

DOI: 10.5846/stxb201906291373

靳振江, 贾远航, 潘复静, 程跃扬, 袁武, 梁锦桃, 邱江梅, 刘德深. 会仙岩溶湿地 4 种覆被下土壤酶活性和微生物生物量. 生态学报, 2021, 41(21): 8464-8471.

Jin Z J, Jia Y H, Pan F J, Cheng Y Y, Yuan W, Liang J T, Qiu J M, Liu D S. Soil enzyme activities and microbial biomasses under 4 covers in Huixian karst wetland. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(21): 8464-8471.

会仙岩溶湿地 4 种覆被下土壤酶活性和微生物生物量

靳振江^{1,2,3,*}, 贾远航³, 潘复静^{1,2,3}, 程跃扬³, 袁武³, 梁锦桃³, 邱江梅³, 刘德深^{1,2,3}

1 桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室, 桂林 541004

2 桂林理工大学岩溶地区水污染控制与用水安全保障协同创新中心, 桂林 541004

3 桂林理工大学环境科学与工程学院, 桂林 541004

摘要: 研究湿地系统中的稻田被撂荒以后土壤酶活性和微生物生物量的变化可以为湿地的保护提供参考依据。以桂林会仙岩溶湿地为研究样地, 采集芦苇湿地、华科拉莎草湿地、稻田撂荒地(以双穗雀稗和莲子草为优势植被)和稻田的耕层土壤样品, 采用比色法和氯仿熏蒸法分别检测土壤酶活性和微生物生物量。结果表明, 稻田撂荒地的土壤微生物生物量碳(MBC)为(345.20±30.06)mg/kg, 显著低于其它三种覆被下的土壤; 微生物生物量氮(MBN)、微生物DNA、蔗糖酶活性和碱性磷酸酶活性分别为(48.03±18.48)mg/kg、(5.65±1.48)μg/kg、(19.16±1.43)mg g⁻¹(24h)⁻¹和(2.20±0.94)mg g⁻¹(24h)⁻¹, 均显著低于稻田, 而与两种天然湿地没有显著差异。主成分分析表明, 稻田撂荒地能与稻田明显分开, 而与其它两种覆被土壤有所交叉。统计分析表明, MBC和碱性磷酸酶活性均与pH呈显著正相关关系($P < 0.05$); MBN、蔗糖酶活性和碱性磷酸酶活性均与土壤总有机碳(SOC)呈显著的正相关关系($P < 0.05$); 土壤微生物DNA与SOC、总氮(TN)和碱解氮(AN)均呈显著正相关关系($P < 0.01$), 与Mg²⁺呈显著正相关关系($P < 0.05$)。以上研究结果表明, 会仙湿地中的稻田在撂荒以后, 土壤微生物生物量和两种土壤酶活性显著降低, 影响微生物生物量和土壤酶活性变化的主要因素是pH、SOC、TN、AN和Mg²⁺。因此, 建议在稻田撂荒地上重新种植水稻, 以加快会仙岩溶湿地的恢复过程。

关键词: 岩溶湿地; 稻田撂荒; 微生物生物量; 土壤酶

Soil enzyme activities and microbial biomasses under 4 covers in Huixian karst wetland

JIN Zhenjiang^{1,2,3,*}, JIA Yuanhang³, PAN Fujing^{1,2,3}, CHENG Yueyang³, YUAN Wu³, LIANG Jintao³, QIU Jiangmei³, LIU Deshen^{1,2,3}

1 Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China

2 Collaborative Innovation Center for Water Pollution Control and Water Safety in Karst Area, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China

3 Environmental Science and Engineering College, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China

Abstract: Study on the changes of soil enzyme activity and microbial biomass after paddy field was abandoned in wetland system can provide reference for protecting wetland. Top soils were collected from wetland with *Phragmites communis* (PW), wetland with *Cyperus rotundus* (CW), abandoned rice field (with dominant vegetation of *Paspalum distichum* and *Alternanthera sessilis*) (AF), and rice paddy field (with *Oryza sativa*) (RF) in Huixian karst wetland, Guilin, China. The soil enzyme activities and micro-biomass were detected using colorimetry and chloroform fumigation-extraction, respectively. The results showed that the micro-biomass carbon (MBC) in the RF was (345.20±30.06) mg/kg, which was significantly

基金项目: 国家自然科学基金项目(41867008); 广西自然科学基金项目(2018JJA150059); 广西科技计划项目(桂科 AD18126018)

收稿日期: 2019-06-29; **采用日期:** 2021-04-27

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zhenjiangjin@163.com

lower than that in PF and not significantly difference with that in PW and CW. The micro-biomass nitrogen (MBN), microbial DNA, invertase activity and alkaline phosphatase activity in RF were (48.03 ± 18.48) mg/kg, (5.65 ± 1.48) μ g/kg, (19.16 ± 1.43) mg g⁻¹(24h)⁻¹, (2.20 ± 0.94) mg g⁻¹(2h)⁻¹, respectively, which were significantly lower than those in PF and no significant difference with those in PW and CW. Principal component analysis showed that the points of AF could be well separated from those of PF, but not separated from those of PW and CW. The statistical analysis showed that MBC and alkaline phosphatase activity were positively correlated with pH ($P < 0.05$); MBN, invertase activity and alkaline phosphatase activity were all positively correlated with SOC ($P < 0.05$); soil microbial DNA was positively correlated with SOC ($P < 0.01$), TN ($P < 0.01$), AN ($P < 0.01$) and Mg²⁺ ($P < 0.05$). The above results indicated that pH, SOC, TN, AN and Mg²⁺ decreased, resulting in significant decreases of soil microbial biomass and two enzyme activities after a paddy field was abandoned. Therefore, we suggest that *Oryza sativa* could be replanted in AF to accelerate the recovery process of Huixian karst wetland.

