

DOI: 10.5846/stxb201807101504

刘立斌, 钟巧连, 倪健. 基于生物量回归方程估算黔中喀斯特常绿落叶阔叶混交林木本植物的根系生物量. 生态学报, 2018, 38(24): - .

Liu L B, Zhong Q L, Ni J. Allometric function-based root biomass estimate of woody plants in a karst evergreen and deciduous broadleaf and mixed forest in central Guizhou Province, southwestern China. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(24): - .

基于生物量回归方程估算黔中喀斯特常绿落叶阔叶混交林木本植物的根系生物量

刘立斌^{1,2}, 钟巧连^{2,3}, 倪 健^{1,2,3,*}

1 浙江师范大学化学与生命科学学院, 金华 321004

2 中国科学院普定喀斯特生态系统观测研究站, 安顺 561000

3 中国科学院地球化学研究所环境地球化学国家重点实验室, 贵阳 550081

摘要: 常规根系生物量研究方法在我国西南喀斯特森林地区实施困难, 根系挖掘法所得研究结果不确定性高, 导致目前根系生物量数据匮乏。选择贵州中部喀斯特常绿落叶阔叶混交林为对象, 建立常规的根系生物量回归方程, 结合群落调查数据, 以期研究该森林木本植物的根系生物量特征及其空间分布格局。利用 106 株乔木、34 株灌木和 34 株藤本标准木根系数据, 构建了 5 种优势乔木 (安顺润楠 *Machilus cavaleriei* H. Lévl., 化香树 *Platycarya strobilacea* Sieb., 云贵鹅耳枥 *Carpinus pubescens* Burkill, 云南鼠刺 *Itea yunnanensis* Franch. 和窄叶石栎 *Lithocarpus confinis* Huang)、3 种优势灌木 (刺异叶花椒 *Zanthoxylum dimorphophyllum* Hemsl., 倒卵叶旌节花 *Stachyurus obovatus* (Rehd.) 和异叶鼠李 *Rhamnus heterophylla* Oliv.) 和 2 种优势藤本 (藤黄檀 *Dalbergia hancei* Benth 和小果蔷薇 *Rosa cymosa* Tratt.) 以及乔木通用、灌木通用和藤本通用共 13 个根系生物量回归方程。利用这些方程计算得到该喀斯特森林木本植物总根系生物量为 22.72 Mg/hm²。乔木根系生物量 (22.57 Mg/hm²) 远高于灌木和藤本, 占森林总根系生物量的 99.30%。5 个优势乔木树种的根系生物量 (19.67 Mg/hm²) 占森林总根系生物量的 86.54%。物种根系发达程度是影响根系生物量空间分布格局的重要因素。本研究可为喀斯特地区植被地下生物量与碳储量的全面估算提供一个新途径。

关键词: 根系生物量; 回归方程; 空间分布格局; 喀斯特森林; 碳储量

Allometric function-based root biomass estimate of woody plants in a karst evergreen and deciduous broadleaf and mixed forest in central Guizhou Province, southwestern China

LIU Libin^{1,2}, ZHONG Qiaolian^{2,3}, NI Jian^{1,2,3,*}

1 College of Chemistry and Life Sciences, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004, China

2 Puding Karst Ecosystem Research Station, Chinese Academy of Sciences, Anshun 561000, China

3 State Key Laboratory of Environmental Geochemistry, Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, Guiyang 550081, China

Abstract: Traditional methods of root biomass field investigation are difficult to implement in karst forests, and root excavation methods cause high uncertainties, thereby resulting in a lack of data. In the present study, root biomass and spatial distribution patterns of woody plants in a karst evergreen and deciduous broadleaf and mixed forest in central Guizhou Province, southwestern China were analyzed by building root biomass allometric functions and using vegetation plot surveys. Root biomass regression models were established based on the root data of 106 trees of five dominant species (*Machilus*

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2016YFC0502101, 2016YFC0502304); 国家自然科学基金面上项目 (41471049)

