b	0.96 0.06 ^b	7.73 0.25 ^{bc}	0.77 0.03 ^c	0.78 0.03 ^b	50.99 4.24 ^c	14.46 0.87 ^c	378.23 19.63 ^a
20	7.77 0.15 ^b	0.57 0.03 ^c	8.83 0.33 ^b	1.00 0.02 ^b	0.87 0.02 ^a	70.98 8.61 ^b	23.01 1.62 ^b	376.18 22.03 ^a
50	7.68 0.06 ^{bc}	0.61 0.04 ^c	11.64 0.45 ^a	1.13 0.02 ^a	0.85 0.01 ^a	100.14 9.65 ^b	25.67 2.54 ^b	432.51 36.42 ^a
100	7.66±0.13 ^c	0.46±0.03 ^d	12.96±0.38 ^a	1.18±0.04 ^a	0.87±0.01 ^a	134.87±16.31 ^a	25.96±2.21 ^a	207.91±20.02 ^b

不同字母相同表示差异显著($P<0.05$)。

将同一流域不同开垦年限的农田土壤的理化性质值作平均,与对应流域荒漠土壤的理化性质值作差得到表 3。5 个流域的农田土壤 pH 值和电导率显著下降;同时,农田土壤有机碳、全氮、全磷含量显

著增加(除水磨河的全磷值外)。对于速效钾含量而言,在 5 个流域没有明显的变化规律,玛纳斯河流域、四工河流域及吉木萨尔河流域的农田土壤速效钾含量降低,而三工河及水磨河流域则表现出相反

表 3 北疆典型流域绿洲农田土壤理化性质的变化(与荒漠初始值的比较)

Table 3 The different soil nutrient value between desert and oasis in typical of Northern Xinjiang River Basin

流域	pH 值	电导率 /(mS · cm ⁻¹)	有机碳 /(g · kg ⁻¹)	全氮 /(g · kg ⁻¹)	全磷 /(g · kg ⁻¹)	速效钾 /(mg · kg ⁻¹)
玛纳斯河	-0.34	-3.47	4.24	0.44	0.12	-61.31
吉木萨尔河	-0.09	-1.08	2.55	0.66	0.06	-57.3
三工河	-0.61	-2.83	2.25	0.2	0.13	35.4
四工河	-0.23	-1.59	1.22	0.38	0.07	-17.17
水磨河	-0.44	-1.98	6.16	0.2	-0.03	24.63

的趋势。

2.2 荒漠开垦过程中土壤微生物量和群落结构的变化

荒漠一经开垦为农田,土壤微生物总 PLFA 含量即有所增加(图 1)。三工河、吉木萨尔河流域在开垦 20 a 后土壤总 PLFA 达到最大值,而玛纳斯河、四工河、水磨河流域在开垦 50 a 后土壤总 PLFA 达到最大值。除吉木萨尔河流域外其他 4 个流域土壤总 PLFA 在开垦 100 a 时均有所下降。

开垦 3 a 土壤中的 G⁺、G⁻、细菌和真菌 PLFA 含量相对于未开垦的荒地土壤显著升高($P<0.05$,图 2)。G⁺、G⁻、细菌和真菌 PLFA 含量在开垦前 20 a 内持续增长。真菌 PLFA 含量在开垦 20 a 的土壤中最达到最大值,在开垦 20 a 和 50 a 土壤中没有显著差异($P>0.05$)。细菌、G⁺ PLFA 含量在开垦 50 a 土壤中最达到最大值,在开垦 100 a 土壤中略有下降。G⁻ PLFA 含量在开垦 100 a 内的土壤中持续增长,但在开垦 20、50、100 a 土壤中没有显著差异($P>0.05$)。

