

河南省冬小麦土壤生物活性对滴灌方式的响应

朱晓艳^{1,2}, 任 萍^{1*}, 林同保^{2*}

(1. 中国农业科学院农业资源与农业区划研究所, 食用菌遗传育种与微生物资源利用研究室, 北京 100081; 2. 河南农业大学农学院, 河南省粮食作物生理生态与遗传改良重点实验室, 河南粮食作物协同创新中心, 河南 郑州 450002)

摘 要: 研究河南省井灌区冬小麦土壤生物活性对滴灌方式的响应, 为该区最佳滴灌方式选择提供土壤生物学依据。在田间设置 2 个滴灌定额水平 (I: 127.5 mm、90 mm) 和 2 个滴灌带间距水平 (D: 80 cm、60 cm), 在冬小麦开花期、灌浆期和成熟期采集耕层土壤, 测定细菌、真菌、放线菌 3 种土壤微生物数量和转化酶、脲酶、磷酸酶、水解酶 (CAT)、脱氢酶、氧化还原酶 (PPO) 6 种土壤酶活性及小麦产量。结果表明: 1) $I_{127.5}D_{80}$ 处理的土壤细菌、放线菌生长最旺盛, $I_{90}D_{60}$ 处理次之。尤其在成熟期, $I_{127.5}D_{80}$ 处理的细菌、放线菌数量比 $I_{127.5}D_{60}$ 处理分别显著提高 5.48 倍和 10.04 倍; 2) $I_{127.5}D_{80}$ 处理成熟期脱氢酶活性显著高于其余处理, 开花期和灌浆期 CAT 活性均显著低于其余处理。其中, 成熟期脱氢酶活性较 $I_{127.5}D_{60}$ 、 $I_{90}D_{60}$ 、 $I_{90}D_{80}$ 处理分别提高 208.33%、50%、18.09%, 开花期和灌浆期 CAT 活性分别降低 43.52%、46.74%、55.91% 和 53.25%、10.88%、55.12%; 3) 土壤生物学响应系数与小麦产量呈极显著正相关关系, $I_{127.5}D_{80}$ 处理土壤生物学响应系数、小麦产量均最高, 是最佳的滴灌方式。

关键词: 节水; 滴灌; 土壤微生物; 土壤酶

中图分类号: S154; S512.1

文献标识码: A

文章编号: 1673-6257 (2017) 06-0051-07

作为“中国粮仓”的河南省, 小麦种植面积和产量位列全国之首, 在我国粮食安全的保障上占居重要地位^[1]。河南省年平均降水量 500 ~ 900 mm, 年蒸发量 1 300 ~ 2 100 mm, 水资源人均占有量是全国平均水平的 1/5^[2], 属于严重缺水省份。区内小麦生长的主要需水期和降水期错位导致小麦生产无法靠天进行, 合理灌溉是小麦高产、稳产的决定因素^[3-4]。按照国家水利部的总体安排, 河南省在 2013 ~ 2017 年期间, 发展以地理低压管道灌溉、喷灌、微灌为工程模式的高效节水灌溉 60 万 hm^2 。目前, 河南省农田的有效灌溉面积 530 多万 hm^2 , 高效节水灌溉面积有 66 万 hm^2 左右^[5], 适合本区小麦种植的高效节水灌溉技术研究在近几年才开始, 与实际生产需求差距较大, 并且已开展的研究工作侧重于作物地上生物量、品质和产量以及土壤结构

和养分的变化^[4], 很少涉及土壤生物学性状, 特别是土壤微生物和土壤酶的研究。

众所周知, 灌溉会改变土壤的水、肥、气、热等条件, 影响土壤的通气、透水、蓄水保肥能力, 调控土壤生物活性的强弱^[6-7], 不合理灌溉会造成水资源浪费、土壤团粒结构破坏和肥力降低等, 给土壤质量带来不利的影响。崔萌等^[8]研究表明, 适宜的土壤水分能提高土壤脲酶、酸性磷酸酶、转化酶活性; 万忠梅等^[9]研究发现, 土壤酸性磷酸酶、蔗糖酶和脲酶活性随着土壤水分增加而降低, 但过氧化氢酶活性随着土壤含水量增加而增加; 叶德练等^[10]在研究不同水分管理方式对小麦产量及产量因子的影响中发现, 免耕条件下灌溉方式与灌溉量显著影响了土壤微生物活性, 从而调节了冬小麦产量形成。良好的土壤生态体系构建是土壤质量健康的前提和基石, 土壤微生物是土壤中活的生命体, 在土壤肥力的转化中不可或缺, 通常认为土壤微生物是土壤酶的主要来源之一, 土壤酶是土壤中具有催化功能的活性物质, 土壤微生物和土壤酶作为土壤质量评价的重要生物学指标^[11-12], 可以灵敏、及时、准确地响应土壤变化, 已在土壤培肥研究方面广为

