

# 宁南山区植被恢复模式对土壤主要酶活性、微生物多样性及土壤养分的影响

陶吉杨<sup>1</sup>, 谭军利<sup>1,2,3</sup>, 郑飞龙<sup>1</sup>, 王西娜<sup>4</sup>, 张维江<sup>1,2,3</sup>

(1.宁夏大学土木与水利工程学院,宁夏 银川 750021;2.旱区现代农业水资源高效利用教育部工程研究中心,宁夏 银川 750021;  
3.宁夏节水灌溉与水资源调控工程技术研究中心,宁夏 银川 750021;4.宁夏大学农学院,宁夏 银川 750021)

**摘要:**探究不同植被恢复模式对土壤主要酶活性、微生物多样性及养分的影响,可为当地选择最适宜的植被恢复模式提供理论依据。利用野外取样与室内实验相结合的方法,研究了宁南山区4种植被恢复模式(7a生刺槐、落叶松、油松)以及荒地的土壤酶活性、微生物多样性、土壤养分特征,并利用 Illumina-Miseq 高通测序技术对土壤中细菌的 16SrDNA 基因 V3~V4 区片段和真菌的 18SrDNA 基因 V4 区片段进行了测序分析。结果表明:(1)在 0~30 cm 土层,荒地和刺槐土壤的脲酶、蔗糖酶活性较强,油松、落叶松的碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性较强;(2)土壤真菌多样性对植被恢复模式的响应强于土壤细菌,土壤细菌的 ACE、Chao 1 和 Shannon 指数高于土壤真菌,其多样性在 4 种植被恢复模式间无显著差异,油松显著提高了土壤真菌多样性;(3)荒地土壤全磷、碱解氮、速效磷、有机质含量最低,刺槐土壤的速效养分和有机质含量最高,土壤脲酶、过氧化氢酶与土壤养分相关性显著,土壤微生物多样性与土壤有机质、全磷含量密切相关。刺槐在改善多种土壤养分、酶活性上效果明显,是当地植被恢复可以优先考虑的树种。

**关键词:**植被恢复模式;土壤酶活性;土壤微生物多样性;土壤养分

**中图分类号:**S153;S154 **文献标志码:**A

## Effects of vegetation recovery modes on major enzyme activities, microbial diversity, and nutrients in hilly soils of southern Ningxia

TAO Jiyang<sup>1</sup>, TAN Junli<sup>1,2,3</sup>, ZHENG Feilong<sup>1</sup>, WANG Xina<sup>4</sup>, ZHANG Weijiang<sup>1,2,3</sup>

(1. School of Civil and Hydraulic Engineering, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China;

2. Engineering Research Center for Efficient Utilization of Modern Agricultural Water Resources in Arid Regions, Ministry of Education, Yinchuan, Ningxia 750021, China; 3. Engineering Technology Research Center of

Water-saving Irrigation and Water Resource Regulation in Ningxia, Yinchuan, Ningxia 750021, China;

4. School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China)

**Abstract:** Exploring the influence of different vegetation recovery modes on soil major enzyme activities, microbial diversity, and nutrients can provide a theoretical basis for selecting the most appropriate vegetation recovery mode in the local area of southern Ningxia. The method of the combination of field sampling and laboratory experiments were used to study soil enzyme activity, microbial diversity and soil nutrient characteristics under three vegetation recovery modes (seven year's *Robinia pseudoacacia*, *Larix gmelinii* (Rupr.) Kuzen., *Pinus tabuliformis* Carr.) and the wasteland in the hilly area soils of southern Ningxia. The Illumina-Miseq sequencing technology was used to conduct the sequencing analyses for bacteria in the soil of 16 SrDNA gene segments of V3~V4 area and fungal 18 SrDNA gene segments of V4 area. The result showed: (1) In the 0~30 cm soil layer, the urease and sucrase activities of wasteland and *Robinia pseudoacacia* soil were stronger while the alkaline phosphatase and catalase activities of *Pinus tabuliformis* Carr. and *Larix gmelinii* (Rupr.) Kuzen. were stronger. (2) The response of soil fungal diversity to vegetation recovery model was stronger than that of soil bacteria. The ACE, Chao1

