

DOI:10.13364/j.issn.1672-6510.20160064

极端干旱事件后湿地落干土壤微生物和酶活性研究

李彦娇^{1,2}, 赵干卿¹, 彭舜磊¹, 陈昌东¹, 廖秉华¹, 刘丹丹¹

(1. 平顶山学院低山丘陵区生态修复重点实验室, 河南 平顶山 467000;

2. 四川农业大学生态林业研究所林业生态工程省级重点实验室, 四川 成都 610041)

摘要: 以极端干旱事件后的白龟山库区湿地落干土壤为研究对象, 通过野外采样和室内测试分析, 研究土壤微生物数量、酶活性、土壤养分特征及空间差异性. 结果表明: 土壤细菌、真菌、放线菌数量分别为 $40.83 \times 10^6 \sim 115.78 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$ 、 $1.62 \times 10^6 \sim 27.14 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$ 、 $0.55 \times 10^6 \sim 1.29 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$, 细菌数量较高, 真菌和放线菌数量较低; 砂质样地的土壤微生物数量普遍低于泥质样地; 土壤过氧化氢酶、脲酶、磷酸酶活性在砂质样地亦较低; 土壤微生物数量指标、酶活性指标与土壤有机质含量或土壤全氮含量均呈不显著的正相关 ($P > 0.05$), 可能由于土壤落干时间相对较短, 土壤有机质的矿质化作用尚未进行到一定程度; 全磷和全钾含量较高可能对土壤酶具有一定的抑制作用. 白龟山库区湿地在极端干旱事件干扰后进行保护和管理需关注土壤性质的空间异质性以及干扰的持续时间等.

关键词: 土壤酶; 土壤养分; 土壤微生物; 湿地; 极端干旱

中图分类号: Q948.12

文献标志码: A

文章编号: 1672-6510(2017)05-0055-05

Soil Microbial and Enzyme Activities in Air-drying Zones of Wetland after Extreme Drought

LI Yanjiao^{1,2}, ZHAO Ganqing¹, PENG Shunlei¹, CHEN Changdong¹, LIAO Binghua¹, LIU Dandan¹

(1. Pingdingshan University, Key Laboratory of Ecological Restoration in Hilly Area, Pingdingshan 467000, Henan, China;

2. Institute of Ecology and Forestry, Key Laboratory of Ecological Forestry Engineering in Sichuan Province, Sichuan Agricultural University, Chengdu 610041, Sichuan, China)

Abstract: This study investigated a number of soil microbial colonies, the characteristics of soil enzyme activities and soil nutrient content as well as the spatial difference among different air-drying zones of Baiguishan Reservoir Wetland after extreme drought through field sampling and statistical analysis. The results showed that the number of bacteria, fungi and actinomycetes in the colonies were $40.83 \times 10^6 \sim 115.78 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$, $1.62 \times 10^6 \sim 27.14 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$ and $0.55 \times 10^6 \sim 1.29 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$, respectively. The number of soil bacteria was higher than those of soil actinomycetes and soil fungi. The number of soil bacteria in sandy sites was generally lower than that in the muddy sites. The soil microbial quantity and the soil enzyme activities were not significantly in positive correlation with soil organic matter content or soil nitrogen content ($P > 0.05$), which showed that the mineralization of soil organic matter had not got to a certain extent possibly due to the relatively short time of the soil dry fall. The high content of total phosphorus and total potassium might inhibit the soil enzyme activity. The managers should pay more attention to the spatial heterogeneity of soil properties and the duration of interference in Baiguishan Reservoir Wetland in the future.

