

# 车八岭山地常绿阔叶林冰灾后土壤 微生物群落功能多样性

区余端<sup>1,2</sup>, 苏志尧<sup>1,2,\*</sup>, 彭桂香<sup>3</sup>, 刘 刚<sup>1,2</sup>

(1. 华南农业大学林学院, 广州 510642; 2. 华南农业大学农业部生态农业重点开放实验室, 广州 510642;  
3. 华南农业大学资源环境学院, 广州 510642)

**摘要:** 研究了我国南方冰灾后常绿阔叶林林冠开度及土壤养分的空间异质性对土壤微生物功能多样性的影响。在受冰灾影响的粤北车八岭山地常绿阔叶林 2 hm<sup>2</sup> 固定样地中按照冠层受损程度选取 16 个 20 m × 20 m 的样方, 用半球面影像技术获取林冠开度, 并取 0 ~ 20 cm 的表层土壤混合样品分析土壤的理化性质, 同时应用 Biolog 技术分析微生物功能多样性。按林冠开度梯度对各样方土壤微生物群落利用单一碳源的分析发现, 林冠开度大的样方土壤微生物的活性、丰富度、多样性和均匀度都较低, 反之则较高。聚类分析的结果与林冠开度的梯度有高度的一致性。主成分分析表明各样方土壤微生物功能多样性具有显著差异 (第一轴  $p < 0.005$ ; 第二轴  $p < 0.001$ ), 其结果与聚类结果基本吻合。冗余分析揭示了土壤全磷、全钾、全氮、速效氮、有机碳、容重、总孔隙度和林冠开度的综合作用对土壤微生物功能多样性有显著影响 ( $p < 0.005$ ), 其中林冠开度与土壤微生物群落功能多样性的关系最密切。土壤微生物功能多样性受土壤养分的影响, 具体表现为: 与土壤有机碳呈明显的正相关; 与全氮正相关; 与速效氮、全磷负相关。研究说明冰灾所造成林冠开度和土壤养分的空间异质性会影响到土壤微生物功能多样性, 而土壤微生物功能多样性可用于对生境恢复的指示和评价。

**关键词:** 微生物功能多样性; Biolog; 平均孔颜色变化率; 冰灾; 山地常绿阔叶林

文章编号: 1000-0933(2009)11-6156-09 中图分类号: Q948.12 文献标识码: A

## Soil microbial functional diversity in a montane evergreen broadleaved forest of Chebaling Following the Huge Ice Storm in South China

OU Yu-Duan<sup>1,2</sup>, SU Zhi-Yao<sup>1,2,\*</sup>, PENG Gui-Xiang<sup>2</sup>, LIU Gang<sup>1,2</sup>

1 College of Forestry, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

2 Key Laboratory of Ecological Agriculture of Ministry of Agriculture of the People's Republic of China, Guangzhou 510642, China

3 College of Natural Resources and Environment, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China

*Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(11): 6156 ~ 6164.

**Abstract:** Effect of spatial heterogeneity in canopy openness and soil nutrients on soil microbial functional diversity was investigated following a huge ice storm in south China. Sixteen plots, each 400 m<sup>2</sup>, were selected for this study according to the damage degrees of the canopy within a 2 hm<sup>2</sup> permanent plot, which had been set up within the storm-hit montane evergreen broadleaved forest in Chebaling National Nature Reserve. Canopy openness was estimated with hemispherical photography, and a composite sample of surface soil (0 – 20 cm) was collected from each plot for the analyses of soil properties as well as microbial functional diversity using Biolog. In accordance with canopy openness groups, the activity, richness, diversity and evenness of soil microbial communities decreased with the canopy openness. Cluster analysis confirmed that the plot clusters had high consistency with the canopy openness groups, while Principal Component Analysis indicated that soil microbial functional diversity was significantly different among plots (Axis 1 and Axis 2:  $p < 0.005$ ). Redundancy analysis demonstrated that the combining effect of soil total phosphorus, total potassium, total nitrogen, available

基金项目: 广东省科技计划资助项目 (2008A020100013)

收稿日期: 2009-07-01; 修订日期: 2009-09-01

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zysu@scau.edu.cn

nitrogen, soil organic carbon, soil bulk density, total porosity and canopy openness had significant influence ( $p < 0.005$ ) on the utilization of sole carbon source by soil microbial community, with canopy openness as the major factor. Soil microbial functional diversity was positively correlated with soil organic carbon and total nitrogen and negatively with available nitrogen and total phosphorus. These findings suggested that changes in canopy structure and soil nutrients following the ice storm might affect soil microbial functional diversity, thus these functional traits of microbial communities can be used as indicators to monitor and evaluate habitat restoration.