收稿日期: 2018-07-10; **修订日期:** 2018-09-27

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: nijian@zjnu.edu.cn

cavaleriei H. Lév., *Platycarya strobilacea* Sieb., *Carpinus pubescens* Burkill., *Itea yunnanensis* Franch., and *Lithocarpus confinis* Huang.), 34 shrubs of three dominant species (*Zanthoxylum dimorphophyllum* Hemsl., *Stachyurus obovatus* (Rehd.), and *Rhamnus heterophylla* Oliv.), and 34 lianas of two dominant species (*Dalbergia hancei* Benth. and *Rosa cymosa* Tratt.). The estimated root biomass of woody plants in the karst forest was 22.72 Mg/hm². Trees with 22.57 Mg/hm² root biomass accounted for 99.30% of the total forest root biomass and were the major root biomass contributors, with the five dominant tree species comprising 86.54% (19.67 Mg/hm²) of the total forest root biomass. The root development level of different species is a significant factor that influences spatial distribution patterns of root biomass. This study provides a new way to comprehensively estimate belowground vegetation biomass and carbon storage in karst regions.

Key Words: Root biomass; regression models; spatial distribution pattern; karst forest; carbon storage

生物量(包括地上和根系生物量)作为植被生态系统最重要的功能之一,是表征从立地到区域和全球尺度陆地碳循环的关键指标。自 20 世纪 60 年代以来,在国际生物学计划、人与生物圈计划和全球森林碳平衡再评估的推动下,世界各国主要类型植被生态系统和主要气候带植被生态系统的地上生物量研究工作得到了迅速发展,且研究方法和研究精度也有了很大提升^[1-7]。根系是植物直接与土壤接触的器官,直接影响着地上部分的生长以及整个植株的生存和发展。受制于植被根系研究的困难性,根系生物量的研究滞后于地上生物量的发展,但也正受到越来越多的关注,国内外学者对各种植被类型根系的生物量开展了不少研究工作^[8-13]。

以贵州为中心的中国西南喀斯特生态环境体系,面积约 51 万 km²,占全国陆地面积的 5.8%,立体性和多样性丰富,具有较强的代表性^[14]。喀斯特地区广泛分布的石灰土,导致生长于喀斯特地貌上的植被,通常称为喀斯特植被,是典型的非地带性植被类型,该类型以落叶树种占 30%—40%的常绿落叶阔叶混交林为主^[15]。受长期化学风化和溶蚀作用的影响,喀斯特森林林下岩石裸露率高,土壤浅薄且不连续,水分渗漏严重和生境异质性高的独特性,大大增加了喀斯特森林根系生物量的调查难度。目前,仅有学者利用土柱挖掘法调查了贵州南部茂兰国家级自然保护区和贵州中部普定县喀斯特森林的根系生物量^[16-18]。但此方法难以区分根系所属物种以及费时费力且破坏性较大,尤其是在生境高度异质的喀斯特地区,要求挖掘较多土柱才能保证研究结果的精度。因此,喀斯特森林根系生物量研究新方法的探索非常必要且紧迫。

本研究以黔中 2 hm²样地内喀斯特常绿落叶阔叶混交林为研究对象,拟对群落中优势乔木、灌木和藤本分别建立根系生物量回归方程,并利用这些方程结合样地群落调查数据研究该喀斯特森林木本植物根系生物量及其在各生活型(乔木、灌木和藤本)和物种间的分配情况,同时也将对根系生物量在样地中的空间分布格局进行探讨。本研究可为喀斯特地区植被生物量与碳储量的全面估算提供新的研究方法和基础数据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

后寨河流域地处贵州省中部的安顺市普定县境内,地理位置 105°40′41″—105°48′4″ E, 26°12′14″—26°17′6″ N,是我国西南喀斯特流域的典型代表。该区属北亚热带季风湿润气候,根据普定县 1961—2013 年的气象记录,该地区年均温 15.2 °C,年均降水量 1341 mm,年均日照时数仅 1189 小时,日照百分率仅为 26.3%。流域内海拔高度为 1100—1400 m,相对高差在 100—200 m 之间。出露石灰岩和白云岩(尤其是前者)在流域内随处分布。土壤以棕色石灰土为主,总土壤量少,且持水、滞水能力差。流域内无原生性顶极森林,代表性植被是保存较好的次生常绿落叶阔叶混交林,且仅零星分布在人为干扰较少的山顶。而灌木林、藤刺灌丛及荒草坡等退化植被则分布在人为干扰较多的山腰以下。

