

旱地红壤不同土地利用方式对土壤酶活性及微生物多样性的影响差异

周际海^{1,2}, 郜茹茹¹, 魏倩², 袁颖红¹, 濮海燕¹

(1.南昌工程学院,江西省退化生态系统修复与流域生态水文重点实验室,南昌 330099;

2.安徽师范大学生命科学学院,重要生物资源保护与利用研究安徽省省级重点实验室,安徽 芜湖 241000)

摘要:土壤是人类存在与发展的必需物质基础,土地利用的变化直接影响土壤质量。以江西红壤为例,通过野外采样和室内实验分析,研究了旱地红壤的5种土地利用方式:荒地(HD)、茶树园(CSY)、柑橘园(GJY)、花生地(HSD)、玉米地(YMD)的表层土壤(0—15 cm)土壤酶活性及微生物多样性。结果表明:与荒地相比,茶树园、柑橘园、花生地和玉米地的土壤基础呼吸强度分别提高了93.33%,79.71%,9.12%,6.45%;茶树园的土壤微生物量碳含量比荒地的增大了113.67%,而柑橘园、花生地和玉米地比荒地的分别减小了12.35%,6.84%,87.57%;茶树园、柑橘园和花生地的土壤FDA水解酶活性分别比荒地的增大了51.99%,44.04%,25.55%,而玉米地的比荒地的减小了13.62%;茶树园和花生地的土壤脱氢酶活性分别比荒地的增大了2.47%和123.63%,柑橘园的比荒地的增大了35.70%;5种土地利用类型对土壤过氧化氢酶和蔗糖酶活性影响较小。茶树园、柑橘园和花生地的土壤微生物总磷脂肪酸量分别比荒地的增大了11.11%,5.56%,2.78%,而玉米地的比荒地的减小了13.89%;茶树园、柑橘园和玉米地的土壤细菌种类分别比荒地的减少约9.09%,4.55%,22.73%;不同土地利用方式的土壤真菌种类数相同,无差异;茶树园和花生地的土壤放线菌种类均比荒地的增大约16.67%,而柑橘园的比荒地的减少约16.67%。说明相比于荒地、柑橘园、花生地和玉米地,茶树园的土壤微生物多样性更加丰富,群落结构也相对稳定,种植茶树更有利于提高土壤质量及对土壤肥力的保持。

关键词:土地利用方式;土壤酶活性;土壤微生物多样性

中图分类号:S158

文献标识码:A

文章编号:1009-2242(2020)01-0327-06

DOI:10.13870/j.cnki.stbcbx.2020.01.047

Effects of Different Land Use Patterns on Enzyme Activities and Microbial Diversity in Upland Red Soil

ZHOU Jihai^{1,2}, GAO Ruru¹, WEI Qian², YUAN Yinghong¹, PU Haiyan¹

(1.Jiangxi Provincial Key Laboratory for Restoration of Degraded Ecosystems & Watershed Ecohydrology,

Nanchang Institute of Technology, Nanchang 330099; 2.Anhui Provincial Key Laboratory for the Conservation and

Utilization of Important Biological Resources, College of Life Sciences, Anhui Normal University, Wuhu, Anhui 241000)

Abstract: Soil is the necessary material basis for human survival and development, and changes in land use patterns directly affect soil properties. Taking Jiangxi red soil as an example, soils from five kinds of land use patterns: wasteland (HD), tea garden (CSY), citrus orchard (GJY), peanut land (HSD), and corn field (YMD) in upland red soil were used through field sampling and laboratory analysis to assess enzymatic activity and soil microbial diversity in surface soil (0—15 cm). The results showed that compared with the wasteland, the soil basal respiration of tea garden, citrus orchard, peanut land, and corn field increased by 93.33%, 79.71%, 9.12%, and 6.45%. The soil microbial biomass carbon of tea garden increased by 113.67% compared with the wasteland, while that of citrus orchard, peanut land, and corn field decreased by 12.35%, 6.84% and 87.57%. Compared with the wasteland, the activities of FDA hydrolysis in tea plantation, citrus orchard and peanut field increased by 51.99%, 44.04% and 25.55%, while the FDA hydrolysis activity in corn field decreased by 13.62%. The dehydrogenase activity in the tea garden and peanut field increased by 2.47% and 123.63% compared with the wasteland, the activity of urease in the citrus orchard increased by

收稿日期:2019-07-01

资助项目:国家自然科学基金项目(41661065,31760167)