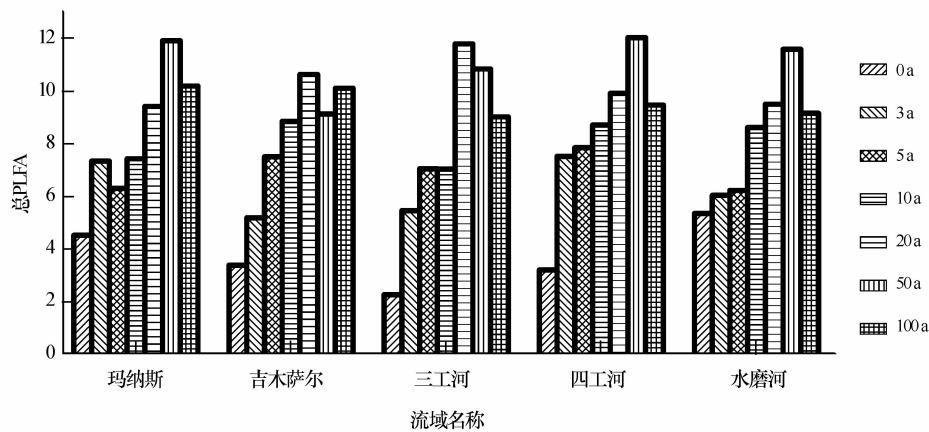


图 1 北疆典型流域荒漠开垦过程中土壤微生物 PLFA 总量的变化

Fig. 1 The change of total PLFA concentration from different reclamation years in typical of Northern Xinjiang River Basin

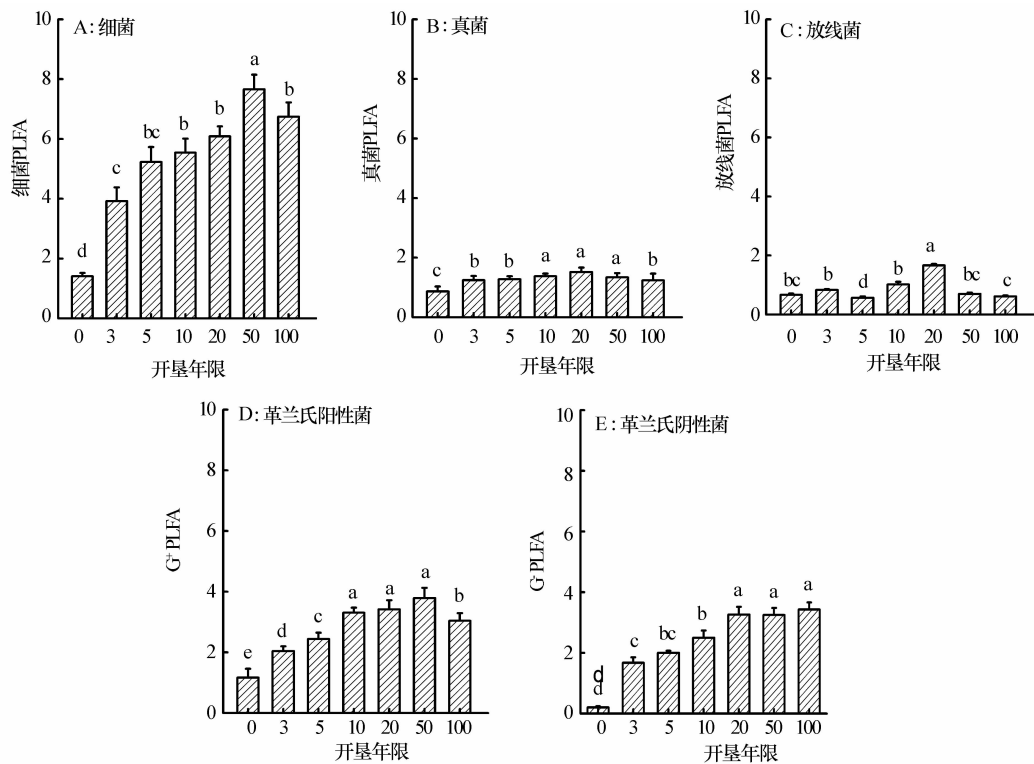


图 2 荒漠开垦过程中土壤的菌类含量的变化

Fig. 2 The change of PLFA concentrations of bacteria, fungi, actinomycete, gram-positive bacteria, gram-negative bacteria in desert reclamation process

开垦过程中,各微生物群落的增长并不同步。细菌与G⁻的PLFA的增幅更大,这使得微生物群落结构发生了显著变化(图3)。荒漠土壤的真菌PLFA/细菌PLFA比值为0.62,在开垦100a的农田土壤中这一比值降为0.18。同时,荒漠生态系统中土壤具有较高的G⁺PLFA/G⁻PLFA比值(2.74),而开垦100a的农田土壤中这一比值降低为0.89。这说明真菌与革兰氏阳性菌在荒漠系统中占优势,而细菌与革兰氏阴性菌在农田系统中占

优势。但随着开垦年限的延长(5~100a),以上两个比值并无显著差异($P>0.05$),说明荒漠开垦对微生物群落的影响主要发生在开垦前5a内,随着开垦年限的延长微生物群落结构保持稳定。

