

DOI: 10.5846/stxb201804030748

刘爽,王雅,刘兵兵,刘海龙,刘勇.晋西北不同土地管理方式对土壤碳氮、酶活性及微生物的影响.生态学报,2019,39(16): - .
Liu S, Wang Y, Liu B B, Liu H L, Liu Y. Effects of different land management practices on soil carbon and nitrogen, enzyme activities, and microbial diversities northwest of Shanxi. Acta Ecologica Sinica, 2019, 39(16): - .

晋西北不同土地管理方式对土壤碳氮、酶活性及微生物的影响

刘爽^{1,2}, 王雅¹, 刘兵兵¹, 刘海龙^{3,*}, 刘勇¹

1 山西大学黄土高原研究所, 太原 030006

2 山西省农业科学院农业环境与资源研究所, 山西省土壤环境与养分资源重点实验室, 太原 030031

3 中国农业科学院农业信息研究所/农业部农业信息服务技术重点实验室, 北京 100081

摘要:晋西北丘陵区受干旱大风气候以及人为活动的影响,土壤肥力较低,土壤质量退化严重,不同的土地利用和管理方式,因植被覆被、人为活动等不同,对土壤质量产生影响不同。为了更好地了解晋西北地区不同土地管理方式对土壤质量的影响,于山西省北部忻州市五寨县,研究不同管理方式对土壤肥力、土壤酶活性、微生物群落结构及多样性的影响,以及微生物与土壤环境因子的关系,为晋西北地区土地管理和生态建设提供参考。研究中设置 4 种土地管理方式:苜蓿样地(MX)、免耕样地(MG)、翻耕样地(FG)和荒地(HD),采用野外采集土壤样品、室内测定和分析的研究方法,其中土壤 pH 值利用电位法测定,土壤有机碳(OC)采用重铬酸钾氧化-分光光度法测定;土壤硝态氮、铵态氮利用全自动间断化学分析仪测定,其原理为紫外分光光度法和靛酚蓝比色法。土壤过氧化氢酶、蔗糖酶、脲酶和磷酸酶活性分别采用 KMnO₄滴定法、3,5-二硝基水杨酸法、苯酚钠-次氯酸钠比色法、磷酸苯二钠比色法测定,采用高通量测序测定土壤细菌和真菌的群落组成,利用统计分析软件 SPSS 和 Canoco 以及 QIIME、USEARCH 和 Uclust 生物信息软件分析不同土地管理方式对土壤质量的影响。结果表明,不同土地管理方式对土壤化学性质、土壤酶活性、细菌和真菌的群落结构及多样性均有影响。苜蓿和免耕 2 种土地管理方式可显著提高表层土壤养分并增加土壤酶活性;4 种土地管理方式共有 9 个细菌门和 11 个真菌门,细菌相对丰度较大的为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门,真菌的子囊菌门相对丰度最大;苜蓿和免耕样地土壤细菌和真菌群落丰富度和多样性都较高,荒地土壤细菌和真菌群落丰富度较低,但多样性较高;RDA 分析结果表明,土壤 pH、NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 含量和过氧化氢酶活性对细菌群落影响较大,pH、有机碳含量、蔗糖酶、脲酶和过氧化氢酶活性对真菌群落影响最大。苜蓿和免耕 2 种土地管理方式能够提高土壤质量,是晋西北地区较为适宜的管理措施。

关键词:土地管理;土壤酶;土壤微生物;土壤养分

Effects of different land management practices on soil carbon and nitrogen, enzyme activities, and microbial diversities northwest of Shanxi

LIU Shuang^{1,2}, WANG Ya¹, LIU Bingbing¹, LIU Hailong^{3,*}, LIU Yong¹

1 Institute of Loess Plateau Shanxi University, Taiyuan 030006

2 Institute of Agricultural Environment and Resources, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Soil Environment and Nutrient Resources of Shanxi Province, Taiyuan 030031

3 Agricultural Information Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory of Agri-Information Service Technology, Ministry of Agriculture, Beijing 100081

基金项目:山西省自然科学基金项目(201601D021117);国家自然科学基金项目(41401618, 41501563);山西省“1331 工程”土壤污染生态修复学科群(20181401);山西省“1331 工程”重点创新团队建设计划(201806);山西省土壤环境与养分资源重点实验室开放基金项目(2015004);中国农科院协同创新项目(CAAS-XTX2016006)

收稿日期:2018-04-03; 网络出版日期:2019-00-00

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: liuhailong@caas.cn

Abstract: The arid climate and human activities affect soil qualities in hilly areas northwest of Shanxi. Variation in plant cover, human activities, and other factors are variation result from different land uses and management practices that influence the soil qualities. In order to better understand the effects of different land management practices on soil qualities, the research carried out in Wuzhai county of Xinzhou city, northwest of Shanxi studied the effects of different land management practices on soil fertility, soil enzyme activity, microbial community structures and diversities, and the relationship between microbial and soil environmental factors, which could support the union of land management and ecological construction. The four land management practices in this research include the alfalfa plot (MX), no tillage plot (MG), conventional tillage (FG), and uncultivated plot (HD). Soil sampling and laboratory analyses were used in this research. The soil organic carbon, soil pH, NH_4^+ -N and NO_3^- -N content, soil phosphatase, invertase, urease, and catalase activities, and soil microbial communities were analyzed in the laboratory. The operational taxonomic units and microbial community diversity were processed by the information software of QIIME, USEARCH and Uclust. The soil chemical properties, soil enzyme activities and microbial communities were analyzed using statistical SPSS and Canoco to study the effects of different land management practices on the soil qualities. Different land management practices influenced soil chemical properties, enzyme activities, and community structure and diversity of bacteria and fungi. Alfalfa and no tillage plots significantly improved soil nutrients and soil enzymes' activities. Nine and eleven members of Bacteriophyta and Eumycota, respectively, were found in the four land management practices. In Bacteriophyta, Proteobacteria, Actinobacteria, and Acidobacteria had the highest abundances, whereas within the fungi, the relative abundance of Ascomycetes was the highest. The analytical data showed that the richness and diversity of microbial communities were the highest in alfalfa and no-tillage plots, however, the richness of microbial communities was high, but the diversity of microbial communities was low, in the uncultivated plot. The result of RDA proves that the pH, NH_4^+ -N and NO_3^- -N content, and catalase activities are the main environmental factors that influenced the bacterial communities, whereas the pH, soil organic carbon content, invertase, urease, and catalase activities are the main environmental factors that influenced the fungal communities. Alfalfa and no tillage can improve soil qualities; they are the two land management practices that are most suitable for northwestern Shanxi.

Key Words: land management; soil enzymes; soil microbial; soil nutrient

土地利用和管理是人类利用土地各种活动的综合反映,是影响土壤肥力变化的主要因素^[1]。不同的土地利用和管理方式,因植被覆盖(草地、荒地、农地)、人为活动(耕作和免耕)等不同,对土壤理化性状产生影响,进而影响土壤酶活性在土壤垂直方向上的分布^[2],并对土壤微生物群落结构和多样性产生影响^[3-4]。土壤酶在土壤生态系统的物质循环和能量流动方面扮演着重要角色,它参与土壤的发生发育以及土壤肥力形成和演化的全过程,具有高度催化作用^[5]。土壤酶活性可反映土壤中生物化学过程的强度和方向,可作为评价土壤肥力状况的指标,也可作指示土壤生态系统的健康和可持续性以及土地管理引起为土壤质量变化的生物活性指标^[6-8]。有研究表明,肥料、作物残体和耕作管理方式可影响土壤酶的分布和活性^[9-10]

土壤微生物群落是土壤重要的活体成分,作为土壤养分转化和循环的催化剂,是土壤碳氮元素矿化的来源,其数量和活性是评价土壤质量的重要指标^[11]。土壤微生物对环境变化具有敏感性,不同的管理方式、土壤、植被条件下,微生物各群落对环境因素的响应不同,对其数量的消长和种群结构可产生较大的影响^[12]。土壤微生物与土壤酶紧密联系,在土壤生态系统服务传递过程中扮演重要的角色^[13],两者参与有机物质分解和合成,以及无机物的氧化与还原的过程,因此是土壤生态系统代谢的重要动力^[14]。

为了更好地了解晋西北地区不同土地管理方式对土壤质量的影响,本试验在山西省北部忻州市五寨县设置四种土地管理方式,苜蓿样地、免耕样地、翻耕样地和荒地(对照),研究不同管理方式对土壤肥力、土壤酶(蔗糖酶、磷酸酶、过氧化氢酶、脲酶)活性的影响,分析不同管理方式土壤微生物群落结构和多样性,以及微

