

太白贝母种植区土壤生物肥力质量指标与评价

周 浓^{1, 2}, 王逾涵¹, 梅春梅^{2, 3}, 赵雨薇², 施志芬⁴, 孔笑天⁵, 张 华¹, 李伟东^{2*}

(1. 重庆三峡学院生物与食品工程学院, 三峡库区道地药材绿色种植与深加工重庆市工程研究中心, 重庆 404020; 2. 南京中医药大学药学院中药炮制重点实验室, 江苏 南京 210023; 3. 南京中医药大学附属医院, 江苏 南京 210023; 4. 成都中医药大学药学院, 四川 成都 611137; 5. 大理大学药学院, 云南 大理 671000)

摘 要: 对不同产地太白贝母根际土壤生物肥力因子的含量和生态敏感性进行差异分析, 了解产区土壤综合肥力的分布情况, 以为太白贝母土壤质量提升提供参考。测定土壤微生物数量、球囊霉素相关土壤蛋白含量和土壤酶活性等 21 个土壤生物肥力指标, 以太白贝母野生样本(WXY)土壤为对照, 并计算不同肥力指标的敏感性指数(SI), 根据各指标权重和隶属度函数的临界值计算综合土壤质量指数(BIF), 用以表征土壤肥力质量水平。结果表明, 土地利用方式(人工栽培模式)对不同产地太白贝母土壤微生物生物数量、球囊霉素含量、土壤酶活性具有显著($P<0.05$)的影响, 呈现出不同的变化规律。与 WXY 土壤相比, 细菌、真菌、放线菌等微生物数量对土地利用变化的响应更敏感。主成分分析结果显示, 土壤酸性磷酸酶、过氧化氢酶、微生物总数等都能较好地反映土壤生物肥力特征。在划分的 4 个生物肥力等级中, BIF 处于 0.447 ~ 0.710 范围内, 平均值为 0.554, 平均土壤质量综合评价等级为中等。综上所述, 在本研究的时间范围内, 人工栽培太白贝母基地以三、四级肥力的土壤为主, 需加强土壤养分管理, 合理施加土壤有益微生物菌肥, 提升土壤综合肥力水平, 但其最佳恢复期有待室内外栽培进一步研究确定。

关键词: 太白贝母; 土壤生物肥力; 土壤微生物; 土壤酶; 敏感性指数; 土壤肥力指数

土壤肥力是土壤物理、化学和生物特征的综合表现, 其质量代表土壤生产力的综合能力, 是药用植物优质高效栽培生产的保证^[1]。而土壤生物肥力在土壤物理、化学、生物肥力三大评价体系中, 作为土壤-植物生态系统动力的土壤生物所表征的以微生物和酶活性为特征的生物肥力处于中枢和核心地位^[2-3]。土壤微生物对外部环境变化非常敏感, 不仅可较为快速、准确地反映土壤质量变化, 而且能体现土壤中的生物活性, 已成为土壤质量评价中的重要组成部分^[4-6]。而土壤酶活性与土壤肥力关系密切, 影响土壤生态系统的物质循环和能量流动, 常被用来作为指示土壤环境质量的生物学指标^[7-8]。因此, 土壤生物肥力综合评价是准确了解

土壤本质、实现土壤资源可持续利用以及促进太白贝母产业可持续发展的根本保障。

生态环境对中药药效物质基础具有显著影响, 而施肥、耕作等土壤管理措施会引起土壤生物学指标发生改变, 导致土壤退化、养分循环受损和土壤不能支持药用植物生长发育^[9-11]。据现有文献报道, 根际微生物对太白贝母的土壤质量及药材品质均有不同程度的影响^[12], 太白贝母胞苷含量与根际土壤中蔗糖酶活性具有显著正相关, 2'-脱氧腺苷含量与根际土壤中脲酶、碱性磷酸酶活性具有显著正相关^[7], 这些研究结果证明了太白贝母土壤生物学肥力的质量评价是值得研究的重要课题。然而, 目前有关不同产地太白贝母土壤生物学指标状况和土壤生物质量程度均不得而知。为此, 本研究以重庆、陕西、四川、云南等太白贝母栽培基地土壤为研究对象, 开展土壤微生物数量、微生物量碳、氮和酶活性等生物学指标特征研究, 进行土壤生物质量综合定量评价, 并划定等级, 分析土壤质量的区域差异, 以为太白贝母种植业的合理引种、土壤综合管理和绿色可持续发展提供参考。

收稿日期: 2024-09-03; 录用日期: 2024-11-24

基金项目: 重庆市自然科学基金面上项目(CSTB2023NSCQ-LMX0010); 重庆市教委科学技术研究重大项目(KJZD-M202301204)。

作者简介: 周浓(1978-), 博士, 教授, 研究方向为中药资源与炮制。E-mail: erhaizn@126.com。

通讯作者: 李伟东, E-mail: liweidong0801@163.com。

1 材料与方法

1.1 材料及处理

根据课题组的前期调查、标本及文献中地理分布和生态差异^[13]，确定太白贝母栽培品（含野生品）具有代表性的采样点，栽培品按照蛇形法随机挖取3年生的太白贝母300株以上，对每个采集点进行多点混合，混匀后立即装入无菌袋中，每个产地样品生物重复3次，通过抖落法收集根际土，共采集24份根际土壤，填好采样记录（时间、地

点、编号等），利用便携式保温箱低温保存并及时运回实验室。在实验室内去除样品中石块、根系等杂物，测定土样的土壤含水量后分成两部分，一部分分别在-4℃冷藏下随即进行细菌、真菌培养分离和在-20℃冰箱保存备用；另一部分室内风干处理，用于测定土壤生物学性质，不同产地太白贝母产地信息及代码见表1，实验样品均经重庆三峡学院生物与食品工程学院郭冬琴教授鉴定，凭证样本保存于南京中医药大学江苏省中药炮制重点实验室。

表1 样品来源

土壤样品	采集地点	经纬度	海拔（m）
WXY	重庆市巫溪县红池坝银厂坪	N31° 37'46.30"/E108° 56'00.27"	2105
WX	重庆市巫溪县红池坝社区1组窄颈子	N31° 37'32.05"/E108° 57'20.71"	1769
FJ	重庆市奉节县兴隆镇西槽村五组白果淌孟缘药谷	N30° 45'47.47"/E109° 36'38.96"	1915
WS	重庆市巫山县当阳乡里河村5组忍子坪	N30° 46'07.21"/E109° 36'33.99"	1538
CK	重庆市城口县明中乡四合村2组小龙潭	N31° 41'14.08"/E108° 56'52.59"	1562
NL	云南省丽江市宁蒗县翠玉乡洋涧槽	N27° 31'04.91"/E100° 35'39.14"	3372
TB	陕西省宝鸡市太白县咀头镇塘口村	N34° 03'25.82"/E107° 23'40.79"	1625
GY	四川省广元市朝天区李家镇青林村4组	N32° 35'10.06"/E106° 13'17.34"	1760

