

不同退耕还林模式对土壤生物学性质的影响效果评价

李姝江¹, 朱天辉^{1,2}, 刘子雄³

(1. 四川农业大学 林学院, 四川 雅安 625014; 2. 四川农业大学 长江上游林业生态
工程省级重点实验室, 四川 雅安 625014; 3. 四川省森林病虫害防治检疫总站, 四川 成都 610081)

摘要: 在测定土壤微生物、土壤酶活性基础上,应用主成分因子分析法建立了不同退耕还林模式下的土壤生物学性质评价体系。结果表明,土壤放线菌、真菌数量与转化酶、脲酶、纤维素酶、过氧化氢酶活性之间的相关性达到了极显著或显著水平;优势微生物中的微球菌与转化酶,芽孢杆菌与纤维素酶,木霉和游动放线菌与过氧化氢酶,酵母菌与脲酶呈显著正相关关系;放线菌、真菌及其微生物优势类群多样性指标在评价土壤生物学肥力质量时具有十分重要的作用;4种土壤酶活性是土壤生物学肥力质量评价的重要指标;而细菌、酵母等生物量较小的微生物对土壤生态肥力评价的贡献较小。用土壤综合肥力指标值(IFI)进一步评价各样地的土壤生物学肥力质量的顺序依次为:苦竹林表层>桦木林表层>农耕地表层>农耕地亚表层>农耕地深层>桦木和苦竹林亚表层>桦木林深层>苦竹林深层。苦竹对退耕地的生态改善效果,如水土保持、水源涵养和土壤生态肥力的增加等方面要优于桦木。

关键词: 退耕还林(草); 土壤微生物; 土壤酶; 土壤综合肥力

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2013)06-0129-07

中图分类号: S154.2, S154.3

Evaluation on Effect of Grain-for-Green Models on Soil Biological Properties

LI Shu-jiang¹, ZHU Tian-hui^{1,2}, LIU Zi-xiong³

(1. College of Forestry, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China;

2. Provincial Key Laboratory of Ecological Forestry Engineering for Upper Reach of Yangtze River, Ya'an, Sichuan 625014, China; 3. General Station of Forest Pest Management and Quarantine of Sichuan Province, Chengdu, Sichuan 610081, China)

Abstract: Based on the determination of soil microbes and soil enzyme activities, principle component factor analysis was used to build a soil biological properties' effect evaluation system under different models of Grain-for-Green. The results showed that the correlations of the amount of actinomycetes and fungi were significant or very significant with the activities of invertase, urease, cellulose and catalase. The correlations between the dominant microbes and the enzyme activities, including *Micrococcus* and invertase, *Bacillus* and cellulase, *Trichoderma* and catalase, *Actinoplanes* and catalase, *Saccharomyces* and urease were positively significant. It indicated that the diversity indices of actinomycetes' and fungal dominant groups were very important to evaluate the soil fertility, as well as the four soil enzymes activities. But bacteria and yeast which had little biomass were less important. The integrated fertility index(IFI) was used to evaluate the plots quality of soil biological fertility. The study indicated that the soil fertility could be ranked as follows: the surface of *Pleioblastus amarus* forest>the surface of *Betula lumini fera* forest>the surface of cropland>the subsurface of cropland>the deep cropland>the subsurface of *B. lumini fera* forest and *P. amarus* forest>the deep *B. lumini fera* forest>the deep *P. amarus* forest. It stated that the ecological improvement of *P. amarus* forest was better than that of *B. lumini fera* forest.

Keywords: Grain-for-Green; soil microbes; soil enzyme; soil integrated fertility

土壤微生物和土壤酶都是土壤中活跃的成分^[1-6],它们一起推动着土壤生物化学的全过程。土壤微生物数量增加时,许多土壤酶活性增强,而微生物产生的酶可以分解、矿化土壤中的有机物质,增加

收稿日期:2013-04-08

修回日期:2013-05-16

资助项目:国家“十五”重大科技攻关项目“四川盆地低山丘陵区水土流失综合治理技术与示范研究”(2001BA606A-06; 2004 BA606A-06)