生物与土壤环境因子的关系,评估不同土地管理方式对土壤质量的影响,以期为晋西北地区土地管理和生态建设提供参考。

1 材料与方法

1.1 区域概况

研究区位于山西省忻州市五寨县胡会乡石咀头村,具体地理位置为 $111^{\circ}28'$ — $113^{\circ}E$ 和 $38^{\circ}44'$ — $39^{\circ}17'N$,涵盖华北黄土高原的半干旱区和沙区。该区属于温带大陆性气候,冬季受蒙古西伯利亚高压控制,长而严寒,且雨雪偏少;春季干旱多风,气候干燥;夏季气温适中且雨量高度集中;该地区昼夜温差大,年平均气温 $4.9^{\circ}C$ 左右,1月最冷($-13.3^{\circ}C$),7月最热($20.1^{\circ}C$)。无霜期 120 d 左右,有效积温 $2452^{\circ}C$,该区年平均降雨量在 450—500 mm 之间,降水多集中于 7 月和 8 月,约占年降水量的 44%。根据中国土壤分类系统,研究区土壤为沙黄土,与土壤分类学中认为典型旱成土相似,土壤质地松散,孔隙度高,渗透性好,通气性强,肥力低,土壤有机质含量低^[15]。

1.2 研究方法

1.2.1 样地选择及设置

2015 年 8 月下旬于山西省忻州市五寨县石咀头村,选择四种在当地具有代表性的土地利用和管理方式进行试验研究:研究中选取的 100 m(长)×80 m(宽)的地块,在实验当地进行调查,该地块自 1965 年开始未受到人为干扰。该地块在实验前,为撂荒地,自 2008 年开始,对该地块进行开垦。当地主要以传统翻耕种植玉米为主,且多为多年连作的方式。本研究中的 4 块实验样地,每一块实验样地为 100 m(长)×20 m(宽),4 块实验样地具体设置如下:一块样地种植紫花苜蓿,从 2008—2015 年未进行耕作(免耕苜蓿样地 MX),苜蓿自 2008 年种植后,每年秋季不进行收割,不进行任何耕作措施;另一个样地于 2008 年春季,进行常规的翻耕起垄,于常规耕作下 2008—2015 年种植玉米(*Zea mays* L.)(翻耕样地 FG),于每年春季播种前翻耕一次,翻耕深度约为 50 cm,秋季籽实收获后,地上部分秸秆于第二年春季移除地块;第三块样地于 2008 年春季,采用免耕播种机进行播种,于 2008—2015 年免耕种植玉米(免耕样地 MG),秋季籽实收获后,秸秆全部粉碎覆盖于地表;最后一个地块不进行任何耕种措施(荒地 HD),地表主要以草本为主,且植被覆盖较少。

1.2.2 样品采集及预处理

本实验在每个样地各设置 10 m×10 m 样方 3 个,在每个样方内设置 5 个取样点,采用 5 点混合取样法采集土壤样品,即利用对角线法选取 5 个点,首先去除地表植被和覆盖物,再用土钻钻取 0—50 cm 深的土壤样品,从上至下 10 cm 等间距取样,每一个样方内采集土壤样品数为:5 个采样点×5 深度=25 个,进行 5 点混合,即将每个深度上的 5 个采样点的土壤样品进行等量均匀混合,后最终每个样方内土壤样品数为 5 个,每个样地 3 个样方,每个样地的土壤样品数为 15 个。每个样品取样重量 200—300 g,将所取的新鲜土样分为两份,用无菌自封袋密封,置于冰盒尽快带回实验室,并于 $-20^{\circ}C$ 下保存。在 24 h 之内,将每个样地的同一土层深度的 5 个土壤样品混合均匀并过直径为 2 mm 的网筛,除去根系、石块等杂物。其中一部分风干后用于土壤化学性质的测定;另一部分放入 $-80^{\circ}C$ 冰箱保存,用于土壤酶活性测定和高通量测序。

1.2.3 土壤化学性质和酶活性测定

土壤 pH 值(1:2.5)采用电位法测定^[16]。土壤有机碳(OC)采用重铬酸钾法进行测定;土壤硝态氮和铵态氮采用全自动间断化学分析仪进行测定(CleverChem 380, Germany)。土壤过氧化氢酶的测定采用 $KMnO_4$ 滴定法;其活性以 20 min 内每 g 土壤分解的过氧化氢毫克数表示;土壤蔗糖酶的测定采用 3,5-二硝基水杨酸法,其活性以 $37^{\circ}C$ 下培养 24 h 后 1 g 土壤中生成的葡萄糖毫克数表示;土壤脲酶的测定采用苯酚钠-次氯酸钠比色法,其活性以 $37^{\circ}C$ 下培养 24 h 后 1 g 土壤中生成 NH_4^+-N 的毫克数表示;土壤磷酸酶的测定采用磷酸苯二钠比色法,其活性以 $37^{\circ}C$ 下培养 24 h 后 1 g 土壤中生成酚的毫克数表示^[17]。

1.2.4 样品 DNA 提取和高通量测序

将四个样地的所采取的 0—10 cm 深度的 3 个重复土壤样品和 10—20 cm 深度的 3 个重复土壤样品均匀

混合为一个样品后,分别称取 0.5 g,用于 DNA 提取;利用土壤试剂盒(PowerSoil® DNA Isolation 试剂盒)按照试剂盒操作步骤提取样本的 DNA。将提取的基因组 DNA,利用引物序列 520F (AYTGGGYDTAAAGNG) 和 802R (TACNVGGGTATCTAATCC) 对细菌 16S rDNA 高变区 V4 区进行扩增;ITS1F (TCCGTAGGTGAACCTGCGG) 和 ITS2R (GCTGCGTTCATCGATGC) 对真菌 ITS1 区 2 域进行扩增。利用引物序列 PCR 反应条件为:98℃ 预变性 30 s;98℃ 变性 30 s;50℃ 退火 30 s;72℃ 延伸 30 s;27 个循环;72℃ 保温 5 min,在 4℃ 下保存。扩增结果进行 2% 琼脂糖凝胶电泳,最后将扩增产物进行 Illumina MiSeq 高通量测序与分析。本研究的测序和生物信息服务在上海派森诺生物科技有限公司完成。

1.3 数据处理与分析

微生物群落 OTU 分析:首先运用 QIIME 软件识别疑问序列;软件剔除长度小于 50 bp 的序列以及序列尾部质量值在 20 以下的碱基,再对低复杂度的序列进行过滤,去除预处理后序列中的非扩增区域序列,并利用 USEARCH 检查并去除序列中的嵌合体。再利用 Uclust 软件对符合要求的序列在 97% 的相似水平上进行 OUT 聚类,并采用 Greengene 数据库对所得序列进行比对分析,最后以 97% 的相似性作为阈值划分操作分类单元(OTU)。

微生物群落多样性分析:利用 QIIME 软件对土壤样品中细菌和真菌的 α 多样性值进行计算,包括群落丰富度指数 Chao1 和 ACE,群落多样性的指数 Shanon (H) [18] 和 Simpson (D) [19]。

$$H = - \sum_{i=1}^S P_i \ln P_i$$

$$D = 1 - \sum_{i=1}^S (N_i/N)^2$$

式中, S 是微生物群落中物种的总数目。 P_i 为物种 i 的相对丰度,即 $P_i = N_i/N$, N_i 是调查样方内物种 i 的植株数量, N 是调查样方内所有物种的数量。

统计分析:应用 SPSS 22.0 软件对不同样地同一土层深度的土壤酶和各化学性质间的显著性差异进行单因素方差分析(one-way analysis) 和多重比较分析(LSD),显著性水平设为 $P < 0.05$ 。应用 Canoco 4.5 对土壤化学性质、土壤酶活性和微生物群落之间的关系进行冗余分析(RDA)。应用 Origin 9.0 软件进行图形绘制。

2 结果与分析

2.1 土壤化学性质

表 1 所示,4 个样地土壤 pH 在 0—50 cm 深度都呈现碱性(8.56—9.63),在 0—40 cm 深度,翻耕样地(FG)和荒地(HD)土壤 pH 无显著差异,且总体上显著高于免耕(MG)和苜蓿(MX)样地。土壤有机碳含量总体表现为免耕样地最高,荒地最低,两个样地土壤有机碳差异具有显著性。且在 0—40 cm 深度,苜蓿样地土壤有机碳含量也显著高于荒地。4 个样地土壤硝态氮(NO_3^- -N)含量在 0—50 cm 深度都呈现出免耕和苜蓿样地(6.64—13.34 mg/kg)显著高于翻耕样地和荒地(0.54—7.49 mg/kg)。苜蓿样地表层土壤(0—20 cm)氨态氮(NH_4^+ -N)含量显著高于其他样地,翻耕氨态氮含量较低。而在 20—40 cm 深度,免耕样地氨态氮含量最高,荒地最低。