收稿日期: 2017-02-16; 最后修订日期: 2017-03-21

基金项目: 国家公益性行业 (农业) 科研专项 (201503120, 201203077-03)。

作者简介: 朱晓艳 (1990-), 女, 河南省安阳人, 硕士, 研究方向为土壤微生物和土壤酶。E-mail: zhuxiaoyanxy@163.com。

通讯作者: 任萍, E-mail: renping01@caas.cn; 林同保, E-mail: Lintongbao@126.com。

应用^[13-17]。土壤生物学指标与土壤化学指标、土壤物理指标的三体合一,可以为合理的培肥措施筛选和土壤“地力常新”保持技术提供更为客观、全面、稳定的评价手段。因此,本文在河南省井灌区大田试验条件下,通过对土壤微生物和土壤酶指标的分析,考察了不同滴灌方式对冬小麦土壤生物学性状产生的影响,为高效节水灌溉技术优化提供土壤生物学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于河南农业大学堤湾试验站(34°87'N, 113°60'E),属于华中平原区,为北温带大陆性季风气候,年日照时数 2 181.7 h,年均气温 14.4℃,年均降水量为 632.3 mm,其中冬小麦自播种至收获总降水量为 223.5 mm。试验地土壤为壤土,土壤基本理化性质如下:pH 值 6.21,有机质 15.86 g/kg,全氮 0.97 g/kg,有效磷 69.56 mg/kg,速效钾 155.17 mg/kg。

1.2 试验设计

试验因素主要考虑滴灌带间距和灌溉定额,滴灌定额设置 2 个水平:127.5 mm ($I_{127.5}$) 和 90 mm (I_{90});滴灌带间距设置 2 个水平:60 cm (D_{60}) 和 80 cm (D_{80});共 4 个处理分别为: $I_{127.5}D_{60}$ 、 $I_{127.5}D_{80}$ 、 $I_{90}D_{60}$ 、 $I_{90}D_{80}$ 。其中,每个处理 3 次重复,采用随机区组设计。每个小区的长为 30 m,宽为 5 m,小区间设 1 m 保护行。采用内镶式滴灌带,其直径为 16 mm,滴头间距 30 cm,工作压力 0.1 MPa,滴头流量为 2.5 L/h。灌水量用水表控制。冬小麦品种为豫麦 22,2014 年 10 月 17 日播种,播种量为 210 kg/hm²,播种前施 17-17-17 平衡基肥 750 kg/hm²,拔节期追施氮肥 112 kg/hm²,为确保所有处理小区冬小麦一次性出苗,本试验于冬小麦出苗期漫灌灌水 75 mm,拔节期后各小区依照试验方案(表 1)进行灌溉。其他管理同当地高产田,2015 年 6 月 3 日收获。

1.3 土壤样品采集及分析

1.3.1 土壤样品采集

在小麦开花期(2015-04-25)、灌浆期(2015-05-19)和成熟期(2015-05-29),用直径 5 cm 的土钻在小麦行间中部取耕层(0~20 cm)土样,各处理按“S”型 5 点取样,混合装袋后室温下自然风干,过 0.50 mm 筛,用于土壤微生物及土壤酶活性的测定。

表 1 冬小麦不同生育期滴灌量 (mm)

处理	拔节期 (2015-03-08)	开花期 (2015-04-10)	灌浆期 (2015-05-04)	滴灌灌溉定额
$I_{127.5}D_{60}$	60	45	22.5	127.5
$I_{127.5}D_{80}$	60	45	22.5	127.5
$I_{90}D_{60}$	45	22.5	22.5	90
$I_{90}D_{80}$	45	22.5	22.5	90

1.3.2 可培养土壤微生物群落数量

采用平板菌落计数法^[18]进行,其中细菌、放线菌、真菌分别使用牛肉膏蛋白胨(NA)培养基、改良高氏 1 号培养基、马丁-孟加拉红培养基。计算结果均以每克干土中的菌落数(CFU/g)表示。

1.3.3 土壤酶活性

选取了与土壤碳、氮、磷代谢有密切关系的转化酶、脲酶、磷酸酶活性和与土壤生物呼吸、逆境胁迫、有机物料降解密切相关的脱氢酶、水解酶(CAT)和氧化还原酶(PPO)活性,来表征总体土壤酶活性。酶活性的测定参考关松荫^[19]的方法,其中,转化酶采用 3,5-二硝基水杨酸(DNS)比色法,活性用 48 h 后每克土中葡萄糖的毫克数表示;脲酶采用苯酚-次氯酸钠比色法,活性用 72 h 后每克土中铵态氮的毫克数表示;磷酸酶采用磷酸苯二钠(PNPP-2Na)比色法,活性用 1 h 后每克土中苯酚的毫克数表示;脱氢酶采用 TTC 比色法,活性用 48 h 后每克土中的 TTC 毫克数表示;CAT 采用 H₂O₂ 比色法,活性用 40 h 后每克土分解的 H₂O₂ 毫克数表示;PPO 采用邻苯二酚比色法,活性用 10 min 内土壤样品与土壤空白吸光值的差值表示。