作者简介:李姝江(1983—),女(汉族),四川省宜宾市人,博士,从事微生物学方面的研究。E-mail:lishujiangsumer@163.com。

通信作者:朱天辉(1963—),男(汉族),重庆市开县人,教授,从事林木病理学方面的研究。E-mail:zhuth1227@tom.com。

土壤中的有效养分含量,有助于提高土壤有效肥力水平。因此,土壤微生物和酶活性变化与土壤质量变化之间存在着密切的联系^[7]。许多研究结果^[8]认为,土壤细菌、真菌、放线菌三大类微生物的多样性和土壤酶活性的总体大小可以用来作为评价土壤质量的生物学肥力指标。而土壤肥力是土壤质量的重要组成部分,是林地生产力的基础。所以通过对土壤生物学肥力指标的评价,可以间接地反映出不同的土地利用方式对土壤生态的影响^[9-13]。近年来,有关不同生态条件下,土壤微生物、酶活性及其相互关系已有报道^[14-15],但缺乏将二者联系起来作为土壤生物学特性评估指标的研究。本研究以两种主要退耕还林模式的亮叶桦(*Betula luminiifera*)林地、苦竹(*Pleioblastus amarus*)林地和农耕地(对照)为对象,对不同退耕还林模式下土壤生物学性质影响效果的指标评价体系进行研究,旨在为退耕还林生态评价提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验区位于四川省眉山市洪雅县,地理坐标为 $102^{\circ}49' - 103^{\circ}47' E$, $29^{\circ}24' - 30^{\circ}01' N$ 。该区属中亚热带湿润山地季风气候,最高气温 $36.8^{\circ}C$,最低气温 $-3.3^{\circ}C$,年均气温 $16.8^{\circ}C$,春、夏、秋、冬季平均气温分别为 $17.2, 25.2, 17.3, 7.7^{\circ}C$;年日照时数 $1\ 080 h$,太阳辐射量为 $338.1 kJ/(cm^2 \cdot a)$,无霜期 $352 \sim 360 d$;年降水量 $1493.8 mm$,降雨多集中在夏、秋两季,春、夏、秋、冬季平均降水量分别为 $77.2, 291.9, 102.7, 19.3 mm$ 。该区地貌以低山丘陵为主,土壤层平均厚度 $50 cm$,土壤类型为酸性紫色土,pH值 $4.9 \sim 5.6$ 。采样地为坡改梯形成的水平台状旱地,退耕前以种植玉米、红薯、蔬菜为主,主要还林模式有亮叶桦木—扁穗牛鞭草(*Hemarthria compressa*)、苦竹—扁穗牛鞭草两种,于2000年1月退耕栽植。3种样地的基本情况为:(1)光皮桦木—牛鞭草模式。光皮桦木为亚热带山地落叶浅根阔叶树,根系发达、穿透力强,生长快;适宜生长在年均温 $6 \sim 17^{\circ}C$,年降水量 $800 \sim 2\ 000 mm$,且降水集中在夏、秋两季的温凉湿润气候下^[16]。在此模式中,土壤有机质含量 $12.71 g/kg$,林分密度 $2\ 070 棵/hm^2$,林间郁闭度 0.6 ,桦木平均胸径 $3.6 cm$,平均树高 $4.2 m$ 。由于光皮桦逐渐长大,林下的牛鞭草长势较弱。(2)苦竹—牛鞭草模式。苦竹为中国亚热带复轴混生竹类的代表竹种之一,是一种暖性喜湿,中性偏阴的竹类,地下有横向生长的竹鞭,鞭上的芽可以长成新的竹鞭或发育成笋出土成竹,竹鞭一般多分布在约 $20 cm$ 深的表土层

中^[17];适宜生长在年均气温 $18 \sim 29.8^{\circ}C$,年降水量 $1\ 184 \sim 1\ 467 mm$,降水集中在4—9月的气候下^[16]。在此模式中,土壤有机质含量 $14.32 g/kg$,林分密度 $12\ 000 株/hm^2$,林间郁闭度 0.9 ,平均地径 $2.4 cm$,平均竹高 $2.9 m$,苦竹的枯枝落叶覆盖度约占总面积的 60% ,平均厚度 $1.9 cm$ 。随着苦竹郁闭度的增加,林下牛鞭草长势十分弱。(3)农耕地。土壤有机质含量 $17.82 g/kg$;春季休闲,上面长有少量的牛鞭草;夏季栽种红薯并施农家肥;秋季时红薯生长良好并成熟;冬季红薯收获完后,休闲。

1.2 土壤样品采集

在试验区,选取立地条件相近的退耕还林地(光皮桦—牛鞭草、苦竹—牛鞭草)和农耕地(对照)作为研究样地,在3种样地中各设面积为 $10 m \times 10 m$ 的采样标准地,3重复,从2008年10月至2009年7月,按四季变化特点分3层($0-15 cm, 15-30 cm, 30-45 cm$)从下到上采取土壤样品。

