

华西雨屏区不同恢复阶段湿性常绿阔叶林的土壤微生物多样性

朱万泽¹,王金锡²,张秀艳³,李登煜³,蔡小虎²

(1. 中国科学院成都山地灾害与环境研究所,成都 610041 2. 四川省林业科学研究院,成都 610081 ;

3. 四川农业大学,雅安 625014)

摘要 采用时空互代的方法,探讨了崇州市鞍子河自然保护区和邛崃市天台山的常绿阔叶林自然恢复过程中土壤微生物数量、组成、区系和多样性变化,结果表明:(1)不同恢复时期土壤微生物数量存在显著性差异,在植被恢复 5~40a 期间,土壤细菌和放线菌的数量呈增加趋势,以恢复到 40a 植被土壤微生物总数、细菌和放线菌的数量较高,分别为 1.06×10^6 CFU g⁻¹干土、 9.81×10^5 CFU g⁻¹干土和 6.8×10^4 CFU g⁻¹干土,真菌以 100a 次生林较高,为 9.01×10^4 CFU g⁻¹干土;植被恢复中细菌占土壤微生物总数的 79.06%~93.78%,真菌和放线菌数量分别占 4.61%~11.24%和 0.52%~15.38%;(2)不同恢复阶段土壤细菌和真菌数量大体上以夏季高,春、秋季较低,放线菌数量为春、秋季较夏季高;(3)植被恢复过程中,土壤微生物群落区系和优势种群组成不同,经鉴定有细菌 10 个属、真菌 7 个属、放线菌 9 个属,细菌以无色细菌属(*Achromobacter*)、棒状杆菌属(*Corynebacterium*)、短杆菌属(*Brevibacterium*)和芽孢杆菌属(*Bacillus*)出现的几率较高,真菌主要是半知菌类和接合菌类,以木霉属(*Trichoderma*)、腐霉属(*Pythium*)、青霉属(*Penicillium*)和犁头霉属(*Absidia*)分布较为普遍,放线菌 9 个类群中 8 个属于链霉菌属(*Streptomyces*),仅有 1 个类群属于小单孢菌属(*Micromonospora*),以白孢类群(*Albosporus*)、金色类群(*Aureus*)和灰红紫类群(*Griseorubroviolaceus*)出现几率为较高;(4)细菌属的 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数以恢复初期、30a 生次生林和较原始植被为较高。在植被恢复 5~50a 期间,真菌和放线菌属的多样性呈波动性增加趋势,到 50a 达到最高,50a 以后,呈下降趋势,表明植被恢复的 30~50a 土壤环境更适合真菌和放线菌的生长。

关键词 季节动态,微生物区系,微生物多样性,湿性常绿阔叶林,华西雨屏区

文章编号:1000-0933(2007)04-1386-11 中图分类号:Q938.1 文献标识码:A

The diversity of soil microorganism during different recovery phases of moist evergreen broad-leaved forest in the rainy zone of west China

ZHU Wan-Ze¹, WANG Jin-Xi², ZHANG Xiu-Yan³, LI Deng-Yu³, CAI Xiao-Hu²

¹ Institute of Mountain Hazard and Environment, CAS, Chengdu 610041, China

² Sichuan Forestry Academy, Chengdu 610081, China

³ Sichuan Agricultural University, Yaan 6250014, China

Acta Ecologica Sinica 2007 27 (4) 1386~1396.

Abstract: The Rainy Zone of West China, which is located along the brim of the Sichuan Basin, is a large scale and complicated ecotone and characterized by year-around cloudy and wet climate. There has been an extensive distribution of moist evergreen broad-leaved forest in the rainy zone, but this type of forest had been artificially destroyed because of local

基金项目:国家重点基础研究发展计划项目(2005CB422005);国家“十一五”攻关项目(2006BAD03A10)

收稿日期:2006-04-05;修订日期:2006-11-28

作者简介:朱万泽(1965~),男,四川大竹人,博士,副研究员,主要从事森林生态研究. E-mail:wzzhu@imde.ac.cn

Foundation item: The project was financially supported by the National Basic Research Program of China (No. 2005CB422005) and the National Key Project for “the Eleventh Five Year Plan” (No. 2006BAD03A10)

Received date 2006-04-05; **Accepted date** 2006-11-28

Biography ZHU Wan-Ze, Ph. D. mainly engaged in forest ecology and plant physio-ecology. E-mail:wzzhu@imde.ac.cn

concept that evergreen broadleaved forest is “Shaw”. The vegetation in this zone has been effectively recovered in recent years with the execution of “returning sloping cropland to forest” and “natural forest conservation” in our country.

The soil microbial community can have large impacts on plant community dynamics , and the abundance of microbial species in the soil usually is affected by the composition of the plant community. Many studies suggest that the soil microbial community varies with plant community composition , and soil microorganisms can be important drivers of vegetation changes. However , little is known about how soil microbial communities change along a gradient of vegetation succession. In this study , the numbers , composition , microbial flora and diversity of microorganisms were measured using the method of “space-for-time substitution ” in different recovery phases of forest at Anzi River Nature Reserve and Qionglai Tiantai National Forest Park. The results indicated that : (1) the quantity of soil microorganisms in different recovery phases of moist evergreen broad-leaved forest showed significant difference ($p < 0.05$). 5 to 40 years after revegetation , the quantity of soil microorganism and bacteria and actinomycetes increased with recovery age and achieved maximum value of 1.06×10^6 CFU (Coromy Forming Unit) g^{-1} dry soil , 9.81×10^5 CFU g^{-1} dry soil and 6.8×10^4 CFU g^{-1} dry soil respectively. The number of soil fungi reached maximum in natural forest (100a) with 9.01×10^4 CFU g^{-1} dry soil. There was similar composition of soil microbial community in different recovery phases. Soil microbial flora was mainly composed of bacteria , accounting for 79.06% – 93.78% of total microorganisms , and fungi for 0.52% – 15.38% and actinomycetes for 4.61% – 11.24% ; (2) number of soil bacteria and fungi in summer were more than that in spring and in autumn. However , numbers of soil actinomycetes in spring and in autumn were more than that in summer. (3) there were different soil microbial flora and various dominant groups during the process of revegetation. There were 10 genres that belonged to bacteria and 7 genres to fungi and 9 genres to actinomycetes according to identification. Among bacteria , the frequency of the presence of *Achromobater* , *Corynebacterium* , *Brevibacterium* and *Bacillus* were high ; the isolated fungi mainly belonged to *Deuteromycetes* and *Zygomycetes* , and the distribution of *Trichoderma* , *Pythium* , *Penicillium* and *Absidia* in the studied plots were very extensive ; of 9 actinomycetes genres , 8 genres belonged to *Streptomyces* and the other genus to *Micromonospora*. Among them , *Albosporus* , *Aureus* and *Griseorubroniaceus* had higher distribution frequency. (4) there were higher Shannon-Wiener index and Simpson index at the initial stage of revegetation and the secondary forest (30a) as well as the final recovery phases. After revegetation for 5a to 50a , Shannon-Wiener index and Simpson index of fungi and actinomycetes showed an increasing trends in the fluctuating way with the maximum in the secondary forest (50a) , and showed downtrend after 50a , which indicated that the soil environment in the recovery process of from 30a to 50a was suitable for growth of fungi and actinomycetes.

