

中亚热带森林土壤微生物群落多样性随海拔梯度的变化

吴则焰^{1,2} 林文雄^{2*} 陈志芳³ 方长旬² 张志兴² 吴林坤² 周明明² 陈婷²

¹福建农林大学生命科学学院, 福州 350002; ²福建农林大学农业生态研究所, 福州 350002; ³福建农林大学林学院, 福州 350002

摘要 运用Biolog EcoPlate技术, 对武夷山不同海拔植被带(常绿阔叶林(EBF)、针叶林(CF)、亚高山矮林(DF)、高山草甸(AM))土壤微生物群落多样性差异进行了研究。结果表明: 不同海拔植被带土壤微生物群落功能多样性差异显著。土壤平均颜色变化率(AWCD)随培养时间延长而逐渐增加, 同一深度土层的AWCD值随海拔升高而逐渐降低, 大小顺序依次为EBF > CF > DF > AM。同一海拔植被带, 不同深度土层的AWCD值总体趋势依次为0–10 cm > 10–25 cm > 25–40 cm。土壤微生物群落Simpson指数、Shannon-Wiener指数、丰富度指数和McIntosh指数的总体趋势为EBF最高, CF和DF次之, AM最低。不同海拔植被带土壤微生物对不同碳源利用强度存在较大差异, 其中EBF利用率最高, AM利用率最低, 碳水化合物和羧酸类碳源是各海拔植被带土壤微生物的主要碳源。主成分分析结果表明, 从31个因素中提取的与碳源利用相关的主成分1、主成分2分别能解释变量方差的75.27%和16.14%, 在主成分分离中起主要贡献作用的是胺类和氨基酸类碳源。土壤微生物群落多样性随着海拔上升、土层加深而逐渐下降的原因, 可能是生物量、林分凋落物、土壤养分、微小动物、植物根系等多种因素共同作用的结果。

关键词 Biolog EcoPlate, 群落多样性, 海拔梯度, 土壤微生物, 武夷山

Variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in mid-subtropical forest

WU Ze-Yan^{1,2}, LIN Wen-Xiong^{2*}, CHEN Zhi-Fang³, FANG Chang-Xun², ZHANG Zhi-Xing², WU Lin-Kun², ZHOU Ming-Ming², and CHEN Ting²

¹College of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; ²Institute of Agroecology, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; and ³College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China

Abstract

Aims Soil microbes play a key role in material recycling and energy conversion in forest ecosystems. We studied the functional diversity of microbial communities and soil physical-chemical properties in order to illustrate variations of soil microbial community diversity along an elevational gradient in the Wuyi Mountains of China and influencing factors.

Methods Evergreen broad-leaved forest (EBF), coniferous forest (CF), dwarf forest (DF) and alpine meadow (AM) were chosen as experimental sites along an elevation gradient in the National Natural Reserve of the Wuyi Mountains. We used Biolog EcoPlate analysis to study the functional diversity of microbial communities.

Important findings There were significant differences in functional diversity of microbial communities in different soil elevations. The average well color development (AWCD), which directly reflected microbial activity and functional diversity, increased over time, while AWCD at the same soil depth gradually decreased along with increasing altitude and in the order of EBF > CF > DF > AM. The AWCD of different soil depths for the same vegetation type was in the order of 0–10 cm > 10–25 cm > 25–40 cm. The Simpson index, Shannon-Wiener index, richness index and McIntosh index of EBF were all higher than AM. There was variation among substrates used by soil microbial communities in different soil elevations. The substrate used in EBF was significantly higher than the substrate used in AM. The carbon sources mostly used by soil microbes were carbohydrates and carboxylic acids, followed by amino acids, phenolic acids and polymers; the lowest was amines. Principal component analysis (PCA) identified two factors in relation to carbon sources; they explained 75.27% and 16.14% of the variation. The carbon sources used by soil microbial communities were different among different vegetation

types. Amino acids and amides were the two main carbon sources separating the two principal component factors. Soil microbial community diversity decreased along the elevation gradient and with soil thickness, and vegetative biomass, forest litter, soil nutrient, microzoon and plant roots might be the major factors controlling this diversity.

Key words Biolog EcoPlate, community diversity, elevation gradient, soil microorganism, Wuyi Mountains

土壤微生物是森林生态系统的重要组分(时鹏等, 2010), 主导土壤生态系统养分循环和能量流动, 对维持系统稳定性和可持续性具有重要意义(Zhang *et al.*, 2012)。土壤微生物群落多样性作为描述其生态特征的关键指标(叶飞等, 2010), 近年来已成为生态学研究领域的热点问题, 许多学者对之开展了大量研究, 目前主要集中在环境变化和人为干扰对土壤微生物多样性产生的影响, 如环境胁迫(周玲莉等, 2010)、作物连栽(李春格等, 2006)、化感作用(林文雄等, 2007)、施肥方式(罗希茜等, 2009)等。土壤微生物群落多样性的研究方法包括传统的微生物纯培养法(Alexander *et al.*, 1977)、脂肪酸分析法(刘微等, 2011)、BIOLOG微平板分析法(郑华等, 2004)、分子生物学法(李慧等, 2004)等。其中, BIOLoG分析法通过测试微生物对单一能源碳的利用程度来反映微生物群体水平的生理轮廓, 以此研究微生物群落的功能多样性。此方法简便、快速、灵敏度高、分辨力强, 现已广泛应用于土壤微生物群落的功能多样性研究, 特别是在探讨土壤微生物群落多样性对不同生境变化的响应方面取得了较大进展(Garland, 1996; Zheng *et al.*, 2005)。

在森林生态系统中, 海拔梯度变化能改变植被组成和结构、土壤温度、水分、养分及微生物活性等众多因素, 从而影响土壤微生物群落多样性(何容等, 2009a)。关于海拔梯度变化对土壤微生物多样性的影响, 前人已有所探讨, 如高寒草甸(王长庭等, 2010)、黄土高原(张文婷等, 2008)、太行山(杨喜田等, 2006)等, 但不同研究区域结论有所不同, 且中亚热带森林生态系统不同海拔土壤微生物群落多样性的研究未见报道。武夷山自然保护区作为中亚热带森林生态系统的典型代表, 具有丰富的原始植物资源, 植被垂直带谱分布明显, 是研究森林生态系统的结构和功能的理想场地。许多学者对其开展了大量研究, 但有关不同海拔土壤微生物特性的研究甚少, 仅见何容等(2009a)、金裕华等(2011)分别开展的土壤微生物量、土壤酶活性随海拔变化规律的研究。本研究拟采用BIOLoG微平板技术,

对武夷山不同海拔梯度土壤微生物群落多样性进行研究, 以期揭示不同海拔土壤微生物群落的主要碳源利用类型及对不同碳源的利用情况, 明确土壤微生物代谢功能多样性对海拔变化的响应规律。研究结果不仅可为揭示中亚热带森林生态系统土壤微生物变化规律提供理论依据, 而且可为进一步探讨植被多样性与土壤微生物多样性之间的关系奠定基础。

