

潮土长期雨养对土壤酶活性和微生物功能多样性影响^①

宋梅^{1,2}, 赵炳梓^{1*}

(1 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 封丘农田生态系统国家试验站, 南京 210008;

2 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 随着华北地区水资源持续短缺, 雨养农业可能是当地粮食生产的趋势之一, 因而明确雨养农业对土壤质量影响将为预估作物产量变化提供基础。本研究以河南省封丘县潮土 4 种不同利用类型的土壤为平台, 探讨长期雨养农地(雨养地)和传统灌溉农地(传统地)上土壤酶活性和微生物功能多样性的差异, 并将其与邻近荒地和林地进行比较。除脱氢酶活性为雨养地比传统地低 24% 外, 蔗糖酶、脲酶及碱性磷酸酶活性在雨养地和传统地间均相当, 但比林地和荒地高 36%~149%; 基于 Biolog 分析的参数, 包括平均吸光值(AWCD)及功能多样性指数, 在不同处理间没有显著性差异, 但主成分分析发现雨养地的碳源利用能力与传统地和林地比较接近, 而与荒地相差较大, 主要表现在利用羧酸类和氨基酸类物质的不同上, 这可能与荒地较高 pH 及雨养地、传统地、林地根系有可能分泌羧酸类和氨基酸类物质有关。本研究结果表明, 在潮土上即使经过连续 16 年的雨养农业后, 土壤酶活性和微生物功能多样性的变化很小, 结果从土壤质量变化角度预示在当地实行雨养农业的可能性。

关键词: 长期雨养农地; 土壤酶活性; Biolog; 平均吸光值; 功能多样性

中图分类号: S154.3

黄淮海平原是我国最大的平原, 是集约化小麦-玉米一年两熟轮作种植区, 也是我国重要的粮食主产区, 粮食播种面积占全国总面积的 20% 左右, 粮食产量约占全国总量的 23%^[1]。然而, 该地区的降水并不能完全满足中高产水平的小麦、玉米生长需求。为了满足作物生长需要, 全年需灌溉水量达 2 850 m³/hm² 左右^[2]。随着水资源的持续短缺, 雨养或少灌可能是将来该区域粮食生产的一大趋势。有关雨养对作物产量影响的研究已经比较多。孙芳等^[3]研究发现, 在考虑适应措施的条件下, 雨养小麦在中国大部分地区并不脆弱, 出现增产现象。而成林等^[4]利用河南省小麦和水稻的历史观测资料, 研究发现, 雨养小麦模拟产量和水稻增产潜力均呈减少趋势。我们猜测导致作物产量变异的原因除了与灌溉有关, 还有可能与雨养导致的土壤质量变化有关。Urama^[5]对尼日利亚东南部长期雨养地和灌溉地研究发现, 与雨养相比, 灌溉导致了农地在土壤性质上的退化, 主要表现为土壤养分含量的降低。Langer 等^[6]对苏丹 3 个半干旱地区长期灌溉和雨养条件下的高粱-芝麻轮作区土壤酶活性进

行研究, 发现土壤碱性磷酸酶、蛋白酶、 β -葡萄糖苷酶的活性表现出不同的变化规律。然而国内有关长期雨养的研究过多关注作物的产量变化, 很少关注土壤性质的变化。

基于 Biolog 方法获取的土壤微生物群落信息及其功能多样性被认为是用来表征土壤性质转变过程及其生态功能的重要而又敏感指标^[7]; 土壤酶活性同样能表征土壤微生物的功能多样性, 同时又是土壤质量变化的敏感指标之一^[8]。因此, 本研究的主要目的为系统比较长期雨养与传统灌溉条件下的小麦-玉米轮作地土壤微生物功能多样性及酶活性变化, 并将其与邻近的长期林地和荒地进行比较, 研究结果可望为挖掘潮土长期雨养导致的土壤质量变化提供基础数据, 为阐明长期雨养导致的作物产量变异提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 研究地点和样品采集

研究地点位于河南省封丘县的中国科学院封丘

①基金项目: 国家自然科学基金面上项目(41271311)、国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2011CB100506)、国家科技支撑计划项目(2012BAD05B0203)和中国科学院知识创新项目(CXJQ120111, ISSASIP1118)资助。

* 通讯作者(bzhao@issas.ac.cn)

作者简介: 宋梅(1990—), 女, 山东临沂人, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤生态环境。E-mail: msong@issas.ac.cn