Key words : seasonal dynamic ; microbial community ; microbial diversity ; moist evergreen broad-leaved forest ; Rainy Zone of West China

“华西雨屏带”为四川盆地西缘独特的自然地理区域 , 地理位置大致为 $29^{\circ}30' \sim 33^{\circ}N$, $102^{\circ}30' \sim 104^{\circ}E$, 总面积约 2.5 万 km^2 , 占全国国土面积的 0.26% [1-5]。华西雨屏带地处川西平原向川西高山峡谷至青藏高原的过渡地带 , 是我国西南山地生态系统的重要组成部分 , 是一个大尺度、复合型的生态过渡带 (ecotone) , 由于特殊的地理区位和有利的生境条件 , 造就了丰富的生物多样性 , 是我国生物多样性与生态建设的关键区域 [1] ; 该带是我国西部以阴湿为主要气候特征的、罕见的气候地理单元 , 湿性常绿阔叶林十分发达 [6] ; 区域内常绿阔叶林既是长江流域的重要生态屏障 , 也是长江和成都平原的水源区 , 又是许多江河的源头和分布地段 , 如岷江、青衣江、涪江等江河或其支流的发源地 , 对于保持水土与涵养水源都具有十分重要的意义 [7]。但由于种种原因 , 区内常绿阔叶林一直被人们称为“杂木林”而遭到破坏 , 其生态功能严重退化 , 许多区域已退化为次生类型 , 甚至次生灌丛 , 原始天然林保存较少。植被的破坏必然对土壤微生物产生重大影响 , 也威胁着境内的植被和生物多样性。如何加强华西雨屏带生物多样性保护和生态环境建设 , 已成为我国西部生态环境建设的

重大课题,近年来国家天然林保护工程和退耕还林工程的实施,有效地促进了华西雨屏带生态系统功能的恢复和提高。

土壤微生物是森林生态系统的重要组成部分之一,是森林生态恢复与重建的重要参与者^[8]。土壤微生物群落的演替依赖于森林植被发育,森林植被通过根系、地上和地下等生物过程影响土壤微生物的环境条件和能量供给^[21,23]。土壤微生物群落组成、功能和活性的测定,以及土壤微生物生物标记的应用,能够有效评估植被恢复的进程、植被退化的程度和恢复措施的效果^[22]。近年来,许多学者对华西雨屏区天然、次生常绿阔叶林群落学特征、外貌、结构^[9,10]、物种多样性^[27]、群落数值分类和排序^[11]、以及土壤形成、营养状况、肥力特征^[12,13]等进行了研究,为认识和了解华西雨屏区常绿阔叶林结构、功能,以及退化天然林的恢复,积累了一些的基础,但在植被恢复过程中土壤微生物方面的研究还很薄弱。本文采用空间序列代替时间序列的方法,探讨了位于华西雨屏带中心区域的崇州市鞍子河自然保护区湿性常绿阔叶林不同恢复阶段土壤微生物数量、区系和多样性特征,旨在为华西雨屏区退化天然林保护和恢复提供科学依据。

1 研究区概况

试验区设在四川省崇州市西北部的鞍子河自然保护区,东经 103°07′~103°27′,北纬 30°41′~30°52′,属邛崃山脉东南支脉龙门山中段,盆地西缘峡谷地带,境内山高谷深,海拔 960~3868m。该区属中亚热带湿润季风气候,具有云雾多,日照少,湿度大,风速小等气候特点。多年平均气温 7.5~12℃,极端最低气温-8℃,极端最高气温 32.7℃;多年平均降水量 1300~1450mm,降水集中于 6~9 月份,约占全年降水量的 70%,全年降雨天数为 180d 左右,无显著干旱季节,年均相对湿度为 86%,年均日照 641.6h,无霜期 200~230d。保护区土壤以山地黄壤为主。退化天然林主要分布在海拔 2000m 以下。保护区海拔 2000m 以下,原系常绿阔叶林带,目前植被表现出强烈的次生性,主要为次生常绿阔叶林,以及杉木 (*Cunninghamia lanceolata*)、柳杉 (*Cryptomeria fortunei*)、水杉 (*Metasequoia glyptostroboides*)、杨树 (*Populus cathayana*) 等人工林。

研究区位于海拔 1100~1700m 的次生湿性常绿阔叶林带,组成树种以壳斗科的粗榧石栎 (*Lithocarpus oblanceolatus*)、硬斗石栎 (*L. hancei*)、全包石栎 (*L. cleistocarpus*)、瓦山栲 (*Castanopsis ceratocantha*)、青冈 (*Cyclobalanopsis glauca*)、曼青冈 (*C. oxyodon*) 和樟科的西南赛楠 (*Nothaphoebe cavaleriei*)、山楠 (*Phoebe chinensis*) 等湿性常绿树种为主。

参照体系位于华西雨屏带中心区域的邛崃市境内的天台山国家森林公园,境内海拔 1000~1800m,年平均气温为 11.2℃,极端最高温度为 27.0℃,极端最低温度为-6.1℃,年平均相对湿度为 86.8%,平均降雨量 1300~1800mm,年日照时数为 537h,年平均无霜期为 241d。主要土壤类型为山地黄壤。据《四川通志》记载,境内现存的群落是在清代被火烧后,通过自然恢复起来而形成的常绿阔叶林类型,保存了较为原始的状态。

2 研究方法

2.1 样地概况

在崇州市鞍子河自然保护区,采用空间序列代替时间序列的方法,选择不同封育年龄 (5a、20a、30a、40a、50a) 的林地设置样地,样地大小为 20m×20m,并按照董鸣的方法^[14]进行野外调查与数据分析,选择与鞍子河自然条件相似的邛崃天台山森林公园境内原生性较强的湿性常绿阔叶林 (100a、300a) 作为参照体系,各样地概况见表 1。样地选取时,应尽量保证不同恢复阶段的样地具有可比性,样地沿水平方向设置,除鞍 5 和鞍 6 由于坡陡,未设重复外,其余样地均设置 3 次重复。

2.2 土壤采样

土壤取样按不同恢复时期植被在样地内进行,采用 S 型或对角线型混合取样法采取表层土壤 (0~20cm),每个样品 3~5 次重复。样品带回实验室 4℃ 冷藏保鲜 48h,进行土壤微生物指标测定。采样时间分别为 2002 年 8 月、2003 年 3 月、2003 年 11 月,分别代表夏季、春季和秋季。供试土壤的基本情况见表 2。

