

ISSN 1000-0933

CN 11-2031/Q

生态学报

Acta Ecologica Sinica



第32卷 第6期 Vol.32 No.6 2012

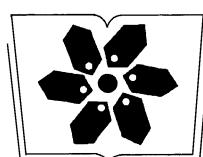
中国生态学学会

中国科学院生态环境研究中心

科学出版社

主办

出版



中国科学院科学出版基金资助出版

生态学报 (SHENTAI XUEBAO)

第32卷 第6期 2012年3月 (半月刊)

目 次

高原草被退化程度的遥感定量监测——以甘肃省玛曲县为例.....	周坚华,魏怀东,陈芳,等(1663)
基于着生藻类的太子河流域水生态系统健康评价.....	殷旭旺,渠晓东,李庆南,等(1677)
哀牢山常绿阔叶林水源涵养功能及其在应对西南干旱中的作用.....	杞金华,章永江,张一平,等(1692)
青岛沿岸水体原生生物群落与水质状况的关系.....	杨金鹏,姜勇,胡晓钟(1703)
增温对青藏高原高寒草甸生态系统固碳通量影响的模拟研究.....	亓伟伟,牛海山,汪诗平,等(1713)
三峡水库消落带植物叶片光合与营养性状特征.....	揭胜麟,樊大勇,谢宗强,等(1723)
三峡库区澎溪河鱼类时空分布特征的水声学研究.....	任玉芹,陈大庆,刘绍平,等(1734)
强壮前沟藻化感物质分析.....	冀晓青,韩笑天,杨佰娟,等(1745)
饥饿对中间球海胆MYP基因转录表达的影响.....	秦艳杰,孙博林,李霞,等(1755)
贺兰山牦牛冬春季的生境选择.....	赵宠南,苏云,刘振生,等(1762)
利用元胞自动机研究一类捕食食饵模型中的斑块扩散现象.....	杨立,李维德(1773)
转Cry1Ab和Cry1Ac融合基因型抗虫水稻对田间二化螟和大螟种群发生动态的影响.....	李志毅,隋贺,徐艳博,等(1783)
光谱和光强度对西花蓟马雌虫趋光行为的影响.....	范凡,任红敏,吕利华,等(1790)
荧光素对舞毒蛾核型多角体病毒不同地理品系的增效与光保护作用.....	王树娟,段立清,李海平,等(1796)
不同利用强度下绿洲农田土壤微量元素有效含量特征.....	李海峰,曾凡江,桂东伟,等(1803)
稻田温室气体排放与土壤微生物菌群的多元回归分析.....	秦晓波,李玉娥,石生伟,等(1811)
黄土高原典型区域土壤腐殖酸组分剖面分布特征.....	党亚爱,李世清,王国栋(1820)
紫色土菜地生态系统土壤N ₂ O排放及其主要影响因素.....	于亚军,王小国,朱波(1830)
中国亚热带典型天然次生林土壤微生物碳源代谢功能影响因素.....	王芸,欧阳志云,郑华,等(1839)
基于K-均值算法模型的区域土壤数值化分类及预测制图.....	刘鹏飞,宋轩,刘晓冰,等(1846)
淹水条件下秸秆还田的面源污染物释放特征.....	杨志敏,陈玉成,张贊,等(1854)
推迟拔节水对小麦氮素积累与分配和硝态氮运移的影响.....	王红光,于振文,张永丽,等(1861)
江苏省冬小麦湿渍害的风险区划.....	吴洪颜,高苹,徐为根,等(1871)
草原植物根系起始吸水层深度测定方法及其在不同群落状态下的表现.....	郭宇然,王炜,梁存柱,等(1880)
亚热带6种树种细根序级结构和形态特征.....	熊德成,黄锦学,杨智杰,等(1888)
高寒草原植物群落种间关系的数量分析.....	房飞,胡玉昆,张伟,等(1898)
菊花近缘种属植物幼苗耐阴特性分析及其评价指标的确定.....	孙艳,高海顺,管志勇,等(1908)
南方菟丝子寄生对喜旱莲子草生长及群落多样性的影响.....	王如魁,管铭,李永慧,等(1917)
基于cDNA克隆的亚热带阔叶林和针叶林生态系统担子菌漆酶基因多样性及其群落结构研究.....	陈香碧,苏以荣,何寻阳,等(1924)
细柄阿丁枫和米槠细根寿命影响因素.....	黄锦学,凌华,杨智杰,等(1932)
基于TM遥感影像的森林资源线性规划与优化配置研究.....	董斌,陈立平,王萍,等(1943)
基于CFD的城市绿地空间格局热环境效应分析.....	刘艳红,郭晋平,魏清顺(1951)
专论与综述	
生态补偿效率研究综述.....	赵雪雁(1960)
研究简报	
黄河三角洲石油生产对东营湿地底栖动物群落结构和水质生物评价的影响.....	陈凯,肖能文,王备新,等(1970)

期刊基本参数:CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 316 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 34 * 2012-03



封面图说:植物生命演进石——这不是一块普通的火山岩,而是一块集中展示植物“原生演替”过程最有价值的石头。火山熔岩冷却后的玄武岩是无生命无土壤的真正“裸石”,风力使地衣的孢子传入,在一定温湿度环境下,开始出现了壳状地衣,壳状地衣尸体混合了自然风化的岩石碎屑提供的条件使叶状、枝状地衣能够侵入,接着苔藓侵入,是它们启动了土壤的形成,保持了土壤的湿度,并使营养物质反复循环。于是蕨类定居,草丛长了起来,小灌木出现,直到树木生长,最终形成森林。

彩图提供:陈建伟教授 北京林业大学 E-mail: cites.chenjw@163.com

DOI: 10.5846/stxb201102230204

王芸,欧阳志云,郑华,王效科,陈法霖,曾静,陈圣宾. 中国亚热带典型天然次生林土壤微生物碳源代谢功能影响因素. 生态学报, 2012, 32(6): 1839-1845.

