

喀斯特生态系统中乔木和灌木林根际土壤 微生物生物量及其多样性的比较^①

王新洲, 胡忠良, 杜有新, 刘永卓, 李恋卿*, 潘根兴

(南京农业大学农业资源与生态环境研究所, 南京 210095)

摘要: 我国喀斯特区域面积分布较广, 而喀斯特生态系统的退化已成为当前西南地区面临的严重的生态问题。本研究选取贵州中部两种不同植被类型的生态系统—乔木林和灌木林, 以乔木林中的白栎、园果化香和灌木林中的火棘、竹叶椒等主要优势树种为对象, 研究不同的植物树种对根际土壤微生物生物量及其细菌群落结构的影响。结果显示: 乔木林系统中根际土壤微生物生物量碳、氮显著性高于灌木林, 植物的根际效应在乔木林中表现更为显著; 同时乔木林中的优势树种通过根系分泌物的作用显著提高根际土壤细菌多样性指数, 而灌木林中优势树种的根际土壤微生物量及多样性均未表现出明显的根际效应。因此, 植被的演替通过改变土壤微生物的特性影响植物-微生物-土壤之间的物质和能量循环, 进一步影响喀斯特生态系统的稳定和健康功能。

关键词: 喀斯特生态系统; 根际土壤; 微生物生物量; 细菌群落; DGGE

中图分类号: S154.3

我国是岩溶大国, 仅西南裸露型岩溶区面积已达 51.36 万 km², 该区是全球三大碳酸盐岩连续分布区之一, 岩溶类型齐全, 同时也是石漠化最严重的区域^[1]。而且西南喀斯特石漠化面积仍在明显上升, 呈现出严峻的生态环境、社会经济危机^[1-4]。因此, 喀斯特石漠化综合治理已列为国家目标。喀斯特石漠化过程严重影响了生态系统中植被的正常演替, 在自然、人为因素的破坏下, 原有较好的植被类型发生退化^[5]、植被覆盖度锐减^[4], 生态恢复与重建困难^[6-7]。随着植物群落的退化, 喀斯特地区土壤出现粘质化、有机质含量急剧下降、植物可利用养分的数量减少、土壤质量明显退化的现象^[8]。生态系统中植物通过枯枝落叶和根系分泌物的形式将部分光合产物输入土壤, 为微生物提供了养分和能源, 根系分泌物促进了根际土壤微生物活动, 构成以微生物为主导的物质循环根际微环境, 因此, 植被的演替在很大程度上影响着土壤质量^[9-10]。近年来分子生物学技术在土壤环境领域的应用为根际土壤微生物的研究提供了先进的技术手段^[11]。喀斯特生态系统的变化伴随着植被的演替, 而由此导致的根际土壤微生物的变化研究是当前岩溶生态系统退化和恢复研究中较为薄弱的方面。本研究以黔中地区两种

典型的喀斯特生态系统为对象, 研究不同植被类型下根际土壤微生物生物量及群落多样性的变化, 旨在揭示喀斯特生态系统中植物群落的演替对土壤微生物种群特征的影响, 并为进一步探索快速而有效的喀斯特生态系统恢复途径提供科学依据。

1 研究区及采样地概况

研究区域位于贵州省安顺地区普定县城关镇赵家田村。该区海拔在 1 300 ~ 1 500 m 之间, 气候温和, 年均温 15.1℃, 雨量充沛, 年均降雨量 1 396.9 mm, 但季节分布不均, 约 70% 以上的降雨集中于 5 ~ 9 月, 年均相对湿度 80%, 为典型湿润季风气候。区内发育的常态地带性植被是亚热带湿润性常绿阔叶林, 但由于受到石灰性土壤发育缓慢的限制, 多发育成各种非常态的喀斯特森林。选择了当地的乔木林和灌木林两种典型的喀斯特生态系统: 乔木林中选择主要优势树种中的白栎 (*Quercus fabri*) 和园果化香 (*Platycarya longipes*)、灌木林中选择主要优势树种中的火棘 (*Pyracantha fortuneana*) 和竹叶椒 (*Zanthoxylum planispinum*) 为研究对象。两种生态系统基本情况见表 1; 其土壤基本理化性质见表 2。