按不同季节具体的采样时间为:2008年10月中旬(秋季),2009年1月中旬(冬季),2009年4月中旬(春季),2009年7月中旬(夏季)。具体采样操作步骤为:在桦木和苦竹林的标准地里,按五点法各选择生长中等的光皮桦和苦竹 $5 \sim 6$ 株(笕)作为采样点,分别在树干和竹笕周围基部处先除去土壤表层的枯枝落叶和植被,顺其基部挖土壤剖面,用无菌小铁铲在新挖的土壤剖面上,由下往上分3层取带完整根系的土块,取5个不同点相应层次的土壤样品充分混匀后,用聚乙烯无菌塑料袋包好,并做好标记,迅速带回实验室分析测定。每种样品充分混匀后分为2份,分别用来分析土壤微生物和测定土壤水分含量。

1.3 土壤样品分析

(1)土壤微生物优势类群分析:采用稀释平板表面涂抹法(细菌分析用牛肉膏蛋白胨培养基;真菌用马丁氏—孟加拉红培养基;放线菌用改良高氏一号培养基)^[18]进行分离,每个处理4个重复,最终结果取其平均值。(2)土壤水分含量测定:准确称取一定量土壤样品,在干燥箱内经 $105 \sim 110^{\circ}C$ 烘干至恒重,待冷却后称重,求得土壤含水量。(3)土壤酶活性在待测定样品前期处理后,其转化酶(蔗糖酶)、脲酶、纤维素酶、过氧化氢酶活性采用关松荫法分析^[19-20]。

1.4 数据处理

试验数据采用Excel和SPSS 13.0软件分析处理。

(1)评价指标系数标准化。由于各评价指标具有不同的量纲,故各指标值之间绝对值的大小和变化

幅度常常有较大的差异,有的指标值之间甚至相差几个数量级,所以在应用主成分分析研究森林土壤生物学肥力之前必须对原始观测数据进行标准化处理,以使每个变量的平均值为 0,标准差为 1。各评价指标标准化公式为:

$$x_{ij}' = \frac{x_{ij} - \bar{x}_j}{S_j} \quad (1)$$

式中: $i=1,2,3,\dots,12$ (样本数); $j=1,2,3,\dots,14$ (指标个数); X_{ij}' = 经标准化后的数据; X_{ij} = 观测的原始数据; \bar{X}_j = 第 j 个指标的平均值; S_j = 第 j 个指标的标准差。

土壤肥力的综合指标值 (IFI) 用来最终评价各样地的土壤生物学肥力质量。若以每个主分量 y_j 的方差贡献率 a_j 作为权重进行加权汇总,计算公式为:

$$IFI = (\sum_{j=1}^3 a_j y_j) / 0.8993 \quad (2)$$

2 结果与分析

2.1 土壤微生物和酶活性之间的相关性分析

2.1.1 土壤微生物数量与酶活性之间的相关性分析

土壤微生物能够分泌酶,所以土壤微生物与酶活性之间具有一定的联系(表 1)。细菌数量与转化酶、过

氧化氢酶呈正相关关系,但都没有达到显著相关水平;而与尿酶、纤维素酶不相关。放线菌数量与转化酶、过氧化氢酶、尿酶呈极显著正相关关系,与纤维素酶显著相关。真菌数量尿酶、纤维素酶呈极显著相关,与过氧化氢酶显著相关。说明放线菌、真菌数量与 4 种土壤酶活性关系极其密切,而细菌数量与 4 种土壤酶活性关系不密切。因细菌数量占微生物总数的绝大部分,所以微生物总数与 4 种土壤酶活性的相关性不大。此外,在 4 种土壤酶之间,转化酶与尿酶、过氧化氢酶呈极显著相关,而与纤维素酶不相关;脲酶与纤维素酶、过氧化氢酶呈极显著相关;纤维素酶与过氧化氢酶关系性不大。

2.1.2 土壤微生物优势类群数量与酶活性之间的相关性分析 土壤微生物总数与土壤酶活性之间存在一定的相关性,而优势微生物类群是土壤微生物最重要的组成部分,所以优势微生物与土壤酶活性之间也应该有一定的相关性(表 2)。在优势微生物类群和土壤酶之间,微球菌属与转化酶、芽孢杆菌属与纤维素酶、木霉和游动放线菌属与过氧化氢酶、酵母与脲酶呈显著正相关关系。说明这些优势微生物类群对这 4 种土壤酶的活性贡献较大。

表 1 土壤微生物数量与酶活性间的相关系数

变量	细菌	放线菌	真菌	微生物总数	转化酶	脲酶	纤维素酶
细菌	1.000						
放线菌	-0.112	1.000					
真菌	-0.158	0.670**	1.000				
微生物总数	1.000**	-0.103	-0.151	1.000			
转化酶	0.237	0.398**	0.162	0.241	1.000		
脲酶	-0.270	0.552**	0.659**	-0.264	0.455**	1.000	
纤维素酶	-0.209	0.359*	-0.629**	-0.205	-0.029	0.656**	1.000
过氧化氢酶	0.108	0.591**	0.380*	0.114	0.610**	0.481**	0.237

