

河西走廊春季不同盐碱土壤中微生物数量、酶活性与理化因子的关系

牛世全* 杨建文 胡磊 景彩虹 达文燕 杨婷婷 李君锋 姚健

(西北师范大学 生命科学学院 甘肃 兰州 730070)

摘要:【目的】揭示盐碱土壤微生物量与土壤因子间的关系。【方法】选择河西走廊不同盐碱程度的 11 个样点在春季进行采样,研究了土壤的微生物数量、酶活和理化性质,并对其进行方差分析、简单相关分析、逐步回归分析和主成分分析。【结果】河西地区原生盐碱地、次生盐碱地与农田土在土壤理化性质和土壤微生物数量等方面均有差异;河西地区土壤较贫瘠,土壤微生物数量较低,且分布有规律性,即原生盐碱土<次生盐碱土<农田土;放线菌、真菌、碱性磷酸酶、脲酶和有效磷 5 个因子是引起土壤微生物数量、酶活性与理化因子之间相关性的主要因素。【结论】结果证实河西地区盐碱土壤中磷的循环很大程度上影响着土壤微生物数量。

关键词: 河西走廊盐碱土壤, 土壤微生物的数量, 土壤酶活性, 理化因子, 相关关系

Relationship with soil microbial quantity, soil enzyme activity and physicochemical factor between different saline-alkali soil in Hexi Corridor in spring

NIU Shi-Quan* YANG Jian-Wen HU Lei JING Cai-Hong DA Wen-Yan
YANG Ting-Ting LI Jun-Feng YAO Jian

(College of Life Science, Northwest Normal University, Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: [Objective] In order to indicate the relationship between soil microbial quantity and soil factor. [Methods] Selected 11 typical plots under different saline-alkali soils in Hexi Corridor in spring. [Results] The native saline-alkali soil, secondary saline-alkali soil and farmland soil in Hexi Corridor had differences in soil physicochemical properties and soil microbial quantity. The soil in Hexi Corridor was relatively poor, and the soil microbial quantity was low, and the distribution was regular, that is, native saline-alkali soil < secondary saline-alkali soil < farmland soil. 5 factors, Actinobacteria, Fungi, Alkaline phosphatase, Urease and Effective phosphorus, were the main factors causing the correlation between soil microbial quantity, enzyme activity and physicochemical factors. [Conclusion] The results confirmed that the phosphorus cycle in saline-alkali soil in Hexi Corridor greatly affected the soil microbial quantity.

基金项目: 国家自然科学基金项目(No. 30960078); 2009 年度人事部留学人员科技活动择优资助项目

*通讯作者: Tel: 86-931-7971414; E-mail: sqniu@nwnu.edu.cn

收稿日期: 2011-08-05; 接受日期: 2011-09-28

ridor in spring, the soil microbial quantity, the enzyme activity and the physicochemical properties were investigated and variance analyzed, simple correlation analyzed, stepwise regressive analyzed and principal component analyzed. **[Results]** It shows that there were obvious differences between the primary saline-alkali soil, the secondary saline-alkali soil and farmland soil in soil physicochemical properties and soil microbial quantity. The soil microbial quantity was generally at a low level and at regularity: primary saline-alkali soil < secondary saline-alkali soil < farmland soil. Actinomyces, fungi, alkaline phosphatase, urease and effective phosphorus are primary factors which cause the correlation between the soil microbial quantity, enzyme activity and physicochemical properties. **[Conclusion]** The results indicate that soil phosphorus cycle influence the soil microbial quantity of saline-alkali soil in Hexi Corridor.

Keywords: Hexi Corridor saline-alkali soil, Soil microbial quantity, Soil enzyme activities, Physicochemical factors, Relationships

土壤微生物是生态系统的重要组成部分, 在有机物质分解转化过程中起主导作用, 具有巨大的生物化学活力, 能动地影响生态系统中的能量流动和物质转化过程。土壤微生物通过自身代谢对土壤结构和营养物质转化产生一定影响。因此, 微生物作为土壤质量变化的最敏感指标之一, 在土壤质量评价中越来越受到重视。早在 20 世纪 50 年代, 欧洲和前苏联学者就将土壤酶活性作为土壤肥力指标^[1]。土壤酶活性的强弱, 可直接反映土壤中物质转化状况和肥力水平。

盐碱土系指土壤经过盐化和碱化两个过程形成的盐化土和碱化土的总称。其特点是土壤中含有较多的盐碱成分, 土壤的物理化学性质发生了显著改变, 表现为土壤板结、结构差、pH 增高、层次分步不明显、土壤侵入体多、污染严重、有效养分缺乏等现象, 致使大多数植物的生长受到不同程度的抑制甚至不能成活^[2]。

河西地区作为中国西北地区的棉粮基地, 面临着极其严重的土地盐碱化问题, 严重影响区域内农民的收入和农业经济发展。由于特殊的地质条件和不合理的耕灌制度, 新开发的灌区经过若干年后, 普遍出现次生盐渍化现象, 造成粮食产量大幅度降低, 甚至部分耕地不得不弃耕。因此, 研究河西走廊地区盐碱土壤微生物生态, 对其盐

碱化的防治和改良至关重要^[3]。本文通过对河西走廊地区盐碱土和农田土的土壤微生物、土壤酶和土壤理化性质及其相互关系的研究, 为更好地研究和改良河西盐碱土提供基础资料。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

