

# 马尾松低效林不同改造模式土壤微生物 及土壤酶活性的研究

郑伟<sup>1</sup> 霍光华<sup>1\*</sup> 骆昱春<sup>2</sup> 揭建林<sup>2</sup> 刘光正<sup>2</sup> 岳军伟<sup>2</sup> ,  
徐林初<sup>2</sup> 张华耀<sup>3</sup> 徐福华<sup>4</sup> 朱恒<sup>4</sup>

(1. 江西农业大学 生物科学与工程学院, 江西 南昌 330045; 2. 江西省林业科学院, 江西 南昌 330032; 3. 江西省万年县林业局, 江西 万年 335500; 4. 江西省上饶市林业科学研究所, 江西 上饶 334000)

**摘要:** 马尾松是我国南方主要用材树种之一, 在红壤低山丘陵区因立地条件较差, 存在着大面积的低效马尾松林。选择经补植阔叶树改造后的低效马尾松林为研究对象, 并以附近自然恢复(受到人为干扰)的低效马尾松林地作对照, 研究不同林型的土壤微生物、酶活性以及土壤理化性质。结果表明: (1) 马尾松低效林进行改造后土壤微生物数量明显增加, 且上层微生物数量明显多于下层, 各改造模式中马尾松—木荷混交模式最多。(2) 在 0~20 cm 土层, 改造后的林分其林地土壤过氧化氢酶、多酚氧化酶和脲酶活性均明显高于对照地; 20~40 cm 土层, 不同酶的活性在不同林分中表现不同。(3) 土壤微生物总量与土壤速效 N、速效 P 含量以及多酚氧化酶、脲酶、蔗糖酶活性均为极显著相关; 经多元逐步回归分析, 蔗糖酶活性是影响微生物总量的第一位因子。(4) 全磷含量是影响多酚氧化酶和过氧化氢酶活性的最主要因子; 速效 P 是影响土壤脲酶活性的第一位因子; pH 值是影响土壤蔗糖酶活性的关键因子。

**关键词:** 马尾松; 土壤微生物; 土壤酶活性; 土壤理化性质

中图分类号: S154 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2010)04-0743-09

## A Study on the Soil Microorganisms and Enzyme Activity of Different Transformation Models of Deteriorated *Pinus massoniana* Forests

ZHENG Wei<sup>1</sup> HUO Guang-hua<sup>1\*</sup> LUO Yu-chun<sup>2</sup> JIE Jian-lin<sup>2</sup>, LIU Guang-zheng<sup>2</sup>,  
YUE Jun-wei<sup>2</sup>, XU Lin-chu<sup>2</sup> ZHANG Hua-yao<sup>3</sup>, XU Fu-hua<sup>4</sup> ZHU Heng<sup>4</sup>

(1. College of Bioscience and Bioengineering, JAU, Nanchang 330045, China; 2. Jiangxi Academy of Forestry, Nanchang 330032, China; 3. Forestry Bureau of Wannian County, Jiangxi Province, Wannian 335500, China; 4. Shangrao Forestry Research Institute, Jiangxi Province, Shangrao 334000, China)

**Abstract:** *Pinus massoniana* is one of the main timber species in the south of the China, there are large areas of the deteriorated *P. massoniana* forests in the red soil hilly areas due to poor site conditions. The deteriorated *P. massoniana* forests modified by the broad-leaved tree replanting were selected as the research object and the natural recovery (with human interference) deteriorated *P. massoniana* forests nearby as the control. The soil microbe, enzyme activity and soil physico-chemical properties of different forest types were studied. The results showed that: ① deteriorated *P. massoniana* forests that had been transformed had a marked

收稿日期: 2010-03-30 修回日期: 2010-05-13

基金项目: 国家科技攻关重大专项(2006BAD03A1602)

作者简介: 郑伟(1984-), 男, 硕士生, 主要从事微生物学研究, E-mail: zw1984001@163.com; \* 通讯作者: 霍光华, 教授, E-mail: hgh3813899@sohu.com。

increase in the number of soil microorganisms and the number of soil microorganisms in the upper layer were significantly more than those in the lower layers, the number of soil microorganisms in the mixed plantations of *Schima superba* and *P. massoniana* was the maximum. ②in the 0–20 cm soil layer, the activity of woodland soil catalase, polyphenol oxidase, and urease was significantly stronger than that of the control; in the 20–40 cm soil layer, the activity of different enzymes varied in different stand types. ③the correlation between the quantity of soil microbe and soil available N, available P, polyphenol oxidase, urease, invertase was significant, through multiple stepwise regression analysis, invertase activity was the first factor affecting the number of soil microorganism. ④The content of total phosphorus was the most important factor influencing polyphenol oxidase and catalase activity. Soil available P was the first factor affecting the activity of urease, pH was the key factor impacting soil invertase activity.