注:样本数 $n=44$; * 表示 $p<0.05$ 时相关, ** 表示 $p<0.01$ 时相关。下同。

表 2 微生物优势类群数量与土壤酶活性间的相关系数

变量	微球菌属	芽孢杆菌属	链霉菌属	游动放线菌属	酵母属	木霉属
微球菌属	1.000					
芽孢杆菌属	-0.944**	1.000				
链霉菌属	0.423**	-0.485**	1.000			
游动放线菌属	0.083	-0.110	-0.406**	1.000		
酵母属	0.007	0.051	0.190	-0.359*	1.000	
木霉属	0.122	-0.171	-0.182	0.473**	-0.801**	1.000
转化酶	0.339*	-0.292	0.282	-0.034	0.136	0.166
脲酶	0.281	-0.146	-0.204	-0.144	0.360*	-0.076
纤维素酶	-0.241	0.336*	-0.619**	-0.099	-0.038	0.149
过氧化氢酶	0.250	-0.182	-0.135	0.319*	-0.130	0.472**

2.2 土壤生物学指标对土壤生态肥力质量评价

本研究所测定的细菌、放线菌、真菌、微生物总数、微球菌、芽孢杆菌、链霉菌、游动放线菌、酵母、木霉、转化酶、脲酶、纤维素酶、过氧化氢酶 14 个土壤生物学指标对同一样地的肥力质量评价并不一样,单个指标的评价结论之间甚至有些矛盾,说明单个的生物学指标不能够全面反映土壤的生物学活性。所以为

了进一步探讨土壤中各生物学指标与土壤肥力质量的内在关系,在前人研究方法^[8]的基础上,应用因子分析(主成分分析)方法,以各主成分特征值贡献率为权重,加权计算各林地土壤生物学肥力指标值,用此综合值的大小来评价各样地的生态肥力高低。

2.2.1 评价指标系数标准化 根据计算公式(1),对各生物学指标进行标准化处理(表 3)。

表 3 土壤生物学指标的原始值及标准化值

生物学指标	数据	桦木林			苦竹林			农耕地		
		0—15 cm	15—30 cm	30—45 cm	0—15 cm	15—30 cm	30—45 cm	0—15 cm	15—30 cm	30—45 cm
Y ₁	A	644.05	930.79	695.02	1 176.74	1 179.76	853.98	1 751.81	772.21	1 552.01
	B	-1.080	-0.339	-0.948	0.297	0.305	-0.537	1.784	-0.749	1.267
Y ₂	A	8.80	2.94	4.48	11.48	4.17	2.20	10.83	5.85	1.81
	B	0.807	-0.790	-0.371	1.537	-0.455	-0.992	1.360	0.003	-1.098
Y ₃	A	2.60	1.90	0.97	2.79	0.83	0.54	1.91	1.09	0.83
	B	1.325	0.482	-0.640	1.554	-0.810	-1.160	0.494	-0.490	-0.810
Y ₄	A	655.44	935.63	700.46	1 191.01	1 184.76	856.72	1 764.55	779.15	1 554.64
	B	-1.067	-0.345	-0.951	0.314	0.298	-0.199	1.794	-0.748	1.253
Y ₅	A	72.38	58.98	48.67	70.98	60.69	56.75	59.79	52.84	40.68
	B	1.440	0.101	-0.929	1.300	0.272	-0.122	0.182	-0.512	-1.727
Y ₆	A	21.43	30.64	45.29	23.92	25.2	34.28	25.85	39.69	49.16
	B	-1.146	-0.220	1.252	-0.896	-0.767	0.146	-0.702	0.689	1.641
Y ₇	A	54.19	67.67	70.85	59.64	68.88	70.56	60.26	63.80	59.94
	B	-1.676	0.632	1.176	-0.743	0.839	1.127	-0.637	-0.031	-0.692
Y ₈	A	22.06	13.24	14.99	25.02	16.80	8.58	19.84	18.37	13.59
	B	1.022	-0.739	-0.389	1.613	-0.028	-1.669	0.579	0.285	-0.669
Y ₉	A	68.69	76.25	74.23	71.38	78.73	81.56	77.2	78.01	82.13
	B	-1.750	-0.047	-0.502	-1.144	0.511	1.149	0.167	0.349	1.277
Y ₁₀	A	29.52	12.59	12.70	28.00	17.98	12.27	20.02	19.05	2.47
	B	1.471	-0.547	-0.534	1.290	0.095	-0.585	0.339	0.223	-1.753
Y ₁₁	A	7.82	5.02	3.97	9.31	6.03	4.39	9.63	7.79	7.35
	B	0.488	-0.865	-1.372	1.208	-0.377	-1.169	1.362	0.473	0.261
Y ₁₂	A	7.74	6.72	4.85	8.15	6.79	5.56	7.11	5.90	4.71
	B	1.107	0.270	-1.260	1.443	0.328	-0.680	0.590	-0.400	-1.380
Y ₁₃	A	1.89	1.52	0.62	1.91	1.93	0.92	1.14	1.35	1.32
	B	1.065	0.261	-1.700	1.109	1.152	-1.040	-0.570	-0.110	-0.170
Y ₁₄	A	1.40	0.99	0.69	1.48	1.07	0.87	1.26	1.15	0.98
	B	1.240	-0.400	-1.600	1.560	-0.080	-0.880	0.680	0.240	-0.440

