

黄土丘陵沟壑区典型林地土壤微生物、酶活性和养分特征^①

刘 钊, 魏天兴, 朱清科, 陈 珏, 赵彦敏

(北京林业大学水土保持国家林业局重点实验室, 林业生态工程教育部工程研究中心(北京林业大学), 北京 100083)

摘要:通过对陕西吴起县黄土沟壑区退耕还林地不同林分(沙棘、刺槐、油松、小叶杨)根际与非根际土壤养分、酶活性和微生物特征进行研究,比较4种典型林分及退耕草地“根际效应”及根际对养分的截留效应,评价根际效应对土壤特性产生不同改良效果,为黄土沟壑区退耕地人工林科学选择造林树种提供理论支持。研究表明:根际与非根际土壤中有有机质含量、有效磷含量、碱解氮含量和速效钾含量表现出显著差异,有机质、有效磷、速效钾含量均呈现明显的根际聚集现象。根际土壤微生物数量和土壤酶活性总体高于非根际,仅油松样地中过氧化氢酶活性和小叶杨样地中脲酶活性根际低于非根际。根际土壤中脲酶活性与细菌和真菌数量相关性达到显著水平,过氧化氢酶活性与真菌相关性达到显著水平;有机质含量与细菌、放线菌数量和脲酶活性相关性达到显著水平;碱解氮、有效磷含量均与细菌、真菌数量和脲酶活性相关性达到显著水平。在非根际土壤中,土壤养分含量与土壤微生物、土壤酶活性的相关性明显降低。从土壤肥力综合水平看,根际土壤肥力水平综合得分总体上大于非根际土壤,其中根际土壤中沙棘>小叶杨>油松>刺槐>草地。沙棘能大幅度提高土壤肥力,具有较好的土壤改良效果。

关键词:退耕还林工程;土壤酶活性;根际;非根际;土壤养分;土壤微生物

中图分类号:S714.3

根际土是植物根系与土壤生态系统物质交换的活跃区域,根际及其相关微生物活性在土壤形成和发展中扮演极为关键角色^[1-3]。由于根际是土壤-植物根系-微生物生态系统物质交换的活跃界面,其土壤分泌物、酶活性以及微生物活动均具有较大差异,根际过程对于认识植物对土壤养分的利用及适应尤为关键^[4-6]。森林根际相关研究对于森林保护^[7-8]、土壤退化与修复^[9]、退耕还林^[10]等相应领域有重要意义,因此根际与非根际土壤差异性受到越来越多关注。目前,森林根际土壤与非根际土壤特性的热点内容就是了解根际与非根际土壤微生物、酶活性和养分状况差异。许多学者对高原干旱区^[11]、宁南山^[12]、秦岭山区^[13]、黄河三角洲^[14]等地区重点研究了土壤微生物、酶活性及养分的相关性研究,但对于半干旱黄土区相关研究内容较少。本研究区位于黄土丘陵沟壑区,属于半干旱温带大陆性气候,土壤贫瘠,水土流失严重,植被退化状况严峻,人工造林对于黄土沟壑区是一项有效的植被恢复工作,其中树种筛选是人工造林工作的重点内容^[15-17]。人工林因树种和营林模式的不同,在发育过程中会出现土壤退化、林木生

长缓慢等问题^[18-20]。

本研究以陕西吴起县退耕还林区4种退耕林地和退耕草地为研究对象,通过测定根际和非根际土壤酶活性、微生物数量及养分含量差异性,并对土壤肥力进行综合评价,以期通过比较人工种植4种乔灌木后改善土壤特性效果差异,为合理营造半干旱黄土地区退耕还林地提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于陕西省延安市吴起县(107°38'37"E ~ 108°32'49"E, 36°33'33"N ~ 37°24'27"N),地貌属黄土高原丘陵沟壑区,属于毛乌素沙地南缘农牧过渡水蚀风蚀交错带,海拔在1 233 ~ 1 809 m,半干旱温带大陆性季风气候,年平均气温7.8℃。年平均降雨量483.4 mm。土壤多为黄绵土,容易发生侵蚀,保水效果差。由于人类长期活动,原生植被保留较少,境内以人工植被为主,主要的乔木树种为刺槐(*Robinia pseudoacacia*)、油松(*Pinus tabulaeformis*)、河北杨(*Populus hopeiensis*)、小叶杨(*Populus simonii*)

基金项目:国家科技支撑计划项目(2015BAD07B02)资助。

作者简介:刘钊(1991—),男,山东滨州人,硕士研究生,主要从事生态环境地理学研究。E-mail: 406420986@qq.com

等，主要的灌木树种为沙棘(*Hippophae rhamnoides*)、柠条(*Caragana korshinskii*)等。

1.2 供试土壤

土壤样品采自陕西省吴起县退耕还林区，针对每种类型的植被(沙棘、刺槐、油松、小叶杨、草地)布设面积为 100 m×100 m 的样地，均为阳坡，样地内设置 3 个面积为 20 m×20 m 样方作为重复。采用抖

落法采集根际土和非根际土，在每个样地中，按其群落中采用“S”型线路选取 8 株植物，挖取完整的植物根系，轻轻抖落其中不含根系的土壤，收集土壤样品，混匀，作为非根际土壤，用力抖落根表面附着的土壤，获得根际土壤。土壤样品按照样地混合，四分法取适量土壤。根际土壤与非根际土壤均进行 3 次重复^[21]。

