

外来种湿地松凋落物对土壤微生物群落结构和功能的影响

陈法霖¹, 郑 华^{1,*}, 阳柏苏², 欧阳志云¹, 张 凯¹, 屠乃美³

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

2. 湖南第一师范学院, 长沙 410205; 3. 湖南农业大学, 长沙 410128)

摘要:通过凋落物袋+小盆模拟试验研究,分两个时期(分解5个月和18个月)比较了外来种湿地松与本地种马尾松的凋落物对土壤微生物群落结构(磷脂脂肪酸)和功能(碳代谢)的影响,结果表明:(1)外来种湿地松凋落物的C:N高于本地种马尾松;(2)两个时期,湿地松凋落物处理土壤细菌和放线菌的磷脂脂肪酸含量均低于马尾松,18个月时湿地松凋落物处理土壤真菌含量和群落真菌/细菌显著高于马尾松处理;(3)湿地松凋落物影响下土壤微生物群落功能多样性显著低于马尾松;(4)土壤微生物群落的结构显著影响微生物的活性和功能多样性:土壤微生物群落碳源代谢的强度、多样性及丰富度与细菌磷脂脂肪酸含量呈极显著正相关,细菌特征脂肪酸14:0、15:0、16:0、16:1 ω 7c、17:0和cy19:0的含量显著影响土壤微生物群落碳代谢功能。上述结果表明:与本地种马尾松相比,引进种湿地松的凋落物显著改变了土壤微生物群落结构,降低了微生物群落的功能。

关键词:湿地松;凋落物;土壤微生物群落;外来物种

Effects of exotic species slash pine (*Pinus elliottii*) litter on the structure and function of the soil microbial community

CHEN Falin¹, ZHENG Hua^{1,*}, YANG Bosu², OUYANG Zhiyun¹, ZHANG Kai¹, TU Naimei³

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

2 Hunan First Normal University, Changsha 410205, China

3 Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China

Abstract: Litters are the important component of forest ecosystem and play a key role in plant growth and ecosystem nutrient cycle. Soil microbial communities, as one of the driving factors of forest litter decomposition, can significantly influenced by forest litter composition. Understanding the responses of soil microbial communities to litters is of great significance to evaluate the influence of exotic species. We designed a simulation experiment with flowerpots to determine the impacts of exotic slash pine (*Pinus elliottii*) litter on the structure and function of soil microbial communities in comparison with the native masson pine (*Pinus massoniana*) litter at the Ecological Benefit Monitoring Station of the Yangtze River Protection Forest, which is located in Hengyang County of southern Hunan Province. The structure and function of soil microbial communities were determined by PLFA (phospholipid fatty acids) and BIOLOG (single carbon metabolism) methods, respectively at two stages (decomposition for 5 months and 18 months). The results showed that: (1) the initial carbon-nitrogen ratio of slash pine litters was significantly higher than that of native species masson pine. (2) Phospholipid fatty acids concentrations of soil bacteria and actinomycetes under the slash pine litter treatment was significantly lower than those under masson pine litter treatment at the two stages. And at the latter stage (decomposition for 18 months), the phospholipid fatty acids concentration of fungi and the fungi-bacteria ratio of soil microbial community under slash pine litter

基金项目:国家自然科学基金项目(40871130;30600474);湖南省自然科学基金项目(07jj3082)

收稿日期:2010-05-15; 修订日期:2010-10-18

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

treatment were significantly higher in comparison with masson pine litter treatment. (3) Microbial function diversity under the slash pine litter treatment was significantly lower than that of masson pine litter treatment; the carbon metabolic intensity, richness and diversity of soil microbial communities under the slash pine litter treatment were significantly lower than those under masson pine litter treatment at the early stages, and the carbon metabolic intensity and richness of soil microbial communities under the slash pine litter treatment also were significantly lower than those under masson pine litter treatment at the latter stages. (4) The structure of soil microbial community significantly affected its activity and functional diversity; The intensity and diversity of microbial carbon metabolism showed significantly positive correlations with bacterial phospholipid fatty acids. Characteristic phospholipid fatty acids concentrations of bacteria, 14: 0, 15: 0, a15: 0, i16: 0, 16: 1 ω 7c, a17: 0 and cy19: 0 significantly correlated with the intensity and diversity of microbial carbon metabolism. Our results suggested that slash pine litter significantly changed the structure and decreased the function of soil microbial communities in comparison with masson pine litter.

