

退化人工林不同恢复类型对土壤微生物群落功能多样性的影响

宋贤冲^{1,2,3} 王会利^{1,2} 秦文弟¹ 邓小军^{1,2} 田红灯^{1,2} 谭一波^{1,2} 王绍能^{2,4} 曹继钊^{1,2*}

(¹广西壮族自治区林业科学研究院, 南宁 530002; ²广西漓江源森林生态系统国家定位观测研究站, 广西桂林 541316; ³中国林业科学研究院资源昆虫研究所, 昆明 650224; ⁴广西桂林猫儿山自然保护区管理局, 广西桂林 541316)

摘要 为了评价华南退化人工林生态系统的不同恢复类型,本研究以土壤微生物群落功能多样性为对象,探讨恢复林土壤微生物功能多样性的差异及影响因子.在研究区内选取代表性的近自然经营杉木林(CF)和毛竹林(MB),以天然次生林(NF)为对照,采集表层土壤样品.运用 Biolog-Eco 微平板技术,对3种林分的土壤微生物群落功能多样性进行研究.结果表明:不同恢复林分的植物多样性差异显著,NF植物多样性指数显著高于MB和CF,而MB的植物多样性指数显著高于CF;不同林分类型的土壤pH和容重差异显著,其他土壤理化性质差异不显著;不同林分类型土壤微生物的平均颜色变化率(AWCD)为NF>MB>CF,不同林分对6种类型碳源底物的利用也有相似规律;NF的土壤微生物群落 Shannon 多样性指数、Shannon 丰富度指数、Simpson 优势度指数和 McIntosh 指数最高,MB次之,CF最低;主成分分析表明,从31种碳源类型提取的主成分1和主成分2分别能解释变量方差的60.0%和12.4%,在主成分分异中起主要贡献作用的是羧酸类、碳水化合物类和氨基酸类碳源;相关性分析表明,植物物种丰富度和多样性指数、土壤容重与土壤微生物群落多样性指数之间存在显著相关关系,对土壤微生物群落功能多样性具有重要影响.NF土壤微生物的碳源利用效率高于人工林,而MB土壤微生物碳源利用效率高于CF.从植被多样性及土壤微生物群落功能多样性来看,近自然经营的MB人工林更有利于退化人工林生态系统功能的恢复与提升.

关键词 土壤微生物群落; 多样性; Biolog-Eco; 近自然经营

Effects of stand type of artificial forests on soil microbial functional diversity. SONG Xian-chong^{1,2,3}, WANG Hui-li^{1,2}, QIN Wen-di¹, DENG Xiao-jun^{1,2}, TIAN Hong-deng^{1,2}, TAN Yi-bo^{1,2}, WANG Shao-neng^{2,4}, CAO Ji-zhao^{1,2*} (¹Guangxi Zhuang Autonomous Region Forestry Research Institute, Nanning 530002, China; ²Guangxi Lijiang River Source Forest Ecosystem Research Station, Guilin 541316, Guangxi, China; ³Research Institute of Resources Insect, Chinese Academy of Forestry, Kunming 650224, China; ⁴Bureau of Guangxi Mao'er Mountain Nature Reserve, Guilin 541316, Guangxi, China).

Abstract: We explored the changes of soil microbial biodiversity in response to forest ecological restoration. Soil samples were collected from the close-to nature managed Chinese fir plantation (CF), Moso bamboo plantation (MB), and natural secondary forest (NF). Soil microbial community diversity was analyzed by Biolog-Eco micro-plate technique. The results showed that plant diversity was significantly different among the three stands. Plant diversity of NF was significantly higher than MB and CF, and MB was higher than CF. Soil pH and bulk density showed a great difference, while there was no difference of other soil physiochemical properties among the three stands. Average well color development (AWCD) of soil in various stands followed the order of NF>MB>CF,

本文由广西创新驱动发展专项资金项目(AA17204087-11)、广西自然科学基金项目(2016GXNSFBA380051)、广西科技基地和人才专项(AD17129051)、广西林科院基本科研业务费项目(201807号)和广西优良用材林资源培育重点实验室自主课题(15A0402)资助 This work was supported by the Guangxi Innovation-driven Development Project (AA17204087-11), Natural Science Foundation of Guangxi (2016GXNSFBA380051), Guangxi Special Project of Science and Technology Base and Talent (AD17129051), Basic Research Items of Guangxi Forestry Research Institute (201807), and Self-topic of Guangxi Key Laboratory of superior Trees Resource Cultivation (15A0402).

2018-07-09 Received, 2019-01-02 Accepted.

