

宁镇丘陵区村域小流域不同土壤景观下表土质量变化及评价

赵 正^{1,2}, 刘 纯^{1,2}, 尚明月^{1,2}, 陈敬龙³, 包旭华³, 刘晓雨^{1,2}, 卞荣军^{1,2},
张旭辉^{1,2}, 程 琨^{1,2}, 王 燕^{1,2}, Drosos Marios^{1,2}, 郑聚锋^{1,2}, 李恋卿^{1,2}, 潘根兴^{1,2}

(1.南京农业大学农业资源与生态环境研究所,南京 210095;
2.南京农业大学资源与环境科学学院,南京 210095;3.江苏省南京市晶桥镇农业服务中心,南京 211224)

摘要:中国南方丘陵区存在着自然过程和人类活动交互影响的、土地利用—土地覆盖叠加变化的多种土壤景观,其土壤质量对乡村农业产业发展具有重要影响。在南京市远郊的溧水区晶桥镇芝山村域小流域,选取流域内生态保护的林地、农业利用的园地、旱地和稻田 4 种土壤景观,于秋季分别采集表土样品,测定土壤基础理化性质、土壤团聚体粒径组成及土壤微生物磷脂脂肪酸和胞外酶活性分布,分析土壤肥力、土壤团聚化、土壤生物活性等关键性质在不同土壤景观中的变异情况,并采用土壤质量评价方法探明土壤景观与表土质量的变化关系。结果表明,与原生林地相比,农业土壤景观中有机质减少 50.93%~69.63%,土壤团聚体平均重量直径降低 41.34%~68.71%;相应地,土壤微生物总磷脂脂肪酸含量也降低 19.20%~42.04%,土壤归一化酶活性降低 22.48%~63.27%。因此,与林地景观土壤相比,农业土壤景观的土壤生态系统服务功能已经显著削弱。不过,在农业土壤景观中,稻田的土壤有机质储量和微生物活性相对较高。回归分析表明,土壤有机质含量是影响土壤性质变化的最强因子。基于总数据集和最小数据集的土壤质量评价和基于土壤健康理念的土壤功能质量评价均表明,表土总体土壤质量的变化趋势为林地>稻田>旱地>园地。同时,基于土壤健康理念的评价体系能综合地反映不同土壤景观间土壤的质量变化及其生态系统功能意义。

关键词: 土壤景观; 土壤有机质; 土壤质量评价; 土壤健康; 乡村小流域

中图分类号: S154.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1009-2242(2022)04-0265-12

DOI: 10.13870/j.cnki.stbcxb.2022.04.033

Changes and Evaluation of Topsoil Quality Across Different Soil-landscapes in A Village Level Watershed of Nanjing-Zhenjiang Hilly Region

ZHAO Zheng^{1,2}, LIU Chun^{1,2}, SHANG Mingyue^{1,2}, CHEN Jinglong³, BAO Xuhua³,
LIU Xiaoyu^{1,2}, BIAN Rongjun^{1,2}, ZHANG Xuhui^{1,2}, CHENG Kun^{1,2}, WANG Yan^{1,2},
Drosos Marios^{1,2}, ZHENG Jufeng^{1,2}, LI Lianqing^{1,2}, PAN Genxing^{1,2}

(1.*Institute of Resource, Ecosystem and Environment of Agriculture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095; 2.College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing*

Agricultural University, Nanjing 210095; 3.Jingqiao Town Agricultural Service Center, Nanjing 211224)

Abstract: Heterogeneous soil landscapes are common under interaction of natural processes and human activities, and in turn, under combined impacts of land use and land cover in the hilly areas of South China. Variation of soil quality across these soil landscapes impacts development of agro-industries in rural area. In this study, 4 types of soil-landscapes including forest land under conservation on hill slope, orchard, dry crop land and paddy field in the basin, were selected in a small watershed of Zhishan Village, Jingqiao Town, Lishui District in suburb Nanjing. Topsoil samples were collected in autumn to analyze basic physico-chemical properties, soil aggregate size distribution and microbial phospholipid fatty acids as well as extracellular enzyme activities. Concerned for soil fertility, the variation of key parameters of soil organic carbon, aggregation and biological activity were explored across these soil landscapes. The relationship between soil landscape and topsoil quality was explored by soil quality evaluation method. The results showed that, compared with the conserved forestland soil-landscape, the soil organic matter (SOM) declined by 50.93% to 69.63%, the mean weight diameter of soil aggregates reduced by 41.34% to 68.71%, the total phospholipid

fatty acids reduced by 19.20% to 42.04%, while normalized enzyme activity dropped by 22.48% to 63.27% in the topsoil of the agricultural soil-landscapes. Accordingly, compared with forest land, the ecosystem functions and service of topsoil under the agricultural soil-landscapes had been significantly weakened. However, paddy fields had higher SOM content and microbial activity. Regression analysis showed that, SOM content was the strongest driver for topsoil quality change within the watershed. The evaluation of soil quality based on total data set and minimum data set and the evaluation of soil functional quality based on the concept of soil health show that, the overall topsoil quality was in an order of forest land > paddy field > upland > orchard. Further, the evaluation system based on the concept of soil health can comprehensively reflect the changes of soil quality and the significance of ecosystem function among different soil-landscapes.

Keywords: soil-landscape; soil organic matter; soil quality evaluation; soil health; rural small watershed

土壤退化是影响全球可持续发展的重大生态环境问题^[1],并影响土壤肥力及食物安全与气候变化^[2]。土地利用和植被变化是驱动土壤退化的首要因素,其中农业耕作及施肥会严重影响土壤质量和土壤健康^[3-5],特别表现在支撑根系生长和土壤微生物保育的表土上。当前,对土壤的关注已由土壤肥力、土壤质量转向土壤健康^[6-7]。乡村地区的土壤退化现状与土壤健康水平,影响乡土农业产业发展,进而制约乡村振兴。因此,认识和评价乡村地区的土壤健康,不仅是土壤科学的重要任务,更是服务乡村振兴的重大需求。

土壤质量是土壤保持水、空气质量,以及保护人类与动植物健康的能力^[7-9]。近年来,与土壤和地球可持续性相关的土壤健康理念日益得到关注。一般认为,土壤健康是指土壤持续和协调地提供生态系统服务的能力^[7],或者说是特定生态系统或土地系统中土壤维持其生态系统功能和服务的能力^[10]。而这些土壤功能和生态系统服务主要包括维持和稳定土壤碳库和水库以调节气候,提供有效养分和水分以满足生物生长,转化废弃物、钝化污染物以清洁环境,维护生境和保持生物多样以养育生物圈,以及保护和稳定地表以支撑建筑和景观和土壤的资源、文化与美学价值。衡量土壤健康就是量化评价土壤均衡且持续提供上述生态系统服务的能力,这已成为当前土壤科学的前沿热点,发展区域土壤健康分析和评估是我国土壤学服务社会发展的重大机遇^[11-12]。

土壤景观(soil-landscapes)是长期地质地貌过程和相对短期的人为活动相互影响下形成的,是多个成土因素共同影响的结果^[13-15]。不同于土地利用强调人类活动对于土壤的影响,土壤景观还包括了地理景观和生态系统对于土壤的影响。作为生态学、地理学与土壤学的交叉研究,从土壤景观出发建立模型去预测土壤有机碳、土壤质地和水分等在土壤景观内部的变异已经有较多报道^[14,16-18]。土壤景观研究可以更好地反映空间多样性和生物多样性的关系,但在景观尺度上土壤质量变化或者其异质性的研究仍然较少。研究土壤景观间的土

壤质量变化,可能探寻人类活动改变土壤健康的本质,并用以指导合理地保护并开发土壤资源,发展优化空间布局的乡村农业产业,助力乡村振兴。

宁镇丘陵区地形地貌多样,因自然背景、地质和生态过程与人类作用的叠加影响,土地利用和土地覆盖的交互穿插,存在着山地森林、丘陵坡地、岗地和谷地交叉镶嵌的多种自然和农业土壤景观。本研究以处于宁镇山地丘陵区的南京市溧水区晶桥镇芝山乡村小流域为对象,在方圆数平方公里的小流域内,选取地形地貌、生态系统和土地覆盖不同的土壤景观,研究和对比分析这些土壤景观中表土的基础理化性质、土壤团聚体以及土壤微生物及酶活性,分别基于全数据集、最小数据集以及土壤健康理念选取指标进行土壤质量评价,并比较不同土壤质量评价方法的适宜性,以指导乡村小流域土壤的合理利用和可持续管理。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于江苏省南京市溧水区晶桥镇芝山村曹庄小流域(119°07′27.93″E,31°29′52.87″N)。小流域处于芳山西麓,除山地区域保留为森林保护区外,山麓坡地及谷地多开垦为果园、种植玉米和蔬菜的旱地以及稻田,构成不同土壤景观镶嵌复合的乡村小流域系统。区域内气候为亚热带季风气候,年平均气温 16.4℃,年平均降水量 1 147.0 mm,主要土壤类型为黄棕壤。