Key Words: karst wetland; abandoned rice field; micro-biomass; soil enzyme

湿地系统是由陆地和水体相互作用形成的自然综合系统,其碳循环模式的变化对全球气候变化和湿地生态服务功能有着极为重要的意义^[1]。反过来,全球气候变化和人类活动能够显著影响湿地碳循环关键过程,从而改变湿地土壤碳的源汇功能^[2]。在我国历史上,许多稻田来源于湿地的垦殖;但是,最近几年,少部分稻田又被撂荒^[3],因而显著改变了湿地的水分环境,也致使湿地景观破碎化。这种人为干扰带来的水分管理和覆被变化对湿地的生物地球化学循环模式的影响较大,并因此影响湿地的生态服务功能^[4]。

植被的根系能够有效地促进土壤发育、提高土壤肥力和增强土壤微生物活性,进而影响土壤的养分循环^[5]。在湿地土壤中,覆被、土地利用和水分管理对土壤有机碳密度及储量产生较大的影响^[6-8]。我国南方地区的高温高湿的时间较长,水热循环较快。在南方不同的湿地系统中,天然湿地利用为稻田后土壤有机碳的变化规律并不一致^[9-12];但是,土壤有机碳较高的土壤中微生物生物量^[10-11]和土壤酶活性^[11-12]也均显著较高。在南方地区,与附近的稻田相比,稻田撂荒地的土壤有机碳含量较低^[13-14],也有较高^[9]的报道;但是,土壤有机碳较高的稻田中土壤酶活性也显著较高^[14]。以上这些研究结果说明在南方湿地系统中,土壤有机碳可能是影响稻田撂荒以后土壤酶生物量和土壤酶活性变化趋势的关键生态因子。

位于广西桂林的会仙岩溶湿地是我国最大的岩溶湿地^[15],在这个湿地系统中,芦苇(*Phragmites communis*)和华科拉莎草(*Cyperus rotundus*)等植物是重要的代表植物。依靠宝贵的水源条件,当地居民在其中大量种植水稻,从而形成了孤峰和峰丛背景下稻田湿地和天然湿地错落排列的独特岩溶湿地景观。但是,近年来的稻田撂荒地逐渐增多,改变了湿地的水分环境,不仅浪费了宝贵的耕地资源,也导致湿地面积减小和湿地景观破碎化。农业利用显著改变了会仙湿地土壤的有机碳、土壤酶活性和微生物量^[16-17];但是,湿地系统中,稻田在被撂荒以后,土壤有机碳-酶活性-微生物生物量之间的关系发生了怎样的演变,还未见报道。因此,本文以桂林会仙岩溶湿地中芦苇(*Phragmites communis*)湿地(PW)、华科拉莎草(*Cyperus rotundus*)湿地(CW)、稻田撂荒地[以双穗雀稗(*Paspalum distichum*)和莲子草(*Alternanthera sessilis*)为优势植被](AF)和稻田(种植*Oryza sativa*)(RF)为研究对象,采用空间代替时间序列的研究方法,研究稻田撂荒后土壤有机碳、土壤酶活性和微生物生物量之间关系的变化,探讨湿地土壤生物地球化学循环演变的过程和机制,为会仙湿地系统的保护和农业的可持续性发展提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域和采样点概况

会仙岩溶湿地(25°01'30"—25°11'15"N, 110°08'15"—110°18'00"E)位于广西桂林市临桂区会仙镇^[15]。桂林市地处低纬度,为亚热带季风气候。平均海拔 150 m,年平均气温 18 °C,年降水量为 1915.2 mm^[17]。在

本次采样区内,湿地优势植物为芦苇和华科拉莎草,位于会仙湿地的核心景区内,多为丛生,植被群落相对分散,覆盖度较低,面积均不超过 100 m²。采样时芦苇湿地和华科拉莎草的土壤均位于水面约 10—25 cm 之上,地上部遭到不同程度的刈割。稻田为单季稻,位置靠近居民生活区(村庄),种植历史均在 30 年以上,8 月中旬水稻收割前排水,采样时水分近于饱和;稻田荒地处于核心景区和居民生活区之间,撂荒年限均在 3—7 年,其优势植物为双穗雀稗和莲子草,水分补给以自然降雨为主。水稻为农户分散种植和管理,施肥以无机肥为主,根茬还田,秸秆不还田。稻田和稻田撂荒地的面积也约在 100—200 m²之间。

1.2 样品采集与预处理

2017 年 8 月下旬,每种覆被类型选取 3 个样地,每个样地间隔在 300 m 以上。在每块样地中随机选取 3 个采样点,采集耕层土壤(0—20 cm),等量均匀混合为 1 个样本。为避免植物丛生根系(或地下部)的影响,采样点距离丛生植株 30 cm(相当于根际与非根际的混合样品)。样品带回实验室后,去除植物根系和小石块等杂物,一部分研磨过 2 mm 筛,放置于 4℃ 冰箱内短暂储存,以测定土壤微生物生物量和土壤酶活性;另一部分自然风干后研磨,用于测定土壤理化性质。

