

# 西南地区冬水田剖面的微生物空间分异规律

张建, 申思, 万琪慧, 李宁宁, 蒋先军, 罗红燕

(西南大学资源环境学院, 重庆 400715)

**摘要:** 为研究冬水田土壤基本理化性质对微生物多样性和冬水田生态系统功能与结构的作用, 以西南地区3个不同样地的冬水田为研究对象, 采用烘干法、电位法、静态室内培养法、稀释涂布平板法和氯仿熏蒸法对土壤理化和生物学指标进行检测。结果表明: (1) 各样地含水量均沿垂直深度逐渐降低, pH为6.3~7.1, 呈微酸—中性生境, 铵态氮( $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ )含量总体呈现为合川区冬水田>沙坪坝区冬水田>北碚区紫色土基地, 且表层(0—10 cm)>亚表层(10—20 cm)>底层(20—40 cm), 整体为36.97~52.02 mg/kg, 3种冬水田各土层硝态氮( $\text{NO}_3^- - \text{N}$ )含量差异不显著(2.13~2.61 mg/kg)。(2) 微生物量碳(MBC)和微生物量氮(MBN)含量呈现为北碚区紫色土基地>合川区冬水田>沙坪坝区冬水田, 不同层次表现为表层(0—10 cm)>亚表层(10—20 cm)>底层(20—40 cm)。(3) 各样地间微生物丰度表现为细菌>放线菌>真菌, 微生物数量沿土层垂直深度降低, 各土层细菌、放线菌和真菌数量均呈极显著负相关( $p < 0.01$ ), 不同样地间表现为合川区冬水田>沙坪坝区冬水田>北碚区紫色土基地。

**关键词:** 冬水田; 微生物量; 微生物数量; 土壤基本性质

中图分类号: S154.34

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242(2018)06-0315-06

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcbx.2018.06.045

## Spatial Differentiation of Microorganisms in Profiles of Flooded Paddy Field in Southwest China

ZHANG Jian, SHEN Si, WAN Qihui, LI Ningning, JIANG Xianjun, LUO Hongyan

(College of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715)

**Abstract:** In order to study the effect of the basic physicochemical properties on microbial diversity, three different flooded paddy in the Southwestern China were selected. Drying method, potential metric method, static indoor culture method, diluted coating plate method and chloroform fumigation method were used to test the soil physicochemical and biological indexes. The results indicated that: (1) The water content of each sample area gradually reduces along the vertical depth. The pH value was between 6.3~7.1 from slightly acidic to neutral. Ammonium nitrogen ( $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ ) content ranged as Hechuan flooded paddy field> Shapingba flooded paddy field> Beibei purple soil base, and the surface (0—10 cm)> subsurface stratum (10—20 cm)> bottom (20—40 cm), while the overall content was 36.97~52.02 mg/kg. The difference of nitrate nitrogen ( $\text{NO}_3^- - \text{N}$ ) in three kinds of flooded paddy fields was not significant (2.13~2.61 mg/kg). (2) The content of microbial biomass carbon (MBC), microbial biomass nitrogen (MBN) in Beibei purple soil base was the most, followed by Hechuan flooded paddy field, and Shapingba flooded paddy field, while the content of MBC and MBN decreased with the increase of soil depth. (3) The microbial abundance showed the trend of bacteria> actinomycetes> fungi, and decreased with the increase of soil depth. The Pearson relationship analysis showed that the abundance of soil bacteria, actinomycetes and fungi had a significant negative relationship with each other ( $p < 0.01$ ). The microbial abundance showed the trend as Hechuan flooded paddy field> Shapingba flooded paddy field> Beibei purple soil base.

**Keywords:** flooded paddy field; microbial biomass; number of microorganisms; soil basic properties

土壤为植物提供大部分营养物质。有关土壤肥力的研究<sup>[1-2]</sup>已经多有报道,但是有关湿地,特别是冬水田的研究并不多见。李贵才等<sup>[3]</sup>报道湿地土壤中

氮的时空分布特征,表明无机氮含量的空间和时间分布特征能反映湿地土壤的养分供给状况及可利用水平,并且在一定程度上对湿地植物群落组成、湿地系

收稿日期: 2018-05-22

资助项目: 国家自然科学基金项目(41301315); 重庆市自然科学基金项目(Cstc2012JJA80024)

第一作者: 张建(1993—), 男, 重庆南川人, 在读硕士研究生, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: 18875441216@163.com