注：取县（市）首字母大写表示不同产地的土壤样品，其中，“WXY”为巫溪县太白贝母野生样品。

1.2 测定项目与方法

1.2.1 太白贝母根际土壤微生物数量计数

采用稀释平板计数法测定太白贝母根际土壤可培养微生物（细菌、真菌、放线菌）的数量（CFU·g⁻¹干土）^[14]。

1.2.2 太白贝母根际土壤酶活性测定

土壤酶活性的测定参照关松荫^[15]的《土壤酶及其研究法》，并结合实际进行适当改进。采用磷酸苯二钠比色法测定碱性磷酸酶活性以及中性磷酸酶活性，采用对硝基苯磷酸二钠法测定酸性磷酸酶活性，采用3,5-二硝基水杨酸比色法测定土壤中蔗糖酶活性，采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定脲酶活性，采用邻苯三酚比色法测定多酚氧化酶活性，采用改良茆三酮比色法测定土壤中蛋白酶活性，采用紫外分光光度法测定过氧化氢酶活性。

1.2.3 太白贝母根际土壤球囊霉素相关土壤蛋白测定

总球囊霉素和易提取球囊霉素的含量按照Wright等^[16]和David等^[17]的方法测定。

1.2.4 太白贝母根际土壤微生物生物量碳、氮含量测定

根际土壤微生物生物量碳和微生物生物量氮利用氯仿熏蒸后进行0.5 mol·L⁻¹ K₂SO₄溶液浸提^[18]，采用重铬酸钾容量分析法测定根际土壤微生物生物量碳含量，采用茆三酮比色法测定根际土壤微生物生物量氮含量。

1.3 数据分析及处理

1.3.1 太白贝母根际土壤敏感性指数

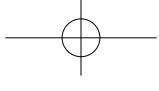
本研究以太白贝母野生品土壤为参考基准（太白贝母野生品敏感性指数为1）来计算其他7个太白贝母根际中土壤生物学指标的敏感性指数（SI），其计算公式^[19]为

$$SI_i=S_i/S_{Ri} \tag{1}$$

式中，SI_i是根际土壤i指标的敏感性指数；S_i是不同产地太白贝母栽培品根际土壤i指标的含量；S_{Ri}是太白贝母野生品根际土壤i指标的含量。

1.3.2 太白贝母根际土壤肥力指数

本研究应用模糊数学中的加权法和，建立土壤生物肥力指数（BIF）模型进行评价^[2, 19]：



$$BIF = \sum_{i=1}^n (K_i) \times C_i \quad (2)$$

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。

1.3.3 数据处理

采用 Excel 2019 进行数据整理与计算, 利用 SPSS 22.0 对数据进行方差分析、Duncana 多重比较、主成分分析、相关性分析。表中数据均采用平均值 $\pm$ 标准差表示。

2 结果与分析

2.1 太白贝母根际土壤微生物数量变化

采用稀释平板计数法测定了不同产地太白贝母根际土壤微生物数量 (表 2)。结果显示, 不同产地太白贝母根际土壤细菌、真菌和放线菌组成及其数量存在显著差异 ($P<0.05$), 除 WXY 野生和 WX 栽培太白贝母中细菌 $>$ 放线菌 $>$ 真菌外, 其余均为放线菌 $>$ 细菌 $>$ 真菌, 放线菌在微生物数量上占优势。土壤细菌数量在 $1.942 \times 10^6 \sim 35.767 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$, 重庆市巫溪县红池坝银厂坪 WXY 野生样本的数量明显高于其他样本 ($P<0.05$), 重

庆市巫溪县红池坝社区 1 组窄颈子 WX 栽培样本的数量次之, 四川省广元市朝天区李家镇青林村 4 组 GY 栽培样本中细菌的数量较少。土壤真菌数量在 $5.950 \times 10^4 \sim 63.333 \times 10^4 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$, 陕西省宝鸡市太白县咀头镇塘口村 TB 栽培样本的数量明显高于其他样本 ($P<0.05$), 重庆市城口县明中乡四合村 2 组小龙潭 CK 栽培样本中真菌的数量较少, 但与 WXY 的差异不明显。土壤放线菌数量在 $3.69 \times 10^6 \sim 29.35 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$, GY 栽培样本的数量明显高于其他样本 ($P<0.05$), 其次是 TB 栽培样本, WXY 野生样本中放线菌的数量较少。整体上以微生物总数来说, WXY 野生与 TB 栽培样本的总数量明显高于其他产地样本 ($P<0.05$), 其后依次为 WS、GY 和 WX, 而 FJ、CK、NL 数量处于较低水平。

由表 2 可知, 不同产地太白贝母细菌与真菌、细菌与放线菌、放线菌与真菌的数量比因栽培方式、土壤生态环境等差异而改变, 不同产地的微生物数量比三者变化不一致, 部分人工栽培太白贝母根际土壤微生物呈细菌型向真菌型转化的趋势, 差异有统计学意义 ($P<0.05$)。

