

子午岭土壤可培养微生物对植被演替的响应

淡静雅, 梁健, 王静, 赵官成

(陕西师范大学 生命科学学院, 陕西 西安 710062)

摘要: 利用“空间序列代替时间序列”的方法, 研究了黄土高原子午岭土壤可培养微生物对植被演替的响应。结果表明: (1) 土壤细菌、真菌及微生物总数量按退耕地→草地→灌草地→白桦(*Betula platyphylla*)林→辽东栎(*Quercus wutaishanica*)林→辽桦混交林方向递增($p < 0.01$); 放线菌数量呈波动性变化, 较高值出现在灌草地和辽东栎林。(2) 演替的过程中, 土壤微生物综合性指标 Shannon—Wiener 指数呈波动性变化; 真菌数量变化对土壤微生物 Shannon—Wiener 指数影响较大。(3) 随着演替的进行, 氨化细菌和硝化细菌数量显著增加($p < 0.01$); 固氮菌数量略有增加, 但差异不显著($p > 0.05$), 最大值出现在辽桦混交林; 纤维素分解菌数量在辽东栎林和辽桦混交林最高。研究表明, 植被演替对土壤微生物 3 大菌群及主要功能群数量影响显著, 促进了土壤微生物数量的增加; 土壤微生物多样性变化趋势并非总是与植被进展演替方向一致, 其大小与植被类型有关, 并依植被组成的变化而变化。

关键词: 黄土高原; 植被演替; 土壤微生物

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2011)02-0082-06

中图分类号: Q938

Responses of Cultivable Soil Microorganisms to Vegetation Succession in Ziwuling Area

DAN Jing-ya, LIANG Jian, WANG Jing, ZHAO Guan-cheng

(College of Life Science, Shaanxi Normal University, Xi'an, Shaanxi 710062, China)

Abstract: An in-depth understanding of the succession mechanism of natural vegetation is critical and badly needed. The responses of cultivable soil microorganisms to the vegetation succession in Ziwuling, the Loess Plateau were investigated with the method of “converting spatial series into temporal series”. The results demonstrate that the gross amount of microbes, bacteria and fungi in the soil increased in lands as the order of abandoned land→grassland→shrub land→*Betula platyphylla* forest→*Quercus liaotungensis* forest→*Quercus wutaishanica*—*Betula platyphylla* forest ($F > F_{0.01}$, $p < 0.01$). The amount of actinomyces fluctuated and relatively higher values were found in shrub land and *Q. liaotungensis* forest. The Shannon—Wiener value as a comprehensive index of soil microorganisms fluctuated as well, influenced by the variations of fungi population. As the succession progressed, the population sizes of ammonifying and nitrifying bacteria increased significantly ($F > F_{0.01}$, $p < 0.01$). The nitrogen-fixing bacteria increased slightly in general but not significantly ($F < F_{0.05}$, $p > 0.05$), with the largest population in *Q. liaotungensis*—*B. platyphylla* forest. Comparatively, the highest numbers of cellulose-decomposing microorganisms were found in *Q. liaotungensis* forest and *Q. liaotungensis*—*B. platyphylla* forest. As indicated, the vegetation succession has significant effects on the variations of the three soil microbial groups tested as well as on the main functional groups, promoting the proliferations of soil microorganisms. The changing of soil microorganism diversity was not always in the same pace as of vegetation succession; vegetation types determined the diversity, which varied with vegetation compositions.

Keywords: the Loess Plateau; vegetation succession; soil microorganism

收稿日期: 2010-08-19

修回日期: 2010-09-17

资助项目: 国家重点基础研究(973)发展规划项目“西部典型区域森林植被对农业生态环境的调控机理”(2002CB111505)

作者简介: 淡静雅(1985—), 女(汉族), 陕西省西安市人, 硕士研究生, 主要从事微生物生态学及环境微生物领域的研究。E-mail: danjingya618@sina.cn。

通信作者: 梁健(1965—), 男(汉族), 陕西省西安市人, 硕士, 副教授, 主要从事微生物生态学及环境微生物领域的研究。E-mail: liangjian@snnu.edu.cn。