1.4 统计分析

用多属性决策法^[20-21]分别对微生物数量和酶活性进行归一化处理,具体方法如下:首先将相应样本微生物数量和土壤酶活性分别进行归一化,得到单个样本的归一化微生物数值和归一化酶活性值,计算公式为: $xi' = xi / \sum_{i=1}^{12} xi (i = 1, 2, 3, \dots, 12)$ (1);然后分别把每个样本归一化的 3 个微生物数值和归一化酶活性值相加后取算术平均值,得到单个样本归一化微生物和酶活性值。土壤生物学响应系数计算公式为: $X = \sum (Ix + Jx + Kx)$ (2),

式中: X 为生物学响应系数, I_x 、 J_x 、 K_x 分别表示冬小麦开花期、灌浆期和成熟期生物学响应系数。

试验数据用 Excel 2007 软件进行整理并作图, 用 SPSS 17.0 软件系统进行差异性检验、多重比较和相关性分析。

2 结果与分析

2.1 不同滴灌方式下冬小麦土壤微生物数量的变化

4 种处理土壤微生物计数结果如图 1 所示。随着冬小麦生育期的推进, 3 种微生物数量的变化趋势不完全相同, $I_{127.5}D_{80}$ 处理的土壤细菌和放线菌数量呈显著上升的趋势, 而其余处理到灌浆期以后无显著差异。4 种处理的土壤微生物总数在灌浆期均显著高于开花期, 较开花期分别提高 2.53、2.91、2.48 和 1.50 倍, 但从灌浆期到成熟期的土壤微生物总数, 除了 $I_{127.5}D_{80}$ 处理提高 3.47 倍外, 其余处理均无显著差异。

灌溉定额和滴灌带间距均能显著影响土壤微生物数量 (图 1), 不同微生物对滴灌方式响应程度也不一样, 其中, 放线菌最灵敏, 细菌次之, 真菌

最迟钝。在灌溉定额一致情况下, 与 $I_{127.5}D_{60}$ 处理相比, $I_{127.5}D_{80}$ 处理的土壤细菌数量在灌浆期和成熟期分别提高 1.35 和 5.48 倍, 土壤放线菌数量在灌浆期和成熟期分别提高 2.43 和 10.05 倍, 土壤真菌数量在开花期降低 51.17%、在成熟期差异不显著; $I_{90}D_{80}$ 处理较 $I_{90}D_{60}$ 处理的土壤细菌数量在冬小麦全生育期差异不显著, 土壤放线菌数量在灌浆期和成熟期分别降低 42.05% 和 46.77%, 土壤真菌数量在开花期和成熟期分别增加 11.59% 和 121.03%。当滴灌带间距相同时, 与 $I_{90}D_{80}$ 处理相比, $I_{127.5}D_{80}$ 处理的土壤细菌和放线菌数量在成熟期分别提高 2.34 和 3.84 倍、开花期和灌浆期差异不显著, 土壤真菌数量在开花期和成熟期分别降低 32.47% 和 46.40%、灌浆期无显著差异; $I_{127.5}D_{60}$ 处理较 $I_{90}D_{60}$ 土壤细菌数量在成熟期降低 39.47%、开花期和灌浆期无显著差异, 土壤放线菌数量在灌浆期和成熟期分别降低 59.38% 和 79.68%、在开花期差异不大, 土壤真菌数量开花期差异显著提高 54.35%。这说明与 $I_{127.5}D_{60}$ 、 $I_{90}D_{80}$ 处理相比, $I_{127.5}D_{80}$ 处理更有利于土壤细菌、放线菌的生长, 抑制真菌的增长, 土壤向细菌类型演变; 与 $I_{90}D_{60}$ 处理相比, $I_{127.5}D_{60}$ 和 $I_{90}D_{80}$ 处理更有利于真菌的增长。