**Key Words:** microbial functional diversity; Biolog; AWCD; ice storm; montane evergreen broadleaved forest

土壤微生物在土壤有机质分解和生态系统养分循环的过程中发挥着关键作用<sup>[1]</sup>。土壤微生物区系与土壤肥力、健康密切相关<sup>[2]</sup>,影响植被的发育与演替<sup>[3]</sup>。微生物功能类群不同,其转化的有机物质也不同,因此森林土壤微生物群落的功能多样性与土壤有机物质的数量和质量的关系尤为密切<sup>[4]</sup>,而在森林生态系统中这些过程主要受凋落物利用的有效性和生物化学组成的影响<sup>[5]</sup>。由于微生物对外界环境变化的反应要比植物和动物更敏感<sup>[6~8]</sup>,因此,光照、温度、水分、通气性、养分等因子的变化会直接或间接地影响微生物群落的结构和功能<sup>[9]</sup>。土壤微生物如何应对这些变化带来的影响是生态学领域最为关注和最具挑战性的问题之一<sup>[6~8]</sup>。土壤微生物群落的时空变化可以成为了解群落动态有力的工具<sup>[7]</sup>,表征这些变化特征的有关指标已用于对生境恢复进行评价<sup>[10]</sup>。以碳源利用为基础的 Biolog 能够简单快捷地反映微生物群落水平的生理代谢轮廓,目前已被广泛应用于揭示土壤微生物的功能多样性,尤其是对不同环境所引起的土壤微生物群落变化的研究和评价<sup>[7,11~13]</sup>。

2008 年 1 月初至 2 月,我国南方大部分地区遭遇了 80a 一遇的严重雨雪冰冻天气。车八岭国家级自然保护区森林生态系统受到这次灾害的重创,一方面,森林冠层被大面积损毁,形成大量分布不均的林窗<sup>[14,15]</sup>;另一方面,凋落物剧增所带来的大量非正常养分的输入,影响了养分循环的过程<sup>[16]</sup>。冰灾导致冠层损坏,引起冠层结构和林下光照条件的空间异质性增加,进而会改变土壤温度和水分的空间分布状况;同时凋落物增加也造成土壤状况的改变。在此背景下,土壤微生物群落的功能多样性会否及如何做出响应是本文要重点探讨的问题。此外,灾后森林生态系统的恢复更新过程中,地上部分植物群落的演替和地下部分土壤环境的变化同时影响着土壤微生物群落的代谢。然而,冰灾极少在温暖的南方发生,因而缺乏常绿阔叶林受干扰后生境空间异质性及其对土壤微生物的影响,以及森林恢复过程中土壤微生物的动态变化等方面研究;并且林冠开度对土壤微生物群落功能多样性影响的研究甚少。本文利用 Biolog 技术着重探讨林冠开度和土壤养分的空间异质性对山地常绿阔叶林冰灾后土壤微生物功能多样性影响,为利用土壤微生物功能多样性来评价亚热带山地常绿阔叶林自然干扰后的恢复状况提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究地概况

车八岭国家级自然保护区(114°09'04" ~ 114°16'46"E, 24°40'29" ~ 24°46'21"N)地处广东省东北部始兴县境内,其东面与江西省全南县相邻,南面与司前镇接壤,西面毗邻刘张家山林场,北面与都亨镇交界,全区面积 7545 hm<sup>2</sup>。地势西北高东南低,最高峰天平架海拔 1256 m,最低处樟栋水海拔 330 m,地质构造上属华南褶皱系。保护区的土壤形态和结构较为完整,山地红壤、山地暗红壤、山地黄红壤、山地黄壤、山地表潜黄壤和山地草甸土随海拔由低到高呈垂直分布,低地和谷地还有各类岩石风化物的坡积物和冲积物发育而成的水稻土<sup>[17]</sup>。本地区属于亚热带季风型气候区,年平均温度 19.5 °C,年平均降水量 1500 mm。区内的森林属于中亚热带常绿阔叶林,是南岭南缘保存较完整且原生性较强的中亚热带常绿阔叶林<sup>[17]</sup>。

### 1.2 取样方法

2008 年 7 月,在车八岭国家级自然保护区受冰灾破坏的山地常绿阔叶林 2 hm<sup>2</sup> 固定样地中,按照冠层受

损程度选 16 个 20 m × 20 m 的样方进行取样。利用半球面影像技术获取每个样方中心点的冠层影像,用冠层分析软件 Gap Light Analyzer 对半球面照片进行分析,获得一系列的林冠结构参数<sup>[18,19]</sup>,其中林冠开度(CO, canopy openness)用于本项研究的相关分析,并且发现所测定的林冠开度值与肉眼判断的冠层受损程度一致。在每个样方的中心点位置随机设 5 个样点,取表土层 0 ~ 20 cm 混合土样放进无菌封口塑料袋,保存在 4 °C 的冰箱中带回实验室测定。

### 1.3 实验测定方法

采用 Biolog EcoPlates™ 技术来检测和分析不同林冠开度下土壤微生物群落水平生理轮廓(CLPPs, community-level physiological profiles)。Biolog EcoPlates™ 技术是一种酶联免疫吸附剂测定方法(ELISA, enzyme-linked immunosorbent assay)<sup>[7]</sup>。每块 Biolog EcoPlate 微孔板上有 96 个孔,3 份重复,每份重复有 32 孔(包括 1 个对照孔和 31 个单一碳源孔),除对照孔仅有水和指示剂以外,其余 31 孔都装有单一碳源和四唑染料。微生物利用单一碳源的代谢过程中产生氧化还原反应,使四唑染料变成紫色,根据每孔颜色变化程度检测微生物的代谢能力。每个混合土样称取相当于 10 g 烘干质量的新鲜土,加入 90 mL 0.85% NaCl 无菌溶液三角瓶中,封口后在摇床上震荡(200 r/min)30 min,按 10 倍稀释法用 0.85% NaCl 无菌溶液将其稀释至原来的 1/1000,稀释液经离心去除残留的土壤后,上清液用于接种。接种悬浮液于 Biolog EcoPlate 微孔板中,每孔 150 μL,置于 25 °C 暗箱培养;连续培养 120 h,期间每隔 24 h 用 ELISA 反应微平板读数器在 590 nm 处读取吸光值(abs, absorbance)<sup>[11, 20]</sup>。

