

黄土丘陵沟壑区典型人工林下土壤 微生物功能多样性

胡婵娟^{1,2}, 傅伯杰¹, 刘国华^{1,*}, 靳甜甜^{1,2}, 刘 宇^{1,2}

(1. 中国科学院生态环境研究中心城市与区域生态国家重点实验室, 北京 100085; 2 中国科学院研究生院, 北京 100039)

摘要:对典型黄土丘陵沟壑区陕西延安羊圈沟小流域刺槐 (*Robinia pseudoacacia*)、沙棘 (*Hippophae rhamnoides*) 和杏树 (*Prunus armeniaca*) 人工林下土壤微生物功能多样性进行监测研究, 旨在揭示不同的人工林对土壤微生物生物量及多样性的影响。研究结果如下: (1) 3 种人工林中刺槐林土壤微生物生物量碳 (MBC) 和微生物生物量氮 (MBN) 含量显著高于其他两种林地; (2) 表征土壤微生物代谢活性的平均颜色变化率 (AWCD) 与微生物生物量碳的高低表现一致, 依次为刺槐林 > 沙棘林 > 杏树林, 相关分析表明其与微生物生物量、总氮及土壤水分等存在显著相关性; (3) 土壤微生物的功能多样性 3 种人工林间未见显著差异, Shannon-Winner 多样性指数 (H') 表现为刺槐林 > 杏树林 > 沙棘林, 与土壤理化性质和微生物生物量间均未见显著相关性。总之, 3 种人工林相比较, 种植刺槐林与其它两种人工林相比更有利于提高微生物的量及代谢活性, 微生物的功能多样性受不同树种的影响较小。

关键词:土壤微生物; 多样性; 微生物生物量碳; 微生物活性; 人工林; 黄土高原

文章编号: 1000-0933 (2009)02-0727-07 中图分类号: Q145, Q16, Q938, S154.36 文献标识码: A

Soil microbial functional and diversity under typical artificial woodlands in the hilly area of the Loess Plateau

HU Chan-Juan^{1,2}, FU Bo-Jie¹, LIU Guo-Hua^{1,*}, JIN Tian-Tian^{1,2}, LIU Yu^{1,2}

1 State Key Laboratory of Urban and Regional Ecology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China

2 Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China

Acta Ecologica Sinica, 2009, 29(2): 0727 ~ 0733.

Abstract: To investigate the effects of different artificial woodlands on soil microbial biomass and microbial functional diversity, a case study was done on three artificial woodlands (*Robinia pseudoacacia*, *Hippophae rhamnoides*, and *Prunus armeniaca*) in the hilly area of the Loess Plateau, located at the Yangjuangou catchment, Yanan city, Shannxi. Among the three artificial woodlands, we found soil microbial biomass carbon (MBC) and microbial biomass nitrogen (MBN) of *Robinia pseudoacacia* were both highest. The average well color development (AWCD), which represents soil microbial metabolic activity, followed a similar trend with MBC, in the order of *Robinia pseudoacacia* > *Hippophae rhamnoides* > *Prunus armeniaca*. AWCD was also significantly correlated with microbial biomass, total nitrogen, and soil moisture. The difference in microbial functional diversity among the three artificial woodlands was not significant; Shannon-Winner index was *Robinia pseudoacacia* > *Prunus armeniaca* > *Hippophae rhamnoides* and did not have obvious correlations with microbial biomass or soil physiochemical characteristics. We draw the following conclusions: (1) among three artificial woodlands, *Robinia pseudoacacia* had the most microbial biomass and activity; (2) there were no significant effects of the different artificial woodlands on soil microbial diversity.

基金项目:国家重点基础规划发展资助项目(2007CB407205); 国家“十一五”科技支撑计划重点资助项目(2006BAC01A01-01); 中国科学院西部行动计划资助项目(KZCX2-XB2-05-03)

收稿日期: 2008-10-15; 修订日期: 2008-12-12

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: ghliu@cees.ac.cn

Key Words: soil microbe; diversity; microbial biomass carbon; microbial activity; artificial woodland; Loess Plateau