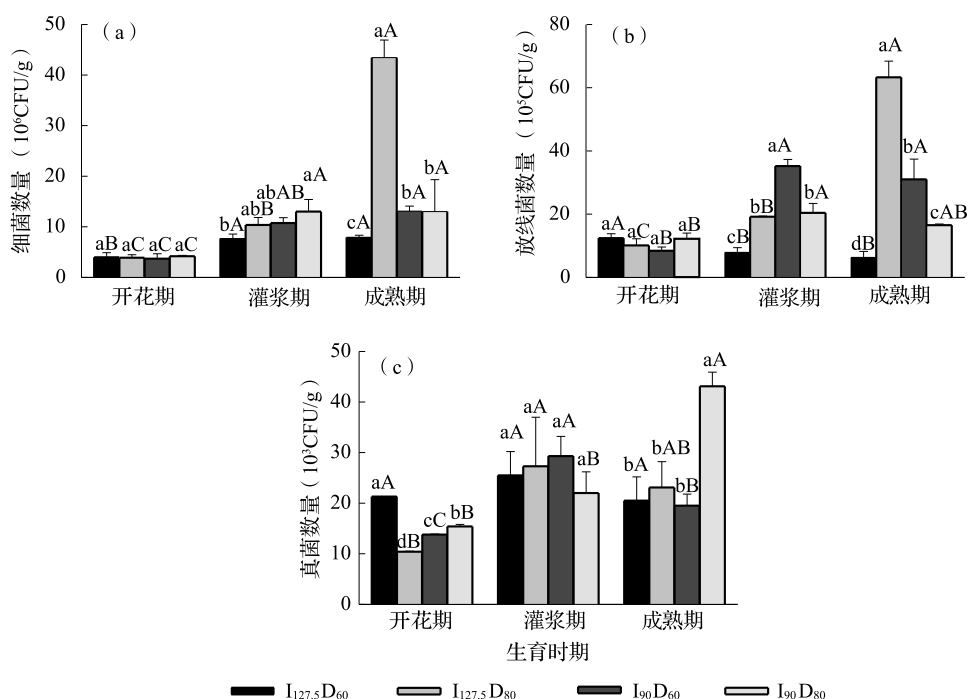


图 1 不同滴灌方式下冬小麦土壤微生物数量的变化

注: 英文小写字母不同表示同一生育期不同处理间某种微生物数量差异显著 ($P < 0.05$); 同一处理英文大写字母不同表示该处理不同生育期间某种微生物数量差异显著 ($P < 0.05$), 误差限表示 SD 值。

2.2 不同滴灌方式下冬小麦土壤酶活性的变化

土壤酶活性的分析测定结果如表 2 所示。可以看出,灌溉定额和滴灌带间距显著影响土壤 CAT 和脱氢酶活性,而土壤转化酶、脲酶、磷酸酶和 PPO 活性无显著性规律。

高灌溉定额 $I_{127.5}$ 时,滴灌带间距 D_{80} 比 D_{60} 处理土壤磷酸酶活性在灌浆期和成熟期分别显著提高 31.71% 和 10.91%、在开花期差异不显著,土壤转化酶活性在开花期和成熟期分别提高 28.16% 和 238.54%、在灌浆期差异不显著,土壤脲酶活性在冬小麦整个生育期差异不显著;低灌溉定额 I_{90} 时,滴灌带间距 D_{80} 比 D_{60} 处理的土壤磷酸酶活性在开花期、灌浆期和成熟期分别降低 14.29%、13.56% 和 8.77%,土壤转化酶活性在灌浆期降低 19.86%、在开花期和成熟期差异不显著,土壤脲酶活性在开花期提高 30.77%、在灌浆期和成熟期差异不大。当滴灌带间距为 80 cm 时,高灌溉定额 $I_{127.5}$ 比低定额 I_{90} 处理的土壤磷酸酶活性在开花期和成熟期差异显著、分别提高 13.89% 和 17.31%,土壤脲酶活性在灌浆期提高 26.32%、在开花期和成熟期差异不显著,而土壤转化酶活性在冬小麦整个生育期差异不显著;滴灌带间距为 60 cm 时,相比 $I_{90} D_{60}$,

$I_{127.5} D_{60}$ 处理的土壤磷酸酶活性在灌浆期显著降低 30.51%,土壤转化酶活性在开花期和成熟期分别显著降低 29.80% 和 79.56%,土壤脲酶活性在冬小麦整个生育期差异不大。

在灌溉定额一致情况下,与 $I_{127.5} D_{60}$ 处理相比, $I_{127.5} D_{80}$ 处理土壤 CAT 活性开花期和灌浆期分别显著降低 43.53% 和 53.25%,土壤脱氢酶活性灌浆期和成熟期分别显著提高 1.19 和 3.08 倍,土壤 PPO 活性在冬小麦整个生育期差异均不显著,但 $I_{127.5} D_{80}$ 处理较 $I_{127.5} D_{60}$ 处理在开花期和灌浆期均有不同程度的提高,分别为 5.62% 和 13.06%; $I_{90} D_{80}$ 处理较 $I_{90} D_{60}$ 处理的土壤 CAT 活性在灌浆期提高 49.64%,土壤脱氢酶活性在成熟期差异不显著、但提高了 27.03%,土壤 PPO 活性在开花期显著降低 13.34%、灌浆期和成熟期均无显著差异。当滴灌带间距相同时,与 $I_{90} D_{80}$ 处理相比, $I_{127.5} D_{80}$ 处理土壤 CAT 活性在开花期和灌浆期分别显著降低 46.74% 和 55.12%,土壤脱氢酶活性在灌浆期显著降低 21.90%,土壤 PPO 活性在冬小麦整个生育期差异不显著; $I_{127.5} D_{60}$ 处理较 $I_{90} D_{60}$ 土壤 CAT 活性在灌浆期提高 90.62%,土壤脱氢酶活性在成熟期降低 51.35%,土壤 PPO 活性在冬小麦全生育期差异不大。