Wang Y, Ouyang Z Y, Zheng H, Wang X K, Chen F L, Zeng J, Chen S B. Relationships between carbon source utilization of soil microbial communities and environmental factors in natural secondary forest in subtropical area, China. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(6): 1839-1845.

中国亚热带典型天然次生林土壤微生物碳源代谢功能影响因素

王芸, 欧阳志云*, 郑华, 王效科, 陈法霖, 曾静, 陈圣宾

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

摘要:天然次生林地比人工林地不仅土壤肥力较高,且土壤碳代谢功能更强。然而维持天然次生林高碳代谢功能的原因尚不十分清楚。分析天然次生林中土壤微生物碳源代谢功能的影响因素对于调控土壤微生物的功能乃至天然次生林的保护具有重要意义。选择中国亚热带地区典型天然次生林,研究了土壤微生物碳源代谢功能与土壤化学和物理因素及植物因素的关系。结果表明,3类因素能显著解释土壤微生物碳源代谢功能 54.4% 的变异。乔木层植物多样性、土壤碳氮比、pH 值和含水量是导致天然次生林碳代谢功能差异的主要因素,分别显著解释了土壤微生物碳源代谢 16.7%、12.4%、10.5% 和 10.5% 的变异。天然次生林较低的土壤碳氮比、较高的土壤含水量和土壤 pH 值(酸性范围内),有利于土壤微生物碳源代谢功能的提高,同时天然次生林较高的阔叶树种的比例也能增加土壤微生物碳源代谢功能。

关键词:天然次生林; 土壤微生物; 碳源代谢功能; 兀余分析; 方差分解

Relationships between carbon source utilization of soil microbial communities and environmental factors in natural secondary forest in subtropical area, China

WANG Yun, OUYANG Zhiyun*, ZHENG Hua, WANG Xiaoke, CHEN Falin, ZENG Jing, CHEN Shengbin

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

Abstract: Compared with artificial plantation, natural secondary forest has higher function of nutrient cycling, especially carbon source metabolism function. However the reasons for higher nutrient cycling function in natural secondary forest are still not clear. To understand the nutrient cycling function of natural secondary forest, we analyzed the relationship between carbon source metabolism properties of soil microbial communities and the environmental factors in subtropical area, China. From 40 sample plots 40 soil samples at 0—10 cm depth were sampled. The carbon source metabolism capacity of soil microbial communities was analyzed using Biolog method. The soil properties and plant composition of the plots were also surveyed.

Variance partitioning showed that three groups of factors significantly explained 54.4% variation of carbon source utilization by soil microbial communities. Among them, soil chemical characteristics and vegetation factors explained 13.0% ($P = 0.001$) and 13.4% ($P = 0.001$) variation, respectively. There existed interaction among three groups of factors. The interaction between soil chemical and physical characteristics explained 13.8% variation, the interaction between vegetation and soil physical characteristics explained 12.9% variation and the interaction of soil chemical factors

基金项目:国家自然科学基金资助项目(40871130); 国家重大基础研究资助项目(2009CB421105); 城市与区域生态国家重点实验室专项基金资助项目

收稿日期:2011-02-23; 修订日期:2011-04-21

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: zyouyang@rcees.ac.cn

and vegetation factors explained 1.5% variation of carbon source utilization.

Redundancy analysis (RDA) was used to analyze relationship between carbon source utilization ability and vegetation factors, soil physical characteristics and chemical characteristics respectively. Monte Carlo permutation test ($n=999$) was used to preselect factors that significantly influenced carbon source utilization of soil microorganisms. RDA showed that among the 7 vegetation factors, tree layer species richness, root biomass and tree biomass significantly influenced carbon source utilization ability of soil microbial communities, which explained 16.7% ($P = 0.001$), 6.3% ($P = 0.017$) and 4.6% ($P = 0.046$) variation of carbon source utilization, respectively. The soil physical characteristics, including soil moisture content, sand content and soil bulk density, also significantly influenced carbon source utilization of soil microbial communities, which explained 10.5% ($P = 0.003$), 8.8% ($P = 0.01$) and 7.2% variation ($P = 0.005$) of carbon source utilization. As for the 6 soil chemical characteristics, only soil pH, C:N ratio and available nitrogen content significantly explained the variation of carbon source utilization by soil microbial communities, which explained 10.5% ($P = 0.006$), 12.4% ($P = 0.002$) and 5.2% ($P = 0.047$) variation of carbon source utilization.

According to the explained variation of carbon source utilization by soil microbial communities, the lower C:N ratio in soil, higher soil moisture content and soil pH (within the scope of acid soil) were the main factors improving soil carbon source metabolism capacity in natural secondary forest. The higher broad-leaved species ratio also benefit soil carbon source metabolism capacity in natural secondary forest.

Key Words: natural secondary forest; soil microorganism; carbon source utilization; redundancy analysis; variance partitioning

天然次生林具有涵养水源、保持水土、生物多样性保护等重要的生态系统服务功能,是社会经济发展的重要保障^[1]。自然恢复的天然次生林比人工林具有更高的土壤肥力^[2-3],碳代谢功能较强^[4]。然而维持天然次生林土壤肥力水平尤其是高碳代谢功能的原因尚不十分清楚。土壤微生物在土壤肥力形成和营养物质循环中起重要作用^[5]。分析天然次生林中土壤微生物碳源代谢功能的影响因素对于调控土壤微生物的功能乃至天然次生林的保护具有重要意义。

已有研究表明,土壤微生物微生物的碳源代谢能力受以下因素的影响,如土壤性质^[6]、植物构成^[7]、凋落物组成^[8]等。然而大多研究多是集中在单一地点进行的。区域尺度上的研究较少。中国温带干草原土壤微生物的功能多样性主要受到植物生物量,土壤含水量,土壤 N:P 比的影响,即资源可利用性的影响土壤微生物的碳源代谢功能^[9]。而在水热资源相对丰富的中国亚热带地区,综合定量研究土壤理化性质、植物因素对土壤微生物碳源代谢影响的研究较少。

