

内蒙古皇甫川流域不同生态环境对土壤微生物类群数量的影响

邵玉琴, 朴顺姬, 敖晓兰, 宋国宝

(内蒙古大学生命科学学院自然资源研究所内蒙古草地生态学重点实验室, 内蒙古 呼和浩特 010021)

摘要:采用现场采样及室内培养方法,对内蒙古皇甫川流域不同环境条件下,结皮层和0~20 cm 土层中的微生物各类群数量分布特征进行了研究。结果表明,无芽孢型细菌、有芽孢型细菌和细菌总数量为:原生环境区>生态恢复治理区>水土流失区;细菌、真菌和放线菌的数量为:原生环境区和生态恢复治理区>水土流失区;在生态恢复治理区中有些真菌和放线菌的数量接近或超过原生环境区;原生环境区和生态恢复治理区微生物各类群数量反映出草地的土壤质量和健康状况高于水土流失区;微生物各类群数量分布的基本特征与微生物生物量碳、全氮、有机碳含量和微生物生物量碳占有有机碳百分比的高低有很好的相关性。

关键词:内蒙古皇甫川流域;原生环境区;生态恢复治理区;水土流失区;土壤微生物类群数量

中图分类号:S154.36 **文献标识码:**A **文章编号:**1672-2043(2004)03-0565-04

Effects of Different Eco-Environmental Types on the Number of Soil Microbes in Huangfuchuan Watershed in Inner Mongolia

SHAO Yu-qin, PIAO Shun-ji, AO Xiao-lan, SONG Guo-bao

(College of Life Sciences, Inner Mongolia University, Key Laboratory of Inner Mongolia Grassland Ecology, Hohhot 010021, China)

Abstract: A study was done to reveal the distribution of soil microbial microorganisms in different eco-environmental types in Huangfuchuan watershed of Inner Mongolia. The results showed that: the number of non- or spore-forming bacteria, fungi and actinomyces in primary environmental region and ecology restoration region was more than that in eroded soil. The number of microbial groups had a positive correlation with soil microbial biomass carbon, soil organic carbon, total nitrogen and so on. Correspondingly, the soil had a better microbial number and soil health condition than that in the eroded soil. Protection and management for the primary environmental and ecology restoration region were regarded as a important measure to improve soil quality and the health condition.

Keywords: Huangfuchuan watershed; primary environmental region; ecology restoration region; eroded soil; soil microorganisms

生态环境建设是实施西部大开发的基础,皇甫川流域是内蒙古西部生态环境脆弱带^[1, 2],包括黄河中上游地区有29个旗县,水土流失严重,每年向黄河输入1.8亿t泥沙,造成下游河床淤积,加剧了黄河的断流,该流域生态环境的保护和改善,意义和责任

十分重大。

在自然生态环境中,有着丰富的微生物资源,在物质循环和转化中起着巨大的生物降解作用,是整个生物圈维持生态平衡不可缺少的、重要的组成部分。微生物在土壤有机质分解和营养元素矿化中起主要作用^[3, 4],对土壤中的有机物和植物养分进行转化及循环,并且是活性养分的库(在固定过程中)和源(在矿质化过程中)^[5]。土壤微生物参数可作为土壤质量变化的指标^[6]。一个高质量的土壤应该具有良好的生物活性和稳定的微生物种群组成。本项目通过对内蒙

收稿日期:2003-08-18

基金项目:国家自然科学基金重大研究计划(90102011);国家自然科学基金(30260022);内蒙古自然科学基金(20010905-01)

