

# 不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响<sup>\*</sup>

郑 华 欧阳志云<sup>\*\*</sup> 王效科 方治国 赵同谦 苗 鸿

(中国科学院生态环境研究中心系统生态重点实验室, 北京 100085)

**【摘要】** 为了评价不同森林恢复类型与方式对南方红壤丘陵区退化生态系统土壤微生物群落的影响, 借助氯仿熏蒸法、平板涂抹法和 BIOLOG 检测法, 比较研究了 4 种森林恢复类型土壤微生物的群落特征。结果表明, 4 种森林恢复类型土壤微生物生物量碳、细菌数量差异显著, 2 项指标均以天然次生林土壤最高, 人工林次之, 荒地最差; 碳源平均颜色变化率(AWCD 法)和微生物代谢多样性指数(丰富度和多样性)在 5 种植被类型的土壤中也有明显差异, 其趋势与微生物量碳、细菌数量基本相同; 天然次生林土壤微生物群落利用碳源的整体能力和功能多样性比人工林和荒地强。相关分析表明, 0~20 和 20~40 cm 土壤微生物的代谢多样性与根系生物量紧密相关( $r=0.933, P<0.05; r=0.925, P<0.05$ )。自然恢复更有利于改善土壤微生物的结构和功能。

**关键词** 土壤微生物群落 微生物生物量 代谢多样性类型 BIOLOG 检测法 森林恢复  
文章编号 1001-9332(2004)11-2019-06 中图分类号 Q938.1 文献标识码 A

**Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities.** ZHENG Hua, OUYANG Zhiyun, WANG Xiaoke, FANG Zhiguo, ZHAO Tongqian, MIAO Hong (Key Laboratory of Systems Ecology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China). -Chin. J. Appl. Ecol., 2004, 15(11): 2019~2024.

In this paper, soil microbial community properties of five vegetation patterns were measured by bacterial, microbial biomass carbon and metabolic diversity (BIOLOG) assays to evaluate the effects of different forest restoration patterns on soil microbial community. The results showed that among five sampling sites, soil microbial biomass carbon and bacterial amount were the highest under natural secondary forest, while those in CK were the least. In BIOLOG assays, the average well colour development (AWCD) and the richness and diversity indices indicated the differences of microbial metabolic diversity. The variation tendency of the indices was the same as that of microbial biomass and bacterial amount. It is suggested that under natural secondary forest, soil microbial community had a stronger ability of utilizing carbon source and a greater functional diversity than that in plantations and CK. The metabolic diversity of microbial communities in 0~20 and 20~40 cm soil layers showed a fairly good correlation with root biomass ( $r=0.933, P<0.05; r=0.925, P<0.05$ ). In a word, soil microbial biomass, bacterial amount and metabolic diversity patterns were the highest under natural secondary forest, and natural restoration should be more propitious to improve the structure and function of soil microbial community.

**Key words** Soil microbial community, Microbial biomass, Metabolic diversity patterns, BIOLOG, Forest restoration.

## 1 引 言

土壤微生物群落对营养物质循环的调控, 有利于固定必需的营养元素、加速营养物质循环和产生植物激素<sup>[7, 17, 26]</sup>, 为植物提供可利用的矿物质库<sup>[21]</sup>。近年来, 运用不同方法对土壤微生物多样性进行的研究已越来越多<sup>[3, 5, 6, 20, 23, 24, 29, 30]</sup>。

反映土壤微生物群落状态与功能的指标通常包括微生物生物量、细菌数量和代谢多样性类型(BIOLOG 检测法)<sup>[21]</sup>。其中, 微生物生物量与土壤肥力、土壤健康紧密相关<sup>[18]</sup>, 是反映人类活动胁迫效应的一个重要生态学指标<sup>[28]</sup>, 而细菌数量是反映微生物群落大小的一个重要指标。BIOLOG 作为对功能微生物群落变化较为敏感的指标, 广泛应用于评

价土壤微生物群落的功能多样性<sup>[21]</sup>。目前主要用于比较不同土壤类型<sup>[19]</sup>、同类土壤不同植物物种<sup>[32]</sup>、不同管理策略下的农业土壤<sup>[1, 2]</sup>、不同植被根际<sup>[13]</sup>的土壤微生物群落的代谢多样性。这些研究运用主成分分析(PCA)或其它多元统计方法, 区分了不同微生物群落产生的不同的代谢多样性类型<sup>[21]</sup>。近年来, BIOLOG 方法得到进一步完善, 从而提高了该方法的可靠性。研究表明, 用 BIOLOG 方法测得的代谢多样性类型与微生物群落组成相关<sup>[14]</sup>。

