

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.04.023

引用格式:迟晓雪,曹薇,王畅,等.复合改良措施对退化草甸草原土壤酶活性与微生物群落的影响[J].草地学报,2026,34(4):1403—1412

CHI Xiao-xue, CAO Wei, WANG Chang, et al. Effects of Integrated Improvement Measures on Soil Enzyme Activity and Microbial Communities of Degraded Meadow Grassland[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(4):1403—1412

复合改良措施对退化草甸草原土壤酶活性 与微生物群落的影响

迟晓雪,曹薇*,王畅,鲁海涛,魏红,李艳红,李欣,陈颀

(呼伦贝尔市林业和草原科学研究所,内蒙古呼伦贝尔 021008)

摘要:为探究不同复合改良措施对退化草甸草原的土壤酶活性及微生物群落的影响,本文设置切根+有机肥+微生物菌剂(YQJ)、切根+有机肥(YQ)、切根+叶面肥(YF)和对照(CK)4种处理,利用高通量测序法测定土壤细菌和真菌的群落结构及多样性。结果显示,YQJ处理对土壤过氧化氢酶、蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性提升效果较为显著,其次是YF处理;不同复合改良措施处理间的细菌和真菌优势菌组成基本相似,但真菌群落优势菌相对丰度差异较大,YQJ处理显著降低了担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度;YF处理显著提高了子囊菌门(Ascomycota)相对丰度($P<0.05$)。切根+叶面肥处理显著提高土壤细菌和真菌的Alpha多样性指数($P<0.05$)。相关性分析结果显示,土壤过氧化氢酶、脲酶和蔗糖酶与细菌群落变化密切相关;土壤脲酶和地上生物量与真菌群落变化密切相关。综上,复合改良措施通过调控和改善土壤细菌和真菌群落结构,提高土壤酶活性和草地生产力,且切根+叶面肥处理改良效果最佳。

关键词:切根;施肥;退化草地;土壤酶活性;细菌和真菌多样性

中图分类号:S812.2

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2026)04-1403-10

Effects of Integrated Improvement Measures on Soil Enzyme Activity and Microbial Communities of Degraded Meadow Grassland

CHI Xiao-xue, CAO Wei*, WANG Chang, LU Hai-tao, WEI Hong, LI Yan-hong, LI Xin, CHEN Di

(Forestry and Grassland Science Research Institute of Hulunbuir, Hulunbuir, Inner Mongolia 021008, China)

Abstract: To investigate the effects of different composite improvement measures on soil enzyme activities and microbial communities in degraded meadow steppes, this study set up four treatments: root cutting+organic fertilizer+microbial inoculant (YQJ), root cutting+organic fertilizer (YQ), root cutting+foliar fertilizer (YF), and control (CK). High-throughput sequencing was used to determine the community structure and diversity of soil bacteria and fungi. The results showed that the YQJ treatment had a significant effect on increasing the activities of soil catalase, invertase, urease, and alkaline phosphatase, followed by the YF treatment. The composition of dominant bacterial and fungal species among different composite improvement treatments was basically similar, but the relative abundance of dominant fungal community species varied greatly. The YQJ treatment significantly reduced the relative abundance of Basidiomycota; the YF treatment significantly increased the relative abundance of Ascomycota ($P<0.05$). The root cutting+foliar fertilizer treatment significantly increased the Alpha diversity indices of soil bacteria and fungi ($P<0.05$). Correlation analysis results showed that soil catalase, urease, and invertase were closely related to changes in the bacterial community; soil urease and aboveground biomass were closely related to changes in the fungal community. In conclusion, com-

收稿日期:2025-04-18;修回日期:2025-08-22

基金项目:内蒙古自治区重点研发与成果转化项目(2022YFDZ0040);呼伦贝尔市科技计划项目(SF2023006)资助;呼伦贝尔市科技计划项目(ST2024002);呼伦贝尔市科技计划项目(SF2025001)资助

作者简介:迟晓雪(1986-),女,汉族,内蒙古呼伦贝尔人,副研究员,主要从事草原生态修复研究,E-mail:chixiaoxue.333@163.com;*通信作者 Author for correspondence, E-mail: 1427483836@qq.com

posite improvement measures could improve soil enzyme activities and grassland productivity by regulating and improving the structure of soil bacterial and fungal communities, and the root cutting+foliar fertilizer treatment had the best improvement effect.

Key words: Root cutting; Fertilization; Degraded grassland; Soil enzyme activity; Bacterial and fungal diversity

呼伦贝尔草甸草原具有水文调节、碳素固存和牧业生产等生态功能,是我国重要的生态屏障及畜牧业的物质基础^[1]。在过去的数十年中,由于受气候变化和人为扰动的影响,草地生态系统出现了显著的退化^[2],具体表现为草地生产力下降,土壤质地紧实、贫瘠,生物多样性降低、生态服务功能减弱,影响着牧民的生产生活和畜牧业稳定健康发展^[3-4]。

在土壤生物组分中,土壤微生物和土壤酶在土壤物质和能量的转化过程中起着至关重要的作用^[5],土壤微生物群落组成特征和多样性对极端环境变化敏感,响应速度较快,是反映草地生态环境稳定的重要指标之一^[6]。微生物代谢过程分泌的酶类是土壤酶的主要来源之一,土壤酶作为维持土壤肥力的重要组成部分,是土壤有机质和矿物成分生物分解代谢的直接介质^[7]。土壤过氧化氢酶能反映土壤中微生物活动与氧化过程的强弱^[8],蔗糖酶影响着微生物数量,可促进土壤碳、氮、磷的转化^[9];土壤脲酶活性与土壤氮素状况息息相关,对土壤氮的转化有促进作用^[10]。因此,研究土壤酶活性和微生物对于退化草地的修复具有重要的理论和实践意义。

随着草地退化这一生态问题日渐严重,众多学者开始广泛关注并开展大量研究。切根、施肥、施微生物菌剂是常见修复手段。秦燕等^[11]研究表明,切根有利于提高退化羊草草原土壤酶活性,对草地养分的转化产生潜在促进作用。Keeler等^[12]认为,长期施肥降低了氮限制生态系统土壤木质素分解酶活性,但增加了土壤磷酸酶活性。研究表明微生物菌剂更有利于促进真菌的增加,而土壤真菌含量越高,说明土壤稳定性较好,从而缓解土壤退化带来的负面影响^[13]。赵阳安等^[14]研究发现,施有机肥和接种根瘤菌剂显著改变了苜蓿根际土壤微生物 α 多样性和群落组成。代景忠等^[15]在呼伦贝尔羊草草甸试验发现,施肥后草地土壤微生物之间关系密切,微生物数量对短期施肥的响应最为敏感,其次为酶活性和微生物生物量。从微生物的层面探究草地退化及恢复过程中的问题,可清晰明确草地退化及其恢复机理。