收稿日期:2021-08-08

修回日期:2021-11-13

基金项目:宁夏回族自治区重点研发项目(2018BEG02010);宁夏回族自治区自然科学基金项目(2020AAC03090);国家自然科学基金项目(31860590);宁夏回族自治区高等学校一流学科建设(水利工程)项目(NXYLXK2017A03)

作者简介:陶吉杨(1996-),女,四川绵阳人,硕士研究生,研究方向为水文水资源与生态环境研究。E-mail:1018590024@qq.com

通信作者:谭军利(1978-),男,湖南茶陵人,博士,教授,主要从事农业水资源高效利用研究。E-mail:tanjl@nxu.edu.cn

and Shannon indexes of soil bacteria were higher than those of soil fungi. There was no significant difference in the diversity of soil fungi among the four recovery modes. The improvement effect of *Pinus tabuliformis* Carr. on soil fungal diversity was significant. (3) The contents of soil total phosphorus, alkali-hydrolytic nitrogen, available phosphorus and organic matter in wasteland were the lowest while the contents of available nutrients and organic matter in *Robinia pseudoacacia* were the highest. Soil urease and catalase activities were significantly correlated with soil nutrients, and soil microbial diversity was closely correlated with soil organic matter and total phosphorus contents. *Robinia pseudoacacia* can significantly improved soil nutrient status and enzyme activities, and therefore it could be considered as a species for local vegetation recovery.

**Keywords:** vegetation recovery modes; soil enzyme activity; soil microbial diversity; soil nutrients

宁南山区水土流失和土壤退化问题严重,适宜的植被恢复措施可以保持水土、改善生态环境<sup>[1]</sup>,建设水源涵养林是当地生态恢复重建的重要途径之一。在生态恢复过程中,植物与土壤相互影响、互相协调,逐渐形成了生态功能侧重不同的土壤生态系统<sup>[2]</sup>。一方面植被的生长离不开土壤中的养分,另一方面不同植被类型所携带的化学成分、土壤微生物群落结构、微生物代谢活动均不同,推动着土壤养分状况朝不同的方向发展<sup>[3]</sup>。土壤中各种生物化学反应的发生都离不开土壤水解酶,通过酶的催化作用,土壤养分有效性增强,从而更容易被植物吸收利用<sup>[4]</sup>。刘飞渡等<sup>[5]</sup>在对亚热带红壤丘陵区不同人工林型与自然恢复地的对比研究中发现,人工林土壤脲酶、酸性磷酸酶活性高于自然恢复地。此外,杨君珑等<sup>[6]</sup>通过对六盘山移民迁出区 7 种水源涵养林的研究发现,在不同林地中土壤酶活性也存在差异,具有乔木针阔混交的林地中磷酸酶和脲酶活性最高。土壤酶作为土壤微生物活动的产物,其差异的产生主要是由于不同植被类型下土壤微生物量、区系组成以及代谢过程改变而引起<sup>[7]</sup>。良好的土壤微生物群落结构不仅有利于土壤结构的形成与改良,还可以促进土壤有毒物质降解等,而其多样性下降对土壤的可持续利用有负面影响<sup>[8-9]</sup>。胡婵娟等<sup>[10]</sup>研究发现,刺槐作为一种固氮树种其土壤中的微生物多样性十分丰富。除此之外,随土层加深土壤微生物数量减少,在微生物活动频繁的表层土壤养分含量更为丰富<sup>[11]</sup>。不同植被恢复模式对土壤酶活性、土壤微生物与土壤养分产生了不同的影响,呈现出不同的土壤生态功能。

由于特殊的地理位置以及气候条件,宁南山区进行植被恢复的初衷是涵养更多的水源,大多数学者关注其水文方面的功能,忽视了植被恢复对土壤生态功能的潜在影响。尽管也有学者专注于森林土壤酶活性、微生物多样性以及土壤养分方面的研究,但对于宁南山区植被恢复模式对土壤性质影响的定向研究

较少,不同植被恢复对土壤肥力以及土壤微生物的影响还不明确。本研究采用 Illumina-Miseq 高通量测序并结合生物信息学方法,研究不同植被恢复模式下土壤主要酶(脲酶、蔗糖酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶)活性、细菌和真菌群落组成、土壤养分的差异,探究植被恢复对土壤性质的影响,揭示不同植被恢复模式下土壤生态功能的差异,为宁南山区通过人工造林进行生态恢复建设提供理论依据<sup>[12]</sup>。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域概况