2.3 荒漠开垦过程中土壤微生物群落多样性的变化

从不同开垦年限的土壤中共检测到27种PLFA生物标记,不同生物标记代表着不同类型的微

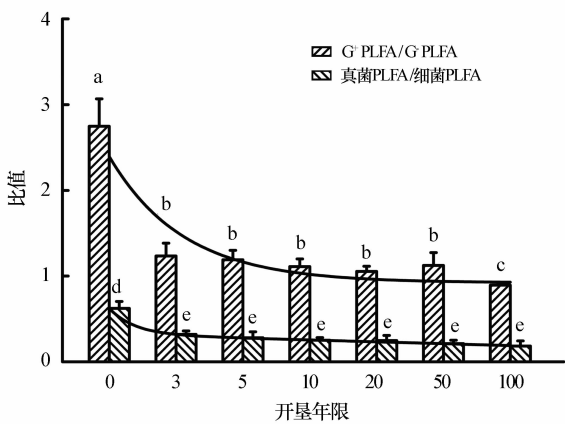


图 3 荒漠开垦过程中真菌 PLFA/细菌 PLFA、G⁺ PLFA/G⁻ PLFA 的比值变化

Fig. 3 The change of the ratios of gram-positive bacteria to gram-negative bacteria and fungi to bacteria in desert reclamation process

生物。其中,细菌 PLFA 19 种,真菌 PLFA 5 种,放线菌 PLFA 3 种。检测到的 PLFA 生物标记种类最少的土壤是水磨河的荒漠土壤,仅含有 14 种。含有最多微生物 PLFA 生物标记种类的是在吉木萨尔河流域开垦 50a 的土壤中,达到了 22 种。选取不

同开垦年限含量和出现频率最高的 10 个 PLFA 生物标记,分析不同 PLFA 生物标记的变化状况(表 4)。不同 PLFA 生物标记的含量在不同开垦年限土壤中存在着显著差异,并且呈不同的变化趋势。其中呈现出先增加,在开垦 20 a 或 50 a 达到最大值,随之减少趋势的土壤 PLFA 标记有 a15:0、i15:0、16:00、10Me16:0 和 10Me18:0;持续增长的 PLFA 标记有 16:1w7c、i17:1w8c;呈现开垦前 20 a 减少随着开垦年限延长增加的 PLFA 标记有 18:1w7c、18:1w9c 及 cy19:0w8c。

将同一流域不同开垦年限的以上 10 种土壤微生物 PLFA 生物标记含量计算平均值,除以与对应流域的荒漠土中的同一生物标记含量(表 5)。在所有的微生物物种中,16:1w7c 含量在荒漠开垦过程中的增幅最大,增长量至少 10 倍。农田与荒漠 PLFA 含量比值 5~10 的土壤 PLFA 标记有 i17:1w8c、16:00、i15:0。农田与荒漠 PLFA 含量比值 0.8~2 的土壤 PLFA 标记有 cy19:0w8c、a15:0、18:1w9c、18:1w7c、10Me16:0、10Me18:0,其中 cy19:0w8c 的比值在玛纳斯河流域和水磨河流域小于 1,18:1w9c 的比值在四工河及三工河流域小于 1。

表 4 荒漠开垦过程中土壤主要微生物的 PLFA 类型及含量 (nmol · g⁻¹) 的变化

Table 4 The change of the Types and contents (nmol · g⁻¹) of major PLFA in soils in desert reclamation process

