

DOI: 10.13332/j.1000-1522.20150262

黄土丘陵区人工林土壤微生物 PLFA 标记多样性分析

刘海燕 魏天兴 王 仙

(北京林业大学水土保持与荒漠化防治教育部重点实验室,山西吉县国家森林公园生态系统野外观测研究站)

摘要:为研究不同植被下土壤微生物群落结构多样性的差异,采用磷脂脂肪酸(PLFA)生物标记法,对山西吉县黄土丘陵区典型人工林刺槐、油松以及荒草地的土壤微生物群落结构多样性进行分析研究。结果表明:不同植被下土壤微生物 PLFA 标记含量存在显著差异,刺槐人工林的土壤微生物 PLFA 总量最大,细菌、真菌、放线菌的 PLFA 含量均大于油松人工林和荒草地;细菌 PLFA 含量在 3 种样地中的差异显著;2 种人工林的真菌 PLFA 含量接近,而与荒草地差异显著,与荒草地相比,人工林的种植可明显提高土壤中真菌的比例;革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌呈现相同的变化趋势,油松人工林与荒草地 2 种菌群的 PLFA 含量接近,而与刺槐人工林差异显著。通过相关性分析发现,不同植被下土壤细菌、真菌、革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌各总 PLFA 与土壤养分因子之间密切相关;不同植被下土壤微生物群落多样性差异显著,刺槐人工林更为丰富,且各个菌群分布更为均匀,油松人工林土壤的微生物群落多样性及菌群分布均匀度与刺槐人工林土壤较为接近,荒草地土壤微生物群落多样性和均匀程度较 2 种人工林明显偏低。因此从微生物群落结构多样性的角度看,人工林的种植能够明显改善微生物群落结构,改善土壤质量;刺槐人工林是黄土丘陵区人工植被恢复的较好选择。

关键词:刺槐;油松;人工林;微生物;磷脂脂肪酸

中图分类号:S714.5 **文献标志码:**A **文章编号:**1000-1522(2016)01-0028-08

LIU Hai-yan; WEI Tian-xing; WANG Xian. **Soil microbial community structure and functional diversity in typical plantations marked by PLFA in hilly loess region.** *Journal of Beijing Forestry University* (2016) **38** (1) 28-35 [Ch, 27 ref.] Key Laboratory of Soil and Water Conservation & Desertification Combating of Ministry of Education, Jixian Forest Ecosystem Observation and Experiment Station of China National Ecosystem Research Network, Beijing Forestry University, Beijing, 100083, P. R. China.

This study was aimed to discover the effects of different types of plantations on soil microbial community structure and functional diversity in hilly loess region. The study area is located in Jixian County, Shanxi Province of northern China. Two typical plantations (*Robinia pseudoacacia* and *Pinus tabulaeformis*) were chosen and a grassland was set as control. Soil samples in the vertical layers (0-20 cm) were collected in August 2014, and soil microbial community structure was analyzed by phospholipid fatty acid (PLFA) analytical method. Results showed that the PLFA amounts of soil bacteria, fungi, actinomycetes and Gram negative bacteria and Gram positive bacteria under the *Robinia pseudoacacia* plantation were all the highest in the three kinds of sample plots. Biomass of bacteria in three plots was significantly different, while that of fungi was roughly the same in the two plantations and significantly different with the grassland. Plantation improved the proportion of fungi. The phospholipid fatty acid structure of the two typical plantations was significantly different with the grassland. The correlation analysis showed that the amounts of the PLFAs were closely correlated to the soil fertility factors. Microbial community structure was correlated to plants; functional diversity was higher under the *Robinia pseudoacacia* plantation, followed by that under *Pinus tabulaeformis* plantation, and grassland was the

收稿日期:2015-07-21 修回日期:2015-10-09

基金项目:“十二五”国家科技支撑计划项目(2015BAD07B02)、国家生态系统观测研究网络运行服务项目(2014—2015)。

第一作者:刘海燕。主要研究方向:流域自然地理过程。Email: liuhaiyan@bjfu.edu.cn 地址:100083 北京市海淀区清华东路 35 号北京林业大学水土保持学院。

责任作者:魏天兴,教授,博士生导师。主要研究方向:林业生态工程与流域自然地理过程。Email: weitx@bjfu.edu.cn 地址:同上。

本刊网址: <http://j.bjfu.edu.cn>; <http://journal.bjfu.edu.cn>

least. Therefore, for the microbial community, the two typical plantations can improve the microbial community structure and the soil quality as well, and *Robinia pseudoacacia* plantation was better.

