

# 典型岩溶生态系统土壤酶活性、微生物数量、有机碳含量及其相关性——以丫吉岩溶试验场为例

靳振江<sup>1,2,3</sup>, 李强<sup>2\*</sup>, 黄静云<sup>3</sup>, 邓丽君<sup>3</sup>, 陆文体<sup>3</sup>, 黄美辉<sup>3</sup>, 唐志琴<sup>3</sup>, 唐显治<sup>3</sup>, 罗堃<sup>3</sup>, 杨帅<sup>3</sup>, 吴琼敏<sup>3</sup>

(1.桂林理工大学广西环境污染控制理论与技术重点实验室,广西桂林541004;2.国土资源部、广西壮族自治区岩溶动力学重点实验室,中国地质科学院岩溶地质研究所,广西桂林541004;3.桂林理工大学环境科学与工程学院,广西桂林541004)

**摘要:**研究岩溶区土壤有机碳与微生物区系数量和土壤酶活性之间的关系有助于认识有机碳的积累机制。以丫吉岩溶试验场这一典型岩溶生态系统的洼地、坡地与垭口三种岩溶形态为研究样点,分别采集0~10、10~20 cm与20~30 cm土壤样本,采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法测定土壤有机碳质量分数,用平板菌落计数法获取微生物区系数量,采用比色法分析土壤酶活性。结果表明,随着土壤剖面深度加深,土壤有机碳质量分数显著下降,在0~10 cm,洼地的土壤有机碳质量分数为40.10 g·kg<sup>-1</sup>,显著高于垭口的38.28 g·kg<sup>-1</sup>和坡地的24.42 g·kg<sup>-1</sup>;洼地土壤剖面从上至下细菌数量分别为3.26×10<sup>6</sup>、2.73×10<sup>6</sup> CFU·g<sup>-1</sup>和1.15×10<sup>6</sup> CFU·g<sup>-1</sup>,均显著高于垭口和坡地;洼地土壤0~10 cm的脲酶活性为1.92 mg·(g·24 h)<sup>-1</sup>,显著高于垭口和坡地的1.12 mg·(g·24 h)<sup>-1</sup>和0.77 mg·(g·24 h)<sup>-1</sup>;碱性磷酸酶活性在洼地土壤剖面均显著高于垭口和洼地剖面。统计分析显示,不同类型的微生物数量和土壤酶活性与有机碳之间的关系在剖面上的表现并不一致,细菌数量、脲酶活性、归一化的微生物数量和归一化的土壤酶活性与土壤有机碳质量分数均呈显著正相关。以上研究结果表明,岩溶生态系统土壤有机碳积累下,土壤细菌数量、总微生物数量与总土壤酶活性相应提高。细菌数量、归一化的微生物数量与归一化的酶活性可以作为岩溶区土壤有机碳质量分数的指示指标。

**关键词:**峰丛洼地;土壤有机碳;酶活性;微生物数量

中图分类号:S154.1 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2013)02-0307-07 doi:10.11654/jaes.2013.02.014

## Relationship Among Soil Organic Carbon, Enzyme Activities and Microbial Numbers in Typical Karst Ecosystem: A Case Study of Yaji Karst Experimental Site, China

JIN Zhen-jiang<sup>1,2,3</sup>, LI Qiang<sup>2\*</sup>, HUANG Jing-yun<sup>3</sup>, DENG Li-jun<sup>3</sup>, LU Wen-ti<sup>3</sup>, HUANG Mei-hui<sup>3</sup>, TANG Zhi-qin<sup>3</sup>, TANG Xian-zhi<sup>3</sup>, LUO Kun<sup>3</sup>, YANG Shuai<sup>3</sup>, WU Qiong-min<sup>3</sup>

(1.Guangxi Key Laboratory of Environmental Pollution Control Theory and Technology, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China; 2.Karst Dynamics Laboratory of MLR and GZAR, Institute of Karst Geology, CAGS, Guilin 541004, China; 3.Environmental Science and Engineering College, Guilin University of Technology, Guilin 541004, China)

**Abstract:**The soil organic carbon(SOC) as one of the largest and most important reservoirs of carbon(C) in the global C–cycle produces the correlated response which plays an important role in the karst region. Moreover, the relationship between SOC and microbe numbers and soil enzyme activity in karst region was evaluated to partition the soil organic carbon(SOC) accumulation mechanism. Soil samples from three karst types(saddle, depression and slop) at 0~10 cm, 10~20 cm and 20~30 cm layers in the Yaji Karst Experimental Site were collected to appraise their function and relationship. SOC contents and microbial community population were analyzed using sulfate digestion method with potassium dichromate and dilute plate incubation counting respectively. Microbial activity was evaluated using soil enzyme assays as well. It could be seen that the SOC decreased from the topsoil to the fundus at three karst forms. In the 0~10 cm layer, the SOC was 40.10 g·kg<sup>-1</sup> in

收稿日期:2012-08-09

基金项目:国家自然科学基金项目(41003038);广西自然科学基金项目(2011GXNSFD018002,2011GXNSFA018006,2010GXNSFB013004);广西高校人才小高地建设“环境工程”创新团队资助计划项目(桂教人[2007]7号);岩溶动力学重点实验室开放基金资助项目(KDL2010-02, KDL2011-10)