前人所采取的改良措施对退化天然草地改良

起到了一定效果,但是这些改良措施多是单一形式,针对呼伦贝尔退化草地水缺、肥低、草畜不平衡的特点^[16],无法起到长期稳定的修复效果。基于此,本试验将切根、施肥、微生物菌剂等改良措施综合起来,通过多途径干预,更能贴合退化草地的复杂成因,增强系统稳定性和抗干扰能力,协同提升修复效果。本研究以呼伦贝尔退化草甸草原为研究对象,通过野外采集土壤进行扩增子测序,探讨复合改良措施影响下土壤细菌和真菌群落结构及其多样性的变化,明确土壤酶活性与微生物群落的关联性,以期退化草地生态修复提供理论依据和实践参考。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于内蒙古呼伦贝尔市陈巴尔虎旗巴彦库仁镇格根胡硕嘎查(49°28′29.77″N, 119°14′27.79″E),平均海拔631m,该地区属于中温带大陆性气候,全年降水量为300毫米,年平均温度为-2.6℃左右。草地类型为平原丘陵草甸草原,草场利用方式为打草场。土壤类型是栗钙土。土壤本底值:pH值为7.94,电导率为67.25 $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$,有机质含量为63.20 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,碱解氮含量为329.17 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效磷含量为30.34 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效钾含量为139.25 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

1.2 试验设计

试验设置4个处理,3次重复,共计12个小区,采用随机区组设计,每个小区面积100 m^2 (10 m $\times$ 10 m),小区之间设置2 m缓冲带,整个样地周围用铁丝网围栏围封,避免放牧牛羊和其他动物破坏。4个处理分别是切根+有机肥(1500 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)+微生物菌剂[哈茨木霉菌(7.5 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)和枯草芽孢杆菌(7.5 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)](YQJ)、切根+有机肥(1500 $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)(YQ)、切根+叶面肥(1.95 $\text{L}\cdot\text{hm}^{-2}$)(YY)、对照(CK)。

肥料来源:有机肥为当地牛羊粪肥腐熟发酵形成的农家肥(N 2.1%、 P_2O_5 0.4%,有机质 20.5%);叶面肥种类为氨基酸叶面肥,由平益中霖高科生物

有限公司生产,采用无人机作业方式;选择在日照弱、温度较低时喷施,一般在上午9时以前,下午4时以后,水分蒸发减弱,有利于作物吸收。

2023年6月23—24日,采用9QP-830型草地破土切根机进行切根处理,切根深度10 cm;7月1—2日进行有机肥抛洒;叶面肥共喷施3次,分别是5月上旬、6月中旬和7月上旬。

1.3 样品采集

试验于2024年8月进行样品采集工作,在每个实验样方中通过五点取样法采取0—20 cm土层的土壤样品。每个处理三次重复,共计12份土壤样品,通过2 mm筛去除土壤杂质后的样品分两部分保存,一部分鲜土样装入自封袋,放入4℃冰箱保存,用于测定土壤酶活性;另一部分土样装入2 mL离心管,存于-80℃超低温冰箱,用于进行高通量测序。

1.4 测定指标与方法

1.4.1 土壤酶活性和地上生物量的测定 土壤过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定比色法测定;土壤蔗糖酶活性采用3,5-二硝基水杨酸比色法测定;土壤脲酶活性采用靛酚蓝比色法测定;土壤碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法测定^[17-18]。生物量采用刈割法,齐地面剪取样方内的地上部分,带回实验室,65℃烘干称重。

1.4.2 土壤微生物的测定 将低温保存的土壤样品干冰运输至美吉生物科技有限公司进行16SrRNA测序和ITSrDNA测序。采用QJ磁珠DNA抽提试剂盒提取DNA,使用1%的琼脂糖凝胶电泳和NanoDrop2000测定DNA浓度和纯度。使用携带barcode序列的引物对16S rRNA基因V3-V4可变区进行PCR扩增,试验采用TransStart FastPfu DNA Polymerase,20 μL反应体系对细菌进行扩增,引物为338F(5'-ACTCCTACGGGAGG CAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGT WTCTAAT-3');采用TransStart FastPfu DNA Polymerase,20 μL反应体系对真菌进行扩增,引物为ITS1F(5'-CTTGGTCAATTTAGAGGAAG-TAA-3')和ITS2R(5'-GCTGCGTTCTTCATC-GATGC-3')。PCR反应条件如下:95℃,3 min;细菌27个循环、真菌35个循环(95℃,30s;55℃,30 s;72℃,30 s);最后72℃延伸10 min。扩增产物经回收、纯化、检测、定量后构建文库,文库构建合格后,

利用Illumina PE300平台进行测序。

1.5 数据处理与分析

原始数据经过质控、拼接、聚类 and 嵌合体去除后,最终基于97%的相似性阈值划分OTU。使用QIIME2软件进行细菌、真菌的物种稀释,数据库分别是Silva138和Unite9.0。采用mothur1.30.2软件计算Alpha多样性指数;PCoA分析(Bray-Curtis距离)检验样本微生物群落相似性,并通过ANOSIM分析来进行样本间微生物群落结构的差异检验;基于Spearman相关系数法,结合RDA冗余分析探讨土壤微生物与环境因子之间的关联性。用Excel 2019进行数据的初步整理,通过SPSS 20.0软件对土壤酶活性、微生物多样性指数、微生物群落组成相对丰度进行方差分析,使用Sigmaplot 12.5软件进行绘图。

2 结果与分析

2.1 4种处理对土壤酶活性和地上生物量的影响

由表1可知,YQJ处理下土壤过氧化氢酶活性显著高于CK处理($P<0.05$),较CK处理提高26.42%;YQJ和YY处理下的脲酶活性显著高于YQ和CK处理;YQJ处理的蔗糖酶活性为 $6.91 \text{ mg} \cdot \text{h}^{-1} \cdot \text{g}^{-1}$,显著高于其余处理($P<0.05$);各处理的碱性磷酸酶活性高低关系排序依次是YQJ>YY>CK>YQ。三种复合改良措施下的地上生物量均显著高于CK处理($P<0.05$),其中YY处理下的生物量最高,达到 $160.09 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2}$ 。

2.2 4种处理对土壤微生物群落组成和多样性的影响

2.2.1 微生物群落组成 图1A表明,4种处理的共有细菌OTUs数量为358,YQJ,YQ,YY和CK所包含OTUs数量分别是506,492,498和482;特有OTUs数量分别是42,31,46和24,其中YY处理的特有OTUs数量最高;图1B表明,4种处理的共有真菌OTUs数量为139,YQJ,YQ,YY和CK所包含OTUs数量分别是254,284,231和274;特有OTUs数量分别是31,48,32和40,其中YQ处理的特有OTUs数量最高。

如图1CD所示,图中以挑选相对丰度大于0.01%的细菌门类群为原则,小于0.01%则归类为其他。各处理中,细菌相对丰度排名前五的优势门

表 1 不同处理下土壤酶活性和地上生物量的变化

Table 1 Changes in soil enzyme activity and aboveground biomass under different treatments

处理 Treatment	过氧化氢酶 Catalase/ ($\text{g}\cdot\text{h}^{-1}\cdot\text{kg}^{-1}$)	脲酶 Urease/ ($\text{mg}\cdot\text{h}^{-1}\cdot\text{kg}^{-1}$)	蔗糖酶 Invertase/ ($\text{mg}\cdot\text{h}^{-1}\cdot\text{g}^{-1}$)	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase/ ($\text{mg}\cdot\text{h}^{-1}\cdot\text{kg}^{-1}$)	地上生物量 Aboveground biomass/ ($\text{g}\cdot\text{m}^{-2}$)
YQJ	24.69 ± 0.82^a	105.07 ± 3.37^a	6.91 ± 0.16^a	362.90 ± 6.19^a	144.72 ± 21.02^a
YQ	20.58 ± 0.68^{ab}	91.36 ± 6.73^b	5.78 ± 0.69^b	290.49 ± 6.00^c	144.98 ± 15.42^a
YY	23.52 ± 0.70^{ab}	103.41 ± 4.85^a	5.52 ± 0.17^b	349.38 ± 1.04^a	160.09 ± 22.64^a
CK	19.53 ± 0.91^b	93.42 ± 0.48^b	5.51 ± 0.81^b	333.35 ± 5.25^b	94.17 ± 22.44^b