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,是陆地生态系统平衡的“稳定器”和土壤养分的“转换器”^[1]。许多地下过程都直接或间接地与土壤微生物有关,如植物残体的降解、腐殖质的形成、养分转化与循环、土壤结构循环与改良以及污染物的降解等^[2]。土壤微生物数量是反映土壤质量和土壤生态系统的演化的重要指标^[3]。植物群落演替与土壤微生物群落关系密切^[4]。有研究表明^[5-7],森林土壤微生物群落结构通常会随森林植被演替而发生变化,但也有人认为^[4],土壤微生物群落是独立于植物群落的演替而变化的。目前,对于子午岭地区植被演替的研究主要集中在植物群落结构在演替过程中的变化及其与环境因子的关系等方面^[8-10],而关于植被演替过程中土壤微生物群落结构及其变化规律的研究报道较少。

本研究以“空间序列代替时间序列”的方法,以黄土高原典型植被演替系列(退耕地→草地→灌草地→白桦林→辽桦混交林→辽东栎林)为研究对象^[8,11],通过“稀释平板法”和“MPN法”测定土壤微生物3大菌群及主要功能群组成,经数理统计分析,结合该区天然林的植被生态学研究结果^[9,12-13]进行分析和讨论,初步认识子午岭植被演替过程中土壤可培养微生物群落结构的变化规律,研究结果将有助于深入认识该区天然植被的演替机理,为天然植被恢复和重建提供借鉴。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于黄土高原子午岭南端的陕西省旬邑

县马栏林区。该区地处 108°27′—108°52′E, 35°9′—35°33′N, 海拔高度 1 000~1 700 m。总地势特点呈东北高西南低。

该区属暖温带半湿润气候,年均气温 7℃,极端最低气温 -28℃,1月份平均气温 -7℃,≥0℃积温值 3 134℃,无霜期 140~160 d,晚霜在 5月上旬,年平均降雨量 580 mm,主要集中在 7—9月,干旱季节从当年 12月至翌年 2月。成土母质为风积黄土,土壤层厚约 50 cm,结构疏松,机械组成多为中壤,富含钙质,pH 值 7~9,属石灰性土壤^[8,14-15]。该区是黄土高原目前保存较好的天然植被区,其分布大部分是天然次生林,目前该区还保存有空间上完整的植被演替系列,主要演替阶段植被类型齐全,演替过程从弃耕地先锋群落开始,经过草本和灌木群落时期,先演替到早期森林群落(山杨林、白桦林、侧柏林及乔灌木群聚),进而演替到后期森林群落(辽东栎林和油松林)^[11]。

1.2 研究方法

1.2.1 样品采集与处理 于 2007年8月采用“空间序列代替时间序列”的方法选取能够代表不同演替阶段的多种典型样地,样地概况见表 1。

采用对角线 5 点取样法^[16],采集 0—20 cm 深度的土壤,将 5 点采集的土样混匀,以“四分法”取得约 1 kg 重量的鲜土作为 1 个土样,每个样地取 3 个重复土样。所采土样置冷藏箱中,及时带回实验室,去除地表砾及凋落物,过 2 mm 土壤筛,采用烘干法测定土壤含水量^[17]。

表 1 马栏林区不同演替阶段植物群落样地概况

样地	坡度/(°)	坡向	海拔/m	主要植物种
S ₁	11~21	NE18°—NW42°	1 322—1 480	H: 茵陈蒿(<i>Artemisia capillaries</i>),野艾蒿(<i>Artemisia avandulae folia</i>),铁杆蒿(<i>Artemisia sacrorum</i>),狗尾草(<i>Setaria viridis</i>)。
S ₂	17~27	NE20°—NW38°	1 388—1 495	H: 针叶苔草(<i>Carex onoei</i>),蛇莓(<i>Duchesnea indica</i>),针茅(<i>Stipa capillata</i>),早熟禾(<i>Poa annua</i>)。
S ₃	23~33	NE16°—NW40°	1 406—1 494	S: 毛叶欧李(<i>Cerasus dictyoneura</i>),胡颓子(<i>Elaeagnus pungens</i>),黄蔷薇(<i>Rosa hugonis</i>); H: 无芒雀麦(<i>Bromus inermis</i>),蛇莓委陵菜(<i>Potentilla centigrana</i>)。
S ₄	23~33	NE37°—NW20°	1 399—1 466	T: 白桦(<i>Betula platyphylla</i>); S: 胡枝子(<i>Lespedeza bicolor</i>),土庄绣线菊(<i>Spiraea pubescens</i>); H: 针苔草(<i>C. onoei</i>),野棉花(<i>Anemone viti folia</i>)。
S ₅	20~29	NE38°—NW15°	1 400—1 468	T: 辽东栎(<i>Quercus wutaishanica</i>),白桦; S: 盘叶忍冬(<i>Lonicera tragophylla</i>),胡枝子(<i>L. bicolor</i>); H: 针叶苔草,野棉花,胡颓子(<i>E. pungens</i>)。
S ₆	17~31	NE44°—NW36°	1 351—1 495	T: 辽东栎; S: 胡枝子(<i>L. bicolor</i>),水栒子(<i>Cotoneaster multiflorus</i>); H: 针叶苔草,甘肃黄芩(<i>Scutellaria rehderiana</i>)。