第一作者:周际海(1973—),男,安徽和县人,副教授,博士,主要从事土壤微生物及其生态功能研究。E-mail:zhoujihai2006@163.com

35.70% compared with the wasteland, the catalase activity and sucrase activity were less affected by the five land use patterns. Compared with the wasteland, the total biomass of soil microorganisms in tea garden, citrus orchard, and peanut field increased by 11.11%, 5.56% and 2.78%, while the total biomass of soil microorganisms in corn field decreased by 13.89%. The soil bacterial species in tea plantation, citrus orchard and peanut field decreased by 9.09%, 4.55% and 22.73% compared with the wasteland, there was no difference in the number of soil fungi in different land use patterns. Compared with the wasteland, the species of soil actinomycetes in tea plantation and peanut field both increased by 16.67%, while the species of soil actinomycetes in citrus orchard decreased by 16.67%. The above results showed that compared with wasteland, citrus orchard, peanut land and corn field, the soil microbial diversity of tea garden is more abundant, and the community structure is relatively stable. Planting tea trees is more conducive to improving soil quality and maintaining soil fertility.

Keywords: land use pattern; soil enzyme activity; soil microbial diversity

我国南方红壤丘陵区约占全国土地面积的 21%，是我国重要的农、林产地，该区域热量充足，雨量丰沛，生产潜力大，在我国社会经济发展中发挥着重要作用^[1-2]。然而旱地红壤质量差，长期受强烈的富铝化和淋溶作用，使得土壤大多呈酸性，pH 为 4.5~5.5，保肥性能差，缺乏养分，且多数黏、重、板、结等，严重影响土壤水、肥、气、热的运行和作物的生长与发育。以化肥代替有机肥的土壤养分管理模式也加剧了旱地红壤肥力下降、酸化和生物多样性衰减等多种问题，严重影响了旱地红壤资源的可持续利用^[3]。土地利用方式与管理的变化会影响土壤 pH、团聚体中有机碳、氮的分布及稳定性等，这些指标都是旱地红壤再利用的重要参数。土壤酶是土壤中重要的活性组分，参与土壤有机质分解与能量转换，直接影响土壤质量，间接影响作物生长，其活性强弱可表征土壤里各种生化反应强度等^[4]。土壤微生物是土壤系统的主要生物成分，在土壤养分循环、稳定性、抗干扰及土壤可持续利用中占据主导作用，控制土壤生态功能的关键过程。

土壤质量主要取决于土壤的物化特性、生物特性及生物化学特性。土地利用方式或类型的不同会改变土壤质量及耕作制度，如土壤透气透水性、固氮水平、化肥施用，以及进入土壤动植物残体数等，进而影响土壤微生物性质等^[5]。Uren 等^[6]也探究了不同根系分泌物的种类和数量对土壤微生物的影响，发现根系分泌物的差异能调节土壤微生物群落的物种特异性。不同土地利用类型或方式对土壤酶活性及微生物特性的影响不尽相同，以合理的耕作方式来开发利用土壤是农业可持续发展的主要措施。本文研究了旱地红壤在 5 种土地利用方式下，土壤基础呼吸、微生物生物量碳、FDA 水解酶、脱氢酶、过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶活性及微生物数量与群落结构的变化，可为合理开发利用红壤及红壤生态系统提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于江西省红壤研究所内(116°20'E, 28°15'N)，该地区气候温和、雨量充沛、阳光充足、无霜期长，为中亚热带季风气候，平均年降水量 1 537 mm，年蒸发量 1 100~1 200 mm；年均气温 17.7~18.5℃，最冷月(1月)月均气温为 4.6℃；最热月(7月)月均气温 28.0~29.8℃。为典型低丘地形，海拔 25~30 m，坡度约 5°。为第四纪红黏土母质发育的红壤类型。

1.2 供试土样

本研究采集同一区域 5 种不同土地利用方式的土壤样品：荒地(HD)；果茶园 2 种，茶树园(CSY)和柑橘园(GJY)；普通经济作物 2 种，玉米地(YMD)和花生地(HSD)，样品采集点基本状况见表 1。土壤取样深度为 0—15 cm，除去地块最表层的覆盖物，采集鲜土，去除根茬等大颗粒杂物，过 2 mm 筛并于 4℃下保存备用。

表 1 土壤样品采集点基本状况

土地利用方式	耕作年限/a	样品数/个	养分管理措施
荒地	未耕作	3	不施肥,不管理
茶树园	30	3	施用化肥,落叶不管理
柑橘园	20	3	施用化肥,落叶不管理
花生地	5	3	施用化肥,常规管理
玉米地	7	3	施用化肥,常规管理

