

滇中高原华山松植物多样性与土壤生物肥力特征^①

杨媛媛, 陈奇伯, 黎建强*, 刘佩琪

(西南林业大学环境科学与工程学院, 昆明 650224)

摘要: 为探究滇中高原华山松植物多样性与土壤生物肥力的关系, 运用野外调查法和实验室分析法对玉溪市磨盘山国家森林公园的华山松天然次生林进行了研究。结果表明: 磨盘山华山松天然次生林形成以华山松为优势种的针阔混交林, 其物种组成单一、植物多样性较低, 共出现维管束植物 13 科 15 属 15 种。华山松林下有有机质、全氮、碱解氮、全磷、有效磷、速效钾含量, 酶活性及微生物数量随土层深度的加深呈递减趋势, pH、全钾含量随土层深度的加深而呈递增趋势。主成分分析结果显示, 土壤养分、过氧化氢酶、转化酶和微生物都能较好地反映土壤生物肥力特征, 多样性指数、优势度指数以及丰富度指数这 3 个因子能够较好地反映植物多样性。华山松植物多样性与土壤肥力特征具有明显的相关性, 其中对植物多样性影响较大的土壤肥力指标有真菌、过氧化氢酶、全氮、速效钾、全钾、转化酶、细菌、全磷、有效磷。

关键词: 华山松; 植物多样性; 土壤养分; 土壤酶; 土壤微生物

中图分类号: S151.9+4; Q948.1 **文献标识码:** A

森林植被和森林土壤是森林生态系统的重要组成部分, 它们是参与森林生态系统的物质循环和能量流动的关键环节^[1]。土壤是植物生长的重要载体, 它提供了植物生命活动所必需的肥力及水分, 进一步决定着植物群落的物种组成及动态分布。而植物又可以通过对养分的生态效应使土壤呈现各种时空动态变化^[2]。因此对植物多样性及土壤生物肥力特征的研究有助于我们更全面地评价森林群落地上和地下相互作用关系及机理, 更清晰地评价森林的健康状况。我国对植物多样性、土壤理化性质及土壤酶与微生物的研究都有论述^[3-4], 但是以往的研究普遍采用简单相关研究^[5-6], 且对于植物多样性及土壤生物肥力特征的相关性研究鲜有报道。简单的相关关系不但不能透彻地分析自变量对因变量的具体作用, 而且也使计算过程冗杂。因此, 本研究以地处磨盘山国家森林公园的华山松天然次生林群落为研究对象, 在相关分析的基础上引入通径分析法、主成分分析及逐步回归分析, 以揭示滇中地区华山松土壤生物肥力对植物多样性的内部影响机制, 为滇中高原华山松的抚育管理、林木保护、林地土壤质量的恢复与保育、森林生态系

统的可持续发展以及生态系统服务价值评价提供理论依据和技术支持。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于云南省玉溪市磨盘山国家森林公园(23°46' ~ 23°54'N, 101°16'06" ~ 101°16'12"E)内。磨盘山国家森林公园是我国亚热带地区以云南特有植物种为优势的中山半湿性常绿阔叶林为主的重要原始森林区, 属中亚热带半湿润高原季风气候区, 同时含有典型的山地气候特点, 是一个保存完整的原始、稳定的典型自然生态系统。区内地势复杂, 植物种类繁多, 土壤主要以黄棕壤、山地红壤与玄武岩红壤为主, 海拔 1 260 ~ 2 614.4 m, 年平均气温 14 ~ 16℃, 年平均雨量为 1 000 ~ 1 100 mm, 极端最高气温 33.0℃, 极端最低气温 -2.2℃, 全年日照时数 2 380 h。优势树种以云南特有种, 或以云南为分布中心的树种组成, 常见种有华山松 (*Pinus armandii* Franch)、云南松 (*Pinus yunnanensis* Faranch)、云南油杉 (*Keteleeria evelyniana* Mast)、油杉 (*Keteleeria fortunei* (Murr.)