Key words: soil enzyme; soil nutrient; soil microbial; wetland; extreme drought

极端事件往往能够达到甚至超过生态系统承受的阈值, 越是破纪录的极端天气越可能在短时间内对生态系统造成毁灭性的破坏^[1]. 极端天气事件对生态

系统结构与功能的影响已成为气候变化生态效应研究领域中的热点问题. 极端降水事件最基本、主要的影响是引起土壤水分条件的失衡, 导致土壤自身性

收稿日期: 2016-03-02; 修回日期: 2016-05-13

基金项目: 河南省科技攻关计划资助项目(142102310186); 河南省教育厅科学技术研究重点资助项目(13A180821)

作者简介: 李彦娇(1982—), 女, 河南南阳人, 讲师, lyjiao123@126.com

状、土壤的代谢、土壤生物(植物根系、动物、微生物群落)分布特征与多样性、地上植被格局等方面的重大改变^[2]。

被喻为自然之肾的湿地生态系统^[3],作为陆地和水生生态系统间的过渡带,具有独特的水文、土壤与生物特征^[4]。其中水文过程又是湿地植被和土壤特征的决定性因子,反复的“固”、“液”交替状态可导致植被、土壤特征均会发生迅速而较大的变化。在洪水泛滥的时候植被和土壤易被水淹没,而在极端干旱的时候又极易底泥出露、落干,土壤微生物处于缺水的胁迫状态。微生物的群落特征会发生变化,与土壤微生物一起共同推动土壤物质代谢过程的土壤酶也发生相应变化,最终导致土壤理化性质的改变,乃至植被的组成和演替途径发生变化^[1-5]。因此,系统地开展湿地极端干旱事件后的土壤微生物、酶活性特征以及土壤理化性质和植被特征研究,对于湿地极端事件后采用何种方案进行系统结构和功能的恢复都具有重要的指导意义。白龟山库区湿地生态系统作为重要的人工水源地,对区域经济、社会和自然环境的可持续发展具有重要作用。目前为止,这一区域尚未开展土壤微生物和酶活性等土壤生物学指标的研究,这对开展水源地的保护和恢复工作产生了严重制约。

1 研究区域概况与研究方法

1.1 研究区概况

白龟山库区湿地(东经 111°47' ~ 112°04', 北纬 33°20' ~ 33°36'),位于淮河流域沙颍河水系沙河干流上,隶属豫西伏牛山地和黄淮平原的过渡地带;地势西北高东南低,属亚热带与暖温带的过渡区;大陆性季风气候,冬春季盛行偏北风,夏季盛行偏南风,春季干燥多风,夏季炎热多雨,秋季凉爽,冬季干寒;年平均气温在 14.5 ~ 14.9 °C,年平均降水量为 723.1 mm,多集中在 6—9 月;土壤类型主要为黄棕壤、褐土和潮土,也有少量沙土。由于生境类型和人工干扰程度不同,区内植物分布情况差异较大。湿地水库东西长 15.5 km,南北宽 4.2 km,始建于 1958 年,1966 年竣工,2007 年被批准为河南省省级自然保护区,控制流域面积 2 740 km²,总库容 9.22 × 10⁸ m³,是平顶山市重要的表流湖库型水源地,担负着城市的生产、生活和生态用水需求。但是 2010 年以来,连续几年的冬春季干旱已使水库水位不断下降。而 2014 年又遭遇 40 余年来最严重的夏季干旱,致使白龟山水库在建库后首次动用死库容向平顶山

城区供水。干旱最严重时集水区面积缩小到了 20.08 km²。水文情况变化很大,库区大量区域底泥出露落干,库内各种生物生存空间大幅减少,并伴有典型的自然生物群落演替系列,近岸湿地植被向陆生演替特征十分明显。