2.3 土壤微生物数量的测定

细菌、真菌、放线菌的数量采用稀释平板法测定^[15],并镜检鉴定土壤中主要的细菌^[39]、真菌^[16,17]与放线

菌类群^[18,40]。

2.4 土壤微生物多样性测定

物种多样性的研究方法和测定指数比较多,本文根据土壤细菌、真菌、放线菌和各测度指数的特点及取样数据的类型,选择了 Shannon-Wiener 指数 (H')和 Simpson 指数 (D')^[19]: $H' = -\sum P_i \ln P_i$, $D' = 1/\sum P_i^2$ 。式中 P_i 是第 i 个属的多度比例,可以用 $P_i = n_i/N$ 求出, n_i 是第 i 个属的菌株数; $N = \sum n_i$ 为全部属的菌株数之和。 H' 和 D' 两种多样性指数在动植物群落研究中通常以种为测度单位,在微生物研究中,由于分离鉴定的困难,土壤细菌、真菌和放线菌群落多鉴定到属。研究表明,以属和科等较高分类单元为多样性的测度单位也能较好地反映一个特定群落的生物多样性特征^[20]。本文应用以上公式,根据微生物的特点,以菌株数为计算依据,测度了土壤细菌、真菌和放线菌属级的多样性指数。

表 1 样地和供试土壤基本情况
Table 1 General characteristics of plots and soil samples

样地编号 Plot number	海拔 Altitude (m)	林龄 Recovery time (a)	群落类型 Community types	pH 值 Value of pH	有机质 Organic matter (%)	有效氮 Available nitrogen (mg/kg)	速效磷 Available phosphorus (mg/kg)	速效钾 Available potassium (mg/kg)
鞍 01 An01	1620	5	灌木林 ^①	6.27	9.58	275.10	1.17	143.35
鞍 02 An02	1240 ~ 1265	20	卵叶钓樟杉木 混交林 ^②	6.86	22.90	540.11	1.34	206.91
鞍 03 An03	1360 ~ 1375	30	卵叶钓樟林 ^③	5.52	36.90	543.17	1.12	323.33
鞍 04 An04	1247	40	卵叶钓樟林 ^④	7.29	37.82	564.75	1.79	337.21
鞍 05 An05	1147	50	野核桃润楠林 ^⑤	7.42	29.62	674.14	2.01	336.00
天 06 Tian06	1260 ~ 1280	100	山矾林 ^⑥	3.43	47.58	770.00	5.09	409.50
天 07 Tian07	1400 ~ 1420	300	华木荷林 ^⑦	3.91	28.04	610.50	5.27	432.20

注 ①Shrubbery; ②Lindera limprichtii + Cunninghamia lanceolata; ③④Lindera limprichtii; ⑤Juglans cathyensis + Machilus pingii; ⑥Symplocos botryatha; ⑦Schima sinensis

表 2 不同恢复时期样地秋季土壤生物的数量与组成

Table 2 Quantity and composition of soil microorganisms of plots in autumn in the different restoration stages ($\times 10^3$ CFU g^{-1} dry soil)							
恢复时期 Restoration time (a)	总数 Total number	细菌 Bacteria		放线菌 Actinomycetes		真菌 Fungi	
		数量 Quantity	(%)	数量 Quantity	(%)	数量 Quantity	(%)
5	502.20a	458.80aa	91.36	23.15a	4.61	20.25a	4.03
20	879.77b	825.01b	93.78	50.15b	5.70	4.61b	0.52
30	596.93c	535.55c	89.72	54.09c	9.06	7.29c	1.22
40	1055.81d	980.91d	92.91	67.97d	6.44	6.93c	0.66
50	516.90ae	477.40e	92.36	29.00e	5.61	10.50d	2.03
100	585.66cf	463.00aef	79.06	32.58e	5.56	90.08e	15.38
300	559.81g	466.63aef	83.36	62.94f	11.24	30.24f	5.40

同一列不同小写字母表示 LSR 检验达到显著性差异 ($p = 0.05$),下同 The different letters in the row indicate significant difference at $p = 0.05$ level according to LSR test, the same below

3 结果与分析

3.1 植被恢复系列上土壤微生物群落数量与组成

3.1.1 不同恢复阶段土壤微生物数量与组成

表 2 表明,不同恢复阶段土壤微生物总数均表现出显著性差异,并表现出一定的动态变化趋势。在植被恢复的前 40a 中,伴随着植被的发育和群落演替过程的进行,土壤微生物总量呈增加趋势,在 40a 次生植被中土壤微生物总数、细菌和放线菌的数量达到最高值,分别为 1.06×10^6 CFU g^{-1} 干土、 9.81×10^5 CFU g^{-1} 干土

和 6.8×10^4 CFU g^{-1} 干土 ,随着植被演替的进行 ,呈下降趋势 ;而真菌的数量在植被恢复到 100a 时达到最大值 ,为 9.01×10^4 CFU g^{-1} 干土 ,且植被恢复后期 (100 ~ 300a) 真菌数量大于恢复前期 (50a 以前) 。从 7 个不同恢复时期植被土壤环境的细菌、真菌和放线菌占微生物总量的比例来看 ,均以细菌数量最多 ,真菌和放线菌占的比例相对较少。植被恢复的前 50a 里 ,细菌数量占微生物数量的 89.72% ~ 93.78% ,放线菌次之 ,占微生物数量的 4.61% ~ 9.06% ;真菌最少 ,仅占微生物数量的 0.52% ~ 4.03% ,主要是因为土壤 pH 值 5.52 ~ 7.29 ,呈中性至酸性环境 ,不利于喜酸的真菌生长有关 ,恢复到 100a 的次生林 ,细菌数量占微生物总数的比例下降到 79.06% ,而真菌的比例上升到 15.38% 。恢复到 100a 和 300a 的森林土壤 pH 值分别为 3.43 和 3.91 ,土壤明显变酸 ,不利于细菌生长 ,而真菌适宜酸性的土壤环境 ,原始森林中细菌对凋落物的分解的贡献大大减少 ,真菌、放线菌的贡献增加。

