

祁乐,高明,杨来淑,等. 土地整理对岩溶区土壤微生物生物量碳、氮及酶活性的影响:以重庆丰都县三坝乡为例[J]. 中国岩溶, 2015,34(1):86-94.
DOI:10.11932/karst20150112

土地整理对岩溶区土壤微生物生物量 碳、氮及酶活性的影响 ——以重庆丰都县三坝乡为例

祁乐¹,高明¹,杨来淑¹,王丹¹,邓炜^{1,2}

(1. 西南大学资源环境学院,重庆 400716;2. 重庆市国土资源与房屋管理局,重庆 400010)

摘要:文章以重庆市丰都县三坝乡土地整理项目为例,分别对土地整理前(2012年12月)52个采集点和土地整理后(2013年3月)28个采集点,采用野外采样和室内分析相结合的方法,研究了土地整理对岩溶区土壤微生物群落结构、土壤微生物生物量碳(SMBC)、氮(SMBN)及酶活性(过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶)的影响,结果表明:(1)土地整理对土壤微生物影响显著,土地整理后比整理前土壤中的放线菌数量降低,真菌数量增加。(2)在0~20 cm土层,整理前后SMBC和SMBN含量变化显著,SMBC含量整理后比整理前降低了20.33%,SMBN含量整理后比整理前减少了47.84%;土地整理改变了整理前SMBC、SMBN含量随土层深度变化递减的规律,使SMBC、SMBN含量分别在亚表层(20~40 cm)出现最小值68.34 mg/kg和最大值33.58 mg/kg。(3)整理前后土壤脲酶和过氧化氢酶均在0~20 cm和20~40 cm同一土层差异显著,蔗糖酶活性在各土层差异均显著。土地整理使土壤脲酶和过氧化氢酶活性降低,蔗糖酶活性提高。(4)有机质对表层SMBC、SMBN含量和脲酶活性呈显著正相关,pH值与土壤酶活性呈显著正相关。

关键词:土地整理;土壤微生物;生物量;土壤酶活性

中图分类号:S154.36 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-4810(2015)01-0086-09

0 引言

岩溶地区土壤“先天不足”、土层较薄、漏水漏肥,加之人口压力的增加、不适当的土地利用和资源开发,使岩溶区土壤总是处于负增长趋势,作物产量不高^[1]。为了提高作物产量,需要进行土地整理来改善土壤质量。土地整理工程的实施不可避免会对生物资源产生影响,规划设计中生态用地的减少,必然会减少生物的生存空间^[2]。微生物在土壤中普遍存在,其对环境条件的变化反应敏捷而被认为是最有潜力的敏感性生物指标之一^[3],土壤微生物对土壤生态系统中的物质循环和能量流动起着决定作用,在土壤养

分转化循环、系统稳定性和抗干扰能力以及土壤可持续发展中占据主导地位^[4]。土壤微生物生物量的生物指标主要表现在土壤微生物生物量碳(SMBC)和土壤微生物生物量氮(SMBN)两方面^[5],它们是植物所需养分重要的“源”和“库”,是土壤有机碳和氮素循环及其转化的重要指标。通过分析土壤微生物量碳、氮的变化以及微生物群落组成和结构的变化,可以作为对土壤质量影响的指标^[6]。而土壤酶在参与有机碳转化、营养物质释放中起着重要的作用,其活性高低直接反映土壤代谢需求和土壤中养分的有效性,是最活跃的土壤肥力因子之一。

近年来,我国学者的研究主要集中在土地整理对

基金项目:国家“十二五”科技支撑计划项目(2012BAD14B18)

第一作者简介:祁乐(1992-),女,硕士研究生,主要从事土地资源学、土地生态与土地整理方面的研究。E-mail:281142994@qq.com。

通讯作者:高明(1965-),男,博士,研究员,博士生导师,主要从事土壤质量与环境及土地整理的研究。E-mail:gaoming@swu.edu.cn。

收稿日期:2014-10-27

土壤性状的影响^[7]、土地整理的景观格局与生态效应^[8-9]、土地整理对农田土壤碳含量的影响^[10],以及不同耕作措施对土壤微生物的影响^[6,11]、施肥状况对土壤 SMBC、SMBN 及酶活性的影响^[12]等方面,现有研究成果大致如下:土地整理前后土壤中有效磷、速效钾和活性有机质均发生明显变化^[7];土地整理产生廊道宽度和连通度提高、植被覆盖增加、合理功能分区等正效应,景观多样性降低和生态服务价值降低等负效应^[9];土地整理后,农田土壤碳含量都有得到提高^[10];不同种植制度(连作、轮作和间作)、施肥制度(有机肥和无机肥配施、单施有机肥和单施化肥)、保护性耕作制度(秸秆还田和免耕)对土壤微生物数量、生物量和群落结构都有一定影响^[11],但是研究土地整理对土壤微生物及 SMBC、SMBN 及酶活性之间关系的文献比较少,本文以重庆市丰都县三坝乡土地整理项目为例,研究了土地整理前后土壤微生物生物量碳、氮含量及酶活性的变化,以期对土地整理后土壤的合理利用及科学施肥提供依据。

