

不同恢复方式下盐渍化弃耕地土壤生物学活性的变化*

闫靖华 庞 玮 张风华**

(石河子大学/新疆兵团绿洲生态农业重点实验室 石河子 832003)

摘 要 以干旱区新疆玛纳斯河流域冲积扇缘定点定位试验地为研究对象,研究灌溉处理、人工草地处理和补植处理对盐渍化弃耕地土壤微生物量、酶活性及土壤呼吸速率的影响。结果表明,不同恢复方式均明显增加了土壤微生物数量和土壤微生物量碳、氮及土壤酶活性。不同处理土壤微生物量碳、氮分别比原始弃耕地高 17.80%、26.38%、5.33%和 7.89%、12.75%、21.93%;不同处理土壤微生物数量分别是原始弃耕地的 4.72 倍、6.04 倍和 4.56 倍;不同处理土壤蔗糖酶活性分别比原始弃耕地高 3.4 倍、3.2 倍和 7.7 倍,多酚氧化酶活性比原始弃耕地高 1.7 倍、1.2 倍和 1.5 倍,脲酶活性比原始弃耕地高 11.1%、52.3%和 37.1%;灌溉处理土壤过氧化氢酶活性最高,是原始弃耕地的 1.53 倍,土壤呼吸速率变化表现为人工草地处理>灌溉处理>补植处理>原始弃耕地,其中,人工草地处理土壤呼吸速率比弃耕地高 52.25%。相关分析表明,微生物量碳与微生物 C/N 和微生物数量之间均呈显著正相关关系($P<0.05$);土壤呼吸速率与土壤脲酶、微生物数量和微生物量碳的相关性达到显著水平($P<0.05$),与土壤微生物量氮呈负相关关系,但相关性不显著;土壤蔗糖酶与其他 3 种酶以及微生物量氮呈显著正相关关系,土壤脲酶与微生物数量呈显著正相关关系,多酚氧化酶与过氧化氢酶相关性达到显著水平($P<0.05$)。本研究表明干旱区盐渍化弃耕地采用灌溉与人工草地处理有利于土壤养分积累,可在一定程度上改善土壤质量。

关键词 植被恢复 土壤微生物量 土壤酶活性 土壤呼吸速率 盐渍化弃耕地
中图分类号: S154.2 文献标识码: A 文章编号: 1671-3990(2013)09-1088-07

Soil biological activity of abandoned saline fields with different restoration treatments

YAN Jing-Hua, PANG Wei, ZHANG Feng-Hua

(Key Laboratory of Oasis Ecology Agriculture of Xinjiang Bingtuan, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract The characteristics of soil microorganisms are critical in soil restoration and ecosystem health. To a large extent, different restoration methods of vegetation have different effects on the activity of soil microorganisms. The understanding of the characteristics of soil microorganisms under different restoration methods of vegetation is critical for exploring the effects of vegetation restoration on soils and for laying the scientific basis for ecological restoration of abandoned fields. In this study, a field experiment was conducted in saline soil of the alluvial fans of the Manas River Valley, which is largely an arid region. The four treatments were set out in the experiment, including original abandoned field (control), water supplement field, artificial grassland field and plant supplement field. The last three treatments were applied in the original abandoned field. The main aim of the experiment was to study the effects of different restoration models on soil microbial biomass, enzyme activity and soil respiration rate of abandoned saline fields. The results indicated that soil enzyme activity, soil microbial population and soil microbial biomass carbon and nitrogen were significantly enhanced by different vegetation restoration models. Soil microbial biomass carbon and nitrogen under water supplement field, artificial grassland field and planting supplement field were respectively 17.80%, 26.38%, 5.33%, and 7.89%, 12.75%, 21.93% higher than those under original abandoned field. The numbers of soil microbes under the three vegetation restoration treatments were respectively 4.72, 6.04 and 4.56 times that of original abandoned field. Also soil sucrase activity under the three different restoration treatments were respectively 3.4, 3.2 and 7.7 times that of the original abandoned field.

* 国家自然科学基金项目(31171507)、国际科技合作专项项目(2011DFA93140)和高等学校博士学科点专项科研基金项目(20126518110002)资助

