

# 退化喀斯特植被恢复对土壤微生物数量 及群落功能多样性的影响<sup>①</sup>

魏媛<sup>1,3</sup>, 张金池<sup>2</sup>, 俞元春<sup>2</sup>, 喻理飞<sup>3\*</sup>

(1 贵州财经学院资源与环境管理学院, 贵阳 550004; 2 南京林业大学森林资源与环境学院, 南京 210037;

3 贵州大学林学院, 贵阳 550025)

**摘要:** 采集不同恢复阶段的土壤样品, 采用微生物培养法研究了退化喀斯特植被恢复对土壤微生物数量、群落功能多样性的影响。研究表明随着退化喀斯特植被的恢复, 土壤微生物数量增加, 表现为乔木群落阶段>灌木群落阶段>草本群落阶段>裸地阶段。土壤微生物群落代谢功能分析表明: 植被恢复往往导致较高的平均颜色变化率、物种丰富度和功能多样性。乔木群落阶段的平均诱导底物利用率最高, 明显地与其他 3 个恢复阶段不同。总之, 植被恢复使得土壤微生物数量增加, 碳源平均利用率增强。因此, 创造了更好的土壤条件更有利于退化喀斯特植被的恢复。

**关键词:** 退化喀斯特植被; 恢复序列; 土壤微生物数量; 群落代谢功能多样性

**中图分类号:** Q938.1; S154.37

贵州地处我国西南喀斯特地区的中心, 境内多为碳酸岩山地。因生态环境脆弱, 植被破坏后很难恢复, 形成“石漠化”, 退化喀斯特森林生态系统的恢复与重建已成为农业生产环境改善、区域经济发展及人民脱贫致富的迫切要求。

土壤微生物在植物凋落物的降解、养分循环与平衡、土壤理化性质的改善中起着重要作用。同时, 土壤微生物也是维持土壤质量的重要组成部分, 在土壤质量演变过程中, 可以作为灵敏的反映指标, 较早地预测土壤有机物的变化, 表征土壤质量的演变趋势<sup>[1-2]</sup>。土壤微生物多样性主要包括物种多样性、基因多样性和功能多样性。功能多样性是一个概括的说法, 又可细分为酶多样性<sup>[3]</sup>及基于 Biolog 方法对碳源的利用性<sup>[4]</sup>等。土壤微生物与地表植物之间存在着相互依存和制约关系。一方面, 植物的种类和数量制约着土壤微生物群落的生态特征<sup>[5]</sup>; 另一方面, 土壤微生物通过相互竞争、协调、驱动养分循环等作用影响着植物多样性<sup>[6]</sup>。随着人们对土壤微生物重要生态学意义认识的不断加深, 对土壤微生物多样性的研究日益增

多<sup>[7]</sup>。但人们在研究生态系统恢复时, 较多地考虑植被指标以及土壤微生物活性的变化<sup>[8-10]</sup>, 而对于植被恢复对土壤微生物群落影响的研究较少, 尤其对贵州退化喀斯特植被恢复对土壤微生物群落的影响缺乏系统研究<sup>[12-13]</sup>。本试验以贵州喀斯特高原生态综合治理示范区不同恢复阶段的植物群落为研究对象, 研究土壤微生物数量及群落功能多样性的变化特征, 目的在于探明退化群落恢复机理, 构建喀斯特生态系统恢复技术体系。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

研究区地处贵州省西南部贞丰县北盘江镇板围村 (105°38'487"E, 25°38'982"N), 是国家“十五”科技攻关计划项目“喀斯特高原生态综合治理技术与示范”的试验示范区。裸露岩石主要以纯质石灰岩和白云岩为主, 裸露型喀斯特峡谷地貌, 海拔 800~1 150 m; 河谷气候为日照充足, 平均气温 15.8℃, 年均极端最高气温为 32.4℃, ≥10℃积温 6 542℃; 平均年降水量

<sup>①</sup>基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目(973)(2006CB403206)、国家“十一五”科技支撑计划项目(2006BAC01A09, 2006BAD03A1006)、国家自然科学基金项目(30872076)和贵州省科学技术基金(黔科合J字[2009]2280号)项目资助。

\* 通讯作者(gdyulifei@163.com)