通信作者: 罗红燕(1974—), 女, 副教授, 主要从事土壤肥力与土壤微生物研究。E-mail: hongyan5282@163.com

统生产力以及湿地系统的稳定等产生深刻影响。硝态氮( $\text{NO}_3^- - \text{N}$ )和铵态氮( $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ )含量是土壤的 2 个特征性元素,在土壤不同层次表现出很强的空间变异规律<sup>[4]</sup>。湿地土壤养分是具有随机性和结构性的区域化变量,土壤微生物在土壤的形成、有机质代谢、植物养分转化和污染物降解以及陆地生态系统元素的循环和能量的代谢中都发挥着重要作用,在土壤肥力和生态系统中扮演着重要角色<sup>[5]</sup>;同时,土壤微生物是土壤养分(C、N、P、S 等)转化和循环的动力,它参与了有机质的各个生化过程<sup>[6]</sup>,而且土壤微生物的活性直接反映了微生物对土壤碳、氮循环的影响,作为土壤肥力水平的活指标,已经日渐受到学者们的关注<sup>[7]</sup>。

冬水田是指在冬闲期用来蓄水的稻田,在我国西南地区广泛分布<sup>[8]</sup>,常年淹水,土壤长期处于还原状态。在我国南方的水稻种植区,冬水田不仅是一种耕作制度,更是一项大规模的蓄水工程。冬水田的特点是春季移栽水稻,9 月水稻收割后蓄水保田直到翌年 5 月移栽水稻<sup>[9]</sup>。这类稻田长期蓄水,土壤冷浸,通气性差,主体结构差,土壤中积累了较多的有毒有害物质,水、肥、气、热间的协调能力差,土壤有效养分缺乏<sup>[10]</sup>。冬水田有明显的氧化层和还原层的分异现象。淹水土壤表层是一水层,一般为 3~5 cm,下面是厚度不到 1 cm 的氧化层,再下面是约 10~20 cm 还原层,这种垂直分层导致土壤 Eh、pH、温度、水分和空气等具有明显差异<sup>[11]</sup>。冬水田土壤中丰富的微生物在生态系统中具有非常重要的功能作用,包括分解、陆地生态系统元素的生物地球化学循环和能量的代谢等,甚至会影响地球大气的排放。随着气候变化,微生物以及冬水田性质也会随之变化,意味着冬水田对于生态系统的变化有着敏感的反应。因此,研究冬水田生态系统基本土壤性质以及微生物数量和活性对了解水田微生物多样性、深入探讨冬水田生态系统功能和结构以及对温室气体的控制具有极其重要的作用。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概括与样品采集

供试土壤分别采集于 3 个区域:一是重庆市北碚区西南大学紫色土基地(北碚淹水稻田 JD)( $30^\circ 26' \text{N}$ , $106^\circ 26' \text{E}$ )。该区属亚热带季风气候,海拔 230 m,年平均气温  $18.3^\circ \text{C}$ ,年平均降水量 1 105.4 mm,年均日照时间 1 276.7 h,年无霜期 334 d。土壤为中生代侏罗系沙溪庙组灰棕紫色沙泥岩母质上发育的中性紫色水稻土。常规施肥处理是化肥配施人畜粪尿,化肥使用量为:尿素  $190 \text{ kg}/\text{hm}^2$ ,过磷酸钙  $500 \text{ kg}/$

$\text{hm}^2$ ,氯化钾  $75 \text{ kg}/\text{hm}^2$ ;水稻分蘖期追施一次尿素  $80 \text{ kg}/\text{hm}^2$ ,氯化钾  $75 \text{ kg}/\text{hm}^2$ 。

二是重庆市合川区大石镇高马村(合川淹水稻田 HC)八社( $36^\circ 01' 12'' \text{N}$ , $118^\circ 59' 31'' \text{E}$ )。境内海拔最高点 452 m,最低 196 m,是典型的梯次起伏地形。塘库堰堤灌和自流灌溉达 80%。土壤辖区内常年平均降水约 1 100~1 300 mm。土壤为侏罗系上沙溪庙组  $\text{j}_2\text{S}^2$  的紫红色沙泥岩互层。施肥处理是施复合肥硫酸氨配施人畜粪尿。

三是重庆市沙坪坝区青木关凤凰镇金塘三社低山地貌区(沙坪坝凤凰镇淹水稻田 FH)( $29^\circ 43' 39'' \text{N}$ , $106^\circ 19' 57'' \text{E}$ )。土壤为侏罗系沙溪庙组红色沙泥岩互层,气候条件优越,适宜种植多种作物,全年平均气温  $18.2^\circ \text{C}$ ,年平均降水量 1 100 mm,平均海拔 225 m,相对湿度 87%,全年无霜期 325 d。