基金项目: 国家自然科学基金项目(C030801)、国家林业局林业公益性行业科研专项(20120401-10)、云南省高校优势特色重点学科(生态学)建设项目(05000511311)和西南林业大学科技创新基金项目(C15117)资助。

* 通讯作者(JQ-Lee83125@hotmail.com)

作者简介: 杨媛媛(1992—), 女, 内蒙古乌兰察布人, 硕士研究生, 主要研究方向为森林生态。E-mail: 15247119519@163.com

Carr.)、木兰科 (Magnoliaceae) 及樟科 (Lauraceae) 植物等, 森林覆盖率达 86%。其中, 华山松是松属中分布海拔最高的物种, 在云南主要分布在海拔高度为 2 000 ~ 3 400 m 的滇中、滇西北地区, 它是我国亚热带地区的重要用材树种, 也是云南森林群落的重要组成部分, 具有较高的经济效益及生态效益。

1.2 研究方法

1.2.1 样地调查 本研究以华山松天然次生林为研究对象, 在研究对象的典型群落内, 设置 6 个面积为 20 m × 20 m 的乔木样方, 在每个乔木样方的对角线上设置 3 个 3 m × 3 m 的灌木样方和 3 个 1 m × 1 m 的草

本样方。对乔木进行每木检尺, 同时记录树高和胸径以及出现的树种、株数、冠幅、郁闭度等, 并用生长锥钻取林木木芯, 通过计数木芯年轮确定华山松林龄; 灌木和草本调查其种名、高度、多度、冠幅、盖度。并在标准样地内沿对角线设置 3 个典型采样点, 每个采样点去除表层枯枝落叶, 挖掘土壤剖面, 分别在 0 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60 cm 土层采集土壤样品, 用于理化性质和生物学指标的测定。其中土壤酶活性与可培养的微生物数量用鲜土带回实验室 4℃ 冰箱内保存, 其余土样经阴干研磨, 分别过 1.00、0.25 mm 土壤筛, 装袋待测。磨盘山华山松群落标准样地基本情况见表 1。

表 1 磨盘山华山松群落标准样地基本情况
Table 1 Basic information of *P. armandii* community in Mopan Mountain

群落类型	样地号	林龄 (a)	平均胸径 (cm)	平均树高 (m)	海拔 (m)	坡位	坡向	坡度	土壤类型	郁闭度
华山松天然 次生林	1	24 ~ 26	12.13	10.86	2 343	中坡	南偏西 37°	17°	黄棕壤	0.75
	2	24 ~ 26	12.11	10.18	2 352	中坡	南偏西 13°	20°	黄棕壤	0.68
	3	24 ~ 26	11.70	10.78	2 360	中坡	南偏西 13°	23°	黄棕壤	0.82
	4	24 ~ 26	11.95	10.56	2 357	中坡	南偏西 18°	19°	黄棕壤	0.77
	5	24 ~ 26	12.06	10.71	2 349	中坡	南偏西 25°	22°	黄棕壤	0.71
	6	24 ~ 26	12.21	10.92	2 343	中坡	南偏西 16°	20°	黄棕壤	0.84

1.2.2 测定方法 土壤理化性质采用常规方法测定^[7]。土壤体积质量和田间持水量采用环刀法测定; 土壤有机质采用 $K_2Cr_2O_7$ 外加热法测定, 土壤碱解氮采用碱解-扩散法测定, 土壤全磷采用钼锑抗比色法测定, 土壤全钾、速效钾采用火焰光度法测定, 土壤 pH 采用电位法测定; 脲酶活性采用苯酚钠比色法测定, 过氧化氢酶活性采用容量法(高锰酸钾滴定法)测定, 蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定^[8]。土壤微生物数量采用稀释平板计数法测定, 细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基培养, 放线菌采用高氏 1 号培养基培养, 真菌采用孟加拉红培养基培养^[9]。

1.2.3 数据处理 采用 BIO-DAP 进行植物多样性的计算, 采用 WPS Office 2016 和 SPSS 19.0 软件进行相关分析、主成分分析、回归分析及通径分析。

2 结果与分析

2.1 植被物种组成及植物多样性

重要值()是综合评价群落中不同种群的重要程度的指标之一, 对群落结构的分析起重要作用。磨盘山国家森林公园华山松天然次生林主要成分的重要值见表 2, 由物种组成可以看出, 该区域华山松天然次生林群落出现 13 科 15 属 15 种。就物种组成的空间格局来看, 天然次生林群落物种丰富度由大到小