注:(1) S₁ 退耕地; S₂ 草地; S₃ 灌草地; S₄ 白桦林; S₅ 辽桦混交林; S₆ 辽东栎林。下同。(2) T 乔木, S 灌木, H 草本。

1.2.2 土壤微生物类群测定 微生物数量测定除硝化细菌采用“MPN 法”外,其余均采用稀释平板法。细菌用牛肉膏蛋白胨培养基,放线菌用高氏 1 号培养基,真菌用马丁氏培养基,氨化细菌用蛋白胨琼脂培养基,固氮菌采用改良阿须贝无氮琼脂培养基,硝化细菌采用改良的斯蒂芬逊培养基^[1,16]。

1.3 数据处理

利用 SPSS 17.0 统计分析软件,对测定数据进行处理。

土壤可培养微生物的综合性指标选择 Shannon—Wiener 指数^[18],计算公式为:

$$H' = -\sum P_i \ln P_i$$

式中: H' ——Shannon—Wiener 指数; P_i ——样品中第 i 种类群个体所占比例

2 结果与分析

2.1 土壤微生物 3 大类群组成

表 2 为土壤微生物组成。随着演替的进行,土壤细菌、真菌和微生物总数量呈逐渐上升趋势,最大值出现在辽桦混交林。细菌数量在各植被演替阶段土壤中均占绝对优势,占微生物总数量的 86.41%~90.56%;放线菌数量次之,占 6.57%~11.64%;真菌数量最低,仅占 1.63%~2.96%。F 检验结果显示,在土壤细菌、真菌及微生物总数量上,处于不同演替阶段的植物群落间均呈现出极显著差异 ($F_{\text{细}} = 29.565 > F_{0.01}$, $F_{\text{真}} = 63.887 > F_{0.01}$, $F_{\text{总}} = 53.159 > F_{0.01}$, $p < 0.01$),并且 3 者表现为相似的变化规律。多重比较(LSD 法, $\alpha = 0.05$)结果显示,辽桦混交林与辽东柞林土壤细菌、真菌及微生物总数量均显著高于白桦林、灌草地、草地及退耕地 ($p < 0.05$)。在土壤放线菌数量上, F 检验结果显示,处于不同演替阶段的植物群落间呈现出极显著差异 ($F_{\text{放}} = 30.476 > F_{0.01}$, $p < 0.01$),由退耕地→辽东柞林演替过程中,其数量呈现出波动性增高,由退耕地发展到灌草地,其数量逐渐上升,至白桦林,数量骤降;白桦林向顶级群落辽东柞林演替过程中,放线菌数量又呈现上升趋势,并且达到最大值。多重比较(LSD 法, $\alpha = 0.05$)结果显示,辽东柞林土壤放线菌数量显著高于辽桦混交林、白桦林、草地及退耕地 ($p < 0.05$);辽东柞林与灌草地之间、白桦林与草地之间土壤放线菌数量上差异不显著 ($p > 0.05$)。

从反映土壤微生物组成的综合性指标来看(图 1),处于不同演替阶段的植被群落间土壤微生物 Shannon—Wiener 指数差异显著 ($F = 4.532 > F_{0.05}$, $p < 0.05$)。多重比较结果显示,辽东柞林与辽桦混交