①基金项目: “973”国家重点基础研究发展计划项目 (2006CB403200) 资助。

* 通讯作者 (lqli@njau.edu.cn)

作者简介: 王新洲 (1983—), 男, 河南荥阳人, 硕士研究生, 主要从事微生物生态学研究。E-mail: xinzhouwang@126.com

表1 两种生态系统样地基本情况

Table 1 Situations of two ecosystems

生态类型	经纬度	海拔(m)	坡度(°)	裸岩率(%)
乔木林	105°46.769'E 26°15.950'N	1 410	31	0
灌木林	105°46.704'E 26°16.077'N	1 375	29	8.1 ± 7.66

表2 两种生态系统样地土壤基本性质

Table 2 Basic properties of soils in two ecosystems

样地	pH	有机 C (g/kg)	全 N (g/kg)	全 P (g/kg)	碱解 N (mg/kg)	有效 P (mg/kg)
乔木林	6.85 ± 0.73A	65.56 ± 10.74 A	5.19 ± 0.92 A	0.28 ± 0.089 A	430.46 ± 87.22 A	3.96 ± 1.28 A
灌木林	7.75 ± 0.37B	49.68 ± 20.50 B	4.30 ± 1.38 B	0.19 ± 0.038 B	338.79 ± 73.23 B	2.55 ± 0.79 B

注：表中不同字母表示 $p < 0.01$ 水平上的差异(Tukey)。

2 研究方法

2.1 样品采集及处理

于 2007 年 12 月中旬在两生态系统中具有代表性植被样区内，选取典型的优势树种的植株，采用抖落法^[12-13]采集根际土壤、非根际土壤。每种植物分别采集 4 个根际和非根际土壤样品，放入无菌塑料袋中带回实验室。

新鲜土壤样品采回后，部分 -20°C 冰箱保存用于提取土壤基因组 DNA。取适量土样，去除枯枝落叶及细根，过 10 目筛， 4°C 冰箱保存用于微生物生物量测定。

2.2 土壤微生物量测定

采用 Jenkinson 等^[14]和 Vance 等^[15]的氯仿熏蒸 K_2SO_4 浸提法，浸出液用 TOC 仪测定浸提 C 的浓度，微生物生物量 N 测定参照文献^[16]方法进行。

2.3 微生物群落结构分析(16SrDNA-DGGE)

2.3.1 土壤基因组 DNA 的提取 采用 Q.BIOgene 公司的土壤 DNA 快速提取试剂盒(FastDNA® Kit for Soil) 从土壤样品中提取基因组 DNA。

2.3.2 基因组 DNA 的 PCR 扩增 (1) 16S rRNA 基因 V3 区的扩增。将提取的基因组 DNA 作为聚合酶链式反应(PCR)的模板，使用 Mastercycler ep gradient S 型快速梯度 PCR 仪，采用对大多数细菌和古细菌的 16S rRNA 基因的特异性 V3 区都通用的引物对^[17] F338-GC 和 R518。它们的序列分别为：F338-GC，(5'-CGCCCGCCGCGCGGG CGGGCGGGGCGG GGGCAC GGGGGCCTACGGGAGGCAGCAG-3')；R518，(5'-AT TACCGCGCTGCTGG-3')，扩增产物

片段长约 250 bp。

(2) PCR 反应体系。25 μl 的 PCR 反应体系组成如下：2.5 μl 的 $10 \times \text{Taq buffer}$ ，1.5 μl MgCl_2 (25 mmol/L)，2.5 μl dNTP 2.5 (mmol/L)，1 μl DNA 模板 (genomic DNA, 10 ng/ μl)，0.5 μl 的 Taq DNA 聚合酶 (1.5 U/ml)；双蒸水补足 25 μl 。

(3) PCR 反应条件。92 $^{\circ}\text{C}$ 3 min；30 个循环：92 $^{\circ}\text{C}$ 1 min，55 $^{\circ}\text{C}$ 30 s，72 $^{\circ}\text{C}$ 1 min；最后在 72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 6 min。扩增后的 PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测质量。

2.4 PCR 反应产物的变性梯度凝胶电泳 (DGGE)

梯度变性凝胶的制备使用 Bio-Rad 公司 475 型梯度灌胶系统 (Model 475 Gradient Delivery System)，变性梯度从上到下是 30% 到 60%，聚丙烯酰胺凝胶浓度是 10%；60 $^{\circ}\text{C}$ 电泳，先在 200 V 的电压下电泳 10 min，后 75 V 电压下约 10 h。

