

# 不同处理对毛竹伐后竹筴微生物数量与酶活性的影响

李美群, 孟 勇, 杨 明, 艾文胜\*, 涂 佳, 胡 伟, 肖 飞

(湖南省林业科学院, 湖南 长沙 410004)

**摘 要:**采用促腐剂、机械破筴、覆盖等方式对毛竹林中新砍伐后的竹筴进行促腐处理, 研究不同处理对毛竹伐后竹筴微生物数量及酶活性的影响。结果表明, 不同处理的毛竹伐后竹筴微生物数量以细菌>纤维素菌>木质素菌>放线菌>真菌, 微生物数量的对数值最高分别为 10.28、10.01、9.11、8.77、8.47。酶活性以棉花酶>滤纸酶>CMC 酶, 锰过氧化物酶>漆酶>木质素过氧化氢酶, 其最高分别为 260.97、112.89、49.89、64.73、3.81 U·kg<sup>-1</sup>和 0.069 U·kg<sup>-1</sup>。放线菌数量与真菌数量, 纤维素菌数量与真菌、放线菌数量存在极显著正相关; 滤纸酶活性与木质素菌数量、CMC 酶活性与棉花酶活性存在显著正相关。以纤维素菌和木质素菌数量为正交指标的最佳组合为添加液态菌剂、破筴机破碎、保水剂和枯落物覆盖。采用 TOPSIS 优劣解距离法对微生物和酶活性进行综合评价, 得出相对接近程度值(Ci)最大的 3 个处理为 3 号、7 号、5 号, 数值分别为 0.806 2、0.782 1、0.744 9, 3 个样地的 Ci 值相差不大, 处理方法可用于毛竹伐后竹筴促腐。

**关键词:**毛竹筴; 处理; 微生物数量; 酶活性

中图分类号: S795      文献标志码: A      文章编号: 1001-7461(2016)03-0148-06

## Effects of Different Decay Promotion Treatments on Microorganism and Enzyme Activities of Bamboo Stump after Cut

LI Mei-qun, MENG Yong, YANG Ming, AI Wen-sheng\*, TU Jia, HU Wei, XIAO Fei

(Hunan Academy of Forestry, Changsha, Hunan 410004, China)

**Abstract:** Promoted decay was conducted on newly cut bamboo stump by the methods of applying reagents, mechanical treatment, and covering to study their effects on microbes and enzyme activities. The results showed after treated by different methods, the number of microbes was in the order of bacteria > cellulose bacteria > lignin bacteria > actinomycetes > fungi, the corresponding highest logarithmic values of the microbes were 10.28, 10.01, 9.11, 8.77, 8.47, respectively. The enzymic activities were in the order of cotton enzyme > filter paper enzyme > CMC enzyme, manganese peroxidase enzyme > laccase enzyme > lignin catalase enzyme, with the corresponding highest values of enzyme activities of 260.97, 112.89, 49.89, 64.73, 3.81, and 0.069 U·kg<sup>-1</sup>, respectively. Significant positive correlations were observed between the amount of actinomycetes and fungi, cellulose bacteria and fungi & actinomycetes. Filter paper enzyme activity and the amount of lignin bacteria, CMC enzyme activity and cotton enzyme activity were significantly and positively correlated. Taking the amount of cellulose bacteria and lignin bacteria as orthogonal indicators, it was found that the best combination was adding liquid bacteria agent, stump broken treatment, water retention agent and litter cover processing. Using TOPSIS pros and cons solutions distance method on microbial and enzyme activity for integrated evaluation, the three biggest processing of Ci value were No. 3, 7, and 5, with numerical values of 0.806 2, 0.782 1, and 0.744 9, respectively. The difference of

收稿日期: 2015-06-29    修回日期: 2015-12-22

基金项目: 湖南省林业科学院青年创新基金(2013LQJ09), 中央财政林业科技推广示范项目([2013]XT05)。

作者简介: 李美群, 女, 硕士, 助理研究员, 研究方向: 竹林培育与林产品加工。E-mail: mei\_qun\_li@163.com。

\* 通信作者: 艾文胜, 男, 研究员, 研究方向: 竹林培育与林产品加工。E-mail: aiwensheng@163.com。

*Ci* values was small among the three treatments, which could be used in promoting the decay process of bamboo stump after cut.