在小流域内选择 4 种典型土壤景观,包括林地(forestland, FL)、旱地(upland, UL)、园地(orchard, OR)和稻田(paddy field, PF)。每种土壤景观选择 3 个样地,分别采集表土(0—15 cm)样品供测试研究。样地基本信息见表 1。

1.2 样品采集与分析测定

所有样地的土壤样品采集于 2020 年 11 月,此时农田作物已经收获。每种土壤景观选择 3 个代表性样地(20 m×20 m),每个样地梅花形随机 5 点采样为 1 个混合样本。林地中每个采样地相距至少 100 m,其他土壤景观类型采样点间距 30 m。采样时,地

表去除凋落物,用不锈钢圆铲采集表土层(0—15 cm)土壤样品。将采集的混合样品置于不锈钢罐中,保存在内有冰袋的保鲜箱,并在取样后 24 h 内运送到实验室。野外采样时,使用 100 cm³ 不锈钢环刀测定表土容重,每样点重复 5 次。样品抵达实验室后,

去除植物根系和小石块,混匀后将样品分成 3 份。一份 4 ℃ 保存,用于土壤团聚体粒级分组;一份过 2 mm 筛后保存于-20 ℃ 冰箱用于微生物指标测定;一份风干后,按分析方法要求分别磨碎、过筛,保存于自封袋,用于基础理化分析。

表 1 供试土壤景观样地的地理坐标及景观条件

土壤景观	纬度	经度	海拔/m	景观条件
林地	31°29′28.44″N	119°08′27.19″E	174	芳山自然保护区,亚热带乔灌混交林
	31°29′18.73″N	119°08′19.69″E	156	
	31°29′22.05″N	119°08′25.98″E	199	
园地	31°29′14.95″N	119°07′42.49″E	51	山麓,林地改果园,种植青梅、柑橘及山栀,种植年限 10 年以上
	31°29′41.73″N	119°08′05.84″E	64	
	31°29′44.09″N	119°08′06.82″E	61	
旱地	31°29′30.34″N	119°07′44.11″E	51	山麓岗坡地,旱耕历史悠久,作物如玉米、蔬菜和芝麻等,传统耕作和施肥
	31°29′31.08″N	119°07′36.50″E	46	
	31°29′29.04″N	119°07′37.49″E	47	
稻田	31°29′37.15″N	119°07′36.26″E	41	谷地,植稻历史悠久,油稻轮作,近年一季稻,施肥量大
	31°29′37.89″N	119°07′33.50″E	39	
	31°29′38.29″N	119°07′30.83″E	38	

土壤基本理化性质测定方法参考文献[19]。颗粒粒径采用比重计法;土壤 pH(H₂O)按照土水比 1 : 2.5 采用 pH 计测定;土壤有机碳(soil organic carbon, SOC)采用重铬酸钾氧化—外加热法测定;土壤总氮采用凯氏定氮法测定;土壤微生物生物量碳(microbial biomass carbon, MBC)采用氯仿熏蒸—K₂SO₄提取法;土壤有效磷采用 0.03 mol/L NH₄F—0.025 mol/L HCL 提取—钼锑抗比色法测定;土壤有效钾采用 2 mol/L HNO₃ 提取—火焰光度法测定;土壤阳离子交换量采用三氯化六氨合钴浸提—分光光度法测定。

水稳性团聚体分离制样采用 Cambardella 等^[20] 开发并由 Six 等^[21] 改进的湿筛法,具体操作方法见 Feng 等^[22] 和 Xiong 等^[23] 的报道。共分出 3 个团聚体粒级组:宏团聚体(亦称大团聚体,2 000~250 μm)、微团聚体(250~53 μm)和粉粒—黏粒(<53 μm)组。作为团聚体稳定性的替代性指标,土壤团聚体平均重量直径(mean weight diameter, MWD)计算公式为:

$$MWD=\sum_{i=1}^3(\overline{X_i}\cdot W_i)$$

(1)

式中: $\overline{X_i}$ 为*i* 粒级团聚体占总团聚体的质量分数; W_i 为*i* 粒级团聚体的平均直径。其中,宏团聚体质量分数扣除该组中含有的粗砂粒含量。

由宏团聚体和微团聚体的有机碳含量与其质量分数的乘积之和估算团聚体结合碳,此为联系生态系统功能的碳库。

参照 German 等^[24] 和 DeForest^[25] 的方法,土壤胞外酶活性采用底物为 MUB(4—Methylumbelliferone)和 L—DOPA(L—3,4—dihydroxyphenylalanine)的荧光微

孔板法测定。MUB 底物测量的胞外酶包括酸性磷酸酶(acid phosphatase, ACP)(EC 3.1.3.1)、芳基硫酸酯酶(arylsulfatase, Arys)(EC 3.1.6.1)、α—葡萄糖苷酶(α—glucosidase, AG)(EC 3.2.1.20)、β—葡萄糖苷酶(β—glucosidase, BG)(EC 3.2.1.21)、N—乙酰氨基葡萄糖苷酶(N—Acetyl—glucosaminidase, NAG)(EC 3.2.1.30)、β—木糖苷酶(β—xylosidase, XYL)(EC 3.2.1.37)和 β—纤维素酶(β—cellobiosidase, CB)(EC 3.2.1.91)。此外,土壤多酚氧化酶(polyphenol oxidase, PPO)(EC 1.10.3.2)和过氧化物酶(peroxidase, PO)(EC 1.11.1.7)使用 L—DOPA 作为底物进行测量^[25-26]。得到各个具体的胞外酶活性后,用归一化酶活性来表征土壤胞外酶的整体活性,计算公式为:

$$x'_i=x_i/\sum_{i=1}^{12}x_i$$

(2)

式中: x'_i 为单个酶的无量纲归一化值; x_i 为样品中该酶活性值,12 为本研究中重复样品数。通过计算所有测定的 9 种酶活性的值,其平均值代表各样品的归一化酶活性值。

参照 Frostegård 等^[27] 的方法,提取并测定土壤微生物磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acids, PLFAs)含量,用以分析土壤活性微生物群落结构。根据 PLFAs 生物标志物数据,磷脂脂肪酸谱中 i14:0,14:0,i15:0,a15:0,15:0,i16:0,a16:0,i17:0,a17:0,17:0,16:1ω9c,16:1ω7c,18:1ω7c,18:1ω5,cy17:0,cy19:0 的丰度总和代表细菌^[28],16:1ω5c,18:2ω6,9 和 18:1ω9c 的丰度总和代表真菌^[29],10me16:0,10me17:0 和 10me18:0 的丰度总和代表放线菌^[30]。最后,通过真菌磷脂脂肪

酸与细菌脂肪酸丰度比值得到真菌/细菌比,细菌、真菌和放线菌脂肪酸丰度之和得到微生物磷脂脂肪酸总含量。

1.3 土壤质量最小数据集的筛选和土壤质量指数构建

土壤质量评价需要选取合适的理化指标。通常对全数据集(total data set, TDS)进行主成分分析以挑选出最小数据集(minimum data set, MDS),结合权重取值,再计算得到 SQI。为此,将所有测定指标值归一化转换为 0~1 的无量纲值,再通过评价指标得分函数(函数类型使用 SSF1,戒上型函数;SSF2,梯形函数;SSF3,戒下型函数)进行。同时,参考孙波等^[31]和徐建明等^[32]的研究设置函数阈值。数据标准化后,通过主成分分析将数据降维,选择出反映土壤质量状况的指标构建最小数据集。通过数据的主成分分析,先选取特征值>1 的成分,将指标载荷>0.5 的分为 1 组,若某指标在多个主成分中均>0.5,则将其并入与同组指标相关性更低的 1 组。分别计算每个分组中各指标的 Norm 值,选取出 Norm 值在该组最高 Norm 值 10% 范围以内的指标,当某组中有多个指标时,使用 Pearson 检验来评估指标间相关性,若相关系数<0.5,则所有指标均保留,若相关系数>0.5,则选择 Norm 值最高的指标进入 MDS。Norm 值计算公式为:

$$N_{ik} = \sqrt{\sum_{i=1}^k (U_{ik}^2 \cdot \lambda_k)} \quad (3)$$

式中: N_{ik} 为第 i 个指标在特征值大于 1 的前 k 个主成分中的 Norm 值; U_{ik} 为第 i 个指标在第 k 个主成分的载荷因子; λ_k 为第 k 个主成分的特征值。

