

doi :10. 16036/j. issn. 1000-2650. 2018. 03. 012

黔中地区典型土地利用方式转变对微生物群落结构的影响

杜家颖^{1,2}, 涂成龙^{2*}, 盛茂银¹, 崔丽峰², 陈琢玉², 张林楷³

(1. 贵州师范大学喀斯特研究院, 贵阳 550001;

2. 中国科学院地球化学研究所环境地球化学国家重点实验室, 贵阳 550002;

3. 开阳县国土资源局, 贵州 开阳 550308)

摘要:【目的】研究不同土地利用方式对土壤微生物群落多样性结构的影响。【方法】在小区域内选择了具有明显关联性的林地、农用地和撂荒地作为研究对象,采用磷脂脂肪酸(PLFA)分析方法探讨了土地利用方式转变对微生物数量和群落结构的影响。【结果】①3种不同土地利用方式的土壤共检测出9种PLFA,不同层次土壤PLFA含量均表现为林地>农用地、撂荒地;②在3种土地利用方式中土壤含量最高的生物标记物是C16:0、C18:2n6c、C18:0、C16:1n9c,指示细菌分布量最大,其次是真菌,说明土壤中特征微生物相对生物量存在明显差异;③土壤PLFA与土壤理化性指标相关性分析表明,土壤微生物量与土壤有机碳(SOC)、C/N达到极显著正相关,而全氮(TN)、pH则相关性不大。【结论】随着土地利用方式的转变,土壤微生物活性会产生相应的变化。此外,土地利用方式转变过程中,微生物群落结构仍然有一定的相似性;且随着土壤剖面的深度增加,PLFA呈现减少的趋势。

关键词:磷脂脂肪酸法;土地利用方式;微生物;群落结构

中图分类号:P951 文献标志码:A 文章编号:1000-2650(2018)03-0350-07

Effect of Land Use Change on Microbial Community Structure in Central Guizhou Province

DU Jia-ying^{1,2}, TU Cheng-long^{2*}, SHENG Mao-yin¹, CUI Li-feng², CHEN Zuo-yu², ZHANG Lin-kai³

(1. School of Karst Science, Guizhou Normal University, Guiyang 550001, China;

2. State key laboratory of Geochemistry Environment, Institute of Geochemistry, Guiyang 550081, China;

3. The Bureau of Land and Resources Kaiyang, Kaiyang 550308, Guizhou, China)

Abstract:【Objective】The aim of the study was to explore how land use change affect soil microbial community structure. 【Method】Three representative land use covers, such as forest land, cultivated land and abandoned land were selected in this research. Additionally, phospholipid fatty acid (PLFA) method was used to measure soil microbial community. 【Result】①9 types of PLFAs were detected from three land use covers. Total PLFAs showed an order of forest land>cultivated land or abandoned land; ②The biomarkers of C16:0, C18:2n6c, C18:0 and C16:1n9c were highest in three land use covers. Bacteria was the largest dominant group, followed by fungi and heavy pyrolysis hydrogen coli, indicating that there was significant differences in relative biomass of soil microorganisms; ③Correlation analysis between soil PLFA and soil physico-chemical indicators showed that soil microbial biomass was significantly and positively correlated with soil organic carbon (SOC) and C/N, but not with total nitrogen (TN) and pH. 【Conclusion】Soil microbial activity varied with land use change. In addition, microbial community

收稿日期:2017-11-28

基金项目:国家自然科学基金项目(41261058);贵州省科学技术基金重点项目(黔科合基础[2016]1414)。

作者简介:杜家颖,硕士,*责任作者:涂成龙,博士,副研究员,主要从事表生地球化学过程研究, E-mail:chenglongtu@163.com。

structure still has some similarities among three land use covers. PLFA biomarkers decreased with an increase in soil profiles.

Key words: PLFA ;land use mode ;microbes ;community structure

土壤微生物是土壤中重要的活体成分,也是土壤性质的重要指标^[1]。磷脂脂肪酸(PLFA)是微生物细胞膜的主要成分,对微生物群落结构具有一定的指示作用^[2-3]。土壤微生物群落结构和活性是土壤生物过程中重要的限制因子,且在很大程度地决定了生物地球化学循环、土壤肥力、土壤质量以及土壤有机碳的循环过程^[4]。细菌、真菌、放线菌等微生物的比率也是反映土壤肥力状况的重要指标^[5]。因此,磷脂脂肪酸在生态学、地球化学等学科研究中被广泛用作生物标志物以指示元素循环方向和速率、植被演化过程^[6-7]。