Key Words: *Pinus elliottii*; forest litter; soil microbial community; exotic species

外来种是指借助于自身力量或外界力量,传播到以往未曾分布过的区域,并且能进行后代繁衍的生物^[1]。外来种对生物多样性和生态系统功能的影响及其机制是生态学研究热点之一,而地下生态过程研究则是揭示其影响机制的难点。土壤微生物作为地下生态学的主要研究对象之一,在土壤物质转换、能量流动、营养元素的生物地球化学循环方面发挥着举足轻重的作用。植物-微生物的相互作用调控着土壤生态过程与土壤养分的可利用性^[2],探讨植物外来种对土壤微生物的影响,对于全面评价外来种的生态影响具有重要意义。

在我国植树造林过程中,为了强调人工林的经济效益,原产于美国的湿地松(*Pinus elliottii*)以其速生、适应性强、木材用途广和松脂产量高等特征成为我国亚热带地区大面积造林树种,遍布南方 11 个省区^[3]。国内已对它的生长发育规律、生物产量和养分循环、化感作用、林地土壤特征进行了研究^[3-5]。已有研究表明:湿地松会导致生物多样性降低和土壤理化性状恶化,对土壤微生物的功能多样性造成一定影响^[6-10]。受土壤生态系统复杂性和实验手段的限制,湿地松对地下微生物群落影响的研究十分缺乏,致使对其影响的预测能力仍十分有限。

本研究以外来种湿地松为对象,主要目的在于明确其凋落物是否导致土壤微生物群落结构和功能的变化,对于明确外来种潜在的生态效应、全面科学的评价外来种湿地松的生态影响具有重要的理论与实践意义。主要回答以下两个问题:(1)引进种湿地松的凋落物对土壤微生物群落是否造成影响?在土壤微生物群落结构和功能方面将造成哪些影响?(2)引进种湿地松的凋落物诱导下,土壤微生物群落结构和功能存在怎样的联系?

1 材料与方法

1.1 试验点概况

本研究的研究场所选在湘南红壤丘陵区国家长江防护林生态效应监测站,位于湖南省衡阳县栏垌乡长冲村小流域,地处 27°05′N, 112°18′E,属亚热带季风湿润性气候,海拔 86—147m,属典型的红壤低丘岗地,母岩为砂页岩,土壤为红壤,pH 值 4—5。该区域植被类型属亚热带常绿阔叶林和针叶林,目前主要是马尾松(*Pinus massoniana*)、湿地松(*Pinus elliottii*)等人工林及马尾松和壳斗科(*Fagaceae*)阔叶树种混交的天然次生林^[11]。

1.2 试验设计

本研究采用小盆模拟+凋落物袋的方法。选取林边小气象观测站边上 10 m × 10 m 大小空地模拟林内环境搭建大棚,大棚用遮光率 85 % 的遮阳网覆盖,大棚内置直径 30 cm、深度 20 cm 塑料小盆若干,小盆埋于土中,挖取林边空地 0—40cm 土层的土壤,去除土壤中原有的植物碎屑、死根等其他杂质,弄碎混匀移至小盆

中,各小盆内的供试土壤性质基本一致,供试土壤性质如表 1(实验方法参考土壤农化分析^[1])。

本研究所选凋落物为当地典型针叶树种湿地松(引进种,*Pinus elliotti*, Slash pine, SP) 和马尾松(本地种, *Pinus massoniana*, Masson pine, MP) 的叶凋落物,为 2006 年底收集的新近凋落叶。凋落物袋所选尼龙网袋大小为 25 cm × 30 cm,网孔为 1 mm²。称取各凋落叶 20 g(风干重) 分别装入网袋,每种 45 袋,共 90 袋,所有凋落物袋完全随机放置于各小盆内土壤表面,另设表面不添加凋落物小盆 45 盆为对照(CK)。

表 1 供试土壤性质(平均值 ± 标准差, $n = 7$)

Table 1 Properties of experimental soils (means ± SD, $n = 7$)

土壤有机碳 Soil organic C /(g/kg)	总氮 Total N /(g/kg)	总磷 Total P /(mg/kg)	总钾 Total K /(g/kg)	碱解氮 Available N /(mg/kg)	速效磷 Available P /(mg/kg)	速效钾 Available K /(mg/kg)	酸碱度 pH (H ₂ O)
8.9 ± 1.1	0.6 ± 0.1	73.2 ± 11.6	16.1 ± 0.9	28.7 ± 6.5	0.4 ± 0.1	21.7 ± 4.3	4.3 ± 0.1