表 2 不同滴灌方式下土壤酶活性

参数	生育期	$I_{127.5} D_{60}$	$I_{127.5} D_{80}$	$I_{90} D_{60}$	$I_{90} D_{80}$
转化酶 (GLU mg/g)	开花期	38.10 ± 7.82bA	48.83 ± 2.38aA	54.27 ± 5.09aA	53.07 ± 2.85aA
	灌浆期	32.33 ± 2.24abA	31.97 ± 2.11abC	34.90 ± 2.76aB	27.97 ± 2.75bB
	成熟期	9.60 ± 2.26bB	32.50 ± 0.95aC	46.97 ± 8.87aAB	45.43 ± 11.92aAB
脲酶 (NH_4^+ mg/g)	开花期	0.15 ± 0.03abB	0.17 ± 0.02aC	0.13 ± 0.01bC	0.17 ± 0.01aA
	灌浆期	0.21 ± 0.03abA	0.24 ± 0.02aA	0.23 ± 0.01abA	0.19 ± 0.04bA
	成熟期	0.22 ± 0.01aA	0.21 ± 0.01aB	0.18 ± 0.02aB	0.24 ± 0.06aA
磷酸酶 (酚 mg/g)	开花期	0.38 ± 0.03abB	0.41 ± 0.01aC	0.42 ± 0.02aB	0.36 ± 0.02bB
	灌浆期	0.41 ± 0.02cB	0.54 ± 0.02bB	0.59 ± 0.02aA	0.51 ± 0.01bA
	成熟期	0.55 ± 0.00bA	0.61 ± 0.01aA	0.57 ± 0.01bA	0.52 ± 0.02cA
CAT (H_2O_2 mg/g)	开花期	63.32 ± 16.94aA	35.76 ± 15.91bA	67.14 ± 31.40aA	81.10 ± 25.57aA
	灌浆期	81.28 ± 22.81aA	38.00 ± 7.70bA	42.64 ± 15.93bA	84.67 ± 28.55aA
	成熟期	74.20 ± 31.39aA	75.88 ± 38.84aA	46.83 ± 14.41bA	70.69 ± 32.29aA
脱氢酶 (TTF mg/g)	开花期	0.60 ± 0.03aC	0.55 ± 0.21aB	0.53 ± 0.05aB	0.74 ± 0.14aA
	灌浆期	0.88 ± 0.23bB	1.05 ± 0.15aA	0.86 ± 0.17bA	0.82 ± 0.17bA
	成熟期	0.36 ± 0.11cC	1.11 ± 0.20aA	0.74 ± 0.05bAB	0.94 ± 0.12abA
PPO (U/min)	开花期	6.22 ± 0.33bA	6.57 ± 0.38abA	6.82 ± 0.33aA	5.91 ± 0.04bcA
	灌浆期	4.67 ± 0.45bB	5.28 ± 0.39abB	5.57 ± 0.20aB	5.36 ± 0.25abA
	成熟期	4.86 ± 0.55aB	4.89 ± 0.52aB	5.45 ± 0.33aB	5.69 ± 0.31aA

注:英文小写字母不同表示同一生育期不同处理间某种酶活性差异显著 ($P < 0.05$);同一处理英文大写字母不同表示该处理不同生育期间某种酶活性差异显著 ($P < 0.05$)。

2.3 不同滴灌方式下土壤生物学响应系数和小麦产量的变化

采用 1.4 的统计分析方法对上述结果中表现出规律性的土壤微生物和土壤酶数据进行归一化处理，计算土壤生物学响应系数。4 种处理的土壤微生物、土壤酶响应系数和小麦产量数据列于表 3。可以看出：脱氢酶、土壤微生物在成熟期

响应最灵敏；土壤 CAT 在开花期和灌浆期响应最强，成熟期各处理间差异不明显。不同滴灌方式下，土壤生物学响应系数由大到小顺序依次为 $I_{127.5}D_{80} > I_{90}D_{60} > I_{90}D_{80} > I_{127.5}D_{60}$ 处理，小麦产量由高到低顺序为 $I_{127.5}D_{80} > I_{90}D_{60} > I_{90}D_{80} > I_{127.5}D_{60}$ 处理。 $I_{127.5}D_{80}$ 处理的土壤生物学响应系数和小麦产量均最高， $I_{90}D_{60}$ 处理次之。