1.3 测定方法

利用碱吸收法测定土壤基础呼吸。取 20.0 g 鲜土于呼吸瓶中，加 5 mL 1 mol/L NaOH 溶液，放在 28℃培养箱培养 24 h。24 h 后，用胶头滴管吸出 NaOH 溶液，并用无 CO₂ 水清洗，加 2 mL 1 mol/L BaCl₂，用 0.1 mol/L HCl 滴定^[7]。

利用氯仿熏蒸提取—TOC 仪测定微生物量碳。土样经氯仿熏蒸及未熏蒸 2 种处理后，用 K₂SO₄ 溶

液浸提,提取液用 TOC 仪测定^[8]。

FDA 水解酶活性采用优化的荧光素双乙酸酯水解法测定。称 1.00 g 鲜土于 100 mL 的锥形瓶中,加入 60 mmol/L、pH 为 7.6 的磷酸钠缓冲液 25 mL,再加入 4.8 mmol/L 的 FDA 溶液 100 μ L,摇晃均匀,于 30 $^{\circ}$ C 恒温摇床培养 1 h,取出后加入 25 mL 丙酮终止反应,于 490 nm 下用分光光度计检测^[7]。

用氯化三苯基四氮唑(TTC)还原法测定脱氢酶活性。称 4.0 g 鲜土倒入 50 mL 锥形瓶中,添加 4 mL TTC-葡萄糖-Tris 溶液(pH 为 7.6,即 2 mL 1% TTC-Tris 缓冲溶液,2 mL 1% 葡萄糖),置 37 $^{\circ}$ C 暗室培养 24 h。用少量甲醇多次提取过滤,再用 50 mL 容量瓶或比色管定容。最后在 485 nm 下用分光光度计检测^[7]。

用高锰酸钾滴定法检测过氧化氢酶活性。根据过氧化氢和含有过氧化氢酶的土壤反应消耗的过氧化氢量,计算过氧化氢的分解速率,从而得出过氧化氢酶活性^[7]。

用苯酚钠一次氯酸钠比色法测定脲酶活性。用尿素为反应基质,反应产生的氨与苯酚一次氯酸钠反应形成蓝色靛酚,1 h 内于 578 nm 下用分光光度计测定^[7]。

蔗糖酶活性利用 3,5-二硝基水杨酸显色法测定,以 24 h 内 1 g 土中产生的葡萄糖的毫克数表示酶活性^[7]。

用改进的 Bligh 和 Dyer 的方法测定微生物磷脂脂肪酸(PLFA)^[9]。称取 5.0 g 干土于特氟龙离心管中,使用土壤提取液(氯仿:甲醇:磷酸比为 1:2:0.8)提取脂类,通过硅胶柱分离纯化磷脂脂肪酸,再经过甲基化、清洗等过程,样品溶解于 200 μ L 的正己烷,随后转移到色谱瓶内插管中,使用气相色谱仪 7890A 测定微生物 PLFA 的含量,用每种微生物的 PLFA 量与碳内标 19:0 的浓度之比来计算微生物生物量以及相对丰度。

1.4 数据统计分析

试验数据用 Microsoft Excel 2013 软件进行整理与绘图,处理间差异采用 SPSS 16.0 软件进行多因素方差分析,显著性检验用 LSD 法($p < 0.05$)。