本文以中国亚热带地区天然次生林为研究对象,分析了土壤微生物碳源代谢功能的影响因素及其影响程度,以期为土壤微生物功能的调控乃至中国亚热带天然次生林的保护提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与取样

本研究在中国湖南省衡阳县、江西省安福县和广西省桂林市的雁山区、阳朔县和临桂县开展,样地地处 24.890—27.318°N, 110.150—114.549°E 之间,海拔 90—295 m。取样点气候属于亚热带季风湿润气候,年均温 17.9—18.9°C, 年降雨量 1452—1950 mm。样地的天然次生林自恢复以来人为干扰较少,恢复期均为 20 a 左右。乔木优势树种为壳斗科(Fagaceae),山茶科(Theaceae) 和樟科(Lauraceae) 树种。

分别于 2008 年 10 月 28—30 日在湖南省衡阳县,2009 年 8 月 2 日在江西省安福县和 2009 年 9 月 9 日在广西省雁山区、阳朔县和临桂县进行调查与取样。每个取样点各选取 5 个样地,每个样地取 2—3 个样方。样方面积 10 m × 10 m,共计 40 个样方。每个样方中取 5 个土钻的土并混合为一个土样。土钻的直径为 3.5 cm,取样深度为 0—10 cm^[10],距离优势树种的主干为 50 cm^[11]。土样放在冰盒中,3 d 内运回实验室处理。

在取土样的同时,用土钻紧挨土样取样孔进行根系取样。即每个样方中取5个土钻的根系,并混合为一个根系,共计40个根系样品。

调查 $10\text{ m} \times 10\text{ m}$ 样方上所有乔木的种名、株高及胸径。在每个乔木样方中设2个灌木样方($5\text{ m} \times 5\text{ m}$)和3个草本样方($1\text{ m} \times 1\text{ m}$),分别记录灌木和草本的种名和株数。在每个乔木样方中,收集5个面积为 $0.25\text{ m} \times 0.25\text{ m}$ 土地上的所有凋落物。

1.2 实验方法

将取回的土壤样品剔除大的根系后,一部分土样过 2 mm 孔径的筛, $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存,供土壤微生物性质的测定,另一部分土样风干后进行土壤理化性质分析。

于采样后4 d内用BiologTM EcoPlate(以下简称Biolog生态板,Biolog Inc., Hayward, CA, USA)测定土壤微生物碳源代谢功能^[12]。取 10 g 鲜土,加 95 mL 无菌的0.85%的NaCl溶液在摇床上振荡30 min,然后将土壤悬浮液样稀释至 10^{-3} ,取 $150\text{ }\mu\text{L}$ 10^{-3} 土壤溶液接种至Biolog生态板中,然后置于 $25\text{ }^{\circ}\text{C}$ 恒温培养箱培养240 h,每12 h于Biolog微生物快速鉴定仪(Biolog Inc., CA, USA)上读数1次,测定波长为 590 nm 。每个土样接种到一个Biolog生态板,即每个土样接种3次。

土壤理化性状参考常规方法分析^[13]:含水量采用烘干法,容重采用环刀法,pH值采用pH值计测定,有机碳含量采用重铬酸钾外加热法,速效氮含量采用碱解扩散法,速效磷和速效钾含量采用 $0.05\text{ mol/L HCl-0.025 mol/L (1/2 H}_2\text{SO}_4)$ 提取,等离子体光谱仪ICP检测。土壤全碳和全氮含量用元素分析仪(Vario EL III, Germany)测定,土壤颗粒组成用激光粒度仪Mastersizer 2000(Malvern Instruments, Malvern, England)测定。根系洗净后用EPSON扫描仪(EPSON Expression 836×L scanning system)扫描,WinRhizo软件(V5.0, Regent Instruments, Quebec, Canada)分析,计算细根(直径小于 2 mm)表面积, $80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 烘干至恒重后,称重,求得根系生物量。土壤理化性质和植物因子的主要特征如表1。

表1 主要土壤和植物因子均值和变异

Table 1 Mean and variation of main soil and vegetation factors

	土壤化学性状			土壤物理性状			植物因子		
	pH	C:N	AN /(mg/g)	SM /%	BD /(g/cm ³)	Sand /%	TR	RB /(kg/m ³)	TW /(kg/m ²)
平均 Mean	4.83	13.5	0.20	23.8	0.93	26.4	5.5	1.44	12.0
CV/%	22.6	18.6	44.8	33.0	17.6	48.0	204	152	69.0

AN,土壤速效氮 Available nitrogen;SM,土壤含水量 Soil moisture content;BD,容重 Bulk density,Sand,砂粒含量 Sand content;TR,乔木物种数 Number of tree species;RB,根系生物量 Root biomass;TW,乔木生物量 Tree biomass;Mean,均值;CV,变异系数 Coefficient of variation(均值/标准差×100)

1.3 数据处理

孔的平均颜色变化率(Average well color development, AWCD)计算方法如下^[14]:

$$\text{AWCD} = \sum (C - R)/n \quad (1)$$

式中,C为每个有培养基孔的吸光度值,R为对照孔的吸光度值,n为Biolog生态板上碳源的数目,即31。若 $C-R$ 为负值即设置为0^[15]。

本研究用培养96 h(离AWCD最大值一半最近的读数时间,logistic方程拟合AWCD得到^[16])的吸光度来表征Biolog生态板中的微生物代谢强度。

采用曲线整合方法估计碳源代谢强度,并用梯形面积(S)代表代谢强度^[17]:

$$S = \sum (v_i + v_{i-1}) / 2 \times (t_i - t_{i-1}) \quad (2)$$

式中, v_i 为*i*时刻的AWCD值,求和也是针对96 h以内的曲线进行的。

乔木生物量的估算参考^[18-23]进行。

1.4 数据统计与分析

用冗余分析(RDA)分析土壤微生物碳源利用图谱与影响因素之间的关系。植物因素包括乔木物种数、灌木物种数、草本物种数、乔木生物量、根系生物量、细根表面积和凋落物现存量。土壤物理性状包括土壤含水量、容重、砂粒含量和粘粒含量。土壤化学因素包括pH值、有机碳含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量和碳氮比。除pH值之外,其余因子都进行 $\log(x+1, 10)$ 转换,以减少量纲差异引起的数据变异。用偏冗余分析对土壤微生物碳源利用图谱进行方差分解。蒙特卡罗置换检验(Monte Carlo permutation test, 999次)用于筛选显著影响土壤微生物碳源代谢图谱的因子。RDA和偏冗余分析都通过CANOCO 4.5实现。土壤微生物碳源代谢功能与环境因子之间的相关分析通过SPSS 16.0软件实现。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物碳源代谢功能与植物因素之间的关系

