

贵阳市东郊不同植被类型下土壤特性对微生物功能的影响^①

李世朋, 蔡祖聪, 杨 浩

(土壤与农业可持续发展国家重点实验室 (中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008)

摘 要: 选取贵阳市东郊 7 种植被下土壤, 测定了微生物群落功能 (Biolog 法) 和 13 种土壤特性, 采用主成分分析和回归分析方法, 研究了土壤特性对微生物群落功能的影响。结果表明, 土壤特性解释了土壤微生物底物利用变异的 77.9% 和土壤微生物功能多样性的全部变异, 其中, 土壤 pH、有效 P、速效 K、有机 C、水解 N 和溶解性有机 C 分别解释了底物利用的 48.4%、15.9%、5.9%、5.7%、1.6% 和 0.4%; 有效 P、速效 K、有机 C 和全 N 分别解释了微生物功能多样性指标 (H') 变异的 67.4%、27.7%、4.7% 和 0.2%, 表明土壤特性对微生物底物利用和功能多样性有决定性影响。

关键词: 植被类型; 土壤特性; 微生物功能; 底物利用

中图分类号: S158.3

Biolog 系统是一种广泛应用于测度土壤与环境样品微生物群落功能的方法, 研究表明, Biolog 方法测定的微生物群落功能特性与酶活性正相关, 更真实地反映了土壤微生物群落的原位活性^[1]。由于环境是生物生理、数量和行为的约束条件和选择因素^[2], 作为土壤微生物栖居场所的土壤环境, 诸多的土壤特性, 如有机 C、N、P、pH 和交换性 K, 在不同土壤环境条件下与微生物群落功能显著相关^[3-6], 表明土壤环境特性对 Biolog 测度的微生物群落功能有重要影响。而植被对诸多土壤性质都有显著影响^[7], 表明植被可能通过影响土壤特性影响微生物群落功能。但是, 不同植被下的土壤特性到底在何种程度上影响微生物群落功能, 却很少有研究。本文采用 Biolog 方法测定微生物群落功能, 结合主成分分析和回归分析方法, 研究了贵阳市 7 种不同植被下土壤特性对微生物群落功能的影响, 以期量化不同土壤特性影响微生物群落功能的程度。

1 研究区域概况与研究方法

1.1 研究区域概况

贵州省林业科学院树木园和邻近的森林公园, 位于贵阳市东郊, 地理坐标为东经 106°43', 北纬 26°30', 地势平缓, 海拔 1120 ~ 1170 m, 森林覆盖率 90%。该地区为中亚热带湿润气候, 年均温度 15.2℃, 相对湿度 77%, 无霜期 278 天, 年降水量 1198 mm。土

壤类型为石灰岩发育的铝质酸性湿润淋溶土 (山地黄壤)。

1.2 土壤样品的采集及分析

2004 年 8 月下旬, 在研究区域内选择地形较平坦且排水良好的地点, 采集了蕨类植物芒萁 (*Dicranopteris dichotoma*), 裸子植物马尾松 (*Pinus massoniana*) 和日本香柏 (*Thuja Standishii*), 被子植物广玉兰 (*Magnolia grandiflora*)、闽楠 (*Phoebe bournei*), 青冈栎 (*Cyclobalanopsis glauca*) 和油茶 (*Camellia oleifera*) 7 种植被下的土壤。由于植被变化 8 年后, 表层 0 ~ 2.5 cm 土壤中的有机 C 只有 48% 来自于变化后的植被, 而 5 cm 以下层次只有大约 20%^[8], 表明只有表层土壤有机 C 较大程度地代表了新近植被来源的有机 C, 因此只采集表层 2 cm 的土壤样品。样点植被描述见表 1。

表 1 不同植被样点的特征

Table 1 Characteristics of vegetation of studied sites

植被	立地年限 (年)	优势度 (%)	覆盖度 (%)
芒萁	≥40	≈ 85	≈100
马尾松	40	≈ 95	≈ 90
日本香柏	28	≈ 100	≈ 80
广玉兰	33	≈ 100	≈ 100
闽楠	27	≈ 100	≈ 90
青冈栎	15	≈ 80	≈ 90
油茶	35	≈ 90	≈ 95