1 研究区概况

武夷山自然保护区是全球同纬度带保存最完整、面积最大的典型中亚热带原生性森林生态系统, 是世界生物多样性保护的关键地区。该区位于福建省西北部(117°24'–118°02' E, 27°32'–27°55' N), 总面积99 975 hm², 属中亚热带季风气候, 年平均气温17.6 °C, 年降水量1 864 mm, 年相对湿度78%–84%, 无霜期253–272天。以黄岗山为主峰, 海拔2 158 m, 植被垂直带谱分布完整, 沿海拔植被带依次为常绿阔叶林(evergreen broad-leaved forest, EBF)、针叶林(coniferous forest, CF)、亚高山矮林(dwarf forest, DF)和高山草甸(alpine meadow, AM)。其中, EBF植被带海拔200–1 000 m, 呈复层林结构, 植物种类组成复杂, 优势种为米槠(*Castanopsis carlesii*), 伴生种为罗浮栲(*Castanopsis fabri*)、少叶黄杞(*Engelhardia fenzelii*)、毛冬青(*Ilex pubescens*)、木荷(*Schima superba*)等, 土壤为山地黄壤; CF植被带海拔1 000–1 750 m, 林相整齐, 优势种为黄山松(*Pinus taiwanensis*)、肿节少穗竹(*Oligostachyum oedogonatum*), 伴生种为杉木(*Cunninghamia lanceolata*)、甜槠(*Castanopsis eyrei*)等, 土壤为山地黄壤; DF植被带海拔1 750–1 900 m, 以落叶树种为主, 苔藓矮曲林是其特殊植被类型, 优势种为白檀(*Symplocos paniculata*), 伴生种为紫茎(*Stewartia sinensis*)、多脉青冈(*Cyclobalanopsis multinervis*)和华山矾(*Symplocos chinensis*)等, 土壤为山地黄壤; AM植被带海拔1 900–2 158 m, 群落结构简单, 以宽叶拂子茅(*Calamagrostis brachytricha*)群落为主,

伴生种为石松(*Lycopodium japonicum*)、龙胆(*Gentiana scabra*)和千里光(*Senecio scandens*), 土壤为草甸土。

2 研究方法

2.1 土壤样品采集与处理

2012年7月, 分别在EBF (海拔500 m)、CF (海拔1 200 m)、DF (海拔1 800 m)和AM (海拔2 100 m) 4个不同海拔梯度植被带设置坡度、坡向相近的3个20 m × 20 m的样地, 每个样地用直径为2 cm的土壤取样器以S型分别采集5钻同一深度的土层样品, 混合为1个土样。分别选取0–10 cm、10–25 cm和25–40 cm土层土壤样品各200 g, 4个海拔梯度共计样品36个。将土样带回实验室后, 充分混匀, 并分为2份。一份过2 mm筛后放在4 °C冰箱中保存, 用于土壤微生物群落特征测定; 另一份自然风干后过筛, 用于土壤理化性质测定。

2.2 土壤理化性质测定

土壤基本理化性质采用林大仪(2004)的方法测定。其中, 土壤总有机碳(TOC)用重铬酸钾外加热法测定, 全氮(TN)用半微量凯式法测定, 全磷(TP)用硫酸-高氯酸消煮法测定, 全钾(TK)用NaOH熔融火焰光度法测定, 土壤pH值用水浸提电位法(土水比为1: 2.5)测定, 土壤含水率用重量法测定。

2.3 土壤微生物群落功能多样性测定

土壤微生物群落功能多样性测定采用BIOLOG ECO微平板法(林瑞余等, 2007)。称取5 g鲜土于经高压灭菌的三角瓶中, 加入100 mL含0.85%的NaCl无菌水, 封口, 120 r·min⁻¹振荡30 min, 冰浴静置2 min, 取上清液5 mL于灭菌过的100 mL三角瓶中, 加入45 mL无菌水, 重复稀释3次, 制得1:1 000的提取液, 立即用于ELSIA反应。将BIOLOG-ECO平板预热到25 °C, 用移液器取150 μL提取液于各个孔中, 在28 °C恒温培养168 h, 每24 h用Elx800TM通用酶标仪(BioTek, Vermont, USA)读取590 nm的吸光值。

2.4 数据统计分析

土壤微生物群落利用碳源的整体能力, 用平均颜色变化率(average well color development, AWCD)表示, $AWCD = [\sum(C_i - R)]/n$, 其中, C_i 为所测定的31个碳源孔吸光值, R 为对照孔吸光值, n 为碳源数目。土壤微生物群落功能多样性指数分析采用Shannon-Wiener指数、Simpson指数、丰富度指数和McIntosh指数(马克平和刘玉明, 1994)。采用SPSS 11.5软件进行数据统计、主成分分析和相关分析。

3 结果和分析

3.1 不同海拔植被带的土壤理化性质

不同海拔植被带的土壤理化性质见表1。土壤

表1 不同海拔梯度植被带土壤部分理化性质(平均值±标准偏差)

Table 1 Soil physical-chemical properties in different vegetation belts along an elevation gradient (mean ± SD)