以Biolog生态板接种土壤溶液96 h后的吸光度为自变量,以植物因素为因变量,进行冗余分析(表2)。结果表明,3个植物因子显著影响土壤微生物碳源代谢能力,解释了土壤微生物碳源代谢功能27.6%($P<0.005$)的变异。乔木物种数解释土壤微生物碳源代谢功能变异的能力最大,解释了16.7%($P=0.001$)的变异;其次为根系生物量,解释了6.3%($P=0.017$)的变异;再其次为乔木生物量,解释了4.6%($P=0.046$)的变异。

这3个植物因子与土壤微生物的碳源平均吸光度和碳源代谢强度进行相关分析表明,乔木物种数与平均代谢强度之间的相关系数-0.614($P<0.001$)。乔木生物量与平均代谢强度之间的相关系数为0.511($P=0.001$)。根系生物量与每个碳源的吸光度进行相关分析表明,根系生物量与L-精氨酸、吐温80吸光度的相关系数为0.505和0.32($P<0.05$),与D-葡萄胺酸、 α -丁酮酸呈显著负相关关系($r=-0.392, -0.390, P<0.05$)。

表2 土壤微生物碳源代谢功能与植物因素之间的关系

Table 2 Relationship between carbon source utilization pattern and plant factors

因子 Factor	变异解释量 Variance explained /%	显著水平 Significance level
乔木物种数 Tree richness	16.7	0.001
根系生物量 Root biomass	6.3	0.017
乔木生物量 Tree biomass	4.6	0.046

2.2 土壤微生物碳源代谢功能与土壤化学性状之间的关系

以Biolog生态板接种土壤溶液96 h后的吸光度为自变量,土壤化学性状为因变量进行冗余分析(表3)。结果表明,土壤pH值显著解释了土壤微生物碳源代谢的10.5%($P=0.006$)的变异,土壤碳氮比解释了12.4%($P=0.002$)的变异,土壤速效氮含量解释了5.2%($P=0.047$)的变异。这3个土壤化学因子显著影响了土壤微生物碳源代谢能力,能解释28.1%的土壤微生物碳源代谢功能变异。

3个土壤化学因子与土壤微生物的碳源平均吸光度和碳源代谢强度之间的相关分析表明,土壤pH值与代谢强度之间的相关系数为0.390($P=0.013$),土壤碳氮比与AWCD之间的相关系数为-0.350($P=0.025$),土壤速效氮含量与AWCD之间的相关系数为0.365($P=0.021$)。

表3 土壤微生物碳源代谢功能与土壤化学性状之间的关系

Table 3 Relationship between carbon source utilization pattern and soil chemical characteristics

因子 Factor	变异解释量 Variance explained /%	显著水平 Significance level
pH	10.5	0.006
碳氮比 C:N	12.4	0.002
速效氮含量 available nitrogen content	5.2	0.047

2.3 土壤微生物碳源代谢功能与土壤物理性状之间的关系

以Biolog生态板接种土壤溶液96 h后的吸光度为自变量,以土壤物理性状为因变量,进行冗余分析

(表4)。土壤物理性状能解释土壤微生物碳源功能26.5%的变异。蒙特卡罗检验表明,有3个土壤物理因子显著影响土壤微生物碳源代谢功能:土壤含水量解释了土壤微生物碳源代谢的10.5%($P=0.001$)的变异,土壤砂粒含量解释8.8%($P=0.010$)的变异,土壤容重解释7.2%($P=0.005$)的变异。

这3个土壤物理因子与土壤微生物的碳源平均吸光度和碳源代谢能力之间的相关分析表明,土壤含水量与AWCD之间相关系数为0.354($P=0.025$)。土壤砂粒含量与代谢强度之间相关系数为-0.366($P=0.020$)。

表4 土壤微生物碳源代谢功能与土壤物理性状之间的关系

Table 4 Relationship between carbon source utilization pattern and soil physical characteristics

因子 Factor	变异解释量 Variance explained /%	显著水平 Significance level
土壤含水量 Soil moisture content	10.5	0.003
土壤砂粒含量 Sand content	8.8	0.010
土壤容重 Soil bulk density	7.2	0.005

2.4 土壤微生物碳源代谢功能的影响因素方差分解

把土壤微生物碳源代谢功能的影响因素进行方差分解,本研究中所涉及到的因素能显著解释土壤微生物碳源代谢54.4%的变异(图1)。其中土壤化学性状能解释土壤微生物碳源代谢变异的13.0%($P=0.001$),植物因素解释13.4%($P=0.001$)的变异,土壤物理性状解释0%($P>0.05$)的变异。因素之间存在交互效应,土壤化学性状和植物因素交互效应解释1.5%的土壤微生物碳源代谢变异;土壤化学性状和土壤物理性状的交互效应解释13.8%的变异;植物因素和土壤物理性状交互效应解释12.9%的变异。3类因素的交互效应解释-0.2%的变异。另外有45.6%的变异不能被所测指标解释。