研究区域位于宁夏回族自治区固原市泾源县六盘山镇海子流域(106°14'24.4"E, 35°36'31.0"N),面积 2.3 km<sup>2</sup>,属于黄土高原沟壑区第二副区。地势西北高东南低,海拔高度 2 186~2 835 m。多年平均气温 5℃,多年平均降水量 602 mm,夏季温热多雨,冬季寒冷干燥,属于温带大陆性季风气候。地形沟壑纵横,土壤以黑垆土为主,腐殖质较多,抗侵蚀能力差。自 2000 年退耕还林以来,植被盖度明显提高,分布有大面积的落叶松、人工油松、天然沙棘等。

### 1.2 采样点设置与样品采集

于 2019 年 7 月在研究区域选择 7 a 生油松(*Pinus tabuliformis* Carr.)、落叶松(*Larix gmelinii* (Rupr.) Kuzen.)、刺槐(*Robinia pseudoacacia*)和相同退耕年限的荒地,不同植被恢复模式样地基本情况如表 1 所示。在每种植被恢复模式的样地中设 3 个 10 m × 10 m 的样方,每个样方中随机选取 3 处具有代表性的取样点,刨开表面枯落物与草本植物,用土钻分别钻取 0~15 cm、15~30 cm 土层根际土壤,将同一土层 3 个取样点的土混合均匀作为 1 个样品,去掉石砾与动植物残体,装入自封袋带回实验室平均分成两份,一份自然风干用于土壤养分、酶活性的测定,另一份立即过 2 mm 筛用于土壤微生物多样性测定,每个样品测 3 次。

表1 不同植被恢复模式样地概况表

Table 1 Summary table of plots for different vegetation recovery modes

恢复模式 Recovery mode	地理位置 Geographic position		海拔/m Altitude	坡向 Slope aspect	坡度/(°) Gradient	林龄/a Stand age	郁闭度/% Canopy density	平均胸径/cm Mean DBH	株行距/m Seed spacing
LYS	106°17'48.7"E	35°37'19.34"N	1971	东南 South-east	52	7	60	3.60	2.1×2.5
YS	106°17'53.7"E	35°37'28.18"N	1955	西南 South-west	56	7	58	4.50	2.5×2.0
CH	106°17'55.4"E	35°37'18.04"N	1943	东西 East-west	55	7	64	3.00	1.7×1.8
CK	106°17'55.4"E	35°37'23.94"N	1923	南北 South-north	50				

注:LYS、YS、CH、CK 分别为落叶松、油松、刺槐、荒地的简写,下同。

Note: LYS, YS, CH and CK are abbreviations of *Larix gmelinii* (Rupr.) Kuzen., *Pinus tabuliformis* Carr., *Robinia pseudoacacia* and wasteland respectively, the same below.

### 1.3 测定指标及方法

1.3.1 土壤养分 全氮-凯氏定氮法、全磷-钼锑比色法、碱解氮-扩散法、速效磷-NaHCO<sub>3</sub>提取法、速效钾-NH<sub>4</sub>AC-火焰光度法、有机质-K<sub>2</sub>Cr<sub>2</sub>O<sub>7</sub>容量法等具体方法参照《土壤农化分析》<sup>[13]</sup>, pH 采用意大利 HANNA 公司 HI2221 型 pH/ORP 测定仪测定,电导率采用上海仪电科学仪器股份有限公司雷磁 DDS-307A 型电导率仪测定。

1.3.2 土壤酶活性(在不同的培养时间、温度、基质下进行土样培养测定) 土壤脲酶-苯酚钠-次氯酸钠比色法、蔗糖酶-3,5 二硝基水杨酸比色法、碱性磷酸酶-磷酸苯二钠比色法、过氧化氢酶-高锰酸钾滴定法具体方法参见《土壤与环境微生物研究法》<sup>[14]</sup>。