①基金项目: 国家自然科学基金项目 (40621001) 资助。

作者简介: 李世朋 (1974—), 男, 河南巩义人, 博士研究生, 主要从事土壤生态学研究。E-mail: spli2003@yahoo.com.cn

1.3 土壤样品分析

土壤有机C、全N采用元素分析仪测定 (Elementar, 德国); 土壤pH采用 1 : 2.5 土水比平衡 1 h后用玻璃电极测定; 水解N (HN)、速效P (Olsen-P: OP)、速效K (AK) 按照文献测定^[9]; 微生物生物量C (MBC)、N (MBN) 与溶解性有机C (DOC)、N (DON) 用

0.5 mol/L K₂SO₄ 提取氯仿熏蒸与未熏蒸的土壤样品 (5:1 w/v)^[10] (未熏蒸土壤样品的提取液为溶解性有机C、N; 熏蒸与未熏蒸土壤样品的差值为微生物量C、N), 提取液用有机碳氮分析仪 (High-TOC + Nb, Germany) 测定。土壤特性的分析结果见表 2。

表 2 不同植被类型下土壤特性与微生物功能指标

Table 2 Soil characteristics and microbial functional indices under different vegetation types

植被	平均吸光值	功能多样性	pH	SOC	TN	SOC/TN	DOC	DON	DOC/DON	MBC	MBN	MBC/MBN	HN	OP	AK
	AWCD	H'		(g/kg)	(g/kg)	R _{cn}	(mg/kg)	(mg/kg)	R _{cnd}	(mg/kg)	(mg/kg)	R _{cnm}	(mg/kg)	(mg/kg)	(mg/kg)
芒萁	0.58 b	4.11 b	4.02 f	85.02 b	4.81 c	17.7 b	237.9 d	33.6 c	7.1 cd	360.5 c	19.4 d	18.6 a	377.3 c	15.9 c	122.8 e
马尾松	0.52 b	4.18 b	4.10 e	85.52 b	4.32 cd	19.8 a	127.8 f	23.2 d	5.5 e	223.2 g	15.8 e	14.1 c	315.5 d	15.2 c	82.1 f
日本香柏	0.27 c	3.85 c	4.34 d	51.15 e	3.63 e	14.1 d	282.4 c	16.2 d	17.4 a	314.6 d	32.4 c	9.7 e	241.3 f	58.8 a	234.6 b
广玉兰	1.07 a	4.41 a	5.96 a	108.80 a	6.37 b	17.1 b	470.1 a	36.0 bc	13.1 b	598.6 b	37.3 b	16.0 b	438.1 b	22.6 b	366.4 a
闽楠	1.06 a	4.39 a	5.92 a	65.54 d	3.83 de	17.1 b	118.4 f	18.8 d	6.3 de	297.1 e	54.9 a	5.4 f	293.7 e	10.1 de	157.4 d
青冈栎	1.09 a	4.39 a	4.93 c	74.76 c	4.78 c	15.6 c	313.5 b	40.5 a	7.7 c	243.7 f	20.7 d	11.8 d	370.6 c	13.0 cd	194.0 c
油茶	0.92 a	4.37 a	5.42 b	112.90 a	7.15 a	15.8 c	157.6 e	39.5 ab	4.0 f	611.5 a	53.8 a	11.4 d	552.7 a	7.8 e	199.9 c
平均值	0.79	4.24	4.96	83.38	4.98	16.8	244.0	29.7	8.7	378.5	33.5	12.4	370.0	20.4	193.9
标准差	0.30	0.19	0.77	20.60	1.22	1.7	116.1	9.4	4.4	149.3	15.0	4.0	95.2	16.0	84.8
变异系数(%)	38.6	4.6	15.5	24.7	24.5	10.1	47.6	31.8	50.7	39.5	44.8	32.4	25.7	78.7	43.8

注：同列数据字母不同表示植被之间差异显著 ($p < 0.05$)。

Biolog 功能测定：取10 g (以干重计) 新鲜土样，加 100 ml 1 g/kg 的磷酸钠缓冲液，在振荡 30 min 并沉淀 15 min 后，用稀释至 1000 倍的上清液接种 Biolog GN 盘^[11]。接种后的 Biolog 盘在 25℃ ± 1℃ 下培养 7 天，每天用 Biolog 自动读数装置于 590 nm 下测定吸光值，平均吸光值 (AWCD: average well color development) 作为整体活性的有效指数。