土样采集于 2017 年 12 月,各采样点稻田中淹水高度 3~5 cm。垂直采集不同深度 0—10,10—20,20—40 cm 冬水稻田土壤,每个采样点各土层深度采集样品 500 g,去除水稻根系和枯落物等杂质后用  $4^\circ \text{C}$  保温箱中带回实验室。

### 1.2 研究方法

土壤含水量采用烘干法测定;土壤 pH 采用电位法测定;土壤呼吸作用采用静态气室法测定<sup>[12]</sup>;土壤细菌、放线菌、真菌的计数采用稀释涂布平板法<sup>[13]</sup>测定;土壤微生物量碳和氮采用氯仿熏蒸浸提法<sup>[12]</sup>测定;土壤样品的  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量采用氯化钾浸提—靛酚蓝比色法、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$  含量采用酚二磺酸比色法浸提后样品采用连续流动分析仪(AutoAnalyzer AA3)测定。采用 Excel 和 SPSS 21 软件进行数据分析,采用 Origin 8.6 软件作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同地点土壤环境特征

不同采样点不同土层的土壤环境特征见表 1。合川区、沙坪坝区和北碚区紫色土基地不同土层的含水量差异显著( $p < 0.05$ ),每个样点含水量从上到下均呈逐渐降低趋势。沙坪坝区冬水田表层土壤含水量最高,底层含水量最低。不同地点不同土层的土壤 pH 差异不显著,其中沙坪坝区冬水田表层土壤 pH 为 6.3,呈微酸性,其余各样点各土层的土壤 pH 均为 6.5~7.1,为中性土壤,且每个地区的 pH 从表层到底层均呈平缓升高的趋势,其中沙坪坝区冬水田底层土壤 pH 最高,为 7.1。3 个样地的土壤呼吸作用均表现为表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层(20—40 cm),呼吸作用总体表现为合川区冬水田 > 沙坪坝区冬水田 > 北碚区紫色土基地。不同地点  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$

含量存在差异,合川地区  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  的含量较其余两地高。每个地区  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量从表层到底层呈逐渐降低的趋势。合川区冬水田表层  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量最高,紫色土基地冬水田底层  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量最低。不同地区  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量差异不显著,每个地区

$\text{NO}_3^--\text{N}$  含量从表层到底层没有显著变化,紫色土基地冬水田表层  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量最高,亚表层  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量最低。由表 1 可以看出,合川区冬水田和沙坪坝区冬水田土壤基本性质数值均高于北碚区紫色土基地。

表 1 不同地点土壤环境特征

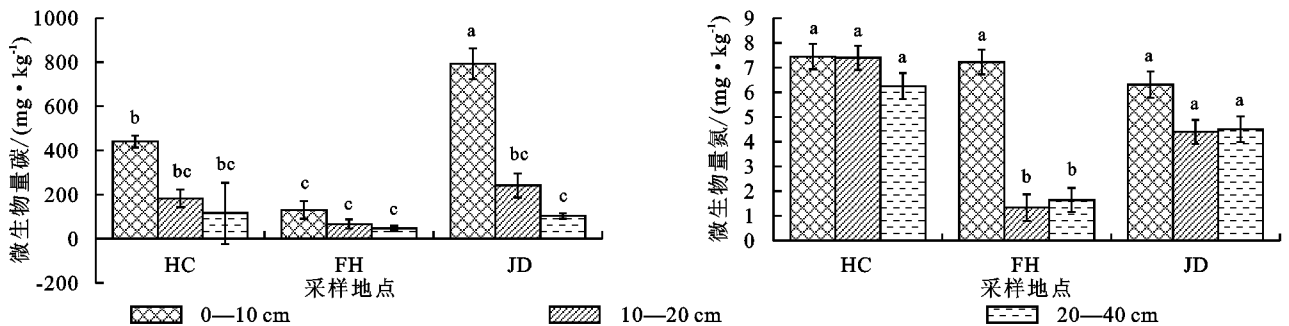
彩样地点	土层深度/cm	含水量/ %	pH	呼吸作用/ ( $\text{mL} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	铵态氮/ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )	硝态氮/ ( $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ )
HC	0—10	72.66±0.02ab	6.5±0.1a	424.36±19.36a	52.02±1.21a	2.23±0.34a
	10—20	52.66±0.08bc	6.6±0.1a	355.91±96.80b	49.53±1.08b	2.38±0.32a
	20—40	48.24±0.06bc	6.7±0.1a	284.05±40.36c	48.18±1.05b	2.38±0.21a
FH	0—10	96.34±0.01a	6.3±0.1a	410.67±38.72a	45.21±1.21cd	2.61±0.46a
	10—20	49.83±0.06bc	6.8±0.1a	383.29±58.08b	43.51±1.59de	2.13±0.43a
	20—40	39.22±0.16c	7.1±0.1a	287.47±93.59c	42.00±1.62de	2.51±0.06a
JD	0—10	73.51±0.08ab	6.5±0.2a	390.14±48.40a	45.67±0.98c	2.82±0.30a
	10—20	42.33±0.02c	7.0±0.1a	355.91±67.76a	38.31±1.34f	1.83±0.35a
	20—40	41.01±0.01c	7.0±0.1a	321.09±67.76b	36.97±1.33f	2.17±1.00a