林、白桦林及退耕地之间差异显著 ($p < 0.05$),而与灌草地和草地之间差异不显著 ($p > 0.05$)。

表 2 不同植被群落间土壤微生物 3 大类群组成 10^4 cfu/g

样地	细菌	放线菌	真菌	微生物总数量
S ₁	495.54 ^a ±15.99	50.67 ^a ±1.58	10.17 ^a ±0.70	556.38 ^a ±16.62
S ₂	678.33 ^b ±42.29	76.27 ^b ±3.83	12.53 ^b ±0.57	767.13 ^b ±39.54
S ₃	764.51 ^c ±31.87	102.98 ^c ±1.66	17.30 ^c ±1.08	884.79 ^c ±29.46
S ₄	836.67 ^c ±64.75	76.53 ^b ±3.73	23.69 ^d ±1.11	926.50 ^c ±66.63
S ₅	1 253.90 ^d ±46.23	92.34 ^c ±5.74	38.36 ^c ±2.48	1 384.60 ^d ±45.47
S ₆	1 085.85 ^d ±33.00	117.16 ^d ±2.09	36.67 ^c ±2.09	1 239.68 ^c ±35.94

注:(1)同列不同小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$);(2)数值为:平均值±标准误。

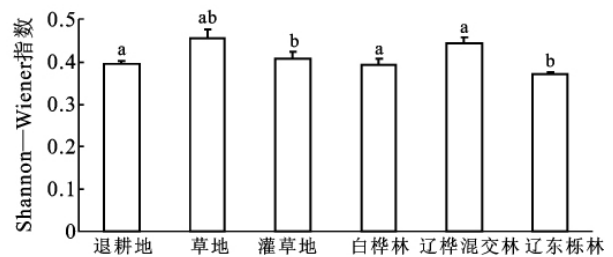


图 1 不同植被群落土壤微生物 Shannon—Wiener 指数

注:图中不同小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$)。下同

依细菌、放线菌及真菌数量对 Shannon—Wiener 指数建立最优回归方程,3 种微生物均参与到该方程的构建中,3 者的偏回归系数均达到显著水平 ($p < 0.05$),细菌与放线菌的偏回归系数均为 -0.011 ,真菌的偏回归系数为 0.023 ,是前二者的 2.09 倍。据此建立最优回归方程:

$$Y = 0.414 - 0.011X_1 + 0.023X_2 - 0.011X_3$$

式中: Y ——多样性; X_1 ——细菌数量; X_2 ——真菌数量; X_3 ——放线菌数量。

不同植被类型通常有着不同的土壤微生物学特性^[21]。研究表明^[20-21],植被演替过程中土壤微生物组成也在发生变化。沈丽娜等^[24]对植被演替过程中岩溶土壤微生物群落结构特征的研究结果表明,伴随植被演替,土壤细菌、放线菌及真菌数量均呈上升趋势。王韵等^[6]对广西喀斯特地区植被演替的研究结果表明,在植被演替过程中,细菌、放线菌及微生物总数量增加,真菌数量减少,真菌数量的最小值出现在顶级群落。在土壤细菌和微生物总数量变化上,本研究得出了相似的研究结果,但真菌数量变化上与王韵等^[6]的研究结果不同,这可能是由于南北方土壤环境因子的差异所致。子午岭地区土壤微生物之所以表现出这样的变化规律,可能与植被演替过程中凋落物数量与种类的差异有关。在黄土高原子午岭植物群落演替过程中,早期森林演替阶段的白桦林经过辽桦混交林阶段,演替为高级阶段的辽东柞林,这些处于

不同演替阶段的森林群落均为落叶阔叶林,其凋落叶较易分解,森林群落凋落物累积返还土壤的程度明显高于灌木与草本群落^[23-24]。范玮熠等^[8]研究表明,子午岭森林群落凋落物和腐殖质厚度均随植被演替过程不断增加,由草本→灌木→森林群落,其增长速度越来越快。本研究中,土壤细菌、真菌及微生物总数量均呈上升趋势,在森林群落中的增长速率明显高于草本和灌木群落,这可能与森林群落中凋落量大、凋落物种类多以及腐殖质层厚有关。经过淋溶、分解过程,凋落物中化学组分充分释放至土壤中,直接为土壤提供可溶性碳氮和其他营养元素,从而改变土壤理化性质;同时,凋落物化学成分影响分解凋落物的土壤微生物组成和活性^[19],尤其在辽桦混交林中,乔木种类较白桦林和辽东栎林更加多样化,凋落物数量及种类也更加丰富,需要更多不同种类、不同功能的微生物将其分解。因此,土壤细菌、真菌及微生物总数量的最高值并非出现在顶级群落辽东栎林,而是出现在演替过渡阶段的辽桦混交林。本研究中,放线菌数量呈波动性变化,最高值出现在辽东栎群落。张亮等^[27]研究表明,放线菌与植物自身病害抑制有关。辽东栎林作为该区演替顶级,其生长的土壤中含有较高的放线菌数量,有益于拮抗土壤中的病原菌,这也可能是辽东栎在与其它植物的竞争过程中居于优势地位的原因之一。

