施肥对金沙江干热河谷退化草地土壤微生物的影响◎

张彦东^{1,2}, 孙志虎¹, 沈有信²

(1. 东北林业大学 森林资源与环境学院,黑龙江 哈尔滨 150040; 2. 中国科学院 西双版纳热带植物园,云南 昆明 650223) 摘要:在金沙江干热河谷区的退化草地上进行了 2 年的氮磷施肥试验,试验结束后分析了土壤特性及土壤微生 物数量和生物量的变化。结果表明,在施氮量为 5, 15 g/(m²• a) 时,土壤微生物的数量和生物量均没有明显变化, 而当施氮量增加到 25 g/(m²• a) 时,土壤微生物的数量和生物量比对照明显增加。施磷没有引起土壤微生物数量 和生物量的明显增加。施氮和施磷均没有引起土壤细菌、真菌和放线菌组成的变化。这表明氮虽然影响土壤微 生物的数量,但对土壤微生物的组成没有影响。施氮导致土壤硝态氮增加,但对氨态氮影响不大,硝态氮可能是 影响土壤微生物数量的重要因素。施氮和施磷后植物群落地上生物量均出现增加的趋势,但土壤有机质没有明 显增加。施氮和施磷也没有引起土壤 pH 和含水率的明显改变。我们的试验结果表明,在干热河谷退化草地生 态系统,仅靠短期施用无机肥料恢复土壤微生物群落是困难的。 关键词:土壤微生物; 干热河谷; 氮、磷施肥; 退化草地

中图分类号: S154 文献标识码: A 文章编号: 1009-2242(2005) 02-0088-04

Effect of Fertilization on Soil Microorganism of Deteriorated Grassland in Dry-Hot Valley Region of Jinsha River

ZHANG Yan-dong^{1, 2}, SNU Zhi-hu¹, SHEN You-xin²

(1. Forest Resource and Environment College, Northeast Forestry University, Harbin 150040;

2. Xishuangbanna Tropical Botanic Garden, Chinese Academy of Science, Kunming 650223)

Abstract: The fertilization of nitrogenous fertilizer and phosphate fertilizer experiment was carried out on the deteriorated grassland in the dry-hot valley region of the Jinsha River. After the experiment, quantity and biomass of soil microorganism as well as soil property were surveyed. The results showed, in the treatments of 5, 15 g/ ($m^2 \cdot a$) nitrogenous fertilizers, the variance of soil microorganism in quantity and biomass, compared with control, was not significant. But in the treatment of 25 g/ ($m^2 \cdot a$) nitrogenous fertilizers, there were significantly incremented. Quantity and biomass of soil microorganism did not increase significantly under phosphate fertilization. Fertilization of nitrogenous fertilizer and phosphate fertilizer also didn't bring about the significant variance of the proportions of bacteria, fungus, and actinomycetes to the gross of microorganism. This indicated that nitrogenous fertilizer could affect the quantity of soil microorganism, but could not affect the composition of soil microorganism. Fertilization of nitrogenous fertilizer ould increase the content of nitrate nitrogen, but had little affection on the content of ammoniacal nitrogen. After the fertilization of nitrogenous fertilizer and phosphate fertilizer, soil pH, and the water content had no significant change. Our results indicated that the restoration of the soil microorganism in the deteriorated grassland of the dry-hot valley region was difficult by the short-term fertilization of chemical fertilizer. **Key words:** soil microorganism; dry-hot valley; nitrogenous, phosphate fertilizer; deteriorated grassland

土壤微生物直接参与土壤的矿化过程,是生态系统中不可缺少的重要组成部分。在退化生态系统中,伴随 着植被的消失,土壤微生物群落的组成和结构也遭到破坏^[1]。退化生态系统恢复不仅仅是植被的恢复,也包括 土壤微生物群落的重建过程。一些研究表明,土壤中的碳和氮常常是限制土壤微生物组成和数量的主要因 素^[2,3]。施肥作为退化植被恢复的方法常常被使用,由于施肥后植物生长加快,土壤中的碳增加,同时施肥可 直接改善土壤限制养分状况,导致微生物群落发生变化,因此施肥作为土壤微生物恢复的可能方法近年引起了 人们的重视^[4,5]。