**Key words:** *Pinus massoniana*; soil microorganism; soil enzyme activity; soil physico-chemical properties

土壤养分、土壤微生物和土壤酶是森林生态系统的重要组成部分。土壤养分含量直接影响林木的生长,土壤微生物通过分解动植物残体而参与森林生态系统的物质循环和能量流动,直接影响土壤的生物化学活性以及土壤养分的组成与转化。微生物数量多,土壤生物活性强,土壤有效养分供给充足,可作为评价土壤肥力的重要指标之一<sup>[1-4]</sup>,而土壤酶参与土壤的许多重要生物化学过程和物质循环,包括枯落物的分解、腐殖质及各种有机化合物的分解与合成、土壤养分的固定与释放以及各种氧化还原反应,直接参与了土壤营养元素的有效化过程,可以客观的反映土壤肥力状况<sup>[5-6]</sup>。研究混交林的土壤养分、微生物和酶活性对于合理利用土壤、营造最佳生态效益的林分、防止地力衰退和改善生态环境具有重大意义。因此,研究不同植被恢复模式下土壤微生物和土壤酶活性的分布变化规律,可以直接或间接地反映不同林分对土壤的改良作用,为不同程度的退化生态系统植被恢复模式的选择提供参考依据。本文通过分析这 4 种混交林的土壤养分、微生物和酶的状况,并与马尾松纯林对比,评价这些混交林对土壤肥力的影响,从营林的角度探讨如何合理利用森林土壤资源,维护地力,为合理利用土壤养分和科学造林提供依据。

## 1 研究区概况及研究方法

### 1.1 研究区概况

研究地点设在万年县中北部的大黄村马尾松林区,隶属鄱阳湖区,典型的低丘岗地,最高海拔 155 m,最低海拔 15.3 m。为亚热带季风气候,秋季干旱,年内降雨量分配不均,8—10 月雨量最少,平均只有 407.3 mm,占年平均降雨量(1 766.9 mm)的 23.05%,且降雨量年际差别较大。年太阳辐射总量为 705.966 kJ/cm<sup>2</sup>,年平均日照时数为 1 887.2 h,年平均温度 17.5 °C,年平均无霜期达 259 d。土壤主要是第四纪红色粘土母质形成的红粘性红壤,土层深厚,有的深达 1 m 以上;pH 值 3.5~4.5,为极酸或偏酸性土壤,质地粘重,肥力较差。

主要森林植物种类有马尾松(*Pinus massoniana*)、木荷(*Schima superba*)、酸枣(*Choerospondias axillaris*)、枫香(*Liquidambar formosana*)、板栗(*Castanea mollissima*)、山矾(*Symplocos sumuntia*)、乌药(*Lindera aggregata*)、乌饭(*Vaccinium bracteatum*)、杜鹃(*Rhododendron simsii*)、白栎(*Quercus fabri*)、黄栀子(*Gardenia jasminoides*)、胡枝子(*Lespedeza bicolor*)、铁芒萁(*Dicranopteris linearis*)等。

### 1.2 材料与方法

大黄低丘低效马尾松试验林的改造从 1985 年开始,在试验区内引入阔叶树造林,有酸枣、香樟、木荷、枫香、拐枣、板栗、刺槐等用材和经济树种,但经过 20 多年的自然筛选和淘汰,目前保留数量较多的改造模式仅只有马尾松×木荷、马尾松×枫香、马尾松×酸枣、马尾松×板栗混交林和自然恢复模式的马尾松低效林等。

1.2.1 取样方法 本文以上 5 种模式为研究对象,在不同类型人工林下各选取 3 块样地,按照常规方法进行林分因子调查。土壤采样按照多点混合采样法,在每种改造模式样地分别随机选取 3 块 1 m×1 m 的小样方,去除土壤表层的枯落物层,挖取土壤剖面并采集土壤样品,采样深度分别为 0~20 cm 和

20~40 cm。为了减少水分蒸发带来的误差以及空气对土壤微生物和酶活性的影响,采样过程尽可能快速。所有土壤带回实验室后,迅速取部分土样测定土壤含水率,将剩下的土壤分为2份:一份土样风干粉碎,过孔径(2 μ)和0.25 mm筛后常温保存,用于测定土壤化学性质;另一份土样迅速过孔径1 mm筛,保存于4℃冰箱,在1个月内测定土壤微生物数量及土壤酶活性<sup>[7]</sup>。

1.2.2 土壤基本化学性质的测定方法 pH采用KCl浸提pH电极测定法;水分采用烘干法;持水量、溶重采用环刀法;有机质(O.M)采用重铬酸钾容量法;全N(TN)采用半微量凯氏法;速效N(AN)采用碱解扩散法;全P采用钼蓝比色法;速效P采用钼蓝比色法;全K采用NaOH熔融-火焰光度法;速效K(AK)采用火焰光度法<sup>[8]</sup>。

1.2.3 土壤酶活性的测定方法 过氧化氢酶活性采用Johnson和Temple法测定,结果以1 g风干土壤滴定所需0.1 mol/L KMnO<sub>4</sub>的体积表示(单位为mL/g);蔗糖酶采用3,5-二硝基水杨酸比色法测定,结果以1 g干土在37℃下24 h放出的葡萄糖表示(单位为mg/g);土壤多酚氧化酶采用邻苯三酚法测定,结果以1 g风干土样在30℃下1 h内生成的没食子素表示(单位为mg/g);脲酶采用Hoffmann和Teicher法测定,结果以培养3 h后1 g风干土壤经尿素水解释放出NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N的质量表示(单位为mg/g)<sup>[7]</sup>。

