

桂西北喀斯特不同植被演替阶段 土壤微生物群落多样性

杨泽良¹, 任建行¹, 况园园¹, 李萍芳¹, 向国红¹, 薛涛²

(1. 湖南人文科技学院 农业与生物技术学院, 湖南 娄底 417000; 2. 湖南农业大学 资源环境学院, 长沙 410128)

摘要:采用经典统计与排序分析方法,研究了桂西北喀斯特不同植被演替阶段(原生林、次生林、灌丛、草地)土壤微生物群落多样性变化特征,并探讨了土壤微生物群落多样性与土壤养分、土壤微生物生物量和土壤微生物数量之间的关系。结果表明:(1) 桂西北喀斯特植被演替对土壤养分有较大的影响,除了土壤容重和全磷含量以外,由草地到原生林的演替过程中,土壤养分均呈显著的变化趋势($p < 0.05$)。随着演替的进行,土壤 pH 值和容重逐渐减小。土壤有机碳、全氮、全钾、速效氮、速效磷和速效钾含量随着演替而逐渐增加趋势,其大小依次变现为原生林>次生林>灌丛>草地,其中不同演替阶段土壤有机碳全氮、速效氮、速效磷和速效钾含量差异均显著($p < 0.05$)。(2) 土壤微生物量碳、氮、磷大小依次变现为原生林>次生林>灌丛>草地,其中灌丛和次生林 MBP 含量差异不显著($p > 0.05$)。MBC/MBN 随着演替的进行呈逐渐减小趋势,MBC/MBP 和 MBN/MBP 随着演替的进行呈逐渐增加趋势。(3) 不同植被演替阶段土壤微生物数量及组成不同,其中以细菌数目最多,土壤微生物种群总数量、细菌和放线菌数目依次为原生林>次生林>灌丛>草地。(4) 不同演替阶段土壤微生物群落功能多样性指数存在一定差异,其中物种丰富度指数(H)、均匀度指数(E)和碳源利用丰富度指数(S)依次表现为原生林>次生林>灌丛>草地($p < 0.05$);而优势度指数(D_s)依次表现为原生林<次生林<灌丛<草地,并且不同演替阶段优势度指数(D_s)差异不显著($p > 0.05$)。(5) 相关性分析表明土壤养分、土壤微生物量、土壤微生物数量均与土壤微生物群落多样性具有显著的相关性,其中,土壤微生物量对微生物群落多样性的贡献最大,而 MBN、SOC 和细菌数目是影响桂西北喀斯特不同植被演替阶段土壤微生物群落多样性分布的主要因子。

关键词:喀斯特; 植被演替; 微生物群落多样性; 土壤养分

中图分类号:X171

文献标识码:A

文章编号:1005-3409(2019)03-0185-07

Dynamics of Soil Microbial Communities Along Vegetation Restoration Gradient in Karst Area

YANG Zeliang¹, REN Jianhang¹, KUANG Yuanyuan¹, LI Pingfang¹, XIANG Guohong¹, XUE Tao²

(1. College of Agriculture and Biotechnology, Hunan University of Humanities, Science and Technology, Loudi, Hunan 417000, China; 2. College of Resources & Environment, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China)

Abstract: We presented a comprehensive analysis of soil microbial communities and soil nutrients along a vegetation restoration gradient in a karst area, and explored the relationship between soil microbial communities and soil nutrients. The findings are as followings. (1) Vegetation restoration had strong effect on soil nutrients($p < 0.05$), soil nutrients gradually decreased in the order of primeval forest>secondary forest>shrubland>grassland, while soil pH and soil bulk density gradually decreased. (2) Soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus decreased in the order: primeval forest>secondary forest>shrubland>grassland, and there was no significantly difference between secondary forest and shrubland. MBC/MBN gradually decreased and BC/MBP, MBN/MBP gradually increased with the vegetation restoration development. (3) There was a large number of bacteria in different vegetation restoration, and the number of the total soil microbes, bacteria and fungi decreased in the sequence: primeval forest>secondary forestland>shrubland>grassland. (4) Vegetation restoration had strong effect on soil microbial communities, species richness index (H), evenness index (E) and carbon

source utilization richness index (S) decreased in the order: primeval forest > secondary forest > shrubland > grassland, while dominance index (Ds) showed the opposite change trend with no significant difference ($p > 0.05$). (5) Correlation analysis showed that soil nutrient, soil microorganism quantity and soil microorganism quantity were significantly related to soil microbial diversity, and soil microbial biomass had the important contribution to soil microbial diversity, while MBN, SOC and the number of bacteria can be regarded as the main driving factors on the pattern of soil microbial community in a karst area.