河西走廊位于中国甘肃省西北部祁连山脉以北、合黎山和龙首山以南、乌鞘岭以西。河西走廊地形复杂, 走廊中间是 2 km–3 km 宽的冲积平原, 它们又被突出其间的丘陵、山地分割为武威平原、张掖-酒泉平原、疏勒河平原。每个平原的中部多是绿洲区, 沟渠交错, 耕地如织。绿洲之间贯穿有戈壁、沙漠。属温带干旱荒漠气候, 年均气温约 6 °C–11 °C, 年降水量 30–160 mm, 而大部地区蒸发量 2 000–3 000 mm, 年日照一般在 3 000 h 以上, 无霜期约为 160–230 d。在河西走廊三大流域内, 盐化土壤普遍存在, 盐分的主要化学组成以硫酸盐为主, 只有部分氯化物盐土。石羊河流域盐土 0–30 cm 土体含盐量一般在 2.0%–8.5% 之间; 黑河流域盐土 0–30 cm 土体内含盐量为 3.0%–14.5%; 疏勒河流域盐土 0–30 cm 土体内含盐量为 5.7%–37.3%^[3]。

1.2 土样采集

通过对甘肃河西走廊盐碱化土壤进行初步调

查, 选取 11 个样地(详细特征见表 1), 于 2010 年 4 月 14–18 号之间取样, 取样期间平均气温在 9 °C–12 °C。每个样地采用 5 点取样法, 各样地不同取样点的土样等量混合均匀后立即装入对应编号的样品袋密封。采集土样分为 2 份, 1 份 4 °C 低温保存供土壤微生物数量分析, 1 份自然风干后进行土壤理化指标与酶活性测定。

1.3 研究方法

1.3.1 土壤微生物量的测定: 土壤微生物数量测定采用稀释平板法和 MPN 法(最大可能数法)。其中细菌用牛肉膏蛋白胨培养基, 放线菌用高氏一号培养基, 真菌用加入孟加拉红的马铃薯培养基, 均采用稀释平板法进行测定; 氨化细菌、硝

化细菌、反硝化细菌及纤维素分解菌采用 MPN 法进行数量测定, 氨化细菌用蛋白胨水培养基, 硝化细菌用改良的斯蒂芬逊培养基, 反硝化细菌用组合培养基, 纤维素分解菌用依姆歇涅茨基纤维素分解菌培养基^[4–5]。

1.3.2 土壤酶活性的测定: 过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法; 纤维素酶活性用蒽酮比色法; 脲酶活性用奈氏比色法; 酸性、中性及碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠法^[4]。

1.3.3 土壤理化因子的测定^[6]: pH 和电导率用 pH-电导率仪(Multi-Parameter PCTestr™ 35), 分别根据水土比 2.5:1 和 5:1 进行测定; 含水量用烘干法测定; 有机质含量用重铬酸钾氧化加热法测定;

表 1 各样地特征 Table 1 Characteristics of each plot						
样地编号 Plot No.	地理坐标 Geographic coordinate	海拔 Altitude (m)	pH	电导率 EC values (ms/cm)	主要植被 Major vegetation	备注 Remarks column
1	39°45.830' N, 109°34.781' E	1422	8.6	2.440	玉米	酒泉市肃州区北郊农场(次生)
2	39°45.983' N, 109°34.760' E	1423	9.0	5.670	荒地	酒泉市肃州区北郊农场(原生)
3	40°22.287' N, 109°34.681' E	1124	8.5	1.870	荒地	酒泉市瓜州县广至乡(原生)
4	40°22.814' N, 109°34.598' E	1129	8.5	1.060	荒地	酒泉市瓜州县广至乡沙土改良(原生)
5	40°26.305' N, 109°34.551' E	1133	8.5	2.390	棉花	酒泉市瓜州县广至乡(次生)
6	39°10.365' N, 100°09.117' E	1439	8.6	3.610	冰草, 小芦苇	张掖市临泽县前进村(次生)
7	38°58.070' N, 100°28.738' E	1463	8.9	2.350	冰草	张掖市小湿地公园(次生)
8	39°00.184' N, 103°33.774' E	1308	8.8	9.840	沙滩	武威市民勤县青土湖自然保护区(原生)
9	38°36.545' N, 103°22.681' E	1349	8.6	3.410	骆驼刺	武威市民勤县夹河乡黄案滩(次生)
10	38°36.649' N, 103°22.537' E	1344	8.3	0.133	向日葵	武威市民勤县夹河乡黄案滩(农田)
11	37°40.798' N, 104°34.567' E	1345	8.2	0.175	小麦	武威市民勤县夹河乡黄案滩(农田)

注: 2、3、4、8 号样为原生盐碱土; 1、5、6、7、9 号样为次生盐碱土; 10、11 号样为农田土。

Note: Plot No. 2, 3, 4, 8 are primary saline-alkali soil; Plot No. 1, 5, 6, 7, 9 are secondary saline-alkali soil; Plot No. 10, 11 are farmland soil.

硝态氮用酚二磺酸比色法测定；有效磷用NaHCO₃浸提-钼锑抗比色法测定；C、N、H用元素分析法测定^[7]。

1.3.4 数据分析方法：用Office Excel 2003进行数据基本处理，采用 SPSS13.0 统计软件对实验数据进行方差分析、相关分析、逐步回归分析和主成分分析^[8]。

2 结果与分析

2.1 河西走廊地区土壤理化性质方差分析

土壤理化因子是反映土壤养分条件的重要因子，它能够很好地反映土壤养分的差异性。对原生盐碱土(2, 3, 4, 8)、次生盐碱土(1, 5, 6, 7, 9)和农田土(10, 11)的土壤理化因子进行组间方差分析(表 2)。

由表 2 可以看出，农田土的土壤理化性质数值多高于原生、次生盐碱土，而次生盐碱土数值略高于原生盐碱土。但土壤 pH 值和电导率反映着土壤的盐碱化水平，所以它们的大小关系是：原生盐碱土>次生盐碱土>农田土。原生盐碱土、次生盐碱土与农田土在 C、N、有效磷、有机质