**Key words:** bamboo stump; treatment; microorganism; enzyme activity

毛竹(*Phyllostachys edulis*)伐后竹筴的抗菌、防水、防腐能力降低,在附近土壤、毛竹筴繁殖和林地中携带的微生物作用下自然缓慢降解,其降解的快慢受林分结构、采伐年龄、周围土壤、坡位、雨水、温度、光照、冰冻等因素的影响<sup>[1-2]</sup>。变色菌、霉菌、腐菌等微生物由表及里侵入毛竹筴,并利用其糖分、果胶、蛋白、淀粉、脂肪等营养物质生长、繁殖,逐渐破坏纤维素、半纤维素、木质素等大分子结构而达到完全降解<sup>[3-6]</sup>。

研究不同促腐方式作用于毛竹伐后竹筴,并对过程中的微生物与酶活性进行分析及综合评价的鲜见报道,可以参考土壤微生物与酶活性之间的关系来进行探讨和分析。不同林地及作物等土壤微生物与土壤酶活性现已有大量的研究。漆良华<sup>[7]</sup>等研究了湘中丘陵区不同经营目标下毛竹笋用林(Ⅰ)、笋材兼用林(Ⅱ)、材用林(Ⅲ)土壤微生物数量、酶活性及其典范相关关系,得出细菌是土壤微生物的主要类群,真菌数量其次,放线菌数量最少;典范变量系数反映了真菌数量与典范变量的正相关以及细菌数量、蔗糖酶活性与典范变量的负相关关系。徐秋芳<sup>[8]</sup>等采样分析了毛竹竹根区土壤微生物数量和酶活性,发现毛竹竹根区土壤细菌、真菌数量明显多于林间土,放线菌数量无论是毛竹竹根区与林间土之间还是不同年龄毛竹竹根区土之间均无明显不同;毛竹竹根区土壤过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶、土壤蛋白酶和磷酸酶的活性明显高于林间土。涂志华<sup>[9]</sup>以沿海防护林 23 个竹种的根际土壤作为研究对象,得出不同竹种之间,根际土壤微生物类群数量呈显著差异,细菌、真菌、放线菌数量变幅分布在 18.62~2.48×10<sup>5</sup>、33.44~6.64×10<sup>4</sup>、8.36~0.90×10<sup>3</sup> cfu·g<sup>-1</sup>之间;脲酶与淀粉酶、纤维素酶、过氧化氢酶存在显著相关,土壤微生物中细菌与真菌呈极显著正相关。薛立<sup>[10]</sup>等研究了尾叶桉、马占相思、柚木、落羽杉纯林及黎蒴栲和湿地松、红荷和湿地松、黎蒴栲和加勒比松针阔混交林的微生物数量和酶活性,表明黎蒴栲×湿地松混交林地及尾叶桉林地的微生物数量小于马尾松纯林地,其余林地的微生物数量大于后者。除了尾叶桉林地和马占相思林地外,其他林地的酶活性大于马尾松纯林地。叶存旺<sup>[11]</sup>等对侧柏、沙棘混交林及侧柏纯林土壤养分指标、微生物种群数量及酶活性进行了对比分析,结果表明混交林地与侧柏纯林地相比,土壤细菌和放线

菌的种群数量均有不同程度的增大,而真菌数量却有所减小;土壤蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶活性显著提高。徐恒<sup>[12]</sup>等对毛乌素沙地榆林沙区 6 种不同人工固沙林土壤养分、微生物及酶活性进行了测定和分析,建立人工植被后,土壤养分、微生物数量、酶活性均有显著改善。根际由于承接了大量根系分泌物和根表脱落物,给微生物提供了丰富的养分和能源物质,所以,根际微生物数量高于非根际。而微生物数量的增加有利于酶活的增加和土壤养分的优化,三者之间关系密切。

本研究选择促腐剂的种类、机械处理方式和覆盖方式 3 个因素来处理新砍伐后的毛竹筴。处理 7 个月后取样,通过测定毛竹伐后竹筴细菌、真菌、放线菌、纤维素菌、木质素菌数量和纤维素及木质素酶活性,分析微生物与酶活性之间的相关性;以纤维素菌和木质素菌数量对数值为考察指标,得出因素主次及最佳组合;采用 TOPSIS 优劣解距离法对微生物数量与酶活性进行综合评价;以期为毛竹伐后竹筴微生物数量、纤维素及木质素酶活性研究和降解方法提供数据参考。