尽管上述指标具有重要的生态学意义, 但土壤

<sup>\*</sup> 国家自然科学基金项目(30230090)、国家重点基础研究发展规划项目(G2000046807)和中国科学院知识创新工程方向资助项目(KZCX2-405)。

<sup>\*\*</sup> 通讯联系人。

2003-09-28 收稿, 2004-02-24 接受。

微生物群落响应不同森林恢复类型与方式的研究报道还很少<sup>[31]</sup>。南方红壤丘陵区是中国南方面积最大、复垦指数最高、水土流失最为严重的区域,曾一度被认为“南方红色沙漠”。在该区域研究土壤微生物群落结构和功能对不同森林恢复方式的响应特征,一方面可以为该区域的森林恢复实践提供理论参考;另一方面可以为评价土壤微生物群落功能多样性提供方法上的借鉴。

## 2 研究地区与研究方法

### 2.1 研究地区自然概况

研究场地选在湘南红壤区国家长江防护林生态效益监

表1 不同生态恢复类型的自然特征

Table 1 Natural character of different ecological restoration patterns

生态恢复类型 Restoration types	恢复方式与年限 Restoration approach and time	坡度 Slope	植被 Vegetation
荒地 CK <sup>1)</sup>	破坏严重, 尚未恢复	25°	仅有极少数画眉草等 <sup>6)</sup>
湿地松人工林 <sup>2)</sup>	人工恢复, 间期(3~4年)人工抚育, 13年	25°	湿地松、盐肤木、三月泡、芒等 <sup>7)</sup>
杉木人工林 <sup>3)</sup>	人工恢复, 间期(3~4年)人工抚育, 13年	25°	杉树、盐肤木、樟树、铁芒萁等 <sup>8)</sup>
油茶人工林 <sup>4)</sup>	人工恢复, 但干扰极少, 22年	18°	油茶、机木、铁芒萁等 <sup>9)</sup>
天然次生林 <sup>5)</sup>	自然恢复, 13年	25°	马尾松、青冈栎、合欢、槲栎、白栎等 <sup>10)</sup>

1) Badlands (CK); 2) *Pinus elliottii* plantation (SPP); 3) *Cunninghamia lanceolata* plantation (CFP); 4) *Camellia oleifera* plantation (TCP); 5) Natural secondary forest (NSF); 6) *Few Eragrostis pilsa* etc.; 7) *Pinus elliottii*, *Rhus chinensis*, *Rubus parvifolius*, *Mixanthus sacchariflorus* etc.; 8) *Cunninghamia lanceolata*, *Rhus chinensis*, *Sassafras taumu*, *Dicranopteris linearis* etc.; 9) *Camellia oleifera*, *Loropetalum chinense*, *Dicranopteris linearis* etc.; 10) *Pinus massoniana*, *Cyclobalanopsis glauca*, *Albizia julibrissin*, *Quercus aliena*, *Quercus fabri* etc. 下同 The same below.

测微生物量的测定用氯仿熏蒸法<sup>[27]</sup>。细菌数量的测定用牛肉膏-蛋白胨培养基, 采用平板涂抹法计数<sup>[8]</sup>。代谢多样性类型应用 BIOLOG 方法, 10 g 土壤外加 95 ml 无菌的 0.145 mol·L<sup>-1</sup> NaCl 溶液在摇床上振荡 15 min<sup>[22]</sup>, 然后将土壤样品稀释至 10<sup>-3</sup>, 再从中取 125 μl 该悬浮液接种到革兰氏阴性板的每一个孔中, 最后将接种好的板放至 25 °C 的恒温培养箱中培养, 每隔 4 h 在波长为 595 nm 的 BIOLOG 读数器上读数, 培养时间共为 240 h。植物根系生物量的测定参照参考文献<sup>[8]</sup>的方法进行, 取样时间为 2003 年 6 月。

孔的平均颜色变化率(AWCD)计算方法<sup>[9]</sup>如下:

$$AWCD = \sum (C - R) / n$$

式中,  $C$  为每个有培养基孔的光密度值,  $R$  为对照孔的光密度值,  $n$  为培养基数据, GN 板  $n$  值为 95。培养基的丰富度 (richness) 和多样性 (diversity) 与植物生态学中的计算公式相同。丰富度指数指被利用的碳源的总数目; 多样性指数采用 Shannon-Weinner 指数 ( $H'$ ):

$$H' = \sum (P_i \times \log P_i)$$

式中,  $P_i$  为有培养基的孔与对照孔的光密度值差与整板总差的比值, 即:

$$P_i = (C - R) / \sum (C - R)$$

本研究运用 AWCD 值接近 0.6 时的数据来比较 BIOLOG 板中的微生物代谢多样性类型, 如培养基指数的计算、主成分分析 (PCA)、单种培养基与主成分得分系数的相关分析等。这样可以比较颜色变化率相同的情况下 BIOLOG 板的碳源利用情况, 而不考虑接种密度带来的差异<sup>[11, 16]</sup>。因