在对整个后寨河流域进行植被踏查后,于 2012 年夏季在天龙山围封了一个面积为 2 hm²,能够代表当地植被、土壤和喀斯特地貌的永久监测样地—天龙山永久监测样地(105°45′ E, 26°14′ N)(图 1),并对样地内小

生境和植被进行了调查,且于 2015 年夏季进行了首次复查。调查时,将 2 hm²样地划分为 200 个 10 m×10 m 的样方,对每个样方内胸径(D)≥1 cm 的木本植物的种名、D、高度(乔木和灌木)/长度(藤本)和冠幅信息等进行了详细的记录。根据样地群落调查结果,样地内优势乔木树种包括安顺润楠(*Machilus cavaleriei* H. Lév.)、化香树(*Platycarya strobilacea* Sieb.)、云贵鹅耳枥(*Carpinus pubescens* Burkill)、云南鼠刺(*Itea yunnanensis* Franch.)和窄叶石栎(*Lithocarpus confinis* Huang);优势灌木种包括刺异叶花椒(*Zanthoxylum dimorphophyllum* Hemsl.)、倒卵叶旌节花(*Stachyurus obovatus* (Rehd.))和异叶鼠李(*Rhamnus heterophylla* Oliv.);优势藤本为藤黄檀(*Dalbergia hancei* Benth)和小果蔷薇(*Rosa cymosa* Tratt.)^[18-19]。

1.2 野外根系获取方法

于 2016 年夏季在永久监测样地的东侧(生境与物种组成和永久监测样地内相似),选择群落优势乔木 5 种,灌木 3 种和藤本 2 种(见研究区概况),每个物种分别径级(安顺润楠径级范围 $1.1 \leq D \leq 18.4$ cm,化香树 $2.1 \leq D \leq 30.6$ cm,云贵鹅耳枥 $1.8 \leq D \leq 16.7$ cm,云南鼠刺 $1.4 \leq D \leq 21.4$ cm,窄叶石栎 $1.0 \leq D \leq 34.0$ cm,刺异叶花椒 $1.1 \leq D \leq 3.3$ cm,倒卵叶旌节花 $1.0 \leq D \leq 2.2$ cm,异叶鼠李 $1.0 \leq D \leq 2.1$ cm,藤黄檀 $1.0 \leq D \leq 5.0$ cm,小果蔷薇 $1.0 \leq D \leq 2.2$ cm)选取标准木,乔木 20—25 株,灌木和藤本 10—18 株。利用全挖法获取灌木和藤本标准木的所有根系。由于天龙山植被已被当地政府保护,乔木(尤其是大径级乔木)的根系生物量不能利用破坏性的全挖法获取;此外,在岩石裸露率较高的喀斯特地区,大径级乔木往往有部分根系穿插在岩石缝隙或底部,甚至深至地下洞穴,这部分根系难以获取;但部分分支根系以水平扩散和穿梭为主,这些分支根系较易获得完整根系生物量。因此,本研究乔木根系生物量的获取方法是沿标准木基径挖开并清理周围土壤,待整个基径周围根系露出来后,利用游标卡尺测量标准木所有分支根系基部的根径。根据物种根系根径分布情况,每株标准木选取一条较为容易挖取的根系(样根),全部挖出。将获取的植物根系全部洗净晾干,随后置于 85 ℃ 的烘箱内烘干至恒重并称取干重。

1.3 根系生物量估算

经检验,各乔木树种样根根系生物量与根径相关性均达到极显著水平($P < 0.01$)。因此,建立各树种根系生物量与根径之间的多种回归关系(指数、线性、对数、多项式和幂函数),筛选出相关系数最高的回归方程(表 1),用于估算标准木未挖掘分支根系的生物量。每株标准木根系生物量为直接获取的样根生物量与未挖掘根系生物量之和。



图 1 天龙山永久监测样地地理位置及外貌图

Fig.1 Location and physiognomy of the Tianlongshan permanent monitoring plot in the distribution map of karst terrain (grey) in China