作者简介: 魏媛(1976—), 女, 贵州毕节人, 博士, 副教授, 主要从事恢复生态及土壤微生物生态研究。E-mail: weiyuan09876@163.com

1 100 mm, 10 月至次年 4 月为干旱季节, 5 ~ 10 月为雨季, 降水占全年的 90%以上; 土层浅薄且不连续, pH 为 6.5 ~ 8.0, 土体持水能力很弱, 土壤经常处于干旱状态, 特别是冬季干旱非常明显。与常态地貌相比,

生境复杂多样, 有石面、石沟、石洞、土面等多种小生境类型。该区内退化植被恢复过程分为裸地阶段、草本群落阶段、灌木阶段和乔木阶段 4 个阶段。各阶段主要组成物种如表 1。

表 1 退化喀斯特植被不同恢复阶段主要组成物种

Table 1 Composition of main species at different recovery stages under degenerated Karst vegetation

恢复阶段	植被类型	主要组成物种
裸地阶段	裸荒地	有极少量阳性先锋树种幼苗如野桐 ( <i>Mallotus tenuifolius</i> )、盐肤木 ( <i>Rhus chinensis</i> ), 近无草本植物
草本群落阶段	草地	草本植物主要有荩草 ( <i>Arthraxon hispidus</i> )、芒萁 ( <i>Dicranopteris dichotoma</i> )、猪毛蒿 ( <i>Artemisia scoparia</i> )、灰苞蒿 ( <i>A. roxburghiana</i> ) 等; 木本植物主要有野桐 ( <i>Mallotus tenuifolius</i> )、青檀 ( <i>Pteroceltis tatarinowii</i> )、火棘 ( <i>Pyracantha fortuneana</i> )、构树 ( <i>Broussonetia papyrifera</i> ) 等
灌木群落阶段	灌木林	主要有川钓樟 ( <i>Lindera pulcherima</i> var. <i>hemsleyana</i> )、清香木 ( <i>Pistacia weinmannifolia</i> )、云南鼠刺 ( <i>Itea yunnanensis</i> )、圆叶乌柏 ( <i>Sapium rotundifolium</i> )、山麻杆 ( <i>Alchornea davidii</i> )、石岩枫 ( <i>Mallotus repandus</i> )、烟管荚蒾 ( <i>Viburnum utile</i> )、重阳木 ( <i>Bischofia polycarpa</i> )、暖木 ( <i>Meliosma veitchiorum</i> )、薄叶鼠李 ( <i>Rhamnus leptophylla</i> )、悬钩子蔷薇 ( <i>Rosa rubus</i> ) 等
乔木群落阶段	森林	乔木层主要有青檀、朴树 ( <i>Celtis sinensis</i> )、南酸枣 ( <i>Choerospondias axillaris</i> )、香椿 ( <i>Toona sinensis</i> )、小叶榕 ( <i>Ficus concinna</i> )、川钓樟等; 灌木层主要有竹叶椒 ( <i>Zanthoxylum planispinum</i> )、喜玛拉雅旌节花 ( <i>Stachyurus himalaicus</i> )、灰毛浆果楝 ( <i>Cipadessa cinerascens</i> )、山麻杆、野桐、石岩枫等

## 1.2 供试材料

1.2.1 供试土样 以空间代替时间的方法<sup>[14]</sup>, 在贵州花江退化喀斯特植被不同恢复阶段 (裸地阶段、草本群落阶段、灌木群落阶段、乔木群落阶段) 选择有代表性的样地, 采用 S 型、线型或梅花型 3 点混合取样法分别在每个样地中进行土壤样品的采集。土壤类型确定参考中国土壤系统分类。每个样品 3 次重复, 编号, 除去杂物和石块, 迅速混合放入无菌袋内并装入带冰块 of 取样箱中运回。在实验室将土样除去可见的土壤动物和植物残体, 过 2 mm 筛, 混匀, 将土样分为 2 份。1 份保存于 4℃ 冰箱中供土壤微生物学指标分析; 另 1 份土样经风干、磨细、过 100 目筛, 以备选用。供试土壤的基本情况见表 2。