Keywords: karst area; vegetation restoration; soil microbial communities; soil nutrients

土壤是植物生长的基础和土壤肥力的重要标志,土壤不仅影响植被的发生、发育和演替速度,而且也対生态系统过程、生产力和结构具有重要影响^[1-3]。土壤微生物量是指示植被恢复过程中生态系统健康水平的重要指标,对土壤养分、结构、稳定性和植被生态恢复产生重要影响^[4-5];另一方面,微生物量周转快,对环境变化敏感,能够反映土壤质量在时间序列或不同环境条件下的变化^[6]。土壤微生物是陆地生态系统中最活跃的成分,对土壤养分循环、矿物分解起着决定性作用,对土壤生态系统功能的变化也较敏感。同时,土壤微生物担负着分解动、植物的重要使命,推动生态系统的能量流动和物质循环^[7-9]。

喀斯特地貌是世界上主要的地貌类型之一,由于其土层发育浅、成土速率低、土壤渗漏性强,岩石界面与土壤之间缺乏风化母质的过渡层,其生态环境极其脆弱,与黄土高原、荒漠、寒漠地区并列为我国四大生态脆弱区^[10-11]。桂西北喀斯特地处西南喀斯特南部的过度地带,其景观单元为峰丛洼地,伴有大量山地草地,资源短缺,人类通过不断的采伐、开垦、采樵、采矿和旅游开发对本来脆弱的喀斯特生态环境进行不断的破坏,绝大部分森林已经退化成灌丛或者草坡,造成其生境质量严重下降,水土流失严重^[12];而进入60年代中期,人为干扰显著减少,植被自然恢复了30 a,但大部分地区仍持续在草丛和草灌丛阶段^[8,10-11]。自20世纪80年代中期对这一区域采取一系列环境保护措施后,人为干扰显著减少,植被得到缓慢恢复,形成了综合治理人工林、自然恢复次生林和自然保护原生林等生态系统^[13]。为了遏制石漠化不断扩张的态势,许多学者对喀斯特地区不同环境条件下的土壤微生物特性进行了研究,结果表明,不同生态系统中土壤微生物的空间分布格局不同,退耕还林还草措施能改善土壤微生物特性,其中以自然恢复方式效果最佳。但是,喀斯特地区不同土地利用方式土壤微生物群落特征相关研究甚少^[14]。也有学者对该区域土壤微生物生物量和酶活性展开研究,但是,对于该类指标随植被演替的变化趋势没有统一的认识。部分研究结果表明喀斯特地区土壤微生物生物量随植被的

恢复而增加^[11],然而也有研究显示土壤微生物生物量碳(SMBC)和土壤微生物生物量氮(SMBN)随植被正向演替呈先增加后降低的趋势^[12]。综上所述,已有研究对喀斯特地区土壤微生物生物量随植被演替的变化趋势有了初步了解,但是由于喀斯特景观类型多样,不同研究的结果并不一致,应有更多针对典型地域的深入研究对其提供理论支持。此外,应结合土壤理化性质和养分来深入探讨土壤微生物生物量和群落多样性与土壤环境因子的相互关系,明确土壤微生物学特性随植被演替而变化的驱动因素。本文借鉴前人的研究成果和存在的问题,在喀斯特峰丛洼地4个典型生态系统(草地、灌丛、次生林、原生林)中,分析不同演替阶段下土壤微生物群落多样性及微生物生物量碳、氮、磷的特征,以及其与土壤养分的关系,以期为该地区乃至整个喀斯特地区植被恢复与生态重建提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本研究选择的是广西古周村自然保护区典型喀斯特峰丛洼地地貌,地处环江县西南,海拔在800 m以上,呈现亚热带季风气候,通过近年来的气象数据统计得知,该地区的年均气温在18℃,年均降雨量为1 380 mm,整个雨季从4月开始持续到9月份,长达130 d;该地区土壤主要是石灰土,这种土壤结构是石灰岩在长期的风化作用导致的,灌木和次生林的土层都不厚,基本上在30 cm以下,并且不同区域呈现较大差异;地土层相对较厚,平均约为40 cm。古周村是喀斯特生态移民迁出区,虽已实施“退耕还林还草”工程多年,但仍有村民居住。由于人类干扰强度和封育年限不同,不同演替阶段的植被均有分布。其中,退耕草地的恢复年限为8~15 a,优势种以五节芒(*Miscanthus floridulus*)、类芦(*Neyraudia reynaudiana*)等为主;灌木林封育年限为20~30 a,至今偶有砍伐,优势种主要为红背山麻杆(*Alchornea trewioides*)、广西密花树(*Rapanea kwangsiensis*)等;次生林封育年限为50~60 a,少有砍伐,优势种为聚果羊蹄甲(*Bauhinia brachycarpa*)

var. cavaleriei)、灰毛浆果楸(*Cipadessa cinerascens*)等;次生林乔木层下伴生有扁担藤(*Tetrastigma planicaule*)、藤黄檀(*Dalbergia hancei*)等藤本,以及麒麟尾(*Epipremnum pinnatum*)、肾蕨(*Nephrolepis cordifolia*)等林下物种^[10-11]。