对 TDS 进行主成分分析计算后,获得的公因子方差占总公因子方差的比例即为各指标的权重。而对于 MDS 的权重,通过主成分分析选取出 MDS 后,再次对 MDS 的指标进行主成分分析,获得的公因子方差占总公因子方差的比例即为 MDS 的各个指标的权重^[33-34]。得到权重和各指标标准化的评分后,通过公式(4)计算土壤质量指数(soil quality index, SQI):

$$SQI = \sum_{i=1}^n W_i \cdot S_i \quad (4)$$

式中: W_i 为各指标的权重; S_i 为各指标的得分; n 为 TDS 或 MDS 中的指标个数。

1.4 基于土壤健康理念的土壤功能质量指数构建

基于土壤健康与土壤生态系统功能的关系^[7,10],对测定的所有土壤指标按生态系统服务功能进行分类筛选,选出代表土壤健康理念的指示指标。于是,确定土壤固碳能力、土壤物理结构与微生境、养分有效性、微生物生物量和活性以及缓冲能力等 5 项主要土壤生态系统功能^[7,10]。为此,选择土壤有机碳和团聚体结合碳含量指示土壤固碳能力,团聚体平均重量

直径和黏粒含量指示土壤物理结构与微生境,全氮、有效磷和有效钾含量指示土壤养分供应,总磷脂脂肪酸含量和归一化酶活性指示微生物生物量及其活性,以及阳离子交换量指示土壤缓冲能力。将指标同样按照得分函数进行标准化,转化为 0~1 的无量纲值。将代表同一功能的指标用平均数进行整合,绘制土壤健康雷达图^[35]。雷达图中的面积即代表土壤健康水平,面积计算公式为:

$$Area_{SQI} = 0.5 \cdot \sum_{i=1}^n a \cdot b \cdot \sin\left(\frac{2\pi}{n}\right) \quad (5)$$

式中: a 、 b 为雷达图中相邻 2 个指标的标准化值; n 为土壤健康的指标数量。

1.5 数据处理与统计

所有分析数据均表示为 3 个样地的平均值±标准差。使用 SPSS 23.0 软件进行显著性差异分析,采用最小显著性差异(least significant deviation, LSD)法,不同土壤景观间差异的显著性定义为 $p < 0.05$;采用 Pearson 检验来评估指标间的相关性。使用 Conoco(version 5)进行冗余分析(RDA)检测土壤基础理化性质对土壤胞外酶活性和微生物群落的关系。所有图形由 Origin (version 2021b) 和 ArcGIS (version 10.4) 软件处理和制作。

2 结果与分析

2.1 不同土壤景观下土壤性质差异

不同土壤景观下土壤的基本性质见表 2。土壤 pH 变化在 4.38~5.71,均属于酸性土壤;与林地相比,其他土壤景观的表土 pH 均提高($p < 0.05$)。园地和旱地的土壤容重显著高于林地和稻田($p < 0.05$)。土壤有机碳以林地最高,达 33.99 g/kg;稻田其次,为 16.68 g/kg;而旱地和园地 SOC 含量大幅度降低到 10.32~14.73 g/kg。全氮含量与 SOC 的变化趋势相似。同时,林地土壤碳氮比高达 11.02,旱地无显著降低,但是在园地和稻田中降低到 6.77~7.88。微生物生物量碳(MBC)在不同土壤景观间差异明显,林地高达 600.43 mg/kg,稻田接近于林地,园地和旱地中 MBC 降低 49.17%~54.17%。相应地,土壤微生物商(MBC/SOC),林地仅 1.74%,在旱地和园地中升高到 2.11%~2.74%,而稻田升高到 3.09%。林地表土磷钾养分含量较低,园地、旱地和稻田中养分增多,有效磷均显著高于林地($p < 0.05$),有效钾含量持平甚至高于林地。相应于黏粒含量和有机碳含量,林地和稻田土壤阳离子交换量(CEC)较高,旱地和园地较低。

表 3 为土壤矿质颗粒粒径和水稳性团聚体粒径组成。因地形差异,不同土壤景观间土壤矿质颗粒组成有明显差异。从山麓林地到坡地、谷地的农田土壤,砂粒含量降低,粉粒含量提高,黏粒也呈提高的趋势。与

矿质颗粒粒径组成不同,宏团聚体质量分数在林地为 37.96%,园地和旱地显著下降到 19.47%~21.36%,稻田下降到 9.61%;相应地,未团聚粉黏粒质量分数在林地为 27.35%,园地和旱地升高到 55.26%~59.06%,稻田中进一步升高到 74.18%。微团聚体的质量分数变化与宏团聚体类似,林地的质量分数为 34.69%,园地和旱地下降到 19.58%~25.27%,而稻田下降到 16.21%。由团聚体质量分数计算的团聚体平均重量直径,在林地中最高

(达 486.88 μm),而园地和旱地降低到 271.96~285.61 μm;稻田的团聚体平均重量直径最低,仅为 152.34 μm。与林地相比,农业土壤景观的团聚体稳定性降低 40%以上。另外,由团聚体有机碳含量(表 1)和团聚体质量分数计算而来的团聚体结合碳,在林地高达 25.21 g/kg,占总有机碳 74.16%,而在园地、旱地和稻田等农业土壤景观中团聚体结合碳在 6.92 g/kg 以下,占总有机碳的 40.17%~46.95%。

表 2 不同土壤景观表土的基本理化性质

土壤景观	pH(H ₂ O)	容重/ (g·cm ⁻³)	SOC/ (g·kg ⁻¹)	MBC/ (mg·kg ⁻¹)	全氮/ (g·kg ⁻¹)	有效磷/ (mg·kg ⁻¹)	有效钾/ (mg·kg ⁻¹)	CEC/ (cmol·kg ⁻¹)
林地	4.38±0.10c	1.32±0.09b	33.99±4.20a	600.43±185.96a	3.08±0.17a	9.11±1.12c	117.33±5.16b	9.92±1.22a
园地	5.14±0.10b	1.51±0.04a	10.32±2.23c	275.17±122.59c	1.58±0.57c	78.73±17.27b	209.84±44.69a	6.09±1.95b
旱地	4.97±0.07b	1.53±0.07a	14.73±1.13bc	305.21±140.02bc	1.57±0.49c	99.60±1.08a	205.13±25.23a	6.62±0.48b
稻田	5.71±0.16a	1.35±0.02b	16.68±2.70b	519.79±141.34ab	2.12±0.03b	81.99±4.38b	101.01±12.97b	8.00±0.69ab

注:表中数据为平均值±标准差;同列不同小写字母表示不同土壤景观间差异显著($p<0.05$)。下同。

表 3 不同土壤景观表土矿质颗粒和水稳性团聚体粒径组成

土壤景观	土壤矿物颗粒/%			水稳性团聚体质量分数/%			MWD/μm	团聚体结合碳/ (g·kg ⁻¹)
	砂粒	粉粒	黏粒	宏团聚体	微团聚体	粉粒+黏粒		
林地	31.96±1.87a	52.08±1.48b	15.97±1.24b	37.96±5.79a	34.69±6.42a	27.35±11.32c	486.88±69.57a	25.21±5.48a
园地	21.28±3.49b	58.42±7.51b	20.31±5.83ab	19.47±1.69b	25.27±3.03ab	55.26±1.38b	271.96±14.81b	4.15±0.92b
旱地	15.44±3.15c	59.03±3.14ab	25.53±5.32a	21.36±1.69b	19.58±10.59b	59.06±12.27b	285.61±31.73b	6.92±1.73b
稻田	15.33±3.06c	67.33±3.06a	17.33±1.15b	9.61±1.66c	16.21±2.73b	74.18±2.75a	152.34±19.29c	6.66±1.61b

表 4 为土壤微生物磷脂脂肪酸(PLFAs)丰度和土壤胞外酶活性在土壤景观间的变化。不同土壤景观表土 PLFAs 丰度变化与土壤微生物生物量碳的变化相近,以林地最高,稻田中降低 19.20%,而旱地和园地中降低32.38%以上;同时,细菌 PLFAs 占总 PLFAs 在 71.83%~77.11%,以林地最高,稻田显著但小幅度降低($p<0.05$),在园地和旱地中显著而大幅度降低($p<0.05$);真菌 PLFAs 占总 PLFAs 在 16.84%~20.86%,林地、稻田和旱地的真菌 PLFAs 含量无明显差异,而园地中下降至 7.39 nmol/g。放线菌 PLFAs 占比在 7.98%以下,园地和旱地中显著升高而稻田中显著降低($p<0.05$)。就 PLFAs 总量与 MBC 的比值而言,林地与稻田相近,而园地和旱地中显著升高。而对于真菌/细菌比,与林地相比,稻田的显著升高($p<0.05$),但旱地和园地升高幅度更大。