** 通讯作者: 张风华(1970—), 女, 教授, 博士生导师, 主要从事干旱区资源与环境研究。E-mail: zfh2000@126.com

闫靖华(1988—), 女, 硕士研究生, 研究方向为绿洲农业资源高效利用。E-mail: yanjinghua305@126.com

收稿日期: 2012-12-22 接受日期: 2013-05-20

Then soil polyphenol oxidase activity under the three different restoration treatments were respectively 1.7, 1.2 and 1.5 times that of the original abandoned field. Similarly, soil urease activity of three different restoration treatments were respectively 11.1%, 52.3% and 37.1% higher than that of the original abandoned field. Among the treatments, soil catalase activity of the water supplement field treatment was highest (1.53 times that of the original abandoned field). The order of changes in soil respiration rate under the three different restoration models of abandoned saline field was artificial grassland field > water supplement field > planting supplement field > original abandon farmland field. Soil respiration rate under artificial grassland field was 52.25% higher than that under the abandoned field. Water supplement and artificial grassland fields of abandoned saline fields in arid regions enhanced the accumulation of soil nutrient and thereby improved soil quality. Correlation analysis showed that among the indexes of the characteristics of soil microorganisms, soil microbial biomass carbon, microbial biomass C/N and soil microbial amount were positive correlated (significant at $P < 0.05$). Positive correlations were noted between soil respiration rate versus soil urease, microbial population and microbial biomass C (significant at $P < 0.05$) and negative (but not significant) correlations between soil respiration rate and soil microbial biomass N. Also positive correlations were noted between soil sucrose activity versus the other three soil enzymes (urease, polyphenol oxidase and catalase) and microbial biomass nitrogen (significant at $P < 0.05$). A positive correlation was noted between soil urease and soil microbial amount (significant at $P < 0.05$). There was also a positive correlation between soil polyphenol oxidase and soil catalase (significant at $P < 0.05$). Thus the characteristics of soil microorganisms were interrelated with soil enzymes and soil respiration rate. This suggested that the three factors not only exhibited distinct characteristics but also mutually influenced and interacted during soil conversion. This interaction therefore needed further clarification in further research efforts.

Key words Vegetation restoration, Soil microbial biomass, Soil enzyme activity, Soil respiration rate, Abandoned saline field (Received Dec. 22, 2012; accepted May 20, 2013)

在土壤环境中, 土壤酶是土壤生物活性的一个重要指标, 参与土壤许多重要的生物化学过程和物质循环^[1], 并且与土壤碳、氮循环有密切关系^[2], 能够反映土壤微生物活性和土壤生化反应的强度^[3], 土壤微生物参与有机质的分解和养分的循环转化, 并且对所处的微环境十分敏感, 能够对土壤生态机制变化和环环境胁迫做出反应^[4], 而土壤呼吸是全球碳循环中的一个主要流通途径, 导致土壤碳以 CO_2 的形式流向大气圈, 对大气碳平衡起着至关重要的作用^[5]。土壤微生物在土壤中组成一个复杂的食物网系统, 是土壤酶活性的重要来源, 直接参与土壤呼吸等各种地球化学循环过程, 支配着 50%~70% 的土壤呼吸作用^[6-8], 因此研究土壤中微生物、酶以及土壤呼吸有着重要作用。

弃耕是自然恢复土壤质量的一种方式, 我国耕地十分紧张的情况下, 弃耕不可取, 如何利用弃耕地进行生态重建, 具有一定的现实意义^[9]。近些年对弃耕地的恢复研究较多, 目前对退化生态系统恢复研究主要集中在植被演替规律、人工种草造林的恢复、生物多样性与植被演替的关系以及不同恢复时间下植物物种组成和多样性、土壤理化性质及土壤微生物群落的变化^[10], 对不同搭配方式的研究较少^[10-12], 而针对盐碱地不同恢复方式下土壤生物学活性变化及其与土壤呼吸关系的研究相对更少。

新疆处于干旱荒漠区, 土壤类型属于荒漠土壤类型, 随着人口的不断增长, 自然土壤逐渐被开垦为农田, 再加上长期不合理的灌溉制度, 在强蒸发条件下致使土壤发生次生盐渍化, 导致大面积土地

弃耕。自 2000 年随着节水滴灌技术在新疆大规模应用, 大面积盐渍化弃耕地得以复垦。本研究以新疆玛纳斯河流域为研究对象, 经过多年的自然恢复和人工辅助措施, 盐渍化弃耕地得到大面积恢复与开发利用。本文对该流域不同恢复方式下的盐渍化弃耕地土壤生物学特性开展相应研究, 分析不同恢复方式土壤呼吸与土壤微生物特性的关系, 从而确定弃耕地恢复重建的合理模式, 为防治土壤退化, 促进农业生产的可持续发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究地设在新疆典型内陆河流域玛纳斯河流域十户滩镇, 地理位置为东经 $86^{\circ}10'$, 北纬 $44^{\circ}37'$, 属典型的大陆性气候, 干旱少雨, 蒸发量大, 年平均气温 6.6°C , 10°C 积温 $3\ 489.7^{\circ}\text{C}$, 年降水量 $110\sim 200\text{ mm}$, 年蒸发量 $1\ 500\sim 2\ 000\text{ mm}$, 无霜期 $148\sim 187\text{ d}$ 。该区域处于冲积洪积扇缘, 地下水位高, 历史上长期处于“盐随水来, 水去盐留”的状态, 强烈的蒸发更是加速了盐分的表聚; 再加上长期不合理灌溉加剧了盐渍化进程, 形成大面积的重度盐渍化土, 其中因土壤盐渍化而弃耕的耕地达 $1/4$ 以上。