1.4 统计分析

采用 Biolog 微平板培养 48 h 的数据 (此时的 AWCD 约为培养期间最大值的 0.5) 进行数据统计分析。Biolog GN 微平板中 95 种 C 源分为 6 类^[12]。土壤微生物群落功能多样性以及各类底物的代谢多样性用 Shannon 指数 (H') 表征，计算方法如下：

$$H' = \sum (P_i \times \log P_i)$$

式中， P_i 为培养基孔与对照孔的光密度值差与整板总差的比值，即：

$$P_i = (C-R) / \sum (C-R)$$

式中， C 为每个培养基孔的光密度值， R 为对照孔的光密度值。

方差分析、主成分分析和回归分析用 SPSS 11.5 软件进行。

2 结果与分析

虽然样点植被的林龄并不相同，但不同测定指标

的变异系数能反映植被类型对不同土壤特性影响的程度大小 (表 2)。土壤有效 P 在测定的土壤特性中变异系数最大 (78.7%)，其次是溶解性有机物碳氮比 (R_{cnd}) (50.7%)，而变异系数较小的是土壤碳氮比 (R_{cn}) (10.1%) 和土壤 pH (15.5%)。表明不同植被类型对有效 P 和 R_{cnd} 的影响很大，而对 R_{cn} 和土壤 pH 的影响较小。土壤微生物底物利用活性 (AWCD) 的变异系数也比较大 (38.6%)，而功能多样性 (H') 的变异系数比较小 (4.6%)。

底物利用的主成分分析结果表明，前 4 个主成分解释了微生物底物利用总方差的 92.5% (表 3)。主成分 1 解释了底物利用总方差的 69.7%，在载荷较高 ($r \geq 0.700$) 的 17 种底物中，羧酸 7 种、碳水化合物 4 种、氨基酸 3 种、其他类 3 种；主成分 2 (解释了底物利用总方差的 7.9%) 载荷较高的 11 种底物中，碳水化合物 5 种、羧酸 4 种、氨基酸 2 种，表明主成分 1 和 2 主要表征羧酸和部分碳水化合物的利用差异；主成分 3 (解释了底物利用总方差的 7.7%) 载荷较高的 12 种底物中，碳水化合物 7 种、羧酸与聚合物各 2 种、氨基酸 1 种，表明主成分 3 表征的主要是部分碳水化合物的利用差异；主成分 4 (解释了底物利用总方差的 7.2%) 载荷较高的 7 种底物中，碳水化合物和聚合物各 2 种，羧酸、氨基酸与其他类化合物各 1 种。

表 3 与主成分 (SUPC) 相关较高的底物

Table 3 Substrates with high loading on principal components of substrate utilization (SUPC)

主成分		底物	<i>r</i>	主成分		底物	<i>r</i>	
SUPC1 （69.7%）	碳水化合物	D-果糖	0.820	SUPC3 （7.7%）	碳水化合物	α-羟基丁酸	0.792	
		β-甲基-D-葡萄糖苷	0.788			D-半乳糖醛酸	0.781	
		D-蜜二糖	0.765			氨基酸	甘氨酸-L-谷氨酸	0.913
		N-乙酰基-D-葡萄糖	0.726			L-丙氨酸	0.759	
		羧酸	琥珀酸			0.912	单甲基琥珀酸	0.917
			D-葡萄糖胺酸			0.889	蔗糖	0.827
			丙酸			0.882	D-海藻糖	0.805
			D,L-乳酸			0.855	木糖醇	0.784
			丙二酸			0.773	阿洛酮糖	0.767
			β-羟基丁酸			0.748	赤藻糖醇	0.759
	D-葡糖二酸	0.736	D-山梨醇	0.743				
	氨基酸	D,L-肉碱	0.811	羧酸	D-葡萄糖酸	0.777		
		L-组氨酸	0.736		顺-乌头酸	0.746		
		L-谷氨酸	0.709		氨基酸	L-丝氨酸	0.701	
		其他	尿刊酸		0.878	聚合物	吐温 40	0.777
溴丁二酸	0.801		吐温 80	0.713				
2,3-丁二醇	0.778		SUPC4 （7.2%）	碳水化合物	甲基丙酮酸	0.848		
SUPC2 （7.9%）	碳水化合物				D-纤维二糖	0.924	松二糖	0.719
		龙胆二糖			0.903	羧酸	α-酮戊酸	0.954
		D-半乳糖			0.855	氨基酸	L-苯丙氨酸	0.916
		D-阿拉伯糖醇			0.812	其他	胸腺嘧啶核苷	0.837
		侧金盏花醇			0.727	聚合物	淀粉	0.823
		羧酸	α-酮丁酸	0.834	环糊精	0.747		
α-酮戊二酸	0.804							

