

甘肃省徽县不同退耕还林模式下 土壤纤毛虫群落特征

宁应之^{1*} 万贯红¹ 杨元罡² 武维宁³ 周小燕¹ 王一峰¹ 刘娜¹ 程晓¹
陈凌云¹

(¹西北师范大学生命科学学院, 兰州 730070; ²中国科学院西北高原生物研究所, 西宁 810008; ³甘肃农业大学资源与环境学院, 甘肃省干旱生境作物学重点实验室, 兰州 730070)

摘要 为了解土壤纤毛虫群落对退耕还林生态恢复的响应且将其作为评价生态恢复效果的重要参数, 采用“非淹没培养皿法”、活体观察法和培养直接计数法对甘肃省陇南市徽县退耕还林区 3 个不同退还林型样点和 1 个撂荒地(对照)样点的土壤纤毛虫群落特征、植被群落特征和土壤理化指标进行了研究。结果显示: 共鉴定土壤纤毛虫 127 种, 隶属于 9 纲 18 目 28 科 47 属, 恢复样点的土壤纤毛虫物种数、密度和物种多样性指数均显著高于对照样点; 优势类群由对照样点的肾形目(Colpodida)演替为恢复样点的散毛目(Sporadotrichida), 即随着退耕还林工程的进行, 纤毛虫群落趋于复杂化。相关性分析显示, 土壤纤毛虫群落与地上植被关系密切, 且含水量、有机质、全氮和电导率为影响土壤纤毛虫群落组成的主导因子。该结果表明, 退耕还林后, 植被逐渐恢复, 土壤理化因子发生变化, 土壤纤毛虫群落对生态环境的恢复做出了积极的响应, 因此土壤纤毛虫群落特征参数可以作为评价退耕还林效果的重要指标。

关键词 植被恢复模式; 纤毛虫群落; 理化因子; 相关性分析

Community characteristics of soil ciliates in different modes of returning cropland to forest in Hui County, Gansu. NING Ying-zhi^{1*}, WAN Guan-hong¹, YANG Yuan-gang², WU Wei-ning³, ZHOU Xiao-yan¹, WANG Yi-feng¹, LIU Na¹, CHENG Xiao¹, CHEN Ling-yun¹ (¹College of Life Sciences, Northwest Normal University, Lanzhou 730070, China; ²Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, China; ³College of Resources and Environmental Sciences, Gansu Provincial Key Laboratory of Arid Land Crop Science, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China).

Abstract: The responses of soil ciliate communities to the returning of cropland to forest were investigated to examine whether ciliates can be used to evaluate the effects of ecological restoration. Four sampling sites were selected, with three different returned forest types and an abandoned land as control in Hui County of Longnan City, Gansu Province, China. At each site, the community characteristics of soil ciliates and vegetation, along with physical and chemical parameters of the soil, were analyzed. Ciliates were isolated from the soil using non-flooded Petri dish method and in vivo observation. Enumeration was carried out using direct-culture counting method. A total of 127 soil ciliate species belonging to 9 classes, 18 orders, 28 families, and 47 genera were identified. The species richness, density, and species diversity index of soil ciliates in the ecologically restored sites were significantly higher than those of the control site. The dominant group changed from Colpodida in control site to Sporadotrichida in ecologically restored sites, indicating that soil ciliate communities tended to complicate with the progress of the returning cropland to

国家自然科学基金项目(41761056, 41361055)资助。

收稿日期: 2018-08-15 接受日期: 2019-02-25

* 通讯作者 E-mail: skyb514@qq.com

forest project. Soil ciliate community characteristics were closely related to vegetation type. Soil water content, organic matter content, total nitrogen content, and electrical conductivity were the dominant factors affecting soil ciliate community composition. After returning cropland to forest, the vegetation gradually recovered, soil physical-chemical factors changed, and soil ciliate communities showed positive response to the restoration of ecological environment. These findings suggest that ciliate community composition can be used as an indicator for the successful restoration of cropland to forest.

Key words: vegetation restoration mode; ciliate community; physicochemical factor; correlation analysis.

随着经济迅速发展,一些不合理的开发导致生态环境遭到肆意破坏,人类赖以生存的自然环境受到威胁。为了保护或恢复生态环境,退耕还林生态恢复工程应运而生(李敏等,2016)。退耕还林主要是将水土流失严重、沙化、盐渍化和荒漠化的耕地以因地制宜的原则退还为植被,通过植被的恢复使得生态环境逐渐改善的一项重大生态恢复项目(李世东,2002)。随着退耕还林项目的实施,生态状况已经得到了有效的改善,与之相关的科学研究工作也逐渐增多,主要集中于退耕还林与土壤性质(林虹等,2018)、植物恢复途径(王得祥,2001)、微生物群落(陈孟立等,2018)和小型土壤动物群落(刘雨迪等,2015)之间的关系分析研究上。

土壤纤毛虫是指生活在土壤孔隙水中、土壤颗粒及覆盖在土壤表面的凋落物水膜中的纤毛虫原生动动物,是土壤原生动动物三大类群之一;由于其种类繁多、形态多样性、个体微小、细胞膜纤薄等,能对外界环境变化做出迅速应激动作(宋雪英等,2004);其对环境的指示作用可以实现全球性的应用,所以土壤纤毛虫被作为一种良好的生物监测工具。目前,有关土壤纤毛虫的研究主要集中于形态学与细胞发生学(Li et al., 2018)、分子进化与系统发育学(Du et al., 2018)、群落特征(张灿等,2017)、与土壤微生物之间关系(孙焱鑫等,2003)和重金属毒理效应(Campbell et al., 1997; 邹涛,2008)等方面,而有关土壤纤毛虫对退耕还林生态恢复的响应机制的研究却为之匮乏,目前仅见宁应之等(2011, 2016, 2017, 2018)的相关研究工作。

本研究以甘肃陇南市徽县退耕还林区为样区,选取3个不同林型的退还样点,以及1个撂荒地样点,研究各样点的土壤纤毛虫群落特征、植被群落特征和土壤理化因子状况,并重点对不同恢复林型样点与对照样点间土壤纤毛虫群落特征参数的差异进行比较,同时探讨土壤纤毛虫群落组成参数与植被

群落特征、各土壤理化因子间的相关性,旨在利用土壤纤毛虫在群落水平上的变化对该退耕还林区生态恢复效果进行合理评价。

1 研究样区与研究方法

1.1 研究区概况

陇南市徽县位于甘肃省东南部,地处秦岭南麓,嘉陵江上游的徽成盆地,地理坐标为 $105^{\circ}20' E-106^{\circ}25' E, 33^{\circ}20' N-34^{\circ}31' N$,平均海拔1492 m。该地区南北方向为大量山地,气候属典型的暖温带气候,有明显的四季之分,年平均降水量610.8 mm,年平均气温 $12.4^{\circ} C$,土壤类型主要以棕壤和红壤为主(马正学等,2009)。样区草本植被类型主要以菊科(Asteraceae)、蔷薇科(Rosaceae)和豆科(Fabaceae)为主,多分布野豌豆(*Vicia sepium*)、野大豆(*Glycine soja*)、千里光(*Senecio scandens*)和东方草莓(*Fragaria orientalis*)等(图1)。