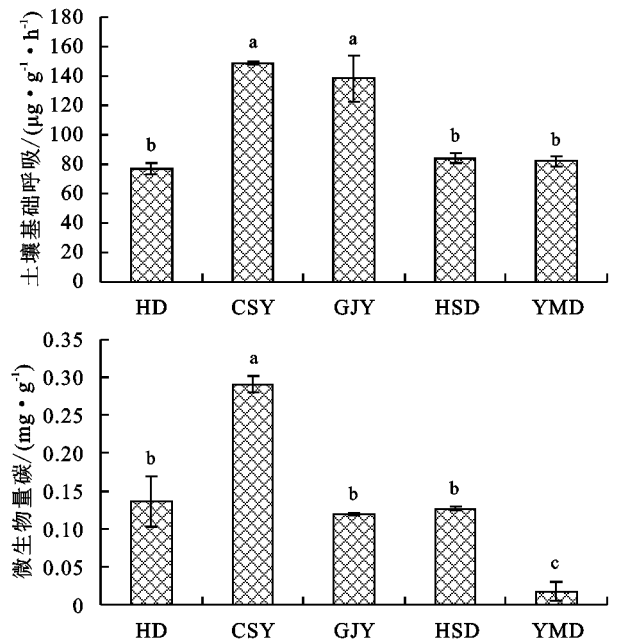
2 结果与分析

2.1 不同土地利用方式下土壤基础呼吸和土壤微生物量碳含量的差异

不同土地利用方式对土壤基础呼吸有较大影响(图 1)。茶树园和柑橘园的土壤基础呼吸间无显著差异($p > 0.05$),但均显著高于花生地、玉米地和荒地($p < 0.05$),花生地、玉米地和荒地间无显著差异。茶树园土壤基础呼吸最强,荒地的最弱。茶树园、柑橘

园、花生地、玉米地的土壤基础呼吸分别比荒地增大 93.33%,79.71%,9.12%,6.45%。

不同土地利用方式对土壤微生物量碳也有较大影响(图 1)。荒地、柑橘园和花生地土壤的微生物量碳含量间无显著差异,但均显著低于茶树园,而均显著高于玉米地。茶树园土壤的微生物量碳含量最高,玉米地的最低($p < 0.05$)。柑橘园、花生地和玉米地土壤的微生物量碳含量分别比荒地的减少约 12.35%,6.84%,87.57%,茶树园土壤的微生物量碳含量比荒地显著增多约 113.67%($p < 0.05$)。



注:图柱上方不同小写字母表示不同处理间显著差异($p < 0.05$)。下同。

图 1 不同土地利用方式的土壤基础呼吸和土壤微生物量碳含量的差异分析

2.2 不同土地利用方式对土壤酶活性的影响差异

由图 2 可知,不同土地利用方式对土壤 FDA 水解酶活性有较大影响。茶树园和柑橘园的土壤 FDA 水解酶活性间无显著差异($p > 0.05$),但均显著高于荒地、花生地和玉米地。荒地和玉米地的土壤 FDA 水解酶活性间无显著差异($p > 0.05$),但均显著低于茶树园、柑橘园和花生地。茶树园和柑橘园的土壤 FDA 水解酶活性最强,荒地和玉米地的最弱。茶树园、柑橘园和花生地的土壤 FDA 水解酶活性分别比荒地增大 51.99%,44.04%,25.55%,而玉米地的土壤 FDA 水解酶活性比荒地减小约 13.62%。

不同土地利用方式对土壤脱氢酶活性影响较大。荒地、茶树园和玉米地的土壤脱氢酶活性间无显著差异($p > 0.05$),但均显著低于花生地而显著高于柑橘园。花生地的土壤脱氢酶活性最强,柑橘园的最弱。柑橘园和玉米地的土壤脱氢酶活性分别比荒地减小约 71.10%和 13.00%,茶树园和花生地的土壤脱氢酶活性分别比荒地