*通讯作者 Corresponding author. E-mail: jizhaocao@163.com

consistent with the changes of utilization of six types of carbon sources. Shannon index of NF was the highest, and the index of MB was significantly higher than that of CF. Soil physical and chemical properties in different stands were not significantly different, except soil pH and bulk density. The Shannon diversity index (H), Shannon species richness index (S), Simpson dominance index (D) and McIntosh index (U) were the highest in NF, second in MB, and the lowest in CF. Results from principal component analysis (PCA) showed that two factors from 31 carbon sources could explain 60.0% and 12.4% of the variation and that carboxylic acids, carbohydrates and its derivatives, amino acids were the main carbon sources of the two principal component factors. Correlation analysis indicated that plant species richness and Shannon diversity indexes, soil bulk density were significantly correlated to soil microbial community diversity. The microbial community of NF was more efficient in carbon utilization than that in MB and CF, while that in MB was more efficient than that of CF. Based on plant diversity and soil microbial carbon utilization, MB is much better than CF in the artificial forest restoration and improvement in South China.

Key words: soil microbial community; diversity; Biolog-Eco; close-to-nature management.

生态系统退化是一个备受全球关注的突出问题,中国的生态系统退化问题尤为严重.据统计,中国森林面积约 13.3 亿 hm^2 ,其中 72% 为退化区^[1].过度开发和采伐已经引起森林生态系统退化、环境恶化和生物多样性减少等一系列问题^[2].修复退化的森林生态系统对于维持健康的生态环境和林业可持续发展势在必行.恢复造林是一种常见的森林恢复方式^[3-4],但恢复林达到成熟并实现其生态功能需要很长的时间^[5].造林树种和经营模式恢复森林生态系统的结构、功能以及生态服务都非常重要,但其内在过程及调控机理尚不明确^[5-6].

土壤微生物是陆地生态系统的重要组成部分,其在生物地球化学循环中起着重要作用^[7-8].不同树种和经营方式会引起生态环境条件的改变,直接或间接影响土壤理化性质的改变^[9],进而影响土壤微生物群落的结构和功能^[4,10-11].同样,土壤微生物群落的结构和功能的变化也可以通过调节植物养分有效性来影响植物的生产力^[12].在自然演替的情况下,森林生态系统可以保持其完整性,其生态服务得到最大程度的保存^[5].在恢复造林的情况下,原有的森林生态系统被摧毁殆尽,土壤微生物群落需要新的环境下重建.但恢复造林的树种单一,且林下植被和凋落物也较少,更容易造成水土和营养物质的流失^[13],从而影响土壤微生物活性.由于恢复林土壤微生物群落碳源底物、水和养分供应的变化,其结构和功能也与天然次生林不同^[4,10].反映土壤微生物群落功能多样性的方法通常包括 Biolog 碳素利用法和功能基因组学的方法,但土壤微生物功能基因组学研究尚处于起步阶段且操作繁琐,目前应用较多的领域是与土壤地球化学物质循环、污染物降解等密切相关的功能基因^[14-15].Biolog 碳素利用法可

以灵敏地反映功能型微生物群落的动态变化,因而被广泛用于评价不同经营模式和植被类型下森林土壤微生物群落的代谢功能多样性^[4,16-17].

华南地区有我国最大的人工林,同时也有最大面积的退化林,恢复造林是森林生态功能恢复与提升的重要方式.因此,本研究选择了华南地区天然次生林(对照)、近自然经营杉木人工林和近自然经营毛竹人工林,利用群落水平代谢谱分析技术(Biolog Eco)探讨华南天然次生林和近自然经营杉木人工林、近自然经营毛竹人工林的土壤微生物群落功能多样性,揭示驱动恢复林土壤微生物功能多样性的环境因子,评价华南地区不同恢复造林的生态功能提升,同时也为其他环境条件类似的区域开展森林恢复提供借鉴.

1 研究区域与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于华南广西猫儿山国家级自然保护区.猫儿山具有典型的山地气候特征,属中亚热带湿润季风气候区.该地海拔 1200 m,年均气温和降雨量分别为 12.8 $^{\circ}\text{C}$ 和 2509.1 mm.2 月平均气温为 2.0 $^{\circ}\text{C}$,为全年平均月气温最低;7 月平均气温为 21.8 $^{\circ}\text{C}$,为全年月平均气温最高^[18].全年降水集中在 5 月和 6 月^[19].本研究选择了毛竹人工林(Moso bamboo plantation, MB)、杉木人工林(Chinese fir plantation, CF)和天然次生林样地(natural secondary forest, NF),在每个林型内设立 3 个 20 m \times 20 m 的样方.竹林和杉木林都是 1980 年营造的近自然经营人工林,天然次生林为非退化林地,在本研究中用于对照.本研究样地调查及采样工作于 2016 年 6—7 月进行,样地概况见表 1.