排序为灌木层>乔木层>草本层。同时可以看出, 在物种组成上群落中山茶科和杜鹃花科植物最多(4 种), 其次是樟科(2 种)、山茶科(2 种)和百合科(2 种)。

根据重要值的分层结果可以看出, 该区域华山松天然次生林群落乔木层华山松的重要值高于其他物种, 且形成以华山松为优势种的针阔混交林, 其中乔木层重要值大于 10 的伴生树种有斜基叶桉(18.61)、厚皮香(11.89)。灌木层主要以幼树为主, 比如米饭花、青冈、厚皮香等, 其重要值最大的物种为三叶悬钩子。该群落的草本层物种比较少, 包括多年生百合科耐阴植物沿阶草和葱草, 沿阶草为草本层的优势种。通过植物多样性的计算, 得到华山松次生林群落的多样性指数、优势度指数、均匀度指数和丰富度指数分别为 0.83、0.74、0.83、1.10。

2.2 土壤生物肥力特征

根据植物生长或维持植物生长环境的主要影响因素并参照有关研究结果^[10-11], 确定磨盘山国家森林公园华山松天然次生林土壤生物肥力特征指标, 基本情况见表 3。华山松林下有机质、全氮、碱解氮、全磷、有效磷、速效钾含量随土层深度的加深而减少, pH、全钾含量随土层深度的加深而增加。土壤有机质、全氮、碱解氮、全磷、有效磷和速效钾在不同土层土壤中存在显著差异($P < 0.05$); 土壤全钾含量在

表 2 磨盘山华山松天然次生林主要成分的重要值
Table 2 Importance values of dominant species secondary forest of *P. armandii* in Mopan Mountain

林层	科名	属名	种名	重要值
乔木层	松科 Pinaceae	松属 <i>Pinus</i>	华山松 <i>Pinus armandii</i> Franch.	48.06
	山茶科 Theaceae	柃木属 <i>Eurya</i>	斜基叶柃 <i>Eurya obliquifolia</i> Hemsl.	18.61
	山茶科 Theaceae	厚皮香属 <i>Ternstroemia</i>	厚皮香 <i>Ternstroemia gymnanthera</i> (Wight et Arn.) Sprague	11.89
	壳斗科 Fagaceae	青冈栎属 <i>Cyclobalanopsis</i>	青冈 <i>Cyclobalanopsis glauca</i> (Thunb.) Oersted	9.45
	桦木科 Betulaceae	桤木属 <i>Alnus</i>	旱冬瓜 <i>Alnus nepalensis</i> D. Don.	7.26
	樟科 Lauraceae	润楠属 <i>Machilus</i>	滇润楠 <i>Machilus yunnanensis</i> Lec.	2.43
	杜鹃花科 Ericaceae	米饭花属 <i>Lyonia</i>	米饭花 <i>Lyonia ovalifolia</i> (Wall.) Drude	2.3
灌木层	蔷薇科 Rosaceae	悬钩子属 <i>Rubus</i>	三叶悬钩子 <i>Rubus delavayi</i> Franch.	48.73
	杜鹃花科 Ericaceae	白珠树属 <i>Gaultheria</i>	地檀香 <i>Gaultheria forrestii</i> Diels	12.56
	山茶科 Theaceae	柃木属 <i>Eurya</i>	斜基叶柃 <i>Eurya obliquifolia</i> Hemsl.	9.08
	杜鹃花科 Ericaceae	米饭花属 <i>Lyonia</i>	米饭花 <i>Lyonia ovalifolia</i> (Wall.) Drude	8.81
	木樨科 Oleaceae	素馨属 <i>Jasminum</i>	大理素馨 <i>Jasminum seguinii</i> Lévl.	3.99
	壳斗科 Fagaceae	青冈栎属 <i>Cyclobalanopsis</i>	青冈 <i>Cyclobalanopsis glauca</i> (Thunb.) Oersted	3.63
	清风藤科 Sabiaceae	泡花树属 <i>Meliosma</i> spp.	泡花树 <i>Meliosma cuneifolia</i> Franch.	3.39
	杨梅科 Myricaceae	杨梅属 <i>Myrica</i>	矮杨梅 <i>Myrica nana</i> Cheval.	3.39
	山茶科 Theaceae	厚皮香属 <i>Ternstroemia</i>	厚皮香 <i>Ternstroemia gymnanthera</i> (Wight et Arn.) Sprague	3.27
	五加科 Araliaceae	鹅掌柴属 <i>Schefflera</i>	穗序鹅掌柴 <i>Schefflera delavayi</i> (Fr.) Harms	3.15
草本层	百合科 Liliaceae	沿阶草属 <i>Ophiopogon</i>	沿阶草 <i>Ophiopogon bodinieri</i> Lévl.	65.87
	禾本科 Gramineae	荩草属 <i>Arthraxon</i>	荩草 <i>Arthraxon hispidus</i> (Thunb.) Makino	34.13

