

基于冗余分析的降香黄檀人工林叶部病害与土壤因子的关系研究

张茜^{1,2}, 周国英^{1*}, 董文统¹, 杨蕾¹, 杨菁¹, 吴毅¹

(1. 经济林培育与保护教育部重点实验室, 中南林业科技大学, 长沙 410004;

2. 湖南汽车工程职业学院, 株洲 412001)

摘要 为了探讨降香黄檀人工林土壤因子与叶部病害发生的关系,对海南省13块降香黄檀人工纯林样地进行了病害调查和土壤因子的测定,运用冗余分析找到影响病害发生的主导因子,结果表明:土壤的pH、速效氮、全磷、速效钾是影响病害发生最主要的4个指标。对病害发生影响的土壤因子按其重要性依次为:pH>速效氮>全磷>速效钾。在冗余分析的基础上,通过聚类分析将样地划分为轻度、中度、重度感病区3种不同类型,并通过单因素方差分析研究了4个主导因子在不同类型样地中的差异。结果表明,不同发病程度的样地与土壤因子相关性差异明显,总体表现为:发病严重的Ⅲ类样地土壤中的速效氮和全磷含量最高,平均值分别为82.08 mg/kg、0.68 g/kg,轻度感病的Ⅰ类样地土壤中的pH和速效钾含量最高,平均值分别为6.56、143.60 mg/kg。

关键词 土壤因子; 冗余分析; 降香黄檀; 人工林; 叶部病害

中图分类号: S 763 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3969/j.issn.0529-1542.2016.03.006

Study on the relationships between the foliage diseases of *Dalbergia odorifera* plantations and soil variables based on the redundancy analysis

Zhang Qian^{1,2}, Zhou Guoying¹, Dong Wentong¹, Yang Lei¹, Yang Jing¹, Wu Yi¹

(1. Key Laboratory of Non-wood Forest Cultivation and Conservation of Ministry of Education, Central South University of Forestry & Technology, Changsha 410004, China;

2. Hunan Automobile Engineering Professional College, Zhuzhou 412001, China)

Abstract In order to explore the correlation between soil variables and *Dalbergia odorifera* foliage disease, investigation of the diseases and determination of soil factors were made in 13 sample plots in Hainan Province. Redundancy analysis (RDA) was used to select dominant factors affecting foliage diseases occurrence on *D. odorifera* plantations. RDA results indicated that pH, available N, total P and available K were four dominant factors affecting the disease. The importance of soil variables was arranged as pH>available N>total P>available K. By clustering analysis, the sample plots were divided into 3 types which were mildly diseased plot, moderately diseased plot and highly diseased plot based on the RDA. The results showed that the correlations between the soil variables and the sample plot with different degree of disease were significantly different. Overall, in highly diseased plot, the content of available N and total P in the soil was highest; the average values were 82.08 mg/kg and 0.68 g/kg. In mildly diseased plot, pH and available K content were highest, the average values were 6.56 and 143.60 mg/kg.

Key words soil variables; redundancy analysis; *Dalbergia odorifera*; plantation; foliage diseases

降香黄檀(*Dalbergia odorifera*)是豆科蝶形花科乔木,国家二级重点保护、濒危树种^[1]。降香黄檀的心材有着极高的药用和经济价值,随着种植面积的不

增加,病虫害问题日益突出^[2]。据调查,降香黄檀的病害主要发生在叶部,以黑痣病和炭疽病最为严重^[3]。

目前,国外对降香黄檀的研究甚少,国内大多

收稿日期: 2015-06-10 修订日期: 2015-08-15

基金项目: 国家林业公益性行业科研专项(201304402)

* 通信作者 E-mail:gyzhou2118@163.com

集中于降香黄檀生物学特性^[4-6]、栽培管理^[7]以及病虫害防治^[1-3]等方面的研究,针对其土壤的研究较少^[8]。土壤与降香黄檀病害发生关系的研究亦鲜有报道。van Dijk 等^[9]的研究发现松树枯梢病发病严重的样地同健康的样地相比,其土壤中的氮、磷含量明显要高出很多。廖太林等^[10]的研究发现松树叶部病害的发生与土壤中磷含量呈正相关关系,与水解氮、有效钾、土壤 pH 相关性不强。曾亮忠等^[11]研究发现湿地松针褐斑病、赤枯病病害发生与土壤中的全钾含量呈极显著的负相关,与土壤全氮含量、N/K、P/K 和 N/P 比均呈显著的正相关。林挺秀等^[12]的研究发现影响湿地松针叶病害的关键因素是全 K,并与全 K 含量呈负相关,并认为施用钾肥对抑制病害发生有一定效果。

冗余分析是一种多变量的直接梯度分析的方法,能够将多个环境变量和样本数据进行多元回归分析,通过将样点投射到两条排序轴构成的二维平面上构建出原始变量和典型变量间的线性关系模型^[13-14]。构建出的二维平面图可以通过样点的散集形态、在象限的分布等来反映研究区的特点。冗余分析经过对特征值进行一系列的分解筛选,以达到有效地简化变量个数的目的,并能将物种与环境因子的关系直观地体现在同一坐标轴上,从而更好地分析出主导因素在病害发生过程的作用^[15-16]。冗余分析在国外已经广泛应用于环境、生态等领域的研究^[17],并主要集中在影响生物^[18]、植被^[19]、景观分布^[20]的关键环境因子筛选。目前国内运用冗余分析做研究的较少,仅有少数研究人员应用此方法开展了对环境科学^[21-25]、植物生态学^[26-28]、微生物群落

结构^[29-30]等领域的研究。

笔者以海南省降香黄檀人工林主要叶部病害为研究对象,选取 13 块样地进行野外调查,获得了叶部病害发生情况的数据和林地土壤样品,测定土壤理化性质和微生物数量等土壤因子,运用数量生态学中的冗余分析方法(RDA)研究土壤因子与病害发生情况的内在联系,以期降香黄檀人工林病害的防治提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

海南省地理坐标为 108°37'~111°03'E, 18°10'~20°10'N,陆地总面积约 35 400 km²。海南岛属于热带季风气候,年平均气温 22~27℃,年降水量为 1 000~2 600 mm,干湿两季明显。海南岛平均海拔 120 m,四周低平,中间高耸,其土壤类型十分丰富,主要有:砖红壤、赤红壤、砂壤、燥红壤、红壤、滨海沙土等类型。

1.2 样地设置

野外调查在 2013 年 4 月—6 月进行。样地分别设置在海南省的 10 个县市,包括五指山市、海口市、白沙县、东方市、定安县、屯昌县、澄迈县、保亭县、乐东县、昌江县。每个市县 1~2 个样地,共 13 个样地。样地面积 4~7 hm² 左右,每个样地设立 3 个 30 m×30 m 的标准地。人工林林龄均为幼龄林,林分类型均为纯林,土壤厚度为 0.8~1.2 m,林分结构、管理措施基本相似,土壤类型不相同(表 1)。记录样地坡度、坡向、经纬度、密度、海拔、树高、胸径等因子。