1.2 样地处理以及样品采集

试验点选择因盐渍化严重而弃耕的土地作为样地, 面积 20 hm^2 , 2008 年对样地进行不同方式的恢复重建: . 原始弃耕地, 作为恢复前的对照处理, 面积 2 hm^2 ; . 灌溉处理, 在原始弃耕地上适当灌水 (春季及秋季各灌溉 1 次, 每次灌量为 $225\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$),

面积 4 hm²; . 补植处理, 在原始弃耕地上人工补植红砂(*Reaumuria soongorica*)、碱蓬(*Suaeda australis*)等植被, 补植植株为苗期植株, 株高约为 10~15 cm, 补植后植株生长状态良好, 受土壤盐渍化影响较轻, 补植密度约 20 000 株·hm⁻², 面积 4 hm²; . 人工草地, 对自然弃耕地进行翻耕人工种植芨芨草(*Achnatherum splendens*), 播种密度 3 000 株·hm⁻², 面积 10 hm²。

2011 年 8 月进行采样, 每种恢复方式按照 0~20 cm、20~40 cm 分别走“S”形用土钻取 5 点土样混合, 混合土样采用“四分法”, 保留 1 kg 左右, 每种方式按照同样的方法采取 3 个重复, 共 24 个土样。取回的新鲜土样在实验室内拣去石砾、植物根系和大于 2 mm 的碎屑, 取部分新鲜土样用密闭自封袋保鲜于 4 ℃ 冰箱内, 用于测定土壤微生物; 剩余土壤样品置于通风、阴凉、干燥的室内风干, 分别过 1 mm 和 0.25 mm 筛孔用于土壤酶活性的测定。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 土壤呼吸速率测定

土壤呼吸速率测定采用开路式土壤碳通量测量系统, 测定仪器型号为 LI-8100。测定前在每个小区安置测定基座(去除基座内的一切活体), 为了减少安置测定基座对土壤扰动而造成的短期呼吸速率波动较大, 在测定基座安置 24 h 后再进行测定, 于 2011 年 8 月 17 日和 10 月 15 日的 10:00—20:00, 每 2 h 测定土壤基座内的土壤呼吸速率, 每个处理观测 3 次重复。在原位观测土壤呼吸的同时, 用 Omega 土壤温度探头测量 5 cm 深处的土壤温度, 用烘干法测定 0~10 cm 深度的土壤湿度。

1.3.2 土壤微生物数量测定

土壤微生物数量测定采用稀释平板涂抹接种法, 以牛肉膏蛋白胨培养基培养细菌(bacteria); 高氏 1

号培养基加重铬酸钾(3.30 mL·L⁻¹)培养放线菌(actinomyces); 马丁氏培养基加链霉素(3.30 mL·L⁻¹)培养真菌(fungi)。培养 3~6 d 观察计数^[13]。

1.3.3 土壤微生物量碳、氮测定

采用氯仿熏蒸法, 熏蒸后用硫酸钾浸提, TOC-VCHP 分析仪测定^[14]。

1.3.4 土壤酶测定

土壤蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定, 以 24 h 后 1 g 土壤葡萄糖的毫克数表示; 土壤脲酶活性采用苯酚钠比色法测定, 以 24 h 后 1 g 土壤中 NH₃-N 的毫克数表示; 土壤多酚氧化酶活性用邻苯三酚比色法测定, 以 2 h 后 1 g 土壤中紫色没食子素的毫克数表示; 过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法测定, 以单位土重的 0.1 mol·L⁻¹ KMnO₄ 的毫升数(对照与试验测定的差)表示^[15]。

1.4 数据分析

采用 Microsoft Office Excel 2003 软件进行绘图, 应用 SPSS 11.5 软件进行数据的统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同恢复方式下土壤微生物的变化

2.1.1 土壤微生物量碳的变化

土壤微生物量作为土壤养分转化的活性库或源, 其高低可部分反映土壤微生物活动强弱和养分转化速率的快慢, 是土壤生物质量变化的灵敏指标^[16-18]。由图 1 可知, 不同恢复方式下土壤微生物量碳含量随着土壤深度增加变化趋势不同, 原始弃耕地变化不大, 灌溉处理的微生物量碳含量 0~20 cm 土层显著低于 20~40 cm 土层; 而补植处理和人工草地呈现升高的变化趋势, 其中人工草地处理差异不显著, 补植处理微生物量碳含量土层之间差异显著 ($P<0.05$)。