植被类型 Vegetation type	土壤深度 Soil depth	pH	含水率 Water content (%)	总有机碳 TOC (g·kg ⁻¹)	全氮 TN (g·kg ⁻¹)	全磷 TP (g·kg ⁻¹)	全钾 TK (g·kg ⁻¹)
常绿阔叶林 Evergreen broad-leaved forest (EBF)	0–10 cm	4.32 ± 0.03 ^h	39.3 ± 0.35 ^a	148.23 ± 1.50 ^a	0.76 ± 0.04 ^a	0.28 ± 0.01 ^a	20.68 ± 1.02 ^a
	10–25 cm	4.47 ± 0.05 ^{fe}	37.2 ± 0.25 ^b	132.19 ± 3.13 ^b	0.69 ± 0.02 ^{ab}	0.21 ± 0.03 ^b	17.34 ± 0.98 ^b
	25–40 cm	4.78 ± 0.06 ^b	35.7 ± 0.31 ^d	109.76 ± 2.85 ^c	0.60 ± 0.05 ^c	0.17 ± 0.04 ^{cd}	15.29 ± 1.23 ^c
针叶林 Coniferous forest (CF)	0–10 cm	4.42 ± 0.02 ^g	36.8 ± 0.40 ^c	130.43 ± 2.50 ^c	0.67 ± 0.03 ^b	0.20 ± 0.03 ^{bc}	17.43 ± 1.42 ^b
	10–25 cm	4.39 ± 0.05 ^h	34.1 ± 0.38 ^e	119.67 ± 3.41 ^d	0.44 ± 0.05 ^{def}	0.17 ± 0.03 ^{cd}	14.87 ± 1.04 ^c
	25–40 cm	4.67 ± 0.03 ^{cd}	32.9 ± 0.46 ^f	101.94 ± 4.69 ^f	0.41 ± 0.05 ^{de}	0.15 ± 0.01 ^{de}	11.26 ± 0.94 ^e
亚高山矮林 Dwarf forest (DF)	0–10 cm	4.50 ± 0.03 ^e	37.0 ± 0.06 ^b	120.18 ± 5.52 ^d	0.49 ± 0.04 ^d	0.19 ± 0.02 ^{bc}	13.25 ± 0.56 ^d
	10–25 cm	4.63 ± 0.03 ^d	34.8 ± 0.01 ^e	107.23 ± 1.91 ^f	0.37 ± 0.02 ^{fgh}	0.14 ± 0.01 ^{def}	10.11 ± 0.54 ^{ef}
	25–40 cm	4.88 ± 0.05 ^a	31.8 ± 0.10 ^g	89.23 ± 1.97 ^g	0.31 ± 0.04 ^{gh}	0.11 ± 0.01 ^{fgh}	10.56 ± 0.85 ^{ef}
高山草甸 Alpine meadow (AM)	0–10 cm	4.46 ± 0.04 ^{ef}	29.4 ± 0.15 ^h	90.54 ± 0.91 ^g	0.39 ± 0.03 ^{efg}	0.13 ± 0.01 ^{efg}	12.90 ± 1.21 ^d
	10–25 cm	4.51 ± 0.01 ^e	24.7 ± 0.10 ⁱ	81.21 ± 2.19 ^h	0.28 ± 0.04 ^h	0.09 ± 0.01 ^h	10.17 ± 0.45 ^{ef}
	25–40 cm	4.74 ± 0.02 ^{bc}	22.5 ± 0.36 ^j	56.78 ± 1.78 ⁱ	0.21 ± 0.06 ⁱ	0.10 ± 0.01 ^{gh}	9.22 ± 0.39 ^f

同一列数据中不同字母表示差异显著($p < 0.05$)。

Different letters within the same columns show significant difference at 0.05 level. TK, total potassium; TN, total nitrogen; TOC, total organic carbon; TP, total phosphorus.

pH值介于 $(4.32 \pm 0.03) - (4.88 \pm 0.05)$ 之间,表明该地区植被土壤为典型的南方酸性土壤。土壤平均含水率介于 $(22.5 \pm 0.36)\% - (39.3 \pm 0.35)\%$ 之间,表明土壤含水率普遍较高。不同海拔植被带土壤化学性质差异显著,其中TOC、TN、TP、TK的平均值呈现出相似的规律,即EBF > CF > DF > AM; 相同海拔不同深度土层也大致表现为0–10 cm > 10–25 cm > 25–40 cm,即随着土层深度的增加,土壤养分含量逐渐减少。

3.2 土壤微生物利用碳源的动力学特征

3.2.1 土壤微生物利用全部碳源变化特征

BIOLOG微平板板孔平均颜色变化率(AWCD)反映了土壤微生物利用单一碳源的能力,是土壤微生物活性及群落功能多样性的重要指标。计算不同海拔植被带土壤0–10 cm土层AWCD值的3次重复平均值,绘制AWCD随时间动态变化的曲线(图1A)。由图1A可知土壤微生物总体变化趋势为:随着培养时间的延长,土壤微生物利用碳源量逐渐增加。24 h内土壤微生物活性较低,24 h后AWCD值随时间增加而逐步增大,在72–96 h内增长速率最高,96 h后逐渐趋于缓慢变化。同理绘制10–25 cm、25–40 cm土层AWCD值随培养时间变化的趋势图(图1B、

1C),均呈现出与0–10 cm土层相似的变化规律。

从同一土层深度来看,不同海拔植被带的AWCD值表现了相似的变化规律,其值大小顺序依次为EBF > CF > DF > AM,其中EBF最高,AM最低。培养168 h后,各土层AWCD值均达到最大,3个深度土层EBF的AWCD值分别是AM的164.8%、178.7%和155.8%。对于相同海拔的土壤,不同深度土层的AWCD值差异也很明显。第168 h时,EBF类型0–10 cm土层的AWCD值分别是10–25 cm和25–40 cm土层的117.7%和183.6%,CF类型的两个比值分别为121.8%和179.2%;DF类型分别为116.2%和157.9%;AM类型分别为127.6%和173.7%。由此可见,同一海拔植被带土壤AWCD值总体趋势依次为0–10 cm > 10–25 cm > 25–40 cm。

3.2.2 土壤微生物对不同碳源利用强度的分析

按化学基团的性质将ECO板上的31种碳源分成6类:氨基酸类、碳水化合物类、羧酸类、聚合物、胺类、酚酸类。6类碳源均呈现出随着培养时间的延长,微生物利用碳源的量逐渐增加的趋势。将每类碳源的AWCD平均值制成表2。由表2可知,土壤微生物对不同种类碳源的利用强度存在较大差异。以0–10 cm土层为例,不同海拔植被带土壤微生物

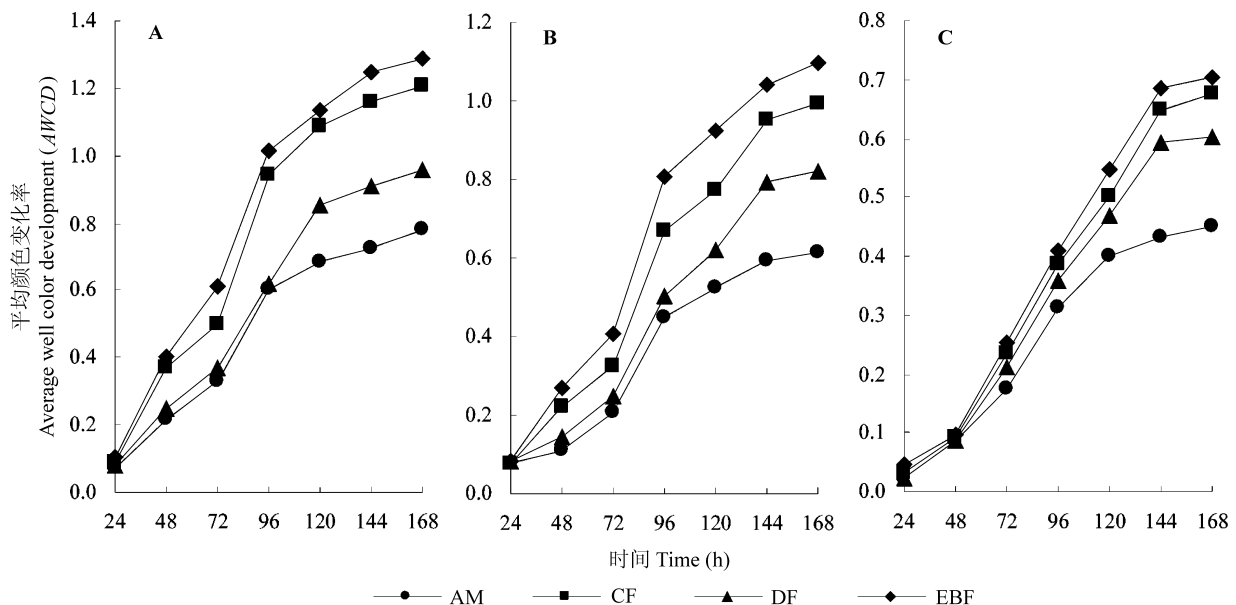


图1 不同植被带和土壤深度(A, 0–10 cm土层; B, 10–25 cm土层; C, 25–40 cm土层)土壤微生物群落的平均颜色变化率随时间的变化。AM, 高山草甸; CF, 针叶林; DF, 亚高山矮林; EBF, 常绿阔叶林。