土壤酶活性在不同土壤景观间存在较大差异。林地土壤酶活性总体高于园地、旱地和稻田($p<0.05$)。与碳氮循环相关的 5 种水解酶活性均以林地最高,稻田的含量与林地基本无显著性差异,而在园地和旱地中则大幅降低。多酚氧化酶和过氧化物酶也呈现出相似趋势。与磷循环相关的酸性磷酸酶在林地中高达 382.70 nmol/(h·g),在其他土壤景观中降低 22.13%~55.97%。硫循环相关的芳基硫酸

酯酶在稻田中最高,在林地中显著降低 38.81%($p<0.05$),在园地和旱地中显著降低 68.65%~81.28%($p<0.05$)。由方程(2)计算的归一化酶活性,以林地最高,在稻田中显著降低 22.48%($p<0.05$),而在旱地和园地中显著降低 47.92%~63.27%($p<0.05$)。

2.2 土壤性质和质量指标的关系分析

本研究中,所有测定的表土理化性质指标在不同土壤景观中的变异系数为 7.31%~81.80%(图 1)。

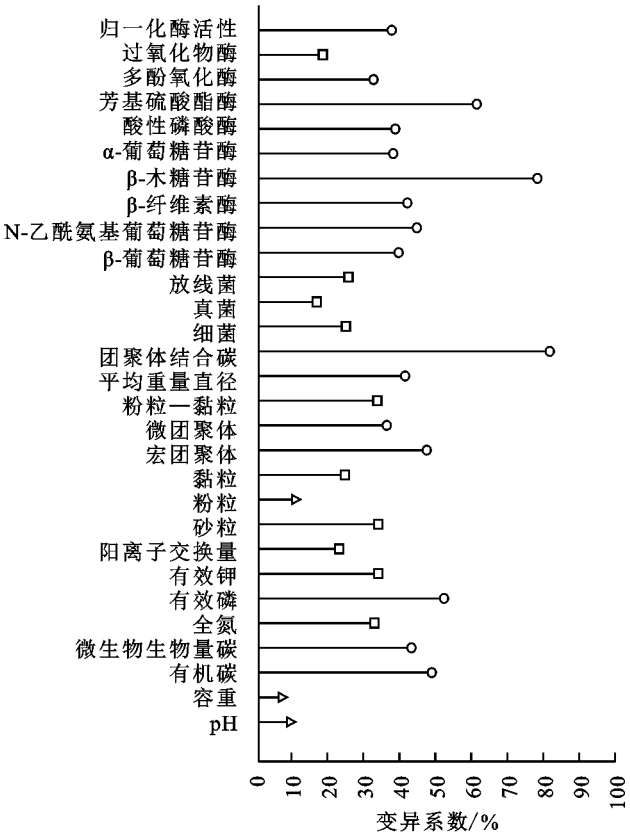
其中土壤 pH、容重和粉粒含量变异系数在 15%以内,属于小幅度变异指标;变异系数在 15%~35%范围的指标包括黏粒和砂粒含量、CEC、有效钾、土壤全氮等土壤基质决定的性质及过氧化物酶和微生物的 PLFAs 等生物化学性质。这些指标受短期人为活动影响的变化幅度较小;同时,土壤有机碳、微生物生物量碳、有效磷、宏团聚体和微团聚体质量分数、团聚体平均质量直径和参与碳氮以及养分循环的酶活性等土壤生物物理和生物化学指标的变异系数在 35%以上,属于受人为活动深刻影响的土壤功能性质。并且,土壤有机质与团聚体结合碳、进一步与微生物生物量碳并与微生物 PLFAs 丰度和土壤归一化酶活性存在显著的相关性(图 2),这些指标间的高度相关性,提示土壤有机质驱动土壤团聚体形成,从而保育土壤微生物,后者表现出生物活性且参与物质循环,形成土壤健康的自然基础^[36]。

考虑到土壤酶活性可以代表土壤养分转化和循环的功能活性,本研究对土壤酶活性与土壤基础性质进行了冗余分析(图 3(a))。前 2 个 RDA 轴分别解释总变异的 74.15%和 9.16%,保留的环境变量是 SOC、有效磷、团聚体平均质量直径和 pH。所有酶活性指标都加载在 RDA1 正侧,SOC 也加载在 RDA1 正侧,并与大

部分酶活性指标呈现显著正相关($p<0.05$)。土壤 pH 和有效磷加载在 RDA1 的负侧,与 β -木糖苷酶、酸性磷酸酶呈负相关($p<0.05$)。林地处于第 4 象限,园地和旱地主要处于第 3 象限,稻田主要处于第 1 象限。因此,土壤微生物胞外酶活性在不同土壤景观间显示不同的变化格局。

表 4 不同土壤景观表土微生物磷脂脂肪酸(PLFAs)丰度及土壤酶活性

指标	项目	林地	园地	旱地	稻田
PLFAs/(nmol·g ⁻¹)	细菌	49.14±5.07a	26.59±5.28c	30.95±0.33c	38.78±2.69b
	真菌	10.73±0.60a	7.39±0.63b	8.99±1.50ab	10.71±1.03a
	放线菌	3.85±0.35a	2.95±0.73a	3.15±0.32a	2.00±0.42b
	β -葡萄糖苷酶	241.58±48.72a	91.37±16.30b	122.70±30.67b	208.76±13.37a
土壤酶活性/(nmol·h ⁻¹ ·g ⁻¹)	N-乙酰氨基葡萄糖苷酶	84.42±22.25a	25.40±8.73b	45.56±8.93b	73.39±8.95a
	β -纤维素酶	60.74±9.67a	19.27±6.01b	34.67±9.36b	55.23±8.45a
	β -木糖苷酶	83.37±8.54a	18.01±11.33b	17.20±0.96b	25.20±1.99b
	α -葡萄糖苷酶	9.40±0.59a	3.38±1.15c	5.06±0.57b	6.21±0.90b
	酸性磷酸酶	382.70±109.77a	168.51±50.20c	298.03±34.84ab	190.13±29.04bc
	芳基硫酸酯酶	37.65±1.51b	11.52±6.07c	19.29±2.27c	61.54±11.35a
	多酚氧化酶/($\times 10^3$)	1.12±0.13a	0.55±0.13c	0.55±0.03c	0.94±0.01b
	过氧化物酶/($\times 10^3$)	5.04±0.78a	3.29±0.69b	4.18±0.05ab	4.88±0.24a
	归一化酶活性	0.10±0.01a	0.04±0.01c	0.05±0.00c	0.08±0.00b



注:三角表示<15%;方块表示 15%~35%;空心圆表示>35%。

图 1 土壤理化性质及生物活性指标的土壤景观间变异系数分布

对土壤微生物 PLFAs 与土壤物理化学性质的冗余分析结果见图 3(b)。第 1 轴和第 2 轴分别解释总变异的 60.27%和 19.98%,保留的变量为 SOC、有效磷、团聚体平均质量直径、容重和 pH。SOC 加载

在 RDA1 的正侧,与 PLFAs、细菌和真菌呈显著正相关($p<0.05$)。真菌与土壤容重呈显著负相关($p<0.05$)。微生物群落结构指标真菌/细菌比(F/B)与有效磷含量呈显著正相关($p<0.05$),与 SOC 呈显著负相关($p<0.05$)。此外,放线菌与 MWD 呈显著正相关关系($p<0.05$),与 pH 呈显著负相关性($p<0.05$)。林地主要处于第 4 象限,园地和旱地处于第 3 象限,稻田主要处于第 2 象限。因此,不同土壤景观间土壤微生物群落组成与结构发生显著变化。

