水分条件对水稻土微生物群落多样性及活性的影响*

刘岳燕　姚槐应†　黄昌勇
(浙江大学环境与资源学院, 杭州　310029)

摘　要　采用 BIOLOG 碳素利用法、磷脂脂肪酸(PLFA)法和土壤酶活性测定等方法比较了三种水分条件(淹育、淹育晾干、非淹育)对水稻土微生物群落多样性及活性的影响。结果表明, 淹育处理水稻土的脱氢酶、蔗糖酶活性明显高于淹育晾干和非淹育处理, 并导致该土壤的基础呼吸升高。BIOLOG 碳素利用法表明, 非淹育处理的微生物群落平均吸光值(AWCD)显著低于淹育和淹育晾干处理。磷脂脂肪酸(PLFA)实验发现, 淹育水稻土的真菌特征脂肪酸(18:2w6, 9c)所占比例减少, 真菌特征脂肪酸(18:2w6, 9c)与细菌特征脂肪酸(15:0i + 15:0a + 16:0i + 16:1w5c + 17:0i + 17:0a + 17:0cy + 17:0 + 18:1w7c + 19:0cy)的比值下降; 水分条件变化没有改变土壤微生物环丙基脂肪酸 19:0cy 的相对丰度, 但非淹育处理的环丙基脂肪酸 17:0cy 相对丰度明显高于另外二种处理。BIOLOG 碳素利用法的群落水平生理剖面(CLPP)和磷脂脂肪酸(PLFA)测定结果经聚类分析后, 发现淹育和淹育晾干处理的土壤微生物多样性在较低的距离尺度可聚成一类, 且与非淹育土壤具有明显差异。淹育水稻土与淹育晾干相比, 尽管土壤微生物群落结构和功能多样性有一定的相似性, 但微生物的种群组成和活性仍发生了较大的变化。

关键词　水稻土; BIOLOG 碳素利用; 磷脂脂肪酸(PLFA); 基础呼吸; 酶活性
中图分类号　S154　　**文献标识码**　A

土壤水分状况是水稻生态系统中一个重要的生态因子。气候的季节性变化、水稻田频繁的周期性灌溉排水, 这些干湿交替使水稻土处于嫌气、好气或兼性好气生境。这种特殊生境给水稻土的物理、化学性质等带来明显改变, 如: 土壤团聚体的分散与聚合、有机碳氮的周转与转化、土壤 pH 和 Eh 变化等, 毫无疑问, 也对土壤生物学特性、土壤微生物群落多样性及活性产生深刻的影响。

较长时间以来, 人们对水稻土理化性质的变化已有了较明晰的认识[1]。但是, 由于土壤微生物研究技术的滞后, 对水田生态系统中的土壤微生物学特性变化, 特别是微生物群落多样性、活性的作用过程了解甚少。在过去的十多年中, 一些微生物学的相关技术, 如: 氯仿熏蒸提取法、磷脂脂肪酸法(PLFA)、BIOLOG 碳素利用等方法相继引入到土壤微生物生态研究[2~4]。尽管这些方法在土壤学研究应用中仍存在一些不足之处, 但为深入研究土壤微生物多样性开辟了新的途径。

不同水分和养分条件影响了水稻土化学和微生物生态特性[5,6], 这些指标的变化并能迅速及时地反映土壤环境变化[7,8]。本研究采用室内土培实验, 通过非淹育、淹育及淹育晾干三个处理, 应用 BIOLOG、PLFA 等方法研究土壤微生物群落功能、结构多样性的变化及基础呼吸、土壤酶活性等微生物生态特征, 以期揭示水分条件对水稻土微生物群落多样性及活性的影响, 明确土壤微生物结构和功能多样性对水分条件的敏感程度, 进而为提高水稻土水分管理技术提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　供试土壤

土壤样品于 2004 年 10 月底取自浙江省嘉兴市的青紫泥田潜育性水稻土, 深度为 0～15 cm。新鲜土样去除可见的未分解和半分解动植物残体和较大的砂砾, 过 2 mm 筛, 风干后置于塑料袋内保存备用。土壤理化性质为: pH6.1, 有机碳 30.7 g kg^{-1}, 全氮 3.48 g kg^{-1}, 砂粒 186 g kg^{-1}, 粉粒 354 g kg^{-1}, 粘