1.2 样点设置及采样

在徽县境内共设置了3个退耕还林样点和1个对照样点,退耕还林样点分别为退耕10年的华北落叶松单一林(A)、退耕7年的华北落叶松单一林(B)和退耕7年的华北落叶松×核桃混交林(C),对

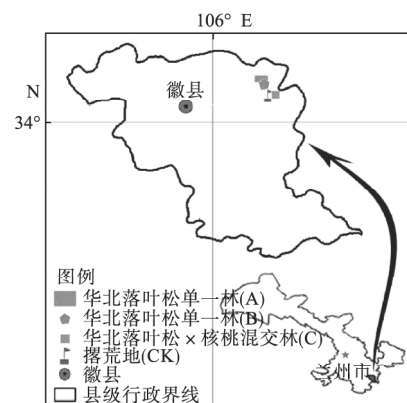


图1 研究区地理位置

Fig.1 Location of study area

照样点(CK)为废弃耕地形成的撂荒地(图1)。

各样点设置5组面积为 25 m^2 ($5\text{ m}\times 5\text{ m}$)的平行样方,每个小样方运用梅花五点取样法采集土样,采集土样时需要拣去表层的枯枝落叶凋落物,用15 mL圆筒形土壤采集器采集0~5 cm土壤层的土样,将实验所需土样混匀装袋并做标记,4个样点共计20份。采样时测定地理坐标、海拔和土壤温度,调查统计样地植被类型和土壤质地。采集完成后,装袋密封带回实验室以备后续研究使用(马正学等,2008)。取部分新鲜土样用于测定土壤含水量和pH,剩余土样用透气草纸覆盖自然风干备用,自然风干过程中要防止土样被污染(宁应之等,2016)。

1.3 植被调查方法

夏季采样时,在每个样点设置5组平行,并设置两种尺度的样方:一级样方为 $5\text{ m}\times 5\text{ m}$,在一级样方内设置二级样方($1\text{ m}\times 1\text{ m}$),分别用于调查木本植被及草本植被的类型、数量及盖度,并依照这些指标计算出植物群落特征参数。

1.4 土壤纤毛虫培养与鉴定

采用“非淹没培养皿法”培养土样,即在直径为15 cm的培养皿中加入50 g风干实验用土,再加土壤浸出液至土壤恰好充分湿润但不被淹没(Foissner,1992),放置于 $25\text{ }^\circ\text{C}$ 的光照恒温培养箱中培养24 h后镜检,并结合Wilbert蛋白银染色法(Wilbert,1975)观察记录。采用活体观察进行定性研究,分类鉴定参考资料有Berger(1999,2011)、Foissner(1993)、Foissner等(2002)、沈韞芬等(1990)、宁应之等(1998)等,最后依据Lynn(2008)分类系统完成分类整理。

采用“培养直接计数法”(宁应之等,2017,2018)进行定量研究,即称取实验用土30 g,放置在直径为10 cm的培养皿中,按照比例1:1加入土壤浸出液30 mL,使土样处于半淹没半干旱状态, $25\text{ }^\circ\text{C}$ 恒温培养。在最大计数日(第7~11天),选取其中3天(第7,9,11天)分别对各样地培养的样品同时进行定量统计,倾斜静置培养皿 45° 约3~5 min,于量筒中吸取全部土壤悬浮液并计量,分别取5滴混匀液体在显微镜下观察土壤纤毛虫并计数,得出1 mL(1 mL约22滴)悬浮液中土壤纤毛虫数量,最后经过换算得出30 g土壤中的纤毛虫总数。

1.5 数据处理

统计各样点的土壤纤毛虫各级分类单元并进行类群划分,在目级(order)水平上,将物种数占土壤

纤毛虫总物种数比例最大者定义为优势类群,次大者定义为次优势类群(宁应之等,1998)。对各样点的理化因子和土壤纤毛虫物种数据采用单因素方差分析(one-way ANOVA);对平均数采用LSD进行多重比较分析;对环境因子与土壤纤毛虫物种数据采用冗余分析(RDA)及Pearson相关性分析;对植被群落参数与土壤纤毛虫物种数据采用聚类分析(Cluster)及多维尺度分析(MDS)。应用SPSS 23.0软件进行所有数据处理;应用Canoco 5.0进行RDA分析;应用Primer 6.0进行Cluster和MDS分析;应用Arcview gis 10.2及GPS获得的经纬度绘制采样区地图;应用Origin 8.0绘制柱状图和折线图。

C/P 系数=肾形纲纤毛虫种类数/多膜纲纤毛虫种类数

多样性指数(H):

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \ln P_i$$

优势度指数(C):

$$C = \sum P_i^2$$

均匀度指数(E):

$$E = \frac{H}{\ln S}$$

丰富度指数(D):

$$D = \frac{S-1}{\ln N}$$

式中, S 为所有类群数; N 为群落中所有类群的个体总数; P_i 为每个样点中第 i 个类群土壤纤毛虫的个体密度占该样点土壤纤毛虫总数的比例(Shannon *et al.*,1949; Simpson,1949; Pielou,1966; 宁应之等,1998)。

2 结果与分析

2.1 植被群落特征

本研究采用Engler(1964)分类系统对研究区内植被进行统计。共鉴定到植被107种,木本植被共19种,占物种总数的17.76%,隶属于2门3纲10目14科18属,其中灌木11种,共32株,乔木8种,共249株;草本植被共88种,占物种总数的82.24%,隶属于2门3纲27目35科75属。就物种分布情况而言,菊科(Asteraceae)植物为研究区优势类群,3个退还样点的植被组成和分布均存在差异。混交林(C)植被分布最丰富,共68种,占物种总数的63.55%,千里光(*Senecio scandens*)和野豌豆(*Vicia*

表 1 各样点植被群落参数

Table 1 Parameters of plant community in sampling sites

群落	盖度	密度 ($\text{ing} \cdot \text{g}^{-1}$)	物种数	均匀度 指数	优势度 指数	物种多样 性指数
A	0.80	300.2	65	0.70	0.55	2.92
B	0.75	248.4	65	0.53	0.62	2.19
C	0.85	366.8	73	0.79	0.43	3.09

sepium) 为其优势种; 单一林 A 样点和 B 样点较贫乏, 都鉴定到植被 65 种, 均占物种总数的 60.75%, 其中 A 样点的优势种为东方草莓 (*Fragaria orientalis*) 和过路黄 (*Lysimachia christinae*), B 样点的优势种为东方草莓和银莲花 (*Anemone cathayensis*)。

如表 1 所示, 3 个退还样点的植被盖度、密度、均匀度指数和物种多样性指数均表现为混交林 C 样点 > 单一林 A 样点 > 单一林 B 样点, 而优势度指数与之相反。由此可见, 3 个退还样点中, 混交林的植被群落结构最为稳定, 种类也最为丰富, 退还效果最佳, 其次是单一林 A 样点, 而单一林 B 样点的植被恢复情况较差。

2.2 土壤理化因子

如表 2 所示, 各样点间的土壤含水量、孔隙度和有机质含量差异显著 ($P < 0.05$), 在 4 个季节中均表现为退还样点 A、B 和 C 明显高于对照样点 CK。在