2.3 不同土壤景观下表土质量评价

由表 5 可知,共选取 21 项物理、化学、生物指标进行全数据集主成分分析,选择出 3 个特征值大于 1 的组分,前 3 个主成分的累计方差变异解释率达 88.32%,表明前 3 个主成解释能力较强。按照主成分分析中载荷因子绝对值大于 0.5 以及与组内指标相关性强弱进行分组后,计算 Norm 值。按照在最高的 Norm 值 10% 范围内为选取原则,初选出指标(表 5 中加粗加下划线数字);再根据附表 2 中组内指标相关性,选择最终纳入 MDS 的指标。第 1 组中 SOC 与其他入选指标均呈极显著相关($p<0.01$),故选取 Norm 值最高的 SOC 为第 1 组指标。第 2 组指标中的芳基硫酸酯酶和 MWD 无相关性,因此 2 个指标均选入 MDS。第 3 组中的指标仅有酸性磷酸酶。通过对 TDS 以及 MDS 进行主成分分析,可以计算出各个指标的公因子方差,进而计算出各个指标的权重(表 3)。MDS 指标 SOC、MWD、芳基硫酸酯酶、酸性磷酸酶的权重分别为 0.265,0.269,0.244,0.221。

基于 MDS 计算的土壤质量指数(图 4(a)与基于 TDS 的计算结果相近,均为林地(>0.66)高于稻田(0.54~0.58),后者高于旱地(0.39~0.44)和园地(0.36~0.38)。

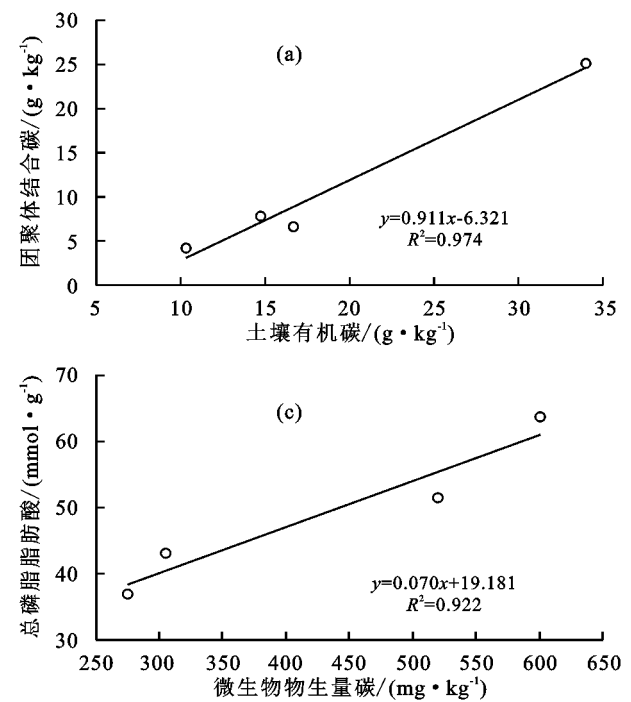
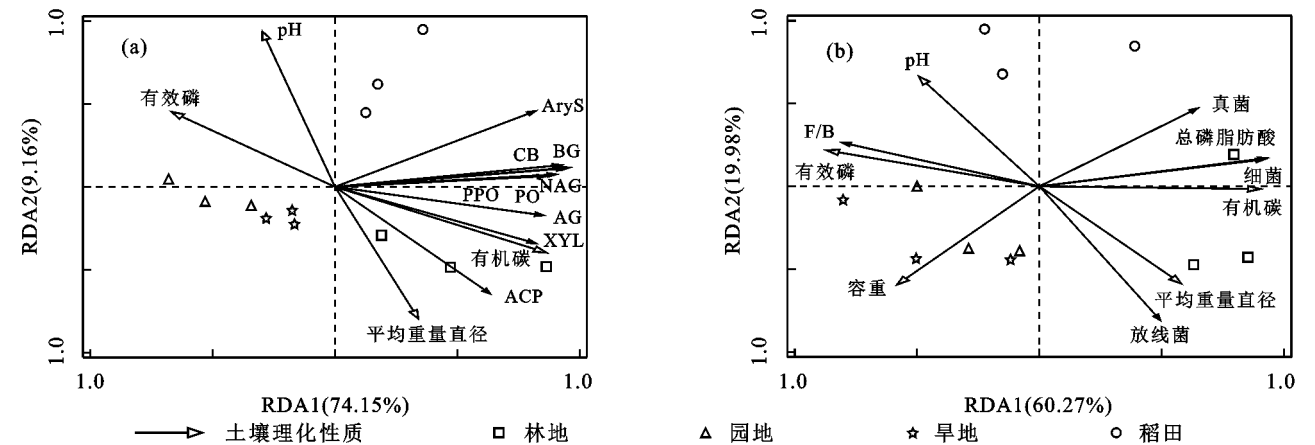


图2 土壤有机质—团聚体—微生物—微生物过程和功能的关联性



注:BG为β-葡萄糖苷酶;NAG为N-乙酰氨基葡萄糖苷酶;CB为β-纤维素酶;XYL为β-木糖苷酶;AG为α-葡萄糖苷酶;AryS为芳基硫酸酯酶;PPO为多酚氧化酶;PO为过氧化物酶。

图3 不同土壤景观下表土(0~15 cm)胞外酶活性(a)和微生物指标(b)与土壤性质变量的冗余分析(RDA)图

土壤健康更为关注土壤功能和生态系统服务。将选取的10项指标的观测值进行标准化整合计算后,绘制土壤健康雷达图。由图4(b)可知,林地土壤健康程度最高,拥有最大的雷达图面积,在土壤固碳能力、土壤物理结构与微生境以及微生物生物量与活性等矢量上有着最大的值,但土壤养分有效性相对较低。园地尽管在土壤物理结构与微生境以及养分有效性方面有着良好的能力,但其他功能较低,因此雷达图面积最小。通过公式(5)计算出的雷达图面积可以代表土壤健康综合指数,分别是林地(1.33)、稻田(0.57)、旱地(0.55)和园地(0.34)。可见,林地土壤健康程度最高,旱地和园地农业利用下,综合健康指数降低58.96%~74.12%。但稻田健康指数高于旱地和园地,且在土壤固碳、土壤缓冲能力以及微生物生物量与活性能力方面有更好的能力,说明是相对更能保持土壤健康的,故稻田是最接近自然土壤健康的人为土壤景观。

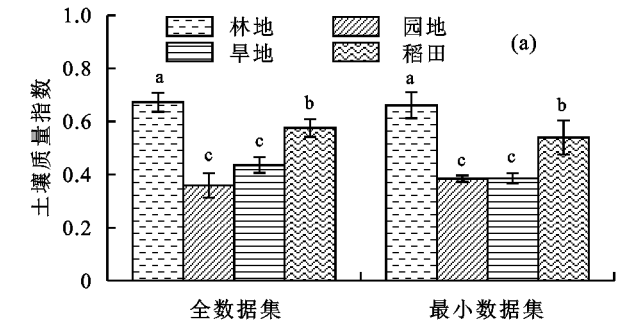
3 讨论

3.1 小流域内土壤景观间表土质量变化:土壤有机碳作为驱动因子

大量研究^[3-5,37-39]认为,当原始生态系统转变为农田(稻田、旱地等)时,土壤性质改变,土壤质量降低。在本研究中,不同土壤景观间土壤理化性质显著变异(表2)。土壤有机碳在土壤肥力及农业可持续

性方面发挥着至关重要的作用,同时还有助于缓解气候变化^[2]。无论原生生态系统改变为园地^[40]、旱地^[41]或是稻田^[42],土壤有机碳都发生强烈损失。本研究观察到,林地景观表土有机质高达 5.86%,而园地和旱地景观中减少 56.66%~69.63%,稻田景观也仅保持相当于林地近 1/2(49.07%)的有机质(表 2)。

有研究^[43-44]表明,自然土壤开垦为农田,有机质平均减少 30%,而稻田相对更有利于有机碳的保持。稻田有机碳含量较高,可能是稻田的碳输入量大于旱地土壤且淹水环境下微生物分解程度降低,因而稻田景观微生物商更高,有机碳固存潜力更大^[45-49]。伴随着土壤有机质的变化,宏团聚体质量分数和团聚体结合碳含量表现出更强的变化(表 3)。与林地景观相比,园地和旱地景观中表土团聚体结合碳仅存分别 16.45%和 27.44%,稻田也只是林地的 26.43%。因此,团聚体结合碳作为活跃碳组分的耗损可能是退化景观中土壤有机质变化的本质。与这种变化相随的是,林地土壤景观尽管黏粒含量较低,砂粒含量较高,宏团聚体质量分数仍高达 37.96%(已扣除砂粒),而园地和旱地仅有 20.00%,稻田因水耕更是降低到 9.61%的水平。因此,在耕作、施肥和其他条件变化下,土壤有机质—团聚体结合碳—土壤团聚体结构的破坏可能是不同景观表土质量变化的主要内在驱动者^[36,50]。土壤团聚体结合碳,主要是物理结合保护于宏团聚体中,是土壤固碳的主要机制^[51],更是生态系统过程和功能的基础^[52]。本研究中,不同景观表土有机质—团聚体稳定性—微生物 PLFA—土壤酶活性的偶联关系,彰显土壤有机质—团聚体—微生物—生物过程 and 功能的土壤学关联机