表 3 磨盘山国家森林公园华山松天然次生林土壤生物肥力特征
Table 3 Soil biological fertility indexes of *P. armandii* species secondary forest in Mopan Mountain National Forest Park of China

土壤生物肥力指标	土层深度(cm)		
	0 ~ 20	20 ~ 40	40 ~ 60
pH	4.19 ± 0.12 b	4.34 ± 0.09 a	4.50 ± 0.03 a
有机质 (g/kg)	77.83 ± 1.79 a	70.95 ± 1.91 b	50.90 ± 0.56 c
全氮 (g/kg)	3.70 ± 0.12 a	2.46 ± 0.12 b	0.84 ± 0.12 c
碱解氮 (mg/kg)	162.01 ± 3.45 a	144.41 ± 5.05 b	122.91 ± 2.20 c
全磷 (g/kg)	0.24 ± 0.01 a	0.12 ± 0.01 b	0.09 ± 0.01 c
有效磷 (mg/kg)	162.70 ± 6.13 a	113.66 ± 2.72 b	96.70 ± 2.71 c
全钾 (g/kg)	5.48 ± 0.45 b	8.20 ± 0.09 b	15.31 ± 2.02 a
速效钾 (mg/kg)	91.58 ± 3.79 a	66.51 ± 6.03 b	34.96 ± 2.17 c
脲酶活性 (mg/kg)	10.26 ± 1.24 a	7.21 ± 2.01 b	6.70 ± 1.13 b
过氧化氢酶活性 (ml/kg)	71.82 ± 6.15 a	43.36 ± 5.94 b	11.24 ± 2.03 c
转化酶活性 (mg/g)	41.14 ± 8.63 a	17.59 ± 6.32 b	3.35 ± 1.31 c
细菌 ($\times 10^5$ cfu/g)	18.26 ± 0.38 a	7.40 ± 1.01 b	4.05 ± 0.29 b
放线菌 ($\times 10^4$ cfu/g)	2.67 ± 0.10 a	1.54 ± 0.23 b	0.97 ± 0.25 b
真菌 ($\times 10^3$ cfu/g)	9.27 ± 0.76 a	5.42 ± 0.05 b	3.98 ± 0.48 c

注：表中数值为平均值±标准误；同一行数据小写字母不同表示差异达到 $P < 0.05$ 显著水平； $n = 18$ 。

40 ~ 60 cm 和 0 ~ 40 cm 土层中有显著差异 而土壤 pH、有机质含量在 0 ~ 20 cm 和 20 ~ 60 cm 土层有显著差异。

土壤脲酶、过氧化氢酶、转化酶活性随着土层深度的加深而逐渐减小，脲酶活性在 0 ~ 20 cm 和 20 ~

60 cm 土层中有显著差异 ($P < 0.05$)，转化酶和过氧化氢酶活性在不同的土层深度中存在显著差异 ($P < 0.05$)。在不同土层中 3 种微生物的数量均呈现出相同的规律：细菌 > 放线菌 > 真菌。随着土壤深度的增

加,土壤中细菌、放线菌、真菌数量均逐渐减少。土壤中真菌在不同土层土壤中存在显著差异($P<0.05$);放线菌和细菌数量在土壤表层(0 ~ 20 cm)与土壤深层(20 ~ 60 cm)差异显著。

2.3 植物多样性与土壤生物肥力之间的相关关系

2.3.1 植物多样性与土壤生物肥力之间的相关系数

由磨盘山国家森林公园华山松植物多样性与土壤肥力特征相关系数(表 4)可以看出,植物多样性与土壤生物肥力之间存在密切的相关关系。其中多样

性指数与全氮、真菌呈极显著相关($P<0.01$),与碱解氮、全磷、细菌和放线菌均呈显著相关($P<0.05$);优势度指数与过氧化氢酶表现为极显著相关关系($P<0.01$),与有机质、全氮、碱解氮、有效磷、全钾、微生物(细菌、放线菌、真菌)均表现为显著相关关系($P<0.05$);均匀度指数与碱解氮、全磷、有效磷、细菌以及放线菌都达到了显著相关水平;丰富度指数与速效钾、过氧化氢酶都表现显著相关($P<0.05$),与全钾表现为极显著正相关($P<0.01$)。