凋落叶网袋于 2007 年 4 月中旬投放到样地大棚内,分别于凋落物放置 5 个月和 18 个月 after 凋落袋下面土壤装入聚乙烯自封袋中于 4℃ 条件下运回实验室。随机取各凋落物袋 3 袋,同时取凋落物袋下面表层土壤,另取 3 盆不添加凋落物对照的表层土壤适量,土壤装入聚乙烯自封袋中于 4℃ 条件下运回实验室。

1.3 凋落物初始 C、N

凋落物初始 C、N 的含量用德国 Elementar 公司生产的 Vario III 分析仪测定。

1.4 微生物生物量 C

微生物生物量 C 采用氯仿熏蒸-K₂SO₄浸提-仪器分析法进行测定^[2],所用仪器为德国 Elementar 公司生产的 Liqui TOC II 分析仪。实验在取样后 24h 内进行。

1.5 BIOLOG 微平板培养

微生物群落功能应用 BIOLOG 微生物自动分析系统进行测定^[3]。BIOLOG 实验在取样后 48h 内进行。相当于 10 g 干重的鲜土外加 90 mL 无菌的 0.85% NaCl(质量比)溶液在摇床上振荡 30min,然后将土壤样品稀释至 10⁻³,再用移液器从中取 125 μL 悬浮液接种至生态板(BIOLOG-ECO PLATE)的每一个孔中,将接种好的板放置于 25℃ 恒温培养 10 d,每 12 h 于波长为 595nm 处的 BIOLOG 仪上读 1 次数。

孔的平均颜色变化率(Average well colour development, AWCD) 计算方法^[3]如下:

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

式中, C 为每个有培养基孔的光密度值, R 为对照孔(A1)的光密度值, n 为培养基碳源种类, Eco 板 n 值为 31。

采用曲线整合方法^[4]估计碳源代谢强度:

$$\text{梯形面积} \quad S = \sum [v_i + v_{i-1}] / 2 \times (t_i + t_{i-1}) \quad (2)$$

式中, v_i 为 i 时刻的 AWCD 值。

本研究用培养 120h 后的数据来表征 BIOLOG 板中的微生物代谢功能多样性特征: 包括利用碳源的丰富度、香农多样性指数(Shannon index, H')。

香农多样性指数的计算公式为:

$$H' = - \sum P_i \ln P_i \quad (3)$$

式中, $P_i = n_i / N$, n_i 是第 i 种培养基的光密度值, N 为样品中所有培养基光密度值的总和; 利用碳源的丰富度以 $C-R > 0.25$ 的数据为准。

用单因子方差分析(ANOVA) 确定不同处理间土壤微生物群落碳代谢特征是否有显著差异。统计分析通过 SPSS 16.0 统计软件实现。

1.6 PLFA 图谱分析

土壤微生物磷脂脂肪酸的测定方法在 Frostegård^[5] 的方法上加以改进。PLFA 的命名采用以下原则^[5]: 以总碳数: 双键数和双键距离分子甲基末端位置命名, c 表示顺式(双键两侧氢键在同侧), t 表示反式(双键两侧氢键在异侧), a(甲基在甲基末端第 3 位碳原子上)和 i(甲基在甲基末端第 2 位碳原子上)分别表示支链的反异构和异构, 10Me 表示一个甲基团在距分子羧基端第 10 位碳原子上, 环丙烷脂肪酸用 cy 表示。

脂肪酸定量用峰面积和内标(19:0)曲线法。PLFA 含量用 nmol/g 表示。主要微生物类群的生物量通过以下 PLFA 的总量来估算: 细菌(14:0、15:0、a15:0、i16:0、16:1ω7c、a17:0、17:0、18:1ω7t、i18:0、cy19:0、i19:0)^[5]; 用 18:2ω6,9 与 18:1ω9c 的和来估算真菌的生物量^[6-7]; 用 10Me18:0 与 10Me19:0 的和来估算放线菌的生物量^[5]。