生物标记	微生物类型	开垦年限						
		0	3	5	10	20	50	100
a15:0	革兰氏阳性菌	0.13±0.03 ^d	0.21±0.03 ^c	0.37±0.03 ^b	0.36±0.02 ^b	0.34±0.05 ^b	0.40±0.05 ^a	0.24±0.05 ^c
i15:0	革兰氏阳性菌	0.17±0.01 ^c	0.37±0.05 ^b	0.54±0.04 ^b	1.02±0.21 ^a	1.08±0.11 ^a	1.15±0.16 ^a	1.01±0.25 ^a
16:00	革兰氏阴性菌	0.02±0.02 ^d	0.07±0.01 ^d	0.18±0.02 ^b	0.22±0.03 ^{ab}	0.26±0.01 ^a	0.14±0.01 ^b	0.11±0.01 ^c
16:1w7c	革兰氏阴性菌	0.03±0.03 ^d	0.18±0.02 ^c	0.23±0.03 ^b	0.29±0.03 ^a	0.30±0.02 ^a	0.31±0.01 ^{ab}	0.31±0.03 ^a
10Me16:0	放线菌	0.17±0.02 ^{bc}	0.27±0.02 ^b	0.19±0.02 ^b	0.35±0.05 ^{ab}	0.51±0.04 ^a	0.24±0.01 ^b	0.13±0.03 ^c
i17:1w8c	革兰氏阴性菌	0.05±0.04 ^c	0.22±0.03 ^c	0.40±0.03 ^b	0.44±0.04 ^b	0.55±0.06 ^a	0.46±0.07 ^b	0.59±0.04 ^a
18:1w7c	真菌	0.30±0.04 ^b	0.33±0.04 ^b	0.29±0.02 ^b	0.31±0.03 ^b	0.19±0.01 ^c	0.55±0.04 ^a	0.61±0.03 ^a
18:1w9c	真菌	0.38±0.03 ^c	0.36±0.02 ^c	0.34±0.05 ^c	0.26±0.02 ^d	0.21±0.01 ^d	0.42±0.03 ^b	0.63±0.05 ^a
10Me18:0	放线菌	0.23±0.04 ^b	0.24±0.03 ^b	0.16±0.02 ^c	0.43±0.03 ^a	0.55±0.04 ^a	0.29±0.02 ^b	0.41±0.02 ^a
cy19:0w8c	革兰氏阴性菌	0.18±0.03 ^b	0.13±0.01 ^b	0.10±0.02 ^{bc}	0.09±0.01 ^c	0.11±0.02 ^{bc}	0.34±0.04 ^a	0.37±0.05 ^a

不同字母相同表示差异显著(P<0.05)。

开垦 10 a 的土壤微生物的 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数、Pielou 指数及 Brillouin 指数均显著高于荒漠(P<0.05,表 6)。Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数在开垦 20 a 的土壤中达到最大,与开垦 100 a 土壤相比存在显著差异(P<0.05)。Pielou 指数和 Brillouin 指数在开垦 50 a 的土壤中达到最大值,与开垦 100 a 土壤相比不存在显著差

异性(P>0.05)。开垦 100 a 土壤微生物多样性的各项指数皆高于荒漠土壤,并存在显著差异(P<0.05)。开垦 10 a 至 50 a 的土壤微生物群落多样性较为接近。

2.4 各菌群 PLFA 与土壤理化性质相关性分析

土壤总PLFA含量与土壤电导、pH值显著负相

表 5 北疆典型流域荒漠开垦后土壤主要微生物 PLFA 含量变化倍数

生物标记		流域名称				
		玛纳斯河	吉木萨尔	三工河	四工河	水磨河
a15;0	革兰氏阳性菌	1.65	1.86	1.35	1.98	1.94
i15;0	革兰氏阳性菌	5.07	6.11	5.61	6.23	5.01
16;00	革兰氏阴性菌	9.64	9.02	8.17	7.08	6.66
16;1w7c	革兰氏阴性菌	13.33	14.58	12.64	12.5	11.26
10Me16;0	放线菌	1.42	1.81	1.37	1.56	1.6
i17;1w8c	革兰氏阴性菌	8.51	9.67	8.68	9.06	9.33
18;1w7c	真菌	1.32	1.3	1.41	1.54	1.19
18;1w9c	真菌	1.21	1.02	0.81	0.93	1.05
10Me18;0	放线菌	1.53	1.84	1.34	1.52	1.67
cy19;0w8c	革兰氏阴性菌	0.93	1.21	1.15	1.05	0.89

表 6 荒漠开垦过程中土壤微生物群落多样性指数的变化

Table 6 The change of the soil microbial communities diversity indices desert reclamation process				
开垦年限	Shannon-Wiener 指数	Simpson 指数	Pielou 指数	Brillouin 指数
0	2.10±0.02 ^d	0.64±0.01 ^b	0.75±0.01 ^b	3.04±0.02 ^c
3	2.51±0.03 ^c	0.63±0.01 ^b	0.78±0.02 ^{ab}	3.20±0.01 ^c
5	2.52±0.03 ^c	0.67±0.02 ^b	0.79±0.02 ^a	3.36±0.02 ^b
10	3.05±0.04 ^a	0.73±0.01 ^a	0.84±0.03 ^a	3.40±0.05 ^b
20	3.12±0.05 ^a	0.75±0.02 ^a	0.87±0.01 ^a	3.42±0.06 ^b
50	2.76±0.01 ^b	0.71±0.02 ^a	0.86±0.03 ^a	3.64±0.06 ^a
100	2.93±0.02 ^b	0.67±0.03 ^b	0.80±0.02 ^a	3.60±0.09 ^a