王凯博等^[12]对子午岭林区自然演替过程中植物群落多样性变化规律的研究表明,从弃耕地向顶级群落辽东栎林演替过程中,植物群落的 Shannon—Wiener 指数呈现波动性的增高,后者比前者的 Shannon—Wiener 指数高出 149%,但 Shannon—Wiener 指数最大值并非出现在顶级群落,而是出现在演替中后期的山杨—辽东栎混交林。本研究用来反映土壤微生物组成的综合性指标 Shannon—Wiener 指数也是随着植被的进展演替过程呈现波动性增高,演替后期的 Shannon—Wiener 指数总体上高于前期。但也有少数研究表明,随着植被正向演替的进行,植被群落的生物多样性明显下降^[9,13],这可能与演替过程中物种间存在强烈的竞争有关。本研究中,细菌数量与放线菌的偏回归系数为负数,说明细菌、放线菌数量的增加会导致 Shannon—Wiener 指数的降低,减少则增加。真菌的偏回归系数为正数,说明真菌数量增加会导致多样性的增加,减少则导致多样性的减少。从偏回归系数大小的绝对值来看,真菌的偏回归系数是细菌和放线菌偏回归系数的 2.09 倍。可见,数量较少的真菌对土壤微生物 Shannon—Wiener 指数起着较大的作用。

2.2 土壤微生物氮素生理群组成

图 2 为土壤微生物氮素生理群组成。随着植被群落的进展演替,土壤氨化细菌、硝化细菌及固氮菌数量总体上呈逐渐上升趋势,较高值出现在辽桦混交林和辽东栎林。氨化细菌数量在各植被演替阶段土壤中均占绝对优势,固氮菌数量次之,硝化细菌数量最低。F 检验结果显示,在土壤氨化细菌及硝化细菌数量上,处于不同演替阶段的植被群落间均呈现出极显著差异($F_{\text{氨}} = 33.615 > F_{0.01}$, $F_{\text{硝}} = 10.864 > F_{0.01}$, $p < 0.01$);固氮菌数量差异不显著($F_{\text{固}} = 1.597 < F_{0.05}$, $p > 0.05$)。多重比较(LSD 法, $\alpha = 0.05$)结果显示,辽东栎林土壤氨化细菌数量显著高于辽桦混交林、白桦林、灌草地、草地及退耕地;土壤硝化细菌数量在退耕地、草地和灌草地间无显著差异,在白桦林、辽桦混交林及辽东栎林间亦无显著差异,但在森林群落和灌草群落之间差异极显著;固氮菌数量在各植被群落间均无显著差异。