作者简介:靳振江(1974—):男,山西长治人,副教授,主要研究方向为生态学和环境微生物学。E-mail:zhenjiangjinjin@163.com

\*通信作者:李强 E-mail:glqiangli@163.com

depression compared to  $38.28 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$  in saddle and  $24.42 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$  in slop. Bacterial numbers in depression from the topsoil to the fundus were  $3.26 \times 10^6$ ,  $2.73 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$  and  $1.15 \times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$  respectively, which are higher than that in saddle and slop. Moreover, at topsoil of 0~10 cm, urea activity was  $1.92 \text{ mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$  in depression compared to  $1.12 \text{ mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$  in saddle and  $0.77 \text{ mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$  in slop. Alkaline phosphatase activities at different layers were all higher in depression than that in same depths of addle and slop. According to the statistical analysis, the bacterial number, urea activity, normalized overall microbial number and normalized overall enzyme activity plus SOC contents had a significant positive correlation. Moreover, it could be confirmed that the soil microbial number and soil enzyme activity were improved with the accumulation of soil organic carbon. Therefore, the bacterial number, normalized overall microbial number and normalized enzyme activity could be used to indicate the soil functioning in karst region.

**Keywords:** karst depression; soil organic carbon; enzyme activity; microbial number

在岩溶生态系统中,与垭口与坡地相比,峰丛洼地是世界岩溶的典型形态<sup>[1]</sup>。在岩溶区土壤有机碳的含量普遍较高<sup>[2]</sup>,而峰丛洼地表层土壤的有机碳质量分数比坡地和垭口的含量更高,因而岩溶土壤系统可能是十分重要的陆地碳汇<sup>[3]</sup>,而且在表层岩溶系统中,土壤有机碳具有表层聚集的特点<sup>[4]</sup>,是驱动和制约表层带岩溶系统碳活跃转移的动力学媒介<sup>[5]</sup>。因此,土壤有机碳的积累和固定对减缓气候变化与促进岩溶动力系统的运行具有双重意义。在土壤有机碳的固定所涉及到的多种可能机制中,微生物区系演变及其功能标志之一的酶活性等肥力服务功能变化是其中之一<sup>[6]</sup>。然而,目前在生态系统水平上,微生物群落控制有机碳积累与固定的机制与结果依然不清楚<sup>[7]</sup>。

在土壤生态系统中,微生物是碳循环的重要参与者。在没有植物根系影响的情形下,微生物所分泌到细胞外的多种土壤酶是参与碳循环的重要功能大分子物质。与非岩溶区相比,岩溶区的土壤酶活性总体来说相对较高<sup>[8]</sup>。脲酶、蔗糖酶和碱性磷酸酶等多种土壤酶活性随着岩溶生态系统中植被的正向演替也相应提高<sup>[9~10]</sup>,而且土壤蔗糖酶<sup>[11~12]</sup>、脲酶<sup>[12~13]</sup>和碱性磷酸酶<sup>[11,13]</sup>等与土壤有机碳质量分数呈显著正相关。在对丫吉岩溶试验场的研究中也发现,洼地土壤蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶等多种土壤酶活性与垭口和坡地有明显分异,且土壤蔗糖酶和脲酶活性与土壤有机碳积累呈显著正相关<sup>[14]</sup>。在岩溶生态系统中,随着植被的正向演替,土壤有机碳逐渐积累<sup>[11,15]</sup>,细菌、真菌与放线菌及多种参与碳氮循环的功能微生物群的数量相应提高<sup>[9]</sup>,微生物生物量也显著提高<sup>[16]</sup>,而且细菌、真菌和放线菌数量与土壤有机碳质量分数呈显著正相关<sup>[17]</sup>。在对丫吉岩溶试验场的研究中也发现,洼地土壤细菌、真菌和放线菌与多种功能菌群的数量与垭口和坡地有明显分异,且与有机碳质量分数密切相关<sup>[18]</sup>。综上所述,岩溶生态系统中土壤微生物数量

与土壤酶活性与有机碳质量分数密切相关,但是有机碳积累与微生物区系数量与土壤酶活性演变之间的关系还缺乏深入的探讨。因此,本文以典型岩溶生态系统——桂林丫吉岩溶试验场的洼地、垭口与坡地剖面土壤为研究对象,分析土壤脲酶、蔗糖酶和碱性磷酸酶活性与细菌、真菌和放线菌数量与有机碳质量分数的关系,探讨岩溶生态系统土壤有机碳积累与微生物群落与功能演变趋势的关系,为阐明生态系统土壤有机碳积累机制和全面认识土壤有机质的功能作用提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 采样点及采样方法