表 1 乔木根系生物量与根径之间的回归方程

Table 1 Regression models between root biomass and root diameter

物种 Species	根径 d(cm) 及样根数 Root diameter (cm) and sample No.	回归方程 Regression models	R ²
安顺润楠 <i>M. cavaleriei</i>	$1.842 \leq d \leq 8.422$ (n=20)	$y = 2.7506d^2 + 67.433d - 49.26$	0.5699 **
化香树 <i>P. strobilacea</i>	$2.666 \leq d \leq 11.038$ (n=25)	$y = 80.769d^2 - 619.55d + 1840.3$	0.7619 **
云贵鹅耳枥 <i>C. pubescens</i>	$1.321 \leq d \leq 10.432$ (n=20)	$y = 3.3678d^2 + 69.942d - 43.305$	0.6815 **
云南鼠刺 <i>I. yunnanensis</i>	$2.376 \leq d \leq 11.250$ (n=20)	$y = 46.767d^2 - 398.45d + 1186$	0.7768 **
窄叶石栎 <i>L. confinis</i>	$1.313 \leq d \leq 9.742$ (n=21)	$y = 20.851d^2 - 18.61d + 200.62$	0.455 **

y:根系生物量 Root biomass (g); d:根径 Root diameter (cm); * *: $P < 0.01$

分别物种建立标准木根系生物量与胸径(D)或胸径的平方与高度/长度的乘积(D²H)之间的多种回归关

系,筛选出相关性最好(R^2 值最大)的回归方程。利用同样的方式,基于所有乔木、所有灌木和所有藤本标准木数据分别建立乔木通用、灌木通用和藤本通用根系生物量回归方程各 1 个。根据样地群落调查的结果(2015 年调查数据),在适用范围内(植株胸径在标准木胸径范围内),利用 5 种乔木、3 种灌木和 2 种藤本的根系生物量方程计算出这 10 个优势种相应植株的根系生物量,超出适用范围的 10 个优势种和其他物种利用通用根系生物量回归方程计算,最后得到整个 2 hm²样地木本植物($D \geq 1$ cm)的总根系生物量。

2 结果与分析

2.1 根系生物量回归方程

建立根系生物量和胸径(D)或胸径的平方与高度/长度的乘积(D^2H)之间的多种回归关系,通过筛选,获得了 5 种优势乔木、3 种优势灌木和 2 种优势藤本以及乔木通用、灌木通用和藤本通用共 13 个根系生物量回归方程(表 2)。其中异叶鼠李根系生物量与 D^2H 相关系数较低,未达到显著水平($P > 0.05$);安顺润楠根系生物量与 D^2H 相关系数达到显著水平($P < 0.05$);其他物种和生活型根系生物量与 D 或 D^2H 相关系数均达到极显著水平($P < 0.01$)。优势乔木和灌木存在以 D 或 D^2H 为自变量两种形式的根系生物量方程,而藤本根系生物量方程仅以 D^2H 为自变量,表明藤本长度在根系生物量估算中的重要性。

表 2 优势物种的根系生物量回归方程

Table 2 Regression models for root biomass of dominant species

物种 Species	胸径 D (cm) 及样本数 DBH (cm) and sample NO.	回归方程 Regression models	R^2	F 值
安顺润楠 <i>M. cavaleriei</i>	$1.1 \leq D \leq 18.4$ ($n=20$)	$y = 0.0123(D^2H)^2 - 1.3502(D^2H) + 975$	0.2854	3.395 *
化香树 <i>P. strobilacea</i>	$2.1 \leq D \leq 30.6$ ($n=25$)	$y = 0.00007(D^2H)^2 + 0.611(D^2H) + 5228.5$	0.4689	9.710 **
云贵鹅耳枥 <i>C. pubescens</i>	$1.8 \leq D \leq 16.7$ ($n=20$)	$y = 537.11e^{0.1258D}$	0.4216	13.121 **
云南鼠刺 <i>I. yunnanensis</i>	$1.4 \leq D \leq 21.4$ ($n=20$)	$y = 0.0006(D^2H)^2 + 0.463(D^2H) + 3060.7$	0.5034	8.617 **
窄叶石栎 <i>L. confinis</i>	$1.0 \leq D \leq 34.0$ ($n=21$)	$y = -0.00009(D^2H)^2 + 2.6503(D^2H) + 1957.4$	0.4138	6.352 **
其他乔木 Other trees	($n=106$)	$y = 13.602D^2 + 75.709D + 1393.9$	0.4968	50.848 **
刺异叶花椒 <i>Z. dimorphophyllum</i>	$1.1 \leq D \leq 3.3$ ($n=14$)	$y = 109.19\ln(D^2H) - 48.646$	0.8206	54.901 **
倒卵叶旌节花 <i>S. obovatus</i>	$1.0 \leq D \leq 2.2$ ($n=10$)	$y = -19.403D^2 + 163.01D - 99.659$	0.7604	9.523 **
异叶鼠李 <i>R. heterophylla</i>	$1.0 \leq D \leq 2.1$ ($n=10$)	$y = 64.466(D^2H)^{0.3391}$	0.1723	1.665
其他灌木 Other shrubs	($n=34$)	$y = 21.84D^2 + 50.575D - 1.8387$	0.6993	34.891 **
藤黄檀 <i>D. hancei</i>	$1.0 \leq D \leq 5.0$ ($n=18$)	$y = 13.214(D^2H)^{0.5908}$	0.6653	31.805 **
小果蔷薇 <i>R. cymosa</i>	$1.0 \leq D \leq 2.2$ ($n=16$)	$y = 34.717(D^2H)^{0.6044}$	0.4882	13.353 **
其他藤本 Other lianas	($n=34$)	$y = 52.673(D^2H)^{0.3429}$	0.3122	14.527 **