Key words *Robinia pseudoacacia*; *Pinus tabuliformis*; plantation; microbial; phospholipid fatty acid (PLFA)

土壤微生物对土壤环境表现出很强的响应,当环境发生变化时,微生物的活动强度甚至群落组成都发生相应变化以适应新的环境,因此,可以用微生物类群的数量及组成结构来监测土壤环境的变化及生态系统恢复效果^[1]。

山西吉县为典型的黄土丘陵区,长期的人工植被恢复已经取得了良好的宏观效果,水土流失和土壤养分流失减少,土壤环境得到有效改善。近年来,针对黄土丘陵区人工林地的研究大多为水分平衡和养分循环^[2-4],初步探明了水肥状况,而对土壤微生物的研究较少,且多集中在微生物量^[5]、微生物区系^[6]、酶活性^[7]等指标的变化,对土壤微生物群落结构多样性的研究也少见报道,且已有的对黄土区土壤微生物的研究大多采用传统生物学研究方法,例如张社奇等^[8-9]采用平板分析法分析了刺槐(*Robinia pseudoacacia*)、油松(*Pinus tabuliformis*)人工林土壤微生物分布特征。传统生物学研究方法受培养条件的限制,无法研究大多数微生物。磷脂脂肪酸(PLFA)具有生物种属特异性,可标记活体微生物类群,PLFAs含量可用来直接分析微生物的生物量及其群落结构,是一种较为准确、有效的研究土壤微生物多样性的方法^[10]。基于以上特性,PLFA技术可用于土壤微生物群落结构的分析和微生物群落的动态监测^[11]。目前,该方法广泛用于揭示植被^[12]、作物栽培^[13-14]及土地管理方式、有机污染物、重金属、季节变化、气候条件及其他方面等诸多因素对土壤微生物群落结构和生物量的影响^[10,15-16]。

因此,本文采用PLFA分析法,以山西吉县黄土丘陵区典型人工林——油松人工林、刺槐人工林为研究对象,荒草地为对照,分析不同种类人工林土壤微生物群落结构差异,探讨人工林种植对黄土丘陵区土壤生态系统恢复的作用,为黄土丘陵区人工林树种选择提供参考,为油松、刺槐人工林的合理经营提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区自然概况

研究区位于山西吉县国家森林公园生态系统野外观测研究站。地理位置介于110°40′~110°48′E、36°14′~36°18′N之间,海拔440~1 820 m。属暖温带

大陆性气候,年均降水量576 mm,多集中在7—9月,年均温10℃。流域内地势东高西低,是典型的黄土残塬、梁峁侵蚀地形^[17]。土壤为褐土,原始土壤极少存在。区内森林覆盖率约为72%,植被类型属于暖温带落叶阔叶林,天然植被主要为辽东栎(*Quercus wutaishanica*)、白皮松(*Pinus bungeana*)、华北落叶松(*Larix principis-rupprechtii*)、侧柏(*Platycladus orientalis*)、山杨(*Populus davidiana*)、榆树(*Ulmus pumila*)、白桦(*Betula platyphylla*)、虎榛子(*Ostryopsis davidiana*)、胡枝子(*Lespedeza bicolor*)、山桃(*Amygdalus davidiana*)。人工植被主要有油松、刺槐、侧柏以及沙棘(*Hippophae rhamnoides*)等。

1.2 土壤样品采集

土壤样品采集于2014年8月,分别在3样地选定20 m×20 m标准样地,做森林群落结构调查。同时对林下草本、灌木作生物学调查。采集0~20 cm土层,每个样点按s形取6个点土壤,等量混合以减少异质性带来的影响,分装用冰箱低温保存,将土样带回实验室。

土壤样品带回实验室,一部分置于阴凉处自然风干,用于测定土壤养分,另一部分-4℃保存,用于微生物群落的PLFA分析。试验地基本情况见表1。

1.3 土壤 PLFA 的提取

PLFA的提取及预处理采用《陆地生态系统生物观测数据质量保证与质量控制》^[18]提供的方法,包括磷脂提取、脂肪酸分离和甲醇酯化3个步骤,提取的样品用正己烷溶解,以C19:0做内标,结合气相色谱-质谱联用仪(GC-MS)对脂肪酸进行测定。

1.4 PLFA 的标定与含量计算

根据相关研究结果^[18-19]和本试验结果,确定微生物种类用以下特征PLFA来表征(表2)。PLFAs含量的计算则参考刘波等^[20]所采用的方法。

1.5 土壤养分测定方法

土样自然风干,土壤养分按照常规方法测定。土壤全氮采用半微量凯氏法测定;土壤全磷采用硫酸-高氯酸消解-钼锑抗比色法测定;土壤速效磷采用碳酸氢钠浸提钼锑抗比色法测定;土壤速效钾采用醋酸铵火焰光度法测定,土壤速效氮采用碱解扩散法测定;土壤有机质的测定采用重铬酸钾容量法^[21]。

表1 试验地基本概况

Tab. 1 Characteristics of experimental plot

样地类型 Sample plot type	海拔 Altitude/ m	坡向 Slope aspect	树龄 Tree age/a	林分密度/ (株·hm ⁻²) Stand density/ (trees·ha ⁻¹)	树高 Tree height/ m	胸径 DBH/ cm	优势种及灌草盖度 Dominants and coverage	生物量/ (t·hm ⁻²) Biomass/ (t·ha ⁻¹)
油松林 <i>Pinus tabulaeformis</i> plantation (PT)	1 143	东偏南 ES36°	19	1 175	9.6	12.3	铁杆蒿 <i>Tripolium vulgare</i> , 38%	4.281
刺槐林 <i>Robinia pseudoacacia</i> plantation (RP)	1 148	东偏南 ES32°	19	1 550	9.3	15.7	铁杆蒿 <i>Tripolium vulgare</i> , 40%	4.628
荒草地 Grassland (GL)	1 139	东偏南 ES37°					铁杆蒿 <i>Tripolium vulgare</i> , 10%	