### 1.4 数据分析

16 个样方实测的林冠开度值为 10.52% ~ 33.23%,取近似中值 20% 为临界值划分为两级,1 表示林冠开度 < 20% 的样方(标记为 CO-I),2 表示林冠开度 ≥ 20% 的样方(CO-II)。

Biolog EcoPlate 微孔板的总体颜色变化可用平均孔颜色变化率(AWCD, average well color development)表示。平均孔颜色变化率是反映土壤微生物活性,即每个板上单一碳源利用能力的重要指标<sup>[11]</sup>。AWCD =  $\sum (C_i - R)/31$ ,其中  $C_i$  为各反应孔在 590 nm 下的吸光值, $R$  为对照孔的吸光值<sup>[11]</sup>, $C_i - R \leq 0$  的孔在计算中记为 0<sup>[21]</sup>。当 AWCD 达到 0.75 时能观测到大部分微孔中微生物群落的反应,而且大部分活跃的微生物群落已达到颜色变化的渐近线,本研究中最接近该值的培养时间为 72h,因此选择接近该值的培养时间的数据进行聚类分析、主成分分析和冗余分析<sup>[7, 22]</sup>。

微生物群落功能多样性的计算,包括以下的香农指数(Shannon index):丰富度(Richness)指数  $S$ 、Shannon-Wiener 多样性指数(Diversity)  $H'$  和均匀度(Evenness)指数  $E$ <sup>[23, 24]</sup>。

丰富度指被微生物群落利用的基质的数量。微孔的光密度值 ≥ 0.2,则认为是阳性值并计入微生物群落的丰富度  $S$ (即此类微孔的总和)<sup>[25]</sup>。

Shannon-Wiener 多样性指数( $H'$ ):  $H' = -\sum P_i \ln P_i$ ,式中  $P_i = (C_i - R) / \sum (C_i - R)$ ,表示反应孔与对照孔光密度值之差和整块板总差的比值。

均匀度指数  $E$ :  $E = H' / \ln S$ 。

根据土壤微生物群落对 31 种单一碳源利用的相似性进行样方分组,选用欧氏距离(Euclidean distance),用组平均法进行聚类分析。

用主成分分析(PCA)对不同样方中的土壤微生物利用 31 种单一碳源的模式进行排序,揭示样方间微生物环境的区别和更细致的空间梯度<sup>[11]</sup>。运算中交叉乘积矩阵使用协方差法,并进行 999 次随机化检验运算来确定样方间微生物功能多样性差异的显著性<sup>[26]</sup>。冗余分析(RDA)是对应于 PCA 的典范分析,它的排序成分受所提供的环境因子的制约,因此可用来分析土壤微生物群落利用碳源的模式与环境因子之间的关系。

## 2 结果与分析

### 2.1 平均孔颜色变化率和香农多样性指标

由图 1 可见,在 120h 以内,AWCD 与培养的时间呈正相关。并且 CO-I 的 AWCD 平均值比 CO-II 的大,说

明林冠开度小的样方较林冠开度大的土壤微生物群落活性强。从误差线的情况来看,CO-I 各时间点的 AWCD 值较 CO-II 的差异大,说明林冠开度大的样方相互间土壤微生物群落活性比较接近。