增大约 2.47% 和 123.63%。

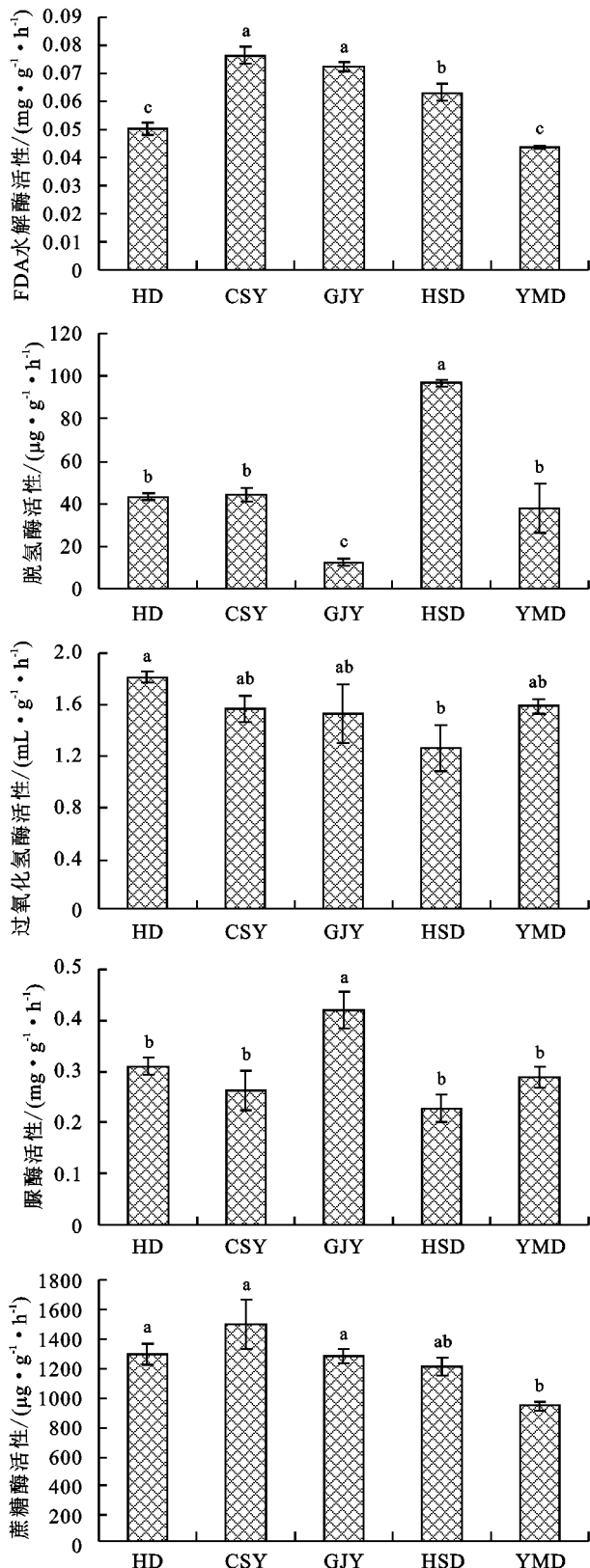


图 2 不同土地利用方式的土壤 FDA 水解酶、脱氢酶、过氧化氢酶、脲酶和蔗糖酶活性的差异

土壤过氧化氢酶活性受不同土地利用方式的影响较小。荒地和花生地的土壤过氧化氢酶活性间有显著差异 ($p < 0.05$), 茶树园、柑橘园和玉米地的土壤过氧化氢酶活性间无显著差异 ($p > 0.05$), 但均低于

荒地而高于花生地。荒地的土壤过氧化氢酶活性最强, 花生地的最弱。茶树园、柑橘园、花生地、玉米地的土壤过氧化氢酶活性分别比荒地减小约 13.70%, 15.62%, 30.45%, 12.58%。

土壤脲酶活性受土地利用方式的影响较大。荒地、茶树园、花生地和玉米地间的土壤脲酶活性无显著差异 ($p > 0.05$), 但均显著低于柑橘园。柑橘园的土壤脲酶活性最强, 荒地的最弱。茶树园、花生地和玉米地的土壤脲酶活性分别比荒地减小约 15.00%, 26.42%, 6.77%, 柑橘园的土壤脲酶活性比荒地显著增大约 35.70%。

土地利用方式变化对蔗糖酶活性影响较小。荒地、茶树园、柑橘园和花生地土壤的蔗糖酶活性间无显著差异 ($p > 0.05$), 但均显著高于玉米地。茶树园土壤的蔗糖酶活性最强, 玉米地的最弱。茶树园的蔗糖酶活性比荒地增大约 15.54%, 柑橘园、花生地和玉米地的蔗糖酶活性分别比荒地减小约 1.10%, 6.52%, 27.68%。

2.3 土地利用方式对土壤微生物结构的影响

不同土地利用方式对土壤微生物的种类及数量的影响较大(表 2 和表 3)。从表 2 可以发现, 茶树园的土壤微生物种类最多, 茶树园、柑橘园和花生地的土壤微生物种类均多于荒地, 分别比荒地增多约 11.11%, 5.56% 和 2.78%, 而玉米地的土壤微生物种类最少, 比荒地减少约 13.89%。不同土地利用方式的土壤细菌种类最多, 花生地和荒地的土壤细菌种类数相同, 而玉米地的最少, 茶树园、柑橘园和玉米地的土壤细菌种类分别比荒地的减少约 9.09%, 4.55%, 22.73%。不同土地利用方式的土壤真菌种类数相同, 无差异。从土壤放线菌的种类数来比较, 茶树园和花生地的最多, 柑橘园的最少, 玉米地和荒地的相同, 茶树园和花生地的土壤放线菌种类均比荒地的增多约 16.67%, 而柑橘园的土壤放线菌种类比荒地的减少约 16.67%。不同土地利用方式下, 茶树园和柑橘园的其他微生物种类最多, 分别比荒地的增多约 71.43% 和 57.14%, 而花生地和玉米地的其他微生物种类和荒地的相同, 无差异。