底物利用的主成分与土壤特性之间的回归分析和计算结果表明 (表 4) (所有土壤特性与底物利用主成分3的相关性都不显著, 因而未列入表4), 土壤 pH、

有效 P、速效 K、有机 C、水解 N 和 溶解性有机 C 分别解释了底物利用的 48.4%、15.9%、5.9%、5.7%、1.6% 和 0.4%, 共解释了底物利用总方差的 77.9%。

表 4 微生物底物利用主成分 (SUPC)、功能多样性 (H') 与土壤特性的逐步回归Table 4 Regression between principle components of substrate utilization (SUPC), H' and soil characteristics

参数	方差解释量 (%)	土壤特性	回归系数 <i>r</i>	概率 <i>p</i>	方差解释量 (%)
SUPC 1	69.7	pH	0.833	0.020	48.4
		pH, OP	0.954	0.036	63.4
SUPC 2	7.9	SOC	0.851	0.015	5.7
		SOC, HN	0.96	0.035	7.3
SUPC 4	7.2	AK	0.907	0.005	5.9
		AK, OP	0.975	0.012	6.8
		AK, OP, DOC	0.998	0.033	7.2
		OP	0.821	0.007	67.4
H'		OP, AK	0.975	0.009	95.1
		OP, AK, SOC	0.999	0.024	99.8
		OP, AK, SOC, TN	1.000	0.042	100

有效 P、速效 K、有机 C、全 N 4 个指标分别解释了微生物功能多样性指标 (H') 变异的 67.4%、27.7%、4.7% 和 0.2%，共解释了底物利用多样性总方差的 100%，表明微生物功能活性和多样性都在很大程度上受到土壤特性的影响。

3 讨论

在 13 项土壤特性中，土壤 pH 解释了微生物底物利用的 48.4%，对微生物底物利用影响最大。本研究中 AWCD 与土壤 pH 显著相关 ($r \geq 0.700$, $p = 0.012$)，而与 MBC 的相关不显著，表明土壤 pH 对微生物底物利用的影响比微生物量更重要。这与加拿大森林的研究结果一致^[6]。由于土壤细菌的碳氮比较低，真菌的碳氮比较高^[13-15]，较低的微生物碳氮比 (R_{cnn}) 意味着土壤微生物群落结构中细菌的比例较高。本研究中 R_{cnn} 随着土壤 pH 升高呈降低趋势，表明随着土壤 pH 升高，土壤微生物群落结构向细菌比例增加方向转变，而且，pH 升高会引起革兰氏阴性细菌比例增加^[16]，这都可能影响微生物的底物利用活性。土壤微生物群落的底物利用活性 (AWCD) 是土壤微生物活性的一个表征^[17]，而 DOC 是微生物最重要的 C 源^[18]，以 AWCD/DOC 的比值作为 DOC 生物有效性的粗略指示，结果发现，AWCD/DOC 随着土壤 pH 升高而升高，并与 R_{cnd} 显著负相关 ($r = -0.676$, $p = 0.048$)，表明土壤 pH 和 R_{cnd} 都可能影响溶解性有机物的生物有效性。前人的研究结果也表明，溶解性有机物的碳氮比影响其生物有效性^[19]。这表明，土壤 pH 可能通过影响微生物群落结构和溶解性有机物的生物有效性影响微生物群落的底物利用。

一般来说，石灰岩发育的土壤普遍缺 P，而且 P 的有效性比较低^[20]，本研究中不同植被类型下速效 P 的变异系数最大，表明岩溶生态系统中植被类型对速效 P 的影响较大，而且速效 P 与底物利用主成分 1 和 3 都显著相关，解释了微生物底物利用的 15.9%，表明速效 P 对微生物底物利用有较大影响。研究表明，热带林地土壤中，P 的有效性是微生物利用活性有机 C 的限制因素^[21]。桂林岩溶生态系统中速效 P 与土壤微生物活性有关^[22]也表明，在石灰岩发育的生态系统中，植被类型对土壤速效 P 的影响可能是植被类型影响土壤功能的机理之一。

土壤有效 K 解释了底物利用的 5.9%，表明土壤有效 K 对微生物底物利用有一定影响。Pankhurst 等人^[3]也发现盐碱度不同的土壤中 Biolog 底物利用的变异与交换性 K 显著相关。休眠的微生物细胞中 K

