

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

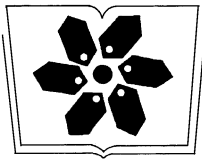
Acta Ecologica Sinica



第32卷 第8期 Vol.32 No.8 **2012**

中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
科学出版社

主办
出版



中国科学院科学出版基金资助出版

生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

第 32 卷 第 8 期

2012 年 4 月 (半月刊)

目 次

东北地区 5 种阔叶树苗木对火烧的生理响应.....	王 荣, 胡海清 (2303)
梭梭木虱发生规律及其影响因素.....	李粉莲, 吴雪海, 王佩玲, 等 (2311)
基于遥感降尺度估算中国森林生物量的空间分布.....	刘双娜, 周 涛, 舒 阳, 等 (2320)
流域景观格局与河流水质的多变量相关分析.....	赵 鹏, 夏北成, 秦建桥, 等 (2331)
内蒙古达赉湖地区赤狐生境选择及生境景观特征分析.....	张洪海, 李成涛, 窦华山, 等 (2342)
雅鲁藏布江流域底栖动物多样性及生态评价.....	徐梦珍, 王兆印, 潘保柱, 等 (2351)
用组合模型综合比较的方法分析气候变化对朱鹮潜在生境的影响.....	翟天庆, 李欣海 (2361)
2010 年牧区 2 代草地螟成虫迁飞的虫源分析	张 丽, 张云慧, 曾 娟, 等 (2371)
基于细胞色素 b 基因的中国岩羊不同地理种群遗传差异分析.....	李楠楠, 刘振生, 王正寰, 等 (2381)
喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式的土壤微生物特性.....	鹿士杨, 彭晚霞, 宋同清, 等 (2390)
永定河沿河沙地杨树人工林生态系统呼吸特征.....	方显瑞, 张志强, 查同刚, 等 (2400)
基于湿地植物光谱的水体总氮估测.....	刘 克, 赵文吉, 郭逍宇, 等 (2410)
背瘤丽蚌 F 型线粒体基因组全序列分析	陈 玲, 汪桂玲, 李家乐 (2420)
流域“源-汇”景观格局变化及其对磷污染负荷的影响——以天津于桥水库流域为例	李崇巍, 胡 婕, 王 飒, 等 (2430)
线虫群落对抚顺煤矸石山周边土壤可溶性盐污染的响应.....	张伟东, 吕 莹, 肖 莹, 等 (2439)
地上竞争对林下红松生物量分配的影响.....	汪金松, 范秀华, 范 娟, 等 (2447)
湿地松和马尾松人工林土壤甲烷代谢微生物群落的结构特征.....	王 芸, 郑 华, 陈法霖, 等 (2458)
马尾松和杉木树干韧皮部水溶性糖 $\delta^{13}\text{C}$ 值对气象因子的响应	卢钰茜, 王振兴, 郑怀舟, 等 (2466)
沙坡头人工植被演替过程的土壤呼吸特征.....	高艳红, 刘立超, 贾荣亮, 等 (2474)
豫西刺槐能源林的热值动态.....	谭晓红, 刘诗琦, 马履一, 等 (2483)
铁皮石斛种子的室内共生萌发	吴慧凤, 宋希强, 刘红霞 (2491)
红光与远红光比值对温室切花菊形态指标、叶面积及干物质分配的影响	杨再强, 张继波, 李永秀, 等 (2498)
扑草净对远志幼苗根系活力及氧化胁迫的影响.....	温银元, 郭平毅, 尹美强, 等 (2506)
地表臭氧浓度增加和 UV-B 辐射增强及其复合处理对大豆光合特性的影响	郑有飞, 徐卫民, 吴荣军, 等 (2515)
AMF 对喀斯特土壤枯落物分解和对宿主植物的养分传递	何跃军, 钟章成, 董 鸣 (2525)
传统豆酱发酵过程中细菌多样性动态.....	葛菁萍, 柴洋洋, 陈 丽, 等 (2532)
定位施肥对紫色菜园土磷素状况的影响.....	孙倩倩, 王正银, 赵 欢, 等 (2539)
基于生态需水保障的农业生态补偿标准.....	庞爱萍, 孙 涛 (2550)
保障粮食安全造成的生态价值损失评估模型及应用.....	芦蔚叶, 姜志德, 张应龙, 等 (2561)
专论与综述	
疏浚泥用于滨海湿地生态工程现状及在我国应用潜力.....	黄华梅, 高 杨, 王银霞, 等 (2571)
问题讨论	
厌氧氨氧化菌群体感应系统研究.....	丁 爽, 郑 平, 张 萌, 等 (2581)
基于形态结构特征的洞庭湖湖泊健康评价.....	帅 红, 李景保, 夏北成, 等 (2588)
研究简报	
黄土高原不同树种枯落叶混合分解效应.....	刘增文, 杜良贞, 张晓曦, 等 (2596)
不同经营类型毛竹林土壤活性有机碳的差异.....	马少杰, 李正才, 王 斌, 等 (2603)
干旱对辣椒光合作用及相关生理特性的影响	欧立军, 陈 波, 邹学校 (2612)
硅和干旱胁迫对水稻叶片光合特性和矿质养分吸收的影响	陈 伟, 蔡昆争, 陈基宁 (2620)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 326 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 36 * 2012-04



封面图说: 红树林粗大的气生根——红树林是热带、亚热带海湾及河口泥滩上特有的常绿灌木或乔木群落。由于海水环境条件特殊,红树林植物具有一系列特殊的生态和生理特征。其中之一就是气根,红树从根部长出许多指状的气生根露出海滩地面,以便在退潮时甚至潮水淹没时用以通气,故称呼吸根。在中国,红树林主要分布在海南、广西、广东和福建省沿海,它一般分布于高潮线与低潮线之间的潮间带,往往潮差越大,红树的呼吸根就长得越高越粗大。

彩图提供: 陈建伟教授 北京林业大学 E-mail: cites.chen@163.com

DOI: 10.5846/stxb201103070271

鹿士杨, 彭晚霞, 宋同清, 曾馥平, 杜虎, 王克林. 喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式的土壤微生物特性. 生态学报, 2012, 32(8): 2390-2399.

Lu S Y, Peng W X, Song T Q, Zeng F P, Du H, Wang K L. Soil microbial properties under different grain-for-green patterns in depressions between karst hills. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(8): 2390-2399.

喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式的 土壤微生物特性

鹿士杨^{1,2,3}, 彭晚霞^{1,2}, 宋同清^{1,2}, 曾馥平^{1,2}, 杜虎^{1,2,3}, 王克林^{1,2,*}

(1. 中国科学院亚热带农业生态研究所亚热带农业生态过程重点实验室, 长沙 410125;

2. 中国科学院环江喀斯特生态系统观测研究站, 环江 547100; 3. 中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘要:以坡耕地为对照,研究了喀斯特峰丛洼地任豆、香椿、板栗、柑橘、任豆+桂牧1号、桂牧1号和撂荒7种常见退耕还林还草模式下土壤微生物种群数量、微生物量碳氮磷及其分形特征和主要土壤酶活性特征。结果表明,不同退耕还林还草模式土壤微生物种群数量组成不同,除任豆模式外其他退耕还林还草模式均能提高土壤微生物总数量;不同退耕还林还草模式(除任豆模式外)土壤微生物量碳(MB_C)含量极显著增加,撂荒地最高,土壤微生物量氮(MB_N)含量变化范围不大,呈下降趋势,土壤微生物量磷(MB_P)含量的变异很大,香椿、板栗、撂荒和桂牧1号模式显著或极显著高于坡耕地;土壤MB_C与细菌数量的关系最相关($D=-4.07, R=0.81, P<0.01$),其次为MB_C与放线菌数量($D=3.82, R=0.44, P<0.05$),再次为MB_N与真菌数量($D=0.58, R=0.61, P<0.01$),MB_C与真菌数量、MB_N与细菌、放线菌数量以及MB_P与细菌、真菌、放线菌数量之间不存在分形关系;不同退耕还林还草模式(除桂牧1号模式外)均显著或极显著增加了土壤蔗糖酶、脲酶和磷酸酶活性。总之,不同退耕还林还草模式均改善了土壤微生物特性,为喀斯特峰丛洼地脆弱生态系统恢复与重建提供了重要依据。

关键词:退耕还林还草;土壤微生物量;微生物种群数量;土壤酶活性;喀斯特峰丛洼地

Soil microbial properties under different grain-for-green patterns in depressions between karst hills

LU Shiyang^{1,2,3}, PENG Wanxia^{1,2}, SONG Tongqing^{1,2}, ZENG Fuping^{1,2}, DU Hu^{1,2,3}, WANG Kelin^{1,2,*}