等理化因子间均有显著差异。土壤有机质是土壤
中生物残体经过微生物的分解和合成作用形成的各种有机物质，其含量与土壤肥力密切相关，可以看出农田土的平均有机质含量(0.093)高于原生、次生盐碱土土壤平均有机质含量；土壤有效磷与土壤中的磷循环密切相关，次生盐碱土的有效磷含量(1.329)显著低于农田土。土壤有机质和土壤有效磷在土壤中的分布趋势与蔡晓布等对高寒草原土壤肥力的研究所得结果有相似处^[9]。根据土壤养分分级标准或土壤养分贫瘠化等级的划分标准^[10]，河西地区 11 个样地土壤养分质量分数均较低，除农田土各类指标较高有利于生物生存外，原生、次生盐碱土土壤环境均不利于生物生长。

2.2 河西走廊地区土壤微生物分布特征

土壤微生物数量直接影响土壤生化活性及土壤养分的组成与转化，是土壤肥力的重要指标之一。对河西盐碱地 11 个样点土壤中的细菌、放线菌、真菌三大类群微生物和功能菌群的数量进行了测定，菌群数量特征见表 3。

对土壤微生物三大类群和功能菌群的研究(表 3)表明，河西走廊春季土壤中可培养微生物三

表 2 不同土壤条件下土壤理化因子的方差分析									
Table 2 Variance analysis of each physical and chemical property from different soil species									
土壤类别 Soil types	H (%)	C (%)	N (%)	硝态氮 Nitrate nitrogen (mg/kg)	有效磷 Viable phosphate (mg/kg)	有机质 Organic matter (%)	pH	电导率 Soil con- ductivity (ms/cm)	含水量 Moisture (%)
原生盐碱土 Primary saline- alkali soil	0.419a	4.041a	0.087a	1558.333a	3.361ab	0.039a	8.700a	4.610a	17.335a
次生盐碱土 Secondary sa- line-alkali soil	0.473a	3.175ab	0.093ab	1218.750a	1.329a	0.027a	8.640a	2.840a	18.636a
农田土 Farmland soil	0.376a	1.746b	0.104b	1479.375a	6.396b	0.093b	8.250b	0.154b	11.100b

注：用不同的小写字母(a, b)说明不同土壤理化因子在不同土壤条件下的差异性(P<0.05)，下同。
Note: With different small letters mean significant difference among different physical and chemical property from different soil species at P<0.05 level, the same below.

大类群的数量特征为细菌>放线菌>霉菌,细菌在微生物数量中占有绝对优势,可以决定微生物总量的分布。10、11号样地微生物数量明显高于其他样地,即农田土壤微生物数量高于盐碱地土壤微生物数量,盐碱土壤条件总体上不利于土壤微生物的生长。微生物功能群中氨化细菌、硝化细菌和反硝化细菌均参与土壤中的氮循环。其中氨化细菌数量占优势,分布密度最大;硝化细菌数量最少,该结果与罗明等对于氮素生理群微生物

的研究结论相一致^[11]。纤维素分解菌通过分解植物残体中的碳水化合物(纤维素)^[4],参与土壤生态环境中的碳循环。10、11号样地中好气性纤维素分解菌数量明显高于其他样地,而盐碱土壤里6号样地由于其植被覆盖率略高,使得好气性纤维素分解菌数量高于其他盐碱样地。

为了更好地研究盐碱地土壤与农田土在微生物数量上的差异性,对表3中所得数据根据不同土壤类型进行方差分析,见表4。

表3 不同土壤3大类微生物(CFU/g土)及功能菌群数量(MPN/g土)特征 Table 3 Number of 3 characteristics of soil microbial (CFU/g soil) and physiological group (MPN/g soil) in different soil							
样地编号 Plot No.	细菌 Bacteria ($\times 10^7$)	真菌 Fungi ($\times 10^4$)	放线菌 Actinomycetes ($\times 10^6$)	氨化细菌 Ammonifier ($\times 10^6$)	硝化细菌 Nitrifier ($\times 10^3$)	反硝化细菌 Denitrifier ($\times 10^4$)	好气性纤维素分解菌 Aero-cellulose decomposer ($\times 10^3$)
1	1.510	3.830	1.058	13.730	0.940	0.017	3.140
2	0.600	1.180	0.299	43.570	0.930	1.867	0.680
3	0.370	0.590	0.020	19.605	0.001	0.475	2.970
4	0.310	0.500	0.033	16.270	0.002	2.324	2.900
5	1.120	2.380	0.208	39.990	0.290	17.137	1.260
6	0.330	5.230	2.400	3.660	0.048	14.042	8.550
7	0.350	3.030	0.468	6.330	0.290	5.180	1.960
8	0.380	2.180	0.387	8.360	0.420	2.091	0.840
9	0.280	0.950	0.600	1.650	0.410	1.135	0.360
10	4.350	8.310	0.487	39.200	1.680	22.404	31.140
11	4.300	7.980	0.440	42.200	2.140	23.110	30.550

表4 不同土壤条件下土壤微生物数量的方差分析 Table 4 Variance analysis of soil microbial number from different soil species							
土壤类别 Soil types	细菌 Bacteria ($\times 10^7$)	真菌 Fungi ($\times 10^4$)	放线菌 Actinomycetes ($\times 10^6$)	氨化细菌 Ammonifier ($\times 10^6$)	硝化细菌 Nitrifier ($\times 10^3$)	反硝化细菌 Denitrifier ($\times 10^4$)	好气性纤维素分解菌 Aero-cellulose decomposer ($\times 10^3$)
原生盐碱土 Primary saline-alkali soil	0.415a	1.113a	0.185a	21.951a	0.338a	1.689a	1.848a
次生盐碱土 Secondary saline-alkali soil	0.718a	3.084a	0.464a	13.072a	0.396a	7.502a	3.054a
农田土 Farmland soil	4.325b	8.145b	0.947a	40.700b	1.910b	22.757b	30.845b

注: 3 大类微生物数量单位统一为 CFU/g 土, 功能菌群数量单位为 MPN/g 土。
Note: Three characteristics of soil microbial unit is CFU/g soil, soil physiological group unit is MPN/g soil.