1.3 理化性质的测定

pH 值采用无 CO₂ 蒸馏水作为浸提剂,按照土水 1:2.5 的比例浸提,用精密 pH 计(IS128C)直接测定;交换性 Ca²⁺ 和 Mg²⁺ 采用电感耦合等离子体发射光谱仪(ICP-OES)测定。以下土壤理化指标的分析方法参照文献^[18]进行,其中,土壤含水量采用烘干法;土壤有机碳(SOC)采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法;溶解性有机碳(DOC)采用热水浸提法;土壤总氮(TN)采用浓硫酸消煮-凯氏定氮法;碱解氮(AN)采用碱解扩散法;阳离子交换量(CEC)采用 EDTA-铵盐快速法;土壤速效磷(AP)采用盐酸-氟化铵法;土壤总磷(TP)采用碳酸钠熔融法。

1.4 微生物生物量与微生物熵

微生物生物量碳(MBC)和微生物生物量氮(MBN)的测定参考文献^[18]进行。主要步骤如下,将过筛的新鲜土壤样品调节到 40% 左右的田间持水量,放入培养箱室温预培养一周后,用氯仿熏蒸培养法对土壤熏蒸 24 h 处理,用 87.13 g/L 的硫酸钾进行提取,利用总有机碳分析仪测定微生物生物量碳和微生物生物量氮。土壤微生物 DNA 采用 Mo BIO 公司的 DNA 快速提取试剂盒(Power Soil)按操作说明进行,采用 Q5000 超微量核酸蛋白测定仪测定 DNA 的浓度。微生物熵以 MBC 与 SOC 的比值表征。

1.5 土壤微生物酶活性

微生物的酶活性选取与土壤碳、氮和磷代谢有密切关系的蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性代表总体土壤微生物酶活性。这 3 个酶的测定均采用比色法,分别为 3,5-二硝基水杨酸比色法、苯酚-次氯酸钠比色法和磷酸苯二钠比色法,其测定步骤参考文献^[19]进行。土壤酶活性的归一化采用多属性决策法,具体方法参考文献^[11]进行。具体方法如下:首先将所有 15 个样本的 3 个酶活性值分别进行归一化,得到单个样本归一化的酶活性值,计算公式为 $x'_i = x_i / \sum_{i=1}^{12} x_i$, ($i=1, 2, \dots, 12$), 其中 x'_i 为单个样本归一化的酶活性, x_i 为单个样本的单一土壤酶活性, i 为单一土壤酶的样本数。然后把每种覆被下归一化的 3 个酶活性值相加后取算术平均值,得到单个样本归一化的酶活性值。

1.6 数据分析和绘图

利用 EXCEL 2003 软件进行基础数据处理,利用 SPSS 13.0 对数据进行差异显著性分析和相关性分析,利用 SPSS 13.0 处理数据后再用 Origin 9.5 绘制主成分分析图与土壤酶活性和微生物生物量的直方图。

2 结果与分析

2.1 土壤养分和理化性质

4 种覆被下的土壤养分和理化性质见表 1。从表 1 可以看出,稻田土壤的 SOC、TN 和 AN 均显著高于其

余 3 种覆被类型下土壤的这 3 个指标;C/N 和 DOC 在稻田撂荒地、芦苇湿地和华科拉莎草湿地土壤三者之间无显著差异,但 C/N 显著高于稻田土壤,而这三者的 DOC 则显著低于稻田土壤;TP 在 4 种覆被类型土壤之间均无显著差异。

表 1 土壤理化性质

Table 1 Soil phy-chemical properties

覆被 Vegetation	土壤有机碳 SOC/(g/kg)	总氮 TN/(g/kg)	碳氮比 C/N	碱解氮 AN/(mg/kg)	总磷 TP/(g/kg)	速效磷 AP/(mg/kg)	溶解性有机碳 DOC/(mg/kg)
PW	21.66±1.26 b	1.26±0.14 b	17.37±1.38 a	76.40±7.06 b	1.96±1.11 a	14.75±1.31 b	833.71±108.58 b
CW	19.84±3.68 b	1.35±0.07 b	14.76±2.87 a	72.86±4.51 b	0.83±0.01 a	20.77±1.36 b	902.09±49.31 b
AF	22.64±2.35 b	1.41±0.21 b	16.23±0.97 a	82.66±4.88 b	1.26±0.10 a	52.25±22.81 ab	825.86±31.38 b
RF	33.16±4.32 a	3.11±0.42 a	10.70±0.60 b	120.58±3.70 a	1.38±0.18 a	84.14±17.40 a	1291.17±35.42 a

表中数值为(平均值±标准差),数字后面的小写字母表示变量在 0.05 水平上的差异显著性;PW:芦苇湿地 *Phragmites communis* wetland; CW:华科拉莎草湿地 *Cyperus rotundus* wetland; AF:稻田撂荒地 Abandoned rice field; RF:稻田 Rice paddy field; SOC:土壤有机碳 Soil organic carbon; TN:总氮 Total nitrogen; AN:碱解氮 Alkali-hydro nitrogen; TP:总磷 Total phosphorus; AP:速效磷 Available phosphorus; DOC:溶解性有机碳 Dissolved organic carbon