注: YQJ 为切根+有机肥+微生物菌剂、YQ 为切根+有机肥、YY 为切根+叶面肥、CK 为对照。表中的数值为平均值±标准误。同列不同小写字母表示不同处理间有显著差异 ($P<0.05$), 下同

Note: YQJ indicates root cutting+organic fertilizer+microbial agent, YQ indicates root cutting+organic fertilizer, YY indicates root cutting+foliar fertilizer, CK indicates control. The number in the table represents the mean±standard error. Different lowercase letters in the same column indicate significant differences between treatments ($P<0.05$), the same as below

类相同(图 1C), 分别是放线菌门(Actinobacteria, 34.22%~39.52%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 16.84%~18.62%)、变形菌门(Proteobacteria, 14.99%~18.36%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 6.70%~7.69%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 3.94%~8.35%); 由表 2 可知, 在所有处理中放线菌门(Actinobacteria)的相对丰度最高, YQJ 和 YY 处理的放线菌门(Actinobacteria)相对丰度与 CK 相比分别提升 15.48% 和 14.84% ($P<0.05$)。

土壤真菌门水平相对丰度如图 1D 所示, 子囊

菌门(Ascomycota, 45.61%~61.60%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 13.69%~41.00%)、担子菌门(Basidiomycota, 1.85%~16.30%)是 4 个处理中相对丰度排名前三的优势菌门(相对丰度 $>1\%$)。由表 2 可知, 子囊菌门(Ascomycota)在所有处理中相对丰度最高, 其丰度在 4 种处理下分别是 45.61%、56.96%、61.60% 和 47.61%。与 CK 相比, YQJ 处理中担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度显著降低 82.56%; YY 和 YQ 处理的被孢霉门(Mortierellomycota)相对丰度显著低于 CK 处理 ($P<0.05$)。

表 2 土壤细菌和真菌优势菌门相对丰度

Table 2 Relative abundance of dominant phyla of soil bacteria and fungi

优势菌群 The dominant bacterial group	YQJ	YQ	YY	CK
细菌 Bacteria				
放线菌门 Actinobacteria	39.52 ± 0.99^a	37.91 ± 0.88^{ab}	39.30 ± 1.19^a	35.22 ± 11.42^b
酸杆菌门 Acidobacteriota	17.68 ± 0.47^a	16.84 ± 0.53^a	18.50 ± 0.46^a	18.62 ± 11.24^a
变形菌门 Proteobacteria	14.99 ± 0.07^b	16.83 ± 1.11^{ab}	16.91 ± 0.36^{ab}	18.36 ± 1.34^a
绿弯菌门 Chloroflex	7.69 ± 0.11^a	6.70 ± 0.24^b	7.10 ± 0.15^{ab}	6.74 ± 0.23^b
芽单胞菌门 Gemmatimonadota	7.10 ± 1.43^a	8.35 ± 1.14^a	3.94 ± 0.05^a	7.81 ± 1.88^a
真菌 Fungi				
子囊菌门 Ascomycota	45.61 ± 6.01^b	56.95 ± 1.62^{ab}	61.60 ± 2.21^a	47.61 ± 33.62^b
被孢霉门 Mortierellomycota	41.00 ± 8.78^a	14.50 ± 1.67^b	13.69 ± 0.30^b	30.46 ± 1.29^a
担子菌门 Basidiomycota	1.85 ± 0.42^b	16.30 ± 2.26^a	7.84 ± 2.03^{ab}	10.61 ± 3.92^a

注: 表中的数值为平均值±标准误。同行不同小写字母表示不同处理间有显著差异 ($P<0.05$)

Note: The number in the table represents the mean±standard error. Different lowercase letters in the same row indicate significant differences between treatments ($P<0.05$)

2.2.2 微生物群落多样性 表 3 为不同改良措施对土壤微生物细菌与真菌 Alpha 多样性的影响。各个处理的测序覆盖度均在 99% 以上, 这表明注释所获得的种群数据基本能够反映出样本中群落的真实状况。YY 处理的细菌 Shannon 指数、Chao1 指数和 Ace 指数在所有处理中均为最高值, 显著高于 CK 处理 ($P<0.05$); YY 处理的真菌 Shannon 指数、Chao1 指数和 Ace 指数在所有处理中为最高值, 均显著高于 YQJ 处理 ($P<0.05$), 高于 CK 但不显著;

YQJ 处理的真菌 Simpson 指数最高, 显著高于 CK ($P<0.05$)。

2.3 4 种处理对土壤微生物结构的影响

基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA (主坐标分析) 和 ANOSIM (相似性差异检验) 结果显示: PC1 对土壤细菌群落差异解释率为 39.55%, PC2 的解释率为 19.50%, 二者方差累计贡献率为 59.05%。YQJ 处理与其他群落之间存在分离, 且细菌群落的