y: 根系生物量 Root biomass (g); D: 胸径 Diameter at breast height (cm); H: 高度/长度 Height/Length (m); *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$

2.2 根系生物量及其分布

由表 2 所列的根系生物量回归方程结合样地群落调查数据计算出天龙山喀斯特森林木本植物总根系生物量为 22.72 Mg/hm²。其中乔木是森林根系生物量的主要贡献者,为 22.57 Mg/hm²,占森林总根系生物量的 99.30%;灌木和藤本的根系生物量均较低,分别为 0.11 Mg/hm²和 0.04 Mg/hm²,二者之和仅为森林根系生物量的 0.70%。根系生物量在各物种间的分配极不均匀,少数几个优势树种聚集了森林绝大部分的根系生物量,仅 5 个优势乔木树种,即安顺润楠(2.60 Mg/hm²)、化香树(7.56 Mg/hm²)、云贵鹅耳枥(0.52 Mg/hm²)、云南鼠刺(2.72 Mg/hm²)和窄叶石栎(6.28 Mg/hm²),的根系生物量(19.67 Mg/hm²)就占森林总根系生物量的 86.54%。

2.3 根系生物量的空间分布格局

单个样方(面积为 10 m×10 m)木本植物根系生物量差异较大,在 122.41—1254.62 kg 之间,平均为(227.25±94.17) kg。最高和最低根系生物量样方均分布在样地的西北部。中(200—300 kg)、高(>300 kg)根系生

物量样方更多地分布于样地的东半部($X \leq 100$ m),尤其是样地的东南角($Y \leq 60$ m),在该区域,有高生物量样方 15 个;而样地其余区域仅有 6 个(图 2)。低根系生物量样方(<200 kg)更多地分布于样地的西半部,有 52 个,尤其集中在样地的西北角;样地东半部仅有 28 个低根系生物量样方(图 2)。

3 讨论

森林植物根系生物量研究通常有根钻法、土柱挖掘法和生物量回归方程法三种。根钻法和土柱挖掘法是通过钻/挖取一定容积土芯/土柱,挑选出土芯/土柱内的根系,根据面积推算森林总根系生物量。但根钻法仅适用于研究细根的生物量且在石砾较多的土壤中难以开展^[20-21];土柱法费时费力且通常会低估粗根的生物量^[18,21-22]。根系生物量方程法是通过挖掘一系列标准木的根系,建立根系生物量回归方程来推算整个群落的根系生物量。由于完整标准木根系挖掘的困难性,利用根系生物量回归方程估算森林植物根系生物量的报道较少^[23]。