1.2 研究方法

1.2.1 土壤样品采集

2014 年 7 月,于平顶山库区湖滨湿地,共选择 5 个典型的库区落干样地(I、II、III、IV、V),各样地的田间持水量(质量含水量)分别为 17.30%、5.90%、6.56%、17.20%、18.22%,其中样地 II 和 III 为砂质样地,样地 I、IV、V 为泥质样地。样地 I 主要植物种包括蓼(*Polygonum* spp.)、莎草(*Cyperus* spp.)、稗子(*Echinochloa crusgali*)等;样地 II 主要植物种包括狗牙根(*Cynodon dactylon*)、蓼、小飞蓬(*Coryza canadensis*)、稗子等;样地 III 主要植物种包括狗牙根、蓼、碱蓬(*Suaeda glauca*)等;样地 IV、V 主要植物种包括香蒲(*Typha orientalis*)、水柳(*Salix warburgii*)、蓼、芦苇(*Phragmites australis*)等。各样地中设置 3 条平行湖岸线间隔 50 m 的样线,每条样线上设置 5 个间隔 10 m 的 1 m × 1 m 的采样样方。于每个样方内 5 点采样法采集 10 cm × 10 cm × 10 cm 的土壤样品,同一方内的土壤样品充分混合为 1 份混合样,共采集 75 份土样。采集到的新鲜土样尽快带回实验室后除去植物残体和根屑,每份土样分为两份:一份经自然风干后用于土壤养分分析及酶活性指标的测定;另一份置于冰箱中 4 °C 保存,用于土壤微生物群落数量的分析。所有分析均进行 3 次重复^[6]。

1.2.2 土壤微生物、酶活性和土壤理化性质测定

采用平板计数法测定土壤微生物,细菌、真菌、放线菌使用的培养基分别为牛肉膏蛋白胨培养基、马铃薯葡萄糖琼脂培养基、改良高氏 1 号培养基^[7]。

土壤脲酶、过氧化氢酶分别采用苯酚-次氯酸钠比色法、高锰酸钾滴定法测定,过氧化氢酶活性用消耗 0.1 mol/L KMnO₄ 的体积表示。酸性磷酸酶、中性磷酸酶和碱性磷酸酶的活性分别采用乙酸盐缓冲液-磷酸苯二钠比色法、柠檬酸盐缓冲液-磷酸苯二钠比色法、硼酸盐缓冲液-磷酸苯二钠比色法测定^[8]。

土壤 pH、有机质含量、全氮、碱解氮、全磷、有效磷、全钾、速效钾分别采用酸度计法、总有机碳分析仪测定 TC 和 IC 后换算法、凯氏定氮法、碱解扩散法、镍坩埚碱熔-钼锑抗比色法、HCl-H₂SO₄ 提取-钼锑抗比色法、镍坩埚碱熔-火焰光度法、NH₄OAc 浸提-火焰光度法测定^[9]。

1.2.3 统计分析方法

土壤微生物和酶活性指标在样地间的差异性采用 One-way ANOVA 法分析, 土壤酶活性和土壤微生物与土壤理化性质之间的相关性采用 Spearman 相关系数进行分析. 所有的统计分析都利用 SPSS 16.0 统计分析软件完成.

2 结果与分析

2.1 土壤微生物特征

不同样地的细菌、真菌、放线菌菌落数如图 1 所示.

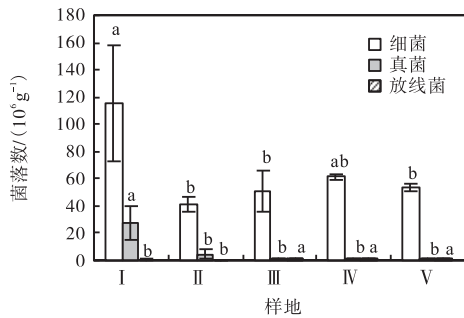


图 1 不同样地的细菌、真菌和放线菌菌落数
Fig. 1 Number of bacteria, fungi and actinomycetes in different sites

白龟山库区湿地采样区域各样地细菌数量大于真菌数量, 真菌数量大于放线菌数量. 细菌菌落数量在 $40.83 \times 10^6 \sim 115.78 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$. 样地 I 细菌数量显著高于样地 II、III、V 的细菌数量 ($P < 0.05$), 样地 I 和样地 IV 的细菌数量差异不显著 ($P > 0.05$), 样地 II、III、IV、V 的细菌数量差异不显著 ($P > 0.05$). 真菌菌落数量在 $1.62 \times 10^6 \sim 27.14 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$. 样地 I 的真菌数量显著高于其他 4 个样地, 样地 II、III、IV、V 的真菌数量差异不显著 ($P > 0.05$). 放线菌菌落数量在 $0.55 \times 10^6 \sim 1.29 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$. 样地 I 和样地 II 间的放线菌数量差异不显著 ($P > 0.05$), 样地 III、IV、V 间的放线菌数量差异亦不显著 ($P > 0.05$), 样地 I 和 II 的放

线菌数量显著低于样地 III、IV、V 的放线菌数量 ($P < 0.05$).

