

荒漠草原不同植被类型土壤微生物群落功能多样性

毕江涛^{1,2}, 贺达汉¹, 沙月霞³, 黄泽勇⁴

(1. 宁夏大学农学院, 宁夏 银川 750012; 2. 宁夏农业技术推广总站, 宁夏 银川 750001;

3. 宁夏农科院植保所, 宁夏 银川 750001; 4. 宁夏林业局生态保护中心, 宁夏 银川 750001)

摘 要: 利用 Biolog Ecoplate™ 技术通过对荒漠草原生态系统中沙米、白沙蒿、柠条、沙冬青和人工乔木林 5 种植被类型土壤微生物群落功能多样性分析, 以探讨不同植被类型对土壤微生物群落代谢功能多样性的影响。结果表明, 5 种植被类型土壤微生物群落代谢活性有显著的差异 ($P < 0.01$), 5 种植被类型土壤微生物群落利用碳源的种类也存在差异, 氨基酸类、羧酸类和糖类是其主要的碳源利用类型。在 Biolog ECO 板培养基接种培养 96 h 后, 5 种植被类型土壤微生物群落多样性显示, 物种丰富度指数 (R) 和均匀度指数 (H') 差异显著, Shannon 指数 (H') 差异不显著。

关键词: 植被类型; 微生物群落水平生理剖面; Biolog 生态板; 土壤微生物群落功能多样性

中图分类号: S 154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7601(2009) 05-0149-07

植被类型对土壤微生物群落结构、多样性及生态功能有着重要的影响^[1,2]。在生态恢复实践中, 随着对地下部分重要性认识的深入, 微生物在生态系统中的作用备受关注^[3~5]。研究发现, 土壤微生物因其丰富的多样性在生态系统中具有决定性影响, 它们通过分解土壤有机质、同化无机营养, 驱动土壤养分的循环, 并影响地面植物的生长发育和多样性^[6]。土壤微生物是土壤生态系统中极其重要和最为活跃的部分^[7], 在土壤养分循环、系统稳定性和抗干扰能力以及土壤可持续发展中占据主导地位^[8]。土壤微生物是由多个微生物种群组成的微生物群落, 其群落结构和多样性能够敏感地反映生态功能和环境变化, 是生态环境恢复的最先锋者, 受植被类型和多样性的影响, 对植物的生产力和多样性以及生态系统功能的发挥有着重要的作用^[9~13]。因此, 研究植被对土壤微生物群落的影响, 揭示土壤微生物对植被恢复的响应关系, 对选择合适的植被类型进行生态恢复和重建具有重要意义。

以 BIOLOG 微孔板碳源利用为基础的分析方法为表述微生物群落功能代谢多样性提供了一种简单快速的方法, 并得到了广泛应用^[13~17]。BIOLOG 法通过测试微生物对单一碳源利用程度, 反映微生物群落水平的生理剖面 (Community Level Physiological Profiles, CLPPs) 以及微生物群落功能多样性, 其依据的原理是 BIOLOG 代谢多样性类型的变化与微生物群落组成的变化相关^[18,19]。BIOLOG 生态板 (E-

coplates) 是有三个重复的 96 孔反应微平板, 至少有 9 种是植物根系分泌物的组分^[19], 适合于土壤微生物群落功能多样性研究。土壤微生物在微平板反应中, 其新陈代谢过程中产生的脱氢酶能降解四氮叠茂变成紫色, 根据每孔颜色变化程度可以反映土壤微生物对 31 种不同单一碳源的代谢能力。

Garland 等^[13]首次将这种方法应用于土壤微生物群落研究, 郑华^[20]等研究了中国南方红壤丘陵区退化生态系统土壤微生物多样性, 认为天然次生林土壤微生物群落多样性高于人工林和荒地, 自然恢复更有利于改善土壤微生物的结构和功能。姚槐应等^[3]在供试土壤为红壤的条件下, 分析了不同土地利用方式对微生物多样性的影响, 指出土地利用方式能显著影响微生物多样性, 其中茶叶园土壤微生物对各类碳源的利用能力均很低, 呈现出非常独特的微生物功能多样性。目前该方法已被有效地应用于评价不同植被类型和不同土壤管理措施以及污染对土壤微生物群落功能代谢多样性的影响^[21~23]。本研究采用 BIOLOG 方法探讨荒漠草原生态系统中不同植被类型对土壤微生物群落代谢功能多样性的影响, 为荒漠草原的退化治理提供微生物学依据。

