

DOI: 10.11766/trxb201302260088

江西退化红壤人工重建森林土壤微生物碳源 代谢功能研究*

江玉梅¹ 谢晶¹ 曹广泮¹ 陈成龙³ 徐志红³ 刘苑秋^{2†}

(1 江西师范大学生命科学院, 江西省亚热带植物资源保护与利用重点实验室, 南昌 330022)

(2 江西农业大学林学院, 南昌 330045)

(3 Environmental Futures Centre and School of Biomolecular and Physical Sciences, Griffith University, Brisbane, Queensland 4111, Australia)

摘要 应用 MicroResp 方法研究 4 种重建森林土壤微生物对不同碳源的代谢特征, 自然恢复地为对照处理。结果表明, 不同培养时间(6 h 和继续培养 18 h)和不同土壤深度(0~10 和 10~20 cm), 土壤微生物对单一碳源的利用能力差异显著。4 种重建森林土壤微生物对碳源利用能力有显著差异, 表现为: 自然恢复地 > 阔叶混交林 > 阔叶纯林 > 针阔混交林 > 针叶纯林。多样性指数和均匀度指数表明 4 种重建森林土壤微生物群落多样性的变化趋势为: 自然恢复地 > 阔叶混交林 > 阔叶纯林 > 针阔混交林 > 针叶纯林, 除自然恢复地外, 土壤微生物的多样性和均匀度在 4 种不同重建森林类型之间差异不显著。主成分分析结果表明, 所选 15 种碳源能够阐述 4 种不同重建森林土壤微生物功能多样性的差异, 森林土壤微生物的敏感碳源主要为糖类。

关键词 MicroResp; 土壤微生物多样性; 碳源; 重建森林类型

中图分类号 Q143; S154.36 **文献标识码** A

由于自然和人为因素红壤地区已成为中国水土流失范围最广、程度较高的地区, 严重程度仅次于黄土高原^[1]。因此退化红壤生态系统的森林植被恢复与重建引起广泛关注。许多学者对红壤退化成因、机理、过程以及植被恢复与重建技术, 植被恢复中的土壤结构与养分恢复、土壤微生物与酶、植被群落演替、生物多样性等有较多研究^[1-4]。

土壤微生物具有丰富的结构和功能多样性, 在生态系统中具有决定性影响, 是生态系统中最活跃的生态因子之一, 能够敏感指示土壤质量的改善状况^[5]。微生物功能的多样性可以通过微生物对碳源的代谢能力来反映。目前土壤微生物的碳源代谢特征研究主要集中在土壤性质^[6]、环境因子(水分、肥料、臭氧)^[7-9]、不同天然林^[10]或次生林^[11]等方面, 从土壤微生物的碳源利用角度研究退化生态系统植被重建生态过程的报道还很少。

MicroResp 作为研究土壤微生物群落功能多样

性的一种简单、快速方法, 是在结合 Biolog 和底物诱导呼吸两种方法优点的基础上发展起来的^[12]。MicroResp 的原理是根据土壤微生物对不同碳源的利用能力不同, 即碳源诱导土壤微生物进行呼吸作用, 释放 CO₂, 通过检测土壤微生物利用碳源后释放出的 CO₂ 量的不同, 来判断土壤微生物代谢多样性组成。目前, 该方法在国外已广泛用于评价土壤微生物群落的功能多样性: 不同类型土壤^[8]、不同植物物种下的土壤^[13]、不同管理策略下农业土壤和不同植被的根际土壤^[14]、不同天然林^[15]。国内对于土壤微生物功能多样性的研究主要还是采用 Biolog 方法^[16-18]。相对于 Biolog 方法而言, MicroResp 方法具有耗费低, 研究周期短等优点。本研究应用 MicroResp 方法, 研究 4 种重建森林土壤微生物对不同碳源利用特征, 明确不同森林类型土壤微生物群落的主要碳源利用类型, 揭示退化土壤重建森林过程中土壤微生物功能多样性变化特征, 为进一步探索

* 国家自然科学基金项目(30960312, 31060090)、江西省教育厅基金项目(GJJ11070)、留学人员科技活动项目择优资助(启动类)(人社厅函[2011] 508 号)和江西师范大学青年英才培育资助计划项目共同资助

† 通讯作者, 刘苑秋(1963—), 女, 博士, 教授, 主要研究方向为土壤生态学。E-mail: liuyq404@163.com

作者简介: 江玉梅(1976—), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为土壤微生物学。E-mail: leaf91626@163.com