由表 4 可知,除放线菌外,其他各类群微生物数量在原生盐碱土、次生盐碱土与农田土中存在显著差异。有研究表明土壤放线菌数量与 pH 有密切关系^[12],放线菌数量在 pH 6.8–8.5 时数量最多,采样地区土壤 pH 在 8.2–9.0 之间,为放线菌生长的适宜 pH 范围,这个范围内土壤放线菌数量趋于稳定,所以各土壤条件下放线菌差异不显著。土壤微生物数量以原生盐碱土、次生盐碱土、农田土依次增加,这与不同样地土壤理化因子的关系一致,说明土壤理化因子与土壤微生物数量之间密切相关。但氨化细菌数量在原生盐碱土中比次生盐碱土中要高,这可能与氨化细菌使土壤中不被植物所利用的有机含氮化合物转化为可给态氮有关^[10]。在相同的盐碱土环境中,河西地区原生盐碱土不被植物所利用的有机含氮化合物可能高于次生盐碱土,从而导致原生盐碱土中氨化细菌数目高于次生盐碱土。

2.3 土壤酶活性与土壤微生物的关系

2.3.1 土壤酶活性与土壤微生物间的简单相关分析:土壤酶主要来源于土壤微生物,土壤酶活性与土壤微生物间的简单相关性分析结果显

示(表 5),酶活性因子与微生物因子间大多存在正相关关系,酸性磷酸酶和中性磷酸酶与微生物因子间相关性不显著。碱性磷酸酶中,真菌与其呈显著相关($P<0.05$),相关系数为 0.675;脲酶与多个微生物因子有显著相关性,其中放线菌与其相关性系数最大为 0.793,呈极显著相关($P<0.01$),硝化细菌与脲酶呈显著相关,相关性系数为 0.627。过氧化氢酶与硝化细菌间相关性系数为 0.588,呈显著相关。从总体来看,在微生物因子中,放线菌与酶活因子的相关系数 r 绝对值之和最大为 3.030,说明放线菌数量很大程度上影响酶活因子的活性。在酶活因子中,碱性磷酸酶、脲酶和过氧化氢酶均与微生物因子有较好的相关性,它们的相关系数 r 绝对值之和分别为 3.016、2.881 和 2.972。河西地区干旱少雨,土壤盐分大,碱性强,适合放线菌生长^[13],所以放线菌在微生物与土壤酶活间的关系中起重要作用。碱性磷酸酶和脲酶分别参与土壤磷、氮循环,它们活性的提高能够增加土壤微生物可利用氮素和磷的有效含量,从而影响到土壤微生物数量。

表 5 土壤酶活性与土壤微生物间的简单相关							
Table 5 Simple correlation between enzyme activity and soil microbial population							
微生物数量 Microbial number	土壤酶活性 Soil enzyme activities						r 绝对值之和 Sum of absolute value for r
	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	Y_5	Y_6	
X_1	0.100	0.470	-0.080	0.020	0.510	0.490	1.670
X_2	0.310	0.675*	0.080	-0.140	0.490	0.490	2.190
X_3	0.370	0.620	0.290	0.600	0.793**	0.360	3.030
X_4	0.030	0.050	0.150	0.090	0.110	0.380	0.810
X_5	0.330	0.540	0.180	0.520	0.627*	0.588*	2.790
X_6	0.030	0.240	-0.080	-0.500	0.070	0.200	1.120
X_7	0.090	0.420	-0.190	-0.180	0.290	0.450	1.620
Total of $ r $	1.260	3.016	1.060	2.038	2.881	2.972	

注: *: $P<0.05$; **: $P<0.01$. X_1 : 细菌; X_2 : 真菌; X_3 : 放线菌; X_4 : 氨化细菌; X_5 : 硝化细菌; X_6 : 反硝化细菌; X_7 : 好气性纤维素分解菌; X 的单位同表 3. Y_1 : 酸性磷酸酶活性; Y_2 : 碱性磷酸酶活性; Y_3 : 中性磷酸酶活性; Y_4 : 纤维素酶活性; Y_5 : 脲酶活性; Y_6 : 过氧化氢酶活性. 下同.
Note: *: Significant level for $P<0.05$; **: Significant level for $P<0.01$. X_1 : Bacteria; X_2 : Fungi; X_3 : Actinomycetes; X_4 : Ammonifier; X_5 : Nitrifier; X_6 : Denitrifier; X_7 : Aero-cellulose decomposer, and its unit same table 3. Y_1 : Acid phosphatase activity; Y_2 : Alkaline phosphatase activity; Y_3 : Neutral phosphatase activity; Y_4 : Cellulase activity; Y_5 : Urease activity; Y_6 : Catalase activity. The same below.