注:表中数据为平均值±标准差;同列不同字母表示各处理不同土层间差异显著( $p<0.05$ )。

## 2.2 微生物生物量碳、氮含量

从图 1 可以看出,3 个采样地的微生物碳(MBC)含量均表现为表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层(20—40 cm),其中北碚区紫色土基地中亚表层、底层生物量碳较表层分别降低了 69.53%,89.10%,合川区冬水田中亚表层、底层生物量碳较表层分别降低了 58.59%,73.65%,沙坪坝区冬水田中亚表层、底层生量碳较表层分别降低了 49.31%,64.02%,3 个样地总体趋势为北碚区紫色土基地 > 合川区冬水田 > 沙坪坝区冬水田。北碚区紫色土基地生物量氮表现为表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层

(20—40 cm),但其余 2 个采样地无此规律,合川区冬水田 3 层土样微生物量氮分布大致一样,沙坪坝区冬水田表层(0—10 cm)最高,为 7.23 mg/kg,剩余 2 层并无差异。各采样地间的微生物量碳、氮含量差异显著( $p<0.05$ ),从表层到底层呈逐渐降低的趋势。试验表明,微生物量碳、氮均表现为表层(0—10 cm)最高,其主要原因可能是由于表层(0—10 cm)属于好氧层,微生物主要以好氧及兼性好氧为主,微生物生理活动活跃,积累作用明显;而亚表层(10—20 cm)和底层(20—40 cm)为厌氧还原层,微生物活性减弱,利用周围土壤有机物较少,导致体内积累较少。



注:图中不同字母表示各处理不同土层间差异显著( $p<0.05$ )。下同。

图 1 冬水田不同土层微生物量碳、氮含量

## 2.3 土壤硝态氮、铵态氮含量

$\text{NO}_3^--\text{N}$  和  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量是土壤的 2 个特征性参数。从图 2 可以看出,合川区冬水田 0—10,10—20,20—40 cm 土层的  $\text{NO}_3^--\text{N}$  分别为 2.23,2.38,2.38 mg/kg, $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量分别为 52.02,49.53,48.18 mg/kg;沙坪坝区冬水田 0—10,10—20,20—40 cm 土层的  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量分别为 2.61,2.12,2.51 mg/kg, $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量分别为 45.21,43.51,41.99 mg/kg;北碚区紫色土基地 0—10,10—20,20—40 cm 土层的  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量分别为 2.82,1.83,2.17 mg/kg, $\text{NH}_4^+-\text{N}$

N 含量分别为 45.67,38.51,36.97 mg/kg。表明 3 个样地各土层  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量没有差异性,但是  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量表现为表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层(20—40 cm);3 种冬水田  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量表现为合川区冬水田 > 沙坪坝区冬水田 > 北碚区紫色土基地。总体而言,相比于北碚区紫色土基地,合川区冬水田与沙坪坝区冬水田表层硝态氮均低,亚表层与底层硝态氮均高;而合川区冬水田与沙坪坝区冬水田各层铵态氮均低。经数据分析, $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量与  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量呈显著性相关( $p<0.05$ )。