表 1 立地条件和植被组成
Table 1 Site features and vegetation composition

编号	地理位置	植物	坡向	坡度(°)	海拔(m)	土壤类型	主要植被种类
	108°10'20.9"E 36°54'23.7"N	沙棘	阳坡 ES35°	18	1 385	黄绵土	赖草、茵陈蒿、华北米蒿、毛连蒿
	108°10'24.0"E 36°54'27.9"N	刺槐	阳坡 ES37°	12	1 396	黄绵土	针茅、赖草、紫苜蓿
	108°10'36.3"E 36°54'32.1"N	油松	阳坡 ES41°	17	1 406	黄绵土	毛连蒿
	108°10'26.8"E 36°54'26.3"N	小叶杨	阳坡 ES12°	14	1 386	黄绵土	针茅、达呼里胡枝子、毛连蒿
	108°10'36.3"E 36°54'31.0"N	达呼里胡枝子	阳坡 ES24°	11	1 303	黄绵土	达呼里胡枝子、赖草、硬质早熟禾

1.3 测定方法

土壤化学分析采用森林土壤标准分析方法^[22]，土壤 pH 采用水：土=2.5：1 电位法测定；土壤有机质采用重铬酸钾稀释热法测定；土壤全氮采用开氏-蒸馏滴定法测定；全磷采用氢氧化钠熔融-钼锑抗比色法测定；有效磷采用盐酸-氟化铵提取钼锑抗比色法测定；全钾、速效钾采用乙酸铵提取-火焰原子吸收分光光度法测定；碱解氮采用碱解扩散法测定。

过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法测定，多酚氧化酶活性采用邻苯三酚比色法测定，脲酶活性采用苯酚钠比色法测定，蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定^[23]。

土壤微生物数量采用稀释混合平板法测定。细菌选用牛肉膏蛋白胨培养基培养，真菌采用马铃薯葡萄糖琼脂培养基(PDA)培养，放线菌采用高氏一号培养基培养^[24]，将涂好平板的培养皿放入 28℃ 的培养箱中培养，用于土壤菌落总数的计数。

1.4 数据处理

所用数据用 Microsoft Excel 2010、SPSS 22.0 软件系统处理。采用单因素方差分析法(one-way ANOVA)对数据进行方差分析和差异显著性检验($\alpha = 0.05$)，用主成分分析法提取累计方差贡献率 $\geq 85\%$ 的公因子。采用富集率(enrichment ratio, ER)表示根际对土壤养分、酶活性和微生物富集程度，计算公式为：

$$ER = [(\text{根际含量} - \text{非根际含量}) / \text{非根际含量}] \times 100\%$$

2 结果与分析

2.1 根际和非根际土壤养分比较

表 2 可以看出，不同植被因为根系对于养分吸收状况的不同，产生了土壤养分的不同富集状况和亏缺。单因素方差分析结果表明，在有机质方面根际与非根际土壤存在显著差异，根际土壤有机质含量均大于非根际土壤，沙棘富集最高，达到显著水平(富集率为 19.56%)，油松根际富集率最低(ER = 5.85%)。全氮方面，刺槐根际富集率最高(ER = 39.58%)，而沙棘和草地均表现出负富集(ER 分别为 -4.44% 和 -4.55%)。全磷在油松根际富集率最高(ER = 42.55%)，在刺槐、小叶杨和草地均出现负富集(ER 分别为 -5.56%，-2.82% 和 -9.68%)。全钾在草地富集率最高(ER = 8.43%)，但草地全钾含量为所有样地最低。相对于非根际土壤，根际土壤的碱解氮、有效磷、速效钾含量均出现富集。碱解氮富集率最高为刺槐(ER = 11.93%)，最低为草地(ER = 0.87%)。有效磷含量沙棘根际富集最高(ER = 78.22%)，刺槐根际富集最低(ER = 8.65%)。速效钾草地根际富集最高(ER = 45.56%)，小叶杨根际富集最低(ER = 11.74%)。综合来看，与退耕草地相比，人工树种均提高了根际土壤有机质、有效磷和速效钾含量，碱解氮也表现出根际富集，表明树种均对土壤养分表现出明显的富集现象。

2.2 根际和非根际土壤微生物比较

土壤微生物主要包含细菌、真菌和放线菌 3 大

表 2 根际与非根际土壤养分比较
Table 2 The pH, organic matter and soil nutrient contents in the rhizosphere and non-rhizosphere soils

