

不同水热条件下玉米单作系统中红壤微生物群落的代谢特征

孔 滨^{1,4}, 孙 波¹, 郑宪清^{1,2}, 陈小云², 隋跃宇³, 王帘里^{1,4}, 李 云^{1,4}

(1.中国科学院南京土壤研究所, 江苏 南京 210008; 2.南京农业大学资源与环境科学学院, 江苏 南京 210095; 3.中国科学院东北地理与农业生态研究所, 黑龙江 哈尔滨 150040; 4.中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘 要:在我国东部位于3个气候带(温带、暖温带、中亚热带)的农业生态试验站(海伦站、封丘站、鹰潭站)设置水热变化梯度下的土壤置换试验,利用 Biolog 方法,研究了水热条件和施肥对玉米抽雄期的红壤中微生物群落功能的影响。结果表明,水热条件、作物和施肥共同影响了红壤中微生物群落的碳源代谢活性(Average Well Color Development, AWCD 值表示)。施肥处理(NPK)红壤中 AWCD 值大小顺序为:封丘>海伦>鹰潭,不施肥(CK)处理为:封丘>鹰潭>海伦站。在3种气候条件下,施用 NPK 肥均提高了红壤中微生物群落的碳源代谢的总体活性。主成分分析结果表明,不同水热条件下,施肥处理的红壤中微生物群落代谢指纹变化较小,但不施肥处理出现显著变化;对碳源利用主成分起分异作用的主要是碳水化合物和羧酸类物质及3种含氮化合物(L-苯基丙氨酸、L-天冬酰胺和苯乙基胺)。

关键词:红壤;土壤置换试验;水热条件;Biolog;微生物群落

中图分类号:X171.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-2043(2009)01-0119-06

Effect of Hydrothermal Condition and Fertilization on Microbial Metabolic Properties in Red Soil Under Maize Monocropping System

KONG Bin^{1,4}, SUN Bo¹, ZHENG Xian-qing^{1,2}, CHEN Xiao-yun², SUI Yue-yu³, WANG Lian-li^{1,4}, LI Yun^{1,4}

(1.Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2.College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 3.Northeast Institute of Geography and Agricultural Ecology, Chinese Academy of Science, Harbin 150040, China; 4.Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: To study the impact of hydrothermal condition and fertilization on soil microbial metabolic properties, a transplant experiment of red soil was conducted at Hailun, Fengqiu and Yingtan Experiment Stations located in the middle temperate, warm temperate and mid-sub-tropical zone of East China respectively. Soil microbial communities were measured by Biolog Eco Plate. The results showed that the hydrothermal conditions, fertilization affected metabolic activity (expressed as AWCD, average well color development) integrally in red soil. AWCD of red soil followed as the order of: Fengqiu>Hailun>Yingtan with fertilization (NPK), while in construct treatment (CK) AWCD followed as the order of: Fengqiu station>Yingtan station>Hailun station. In different climate zones, fertilizer application of N, P and K increased soil microbial metabolic activity. Principal component analysis of soil microbial communities showed there was little difference for the metabolic fingerprint of soil microbial communities in red soils among different climate zones under fertilization conditions, while the difference was significantly without fertilization. The differentiation of soil microbial communities was mainly caused by carbohydrates, carboxylic acids and three kinds of nitrogen compounds (L-Phenylalanine, L-Asparagine and Phenylethyl-amine).

Keywords: red soil; transplant experiment; rainfall and temperature; Biolog; microbial community

自然土壤中生存着大量的微生物群体,它们进行

着一系列复杂的生物化学反应,对推动土壤物质转换、能量流动和生物地球化学循环起着重要作用。土壤微生物可以敏感地指示气候和土壤环境条件的变化^[1],土壤微生物种群的变化可以作为有机质变化的早期指标^[2]。

一些学者研究了土壤温度和湿度的变化对土壤微生物群落代谢功能的影响。土壤微生物对 Biolog 微

收稿日期:2008-04-03

基金项目:中国科学院知识创新工程重要方向项目(KZCX2-YW-407);
国家自然科学基金重大项目(30590381)