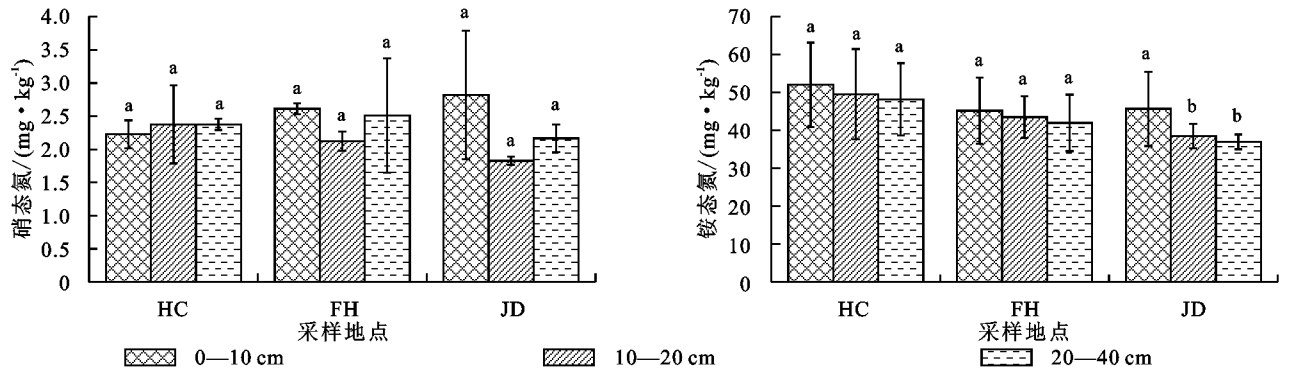


图 2 冬水田不同土层硝态氮、铵态氮含量

## 2.4 土壤基本微生物组成

土壤微生物活菌数量的测定采用稀释涂布平板计数法,测定了 3 个样地土壤中的细菌、放线菌和真菌的数量。3 个样地中微生物数量表现为细菌最多,放线菌次之,真菌最少。细菌、放线菌的总数量是合川区、沙坪坝区、紫色土基地样地依次减少,真菌总数量则是沙坪坝区、紫色土基地、合川区样地依次减少。在同一采样地区,各土层细菌、真菌的数量均是随土

层深度依次减少,即表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层(20—40 cm);放线菌数量则是亚表层(10—20 cm) > 表层(0—10 cm) > 底层(20—40 cm)。也就是说,随着 pH 的增大(由弱酸性变为中性)过程中,微生物数量有下降的趋势(表 2)。试验证明,相较于北碚区紫色土基地而言,微生物总数量合川区冬水田和沙坪坝区冬水田均要高,土壤的理化性质对微生物数量的影响较大。

表 2 土壤微生物群落组成

样地 名称	细菌/(10 <sup>7</sup> cfu/g)			放线菌/(10 <sup>7</sup> cfu/g)			真菌/(10 <sup>6</sup> cfu/g)		
	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm
HC	2.71±0.79a	2.05±0.37a	1.60±0.01ab	5.72±0.27a	4.60±0.71a	5.20±0.53a	2.35±0.28b	9.40±0.13a	1.29±0.11b
FH	1.22±0.01b	1.67±0.14a	2.00±0.29a	0.68±0.05b	0.98±0.08ab	0.61±0.04b	7.60±0.41a	9.50±0.13a	6.20±0.13a
JD	2.69±0.57a	0.79±0.01b	0.73±0.27b	2.16±0.17a	0.68±0.05b	0.64±0.01b	3.60±0.14ab	2.32±0.11b	1.44±0.38b

## 3 讨论

### 3.1 土壤理化性质与微生物量碳、氮的关系

土壤微生物量是指土壤中体积小于  $5 \times 10^3 \mu\text{m}^3$  的生物总量,能够具体反映土壤性质的变化程度和过程<sup>[14]</sup>;土壤微生物量氮是土壤活性的可矿化氮源,具有易矿化、周期短等特点,在土壤氮素循环中发挥重要作用<sup>[15]</sup>。结合图 1,对 3 个采样地进行数据分析统计可知,北碚区紫色土基地的微生物生物量碳显著 ( $p < 0.05$ ) 高于合川区冬水田和沙坪坝区冬水田;表层土壤的微生物生物量碳在 130~790 mg/kg,与何振立<sup>[16]</sup>的研究结果一致。此外,相较于北碚区紫色土基地,合川区冬水田微生物生物量氮较高,沙坪坝区冬水田微生物生物量氮较低,合川区冬水田表层土壤中生物量碳最高,紫色土基地表层土壤中生物量碳最低,但没有显著差异。蔡昆争等<sup>[17]</sup>研究结果表明,水稻的根系体积主要分布在土壤耕作层(0—20 cm),且表层(0—10 cm)占 80% 以上,由于表层土壤含水量、有机质、通气性都高于亚表层与底层,因此有利于土壤微生物的生长繁殖,根系微生物活性周转速度快,微生物利用碳、氮的速率加快,因此表层微生物量碳、氮会显著高于亚表层与底层。结合表 3,  $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 、含水量均与 MBN 呈显著正相关 ( $p < 0.05$ ),

$\text{NH}_4^+ - \text{N}$  与 MBN 呈极显著正相关 ( $p < 0.01$ ),说明土壤理化性质对微生物量碳、氮具有显著 ( $p < 0.05$ ) 影响;造成微生物量碳、氮空间分布有差异的原因可能是样地微地貌特征引起的微域水分条件和局域无机氮物理转移等<sup>[11]</sup>,主要表现为合川区冬水田属于典型的梯次起伏地形,沙坪坝区冬水田属于低山地貌地区,与北碚区紫色土基地地貌有明显差异,会导致无机碳、氮物理转移有差异。此外,施肥、重金属污染、农药污染<sup>[18]</sup>都会影响土壤理化性质,进而间接影响土壤微生物量碳、氮的含量。