农业生态试验站内(35°01'N, 114°24'E)。该试验站的海拔高度为 67.5 m, 具有典型的季风气候。年平均气温 13.9℃, 7 月份最高(27.2℃), 1 月份最低(-1.0℃); 年平均降雨量 597 mm, 其中 57% 集中在夏季的 7、8、9 三个月, 而 11 和 12 月份最少(平均大约 22 mm)。土壤类型主要为发育于黄河冲积母质的潮土(中国土壤系统分类)。试验站内设有 4 种不同土地利用方式的试验区, 每试验区占地面积 0.67 hm² 以上, 分别为: ①长期雨养农地(雨养地): 种植作物为小麦-玉米轮作, 作物生长所需水分仅来源于降水或/和地下水补充; 除此外, 其他所有田间管理模式均与当地农民一致, 施肥量居当地农户中等水平, 即玉米和小麦氮肥均为 N 210 kg/hm²(小麦 60% 为基肥, 40% 为翌年返青期追施; 玉米则 40% 为拔节期追施, 60% 为孕穗期追肥); 磷钾肥拔节期一次性施入, 施用量均为 P₂O₅ 157.5 kg/hm², K₂O 105 kg/hm²; 已连续进行 16 年; ②传统灌溉农地(传统地): 灌溉量视当年降水情况而定, 一般小麦灌水 2~3 次, 玉米灌水 1~2 次, 每次 900~1 200 m³/hm²; 田间其他所有管理模式均与雨养地一样, 已连续进行 20 年; ③荒地: 自然抛荒, 没有人为补充任何水肥; 已连续抛荒 20 年, 采样时发现零星生长的杂草为剪股颖(*Agrostideae Dumort*); ④林地: 主要生长有银杏(*Ginkgo biloba* L.)和刺槐(*Robinia pseudoacacia* L.)等树种, 已连续进行 22 年; 没有人为补充任何水肥。

本研究土壤样品采集于 2012 年 4 月 1 日, 采集上述 4 个试验区的表层 0~20 cm, 每试验区 4 个重复, 每个重复样品由大约 100 m² 范围内的随意 5 个采样点混合而成。采集样品分成两部分, 一部分过 2 mm 湿筛后于 4℃ 保藏, 用于测定土壤生物性质; 另一部分风干后, 过 20 目和 100 目的筛子, 用来测定土壤化学性质。

1.2 土壤性质测定

1.2.1 土壤基本化学性质 pH 采用 pH 计法测定, 水土比为 5:1; 有机质采用重铬酸钾容量法测定^[9]。

1.2.2 土壤酶活性 土壤蔗糖酶活性、脲酶活性、碱性磷酸酶活性、脱氢酶活性分别采用 3, 5-二硝基水杨酸比色法^[10]、靛酚蓝比色法^[10]、磷酸苯二钠比色法^[11]、三苯基四唑氯化物比色法^[12]测定。蔗糖酶活性以 glucose mg/(kg·d) 表示, 脲酶活性以 NH₄⁺-N mg/(kg·d) 表示, 碱性磷酸酶活性以 phenol mg/(kg·h) 表示, 脱氢酶活性以 TPF mg/(kg·d) 表示。

1.2.3 微生物群落水平生理特征 微生物群落水平生理特征采用 Eco Biolog 方法测定。称取相当于

烘干土重的 2.50 g 新鲜土壤置于灭菌的 50 ml 0.85% 的生理盐水, 180 r/min 振荡 30 min。静置 10 min 后, 吸取上清液用无菌生理盐水稀释 500 倍。用 8 通道加样器向 Biolog ECO 板(BIOLOG, Hayward, CA, USA)中分别添加 150 μl 稀释后的悬液。每个土壤样品做 3 个重复。25℃ 恒温避光培养, 分别在 24、48、72、96、120、144、168 h 后使用 Biolog EmaxTM 读板仪读取各孔在 590 nm 波长下的光吸收值^[13]。

计算平均吸光度变化(average well colour development, AWCD), 该参数能表征微生物群落的代谢活性,

$$\text{计算公式为: } AWCD = \frac{\sum (A_i - A_{A1})}{31}$$

式中: A_i 为第 i 孔的相对吸光度值, A_{A1} 为空白对照; Shannon 指数(H)反映微生物的丰富度, Simpson 指数(D)反映群落内常见物种的优势度, McIntosh 指数(U)表示微生物利用底物的一致性^[14]。利用 96 h 获取的吸光度值计算:

$$H = -\sum P_i \cdot \ln(P_i)$$

$$D = 1 - \sum (P_i)^2$$

$$U = \sqrt{\left(\sum n_i^2\right)}$$

式中: P_i 为第 i 孔的相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比率, n_i 是第 i 孔的相对吸光值。