2.2 土壤酶活性特征

不同样地的土壤过氧化氢酶活性变化规律如图 2 所示. 白龟山库区湿地采样区域过氧化氢酶活性样地 I 显著高于样地 II、IV、V ($P < 0.05$), 样地 II、IV、V 显著高于样地 III ($P < 0.05$). 样地 I、II、IV、V 的脲酶活性显著高于样地 III ($P < 0.05$), 样地 IV 的脲酶活性显著高于样地 II ($P < 0.05$), 样地 I、IV、V 之间的脲酶活性差异不显著 ($P > 0.05$), 见图 3.

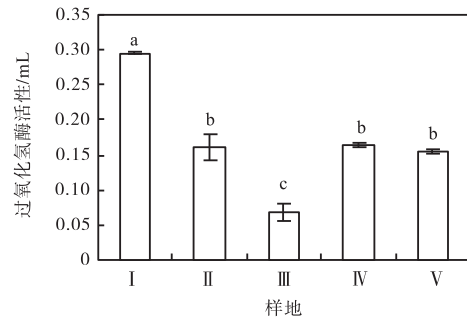


图 2 不同样地的土壤过氧化氢酶活性变化规律
Fig. 2 Change of catalase activity in different sites

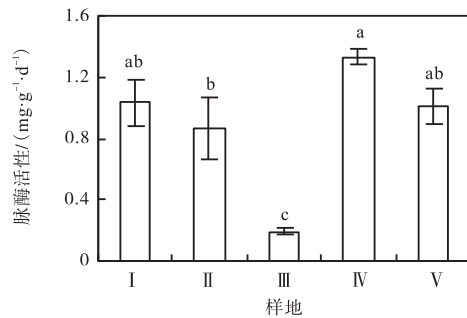


图 3 不同样地的土壤脲酶活性差异
Fig. 3 Comparison of urease activity of different sites

酸性磷酸酶活性样地 I、IV、V 显著高于样地 II 和 III ($P < 0.05$), 中性磷酸酶活性样地 I、IV、V 亦显著高于样地 II 和 III ($P < 0.05$), 碱性磷酸酶活性样地 III 显著低于样地 I、II、IV、V ($P < 0.05$) (图 4).

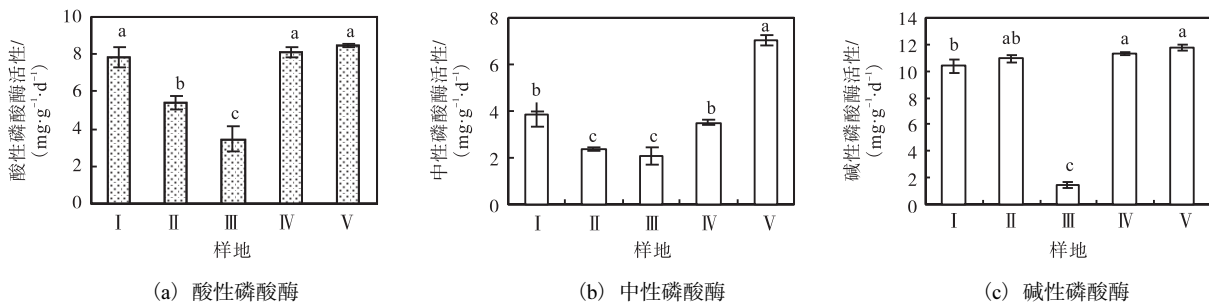


图 4 不同样地的土壤酸性磷酸酶、中性磷酸酶和碱性磷酸酶活性变化规律
Fig. 4 Change of acid phosphatase activity, neutral phosphatase activity and alkaline phosphatase activity in different sites