编号	部位	pH	有机质(g/kg)	全氮(g/kg)	全磷(g/kg)	全钾(g/kg)	碱解氮(mg/kg)	有效磷(mg/kg)	速效钾(mg/kg)
	R	8.58±0.18 a	15.16±0.42 a	0.86±0.07 ab	0.49±0.04 efg	15.04±0.55 a	24.12±0.54 a	4.01±0.14 a	89.86±3.47 a
	S	8.57±0.16 a	12.68±0.72 b	0.90±0.11 a	0.44±0.03 g	15.00±0.52 a	23.34±0.41 a	2.25±0.15 c	72.10±3.92 cde
	ER (%)	—	19.56	−4.44	11.36	0.27	3.34	78.22	24.63
	R	8.21±0.13 b	12.21±0.87 b	0.67±0.09 cd	0.51±0.04 def	12.81±0.74 bcd	16.33±0.70 d	2.01±0.22 cd	78.31±2.05 bc
	S	8.42±0.09 ab	10.74±0.45 cd	0.48±0.08 e	0.54±0.06 de	12.54±0.45 cde	14.59±0.48 f	1.85±0.11 d	61.11±3.58 fg
	ER (%)	—	13.69	39.58	−5.56	2.15	11.93	8.65	28.15
	R	8.71±0.19 a	10.14±0.67 d	0.65±0.06 cd	0.67±0.02 ab	14.87±0.85 a	15.11±0.44 ef	2.26±0.13 c	82.12±4.49 b
	S	8.67±0.21 a	9.58±0.82 de	0.63±0.03 d	0.47±0.04 fg	15.15±0.73 a	14.87±0.74 f	1.97±0.20 d	70.32±5.71 de
	ER (%)	—	5.85	3.17	42.55	−1.85	1.61	14.72	16.78
	R	8.64±0.11 a	11.50±0.65 bc	0.77±0.07 bc	0.69±0.02 a	13.81±1.12 ab	19.49±0.49 b	2.87±0.11 b	75.10±3.02 cd
	S	8.61±0.17 a	10.53±0.61 cd	0.74±0.02 cd	0.71±0.03 a	13.94±0.75 abc	18.32±0.54 c	2.11±0.11 cd	67.21±2.72 def
	ER (%)	—	9.21	4.05	−2.82	−0.93	6.39	36.02	11.74
	R	8.69±0.09 a	8.50±0.31 ef	0.63±0.06 d	0.56±0.04 cd	12.09±0.80 de	16.15±0.61 d	1.51±0.19 e	60.15±4.15 g
	S	8.71±0.14 a	7.73±0.88 f	0.66±0.07 cd	0.62±0.03 bc	11.15±1.32 e	16.01±0.55 de	1.08±0.09 f	41.04±3.12 h
	ER (%)	—	9.96	−4.55	−9.68	8.43	0.87	39.81	46.56

注：R 表示根际；S 表示非根际；ER：富集率；数据为平均值±标准差；同列数据小写字母不同表示差异显著($P<0.05$)；下表同。

类微生物，其活动和代谢作用影响植物的根际效应。研究区土壤微生物数量总体表现为细菌>放线菌>真菌。根际土壤微生物数量总体表现出高于非根际土壤微生物数量(表 3)。5 种植物土壤细菌数量的根际富集率介于 16.06%~57.77%；真菌数量的根际富集率介于 13.64%~67.65%；放线菌数量根际富集率，最高为小叶杨(ER=16.05%)，最低为草地(ER=5.45%)，土壤微生物数量均表现出明显的根际聚集特征。

单因素方差分析表明，根际和非根际土壤细菌数

量均存在显著性差异($P<0.05$)；根际真菌数量较非根际有一定提高，仅沙棘和小叶杨根际与非根际土壤真菌数量有显著性差异；放线菌数量无明显差异；微生物总量中仅油松根际与非根际土壤微生物数量不存在明显差异。沙棘根际土壤细菌、真菌、放线菌数量均显著高于非根际土壤和其他类型的样地土壤。综合来看，人工种植乔灌木显著促进微生物数量增加，仅油松土壤根际微生物相对于非根际土壤提升不显著。

表 3 根际与非根际土壤微生物数量
Table 3 Abundances of soil microorganisms in the rhizosphere and non-rhizosphere soils

编号	部位	细菌($\times 10^6$ cfu/g)	真菌($\times 10^6$ cfu/g)	放线菌($\times 10^6$ cfu/g)	总量($\times 10^6$ cfu/g)
	R	11.04 ± 0.53 a	0.57 ± 0.03 a	4.34 ± 0.47 a	15.95 ± 0.73a
	S	7.64 ± 0.42 b	0.34 ± 0.02 c	3.89 ± 0.49 ab	11.87 ± 0.92 b
	ER (%)	44.50	67.65	11.57	34.37
	R	6.13 ± 0.20 c	0.32 ± 0.05 cd	3.29 ± 0.18 c	9.74 ± 0.72 c
	S	4.32 ± 0.31 d	0.25 ± 0.02 de	3.06 ± 0.25 c	7.63 ± 0.58 e
	ER (%)	41.90	28.00	7.52	27.65
	R	5.78 ± 0.71 c	0.31 ± 0.07 cd	3.15 ± 0.37 c	9.24 ± 1.15 cd
	S	4.98 ± 0.46 d	0.26 ± 0.06 cde	2.97 ± 0.38 c	8.21 ± 0.90 de
	ER (%)	16.06	19.23	6.06	12.55
	R	7.21 ± 0.69 b	0.47 ± 0.05 b	3.47 ± 0.12 bc	11.15 ± 0.85 b
	S	4.57 ± 0.35 d	0.30 ± 0.05 cde	2.99 ± 0.12 c	7.86 ± 0.51 e
	ER (%)	57.77	56.67	16.05	41.86
	R	4.69 ± 0.21 d	0.25 ± 0.04 de	2.13 ± 0.14 e	7.07 ± 0.38 e
	S	3.12 ± 0.44 e	0.22 ± 0.01 e	2.02 ± 0.08 e	5.36 ± 0.53 f
	ER (%)	50.32	13.64	5.45	31.90