1.2.4 土壤微生物数量的测定方法 真菌用孟加拉红培养基;放线菌用高氏一号培养基;细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基;固氮菌用改良瓦克斯曼77号培养基;菌种分离和计数均采用选择性培养基。将涂好平板的培养皿放入28℃的培养箱中培养,细菌培养2~3 d,真菌、放线菌培养3~5 d。每处理3个重复<sup>[9]</sup>。

1.2.5 数据处理 利用Excel软件对各样品数据进行处理,利用DPS软件对不同林型土壤微生物、土壤酶、土壤养分作相关性分析以检验其相关性及相关程度<sup>[21]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤微生物的组成与数量

2.1.1 不同植被恢复模式土壤微生物的组成与数量 土壤中的微生物一方面反映土壤的物质和能量代谢的旺盛程度,另一方面也反映土壤的肥力状况。

表1 不同林分土壤微生物的组成与数量(0~40 cm)

Tab.1 The amount and composition of soil microorganism in different forest type(0-40 cm)

林分 Forest type	真菌 Actinomyces		细菌 Bacterium		放线菌 Fungus		微生物总量/(10 <sup>3</sup> 个 ·g <sup>-1</sup> ) Total number of microbes
	数量/(10 <sup>3</sup> 个 ·g <sup>-1</sup> ) Amount	占总数/% Rate	数量/(10 <sup>3</sup> 个 ·g <sup>-1</sup> ) Amount	占总数/% Rate	数量/(10 <sup>3</sup> 个 ·g <sup>-1</sup> ) Amount	占总数/% Rate	
马×木	14.838 5	6.51	197.145 0	86.51	15.895 8	6.98	227.879 3
马×酸	10.671 3	6.62	129.305 0	80.26	21.128 3	13.11	161.104 7
马×枫	11.150 5	9.17	86.991 7	71.55	23.440 0	19.28	121.582 2
马×板	11.150 5	9.17	86.991 7	71.55	23.440 0	19.28	121.582 2
马纯	9.642 2	9.97	77.633 3	80.24	9.472 3	9.79	96.747 83

从表1可以看出,不同林型下土壤的三大类微生物数量明显高于纯林的自然恢复模式,各植被恢复模式土壤中细菌数量对微生物总量的贡献率最大,其中0~40 cm土层微生物总数中细菌占71.55%~86.51%;放线菌次之,占6.98%~19.28%;真菌最少,仅占6.51%~9.97%。5种植被恢复模式0~40 cm土层土壤微生物总量:马木混交林>马酸混交林>马枫混交林=马板混交林>自然恢复地,其中马木混交林约是马尾松纯林的2.36倍,细菌数量和微生物总量大小顺序完全一致;放线菌数量:马枫混交林=马板混交林>马酸混交林>马木混交林>纯林;真菌数量:马木混交林>马枫混交林=马板混交林>马酸混交林>纯林。

2.1.2 土壤微生物的垂直分布规律 不同土层深度土壤微生物的数量分布不同,对不同林分0~20 cm土层及20~40 cm土层三大类微生物数量测定结果见表2。

表 2 不同林分土壤微生物的垂直分布

Tab.2 The plump distribution of soil microorganism in different forest type

× 10<sup>3</sup> /g

林型 Forest type	真菌 Actinomyces		细菌 Bacterium		放线菌 Fungus		微生物总量 Total amount of microbes	
	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm
	马 × 木	18.215	11.462	264.500	129.790	19.878	11.913	302.593
马 × 酸	12.885	8.458	185.617	72.993	29.223	13.033	227.725	94.484
马 × 枫	13.495	8.806	101.217	72.767	32.000	14.880	146.712	96.453
马 × 板	22.012	12.120	195.500	59.680	49.600	25.700	267.112	97.500
马纯	9.274	5.176	119.983	70.428	8.729	5.976	137.987	81.580

由表 2 可知,不同植被恢复模式土壤微生物均随着土层的加深而急剧减少。这是由于土壤表层枯枝落叶分解并转化进入土壤,形成较厚的腐殖质层,有机质、全 N 及水解性 N 含量高,聚集了 60% 以上的土壤营养元素,且林木根系绝大多数分布于表层,根系分泌的可溶性糖类、蛋白质等刺激微生物的活动。同时,土壤表层温度和通气状况利于微生物的生存与繁衍,因而土壤微生物数量表层最大。