干热河谷是我国西南地区特有的生态系统类型,由于人为的长期破坏,植被已经严重退化,残存的土壤比 较贫瘠。在这种贫瘠的立地上,土壤养分可能成为限制该系统恢复的主要因素。因此为探讨限制该系统土壤

基金项目:中国科学院特别支持项目(项目编号:9915-4)

作者简介: 张彦东, 男, 生于 1963年, 博士, 教授。主要从事恢复生态学、森林培育学研究, 发表论文 40余篇。E- mail zhyd63@ yahoo.com. © 1994-2012^{co}China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

① 收稿日期: 2004-09-27

微生物恢复的主要养分因子,以及施肥对该系统土壤微生物群落组成和数量的影响,我们在金沙江干热河谷的 退化草地上,选择了在自然生态系统中常成为限制因素的氮和磷进行了2年的施肥试验。本研究可为干热河 谷退化生态系统的恢复提供理论依据。

1 研究方法

1.1 研究地点概况

本研究在云南省东川市绿茂乡境内的中国科学院东川泥石流观测研究站进行。该站位于东经 103 6 ~ 13′,北纬 26° 13′ ~ 17′,属金沙江一级支流小江流域。研究地点位于亚热带半干旱河谷带,本地的年平均气温在 20℃以上,≥10℃积温为 6000℃。年平均降水量为 693 mm,年平均蒸发量为 3 638 mm。本地气候干湿季分明, 510 月为湿季,从 11 月至翌年的 4 月为干季,干季的降水量仅占年降水量的 12%。

该区由于人为的长期破坏,原始植被已荡然无存,现存植被有草丛、灌草丛、稀树灌木草丛以及一些栽植的 人工林,而分布较广的为草丛和灌木草丛。试验地设在中国科学院东川泥石流观测研究站后山。试验地海拔 约为1350m,坡向为NE40°,坡度为28°。试验地的土壤为褐燥土亚类,由于长期侵蚀,现存土层较薄,石砾含量 较高。试验地植被为灌草丛。优势种为扭黄茅(*Heteropogon contortus*)、主要伴生种有小叶荩草(*Arthraxon jispidus*)、类芦(Neyraudia reynaudiana)、竹油芒(*Spodiopogon bambusoides*)、截叶胡枝子(*Lespedeza juncea*)。由于 灌木较矮,群落在高度上分层不明显。

1.2 研究方法

1.2.1 i 施肥试验 施肥分施氮肥(硝酸铵)和磷肥(过磷酸钙)2种。氮肥设3个水平分别为(纯氮用量):N1为5g/(m²•a),N2为15g/(m²•a)和N3为25g/(m²•a);磷肥设2个水平(纯磷用量),P1:10g/(m²•a)和P2:20g/(m²•a);另外设一个不施肥的对照,共6个处理。施肥时先在所选择的地块内划分出30个3m×5m的样方,然后在每个样方内划分出6个1m×2.5m的小样方。每个1m×2.5m的小样方安排1个施肥处理,各个处理随机排列。因共有30个3m×5m的样方,因此每个施肥处理重复30次。施肥试验于2000年6月初开始,到2001年10月中旬结束。每年施肥2次,第1次在6月1号,第2次在8月1号,每次施肥数量为全年用量的1/2。每次施肥时将肥料均匀地散在各个样方内。

1.2.2 植物生物量测定 于 2000 年和 2001 年的 10 月中旬,在每个 1m×2.5m 的小样方内设置 1 个 0.5m×1m 的取样样方进行收割,两次收割的样方不重复。收割时将样方内的草本和乔灌木地上部分用剪刀紧贴地表割下,全部称取鲜重,然后取样测定含水率,计算干重。

1.2.3 土壤养分测定 于施肥试验结束时的 2001 年 10 月 13 日, 在每个 $lm \times 2.5m$ 小样方内设 1 个采样点, 采 集 020 mm 层内的土壤。分析土壤的有机质, 全 N、全 P、硝态氮、铵态氮、速效 P 以及 pH 和含水率。土壤有机 质采用 K₂Cr₂O₇ 加热法测定, 全 N 用凯氏法, 全 P 用 HClO₄- H₂SO₄ 法, 硝态氮和铵态氮用 2 M KCl 浸提法, 速效 磷用 NaHCO₃ 浸提法, pH 用水浸法, 水: 土为 5 1, 含水率用烘干法^[6]。土壤中石砾含量为 73.8%, 测定的养分 浓度不包括石砾, 为净土壤的含量。