表 2 不同产地太白贝母根际土壤可培养微生物数量的分布特征

土壤样品	细菌 ($\times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$)	真菌 ($\times 10^4 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$)	放线菌 ($\times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$)	微生物总数 ($\times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$)	细菌 / 真菌	细菌 / 放线菌	放线菌 / 真菌
WXY	$35.77 \pm 6.19\text{a}$	$8.72 \pm 3.06\text{d}$	$3.69 \pm 0.38\text{f}$	$39.48 \pm 2.66\text{a}$	435.76a	9.82a	45.28cd
WX	$19.82 \pm 5.20\text{b}$	$22.33 \pm 3.62\text{c}$	$10.03 \pm 1.29\text{d}$	$30.07 \pm 1.99\text{c}$	89.71b	2.02b	46.17cd
FJ	$3.75 \pm 0.53\text{d}$	$28.50 \pm 2.59\text{b}$	$12.10 \pm 1.94\text{d}$	$16.14 \pm 0.91\text{d}$	13.33de	0.31cde	42.59cd
WS	$14.44 \pm 2.14\text{c}$	$26.50 \pm 3.67\text{b}$	$20.43 \pm 2.18\text{c}$	$35.14 \pm 1.25\text{ab}$	55.85bc	0.71c	78.17bc
CK	$2.24 \pm 1.14\text{d}$	$5.95 \pm 2.61\text{d}$	$9.72 \pm 0.79\text{de}$	$12.02 \pm 0.57\text{de}$	48.68cd	0.23de	192.90a
NL	$2.56 \pm 0.36\text{d}$	$27.50 \pm 2.43\text{b}$	$7.33 \pm 0.47\text{e}$	$10.16 \pm 0.22\text{e}$	9.37de	0.35cde	26.79d
TB	$13.67 \pm 2.97\text{c}$	$63.33 \pm 5.05\text{a}$	$22.97 \pm 4.27\text{b}$	$37.27 \pm 2.65\text{a}$	21.76cde	0.60cd	36.20d
GY	$1.94 \pm 0.39\text{d}$	$29.33 \pm 3.78\text{b}$	$29.35 \pm 2.19\text{a}$	$31.59 \pm 0.86\text{bc}$	6.71e	0.07e	101.27b

注: $n=3$; 不同小写字母表示处理间有显著差异 ($P<0.05$); 相同小写字母表示处理间无显著差异 ($P>0.05$)。下同。

2.2 太白贝母根际土壤酶活性分析

不同产地太白贝母根际土壤酶活性测定结果 (表 3) 显示, 酸性磷酸酶、中性磷酸酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶、脲酶、多酚氧化酶、蛋白酶、过氧化氢酶部分存在显著性差异 ($P<0.05$)。太白贝母根际土壤中酸性磷酸酶活性介于 $1.309 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (TB) $\sim 1.712 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (WXY), 平均值为 $1.519 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$; 中性磷酸酶活性介于 $0.810 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (CK) $\sim 1.523 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (NL), 平均值为 $1.294 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$; 碱性磷酸酶活性介于 $0.190 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (GY) $\sim 1.918 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (NL), 平均值为

$0.939 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。蔗糖酶活性介于 $7.644 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (GY) $\sim 81.858 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (NL), 平均值为 $33.944 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。脲酶活性介于 $0.248 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (GY) $\sim 1.841 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (WX), 平均值为 $1.036 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。多酚氧化酶活性介于 $0.089 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (WX) $\sim 0.372 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (CK), 平均值为 $0.198 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。蛋白酶活性介于 $0.288 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (GY) $\sim 0.735 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (NL), 平均值为 $0.387 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。过氧化氢酶活性介于 $0.638 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (GY) $\sim 1.858 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ (CK), 平均值为 $1.211 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$ 。整体上来说, 碱性磷酸酶、蔗糖酶、脲酶、蛋白酶、过氧化氢酶活性

平均值呈现出云南宁蒗栽培品 (NL) > 重庆巫溪野生品 (WXY) > 重庆栽培品 > 陕西太白栽培品 (TB) > 四川广元栽培品 (GY); 酸性磷酸酶活性平均值呈现出重庆巫溪野生品 (WXY) > 重庆栽培品 > 云南宁蒗栽培品 (NL) > 四川广元栽培品 (GY) > 陕西太白栽培品 (TB); 中性磷酸酶活性平均值呈现出云南宁蒗栽培品 (NL) > 重庆巫溪野

生品 (WXY) > 四川广元栽培品 (GY) > 重庆栽培品 > 陕西太白栽培品 (TB); 多酚氧化酶活性平均值呈现出陕西太白栽培品 (TB) > 重庆栽培品 > 云南宁蒗栽培品 (NL) > 四川广元栽培品 (GY) > 重庆巫溪野生品 (WXY)。结果表明, 产地环境不同对太白贝母根际土壤磷酸酶、蔗糖酶等土壤酶活性均具有显著影响, 且部分差异显著 ($P<0.05$)。

表 3 不同产地太白贝母根际土壤酶活性 (mg · g⁻¹)

土壤样品	酸性磷酸酶	中性磷酸酶	碱性磷酸酶	蔗糖酶	脲酶	多酚氧化酶	蛋白酶	过氧化氢酶
WXY	1.71 ± 0.06a	1.47 ± 0.08ab	1.39 ± 0.07c	32.42 ± 2.05c	1.45 ± 0.06c	0.10 ± 0.01de	0.40 ± 0.03b	1.49 ± 0.04b
WX	1.67 ± 0.11a	1.33 ± 0.09d	0.73 ± 0.02d	19.15 ± 2.93d	1.84 ± 0.05a	0.09 ± 0.01e	0.42 ± 0.01b	1.04 ± 0.08d
FJ	1.54 ± 0.07bc	1.33 ± 0.07d	0.39 ± 0.03f	14.01 ± 3.57e	0.98 ± 0.05d	0.17 ± 0.02c	0.31 ± 0.02d	1.25 ± 0.11c
WS	1.42 ± 0.03d	1.38 ± 0.07cd	0.55 ± 0.06e	31.98 ± 2.77c	0.35 ± 0.02f	0.28 ± 0.05b	0.29 ± 0.01d	0.97 ± 0.10de
CK	1.57 ± 0.06b	0.81 ± 0.05f	1.64 ± 0.11b	63.81 ± 4.58b	0.92 ± 0.06d	0.37 ± 0.05a	0.36 ± 0.01c	1.86 ± 0.13a
NL	1.48 ± 0.07bcd	1.52 ± 0.04a	1.92 ± 0.10a	81.86 ± 1.18a	1.73 ± 0.06b	0.14 ± 0.03cd	0.74 ± 0.03a	1.59 ± 0.14b
TB	1.31 ± 0.05e	1.12 ± 0.05e	0.70 ± 0.03d	20.67 ± 3.05d	0.77 ± 0.07e	0.32 ± 0.03b	0.30 ± 0.01d	0.87 ± 0.05e
GY	1.46 ± 0.08cd	1.43 ± 0.07bc	0.19 ± 0.03g	7.64 ± 0.79f	0.25 ± 0.02g	0.12 ± 0.02de	0.29 ± 0.01d	0.64 ± 0.06f