黄土丘陵沟壑区地形支离破碎,是全国乃至全世界水土流失最为严重的地区^[1]。随着水分及养分的大量流失,土壤质量不断下降^[2]。长期以来,国家为了控制该区的水土流失,开展了大量的植被恢复工作,并取得了一定的成效。有关研究表明,植被恢复是防治土壤侵蚀的关键方法,在减少径流、泥沙和养分的流失等方面起到重要的作用,从而有效地保护区域环境^[3,4]。同时,随着植被的恢复,大量有机质不断输入土壤中,使土壤环境得以改善,土壤质量得到提高,并对土壤生态系统特别是土壤微生物产生很大的影响。

土壤是一个复杂的、动态的生态系统,微生物作为土壤中重要生物组成部分,是土壤有机质和土壤养分(C、N、P、S等)转化和循环的动力,它参与有机质的分解,腐殖质的形成,养分的转化和循环的各个生化过程,在土壤生态系统的能量流动和养分转化中起着很重要的作用^[5]。另外,土壤微生物对外界条件诸如土地利用变化,管理措施、耕作和施肥等变化十分敏感,能够非常及时地反映土壤状况^[6,7],是土壤质量评价最常用的生物学指标^[8],同时利用土壤微生物的监测也能够很好的评价植被恢复的效果^[9]。因此,微生物的多样性和土壤功能之间的关系一直以来都是土壤生态学的难点和热点^[10]。土壤微生物多样性的影响因素很多,如土壤营养状况、质地、温度、水分和通气性等^[11],Paul和Clark^[12]的研究也认为植被往往通过影响土壤含水量、温度、通气性、pH值及有机碳和氮的水平而影响土壤生物区系。另外,环境的胁迫也可以降低土壤微生物生物量和多样性^[13]。在半干旱和干旱地区,干旱可能是影响微生物群落多样性和活性的主要胁迫因子^[14]。

研究微生物的群落结构和多样性的方法现在应用比较多的主要有 BIOLOG 微孔板法、磷脂脂肪酸法(PLFA)以及分子生物学方法^[15],BIOLOG 微孔板法是测定土壤微生物对不同 C 源的利用能力和代谢差异,从而用以表征土壤微生物代谢功能多样性或结构多样性的一种方法^[16],该方法由于其简单、快速等优点被广泛应用于评价不同土壤类型、不同植物物种下、不同管理策略下和不同植被的根际土壤微生物群落的功能多样性^[17-20]。

本文以黄土丘陵沟壑区为研究区域,利用 BIOLOG 微孔板法研究不同的人工林在生长过程中土壤微生物功能多样性的变化规律,能够更好的了解干旱及侵蚀环境下,植被及环境因子对微生物的影响,同时也能够为黄土丘陵沟壑地区植被恢复的评价提供良好的科学基础。

1 试验材料与方法

1.1 研究区域概况

本试验的研究区位于陕西省延安市羊圈沟小流域(36°42'N,109°31'E),流域面积 2.02km²,该区地形破碎,沟壑纵横,属于典型黄土高原丘陵沟壑地貌,暖温带半干旱季风气候,海拔 1025~1250m,年平均降雨量 550mm,降雨量年内和年际间变化很大,70%的降雨集中在每年的 7 月至 9 月。该区域土壤类型主要是黄绵土,抗蚀性差,水土流失严重。植被主要是种植的刺槐、沙棘、杏树等人工林,以及撂荒后形成的荒草地。

在研究区域内,选择同一坡向,同一坡位恢复年限为 5a 的刺槐、沙棘和杏树 3 种人工林为研究对象,划分 3 块样地,样地的基本特征为经纬度 36°42'07N,109°31'24E,海拔 1143m,坡向东偏南 20°,坡度为 30°。样地面积约 200m²,林下草本主要有茵陈蒿(*Artemisia capillaris* Thunb.)、太阳花(*Portulaca grandiflora*)、紫花地丁(*Herba Violae*)、长芒草(*Stipa bungeana* Trin.)等。

1.3 土壤样品的采集及分析

于 2007 年 8 月在每个样地设置 3 个样方作为重复,每个样方面积为 25m²,用直径为 5cm 土钻在每个样方中采集 5~7 钻表层(0~10cm)土样,混合为 1 个土壤样品,一部分新鲜土壤样品过 2mm 筛 4℃ 保存用于土壤微生物量及土壤微生物群落功能多样性的测定,另一部分土样风干过 2mm 筛用于 pH 值和电导率的测定,过 100 目筛用于有机碳和全氮的测定。具体测定方法:容重采用环刀法,pH 值用酸度计(土:水=1:2.5),电导率用电导率仪(土:水=1:2.5),土壤有机碳用重铬酸钾氧化外加加热法,全氮用半微量凯氏法^[21]。土壤微