1.3.3 土壤微生物生物量(在真空干燥器中进行氯仿熏蒸测定) 土壤微生物生物量碳-氯仿熏蒸-FeSO<sub>4</sub>滴定法、微生物生物量氮-氯仿熏蒸-凯氏定氮法具体步骤参见《土壤与环境微生物研究法》<sup>[14]</sup>。

1.3.4 土壤微生物多样性 基于 Illumina-HiSeq 测序平台(北京百迈克生物科技有限公司),利用双末端测序(Paired-End)方法,构建小片段文库进行测序。根据对不同土壤样本的 OUT 进行分析,得到土壤微生物在界、门、纲、目、科、属、种分类水平上的分析结果以及基于 Alpha 多样性分析下各样品在 97% 相似度水平下的物种多样性指数。相关指数含义如下:

度量菌群丰度的指标:ACE 和 Chaol

度量菌群多样性的指标:

Shannon 指数:

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

Simpson 指数:

$$\lambda = \sum P_i^2 \quad (2)$$

其中,  $P_i$  为第  $i$  个分类单元中个体占微生物总个体数量的比例。

### 1.4 数据处理与分析

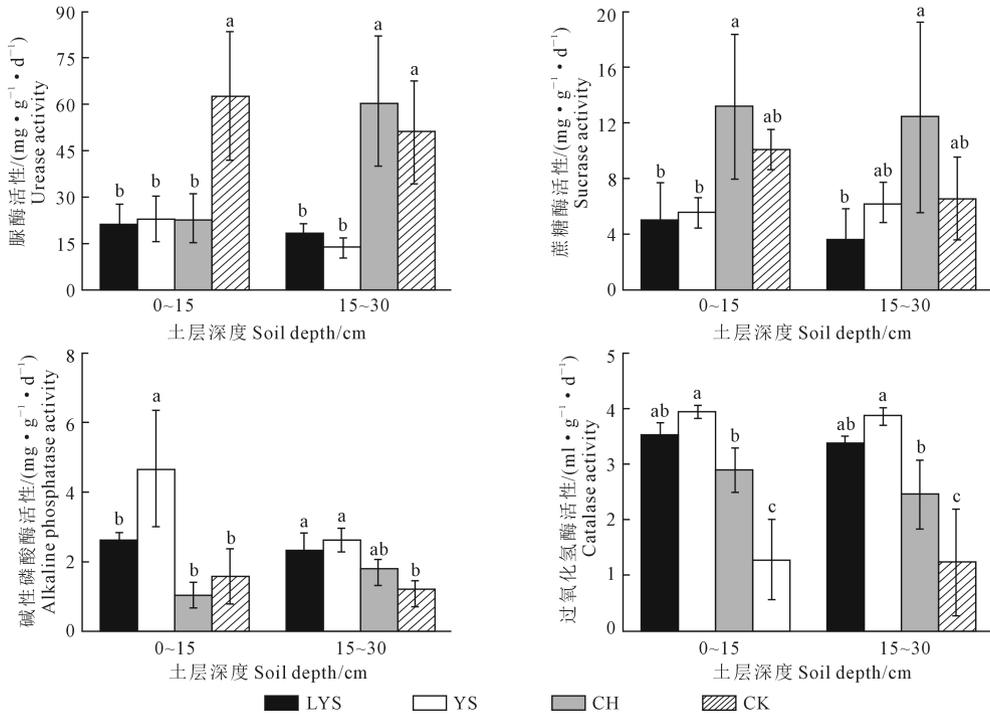
采用 Excel 2010 和 SPSS 22.0 进行数据分析,用 OriginPro 8 绘图。采用单因素方差分析(Duncan 法)评价植被恢复模式间土壤养分、酶活性以及微生物多样性的差异( $P < 0.05$ ),采用 Pearson 相关分析研究土壤微生物多样性与土壤养分、酶活性的相关性。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同植被恢复模式下主要土壤酶活性