1 研究区概况

试验设在宁夏灵武白芨滩国家级自然保护区, 保护区属荒漠类型生态系统, 分布有干旱沙地、荒漠草原和流动沙丘等。保护区气候干燥, 蒸发量强, 年

收稿日期: 2008-12-26

基金项目: 宁夏人事厅出国留学人员资助项目 (2006164); 国家自然科学基金项目 (30760045)

作者简介: 毕江涛 (1964—), 高级农艺师, 主要研究方向为草原保护和微生物生态及其环境基因组学。E-mail: jiangtaobi@hotmail.com。

通讯作者: 贺达汉, 教授, 博士生导师, 主要从事草业科学研究。E-mail: hedahan@126.com。

平均气温为 6.7℃~8.8℃,7 月最热,1 月最冷。 $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 年平均积温为3 334.8℃,无霜期年平均 154 d。该区降水以雨水为主,多年平均降水量 255.2 mm,尤以 7、8、9 月最多,平均占全年降水量的 61.6%。年平均蒸发量为2 862.2 mm,为降水量的 10.5 倍^[24]。保护区主要土壤类型是灰钙土和风沙土,其地带性土壤为灰钙土。灰钙土发育于暖温带荒漠草原黄土母质上,其母质来源于第四纪洪积冲积物,成土过程包括腐殖质积累过程与钙化过程。风沙土的母质是干旱与半干旱地区于沙性母质上形成的仅具 AC 层的幼年土,处于土壤发育的初级阶段。白芨滩国家自然保护区生态系统极其脆弱,保护区 77%的土地面积属荒漠化土地,地带性植被是荒漠草原,植被的恢复和保护是其可持续发展的重要任务。

2 材料与方法

2.1 样品采集

选择沙米群落(对照)、白沙蒿群落、柠条荒漠、沙冬青荒漠和人工乔木混交林五种植被类型,各植被群落优势种见表 1。采集优势种沙米、白沙蒿、柠条、沙冬青和人工乔木混交林地土壤样品,样地间土壤类型和地形等生态因子基本一致,土壤类型均为风沙土。在每一样地,按 5 点取样法随机取样,靠近优势种根基取土。各取样点分 0~15 cm、15~30 cm

和 30~45 cm 三层,除去地表可见的动植物残体,按 5 点挖 5 穴的土柱分别混匀为一土样,共采集土样 15 份。将取好的样品放入无菌的塑料袋内,带回实验室内过 2 mm 筛用于测定微生物群落功能多样性(只测定 0~15 cm 土层内的土壤样品),其它土壤样品经处理后备用。

2.2 仪器设备

Biolog ECO-plate™生态板购自 BIOLOG 公司(BIOLOG, Inc., CA, USA),采用 Microstation system (BIOLOG Inc., USA) 进行测定和数据读取。

2.3 BIOLOG 测定

试验采用有 31 种碳源的 Biolog ECOPlate™系统分析微生物群落的代谢特征,即代谢功能多样性(metabolic functional diversity)。ECO 板的接种液的制备采用 Classen 的方法^[23]。在超净工作台上称取 10 g 土样,放入 90 ml 已灭菌的 0.9% NaCl 生理盐水中,室温下在摇床上中速振荡 30 min,最终的稀释比例为 1:100。用 8 孔移液器向 ECO 板各孔中加入 150 μ l 稀释液,每个土样三次重复,将接种好的 ECO 板放在保湿的无菌塑料容器中,并放入 28℃的恒温培养箱中,分别于 24、48、72、96、120 h 和 144 h 测定波长为 590 nm 的光密度值,光密度值在 Biolog microstation 读数器上进行测定。在每个生态板上微生物群落活性用平均颜色变化率(Average well color development, AWCD)表达。

表 1 采样点信息

Table 1 Information on soil sampling location

植被类型 Types of vegetation	优势种 Dominant vegetation	经度 Longitude	纬度 Latitude	海拔(m) Elevation	恢复年限(a) Duration for restoration
沙米群落 Community of <i>Agriphyllum squarrosum</i>	沙米 <i>Agriphyllum squarrosum</i>	106°26'06.5"	37°55'28.3"	1233	10
白沙蒿群落 Community of <i>Artemisia sphaerocephala krasch</i>	白沙蒿 <i>Artemisia sphaerocephala krasch</i>	106°26'07.6"	37°55'27.6"	1240	10
柠条荒漠 Desert grassland of <i>Caragana korshinskii</i>	柠条 <i>Caragana korshinskii</i>	106°26'06.5"	37°55'28.3"	1174	10
沙冬青荒漠 Desert grassland of <i>Ammopianthus mongolicus</i>	沙冬青 <i>Ammopianthus mongolicus</i>	106°31'45.9"	37°57'21"	1384	10
人工乔木混交林 Artificial arbor mixed stands of <i>Rnaceae sylvestris</i> L. & <i>Robinia pseudoacacia</i> L.	樟子松和刺槐 <i>Rnaceae sylvestris</i> L. & <i>Robinia pseudoacacia</i> L.	106°44'18.3"	38°05'36.8"	1356	10