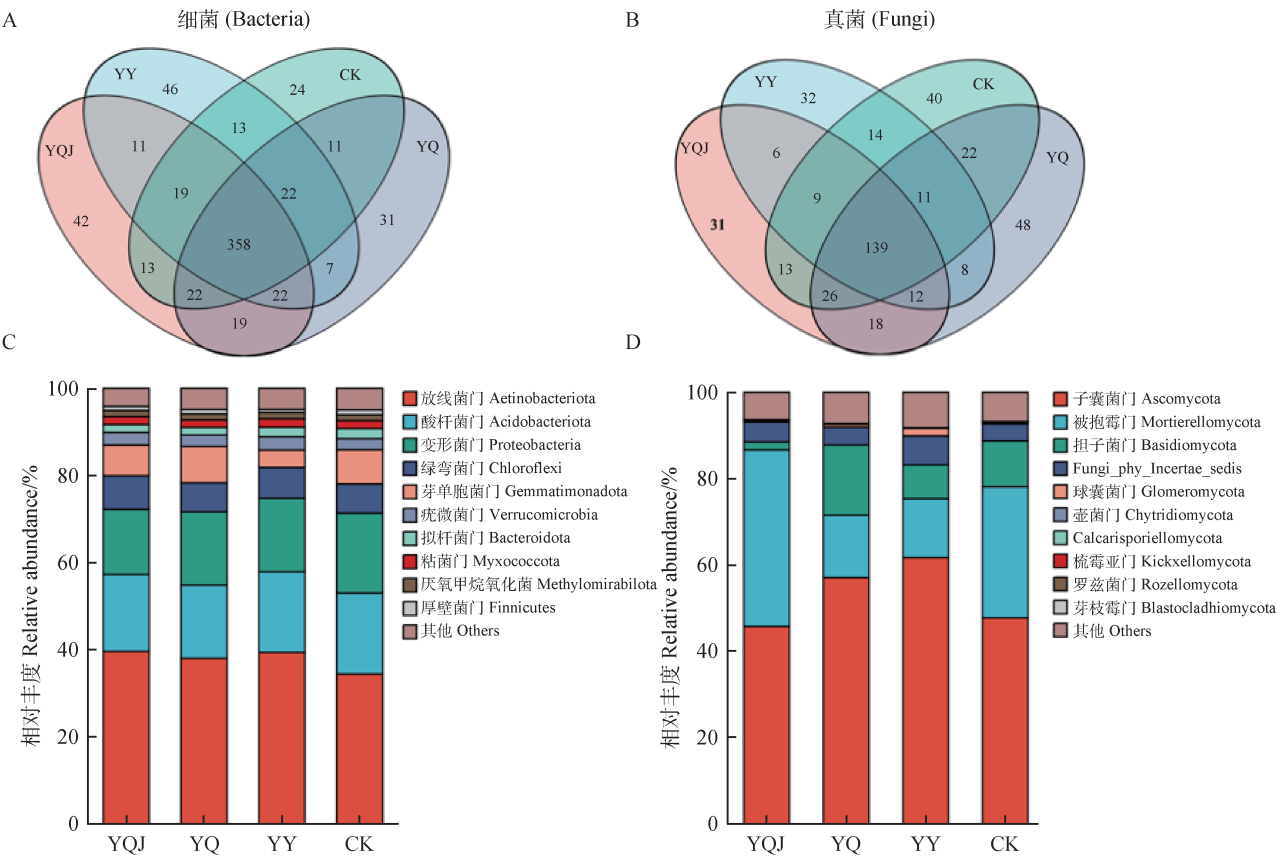


图 1 土壤细菌和真菌群落组成分析

Fig. 1 Analysis of the community composition of soil bacteria and fungi

注: A 土壤细菌 OTU 韦恩图; B 土壤真菌 OTU 韦恩图; C 土壤细菌门水平相对丰度; D 土壤真菌门水平相对丰度

Note: A is Venn diagram of soil bacterial OTUs; B is Venn diagram of soil fungal OTUs; C is Relative abundance of soil bacterial phyla; D is Relative abundance of soil fungal phyla

表 3 土壤细菌和真菌 Alpha 多样性指数分析

Table 3 Analysis of Alpha diversity index of soil bacteria and fungi

	处理 Treatment	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	Ace 指数 Ace index	覆盖度 Coverage/%
细菌 Bacteria	YQJ	7.24±0.04 ^{ab}	0.0015±0.00 ^a	3071.51±39.52 ^b	3112.38±62.22 ^b	99.65±0.19 ^a
	YQ	7.25±0.02 ^{ab}	0.0014±0.00 ^a	3158.63±49.74 ^b	3186.04±60.86 ^{ab}	99.77±0.09 ^a
	YY	7.32±0.01 ^a	0.0015±0.00 ^a	3356.38±77.55 ^a	3390.28±95.47 ^a	99.73±0.14 ^a
	CK	7.23±0.00 ^b	0.0013±0.00 ^b	3070.53±15.27 ^b	3087.84±5.28 ^b	99.84±0.08 ^a
真菌 Fungi	YQJ	4.10±0.22 ^b	0.062±0.02 ^a	403.85±18.72 ^b	404.80±19.23 ^b	99.98±0.00 ^a
	YQ	4.74±0.25 ^a	0.025±0.01 ^b	575.22±61.64 ^a	574.09±62.71 ^a	99.93±0.01 ^b
	YY	4.85±0.11 ^a	0.037±0.01 ^{ab}	583.79±35.45 ^a	583.93±34.73 ^a	99.95±0.00 ^a
	CK	4.41±0.04 ^{ab}	0.019±0.00 ^b	477.37±42.94 ^{ab}	478.02±43.31 ^{ab}	99.97±0.01 ^a

组间距离显著大于组内距离 ($R=0.54$, $P=0.001$)。图 2B 的真菌群落中 PC1 和 PC2 解释率分别是 51.06% 和 24.49%, 二者方差累计贡献率是 75.55%, 真菌群落各处理之间存在明显的分离, 分布位置相对分散, ANOSIM 检验进一步证实了这种分异的统计学意义 ($R=0.89$, $P=0.001$), 组间差异显著大于组内差异, 表明改良措施能够改变土壤真菌群落结构。

2.4 环境因子与土壤微生物群落的关系

土壤酶活性、地上生物量与土壤细菌群落 Spearman 相关性分析见图 3A, 结果表明, 土壤过氧化氢酶、蔗糖酶和脲酶与酸杆菌门 (Acidobacteriota) 呈显著负相关 ($P<0.05$), 土壤脲酶与绿弯菌门 (Chloroflexi) 呈极显著负相关 ($P<0.01$)。在真菌群落中 (图 3B), 土壤脲酶与被孢霉门 (Mortierellomycota) 呈显著正相关 ($P<0.05$), 地上生物量与子囊菌门 (Ascomycota) 呈显著正相关 ($P<0.05$)。

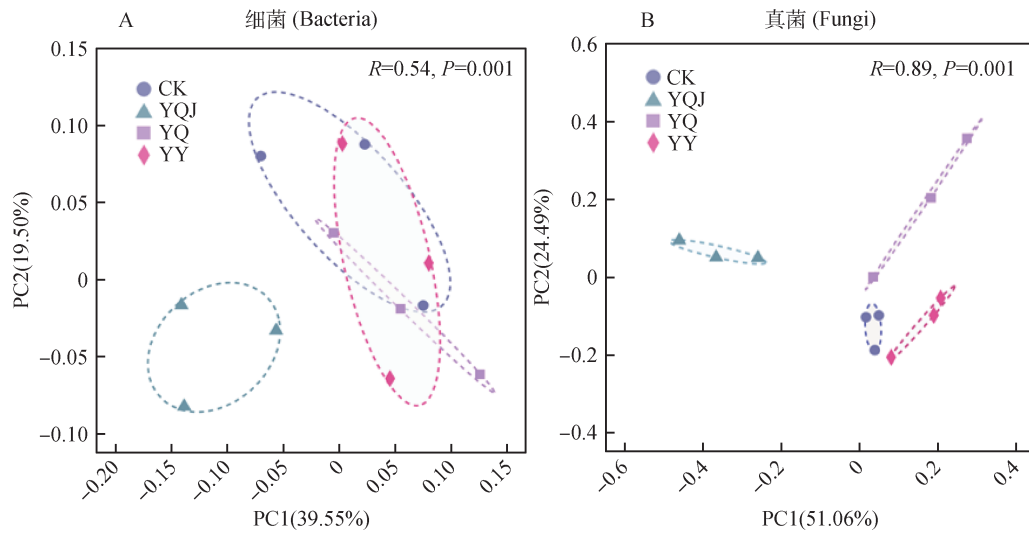


图 2 土壤细菌(A)和真菌(B)群落的主成分分析

Fig. 2 Principal component analysis (PCA) of soil bacterial (A) and fungal (B) communities