用单因子方差分析(ANOVA)确定不同处理间土壤微生物群落结构是否有显著差异。统计分析通过 SPSS 16.0 统计软件实现。

2 结果

2.1 凋落物初始碳氮比

外来种湿地松的凋落物, 其含碳量和木质素含量显著高于本地种马尾松的凋落物; 含氮量则显著低于马尾松; 湿地松凋落物的 C/N 和木质素/N 显著高于马尾松, 分别高达 109 和 95(表 2)。

表 2 供试凋落物性质(平均值 ± 标准差, n = 3)

Table 2 Properties of experimental litters (means ± SD, n = 3)

凋落物 Litter	C/%	N/%	木质素 Lignin/%	C/N	木质素/氮 Lignin/N
马尾松(MP)	52.84 ± 0.09	0.67 ± 0.01*	40.36 ± 0.44	78.64 ± 0.80	60.06 ± 0.66
湿地松(SP)	53.78 ± 0.13*	0.49 ± 0.02	46.92 ± 0.31*	109.07 ± 3.15*	95.16 ± 2.68*

* $P < 0.05$

2.2 磷脂脂肪酸组成

根据表 3, 凋落物分解 5 个月时, 与不添加凋落物土壤相比, 添加马尾松和湿地松凋落物的土壤微生物群落磷脂脂肪酸总量增加($P < 0.05$), 增幅分别为 31.9% 和 11.5%。土壤细菌脂肪酸含量从大到小依次为马尾松 > 湿地松 > CK($P < 0.05$), 马尾松和湿地松分别使细菌脂肪酸含量增加 54.6% 和 26.8%。两种凋落物处理土壤真菌、放线菌的磷脂脂肪酸含量以及群落真菌/细菌比例差异不大, 群落真菌含量和真菌/细菌比例都显著低于对照, 放线菌含量则显著高于对照($P < 0.05$)。

表 3 不同处理土壤细菌、真菌、放线菌磷脂脂肪酸含量及总量(平均值 ± 标准差, n = 3)

Table 3 Bacteria, fungi, actinomycetes and Total PLFAs in control and amended soils (means ± SD, n = 3)

时期 Phase	处理/Treatment	总量/(nmol/g) Total	细菌/(nmol/g) Bacteria	真菌/(nmol/g) Fungi	放线菌/(nmol/g) Actinomycetes	真菌/细菌 fungi/bacteria
5 个月 5 months	CK	19.65 ± 3.60 b	12.24 ± 1.97 c	3.69 ± 0.74 a	3.71 ± 0.90 b	0.30 ± 0.02 a
	马尾松(MP)	26.91 ± 1.22 a	18.91 ± 0.91 a	2.66 ± 0.12 b	5.33 ± 0.19 a	0.14 ± 0.001 b
	湿地松(SP)	23.21 ± 2.33 ab	15.52 ± 1.51 b	2.52 ± 0.28 b	5.17 ± 0.59 a	0.16 ± 0.01 b
18 个月 18 months	CK	29.42 ± 0.73 a	14.45 ± 0.15 b	11.17 ± 0.75 a	3.80 ± 0.13 ab	0.77 ± 0.06 a
	马尾松(MP)	25.21 ± 0.75 b	15.05 ± 0.33 a	6.02 ± 0.32 b	4.14 ± 0.23 a	0.40 ± 0.01 b
	湿地松(SP)	30.29 ± 0.19 a	14.51 ± 0.19 b	12.06 ± 0.13 a	3.71 ± 0.13 b	0.83 ± 0.002 a

同列不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

凋落物分解 18 个月时, 添加湿地松凋落物的土壤和对照(CK)土壤微生物群落的磷脂脂肪酸总量显著高于添加马尾松凋落物的土壤, 产生这种状况的原因主要是随着凋落物的分解进程, 土壤微生物群落真菌数量增加, 群落真菌/细菌比例上升, 根据表 3 可以看出: 分解 18 个月时, 湿地松处理和对照的土壤中真菌磷脂脂肪酸的含量和群落真菌/细菌比例显著高于马尾松处理, 虽然相对于 5 个月时, 马尾松处理土壤细菌和放线菌

的脂肪酸含量仍然显著高于湿地松和对照,但是湿地松处理和对照的土壤微生物群落真菌的磷脂脂肪酸含量分别增加了 3.79 倍和 2.03 倍,而马尾松的只增加了 1.26 倍;湿地松处理和对照的土壤微生物群落真菌与细菌的比例分别上升到了 0.83 和 0.77,而马尾松处理土壤微生物群落仍然以细菌占绝对优势,其真菌与细菌的比例只有 0.44。

