

不同群落类型的长苞铁杉林的根际微生物研究

向伟¹,李振基^{1*},龙寒¹,朱小龙¹,黄承勇²,郑凌峰²

(1. 厦门大学生命科学学院, 福建 厦门 361005;

2. 福建天宝岩国家级自然保护区管理局, 福建 永安 366000)

摘要: 对长苞铁杉纯林、长苞铁杉-猴头杜鹃混交林和长苞铁杉-毛竹混交林 3 个不同群落类型的根际微生物进行研究, 发现 3 个不同群落的微生物数量及组成各不相同, 其具体大小关系为(单位: cfu/g · (dry mass) × 10⁴): 长苞铁杉纯林: 根际细菌(20.00) > 非根际细菌(12.00) > 根际真菌(9.37) > 非根际真菌(6.74) > 根际放线菌(2.69) > 非根际放线菌(1.83); 长-猴混交林: 根际细菌(34.90) > 非根际细菌(18.00) > 根际真菌(6.54) > 非根际真菌(3.78) > 根际放线菌(2.96) > 非根际放线菌(1.76); 长-毛混交林: 非根际细菌(88.00) > 根际细菌(68.60) > 非根际放线菌(13.40) > 根际放线菌(12.60) > 根际真菌(4.64) > 非根际真菌(3.46)。通过比较根际与非根际土壤微生物得出不同群落类型长苞铁杉的根际效应, 3 个群落类型的总微生物的根际效应大小为: 长-猴混交林(1.87) > 长苞铁杉纯林(1.56) > 长-毛混交林(0.82)。

关键词: 长苞铁杉林; 根际微生物; 根际效应

中图分类号: Q 938.1

文献标识码: A

文章编号: 0438-0479(2005) Sup-0062-04

长苞铁杉(*Tsuga longibracteata* Cheng)是我国特有珍稀古老植物,也是第四纪冰川期遗留下来的树种。长苞铁杉属松科铁杉属,主产于贵州东北部、湖南、广东和广西北部、江西南部、福建西部,生于海拔 800~2 000 m 中山地带,喜温暖湿润气候和酸性红壤、山地黄棕壤,对立地条件要求不严,在山脊陡坡可形成纯林;在山谷土壤深厚、肥沃的立地条件下可长成大树,且形成针阔混交林,现有资源甚少,已列为福建省重点保护植物。在福建天宝岩国家级自然保护区内的天宝岩海拔 1 200 m 上下保存有一片较完好的以长苞铁杉为优势种的原生性森林,分布面积达到 186.7 hm²,纯林 20 hm²,是福建天宝岩自然保护区的特色森林生态系统类型之一^[1]。选择该保护区内的长苞铁杉纯林、长苞铁杉-猴头杜鹃混交林(下简称长-猴混交林)和长苞铁杉-毛竹混交林(下简称长-毛混交林)为研究对象,对 3 种不同群落类型内的长苞铁杉根际微生物进行研究,以便了解不同群落类型长苞铁杉林与微生物的关系,为长苞铁杉的生态恢复和造林提供科学依据。

1 研究地区自然概况

福建天宝岩国家级自然保护区位于福建省永安市东部的西洋、上坪、青水 3 乡(镇)交界处,中心距永安

市区 36 km,地理坐标为东经 117°28'03"~117°35'28",北纬 25°50'51"~26°01'20",面积为 11 015.38 hm²,处于武夷山脉和戴云山脉过渡地带。山体为戴云山余脉,属中低山地貌,海拔高 580~1 604.8 m,境内 1 000 m 以上的山峰有 22 座,最高峰为天宝岩,海拔 1 604.8 m。区内大部分区域的基岩为砾岩和石灰岩,土层较薄,自然生态条件比较脆弱,遭破坏后不容易恢复,土壤垂直带谱较为明显,海拔 800 m 以下为红壤,800~1 350 m 为山地黄红壤,1 350 m 以上为山地黄壤,土壤呈酸性反应。自然保护区气候属于中亚热带东南季风气候,四季分明,水热条件优越,年平均气温为 15℃,最冷月(1 月)均温 5℃,最热月(7 月)均温 23℃,极端最低温 -11℃,极端最高温 40℃,无霜期 290 d 左右,平均降水量 2 039 mm,全年 10℃ 的活动积温在 4 500~5 800℃ 之间,持续天数为 225~250 d,空气湿度较高,各月平均在 80% 以上^[2]。保护区内有 8 个植被型 39 个群系 52 个群丛,其中长苞铁杉林、猴头杜鹃林与南方山间盆地泥炭藓沼泽为这里的特色^[3]。