表 3 不同滴灌方式下土壤生物学响应系数及小麦产量

响应系数	生育期	$I_{127.5}D_{60}$	$I_{127.5}D_{80}$	$I_{90}D_{60}$	$I_{90}D_{80}$
土壤微生物	开花期	1.20 ± 0.16a	0.86 ± 0.04b	0.92 ± 0.15ab	1.07 ± 0.06ab
	灌浆期	0.61 ± 0.16c	0.97 ± 0.23ab	1.28 ± 0.13a	1.03 ± 0.18ab
	成熟期	0.49 ± 0.08c	1.90 ± 0.06a	0.92 ± 0.10b	1.08 ± 0.01b
脱氢酶	开花期	0.99 ± 0.06a	0.91 ± 0.34a	0.87 ± 0.08a	1.22 ± 0.23a
	灌浆期	0.97 ± 0.26a	1.17 ± 0.16a	0.95 ± 0.19a	0.91 ± 0.18a
	成熟期	0.46 ± 0.14c	1.41 ± 0.25a	0.94 ± 0.06b	1.19 ± 0.15ab
CAT	开花期	-1.02 ± 0.27a	-0.58 ± 0.26a	-1.09 ± 0.51a	-1.31 ± 0.45a
	灌浆期	-1.32 ± 0.37b	-0.62 ± 0.12a	-0.69 ± 0.26a	-1.37 ± 0.46b
	成熟期	-1.11 ± 0.47a	-1.13 ± 0.58a	-0.70 ± 0.22a	-1.06 ± 0.48a
土壤生物学响应系数		1.27 ± 0.11d	4.89 ± 0.17a	3.40 ± 0.02b	2.76 ± 0.12c
小麦产量		8 227.5 ± 847.5a	9 334.65 ± 653.1a	9 164.4 ± 566.55a	8 936.4 ± 495.45a

注：英文小写字母不同表示同一生育期不同处理间某种响应系数差异显著 ($P < 0.05$)；小麦产量单位 kg/hm²。

3 讨论

3.1 土壤生物活性对滴灌方式的响应

土壤微生物作为土壤物质转化和能量循环的主要驱动因子，能够灵敏地指示土壤的健康状况^[11,22]。土壤脱氢酶活性与土壤微生物丰度关系密切，其活性高低是土壤生物细胞活性强弱的反映。二者均直接受土壤水、肥、气、热条件的影响，而灌溉可通过改变土壤含水量、通气性等理化性质进而调节土壤水、肥、气、热状况^[23-26]。因此，只有在最适的灌溉方式下，土壤微生物数量和土壤脱氢酶活性才会最高。本研究发现，4 种滴灌处理成熟期的土壤微生物数量和脱氢酶活性能更好地响应滴灌方式变化，相对于“高配窄”（ $I_{127.5}D_{60}$ ）和“低配宽”（ $I_{90}D_{80}$ ），“高配宽”（ $I_{127.5}D_{80}$ ）和“低配窄”（ $I_{90}D_{60}$ ）更有利于土壤微生物数量和脱氢酶活性的提高，这主要是在“高配宽”和“低配窄”匹配条件下灌水更有利于土壤水分的入渗和土壤水、气、热状态的调整，进而促进了成熟期土壤微生物数量和脱氢酶活性的提高。开花期、灌浆期

（均在灌水 15 d 后采样）土壤微生物数量和脱氢酶活性变化无规律，可能是采样时间距灌水时间较短，灌水带来的土壤水分波动对土壤微生物和脱氢酶影响较大，而成熟期土样在灌溉结束 25 d 后采集，距离最后一次灌水时间较长，由灌水带来的土壤水分波动影响小，进而显现出上述规律。因此，在灌水 3~4 周后采集土样进行土壤生物指标检测可能更为合理。

土壤 CAT 是参与土壤水分胁迫缓解的重要酶类，土壤水分波动时 CAT 活性升高是土壤自身缓解干旱胁迫的应激反应^[27-28]。因此，土壤水分波动越小，水、气、热状态越适宜时，CAT 活性越低。本研究发现，开花期和灌浆期土壤 CAT 活性对滴灌方式的响应更为灵敏，相对于 $I_{127.5}D_{60}$ 和 $I_{90}D_{80}$ 处理， $I_{127.5}D_{80}$ 和 $I_{90}D_{60}$ 处理开花期和灌浆期土壤 CAT 活性更低，可见，后两个处理土壤水、气、热状态更好，此规律与土壤微生物和脱氢酶对滴灌方式的响应相耦合。成熟期 4 种处理土壤 CAT 活性差异不显著，可能成熟期采样时间与最后一次灌水时间已隔 25 d，这时土壤水、气、热达到稳定而又适宜的