测站, 位于湖南省衡阳县栏垅乡长冲村小流域, 地处 27° 05' N, 112° 18' E, 海拔高度 86~147 m, 母岩为砂页岩, 土壤为红壤, pH 值 4~5。该流域年平均气温 17.9 °C, 年平均降雨量为 1 237 mm, 主要集中在 5~8 月。

湿地松人工林、杉木人工林、天然次生林样方于 1989 年建立, 样方建立前植被均被当地农民砍光用作薪材, 油茶林于 1980 年种植 (表 1)。

### 2.2 研究方法

土壤分 0~20 和 20~40 cm 两层取样, 在每个标准地中每隔 5~10 m 取 1 个重复 (共设 5 个重复), 混后, 设标准地共 3 块。将取好的土壤样品迅速装入塑料袋并置于冰块上, 运至实验室。土壤样品均在实验室 4 °C 的冰箱内保存, BI-OLOG 实验在取样后 48 h 内进行。取样时间为 2003 年 7 月。

荒地土壤微生物的 AWCD 值太低, 比较时采用 240 h 的数据。统计分析采用 SPSS10.0 在计算机上进行。

## 3 结果与分析

### 3.1 微生物生物量与细菌种群密度

不同森林恢复类型下土壤微生物量、细菌数量的差异显著 (图 1), 并且微生物生物量和细菌数量随土壤层次的加深而降低。不同生态系统中微生物生物量碳的差异较大 (51.25 ~ 176.43 mg C · kg<sup>-1</sup>)。天然次生林与其它植被类型 0~20 cm 土壤中微生物量的差异显著, 但湿地松林、杉木林和油茶林 3 种人工林差异不显著 (图 1)。荒地微生物生物量最小, 与其它生态系统差异显著。20~40 cm 土壤中微生物量的变化趋势与 0~20 cm 基本相同。

细菌数量以天然次生林 0~20 cm 土壤含量最高, 并与其他生态系统的差异显著。不过, 其余 4 种生态系统之间的差异不显著。细菌数量在 20~40 cm 土壤中的变化规律与 0~20 cm 土壤基本相同。

### 3.2 代谢多样性类型

3.2.1 碳源平均颜色变化率 (AWCD 法) 平均颜色变化率 (AWCD) 是反映土壤微生物活性, 即利用单一碳源能力的一个重要指标<sup>[31]</sup>。由图 2 可见, 微生物活性随培养时间的延长而提高, 不同生态系统土

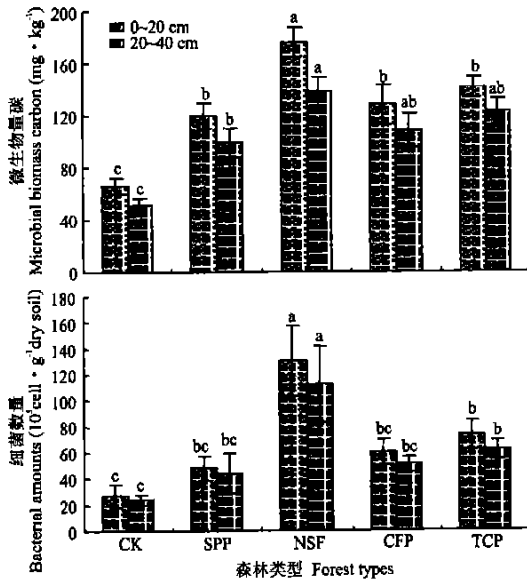


图1 不同森林类型土壤微生物量碳和土壤细菌数量比较  
 Fig. 1 Comparison of soil microbial biomass carbon and soil bacterial numbers ( $10^5$ ) in different vegetation types.  
 SPP: 湿地松林 Slash pine plantation; CFP: 杉木林 Chinese fir plantation; TCP: 油茶林 Tea-oil camellia plantation; NSF: 天然次生林 Natural secondary forest. 垂直线表示  $\pm 1$  标准误差 Vertical lines represent  $\pm 1$  standard error of the mean. 下同 The same below.