* 国家自然科学基金项目(40371063)资助
† 通讯作者, E-mail: huaiyingyao@zju.edu.cn
作者简介: 刘岳燕(1980～), 女, 博士研究生, 主要研究方向为土壤微生物生态、土壤环境化学
收稿日期: 2005-12-14; 收到修改稿日期: 2006-04-25

粒 460 g kg^{-1}。

1.2　土培试验

试验设 3 个处理:(1) 非淹育处理,称 300 g 土样于 500 mL 玻璃烧杯中培养。水分调节至田间持水量的 60 %,以后定期称重并补充水分。(2) 淹育处理,称 300 g 土样于 500 mL 玻璃烧杯中培养,加蒸馏水保持水面约 2 cm,在 25 ℃下培养 10 d 后,每天测定土壤 pH 和 Eh 的变化;观察到培养 30 d 后,土壤的 pH 和 Eh 达到平衡,表明淹育 30 d 的土壤已处于淹育环境。本试验的淹育处理为 45 d。(3) 淹育晾干处理,其前处理方式与淹育处理相同,淹育45 d后,将淹育土壤置于室温下,通风晾干至田间持水量的 60 %。每个试验处理重复 3 次。三个培养处理的土壤一部分冷冻干燥用于磷脂脂肪酸分析,一部分立即进行蔗糖酶和脱氢酶活性、土壤基础呼吸、BIOLOG 碳素利用法的测定,其余置 4 ℃冰箱内保存备用。

1.3　研究方法

1.3.1　酶活性及土壤基础呼吸测定　蔗糖酶活性测定根据蔗糖水解的生成物与 3,5-二硝基水杨酸生成有色化合物进行比色测定[9]。其中以 8 %的蔗糖为基质,使用 pH5.5 的磷酸缓冲液。脱氢酶的活性测定采用朱南文等[10]的方法。脱氢酶的活性以红四氯唑(TTC) 的还原产物三苯基甲簪(TF)形成量换算成氢的体积来表示 (H^+ μl g^{-1}干土)。土壤基础呼吸采用室内密闭培养法系统动态监测[11],在不同的时间连续测定。

1.3.2　BIOLOG 碳素利用法　采用 BIOLOG GN 测试盘来评价土壤微生物的功能多样性。96 个微孔的 BIOLOG GN 盘含有 95 种碳源和 1 个水对照。称取 10 g 新鲜土样于 250 mL 的三角瓶中,加 100 ml 灭菌水,250 r min^{-1}震荡 30 min,10 倍稀释法使接种液密度为 10^{-3}。取上清液接种到 BIOLOG GN 微孔板的微孔内,每孔为 150 μl (BIOLOG. Inc., Hayward, CA)。将接种土壤微生物的微平板于 25 ℃培养箱中培养 7 d,每隔 24 h 用 BIOLOG 自动读数仪读数 (VMAX, Molecular Devices, Crawley, UK),使用 Microlog4.01 软件(Biolog Inc.)转化数据。用平均吸光值(AWCD)来代表土壤微生物的总体活性。

1.3.3　磷脂脂肪酸法(PLFA)　由于特定的微生物种类有自己所特有的特征脂肪酸[12],因此可采用修正的 Bligh&Dyer 方法提取脂类[13],进行土壤微生物群落的结构分析。基本步骤如下:首先把新鲜土壤样品放在 - 70 ℃的冰箱中速冻后,再进行冷冻干燥。然后,取 3.000 g 冷冻干燥土样于干净的 Teflon 试管内,用氯仿 - 甲醇 - 柠檬酸缓冲液(体积比为1 ∶0.2 ∶0.8)震荡提取脂类,通过硅酸柱层析法分离得到磷脂脂肪酸,用 Frostegård 等[12]的方法进行脂肪酸的系统命名。分离得到的磷脂脂肪酸经碱性甲酯化后用气相色谱(Agilent6890)分析各种脂肪酸含量,用其中脂肪酸甲酯所占的摩尔百分比表示。

1.4　数据处理

BIOLOG 碳素利用和磷脂脂肪酸(PLFA)数据均使用统计软件 SPSS11.5 进行聚类分析和单因素方差分析。对于 BIOLOG 碳素利用的数据,首先计算 95 种碳源的平均吸光值(AWCD),然后每个碳源的吸光值除以平均吸光值,用来校正接种密度的差异[3,15]。PLFA 方法则采用每种磷脂脂肪酸所占百分比来进行聚类分析。