生物量碳采用氯仿熏蒸浸提法,氯仿熏蒸和未熏蒸土壤用 $0.5\text{molL}^{-1}\text{K}_2\text{SO}_4$ 溶液浸提,土液比为 1:4,浸提溶液中有有机碳含量采用 UV-Persuate 全自动有机碳分析仪(Tekmar-Dohrmann Co. USA)测定,转换系数 k_c 取值 $0.45^{[22]}$;土壤微生物量氮测定参照 Brookes^[23] 的方法,转换系数 k_N 取值 0.54 。

土壤微生物多样性用 BIOLOG 方法进行测定^[18,24,25]:称取相当于 10g 干土重量的新鲜土样于灭过菌的 250ml 三角瓶中,加入 90ml 无菌 NaCl 溶液(0.85%),封口后,在摇床上震荡 15 min($200 \sim 250\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$),然后静置 15min,取上清液,在超净工作台中用无菌 NaCl 溶液(0.85%)稀释到 10^{-3} ,用 8 通道加样器将稀释液接种到 BIOLOG 生态板培养板上,每孔分别接种 $150\mu\text{l}$ 稀释后的悬液。将接种好的培养板放在生化培养箱中, 25°C 培养 7d。每隔 24h 用 BIOLOG 微平板读数器读取培养板在 590nm 波长的吸光值。

土壤微生物的代谢活性用每孔颜色平均变化率(average well color development,AWCD)来描述,计算公式如下:

$$\text{AWCD} = \sum \frac{(C - R)}{n}$$

式中, C 为有碳源的每个孔的光密度值, R 为对照孔的光密度值, n 为碳源的数目, BIOLOG 生态板的 C 源数目为 31。培养 96h 的数据用于计算土壤微生物群落功能多样性,计算公式如下:

$$\begin{aligned} \text{Shannon-Wiener 多样性指数} \quad H' &= - \sum_{i=1}^s P_i \log P_i \\ \text{丰富度指数} \quad S &= \text{被利用碳源的总数目} \\ \text{Shannon-Weiner 均匀度指数} \quad E &= \frac{H'}{\ln S} \\ \text{Simpon 优势度指数} \quad D_s &= 1 - \sum P_i^2 \end{aligned}$$

式中, P_i 为第 i 个孔的相对吸光值与整个微平板相对吸光值的比值,计算公式为:

$$P_i = \frac{C - R}{\sum (C - R)}$$

1.4 数据分析方法

实验数据用 Excel2003 进行处理,采用 SPSS 软件进行方差分析及相关分析等。

2 结果与分析

2.1 不同人工林土壤理化性质的变化

3 种人工林相比较,沙棘林土壤有机碳和总氮的含量都高于杏树林和刺槐林,种植沙棘林更有利于改善土壤的养分状况。刺槐林 pH 值最小,其次为沙棘林,由表 1 看出,黄土丘陵地区土壤普遍偏碱性,刺槐林的种植有利于调节土壤的酸碱度。土壤理化性质中除土壤水分和电导率外 3 种人工林间的差异均未达到显著水平($p < 0.05$)。

表 1 3 种不同人工林的土壤理化性质

Table 1 Soil physiochemical characters of three different artificial woodlands

林型 Type of woodland	有机碳 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	总氮 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	容重 ($\text{g}\cdot\text{cm}^{-3}$)	pH	电导率 ($\mu\text{s}\cdot\text{cm}^{-1}$)	土壤水分 (%)
杏树林	4.06A \pm 0.24	0.45A \pm 0.005	1.14A \pm 0.020	8.47A \pm 0.028	178.37B \pm 2.39	6.32C \pm 0.016
沙棘林	4.42A \pm 0.12	0.45A \pm 0.006	1.21A \pm 0.019	8.43A \pm 0.035	178.83B \pm 5.19	4.83B \pm 0.008
刺槐林	4.27A \pm 0.20	0.43A \pm 0.010	1.18A \pm 0.055	8.39A \pm 0.006	203.23A \pm 2.47	7.14A \pm 0.012