1.3 统计分析

采用一元方差分析进行不同处理间的差异显著性分析; 多重比较采用 LSD 法进行显著性检验 ($P < 0.05$ 和 $P < 0.01$); 相关性分析采用 Pearson 相关性分析, 整个数据处理过程采用 SPSS16.0 和 Excel 软件完成。

将 Eco Biolog 微平板上的 31 种碳源分成 6 大类, 分别为羧酸类、碳水化合物类、氨基酸类、聚合物类、胺类、酚酸类, 选取培养 96 h 的光吸收值进行主成分分析, 比较不同碳源与主成分 1(PC1)和主成分 2(PC2)的相关性, 同时分析 PC1 和 PC2 与土壤 pH 或有机质含量的相关性。

2 结果与讨论

2.1 土壤 pH 和有机质

表 1 结果表明, pH 及土壤有机质在雨养地与传统地之间均没有显著性差异, 但是二者的 pH 与荒地间有显著差异, 有机质含量与林地间有显著差异。荒地的 pH 在 4 个处理中最高; 有机质含量在荒地和林地间没有显著性差异, 但它们均低于雨养地和传统地, 其中林地的有机质含量在 4 个处理中最低, 比雨养地和传统地分别低 20% 和 16%。

表 1 长期雨养对土壤 pH 和有机质含量的影响
Table 1 Soil pH and organic matter influenced by long-term rain-fed agriculture

处理	pH	有机质(g/ kg)
雨养地	8.29 ± 0.14 b	14.79 ± 0.54 a
传统地	8.32 ± 0.05 b	14.24 ± 0.59 ab
荒地	8.68 ± 0.04 a	13.38 ± 0.27 bc
林地	8.27 ± 0.05 b	12.30 ± 1.23 c

注：表中数据为平均值±标准差，同列数据小写字母不同表示处理间在 $P<0.05$ 水平上差异显著，下表同。

长期施用化肥可降低土壤 pH^[15]。本研究雨养地和传统地的施肥量和施肥种类等条件均一致，它们的 pH 没有表现出显著性差异；荒地较高的 pH 可能与其长期没有肥料来源及有机质含量较低、较少植被覆盖有关；尽管林地也没有长期人为施肥，有机质含量亦与荒地类似，但其 pH 却比荒地低、与雨养地和传统地相似(表 1)，这是因为林地土壤表层聚集的枯枝落叶，在微生物的作用下分解，向表层土壤释放各种有机酸，从而显著降低了表层土壤的 pH，而荒地因为较少的植被覆盖减少了根系分泌物的存在，而根系分泌物的存在可以降低土壤的 pH^[16]，故荒地 pH 要高。

表 2 长期雨养对土壤酶活性影响
Table 2 Effects of long-term rain-fed agriculture on enzymatic activities

处理	蔗糖酶 (glucose, mg/(kg·d))	脱氢酶 (TPF, mg/(kg·d))	脲酶 (NH ₄ ⁺ -N, mg/(kg·d))	碱性磷酸酶 (phenol, mg/(kg·h))
雨养地	23 034.7 ± 1 713.4 a	9.0 ± 0.5 b	840.0 ± 17.7 a	77.85 ± 3.44 a
传统地	22 208.6 ± 755.0 a	11.2 ± 1.0 a	822.2 ± 36.4 a	84.42 ± 4.15 a
荒地	16 276.1 ± 388.8 b	6.1 ± 1.9 c	657.7 ± 33.1 a	77.69 ± 4.57 a
林地	11 183.0 ± 1 053.0 c	4.5 ± 0.7 c	829.2 ± 213.0 a	45.53 ± 6.95 b

在本研究中，雨养地在蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶活性上并没有和传统地表现出显著差异，说明潮土经过 16 年雨养农业后，并没有对有机碳的累积与分解、有机氮的水解、磷的有效性产生显著影响。而雨养地在脱氢酶含量上显著低于传统地，说明土壤水分可能刺激了脱氢酶的活性，这与刘岳燕等^[20]的研究结果一致。林地比较低的酶活性也可能是导致该地有机质含量低的原因(表 1)。