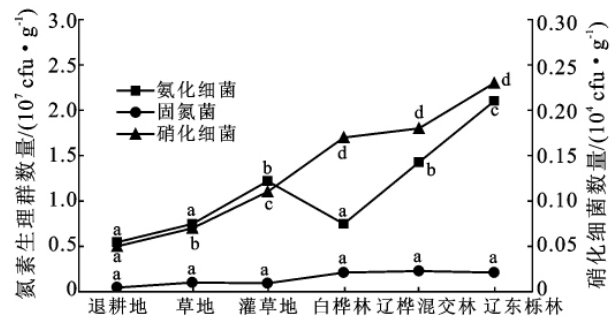


图 2 不同植被群落间氮素生理群数量

氮素循环主要是在土壤—植物系统中进行的。氮在植物生长过程中地位突出,参与植物体内许多重要的物质代谢过程,氮素贫乏往往限制植物的生长发育^[26]。土壤中氮的转化主要包括氨化、固氮和硝化等过程,土壤微生物氮素生理群数量的变化在一定程度上反映了土壤供氮能力^[27]。龙健等^[28]对贵州省茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究表明,随着植被逆向演替的进行,氨化细菌、固氮菌及硝化细菌数量呈下降趋势。于学珍等^[29]对天童山常绿阔叶林演替过程中土壤微生物状况的研究结果表明,氮素生理群和其它多种功能群数量的增加均与植被演替方向一致。本研究得到了与上述相似的研究结果,即氨化细菌和硝化细菌数量随着植被进展演替过程逐渐增加,固氮菌数量整体上呈上升趋势,但是有一些波动,最大值出现在辽桦混交林。此外,6种植被群落间固氮菌数量差异不显著,说明该区森林植物种类的改变对固氮菌数量变化影响较小。铵离子是植物生长所能利用的最“经济有效”的氮素形式之一^[30],氨化细菌

和固氮菌在氮素循环中均能形成铵离子,森林群落土壤中氨化细菌和固氮菌数量较高,说明其土壤中氮素以铵离子形式存在的比例较高,促进植物更好地生长发育;同时,落叶阔叶植物辽东栎和白桦的凋落叶含有丰富的、易分解的氮素,又进一步丰富了植物和土壤微生物所需的养分。

2.3 纤维素分解菌组成

图 3 为土壤纤维素分解菌组成。F 检验结果显示,处于不同演替阶段植被群落间土壤纤维素分解菌数量差异极显著($F_{\text{纤}}=86.728 > F_{0.01}, p < 0.01$)。多重比较(LSD 法, $\alpha=0.05$)结果显示,森林群落中,辽桦混交林土壤纤维素分解菌数量(1.03×10^6 cfu/g)明显高于辽东栎林(0.64×10^6 cfu/g)和白桦林(0.27×10^6 cfu/g),3 者之间差异极显著($p < 0.01$)。

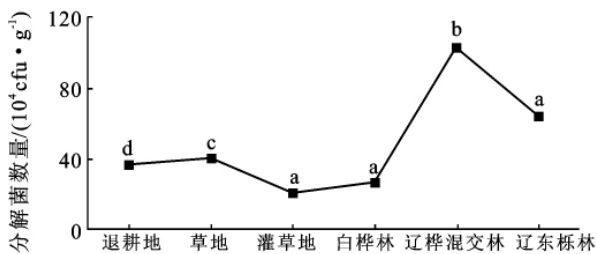


图 3 不同植被群落纤维素分解菌数量

灌草群落中,纤维素分解菌在数量上为:草地 > 退耕地 > 灌草地,数量分别为 0.40×10^6 cfu/g, 0.21×10^6 cfu/g 及 0.37×10^6 cfu/g;灌草地与草地之间差异显著($p < 0.05$),草地与退耕地之间无显著差异($p > 0.05$)

纤维素分解菌在大气碳素循环中具有重要作用,它不仅能形成腐殖质,释放各种养分,降解土壤有机质,同时还能转化土壤碳素,固定无机元素形成生物量,从而影响土壤养分的储存、调节和转化等生态过程。张秀艳^[31]对川西常绿阔叶林不同恢复阶段土壤微生物群落结构的研究结果显示,由 20 a 林演替至 30 a 林,土壤纤维素分解菌数量陡降,30 a 林发展至 50 a 林数量逐渐上升并在 50 a 林达到最高值。龙健等^[30]对贵州省茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究表明,随着植被逆向演替的进行,纤维素分解菌呈下降趋势。本研究结果与上述研究结果有相似之处,但又不尽相同。究其原因,除植被类型不同外,演替过程中地面凋落物组成的差异可能是导致土壤纤维素分解菌数量与上述结果略有差别的主要原因。凋落叶经雨水冲刷浸润,叶片浸出物质会较快进入所覆盖的土壤当中,影响土壤理化及微生物学性质,进而对植物生长产生影响。在森林生态系统中,无论是

纯林还是混交林,乔木优势种凋落叶在森林凋落物中都占有相当大的比例^[20]。在森林群落演替阶段,大量的凋落叶归还至地表,组成凋落物的物质中有 50% 以上是纤维素,而纤维素的分解大部分是由纤维素分解菌完成。与灌草群落相比,森林群落中较高的纤维素分解菌数量,将有助于土壤腐殖质的形成,为森林提供丰富的碳源,进而为植物生长提供充足营养,促进植物的发育。