1 研究区概况

重庆市丰都县三坝乡野桃坝村(图 1)位于 E107°42′52.8″~107°45′30″,N29°35′32.7″~29°39′4.6″,该地区属于中低山地貌,碳酸盐岩面积占土地面积的 30% 以上。



图 1 研究区位置示意图

Fig. 1 Schematic map showing location of the study area

采样区土壤主要是由嘉陵江组石灰岩母质发育形成的黄壤,土壤质地轻壤至中壤。研究区海拔多在 1 300~1 500 m,平均年降雨量 1 066.7 mm。全年

无霜期 299 d,气候温和,年平均气温 17.5 °C。耕地主要种植玉米、红薯等粮食作物,经济作物以烟草、土豆为主。

2 研究方法

重庆市丰都县三坝乡土地整理项目于 2012 年 5 月进行规划设计,2013 年 3 月完成施工,主要包括土地平整工程、灌溉与排水工程、田间道路工程。土地平整工程首先把田块的表土剥离,将岩石挖除,深耕深松,再覆土,土层厚度不够的情况下还需客土^[13];然后进行田块归并,对边角田块、不规则田块进行规整,使施工后各地块土层平均厚度达到 50 cm。项目区施工完成之后,大面积的土地承包给农户种植烟叶,并在此过程中按照各地块肥力状况进行平衡施肥或有机肥培肥。

2.1 样品采集与测定方法

本次研究共分两次进行采样,采集土样样点空间分布图分别如图 2、图 3 所示:第一次为土地整理前样品采集(2012 年 12 月),共选择 52 个采集点;第二次为土地整理工程实施后的样品采集,共选择 28 个采集点(2013 年 3 月)。两次采样过程中均根据田块面积、地形特征、土壤类型选择具有代表性的土壤,按照“S”型随机布设采样点位置,并在第一次采样完成分析后,对第二次采样进行合理选择。每个采样点均采集 0~20 cm、20~40 cm 和 40~60 cm 三层土样,同时为保证样品的代表性,每个采样点以取土点为中心,在 5 m 半径内选择 3~5 个点,制成混合土样,并用 GPS 记录中心点坐标,回到室内将鲜样保存在 4 °C 的冰箱里供土壤微生物特性分析。

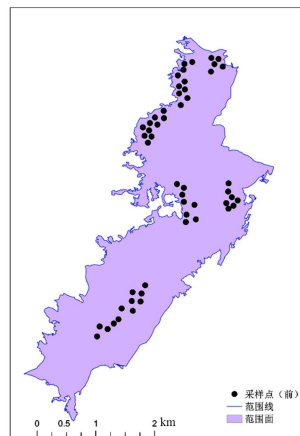


图 2 土地整理前采样图

Fig. 2 Sampling sites before land integration

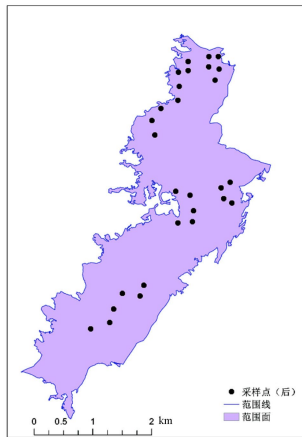


图3 土地整理后采样图

Fig. 3 Sampling sites after land integration

土壤微生物数量用稀释平板表面涂抹法,其中细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基;真菌采用马丁氏—孟加拉红培养基;放线菌采用改良高氏一号培养基^[14]。土壤微生物量碳、氮采用氯仿熏蒸 0.5 mol/L K₂SO₄ 浸提法,分别用重铬酸钾氧化法和凯氏定氮法测定提取液中的碳、氮^[15]。土壤过氧化氢酶活性采用滴定法,即定量滴定酶促反应后剩余的过氧化氢量来表示酶活性。土壤脲酶活性采用苯酚钠比色法,结果以 24 h 后 100 g 土壤中 NH₄-N 的毫克数表示。蔗糖酶活性:采用 3,5 二硝基水杨酸比色法测定,其活性以 24 h 后 100 g 土壤中葡萄糖的毫克数表示^[16]。土壤容重采用环刀法测定,重复三次,结果取三个数值的算术平均值。土壤 pH 值采用 pH 计测定。土壤 pH、有机质、有效磷、速效钾、全氮采用常规方法测定。

2.2 数据处理

试验数据采用 Excel 2010 和 SPSS22.0 软件,进行统计分析。土壤微生物量碳、氮以及酶活性之间的线性相关分析数据采用总平均值。不同处理间的差异显著性采用单因素方差分析(ONE-WAY ANOVA)检验^[17]。方差分析认为,观测变量值的变动会受控制变量和随机变量两方面的影响。单因素方差分析是把总变异的离均差平方和 SS 及自由度分别分解为组间和组内两部分,其计算公式^[17]如下:

$$SST = SSA + SSE^{[17]}$$

式中, SST 为观测变量总离差平方和; SSA 为组间离差平方和,是由控制变量的不同水平造成的变差; SSE 为组内离差平方和,是由抽样误差引起的变差。

$$SST = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x})^2$$

式中, k 为控制变量的水平数; x_{ij} 为控制变量第 i 个

水平下第 j 个样本值; n_i 为控制变量第 i 个水平下的样本量; $\bar{x}$ 为观测变量均值。

$$SSA = \sum_{i=1}^k n_i (\bar{x}_i - \bar{x})^2$$

式中, $\bar{x}_i$ 为控制变量第 i 个水平下观测变量的样本均值。

$$SSE = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^{n_i} (x_{ij} - \bar{x}_i)^2$$