由表 3 可以发现, 5 种不同土地利用方式的土壤微生物群落结构组成有明显差异。茶树园土壤中细菌、Gram⁻、真菌及微生物总 PLFA 量均高于其他土地利用方式, 柑橘园土壤中 Gram⁺、Gram⁺/Gram⁻ 和放线菌均高于其他土地利用方式, 说明茶树园的细菌、Gram⁻ 和真菌的相对含量高于荒地、柑橘园、花生地和玉米地, 而柑橘园的 Gram⁺ 和放线菌相对含量高于荒地、茶树园、花生地和玉米地。不同土地利用方式的真菌/细菌的比值也存在差异, 茶树园、花生地和玉米地的最高, 三者无明显差异, 均比荒地增大约 37.5%; 柑橘园的最低, 比荒地的减小约 62.5%。

不同土地利用方式的 Gram⁺/Gram⁻ 的比值也存在差异,柑橘园的 Gram⁺/Gram⁻ 的比值显著高于其他四种土地利用方式,茶树园的最低,荒地和玉米地之间的比值较接近,无显著差异。

表 2 不同土地利用方式的土壤微生物 PLFA 种类

PLFA	HD	CSY	GJY	HSD	YMD
细菌	22	20	21	22	17
真菌	1	1	1	1	1
放线菌	6	7	5	7	6
其他微生物	7	12	11	7	7
共计	36	40	38	37	31

表 3 不同土地利用方式的土壤微生物类型及含量

单位: nmol/g 干土

PLFA	HD	CSY	GJY	HSD	YMD
细菌	27.60c	62.29a	58.28a	44.55b	25.85c
Gram ⁺	11.41c	22.61a	25.63a	17.35b	10.98c
Gram ⁻	16.14d	39.57a	32.64b	27.13c	14.88d
Gram ⁺ /Gram ⁻	0.71ab	0.57b	0.79a	0.64ab	0.74ab
其他细菌	0.05	0.10	0	0.07	0
真菌	2.09c	6.89a	2.03c	4.78b	2.81c
真菌/细菌	0.08b	0.11a	0.03c	0.11a	0.11a
放线菌	8.39c	14.75a	16.11a	11.78b	7.47c
其他微生物	2.24	7.54	5.75	4.66	2.60
总微生物	40.33c	91.47a	82.17a	65.78b	38.74c

注:同行不同小写字母表示不同处理间差异显著($p < 0.05$)。

3 讨论

一般认为,土壤基础呼吸主要来自土壤微生物的活动,可作为衡量土壤微生物总活性的指标。本研究发现,5种不同土地利用方式的土壤基础呼吸强度变化的趋势与土壤微生物量碳含量总体上一致,其中茶树园的土壤基础呼吸和微生物量碳含量均高于其他4种土地利用方式。在土壤基础呼吸方面,茶树园与柑橘园无显著差异,但与其他3种土地利用方式的土壤基础呼吸有显著差异($p < 0.05$),可归因为茶树园与柑橘园种植的是多年生植物,为维持永久性的生命结构,多年生植物地下部分有更为发达的根系,根系除了能直接影响作物生长发育和产量水平^[10],其植物根系分泌物的增多能改变根际区域的理化环境,能够为微生物提供丰富的营养来源,促进微生物活性增强、数量增多,与土壤微生物密切相关的土壤基础呼吸强度也就明显增强。

土壤微生物量碳是容易利用的土壤养分库,对土壤养分的循环和转化有重要影响,是表征土壤质量的主要指标之一^[11]。它既是土壤养分与有机质循环和转化的驱动力,又是土壤有效养分库^[12]。土壤微生物量碳一般约占土壤总有机碳的1%~5%,对环境因子的影响极为敏感,土壤环境状况的微弱变化都会导致其活性的改变。因此,土壤微生物量碳作为环境

对土壤质量影响的指标,能够灵敏、准确、及时地反映不同土壤管理措施、不同区域、水热条件、耕作年限导致的土壤差异性^[13]。本研究发现,茶树园土壤的微生物量碳含量最高,可能是由于茶树根际土壤微生物量碳随着茶树的生长而提高,状态较佳的根系有利于土壤微生物的活动,促进了微生物的合成代谢,进而使土壤微生物量碳增多。而玉米地土壤的微生物量碳含量最低,可能是由于玉米进入快速生长期时,土壤养分不能满足植物和微生物生长的需要,从而导致微生物繁殖减少,微生物量碳含量降低。柑橘和花生的根系发达,可供微生物利用的根系分泌物较多,所以微生物量碳也比较高。