2.3 生物学指标和理化性质的相关性分析

白龟山水库采样区域土壤均呈弱酸性, pH 为 5.85 ~ 6.17, 全氮、全磷、全钾含量分别为 0.20 ~ 2.96 g/kg、0.17 ~ 0.45 g/kg、9.00 ~ 12.34 g/kg, 碱解氮、有效磷、速效钾含量分别为 40.25 ~ 232.24 mg/kg、2.68 ~ 4.35 mg/kg、82.25 ~ 246.96 mg/kg, 且全磷和全钾含量在砂质的 II、III 样地较高, 有机质、全氮、碱解氮、有效磷和速效钾含量较低. 土壤细菌数量与土壤 pH 呈不显著正相关 ($P > 0.05$), 真菌、放线菌、过氧化氢酶、脲酶、酸性磷酸酶、中性和碱性磷酸酶与土壤 pH 均呈不显著负相关 ($P > 0.05$). 土壤细菌、真菌、放线菌、过氧化氢酶、脲酶与有机质、全氮、碱解

氮、速效钾含量呈不显著正相关 ($P > 0.05$), 与全钾含量呈不显著负相关 ($P > 0.05$). 土壤细菌数量与土壤全磷含量呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 真菌、放线菌和各种酶与土壤全磷含量均呈不显著负相关 ($P > 0.05$). 土壤细菌、脲酶与土壤有效磷含量呈显著正相关 ($P < 0.05$), 真菌、放线菌、磷酸酶与有效磷呈不显著正相关 ($P > 0.05$). 除碱性磷酸酶与速效钾呈不显著正相关外 ($P > 0.05$), 酸性、中性、碱性磷酸酶与有机质、全氮、碱解氮、速效钾呈显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 的正相关, 而与全钾含量呈显著 ($P < 0.05$) 或极显著 ($P < 0.01$) 的负相关.

表 1 土壤微生物、酶活性和理化性质指标之间的相关性

Tab. 1 Correlation coefficient among soil microbial colonies number, soil enzyme activities and soil physicochemical property

相关系数	pH	有机质	全氮	碱解氮	全磷	有效磷	全钾	速效钾
细菌	0.100	0.500	0.500	0.500	-1.000**	0.900*	-0.500	0.600
真菌	-0.600	0.200	0.200	0.200	-0.300	0.600	-0.200	0.500
放线菌	-0.100	0.700	0.700	0.700	-0.300	0.100	-0.700	0.500
过氧化氢酶	-0.205	0.205	0.205	0.205	-0.564	0.821	-0.205	0.359
脲酶	-0.100	0.700	0.700	0.700	-0.800	0.900*	-0.700	0.600
酸性磷酸酶	-0.600	1.000**	1.000**	1.000**	-0.500	0.600	-1.000**	0.900*
中性磷酸酶	-0.700	0.900*	0.900*	0.900*	-0.600	0.700	-0.900*	1.000**
碱性磷酸酶	-0.700	0.900*	0.900*	0.900*	-0.100	0.300	-0.900*	0.700

注: *表示差异达显著水平 ($P \leq 0.05$), **表示差异达极显著水平 ($P \leq 0.01$).

3 讨论

白龟山湿地生态系统中各样地细菌数量最多, 细菌数量在 $40.83 \times 10^6 \sim 115.78 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$, 其次是真菌, 放线菌最少, 与其他湿地生态系统的研究结果较相似. 王孝国等^[3]研究新疆艾比湖精河入湖口湖滨湿地土壤微生物区系发现细菌数量平均能达到 $1.36 \times 10^6 \text{ g}^{-1}$, 其次是放线菌, 1 g 土壤有数万到十万个, 真菌所占比例最小. 白龟山湿地真菌的数量较放线菌多, 研究结果的不一致性可能是由于在极端干旱条件下, 库区底泥出露, 土壤含水量降低, 土壤孔隙度增加, 土壤通气性增加, 土壤缺氧状况得以改善, 对土壤微生物生长的限制作用减弱, 以及真菌对于干旱的耐受能力较高等因素所导致的^[3].