方差分析采用的检验统计量是 F 统计量^[17], 数学定义为:

$$F = \frac{SSA / (k - 1)}{SSE / (n - k)} = \frac{MSA}{MSE}$$

式中, n 为样本总量, k-1 和 n-k 分别为 SSA 和 SSE 的自由度; MSA 是平均组间平方和; MSE 是平均组内平方和,目的是消除水平数和样本量对分析带来的影响。根据 F 值和对应的概率 P 值,与给定显著性水平 α 作比较,若 P < α,则拒绝原假设,认为控制变量不同水平下观测变量各总体的均值存在显著性差异,控制变量不同水平对观测变量产生了显著影响;反之,控制变量不同水平对观测变量没有产生显著影响。

3 结果与分析

3.1 土地整理对土壤微生物群落结构的影响

图 4 为土地整理前后土壤微生物群落数量变化情况。可以看出,整理后土壤微生物总量比整理前有所增加(20~40 cm 层减少),细菌(40~60 cm 层增加)、放线菌数量减少,真菌数量增加。

从整理前后同一土层微生物总量变化情况看,在 0~20 cm,整理后微生物总量比整理前增加了 3.55%;在 20~40 cm,整理后比整理前降低了 8.0%;在 40~60 cm,整理后比整理前增加了 25.75%。土地整理对土壤各土层细菌数量影响均是极显著(P < 0.01),在 0~20 cm 土层和 20~40 cm 土层整理后土壤细菌数量分别比整理前同一土层减少了 11.34%、15.58%,在 40~60 cm 土层增加了 29.43%。整理前后 0~20 cm 和 40~60 cm 同一土层的土壤真菌数量差异均是极显著,且在 0~20 cm 土层,整理后比整理前增加了 25.54%,在 40~60 cm 土层增加了 24.36%。整理前后土壤放线菌数量在 0~20 cm 和 20~40 cm 同一土层差异均是极显著,且在 0~20 cm 土层和 20~40 cm 土层整理后土壤放线菌数量分别比整理前同一土层减少了 65.85%、

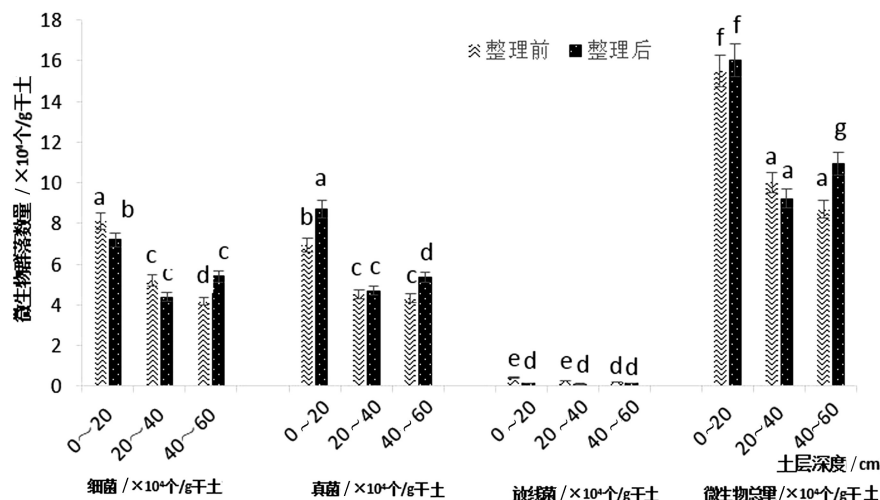


图4 土地整理对土壤微生物群落结构的影响

Fig. 4 Effects of land integration on soil microbial community structure

56.58%, 40~60 cm 土层整理后减少了 15.12%。可见,土地整理对土壤放线菌的数量影响程度最高,而细菌相对最低,土地整理对土壤微生物的影响程度不一样。另外,细菌在 40~60 cm 土层数量增加,原因可能是土地整理将 0~40 cm 土层的部分土壤翻耕到 40~60 cm 土层,使 40~60 cm 土层土壤环境更适宜细菌生存。土壤微生物总量在 20~40 cm 层减少,很大程度上是放线菌数量的减少所致。

从整理前后土壤微生物总量垂直变化情况看,整理前微生物总量随土层深度的增加而减少,整理后 20~40 cm 土层微生物总量最少。整理前,与 0~20 cm 土层相比,20~40 cm 土层微生物总量减少了 35.38%, 40~60 cm 土层比 20~40 cm 土层减少了 13.09%;整理后 20~40 cm 土层和 40~60 cm 土层的微生物总量明显小于 0~20 cm 土层,且分别减少了 42.58% 和 31.80%,而 20~40 cm 和 40~60 cm 土层微生物总量相差不大,由此说明,土地整理使得土壤表层 0~20 cm 土层的微生物相对于 20~40 cm 土层和 40~60 cm 土层更加活跃,土地整理对土壤亚表层微生物影响最大。