表 2 供试土壤的基本理化性质  
Table 2 Basic properties of soils used

恢复阶段	土壤含水量 (g/kg)	体积质量 (g/cm <sup>3</sup> )	pH	有机质含量 (g/kg)
裸地阶段	168.4	1.39	7.17	27.95
草本群落阶段	225.2	1.31	7.23	34.39
灌木群落阶段	261.9	1.23	7.32	49.05
乔木群落阶段	307.9	1.08	7.40	57.54

注: 数据为测定样品的平均值, 下表同。

1.2.2 仪器设备 Biolog Eco 平板购自美国 BIOIOG 公司 (BIOIOG, Hayward, USA), 酶标仪为美

国宝特公司生产的 ELx808 型动力学定量绘图酶标仪。

## 1.3 测定方法

1.3.1 土壤基本理化性质 土壤体积质量和含水量用常规方法测定<sup>[15]</sup>, 有机 C 的测定采用重铬酸钾-硫酸外加热法测定<sup>[13]</sup>; 土壤 pH 采用蒸馏水 (土水质量比 1:2.5) 浸提 30 min, 用 pH S-3C 精密 pH 计测定。

1.3.2 土壤微生物数量 土壤微生物记数采用稀释平板表面涂布法<sup>[16]</sup>; 细菌、真菌、放线菌分别采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基、马丁氏 (Martin) 培养基和改良高氏一号培养基, 具体操作参照《土壤微生物分析手册》<sup>[16]</sup>、《土壤微生物生态学及其实验技术》<sup>[17]</sup>及《土壤与环境微生物研究法》<sup>[18]</sup>。

1.3.3 土壤微生物群落功能多样性 微生物群落功能多样性采用 Biolog 法测试<sup>[4,19]</sup>。具体操作如下: 称相当于 10 g 干土重的鲜土, 在超净工作台中将土壤加入盛有 100 ml 0.85% 无菌 NaCl 溶液的三角瓶中, 加盖振荡 30 min (转速为 250 r/min), 静置澄清后, 取 5 ml 上清液加入 45 ml 0.85% 无菌 NaCl 溶液中; 重复以上过程使溶液的最终浓度为 10<sup>-3</sup> g/ml。将 Biolog Eco 平板从冰箱内取出, 预热到 25℃。用移液器将制备的土壤溶液分别接种至 Biolog Eco 平板的各孔中, 每孔 150 μl, 每个样 32 孔, 每块板 3 个重复。将接种好的 Biolog Eco 板盖好盖子, 置于保湿饭盒在 28℃ 恒温箱中培养 8 天。每隔 12 h 在酶标仪上自动读取 590 nm 波长下的数据。

土壤微生物群落 Biolog 代谢剖面的表达: Biolog

Eco平板中 31 种单一C源反应程度(即土壤微生物利用C源的能力), Biolog Eco平板多底物酶联(ELISA)一般采用每孔颜色的平均吸光值(average well color development, AWCD)来描述<sup>[4]</sup>, 计算公式为: AWCD值 =  $[\sum(Ci-R)] / 31$ 。Ci是所测得的除对照孔外 31 个反应孔的吸光度值, R是对照孔的吸光度。

土壤微生物群落功能多样性测度方法: 采用 Biolog Eco平板孔中吸光值来计算土壤微生物群落功能多样性指数<sup>[20-21]</sup>, 计算公式为:

Shannon 多样性:  $H = -\sum pi \ln pi$ , 式中Pi为第i孔相对吸光值(C-R)与整个平板相对吸光值总和的比率。

Shannon 均匀度:  $E = H/H_{max} = H/\ln S$ , H是Shannon指数, S是微生物群落丰富度。

Simpson 指数:  $D = 1/\sum Pi^2$ , 式中Pi为第i孔相对吸光值(C-R)与整个平板相对吸光值总和的比率。

#### 1.4 数据分析方法

采用 Biolog Eco 平板培养 72 h 的数据进行数据统计, 用 Shannon 多样性指数、Shannon 均匀度指数和 Simpson 指数来表征土壤微生物群落代谢功能多样性<sup>[22]</sup>。将 Biolog Eco 平板中 31 种 C 源分为 6 类后进行分析。应用 SPSS 12.0 对文中数据进行统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤微生物数量变化