### 3.2 土壤理化性质与微生物数量的关系

土壤是微生物栖息的重要场所,土壤微生物的类群、数量、分布和组成直接受土壤水分和养分含量等因素的影响,不同生态环境条件下土壤微生物区系存在较大差异<sup>[19]</sup>。截止目前,国内学者在农田<sup>[20]</sup>、草地<sup>[21]</sup>土壤养分上已经有研究,但是关于冬水田的研究并不多。本研究结果表明,由于冬水田土壤的特殊性,导致土壤含水量、pH、呼吸作用等值均由表层到底层依次降低,土壤中三大菌群的数量有与其一致的规律。结合图 2 和表 3,不同土层均表现为  $\text{NO}_3^- - \text{N} < \text{NH}_4^+ - \text{N}$ ,且表层所含有的  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$  均高于亚表层与底层, $\text{NO}_3^- - \text{N}$  与真菌呈显著正相关 ( $p < 0.05$ ), $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  与细菌呈显著正相关 ( $p < 0.05$ ),

土壤 pH 与  $\text{NH}_4^+-\text{N}$ 、 $\text{NO}_3^--\text{N}$ 、真菌呈负相关,与细菌和放线菌呈正相关,但不显著,这与陈效民等<sup>[22]</sup>研究结果一致,同时说明土壤理化性质对微生物数量有积极影响,而且供试土壤的 pH、 $\text{NH}_4^+-\text{N}$ 、 $\text{NO}_3^--\text{N}$  的变化可以直接或间接影响土壤中微生物的丰度分布。但也有研究<sup>[23]</sup>指出,土壤 pH 对土壤中物质的转化、土壤微生物和土壤理化性质等均有较大的影响,由于本研究中 pH 变化范围小,因此并不是主要的影响因素。冬水田中表层是淹水层,具有一定的好氧区,亚表层和底层是厌氧区域,导致微生物自身代谢有差异,也会影响其数量分布。此外,还可能与各采样地的地貌和周边工业发展有一定关系,合川区和沙坪坝区采样远离城市中心,极少有工业污染,而紫色土基地周边工矿企业及生活区域密集,地下水的渗入会影响其分布。

### 3.3 水稻土剖面的微生物数量与冬水田特点的关系

由于冬水田有明显的氧化层和还原层的分异现象,这导致土壤 Eh 值、pH、温度、水分和空气等有一定的差异<sup>[11]</sup>。刘芳等<sup>[24]</sup>研究表明,水稻田剖面中的硝态氮( $\text{NO}_3^--\text{N}$ )、铵态氮( $\text{NH}_4^+-\text{N}$ )均表现为表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层(20—40 cm),与本研究结果基本一致。从表 3 可以看出,pH 与含水量、 $\text{NH}_4^+-\text{N}$ 、细菌、放线菌呈正相关,与  $\text{NO}_3^--\text{N}$ 、MBC、MBN、真菌具有较好的负相关性;土壤中含水量与 MBN 呈显著相关( $p < 0.05$ ),与  $\text{NH}_4^+-\text{N}$ 、细菌、放线菌、 $\text{NO}_3^--\text{N}$ 、MBC、真菌、酸碱度呈正相关; $\text{NO}_3^--\text{N}$  与 MBN、真菌呈显著正相关( $p < 0.05$ ),与  $\text{NH}_4^+-\text{N}$ 、MBC、细菌、放线菌、含水量呈正相关; $\text{NH}_4^+-\text{N}$  与 MBN 呈极显著正相关( $p < 0.01$ ),与细菌数量呈显著正相关( $p < 0.05$ ),与其余指标呈正相关。MBC 除与 pH、放线菌呈负相关外,与其余各项被测指标均呈正相关关系。MBN 与微生物数量呈正相关关系,与酸碱度呈负相关关

系。微生物三大菌群之间均呈正相关关系。由以上结果可以看出,土壤基本性质对微生物活性和微生物数量均有显著影响,出现该情况主要与冬水田本身的分层特点有关,冬水田主要分为表面的氧化层和底下的还原层,对微生物自身的生命活动和代谢有很大的影响;其次,冬水田在冬季休闲的时候,土壤中有毒有害物质累积较多,水、肥、气、热之间的协调能为差,土壤有效养分缺乏<sup>[25]</sup>,会刺激微生物活性,使得其具有垂直分布规律。