3.2 土地整理对土壤微生物生物量碳、氮的影响

图 5、图 6 分别显示土地整理前后土壤 0~60 cm 各土层微生物量碳、氮的含量变化情况,整理前后 0~20 cm 土层 SMBC 和 SMBN 含量差异显著。

土地整理后土壤微生物生物量碳含量减少。在 0~20 cm 土层,整理后比整理前降低了 20.33%,在 20~40 cm 土层,整理后比整理前降低了 37.31%, 0~20 cm 土层和 20~40 cm 土层整理前和整理后

SMBC 含量差异显著 ($P < 0.05$);在 40~60 cm 土层,整理后比整理前减少了 10.59%,整理前后差异不显著,说明土地整理对土壤 0~40 cm 土层 SMBC 含量影响很大。从整理前后 SMBC 垂直分布变化情况看,随土层深度的增加,整理前 SMBC 含量呈递减趋势,20~40 cm 土层相对 0~20 cm 土层减少了 37.61%, 40~60 cm 土层相对 20~40 cm 土层减少了 11.36%,且 0~20 cm 土层与 20~40 cm 和 40~60 cm 土层差异均显著 ($P < 0.05$);整理后土壤微生物量碳含量垂直变化规律与整理前有所差异,整理后 0~20 cm 土层 SMBC 含量显著高于 20~40 cm 土层和 40~60 cm 土层,20~40 cm 土层 SMBC 含量最低,20~40 cm 土层 SMBC 含量相对 0~20 cm 土层减少了 50.91%, 40~60 cm 土层 SMBC 含量相对 20~40 cm 土层反而增加了 26.43%。

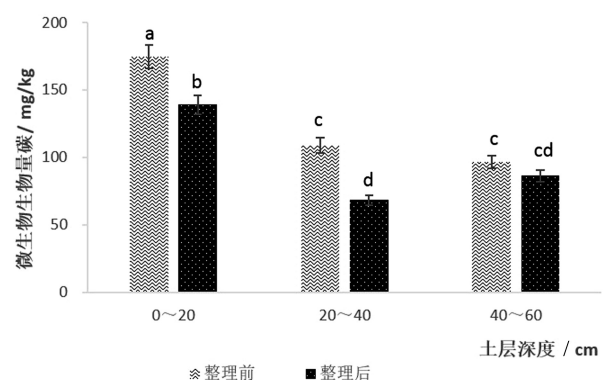


图5 土地整理对土壤微生物生物量碳的影响

Fig. 5 Effects of land integration on SMBC

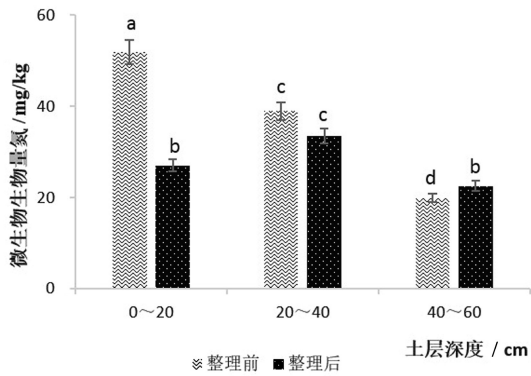


图6 土地整理对土壤微生物生物量氮的影响

Fig. 6 Effects of land integration on SMBN

同一土层土壤微生物量氮含量变化规律与土壤微生物量碳含量有所差异,土地整理总体减少了SMBN含量,但在40~60 cm土层整理后土壤微生物量氮含量有所增加。在0~20 cm土层,整理后比整理前减少了47.84%,整理前后土壤微生物量氮含量差异显著($P < 0.05$);在20~40 cm土层,整理后比整理前减少了13.80%,整理前后土壤微生物量氮含量差异不显著;在40~60 cm土层,整理后比整理前增加了13.40%,整理前后土壤微生物量氮含量差异不显著,说明土地整理对土壤0~20 cm土层影响最大。随土层深度的加深,整理前土壤微生物量氮含量逐渐减少,且土壤0~60 cm各土层差异显著($P < 0.05$);整理后SMBN含量变化规律为20~40 cm土层SMBN含量相对0~20 cm土层增加了24.09%,40~60 cm土层SMBN含量相对20~40 cm土层减少了32.64%,且各土层差异并不显著,说明土地整理打乱了土壤微生物量氮含量随土层深度变化的规律,使得0~60 cm各土层之间SMBN含量无明显变化规律。

3.3 土地整理对土壤酶活性的影响

土地整理对土壤酶活性的影响主要是对过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶活性的影响。

土壤过氧化氢酶活性与土壤呼吸强度和微生物活动有关,在一定程度上反映了土壤微生物过程的强度,它可以有效的防止土壤及生物体在新陈代谢过程中产生的过氧化氢对生物体的危害^[18]。从图7可以看出,土地整理降低了土壤过氧化氢酶活性。在0~20 cm土层,土壤过氧化氢酶活性整理后比整理前减少了24.83%,在20~40 cm土层,土壤过氧化氢酶活性整理后比整理前减少了21.29%,土地整理对土壤0~20 cm土层与20~40 cm土层影响显著;在底土层,整理后比整理前减少了16.14%,整理前后土