# 1 材料与方法

## 1.1 样地设置

2013 年 10 月 25 日将湖南省望城区原佳村乌山林场(112°42'E、27°51'N)2007 年的毛竹新砍伐后,在立地条件相似的同一坡位、坡向设置样地,每个样地砍伐毛竹 12~15 根,其中 0 号为对照样地,共设置 10 块样地,每块样地面积为 450 m<sup>2</sup>(15 m×30 m)。选择 A 促腐剂:A1 无机肥(100 g·筴<sup>-1</sup>,碳铵:尿素=1:1)、A2 有机肥(100 g·筴<sup>-1</sup>)、A3 液态菌剂(100 mL·筴<sup>-1</sup>,自制);B 机械破筴:B1 电锯(用十字交叉法将竹筴上、中部的竹壁破坏、竹隔打通)、B2 钢钎(用尖头把上、中、下的竹隔都打通)、B3 破筴机(将竹筴上、中、下部的大部分内部结构粉碎);C 覆盖方式:C1 不覆盖、C2 枯落物覆盖、C3 保水剂和枯落物覆盖,对 1~9 号样地的毛竹伐后竹筴进行 3 因素 3 水平正交处理,根据每个处理样地砍伐的竹筴数重复 12~15 次。

## 1.2 样品采集

于 10 月初在林地中取自然腐烂程度高的老毛竹筴为液态菌剂的原料,将配好的液态菌剂备用处理新砍伐的毛竹筴。次年 5 月 25 日从 0~9 号样地

各采集 3 个毛竹伐后竹筴,粉碎后,过 60 目筛,储存于 4℃ 冰箱待用。

### 1.3 液态菌剂的配置

液态培养基:竹粉 50 g、牛肉膏 3 g、蛋白胨 10 g、纤维素粉 1.88 g、CMC-Na10 g、纯碱木质素 0.3 g、可溶性淀粉 20 g、马铃薯 100 g、葡萄糖 20 g、NaCl 0.5 g、KNO<sub>3</sub> 1.0 g、FeSO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 0.01 g、(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub> SO<sub>4</sub> 4.0 g、KH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 2.0 g、K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> 1.0 g、MgSO<sub>4</sub> · 7H<sub>2</sub>O 0.3 g、NaNO<sub>3</sub> 2.5 g、FeCl<sub>3</sub> 0.01 g、CaCl<sub>2</sub> 0.1 g、蒸馏水 1 000 mL,121℃ 灭菌 30 min。将老竹筴粉碎后,按老竹筴粉碎样:液态培养基(1:5)混合富集培养 10~15 d,制得液态菌剂。

### 1.4 测定方法

细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基;放线菌采用改良高氏一号琼脂培养基;真菌采用 PDA 培养基;纤维素菌采用纤维素刚果红培养基<sup>[13]</sup>;木质素菌采用木质素培养基<sup>[14-15]</sup>;都采用稀释平板计数法,每个平板重复 3 次,取平均值。滤纸纤维素酶(FPA)、棉花酶(C1)、CMC 酶活(Cx)的测定方法<sup>[13]</sup>;锰过氧化物酶活的测定采用 2,6-DMP 法<sup>[16-18]</sup>;漆酶酶活的测定采用 ABTS 法<sup>[16-17,19]</sup>;木质素过氧化物酶活的测定采用藜芦醇法<sup>[16-17,20]</sup>,每个样重复 3 次,取平均值。数据处理采用 Excel 软件,数据分析采用 DPSS13。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同处理对毛竹伐后竹筴微生物数量的影响

以 0~9 号样地毛竹伐后竹筴为原料,测定微生物的数量。0~9 号样地的毛竹伐后竹筴微生物数量对数值基本上细菌>纤维素菌>木质素菌>放线菌>真菌。2 号细菌数量对数值最高为 10.28(以干基计),1 号最低为 9.55;7 号真菌数量对数值最高为 8.47,3 号最低为 6.40;7 号放线菌数量对数值最高为 8.77,1 号最低为 7.23;7 号纤维素菌数量对数值最高为 10.01,0 号最低为 8.86;9 号木质素菌数量对数值最高为 9.11,1 号最低为 8.29。1 号的细菌、放线菌、木质素菌数量对数值低于对照,3 号的真菌数量对数值低于对照;其余菌数量对数值都高于对照,可见不同处理后的竹筴微生物含量比对照有所增加(图 1)。