Fig. 1 Changes of soil average well color development of soil microbe community with time in different vegetation belts and soil depths (A, 0–10 cm soil layer; B, 10–25 cm soil layer; C, 25–40 cm soil layer). AM, alpine meadow; CF, coniferous forest; DF, dwarf forest; EBF, evergreen broad-leaved forest.

对6种不同碳源的利用率表现大致相同, 即EBF > CF > DF > AM, 其中EBF利用率最高, AM利用率最低, EBF对氨基酸类、碳水化合物类、羧酸类、聚合物、胺类、酚酸类碳源的利用率分别为AM的155.81%、146.43%、130.61%、154.05%、161.54%和131.14%。10–25 cm和25–40 cm土层表现出与0–10 cm土层相似的规律。总体而言, 碳水化合物和羧酸类碳源是各植被带土壤微生物的主要碳源, 其次为氨基酸类、酚酸类和聚合物类, 胺类碳源的利用率最小。

对于相同海拔植被带, 不同深度土层的土壤微生物对不同碳源的利用率差异也很明显, 大致趋势表现为0–10 cm土层 > 10–25 cm土层 > 25–40 cm土层。其中, EBF类型0–10 cm土层对氨基酸类、碳水化合物类、羧酸类、聚合物、胺类、酚酸类碳源的利用率分别比25–40 cm土层高出36.7%、25.5%、

54.2%、50.0%、61.5%、27.5%; CF类型分别高出55.2%、35.4%、28.5%、64.3%、66.7%和25.9%; DF类型分别高出62.5%、36.2%、42.5%、55.1%、87.5%和40.4%; AM类型分别高出72.0%、44.8%、53.1%、60.8%、160.0%和64.7%。

3.3 土壤微生物群落功能多样性指数分析

群落多样性指数可用来指示土壤微生物群落利用碳源的程度(邵元元等, 2011)。根据培养第96 h时的AWCD值计算土壤微生物群落的Simpson指数、Shannon-Wiener指数、丰富度指数和McIntosh指数(表3)。结果表明, 武夷山不同海拔植被带土壤微生物群落功能多样性用不同指数表示时存在一定差异。Simpson指数可反映群落中最常见物种, 该值大小顺序是EBF > CF > DF > AM, 表明某些优势菌的生长随着海拔高度的上升而增加。Shannon-Wiener指数反映了微生物群落物种变化度和差异度, 较高

表2 不同海拔梯度植被带土壤微生物群落对碳源的利用

Table 2 Carbon source utilization by soil microbial community in different vegetation belts along an elevation gradient

植被类型 Vegetation type	土壤深度 Soil depth	氨基酸类 Amino acid	碳水化合物类 Carbohydrate	羧酸类 Carboxylic acid	聚合物类 Polymer	胺类 Amine	酚酸类 Phenolic acid
常绿阔叶林 Evergreen broad-leaved forest (EBF)	0–10 cm	0.67 ± 0.04 ^a	1.23 ± 0.07 ^a	1.28 ± 0.04 ^a	0.57 ± 0.01 ^a	0.21 ± 0.03 ^a	0.74 ± 0.12 ^a
	10–25 cm	0.60 ± 0.02 ^{ab}	1.19 ± 0.08 ^{ab}	1.02 ± 0.02 ^{bc}	0.50 ± 0.04 ^b	0.17 ± 0.03 ^{abc}	0.64 ± 0.08 ^{abcd}
	25–40 cm	0.49 ± 0.07 ^{de}	0.98 ± 0.11 ^{cd}	0.83 ± 0.07 ^{ef}	0.38 ± 0.03 ^d	0.13 ± 0.04 ^{cde}	0.58 ± 0.01 ^{bcd}
针叶林 Coniferous forest (CF)	0–10 cm	0.59 ± 0.04 ^{bc}	1.07 ± 0.05 ^{bc}	1.08 ± 0.05 ^b	0.46 ± 0.03 ^{bc}	0.20 ± 0.02 ^{ab}	0.68 ± 0.08 ^{ab}
	10–25 cm	0.48 ± 0.01 ^{fg}	0.86 ± 0.09 ^{def}	0.92 ± 0.07 ^{de}	0.37 ± 0.04 ^d	0.16 ± 0.04 ^{bcd}	0.62 ± 0.01 ^{bcd}
	25–40 cm	0.38 ± 0.02 ^{de}	0.79 ± 0.04 ^{efg}	0.84 ± 0.11 ^{ef}	0.28 ± 0.02 ^e	0.12 ± 0.03 ^{def}	0.54 ± 0.02 ^{df}
亚高山矮林 Dwarf forest (DF)	0–10 cm	0.52 ± 0.08 ^{cd}	0.94 ± 0.07 ^{cde}	1.04 ± 0.02 ^{bc}	0.45 ± 0.03 ^c	0.15 ± 0.02 ^{cd}	0.66 ± 0.03 ^{abc}
	10–25 cm	0.44 ± 0.06 ^{ef}	0.81 ± 0.11 ^{efg}	0.90 ± 0.04 ^{de}	0.31 ± 0.04 ^e	0.10 ± 0.01 ^{ef}	0.59 ± 0.09 ^{bcd}
	25–40 cm	0.32 ± 0.02 ^{gh}	0.69 ± 0.09 ^{gh}	0.73 ± 0.09 ^{gh}	0.29 ± 0.03 ^e	0.08 ± 0.01 ^{fg}	0.47 ± 0.05 ^{ef}
高山草甸 Alpine meadow (AM)	0–10 cm	0.43 ± 0.04 ^{ef}	0.84 ± 0.13 ^{defg}	0.98 ± 0.02 ^{cd}	0.37 ± 0.01 ^d	0.13 ± 0.01 ^{cde}	0.56 ± 0.06 ^{cde}
	10–25 cm	0.33 ± 0.01 ^g	0.73 ± 0.12 ^{fgh}	0.79 ± 0.03 ^{fg}	0.31 ± 0.01 ^e	0.08 ± 0.01 ^{fg}	0.44 ± 0.04 ^{fg}
	25–40 cm	0.25 ± 0.05 ^h	0.58 ± 0.11 ^h	0.64 ± 0.05 ^h	0.23 ± 0.01 ^f	0.05 ± 0.01 ^g	0.34 ± 0.06 ^g

同一列数据中不同字母表示差异显著($p < 0.05$)。

Different letters within the same columns show significant difference at 0.05 level.