* 同一列数据后大写字母不同代表相同年份不同的人工林之间的差异显著($P < 0.05$), “ \pm ”后的值为标准误。Data in same column under different capital letters meant significant difference at 0.05 level among different kinds of artificial woodlands. The value after “ \pm ” was SE. 有机碳 Soil organic carbon(SOC);总氮 Total nitrogen(TN);容重 Bulk density(BD);电导率 Electricity conductance(EC);土壤水分 Soil moisture(SM);杏树林 *Prunus armeniaca* woodland;沙棘林 *Hippophae reamnoides* woodland;刺槐林 *Robinia pseudoacacia* woodland

2.2 不同人工林土壤微生物生物量的变化

杏树、沙棘和刺槐人工林土壤微生物生物量碳分别为 56.61 、 88.73 、 99.56 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ (图 1), 结果表明土壤微生物量碳含量为刺槐林 > 沙棘林 > 杏树林, 其中刺槐林和沙棘林土壤微生物生物量碳显著高于杏树林 ($P < 0.05$), 但刺槐林与沙棘林之间差异未达到显著水平。土壤微生物生物量氮分别为 20.40 、 16.41 、 28.81 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ (图 1), 与微生物生物量碳变化趋势不同, 3 种人工林土壤微生物量氮表现为刺槐林最大, 沙棘林最小, 经过方差分析比较, 刺槐林显著高于其他 2 种林地, 沙棘林和杏树林间差异未达到显著水平 ($P > 0.05$)。

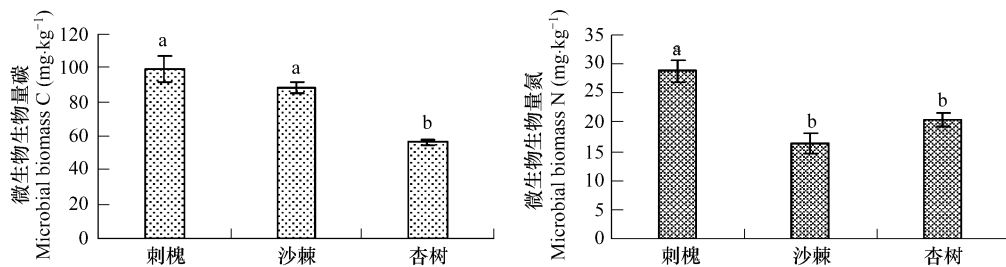


图 1 3 种人工林的土壤微生物生物量碳氮含量

Fig. 1 Soil microbial biomass carbon and nitrogen of three artificial woodlands

图中小写字母不同代表在 $P < 0.05$ 水平上差异显著 Different small letters in the figure meant significant difference at 0.05 level. 杏树 *Prunus armeniaca*; 沙棘 *Hippophae reamnoides*; 刺槐 *Robinia pseudoacacia*

2.3 不同人工林土壤微生物代谢活性的变化

平均颜色变化率 (AWCD) 是反映土壤微生物利用碳源的整体能力及微生物的代谢活性, 是评价利用单一碳源能力的一个重要指标。从图 2 可以看出, 3 种人工林土壤微生物 AWCD 值随着时间的延长而升高, 其中刺槐的 AWCD 值明显高于沙棘和杏树, 3 种人工林中, 杏树林土壤微生物的代谢活性最低。

通过 3 种人工林下土壤微生物对六种主要碳源类型的利用程度的分析, 由图 3 可以看出, 3 种人工林土壤微生物对碳源的利用主要集中在聚合物类、糖类、羧酸类和氨基酸类等四大类物质, 对胺类物质的利用程度相对较低。不论单一人工林下土壤微生物对不同碳源的利用还是 3 种不同人工林下土壤微生物对同一碳源的利用程度均存在显著性差异 ($P < 0.05$), 总体来讲, 杏树林土壤微生物对聚合物类及糖类物质的利用程度显著高于杏树林和沙棘林, 沙棘林土壤微生物对氨基酸类物质相对利用程度较高, 而刺槐林土壤微生物对羧酸类及氨基酸类物质的利用率较其他几种碳源相对较高。