2.3 碳代谢功能

用 BIOLOG 微平板培养法比较研究不同处理下土壤微生物群落碳代谢特征可以发现(表 4),凋落物分解 5 个月时,不管是培养 120h 后,微生物群落利用碳源的丰富度和多样性指数,还是整个培养时期内,微生物群落对 31 种碳源整体的代谢强度,在不同处理间表现出相同的规律,从高到低依次为:马尾松 > 湿地松 > CL ($P < 0.05$)。

表 4 土壤微生物利用碳源的强度、多样性及丰富度(平均值 $\pm$ 标准差, $n=3$)

Table 4 Carbon metabolic intensity, diversity and richness of soil microbial communities for different litters (means $\pm$ SD, $n=3$)

时期 Phase	处理 Treatment	代谢强度 Metabolic intensity	丰富度 Richness	Shannon 多样性指数 Shannon index
5 个月	CK	154.93 $\pm$ 9.38 c	20.33 $\pm$ 1.15 b	2.95 $\pm$ 0.06 b
5 months	马尾松(MP)	237.76 $\pm$ 7.78 a	27.00 $\pm$ 1.73 a	3.20 $\pm$ 0.03 a
	湿地松(SP)	196.34 $\pm$ 4.27 b	21.67 $\pm$ 1.15 b	2.99 $\pm$ 0.04 b
18 个月	CK	84.32 $\pm$ 4.26 b	8.67 $\pm$ 0.58 b	2.64 $\pm$ 0.04 ab
18 months	马尾松(MP)	131.69 $\pm$ 22.91 a	16.67 $\pm$ 1.53 a	2.86 $\pm$ 0.15 a
	湿地松(SP)	111.19 $\pm$ 6.44 ab	10.00 $\pm$ 5.29 b	2.51 $\pm$ 0.24 b

同列不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

分解至 18 个月时,湿地松凋落物处理的土壤微生物群落的丰富度和多样性指数依然都显著低于马尾松凋落物处理的土壤,碳代谢强度也略低于马尾松处理,此时湿地松凋落物处理的土壤微生物群落在代谢碳源的能力上(代谢强度、丰富度和多样性)与不添加凋落物的土壤微生物群落差异不显著。

2.4 土壤微生物细菌群落结构与碳代谢功能的关系

把碳源代谢强度、多样性及丰富度与反映土壤细菌群落结构的参数做相关分析发现:碳源代谢强度、多样性及丰富度与细菌磷脂脂肪酸含量极显著正相关($P < 0.01$);凋落物分解 5 个月时,细菌特征磷脂脂肪酸 14:0、15:0、a15:0、i16:0、16:1 ω 7c、a17:0 和 cy19:0 的含量显著影响土壤微生物群落碳源利用的强度、丰富度以及多样性;分解 18 个月时,影响土壤微生物群落碳源利用的强度、丰富度以及多样性的磷脂脂肪酸主要有 15:0、i16:0、a17:0 和 cy19:0 (表 5)。

表 5 土壤微生物群落碳代谢强度、多样性和丰富度与细菌群落结构参数的关系

Table 5 Correlation between carbon metabolic intensity, diversity and richness of soil microbial community and different bacterial structural parameters

结构参数 Structural parameters	碳代谢强度 Carbon metabolic intensity		多样性 Diversity		丰富度 Richness	
	5 个月	18 个月	5 个月	18 个月	5 个月	18 个月
	5 months	18 months	5 months	18 months	5 months	18 months
14:0	0.856 **		0.733 *		0.863 **	
15:0	0.975 **	0.672 *	0.888 **	0.788 *	0.950 **	
a15:0	0.990 **		0.874 **		0.917 **	
i16:0	0.836 **		0.795 *		0.960 **	0.687 *
16:1 ω 7c	0.947 **		0.853 **		0.901 **	
a17:0	0.926 **	0.902 **	0.846 **	0.906 **	0.991 **	
cy19:0	0.921 **		0.838 **	0.693 *	0.987 **	
细菌 PLFA	0.928 **	0.870 **	0.845 **	0.879 **	0.951 **	0.824 **