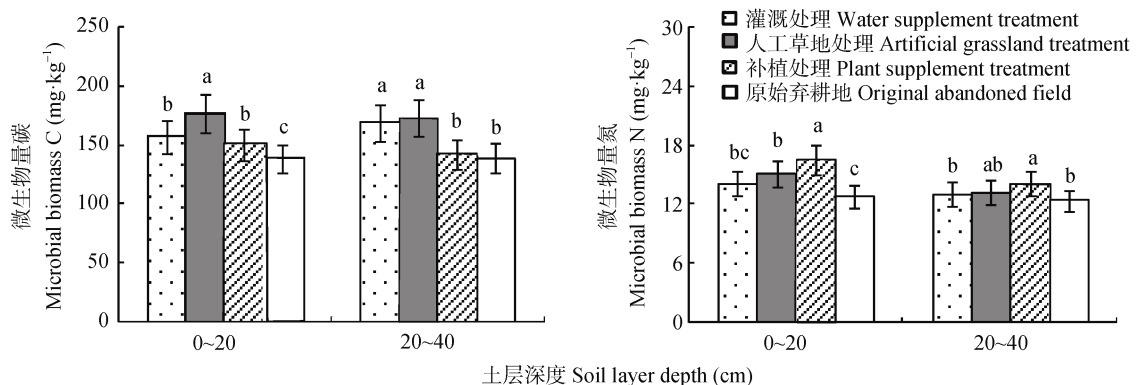


图 1 不同恢复方式下土壤微生物量碳、氮含量变化

Fig. 1 Content of soil microbial C and N under different models of restoration

不同小写字母表示不同处理间不同土层差异显著 ($P<0.05$), 下同。Different small letters mean significant difference at 0.05 levels, respectively, the same below.

方差分析表明, 在 0~20 cm 土层灌溉处理、人工草地和补植处理的微生物量碳含量显著高于原始弃耕地($P<0.05$), 分别高 13.67%、27.88%和 8.36%; 而在 20~40 cm 土层灌溉处理、人工草地和补植处理的微生物量碳含量高于原始弃耕地, 其中灌溉处理和人工草地处理与原始弃耕地间存在显著差异, 而补植处理与原始弃耕地间差异不显著。

2.1.2 土壤微生物量氮的变化

由图 1 可知, 不同恢复方式下土壤微生物量氮含量随着土层深度的增加而降低, 且不同土层土壤微生物量氮含量变化趋势相同, 0~40 cm 土层土壤微生物量氮平均含量呈现补植处理>人工草地>灌溉处理>原始弃耕地, 分别比原始弃耕地高 21.93%、12.75%和 7.89%。方差分析结果表明, 同一处理不同土层之间差异性均不显著; 在 0~20 cm 土层各处理间差异不显著, 在 20~40 cm 土层补植处理与原始弃耕地间存在显著性差异, 灌溉处理和人工草地与原始弃耕地之间无显著差异。

2.1.3 土壤微生物数量的变化

细菌、放线菌和真菌是土壤微生物数量最大的 3 大类群^[19]。不同恢复方式下土壤微生物数量变化规律基本一致, 均是表层土壤中的微生物数量最高, 随着土层深度的增加而微生物数量显著减少($P<0.05$)(表 1)。0~20 cm 土层细菌、真菌和放线菌在不同恢复方式下变化趋势一致, 为人工草地>灌溉处理>补植处理>原始弃耕地; 不同恢复方式下土壤微生物数量大小均为细菌>放线菌>真菌; 对不同恢复方式下土壤微生物数量及微生物总数进行方差分析表明, 在 0~20 cm 土层, 细菌、真菌和微生物总数方差分析结果一致, 各恢复方式均存在显著性差异($P<0.05$), 其中原始弃耕地微生物数量最少, 而放线菌表现为灌溉处理、人工草地和补植处理与原始弃耕地间存在显著性差异($P<0.05$), 灌溉处理与补植处理间放线菌数量无显著性差异; 在 20~40 cm 土层, 灌溉处理、人工草地和补植处理的细菌、放线菌、真菌和微生物总数显著高于原始弃耕地($P<0.05$)。

表 1 不同恢复方式下土壤微生物数量的变化

Table 1 Changes of soil microbial population under different models of restoration

土层 Soil layer	恢复方式 Models of restoration	细菌 Bacteria	真菌 Fungus	放线菌 Actinomycetes	微生物总数 Amount of microorganisms
0~20 cm	灌溉处理 Water supplement treatment	9.595±0.455b	1.085±0.035b	1.170±0.030b	11.850±0.450b
	人工草地 Artificial grassland treatment	12.175±0.285a	1.175±0.025a	1.590±0.020a	14.940±0.280a
	补植处理 Plant supplement treatment	8.265±0.055c	0.910±0.040c	1.165±0.025b	10.340±0.010c
	原始弃耕地 Original abandoned field	1.715±0.035d	0.170±0.010d	1.050±0.030c	2.935±0.055d
20~40 cm	灌溉处理 Water supplement treatment	6.185±0.215b	0.355±0.015b	0.715±0.025b	7.255±0.255c
	人工草地 Artificial grassland treatment	7.710±0.740a	0.670±0.060a	1.140±0.010a	9.520±0.670a
	补植处理 Plant supplement treatment	7.205±0.125a	0.355±0.035b	0.585±0.005c	8.145±0.095b
	原始弃耕地 Original abandoned field	0.600±0.010c	0.050±0.010c	0.465±0.005d	1.115±0.005d

