

# 蜀南竹海毛竹林土壤生物肥力质量指标与评价<sup>①</sup>

刘 丽<sup>1</sup>, 罗承德<sup>1\*</sup>, 雷 波<sup>1,2</sup>, 马 丹<sup>1</sup>, 代 斌<sup>1</sup>, 高强伟<sup>1</sup>

(1 四川农业大学林学院, 四川雅安 625014; 2 四川省广安市广安区水务局, 四川广安 638000)

**摘 要:** 土壤生物肥力处于土壤肥力的中枢和核心地位。以蜀南竹海核心区毛竹林土壤为研究对象, 选择土壤生物因子为评价指标, 采用经典统计学和地统计学方法分析因子的空间分布特性以及土壤呼吸的整体水平。在此基础上应用模糊数学与主成分分析法, 建立土壤生物肥力指数模型, 综合评价该区土壤生物肥力质量。结果表明: 研究区土壤各项生物肥力指标属中度到强度变异, 变程范围 1 326 ~ 2 219 m, 在其变程内, 各指标具有强烈的空间相关性; 研究区土壤呼吸速率平均为 3.38  $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ , 林地干扰较严重; 在划分的 5 个生物肥力等级中, 三、四两级所占面积最大, 达到总面积的 65.01%, 一级与五级区域所占面积较小, 均不足 10%, 土壤生物肥力质量总体处于中等水平。

**关键词:** 地统计学; 空间变异; 土壤生物肥力质量评价; 土壤酶; 土壤微生物生物量; 土壤呼吸

**中图分类号:** S158.2; Q143

土壤资源的有限性和人类尺度上的非再生性, 决定了人类在注重土地广度与深度开发利用的同时, 更要保障这一资源利用的可持续性, 而土壤的可持续性在很大程度上由土壤肥力决定。土壤肥力是土壤的许多物理、化学和生物学性质, 以及形成这些性质的一些重要过程的综合体现<sup>[1]</sup>。在以往土壤质量研究中, 人们多以土壤理化特性作为评价指标, 虽然近几年国际上关于土壤生物学参数的研究日渐增多<sup>[2]</sup>, 但是氮、磷、钾和有机质等养分及部分物理性质仍是土壤肥力评价的主体。据此, 澳大利亚学者 Abbott 和 Murphy<sup>[3]</sup>提出了土壤生物肥力(soil biological fertility)的概念, 并指出在土壤物理、化学、生物肥力体系中, 作为土壤生态系统动力的土壤生物所表征的生物肥力处于中枢和核心地位。

毛竹(*Phyllostachys edulis*)为多年生常绿树种, 适宜温暖湿润的气候条件, 在土层深厚肥沃、湿润、排水和透气性良好的酸性砂质壤土上生长良好<sup>[4]</sup>。作为我国亚热带山区的经济生态型竹种, 由于每年采伐笋竹、全竹利用和施用化肥等频繁的经营干扰, 毛竹林生态系统的恢复和平衡功能遭到破坏, 特别是土壤生态系统的干扰破坏, 毛竹林立地承载力明显下降。因此, 研究毛竹林生长的载体——土壤的生物学属性, 客观评价其土壤生物肥力水平, 可为毛竹林的持续经

营提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

蜀南竹海风景区位于四川省宜宾市长宁县与江安县境内, 地理坐标 104°5'11" ~ 105°4'54"E, 28°33'17" ~ 28°16'46" N。该区属亚热带湿润季风气候, 年均气温 15.5℃, 最高气温 34℃, 最低气温 -2.5℃, 年均降雨量 1 262 mm, 雨量集中在 6—9 月。主要植物是竹类, 已发现的乡土竹种有 58 种, 其中毛竹(*Phyllostachys edulis*)占 91%。成土母质紫色砂岩风化物, 土壤主要为紫色土与黄壤, 质地多为砂壤, 透水性能好, pH 5 左右。研究区为蜀南竹海核心区(指风景区内景观相对集中的区域), 以万岭镇和万里镇崖区四周悬崖基部为界, 主体部分是由高大岭脊和深沟谷地组成的台地, 面积约 40 km<sup>2</sup>, 海拔 650 ~ 1 000 m。