土壤中的微生物以其丰富的生物多样性使它们成为生态系统中最活跃和最具影响力的组分之一^[8]。几乎上所有的土壤生态过程中都直接或间接与土壤微生物相关。在过去的微生物研究中,多依赖于传统的方法对土壤微生物进行分析,但是传统方法能够分离鉴定到的微生物只占土壤微生物总数的0.1%~1%^[9]。用磷脂脂肪酸研究方法不仅可以检测样品中60%的微生物量,而且能增加实验数据的准确性。因此,PLFA法被广泛地运用于鉴别土壤微生物群落结构和生物总量的研究中。

随着人类社会经济活动对自然生态系统不断影响,土壤微生物显得尤为重要,利用PLFA分析方法研究土壤微生物是当今热点之一^[10]。目前,单一研究不同土地利用方式对土壤理化性质、生态化学计量学、微生物群落结构的影响较多,而运用PLFA方法来研究土地利用方式转变对于土壤微生物数量、活性、结构的影响相对较少^[11-12]。因此,本研究选取林地、农用地、撂荒地3种具有明显关联性的土地利用方式,运用PLFA方法研究土地利用方式转变对土壤微生物活性、数量、以及群落结构的影响,为研究区提高、检测土壤肥力,并合理地可持续利用土地资源提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 研究区概况

研究区位于贵州省毕节市黔西县新仁苗族乡,中心点坐标为(东经105°47'~106°26'、北纬26°45'~27°21'间),属于云贵高原东部脊状斜坡南侧向广西

丘陵倾斜的斜坡地带,总面积68.9 km²。地貌类型为典型的喀斯特高原峡谷,地势起伏大,类型复杂多样,碳酸盐岩分布广泛。多年平均气温14.2℃,最低月平均气温3.3℃(1月),最高月平均气温23℃(7月),极端最高气温35.4℃,降雨量1087.5 mm、日照时长1066.9 h、无霜期271 d。林地没有经过人为干扰,以灌木、草木为主;农用地中以玉米和油菜轮作为主,撂荒地撂荒时间在6年以上,以杂草为主。3个样点同属一块坡面斜坡地带,主要区别仅为土地利用方式不同。因此,本研究应用空间代替时间的方法,将其视为土地利用方式转变的3种形态。

1.2 土壤理化性质测定

2017年6月,在3种不同土地利用类型下各设置3个随机分布的重复取样点,用土钻采集器分别采集0~20、20~60和60~100 cm深度的土壤。采集回来的土样,除去其中的细根、砾石等杂质后,分2份储存。一份经过冷冻干燥,过2 mm筛,用于土壤微生物分析。另一份则风干磨碎后用于土壤基本理化性质测定。土壤pH采用pH计测定,水土比为1:2.5;土壤有机质采用硫酸重铬酸钾氧化-外加加热法测定^{[13]107}、全氮采用半微量开氏法-流动注射仪测定^{[13]147}、全磷采用NaOH熔融-钼锑抗显色-紫外分光光度法测定^{[13]168}。

1.3 土壤微生物 PLFAs 分析^[14]

在野外采集土壤样品,带回实验室进行冷冻干燥后,取15 g准备好的土样(干重)置于50 mL离心管中,加15 ml 0.2 mol/L的KOH-甲醇溶液,振荡5 min后,放入37℃水浴1 h(期间每10 min振荡1次)。取出后加入3 ml 1.0 mol/L的醋酸溶液中和,充分摇匀后,再加10 mL正己烷,充分摇匀。放入离心机中离心15 min后,取上层液体于玻璃试管中,氮气吹干使溶剂挥发。然后在玻璃试管中加入0.5 mL体积比为1:1的正己烷-甲基丁基醚溶液,充分溶解3~5 min,转入GC小瓶,同时加入10 mL浓度为1 mg/mL的内标,上机GC仪器进行测定。所用有机溶剂均为色谱纯。

1.4 土壤微生物群落 PLFA 的标记分析与含量测定

现将目前已鉴定认同对细菌、真菌、嗜热解氢杆菌、革兰氏阴性细菌具有指示意义的PLFA列入表1。

表 1 表征土壤微生物的 PLFA

Table 1 PLFA characterizing soil microbes

微生物类型 Microbial groups	PLFA	文献 Literature
细菌	i15 0、a15 0、15 0、i16 0、16 0、 1n9、16 1n7t、i17 0、a17 0、17 0、 18 1n7c、20 0	[15][16]
真菌	18 1n9c、18 2n6c、18 3n6c、 18 3n3c	[4][15]
嗜热解氢 杆菌	18 0	[17]
革兰氏阴 性细菌	i15 030H、16 1n9c、i17 030H、 17 1n8c	[16][18][19]