2.3 微生物群落代谢活性及功能多样性

由图 1 可以看出，随培养时间的延长，平均吸光值(AWCD)逐渐增加，但增幅却逐渐下降，96 h 后 AWCD 值增长趋于平缓，144 h 后基本稳定，因为当能被利用的碳源消耗尽后，AWCD 值不再增加。雨养地与传统地的平均 AWCD 值随培养时间变化的曲线基本重合，荒地和林地的曲线也基本重合，但在 48 h

土壤有机质含量高低取决于土壤原有有机质的矿化和外源有机物的补充(植物残体、根系分泌物、肥料等)^[17]。雨养地与传统地的有机质含量没有显著性差异，预示多年雨养农地进入土壤的有机物料量类似和/或有机质的矿化速率类似；荒地比较低的有机质含量表示潮土多年抛荒可导致土壤质量下降，这显然与有机物料补充减低有关。一般认为林地土壤的有机质含量显著高于农用地^[18]，这与我们获取的结果相矛盾。但 Zak 等^[19]发现，从农地转变成林地的初始 10 年，土壤有机碳含量逐步下降，然后在接下的 50 年持续增加。他们认为林地土壤有机碳含量明显增加需要 10 ~ 40 年的持续植林。本研究林地持续生长了 22 年，可能还没到导致土壤有机碳含量增加的植林拐点。

2.2 土壤酶活性

雨养地的蔗糖酶、脲酶及碱性磷酸酶活性均与传统地相当，但脱氢酶活性比传统地低 24%；其中雨养地和传统地的蔗糖酶和脱氢酶活性分别比荒地和林地高 36% ~ 106% 和 48% ~ 149%、碱性磷酸酶活性只比林地高 71% ~ 85%，但脲酶活性在 4 个处理间没有显著性差异(表 2)。因此总体来说，本研究测定的 4 种酶活性在林地最低。

和 72 h 之间其数值小于雨养地和传统地；96 h 的 AWCD 值及 3 个功能多样性指数(即 Shannon、Simpson 和 McIntosh 指数)在 4 个处理间均没有显著性差异(表 3)。

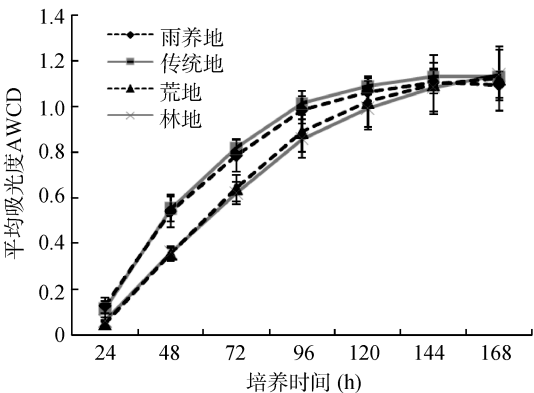


图 1 微生物群落平均吸光值随时间变化
Fig. 1 Kinetics of average well colour development (AWCD) of soil microbial communities

表 3 微生物群落平均吸光值和群落底物代谢功能多样性指数
Table 3 Average well-color development(AWCD), functional diversity indexes of soil microbial community

处理	AWCD	Shannon 指数	Simpson 指数	McIntosh 指数
雨养地	0.985 ± 0.074 a	3.076 ± 0.084 a	0.961 ± 0.001 a	6.022 ± 0.395 a
传统地	1.013 ± 0.064 a	3.093 ± 0.038 a	0.961 ± 0.001 a	6.164 ± 0.355 a
荒地	0.888 ± 0.110 a	3.126 ± 0.033 a	0.958 ± 0.001 a	5.616 ± 0.559 a
林地	0.858 ± 0.104 a	3.126 ± 0.029 a	0.958 ± 0.003 a	5.429 ± 0.484 a