2.3 根际和非根际土壤酶活性比较

土壤酶主要来源于植物根系分泌和微生物的残体分解，其活性反映了土壤营养循环过程的速率，可作为土壤生产力和微生物活性潜力的指标。与非根际土壤相比，过氧化氢酶在小叶杨根际富集率最高(ER = 31.90%)，油松则为负富集(ER = -18.87%)。多酚氧化酶在小叶杨根际富集率最高(ER = 42.83%)，沙棘表现为负富集(ER = -14.04%)。脲酶在草地根

际富集率最高(ER = 23.38%)，小叶杨根际负富集(ER = -14.67%)。蔗糖酶含量呈明显的根际聚集，最高为刺槐(ER = 24.96%)，最低为沙棘(ER = 17.21%)。总体而言，退耕林地相对于草地，土壤酶活性有一定提高，说明植物根系对于土壤酶活性产生有利影响。由于随着海拔的变化，气候特征、植物类型、土壤类型发生改变，均可能导致土壤酶活性有较大差异。

表 4 根际土壤和非根际土壤酶活性比较
Table 4 Soil enzyme activities of the rhizosphere and non-rhizosphere soils

编号	部位	过氧化氢酶(ml/g)	多酚氧化酶(mg/kg)	脲酶(mg/kg)	蔗糖酶(mg/kg)
	R	1.05 ± 0.03 a	16.43 ± 1.78 bc	1 496.13 ± 98.66 a	13.90 ± 0.38 a
	S	0.99 ± 0.08 ab	19.11 ± 1.79 ab	1 213.72 ± 42.46 b	11.86 ± 0.49 b
	ER (%)	6.90	-14.04	23.27	17.21
	R	0.94 ± 0.19 abc	18.74 ± 1.46 ab	848.05 ± 90.01 d	9.35 ± 0.67 cd
	S	0.79 ± 0.13 c	15.89 ± 1.14 bc	727.81 ± 60.48 ef	7.48 ± 0.42e
	ER (%)	19.70	17.98	16.52	24.96
	R	0.83 ± 0.04 bc	18.62 ± 2.08 ab	831.11 ± 59.48 de	12.06 ± 0.56 b
	S	1.028 ± 0.174 a	18.327 ± 1.719 ab	758.412 ± 42.565 de	9.66 ± 0.46 c
	ER (%)	-18.87	1.57	9.59	24.82
	R	1.07 ± 0.08 a	21.01 ± 2.42 a	1 011.37 ± 35.42 c	11.82 ± 0.57 b
	S	0.81 ± 0.03 bc	14.71 ± 1.87 c	1185.20 ± 60.48 b	9.85 ± 0.48 c
	ER (%)	31.90	42.83	-14.67	20.07
	R	0.83 ± 0.05 bc	17.80 ± 2.09 abc	775.92 ± 49.57 de	8.81 ± 0.53 d
	S	0.80 ± 0.02 bc	16.21 ± 1.65 bc	628.89 ± 29.12f	7.34 ± 0.32 e
	ER (%)	3.51	9.84	23.38	19.97

2.4 根际与非根际土壤养分与微生物数量、酶活性相关性分析

由表 5 可以看出，根际土壤微生物间存在显著正相关，表明土壤微生物参与不同土壤生化过程中仍存在密切联系。根际土壤酶间均没有发现显著相关，说明土壤酶参与土壤生化过程中相互联系不密切。值得注意的是根际土壤中脲酶活性与细菌数量、真菌数量呈显著正相关，可见土壤细菌、真菌数量对于土壤脲酶活性作用规律较为明显。过氧化氢酶活性与土壤真菌数量呈显著正相关，说明真菌活动影响了过氧化氢酶。根际土壤有机质含量与脲酶活性、细菌数量、放线菌数量均呈显著正相关；全氮含量与过氧化氢酶活性、脲酶活性、土壤微生物数量均呈显著正相关；全钾与蔗糖酶活性呈显著正相关；碱解氮含量与脲酶活性、土壤微生物数量均呈显著正相关；有效磷含量与脲酶活性、蔗糖酶活性、土壤微生物数量均呈显著正相关；速效钾与放线菌数量呈显著正相关。其他土壤养分指标含量与土壤微生物数量、酶活性之间相关性程度均不显著。

非根际土壤中不同微生物间数量均呈显著正相关，说明非根际土壤微生物间依然联系密切。过氧化氢酶活性与多酚氧化酶活性呈显著正相关，相关系数为 0.890^{*}，说明过氧化氢酶和多酚氧化酶在非根际土壤中联系更为密切。非根际有机质含量仅与土壤微生物数量呈正相关，碱解氮仅与真菌数量呈正相关，土壤酶活性和土壤养分含量均无相关性(表 6)，土壤微生物与土壤养分之间相关性相对于根际土壤也有明显的下降。综上所述，根际土壤中，土壤养分与微生物数量、酶活性的关系相较于非根际土壤更为密切。

2.5 根际与非根际土壤肥力评价

通过选择土壤微生物数量、酶活性和土壤养分特征等 14 个指标进行主成分分析，可以更加直观地评价不同林分组成根际与非根际土壤肥力情况。由表 7 可以看出，第一主成分的方差贡献率最大，达到了 69.338%，对于土壤肥力具有主要作用。第一主成分和第二主成分累积方差贡献率达到了 77.424%，基本包含了主要的土壤肥力信息。3 个主成分的累积方差贡献率为 85.377%，能反映出不同林分根际与非根际