### 1.2 试验设计

2012 年 9 月, 以核心区 1 : 10 000 地形图作为工作底图, 按 1 000 m × 1 000 m 网格布点, 共计 34 个。同时, 在核心区外围选择人为干扰少、长势相对较好的毛竹林设置 2 个样点, 作为对照, 如图 1 所示。野外采样时, 以 GPS 结合地形图确定样点位置, 若遇水域、农田或无法到达的样点, 则就近另选

基金项目: 四川省科技支撑项目(2012ZZ0037)资助。

\* 通讯作者(Lcdya@163.com)

作者简介: 刘丽(1987—), 女, 河北邯郸人, 硕士研究生, 研究方向为林业生态工程。E-mail: liuli-1220@163.com

样点,用 GPS 确定其经纬度。在每个样点 10 m 范围内随机挖掘 3 个土壤剖面,采集 0~20 cm 表层土壤,混合后作为该样点的土样,共计 36 个,并记录地理坐标、立地因子、植被、人为干扰等信息。随后在每个样点布设 3 个 PVC 环(内径 10 cm × 20 cm),环底插入土壤 5~8 cm,供测土壤呼吸。将采集的土样分成两份,一份 4℃ 冷藏保存,用于微生物生物量碳氮的测定,另一份风干后干燥保存,用于测定蔗糖酶、酸性磷酸酶、脲酶及过氧化氢酶的活性。同年 10 月,选择核心区内分布相对分散,立地因子差异较大的代表性样点,采用 LI-8100 自动土壤 CO<sub>2</sub> 流量系统原位测量土壤呼吸。在晴天的每日 9:00、11:00、13:00、15:00 和 17:00 测定各样点 1 min 内的土壤呼吸速率并计算其土壤呼吸通量日均值。

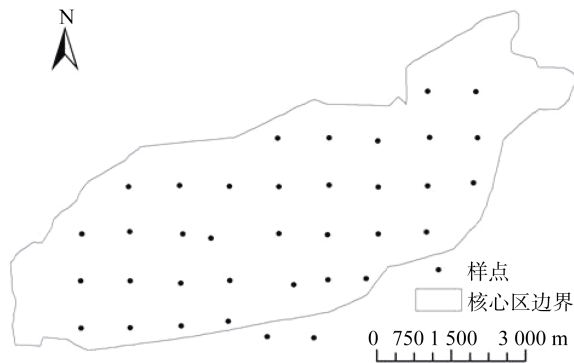


图 1 土壤取样点分布图

Fig. 1 The distribution of soil sample sites

### 1.3 测定方法

微生物量生物碳、氮采用氯仿熏蒸-K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 提取-自动分析法测定<sup>[5]</sup>。蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法,酸性磷酸酶采用对硝基苯酚比色法,脲酶活性用采用苯酚-次氯酸钠比色法,过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法测定<sup>[6]</sup>。

### 1.4 数据分析

采用经典统计方法统计其特征值。以半方差函数为基础,研究土壤微生物生物量碳、氮与土壤酶的空间变异。采用主成分分析法确定单项评价指标的权重值  $K_i$ 。根据作物效应曲线,建立隶属度函数,计算各肥力指标的隶属度值。由于本研究的各项评价指标在一定范围内与土壤功能(如生产力)呈正相关,而低于或高于此范围时,指标值的变化对土壤功能的影响很小,因此这种关系可以用 S 型隶属函数表示<sup>[7]</sup>。应用模糊数学中的加权和法,建立土壤生物肥力指数模型,将单因素评价结果转换为由各评价因子构成的土壤生物肥力综合评价,以表征研究区土壤生物肥力的总体状况。土壤生物肥力指数(biological index of fertility, BIF)模型如下:

$$BIF = \sum_{i=1}^n (K_i) \times C_i \quad (1)$$

式中:  $C_i$  是各个评价指标的隶属度值,  $K_i$  是第  $i$  个评价指标的权重,  $n$  是评价指标的个数。

分析数据采用格拉布斯法则识别特异值,并将其剔除<sup>[8]</sup>,后续计算均采用处理后的数据。描述性统计分析及主成分分析在 SPSS 19.0 中完成,半方差分析及模型拟合在 GS+ 7.0 中完成, Kriging 插值及空间分布图在 ArcGIS 10.2 中完成。