上述研究结果表明, 4个处理的碳源利用能力只有在短时间内有差别, 同时也反映了 4 个处理可供微生物快速利用的碳源含量均比较低。

雨养地和传统地因为同为小麦-玉米轮作地, 除灌水量不同, 其他农用措施、种植作物均相同, 而对于由于水分变化导致的土壤微生物群落功能多样性的变化, 前人研究结果不一。Yang 等^[21]研究发现, 水分条件变化显著影响水稻土壤微生物的功能多样性, 淹育处理的 Biolog 平均吸光值较大, 表明淹育环境能使土壤微生物对底物利用能力增加, 土壤碳素周转的加快, 促进有机质的分解。张雷^[22]对大豆种植土壤的研究发现, 在干旱、自然水、充足水 3 个处理中, 干旱处理区的 Biolog 微平板的 AWCD 值最高, 自然水处理次之, 充足水最低, 因为大豆田根系微生物不同于水稻田根系微生物, 多以好气性菌群为主, 适宜的水量和通气状况促进了根系菌群发挥作用, 因此干旱区土壤微生物表现出高的代谢活性。这与本研究的 AWCD 值在雨养地与传统地之间相差不大相矛盾(图 1, 表 3), 其原因可能与本研究的雨养地与传统地之间含水量差别不像以上研究那样极端有关。

主成分分析结果表明, PC1 和 PC2 分别解释变量方差的 40.8% 和 34.1%, 累积方差贡献率达74.9%, 从感官上来看, 无论是基于 PC1 还是 PC2, 荒地与其他 3 个处理相差比较远, 而雨养地、传统地和林地之间比较接近(图 2), 表示荒地与其他 3 个处理在利用碳源的能力上存在一定差异。相关性分析结果发现, 氨基酸类与 PC1 显著相关, 羧酸类与 PC2 显著相关(表 4)。上述结果表明荒地与其他 3 个处理的差别主要在于利用氨基酸类和羧酸类物质的不同。Grayston 等^[23]发现碳源在不同处理间的不同利用能力主要由于相应碳源的额外添加所致。本研究结果中雨养地、传统地、林地利用氨基酸类和羧酸类物质比荒地明显, 说明前 3 个处理可能已经分泌其中一些物质。已有报道表示, 根系分泌物中含有一些氨基酸类和羧酸类物质^[24]。显然, 没有种植任何作物、只有零星杂草分布的荒地中的根系分泌物肯定低于种有作物(植物)的雨养地、传统地、林地。

2.4 测定参数之间相关性分析

土壤有机质与 4 种酶活性、AWCD 及 3 个功能多样性指数均呈显著正相关, 4 种酶活性相互之间基本上均互为相关, 只有脲酶与碱性磷酸酶之间没有显著相关性; AWCD 与 3 个功能多样性指数之间互为相关(表 5)。该结果表明土壤酶活性及微生物群落的代谢活性及其功能多样性均受制于土壤有机质变化。土壤 pH 与脲酶呈显著负相关, 而与 PC1 呈显著正相关。

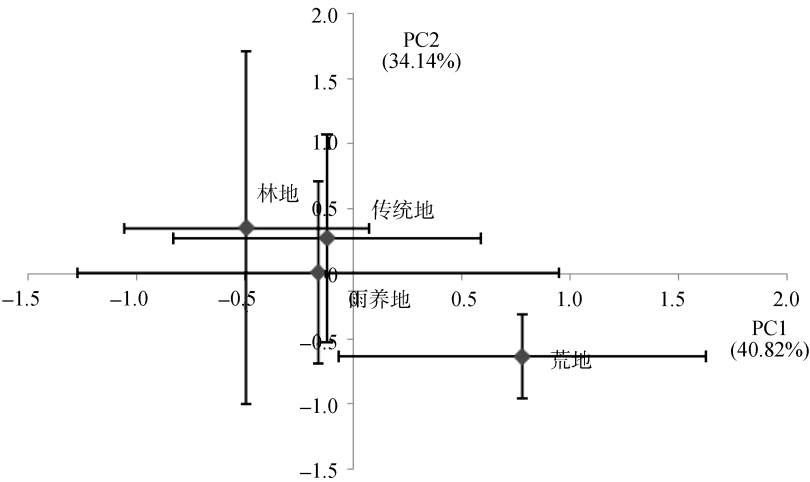


图 2 土壤微生物碳源利用特性的主成分分析 (PCA)

Fig. 2 Principal component analysis (PCA) of carbon utilization of soil microbial community

表 4 不同碳源与 PC1 和 PC2 的相关系数
Table 4 Coefficients of correlation between various carbon sources and PC1 and PC2

主要碳源	PC1	PC2
羧酸类	0.251	0.918**
碳水化合物类	0.339	0.352
氨基酸类	0.926**	0.245
多聚物类	-0.035	-0.042
酚酸类	0.05	0.106
胺类	0.23	0.221