1.5 统计分析

采用 Excel 2010、SPSS 22.0 软件进行数据处理和统计分析,用主成分分析法 PCA(principal component analysis)对磷脂脂肪酸数据进行分析。采用 SPSS 22.0 对不同土地利用类型下土壤 C、N 含量以及 C/N 的

差异进行分析。

2 结果和分析

2.1 土地利用转变对土壤理化性质的影响

依据空间换时间的方法,本研究假定林地-农用地-撂荒地为一序列的不同时间段。从表 2 可知,当林地转化为农用地后,表层、中层、深层土壤 pH 值均有明显升高现象,且达到了显著水平($P<0.05$)。表层有机质的含量水平没有显著变化,中层、深层土壤有机质的含量有明显降低现象,且达到了显著水平($P<0.05$)。由于人为氮肥的施入,表层、中层农用地表层土壤的氮含量显著高于林地,且达到了显著水平($P<0.05$);深层受到施肥的影响较小,从而深层农用地土壤的氮含量显著低于林地,且达到了显著水平($P<0.05$)。这进而引起了碳氮比发生显著变化,表层、中层林地土壤的 C/N 显著高于农用地,且达到了显著水平($P<0.05$);深层林地、农用地的土壤 C/N 无显著变化。

表 2 3 种不同土地利用方式下农田土壤的基本性质

Table 2 Basic soil properties under three different land use patterns in farmland soils

土层深度 Soil depth/cm	土地利用类型 Land use type	pH	有机碳 Organic carbon/%	全氮 Total nitrogen/(g·kg ⁻¹)	碳氮比 C/N
表层(0~20)	林地	6.06±0.56 ^a	1.55±0.26 ^a	1.02±0.03 ^a	15.3±0.30 ^a
	农用地	6.20±1.18 ^b	1.55±0.43 ^a	1.24±0.08 ^b	12.6±0.39 ^b
	撂荒地	6.00±0.17 ^a	1.44±0.18 ^b	1.11±0.03 ^c	12.9±0.14 ^b
中间(20~60)	林地	6.48±0.52 ^a	0.94±0.25 ^a	1.05±0.08 ^a	9.2±0.31 ^a
	农用地	6.69±0.50 ^b	0.46±0.09 ^b	1.15±0.08 ^b	4.0±0.08 ^b
	撂荒地	6.16±0.66 ^a	0.65±0.25 ^c	1.23±0.20 ^c	5.6±0.30 ^c
底层(60~100)	林地	6.03±0.51 ^a	0.47±0.03 ^a	1.21±0.43 ^a	3.8±0.04 ^a
	农用地	7.09±0.80 ^b	0.39±0.06 ^b	1.16±0.04 ^b	3.4±0.04 ^a
	撂荒地	7.22±1.00 ^c	0.51±0.15 ^a	1.17±0.12 ^b	4.5±0.18 ^b

注:表中同一列不同小写字母表示差异显著。

Note: The same lower-case letters above the column mean no significant difference, different means significant difference.

当农用地被废弃成为撂荒地后,表层、中层土壤 pH 有明显降低,且达到了显著水平($P<0.05$);深层土壤 pH 有明显升高,且达到了显著水平($P<0.05$)。表层有机质的含量水平有明显降低,且达到了显著水平($P<0.05$);中层、深层土壤有机质的含量水平有明显升高,且达到了显著水平($P<0.05$)。表层农用地土壤的氮含量显著高于撂荒地;中层农用地土壤的氮含量显著低于撂荒地;深层农用地、撂荒地的土壤的氮含量无显著变化。这进而引起了碳氮比发生显著变化,表层碳氮比没有发生显著变化;中层、深层碳氮比发生显著变化,农用地低于撂荒地,且达

到了显著水平($P<0.05$)。

2.2 土壤微生物的 PLFA 种类和总量比较

从表 3 可知,就 PLFAs 总量而言,在 0~20 cm 土壤中,林地显著高于农用地和撂荒地,农用地与撂荒地无显著变化。在 20~60 cm 土壤中,林地显著高于农用地和撂荒地,农用地显著高于撂荒地。在 60~100 cm 土壤中,林地显著高于农用地和撂荒地,农用地与撂荒地无显著变化。有 9 种 PLFA 在 3 种不同土地利用方式的土壤中均有出现。细菌中,C16 0 含量均高于 C15 0、C20 0 细菌含量;真菌中,C18 2n6c 含量高于 C18 1n9c、C18 3n6c、C18 3n3。细菌、真菌、