壤过氧化氢酶活性差异不显著。因此,土地整理对土壤过氧化氢酶活性的影响程度随土层深度的加深而降低。从过氧化氢酶活性垂直变化情况看,整理前和整理后土壤过氧化氢酶活性随土层深度的加深差异不显著。

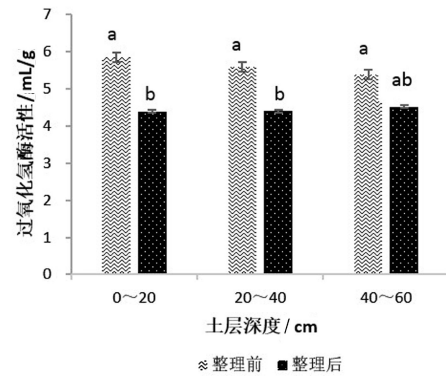


图7 土地整理对过氧化氢酶活性的影响

Fig. 7 Effects of land integration on catalase

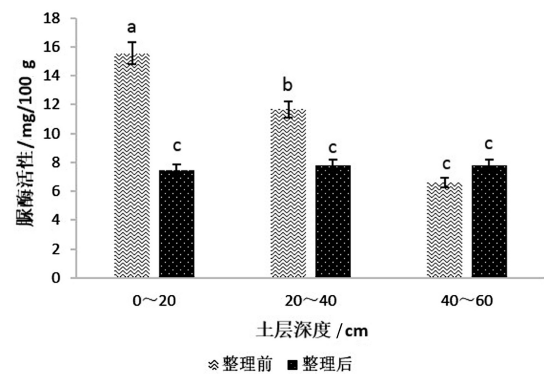


图8 土地整理对脲酶活性的影响

Fig. 8 Effects of land integration on urease

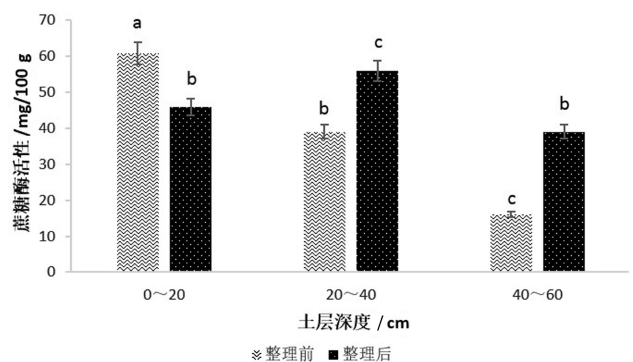


图9 土地整理对蔗糖酶活性的影响

Fig. 9 Effects of land integration on sucrase

脲酶是一种专性酶,施入土壤中的尿素只能在脲酶的参与下才能水解,脲酶的酶促反应产物氮是

植物氮源之一,它的活性可以用来表征土壤氮素状况^[18]。由图8可知,土地整理总体降低了土壤脲酶活性,对土壤表层的脲酶活性影响最显著。从同一土层土地整理对土壤脲酶活性的影响情况看,在0~20 cm土层,土壤脲酶活性整理后比整理前降低了51.96%,整理前后土壤脲酶活性差异显著($P<0.01$);在20~40 cm土层,土壤脲酶活性整理后比整理前降低了33.02%,整理前后土壤脲酶活性差异显著;在40~60 cm土层,脲酶活性整理后比整理前反而提高了17.52%,整理前后土壤脲酶活性差异不显著。因此,土地整理对土壤脲酶活性的影响程度随土层深度的加深而降低。从整理前后土壤脲酶活性垂直变化情况看,随土层深度的加深,整理前土壤脲酶活性逐渐降低,20~40 cm土层比0~20 cm土层降低了25.02%,40~60 cm土层比20~40 cm土层降低了43.22%,且各土层之间差异显著($P<0.05$),而整理后土壤脲酶活性随土层深度的加深变化规律不明显,各土层之间脲酶活性差异不显著,由此表明,土地整理大大降低了土层深度对土壤脲酶活性的影响,使各土层土壤脲酶活性趋向一致。

蔗糖酶也叫土壤转化酶,是土壤中参与碳循环的一种重要酶,可促进蔗糖水解成葡萄糖和果糖,对增加土壤可溶性营养具有重要作用^[19]。由图9来看,整理前后蔗糖酶活性差异较大,在0~20 cm土层,整理后蔗糖酶活性比整理前降低了24.44%,整理前后蔗糖酶活性差异显著;在20~40 cm土层,整理后蔗糖酶活性提高了43.41%,整理前后差异显著;在40~60 cm土层,整理后蔗糖酶活性提高了141.99%,整理前后差异显著($P<0.01$)。以上研究结果表明,土地整理对土壤0~60 cm各土层蔗糖酶活性影响均显著,尤其提高了20~40 cm土层和40~60 cm土层蔗糖酶活性,且影响程度随土层深度的加深而增加。这可能是因为土地整理在很大程度上增加了底土层的疏松程度,改善了底土层土壤结构。从蔗糖酶活性的垂直变化情况看,整理前蔗糖酶活性随土层深度的增加而降低,20~40 cm土层比0~20 cm土层降低了35.94%,40~60 cm土层比20~40 cm土层降低了58.64%,且各土层之前差异显著($P<0.05$);整理后蔗糖酶活性在20~40 cm土层出现最高峰值,为55.83 mg/100g,20~40 cm土层比0~20 cm土层增加了21.58%,40~60 cm土层比20~40 cm土层降低了30.22%,且20~40 cm土壤蔗糖酶活性与0~20 cm和40~60 cm