2.3.2 土壤酶活性与土壤微生物间的逐步回归分析: 在简单相关分析的基础上对土壤酶活性与土壤微生物间的关系进行逐步回归分析, 以进一步探讨土壤酶与土壤微生物之间的关系。采用逐步回归法原理是将 $P \leq 0.05$ 的自变量引入, $P > 0.1$ 自变量剔除, 从而建立最优回归方程, 可通过建立的多元回归模型对各种土壤酶活性进行预测分析。酶活性与土壤微生物因子间的回归方程如下。

$$Y_2=44.584+155.736 X_2$$
$$R=0.675 \quad F=6.687 \quad P=0.032$$
$$Y_5=5.169+23.689 X_3$$
$$R=0.793 \quad F=13.543 \quad P=0.006$$

结果表明, 只有碱性磷酸酶和脲酶与土壤微生物因子间可以建立逐步回归方程, 回归方程的相关系数和 F 检验都达到显著水平。从得到的回归方程来看, 真菌是影响碱性磷酸酶活性的主导因子, 它的数量在一定程度上能反映碱性磷酸酶的活性; 放线菌与脲酶活性有密切的关系, 放线菌喜嗜有机质丰富的偏碱性环境, 可以通过提高土壤有机质含量增加放线菌生物量, 进一

步影响脲酶的活性。上述结论与高永健等关于不同林龄杨树人工林酶活性和土壤微生物之间关系的研究结果一致^[14], 也与简单相关分析结果相一致。

2.4 土壤理化因子与土壤微生物的关系

2.4.1 土壤理化因子与土壤微生物间的简单相关分析: 从表 6 可以看出, 土壤有效磷与土壤微生物密切相关, 它与真菌、细菌、放线菌和硝化细菌均达到了显著相关水平, 而与真菌更是呈极显著相关, 相关系数为 0.789。土壤 pH 与硝化细菌间存在显著相关, 相关系数为 0.746。土壤含水量通过影响土壤通气性而与土壤微生物间呈负相关关系, 细菌、硝化细菌和好气性纤维素分解菌均与土壤含水量呈显著负相关, 相关系数分别为-0.651、-0.684 和-0.704。真菌在河西走廊盐碱土壤三大类微生物数量组成中所占比例最小, 其数量能够随着土壤理化因子的改变而发生明显变化。研究发现微生物因子中, 真菌是相关系数 r 绝对值之和(3.440)最大的因子, 说明在微生物因子中真菌受土壤理化性质的影响最大, 该结

表 6 土壤理化因子与土壤微生物间的简单相关								
Table 6 Simple correlation between activity of soil enzyme factors and each physical and chemical property								
理化性质 Physicochemical factors	微生物数量 Microbial number							r 绝对值之和 Sum of absolute value for r
	X_1	X_2	X_3	X_4	X_5	X_6	X_7	
Z_1	-0.088	0.234	-0.004	0.079	-0.166	0.342	-0.104	1.015
Z_2	-0.286	-0.596	-0.017	0.155	-0.201	-0.478	-0.439	2.172
Z_3	0.194	0.121	0.514	0.345	0.254	0.106	-0.144	1.678
Z_4	-0.042	-0.060	0.548	0.129	0.337	-0.404	-0.255	1.776
Z_5	0.723*	0.789**	0.729*	0.083	0.696*	0.406	0.606	3.303
Z_6	0.424	0.386	0.212	0.131	0.380	0.078	0.414	2.025
Z_7	0.537	0.512	0.224	0.369	0.746*	0.282	0.530	3.200
Z_8	-0.440	-0.293	0.035	-0.205	-0.127	-0.373	-0.460	1.932
Z_9	-0.651*	-0.449	-0.036	-0.314	-0.684*	-0.363	-0.704*	3.249
Total of $ r $	2.082	3.440	2.107	1.810	2.223	2.833	2.248	

注: *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$. Z_1 : 土壤 H 含量(%); Z_2 : 土壤 C 含量(%); Z_3 : 土壤 N 含量(%); Z_4 : 土壤硝态氮; Z_5 : 土壤有效磷; Z_6 : 土壤有机质(%); Z_7 : 土壤 pH 值; Z_8 : 土壤电导率(ms/cm); Z_9 : 土壤含水量(%). 下同.
Note: *: Significant level for $P < 0.05$, **: Significant level for $P < 0.01$. Z_1 : Soil H (%); Z_2 : Soil C (%); Z_3 : Soil N (%); Z_4 : Soil nitrate nitrogen; Z_5 : Soil available phosphorus; Z_6 : Soil organic matter (%); Z_7 : Soil pH value; Z_8 : Soil conductivity (ms/cm); Z_9 : Soil moisture(%). The same below.

论与靳正忠等的相关研究结论一致^[15]。在土壤理化因子中, 土壤有效磷与土壤微生物因子间的相关系数 r 绝对值之和最大为 3.303, 说明土壤有效磷是影响该地区土壤理化因子与土壤微生物间关系的主导因子, 这与之之前牛世全等对永登地区盐碱土微生物和理化因子关系的研究所得结果相同^[16]。

2.4.2 土壤理化因子与土壤微生物间的逐步回归分析: 对土壤理化因子与土壤微生物间的关系进行逐步回归分析, 得到如下方程。

$$Z_5 = -0.205 + 5.654 X_2 + 0.387 X_3$$

$$R = 0.925 \quad F = 20.775 \quad P = 0.001$$

$$Z_7 = 8.554 + 3.115 X_5$$

$$R = 0.746 \quad F = 10.069 \quad P = 0.013$$

$$Z_9 = 18.444 - 1.955 X_7$$

$$R = 0.704 \quad F = 7.862 \quad P = 0.023$$

通过逐步回归分析发现仅有土壤有效磷、pH 和含水量可以与微生物数量间建立回归方程, 其相关系数和 F 检验均达到了显著水平。土壤中有有效磷含量可以通过真菌和放线菌两个微生物因子来调节。土壤硝化细菌受到 pH 的显著影响,

可以通过土壤中硝化细菌的数量来影响土壤 pH。土壤含水量通过影响土壤透气性从而间接影响好气性纤维素分解菌的数量, 使之与其呈显著负相关。土壤有效磷可以通过真菌建立回归方程且两者之间显著相关, 说明在河西地区盐碱土中解磷菌与真菌关系密切, 这与周建等在对海滨盐土的研究结果一致^[17], 也与逐步回归分析结果与简单相关分析结果一致。