电泳完毕后，将凝胶采用银染法^[18]染色。将染色后的凝胶用 Bio-RAD 的 Gel Doc-2000 凝胶影像分析系统分析，观察每个样品的电泳条带并拍照。

2.5 数据处理

用 Quantity One 分析软件分析得到相似性指数；以香农 (Shannon-Wiener) 指数反映细菌物种多样性，香农指数计算方法采用 Eichner 等^[19]和 Hedrick 等^[20]的方法；数据处理用 Microsoft Excel 2000 进行，统计与显著性检测利用 SPSS11.0 软件进行。

3 结果分析与讨论

3.1 不同生态系统优势树种根际土壤微生物生物量的变化

两个生态系统中优势树种根际土壤微生物生物量的变化见表 3。结果表明, 乔木林中根际土壤微生物生物量C、N显著高于灌木林 2.4、2.6 倍。这与魏媛等^[20]研究的退化喀斯特植被恢复过程中随着植被的恢复, 其土壤微生物生物量和根际效应也明显提高的研究结果一致。根际土壤具有较高浓度的碳水化合物、氨基酸, 维生素和其他生长因子, 为根际土壤微生物提供了丰富的有效性C源和养分源^[21], 使之成为微生物生长旺盛的区域, 促进根际微生物生物量的提高^[22]。因此, 植被的演替变化是造成两个生态系统中土壤微生物生长差异的重要原因。而不同物种根系生物量不同、根系分泌物的组成和含量也存在较大差异^[23-25],

表 3 不同生态系统优势树种根际土壤微生物生物量的变化
Table 3 Changes of microbial biomass in rhizosphere soil between different ecosystems

生态系统	根际土壤微生物 生物量 C (mg/kg)	根际土壤微生物 生物量 N (mg/kg)
乔木林	1 166.11 ± 264.35 A	226.92 ± 58.04 A
灌木林	488.27 ± 88.02 B	98.72 ± 16.41 B

注: 不同大写字母代表不同生态系统中土壤微生物量差异显著 ($p < 0.01$)。

表 4 不同生态系统优势树种根际、非根际土壤微生物生物量的变化

Table 4 Changes of microbial biomass in rhizosphere and bulk soil between dominant tree species

林型	树种	土壤	微生物生物量 C (mg/kg)	微生物生物量 N (mg/kg)	微生物 C/N
乔木林	白栎	根际	1 032.94 ± 25.33 a A	201.80 ± 39.37 a A	5.12 ± 0.97 a
		非根际	715.83 ± 279.86 a	110.46 ± 20.57 b	6.48 ± 2.12 a
	园果化香	根际	1 299.28 ± 347.63 a A	252.05 ± 70.56 a A	5.15 ± 1.08 a
		非根际	632.22 ± 49.68 b	173.77 ± 16.36 a	3.64 ± 0.61 b
灌木林	竹叶椒	根际	487.67 ± 64.48 a A	94.28 ± 18.63 a A	5.41 ± 1.65 a
		非根际	366.89 ± 59.90 a	86.29 ± 5.84 a	4.26 ± 0.65 a
	火棘	根际	515.21 ± 112.64 a A	96.88 ± 19.48 a A	5.29 ± 0.28 a
		非根际	332.12 ± 12.43 a	97.84 ± 32.28 a	3.70 ± 1.39 b

注: 不同小写字母代表同种植物根际、非根际间差异显著 ($p < 0.05$); 大写字母代表同一生态系统内两种植物根际间差异显著 ($p < 0.05$)。

根际分泌物是植物根系与根际微生物相互作用的信息物质和决定因素^[27], 其种类和数量一定程度上决定了根际微生物的数量、种类和生态分布^[28]。微生物的C/N在一定程度上反映了土壤微生物种类和区系的变化^[30]。不同生态系统土壤微生物生物量C/N比变化见表 4。与非根际土壤相比, 乔木林中的园果化香根际土壤微生物生物量C/N比显著提高, 而灌木林中虽然火棘的根际和非根际土壤微生物生物量并未表现出明