表3 不同植被带的土壤微生物群落功能多样性指数

Table 3 Functional diversity indices for soil microbial communities of different vegetation belts

植被类型 Vegetation type	Simpson指数 Simpson index	Shannon-Wiener指数 Shannon-Wiener index	丰富度指数 Richness index	McIntosh指数 McIntosh index
EBF	0.969 ± 0.002 ^a	3.558 ± 0.011 ^a	18.67 ± 1.07 ^a	0.921 ± 0.013 ^a
CF	0.948 ± 0.002 ^b	3.396 ± 0.023 ^b	16.13 ± 0.96 ^b	0.868 ± 0.003 ^b
DF	0.942 ± 0.004 ^c	3.377 ± 0.032 ^b	15.58 ± 0.73 ^b	0.874 ± 0.004 ^b
AM	0.915 ± 0.003 ^d	3.096 ± 0.022 ^c	13.49 ± 1.12 ^c	0.859 ± 0.002 ^c

同一列数据中不同字母表示差异显著($p < 0.05$)。AM、CF、DF、EBF同表1。

Different letters within the same columns show significant difference at 0.05 level. AM, CF, DF, EBF are the same as in Table 1.

的Shannon-Wiener指数代表微生物种类多且分布均匀, 该值EBF最高, 表明EBF的土壤微生物群落种类最多且较均匀; CF和DF的Shannon-Wiener指数较为接近, 表明两者的土壤微生物种类差异不大。丰富度指数表示被利用的碳源数目多少, 该值EBF最高, 其平均值 \pm 标准偏差为(18.67 \pm 1.07), AM最低, 其平均值 \pm 标准偏差为(13.49 \pm 1.12)。McIntosh指数反映了碳源利用种类数的不同, 并能区分不同利用程度。EBF和CF的McIntosh指数明显高于DF和AM, 表明EBF和CF的土壤微生物种类较为丰富, 碳源利用程度较高, DF和AM的McIntosh指数较为接近。

4种多样性指数反映出武夷山不同海拔植被带土壤微生物群落功能多样性变化的总体趋势, 即EBF的土壤微生物群落功能多样性最优, 且各指标与其他海拔植被带具有显著差异; 其次为CF和DF, 两者各指标比较相近, 基本没有显著差异; AM的土壤微生物群落功能多样性最低。EBF的Simpson指数、Shannon-Wiener指数、丰富度指数和McIntosh指数分别比AM高出5.9%、15.9%、38.4%和5.9%。多样性指数分析结果表明, 武夷山土壤微生物群落功能多样性在一定程度上受不同海拔梯度的影响。

3.4 土壤微生物群落代谢功能主成分分析

利用培养96 h的AWCD值, 对不同海拔植被带土壤微生物利用单一碳源特性进行主成分分析。根据主成分提取原则(Jussila *et al.*, 2006), 提取与土壤微生物碳源利用功能多样性相关的两个主成分, 其累计贡献率达到91.41%。其中, 第1主成分(PC1)和第2主成分(PC2)依次可解释变量方差的75.27%和16.14%。因其他主成分贡献率较小, 故只分析PC1和PC2 (图2)。从图2可以看出, 培养96 h时, BEF的0–10 cm、10–25 cm、25–40 cm土层均位于PC1的负端, 得分系数在–3.18 – –4.37之间; CF的3个土层均位于PC1的正端, 得分系数在3.85–5.49之间; 另外, AM的3个土层均位于PC2的负端, 得分系数在–0.98 – –2.56之间。可见, PC1和PC2基本上能够区分不同海拔植被带土壤微生物的群落特征。进一步将主成分得分系数与单一碳源AWCD值做相关分析, 在31种碳源中与PC1相关的有18个, 其中13个呈正相关, 主要是碳水化合物类和羧酸类, 5个呈负相关, 主要是胺类和氨基酸类碳源。而与PC2相关的碳源有3个, 其中2个氨基酸类碳源呈负相关。可见在主成分分离中起主要贡献作用的是胺类和氨基酸类碳源。

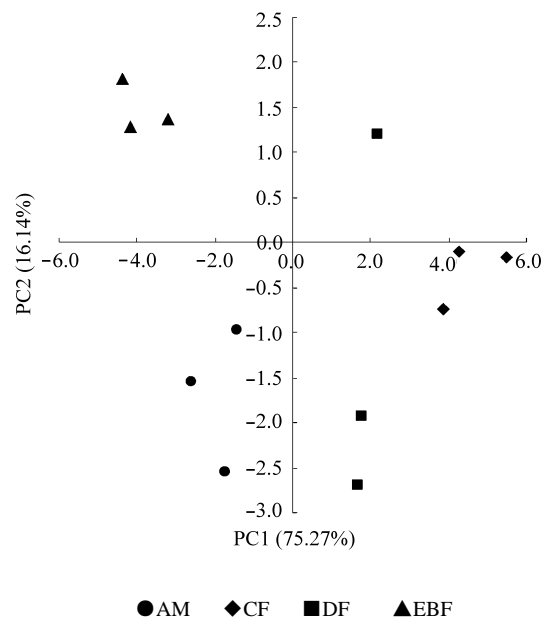


图2 不同海拔梯度植被带土壤微生物群落的碳代谢主成分(PC)分析。AM、CF、DF、EBF同表1。

Fig. 2 Principal component (PC) analysis for carbon metabolism of soil microbial communities in different vegetation belts along an elevation gradient. AM, CF, DF and EBF are the same as in Table 1.