1.2 试验设计

1.2.1 样地设置 本研究采用“空间代替时间”的方法,于 2017 年 12 月—2018 年 1 月,结合研究区植被现状,选取草丛、灌木林、次生林和原生林(常绿落叶阔叶林群落)4 种不同演替阶段的典型群落。每种植被类型选取 3 条不同坡向的标准样线,其中 1 条每隔 30 m 设 3 个标准样方(20 m×20 m)。共设样方 108 个。每个样方分成大小相同的 4 个亚样方,每个亚样方设置采样点 5~8 个,用内径 2.5 cm 的土钻按 S 形在有土被分布的小生境取表层 0—20 cm 土壤样品,混合之后作为该亚样方的土壤样品,合计 432 个土壤样品。土壤样品采集后,及时带回实验室,去除样品中的石砾、根系和土壤动物等,一部分过 2 mm 筛后于 4℃冰箱保存,用于测定土壤微生物生物量碳、氮;一部分风干后制样,用于分析理化性质和养分。此外,挖取土壤剖面用环刀取样以测定土壤容重,同时用铝盒测定土壤含水量。

1.2.2 土壤样品的测定 采用平板菌落计数法测定微生物数目;土壤微生物生物量碳(MBC)、土壤微生物生物量氮(MBN)和土壤微生物生物量磷(MBP)采用氯仿熏蒸—K₂SO₄提取—自动分析法,参照吴金水等^[15]的步骤,提取液中 C 采用总有机碳自动分析仪(TOC 2500)测定,N 采用流动注射仪(FIAstar5000)测定,P 采用钼蓝比色法测定。土壤全碳和全氮采用元素分析仪;速效磷采用 NaHCO₃ 浸提—钼锑抗比色法;速效氮采用 NaOH—H₃BO₃ 法;速效钾和全钾采用乙酸铵浸提—火焰光度计法^[16]。

1.2.3 土壤微生物群落功能多样性 土壤微生物群落功能多样性可以用 Shannon 多样性指数、McIn-

tosh 指数和 Simpson 指数来表征。Biolog-Eco 微平板中单一碳源的反应程度,即土壤微生物对单一碳源的利用能力,采用平均每孔颜色变化率(Average well color development,AWCD)来描述。AWCD 值较大表示土壤微生物具有较高的碳源利用能力和微生物丰度,AWCD 的计算公式为^[15]:

$$AWCD = \sum (C_i - R_i) / nP_i = (\sum C_i - \sum R_i) / \sum (C_i - R_i)$$
式中: C_i 为每个有培养基孔的吸光值; R_i 为对照孔的吸光值; P_i 为第 i 孔的相对吸光值与所有整个微平板的相对吸光值总和的比值; n 为培养基孔数;Biolog-Eco 板 n 值为 31。

$$H = - \sum P_i (\ln P_i)$$
$$Ds = 1 - \sum P_i$$

式中: H 为物种丰富度指数; Ds 为优势度指数。

Excel 2010 和 SPSS 21.0 进行数据统计和方差检验,以平均值±标准误差表示(Mean±SE),单因素方差分析(One-way ANOVA),所有原始数据进行对数转换;变量的显著性经过的蒙特卡洛(Monte Carlo)检验(499 次),CANOCO 4.5 软件进行排序分析。

2 结果与分析

2.1 不同植被演替阶段土壤养分

不同植被演替阶段的土壤养分见表 1,植被演替对土壤养分有很大影响,除了土壤容重和全磷含量以外,由草地到原生林的演替过程中,土壤养分均呈显著的变化趋势($p<0.05$)。pH 值变化范围在 6.14~7.13,随着演替的进行,土壤 pH 值逐渐减小。土壤含水量变化范围在 9.53%~14.02%,随着演替的进行,土壤 pH 值逐渐增加。土壤有机碳、全氮、全钾、速效氮、速效磷和速效钾含量随着演替而逐渐增加趋势,其大小依次变现为原生林>次生林>灌丛>草地,其中不同演替阶段土壤有机碳全氮、速效氮、速效磷和速效钾含量差异均显著($p<0.05$)。综合来看,演替对土壤有效养分的降低幅度最大,表现最为敏感。