本研究的长期定位试验点为丫吉岩溶水文地质试验场。该试验场位于广西桂林市东郊 8 km 的峰丛洼地与峰林平原交界处,占地面积约 2 km<sup>2</sup>,地层为泥盆纪融县组灰岩。该区属亚热带季风区,年平均气温 18.8 ℃,年降雨量 1915.2 mm。场区的土壤为棕色石灰土,按土壤系统分类为钙质湿润淋溶土。山体的上部土壤稀薄,区内土壤覆盖率约为 30%。植被覆盖以次生灌丛林为主,覆盖度为 60%~80%,表现出喜钙和耐旱性<sup>[4,6]</sup>。1# 垫口植被以黄荆为主,土壤厚度 30~50 cm, pH 6.00;坡地植被以黄荆和楷木为主,土壤厚度为 70~150 cm, pH 6.55; 洼地植被以老虎刺和构树占优势,土壤厚度为 300~500 cm, pH 6.38<sup>[19]</sup>。

2010 年 11 月在场区选取 1# 洼地、坡地、垭口等 3 个不同岩溶地貌处为样地,在每个样地随机设置 3 个近 2 m<sup>2</sup> 的采样区,在每个采样区分别选择 3 个采样点。每个采样点用土钻采集 0~10、10~20 cm 和 20~30 cm 深度的土样,将同一采样区 3 个采样点的土样按相同层次等比例混匀,当天带回实验室。除去植物残体和侵入体,一部分过 2 mm 筛,储放于 -80 ℃ 低温冰箱中,用于土壤酶活性和微生物数量分析;另外一

部分自然风干,用于土壤理化性质分析。

## 1.2 样品分析及方法

### 1.2.1 土壤养分

分析方法参照《土壤农化分析方法》<sup>[20]</sup>进行。土壤有机碳测定采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法,土壤全氮采用浓硫酸消煮-凯氏定氮法,土壤全磷采用浓硫酸-高氯酸消煮钼锑抗比色法。

### 1.2.2 可培养微生物群落数量

选取细菌、真菌和放线菌代表土壤总体的微生物数量,微生物数量采用平板菌落计数法<sup>[21]</sup>进行,其中细菌、真菌和放线菌分别使用牛肉膏蛋白胨(NA)培养基、马丁(Martin)培养基和高氏一号(Gause'1)培养基培养和计数。计数结果均以每克干土中的菌落数( $\text{CFU}\cdot\text{g}^{-1}$ )表示。

### 1.2.3 土壤酶活性

选取与土壤碳、氮和磷代谢有密切关系的蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性代表总体土壤酶活性,酶活性的测定参考关松荫等<sup>[22]</sup>的方法,其中蔗糖酶采用3,5-二硝基水杨酸比色法,活性用24 h后每克土中葡萄糖的毫克数表示;脲酶采用苯酚-次氯酸钠比色法,用24 h后每克土中铵态氮的毫克数表示;碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法,活性用2 h后每克土中苯酚的毫克数表示。

## 1.3 数据处理与统计检验

用多属性决策法对3种土壤酶活性和3大类微生物区系数量分别进行归一化处理。具体方法如下:首先将所有样本的三个酶活性值与微生物数量分别进行归一化,得到单个样本归一化的酶活性值与微生物数量值,计算公式为

$$x'_i = x_i / \sum_{i=1}^9 x_i \quad (\text{式中 } i=1, 2, \dots, 9)$$

然后,把每个样本归一化的三个酶活性值和微生物数量值分别相加并取算术平均值,得到单个样本归

一化的酶活性值和微生物数量值。数据的处理与作图在Excel 2003上完成。数据间差异的显著性检验以及属性间相关性及其显著性检测均采用JMP5.0软件进行。图表中数据后的小写字母表示在 $P \leq 0.05$ 水平上显著差异。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤有机碳和养分的剖面分布

从表1可知,在0~10 cm,洼地的土壤有机碳质量分数为 $40.10 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ,显著高于垭口的 $38.28 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和坡地的 $24.42 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。垭口、坡地和洼地土壤中,随着剖面的深度加深,土壤有机碳质量分数均显著下降。总氮和总磷质量分数也随着剖面深度的下降而趋于降低。

### 2.2 土壤微生物数量

从表2可以看出,在洼地剖面中的三个层次,细菌数量均多于垭口和坡地中的数量,而真菌数量仅在0~10 cm多于垭口和坡地,最高的放线菌数量均出现在三种岩溶形态的10~20 cm的土层中。归一化的微生物数量在三种不同岩溶形态中均随着剖面的加深而逐渐下降。统计分析(表3)表明,细菌数量与土壤有机碳质量分数呈显著正相关关系,归一化的微生物数量与土壤有机碳质量分数也呈显著正相关,而且,细菌、放线菌和真菌3大类微生物数量总和与土壤有机碳质量分数之间呈显著正相关。

### 2.3 土壤酶活性

从表4可以看出,蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性在三种岩溶形态土壤的0~10 cm中均为最高。与坡地和垭口相比,洼地归一化的土壤酶活性在剖面的3个层次上均为最高。统计分析表明,土壤有机碳质量分数与脲酶活性和归一化的土壤酶活性均呈显著正相关(图1),归一化的微生物数量与归一化的土壤酶活性呈极显著正相关(图2)。

表1 不同岩溶形态的土壤有机碳、总氮与总磷质量分数( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )

Table 1 Soil organic carbon, total nitrogen and total phosphorus of different karst forms ( $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ )

土壤养分 Soil nutrient	垭口 Saddle			洼地 Depression			坡地 Slope		
	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm
有机碳 Organic carbon	38.28(0.23)b	26.57(0.23)c	17.82(0.93)g	40.10(0.23)a	22.61(0.70)e	19.47(0.00)f	24.42(0.70)d	19.80(0.93)f	12.87(0.93)h
总氮 Total nitrogen	1.13(0.06)c	0.97(0.12)d	0.73(0.17)e	2.43(0.67)a	1.33(0.17)b	1.28(0.32)b	1.86(0.28)a	1.13(0.25)c	1.37(0.26)b
总磷 Total phosphorus	7.52(0.81)ab	6.04(0.52)bc	5.21(0.32)c	8.02(0.75)a	6.81(0.62)b	6.14(0.37)bc	4.37(0.43)d	3.56(0.50)de	3.37(0.59)e
碳氮比 C/N	33.26	28.18	24.48	16.39	17.06	15.23	12.88	17.46	9.38

注:表中数据形式为平均值(标准差),括号后不同小写字母表示平均值之间的差异性( $P < 0.05$ )。下同。

Note: The data in table is average (standard error). Different letter behind parenthesis indicate that they are significantly different ( $P < 0.05$ ). The same as below.

表2 不同岩溶形态的土壤微生物数量  
Table 2 Soil microorganism numbers in different karst forms

微生物数量 Microbial number	垭口 Saddle			坡地 Depression			洼地 Slope		
	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm
细菌 Bacteria/ $\times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$	2.38(0.45)b	0.63(0.09)e	0.33(0.18)f	3.26(0.07)a	2.73(0.63)ab	1.15(0.20)c	1.43(0.08)c	1.67(0.46)bc	0.76(0.10)d
真菌 Fungi/ $\times 10^3 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$	1.39(0.21)d	1.08(0.13)de	1.25(0.39)d	5.75(0.19)a	0.57(0.05)f	1.11(0.32)de	4.63(0.24)b	1.98(0.10)c	0.99(0.09)e
放线菌 Actomycetas/ $\times 10^5 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$	1.10(0.36)b	1.25(0.17)b	0.49(0.11)d	1.16(0.25)b	0.19(0.02)d	0.67(0.16)c	1.33(0.25)b	2.33(0.12)a	0.094(0.018)e
真菌/细菌 Fungi:Bacteria ratio/ $\times 10^{-3}$	0.58	1.69	3.78	1.77	0.21	0.97	3.23	1.18	1.31
归一化的微生物数量 Normalized overall microbe	0.122	0.087	0.048	0.222	0.081	0.072	0.166	0.163	0.039
微生物总数 Total microbial number/ $\times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1}$	2.49	0.78	0.38	3.39	2.75	1.22	1.57	1.91	0.77

表3 土壤有机碳与微生物数量的关系  
Table 3 The correlation analysis of SOC content and soil microbial numbers

微生物类型 Microbe	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	放线菌 Actomycetas	总的微生物 Total microbe	归一化的微生物 Normalized microbe
相关性指数 Correlation coefficient	0.512 9(0.030 0)*	0.284 7(0.139 0)	0.096 3(0.423 2)	0.533 1(0.025 5)*	0.469 5(0.042 2)*

注: \* 表示显著相关, 括号中的数字为 P 值。\*: significant correlation, data in parenthesis: P value.

表4 不同岩溶形态的土壤酶活性  
Table 4 Soil enzymes activity in different karst forms

酶活性 Enzyme activity	垭口 Saddle			洼地 Depression			坡地 Slope		
	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm	0~10 cm	10~20 cm	20~30 cm
蔗糖酶 Invertase/ $\text{mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$	30.32(3.53)a	13.87(1.02)c	18.02(2.43)b	30.82(4.01)a	20.71(3.62)b	13.40(2.00)c	30.98(3.76)a	12.07(1.50)c	23.32(2.21)b
脲酶 Urease/ $\text{mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$	1.12(0.19)b	1.07(0.18)b	0.97(0.10)bc	1.92(0.21)a	0.90(0.10)c	1.02(0.12)b	0.77(0.10)d	0.66(0.14)d	0.74(0.09)d
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase/ $\text{mg} \cdot (\text{g} \cdot 2 \text{ h})^{-1}$	1.40(0.09)d	1.16(0.08)e	1.10(0.11)e	3.16(0.30)a	2.07(0.25)b	2.08(0.17)b	1.92(0.15)bc	1.80(0.10)c	1.66(0.24)cd
归一化的酶活性 Normalized overall enzyme	0.121	0.087	0.089	0.187	0.111	0.103	0.120	0.082	0.101