表2 不同植被土壤中各单一 PLFA 含量

Tab. 2 PLFA content in soils under different plants

生物标记 Biomarkers	微生物类型 Microbial types	油松林 PT	刺槐林 RP	荒草地 GL
18:3 ω 6c		2.80 \pm 0.15b	3.22 \pm 0.03a	2.81 \pm 0.21b
18:2 ω 9c		2.82 \pm 0.23b	3.52 \pm 0.19a	1.68 \pm 0.09c
18:2 ω 6c	真菌 Fungi (F)	2.94 \pm 0.08b	4.80 \pm 0.31a	1.68 \pm 0.32c
18:1 ω 9t		4.90 \pm 0.98b	8.11 \pm 1.20a	3.60 \pm 0.56c
18:1 ω 9c		8.40 \pm 1.29a	8.80 \pm 0.85a	5.06 \pm 0.47b
20:0		1.26 \pm 0.05b	2.41 \pm 0.29a	0.67 \pm 0.07c
17:0		2.80 \pm 0.25a	1.60 \pm 0.22b	0.90 \pm 0.08c
16:0	细菌 Bacteria (B)	21.70 \pm 0.99b	25.60 \pm 1.65a	16.52 \pm 1.22c
15:0		1.68 \pm 0.19a	1.46 \pm 0.18a	1.35 \pm 0.11a
16:1 ω 5c		2.80 \pm 0.15b	2.56 \pm 0.42b	3.37 \pm 0.24a
14:0		0.98 \pm 0.09b	1.44 \pm 0.15a	0.67 \pm 0.07c
17:1 ω 8c		5.60 \pm 0.42b	8.00 \pm 1.04a	3.37 \pm 0.15c
cy19:0		5.60 \pm 0.22b	7.20 \pm 0.18a	4.04 \pm 0.20c
cy17:0		6.02 \pm 0.96b	8.00 \pm 1.14a	4.50 \pm 0.68b
i15:0 3OH	细菌 Bacteria (B), 革兰氏阴性菌 Gram negative bacteria (G-)	2.82 \pm 0.23b	3.52 \pm 0.39a	3.37 \pm 0.24a
16:1 ω 9c		7.00 \pm 0.83a	8.32 \pm 1.57a	3.26 \pm 0.75b
18:1 ω 7c		2.80 \pm 0.13b	4.00 \pm 0.48a	1.58 \pm 0.25c
16:1 ω 7c		5.60 \pm 0.42b	8.80 \pm 1.29a	5.62 \pm 0.38b
i16:0		4.20 \pm 0.76b	5.60 \pm 0.54a	3.93 \pm 0.37b
a17:0		3.64 \pm 0.43b	4.48 \pm 0.87a	3.37 \pm 0.22b
i15:0	细菌 Bacteria (B), 革兰氏阳性菌 Gram positive bacteria (G+)	7.84 \pm 0.72b	10.40 \pm 1.01a	5.28 \pm 0.47c
a15:0		4.22 \pm 0.34b	7.20 \pm 0.28a	3.03 \pm 0.29c
i17:0		3.08 \pm 0.53b	4.80 \pm 0.87a	2.25 \pm 0.20c
a14:0		0.70 \pm 0.04c	1.60 \pm 0.13a	1.35 \pm 0.06b
10Me17:0		5.74 \pm 0.68b	8.02 \pm 1.35a	4.38 \pm 0.91b
10Me16:0	放线菌 Actinomyces	3.08 \pm 0.15a	3.20 \pm 0.05a	2.81 \pm 0.21b
18:0		3.64 \pm 0.33a	3.84 \pm 0.29a	3.37 \pm 0.24a

注:表中各 PLFA 含量为平均值 \pm 标准差,不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。下同。Notes: Data of PLFA are expressed as mean \pm SD; different letters indicate significant difference at $P < 0.05$ level. The same below.

1.6 微生物标记 PLFAs 的统计分析

采用 Excel 2003 进行数据初步处理, SPSS 19.0 进

行单因素方差(one-way ANOVA)分析, CANOCO 4.5 分析土壤养分与微生物群落的相关关系。

引入群落生态学 Shannon-Wiener 多样性指数、Simpson 优势度指数和 Pielou 均匀度指数等,分析不同样地土壤微生物群落的多样性。各指数值按照计算物种指数方法^[22]计算。