表 1 不同植被演替阶段土壤养分

演替阶段	草地	灌丛	次生林	原生林	p 值	F 值
pH	7.13±0.13a	7.05±0.09ab	6.59±0.16b	6.14±0.15c	<0.05	136.58
含水量 SM/%	9.53±1.56c	10.78±1.96c	12.15±2.01b	14.02±3.02a	<0.05	169.41
容重 BD/(g·cm ⁻³)	1.02±0.14a	1.15±0.34a	0.98±0.16a	1.04±0.18a	>0.05	93.02
有机碳 SOC/(g·kg ⁻¹)	28.56±2.36d	32.71±3.02c	52.78±5.16b	63.58±3.17a	<0.05	123.63
全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	2.03±0.52d	3.99±0.36c	6.12±0.75b	6.79±0.85a	<0.05	201.46
全磷 TP/(g·kg ⁻¹)	1.01±0.24a	1.23±0.24a	1.34±0.32a	1.39±0.56a	>0.05	85.61
全钾 TK/(g·kg ⁻¹)	5.16±0.85b	5.26±0.67b	6.98±0.98a	7.54±1.01a	<0.05	156.34
速效氮 AN/(mg·kg ⁻¹)	76.23±3.26d	93.06±2.69c	186.24±6.52b	201.43±12.65a	<0.05	168.79
速效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	4.95±0.78d	6.02±0.54c	8.74±1.03b	11.32±1.14a	<0.05	163.02
速效钾 AK/(mg·kg ⁻¹)	51.48±3.15d	83.02±6.13c	91.57±8.74b	113.46±10.23b	<0.05	178.45

注:同行不同小写字母表示差异显著($p<0.05$)。

2.2 不同植被演替阶段土壤微生物生物量

由表 2 可知,植被演替对土壤微生物生物量有较大的影响,由草地到原生林的演替过程中,土壤微生物生物量均呈显著的变化趋势($p<0.05$)。其中 MBC,MBN 变化范围在 269.23~452.01 mg/kg,62.32~201.78 mg/kg 之间,随着演替而逐渐增加趋势,其大小依次变现为原生

林>次生林>灌丛>草地,其中不同演替阶段 MBC,MBN 差异均显著($p<0.05$);MBP 变化范围在 15.26~21.03 mg/kg,其大小依次变现为原生林>次生林>灌丛>草地,其中灌丛和次生林 MBP 含量差异不显著($p>0.05$)。MBC/MBN 随着演替的进行呈逐渐减小趋势,MBC/MBP 和 MBN/MBP 随着演替的进行呈逐渐增加趋势。

表 2 不同植被演替阶段土壤微生物生物量

演替阶段	草地	灌丛	次生林	原生林	p 值	F 值
微生物量碳 MBC/(mg·kg ⁻¹)	269.23±21.26d	302.56±32.11c	356.89±25.18b	452.01±37.02a	<0.05	206.56
微生物量氮 MBN/(mg·kg ⁻¹)	62.32±9.36d	89.24±11.02c	123.05±6.47b	201.78±16.78b	<0.05	213.48
微生物量磷 MBP/(mg·kg ⁻¹)	15.26±3.02c	19.58±2.16b	18.37±1.59b	21.03±3.11a	<0.05	186.25
MBC/MBN	4.32±0.85a	3.39±0.69ab	2.90±0.52b	2.24±0.62c	<0.05	207.23
MBC/MBP	17.64±1.26b	15.45±1.23c	19.43±2.07a	21.49±1.58a	<0.05	167.24
MBN/MBP	4.08±0.74c	4.56±0.51c	6.70±0.92b	9.59±1.07a	<0.05	184.36

2.3 不同植被演替阶段土壤微生物数量

由图 1 可知,桂西北喀斯特不同植被演替阶段土壤微生物数量及组成不同,其中以细菌数目最多,土壤微生物种群总数量和放线菌数目依次为原生林>次生林>灌丛>草地,其中原生林和次生林差异不显

著($p>0.05$);土壤细菌数目依次为原生林>次生林>灌丛>草地,不同演替阶段土壤细菌数目差异均显著($p<0.05$);土壤真菌数目依次为原生林>次生林>灌丛>草地,其中次生林和灌丛土壤真菌数目差异不显著($p>0.05$)。