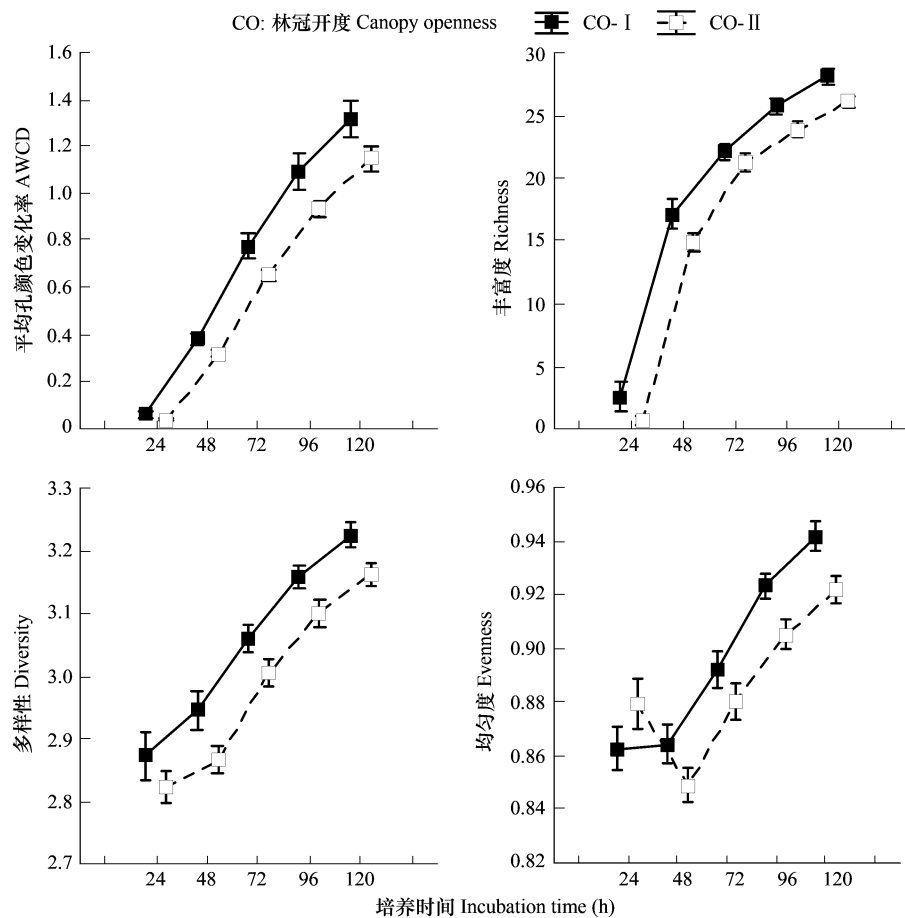


图1 不同林冠开度下土壤微生物群落的 AWCD 和香农多样性指标

Fig.1 Average well color development and Shannon indices of soil microbial communities under different canopy openness regimes

CO: Canopy openness 林冠开度

总体来说(图1),CO-I 的土壤微生物群落的丰富度、多样性和均匀度都比 CO-II 的要大,说明林冠开度小的样方比林冠开度大的样方土壤微生物群落功能多样性要大。在 120h 的培养时间里,微生物群落的丰富度和多样性随时间而增加。对微生物群落的均匀度而言,在 24h 以内,CO-II 的均匀度比 CO-I 的要大;但在 24~48h,CO-II 的均匀度有下降的趋势,而 CO-I 还是保持上升的趋势;在 48h 以后,CO-II 的均匀度逐渐上升,但其上升幅度较 CO-I 小。

## 2.2 聚类分析

在剩余信息 = 25% 的水平上,根据土壤微生物群落对碳源的利用模式,16 个样方可以被分成 3 组(图2):第一组为样方 1、6、8、16、12 和 13;第二组为样方 2、4、7、5、14、3、9 和 11;第三组为样方 10 和 15。由图 2 可见,样方分组的情况与林冠开度的一致性很高,说明林冠开度对土壤微生物群落碳源利用的影响很大;其中不一致的地方也正好说明了,土壤微生物群落利用碳源的模式还受其他因素的影响。

## 2.3 主成分分析(PCA)

对培养 72 h 的数据进行主成分分析(PCA)。前三轴的折棍特征值都小于其真实特征值,因此可用于解释变异<sup>[27]</sup>。第一轴(42.2%)、第二轴(20.6%)和第三轴(9.5%)共解释了 72.3% 的变异。第一轴和第二轴解释变异均很显著( $PC1: p < 0.005$ ;  $PC2: p < 0.005$ ),说明样方间微生物环境差异显著。大部分碳源都与第一主成分呈正相关(图3)。

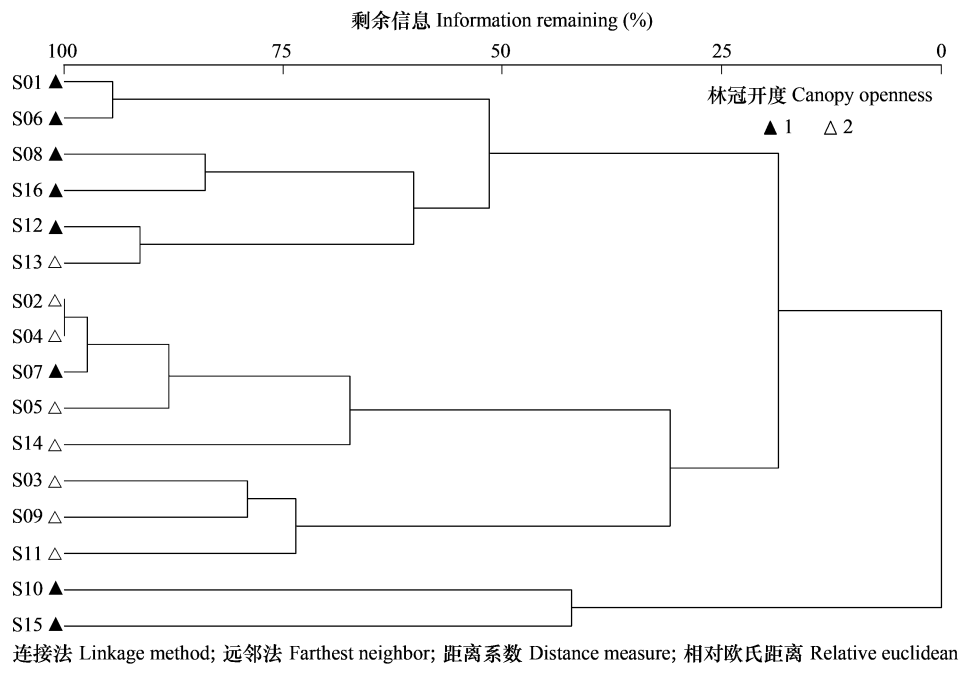


图2 土壤微生物群落碳源利用模式的聚类分析  
Fig. 2 Cluster analysis of carbon utilization profile by soil microbial communities