革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌中林地含量都显著高于撂荒地和农用地,且真菌中的 C18 3n3 生物标记只在 0~60 cm 的土层分布。总的 PLFA 而言,林地显著高于农用地和撂荒地,且 0~20 cm 的土层包含了 60%

的微生物群落,农用地与撂荒地无显著变化。这也说明了林地转变为农用地伴随着微生物群落的降低,而撂荒地则与农用地的变化相差不大,这可能是撂荒时间较短的原因。

表 3 不同植被群落土壤微生物 PLFA 的类型及含量

Table 3 Types and contents of PLFA in soils of different land use patterns

序号 No.	生物标记 Biomarkers	微生物类型 Microbial group	不同土地利用方式 PLFA 含量 PLFA content of different land use methods		
			林地	撂荒地	农用地
1	C15 0	细菌	0.07±0.02	0.06±0.02	0.05±0.01
2	C16 0	细菌	1.06±0.79	0.73±0.56	0.60±0.37
3	C20 0	细菌	0.08±0.06	0.07±0.04	0.06±0.02
4	C16 1n9c	革兰阴性菌	0.42±0.46	0.30±0.41	0.19±0.25
5	C18 0	嗜热解氢杆菌	0.52±0.27	0.37±0.18	0.32±0.17
6	C18 1n9c	真菌	0.16±0.18	0.09±0.11	0.05±0.05
7	C18 2n6c	真菌	0.65±0.73	0.37±0.31	0.26±0.20
8	C18 3n6c	真菌	0.05±0.03	0.05±0.03	0.03±0.02
9	C18 3n3	真菌	0.04±0.5	未检测出	未检测出
不同 PLFA 生物标记总量			13.37±2.76	8.59±1.79	9.00±2.43

2.3 不同土壤深度的土壤微生物群落组成比较

在 3 种不同土地利用类型中,代表细菌、真菌、革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌的 PLFAs 含量分别为 0~20>20~60>60~100 cm;且随着深度的增加,PLFAs 含量逐渐减少(图 1)。在林地中,0~20 cm 土壤的细菌、真菌、革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌都显著地高于 20~60、60~100 cm;20~60 cm 除革兰阴性菌以外,细菌、真菌、嗜热解氢杆菌含量显著高于 60~100 cm。在农用地中,0~20 cm 土壤的细菌、真菌、革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌都显著地高于 20~60、60~100 cm;20~60 和 60~100 cm 除革兰阴性菌以外,细菌、真菌、嗜热解氢杆菌含量无显著差异。在撂荒地中,0~20 cm 土壤的细菌、真菌、革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌都显著高于 20~60、60~100 cm;20~60 和 60~100 cm 的细菌、真菌、革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌含量无显著差异。

2.4 不同土地利用方式下土壤微生物 PLFA 主成分分析

应用主成分分析法的思路对土壤 PLFAs 的进行分析,共提取 6 个主成分,分别是 C16 0 X₁, C18 2n6c X₂, C16 1n9c X₃, C18 0 X₄, C22 2 X₅, C17 1 X₆。使用统计软件 SPSS 计算,得出特征值、主成分贡献率与累计贡献率。从表 4 和表 5 可以看出主成分有 6 个最大的特征值,即 5.724, 2.559, 2.064, 1.561, 1.487, 1.165。第一、第二、第三、第四、第五、第六主成分的累积贡献率已达 76.629%。这说明前 6 个主成分提供

了足够的原始数据信息,完全符合分析的要求。结果表明,细菌、真菌、革兰氏阴性菌和嗜热解氢杆菌 PLFAs 含量在土壤微生物中占主导地位,是影响土壤生物群落的主要成分之一。

2.5 不同土地利用方式下土壤理化性质与微生物 PLFA 相关性

从表 6 可知,细菌、真菌、革兰氏阴性菌和嗜热解氢杆菌 PLFAs 含量与土壤有机碳在 0.01 置信水平下呈显著正相关;与 pH、全氮含量呈负相关关系;与 C/N 呈正相关关系。