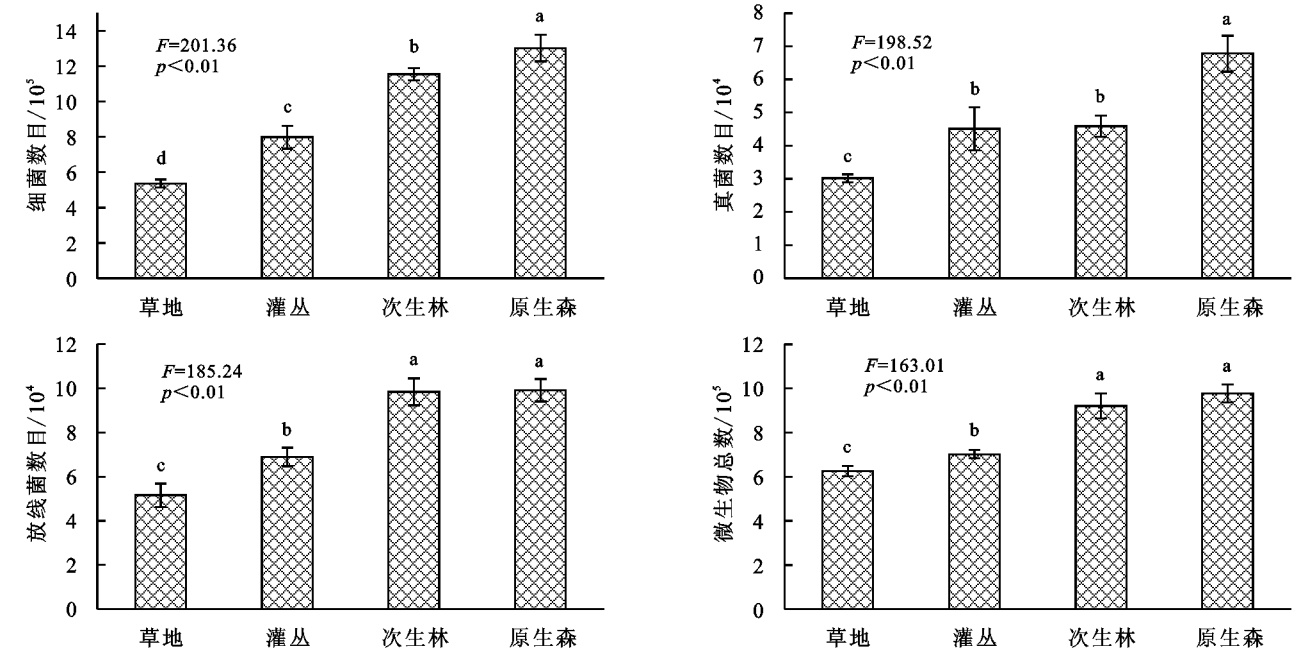


图 1 不同植被演替阶段土壤微生物种群数量

2.4 不同植被演替阶段土壤微生物群落多样性

微生物群落多样性指数可用来指示土壤微生物群落利用碳源的程度,根据培养第 100 小时的 AWCD 值计算土壤微生物群落的物种丰富度指数(H)、均匀度指数(E)、优势度指数(Ds)和碳源利用丰富度指数(S)。结果表明,不同演替阶段土壤微生物群落功能多样性指数存在一定差异,其中物种丰富度指数(H)和碳源利用丰富度指数(S)依次表现为原生林>次生林>灌丛>草地,不同演替阶段物种丰富度指数(H)和碳源利用丰富度指数(S)差异均显著

($p<0.05$);均匀度指数(E)依次表现为原生林>次生林>灌丛>草地,次生林和灌丛差异不显著($p>0.05$);而优势度指数(Ds)依次表现为原生林<次生林<灌丛<草地,不同演替阶段优势度指数(Ds)差异不显著($p>0.05$)。

2.5 土壤微生物与养分的典型相关分析

将不同植被演替阶段土壤微生物指标分成 3 组变量,其中,土壤养分(有机碳、全氮、全磷、全钾、速效磷、速效氮、速效钾)构成第 1 组变量,土壤微生物量(MBC,MBN 和 MBP)、土壤微生物数量(细菌、真菌