2.2 土壤酶活性

土壤酶主要来源于动植物及微生物细胞的分泌及其残体的腐解。在 0—50 cm 土层深度,4 个样地的土壤过氧化氢酶随深度的增加变化趋势基本一致,即都随着土层深度的增加而降低。苜蓿样地 0—50 cm 深度土壤过氧化氢酶活性变化范围为 2.36—3.95 $\text{mg g}^{-1} \text{h}^{-1}$,显著高于其他样地,而荒地土壤过氧化氢酶活性变化范围为 0.62—0.97 $\text{mg g}^{-1} \text{h}^{-1}$,显著低于其他样地(图 1A)。在 0—30 cm 土层,不同土地恢复模式对土壤蔗糖酶活性影响一致,免耕样地土壤蔗糖酶活性显著高于其他样地,表层 0—10 cm 酶活性值最高(860 $\text{mg kg}^{-1} \text{h}^{-1}$),而荒地蔗糖酶活性最低;而 30—40 cm,蔗糖酶活性在四个样地之间呈现显著性差异,表现为:翻耕>苜蓿>免耕>荒地(图 1B)。4 种土地恢复模式下,土壤脲酶基本表现为 0—10 cm 深度活性最高,苜蓿样地的脲

酶活性在 0—10 cm 和 20—30 cm 显著高于其他样地,而在 10—20 cm 和 30—50 cm,翻耕样地脲酶活性显著高于其他样地。总体上,苜蓿和翻耕样地脲酶活性显著高于其他两样地(图 1C)。不同土地管理方式对土壤磷酸酶活性的影响,表现为 0—10 cm 土层,翻耕样地显著低于其他样地;10—50 cm 土层,总体表现为免耕样地土壤磷酸酶活性最高,荒地最低;其中在 10—30 cm 和 40—50 cm,免耕样地磷酸酶活性显著高于其他样地(图 1D)。

表 1 不同土地管理方式下土壤化学性质

Table 1 The soil chemical properties in different management practices

深度 Depth	样地 Sample	pH 值 pH value	有机碳 Organic carbon/ (mg/g)	硝态氮 Nitrate nitrogen/ (mg/kg)	铵态氮 Ammonium nitrogen/ (mg/kg)
0—10 cm	MG	9.05±0.03b	5.85±0.54a	12.70±0.02a	2.95±1.29bc
	FG	9.44±0.07a	4.66±0.90b	0.93±0.20c	0.82±0.08c
	MX	9.13±0.08b	4.53±0.07b	13.34±0.46a	6.29±0.01a
	HD	9.42±0.06a	3.83±0.03c	7.49±0.13b	4.93±0.04b
10—20 cm	MG	9.07±0.04a	4.83±0.20a	8.01±1.14b	1.64±0.09b
	FG	9.42±0.09a	3.63±0.52c	0.76±0.10c	1.45±0.10bc
	MX	8.82±0.05b	4.32±0.09b	11.16±0.95a	2.53±0.31a
	HD	9.60±0.10a	3.38±0.04c	0.84±0.37c	1.38±0.06c
20—30 cm	MG	9.09±0.01b	3.54±0.15a	8.97±1.08b	3.11±0.06a
	FG	9.56±0.05a	3.56±0.45a	1.08±0.04c	2.15±0.05b
	MX	8.56±0.44b	3.58±0.31a	11.61±0.32a	1.98±0.21b
	HD	9.57±0.01a	3.00±0.08b	1.45±0.58c	1.31±0.17c
30—40 cm	MG	9.01±0.01 b	3.91±0.31ab	8.37±1.21b	2.74±0.74a
	FG	9.38±0.07a	3.72±0.01b	0.67±0.23c	2.50±1.21ab
	MX	8.89±0.13b	3.30±0.04ac	9.07±0.56a	1.86±0.06ab
	HD	9.48±0.12a	2.56±0.13d	0.70±0.17c	1.66±0.02b
40—50 cm	MG	9.18±0.04b	4.41±0.13a	8.61±1.23a	1.02±0.12c
	FG	9.36±0.10b	3.73±0.24b	0.54±0.05b	2.11±0.21a
	MX	9.08±0.06c	2.52±0.10c	6.64±0.94a	1.41±0.24b
	HD	9.63±0.03a	2.47±0.00c	0.70±0.18b	0.84±0.22c

OC:有机碳 Organic carbon;MG:免耕 No tillage land;FG:翻耕 Conventional tillage land;MX:苜蓿 Alfalfa land;HD:荒地 Uncultivated land。不同字母表示不同样地同一土层之间 $P<0.05$ 水平上差异显著

2.3 土壤微生物群落分布

2.3.1 门水平土壤优势菌群分布特征

4 个样地土壤微生物在门水平上细菌相对丰度大于 1% 的共有 9 个门,分别是变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、浮霉菌门(Planctomycetes)芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)和拟杆菌门(Bacteroidetes)。其中变形菌门所占的相对丰度最大(21.4%—23.0%),其次是放线菌门和酸杆菌门,相对丰度分别为 18.7%—23.0%和 17.5%—19.9%。4 个样地的细菌在门水平上的群落分布存在一定的差异。对丰度最大的变形菌门在 4 个样地的相对丰度表现为:翻耕(25%)>荒地(23%)>苜蓿(22%)>免耕(21%);放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门在免耕样地相对丰度都最大(图 2)。4 个样地在门水平上的优势真菌相对丰度大于 1% 的共有 11 个门,主要包括子囊菌门(Ascomycota)、接合菌门(Zygomycota)和担子菌门(Basidiomycota),相对丰度分别为 61.4%—72.8%、1.3%—18.6%和 4.6%—14.1%,未命名的菌门占 0.7%—14.8%(图 3)。相对丰度最大的子囊菌门在 4 个样地的相对丰度表现为:苜蓿>免耕>翻耕>荒地。接合菌门在翻耕样地的相对丰度最大(19%),荒地最小(1.3%);担子菌门在荒地的相对丰度最大(21%)(图 3)。

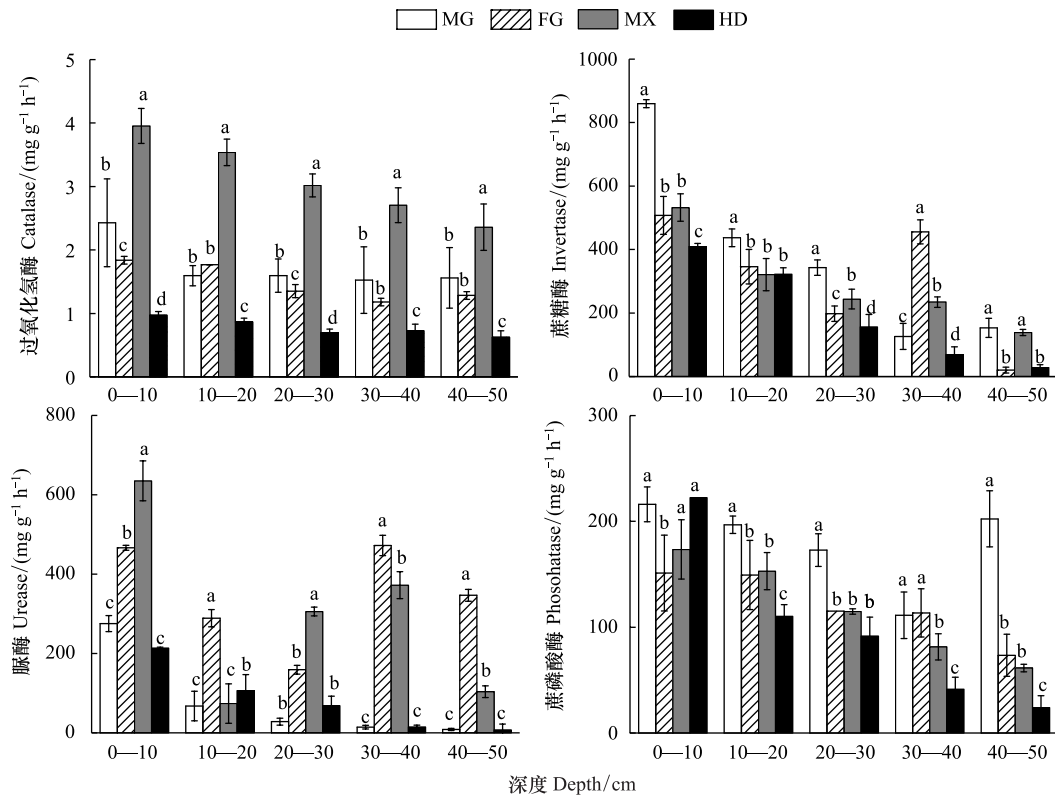


图 1 不同土地管理方式下土壤酶活性

Fig.1 Soil enzyme activities under different management practices

MG: 免耕 No tillage land; FG: 翻耕 Conventional tillage land; MX: 苜蓿 Alfalfa land; HD: 荒地 Uncultivated land。图中不同字母表示同一土层不同样地之间 $P < 0.05$ 差异显著