不同字母相同表示差异显著($P<0.05$)。

关,与全氮、有机碳含量正相关,而与土壤全磷、速效钾含量的相关关系并不明显(图 4)。

不同开垦年限的土壤总 PLFA 含量、细菌 PLFA、G⁻PLFA 含量与土壤电导率显著负相关($P<0.01$),G⁺PLFA 和真菌 PLFA 含量与土壤电导率显著负相关($P<0.05$)。细菌 PLFA 和 G⁺PLFA 与土壤 pH 值显著负相关($P<0.05$)。土壤微生物总 PLFA 含量、G⁺PLFA 含量与全氮显著正相关,G⁻PLFA 含量与全氮极显著正相关($P<0.05$)。G⁻PLFA 含量与有效氮显著正相关($P<0.05$),放线菌 PLFA 含量与土壤理化性质未呈现显著相关性($P>0.05$,表 7)。

3 讨论

土壤微生物生物量表征土壤的生物状态、能量循环和土壤养分的生物有效性^[27]。一般认为,森林与草地等土壤养分高的生态系统开垦后,会导致土壤恶化及微生物数量降低^[6],但对于荒漠生态系统

而言,或许具有不同的效应。在本研究中,荒漠一经开垦为农田,土壤各菌群 PLFA 含量显著高于荒地($P<0.05$),其中土壤总 PLFA 含量和细菌 PLFA 含量在开垦的前 50 a 内持续增长。由于荒漠土壤贫瘠,本底养分低,而开垦为农田后每年的大水漫灌压盐改善了土壤盐碱化程度,加之开垦后地上部分生物量的增加以及化肥的施入,土壤养分含量迅速增加^[28];此外,荒漠土壤的通透性及水热条件在耕作过程中得到了显著的改善,进而加速了农作物残茬的分解^[9],使得荒漠开垦为农田后土壤环境得到了极大改善,促进了土壤微生物各菌群的增殖,进而提高了土壤微生物生物量,使开垦后的土壤微生物生物量显著高于毗邻荒漠。

荒漠开垦为农田后引起了土壤微生物群落结构的极大变化。土壤各菌群 PLFA 含量均有显著增加($P<0.05$),但细菌 PLFA 与 G⁻PLFA 含量增幅最高,使得真菌 PLFA/细菌 PLFA 比值与 G⁺PLFA/G⁻PLFA 比值显著下降($P<0.05$)。真