Simpson 指数(C):

$$C = 1 - \sum_{i=1}^n (n_i/N)^2 \quad (1)$$

式中: n_i 为第*i*类脂肪酸数, N 为总脂肪酸数, n 为脂肪酸种类数。

Mcintosh 指数(DMC):

$$DMC = (N - (\sum_{i=1}^n n_i n_i)^{1/2}) / (N - N^{1/2}) \quad (2)$$

Shannon-Wiener 指数(H):

$$H = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i \quad (3)$$

式中: $P_i = n_i/N$ 。

Brillouin 指数(H'):

$$H' = (1/N) \lg [N! / (n_1! n_2! n_3! \cdots n_i!)] \quad (4)$$

Pielou 指数(e):

$$e = H/\ln S \quad (5)$$

式中: S 为群落中的脂肪酸总种类数。

2 结果与分析

2.1 不同植被下土壤各单一 PLFA 含量

表2中,3种不同植被下土壤共测得27种磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记,不同生物标记代表不同微生物菌群,对表2中27种标记PLFA做单因素方差分析。从各PLFA含量对比可以看出,在不同植被土壤中,特征峰16:0所占的比例最高,均大于12%,代表真菌的特征峰18:1 ω 9c含量次之,特征峰16:0、18:1 ω 9c和18:1 ω 9t(真菌)分别占14.91%、5.41%、4.17%,并且在3种不同样地中,3种脂肪酸的和占总脂肪酸平均值的百分比分别为25.05%、24.15%、23.2%。可见细菌、真菌是优势种,在不同植被下土壤中均起主要作用。刺槐和油松2种人工林样地的磷脂脂肪酸组成结构较为相似,与荒草地相比,特征峰18:2 ω 9c、18:2 ω 6c、18:1 ω 9t、18:1 ω 9c所代表真菌的百分比有所增加。

2.2 不同植被下主要微生物类群分布

从表2及图1可知,代表细菌的特征峰16:0等、代表真菌的特征峰18:1 ω 7c(7,9)等和放线菌特征峰10Me17:0的相对含量在不同植被土壤中分布不同,细菌相对含量最大,其次是真菌,放线菌分布量最小。刺槐人工林土壤中细菌的PLFA含量最大,不同植被下细菌16:0相对含量的大小依次为刺

槐林>油松林>荒草地;真菌PLFA的含量变化与细菌一致。可见与荒草地相比,人工林种植不同程度地增加了土壤中各微生物菌群PLFA的含量,刺槐人工林比油松人工林增加更为明显。用*F*表示真菌的PLFA总含量,*B*表示细菌的PLFA总含量,*G+*表示革兰氏阳性菌的PLFA总含量,*G-*表示革兰氏阴性菌的PLFA总含量,则*F/B*和*G+/G-*也是2个表征土壤微生物群落结构的重要指标^[23],图1中,刺槐林、油松林和荒草地土壤的*F/B*值依次递减,刺槐人工林的*G+/G-*最大,其次为油松人工林,而荒草地最小。

2.3 不同植被下土壤微生物群落多样性指数

由图2可知,刺槐林土壤微生物的各项指数均高于油松林土壤和荒草地土壤,并且与荒草地土壤之间存在显著差异,其中刺槐林Simpson指数、McIntosh指数与荒草地土壤存在极显著差异。Simpson指数、Shannon-Wiener指数等多样性指数是微生物群落中微生物种类多寡、组成与均匀程度的综合体现^[24]。刺槐林土壤中微生物群落多样性更为丰富,且不同微生物群落均匀程度更大;总体而言,油松林土壤的微生物群落多样性及个体数量分布与刺槐林土壤较为接近;荒草地土壤微生物群落多样性与均匀程度较2种人工林明显偏低。

2.4 土壤微生物群落与土壤基本养分之间的关系

土壤养分因子与不同植被下土壤细菌、真菌、革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌各总PLFA的相关系数存在差异。图3中射线之间的夹角表示2变量之间相关性大小,夹角越小,代表相关性越大,呈直角的时候二者无相关关系。箭头方向一致代表呈正相关关系,否之则呈负相关关系^[25]。从图3可见,细菌总PLFA与有机质(OM)、速效氮(AN)分别呈显著与极显著正相关关系;真菌总PLFA与全氮(TN)、速效氮分别呈负相关关系,与速效钾(AK)呈显著正相关关系。*F/B*、*G+/G-*和细菌总PLFA与有机质呈显著正相关关系。同时,各微生物菌群之间的相关系数之间也存在差异,真菌与细菌的总PLFA呈极显著负相关,*r*值为-0.99,*F/B*、*G+/G-*与细菌总PLFA呈显著正相关关系。

3 讨论

3.1 不同植被下土壤微生物群落结构的组成

PLFA具有生物特异性,对各单一PLFA的统计分析能够更深入地了解土壤微生物群落结构^[23],本研究中,3种不同植被土壤中所含PLFAs的种类大致相同,其中以表征细菌的PLFA单体为主,并且