2　结果与讨论

2.1　水分条件对磷脂脂肪酸剖面的影响

本实验鉴定了 C_{12}到 C_{20}的 37 种磷脂脂肪酸。由柱状分析图(图 1)可看出,淹育处理与非淹育处理相比,PLFA 剖面发生了很大的变异。淹育处理使得特征脂肪酸 14 ∶0i、15 ∶0a、16 ∶1w7c、16 ∶0、17 ∶0、18 ∶1w7c的含量增加,而特征脂肪酸 16 ∶0i、16 ∶0 (10Me)、17 ∶0i、17 ∶0a、17 ∶0cy、16 ∶1 2OH、17 ∶0 (10Me)、18 ∶2w6,9c、18 ∶0(10Me)、19 ∶1w11c 的含量减少。同时,淹育晾干处理与淹育处理相比,晾干处理后的特征脂肪酸 15 ∶0i、15 ∶0a、16 ∶0i、17 ∶0i、17 ∶0a 和 16 ∶1 2OH 的相对丰度减少,特征脂肪酸 16 ∶1w7c、16 ∶0、18 ∶1w7c 和 18 ∶2w6,9c 的相对丰度增加。水分条件使真菌特征脂肪酸(18 ∶2w6,9c)与细菌特征脂肪酸(15 ∶0i + 15 ∶0a + 16 ∶0i + 16 ∶1w5c + 17 ∶0i + 17 ∶0a + 17 ∶0cy + 17 ∶0 + 18 ∶1w7c + 19 ∶0cy)的比值发生较大变化,淹育水稻土的比值远远小于其他二个处理(表 1)。一般认为,环丙基脂肪酸(17 ∶0cy 和 19 ∶0cy)对氧气供应状况反映敏感,可作为厌氧环境指标[4]。本实验结果表明,水分条件的改变并没有影响 19 ∶0cy 的相对含量,但非淹育处理的 17 ∶0cy 含量明显高于淹育和淹育晾干处理。

对 C_{12}到 C_{20}的 37 种脂肪酸,聚类分析表明(图 2),每个处理的 3 个重复都在很短的距离尺度聚成一类。淹育处理与淹育晾干处理水稻土在距离尺度为 14 处聚成一类,显示出这二种处理土壤微生物群落的结构特征具有一定的相似性,而与非淹育

土壤具有明显的差异。

2.2 水分条件对碳素利用剖面的影

采用 BIOLOG GN 盘研究了非淹育、淹育和淹育晾干培养土壤的微生物群落代谢功能多样性,结果发现平均吸光值(AWCD)随培养时间呈现明显的“S”型曲线(图 3)。淹育及淹育晾干处理的平均吸光值变化趋势相似并且差异很小,而非淹育土壤平均吸光值远远小于淹育及淹育晾干处理。当平均吸光值为 0.24 时,非淹育土壤需要 148 h,淹育土壤和淹育晾干处理仅需 72 h。

利用 BIOLOG 盘所有 95 种碳源,经过聚类分析后表明(图 4),每个处理的 3 个重复都在较短的距离尺度聚成一类。与 PLFA 结果相同,淹育水稻土及其短期晾干处理在较短的距离尺度(13)处聚成一类,显示这二种处理土壤微生物群落的代谢特征具有一定的相似性,而与非淹育土壤具有明显的差异。