3 讨论

3.1 土壤理化性质对 PLFA 的影响

植物养分的主要来源是土壤,不同的生态环境、土地利用方式都会引起土壤生态过程的变化以及土壤 C、N 含量、PLFA 的差异。研究区林地的土壤有机碳、全氮、碳氮比均大于撂荒地和农用地,表明在人为干扰情况下,撂荒地和农用地的土壤性质有所下降,土壤养分发生明显退化,这与兰志龙等^[20]的研究结果类似。土壤微生物群落的多样性与土壤理化性质息息相关,是土壤养分、凋落物和根系分泌物等因素共同作用的结果,反映了土壤理化性质与土壤微生物之间的密切关系^[21]。

3.2 不同土地利用方式转变下对微生物的影响

土壤微生物多样性是反映生态系统受干扰后细小变化的重点监测因子,它可以描述微生物群落

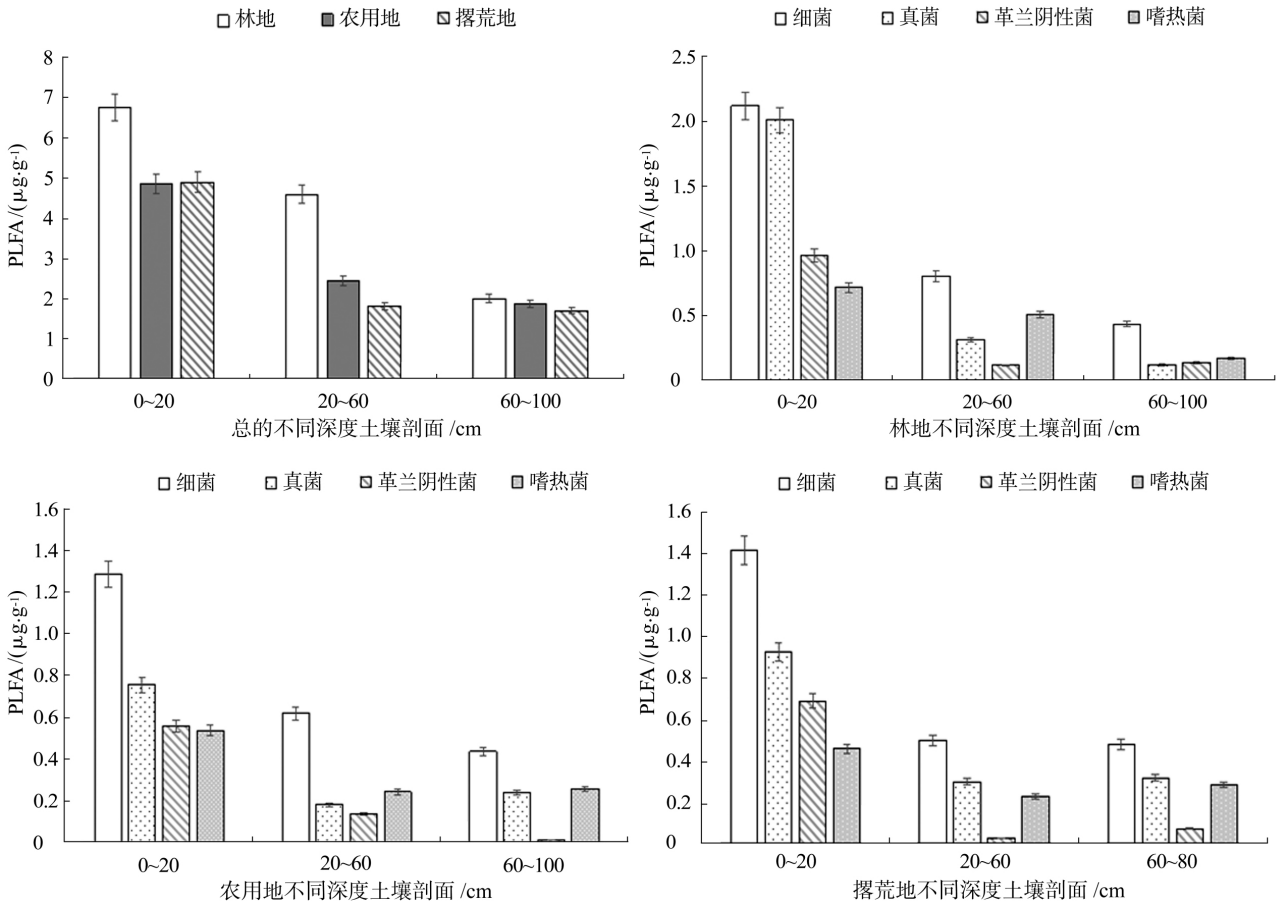


图 1 不同土壤剖面的磷脂脂肪酸总量以及细菌、真菌、革兰阴性菌、嗜热解氢杆菌的 PLFA 含量
 Figure 1 Total PLFA, PLFA contents characterised by bacteria, fungi, gram-bacteria, hydrogenobater in different soil profiles