1 Key Laboratory of Agro-ecological Processes in Subtropical Region, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China

2 Huanjiang Observation and Research Station of Karst Ecosystem, Chinese Academy of Sciences, Huanjiang 547200, Guangxi, China

3 Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049

Abstract: Soil microbial life *in vivo* is a major component of soils throughout the whole process of soil development. The living environment for soil microorganisms is a very sensitive early-warning indicator of change in soil ecosystems. Using slope cropland as a contrast, we investigated the main soil microbial populations, microbial biomass carbon (MB_C), nitrogen (MB_N), and phosphorus (MB_P) and their fractal characteristic model, as well as soil enzyme activities under seven grain-for-green patterns (cultivation of *Zenia insignis*, *Toona sinensis*, *Castanea mollissima*, *Citrus reticulata*, *Zenia insignis* + Guimu No. 1 forage, Guimu No. 1 forage, and abandoned cropland) in depressions between karst hills. The main soil microbial populations differed under different grain-for-green patterns. Actinomycetes were 71.28% to 96.44% of

基金项目:中国科学院西部行动计划项目(KZCX2-XB3-10);中国科学院战略性先导科技专项(XDA05050205, XDA05070404);国家科技支撑计划(2010BAE00739);国家自然科学基金项目(31000224, 31070425, 30970508, U1033004);中国科学院“西部之光”人才培养计划

收稿日期:2011-03-07; 修订日期:2011-11-10

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: kelin@isa.ac.cn

the microbial population in the slope cropland, *Zenia insignis* + Guimu No. 1, Guimu No. 1, and abandoned cropland. Differences in their populations covered up to three orders of magnitude. Bacteria dominated in the other four soils, being 55.24% to 71.79% of the microbial population, but fungi were less than 1%. Bacteria were highest under Guimu No. 1 and abandoned cropland, and were lowest in the slope cropland. Fungi populations were in the order: abandoned cropland > *Zenia insignis* > Guimu No. 1 > *Citrus reticulata* > *Castanea mollissima* > slope cropland > *Toona sinensis* > *Zenia insignis* + Guimu No. 1, with significant differences between them. All the grain-for-green patterns except *Zenia insignis* increased total soil microbial populations. The differences between Guimu No. 1, abandoned cropland, and *Zenia insignis* + Guimu No. 1 were significant ($P < 0.05$), and were significantly higher than the others. Microbial biomass carbon (MB_C) in the all grain-for-green patterns except *Zenia insignis* was significantly higher than in the slope cropland, and was highest in the abandoned cropland. Microbial biomass nitrogen (MB_N) varied within a small range, showing a downward trend. Differences in MB_N between cultivation of *Zenia insignis* + Guimu, *Citrus reticulata*, *Zenia insignis* and slope cropland were significant ($P < 0.05$). Microbial biomass phosphorus (MB_P) varied widely in *Toona sinensis*, *Castanea mollissima*, abandoned cropland and Guimu No. 1 but was significantly higher than in slope cropland. MB_C was well correlated with bacteria ($D = -4.07$, $R = 0.81$, $P < 0.01$), followed by the correlation between MB_C and actinomycetes ($D = 3.82$, $R = 0.44$, $P < 0.05$) and that between MB_N and fungi ($D = 0.58$, $R = 0.61$, $P < 0.01$). However, there was no fractal relationship between the other microbial biomass and microbial populations. Compared with the slope cropland, all the grain-for-green patterns except Guimu No. 1 forage significantly increased the activities of soil sucrase, urease and phosphatase, suggesting an increase in carbon and nitrogen cycling. Under different grain-for-green patterns, the activity of soil sucrase was highest under *Toona sinensis*, reaching $(29.10 \pm 7.73) \text{ mg g}^{-1} \text{ d}^{-1}$, while the activity of soil urease was highest in the abandoned cropland, reaching $(540.7 \pm 34.77) \text{ } \mu\text{g g}^{-1} \text{ d}^{-1}$, and the activity of soil phosphatase was highest under *Castanea mollissima*, reaching $(991.1 \pm 76.28) \text{ } \mu\text{g g}^{-1} \text{ d}^{-1}$. All the grain-for-green patterns improved soil microbial properties, suggesting important benefits arising from fragile ecosystem restoration and reconstruction in depressions between karst hills.

Key Words: grain-for-green; soil microbial biomass; soil microbial populations; soil enzyme activities; depressions between karst hills

土壤微生物是土壤生命活体的主要组成部分,参与了土壤发生发育的全过程^[1-2]。土壤微生物对所生存环境十分敏感,被公认是土壤生态系统变化的预警及敏感指标^[3]。土壤微生物种群数量是研究和评价土壤微生物调控功能的重要参数^[4-5]。土壤微生物种群的数量不仅反映了土壤各因素对土壤微生物的影响,同时也反映了土壤微生物对植物的生长发育、土壤肥力的影响和作用^[6-7];土壤微生物生物量是表征土壤生态系统中物质和能量流动的重要参数之一,可反映土壤同化和矿化能力的大小,是土壤活性大小的标志^[8],被认为是土壤活性养分的暂时储存库。土壤酶是土壤生物化学过程的积极参与者,其活性反映了土壤中进行的各种生物化学过程的强度和方向,在生态系统中的物质循环和能量流动过程中扮演着重要角色。

峰丛洼地是典型的喀斯特地貌,集中分布在西南喀斯特南部斜坡地带,面积约 9.7 万 $\text{km}^{2[9]}$,土壤贫瘠,水土流失严重^[10],人地矛盾尖锐,“喀斯特贫困”现象严重,强烈的人为干扰导致了以脆弱的生态地质环境为基础、以强烈的人类活动为驱动力、以植被减少为诱因、以土地生产力退化为本质的、以出现类似荒漠化景观为标志的复合退化状态^[11],且呈不断扩张的态势,植被恢复和生态重建迫在眉睫^[12-13]。为了保护和改善生态环境,当地政府响应中央号召全面实施退耕还林还草工程。许多学者针对不同环境条件下土壤微生物特性进行了研究,对喀斯特地区不同植被恢复过程土壤微生物特性也有一些研究,认为自然恢复方式对于提高土壤质量的效果优于人工恢复方式^[14],而退耕还林还草模式下土壤微生物特性鲜见报道。本文以古周喀斯特峰丛洼地综合治理区为例,以坡耕地为对照,选择退耕种植任豆、香椿、板栗、柑橘、任豆+桂牧 1 号、桂牧 1 号

和撂荒等 7 种常见的退耕还林还草模式,运用生态恢复学原理,分析了不同退耕模式早期土壤微生物特性,以期为峰丛洼地乃至整个西南喀斯特区域不同程度石漠化生态恢复方案优化设计及退耕还林工程的顺利实施提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于广西环江毛南族自治县下南乡古周村(24°50'N,107°55'E)一个典型的喀斯特峰丛洼地景观单元,最高海拔 818 m,最低 376 m,属亚热带季风气候,年平均气温 16.5—20.5 °C,平均降雨量为 1389.1 mm,雨季平均持续 130—140 d,主要集中在 4—9 月,尤以 6 月中旬至 7 月中旬最多,达 350—460 mm,常出现涝灾,10 月至翌年 3 月为旱季,各月平均降水量在 90 mm 以下。一年内日照时数以 2 月份最低,7 月份最高,日照率以 3 月份最低,9 月份最高。土壤主要为碳酸盐岩发育的钙质石灰土,洼地平均土层深度约为 100 cm,部分地段土深仅为 10 余厘米,石芽广泛出露,山地平均土层深度 20—40 cm,80% 为 25°以上坡地,岩石裸露率高达 85%。研究区人地矛盾突出,人为干扰强烈,植被退化严重,森林覆盖率仅为 13%,长年水土流失导致石漠化趋势明显,生态环境十分脆弱。2002 年被列为中国科学院亚热带农业生态研究所喀斯特峰丛洼地生态恢复与重建试验示范区,在完成环境移民 50% 的基础上全面实施退耕还林还草工程。

1.2 试验设计与调查

2007 年 8—11 月在试验示范区,以坡耕地(玉米(*Zea mays*)-黄豆(*Glycine max*))为对照,选择种植任豆(*Zenia insignis*)、香椿(*Toona sinensis*)、板栗(*Castanea mollissima*)、柑橘(*Citrus reticulata*)、任豆+桂牧 1 号(*Guimu No. 1 Forage*)、桂牧 1 号和撂荒 7 种主要退耕还林还草模式,各模式在退耕前均为坡耕地(玉米-黄豆),退耕时间均为 2002 年。在母质、土壤类型、坡度等立地条件基本一致的坡中下部沿等高线各设置 3 块 400 m²(20 m × 20 m)的固定样地。