2.2 不同恢复方式下土壤酶活性的变化

不同恢复方式下土壤酶活性变化如图 2 所示, 过氧化氢酶、多酚氧化酶和蔗糖酶的活性变化规律一致, 均随土壤深度的增加而增加, 其中, 过氧化氢酶和多酚氧化酶表现为灌溉处理>补植处理>人工草地>原始弃耕地; 而脲酶活性与之相反, 表现为随着土壤深度的增加而减弱。对 4 种酶进行方差分析结果表明, 蔗糖酶活性在 0~20 cm 土层 3 种恢复方式灌溉处理、补植处理及人工草地显著高于原始弃耕地($P<0.05$), 在 20~40 cm 土层 3 种恢复方式灌溉处理、补植处理及人工草地土壤蔗糖酶活性均有提高, 且补植处理与原始弃耕地间存在显著差异; 过氧化氢酶活性在 0~20 cm 土层灌溉处理和补植处理与原始弃耕地存在显著性差异($P<0.05$), 而人工草地与原始弃耕地差异不显著, 在 20~40 cm 土层各处理间均存在显著性差异($P<0.05$); 土壤多

酚氧化酶活性在 0~20 cm 土层和 20~40 cm 土层均是灌溉处理与原始弃耕地间存在显著性差异($P<0.05$), 补植处理和人工草地与原始弃耕地间差异性不显著; 脲酶活性在 0~20 cm 土层人工草地和补植处理与原始弃耕地间存在显著性差异($P<0.05$), 灌溉处理与原始弃耕地间差异性不显著, 在 20~40 cm 土层人工草地与原始弃耕地间存在显著性差异, 而灌溉处理和补植处理与原始弃耕地间差异性不显著。

不同恢复方式土壤酶活性均高于原始弃耕地, 其中灌溉处理、人工草地和补植处理的蔗糖酶活性分别比原始弃耕地高 3.4 倍、3.2 倍和 7.7 倍, 多酚氧化酶活性比原始弃耕地高 1.7 倍、1.2 倍和 1.5 倍, 脲酶活性比原始弃耕地高 11.1%、52.3%和 37.1%, 过氧化氢酶活性灌溉处理最高, 是原始弃耕地的 1.53 倍。

2.3 不同恢复方式下土壤呼吸速率的变化

土壤呼吸是非常敏感的生物学指标, 对于土壤

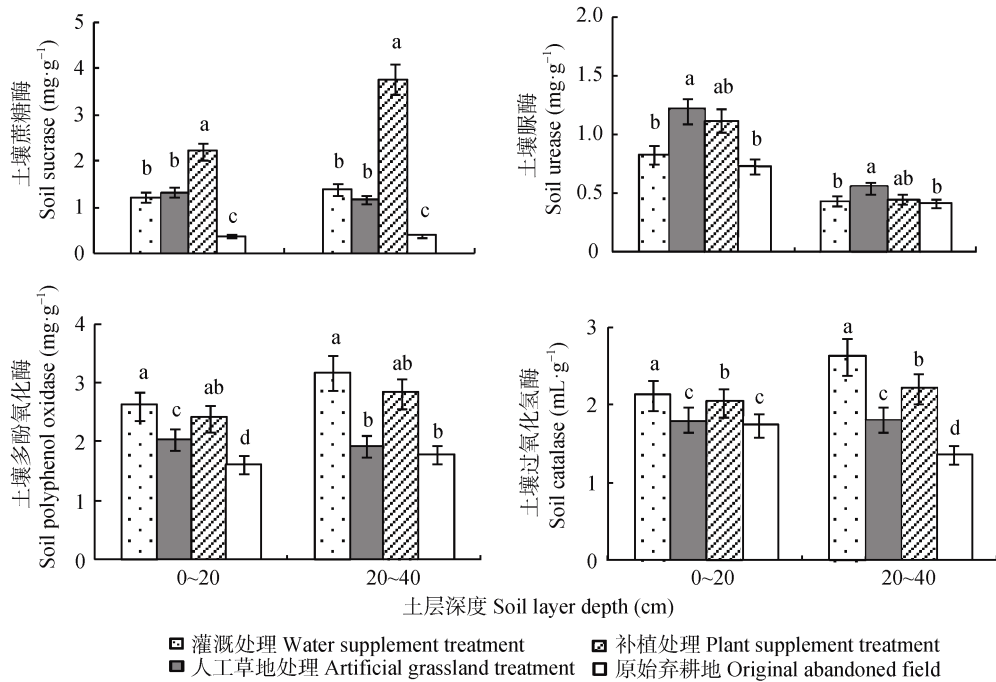


图 2 不同恢复方式下土壤酶活性的变化
Fig. 2 Changes of soil enzymic activities under different models of restoration