收稿日期: 2013-02-26; 收到修改稿日期: 2013-06-25

重建森林机理和人工重建森林生态系统的可持续性提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于江西省泰和县退化红壤植被恢复试验区(26°44'N,115°04'E),海拔 80 m。该地区属亚热带季风湿润性气候,年均气温 18.6℃。年均降水量 1 726 mm,降雨多集中于 4—6 月,约占全年降水量的 49.0%,7—9 月高温干旱。试验区内最高海拔为 131.3 m,最低海拔为 74.7 m,相对高差为 56.6 m,属典型的红壤低丘岗地。土壤为第四纪红黏土发育的红壤,石砾含量较多,几乎没有腐殖质层,水土流失严重。重建人工林之前,土壤有机质含量仅为 6.5 g kg⁻¹,pH 为 4.9,植被盖度不足 0.3,主要分布有狗尾草(*Setaria viridis*)、野古草(*Arundinella anomala*)、白茅(*Imperata cylindrica* var. *major*)、扭黄茅(*Heteropogon contortus*)等。

1.2 试验设计

2008 年本研究选择江西省泰和县 1991 年人工重建的 4 种森林类型:(1) 针叶纯林,包括马尾松(*Pinus massoniana*)纯林和晚松(*Pinus rigida* var. *serotina*)纯林;(2) 针阔混交林,包括湿地松(*Pinus eliottii*) × 枫香(*Liquidamber formosana*)混交林、湿地松 × 樟树(*Cinnamomum camphora*)混交林和马尾松 × 枫香 × 木荷(*Schima superba*)混交林;(3) 阔叶混交林,包括枫香 × 木荷混交林;(4) 阔叶纯林,主要包括木荷纯林、枫香纯林等为研究对象。在 12 个林分内分别设立 3 个样地,并选择自然恢复地作为对照区。样地面积 10 m × 10 m。在每个样地内以“S”型选定 5~10 个点,每个点分两层(0~10 和 10~20 cm)取样,同一层 5~10 个点的土壤充分混匀作为一个样品,样品采集后,尽快带回实验室,过 2 mm 筛,去掉根等杂物,放至 4℃ 冰箱保鲜。在野外采样的过程中,确保有低温保存的装备。用带盖的泡沫盒子,里面放冰矿泉水或冰袋,用胶带封严,以防漏气。

1.3 分析方法

本文应用 Cambell 等^[12]的 MicroResp 技术,在 22℃ 条件下培养 6 h 和继续培养 18 h,利用比色法,通过 96 孔板检测仪(microtiter plate reader, VMAX)测定土壤微生物对 15 种碳源的代谢能力(检测板

颜色的变化)来分析土壤微生物功能多样性,用无菌水做空白对照,其中检测板购于英国 Macaulay 企业有限公司。所选 15 种碳源主要来自植物根际分泌物^[19],分别为 CS1:L-丙氨酸(L-Alanine);CS2:精氨酸(L-Arginine);CS3:柠檬酸(Citric acid);CS4:D-(+)-半乳糖(D-(+)-Galactose);CS5:γ-酪氨酸(γ-Amino butyric acid);CS6:L-苹果酸(L-Malic acid);CS7:草酸(Oxalic acid);CS8:L-(+)-阿拉伯糖(L-(+)-Arabinose);CS9:L-半胱氨酸-盐酸(L-cysteine-HCl);CS10:D-(+)-果糖(D-(+)-Fructose);CS11:D-(+)-葡萄糖(D-(+)-Glucose);CS12:L-赖氨酸(L-Lysine);CS13:N-乙酰基-氨基葡萄糖(N-Acetyl-glucosamine);CS14:D-(+)-海藻糖(D-(+)-Trehalose);CS15:原儿茶酸(Protocatechuic acid)。多样性指数分析参考 Luo 等^[20]方法。

1.4 数据处理

采用 Excel 2003 进行简单的统计分析;采用 SPSS16.0 进行方差分析,并用 LSD 法进行差异显著性检验;采用 SigmaPlot11.0 作图;采用 Shannon-Winner 指数、Evenness 指数来比较土壤微生物群落代谢多样性^[19]。