3.5 土壤理化性质与微生物群落功能多样性相关性分析

土壤养分, 尤其是土壤有机质为土壤微生物的重要碳源和氮源。为探讨土壤养分与土壤微生物群落多样性之间的关系, 进行了土壤理化性质与微生物群落多样性相关性分析(表4)。结果表明, 土壤微生物群落功能多样性各指标与土壤pH之间存在负相关关系, 与土壤含水率、TOC、TN、TP、TK等呈正相关关系。其中, 4个多样性指标与土壤总有机碳、TN、TP之间的相关性均达到显著水平, 除McIntosh指数外的其他3个多样性指标与土壤含水率之间相关性显著, Simpson指数和丰富度指数与TK之间相关性显著。由此可见, 土壤理化性质与微生物群落功能多样性密切相关, 是造成不同海拔植被带土壤微生物群落多样性差异的重要原因。

4 结论和讨论

影响土壤微生物群落多样性的因素众多, 海拔是最重要的影响因素。本研究运用Biolog EcoPlate技术, 分析了武夷山不同海拔植被带土壤微生物群落多样性差异, 结果表明: 反映微生物活性及其功

表4 土壤理化性质与微生物群落功能多样性相关性分析

Table 4 Correlation analysis of soil physical-chemical properties and microbial community functional diversity

	pH	含水率 Water content (%)	总有机碳 TOC	全氮 TN	全磷 TP	全钾 TK
Simpson指数 Simpson index	-0.34	0.96*	0.99**	0.96**	0.99**	0.90*
Shannon-Wiener指数 Shannon-Wiener index	-0.25	0.98**	0.98**	0.92*	0.96**	0.84
丰富度指数 Richness index	-0.37	0.91*	0.96*	0.98**	1.00**	0.93*
McIntosh指数 McIntosh index	-0.26	0.72	0.97**	0.89*	0.91*	0.87

*, $p < 0.05$; **, $p < 0.01$. TK, total potassium; TN, total nitrogen; TOC, total organic carbon; TP, total phosphorus.

能多样性的AWCD表现为随着培养时间的延长, 利用碳源量逐渐增加, 但随着海拔的升高, 同一深度土层的AWCD值逐渐减小, 与黄元元等(2012)、郑雪芳等(2010)的研究结果相似。土壤微生物的Simpson指数、Shannon-Wiener指数、丰富度指数和McIntosh指数的总体趋势是EBF最高, CF和DF次之, AM最低。碳水化合物和羧酸类碳源是各植被带土壤微生物的主要碳源, 其次为氨基酸类、酚酸类和聚合物类, 胺类碳源的利用率最小。与碳源利用相关的PC1、PC2分别能解释变量方差的75.27%和16.14%, 在主成分分离中起主要贡献作用的是胺类和氨基酸类碳源。4个微生物群落多样性指数与土壤pH之间存在负相关关系, 与土壤含水率、TOC、TN、TP、TK等呈正相关关系, 且相关性达到显著水平。

土壤微生物群落多样性随着海拔上升而逐渐下降的根本原因, 可能是海拔梯度上升引起土壤养分含量下降, 从而间接影响土壤微生物群落多样性。Unger等(2010)认为, 亚热带森林普遍存在树高、生物量和生产力随着海拔上升而逐渐下降的现象, 并且生物多样性及叶面积也表现相同趋势。周桔和雷霆(2007)认为, 植被是土壤微生物赖以生存的营养物质和能量来源, 植被种类多样性与土壤微生物种类多样性呈显著正相关关系。Zou等(2005)的研究表明, 植被异质性可显著改变地下生物群落结构。武夷山国家自然保护区不同海拔形成不同森林群落类型, 具有明显的植物演替带谱, 导致生物量、林分凋落物存在较大差异。野外调查发现, 较低海拔的EBF群落植被多样性最为丰富, 林分凋落物数量也最多, 随着海拔的上升, CF和DF的植被多样性和林分凋落物逐渐减少, AM最少。植被多样性和林分凋落物的减少, 必然影响林下土壤理化性质, 尤其会降低土壤有机质的含量, 从而影响土壤微生物的种类和数量。本研究中, 不同海拔土壤理化性质

的测定结果也表明, 随着海拔的上升, 土壤TOC、TN、TP、TK等各养分指标均呈现下降趋势, 而微生物群落多样性与土壤各养分指标的相关系数均大于0.8, 其中Simpson指数与TOC、TN、TP, Shannon-Wiener指数与TOC、TP, 丰富度指数与TN、TP, McIntosh指数与TOC之间的相关性均达到极显著水平, 可见土壤养分含量随海拔梯度上升而递减, 是造成不同海拔土壤微生物群落多样性差异的重要原因。土壤微小动物、植物根系等其他因素随海拔升高也呈现规律性变化(金裕华等, 2011), 在一定程度上也影响土壤微生物群落多样性。此外, 相关研究表明, 季节变化对土壤微生物群落组成和数量也有显著影响(何容等, 2009b; 刘洋等, 2012)。季节变化导致光照、温度、水分等对植被生长有重要影响的自然条件随之变化, 其实质是引起土壤生态系统养分和碳循环的改变, 从而直接或间接影响土壤微生物群落结构(曹成有等, 2011)。由于本研究缺乏对各海拔梯度植被带季节动态的监测, 土壤微生物在季节动态上的变异机制还有待于进一步研究。土壤微生物群落多样性随土层深度的增加而递减, 其他研究者也报道了同样的递减模式(董立国等, 2011), 均认为土壤养分含量、土壤湿度等因子随土层深度变化而变化, 从而影响土壤微生物群落多样性。土壤表层为腐殖质层, 具有较多的凋落物, 土壤养分含量高, 通风性和水热条件良好, 十分有利于土壤微生物的生长, 因此不论是微生物数量或种类都最为丰富。随着土壤深度的增加, 土壤容重增大, 孔隙度减小, 营养成分持续下降, 植被根系分布逐渐减少, 土壤水、热、气等生态因子逐渐不适合土壤微生物生存和生长, 土壤微生物的正常活动受到了一定影响, 其种类和数量随着土层的加深逐渐降低。

土壤微生物是森林生态系统的重要组成部分,

研究其群落的结构和功能多样性,尤其是探讨植被多样性与土壤微生物多样性之间的相互影响,对于揭示微生物、环境、植物之间的关系意义重大。本研究发现,中亚热带森林生态系统土壤微生物群落多样性对海拔梯度的变化有明显响应,即随着海拔的上升以及土层的加深,土壤微生物群落多样性逐渐降低。影响土壤微生物群落多样性的因素很多(张仕艳等, 2010; Murphy *et al.*, 2011)。本研究仅利用 Biolog EcoPlate 技术分析武夷山自然保护区土壤微生物群落多样性随海拔高度的变化规律,取得了理想结果。然而, Biolog EcoPlate 技术只能表征土壤中快速生长的微生物或富营养的微生物活性,且只能对环境微生物群落进行比较和识别,以及分析群落活性与功能,无法直接获取微生物群落结构的详细信息。尽管 Biolog EcoPlate 技术存在一定的缺陷,但它仍然是研究土壤微生物代谢功能的一种快速有效方法。由于土壤微生物的复杂性和土壤中绝大多数微生物的不可培养性,必须结合其他群落结构分析方法开展土壤微生物群落功能类群研究。随着研究深入和技术改进,综合运用多种研究方法,如末端限制性片段长度多态性(T-RFLP)、磷脂脂肪酸(PLFA)、土壤蛋白质组学等分子生物学方法,将有助于进一步揭示中亚热带森林生态系统土壤微生物多样性与地上植被多样性之间的关系。