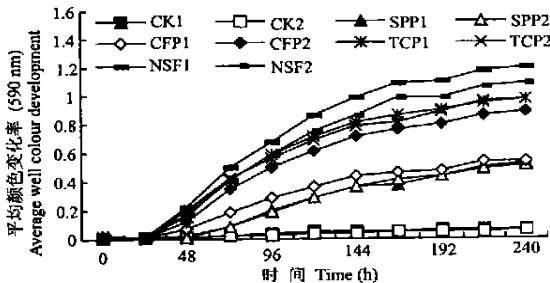


图2 不同森林类型上下层土壤平均颜色变化率  
 Fig. 2 Average well colour development (AWCD) in upper and lower layer soil for five sites.  
 1 和 2 分别代表 0~20 和 20~40 cm 土壤 1 and 2 represent 0~20 and 20~40 cm soil respectively. 下同 The same below.

壤微生物利用单一碳源能力的大小顺序为: 天然次生林 > 油茶林 > 杉木林 > 湿地松林 > CK. 0~20 cm 与 20~40 cm 土壤比较, 天然次生林与杉木林上下层次之间的差异较大, 但荒地、油茶林和湿地松林土壤上下层次间的差异不明显.

3. 2. 2 碳源利用类型的主成分分析 5 种植被类型的土壤微生物群落代谢多样性类型的比较结果可以提供植被影响土壤微生物群落的信息. 主成分分析结果表明, 5 种生态系统 0~20 cm 土壤中微生物群落具有明显的分异(图 3), 其中杉木林 0~20 cm 土壤的代谢多样性类型具有较大的变异(分散的数据点). 5 个生态系统 0~20 cm 土壤主成分 1 得分系

数的方差分析表明, 主成分 1 得分系数差异显著 ( $F_{4, 10} = 39.242, P < 0.01$ ). 这种差异主要表现在: 荒地、湿地松林与另外 3 种林分类型的差异均显著, 而杉木林、油茶林和天然次生林差异不显著. 主成分 1 区分为荒地、湿地松林与其它 3 种林分类型. 主成分 2 方差分析的结果表明, 主成分 2 得分系数差异也达到显著水平 ( $F_{4, 10} = 13.681, P < 0.01$ ). 这种差异主要表现在: 天然次生林与杉木林、湿地松林和荒地差异显著, 但天然次生林与油茶林、荒地与湿地松林差异不显著.

与主成分 1 和主成分 2 具有较高相关系数的碳源见表 2. 由表 2 可以看出, 对主成分 1 和主成分 2 (图 3a) 起分异作用的主要碳源分别是羧酸类和醌类物质(表 2).

20~40 cm 土壤中主成分 1 ( $F_{4, 10} = 13.478, P < 0.01$ ) 和主成分 2 ( $F_{4, 10} = 8.642, P < 0.01$ ) 的得分系数差异显著(图 3b), 表明微生物群落代谢多样性类型在 5 个生态系统中差异显著. 主成分 1 与主成分 2 的方差分析结果一致. 荒地、湿地松林与其它 3 种林分类型的差异显著, 但杉木林、油茶林和天然次生林之间无显著差异. 显著影响主成分 1 和主成分 2 的碳源主要是氨基酸类和羧酸类物质(表 3).

3. 2. 3 被利用培养基的丰富度指数和多样性指数  
 培养基丰富度指数和多样性指数, 表示在颜色变

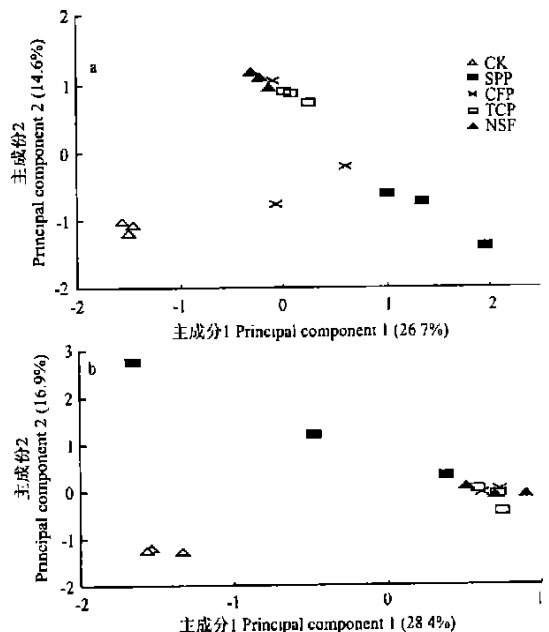


图3 0~20 cm 土壤微生物碳源利用类型的主成分分析  
 Fig. 3 Principal components analysis of carbon utilization profiles from 0~20 cm layers soil.  
 a) 0~20 cm, b) 20~40 cm. 下同 The same below.