3.1.2 不同恢复阶段土壤微生物季节变化

植被恢复伴随着土壤环境条件的不断变化 ,不同土壤环境中的微生物类群组成和各类群之间的比例是不相同的 ,即使在同一土壤环境中 ,微生物类群的组成和各类群之间的比例 ,也会随环境条件的季节变化而变化 (图 1 ~ 图 4) 。从不同恢复时期土壤微生物总数的季节变化看 ,均以夏季微生物总数为最高 ,夏季和春季、秋季微生物总数存在显著性差异 ,而秋季和春季微生物数量变化差异不显著。就不同恢复阶段细菌的季节变化而言 ,在植被恢复的前 30a ,细菌数量的季节变化为 :夏季 > 春季 > 秋季 ,而植被恢复到 30a 以后则为 :夏季 > 秋季 > 春季 ,土壤真菌数量的季节变化趋势基本上是 :夏季 > 秋季 > 春季 ,而放线菌的数量大体以春、秋季较多。夏季细菌占微生物总数的比例较春季、秋季高 ,真菌、放线菌的比例以春、秋季较高。由于细菌类群数量占土壤微生物总数的比例高 ,因此土壤微生物的季节变化实际上由细菌类群的变化决定 ,细菌喜好湿润 ,能耐受低氧水平的特性 ,试验地的降水主要集中在 6 ~ 9 月 ,此期间植物生长迅速 ,根系活动旺盛 ,气温上升 ,土壤湿润 ,有利于细菌的生长 ,春季 (3 月) 和秋季 (11 月) 气温低 ,植物生长缓慢或处于休眠状态 ,根系活动迟缓 ,土壤含水量较低 ,细菌生长受到抑制。至于植被恢复不同时期细菌春、秋季变化上的差异 ,主要与土壤 pH 变化有关。细菌、放线菌和真菌数量最大值出现的季节差异 ,既表明了土壤微生物随着时间的变化不断地发生着演替 ,也说明不同微生物区系对土壤营养物质的转化和利用具有一定的互补性和调节性。

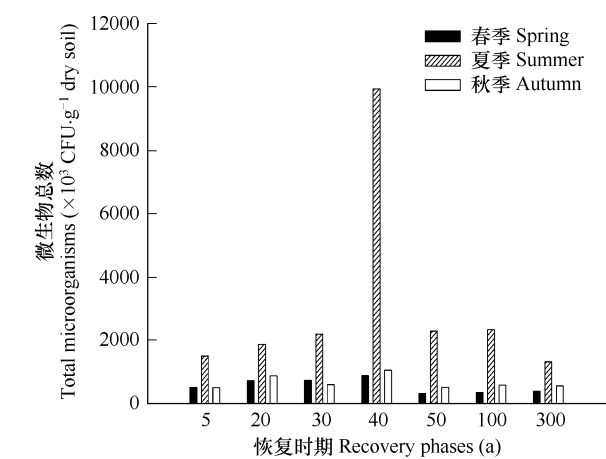


图 1 不同恢复时期土壤微生物总数季节变化

Fig.1 Seasonal variation of total soil microorganisms during different recovery phases

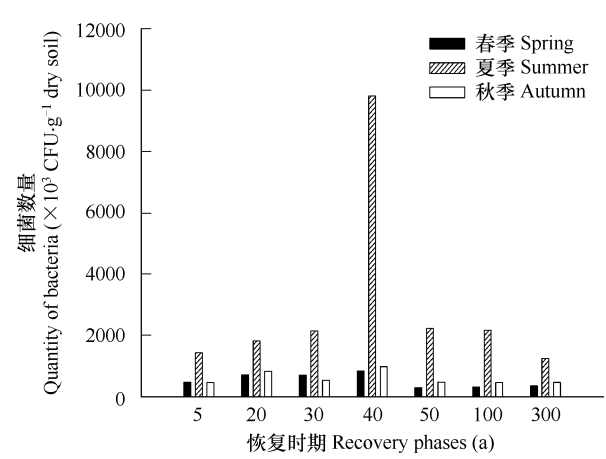


图 2 不同恢复时期土壤细菌数量季节变化

Fig.2 Seasonal variation of quantity of soil bacteria during recovery phases

3.2 植被恢复系列上土壤微生物区系与多样性

3.2.1 不同恢复阶段土壤细菌区系

不同恢复阶段次生林细菌的种群鉴定结果见表 3 ,分属于 10 个属 ,以无色细菌属 (*Achromobater*) 棒状杆

菌属 (*Corynebacterium*)、短杆菌属 (*Brevibacterium*)和芽孢杆菌属 (*Bacillus*)出现的几率较高。无色细菌以较为原始的山矾林和华木荷林群落土壤中所占比例较高;棒状杆菌在植被恢复 30a 以前所占比例较高,为 23.40%~30.00%,短杆菌以恢复到 40a 和 50a 较高,分别为 78.77%和 76.92%,而芽孢杆菌在各恢复阶段所占的比例均在 10% 以内。5a 生和 20a 生次生林土壤细菌以棒状杆菌属和短杆菌属为优势种群;恢复到 30a 出现了纤维单孢菌属 (*Cellulomonas*) ;40a 生和 50a 生次生林以短杆菌属为优势种群,棒状杆菌所占比例减少;恢复到 100a 的次生林的优势种群为短杆菌属和无色细菌属 (*Achromobater*) ;300a 生华木荷林以节细菌属 (*Arthrobacterium*)和无色细菌属为优势种群。

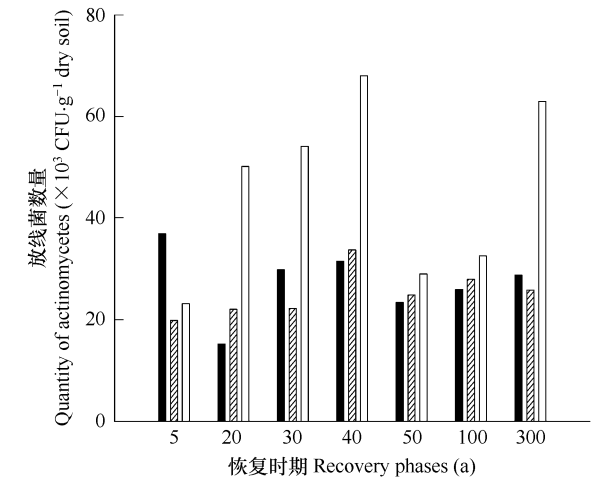


图3 不同恢复时期土壤放线菌数量季节变化

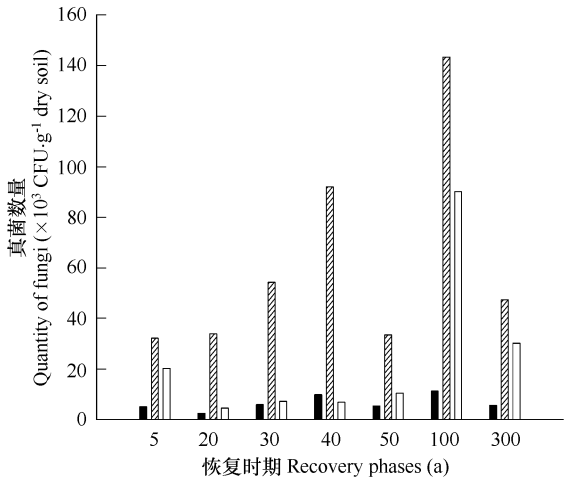


图4 不同恢复时期土壤真菌数量季节变化

Fig. 3 Seasonal variation of quantity of soil actinomycetes during different recovery phases

Fig. 4 Seasonal variation of quantity of soil fungi during different recovery phases