作者简介:孔 滨(1982—),男,硕士研究生,主要从事土壤生态学研究。E-mail:bkong@issas.ac.cn

通讯作者:孙 波

平板中单一碳源利用能力的差异反映了土壤中微生物群落代谢功能的不同。Papatheodorou 等^[3]研究了地中海气候条件下土壤温度和湿度的变化对土壤微生物群落代谢的影响。结果发现,由于季节波动引起土壤温度和湿度的改变导致土壤微生物群落代谢多样性(Biolog 方法)显著变化,从 7 月到 12 月呈线性下降趋势。近期,研究者利用样带(transect)方法研究了水热因素的梯度变化对土壤微生物的影响^[4-6],分析了土壤功能在气候变化情况下的演变趋势。但在样带上利用田间定位试验对比研究农田养分转化过程时,由于不同地点的定位试验中,土壤类型和性质(如质地、有机质含量等)存在差异,无法区分土壤和气候条件对农田养分转化过程的影响,也无法分析土壤和气候条件对农田养分转化的交互作用。为区分土壤和气候的作用,需要在水热梯度变化的样带上设置相同土壤的置换试验,保证土壤条件和试验处理的可比性,对比研究气候条件变化对土壤养分转化过程的综合影响。

红壤是一种养分贫瘠的酸性土壤,其碳氮转化活性较弱^[7],需要针对气候和作物条件提出合理的土壤肥力管理措施。本研究在我国东部南北样带上,以红壤作为供试土壤,在 3 个气候条件下(温带、暖温带和中亚热带)设置水热条件变化梯度下的土壤置换试验,通过 Biolog 方法分析水热条件变化对红壤中微生物群落代谢特征的影响,分析气候条件变化和施肥对红壤中微生物群落的影响,为提出适应水热条件变化的施肥管理措施提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验点概述

在中国科学院生态系统研究网络(CERN)中,选择 3 个生态试验站——海伦(HL)、封丘(FQ)、鹰潭(YT)站布设试验。海伦站位于松嫩平原,地处 47°26'N, 126°38'E,海拔高度 240 m。气候条件属温带半湿润气候,年均气温 1.5℃,年降水量 550 mm。封丘站处于华北平原,35°01'N, 114°32'E,海拔高度 67.5 m,属于暖温带半湿润气候,年均气温 13.9℃,年均降雨量 605 mm。鹰潭站位于南方红壤丘陵区,28°15'N, 116°55'E,属中亚热带湿润气候,年降雨量 1 795 mm,平均温度 17.6℃。各站点玉米抽雄期水热情况如表 1 所示。从江西鹰潭站采集第四纪红粘土发育的红壤,分别置换至 3 个气候条件下,研究气候和施肥对土壤微生物群落功能的影响。红壤在中国系统分类中属于粘化湿润富铁土,在国际土壤分类参比系统中属于强淋溶土(Acrisol)。

表 1 3 种气候条件下玉米抽雄期水热情况

Table 1 Hydrothermal conditions at corn teaseling stage in three climate zones

地点	平均温度(<i>t</i>)/℃	降雨量(<i>p</i>)/mm	<i>p/t</i>
海伦站	21.3	230.8	10.8
封丘站	26.8	129	4.8
鹰潭站	28.2	267.4	9.5

1.2 试验设计

2005 年 10 月,在海伦站、封丘站、鹰潭站设置土壤置换试验。每个站建设 6 个放置红壤的微区,微区规格:1.2 m 宽×1.4 m 长×1 m 深。每一微区用 20 cm 厚砖墙分隔,砖墙以水泥覆盖,并贴防水布,高出地表 20 cm。按微区规格,分层采集鹰潭红壤剖面,深度为 1 m,按原土层层次分别置入 3 个试验站的微区中。试验开始时 0~20 cm 深土壤有机碳为 8.42 g·kg⁻¹、全氮为 0.77 g·kg⁻¹、全磷为 0.27 g·kg⁻¹、全钾为 7.83 g·kg⁻¹、pH 为 3.98(KCl)。3 个站均种植一季玉米,海伦站、封丘站、鹰潭站分别于 2006 年 4 月 30 日、6 月 1 日、4 月 17 日播种。试验设施肥(NPK)和不施肥(CK)两个处理,每个处理 3 次重复,氮、磷、钾肥分别为尿素、磷酸二铵和氯化钾。每站施肥用量和方法:氮肥(以 N 计)为 25 kg·hm⁻²,60%作基肥,40%在玉米大喇叭口期施;磷肥(以 P₂O₅ 计)和钾肥(以 K₂O 计)分别为 13 kg·hm⁻² 和 10 kg·hm⁻²,全部作为基肥。