表 1 样地基本情况

Table 1 Characteristics of sample plot

样地 Plot	林龄/年 Age	土壤类型 Soil type	林分密度/ 株·hm ⁻² Stand density	经纬度 Latitude and longitude	坡度 Slope	海拔/m Altitude	树高/m Height	胸径/cm Diameter	发病率/% Disease incidence	病情指数 Disease index
P1	5	砂壤土	2 250	110°08'22"E, 19°30'58"N	6°	118	4.3	4.9	46.32	25.56
P2	4	砂壤土	2 250	109°37'18"E, 18°33'48"N	8°	93	3.1	4.3	38.13	26.64
P3	8	燥红壤	1 667	109°04'00"E, 19°00'37"N	15°	103	6.4	7.1	58.15	36.14
P4	7	红壤	2 247	109°03'40"E, 18°44'06"N	2°	145	5.6	6.2	28.45	20.65
P5	3	砖红壤	2 897	108°56'15"E, 19°22'39"N	3°	55	2.3	2.2	12.16	9.56
P6	7	砖红壤	2 250	110°30'35"E, 19°57'29"N	2°	20	6.5	6.9	94.45	55.56
P7	4	红壤	2 260	109°27'39"E, 19°10'24"N	4°	230	3.3	4.1	8.18	8.64
P8	5	砂壤土	1 250	110°15'62"E, 19°38'58"N	3°	30	4.4	5.6	16.31	13.24
P9	3	红壤	2 500	110°06'39"E, 19°23'53"N	5°	93	2.7	2.5	75.24	46.76
P10	3	红壤	2 512	109°27'39"E, 19°10'24"N	4°	142	2.1	2.6	54.34	40.54
P11	7	燥红壤	2 250	110°05'32"E, 19°20'18"N	2°	103	6.3	6.8	91.05	66.48
P12	4	燥红壤	2 667	109°04'13"E, 19°00'42"N	3°	101	2.9	3.3	92.77	74.36
P13	5	砖红壤	2 275	110°16'22"E, 19°44'29"N	2°	27	5.2	5.4	85.45	56.48

1.3 土壤样品采集及因子测定方法

土壤样品的采集在 2013 年 4 月—6 月进行。每个样地设置 3 个标准地,每个标准地中采用五点取样法采样 1 次^[8]。每个采样点去除地表植被和枯枝落叶后采集 0~20 cm 土层的土壤。用于测定微生物数量的土壤于-80℃保存备用,用于理化性质测定的土样,做风干过筛处理。

共选择 15 个土壤环境相关因子进行测定:包括细菌数量、真菌数量、放线菌数量、pH、有机质、全氮、全磷、全钾、有效氮、有效磷、有效钾、含水量、容重、孔隙度、土壤类型。微生物数量的测定采用稀释涂布平板法,细菌、放线菌、真菌分别采用牛肉膏蛋白胨培养基、高氏一号培养基、PDA 培养基培养^[31]。pH、有机质、全氮、全磷、全钾、速效氮、速效磷、速效钾分别采用电位法、重铬酸钾氧化-外加热法、半微量凯式法、碱熔-钼锑抗比色法、碱熔-火焰光度计法、碱解扩散法、双酸浸提法、乙酸铵浸提-火焰光度计法进行测定^[32]。土壤含水量测定采用烘干法;土壤容重测定采用环刀法;土壤类型由熟悉土壤分类的人员现场判断并查阅当地有关土壤资料获得^[8]。

1.4 病情调查

采用踏查法和标准地调查相结合的方法对降香黄檀野外林木发病情况进行调查,调查与土壤样品采集同步进行。每个样地随机调查 100 株以上的标准树。针对降香黄檀叶部病害的情况,确定降香黄檀病害的调查对象为黑痣病、炭疽病。通过观察 2 种病害的病斑面积大小及其所占的比例,以 2 种病害发病情况的总和计算降香黄檀病害的发病率和病情指数,公式计算如下:

$$\text{发病率}(\%) = \frac{\text{染病株数}}{\text{总株数}} \times 100;$$

$$\text{病情指数} = \frac{\sum(\text{病级株数} \times \text{该病级代表值})}{\text{总株数} \times \text{最高病级代表值}} \times 100。$$

1.5 数据分析

统计分析时所有数据均为平均数±标准差,采用 SPSS 19.0 进行聚类分析、单因素方差分析、相关性分析和 Fisher's F-test($P < 0.05$)检验。冗余分析(redundancy analysis, RDA)应用 CANOCO 4.5.1 进行。

应用 CANOCO 4.5.1 分析病害与土壤因子的

相关关系。首先,对数据文件进行除趋势对应分析(DCA),结果显示,4 个排序轴中梯度最大值(LGA)为 1.532,小于 3。理论上,LGA < 3 适合线性模型。因此,采用线性模型的冗余分析比较合适。对 13 个样地所选择的 15 个环境因子进行 RDA 分析。进行 RDA 分析要构建 2 个数据矩阵,一个是物种(species)矩阵,另一个是环境因子(environment)矩阵。构建矩阵需先将数据转换成 CANOCO 能识别的格式文件,即需要将定性指标进行编码^[18],据此本研究中将土壤类型分为 4 类:1 代表红壤、2 代表砖红壤、3 代表燥红壤、4 代表砂壤,其余因子按实测值进行输入。15 种土壤因子的筛选(剔除)是通过 CANOCO 的环境因子的预选功能(the forward selection of the environmental variables in CANOCO for windows)来确定,再将筛选后的主导因子进行后续的 RDA 排序,了解主导因子对信息的独立解释量和信息的损失量,同时利用 499 次蒙特卡洛置换检验(Monte Carlo permutation test)对其显著性进行检验。

为了将样地病害情况进行分类,在 Bray-Curtis 相似性测量的基础上,对 13 个样地叶部病害的发生情况进行聚类分析,采用组间平均聚类分析方法,并绘制聚类树枝图,同时采用单因素方差(One-way ANOVA)法检验主导土壤因子在不同发病程度的样地间含量的差异,并采用 LSD 方法进行显著性多重比较($\alpha = 0.05$)。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质及微生物学性质

经测定分析发现,各样地的土壤理化性质有很大差异(表 2)。所有样地的 pH 都较低,为酸性土壤。其中,P7 号样地土壤的速效磷、速效钾含量最高,分别为 12.83、187.52 mg/kg。