全球环境变化已经成为关注的热点,气候条件的变化使得各生态系统中许多生物学过程随之变化。冬水田作为一种特殊的生态系统,秋季水稻收获后蓄水休闲至次年移栽水稻,具有淹水时间长的特殊性,导致其温室气体的排放量会大大增加,冬水田所产生的温室气体主要为  $\text{CH}_4$ 、 $\text{CO}_2$  和  $\text{N}_2\text{O}$ ,冬水田的温室气体排放受农业管理措施影响,如水分管理、翻耕、施肥等均可引起土壤性质变化,进而影响微生物活性,温室气体排放也会随之变化<sup>[26]</sup>。有研究<sup>[27]</sup>表明,土壤的水分状况会影响冬水田温室气体的排放,主要是在淹水条件下,水深影响土壤的  $\text{O}_2$  含量,进而对  $\text{CH}_4$  排放产生影响;此外,土壤水分影响有机质的降解和微生物活动,从而影响呼吸作用的  $\text{CO}_2$  排放,但作用机理较复杂。土壤含水率决定了土壤中  $\text{O}_2$  的可得性, $\text{O}_2$  浓度和含水率二者共同决定硝化作用与反硝化作用的相对比例,从而影响  $\text{N}_2\text{O}$  的产生和排放量<sup>[28]</sup>。已有的研究<sup>[29]</sup>表明,冬水田中影响温室气体排放的因素除以上所述之外,还包括温度、田间管理、土壤质地。在本研究中,土壤基本理化性质与微生物数量和微生物生物量具有显著相关性,也必然影响着温室气体的排放。因此,探讨冬水田水稻土剖面的微生物数量和活性与冬水田特点的关系对于合理管理冬水田土壤以及合理控制其温室气体排放具有极为重要的意义。

表 3 土壤微生物活性、微生物量与土壤基本性质的相关性

项目	pH	含水量	$\text{NO}_3^--\text{N}$	$\text{NH}_4^+-\text{N}$	MBC	MBN	真菌	细菌	放线菌
pH	1	0.097	-0.467	0.024	-0.016	-0.173	-0.363	0.016	0.280
含水量		1	0.277	0.313	0.278	0.474*	0.295	0.003	0.148
$\text{NO}_3^--\text{N}$			1	0.048	0.210	0.504*	0.546*	0.049	0.098
$\text{NH}_4^+-\text{N}$				1	0.227	0.667**	0.152	0.507*	0.405
MBC					1	0.441	0.411	0.419	-0.172
MBN						1	0.319	0.329	0.191
真菌							1	0.088	0.109
细菌								1	0.046
放线菌									1

注: \* 表示在  $P < 0.05$  水平(双侧)上显著相关; \*\* 表示在  $P < 0.01$  水平(双侧)上极显著相关。

## 4 结论

微生物量碳(MBC)和微生物量氮(MBN)总体表现为北碚区紫色土基地 > 合川区淹水稻田 > 沙坪坝区淹

水稻田,各样地土层之间具有明显差异( $p < 0.05$ ),且随土层深度的增加 MBC、MBN 逐渐降低。

3 种淹水稻田各土层  $\text{NO}_3^--\text{N}$  含量变化不显

著(2.13~2.61 mg/kg),没有较大的差异;但是  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  含量趋势表现为表层(0—10 cm) > 亚表层(10—20 cm) > 底层(20—40 cm); 3种淹水稻田  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  趋势为:合川区淹水稻田 > 沙坪坝区淹水稻田 > 北碚区紫色土地。

微生物数量表现为细菌最多,放线菌次之,真菌最少。细菌、放线菌的总数量是合川区、沙坪坝区、北碚区样地依次减少,真菌总数量则是沙坪坝区、北碚区、合川区样地依次减少。土壤微生物细菌、真菌、放线菌和微生物生物量碳、氮与土壤基本性质具有显著或者极显著相关关系。