2.3.2 纲水平土壤优势菌群分布特征

对细菌群落的变形菌门(A)、放线菌门(B)、酸杆菌门(C)和绿弯菌门(D)以及真菌群落的子囊菌门(E)和担子菌门(F)的菌群在纲水平上进行分析(图4),4个样地中 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)是变形菌门中相对丰度最大的菌群,约占比例50.9%—64.0%,其次是 β -变形菌纲、 γ -变形菌纲和 δ -变形菌纲,约占比例分别为13.8%—22.2%、9.6%—16.9%和9.8%—12.3%(图4A)。组成放线菌门的菌群有7个纲,相对丰度较高的为放线菌纲、嗜热菌纲、酸微菌纲和MB-A2-108,放线菌纲和嗜热菌纲为优势放线菌,所占比例分别为38.5%—53.8%和25.2%—35.9%,而酸微菌纲和MB-A2-108所占比例较低(图4B)。酸杆菌门中相对丰度较高的菌群是6-酸杆菌纲和Chloracidobacteria,所占比例为60.2%—64.1%和25.2%—29.9%(图4C)。绿弯菌门中主要有厌氧绳菌纲(Anaerolineae)、绿弯菌纲(Chloroflexi)、Ellin6529和Gitt-GS-136,其中厌氧绳菌纲、绿弯菌纲和Ellin6529相对丰度较高,分别占18.5%—30.0%、21.4%—29.1%和18.8%—37.6%(图4D)。真菌群落的子囊菌门中古菌根菌纲(Archaeorhizomycetes)所占相对丰度比例最高,4个样地所占比例基本相同,其次为座囊菌纲(Dothideomycetes)、散囊菌纲(Eurotiomycetes)、粪壳菌纲(Sordariomycetes),所占比例分别为3.37%—6.90%、1.60%—2.24%和17.9%—30.8%(图4E)。组成担子菌门的菌纲主要有伞菌纲(Agaricomycetes)、银耳纲(Tremellomycetes),以及未确定和命名分类的菌纲,其中伞菌纲和银耳纲相对丰度较高,分别为33.4%—76.2%和18.8%—59.7%(图4F),另外一个相对丰度较高的接合菌门,其纲水平的菌种未确定。

2.4 土壤微生物群落 α 多样性

基于序列在97%的相似水平上进行OUT聚类,4个样地微生物 α 多样性见表2。Chao1和ACE用来衡量

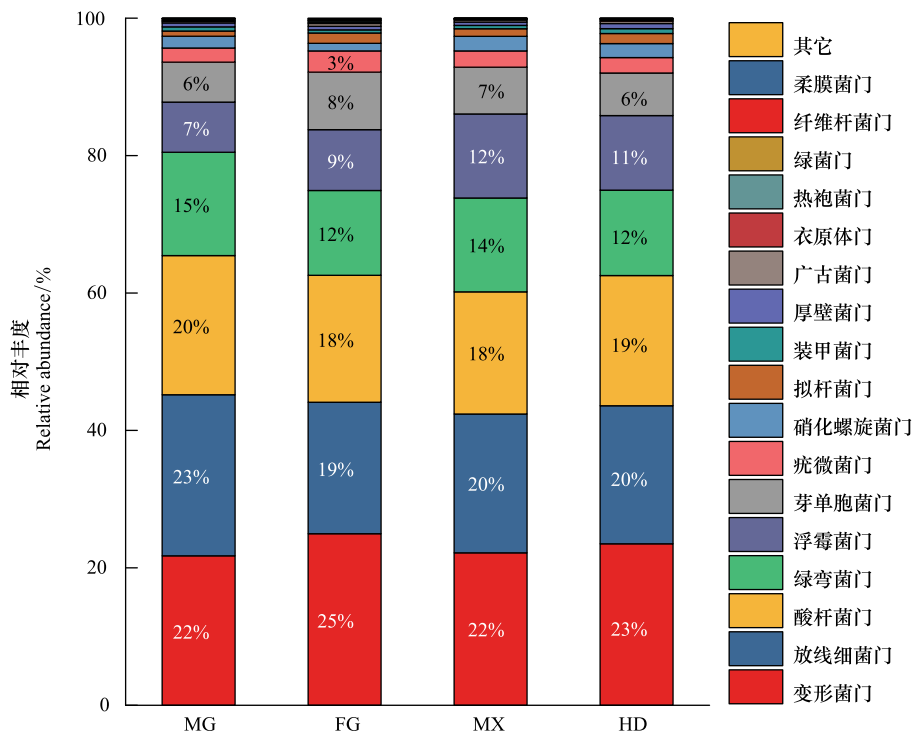


图 2 门水平细菌群落结构及分布

Fig.2 Bacterial communities and distribution at the phylum level

群落丰富度指数,指数越大,其丰富度越高,而 Shannon 指数值越高,表明群落的多样性越高。表 2 所示,苜蓿样地土壤细菌群落丰富度最高,Chao1 和 ACE 指数分别为 8064.43 和 8553.70,其次为免耕样地,Chao1 和 ACE 指数分别为 7668.94 和 8311.15,荒地最低(Chao1 为 5812.21,ACE 为 5911.68)。苜蓿样地土壤细菌群落 Shannon 指数最高(10.50),说明苜蓿样地土壤细菌群落多样性最高,其次为荒地(10.45)和免耕(10.42),翻耕样地土壤细菌群落多样性最低,Shannon 指数为 10.32(表 2)。对真菌群落进行分析,免耕样地土壤真菌群落丰富度最高,Chao1 和 ACE 指数分别为 926.00 和 1060.44,其次是苜蓿和翻耕样地,荒地最低。免耕样地的 Shannon 指数最高(6.92),表明免耕样地土壤真菌群落多样性最高,其次为苜蓿和荒地,翻耕样地土壤真菌群落多样性最低,Shannon 指数为 6.00(表 2)。总体上,苜蓿和免耕样地土壤细菌和真菌群落丰富度和多样性都较高,翻耕样地土壤细菌和真菌群落丰富度较高,但多样性较低,而荒地土壤细菌和真菌群落丰富度较低,但多样性较高。

2.5 土壤微生物优势菌群与土壤化学性质的关系

对土壤微生物优势细菌和真菌群落相对丰度和土壤环境因子进行 RDA 冗余分析(图 5),图中大写字母多对应的微生物种类见表 3,分析结果显示,细菌丰度分布在第一轴和第二轴累计解释变量分别达到 74.2% 和 92.4%,对于真菌丰度分布在第一轴和第二轴累计解释变量分别达到 67.1% 和 95.3%。土壤细菌群落优势菌群的相对丰度与土壤环境因子冗余分析,结果(图 5)显示酸杆菌门(Acidobacteria)主要集中在排序轴左侧,与 pH 呈显著正相关关系,与硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶呈负相关关系;变形菌门中的主要变形菌纲 B1 与