表 3 不同恢复时期土壤中细菌种群组成

类群 Community	恢复时期 Recovery time (a)						
	5	20	30	40	50	100	300
无色细菌属 Achromobater	19.15	—	22.00	—	10.99	35.71	20.63
棒状杆菌属 Corynebacterium	23.40	25.64	30.00	9.10	1.10	—	—
短杆菌属 Brevibacterium	12.76	46.15	4.00	78.77	76.92	35.71	—
纤维单孢菌属 Cellulomonas	6.39	—	26.00	—	—	—	—
芽孢杆菌属 Bacillus	2.13	2.56	8.00	3.03	—	7.14	7.01
黄杆菌属 Flavobacterium	2.13	2.56	—	—	—	—	—
假单孢属 Psedomonas	—	—	—	3.03	2.75	—	—
微球菌属 Micrococcus	—	—	—	—	—	—	4.67
节细菌属 Arthrobacterium	—	—	—	—	—	—	30.35
色杆菌属 Chromobacterium	2.13	—	—	—	—	—	—
其它 Others	31.92	23.08	10.00	6.07	8.24	21.43	37.35

“—”表示该植被恢复阶段无此属分布,下同 there is no distribution of the identified genus in the recovery phases , the same below

3.2.2 不同恢复阶段土壤真菌区系

镜检鉴定初步确定了 7 个属的真菌 (表 4),主要是半知菌类和接合菌类,在植被恢复系列上,以木霉属 (*Trichoderma*)、腐霉属 (*Pythium*)、青霉属 (*Penicillium*)分布较为普遍;其次是地霉属 (*Geotrichum*)、毛霉属 (*Mncor*)和犁头霉属 (*Absidia*)在多数样地中有分布,犁头霉属 (*Absidia*)出现的几率也较高,随着植被恢复演替的进行,犁头霉属分布呈增加趋势;分布较少的是地舌菌霉属 (*Geoglossun*),仅在 40a 次生林中有分布。

不同恢复时期土壤真菌的优势属组成也不同,5a 次生林优势属为毛霉属、腐霉属,20a、30a 次生林则以木霉属占绝对优势,40a 次生林优势属为腐酶属和地舌菌霉,50a、100a 次生林真菌优势属增多。显然,华西雨屏区湿性常绿阔叶林恢复过程中,真菌优势种群组成随着植被、土壤环境条件的改变而改变,恢复初期以分解和利用糖和简单含碳化合物的真菌为主,随后增加了分解和利用纤维素和木质素的真菌,以完成枯枝落叶的进一步分解,它们包括子囊菌、半知菌和担子菌的类群。

表 4 不同恢复时期土壤中真菌种群组成

Table 4 The composition of soil fungi communities in the different recovery phases (%)

类群 Community	恢复时期 Recovery time (a)						
	5	20	30	40	50	100	300
青霉 <i>Penicillium</i>	12.24	5.61	7.17	4.3	14.28	16.31	—
木霉 <i>Trichoderma</i>	10.2	61.43	50.57	10.13	15.62	10.42	5
地霉 <i>Geotrichum</i>	—	14.29	12.2		13.1	4.51	—
地舌菌霉 <i>Geoglossum</i>	—	—	—	18.22	—	—	—
毛霉 <i>Mucor</i>	24.54	—	—	10.11	4.76	6.82	—
犁头霉 <i>Absidia</i>	4.08	—	7.14	10.11	23.81	22.92	35
腐霉 <i>Pythium</i>	38.78	14.29	11.29	46.56	14.29	29.17	55
其它 Others	10.16	4.38	11.63	0.57	14.14	9.85	5

3.2.3 不同恢复阶段土壤放线菌区系

研究分离出的放线菌主要是链霉菌属 (*Streptomyces*),共有 8 个类群,仅有 1 个类群属于小单孢菌属 (*Micromonospora*),依据培养特性(即基内菌丝的颜色和孢子丝的着生和颜色),将形状相同的菌株归成类群列于表 5。在植被恢复系列上,白孢类群 (*Albosporus*)出现几率为最高,达 100%;其次是金色类群 (*Aureus*)和灰红紫类群 (*Griseorubroviolaceus*),出现几率均为 85.71%,其中金色类群的分布密度随着演替的进行而增加,在 40a、50a、100a、300a 次生林中的分布达到了 17.39%、31.03%、28.85% 和 40%。小单孢菌属在植被恢复系列上的出现几率亦达到了 71.43%,并且其分布密度随着恢复年限的增加而降低,表明土壤放线菌优势种群数量变化与植被的演替密切相关。而绿色类群 (*Uridis*)仅出现在 50a 次生林,淡紫灰类群 (*Lavendulae*)仅出现在 30a 次生林,且分布密度都很小。出现几率高的放线菌类群具有很强的生态适应性,而一些种群只出现在某个恢复阶段,可能具有相应的生态功能。

表 5 不同恢复时期土壤中放线菌种群组成

Table 5 The composition of soil actinomycetes communities in the different recovery phases (%)

类群 Community	恢复时期 Recovery time (a)						
	5	20	30	40	50	100	300
灰红紫类群 <i>Griseorubroviolaceus</i>	8.69	27.57	15.12	10.53	8.62	—	—
绿色 <i>Uridis</i>	—	—	—	0.00	5.17	—	—
金色 <i>Aureus</i>	4.35	—	4.65	21.05	31.03	28.85	40
青色 <i>Glaucus</i>	—	—	17.44	0.00	5.17	25	—
粉红孢 <i>Roseosporus</i>	6.53	—	—	5.26	10.34	5.77	—
灰褐 <i>Griseofuscus</i>	8.69	26.19	—	26.32	—	21.15	—
小单孢 <i>Micromonospora</i>	52.18	17.29	—	0.00	12.07	3.84	40
淡紫灰 <i>Lavendulae</i>	—	—	5.81	0.00	—	—	—
白孢 <i>Albosporus</i>	6.53	26.19	12.79	31.44	20.69	5.77	10
其它 Others	13.04	2.76	44.19	5.4	6.9	9.62	10

不同恢复时期样地放线菌的优势属组成不同,5a 生的次生林以小单孢类群占优势,占 52.18%。20a 次生林以灰红紫类群 (27.57%)、白孢类群 (26.19%)、灰褐类群 (*Griseofuscus*) (26.19%) 为主;40a 样地白孢类群 (31.44%)、灰褐类群 (26.32%) 比 20a 略有增加,并且出现金色类群 (21.05%);50a 样地金色类群 (31.03%) 较 40a 增多,白孢类群为 20.69%;演替到 100a,土壤放线菌以金色类群 (50%)、青色类群 (*Glaucus*) (25%)、灰褐色类群 (21.15%) 为主。