2.4 不同人工林土壤微生物多样性的变化

如表 2 所示, 刺槐林 Shannon-Winner 多样性指数 (H'), 丰富度指数 (S) 均高于杏树林和沙棘林, 杏树林均匀度指数 (E) 较高, Simpson 优势度指数 (D_s) 较低, 而沙棘林则拥有较高的优势度和较低的均匀度。对于 3 种不同的人工林, 多样性指数间的差异均未达到显著水平。

2.5 微生物功能多样性与环境因子的相关性

将 Shannon-Wiener 多样性指数, 96hAWCD 值与微生物生物量及土壤理化性质各指标进行相关性分析后发现, 如表 3 所示, 多样性指数与总氮和土壤水分的相关性较其他指标稍高, 但与各个指标间均未达到显著相

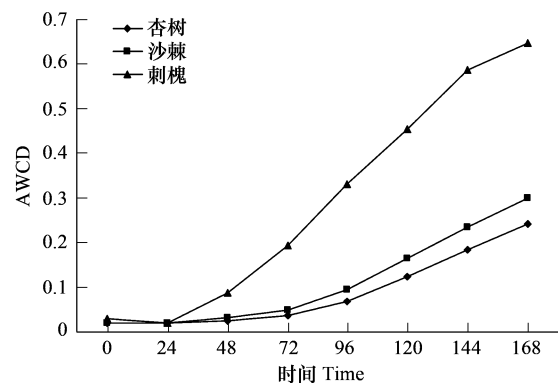


图 2 三种人工林的土壤微生物 BIOLOG 碳源平均颜色变化率

Fig. 2 Average well color development of three artificial woodlands

关。AWCD 与土壤微生物生物量碳、氮、土壤总氮、土壤水分及电导率之间的相关性均达到了显著水平。

3 讨论

一个完整的生态系统其地上群落和地下系统是相互关联的,不同的植被对土壤生态系统特别是土壤微生物有着显著的影响,而且随着植被的恢复,其影响的程度也有着显著的差异。有关研究表明,植被覆盖与裸露地相比,植被下土壤微生物生物量碳显著高于裸露地且随着恢复年限的增长差异越来越大^[26]。Waid 也认为植被的类型、数量和化学组成可能是土壤生物多样性变化的主要推进力量^[27]。他分析指出,植被是土壤生物赖以生存的有机营养物质和能源的重要来源,此外活的植被影响土壤生物定居的物理环境,包括影响植物凋落物的类型和堆积深度、减少水分从土壤表面的损失率等。在黄土丘陵沟壑区,长期的植被恢复已取得了较好的效果,不但大量地减少了水土及养分的流失,而且也有效地改善了土壤质量。刺槐、沙棘和杏树是该地区主要种植的人工林,由于种植时间不长,3 种人工林土壤养分之间未见显著差异,沙棘林土壤养分稍高于其他两种人工林,可能与凋落物的输入量比较多有关。刺槐林的微生物生物量碳和微生物生物量氮都高于沙棘和杏树,与土壤养分的变化并不一致,与 pH 和电导率的关系较为明显,植被根系的生长方式的不同可能是造成该结果的原因,刺槐相较与其它两种树种,其根系较浅且成扩散状分布于浅土层,这样更有利于改善表层土壤的结构,且根系分泌物可以为主要分布于土壤表层的微生物提供更多的营养基质,从而有利于微生物的生长。

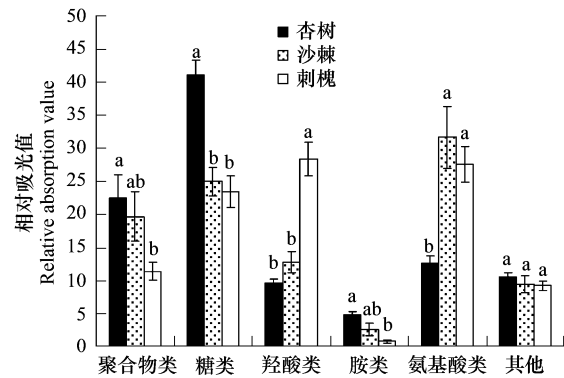


图3 3种不同人工林土壤微生物对不同碳源类型的利用
Fig. 3 Use efficiency of different carbon sources by soil microbes from three artificial woodlands