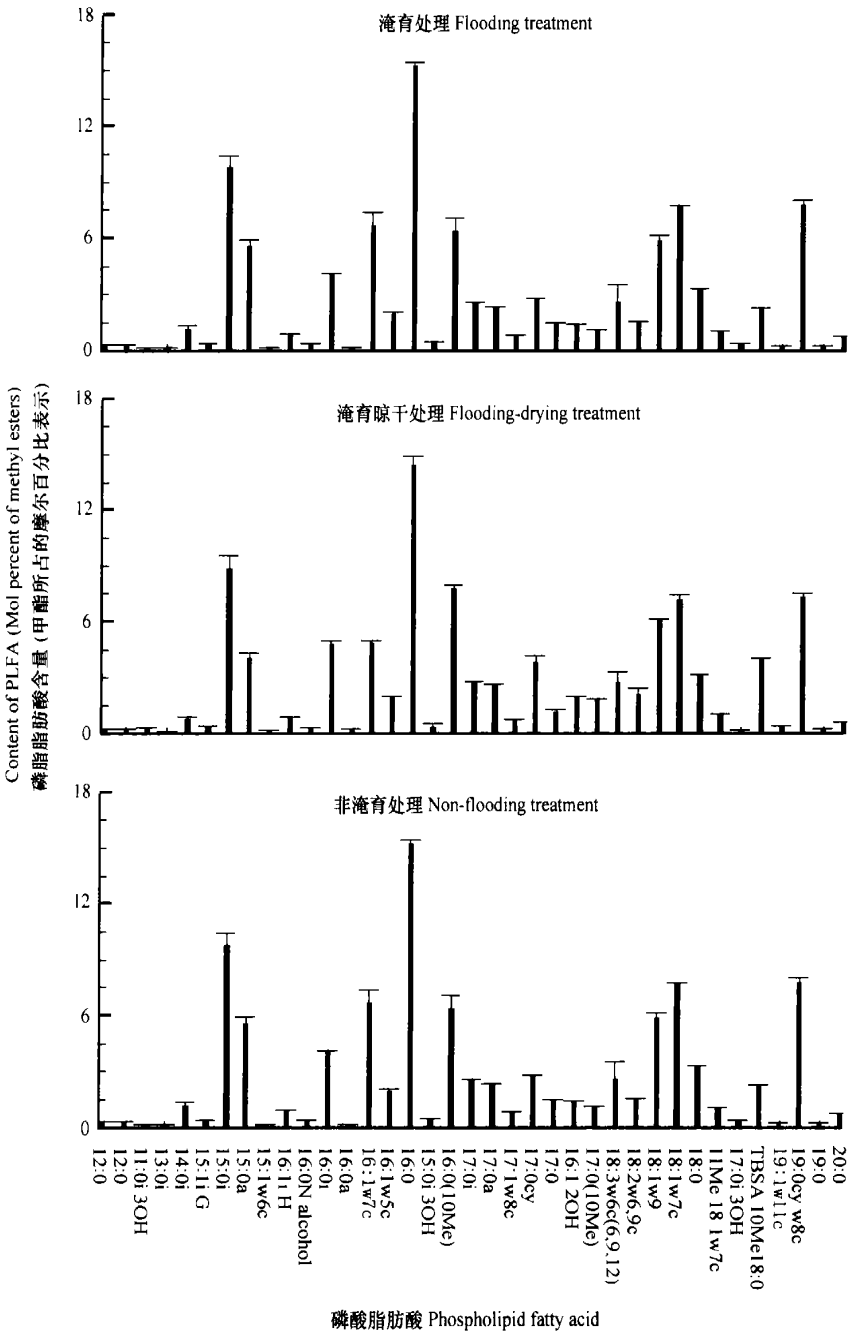

图 1 不同水分处理水稻土的磷脂脂肪酸(PLFA)摩尔组成比例

Fig. 1 Mol composition of PLFA in paddy soils different in soil moisture regime

表 1　水分条件对土壤磷脂脂肪酸(PLFA)的影响(甲酯所占的摩尔百分比表示)

Table 1　Effect of soil moisture regime on PLFA pattern

(Mol percent of methyl ester)

试验处理 Treatment	真菌脂肪酸① Fungal fatty acid	真菌脂肪酸/细菌脂肪酸② Fungal fatty acid / bacterial fatty acid	17 Ωcy 环丙基脂肪酸 17 Ω cyclopropyl fatty acid	19 Ωcy 环丙基脂肪酸 19 Ω cyclopropyl fatty acid
淹育 Flooding	1.53b	0.033b	2.76b	7.73a
淹育晾干 Flooding-drying	2.33a	0.050a	2.73b	7.51a
非淹育 Non-flooding	1.77b	0.047a	3.85a	7.33a

注:方差分析为同一水稻土在不同水分条件下的 LSD 比较:不同字母表示在 $p = 0.05$ 水平上差异显著;①真菌脂肪酸为 18 :2w6,9c;②细菌脂肪酸为 15 Ωi + 15 Ωa + 16 Ωi + 16 :1w5c + 17 Ωi + 17 Ωa + 17 Ωcy + 17 Ω + 18 :1w7c + 19 Ωcy　Note: Analysis of variance used the same paddy soil in moisture regime for LSD comparison: different letters indicated the significant difference at $p = 0.05$ level; ①18 :2w6,9c indicated fungal fatty acid; ②15 Ωi + 15 Ωa + 16 Ωi + 16 :1w5c + 17 Ωi + 17 Ωa + 17 Ωcy + 17 Ω + 18 :1w7c + 19 Ωcy indicated bacterial fatty acid