## 2 结果与分析

### 2.1 生物肥力指标

参照类似研究结果<sup>[1-2]</sup>,本研究确定土壤微生物生物量碳( $C_{mic}$ )、微生物生物量氮( $N_{mic}$ )、微生物生物量碳氮比( $C_{mic}/N_{mic}$ )、土壤蔗糖酶、酸性磷酸酶、脲酶、过氧化氢酶和土壤呼吸 8 项指标作为土壤生物肥力质量评价指标。其统计特征如表 1 所示。

表 1 参评指标描述性统计分析及正态分布检验  
Table 1 Results of evaluation indexes for descriptive statistics and W test

参评因子	最小值	最大值	均值	标准差	变异系数 CV(%)	偏度	峰度	W 检验	分布类型
$C_{mic}$ (mg/kg)	130.49	2753.68	1349.94	0.69	51.23	0.23	-0.40	0.34	N
$N_{mic}$ (mg/kg)	13.39	95.82	42.72	0.02	45.42	0.65	0.24	0.81	N
$C_{mic}/N_{mic}$	2.03	93.24	35.97	21.11	58.69	0.97	0.99	0.76	N
蔗糖酶(mg/(g·h))	0.23	1.37	0.63	0.33	51.97	0.71	-0.45	0.18	N
酸性磷酸酶(mg/(g·h))	0.08	0.21	0.17	0.03	20.52	-1.17	0.25	0.06	N
脲酶(mg/(g·h))	0.005	0.029	0.015	0.01	41.36	0.44	-0.74	0.04	*
脲酶 <sup>#</sup>	0.51	0.76	0.62	0.06	10.17	0.23	-0.80	0.50	N
过氧化氢酶(ml/(g·h))	0.57	3.36	2.05	0.69	33.58	-0.02	-0.56	0.12	N
土壤呼吸( $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$ )	2.68	5.04	3.38	0.89	26.39	1.42	0.83	0.05	N

注: \* 表示  $\alpha < 0.05$ , 呈非正态分布; N 表示呈正态分布; # 表示对数转换后的结果。

在土壤科学研究中,根据变异系数可对土壤性质的变异程度进行分类,并且 CV 值在 0~15% 为弱变异,16%~35% 为中等变异,>36% 为强变异<sup>[9]</sup>。由表 1 看出,酸性磷酸酶、过氧化氢酶和土壤呼吸的 CV 值低于 35%,属中等水平的变异,表明研究区该指标整体水平相当;其他指标的 CV 值均大于 36%,表现为强度变异,表明空间变异较强。此外,通过对偏度、

峰度的观察和 W 检验,在 5% 检验水平下,除脲酶外其余各指标均符合正态分布;而脲酶经过对数转换后亦服从正态分布,满足地统计学分析的假设条件。

### 2.2 空间分布特征

采用 GS+软件用理论模型对除土壤呼吸外(采样点少,不满足地统计学分析要求)的其余 7 项指标进行半方差函数拟合,结果见表 2。

表 2 评价指标的半方差函数模型类型及参数  
Table 2 Theoretical semivariogram models and parameters for evaluation indexes in the study area

评价指标	模型	块金值 C <sub>0</sub>	基台值 C <sub>0</sub> +C	块金值/基台值 C <sub>0</sub> /(C <sub>0</sub> +C)	变程(m)	R <sup>2</sup>
C <sub>mic</sub>	高斯模型	0.125	0.516	0.242	1 893	0.832
N <sub>mic</sub>	高斯模型	0.000 046 0	0.000 416	0.111	1 327	0.670
C <sub>mic</sub> /N <sub>mic</sub>	高斯模型	1.00	567	0.002 00	2 219	0.866
蔗糖酶	球状模型	0.011 4	0.121	0.094 0	1 762	0.181
酸性磷酸酶	高斯模型	0.000 001 00	0.001 25	0.001 00	1 609	0.837
脲酶 <sup>#</sup>	高斯模型	0.000 010 0	0.003 98	0.003 00	1 374	0.831
过氧化氢酶	高斯模型	0.001 00	0.475	0.002 00	1 436	0.728