2.2 不同林型下土壤酶活性的变化

2.2.1 不同植被恢复模式土壤酶活性的比较分析 5 种植物恢复模式中 0 ~ 20 cm 土层的土壤脲酶、蔗糖酶和过氧化氢酶活性均高于马尾松纯林,多酚氧化酶除马尾松 - 酸枣混交模式外,其余 3 种模式的多酚氧化酶活性均高于马尾松纯林(表 3)。20 ~ 40 cm 土层内不同恢复模式的酶活性情况比较复杂,过氧化氢酶活性在马木混交林中最高,为 24.750 mL/g,然后依次为马板混交林、马尾松纯林、马酸混交林,马枫混交林中过氧化氢酶活性最低。多酚氧化酶在不同模式中差别较大,活性最高的马枫混交林为 39.05 mg/(h · g),为最低马木混交林没食子素 39.05 mg/(h · g) 的近 2 倍。脲酶和蔗糖酶在马木混交林中活性最高,分别为 NH<sub>3</sub> - N 7.877 mg/g(干土)和葡萄糖 0.256 mg/g(干土)。脲酶活性在马酸混交林中最低,为 NH<sub>3</sub> - N 4.460 mg/g(干土);而蔗糖酶在马板混交林中最低,为葡萄糖 0.058 mg/g(干土)。从整体看,土壤中蔗糖酶活性明显偏低,在 0 ~ 20 cm 土层活性最高的马板混交林中也仅有葡萄糖 0.37 mg/g(干土)。

表 3 不同林型土壤酶活性

Tab.3 The enzyme activity in different forest type

林型 Forest type	过氧化氢酶 Catalase		多酚氧化酶 Polyphenol oxidase		脲酶 Ureas		蔗糖酶 Sucrase	
	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm	0 ~ 20 cm	20 ~ 40 cm
	马 × 木	27.437	24.750	64.097	19.563	13.793	7.877	0.286
马 × 酸	26.760	13.883	49.800	35.045	10.053	4.460	0.310	0.118
马 × 枫	30.897	12.967	87.480	39.050	16.240	6.410	0.363	0.213
马 × 板	30.523	18.493	70.470	38.613	13.883	4.857	0.370	0.058
马纯	23.445	15.517	51.485	26.348	7.493	5.642	0.216	0.165

2.2.2 不同土层深度土壤酶活性的比较分析 研究结果(表 3)表明 5 种不同植被恢复模式土壤过氧化氢酶、多酚氧化酶、脲酶和蔗糖酶在土壤剖面中有明显的层次性,随土层的加深过氧化氢酶、多酚氧化酶、脲酶和蔗糖酶活性呈递减趋势。上层过氧化氢酶比下层高 2.687 ~ 17.93 (0.1 mol/L) KMnO<sub>4</sub> mL/(h · g 干土);上层多酚氧化酶比下层高没食子素 14.755 ~ 48.43 mg/(h · g)。上层脲酶活性比下层高 NH<sub>3</sub> - N 1.852 ~ 9.830 mg/g(干土);蔗糖酶活性上层则比下层高葡萄糖 0.03 ~ 0.312 mg/g(干土)。

## 2.3 相关分析

2.3.1 土壤酶活性与微生物数量之间的相关性 大部分酶是微生物新陈代谢过程中释放的有活性物质,因此酶活性在一定程度上取决于微生物数量<sup>[10]</sup>。从表4可以看出,土壤脲酶与其它3种酶之间相关显著( $P < 0.05$ )。这表明以上脲酶在参与不同生化过程的同时,与其它3种酶之间也存在着密切联系。细菌数量与多酚氧化酶、脲酶、蔗糖酶活性相关显著或极显著,主要是因为细菌在土壤中数量最多,对土壤的各种生化反应贡献较大,而土壤酶活性高低间接反映了这些生化反应产物的多少;真菌同样与以上3种酶活性相关性显著;放线菌仅与过氧化氢酶活性相关显著( $P < 0.05$ )。这是因为过氧化氢酶和放线菌都同时反映着有机质的转化程度<sup>[11-12]</sup>。三大菌类之间,真菌与细菌、放线菌之间相关极显著( $P < 0.01$ )。这可能与微生物的专性作用及pH值有关。

表4 土壤酶活性与土壤微生物数量的相关性

Tab. 4 The correlation coefficient between soil enzyme activity and soil microorganism

相关系数 Correlation coefficient	过氧化酶 Catalase	多酚氧化酶 Polyphenol oxidase	脲酶 Urease	蔗糖酶 Sucrase	真菌 Actinomyces	细菌 Bacterium	放线菌 Fungus	微生物总量 Total amount of microbes
过氧化氢酶	1.000 0							
多酚氧化酶	0.160 0	1.000 0						
脲酶	0.34*	0.38*	1.000 0					
蔗糖酶	0.200 0	0.300 0	0.37*	1.000 0				
真菌	0.270 0	0.42**	0.50**	0.40*	1.000 0			
细菌	0.090 0	0.41*	0.46**	0.50**	0.54**	1.000 0		
放线菌	0.35*	0.37*	0.170 0	0.42*	0.53**	0.050 0	1.000 0	
微生物总量	0.150 0	0.47**	0.49**	0.55**	0.64**	0.99**	0.210 0	1.000 0

\* 表示显著相关( $P < 0.05$ ); \*\* 表示极显著相关( $P < 0.01$ )。

\* Correlation is significant at the 0.05 level; \*\* Correlation is significant at the 0.01 level.