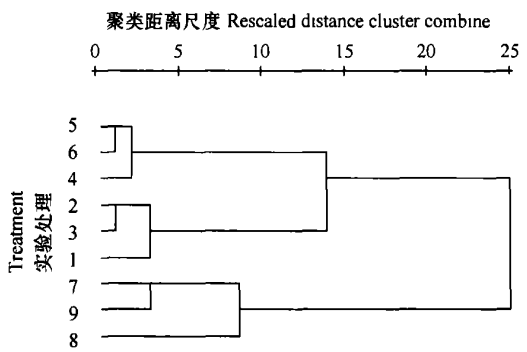

图 2　不同水分处理的水稻土微生物群落结构特性聚类分析树形图(1,2,3 为淹育处理;4,5,6 为淹育晾干处理;7,8,9 为非淹育处理)

Fig. 2　Cluster analysis of phospholipid fatty acid data (1,2,3: Flooding treatment; 4,5,6: Flooding-drying treatment; 7,8,9: Non-flooding treatment)

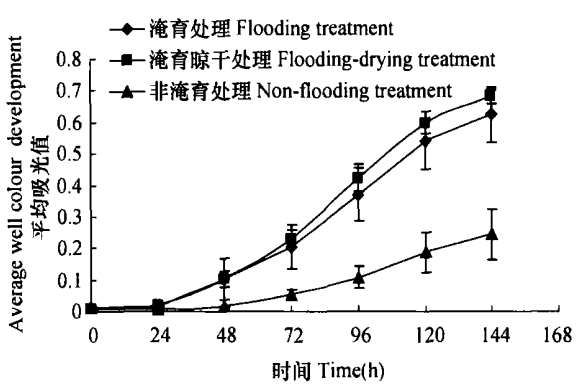

图 3　碳素利用测试中不同培养时间的平均吸光值(AWCD)

Fig. 3　Variation of average well colour development (AWCD) with the duration of incubation in BIOLOG test

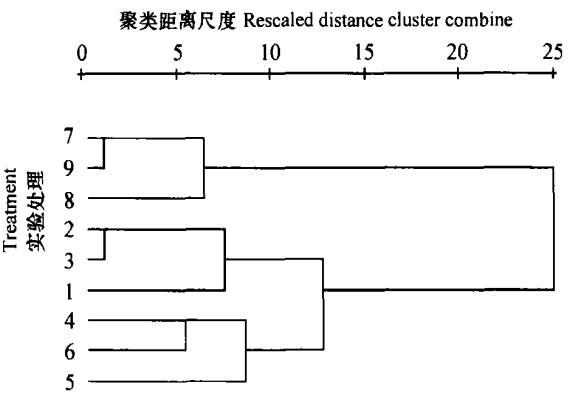

图 4　不同水分处理的水稻土微生物群落代谢特性聚类分析树形图(1,2,3 为淹育处理;4,5,6 为淹育晾干处理;7,8,9 为非淹育处理)

Fig. 4　Cluster analysis of BIOLOG data (1,2,3: Flooding treatment; 4,5,6: Flooding-drying treatment; 7,8,9: Non-flooding treatment)

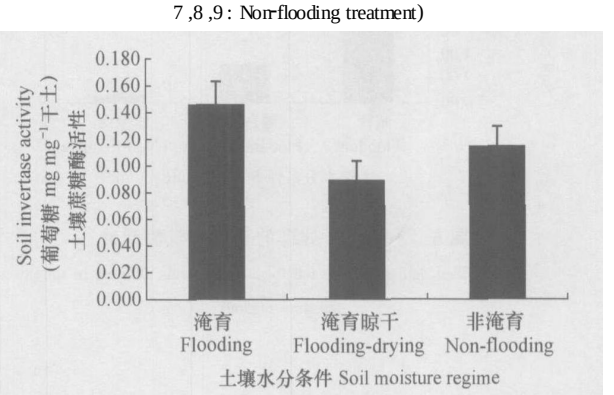

图 5　不同水分处理的土壤蔗糖酶活性

Fig. 5　Soil invertase activity in paddy soils different in soil moisture regime

将 BIOLOG GN 盘中的 95 种碳源分成 10 大类后(表 2),可见淹育处理土壤与非淹育土壤的微生物对碳源的利用形式存在很大的差异。淹育土壤中的微生物对各类碳源的利用能力都很大,尤其是碳水化合物、羧酸类和氨基酸类。淹育土壤与淹育晾干处理之间的差异不明显,但是淹育晾干处理的土壤微生物对酯类的利用能力大大加强,说明淹育土壤经短期晾干处理,土壤微生物群落功能多样性发生了明显变化。