表 2 各样点土壤理化因子

Table 2 Physicochemical factors in sampling sites

样地	季节	含水量 (%)	温度 ($^{\circ}\text{C}$)	孔隙度 (%)	pH	电导率 ($\mu\text{S} \cdot \text{cm}^{-1}$)	有机质 (%)	全钾 (%)	全磷 (%)	全氮 (%)	速效钾 ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	速效磷 ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	速效氮 ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)
A	春	18.49±1.17 a	10.20±0.41 b	47.30±2.23 a	6.99±0.09 a	124.20±5.02 a	3.52±0.17 a	2.33±0.05 b	0.07±0.01 b	0.20±0.01 a	84.26±9.71 ab	9.12±0.64 ab	21.33±2.31 b
B		18.27±0.71 a	13.00±1.14 a	41.73±1.67 b	6.88±0.06 a	123.89±3.53 a	3.16±0.06 b	2.48±0.06 a	0.09±0.01 a	0.20±0.01 a	90.62±26.28 ab	24.71±4.15 a	27.38±1.25 a
C		19.49±1.03 a	13.80±0.73 a	46.92±1.57 a	7.08±0.02 a	134.18±10.86 a	3.78±0.10 a	2.31±0.01 b	0.06±0.00 b	0.21±0.01 a	140.69±6.91 a	18.27±4.37 a	17.27±1.12 b
CK		18.15±0.64 a	13.10±0.71 a	40.23±1.22 b	6.95±0.28 a	122.92±11.15 a	2.14±0.14 c	2.28±0.04 b	0.06±0.00 b	0.19±0.01 a	120.19±4.99 a	17.70±4.48 a	19.10±2.09 b
A	夏	18.62±0.82 a	23.60±0.75 c	51.67±3.50 a	6.75±0.15 a	130.46±4.56 ab	4.16±0.17 b	2.46±0.09 a	0.09±0.01 a	0.20±0.01 a	75.03±3.59 b	13.79±0.82 b	12.38±0.82 b
B		18.52±1.18 a	25.20±0.34 b	57.74±3.96 a	6.77±0.10 a	125.59±4.39 b	3.82±0.21 b	2.69±0.10 a	0.10±0.00 a	0.20±0.01 a	69.02±15.99 b	27.28±7.20 a	17.98±3.02 b
C		20.45±1.31 a	22.00±0.35 d	57.17±2.19 a	6.79±0.05 a	144.40±1.93 a	5.05±0.22 a	2.34±0.04 ab	0.07±0.00 b	0.22±0.03 a	173.31±14.55 a	28.21±3.60 a	18.85±2.85 b
CK		18.32±0.42 a	27.00±0.57 a	45.46±1.93 b	6.92±0.20 a	125.26±9.65 b	2.63±0.44 c	2.39±0.09 ab	0.06±0.00 b	0.19±0.00 a	89.91±2.21 b	14.47±0.90 b	29.25±2.28 a
A	秋	23.05±2.07 a	19.10±0.87 b	52.00±2.41 a	6.89±0.07 a	141.95±2.01 ab	6.80±0.08 b	2.17±0.03 a	0.08±0.01 b	0.21±0.01 a	48.89±2.22 bc	8.25±0.77 b	18.96±2.66 ab
B		21.38±0.88 a	20.00±0.71 b	57.78±2.83 a	6.90±0.11 a	134.27±8.54 b	5.31±0.06 c	2.29±0.09 a	0.10±0.00 a	0.21±0.01 a	66.84±10.87 b	28.06±4.45 a	23.88±2.36 a
C		23.15±4.12 a	17.40±0.43 bc	57.53±4.78 a	6.80±0.10 a	162.90±3.85 a	7.80±0.19 a	1.98±0.04 b	0.07±0.00 b	0.23±0.03 a	149.87±4.66 a	18.90±3.88 a	27.57±1.92 a
CK		20.51±2.36 a	23.30±0.25 a	46.31±1.28 b	6.96±0.10 a	130.78±11.00 b	2.76±0.12 d	2.10±0.01 ab	0.06±0.00 b	0.19±0.01 a	72.73±3.56 b	15.49±2.04 b	12.27±1.20 c
A	冬	16.81±0.54 a	6.70±0.20 a	53.68±2.71 a	6.80±0.09 a	123.90±5.07 a	3.28±0.10 a	2.70±0.05 a	0.08±0.01 b	0.20±0.01 a	60.53±1.48 b	10.30±1.06 ab	20.77±4.32 a
B		16.38±0.40 a	7.50±0.16 a	56.96±1.62 a	6.95±0.09 a	123.42±4.04 a	3.11±0.09 a	2.75±0.09 a	0.10±0.01 a	0.20±0.01 a	85.40±19.42 b	36.00±9.27 a	19.52±0.55 a
C		17.21±0.46 a	6.40±0.19 b	55.18±0.62 a	6.79±0.11 a	133.76±8.54 a	3.73±0.41 a	2.40±0.05 ab	0.07±0.00 b	0.22±0.01 a	165.90±17.21 a	24.65±5.61 a	11.06±0.94 b
CK		15.07±0.25 b	6.70±0.12 b	50.90±2.56 a	6.97±0.10 a	120.69±6.62 a	2.06±0.20 b	2.57±0.04 a	0.06±0.00 b	0.19±0.01 ab	135.16±12.08 a	20.21±4.76 a	11.60±0.94 b
A	平均	19.24±0.83 ab	14.90±0.41 c	51.16±1.71 ab	6.86±0.04 a	130.13±2.70 b	4.44±0.09 b	2.42±0.03 b	0.08±0.01 b	0.21±0.01 a	67.18±1.93 c	10.37±0.30 b	18.36±1.82 a
B		18.64±0.31 ab	16.43±0.38 b	53.55±1.30 ab	6.87±0.05 a	126.79±2.85 b	3.85±0.07 c	2.55±0.08 a	0.10±0.00 a	0.20±0.01 a	77.97±16.64 bc	29.01±5.89 a	22.19±1.58 a
C		20.07±0.95 a	14.90±0.29 c	54.20±1.41 ab	6.86±0.06 a	143.81±4.16 a	5.09±0.13 a	2.26±0.01 c	0.07±0.00 bc	0.22±0.02 a	157.44±7.56 a	22.51±4.04 ab	18.69±0.59 a
CK		18.01±0.43 b	17.53±0.12 a	45.73±1.36 b	6.95±0.09 a	124.91±5.44 b	2.40±0.11 d	2.33±0.03 bc	0.06±0.00 c	0.19±0.00 a	104.50±4.20 b	16.97±2.35 b	18.05±1.48 a

表中所列数据为平均值±标准误 (SE), 每一列各季节中不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著, 相同小写字母表示在 0.05 水平上差异不显著 ($n=5$)。

退还样点中, 上述 3 个土壤理化因子根据林型的不同也存在较大差异, 表现为 C 样点含量最高, A 样点次之, B 样点含量最低, 这与各样点的植被恢复情况相一致。可见, 含水量、孔隙度和有机质是对退耕还林生态恢复产生响应的主要因子。各样点间的电导率和全氮含量无显著性差异 ($P > 0.05$), 但存在着一定的趋势, 即 C 样点略高于 A 样点与 B 样点。各样点剩余理化因子差异不显著 ($P > 0.05$), 也无明显变化趋势, 其中土壤 pH 普遍处于 6.7~7.0, 说明研究区土壤偏弱酸性至中性。