2 研究内容和方法

分别在长苞铁杉纯林、长-猴混交林和长-毛混交林内建立标准样地,在标准样地调查的基础上,在每个标准样地内选择标准木 2~3 株,在标准木下挖出表层(0~20 cm)细根(<5 mm),保留距根表 4 mm 左右的土壤,采用洗涤法获得根际土壤。按 S 形在各标准样地内布点(3~5 点),取 0~20 cm 非根际土壤带回室内。

收稿日期:2005-04-12

基金项目:国家自然科学基金项目(30370275)资助

作者简介:向伟(1980-),男,硕士研究生。

*通讯作者: zhenjil@163.com

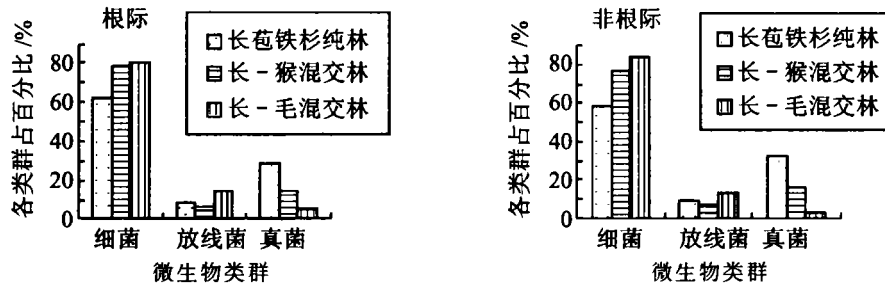


图1 不同群落内根际-非根际微生物组成

Fig. 1 The composition of rhizospheric and non-rhizospheric microorganisms in different communities

样品采集时间为2004年4月。

微生物测定方法:采用稀释平板法,采用牛肉膏蛋白胨培养基培养细菌,改良高氏一号培养基培养放线菌,虎红琼脂培养基培养真菌^[4,5]。

3 结果与分析

3.1 不同群落类型根际、非根际微生物数量和组成

不同群落类型的微生物菌数的数量存在着较大的差异,一定程度上反映了保护区内的生境的差异性、多样性及微生物赖以生存的基质类型多样性的特点^[6]。从图1来看,无论是根际还是根外,细菌都占微生物总量的绝大多数。细菌数量最多者来自长-毛混交林的非根际土壤;真菌数量在长苞铁杉纯林和长-猴混交林内居于第二的位置,真菌数量最多者来自长苞铁杉纯林根际土壤;而在长-毛混交林内,放线菌的数目大于真菌,放线菌数量最多者来自长-毛混交林的根际土壤。从图2可知,3个群落类型中无论根际还是非根际,长-毛混交林都具有最大的微生物数量,尤其是非根际土壤,其微生物数目远高于长苞铁杉纯林和长-猴混交林。

3.2 不同群落类型根际效应

根际效应指根际环境对微生物的影响,可以从根际微生物的数量上反映出来,一般用“根际 R/非根际

S”的比值来反映^[7]。由图3可以看出,长苞铁杉纯林和长-猴混交林根际微生物的数量比非根际微生物多,而长-毛混交林除了真菌的根际微生物数量大于非根际微生物外,细菌和放线菌的根际微生物数量都小于非根际微生物数量。由图4可以清楚的知道前两个群落类型的根际效应平均在1.5以上,体现正效应,但不是很显著。其原因可能是因为样地的长苞铁杉林土壤都较薄,非根际微生物可以通过分解土层上覆盖的腐烂的枯枝落叶获取营养物质而促进生长;而长-毛混交林内除真菌的根际效应在1以上外,其它全小于1,为负效应,这属于一个反常现象。一般来说由于植物根系分泌物的影响,根际的微生物数量是非根际的几倍到几十倍,个别能上千倍^[8]。由图2可以看出,长-毛混交林的根际微生物数量虽然小于非根际微生物,但仍然明显高于其它两个群落类型的根际微生物,非根际就更加明显,说明长-毛混交林非根际土壤比起根际土壤更有营养,更加适合微生物的生长,造成这个结果的主要原因初步认为是长-毛混交林中的毛竹林经过了人工抚育。另外长-毛混交林内真菌根际效应同细菌和放线菌不同,是>1的,这个可能是由于长苞铁杉能与相关真菌形成菌根的原因。