调查样地的土壤中微生物数量从多到少依次为细菌 > 放线菌 > 真菌。其中微生物总数含量最高的为 P7 号样地,达到了 625.28×10^4 cfu/g;P7 号样地土壤中细菌最多,数量为 58.32×10^4 cfu/g;P11 号样地中真菌和放线菌的数量最多,分别为 10.92×10^4 cfu/g、 35.30×10^4 cfu/g。P4 号样地的细菌、真菌、放线菌的数量分别为 26.51×10^4 、 5.81×10^4 、 13.32×10^4 cfu/g,属于各样地中微生物数量较少的一块样地。

表 2 土壤理化性质及微生物数量¹⁾

Table 2 Soil physicochemical characteristics and microbe quantity

样地 编号 No.	类型 Type	含水率/% Moisture content	容重/ $\text{g} \cdot \text{cm}^{-3}$ Bulk density	孔隙度/% Porosity	有机质/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ Organic matter	pH	全氮/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ Total N	全磷/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ Total P
P1	4	(18.51±3.24)a	(1.49±0.07)c	(43.65±2.12)c	(18.46±1.08)bc	(5.48±0.02)de	(0.98±0.05)d	(0.33±0.02)ef
P2	4	(8.42±2.11)c	(1.66±0.10)b	(37.48±1.78)d	(30.96±2.34)a	(5.73±0.04)de	(1.38±0.07)bc	(0.26±0.01)ef
P3	3	(10.23±0.77)bc	(1.33±0.06)de	(49.81±1.65)ab	(28.39±1.67)ab	(6.26±0.09)bc	(1.32±0.04)bc	(0.54±0.04)bc
P4	1	(1.76±0.65)d	(1.35±0.11)de	(48.93±3.07)ab	(5.84±0.76)de	(6.88±0.13)a	(0.42±0.02)e	(0.21±0.01)f
P5	2	(8.90±0.98)c	(1.39±0.04)cd	(47.55±3.07)ab	(28.46±1.63)ab	(5.77±0.05)cd	(1.41±0.11)bc	(0.48±0.03)de
P6	2	(13.90±2.97)b	(1.29±0.02)e	(51.32±2.87)a	(27.38±1.07)ab	(5.34±0.04)de	(1.43±0.09)bc	(0.56±0.07)cd
P7	1	(9.97±0.78)bc	(1.59±0.10)ab	(40.05±1.56)de	(28.31±1.23)ab	(6.77±0.07)ab	(1.47±0.06)b	(0.54±0.04)cd
P8	3	(13.20±2.49)b	(1.45±0.07)cd	(45.28±3.12)bc	(23.87±1.18)b	(6.82±0.09)ab	(1.23±0.04)c	(0.39±0.03)e
P9	4	(9.21±0.78)bc	(1.75±0.10)a	(31.58±3.07)e	(7.21±0.56)b	(4.36±0.10)f	(1.19±0.06)cd	(0.59±0.08)cd
P10	4	(12.51±3.12)b	(1.45±0.07)cd	(44.91±2.42)bc	(13.95±3.07)cd	(5.57±0.04)d	(1.77±0.10)a	(0.97±0.16)a
P11	1	(10.68±2.49)bc	(1.56±0.10)bc	(40.75±3.02)cd	(16.97±2.58)bc	(4.45±0.08)f	(1.56±0.09)b	(0.83±0.12)ab
P12	3	(9.32±0.55)bc	(1.48±0.05)cd	(43.77±5.67)c	(9.15±1.18)d	(4.50±0.09)f	(1.38±0.07)bc	(0.74±0.10)bc
P13	2	(7.95±0.51)c	(1.54±0.10)c	(41.51±3.12)cd	(8.15±0.63)d	(4.21±0.09)f	(1.51±0.11)b	(0.68±0.07)bc

样地 编号 No.	全钾/ $\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$ Total K	速效氮/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ Available N	速效磷/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ Available P	速效钾/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ Available K	细菌数量/ $\times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ Bacteria	真菌数量/ $\times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ Fungi	放线菌数量/ $\times 10^4 \text{ cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ Actinomycetes	微生物 总数/ $\times 10^4$ $\text{cfu} \cdot \text{g}^{-1}$ Total
P1	(75.42±1.54)a	(68.04±7.63)e	(2.47±0.09)ef	(47.34±10.15)ef	(31.21±7.34)cd	(8.56±0.97)b	(14.59±2.34)cd	335.25 de
P2	(60.42±1.47)b	(64.68±9.87)e	(1.99±0.07)f	(43.65±8.23)ef	(37.16±9.87)c	(7.22±1.02)ab	(26.31±5.13)b	405.13 cd
P3	(20.83±0.96)f	(73.12±10.02)de	(4.35±0.17)de	(65.52±12.23)de	(43.64±10.32)bc	(3.21±0.76)d	(15.98±3.12)cd	455.59 c
P4	(17.92±0.87)fg	(56.24±1.67)e	(2.54±0.10)ef	(87.26±12.45)d	(26.51±6.76)d	(5.81±0.87)cd	(13.32±2.14)cd	284.23 e
P5	(3.75±0.05)g	(69.92±6.89)de	(1.74±0.06)f	(153.96±15.34)b	(42.34±7.89)bc	(6.38±1.03)bc	(16.55±3.24)cd	446.33 cd
P6	(3.75±0.04)g	(118.44±11.56)a	(1.52±0.06)f	(55.61±7.23)ef	(29.78±9.76)cd	(6.97±1.36)bc	(8.13±1.67)d	312.90 de
P7	(28.75±1.39)ef	(58.6±8.63)e	(12.83±1.54)a	(187.52±16.56)a	(58.32±10.87)a	(6.87±0.98)bc	(35.21±1.56)a	625.28 a
P8	(23.67±1.23)f	(67.34±8.23)e	(5.76±0.43)de	(145.67±7.65)bc	(48.03±11.56)b	(5.76±1.23)c	(23.32±4.45)bc	509.38 bc
P9	(2.87±0.47)g	(63.43±10.12)e	(4.56±0.10)de	(23.57±9.23)f	(30.11±8.54)cd	(6.07±1.03)c	(16.13±3.87)cd	323.30 de
P10	(5.01±1.01)g	(104.26±18.67)bc	(3.82±1.97)ef	(43.58±12.75)ef	(51.43±11.76)ab	(9.36±1.04)ab	(32.09±6.89)ab	555.75 ab
P11	(3.53±0.08)g	(76.39±12.20)de	(7.09±1.53)ed	(32.68±6.96)ef	(48.05±11.04)b	(10.92±1.54)a	(35.30±6.04)a	526.72 bc
P12	(6.02±1.02)g	(82.87±10.76)cd	(8.31±1.43)c	(34.63±11.00)ef	(39.63±10.96)bc	(7.81±1.36)bc	(23.32±5.67)bc	427.43 cd
P13	(8.56±1.21)g	(69.27±10.58)de	(9.99±1.84)bc	(64.21±13.14)de	(49.76±13.34)ab	(8.48±2.08)ab	(34.55±6.57)ab	540.63 b

1) 表中数据为平均值±标准差($n=3$)。同列数值后不同字母代表经 ANOVA 分析,处理间有显著差异($P<0.05$)。

The data are mean±SD. Different lowercase letters in the same column represent significant difference at 0.05 level by ANOVA.