2 结果

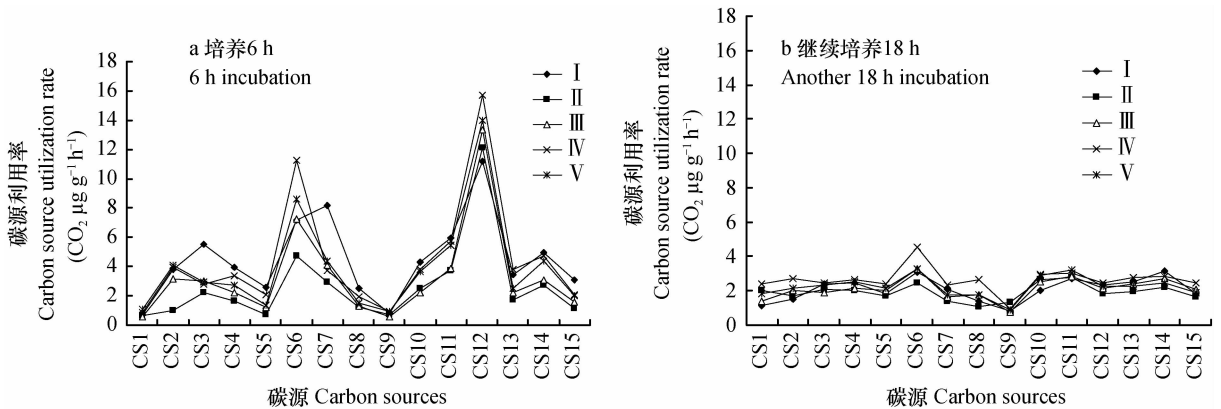
2.1 不同培养时间下土壤微生物对碳源的利用

从表 1 可以看出,培养时间不同,土壤微生物对碳源的利用能力有明显差异。培养 6 h 后,土壤微生物对 L-赖氨酸、L-苹果酸、D-(+)-葡萄糖、草酸的利用最为明显,分别为 CO₂ 13.26、7.39、4.64、4.22 μg g⁻¹h⁻¹,对 L-半胱氨酸-盐酸、L-丙氨酸的利用能力最低,分别为 CO₂ 0.78、0.79 μg g⁻¹h⁻¹。继续培养 18 h 后,对 L-苹果酸、D-(+)-葡萄糖的利用仍然很明显,分别为 CO₂ 3.17、2.93 μg g⁻¹h⁻¹,对 L-半胱氨酸-盐酸的利用效率最低,为 CO₂ 0.95 μg g⁻¹h⁻¹。培养 6 h 后,土壤微生物对碳源的利用能力占整个 24 h 的 31%~86%,平均值为 62%,这说明利用 MicroResp 技术只需培养 6 h,就能很好地反映土壤微生物对碳源的代谢能力。方差分析结果表明,培养 6 h,不同森林类型土壤微生物对 9 种碳源的利用能力差异显著(图 1a、表 2),继续培养 18 h 后,不同森林类型土壤微生物对 3 种碳源的利用能力差异显著(图 1b、表 2)。

表 1 不同培养时间下土壤微生物对碳源的利用率
Table 1 Utilization of carbon sources by soil microbes as affected by duration of incubation

碳源 Carbon sources	6 h 碳源利用率 Carbon sources utilization rate after 6 h incubation (CO ₂ μg g ⁻¹ h ⁻¹)	继续培养 18 h 碳源利用率 Carbon sources utilization rate after another 18 h incubation (CO ₂ μg g ⁻¹ h ⁻¹)	6 h 占 24 h 的百分比 Percentage of carbon sources utilization rate in 6 h to that in 24 h (%)
CS1	0.79 ± 0.07	1.75 ± 0.12	31
CS2	3.14 ± 0.27	1.98 ± 0.12	61
CS3	3.00 ± 0.26	2.14 ± 0.12	58
CS4	2.47 ± 0.14	2.28 ± 0.11	52
CS5	1.35 ± 0.10	1.99 ± 0.09	40
CS6	7.39 ± 0.46	3.17 ± 0.14	70
CS7	4.22 ± 0.34	1.72 ± 0.11	71
CS8	1.49 ± 0.13	1.64 ± 0.12	48
CS9	0.78 ± 0.07	0.95 ± 0.08	45
CS10	3.01 ± 0.23	2.67 ± 0.17	53
CS11	4.64 ± 0.26	2.93 ± 0.17	61
CS12	13.26 ± 0.48	2.14 ± 0.11	86
CS13	2.41 ± 0.13	2.28 ± 0.10	51
CS14	3.66 ± 0.21	2.57 ± 0.11	59
CS15	1.78 ± 0.12	1.91 ± 0.10	48
Mean	3.61 ± 0.11	2.17 ± 0.03	62

注: CS1: L-丙氨酸; CS2: 精氨酸; CS3: 柠檬酸; CS4: D-(+)-半乳糖; CS5: γ-酪氨酸; CS6: L-苹果酸; CS7: 草酸; CS8: L-(+)-阿拉伯糖; CS9: L-半胱氨酸-盐酸; CS10: D-(+)-果糖; CS11: D-(+)-葡萄糖; CS12: L-赖氨酸; CS13: N-乙酰基-氨基葡萄糖; CS14: D-(+)-海藻糖; CS15: 原儿茶酸. 下同. 表中数据表示平均值 ± 标准差 Note: CS1: L-Alanine; CS2: L-Arginine; CS3: Citric acid; CS4: D-(+)-Galactose; CS5: γ-Amino butyric acid; CS6: L-Malic acid; CS7: Oxalic acid; CS8: L-(+)-Arabinose; CS9: L-cysteine-HCl; CS10: D-(+)-Fructose; CS11: D-(+)-Glucose; CS12: L-Lysine; CS13: N-Acetyl-glucosamine; CS14: D-(+)-Trehalose; CS15: Protocatechuic acid. The same below. The data in the table are means ± S.E



注: I, 对照自然恢复地; II, 针叶纯林; III, 针阔混交林; IV, 阔叶混交林; V, 阔叶纯林 Note: I, naturally restored fallow land as control; II, pure coniferous plantation; III, mixed coniferous-broadleaf plantation; IV, mixed broadleaf plantation; V, pure broadleaf plantation