3 讨论

土壤微生物特性能较好的反映恢复程度^[24],群落水平的生理图谱能较灵敏的反映土壤微生物代谢活性^[25]。本研究以人为干扰较小的天然次生林为研究对象,在区域大尺度范围中取样,结果更具有统计意义,能反映自然恢复的生态系统土壤微生物碳源代谢的影响因素,对土壤微生物碳源代谢的认识较以前的研究^[6,9]有所提高。

植物因素是影响土壤微生物代谢的重要因素。尽管乔木物种数显著解释了土壤微生物碳源代谢16.7%的变异,但乔木物种数与碳源代谢强度之间呈显著负相关关系。以往认为,植物多样性与碳源代谢关系较小^[9],或与微生物多样性正相关^[26],这可能与天然次生林乔木树种凋落物性质的不同,被土壤微生物利用的难易程度也不同引起的^[26]。本研究中,乔木物种较多的天然次生林大多伴生有马尾松,由于马尾松的松针含有较高的碳氮比和几丁质/氮比值^[8],导致针叶阔叶混合的凋落物分解速率慢于阔叶树种^[27],从而降低了土壤微生物可以获得的碳源数量,进而降低了土壤微生物碳源代谢能力。乔木生物量显著解释了土壤微生物碳源代谢4.6%的变异,并与代谢强度之间显著正相关。草原上的研究表明地下生物量和地上生物量而非植物物种数是影响土壤微生物碳源代谢的主要因素^[9]。这可能与地下和地上生物量是土壤微生物营养源质和量的直接影响因素^[26],而乔木物种多样性是间接影响因素有关。

土壤pH值显著解释了土壤微生物碳源代谢10.5%的变异,并且随着土壤酸度的减小,土壤代谢强度显著增加,这一方面与土壤微生物的物种多样性升高^[28]有关,另一方面低的土壤pH值会对土壤微生物细胞产

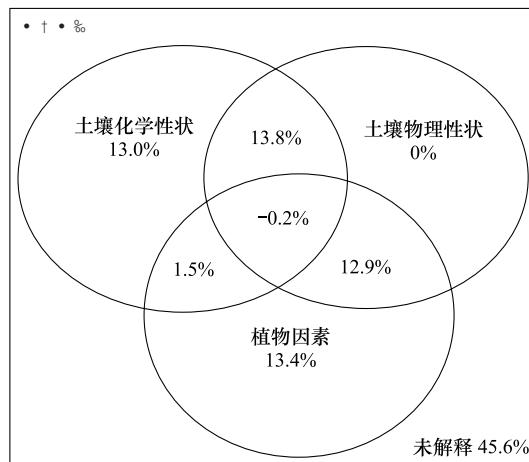


图1 土壤微生物碳源代谢图谱方差分解示意图

Fig. 1 Schematic diagram of variation partitioning of soil microbial community carbon source utilization pattern

生生存压力^[28-29],进而影响土壤微生物的生理状态^[30]。此外,元素的可获得性也是pH值影响土壤微生物的碳源代谢结构的途径。

天然次生林的优势树种如白栎、青冈、木荷等的初始凋落物碳氮比均在27:1—69:1以上,并且很多物种超过40:1^[8,31-32],微生物要分解这些凋落物必需从土壤中吸取氮素来满足自身的碳氮构成(土壤微生物完成体内构成需要约24:1的碳氮比),因而土壤氮素对微生物的代谢功能至关重要。这也是本研究中土壤碳氮比解释量较大,并且与土壤微生物的代谢能力正相关的原因。同时,这也很合理的解释了土壤速效氮较高的解释能力。添加樟树凋落物会降低土壤的净矿化速率^[33],也进一步证明了土壤氮素对土壤微生物活性影响的重要性。

土壤水分对于土壤微生物代谢的重要性已在很多研究中得到证实^[9,34]。本研究中土壤含水量解释了土壤微生物碳源代谢的10.5%($P=0.001$)的变异(表4),土壤含水量与AWCD显著正相关。这表明随着土壤含水量的增加,土壤微生物可以利用的养分增加^[9],生理状态优化^[34],进而代谢能力强。

尽管本文所涉及到的指标能较好的解释土壤微生物碳源代谢功能变异,还有45.6%的土壤微生物碳源变异未被解释(图1)。土壤微生物群落结构^[35]、植物构成^[26]等因素都可能引起土壤微生物碳源代谢的变异。关于土壤微生物群落结构如何影响其碳源代谢能力需仅以结合分子生物学的手段来研究。而植物构成需进一步结合凋落物组成、根系分泌物变化来阐明其定量影响。

本研究中,乔木层植物物种数解释了土壤微生物碳源代谢16.7%的变异,土壤碳氮比和土壤速效氮含量解释了12.4%和5.2%的土壤微生物碳源代谢变异,土壤含水量解释10.5%,土壤pH值解释了10.5%的变异。因而对中国亚热带天然次生林而言,较低的土壤碳氮比,较高的土壤含水量和较高的土壤pH值(酸性范围内),有利于土壤微生物碳源代谢功能的提高。同时较高的阔叶树种的比例也利于提高土壤微生物碳源代谢能力。

致谢:感谢湖南省林业科学研究院李锡泉研究员、中国科学院广西植物研究所刘演研究员和衡阳县林业局蒋大力在植物群落调查中给予的帮助。感谢黄志刚、陈红兴、王顺亮、马祝才、蒋日红、曾祥铭、吾望辉、刘胜福、农新东、黄愈松、蒋德龙、陈菲、李佳在植物群落调查和取样中给予的帮助。

References:

- [1] Liu J G, Li S X, Ouyang Z Y, Tam C, Chen X D. Ecological and socioeconomic effects of China's policies for ecosystem services. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(28): 9477-9482.
- [2] Zhang K, Dang H S, Tan S D, Wang Z X, Zhang Q F. Vegetation community and soil characteristics of abandoned agricultural land and pine plantation in the Qinling Mountains, China. *Forest Ecology and Management*, 2010, 259(10): 2036-2047.
- [3] Zheng H, Ouyang Z Y, Wang X K, Miao H, Zhao T Q, Peng T B. How different reforestation approaches affect red soil properties in southern China. *Land Degradation and Development*, 2005, 16(4): 387-396.
- [4] Wang Y, Ouyang Z Y, Zheng H, Wang X K, Chen F L, Zeng J. Carbon metabolism of soil microbial communities of restored forests in Southern China. *Journal of Soils and Sediments*, 2011, 11: 789-799.
- [5] Harris J. Soil microbial communities and restoration ecology: facilitators or followers? *Science*, 2009, 325(5940): 573-574.
- [6] Li S P, Cai Z C, Yang H. Effect of red soil properties under different vegetation types on bacterial carbon source utilization. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2008, 14(6): 793-797.
- [7] 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.
- [8] Chen F L, Zheng H, Ouyang Z Y, Zhang K, Tu N M. Responses of microbial community structure to the leaf litter composition. *Acta Pedologica Sinica*, 2011, 48(3): 603-611.
- [9] Liu Z F, Fu B J, Zheng X X, Liu G H. Plant biomass, soil water content and soil N: P ratio regulating soil microbial functional diversity in a temperate steppe: a regional scale study. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(3): 445-450.
- [10] Meyer C K, Baer S G, Whiles M R. Ecosystem recovery across a chronosequence of restored wetlands in the Platte River valley. *Ecosystems*, 2008, 11(2): 193-208.
- [11] Saetret P, Bååth 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.
- [12] Winding A. Fingerprinting bacterial soil communities using Biolog microtitre plates//Ritz K, Dighton J, Giller K E, eds. *Beyond the Biomass*. New York: John Wiley and Sons Ltd, 1994: 85-94.
- [13] Bao S D. *Soil and Agricultural Chemical Analysis*. Beijing: China Agricultural Press, 2000.

- [14] 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(8): 2351-2359.
- [15] Kaufmann K, Christoffersen M, Buttler A, Harms H, Höhener P. Microbial community response to petroleum hydrocarbon contamination in the unsaturated zone at the experimental field site Værløse, Denmark. *FEMS Microbiology Ecology*, 2004, 48(3): 387-399.
- [16] Lindstrom J E, Barry R P, Braddock J F. Microbial community analysis: a kinetic approach to constructing potential C source utilization patterns. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 30(2): 231-239.
- [17] Guckert J B, Carr G J, Johnson T D, Hamm B G, Davidson D H, Kumagai Y. Community analysis by Biolog: curve integration for statistical analysis of activated sludge microbial habitats. *Journal of Microbiological Methods*, 1996, 27(2/3): 183-197.
- [18] Zheng H, Ouyang Z Y, Xu W H, Wang X K, Miao H, Li X Q, Tian Y X. Variation of carbon storage by different reforestation types in the hilly red soil region of southern China. *Forest Ecology and Management*, 2008, 255(3/4): 1113-1121.
- [19] Chen Z H, Zhang H D, Wang B S, Zhang Z Q. Study on distribution of in ever-green broad-leaved forest in Heishiding in Guangdong Province. *Acta Phytocologica et Geobotanica Sinica*, 1993, 17(4): 289-298.
- [20] Ouyang S L, Dai C D, Hou Y N, Xu Y X, Luo J. Establishment of main constructive species biomass model for protection forest system around Dongting Lake. *Hunan Forestry Science and Technology*, 2010, 37(5): 22-24.
- [21] Wang X Y, Hu D, He J S. Biomass research of *Fagus Engleriana* and *Quercus aliena* var. *acuteserrata* forest in Shennongjia Forest District. *Journal of Capital Normal University: Natural Science Edition*, 2007, 28(2): 62-67.
- [22] Yang T H, Song K, Da L J, Li X P, Wu J P. The biomass and aboveground net primary productivity of *Schima superba-Castanopsis carlesii* forests in east China. *Science China: Life Sciences*, 2010, 40(7): 610-619.
- [23] Yao Y J. Biomass Accumulation and Nutrient Distribution in *Cinnamomum Camphora* Plantation. Changsha: Southern Forest College, 2003.
- [24] Harris J A. Measurements of the soil microbial community for estimating the success of restoration. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54(4): 801-808.
- [25] Campbell C D, Grayston S J, Hirst D J. Use of rhizosphere carbon sources in sole carbon source tests to discriminate soil microbial communities. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, 30(1): 33-41.
- [26] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, Setälä H, Van Der Putten W H, Wall D H. Ecological linkages between aboveground and belowground biota. *Science*, 2004, 304(5677): 1629-1633.
- [27] Chen F L, Jiang B, Zhang K, Zheng H, Xiao Y, Ouyang Z Y, Tu N M. Relationships between initial chemical composition of forest leaf litters and their decomposition rates in degraded red soil hilly region of Southern China. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2011, 22(3): 565-570.
- [28] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(3): 626-631.
- [29] Madigan M T, Martinko J M, Parker J. *Brock Biology of Microorganisms*. Englewood Cliffs NJ: Prentice Hall Upper Saddle River, 1997.
- [30] Saleh-Lakha S, Miller M, Campbell R G, Schneider K, Elahimanesh P, Hart M M, Trevors J T. Microbial gene expression in soil: methods, applications and challenges. *Journal of Microbiological Methods*, 2005, 63(1): 1-19.
- [31] Liu Q, Peng S L, Bi H, Zhang H Y, Li Z A, Ma W H, Li N Y. Nutrient dynamics of foliar litter in reciprocal decomposition in tropical and subtropical forests. *Journal of Beijing Forestry University*, 2005, 27(1): 24-32.
- [32] Zheng Z F. Decomposition and nutrient dynamics of *Schima superba* leaf litter. *Journal of Zhejiang Forestry College*, 2009, 26(1): 22-26.
- [33] Deng H P, Wang G J, Geng G. Response of nitrogen mineralization to litter addition and exclusion in soils of *Cinnamomum camphora* plantation. *Journal of Beijing Forestry University*, 2010, 32(3): 47-51.
- [34] Griffiths R I, Whiteley A S, O'Donnell A G, Bailey M J. Physiological and community responses of established grassland bacterial populations to water stress. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(12): 6961-6968.
- [35] Ge Y, He J Z, Zhu Y G, Zhang J B, Xu Z H, Zhang L M, Zheng Y M. Differences in soil bacterial diversity: driven by contemporary disturbances or historical contingencies? *The ISME Journal*, 2008, 2(3): 254-264.