状态,所以4种处理土壤CAT在成熟期差异不大。因此,在灌水前后采样并测定土壤CAT活性能更真实地反映土壤水分适宜程度。此外,土壤转化酶、脲酶、磷酸酶和PPO活性变化无明显规律,可能是因为各处理培肥措施相同,土壤中没有额外施入有机物料所致。

3.2 土壤生物学响应系数与小麦产量之间的关系

土壤微生物和土壤酶是土壤肥力的重要生物学衡量指标,许多研究表明,由施肥措施激发的土壤生物学响应与作物产量间存在显著或极显著正相关关系^[29-31]。在本研究中,由滴灌措施激发的土壤生物学响应与作物产量同样具有极显著正相关关系。说明“滴灌措施—土壤生物活性—土壤养分转化循环—作物产量”之间存在多米诺骨牌式的连锁效应。

4 结论

本研究4种滴灌处理的土壤微生物(细菌、放线菌、真菌)数量和土壤脱氢酶、CAT活性存在显著性差异。其中,土壤微生物数量和土壤脱氢酶活性在成熟期响应最为灵敏,而土壤CAT活性响应最灵敏的时期是在开花期和灌浆期。滴灌灌溉定额127.5 mm、滴灌带间距80 cm的滴灌处理土壤生物学响应系数和小麦产量均达到最高,是4种滴灌处理中最佳的灌溉方式。

参考文献:

- [1] 安磊. 河南省小麦种业市场结构及其调整研究 [D]. 武汉: 华中师范大学, 2015.
- [2] 雷巧, 韩燕来, 谭金芳, 等. 不同水分条件下保水剂对冬小麦产量及水分利用效率的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2014, (3): 78-83.
- [3] 赵海燕, 侯美亭, 王志伟, 等. 利用 CERES - Wheat 模型分析冬小麦所需灌溉量的时空变化——以河南省为例 [J]. 干旱地区农业研究, 2015, 33 (4): 125-133.
- [4] 孙文彦, 宁东峰, 李志杰, 等. 不同灌溉措施对黄淮海地区冬小麦水氮利用及产量和品质的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2013, (4): 48-53.
- [5] 董学彦. 迎接水利事业大发展的春天——写在省委、省政府《关于加快水利改革发展的实施意见》颁布之际 [J]. 河南水利与南水北调, 2011, (3): 11.
- [6] 吕贻忠, 李保国. 土壤学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [7] Dexter A R. Advances in characterization of soil structure [J]. Soil & Tillage Research, 1988, 11 (3-4): 199-238.
- [8] 崔萌, 李忠佩, 车玉萍, 等. 不同水分状况下红壤水稻土中有机物料分解及酶活性的变化 [J]. 安徽农业科学, 2008, 36 (22): 9634-9636.
- [9] 万忠梅, 宋长春, 郭跃东, 等. 毛苔草湿地土壤酶活性及活性有机碳组分对水分梯度的响应 [J]. 生态学报, 2008, 28 (12): 5980-5986.
- [10] 叶德练, 齐瑞娟, 管大海, 等. 免耕冬小麦田土壤微生物特征和土壤酶活性对水分调控的响应 [J]. 作物学报, 2015, 41 (8): 1212-1219.
- [11] 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, (4): 413-418.
- [12] 张洪勋, 王晓谊, 齐鸿雁. 微生物生态学研究方法进展 [J]. 生态学报, 2003, 23 (5): 988-995.
- [13] 任旭琴, 陈伯清, 高军, 等. 凹土复配剂修复辣椒自毒作用的响应面优化及其机理研究 [J]. 中国土壤与肥料, 2015, (5): 88-93.
- [14] 鲁耀雄, 崔新卫, 范海珊, 等. 有机无机肥配施对湖南省晚稻生长、产量及土壤生物学特性的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2015, (5): 50-55.
- [15] 王暝琰, 吴洪生, 黄红英, 等. 秸秆育苗容器在土壤中降解对微生物区系的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2016, (4): 139-149.
- [16] 鲁耀雄, 涂晓嵘, 程新, 等. 稻草还田配施菌剂对晚稻生长和土壤酶活性的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2013, (6): 32-36.
- [17] 赵伟, 陈雅君, 王宏燕, 等. 定位培肥对黑土农田生态系统中土壤微生物活性的影响 [J]. 水土保持学报, 2010, (5): 233-237.
- [18] 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.
- [19] 关松荫. 土壤酶及其研究法 [M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [20] 徐泽水. 不确定多属性决策方法及应用 [M]. 北京: 清华大学出版社, 2004.
- [21] 靳振江, 邵继承, 潘根兴, 等. 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 [J]. 中国农业科学, 2012, 45 (18): 3773-3781.
- [22] 李显刚, 班镁光, 周泽英, 等. 土壤微生物生态学在农业中的应用研究综述 [J]. 中国土壤与肥料, 2015, (2): 5-11.
- [23] 王金凤, 康绍忠, 张富仓, 等. 控制性根系分区交替灌溉对玉米根区土壤微生物及作物生长的影响 [J]. 中国农业科学, 2006, 39 (10): 2056-2062.
- [24] Yancey P H, Clark M E, Hand S C, et al. Living with water stress: evolution of osmolyte systems [J]. Science, 1982, 217 (4566): 1214.
- [25] Schimel J P, Gullledge J M, Cleincurley J S, et al. Moisture effects on microbial activity and community structure in decomposing birch litter in the Alaskan taiga [J]. Soil Biology & Biochemistry, 1999, 31 (6): 831-838.
- [26] Hueso S, García C, Hernández T. Severe drought conditions