和放线菌)分别构成第 2,3 组变量。用典范相关分析来研究土壤微生物群落多样性与土壤养分和微生物量之间的关系(表 3),由表可知,土壤养分、土壤微生物

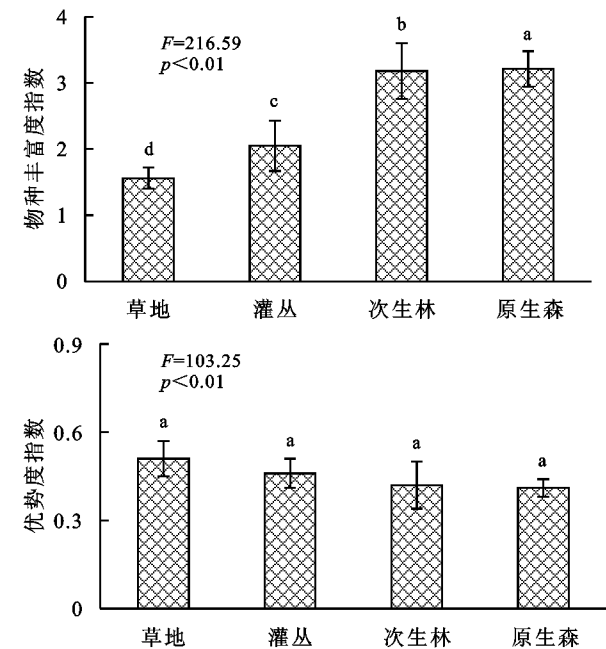


图 2 不同植被演替阶段土壤微生物群落多样性

表 3 土壤微生物群落多样性与土壤养分和微生物量的典范相关分析

因子	典型 向量	典型相关 系数	特征值	累积 贡献率/%	卡方值	p
土壤 养分	1	0.869	3.265	61.23	83.26	<0.05
	2	0.801	1.026	69.78	65.23	<0.05
	3	0.756	1.014	78.03	51.47	<0.05
	4	0.732	0.985	83.57	23.58	<0.05
土壤 微生物量	1	0.956	5.369	68.95	165.24	<0.05
	2	0.931	3.157	72.36	105.97	<0.05
	3	0.904	1.782	81.59	86.23	<0.05
	4	0.892	1.034	87.98	65.11	<0.05
土壤 微生物数量	1	0.892	3.965	60.89	86.69	<0.05
	2	0.853	2.154	71.26	71.05	<0.05
	3	0.814	1.532	78.06	53.04	<0.05
	4	0.798	0.951	82.79	31.25	<0.05

微生物具有多样性,但是植被分布、土壤特性等一系列环境因素会对其产生至关重要的影响作用,这也是微生物群落分布差异较大的原因之一,本试验通过冗余分析的方法来探究微生物群落、环境因子之间的复杂作用关系,并主要探究其相关性程度,环境因子直接决定土壤微生物分布,为了探究多个环境因子的影响机理,通过冗余分析能够将多种环境因子结合起来,其中的响应变量为微生物群落多样性,而相应的解释变量主要是养分、微生物量及数量等,借助于统计分析来提取相关性较高的解释变量;在该研究方

物量、土壤微生物数量均与土壤微生物群落多样性具有显著的相关性,其中,土壤微生物量对微生物群落多样性的贡献最大(其相关系数绝对值最大)。

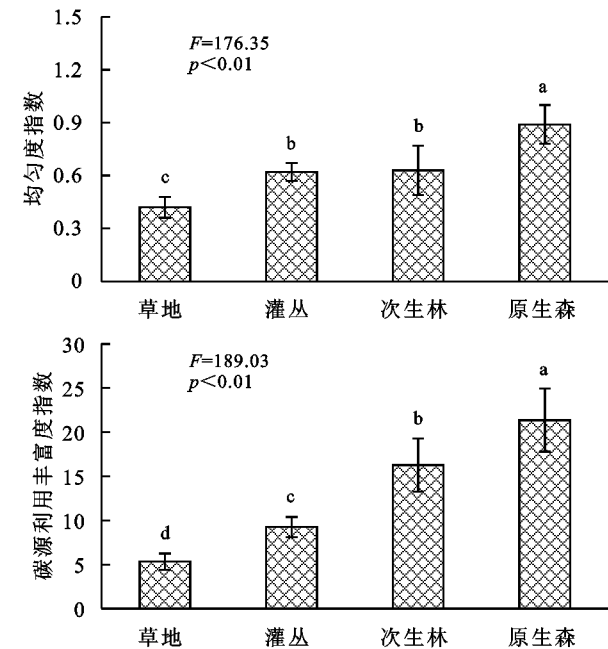


图 3 土壤微生物与土壤养分的 RDA 排序

3 讨论与结论

近年来,随着退耕还林还草、天然林保护工程和石漠化治理工程的全面实施,以及各种环保政策的落实,喀斯特退化生态系统正在逐步恢复^[15]。土壤微生物、养分也在不断发生变化,喀斯特峰丛洼地碳酸盐岩风化过程中生成的次生矿物源源不断地释放各种养分,土壤肥力逐步增强,改善了土壤的微生物性状,共同调控了植被的物种组成、群落类型和生长发育状况^[15];植物的生物量累积和凋落物反过来不断地改善土壤肥力和微生物性状^[17-20]。本试验中,原生林具有最高水平的微生物种群分布,不仅存在较多数量的种群,而且具有大量的细菌和放线菌,其次是次生林、灌丛,而草地微生物群里分布最低;微生物群落分布中数量最多的是细菌^[13-15],其中原生林中微生物细菌数量最多,其次是次生林、灌丛,最少的是草地;综合来看,原生林土壤微生物具有较强的生存能力,且具有多种群落分布,这也印证了以往学者的研究。