2.3 太白贝母根际土壤球囊霉素含量分析

太白贝母根际土壤球囊霉素含量测定结果 (表 4) 显示, 总球囊霉素、易提取球囊霉素含量及易提取球囊霉素 / 总球囊霉素存在显著性差异 ($P<0.05$)。太白贝母根际土壤中总球囊霉素含量介于 2.489 g · kg⁻¹ (GY) ~ 6.582 g · kg⁻¹ (NL), 平均值为 4.471 g · kg⁻¹; 易提取球囊霉素含量介于 0.855 g · kg⁻¹ (TB) ~ 1.913 g · kg⁻¹ (WX), 平均值为 1.377 g · kg⁻¹; 易提取球囊霉素 / 总球囊霉素分布在 0.243 (CK) ~ 0.463 (WS), 易提取球囊霉素 / 总球囊霉素的平均值为 0.326, 即易提取球囊霉素占比总球囊霉素平均为 32.56%。结果表明, 重庆巫溪野生品 (WXY)、云南宁蒗栽培品 (NL) 和重庆巫溪栽培品 (WX) 根际土壤总球囊霉素、易提取总球囊霉素含量显著高于其他产地 ($P<0.05$)。

表 4 不同产地太白贝母根际土壤中球囊霉素含量 (n=3)

土壤样品	总球囊霉素 (g · kg ⁻¹)	易提取球囊霉素 (g · kg ⁻¹)	易提取球囊霉素 / 总球囊霉素
WXY	6.42 ± 0.35ab	1.77 ± 0.05b	0.28 ± 0.02cd
WX	6.12 ± 0.42b	1.91 ± 0.08a	0.31 ± 0.02c
FJ	3.20 ± 0.30de	1.28 ± 0.07c	0.40 ± 0.05b
WS	2.83 ± 0.33ef	1.30 ± 0.12c	0.46 ± 0.04a
CK	4.84 ± 0.28c	1.17 ± 0.03d	0.24 ± 0.02d
NL	6.58 ± 0.38a	1.81 ± 0.05b	0.28 ± 0.02cd
TB	3.30 ± 0.28d	0.86 ± 0.08e	0.26 ± 0.04d
GY	2.49 ± 0.18f	0.91 ± 0.06e	0.37 ± 0.04b

2.4 太白贝母根际土壤微生物量碳、氮含量比较

从图 1 可知, 所调查的太白贝母主产区土壤中微生物生物量碳含量介于 1071.030 mg · kg⁻¹ (TB) ~ 1775.955 mg · kg⁻¹ (NL), 平均值为 1391.354 mg · kg⁻¹; 微生物生物量氮含量介于 4.520 mg · kg⁻¹ (TB) ~ 22.200 mg · kg⁻¹ (FJ), 平均值为 10.745 mg · kg⁻¹; 微生物生物量碳氮比值介于 66.046 (FJ) ~ 258.149 (TB), 平均值为 168.996。说明不同产地太白贝母根际微生物对碳和氮的获取策略有所不同。

2.5 太白贝母根际土壤生物学指标的敏感性指数

本研究中, WXY 的土壤受人为干扰较少, 生长状态良好, 故设置为参考利用土地方式。太白贝母根际土壤微生物学指标的敏感性指数计算结果 (表 5) 显示, 以 1.50 和 0.50 作为其敏感性响应的判断依据, 即当敏感性指数大于 1.50 (增加 50%) 或是小于 0.50 (降低 50%) 的时候, 认为某一土壤生物学指标对该土地利用变化响应敏感^[20]。

由表 5 可知, 太白贝母野生方式转变为人工栽培模式后, 真菌、细菌、多酚氧化酶、蔗糖酶和蛋白酶的部分敏感性指数均有不同程度的增加, 表明它们均呈现出一定程度的增加趋势, 其中, 除 CK 产地的真菌数量外, 放线菌、真菌的增加幅度最大, 其敏感性指数值均大于 2.02, 对土地利用方式变化的响应最为敏感; 而多酚氧化酶活性除 WX 产地, 其余产地的敏感性指数数值均大于 1.13, 对土

地利用方式变化的响应最为敏感。细菌、微生物总数、易提取球囊霉素、总球囊霉素、易提取/总球囊霉素、过氧化氢酶、脲酶、碱性磷酸酶和蛋白酶的部分敏感性指数均不同程度地减少,表明它们均呈现出一定程度的减少趋势,其中,除WX产地细菌数量外,其敏感性指数值在0.06~0.41范围内,对土地利用方式变化的响应最为敏感。酸性磷酸酶和中性磷酸酶的敏感性指数值在0.55~1.04范围内,对土地利用方式变化的响应不敏感。细菌/放线菌、

细菌/真菌其敏感性指数在0.01~0.21,皆小于0.5,表现为对太白贝母土地利用方式的变化响应较敏感。放线菌/真菌的敏感性指数中,WS、CK、GY这3个产地表现为对土地利用方式变化响应敏感。微生物量碳的敏感性指数值在0.72~1.19范围内,对土地利用方式变化的响应不敏感。除FJ、NL和GY外,微生物量氮对土地利用方式的转变响应不敏感。除FJ和GY处理外,微生物量碳氮比对土地利用方式的转变响应不敏感。