与灌木林相比, 乔木林中植物根系发达, 生长旺盛, 向土壤中释放较多的可溶性有机物, 对根际土壤微生物的生长繁殖具有较强的促进作用。杨刚等^[26]的研究结果也证实, 在森林生态系统的正向演替过程中土壤微生物生物量C、N在次生林阶段均比灌木林阶段大。

从同一生态系统内部来看, 不同的优势树种对根际土壤微生物所产生的根际效应不同 (表 4)。乔木林中白栎根际土壤的微生物生物量N较非根际土壤提高 1.8 倍, 园果化香则表现为根际土壤微生物生物量C显著性高于非根际 2 倍, 而在灌木林中竹叶椒、火棘的根际和非根际土壤微生物生物量并未表现出明显的根际效应。这进一步说明乔木林的优势树种的根际土壤微生物效应显著强于灌木林。魏媛等^[29]研究表明, 在退化喀斯特植被恢复过程中根际与非根际土壤微生物生物量C的比值逐渐增大, 乔木群落阶段最大, 草本群落阶段最小, 根际效应乔木林最为明显。虽然乔木林优势树种具有显著的根际土壤微生物效应, 但统计表明白栎和园果化香两类植物根际土壤之间微生物生物量相比无显著差异 (表 4), 可能是由于供试植物在系统中均为优势树种, 都具有较强的根系作用, 对根际微生物生物量的影响差别不明显。

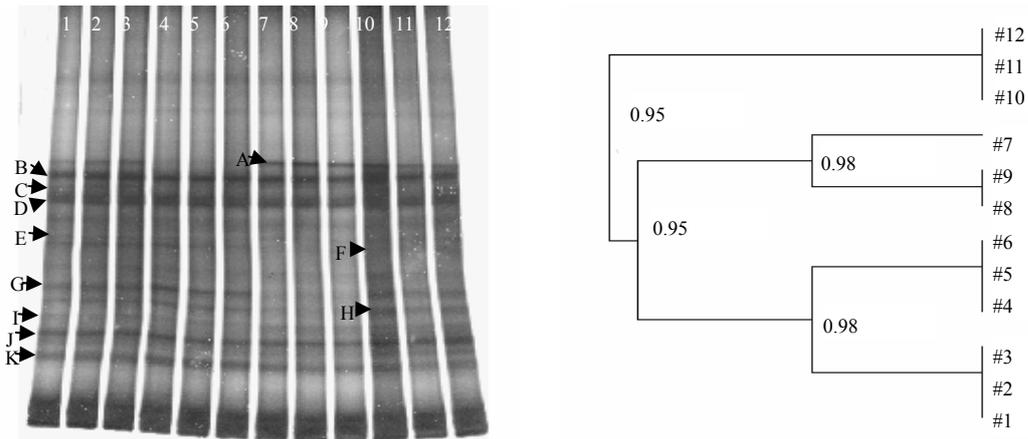
显的根际效应, 但微生物生物量C/N比差异显著。Baudoin等^[31]研究玉米根际分泌物证实, 根际微生物群落结构的组成受分泌物的影响。这显示喀斯特生态系统植被群落的变化一定程度上可能会引起土壤微生物的群落结构的改变。

3.2 不同生态系统中优势树种根际微生物群落结构的变化

选取乔木林系统中白栎和园果化香和灌木林系统

火棘和竹叶椒根际、非根际土壤，提取土壤基因组 DNA 经 PCR 扩增和 DGGE 后，得到的图谱见图 1 和图 2。从图中可初步看出，不同土壤间大部分条带相似，也有其特有带。图 1 中白栎和园果化香的根际、非根际土壤均含有显著的条带 B、D、E、G、H、I、J、K；条带 A 仅出现在白栎根际、园果化香根际和非根