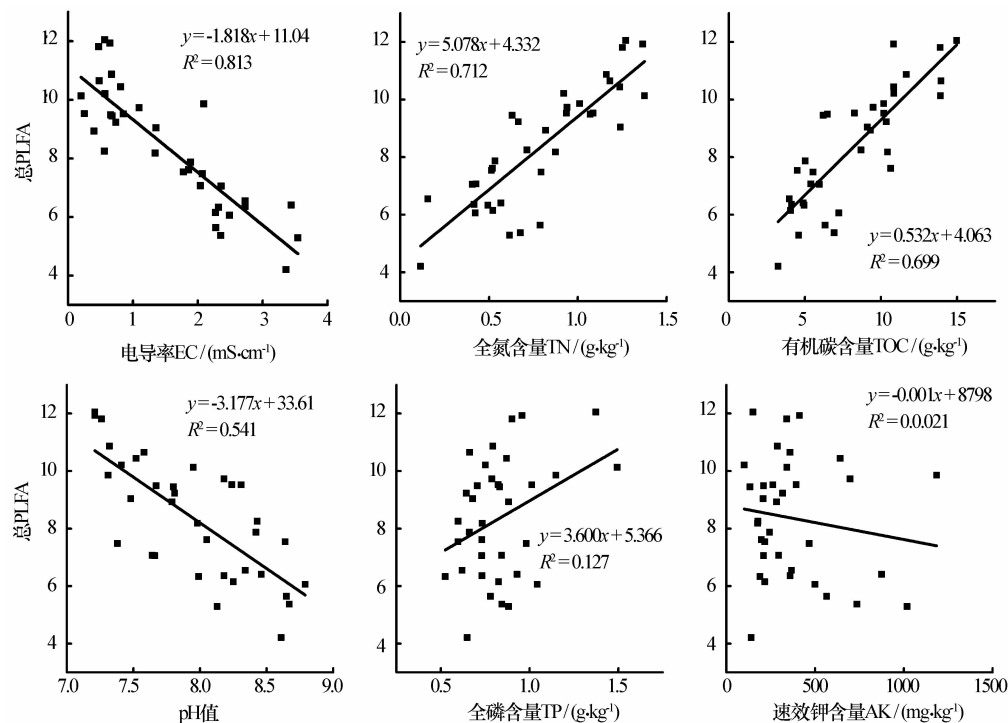


图 4 土壤中总 PLFA 含量与土壤电导、有机碳、全氮、pH 值、全磷和速效钾的关系

Fig. 4 Correlation of total PLFA concentration with EC, TOC, TN, pH, TP, AK in the soil

表 7 土壤微生物各菌群 PLFA 含量与土壤理化性质的相关性

Table 7 Relationship between microbial PLFA and soil physicochemical

	pH 值	电导	有机碳	全氮	全磷	有效氮	有效磷	速效钾
总 PLFA	−0.75	−0.92 **	0.87 *	0.89 *	0.38	0.75	0.41	−0.12
细菌 PLFA	−0.80 *	−0.92 **	0.80 *	0.73	0.38	0.73	0.41	−0.46
G ⁺ PLFA	−0.82 *	−0.84 *	0.61	0.82 *	0.43	0.65	0.37	−0.47
G [−] PLFA	−0.74	−0.94 **	0.85 *	0.91 **	0.52	0.80 *	0.47	−0.67
真菌 PLFA	−0.49	−0.84 *	0.77	0.57	0.24	0.32	0.04	−0.59
放线菌 PLFA	−0.25	−0.23	−0.09	0.17	0.41	−0.05	0.12	0.04

** 表示 $P<0.01$ 水平下显著相关; * 表示 $P<0.05$ 水平下显著相关。

菌 PLFA/细菌 PLFA 比值可反映两者相对含量的变化和两个菌群的相对丰富程度^[29]。在本研究区,农田土壤中真菌 PLFA/细菌 PLFA 比值明显低于荒地,这主要是因为农耕活动显著提高了土壤养分的可利用率,而细菌对水分和养分变化的敏感性强于真菌^[30],因此细菌的增长速率远大于真菌,从而降低了真菌 PLFA/细菌 PLFA 比值,这说明土壤由贫瘠的真菌型向肥沃的细菌型转变。开垦后 G⁺ PLFA/G[−] PLFA 比值显著降低($P<0.05$),表明在荒地系统中革兰氏阴性菌在细菌结构中占优势,开垦降低了这种优势。这是由于革兰氏阳性菌适应贫瘠的土壤,它会在资源丰富的环境中迅速生长繁殖起来^[31]。随着开垦年限的增加,真菌 PLFA/细菌 PLFA 比值与 G⁺ PLFA/G[−] PLFA 比值趋于稳定,

这暗示,荒漠开垦这一行为相对于耕作年限而言,具有对土壤微生物群落结构更强烈的影响。

与荒漠相比,开垦 20 a 及 50 a 的的土壤微生物群落的 Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou 指数均有所升高,说明开垦 20 a 及 50 a 土壤中的微生物群落多样性丰富,且不同物种的个体数量分布均匀,但开垦 100 a 的土壤微生物群落多样性与均匀程度出现了一定程度的下降。随着开垦年限的延长,土壤环境得到一定程度的改善,微生物物种数量增多,多样性指数达到最大值;开垦较长年限后(>50 a),各类微生物物种趋向单一,细菌增加较快且所占比例增大、真菌开始下降、放线菌变化幅度较大,故多样性指数呈下降趋势。

土壤微生物 PLFA 总量与大部分菌群 PLFA

含量均与土壤电导度呈显著负相关,这与其他研究结果一致^[24]。说明在本研究区电导度是土壤微生物生长的主要影响因素,荒漠开垦为农田后土壤中的含盐量降低,能提高作物对养分与水分的吸收和利用,为土壤微生物提供良好的生存环境,刺激微生物的生长和活力。这一结果与许多学者研究结果相符^[32]。荒漠开垦过程中,土壤覆被剧烈改变,作物生物量、残茬、根密度均极显著地高于荒漠,为土壤输入大量养分,特别是土壤有机碳与氮素含量显著增加,不仅改变了土壤微生物的结构,而且促进了土壤微生物生物量、增强了土壤微生物的多样性。