土壤三大微生物组成及数量变化见表 3, 从表中可以看出, 随退化喀斯特植被的恢复, 土壤细菌、真菌、放线菌数量及微生物总数均呈上升趋势, 不同植被群落类型中土壤微生物数量从大到小依次为: 乔木群落阶段、灌木群落阶段、草本群落阶段和裸地阶段。退化喀斯特植被恢复过程中土壤微生物的数量变化较大, 乔木群落阶段是植被恢复的顶极群落, 其细菌、放线菌、真菌及其总数均为最高, 细菌、真菌、放线菌数量分别占微生物总数的 92.11%, 2.17% 和 5.71%, 这与龙健等<sup>[9]</sup>的研究结果相符。分析结果说明植被恢复有利于土壤生物循环和生物富集作用。

植被通过影响土壤有机 C 的输入, 使土壤微生物数量发生变化。退化喀斯特植被恢复过程中土壤微生物总数差异显著 ( $p < 0.05$ ), 表明不同植被恢复阶段土壤微生物数量存在差异。土壤三大微生物数量及微生物总数乔木群落阶段最高, 草本群落及灌木群落阶段相对较低, 而裸地阶段最低。植被恢复能够为土壤提供大量凋落物和分泌物, 使得土壤微生物群落生长

表 3 退化喀斯特植被不同恢复阶段土壤微生物组成

及数量 ( $\times 10^5$  cfu/g 干土)  
Table 3 Composition and numbers of soil microorganisms at different recovery stages under degenerated karst vegetation

恢复阶段	微生物总数量	细菌	真菌	放线菌
裸地阶段	33.42 d	31.88 d	0.43 c	1.11 c
草本群落阶段	48.73 c	46.14 c	0.62 b	1.97 b
灌木群落阶段	66.08 b	61.61 b	1.03 b	3.44 a
乔木群落阶段	83.41 a	76.83 a	1.81 a	4.77 a

注: 同列字母不同表示 LSD 检验差异达显著水平 ( $p < 0.05$ )。

和繁殖较快, 土壤微生物数量较高, 表现出良好的生态功能, 可建议在该示范区重视植被恢复在生态恢复和重建中的作用。

### 2.2 土壤微生物群落功能多样性变化

2.2.1 土壤微生物群落代谢(AWCD)分析 Biolog Eco中每孔的平均吸光值(AWCD)是反映土壤微生物群落功能多样性的一个重要指标<sup>[23]</sup>。退化喀斯特植被恢复过程中AWCD的变化如图 1。图中反映了Biolog Eco板中各不同恢复阶段土壤样品的孔平均染色程度(AWCD)随培养时间变化的情况, 可以看出 36 h之内AWCD值很小, 表明在 36 h之内C源基本上未被利用, 而在 48 h以后, AWCD急剧升高, 说明此时C源开始被微生物大幅度地利用, 此后的 120 h内C源的利用都呈较快增长的态势, 144 h后基本稳定, 因为当能被利用的C源消耗尽后, AWCD值不再增加。退化喀斯特植被恢复对AWCD的影响显著, 从大到小表现为乔木群落阶段、灌木群落阶段、草本群落阶段、裸地阶段。这说明退化喀斯特植被恢复使土壤微生物个体数量增多且种群丰富, 利用单一C源的能力增强。

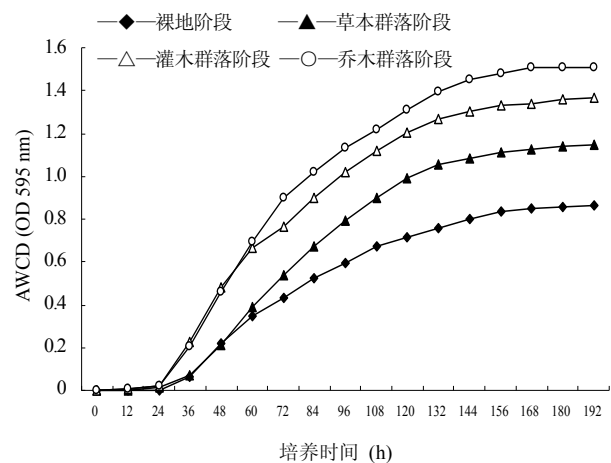


图 1 不同恢复阶段土壤 AWCD 值随时间的变化

Fig. 1 Average well color development (AWCD) of substrate utilization profiles in Biolog Eco Plates at four recovery stages