注:表中 Y₁, Y₂, Y₃, …, Y₁₄ 分别依次代表细菌,放线菌,真菌,微生物总数,微球菌属,芽孢杆菌属,链霉菌属,游动放线菌属,酵母菌,木霉属,转化酶,脲酶,纤维素酶,过氧化氢酶。A 数据为各季测定的平均值,B 数据为标准化处理后的值,其值的正负不表示实际意义,只表示相对大小。下同。

2.2.2 土壤生物学评价指标主成分分析 从表 4 可知,经过主成分分析,把原来 14 个生物学因子缩减到了现在的 3 个新的变量(即 3 主成分),这 3 个新变量包含了原始数据信息总量的 89.93%。说明用这 3 个主成分 y₁, y₂, y₃ 足以代表原来的 14 个指标所反映

的土壤生物学肥力。表 4 中的变量系数大小和正负对解释土壤生物学肥力有重要的作用,各变量系数绝对值大的表明该主成分主要综合了绝对值大的变量,如有几个变量的系数大小相当时,表明这一主成分是这个几个变量的综合。

表 4 土壤生物学指标的主成分因子系数矩阵、特征值及贡献率

生物学指标	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	Y_5	Y_6	Y_7	Y_8	Y_9
y_1	0.148	0.809	0.729	0.093	0.353	-0.216	-0.846	0.856	-0.648
y_2	-0.030	0.441	0.547	-0.023	0.886	-0.952	-0.174	0.418	-0.415
y_3	0.967	0.061	-0.123	0.975	-0.246	0.002	-0.196	-0.022	0.563

生物学指标	Y_{10}	Y_{11}	Y_{12}	Y_{13}	Y_{14}	特征值	贡献率/%	累计贡献率/%
y_1	0.589	0.805	0.462	0.273	0.722	8.668	61.912	61.912
y_2	0.693	0.257	0.879	0.748	0.623	2.840	20.286	82.198
y_3	-0.314	0.486	-0.002	0.098	0.177	1.082	7.730	89.928

注: y_1, y_2, y_3 为主成分因子。

从表 4 还可以看出,第一主成分 y_1 主要反映了放线菌、真菌及其优势微生物类群如链霉菌属、游动放线菌、木霉等微生物多样性方面的综合变量,占信息总量的 61.91%。说明放线菌、真菌及其优势微生物类群的多样性在土壤生物学肥力评价中具有十分重要的作用。第二主成分 y_2 主要反映了纤维素酶、过氧化氢酶、脲酶、过氧化氢酶及与分泌土壤酶有密切关系的微生物类群如芽孢杆菌、木霉菌属、微球菌属等的综合变量,占信息总量的 20.29%。说明土壤

酶活性在土壤生物学肥力评价中也具有重要的作用。第三主成分 y_3 主要反映了细菌、酵母、微生物总数等变量,占信息总量的 7.73%。说明细菌、酵母菌等生物量较小的微生物对土壤肥力质量评价的影响较小。