4 种覆被下的土壤 pH、阳离子交换量和特征元素数值见表 2。从表 2 可以看出,pH 在芦苇湿地、华科拉莎草湿地和稻田土壤三者之间没有显著差异,但显著高于稻田撂荒地土壤;4 种覆被类型下土壤的 CEC 和交换性 Ca²⁺ 没有显著差异;稻田土壤交换性 Mg²⁺ 显著高于其它 3 种覆被类型下的土壤。

表 2 土壤 pH、阳离子交换量和特征元素

Table 2 Soil pH, CEC and characterization elements

覆被 Vegetation	pH	阳离子交换量 CEC/(cmol/kg)	交换性 Ca ²⁺ Exchangeable Ca ²⁺ / (mol/kg)	交换性 Mg ²⁺ Exchangeable Mg ²⁺ / (mol/kg)
PW	7.54±0.30 a	5.75±2.58 a	0.3441±0.1488 a	0.0206±0.0036 b
CW	7.74±0.06 a	7.57±4.56 a	0.1761±0.0780 a	0.0727±0.0794 b
AF	6.68±0.21 b	4.24±2.56 a	0.2762±0.2366 a	0.0135±0.0049 b
RF	7.57±0.18 a	2.53±0.81 a	0.2687±0.0729 a	0.7195±0.4702 a

CEC:阳离子交换量 Cation exchange capacity

2.2 土壤微生物量与微生物熵

4 种覆被下的土壤生物量与微生物熵的数值见图 1。从图 1 可以看出,芦苇湿地和华科拉莎草湿地土壤之间的 MBC 没有显著差异,但显著低于稻田土壤,而高于稻田撂荒地土壤;稻田土壤的 MBN 显著高于其余 3 种覆被类型下的土壤;华科拉莎草湿地土壤的 MBC/MBN 显著高于其余 3 种覆被类型下的土壤;在稻田中,土壤微生物 DNA 显著较高,而微生物熵显著较低。表明芦苇湿地和华科拉莎草湿地之间的微生物量指标总体差异较小;而稻田在撂荒后微生物的生物量发生了较大改变。

2.4 土壤微生物酶活性

4 种覆被下的土壤微生物酶活性值见图 2。从图 2 可以看出,稻田土壤的蔗糖酶活性显著高于芦苇湿地和稻田撂荒地土壤;华科拉莎草湿地土壤的脲酶活性显著低于其余 3 种覆被类型下的土壤;稻田土壤的碱性磷酸酶活性最高;芦苇湿地和华科拉莎草之间归一化的酶活性也没有显著差异,而显著低于稻田和稻田撂荒地;表明芦苇湿地和华科拉莎草湿地之间的土壤酶活性指标总体差异较小;而稻田在撂荒后土壤酶活性总体减小。

会仙岩溶湿地系统土壤养分、微生物生物量和土壤酶活性的主成分分析结果见图 3。从图 3 可以看出,芦苇湿地、华科拉莎草湿地和稻田撂荒地之间不能很好的分开,但它们与稻田之间能够很好地分开。这表明

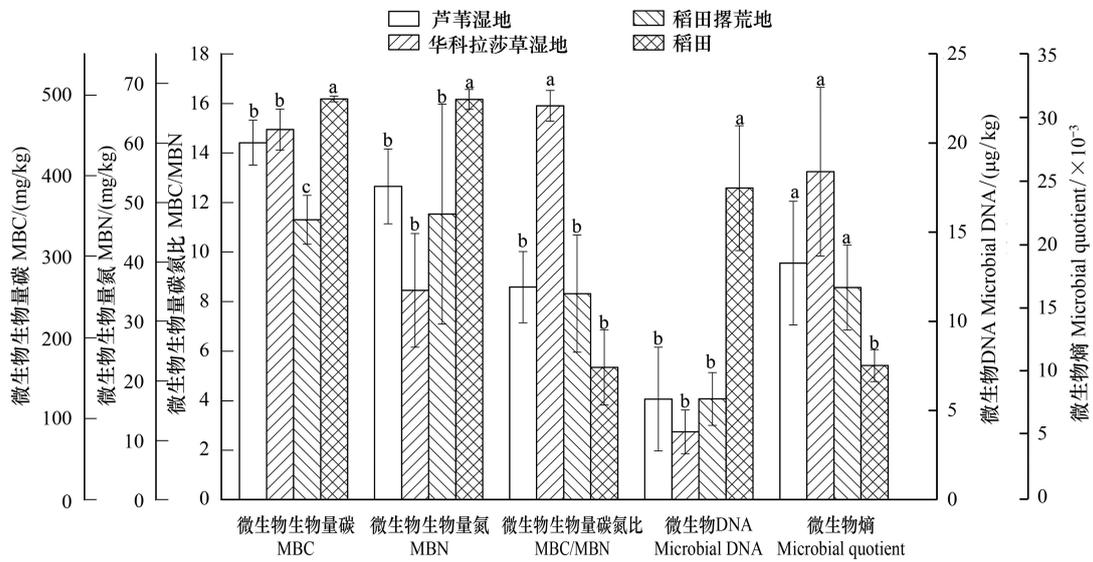


图1 微生物生物量与微生物熵

Fig.1 Microbial biomasses and quotients

MBC:微生物量碳 Micro-biomass carbon; MBN:微生物量氮 Micro-biomass nitrogen; 不同小写字母表示4种覆被之间数据的差异显著 ($P < 0.5$)