图中小写字母不同代表不同人工林对同一类型碳源的利用程度在 $P < 0.05$ 水平上差异显著 Different small letters in the figure meant significant difference at 0.05 level among different woodlands for the same carbon substrate utilization degree; 聚合物类 Polymers; 糖类 Carbohydrates; 羧酸类 carboxylic acids; 胺类 Amines; 氨基酸类 Amino acids; 其他 Others

表2 土壤微生物群落功能多样性的变化

Table 2 Dynamics of the functional diversity of soil microbial community

林型 Type of woodland	H'	E	D_s	S
杏树林 <i>Prunus armeniaca</i> woodland	2.54a ± 0.125	0.84a ± 0.023	0.11a ± 0.010	21.00a ± 3.512
沙棘林 <i>Hippophae reamnoides</i> woodland	2.31a ± 0.106	0.76a ± 0.076	0.20a ± 0.096	21.67a ± 5.044
刺槐林 <i>Robinia pseudoacacia</i> woodland	2.59a ± 0.070	0.79a ± 0.012	0.10a ± 0.010	26.67a ± 2.404

同一列中不同的小写字母代表不同的人工林间差异显著 ($P < 0.05$) Data in same column under different small letters meant significant difference at 0.05 level among different artificial woodlands

表3 微生物多样性指标与微生物量及土壤理化性质的相关关系

Table 3 Correlation among soil microbial diversity indexes, microbial biomass and soil physiochemical characters

Index	AWCD	MBC	MBN	SOM	TN	SM	BD	pH	EC
H'	0.472	0.046	0.624	-0.464	-0.544	0.635	-0.439	-0.073	0.386
AWCD	1.00	0.778*	0.817**	0.042	-0.713*	0.675*	-0.079	-0.632	0.871**

* : $P < 0.05$ 水平显著相关, * * : $P < 0.01$ 水平显著相关 * Meant significant correlation at 0.05 level, * * Meant significant correlation at 0.01 level

土壤微生物群落多样性反映了群落总体的动态变化,而研究土壤微生物对不同碳源利用能力的差异,可深入了解微生物群落的结构组成,以 BIOLOG 微孔板碳源利用为基础的定量分析为描述微生物群落功能多样性提供了一种更为简单和快速的方法^[28]。AWCD 值可以反映微生物的总体代谢活性,由 3 种人工林土壤微生物对不同碳源的总体利用程度的结果看出,刺槐林土壤的微生物的总体代谢活性显著高于沙棘林和杏树

林,相关分析表明微生物的代谢活性与微生物量、水分和电导率关系密切,再次说明在半干旱地区,水分作为主要的环境胁迫因子限制了微生物的活性,刺槐林下表层土的水分含量相对较高,这应该是其拥有较高的微生物活性的原因。与一些研究不同^[29,30],微生物对碳源的利用率与 pH 值关系不明显,并未随 pH 值的升高而增加,原因可能是大多的研究土壤呈酸性,酸性抑制了微生物种群对碳的利用,而在黄土高原地区,土壤多为碱性土壤。以往的研究表明,微生物群落结构和功能的差异与来源与不同优势树种的枯枝落叶的量和生物化学组成有关,同时与根系分泌物的关系也十分密切^[31,32]。通过对杏树、沙棘和刺槐 3 种人工林土壤微生物对不同碳源的相对利用程度的分析可以看到不同人工林对相同碳源的利用上存在明显的差异,杏树林、沙棘林和刺槐林的土壤微生物利用率最高的碳源分别为糖类、氨基酸类和羧酸类物质,这应该与不同树种对土壤输入的有机物质的组成和根系分泌物质的不同有关。

H' 、 E 、 D_s 和 S 指数都是比较常用的表征物种多样性的指数。 D_s 是测定群落组织水平最常用的指标之一,其值越大,表示群落受优势物种的影响比较大。 H' 是将丰富度和均匀度综合起来的一个量,能较全面的测度物种的多样性。 S 表示群落的物种丰富度,其值越大,群落中的物种越丰富。从研究结果来看,3 种人工林微生物多样性指数间未见显著性差异, H' 虽然与微生物生物量氮和土壤水分间相关性相对较高,但均未达到显著水平。由此看出,在人工林恢复初期,土壤条件相对一致的情况下,不同的树种下土壤微生物的量和优势种群虽然发生了很大的改变,但总体的群落多样性未产生显著性的差异。