2.3 土壤纤毛虫群落特征参数

2.3.1 土壤纤毛虫群落组成 如表 3 和图 2 所示, 本研究共鉴定出土壤纤毛虫 127 种, 隶属于 9 纲、18 目、28 科、47 属。总体而言, 散毛目为优势类群, 共 78 种, 占物种总数的 61.14%; 刺钩目为次优势类群, 共 36 种, 占物种总数的 28.35%。随着退耕还林的实施, 退还样点和对照样点的土壤纤毛虫群落组成、物种数差异显著, 退还样点的群落组成更为复杂, 物种数更多, 在目、科和属级水平上数目明显增加。随着退还年限的增加和林型的复杂化, 3 个退还样点间的土壤纤毛虫群落组成也存在差异, 其中 C 样点的群落组成最为复杂, 物种数最多, A 样点次

表 3 各样点土壤纤毛虫群落组成
Table 3 Community composition of soil ciliates in sampling sites

样点	纲	目	科	属	种	优势类群和次优势类群
A	8	14	20	31	60	散毛目(Sporadotrichida) 21种; 刺钩目(Haptorida) 11种
B	8	13	19	30	56	散毛目(Sporadotrichida) 22种; 刺钩目(Haptorida) 9种
C	8	14	20	35	75	散毛目(Sporadotrichida) 25种; 刺钩目(Haptorida) 16种
CK	8	13	22	29	57	肾形目(Colpodida) 12种; 散毛目(Sporadotrichida) 10种

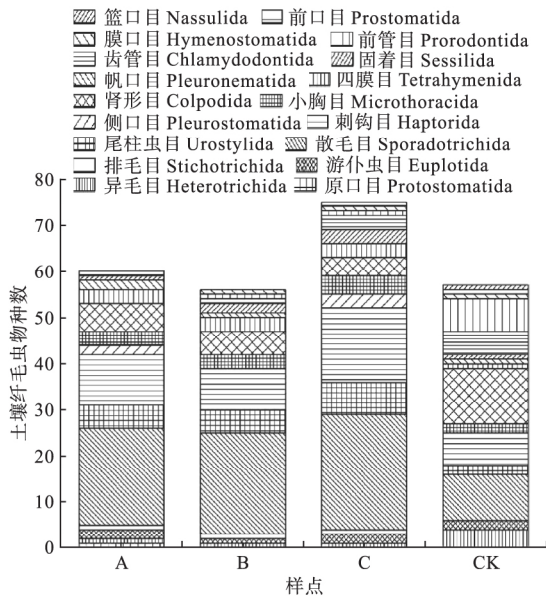


图 2 各样点土壤纤毛虫群落组成
Fig.2 Community composition of soil ciliates in sampling sites

之, B 样点较简单。

各样点土壤纤毛虫群落的优势类群和次优势类群发生了明显演替, 其中优势类群由 CK 样点的肾形目(Colpodida) 逐渐变为退还样点的散毛目(Sporadotrichida), 可见随着退还工程的进行, 地上植被逐渐恢复, 土壤养分增加, 土壤环境变得优良, 与之相关的土壤微生物群落发生了积极的变化, 纤毛虫发生了由低等向高等、由简单到复杂的演替。

2.3.2 土壤纤毛虫物种分布 127 种土壤纤毛虫在各个样点中的物种分布情况为: C 样点分布有 75 种, 占物种总数的 59.06%; A 样点次之, 分布有 60 种, 占物种总数的 47.24%; B 样点和 CK 样点分别分布有 56、57 种, 占物种总数的 44.09%、44.88%。可见, C 样点物种最为丰富, A 样点次之, B 样点和 CK 样点物种分布相对较少, 其中 CK 样点物种数略高于 B 样点的原因因为 CK 样点中有大量 r-型肾形类纤

毛虫。

应用 Primer 6.0 对 3 个退耕还林样点和 1 个对照样点各季节的土壤纤毛虫物种分布情况进行 Cluster 及 MDS 分析, 如图 3 所示, 在 Cluster 分析中单一林 A 样点和 B 样点最先聚为一类, 随后再与混交林 C 样点聚为一类, 对照样点 CK 单独为一支在距离最远处与 3 个退耕还林样点聚一起。MDS 分析与 Cluster 分析显示结果一致, 3 个退耕还林样点距离较近, 而 CK 样点被单独分离开。表明, 在各季节间退耕还林 A 样点与 B 样点最为相似, 其次与 C 样点具有一定相似性, 它们与对照 CK 样点间出现了明显的差异。由此可见, 各样点间土壤纤毛虫物种分布能很好地反映出退耕还林后生态环境得到改善, 退还样点与对照样点间的生境形成了鲜明的差异。

2.3.3 广布种和罕见种 将每个样点中都出现的物种定义为广布种, 共 13 种, 以僧帽肾形虫(Colpoda cucullus)、叶绿尖毛虫(Oxytricha chlorelligera) 和近亲殖口虫(Gonostomum affine) 等为主, 能够在多种生境中生存, 生态位较广, 占土壤纤毛虫物种总数的 10.24%。将仅在一个样点中出现的物种定义为罕见种, 退耕还林样点共有罕见种 24 种, 占土壤纤

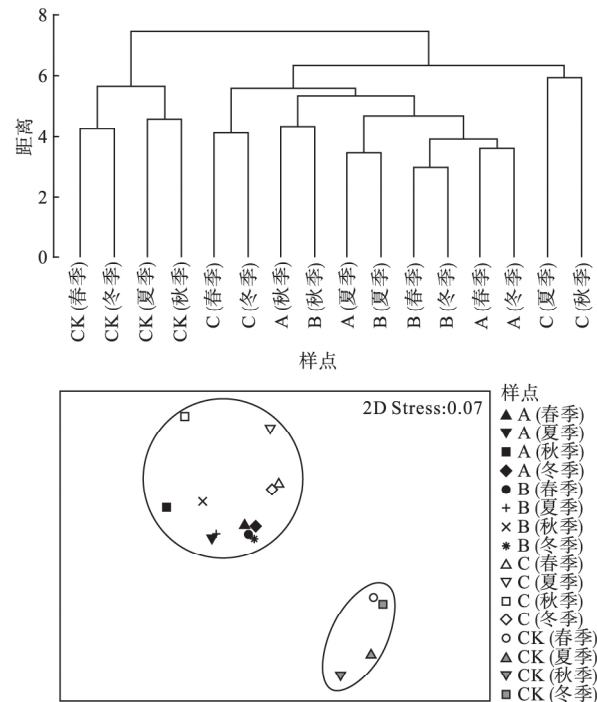


图 3 各采样点土壤纤毛虫物种分布的 Cluster 和 MDS 分析
Fig.3 Cluster and MDS analysis on species distribution of soil ciliates in sampling sites

毛虫物种总数的 18.90%; CK 样点有罕见种 36 种, 占土壤纤毛虫物种总数的 28.35%, 且 CK 样点的罕见种以肾形目 (Colpodida) 和前管目 (Prorodontida) 等低等土壤纤毛虫居多。可见, 随着恢复年限的延长和林型的复杂, 土壤纤毛虫群落由 CK 样点的 *r*-对策者的肾形目等逐渐向退耕还林样点的 *K*-对策者的散毛目、刺钩目等过度, 并且向着更加复杂和高等的方向演替。