注:(a)图中不同字母表示不同土壤景观下土壤质量指数差异显著($p<0.05$)。

图 4 不同土壤景观下表土土壤质量指数和土壤健康雷达图

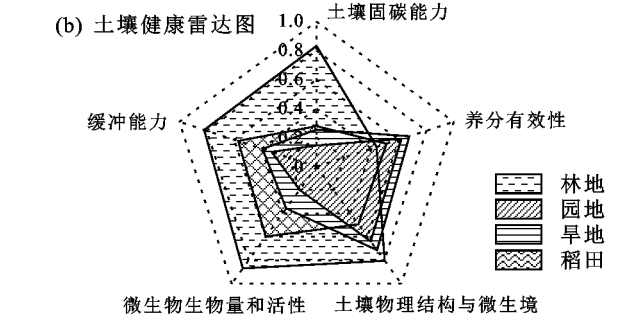
土壤胞外酶活性在土壤有机碳和养分循环中起着至关重要的作用,因此可以作为评价土壤质量和肥力的重要指标^[54-55]。由原生森林土壤景观转变为农业土壤景观,破坏土壤结构,导致土壤有机碳损失,土壤胞外酶活性也随之降低(表 4)。与以往的研究^[56-57]报道一致的是,本研究中参与 C—循环的微生物胞外酶(β —葡萄糖苷酶、 β —纤维素酶、 β —木糖苷

制,这也是土壤健康的核心驱动机制^[53]。因此,以有机碳特别是团聚体结合碳和宏团聚体损耗为代表的土壤退化,可能深刻影响土壤质量和健康的演变^[7],并调节土壤的生态系统功能和服务^[10]。

表 5 土壤质量指标主成分分析结果

指标	主成分			分组	Norm 值
	PC1	PC2	PC3		
特征值	13.572	3.664	1.311	—	—
贡献率/%	64.628	17.447	6.242	—	—
累计贡献率/%	64.628	82.075	88.317	—	—
真菌/细菌比	-0.689	0.278	0.330	1	2.620
容重	0.711	0.138	0.230	1	2.646
有效钾	-0.680	-0.560	0.304	1	2.748
过氧化物酶	0.812	0.356	0.415	1	3.106
团聚体结合碳	0.859	-0.399	-0.093	1	3.257
有效磷	-0.864	0.364	0.265	1	3.272
β —纤维素酶	0.869	0.395	0.172	1	3.297
N—乙酰氨基葡萄糖苷酶	0.884	0.352	0.139	1	3.329
多酚氧化酶	0.894	0.268	-0.262	1	3.347
总磷脂脂肪酸	0.914	0.041	-0.074	1	3.370
阳离子交换量	0.913	0.014	0.175	1	3.370
全氮	0.920	-0.113	0.040	1	3.398
β —葡萄糖苷酶	0.916	0.340	0.099	1	3.437
α —葡萄糖苷酶	0.944	-0.044	-0.009	1	3.480
β —木糖苷酶	0.937	-0.310	-0.080	1	3.503
有机碳	0.961	-0.218	0.064	1	3.567
pH	-0.303	0.923	-0.099	2	2.093
芳基硫酸酯酶	0.561	0.776	-0.011	2	2.547
平均重量直径	0.590	-0.764	-0.043	2	2.621
黏粒	-0.597	-0.078	0.593	3	2.305
酸性磷酸酶	-0.699	0.404	-0.516	3	2.752

注:粗体加下划线值表示该指标 Norm 值在该组最高 Norm 值 10% 范围内。



酶、 α —葡萄糖苷酶)和 N—循环微生物胞外酶(N—乙酰氨基葡萄糖苷酶)的酶活性与土壤有机碳呈现显著的正相关($p<0.05$)(图 3a)。人类的耕作、施肥造成有机碳损失,很大程度上影响土壤微生物活动,林地景观中表现出最高的 C、N 循环相关的胞外酶活性^[55-56]。此外,相比旱地,稻田更多有机碳输入和微生物商,增强土壤微生物的代谢活性,因此有较高的

C、N 循环相关的胞外酶活性。酚氧化酶和过氧化物酶的主要作用是解聚木质素,以获得碳资源和养分,他们主要由真菌产生^[58],更高的氧化酶活性常常与有机碳分解损耗相随^[59-60]。相较于旱地景观,林地和稻田有着更高的氧化酶活性,但表土有机碳仍较高,这是由于当外界有机质输入(凋落物、秸秆和根)增多时,有机质组分的复杂性增加,促使氧化酶的活性维持在较高的水平,即有机碳含量与氧化酶活性呈现正相关^[58](图 3a)。与前人^[61]的研究相似,土壤有效磷与酸性磷酸酶呈显著负相关($p < 0.05$)(图 3a),酸性磷酸酶的活性受到高有效磷含量的抑制,施用磷肥降低土壤磷酸酶活性。芳基硫酸酯酶能催化硫酸酯键的水解,是真菌生物量的间接指标,这意味着芳基硫酸酯酶的酶活性越高,真菌生物量越高^[55,62]。本研究中,芳基硫酸酯酶与真菌生物量呈显著正相关($p < 0.01$),并且对有机碳积累有积极作用^[56]。总体而言,与原生土壤景观相比,土壤胞外酶活性和归一化酶活性均降低,土壤多项功能受损,在旱地和园地中的受损幅度更大,但在稻田中受损幅度较小。由有机碳驱动的土壤胞外酶活性的变化,与土壤质量和土壤健康的变化密不可分^[63-64]。

土壤微生物群落的组成和结构受土地利用历史、土地管理和植被类型等多种因素的影响^[65-67]。本研究中,农业景观相较于林地土壤景观,土壤微生物量的变化趋势与有机碳的变化趋势高度一致,无论是微生物生物量碳,还是微生物 PLFAs 含量,均与土壤有机碳呈显著正相关(图 3b)。与前人^[68-71]的研究类似,土壤微生物群落组成和结构与有机碳含量直接相关,后者为土壤微生物提供养分和能源,驱动微生物群落的生存和发展,是土壤质量的核心。通常来说,具有较高真菌/细菌比的生态系统会更稳定,并且土壤有机碳固存能力更强^[65]。但在本研究中,原生土壤景观转变为农业土壤景观后,有机碳大量损失,而真菌能利用难分解有机碳,在逆境中生存能力更强,使得真菌/细菌比反而升高^[72]。原生林地到农业用地的土壤景观改变不仅导致土壤微生物生物量的减少,而且对土壤微生物结构产生深刻的影响,进而影响土壤质量,有机碳同样扮演重要的角色。

3.2 土壤质量与土壤健康评价:土壤评价指标选取的考量

科学评价土壤质量,就是衡量其均衡持续提供各种生态系统服务的能力^[10],为能够全面而客观地定量评价土壤质量,需要从土壤的多个特性(物理、化学和生物)去选择指标,以建立一种通用的土壤质量评价体系,达到量化评定土壤质量^[73-75]。

目前关于土壤质量评价指标的选取,多趋向于采

用更广泛的指标,例如,增加生物方面的指标,这些指标在过往评价中往往被忽视^[7,73,76]。基于全数据集的评价存在测试指标数量多、过程繁琐等问题;而最小数据集评价法,使用主成分分析等数学的方法将数据进行降维,通过相关性或 Norm 值逐步甄别并筛选若干指标^[74]。这简化了土壤指标数量,同时也可能出现这样的问题:筛选出的多个指标可能代表同一功能的不同指标,或者可能缺失某一土壤功能的评价指标,这样造成土壤质量评价可能偏颇而脱离实际^[7]。本研究中,最小数据集挑选的指标为土壤有机碳、土壤团聚体平均质量直径、芳基硫酸酯酶和酸性磷酸酶活性,涵盖了物理、生物和化学各方面指标。不过,化学指标仅有土壤有机碳含量 1 项指标,尽管磷酸酶酶活性指标能反映土壤磷素有效性,但本研究中的最小数据集评价体系并未直接包括对于作物生长发育极为重要的养分指标以及微生物生物量指标。这说明仅仅依靠数据分析的方法去筛选指标,可能会忽视某些方面的土壤功能。因此,基于数据集的评价中,应当慎重选择指标,筛选出最能代表土壤质量的指标,以保证土壤评价的合理性^[74,76]。而基于土壤健康理念的土壤质量评价,直接从土壤功能出发去筛选指标,既有科学理论依据,又遵循了最小数据集法的指标简化,在土壤质量中具有明显优势^[35]。