4 结论

本研究通过采样分析,在黄土丘陵沟壑区对 3 种典型的人工林的土壤微生物多样性和微生物活性进行了研究,通过实验分析可以得到以下结论:

(1) 植被恢复初期,不同的人工林下土壤微生物的变化与土壤理化性质的改变相比更为敏感,微生物的总量不同树种间呈现显著性差异。

(2) 不同人工林下微生物群落的结构和功能在恢复过程中发生改变,对不同碳源的利用上存在显著差异性。树种的不同对微生物群落多样性的影响不明显,微生物总体代谢活性主要由微生物的量决定。

References:

- [1] Fu B J, Chen L D, Qiu Y, Wang J, Meng Q H. Land Use Structure and Ecological Process of the Hilly Area of the Loess Plateau, China. Beijing: Commercial Press, 2002. 1—12.
- [2] Zhang X C, Shao M A. Soil nitrogen loss by erosion as affected by vegetation cover and comprehensive managements in Zhifanggou catchment of hilly Loess Plateau. *Acta Geographica Sinica*, 2000, 55(5): 617—624.
- [3] Zheng F L. Effect of vegetation changes on soil erosion on the Loess Plateau. *Pedosphere*, 2006, 18(4): 420—427.
- [4] Nannipieri P, Ascher J, Ceccherini M T, Landi L, Pietramellara G, Renella G. Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54, 655—670.
- [5] Harris J A, Birch P. Soil microbial activity in opencast coal mine restoration. *Soil Use and Management*, 1989, 5: 155—160.
- [6] Steenwerth K L, Jackson L E, Calderon F J, Stromberg M R, Scow K M. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34: 1599—1611.
- [7] Bucher A E, Lanyon L E. Evaluating soil management with microbial community-level physiological profiles. *Applied Soil Ecology*, 2005, 29: 59—71.
- [8] Liu Z F, Fu B J, Liu G H, Zhu Y G. Soil quality: concept, indicators and its assessment. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(3): 901—913.
- [9] Liu Z F, Liu G H, Fu B J, Hu H F, Zheng X X, Wu Y Q. Dynamics of soil microbial biomass C, N along restoration chronosequences in pine plantations. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(3): 1011—1018.
- [10] Zhang B, Yang Y S, Zepp H. Effect of vegetation restoration on soil and water erosion and nutrient losses of a severely eroded clayey Plinthudult in southeastern China. *Catena*, 2004, 57: 77—90.
- [11] Zhong W H, Cai Z C. Effect of soil management practices and environmental factors on soil microbial diversity: a review. *Biodiversity Science*, 2004, 12(4): 456—465.
- [12] Paul E A, Clark F E. *Soil Microbiology and Biochemistry*. New York: Academic Press, 1989.
- [13] Atlas R M. Use of microbial diversity measurements to assess environmental stress. In: Klug M J, Reddy C A. ed. *Current Perspectives in Microbial Ecology*. Washington, D C: American Society for Microbiology. 1984. 540—545.
- [14] Schimel J. Ecosystem consequences of microbial diversity and community structure. In: Chapin F S, Komer C. eds. *Arctic and Alpine*