差异均显著,0~20 cm与40~60 cm差异不显著。结果表明土地整理缩小了各土层间的蔗糖酶活性差异,尤其缩小了土壤表层与底层的差异,使蔗糖酶活性总体提高。

整理前后土壤脲酶和过氧化氢酶均在0~20 cm和20~40 cm同一土层差异显著,蔗糖酶活性在各土层差异均显著。就整个土壤剖面看,土地整理总体降低了土壤脲酶和过氧化氢酶的活性,提高了蔗糖酶的活性。原因可能是土地整理降低了土壤的透气性,抑制了好氧微生物的生长,导致土壤脲酶和过氧化氢酶的活性降低。研究表明,施低量有机肥土壤中K能激活蔗糖酶,使蔗糖酶活性分泌数量增多。本研究蔗糖酶活性总体提高的原因可能是整理后,农户采用的施肥方式与栽培管理措施有所提高,将有机肥作为微生物活性K源的输入,增加了土壤养分含量,并采用科学的栽培管理措施,使其含水量更适宜蔗糖酶的活性。

3.4 土壤性质与土壤微生物量碳、氮及酶活性的关系

将有机质、pH值、有效磷、全氮、速效钾作为土壤性质检测指标,与0~60 cm土层土壤微生物生物量碳(SMBC)、土壤微生物生物量氮(SMBN)、过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶进行相关分析可知,选择的土壤肥力因素(有机质、pH值、有效磷、全氮、速效钾)对0~20 cm土层SMBC、SMBN和土壤酶活性相关性较强,因此得到土地整理后土壤表层(0~20 cm)土壤性质、微生物生物量碳、氮以及酶活性之间的线性相关系数(表1)。

由表1可知,有机质对表层SMBC、SMBN含量和脲酶活性相关性显著,且为正相关。有效磷与SMBC、SMBN含量呈显著正相关,全氮与SMBN含量也呈显著正相关。表层SMBC含量与SMBN含量交互作用显著。此结果与马晓霞等^[12]人和贾伟等^[20]人的结果相同。pH值与过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶均呈显著正相关,与马朋等^[21]人的研究结果相同,说明土地整理pH值的改变影响了土壤酶活性。就土壤酶自身的相关性分析可知,土壤表层蔗糖酶与过氧化氢酶呈显著负相关,与脲酶呈显著正相关。表层SMBC、SMBN含量和土壤酶活性与速效钾均无显著相关关系,与马晓霞等^[12]人土壤速效钾与SOC、TN和MBN存在显著相关的结论不相同,原因可能是整理后的土壤受扰动较大,土地整理实施过程中挖高填低、机械碾压、土地翻耕^[13]等可能改变土壤质地及生物活性,使它们之间的相关性不明显。

4 结论与讨论

4.1 结 论

本研究表明,土地整理后土壤微生物总量增加(20~40 cm 层减少),细菌(40~60 cm 层增加)、放线菌数量减少,真菌数量增加。从土壤微生物群落的结构组成来看,土地整理降低了土壤放线菌和细菌占

微生物总量的百分比,提高了土壤真菌的百分含量。本实验测得各土层容重平均值整理前为 1.22 g/cm³,整理后为 1.10 g/cm³,各土层容重减少;各土层孔隙度平均值整理前为 54.17%,整理后为 58.57%,孔隙度增加,表明土地整理后土质变得疏松,导致了土壤微生物总量增加,这点与樊文华等^[22]的研究结果相同。

表 1 土地整理后 0~20 cm 土层土壤化学性质、微生物量碳、氮以及酶活性之间的线性相关系数

Table 1 Linear correlation coefficients among soil chemical properties, SMBC&SMBN and enzyme activity in the soil layer of 0 to 20 cm after land integration

项目	有机质	pH 值	有效磷	全氮	速效钾	SMBC	SMBN	过氧化氢酶	脲酶	蔗糖酶
有机质	1									
pH 值	0.329	1								
有效磷	-0.232	0.348	1							
全氮	0.661**	0.312	0.054	1						
速效钾	-0.168	0.383*	0.379*	-0.081	1					
SMBC	0.804*	0.613*	0.821*	0.709	0.531	1				
SMBN	0.813*	0.503	0.814*	0.822*	0.743	0.957*	1			
过氧化氢酶	0.544	0.653*	0.412	0.64	0.322	0.152	0.035	1		
脲酶	0.808*	0.474*	0.332	0.76	0.354	0.728	0.626	-0.792	1	
蔗糖酶	0.134	0.581*	0.351	0.431	0.019	0.632	0.313	-0.827*	0.929*	1