表 1 试验样地概况
Table 1 Information of the experimental sites

林分类型 Stand type	海拔 Elevation (m)	地理坐标 Geographic Coordinates	坡度 Slope (°)	坡向 Aspect	郁闭度 Canopy density (%)	优势植物 Dominant plant
MB	1132~1150	25°53'1" N, 110°29'16" E	20~22	SE	85	毛竹 <i>P. edulis</i>
CF	1145~1152	25°53'14" N, 110°29'12" E	5~8	SE	80	杉木 <i>C. lanceolata</i>
NF	1380~1389	25°54'21" N, 110°27'55" E	20~40	SW	90	水青冈 <i>F. longipetiolata</i> 、交让木 <i>D. macropodium</i>

MB: 毛竹人工林 Moso bamboo plantation; CF: 杉木人工林 Chinese fir plantation; NF: 天然次生林 Natural secondary forest. 下同 The same below.

1.2 研究方法

1.2.1 土壤样品采集 土壤样品采集方法依照中国人民共和国林业行业标准“森林生态系统长期定位观测方法”(GB/T 33027—2016)^[20]进行. 分别于2016年6月28日和7月31日,按梅花5点法采集样方内0~10 cm深度的土壤,混匀成一个样品后过2 mm筛,共计9个样品(3种森林类型×3个样方). 每个样品分成两份,一份保存在4℃用于分析微生物活性,另一份干燥后研磨用于分析土壤化学性质. 在每个样方内,钻取一个环刀样品用于土壤容重测定.在采集土壤样品前,去除地表的枯枝落叶.

1.2.2 植被多样性调查和土壤理化性质分析 在每个样方内,记录和鉴定主要树种,其中多样性指数和物种丰富度指数按照植物生态学的方法计算.土壤理化性质分析参照鲁如坤^[21]的方法进行:土壤pH采用水浸提电位法(土水比为1:2.5),用玻璃棒搅动静止30 min后测定;土壤质量含水量(water content, WC)采用烘干法(105℃, 12 h)测定;土壤总有机碳(total organic carbon, TOC)测定采用重铬酸钾外加热法;速效氮(available nitrogen, AN)测定采用碱解扩散法;速效钾(available potassium, AK)测定采用乙酸铵提取火焰光度法;有效磷(available phosphorus, AP)测定参照中华人民共和国林业行业标准“森林土壤有效磷的测定”(LY/T 1232—2015)^[22],采用双酸浸提钼蓝比色法;土壤容重(bulk density, BD)的测定采用环刀取样-烘干法,环刀容积100 cm³.

1.2.3 群落水平代谢谱分析 土壤微生物的群落水平代谢谱分析采用Biolog Eco微孔板法.该微孔板包含31种不同的碳源底物,每种底物3份重复^[23].称取相当于10 g烘干质量的鲜土,加入100 mL 0.85% NaCl 无菌溶液三角瓶中,封口后在摇床上以200 r·min⁻¹的转速震荡30 min,按10倍梯度稀释法稀释至10⁻².无菌条件下,接种土壤悬液于Biolog Eco平板中,每孔150 μL,置于28℃下培养.微孔板每隔24 h在MicroLog 3.5.1.1 软件(Biolog Inc., Hayward,

CA)上测量590 nm波长下的吸光度值.

1.3 数据处理

微孔平板颜色变化率按照Garland等^[23]的方法计算:

$$AWCD = \sum_{i=1}^{31} (C_i - r) / n$$
 (1)

式中: C_i 为每个反应孔的光密度值(对照孔除外); r 为对照孔的光密度值; n 为碳源底物的数量, $n=31$.

物种丰富度指数(S)指被利用的碳源的总数目.微孔的光密度值 ≥ 0.2 ,认为是阳性值并计入微生物群落的丰富度(阳性孔的总数)^[24]. $(C-r) \leq 0$ 的孔在计算中记为0^[25].因为培养96 h的微孔光密度值达到最大微孔平均光密度值的一半,所以选择培养96 h的数据进行Shannon指数、多样性指数、主成分分析.土壤微生物群落多样性指数分析采用Shannon多样性指数(H)、Shannon丰富度指数(S)、Simpson优势度指数(D)和McIntosh指数(U)^[4,26].

采用Excel 2003和SPSS 17.0软件进行不同林型数据进行统计分析.采用单因素(one-way ANOVA)和Duncan法进行方差分析和多重比较($\alpha=0.05$),用Pearson法对植物多样性和土壤理化性质与土壤微生物群落功能多样性进行相关分析.利用Excel 2003软件作图.图表中数据为平均值 \pm 标准差.

2 结果与分析

2.1 不同林分的植物多样性和土壤理化性质

由表2可以看出,不同林分的植物多样性差异

表 2 不同林分的植物物种指数(S_{plant})和Shannon多样性指数(H_{plant})
Table 2 Plant species index (S_{plant}) and Shannon index (H_{plant}) of different stands

指数 Index	MB	CF	NF
S_{plant}	18.0 \pm 1.0a	5.7 \pm 0.6b	17.3 \pm 2.9a
H_{plant}	1.53 \pm 0.18b	0.82 \pm 0.17c	1.98 \pm 0.24a

同行不同字母表示不同林分类型差异显著($P<0.05$) Different letters within the same row meant significant difference among different stands at 0.05 level. 下同 The same below.