1.3 土壤取样与分析

2007 年 11 月 16 日在所选样地内按 S 型采取 15 个样本(0—20 cm)混合组成待测土样,充分混合后分成 2 份,1 份鲜样去杂、过筛<2 mm,土壤置于密封的大塑料桶内在 25 °C 培养 10 d 后分析土壤微生物种群数量和微生物量,另 1 份风干、去杂、过筛<2 mm 后测定土壤相关土壤理化性质。

1.3.1 物理性状

每个样方内五点法进行土壤水分(0—20 cm)、土壤容重测定,水分采用铝盒烘干法(105 °C,12 h),容重采用环刀法。

1.3.2 化学指标

土壤化学指标包括 pH 值、有机质(SOM)、全氮(TN)、全磷(TP)、全钾(TK)、碱解氮(AN)、速效磷(AP)、速效钾(AK)。土壤 pH 值采用电极电位法,SOM 采用重铬酸钾氧化-外加热法测定,TN 采用半微量开氏法测定,TP 采用 NaOH 熔融-钼锑抗显色-紫外分光光度法测定,TK 采用 NaOH 熔融-原子吸收法测定,AN 采用扩散吸收法测定,AP 采用 NaHCO₃ 提取-钼锑抗显色-紫外分光光度法测定,AK 采用 NH₄Ac 浸提-原子吸收法测定^[15]。

1.3.3 微生物特征

土壤微生物生物量碳(MB_C)采用氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法测定,转换系数 K 采用 0.45^[16];土壤微生物生物量氮(MB_N)用氯仿熏蒸-K₂SO₄ 提取-氮自动分析仪法,转换系数 K 采用 0.45^[17];土壤微生物生物量磷(MB_P)采用氯仿熏蒸-NaHCO₃ 提取-Pi 测定-外加 Pi 校正法,转换系数 K 采用 0.4^[18]。采用稀释平板涂布法计数测定土壤中细菌、真菌、放线菌数量,细菌用牛肉膏蛋白胨培养基,真菌用马丁氏培养基,放线菌用改良高氏 1 号培养基^[19]。

1.3.4 土壤酶活性

土壤蔗糖酶、脲酶和磷酸酶活性分别采用 3,5-二硝基水杨酸比色法、苯酚-次氯酸钠比色法和对硝基苯磷

酸二钠比色法测定^[20]。

1.4 微生物种群数量与微生物量碳氮磷分形特征的表征方法

分形理论是指部分和整体在形态、功能和信息等方面具有相似性,采用分形维数描述分形体分形特征^[21]。设 A 为一测度指标(如数量、长度、面积、体积等), B 为度量所采用的尺度指标(如数量、长度、面积、体积等),若 2 者存在如下关系: $A=kB^D$,则 D 即为分形维数, k 为比例系数(常量)。 D 值的计算方法是在双对数坐标下对 A/B 的一系列值进行线性回归,所得拟合直线的斜率。据此分别计算不同退耕还林还草模式下微生物碳、氮、磷与细菌、真菌及放线菌数量对应关系的 D 值^[22]。

1.5 数据处理与分析

土壤理化性状、微生物种群数量、微生物生物量的方差分析、多重比较以及微生物量碳氮磷与微生物种群数量的分形模型构建应用 SPSS16.0 软件(SPSS 公司,芝加哥,美国)。

2 结果与分析

2.1 不同退耕还林还草模式土壤理化性状

土壤容重和含水量是表征土壤结构和水源涵养功能的物理环境指标。尽管在干旱季节(最后一轮的降雨时间是 11 月 4 日,降雨量仅为 3.3 mm),坡耕地和不同退耕还林还草模式土壤含水量仍高达 20.76%—29.10%,且差异很大,有的甚至达到了显著或极显著水平,大小顺序为:板栗>香椿>撂荒>柑橘>坡耕地>任豆+桂牧 1 号>桂牧 1 号>任豆模式;不同退耕还林还草模式的土壤容重不同,可能受有机质含量、人为管理措施与植被生长状况影响,大小顺序为:任豆>桂牧 1 号>撂荒>柑橘>任豆+桂牧 1 号>坡耕地>板栗>香椿,不同模式之间的差异大部分达到了显著或极显著水平(表 1)。

与坡耕地相比,任豆模式的有机质及磷、钾全量养分、桂牧 1 号和撂荒模式的全钾、香椿和板栗模式的速效磷极显著降低,pH 值和其他大部分土壤养分在不同退耕还林还草模式中均有不同程度提高,除任豆模式的速效磷、速效钾和柑橘、任豆+桂牧 1 号的 pH 值外,均达到了显著或极显著水平,其中有机质、氮和钾含量均以香椿和板栗最高,而全磷含量以撂荒模式最高(表 1)。

表 1 不同退耕还林还草模式的表层 0—20 cm 土壤理化性质

Table 1 Surface soil (0—20 cm) physicochemical properties under different grain-for-green patterns

	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII
含水量 Water content/%	24.55±0.83 ^{BCb}	21.75±0.37 ^{CDc}	26.92±0.94 ^{ABab}	29.10±0.30 ^{Aa}	25.68±1.01 ^{ABb}	24.54±1.19 ^{BCb}	20.76±1.12 ^{De}	26.05±1.12 ^{ABb}
容重 Bulk density/(g/cm ³)	1.28±0.03 ^{CDd}	1.46±0.01 ^{Aa}	1.17±0.03 ^{Ee}	1.26±0.05 ^{DEd}	1.37±0.02 ^{BCbc}	1.34±0.01 ^{BCDcd}	1.42±0.02 ^{ABab}	1.39±0.01 ^{ABbc}
pH	6.44±0.06 ^{Dd}	7.15±0.03 ^{Aa}	6.85±0.01 ^{Bb}	6.65±0.07 ^{BCDbc}	6.54±0.02 ^{CDcd}	6.41±0.06 ^{Dd}	6.81±0.00 ^{BCb}	7.20±0.16 ^{Aa}
有机质 SOM/(g/kg)	20.66±0.99 ^{Fg}	17.42±0.41 ^{Gh}	45.51±0.45 ^{Aa}	38.36±0.89 ^{Bb}	33.01±0.58 ^{Cd}	26.31±0.16 ^{Ef}	30.22±0.40 ^{De}	36.45±0.70 ^{Bc}
全氮 TN/(g/kg)	1.40±0.11 ^{De}	1.20±0.02 ^{De}	3.13±0.10 ^{Aa}	2.75±0.06 ^{Ab}	2.22±0.05 ^{BCc}	2.24±0.05 ^{Bc}	1.83±0.16 ^{Cd}	1.83±0.13 ^{Cd}
C:N	14.81±0.54 ^{Bbc}	14.56±0.32 ^{Bbc}	14.56±0.51 ^{Bbc}	13.97±0.24 ^{Bbc}	14.92±0.49 ^{ABab}	11.75±0.27 ^{Bc}	16.74±1.50 ^{ABab}	20.14±1.63 ^{Aa}
全磷 TP/(g/kg)	0.87±0.04 ^{Cd}	0.69±0.03 ^{De}	1.07±0.02 ^{Bbc}	1.03±0.02 ^{Bc}	1.11±0.02 ^{Bb}	1.10±0.03 ^{Bbc}	1.08±0.00 ^{Bbc}	1.35±0.00 ^{Aa}
全钾 TK/(g/kg)	6.76±0.09 ^{Dd}	3.28±0.10 ^{Fg}	10.07±0.36 ^{Bb}	11.25±0.10 ^{Aa}	9.99±0.20 ^{Bb}	9.11±0.10 ^{Cc}	4.79±0.04 ^{Ee}	4.28±0.09 ^{Ef}
碱解氮 AN/(mg/kg)	43.65±0.29 ^{Ee}	60.32±1.49 ^{Dd}	141.64±3.69 ^{Aa}	143.21±0.91 ^{Aa}	109.37±0.81 ^{Bb}	98.69±0.13 ^{Cc}	96.98±0.99 ^{Cc}	97.39±1.73 ^{Cc}
速效磷 AP/(mg/kg)	4.95±0.73 ^{Ee}	5.31±0.17 ^{Ee}	3.73±0.10 ^{Ff}	3.53±0.17 ^{Ff}	8.87±0.10 ^{Cc}	6.63±0.09 ^{Dd}	10.76±0.14 ^{Bb}	15.00±0.23 ^{Aa}
速效钾 AK/(mg/kg)	33.59±2.60 ^{Ee}	33.95±1.42 ^{Ee}	83.84±0.35 ^{Aa}	84.47±1.02 ^{Aa}	68.15±1.45 ^{Bb}	42.30±1.32 ^{CDcd}	39.57±0.41 ^{DEd}	46.63±1.27 ^{Cc}