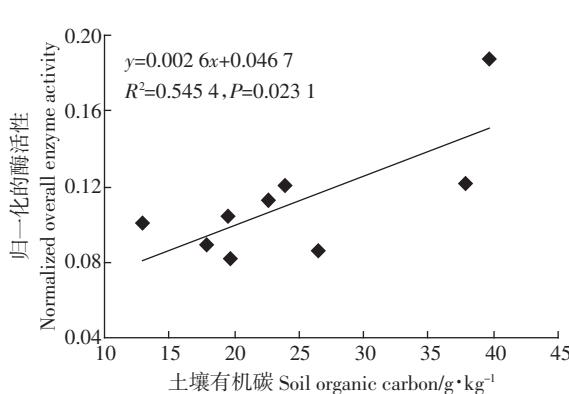


图1 土壤有机碳与归一化土壤酶活性的关系

Figure 1 The relationship between soil organic carbon and normalized overall enzyme activity

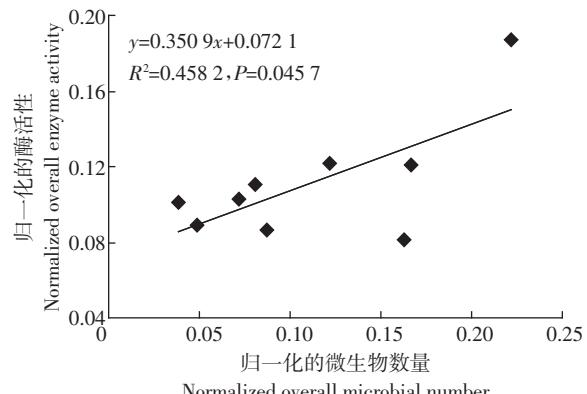


图2 归一化微生物数量与归一化土壤酶活性的关系

Figure 2 The relationship between normalized soil overall microbial number and normalized overall enzyme activity

### 3 讨论

#### 3.1 土壤有机碳质量分数与微生物数量

在岩溶生态系统中,大量的植被演替与土地利用方式下的土壤微生物的变化研究表明,土壤微生物数量与土壤有机碳质量分数显著正相关<sup>[9,16-17]</sup>。王建锋等<sup>[23]</sup>对岩溶槽谷区不同土地利用方式下土壤微生物特征研究也表明,土壤细菌数量与微生物总数与土壤有机碳之间呈显著正相关;李为等<sup>[18]</sup>也监测到丫吉试验场微生物总数与有机碳之间的正相关关系。在本研究中,细菌数量与土壤有机碳质量分数也呈显著正相关,这与上述文献的结果是一致的,说明细菌数量并没有受到剖面深度的影响,这可能与细菌多样化的代谢类型有关;而真菌和放线菌的数量与土壤有机碳质量分数均没有相关性,可能是因为真菌和放线菌绝大部分是好氧菌,随着土壤深度的加深,除了养分的减少以外,氧的含量也相应减少,所以限制了二者的生存。陈家瑞等<sup>[24]</sup>通过比较研究发现,与非岩溶区相比,岩溶区土壤中的细菌数量相对较多,而真菌数量相对较少,这与本文中细菌数量与土壤有机碳质量分数呈显著正相关的结论也较类似,显示了细菌在岩溶区土壤碳循环中的重要作用。真菌数量与土壤总氮质量分数也呈显著正相关关系,这是因为真菌是土壤大分子有机物的主要降解者,较高的氮素促进了真菌生长和功能发挥并因此促进了碳循环。我们用归一化方法表征的总的微生物数量和三大菌群相加后得到的总微生物数量均与有机碳质量分数之间呈显著正相关,这一结果充分表明了真菌、放线菌和细菌这三大菌群在岩溶生态系统碳循环中的相互促进和相互依赖的关系。因为作为土壤碳循环中最活跃参与者的微生物,土壤有机碳为其提供了最重要的生命支持物质<sup>[25]</sup>,微生物又通过自身的新陈代谢和生长发育等生理生化过程加快了有机碳的周转,而这种周转很可能发生在植物根系-土壤内部,从而促进作物根系生物量和地上部生物量的增加与微生物数量和多样性的提高。另外,何金祥等<sup>[26]</sup>对广西岩溶区烟草栽培地的研究发现,土壤有机碳与细菌数量和总微生物数量呈显著正相关,这也从消除植被影响的角度佐证了岩溶区有机碳积累下微生物数量提高的结论。因此,在岩溶生态系统中,土壤微生物总的数量与有机碳之间的关系不受岩溶形态或剖面深度的影响,而与土壤有机碳的质量分数密切相关。

土壤微生物呼吸是造成有机碳丢失的一个重要

原因。在桂林丫吉岩溶试验场,李为等<sup>[18]</sup>监测到不同剖面层次土壤的呼吸活性存在差异,潘根兴等<sup>[3]</sup>早年已经监测到洼地有比坡地和垭口较弱的土壤呼吸。这说明尽管峰丛洼地中的土壤有机碳质量分数和微生物数量均比较高,但呼吸活性却反而较弱。然而呼吸活性与微生物多样性之间的定量关系还依然未知,因此,今后很有必要明晰这两者之间的关系。