3.2.4 不同恢复阶段土壤微生物群落多样性

土壤微生物的多样性及变异性,反映了它们对土壤环境的适应性^[22]。不同植被恢复时期土壤细菌、真菌和放线菌的 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数的测度结果见图 5、图 6。从图 5 和图 6 可见,植被恢复过程中,土壤细菌多样性指数呈波动性增加的趋势,恢复初期、30 年生次生林和较原始植被土壤细菌 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数较高。真菌和放线菌两个多样性指数反映出基本一致的趋势,在植被恢复 5~50a 期间,真菌和放线菌属的多样性呈波动性增加趋势,植被恢复到 50a,两种多样性指数均达到最高值,Shannon-Wiener 指数真菌为 1.88、放线菌为 1.88, Simpson 指数真菌为 0.84、放线菌为 0.82。50a 以后,两种多样性指数呈下降趋势。这种多样性指数的测定结果与细菌、真菌、放线菌属的鉴定结果是一致的,5 年生、30 年生和 300 年生植被分离到的细菌属分别为 7 个属、5 个属和 4 个属,50a 次生林分离到的真菌为 6 个属,放线菌为 7 个属,表明植被恢复的 30~50a 土壤环境更适合微生物的生长。

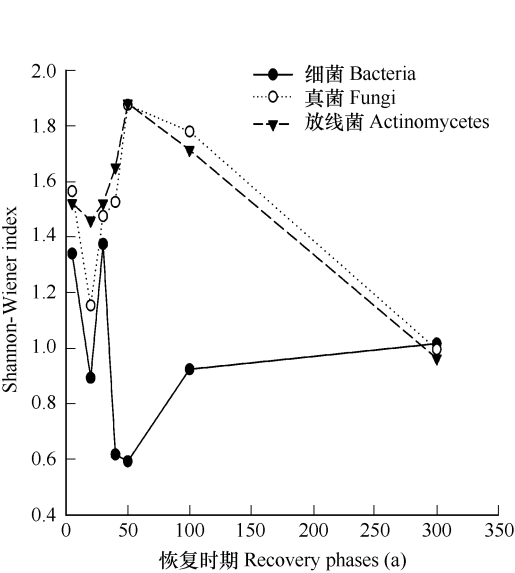


图5 不同恢复时期土壤微生物群落 Shanno-Wiener 指数

Fig. 5 Shannon-Wiener index of soil microorganism during different recovery phases

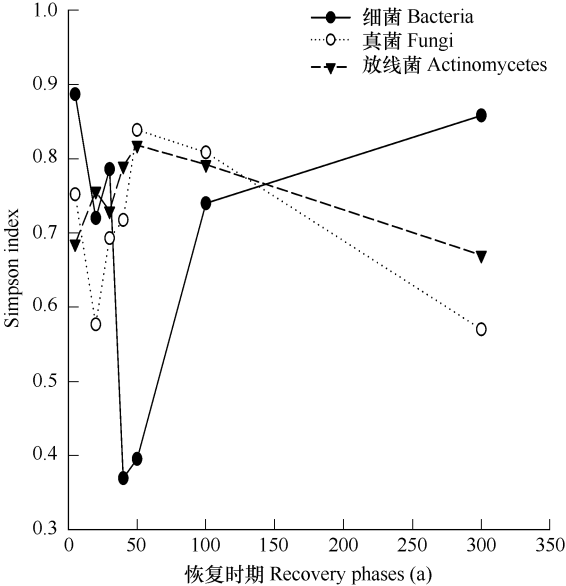


图6 不同恢复时期土壤微生物群落 Simpson 指数

Fig. 6 Simpson index of soil microorganism during different recovery phases

4 讨论

植被和土壤微生物群落密切相关,植被强烈地影响着土壤微生物的组成和活性,土壤微生物对植被变化快速作出响应^[26]。森林生态系统依靠土壤微生物将植物枯落物和土壤有机质转化为植物利用的矿质营养^[30],植被恢复实践影响土壤微生物的结构和功能,不同恢复演替阶段,土壤有机质输入的数量和质量不同^[26]。土壤微生物群落受土壤碳源和氮源的限制,而现存植物群落是两种资源的主要来源,土壤微生物群落的组成和多样性与植物群落有密切联系,且植物群落组成对土壤微生物群落组成的影响可能比植物多样性或生产力更明显^[31]。在植被恢复演替过程中,物种组成、多样性和生产力的变化影响土壤微生物群落的结构和组成^[26],尤其在植被演替的中后期,地上植被和土壤微生物群落之间的相互反馈更为强烈^[24]。许多研究表明,土壤微生物数量和生物量在原生性较强的植被下较高,即在植被恢复演替的后期达到最高^[25, 28, 29],本研究

究表明,植被恢复系列上真菌数量和细菌 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数变化与该规律基本一致,真菌数量以植被恢复后期(100~300a)大于恢复前期(50a 以前);细菌 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数以植被恢复初期、30a 生次生林和恢复后期植被为较高。而土壤微生物总数、细菌和放线菌数量、真菌和放线菌多样性指数测定结果却相反,在植被恢复 5~40a 过程中,土壤微生物总数、细菌和放线菌数量均呈增加趋势,40a 以后呈下降趋势;真菌和放线菌多样性指数在植被恢复到 50a 达到最高值。植被演替过程中,微生物群落的种类组成及其特征也是在不断变化的,在演替的早期阶段,细菌在微生物群落中占有优势,随着演替的进行,真菌的优势逐渐显现^[36,37]。本研究也证实了这一点。本试验中,5a 生的样地植被以灌草为主,还没有形成郁闭植被,且土壤的干湿变化大,有利于放线菌、真菌的生长,5~20a 期间,落叶阔叶树种逐渐增多,枯枝落叶含大量的氮素、灰分元素和有机质,易被细菌分解利用,微生物总数、细菌数量增加速度快;从 20a 到 40a 针叶树种逐渐被阔叶树种取代,群落中落叶树种减少,常绿树种增加,40a 形成以常绿阔叶为主的常绿和落叶阔叶混交林,随着林龄的增加,细菌总数仍呈增加趋势,枯落物主要由真菌、放线菌来分解利用,在该时期土壤 pH 值为 7.27,有机质含量较高,氮素和磷素营养良好,微生物总数、细菌和放线菌数量为最高;恢复到 50a,卵叶钓樟(*Lindera limprichtii*)、曼青冈(*Cyclobalanopsis oxyodon*)等常绿阔叶树种被排挤出群落的主要地位,形成以润楠(*Machilus pingii*)为优势种群的群落,细菌数量有所下降,但真菌和放线菌属的多样性达到最高;植被恢复到 300 年形成以华木荷(*Schima sinensis*)、总状山矾(*Symplocos botryatha*)等为主的常绿阔叶林,土壤由中性微酸的环境发展到偏酸的环境,pH 值低至 3~4,不利于适合中性环境的细菌生长,有利于喜酸的真菌生长。在植被演替后期,以常绿阔叶树种占绝对优势而形成的阴湿、偏酸环境造成微生物活性降低,微生物总量和真菌、放线菌多样性指数明显降低,枯落物分解速率较慢,营养元素不易流失,以枯落物的形式积存下来,这对于森林土壤养分的保持具有重要意义。试验地群落物种多样性以植被恢复 50a 左右为较高^[27],与该时期真菌和放线菌属的 Shannon-Wiener 指数、Simpson 指数达到最高是一致的。