由表 2 可见,蔗糖酶的最佳拟合模型为球状模型,决定系数仅为 0.181,拟合效果较差,其余各指标的最佳拟合模型均为高斯模型,决定系数在 0.67~0.87,能很好地反映生物指标的空间结构特征。在半方差函数中,块金值表示随机变异的大小,基台值通常表示系统内的总变异,而块金值与基台值之比则反映了土壤属性的空间依赖性;一般认为,该比值<25%时,空间变量为强烈的空间自相关,在 25%~75%时,为中等空间自相关,>75% 为弱空间自相关<sup>[10]</sup>。由表 2 可知,7 项生物指标的块金值/基台值极小,均低于 25% 表明几种因子在其变程内具有强烈的空间相关性,空间变异的主要因素是结构性因素,即研究区的土壤母质、地形、海拔等自然因素。变程表征属性因子空间自相关范围的大小,它与观测尺度以及在取样尺度上影响土壤属性的各种生态过程及其相互作用有关,在变程之内,变量具有空间自相关性,反之则不存在<sup>[11]</sup>。由表 2 可知,各指标的变程在 1 326~2 219 m 范围内,变程均大于 1 000 m,大于采样时所采用的网格间距 1 000 m,对其进行 Kriging 插值能得到较准确的结果。

根据以上分析结果,将拟合效果理想的 C<sub>mic</sub> 和酸性磷酸酶等 6 个指标模型参数输入 ArcGIS 10.2 地统计模块进行 Kriging 插值,得到各参评因子的含量分布图(图 2)。

从图 2 可看出,研究区各土壤生物肥力指标含量呈明显的斑块状分布,斑块之间过渡自然。另一方面,各指标含量的空间分布具有相似的趋势,即中部高于

周边地区。这可能是地形与边缘效应综合作用的结果。边缘效应的存在,使森林从内向外产生生态环境梯度,从边缘向林内,光辐射、温度、湿度、风力等因素发生改变,边缘上和边缘附近的生物受到影响,致使原有的生境质量下降,生物多样性明显降低<sup>[12]</sup>。研究区以悬崖基部为界,与其相邻地区具有明显的地域差异,而微生物量与酶活性含量取决于微生物与动植物,其分布与多样性必然具有边缘效应。且景区东西两侧是景区入口,人为干扰频繁,对土壤微生物与动植物也产生一定影响。

### 2.3 生物肥力质量评价

2.3.1 各指标的权重 为了评价土壤生物肥力质量,将 7 个参评因子进行主成分分析,如表 3 所示。从表 3 可知,前 4 个主成分的累计贡献率达到 88.00%,已能代表生物肥力的大部分原始信息。

采用因子旋转分析各主成分所代表的肥力因素,第一主成分为微生物生物量氮、脲酶,第二主成分为蔗糖酶、过氧化氢酶,第三主成分为微生物生物量碳、微生物生物量碳氮比,第四主成分为酸性磷酸酶。通过因子载荷矩阵可求出各评价因子的公因子方差,由此计算各评价因子的权重值,结果见表 4。

2.3.2 各指标的隶属度值 如前所述,本研究选择的生物肥力指标的隶属度函数均属于 S 型。就本研究而言,各评价因素的隶属函数可简化为<sup>[7]</sup>:

$$f(x)=\begin{cases} 1 & x \geq x_0 \\ x & x < x_0 \end{cases} \quad (2)$$

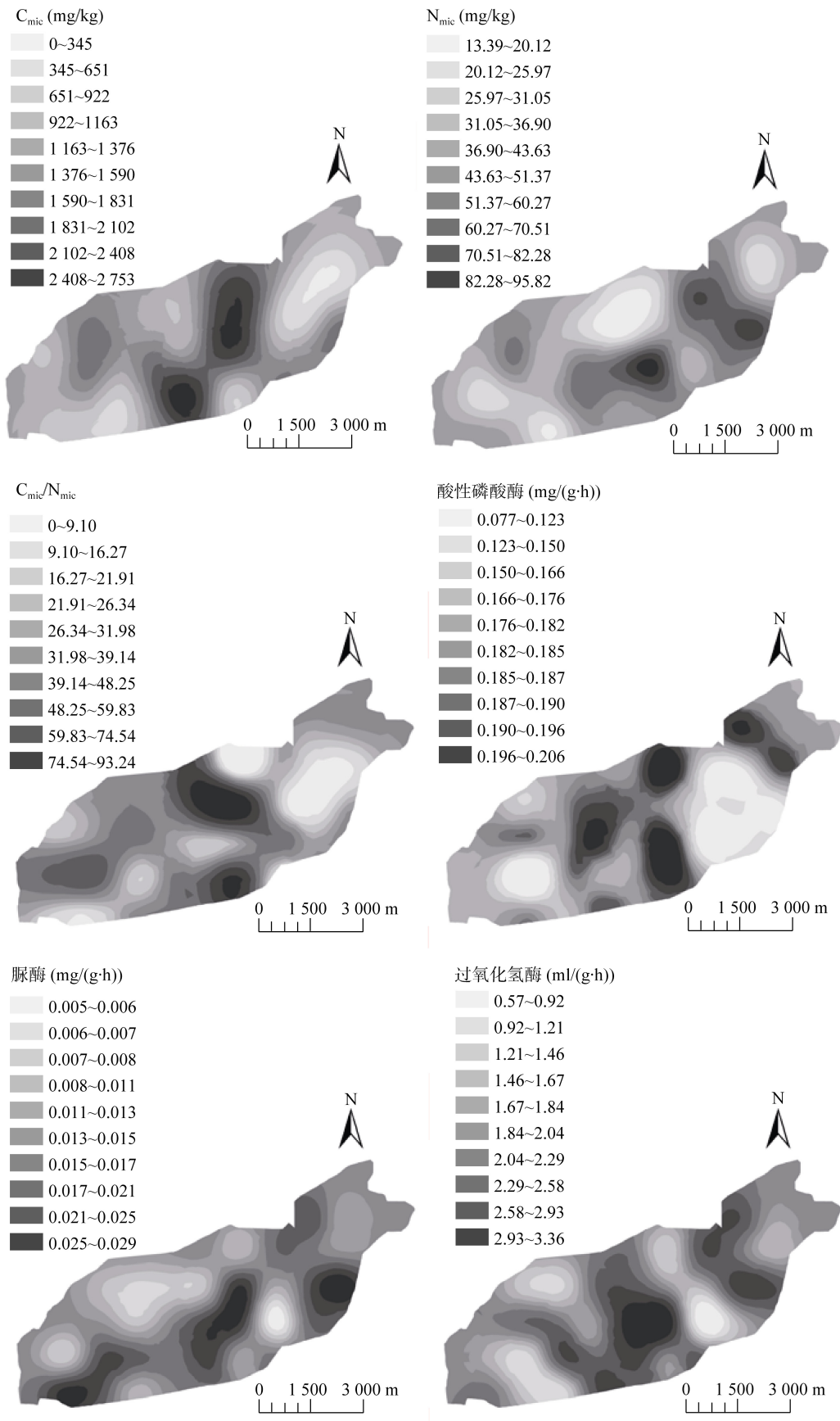


图 2 土壤生物肥力指标空间分布图  
Fig. 2 Spatial distributions of soil biological fertility indicators

表 3 生物肥力因子主成分的特征值和贡献率  
Table 3 Eigenvalues and contributions of principal biological fertility components

主成分	特征值	贡献率(%)	累计贡献率(%)
1	2.62	37.38	37.38
2	1.62	23.15	60.53
3	1.22	17.47	78.00
4	0.70	10.00	88.00
5	0.54	-	-
6	0.18	-	-
7	0.12	-	-

表 4 研究区土壤生物肥力指标权重  
Table 4 Weights of indicators for soil biological fertility in the study area

评价指标	C <sub>mic</sub>	N <sub>mic</sub>	C <sub>mic</sub> /N <sub>mic</sub>	蔗糖酶	酸性磷酸酶	脲酶	过氧化氢酶
公因子方差	0.92	0.83	0.93	0.94	0.98	0.66	0.89
权重	0.15	0.14	0.15	0.15	0.16	0.11	0.14