关于土壤微生物和土壤养分之间的关系, 微生物数量对土壤养分具有一定指示作用. 一方面, 土壤微生物参与土壤元素的矿质化作用等, 对有机物质的分解和转化起着重要作用^[6]; 另一方面土壤养分含量尤其是有机质亦是土壤微生物生长的碳源和氮源^[10]. 通常在土壤养分水平越高的土壤中, 各种微生物生长状况良好, 尤其是土壤中细菌密度越大; 反之, 贫瘠

土壤中, 土壤微生物数量及多样性由于养分不足的制约而普遍较低^[3]. 白龟山湿地采样区域砂质样地养分指标除全钾和全磷外, 其他指标普遍较泥质样地低, 尤其是生物可直接利用的碱解氮、有效磷、速效钾等养分指标较低, 因而砂质样地中占微生物群落数量比重较大的细菌的数量也较低. 另外, 正常天气条件下, 湿地生态系统植被初级生产力较高, 土壤常年水淹、缺氧, 微生物活动较弱, 土壤有机质生成作用往往超过其分解作用, 积累作用较强, 是一个大“碳汇”^[11]. 而一旦表流湿地受干旱干扰, 土壤落干出露水面, 通气性增加, 尤其是表层土壤处于相对干燥的氧化环境, 有机质的矿质化作用增强, 土壤有机质含量降低^[12]. 白龟山湿地土壤的 3 大微生物数量与土壤有机质及全氮含量均呈不显著正相关, 可能由于土壤落干时间相对较短, 土壤有机质的矿质化作用尚未进行到一定程度. 而且白龟山湿地土壤有机质含量除砂质土壤样地 II、III 外, 其他样地的土壤有机质含量在 34.34 g/kg 以上. 按照全国第二次土壤普查养分分级标准, 属于丰富甚至很丰富的水平, 可以很好地证明该区域土壤有机物质积累作用较强这一推断. 相信随着落干的持续进行, 土壤有机质的矿质化作用会更加明显, 土壤有机质含量可能会明显地下

降^[13],土壤微生物数量与土壤有机质含量等养分指标的关系将会发生显著变化。

土壤酶活性亦可作为评价湿地土壤肥力的重要指标。过氧化氢酶活性与土壤肥力因子常呈正比例变化^[4,13],王笛等^[10]对黄河三角洲退化湿地土壤养分与土壤酶特性关系的研究结果也表明土壤过氧化氢酶与土壤有机质、全氮、全钾等均呈显著正相关。白龟山库区落干湿地过氧化氢酶与有机质、全氮、碱解氮均呈不显著正相关关系,表明过氧化氢酶活性与表征土壤肥力的土壤有机质指标变化有着一定的一致性。土壤脲酶是一种中性酶,可将土壤中的有机化合物尿素水解为铵态氮,对提高氮素的利用率和促进土壤氮素循环具有重要意义。白龟山库区落干湿地脲酶与土壤有机质、全氮、碱解氮呈不显著的正相关关系,与土壤 pH、全磷、全钾呈不显著负相关。脲酶活性变化与土壤有机质和氮含量变化有着一致性^[10],而高钾对脲酶可能具有一定抑制作用^[14]。土壤磷酸酶直接影响土壤中有有机磷的分解转化及其生物有效性^[14]。白龟山库区落干湿地 3 种土壤磷酸酶活性与土壤全磷含量呈不显著负相关,与全钾呈显著的负相关,与土壤有机质、全氮、碱解氮、速效钾基本呈显著或极显著的正相关。杨志勇等^[14]研究表明高钾亦对磷酸酶具有抑制作用,研究结论较为一致。而刘存歧等^[4]的研究中碱性磷酸酶活性与全磷呈正相关,而与溶解无机磷呈负相关。万忠梅等^[13]的研究中得出土壤中速效磷含量高时土壤酸性磷酸酶活性会受到一定抑制的结论,研究结果的不一致性要求进一步的土壤酶研究,应更多关注酶促反应的底物和产物关系变化问题。