土壤酶是生物催化剂,其活性高低是土壤有机质分解与矿化以及土壤碳、氮、磷等元素循环的主要限制因素^[14]。通常认为土壤酶绝大部分来自土壤微生物,其活性可以反映土壤的养分状况和理化特性。土壤 FDA 水解酶主要包括蛋白酶、酯酶与脂肪酶等,其活性大小可以指示土壤微生物总的活性。蔗糖酶可水解蔗糖为土壤中生物体吸收利用,其对提高土壤易溶性物质含量起重要作用,蔗糖酶活性可以反映土壤有机质积累、转化的状况^[15]。本研究发现,玉米地的土壤 FDA 水解酶和蔗糖酶活性均显著低于荒地,可能是由于玉米生长发育旺盛,从土壤中吸收了大量的营养物质,限制了土壤微生物的生长,进而导致土壤 FDA 水解和蔗糖酶活性降低。土壤脱氢酶是微生物代表性的胞内酶,其活性可反映土壤中微生物的多少及相应的活性^[16]。本研究发现,花生地的土壤脱氢酶活性最高,可能是由于花生地中的凋落物主要分布在土壤表层,凋落物可增加土壤微生物数量,改善花生根际微生态环境,增强土壤的生物化学反应,促进物质循环,进而提高土壤脱氢酶活性。过氧化氢酶可以促进土壤多种物质的氧化,其活性强弱与土壤微生物数量及活性有关,可以用来表征土壤的生化活性^[17]。本研究中不同土地利用方式下过氧化氢酶活性差异并不显著,仅花生地显著低于荒地,可能是花生的根系分泌物促进了某些有害微生物的生长繁殖,抑制了部分土壤微生物活性,使土壤过氧化氢酶活性较低。脲酶是土壤中普遍存在的酶,是微生物细胞产生的胞外酶,是唯一可直接参与转化含 N 有机物的酶,可催化酰胺中的碳氮键水解为 CO₂ 和 NH₃,改善土壤的酸性环境,提高腐殖酸的溶解度^[18]。本研究中柑橘园的脲酶活性最高,可能是由于柑橘生长旺盛,归还土壤凋落物多,使土壤微生物有了更丰富的营养来源,使土壤微生物量增大,进而促进脲酶活性增强。

土壤微生物是土壤系统的主要成分,是土壤生化反应的推动者和参与者,也是评价土壤生态质量的主要指标之一^[19]。土壤微生物特性虽受较多因素的影响,但在自然因素相同的情况下,土壤微生物数量及

其群落结构受土地利用方式的影响程度很大^[20]。不同的土地利用方式、不同的植被类型、不同的土壤表面覆盖度均会导致土壤温度、湿度产生差异,加上植被结构不同导致植物生长发育、凋落物多少状况不同,进而会对土壤微生物群落和数量窗函数影响^[21]。本研究发现,茶树园和柑橘园中总的土壤微生物含量相对较高,可能是由于茶树园和柑橘园中的凋落物较多,导致土壤表面覆盖度较高,凋落物的覆盖降低了地表温度,既可减少土壤水分的蒸发,又可保持土壤水分,通过分解作用将凋落物归还土壤,提供给土壤微生物更多的碳源和能源,同时使土壤容重降低,孔隙度增加,为微生物提供更好的生存条件,同时由于根系分泌物的存在,使得植物根际产生特殊的微生态环境。即植物凋落物与其根系分泌物可为土壤微生物提供更多的营养和能量,进而促进土壤微生物量增加。相比于其他土地利用方式,茶树园中的细菌、Gram⁻、真菌含量最高,可能是由于茶树—根—微生物间形成了特有的茶树根际微生态系统,茶树连年生长可促进根际微生态系统中的土壤微生物朝着有利的方向发生演变^[22];另一方面,由于地面凋落物、土壤内残根的腐烂分解等,促进了土壤真菌的增加^[9,23]。玉米地土壤的微生物含量较低,可能是由于玉米地投入少,输出多,使得土壤肥力下降,从而土壤微生物总数较少。在不同土地利用方式下,土壤细菌生物量均显著高于其他微生物量,进一步说明细菌群落在土壤微生物生态系统中占据主要地位,是土壤养分循环的主要驱动者。