表 3 不同林分的土壤理化性质
Table 3 Soil physical and chemical properties in different stands

林分 Stand	含水量 WC (%)	容重 BD (g·cm ⁻³)	pH	有机碳 TOC (g·kg ⁻¹)	速效氮 AN (mg·kg ⁻¹)	速效磷 AP (mg·kg ⁻¹)	速效钾 AK (mg·kg ⁻¹)
MB	30.23±6.66a	0.85±0.10b	4.94±0.10a	59.9±10.3a	366±149a	1.53±0.55a	41.80±9.00b
CF	33.42±1.37a	1.16±0.02a	4.50±0.18b	63.5±8.9a	367±40a	2.33±0.81a	66.37±2.90a
NF	39.40±3.86a	0.69±0.06c	4.10±0.01c	86.7±20.7a	631±176a	3.10±0.98a	78.07±9.50a

WC: Water content; BD: Bulk density; TOC: Total organic carbon; AN: Available nitrogen; AP: Available phosphorus; AK: Available potassium. 下同 The same below.

表 4 不同林分土壤微生物群落的碳源利用情况
Table 4 Carbon source utilization by soil microbial community in different stands

林分 Stand	糖类及其衍生物 Carbohydrates and its derivatives	氨基酸 Amino acids	酯类 Esters	醇类 Alcohols	胺类 Amides	羧酸类 Carboxylic acids
MB	0.102±0.086a	0.574±0.076a	0.584±0.071b	0.381±0.097ab	0.520±0.148ab	0.425±0.119b
CF	0.124±0.026a	0.180±0.030b	0.260±0.131c	0.209±0.107b	0.333±0.175b	0.071±0.061c
NF	0.311±0.186a	0.851±0.232a	0.850±0.149a	0.583±0.137a	0.783±0.232a	0.583±0.005a

显著,其中天然次生林与毛竹林的植物多样性指数显著高于杉木林.毛竹林与天然次生林 Shannon 指数的数值也高于杉木林.表明杉木林的植物多样性相对较低.

从土壤理化性质来看(表 3),各林分土壤含水量无差异;土壤容重以杉木林为最高,天然次生林最低;天然次生林的土壤 pH 最低,仅为 4.10,毛竹林最高,为 4.94;土壤有机碳变幅较大(59.9~86.7 g·kg⁻¹),但不同林分间无显著差异;碱解氮、有效磷与有机碳相近,不同林分间均无显著差异,毛竹林的速效钾含量最低,杉木林与天然次生林则无显著差异.

2.2 土壤微生物利用碳源的动力学特征

微孔平均颜色变化率(AWCD)可以反映不同恢复林分土壤微生物群落的总体碳源利用能力.由图 1 可知,随着培养时间的增加,不同林分呈现出相似的增长模式,AWCD 值大小顺序依次为 NF>MB>CF.前 48 h 内,土壤微生物群落 AWCD 值增加比较缓慢,48 h 后开始急剧增加,在 72~96 h 内增长速率最高,120 h 后增长率趋缓.

按底物化学基团的性质将 Eco 板上的 31 种碳源分成 6 类:碳水化合物类、氨基酸类、酯类、醇类、胺类、羧酸类.土壤微生物对 6 类碳源底物的利用均随着培养时间的延长呈现出逐渐增加的趋势(表 4).不同林分土壤微生物对不同碳源底物的利用存在较大的差异,总体上 NF>MB>CF.其中,碳水化合物类利用差异不显著,而羧酸类和酯类利用差异显著;毛竹林和杉木林的醇类和胺类底物的利用之间

差异不显著,天然次生林和杉木林之间的差异显著;天然次生林和毛竹林之间的氨基酸类利用差异不显著,但毛竹林和杉木林之间的差异显著.大体来看,天然次生林的碳源底物利用能力最强.

2.3 土壤微生物群落功能的多样性指数

Shannon 多样性指数、丰富度指数和优势度指数等代谢多样性指数反映土壤微生物群落的功能多样性.由表 5 可知,碳源利用的 Shannon 多样性指数变化范围为(2.87±0.17)~(3.13±0.08),其大小顺序为 NF>MB>CF.NF 和 CF 之间的 Shannon 多样性指数差异达到显著水平,但 MB 和 CF 之间的差异不显著.NF 和 MB 的碳源利用丰富度指数均显著高于 CF.3 种林分的优势度指数均约为 1, NF 和 MB 的