表 4 土壤微生物 PLFA 的特征值和主成分累计贡献率
 Table 4 The characteristics of soil microbial PLFA and the cumulative contribution rate of principal components

主成分 Principal component	特征值 Characteristic value	贡献率 Contribution rate/%	累计贡献率 Cumulative contribution rate/%
1	5.724	30.127	30.127
2	2.559	13.467	43.593
3	2.064	10.865	54.458
4	1.561	8.214	62.672
5	1.487	7.826	70.498
6	1.165	6.130	76.629

表 5 土壤微生物 PLFA 的主成分载荷矩阵
 Table 5 The principal component load matrix of soil microorganism PLFA

变量 Variable	第一主成分 First principal component	第二主成分 Second principal component	第三主成分 Third principal component
X_1	0.972	0.053	0.034
X_2	0.928	0.085	0.012
X_3	0.941	0.079	0.056
X_4	0.832	0.173	0.179
X_5	0.740	0.098	0.161
X_6	0.433	0.280	0.270

变化、微生物群落生态学机理以及自然或人为干扰对群落的影响^[22]。不同土地利用方式是影响土壤微生物群落结构差异最主要的因素之一。植被类型与管理制度的不同是引起土壤微生物群落变化的主要因素, 选用林地、农用地、撂荒地 3 种不同土地利用方式, 间接地反映了林地转化为农用地, 农用地转化成撂荒地的结果。张娣等^[23]的研究也显示, 耕作下的土壤、退耕还草土壤、原生态土壤 3 种不同土

地利用方式下土壤微生物群落结构中优势菌群有差异。刘明等^[24]研究不同农林利用方式下红壤微生物生物量和代谢功能多样性等土壤质量指标的变化, 结果表明红壤地区不同利用方式能对土壤微生物生物量及群落结构产生影响。本研究与张娣等^[23-24]的研究结果类似。田倩等^[25]研究表明, 植被类型对微生物群落的影响, 目前集中于植被群落的多样性、不同植被的根际、根系以及同一植物不同基因型间或

表6 土壤微生物指标与土壤理化性质的相关分析
Table 6 Pearson correlations coefficients between microbial variables and soil physico-chemical characteristics

项目 Item	pH	有机碳 Organic carbon	全氮 Total nitrogen	C/N
磷脂脂肪酸总量	-0.096	0.709**	-0.525	0.656**
细菌	-0.165	0.778**	-0.148	0.722**
真菌	-0.088	0.717**	-0.021	0.639**
革兰氏阴性菌	-0.173	0.791**	-0.142	0.742**
嗜热解氢杆菌	-0.094	0.545**	-0.094	0.504**

注:*表示在0.05水平上显著性,**表示在0.01水平上显著性。
Note:* $P < 0.05$,** $P < 0.01$.

不同根区、根际对土壤微生物群落影响方面的研究。本文研究结果表明,不同土地利用方式下的PLFAs含量表现为细菌>真菌>革兰氏阴性菌>嗜热解氢杆菌,而细菌、真菌在林地、农用地、撂荒地中占主导地位,这主要是由于在采样期间在6月份,湿度与温度有利于细菌的生长。从研究中可以看出,PLFAs含量表现为林地>农用地>撂荒地,这是由于植被类型决定的。在林地中,植被群落较为复杂,而农用地、撂荒地植被相对单一,则PLFAs含量较少,且随着土壤深度的增加,微生物含量呈下降的趋势。

3.3 不同土壤层次对微生物的影响

对影响土壤的驱动因子进行定量分析,以便进一步探讨微生物和土壤之间的相互关系。不同土地利用类型下的PLFAs种类有很多,这些PLFAs因素不仅与因变量-不同土地深度之间存在着相关关系,而且相互之间还存在耦合关联,影响土壤微生物群落的其中一个因素是土壤结构,土壤结构相似,则微生物群落结构也相似,但不同土地方式下,微生物群含量也随之变化。本研究中表示,细菌、真菌、革兰氏阴性菌、嗜热解氢杆菌的PLFAs在土壤中占主导地位,且随着深度的增加而呈现递减趋势。细菌、真菌、革兰氏阴性菌、嗜热解氢杆菌越多,则表示土壤肥力越强,嗜热解氢杆菌在一定深度后,其减少的趋势相对不明显,但是在土壤微生物群落中是不可缺少的一部分。在土壤表层0~20 cm的土层中,集中了60%以上的土壤微生物,20~60 cm和60~100 cm土层的微生物数量相差不大,虽然有下降的趋势,但不是很明显,这与刘海燕^[26]的研究类似。