4 结论

对于本底养分低的荒漠生态系统,开垦使土壤微生物总量增长了2.46倍、真菌PLFA含量增长了1.74倍、细菌PLFA含量具有最大增幅(4.15倍)。同时,荒漠开垦使土壤微生物群落结构发生明显的变化,由贫瘠的真菌型转变为肥沃的细菌型、由以革兰氏阳性菌占主导转变为以革兰氏阴性菌占主导。再者,开垦后土壤微生物多样性指数也有所升高,表明荒漠的开垦有利于微生物的生长并促进其多样性。

土壤微生物PLFA总量与大部分菌群PLFA含量均与土壤电导率呈显著负相关关系($P < 0.05$),与全氮和有机碳含量呈显著正相关关系($P < 0.05$)。提示荒漠开垦过程中微生物与土壤理化性质之间存在强烈的相关关系。

荒漠开垦初期(≤ 5 a),真菌PLFA/细菌PLFA比值与 G^+ PLFA/ G^- PLFA比值迅速降低,随着开垦年限的延长两个比值没有显著变化,这表明荒漠的开垦行为相比于开垦年限具有对土壤微生物群落更强烈的影响。

参考文献:

- [1] Lerch T Z, Dignac M F, Nunan N, et al. Dynamics of soil microbial populations involved in 2,4-D biodegradation revealed by FAME-based stable isotope probing[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(1): 77—85.
- [2] Zhong W, Gu T, Wang W, et al. The effects of mineral fertilizer and organic manure on soil microbial community and diversity[J]. *Plant and Soil*, 2010, 326(1/2): 511—522.
- [3] Liu E, Yan C, Mei X, et al. Long-term effect of chemical fertilizer, straw, and manure on soil chemical and biological properties in northwest China[J]. *Geoderma*, 2010, 158(3): 173—180.
- [4] 龙利群, 李新荣. 土壤微生物结皮对两种一年生植物幼苗存活和生长的影响[J]. *中国沙漠*, 2003, 23(6): 656—660.
- [5] 林黎, 崔军, 陈学萍, 等. 滩涂围垦和土地利用对土壤微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2014, 34(4): 899—906.
- [6] 许艳丽, 李春杰, 韩晓增. 不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响[J]. *生态学杂志*, 2008, 27(7): 1134—1140.
- [7] Cui J, Liu C, Li Z, et al. Long-term changes in topsoil chemical properties under centuries of cultivation after reclamation of coastal wetlands in the Yangtze Estuary, China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2012, 123: 50—60.
- [8] 李易麟, 南忠仁. 开垦对西北干旱区荒漠土壤养分含量及主要性质的影响——以甘肃省临泽县为例[J]. *干旱区资源与环境*, 2008, 22(10): 147—151.
- [9] 罗格平, 张百平. 干旱区可持续土地利用模式分析——以天山北坡为例[J]. *地理学报*, 2006, 66(11): 1160—1170.
- [10] 李晨华, 李彦, 谢静霞, 等. 荒漠-绿洲土壤微生物群落组成与其活性对比[J]. *生态学报*, 2007, 27(8): 3391—3399.
- [11] 龚新梅, 吕光辉, 桂东伟. 用虚拟水理论方法讨论新疆绿洲生态恢复与可持续发展[J]. *干旱区资源与环境*, 2007, 21(5): 132—135.
- [12] 韩德麟. 关于绿洲若干问题的认识[J]. *干旱区资源与环境*, 1995, 9(3): 13—31.
- [13] Xu H, Li Y. Water-use strategy of three central Asian desert shrubs and their responses to rain pulse events[J]. *Plant and Soil*, 2006, 285(1/2): 5—17.
- [14] 李晨华, 唐立松. 长期施肥对绿洲农田土壤剖面有机碳及其组分的影响[J]. *干旱区地理*, 2013, 36(4): 637—644.
- [15] 韩文炎, 阮建云, 林智, 等. 茶园土壤主要营养障碍因子及系列茶树专用肥的研制[J]. *茶叶科学*, 2002, 22(1): 70—74.
- [16] 王少昆, 赵学勇, 左小安, 等. 科尔沁沙地植物萌动期不同类型沙丘土壤微生物区系特征[J]. *中国沙漠*, 2008, 28(4): 696—700.
- [17] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [18] 马文文, 姚拓, 靳鹏, 等. 荒漠草原2种植物群落土壤微生物及土壤酶特征[J]. *中国沙漠*, 2014, 34(1): 176—183.
- [19] Frostegard A, Tunlid A, Baath E. Microbial biomass measured as total lipid phosphate in soils of different organic content[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1991, 14(3): 151—163.
- [20] Thoms C, Gleixner G. Seasonal differences in tree species influence on soil microbial communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 66: 239—248.
- [21] Córdova-Kreylos A L, Cao Y, Green P G, et al. Diversity, composition, and geographical distribution of microbial communities in California salt marsh sediments[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(5): 3357—3366.
- [22] Wu Y, Ding N, Wang G, et al. Effects of different soil weights, storage times and extraction methods on soil phospholipid fatty acid analyses[J]. *Geoderma*, 2009, 150(1): 171—178.
- [23] 吕桂芬, 吴永胜, 李浩, 等. 荒漠草原不同退化阶段土壤微生物、土壤养分及酶活性的研究[J]. *中国沙漠*, 2010, 30(1): 104—109.