1.3 土壤样品采集及分析

于 2006 年玉米抽雄期,用混合法采集表层(0~20 cm)土壤,装入封口聚乙烯袋,置于保鲜盒中带回实验室,新鲜样品混合均匀后分成 2 份,一份用于 Biolog 测定,另一份用于土壤氨态氮、硝态氮的测定。

Biolog 测定采用 ECO 板,每块板包含同一处理的 3 个重复。具体操作如下:称取相当于 5.00 g 干土质量的新鲜土样,加入到 45 mL 灭菌 0.85% 质量浓度的 NaCl 溶液中,振荡 30 min 后取出静止 5 min,吸取土壤悬液 2 mL 于三角瓶中,用 18 mL 0.85% NaCl 无菌溶液稀释,吸取稀释液接种到 ECO 板,每孔接种量 150 μL。接种的 ECO 板于 25℃ 培养,分别于 24、48、72、96、120 和 144 h 在 590 nm 测定吸光度(OD)值。Biolog ECO 微平板和 Biolog Reader 购自美国 BIOLOG 公司(BIOLOG, Hayward, USA)。

土壤硝态氮、氨态氮含量测定:称取相当于 5 g 烘干土重的新鲜土样,用 2 mol·L⁻¹KCl 溶液浸提(液:土=10:1),振荡 1 h,过滤后用紫外-可见分光光度计

(UV-2450) 测定浸提液中硝态氮含量, 流动分析仪 (AutoAnalyzer3) 测定浸提液中氨态氮含量。

土壤有机质采用重铬酸钾法-硫酸氧化法测定, 全氮采用自动定氮仪 (Büchi, Autokjeldahl Unit, K-370) 测定。

1.4 数据处理

不同时间微生物对碳源代谢的总体情况用每孔颜色平均变化率 (Average Well-color development, AWCD) 来描述:

$$AWCD = \frac{\sum_{i=1}^{31} (R_i - R_0)}{31} \quad (1)$$

式中: 31 表示碳源种类数, R_i 表示第 i 个碳源的光密度值, R_0 表示对照孔的光密度值, 每个盘在每一个测定时间获得一个平均 AWCD 值, 将 AWCD 值与时间序列作图^[8]。

对微生物代谢特征指纹的分析采用多元统计方法中的主成分分析法 (Principal Component Analysis, PCA)。通过 PCA 分析将碳源代谢的多元向量降维变换为互不相关的主元向量, 并在主元向量空间中用点的位置直观反映不同微生物群落的代谢特征。为了更能显示出样品间单一碳源利用类型的差异, 本研究中采用标准化吸光度 R_s 进行统计分析^[9-10]。

$$R_s = \frac{R_i - R_0}{AWCD} \quad (2)$$

式中: R_s 表示第 i 个碳源标准化后的光密度值, R_i 为第 i 个碳源的光密度值, R_0 为对照孔的光密度值, AWCD 表示在第 i 个碳源的测定时间获得的每孔颜色平均变化率。

应用 SPSS 13.0 统计软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同水热条件下红壤碳氮养分含量的变化

由表 2 可见, 施肥处理时, 除海伦站红壤有机质略低, 封丘站全氮显著升高外, 其他各站点红壤有机质、全氮含量差异不显著; 不施肥处理时, 各站点的红壤有机质、全氮含量均无显著差异。说明在短期水热条件影响下土壤全量的碳氮养分含量未发生明显变化。

硝态氮不易被土壤胶体吸附, 易随水分的迁移而发生淋溶损失, 是氮素淋失的主要形式。由于供试土壤呈酸性, 氮损失可能主要以硝态氮淋失为主。从玉米播种 (施基肥) 到抽雄期 (追肥), 鹰潭的降雨量达