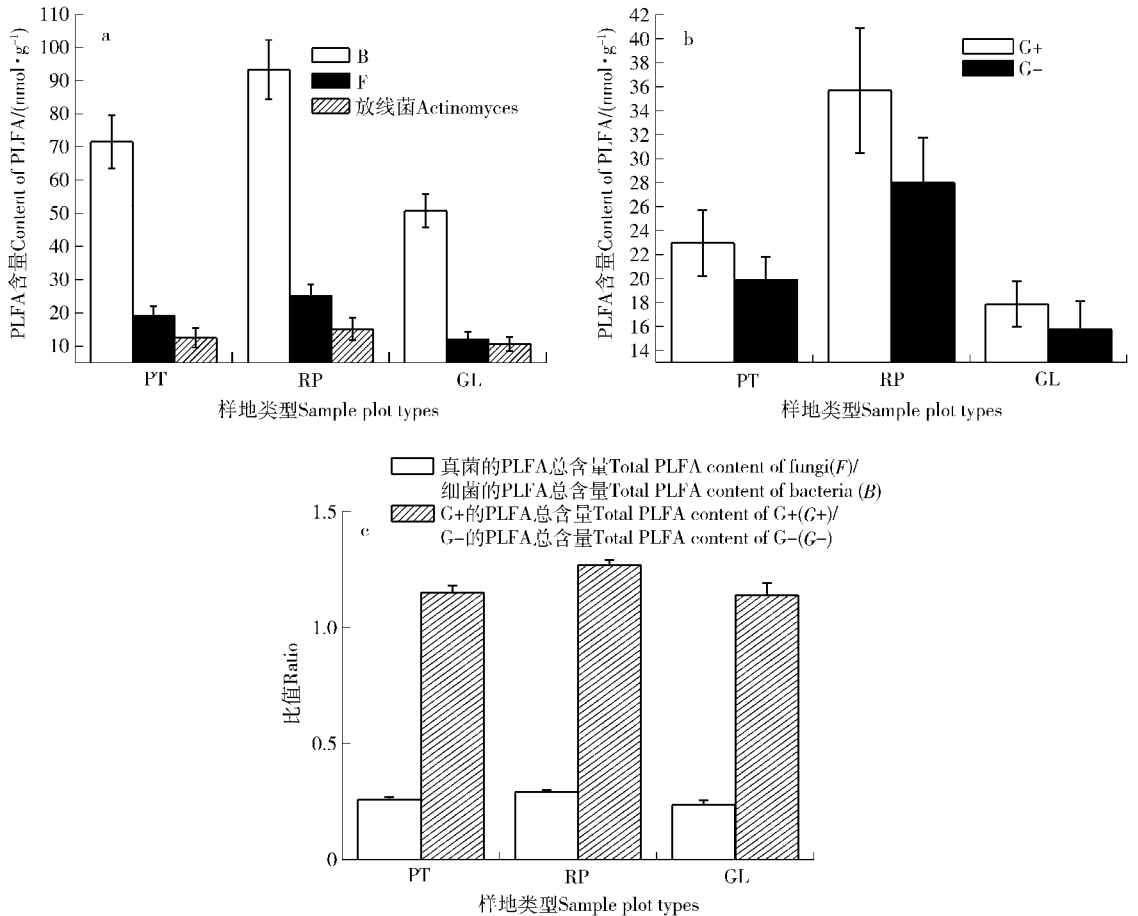


图1 不同植被土壤各菌群 PLFA 含量以及 F/B 和 $G+/G-$

Fig. 1 PLFA amounts for different strains, and the value of F/B and $G+/G-$ in soils under different plants

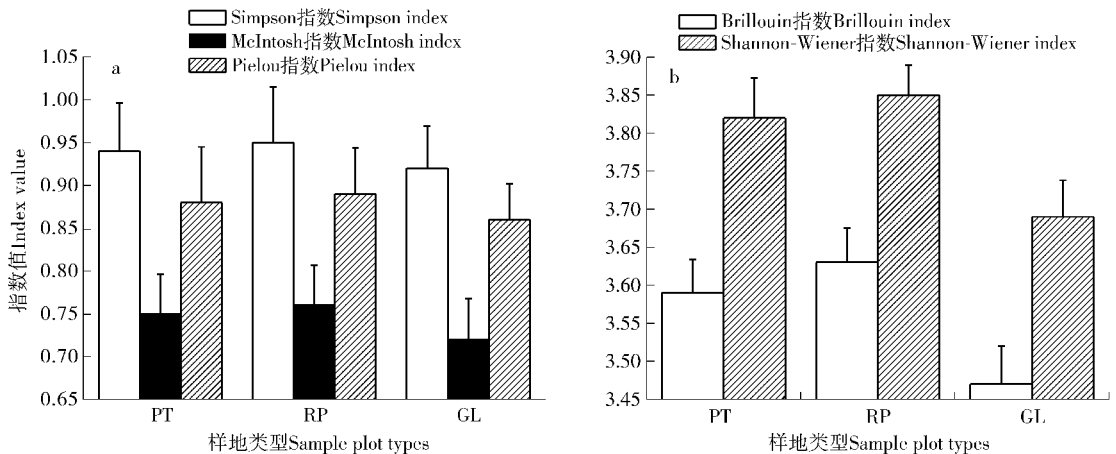


图2 不同植被下土壤微生物群落多样性指数

Fig. 2 Diversity indices of microbial community in soils under different plants

PLFA 16:0 的含量在不同植被的样地土壤间均占最高比例,这与以往的研究结果相似^[23]。同时,2种人工林土壤各微生物菌群 PLFA 的含量较荒地均有不同程度的增加,且刺槐林的增长趋势大于油松林。3种植被下微生物群落结构的差异显著。这是因为植物生长对土壤生态系统有着直接影响,进而影响微生物群落结构的组成和变化。另一方面,人