2.3.4 土壤纤毛虫群落参数 从图 4 可以看出, 土壤纤毛虫物种数在 4 个季节中 CK 对照样点均最少, 分别为 29(春)、29(夏)、34(秋) 和 25(冬); C 样点物种数在 4 个季节中均最多, 分别为 37(春)、42(夏)、53(秋) 和 34(冬), 即: C>A>B>CK。土壤纤毛虫密度表现为 3 个退还样点在各季节均高于对照样点 CK, 且差异显著 ($P<0.05$)。其中 CK 样点密度最低, 分别为 21.12 ind·g⁻¹(春)、27.57 ind·g⁻¹

(夏)、32.26 ind·g⁻¹(秋) 和 24.64 ind·g⁻¹(冬); C 样点密度最高, 分别为 41.65 ind·g⁻¹(春)、42.24 ind·g⁻¹(夏)、55.73 ind·g⁻¹(秋) 和 36.96 ind·g⁻¹(冬)。土壤纤毛虫 C/P 系数在 4 个季节中 CK 对照样点(春: 0.7; 夏: 0.82; 秋: 0.82; 冬: 0.89) 均显著高于 3 个退还样点。可以看出, 在恢复年限的延长和林型的复杂双重影响下, 混交林 C 样点的土壤纤毛虫物种数和密度都最高, 对照样点撂荒地均最低, 土壤纤毛虫 C/P 系数在四个季节中 CK 样点均大于 0.7, 而 3 个退还样点均在 0.05~0.21 间波动。

由图 5 可以看出, 土壤纤毛虫多样性指数变化趋势与物种数一致, 随着退耕还林的实施, 多样性指数显著上升 ($P<0.05$)。其中, A 样点(春: 1.76; 夏: 1.94; 秋: 2.15; 冬: 1.72)、B 样点(春: 1.70; 夏: 1.88; 秋: 2.11; 冬: 1.58) 和 C 样点(春: 2.05; 夏: 2.14; 秋:

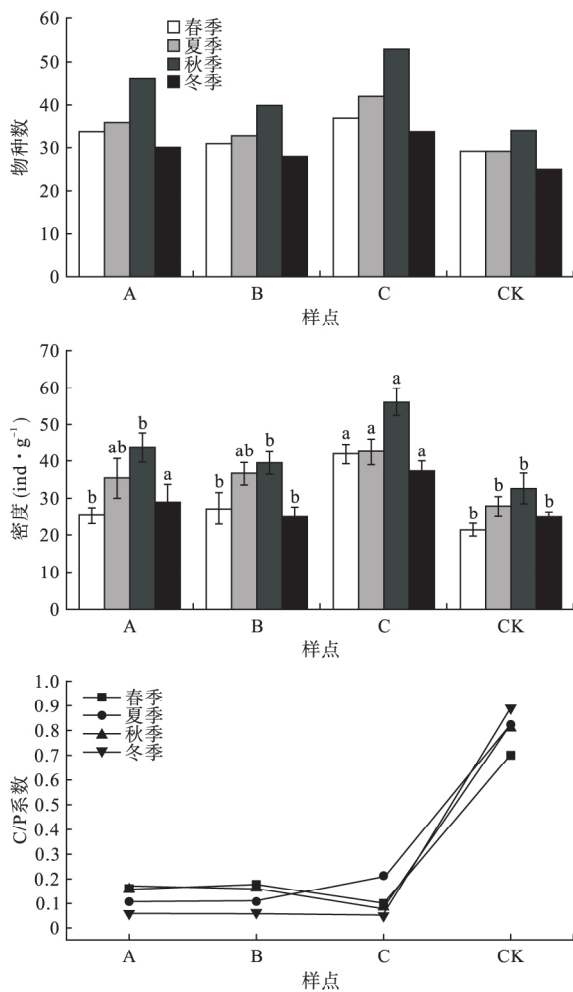


图 4 各样点土壤纤毛虫物种数、密度和 C/P 系数
Fig.4 Species number, density and C/P index of soil ciliates in sampling sites

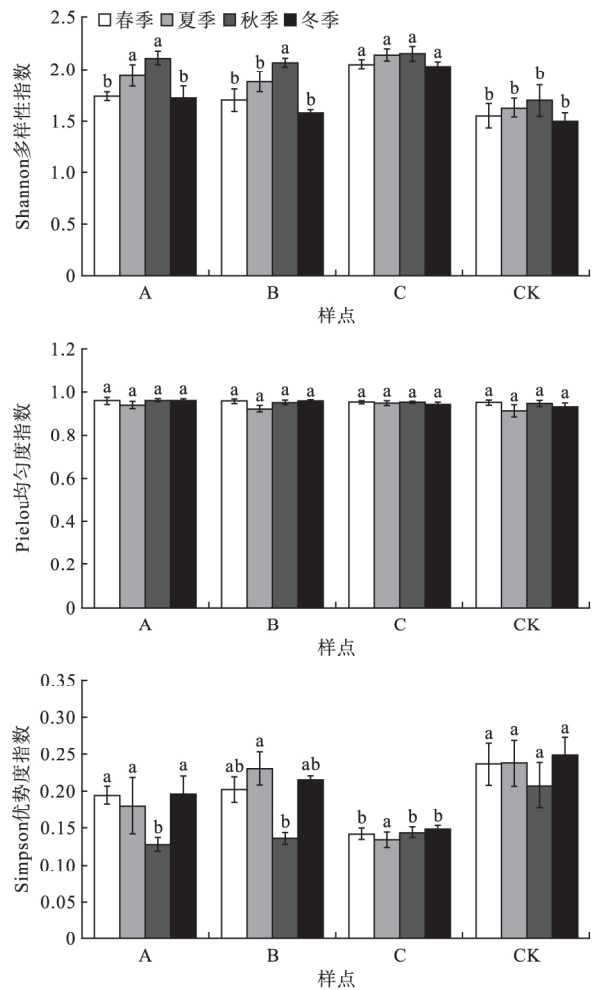


图 5 各样点土壤纤毛虫多样性指数、均匀度指数和优势度指数
Fig.5 Diversity index, Pielou index and dominance index of soil ciliates in sampling sites

2.17; 冬: 2.03) 多样性指数在 4 个季节中均显著高于 CK 样点(春: 1.55; 夏: 1.63; 秋: 1.70; 冬: 1.50), 且 CK 样点多样性指数最高。土壤纤毛虫均匀度指数在退还 A 样点(春: 0.96; 夏: 0.94; 秋: 0.95; 冬: 0.96)、B 样点(春: 0.95; 夏: 0.92; 秋: 0.95; 冬: 0.94) 和 C 样点(春: 0.97; 夏: 0.95; 秋: 0.96; 冬: 0.96) 与 CK 对照样点(春: 0.94; 夏: 0.91; 秋: 0.93; 冬: 0.93) 无显著差异($P > 0.05$)。各样点土壤纤毛虫优势度指数与其他参数变化趋势相反, 在 4 个季节中 CK 样点(春: 0.24; 夏: 0.24; 秋: 0.21; 冬: 0.25) 最高, C 样点(春: 0.14; 夏: 0.13; 秋: 0.14; 冬: 0.15) 最低, 除夏季外差异显著($P < 0.05$)。

总体而言, 随着退耕还林年限的延长和林型的复杂, 土壤纤毛虫物种数、密度、多样性指数和均匀度指数均明显上升, 退还样点在各季节均高于对照样点, 除均匀度指数外差异显著($P < 0.05$)。优势度指数和 C/P 系数在各季节的变化规律与其他参数相反, 且优势度指数差异显著($P < 0.05$)。说明退耕还林后地上植被开始恢复, 土壤环境改善, 土壤纤毛虫群落结构趋于复杂和稳定, 这与土壤理化因子变化结果相符。