表 5 根际土壤养分与微生物数量、酶活性相关系数

Table 5 Correlation coefficients between soil nutrients and contents of soil microorganisms and enzyme activities in rhizosphere soils

指标	过氧化氢酶	多酚氧化酶	脲酶	蔗糖酶	细菌	真菌	放线菌
pH	-0.198	0	0.040	0.331	-0.040	0.041	-0.210
有机质	0.782	-0.329	0.890*	0.699	0.935*	0.868	0.955*
全氮	0.891*	-0.188	0.958*	0.809	0.963**	0.994**	0.881*
全磷	-0.078	0.768	-0.401	0.104	-0.382	-0.140	-0.221
全钾	0.378	-0.171	0.639	0.950*	0.679	0.659	0.774
碱解氮	0.818	-0.342	0.974*	0.731	0.955*	0.948*	0.798
有效磷	0.799	-0.258	0.963*	0.917*	0.978**	0.976**	0.934*
速效钾	0.510	-0.256	0.702	0.825	0.775	0.696	0.923*
过氧化氢酶	1	0.207	0.738	0.583	0.763	0.897*	0.774
多酚氧化酶	0.207	1	-0.456	-0.194	-0.402	-0.113	-0.175
脲酶	0.738	-0.456	1	0.817	0.992**	0.936*	0.865
蔗糖酶	0.583	-0.194	0.817	1	0.835	0.842	0.845
细菌	0.763	-0.402	0.992**	0.835	1	0.950*	0.921*
真菌	0.897*	-0.113	0.936*	0.842	0.950*	1	0.903*
放线菌	0.774	-0.175	0.865	0.845	0.921*	0.903*	1

注：* 表示在 $P<0.05$ 水平上显著相关；** 表示在 $P<0.01$ 水平上显著相关，下表同。

表 6 非根际土壤养分与微生物数量、酶活性相关系数

Table 6 Correlation coefficients between soil nutrients and contents of soil microorganisms and enzyme activities in non-rhizosphere soils

指标	过氧化氢酶	多酚氧化酶	脲酶	蔗糖酶	细菌	真菌	放线菌
pH	0.273	0.143	-0.123	0.077	-0.228	-0.206	-0.497
有机质	0.364	0.385	0.773	0.751	0.890*	0.894*	0.978**
全氮	0.451	0.447	0.785	0.848	0.711	0.788	0.501
全磷	-0.770	-0.926	0.042	-0.410	-0.651	-0.267	-0.566
全钾	0.836	0.592	0.621	0.864	0.777	0.746	0.782
碱解氮	0.341	0.431	0.840	0.833	0.823	0.879*	0.683
有效磷	0.504	0.307	0.778	0.792	0.784	0.856	0.912*
速效钾	0.646	0.417	0.670	0.785	0.765	0.780	0.872
过氧化氢酶	1	0.890*	0.247	0.715	0.685	0.453	0.544
多酚氧化酶	0.890*	1	0.115	0.598	0.719	0.384	0.531
脲酶	0.247	0.115	1	0.848	0.728	0.951*	0.735
蔗糖酶	0.715	0.598	0.848	1	0.911*	0.934*	0.817
细菌	0.685	0.719	0.728	0.911*	1	0.903*	0.939*
真菌	0.453	0.384	0.951*	0.934*	0.903*	1	0.892*
放线菌	0.544	0.531	0.735	0.817	0.939*	0.892*	1

土壤各指标的相对重要性及其之间的相互关系。

根据表 7 发现，土壤细菌数量、有机质、全氮、碱解氮和有效磷对第一主成分影响较大，反映土壤养分的总储量，可将 F_1 命名为土壤肥力因子；在第二主成分中速效钾含量对于 F_2 影响较大，可命名为 K 素因子(F_2)；第三主成分中多酚氧化酶对其影响较大，命名为多酚氧化酶因子(F_3)。

通过对于因子载荷进行特征向量的转化^[25]，得到函数表达式：

$$F_1=0.298x_1+0.258x_2-0.090x_3+0.246x_4+0.276x_5+$$

$$0.305x_6+0.274x_7+0.316x_8+0.298x_9+0.306x_{10}+0.254x_{11}+0.101x_{12}+0.289x_{13}+0.303x_{14}$$

$$F_2=-0.099x_1-0.140x_2-0.246x_3+0.173x_4-0.253x_5-0.089x_6+0.165x_7-0.014x_8-0.080x_9+0.004x_{10}+0.387x_{11}+0.706x_{12}-0.353x_{13}+0.040x_{14}$$

$$F_3=-0.172x_1-0.023x_2+0.852x_3+0.090x_4-0.172x_5+0.135x_6+0.180x_7-0.071x_8+0.173x_9-0.090x_{10}-0.094x_{11}+0.206x_{12}-0.018x_{13}+0.247x_{14}$$

公式中 x 分别代表 14 种相关指标。将不同林分组成中根际与非根际土壤中土壤微生物数量、酶活性和养分含量指标分别代入主成分表达式中，计算各主

表 7 主成分因子载荷矩阵及主成分特征根
Table 7 Factor loading matrix of main composition and principal component eigenvalues