在 PCA 图中,31 个碳源应该用箭头表示,但为了清晰起见,图中只显示两个箭头。箭头越长表示碳源利用量越大。箭头所成的角度越小表示相关性越大,箭头成直角说明两者不相关,箭头方向相反说明两者负相关。箭头较长变量之间的关系所表征的信息更可靠,把图表中心附近的变量用于推论则不准确。从样方往箭头做垂线可以推测样方中的土壤微生物群落对碳源利用的值。

微生物群落对 31 种单一碳源的利用有 77.4% 是与第一轴呈正相关的,有 61.3% 是与第二轴呈正相关的(表 1)。就第一轴而言,微生物群落对 L-苯丙氨酸、D-甘露醇、4-羟基苯甲酸和 D-葡萄糖胺酸的利用非常接近,与第一轴的关系最大,并呈正相关(表 1)。因此,第一主成分对微生物利用这四种碳源的影响最大。就第二轴而言,微生物群落对 L-丝氨酸的利用与它的相关性最大,并呈正相关(表 1)。因此,第二主成分对微生物利用 L-丝氨酸的影响最大。

## 2.4 冗余分析(RDA)

主成分分析揭示了不同样方中的土壤微生物群落对碳源的利用模式是有区别的,冗余分析(RDA, redundancy analysis)则可进一步确定样地中环境因子对土壤微生物群落碳源利用模式的影响。结果表明,土壤全磷、全钾、全氮、速效氮、有机碳、容重、总孔隙度和林冠开度的综合作用对土壤微生物群落功能多样性的影响很显著( $p < 0.005$ )。根据箭头的长度,林冠开度对土壤微生物碳源利用的影响最大(图 4)。16 个样方沿林冠开度的分布与样方的林冠开度分组状况几乎完全相符,即根据林冠开度箭头的指向,样方 1、6、7、8、

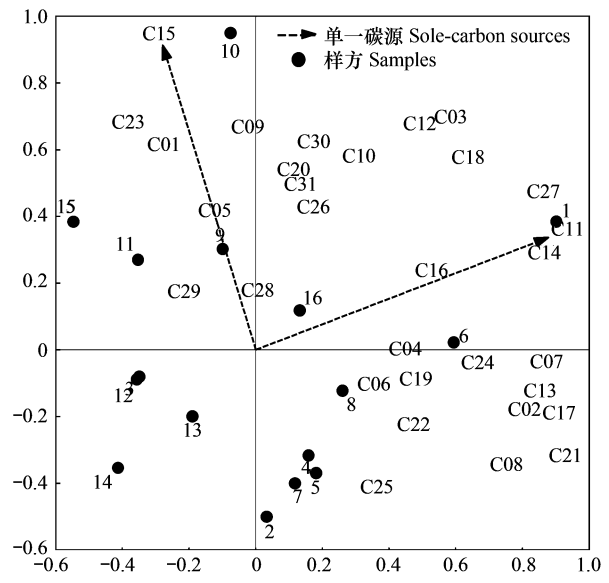


图3 土壤微生物群落碳源利用模式的主成分分析  
Fig. 3 Principal component analysis of carbon utilization profile by soil microbial communities

10、12、15 和 16 是属于林冠开度小的样方,除样方 6 以外都位于图 3 的上方,表示林冠开度小的方向;样方 2、3、4、5、9、11、13 和 14 是属于林冠开度大的样方,除样方 9 以外都位于图 3 的下方,表示林冠开度大的方向。除土壤全钾外,林冠开度箭头的指向与其他土壤因子的箭头都成锐角,说明它们之间呈正相关;土壤有机碳箭头的指向与大部分碳源的一致;土壤全氮与有机碳成锐角,因此两者呈正相关,与大多数碳源的箭头方向相同;土壤速效氮与有机碳成近直角,因此两者关系不大,但与全氮呈正相关,与大多数碳源的箭头方向相反;土壤全磷与有机碳成钝角,因此两者呈负相关,与大多数碳源的箭头方向相反。