表格里的数字为相关系数; * $P < 0.05$; ** $P < 0.01$

3 结论与讨论

3.1 凋落物碳氮比

作为森林生态系统养分循环的重要环节,凋落物分解显著影响土壤养分的有效性、土壤理化性状、有机物的构成以及森林生态系统的生产力,凋落物养分组成的差异影响凋落物的分解速率^[9]。本研究发现虽然外来种湿地松和本地种马尾松同属松科松属,但是湿地松针叶中碳素和木质素的含量显著高于马尾松;含氮量则显著低于马尾松,湿地松针叶的 C/N 和木质素/N 显著高于马尾松(表 2)。凋落物 C/N 和木质素/N 是常见的凋落物质量指标,最能反映凋落物分解速率,通常 C/N 和木质素/N 低的凋落物分解较快^[20-21]。已有研究表明湿地松林地土壤养分的积累量低于马尾松林^[3],以上结果可以为此提供一部分解释。

3.2 微生物群落结构和功能

土壤微生物是凋落物的主要分解者,凋落物分解与土壤微生物群落结构和功能变化是相互影响、相互制约的过程,土壤微生物群落调控凋落物分解过程,凋落物则通过养分组成影响土壤微生物群落的丰度、组成和活性^[22]。

微生物生物量的 G/N 约为 10:1,当微生物分解有机物时,只有约 40% 的碳转化成微生物生物量,有 60% 的碳通过呼吸作用以 CO₂ 的形式返回到大气中^[2]。在 40% 生长效率的情况下,微生物需要 G/N 约为 25:1 的底物来满足他们的需氮量^[2],但是湿地松凋落物的 G/N 约却高达 109(表 2)。实际上,在微生物生长过程中,G/N 约总是变化的,细菌 G/N 约为 5—10,真菌为 8—15^[2],这也意味着相对于真菌,细菌每合成自身 1 个单位的碳需要更多的氮来产生生物量,而利用相同数量的底物,真菌能比细菌形成更多的生物量^[2]。所以本研究中外来种湿地松凋落物处理的土壤细菌显著低于马尾松。本研究中湿地松的凋落物中木质素的含量显著高于马尾松的凋落物,随着凋落物分解的进程,凋落物分解至 18 个月时,微生物可利用碳源的数量和质量都下降,而真菌具有一套丰富的酶系统,既能分解像碳水化合物和蛋白质这样简单易分解的化合物、也能分解像纤维素和木质素这样难分解的复杂化合物^[21],湿地松凋落物处理的土壤微生物群落真菌含量显著高于马尾松凋落物处理,虽然相对于分解 5 个月时两种凋落物处理的土壤微生物群落真菌的磷脂脂肪酸含量都有所上升,但是湿地松处理的土壤微生物群落真菌与细菌的比例上升到了 0.83,而马尾松处理土壤微生物群落仍然以细菌占绝对优势,其真菌与细菌的比例只有 0.44(表 3)。

生态系统结构和功能的关系,一直是研究的重点:结构决定功能,功能反作用于结构。组成结构不同的群落对生态系统进程的影响不一样,因为不同的微生物对土壤进程的影响不一样,由于功能的差异,每一种微生物都有特殊的方式影响凋落物的碎裂或硝化作用,再者,不同的微生物对某些特定进程的影响有强度的差异,而这些不同又会导致物种间的相互影响,相互促进或者相互抑制^[23]。本研究用 PLFA 和 BIOLOG 方法分别研究了土壤微生物的群落结构和功能,两种方法得到一致的结果:在立地条件基本一致的前提下,本地种马尾松凋落物影响下土壤微生物群落的细菌含量显著高于外来种湿地松,群落碳代谢的强度、丰富度和多样性也显著高于湿地松凋落物影响下的土壤微生物群落。相关分析也表明,土壤微生物群落碳代谢的强度、多样性及丰富度与细菌磷脂脂肪酸含量呈极显著正相关关系,特别是细菌特征脂肪酸 14:0、15:0、a15:0、i16:0、16:1 ω 7c、a17:0 和 cy19:0 的含量显著影响土壤微生物群落碳源利用的强度、丰富度以及多样性(表 4)。以上也说明物种间功能的差异程度控制生态进程,群落中特殊物种对功能差异度的贡献也许是生物多样性提高生态进程速率的一个重要原因^[24]。