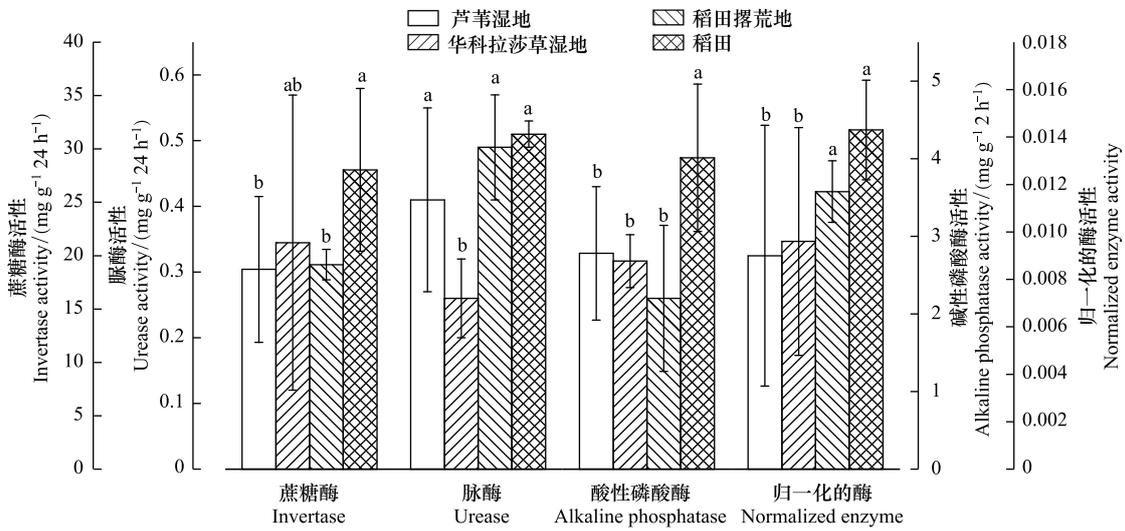


图2 土壤酶活性

Fig.2 Soil enzyme activities

不同小写字母表示4种覆被之间数据的差异显著性 ($P < 0.5$)

稻田的土壤性质、微生物生物量和土壤酶活性之间的关系与另外3种覆被下的这3个指标之间的关系有较大差异。这个结果与表1、表2、图1和图2的数据差异性分析结果大致是一致的。

土壤因子与微生物生物量和土壤酶活性之间的相关性分析见表3。从表3可以看出,在会仙岩溶湿地系统中, MBC与pH呈显著正相关关系, MBN与SOC呈显著正相关关系, 土壤微生物DNA与SOC、TN和AN等因子呈显著正相关关系; 蔗糖酶活性与SOC之间呈显著正相关关系, 碱性磷酸酶活性与pH和SOC之间呈显著正相关关系, 归一化的酶活性与SOC之间也呈显著正相关关系。这些正相关关系表明在会仙岩溶湿地系

统不同覆被覆盖和土地利用条件下,土壤微生物生物量和酶活性受 pH、SOC、TN 和 AN 等主要因子的敏感调节。

3 讨论

3.1 会仙湿地覆被对土壤有机碳、微生物生物量和土壤酶活性的影响

湿地植被在湿地碳积累过程中具有重要的作用^[20-22],并因此影响整个湿地系统的生物地球化学循环过程。在本研究中,芦苇和华科拉莎草二者之间土壤有机碳和养分的大部分指标均无显著差异。这其中的原因可能是,芦苇和华科拉莎草均为大型的水生植物,具有较高的生物量;但是二者生物量的变异均较大^[23],且二者的生长速率有差异^[24],其地上部掉落物的归还和根系死亡后对土壤有机碳和养分的积累的影响也会产生较大的变异,这种较大变异性带来的结果是二者的土壤有机碳含量没有显著差异。其次,两者根系常年处于淹水环境,周围的水位基本相同,相似的湿地水分环境下土壤有机碳的积累水平相近^[25-26]。再者,岩溶水淹和频繁的水流冲刷与搅动,植被掉落和外源水带来有机质输入迅速被稀释,土壤养分环境趋于均质化,因此芦苇和华科拉莎草湿地土壤的 pH、SOC 和养分之间均没有显著差异。但是,二者根际范围有机碳及其余养分之间的差异有待进一步的研究。总之,会仙岩溶湿地中水系的正常运移对维持天然湿地植被较高的生产力十分关键,从而有利于会仙湿地土壤有机碳和养分量的固持。

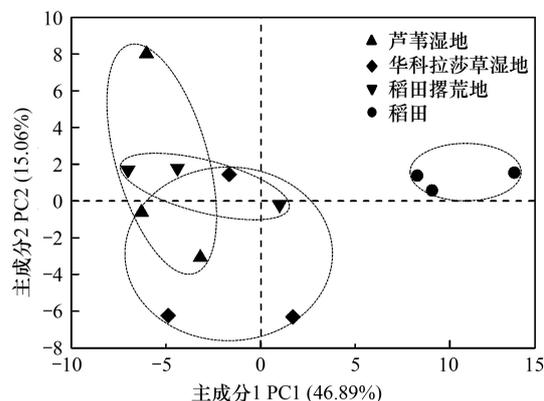


图3 会仙岩溶湿地系统土壤养分、微生物生物量和土壤酶活性的主成分分析

Fig.3 Principal component analysis based soil nutrients, microbial biomasses and enzyme activities in Huixian karst wetland system