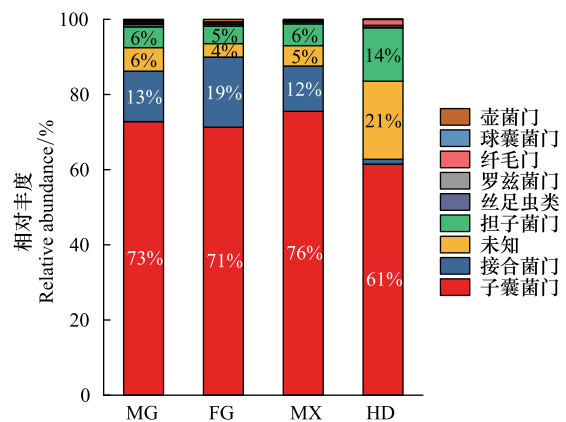


图 3 门水平真菌群落结构及分布

Fig.3 Fungal communities and distribution at the phylum level

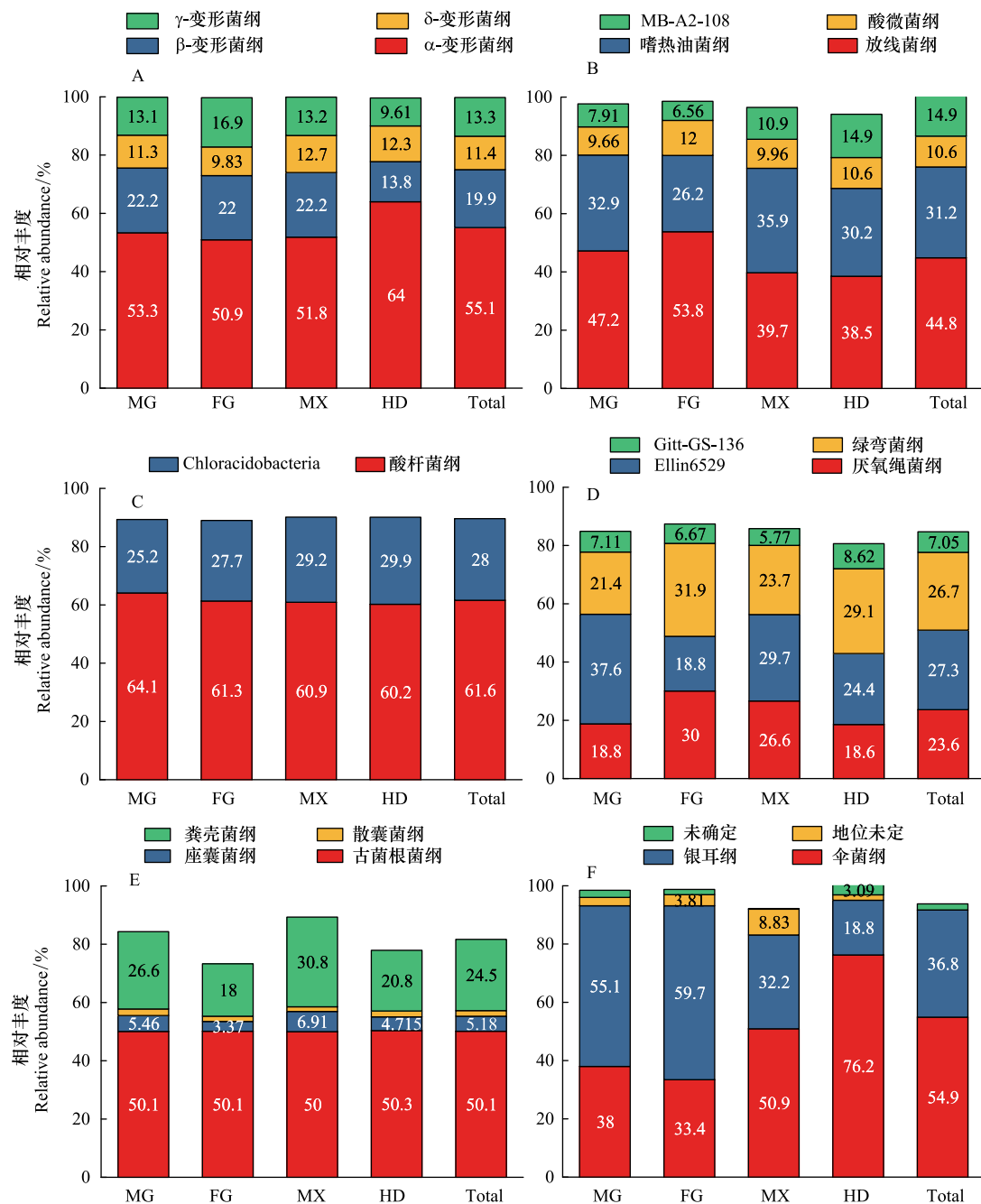


图 4 纲水平土壤优势菌群结构及分布

Fig. 4 Soil dominant microbes communities and distribution at the class level

硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶呈正相关关系,而与 pH 呈负相关关系;放线菌门主要集中在排序轴右侧,其与硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶显著正相关关系;绿弯菌门中的 D1、D3 与 pH 呈正相关关系,而 D2、D4 与硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶呈负相关关系。土壤真菌群落优势菌群的相对丰度与土壤环境因子冗余分析,结果(图 5)显示,子囊菌门(Ascomycota)的优势菌集中在排序轴右侧,与硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶呈正相关关系,而与脲酶和 pH 呈负相关关系,其中 E2、E4 菌纲还与蔗糖酶和有机碳呈正相关关系;担子菌门(Basidiomycota)的优势菌菌纲 F1 与硝态氮、铵态氮、过氧化氢酶、蔗糖酶和有机碳呈正相关关系,与脲酶和 pH 呈负相关关系,F2 与脲酶和 pH 呈正相关关系,与硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶呈负相关关系;接合菌门(Zygomycota)与 pH、脲酶和有机碳呈正相关关系,而与硝态氮、铵态氮和过氧化氢酶呈负相关关系。

表 2 四种管理方式下土壤微生物群落丰富度及多样性

Table 2 Richness and diversity of microbial communities in soil of four management practices

样地 Samples	种类 Species	序列数 Reads	分类单元 Operational taxonomic units	Chao1 指数 Chao1 Index	ACE 指数 Abundance-based coverage estimator index	Shannon 指数 Shannon index
MG	细菌	42244	5719	7668.94	8311.15	10.42
	真菌	45449	1074	926.00	1060.44	6.92
FG	细菌	52179	5633	7231.22	7712.57	10.32
	真菌	44989	760	677.00	759.66	6.00
MX	细菌	47341	6040	8064.43	8553.70	10.50
	真菌	44528	779	732.00	843.34	6.43
HD	细菌	49477	4960	5812.21	5911.68	10.45
	真菌	32292	449	417.00	417.00	6.35

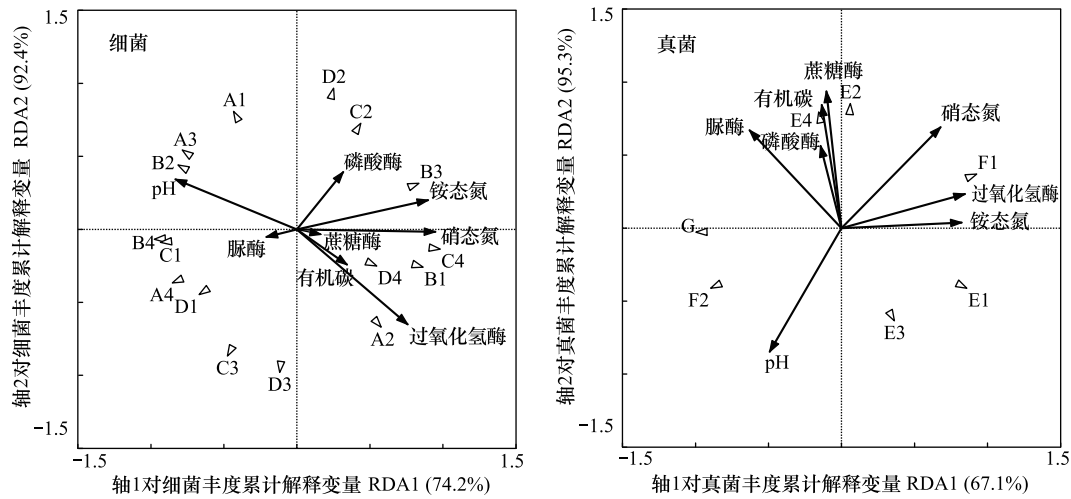


图 5 细菌和真菌群落结构和环境因子的 RDA 分析

Fig.5 RDA analysis on bacteria and fungus with environmental factors

图中大写字母对应的微生物种类见表 3

表 3 RDA 分析中微生物种类代码

Table 3 Codes of microbial species for RDA

编号 Number	种类 Species	编号 Number	种类 Species
	酸杆菌门 Acidobacteria		变形菌门 Alphaproteobacteria
A1	6-酸杆菌刚 Acidobacteria-6	B1	γ-变形菌纲 Alphaproteobacteria
A2	Chloracidobacteria	B2	β-变形菌纲 Betaproteobacteria
A3	Sva0725	B3	δ-变形菌纲 Deltaproteobacteria
A4	iii1-8	B4	γ-变形菌纲 Gammaproteobacteria
	放线菌门 Actinobacteria		绿弯菌门 Chloroflexi
C1	放线菌纲 Actinobacteria	D1	厌绳菌纲 Anaerolineae
C2	嗜热菌纲 Thermolephilia	D2	Ellin6529
C3	酸微菌纲 Acidimicrobiia	D3	绿弯菌纲 Chloroflexi
C4	MB-A2-108	D4	Gitt-GS-136
	子囊菌门 Ascomycota		担子菌门 Basidiomycota
E1	古菌根菌纲 Archaeorhizomycetes	F1	伞菌纲 Agaricomycetes
E2	座囊菌纲 Dothideomycetes	F2	银耳纲 Tremellomycetes
E3	散囊菌纲 Eurotiomycetes	G	接合菌门 Zygomycota
E4	粪壳菌纲 Sordariomycetes		