工植被恢复可以改变现有土壤结构和水肥状况,从而改变土壤微生物的生存环境。之前有研究指出^[25],不同植被恢复下土壤微生物的生物量等差异显著,本研究表明,不同植被恢复下的土壤微生物群落结构组成存在显著差异。

3.2 不同植被下土壤微生物菌群的分布

对不同植被下土壤微生物菌群——细菌、真菌

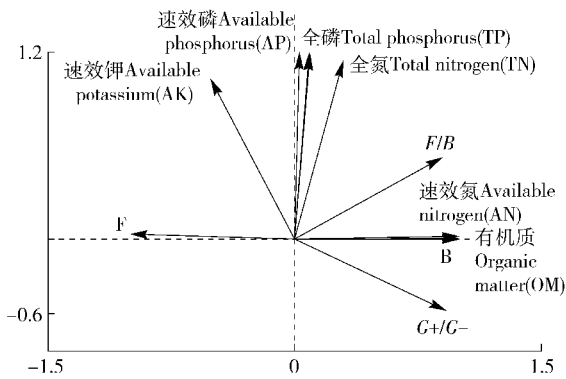


图3 土壤微生物 PLFA 与土壤养分因子的相关性

Fig.3 Correlation analysis of microbial PLFA and fertilizer factors

和革兰氏阳性菌 ($G+$) 和革兰氏阴性菌 ($G-$) 的 PLFA 含量及 F/B 和 $G+/G-$ 进行分析后发现,2 种人工林下土壤与荒草地相比有效地增加了细菌和真菌的含量,且真菌的比例显著提高。土壤中 F/B 常被用来作为表征生态系统自我调控能力的大小,同时能反映土壤中有机物质的含量,比值越大,则表明生态系统自我调节能力越好^[20],有机质含量越高。研究发现, F/B 依次为刺槐林 > 油松林 > 荒草地,说明该地区人工林恢复确实有助于改善土壤质量,提高了生态系统的自我调控能力,更有利于土壤微生物的生存。而 2 种人工林之间的差异主要因为植被种类的不同,Waid^[25] 指出,植被影响土壤微生物主要基于植被凋落物的类型、数量和根系分泌物的化学成分。不同植物的凋落物和分泌物物理、化学性质不同,会对维持的土壤微生物种类和活性产生选择性作用,从而影响微生物群落结构特征。刺槐属于阔叶林而油松属于针叶林,相同恢复年限下,阔叶林的枯落物质量大,养分含量高,相同时间内枯落物能较快地分解,并以养分循环的形式迅速归还土壤,土壤有机质含量高^[26]。显然,相对于油松,刺槐的种植更有利于土壤微生物量和土壤养分的提高,刺槐林对土壤的改良作用大于油松林^[27]。 $G+/G-$ 也是表征土壤所受的饥饿胁迫程度的重要指标,其值越大,表示土壤所受的碳源饥饿的程度越大^[1],图 1 中, $G+/G-$ 由刺槐林、油松林至荒草地呈现递减趋势。但因为细菌由 $G+$ 和 $G-$ 组成,实验研究证明,细菌总量并不完全等同于 $G+$ 与 $G-$ 之和,因此认为,不能仅凭 $G+/G-$ 的值判断该地区土壤的受胁迫程度。

人工林种植与荒草地相比,一定程度上为土壤微生物的生长提供了更有利的条件,使得群落多样性显著增加。微生物菌群的含量与土壤理化性质之间的 RDA 分析显示,细菌与土壤有机质、总氮呈正相关关系,真菌仅与速效钾呈正相关关系,并且与全

氮、速效氮及有机质之间呈显著负相关关系,这与以往研究结果相一致^[23]。

4 结 论

1) 不同植被下土壤微生物 PLFA 标记含量存在显著差异,刺槐人工林的土壤微生物 PLFA 总量最大,细菌、真菌、放线菌的 PLFA 含量均大于油松人工林和荒草地;细菌 PLFA 含量在 3 种样地中的差异显著;2 种人工林的真菌 PLFA 含量接近,而与荒草地差异显著,与荒草地相比,人工林的种植可明显提高土壤中真菌的比例;革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌呈现相同的变化趋势,油松人工林与荒草地 2 种菌群的 PLFA 含量接近,而与刺槐人工林差异显著。

2) 不同植被下,土壤微生物群落结构有显著差异,刺槐人工林土壤中的微生物群落多样性更为丰富,且不同菌群均匀度更大,油松人工林土壤的微生物群落多样性与菌群分布与刺槐人工林土壤较为接近,荒草地土壤微生物群落多样性与均匀程度较 2 种人工林明显偏低。