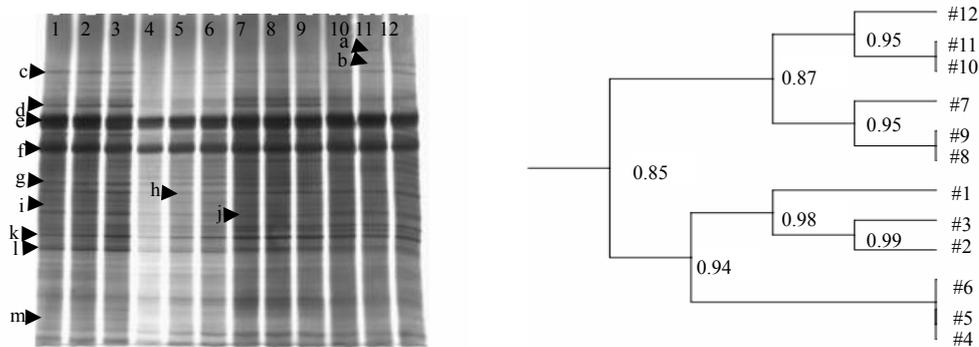
际土壤中；白栎根际、非根际和园果化香非根际都含有条带 F，而园果化香根际则没有。在图 2 中，竹叶椒根际、非根际土壤均含有的显著条带是 c、d、e、f、g、h、j、k、l。火棘根际、非根际和竹叶椒非根际含有条带 b、i，而 a 和 m 分别为火棘根际和竹叶椒非根际土壤的特有条带。



1~3: 白栎根际; 4~6: 白栎非根际; 7~9: 园果化香根际; 10~12: 园果化香非根际

图 1 乔木林优势树种根际细菌群落 DGGE 图谱及相似性系统发育树图谱

Fig. 1 DGGE and similar phylogenetic tree profiles of soil bacteria of plants in forest



1~3: 竹叶椒非根际; 4~6: 竹叶椒根际; 7~9: 火棘非根际; 10~12: 火棘根际

图 2 灌木林植物根际土壤细菌 DGGE 图谱及相似性系统发育树图谱

Fig. 2 DGGE and similar phylogenetic tree profiles of soil bacteria of plants in shrubbery

对 DGGE 图谱进一步分析得出相似性系统发育树 (图 1、2)，乔木林系统中白栎和园果化香根际、非根际土壤中细菌群落结构相似性指数分别为 0.98 和 0.95，两种树种间相似性为 0.95。灌木林系统竹叶椒和火棘根际、非根际土壤中细菌群落结构相似性指数分别为

0.94、0.87，两种树种间的相似性仅为 0.85，说明不同的树种对根际土壤细菌群落相似性的影响程度不同。

土壤细菌多样性分析见表 5 和表 6。乔木林中白栎和园果化香根际土壤细菌多样性指数显著高于非根际土壤，而灌木林系统中根际土壤细菌多样性较非根际

没有显著的差异。因此,植物对根际土壤细菌多样性的影响在乔木林系统中更为突出。Paul和Finlay^[32]研究了森林土壤外生菌根菌对细菌生物多样性的影响,认为森林土壤菌根菌的演替变化可能影响了细菌群落结构组成,从而影响了森林土壤的生物地球化学过程。根际土壤微生物群落结构的组成受气候条件、土壤类型和植被、根际分泌物、养分供应状况、接种菌根以及种植制度等多种因素的影响^[33]。由于优势细菌群落本身较好的适应性和竞争能力,一些共有种类的微生物在植物根际具有相对的数量优势,同时根际微域环境长期积聚优势树种的根系分泌物,能够促进有助于植物生长的细菌、固氮菌和许多生防细菌等微生物的生长^[11],从而提高根际环境的微生物多样性,但由于生防细菌的旺盛生长有可能会抑制许多病原菌的生长^[34],在一定程度上又会降低根际土壤细菌的多样性。至于乔木林和灌木林中根际土壤的细菌多样性变化与植物分泌物的关系有待于进一步深入分析。

表 5 乔木林土壤细菌群落多样性指数

Table 5 Diversity indexes of soil bacterial community of plants in forest

样品	香农指数	C.V. (%)	
白栎	根际	3.016 ± 0.012 a	0.389
	非根际	2.980 ± 0.003 b	0.099
园果化香	根际	3.000 ± 0.030 a	1.006
	非根际	2.877 ± 0.005 b	0.177

注:不同小写字母代表同种植物根际、非根际间差异显著(p<0.05)。

表 6 灌木林土壤细菌群落多样性指数

Table 6 Diversity indexes of soil bacterial community of plants in shrubbery

样品	香农指数	C.V. (%)	
火棘	根际	3.375 ± 0.023 a	0.680
	非根际	3.433 ± 0.019 a	0.543
竹叶椒	根际	3.491 ± 0.056 a	1.603
	非根际	3.561 ± 0.029 a	0.820