2.2 土壤因子间的相互关系

相关分析表明,土壤各因子间的相关性差异很大(表 3),其中,存在极显著正相关的是:含水率与土壤类型;pH 与孔隙度、有机质;全磷含量与全氮含量;速效氮含量与全氮含量、全磷含量;速效磷含量与全氮含量、全磷含量;速效钾含量与有机质、pH;真菌数量与全氮含量、速效磷含量、速效钾含量;细菌数量与容重、全氮含量、全磷含量、速效 N 和真菌含量;放线菌数量与容重、全氮含量、速效磷含量、真菌数量、细菌数量。存在极显著负相关的是:孔隙度与容重;全磷含量与 pH;全钾含量与全磷

含量;速效氮含量与 pH、全钾含量;速效钾含量与土壤类型、速效氮含量;细菌数量与 pH。孔隙度与容重呈极显著负相关,孔隙度越小,土壤板结严重,则容重增加。有机质与含水率成正相关,可能是由于有机质能够吸附一定的水分,形成胶体。pH 与土壤中的 N、P、K 含量有显著的相关性,可能是由于土壤的酸碱度能够影响 N、P、K 的合成与分解。土壤中的微生物,包括真菌、细菌、放线菌数量均与 N、P 含量呈正相关,说明 N、P 元素能够影响微生物的数量。三类微生物间也存在着极显著的正相关关系,表明三类微生物之间彼此依存。

表 3 土壤理化性质、微生物数量的相关性分析¹⁾

Table 3 Correlation analysis between soil physicochemical characteristics and microbe quantity

类型 Type	含水率/% Moisture content	容重/ g·cm ⁻³ Bulk density	孔隙度/% Porosity	有机质/ g·kg ⁻¹ Organic matter	pH	全氮/ g·kg ⁻¹ Total N	全磷/ g·kg ⁻¹ Total P	全钾/ g·kg ⁻¹ Total K	速效氮/ g·kg ⁻¹ Available N	速效磷/ g·kg ⁻¹ Available P	速效钾/ g·kg ⁻¹ Available K	真菌/ ×10 ⁴ cfu·g ⁻¹ Fungi	细菌/ ×10 ⁴ cfu·g ⁻¹ Bacteria	放线菌/ ×10 ⁴ cfu·g ⁻¹ Actinomycetes
1														
含水率/% Moisture content	1													
容重/g·cm ⁻³ Bulk density	0.095	1												
孔隙度/% Porosity	0.168	-0.633**	1											
有机质/g·kg ⁻¹ Organic matter	0.361*	-0.115	0.275	1										
pH	-0.191	-0.093	0.420**	0.464**	1									
全氮/g·kg ⁻¹ Total N	0.131	0.386*	0.237	-0.075	0.384*	1								
全磷/g·kg ⁻¹ Total P	-0.200	0.132	0.215	-0.088	-0.651**	0.546**	1							
全钾/g·kg ⁻¹ Total K	0.384*	0.340*	0.185	-0.114	0.334*	0.318*	-0.550**	1						
速效氮/g·kg ⁻¹ Available N	-0.120	0.319*	0.105	-0.148	-0.631**	0.593**	0.632**	-0.488**	1					
速效磷/g·kg ⁻¹ Available P	-0.177	0.032	0.322*	-0.173	-0.110	0.525**	0.492**	-0.265	0.252	1				
速效钾/g·kg ⁻¹ Available K	-0.439**	-0.043	-0.081	0.454**	0.675**	-0.029	-0.212	0.001	-0.415**	0.184	1			
真菌/×10 ⁴ cfu·g ⁻¹ Fungi	-0.169	0.279	0.374*	0.267	0.100	0.621**	0.392*	-0.115	0.323*	0.707**	0.439**	1		
细菌/×10 ⁴ cfu·g ⁻¹ Bacteria	-0.060	0.363*	0.434**	-0.201	-0.461**	0.436**	0.408**	-0.007	0.654**	0.391*	-0.236	0.462**	1	
放线菌/×10 ⁴ cfu·g ⁻¹ Actinomycetes	-0.169	0.049	0.546**	-0.220	-0.023	0.597**	0.407*	-0.068	0.347*	0.811**	0.137	0.815**	0.629**	1

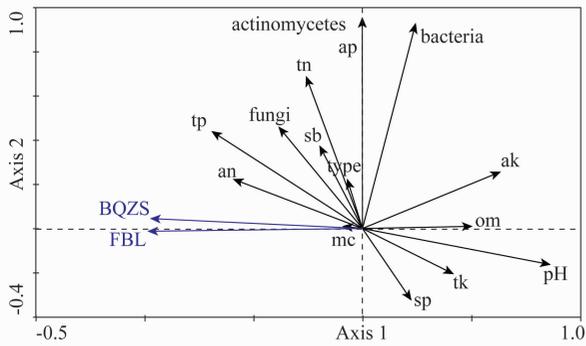
1) ** 表示在 0.01 水平(双侧)上显著相关。* 表示在 0.05 水平(双侧)上显著相关。

** indicate significant difference at 0.01 level. * indicate significant difference at 0.05 level.

2.3 降香黄檀病害发生情况与土壤因子的 RDA 综合分析

2.3.1 影响降香黄檀叶部病害发生的主导土壤因子筛选及解释

经 CANOCO 的 forward 分析表明,pH、速效氮含量、全磷含量和速效钾含量对降香黄檀叶部病害发生的影响最为显著。RDA 分析显示(图 1),第一轴能够解释所有信息的 88.5%,第二轴能解释 9.1%,累计解释信息量达 97.6%。由此可知,前两轴能够很好地反映病害与土壤因子的关系,并且主要是由第一轴决定。从图 1 中可以看出,pH 与病害发生呈极显著负相关,速效氮含量与病害发生正相关,全磷含量与叶部病害呈正相关关系,速效钾含量与叶部病害呈负相关关系。



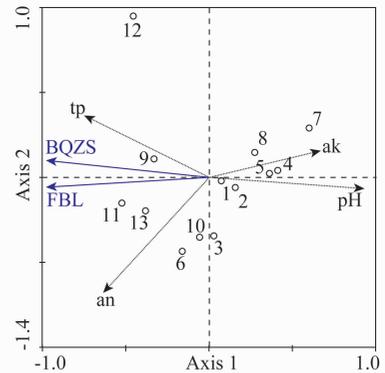
pH, om, mc, tn, tp, tk, an, ap, ak, type, sb, sp, bacteria, fungi, actinomycetes, FBL, BQZS 分别代表 pH、有机质、含水量、全氮、全磷、全钾、速效氮、速效磷、速效钾、土壤类型、容重、孔隙度、细菌、真菌、放线菌、发病率、病情指数
pH, om, mc, tn, tp, tk, an, ap, ak, type, sb, sp, bacteria, fungi, actinomycetes, FBL, BQZS represent pH, organic matter, moisture content, total N, total P, total K, available N, available P, available K, soil type, bulk density, porosity, bacteria, fungi, actinomycetes, disease incidence, disease index, respectively