细菌群落多样性指数与环境因子的相关性矩阵(图 6)表明,土壤细菌群落多样性与土壤环境因子具有一定相关性。土壤细菌 Chao1 指数与 ACE 指数、磷酸酶显著正相关,与脲酶和过氧化氢酶活性显著负相关;土壤真菌 ACE 指数与磷酸酶活性显著相关,与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量、脲酶和过氧化氢酶活性显著负相关。土壤细菌群落 Shannon 指数与磷酸酶、蔗糖酶、铵态氮均匀度以及土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量呈显著正相关,与 pH 呈显著负相关。真菌群落多样性指数与环境因子的相关性矩阵显示,土壤真菌 Chao1 指数与 ACE 指数、Shannon 指数、过氧化氢酶和蔗糖酶活性、有机碳呈显著正相关,与 pH 显著负相关;土壤真菌 ACE 指数与过氧化氢酶和蔗糖酶活性、有机碳呈显著正相关,与 pH 显著负相关(图 7),土壤真菌群落 Shannon 指数与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量、脲酶和过氧化氢酶活性显著负相关土壤细菌群落 Shannon 指数与磷酸酶、蔗糖酶、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和有机碳含量呈显著正相关,与 pH 呈显著负相关(图 7)。

3 讨论

3.1 不同土地管理方式土壤环境因子特征

土壤环境因子是植物和微生物生存的载体^[20],由于不同土地管理方式下,其地面覆被以及土壤收到的扰动(耕作和免耕)情况不同,对土壤养分的富集和再分配作用,以及减少水土流失引起的养分流失的作用不同,进而会对土壤养分和酶活性及其在土壤剖面上的分布产生影响^[21]。尤其是土壤有机碳氮含量主要取决于生物固氮及植被凋落物的归还量^[22]有研究植被生长年限表层土壤养分含量和酶活性都高于深层土壤,也有研究表明,不同土地管理方式显著影响土壤有机碳和氮的含量^[23]。本研究表明土壤有效氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$)和土壤有机碳含量和酶活性受土地管理方式和深度的共同影响,总体上,4 种土地利用管理方式土壤有机碳、铵态氮和硝态氮含量随土壤深度的增加而降低,4 种土壤酶活性也呈同样变化趋势(表 1;图 1),其中苜蓿和免耕样地土壤铵态氮、硝态氮和有机碳含量显著高于翻耕和荒地,这是由于苜蓿和免耕样地土壤未受到扰动,此外,苜蓿为豆科植物,根瘤菌可固定土壤氮素^[24],且地上和地下部分生物量较高,而免耕样地由于地上作物秸秆和地下根茬还田量较高,并且由于地表秸秆覆盖降低了土壤侵蚀,从而提高了土壤碳氮含量^[22]。这也表明植被恢复和无土扰动可改善土壤质量^[25-26],例如 Wang 等^[27]在黄土高原地区研究植被恢复对土壤有机碳的影响,发现草地能明显增加 SOC 含量。

土壤酶参与降解有机碳的分解和氮磷等元素的循环,其活性可表征自然或人为活动对土壤的干扰程度^[28],并且影响土壤酶活性的因素主要是输入土壤中的有机物量,以及土壤微生物的活性和数量^[20]。本研究中苜蓿和免耕样地土壤过氧化氢酶、蔗糖酶、磷酸酶活性都较高,而翻耕和荒地较低,这是由于免耕和苜蓿样地凋落物较多且根系密集,使土壤中供微生物吸收利用的物质源增加^[17],且由于凋落物的 C/N 较高,促进土壤中异样微生物的组成和活性,增强微生物代谢能力^[24,28-29]。脲酶活性与土壤氮素相关,且土壤脲酶为好气性水解酶^[30-31],可将土壤中的有机化合物尿素分解转化为植物能利用的有效氮^[32]。本研究中脲酶活性在苜蓿和翻耕样地显著高于免耕和对照样地(荒地),这是由于苜蓿样地土壤氮素含量高^[24],而翻耕样地土壤通气性较好^[33-34]。

3.2 土壤微生物群落多样性及土壤环境因子的关系

土壤微生物的群落分布与其所处的土壤环境有关,微生物对土壤环境因子的适应能力决定了其群落分布的多样性^[35-36]。本研究中 4 种土地管理方式下土壤微生物群落在门和纲两个分类层次上的细菌和真菌菌群分布特征结果显示,细菌丰度较大的为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门,真菌的子囊菌门丰度最大,其中苜蓿和免耕样地土壤优势菌群(细菌和真菌)群落丰富度和多样性都较高,主要是苜蓿和免耕样地土壤的碱性弱、有机碳和有效氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$)含量较高^[37-38]。本研究显示,土壤 pH、硝态氮和铵态氮对细菌群落影响较大,pH 和有机碳对真菌群落影响最大,可见土壤 pH 值是土壤微生物的重要调节因子^[18,39-40]。由于真菌为慢周转方式,偏好低营养、难分解的有机质,对有机质的利用率高,因此有机碳对真菌群落的影响较高^[41]。RDA 分析结果表明,过氧化氢酶对细菌群落影响较大,而蔗糖酶、脲酶和过氧化氢酶对真菌群落的影响都较

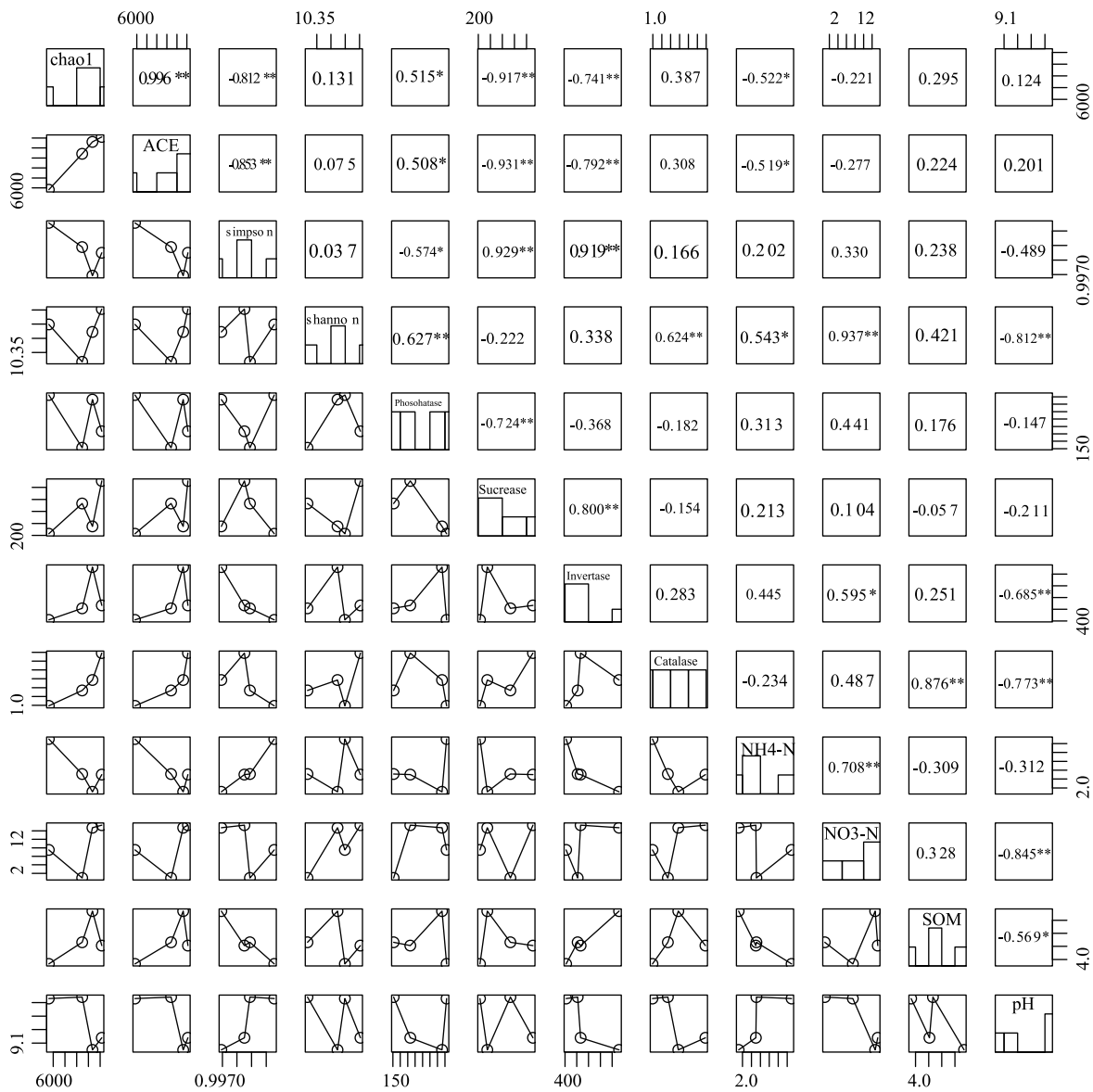


图 6 细菌群落多样性指数与环境因子的相关性

Fig.6 Correlations between diversity index of fungus communities and environmental factors