图 1 不同培养时间土壤微生物对碳源的利用率

Fig. 1 Carbon sources utilization rate of soil microbes as affected by duration of incubation

2.2 不同土层土壤微生物对碳源的利用

不同土壤层次,土壤微生物对单一碳源利用能力不同(表 2、图 2)。0 ~ 10 cm 土壤微生物对碳源利用能力高于 10 ~ 20 cm(图 2a、图 2b)。方差分析

结果表明,不同森林类型,0 ~ 10 cm 土壤微生物对 10 种碳源的利用能力差异显著,10 ~ 20 cm 土壤微生物对 8 种碳源的利用能力差异显著(表 2)。

表 2 单一碳源对不同森林类型土壤微生物功能的分异特征

Table 2 Variation characters of soil microbial function under different forest types by mono-carbon sources

因子 Factor	CS1	CS2	CS3	CS4	CS5	CS6	CS7	CS8	CS9	CS10	CS11	CS12	CS13	CS14	CS15
培养 6 h 6 h incubation	NS	***	*	***	***	NS	*	NS	NS	NS	*	NS	**	**	*
继续培养 18h Another 18 h incubation	NS	NS	NS	NS	NS	**	*	*	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
0 ~ 10 cm	NS	*	NS	**	***	*	*	**	NS	*	*	NS	*	NS	**
10 ~ 20 cm	NS	**	NS	NS	NS	NS	*	NS	*	*	*	NS	***	*	*

注: 差异显著水平: NS 代表差异不显著; * 代表 $p < 0.05$; ** 代表 $p < 0.01$; *** 代表 $p < 0.001$ Note: Level of significance in difference: NS means no significance in difference; * represents $p < 0.05$; ** represents $p < 0.01$; *** represents $p < 0.001$

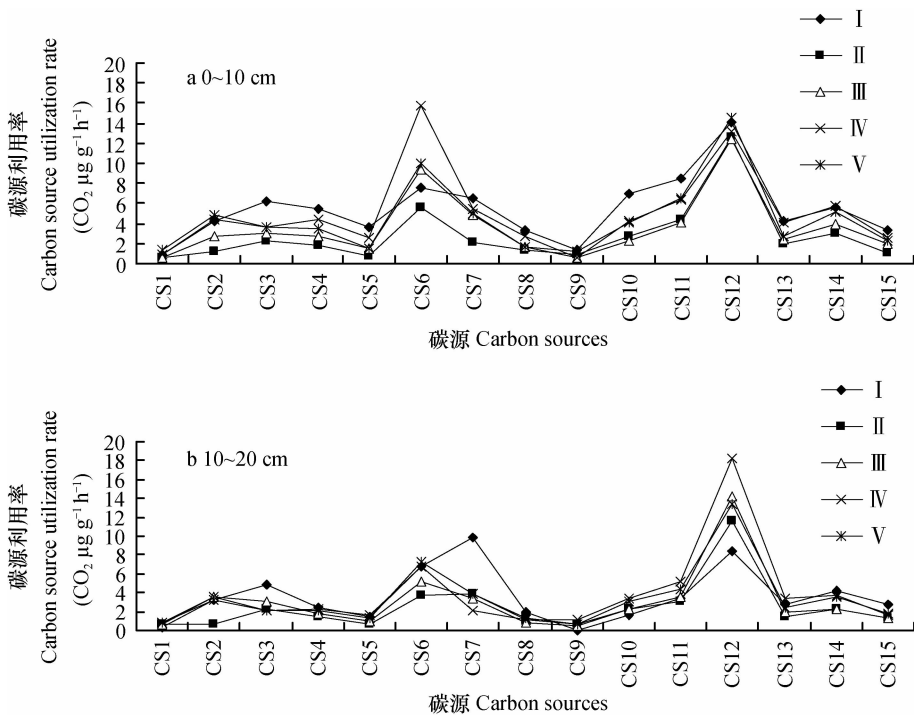


图 2 不同土层土壤微生物对碳源的利用率

Fig. 2 Carbon sources utilization rate of soil micorbes as affected by soil depth

2.3 土壤微生物群落代谢多样性

从上述分析可知, 培养 6 h 的土壤微生物多样性更为丰富, 因此此处多样性分析仅对 6 h 处理进行分析。多样性指数分析结果见表 3。土壤微生物对碳源的利用率表现为: 阔叶混交林 > 阔叶纯林 > 针阔混交林 > 针叶纯林, 且阔叶纯林和针阔混交林之间差异显著。群落多样性指数、均匀度指数均表现为: 阔叶混交林 > 阔叶纯林 > 针阔混交林 > 针叶纯林, 但 4 种森林类型多样性指数和均匀度指数没有差异。对照自然恢复地的土壤微生物利用率, 群落多样性指数、均匀度指数均高于阔叶混