2.2.3 各样地的主成分得分值计算 根据回归法从表 5 可以得到下面 3 主成分的得分函数:

$$F_1 = -0.019Y_1 + 0.216Y_2 + \dots + 0.092Y_{14} \quad (3)$$

$$F_2 = 0.041Y_1 - 0.076Y_2 + \dots + 0.064Y_{14} \quad (4)$$

$$F_3 = 0.367Y_1 - 0.009Y_2 + \dots + 0.067Y_{14} \quad (5)$$

表 5 土壤生物学指标的主成分因子得分系数矩阵

指标	Y_1	Y_2	Y_3	Y_4	Y_5	Y_6	Y_7	Y_8	Y_9	Y_{10}	Y_{11}	Y_{12}	Y_{13}	Y_{14}
y_1	-0.019	0.216	0.157	-0.049	-0.141	0.258	-0.321	0.256	-0.214	0.054	0.239	-0.112	-0.163	0.092
y_2	0.041	-0.076	-0.013	0.067	0.289	-0.404	0.210	-0.115	0.101	0.093	-0.119	0.273	0.289	0.064
y_3	0.367	-0.009	-0.062	0.377	-0.032	-0.087	-0.010	-0.050	0.244	-0.107	0.139	0.053	0.098	0.067

把表 3 中的标准化值代入公式(3)~(5),就可以计算出各样地中土壤生物学综合肥力的 3 个主成分的得分值,再根据各样地主成分得分值的多少排序(表 6)。

从表 6 中的各生物学评价指标得分可以看出,不同的生物学因子对各样地土壤生物学肥力所起的作用不同。在土壤微生物多样性指标得分方面,表层以苦竹林地最高,桦木林地次之,农耕地最低;亚表层和

深层以农耕地最高,桦木林地次之,苦竹林地最低。在土壤酶多样性指标得分方面,3 个土壤层都是以苦竹林地最高,桦木林地次之,农耕地最低。在以土壤细菌为主要指标的得分方面,表层和亚表层都是以农耕地最高,苦竹林次之,桦木林地最低。细菌在整个土壤剖面中的数量都较真菌、放线菌多,所以在农耕地较苦竹林和桦木林地高,但因其生物量较小,所以对土壤生物学肥力的贡献率较低。

表 6 各样地主成分得分及土壤生物学综合指标值排序

样地	土层/cm	生物学指标 I		生物学指标 II		生物学指标 III		生物学指标综合评价	
		得分	名次	得分	名次	得分	名次	IFI	名次
桦木林	0—15	1.144	2	0.798	3	-1.166	8	0.867	2
	15—30	-0.870	7	0.517	4	-0.311	6	-0.509	6
	30—45	-0.118	6	-1.426	8	-1.355	9	-0.519	8
苦竹林	0—15	1.196	1	0.960	2	0.103	4	1.049	1
	15—30	-1.184	8	1.160	1	0.501	3	-0.510	7
	30—45	-1.503	9	0.043	6	-0.162	5	-1.039	9
农耕地	0—15	0.790	3	0.143	5	1.529	1	0.708	3
	15—30	0.442	4	-0.672	7	-0.495	7	0.110	4
	30—45	0.104	5	-1.523	9	1.356	2	-0.156	5

注:IFI 为土壤综合肥力指标值。

2.2.4 不同退耕还林地土壤生物学综合肥力指标评价 将表 6 中各样地的 3 个生物学指标得分,代入公式(2),就得到各样地的生物学指标综合肥力评价得分值(IFI),然后依据其得分排序(表 6)。依据各样地生物学指标综合评价得分值(IFI)的大小排序为:苦竹林表层>桦木林表层>农耕地表层>农耕地亚表层>农耕地深层>桦木和苦竹林亚表层>桦木林深层>苦竹林深层。

据 IFI 值的大小对各样地作折线图来进一步分析土壤生物学肥力的变化趋势,如图 1 所示。从图 1 可以看出,各样地土壤剖面不同土壤层的生物学指标综合评价值具有明显的层次性差异,均表现为:表层>亚表层>深层。但不同样地的土壤生物学肥力随土壤层加深而下降的幅度有些差异,苦竹林>桦木林>农耕地,说明苦竹林生长旺盛,其物质循环比后者更快,即生物活性更强。从横向比较各样地的土壤生物学肥力指标综合评价值来看,在土壤的表层,苦竹林>桦木林>农耕地;在亚表层和深层,农耕地>桦木林>苦竹林,这可能与农耕地的管理措施以及桦木林深的根系有关。

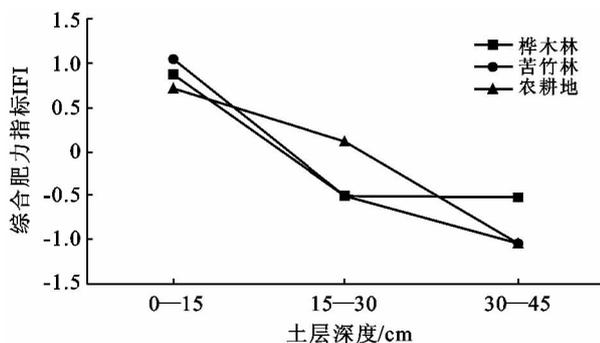


图 1 各样地土壤生物学指标综合评价

3 结论

土壤酶促进有机物分解,为微生物提供养料,促进微生物的繁殖,而微生物又刺激酶活性的增强。本研究结果表明,土壤三大类微生物与转化酶、尿酶、纤维素酶、过氧化氢酶之间关系密切,尤其是放线菌、真菌数量与 4 种土壤酶活性之间的相关性达到了极显著或显著水平,说明细菌、真菌、放线菌三大类土壤微生物是土壤生态系统中土壤酶活性的重要来源^[21]。