3.4 土壤理化性质与PLFA间的相关性

根据Pearson相关系数分析,上述5个指标(PLFAs总量、细菌、真菌、革兰氏阴性菌、嗜热解氢

杆菌的PLFAs)与土壤C含量呈正相关,与N含量呈负相关,但是与N含量相关性不大,这表明不同土壤的土壤微生物受到C含量变化的影响^[26-27]。A. Sessitsch等^[28]对长期不同施肥条件下土壤颗粒中的微生物群落结构进行分析,结果表明在同一粒径下,有机质含量越高,微生物多样性越丰富,即土壤有机质含量会显著影响土壤微生物的群落结构。研究表明,土层0~20 cm的土壤PLFAs高于土层20~60 cm、60~100 cm的土壤PLFAs,林地的土壤PLFAs高于农用地和撂荒地的土壤PLFAs,且都与有机碳含量和C/N呈现正相关关系,这就说明了土壤PLFA的丰富度、多样性指数都与土壤质地密切相关,而PLFA是微生物细胞的主要成分,说明土壤微生物的丰富度、多样性与土壤质地密切相关。C. Kramer等^[9]用PLFA方法分析自然状况下以及添加石灰后的森林土壤微生物群落变化情况,结果表明,pH的变化对微生物有影响,而研究中,PLFA总量、细菌、真菌、革兰氏阴性菌、嗜热解氢杆菌的PLFA与pH呈现不显著负相关关系,这与C. Kramer等^[9]的研究结果有出入。

参考文献:

- [1] 刘水. 土壤酶活性影响因子综述[J]. 北京农业, 2014(21): 249.
- [2] 李范. 磷脂脂肪酸(PLFA)鉴定系统的功能拓展研究[D]. 成都: 西南交通大学, 2014.
- [3] 樊芳玲, 谢德体, 魏朝富, 等. 坡耕地-桑树系统土壤微生物群落结构的PLFA分析[J]. 生态学报, 2016, 36(12): 3812-3823.
- [4] ZELLES L, BAI Y Q, RACKWITZ R, et al. Determination of phospholipid and lipopolysaccharide-derived fatty acids as an estimate of microbial biomass and community structure in soils[J]. Biol Fertl Soils, 1995, 19(2-3): 115-123.
- [5] 祁建军, 姚槐应, 李先恩, 等. 磷脂脂肪酸法分析地黄根际土壤微生物多样性[J]. 土壤, 2008, 40(3): 448-454.
- [6] MARICLE B R, ZWENGERA S R, LEE R W. Carbon, nitrogen, and hydrogen isotope ratios in creekside trees in western Kansas [J]. Environmental and Experimental Botany, 2011, 71(1): 1-9.
- [7] LU H Y, ZHOU Y L, LIU W G, et al. Organic stable carbon isotopic composition reveals late Quaternary vegetation changes in the dune fields of northern China[J]. Quaternary Research, 2012, 77(3): 433-444.
- [8] 车荣晓, 王芳, 王艳芬, 等. 土壤微生物总活性研究方法进展[J]. 生态学报, 2016, 36(8): 2103-2112.
- [9] KRAMER C, GLEIXNER G. Variable use of plant and soil-derived carbon by microorganisms in agricultural soils[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2006, 38(11): 3267-3278.
- [10] 姚晓东, 王妮, 曾辉, 等. 磷脂脂肪酸法在土壤微生物群落分析中的应用[J]. 微生物学通报, 2016, 43(9): 2086-2095.
- [11] 陈振翔, 于鑫, 夏明芳, 等. 磷脂脂肪酸分析方法在微生物生态学中的应用[J]. 生态学杂志, 2005, 24(7): 828-832.