交林, 但两者之间没有显著差异。

对土壤微生物群落利用碳源情况进行主成分分析, 从而了解不同森林类型土壤微生物群落功能的综合差异和相似状况。选择培养 6 h 的 MicroResp 测试数据进行标准化变换后, 实施主成分分析 (PCA)。结果表明, 土壤微生物从 15 种碳源利用数据中提取了 4 个主成分因子 (PC1、PC2、PC3、PC4), 累积贡献率达 79%, 主成分 1 和 2 能够解释 66% 的变异 (图 3), 其中第二主成分得分系数的差异达极显著水平 ($F_{4,77} = 5.345, p < 0.001$)。第一和第二主成分得分系数与微生物对 15 种碳源利用率相关分析结果表明, 对土

壤微生物群落主成分 1 起分离作用的主要碳源分别为 D-(+)-葡萄糖($r=0.784$), L-苹果酸($r=0.783$), D-(+)-半乳糖($r=0.772$), D-(+)-海藻糖($r=0.744$)、原儿茶酸($r=0.734$); 对主成分 2 起分离作用的主要碳源为: L-半胱氨酸-盐酸($r=0.745$)、D-

(+)-果糖($r=0.684$)。PCA 结果表明不同碳源对土壤微生物群落的代谢特征产生了差异, D-(+)-葡萄糖、L-苹果酸、D-(+)-半乳糖、D-(+)-海藻糖、原儿茶酸、L-半胱氨酸-盐酸等是森林土壤微生物群落变化的敏感碳源。

表 3 基于 MicroResp 分析的土壤微生物群落代谢多样性

Table 3 MicroResp analysis of metabolic diversity of soil microbial community

森林类型 Forest types	碳源利用率 Carbon sources utilization rate in 6 h incubation ($\text{CO}_2 \mu\text{g g}^{-1} \text{h}^{-1}$)	均匀度指数 Evenness index (E)	香浓多样性指数 Shannon index(H)
I	4.66 ± 0.43 a	2.52 ± 0.32a	0.72 ± 0.09a
II	2.75 ± 0.21 b	1.93 ± 0.11b	0.55 ± 0.03b
III	3.35 ± 0.20 b	1.94 ± 0.07b	0.56 ± 0.02b
IV	4.54 ± 0.48 a	2.16 ± 0.12ab	0.62 ± 0.03ab
V	4.00 ± 0.20 a	2.08 ± 0.08b	0.60 ± 0.02b

注: I, 对照自然恢复地; II, 针叶纯林; III, 针阔混交林; IV, 阔叶混交林; V, 阔叶纯林。同一列不同字母表示在 $p < 0.05$ 差异性显著

Note: I, naturally restored fallow land as control; II, pure coniferous plantation; III, mixed coniferous-broadleaf plantation; IV, mixed broadleaf plantation; V, pure broadleaf plantation. Data followed by the same letter in the column are not significant at the 5% level in difference

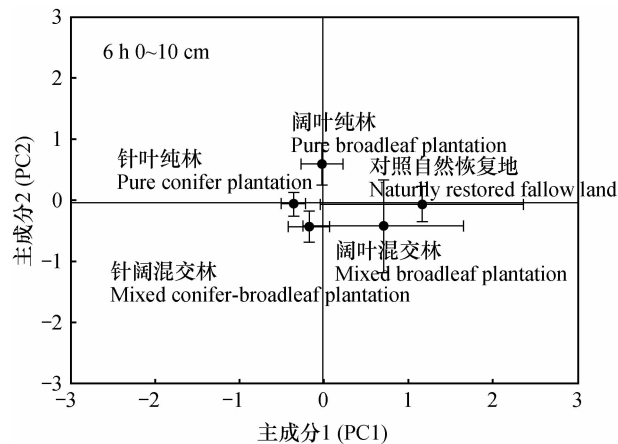


图 3 土壤微生物碳源利用的主成分分析

Fig. 3 Principal components analysis of carbon utilization by soil microbes

3 讨论

3.1 培养时间对土壤微生物碳源利用的影响

土壤微生物群落对不同碳源利用能力不同, 利用 MicroResp 方法分析不同土壤微生物对碳源的利用能力差异, 一般选择培养 6 h, 这是 MicroResp 方法的一个优点。但是对于化学结构复杂的碳源, 培养 6 h 土壤微生物利用率很低, 为了探讨土壤微生物对复杂碳源的代谢状况, 本研究选择继续培养