#### 3.2 土壤有机碳质量分数与土壤酶活性

对岩溶生态系统中植被演替下土壤酶活性的大量研究表明,酶活性与土壤有机碳质量分数呈显著正相关<sup>[11-13]</sup>,表明多种土壤酶活性与碳循环之间内在的正相关关系。而且,陈香碧等<sup>[27]</sup>通过对农耕旱地、自然恢复地和原生林地的比较研究表明,随着人为干扰程度的降低,土壤有机碳质量分数显著上升,微生物生物量碳与氮也显著提高。另外,韦红群等<sup>[19]</sup>的研究表明,添加秸秆,显著提高了土壤蔗糖酶、脲酶和纤维素酶的活性,而且岩溶土壤比非岩溶土壤的促进作用更为显著,秸秆的降解速率也因此而加快。这再次验证了岩溶生态系统中有机碳质量分数与土壤酶活性之间的相互促进关系。在本研究中,土壤有机碳质量分数与脲酶活性呈显著正相关,但与蔗糖酶与碱性磷酸酶活性没有相关性,而且,土壤总氮质量分数与脲酶活性之间和总磷质量分数与碱性磷酸酶活性之间均没有相关性,表明蔗糖酶与碱性磷酸酶活性比脲酶活性更易受剖面深度影响。这个结果与李为等<sup>[14]</sup>在对丫吉岩溶试验场研究中发现的土壤有机碳质量分数与土壤蔗糖酶和脲酶活性呈显著正相关而与土壤碱性磷酸酶活性没有相关性的结果略有不同。这可能除了采样的剖面深度有差异之外,还可能与不同的采样时间有关系。因为,采样时间不同,土壤环境中的各种因子可能发生了变化,因而微生物群落结构与酶活性功能也发生了相应的变化。对岩溶区不同植被群落下土壤酶活性与有机碳之间关系的研究也发现,蔗糖酶活性、脲酶活性和碱性磷酸酶活性与土壤有机碳的变化趋势并不一致<sup>[11]</sup>。另外,兰雪等<sup>[13]</sup>在对岩溶区退化森林不同恢复阶段土壤酶活性研究也发现,土壤蔗糖酶与土壤有机碳没有相关性。但是,刘淑娟等<sup>[28]</sup>的研究发现,桂西北岩溶峰丛洼地中土壤有机碳质量分数与脲酶活性呈极显著的负相关。这些不一致的研究结果说明,在岩溶生态系统中,土壤微生物功能在时间和空间上具有高度变异性,这种变异性可能与地上部植被凋落物的成分、土壤微生物群落结构与水分含量等生态因子有关。

在本研究中,我们把蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶这三种与碳、氮和磷养分循环相关的酶活性进行归一化后代表总土壤酶活性,统计分析结果显示,归一化的土壤酶活性与有机碳质量分数之间呈显著正相关(图1),表明尽管不同的土壤酶在不同的土壤剖面上对有机碳的反应并不一致,但多种土壤酶通过内在复杂的相互作用促进了微生物总的功能活性提高。而且,归一化的微生物数量与归一化的土壤酶活性之间的正相关关系,也验证了微生物区系数量与酶功能活性之间的耦合关系,这种耦合关系是:在土壤有机碳提高的情形下,总的微生物数量与微生物总体的酶活性功能同时得到提高,并促进了土壤系统碳循环的进行。结合洼地土壤有机碳质量分数较高而土壤呼吸较低的结论<sup>[3]</sup>,我们假设:这种碳循环的加快可能更多的是表现在土壤系统内部,使得更多的有机碳固持在土壤-植被根系之中,而通过矿化造成的有机碳丢失量相对较小,最终土壤有机碳不断积累。如果这个假设成立的话,那么就意味着土壤微生物呼吸与土壤酶活性可能受不同的机制所调控。与上述假设类似的研究结果也有报道:在原油与重金属复合污染下,土壤微生物的生物量和基因多样性均出现降低,但土壤呼吸反而升高<sup>[29]</sup>。然而,在本研究所涉及的岩溶生态系统中,这个假设需要进一步分析微生物呼吸活性与土壤酶活性之间的关系进行验证。

## 4 结论

在岩溶生态系统的不同剖面中,不同类型微生物的数量和土壤酶活性与土壤有机碳之间的关系不同。总微生物数量、总土壤酶活性与土壤有机碳质量分数均随着剖面深度的增加而降低,且三者之间均呈显著的正相关关系。这表明,土壤有机碳的积累促进了微生物数量和微生物酶活性的提高。可培养细菌数量、总微生物数量和总土壤酶活性可以作为岩溶区土壤有机碳质量分数的指示指标。