因子	F_1	F_2	F_3
细菌	0.922	0.014	-0.036
真菌	0.729	-0.319	-0.268
放线菌	0.515	-0.507	0.161
过氧化氢酶	0.781	-0.115	0.464
多酚氧化酶	0.294	0.072	0.884
脲酶	0.88	-0.05	-0.381
蔗糖酶	0.953	0.151	0.089
有机质	0.859	-0.473	-0.137
全氮	0.827	0.211	-0.055
全磷	-0.232	0.417	-0.185
全钾	0.761	-0.021	0.25
碱解氮	0.853	0.04	-0.234
有效磷	0.874	0.356	-0.168
速效钾	0.719	0.597	0.069
特征根	9.427	1.412	1.113
方差贡献率(%)	67.338	10.086	7.954
累计贡献率(%)	67.338	77.424	85.377

成分的得分，再通过各主成分的方差贡献率为权数，对于所提取的得分进行加权求和，得到不同林分组成中根际与非根际土壤反映土壤肥力水平的综合得分。结果表明(表 8)，根际土壤肥力水平总体大于非根际土壤肥力，说明种植此 4 种植物能一定程度改善土壤

肥力状况。在不同植物之间，沙棘根际与非根际土壤肥力综合得分均最高。小叶杨、刺槐根际与非根际土壤肥力提升较大。而草地中草本植物得分较低，基本与非根际土壤接近。

3 讨论

3.1 微生物数量、酶活性及土壤养分之间的相关分析

土壤酶主要来源于土壤微生物的代谢过程、植物根系分泌物和动植物残体分解过程中释放的酶^[26]，所以土壤微生物的种类和数量一定程度上决定了土壤酶活性^[27-29]。本研究中，土壤酶活性和土壤微生物数量相关性在细菌和真菌中有所体现，表现出土壤脲酶活性和土壤细菌、真菌数量相关性达到显著水平，过氧化氢酶活性与土壤真菌数量相关性达到显著水平，因为根际与非根际土壤中有机质存在显著差异，过氧化氢酶与土壤中有机质的转化有密切关系，说明真菌对于土壤有机质的转化与吸收发挥了重要作用。多酚氧化酶活性与土壤微生物数量相关性不显著，原因可能是酶活性受到土壤微生物代谢过程或其他环境因素影响，目前普遍认为多酚氧化酶与木质素分解产生的酚类物质转化有关^[30]。多酚氧化酶参与土壤中芳香族化合物的转化，对于土壤肥力具有指示作用，但是没有体现，原因需要进一步研究。

表 8 主成分因子得分及土壤肥力水平综合得分
Table 8 The scores of principal component factors and soil fertility levels

编号	部位	F_1	F_2	F_3	综合得分	得分排名
	R	6.085	-1.278	-0.517	1.391	1
	S	2.896	0.273	-1.336	0.653	3
	R	-0.022	0.864	-0.562	0.030	5
	S	-2.673	-0.432	-0.755	-0.796	9
	R	-0.093	0.596	1.703	0.186	4
	S	-0.658	1.755	-0.685	-0.055	6
	R	2.185	1.104	1.668	0.818	2
	S	-0.611	-2.171	0.914	-0.292	7
	R	-2.709	0.120	-0.170	-0.699	8
	S	-4.399	-0.829	-0.260	-1.235	10

3.2 不同林分根际和非根际土壤微生物数量、酶活性、养分特征比较

不同树种以及营林模式是影响土壤微生物种类和数量的因素之一^[31]，影响着森林土壤的物理化学和生物学性质^[18, 32]，植物光合产物以根系分泌物和死亡细根沉积于根际土壤，而土壤有机质分解和主动吸收均较强，这很大程度上受到根际环境和生物综合

因素的影响^[33-36]。从微生物的数量上看，根际土壤细菌数量普遍高于非根际土壤，根际土壤中真菌和放线菌数量接近或大于非根际土壤，差异不显著。可能由于放线菌、真菌对于生存环境要求较低，在非根际土壤中相对于细菌有更强的适应性；本研究中根际与非根际的土壤酶活性差异显著，脲酶和蔗糖酶的活性均表现出根际土壤高于非根际土壤，有学者^[37]认为

根际土壤微生物受到特定刺激会增加酶分泌的数量,在根际这种增加更为明显。根际有着较强的生化活性,物质转化较为活跃,能够促进物质转化的土壤酶活性高于非根际土壤。在土壤养分方面,根际中有效磷含量显著高于非根际土壤,这主要是由于植物根系分泌物促进根际土壤磷素转化为无机态磷,更利于植物对磷素的吸收和利用。碱解氮含量也有明显提高,出现有效养分向根际集聚的现象^[38]。因此植被根际能在不同程度提高土壤有效养分含量。

3.3 不同林分根际和非根际土壤肥力的评价

从土壤综合肥力来看,根际土壤高于非根际土壤。在根际土壤中,沙棘土壤肥力较高,小叶杨和油松土壤肥力水平居中,刺槐土壤肥力较差,但也明显好于退耕草地。不同植被种植对于改善退耕地土壤状况效果有所不同。从研究结果来看,沙棘改善土壤效果较好,能大幅提高土壤肥力,而刺槐提升效果不显著,可能不适合在半干旱黄土区进行纯林种植。沙棘在短期内能够大幅提高土壤肥力,因为沙棘有抗旱、抗瘠薄的自然特性,并具有较强的防风固沙、保持水土及固氮培土的生态作用。对于退耕地,沙棘对土壤肥力提高比较好,在今后的树种筛选中,应优先选择沙棘和沙棘混交林的植被搭配。而刺槐林单独对于土壤肥力的提升不如沙棘、小叶杨和油松,不适宜单独作为黄土沟壑区造林树种。