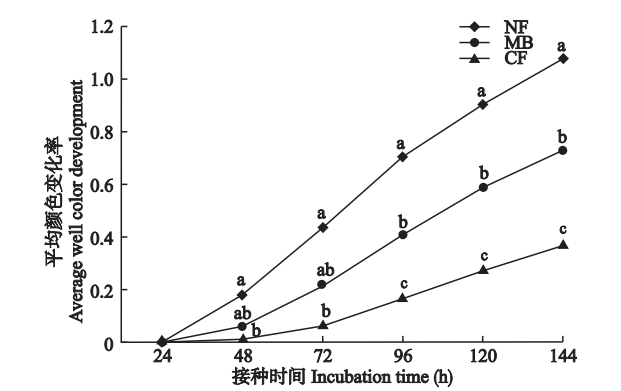


图 1 不同林分类型土壤微生物群落的平均颜色变化率
Fig.1 AWCD of soil microbial community in different stands.
NF: 天然次生林 Natural secondary forest; MB: 毛竹人工林 Moso bamboo plantation; CF: 杉木人工林 Chinese fir plantation. 下同 The same below.不同字母表示差异显著 (P<0.05) Different letters meant significant difference at 0.05 level.

表 5 土壤微生物群落功能多样性指数
Table 5 Diversity index of soil microbial communities

林分 Stand	<i>H</i>	<i>S</i>	<i>D</i>	<i>U</i>
MB	3.00±0.07ab	18.0±3.00a	0.95±0.01a	2.96±0.53b
CF	2.84±0.17b	10.3±3.06b	0.92±0.02b	1.45±0.46c
NF	3.13±0.08a	23.3±2.08a	0.94±0.01a	4.33±0.73a

H: Shannon 多样性 Shannon diversity; *S*: Shannon 丰富度 Shannon abundance; *D*: Simpson 优势度 Simpson dominance; *U*: McIntosh 指数 McIntosh index. 下同 The same below.

优势度指数均显著高于 CF.3 种林分的 McIntosh 指数差异显著,NF 最高,CF 最低.

2.4 土壤微生物群落代谢功能主成分分析

根据培养 96 h 的 AWCD 值,对不同恢复林分土壤微生物的单一碳源利用特性进行主成分分析(图 2)结果表明,第一主成分的贡献率为60.0%,第二主成分的贡献率为 12.4%,前两个主成分累计解释了变量方差的 72.4%.在 PC1 方向,3 种不同的恢复林分有明显的分异,天然次生林位于正端,得分系数在 0.51~1.49;杉木林位于负端,得分系数在-0.99~-1.21;而毛竹林在正端和负端均有分布,得分系数在-0.24~0.35.在 PC2 方向,天然次生林和杉木林全部位于正端,而毛竹林全部位于负端.

初始载荷值反映碳源类型对主成分的影响,数值越高影响越大,反之越小.在 31 种碳源中,有 28 种碳源在 PC1 的权重较大,其中羧酸类、碳水化合物类、氨基酸类、酯类、胺类和醇类的数量分别为 7、6、6、4、3和2;与PC2相关性较大的碳源有3种,其

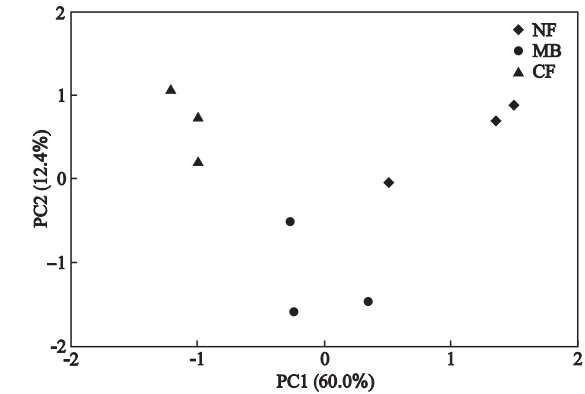


图 2 不同林分类型接种 96 h Biolog 数据的主成分分析
Fig.2 Principal component analysis of the Biolog data at 96 h inoculation in different stands.

中羧酸类、碳水化合物类和胺类分别为 2、1 和 1.由此可见,在主成分分离中起主要贡献作用的是羧酸类、碳水化合物类和氨基酸类碳源.

2.5 植物多样性和土壤理化性质与微生物群落功能多样性的相关性

为探讨植物多样性和土壤理化性质与土壤微生物群落功能多样性之间的关系,本研究进行了植物多样性和土壤理化性质与土壤微生物群落的相关分析(表 6),结果表明,*H*、*S*、*D* 和 *U* 4 个多样性指数均与植物物种丰富度指数呈显著正相关,与土壤容重呈显著负相关.*H* 与 Shannon 植物多样性指数之间呈正相关关系,但不显著;*S*、*D* 和 *U* 与 Shannon 植物多样性指数之间呈显著正相关关系.