注:* 表示差异显著(P<0.05),**表示差异极显著(P<0.01);n=28。

土地整理总体降低了 SMBC 的含量,其中 0~40 cm 土层土壤微生物量碳下降最明显,亚表层(20~40 cm)SMBC 较整理前减少了 37.31%。从垂直分布变化情况来看,SMBC 含量在亚表层出现最小值 68.34 mg/kg,20~40 cm 土层 SMBC 含量相对 0~20 cm 土层减少了 50.91%,40~60 cm 土层 SMBC 含量相对 20~40 cm 土层反而增加了 26.43%。同一土层 SMBN 含量变化规律与 SMBC 含量有所差异,土地整理对 0~20 cm 土层 SMBN 含量影响最大,整理后比整理前减少了 47.84%;40~60 cm 土层,整理后比整理前增加了 13.40%。从垂直分布变化情况来看,SMBN 含量在亚表层出现最大值 33.58 mg/kg。

土地整理前后土壤中酶活性呈现不同的变化,其中土壤脲酶和过氧化氢酶活性降低,蔗糖酶活性提高(0~20 cm 减少)。整理前后土壤脲酶和过氧化氢酶均在 0~20 cm 和 20~40 cm 同一土层差异显著,蔗

糖酶活性在各土层差异均显著。从垂直分布情况看,过氧化氢酶在整理前后的酶活性比较稳定;而脲酶和蔗糖酶活性在整理前浮动较大,整理后趋于均匀。pH 值与过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶均呈显著正相关,但 pH 值升高,过氧化氢酶、脲酶活性反而降低。

4.2 讨 论

土地整理作为土地利用变化的重要驱动因素,影响区域生态系统功能及其服务价值^[23],也对岩溶区土壤微生物群落结构、SMBC、SMBN 及酶活性产生一定的影响。

樊文华等^[22]的研究认为,复垦后细菌数量占绝对优势(95%以上),放线菌数量次之,真菌数量最少。本研究测得土地整理后,总体来讲真菌数量最多,细菌数量次之,放线菌数量最少。原因可能是选择的样地不同,樊文华等^[22]选择煤矿作为研究区,导致了与本研究土壤微生物数量结构组成的不同。而土壤

pH值整理前各土层平均值约为5.8,整理后约为6.3。土地整理增加了土壤中的pH值,这可能也是造成细菌、放线菌、真菌群落结构组成变化的原因之一,pH值升高,说明更适宜真菌生存。

土地整理总体降低了SMBC、SMBN的含量,并打乱了SMBC、SMBN含量随土层深度变化递减的规律,与杨来淑等^[24]的研究结果一致。SMBC的高低主要受土壤中有机碳源的制约^[20],SMBC的含量的减少,这与谭梦^[10]土地整理后,农田土壤碳含量都有得到提高的结论并不相同。原因可能是所采样品是土地整理后不久所得,使其生态系统没有得到良好恢复,并非SMBC的迁移。SMBN含量的变化说明土地整理致使表层土壤微生物生物量氮向下迁移累积,中间土层(20~40 cm)含量升高。

周芙蓉等^[25]认为蔗糖酶对土壤含水量变化表现得最为敏感,蔗糖酶在土地整理前后土壤表层(0~20 cm)活性降低,但在土壤亚表层和底层活性升高,这可能说明土地整理后改变了土壤各土层的含水量,使0~20 cm土层含水量抑制蔗糖酶原有的活性,40~60 cm土层含水量促进蔗糖酶的活性。

SMBC、SMBN含量的变化、土壤酶的专一性和综合性特点使其成为一个有潜力的土壤生物学指标,将有助于了解土壤肥力的现状和演化。本文的研究区域仅选择岩溶山区为对象,下一步的研究应当从平原、丘陵等不同的地形、土地整理轻度、中度、重度等不同的级别进行采样分析,并综合对比研究。采样点仅仅选取了两个时间点的数据作对比,突出了土地整理的短时间效应,未能选择整理后的多个时间点进行研究,缺少时间的延伸,因此之后的研究应该对整理后不同年限的土壤质量进行定时的连续研究,以期找出土地整理的时间效应。