### 2.2 不同处理对毛竹伐后竹筴酶活性的影响

以 0~9 号样地毛竹伐后竹筴为原料,测定纤维素酶活性和木质素酶活性。0~9 号样地的毛竹伐后竹筴纤维素酶活性是棉花酶活性>滤纸酶活性>CMC 酶活性,木质素酶活性是锰过氧化物酶活性>

漆酶酶活性>木质素过氧化物酶活性。3 号棉花酶活性最高为 260.97 U · kg<sup>-1</sup>,是 0 号的 3.45 倍;9 号滤纸酶活性最高为 112.89 U · kg<sup>-1</sup>,是 0 号的 1.99 倍;1 号 CMC 酶活最高为 49.89 U · kg<sup>-1</sup>,是 0 号的 1.64 倍;7 号木质素过氧化物酶活性最高为 0.069 U · kg<sup>-1</sup>,是 0 号的 5.50 倍;7 号漆酶酶活性最高为 3.81 U · kg<sup>-1</sup>,是 0 号的 2.73 倍;3 号锰过氧化物酶活性最高为 64.73 U · kg<sup>-1</sup>,是 0 号的 3.00 倍。纤维素酶和木质素酶为降解酶,其酶活性都高于 0 号对照(图 2)。

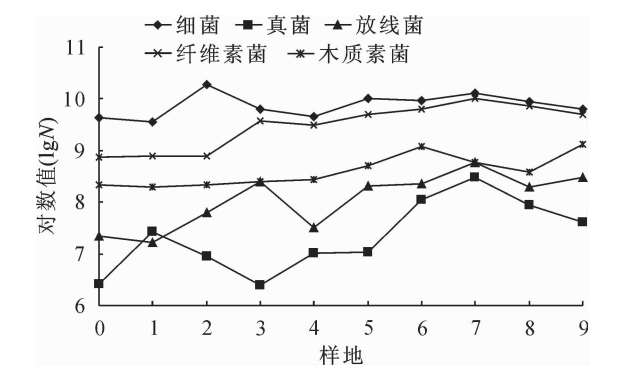


图 1 不同处理毛竹伐后竹筴微生物的变化  
Fig. 1 The trend of microorganisms of different treatments on bamboo stump after cut

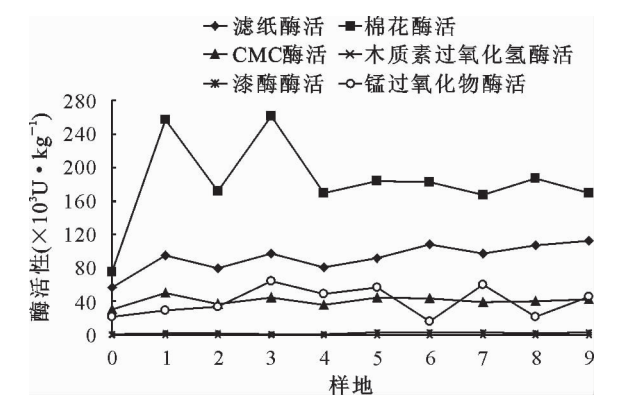


图 2 不同处理毛竹伐后竹筴酶活性的变化  
Fig. 2 The trend of enzyme activities of different treatments on bamboo stump after cut

### 2.3 不同处理毛竹伐后竹筴微生物数量与酶活性的相关性

放线菌数量与真菌数量存在极显著正相关(表 1),纤维素菌数量与真菌、放线菌数量存在极显著正相关,滤纸酶活性与木质素菌数量存在显著正相关,CMC 酶活又称为内切纤维素酶活,棉花酶活又称为外切纤维素酶活,两者存在显著正相关。

### 2.4 不同处理对毛竹伐后竹筴的影响

选择 A 促腐添加剂(A1 无机肥、A2 有机肥、A3 液态菌剂);B 机械破筴(B1 电锯、B2 钢钎、B3 破

筴机);C 覆盖方式(C1 不覆盖、C2 枯落物覆盖、C3 保水剂和枯落物覆盖)对 1~9 号样地的毛竹伐后竹筴进行三因素三水平正交处理,以纤维素菌和木质素菌数量对数值为考察指标,结果(表 2)可以看出,影响纤维素菌和木质素菌数量对数值的因素主次

表 1 不同处理毛竹伐后竹筴微生物数量与酶活性的相关性

Table 1 The correlation of microorganisms and enzyme activities of different treatments on bamboo stump after cut