970.4 mm, 海伦和封丘的降雨量分别为 417.5 mm 和 385.2 mm, 玉米抽雄期, 鹰潭站红壤施肥与不施肥处理的硝态氮含量均远远小于海伦站和封丘站红壤的硝态氮含量 (表 2)。这主要是由于鹰潭丰富的降雨使红壤中硝态氮随着土壤水的流动发生迁移。另外, 不施肥处理中, 鹰潭站红壤硝态氮含量与另两站的减小幅度明显小于施肥处理, 原因在于硝态氮的淋失量随施肥量的增加而增大^[11-12]。

表 2 不同气候条件下红壤中碳氮养分含量

Table 2 Content of red soil carbon and nitrogen in three climate zones

地点	有机质/g·kg ⁻¹		全氮/g·kg ⁻¹		NO ₃ -N/mg·kg ⁻¹		NH ₄ ⁺ -N/mg·kg ⁻¹	
	NPK	CK	NPK	CK	NPK	CK	NPK	CK
海伦	7.62b (0.34)	8.19a (0.95)	0.59b (0.085)	0.58a (0.047)	33.94a (2.27)	9.06a (1.30)	82.64a (2.74)	4.67a (0.24)
封丘	8.23ab (0.06)	8.21a (0.45)	1.10a (0.185)	0.71a (0.131)	11.63b (2.36)	7.32b (0.37)	3.46b (0.63)	2.79b (0.07)
鹰潭	8.87a (0.56)	8.86a (0.93)	0.60b (0.173)	0.57a (0.132)	4.51c (0.62)	2.09c (0.19)	5.26b (2.35)	2.71b (0.57)

注: 用 Duncan 法统计, 括号内为标准差; 同一列中不同字母表示为 5% 差异显著水平, $P < 0.05$ 。

Note: Tested by Duncan method, the data in brackets is standard deviation; different letter in the same column means significant difference at $p < 0.05$

进一步比较, 虽然海伦的降水量比封丘稍大, 但海伦站红壤中硝态氮含量却显著大于封丘站红壤, 尤其施肥处理, 海伦站红壤硝态氮含量是封丘站红壤的 3 倍。这可能与气候条件和作物影响红壤的硝态氮含量有关。玉米根对 NO₃⁻ 的亲合力略大于 NH₄⁺, 两种离子同时存在时, 优先选择吸收 NO₃⁻^[13]。在玉米抽雄期, 封丘的水热比 (p/t) 为 4.8, 明显小于海伦 (p/t 为 10.8) (表 1), 因此, 封丘气候条件更干热, 玉米的蒸腾作用更强烈, 蒸腾量也较大, 土壤溶液中的硝酸根离子通过质流迁移到达根表而被玉米吸收利用的量也比较大, 从而可能造成封丘站红壤中硝态氮含量低于海伦站红壤。

氨态氮在土壤中易被胶体吸附和被矿物质格固定, 其淋溶流失通常不如硝态氮强烈, 而主要以 NH₃ 挥发的途径损失。周静等^[14]对影响春秋季节红壤旱地氨挥发总量和通量的环境因子分析发现, 影响氨挥发的气象环境因子主要是气温、蒸发量、土温和气压。由表 2 可见, 施肥和不施肥处理, 海伦站红壤中氨态氮含量显著高于封丘站和鹰潭站红壤, 后两者之间差异不显著。同一时期, 海伦站、封丘站和鹰潭站的温度分别为 21.3 °C、26.8 °C 和 28.2 °C (表 1)。因此, 海伦较低的温度使红壤中氨挥发损失量减小, 从而造成海伦站