土壤微生物生物量是研究土壤质量理想的生物学指标。土壤微生物生物量碳、氮、磷的高低是衡量土壤生物肥力的重要指标^[20-22]。喀斯特峰丛洼地的土壤微生物生物量碳、氮、磷含量均接近和超过了亚热带稻田土壤,以原生林土壤含量最高。这表明在喀斯特峰丛洼地脆弱生态系统中,植被恢复对土壤微生物生物量的影响显著,也反映了土壤微生物生物量在监测土壤质量中具有指示作用。在无外部因素干扰的情况下,土壤微生物生物量并不能完全反映微生物的活性、结构和功能,因此除分析其绝对量外,还应考虑微生物生物量碳、氮、磷在全碳、全氮和全磷中的比例。有研究表明,旱地土壤表层 MBC/SOC 为 0.5%~4%,MBN/TN 为 2%~6%,MBP/TP 为 1%~5%。本研究 MBC/SOC,MBP/TP 均比较低,土壤 SOC 与 MBC,TP 与 MBP 含量同步下降。而土壤微生物生物量碳与微生物量氮(MBC/MBN)的比值是否恒定,不同学者的观点各异^[23-24]。本研究中,灌丛和草地 MBC/MBN 偏大,原生林和次生林明显偏低,表明喀斯特峰丛洼地的土壤虽少,但周围裸露岩石的分布会增加风化凋落物向土壤的输入,导致土壤有机碳和氮含量较高,微生物代谢功能期长。因此,要维持植物生长所需的氮源和其他营养物质,必须提高微生物活性来维持高的物质代谢能力。

将不同植被演替阶段土壤微生物指标分成 3 组变量,用典范相关分析来研究土壤微生物群落多样性与土壤养分和微生物量之间的关系(表 3),可以得到,土壤养分、土壤微生物量、土壤微生物数量均与土

壤微生物群落多样性具有显著的相关性,其中,土壤微生物量对微生物群落多样性的贡献最大。RDA 的分析表明 MBN,SOC 和细菌数目是影响该区土壤微生物群落多样性分布的主要因子,这些因子反映了对其微生物群落的指示作用,也能够表征该区生态系统的敏感性,但还需要深入研究微生物群落多样性与生态因子之间的内在联系,进而揭示该区微生物群落格局及其对土壤养分的响应。同时研究区域只局限与小尺度空间范围,因此大尺度下的微生物群落演替格局有待进一步研究探讨。

参考文献:

- [1] Wang G Z, Li H G, Christie P, et al. Plant-soil feedback contributes to intercropping overyielding by reducing the negative effect of take-all on wheat and compensating the growth of faba bean[J]. *Plant and Soil*, 2017,415(1/2):1-12.
- [2] Creme A, Chabbi A, Gastal F, et al. Biogeochemical nature of grassland soil organic matter under plant communities with two nitrogen sources[J]. *Plant and Soil*, 2017,415(1/2):189-201.
- [3] Simon J, Dannenmann M, Pena R, et al. Nitrogen nutrition of beech forests in a changing climate: importance of plant-soil-microbe water, carbon, and nitrogen interactions[J]. *Plant and Soil*, 2017,418(1/2):89-114.
- [4] Demenois J, Rey F, Ibanez T, et al. Linkages between root traits, soil fungi and aggregate stability in tropical plant communities along a successional vegetation gradient[J]. *Plant and Soil*, 2018,424(1/2):319-334.
- [5] Hartzell S, Bartlett M S, Porporato A. The role of plant water storage and hydraulic strategies in relation to soil moisture availability[J]. *Plant and Soil*, 2017, 419(1/2):503-521.
- [6] Verma S K, Kingsley K, Bergen M, et al. Bacterial endophytes from rice cut grass (*Leersia oryzoides* L.) increase growth, promote root gravitropic response, stimulate root hair formation, and protect rice seedlings from disease[J]. *Plant and Soil*, 2018,422(1/2):223-238.
- [7] Mcmahon M J, Christy A D. Root growth, calcite precipitation, and gas and water movement in fractures and macropores: A review with field observations[J]. *Ohio Journal of Science*, 2000,100(3):88-93.
- [8] Boldrin D, Leung A K, Bengough A G. Correlating hydrologic reinforcement of vegetated soil with plant traits during establishment of woody perennials[J]. *Plant and Soil*, 2017,416(1/2):437-451.
- [9] Zhu H, Taylor A A, Astor S R, et al. Enhancing salt-grass germination and growth in a saline soil contaminated with petroleum hydrocarbons[J]. *Plant and Soil*, 2017,412(1/2):189-199.