### 2.2.2 土壤微生物群落对各类 C 源的利用情况变化

土壤微生物多样性反映了群落总体的变化，但未能反映微生物群落代谢的详细信息<sup>[24]</sup>。研究土壤微生物对不同C源利用能力的差异，有助于更全面了解微生物群落代谢功能特征。图 2 显示了退化喀斯特植被恢复过程中土壤微生物群落对Biolog Eco平板中 6 类C源利用率的变化。由该图可以看出，土壤微生物对不同类别C源的平均利用率随退化喀斯特植被恢复而增大，且在植被恢复过程中存在着明显的差异。乔木群落阶段土壤微生物对所有C源的平均利用率最高，灌木群落阶段和草本群落阶段对糖类C源的平均利用率差异不显著。乔木群落阶段和灌木群落阶段，草本群落阶段和裸地阶段对羧酸类C源平均利用率差异不显著，胺类，多聚物类和芳香化类C源的平均利用率在灌木群落阶段显著高于草本群落阶段和裸地阶段 ( $p < 0.05$ ) (图 2)。退化喀斯特植被恢复促进了土壤微生物对不同类C源的平均利用率。

**2.2.3 土壤微生物群落功能多样性指数变化** 由于 Biolog Eco 平板中配备有 31 种不同性质的 C 源，在培养过程中土壤不同类群微生物对各自优先利用 C 源基质具有选择性，进而使 Biolog Eco 平板中反应孔的

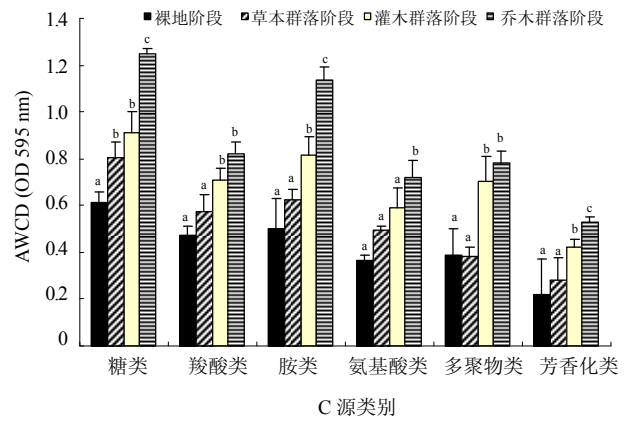


图 2 不同恢复阶段土壤微生物对不同 C 源的平均利用

Fig. 2 Average utilization of different carbon substrates groups by soil microbes at four recovery stages

颜色变化出现不同程度的差异。

土壤微生物群落代谢 AWCD、代谢功能 Shannon 多样性、Shannon 均匀度和 Simpson 指数随植被恢复的变化规律见表 4，从表中可以看出，退化喀斯特植被恢复对 AWCD、多样性指数、丰富度和均匀度影响显著，各指标均呈现出随植被的恢复而增大的变化特点。

表 4 不同恢复阶段土壤微生物群落功能多样性指数

Table 4 Functional diversity of soil microbial community for 31 sole carbon source substrates (Biolog Eco Plate) at four recovery stages

指数	裸地阶段	草本群落阶段	灌木群落阶段	乔木群落阶段
AWCD	0.501 ± 0.05 b	0.661 ± 0.02 b	0.845 ± 0.03 a	0.930 ± 0.08 a
Shannon 多样性 (H)	4.094 ± 0.06 b	4.451 ± 0.03 b	5.114 ± 0.02 ab	5.394 ± 0.05 a
Shannon 均匀度 (E)	0.653 ± 0.02 b	0.701 ± 0.01 b	0.765 ± 0.01 a	0.798 ± 0.01 a
Simpson 指数 (D)	0.716 ± 0.003 b	0.793 ± 0.001 b	0.873 ± 0.004 ab	0.911 ± 0.003 a