1.2.4 微生物数量和生物量测定 用以上采集的样品进行养分分析的土壤鲜样进行微生物测定。土壤微生物数量分细菌、真菌和放线菌三大类群测定,采用平板稀释法记数。细菌用牛肉蛋白胨培养基,真菌用马丁氏培养基,放线菌用高氏1号培养基^[7]。微生物生物量的测定采用干重换算法^[8]。

2 结 果

2.1 施肥对土壤微生物数量、组成和生物量的影响

施氮和施磷引起土壤微生物数量和组成的变化规律略有不同。施氮引起土壤微生物总数的变化与施氮量 有关(表1)。在 N₁(5 g/(m²•a))和 N₂ 处理(15 g/(m²•a)),土壤微生物总数与对照相比仅发生较小的变化。然 而在 N₃ 处理(25 g/(m²•a))微生物总数比对照增加 38.5%,增加的幅度较大,经检验差异显著(P < 0.05)。这 表明施氮处理只有当施氮量较大时才能引起土壤微生物总数的明显增加。在施磷处理,土壤微生物总数与对 照相比均表现增加,但增加的数量较低,分别为 9.3% (P₁ 处理)和 12.1% (P₂ 处理),经检验差异不显著(P > 0.05)。

在 N₁ 和 N₂ 处理中, 土壤细菌、真菌 和放线菌的数量和比例与对照比较都没 🦻 有表现出较大的变化(表1)。在 N3 处理 -中,虽然土壤中细菌、真菌和放线菌的数 量与对照比较表现出增加,但细菌、真菌 和放线菌各部分所占的比例与对照比较 并没有发生较大的改变,表明施氮处理没 有改变土壤中微生物的组成。

在2个施磷处理中,土壤细菌的数量 和比例与对照比较表现出增加的趋势,而 放线菌表现降低的趋势,但增加和降低的 数量都不显著(P > 0.05), 真菌数量变化

表 1 施肥处理后土壤微生物的数量和生物量变化

处理	细菌数量	真菌数量	放线菌数量	微生物总数	微生物生物量	
	$(\times 10^4 \text{ /}g \pm)$	(×10 ⁴ 个/g 土)	$(\times 10^{4} \text{ /} g \pm)$	$(\times 10^{4} \text{ /} g \pm)$	(mg/g ±)	
N 1	103. 20	3.63	28.10	134, 93	10.12	
	(76.5)	(2.7)	(20.8)	134. 93	10.12	
N_2	105.35	5.43	30.65	141, 43	12.25	
	(74.5)	(3.8)	(21.7)	141. 45	12.23	
N ₃	174.07	4.82	40.90	189. 79*	15.34*	
	(79.2)	(2.2)	(18.6)	10). 7)	15.54	
P_1	122. 22	3.18	24.33	149. 73	12.07	
	(81.6)	(2.1)	(16.2)	149.75	12.07	
P_2	124.12	3.57	25.98	153, 67	12.21	
	(80.8)	(2.3)	(16.9)	155. 07	12.21	
CK	106.42	3.25	27.38	137.05	10.20	
	(77.6)	(2.4)	(20.0)	157.05	10.20	

括号中数据为各处理的细菌、真菌和放菌数量占微生物总数比例。

不大,说明施磷也没有明显改变土壤中的微生物组成。

施肥与对照比较,除施氮较少的Ni处理导致土壤微生物生物量的微小降低外,其余施氮和施磷处理均导 致微生物生物量的增加(表1)。在N3处理土壤微生物生物量增加最多,比对照增加50.4%,形成了显著差异 (P < 0.05)。其余处理与对照相比增加均不明显(P > 0.05)。