土壤微生物数量季节动态的原因十分复杂,相同植被由于气候条件和管理方式的差异土壤微生物季节变化不同^[32,33],即使在同一气候条件下,不同植被土壤微生物数量的季节动态也可能因为土壤环境与植物生长等的复杂交互作用而不相同^[32]。研究表明,不同恢复阶段土壤微生物数量的季节变化大体上是一致的,土壤微生物总数、细菌和真菌数量以夏季高,春、秋季较低,而放线菌数量是春、秋季较夏季高,与张其水等报道在杉木连栽林地营造混交林后的土壤微生物春季较高、夏季最高、秋季稍有下降、冬季最低的季节性动态是基本一致的^[34],但与许光辉等对长白山自然保护区 3 个主要林型下土壤微生物春季高、夏季低、秋季回升、冬季最低的季节性动态分布规律不一致^[35]。这可能与植被类型、林木生长状况、土壤含水量和土壤温度有关。

本研究使用传统的微生物稀释平板法和镜检鉴定法,仅从样地水平上对华西雨屏区湿性常绿阔叶林不同恢复阶段土壤微生物区系和多样性进行了初步探讨,传统方法在土壤微生物群落培养和分离完整性受到一定的限制^[38],随着 Biolog 分析、磷脂脂肪酸分析和核酸分析等分子生物学方法的发展和应用,获取的土壤微生物多样性信息将更多和更完整,大尺度上植被恢复演替过程中土壤微生物多样性的时空变化,以及土壤微生物群落与植物群落组成、物种多样性以及生物生产力的关系等都有待于进一步研究。

References :

[1] Wu Z Y. Vegetation in China. Beijing : Science Press ,1980. 82 ~ 402.

[2] Li C B. Ecological Study of Sichuan Forest. Chendu :Sichuan Science and Technology Press ,1990. 3 ~ 48 ,211 ~ 360.

[3] Chen C D , Zhuang P , Hu J C. Biodiversity research and conservation of Dujiangyan , China. Chengdu : Sichuan Science and Technology Press , 1999. 1 ~ 85.

[4] Zhuang P , Gao X M. The concept of the Rainy Zone of West China and its significance to the biodiversity conservation in China. Biodiversity Science ,2002 , 10 (3) : 339 ~ 344.

[5] Edited by Collaborating Group for Vegetation of Sichuan. Vegetation of Sichuan. Chengdu : Sichuan People 's Press ,1980. 3 ~ 133.

[6] Zhong Y X. Vertical climatic difference on the east slope of Mt. Emei in Sichuan province. Journal of Southwest Normal College ,1984 , 5 : 111 ~ 116.

[7] Wan T ,Zhang J M ,Pan K W. Ecological function and restoration strategies of forests in the regions of evergreen broad-leaved forest the lower and middle mountain areas in the upper reaches of the Yangtze River. Journal of Sichuan Forestry Science and Technology ,2003 ,24 (1) :56 ~60.

[8] van Elsas J D ,Duarte G F ,Rosado A S ,*et al.* Microbiological and molecular biological methods for monitoring inoculants and their effects in the soil environment. Journal of Microbiological Methods ,1998 ,32 :133 ~154.

[9] Ma D W. The preliminary research on community character of evergreen broad-leaved forest in Qingcheng Mountain. Journal of Sichuan Normal University (Natural Science) ,1998 ,21 (2) :196 ~199.

[10] Bao W K ,Liu Z G. Community features of the primary and naturally secondary evergreen broad-leaved forests in MT. Wawu in Sichuan , China. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology ,2002 ,8 (2) :120 ~126.

[11] Mei J G ,Liang H C ,Zhou G X. Numerical classification and ordination of evergreen broad-leaved forests in Tiantai Mountain ,Sichuan Province. Journal of Central-South Forestry College ,1992 ,12 (2) :170 ~177.

[12] Tang S J. Characteristics of the formation of the zonal soil of the broad-leaved evergreen forest region in Sichuan basin. Journal of Southwest Agricultural University ,1990 ,12 (5) :521 ~526.

[13] Liao Y M ,Zhou P ,Song H X ,*et al.* Studies on the fertility of mountain soil in the west of Sichuan basin ,Sichuan Province. Journal of Biology ,2003 ,20 (6) :17 ~20.

[14] Dong M. Survey ,observation and analysis of terrestrial biocommunities. Beijing :Standards Press of China ,1996. 3 ~23.

[15] Edited by Soil Research Institute of Chinese Academy of Science. Research methods of edaphon. Beijing :China Science Press ,1985. 40 ~65.

[16] Wei J C. Manual to the identification of fungi. Shanghai Science and Technology Press. 1979. 58 ~66 ,487 ~642.

[17] Barnett H L ,Hunter B B. Illustrated genera of imperfect fungi. Minnesota :Burgess Publishing Company ,USA ,1972. 54 ~167.

[18] Jiang C L ,Xu L H ,Xu Z X. Actinomycetes Taxonomy. Kunming :Yunnan University Press ,1995.

[19] Ma K P ,Liu Y M. Methods of measure on biological community diversity I : α -diversity (2). Chinese Biodiversity ,1994 ,2 (4) :231 ~239.

[20] Yu D P ,Zou E L. Study on the species diversity of the scleratinan coral community on Luhuitou fringing reef. Acta Ecologica Sinica ,1996 ,16 (5) :469 ~475.

[21] Zhang W ,Wei H L ,Gao H W ,*et al.* Advances of studies on soil microbial diversity and environmental impact factors. Chinese Journal of Ecology ,2005 ,24 (1) :48 ~52.

[22] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. European Journal of Soil Science ,2003 ,54 :801 ~808.

[23] Merila P ,Strommer R ,Fritze H. Soil microbial activity and community structure along a primary succession transect on the land-uplift coast in western Finland. Soil Biology and Biochemistry ,2002 ,14 :1647 ~1654.

[24] Bever J D. Host-specificity of AM fungal population growth rates can generate feed-back on plant growth. Plant Soil ,2002 ,244 :281 ~290.

[25] Chabrierie O ,Laval K ,Puget P ,*et al.* Relationship between plant and soil microbial communities along a successional gradient in a chalk grassland in north-western France. Applied Soil Ecology ,2003 ,24 :43 ~56.

[26] Bever J D. Feedback between plants and their soil communities in an old field community. Ecology ,1994 ,75 :1965 ~1977.

[27] Zhu W Z ,Cai X H ,He F ,*et al.* Response of species diversity to restoration succession :the case of the moist evergreen broad-leaved forests in the western edge of Sichuan Basin. Biodiversity Science ,2006 ,14 (1) :1 ~12.