	细菌	真菌	放线菌	纤维素菌	木质素菌	滤纸酶活性	棉花酶活性	CMC 酶活性	木质素过氧化氢酶活性	漆酶活性
真菌	0.277									
放线菌	0.279	0.824**								
纤维素菌	0.191	0.833**	0.867**							
木质素菌	-0.006	0.271	0.425	0.429						
滤纸酶活性	-0.269	0.297	0.460	0.524	0.742*					
棉花酶活性	-0.552	-0.346	-0.270	-0.413	-0.431	0.030				
CMC 酶活性	-0.578	-0.202	-0.082	-0.199	0.110	0.426	0.749*			
木质素过氧化氢酶活性	0.430	0.203	0.350	0.060	-0.425	-0.278	0.268	0.188		
漆酶活性酶活性	0.499	0.679	0.605	0.596	0.508	0.384	-0.523	-0.019	0.283	
锰过氧化物酶活性	-0.003	0.058	0.429	0.149	-0.189	-0.264	0.080	-0.075	0.492	-0.183

注: \* 表示显著相关( $p<0.05$ ), \*\* 表示极显著相关( $p<0.01$ )。

表 2 不同处理对毛竹伐后竹筴的影响

Table 2 Result and analysis of orthogonal experiment

样地编号	A 促腐添加剂	B 机械处理	C 覆盖方式	D (空列)	纤维素菌和木质素菌数量对数值
1	A1	B1	C1	D1	8.995 1
2	A1	B2	C2	D2	9.002 0
3	A1	B3	C3	D3	9.608 9
4	A2	B1	C2	D3	9.530 1
5	A2	B2	C3	D1	9.740 0
6	A2	B3	C1	D2	9.880 8
7	A3	B1	C3	D2	10.036 7
8	A3	B2	C1	D3	9.885 0
9	A3	B3	C2	D1	9.792 3
k <sub>1</sub>	9.202	9.521	9.587	9.509	
k <sub>2</sub>	9.717	9.542	9.441	9.640	
k <sub>3</sub>	9.905	9.761	9.795	9.675	
R	0.703	0.240	0.354	0.166	

较优组合 A<sub>3</sub>B<sub>3</sub>C<sub>3</sub>

2.5 不同处理毛竹伐后竹筴微生物和酶活性的综合评价

微生物数量与酶活性在毛竹伐后竹筴的降解及营养物质循环转化过程中联系密切,彼此之间存在协同和竞争,微生物数量、酶活性高低可反映出毛竹伐后竹筴的腐烂情况。为比较不同处理方式对毛竹伐后竹筴腐烂的优劣状况,选用 0~9 号毛竹筴的细菌数量对数值、真菌数量对数值、放线菌数量对数值、纤维素菌数量对数值、木质数菌数量对数值、纤维素酶活性和木质素酶活性 7 个评价指标,采用 TOPSIS 优劣解距离法将各指标标准化和归一化后,确定正理想解和负理想解,分别计算各评价对象

为:A>C>B(促腐添加剂>覆盖方式>机械处理),最佳纤维素菌和木质素菌数量对数值组合为 A<sub>3</sub>B<sub>3</sub>C<sub>3</sub>,即添加液态菌剂、破筴机破碎、保水剂和枯落物覆盖毛竹伐后竹筴。

各指标值与正理想解及负理想解的欧式距离 D<sup>+</sup>、D<sup>-</sup>和各评价对象与正理想方案的相对接近程度(C<sub>i</sub>)。0~9 号不同处理方式对毛竹伐后竹筴微生物数量和酶活性的优劣顺序为 3>7>5>9>4>1>2>8>6>0(表 3),3 号为无机肥加破筴机破碎加保水剂和枯落物覆盖处理、7 号为液态菌剂加电锯破坏加保水剂和枯落物覆盖处理、5 号为有机肥加钢钎打通加保水剂和枯落物覆盖处理,这 3 个样地的 C<sub>i</sub> 值相差不大,可用于毛竹伐后竹筴促腐处理。

表 3 不同处理毛竹伐后竹筴微生物和酶活性的综合评价

Table 3 The comprehensive evaluation of microorganisms and enzyme activities of different treatments on bamboo stump after cut