参考文献:

- [6] 李世朋, 蔡祖聰, 杨浩. 不同植被下红壤性质对细菌碳源利用的影响. *应用与环境生物学报*, 2008, 14(6): 793-797.
- [8] 陈法霖, 郑华, 欧阳志云, 张凯, 屠乃美. 土壤微生物群落结构对凋落物组成变化的响应. *土壤学报*, 2011, 48(3): 603-611.
- [13] 鲍士丹. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [19] 陈章和, 张宏达, 王伯荪, 张志权. 广东黑石顶常绿阔叶林生物量及其分配的研究. *植物生态学与地植物学学报*, 1993, 17(4): 289-298.
- [20] 欧阳硕龙, 戴成栋, 侯燕南, 徐永新, 罗佳. 环洞庭湖防护林主要建群种生物量模型构建. *湖南林业科技*, 2010, 37(5): 22-24.
- [21] 王向雨, 胡东, 贺金生. 神农架地区米心水青冈林和锐齿槲栎林生物量的研究. *首都师范大学学报: 自然科学版*, 2007, 28(2): 62-67.
- [22] 杨同辉, 宋坤, 达良俊, 李修鹏, 吴健平. 中国东部木荷-米槠林的生物量和地上净初级生产力. *中国科学: 生命科学*, 2010, 40(7): 610-619.
- [23] 姚迎九. 樟树人工林生物量和养分积累与分布. 长沙: 中南林学院, 2003.
- [27] 陈法霖, 江波, 张凯, 郑华, 肖懿, 欧阳志云, 屠乃美. 退化红壤丘陵区森林凋落物初始化学组成与分解速率的关系. *应用生态学报*, 2011, 22(3): 565-570.
- [31] 刘强, 彭少麟, 毕华, 张洪溢, 李志安, 马文辉, 李妮亚. 热带亚热带森林凋落物交互分解的养分动态. *北京林业大学学报*, 2005, 27(1): 24-32.
- [32] 郑兆飞. 木荷叶凋落物的分解及养分动态分析. *浙江林学院学报*, 2009, 27(1): 22-26.
- [33] 邓华平, 王光军, 耿康. 樟树人工林土壤氮矿化对改变凋落物输入的响应. *北京林业大学学报*, 2010, 32(3): 47-51.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 32, No. 6 March, 2012 (Semimonthly)
CONTENTS

- Quantitatively monitoring undergoing degradation of plateau grassland by remote sensing data: a case study in Maqu County, Gansu Province, China ZHOU Jianhua, WEI Huaidong, CHEN Fang, et al (1663)
Using periphyton assemblages to assess stream conditions of Taizi River Basin, China YIN Xuwang, QU Xiaodong, LI Qingnan, et al (1677)
Water-holding capacity of an evergreen broadleaf forest in Ailao Mountain and its functions in mitigating the effects of Southwest China drought QI Jinhua, ZHANG Yongjiang, ZHANG Yiping, et al (1692)
The relationship between protistan community and water quality along the coast of Qingdao YANG Jinpeng, JIANG Yong, HU Xiaozhong (1703)
Simulation of effects of warming on carbon budget in alpine meadow ecosystem on the Tibetan Plateau QI Weiwei, NIU Haishan, WANG Shiping, et al (1713)
Features of leaf photosynthesis and leaf nutrient traits in reservoir riparian region of Three Gorges Reservoir, China JIE Shenglin, FAN Dayong, XIE Zongqiang, et al (1723)
Spatio-temporal distribution of fish in the Pengxi River arm of the Three Gorges reservoir REN Yuqin, CHEN Daqing, LIU Shaoping, et al (1734)
Analysis on allelochemicals in the cell-free filtrates of *Amphidinium carterae* JI Xiaoqing, HAN Xiaotian, YANG Baijuan, et al (1745)
Effect of starvation on expression patterns of the MYP gene in *Strongylocentrotus intermedius* QIN Yanjie, SUN Bolin, LI Xia, et al (1755)
Habitat selection of feral yak in winter and spring in the Helan Mountains, China ZHAO Chongnan, SU Yun, LIU Zhensheng, et al (1762)
Using cellular automata to study patchy spread in a predator-prey system YANG Li, LI Weide (1773)
Effects of insect-resistant transgenic Bt rice with a fused *Cry1Ab+Cry1Ac* gene on population dynamics of the stem borers, *Chilo suppressalis* and *Sesamia inferens*, occurring in paddyfield LI Zhiyi, SUI He, XU Yanbo, et al (1783)
Effect of spectral sensitivity and intensity response on the phototaxis of *Frankliniella Occidentalis* (Pergande) FAN Fan, REN Hongmin, LU Lihua, et al (1790)
The synergistic action and UV protection of optical brightener on three different geographic isolates of Asian Gypsy Moth Nucleopolyhedrovirus (LdMNPV) WANG Shujuan, DUAN Liqing, LI Haiping, et al (1796)
The availability of trace elements in an oasis soil under different utilization intensity in an arid area in China LI Haifeng, ZENG Fanjiang, GUI Dongwei, et al (1803)
Multivariate regression analysis of greenhouse gas emissions associated with activities and populations of soil microbes in a double-rice paddy soil QIN Xiaobo, LI Yu'e, SHI Shengwei, et al (1811)
Distribution characteristics of humus fraction in soil profile for the typical regions in the Loess Plateau DANG Ya'ai, LI Shiqing, WANG Guodong (1820)
N₂O emissions from vegetable farmland with purple soil and the main factors influencing these emissions YU Yajun, WANG Xiaoguo, ZHU Bo (1830)
Relationships between carbon source utilization of soil microbial communities and environmental factors in natural secondary forest in subtropical area, China WANG Yun, OUYANG Zhiyun, ZHENG Hua, et al (1839)
Numerical soil classification using fuzzy K-means algorithm and predictive soil mapping at regional scale LIU Pengfei, SONG Xuan, LIU Xiaobing, et al (1846)
Releasing characteristics of nonpoint source pollutants from straws under submerging condition YANG Zhimin, CHEN Yucheng, ZHANG Yun, et al (1854)
Effects of delayed irrigation at jointing stage on nitrogen accumulation and its allocation, and NO₃-N migration in wheat WANG Hongguang, YU Zhenwen, ZHANG Yongli, et al (1861)
Risk division on winter wheat suffering from spring wet damages in Jiangsu Province WU Hongyan, GAO Ping, XU Weigen, et al (1871)
Determination of the initial depth of water uptake by roots of steppe plants in restored and overgrazed communities, Inner Mongolia, China GUO Yuran, WANG Wei, LIANG Cunzhu, et al (1880)
Fine root architecture and morphology among different branch orders of six subtropical tree species XIONG Decheng, HUANG Jinxue, YANG Zhijie, et al (1888)
Numerical analysis of inter-specific relationships in Alpine steppe community in Bayanbulak FANG Fei, HU Yukun, ZHANG Wei, et al (1898)
Analysis of shade-tolerance and determination of evaluation indicators of shade-tolerance in seedlings of *Chrysanthemum grandiflorum* and its closely related genera SUN Yan, GAO Haishun, GUAN Zhiyong, et al (1908)
Effect of the parasitic *Cuscuta australis* on the community diversity and the growth of *Alternanthera philoxeroides* WANG Rukui, GUAN Ming, LI Yonghui, et al (1917)
Diversity and community structure of basidiomycete laccase gene from subtropical broad-leaved and coniferous forest ecosystems based on cDNA cloning CHEN Xiangbi, SU Yirong, HE Xunyang, et al (1924)
Fine root longevity and controlling factors in subtropical *Altingia grililipes* and *Castanopsis carlesii* forests HUANG Jinxue, LING Hua, YANG Zhijie, et al (1932)
Linear programming and optimal distribution of the forest resources based on TM remote sensing images DONG Bin, CHEN Liping, WANG Ping, et al (1943)
Urban green space landscape patterns and thermal environment investigations based on computational fluid dynamics LIU Yanhong, GUO Jinping, WEI Qingshun (1951)
Review and Monograph
Review of the ecological compensation efficiency ZHAO Xueyan (1960)
Scientific Note
The effects of petroleum exploitation on water quality bio-assessment and benthic macro-invertebrate communities in the Yellow River Delta wetland, Dongying CHEN Kai, XIAO Nengwen, WANG Beixin, et al (1970)