2.5 土壤理化因子与土壤酶活的关系

2.5.1 土壤理化因子与土壤酶活间的简单相关分析: 土壤理化因子与土壤酶活性间的简单相关(表 7)表明, 土壤硝态氮与土壤酶活性密切相关, 与中性磷酸酶和纤维素酶活性相关系数分别为 0.855 和 0.765, 达到了极显著相关水平; 与酸性磷酸酶和脲酶活性显著相关, 相关系数分别为 0.750 和 0.709。土壤有效磷与碱性磷酸酶和脲酶活性间显著相关, 相关系数分别为 0.675 和 0.705, 这与靳正忠等关于沙漠腹地咸水滴灌林地的研究结论相符合^[18]。土壤有机质与酸性磷酸酶和碱性磷酸酶活性的相关系数分别为 0.643 和 0.689,

表 7 土壤理化因子与土壤酶活间的简单相关
Table 7 Simple correlation between soil microbial population and each physical and chemical property

理化性质 Physicochemical factors	土壤酶活性 Soil enzyme activities						r 绝对值之和 Sum of absolute value for r
	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	Y_5	Y_6	
Z_1	-0.118	0.133	0.069	-0.349	-0.089	0.035	0.792
Z_2	-0.310	-0.235	-0.183	0.168	-0.083	0.172	1.151
Z_3	0.075	0.379	0.330	0.158	0.561	0.324	1.826
Z_4	0.750*	0.611	0.855**	0.765**	0.709*	0.541	4.231
Z_5	0.134	0.675*	0.006	0.158	0.705*	0.520	2.198
Z_6	0.643*	0.689*	0.524	0.129	0.617	0.562	3.164
Z_7	0.636*	0.456	0.461	0.514	0.396	0.407	2.869
Z_8	-0.061	-0.322	0.083	0.353	-0.306	-0.485	1.611
Z_9	-0.078	-0.029	0.214	-0.233	-0.019	-0.120	0.693
Total of $ r $	2.805	3.529	2.723	2.826	3.485	3.166	

注: *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$.

Note: *: Significant level for $P < 0.05$; **: Significant level for $P < 0.01$.

为显著相关。土壤 pH 值与土壤酸性磷酸酶活性也达到了显著相关水平。总体来看,土壤理化因子中,土壤硝态氮的相关系数 r 绝对值之和(4.231)明显大于其它理化因子,说明可以通过调节土壤硝态氮含量来调节土壤酶活性。土壤酶活性中,碱性磷酸酶和脲酶的相关系数 r 绝对值之和分别为 3.529 和 3.485,它们是影响土壤理化因子的主导因子。

2.5.2 土壤理化因子与土壤酶活性的逐步回归分析:对以上简单相关分析结果进行进一步的逐步回归分析,得到以下回归方程。

$$Z_4 = -3\,048.618 + 143.494 Y_3 + 763.107 Y_4$$

$$R=0.954 \quad F=35.285 \quad P=0.000$$

$$Z_5 = 2.150 + 0.026 Y_5 + 0.066 Y_2$$

$$R=0.857 \quad F=9.667 \quad P=0.010$$

$$Z_6 = 0.022 - 0.00039 Y_2$$

$$R=0.689 \quad F=7.250 \quad P=0.027$$

$$Z_7 = 8.496 + 0.004 Y_1$$

$$R=0.636 \quad F=5.442 \quad P=0.048$$

从逐步回归分析可以看出,通过中性磷酸酶和纤维素酶、脲酶和碱性磷酸酶可以分别建立回归方程来反映土壤硝态氮、有效磷含量。土壤碱性磷酸酶是解释土壤有机质含量的主要因子。土壤酸性磷酸酶活性与土壤 pH 之间存在一定关系。上述结论与简单分析结果一致。

2.6 主成分分析

对所测的 23 种土壤微生物数量、酶活和理化因子等土壤因子进行主成分分析,进一步研究河西地区 11 个样点土壤因素变化的主控因素(表 8)。

主成分分析得到 6 个主成分,它们的特征值均大于 1,累积贡献率达到了 95.519%,能较好地解释河西地区春季盐碱土壤的肥力特性。主成分 1、2 和 3 的累积贡献率已经达到了 70.543%,说明这 3 个主成分代表的土壤因素综合作用具有代表性,能够较好地说明土壤因素综合作用与控制

因素间的关系。第一主成分贡献率为 37.097%,决定第一主成分大小的主要是 Y_2 (0.880)、 X_5 (0.869)、 Y_5 (0.860)、 Y_6 (0.777)、 Z_5 (0.769)和 X_1 (0.764) 5 个土壤因素。可以看出第一主成分主要是由碱性磷酸酶、脲酶和过氧化氢酶等土壤酶活性决定其大小的,所以将第一主成分定为土壤酶活主成分。第二主成分贡献率为 20.238%,在第二主成分中 Z_4 (0.787)、 X_6 (-0.759)和 X_7 (-0.750)达到了极显著相关水平。可见反硝化和好气性纤维素分解菌的数量等是影响第二主成分的主要因子,可以将第二主成分定为微生物数量主成分。第三主成分贡献率为 13.208%,只有 Z_3 (0.702)与其呈极显著相关,说明第三主成分大小主要决定因素是土壤理化性质,可将第三主成分定为土壤理化性质主成分。通过以上主成分分析,表明土壤酶、土壤微生物和土壤理化性质可以很好地反映河西地区盐碱地土壤养分组成情况,尤其是土壤碱性磷酸酶、过氧化氢酶、反硝化细菌、好气性纤维素分解菌和硝态氮等在各主成分中都是主导因素,可作为影响该地区土壤养分组成的重要因子。