2.4 土壤纤毛虫与土壤理化因子的关系

2.4.1 土壤纤毛虫与土壤理化因子的 Pearson 相关性分析

如表 4 所示, 对所有土壤纤毛虫群落特征参数和土壤理化因子进行 Pearson 相关性分析, 结果显示: 含水量、全氮、有机质及电导率与土壤纤毛虫物种数、密度和物种多样性指数呈极显著正相

关($P < 0.01$), 与优势度指数呈极显著负相关($P < 0.01$); 全钾与土壤纤毛虫物种数呈极显著负相关($P < 0.01$) 与密度和物种多样性指数呈显著负相关($P < 0.05$) 与优势度指数呈显著正相关($P < 0.05$); 孔隙度与土壤纤毛虫密度呈显著正相关($P < 0.05$); pH 与土壤纤毛虫物种数和密度呈显著负相关($P < 0.05$); 各土壤理化因子与土壤纤毛虫均匀度指数均无明显相关性($P > 0.05$)。由此可见, 含水量、全氮、有机质和电导率是影响土壤纤毛虫群落的关键土壤理化因子。

2.4.2 土壤纤毛虫与土壤理化因子的冗余分析

如表 5 所示, 应用 Canoco 5.0 对土壤纤毛虫群落特征参数与土壤理化因子进行冗余分析(RDA), 提取到两个有效排序轴, 特征值分别为 0.939 和 0.032, 排序轴 1 的贡献率为 93.9%, 排序轴 2 的贡献率为 3.2%, 累计贡献率高达 97.1%, 可知 2 个排序轴基本涵盖了所有参数信息, 因此 RDA 排序分析能较好地反映土壤纤毛虫群落与土壤理化因子之间的相关关系。第 1 排序轴与含水量、电导率、全氮和有机质呈正相关, 与 pH、全钾和速效磷呈负相关, 其中电导率占主导地位。第 2 排序轴主要与含水量和速效氮呈正相关, 与孔隙度、pH、全氮、全钾、速效钾和速效磷呈负相关, 且其中速效氮的影响最大, 含水量次之。

如图 6 所示, 以第 1 排序轴数值为横坐标, 第 2 排序轴数值为纵坐标, 将 5 个土壤纤毛虫群落特征参数与 12 个土壤理化因子指标做 RDA 二维排序图分析。结果显示, 含水量、有机质、电导率和全氮与

表 4 土壤纤毛虫群落组成参数与土壤理化因子的相关性分析(Pearson 相关性系数)

Table 4 Relationships between species and environmental factors using Pearson's correlation coefficients

理化因子	物种数	密度	物种多样性指数	优势度指数	均匀度指数
土温	0.436	0.42	0.364	-0.148	0.407
含水量	0.913**	0.790**	0.695**	-0.649**	0.262
土壤孔隙度	0.433	0.563*	0.463	-0.463	0.014
速效钾	0.162	0.274	0.275	-0.262	0.004
速效氮	0.236	0.085	0.063	-0.081	0.116
速效磷	-0.118	-0.021	0.029	-0.006	-0.007
全钾	-0.702**	-0.576*	-0.533*	0.521*	-0.22
全氮	0.792**	0.870**	0.856**	-0.803**	0.185
全磷	0.024	-0.008	0.108	-0.086	0.168
有机质	0.962**	0.900**	0.831**	-0.800**	0.294
pH	-0.575*	-0.596*	-0.472	0.346	-0.043
电导率	0.949**	0.934**	0.804**	-0.772**	0.258

** : 在 0.01 水平(双侧)上显著相关; * : 在 0.05 水平(双侧)上显著相关; - : 表示负相关。

表 5 环境变量与排序轴的相关系数

Table 5 Correlation coefficients between environmental factors with ordination axes of RDA

环境因子	第 1 排序轴	第 2 排序轴
含水量	0.8187	0.3715
土温	0.3717	0.3553
土壤孔隙度	0.5018	-0.2358
pH	-0.5467	-0.0129
电导率	0.9060	0.1354
全氮	0.8550	-0.1412
有机质	0.9018	0.2436
全钾	-0.6231	-0.3304
速效钾	0.2338	-0.3329
速效氮	0.0197	0.7085
速效磷	-0.0378	-0.2939
全磷	0.0373	0.0645
特征值	0.9390	0.0320
物种与环境因子的相关性	0.9930	0.9190
累计百分比	93.9	97.1

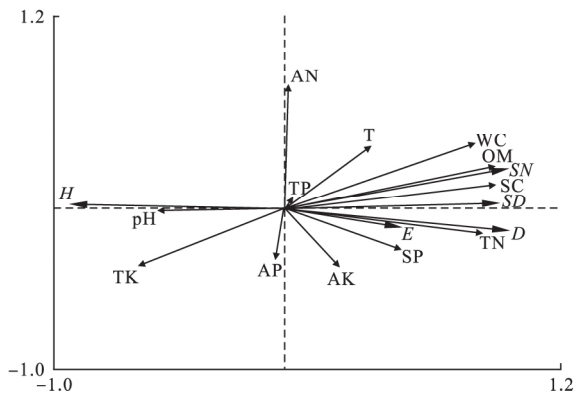


图 6 物种-理化因子相关 RDA 排序图
Fig.6 RDA analysis ordination showing relationships between species composition and physicochemical factors

T: 土温; WC: 含水量; OM: 有机质; SC: 电导率; SP: 土壤孔隙度; TK: 全钾; TN: 全氮; TP: 全磷; AP: 速效磷; AK: 速效钾; AN: 速效氮; E: 均匀度指数; SD: 多样性指数; H: 优势度指数; SN: 物种数; D: 物种密度。

土壤纤毛虫物种数、多样性指数及密度呈显著正相关,土温、均匀度指数和土壤孔隙度与其呈正相关,优势度指数、pH 和全钾与其呈负相关,其余理化因子对土壤纤毛虫群落特征参数影响较小。

2.5 土壤纤毛虫与植被参数的关系

如图 7 所示,对土壤纤毛虫群落特征参数和植被群落特征参数进行 Cluster 及 MDS 分析,结果显示,土壤纤毛虫密度和物种数与植被密度、植物多样性指数和均匀度指数密切相关,且植被密度与土壤

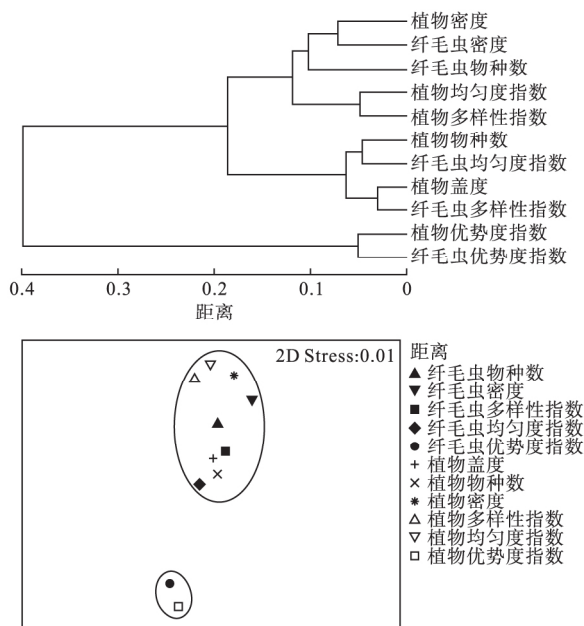


图 7 各样点土壤纤毛虫与植被群落的 Cluster 和 MDS 分析
Fig.7 Cluster and MDS analysis on soil ciliates and plant community in sampling sites