3.3 土壤质量与土壤健康评价:土壤功能评价体系的完善

本研究通过主成分分析,对全数据集和最小数据集进行土壤质量评价。由图 4(a)可知,基于全数据集的土壤质量指数和基于最小数据集的土壤质量指数趋势相同,即最小数据集能较好地替代全数据集来进行土壤质量评价。在区域土壤质量评价中,可以选取最小数据集的指标来满足土壤质量评价^[74,77-78]。而土壤健康质量评价所得到的土壤健康雷达图,其面积能代表土壤综合质量指数,其趋势与基于 TDS 和 MDS 的土壤质量评价指数一致,说明此方法同样能有效表征该区域的土壤质量状况^[35]。本研究中,林地景观各项生态系统服务功能评价价值最高,说明林地土壤健康处于较高水平,而园地、旱地和稻田等土壤景观的土壤健康受到削弱,各项指标值降低。从图 4(b)可知,除林地外的其他土壤景观土壤养分有效性均提高(因为农业施肥),但有关固碳、生境的其他评价价值相较于林地均大幅下降。稻田的有机碳和团聚体结合碳含量较旱地和园地景观高,即土壤固碳能力显著增强,驱动微生物生物量和活性随之提升^[43,49]。尽管耕作方式的差异使稻田景观的宏团聚体破坏程度增大,物理结构与微生境的能力下降幅度相应增大,但总体上稻田仍然相对保持健康的土壤景观。有研究^[79]提出,稻田及

稻作农业可能是土壤、环境和生物可持续最好的农业人类活动形式,特别是在农业碳中和上具有特殊的意义。通过土壤健康评价的雷达图,能更清晰地展现土壤功能属性的强弱与土壤健康的变化关系,同时可以审视不同土壤景观在生态系统服务功能方面的消长关系。这样的信息,可以用来更好地指导乡村地区土地利用和产业发展,从可持续发展角度管理土壤景观,服务区域可持续发展和乡村振兴。

4 结论

(1)山地丘陵区乡村小流域范围内不同土壤景观间的土壤质量存在较大的变异。与保护的原生林地土壤景观相比,农业景观中土壤有机质大幅降低,土壤结构稳定性被破坏,同时还伴随着微生境的退化和微生物功能多样性的降低,最终导致土壤生态系统功能严重削弱。相对而言,稻田景观是能保持土壤健康的农业活动景观。

(2)土壤有机质的损失和团聚体的破坏是导致土壤生物功能(固碳、养分循环和生物多样性保持)衰退的根本。因此,增进和改善土壤有机质—团聚体复合关系是恢复和改善土壤健康的根本途径。

(3)最小数据集可以代替全数据集进行小流域土壤质量变化评价。基于土壤健康理念的土壤质量评价,一方面体现人为活动下土壤健康的变化,另一方面还考虑土壤生态功能属性的差异。在最小数据集土壤质量评价法的基础上,进一步进行土壤健康评价,对于当前乡村地区生态农业发展和区域特色农业发展,以及促进生态环境保护具有重要意义。

参考文献:

- [1] Smith P, House J I, Bustamante M, et al. Global change pressures on soils from land use and management[J]. *Global Change Biology*, 2016, 22(3): 1008-1028.
- [2] Lal R. Soil carbon sequestration impacts on global climate change and food security[J]. *Science*, 2004, 304(5677): 1623-1627.
- [3] Guo L B, Gifford R M. Soil carbon stocks and land use change: A meta analysis [J]. *Global Change Biology*, 2002, 8(4): 345-360.
- [4] Murty D, Kirschbaum M U F, Mcmurtrie R E, et al. Does conversion of forest to agricultural land change soil carbon and nitrogen? A review of the literature [J]. *Global Change Biology*, 2002, 8(2): 105-123.
- [5] Post W M, Kwon K C. Soil carbon sequestration and land-use change: Processes and potential [J]. *Global Change Biology*, 2000, 6(3): 317-327.
- [6] Keesstra S D, Bouma J, Wallinga J, et al. The significance of soils and soil science towards realization of the United Nations Sustainable Development Goals[J]. *Soil*, 2016(2): 111-128.
- [7] Lehmann J, Bossio D A, Kogel-Knabner I, et al. The concept and future prospects of soil health[J]. *Nature Reviews Earth and Environment*, 2020, 1(10): 544-553.
- [8] 朱永官,彭静静,韦中,等.土壤微生物组与土壤健康[J]. *中国科学:生命科学*, 2021, 51(1): 1-11.
- [9] 赵其国,孙波,张桃林.土壤质量与持续环境 I.土壤质量的定义及评价方法[J]. *土壤*, 1997, 29(3): 113-120.
- [10] Janzen H H, Janzen D W, Gregorich E G. The 'soil health' metaphor: Illuminating or illusory? [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 159: e108167.
- [11] 潘根兴,程琨,陆海飞,等.可持续土壤管理:土壤学服务社会发展的挑战[J]. *中国农业科学*, 2015, 48(23): 4607-4620.
- [12] 武雪萍,徐明岗,潘根兴.土壤管理与可持续利用:献给 2015 国际土壤年及《中国农业科学》创刊 55 周年[J]. *中国农业科学*, 2015, 48(23): 4603-4606.
- [13] Thompson J A, Pena-Yewtukhiw E M, Grove J H. Soil-landscape modeling across a physiographic region: Topographic patterns and model transportability[J]. *Geoderma*, 2006, 133(1): 57-70.
- [14] Gessler P E, Chadwick O A, Chamran F, et al. Modeling soil-landscape and ecosystem properties using terrain attributes[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2000, 64(6): 2046-2056.
- [15] 黄成敏,龚子同,何毓蓉.土壤与景观关系探讨:以云南省元谋样区为例[J]. *土壤通报*, 1999, 30(6): 241-244.
- [16] 张华,张甘霖,龚子同.土壤—景观定量模型研究进展[J]. *土壤通报*, 2004, 35(3): 339-346.
- [17] 孙孝林,赵玉国,赵量,等.应用土壤—景观定量模型预测土壤属性空间分布及制图[J]. *土壤*, 2008, 40(5): 837-842.
- [18] Aldana J E, Sommer M, Saby N P A, et al. High resolution characterization of the soil organic carbon depth profile in a soil landscape affected by erosion[J]. *Soil and Tillage Research*, 2016, 156: 185-193.
- [19] 鲁如坤.土壤农业化学分析方法[M].北京:中国农业科学技术出版社, 2000.
- [20] Cambardella C A, Elliott E T. Carbon and nitrogen dynamics of soil organic matter fractions from cultivated grassland soils [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1994, 58: 123-130.
- [21] Six J, Paustian K, Elliott E T, et al. Soil structure and organic matter: I. Distribution of aggregate-size classes and aggregate-associated carbon[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2000, 64(2): 681-688.
- [22] Feng X, Xia X, Chen S T, et al. Amendment of crop residue in different forms shifted micro-pore system structure and potential functionality of macroaggregates while changed their mass proportion and carbon storage of paddy topsoil[J]. *Geoderma*, 2022, 409: e115643.