作者简介:邵玉琴(1957—),女,河北任丘市人,高级实验师,主要从事微生物生态学研究 and 环境微生物学实验教学工作。

E-mail: kic@xzwlx.imu.edu.cn

古皇甫川流域不同生态环境对土壤微生物类群数量影响的研究, 为评价和监测本地区草地的土壤质量和健康状况, 为保护、恢复和治理生态环境提供科学依据。

1 研究区域自然地理概况

皇甫川是黄河中游的一级支流, 皇甫川流域位于 $110.3^{\circ} \sim 111.2^{\circ}E$, $39.2^{\circ} \sim 39.9^{\circ}N$; 最高点海拔 1 480 m, 大陆性气候特点突出, 平均气温自南向北约为 $6^{\circ}C \sim 9^{\circ}C$, $\geq 10^{\circ}C$ 的积温约为 $2\ 900^{\circ}C \sim 3\ 500^{\circ}C$, 日照时数约为 $2\ 900 \sim 3\ 100$ h; 在降水上, 正处于半干旱偏湿地带, 年降水量约为 $350 \sim 450$ mm, 水面蒸发量为 $1\ 000 \sim 2\ 000$ mm, 约为降水量的 2~5 倍。降水的年际和年内变率大, 年内降水集中于 6~9 月, 占全年的 80% 以上。冬春季风力强盛且频繁, 年均风速 $2 \sim 3$ $m \cdot s^{-1}$, 大风日数 $10 \sim 30$ $d^{[1,2]}$ 。3 种研究样地分别是: 阿贵庙为原生环境区, 该地属自然保护区, 以禁牧圈封、保护为主, 地带性植被为本氏针茅 (*Stipa bungeana*) + 芨芨蒿 (*Artemisia giraldii*) 草原; 贺家湾实验场为生态恢复治理区, 原水土流失严重, 经十余年的人工恢复治理, 生态环境有了改善, 地带性植被为本氏针茅 (*Stipa bungeana*) + 百里香 (*Thymus serpyllum*) 草原; 布尔洞沟为水土流失区, 由于人为活动的干扰, 过度放牧、开荒及不合理的利用, 造成植物稀少, 只有极少量的草本植物。

2 研究方法

2.1 样品采集

2002 年 8 月, 在内蒙古皇甫川流域阿贵庙的原生环境区、贺家湾实验场的生态恢复治理区和布尔洞沟的水土流失区, 采用多点混合法, 分别在原生环境区和生态恢复治理区, 取结皮层和 0~20 cm 土层样品, 另取水土流失区 0~1 cm 和 0~20 cm 作对照, 将土样过 2 目的筛子, 装入布袋内的塑料袋中, 封闭后保鲜带回实验室, 进行微生物类群数量和养分含量等的测定分析。

2.2 土壤微生物数量的测定方法^[7]

无芽孢细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基计数; 芽孢型细菌采用牛肉膏蛋白胨麦芽汁琼脂培养基计数 (土壤稀释液 $75^{\circ}C \sim 80^{\circ}C$ 处理 $10 \sim 15$ min, 冷却后接种); 放线菌采用淀粉铵盐琼脂培养基计数; 真菌采用马丁 (Martin) 氏孟加拉红琼脂培养基计数。每一类群设 3 次重复, 3 个稀释度, 分别接种后置无菌培养室培养, $3 \sim 10$ d 分别对不同类群进行鉴定计数。

2.3 数据统计

利用计算机进行实验数据统计分析 (3 次重复的平均值)。

3 结果与分析

3.1 不同生态环境对土壤微生物细菌数量的影响

细菌的体积微小, 但其在土壤微生物中数量最多的 1 个类群, 每克高质量的土壤中所含的细菌数可达几亿至几十亿^[8], 它们在土壤有机质的转化过程中起着巨大的作用。

有些细菌在它的生活史中的某个阶段或某些细菌在它遇到外界不良环境时, 在其细胞内形成一个内生孢子叫芽孢。芽孢含水率低 ($38\% \sim 40\%$), 壁厚而致密, DPA 含量高, 含有耐热性酶, 是抵抗外界不良环境的休眠体。