注:不同小写字母代表同种植物根际、非根际间差异显著(p<0.05)。

4 结论

乔木林根际土壤微生物生物量 C、N 显著性高于灌木林。乔木林中优势树种根际土壤的微生物生物量和细菌多样性均显著高于非根际,而灌木林中优势树种未表现出明显的根际效应。由此可见,喀斯特生态系统中植被的演替对土壤微生物的数量及群落组成具有较大的影响,这种作用影响了系统中土壤、微生物

和植物之间的物质能量的循环和转化,从而导致喀斯特生态系统的生态功能的变化。因此在治理喀斯特石漠化和恢复其生态平衡的过程中,注重优势树种的选择、不同层次植物的协同作用具有重要意义。

参考文献:

- [1] 袁道先. 岩溶石漠化问题的全球视野和我国的治理对策与经验. 草业科学, 2008, 25(9): 19-25
- [2] 李梦先. 我国西南岩溶地区石漠化发展趋势. 中南林业调查规划, 2006, 25(3): 19-22
- [3] 万军, 蔡运龙, 张惠远, 饶胜. 贵州省关岭县土地利用/土地覆被变化及土壤侵蚀效应研究. 地理科学, 2004, 24(5): 573-579
- [4] 王世杰. 喀斯特石漠化——中国西南最严重的生态地质环境问题. 矿物岩石地球化学通报, 2003, 22(2): 120-126
- [5] 姚长宏, 蒋忠诚, 袁道先. 西南岩溶地区植被喀斯特效应. 地球学报, 2001, 22(2): 159-164
- [6] 朱守谦. 喀斯特森林生态研究(II). 贵阳: 贵州科技出版社, 1997: 1-8
- [7] 屠玉林. 岩溶生态环境异质性特征分析. 贵州科学, 1997, 15(3): 176-181
- [8] 刘方, 王世杰, 刘元生, 何腾兵, 罗海波. 龙健喀斯特石漠化过程土壤质量变化及生态环境影响评价. 生态学报, 2005, 25(3): 639-644
- [9] 王敬国. 植物根系和根际微生物对氮的竞争. 土壤, 1993, 25(5): 246-247
- [10] 张福锁, 李春俭, 王敬国. 根际微生物学//张福锁, 龚元石, 李晓林. 土壤与植物营养研究新动向(第三卷). 北京: 中国农业出版社, 1995: 98-120
- [11] 陆雅海, 张福锁. 根际微生物研究进展. 土壤, 2006, 38(2): 113-121
- [12] Riley D, Barber SA. Bicarbonate accumulation and pH changes at the soybean root-soil interface. Soil Sci. Soc. Am. J., 1969, 33: 905-908
- [13] Riley D, Barber SA. Salt accumulation at the soybean root-soil interface. Soil Sci. Soc. Am. J., 1970, 34: 154-155
- [14] Jenkinson D S, Powlson DS. The effect of biocidal treatments on metabolism in soil. V: A method for measuring soil biomass. Soil Biol. Biochem., 1979, 8: 209-213
- [15] Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. Soil Biol. Biochem., 1987, 19: 703-707
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 256-262
- [17] Nakatsu CH, Torsvik V, Øverås L. Soil Community Analysis