总之,从微生物结构多样性的角度,人工林的种植明显增加了微生物含量及群落丰富度、均匀度,相对于油松人工林,刺槐人工林对土壤质量以及微生物群落结构多样性的改良效果更佳,此文仅为以山西吉县为例的黄土丘陵区人工植被恢复提供土壤微生物方面的科学支撑,为黄土丘陵区人工造林树种选择提供科学参考。

致谢 感谢山西吉县国家森林公园生态系统野外观测研究站站长朱金兆教授及各位老师的指导和帮助,以及北京林业大学分析测试中心徐芳老师的指导和帮助。

参 考 文 献

- [1] 邢肖毅. 黄土丘陵区侵蚀环境对土壤氮素及微生物群落结构的影响[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2013.
XING X Y. The effects of erosion environment on soil nitrogen and microbial community diversity on the hilly-gully area of Loess Plateau[D]. Yangling: Northwest A & F University,2013.
- [2] 魏天兴,朱金兆. 黄土区人工林地水分供耗特点与林分生产力研究[J]. 土壤侵蚀与水土保持学报,1999,5(4):45-51.
WEI T X, ZHU J Z. Feature of water supply and consumption and productivity of stand in loess region[J]. Journal of Soil Erosion and Soil and Water Conservation,1999,5(4):45-51.
- [3] 李勇,徐晓琴. 黄土高原油松人工林根系改善土壤物理性质的有效模式[J]. 林业科学,1993,29(3):193-198.
LI Y, XU X Q. Effective model of improving soil physical property by roots of Chinese pine plantation on the Loess Plateau [J]. Scientia Silvae Sinicae,1993,29(3):193-198.
- [4] 张社奇,王国栋,时新玲,等. 黄土高原油松人工林地土壤水

- 分物理性质研究[J]. 干旱地区农业研究, 2005, 23(1): 60-64.
- ZHANG S Q, WANG G D, SHI X L, et al. Improvement of soil hydro-physical properties by artificial *Pinus tabulaeformis* Carr. forests in the Loess Plateau[J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2005, 23(1): 60-64.
- [5] 蔡晓布, 钱成, 彭岳林, 等. 西藏中部退化农田土壤肥力的变化特征及其重建[J]. 土壤学报, 2004, 41(4): 603-611.
- CAI X B, QIAN C, PENG Y L, et al. Fertility and restoration of degraded soil in central Tibet[J]. Acta Pedologica, 2004, 41(4): 603-611.
- [6] 沈程文, 肖润林, 徐华勤, 等. 覆盖与间作对亚热带丘陵区茶园土壤微生物量的影响[J]. 水土保持学报, 2006, 20(3): 141-144.
- SHEN C W, XIAO R L, XU H Q, et al. Effects of the cover and intercropping on soil microbial biomass of tea plantations in subtropical hilly region [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2006, 20(3): 141-144.
- [7] 王建武, 冯远娇. 种植 Bt 玉米对土壤微生物活性和肥力的影响[J]. 生态学报, 2005, 25(5): 1213-1220.
- WANG J W, FENG Y J. Effects of planting Bt corn on soil microbial activity and soil fertility [J]. Acta Ecologica Sinica, 2005, 25(5): 1213-1220.
- [8] 张社奇, 王国栋, 田鹏, 等. 黄土高原刺槐人工林地土壤微生物的分布特征[J]. 水土保持学报, 2004, 18(6): 128-131.
- ZHANG S Q, WANG G D, TIAN P, et al. Distributive feature of soil microorganism of *Robinia pseudoacacia* L. plantation forestland in Loess Plateau [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2004, 18(6): 128-131.
- [9] 张社奇, 王国栋, 刘云鹏, 等. 黄土高原人工油松林地土壤微生物的分布特征[J]. 激光生物学报, 2005, 14(5): 353-358.
- ZHANG S Q, WANG G D, LIU Y P, et al. Distributive feature of soil microorganism of *Pinus tabulaeformis* plantation forestland in Loess Plateau [J]. Acta Laser Biology Sinica, 2005, 14(5): 353-358.
- [10] 郑雪芳, 苏远科, 刘波, 等. 不同海拔茶树根系土壤微生物群落多样性分析[J]. 中国生态农业学报, 2010, 18(4): 866-871.
- ZHENG X F, SU Y K, LIU B, et al. Microbial community diversity in tea root zone soils at different elevations [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2010, 18(4): 866-871.
- [11] BALKWILL D L, LEACH F R, WILSON J T, et al. Equivalence of microbial biomass measures based on membrane lipid and cell wall components, adenosine triphosphate, and direct counts in subsurface aquifer sediments [J]. Microbial Ecology, 1988, 16(1): 73-84.
- [12] 罗达, 史作民, 唐敬超, 等. 南亚热带乡土树种人工纯林及混交林土壤微生物群落结构[J]. 应用生态学报, 2014, 25(9): 2543-2550.
- LUO D, SHI Z M, TANG J C, et al. Soil microbial community structure of monoculture and mixed plantation stands of native tree species in south subtropical China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2014, 25(9): 2543-2550.
- [13] 姚钦, 宋洁, 潘凤娟, 等. 磷脂脂肪酸技术在不同土地管理方式下土壤微生物多样性研究的应用[J]. 大豆科技, 2012, 34(3): 26-30.
- YAO Q, SONG J, PAN F J, et al. Characteristics of phospholipid fatty acids of soil microorganism under different plant patterns of soybean[J]. Soybean Science, 2012, 34(3): 26-30.
- [14] 孙棣棣. 应用磷脂脂肪酸方法研究毛竹林土壤微生物群落结构演变规律[D]. 杭州: 浙江农林大学, 2010.
- SUN L L. Community structure diversity of soil microbes under *Phyllostachy pubescens* stands revealed by PLFAs analysis [D]. Hangzhou: Zhejiang A & F University, 2010.
- [15] 马大龙, 臧淑英, 李莹. 基于磷脂脂肪酸生物标记法的松茸生长土壤微生物测定[J]. 贵州农业科学, 2015, 43(3): 106-109.
- MA D L, ZANG S Y, LI Y. Microorganism in soil for *Tricholoma matsutake* growth based on phospholipid fatty biomarker method [J]. Guizhou Agricultural Science, 2015, 43(3): 106-109.
- [16] 李新, 焦燕, 杨铭德. 用磷脂脂肪酸(PLFA)谱图技术分析内蒙古河套灌区不同盐碱程度土壤微生物群落多样性[J]. 生态科学, 2014, 33(3): 488-494.
- LI X, JIAO Y, YANG M D. Microbial diversity of different saline-alkaline soil analyzing by PLFA in the Hetao area of Inner Mongolia [J]. Ecological Science, 2014, 33(3): 488-494.
- [17] 魏天兴, 余新晓, 朱金兆, 等. 黄土区防护林主要造林树种水分供需关系研究[J]. 应用生态学报, 2001, 12(2): 185-189.
- WEI T X, YU X X, ZHU J Z, et al. Relationship between water supply and consumption of main planting tree species of protection forests in loess area of western Shanxi Province [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2001, 12(2): 185-189.
- [18] 吴冬秀, 韦文珊, 宋创业, 等. 陆地生态系统生物观测数据质量保证与质量控制[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 2012.
- WU D X, WEI W S, SONG C Y, et al. Quality assurance and quality control of terrestrial ecosystem biological observation data [M]. Beijing: China Environmental Science Press, 2012.
- [19] BAI Q, GATTINGER A, ZELLES L. Characterization of microbial consortia in paddy rice soil by phospholipid analysis [J]. Microbial Ecology, 2000, 39(4): 273-281.
- [20] 刘波, 胡桂萍, 郑雪芳, 等. 利用磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法分析水稻根际土壤微生物多样性[J]. 中国水稻科学, 2010, 24(3): 278-288.
- LIU B, HU G P, ZHENG X F, et al. Analysis on microbial diversity in the rhizosphere of rice by phospholipid fatty acids biomarkers [J]. Chinese Journal of Rice Science, 2010, 24(3): 278-288.
- [21] WEI T X, ZHANG X J, ZHU J Z. The nutrient accumulation pattern and cycling in natural secondary forests in North China: a case study from the Caijiachuan Watershed, Shanxi Province[J]. Phytion, International Journal of Experimental Botany, 2014, 83: 213-223.