Chao1:Chao1 指数 Chao1 Index;ACE:ACE 指数 Abundance-based Coverage Estimator index;Shannon:Shannon 多样性 Shannon diversity;过氧化氢酶活性:Catalase activity;磷酸酶活性:Phosphatase activity;脲酶活性:Urease activity;蔗糖酶活性:Invertase activity;NH₄-N:铵态氮 Ammonium nitrogen;NO₃-N 硝态氮 Nitrate nitrogen;SOM:有机质 Organic matter; pH 值:pH value; * P<0.05, ** P<0.01.四周数值表示环境因子的测量值,其中纵坐标每组数值表示所在行环境因子的测量值,横坐标每组数值表示所在列环境因子的测量值,图中数值表示该数值所在行和列相对应的环境因子间的相关系数

大,真菌对土壤酶活性的贡献率显著高于细菌群落。这与马文文^[41]等的研究结果相符。

4 结论

(1)不同土地管理方式显著影响土壤有机碳、有效氮(NH₄⁺-N、NO₃⁻-N)和土壤酶的活性,并且随着土层深度的增加而减少,其中苜蓿和免耕样地土壤有机碳、铵态氮和硝态氮含量显著高于翻耕和对照样地(荒地),且苜蓿和免耕样地过氧化氢酶、蔗糖酶和磷酸酶活性较高,而对照荒地过氧化氢酶活性最低;而脲酶活性在苜蓿和翻耕样地显著高于免耕和对照样地(荒地)。总体上,苜蓿和免耕 2 种土地管理方式可显著提高表层土

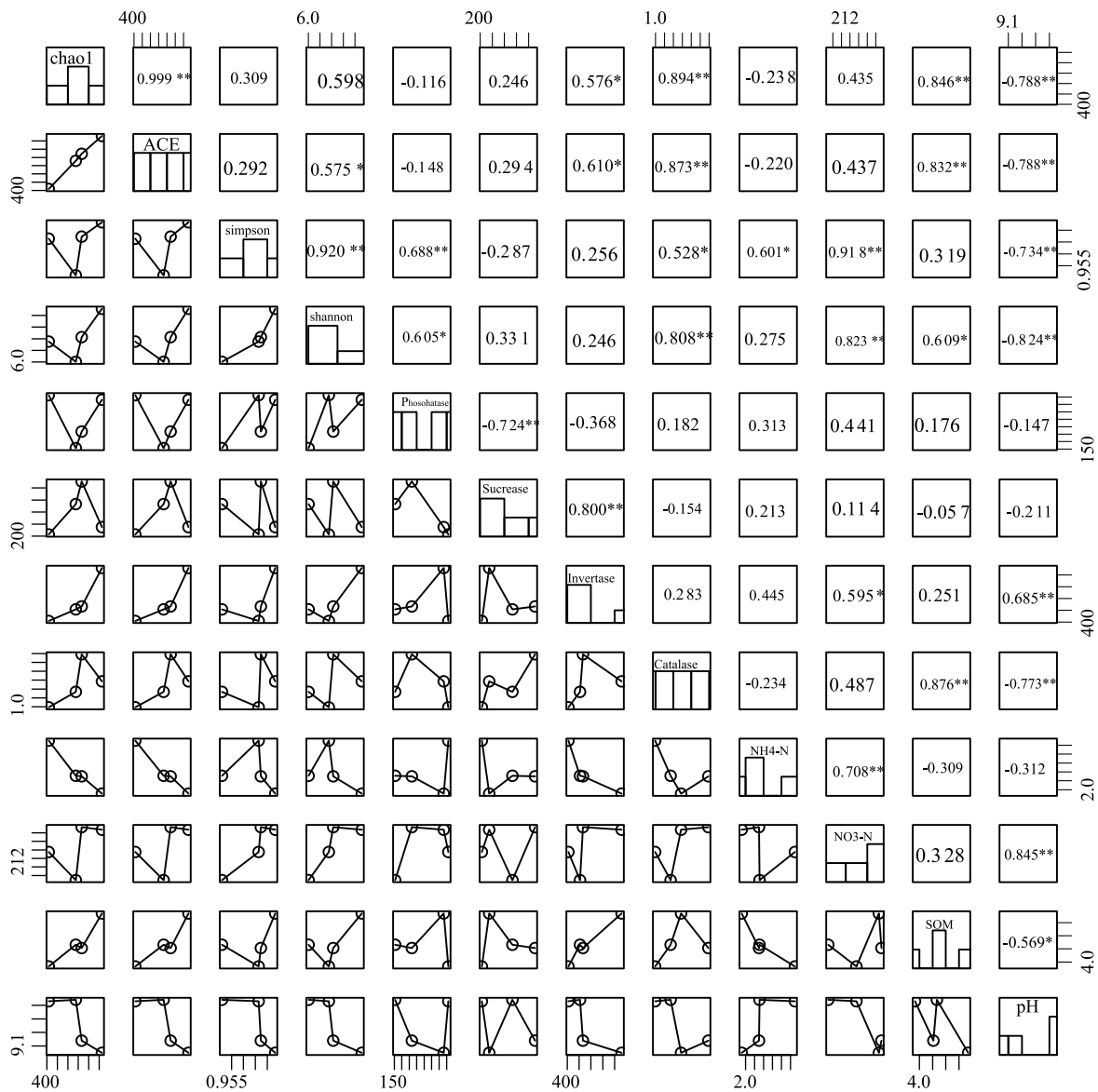


图7 真菌群落多样性指数与环境因子的相关性

Fig.7 Correlations between diversity index of bacterial communities and environmental factors

壤有机碳、铵态氮和硝态氮含量并增加土壤酶活性。

(2) 不同土地管理方式导致土壤环境差异,进而影响土壤微生物的群落丰富度及多样性,4种土地管理方式共有9个细菌门和11个真菌门,细菌丰度较大的为变形菌门、放线菌门和酸杆菌门,真菌的子囊菌门丰度最大;苜蓿和免耕样地土壤细菌和真菌群落丰富度和多样性都较高,翻耕样地土壤细菌和真菌群落丰富度较高,但多样性较低,而荒地土壤细菌和真菌群落丰富度较低,但多样性较高。

(3) 在纲水平上对土壤细菌和真菌群落组成进行RDA分析,结果表明土壤pH、硝态氮和铵态氮对细菌群落影响较大,pH和有机碳对真菌群落影响最大;过氧化氢酶对细菌群落影响较大,而蔗糖酶、脲酶和过氧化氢酶对真菌群落的影响都较大,真菌对土壤酶活性的贡献率显著高于细菌群落。因此,土壤细菌和真菌群落组成受到外部环境的显著影响,如土地管理方式、pH、 $\text{NH}_4\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3\text{-N}$ 含量、有机碳含量、过氧化氢酶活性、蔗糖酶活性、脲酶活性。

(4) 综上,本研究通过对晋西北丘陵区不同土地管理方式的土壤pH和碳氮含量、酶活性以及微生物细菌和真菌群落组成和结构特征进行系统的分析,表明在所研究的四种土地管理方式中,种植苜蓿和免耕是适用

于该区的土地管理方式,地方政府和当地农民可适当选用苜蓿田和保护性耕作田,以保持农业的持续发展和生态环境安全。

参考文献 (References):