表 1 31 个单一碳源在各轴中的特征向量

Table 1 Eigenvalue of the 31 sole-carbon sources in each axis

序号 Serial number	单一碳源 Sole carbon source	第一轴 Axis1	第二轴 Axis2	第三轴 Axis3
C01	β-甲基-D-葡萄糖苷 β-Methyl-D-Glucoside	-0.2203	0.4944	0.1942
C02	D-半乳糖酸 γ-内酯 D-Galactonic Acid-γ-Lactone	1.3093	-0.251	-0.7286
C03	L-精氨酸 L-Arginine	0.4363	0.4993	-0.1031
C04	丙酮酸甲酯 Pyruvic Acid Methyl Ester	0.391	-0.0135	0.2022
C05	D-木糖/戊醛糖 D-Xylose	-0.1118	0.3531	0.1967
C06	D-半乳糖醛酸 D-Galacturonic Acid	0.2703	-0.0616	-0.4091
C07	L-天门冬酰胺 L-Asparagine	1.1385	-0.0501	0.2041
C08	吐温 40 Tween 40	0.5028	-0.227	-0.0221
C09	i-赤藓糖醇 i-Erythritol	-0.0046	0.1344	0.0492
C10	2-羟基苯甲酸 2-Hydroxy Benzoic Acid	0.2634	0.4539	-0.0635
C11	L-苯丙氨酸 L-Phenylalanine	1.4134	0.5425	-0.0739
C12	吐温 80 Tween 80	0.3306	0.4262	-0.1352
C13	D-甘露醇 D-Mannitol	1.4574	-0.1747	0.659
C14	4-羟基苯甲酸 4-Hydroxy Benzoic Acid	1.4015	0.4607	-0.6165
C15	L-丝氨酸 L-Serine	-0.5656	1.8507	0.012
C16	α-环式糊精 α-Cyclodextrin	0.0927	0.039	0.0301
C17	N-乙酰-D 葡萄糖胺 N-Acetyl-D-Glucosamine	0.8184	-0.1465	-0.042
C18	γ-羟丁酸 γ-Hydroxybutyric Acid	0.6934	0.635	-0.0331
C19	L-苏氨酸 L-Threonine	0.4937	-0.0622	0.7305
C20	肝糖 Glycogen	0.0193	0.0818	0.0577
C21	D-葡萄糖胺酸 D-Glucosaminic Acid	1.4606	-0.4769	0.2811
C22	衣康酸 Itaconic Acid	0.4363	-0.1958	0.1094
C23	甘氨酸-L-谷氨酸 Glycyl-L-Glutamic Acid	-0.2989	0.5159	-0.2139
C24	D-纤维二糖 D-Cellobiose	0.2908	-0.0212	0.1505
C25	1-磷酸葡萄糖 Glucose-1-Phosphate	0.1862	-0.2016	0.0731
C26	α-丁酮酸 α-Ketobutyric Acid	0.059	0.141	-0.1496
C27	苯乙胺 Phenylethyl-Amine	0.9196	0.489	-0.1042
C28	α-D-乳糖 α-D-Lactose	-0.0018	0.0327	0.0388
C29	D,L-α-磷酸甘油 D,L-α-Glycerol Phosphate	-0.0715	0.0624	0.1889
C30	D-苹果酸 D-Malic Acid	0.2878	0.9527	0.8132
C31	腐胺 Putrescine	0.1017	0.38	-0.5128

对第一轴来说,土壤有机碳与它的相关性最大,并呈正相关(表 2)。对第二轴来说,林冠开度与它的相关性最大,呈负相关;总孔隙度、全钾和土壤容重与它的相关性次之,分别是呈负相关、正相关和负相关(表 2)。

### 3 讨论

#### 3.1 林冠开度与土壤微生物功能多样性

对各样方土壤微生物群落利用碳源模式的分析发现林冠开度对土壤微生物群落功能多样性有重要影响。

林冠开度大的样方土壤微生物群落的活性、丰富度、多样性和均匀度都低,反之亦然。按土壤微生物群落碳源利用模式对样方的聚类也发现,样方的聚类与林冠开度的分组有高度的一致性。PCA 分析结果发现各样方土壤微生物群落对碳源的利用是有显著差异的;并且 PCA 排序结果与聚类结果基本吻合。用 RDA 对有可能造成差异的因子作进一步的分析,发现与土壤理化性质如土壤全磷、全钾、全氮、速效氮、有机碳、容重和总孔隙度等因子比较,林冠开度与土壤微生物群落功能多样性的关系最密切。这是因为冠层结构不同林下光照水平也不同,林下光照水平会影响到土壤温度和水分状况,而这些环境因子的差异所导致的空间异质性则与土壤微生物群落有直接的关系。冰灾造成的冠层损坏导致了大量分布不均的林窗,由此引起的林下环境(光、温、水等)改变对土壤微生物群落的影响是不容忽视的。研究林冠开度对土壤微生物群落功能多样性的影响可以从侧面反映光照、温度和水分对土壤微生物群落的综合作用。通过拍摄冠层半球面影像和用冠层专用软件 Gap Light Analyzer( GLA ) 分析获得一系列冠层结构和林下光照指标,本研究只选用了直接反映冰灾对冠层损坏程度的林冠开度这一指标,其它指标与土壤微生物关系的密切程度有待进一步的研究。