植物根际与非根际土壤微生物、土壤酶在森林生态系统中存在复杂的联系^[30, 39]。研究也受到样地的地理位置、林分组成、森林起源、坡度与坡向、光照条件等因素影响,其中存在复杂的生理生态机制^[35]。本研究所得结论主要基于陕西省吴起县黄土区退耕还林地不同样地在生长季节的根际与非根际土壤特征。在今后的工作中,随着退耕地植被生长年限的增长、二代萌生林的自然生长、森林生物量的进一步增加,林地土壤各项指标和物理化学变化还有待于进一步研究。

参考文献:

- [1] Duan B, Zhang Y, Xu G, et al. Long-term responses of plant growth, soil microbial communities and soil enzyme activities to elevated CO₂ and neighbouring plants[J]. Agricultural and Forest Meteorology, 2015, 213: 91–101
- [2] Lynch J. Root architecture and plant productivity[J]. Plant Physiology, 1995, 109(1): 7
- [3] Ma B, Zhou Z, Zhang C, et al. The character of phosphorus concentrations in rhizosphere soil of super-xerophytic shrubs[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2005, 14: 106–110
- [4] Agnelli A, Massaccesi L, Feudis M D, et al. Holm oak (*Quercus ilex* L.) rhizosphere affects limestone-derived soil under a multi-centennial forest[J]. Plant & Soil, 2015: 1–18
- [5] Maltais-Landry G. Legumes have a greater effect on rhizosphere properties (pH, organic acids and enzyme activity) but a smaller impact on soil P compared to other cover crops[J]. Plant & Soil, 2015, 394(1/2): 139–154
- [6] Angst G, Kögel-Knabner I, Kirfel K, et al. Spatial distribution and chemical composition of soil organic matter fractions in rhizosphere and non-rhizosphere soil under European beech (*Fagus sylvatica* L.)[J]. Geoderma, 2016, 264
- [7] 吴俐莎, 唐杰, 罗强, 等. 若尔盖湿地土壤酶活性和理化性质与微生物关系的研究[J]. 土壤通报, 2012, 43(1): 52–59
- [8] 张凯, 郑华, 陈法霖, 等. 桉树取代马尾松对土壤养分和酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2015, 52(3): 646–653
- [9] 田小明, 李俊华, 王成, 等. 连续3年施用生物有机肥对土壤养分、微生物量及酶活性的影响[J]. 土壤, 2014, 46(3): 481–488
- [10] 杨会侠, 汪思龙, 范冰. 马尾松人工林发育过程中的养分动态[J]. 应用生态学报, 2010, 21(8): 1907–1914
- [11] 邱权, 李吉跃, 王军辉, 等. 西宁南山4种灌木根际和非根际土壤微生物、酶活性和养分特征[J]. 生态学报, 2014, 34(24): 7411–7420
- [12] 安韶山, 李国辉, 陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. 生态学报, 2011, 31(18): 5225–5234
- [13] 孟令军, 耿增超, 殷金岩, 等. 秦岭太白山区6种中草药根际与非根际土壤化学性质及酶活性[J]. 应用生态学报, 2012, 23(10): 2685–2692
- [14] 王笛, 马风云, 姚秀粉, 等. 黄河三角洲退化湿地土壤养分、微生物与土壤酶特性及其关系分析[J]. 中国水土保持科学, 2012, 10(5): 94–98
- [15] 王树力, 孙悦, 沈海燕, 等. 不同密度杂种落叶松人工林的土壤微生物变化特征[J]. 中国水土保持科学, 2009, 7(3): 59–66
- [16] 蒋三乃, 翟明普. 混交林种间养分关系研究进展[J]. 北京林业大学学报, 2001, 23(2): 72–77
- [17] Fang S, Liu D, Tian Y, et al. Tree species composition influences enzyme activities and microbial biomass in the rhizosphere: A rhizobox approach[J]. PloS. one, 2013, 8(4): e61461
- [18] 许景伟, 王卫东. 不同类型黑松混交林土壤微生物、酶及其与土壤养分关系的研究[J]. 北京林业大学学报, 2000, 22(1): 51–55
- [19] Dong Z, Wei T, Zhu Q. Root exudates in *Hippophae rhamnoides* of different growth states detected by GC-MS[J]. Asian Journal of Chemistry, 2013, 25(18): 10076
- [20] Wei T, Shi X, Zhu J, et al. Evaluating the health status of *Robinia pseudoacacia* L. by the root exudates[J]. TIC, 2015, 1(e10): 24–56
- [21] Riley D, Barber S A. Salt accumulation at the soybean (*Glycine Max* (L.) Merr.) root-soil interface[J]. Soil Science Society of America Journal, 1970, 34(1): 154–155
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000