图 1 降香黄檀叶部病害发生情况与土壤因子关系的冗余分析

Fig. 1 Redundancy analysis of the relationship between *Dalbergia odorifera* leaf disease occurrence and soil variables

2.3.2 4 个主导土壤因子 RDA 的排序及解释

通过对 15 个土壤因子进行筛选得出 4 个对于病害发生有显著影响的土壤因子,特提取这 4 个主导因子做 RDA 二维排序图,进一步分析主导因子对病害发生的贡献率并了解 15 个变量的信息解释量与 4 个变量的信息解释量的差异。RDA 分析结果显示,土壤因子对病害发生影响的重要性排序为:pH>全磷>速效钾>速效氮(图 2)。此外,仅选择这 4 个土壤变量可解释土壤因素与病害关系的 90.1%的信息量,比 15 个变量所解释的信息量仅少 7.5%(表 4)。并且通过 499 次 monte carlo 置换检验,所有的排序轴与土壤因子之间均达到了极显著水平($F=68.840, P=0.002$),说明排序轴与土壤因子之间的线性结合程度能较好地反映土壤与病害的关系,并且排序的结果是可靠的。



图中数字代表调查的 13 个样地;pH、tp、an、ak、FBL、BQZS 分别代表 pH、全磷、速效氮、速效钾、发病率、病情指数
The figures in the graph represent the 13 sampling plots; pH, tp, an, ak, FBL, BQZS represent pH, total P, available N, available K, disease incidence, disease index, respectively

图 2 4 个主导土壤因子 RDA 排序图

Fig. 2 RDA ordination of four dominant soil variables

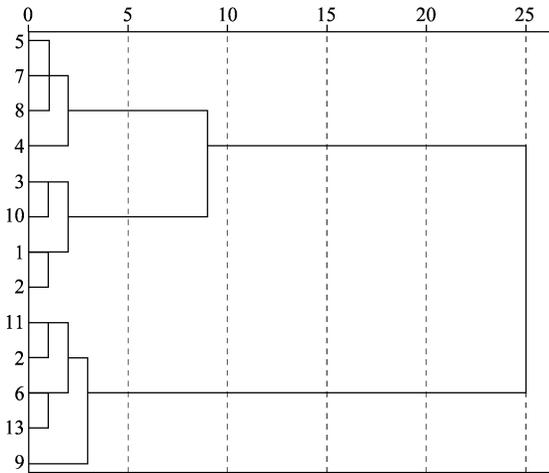
表 4 4 个主导土壤因子的 RDA 分析结果

Table 4 The RDA results of four dominant soil variables

土壤因子 Soil variable	第 I 轴 Axis I	第 II 轴 Axis II	第 III 轴 Axis III	第 IV 轴 Axis IV
pH	0.869 3	-0.161 9	-0.035 4	0.125 4
全磷 Total P	-0.693 8	0.445 7	0.115 5	0.125 4
有效氮 Available N	-0.593 7	0.225 4	-0.401 3	0.316 8
有效钾 Available K	0.633 3	0.259 7	-0.001 7	0.320 7
特征值 Eigenvalues	0.896	0.005	0.086	0.013
累计解释量 Cumulative percentage variance of species data	89.6	90.1	98.7	100.0
典范特征值 Sum of all canonical eigenvalues	0.901			
总特征值 Sum of all eigenvalues	1.000			

2.4 样地聚类分析

对 13 个不同感病程度的降香黄檀样地的发病率和病情指数进行聚类分析,结果见图 3。按照样地中降香黄檀感病程度的高低将调查样地分为 3 种不同类型。I 类:包括样地 P5、P7、P8、P4; II 类:包括样地 P3、P10、P1、P2; III 类:包括样地 P11、P12、P6、P13、P9。I 类代表轻度感病区,样地平均发病率为 16.28%,病情指数为 13.02; II 类代表中度感病区,样地平均发病率为 49.24%,病情指数为 32.22; III 类代表重度感病区,样地平均发病率 87.79%,病情指数为 59.93。



图中数字代表调查的 13 个样地
The figures in the graph represent the 13 sampling plots

图 3 降香黄檀人工林叶部病害样地聚类图
Fig. 3 Cluster analysis of sampling plots of *Dalbergia odorifera* leaf disease

2.5 4 个主导因子与病害发生的关系

为了更加深入地了解病害与主导土壤因子的关系,在 RDA 分析的基础上,通过聚类分析,将样地划分为 3 种不同类型,并将 4 个对病害有显著影响的土壤因子做进一步分析,对比 3 种不同类型的样地中 4 个土壤主导因子与病害发生的关系。

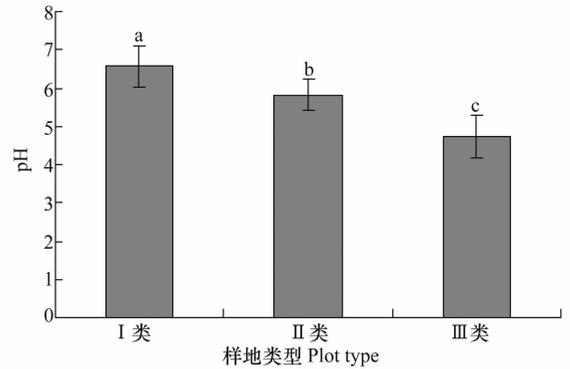
2.5.1 pH 与病害发生的关系

方差分析表明,pH 在不同发病程度的降香黄檀人工林样地的差异性达到极显著水平($F=22.718, P=0.000$)。降香黄檀人工林发病较轻的 I 类样地土壤中的 pH 平均值为 6.56,明显高于发病严重的 III 类样地的 pH。说明降香黄檀人工林的病情随着土壤 pH 减小而加重(图 4)。

2.5.2 速效氮含量与病害发生的关系

速效氮含量在不同发病程度的样地差异显著($F=12.422, P=0.007$)。在 II 类和 III 类样地中速

效氮含量差异不显著,而两者均与 I 类样地存在显著差异。重度感病的 III 类样地的速效氮含量平均值为 82.08 mg/kg,明显高出 I 类样地。结果表明,随着土壤中速效氮含量的增加,病害发生加重(图 5)。



数据为平均值±标准差。柱上不同小写字母表示经 LSD 最小显著差异性分析在 $\alpha=0.05$ 水平差异显著。I 类:轻度感病区; II 类:中度感病区; III 类:重度感病区。下同
The data are mean±SD. Different lowercase letters on the bar indicate significant difference at 0.05 level by LSD. Type I: Mildly susceptible plot; Type II: Moderately susceptible plot; Type III: Highly susceptible plot. The same below