表 5 S 型隶属函数中评价因素的临界值上限  
Table 5 Critical values of evaluation factors in membership function of "S" model

评价指标	C <sub>mic</sub> (mg/kg)	N <sub>mic</sub> (mg/kg)	C <sub>mic</sub> /N <sub>mic</sub>	蔗糖酶 (mg/(g·h))	酸性磷酸酶 (mg/(g·h))	脲酶 (mg/(g·h))	过氧化氢酶 (ml/(g·h))
x <sub>0</sub>	1608.18	51.70	39.48	0.84	0.19	0.02	3.27

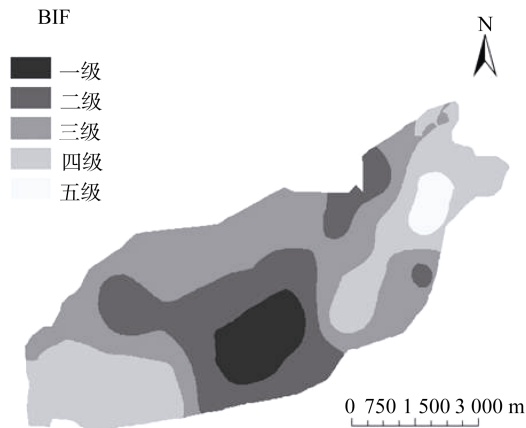


图 3 土壤生物肥力质量空间分布图  
Fig. 3 Spatial distribution of soil biological fertility

表 6 研究区土壤生物肥力分级及面积分布  
Table 6 Classification of soil biological fertility and area distribution in study area

项目	等级				
	一	二	三	四	五
	(0.86 ~ 0.95)	(0.76 ~ 0.86)	(0.66 ~ 0.76)	(0.57 ~ 0.66)	(0.47 ~ 0.57)
面积(km <sup>2</sup> )	2.98	9.87	14.82	11.00	1.04
比例(%)	7.50	24.87	37.32	27.69	2.62

### 3 讨论与结论

Kennedy 和 Papendick<sup>[13]</sup>指出,土壤生物学性质和生物化学性质可作为反映农业生态系统和土壤生产力变化的指标。薛菁芳等<sup>[14]</sup>研究表明,土壤微生物

式中: x<sub>0</sub> 为评价因素的临界值上限。本研究以对照组各样点的指标平均值作为评价指标的临界值上限(表 5), 计算各肥力指标的隶属度值。

2.3.3 土壤的生物肥力等级 以微生物生物量碳、微生物生物量氮、微生物生物量碳氮比、蔗糖酶、酸性磷酸酶、脲酶和过氧化氢酶 7 个生物肥力因子为评价指标, 根据式(1)已建立的土壤生物肥力指数模型, 计算各采样点的 BIF 值。其值在 0~1 之间, 值越高表明土壤肥力质量越好。为了更加直观地反映研究区土壤生物肥力质量分布状况, 根据 BIF 值的大小, 利

用 ArcGIS 中的 Kriging 插值, 将土壤生物肥力质量由高到低划分为一至五级(表 6): 一(高)、二(较高)、三(中)、四(较低)和五(低), 绘制土壤生物肥力质量空间分布图(图 3)。

由表 6 可知, 研究区土壤生物肥力以三级为主, 占总面积的 37.32%, 面积为 14.82 km<sup>2</sup>; 二级和四级次之, 分别占总面积的 24.87% 和 27.69%; 五级最少, 仅占总面积的 2.62%。研究区一至三级土壤面积达到 69.69%, 但一级土壤面积仅占 7.50%。从图 3 可见, 研究区中部土壤生物肥力普遍高于边缘地带, 与各生物肥力因子的空间分布特征一致, 这可能仍与边缘效应有关。

物生物量碳、氮与全碳、氮均呈极显著相关, 可以作为指示土壤肥力的重要指标。张玉兰等<sup>[15]</sup>通过分析国内已有研究成果, 得到土壤磷酸酶、脲酶、转化酶活性等都可作为表征土壤管理效果和土壤质量的重要指标。本研究对土壤生物因子进行主成分分析, 结