从土壤微生物细菌数量分析, 原生环境区 > 生态恢复治理区 > 水土流失区, 无芽孢细菌数量 > 芽孢型细菌数量, 见图 1, 图 2。

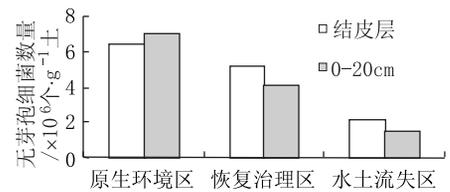


图 1 不同生境无芽孢细菌的数量

Figure 1 Aerophile bacteria number in different eco-environment

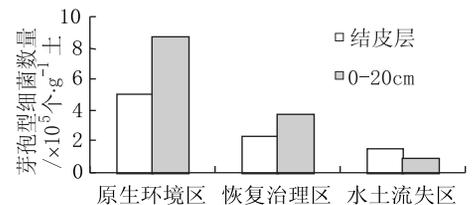


图 2 不同生境芽孢型细菌的数量

Figure 2 Spore-forming bacteria number in different eco-environment

在结皮层中, 原生环境区分别是生态恢复治理区和水土流失区无芽孢细菌数量的 1.24 倍和 3.08 倍, 芽孢型细菌数量的 2.19 倍和 3.17 倍, 细菌总数的 1.28 倍和 3.09 倍。

在 0~20 cm 中, 原生环境区分别是生态恢复治理区和水土流失区无芽孢细菌数量的 1.72 倍和 4.62 倍, 芽孢细菌数量的 2.33 倍和 9.67 倍, 细菌总数的 1.77 倍和 4.91 倍。

由于细菌可产生胞外代谢物, 如多糖、脂类和蛋白质, 可起到胶结作用以稳定团聚体^[9], 细菌的分布

数量显示出原生环境区和生态恢复治理区的土壤质量和健康状况大大超过水土流失区。

3.2 不同生态环境对土壤微生物放线菌和真菌数量的影响

放线菌和真菌是参与土壤有机质分解的主要成员之一^[10, 11]。放线菌在土壤中的分布数量仅次于细菌,它在自然界物质循环、促进土壤形成团粒结构,改良土壤中起着很重要的作用。霉菌有分解纤维素、木质素、果胶及蛋白质的能力,有些霉菌能产生淀粉酶、脂肪酶和果胶酶。霉菌的菌丝体在土壤中的积累可起到改良土壤团粒结构的作用^[12, 13]。不同生态环境对细菌、放线菌、真菌数量及微生物总数量的影响。

在结皮层中,原生环境区分别是生态恢复治理区和水土流失区细菌数量的 1.28 倍和 3.09 倍,放线菌数量的 0.86 倍和 3.73 倍,真菌数量的 0.67 倍和 2.00 倍,微生物总数量的 1.23 倍和 3.13 倍,生态恢复治理区的放线菌和真菌数量接近和超过原生环境区。

在 0~20 cm 中,原生环境区分别是生态恢复治理区和水土流失区细菌数量的 1.77 倍和 4.91 倍,放线菌数量的 0.79 倍和 8.10 倍,真菌数量的 2.00 倍和 2.50 倍,微生物总数量的 1.60 倍和 5.08 倍,生态恢复治理区的放线菌数量超过原生环境区。这一结果是否与草原的中度干扰有关,还有待进一步研究,详见图 3~图 6。

生态恢复治理区草地,在较适宜的自然环境和合理利用条件下,它作为一种可更新的自然资源,进行着恢复、更新和繁衍,成为可持续利用的资源。而原生环境区草地,由于自然和人为的干扰,使其恢复、更新和繁衍受到抑制,同时也使真菌和放线菌的数量减