4 小结

3个不同群落内微生物数量及组成各不相同,由

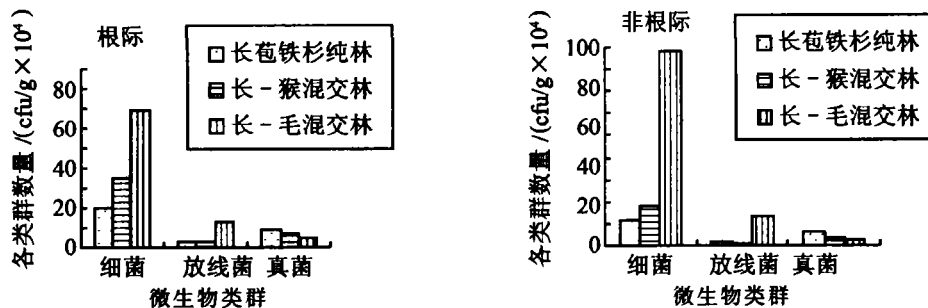


图2 不同群落内根际-非根际微生物数量

Fig. 2 The counts of rhizospheric and non-rhizospheric microorganisms in different communities

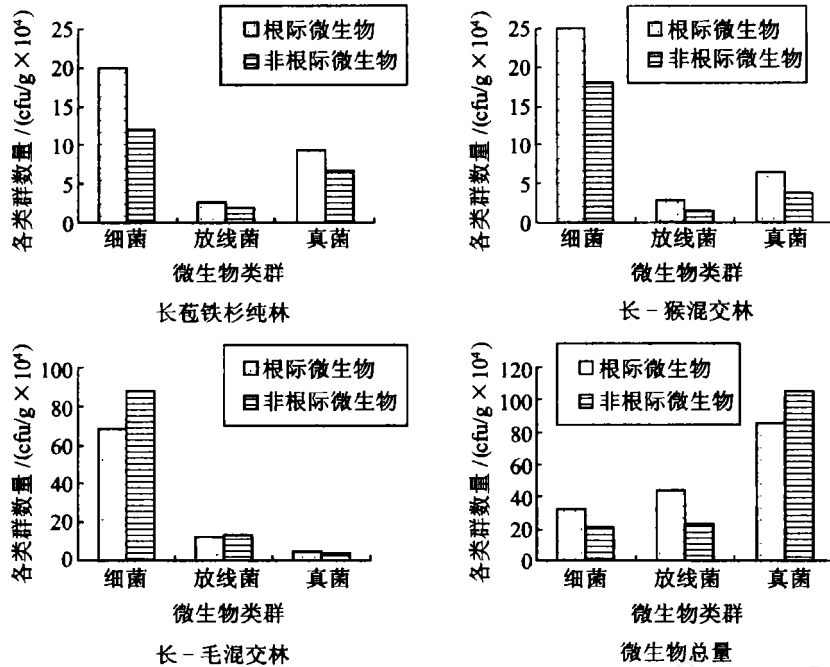


图3 群落内的根际微生物、非根际微生物数量比较

Fig.3 The compare of the counts between rhizosphere and non-rhizosphere in the same community

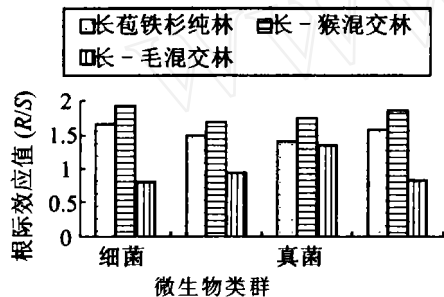


图4 不同林地根际效应

Fig.4 The rhizospheric effect of different stands

于毛竹林经过人工抚育,在3个不同群落中,长-毛混交林具有最大的微生物数量.具体大小关系为(单位: cfu/g(dry mass) × 10⁴):长苞铁杉纯林:根际细菌(20.00) > 非根际细菌(12.00) > 根际真菌(9.37) > 非根际真菌(6.74) > 根际放线菌(2.69) > 非根际放线菌(1.83);长-猴混交林:根际细菌(34.90) > 非根际细菌(18.00) > 根际真菌(6.54) > 非根际真菌(3.78) > 根际放线菌(2.96) > 非根际放线菌(1.76);长-毛混交林:非根际细菌(88.00) > 根际细菌(68.60) > 非根际放线菌(13.40) > 根际放线菌(12.60) > 根际真菌(4.64) > 非根际真菌(3.46).