图 4 不同类型的降香黄檀样地与土壤 pH 的关系

Fig. 4 Correlation between soil pH and different susceptible plot type of *Dalbergia odorifera*

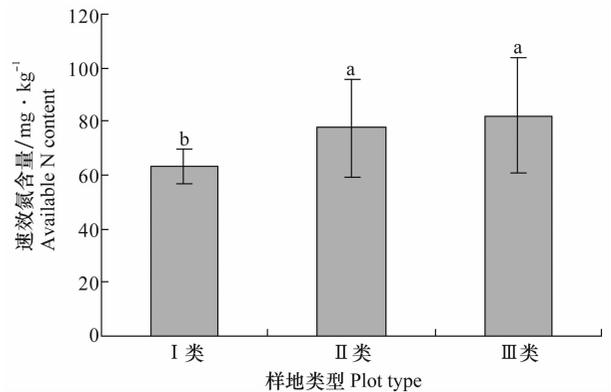


图 5 不同类型的降香黄檀样地与土壤速效氮的关系

Fig. 5 Correlation between available N content and different susceptible plot type of *Dalbergia odorifera*

2.5.3 全磷含量与病害发生的关系

全磷含量在不同发病程度的样地差异达到显著水平($F=10.411, P=0.011$)。全磷含量在 I 类和 II 类样地中差异不显著,而两者均与 III 类样地存在显著差异。重度感病 III 类样地的全磷含量平均值为 0.68 g/kg,轻度感病 I 类样地的全磷含量平均值为 0.41 g/kg。全磷含量高的样地病害发生严重,而土壤中全磷含量低的样地病情相对较轻(图 6)。

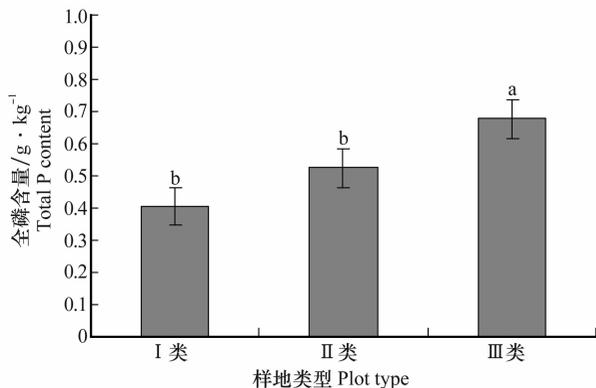


图 6 不同类型的降香黄檀样地与土壤全磷的关系

Fig. 6 Correlation between total P content and different susceptible plot type of *Dalbergia odorifera*

2.5.4 速效钾含量与病害发生的关系

速效钾含量在不同发病程度的样地差异显著 ($F=19.924, P=0.000$)。多重比较发现,在 II 类和 III 类样地速效钾的含量差异不显著,而两者均与 I 类样地的速效钾含量存在显著差异。从样地分类分析可以看出,轻度感病区的 I 类样地的速效钾含量平均值为 143.60 mg/kg,明显高于其他两类样地土壤中速效钾的含量。由此说明,土壤速效钾含量与降香黄檀叶部病害的发生程度呈明显的负相关,即土壤中速效钾含量越高,病害发生情况越轻微。降香黄檀人工林的病情随着土壤速效钾含量减小而加重(图 7)。

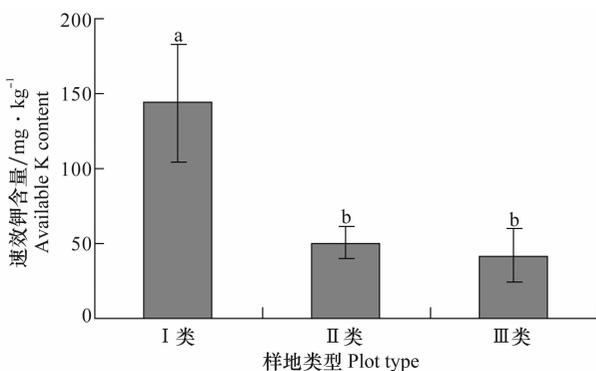


图 7 不同类型的降香黄檀样地与土壤速效钾的关系

Fig. 7 Correlation between available K content and different susceptible plot type of *Dalbergia odorifera*

3 结论

对土壤因子的所有指标进行冗余分析发现, pH、速效氮含量、全磷含量、速效钾含量是能显著解释影响降香黄檀人工林叶部病害发生的最小变量组合。此 4 项指标可解释 90.1% 的病害发生与土壤因子的关系信息, 仅比 15 个土壤因子共同解释的信

息量少了 7.5%。

土壤因子对病害发生影响的重要性排序为: pH > 速效氮含量 > 全磷含量 > 速效钾含量。降香黄檀人工林叶部病害的发生与 pH 和速效钾含量呈负相关, 病害的发生与全磷含量和速效氮含量呈正相关。

通过聚类(cluster)分析将样地划分为轻度感病区、中度感病区、重度感病区 3 种不同类型。在轻度感病区的样地, 土壤中的 pH 高、速效钾含量高; 在重度感病区的样地, 土壤中的速效氮、全磷的含量较高。

4 讨论

有关土壤因子与病害的关系, 国内外学者主要针对土壤理化性质与病害的关系研究^[9-12], 较少考虑到土壤微生物指标对病害的影响, 病害调查一般是以病情指数为指标^[33-34]。本研究比较全面地筛选了 15 个土壤理化指标和微生物指标, 以病情指数和发病率作为病害评价指标, 对土壤因子与降香黄檀叶部病害的关系做了研究。

土壤化学因素对降香黄檀叶部病害发生的影响显著, 而物理因素和微生物因素对病害影响较小。pH 和速效钾含量与病害发生呈负相关, 速效氮含量和全磷含量与病害发生呈正相关。本研究表明: pH 对降香黄檀叶部病害发生的影响达到极显著水平 ($P < 0.01$)。原因可能是: 本研究所调查样地的土壤 pH 在 4~6, 属于酸性土壤, 而降香黄檀主要叶部病害炭疽病的病原菌为胶孢炭疽菌, 该菌适宜在酸性环境下生长繁殖, 低 pH 为病菌的生长创造了更为有利的条件, 加剧了病原菌侵染的机会。这与油松落叶病病情随着土壤 pH 减小而加重的结论相同^[33]。速效氮含量和全磷含量与病害发生呈正相关。已有研究表明, 速效氮含量过多会导致病害加剧^[33]。原因可能是在氮素过多的情况下, 植株营养生长过盛, 造成植株过嫩、密度过大, 尤其是秋季氮素过多可导致枝条生长繁茂, 这为病原菌在植株间传播创造条件, 导致病情严重。另一方面, 土壤速效氮含量高, 病原菌得到的营养多, 因而容易繁殖, 与 van Dijk 等^[9]和廖太林等^[10]得出的松树叶部病害的发生与土壤中氮、磷含量关系的结果一致。速效钾含量越高, 降香黄檀叶部病害发生率越低。钾可以提高植株抗病性, 是植物抗性防御的重要影响因素。一方面, 钾含量可以提高植株叶细胞的渗透压, 促进组织中低