表 4 磨盘山国家森林公园华山松天然次生林植物多样性与土壤肥力特征相关系数

Table 4 Correlation coefficients between vegetation diversity and soil fertility indexes of *P. armandii* species secondary forest in Mopan Mountain National Forest Park

	多样性指数	优势度指数	均匀度指数	丰富度指数
有机质	0.743	-0.786*	-0.396	-0.714
全氮	0.881**	-0.857*	-0.523	-0.643
碱解氮	0.820*	-0.857*	-0.793*	-0.571
全磷	0.803*	-0.750	-0.757*	-0.714
有效磷	0.747	-0.821*	-0.847*	-0.679
全钾	-0.733	0.821*	0.631	0.893**
速效钾	0.705	-0.750	-0.667	-0.821*
脲酶	0.711	-0.500	-0.270	-0.071
过氧化氢酶	-0.538	0.883**	0.418	0.775*
转化酶	0.132	-0.143	0.523	0.250
细菌	0.831*	-0.786*	-0.847*	-0.643
放线菌	0.805*	-0.857*	-0.811*	-0.714
真菌	0.905**	-0.821*	-0.649	-0.500

注: * 表示相关性达到 $P<0.05$ 显著水平, ** 表示相关性达到 $P<0.01$ 显著水平。

2.3.2 植物多样性与土壤生物肥力之间的主成分分析

由磨盘山华山松植物多样性与土壤肥力特征的主成分分析结果可知(表 5),第 1 主成分和第 2 主成分贡献率较高,分别为 41.216 和 35.350,因此在全部指标中具有重要的作用。以载荷因子大于 0.7 记,主成分 1 集中体现了土壤养分、过氧化氢酶、微生物、多样性指数、优势度指数以及丰富度指数等 14 个因子,主成分 2 主要表现了转化酶这一个指标。

2.3.3 植物多样性与土壤生物肥力之间的通径系数

为了更好地得到植物多样性与土壤生物肥力之间的关系,采用逐步回归分析得到最优回归方程:

$$Y_1 = 0.220X_1 - 0.082X_2 + 1.998X_3 - 1.440X_4$$

$$Y_2 = -0.333X_1 + 0.712X_5 - 0.189X_6$$

$$Y_3 = -0.023X_4 + 0.573X_6 - 6.567X_7 + 6.130X_8$$

$$Y_4 = 1.143X_1 + 0.563X_2 + 0.256X_3 - 1.695X_9$$

式中: Y_1 、 Y_2 、 Y_3 、 Y_4 分别为多样性指数、优势度指数、均匀度指数、丰富度指数; X_1 、 X_2 、 X_3 、 X_4 、 X_5 、 X_6 、 X_7 、 X_8 、 X_9 依次为真菌、过氧化氢酶、全氮、速

效钾、全钾、转化酶、细菌、全磷、有效磷。

由逐步回归方程可以看出对植物多样性影响较大的生物肥力指标有真菌、过氧化氢酶、全氮、速效钾、全钾、转化酶、细菌、全磷、有效磷。综合逐步回归方程与磨盘山华山松植物多样性与土壤肥力特征的通径系数(表 6)可以发现,对多样性指数影响较大的依次为全氮、有效磷、真菌、过氧化氢酶,其他因子如全钾、碱解氮和有机质也通过与其他因子的交互作用而间接影响植物多样性;优势度指数的主要影响因子有全钾、真菌和转化酶,其他因子如全磷、细菌、有机质、全氮和碱解氮也通过与其他因子的交互作用间接影响植物优势度;对均匀度指数影响较大的因子有细菌、全磷、转化酶与速效钾,有机质和全氮通过与其他因子的交互作用也会间接影响植物均匀度;对丰富度指数影响较大的依次是有效磷、真菌、过氧化氢酶、全氮,而全钾、全磷和细菌通过与其他因子的间接作用也对植物丰富度产生一定影响。

表 5 基于植物多样性与土壤生物肥力特征的华山松主成分分析

Table 5 PCA results of *P. armandii* species secondary forest based on vegetation diversity and soil biological fertility indexes