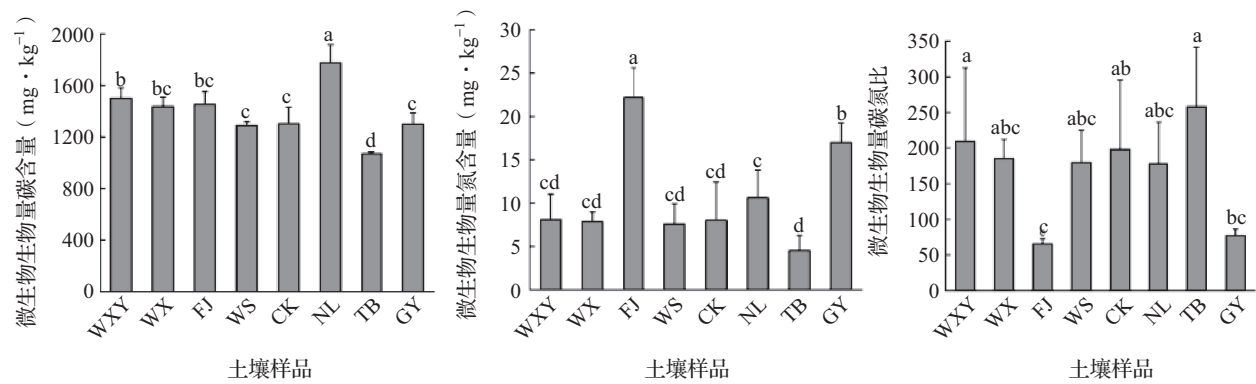


图1 不同产地太白贝母根际土壤微生物量碳、氮含量及碳氮比

注: n=3; 不同小写字母表示处理间差异显著 (P<0.05); 相同小写字母表示处理间差异不显著 (P>0.05)。

表5 不同产地太白贝母生物学指标敏感性指数

肥力指标	WX	FJ	WS	CK	NL	TB	GY
酸性磷酸酶	0.99 ± 0.05a	0.91 ± 0.05abc	0.84 ± 0.04cd	0.92 ± 0.05ab	0.87 ± 0.03bc	0.77 ± 0.03d	0.86 ± 0.03bc
中性磷酸酶	0.91 ± 0.03b	0.91 ± 0.045b	0.95 ± 0.02b	0.55 ± 0.03d	1.04 ± 0.06a	0.76 ± 0.02c	0.98 ± 0.06ab
碱性磷酸酶	0.53 ± 0.02c	0.30 ± 0.02e	0.40 ± 0.01d	1.20 ± 0.06b	1.40 ± 0.09a	0.50 ± 0.05e	0.13 ± 0.02f
蔗糖酶	0.60 ± 0.08d	0.45 ± 0.15d	1.00 ± 0.05c	1.94 ± 0.09b	2.50 ± 0.12a	0.62 ± 0.06d	0.24 ± 0.02e
脲酶	1.28 ± 0.04a	0.68 ± 0.03c	0.24 ± 0.02e	0.64 ± 0.06c	1.20 ± 0.05b	0.53 ± 0.01d	0.17 ± 0.01e
多酚氧化酶	0.87 ± 0.13c	1.65 ± 0.32c	2.73 ± 0.43b	3.68 ± 0.78a	1.31 ± 0.15c	3.17 ± 0.62ab	1.13 ± 0.27c
蛋白酶	1.04 ± 0.05b	0.76 ± 0.06d	0.72 ± 0.02d	0.88 ± 0.02c	1.83 ± 0.08a	0.73 ± 0.02d	0.71 ± 0.03d
过氧化氢酶	0.70 ± 0.04d	0.83 ± 0.05c	0.65 ± 0.06de	1.25 ± 0.07a	1.06 ± 0.09b	0.58 ± 0.03e	0.43 ± 0.01f
总球囊霉素	0.96 ± 0.01a	0.50 ± 0.05cd	0.44 ± 0.03cd	0.75 ± 0.05b	1.03 ± 0.11a	0.51 ± 0.01c	0.40 ± 0.04d
易提取球囊霉素	1.07 ± 0.05a	0.71 ± 0.03b	0.72 ± 0.04b	0.65 ± 0.01b	1.01 ± 0.04a	0.48 ± 0.04c	0.50 ± 0.04c
易提取/总球囊霉素	0.96 ± 0.01a	0.50 ± 0.05cd	0.44 ± 0.03cd	0.75 ± 0.05b	1.03 ± 0.11a	0.51 ± 0.01c	0.40 ± 0.04d
细菌	0.55 ± 0.10a	0.11 ± 0.01c	0.41 ± 0.08b	0.06 ± 0.02c	0.07 ± 0.01c	0.39 ± 0.09b	0.06 ± 0.02c
真菌	2.63 ± 0.43bc	3.45 ± 1.08b	3.19 ± 1.01b	0.67 ± 0.10c	3.35 ± 1.19b	7.54 ± 1.62a	3.55 ± 1.15b
放线菌	2.77 ± 0.18cd	3.35 ± 0.63c	5.63 ± 0.35b	2.68 ± 0.17cd	2.02 ± 0.10d	6.30 ± 0.97b	8.09 ± 0.38a
微生物总数	0.76 ± 0.08b	0.41 ± 0.05c	0.89 ± 0.08ab	0.31 ± 0.05cd	0.26 ± 0.02d	0.94 ± 0.14a	0.80 ± 0.05ab
细菌/真菌	0.21 ± 0.07a	0.03 ± 0.01d	0.13 ± 0.03b	0.11 ± 0.05bc	0.02 ± 0.01d	0.05 ± 0.01cd	0.02 ± 0.00d
细菌/放线菌	0.21 ± 0.05a	0.03 ± 0.01cd	0.07 ± 0.02b	0.02 ± 0.01cd	0.04 ± 0.01bcd	0.06 ± 0.02bc	0.01 ± 0.00d
放线菌/真菌	1.03 ± 0.08cd	0.97 ± 0.25cd	1.80 ± 0.57bc	4.15 ± 0.74a	0.61 ± 0.15d	0.83 ± 0.26d	2.33 ± 0.64b
微生物量碳	0.96 ± 0.10b	0.97 ± 0.10b	0.86 ± 0.04b	0.87 ± 0.06b	1.19 ± 0.08a	0.72 ± 0.05c	0.87 ± 0.04b
微生物量氮	1.11 ± 0.63b	3.10 ± 1.60a	1.02 ± 0.41b	0.98 ± 0.30b	1.57 ± 1.07ab	0.57 ± 0.14b	2.40 ± 1.28ab
微生物量碳/氮	1.04 ± 0.49ab	0.36 ± 0.14b	0.98 ± 0.51ab	0.96 ± 0.38ab	1.03 ± 0.68ab	1.31 ± 0.35a	0.43 ± 0.20ab

综上所述，与太白贝母野生生境土壤（WXY）生物学指标相比，不同产地太白贝母栽培土壤以细菌、真菌、放线菌数量及细菌/放线菌、细菌/真菌的变化最为敏感。

2.6 太白贝母根际土壤的生物肥力质量评价

2.6.1 各指标的权重

为了消除太白贝母根际土壤微生物、酶活性在数量级和量纲上的影响，也为保证客观性与科学性，采用均值化方法对各原始数据矩阵进行标准化处理，通过主成分分析对 21 个土壤肥力指标进行降维处理，对特征值大于 1 的主成分进一步处理，并利用载荷系数信息等进行权重计算，结果见表 6。根据载荷系数绝对值（大于 0.4 且绝对值越大与该成分的相关性越强）可得，第 1 主成分对应的土壤指标有酸性磷酸酶、碱性磷酸酶、脲酶、蛋白酶、过氧化氢酶、总球囊霉素、易提取球囊霉素、易提取球囊霉素/总球囊霉素、放线菌、细菌/真菌、微生物量碳。第 2 主成分对应的土壤指标有中性磷酸酶、蔗糖酶、多酚氧化酶、细菌、微生物总