2.4 数据统计

Biolog 生态板中孔的平均颜色变化率(AWCD)计算方法如下^[13,26,27]: $AWCD = \sum(C - R) / n$,公式中 C 为每个碳源孔在 590 nm 的光密度值,R 为对照孔的光密度值,n 为培养基碳源种类数,生态板 n

为 31。培养基的丰富度(Richness)和多样性(Diversity)与植物生态学中的计算公式相同。丰富度指数指被利用的碳源的总数目,即颜色变化孔数,光密度值 0.25 是其颜色变化的最低阈值^[28]。多样性指数采用 Shannon-Weinner 指数(H'): $H' = -\sum(P_i \times$

$\ln P_i$), 式中 P_i 为第 i 孔的光密度值与对照孔的光密度值之差与微平板上所有孔的光密度总差的比值, 即 $P_i = (C - R) / \sum (C - R)$; 均匀度指数: $E_H = H' / \ln R$ 。

本研究采用 AWCD 值在 96 h 的数据计算 BIOLOG 板中微生物群落代谢类型, 即群落功能多样性, 此时 AWCD 值接近 0.6, 这样可以比较颜色变化率基本相同情况下 BIOLOG 板的碳源利用情况, 而不考虑接种密度带来的差异^[29,30], 同时又考虑到 AWCD 正向反应的最低阈值 0.25, 在最短的时间内各处理间达到较好的分辨率^[27]。主成分分析应用 SPSS(version 13.0 for Windows) 软件的数据 Reduction 程序。

3 结果与分析

3.1 土壤微生物群落总碳源利用的动力学特征

平均颜色变化率 (AWCD) 是反映土壤微生物群落代谢活性, 即利用单一碳源的能力的重要指标^[26,31]。由图 1 可知, AWCD 值随着培养时间的延长, 不同植被类型土壤微生物群落利用碳源量呈逐渐增加的趋势, 但土壤微生物群落的 AWCD 增长趋势不同。AWCD 在 24 h 之前均很小, 说明在 24 h 之内碳源基本未被利用; 育温 24 h 后 AWCD 出现了变化, 碳源开始被明显利用, 其中沙米和白沙蒿 AWCD 升高较快, 柠条、人工乔木混交林和沙冬青 AWCD 变化缓慢, 且相近。在育温至 72 h, 沙米和白沙蒿 AWCD 相近, 且明显高于柠条和人工乔木混交林, 沙冬青 AWCD 变化最小。经方差分析 (见表 2), 在培

养 24 h 后, 5 种植被类型土壤微生物群落代谢活性差异不显著, 48 h 后, 5 种植被类型之间土壤微生物群落代谢活性差异极显著。白沙蒿群落土壤微生物利用碳源总数在 72 h 后都显著地高于其它植被类型。随着培养时间的延长, 不同植被类型土壤微生物利用单一碳源的能力的大小顺序为: 白沙蒿 > 人工乔木混交林 > 柠条 > 沙米 > 沙冬青。白沙蒿 AWCD 最高, 表明白沙蒿群落土壤微生物群落代谢最快, 活性最强; 沙冬青荒漠土壤微生物代谢最慢, 活性最弱, 且低于沙米群落。