表 6 土壤微生物群落多样性和植物多样性与土壤理化性质与的相关系数
Table 6 Correlation coefficients of plant diversity, soil physiochemical properties and microbial community diversity

项目 Item	<i>H</i> _{plant}	<i>S</i> _{plant}	容重 BD	含水量 WC	总有机碳 TOC	速效氮 AN	有效磷 AP	速效钾 AK	pH
<i>H</i>	0.658	0.796 *	-0.808 *	0.645	0.619	0.619	0.277	0.254	-0.361
<i>S</i>	0.773 *	0.976 **	-0.944 **	0.743 *	0.555	0.574	0.402	0.188	-0.359
<i>D</i>	0.707 *	0.735 *	-0.823 **	0.661	0.300	0.419	-0.057	-0.001	-0.010
<i>U</i>	0.957 **	0.744 *	-0.965 **	0.788 *	0.675 *	0.718 *	0.504	0.317	-0.426

* *P*<0.05; ** *P*<0.01. *H*_{plant}: 植物 Shannon 多样性 Shannon diversity of plant; *S*_{plant}: 植物物种多样性 Species diversity of plant.

3 讨 论

植被组成与土壤理化性质之间的关系密切,植物通过凋落物、根系分泌物等影响土壤理化性质,进而影响土壤微生物群落组成和结构^[27].有研究表明,植物种类的改变对微生物多样性有明显影响^[28].因此,通过研究土壤、微生物和植被之间的关系,可以更好地了解植被类型的改变对土壤微生物生态系统的影响.本研究中,以华南天然次生林为对照,比较了人工恢复林土壤微生物群落多样性,阐明

不同恢复林种在退化森林生态系统功能恢复中的作用,从而为退化森林生态系统功能的提升提供依据.

不同的森林恢复方式和管理手段对土壤微生物群落的功能多样性会产生显著影响^[29].AWCD 随着接种时间的变化反映了土壤微生物群落对碳源的利用能力,是土壤微生物活性及群落功能多样性的重要指标^[30].不同恢复林分土壤在 168 h 培养的各个时期,土壤微生物 AWCD 均为 NF>MB>CF,说明天然次生林具有良好的生态功能,利用竹林来恢复退化林是较佳的选择.同样,将 31 种碳源按基团化学

性质分为 6 大类进行分析,结果表明,不同恢复林分对 6 大类碳源底物的利用程度与 AWCD 表现出相同的规律,即 $NF > MB > CF$ 。通过主成分分析可以使变量降维,从而更直观地展现微生物群落不同森林恢复方式中的差异^[31]。郑华等^[29]通过主成分分析比较了 5 种植被类型的土壤微生物群落的代谢多样性类型,结果表明,5 种生态类型的土壤微生物群落有明显分异,对主成分 1 和主成分 2 起分异作用的碳源分别是羧酸类和糖类物质。本研究对不同恢复林分土壤微生物的代谢多样性类型进行主成分分析,得到与郑华等^[29]相似的结果,3 种恢复林分的土壤微生物群落也有明显的分异,对主成分分异起主要贡献作用的是羧酸类、碳水化合物类和氨基酸类碳源。这些结果表明不同植被恢复类型可以显著影响土壤有机物的输入,进而影响微生物的功能多样性。

在森林生态系统中,影响土壤微生物碳源利用的因素有很多,如植被类型^[4,29]、土壤理化性质^[32]、时空变化^[30]以及凋落物输入^[33-34]等。本研究对 3 种不同恢复林分土壤微生物群落多样性指数与植物多样性和土壤理化性质的相关性分析结果表明,植物多样性和土壤理化性质与土壤微生物碳源利用存在相关性,其中植物物种丰富度指数、植物物种多样性指数和土壤容重与土壤微生物群落多样性指数之间呈显著相关关系。这可能是因为植被通过影响土壤改变了土壤微生物群落。植被多样性和凋落物的增多,改变了土壤中养分的输入状况,进而改变了土壤微环境。有研究表明,植被的多样性与异质性可以显著影响地下生物群落结构^[35]。可见,植被恢复类型不仅影响土壤养分和土壤生态的维持,也对土壤微生物群落多样性差异有显著的影响^[36]。土壤容重是评价土壤质量的一个重要指标^[37]。土壤容重对土壤微生物群落碳源利用的影响在于直接影响土壤透气性、水分及其有效性,进而间接影响土壤微生物。土壤容重增大,必然使孔隙度减少,根系生长受到抑制,通气量减少,进而导致土壤微生物生命活动受到影响^[38]。本研究采集的土壤为 0~10 cm 深的表层土壤,土壤微生物以好氧微生物为主,容重越大对好氧微生物的抑制越强烈,因而容重与土壤微生物碳源利用呈显著或极显著负相关关系。

土壤微生物是森林生态系统的重要组成部分,研究不同森林恢复林分与土壤微生物多样性之间的相互影响,对于揭示土壤微生物、环境、植物之间的关系意义重大。Biolog 碳素利用法是一种研究土壤微生物碳代谢功能的快速有效的方法,但其表征的只