数、细菌/放线菌。第 3 主成分对应的土壤指标有微生物量氮、微生物量碳/氮。第 4 主成分对应的土壤指标有真菌、放线菌/真菌。因此，太白贝母土壤生物肥力特性评价时可以选择前 4 个主成分代替原来的 21 个土壤生物学指标，能较好地反映土壤生物肥力的综合状况。

基于公因子方差求出的权重系数按贡献率从大到小依次为细菌/真菌、细菌/放线菌>蛋白酶>细菌、碱性磷酸酶、过氧化氢酶>酸性磷酸酶>多酚氧化酶、易提取球囊霉素、微生物总数、微生物量碳、蔗糖酶>微生物量碳/氮>中性磷酸酶、易提取球囊霉素/总球囊霉素>脲酶、真菌、放线菌/真菌>总球囊霉素、微生物量氮>放线菌。综合相关系数和权重系数的结果，蛋白酶（0.054）、细菌（0.051）、碱性磷酸酶（0.051）、过氧化氢酶（0.051）、酸性磷酸酶（0.050）5 个指标对土壤生物肥力有较大影响，说明这 5 个指标在太白贝母土壤养分水平的评价中具有重要地位，对太白贝母土壤生物肥力具有重要影响。

表 6 太白贝母根际土壤生物肥力因子的主成分分析

肥力指标	主成分（因子载荷）				公因子 方差	权重（ α_i ）
	PC-1	PC-2	PC-3	PC-4		
酸性磷酸酶	0.709	0.318	-0.067	-0.560	0.922	0.050
碱性磷酸酶	0.813	-0.502	0.143	0.102	0.944	0.051
脲酶	0.873	0.068	-0.097	0.242	0.835	0.043
蛋白酶	0.736	-0.240	-0.360	0.485	0.964	0.054
过氧化氢酶	0.741	-0.546	0.032	-0.281	0.927	0.051
总球囊霉素	0.972	-0.004	0.056	0.127	0.965	0.042
易提取球囊霉素	0.873	0.276	-0.194	0.085	0.883	0.048
易提取球囊霉素/总球囊霉素	-0.531	0.383	-0.424	-0.167	0.636	0.046
放线菌	-0.930	0.062	0.014	0.159	0.893	0.041
细菌/真菌	0.581	0.548	0.431	-0.311	0.921	0.055
微生物量碳	0.758	0.023	-0.620	0.108	0.971	0.048
中性磷酸酶	0.196	0.698	-0.494	0.323	0.874	0.046
蔗糖酶	0.617	-0.682	-0.044	0.182	0.881	0.048
多酚氧化酶	-0.365	-0.705	0.512	-0.067	0.896	0.048
细菌	0.425	0.693	0.566	-0.047	0.983	0.051
微生物总数	-0.275	0.742	0.580	0.082	0.970	0.048
细菌/放线菌	0.586	0.598	0.395	-0.240	0.914	0.055
微生物量氮	-0.262	0.130	-0.821	-0.337	0.874	0.042
微生物量碳/氮	0.329	-0.165	0.834	0.392	0.985	0.047
真菌	-0.585	0.057	0.134	0.741	0.912	0.043
放线菌/真菌	-0.168	-0.608	0.202	-0.672	0.890	0.043
特征值	8.482	4.495	3.707	2.357		
方差贡献率（%）	40.390	21.403	17.653	11.226		
累计方差贡献率（%）	40.390	61.793	79.446	90.672		

2.6.2 土壤生物肥力等级

本研究选择的太白贝母根际土壤生物肥力指标的隶属度函数均属于“直线形”隶属函数模型^[21], 即 $f(x) = x/x_{\max}$, 式中, $f(x)$ 为隶属度值、 x 为指标测定值、 $x_{\max}$ 为指标最高测定值, 计算各肥力指标的隶属度函数值。结合不同产地太白贝母根际土壤权重赋值结果(表6), 按照1.3.2项下BIF模型对其加权合法计算, 获得各采样点的BIF值。结果表明, BIF值在0.447 ~ 0.710范围内, 从大到小依次为 WXY (0.710) > NL (0.620) > WX (0.571) > CK (0.559) > WS (0.530) > TB (0.517) > FJ (0.478) > GY (0.447), WXY (野生) 的分值最高, GY (四川广元) 最小。

为了更加直观地评价不同产地土壤的生物肥力水平, 根据BIF值, 运用Ward法和平方Euclidean距离的聚类分析方法对其进行聚类分析(图2), 聚类图显示, 8个产地共聚为4类, 并根据BIF值对每个聚类等级进行定义。按从高至低划分为>0.7(优)、0.6 ~ 0.7(良)、0.5 ~ 0.6(中)、0.4 ~ 0.5(差)4个等级, 即优(I)、良(II)、中(III)、差(IV)。结果显示, WXY单独聚为一类, BIF为0.710, 土壤质量为I级; NL单独聚为一类, BIF为0.620, 土壤质量为II级; WS、WX、CK、TB聚为一类, BIF位于0.5 ~ 0.6, 土壤质量为III级; FJ、GY聚为一类, BIF在0.4 ~ 0.5, 土壤质量为IV级, 耕作层土壤质量不如其他产地。

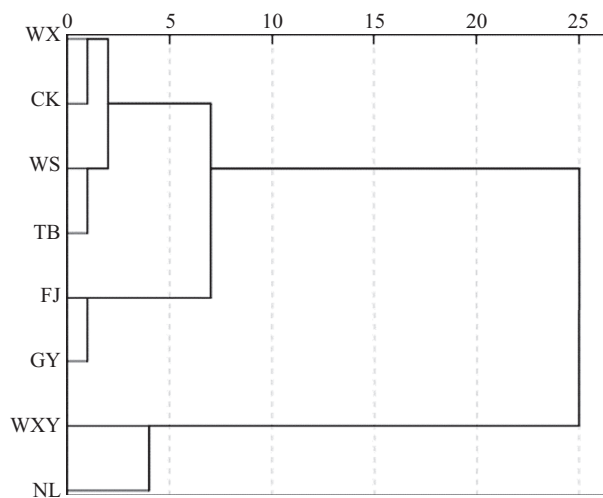


图2 不同产地太白贝母土壤质量聚类分析

3 讨论

3.1 产地对太白贝母土壤生物肥力指标的影响

土壤微生物群落与土壤有机质、氮、磷等诸多元素循环和土传病害根际免疫等息息相关^[4]。崔玲宇等^[22]通过分析国内外已有研究成果得出, 土壤酶活性指标、微生物多样性和微生物量等指标在土壤质量/健康评价中具有一定的代表性和敏感性, 可作为评价不同肥力土壤微生物学肥力指标的标准。本研究中, 与太白贝母野生品土壤(WXY)相比, 人工栽培土壤细菌呈现减少趋势, 而真菌呈现增加趋势, 破坏了根际微生物种群的平衡, 根际土壤微生物由高肥力的“细菌型”土壤向低肥力的“真菌型”土壤转化, 且敏感性指数进一步证实以细菌、真菌、放线菌数量的变化最为敏感, 这与母茂君等^[12]、张静洁^[23]的研究结果一致。