表3 土壤因子与微生物生物量和土壤酶活性之间的相关性

Table 3 Relationship of soil factors with microbial masses and enzyme activities

	pH	SOC	TN	C/N	AN	CEC	TP	AP	DOC	Ca ²⁺	Mg ²⁺
MBC	0.548 *	-0.391	-0.433	0.225	-0.453	0.485	-0.265	-0.463	-0.235	0.040	-0.148
MBN	0.429	0.639 *	0.417	0.141	0.450	-0.398	0.313	-0.493	-0.182	0.266	-0.136
MBC/MBN	-0.225	-0.734 **	-0.485	-0.158	-0.554 *	0.559 *	-0.430	0.353	0.074	-0.335	0.129
微生物 DNA Microbial DNA	0.040	0.738 **	0.893 **	-0.521 *	0.901 **	-0.408	0.328	0.239	0.352	0.035	0.555 *
微生物熵 Microbial quotient	0.118	-0.569 *	-0.519 *	0.136	-0.612 *	0.453	-0.359	-0.090	-0.097	-0.181	-0.328
脲酶活性 Urease activity	-0.306	0.318	0.353	-0.250	0.371	-0.336	0.485	0.193	0.457	0.073	0.266
蔗糖酶活性 Invertase activity	0.220	0.534 *	0.335	0.174	0.399	-0.463	0.286	-0.155	-0.140	0.067	0.039
碱性磷酸酶活性 Alkaline phosphatase activity	0.628 *	0.583 *	0.458	-0.030	0.350	-0.333	0.007	-0.460	-0.294	0.343	-0.053
归一化的酶活性 Normalized enzyme activity	0.409	0.549 *	0.498	-0.059	0.607 *	-0.031	0.275	-0.251	-0.053	-0.014	0.131

* 表示在 0.05 水平上的相关性, ** 表示在 0.01 水平上的相关

湿地覆被的不同能够显著影响土壤微生物的群落结构和丰度^[27],不同优势植被覆盖下的微生物生物量和酶活性也有所差异,并因此影响整个湿地系统的生物地球化学循环过程。综合分析表明,土壤有机碳、总氮和碱解氮等因子是影响其变化的重要生态因子^[8,22-23,28]。在本研究中,芦苇和华科拉莎草二者之间土壤微生物数量和生物量以及土壤酶活性(脲酶活性除外)之间均无显著差异,表明这两种植被覆盖下的土壤微生物生物量和微生物功能比较相似,而主成分分析的结果也证实了这一点。与芦苇湿地相比,华科拉莎草湿地的脲酶活性显著较低,而 MBC/MBN 显著较高,表明两者在氮素转化能力方面有着较大的差异,而这种差异很可

能与两者的微生物群落结构有关系,这种差异性以及对土壤氮素循环的影响需要进一步的研究。除此之外,芦苇湿地和华科拉莎草湿地之间的微生物生物量和土壤酶活性等多个指标之间均无显著差异,表明会仙湿地系统相似的淹水环境、养分环境和较高的生物量使得芦苇和华科拉莎草湿地之间的土壤微生物生物量和活性总体上也比较相似。两者之间这种总体上的相似性表现出两者对岩溶湿地环境的长期适应性;同时,少数指标之间的差异性又表现了不同植物种群孕育下的微生物群落一定程度上的多样性,植物群落与相似和多样化的微生物群落共同作用,维持了会仙天然岩溶湿地系统生物地球化学过程的正常运行。

3.2 农业利用和稻田撂荒对湿地土壤有机碳、微生物生物量、微生物熵和土壤酶活性的影响

在本研究中,稻田的土壤有机碳、总氮和碱解氮均显著高于芦苇湿地、华科拉莎草湿地和稻田撂荒地这 3 个指标,表明天然湿地在改为稻田以后,随着耕作年限的增加,精准的施肥措施、合理的水分管理与根系和稻茬死亡后对土壤养分归还均能够促进稻田土壤有机碳和养分的积累^[29-30]。原因有以下几点,第一,土壤有机碳和养分是土壤微生物生存重要的物质基础,这些指标增加能够促进微生物的生长,微生物的生物量因此提高;同时,稻田土壤中较高的 Mg^{2+} 含量是微生物体内诸多酶的激活剂,能够促进微生物 DNA 的合成,提高土壤酶的活性。但是,稻田在撂荒以后,湿地植被逐渐以双穗雀稗和莲子草占据优势。无论是与水稻相比,还是与华科拉莎草和芦苇相比,双穗雀稗和莲子草的地上生物量均相对较小,因此对土壤的归还也较少;第二,降雨造成土壤 Mg^{2+} 的淋溶因而含量显著降低,土壤 pH 显著降低,破坏了无机物-有机质之间的相互作用,降低了土壤有机质的量和稳定性^[13]。由于缺乏岩溶水的灌溉和施肥措施,稻田撂荒地的土壤团聚体被破坏,土壤有机碳分解加速,土壤有机碳也降低;第三,土壤微生物生物量碳是土壤最重要的活性有机碳指标^[31],占土壤有机碳来源的一半以上^[32];土壤微生物生物量碳在岩溶区稻田中的周转时间比红壤的 3 倍还长,是土壤有机碳稳定重要原因^[33],表明会仙湿地系统的稻田撂荒以后,土壤微生物生物量的周转速率加快,稳定性降低;第四,在稻田土壤中,较高的有机碳、总氮和碱解氮支持了更多的微生物生长,提高了微生物生物量,由于微生物生物量的周转速率降低,提高了微生物熵。PCA 分析结果显示,稻田撂荒地能够显著分开,而与芦苇湿地和华科拉莎草湿地有所交叉,表明稻田撂荒以后,重要土壤因子-微生物生物量-土壤酶活性三者之间的关系发生了较大变化,向着天然湿地的方向演化。因此,这反证了稻田利用可以提高会仙天然湿地的土壤有机碳、微生物生物量和土壤酶活性,这是稻作农业可持续性的土壤特质基础^[33]。而稻田一旦被撂荒以后,土壤养分出现不同程度的降低^[34],直接致使微生物生物量和土壤酶活性降低。尽管土壤生态因子、微生物生物量和土壤酶活性等指标总体上接近于天然湿地,但是不利的影响更为明显。从宏观上来看,这是因为,首先,稻田撂荒不仅造成了湿地水系连通性和湿地聚集度的降低^[35],湿地面积减少;而且,缺乏岩溶水的灌溉,植被最终会向旱生型演替,独特的湿地景观破碎化;再者,植被生物量的降低,直接降低了会仙湿地生态系统的碳储量,降低了湿地的碳汇功能。从微观上来讲,湿地土壤 pH 和交换性 Mg^{2+} 、微生物生物量与两种土壤酶活性的降低,降低了土壤微生物的总体活性,不利于湿地土壤生物地球化学循环的进行。