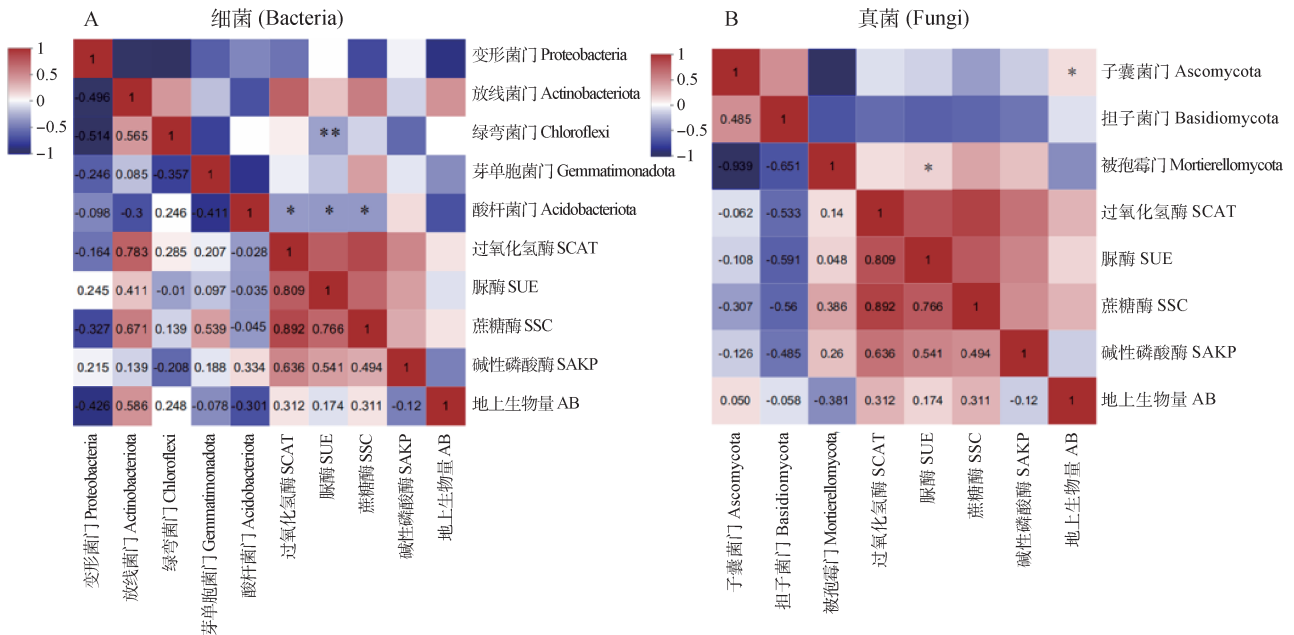


图 3 土壤酶活性、地上生物量与细菌和真菌群落相关性分析(门水平)

Fig. 3 Correlation analysis between soil enzyme activity, aboveground biomass, and bacterial and fungal communities (phylum level)
注:不同星号表示显著水平,*表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$ 。SCAT, 过氧化氢酶; SUE, 脲酶; SSC, 蔗糖酶; SAKP, 碱性磷酸酶; AB, 地上生物量

Note: Different asterisks indicate significant levels, * indicates $P < 0.05$, ** indicates $P < 0.01$. SCAT, Catalase; SUE, Urease; SSC, Sucrase; SAKP, Alkaline phosphatase; AB, Aboveground biomass

以土壤细菌群落结构为响应变量,分别以土壤酶活性、地上生物量为解释变量进行RDA分析,结果见图4。第一轴和第二轴对细菌变化的解释率分别是32.83%和25.21%,共同解释了58.04%的物种-环境变异累积比。土壤过氧化氢酶($r^2=0.41$, $P=0.011$),脲酶($r^2=0.27$, $P=0.038$),蔗糖酶($r^2=0.54$, $P=0.003$)是影响不同改良措施下退化草原

土壤细菌群落变化的主要环境因子。

在真菌群落中,第一轴和第二轴对真菌变化的解释率分别是53.36%和6.1%,共同解释了59.46%的物种-环境变异累积比(图5)。土壤脲酶和地上生物量的解释率分别是16.62%和11.30%,且达到显著水平,表明其是影响真菌群落的主要环境因子。

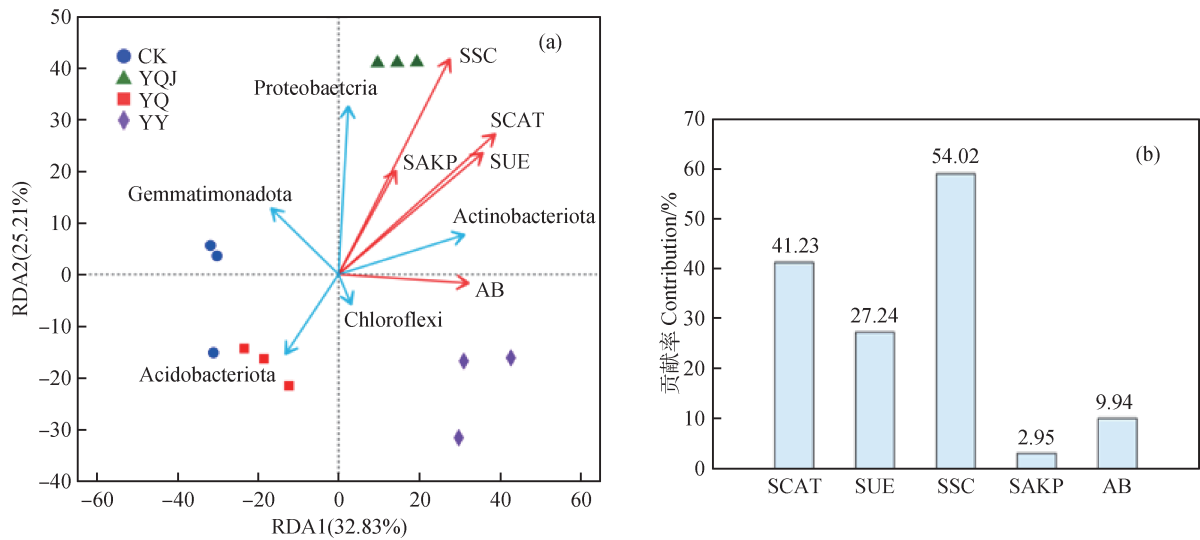


图4 土壤酶活性、地上生物量与土壤细菌群落门水平的冗余分析

Fig. 4 Redundancy analysis of soil enzyme activity, aboveground biomass and soil bacterial community at the phylum level