是土壤中快速生长或富营养的微生物活性,是微生物群落整体代谢能力的体现,无法直接获取微生物群落结构的详细信息^[39]。由于土壤中绝大多数微生物是不可培养的,要深入研究土壤微生物群落功能类群及群落结构与功能之间的对应关系,还必须结合其他微生物群落结构分析方法。因此,结合高通量测序、磷脂脂肪酸(PLFA)分析法等技术手段研究微生物群落结构的方法,将有助于深入揭示不同森林恢复林分土壤微生物多样性与地上植被和环境之间的关系。

致谢 感谢中国科学院南京土壤研究所庄舜尧研究员对本文写作和英文摘要的指导和修订,感谢广西大学冯家勋教授课题组对 Biolog 测定分析给予的帮助,感谢广西猫儿山国家级自然保护区在样地设置和调查、样品采集中给予的帮助和支持,感谢广西林业科学研究院林业土壤与肥料研究所和森林生态研究所在土壤分析和植被调查中给予的支持和帮助。

参考文献

- [1] State Forestry Administration of China (国家林业局). Statistical Report of Forest Resource (1999-2003). 1st Ed. Beijing: China Forestry Press, 2004 (in Chinese)
- [2] Li WH. Degradation and restoration of forest ecosystems in China. *Forest Ecology and Management*, 2004, **201**: 33-41
- [3] Benayas JMR, Newton AC, Diaz A, *et al.* Enhancement of biodiversity and ecosystem services by ecological restoration: A meta-analysis. *Science*, 2009, **325**: 1121-1124
- [4] Wang Y, Ouyang ZY, Zheng H, *et al.* Carbon metabolism of soil microbial communities of restored forests in Southern China. *Journal of Soils & Sediments*, 2011, **11**: 789-799
- [5] Chazdon RL. Beyond deforestation: Restoring forests and ecosystem services on degraded lands. *Science*, 2008, **320**: 1458-1460
- [6] Ren H (任海), Li Z-A (李志安), Shen W-J (申卫军), *et al.* Change of biodiversity and ecosystem function under tropical forest restoration in South China. *Science in China (中国科学)*, 2006, **36**(6): 563-569 (in Chinese)
- [7] Heijden MGAVD, Bardgett RD, Straalen NMV. The unseen majority: Soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 2008, **11**: 296-310
- [8] Fuhrman JA. Microbial community structure and its functional implications. *Nature*, 2009, **459**: 193-199
- [9] He Y-J (何友均), Liang X-Y (梁星云), Qin L (覃林), *et al.* Community characteristics and soil properties of coniferous plantation forest monocultures in the early stages after close-to-nature transformation management in southern subtropical China. *Acta Ecologica*