果显示贡献率达 88.00% 的前 4 个主成分因子涵盖了所选择的土壤微生物量碳、氮和蔗糖酶等 7 个因子,同样表明这些指标在土壤生物肥力评价中均有重要作用,能较好地反映土壤生物肥力。另外,在相关土壤呼吸研究中,尽管短时间内测定的土壤呼吸反映的只是瞬时或短期内土壤表面的  $\text{CO}_2$  释放速率,然而这对评价土壤质量也是有用的<sup>[16]</sup>。本文测定的土壤呼吸通量日均值为  $3.38 \mu\text{mol}/(\text{m}^2 \cdot \text{s})$ ,与刘胜等<sup>[17]</sup> 研究结果比较,该值接近重度受灾条件下的毛竹林土壤呼吸速率,反映研究区林地受到较严重的干扰。不过,由于土壤呼吸含自养型呼吸(根呼吸)和异养型呼吸(微生物和动物呼吸),在土壤肥力研究中仅测定土壤总呼吸是远远不够的。因此,在今后的研究中,区分不同组分的呼吸,是土壤肥力质量评价中需要进一步考虑的问题。

土壤是不均一和变化的连续体,土壤微生物与酶活性是否存在一定的地理分布格局尚存在争议。有学者认为土壤微生物是全球随机分布的<sup>[18]</sup>,土壤酶空间变异主要由随机因素引起<sup>[19]</sup>。本研究借助于空间分析方法,分析了土壤微生物生物量与土壤酶的空间分布,结果表明各指标在其变程内,具有强烈的空间相关性,空间变异主要是由结构性因素引起的,兼具随机性,这与刘璐等<sup>[20]</sup>、陈立明和满秀玲<sup>[21]</sup>的研究结果相近。此外,土壤微生物生物量与土壤酶活性的变程均大于 1 000 m,空间变异尺度较大。影响土壤生物因子空间变异的主要结构性因素包括气候、地形、植被、土壤母质等,蜀南竹海生态系统的结构性因素相对一致,这可能是造成土壤生物因子在大尺度上存在变异的主要原因。

结合 GIS 与主成分分析,以土壤性质的空间变异为基础研究土壤生物肥力质量,能较大幅度地避免传统评价方法主观性较强的缺点。研究结果表明,蜀南竹海生物肥力高的一级与低的五级面积均较小,处于中间状态的第三、四两级面积最大,占总面积的 65.01%,表明研究区土壤生物肥力有较大提升空间。植物残体和有机质是土壤微生物主要营养和能量的来源,在今后的营林管理中,应避免对笋竹的掠夺性采集,以增加林地的凋落物含量。此外,蜀南竹海作为风景区应加强管理,尽可能减少人为干扰,增强立地恢复能力,提高土壤生物肥力,实现土壤的可持续利用。土壤的生物肥力质量评价,丰富了肥力质量评价体系,为肥力评价提供了更多依据。但是,土壤生物肥力仅是土壤生态系统自身的一种潜在肥力,不能直接供植物生长所需,因此,还需结合物理化学指标、环境条件、技术、经济和社会等因素进行综合分析与