基金项目 教育部博士点基金项目(200803890-011)和福建省教育厅资助省属高校项目(JA12118)。

致谢 感谢林生、Kaloantsimo Sarah CHEN、沈荔花等在实验及论文撰写过程中给予的帮助。

参考文献

- Alexander M (1977). *Introduction to Soil Microbiology*. John Wiley and Sons, New York. 128–173.
- Cao CY, Chen JM, Shao JF, Cui ZB (2011). Seasonal dynamics of soil microbial biomass and enzyme activities in four sand-fixation plantations on Horqin sandy land. *Chinese Journal of Ecology*, 30, 227–233. (in Chinese with English abstract) [曹成有, 陈家模, 邵建飞, 崔振波 (2011). 科尔沁沙地四种固沙植物群落土壤微生物生物量及酶活性的季节动态. *生态学杂志*, 30, 227–233.]
- Dong LG, Jiang Q, Cai JJ, Zhang YR, Xu H, Li SB (2011). Analysis on functional diversity of edaphon communities in *Medicago sativa* fields of different growth years based on Biolog-ECO plates. *Arid Zone Research*, 28, 630–637. (in Chinese with English abstract) [董立国, 蒋齐, 蔡进军, 张源润, 许浩, 李生宝 (2011). 基于Biolog-ECO技术不同退耕年限苜蓿地土壤微生物功能多样性分析. *干旱区研究*, 28, 630–637.]
- Garland JL (1996). Analytical approaches to the characterization of samples of microbial communities using patterns of potential C source utilization. *Soil Biology & Biochemistry*, 28, 213–221.
- He R, Wang JS, Shi Z, Fang YH, Xu ZK, Quan W, Zhang ZX, Ruan HH (2009a). Variations of soil microbial biomass across four different plant communities along an elevation gradient in Wuyi Mountains, China. *Acta Ecologica Sinica*, 29, 5138–5144. (in Chinese with English abstract) [何容, 汪家社, 施政, 方燕鸿, 徐自坤, 权伟, 张增信, 阮宏华 (2009a). 武夷山植被带土壤微生物量沿海拔梯度的变化. *生态学报*, 29, 5138–5144.]
- He R, Wang GB, Wang JS, Xu BF, Wang JK, Fang YH, Shi Z, Ruan HH (2009b). Seasonal variation and its main affecting factors of soil microbial biomass under different vegetations along an elevation gradient in Wuyi Mountains of China. *Chinese Journal of Ecology*, 28, 394–399. (in Chinese with English abstract) [何容, 王国兵, 汪家社, 许波峰, 汪继科, 方燕鸿, 施政, 阮宏华 (2009b). 武夷山不同海拔植被土壤微生物量的季节动态及主要影响因素. *生态学杂志*, 28, 394–399.]
- Huang YY, Qu LY, Qu XC, Du SQ (2012). Soil microbial community characteristics under different vegetation types at the Holocene-basalt Platform, Jingpo Lake area, Northeast China. *Acta Ecologica Sinica*, 32, 2827–2836. (in Chinese with English abstract) [黄元元, 曲来叶, 曲秀春, 杜淑芹 (2012). 镜泊湖岩溶台地不同植被类型土壤微生物群落特征. *生态学报*, 32, 2827–2836.]
- Jin YH, Wang JS, Li LG, Ruan HH, Xu ZK, Han LY (2011). Soil enzyme activities in typical vegetation zones along an altitude gradient in Wuyi Mountains. *Chinese Journal of Ecology*, 30, 1955–1961. (in Chinese with English abstract) [金裕华, 汪家社, 李黎光, 阮宏华, 徐自坤, 韩凌云 (2011). 武夷山不同海拔典型植被带土壤酶活性特征. *生态学杂志*, 30, 1955–1961.]
- Jussila MM, Jurgens G, Lindström K, Suominen L (2006). Genetic diversity of culturable bacteria in oil-contaminated rhizosphere of *Galega orientalis*. *Environmental Pollution*, 139, 244–257.
- Li CG, Li XM, Wang JG (2006). Effect of soybean continuous cropping on bulk and rhizosphere soil microbial community function. *Acta Ecologica Sinica*, 26, 1144–1150. (in Chinese with English abstract) [李春格, 李晓鸣, 王敬国 (2006). 大豆连作对土体和根际微生物群落功能的影响. *生态学报*, 26, 1144–1150.]
- Li H, Chen GX, Zhang Y, Zhang CG (2004). Application of molecular biotechniques in the study on microbial diversity in polluted soils. *Acta Pedologica Sinica*, 41, 612–617. (in Chinese with English abstract) [李慧, 陈冠雄,