纤毛虫密度相关性最强,土壤纤毛虫均匀度指数和多样性指数与植被物种数和盖度密切相关,因此土壤纤毛虫群落结构与地上植被的生长状况有很大相关性。随着退耕还林工程的实施,地上植被得到恢复,土壤环境得到改善,从而使土壤纤毛虫群落产生相应的响应。

3 讨论

3.1 不同退还模式下退耕还林对植被群落的影响

植被在恢复和重建过程中,其群落特征参数和群落组成都会产生不同程度的响应,其中物种多样性指数是最重要的指标之一,能够体现出植被群落结构、组成、稳定性和所处环境的污染程度,反映群落与不同地理环境间的相互关系(章家恩等,2011)。本研究中,各退耕还林样点的植被物种数、密度、盖度、均匀度指数和物种多样性指数均表现为混交林(C)优于单一林(A、B),而优势度指数则与之相反。混交林的恢复效果最佳是由于其群落结构丰富又具有层次性,组成了交错多层面的水平及垂直配置(吴迪等,2017),多种植物间又可以相互作用(刘娇妹等,2007),林下凋落物现存量增多,使得土壤中的 C、N 贮量增多(黄宇等,2005)。混交林的优势度低于两个单一树种林,说明混交林物种分布较均匀。杨恩让等(2013)对宝鸡市红桦混交林与单一林的生长情况进行了调查研究,发现混交林的叶量和单位重量的叶绿素含量均显著高于单一林,这都与本研究结果一致。

3.2 不同退还模式下退耕还林对土壤理化因子的影响

随着退耕还林生态恢复工程的实施,各样点的植被得到恢复,土壤理化性质明显得以改善。本研究发现,退耕还林后各样点的理化指标均有所变化,其中含水量比对照样点提高了 7.27%,因为恢复样点植被郁闭度大,降雨截留性强,使土壤水分的蒸腾散失作用减小(田晓堃等,2010);土壤孔隙度比对照样点提高了 15.83%,可见恢复样点植被凋落物较多,根系发达,增加了土壤有机质含量,促进了土壤微生物的活动,从而改善了土壤孔性(华瑞,2016;王月玲等,2017);电导率比对照样点提高了 6.94%,因为含水量在 30% 以下时,含水量是影响电导率的主要因子(孙宇瑞,2000),本研究中含水量均在 15%~30%,故电导率与含水量变化趋势一致;土壤有机质和全氮比对照样点提高了 85.83%和 10.53%,

土壤有机质是由土壤表面枯枝落叶层的分解而积累,混交林的土壤腐殖物质量和土壤熟化度较高,土壤保肥能力强(陈娅苗,2017),而土壤全氮含量受到土壤有机质含量的相互作用,两者垂直变化规律相似(韦国富等,2009)。

3.3 不同退还模式下退耕还林对土壤纤毛虫群落的影响

土壤环境状况随着退耕还林生态的恢复逐渐改善,从而使土壤动物的群落组成、物种分布以及结构功能发生积极的响应,对环境敏感的土壤纤毛虫群落的响应则更为显著(宁应之等,2016)。本研究发 现,退耕还林后土壤纤毛虫物种数、密度、多样性指数和均匀度指数明显增大,而优势度指数和 C/P 系数明显降低,土壤纤毛虫群落结构趋于稳定,群落组成趋于复杂化,多样性明显提高。李涛等(2012)研究发现,退耕还林样地属于半自然生境,人为干扰因素较少,植被多样性较高,为中小型土壤动物提供了良好生境,与农田相比其物种数、密度和多样性指数显著增高,这与本研究结果相一致。在 4 个样点中,土壤纤毛虫物种数、密度和多样性指数均表现为 C 样点>A 样点>B 样点>CK 样点,因为混交林 C 样点的植被恢复最为完善,土壤纤毛虫的物种数和密度也最大,退还样点的 C/P 系数和优势度指数远远小于 CK 样点,根据土壤纤毛虫群落的差异可明显指示出 CK 样点土壤环境极其恶劣,不适合土壤纤毛虫等土壤动物的生存。李朝晖等(2014)研究发现,混交林与单一树种林相比其郁闭度较高,土壤有机质丰富,为土壤动物的生存提高了优越条件。章家恩等(2011)研究发现,林地的土壤基本无人为干扰,植被覆盖常年不变,土壤动物有着良好的生存环境,使得林地中的中小型土壤动物个体数和群落数都优于耕地,以上研究与本研究结果相一致。退耕还林后土壤纤毛虫的优势类群也发生了积极的响应,由对照样点的肾形目(Colpodiada)演替为恢复样点的散毛目(Sporadotrichida),说明退耕还林后土壤纤毛虫优势类群由低等向高等、由简单向复杂过度,这是由于肾形类纤毛虫体型较小,对食物要求低,繁殖能力强,繁殖周期短,对土壤环境具有高度适应性,在面临水分缺少等恶性环境时,能通过形成包裹来保护自己,较其他土壤纤毛虫有更好的应激性。而散毛目纤毛虫多数为食细菌者,个体较大,结构较复杂,抗逆性远不如肾形目。纤毛虫优势类群由 r-对策者的肾形目逐渐向 K-对策者的散毛目演替,说

明了退耕还林后生态环境得到改善,土壤养分增加,这与宁应之等(2016,2017)和李涛等(2012)的研究结果一致。

4 结 论

本研究表明,退耕还林后生态逐渐恢复,土壤理化因子发生了相应的改变,提高了土壤纤毛虫的物种数,优化了群落组成,即随着退还工程对生境的改良,土壤纤毛虫群落趋于复杂化,土壤纤毛虫的密度、多样性、丰富度显著提高。相关性分析可知,土壤纤毛虫群落与地上植被关系密切,且含水量、有机质、全氮和电导率是影响土壤纤毛虫群落结构的主导土壤理化因子。由此可见,甘肃省陇南市徽县退还区土壤纤毛虫群落对该地区的退耕还林生态恢复产生了积极的响应,土壤纤毛虫可以作为退耕还林生态恢复效果评价的指示生物,其中土壤纤毛虫群落特征参数可以成为其效果评价的重要指标。

致 谢 英国自然历史博物馆原动物学专家、高级研究员 Alan Warren 为本文的英文摘要提供了指导意见,特此致谢!