环境甚至是土壤微环境都有着敏感的反应。在不同恢复方式下，土壤呼吸速率不同程度地受到具体微环境的影响。从土壤呼吸速率的平均值变化趋势看(图 3)，各处理土壤呼吸速率均显著高于弃耕地($P<0.05$)，其中人工草地的土壤呼吸速率高于灌溉和补植处理，但灌溉处理土壤呼吸速率与补植处理和人工草地间无显著差异，原始弃耕地的土壤呼吸速率分别低于人工草地、灌溉处理和补植处理 34.32%、31.90% 和 21.28%。

2.4 不同恢复方式下土壤微生物特性、土壤酶及呼吸速率间的相关性

对不同恢复方式土壤呼吸速率与土壤微生物特性相关关系进行分析(表 2)，结果表明，土壤微生物量

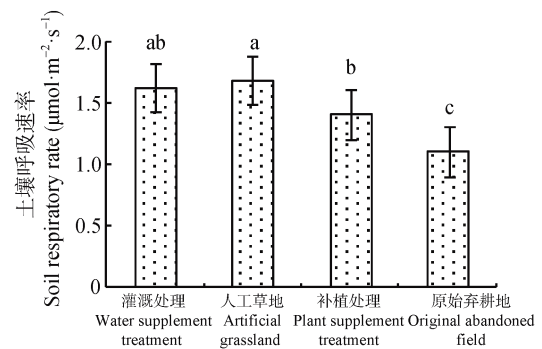


图 3 不同恢复方式下土壤呼吸速率的变化
Fig. 3 Changes of soil respiration rate under different models of restoration

表 2 土壤呼吸速率、土壤酶活性及微生物特性间的相关分析
Table 2 Correlations among soil respiration rate, soil enzymes activities and characteristics of soil microorganisms

	呼吸速率 Soil respiratory rate	蔗糖 Sucrase	脲酶 Urease	多酚氧化酶 Polyphenol oxidase	过氧化氢酶 Catalase	微生物量碳 Microbial biomass C	微生物量氮 Microbial biomass N	微生物量 C/N Microbial biomass C/N	微生物总数 Microbial population
呼吸速率 Soil respiratory rate	1.00								
蔗糖 Sucrase	0.35	1.00							
脲酶 Urease	0.61*	0.64*	1.00						
多酚氧化酶 Polyphenol oxidase	0.47	0.60*	0.25	1.00					
过氧化氢酶 Catalase	0.50	0.59*	0.13	0.79**	1.00				
微生物量碳 Microbial biomass C	0.88**	-0.02	0.44	0.12	0.23	1.00			
微生物量氮 Microbial biomass N	-0.31	0.65*	0.15	0.20	0.32	-0.57	1.00		
微生物量 C/N Microbial biomass C/N	0.73*	-0.29	0.25	-0.03	0.00	0.94**	-0.82*	1.00	
微生物数量 Microbial population	0.87**	0.47	0.66*	0.32	0.50	0.85*	-0.12	0.64*	1.00

*表示相关性显著($P<0.05$), **表示相关性极显著($P<0.01$)。* means significant correlation at 0.05 level, ** means significant correlation at 0.01 level.

碳、微生物量 C/N 和微生物数量两两之间呈显著正相关关系($P < 0.05$), 而微生物量氮除与微生物量 C/N 呈显著负相关关系外, 与其他微生物特性指标相关关系不显著; 土壤呼吸速率与土壤脲酶、微生物数量、微生物量碳和微生物量 C/N 的相关性达到显著水平($P < 0.05$), 土壤蔗糖酶与其他 3 种酶以及微生物量氮呈显著正相关关系, 土壤脲酶与微生物数量呈显著正相关关系, 多酚氧化酶与过氧化氢酶相关性达到显著水平($P < 0.05$), 土壤微生物特性、土壤酶以及土壤呼吸速率之间存在着相互联系, 说明三者存在土壤转化过程中不仅显示着各自的特性, 同时也存在着相互影响、相互作用的关系。