处理号	D <sup>+</sup>	D <sup>-</sup>	C <sub>i</sub>	排名
1	0.255 0	0.252 2	0.497 2	6
2	0.250 6	0.172 9	0.408 3	7
3	0.096 3	0.400 6	0.806 2	1
4	0.177 9	0.249 6	0.583 8	5
5	0.112 2	0.327 5	0.744 9	3
6	0.327 5	0.193 3	0.371 1	9
7	0.099 4	0.356 9	0.782 1	2
8	0.293 5	0.192 1	0.395 6	8
9	0.144 4	0.272 3	0.653 4	4
0/CK	0.396 5	0.023 6	0.056 1	10

3 结论与讨论

不同处理后的竹筴微生物含量比对照有所增加。在生长条件适宜时,微生物数量增多,需要大量的消耗及分解毛竹伐后竹筴的成分来满足生长、繁

殖;而在成分分解、消耗的同时,能引起组织结构的破坏,因此微生物数量的增加能加速毛竹伐后竹筴的降解。

毛竹伐后竹筴的降解是微生物群落共同作用的结果,微生物及其分泌的酶类呈现出一定的规律性。微生物数量基本上细菌>纤维素菌>木质素菌>放线菌>真菌,纤维素酶活性为棉花酶活>滤纸酶活>CMC 酶活,木质素酶活性为锰过氧化物酶活>漆酶酶活>木质素过氧化物酶活。毛竹伐后竹筴中微生物多种多样,相互之间存在不断的协助、竞争,并受环境、人为因素等的影响存在一定的相关性与复杂性。放线菌数量与真菌数量,纤维素菌数量与真菌、放线菌数量存在极显著正相关,滤纸酶活性与木质素菌数量、CMC 酶活性与棉花酶活性存在显著正相关。可能是因为毛竹伐后竹筴腐烂 7 个月时,营养物质丰富,放线菌和真菌等能利用竹筴的营养成分快速生长、繁殖,物质丰富时两大菌群之间也存在一定的良性竞争,进而引起放线菌和真菌出现互为增长的趋势。目前普遍认为,外切纤维素酶可以水解纤维素结晶区,从纤维素链的还原端或非还原端开始持续水解,释放纤维二糖;葡聚糖内切酶主要作用于纤维素的非结晶区,随机水解纤维素链中的糖苷键,把纤维素长链切断,转化成为大量不同聚合度的纤维素短链,使得纤维素分子的聚合度降低,可供外切酶作用的纤维素链末端数增加;可见 2 个酶活组分存在协同作用。

毛竹伐后竹筴经处理,内部结构受到一定程度的破坏,有利于微生物的分解利用。5 月份取样时,雨水较多,气温回升,微生物比较活跃,数量处于较高值。自制液态菌剂以老毛竹筴为原料,竹粉为培养基添加基质并加入滤纸条;培养 10 d 后,滤纸条完全腐烂,竹粉含量明显减少;说明毛竹伐后的腐烂老竹筴中可能含有能降解天然纤维素、半纤维素和木质素的纤维素菌、半纤维素菌和木质素菌。将降解菌株筛选出来,优化条件促进其生长、繁殖,再用于毛竹林地伐后竹筴的降解,有一定的应用前景。

自然界中的纤维素菌和木质素菌来源广泛、种类繁多。丝状真菌是目前研究最多的纤维素降解类群,该类微生物能产生大量的胞外纤维素酶,一般在酸性或中性偏酸性条件下水解纤维素底物;细菌主要产生中性纤维素酶和碱性纤维素酶,产酶量少,一般属于细胞表面酶,酶的分离提取较困难;部分放线菌和酵母也能降解纤维素。王洪媛<sup>[21]</sup>等从东北漠河、北京郊区的森林、农田土壤、腐烂的秸秆、腐烂的木材以及堆肥中筛选到 3 株具有较强纤维素降解能力的真菌菌株。董恒<sup>[22]</sup>从保定市博野县北祝村的