红壤中氨态氮含量较高。

2.2 水热条件变化对红壤中微生物群落总体活性的影响

土壤微生物接种到 Biolog ECO 微平板后,微生物利用板中的碳源而使显色剂变色,并且随碳源的消耗量的增加而颜色加深,从而相应碳源的光密度值(OD)增大。AWCD 值反映了微生物代谢碳源的平均状况,是微生物整体活性的有效指标^[15]。由图 1 可以看出,在 Biolog 微平板整个培养期内,施肥和不施肥处理,红壤在封丘站的 AWCD 值明显高于海伦站和鹰潭站红壤,可见与温带(海伦)和中亚热带(鹰潭)相比,暖温带(封丘)的水热条件下,红壤中微生物群落的碳源代谢活性增加;施肥处理中,海伦站红壤中微生物群落 AWCD 值明显高于鹰潭站红壤;不施肥处理,鹰潭站红壤中微生物群落 AWCD 值稍高于海伦站红壤,且在培养后期差异才逐渐明显。这与温度和土壤中可溶养分的影响有关。玉米抽雄期,鹰潭和封丘的月均温分别为 28.2 °C、26.8 °C,虽然封丘的温度比鹰潭稍低,但绝对温度仍然比较高,可以使某些土壤微生物种群保持较高的碳源代谢能力;而且在施肥和不施肥处理中,封丘站红壤的 NH_4^+-N 与 NO_3^--N 之和比鹰潭站红壤分别高 5.32 和 5.31 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,因此,封丘站红壤中易为微生物利用的有效态氮含量明显高于鹰潭红壤,这可能是造成封丘站在温度略低的情况下,红壤中微生物代谢活性却明显高于鹰潭站红壤的主要原因。这同样可以解释施肥处理海伦站红壤的 AWCD 值大于鹰潭站红壤的原因。微生物量氮可以反映土壤中微生物新陈代谢活性,王晓龙等^[16]测定江西

鹰潭站的红壤中微生物量氮发现,土壤微生物量氮与土壤有效态氮含量呈极显著正相关。

不同的是,在玉米抽雄期,海伦的温度仅有 21.3 °C,比鹰潭低 6.9 °C,而不施肥处理,海伦站红壤有效态氮比鹰潭站红壤增幅较小的情况下(表 2),导致海伦站红壤的 AWCD 值在培养的后期略低于鹰潭站红壤。这是由于温度也是影响微生物活动的重要因子,在 5 °C~30 °C 范围内,随着温度的升高,微生物活性增强,导致有机物的分解加速^[17],较高的温度使某些土壤微生物种群的碳源代谢能力增强,从而使 AWCD 值升高。

进一步比较发现,各种水热条件下,施肥处理的红壤中微生物群落的 AWCD 值在整个培养期内均明显高于不施肥处理(图 1)。玉米抽雄期生长旺盛,根系生长迅速,并把一些有机物分泌出来,进入土壤。植物生长过程中将其光合同化产物的 5%~25% 运至根系,这些光合产物除了 25%~70% 通过根系呼吸作用转化为 CO_2 外,其余的主要以有机物形式释放到土壤^[18],这些有机物为微生物提供 C 源。2006 年玉米收获后,对 3 个站点的红壤玉米秸秆产量进行了测定。计算得出,施肥处理,红壤在海伦站、封丘站和鹰潭站的玉米秸秆产量分别是不施肥的 2.0 倍、1.5 倍和 2.1 倍。因此,施肥处理,玉米生长比不施肥处理旺盛,根系分泌物、脱落物也更多,而且施肥后又增加了土壤中有效 N 的含量(表 2),红壤中玉米的根系分泌物和养分供应共同影响了微生物群落的活性,土壤中相对丰富的 C 源和 N 源物质促进了土壤微生物的繁殖,提高了其新陈代谢水平和活性。