3 讨论

3.1 河西走廊地区土壤理化性质方差分析及土壤微生物数量分布特征

河西走廊地区盐碱土壤三大类群微生物数量的关系是细菌>放线菌>霉菌,与大多数土壤中三大类群微生物数量分布特征相同,土壤中三大类微生物数量以农田土最多,与元素循环相关的功能菌群与三大类微生物数量分布规律较一致。功能菌群中氨化细菌的数量最多,反硝化细菌次之,硝化细菌和好气性纤维素分解菌数量最少。纤维素分解菌的数量与土壤中植物根际脱落物有密切的关系,河西地区植被覆盖率低,尤其以原生盐碱地情况最为严重,是引起纤维素分解菌

表 8 土壤因素主成分分析
Table 8 The correlation matrix of the soil factors

土壤因素 Soil factors	主成分量 Components					
	1	2	3	4	5	6
X_1	0.764	-0.567	0.132	-0.139	-0.174	0.064
X_2	0.758	-0.520	0.173	0.105	0.308	-0.105
X_3	0.656	0.434	0.269	-0.397	0.194	-0.240
X_4	0.332	-0.261	0.013	0.106	-0.451	0.768
X_5	0.869	-0.193	-0.052	-0.371	-0.115	0.230
X_6	0.370	-0.759	0.217	0.323	0.159	0.220
X_7	0.635	-0.750	-0.002	-0.023	-0.071	-0.114
Y_1	0.640	0.390	-0.451	0.393	0.159	-0.025
Y_2	0.880	0.211	0.084	0.304	0.125	-0.203
Y_3	0.483	0.585	-0.321	0.481	0.170	0.219
Y_4	0.432	0.611	-0.335	-0.515	-0.079	0.191
Y_5	0.860	0.346	0.139	0.034	-0.036	-0.172
Y_6	0.777	0.134	0.082	0.247	-0.331	0.030
Z_1	-0.048	0.013	0.653	0.311	0.511	0.388
Z_2	-0.277	0.428	0.383	-0.116	-0.730	0.078
Z_3	0.362	0.405	0.702	0.106	-0.048	0.345
Z_4	0.543	0.787	-0.208	0.089	-0.060	0.144
Z_5	0.769	-0.132	0.526	-0.233	0.164	-0.151
Z_6	0.641	0.049	-0.358	0.389	-0.213	-0.320
Z_7	0.691	-0.162	-0.627	-0.121	0.151	0.248
Z_8	-0.288	0.286	-0.245	-0.414	0.647	0.380
Z_9	-0.400	0.596	0.499	0.453	0.078	-0.071
累积贡献率 Cumulative loadings (%)	37.097	57.335	70.543	80.286	88.634	95.519

数量较少的原因。硝化细菌多生活在有氧的水中或砂层中, 盐碱土壤板结严重且含水量少, 不宜硝化细菌生长, 因此该地区功能菌群中硝化细菌数量均在较低水平。

对各样点土壤理化性质和土壤微生物数量进行方差分析表明, 原生盐碱地、次生盐碱地与农田土壤理化因子中 C、N、有机质、pH 和电导率等均有显著差异性, 土壤微生物因子中除放线菌外, 其余微生物数量因子差异性明显。土壤理化因子和土壤微生物数量分布规律多为原生盐碱土<次生盐碱土<农田土, 土壤 pH 与电导率因反

映土壤盐碱化程度故与以上规律恰好相反。河西地区由于其特殊的地理与自然环境, 天然形成的原生盐碱土较次生盐碱土土壤条件更为恶劣, 更不宜微生物的生长繁殖。人类不同的土地利用方式能够影响土壤的结构和理化性质^[19]。

3.2 土壤微生物、土壤酶活和土壤理化因子的相互关系

河西走廊盐碱土壤碱性磷酸酶、脲酶和过氧化氢酶与土壤微生物数量密切相关。碱性磷酸酶能够在 pH 碱性条件下加速土壤有机质的脱磷速度^[18], 而脲酶能促进尿素水解, 两者通过影响土

壤微生物可利用氮素和有效磷含量,进而改变土壤微生物数量。过氧化氢酶能够酶促水解过氧化氢,是土壤合成腐殖质和防止过氧化氢对生物毒害的重要氧化还原酶系,其活性与土壤微生物数量有关。土壤微生物中放线菌是影响河西走廊盐碱地土壤酶活的主要因子,逐步回归分析结果显示,土壤纤维素酶活性可以通过放线菌数量来反映,这与放线菌能够广泛利用纤维素、半纤维素的特征有关。

土壤理化性质是土壤养分的基础,土壤微生物数量直接影响土壤养分的组成与转化。微生物数量与土壤理化因子有一定的相关性,春季土壤理化性质与土壤微生物数量之间的相关性主要由理化因子中的有效磷和微生物因子中的真菌引起。土壤有效磷是土壤中可被吸收的磷组分,直接影响着土壤微生物磷的利用率,与土壤微生物数量密切相关,河西盐碱地中真菌与有效磷之间存在显著相关,所以真菌也可能参与土壤中磷的循环。土壤含水量与微生物因子呈负相关,尤其是与细菌、硝化细菌和好气性纤维素分解菌更为显著负相关,这与多数研究所得结论相同^[20]。逐步回归分析显示,硝化细菌与土壤 pH 之间显著相关,能够通过硝化细菌的数量来影响土壤 pH。土壤在硝化细菌的作用下,往往产生较多的酸性物质,这些酸性物质可以调节土壤 pH,甚至可以使碱性土壤得到一定程度的改良。

土壤有效磷是影响土壤酶活性的主要因子^[21],而碱性磷酸酶和脲酶是影响土壤理化性质的重要因素。土壤养分与土壤酶活性间的相关性主要由硝态氮引起,土壤硝态氮可以通过参与土壤中的氮循环,对土壤肥力产生影响,进而影响土壤酶活性和土壤微生物数量。而碱性磷酸酶和脲酶分别通过参与土壤氮、磷循环改变土壤肥力^[22],来进一步影响土壤理化性质和土壤微生物数量。