喀斯特森林林下土壤的不连续性和岩石的高裸露率与高渗透性的特点,导致部分植物根系可以穿窜至地表以下较深的岩石裂隙中^[24],从而进一步增加了获取标准木完整根系生物量的难度(尤其是胸径较大的乔木)。在大量观测基础上,发现乔木部分分支根系以水平扩散和穿梭为主,这部分分支根系较易获得完整根系生物量。因此,本研究通过挖掘一系列标准木一系列沿地表分布的样根,首先构建根系生物量与根径之间的回归方程(根系生物量与根径具有极显著相关性),利用这些方程结合标准木分支根系直径估算标准木的根系生物量,再基于标准木根系生物量与 D 或 D^2H 的关系构建根系生物量方程,进而估算乔木根系生物量的方法,原理简单且较容易实施,是研究喀斯特森林根系生物量的一种新的有效方法。

喀斯特森林物种组成复杂,不同生活型以及不同物种的根系性状(如木质密度)和构型特征等均存在较大差异(未发表数据),有必要分别生活型和分别物种(尤其是优势种)构建各自的根系生物量方程。因此,本研究根据前期样地群落调查数据,分别生活型选择优势物种,构建了 5 种优势乔木、3 种优势灌木和 2 种优势藤本以及乔木通用、灌木通用和藤本通用共 13 个根系生物量回归方程,以期提高喀斯特森林根系生物量研究结果的精度。

本研究利用根系生物量方程法研究的黔中喀斯特森林木本植物的根系生物量为 22.72 Mg/hm^2 ,与 Liu 等^[18]利用土柱挖掘法研究的同一喀斯特森林的根系生物量(20.27 Mg/ha)接近,表明本研究的研究方法结果较为精确。尽管选择的样根以水平扩散和穿梭为主,但部分植株样根仍存在少量根系穿窜至岩石层下的情况,这部分根系不管是用根系生物量方程法还是土柱挖掘法均不能获取,因此,这两种方法均有可能低估了该喀斯特森林的根系生物量。另外,喀斯特森林林下生境高度异质,同一物种相近胸径和树高的个体根系生物量可存在较大差异^[25],这也是本研究中异叶鼠李根系生物量与胸径或 D^2H 相关系数较低,未达到显著水平的原因(表 2)。因此,在构建喀斯特森林物种根系生物量方程时,应适当增加各物种标准木的数量。

喀斯特森林木本植物的空间分布与生境的异质性密切相关,常表现为聚集分布^[26]。例如,在本研究喀斯特森林中,窄叶石栎聚集分布在样地上部,化香树聚集分布在样地下部,云贵鹅耳枥则是聚集分布在样地西北角。但生物量的空间分布不是简单地由植物个体的空间分布决定;其中地上生物量的空间分布取决于胸径较大、树高较高且有较高木质密度的个体的空间分布^[18],而根系生物量的空间分布又与物种的根系发达程度密切相关。因此,高地上生物量样方内往往生长有高大的窄叶石栎和云贵鹅耳枥,这些样方普遍位于样地上

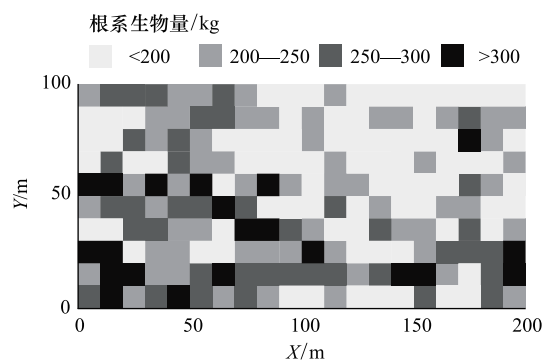


图 2 根系生物量空间分布格局

Fig. 2 Spatial distribution pattern of root biomass of karst evergreen and deciduous broad-leaved mixed forest in Central Guizhou Province, Southwestern China

X: 样地自东向西距离; Y: 样地自南向北距离

部^[18]。相较于地上生物量,化香树和安顺润楠的根系更为发达,窄叶石栎、云南鼠刺和云贵鹅耳枥的根系更为简单,因此,前二者的根系生物量占样地总生物量的比例升高,后三者根系生物量占样地总生物量的比例降低;高根系生物量样方亦更多地分布在聚集生长有根系发达的高大化香树的样地下部。另外,相较于地上生物量,乔木根系生物量占样地总生物量的比例进一步升高,反映灌木和藤本的根系更为简单。