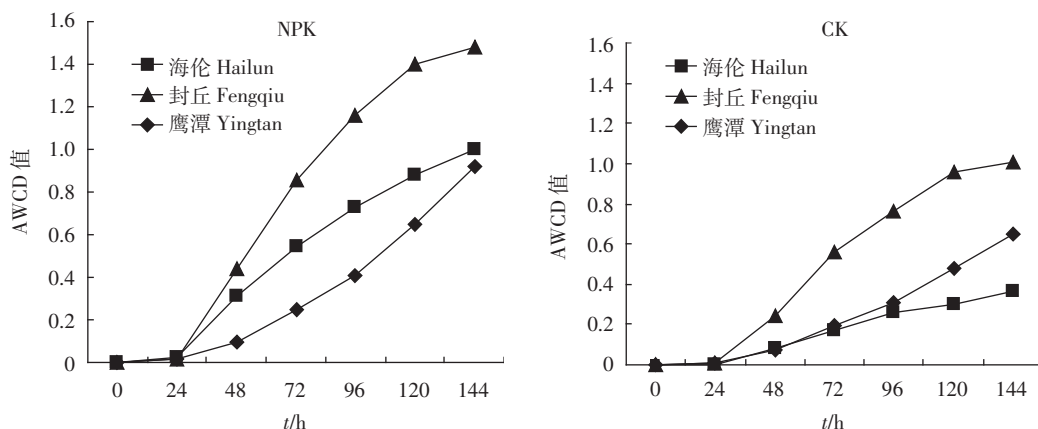


图 1 三种气候条件下施肥(NPK)和不施肥(CK)处理中红壤 AWCD 值随时间的变化

Figure 1 Variation of AWCD(average well color development)with the incubation time of red soils in NPK and CK treatments in three climate zones

2.3 水热梯度变化和施肥对红壤中微生物群落碳源利用的影响

土壤微生物 AWCD 值反映了群落总体的变化,但未能反映微生物群落代谢的详细信息。为了更全面了解施肥及水热条件对红壤中微生物群落代谢功能的影响,需要研究土壤微生物对不同碳源利用能力的差异。将红壤中微生物碳源代谢 144 h 时的吸光度值进行标准化处理,然后进行主成分分析(PCA),评价不同水热条件下 2 种处理中微生物群落在碳源利用上的整体差异以及特定碳源的贡献。应用主成分分析在 31 个主成分中提取的前 2 个主成分因子,分别可以解释原变量特征的 35.65%和 21.76%。用第 1 主成分(PC1)和第 2 主成分(PC2)做图表征红壤中微生物的代谢特征(图 2)。

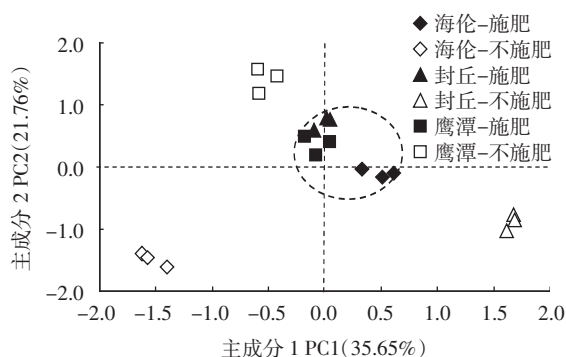


图 2 3 种气候条件下红壤中微生物群落碳源利用主成分分析

Figure 2 Principal component analysis of soil microbial community in red soils in three climate zones

由图 2 可以看出,不施肥处理,红壤在不同水热条件下微生物群落之间有很好的分离,微生物代谢特征表现出较大差异。与鹰潭站红壤相比,海伦站和封丘站红壤的微生物群落对碳源的利用向 PC2 轴负端有较大幅度偏移;在封丘站的红壤比在海伦站的红壤对碳源的利用向 PC2 轴的正端仅发生了小幅度漂移。由表 3 可见,7 种碳源与主成分 2 具有显著相关性,其中碳源 L-苯基丙氨酸、L-天冬酰氨酸和苯乙基胺是含氮化合物。鹰潭站红壤与海伦站、封丘站红壤相比,有效态氮含量差异比较大,可能是导致其中微生物群落对 3 种含氮化合物代谢产生较大差异的主要原因。封丘站红壤中微生物群落落在 PC1 轴正方向,与海伦站和鹰潭站的红壤相比,发生了较大偏移,说明封丘站红壤中微生物群落对与主成分 1 显著正相关的碳源代谢能力相对较强。