在本研究中,微球菌属数量与转化酶,芽孢杆菌属与纤维素酶,木霉和褐色菌与过氧化氢酶、酵母与脲酶都呈显著正相关关系。说明这些优势微生物类群在土壤中对这 4 种土壤酶活性的贡献较大。而 4 种土壤酶之间,转化酶与尿酶、过氧化氢酶呈极显著

相关关系,脲酶与纤维素酶、过氧化氢酶呈极显著相关关系。说明土壤酶在酶促物质的转化过程中,它们之间不仅有专性特性,同时还存在共性关系。

本研究应用主成分分析建立的用于评价退耕还林不同模式对土壤微生态影响效果的生物学指标评价体系表明了微生物多样性指标在评价土壤生物学肥力质量时具有十分重要的作用;纤维素酶、过氧化氢酶、脲酶、过氧化氢酶及其与它们有密切联系的优势微生物类群如芽孢杆菌、木霉菌等是土壤生物学肥力评价的一个重要指标;而细菌、酵母等生物量较小的微生物对土壤生态肥力评价指标的影响较小。由此说明,在土壤微生物中,生物量较大的微生物类群,对土壤的生物学肥力的贡献也较大;土壤酶及其与之有密切联系的微生物共同在催化土壤物质转换和能量循环方面具有重要的作用。此外,本研究建立的评价指标进一步表明土壤微生物类群、数量以及土壤酶活性与土壤肥力的关系密切,但单个的酶活性或微生物类群和数量不能准确地反映土壤肥力的大小。

用土壤综合肥力指标值(IFI)^[8]最终评价各样地的土壤生物学肥力质量的顺序依次为:苦竹林表层>桦木林表层>农耕地表层>农耕地亚表层>农耕地深层>桦木和苦竹林亚表层>桦木林深层>苦竹林深层。用此指标评价体系得到的结果与实际情况相同。农耕地受翻耕以及施肥等的影响,微生物总数量的平均值大于两种退耕还林地,但微生物总数主要决定于细菌数量的大小,而细菌因其生物量小而对土壤的生态肥力影响较小;在土壤微生物垂直分布方面,对土壤生态肥力贡献较大的放线菌、真菌数量在土壤表层为:苦竹林>桦木林、农耕地;从酶活性的季节变化来看,脲酶、纤维素酶、过氧化氢酶均表现为:苦竹林>桦木林、农耕地。由此说明了两种退耕还林模式对坡耕地的土壤生态肥力有了一定的改善,而在两种退耕还林地中,虽然光皮桦木在林地的水源涵养、水土保持、土壤改良等方面具有重要的作用^[16],但苦竹与桦木相比,它具有更发达的根系,繁殖能力强,生长密度及郁闭度较大,枯枝落叶多等特点,因此,苦竹对退耕地的生态改善,如水土保持,水源涵养,土壤生态肥力的增加等方面要优于桦木。

[参 考 文 献]

- [1] 王树起,韩晓增,乔云发,等. 长期施肥对东北黑土酶活性的影响[J]. 应用生态学报,2008,19(3): 551-556.
- [2] Prasad P, Basu S, Behera N. A comparative account of the microbiological characteristics of soils under natural forest, grassland and cropfield from Eastern India[J]. Plant and Soil, 1995, 175(1): 85-91.