表2 0~20 cm 土壤中与 PC1 和 PC2 相关显著的主要培养基

Table 2 Main substrates with high correlation coefficients for PC1 and PC2 in PCA of diversity patterns for each site of upper layer (0~20 cm soil)

PC1	r	PC2	r
<b>糖类 Carbohydrates</b>		<b>糖类 Carbohydrates</b>	
N-乙酰-D-葡萄糖胺 N-Acetyl-D-glucosamine	0.679	N-乙酰-D-葡萄糖胺 N-Acetyl-D-galactosamine	0.941
麦芽糖 Maltose	0.747	核糖醇 Adonitol	0.681
D-海藻糖 D-Trehalose	0.726	L-岩藻糖 L-Fucose	0.793
松二糖 Turanose	0.679	D-半乳糖 D-Galactose	0.694
<b>羧酸类 Carboxylic acids</b>		m-肌糖 m-Inositol	0.841
柠檬酸 Citric acid	0.805	α-D-乳糖 α-D-Lactose	0.691
D-半乳糖醛酸 D-Galacturonic acid	0.870	β-甲基-D-葡萄糖苷 β-Methyl D-glucoside	0.742
D-氨基葡萄糖酸 D-Glucosaminic acid	0.853	L-鼠李糖 L-Rhamnose	0.89
D-葡萄糖醛酸 D-Glucuronic acid	0.864	D-山梨糖 D-Sorbitol	0.892
β-羟基丁酸 β-Hydroxybutyric acid	0.834	蔗糖 Sucrose	0.898
p-羟苯乙酸 p-Hydroxyphenylacetic acid	0.709	甲基丙酮酸酯 Methyl pyruvate	0.843
D, L-乳酸 D, L-Lactic acid	0.895	<b>氨基酸类 Amino acids</b>	
丙二酸 Malonic acid	0.721	L-组氨酸 L-Histidine	0.796
丙尿酸 Propionic acid	0.693	L-亮氨酸 L-Leucine	0.879
奎宁酸 Quinic acid	0.905	L-鸟氨酸 L-Ornithine	0.809
D-糖二酸 D-Saccharic acid	0.724	L-氨基联苯 L-Phenylalanine	0.683
		γ-氨基丁酸 γ-Amino butyric acid	0.852

表3 20~40 cm 土壤中与 PC1 和 PC2 相关显著的主要培养基

Table 3 Main substrates with high correlation coefficients for PC1 and PC2 in PCA of diversity patterns for each site of lower layer (20~40 cm soil)

PC1	r
<b>糖类 Carbohydrates</b>	
N-乙酰基-D-氨基半乳糖 N-Acetyl-D-galactosamine	0.708
D-阿拉伯糖醇 D-Arabitol	0.726
D-果糖 D-Fructose	0.855
D-半乳糖 D-Galactose	0.716
α-D-乳糖 α-D-Lactose	0.644
D-甘露糖 D-Mannose	0.879
D-蜜三糖 D-Raffinose	0.653
<b>羧酸类 Carboxylic acids</b>	
柠檬酸 Citric acid	0.723
蚁酸 Formic acid	0.818
α-酮基缬草酸 α-Keto valeric acid	0.643
D, L-乳酸 D, L-Lactic acid	0.665
丙尿酸 Propionic acid	0.689
癸二酸 Sebacic acid	0.86
<b>氨基酸类 Amino acids</b>	
L-天冬酰胺酸 L-Asparagine	0.706
L-天门冬氨酸 L-Aspartic acid	0.685
甘氨酸 L-谷氨酸 Glycyl-L-glutamic acid	0.823
L-脯氨酸 L-Proline	0.723
D-丝氨酸 D-Serine	0.648
L-丝氨酸 L-Serine	0.778
L-苏氨酸 L-Threonine	0.703
γ-氨基丁酸 γ-Amino butyric acid	0.724
<b>PC2</b>	<b>r</b>
<b>糖类 Carbohydrates</b>	
麦芽糖 Maltose	0.758
松二糖 Turanose	0.936
<b>羧酸类 Carboxylic acids</b>	
醋酸 Acetic acid	0.647
D-半乳糖醛酸 D-Galacturonic acid	0.873
D-葡萄糖醛酸 D-Glucuronic acid	0.771
β-羟基丁酸 β-Hydroxybutyric acid	0.679
p-羟苯乙酸 p-Hydroxyphenylacetic acid	0.679
丙二酸 Malonic acid	0.943
奎宁酸 Quinic acid	0.756