3.3 土壤微生物、土壤酶和土壤理化因子对土壤养分的综合作用

主成分分析可以看出,土壤酶活和土壤微生物数量是土壤养分评价的重要指标,它们与土壤理化因子三者相互作用共同决定着土壤养分的大小。土壤碱性磷酸酶、过氧化氢酶、反硝化细菌、好气性纤维素分解菌和硝态氮等因子通过自身和相互之间的共同作用,在河西地区盐碱土壤养分的形成中起着关键作用。

碱性磷酸酶活性和有效磷含量直接影响着土壤微生物数量,真菌与碱性磷酸酶和有效磷之间呈显著相关,碱性磷酸酶也是反映有效磷含量的主要因子。Sundareshwar 等^[23]研究表明,海滨盐沼生产力限制因子中,磷是氮转化细菌生长繁殖的限制性因素,说明磷在海滨盐沼限制性营养元素中的重要性要高于氮。而研究发现磷与微生物数量、酶活性和理化因子的关系较氮更密切,说明河西地区盐碱地中磷为重要的限制性营养元素。可以通过调节土壤中碱性磷酸酶、有效磷和真菌数量来影响土壤中的磷循环,促进河西盐碱土壤养分改善。

参 考 文 献

- [1] 赵波,赵其国,张桃林,等. 土壤质量与持续环境(III). 土壤质量评价的生物学指标[J]. 土壤, 1997(29): 225-234.
- [2] 刘春阳,何文寿,何进智,等. 盐碱地改良利用研究进展[J]. 农业科学研究, 2007, 28(2): 68-71.
- [3] 王有国. 甘肃省盐碱地现状及改良利用途径[J]. 甘肃农业, 2002, 190(5): 18-19.
- [4] 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: 102-287.
- [5] 李振高,骆永明,滕应. 土壤与环境微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 2008: 97-417.
- [6] 南京农学院主编. 土壤农化分析[M]. 北京: 农业出版社, 1980: 33-61.

- [7] 黄运显, 孙维贞. 常见元素化学分析方法[M]. 北京: 化学工业出版社, 2008: 257-402.
- [8] 陈平雁, 黄哲明. SPSS13.0 统计软件应用教程[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2005: 170-243.
- [9] 蔡晓布, 张永青, 邵伟. 不同退化程度高寒草原土壤肥力变化特征[J]. 生态学报, 2008, 28(3): 1034-1045.
- [10] 赵其国. 中国东部红壤地区土壤退化的时空变化、机理及调控[M]. 北京: 科学出版社, 2002: 42-112.
- [11] 罗明, 邱沃. 新疆平原荒漠盐渍草地土壤微生物生态分布的研究[J]. 中国草地, 1995(5): 29-33.
- [12] 姜成林, 徐丽华. 哀牢山土壤放线菌的组成研究[M]. 昆明: 云南大学出版社, 1985: 53-57.
- [13] Kellogg LE, Bridgham SD. Phosphorus retention and movement across an ombrotrophic-minerotrophic peatland gradient[J]. Biogeochemistry, 2003(63): 299-315.
- [14] 高永健, 袁玉欣, 刘四维, 等. 不同林龄杨树人工林对土壤微生物状况和酶活性的影响[J]. 中国农学通报, 2007, 23(7): 185-190.
- [15] 靳正忠, 雷加强, 徐新文, 等. 塔里木沙漠公路防护林土壤微生物生物量与土壤环境因子的关系[J]. 应用生态学报, 2009, 20(1): 51-57.
- [16] 牛世全, 杨婷婷, 李君锋, 等. 盐碱土微生物功能群季节动态与土壤理化因子的关系[J]. 干旱区研究, 2011, 28(2): 328-334.
- [17] 周建, 李刚, 钦佩. 种植条件下海滨盐土理化性状与生物学特征[J]. 应用生态学报, 2011, 22(4): 947-970.
- [18] 靳正忠, 雷加强, 徐新文, 等. 沙漠腹地咸水滴灌林地土壤养分、微生物量和酶活性的典型相关关系[J]. 土壤学报, 2008, 45(6): 1120-1127.
- [19] 姚槐应, 何振立, 黄昌勇. 不同土地利用方式对红壤微生物多样性的影响[J]. 水土保持学报, 2003, 17(2): 51-54.
- [20] 宋秋华, 李凤民, 王俊, 等. 覆膜对春小麦农田微生物数量和土壤养分的影响[J]. 生态学报, 2002, 22(12): 2126-2134.
- [21] 李玥, 张金池, 李奕建, 等. 上海市沿海防护林下土壤养分、微生物及酶的典型相关关系[J]. 生态环境学报, 2010, 19(2): 360-366.
- [22] Wang M, Chen JK, Li B. Characterization of bacterial community structure and diversity in rhizosphere soils of three plants in rapidly changing salt marshes using 16S rDNA[J]. Pedosphere, 2007, 17(5): 545-556.
- [23] Sundareshwar PV, Morris JT, Fornwalt B. Phosphorus limitation of coastal ecosystem processes[J]. Science, 2003(299): 563-565.

编辑部公告

《微生物学通报》英文刊名

《微生物学通报》之前使用的英文刊名“Microbiology”因在国际上有重名,造成了本刊在被国内外作者引用以及国外数据库收录时英文刊名的混乱,这大大影响了本刊在国际上的传播,也不利于对我刊引用数据的统计。经本届编委会讨论,以及主办单位批准,本刊英文刊名自2010年起变更为“Microbiology China”,请各位作者、读者和数据库引用时注意使用。