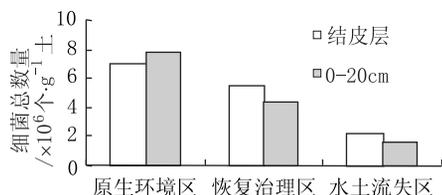


图 3 不同生境细菌总数量

Figure 3 Total bacteria number in different eco - environment

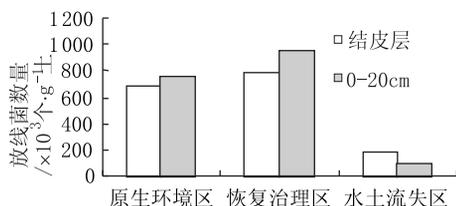


图 4 不同生境放线菌数量

Figure 4 Actinomycetes number in different eco - environment

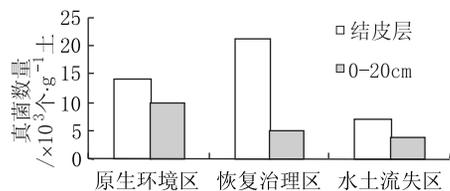


图 5 不同生境真菌数量

Figure 5 Fungi number in different eco - environment

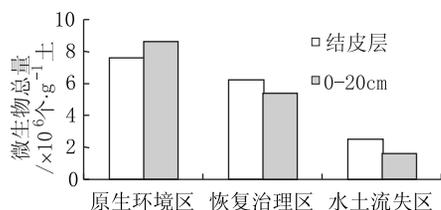


图 6 不同生境微生物总数量

Figure 6 Total microbial number in different eco - environment

少,如不加以保护将使其恢复、更新和繁衍的特征逐渐丧失,甚至完全丧失而走向灭绝。为避免原生环境区的草地生态环境恶化,必须对其加强管理和保护,合理利用,使之成为可持续利用的宝贵资源。

利用土壤微生物类群数量对原生环境区、生态恢复治理区和水土流失区进行土壤质量和健康的监测研究显示,土壤微生物在建立和保持土壤结构方面有关键作用,特别当丝状菌真菌及放线菌粘结土壤颗粒形成团聚体时更明显^[12, 13]。因此,从土壤微生物总数量和各类群数量来看,原生环境区和生态恢复治理区草地的土壤质量和健康状况比水土流失区好的多。原生环境区和生态恢复治理区的土壤环境利于微生物的生长繁殖,而水土流失区的土壤环境则不利于微生物的生长繁殖。

3.3 不同生态环境中土壤微生物数量与其他因子的关系

原生环境区微生物数量分别是生态恢复治理区和水土流失区的 1.40 倍和 3.93 倍。土壤微生物数量的多少与微生物生物量碳(MB-C)、全氮(N)、有机碳(OC)含量有很好的相关性。微生物生物量不仅在养分转化过程中起重要作用,其本身就是一个很大的有效的给源和储库,生物量的大小及其活性直接影响养分的矿化和固定。在生态恢复治理区,植被恢复过程中,有机碳的积累在改善着土壤的性状。见表 1。

微生物量碳占有有机碳(MB/OC)的含量是反映土壤微生物活性的重要指标之一。MB/OC 值能反映土壤中单位有机碳所供养的微生物量。MB/OC 值越小,单位有机碳所供养的微生物量较少,微生物活性高,

表 1 不同生态环境中土壤微生物数量与其他因子的关系

Table 1 Relation between soil microbial number and other factors in different eco - environment

草地类型	微生物数量	微生物生物量碳	全氮	有机碳	微生物量碳占有有机碳	pH
0 ~ 20 cm	/ × 10 ⁴ 个 · g ⁻¹ 土	/mg · kg ⁻¹	/g · kg ⁻¹	/g · kg ⁻¹	/%	
原生环境区	8 114	77. 54	1. 83	4. 78	1. 62	8. 10
生态恢复治理区	5 803	76. 59	0. 86	3. 74	2. 05	8. 23
水土流失区	2 067	12. 59	0. 04	0. 09	13. 99	8. 50