- Biodiversity: Patterns, Causes, and Ecosystem Consequences. Berlin: Springer Verlag, 1995. 239—254.
- [15] Hill G T, Mikowski N A, Aldrich-Wolfe L, Emele L R, Jurkonie D D, Ficke A, Maldonado-Ramirez S, Lynch S T, Nelson E B. Methods for assessing the composition and diversity of soil microbial communities. *Applied Soil Ecology*, 2000, 15: 25—36.
- [16] Zhang J N, Cai Y F, Cao A X, Zhu L X. Review on laboratory methods for soil microbial diversity. *Soils*, 2004, 36(4): 346—350.
- [17] Garland J L, Mills A L. 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.
- [18] Zak J C, Willig M R, Moorhead D L, Wildman H G. Functional diversity of microbial communities: quantitative approach. *Soil Biology and Biochemistry*, 1994, 26: 1101—1108.
- [19] Zheng H, Chen F L, Ouyang Z Y, Fang Z G, Wang X K, Miao H. Utilization of different carbon sources types in Biolog-GN microplates by soil microbial communities from four forest types. *Environmental Science*, 2007, 28(5): 1126—1130.
- [20] Teng Y, Huang C Y, Long J, Yao H Y. Functional diversity of microbial community in herbage rhizosphere of reclaimed red soils. *China Environmental Science*, 2003(3): 295—299.
- [21] Lu R K. Analytical methods of soil agrochemistry. Beijing: Chinese Agriculture Science and Technology Press, 1999.
- [22] Wu J, Joergensen RG, Pommerening B, Chaussod R, Brookes P C. Measurement of soil microbial biomass C by fumigation-extraction-an automated procedure. *Soil Biology and Biochemistry*, 1990, 22: 1167—1169.
- [23] Brookes P C, Landman A, Pruden G, Jenkinson D S. Chloroform fumigation and the release of soil organic nitrogen: a rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 1985, 17: 837—842.
- [24] Staddon W J, Duchesne L C, Trevors J T. Impact of clear cutting and prescribed burning on microbial diversity and community structure in Jack pine (*Pinus banksiana* Lamb.) clear-cut using Biolog™ Gram-Negative microplates. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 1998, 14: 119—123.
- [25] Schutter M, Dick R. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 36: 1596—1576.
- [26] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54: 801—808.
- [27] Waid J S. Does soil biodiversity depend upon metabiotic activity and influences? *Applied Soil Ecology*, 1999, 13: 151—158.
- [28] Zheng H, Ouyang Z Y, Fang Z G, Zhao T Q. Application of BIOLOG to study on soil microbial community functional diversity. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(3): 456—461.
- [29] Grayston S J, Campbell C D, Bardgett R D, Mawdsley J L, Clegg C D, Ritz K, Griffiths B S, Rodwell J S, Edwards S J, Davies W J, Elston D J, Millard P. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques. *Applied Soil Ecology*, 2003, 25: 63—84.
- [30] White C, Tardif J C, Adkins A, Staniforth R. Functional diversity of microbial communities in the mixed boreal plain forest of central Canada. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37: 1359—1372.
- [31] Johansson M B. The chemical composition of needle and leaf litter from Scots pine, Norway spruce and white birch in Scandinavian forests. *Forestry*, 1995, 68: 49—62.
- [32] Grayston S J, Campbell C D. Functional biodiversity of microbial communities in the rhizosphere of hybrid larch (*Larix eurolepis*) and Sitka spruce (*Picea sitchensis*). *Tree Physiology*, 1996, 16: 1031—1038.

参考文献:

- [1] 傅伯杰,陈利顶,邱扬,王军,孟庆华. 黄土丘陵沟壑区土地利用结构与生态过程. 北京:商务出版社,2002,1~12.
- [2] 张兴昌,邵明安. 黄土丘陵区小流域土壤氮素流失规律. *地理学报*,2000,55(5):617~624.
- [8] 刘占锋,傅伯杰,刘国华,朱永官. 土壤质量与土壤质量指标及其评价. *生态学报*,2006,26(3):901~913.
- [9] 刘占锋,刘国华,傅伯杰,胡会峰,郑晓翮,吴雅琼. 人工油松林(*Pinus tabulaeformis*)恢复过程中土壤微生物生物量C、N的变化特征. *生态学报*,2007,27(3):1011~1018.
- [11] 钟文辉,蔡祖聪. 土壤管理措施及环境因素对土壤微生物多样性影响研究进展. *生物多样性*,2004,12(4):456~465.
- [16] 章家恩,蔡燕飞,高爱霞,朱丽霞. 土壤微生物多样性实验研究方法概述. *土壤*,2004,36(4):346~350.
- [19] 郑华,陈法霖,欧阳志云,方治国,王效科,苗鸿. 不同森林土壤微生物对 Biolog-GN 板碳源的利用. *环境科学*,2007,28(5):1126~1130.
- [20] 滕应,黄昌勇,龙健,姚槐应. 复垦红壤中牧草根际微生物群落功能多样性. *中国环境科学*,2003(3):295~299.
- [21] 鲁如坤主编. 土壤农业化学分析方法. 北京:中国农业科技出版社,1999.
- [28] 郑华,欧阳志云,方治国,赵同谦. BIOLOG 在土壤微生物群落功能多样性研究中的应用. *土壤学报*,2004,41(3):456~461.