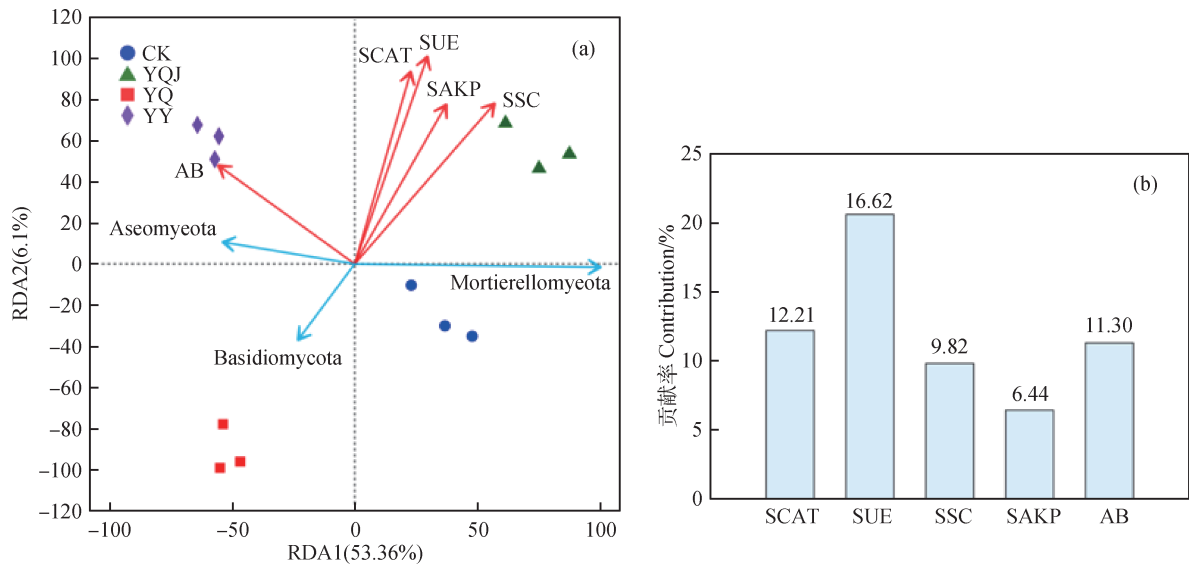


图5 土壤酶活性、地上生物量与土壤真菌群落门水平的冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis of soil enzyme activity, aboveground biomass and soil fungal community at the phylum level

3 讨论

3.1 不同改良措施对土壤酶活性和地上生物量的影响

土壤酶活性是影响养分循环的重要指标,与土壤微生物共同参与根际的生物地球化学循环^[19]。Saiya-Cork等^[20]在温带森林中研究表明,氮肥显著刺激了土壤脲酶和磷酸酶活性,却抑制了土壤多酚氧化酶活性,从而降低了土壤有机物质的分解速度,提高了土壤腐殖化程度。张培青等^[21]在呼伦贝尔典型中度退化草原试验后发现,切根和施肥对土壤多酚氧化酶、碱性磷酸酶、脲酶等活性提高均有促进作用。以上结论与本研究结果基本类似,本试验表明切根+有机肥+微生物菌剂处理对土壤过

氧化氢酶、蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性的提高效果最为显著。这可能是由于微生物菌剂能够诱导植株产生一些酶类物质^[22],另一方面施用微生物菌剂可调控土壤微生物群落结构与丰度,改善土壤养分有效性,进而增强不同类型酶活^[23],同时切根措施使土壤透气性增加促进好氧微生物的增殖^[24],提高根系渗出分泌物。

3.2 不同改良措施对土壤微生物多样性及群落特征的影响

前人研究表明,放线菌门(Actinobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)和酸杆菌门(Acidobacteriota)是天然草地土壤的优势类群^[25],其种类众多、分布范

围广、扩散性强,有比较宽的生态位,对不同的生境有较好的适应能力^[26],这与本研究结果相符。不同改良措施处理下放线菌门的相对丰度均超过35%,且相对丰度高于对照处理,放线菌具有独特的富营养属性,广泛分布于各种栖息地^[27],施肥为放线菌门提供代谢底物,在养分充足的条件下迅速生长促进其种群扩张。3种改良措施处理下的酸杆菌门相对丰度均低于对照处理,作为典型的寡营养型细菌,酸杆菌门可作为较贫瘠土壤环境的指示性生物^[28],由此可认为切根、施肥和施微生物菌剂等措施应用于退化草地的修复中,使土壤肥力条件得以改善。前人在荒漠草原和高寒草原的研究发现土壤真菌优势类群为子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)和担子菌门(Basidiomycota)^[29-30],这与本研究结果一致。YQJ处理下的被孢霉门相对丰度显著升高,担子菌门的相对丰度显著降低,原因可能是微生物菌剂产生的抗生素或次级代谢产物对担子菌有抑制作用,但对被孢霉门真菌影响较小。

Alpha多样性也被称为生境内多样性,是指局部均匀生境下的物种在多样性、丰富度和均匀度等方面的指标^[31]。Alpha多样性由一系列统计学分析指数评估,Chao1和Ace指数用来表征群落丰富度,指数越大表明微生物群落个体分布的丰富度越高;群落多样性则采用Shannon指数和Simpson指数评估,其数值变化直接反映微生物群落多样性的高低程度。本研究中,切根+叶面肥处理显著提升了土壤细菌和真菌群落的 α 多样性指数(丰富度与多样性),该结果与刘悦^[32]关于施肥措施影响高寒退化草地微生物群落特征的研究结论相吻合。叶面肥富含锌、钙、镁等中微量元素,主要通过叶片吸收,对土壤微生物的直接影响较小^[33],其作用主要是通过植物生长和促进植物根系分泌更多的有机物质,这些分泌物可以作为土壤微生物的碳源和氮源^[34],从而间接促进微生物的生长和活性,因此改变了微生物的群落结构以及多样性。对细菌和真菌群落的OTU分析表明,与对照相比较,经过改良措施处理会增加细菌OTUs数量,真菌群落OTUs数减少,这是因为施肥为微生物提供了充足的能源和养分,而且细菌具有快速生长的能力^[35],对环境的适应性较强,部分真菌的生态幅较窄^[36],使更多的细菌在经过改良措施影响后得以存活。本实验中,PCoA分析表明改良措施会引起土壤细菌和真菌群落结构出现较大差异,这可能是不同处理下的植物吸收到的营养成分不

同,导致产生的根系分泌物存在差异,而根际微生物群落的组成与根系分泌物密切相关,从而驱动土壤细菌和真菌群落结构发生变化^[37-38]。

3.3 土壤微生物群落组成与土壤酶活性的相关性分析

土壤酶活性源于微生物代谢、植物根系活化及土壤动物的综合作用,微生物通过分解有机物产生和释放酶,而植物根系生长会分泌多种酶,这些生物组分以不同方式相互影响土壤微生态环境^[39]。本研究中复合改良措施作用于土壤,通过改善土壤微生物群落结构,刺激微生物产生和代谢酶,提升土壤酶活性,酶产生的物质一部分会对微生物形成反馈,微生物将其固定在体内,另一部分融入土壤中,供植物吸收利用,进而有助于牧草生长,提升草地生产力,促进退化草地可持续修复。冗余分析结果表明,土壤细菌中酸杆菌门(Acidobacteriota)相对丰度和土壤过氧化氢酶、蔗糖酶和脲酶活性呈显著负相关($P<0.05$),这与汤珊珊等^[40]的研究结果略有不同,这种负相关更可能是酸杆菌的生态位偏好(寡营养、酸性环境)与酶活性所需条件(高养分、中性pH)不匹配的结果^[41]。在土壤真菌中,被孢霉门(Mortierellomycota)相对丰度与土壤脲酶活性呈显著正相关($P<0.05$),被孢霉真菌具有活跃的氮代谢途径,能够分泌脲酶,水解尿素,脲酶是参与土壤氮循环的主导酶,从而直接贡献脲酶活^[42]。子囊菌门(Ascomycota)相对丰度与地上生物量呈显著正相关($P<0.05$),子囊菌通过与植物共生、分解有机质、抑制真菌病害等作用,间接促进植物生长。