腐木、腐殖土、农田堆积物及中国科学院清原森林生态实验站的松针林多年堆积落叶等 5 个样品中,得到 30 株纤维素酶产量较大的菌株,包括细菌 18 株,真菌 12 株。邓辉<sup>[23]</sup>对猪粪与木屑混合堆肥过程中 CMC 酶活性最高的 3 株放线菌进行 16SrDNA 水平鉴定,通过 BLAST 序列比对发现均属于链霉菌属。木质素的降解真菌起着主要作用,细菌和放线菌这些原核生物所分泌的木质素降解酶都是胞内酶,降解木质素的能力较真菌差,但是细菌来源广泛、生长快速,易于大规模应用。徐海涛<sup>[24]</sup>从玉米秸秆表面筛选出产木质素降解酶的细菌菌株 B7、B8、B9 和真菌菌株 F2、F3、F4、F5、F7、F8、F10、F12。顾文杰<sup>[25]</sup>等筛选出两株能够同时高效降解木质纤维素的放线菌 A3 和 A6,其纤维素和半纤维素酶活较高,木质素酶活较低。一些木质素降解真菌可将木质素完全分解成二氧化碳和水,而放线菌和细菌则主要通过脱甲基作用、断裂 Ca-Qj 键等方式攻击木质素的低分子量部分以及木质素降解产物,故这些微生物可能利用各自优势实现协同降解木质素<sup>[26]</sup>。

以纤维素菌和木质素菌数量为正交考察指标,得出最佳组合为添加液态菌剂、破筴机破碎、枯落物加保水剂覆盖。采用 TOPSIS 优劣解距离法对微生物和酶活性进行综合评价,得出 3 号、7 号、5 号处理的 *Ci* 值相差不大。从 2 种评价的结果可看出,毛竹伐后,根据林地和林业条件可用钢钎将竹筴的竹隔打通,或用电锯将竹筴分切,或用破筴机将竹筴内部粉碎;加入无机肥、有机肥或液态菌剂;再加上保水剂和盖上枯落物。这些处理能促进腐败菌的生长、繁殖,产生更多的酶活性物质,加速毛竹伐后竹筴的腐烂,腐烂后的物质又能成为林地养料。

参考文献:

[1] 覃道春. 铜唑类防腐剂在竹材防腐中的应用基础研究[D]. 北京:中国林业科学研究院,2004.

[2] 汤万辉. 毛竹林竹筴腐烂对土壤理化性质的影响[J]. 世界竹藤通讯,2013,11(2):31-33.

TANG W H. Effect of bamboo stump rotting on soil physico-chemical properties[J]. World Bamboo and Rattan, 2013, 11 (2):31-33. (in Chinese)

[3] 刘秀英. 五种竹材室内耐腐蚀性能的研究[J]. 林产工业,1997,24 (1):13-15.

[4] 刘彬彬,张绍勇,周月英,等. 浸提处理对竹粉霉变性能的影响[J]. 浙江农林大学学报,2015,32(1):11-17.

LIU B B,ZHANG S Y,ZHOU Y Y,*et al.* Mildew in bamboo flour treated with different solvents[J]. Journal of Zhejiang A&F University,2015,32(1):11-17. (in Chinese)

[5] 冉隆贤,吴光金,林雪坚. 竹材霉菌生理特性及防霉研究[J]. 中

南林学院学报,1997,17(2):14-19.

RAN L X, WU G J, LIN X J. Physiological characteristics of moulds infecting bamboo wood and mould control[J]. Journal of Central South Forestry University, 1997, 17(2): 14-19. (in Chinese)

[6] 刘磊,廖红霞,苏海涛,等.毛竹等 6 种竹材的天然耐久性试验[J].广东林业科技,2005,21(2):6-8,13.

LIU L, LIAO H X, SU H T, *et al.* Natural durability test of 6 bamboo species[J]. Guangdong Forestry Science and Technology, 2005, 21(2): 6-8, 13. (in Chinese)

[7] 漆良华,杜满义,范少辉,等.湘中丘陵区不同经营目标毛竹林土壤微生物数量与酶活性[J].华中农业大学学报,2013,32(2):25-29.

QI L H, DU M Y, FAN S H, *et al.* Quantities of soil microbe and enzymatic activities of *Phyllostachy edulis* forests under different management in hilly region of central Hunan Province [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2013, 32(2): 25-29. (in Chinese)

[8] 徐秋芳,姜培坤.毛竹竹根区土壤微生物数量与酶活性研究[J].林业科学研究,2001,14(6):648-652.

XU Q F, JIANG P K. Study on the microbe quantity and enzymatic activity in rhizospheric and non-rhizospheric soil under *Phyllostachys pubescens* forest [J]. Forest Research, 2001, 14(6): 648-652. (in Chinese)

[9] 涂志华.沿海防护林 23 个种根际土壤酶活性与微生物的研究[D].福州:福建农林大学,2012.

[10] 薛立,邝立刚,陈红跃,等.不同林分土壤养分、微生物与酶活性的研究[J].土壤学报,2003,40(2):280-285.