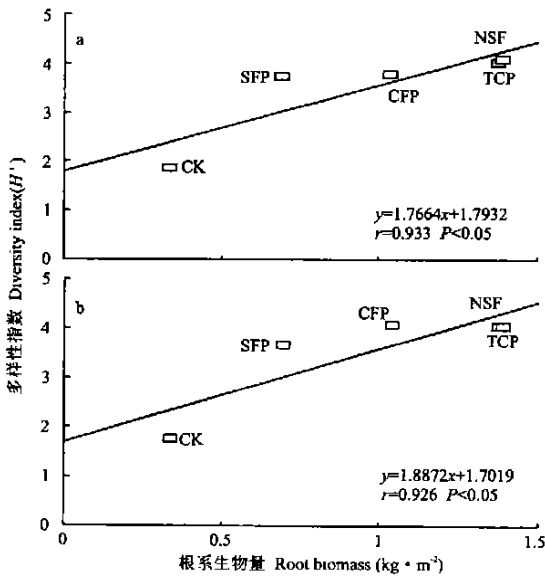


图4 0~20 cm 土壤微生物代谢多样性与根系生物量的相关关系  
Fig. 4 Correlation between metabolic diversity (0~20 cm soil) and root biomass for each site.

化率(AWCD)一致的情况下各生态系统土壤微生物群落利用碳源类型的多与少,即功能多样性。0~20 cm 土壤中天然次生林的丰富度和多样性指数最高,油茶林近似于天然次生林。天然次生林与杉木林、湿地松林和荒地的丰富度和多样性指数差异显著,而与油茶林无显著差异(表4)。20~40 cm 土壤丰富度和多样性指数差异不明显,尤其是天然次生林、油茶林和杉木林之间(表4)。

表 4 被利用培养基丰富度和多样性指数

Table 4 Richness and diversity of utilized substrates for each site

Forest restoration approaches	Richness	Diversity	Forest restoration approaches	Richness	Diversity
0~20 cm 土壤 Soil			20~40 cm 土壤 Soil		
CK	8.000 <sup>d</sup>	1.860 <sup>c</sup>	CK	7.333 <sup>c</sup>	1.756 <sup>c</sup>
SPP	49.000 <sup>e</sup>	3.735 <sup>b</sup>	SPP	48.667 <sup>b</sup>	3.680 <sup>b</sup>
CFP	55.000 <sup>1c</sup>	3.786 <sup>b</sup>	CFP	67.000 <sup>a</sup>	4.075 <sup>a</sup>
TCP	65.667 <sup>ab</sup>	4.022 <sup>ab</sup>	TCP	66.333 <sup>a</sup>	4.051 <sup>a</sup>
NSF	72.333 <sup>a</sup>	4.099 <sup>a</sup>	NSF	70.000 <sup>a</sup>	4.070 <sup>a</sup>

\* 同一列中, 字母相同表示差异不显著 In column followed by the same letter are not significantly different at  $P < 0.05$ .

### 3.3 代谢多样性与根系生物量的关系

微生物群落代谢多样性与根系生物量的相关分析表明, 0~20 和 20~40 cm 土壤微生物群落的代谢多样性 (Shannon-Weiner 指数) 与根系生物量呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 相关系数分别为 0.933 和 0.926 (图 4)。

## 4 讨 论

接种密度是影响群落功能多样性解释的一个关键问题。BILOG 板中颜色变化与细菌密度密切相关<sup>[10]</sup>。根据前人研究成果, 共有 3 种方法可以克服由不同接种密度带来的颜色变化的差异: 1) 数据转换, 即  $(C-R)/AWCD$ , 这样可以提高处理间单一碳源利用类型的差异<sup>[10]</sup>。尽管这种方法已广泛应用, 但它的有效性还值得质疑<sup>[1, 15]</sup>。2) 用固定水平的 AWCD 值来确定读数时间, 并以此数据来比较 BILOG 板中的碳源利用情况<sup>[11, 12]</sup>。通过在培养时间内不断重复读数, 然后选取接近于固定 AWCD 值的读数来比较, 这种方法在许多研究中已成功应用<sup>[9]</sup>。3) 在接种之前将接种浓度调节到同一水平<sup>[11, 12, 32]</sup>。不过, 比较野外样地时这种方法不太现实, 因为这要求在将微生物接种到 BILOG 板之前估计微生物数量, 这样将会耽误实验进程, 致使微生物群落在这段时间内产生变化。Haack 等<sup>[19]</sup>也认为, 只有在接种浓度的影响去除后, 才可能获得不同微生物群落结构与功能的差异<sup>[14]</sup>。本研究 5 种生态系统土壤细菌密度差异很大 (图 2), 但在实验中通过 240 h 培养时间内反复读数 (每 4 h 1 次), 然后选取接近固定的 AWCD 值 (0.6) 来决定读数时间, 去除不同接种密度的差异, 进而比较各生态系统群落结构与功能的差异。因此, 本研究结果基本能反映不同样地土壤微生物群落结构与功能的信息。