- [22] GARLAND J L, MILLS A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization [J]. *Applied and Environment Microbiology*, 1991, 57: 2351-2359.
- [23] 胡婵娟, 郭雷, 刘国华. 黄土丘陵沟壑区不同植被恢复格局下土壤微生物群落结构 [J]. *生态学报*, 2014, 34 (11): 2986-2995.
- HU C J, GUO L, LIU G H. Soil microbial community structure under different vegetation restoration patterns in the loess hilly area [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, 34(11): 2986-2995.
- [24] 林生, 庄家强, 陈婷, 等. 不同年限茶树根际土壤微生物群落 PLFA 生物标记多样性分析 [J]. *生态学杂志*, 2013, 32(1): 64-71.
- LIN S, ZHUANG J Q, CHEN T, et al. Microbial diversity in rhizosphere soils of different planting year tea trees: an analysis with phospholipid fatty acid biomarkers [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2013, 32(1): 64-71.
- [25] WAID J S. Does soil biodiversity depend upon metabiotic activity and influences? [J]. *Applied Soil Ecology*, 1999, 13 (2): 151-158.
- [26] SAGGAR S, YEATES G W, SHEPHERD T G. Cultivation effects on soil biological properties, microfauna and organic matter dynamics in Eutric Gleysol and Gleyic Luvisol soils in New Zealand [J]. *Soil & Tillage Research*, 2001, 58(1): 55-68.
- [27] 董莉丽, 郑粉莉, 安娟. 黄土丘陵区不同土地利用类型下土壤微生物生物量特征 [J]. *土壤通报*, 2010, 41(6): 1370-1375.
- DONG L L, ZHENG F L, AN J. Characteristics of the soil microbial biomass in various land-uses in the loess hilly-gully region [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2010, 41 (6): 1370-1375.

(责任编辑 李 契
责任编辑委 杨晓晖)