## 参考文献:

- [1] 蒋忠诚,袁道先. 表层岩溶带的岩溶动力学特征及其环境和资源意义[J]. 地球学报, 1999, 20(3):302-308.  
JIANG Zhong-cheng, YUAN Dao-xian. Dynamics features of the epikarst zone and their significance in environments and resources[J], *Acta Geoscientia Sinica*, 1999, 20(3):302-308.
- [2] 曹建华,袁道先,潘根兴. 岩溶生态系统中的土壤[J]. 地球科学进展, 2003, 18(1):37-44.  
CAO Jian-hua, YUAN Dao-xian, PAN Gen-xing. Some soil features in karst ecosystem[J]. *Advance in Earth Sciences*, 2003, 18(1):37-44.
- [3] 潘根兴,曹建华,何师意,等. 岩溶土壤系统对空气CO<sub>2</sub>的吸收及其对陆地系统碳汇的意义:以桂林丫吉村岩溶试验场的野外观测和模拟实验为例[J]. 地学前缘, 2000, 7(4):580-587.  
PAN Gen-xing, CAO Jian-hua, HE Shi-yi, et al. Sink effect of karst soil system on atmospheric CO<sub>2</sub>: Evidence from field observation and simulation experiment[J]. *Earth Science Frontiers*, 2000, 7(4):580-587.
- [4] 邓艳,蒋忠诚,罗为群,等. 典型岩溶区植被恢复对土壤养分的影响[J]. 地球与环境, 2010, 38(1):31-35.  
DENG Yan, JIANG Zhong-cheng, LUO Wei-qun, et al. Effects of vegetation restoration on soil nutrient in typical karst area[J]. *Earth and Environment*, 2010, 38(1):31-35.
- [5] 潘根兴,曹建华,何师意,等. 土壤碳作为湿润亚热带表层岩溶作用的动力机制:系统碳库及碳转移特征[J]. 南京农业大学学报, 1999, 22(3):49-52.  
PAN Gen-xing, CAO Jian-hua, HE Shi-yi, et al. Soil carbon as dynamic mechanism for epikarstification in humid subtropical region:Evidence of carbon reservoirs and transfer in the system[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1999, 22(3):49-52.
- [6] 潘根兴,李恋卿,郑聚锋,等. 土壤碳循环研究及中国稻田土壤固碳研究的进展与问题[J]. 土壤学报, 2008, 45(5):901-914.  
PAN Gen-xing, LI Lian-qing, ZHENG Ju-feng, et al. Perspectives on cycling and sequestration of organic carbon in paddy soils of China[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2008, 45(5):901-914.
- [7] Stuart C F, Mc F J, David M G A, et al. The changing global carbon cycle: linking plant-soil carbon dynamics to global consequences[J]. *Journal of Ecology*, 2009, 97(5):840-850.
- [8] 韦红群,曹建华,梁建宏,等. 稻秆还田对岩溶区与非岩溶区土壤酶活性影响的对比研究[J]. 中国岩溶, 2008, 27(4):316-320.  
WEI Hong-qun, CAO Jian-hua, LIANG Jian-hong, et al. Effects of straw returning to field on enzyme activity in karst and non-karst area [J]. *Carsologica Sinica*, 2008, 27(4):316-320.
- [9] 龙健,李娟,滕应,等. 贵州高原喀斯特环境退化过程土壤质量的生物学特性研究[J]. 水土保持学报, 2003, 17(2):47-50.  
LONG Jian, LI Juan, TENG Ying, et al. Biological characteristics of soil quality under process of karst environments degradation in Guizhou Plateau[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2003, 17(2):47-50.
- [10] 龙健,李娟,江新荣,等. 贵州茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究[J]. 土壤学报, 2004, 41(14):597-602.  
LONG Jian, LI Juan, JIANG Xin-rong, et al. Soil microbial activities in Maolan karst forest, Guizhou Province[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(14):597-602.
- [11] 周玮,周运超. 北盘江喀斯特峡谷区不同植被类型的土壤酶活性[J]. 林业科学, 2010, 46(1):136-141.  
ZHOU Wei, ZHOU Yun-chao. Soil enzyme activities under different vegetation types in Beipan River karst gorge district[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2010, 46(1):136-141.
- [12] 崔晓晓,王纪杰,罗惠宁,等. 喀斯特峡谷区植被恢复过程中土壤酶活性的变化[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2011, 25(2):103-107.  
CUI Xiao-xiao, WANG Ji-jie, LUO Hui-ning, et al. Variation of soil