18 h 来分析土壤微生物对碳源代谢状况。研究结果表明, 培养 6 h 和继续培养 18 h 对单一碳源利用率有明显差异(图 1a、图 1b, 表 1 ~ 表 2)。在培养 6 h 后, 土壤微生物对化学结构较简单的碳源, 如 L-苹果酸、草酸等优先利用。随着培养时间延长, 土壤微生物除了利用结构简单的碳源之外, 还利用一些化学结构较复杂的碳源, 如 L-丙氨酸、 γ -酪氨酸。特别复杂的碳源, 土壤微生物利用率很低, 如 L-(+)-阿拉伯糖、N-乙酰基-氨基葡(萄)糖、原儿茶酸(表 1)。这说明了, 培养 6 h 后, 有活性的土壤微生物积极参与碳源利用, 且这些微生物对碳源代谢能力特别旺盛, 这与 Campbell 等^[12]报道的结果相吻合。随培养时间延长, 一些休眠的微生物被激活, 对余下的碳源进一步利用, 例如对 L-丙氨酸、 γ -酪氨酸、L-(+)-阿拉伯糖、L-半胱氨酸-盐酸、原儿茶酸等碳源。继续培养 18 h 后, 土壤微生物对碳源的利用率提高了将近 50%。

3.2 土壤深度对土壤微生物碳源利用的影响

森林植被通过根系分泌物, 地上和地下凋落物以及树冠拦截和淋洗作用改变土壤微生物生长所需能量物质的数量和质量。本研究表明, 随着土层加深, 土壤微生物对碳源利用能力呈下降趋势, 这说明植物根系主要分布在 0 ~ 10 cm, 随着土层加深, 根系生物量逐渐减少。0 ~ 10 和 10 ~ 20 cm 土层中, 不同森林类型土壤微生物对碳源利用能力表

现为:对照自然恢复地 > 阔叶混交林 > 阔叶纯林 > 针阔混交林 > 针叶纯林(表 2、图 2a、图 2b)。这表明微生物群落结构和功能的差异与来源于不同优势树种的枯枝落叶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^[21-22]。对照自然恢复地的土壤微生物对碳源的利用能力较林地强,这可能是由于对照自然恢复地主要以草本植物为主,根系很发达,根系分泌物相对较丰富。

3.3 不同森林类型土壤微生物群落功能的多样性

Shannon 指数是研究群落物种数及其个体数和分布均匀程度的综合指标,是目前应用最为广泛的群落多样性指数之一^[23]。多样性指数越高,表明碳源被微生物利用的越多。均匀度指数越高,生物多样性就越高^[24]。

土壤微生物对碳源利用率、均匀度指数均表现为:对照自然恢复地 > 阔叶混交林 > 阔叶纯林 > 针阔混交林、针叶纯林(表 3),这一结果说明除了对照自然恢复地,阔叶混交林的土壤微生物代谢功能最强,针叶纯林的土壤微生物代谢功能最弱,这可能与阔叶混交林的凋落物更易分解,在土壤中形成的有机质含量相对较高有关,这样更有利于土壤微生物的生长和代谢^[25]。针叶纯林、针阔混交林、阔叶混交林、阔叶纯林之间的多样性指数、均匀度指数没有显著差异,这说明在人工林恢复初期,土壤条件相对一致的情况下,不同树种土壤微生物量和优势种群虽然发生了很大改变^[26],但总体群落多样性未产生显著性差异,与胡婵娟等^[27]的研究结论一致。对照自然恢复草地土壤微生物多样性高于阔叶混交林,与韩芳等^[28]的研究结果一致。后者认为草地土壤微生物类群和微生物量碳多于乔木和灌木,草地土壤质量优于乔木和灌木,可能是因为恢复草地以多年生草本为主,且植被种类丰富,盖度大,枯落物量大且易分解,土壤含水量较高,适合微生物生长,所以微生物的种类和多样性均高。

将复杂的数据通过二维图标表现出来,相似的样品分布位置相近,从而使研究者可以直观感受到群落差异。应用 PCA 方法研究 4 种森林类型土壤微生物群落代谢多样性表明不同林型土壤微生物群落的代谢多样性类型差异不易区分,不同森林类型土壤微生物群落对底物碳源的代谢功能差异复杂(表 2、图 3),每一主成分得分系数与微生物对 15 种碳源利用率的相关分析结果表明,对土壤微生物群落起分异作用的主要碳源为糖类,同时亦是森林土壤微生物群落变化的敏感碳源。

4 结 论

MicroResp 方法对于分析土壤微生物群落结构非常有效。特别是培养 6 h 后,土壤微生物对碳源利用能力差异明显,而继续培养 18 h 后,则没有明显差异。阔叶混交林土壤微生物群落碳源代谢能力最强,针叶纯林最弱,说明在退化土壤重建森林时,可以优先考虑阔叶混交林,这对改善土壤微生物群落结构和功能具有重要作用。不同森林恢复类型对土壤微生物群落多样性产生显著影响,但区分土壤微生物群落功能多样性的不同类型碳源的贡献却各不相同,本研究中所选 D-(+)-葡萄糖、L-苹果酸、D-(+)-半乳糖、D-(+)-海藻糖、原儿茶酸、L-半胱氨酸-盐酸可以作于区分不同重建森林类型土壤微生物群落的敏感碳源。