3 结论

黄土高原子午岭土壤细菌、真菌及微生物总数量随植被进展演替方向递增;放线菌数量变化呈现一定的波动性,较高值出现在灌草地和辽东栎林。土壤微生物多样性随着植被演替而变化,其变化趋势并非总是与植被进展演替方向一致;土壤微生物 3 大类群中,数量较少的真菌对土壤微生物 Shannon—Wiener 指数的变化起着较大的作用。土壤中氮素生理群及纤维素分解菌数量与植被类型及植被演替阶段密切相关,在土壤有机物转化过程中发挥重要作用。

[参 考 文 献]

- [1] 姚槐应,黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术[M]. 北京:科学出版社,2006:9-10,160-163.
- [2] Lejon D P H, Chaussod R, Ranger J, et al. Microbial community structure and density under different tree species in an acid forest soil[J]. Microbial Ecology, 2005, 50:614-625.
- [3] 张崇邦,金则新,施时迪. 浙江天台山几种林型下土壤细菌生理群生态分布的特性[J]. 植物生态学报,2002,26(3):269-274.
- [4] Chabrierie O, Laval K, Puget P, et al. Relationship between plant and soil microbial communities along a successional gradient in a chalk grassland in north-western France[J]. Applied Soil Ecology, 2003, 24(1):43-56.
- [5] 庞学勇,刘庆,刘世全,等. 川西亚高山针叶林植物群落演替对生物学特性的影响[J]. 水土保持学报,2004,18(3):45-49.
- [6] 王韵,王克林,邹冬生,等. 广西喀斯特地区植被演替对土壤质量的影响[J]. 水土保持学报,2007,21(6):130-136.
- [7] 张红,吕家珑,赵世伟. 子午岭林区植被演替下的微生物响应[J]. 西北林学院学报,2010,25(2):104-107.
- [8] 范玮熠,王孝安,郭华. 黄土高原子午岭植物群落演替系列分析[J]. 生态学报,2006,26(3):706-715.
- [9] 刘勇,刘光明. 黄土高原子午岭群落演替特性研究[J]. 安徽农业科学,2007,35(18):5550-5551,5598.
- [10] 王金成,李海燕,梁健. 黄土高原子午岭不同林龄天然油松林土壤微生物组成研究[J]. 水土保持通报,2010,