微生物生物量是反映土壤肥力、土壤健康状况和人类活动胁迫效应的一个重要生态学指标<sup>[28]</sup>。细菌数量反映的是微生物群落大小; BILOG 实验中

的平均颜色变化率 (AWCD) 和功能多样性指数则是反映微生物活性<sup>[31]</sup> 及其功能多样性。本研究运用上述指标来比较不同微生物群落的结构和功能, 无论是代表微生物群落大小的微生物生物量碳、细菌数量, 还是反映其活性和其功能多样性的平均颜色扩展率 (AWCD)、功能多样性指数, 均是自然恢复的天然次生林优于人工林 (图 1, 图 2, 表 4), 荒地最差。在立地条件一致的情况下, 不同的恢复方式和管理策略导致了土壤微生物群落结构和功能的不同。与人工林和持续干扰的荒地相比, 天然次生林不仅更有利于提高土壤微生物生物量碳和细菌数量 (图 1, 图 2), 而且在增加利用某类或多类碳源的微生物种群 (丰富度指数)、提高微生物群落利用单一碳源的整体能力 (AWCD) 方面具有显著优势。与人工林相比, 自然恢复更有利于改善土壤微生物群落的结构与功能。

不同的森林恢复方式和管理策略对土壤微生物群落的结构和功能产生了显著影响。在南方, 红壤丘陵区自然恢复更有利于改善土壤微生物群落的结构和功能。其具体机理在于: 1) 试验点的定位研究表明, 人工林的水土流失较自然恢复的天然次生林严重<sup>[25]</sup>, 人工抚育后则更为严重。严重的水土流失, 加剧了作为土壤微生物群落碳源的土壤有机质、土壤营养元素的流失, 使土壤微生物生存的环境条件受到影响, 因而人工林土壤微生物量和细菌数量相应减少。2) 植物根系是土壤微生物群落的主要碳源之一, 同时植物根系分泌液也是土壤微生物群落的碳源之一<sup>[4]</sup>。天然次生林具有最高的根系生物量, 根系本身及其分泌物为土壤微生物群落提供了丰富的碳源, 因此其土壤微生物的结构与功能也相应增强。

### 参考文献

- Bossio DA, Scow KM. 1995. Impact of carbon and flooding on the metabolic diversity of microbial communities in soils. *Appl Environ Microbiol*, **61**: 4043~4050
- Buyer JS, Drinkwater LE. 1997. Comparison of substrate utilization assay and fatty acid analysis of soil microbial communities. *J Microbiol Meth*, **30**: 3~11
- Cai Y-F (蔡燕飞), Liao Z-W (廖宗文), Zhang J-E (章家恩), et al. 2003. Effect of ecological organic fertilizer on tomato bacterial wilt and soil microbial diversities. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), **14**(3): 349~353 (in Chinese)
- Campbell CD, Grayston SJ, Hirst DJ. 1997. Use of rhizosphere sources in sole carbon source tests to discriminate soil microbial communities. *J Microbiol Meth*, **30**: 33~41
- Chen S-H (陈素华), Sun T-H (孙铁珩), Zhou Q-X (周启星), et al. 2002. Interaction between microorganisms and heavy metals and its application. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), **13**(2): 239~242 (in Chinese)
- Chen X-Q (陈晓青), Yin H-W (殷浩文). 2003. Progress on analytical methods used in microbial community diversity. *Shanghai Envy-*