4 结论

旱地红壤区茶树园土壤的微生物活性、土壤基础呼吸、微生物量碳、微生物种类和数量等显著高于其他土地利用方式,而玉米地的相应较低,土壤质量较差。合理利用旱地红壤对恢复土壤肥力、改善土壤质量具有重要作用。因此,本研究认为旱地红壤发展种茶业有利于改善土壤质量、提升地力,对逐步改善区域环境有重要意义。

参考文献:

- [1] 史志华,杨洁,李忠武,等.南方红壤低山丘陵区水土流失综合治理[J].水土保持学报,2018,32(1):6-9.
- [2] 赵其国,黄国勤,马艳芹.中国南方红壤生态系统面临的问题及对策[J].生态学报,2013,33(24):7615-7622.
- [3] 陶朋闯,陈效民,靳泽文,等.生物质炭与氮肥配施对旱地红壤微生物量碳、氮和碳氮比的影响[J].水土保持学报,2016,30(1):231-235.
- [4] 张德喜,吴卿.不同耕作方式对农田土壤养分含量及土壤酶活性的影响[J].浙江农业科学,2018,46(11):234-237.
- [5] 马琳.浅析土地利用变化对土壤性质的影响[J].种子科技,2018,36(9):8-18.
- [6] Uren N C. Types, amounts, and possible functions of compounds released into the rhizosphere by soil-grown plants [M]. Boca Ra-ton: CRC Press,2007.
- [7] 程坤,周际海,金志农,等.土壤微生物活性对石油原油、铅镉及其复合污染的响应[J].环境科学学报,2017,37(5):1976-1982.
- [8] 韩桂琪,王彬,徐卫红,等.重金属 Cd、Zn、Cu、Pb 复合污染对土壤微生物和酶活性的影响[J].水土保持学报,2010,24(5):238-242.
- [9] Zhang Y Y, Zheng N G, Wang J, et al. High turnover rate of free phospholipids in soil confirms the classic hypothesis of PLFA methodology [J]. Soil Biology and Biochemistry,2019,135:323-330.
- [10] 杨建昌.水稻根系形态生理与产量、品质形成及养分吸收利用的关系[J].中国农业科学,2011,44(1):36-46.
- [11] 周际海,陈晏敏,吴雪艳,等.黑麦草与施肥对石油—铅—镉复合污染土壤微生物活性的影响[J].水土保持学报,2019,33(1):334-339.
- [12] Ashworth A J, De Bruyn J M, Allen F L, et al. Microbial community structure is affected by cropping sequences and poultry litter under long-term no-tillage [J]. Soil Biology and Biochemistry,2017,114:210-219.
- [13] 肖美佳,张晴雯,董月群,等.免耕对土壤微生物量碳影响的 Meta 分析[J].核农学报,2019,33(4):833-839.
- [14] 刘捷豹,陈光水,郭剑芬,等.森林土壤酶对环境变化的响应研究进展[J].生态学报,2017,37(1):110-117.
- [15] 周震峰,王建超,饶潇潇.添加生物炭对土壤酶活性的影响[J].江西农业学报,2015,27(6):110-112.
- [16] 张晨,张丽红,李亚宁,等.典型磺胺类抗生素对土壤脱氢酶和过氧化氢酶活性的影响[J].安全与环境学报,2018,18(6):2379-2382.
- [17] 陈海燕,樊霆,张泽,等.不同植物修复重金属复合污染土壤对土壤中微生物数量与酶活性的影响[J].环境保护,2018,46(1):65-69.
- [18] 陈书涛,桑琳,张旭,等.增温及秸秆施用对冬小麦田土壤呼吸和酶活性的影响[J].环境科学,2016,37(2):703-709.
- [19] 王燕云,赵龙杰,郝春丽,等.土壤有机肥对不同连作年限设施黄瓜土壤微生物数量和酶活性的影响[J].浙江农业学报,2019,31(4):631-638.
- [20] 李斌,辜翔,方晰,等.湘中丘陵区土壤微生物指标对土地利用方式的响应[J].中南林业科技大学学报,2015,35(4):72-77,78.
- [21] 贾倩民,陈彦云,刘秉儒,等.干旱区盐碱地不同栽培草地土壤理化性质及微生物数量[J].草业科学,2014,31(7):1218-1225.
- [22] 王海斌,陈晓婷,丁力,等.土壤酸度对茶树根际土壤微生物群落多样性影响[J].热带作物学报,2018,39(3):448-454.
- [23] 张楠楠,马琨,杨佳丽,等.土地利用方式变化对土壤微生物群落的影响[J].西北农业学报,2015,24(9):111-118.