XUE L, KUANG L G, CHEN H Y, *et al.* Soil nutrients, microorganisms and enzyme activities of different stands[J]. Acta Pedologica Sinica, 2003, 40(2): 280-285. (in Chinese)

[11] 叶存旺,翟巧绒,郭梓娟,等.沙棘-侧柏混交林土壤养分、微生物与酶活性的研究[J].西北林学院学报,2007,22(5):1-6.

YE C W, ZHAI Q R, GUO Z J, *et al.* Soil nutrient, microorganism and enzyme activity of *Hippophae rhamnoides* and *Platycladus orientalis* mixed forests[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2007, 22(5): 1-6. (in Chinese)

[12] 徐恒,廖超英,李晓明,等.榆林沙区人工固沙林土壤养分、微生物数量和酶活性研究[J].西北林学院学报,2008,23(3):12-15.

XU H, LIAO C Y, LI X M, *et al.* Soil nutrient, microorganism and enzyme activities under different artificial sand-fixing forests in the sandy area of Yulin[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2008, 23(3): 12-15. (in Chinese)

[13] 李超.竹伐桩促腐微生物的筛选及培养条件的研究[D].保定:河北大学,2008.

[14] 郁红艳,曾光明,黄国和,等.木质素降解真菌的筛选及产酶特性[J].应用与环境生物学报,2004,10(5):639-642.

YU H Y, ZENG G M, HUANG G H, *et al.* Screening of lignin-degrading fungi and their enzyme production[J]. Chin. J. Appl. Environ. Biol., 2004, 10(5): 639-642. (in Chinese)

[15] 孙先锋,张志杰,崔虹军.造纸黑液木质素降解微生物的分离和降解特性研究[J].环境工程,2006,30(3):78-80.

[16] 池玉杰,闫洪波.红平菇木质素降解酶系统漆酶、锰过氧化物酶及木质素过氧化物酶的检测[J].林业科学,2009,45(12):154-158.

CHI Y J, YAN H B. Detection on laccase, manganese peroxidase and lignin peroxidase in ligninolytic enzymes of *Pleurotus djamor* [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2009, 45(12): 154-158. (in Chinese)

[17] 董晓娜.竹材木质素降解菌营养调控及产酶影响因子研究[D].长沙:中南林业科技大学,2010.

[18] WARIISHI H, VALLI K, GOLD M H. Manganese(Ⅱ) oxidation by manganese peroxidase from the basidiomycete *Phanerochaete chrysosporium*. Kinetic mechanism and role of chelators[J]. Journal of Biological Chemistry, 1992, 267(33): 23688-23695.

[19] EGGERT C, TEMP U, ERIKSSON K E. The ligninolytic system of the white-rot fungus *Pycnoporus cinnabarinus*: purification and characterization of the laccase[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996(62):1151-1158.

[20] TIEN M, KIRK T K. Lignin peroxidase of *Phanerochaete chrysosporium*[M]//WILLIS A W, SCOTT T K. Methods in enzymology-biomass, part b, lignin, pectin, and chitin. San Diego, CA: Academic Press, Inc., 1988, 161: 238-249.

[21] 王洪媛,范丙全.三株高效秸秆纤维素降解真菌的筛选及其降解效果[J].微生物学报,2010,50(7):870-875.

WANG H Y, FAN B Q. Screening of three straw-cellulose degrading microorganism[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2010, 50(7): 870-875. (in Chinese)

[22] 董恒.纤维素酶和半纤维素酶高产菌株的筛选[D].保定:河北大学,2014.

[23] 邓辉.堆肥过程放线菌多样性及其纤维素降解特性研究[D].杭州:浙江大学,2013.

[24] 徐海涛.菌株 B7 和 F4 产木质素降解酶条件优化及酶学性质研究[D].长春:吉林大学,2009.

[25] 顾文杰,张发宝,徐培智,等.筛选两株稻秆降解放线菌[J].微生物学报,2012,52(9):1085-1091.

GU W J, ZHANG F B, XU P Z, *et al.* Screening of two straw-cellulose degrading actinomycetes [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2012, 52(9): 1085-1091. (in Chinese)

[26] TUOMELA M, VIKMAN M, HATAKKA A, *et al.* Biodegradation of lignin in a compost environment: a review[J]. Bioresource Technology, 2000, 72(2): 169-183.