施肥处理中,红壤在 3 种水热条件下的微生物代

谢特征较为接近,尤其封丘站和鹰潭站红壤中微生物群落聚在一起。说明与不施肥处理相比,施肥后,红壤受不同水热条件影响,微生物群落碳源代谢功能未发生明显变化。Cadavid 等^[19]在贫瘠沙地土壤上种植木薯,施 N、P、K 肥可显著提高根系和地上部生物量,减少根系分泌有毒物质。施用 NPK 肥,不但为土壤提供了丰富的氮源,而且玉米根系的分泌物和脱落物也更多地进入土壤,为微生物提供比不施肥处理相对多的有效氮素和碳源,土壤具备适合微生物生长所需合适 C/N 的环境,微生物得到丰富和稳定,可能是造成微生物群落碳源代谢特征相似的原因。徐华勤等^[20]利用 Biolog 方法对茶园土壤(红壤)微生物碳源利用多样性的主成分分析发现,稻草覆盖后有机无机肥配施为微生物提供了丰富碳源和氮源,微生物对碳源利用与清耕形成明显区别。

与主成分 1 和主成分 2 具有较高相关系数的碳源见表 3。由表 3 可以看出,对主成分 1 和主成分 2 起分异作用的主要碳源是碳水化合物和羧酸类物质,其次是多聚物和氨基酸。

表 3 红壤中与 PC1 和 PC2 相关显著的主要培养基

Table 3 Main substrates in red soils significantly correlated to PC1 and PC2

PC1	<i>r</i>	PC2	<i>r</i>
碳水化合物		碳水化合物	
D-纤维二糖	0.930	D-甘露醇	-0.876
α-D-乳糖	0.903	D,L-α-甘油	0.679
B-甲基-D-葡萄糖苷	0.923	羧酸	
葡萄糖-1-磷酸盐	0.910	衣康酸	0.907
N-乙酰基-D-葡萄糖胺	0.788	α-丁酮酸	0.898
羧酸		氨基酸	
丙酮酸甲酯	-0.832	L-苯基丙氨酸	0.761
γ-羟基丁酸	0.850	L-天冬酰氨酸	-0.727
D-苹果酸	-0.936	胺类	
多聚物		苯乙基胺	0.779
吐温 40	-0.806		
吐温 80	-0.847		

3 结论

(1)对红壤在我国东部 3 个气候条件下的土壤置换试验表明,在玉米抽雄期,暖温带(封丘)红壤中微生物群落活性显著高于温带(海伦)和中亚热带(鹰潭)红壤;施肥处理,温带(海伦)红壤中微生物群落活性高于中亚热带(鹰潭)红壤,不施肥处理,趋势相反。

这与 3 个站点的温度和红壤中有效养分含量的变化趋势一致。

(2)不施肥处理,水热条件的变化导致红壤中的微生物群落代谢特征出现显著差异,起分异作用的主要碳源为:碳水化合物和羧酸类物质,L-苯基丙氨酸、L-天冬酰胺和苯乙基胺是红壤中微生物群落代谢差异显著的含氮化合物;施肥处理,红壤在 3 种水热条件下的微生物代谢特征比较接近。

(3)初步结果显示,与不施肥处理相比,均衡施用 N、P、K 肥后,有利于提高红壤中微生物群落代谢的总体活性和稳定性,降低因水热条件变化对微生物群落利用碳氮化合物的影响。

对于气候条件和施肥对土壤微生物群落的长期影响还需要进一步研究,以期根据气候条件制定合理的施肥措施,创造有利于土壤微生物生长繁育和稳定的土壤生态化学环境。

参考文献:

- [1] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterization of microbial communities in soil: a review[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999(29): 111-129.
- [2] Lundquist E J, Jackson L E, Scow K M, et al. Changes in microbial biomass and community composition, and soil carbon and nitrogen pools after incorporation of rye into three California agricultural soils[J]. *Soil Biol Biochem*, 1999(31): 221-236.
- [3] Papatheodorou E M, Argyropoulou M D, Stamou G P. The effects of large- and small-scale differences in soil temperature and moisture on bacterial functional diversity and the community of bacterivorous nematodes[J]. *Applied Soil Ecology*, 2004(25): 37-49.
- [4] Li X Z, Pariente S. Arylsulfatase activity of soil microbial biomass along a mediterranean-arid transect[J]. *Soil Biol Biochem*, 2003(35): 925-934.
- [5] Li X Z, Pariente S. Enzyme activities along a climatic transect in the Judean Desert[J]. *Catena*, 2003, 53: 349-363.
- [6] Ibekwe A M, Kennedy A C, Frohne P S. Microbial diversity along a transect of agronomic zones[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2002, 39: 183-191.
- [7] 赵其国. 红壤物质循环及其调控[M]. 北京: 科学出版社, 2002: 495. ZHAO Qi-guo. Substance circulation and control on red soil[M]. Beijing: Science Press, 2002: 495.
- [8] Garland J L, Mills A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community level sole-carbon-source-utilization[J]. *Appl Environ Microb*, 1991, 57: 2351-2359.
- [9] Ibekwe A M, Kennedy A C. Phospholipid fatty acid profiles and carbon utilization patterns for analysis of microbial community structure under field and greenhouse conditions[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1998(26): 151-163.
- [10] Haack S K, Garchow H, Klug M J, et al. Analysis of factors affecting the accuracy, reproducibility, and interpretation of microbial community carbon source utilization patterns [J]. *Appl Environ Microb*, 1995, 61: 1458-1468.
- [11] 曾曙才, 吴启堂. 华南赤红壤无机复合肥氮磷淋失特征 [J]. 应用生态学报, 2007, 18(5): 1015-1020. ZENG Shu-cai, WU Qi-tang. Leaching characteristics of nitrogen and phosphorus in inorganic compound fertilizer from latosolic red soil in South China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, 18(5): 1015-1020.
- [12] 林清火, 罗 微, 屈 明, 等. 尿素在砖红壤中的淋失特征 II —— NO_3^- -N 的淋失[J]. 农业环境科学学报, 2005, 24(4): 638-642. LIN Qing-huo, LUO Wei, QU Ming, et al. Leaching characters of NO_3^- -N in latosol after applying urea II. Loss of NO_3^- -N by leaching[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2005, 24(4): 638-642.
- [13] 彭克明. 农业化学(总论)[M]. 北京: 农业出版社, 1998: 22-23. PENG Ke-ming. Agricultural chemistry (pandect)[M]. Beijing: Agricultural Publishing House, 1998: 22-23.
- [14] 周 静, 崔 键, 王国强, 等. 春秋红壤旱地氨挥发对氮施用量、气象因子的响应[J]. 土壤学报, 2007, 44(3): 499-507. ZHOU Jing, CUI Jian, WANG Guo-qiang, et al. Ammonia volatilization in relation to N application rate and climate factors in upland red soil in spring and autumn[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2007, 44(3): 499-507.
- [15] Larkin R P. Characterization of soil microbial communities under different potato cropping systems by microbial population dynamics, substrate utilization, and fatty acid profiles[J]. *Soil Biol Biochem*, 2003(35): 1451-1466.
- [16] 王晓龙, 胡 锋, 李辉信, 等. 红壤小流域不同土地利用方式对土壤微生物量碳氮的影响[J]. 农业环境科学学报, 2006, 25(1): 143-147. WANG Xiao-long, HU Feng, LI Hui-xin, et al. Effects of different land used patterns on soil microbial biomass carbon and nitrogen in small red soil watershed[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2006, 25(1): 143-147.
- [17] Marschner B, Bredow A. The effects on release and ecologically relevant properties of dissolved organic carbon in sterilized and biologically active soil samples[J]. *Soil Biol Biochem*, 2002(34): 459-466.
- [18] Jynch J M, Whipp J M. Substrate flow in the rhizosphere[J]. *Plant Soil*, 1990, 129: 1-10.
- [19] Cadavid L F, El-Sharkawy M A, Acosta A, et al. Long-term effects of mulch, fertilization and tillage on cassava grown in sandy soils in northern Colombia[J]. *Field Crops Research*, 1998(57): 45-56.
- [20] 徐华勤, 肖润林, 邹冬生, 等. 长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(8): 3355-3361. XU Hua-qin, XIAO Run-lin, ZOU Dong-sheng, et al. Effects of long-term fertilization on functional diversity of soil microbial community of the tea plantation[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(8): 3355-3361.