评价,才能更好地指导林业生产实践。

#### 参考文献:

- [1] 张华, 张甘霖. 土壤质量指标和评价方法[J]. 土壤, 2001, 33(6): 326-330
- [2] 任天志, Stefano G. 持续农业中的土壤生物指标研究[J]. 中国农业科学, 2000, 33(1): 68-75
- [3] Abbott LK, Murphy DV. Soil Biological Fertility: A key to sustainable land use in agriculture[J]. Netherlands: Springer, 2003: 1-17
- [4] 金佳鑫, 江洪, 彭威, 张林静, 卢学鹤, 徐建辉, 张秀英, 王颖. 基于物种分布模型评价土壤因子对我国毛竹潜在分布的影响[J]. 植物生态学报, 2013, 37(7): 631-640
- [5] 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[M]. 北京: 气象出版社, 2006: 57-68
- [6] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 274
- [7] 许明祥, 刘国彬, 赵允格. 黄土丘陵区侵蚀土壤质量评价[J]. 植物营养与肥料学报, 2005, 11(3): 285-293
- [8] 史舟, 李艳. 地统计学在土壤学中的应用[M]. 北京: 农业出版社, 2006: 20
- [9] 张仁铎. 空间变异理论及应用[M]. 北京: 科学出版社, 2005: 13-14
- [10] 张伟, 陈洪松, 王克林, 张继光. 喀斯特地区典型峰丛洼地旱季表层土壤水分空间变异性初探[J]. 土壤学报, 2006, 43(4): 554-562
- [11] Trangmar BB, Yost RS, Uehara G. Application of geostatistics to spatial studies of soil properties[J]. Advances in Agronomy, 1985, 38: 45-94
- [12] 渠春梅, 韩兴国, 苏波. 片断化森林的边缘效应与自然保护区的设计管理[J]. 生态学报, 2000, 20(1): 160-167
- [13] Kennedy AC, Papendic RL. Microbial characteristics of soil quality[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 1995, 50: 243-248
- [14] 薛菁芳, 高艳梅, 汪景宽, 付时丰, 祝凤春. 土壤微生物量碳氮作为土壤肥力指标的探讨[J]. 土壤通报, 2007, 38(2): 247-250
- [15] 张玉兰, 陈利军, 张丽莉. 土壤质量的酶学指标研究[J]. 土壤通报, 2005, 36(4): 598-604
- [16] 罗承德, 李贤伟, 张健, 宫渊波. 森林土壤研究集成[M]. 北京: 科学出版社, 2013: 203
- [17] 刘胜, 丁九敏, 徐涵涓, 汪家社, 徐自坤, 阮宏华. 雪灾对毛竹林土壤呼吸与微生物生物量碳的影响[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2010, 34(3): 126-130
- [18] Finlay BJ. Global dispersal of free-living microbial eukaryote species[J]. Science, 2002, 296(5570): 1 061-1 063
- [19] 高扬, 汪亚峰, 何念鹏, 毛亮. 不同土地利用方式下崇明岛土壤酶与有机质空间分布特征[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(1): 21-28
- [20] 刘璐, 宋同清, 彭晚霞, 王克林, 杜虎, 鹿士杨, 曾馥平. 木论喀斯特自然保护区土壤微生物生物量的空间格局[J]. 生态学报, 2012, 32(1): 207-214
- [21] 陈立明, 满秀玲. 小兴安岭谷地云冷杉林土壤酶活性的异质性[J]. 森林工程, 2010, 26(1): 1-11

## Indexes and Assessment of Soil Biological Fertility Quality of *Phyllostachys edulis* Forest in Southern Sichuan Bamboo Sea

LIU Li<sup>1</sup>, LUO Cheng-de<sup>1\*</sup>, LEI Bo<sup>1,2</sup>, MA Dan<sup>1</sup>, DAI Bin<sup>1</sup>, GAO Qiang-wei<sup>1</sup>

(1 College of Forestry, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625014, China; 2 Water Affairs Bureau in Guang'an District of Guang'an City, Guang'an, Sichuan 638000, China)

**Abstract:** The biological fertility is in central and core position of soil fertility. Soil of *Phyllostachys edulis* forest in core scenic spot within the south Sichuan bamboo sea was taken as the object and soil biological factors were selected as the evaluation indexes. The spatial heterogeneity of the factors and the whole level of soil respiration rate were analyzed through both geo-statistical and traditional statistical methods. On this basis, an index model of soil biological fertility was carried out with principal component analysis and fuzzy mathematics to evaluate the quality of soil biological fertility in this area. The results showed that the variability of all biological fertility indexes ranged from moderate to intense, and the ranges were 1 326–2 219 m. Each index showed a strong spatial correlation in its range. The mean rate of soil respiration in study area being 3.38  $\mu\text{mol}/(\text{m}^2\cdot\text{s})$  reflected that the interference of this forest land was serious. In the five divided biological fertility grades, the third and fourth have the highest percentage in size, covering 65.01% of the whole area, while both the first and fifth less than 10%. In general, the quality of soil biological fertility in the study area was in middle level.

**Key words:** Geostatistics; Spatial heterogeneity; Assessment of soil biological fertility quality; Soil enzyme; Soil microbial biomass; Soil respiration