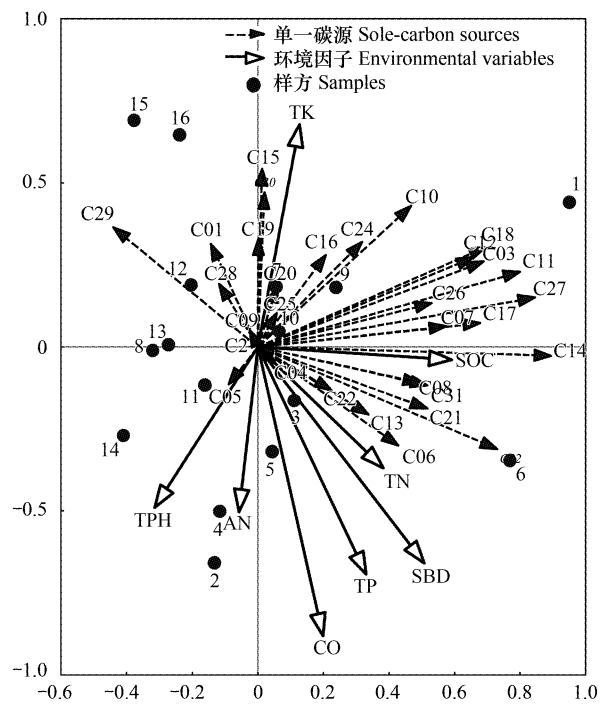


图4 31个单一碳源与环境因子的冗余分析

Fig. 4 Redundancy analysis of 31 sole-carbon sources and environmental variables

TPH, total phosphorus 全磷; TK, total potassium 全钾; TN, total nitrogen 全氮; AN, available nitrogen 速效氮; SOC, soil organic carbon 土壤有机碳; SBD, soil bulk density 土壤容重; TP, total porosity 总孔隙度; CO, canopy openness 林冠开度

表2 环境变量与排序轴之间的关系

Table 2 Correlation of environmental variables with axes

环境因子 Environmental variables	轴1 Axis1	轴2 Axis2	轴3 Axis3	轴4 Axis4
全磷 Total phosphorus	-0.3142	-0.4903	-0.4636	-0.3686
全钾 Total potassium	0.1274	0.6782	0.2836	0.2975
全氮 Total nitrogen	0.3822	-0.3692	0.2808	-0.0293
速效氮 Available nitrogen	-0.0569	-0.5025	0.2945	0.7648
有机碳 Soil organic carbon	0.5917	-0.0395	-0.0237	0.0673
土壤容重 Soil bulk density	0.5073	-0.6596	0.3448	-0.3596
总孔隙度 Total porosity	0.3303	-0.6932	0.4676	-0.2851
林冠开度 Canopy openness	0.1988	-0.8809	0.2496	0.0917

### 3.2 土壤养分与土壤微生物功能多样性

PCA 排序结果发现大部分碳源都与第一主成分呈正相关,说明第一主成分与土壤微生物功能多样性呈正相关。从 RDA 排序图可见土壤有机碳箭头的指向与绝大部分碳源的一致,说明土壤有机碳含量与土壤微生物群落功能多样性呈正相关。因此可推断 PCA 的第一主成分与土壤有机碳含量有密切关系。另外,L-苯丙氨酸、D-甘露醇、4-羟基苯甲酸、D-葡萄糖胺酸和 L-丝氨酸在土壤微生物群落的代谢多样性中起主要作用,其中 L-苯丙氨酸和 L-丝氨酸这两种氨基酸的作用最大。氨基酸是土壤有机氮的重要组成部分,其含量受到养分供应的显著影响<sup>[28, 29]</sup>。有机氮占土壤全氮 95% 以上,无机氮一般不超过 5%。说明土壤全氮与土壤微生

物功能多样性关系密切,并呈正相关。RDA 的分析结果还发现土壤微生物对大部分碳源的利用与土壤速效氮和全磷呈负相关。土壤全磷、全钾、全氮、速效氮、有机碳、容重和总孔隙度对土壤微生物群落的功能多样性有显著影响,而冰灾造成的凋落物剧增对这些土壤理化因子的影响是必然的。本文的采样是在冰灾后 4 个月进行的,凋落物对土壤状况的影响还处于初期。随着凋落物的分解、养分的输入,土壤理化性质会有明显的变化,而这种变化又是漫长的,因此土壤质量变化对土壤微生物群落功能多样性的动态影响需要长期监测。在森林生态系统遭受自然干扰后生境恢复初期,本文开展环境因子对土壤微生物群落功能多样性影响的研究,可以为以后的研究奠定了科学理论基础。