综合本文的研究结果,我们认为,在会仙岩溶湿地中,维持岩溶湿地水系的贯通和湿地水分的正常运移对湿地植被生态功能维持具有重要的作用。稻田是会仙湿地景观中的重要组成部分,因而,对于稻田撂荒地来说,应该重新种植水稻,合理灌溉,以维持或强化独特的会仙岩溶湿地景观。加快稻田撂荒土壤-植被-岩溶水体三者之间的相互作用,从而有利于维持湿地系统中较高的土壤有机碳、土壤微生物生物量、土壤酶活性和植被生产力,维持湿地水系连通性和湿地聚集度,加快会仙湿地的景观恢复过程,保护会仙岩溶湿地和实现稻作农业的持续性。

4 结论

(1) 稻田土壤微生物生物量碳、微生物生物量氮、微生物 DNA 均显著高于其它 3 种覆被下土壤。稻田的蔗糖酶活性显著高于 3 种覆被下的土壤,碱性磷酸酶活性显著高于撂荒地和芦苇湿地土壤;

(2) 会仙湿地系统中,影响微生物生物量和土壤酶活性变化的主要因素是 pH、土壤总有机碳、总氮、碱解

氮和 Mg^{2+} 。

(3) 对于稻田撂荒地而言,重新种植水稻以加快会仙湿地的恢复过程。

参考文献 (References):