2.3.2 微生物数量与环境因子的相关分析 土壤微生物总数、细菌数量与速效N、脲酶、蔗糖酶活性均为极显著相关,土壤微生物总量还与速效P、多酚氧化酶活性呈现极显著相关关系;土壤真菌与速效P、有机质含量、多酚氧化酶和脲酶活性均呈极显著相关关系,与速效N、蔗糖酶呈显著相关关系;放线菌数量与土壤持水量、速效P呈极显著相关关系,与速效N、过氧化氢酶、多酚氧化酶、蔗糖酶活性呈显著正相关关系(表4)。

为了更好地说明土壤微生物数量与环境因子之间的关系,对表5数据采用逐步回归法拟合土壤微生物总量与各环境因子的数学模型:  $Y_1 = 95\ 839.23 + 26\ 165.45A_1 - 18\ 262.14A_2 - 2\ 265.76A_3 + 1\ 203.20A_4 + 4\ 427.94A_5 + 465\ 368.44A_6$

式中:  $Y_1$  为土壤微生物总量;  $A_1$  为含水量;  $A_2$  为持水量;  $A_3$  为速效K;  $A_4$  为多酚氧化酶;  $A_5$  为脲酶;  $A_6$  为蔗糖酶。该回归方程的复相关系数  $R$  为 0.740 5,经  $F$  检验其相关性极显著,说明该回归方程拟合精度较高,可以用来定量描述微生物数量与环境因子的关系。

土壤含水量、持水量、速效K、多酚氧化酶、脲酶、蔗糖酶活性对微生物总数的偏相关系数分别为 0.321 8, -0.265 6, -0.404 2, 0.398 5, 0.244 1, 0.533 5,经  $t$  检验,速效K、多酚氧化酶和蔗糖酶的偏相关系数达到了显著水平,这与前边提到的土壤微生物总量与多酚氧化酶、脲酶、蔗糖酶活性极显著相关的结论基本一致。蔗糖酶的偏相关系数达到极显著水平,且与蔗糖酶有关的回归系数也最大,说明蔗糖酶对土壤微生物总量的贡献率最大,是影响微生物总量的第一位因子,随着蔗糖酶含量的增加,土壤微生物总量也急剧增加。

2.3.3 土壤酶活性和环境因子的相关分析 过氧化氢酶与全N、速效N、速效P为极显著相关关系,与放线菌、全P、有机质关系显著;多酚氧化酶与真菌极显著相关,与细菌、放线菌、速效N、速效P显著相关;脲酶与细菌、真菌、速效P极显著相关,与速效N、全N、有机质显著相关;蔗糖酶与细菌、速效N、速效P极显著相关,与真菌、放线菌、全N、全K显著相关。

表5 土壤微生物数量和土壤环境因子的相关性

Tab.5 The correlation coefficient between soil microorganism and soil environmental factors

相关系数 Correlation coefficient	真菌 Bacterium	细菌 Actinomyces	放线菌 Fungus	微生物总量 Total amount of microbes
pH	-0.290 0	-0.080 0	0.060 0	-0.080 0
含水量	0.230 0	0.160 0	0.130 0	0.180 0
容重	-0.020 0	0.030 0	0.090 0	0.040 0
持水量	0.300 0	0.190 0	0.43 **	0.250 0
速效 N 氮	0.33 *	0.42 **	0.35 *	0.47 **
全 N	0.290 0	0.33 *	0.250 0	0.37 *
全 P	0.130 0	0.100 0	0.100 0	0.1100
速效 P	0.54 **	0.42 *	0.49 **	0.49 **
全 K	0.010 0	0.190 0	-0.050 0	0.170 0
速效 K	0.260 0	-0.070 0	0.160 0	-0.0300
有机质	0.44 **	0.210 0	0.270 0	0.2600
过氧化酶	0.270 0	0.090 0	0.35 *	0.150 0
多酚氧化酶	0.42 **	0.41 *	0.37 *	0.47 **
脲酶	0.50 **	0.46 **	0.1700	0.49 **
蔗糖酶	0.40 *	0.50 **	0.42 *	0.55 **

\* 表示显著相关 ( $P < 0.05$ ) ; \*\* 表示极显著相关 ( $P < 0.01$ ) 。

\* Correlation is significant at the 0.05 level; \*\* Correlation is significant at the 0.01 level.

表6 土壤酶活性和环境因子的相关性

Tab.6 The correlation coefficient between soil enzyme activity and soil environmental factors

相关系数 Correlation coefficient	过氧化酶 Catalase	多酚氧化酶 Actinomyces	脲酶 Urease	蔗糖酶 Sucrase
pH	-0.050 0	-0.210 0	-0.280 0	-0.3200
含水量	0.300 0	0.000 0	0.250 0	0.090 0
容重	-0.020 0	-0.180 0	0.080 0	0.010 0
持水量	0.250 0	0.260 0	0.170 0	0.290 0
真菌	0.270 0	0.42 **	0.50 **	0.40 *
细菌	0.090 0	0.41 *	0.46 **	0.50 **
放线菌	0.35 *	0.37 *	0.170 0	0.42 *
速效 N	0.62 **	0.38 *	0.38 *	0.56 **
全 N	0.47 **	0.320 0	0.39 *	0.38 *
全 P	0.33 *	-0.130 0	0.040 0	0.210 0
速效 P	0.50 **	0.42 *	0.58 **	0.52 **
全 K	0.080 0	-0.210 0	0.110 0	0.38 *
速效 K	0.210 0	0.090 0	0.250 0	0.240 0
有机质	0.37 *	0.240 0	0.36 *	0.250 0

\* 表示显著相关 ( $P < 0.05$ ) ; \*\* 表示极显著相关 ( $P < 0.01$ ) 。

\* Correlation is significant at the 0.05 level; \*\* Correlation is significant at the 0.01 level.