- 30(1): 43-48,138.
- [11] 邹厚远,刘国彬,王晗生. 子午岭林区北部近 50 年植被的变化发展[J]. 西北植物学报,2002,22(1): 1-8.
- [12] 王凯博,陈美玲,秦娟,等. 子午岭植被自然演替中植物多样性变化及其与土壤理化性质的关系[J]. 西北植物学报,2007,27(10): 2089-2096.
- [13] 李裕元,邵明安. 黄土高原子午岭森林群落演替与结构特征演化[J]. 西北植物学报,2003,23(5): 693-699.
- [14] 汪超,王孝安,郭华,等. 黄土高原马栏林区主要森林群落物种多样性研究[J]. 西北植物学报,2006,26(4): 0791-0797.
- [15] 方坚,王孝安,郭华,等. 黄土高原马栏林区辽东栎林种内、种间竞争研究[J]. 西北植物学报,2007,27(2): 0334-0339.
- [16] 许光辉,郑洪元. 土壤微生物分析方法手册[M]. 北京:农业出版社,1986:50-52,176-179.
- [17] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法[M]. 北京:科学出版社,1985.
- [18] 孙儒泳. 动物生态学原理 [M]. 3 版. 北京:北京师范大学出版社,2001:398-399.
- [19] 胡亚林,汪思龙,黄宇,等. 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[J]. 生态学报,2005,25(10): 2662-2669.
- [20] 梁健,王孝安,陶树兴,等. 森林演替过程中优势树种凋落叶对土壤微生物组成的影响[J]. 生态学杂志,2008,27(7):1127-1133.
- [21] 张文婷,来航线,王延平,等. 黄土高原不同植被坡地土壤微生物区系特征[J]. 生态学报,2008,28(9):4228-4234.
- [22] 沈丽娜,邓新辉,蒋忠诚,等. 不同植被演替阶段的岩溶土壤的微生物特征:以广西马山弄拉峰从洼地为例[J]. 中国岩溶,2007,26(4): 310-314.
- [23] 吕春花,郑粉莉,安韶山. 子午岭地区植被演替过程中土壤养分及酶活性特征研究[J]. 干旱地区农业研究,2009,27(2): 227-232.
- [24] 王百群,吴金水,赵世伟. 子午岭林区植被类型对土壤氮素的效应[J]. 水土保持通报,2002,22(6): 23-25.
- [25] 张亮,程智慧,周艳丽. 百合生育期际土壤微生物和酶活性的变化[J]. 园艺学报,2008,35(7): 1031-1038.
- [26] 安慧. 子午岭林区典型植物生长的氮素调控机理[D]. 陕西 杨凌:西北农林科技大学,2008.
- [27] 翟明普,武颀文. 杨树刺槐混交林及纯林根际微生物数量及其生化强度的季节性动态研究[J]. 土壤通报,2002,33(3): 219-222.
- [28] 龙健,李娟,江新荣,等. 贵州茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究[J]. 土壤学报,2004,41(14): 597-602.
- [29] 于学珍,路葵,李秀艳,等. 天童常绿阔叶林退化过程中土壤微生物主要类群变化特性研究[J]. 安全与环境学报,2005,5(4): 61-64.
- [30] 邓若磊,徐海荣,曹云飞,等. 植物吸收铵态氮的分子生物学基础[J]. 植物营养与肥料学报,2007,13(3): 512-519.
- [31] 张秀艳. 川西常绿阔叶林不同恢复阶段土壤微生物区系研究[D]. 四川雅安:四川农业大学,2004.
- [32] 祁建,马克明,张育新. 北京东灵山不同坡位辽东栎叶属性的比较[J]. 生态学报,2008,28(1):122-128.
- [33] George E, Seith B, Schaeffer C, et al. Responses of *Pinus*, *Pinus* and *Pseudotsuga* roots to heterogeneous nutrient distribution[J]. Tree Physiology, 1997,17:39-45.
- [34] Barij N, Stokes A, Bogaard T, et al. Does growing on a slope affect tree xylem structure and water relations? [J]. Tree Physiology, 2007, 27: 757-764.
- [35] Baas P, Werker E, Fahn A. Some ecological trends in vessel characters[J]. IAWA Bulletin, 1983: 141-159.
- [36] Corcuera L, Camarero J, Gil-Pelegrin E. Effects of a severe drought on *Quercus ilex* radial growth and xylem anatomy [J]. Trees-Structure and Function, 2004,18: 83-92.
- [37] Hales T C, Ford C R, Hwang T, et al. Topographic and ecologic controls on root reinforcement[J]. Journal of Geophysical Research, 2009, 114: 3013.
- [38] Bischetti G B, Chiaradia E A, Simonato T, et al. Root strength and root area ratio of forest species in Lombardy (Northern Italy)[J]. Plant and Soil, 2005, 278:11-22.
- [39] Abe K, Iwamoto M. An evaluation of tree-root effect on slope stability by tree-root strength[J]. Japanese Forestry Society, 1986, 68: 505-510.
- [40] Burroughs E, Thomas B. Declining root strength in Douglas fir after felling as a factor in slope stability [C]. USA: International Forest and Range Experiment Station, 1977:27.
- [41] Gray D, Sotir R. Biotechnical and soil bioengineering slope stabilization: A practical guide for erosion control[M]. New York: Wiley-Interscience Publication, 1996.
- [42] Nilaweera N, Nutalaya P. Role of tree roots in slope stabilization[J]. Bulletin of Engineering Geology and the Environment, 1999, 57: 337-342.
- [43] O'Loughlin C, Watson A. Root-wood strength deterioration in radiata pine after clearfelling[J]. New Zealand Journal of Forest Science, 1979, 9: 284-293.
- [44] Operstein V, Frydman S. The influence of vegetation on soil strength[J]. Ground Improvement, 2000, 4: 81-89.
- [45] Wu T, McKinnell W, Swanston D. Strength of tree roots and landslides on Prince of Wales Island, Alaska [J]. Canadian Geotechnical Journal, 1979, 16: 19-33.

(上接第 81 页)