- enzyme activities under different vegetation restoration stages in Karst gorge district[J]. *Journal of Nanjing Forestry University (Natural Science Edition)*, 2011, 25(2):103–107.
- [13] 兰 雪,戴全厚,喻理飞,等.喀斯特退化森林不同恢复阶段土壤酶活性研究[J].农业现代化研究,2009,30(5):620–624.  
LAN Xue, DAI Quan-hou, YU Li-fei, et al. Soil enzyme activity of different restoration stages in karst degenerative forest[J]. *Research of Agricultural Modernization*, 2009, 30(5):620–624.
- [14] 李 为,余龙江,李 涛,等.岩溶生态系统土壤酶活性的时空动态及其与土壤肥力的关系:以桂林丫吉村岩溶试验场为例[J].农业环境科学报,2008,27(1):260–266.  
LI Wei, YU Long-jiang, LI Tao, et al. Seasonal and spatial dynamics of soil enzyme activities and its relationship to soil fertility in karst ecosystem: A case study of Guilin Yaji karst experimental site[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2008, 27(1):260–266.
- [15] 胡忠良,潘根兴,李恋卿,等.贵州喀斯特山区不同植被下土壤C、N、P含量和空间异质性[J].生态学报,2009,28(8):4187–4194.  
HU Zhong-liang, PAN Gen-xing, LI Lian-qing, et al. Changes in pools and heterogeneity of soil organic carbon, nitrogen and phosphorus under different vegetation types in karst mountainous area of central Guizhou Province, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 28(8):4187–4194.
- [16] 张平究,潘根兴.不同植被群落下喀斯特土壤养分及生物化学性质特征[J].水土保持学报,2012,26(1):77–80, 84.  
ZHANG Ping-jiu, PAN Gen-xing. Characteristics of soil nutrients and biochemical properties under different vegetation communities in karst area[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2012, 26(1):77–80, 84.
- [17] 沈利娜,邓新辉,蒋忠诚,等.不同植被演替阶段的岩溶土壤微生物特征:以广西马山弄拉峰丛洼地为例[J].中国岩溶,2007,26(4):310–314, 333.  
SHEN Li-na, DENG Xin-hui, JIANG Zhong-cheng, et al. Features of karst soil microbe at different vegetation successions: A case study on the peak cluster depression in Nongla, Mashan, Guangxi[J]. *Carslologia Sinica*, 2007, 26(4):310–314, 333.
- [18] 李 为,余龙江,周蓬蓬,等.西南岩溶区土壤微生物生态作用的初步研究:以桂林丫吉村岩溶试验场为例[J].水土保持学报,2004,18(3):112–114, 132.  
LI Wei, YU Long-jiang, ZHOU Peng-peng, et al. Preliminary study on soil microbial ecological effect in karst areas of Southwest China: A case of the Yaji karst experimental site[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2004, 18(3):112–114, 132.
- [19] 李 为,余龙江,袁道先,等.不同岩溶生态系统土壤及其细菌碳酸酐酶的活性分析及生态意义[J].生态学报,2004,24(3):438–443.  
LI Wei, YU Long-jiang, YUAN Dao-xian, et al. Researches on activity of carbonic anhydrase from soil and its bacteria in different karst ecosystems and its ecological significance[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(3):438–443.
- [20] 鲁如坤.土壤农业化学分析[M].北京:中国农业科技出版社,1999: 106–185.  
LU Ru-kun. *Methods of soil and agro-chemistry analysis*[M]. Beijing: China Agriculture Technology Press, 1999: 106–185.
- [21] 李振高,骆永明,滕 应.土壤与环境微生物研究方法[M].北京:科学出版社,2008:97–99.  
LI Zhen-gao, LUO Yong-ming, TENG Ying. *Method of soil and environmental microorganisms*[M]. Beijing: Science Press, 2008:97–99.
- [22] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986:275–276, 294–296, 310–312.  
GUAN Song-yin. *Soil enzymes and their studying methods*[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986:275–276, 294–296, 310–312.
- [23] 王建锋,谢世友,冯慧芳,等.岩溶槽谷区不同土地利用方式下土壤微生物特征研究[J].环境科学与管理,2010,35(3):150–154, 162.  
WANG Jian-feng, XIE Shi-you, FENG Hui-fang, et al. Characteristic study of soil microbe under different land-use types in Chongqing karst region[J]. *Environmental Science and Management*, 2010, 35(3): 150–154, 162.
- [24] 陈家瑞,曹建华,李 涛,等.西南典型岩溶区土壤微生物数量研究[J].广西师范大学学报(自然科学版),2010,28(4):96–100.  
CHEN Jia-rui, CAO Jian-hua, LI Tao, et al. Soil microorganisms in typical karst region of southwest China [J]. *Journal of Guangxi Normal University:Natural Science Edition*, 2010, 28(4):96–100.
- [25] Meyer C K, Baer S G, Whils M R. Ecosystem recovery across a chronosequence of restored wetlands in the platte river valley[J]. *Ecosystems*, 2008, 11(2):193–208.
- [26] 何金祥,付传明,黄宁珍,等.广西岩溶区烟草栽培地土壤养分、微生物与病害发生的调查分析[J].中国农学通报,2011,27(15):292–296.  
HE Jin-xiang, FU Chuan-ming, HUANG Ning-zhen, et al. Survey and analysis on soil nutrient level, microorganism population and tobacco diseases infection in Limestone Area of Guangxi[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, 27(15):292–296.
- [27] 陈香碧,苏以荣,何寻阳,等.不同干扰方式对喀斯特生态系统土壤细菌优势类群:变形菌群落的影响[J].土壤学报,2012,49(2):354–363.  
CHEN Xiang-bi, SU Yi-rong, HE Xun-yang, et al. Effect of human disturbance on composition of the dominant bacterial group proteobacteria in karst soil ecosystems[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(2):354–363.
- [28] 刘淑娟,张 伟,王克林,等.桂西北喀斯特峰丛洼地不同植被演替阶段的土壤脲酶活性[J].生态学报,2011,31(19):5789–5796.  
LIU Shu-juan, ZHANG Wei, WANG Ke-lin, et al. Soil urease activity during different vegetation successions in karst peak-cluster depression area of northwest Guangxi, China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, 31(19):5789–5796.
- [29] Santos E C, Silva I S, Simões T H N, et al. Correlation of soil microbial community responses to contamination with crude oil with and without chromium and copper[J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2012, 70(5):104–110.