注：同行数据字母不同表示 LSD 检验差异达显著水平 ( $p < 0.05$ )。

退化喀斯特植被恢复过程中，随着地上部分组成的变化和多样性的增加，对地下部土壤生态系统也会带来影响。龙健等<sup>[9]</sup>研究表明退化喀斯特植被恢复能增加土壤养分含量，提高土壤肥力。魏媛等<sup>[10]</sup>研究表明退化喀斯特植被恢复能提高土壤微生物生物量，增加土壤三大区系微生物的数量。本试验研究表明退化喀斯特植被恢复能提高土壤微生物群落功能的多样性，不仅导致较高的平均颜色变化率，底物丰富度和功能多样性，而且也使诱导底物的平均利用率产生差异。结合前人研究及本研究的结果来看，研究区土壤微生物的数量、群落代谢、多样性、均匀度和 Simpson 指数均受植被恢复过程中物种种类、数量的影响，其

更深一层的相互作用机制有待进一步研究。

### 3 结论

(1) 退化喀斯特植被恢复增加了土壤微生物数量。土壤微生物的数量分布，不仅可以敏感地反映土壤环境质量的变化<sup>[25]</sup>，而且也是土壤中生物活性的具体体现<sup>[26]</sup>。本研究表明，土壤微生物数量随着退化喀斯特植被恢复而增加 (表 3)，这表明植被恢复增强了土壤微生物活性。植被恢复为微生物群落的繁殖创造一个有利的土壤条件，反过来，这种土壤条件可以促进植被恢复。总之，土壤微生物与植物的根系形成一个稳定的动态系统，在这个系统中它们之间相互作用，

相互影响。植物的根系为土壤微生物提供养分，土壤微生物反过来也促进了植物根系的发育，从而促进了植物的生长。

(2) 退化喀斯特植被恢复增加了土壤微生物群落功能多样性。Grayston 等<sup>[27]</sup>的研究表明，植物群落可以明显地改善土壤中微生物群落的分解能力。在本研究中，Biolog Eco 平板测定分析表明植被恢复不仅导致较高的平均颜色变化率、底物丰富度和功能多样性(表 4)，而且也使诱导底物的平均利用率产生差异。乔木群落阶段对所有 C 源的平均利用率最高，灌木群落阶段对羧酸类、胺类、多聚物类和芳香化类 C 源的利用率高于草本群落阶段和裸地阶段(图 2)，这与 Li 等<sup>[28]</sup>研究报道的结果相一致。研究结果表明：乔木群落阶段对 Biolog Eco 平板上的所有 C 源的利用率最高，有较高的平均颜色变化率、底物丰富度和功能多样性，揭示了退化喀斯特植被恢复大大改变了土壤微生物功能群的组成，增加了微生物群落功能多样性。

土壤微生物与植物的根系形成一个稳定的动态系统，在这个系统中它们之间相互作用，相互影响。深入研究退化喀斯特植被恢复对土壤微生物数量和功能多样性的影响对土壤资源可持续利用具有重要的理论和实践意义。本研究表明退化喀斯特植被恢复增加了土壤微生物数量及群落功能多样性，这些结果有助于我们理解土壤微生物在退化喀斯特植被恢复过程中的作用，并且对于深入研究退化喀斯特植被的关键技术均有重要意义。但本文仅从 Eco 板代谢的差异上进行分析，还需要辅以其他方法和进一步的研究加以证明。