注：表中 ** 表示相关性达到 $P<0.01$ 显著水平。

表 5 土壤化学性质、酶活性以及微生物群落功能多样性之间的线性相关系数
Table 5 Correlation coefficients between soil chemical properties, enzyme activities and Biolog (96 h)

	pH	有机质	蔗糖酶	脱氢酶	脲酶	碱性磷酸酶	AWCD	Shannon 指数	Simpson 指数	McIntosh 指数
有机质	-0.017	1								
蔗糖酶	-0.173	0.731**	1							
脱氢酶	-0.327	0.619*	0.862**	1						
脲酶	-0.628**	0.529*	0.729**	0.804**	1					
碱性磷酸酶	0.254	0.627**	0.816**	0.664**	0.386	1				
AWCD	-0.167	0.794**	0.574	0.609*	0.610*	0.531	1			
Shannon 指数	-0.280	0.654*	0.549	0.572	0.596*	0.469	0.873**	1		
Simpson 指数	-0.269	0.704*	0.591*	0.620*	0.620*	0.516	0.890**	0.995**	1	
McIntosh 指数	-0.117	0.799**	0.539	0.569	0.575	0.515	0.988**	0.792**	0.813**	1
PC1	0.588*	0.363	0.014	-0.074	-0.190	0.184	0.482	0.292	0.281	0.528
PC2	-0.412	0.297	-0.051	0.067	0.352	-0.094	0.521	0.629*	0.624*	0.468

注：** 表示相关性达到 $P<0.01$ 显著水平，* 表示相关性达到 $P<0.05$ 显著水平。

土壤酶活性在不同处理间存在显著性差异(表 2), 而 AWCD 值及功能多样性指数在不同处理间没有显著性差异(表 3)。也就是说, 不同处理间酶活性的显著性差异并没有在 Biolog 数据分析上反映出, 原因包括:①表征土壤功能的各参数对有机质变化的敏感性可能不同;②微生物生物量大小也是决定不同处理间功能多样性差别的主要原因。Yan 等^[27]和 Chodak 等^[28]研究发现, 微生物生物量从 35 mg/kg 增加至 105.6 mg/kg 范围内时, 利用 Biolog 方法测定的微生物功能多样性随着微生物生物量的增加而增大, 如果微生物生物量进一步扩大, 则功能多样性变化很少。本研究 4 个处理的微生物生物量均超过 105.6 mg/kg(雨养地、传统地、荒地、林地的含量分别为 399、365、264、146 mg/kg), 这可能也是导致 AWCD 值及功能多样性指数在不同处理间没有显著性差异的主要原因;③Biolog 作为检测微生物群落水平生理特征的分析方法, 利用 31 种碳源作为培养基进行培育获取结果, 实际上只包含非常有限的微生物群落^[29], 并不能提供关于原位微生物群落的相关信息^[30]。

有关土壤有机质与土壤微生物性质之间呈显著正相关的报道已经很多, 比如, Hu 等^[25]研究发现, 长期施肥可以通过增加土壤有机质含量显著影响土壤微生物指标(微生物生物量碳、基础呼吸、蔗糖酶活性、微生物代谢熵)。Zhao 等^[26]研究发现类似结果。一般来说, 所有能增加土壤有机质含量的管理措施, 均有可能增加土壤酶活性及微生物功能多样性^[25-26], 这可能是由于供微生物利用的碳源增加的原因。因此, 本研究条件下土壤生物性质在不同处理间的变化主要是由于相应的有机质变化所导致。

本研究结果同时表示 PC1 只与土壤 pH 呈显著正相关(表 5), 表示由不同土地利用方式导致的土壤酸碱度变化影响微生物群落水平生理特征。我们的研究结果与 Niklińska 等^[31]研究结果相一致, 他们发现影响基于 Biolog 方法获取的微生物活性和群落水平生理特征的最重要因素为土壤 pH, 他们同时建议 Biolog 方法或许为研究酸化或碱化土壤群落组成变化的最为实用方法。然而, Niklińska 等^[31]报道的结果中, 土壤 pH 与所有基于 Biolog 结果计算参数均有显著相关性, 而本研究中 pH 只与 PC1 显著相关, 这可能与不同处理间 pH 相差幅度较小有关(8.27~8.68, 表 1), 而 Niklińska 等^[31]研究中土壤 pH 变化幅度为 3.0~6.6。在 2.3 部分我们已经讨论过荒地与雨养地、传统地、林地利用碳源能力不同可能与后 3 个处理中的根系能分泌氨基酸类和羧酸类物质有关, 而这 2 类酸又有降低土壤 pH 作用^[24]。因此, 导致荒地与雨养地、传统地、林地利用碳源能力不同的原因可能为根系分泌物与 pH 变化相互作用的结果, 也可能是其中某一因素重点作用的结果。