3 讨论与结论

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分之一, 几乎所有的土壤过程都直接或间接与土壤微生物有关^[19]。其参与土壤呼吸过程, 分解土壤有机质释放 CO₂, 在生态系统物质循环和能量流动中起重要作用^[20]。本研究表明弃耕地不同恢复方式下土壤微生物数量、微生物量碳、氮含量都高于原始弃耕地。灌溉处理、人工草地和补植处理的土壤微生物量碳、氮分别比原始弃耕地高 17.80%、26.38%、5.33%和 7.89%、12.75%、21.93%。土壤微生物特性, 除微生物量氮外都与土壤呼吸速率呈显著正相关关系, 其中与微生物量碳和微生物数量的相关性达到极显著水平($P < 0.01$)。植被恢复后土壤微环境发生改变, 土壤微生物活动强烈, 再加上原始弃耕地生物量较低, 水汽状况不佳也制约了土壤微生物量碳、氮的含量^[21]。试验中不同弃耕地恢复方式下植被种类及多样性特征取决于土壤中种子库的组成、可萌发种子多样性及种子幼苗建成能力^[22]。本研究通过灌溉处理、人工草地和补植处理几种措施, 对弃耕地土壤中种子库的影响不同。其中灌溉能迅速提高原始弃耕地种子萌发能力, 对植被群落重建起关键作用, 可作为生态恢复初期可选择的较佳方式。土壤微生物特性与土壤呼吸速率呈显著或极显著相关性, 说明弃耕地在恢复进程中植被数量和植被多样性得到很大改善。干旱区弃耕地恢复过程中土壤水分仍然是关键因素, 在植被恢复过程中适当补水, 提高土壤含水量是保障长期恢复有效的措施。

有研究表明, 土壤酶活性的分布状况随着土壤深度的增加而减弱^[23]。本研究中除脲酶外, 其他 3 种酶均与之相反。这可能是由于高温少雨使表层土壤湿度较低, 再加上长期的盐渍化弃耕导致土壤肥力较低, 致使土壤动物、土壤根系等酶的释放源主要集中在土壤微环境相对好一些的 20~40 cm 土壤

中。弃耕地植被恢复后土壤酶的活性均高于原始弃耕地, 灌溉处理、人工草地和补植处理的蔗糖酶活性分别比原始弃耕地高 3.4 倍、3.2 倍和 7.7 倍, 说明恢复后植被群落对纤维素的转化能力增强, 系统中的碳素循环加快; 多酚氧化酶活性比原始弃耕地高 1.7 倍、1.2 倍和 1.5 倍, 脲酶活性比原始弃耕地高 11.1%、52.3%和 37.1%, 过氧化氢酶活性灌溉处理最高, 较原始弃耕地高出 52.5%。土壤蔗糖酶与土壤脲酶、多酚氧化酶、过氧化氢酶及微生物量氮呈显著正相关关系, 过氧化氢酶与多酚氧化酶呈显著正相关关系, 而土壤脲酶与土壤微生物数量呈显著正相关关系, 土壤酶与土壤微生物量氮和土壤微生物数量是相互影响的。植被恢复过程中, 生态系统结构、功能日臻完善和增强, 生物多样性增加, 土壤的解毒能力和维护自身健康的能力增强。

人工草地处理的土壤呼吸速率高于灌溉和补植处理, 原始弃耕地的土壤呼吸速率最低, 分别低于人工草地、灌溉处理和补植处理 34.32%、31.90%和 21.28%。人工草地的土壤呼吸速率明显高于弃耕地。原始盐碱弃耕地植被覆盖度低、凋落物输入少可降低土壤呼吸, 人工草地恢复方式完全改变原始弃耕地生态环境, 认为提供土壤水分和养分, 大幅度提高了地上与地下生物量, 呼吸速率相应增加, 也直接促进了土壤条件的改善。

本文研究分析了不同恢复方式对土壤呼吸及生物学特性的影响, 表明采用灌溉处理和人工草地处理有利于土壤养分的积累、酶活性的增强。说明干旱区盐渍化弃耕地经植被恢复处理后, 土壤质量在逐渐提高, 土壤生态环境状况逐渐得以改善, 有利于农田生态系统的发展。

参考文献

- [1] 周礼恺, 张志明, 曹承绵. 土壤酶活性的总体在评价土壤肥力水平中的作用[J]. 土壤学报, 1983, 20(4): 413-417
Zhou L K, Zhang Z M, Cao C M. On the role of the totality of soil enzyme activities in the evaluation of the level of soil fertility[J]. Acta Pedologica Sinica, 1983, 20(4): 413-417
- [2] von Mersi W, Schinner F. An improved and accurate method for determining the dehydrogenase activity of soils with iodinitrotetrazolium chloride[J]. Biology and Fertility of Soils, 1991, 11(3): 216-220
- [3] Benitez E, Melgar R, Melgar H, et al. Enzyme activities in the rhizosphere of pepper (*Capsicum annum* L.) grown with olive cake mulches[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2000, 32(13): 1829-1835
- [4] 傅声雷. 土壤生物多样性的研究概况与发展趋势[J]. 生物多样性, 2007, 15(2): 109-115
Fu S L. A review and perspective on soil biodiversity research [J]. Biodiversity Science, 2007, 15(2): 109-115