#### 参考文献:

- [1] Zhao H, Sun J, Xu X, et al. Stoichiometry of soil microbial biomass carbon and microbial biomass nitrogen in China's temperate and alpine grasslands[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2017, 83: 1-8.
- [2] Siciliano S D, Palmer A S, Winsley T, et al. Soil fertility is associated with fungal and bacterial richness, whereas pH is associated with community composition in polar soil microbial communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 78(6): 10-20.
- [3] 李贵才,韩兴国,黄建辉,等.森林生态系统土壤氮矿化影响因素研究进展[J]. *生态学报*, 2001, 21(7): 1187-1195.
- [4] 孙志高,刘景双,姜艳艳,等.基于地统计学和 $^{15}\text{N}$ 技术的湿地土壤氮素空间运移理论探讨[J]. *中国农学通报*, 2005, 21(6): 347-351.
- [5] Jenkinson D S, Brookes P C, Powelson D S. Measuring soil microbial biomass[J]. *Soil Biology and Biotechnology*, 2004, 36(1): 5-7.
- [6] 曹慧,杨浩,孙波,等.不同种植时间菜园土壤微生物生物量和酶活性变化特征[J]. *土壤*, 2002, 34(4): 197-200.
- [7] Ren C, Zhang W, Zhong Z, et al. Differential responses of soil microbial biomass, diversity, and compositions to altitudinal gradients depend on plant and soil characteristics[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 610/611: 750-758.
- [8] 陈桂权.冬水田技术的形成与传播:以四川为中心的考察[J]. *中国农史*, 2013, 32(4): 3-13.
- [9] 马秀梅,朱波,杜泽林,等.冬水田休闲期温室气体排放通量的研究[J]. *农业环境科学学报*, 2005, 24(6): 1199-1202.
- [10] 孙波,潘贤章,王德建,等.我国不同区域农田养分平衡对土壤肥力时空演变的影响[J]. *地球科学进展*, 2008, 23(11): 1201-1208.
- [11] 孙志高,刘景双,陈小兵.三江平原典型小叶章湿地土壤中硝态氮和铵态氮的空间分布格局[J]. *水土保持通报*, 2009, 23(3): 66-72.
- [12] 刘光崧.土壤理化分析与剖面描述[M].北京:中国标准出版社,1996.
- [13] 李阜棣.农业微生物学实验技术[M].北京:中国农业出版社,1996.
- [14] Classen A T, Overby S T S C, Koch G W, et al. Season mediates herbivore effects on litter and soil microbial and activity in a semi-arid woodland[J]. *Plant and Soil*, 2007, 295(1/2): 217-227.
- [15] Breuer L, Huisman J A, Keller T, et al. Impact of a conversion from cropland to grassland on C and N storage and related soil properties: Analysis of a 60-year chronosequence[J]. *Geoderma*, 2006, 133(1): 6-18.
- [16] 何振立.土壤微生物量及其在养分循环和环境质量评价中的意义[J]. *土壤*, 1997, 29(2): 61-69.
- [17] 蔡昆争,骆世明,段舜山.水稻根系的分布及其与产量的关系[J]. *华南农业大学学报*, 2003, 24(3): 1-4.
- [18] 赵先丽,程海涛,吕国红,等.土壤微生物生物量研究进展[J]. *气象与环境学报*, 2006, 22(4): 68-72.
- [19] Mistch W J, Gosselin J G. *Wetlands*[M]. New York: Van Nostrand Reinhold Company Inc., 2000: 89-125.
- [20] 秦松,樊燕,刘洪斌,等.地形因子与土壤养分空间分布的相关性研究[J]. *水土保持研究*, 2008, 15(1): 275-279.
- [21] 杜峰,梁宗锁,徐学选,等.陕北黄土丘陵区撂荒地群落生物量及植被土壤养分效应[J]. *生态学报*, 2007, 27(5): 1673-1683.
- [22] 陈效民,吴华山,孙静红.太湖地区农田土壤中铵态氮和硝态氮的时空变异[J]. *环境科学*, 2006, 27(6): 1217-1222.
- [23] 张伟,陈洪松,王克林,等.桂西北喀斯特洼地土壤有机碳和速效磷的空间变异[J]. *生态学报*, 2007, 27(12): 5168-5175.
- [24] 刘芳,樊小林,李天安,等.覆盖旱种水稻稻田土壤剖面硝态氮和铵态氮的动态变化[C]//中国土壤学会.第四届中国青年植物营养与肥料科学工作者学术讨论会论文集,2004.
- [25] 任佐华,张于光,李迪强,等.三江源地区高寒草原土壤微生物活性和微生物量[J]. *生态学报*, 2011, 31(11): 3232-3238.
- [26] 秦晓波,李玉娥,石生伟,等.稻田温室气体排放与土壤微生物菌群的多元回归分析[J]. *生态学报*, 2012, 32(6): 1811-1819.
- [27] 李香兰,马静,徐华,等.水分管理对水稻生长期  $\text{CH}_4$  和  $\text{N}_2\text{O}$  排放季节变化的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2008, 27(2): 535-541.
- [28] Bateman E J, Baggs E M. Contributions of nitrification and denitrification to  $\text{N}_2\text{O}$  emissions from soils at different water-filled pore space[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2005, 41(6): 379-388.
- [29] Ghosh S, Majumdar D, Jain M C. Methane and nitrous oxide emissions from an irrigated rice of North India[J]. *Chemosphere*, 2003, 51(3): 181-195.