特征类别	主成分		
	1	2	3
有机质	0.883	0.381	-0.120
全氮	0.974	0.138	0.032
碱解氮	0.918	0.220	0.088
全磷	0.968	-0.217	-0.009
有效磷	0.970	-0.176	-0.060
全钾	-0.969	0.017	0.167
速效钾	0.939	0.042	-0.228
脲酶	0.609	0.399	0.368
过氧化氢酶	-0.736	-0.143	0.387
转化酶	-0.128	0.790	0.118
细菌	0.956	-0.238	0.084
放线菌	0.944	-0.163	0.091
真菌	0.935	0.039	0.215
多样性指数	0.852	0.197	0.442
优势度指数	-0.979	-0.107	0.038
均匀度指数	-0.437	0.686	-0.546
丰富度指数	-0.741	0.256	0.584
特征根	12.301	1.766	1.303
贡献率	41.216	35.350	13.845
累计贡献率	41.216	76.566	90.411

表 6 磨盘山华山松植物多样性与土壤肥力特征的通径系数

Table 6 Path coefficients of vegetation diversity and soil biological fertility indexes of *P. armandii* species secondary forest in Mopan Mountain

因变量	自变量												
	有机质	全氮	碱解氮	全磷	有效磷	全钾	速效钾	脲酶	过氧化氢酶	转化酶	细菌	放线菌	真菌
多样性指数	-0.261	<u>1.998</u>	-0.272	0.081	<u>-0.195</u>	0.329	-1.440	0.037	<u>-0.082</u>	-0.176	0.054	-0.105	<u>0.220</u>
优势度指数	0.263	0.103	0.233	-0.440	-0.210	<u>0.712</u>	0.110	0.119	0.035	<u>-0.189</u>	-0.331	-0.122	<u>-0.333</u>
均匀度指数	-0.419	-0.286	-0.102	<u>6.130</u>	0.100	0.138	<u>-0.023</u>	0.034	-0.113	<u>0.573</u>	<u>-6.567</u>	-0.175	0.195
丰富度指数	-0.174	<u>0.256</u>	-0.172	0.255	<u>-1.695</u>	1.035	0.116	-0.022	<u>0.563</u>	-0.054	0.208	0.116	<u>1.143</u>

注：划横线的数据为直接通径系数，其他为间接通径系数。

华山松天然次生林林下土壤有机质、全氮、碱解氮、全磷、有效磷、速效钾含量随着土层深度的加深而减少，pH、全钾含量随着土层深度的加深而增加。这与樊后保等^[16]在对杉木人工林土壤酶活性对氮沉降的响应研究的结果相似。这是因为森林群落中枯落物是有机质和全磷的主要来源，枯落物矿化释放的土壤养分主要集中在表层，因此有机质和全磷表现为表层聚集的现象，同时土壤氮素以生物来源为主，土壤中的速效养分主要源于有机质，所以土壤全氮、碱解

3 讨论

3.1 华山松植物多样性与土壤生物肥力变化规律

磨盘山国家森林公园华山松天然次生林群落在水平分布格局下的物种组成、物种多样性都比较低，这与彭舜磊和王德祥^[12]、刘进山^[13]的研究结果不同，这可能主要是由其生境条件及恢复时间所致。首先，华山松天然次生林位于阳坡，阳坡的水热条件及形成的小气候都比较差，不利于植被的萌蘖和林下凋落物的分解；其次华山松天然次生林的海拔较高，而海拔与物种多样性呈显著或极显著负相关^[14-15]；最后，磨盘山华山松天然次生林的坡度较大、土层厚度较小，而这些影响因子又与群落物种多样性紧密相关^[14]。从垂直分布格局来看，磨盘山华山松天然次生林群落形成以华山松为优势种的针阔混交林，这为群落的正向演替提供了基础。华山松天然次生林群落灌木层出现乔木层的幼树，这说明经过二十多年的生长与恢复，该群落形成了较稳定的生态系统。草本层耐阴物种的出现说明乔木层浓密的针阔冠层影响了林下植被的存活。由于华山松天然次生林的生境恶劣，因此在此群落生长的植被既要耐贫瘠、抗逆性强，又要具有发达健壮根系，而山茶科、杜鹃花科、樟科和百合科植物的大量分布，有利地证明了这些植物对这种生境具有较强的适应性，这为该区生态系统改良中植被的选择提供了重要的参考依据。