本研究所在的黔中地区隶属于中国南方八大喀斯特地貌类型中的高原型喀斯特,罗东辉等^[16]和 Ni 等^[17]利用土柱挖掘法研究了贵州南部峰丛洼地型喀斯特森林的根系生物量,研究结果表明,峰丛洼地型和高原型喀斯特森林的根系生物量特征存在很大的差异。因此,其他类型喀斯特(贵州南部的峰丛洼地型,贵州北部的槽谷型、广西西北部的峰林平原型和云南东北部的断陷盆地型等)森林优势物种根系生物量方程构建研究均非常必要且紧迫。

4 结论

针对我国西南喀斯特森林根系生物量研究数据匮乏和研究方法实施困难的现状,本研究利用 106 株乔木、34 株灌木和 34 株藤本标准木根系数据首次构建了黔中喀斯特常绿落叶阔叶混交林 5 种优势乔木、3 种优势灌木和 2 种优势藤本以及乔木通用、灌木通用和藤本通用共 13 个根系生物量回归方程。并利用这些方程计算得到该喀斯特森林木本植物总根系生物量为 22.72 Mg/hm²。并且认为物种根系发达程度是影响根系生物量空间分布格局的重要因素。

参考文献 (References):

- [1] Leith H, Whittaker R H. Primary Productivity of the Biosphere. Berlin: Springer-Verlag, 1975.
- [2] National Academy of Sciences. Productivity of world ecosystem//5th General Assembly of the Special Committee for the International Biological Program. Washington DC: 1975.
- [3] Olson J S, Watts J A, Allison L J. Major World Ecosystem Ranked By Carbon in Live Vegetation: A database. Oak Ridge National Laboratory, TN: Carbon Dioxide Information Center, Oak Ridge National Laboratory, 1985.
- [4] Scurlock J M O, Cramer W, Olson R J, Parton W J, Prince S D. Terrestrial NPP: toward a consistent data set for global model evaluation. Ecological Applications, 1999, 9(3): 913-919.
- [5] Clark D A, Brown S, Kicklighter D W, Chambers J Q, Thomlinson J R, Ni J. Measuring net primary production in forests: Concepts and field methods. Ecological Applications, 2001, 11(2): 356-370.
- [6] Pan Y D, Birdsey R A, Fang J Y, Houghton R, Kauppi P E, Kurz W A, Phillips O L, Shvidenko A, Lewis S L, Canadell J G, Ciais P, Jackson R B, Pacala S W, McGuire A D, Piao S L, Rautiainen A, Sitch S, Hayes D. A large and persistent carbon sink in the world's forests. Science, 2011, 333(6045): 988-993.
- [7] Falster D S, Duursma R A, Ishihara M I, Barneche D R, FitzJohn R G, Vårhammar A, Aiba M, Ando M, Anten N, Aspinwall M J, Baltzer J L, Baraloto C, Battaglia M, Battles J J, Bond-Lamberty B, Breugel M, Camac J, Claveau Y, Coll L, Dannoura M, Delagrangé S, Domec J C, Fatemi F, Feng W, Gargaglione V, Goto Y, Hagihara A, Hall J S, Hamilton S, Harja D, Hiura T, Holdaway R, Hutley L B, Ichie T, Jokela E J, Kantola A, Kelly J W G, Kenzo T, King D, Kloeppel B D, Kohyama T, Komiyama A, Laclau J P, Lusk C H, Maguire D A, Le Maire G, Mäkelä A, Markesteijn L, Marshall J, McCulloh K, Miyata I, Mokany K, Mori S, Myster R W, Nagano M, Naidu S L, Nouvellon Y, O'Grady A P, O'Hara K L, Ohtsuka T, Osada N, Osunkoya O O, Peri P L, Petritan A M, Poorter L, Portsmouth A, Potvin C, Ransijn J, Reid D, Ribeiro S C, Roberts S D, Rodríguez R, Saldaña-Acosta A, Santa-Regina I, Sasa K, Selaya N G, Sillett S C, Sterck F, Takagi K, Tange T, Tanouchi H, Tissue D, Umehara T, Utsugi H, Vadeboncoeur M A, Valladares F, Vanninen P, Wang J R, Wenk E, Williams R, Ximenes F D A, Yamaba A, Yamada T, Yamakura T, Yanai R D, York R A. BAAD: A biomass and allometry database for woody plants. Ecology, 2015, 96(5): 1445-1445.
- [8] Dixon R K, Solomon A M, Brown S, Houghton R A, Trexler M C, Wisniewski J. Carbon pools and flux of global forest ecosystem. Science, 1994, 263(5144): 185-190.
- [9] Jackson R B, Canadell J, Ehleringer J R, Mooney H A, Sala O E, Schulze E D. A global analysis of root distribution for terrestrial biomes. Oecologia, 1996, 108(3): 389-411.
- [10] Jackson R B, Mooney H A, Schulze E D. A global budget for fine root biomass, surface area, and nutrient contents. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1997, 94(14): 7362-7366.