- [3] Dunbar J, Ticknor L, Kuske C. Assessment of microbial diversity in four southwestern United States soils by 16S rRNA gene terminal restriction fragment analysis [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(7): 2943-2950.
- [4] Baltramaityte D, Rutkoviene V, Svirskiene A. Changes of soil microorganism coenosis composition and enzymic activity in different farming systems on Calc(ar)I-Epigeic luvisol soil [J]. *Zemdirbyste, Mokslo-Darbai*, 2000, 72(8): 252-267.
- [5] 周国英, 陈小艳, 李倩茹, 等. 油茶林土壤微生物生态分布及土壤酶活性的研究[J]. *经济林研究*, 2001, 19(1): 9-12.
- [6] Sinsabaugh R L, Antibus R K, Linkins A E, et al. Wood decomposition: Nitrogen and phosphorus dynamics in relation to extracellular enzyme activity [J]. *Ecology*, 1993, 74(5): 1586-1593.
- [7] 胡海波, 张金池, 高智慧, 等. 岩质海岸防护林土壤微生物数量及其与酶活性和理化性质的关系[J]. *林业科学研究*, 2001, 15(1): 88-95.
- [8] 骆伯胜, 钟继洪, 陈俊坚. 土壤肥力数值化综合评价研究[J]. *土壤*, 2004, 36(1): 104-106.
- [9] 胡君利, 林先贵, 尹睿, 等. 浙江慈溪不同利用年限水稻土微生物生物量与酶活性比较[J]. *生态学报*, 2008, 28(4): 1552-1557.
- [10] 曹帮华, 吴丽云. 滨海盐碱地刺槐白蜡混交林土壤酶与养分相关性研究[J]. *水土保持学报*, 2008, 22(1): 128-133.
- [11] 刘福德, 孔令刚, 安树青, 等. 连作杨树人工林不同生长阶段林地内土壤微生态环境特征[J]. *水土保持学报*, 2008, 22(2): 121-125.
- [12] 吴凤芝, 王学征, 潘凯. 小麦和大豆茬口对黄瓜土壤微生物生态特征的影响[J]. *应用生态学报*, 2008, 19(4): 794-798.
- [13] 刘子雄, 朱天辉, 张健. 两种不同退耕还林模式下的土壤微生物特性研究[J]. *水土保持学报*, 2006, 20(3): 132-135.
- [14] 马宗斌, 熊淑萍, 何建国, 等. 氮素形态对专用小麦中后期根际土壤微生物和酶活性的影响[J]. *生态学报*, 2008, 28(4): 1544-1551.
- [15] 姬兴杰, 熊淑萍, 李春明, 等. 不同肥料类型对土壤酶活性与微生物数量时空变化的影响[J]. *水土保持学报*, 2008, 22(1): 123-127, 133.
- [16] 《中国森林》编辑委员会. 中国森林[M]. 北京: 中国林业出版社, 2000: 1355-1359, 1920-1923.
- [17] 辉朝茂, 杜凡, 杨宇明. 竹类培育与利用[M]. 北京: 中国林业出版社, 1996: 59-62.
- [18] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 1985: 40-179.
- [19] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 325-328.
- [20] 张庆费, 宋永昌, 由文辉. 浙江天童植物群落次生演替与土壤肥力的关系[J]. *生态学报*, 1999, 19(2): 174-178.
- [21] 杨万勤, 王开运. 森林土壤酶的研究进展[J]. *林业科学*, 2004, 40(2): 152-159.

(上接第 128 页)

- [5] 中国环境监测总站, 北京大学, 中国科学院沈阳应用生态研究所, 等. 中国土壤元素背景值[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1990: 329-493.
- [6] U S EPA. Risk Assessment Guidance for Superfund: Human Health Evaluation Manual: Part A[M]. Washington, D C: Office of Emergency and Remedial Response, 1989.
- [7] 陈鸿汉, 谌宏伟, 何江涛, 等. 污染场地健康风险评价的理论和方法[J]. *地学边缘*, 2006, 13(1): 216-223.
- [8] U S Environmental Protection Agency. Supplemental Guidance for Developing Soil Screening Levels for Superfund Sites[M]. Washington D C, Washington Office of Solid Waste and Emergency Response, U S Environmental Protection Agency, 2001: 4-24.
- [9] McBride M B. Cadmium concentration limits in agricultural soils: Weaknesses in USEPA's risk assessment and the 503 rule[J]. *Human and Ecological Risk Assessment*, 2003, 9(3): 661-674.
- [10] 郑袁明, 陈同斌, 陈煌, 等. 北京市不同土地利用方式下土壤铅的积累[J]. *地理学报*, 2005, 60(5): 791-797.
- [11] Nicholson F A, Smith S R, Ailoway B J, et al. An inventory of heavy metals inputs to agricultural soils in England and Wales[J]. *The Science of the Total Environment*, 2003, 31(1/3): 205-219.
- [12] 易秀, 谷晓静, 侯燕卿, 等. 陕西省泾惠渠灌区土壤重金属地质累积指数评价[J]. *地球科学与环境学报*, 2010, 32(3): 217-221, 252.
- [13] Heumann K G. Isotope—dilution ICP—MS for trace element determination and speciation: From a reference method to a routine method [J]. *Anal. Bioanal. Chem.*, 2004, 378(2): 318-329.