- [10] Cancellieri L, Mancini L D, Sperandii M G, et al. In and out: Effects of shoot-vs. rooted-presence sampling methods on plant diversity measures in mountain grasslands[J]. *Ecological Indicators*, 2017,1(72):315-321.
- [11] Deng Y, Wang S, Bai X, et al. Relationship among land surface temperature and LUCC, NDVI in typical karst area[J]. *Scientific Reports*, 2018,8(1):1-12.
- [12] 魏媛,吴长勇.喀斯特贫困山区土地利用碳排放效应及风险研究:以贵州省为例[J]. *生态经济*, 2018(3):31-36.
- [13] 杜光华,兰安军,秦志佳,等.喀斯特山区县域生态红线划定方法研究:以贵州省普定县为例[J]. *环保科技*, 2017,23(1):54-60.
- [14] Wang Y, Jin C, Pan W, et al. The Early Pleistocene Gigantopithecus-Sinomastodon fauna from Juyuan karst cave in Boyue Mountain, Guangxi, South China[J]. *Quaternary International*, 2017,434:4-16.
- [15] 吴金水.土壤微生物生物量测定方法及其应用[M].北京:气象出版社,2006.
- [16] 鲍士旦.土壤农化分析[M].北京:科学出版社,2000.
- [17] Georgiou K, Abramoff R Z, Harte J, et al. Microbial community-level regulation explains soil carbon responses to long-term litter manipulations[J]. *Nature Communications*, 2017,8(1):1-10.
- [18] Erlandson S, Wei X, Savage J, et al. Soil abiotic variables are more important than Salicaceae phylogeny or habitat specialization in determining soil microbial community structure[J]. *Molecular Ecology*, 2018,27(8):2007-2024.
- [19] Peng M, Shah S S, Wang Q, et al. Effect of the leaf litter of transgenic populus simonii P. nigra on the soil microbial community and horizontal transfer possibility of the foreign gene[J]. *Molecular Microbiology Research*, 2017,7:1308-1312.
- [20] Khelifa R, Paquette A, Messier C, et al. Do temperate tree species diversity and identity influence soil microbial community function and composition? [J]. *Ecology and Evolution*, 2017,7(19):7965-7974.
- [21] Stewart C E, Roosendaal D, Denef K, et al. Seasonal switchgrass ecotype contributions to soil organic carbon, deep soil microbial community composition and rhizodeposit uptake during an extreme drought[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017,112:191-203.
- [22] Liu X, Zhang B, Zhao W, et al. Comparative effects of sulfuric and nitric acid rain on litter decomposition and soil microbial community in subtropical plantation of Yangtze River Delta region[J]. *Science of the Total Environment*, 2017,601:669-678.
- [23] Gui H, Hyde K, Xu J, et al. Arbuscular mycorrhiza enhance the rate of litter decomposition while inhibiting soil microbial community development[J]. *Scientific Reports*, 2017,7:42184.
- [24] Hu Z, Xu C, McDowell N G, et al. Linking microbial community composition to C loss rates during wood decomposition[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017,104:108-116.

(上接第184页)

- [17] 李坤,姚文艺,肖培青,等.植被对土壤入渗和地表产流过程的影响研究进展[J]. *中国水土保持*, 2017(3):27-30.
- [18] 李坤,姚文艺,肖培青,等.黄丘区自然草地对坡面土壤入渗的影响机制[J]. *人民黄河*, 2017,39(6):82-85.
- [19] 刘小媛,高佩玲,张晴雯,等.微咸水矿化度对重度盐碱土壤入渗特征的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2018,36(1):102-107.
- [20] 陈文媛,张少妮,华瑞,等.黄土丘陵区林草恢复进程中土壤入渗特征研究[J]. *北京林业大学学报*, 2017,39(1):62-69.
- [21] 白一茹,赵云鹏,王幼奇,等.宁夏砂田不同砾石覆盖厚度土壤入渗过程及模型分析[J]. *水土保持学报*, 2017,31(4):81-85.
- [22] 程诗念,樊贵盛.盐碱荒地土壤入渗参数的多元非线性预报模型[J]. *人民黄河*, 2017,39(7):144-148.
- [23] 于瀑,樊贵盛.不同土壤入渗模型参数多元非线性预测模型的精度对比分析[J]. *中国农村水利水电*, 2016(10):63-68.
- [24] 陈三雄,沈义.黄浦江源头区主要植被类型土壤入渗特征及模拟分析[J]. *水土保持研究*, 2016,23(6):59-63.
- [25] 宋爱云,董林水,刘世荣,等.不同亚高山草甸群落类型的土壤入渗特征及影响因素[J]. *水土保持研究*, 2018,25(3):41-45.
- [26] 杨思维,张德罡,牛钰杰,等.短期放牧对高寒草甸表层土壤入渗和水分保持能力的影响[J]. *水土保持学报*, 2016,30(4):96-101.
- [27] 王冬梅,陈胜利.影响土壤入渗的因素分析[J]. *水科学与工程技术*, 2016(1):64-66.
- [28] 岳海晶.土壤入渗模型参数的线性预报模型研究[D].太原:太原理工大学,2016.
- [29] 黄恒.基于农田尺度土壤入渗变异性的畦灌灌水质量评价模型[D].西安:西安理工大学,2017.
- [30] 苏雯.基于 HYDRUS 的干旱区非饱和土壤入渗性能及水盐运移模拟研究[D].乌鲁木齐:新疆大学,2017.