4 结论

经切根+有机肥+微生物菌剂处理后土壤过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶和碱性磷酸酶活性最高。放线菌门和子囊菌门分别为各处理中细菌和真菌的优势菌门。切根+叶面肥处理提高了土壤细菌和真菌的多样性(Shannon指数、Simpson指数)和丰富度(Chao1指数、Ace指数)。复合改良措施均显著改变了细菌和真菌群落结构。土壤过氧化氢酶、脲酶和蔗糖酶、地上生物量与土壤微生物存在显著相关性。采取多元化的修复措施,通过优化土壤微生物栖息环境,提高土壤酶活性和草地生产力,从而促进了退化草甸草原可持续修复。

参考文献

- [1] 万吉鑫,秘一先,杨高文. 呼伦贝尔退化草地接种丛枝菌根真菌对黄花苜蓿生长的影响[J]. 草地学报,2024,32(10):3017-3025
WAN J X, BI Y X, YANG G W. Effect of arbuscular mycorrhizal fungi inoculation on alfalfa growth in Hulunbuir degraded grassland[J]. Acta Agrestia Sinica, 2024, 32(10): 3017-3025
- [2] 万华伟,高帅,刘玉平,等. 呼伦贝尔生态功能区草地退化的时空特征[J]. 资源科学,2016,38(8):1443-1451
WAN H W, GAO S, LIU Y P, et al. Grassland degradation monitoring and spatio-temporal variation analysis of the Hulunbuir Ecological Function Region[J]. Resources Science, 2016, 38(8): 1443-1451
- [3] 刘伟,赵越,杨龙,等. 补播优良牧草对新疆昭苏退化草地生产性能和牧草品质的影响[J]. 草地学报,2025,33(1):231-240
LIU W, ZHAO Y, YANG L, et al. Effects of reseeding fine forage on production performance and forage quality of degraded grassland in Zhaosu, Xinjiang [J]. Acta Agrestia Sinica, 2025, 33(1): 231-240
- [4] 喻岚晖,王杰,廖李容,等. 青藏高原退化草甸土壤微生物量、酶化学计量学特征及其影响因素[J]. 草地学报,2020,28(6):1702-1710
YU L H, WANG J, LIAO L R, et al. Soil microbial biomass, enzyme activities and ecological stoichiometric characteristics and influencing factors along degraded meadows on the Qinghai-Tibet Plateau[J]. Acta Agrestia Sinica, 2020, 28(6): 1702-1710
- [5] 朱永官,彭静静,韦中,等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. 中国科学(生命科学),2021,51(1):1-11
ZHU Y G, PENG J J, WEI Z, et al. Soil microflora and soil health[J]. Science in China (Series C), 2021, 51(1): 1-11
- [6] 柴瑜,李希来,马盼盼,等. 施肥和控鼠对退化高寒草甸植物-土壤-微生物碳氮磷化学计量特征的影响[J]. 中国草地学报,2023,45(1):12-22
CHAI Y, LI X L, MA P P, et al. Effects of fertilization and rodent control on plant, soil and microorganism carbon, nitrogen and phosphorus stoichiometry characteristics in degraded alpine meadows[J]. Chinese Journal of Grassland, 2023, 45(1): 12-22
- [7] PROMMER J, WALKER T W N, WANEK W, et al. Increased microbial growth, biomass, and turnover drive soil organic carbon accumulation at higher plant diversity [J]. Global Change Biology, 2020, 26(2): 669-681
- [8] 王雪莹,包新光,张峰,等. 荒漠植物红砂根际土壤细菌群落特征及土壤酶活性研究[J]. 草地学报,2024,32(12):3764-3773
WANG X Y, BAO X G, ZHANG F, et al. Characteristics of bacterial community and soil enzyme activity in rhizosphere soil of desert plant *Reaumuria soongorica*[J]. Acta Agrestia Sinica, 2024, 32(12): 3764-3773
- [9] 暴涵. 青海湖不同湿地土壤酶活性与微生物群落特征对比研究[D]. 西宁:青海师范大学,2023:4-6
BAO H. Comparative study on the characteristics of soil enzyme activities and microbial communities in different wetlands of Qinghai Lake[D]. Xining: Qinghai Normal University, 2023: 4-6
- [10] MAKOI J H J R, NDAKIDEM P A. Selected soil enzymes: examples of their potential roles in the ecosystem[J]. African Journal of Biotechnology, 2008, 7(3): 181-191
- [11] 秦燕,刘文辉,何峰,等. 施肥与切根对退化羊草草原土壤理化性质和酶活性的影响[J]. 草业学报,2019,28(1):5-14
QIN Y, LIU W H, HE F, et al. Influence of fertilization and root cutting on soil physicochemical properties and enzyme activities in a degraded *Leymus chinensis* steppe[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2019, 28(1): 5-14
- [12] KEELER B L, HOBBI E S, KELLOGG L E. Effects of long-term nitrogen addition on microbial enzyme activity in eight forested and grassland sites: implications for litter and soil organic matter decomposition[J]. Ecosystems, 2009, 12(1): 1-15
- [13] MANICI L M, CAPUTO F. Soil fungal communities as indicators for replanting new peach orchards in intensively cultivated areas[J]. European Journal of Agronomy, 2010, 33(3): 188-196
- [14] 赵阳安. 有机肥和根瘤菌剂对苜蓿生长及根际微生物多样性的影响[D]. 西宁:青海大学,2023:1-67
ZHAO Y A. Effect of organic fertilizers and rhizobacterial agents on the growth and inter-root microbial diversity of alfalfa [D]. Xining: Qinghai University, 2023: 1-67
- [15] 代景忠,闫瑞瑞,卫智军,等. 短期施肥对羊草草甸割草场土壤微生物的影响[J]. 生态学杂志,2017,36(9):2431-2437
DAI J Z, YAN R R, WEI Z J, et al. Effects of short-term fertilization on soil microorganisms in a mown *Leymus chinensis* meadow [J]. Chinese Journal of Ecology, 2017, 36(9): 2431-2437
- [16] 姜亚东,刘鑫,郑颖,等. 内蒙古草地资源退化现状及生态修复探索[J]. 草原与草业,2023,35(1):57-61
JIANG Y D, LIU X, ZHENG Y, et al. Degradation status of grassland resources and exploration of ecological restoration in Inner Mongolia[J]. Grassland and Prataculture, 2023, 35(1): 57-61
- [17] 周礼恺,张志明. 土壤酶活性的测定方法[J]. 土壤通报,1980,11(5):37-38,49
ZHOU L K, ZHANG Z M. Determination method of soil enzyme activity[J]. Chinese Journal of Soil Science, 1980, 11(5): 37-38, 49
- [18] 丰骁,段建平,蒲小鹏,等. 土壤脲酶活性两种测定方法的比较[J]. 草原与草坪,2008,28(2):70-72
FENG X, DUAN J P, PU X P, et al. Comparative analyses between two methods of measuring soil urease activity [J]. Grassland and Turf, 2008, 28(2): 70-72
- [19] 高彦波,翟鹏辉,谭德远. 土壤酶活性与土壤肥力的关系研究进展[J]. 安徽农业科学,2015,43(6):100-101,183
GAO Y B, ZHAI P H, TAN D Y. Research progress of relationship between soil enzyme activity and soil fertility[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2015, 43(6): 100-101, 183
- [20] SAIYA-CORK K R, SINSABAUGH R L, ZAK D R. The effects of long term nitrogen deposition on extracellular enzyme activity in an *Acer saccharum* forest soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(9): 1309-1315
- [21] 张培青. 修复方式对退化天然草地生态系统植物群落结构及生产力的影响[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2024:1-225
ZHANG P Q. Effects of restoration methods on plant community structure and productivity of degraded natural grassland ecosystem [D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2024: 1-225
- [22] 周泽,姚拓,史潭梅,等. 菌剂对高寒地区土壤微生物群落结构及固氮菌群的影响[J]. 草地学报,2022,30(10):2609-2616
ZHOU Z, YAO T, SHI T M, et al. Effects of microbial agents on soil microbial community structure and nitrogen-fixing bacte-