参 考 文 献

- [1] 赵其国. 我国红壤的退化问题. 土壤, 1995, 27(6): 281—285. Zhao Q G. Degradation of China's red soils (In Chinese). Soils, 1995, 27(6): 281—285
- [2] 史德明, 韦启璠, 梁音. 关于侵蚀土壤退化及其机理. 土壤, 1996, 28(3): 140—144. Shi D M, Wei Q F, Liang Y. Degradation of eroded soil and its mechanism (In Chinese). Soils, 1996, 28(3): 140—144
- [3] 吴蔚东, 郑诗樟, 卢志红, 等. 江西省丘陵山区红壤非耕地土壤退化的研究. 江西农业大学学报, 1997, 19(1): 27—31. Wu W D, Zheng S Z, Lu Z H, et al. A study on the soil deterioration of the non-cropping lands in the hilly and mountainous red earth regions in Jiangxi Province (In Chinese). Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis, 1997, 19(1): 27—31
- [4] 杜志勇, 刘苑秋, 郑诗樟, 等. 退化红壤区不同模式重建森林土壤水分空间变异性. 水土保持学报, 2007, 21(5): 101—105. Du Z Y, Liu Y Q, Zheng S Z, et al. Spatial variability of soil moisture in different models of rehabilitated forest in degraded red soil region (In Chinese). Journal of Soils and Water Conservation, 2007, 21(5): 101—105
- [5] 徐秋芳, 张许昌, 王绪南, 等. 毛竹林与马尾松林土壤生物学性质及微生物功能多样性比较. 浙江林业科技, 2008, 28(3): 8—12. Xu Q F, Zhang X C, Wang X N, et al. Comparison on soil biological properties and microbial function diversities between *Phyllostachys heterocycal* var. *pubescens* and *Pinus massoniana* forest (In Chinese). Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology, 2008, 28(3): 8—12
- [6] Yang C M, Wang Y L, Wang M M, et al. Plant species influence microbial metabolic activity and butachlor biodegradation in a riparian soil from Chongming Island, China. Geoderma, 2013, 193: 165—171
- [7] Xiang S R, Doyle A, Holden P A, et al. Drying and rewetting effects