- [11] 杜晓军, 刘常富, 金罡, 石小宁. 长白山主要森林生态系统根系生物量研究. 沈阳农业大学学报, 1998, 29(3): 229-232.
- [12] Luo T X, Brown S, Pan Y D, Shi P L, Ouyang H, Yu Z L, Zhu H Z. Root biomass along subtropical to alpine gradients: global implication from Tibetan transect studies. *Forest Ecology and Management*, 2005, 206(1/3): 349-363.
- [13] Xiao C W, Sang W G, Wang R Z. Fine root dynamics and turnover rate in an Asia white birch forest of Donglingshan Mountain, China. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255(3/4): 765-773.
- [14] Jiang Z C, Lian Y Q, Qin X Q. Rocky desertification in Southwest China: Impacts, causes, and restoration. *Earth-Science Reviews*, 2014, 132: 1-12.
- [15] 倪健, 王世杰, 刘立斌, 等. 普定喀斯特生态系统观测研究站的生物样地建设与监测工作. 地球与环境, 2017, 45(1): 106-113.
- [16] 罗东辉, 夏婧, 袁婧薇, 张忠华, 祝介东, 倪健. 我国西南山地喀斯特植被的根系生物量初探. 植物生态学报, 2010, 34(5): 611-618.
- [17] Ni J, Luo D H, Xia J, Zhang Z H, Hu G. Vegetation in karst terrain of southwestern China allocates more biomass to roots. *Solid Earth*, 2015, 6(3): 799-810.
- [18] Liu L B, Wu Y Y, Hu G, Zhang Z H, Cheng A Y, Wang S J, Ni J. Biomass of karst evergreen and deciduous broad-leaved mixed forest in central Guizhou province, southwestern China: a comprehensive inventory of a 2 ha plot. *Silva Fennica*, 2016, 50(3): 1492.
- [19] Liu L B, Ni J, Zhong Q L, Hu G, Zhang Z H. High mortality and low net change in live woody biomass of karst evergreen and deciduous broad-leaved mixed forest in Southwestern China. *Forests*, 2018, 9(5): 263.
- [20] Vogt K A, Persson H Å. Measuring growth and development of roots//Lassoie J P, Hinckley T M, eds. *Techniques and Approaches in Forest Tree Ecophysiology*. Boca Raton, FL: CRC Press, 1991.
- [21] Park B B, Yanai R D, Vadeboncoeur M A, Hamburg S P. Estimating root biomass in rocky soils using pits, cores, and allometric equations. *Soil Science Society of America Journal*, 2007, 71(1): 206-213.
- [22] Luo Y J, Wang X K, Zhang X Q, Booth T H, Lu F. Root: shoot ratios across China's forest: forest type and climatic effects. *Forest Ecology and Management*, 2012, 269: 19-25.
- [23] Jenkins J, Chojnacky D C, Heath L S, Birdsey R A. Comprehensive Database of Diameter-Based Biomass Regressions for North American Tree Species. General Technical Report NE-319. Washington DC: USDA Forest Service, 2004.
- [24] 郭柯, 刘长成, 董鸣. 我国西南喀斯特植物生态适应性与石漠化治理. 植物生态学报, 2011, 35(10): 991-999.
- [25] 刘长成, 魏雅芬, 刘玉国, 郭柯. 贵州普定喀斯特次生林乔灌层地上生物量. 植物生态学报, 2009, 33(4): 698-705.
- [26] Zhang Z H, Hu G, Zhu J D, Ni J. Aggregated spatial distributions of species in a subtropical karst forest, southwestern China. *Journal of Plant Ecology*, 2013, 6(2): 131-140.