参考文献

- 陈孟立,曾全超,黄懿梅,等. 2018. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响. 环境科学, 39(4): 1824-1832.
- 陈娅苗. 2017. 退耕还林地土壤养分动态分析. 乡村科技, (34): 56-58.
- 华 瑞. 2016. 黄土丘陵区不同退耕年限林草地土壤结构及大孔隙研究(硕士学位论文). 杨凌: 西北农林科技大学.
- 黄 宇,冯宗炜,汪思龙,等. 2005. 杉木、火力楠纯林及其混交林生态系统 C、N 贮量. 生态学报, 25(12): 3146-3154.
- 李朝晖,华 春,虞蔚岩,等. 2014. 南京方山生态公园不同人工植被土壤动物群落结构时空变化. 长江流域资源与环境, 23(5): 722-728.
- 李 敏,姚顺波. 2016. 退耕还林工程综合效益评价. 西北农林科技大学学报, 16(3): 118-124.
- 李世东. 2002. 中外退耕还林还草之比较及其启示. 世界林业研究, 15(2): 23-27.
- 李 涛,刘苑秋,郭圣茂,等. 2012. 瑞昌石灰岩红壤区退耕还林土壤动物群落特征. 应用生态学报, 23(4): 910-916.
- 林 虹,陈先刚. 2018. 乌蒙山区环境中退耕还林主要林分土壤有机碳变化对比. 环境与发展, 30(2): 112-113.
- 刘娇妹,李树华,吴 菲,等. 2007. 纯林、混交林型园林绿地的生态效益. 生态学报, 27(2): 674-684.
- 刘雨迪,成艳红. 2015. 不同林地类型对土壤性质和线虫群落结构的影响. 上海交通大学学报, 33(5): 83-89.

- 马正学, 贺鹏辉, 秦洁, 等. 2009. 甘肃徽县铅锌污染农业区冬季土壤纤毛虫群落特征. 农业环境科学学报, **28**(6): 1127-1135.
- 马正学, 申海香, 宁应之, 等. 2008. 甘肃小陇山桃花沟森林公园土壤纤毛虫的群落特征. 生态学杂志, **27**(2): 208-212.
- 宁应之, 沈韞芬. 1998. 中国典型地带土壤原生动物的 I. 区系特征和物种分布. 动物学报, **44**(1): 6-11.
- 宁应之, 王红军, 禹娟红, 等. 2011. 甘肃定西华家岭土壤纤毛虫群落对生态恢复的响应. 动物学研究, **32**(2): 223-231.
- 宁应之, 王婷婷, 董玟含, 等. 2017. 庆城县退耕还林区春季土壤纤毛虫群落特征. 西北师范大学学报, **53**(2): 88-93.
- 宁应之, 武维宁, 杜海峰, 等. 2016. 纤毛虫群落对退耕还林生态恢复的响应——以侧柏林为例. 生态学报, **36**(2): 288-297.
- 宁应之, 杨永强, 董玟含, 等. 2018. 土壤纤毛虫群落对不同退还模式生态恢复的响应. 生态学报, **38**(10): 302-309.
- 沈韞芬, 顾曼如, 龚循矩, 等. 1990. 微型生物监测新技术. 北京: 中国建筑工业出版社.
- 宋雪英, 宋玉芳, 孙铁珩, 等. 2004. 土壤原生动物对环境污染的生物指示作用. 应用生态学报, **15**(10): 1979-1982.
- 孙焱鑫, 林启美, 赵小蓉. 2003. 三种纤毛虫对土壤微生物量和有效氮磷含量的影响. 生态学报, **23**(6): 1230-1233.
- 孙宇瑞. 2000. 土壤含水率和盐分对土壤电导率的影响. 中国农业大学学报, **5**(4): 39-41.
- 田晓堃, 王鹏程, 汪来发, 等. 2010. 三峡库区杉木马尾松混交林和马尾松纯林的土壤含水量空间变异性. 林业科学研究, **23**(2): 246-251.
- 王得祥. 2001. 西北地区退耕还林(草)及其植被恢复途径研究(硕士学位论文). 杨凌: 西北农林科技大学.
- 王月玲, 王思成, 蔡进军, 等. 2017. 半干旱黄土丘陵区退耕地林草植被恢复对土壤质量影响评价. 水土保持通报, **37**(5): 22-26.
- 韦国富, 黄承标, 覃文更, 等. 2009. 木论自然保护区森林土壤的理化特性. 亚热带农业研究, **5**(3): 180-183.
- 吴迪, 张萌萌, 张钰莹, 等. 2017. 帽儿山针阔混交林及纯林土壤碳代谢微生物群落特征研究. 南京林业大学学报, **41**(2): 81-89.
- 杨恩让, 韩昭侠. 2013. 秦岭华山松红桦混交林与纯林生长调查. 陕西林业科技, (5): 10-12.
- 张灿, 刘旻霞, 李瑞, 等. 2017. 甘南亚高寒草甸冷暖气土壤纤毛虫群落对坡向的响应. 生态学杂志, **36**(9): 2465-2472.
- 章家恩, 秦钟, 李庆芳. 2011. 不同土地利用方式下土壤动物群落的聚类与排序. 生态学杂志, **30**(12): 2849-2856.
- 邹涛. 2008. 二萜类化合物对土壤纤毛虫的毒性效应(硕士学位论文). 兰州: 西北师范大学.
- Berger H. 1999. Monograph of the Oxytrichidae (Ciliophora, Hypotrichia). London: Kluwer Academic Publishers.
- Berger H. 2011. Monograph of the Gonostomatidae and Kahliliidae (Ciliophora, Hypotricha). London: Kluwer Academic Publishers.
- Campbell CD, Warren A, Cameron CM, et al. 1997. Direct toxicity assessment of two soils amended with sewage sludge contaminated with heavy metals using a protozoan (*Colpoda steinii*) bioassay. *Chemosphere*, **34**: 501-514.
- Du YH, Zhao YJ, Tang FH. 2018. A new molecular approach based on the secondary structure of ribosomal RNA for phylogenetic analysis of mobilid ciliates. *Current Microbiology*, **75**: 296-304.
- Engler A, Melchior H, Mattick F. 1964. Übersicht über die Florengebiete der Erde. Berlin: Gebr. Borntraeger Publishers.
- Foissner W, Agatha S, Berger H. 2002. Soil Ciliates (Protozoa, Ciliophora) from Namibia (Southwest Africa), with Emphasis on Two Contrasting Environments, the Etosha Region and the Namib Desert. *Denisia*, **5**: 1-1063.
- Foissner W. 1992. Estimating the species richness of soil protozoa using the "non-flooded petridish method" // Lee JJ, Soldo AT. Protocols in Protozoology. Lawrence: Allen Press: B-10.1, B-10.2.
- Foissner W. 1993. Colpodea (Ciliophora). Stuttgart: Gustav Fischer Verlag.
- Li FC, Li YB, Luo D, et al. 2018. Morphology, morphogenesis, and molecular phylogeny of a new soil ciliate, *Sterkiella multicirrata* sp. nov. (Ciliophora, Hypotrichia) from China. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, **65**: 627-636.
- Lynn DH. 2008. The Ciliated Protozoa: Characterization, Classification, and Guide to the Literature. Berlin: Springer Science & Business Media.
- Pielou EC. 1966. The measurement of diversity in different types of biological collections. *Journal of Theoretical Biology*, **13**: 131-144.
- Shannon CE, Weaver W. 1949. The mathematical theory of information. *Mathematical Gazette*, **97**: 170-180.
- Simpson EH. 1949. The measurement of diversity. *Nature*, **163**: 688.
- Wilbert N. 1975. An improved technique of protargol impregnation for ciliates. *Mikrokosmos*, **64**: 171-179.

作者简介 宁应之,男,1963年生,博士,教授,主要从事土壤原生动物生态学和分类与物种多样性方面的研究。
E-mail: skyb514@qq.com
责任编辑 魏中青