3 结论

在封丘地区潮土上,经过 16 年连续雨养农业后(雨养地),土壤蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶活性、微生物群落代谢活性及其功能多样性与传统灌溉农地(传统地)均没有显著差异,只有脱氢酶活性显著低于传统地;但雨养地和传统地酶活性均显著高于邻近的荒地和林地。相关性分析表明土壤有机质与上述所有生物性质均呈显著正相关。主成分分析发现荒地的碳源利用能力有别于雨养地、传统地和林地,并且这差别主要表现在利用羧酸类和氨基酸类物质的不同,这可能与荒地较高 pH 及雨养地、传统地、林地根系有可能分泌羧酸类和氨基酸类物质有关。

参考文献:

- [1] 曹志宏,郝晋珉,梁流涛. 黄淮海平原粮食产量与主要投入要素的灰度关联分析[J]. 农业现代化研究, 2008, 29(3): 310-313
- [2] 赵炳梓,徐富安. 土壤水分调控途径与土壤特性关系的探讨[J]. 土壤, 1998, 30(6): 311-314
- [3] 孙芳,杨修,林而达,居辉,熊伟. 中国小麦对气候变化的敏感性和脆弱性研究[J]. 中国农业科学, 2005, 38(4): 692-696
- [4] 成林,薛昌颖,李彤霄,马志红. 河南省稻麦类作物对气候变化的响应[J]. 气象与环境科学, 2010, 33(8): 6-10
- [5] Urama KC. Land-use intensification and environmental degradation: empirical evidence from irrigated and rain-fed farms in south eastern Nigeria[J]. Journal of Environmental Management, 2005, 75: 199-217
- [6] Langer U, Mubarak AR. Assay of selected soil enzymes activities in irrigated and rain-fed Vertisols of the semi-arid tropics of Sudan[J]. African Crop Science Conference Proceedings, 2007, 8: 1 599-1 608
- [7] Preston-Mafham J, Boddy L, Randerson PF. Analysis of microbial community functional diversity using sole-carbon-source utilization profiles — A critique[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2002, 42(1): 1-14
- [8] Gu Y, Wang P, Kong CH. Urease, invertase, dehydrogenase and polyphenoloxidase activities in paddy soil influenced by allelopathic rice variety[J]. European Journal of Soil Biology, 2009, 45(5-6): 436-441
- [9] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000
- [10] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986
- [11] Tabatabai MA, Bremner JM. Use of p-nitrophenyl phosphate in assay of soil phosphatase activity[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1969, 1(4): 301-307
- [12] Chu HY, Hosen Y, Yagi K, Okada K. Soil microbial biomass and activities in a Japanese Andisol as affected by controlled release and application depth off urea[J]. Biology and Fertility of Soils, 2005, 42(2): 89-96
- [13] Garland JL, Mills AL. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57(8): 2 351-2 359
- [14] Zak JC, Willig MR, Moorhead DL, Wildman HG. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1994, 26(9): 1 101-1 108
- [15] Guo JH, Liu XJ, Zhang Y, Shen JL, Han WX, Zhang WF, Christie P, Goulding KWT, Vitousek PM, Zhang FS. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. Science, 2010, 327(5 968): 1 008-1 010
- [16] Hinsinger P, Plassard C, Tang C, Jaillard B. Origins of root-mediated pH changes in the rhizosphere and their responses to environmental constraints: A review[J]. Plant and Soil, 2003, 248: 43-59
- [17] 罗珠珠,黄宝高, Li GD, 张仁涉,蔡立群. 保护性耕作对旱地农田耕层土壤肥力及酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2009, 15(5): 1 085-1 092
- [18] Zhao D, Li F, Yang Q, Wang R, Song Y, Tao Y. The influence of different types of urban land use on soil microbial biomass and functional diversity in Beijing, China[J]. Soil Use and Management, 2013, 29(2): 230-239
- [19] Zak DR, Grigal DF, Gleeson S, Tilman D. Carbon and nitrogen cycling during old-field succession: Constraints on plant and microbial biomass[J]. Biogeochemistry, 1990, 11(2): 111-129
- [20] 刘岳燕,姚槐应,黄昌勇. 水分条件对水稻土微生物群落多样性及活性的影响[J]. 土壤学报, 2006, 43(5): 828-834
- [21] Yang CM, Yang LZ, Yan TM. Chemical and microbiological parameters of paddy soil quality as affected by different nutrient and water regimes[J]. Pedosphere, 2005, 15(3): 369-378
- [22] 张雷. 不同给水和施肥条件对土壤微生物多样性的影响[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2009
- [23] Grayston SJ, Griffith GS, Mawdsley JL, Campbell CD, Bardgett RD. Accounting for variability in soil microbial communities of temperate upland grassland ecosystems[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(4-5): 533-551
- [24] Jones DL, Hodge A, Kuzyakov Y. Plant and mycorrhizal regulation of rhizodeposition[J]. New Phytologist, 2004, 163(3): 459-480
- [25] Hu JL, Lin XG, Wang JH, Dai Y, Chen RR, Zhang JB, Wong MH. Microbial functional diversity, metabolic quotient, and invertase activity of a sandy loam soil as affected by long-term application of organic amendment and mineral fertilizer[J]. Journal of Soils Sediments, 2011, 11(2): 271-280
- [26] Zhao BZ, Chen J, Zhang JB, Xin XL, Hao XY. How different long-term fertilization strategies influence crop yield and soil properties in a maize field in the North China Plain[J]. Journal of Plant Nutrition and Soil Science, 2013, 176(1): 99-109