I:坡耕地;II:任豆;III:香椿;IV:板栗;V:柑橘;VI:任豆+桂牧 1 号;VII:桂牧 1 号;VIII:撂荒;同一行不同大小写字母的数据间差异分别达到极显著 $P<0.01$ 和显著水平 $P<0.05$

2.2 不同退耕还林还草模式土壤微生物种群数量

不同退耕还林还草模式之间土壤细菌的数量差异达到了极显著水平,依次为桂牧 1 号>撂荒>香椿>板栗>柑橘>任豆+桂牧 1 号>任豆>坡耕地(表 2),表明不同退耕还林还草模式对土壤细菌的数量存在重要影响。桂牧 1 号和撂荒模式的细菌数量最高,分别达 16.83×10^6 和 9.06×10^6 cfu/g,坡耕地土壤细菌数量最低(1.07×10^6 cfu/g)。

不同退耕还林还草模式真菌数量排序为撂荒>任豆、桂牧 1 号>柑橘、板栗、坡耕地>香椿>任豆+桂牧 1 号,各排序之间均达到了显著或极显著水平;相比之下,放线菌数量的差异达到了 3 个数量级,第 1 个数量级为桂牧 1 号和撂荒,数量相近,第 2 个数量级为任豆+桂牧 1 号,其他 5 个模式为第 3 个数量级,差异不显著。除任豆模式外其他退耕还林还草模式均能提高土壤微生物总数量,总数量的顺序为:桂牧 1 号>撂荒>任豆+桂牧 1 号>板栗、香椿、柑橘、坡耕地、任豆,其中,桂牧 1 号、撂荒、任豆+桂牧 1 号模式之间达到了极显著水平(表 2)。

不同退耕还林还草模式土壤微生物种群数量组成不同。放线菌是坡耕地、任豆+桂牧 1 号、桂牧 1 号和撂荒模式土壤微生物的主要类群,占微生物种群数量总量比例为 71.3%—96.4%;细菌是任豆、香椿、板栗和柑橘模式土壤微生物的主要类群,所占比例为 55.2%—71.8%;真菌数量在各模式中所占比例均很小,不足 1%。

表 2 不同退耕还林还草模式土壤微生物主要种群数量

Table 2 Populations of main soil microbes under different grain-for-green patterns

模式 Models	细菌 Bacteria /($\times 10^6$ cfu/g)	真菌 Fungi /($\times 10^4$ cfu/g)	放线菌 Actinomycetes /($\times 10^6$ cfu/g)	总数 Sum /($\times 10^6$ cfu/g)	细菌比例 Percentage of bacteria/%	真菌比例 Percentage of fungi/%	放线菌比例 Percentage of actinomycetes/%
I	1.07 $\pm$ 0.09 ^{Hh}	2.80 $\pm$ 0.36 ^{CDd}	4.22 $\pm$ 1.82 ^{BCc}	5.32 $\pm$ 1.85 ^{Dd}	28.07 $\pm$ 12.60 ^{Bc}	0.65 $\pm$ 0.18 ^{ABb}	71.28 $\pm$ 12.77 ^{Bb}
II	2.67 $\pm$ 0.03 ^{Gg}	3.81 $\pm$ 0.03 ^{Bb}	1.75 $\pm$ 0.00 ^{Cc}	4.47 $\pm$ 0.03 ^{Dd}	59.88 $\pm$ 0.22 ^{Aab}	0.85 $\pm$ 0.00 ^{Aa}	39.27 $\pm$ 0.23 ^{Ccd}
III	6.45 $\pm$ 0.05 ^{Cc}	2.18 $\pm$ 0.00 ^{De}	2.51 $\pm$ 0.00 ^{Cc}	8.99 $\pm$ 0.05 ^{CDd}	71.79 $\pm$ 0.15 ^{Aa}	0.24 $\pm$ 0.00 ^{CDc}	27.97 $\pm$ 0.15 ^{Cd}
IV	6.18 $\pm$ 0.07 ^{Dd}	2.95 $\pm$ 0.02 ^{BCcd}	4.98 $\pm$ 0.00 ^{BCc}	11.19 $\pm$ 0.07 ^{CDd}	55.24 $\pm$ 0.29 ^{Ab}	0.26 $\pm$ 0.00 ^{CDc}	44.49 $\pm$ 0.29 ^{Cc}
V	5.23 $\pm$ 0.07 ^{Ee}	3.19 $\pm$ 0.02 ^{BCcd}	2.55 $\pm$ 0.00 ^{Cc}	7.81 $\pm$ 0.07 ^{CDd}	66.93 $\pm$ 0.31 ^{Aab}	0.41 $\pm$ 0.00 ^{BCc}	32.66 $\pm$ 0.31 ^{Ccd}
VI	3.43 $\pm$ 0.05 ^{Ff}	0.42 $\pm$ 0.00 ^{Ef}	13.37 $\pm$ 0.48 ^{Bb}	16.80 $\pm$ 0.43 ^{Cc}	20.43 $\pm$ 0.82 ^{BCc}	0.02 $\pm$ 0.00 ^{Dd}	79.54 $\pm$ 0.82 ^{ABb}
VII	16.83 $\pm$ 0.00 ^{Aa}	3.37 $\pm$ 0.00 ^{BCbc}	252.4 $\pm$ 4.90 ^{Aa}	269.3 $\pm$ 4.90 ^{Aa}	6.25 $\pm$ 0.11 ^{Cd}	0.01 $\pm$ 0.00 ^{Dd}	93.74 $\pm$ 0.11 ^{Aa}
VIII	9.06 $\pm$ 0.00 ^{Bb}	7.00 $\pm$ 0.24 ^{Aa}	247.1 $\pm$ 4.80 ^{Aa}	256.3 $\pm$ 4.80 ^{Bb}	3.54 $\pm$ 0.06 ^{Cd}	0.03 $\pm$ 0.00 ^{Dd}	96.44 $\pm$ 0.07 ^{Aa}

I:坡耕地;II:任豆;III:香椿;IV:板栗;V:柑橘;VI:任豆+桂牧 1 号;VII:桂牧 1 号;VIII:撂荒;同一行不同大小写字母的数据间差异分别达到极显著 $P<0.01$ 和显著水平 $P<0.05$

2.3 土壤微生物量 C、N、P

由于土壤微生物量周转快,灵敏度高,可以反映土壤微小的变化,常被作为研究土壤健康的生物学指标。与坡耕地相比,不同退耕还林还草模式(除任豆模式外)均极显著地增加了土壤 MB_C ,增加的幅度达 136.6—644.4 mg/kg,撂荒地最高; MB_N 含量变化范围不大,在 16.67—46.13 mg/kg 之间,与坡耕地相比呈下降趋势,下降的幅度为 1.61—29.46 mg/kg,只与任豆+桂牧 1 号、柑橘、任豆模式达到了极显著水平; MB_P 含量的变异很大,香椿、板栗、撂荒和桂牧 1 号模式显著或极显著高于坡耕地,其他 3 种模式 MB_P 略有下降,柑橘模式达到了显著水平(表 3)。不同退耕还林还草模式的 MB_C/SOM 、 MB_N/TN 、 MB_P/TP 分别为 0.65%—2.43%、0.74%—3.27% 和 0.40%—7.15%,前两个指标差异较小,后者差异较大。不同退耕还林还草模式土壤 MB_C/MB_N 均很高,除任豆和撂荒模式外均显著或极显著高于坡耕地(表 3)。

表 3 不同退耕还林还草模式土壤微生物量碳、氮、磷的变化

Table 3 Soil microbial biomass carbon, nitrogen, and phosphorus under different grain-for-green patterns