导致土壤肥力提高。反之,微生物活性低,导致土壤肥力降低。我们的实验结果与 Jenkinsin 和 Anderson 报道相一致^[14, 15]。

4 结论与讨论

土壤生物是维持土壤质量的重要组分,土壤生物学指标能敏感地反映土壤质量和健康状况的变化,是土壤质量评价中不可缺少的指标。对内蒙古皇甫川流域不同环境条件下,结皮层和 0 ~ 20 cm 土层中的微生物各类群数量分布特征的研究显示,无芽孢型细菌、有芽孢型细菌和细菌总数量为:原生环境区 > 生态恢复治理区 > 水土流失区;细菌、真菌和放线菌的数量为:原生环境区和生态恢复治理区 > 水土流失区;在生态恢复治理区中有些真菌和放线菌的数量接近或超过原生环境区;微生物各类群数量分布的基本特征与微生物生物量碳、全氮、有机碳含量和微生物生物量碳占有有机碳百分比有很好的相关性。从以上各项因子分析原生环境区和生态恢复治理区均优于水土流失区,原生环境区和生态恢复治理区的土壤环境较利于微生物的生长繁殖,结皮层和 0 ~ 20 cm 土层中各类群微生物对土壤物质积累的贡献大于水土流失区的表层和 0 ~ 20 cm。以上结果也可以说明,微生物各类群数量的多少与土壤质量和健康状况有很密切的关系;微生物各类群数量反映出草地生态系统群落的健康状况,同时也反映出原生环境区和生态恢复治理区的土壤质量和健康状况大大超过水土流失区。微生物各类群数量越少,使得土壤中营养元素循环速率和能量流动减弱,土壤生态环境变得越不利于微生物的繁殖和植物的生长,导致水土流失。因此,加强对原生环境区和生态恢复治理区管理和保护,是防止本地区水土流失、提高土壤质量和健康状况、发展畜牧业经济和保护环境的一项重要措施。

参考文献:

[1] 金争平,史培军,侯福昌,等. 黄河皇甫川流域土壤侵蚀系统模型

和治理模式[M]. 北京:海洋出版社,1992.

- [2] 苗宗义. 黄土高原综合治理皇甫川流域水土流失综合治理农林牧全面发展试验研究[M]. 北京:中国农业科技出版社,1992.
- [3] Balloni W and Favilli F. Effects of agricultural practices on the physical, chemical and biological properties of soils: Part I - Effect of some agricultural practices on the biological soil fertility. In: Scientific Basis for soil Protection in the European Community. Barth, H. and L' Hermite, P. (eds). Elsevier ASP, Barking, Essex, 1987, 161 - 179.
- [4] Brussaard L. An appraisal of the dutch programme on soil ecology of arable farming systems (1985 - 1992)[J]. *Agric Ecosystems Environ.* 1994, 51: 1 - 6.
- [5] Smith J L and Paul E A. The significance of soil microbial biomass estimations[M]. In: Soil biochemistry. Bollag, J M and Stotzky, G. (eds). Marcel Dekker, New York, 1990. 357 - 398.
- [6] Kennedy A C and Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils[J]. *Plant Soil*, 1995, 170: 75 - 86.
- [7] 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. 49 - 52, 102 - 109, 176 - 182, 261 - 291.
- [8] 周群英,高廷耀. 环境工程微生物学[M]. 北京:高等教育出版社,2000. 176 - 177.
- [9] Gupta V V S R, Germida J J. Distribution of microbial biomass and its activity in soil aggregate size classes as affected by cultivation[J]. *Soil Biol Biochem*, 1988, 20: 777 - 786.
- [10] Lynch J M. Interactions between biological processes, cultivation and soil structure[J]. *Plant Soil*, 1984, 76: 307 - 318.
- [11] Lynch J M, Bragg E. Microorganisms and soil aggregate stability[J]. *Advances in Soil Science*, 1985, (2): 133 - 171.
- [12] Forster S M. Microbial aggregation of sand in an embryo dune system [J]. *Soil Biol Biochem*, 1979, 11: 537 - 543.
- [13] Venkateswarlu B, Rao A V. Distribution of microorganisms in stabilised and unstabilised sand dunes of the Indian desert[J]. *Journal of Arid Environments*, 1981, (3): 201 - 207.
- [14] Jenkinsin D S. The derermination of microbial biomass carbon and nitrogen in soils. In Wilson JR. ed. *Advances in Nitrogen Cycling in Agricultural Ecosystems*. C. A. B[C]. International Wallingford, 1983. 368 - 386.
- [15] Andreson T H, Dormsch K H. Carbon Assimiation and microbial activity in soil[J]. *Z pflanzenernahr Bodenk*, 1986, 49: 377 - 382.