#### 参考文献:

- [1] 唐玉姝, 魏朝富, 颜廷梅, 杨林章, 慈恩. 土壤质量生物学指标研究进展. 土壤, 2007, 39(2): 157-163
- [2] 郑昭佩, 刘作新. 土壤质量及其评价. 应用生态学报, 2003, 14(1): 131-134
- [3] Bending GD, Turncr MK, Jones JE, Randerson P. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities. Soil Biol. Biochem., 2002, 34: 1073-1082
- [4] Garland JL, Mills AL. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities of on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization. Appli. Environ. Microbiol., 1991, 57: 2351-2359
- [5] Hoop DU, Vitouser PM. The effects of plant composition and diversity on ecosystem process. Science, 1997, 277: 1302-1305
- [6] Clay K. Tungal endophyte symbiosis and plant diversity in successional fields. Science, 1999, 285(5434): 1742-1744
- [7] 蔡燕飞, 廖宗文, 章家恩, 孔维栋, 何成新. 生态有机肥对番茄青枯病及土壤微生物多样性的影响. 应用生态学报, 2003, 14(3): 349-353
- [8] 喻理飞, 朱守谦, 叶镜中. 喀斯特森林不同种组的耐旱适应性. 南京林业大学学报(自然科学版), 2002, 26(1): 19-22
- [9] 龙健, 李娟, 江新荣, 黄昌勇. 贵州茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究. 土壤学报, 2004, 41(4): 597-602
- [10] 魏媛, 喻理飞, 张金池. 退化喀斯特植被恢复过程中微生物学特征. 林业科学, 2008, 44(7): 6-10
- [11] 魏媛, 喻理飞, 张金池. 退化喀斯特植被恢复过程中土壤微生物活性研究. 中国岩溶, 2008, 27(1): 72-76
- [12] 朱海燕, 刘忠德, 钟章成. 喀斯特退化生态系统不同恢复阶段土壤质量研究. 林业科学研究, 2006, 19(2): 248-252
- [13] 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
- [14] 梁士楚. 贵阳喀斯特山地云贵鹅耳枥种群动态研究. 生态学报, 1992, 12(1): 53-60
- [15] 鲁如坤. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社, 1998
- [16] 许光辉, 郑洪元. 土壤微生物分析手册. 北京: 农业出版社, 1986
- [17] 姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术. 北京: 科学出版社, 2006
- [18] 李振高, 骆永明, 滕应. 土壤与环境微生物研究法. 北京: 科学出版社, 2008
- [19] Zak JC, Willig MR, Moorhead DL, Feltham CW. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach. Soil Biol. Biochem., 1994, 26: 1101-108
- [20] Bronwyn DH, Raymond LC. Using the Gini coefficient with BIOLOG substrate utilization data to provide an alternative quantitative measure for comparing bacterial soil communities. Journal of Microbiological Methods, 1997, 30: 91-101
- [21] Magurran AE. Ecological Diversity and Its Measurement. Princeton: Princeton University Press, 1988: 34-59
- [22] Schutter ME, Dick RP. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. Soil Biol. Biochem., 2001, 33(1): 1481-1491
- [23] 杨永华, 姚健, 华晓梅. 农药污染对土壤微生物群落功能多样性的影响. 微生物学杂志, 2000, 20(2): 56-63
- [24] Kennedy AC, Smith KL. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. Plant Soil, 1995, 170: 75-86
- [25] Brookes PC, McGrath SP. Effects of metal toxicity on the size of the soil microbial biomass. Journal of Soil Science, 1984, 35:

- 341-346
- [26] Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DC. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biol. Biochem.*, 1987, 19: 703-707
- [27] Grayston S, Griffith G, Mawdsley J, Campbell C, Bardgett R. Accounting for variability in soil microbial communities of temperate upland grassland ecosystems. *Soil Biol. Biochem.*, 2001, 33: 533-551
- [28] Li WH, Zhang CB, Gao GJ. Relationship between *Mikania micrantha* invasion and soil microbial biomass, respiration and functional diversity. *Plant Soil*, 2007, 296: 197-207

## Effects of Degraded Karst Vegetation Restoration on Soil Microbial Amount and Functional Diversity

WEI Yuan<sup>1,3</sup>, ZHANG Jin-chi<sup>2</sup>, YU Yuan-chun<sup>2</sup>, YU Li-fei<sup>3</sup>

(1 *School of Resources and Environmental Management, Guizhou College of Finance and Economics, Guiyang 550004, China;*

2 *College of Forest and Environment, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China;*

3 *College of Forestry, Guizhou University, Guiyang 550025, China*)

**Abstract:** Soil samples were collected at different restoration stages in a study area. By using microbial incubation methods the effects of vegetation restoration of degraded karst on soil microbial amount and community functional diversity were studied. The results showed the amount of soil microbes increased with vegetation restoration in an order of arboreal community stage>shrubby community stage>herbaceous community stage>bare land stage. The metabolic functional diversity of soil microbial community analyses indicated that vegetation restoration tended to result in higher average well color development, substrate richness and functional diversity. Average utilization of specific substrate guilds was highest in arboreal community stage. Arboreal community stage was significantly different from other three recovery stages. In conclusion, vegetation restoration improved the amount of soil microbes and utilization of carbon sources, thus created better soil conditions, which in turn were more conducive to vegetation restoration of degraded karst.

**Key words:** Degraded karst vegetation, Restoration sequence, Soil microbial amount, Community metabolic functional diversity