	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII
$MB_C/(mg/kg)$	131.7 $\pm$ 33.2 ^{Bb}	268.3 $\pm$ 2.963.0 ^{Bb}	738.0 $\pm$ 3.15 ^{Aa}	506.6 $\pm$ 88.5 ^{Aa}	448.5 $\pm$ 92.5 ^{Aa}	335.3 $\pm$ 100.0 ^{Aa}	559.8 $\pm$ 58.3 ^{Aa}	776.2 $\pm$ 0.3 ^{Aa}
$MB_N/(mg/kg)$	46.1 $\pm$ 11.3 ^{Aa}	25.13 $\pm$ 0.70 ^{BCcd}	41.04 $\pm$ 0.90 ^{ABab}	32.70 $\pm$ 2.50 ^{ABCbc}	24.25 $\pm$ 0.61 ^{BCcd}	16.67 $\pm$ 0.30 ^{Cd}	33.21 $\pm$ 0.30 ^{ABCbc}	44.52 $\pm$ 2.44 ^{ABab}
$MB_P/(mg/kg)$	7.92 $\pm$ 1.84 ^{DEde}	7.39 $\pm$ 0.45 ^{DEe}	76.65 $\pm$ 0.75 ^{Aa}	56.97 $\pm$ 1.33 ^{Bb}	4.33 $\pm$ 1.50 ^{Ef}	6.03 $\pm$ 0.45 ^{Eef}	10.58 $\pm$ 0.80 ^{Dd}	22.87 $\pm$ 0.31 ^{Cc}
$MB_C/SOM/\%$	0.65 $\pm$ 0.18 ^{Bb}	1.55 $\pm$ 0.03 ^{ABab}	1.62 $\pm$ 0.01 ^{ABab}	1.69 $\pm$ 0.20 ^{ABa}	1.96 $\pm$ 0.25 ^{Aa}	2.43 $\pm$ 0.37 ^{Aa}	2.26 $\pm$ 0.19 ^{Aa}	2.04 $\pm$ 0.04 ^{Aa}
$MB_N/TN/\%$	3.27 $\pm$ 0.79 ^{Aa}	2.10 $\pm$ 0.03 ^{ABCab}	1.31 $\pm$ 0.04 ^{BCDede}	1.19 $\pm$ 0.10 ^{CDde}	1.10 $\pm$ 0.05 ^{BCde}	0.74 $\pm$ 0.01 ^{De}	1.84 $\pm$ 0.16 ^{BCDbcd}	2.45 $\pm$ 0.19 ^{ABab}
$MB_P/TP/\%$	0.92 $\pm$ 0.15 ^{DEde}	1.06 $\pm$ 0.11 ^{Dd}	7.15 $\pm$ 0.17 ^{Aa}	5.53 $\pm$ 0.19 ^{Bb}	0.40 $\pm$ 0.14 ^{Ef}	0.55 $\pm$ 0.05 ^{DEef}	0.98 $\pm$ 0.07 ^{De}	1.69 $\pm$ 0.02 ^{Cc}
MB_C/MB_N	3.62 $\pm$ 1.72 ^{Cd}	10.75 $\pm$ 0.19 ^{BCcd}	17.94 $\pm$ 0.46 ^{BCbc}	20.06 $\pm$ 2.98 ^{BCbc}	26.61 $\pm$ 3.43 ^{ABab}	38.38 $\pm$ 5.72 ^{Aa}	20.66 $\pm$ 1.85 ^{Bbc}	16.79 $\pm$ 0.89 ^{BCbcd}

I:坡耕地;II:任豆;III:香椿;IV:板栗;V:柑橘;VI:任豆+桂牧 1 号;VII:桂牧 1 号;VIII:撂荒;同一行不同大小写字母的数据间差异分别达到极显著 $P<0.01$ 和显著水平 $P<0.05$

2.4 微生物量碳氮磷与微生物种群数量的分形特征

土壤微生物生物量反映参与调控土壤中能量和养分循环以及有机质转化的微生物种群数量。土壤 MB_C 与土壤细菌及放线菌具有良好的分形关系,相关系数分别为 0.81 和 0.44,分别达到了极显著 ($P<0.01$) 和显著水平 ($P<0.05$),分形维数 D 值分别为 -4.07 和 3.82。土壤 MB_N 与真菌数量的分形关系也达到了极显著水平 ($R=0.61, P<0.01$),分形维数 D 值为 0.58;土壤 MB_C 与真菌数量、 MB_N 与细菌、放线菌数量以及 MB_P 与细菌、真菌、放线菌数量的分形关系经 F 检验均未达到显著水平 ($P>0.05$)。 MB_C 与细菌、放线菌数量、 MB_N 与真菌数量的分形特征模型的回归参数经 t 检验均具有统计学意义 ($P<0.05$),而土壤 MB_C 与真菌数量、 MB_N 与细菌、放线菌数量以及 MB_P 与细菌、真菌、放线菌数量之间不存在分形关系(表 4)。

表 4 微生物种群数量与微生物量的分形特征模拟结果

Table 4 Fractal characteristic model of soil microbial population and biomass

模型 Model	相关系数	F 检验 F-test		t 检验 t-test			
		F	P	截距 Constant		斜率 k	
	R			t	P	t	P
$\ln y_C = -4.0675 + 0.6658 \ln x_B$	0.81	41.54	< 0.01	2.55	0.02	6.45	< 0.01
$\ln y_C = 6.5044 - 0.0315 \ln x_F$	0.04	0.03	0.86	3.56	< 0.01	0.18	0.86
$\ln y_C = 3.8225 + 0.1461 \ln x_A$	0.44	5.31	0.03	3.71	< 0.01	2.31	0.03
$\ln y_N = 2.8250 + 0.0395 \ln x_B$	0.09	0.17	0.69	1.90	0.07	0.41	0.69
$\ln y_N = 0.5772 + 0.2810 \ln x_F$	0.61	12.75	< 0.01	0.72	0.48	3.57	< 0.01
$\ln y_N = 2.9566 + 0.0295 \ln x_A$	0.16	0.59	0.45	4.73	< 0.01	0.77	0.45
$\ln y_P = -4.5669 + 0.4669 \ln x_B$	0.35	2.97	0.10	1.09	0.29	1.72	0.10
$\ln y_P = -0.2482 + 0.2823 \ln x_F$	0.20	0.96	0.34	0.08	0.93	0.98	0.34
$\ln y_P = 2.1081 + 0.0318 \ln x_A$	0.06	0.08	0.79	1.12	0.28	0.27	0.79

$y_C: MB_C; y_N: MB_N; y_P: MB_P; x_B, x_F, x_A$ 分别为细菌、真菌和放线菌数量

2.5 土壤酶活性

不同退耕还林还草模式土壤蔗糖酶活性变化较大,依次为香椿>板栗>柑橘>撂荒>任豆>任豆+桂牧 1 号>桂牧 1 号>坡耕地,香椿模式高达 $(29.10 \pm 7.731) \text{ mg g}^{-1} \text{ d}^{-1}$,显著或者极显著高于其他模式,这可能与该模式植物种类多样性较高有关;与坡耕地相比,不同退耕还林还草模式(除桂牧 1 号模式外)均显著增加了土壤脲酶活性,增加幅度在 $200.6\text{—}367.7 \text{ } \mu\text{g g}^{-1} \text{ d}^{-1}$,撂荒模式最高;除桂牧 1 号外不同退耕还林还草模式均显著提高了土壤磷酸酶活性,大小顺序依次为:板栗>香椿>柑橘>任豆>任豆+桂牧 1 号>撂荒>桂牧 1 号>坡耕地,这可能与不同模式中植物物种种类及其凋落物量有关(表 5)。

表 5 不同退耕还林还草模式土壤酶活性特征

Table 5 Soil enzyme activities under different grain-for-green patterns

模式 Models	蔗糖酶活性/ $(\text{mg g}^{-1} \text{ d}^{-1})$ Invertase activity	脲酶活性/ $(\mu\text{g g}^{-1} \text{ d}^{-1})$ Urease activity	磷酸酶活性/ $(\mu\text{g g}^{-1} \text{ d}^{-1})$ Alkaline phosphatase activity
I	$7.51 \pm 1.40 \text{ Dc}$	$172.9 \pm 25.41 \text{ Cc}$	$149.4 \pm 27.80 \text{ Dd}$
II	$15.50 \pm 0.88 \text{ BCDbc}$	$400.5 \pm 39.96 \text{ Bb}$	$707.5 \pm 54.84 \text{ BCbc}$
III	$29.10 \pm 7.73 \text{ Aa}$	$470.0 \pm 28.13 \text{ ABab}$	$875.1 \pm 75.91 \text{ ABab}$
IV	$20.46 \pm 0.89 \text{ ABb}$	$433.3 \pm 35.83 \text{ ABb}$	$991.1 \pm 76.28 \text{ Aa}$
V	$18.55 \pm 1.15 \text{ BCb}$	$440.5 \pm 24.61 \text{ ABab}$	$731.9 \pm 103.1 \text{ BCbc}$
VI	$8.38 \pm 0.12 \text{ CDc}$	$373.6 \pm 45.48 \text{ Bb}$	$675.1 \pm 44.56 \text{ BCc}$
VII	$8.13 \pm 0.85 \text{ Dc}$	$215.7 \pm 45.07 \text{ Cc}$	$271.1 \pm 45.90 \text{ Dd}$
VIII	$17.63 \pm 1.82 \text{ BCDb}$	$540.7 \pm 34.77 \text{ Aa}$	$581.6 \pm 74.48 \text{ Cc}$