《生态学报》2012 年征订启事

《生态学报》是中国生态学学会主办的自然科学高级学术期刊,创刊于 1981 年。主要报道生态学研究原始创新性科研成果,特别欢迎能反映现代生态学发展方向的优秀综述性文章;研究简报;生态学新理论、新方法、新技术介绍;新书评介和学术、科研动态及开放实验室介绍等。

《生态学报》为半月刊,大 16 开本,280 页,国内定价 70 元/册,全年定价 1680 元。

国内邮发代号:82-7 国外邮发代号:M670 标准刊号:ISSN 1000-0933 CN 11-2031/Q

全国各地邮局均可订阅,也可直接与编辑部联系购买。欢迎广大科技工作者、科研单位、高等院校、图书馆等订阅。

通讯地址:100085 北京海淀区双清路 18 号 电 话:(010)62941099; 62843362

E-mail: shengtaixuebao@rcees.ac.cn 网 址: www.ecologica.cn

编辑部主任 孔红梅

执行编辑 刘天星 段 靖

生态学报

(SHENTAI XUEBAO)

(半月刊 1981 年 3 月创刊)

第 32 卷 第 6 期 (2012 年 3 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA

(Semimonthly, Started in 1981)

Vol. 32 No. 6 2012

编 辑 《生态学报》编辑部
地址:北京海淀区双清路 18 号
邮政编码:100085
电话:(010)62941099
www.ecologica.cn
shengtaixuebao@rcees.ac.cn

主 编 冯宗炜
主 管 中国科学技术协会
主 办 中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
地址:北京海淀区双清路 18 号
邮政编码:100085

出 版 科 学 出 版 社
地址:北京东黄城根北街 16 号
邮政编码:1000717

印 刷 北京北林印刷厂
行 销 科 学 出 版 社
地址:东黄城根北街 16 号
邮政编码:100717
电话:(010)64034563
E-mail:journal@cspg.net

订 购 全国各地邮局
国外发行 中国国际图书贸易总公司
地址:北京 399 信箱
邮政编码:100044

广告经营 京海工商广字第 8013 号
许 可 证

Edited by Editorial board of
ACTA ECOLOGICA SINICA
Add: 18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
Tel: (010) 62941099
www.ecologica.cn
Shengtaixuebao@rcees.ac.cn

Editor-in-chief FENG Zong-Wei
Supervised by China Association for Science and Technology
Sponsored by Ecological Society of China
Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS
Add: 18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China

Published by Science Press
Add: 16 Donghuangchenggen North Street,
Beijing 100717, China

Printed by Beijing Bei Lin Printing House,
Beijing 100083, China

Distributed by Science Press
Add: 16 Donghuangchenggen North
Street, Beijing 100717, China
Tel: (010) 64034563
E-mail: journal@cspg.net

Domestic All Local Post Offices in China
Foreign China International Book Trading
Corporation
Add: P. O. Box 399 Beijing 100044, China

ISSN 1000-0933
9 771000093125

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 70.00 元