- on C and N mineralization and microbial activity in surface and subsurface California grassland soils. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(9): 2281—2289
- [8] Sradnick A, Murugan R, Oltmanns M, et al. Changes in functional diversity of the soil microbial community in a heterogeneous sandy soil after long-term fertilization with cattle manure and mineral fertilizer. *Applied Soil Ecology*, 2013, 63: 23—28
- [9] 陈展, 王效科, 段晓男, 等. 臭氧浓度升高对盆栽小麦根系和土壤微生物功能的影响. *生态学报*, 2007, 27(5): 1803—1808. Chen Z, Wang X K, Duan X N, et al. Ozone effects on wheat root and soil microbial biomass and diversity (In Chinese). *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(5): 1803—1808
- [10] Wu X Q, Yuan W M, Tian X J, et al. Specific and functional diversity of endophytic bacteria from Pine wood nematode *Bursaphelenchus xylophilus* with different virulence. *International Journal of Biological Sciences*, 2013, 9(1): 34—44
- [11] Yuan Y H. Effects of nitrogen deposition on soil microbial biomass, microbial functional diversity and enzyme activities in fir plantations of subtropical China. *Advanced Materials Research*, 2013, 610/613: 323—330
- [12] Campbell C D, Chapman S J, Cameron C M, et al. A rapid microtiter plate method to measure carbon dioxide evolved from carbon substrate amendments so as to determine the physiological profiles of soil microbial communities by using whole soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 2003, 69(6): 3593—3599
- [13] Yan W, EArtz R R, Johnson D. Species-specific effects of plants colonising cutover peatlands on patterns of carbon source utilisation by soil microorganisms. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(2): 544—549
- [14] Wakelin S A, Macdonald L M, Rogers S L, et al. Habitat selective factors influencing the structural composition and functional capacity of microbial communities in agricultural soils. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(3): 803—813
- [15] 鲁顺保, 郭晓敏, 芮亦超, 等. 澳大利亚亚热带不同森林土壤微生物群落对碳源的利用. *生态学报*, 2012, 32(9): 2819—2826. Lu S B, Guo X M, Rui Y C, et al. Utilization of carbon sources by the soil microbial communities of different forest types in subtropical Australia (In Chinese). *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(9): 2819—2826
- [16] 王娟, 张丽君, 姚槐应. 添加秸秆和黑炭对水稻土碳氮转化及土壤微生物代谢图谱的影响. *中国水稻科学*, 2013, 27(1): 97—104. Wang J, Zhang L J, Yao H Y. Effects of straw and black carbon addition on C-N transformation and microbial metabolism profile in paddy soil (In Chinese). *Chinese Journal of Rice Science*, 2013, 27(1): 97—104
- [17] 王晓玥, 蒋瑀霁, 隋跃宇, 等. 田间条件下小麦和玉米秸秆腐解过程中微生物群落的变化——BIOLoG 分析. *土壤学报*, 2012, 49(5): 1003—1011. Wang X Y, Jiang Y J, Sui Y Y, et al. Changes of microbial communities during decomposition of wheat and maize straw: Analysis by BIOLoG (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(5): 1003—1011
- [18] 顾美英, 徐万里, 茆军, 等. 新疆绿洲农田不同连作年限棉花根际土壤微生物群落多样性. *生态学报*, 2012, 32(10): 3031—3040. Gu M Y, Xu W L, Mao J, et al. Microbial community diversity of rhizosphere soil in continuous cotton cropping system in Xinjiang (In Chinese). *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(10): 3031—3040
- [19] Campbell C D, Cameron C M, Bastias B A, et al. Long term repeated burning in a wet sclerophyll forest reduces fungal and bacterial biomass and responses to carbon substrates. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(9): 2246—2252
- [20] Luo H F, Qi H Y, Zhang H X. Assessment of the bacterial diversity in fenvalerate-treated soil. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2004, 20(5): 509—515
- [21] Grayston S J, Campbell C D. Functional biodiversity of microbial communities in the rhizospheres of hybrid larch (*Larix eurolepis*) and Sitka spruce (*Picea sitchensis*). *Tree Physiology*, 1996, 16(11/12): 1031—1038
- [22] 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(1): 49—62
- [23] Harch B D, Correll R L, Meech W, et al. Using the Gini coefficient with BIOLoG substrate utilization data to provide an alternative quantitative measure for comparing bacterial soil communities. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, 30(1): 91—101
- [24] Merwe T V D, Wolfaardt F, Riedel K H. Analysis of the functional diversity of the microbial communities in a paper-mill water system. *Water SA*, 2003, 9(1): 31—34
- [25] Graham M H, Haynes R J. Catabolic diversity of soil microbial communities under sugarcane and other land uses estimated by Biolog and substrate-induced respiration methods. *Applied Soil Ecology*, 2005, 29(2): 155—164
- [26] Jiang Y M, Chen C R, Liu Y Q, et al. Soil soluble organic carbon and nitrogen pools under mono and mixed species forest ecosystems in subtropical China. *Journal of Soils and Sediments*, 2010, 10(6): 1071—1081
- [27] 胡娟娟, 傅伯杰, 刘国华, 等. 黄土丘陵沟壑区典型人工林下土壤微生物功能多样性. *生态学报*, 2009, 29(2): 727—733. Hu C J, Fu B J, Liu G H, et al. Soil microbial functional and diversity under typical artificial woodlands in the hilly area of the Loess Plateau (In Chinese). *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(2): 727—733
- [28] 韩芳, 邵玉琴, 赵吉, 等. 皇甫川流域不同土地利用方式下的土壤微生物多样性. *内蒙古大学学报: 自然科学版*, 2003, 34(3): 298—303. Han F, Shao Y Q, Zhao J, et al. The diversity of soil microorganism in different land-use types in Huangfuchuan watershed (In Chinese). *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Neimongol*, 2003, 34(3): 298—303

METABOLIC FUNCTION OF SOIL MICROBE TO CARBON SOURCES UNDER REESTABLISHED FORESTS ON DEGRADED RED SOIL IN JIANGXI PROVINCE

Jiang Yumei¹ Xie Jing¹ Cao Guangpan¹ Chen Chenglong³ Xu Zhihong³ Liu Yuanqiu^{2†}

(1 Key Laboratory of Protection and Utilization of Subtropical Plant Resources of Jiangxi Province, College of Life Science, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China)

(2 College of Forestry, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China)

(3 Environmental Futures Centre and School of Biomolecular and Physical Sciences, Griffith University, Nathan, Brisbane, Queensland 4111, Australia)

Abstract To investigate soil microbe using different types of carbon sources under four types of reestablished forests or treatments (mixed broadleaf plantation, pure broadleaf plantation, mixed coniferous-broadleaf plantation, pure coniferous plantation) with a naturally restored fallow land as control, the microResp method was used. Results show that the capacity of soil microbes using mono-carbon source varied significantly with duration of incubation (6 h or additional 18 h) and soil depth (0 ~ 10 or 10 ~ 20 cm), and also with the type of forest. In terms of the capacity, the forests followed the order of naturally restored fallow land > mixed broadleaf plantation > pure broadleaf plantation > mixed coniferous-broadleaf plantation > pure coniferous plantation. Shannon index (H) and evenness index (E) indicates that the five treatments followed an order of mixed broadleaf plantation > pure broadleaf plantation > mixed coniferous-broadleaf plantation > pure coniferous plantation in soil microbial community diversity. All the treatments, except the control did not differ much from each other in soil microbial diversity and abundance. Principle components analysis indicates that the fifteen carbon sources selected in this study were sufficient to elucidate differences between the four plantations in soil microbial functional diversity, and that sugars were the sensitive carbon source to forest soil microbes.

Key words MicroResp; Soil microbial diversity; Carbon sources; Reestablished forests

(责任编辑:檀满枝)