根际效应体现了植物根系与微生物的关系,一般来说,根际效应越明显,说明其根际分泌物比较旺盛,即其生长越好.如果没有人为因素,土壤微生物总量在

不同群落类型下总体上均应表现出正的根际效应,即根际微生物数量要高于非根际土壤.但毛竹林是当地的重要经济来源,受到一定的人为的集约经营干扰,同时也影响了生长在它附近的长苞铁杉,导致长苞铁杉的负根际效应.3个群落类型的根际效应大小为:长-猴混交林 > 长苞铁杉纯林 > 长-毛混交林.

参考文献:

- [1] 郑凌峰. 长苞铁杉的生态生物学特征[J]. 植物资源与环境学报, 2000, 9(4): 59 - 60.
- [2] 林鹏. 福建植被[M]. 福建: 福建科学技术出版社, 1990.
- [3] 李振基, 陈鹭真, 张宜辉, 等. (福建天宝岩自然保护区) 植被资源. 福建天宝岩自然保护区综合科学考察报告[M]. 厦门: 厦门大学出版社, 2002. 87 - 130.
- [4] 陈华癸, 李卓棣, 陈文新等. 土壤微生物学[M]. 上海: 上海科学出版社, 1981.
- [5] 李卓棣, 喻子午, 何绍江. 农业微生物学实验技术[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996.
- [6] 章家恩, 刘文高, 王伟胜. 南亚热带不同植被根际微生物数量与根际土壤养分状况[J]. 土壤与环境, 2002, 11(3): 279 - 282.
- [7] 周崇莲. 杉木幼林不同群落结构根际微生物的研究. 杉木人工林生态系统研究[C]. 北京: 中国科学院林业土壤研究所, 1980. 152 - 159.
- [8] 左华清, 王子顺. 柑桔根际土壤微生物种群动态及根际效应的研究[J]. 中国生态农业学报, 1995, 3(1): 39 - 47.

Studies on the Rhizospheric Microorganisms of *Tsuga longibracteata* in Different Communities

XIANG Wei¹, LI Zhen-ji^{1*}, LONG Han¹, ZHU Xiao-long¹,
HUANG Cheng-yong², ZHENG Ling-feng²

(1. School of Life Sciences, Xiamen University, Xiamen 361005, China;

2. Administrative Bureau of Tianbaoyan National Nature Reserve of Fujian, Yong'an 366000, China)

Abstract: Through the studies on the rhizospheric microorganisms of the stands of formation *Tsuga longibracteata*, formation *Tsuga longibracteata* + *Rhododendron simiarum*, and formation *Tsuga longibracteata* + *Phyllostachys pubescens*, it is found that the counts and composition of microorganisms in three communities are different. The result is as followed: in the stand of formation *Tsuga longibracteata*: rhizospheric bacterium (20.00×10^4 cfu/g (dry mass)) > non-rhizospheric bacterium (12.00×10^4 cfu/g) > rhizospheric fungi (9.37×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric fungi (6.74×10^4 cfu/g) > rhizospheric actinomyces (2.69×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric actinomyces (1.83×10^4 cfu/g); in the stand of formation *Tsuga longibracteata* + *Rhododendron simiarum*: rhizospheric bacterium (34.90×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric bacterium (18.00×10^4 cfu/g) > rhizospheric fungi (6.54×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric fungi (3.78×10^4 cfu/g) > rhizospheric actinomyces (2.96×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric actionmyces (1.76×10^4 cfu/g); in the mixed stand of *Tsuga longibracteata* + *Phyllostachys pubescens*: non-rhizospheric bacterium (88.00×10^4 cfu/g) > rhizospheric bacterium (68.60×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric actinomyces (13.40×10^4 cfu/g) > rhizospheric actinomyces (12.60×10^4 cfu/g) > rhizospheric fungi (4.64×10^4 cfu/g) > non-rhizospheric fungi (3.46×10^4 cfu/g). We get the rhizospheric effect of three stands by comparing the rhizospheric microorganisms with the non-rhizospheric microorganisms in the soil and the rhizospheric effect of the microbial gross in three stands is as followed: in the stand of formation *Tsuga longibracteata* + *Rhododendron simiarum* (1.87×10^4 cfu/g) > in the stand of *Tsuga longibracteata* (1.56×10^4 cfu/g) > in the stand of formation *Tsuga longibracteata* + *Phyllostachys pubescens* (0.82×10^4 cfu/g).

Key words: *Tsuga longibracteata* communities; rhizospheric microorganisms; rhizospheric effect