- 张颖, 张成刚 (2004). 分子生物学方法在污染土壤微生物多样性研究中的应用. *土壤学报*, 41, 612–617.]
- Lin DY (2004). *Pedology Experimental Guidance*. China Forestry Publishing House, Beijing. 121–152. (in Chinese) [林大仪 (2004). 土壤学实验指导. 中国林业出版社, 北京. 121–152.]
- Lin RY, Rong H, Zhou JJ, Yu CP, Ye CY, Chen LS, Lin WX (2007). Impact of rice seedling allelopathy on rhizospheric microbial populations and their functional diversities. *Acta Ecologica Sinica*, 27, 3644–3654. (in Chinese with English abstract) [林瑞余, 戎红, 周军建, 于翠平, 叶陈英, 陈良生, 林文雄 (2007). 苗期化感水稻对根际土壤微生物群落及其功能多样性的影响. *生态学报*, 27, 3644–3654.]
- Lin WX, Xiong J, Zhou JJ, Qiu L, Shen LH, Li ZF, Chen H, Hao HR, Chen T, Lin RY, He HB, Liang YY (2007). Research status and its perspective on the properties of rhizosphere biology mediated by allelopathic plants. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 15(4), 1–8. (in Chinese with English abstract) [林文雄, 熊君, 周军建, 邱龙, 沈荔花, 李振方, 陈慧, 郝慧荣, 陈婷, 林瑞余, 何海斌, 梁义元 (2007). 化感植物根际生物学特性研究现状与展望. *中国生态农业学报*, 15(4), 1–8.]
- Liu W, Wang ST, Chen YX, Wu WX, Wang J (2011). Microbial diversity in rhizosphere soil of transgenic Bt rice based on the characterization of phospholipids fatty acids. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 22, 727–733. (in Chinese with English abstract) [刘微, 王树涛, 陈英旭, 吴伟祥, 王璟 (2011). 转Bt基因水稻根际土壤微生物多样性的磷脂脂肪酸(PLFAs)表征. *应用生态学报*, 22, 727–733.]
- Liu Y, Zhang J, Yan BG, Huang X, Xu ZF, Wu FZ (2012). Seasonal dynamics in soil microbial biomass carbon and nitrogen and microbial quantity in a forest-alpine tundra ecotone, Eastern Qinghai-Tibetan Plateau, China. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 36, 382–392. (in Chinese with English abstract) [刘洋, 张健, 闫帮国, 黄旭, 徐振锋, 吴福忠 (2012). 青藏高原东缘高山森林-苔原交错带土壤微生物生物量碳、氮和可培养微生物数量的季节动态. *植物生态学报*, 36, 382–392.]
- Luo XQ, Hao XH, Chen T, Deng CJ, Wu JS, Hu RG (2009). Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil. *Acta Ecologica Sinica*, 29, 740–748. (in Chinese with English abstract) [罗希茜, 郝晓晖, 陈涛, 邓婵娟, 吴金水, 胡荣桂 (2009). 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响. *生态学报*, 29, 740–748.]
- Ma KP, Liu YM (1994). Measurement of biotic community diversity I: α diversity (2). *Chinese Biodiversity*, 2, 231–239. (in Chinese with English abstract) [马克平, 刘玉明 (2012). 生物群落多样性的测定方法I: α 多样性的测度方法(下). *生物多样性*, 2, 231–239.]
- Murphy DV, Cookson WR, Braimbridge M, Marschner P, Jones DL, Stockdale EA, Abbott LK (2011). Relationships between soil organic matter and the soil microbial biomass (size, functional diversity, and community structure) in crop and pasture systems in a semi-arid environment. *Soil Research*, 49, 582–594.
- Shao YY, Wang ZY, Zou L, Wu SP (2011). Effect of chlorothalonil on soil microbial communities of *Larix* artificial shelter-forest. *Acta Ecologica Sinica*, 31, 819–829. (in Chinese with English abstract) [邵元元, 王志英, 邹莉, 吴韶平 (2011). 百菌清对落叶松人工防护林土壤微生物群落的影响. *生态学报*, 31, 819–829.]
- Shi P, Gao Q, Wang SP, Zhang Y (2010). Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity. *Acta Ecologica Sinica*, 30, 6173–6182. (in Chinese with English abstract) [时鹏, 高强, 王淑平, 张妍 (2010). 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响. *生态学报*, 30, 6173–6182.]
- Unger M, Leuschner C, Homeier J (2010). Variability of indices of macronutrient availability in soils at different spatial scales along an elevation transect in tropical moist forests. *Plant and Soil*, 336, 443–458.
- Wang CT, Long RJ, Wang GX, Liu W, Wang QL, Zhang L, Wu PF (2010). Relationship between plant communities, character, soil physical and chemical properties, and soil microbiology in alpine meadows. *Pratacultural Science*, 19(6), 25–34. (in Chinese with English abstract) [王长庭, 龙瑞军, 王根绪, 刘伟, 王启兰, 张莉, 吴鹏飞 (2010). 高寒草甸群落地表植被特征与土壤理化性状、土壤微生物之间的相关性研究. *草业科学*, 19(6), 25–34.]
- Yang XT, Ning GH, Dong HY, Li Y (2006). Soil microbial characters under different vegetation communities in Taihang Mountain Area. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 17, 1761–1764. (in Chinese with English abstract) [杨喜田, 宁国华, 董惠英, 李有 (2006). 太行山区不同植被群落土壤微生物学特征变化. *应用生态学报*, 17, 1761–1764.]
- Ye F, Song CJ, Tao J, Li CL (2010). Effects of planting transgenic cotton on functional diversity of rhizosphere soil microbial community. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 21, 386–390. (in Chinese with English abstract) [叶飞, 宋存江, 陶剑, 李长林 (2010). 转基因棉花种植对根际土壤微生物群落功能多样性的影响. *应用生态学报*, 21, 386–390.]
- Zhang SY, Yuan HH, Lu M, Jiang CF, Xiang SM (2010). The soil enzyme activities of different land use types and the relationships between the soil enzyme activities and physical chemical properties or microorganism in

- mountainous area of northwest Yunnan Province. *Sub-tropical Soil and Water Conservation*, 22, 13–16. (in Chinese with English abstract) [张仕艳, 原海红, 陆梅, 蒋翠芬, 向仕敏 (2010). 滇西北不同利用类型土壤酶活性及其与理化性质与微生物的关系. 亚热带水土保持, 22, 13–16.]
- Zhang WT, Lai HX, Wang YP, Zhang H, Yang T, Lü JL (2008). Microbial populations in different vegetations in sloping field on the Loess Plateau. *Acta Ecologica Sinica*, 28, 4228–4234. (in Chinese with English abstract) [张文婷, 来航线, 王延平, 张海, 杨婷, 吕家珑 (2008). 黄土高原不同植被坡地土壤微生物区系特征. 生态学报, 28, 4228–4234.]
- Zhang X, Zhao X, Zhang M (2012). Functional diversity changes of microbial communities along a soil aquifer for reclaimed water recharge. *FEMS Microbiology Ecology*, 80, 9–18.
- Zheng H, Ouyang ZY, Wang XK, Fang ZG, Zhao TQ, Miao H (2004). Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 15, 2019–2024. (in Chinese with English abstract) [郑华, 欧阳志云, 王效科, 方治国, 赵同谦, 苗鸿 (2004). 不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响. 应用生态学报, 15, 2019–2024.]
- Zheng H, Ouyang ZY, Wang XK, Fang ZG, Zhao TQ, Miao H (2005). Effects of regenerating forest over on soil microbial communities: a case study in hilly red soil region, Southern China. *Forest Ecology and Management*, 217, 244–254.
- Zheng XF, Su YK, Liu B, Lan JL, Yang SS, Lin YZ (2010). Microbial community diversity in tea root zone soils at different elevations. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 18, 866–871. (in Chinese with English abstract) [郑雪芳, 苏远科, 刘波, 蓝江林, 杨述省, 林营志 (2010). 不同海拔茶树根系土壤微生物群落多样性分析. 中国生态农业学报, 18, 866–871.]
- Zhou J, Lei T (2007). Review and prospects on methodology and affecting factors of soil microbial diversity. *Biodiversity Science*, 15, 306–311. (in Chinese with English abstract) [周桔, 雷霆 (2007). 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望. 生物多样性, 15, 306–311.]
- Zhou LL, Yao B, Xiang YZ, Shang H, Wei XW, Liu F (2010). Growth and microbial community characteristics in the rhizosphere of poplar in respond to pentachlorophenol stress. *Scientia Silvae Sinicae*, 46(10), 62–68. (in Chinese with English abstract) [周玲莉, 姚斌, 向仰州, 尚鹤, 韦秀文, 刘方 (2010). 五氯酚胁迫对杨树生长及根际微生物群落的响应特征. 林业科学, 46(10), 62–68.]
- Zou XM, Ruan HH, Fu Y, Yang XD, Sha LQ (2005). Estimating soil labile organic carbon and potential turnover rates using a sequential fumigation-incubation procedure. *Soil Biology & Biochemistry*, 37, 1923–1928.

责任编辑: 郭良栋 责任编辑: 王 葳