- [12] 张瑞娟,李华,林勤保,等. 土壤微生物群落表征中磷脂脂肪酸(PLFA)方法研究进展[J]. 山西农业科学, 2011, 39(9): 1020-1024.
- [13] 鲁如坤. 土壤农业化学分析[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1999.
- [14] FROSTEGARD A, TUNLID A, BAATH E. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1993, 25(6): 723-730.
- [15] FROSTEGARD A, BAATH E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil[J]. *Biol Fertl Soils*, 1996, 22(1-2): 59-65.
- [16] WHITE D C, DAVIS W M, NICKELS J S, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractable lipid phosphate[J]. *Oecologia*, 1978, 40(1): 51-62.
- [17] BAATH E, ANDERSON T H. Comparison of soil fungal bacterial ratios in a pH gradient using physiological and PLFA-based techniques[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2003, 35(7): 955-963.
- [18] VESTAL J R, WHITE D C. Lipid analysis in microbial ecology: quantitative approaches to the study of microbial communities[J]. *Bioscience*, 1989, 39(8): 535-541.
- [19] JOERGENSEN R G, POTTHOFF M. Microbial reaction in activity, biomass, and community structure after long-term continuous mixing of a grassland soil[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2005, 37(7): 1249-1258.
- [20] 兰志龙,赵英,张建国,等. 陕北黄土丘陵区不同土地利用方式下土壤碳剖面分布特征[J]. *环境科学*, 2018, 39(1): 339-347.
- [21] 郑洁,刘金福,吴则焰,等. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应[J]. *生态学报*, 2017, 37(21): 7293-7303.
- [22] GLADYS L M, LAURE B, ALEXANDRA G, et al. Rapid effects of plantspecies diversity and identity on soil microbial communities in experimental grassland ecosystems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(8): 2336-2343.
- [23] 张娣,程玉鹏,王继,等. 不同土地利用方式对微生物特性及土壤理化性质的影响[J]. *哈尔滨师范大学自然科学学报*, 2010, 26(5): 83-87.
- [24] 刘明,李忠佩,张桃林. 不同利用方式下红壤微生物生物量及代谢功能多样性的变化[J]. *土壤*, 2009, 41(5): 744-748.
- [25] 田倩,夏汉平,周丽霞. 磷脂脂肪酸法分析鹤山针叶林和荷木林的土壤微生物多样性[J]. *热带亚热带植物学报*, 2011, 19(2): 97-104.
- [26] 刘海燕. 基于 PLFA 技术林地土壤微生物结构多样性分析[D]. 北京: 北京林业大学, 2016.
- [27] 曾昭霞,王克林,刘孝利,等. 桂西北喀斯特森林植物-凋落物-土壤生态化学计量特征[J]. *植物生态学报*, 2015, 39(7): 682-693.
- [28] SESSITSCH A, WEILHARTER A, GERZABEK M, et al. Microbial population structures in soil particle size fractions of a long-term fertilizer field experiment[J]. *Appl Environ Microb*, 2001, 67(9): 4215-4224.

(本文审稿: 徐振锋; 责任编辑: 巩艳红; 英文编辑: 徐振锋)

(上接第 349 页)

- Applied Soil Ecology*, 2009, 41(2): 137-147.
- [17] MOORHEAD D L, SINSABAUGH R L. A theoretical model of litter decay and microbial interaction[J]. *Ecological Monographs*, 2006, 76(2): 151-174.
- [18] 李俊,吴福忠,杨万勤,等. 高山草甸冬季凋落物分解过程中土壤动物对微生物群落结构的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2016, 22(1): 27-34.
- [19] 张雪萍,候威岭,陈鹏. 东北森林土壤动物同功能种团及其生态分布[J]. *应用与环境生物学报*, 2001, 7(4): 370-374.
- [20] ZHAO Y C, WANG P, LI J L, et al. The effects of two organic manures on soil properties and crop yields on a temperate calcareous soil under a wheat-maize cropping system[J]. *European Journal of Agronomy*, 2009, 31(1): 36-42.
- [21] 朱新玉,高宝嘉,胡云川. 森林草原交错带土壤节肢动物同功能种团组成及分布[J]. *江苏农业科学*, 2011, 39(3): 478-481.
- 童春富,陆健健. 草坪无脊椎动物群落物种多样性及功能群研究[J]. *生物多样性*, 2002, 10(2): 149-155.
- [22] VIVANCO L, AUSTIN A T. Intrinsic effects of species on leaf litter and root decomposition: a comparison of temperate grasses from north and south America[J]. *Oecologia*, 2006, 150(1): 97-107.
- [23] DIGEL C, CURTSDOTTER A, RIEDE J, et al. Unravelling the complex structure of forest soil food webs: higher omnivory and more trophic levels[J]. *Oikos*, 2014, 123(10): 1157-1172.
- [24] PREGITZER K S, DEFOREST J L, BURTON A J, et al. Fine root architecture of nine north american trees[J]. *Ecological Monographs*, 2002, 72(2): 293-309.

(本文审稿: 杨丽红; 责任编辑: 巩艳红; 英文编辑: 徐振锋)