I: 坡耕地; II: 任豆; III: 香椿; IV: 板栗; V: 柑橘; VI: 任豆+桂牧 1 号; VII: 桂牧 1 号; VIII: 撂荒; 同一行不同大小写字母的数据间差异分别达到极显著 $P<0.01$ 和显著水平 $P<0.05$

3 讨论

3.1 土壤微生物种群数量与组成

土壤作为一个独立的自然体,对水、肥、气、热及根系生长具有调节作用,同时又受植被和微生物的影响,使土壤理化性状发生改变。土壤微生物种群数量与组成很大程度上影响并决定着土壤的生物活性、有机质分解、腐殖质合成、土壤团聚体形成以及土壤养分的转化^[4]。不同退耕还林还草模式物种组成和发育阶段不同,其分泌物的种类、数量和性质也不同,从而影响微生物种群数量和种类组成的差异。桂牧 1 号和撂荒模式的细菌最高,这可能是由于桂牧 1 号和撂荒地植物根系分泌物和凋落物的分解促进了微生物对养分的吸收、利用和转化^[23],为微生物的生长提供了丰富的碳源和氮源;坡耕地土壤细菌最少,这与长期耕作、凋落物少、秸秆归还量少导致土壤有机质含量低、细菌生长所需能源匮乏有关。真菌数量排序为撂荒>任豆、桂牧 1 号>柑橘、板栗、坡耕地>香椿>任豆+桂牧 1 号,各排序之间均达到了显著或极显著水平。放线菌数量的差异达到了 3 个数量级,可能与各模式内植物组成禾本科植物所占成分有关,成分越高,放线菌数量越高。除任豆模式外其他退耕还林还草模式均能提高土壤微生物总数量,桂牧 1 号、撂荒和任豆+桂牧 1 号模式之间达到了极显著水平,均极显著高于其他模式。

不同退耕还林还草模式土壤微生物种群数量组成不同。放线菌是坡耕地、任豆+桂牧 1 号、桂牧 1 号和撂荒模式土壤微生物的主要类群,占微生物种群数量总量比例为 71.3%—96.4%;细菌是任豆、香椿、板栗和柑橘模式土壤微生物的主要类群,所占比例为 55.2%—71.8%;真菌数量在各模式中所占比例均很小,不足 1%。这表明在坡耕地、任豆+桂牧 1 号、桂牧 1 号和撂荒模式中,放线菌的繁殖力、竞争力以及对土壤养分的消耗强于其他类群;细菌与真菌数量上虽不及放线菌,但其数量也比较多,对于物质循环具有重要的调控作用。

3.2 土壤微生物量 C、N、P

土壤微生物量被作为土壤质量理想的生物学指标来研究^[24]。土壤微生物量碳、氮、磷的高低是衡量土壤生物肥力的重要指标,地上植被类型被认为是影响土壤微生物活动的重要因子^[25]。与坡耕地相比,不同退耕还林还草模式(除任豆模式外)明显增加了喀斯特峰丛洼地土壤 MB_C ,撂荒地最高; MB_N 含量变化范围不大,与坡耕地相比呈下降趋势,且任豆+桂牧 1 号、柑橘和任豆模式达到了极显著水平; MB_P 含量的变异很大,香椿、板栗、撂荒和桂牧 1 号模式显著或极显著高于坡耕地,其他 3 种模式 MB_P 略有下降,柑橘模式达到了显著水平。这表明退耕还林工程实施过程中,植被恢复对土壤微生物量影响显著,也反映土壤微生物量在监测土壤质量具有指示作用。

Vance 等^[26]认为,在无外部因素干扰的情况下,土壤微生物生物量并不能完全反映微生物的活性、结构和功能,因此除分析其绝对量外,还应考虑微生物生物量碳、氮、磷在全碳、全氮和全磷中的比例,从微生物学角度揭示退耕还林还草过程中土壤微生物质量的变异。Zeller 等^[27]报道土壤微生物生物量碳、氮、磷占有机碳、全氮和全磷的比例分别为 0.3%—7.0%、2.0%—6.0% 和 0.5%—8.5%。本研究结果与其相似,但微生物量碳、氮和磷的比例均偏低。喀斯特峰丛洼地土壤虽少,但周围裸露岩石的分布会增加风化凋落物向土壤的输入,使土壤有机碳和氮含量较高,微生物代谢功能期长,要维持植物生长所需的氮源和其他营养物质,就必须提高微生物活性来维持高的物质代谢能力。

土壤中可被土壤微生物利用营养的 C:N 是表征土壤微生物生长是否受碳限制或氮限制的重要指标,影响到土壤微生物的群落结构。当土壤 C:N $\geq$ 30:1 和 C:N $\leq$ 20:1 时,土壤微生物生长分别受到氮源和碳源限制,而 C:N 在 25:1 时对土壤微生物生长最有利,有利于维持土壤微生物在自然生态系统中的正常功能^[28-29]。撂荒模式土壤 C:N 显著或极显著高于坡耕地和除柑橘、桂牧 1 号外其他模式,其土壤微生物生长环境最佳,而碳源供给数量是坡耕地和退耕还林还草模式中土壤微生物生长的主要限制因子。

3.3 土壤微生物量与微生物数量的分形特征

分形理论自引入生态领域研究以来,广泛应用于植物种群分布格局及土壤团聚体等方面的研究^[20,30],针

对土壤微生物量与微生物种群数量的关系很少涉及,在喀斯特地区这方面的研究尚未见报道。喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式下微生物量碳、氮、磷与微生物种群数量的分形特征研究表明,MB_C与细菌($P < 0.01$)、放线菌数量($P < 0.05$),MB_N与真菌数量($P < 0.01$)之间具有明显的分形特征,其分形模型精度及分形维数 D 值经 F 检验、 t 检验均达到显著水平。由分形模型拟合得到的 D 值是对MB_C、MB_N空间分布的维度特征的特征, D 值越大,表明微生物量碳、氮、磷在土壤空间积累越多,分布空间越大^[30]。由分析模型的 D 值可知,土壤微生物量碳、氮的积累与土壤微生物种类、数量的空间分布格局存在差异,表现为微生物MB_C与细菌数量最相关($D = -4.07$),其次为B_C与放线菌数量($D = 3.82$),再次为MB_N与真菌数量的关系($D = 0.58$)。这可能由土壤母质、主要植被类型以及人类活动的差异所致。MB_C与真菌数量、MB_N与细菌、放线菌数量以及MB_P与细菌、真菌、放线菌数量的分形关系经 F 检验均未达到显著水平($P > 0.05$),不存在分形关系,其原因有待于进一步研究。由于土壤微生物量与微生物种群数量的空间分布存在分形特征,可以通过土壤微生物种群数量的变化来预测该地区土壤微生物量的动态变化,从而对土壤健康变化进行有效预警。

3.4 土壤酶活性

土壤酶对土壤肥力以及其他环境因子的变化相当敏感,能够较早反映土壤利用和生物变化,能更直接表达土壤的生物活性,可作为反映土壤营养元素有效性水平的一项生物指标。土壤蔗糖酶活性反映了土壤有机碳积累与分解转化的规律,与CO₂的释放有密切关系,是表征土壤的碳素循环和土壤生化活性的重要酶^[31-32]。喀斯特峰丛洼地不同退耕还林还草模式土壤蔗糖酶活性变化较大,香椿模式显著或者极显著高于其他模式,土壤蔗糖酶主要源于植物根系,在土壤中主要受物种多样性的影响^[33];与坡耕地相比,不同退耕还林模式均显著提高了土壤脲酶活性,促进氮素转化为可供植物利用的有效态养分,提高了氮素利用效率,加速了土壤氮素循环。坡耕地、桂牧1号模式中由于归还和可供分解的凋落物少以及分解凋落物能力差、养分归还弱,不能为土壤微生物的活动提供丰富的能量物质,微生物磷酸酶的分泌量减少,导致土壤磷酸酶活性显著低于其他退耕还林还草模式。而退耕还林模式由于土壤表层累积了较多的枯枝落叶,土壤有机质含量高,微生物生长旺盛,代谢活跃而使表层的土壤磷酸酶活性较高^[34]。

References:

- [1] Yao H Y, Huang C Y. Edaphon Ecology and Experimental Technology. Beijing: Science Press, 2006.
- [2] van Bruggen A H C, Semenov A M. In search of biological indicators for soil health and disease suppression. *Applied Soil Ecology*, 2000, 15(1): 13-24.
- [3] Ren T Z, Grego S. Soil bioindicators in sustainable agriculture. *Scientia Agriculture Sinica*, 2000, 33(1): 68-75.
- [4] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54(4): 801-808.
- [5] Xu H F, Liu X T, Bai J H. Dynamic change and environmental effects of soil microorganism in marsh soils from *Carex meyeriana* wetlands in Changbai Mountain. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2004, 18(3): 115-117, 122-122.
- [6] Wu J F, Lin X G. Effects of soil microbes on plant growth. *Soils*, 2003, 35(1): 18-21.
- [7] Chen S M, Lin H P, Zhang L Q. Introduction to Microbial Ecology. Beijing: Higher Education Press, 2007.
- [8] Liu M Q, Hu F, He Y Q, Li H X. Seasonal dynamics of soil microbial biomass and its significance to indicate soil quality under different vegetations restored on degraded red soils. *Acta Pedologica Sinica*, 2003, 40(6): 937-943.
- [9] Yang M D, Liang H. The processes of evolution dynamic of cone karst and the exploitation of the water resource. *Carsologica Sinica*, 2000, 19(1): 44-51.
- [10] Jiang Z C, Li X K, Zeng F P. Ecological Restoration in Karst Depression. Beijing: Geological Publishing House, 2007.
- [11] Peng W X, Wang K L, Song T Q, Zeng F P, Wang J R. Controlling and restoration models of complex degradation of vulnerable Karst ecosystem. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(2): 811-820.
- [12] Zeng F P, Peng W X, Song T Q, Wang K L, Wu H Y, Song X J, Zeng Z X. Changes in vegetation after 22 years' natural restoration in the karst disturbed area in Northwest Guangxi. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(12): 5110-5119.
- [13] Chinese Academy of Sciences. Some propositions on advancing the comprehensive control of karst mountain areas in southeast China. *Advance in*

- Earth Sciences, 2003, 18(4): 489-492.
- [14] Long J, Li J, Jiang X R, Huang C Y. Soil microbial activities in Maolan karst forest, Guizhou Province. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(4): 597-602.
- [15] Bao S D. *Soil Assay on Properties of Agro-Chemistry*. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [16] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D C. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, 19(6): 703-707.
- [17] Sparlig G P, Gupta V V S R, Zhu C Y. Release of ninhydrin-reactive compounds during fumigation of soil to estimate microbial C and N. *Soil Biology and Biochemistry*, 1993, 25(12): 1803-1805.
- [18] Brookes P C, Powlson D S, Jenkinson D S. Measurement of microbial biomass phosphorus in soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 1982, 14(4): 319-329.
- [19] Wu J H, Lin Q M, Huang Q Y, Xiao H A. *Soil Microbial Biomass-Methods and Application*. Beijing: Weather Press, 2006.
- [20] Guan S Y. *Soil Enzymes and Research Methods*. Beijing: Agriculture Press, 1986.
- [21] Zu Y G, Ma K M. Fractal theory and ecology//Li B, ed. *Modern Ecology Seminar*. Beijing: Science Press, 1995.
- [22] He C H, Zhao K Y. Fractal relationship between aboveground biomass and plant length of sheath height of *Carex lasiocarpa* population. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003, 14(4): 640-642.
- [23] Tian C M, Liu J J, Liang Y M, Liu Y H. Rhizosphere microorganisms and soil bio-chemical properties at Huoditang forest region of the Qinling Mountains. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 1999, 19(2): 19-22.
- [24] Arunachalam A, Pandey H N. Ecosystem restoration of Jhum fallows in Northeast India: microbial C and N along altitudinal and successional gradients. *Restoration Ecology*, 2003, 11(2): 168-173.
- [25] Zhu Z J, Jiang P K, Xu Q F. Study on the active organic carbon in soil under different types of vegetation. *Forest Research*, 2006, 19(4): 523-526.
- [26] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, 19(6): 703-707.
- [27] Zeller V, Bardgett R D, Tappeiner U. Site and management effects on soil microbial properties of subalpine meadows: a study of land abandonment along a north-south gradient in the European Alps. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(4/5): 639-649.
- [28] Jiang P K, Zhou G M. Changes in soil microbial biomass carbon and nitrogen under eroded red soil by vegetation recovery. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2003, 17(1): 112-114.
- [29] Li Y M, Hu J C, Wang S L, Wang S J. Function and application of soil microorganisms in forest ecosystem. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(10): 1943-1946.
- [30] Yang P L, Luo Y P, Shi Y C. Use of particle-size weight distribution to characterize soil fractal feature, 1993, 38(20): 1896-1899.
- [31] Yuan X X, Lin X G, Chu H Y, Yin R, Zhang H Y, Hu J L, Zhu J G. Effects of elevated atmospheric CO₂ on soil enzyme activities at different nitrogen level. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(1): 48-53.
- [32] Zhou W, Zhou Y C, Li J. Evolution of soil enzymes and organic carbon in desertification karst area of Huajiang. *Research of Agricultural Modernization*, 2007, 28(1): 110-113.
- [33] Li Y Y. Study on Soil Enzyme and Plant Species Diversity of Shrub in Limestone Area of Central Guizhou [D]. Guiyang: Guizhou University, 2008.
- [34] Shen L N, Deng X H, Jiang Z C, Qin X M. Features of karst soil microbe at different vegetation successions — a case study on the peak cluster depression in Nongla, Mashan, Guangxi. *Carsologica Sinica*, 2007, 26(4): 310-314.

参考文献:

- [1] 姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术. 北京: 科学出版社, 2006.
- [3] 任天志, Grego S. 持续农业中的土壤生物指标研究. *中国农业科学*, 2000, 33(1): 68-75.
- [5] 徐惠风, 刘兴土, 白军红. 长白山沟谷湿地乌拉苔草沼泽湿地土壤微生物动态及环境效应研究. *水土保持学报*, 2004, 18(3): 115-117, 122-122.
- [6] 吴建峰, 林先贵. 土壤微生物在促进植物生长方面的作用. *土壤*, 2003, 35(1): 18-21.
- [7] 陈声明, 林海萍, 张立钦. *微生物生态学导论*. 北京: 高等教育出版社, 2007.
- [8] 刘满强, 胡峰, 何园球, 李辉信. 退化红壤不同植被恢复下土壤微生物量季节动态及其指示意义. *土壤学报*, 2003, 40(6): 937-943.
- [9] 杨明德, 梁虹. 峰丛洼地形成动力过程与水资源开发利用. *中国岩溶*, 2000, 19(1): 44-51.
- [10] 蒋忠诚, 李先琨, 曾馥平. 岩溶峰丛洼地生态重建. 北京: 地质出版社, 2007.

- [11] 彭晚霞, 王克林, 宋同清, 曾馥平, 王久荣. 喀斯特脆弱生态系统复合退化控制与重建模式. 生态学报, 2008, 28(2): 811-820.
- [12] 曾馥平, 彭晚霞, 宋同清, 王克林, 吴海勇, 宋希娟, 曾昭霞. 桂西北喀斯特人为干扰区植被自然恢复 22 年后群落特征. 生态学报, 2007, 27(12): 5110-5119.
- [13] 中国科学院学部. 关于推进西南岩溶地区石漠化综合治理的若干建议. 地球科学进展, 2003, 18(4): 489-492.
- [14] 龙健, 李娟, 江新荣, 黄昌勇. 贵州茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究. 土壤学报, 2004, 41(4): 597-602.
- [15] 鲍士旦. 土壤农化分析 (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [19] 吴金水, 林启美, 黄巧云, 肖和艾. 土壤微生物生物量测定方法及其应用. 北京: 气象出版社, 2006.
- [20] 关松荫. 土壤酶及其研究方法. 北京: 农业出版社, 1986.
- [21] 祖元刚, 马克明. 分形理论与生态学//李博. 现代生态学讲座. 北京: 科学出版社, 1995.
- [22] 何池全, 赵魁义. 毛果苔草种群地上生物量与株高或鞘高分形特征. 应用生态学报, 2003, 14(4): 640-642.
- [23] 田呈明, 刘建军, 梁英梅, 刘永华. 秦岭火地塘林区森林根际微生物及其土壤生化特性研究. 水土保持通报, 1999, 19(2): 19-22.
- [25] 朱志建, 姜培坤, 徐秋芳. 不同森林植被下土壤微生物量碳和易氧化态碳的比较. 林业科学研究, 2006, 19(4): 523-526.
- [28] 姜培坤, 周国模. 侵蚀型红壤植被恢复后土壤微生物量碳、氮的演变. 水土保持学报, 2003, 17(1): 112-114.
- [29] 李延茂, 胡江春, 汪思龙, 王书锦. 森林生态系统中土壤微生物的作用与应用. 应用生态学报, 2004, 15(10): 1943-1946.
- [30] 杨培岭, 罗远培, 石元春. 用粒径的重量分布表征的土壤分形特征. 科学通报, 1993, 38(20): 1896-1899.
- [31] 苑学霞, 林先贵, 褚海燕, 尹睿, 张华勇, 胡君利, 朱建国. 大气 CO₂ 浓度升高对不同施氮土壤酶活性的影响. 生态学报, 2006, 26(1): 48-53.
- [32] 周玮, 周运超, 李进. 花江石漠化喀斯特土壤有机碳及其部分转化酶演变. 农业现代化研究, 2007, 28(1): 110-113.
- [33] 李媛媛. 黔中石灰岩土壤酶和灌木林植物物种多样性研究 [D]. 贵阳: 贵州大学, 2008.
- [34] 沈利娜, 邓新辉, 蒋忠诚, 覃星铭. 不同植被演替阶段的岩溶土壤微生物特征——以广西马山弄拉峰丛洼地为例. 中国岩溶, 2007, 26(4): 310-314.