[28] Long J ,Li J ,Jiang X R ,*et al.* Soil microbial activities in Maolan karst forest ,Guizhou Province. Acta Pedologia Sinica ,2004 ,41 (4) :597 ~602.

[29] Zhang P ,Guo H J ,Dao ZH L ,*et al.* A study on quantity and diversity of soil microorganisms in Gaoligong Mountains. Chinese Biodiversity ,1999 ,7 (4) :297 ~302.

[30] Rogers B F ,Tate R L. Temporal analysis of the soil microbial community along a top sequence in Pineland soils. Soil Biology and Biochemistry ,2001 ,33 :1389 ~1401.

[31] Broughton L C ,Gross K L. Patterns of diversity in plant and soil microbial communities along a productivity gradient in a Michigan old-field. Oecologia ,2000 ,125 :420 ~427.

[32] Wardle D A. Controls of temporal variability of the soil microbial biomass :A global synthesis. Soil Biology and Biochemistry ,1998 ,30 :1627 ~1637.

[33] Zeller V ,Bardgett R D ,Tappeiner U. Site and management effects on soil microbial properties of subalpine meadows :A study of land abandonment along a north-south gradient in the European Alps. Soil Biology and Biochemistry ,2001 ,33 :639 ~649.

[34] Zhang Q SH ,Yu X T. Seasonal dynamics of the soil microorganism in the repeated Chinese fir plantation woodlands ,Journal of Fujian College of Forestry ,1991 ,11 (4) :422 ~427.

[35] Xu G H ,Zheng H Y ,Zhang D S ,*et al.* Seasonal activity and the distribution of the soil microorganisms under three main forest types in the

Changbaishan Mountain natural reserve. *Scientia Silvae Sinicae*, 1985, 21 (3) : 286 ~ 291.

[36] Rauni Ohtonen, Hannu Fritze, Taina Pennanen, *et al.* Ecosystem properties and microbial community changes in primary succession on a glacier forefront. *Oecologia*, 1999, 119 : 239 ~ 246.

[37] Bardgett R D, Kandeler E, Tscherko D, *et al.* Belowground microbial community development in a high temperature world. *Oikos*, 1999, 85 : 193 ~ 203.

[38] Zhong W H, Cai Z C. Methods for studying soil microbial diversity. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15 (5) : 899 ~ 904.

[39] Zhang J Z. *Microbial Taxonomy*. Shanghai : Shanghai Science and Technology Press, 1983.

[40] Edited by the Department of Streptomyces Taxonomy of Chinese Academy of Sciences. *Manual for streptomyces identification*. Beijing : Science Press, 1975.

参考文献：

[1] 吴征镒主编. 中国植被. 北京 : 科学出版社, 1980. 82 ~ 402.

[2] 李承彪主编. 四川森林生态研究. 成都 : 四川科学技术出版社, 1990. 3 ~ 48, 211 ~ 360.

[3] 陈昌笃, 庄平, 胡锦矗主编. 都江堰生物多样性研究与保护. 成都 : 四川科学技术出版社, 1999. 1 ~ 85.

[4] 庄平, 高贤明. 华西雨屏带及其对我国生物多样性保育的意义. *生物多样性*, 2002, 10 (3) : 339 ~ 344.

[5] 四川植被协作组编. 四川植被. 成都 : 四川人民出版社, 1980. 3 ~ 133.

[6] 钟永熙. 峨眉山东坡气候的垂直分异. *西南师范学院学报*, 1984, 5 : 111 ~ 116.

[7] 万涛, 张建民, 潘开文. 长江上游低中山常绿阔叶林区森林的生态功能和恢复对策. *四川林业科技*, 2003, 24 (1) : 56 ~ 60.

[9] 马丹炜. 青城山天然图画常绿阔叶林群落特征的初步研究. *四川师范大学学报 (自然科学版)*, 1998, 21 (2) : 196 ~ 199.

[10] 包维楷, 刘照光. 四川瓦屋山原生和次生常绿阔叶林的群落学特征. *应用与环境生物学报*, 2002, 8 (2) : 120 ~ 126.

[11] 梅炯杰, 梁孚超, 周桂香. 四川省天台山常绿阔叶林的数值分类和排序. *中南林学院学报*, 1992, 12 (2) : 170 ~ 177.

[12] 唐时嘉. 四川盆地常绿阔叶林区地带性黄色土壤的形成特征. *西南农业大学学报*, 1990, 12 (5) : 521 ~ 526.

[13] 廖咏梅, 周平, 宋会兴, 等. 四川盆地西缘山地土壤肥力评价. *生物学杂志*, 2003, 20 (6) : 17 ~ 20.

[14] 董鸣. 陆地生物群落调查观测与分析. 北京 : 中国标准出版社, 1996. 3 ~ 23.

[15] 中国科学院南京土壤研究所微生物室编著. *土壤微生物研究方法*. 北京 : 科学出版社, 1985. 40 ~ 65.

[16] 魏景超. *真菌鉴定手册*. 上海 : 上海科技出版社, 1979. 58 ~ 66, 487 ~ 642.

[18] 姜成林, 徐丽华, 徐宗雄. *放线菌分类学*. 昆明 : 云南大学出版社, 1995.

[19] 马克平, 刘玉明. 生物群落多样性的测度方法 I : α 多样性的测度方法 (下). *生物多样性*, 1994, 2 (4) : 231 ~ 239.

[20] 于登攀, 邹仁林. 鹿回头岸礁造礁石珊瑚物种多样性的研究. *生态学报*, 1996, 16 (5) : 469 ~ 475.

[21] 张薇, 魏海雷, 高洪文, 等. 土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展. *生态学杂志*, 2005, 24 (1) : 48 ~ 52.

[27] 朱万泽, 蔡小虎, 何飞, 等. 四川盆地西缘湿性常绿阔叶林不同恢复阶段物种多样性响应. *生物多样性*, 2006, 2006, 14 (1) : 1 ~ 12.

[28] 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. *土壤学报*, 2004, 41 (4) : 597 ~ 602.

[29] 张萍, 郭辉军, 刀志灵, 等. 高黎贡山土壤微生物的数量和多样性. *生物多样性*, 1999, 7 (4) : 297 ~ 302.

[34] 张其水, 俞新受. 杉木连栽林地土壤微生物的季节动态研究. *福建林学院学报*, 1991, 11 (4) : 422 ~ 427.

[35] 许光辉, 郑洪元, 张德生, 等. 长白山自然保护区三个主要林型下土壤微生物生态分布的季节性动态. *林业科学*, 1985, 21 (3) : 286 ~ 291.

[38] 钟文辉, 蔡祖聪. 土壤微生物多样性研究方法. *应用生态学报*, 2004, 15 (5) : 899 ~ 904.

[39] 张纪忠. *微生物分类学*. 上海 : 上海科技出版社, 1983.

[40] 中国科学院微生物研究所放线菌分类组编辑. *链霉菌鉴定手册*. 北京 : 科学出版社, 1975.