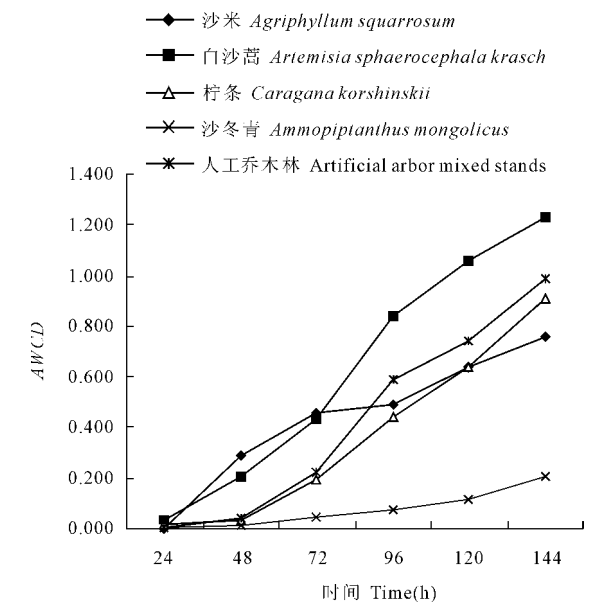


图 1 5 种植被类型土壤微生物群落总碳源利用动力学特征
Fig. 1 Total carbon utilization kinetic characteristics of soil microbial community under the 5 kinds of vegetation

表 2 5 种植被类型土壤微生物群落代谢活性差异
Table 2 Average metabolic response under the 5 kinds of vegetation

项目 Item	24h	48h	72h	96h	120h	144h
F	2.010	71.796	17.565	71.517	90.260	69.717
Sg	0.169	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

注: $P < 0.01$ 差异极显著

3.2 土壤微生物群落碳源利用类型的主成分分析

31 种碳源的测定结果形成了描述微生物群落代谢的多元向量, 不易直观比较, 因此将不同植被类型在 96 h 后测定的 31 种不同碳源 BIOLOG 盘中 A1 为对照) 的光密度值运用 SPSS 软件进行主成分分析 (Principal component analysis), 可以提供植被类型影响土壤微生物群落的信息, 能够解释隐含的存在于群落间的功能差异^[32]。对主成分的提取根据前几个主成分的特征值大于 1, 且累计贡献率高于某一

特定值, 一般采用 70% 的分量作为主成分, 以进一步确定引起这些差异的主要碳源^[33,34]。方差分解主成分提取分析 (Total variance explained) 表明 (见表 3), 特征值大于 1 的主成分有 7 个, 并且前 3 个主成分累计贡献率大于 70%。根据初始因子载荷矩阵得知第一主成分 (PC 1)、第二主成分 (PC 2) 和第三主成分 (PC 3) 分别占总变异的 32.93%、23.65%、13.43%。第一主成分、第二主成分和第三主成分是变异的主要来源, 相关碳源在 3 个主成分上的荷载

值,即相关系数见表 4(只取大于 0.5 的值)。

表 3 方差分解主成分提取分析
Table 3 Analysis of total variance explained

主成分 Principal component	初始特征值提取 Initial eigenvalues			载荷值平方和 Extraction sums of squared loadings		
	Total	Variance(%)	Cumulative(%)	Total	Variance(%)	Cumulative(%)
主成分 1PC 1	10.538	32.931	32.931	10.538	32.931	32.931
主成分 2PC 2	7.569	23.653	56.584	7.569	23.653	56.584
主成分 3PC 3	4.296	13.426	70.010	4.296	13.426	70.010

注:提取方法(Extraction method):主成分分析法(Principal component analysis)

表 4 BI OLOG—ECO 板上碳源在主成分上的载荷值
Table 4 Carbon substrates loaded on the principal components in analysis of BI OLOG ECO micro plate data

对应微孔 Well	碳源底物 Carbon substrate	主成分 1 PC 1	主成分 2 PC 2	主成分 3 PC 3
A 1	水 H ₂ O	—	—	—
A 2	β—甲基—D—葡萄糖苷 β—Methyl —D—Gucoside L	0.671	—	—
A 3	D—半乳糖酸—γ—内酯 D—Galactonic Acid —γ—Lactone	—	—	0.802
A 4	L—精氨酸 L—Arginine	0.588	—	—
B 1	丙酮酸甲酯 Pyruvic Acid Methyl Eester	0.771	—	—
B 2	D—木糖 D—Xylose	—	0.641	—
B 3	D—半乳糖醛酸 D—Galacturonic Acid	—	—	0.747
B 4	L—天门冬酰胺酸 L—Asparagine	0.651	—	—
C 1	吐温—40 Tween—40	0.660	—	—
C 2	i—赤藓糖醇 i—Erythritol	—	0.660	—
C 3	2—羟基苯甲酸 2—Hydroxy —Benzoic Acid	—	0.660	—
C 4	L—苯基丙胺酸 L—Phenylalanine	—	0.785	—
D 1	吐温—80 Tween—80	—	0.737	—
D 2	D—甘露醇 D—Mannitol	0.776	—	—
D 3	4—羟基苯甲酸 4—Hydroxy —Benzoic Acid	0.550	—	—
D 4	L—丝氨酸 L—serine	0.575	—	—
E 1	α—环糊精 α—Cyclodextrin	—	—	—
E 2	N—乙酰基—D—葡萄糖 A—Acetyl —D—Gucosamine	0.690	—	—
E 3	γ—羟基丁酸 γ—Hydroxybutyric Acid	—	—	0.759
E 4	L—苏氨酸 L—Threonine	0.696	—	—
F 1	糖原 Glycogen	—	0.594	—
F 2	D—葡萄糖胺酸 D—Gucosaminic Acid	—	—	—
F 3	衣康酸 Itaconic Acid	—	—	—
F 4	葡萄糖—L—谷氨酸 Glucose —L—Gutamic Acid	0.696	0.727	—
G 1	D—纤维二糖 D—Celluliose	0.635	—	—
G 2	葡萄糖—1—磷酸 Glucose —1—Phosphate	—	—	—
G 3	α—丁酮酸 α—Ketobutyric Acid	0.663	—	—
G 4	苯基乙胺 Phenylethylamine	0.550	—	—
H 1	α—D—乳糖 α—D—Lactose	—	0.634	—
H 2	D—L—α—磷酸甘油 D—L—α—Glycerol Phosphate	—	—	0.570
H 3	D—苹果酸 D—Malic Acid	—	0.622	—
H 4	腐胺 Putrescine	—	0.895	—