2.3 水分条件对土壤酶活性及基础呼吸的影响

图 5 结果显示,淹育处理的蔗糖酶活性明显高于非淹育和淹育晾干处理,而非淹育与淹育晾干处理之间的差异不大,表明淹育水稻土对蔗糖酶活性表现出一定的刺激作用。

结果表明(图 6),淹育土壤的脱氢酶活性显著高于非淹育土壤,分别为 H^+ 14.67 μl g^{-1}干土和 H^+ 0.66 μl g^{-1}干土,前者是后者的 22.18 倍。淹育土壤短期晾干后,脱氢酶活性迅速降低,并且接近于非淹育土壤。

从图 7 可见,淹育土壤和非淹育土壤的呼吸速率基本稳定,但淹育土壤的呼吸速率略高于非淹育土壤,然而,淹育晾干处理的呼吸速率与其他两个处理间存在较大的差异,培养 24 h 时测定的基础呼吸,淹育晾干处理的呼吸速率分别是淹育、非淹育处理的 3.90 和 5.25 倍。随后短期晾干土壤的呼吸速率大大下降,15 d 后降至与淹育、非淹育相似水平。

表 2 碳素利用测试中的不同组碳源的平均吸光值(AWCD)

Table 2 Average well colour development (AWCD) after 96 h for different C source groups

试验处理 Treatment	聚合物 Polymers	碳水化合物 Carbohy-drates	酯类 Esters	羧酸 Carboxylic acids	氨基化合物 Amides	氨基酸 Amino acids	芳香烃 Aromatic chemicals	胺类 Amines	酒精类 Alcohols	磷酸类 Phosphors
淹育 Flooding	0.28a	0.36a	0.55b	0.44a	0.24a	0.62a	0.29a	0.41a	0.06a	0.21a
淹育晾干 Flooding-drying	0.44a	0.32b	1.42a	0.50a	0.35a	0.55a	0.33a	0.16c	0.11a	0.04b
非淹育 Non-flooding	0.31a	0.07c	0.27b	0.09b	0.09b	0.12b	0.14b	0.35b	0.05a	0.01b

注:方差分析为同一水稻土在不同水分条件下的 LSD 比较:不同字母表示在 $p = 0.05$ 水平上差异显著 Note: Analysis of variance used the same paddy soil in moisture regime for LSD comparison: different letters indicated the significant difference at $p = 0.05$ level

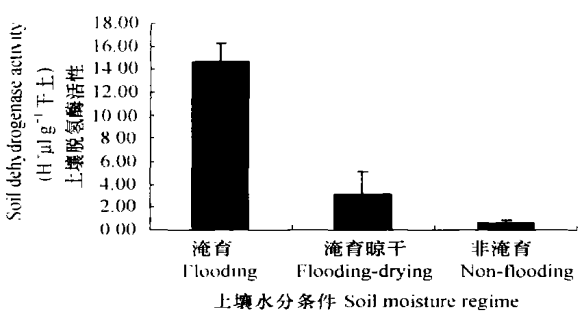

图 6 不同水分处理的土壤脱氢酶活性

Fig. 6 Soil dehydrogenase activity in paddy soils different in soil moisture regime

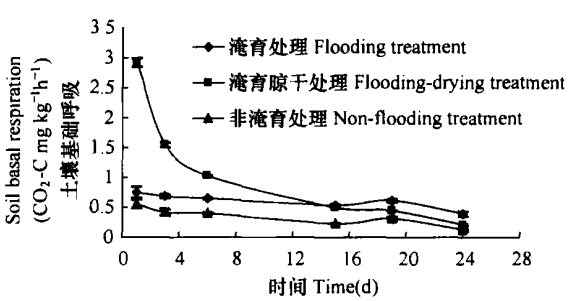

图 7 不同培养时间测定的土壤基础呼吸

Fig. 7 Soil basal respiration of paddy soils different in soil moisture regime at different incubation times