- [23] Xiong L, Liu X Y, Vinci G, et al. Aggregate fractions shaped molecular composition change of soil organic matter in a rice paddy under elevated CO₂ and air warming [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 159: e108289.
- [24] German D P, Weintraub M N, Grandy A S, et al. Optimization of hydrolytic and oxidative enzyme methods for ecosystem studies [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(7): 1387-1397.
- [25] DeForest J L. The influence of time, storage temperature, and substrate age on potential soil enzyme activity in acidic forest soils using MUB-linked substrates and L-DOPA [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(6): 1180-1186.
- [26] Saiya-Cork K R, Sinsabaugh R L, Zak D R. The effects of long term nitrogen deposition on extracellular enzyme activity in an *Acer saccharum* forest soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(9): 1309-1315.
- [27] Frostegård A, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1996, 22(1/2): 59-65.
- [28] Ibekwe A M, Kennedy A C. Phospholipid fatty acid profiles and carbon utilization patterns for analysis of microbial community structure under field and greenhouse conditions [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1998, 26(2): 151-163.
- [29] Olsson P A. Signature fatty acids provide tools for determination of the distribution and interactions of mycorrhizal fungi in soil [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1999, 29(4): 303-310.
- [30] Bossio D A, Scow K M. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: Phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns [J]. *Microbial Ecology*, 1998, 35(3/4): 265-278.
- [31] 孙波, 张桃林, 赵其国. 我国东南丘陵山区土壤肥力的综合评价 [J]. *土壤学报*, 1995, 32(4): 362-369.
- [32] 徐建明, 张甘霖, 谢正苗. 土壤质量指标与评价 [M]. 北京: 科学出版社, 2010.
- [33] Liu Z J, Zhou W, Shen J B, et al. Soil quality assessment of yellow clayey paddy soils with different productivity [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, 50(3): 537-548.
- [34] Shukla M, Lal R, Ebinger M. Determining soil quality indicators by factor analysis [J]. *Soil and Tillage Research*, 2006, 87(2): 194-204.
- [35] Kuzyakov Y, Gunina A, Zamanian K, et al. New approaches for evaluation of soil health, sensitivity and resistance to degradation [J]. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2020, 7(3): 282-288.
- [36] Lal R, Negassa W, Lorenz K. Carbon sequestration in soil [J]. *Current Opinion in Environmental Sustainability*, 2015, 15: 79-86.
- [37] Amelung W, Bossio D, de Vries W, et al. Towards a global-scale soil climate mitigation strategy [J]. *Nature Communications*, 2020, 11(1): e5427.
- [38] Pan G X, Smith P, Pan W N. The role of soil organic matter in maintaining the productivity and yield stability of cereals in China [J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2009, 129(1): 344-348.
- [39] Lal R, Griffin W M, Apt J, et al. Managing soil carbon [J]. *Science*, 2004, 304(5669): 393.
- [40] Hazarika S, Thakuria D, Ganeshamurthy A N, et al. Soil quality as influenced by land use history of orchards in humid subtropics [J]. *Catena*, 2014, 123: 37-44.
- [41] Tosi M, Chludil H D, Correa O S, et al. Long-term legacy of land-use change in soils from a subtropical rainforest: Relating microbiological and physicochemical parameters [J]. *European Journal of Soil Science*, 2021, 72(2): 1054-1069.
- [42] Willy D K, Muyanga M, Mbuvi J, et al. The effect of land use change on soil fertility parameters in densely populated areas of Kenya [J]. *Geoderma*, 2019, 343: 254-262.
- [43] Wei L, Ge T, Zhu Z, et al. Comparing carbon and nitrogen stocks in paddy and upland soils: Accumulation, stabilization mechanisms, and environmental drivers [J]. *Geoderma*, 2021, 398: e115121.
- [44] Song G H, Li L Q, Pan G X, et al. Topsoil organic carbon storage of China and its loss by cultivation [J]. *Biogeochemistry*, 2005, 74(1): 47-62.
- [45] Chen X B, Hu Y J, Xia Y H, et al. Contrasting pathways of carbon sequestration in paddy and upland soils [J]. *Global Change Biology*, 2021, 27(11): 2478-2490.
- [46] Wang X T, Chen R R, Jing Z W, et al. Root derived carbon transport extends the rhizosphere of rice compared to wheat [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 122: 211-219.
- [47] Kögel-Knabner I, Amelung W, Cao Z, et al. Biogeochemistry of paddy soils [J]. *Geoderma*, 2010, 157(1/2): 1-14.
- [48] Pan G X, Li L Q, Wu L S, et al. Storage and sequestration potential of topsoil organic carbon in China's paddy soils [J]. *Global Change Biology*, 2003, 10(1): 79-92.
- [49] Wei L, Ge T, Zhu Z K, et al. Paddy soils have a much higher microbial biomass content than upland soils: A review of the origin, mechanisms, and drivers [J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2022, 326: e107798.
- [50] Blanco-Canqui H, Lal R. Mechanisms of carbon sequestration in soil aggregates [J]. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 2004, 23(6): 481-504.
- [51] Six J, Elliott E T, Paustian K. Soil macroaggregate turnover and microaggregate formation: A mechanism for C sequestration under no-tillage agriculture [J]. *Soil*

- Biology and Biochemistry, 2000, 32(14): 2099-2103.
- [52] Six J, Paustian K. Aggregate-associated soil organic matter as an ecosystem property and a measurement tool[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 68: A4-A9.
- [53] Regelink I C, Stoof C R, Rousseva S, et al. Linkages between aggregate formation, porosity and soil chemical properties[J]. Geoderma, 2015, 247/248: 24-37.
- [54] Caldwell B A. Enzyme activities as a component of soil biodiversity: A review[J]. Pedobiologia, 2005, 49(6): 637-644.
- [55] Bandick A K, Dick R P. Field management effects on soil enzyme activities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1999, 31(11): 1471-1479.
- [56] Lagomarsino A, Benedetti A, Marinari S, et al. Soil organic C variability and microbial functions in a Mediterranean agro-forest ecosystem[J]. Biology and Fertility of Soils, 2011, 47(3): 283-291.
- [57] Waldrop M P, Balser T C, Firestone M K. Linking microbial community composition to function in a tropical soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2000, 32(13): 1837-1846.
- [58] Sinsabaugh R L. Phenol oxidase, peroxidase and organic matter dynamics of soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(3): 391-404.
- [59] Zhang Q, Feng J, Wu J J, et al. Variations in carbon-decomposition enzyme activities respond differently to land use change in central China[J]. Land Degradation and Development, 2019, 30(4): 459-469.
- [60] Tian L, Shi W. Soil peroxidase regulates organic matter decomposition through improving the accessibility of reducing sugars and amino acids[J]. Biology and Fertility of Soils, 2014, 50(5): 785-794.
- [61] Olander L P, Vitousek P M. Regulation of soil phosphatase and chitinase activity by N and P availability[J]. Biogeochemistry, 2000, 49(2): 175-190.
- [62] Maharjan M, Sanaullah M, Razavi B S, et al. Effect of land use and management practices on microbial biomass and enzyme activities in subtropical top-and sub-soils[J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2017, 113: 22-28.
- [63] Lin Z W, Li Y F, Tang C X, et al. Converting natural evergreen broadleaf forests to intensively managed moso bamboo plantations affects the pool size and stability of soil organic carbon and enzyme activities[J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, 54(4): 467-480.
- [64] Trasar-Cepeda C, Leirós M C, Gil-Sotres F. Hydrolytic enzyme activities in agricultural and forest soils. Some implications for their use as indicators of soil quality[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(9): 2146-2155.
- [65] de Vries F T, Manning P, Tallon J, et al. Abiotic drivers and plant traits explain landscape-scale patterns in soil microbial communities[J]. Ecology Letters, 2012, 15(11): 1230-1239.
- [66] Drenovsky R E, Steenwerth K L, Jackson L E, et al. Land use and climatic factors structure regional patterns in soil microbial communities[J]. Global Ecology and Biogeography, 2010, 19(1): 27-39.
- [67] Jangid K, Williams M A, Franzluebbers A J, et al. Relative impacts of land-use, management intensity and fertilization upon soil microbial community structure in agricultural systems[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(11): 2843-2853.
- [68] Moscatelli M C, Di T A, Marinari S, et al. Microbial indicators related to soil carbon in Mediterranean land use systems[J]. Soil and Tillage Research, 2007, 97(1): 51-59.
- [69] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(3): 453-461.
- [70] Steenwerth K L, Jackson L E, Calderón F J, et al. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(3): 489-500.
- [71] Peacock A D, Mullen M D, Ringelberg D B, et al. Soil microbial community responses to dairy manure or ammonium nitrate applications[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(7/8): 1011-1019.
- [72] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, et al. Structure and function of the global topsoil microbiome[J]. Nature, 2018, 560(7717): 233-237.
- [73] Bastida F, Zsolnay A, Hernández T, et al. Past, present and future of soil quality indices: A biological perspective[J]. Geoderma, 2008, 147(3): 159-171.
- [74] 李鑫, 张文菊, 邹磊, 等. 土壤质量评价指标体系的构建及评价方法[J]. 中国农业科学, 2021, 54(14): 3043-3056.
- [75] Doran J W, Parkin T B. Quantitative indicators of soil quality: A minimum data set[J]. Soil Science Society of America, 1996, 2: 25-37.
- [76] Bünemann E K, Bongiorno G, Bai Z, et al. Soil quality: A critical review[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 120: 105-125.
- [77] 李焯桢, 骆永明, 侯德义. 土壤健康评估指标、框架及程序研究进展[J]. 土壤学报, 2022, 59(3): 617-625.
- [78] 张江周, 李奕赞, 李颖, 等. 土壤健康指标体系与评价方法研究进展[J]. 土壤学报, 2022, 59(3): 603-616.
- [79] 张旭辉, 潘根兴. 稻田与稻作农业对碳中和的启示[J]. 科学, 2021, 73(6): 18-21.