- [27] Yan F, McBratney AB, Copeland L. Functional substrate diversity of cultivated and uncultivated horizons of vertisols in NW New South Wales[J]. *Geoderma*, 2000, 96(4): 321–343
- [28] Chodak M, Pietrzykowski M, Niklińska M. Development of microbial properties in a chronosequence of sandy mine soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2009, 41(3): 259–268
- [29] Ros M, Goberna M, Pascual JA, Klammer S, Insam H. 16S rDNA analysis reveals low microbial diversity in community level physiological profile assays[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2008, 72(3): 221–226
- [30] Humphries JA. Effects of long-term metal contamination on the structure and function of microbial communities in soils[D]. America: The Graduate Faculty of Texas Tech University, 2007
- [31] Niklińska M, Chodak M, Laskowski R. Characterization of the forest humus microbial community in a heavy metal polluted area[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(12): 2185–2194

Effects of Long-term Rain-fed Agriculture on Soil Enzyme Activities and Microbial Functional Diversity in Fluvo-aquic Soil

SONG Mei^{1, 2}, ZHAO Bing-zi^{1*}

(1 *State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences), State Experimental Station of Agro-Ecosystem in Fengqiu, Nanjing 210008, China*; 2 *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China*)

Abstract: With aggravating water shortage in North China, rain-fed agriculture will become one of the trends of local food production. Therefore clarifying rain-fed agriculture effect on soil quality can provide a basis to estimate the change of crop yield. This study investigated soil enzyme activities and microbial functional diversities between long-term rain-fed farmland and traditional irrigated farmland and compared with nearby wasteland and woodland under four kinds of land use types of fluvo-aquic soil in Fengqiu County, Henan Province. The dehydrogenase activity in rain-fed farmland decreased by 24% compared to irrigated farmland, however, the invertase, urease, alkaline phosphatase activities did not significantly differ from each other ($P>0.05$) and was higher than woodland and wasteland by 36%–149%. There were no significant differences in Biolog parameters including average well-color development and functional diversity indexes of soil microbial community. But the principal component analysis indicated that the ability of carbon source utilization in rain-fed farmland was close to irrigated farmland and woodland, but was greatly different from wasteland. The difference mainly attributed to different use of carboxylic acids and amino acids, which was probably related to higher pH in wasteland, as well as carboxylic acids and amino acids excreted from roots in rain-fed farmland, irrigated farmland and woodland. The results demonstrated that little change in soil enzyme activities and microbial functional diversity after 16 years' rain-fed agriculture in fluvo-aquic soil, indicating the feasibility of local rain-fed agriculture in the perspective of soil quality change.

Key words: Long-term rain-fed farmland, Soil enzyme activities, Biolog, AWCD, Microbial functional diversity