3.2 土壤有益微生物对川贝母土壤生物肥力与鳞茎品质的影响

近年来, 有目的地筛选土壤有益微生物能够提高太白贝母、甘肃贝母等贝母的产量和活性成分量的看法也已证实: 赵疆等^[24]对3年生甘肃贝母叶面喷施分离甘肃贝母的优势促生细菌芽孢杆菌属和假单孢菌属, 具有显著的促生作用。张建海等^[25]通过对太白贝母大田栽培条件下接种两种不同丛枝菌根(AM)真菌试验, 发现这两种AM真菌能提高其鳞茎中生物碱的含量及其产量, 且AM真菌与太白贝母之间具有选择性。Zhou等^[26]采用单独接种AM真菌、溶磷菌、解钾菌及其组合菌株的方法均能显著提高3年生太白贝母鳞茎中生物碱的含量, 改善其根际微生态。谷文超等^[7]表明, 太白贝母品质与根际土壤因子相互之间存在密切关系。根际土壤因子与土壤酶活性之间具有显著相关性; 同时太白贝母鳞茎品质与土壤因子之间也存在显著相关性, 各个土壤因子的相关关系影响土壤肥力, 故太白贝母鳞茎品质与土壤肥力存在显著的相关性。土壤是不均一和变化的连续体, 土壤有益微生物与土壤生物肥力具有显著相关性, 其他的栽培措施也可以改善土壤生物肥力。倡国涵等^[27]长期采用稻虾共作的方法提高了该层次各粒级团聚体内的有机碳含量, 改善了土壤结构, 从而提升了土壤生物肥力。综上所述, 土壤微生物与土壤质量的关系密切, 良好的土壤生物肥力有利于保持土壤微生物的正常生长发育与组成多样性的稳定, 在提高太白

贝母品质的生产力方面展示了巨大潜力。

3.3 不同产地太白贝母对其土壤生物肥力质量的影响

球囊霉素相关土壤蛋白和酶活性可有效改善土壤养分状况,对农业管理措施高度敏感,对调节土壤中生物化学转换以及保持土壤碳、氮、磷循环至关重要^[28]。本研究对土壤生物肥力指标进行主成分分析,结果显示,累积方差贡献率达90.67%的前4个主成分因子涵盖了所选择的土壤酶活性、球囊霉素相关土壤蛋白、微生物数量等21个因子,表明每个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,进一步说明利用主成分分析衡量不同产地太白贝母的土壤生物肥力质量是可靠的。本研究区域内土壤质量主要属于Ⅲ级及以上,以中、高等级地为主,表明土壤生物肥力质量整体较好,但云南宁蒗(NL)栽培品土壤与重庆巫溪(WXY)野生品土壤类似,可能是栽培地点为山地或林地的山基土,腐殖质较多,人为干扰少。因此,采用土壤质量指标对太白贝母土壤进行等级划分具有较高的代表性,可用于指导实际生产。

总体来说,本研究从土壤微生物、酶活性等方面构建了土壤质量综合评价体系,较全面反映了不同产地太白贝母土壤生物肥力质量,但仍有一定的局限性,由于本试验仅采集了7个主产区和1个野生样本的土壤,样本量较少,且以往药用植物土壤生物肥力的研究基础数据不足,进一步的试验研究应当扩大取样数量,丰富栽培土壤类型和肥力评价指标,构建更全面的太白贝母土壤肥力评价体系,以验证该方法的可靠性和代表性。在未来的研究中,特别是在挖掘和筛选土壤微生物信息评价指标上,应结合分子生物学、生物信息学和大数据综合分析,构建支持太白贝母可持续发展和环境友好的土壤关键功能微生物,建立关键功能微生物与土壤生物肥力之间的内在联系,从而获得更加全面的综合数据库,构建健康土壤微生物组,促进土壤健康。

4 结论

为了更好地分析人工栽培对太白贝母土壤生物肥力的影响,本文应用21个生物肥力因子作为评价指标,采用累积频率法确定隶属度函数阈值,利用加权求和法对土壤生物肥力进行综合评价。不同土壤肥力因子中,蛋白酶、细菌、碱性磷酸酶、过

氧化氢酶、酸性磷酸酶等对土壤生物肥力质量贡献较大。不同产地对土壤肥力结果有一定影响,BIF排序为WXY>NL>WX>CK>WS>TB>FJ>GY,平均土壤质量综合评价等级为中等水平,表明研究区土壤生物肥力有较大提升空间,栽培过程中补充土壤有益微生物组是十分必要的,能更好地指导太白贝母生产实践。

参考文献:

[1] 李俊飞,焦晓林,毕艳孟,等.基于药材品质的山东西洋参主产区栽培地土壤肥力质量评价[J].中国中药杂志,2020,45(19):4598-4605.

[2] 刘丽,罗承德,雷波,等.蜀南竹海毛竹林土壤生物肥力质量指标与评价[J].土壤,2015,47(3):543-549.

[3] Bhattacharyya S S, Furtak K. Soil-Plant-Microbe interactions determine soil biological fertility by altering rhizospheric nutrient cycling and biocrust formation[J]. Sustainability, 2022, 15(1): 625.

[4] 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.

[5] Fierer N, Wood S A, Bueno M C P. How microbes can, and cannot, be used to assess soil health[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, 153: 108-111.

[6] Zhou N, Mei C M, Zhu X Y, et al. Research progress of rhizosphere microorganisms in *Fritillaria* L. medicinal plants[J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 2022, 10: 1054757.

[7] 谷文超,母茂君,杨敏,等.太白贝母鳞茎品质与根际土壤因子的相关性分析[J].中国实验方剂学杂志,2020,26(7):165-177.

[8] 边雪廉,岳中辉,焦浩,等.土壤酶对土壤环境质量指示作用的研究进展[J].土壤,2015,47(4):634-640.