#### References:

- [ 1 ] 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(11): 1599—1611.
- [ 2 ] Powelson D S, Prookes P C, Christensen B T. Measurement of soil microbial biomass provides an early indication of changes in total soil organic matter due to straw incorporation. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, 19(2): 159—164.
- [ 3 ] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. *Plant and Soil*, 1995, 170: 75—86.
- [ 4 ] Saetre P, Baath E. Spatial variation and patterns of soil microbial community structure in a mixed spruce-birch stand. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 32(7): 909—917.
- [ 5 ] 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.
- [ 6 ] Panikov N S. Understanding and prediction of soil microbial community dynamics under global change. *Applied Soil Ecology*, 1999, 11(2-3): 161—176.
- [ 7 ] Garland J L. Analysis and interpretation of community-level physiological profiles in microbial ecology. *Microbiology Ecology*, 1997, 24: 289—300.
- [ 8 ] Zhang N L, Guo J X, Wang X Y, Ma K P. Soil microbial feedbacks to climate warming and atmospheric N deposition. *Journal of Plant Ecology*, 2007, 31(2): 252—261.
- [ 9 ] Bossio D A, Scow K M. Impact of carbon and flooding on the metabolic diversity of microbial communities in soils. *Applied Environmental Microbiology*, 1995, 61: 4043—4050.
- [ 10 ] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54: 801—808.
- [ 11 ] 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 and Environmental Microbiology*, 1991, 57: 2351—2359.
- [ 12 ] Zheng H, Ouyang Z Y, Wang X K, Fang Z G, Zhao T Q, Miao H. 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(2-3): 244—254.
- [ 13 ] Zheng H, Ouyang Z Y, Fang Z G, Zhao T Q. Application of biollog to study on soil microbial community functional diversity. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(3): 456—461.
- [ 14 ] Li Y D. Nanling Mountain Nature Reserve following the low temperature and sleet disaster, the sensitive area which needs to be rescued. *Scientia Silvae Sinica*, 2008, 44(6): 2—4.
- [ 15 ] Stone R. Ecologists report huge storm losses in China's forests. *Science*, 2008, 319: 1318—1319.
- [ 16 ] Wilcke W, Hess T, Bengel C, Homeier J, Valarezo C, Zech W. Coarse woody debris in a montane forest in Ecuador: mass, C and nutrient stock, and turnover. *Forest Ecology and Management*, 2005, 205: 139—147.
- [ 17 ] Xu Y Q. A comprehensive report of surveys in Chebaling National Nature Reserve. In: Xu Y Q ed. A Collection of Research Papers on the Investigation of Chebaling National Nature Reserve. Guangzhou: Guangdong Science and Technology Press, 1993. 1—8.
- [ 18 ] Silbernagel J, Moeur M. Modeling canopy openness and understory gap patterns based on image analysis and mapped tree data. *Forest Ecology and Management*, 2001, 149: 217—233.
- [ 19 ] Beaudet M, Messier C. Variation in canopy openness and light transmission following selection cutting in northern hardwood stands: an assessment based on hemispherical photographs. *Agricultural and Forest Meteorology*, 2002, 110: 217—228.
- [ 20 ] Du X G, Tang M, Chen H, Zhang H H, Zhang Y A. Mycorrhizae and diversity of microbial community in rhizosphere soils of robinia pseudoacaciaat different ages on the loess plateau. *Scientia Silvae Sinicae*, 2008, 44(4): 78—82.



- [21] Garland J L. Analytical approaches to the characterization of samples of microbial communities using patterns of potential C source utilization. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28: 213 – 221.
- [22] Stefanowicz A. The Biolog Plates Technique as a Tool in Ecological Studies of Microbial Communities. *Polish Journal of Environmental Studies*, 2006, 15(5): 669 – 676.
- [23] Zak J C, Willig M R., Moorhead D L, Wildman H G. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach. *Soil Biology and Biochemistry*, 1994, 26: 1101 – 1108.
- [24] Li Z P, Wu X C, Chen B Y. Changes in transformation of soil organic C and functional diversity of soil microbial community under different land uses. *Agricultural Sciences in China*, 2007, 6(10): 1235 – 1245.
- [25] Alice W. Ratcliff, Matt D. Busse, Carol J. Shestak. Changes in microbial community structure following herbicide (glyphosate) additions to forest soils. *Applied Soil Ecology*, 2006, 34: 114 – 124.
- [26] Leps J and Smilauer P. Multivariate analysis of ecological data using CANOCO. Cambridge University Press, New York, USA, 2003. 25 – 73.
- [27] McCune B, Mefford M J. PC-ORD. Multivariate Analysis of Ecological Data. Version 5.12. MjM Software, Gleneden Beach, Oregon, U. S. A, 2006. 179 – 183.
- [28] Li S Q, Li S X, Yang Z L. Constituent and amount of amino acid in different ecological system soils. *Acta Ecologica Sinica*, 2002, 22(3): 379 – 386.
- [29] Ju X T, Liu X J, Zhang F S, Christie P. Effect of long-term fertilization on organic nitrogen forms in a calcareous alluvial soil on the North China Plain. *Pedosphere*, 2006, 16(2): 224 – 229.

#### 参考文献:

- [8] 张乃莉, 郭继勋, 王晓宇, 马克平. 土壤微生物对气候变暖和大气 N 沉降的响应. *植物生态学报*, 2007, 31(2): 252 ~ 261.
- [13] 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.
- [14] 李意德. 低温雨雪冰冻灾害后的南岭山脉自然保护区——亟待拯救的生态敏感区域. *林业科学*, 2008, 44(6): 2 ~ 4.
- [17] 徐燕千. 车八岭国家级自然保护区调查研究综合报告. 见: 徐燕千主编. 车八岭国家级自然保护区调查研究论文集. 广州: 广东科技出版社, 1993. 1 ~ 8.
- [20] 杜小刚, 唐明, 陈辉, 张海涵, 张永安. 黄土高原不同树龄刺槐丛枝菌根与根际微生物的群落多样性. *林业科学*, 2008, 44(4): 78 ~ 82.
- [28] 李世清, 李生秀, 杨正亮. 不同生态系统土壤氨基酸氮的组成及含量. *生态学报*, 2002, 22(3): 379 ~ 386.