- Sinica* (生态学报), 2013, **33**(8): 2484–2495 (in Chinese)
- [10] Zheng H, Ouyang ZY, Wang XK, *et al.* Effects of regenerating forest cover on soil microbial communities: A case study in hilly red soil region, Southern China. *Forest Ecology and Management*, 2005, **217**: 244–254
- [11] Xu QF, Jiang PK, Xu ZH. Soil microbial functional diversity under intensively managed bamboo plantations in southern China. *Journal of Soils & Sediments*, 2008, **8**: 177–183
- [12] Harris J. Soil microbial communities and restoration ecology: Facilitators or followers? *Science*, 2009, **325**: 573–574
- [13] Zheng H, Chen FL, Ouyang ZY, *et al.* Impacts of reforestation approaches on runoff control in the hilly red soil region of Southern China. *Journal of Hydrology*, 2008, **356**: 174–184
- [14] Liu SS, Wang F, Xue K, *et al.* The interactive effects of soil transplant into colder regions and cropping on soil microbiology and biogeochemistry. *Environmental Microbiology*, 2015, **17**: 566–576
- [15] Ren GD, Ren WJ, Teng Y, *et al.* Evident bacterial community changes but only slight degradation when polluted with pyrene in a red soil. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**: 1–11
- [16] Huang XM, Liu SR, Wang H, *et al.* Changes of soil microbial biomass carbon and community composition through mixing nitrogen fixing species with *Eucalyptus urophylla* in subtropical China. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, **73**: 42–48
- [17] Chen XL, Wang D, Chen X, *et al.* Soil microbial functional diversity and biomass as affected by different thinning intensities in a Chinese fir plantation. *Applied Soil Ecology*, 2015, **92**: 35–44
- [18] Li K-M (李矿明), Tang X-Z (汤晓珍). Research to diversification and discordance of natural broad-leaved forests over different altitudes in Guangxi Mao'er Mountain. *Central South forest inventory and planning* (中南林业调查规划), 2003, **22**(1): 56–58 (in Chinese)
- [19] Huang J-L (黄金玲), Jiang D-B (蒋得斌). Integrated Scientific Investigation of Mt. Mao'er National Nature Reserve in Guangxi. Changsha: Hunan Science and Technology Press, 2004 (in Chinese)
- [20] State Forestry Administration of the People's Republic of China (中华人民共和国林业局). Methodology for Field Long-term Observation of Forest System (GB/T 33027–2016). Beijing: China Standards Press, 2017 (in Chinese)
- [21] Lu R-K (鲁如坤). Methods for Soil Agricultural Chemistry Analysis. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000 (in Chinese)
- [22] State Forestry Administration of the People's Republic of China (中华人民共和国林业局). Determination of Available Phosphorus in Forest Soil (LY/T 1232–2015). Beijing: China Standards Press, 2016 (in Chinese)
- [23] Garland JL, Mills AL. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization. *Applied & Environmental Microbiology*, 1991, **57**: 2351–2359
- [24] Ratcliff AW, Busse MD, Shestak CJ. Changes in microbial community structure following herbicide (glyphosate) additions to forest soils. *Applied Soil Ecology*, 2006, **34**: 114–124
- [25] Kohler F, Hamelin J, Gillet F, *et al.* Soil microbial community changes in wooded mountain pastures due to simulated effects of cattle grazing. *Plant and Soil*, 2005, **278**: 327–340
- [26] Xu Q-F (徐秋芳), Jiang P-K (姜培坤), Wu Q-F (邬奇峰), *et al.* Effect of intensive management on soil microbial biomass and functional diversity in *Castanea mollissima*. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2007, **43**(3): 15–19 (in Chinese)
- [27] Chodak M, Klimek B, Azarbad H, *et al.* Functional diversity of soil microbial communities under Scots pine, Norway spruce, silver birch and mixed boreal forests. *Pedobiologia*, 2015, **58**: 81–88
- [28] Augusto L, Ranger J, Binkley D, *et al.* Impact of several common tree species of European temperate forests on soil fertility. *Annals of Forest Science*, 2002, **59**: 233–253
- [29] Zheng H (郑华), Ouyang Z-Y (欧阳志云), Wang X-K (王效科), *et al.* Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2004, **15**(11): 2019–2024 (in Chinese)
- [30] Wu Z-Y (吴则焰), Lin W-X (林文雄), Chen Z-F (陈志芳), *et al.* Variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in mid-subtropical forest. *Chinese Journal of Plant Ecology* (植物生态学报), 2013, **37**(5): 397–406 (in Chinese)
- [31] Wang Q (王强), Dai J-L (戴九兰), Wu D-Q (吴大千), *et al.* Statistical analysis of data from Biolog method in the study of microbial ecology. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), 2010, **30**(3): 817–823 (in Chinese)
- [32] Li N (黎宁), Li H-X (李华兴), Zhu F-J (朱凤娇), *et al.* Relationships between soil microbial ecological characteristics and physical-chemical properties of vegetable garden soil. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), 2006, **17**(2): 285–290 (in Chinese)
- [33] Wang J-J (王纪杰), Xu Q-F (徐秋芳), Jiang P-K (姜培坤). Impact of litter of *Phyllostachy pubescens* on functional biodiversity of soil microorganism communities in broad-leaved forest. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2008, **44**(9): 146–151 (in Chinese)
- [34] Wang Z (王珍), Cao G-Q (曹光球), Zhang Y-Q (张月全), *et al.* Responses of carbon metabolism diversity of topsoil microbial to the litterfall addition in *Cunninghamia lanceolata* plantation. *Journal of Forest and Environment* (森林与环境学报), 2017, **37**(2):

148–154 (in Chinese)

[35] Zou XM, Ruan HH, Fu Y, *et al.* Estimating soil labile organic carbon and potential turnover rates using a sequential fumigation-incubation procedure. *Soil Biology & Biochemistry*, 2005, **37**: 1923–1928

[36] Yang N (杨 宁), Zou D-S (邹冬生), Yang M-Y (杨满元), *et al.* Variations of soil microbial community diversity in purple soils at different re-vegetation stages on sloping-land in Hengyang, Hunan Province. *Scientia Silvae Sinicae* (林业科学), 2016, **52**(8): 146–156 (in Chinese)

[37] Nottingham AC, Thompson JA, Turk PJ, *et al.* Seasonal dynamics of surface soil bulk density in a forested catchment. *Soil Science Society of America Journal*, 2015, **79**: 1163–1168

[38] Zheng C-D (郑存德), Yi Y-L (依艳丽), Zhang D-G (张大庚), *et al.* Reaction of edaphon on brown soil of different bulk densities. *Journal of Maize Sciences* (玉米科学), 2011, **19**(4): 69–74 (in Chinese)

[39] Harch BD, Correll RL, Meech W, *et al.* Using the Gini coefficient with Biolog substrate utilisation data to provide an alternative quantitative measure for comparing bacterial soil communities. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, **30**: 91–101

作者简介 宋贤冲,男,1986年生,博士研究生. 主要从事土壤微生物生态研究. E-mail: Songxc123@126.com

责任编辑 肖 红