参考文献

- [1] 兰木羚,高明.重庆丰都岩溶区植烟土壤肥力特征及综合评价研究[J].中国岩溶,2014,33(2):216—222.
- [2] 王军,李正,白中科,等.土地整理对生态环境影响的研究进展与展望[J].农业工程学报,2011,27(1):340—345.
- [3] Manickam N, Pathak A, Saini H S, et al. Metabolic profiles and phylogenetic diversity of microbial communities from chlorinated pesticides contaminated sites of different geographical habitats of India[J]. Journal of Applied Microbiology, 2010, 109(4):1458—1468.
- [4] 舒维花,蒋齐,王占军,等.植被恢复对土壤微生物的影响[J].农业科学研究,2012,33(1):73—79.
- [5] 张洋,倪九派,周川,等.三峡库区紫色土旱坡地桑树配置模式对土壤微生物生物量碳氮的影响[J].中国生态农业学报,2014,22(7):766—773.
- [6] 杨文亨,冯远娇,王建武.不同耕作措施对土壤微生物的影响[J].土壤通报,2011,42(1):214—219.
- [7] 叶艳妹,吴次芳.土地整理对土壤性状的影响及其重建技术和工艺研究[J].浙江大学学报(农业与生命科学版),2002,28(3):267—271.
- [8] 王军,严慎纯,白中科,等.土地整理的景观格局与生态效应研究综述[J].中国土地科学,2012,26(9):87—94.
- [9] 刘勇,吴次芳,岳文泽,等.土地整理项目区的景观格局及其生态效应[J].生态学报,2008,28(5):2261—2269.
- [10] 谭梦,黄贤金,钟太洋,等.土地整理对农田土壤碳含量的影响[J].农业工程学报,2011,27(8):324—329.
- [11] 庞绪,何文清,严昌荣,等.耕作措施对土壤水热特性和微生物生物量碳的影响[J].生态学报,2013,33(4):1308—1316.
- [12] 马晓霞,王莲莲,黎青慧,等.长期施肥对玉米生育期土壤微生物量碳氮及酶活性的影响[J].生态学报,2012,32(17):5502—5511.
- [13] 华颖,王子芳,高明,等.土地整理对土壤有效态微量元素的影响[J].水土保持学报,2014,28(5):253—257,274.
- [14] 中国科学院南京土壤研究所微生物室.土壤微生物研究法[M].北京:科学出版社,1985.
- [15] 吴金水,林启美,黄巧云,等.土壤微生物生物量测定方法及其应用[M].北京:气象出版社,2006.
- [16] 关松荫.土壤酶及其研究方法[M].北京:农业出版社,1986.
- [17] 薛薇.统计分析与SPSS的应用[M].北京:中国人民大学出版社,2011:140—155.
- [18] 刘淑英.不同施肥对西北半干旱区土壤脲酶和土壤氮素的影响及其相关性[J].水土保持学报,2010,24(1):219—223.
- [19] 司鹏,乔宪生.清耕和生草对沙地葡萄园土壤酶活性的空间影响[J].果树学报,2014,31(2):238—244.
- [20] 贾伟,周怀平,解文艳,等.长期有机无机肥配施对褐土微生物生物量碳、氮及酶活性的影响[J].植物营养与肥料学报,2008,14(4):700—705.
- [21] 马朋,李昌晓,雷明,等.三峡库区岸坡消落带草地、弃耕地和耕地土壤微生物及酶活性特征[J].生态学报,2014,34(4):1010—1020.
- [22] 樊文华,白中科,李慧峰,等.不同复垦模式及复垦年限对土壤微生物的影响[J].农业工程学报,2011,27(2):330—336.
- [23] 王军,严慎纯,余莉,等.土地整理的生态系统服务价值评估与生态设计策略:以吉林省大安市土地整理项目为例[J].应用生态学报,2014,25(4):1093—1099.
- [24] 杨来淑.土地整理前后土壤质量的变化研究:以丰都县三坝乡土地整理区为例[D].重庆:西南大学,2014:50—53.
- [25] 周芙蓉,王进鑫,杨楠,等.水分和铅胁迫对土壤酶活性的影响[J].草地学报,2013,21(3):479—484.

The effect of land integration on soil microbial biomass carbon, nitrogen and enzyme activity in karst areas: An example of Sanba township, Fengdu county, Chongqing City

QI Le¹, GAO Ming¹, YANG Lai-shu¹, WANG Dan¹, DENG Wei^{1,2}

(1. College of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400716, China;

2. Municipal Land Resources and Housing Administration, Chongqing 400010, China)

Abstract: Land integration is an important measure to build high-standard prime farmland. It can improve production and living conditions of farmers and enhance the comprehensive land productivity. This study takes the land integration project in the karst area of Sanba township, Fengdu county in Chongqing City as an example. It collected 52 points before this project (December 2012) and 28 typical points afterwards (March 2013). Through field sampling and laboratory analysis, this paper have studied the effect of this project on soil microbial structure, soil microbial biomass carbon (SMBC), soil microbial biomass nitrogen (SMBN) and enzyme activity including catalase (CAT), urease (URE), and sucrase(INV) activity of soil microorganisms in the low hilly area. Our objective was to describe the distribution characteristics before and after finishing land integration. The results show that, (1) the implementation of this project has imposed significant effect on soil microbial. After the land integration, the number of actinomycetes decreased in the soil than the previous state, and the number of fungi increased. (2) Land integration reduced overall SMBC and SMBN content in 0 to 20 cm soil, of which SMBC content was decreased by 20.33% and SMBN content decreased by 47.84%, respectively. In vertical distribution, land integration changed the rule that SMBC and SMBN contents vary with soil depth, showing their minimum values 68.34 mg/kg and maximum value 33.58 mg/kg in the subsurface of 20 to 40 cm. (3) In the same soil, land integration has caused significant differences between urease activity and catalase activity in 0 to 20 cm and 20 to 40 cm, while invertase activities were significant different in 0 to 20 cm, 20 to 40 cm and 40 to 60 cm soil levels. After land integration, urease and catalase activity decreased, and invertase activity improved, each in the soil tends to be uniform as well. (4) Organic material is significantly positively correlated with surface SMBC and SMBN contents and urease activity, and pH shows a significant positive correlation with soil enzyme activity. The change of SMBC and SMBN contents and soil enzyme activity can be used as indicators to determine the soil fertility level and soil fertility effect before and after land integration, and it can help to carry out soil improvement and soil fertility work in the area after land integration.

Key words: land integration; soil microbial; biomass; soil enzyme activity

(编辑 黄晨晖)