- [23] 关松荫. 土壤酶及其研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1986
- [24] 章家恩. 生态学常用实验研究方法与技术[M]. 北京: 化学工业出版社, 2007
- [25] 卢纹岱. SPSS for Windows 统计分析[M]. 北京: 电子工业出版社, 2000
- [26] 薛立, 邝立刚, 陈红跃, 等. 不同林分土壤养分、微生物与酶活性的研究[J]. 土壤学报, 2003, 40(2): 280–285
- [27] Murphy D V, Cookson W R, Braimbridge M, et al. Relationships between soil organic matter and the soil microbial biomass (size, functional diversity, and community structure) in crop and pasture systems in a semi-arid environment[J]. Soil Research, 2011, 49(7): 582–594
- [28] Unger M, Leuschner C, Homeier J. Variability of indices of macronutrient availability in soils at different spatial scales along an elevation transect in tropical moist forests (NE Ecuador) [J]. Plant and Soil, 2010, 336(1/2): 443–458
- [29] 杨曾平, 高菊生, 郑圣先, 等. 长期冬种绿肥对红壤性水稻土微生物特性及酶活性的影响[J]. 土壤, 2011, 43(4): 576–583
- [30] 邓晓, 洪葵, 李勤奋, 等. 海南香蕉园土壤微生物与土壤因子的关系[J]. 热带作物学报, 2010, 31(4): 530–535
- [31] 付刚, 刘增文, 崔芳芳. 秦岭山区典型人工林土壤酶活性、微生物及其与土壤养分的关系[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2008, 36(10): 88–94
- [32] Diamantidis G, Effosse A, Potier P, et al. Purification and characterization of the first bacterial laccase in the rhizospheric bacterium *Azospirillum lipoferum*[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2000, 32(7): 919–927
- [33] 耿玉清, 白翠霞, 赵铁蕊, 等. 北京八达岭地区土壤酶活性及其与土壤肥力的关系[J]. 北京林业大学学报, 2006, 28(5): 7–11
- [34] 刘登义, 沈章军, 严密, 等. 铜陵铜矿区凤丹根际和非根际土壤酶活性[J]. 应用生态学报, 2006, 17(7): 1 315–1 320
- [35] 孟亚利, 王立国, 周治, 等. 套作棉根际与非根际土壤酶活性和养分的变化. 应用生态学报, 2005, 16(11): 2076–2080
- [36] 罗世琼, 黄建国, 袁玲. 野生黄花蒿土壤的养分状况与微生物特征[J]. 土壤学报, 2014, 51(4): 868–879
- [37] 沈有信, 周文君, 刘文耀, 等. 云南松根际与非根际磷酸酶活性与磷的有效性[J]. 生态环境, 2005, 14(1): 91–94
- [38] 戴雅婷, 闫志坚, 郭启明, 等. 库布齐沙地柠条根际土壤微生物生物量及其与土壤因子的关系[J]. 干旱区资源与环境, 2012, 26(9): 77–80
- [39] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 等. 中亚热带森林土壤微生物群落多样性随海拔梯度的变化[J]. 植物生态学报, 2013, 37(5): 397–406

Microbes, Enzyme Activities and Nutrient Characteristics of Rhizosphere and non-Rhizosphere Soils in Forests of Loess Hilly Region

LIU Zhao, WEI Tianxing, ZHU Qingke, CHEN Jue, ZHAO Yanmin

(Key Laboratory of Soil and Water Conservation of State Forestry Administration, Beijing Forestry University; Engineering Research Center of Forestry Ecological Engineering of Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract: In this study, 4 types of forests (*Hippophae rhamnoides*, *Pinustabuliformis*, *Robiniapseudoacacia* and *Populussimonii*) were chosen to measure microbial abundance, enzyme activities and nutrient characteristics of rhizosphere and non-rhizosphere soils to make a comprehensive comparison of the soil fertility between rhizosphere and non-rhizosphere soils. The abundance of soil bacteria, fungi and actinomycetes, the activities of catalase, polyphenol oxidase and urease, soil organic matter (SOM), total nitrogen (N), total phosphorus (P), total potassium (K), alkali-hydrolyzable N, available P and available K were determined and One-way analysis of variance and analysis of correlation were conducted. The results indicated that: 1) the differences of the contents of SOM, available P, alkali-hydrolyzable N and available K between rhizosphere and non-rhizosphere soils were significant ($P < 0.05$). SOM and available nutrients accumulated in rhizosphere soil. 2) Microbial abundance and enzyme activities of rhizosphere soil were generally higher than non-rhizosphere soil. With exceptions, catalase activity in *Pinustabuliformis* and urease activity in *Populussimonii* were lower in rhizosphere soil than non-rhizosphere soil. 3) There was a significant correlation between urease activity and abundance of soil bacteria and fungi. There was also a significant correlation between catalase activity and abundance of soil fungi. SOM was significantly correlated with the abundance of soil bacteria and actinomycetes, and urease activity. The soil available P and alkali-hydrolyzable N contents were significantly correlated with urease activity, and the abundance of soil bacteria and fungi. In non-rhizosphere soil, the correlation of the contents of soil nutrients with soil microbial abundance and soil enzyme activities was lower than that in rhizosphere soil. 4) The comprehensive fertility level of the rhizosphere soil was higher than that of the non-rhizosphere soil. The fertility level of rhizosphere soil followed the order: *Hippophae rhamnoides* > *Populussimonii* > *Pinustabuliformis* > *Robiniapseudoacacia* > abandoned croplands. The growth of *Hippophae rhamnoides* can improve soil fertility more effectively than the other species. *Hippophae rhamnoides* is suitable for afforestation to help improve soil fertility and make contributions to revegetation.

Key words: The grain for green project; Soil enzyme activity; Rhizosphere; Non-rhizosphere; Soil nutrients; Soil microbes