土壤脲酶活性的多元线性回归程:

$$Y_2 = 0.323 + 0.46B_1 - 201.989B_2 + 11.251B_3 + 0.0002811B_4 - 0.00011B_5 \quad (1)$$

式中:  $Y_2$  为脲酶活性;  $B_1$  为土壤含水量;  $B_2$  为全 P 含量;  $B_3$  为速效 P;  $B_4$  为真菌;  $B_5$  为放线菌。

土壤含水量、全 P 含量、速效 P、真菌、放线菌对脲酶活性的偏相关系数分别为 0.197 7、-0.254 6、0.528 4、0.344 8、-0.316 8 经  $t$  检验, 只有速效 P 含量达到极显著相关。说明速效 P 是影响土壤脲酶活性的第一位因子。随着速效 P 含量的增加, 土壤脲酶活性也增加。细菌数量与脲酶之间的相关系数为 0.46 经检验为极显著相关, 但在逐步回归分析建立方程后却没有出现该因子, 说明仅凭借简单相关系数来判断相关性有一定局限性。

土壤蔗糖酶活性的多元线性回归方程:

$$Y_3 = 0.94 - 0.298 C_1 + 0.059 9 C_2 - 0.000 006 72 C_3 + 0.000 000 665 C_4 + 0.000 004 91 C_5 \quad (2)$$

式中:  $Y_3$  为蔗糖酶活性;  $C_1$  为 pH;  $C_2$  为全钾含量;  $C_3$  为真菌;  $C_4$  为细菌;  $C_5$  为放线菌。

pH 值、全 K 含量、真菌、细菌、放线菌对蔗糖酶活性的偏相关系数分别为 -0.495 4、0.402 0、-0.316 3、0.572 8、0.597 3 经  $t$  检验, 除真菌数量外, 其它四因子均与蔗糖酶显著相关。且 pH 值、细菌、放线菌的偏相关系数为极显著相关, 与 pH 值相关的回归系数最大, 偏相关系数小于细菌、放线菌居第 3 位, 说明 pH 值是影响土壤蔗糖酶活性的主要因子。

土壤过氧化氢酶活性的多元线性回归方程:

$$Y_4 = -1.286 + 0.514 D_1 + 8.9 D_2 + 330.638 D_3 + 0.000 267 D_4 - 0.000 027 5 D_5 \quad (3)$$

式中:  $Y_4$  为过氧化氢酶活性;  $D_1$  为速效 N;  $D_2$  为全 N 含量;  $D_3$  为全 P 含量;  $D_4$  为真菌;  $D_5$  为细菌。

速效 N、全 N 含量、全 P 含量、真菌、细菌对过氧化氢酶活性的偏相关系数分别为 0.523 2、0.233 7、0.263 5、0.216 5、-0.350 5 经  $t$  检验, 只有速效 N 的偏相关系数为极显著相关, 细菌为显著相关。与全 P 含量有关的回归系数最大, 为 330.638, 其它四项与其相比差 2~7 个数量级, 全 P 对过氧化氢酶活性的偏相关系数为 0.263 5, 居第 3 位, 故全 P 含量是影响过氧化氢酶活性最主要因子。

土壤多酚氧化酶活性的多元线性回归方程:

$$Y_5 = 212.453 - 108.386 E_1 + 4.739 E_2 - 2 296.563 E_3 + 51.743 E_4 - 19.753 E_5 + 0.000 089 1 E_6 \quad (4)$$

式中:  $Y_5$  为土壤多酚氧化酶;  $E_1$  为容重;  $E_2$  为持水量;  $E_3$  为全 P;  $E_4$  为速效 P;  $E_5$  为全钾;  $E_6$  为细菌。

容重、持水量、全 P、速效 P、全 K、细菌的偏相关系数分别为 -0.342 9、0.378 9、-0.451 0、0.470 1、-0.446 0、0.355 2 经  $t$  检验, 除容重外, 其它五因子的偏相关系数均呈显著相关关系, 速效 P 呈极显著相关关系。与全 P 含量有关的回归系数绝对值最大, 为 2 296.563, 且其对多酚氧化酶活性的偏相关系数绝对值仅小于速效 P 居第 2 位, 所以全 P 含量是影响多酚氧化酶活性的第 1 位重要因子。