- [1] 王青杵,王改玲,石生新,庄丽,孙泰森. 晋北黄土丘陵区不同人工植被对水土流失和土壤水分含量的影响. 水土保持学报, 2012, 26(2): 71-74, 79-79.
- [2] 王雅,刘爽,郭晋丽,刘兵兵. 黄土高原不同植被类型对土壤养分、酶活性及微生物的影响. 水土保持通报, 2018, 38(1): 62-68.
- [3] Chapman S K, Newman G S. Biodiversity at the plant-soil interface: microbial abundance and community structure respond to litter mixing. *Oecologia*, 2010, 162(3): 763-769.
- [4] 陈龙,姚拓,柴晓虹,王理德,马剑平,孙广正,安雅君,李发明. 石羊河中下游不同退耕年限次生草地土壤无机氮、酶及微生物量冬季动态研究. 草地学报, 2016, 24(2): 330-336.
- [5] 杨万勤,王开运. 土壤酶研究动态与展望. 应用与环境生物学报, 2002, 8(5): 564-570.
- [6] Boerner J R E, Brinkman J A, Smith A. Seasonal variations in enzyme activity and organic carbon in soil of a burned and unburned hardwood forest. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(8): 1419-1426.
- [7] Balota E L, Kanashiro M, Filho A C, Andrade I D S, Dick R P. Soil enzyme activities under long-term tillage and crop rotation systems in subtropical agro-ecosystems. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2004, 35(4): 300-306.
- [8] Zhang Y M, Zhou G Y, Wu N, Bao K K. Soil enzyme activity changes in different-aged spruce forests of the eastern Qinghai-Tibetan plateau. *Pedosphere*, 2004, 14(3): 305-312.
- [9] Bandick A K, Dick R P. Field management effects on soil enzyme activities. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(11): 1471-1479.
- [10] Kandeler E, Stemmer M, Klimanek E M. Response of soil microbial biomass, urease and xylanase within particle size fractions to long-term soil management. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(2): 261-273.
- [11] Williams MA, Rice C W, Owensby C E. Carbon dynamics and microbial activity in tallgrass prairie exposed to elevated CO₂ for 8 years. *Plant and Soil*, 2000, 227(1/2): 127-137.
- [12] 曹瑞,吴福忠,杨万勤,徐振锋,谭波,王滨,李俊,常晨晖. 海拔对高山峡谷区土壤微生物生物量和酶活性的影响. 应用生态学报, 2016, 27(4): 1257-1264.
- [13] Gómez-Sagasti M T, Alkorta I, Becerril J M, Epelde L, Anza M, Garbisu C. Microbial monitoring of the recovery of soil quality during heavy metal phytoremediation. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2012, 223(6): 3249-3262.
- [14] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 2008, 11(3): 296-310.
- [15] 付东磊,刘梦云,刘林,张琨,左进香. 黄土高原不同土壤类型有机碳密度与储量特征. 干旱区研究, 2014, 31(1): 44-50.
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科学出版社, 1999.
- [17] 周礼恺. 土壤酶学. 北京: 科学出版社, 1987.
- [18] 乔沙沙,周永娜,柴宝峰,贾彤,李焱. 关帝山森林土壤真菌群落结构与遗传多样性特征. 环境科学, 2017, 38(6): 2502-2512.
- [19] 德吉,吴小妮,索朗德庆,多吉卓玛,韦恩喜. 拉鲁湿地土壤细菌多样性初探. 西藏大学学报:自然科学版, 2014, 29(2): 44-50.
- [20] 王兵,刘国彬,薛莲. 退耕地养分和微生物量对土壤酶活性的影响. 中国环境科学, 2010, 30(10): 1375-1382.
- [21] Sever H, Makineci E. Soil organic carbon and nitrogen accumulation on coal mine spoils reclaimed with maritime pine (*Pinus pinaster* Aiton) in Agacli-Istanbul. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2009, 155(1/4): 273-280.
- [22] 熊汉锋,王运华. 梁子湖湿地土壤养分的空间异质性. 植物营养与肥料学报, 2005, 11(5): 584-589.
- [23] Zhao Z Q, Shahrour I, Bai Z K, Fan W X, Feng L R, Li H F. Soils development in opencast coal mine spoils reclaimed for 1-13 years in the West-Northern Loess Plateau of China. *European Journal of Soil Biology*, 2013, 55: 40-46.
- [24] Yuan Z Q, Yu K L, Epstein H, Fang C, Li J T, Liu Q Q, Liu X W, Gao W J, Li F M. Effects of legume species introduction on vegetation and soil nutrient development on abandoned croplands in a semi-arid environment on the Loess Plateau, China. *Science of the Total Environment*, 2016, 541: 692-700.
- [25] Barbera V, Poma I, Gristina L, Novara A, Egli M. Long-term cropping systems and tillage management effects on soil organic carbon stock and steady state level of C sequestration rates in a semiarid environment. *Land Degradation & Development*, 2012, 23(1): 82-91.
- [26] Jiao F, Wen Z M, An S S. Changes in soil properties across a chronosequence of vegetation restoration on the Loess Plateau of China. *CATENA*, 2011, 86(2): 110-116.
- [27] Wang Y F, Fu B J, Lü Y H, Chen L D. Effects of vegetation restoration on soil organic carbon sequestration at multiple scales in semi-arid Loess

- Plateau, China. *CATENA*, 2011, 85(1): 58-66.
- [28] 龙健, 黄昌勇, 滕应, 姚槐应. 矿区废弃地土壤微生物及其生化活性. *生态学报*, 2003, 23(3): 496-503.
- [29] 戴全厚, 刘国彬, 姜峻, 薛楚, 翟胜. 黄土丘陵区不同植被恢复模式对土壤酶活性的影响. *中国农学通报*, 2008, 24(9): 429-434.
- [30] 安韶山, 黄懿梅, 郑粉莉. 黄土丘陵区草地土壤脲酶活性特征及其与土壤性质的关系. *草地学报*, 2005, 13(3): 233-237.
- [31] 刘家雄, 金陈斌, 张静, 汤珧华. 古树土壤酶活性与土壤肥力的关系. *安徽农业科学*, 2018, 46(12): 146-148.
- [32] Dequiedt S, Thioulouse J, Jolivet C, Saby N P A, Lelievre M, Maron P A, Martin M P, Prévost-Bouré N C, Toutain B, Arrouays D, Lemanceau P, Ranjard L. Biogeographical patterns of soil bacterial communities. *Environmental Microbiology Reports*, 2009, 1(4): 251-255.
- [33] 袁建国, 李变梅, 万俊梅, 任亮仙. 晋西北干旱地区保护性耕作的研究. *山西农业大学学报: 自然科学版*, 2004, 24(4): 347-350.
- [34] 张德喜, 吴卿. 不同耕作方式对农田土壤养分含量及土壤酶活性的影响. *江苏农业科学*, 2018, 46(11): 234-237.
- [35] Ranjard L, Dequiedt S, Jolivet C, Saby N P A, Thioulouse J, Harmand J, Loisel P, Rapaport A, Fall S, Simonet P, Joffre R, Bouré N C P, Maron P A, Mougel C, Martin M P, Toutain B, Arrouays D, Lemanceau P. Biogeography of soil microbial communities: a review and a description of the ongoing French national initiative. *Agronomy for Sustainable Development*, 2010, 30(2): 359-365.
- [36] 陈法霖, 张凯, 郑华, 林学强, 欧阳志云, 屠乃美. PCR-DGGE 技术解析针叶和阔叶凋落物混合分解对土壤微生物群落结构的影响. *应用与环境生物学报*, 2011, 17(2): 145-150.
- [37] Sinsabaugh RL, Lauber CL, Weintraub MN, Ahmed B, Allison SD, Crenshaw C, Contosta AR, Cusack D, Frey S, Gallo ME, Gartner TB, Hobbie SE, Holland K, Keeler BL, Powers JS, Stursova M, Takacs-Vesbach C, Waldrop MP, Wallenstein MD, Zak DR, Zeglin LH. Stoichiometry of soil enzyme activity at global scale. *Ecology Letters*, 2008, 11(11): 1252-1264.
- [38] 唐仕姗, 杨万勤, 何伟, 王海鹏, 熊莉, 聂富育, 徐振锋. 川西亚高山 3 种优势林木不同径级根系分解及木质素、纤维素降解特征. *应用与环境生物学报*, 2015, 21(4): 754-761.
- [39] Blagodatskay E V, Anderson T H A. Interactive effects of pH and substrate quality on the fungal-to-bacterial ratio and qCO_2 of microbial communities in forest soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 30(10/11): 1269-1274.
- [40] Lauber C L, Hamady M, Knight R, Fierer N. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15): 5111-5120.
- [41] 马文文, 姚拓, 靳鹏, 王国基, 张玉霞. 荒漠草原 2 种植物群落土壤微生物及土壤酶特征. *中国沙漠*, 2014, 34(1): 176-183.