分子化合物(如葡萄糖)转变为高分子化合物(如纤维等),降低可溶性养分含量,起到抑制病原菌生长发育的作用^[11]。另一面,钾元素的缺乏将导致植株本身发育不良,抗病性能差,为病原菌的侵入创造了便利的条件。因此,提高土壤中的钾含量,能降低降香黄檀叶部病害的发生。本试验的结论与曾亮忠等^[11]、林挺秀^[12]研究湿地松叶部病害发生与钾的关系的结论一致,并认为施用钾肥对抑制病害发生有一定效果。

目前,因子分析、相关分析、主成分分析、回归分析等多种传统多元统计分析方法在生态学领域应用广泛,并且在解决特定的问题上各具优势^[22]。RDA分析优点如下:第一,不仅可以有效地简化变量个数,还能独立保持各个变量对环境的贡献率^[13-14]。第二,能对具体指标解释能力的大小及排序的可靠性进行定量描述^[15-16]。本研究利用冗余分析技术研究土壤因子与病害发生之间的关系,直观地解释了多变量之间的相互作用,是对该方法应用的有益尝试。

本论文只采用了 15 个指标研究土壤因子与病害的关系,仅反映了土壤的一部分情况;另外本论文采用传统的平板培养法测定土壤微生物数量,由于培养基上可培养的微生物 $\leq 1\%$,所以试验结果不能完全反映土壤微生物的数量。因此利用更全面、先进的方法,如高通量测序技术来研究土壤微生物多样性,能更准确反映土壤的实际状况。

参考文献

- [1] 董文统,刘君昂,周国英,等. 海南省乡土树种病虫害发生现状[J]. 中南林业科技大学学报, 2014, 34(6):55-59.
- [2] 伍慧雄,庄雪影,温秀军,等. 降香黄檀病虫害调查[J]. 广东林业科技, 2009, 25(6):86-88.
- [3] 桑利伟,刘爱勤,孙世伟,等. 海南降香黄檀炭疽病原鉴定及防治[J]. 热带农业科学, 2009, 29(8):23-25.
- [4] 杨新全,冯锦东,魏建和,等. 我国特有濒危药用植物降香黄檀遗传多样性研究[J]. 世界科学技术-中医药现代化, 2007(2):73-76.
- [5] 黄星. 降香黄檀籽黄酮的提取分离及生理活性研究[D]. 无锡:江南大学, 2012.
- [6] 余敏. 降香黄檀与多裂黄檀木材 DNA 提取及其 rDNA-ITS 序列分析[D]. 合肥:安徽农业大学, 2012.
- [7] 伍庆均. 降香黄檀培育技术[J]. 广东林业科技, 2014(1):74-77.
- [8] 黄馨,刘君昂,周国英,等. 降香黄檀不同混交模式土壤肥力的比较研究[J]. 土壤通报, 2014, 45(5):1130-1135.
- [9] van Dijk H F G, van der Gaag M, Perik P J M, et al. Nutrient availability in Corsican pine stands in the Netherlands and the occurrence of *Sphaeropsis sapinea*: a field study [J]. Canadian Journal of Botany, 1992, 70(4):870-875.
- [10] 廖太林,叶建仁. 松树枯梢病的发生与土壤条件的关系[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2005, 29(6):126-128.
- [11] 曾亮忠,陈丽娟,梁一池,等. 土壤条件控制湿地松针叶病害的研究[J]. 福建林学院学报, 1985, 11(5):27-34.
- [12] 林挺秀. 湿地松针叶病害与土壤养分条件的关系研究[J]. 林业勘察设计, 2003(1):3-6.
- [13] Ter Braak C J F. CANOCO-a FORTRAN program for canonical community ordination by partial detrended canonical correspondence analysis, principal component analysis and redundancy analysis [M]. Version 2. 1. Agricultural Mathematics Group, Netherlands: Wageningen, 1988.
- [14] Ter Braak C J F, Smilauer P. CANOCO reference manual and user's guide to Canoco for Windows [M]. Version 4. New York: Centre for Biometry Wageningen, 2002.
- [15] Brokaw J M. Comparing explanatory variables in the analysis of species composition of a tall grass prairie [J]. Proceedings of the Oklahoma Academy of Science, 2004, 84:33-40.
- [16] Franklin J, Wiser S K, Drake D R, et al. Environment disturbance history and rain forest composition across the islands of Tonga, Western Polynesia [J]. Journal of Vegetation Science, 2006, 17:233-244.
- [17] Borcard D, Legendre P, Drapeau P. Partialling out the spatial component of ecological variation [J]. Ecology, 1992, 73(3):1045-1055.
- [18] Nobes K, Uthicke S, Henderson R. Is light the limiting factor for the distribution of benthic symbiont bearing foraminifera on the Great Barrier Reef [J]. Journal of Experimental Marine Biology and Ecology, 2008, 363:48-57.
- [19] Hietel E, Waldhardt R, Otte A. Statistical modeling of land-cover changes based on key socio-economic indicators [J]. Ecological Economics, 2007, 62:496-507.
- [20] Benjamin K, Bouchard A, Domon G. Abandoned farmlands as components of rural landscapes: An analysis of perceptions and representations [J]. Landscape and Urban Planning, 2007, 83(4):228-244.
- [21] 龙健,廖洪凯,李娟,等. 基于冗余分析的典型喀斯特山区土壤-石漠化关系研究[J]. 环境科学, 2012, 33(6):2131-2138.
- [22] 董旭辉,羊向东,刘恩峰,等. 冗余分析(RDA)在简化湖泊沉积指标体系中的应用—以太白湖为例[J]. 地理研究, 2007, 26(3):477-484.
- [23] 李燕,李恒鹏. 太湖上游流域下垫面因素对面源污染物输出强度的影响[J]. 环境科学, 2008, 29(5):1319-1324.
- [24] 史志华,朱华德,陈佳,等. 小流域土壤水分空间异质性及其与环境因子的关系[J]. 应用生态学报, 2012, 23(4):889-895.
- [25] 唐艳凌,章光新. 流域非点源污染物输出的环境因子分析[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(4):725-732.
- [26] 尹铠,崔胜辉,赵千钧,等. 基于冗余分析的城市森林下层植物多样性预测[J]. 生态学报, 2009, 29(11):6085-6094.