总之,湿地全量养分的大量积累,少数适生物种的生长而形成的单优湿地植物群落^[15],一旦遭遇极端事件干扰,尤其是干扰时间过长,极易推动湿地生态系统对外界环境改变产生反馈效应^[16]。一旦土壤微生物指标、酶活性指标和土壤全量养分含量指标普遍出现负相关,地上植被可由于可获得有效养分的增加而导致生物多样性的增加和群落结构的变化,使湿地生态系统向着陆生生态系统演替^[4],不利于此类生态系统的保护和维持。因此需加强对极端事件干扰湿地生态系统的认知,尤其需对土壤养分和微生物数量及酶活性变化关系进行长期深入研究。白龟山湿地落干砂质土壤区域的微生物数量相对较少,酶活性相对较低,全效养分含量相对较少,可利用的有效养分或速效养分含量也较低,意味着在进行落干区域的

恢复时还需要关注落干土壤的空间差异性。

参考文献:

- [1] 王志远. 极端气候事件对青藏高原东部高寒草甸植物生物量及土壤生态过程的影响[D]. 成都:中国科学院成都生物研究所,2013.
- [2] 刘学华. 干湿交替下土壤 C、N 养分流失机理研究[D]. 上海:东华大学,2015.
- [3] 王孝国,胡文革,陈登稳,等. 新疆艾比湖精河入湖口湖滨湿地土壤微生物区系研究[J]. 西南农业学报,2015,25(3):972-976.
- [4] 刘存歧,陆健健,李贺鹏. 长江口潮滩湿地土壤酶活性的陆向变化以及与环境因子的相关性[J]. 生态学报,2007,27(9):3663-3669.
- [5] 张昆. 水文周期对纳帕海高原湿地土壤碳氮的影响[D]. 昆明:西南林学院,2007.
- [6] 丁新华,黄金萍,顾伟,等. 扎龙湿地土壤养分与土壤微生物特性[J]. 东北林业大学学报,2011,39(4):75-77.
- [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.
- [8] 关松荫. 土壤酶活性的测定[M]. 北京:农业出版社,1986.
- [9] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2005.
- [10] 王笛,马风云,姚秀粉,等. 黄河三角洲退化湿地土壤养分、微生物与土壤酶特性及其关系分析[J]. 中国水土保持科学,2012,10(5):94-98.
- [11] 张艳楠,李艳丽,王磊,等. 崇明东滩不同演替阶段湿地土壤有机碳汇聚能力的差异性及其微生物机制[J]. 农业环境科学学报,2012,31(3):631-637.
- [12] 李阳,何伟,左倬,等. 干湿交替对湿地土壤氮磷缓冲能力的影响[J]. 环境科学与技术,2014(S2):25-28.
- [13] 万忠梅,宋长春. 三江平原不同类型湿地土壤酶活性及其与营养环境的关系[J]. 水土保持学报,2008,22(5):158-161.
- [14] 杨志勇,李刚,姚成,等. 苏北大丰生态工程区两种植物群落土壤酶活性比较[J]. 生态学报,2009,29(7):3649-3657.
- [15] 肖德荣,田昆,张利权. 滇西北高原纳帕海湿地植物多样性与土壤肥力的关系[J]. 生态学报,2008,28(7):3116-3124.
- [16] 宫超,宋长春,谭稳稳,等. 三江平原沼泽湿地垦殖对土壤微生物学性质影响研究[J]. 生态环境学报,2015(6):972-977.

责任编辑:郎婧