养分有效性(例如凋落物 C、N、木质素含量)的差异决定了微生物的需求、活力并最终决定由微生物决定的进程(例如 C、N 循环)^[23]。本研究中,不同的底物(本研究中为不同 C/N、木质素/N 的凋落物)导致土壤微生物群落结构发生变化(反映在磷脂脂肪酸组成的变化上),微生物群落结构的变化,致使代谢强度相应发生变化(表 4),进而将影响生态系统的 C 循环速率。可见,优化凋落物 C/N 比,不仅对于通过提高凋落物分解速率改善土壤肥力具有重要意义^[9,24-26],而且能改变土壤微生物群落的结构,改善土壤微生物群落的功能(表 3 和表 4)。然而,凋落物具体如何影响土壤微生物群落的结构和功能,凋落物诱导下土壤微生物群落结

构与功能又存在怎样的反馈机制,这还有待进一步研究,如:除了 C/N、木质素/N 以外,土壤微生物群落结构如何响应凋落物的其他指标,土壤微生物哪些关键类群及其多样性决定了土壤微生物群落的功能,等等。

研究表明:与本地种马尾松相比,引进种湿地松的凋落物显著改变了土壤微生物群落结构,降低了微生物群落的功能,且二者显著相关。植物外来种在生态系统内和生态系统间的生态功能价值是复杂的、不同的。在复杂的森林生态系统内,影响土壤微生物的因素很多,凋落物仅仅是其中的一个重要方面。本研究采取模拟试验的方法,初步探讨外来种湿地松凋落物分解与地下土壤微生物的相互作用关系,结果只在特定条件下具有统计学意义。对于外来种与土壤微生物群落在更大尺度上的相互影响机制,还需要通过大量的试验来进一步证明。

References:

- [1] Xiang Y C, Peng S L, Zhou H C, Cai X A. The impacts of non-native species on biodiversity and its control. *Guihaia*, 2002, 22(5): 425-432.
- [2] Chapin F S III, Matson P A, Mooney H A. *Principles of Terrestrial Ecosystem Ecology*. New York: Springer, 2002.
- [3] Tian D L, Xiang W H, Yan W D. Comparison of biomass dynamic and nutrient cycling between *Pinus massoniana* plantation and *Pinus elliottii* plantation. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(10): 2207-2210.
- [4] Li F, Chen Y R. A study on the nutrient cycling of the mineral elements in the *Pinus elliottii* plantation. *Scientia Silvae Sinicae*, 1996, 32(4): 298-304.
- [5] Lin J, Zeng R S, Shi M B, Chen Z, Liang Z H. Allelopathic effects of *Eucalyptus urophylla* and *Pinus elliottii* on *Pisolithus tinctorius*. *Journal of South China Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2003, 24(2): 48-50.
- [6] Wang Q M, Shi Y G. A preliminary study on the biomass and production of slash pine plantation in Jiangsu province. *Acta Phytocologica et Geobotanica Sinica*, 1990, 14(1): 1-12.
- [7] Xue L, Wu M, Xu Y, Li Y, Qu M. Soil nutrients and microorganisms in soils of typical plantations in south China. *Acta Pedologica Sinica*, 2005, 42(6): 1017-1023.
- [8] Zheng H, Ouyang Z Y, Wang X K, Fang Z G, Zhao T Q, Miao H. Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(11): 2019-2024.
- [9] Peng S L, Xiang Y C. The invasion of exotic plants and effects of ecosystems. *Acta Ecologica Sinica*, 1999, 19(4): 560-568.
- [10] Zheng H, Chen F L, Ouyang Z Y, Fang Z G, Wang X K, Miao H. Utilization of different carbon sources types in biolog-GN microplates by soil microbial communities from four forest types. *Environmental Science*, 2007, 28(5): 1126-1130.
- [11] Bao S D. *Soil Agriculturalization Analysis*. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2005.
- [12] Wu J S, Lin Q M, Huang Q Y, Xiao H A. *Soil Microbial Biomass-methods and Application*. Beijing: Meteorological Press, 2006.
- [13] 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.
- [14] 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.
- [15] Frostegård Å, Bååth E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty-acid analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, 1993, 25(6): 723-730.
- [16] Frostegård Å, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. *Biology and Fertility of Soils*, 1996, 22(1/2): 59-65.
- [17] Bååth E. The use of neutral lipid fatty acids to indicate the physiological conditions of soil fungi. *Microbial Ecology*, 2003, 45(4): 373-383.
- [18] Frostegård Å, Tunlid A, Bååth E. Phospholipid fatty-acid composition, biomass, and activity of microbial communities from 2 soil types experimentally exposed to different heavy-metals. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, 59(11): 3605-3617.
- [19] Bragazza L, Siffi C, Iacumin P, Gerdel R. Mass loss and nutrient release during litter decay in peatland: the role of microbial adaptability to litter chemistry. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39(1): 257-267.
- [20] Polyakova O, Billor N. Impact of deciduous tree species on litterfall quality, decomposition rates and nutrient circulation in pine stands. *Forest Ecology and Management*, 2007, 253(1/3): 11-18.
- [21] Carlile M J, Watkinson S C, Gooday G W. *The Fungi*. 2nd ed. New York: Academic Press, 2001.
- [22] Heemsbergen D A, Berg M P, Loreau M, van Haj J R, Faber J H, Verhoef H A. Biodiversity effects on soil processes explained by interspecific functional dissimilarity. *Science*, 2004, 306(5698): 1019-1020.