- [1] 王勇辉, 焦黎. 艾比湖湿地土壤有机碳及储量空间分布特征. 生态学报, 2016, 36(18): 5893-5901.
- [2] 吕铭志, 盛连喜, 张立. 中国典型湿地生态系统碳汇功能比较. 湿地科学, 2013, 11(1): 114-120.
- [3] 李赞红, 阎建忠, 花晓波, 辛良杰, 李秀彬. 不同类型农户撂荒及其影响因素研究——以重庆市 12 个典型村为例. 地理研究, 2014, 33(4): 721-734.
- [4] 唐明艳, 杨永兴. 不同人为干扰下纳帕海湖滨湿地植被及土壤退化特征. 生态学报, 2013, 33(20): 6681-6693.
- [5] 翁伯琦, 郑祥洲, 丁洪, 王煌平. 植被恢复对土壤碳氮循环的影响研究进展. 应用生态学报, 2013, 24(12): 3610-3616.
- [6] 刘可祥, 王勇辉. 艾比湖湿地不同植被覆盖下土壤碳蓄积对比分析. 干旱地区农业研究, 2017, 35(6): 261-265, 299-299.
- [7] 宋红丽, 刘兴土, 王立志, 郁万妮, 董彬. 不同干扰程度下黄河三角洲植被群落有机碳分布特征. 水土保持学报, 2018, 32(1): 190-196, 203-203.
- [8] 张剑, 宿力, 王利平, 包雅兰, 陆静雯, 高雪莉, 陈涛, 曹建军. 植被盖度对土壤碳、氮、磷生态化学计量比的影响——以敦煌阳关湿地为例. 生态学报, 2019, 39(2): 580-589.
- [9] 钟春棋, 曾从盛, 仝川. 不同土地利用方式对闽江口湿地土壤活性有机碳的影响. 亚热带资源与环境学报, 2010, 5(4): 64-70.
- [10] 彭佩钦, 张文菊, 童成立, 王小利, 蔡长安. 洞庭湖典型湿地土壤碳、氮和微生物碳、氮及其垂直分布. 水土保持学报, 2005, 19(1): 49-53.
- [11] 靳振江, 邵继承, 潘根兴, 李恋卿, 宋祥云, 谢添, 刘晓雨, 王丹. 荆江地区湿地与稻田有机碳、微生物多样性及土壤酶活性的比较. 中国农业科学, 2012, 45(18): 3773-3781.
- [12] 刘娜, 王克林, 谢永宏, 杨刚, 段亚锋. 洞庭湖湿地土壤环境及其对退田还湖方式的响应. 生态学报, 2011, 31(13): 3758-3766.
- [13] 邢瑶丽, 赵志忠, 李燕, 赵泽阳, 李沁枚. 不同撂荒年限的热带农田土壤有机碳组分累积特征——以海南定安县撂荒农田为例. 安徽农业大学学报, 2018, 45(6): 1085-1091.
- [14] 叶伟建, 黄春应, 翁俊基, 林明添. 不同利用方式对荒地退化红壤肥力状况的影响. 水土保持研究, 2004, 11(2): 108-109.
- [15] 马祖陆, 蔡德所, 蒋忠诚. 岩溶湿地分类系统研究. 广西师范大学学报: 自然科学版, 2009, 27(2): 101-106.
- [16] 黄科朝, 沈育伊, 徐广平, 黄玉清, 张德楠, 孙英杰, 李艳琼, 何文, 周龙武. 垦殖对桂林会仙喀斯特湿地土壤养分与微生物活性的影响. 环境科学, 2018, 39(4): 1813-1823.
- [17] 靳振江, 曾鸿鹄, 李强, 程亚平, 汤华峰, 李敏, 黄炳富. 起源喀斯特溶洞湿地稻田与旱地土壤的微生物数量、生物量及土壤酶活性比较. 环境科学, 2016, 37(1): 335-341.
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 106-185.
- [19] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986: 275-276, 294-296, 310-312.
- [20] 王华, 孙志高, 李家兵, 何涛, 高会, 王杰, 林朋左, 吴欣桐. 闽江口典型芦苇湿地与短叶荇菜湿地土壤碳氮含量的空间分布特征. 生态学杂志, 2018, 37(4): 1102-1110.
- [21] 董磊, 徐力刚, 许加星, 徐进, 王晓龙, 张奇. 鄱阳湖典型洲滩湿地土壤环境因子对植被分布影响研究. 土壤学报, 2014, 51(3): 618-626.
- [22] 邢文黎, 王臣, 熊静, 成向荣, 虞木奎. 浦东东滩湿地围垦对土壤碳氮储量及酶活性影响. 生态环境学报, 2018, 27(4): 651-657.
- [23] 常雄凯, 曾辉, 刘森. 黄渤海滨海湿地植被类型、生物量及其与土壤环境因子的关系. 生态学杂志, 2018, 37(11): 3298-3304.
- [24] 王金龙, 李艳红, 李发东. 博斯腾湖人工和天然芦苇湿地土壤 CO_2 、 CH_4 和 N_2O 排放通量. 生态学报, 2018, 38(2): 668-677.
- [25] 何文, 黄玉清, 廖建雄, 张德楠, 黄科朝, 周龙武, 张春来, 徐广平. 桂林会仙喀斯特湿地芦苇群落土壤氮的季节变化. 广西植物, 2018, 38(1): 24-35.
- [26] 孙秀茹, 童帮会, 闫如玉, 刘敏, 韩美丽, 林贤彪, 程吕. 崇明东滩湿地土壤生物固氮沿滩水淹梯度的特征. 中国环境科学, 2018, 38(6): 2304-2313.
- [27] 房响昊, 彭剑峰, 宋永会, 张盼月, 石国强. 高通量测序法表征潜流人工湿地中不同植物根际细菌群落特征. 环境科学学报, 2018, 38(3): 911-918.
- [28] 李晓红. 鄱阳湖湿地不同植物群落土壤养分和土壤酶活性垂直分布特征. 水土保持研究, 2019, 26(1): 69-75, 81-81.
- [29] 胡佳, 吴琴, 陈正兴, 崔浩, 胡启武. 耕作年限对鄱阳湖围垦区稻田土壤有机碳组分的影响. 生态与农村环境学报, 2018, 34(3): 240-246.
- [30] Liu Y L, Wang P, Ding Y J, Hu H F, Li L Q, Cheng K, Zheng J F, Filley T, Zhang X H, Zheng J W, Pan G X. Microbial activity promoted with organic carbon accumulation in macroaggregates of paddy soils under long-term rice cultivation. Biogeosciences, 2016, 13(24): 6565-6586.
- [31] 潘根兴, 陆海飞, 李恋卿, 郑聚锋, 张旭辉, 程琨, 刘晓雨, 卞荣军, 郑金伟. 土壤碳固定与生物活性: 面向可持续土壤管理的新前沿. 地球科学进展, 2015, 30(8): 940-951.
- [32] Liang C, Amelung W, Lehmann J, Kästner M. Quantitative assessment of microbial necromass contribution to soil organic matter. Global Change Biology, 2019, 25(11): 3578-3590.
- [33] Hu L N, Su Y R, He X Y, Wu J S, Zheng H, Li Y, Wang A H. Response of soil organic carbon mineralization in typical Karst soils following the addition of ^{14}C -labeled rice straw and $CaCO_3$. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2012, 92(5): 1112-1118.
- [34] 田文文, 王卫, 陈安磊, 李裕元, 李雁勇, 谢小立. 红壤稻田弃耕后植被和土壤有机碳对积水与火烧的早期响应. 植物生态学报, 2014, 38(6): 626-634.
- [35] 崔丹, 陈岩, 马冰然, 曾维华, 李瑞, 贾紫牧. 土地利用/景观格局对水环境质量的影响. 水科学进展, 2019, 30(3): 423-433.