- modify the microbial community structure, size and activity in amended and unamended soils [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2012, 50: 167.
- [27] Hussain S S, Raza H, Afzal I, et al. Transgenic plants for abiotic stress tolerance: current status [J]. *Archives of Agronomy & Soil Science*, 2012, 58 (7): 693–721.
- [28] 朱杭申, 黄丕生. 土壤水分胁迫与水稻活性氧代谢 [J]. *南京农业大学学报*, 1994, 17 (2): 7–11.
- [29] 封海胜, 万书波, 左学青, 等. 花生连作土壤及根际主要微生物类群的变化及与产量的相关 [J]. *花生科技*, 1999, (S1): 277–283.
- [30] Verstraete W, Voets J P. Soil microbial and biochemical characteristics in relation to soil management and fertility [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1977, 9 (4): 253–258.
- [31] 杨丽娟, 须晖, 邱忠祥, 等. 菜田土壤酶活性与黄瓜产量的关系 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2000, 6 (1): 113–116.

Response of soil biological activities to drip irrigation in winter wheat of Henan province

ZHU Xiao-yan^{1,2}, REN Ping^{1*}, LIN Tong-bao^{2*} (1. Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agriculture Sciences, Laboratory of Edible Fungus Genetic and Breeding and Utilization of Microbial Resources, Beijing 100081; 2. College of Agronomy, Henan Agricultural University/Key Laboratory of Physiology, Ecology and Genetic Improvement of Food Crops in Henan Province, Collaborative Innovation Center of Henan Grain Crops, Zhengzhou Henan 450002)

Abstract: The purpose of this research is to study the effects of different drip irrigation methods on soil biological activities by a comparative analysis of soil microbial quantities and soil enzyme activities in well irrigation area of Henan. Two levels drip irrigation quota (I: 127.5 mm, 90 mm) and interval (D: 80 cm, 60 cm) were conducted, respectively. In total, 4 kinds of drip irrigation treatments were set up in the winter wheat field experiment. The topsoil samples of the treatments in winter wheat field were collected to analyze the quantities of soil bacteria, fungi and actinomycetes and the activities of soil enzymes (invertase, urease, phosphatase, CAT, dehydrogenase, PPO) during the periods of the flowering, filling and maturing of winter wheat. The soil microbial quantities, soil enzyme activities and wheat yield were determined and analyzed, respectively. The results showed that, 1) Soil bacteria and actinomycetes grew vigorously of $I_{127.5}D_{80}$, followed by $I_{90}D_{60}$, especially in the period of mature. Compared with $I_{127.5}D_{60}$, the quantities of soil bacteria and actinomycetes of $I_{127.5}D_{80}$ were increased by 5.48 times and 10.04 times, respectively; 2) The dehydrogenase activity of $I_{127.5}D_{80}$ treatment was significantly higher than those of other treatments in mature stage, and CAT activity was significantly lower than other treatments in flowering and filling stage. Compared to $I_{127.5}D_{60}$, $I_{90}D_{60}$, $I_{90}D_{80}$, the dehydrogenase activity of $I_{127.5}D_{80}$ treatments were increased by 208.33%, 50%, 18.09% in mature stage, respectively, CAT activity decreased by 43.52%, 46.74%, 55.91% and 53.25%, 10.88%, 55.12% in flowing and grain filling stage, respectively. 3) There was a significant positive correlation between the response coefficient of soil biology and wheat yield, both the response coefficient and wheat yield of $I_{127.5}D_{80}$ were the highest. In a word, $I_{127.5}D_{80}$ treatment is the optimal selection of drip irrigation.

Key words: water saving; drip irrigation; soil microorganism; soil enzyme