苯基乙胺、L-丝氨酸、D-甘露醇、N-乙酰基-D-葡萄糖胺、β-甲基-D-葡萄糖苷、丙酮酸甲酯、吐温-40、D-纤维二糖、4-羟基苯甲酸、α-丁酮酸;影响第二主成分(PC 2)的主要碳源是葡萄糖-L-谷氨酸、腐胺、L-苯基丙氨酸、D-苹果酸、2-羟基苯甲酸;一赤藓糖醇、糖原、α-D-乳糖、D-木糖、吐温-80;影响第三主成分(PC 3)的碳源种类是D-半乳糖胺-γ-内酯、γ-羟基丁酸、D-半乳糖醛酸、D,L-α-磷酸甘油;葡萄糖-L-谷氨酸对第一和第二主成分均有影响,其它碳源则是不被利用或共同利用。

第 1 主成分(PC 1)利用氨基酸类有 6 种,糖类有 4 种,羧酸类有 2 种,双亲化合物类有 1 种,聚合物有 1 种;第 2 主成分利用氨基酸类有 3 种,糖类有 4 种,羧酸类有 2 种,聚合物有 1 种;第 3 主成分利用羧酸类有 4 种。对主成分起分异作用的主要碳源类别分别是氨基酸类、糖类和羧酸类碳源,说明这 5 种植被类型土壤微生物群落利用碳源的效率存在差异,利用的主要碳源种类是这 8 种氨基酸类、8 种糖类和 8 种羧酸类化合物,共 24 种碳源。

3.3 土壤微生物群落多样性比较

培养基丰富度指数和多样性指数表明的是土壤微生物群落利用碳源类型的多与少,即代谢功能多样性^[34~39]。Shannon 多样性指数数值越大,表明土壤微生物群落功能多样性越高,反之,则多样性越低。Shannon 均匀度指数是通过 Shannon 多样性指数计算出来的均度,包含两个因素:一是种类数目,即丰富度;二是种类中个体分布的均匀度。种类数

目越多,多样性越大;同样,种类之间个体分配的均匀性增加也会使多样性提高。BI OLOG 生态板培养基接种后培养 96 h 后开始读数,计算丰富度指数(R)、Shannon 指数(H')和均匀度指数(E_H)(见表 5)。方差分析(ANOVA)结果显示,5 种植被类型中,白沙蒿和人工乔木混交林土壤微生物群落物种丰富度指数最高,均为 14;沙冬青荒漠土壤微生物群落物种丰富度指数最低,为 2;Shannon 指数沙米群落最高,为 0.390;柠条荒漠最低,为 0.273;均匀度指数沙冬青荒漠最高,为 0.453,柠条荒漠最低,为 0.110。该 5 种植被类型土壤微生物群落丰富度指数差异极显著($F=35.839, P=0.000<0.01$),均匀度指数差异极显著($F=18.136, P=0.000<0.01$),Shannon 指数差异不显著($F=1.044, P=0.432>0.05$)。由此可见,在本试验条件下,植物种类可显著影响土壤微生物的种群丰富度以及土壤微生物种群之间的个体分配情况,但土壤微生物群落 Shannon 多样性指数差异不显著,可能与干旱沙地土壤养分贫瘠、植被稀疏和覆盖度低有关。另外,从表 5 可以看出,丰富度指数关系和群落多样性指数关系稍有不同,白沙蒿群落和人工乔木混交林土壤微生物丰富度指数比沙米群落大,但是其 Shannon 多样性指数却小于沙米群落,这是因为微生物物种多样性指数不仅取决于微生物碳代谢数目,而且与每个孔中微生物代谢活性有密切的关系,这种情况与张海涵等^[37]在研究狼牙刺菌根根际微生物丰富度指数比刺槐大,但多样性指数小于刺槐情况相同。