3 讨 论

Bossio 等发现,淹育环境能明显降低真菌特征脂肪酸(18:2w6,8c)的相对含量,并导致真菌比例下降[16,17]。本实验表明,淹育处理使得水稻土中 18:2w6,8c 的含量下降,真菌特征脂肪酸(18:2w6,9c)与细菌特征脂肪酸(15:0i + 15:0a + 16:0i

+ 16 :1w5c + 17 Di + 17 Da + 17 Dcy + 17 D + 18 :1w7c + 19 Dcy)的比值降低(表 1)。值得注意的是,本试验中的淹育水稻土经短期晾干后(至 60 %的田间持水量),真菌特征脂肪酸(18 :2w6 ,8c)含量显著上升,真菌/细菌特征脂肪酸的比值与非淹育处理相似。上述结果揭示了水分条件的变化能明显改变土壤真菌数量,导致微生物群落结构多样性发生明显变化。BIOLOG碳素利用试验结果同样揭示了水分条件变化显著影响土壤微生物的功能多样性。淹育处理的平均吸光值较大,表明淹育环境能使土壤微生物对底物的利用能力增加、土壤碳素周转速率的加快,这可能是导致淹育环境能促进有机质分解[18]的原因之一。

本试验中BIOLOG碳素利用法和磷脂脂肪酸法均能有效揭示水分条件对培养水稻土微生物多样性的影响,同时,二种方法的聚类分析结果非常一致,这表明土壤微生物结构多样性的变化可能会伴随着微生物功能多样性的相应变化。

本研究土壤基础呼吸测定表明,在培养前期,淹育晾干处理的呼吸速率远远高于淹育和非淹育处理。有研究表明,干湿交替会导致 CO_2释放速率增加[19～21],而水稻土淹育晾干处理其实就是突然将淹育环境变成非淹育环境,这种干湿交替过程对微生物群落来说是一种明显的水分胁迫过程,可见本研究的结果与之相同。它的机理可能是[22]:(1)物理作用,如土壤团聚体的破坏和新鲜土壤表面暴露直接接触微生物;(2)一部分微生物死亡,在干湿交替期间被矿化。

在对水稻土的微生物生态进行研究时,水分条件通常是影响微生物分析方法有效性的限制因子。应用氯仿熏蒸提取法测定土壤微生物生物量时,由于淹水层会阻止氯仿蒸汽向土层扩散,因此有人尝试将淹水土壤在室内自然晾干 2～3 d 后,再按旱地方法进行熏蒸。但是,本试验表明淹育水稻土经过短期室内晾干,尽管土壤微生物群落结构和功能多样性有一定的相似性,但微生物的种群组成和活性仍发生了较大的变化。所以,对淹育水稻土而言,有必要对现行的应用于旱地土壤的微生物生态研究方法进行修正和完善,使之适合于淹育水稻土。

参 考 文 献

[1] 于天仁. 水稻土的物理化学. 北京:科学出版社,1983. Yu T R. Physical Chemistry of Paddy Soil (In Chinese). Beijing: Science Press, 1983

[2] Vence E D, Brookes P C, Jenkison D S. An extraction method for measuring microbial biomass C. Soil Biol. Biochem., 1987, 19: 703～707

[3] Garland J L, Mill A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level-sole-carbon-source utilization. Appl. Environ. Microbiol., 1991, 57: 2 351～2 359

[4] Vestal J R, White D C. Lipid analysis in microbial ecology: Quantitative approaches to the study of microbial communities. Bio. Science, 1989, 39: 535～541

[5] Yang C M, Yang L Z, Yan T M. Chemical and microbiological parameters of paddy soil quality as affected by different nutrient and water regimes. Pedosphere, 2005, 15(3): 369～378

[6] Uhlirova E, Elhottova D, Triska J, *et al*. Physiology and microbial community structure in soil at extreme water content. Folia Microbiological, 2005, 50 (2): 161～166

[7] Balser T C, Firestone M K. Linking microbial community composition and soil processes in a California annual grassland and mixed-conifer forest. Biogeochemistry, 2005, 73 (2): 395～415

[8] Wick B, Kuhne R F, Vielhauer K. Temporal variability of selected soil microbial and biochemical indicators under different soil quality conditions in south-western Nigeria. Biol. Fertil. Soils, 2002, 35: 155～167