- Using of 16S rDNA Polymerase Chain Reaction Products. Soil Sci. Soc. Am. J., 2000, 64: 1382-1388
- [18] Bassam BJ, Caetano-Anollés G, Gresshoff PM. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Analytical Biochemistry, 1991, 196:80-83
- [19] Eichner CA, Erb RW, Timmis KN, Wagner-Dobler J. Thermal gradient gel electrophoresis analysis of bioprotection from pollutant shocks in the activated sludge microbial community. Applied and Environmental Microbiology, 1999, 65: 102-109
- [20] Hedrick DB, Peacock A, Stephen JR, Macnaughton SJ, Brüggemann J, White DC. Measuring soil microbial community diversity using polar lipid fatty acid and denaturing gradient gel electrophoresis data. Journal of Microbiological Methods, 2000, 41: 235-248
- [21] 郡来斌, 马义兵, 张福锁. 根际中碳和氮的输入及转化. 土壤, 1993,25(5):242-245
- [22] 罗明, 单娜娜, 文启凯, 潘伯荣. 几种固沙植物根际土壤微生物特性研究. 应用与环境生物学报, 2002, 8(6): 618-622
- [23] 胡学玉, 李学垣, 谢振翅. 不同青菜品种吸锌能力差异及与根系分泌物的关系. 植物营养与肥料学报, 2002, 8(2): 234-238
- [24] 何海斌, 何华勤, 林文雄, 陈祥旭, 贾小丽, 熊君, 沈荔花, 梁义元. 不同化感水稻品种根系分泌物中萜类化合物的差异分析. 应用生态学报, 2005, 16(4): 732-736
- [25] 韩雪, 潘凯, 吴凤芝. 不同抗性黄瓜品种根系分泌物对枯萎病病原菌的影响. 中国蔬菜, 2006(5): 13-15
- [26] 杨刚, 何寻阳, 王克林, 黄继山, 陈志辉, 李有志, 艾美荣. 不同植被类型对土壤微生物量碳氮及土壤呼吸的影响. 土壤通报, 2008, 39(1): 189-191
- [27] 申建波, 张福锁. 根分泌物的生态效应. 中国农业科技导报, 1999, 1(4): 21-27
- [28] 刘子雄, 朱天辉, 张建. 林木根际分泌物与根际微生物研究进展. 世界林业研究, 2005, 18(6): 25-31
- [29] 魏媛, 张金池, 喻理飞. 退化喀斯特植被恢复过程中土壤微生物生物量碳的变化. 南京林业大学学报(自然科学版), 2008, 32(5): 71-75
- [30] 黄昌勇, 李保国, 潘根兴. 土壤学. 北京: 中国农业出版社, 2000: 50-64
- [31] Baudoin E, Benizri E, Guckert A. Impact of artificial root exudates on the bacterial community structure in bulk soil and maize rhizosphere. Soil Biol. Biochem., 2003, 35: 1183-1192
- [32] Hartmann A, Schmid M, Wenzel W, Hinsinger PH. Rhizosphere 2004—Perspectives and Challenges—A Tribute to Lorenz Hiltner. Munich, Germany: GSF—National Research Center for Environment and Health, 2005
- [33] 宋亚娜, 包兴国, 李隆, 张福锁, 郑伟文. 利用 DGGE 法研究不同种植体系中根际微生物群落结构. 生物学杂志, 2006, 23(5): 12-15
- [34] Preston GM. Plant perceptions of plant growth-promoting pseudomonas. Philosophic. Trans. Royal Soc. London Seri. B-Biol. Sci., 2004, 359: 907-918

Comparison of Microbial Biomass and Community Structure of Rhizosphere Soil Between Forest and Shrubbery in Karst Ecosystems

WANG Xin-zhou, HU Zhong-liang, DU You-xin, LIU Yong-zhuo, LI Lian-qing, PANG Gen-xing

(Institute of Resource Ecosystem and Environment of Agriculture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: The degradation of karst ecosystem in Southwest China has been a serious ecological problem. To research the effects of different vegetation types on microbial biomass and bacterial community structures of rhizosphere soil, we selected the dominant tree species, *Quercus fabri*, *Platycarya longipes* in forest and *Pyracantha fortuneana*, *Zanthoxylum planispinum* in shrubbery, in two typical karst ecosystems. The results showed that microbial biomass carbon and nitrogen of rhizosphere soil in forest were higher than those in shrubbery, and the effects of the dominant tree species of *Quercus fabri* and *Platycarya longipes* in forest was more obvious compared to shrubbery. Bacterial diversity indexes of rhizosphere soil of dominant tree species in forest were significantly higher than those of bulk soil by the root exudates, but in shrubbery, there was no significant difference in both microbial biomass and diversity indexes between rhizosphere soil and bulk soil. It suggests that the vegetation succession could affect the cycle of substance and energy among plant-microbe-soil system by changing the characters of soil microbe, even affect the stabilization and health of karst ecosystems.

Key words: Karst ecosystem, Rhizosphere soil, Microbial biomass, Bacterial community, DGGE