- ria in alpine farming area[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2022, 30(10):2609-2616
- [23] 任思雨, 刘雨涵, 刘颖慧, 等. 复合微生物菌剂对退化草地植物生长和土壤质量的影响[J]. *生态学报*, 2025, 45(7):3240-3251
REN S Y, LIU Y H, LIU Y H, et al. Effects of microbial compound inoculants on plant growth and soil quality in degraded grasslands[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2025, 45(7):3240-3251
- [24] 侯慧扬, 运向军, 周建伟, 等. 不同修复方式在内蒙古退化温性草原植被生态修复中的应用效果综合评价[J]. *中国草地学报*, 2025, 47(2):39-47
HOU H Y, YUN X J, ZHOU J W, et al. Assessing restoration effectiveness: a comparative analysis of ecological restoration methods in temperate degraded grassland of Inner Mongolia[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2025, 47(2):39-47
- [25] 赵文, 尹亚丽, 李世雄, 等. 祁连山不同类型草地土壤细菌群落特征研究[J]. *草业学报*, 2021, 30(12):161-171
ZHAO W, YIN Y L, LI S X, et al. The characteristics of bacterial communities in different vegetation types in the Qilian Mountains[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2021, 30(12):161-171
- [26] 熊辉, 张鲜花, 撒成辉, 等. 施肥对天然割草地植物群落、土壤养分及微生物的影响[J]. *中国草地学报*, 2025, 47(6):34-45
XIONG H, ZHANG X H, SA C H, et al. Effects of fertilization on plant communities, soil nutrients, and microorganisms in natural mowing grassland[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2025, 47(6):34-45
- [27] 孟利芳, 姚晓翠, 但瑶, 等. 施肥对盐碱地饲用燕麦根际土壤微生物多样性的影响[J]. *草地学报*, 2023, 31(10):2960-2967
MENG L F, YAO X C, DAN Y, et al. Effects of the fertilization on the microbial diversity in the rhizospheric soil of forage oats in salt-alkali land[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2023, 31(10):2960-2967
- [28] ZHU R F, LIU J L, WANG J L, et al. Comparison of soil microbial community between reseeding grassland and natural grassland in Songnen Meadow[J]. *Scientific Reports*, 2020, 10:16884
- [29] 李俊瑶, 蒋星驰, 胡晋瑜, 等. 生物有机肥施加对荒漠草原植被-土壤-微生物的影响[J]. *草业学报*, 2024, 33(3):34-45
LI J Y, JIANG X C, HU J Y, et al. The effect of microbial organic fertilizers application on vegetation-soil-microbe in desert steppe[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(3):34-45
- [30] 赵文, 尹亚丽, 李世雄, 等. 三江源区退化高寒草甸土壤真菌群落特征[J]. *应用生态学报*, 2021, 32(3):869-877
ZHAO W, YIN Y L, LI S X, et al. The characteristics of soil fungal community in degraded alpine meadow in the Three Rivers Source Region, China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, 32(3):869-877
- [31] PHILIPPOT L, CHENU C, KAPPLER A, et al. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, 22(4):226-239
- [32] 刘悦. 施肥和补播对高寒退化草地土壤微生物群落特征的影响[D]. 阜新: 辽宁工程技术大学, 2022:1-65
LIU Y. Effects of Fertilization and reseeding on soil microbial community characteristics in alpine degraded grassland [D]. Fuxin: Liaoning Technical University, 2022:1-65
- [33] 李燕婷, 李秀英, 肖艳, 等. 叶面肥的营养机理及应用研究进展[J]. *中国农业科学*, 2009, 42(1):162-172
- LI Y T, LI X Y, XIAO Y, et al. Advances in study on mechanism of foliar nutrition and development of foliar fertilizer application[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2009, 42(1):162-172
- [34] 李丹丹, 巩皓, 刘国富, 等. 不同叶面肥对紫花苜蓿生长、产草量和品质的影响及效益比较[J]. *草地学报*, 2019, 27(6):1718-1724
LI D D, GONG H, LIU G F, et al. Effects of spraying different foliar fertilizers on growth, yield and quality and economic benefit of alfalfa[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2019, 27(6):1718-1724
- [35] 张少卓, 王征, 刘志昌, 等. 不同煤泥添加量对紫花苜蓿根际土壤酶活性与微生物的影响[J]. *干旱区资源与环境*, 2024, 38(10):144-153
ZHANG S Z, WANG Z, LIU Z C, et al. Effects of slurry addition on soil enzyme activity and microorganisms in the rhizosphere of *Medicago sativa* L [J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2024, 38(10):144-153
- [36] 王宣茗, 杨钦忠, 张鹏, 等. 毛叶苕子与燕麦混播对作物产量、土壤酶活性和微生物群落的影响[J]. *北方农业学报*, 2024, 52(3):88-99
WANG X M, YANG Q Z, ZHANG P, et al. The effects of mixed sowing of hairy vetch and oat on crop yield, soil enzyme activity and microbial communities [J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2024, 52(3):88-99
- [37] 杏朝辉. 不同叶面肥营养调控下黄芪根际土壤微生物群落结构和功能多样性研究[D]. 保定: 河北大学, 2022:1-75
XING Z H. Functional diversity and community composition of soil microorganisms in rhizosphere of *Astragalus membranaceus* under the control of different foliar fertilizers [D]. Baoding: Hebei University, 2022:1-75
- [38] DING J L, JIANG X, MA M C, et al. Effect of 35 years inorganic fertilizer and manure amendment on structure of bacterial and archaeal communities in black soil of Northeast China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, 105:187-195
- [39] 李子森, 周童晖, 苏德伟, 等. 巨菌草对宁夏中度盐碱地土壤酶活性、微生物群落结构和功能多样性的影响[J]. *福建农林大学学报(自然科学版)*, 2025, 54(1):125-134
LI Z S, ZHOU T H, SU D W, et al. Effect of *Cenchrus ciliaris* on soil enzyme activity, microbial community structure and functional diversity of Ningxia moderate saline-alkali land[J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition)*, 2025, 54(1):125-134
- [40] 汤珊珊, 胡敏. 禾本科植物根际土壤酶活性和细菌群落结构差异[J]. *草业学报*, 2025, 34(8):99-108
TANG S S, HU M. Differences in enzyme activity and bacterial community structure in rhizosphere soil of four grass species[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2025, 34(8):99-108
- [41] MORRISSEY E M, KANE J, TRIPATHI B M, et al. Carbon acquisition ecological strategies to connect soil microbial biodiversity and carbon cycling[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2023, 177:108893
- [42] PAN J W, GUO Q Q, LI H E, et al. Dynamics of soil nutrients, microbial community structure, enzymatic activity, and their relationships along a chronosequence of *Pinus massoniana* plantations[J]. *Forests*, 2021, 12(3):376