[24] 逢蕾,肖洪浪,谢忠奎,等. 砂田不同覆盖方式对土壤微生物组成的影响[J]. 中国沙漠,2012,32(2):351—358.

[25] Zak D R, Ringelberg D B, Pregitzer K S, et al. Soil microbial communities beneath *Populus grandidentata* grown under elevated atmospheric CO₂ [J]. Ecological Applications, 1996, 6 (1):257—262.

[26] Fuchslueger L, Bahn M, Fritz K, et al. Experimental drought reduces the transfer of recently fixed plant carbon to soil microbes and alters the bacterial community composition in a mountain meadow[J]. New Phytologist, 2014, 201(3):916—927.

[27] Dong H Y, Kong C H, Wang P, et al. Temporal variation of soil friedelin and microbial community under different land uses in a long-term agroecosystem[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 69:275—281.

[28] 吕贻忠,马兴旺. 荒漠化土壤养分变化的影响因素研究进展[J]. 生态环境,2003,12(4):473—477.

[29] Liu S H, Liu S Q, Zhang Z, et al. Influence of garlic continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43(5):1000—1006.

[30] Fontaine S, Mariotti A, Abbadie L. The priming effect of organic matter: a question of microbial competition[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(6):837—843.

[31] Chapin III F S, Matson P A, Vitousek P. Principles of terrestrial ecosystem ecology[M]. New York, USA: Springer Science & Business Media, 2011, (47):621—629.

[32] 周智彬,李培军. 塔里木沙漠公路防护林土壤微生物活性研究[J]. 中国沙漠,2003,23(4):452—458.

Effects of Desert Reclamation on Soil Microbial
Community and Microbial Diversity

Wang Yinya^{1a,2}, Li Chenhua¹, Ma Jian¹

(1. a. State Key Laboratory of Desert and Oasis Ecology/b. Fukang Station of Desert Ecology, Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi 830011, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: Soil microbial biomass, community structure and microbial diversity were analyzed by using phospholipid fatty acid (PLFA) methods, based on the soil of oasis field typical basins (Manas River Basin, Jimsar river, Sangong river, Sigong river, shuimo River) and the adjoining desert in the southern Gurbantunggut Desert. The result of the ecological evaluation showed that: The total PLFAs, Fungi PLFA, Bacteria PLFA, Gram-positive bacteria PLFA(G⁺) and Gram-negative bacteria PLFA(G⁻) had generally increased after reclamation of desert; Microbial community structure has undergone significant changes: In the early desert reclamation (3 a), fungal PLFA/bacterial PLFA ratio decreased 48%, G⁺ PLFA/G⁻ PLFA ratio (Gram-positive bacteria and Gram-negative bacteria PLFA ratio) reduce 67%. But with the extension of cultivation years, these two ratios did not change significantly, suggesting that compared with reclamation years, desert reclamation behavior have a more intense effect on the soil microbial community. In addition, the overall trend of the soil wicrobial diversity is rising with years of use. The diversity index showed a slight decrease after reclamation of 50 years but still higher than the desert soil. The total soil microbial PLFA and most bacteria PLFA content had significant negative correlation with soil conductivity while they had significant positive correlation with total nitrogen and organic carbon. Desert in the reclamation process due to irrigation increased soil moisture and reduces soil salinity, while total nitrogen and organic carbon content increased, these changes are the main reasons for the change of soil microbial communities. This study suggested that desert reclamation helped to improve soil microbial PLFA content, improve soil microbial community structure, and enrich diversity of soil microbial communities. Finally it contributed to improve soil quality.

Key words: Gurbantunggut Desert; reclamation years; microbial community; phospholipid fatty acid