氮、有效磷、速效钾与有机质的含量都表现出表层较高的趋势。土壤的酸度受降雨量和枯落物分解程度的影响较大，而全钾主要受土壤母质的影响，所以它们呈现出了与其他化学元素不同的空间分布规律。

土壤脲酶、过氧化氢酶、转化酶活性随着土层深度的加深而逐渐减小，随着土壤深度的增加，土壤中细菌、放线菌、真菌数量也呈现相同的趋势，这和赵维娜等^[17]的研究结果相同。土壤酶活性呈现这样的趋势是因为土壤酶积极参与土壤的生化反应，因此土

壤酶活性在生化反应剧烈的土层含量较高,即表层的酶活性大于下层。土壤微生物呈现的这种垂直分布规律与土壤养分含量、土壤温度、含水量以及通透性等多种因素都有关联^[18]。首先,土壤微生物所需的营养和能量都来源于有机物质,而有机物质主要分布于土壤表层;其次,微生物的生长发育需要充足的水分补给,而含水量由表层到深层也表现为逐渐下降的趋势;再次,土壤表层的通透性较好,适宜好气性微生物的生长繁殖;最后,研究区土层较薄,深层的土壤结构不利于营养物质的保存。因此,对土壤酶活性与微生物数量的研究对于土壤生物肥力的探讨与土质的改良具有重要意义。

3.2 华山松植物多样性与土壤生物肥力的关系

由主成分分析得知,土壤养分、过氧化氢酶、转化酶和微生物都能较好地反映土壤生物肥力特征。土壤养分、酶以及微生物都是森林生态系统的重要组成部分,土壤微生物可以作为判定土壤质量的重要指标,土壤酶可以反映土壤一切生化反应的强度和方向^[19-21]。因此利用土壤养分、酶以及微生物评价土壤生物肥力特征更具有说服力。多样性指数、优势度指数以及丰富度指数这 3 个因子能够较好地反映植物多样性,这说明要想综合反映植物多样性必须综合考虑多个指标,不能以偏概全。

华山松植物多样性与土壤肥力特征具有明显的相关性,这是因为植物群落可以改变林下土壤微环境和群落中生产力、生物量和生物多样性,而土壤养分的动态变化与植物的吸收与消耗密不可分。植物多样性受土壤生物肥力影响的主要指标有真菌、过氧化氢酶、全氮、速效钾、全钾、转化酶、细菌、全磷、有效磷,这为提高华山松群落植物多样性的指标选取提供了理论依据。滇中高原华山松天然次生林群落植被组成单一,同时土壤肥力质量演变是一个漫长的过程,随着时空的变化,土壤生物肥力会发生相应的改变。因此,为提高土地生产力、增强森林生态系统服务功能,开展植物多样性与土壤生物肥力定位监测将会是今后研究的重点。

4 结论

1) 磨盘山华山松天然次生林群落物种较单一,共出现维管束植物 13 科 15 属 15 种,且形成以华山松为优势种的针阔混交林。

2) 华山松林下有机质、全氮、碱解氮、全磷、有效磷、速效钾含量,酶活性及微生物数量随土层深度的加深呈递减趋势,pH、全钾含量随土层深度的

加深而呈递增趋势。

3) 土壤养分、过氧化氢酶、转化酶和微生物都能较好地反映土壤生物肥力特征,多样性指数、优势度指数以及丰富度指数这 3 个因子能够较好地反映植物多样性。

4) 华山松植物多样性与土壤肥力特征具有明显的相关性,其中对植物多样性影响较大的土壤肥力指标有真菌、过氧化氢酶、全氮、速效钾、全钾、转化酶、细菌、全磷、有效磷;有机质、碱解氮、脲酶、放线菌等因子也通过与其他因子的交互作用影响植物多样性。

参考文献:

- [1] 刘晓敏. 祁连山青海云杉林土壤理化性质的空间变异性研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2012
- [2] 朱建奎. 山西太岳山地区森林土壤理化性状研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2009
- [3] 舒蛟靖, 陈奇伯, 王艳霞, 等. 华山松人工林土壤酶活性与理化因子的通径分析[J]. 东北林业大学学报, 2014, 42(9): 88-92
- [4] 杨媛媛, 黎建强, 陈奇伯, 等. 滇中高原常绿阔叶林土壤生物学特征对土壤理化性质的影响[J]. 生态环境学报, 2016, 25(3): 393-401
- [5] 潘树林, 辜彬. 深圳盐田港公路边坡生态恢复土壤特性与植物多样性的研究[J]. 土壤, 2013, 45(2): 1366-1372
- [6] 操庆, 曹海生, 魏晓兰, 等. 盐胁迫对设施土壤微生物量碳氮和酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2015, 29(4): 300-304
- [7] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤理化分析[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1978: 36-42
- [8] 关松荫. 土壤酶及其研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 4-6
- [9] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 1985
- [10] 杨晓娟, 王海燕, 任丽娜, 等. 我国森林土壤健康评价研究进展[J]. 土壤通报, 2012(4): 972-978
- [11] 张心昱, 陈利顶. 土壤质量评价指标体系与评价方法研究进展与展望[J]. 水土保持研究, 2006, 13(3): 30-34
- [12] 彭舜磊, 王得祥. 秦岭火地塘林区华山松人工林与天然次生林群落特征比较[J]. 西北植物学报, 2009, 29(11): 2301-2311
- [13] 刘进山. 不同起源柳杉群落结构特征对比研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2009
- [14] 许传阳, 陈志超, 郝成元, 等. 暖温带和北亚热带过渡区白云山植物物种多样性与环境因子相关性[J]. 生态环境学报, 2014, 23(3): 371-376
- [15] 段文军, 王金叶. 猫儿山自然保护区森林群落垂直格局与主导因素分析[J]. 生态环境学报, 2013, 22(4): 563-566
- [16] 樊后保, 刘文飞, 徐雷, 等. 杉木人工林土壤酶活性对氮沉降的响应[J]. 林业科学, 2013, 48(7): 8-13
- [17] 赵维娜, 王艳霞, 陈奇伯. 高山栎天然林土壤酶活性与土壤理化性质和微生物数量的关系[J]. 东北林业大学学报, 2015, 43(9): 72-77

- [18] 侯芸芸. 小陇山国家级自然保护区土壤理化性质及其与土壤微生物群落特征的相关性研究[D]. 兰州: 西北师范大学, 2013
- [19] 王理德, 王方琳, 郭春秀, 等. 土壤酶学研究进展[J]. 土壤, 2016, 48(1): 12–21
- [20] Badiane N N Y, Chotte J L, Pate E, et al. Use of soil enzyme activities to monitor soil quality in natural and improved fallows in semi-arid tropical regions[J]. Applied Soil Ecology, 2001, 18(3): 229–238
- [21] Kotrocó Z, Veres Z, Fekete I, et al. Soil enzyme activity in response to long-term organic matter manipulation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 237–243

Vegetation Diversity and Soil Biological Fertility of *Pinus Armandii* in Central Yunnan Plateau, China

YANG Yuanyuan, CHEN Qibo, LI Jianqiang*, LIU Peiqi

(College of Environment Science and Engineering, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China)

Abstract: The *Pinus armandii* secondary forest in Yuxi Mopan Mountain National Forest Park was taken as study site, the characteristics of vegetation were inventoried, soils were collected and soil biological fertility indexes were measured in laboratory in order to explore the relationship between vegetation diversity and soil biological fertility in the Central Yunnan Plateau in China. The results showed that Mopan Mountain *Pinus armandii* secondary forest was mixed forests with low plant diversity and dominant species of *Pinus armandii*, there were 13 families, 15 genera and 15 kinds of vascular plants. With the increase of soil depth, soil organic matter, total nitrogen, alkali solution nitrogen, total phosphorus, available phosphorus and available potassium content, enzyme activity and microbial quantity declined, while pH and total potassium increased under *Pinus armandii* secondary forest. Principal component analyses showed that soil nutrients, catalase, invertase and microbes well indicated soil biological fertility, while diversity index, dominance index and richness index well reflected vegetation diversity. *Pinus armandii* forest diversity had significant correlation with soil fertility indexes. The diversity of *Pinus armandii* forest was greatly influenced by soil fungi, catalase, total nitrogen, phosphorus, total potassium, invertase, potassium bacteria, total phosphorus and available phosphorus.

Key words: *Pinus armandii*; Vegetation diversity; Soil nutrients; Soil enzymes; Soil microbial