表 5 土壤微生物群落多样性指数
Table 5 Soil microbial community diversity Index

植被类型 Types of vegetation	丰富度指数(R) Richness index	Shannon 指数(H') Shannon index	均匀度指数(E_H) Evenness index
沙米群落 Community of <i>Agriophyllum squarrosum</i>	11	0.390	0.163
白沙蒿群落 Community of <i>Artemisia sphaerocephala krasch</i>	14	0.362	0.137
柠条荒漠 Desert grassland of <i>Caragana korshinskii</i>	12	0.273	0.110
沙冬青荒漠 Desert grassland of <i>Ammodendron mongolicum</i>	2	0.314	0.453
人工乔木混交林 Artificial arbor mixed stands of <i>Rhacoma sylvestris</i> L. & <i>Robinia pseudoacacia</i> L.	14	0.361	0.137
<i>F</i>	35.839	1.044	18.136
<i>Sg.</i>	0.000	0.432	0.000

注: * $P<0.01$ 差异极显著

4 讨 论

Bdlog 实验中的平均颜色变化率(AWCD)基于微生物氧化不同碳源底物的能力,反映土壤微生物

群落活性,是利用碳源能力的重要指标,其中反映不同碳源利用的生理剖面,即微生物功能多样性成为土壤环境干扰和修复的敏感指标^[38~49]。Bdlog 代谢多样性的差异反映了微生物群落组成的变化。

本试验在气候和土壤条件基本一致的前提下,运用 Biolog 方法来比较 5 种植被类型对土壤微生物群落的影响。试验结果表明,无论在土壤微生物群落总碳源利用的动力学特征、碳源利用类型和功能多样性指数方面均存在一定的差异。导致这种差异的主要因素与植物种类组成、植物残体、根系分泌物和土壤物理性状和化学性质等生态因子有关^[41~43]。5 种植被类型中,白沙蒿群落土壤微生物培养过程中碳源利用平均颜色变化率(AWCD)增长最快、且最高,可能与该优势种植物具有发达的根系、分枝性强、营养枝生长时间长、内部贮水组织发达、枝叶富含各种氨基酸以及根系分泌物有关。人工乔木樟子松和刺槐混交林地土壤微生物碳源利用率变化较快,并高于柠条荒漠、沙米群落和沙冬青荒漠,可能与其特殊的生物学和生态学特点有关。樟子松、刺槐具有发达的根系、根系分泌物和凋落物以及抗寒、抗旱、形成菌根的特点,同时,刺槐根系具有根瘤,能够固氮,为土壤提供了较为丰富的有机碳,使得土壤微生物群落活性较高。在试验研究中,沙冬青荒漠土壤微生物群落活性和功能多样性指数较低,造成这种特异性差异的原因有待进一步研究。白沙蒿群落和人工乔木混交林不仅微生物种群丰富,而且碳源利用能力强,进一步说明其植被向土壤提供的碳源的数量和质量优于沙米群落、柠条荒漠和沙冬青荒漠。

土壤微生物群落由于其结构组成与功能上的多样性,已被用作评价退化生态系统中生物类群与功能恢复相关关系的指标^[44]。研究不同植被类型下的土壤微生物功能多样性,将为在荒漠草原生态系统中提高植物的促生抗逆作用机制提供依据,揭示荒漠生态系统“植物—土壤—微生物”三者之间的关系,充分发挥微生物在荒漠草原退化治理中的作用。

参考文献:

- [1] 杨官品, 男, 兰, 贾海波, 等. 土壤细菌遗传多样性及其与植被类型相关性的研究[J]. 遗传学报, 2000, 27(3): 278—282.
- [2] 姚槐应, 何振立, 黄昌勇. 不同土地利用方式对红壤微生物多样性的影响[J]. 水土保持学报, 2003, 17(2): 51—54.
- [3] 贺金生, 王政权, 方精云, 等. 全球变化地下生态系统的几个重要议题[J]. 科学通报, 2004, 49: 1226—1233.
- [4] Copley J. Ecology goes underground[J]. Nature, 2000, 406: 452—454.
- [5] Zhang H, Qiyang Z Y, Wang X K, et al. Effects of regenerating forest cover on soil microbial communities: A case study in hilly red soil region, Southern China[J]. Forest Ecology and Management, 2005, 217(2): 244—245.
- [6] Loranger, Mercieris G, Barthes Laure, Castine A, et al. Rapid effects of plant species diversity and identity on soil microbial communities in experimental grassland ecosystems[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2006, 38: 2336—2343.
- [7] Pankhurst C E, Ophel Keller K, Doube B M, et al. Biodiversity of soil microbial communities in agricultural systems[J]. Biodiversity and conservation, 1996, 5: 197—209.
- [8] 张薇, 魏海雷, 高洪文, 等. 土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J]. 生态学杂志, 2005, 24(1): 48—52.
- [9] 夏北成, Tiedje J M. 植被对土壤微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 1998, 9(3): 296—300.
- [10] Zelles L. Fatty acid pattern of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterization of microbial communities in soil: a review[J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, 29: 111—129.
- [11] Elsas J D van, Duarte G F, Rosado A S, et al. Microbiological and molecular biological methods for monitoring microbial inoculants and their effects in the soil environment[J]. Jour Microbial Methods, 1998, 32: 133—154.
- [12] Horton T R, Bruns T D. The molecular revolution in ectomycorrhizal ecology: peeking into the black box[J]. Molecular Ecology, 2001, 10: 1855—1871.
- [13] Garland J L, Mills A L. Classification Characterization of heterotrophic microbial communities on basis of pattern of community level sole carbon source utilization[J]. Appl. Environ. Microbial., 1991, 57: 2351—2359.
- [14] Choi K, Dobbs F C. Comparison of two kinds of Biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities[J]. J. Microb. Methods, 1999, 36: 203—213.
- [15] Preston-Mafham J, Boddy L, Randerson P F. Analysis of microbial community functional diversity using sole carbon source utilization profiles a critique[J]. FEMS Microb. Ecol., 2002, 42: 1—14.
- [16] Rogers B F. Temporal analysis of the soil microbial community along a top sequence in Bland Soils[J]. Soil Biol Biochem., 2001, 33: 1389—1401.
- [17] Zak J C, Willing M R, Moorhead D L, et al. Functional diversity of microbial communities: a quantitative approach[J]. Soil Biol Biochem., 1994, 26: 1101—1108.
- [18] Haack S K, Garchow H, Klug M J, et al. Analysis of factors affecting the accuracy, responsibility, and interpretation of microbial community carbon source utilization patterns[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1995, 61: 1458—1468.
- [19] Choi K, Dobbs F C. Comparison of two kinds of Biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities[J]. J. Microb. Methods, 1999, 36: 203—213.
- [20] 郑华, 欧阳志云, 王效科, 等. 不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响[J]. 应用生态学报, 2004, 15(11): 2019—2024.
- [21] 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[J]. 浙江林业科技, 2008, 28(3): 8—12.
- [22] Greccio C, Gelsomino A, Ambrosoli R, et al. Functional and molecular responses of soil microbial communities under differing soil management practices[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2004, 36: 1873—1883.
- [23] 杨永华, 姚健, 华晓梅. 农药污染对土壤微生物群落功能多