- [23] Booth M S, Stark J M, Rastetter E. Controls on nitrogen cycling in terrestrial ecosystems: a synthetic analysis of literature data. *Ecological Monographs*, 2005, 75(2) : 139-157.
- [24] Hu Y L, Wang S L, Huang Y, Yu X J. Effects of litter chemistry on soil biological property and enzymatic activity. *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(10) : 2662-2668.
- [25] Lin K M, Zhang Z Q, Zou S Q, Cao G Q. The influence of chinese fir mixed with broad-leaf litter decomposition on character of forest soil. *Chinese Journal of Soil Science*, 2006, 37(2) : 258-262.
- [26] Lin K M, Zhang Z Q, Cao G Q, He Z M, Ma X Q. Decomposition characteristics and its nutrient dynamics of leaf litter mixtures of both Chinese fir and *Phoebe bournei*. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(8) : 2732-2738.

参考文献:

- [1] 向言词, 彭少麟, 周厚诚, 蔡锡安. 外来种对生物多样性的影响及其控制. *广西植物*, 2002, 22(5) : 425-432.
- [3] 田大伦, 项文化, 闫文德. 马尾松与湿地松人工林生物量动态及养分循环特征. *生态学报*, 2004, 24(10) : 2207-2210.
- [4] 李飞, 陈永瑞. 人工湿地松林矿质营养循环的研究. *林业科学*, 1996, 32(4) : 298-304.
- [5] 林捷, 曾任森, 石木标, 陈湛, 梁子恒. 尾叶桉和湿地松对彩色豆马勃的化感作用研究. *华南农业大学学报: 自然科学版*, 2003, 24(2) : 48-50.
- [6] 汪企明, 石有光. 江苏省湿地松人工林生物量的初步研究. *植物生态学与地植物学学报*, 1990, 14(1) : 1-12.
- [7] 薛立, 吴敏, 徐燕, 李燕, 屈明. 几个典型华南人工林土壤的养分状况和微生物特性研究. *土壤学报*, 2005, 42(6) : 1017-1023.
- [8] 郑华, 欧阳志云, 王效科, 方治国, 赵同谦, 苗鸿. 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*, 2004, 15(11) : 2019-2024.
- [9] 彭少麟, 向言词. 植物外来种入侵及其对生态系统的影响. *生态学报*, 1999, 19(4) : 560-568.
- [10] 郑华, 陈法霖, 欧阳志云, 方治国, 王效科, 苗鸿. 不同森林土壤微生物群落对 Biolog-GN 板碳源的利用. *环境科学*, 2007, 28(5) : 1126-1130.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析 (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2005.
- [12] 吴金水, 林后美, 黄巧云, 肖和艾. 土壤微生物生物量测定方法及其应用. 北京: 气象出版社, 2006.
- [24] 胡亚林, 汪思龙, 黄宇, 于小军. 凋落物化学组成对土壤微生物学性状及土壤酶活性的影响. *生态学报*, 2005, 25(10) : 2662-2668.
- [25] 林开敏, 章志琴, 邹双全, 曹光球. 杉木与阔叶树叶凋落物混合分解对土壤性质的影响. *土壤通报*, 2006, 37(2) : 258-262.
- [26] 林开敏, 章志琴, 曹光球, 何宗明, 马祥庆. 杉木与楠木叶凋落物混合分解及其养分动态. *生态学报*, 2006, 26(8) : 2732-2738.