- [5] 李玉宁, 王关玉, 李伟. 土壤呼吸作用和全球碳循环[J]. 地学前缘, 2002, 9(2): 351-356
Li Y N, Wang G Y, Li W. Soil respiration and carbon cycle[J]. Earth Science Frontiers, 2002, 9(2): 351-356
- [6] Wolfe B E, Husband B C, Klironomos J N. Effects of a belowground mutualism on an aboveground mutualism[J]. Ecology Letters, 2005, 8(2): 218-223
- [7] Nasby D C, Pascual J A, Laynch J M. Effect of biocontrol strains of *Trichoderma* on plant growth, *Pythium ultimum* populations, soil microbial communities and soil enzyme activities[J]. Journal of Applied Microbiology, 2000, 88(1): 161-169
- [8] Bowden R D, Nadelhoffer K J, Boone R D, et al. Contributions of above ground litter, below ground litter, and root respiration to total soil respiration in a temperate mixed hardwood forest[J]. Canadian Journal of Forest Research, 1993, 23(7): 1402-1407
- [9] 宋娟丽, 吴发启, 姚军, 等. 弃耕地植被恢复过程中土壤理化性质演变趋势研究[J]. 干旱地区农业研究, 2009, 27(3): 168-173
Song J L, Wu F Q, Yao J, et al. Changes of soil physical and chemical properties during vegetation restoration on abandoned cropland[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2009, 27(3): 168-173
- [10] 胡婵娟, 郭雷. 植被恢复的生态效应研究进展[J]. 生态环境学报, 2012, 21(9): 1640-1646
Hu C J, Guo L. Advances in the research of ecological effects of vegetation restoration[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2012, 21(9): 1640-1646
- [11] 沈景林, 梦杨, 胡文良, 等. 高寒地区退化草地改良试验研究[J]. 草业科学, 1999, 16(3): 4-7
Shen J L, Meng Y, Hu W L, et al. Experimental study of de-generated grassland improvement in plateau area[J]. Pratacultural Science, 1999, 16(3): 4-7
- [12] Gaynor V. Prairie restoration on a corporate site[J]. Restoration and Reclamation Review, 1990, 1: 35-40
- [13] 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: 90-92
Li Z G, Luo Y M, Teng Y. Research approach of soil and environmental microorganism[M]. Beijing: Science Press, 2008: 90-92
- [14] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology & Biochemistry, 1987, 19(6): 703-707
- [15] 关松荫, 张德生, 张志明. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986
Guan S Y, Zhang D S, Zhang Z M. Soil enzyme and its research approach[M]. Beijing: Agricultural Press, 1986
- [16] Gregorich E G, Liang B C, Detry C F, et al. Elucidation of the source and turnover of water soluble and microbial biomass carbon in agricultural soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2000, 32(5): 581-587
- [17] de la Paz Jimenez M, de la Horra A, Pruzzo L, et al. Soil quality: A new index based on microbiological and biochemical parameters[J]. Biology & Fertility of Soils, 2002, 35(4): 302-306
- [18] Gil-Sotres F, Trasar-Cepeda C, Leirós M C, et al. Different approaches to evaluating soil quality using biochemical properties[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37(5): 877-887
- [19] 郑诗樟, 肖青亮, 吴蔚东, 等. 丘陵红壤不同人工林型土壤微生物类群、酶活性与土壤理化性状关系的研究[J]. 中国生态农业学报, 2008, 16(1): 57-61
Zheng S Z, Xiao Q L, Wu W D, et al. Relationship among microbial groups, enzyme activity and physico-chemical properties under different artificial forestry in hilly red soil[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2008, 16(1): 57-61
- [20] 周丽霞, 丁明懋. 土壤微生物学特性对土壤健康的指示作用[J]. 生物多样性, 2007, 15(2): 162-171
Zhou L X, Ding M M. Soil microbial characteristics as bioindicators of soil health[J]. Biodiversity Science, 2007, 15(2): 162-171
- [21] 张蕴薇, 韩建国, 韩永伟, 等. 不同放牧强度下人工草地土壤微生物量碳、氮的含量[J]. 草地学报, 2003, 11(4): 343-346
Zhang Y W, Han J G, Han Y W, et al. The content of soil micro-biomass carbon and nitrogen of different grazing intensities on Pasture[J]. Acta Agrestia Sinica, 2003, 11(4): 343-346
- [22] 仝川, 冯秀, 张远鸣, 等. 锡林郭勒退化草原不同禁牧恢复演替阶段土壤种子库比较[J]. 生态学报, 2008, 28(5): 1991-2002
Tong C, Feng X, Zhang Y M, et al. Soil seed banks in different grazing exclusion restoring succession stages in the Xilingole degraded steppe[J]. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(5): 1991-2002
- [23] 关松荫, 沈桂琴, 孟昭鹏, 等. 我国主要土壤剖面酶活性状况[J]. 土壤学报, 1984, 21(4): 368-380
Guan S Y, Shen G Q, Meng Z P, et al. Enzyme activities in main soils in China[J]. Acta Pedologica Sinica, 1984, 21(4): 368-380