- 性的影响[J]. 微生物学杂志, 2000, 20(2): 23—25.
- [24] 宋朝枢, 王有德. 宁夏白芨滩自然保护区科学考察集[M]. 北京: 中国林业出版社, 1999.
- [25] Classen A T, Boyle S I, Haskins K E, et al. Community level physiological profiles of bacteria and fungi: plate type and incubation temperature influences on contrasting soils[J]. FEMS Microbial Ecology, 2003, 44: 319—328.
- [26] 郑华, 欧阳志云, 方治国, 等. BIOLOG 在土壤微生物群落功能多样性研究中的应用[J]. 土壤学报, 2004, 41(3): 456—461.
- [27] Gomez E, Ferreras L, Toresani S. Soil bacterial functional diversity as influenced by organic amendment application[J]. Bioresource and Technology, 2006, 93(13): 1484—1489.
- [28] Garland J. Analysis and interpretation of community level physiological profiles in microbial ecology[J]. FEMS Microbial. Ecol., 1997, 24: 289—300.
- [29] Garland J. Analytical approaches to the characterization of sample microbial communities using patterns of potential C source utilization[J]. Soil Biol Biochem, 1996, 28: 213—221.
- [30] Insam H, Htitzl W. Data evaluation of community level physiological profiles: A reply to letter of Howard[J]. Soil Biol Biochem, 1999, 31: 1198—1200.
- [31] Zabinski C A, Gannon J E. Effects of recreational impacts on soil microbial communities[J]. Environmental Management, 1997, 21(2): 233—238.
- [32] 谭兆赞, 刘可星, 廖宗文. 土壤微生物 BIOLOG 分析中特征碳源的判别[J]. 华南农业大学学报, 2006, 27(4): 10—13.
- [33] Gimne E, Heuer H, Engelen B, et al. Statistical comparisons of community catabolic profiles[J]. J Microbial Methods, 1997, 30: 71—80.
- [34] 席劲琰, 胡洪营, 钱易. Biolog 方法在环境微生物群落研究中的应用[J]. 微生物学报, 2003, 43(1): 138—141.
- [35] 孟庆杰, 许艳丽, 李春杰, 等. 不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2008, 27(7): 1134—1140.
- [36] 周文新, 陈冬林, 卜毓坚, 等. 稻草还田对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 环境科学学报, 2008, 28(2): 326—330.
- [37] 张海涵, 唐明, 陈辉, 等. 黄土高原5种造林树种菌根际土壤微生物群落多样性研究[J]. 北京林业大学学报, 2008, 30(3): 85—90.
- [38] Konopka A, Oliver J L, Tureo R F. The use of carbon source utilization patterns in environmental and ecological microbiology[J]. Microb. Ecol., 1998, 35: 103—115.
- [39] 陈承利, 廖敏, 曾路生. 污染土壤微生物群落结构及功能多样性测定方法[J]. 生态学报, 2006, 26(10): 3404—3412.
- [40] Sudden A M. Ecology: diversity and ecosystem resilience[J]. Science, 2000, 290: 233—235.
- [41] Goffman P M, Eagan P, Sullivan W M et al. Grass species and soil type effects on microbial biomass and activity[J]. Plant and Soil, 1996, 183: 61—67.
- [42] Knowlchuk G A, Buma D S, Boer W D, et al. Effects of above-ground plant species composition and diversity on the diversity of soil-borne microorganisms[J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2002, 81: 509—520.
- [43] 胡亚林, 汪思龙, 颜绍馥. 影响土壤微生物活性与群落结构因素研究进展[J]. 土壤通报, 2006, 37(1): 170—176.
- [44] Harris J A. Measurement of the soil microbial community for estimating the success of restoration[J]. European Journal of Soil Science, 2003, 54: 801—808.

Functional diversity of soil microbial community under different types of vegetation in the desert grassland

BI Jiang tao^{1,2}, HE Da han¹, SHA Yue xia³, HUANG Ze yong⁴

(1. Agricultural College, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750012, China;

2. Ningxia Extension Service for Agricultural Techniques, Yinchuan, Ningxia 75001, China;

3. Ningxia Institute of Plant Protection, Yinchuan, Ningxia 750002, China;

4. Ecological Conservation Center of Ningxia Forestry Department, Yinchuan, Ningxia 750001, China)

Abstract: By adoption of Biolog EcoplateTM system, the analysis of soil microbial community functional diversity was made under 5 kinds of vegetation of *Agriphyllum squarrosum*, *Artemisia sphaerocephala* krasch, *Caragana korshinskii*, *Ammopiptanthus mongolicus* and artificial arbor mixed stands of *Pinaceae sylvestris* L. & *Robinia pseudoacacia* L. in the desert grassland ecological system so as to probe into the effects of vegetation type on soil microbial community functional diversity. The results showed that the soil microbial community level physiological activity was significantly different ($P < 0.01$) under the 5 kinds of vegetation. The difference was also significant in utilization of carbon substrates in the Biolog EcoplateTM. Amino acids, carbohydrates and carboxylic acids were the main carbon sources to the soil microbial community. After 96h inoculation of Biolog Ecoplate, soil microbial community diversity showed that the differences of richness (R) and evenness (E_H) in utilization of carbon substrates in soil microbial community under the 5 kinds of vegetation were significant ($P < 0.01$), respectively, except for Shannon-Weiner index (H').

Keywords: vegetation type; microbial community level physiological profiles; Biolog EcoplateTM; soil microbial community functional diversity