CONTENTS

Physiological responses of five deciduous broad-leaved tree seedlings in the Northeast Area of China to burning	WANG Rong, HU Haiqing (2303)
The occurrence regularity of psyllid in <i>Haloxylon</i> spp and its influencing factors	LI Fenlian, WU Xuehai, WANG Peiling, et al (2311)
The estimating of the spatial distribution of forest biomass in China based on remote sensing and downscaling techniques	LIU Shuangna, ZHOU Tao, SHU Yang, et al (2320)
Multivariate correlation analysis between landscape pattern and water quality	ZHAO Peng, XIA Beicheng, QIN Jianqiao, et al (2331)
Red fox habitat selection and landscape feature analysis in the Dalai Lake Natural Reserve in Inner Mongolia	ZHANG Honghai, LI Chengtao, DOU Huashan, et al (2342)
Research on assemblage characteristics of macroinvertebrates in the Yalu Tsangpo River Basin	XU Mengzhen, WANG Zhaoyin, PAN Baozhu, et al (2351)
Climate change induced potential range shift of the crested ibis based on ensemble models	ZHAI Tianqing, LI Xinhai (2361)
Analysis of the sources of second generation meadow moth populations that immigrated into Chinese pastoral areas in 2010	ZHANG Li, ZHANG Yunhui, ZENG Juan, et al (2371)
Genetic diversity based on cytochrome <i>b</i> gene analysis of different geographic populations of blue sheep in China	LI Nannan, LIU Zhensheng, WANG Zhenghuan, et al (2381)
Soil microbial properties under different grain-for-green patterns in depressions between karst hills	LU Shiyang, PENG Wanxia, SONG Tongqing, et al (2390)
Ecosystem and soil respiration of a poplar plantation on a sandy floodplain in Northern China	FANG Xianrui, ZHANG Zhiqiang, ZHA Tonggang, et al (2400)
Estimating total nitrogen content in water body based on reflectance from wetland vegetation	LIU Ke, ZHAO Wenji, GUO Xiaoyu, et al (2410)
Analysis on complete F type of mitochondrial genome in <i>Lamprotula lei</i>	CHEN Ling, WANG Guiling, LI Jiale (2420)
The source-sink landscape pattern change and its effect on phosphorus pollution in Yuqiao watershed	LI Chongwei, HU Jie, WANG Sa, et al (2430)
Responses of soil nematode communities to soluble salt contamination around Gangue hill in Fushun	ZHANG Weidong, LV Ying, XIAO Ying, et al (2439)
Effect of aboveground competition on biomass partitioning of understory Korean pine (<i>Pinus koraiensis</i>)	WANG Jinsong, FAN Xiuhua, FAN Juan, et al (2447)
Research of methane metabolic microbial community in soils of slash pine plantation and Masson pine plantation	WANG Yun, ZHENG Hua, CHEN Falin, et al (2458)
$\delta^{13}\text{C}$ values of stem phloem water soluble sugars of <i>Pinus massoniana</i> and <i>Cunninghamia lanceolata</i> response to meteorological factors	LU Yuxi, WANG Zhenxing, ZHENG Huaizhou, et al (2466)
Soil respiration patterns during restoration of vegetation in the Shapotou area, Northern China	GAO Yanhong, LIU Lichao, JIA Rongliang, et al (2474)
Dynamics of caloric value of <i>Robinia pseudoacacia</i> L. energy forest in the west of Henan Province	TAN Xiaohong, LIU Shiqi, MA Luyi, et al (2483)
<i>Ex-situ</i> symbiotic seed germination of <i>Dendrobium catenatum</i>	WU Huifeng, SONG Xiqiang, LIU Hongxia (2491)
Effects of red/far red ratio on morphological index, leaf area and dry matter partitioning of cut chrysanthemum flower	YANG Zaiqiang, ZHANG Jibo, LI Yongxiu, et al (2498)
Effect of prometryne on root activity and oxidative stress of <i>Polygala tenuifolia</i> Willd. seedling roots	WEN Yinyuan, GUO Pingyi, YIN Meiqiang, et al (2506)
Combined effects of elevated O_3 concentration and UV-B radiation on photosynthetic characteristics of soybean	ZHENG Youfei, XU Weimin, WU Rongjun, et al (2515)
Nutrients transfer for host plant and litter decomposition by AMF in Karst soil	HE Yuejun, ZHONG Zhangcheng, DONG Ming (2525)
The dynamics of bacteria community diversity during the fermentation process of traditional soybean paste	GE Jingping, CHAI Yangyang, CHEN Li, et al (2532)
Effect of site-specific fertilization on soil phosphorus in purple garden soil	SUN Qianqian, WANG Zhengyin, ZHAO Huan, et al (2539)
A method of determining standards for ecological compensation in agricultural areas, giving priority to environmental flows in water allocation	PANG Aiping, SUN Tao (2550)
The loss of ecosystem services value caused by food security assessment model and its application	LU Weiye, JIANG Zhide, ZHANG Yinglong, et al (2561)
Review and Monograph	
Review of the current situation of coastal ecological engineering using dredged marine sediments and prospects for potential application in China	HUANG Huamei, GAO Yang, WANG Yinxia, et al (2571)
Discussion	
Quorum sensing in anaerobic ammonium oxidation bacteria	DING Shuang, ZHENG Ping, ZHANG Meng, et al (2581)
Health evaluation of Dongting Lake based on morphological characters	SHUAI Hong, LI Jingbao, XIA Beicheng, et al (2588)
Scientific Note	
Effects of mix-leaf litter decomposition of different trees in the Loess Plateau	LIU Zengwen, DU Liangzhen, ZHANG Xiaoxi, et al (2596)
Changes in soil active organic carbon under different management types of bamboo stands	MA Shaojie, LI Zhengcai, WANG Bin, et al (2603)
Effects of drought stress on photosynthesis and associated physiological characters of pepper	OU Lijun, CHEN Bo, ZOU Xuexiao (2612)
Effects of silicon application and drought stress on photosynthetic traits and mineral nutrient absorption of rice leaves	CHEN Wei, CAI Kunzheng, CHEN Jining (2620)

《生态学报》2012 年征订启事

《生态学报》是中国生态学学会主办的自然科学高级学术期刊,创刊于 1981 年。主要报道生态学研究原始创新性科研成果,特别欢迎能反映现代生态学发展方向的优秀综述性文章;研究简报;生态学新理论、新方法、新技术介绍;新书评介和学术、科研动态及开放实验室介绍等。

《生态学报》为半月刊,大 16 开本,280 页,国内定价 70 元/册,全年定价 1680 元。

国内邮发代号:82-7 国外邮发代号:M670 标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

全国各地邮局均可订阅,也可直接与编辑部联系购买。欢迎广大科技工作者、科研单位、高等院校、图书馆等订阅。

通讯地址:100085 北京海淀区双清路 18 号 电 话:(010)62941099; 62843362

E-mail: shengtaixuebao@rcees.ac.cn 网 址: www.ecologica.cn

编辑部主任 孔红梅 执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报

(SHENGTAI XUEBAO)

(半月刊 1981 年 3 月创刊)

第 32 卷 第 8 期 (2012 年 4 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 8 2012

编 辑	《生态学报》编辑部 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085 电话:(010)62941099 www.ecologica.cn shengtaixuebao@rcees.ac.cn	Edited by	Editorial board of ACTA ECOLOGICA SINICA Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China Tel:(010)62941099 www.ecologica.cn Shengtaixuebao@rcees.ac.cn
主 编	冯宗炜	Editor-in-chief	FENG Zong-Wei
主 管	中国科学技术协会	Supervised by	China Association for Science and Technology
主 办	中国生态学学会 中国科学院生态环境研究中心 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085	Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街 16 号 邮政编码:100071	Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
发 行	科 学 出 版 社 地址:东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717 电话:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net
订 购	全国各地邮局	Domestic	All Local Post Offices in China
国外发行	中国国际图书贸易总公司 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 许 可 证	京海工商广字第 8013 号		



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 70.00 元