含量较低^[23]以及添加 K 盐能促进有机 C 矿化^[24]的事实都表明，K 能促进微生物活性，这可能是本研究中有有效 K 影响微生物底物利用的机制。

土壤有机 C 一般被认为是影响微生物群落结构和功能的重要因素，但只有在有机 C 含量低于某个临界值时，土壤功能多样性才随着有机 C 含量增加而升高^[25]。贵阳土壤有机 C 含量普遍较高可能是有机 C 含量对微生物群落功能影响较小的原因。水解 N 和 DOC 对微生物底物利用的影响很小可能有相似的机理。

4 种土壤特性解释了微生物功能多样性 (H') 的全部变异，表明土壤特性对 H' 有决定性影响。相比之下，有效 P 对微生物功能多样性变异的解释量 (67.4%) 远高于对底物利用变异的解释量 (15.9%)，表明同一个土壤特性对不同功能指标的影响可能会有较大差异。同样，土壤 pH 对微生物底物利用的影响最大，但对微生物功能多样性却没有影响，表明在特定环境条件下，微生物底物利用活性与功能多样性都可能受个别关键土壤特性的影响较大，土壤特性受植被类型影响的大小与它们影响微生物功能的大小并不一致。

土壤特性与微生物群落的底物利用显著相关^[3-6]，表明土壤特性对微生物功能有重要影响，但系统研究土壤特性对微生物群落功能影响的文献很少。本研究中土壤性质解释了微生物底物利用变异的 77.9% 和微生物功能多样性变异的全部，表明土壤性质对微生物底物利用的影响可能超过了以前的认识。如果把土壤性质分为土壤物理化学性质和微生物生物量相关的性质两大类，那么，在贵阳土壤中，解释微生物底物利用变异和功能多样性变异的主要是土壤物理化学性质 (pH、OP、AK、SOC、HN、TN 和 DOC)，而与微生物生物量有关的生物学性质 (MBC、MBN、 R_{cnn}) 没有贡献，表明在贵阳的环境条件下，主要是土壤物理化学性质影响微生物群落功能。这也支持了环境是生物生理、数量和行为的约束条件和选择因素的理论^[2]。但是，土壤环境的复杂性需要不同地区的研究结果来积累更多的证据。

4 结论

综上所述，贵阳市东郊不同植被类型下土壤特性解释了土壤微生物底物利用变异的 77.9%，其中，土壤 pH、有效 P、速效 K、土壤有机 C、水解 N 和溶解性有机 C 分别解释了底物利用的 48.4%、15.9%、5.9%、5.7%、1.6% 和 0.4%。功能多样性指

标 (H') 变异能被有效 P、速效 K、土壤有机 C 和全 N 4 个指标全部解释, 解释量分别为 67.4%、27.7%、4.7% 和 0.2%, 表明土壤特性对微生物底物利用和功能多样性有决定性影响。

参考文献:

- [1] Winding A, Hendriksen NB. Comparison of CLPP and enzyme activity assay for functional characterization of bacterial soil communities. *Journal of Soils and Sediments*, 2007, 7: 411-417
- [2] Lacroix G, Abbadie L. Linking biodiversity and ecosystem function: An introduction. *Acta Oecologica*, 1998, 19: 189-193
- [3] Pankhurst CE, Yu S, Hawke BG, Harch BD. Capacity of fatty acid profiles and substrate utilization patterns to describe differences in soil microbial communities associated with increased salinity or alkalinity at three locations in South Australia. *Biology and Fertility of Soils*, 2001, 33: 204-217
- [4] Frey SD, Knorr M, Parrent JL, Simpson RT. Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests. *Forest Ecology and Management*, 2004, 196: 159-171
- [5] Grayston SJ, Campbell CD, Bardgett RD, Mawdsley JL, Clegg CD, Ritz K, Griffiths BS, Rodwell JS, Edwards SJ, Davies WJ, Elston DJ, Millard P. Assessing shifts in microbial community structure across a range of grasslands of differing management intensity using CLPP, PLFA and community DNA techniques. *Applied Soil Ecology*, 2004, 25: 63-84
- [6] White C, Tardif JC, Adkins A, Staniforth R. Functional diversity of microbial communities in the mixed boreal plain forest of central Canada. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37: 1359-1372
- [7] Menyailo OV, Hungate BA, Zech W. Tree species mediated soil chemical changes in a Siberian artificial afforestation experiment. *Plant and Soil*, 2002, 242: 171-182
- [8] Alcântara FA, Buurman P, Neto AEF, Curi N, Roscoe R. Conversion of grassy cerrado into riparian forest and its impact on soil organic matter dynamics in an Oxisol from southeast Brazil. *Geoderma*, 2004, 123: 305-317
- [9] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 1998
- [10] Vance ED, Brookes PC, Jenkinson DS. An extraction method for measuring soil microbial biomass C. *Soil Biology and Biochemistry*, 1987, 19: 703-707
- [11] Campbell CD, Grayston SJ, Hirst DJ. Use of rhizosphere carbon sources in sole carbon source tests to discriminate soil microbial communities. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, 30: 33-41
- [12] Zak JC, Willig MR, Moorhead DL, Wildman HG. Functional diversity of microbial communities: A quantitative approach. *Soil Biology and Biochemistry*, 1994, 26: 1101-1108
- [13] Paul EA, Clark FE. *Soil Microbiology and Biochemistry*. San Diego: Academic Press, 1996: 131-146
- [14] Harris D, Voroney RP, Paul EA. Measurement of microbial biomass N:C by chloroform fumigation incubation. *Canadian Journal of Soil Science*, 1997, 77: 507-514
- [15] Wallander H, Nilsson LO, Hagerberg D, Rosengren U. Direct estimates of C:N ratios of ectomycorrhizal mycelia collected from Norway spruce forest soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35: 997-999
- [16] Frostegård Å, Bååth E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipids fatty acid analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, 1993, 25: 723-730
- [17] Garland JL. Analytical approaches to the characterization of samples of microbial communities using patterns of potential C source utilization. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28: 213-221
- [18] Metting FB. Structure and physiological ecology of soil microbial communities // Metting FB. *Soil Microbia Ecology—Application in Agricultural and Environmental Management*. New York: Marcel Dekker Inc., 1993: 3-24
- [19] Kiikkilä O, Kitunen V, Smolander A. Degradability of dissolved soil organic carbon and nitrogen in relation to tree species. *FEMS Microbiology Ecology*, 2005, 53: 33-40
- [20] 何振立. 土壤微生物量及其在养分循环和环境评价中的意义. *土壤*, 1997, 29(2): 61-69
- [21] Cleveland CC, Townsend AR, Schmidt SK. Phosphorus limitation of microbial processes in moist tropical forests: Evidence from short-term laboratory incubations and field studies. *Ecosystems*, 2002, 5: 680-691
- [22] 李为, 余龙江, 周蓬蓬, 杨娟, 章程, 袁道先. 西南岩溶区土壤微生物生态作用的初步研究—以桂林丫吉村岩溶试验场为例. *水土保持学报*, 2004, 18: 112-114
- [23] Mulyukin AL, Sorokin VV, Loiko NG, Suzina NE, Duda VI, Vorob'eva EA, El'-Registan GI. Comparative study of elemental composition in vegetative and resting microbial cells. *Microbiology*, 2002, 71: 31-41
- [24] Chandra S, Joshi HC, Pathak H, Jain MC, Kalra N. Effect of potassium salts and distillery effluent on carbon mineralization in

- soil. Bioresource Technology, 2002, 83: 255–257
- [25] Yan F, McBratney AB, Copeland L. Functional substrate biodiversity of cultivated and uncultivated A horizons of vertisols in NW New south Wales. Geoderma, 2000, 96: 321–343

Effects of Soil Characteristics on Soil Microbial Function Under Different Vegetation Types in Guiyang

LI Shi-peng, CAI Zu-cong, YANG Hao

(State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences), Nanjing 210008, China)

Abstract: Soil samples under seven different vegetation types were collected from Guiyang city and thirteen soil characteristics were measured to quantify the effects of soil characteristics on microbial function. Results showed that 77.9% of the variation in substrate utilization and total variation in functional diversity could be explained by soil indices characteristics, among which soil pH, Olsen-P, available potassium, soil organic carbon, hydrolysable nitrogen and dissolved organic carbon explained 48.4%, 15.9%, 5.9%, 5.7%, 1.6% and 0.4% of the variation in substrate utilization respectively, while Olsen-P, available potassium, soil organic carbon, total nitrogen explained 67.4%, 27.7%, 4.7% and 0.2% of the variation in functional diversity respectively, which suggested microbial function measured by Biolog GN plate was mostly determined by soil characteristics.

Key words: Vegetation type, Soil characteristics, Microbial function, Substrate utilization