[9] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京:农业出版社,1986. Guan S Y. Soil Enzymes and Its Research Methods (In Chinese). Beijing: Agriculture Press, 1986

[10] 朱南文,闵航,陈美慈,等. 甲胺磷对土壤中磷酸酶和脱氢酶活性的影响. 农村生态环境,1996,12(2):22～24,64. Zhu N W, Min H, Chen M C, *et al*. The effect of methamidophos on the activities of phosphatase and dehydrogenase in soi1 (In Chinese). Rural Eco-Environment, 1996,12(2): 22～24,26

[11] 鲁如坤主编. 土壤农业化学分析方法. 北京:中国农业科技出版社,1999. Lu R K. ed. The Analytical Method of Soil and Agricultural Chemistry (In Chinese). Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1999

[12] Tunlid A, White D C. Biochemical analysis of biomass, community structure, nutritional status and metabolic activity of microbial communities in soil. *In*: Stotzky G, Bollag J M. eds. Soil Biochemistry. New York: Marcel Dekker, 1992. 229～262

[13] Bligh E G, Dyer W J. A rapid method of total lipid extraction and purification. Can. J. Biochem. Physiol., 1959, 37: 911～917

[14] Frostegård A, Bååth E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis. Soil Biol. Biochem., 1993, 25: 723～730

[15] Garland J L. Analytical approaches to the characterization of samples of microbial communities using patterns of potential C source utilisation. Soil Biol. Biochem., 1996, 28: 213～221

[16] Bossio D A, Scow K M. Impact of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. Microbial Ecology, 1998, 35: 265～278

[17] Drenovsky R E, Vo D, Graham K J, *et al*. Soil water content and organic carbon availability are major determinants of soil microbial com-

munity composition. Microbial Ecology, 2004, 48 (3): 424～430

[18] Pal D, Broadbent F E. Influence of moisture on rice straw decomposition in soil. Soil Sci. Soc. Am. Proc., 1975, 39(1): 59～63

[19] Van Schreven D A. The effect of intermittent drying and wetting of a calcareous soil on carbon and nitrogen mineralization. Plant and Soil, 1967, 26: 14～32

[20] McInerney T, Boler T. Temperature, wetting cycles and soil texture effects on carbon and nitrogen dynamics in stabilized earthworm casts. Soil Biol. Biochem., 2000, 32: 335～349

[21] Wu J, Brookes P C. The proportional mineralisation of microbial biomass and organic matter caused by air-drying and rewetting of a grassland soil. Soil Biol. Biochem., 2005, 37: 507～515

[22] Birch H F. The effect of soil drying on the humus decomposition and nitrogen availability. Plant and Soil, 1958, 10: 9～31

INFLUENCE OF SOIL MOISTURE REGIME ON MICROBIAL COMMUNITY DIVERSITY AND ACTIVITY IN A PADDY SOIL

Liu Yueyan Yao Huaiying† Huang Changyong

(College of Environment and Resource Science, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China)

Abstract Influence of soil moisture regime (non-flooding, flooding-drying, and flooding) on microbial community diversity and activity was investigated by determining Biolog sole carbon source utilization pattern, phospholipid fatty acid (PLFA) profiles and enzyme activity indices. Increased dehydrogenase and invertase activities were observed in Treatment Flooding as compared to what in the other two treatments, which apparently led to enhanced soil basal respiration. The average well colour development (AWCD) of the carbon sources on Biolog plates was significantly lower in Treatment Non-flooding than in the other two treatments. The fungal indicator (18:2w6,9c) and the proportion of fungal biomarker (18:2w6,9c) to bacterial biomarkers (15:0i + 15:0a + 16:0i + 16:1w5c + 17:0i + 17:0a + 17:0cy + 17:0 + 18:1w7c + 19:0cy) were lower under flooding conditions. The relative abundance of cyclopropyl fatty acid 19:0cy was not affected by moisture regime, however, the relative abundance of 17:0cy was the highest in Treatment Non-flooding. Cluster analyses of the sole carbon source utilization and PLFA data demonstrated that Treatment Non-flooding differed from the other two treatments in soil microbial community. Although certain similarity was found between Treatment Flooding and Treatment Flooding-drying in structure and functional diversity of soil microbial community, the findings of the study suggested that there were some drastic changes in microbial community composition and activity associated with variation of soil moisture regime.

Key words Paddy soil; BIOLOG; PLFA; Basal respiration; Soil enzyme