- United States of America, 1997;94(20):10536 - 10540.
- [9] Pardo-Lopez L, Munoz-Garay C, Porta H, et al. Strategies to improve the insecticidal activity of Cry toxins from *Bacillus thuringiensis* [J]. Peptides, 2009, 30(3):589 - 595.
- [9] Pérez C, Fernandez L E, Sun J, et al. *Bti* Cry11Aa and Cyt1Aa toxins interactions support the synergism-model that Cyt1Aa functions as membrane-bound receptor[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2005,102:18303 - 18308.
- [10] Abdullah M A, Moussa S, Taylor M D, et al. *Manduca sexta* (Lepidoptera:Sphingidae) cadherin fragments function as synergists for Cry1A and Cry1C *Bacillus thuringiensis* toxins against noctuid moths *Helicoverpa zea*, *Agrotis ipsilon* and *Spodoptera exigua* [J]. Pest Management Science, 2009, 65(10):1097 - 1103.
- [11] Hua G, Park Y, Adang M J. Cadherin AdCad1 in *Alphitobius diaperinus* larvae is a receptor of Cry3Bb toxin from *Bacillus thuringiensis* [J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2014, 45:11 - 17.
- [12] Peng Donghai, Xu Xiaohui, Ye Weixing, et al. *Helicoverpa armigera* cadherin fragment enhances Cry1Ac insecticidal activity by facilitating toxin-oligomer formation [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2010, 85(4):1033 - 1040.
- [13] Yang Zhongxia, Zhang Wenli, Wu Qingjun, et al. Effects of injecting cadherin gene dsRNA on growth and development in diamondback moth *Plutella xylostella* (Lep.:Plutellidae)[J]. Journal of Applied Entomology, 2009, 133(2):75 - 81.
- [14] Angst B D, Marcozzi C, Magee A I. The cadherin superfamily; diversity in form and function [J]. Journal of Cell Science, 2001, 114:629 - 641.
- [15] Gahan L J, Gould F, Heckel D G. Identification of a gene associated with Bt resistance in *Heliothis virescens* [J]. Science, 2001,293(5531):857 - 860.
- [16] Jurat-Fuentes J L, Adang M J. The *Heliothis virescens* cadherin protein expressed in *Drosophila* S2 cells functions as a receptor for *Bacillus thuringiensis* Cry1A but not Cry1Fa toxins [J]. Biochemistry, 2006, 45(32):9688 - 9695.
- [17] Xie R, Zhuang M, Ross L S, et al. Single amino acid mutations in the cadherin receptor from *Heliothis virescens* affect its toxin binding ability to Cry1A toxins [J]. Journal of Biological Chemistry, 2005, 280(9):8416 - 8425.
- [18] Xu Xijun, Yu Liangying, Wu Yidong. Disruption of a cadherin gene associated with resistance to Cry1Ac δ -endotoxin of *Bacillus thuringiensis* in *Helicoverpa armigera* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(2):948 - 954.
- [19] Wang Guirong, Wu Kongming, Liang Gemei, et al. Gene cloning and expression of cadherin in midgut of *Helicoverpa armigera* and its Cry1A binding region [J]. Science in China Series C:Life Sciences, 2005, 48(4):346 - 356.
- [20] Flannagan R D, Yu C G, Mathis J P, et al. Identification, cloning and expression of a Cry1Ab cadherin receptor from European corn borer, *Ostrinia nubilalis* (Hübner) (Lepidoptera:Crambidae)[J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2005, 35(1):33 - 40.
- [21] Morin S, Biggs R W, Sisterson M S, et al. Three cadherin alleles associated with resistance to *Bacillus thuringiensis* in *pink bollworm* [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2003, 100(9):5004 - 5009.
- [22] 杨峰山,张友军,张文吉,等. 小菜蛾类钙黏蛋白 cDNA 片段的克隆和序列分析[J]. 农业生物技术学报, 2005, 13(3):396 - 397.
- [23] Fabrick J, Oppert C, Lorenzen M D, et al. A novel *Tenebrio molitor* cadherin is a functional receptor for *Bacillus thuringiensis* Cry3Aa toxin [J]. Journal of Biological Chemistry, 2009, 284(27):18401 - 18410.
- [24] Pacheco S, Gomez I, Gill S S, et al. Enhancement of insecticidal activity of *Bacillus thuringiensis* Cry1A toxins by fragments of a toxin-binding cadherin correlates with oligomer formation [J]. Peptides, 2009, 30(3):583 - 588.
- [25] Dorsch J A, Candas M, Griko N B, et al. Cry1A toxins of *Bacillus thuringiensis* bind specifically to a region adjacent to the membrane-proximal extracellular domain of BT-R1 in *Manduca sexta*; involvement of a cadherin in the entomopathogenicity of *Bacillus thuringiensis* [J]. Insect Biochemistry and Molecular Biology, 2002, 32:1025 - 1036.
- [26] 郑晓旭,杨峰山,朱勋,等. 小菜蛾类钙黏蛋白片段的原核融合表达载体构建及其条件优化[J]. 中国蔬菜, 2013(14):7 - 15.
- [27] Liu Chenxi, Wu Kongming, Wu Yidong, et al. Reduction of *Bacillus thuringiensis* Cry1Ac toxicity against *Helicoverpa armigera* by a soluble toxin-binding cadherin fragment [J]. Journal of Insect Physiology, 2009, 55(8):686 - 693.

(责任编辑:田喆)

(上接 44 页)

- [27] 李然然,章光新,张蕾. 查干湖湿地浮游植物与环境因子关系的多元分析[J]. 生态学报, 2014, 34(10):2663 - 2673.
- [28] 贡璐,朱美玲,塔西普拉提,等. 塔里木盆地南缘早生芦苇生态特征与水盐因子关系[J]. 生态学报, 2014, 34(10):2509 - 2518.
- [29] 秦华,李国栋,叶正钱,等. 集约种植雷竹林土壤细菌群落结构的演变及其影响因素[J]. 应用生态学报, 2010, 21(10):2645 - 2651.
- [30] 何苑晔,周国英,王圣洁,等. 杉木人工林土壤真菌遗传多样性[J]. 生态学报, 2014, 34(10):2725 - 2736.
- [31] 麻耀华,尹淑丽,张丽萍,等. 复合微生态制剂对黄瓜根际土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 植物保护, 2012, 38(2):46 - 50.
- [32] 刘鸿雁,黄建国. 缙云山森林群落次生演替中土壤理化性质的动态变化[J]. 应用生态学报, 2005, 16(11):37 - 42.
- [33] 石凤莲,高国平,黄荣雁,等. 油松落叶病的发生与土壤条件关系的分析[J]. 辽宁林业科技, 2007(2):15 - 18.
- [34] 束庆龙,徐建敏,肖斌,等. 土壤肥力对板栗枝干病害的影响[J]. 应用生态学报, 2003, 14(10):1617 - 1621.

(责任编辑:杨明丽)