2.3.4 土壤微生物、酶活性与养分转化的关系 细菌在氮化过程中作用十分重要, 而真菌则在土壤碳素和能源循环过程中起着巨大作用, 放线菌与土壤腐殖质含量有关, 同化无机氮, 分解碳水化合物及脂类、丹宁等难分解的物质, 在土壤中对物质转化也起一定作用<sup>[2-3, 20]</sup>。而土壤酶参与了土壤中包括枯落物的分解, 腐殖质及各种有机化合物的分解与合成, 土壤养分的固定与释放以及各种氧化还原反应等一系列复杂的生物化学过程, 反映了土壤养分转化的动态情况。比如脲酶, 它将有机物水解生成氨和  $\text{CO}_2$ , 是 N 素的直接来源, 其活性表示土壤 N 素状况; 蔗糖酶将高分子化合物分解成能被植物和微生物利用的营养物质, 其活性表示土壤熟化程度和肥力水平; 过氧化氢酶参与土壤中物质和能量的转化, 能分解土壤中对植物有害的过氧化氢, 其活性可以反映土壤生物化学过程的强度<sup>[11, 13]</sup>; 土壤多酚氧化酶与土壤有机质的形成有关, 是腐殖化的一种媒介<sup>[14]</sup>。土壤水解性 N 可用于衡量土壤供氮特别是近期的土壤供氮能力, 研究土壤中氮素的转化可以更好的反映土壤对植物的供肥能力, 进一步揭示植被恢复作用的效果。

5 种植被恢复模式中马尾松枫香混交林土壤氮素的平均转化率明显高于其余 4 种模式(表 7), 其中以青冈林最大, 为 5.23%, 然后是马木混交林 > 马板混交林 = 马尾松纯林 > 马酸混交林。

研究不同植被恢复模式土壤氮素转化率与土壤微生物以及土壤酶活性之间的皮尔逊相关系数, 结果显示, 与土壤氮素转化率相关性最强的是过氧化氢酶, 相关系数为 0.225 1 经  $t$  检验尚未达到显著水平, 故本文中土壤氮素转化率与土壤微生物数量和酶活性无显著相关性。

表 7 不同林型土壤氮素转化率

Tab. 7 The nitrogen translation of different forest type

林分 Forest type	马木		马酸		马枫		马板		马纯	
	上层	下层	上层	下层	上层	下层	上层	下层	上层	下层
全 N	613.96	421.60	671.66	428.56	765.81	286.40	680.69	388.88	651.88	349.17
水解 N	28.99	16.99	26.43	17.10	33.38	17.46	31.29	14.44	25.03	15.61
转化率 / %	4.72	4.03	3.94	3.99	4.36	6.10	4.60	3.71	3.84	4.47
平均转化率 / %	4.38		3.96		5.23		4.15		4.15	

### 3 小结与讨论

#### 3.1 不同植被恢复模式对土壤微生物的影响

土壤微生物数量随林型、植被不同而变化。研究表明,通过对退化生态系统进行植被恢复,土壤微生物数量均明显增加。土壤微生物总量和细菌、真菌数量均以马尾松 × 木荷最多,马尾松纯林最少;放线菌数量以马尾松 × 枫香最大,马尾松纯林最小。这与曾思齐、柯明哲等对湘东丘陵区次生林土壤微生物的分布及酶的活性研究结果基本一致<sup>[15-16]</sup>,与肖育贵<sup>[17]</sup>对四川绵阳官司河流域防护林不同林型土壤微生物种群数量的研究结果也有诸多相似之处。

不同植被恢复模式土壤微生物主要分布在 0 ~ 20 cm 土层,均随着土层的加深微生物数量迅速减少,且呈现自上而下逐渐减少的趋势,与李志跃等<sup>[18]</sup>在桉树人工林地和罗明等<sup>[19]</sup>在新疆天山云杉林区的报道一致。这既与土壤表层的腐殖质层、有机质、全 N 及水解性 N 含量高有关,也与土壤表层水热状况和通气性较好、适合微生物的生存与繁衍有关。

研究表明,土壤微生物总数与速效 N、速效 P、多酚氧化酶、脲酶、蔗糖酶活性均为极显著相关。经多元逐步回归分析,蔗糖酶是影响微生物总量的第一位因子,随着蔗糖酶含量的增加,土壤微生物总量也急剧增加;细菌数量与速效 N、脲酶、蔗糖酶活性均为极显著相关;土壤真菌与速效 P、有机质含量、多酚氧化酶和脲酶活性均呈极显著的相关关系;放线菌数量与土壤持水量、速效 P 呈极显著的相关关系。

#### 3.2 不同植被恢复模式对土壤酶活性的影响

5 种植被恢复模式 0 ~ 20 cm 土层中酶活性均是马尾松纯林最低;马尾松 × 枫香混交林中过氧化氢酶、多酚氧化酶、脲酶活性最高,分别为 30.897 mL/g、87.480 mg/(h · g)、16.240 mg/g;马尾松 × 板栗混交林中蔗糖酶活性最高,为 0.370 mg/g。20 ~ 40 cm 土层内不同恢复模式的酶活性情况比较复杂,马尾松 × 木荷混交林中过氧化氢酶活性最高,马尾松 × 枫香混交林中最低;马尾松 × 枫香混交林中多酚氧化酶活性最高,马尾松 × 木荷混交林最低;马尾松 × 木荷混交林中脲酶和蔗糖酶活性最高,马尾松 × 酸枣混交林中脲酶活性最低,而马尾松 × 板栗混交林中蔗糖酶活性最低,为葡萄糖 0.058 mg/g(干土)。从整体看,土壤中蔗糖酶活性明显偏低。