2.2 施肥对植物地上生物量及土壤有机质的影响

(²m²) 所有的施肥处理均导致群落地上生物量的增加(图1),尤其 施氮处理增加较多。 经差异显著性检验在 5 个施肥处理中, 只有 🗃 N_2 和 N_3 处理生物量增加明显 (*P* < 0.05), 其余均未达到显著水 ÷ 平。土壤有机质是影响土壤微生物的一个重要因素,而土壤有机 🕏 质主要来自植物凋落物、因此、群落生物量的增加会影响土壤有机 质的变化。经过2年施肥处理的土壤有机质也表现出增加的趋势 (表 2), 但增加的数量较少, 均未达到显著差异(P > 0.05)。虽然施肥后植物生物量增加较快,但土壤有机质增加的速度却较慢,土 壤有机质的变化可能是一个更缓慢的过程。



图 1 施肥对植物群落地上生物量的影响

2.3 土壤养分与土壤微生物数量变化的关系

施氮处理2年后,土壤中的全氮和 氨态氮并没有表现明显增加,而土壤硝 态氮浓度却发生明显变化(表 2)。在少 量施氮时 $(N_1$ 处理),土壤硝态氮浓度低 于对照,但当施氮量增加时 $(N_2 \cap N_3)$ 处 理,土壤硝态氮的浓度均高于对照。 尤其在施氮量最高的 N3 处理, 土壤硝

表 2 施肥对土壤养分状况和物理性质的影响

处理	有机质 (%)	全氮 (%)	氨态氮 (^μ g/g)	硝态氮 (^μ g/g)	全 磷 (%)	有效磷 (µg/g)	рН	含水率 (%)
N_1	6.40	0.29	6.54	2.69	0.09	7.25	7.37	18.1
N_2	6.62	0.28	6.64	3.66	0.08	7.38	7.20	18.6
N ₃	6.65	0.31	6.71	5. 51*	0.09	7.09	7.16	17.6
P_1	6.53	0.29	6.62	2.19	0.11	27. 9 4*	7.34	18.9
P_2	6.43	0.29	6.68	2.63	0.13	41.18*	7.28	19.7
CK	6.15	0.29	6.65	3.12	0.09	8.02	7.39	18.9

态氮浓度比对照增加 76.6%, 差异显著(P < 0.05)。值得注意的是在 N₃处理土壤微生物总数也出现大幅度 增加。施氮处理后土壤中的有效磷浓度均出现少许降低,可能是因为植物生长加快,增加了对磷的吸收。

施磷处理后土壤中磷的浓度发生了明显的变化(表2)。2种施磷处理均导致了土壤全磷浓度的增加,尤其 大量施磷处理(P2处理)土壤全磷增加了44.4%。施磷处理后土壤有效磷浓度增加更明显,增加的幅度分别 为: 248.4% (P1 处理)和 412.9% (P2 处理), 与对照比较差异明显(P < 0.01)。可能因本试验的土壤含磷较低, 因此施磷导致土壤中的磷明显增加。虽然施磷处理后土壤磷浓度明显增加,但是土壤微生物却没有表现明显 增加。施磷处理对土壤中的全氮和氨态氮没有产生影响,但施磷后导致土壤中的硝态氮下降,但经检验差异不 明显(P > 0.05)。

土壤 pH 和水分含量是影响土壤微生物数量和组成的一个重要因素。不同施肥处理 2 年后, 土壤的 pH 没 有出现明显的差异(表2)。施肥引起植物生长加快后,有可能对土壤水分产生一定影响,但在试验结束时测定 各处理的土壤表层含水率表明,施肥也没有导致土壤含水率的明显变化(表 2)。

以上分析可以看出,施肥对土壤中的硝态氮影响较大,而且土壤微生物的数量也是随硝态氮的增加而增加 的。为了进一步验证硝态氮对土壤微生物数量影响的作用,我们将硝态氮与土壤微生物生物量之间建立相关

91

关系(图 2)。结果表明, 土壤硝态氮与微生物生物量之间相关紧密 ($r = 0.810 > R_{0.01} = 0.302$, n = 72)。

3 讨 论

本次施肥多数处理土壤微生物数量没有明显增高,可能在一定程度 上和施肥处理后土壤有机质没有明显增加有关。虽然施肥第1年植物 的地上生物量就表现增加,但由于在第2年一部分枯死的草本茎秆还站 立在地表面,没有进入土壤中,因此土壤有机物质增加并不明显。Hatch DJ的研究也认为,当施用无机肥料的同时供应一定的有机物质时,土壤 微生物数量会明显增加^[5]。