- iron Sci*(上海环境科学), **22**(3): 213~217(in Chinese)
- 7 Curl EA, Truebeve B. 1986. The Rhizosphere. Berlin; Springer-Verlag, 288
  - 8 Dong M(董 鸣). 1996. Standard Methods for Observation and Analysis in Chinese Ecosystem Research Network: Survey, Observation and Analysis of Terrestrial Biocommunities. Beijing: Standards Press, 70~71
  - 9 Garland JL, Mills AL, Young JS. 2001. Relative effectiveness of kinetic analysis vs single point readings for classifying environmental samples based on community-level physiological profiles (CLPP). *Soil Biol Biochem*, **33**: 1059~1066
  - 10 Garland JL, Mills AL. 1991. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization. *Appl Environ Microbiol*, **57**: 2351~2359
  - 11 Garland JL. 1996. Analytical approaches to the characterisation of sample microbial communities using patterns of potential C source utilisation. *Soil Biol Biochem*, **28**: 213~221
  - 12 Garland JL. 1997. Analysis and interpretation of community-level physiological profiles in microbial ecology. *FEMS Microbiol Ecol*, **24**: 289~300
  - 13 Grayston SJ, Wang S, Campbell CD, et al. 1998. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere. *Soil Biol Biochem*, **30**: 369~378
  - 14 Haack SK, Garchow HM, Klug J, et al. 1995. Analysis of factors affecting the accuracy, reproducibility, and interpretation of microbial community carbon source utilization patterns. *Appl Environ Microbiol*, **61**: 1458~1468
  - 15 Howard PJA. 1997. Analysis of data from BIOLOG plates; Comments on the method of Garland and Mills. *Soil Biol Biochem*, **29**: 1755~1757
  - 16 Insam H, Hitzl W. 1999. Data evaluation of community-level physiological profiles: A reply to letter of Howard. *Soil Biol Biochem*, **31**: 1198~1200
  - 17 Perry D, Amaranthus M. 1990. The plant-soil bootstrap: Microorganisms and reclamation of degraded ecosystems. In: Berger J ed. Environmental Restoration: Science and Strategies for Restoring the Earth. Washington, DC: Island Press 94~102
  - 18 Powlson DS, Brookes PC, Christensen BT. 1987. Measurement of soil microbial biomass provides an early indication of changes in total soil organic matter due to straw incorporation. *Soil Biol Biochem*, **19**: 159~164
  - 19 Preston-Mafham J, Boddy L, Randerson PF. 2002. Analysis of microbial community functional diversity using sole carbon-source utilization profiles—A critique. *FEMS Microbiol Ecol*, **42**: 1~14
  - 20 Qiu J-S(邱俊珊), Zhu K-L(朱可丽), Zhang J(张 杰), et al. 2002. Diversity of the microorganisms degrading aromatic hydrocarbons. *Chin J Appl Ecol*(应用生态学报), **13**(12): 1713~1715(in Chinese)
  - 21 Rogers BF, Tate III RL. 2001. Temporal analysis of the soil microbial community along a top sequence in Pineland soils. *Soil Biol Biochem*, **33**: 1389~1401
  - 22 Schutter M, Dick R. 2001. Shift in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. *Soil Biol Biochem*, **33**: 1481~1491
  - 23 Teng Y(腾 应), Huang C-Y(黄昌勇), Long J(龙 健), et al. 2003. Study on microbial activities and functional diversity of community in eroded soils from abandoned Pb, Zn, Ag mine. *J Soil Water Cons*(水土保持学报), **17**(1): 115~118(in Chinese)
  - 24 Tian C-J(田春杰), Chen J-K(陈家宽), Zhong Y(钟 扬). 2003. Phylogenetic diversity of microbes and its perspectives in conservation biology. *Chin J Appl Ecol*(应用生态学报), **14**(4): 609~612(in Chinese)
  - 25 Tian Y-X(田育新), Li X-Q(李锡泉), Yuan Z-K(袁正科), et al. 2002. Studies on benefit of soil and water conservation of different forest types in red soil regions of South Hunan. *Res Soil Water Cons*(水土保持研究), **9**(4): 80~82(in Chinese)
  - 26 Turkington R, Holl FB, Chanway CP, et al. 1988. The influence of microorganisms particularly Rhizobium, on plant competition in grass-legume communities. In: Davy AJ, Hutchings MJ, Watkinson AR, eds. Plant Population Ecology. Oxford: Blackwell Scientific Publications, 343~366
  - 27 Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS. 1987. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biol Biochem*, **19**: 703~707
  - 28 Wardle DA. 1992. A comparative assessment of factors which influence microbial biomass carbon and nitrogen levels in soil. *Biol Rev*, **67**: 321~358
  - 29 Yang Y-H(杨永华), Yao J(姚 健), Hua X-M(华晓梅). 2000. Effect of pesticide pollution against functional microbial diversity in soil. *J Microbiol*(微生物学杂志), **20**(2): 44~47(in Chinese)
  - 30 Yu S(俞 慎), He Z-L(何振立), Huang C-Y(黄昌勇). 2003. Advances in the research of soil microorganisms and their mediated processes under heavy metal stress. *Chin J Appl Ecol*(应用生态学报), **14**(4): 618~622(in Chinese)
  - 31 Zabinski CA, Gannon JE. 1997. Effects of recreational impacts on soil microbial communities. *Environ Man*, **21**(2): 233~238
  - 32 Zak JC, Willing MR, Moorhead DL, et al. 1994. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach. *Soil Biol Biochem*, **26**: 1101~1108

---

作者简介 郑 华,男,1974年生,博士,主要从事人类活动对生态系统的胁迫效应和恢复生态学等领域的研究,发表论文多篇。Tel: 010-62849815; E-mail: zhenghua27@sohu.com

---