研究结果表明,5 种不同植被恢复模式土壤酶活性随着土层深度的增加呈递减趋势,与王成秋研究紫色土柑橘园土壤酶活性分布情况的结论一致,唐艳<sup>[5]</sup>、赵林森等<sup>[20]</sup>人的研究结果也基本如此。这是因为土壤表层积累了较多的枯枝落叶和腐殖质,有机质含量高,有充分的营养源以利于微生物的生长,再加之水热条件和通气状况好,微生物生长旺盛,代谢活跃,呼吸强度加大而使表层积聚了较高的土壤酶活性。随着土层的加深,土壤有机质含量急剧下降,地下生物量也随着减少。

经相关性分析和逐步回归分析,全磷含量是影响多酚氧化酶和过氧化氢酶活性的最主要因子;速效 P 是影响土壤脲酶活性的第一位因子;pH 值是影响土壤蔗糖酶活性的关键因子。

#### 3.3 不同植被恢复模式的土壤肥力状况及整改建议

马尾松混交林土壤肥力的各项指标都优于马尾松纯林,这表明树种混交有利于改良土壤结构,提高土壤肥力。不同植被恢复模式的土壤肥力状况不同,与其它林分相比,马尾松 × 枫香混交林土壤表层养分相对丰富,土壤有机质、全 N、水解性 N、N 素转化率、全 K、速效 K 含量均居首位;脲酶、过氧化氢酶、多酚氧化酶活性最高,蔗糖酶活性仅次于马尾松 × 板栗混交林;马尾松 × 枫香混交林在改良低丘地区红壤方面效果好于板栗、木荷、酸枣与马尾松的混交林。



## 参考文献:

- [1]张鼎华,陈由强.森林土壤酶与土壤肥力[J].林业科技通讯,1987,1(4):1-3.
- [2]焦如珍,杨承栋.杉木人工林不同发育阶段林下植被、土壤微生物、酶活性及养分的变化[J].林业科学研究,1997,10(4):373-379.
- [3]薛立,陈红跃,毕鸿雁.马占相思纯林及抽木纯林土壤养分、微生物和酶活性的研究[J].华南农业大学学报:自然科学版,2002,23(2):93.
- [4]闻德仁,刘永军.落叶松人工林土壤微生物的变化[J].林业月报,1995,5(7):13.
- [5]唐艳,杨林林,叶家颖.银杏园土壤酶活性与土壤肥力的关系[J].广西植物,1999,19(3):277-281.
- [6]郑文教,士良睦,林鹏.损建和溪亚热带雨林土壤酶活性的[J].生态学杂志,1995,14(6):16-20.
- [7]鲍士旦.土壤农化分析[M].北京:中国农业出版社,2000:198-235.
- [8]关松荫.土壤酶及其研究方法[M].北京:农业出版社,1986:260-332.
- [9]程丽娟,薛泉宏.微生物学实验技术[M].北京:世界图书出版公司,2000:65-84.
- [10]孙翠玲,郭玉文,佟超然,等.杨树混交林地土壤微生物与酶活性的变异研究[J].林业科学,1997,33(6):488-496.
- [11]陈光升,钟章成,齐代华.缙云山常绿阔叶林土壤酶活性与土壤肥力的关系[J].四川师范学院学报:自然科学版,2002,23(1):19-23.
- [12]许景伟,王卫东,李成.不同类型黑松混交林土壤微生物、酶及其与土壤养分关系的研究[J].北京林业大学学报,2000,22(1):51-55.
- [13]焦如珍,杨承栋,屠星南,等.杉木人工林不同发育阶段林下植被、土壤微生物、酶活性及养分的变化[J].林业科学研究,1997,10(4):373-379.
- [14]贾新民,于泉林,沙永平,等.大豆连作土壤多酚氧化酶研究[J].黑龙江八一农垦大学学报,1995,18(2):46-49.
- [15]曾思齐,周国英,余济云.湘东丘陵区次生林土壤微生物的分布及酶的活性研究[J].中南林学院学报,1998,18(2):20-23.
- [16]柯明哲.厦门市坂头林场森林土壤微生物生态分布研究[J].福建林业科技,2000,27(1):5-9.
- [17]肖育贵,胡震宇.不同林型土壤微生物种群数量及养分变分析[J].四川林业科技,1997,18(4):32-35.
- [18]李志辉,李跃林,杨民胜,等.桉树人工林地土壤微生物类群的生态分布规律[J].中南林学院学报,2000,20(3):24-28.
- [19]罗明,庞峻峰,李叙勇,等.新疆天山云杉林区森林土壤微生物学特性及酶活性[J].生态学杂志,1997,16(1):26-30.
- [20]赵林森,王九龄,杨槐混交林生长及土壤酶与肥力的相互关系[J].北京林业大学学报,1995,17(4):1-7.
- [21]王天行,张泽.多元生物统计分析[M].成都:成都科技大学出版社,1992:230-254.