^{图 2} 土壤微生物量与土壤硝态氮的关系 主要因素。虽然氮是本系统的主要限制养分,而且氮也是限制土壤微生物的主要因素之一^[2],但在本试验条件 下,少量和中等施氮(N₁和N₂处理)并没有导致土壤微生物数量和生物量的明显增加。产生这种现象的原因 可能是植物和土壤微生物之间对氮产生了竞争。由于本试验的土壤严重缺氮,施氮后植物生长加快,施入土壤 中的氮可能大部分被植物吸收,因此微生物得不到充分的氮用于自身繁殖。在施氮量最低的 N₁处理,由于施 氮的刺激作用植物生长量增加,结果导致土壤的有效氮浓度反而低于对照,此时土壤微生物的数量也低于对 照。Wang J G 等的研究证明在氮有效性较低时,植物根系对氮的竞争会抑制土壤微生物的生长^[9]。在施氮量 较大时,土壤微生物的数量和生物量才出现明显增加。此时可能由于土壤的有效氮浓度较高,植物和微生物之 间对氮的竞争减弱,微生物可以利用一部分氮进行增殖。本试验各施肥处理之间硝态氮表现出一定差异,而氨 态氮差异不明显。有研究证明在碱性土壤中氨态氮易挥发有效性较低,植物主要利用硝态氮^[10]。本试验的土 壤呈微碱性,而且试验地区的温度较高,因此在本试验条件下,硝态氮在控制植物和微生物之间的竞争上可能 发挥了更大的作用。

虽然磷也是构成微生物体的主要组分,而且本试验施磷使土壤磷浓度明显增加,但对土壤微生物数量的影响却不明显。这表明在本试验条件下,磷不是影响土壤微生物的主要因素。也有研究表明施磷并不导致土壤 微生物数量的增加^[11]。

本研究表明,在干热河谷退化生态系统氮既是限制植物生长的主要因子,也是限制微生物群落恢复的重要因素。尤其土壤中硝态氮含量对土壤微生物群落的恢复起到了关键的作用。如果在增加无机氮的同时,适当增加土壤中有机质的含量,对土壤微生物群落的恢复可能会取得更好的效果。 参考文献:

- [1] 龙章富,刘世贵,葛绍荣.退化草地土壤生化活性研究[J].草地学报,1994,2(2):58-65.
- [2] Zak D R, Grigal D R, Gleeson S, et al. Carbon and nitrogen cycling during old-field succession: constraints on plant and microbial biomass[J]. Biogeochemistry, 1990, 11:111–129.
- [3] Zak D R, Tilman D, Parmenter R R, et al. Plant production and soil microorganisms late-successional ecosystems: a continental scale study[J]. Ecology, 1994, 75: 2333 – 2347.
- [4] Lovell R D, Jarvis S C, Bardgett R D. Soil microbial biomass and activity in long-term grassland: effects of management changes[J]. Soil Biol Biochem, 1995, 27: 969-975.
- [5] Hatch D J, Lovell R D, Antil R S, et al. Nitrogen mineralization and microbial activity in permanent pastures amended with nitrogen fertilizer or dung[J]. Biol Fertil Soils, 2000, 30: 288–293.
- [6] 鲁如坤. 土壤农化分析方法[M]. 北京:中国农业出版社, 2000. 107-108, 147-197, 306-315.
- [7] 中国科学院南京土壤研究所微生物室.土壤微生物研究方法[M].北京:科学出版社, 1985.43-57.
- [8] 廖仰南. 草原土壤微生物生物量的测定方法[A]. 中国科学院内蒙古草原生态系统定位研究站. 草地生态系统研究(第2 集)[M]. 北京: 科学出版社, 1988. 233-239.
- [9] Wang J G, Lars R, Bakken. Competition for nitrogen during mineralization of plant residues in soil: microbial response to C and N availability[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1997, 29:163–170.
- [10] 朱兆良, 文启孝. 中国土壤氮素[M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 1992. 173-174.
- [11] Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, et al. Effect of nitrogen and phosphate fertilisers on microbial and nematode diversity in pasture soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33:953–964.