[9] 彭成,裴瑾,谢晓芳,等.川产道地药材品质控制与产业化关键技术应用的研究思路与实践[J].中药与临床,2022,13(3):1-6.

[10] 韩志超,梁运江,赛春梅.黄芩质量形成影响因素的研究进展[J].中草药,2024,55(1):320-331.

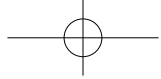
[11] Jennifer E S, Angela D K, Vanessa L B, et al. Agricultural management and plant selection interactively affect rhizosphere microbial community structure and nitrogen cycling[J]. Microbiome, 2019, 7(1): 146.

[12] 母茂君,张弟桂,张华,等.太白贝母根际微生物分布与生物碱含量的相关性[J].中国中药杂志,2019,44(11):2231-2235.

[13] 邹萌,蒋瑞平,李佳伦,等.基于最大熵模型预测太白贝母的潜在分布[J].中国中医药信息杂志,2021,28(9):1-5.

[14] 赵斌,何绍江.微生物学实验[M].北京:科学出版社,2002:69-73.

[15] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,



- 1986: 56–82.
- [16] Wright S F, Franke-Snyder M, Morton J B, et al. Time-course study and partial characterization of a protein on hyphae of arbuscular mycorrhizal fungi during active colonization of roots [J]. *Plant and Soil*, 1996, 181 (2): 193–203.
- [17] David P J, Sara G, Bray B. Glomalin extraction and measurement [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40 (3): 728–739.
- [18] Vance E D, Brooks P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, 19 (6): 703–707.
- [19] 禹朴家, 范高华, 韩可欣, 等. 基于土壤微生物生物量碳和酶活性指标的土壤肥力质量评价初探 [J]. *农业现代化研究*, 2018, 39 (1): 163–169.
- [20] Raiesi F. A minimum data set and soil quality index to quantify the effect of land use conversion on soil quality and degradation in native rangelands of upland arid and semiarid regions [J]. *Ecological Indicators*, 2017, 75: 307–320.
- [21] 赵刚, 吴会军, 张永清, 等. 豫西长期不同耕作下土壤肥力质量评价 [J]. *中国土壤与肥料*, 2023 (6): 1–11.
- [22] 崔玲宇, 喻曼, 乔宇颖, 等. 基于 Web of Science 数据库的土壤质量评价及其微生物指标研究趋势分析 [J]. *浙江农业学报*, 2023, 35 (11): 2688–2697.
- [23] 张静洁. 重庆太白贝母根际微生物群落特征研究 [D]. 重庆: 西南大学, 2022.
- [24] 赵疆, 梁世军, 杨涛, 等. 促生细菌的分离及复配菌剂对甘肃贝母产量的影响 [J]. *中国实验方剂学杂志*, 2021, 27 (24): 163–170.
- [25] 张建海, 王向平, 冯彬彬, 等. 错株种植和增施菌肥对太白贝母光合特性、产量及品质的影响 [J]. *西北农业学报*, 2022, 31 (5): 628–639.
- [26] Zhou N, Mu M J, Yang M, et al. The effect of microbial fertilizer on the growth, rhizospheric environment and medicinal quality of *Fritillaria taipaiensis* [J]. *Horticulturae*, 2021, 7 (11): 500.
- [27] 倡国涵, 袁家富, 彭成林, 等. 长期稻虾共作模式提高稻田土壤生物肥力的机理 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2020, 26 (12): 2168–2176.
- [28] 梁文举, 董元华, 李英滨, 等. 土壤健康的生物学表征与调控 [J]. *应用生态学报*, 2021, 32 (2): 719–728.

Indicators and evaluation of soil bio-fertility quality in *Fritillaria taipaiensis* P.Y. Li cultivation area

ZHOU Nong^{1, 2}, WANG Yu-han¹, MEI Chun-mei^{2, 3}, ZHAO Yu-wei², SHI Zhi-fen⁴, KONG Xiao-tian⁵, ZHANG Hua¹, LI Wei-dong^{2*} (1. Green Planting And Deep Processing of Genuine Medicinal Materials In Three Gorges Reservoir Area, Chongqing Engineering Laboratory, College of Biology and Food Engineering, Chongqing Three Gorges University, Chongqing 404020; 2. Key Laboratory of Chinese Medicine Processing, College of Pharmacy, Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing Jiangsu 210023; 3. Affiliated Hospital of Nanjing University of Chinese Medicine, Nanjing Jiangsu 210023; 4. School of Pharmacy, Chengdu University of Traditional Chinese Medicine, Chengdu Sichuan 611137; 5. College of Pharmacy, Dali University, Dali Yunnan 671000)

Abstract: The contents and ecological sensitivities of soil bio-fertility factors in the rhizosphere soil of *Fritillaria taipaiensis* from different origins were analyzed to understand the distribution of comprehensive soil fertility in the production areas, with a view to providing a reference for the improvement of soil quality of *F. taipaiensis*. Twenty-one soil bio-fertility indicators, including soil microbial population, contents of coccidioidomycin-related soil proteins and soil enzyme activities, were measured, and the sensitivity index (SI) of different fertility indicators was calculated using the wild sample (WXY) soil of *F. taipaiensis* as a control, and the critical value of the weights of the indicators and the subordination function was used to calculate the comprehensive soil quality index (the biological index of fertility, BIF) was calculated based on the weights of each index and the critical value of the affiliation function to characterize the quality level of soil fertility. The results showed that the land use mode (artificial cultivation mode) had a significant ($P < 0.05$) effect on the microbial biomass, coccidioidomycin content, and soil enzyme activity of *F. taipaiensis* soils from different origins, showing different patterns of change. Compared with WXY soil, the microbial biomass of bacteria, fungi and actinomycetes were more sensitive to the response of land use changes. The results of principal component analysis showed that soil acid phosphatase, catalase, and total number of microorganisms could better reflect soil bio-fertility characteristics. Among the four bio-fertility classes delineated, the BIF was in the range of 0.447 to 0.710, with a mean value of 0.554, and the average soil quality comprehensive evaluation class was medium. The study showed that, within the time range of this study, the base of artificially cultivated *F. taipaiensis* was dominated by soils with three or four levels of fertility, and it was necessary to strengthen the soil nutrient management and reasonably apply soil beneficial microbial fungal fertilizers to enhance the level of comprehensive soil fertility, but its optimal recovery period was to be determined by further studies on indoor and outdoor cultivation.

Key words: *Fritillaria taipaiensis* P.Y. Li; soil biological fertility; soil microorganisms; soil enzymes; sensitivity index; soil fertility index