土壤酶对土壤中各种生物化学反应具有催化效应,在土壤 C、N、P 等养分的转化中土壤脲酶、蔗糖酶、碱性磷酸酶起着举足轻重的作用<sup>[15]</sup>。如图 1 所示,在 0~15 cm 土层落叶松与油松的脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶活性均无显著差异,两者的蔗糖酶活性显著低于刺槐,分别仅占刺槐的 38% 和 42%,碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性较高,其中油松的碱性磷酸酶活性为刺槐的 4.5 倍,过氧化氢酶活性为荒地的 3.1 倍。刺槐的酶活性最接近荒地,蔗糖酶活性及其离散程度均最高。除脲酶和蔗糖酶活性外,荒地其他两种酶活性均较低,说明在以草本为主的自然恢复模式中,草本植物的固氮作用强于木本植物,氮素周转速度更快。

在 15~30 cm 土层,落叶松与油松的 4 种酶活性均无显著性差异,荒地的过氧化氢酶活性显著低于其他 3 种人工植被恢复模式。与 0~15 cm 土层酶活性相比,刺槐的脲酶活性显著提高了 167%,油松的碱性磷酸酶活性降低了 43.6%。土壤酶活性基本随土层加深而降低,其中碱性磷酸酶的变化最为显著,变化范围由原来的 1.03~4.63 mg·g<sup>-1</sup>·d<sup>-1</sup> 变为 1.21~2.61 mg·g<sup>-1</sup>·d<sup>-1</sup>,减小了 61%。



注:不同字母表示不同植被恢复模式间差异显著( $P<0.05$ ),下同。

Note: Different letters indicate significant difference between different vegetation restoration modes ( $P<0.05$ ), the same below.

图 1 不同植被恢复模式下土壤酶活性

Fig.1 Soil enzyme activities under different vegetation recovery modes

## 2.2 不同植被恢复模式下土壤微生物生物量碳氮与微生物多样性

微生物生物量与有机质和氮素周转密切相关,表征着土壤肥力以及人类活动对生态系统的影响,在有关土壤微环境的研究中通常作为一种生态学指标<sup>[16-17]</sup>。如表 2 所示,荒地的微生物生物量 C 最低,随土层加深,4 种植被恢复模式的微生物生物量 C 减小,其中油松减小幅度最大为 32.73%。油松的微生物生物量 N 最低,随土层加深,落叶松的微生物生物量 N 显著增高,含量达到了油松的 6.16 倍,而其他植被恢复模式的微生物生物量 N 都在减小。研究表明微生物生物量 C/N 比表征了单位重量土壤有机质中微生物生物量碳与氮的比值,影响着微生物的群落结构<sup>[18-19]</sup>。油松土壤微生物生物量 C/N 在 0~30cm 土层最高,说明这一恢复模式下土壤微生物生物量碳含量在微生物生物量中占比较大,微生物利用碳源的能力较强,也能更好地促进 N 的矿化,有利于微生物多样性发展。随土层加深,油松和刺槐的 C/N 比显著增大,落叶松、荒地有所减小。总的来说,人工植被恢复模式较自然恢复为微生物多样性发展创造了更有利的条件。

如表 3 所示,在 0~15 cm 土层 4 种植被恢复模式土壤真菌的 ACE 和 Chaol 指数均表现为荒地>油

表 2 不同植被恢复模式下土壤微生物生物量 C、N

Table 2 Soil microbial biomass carbon and nitrogen under different vegetation recovery modes

土层深度 Soil depth /cm	恢复模式 Recovery mode	微生物生物量 C Microbial biomass carbon /(mg·kg <sup>-1</sup> )	微生物生物量 N Microbial biomass nitrogen /(mg·kg <sup>-1</sup> )	微生物 量 C/N Microbial biomass C/N ratio
0~15	LYS	485.62±68.33a	25.28±1.09ab	19.21±2.58b
	YS	563.51±103.85a	12.57±8.04c	33.70±5.80a
	CH	513.14±32.75a	32.19±2.28a	16.03±1.94b
	CK	262.46±33.99b	20.07±3.60bc	13.19±1.40b
15~30	LYS	410.43±12.20a	50.24±9.78a	8.40±1.82b
	YS	379.08±47.94a	8.15±2.94b	50.60±18.15a
	CH	423.04±53.68a	17.82±4.21b	24.68±7.19b
	CK	169.55±11.50b	19.26±5.56b	9.32±2.71b

注:同列不同字母表示不同植被恢复模式间差异显著( $P<0.05$ ),下同。

Note: Different letters in the same column indicate significant difference between different vegetation restoration modes ( $P<0.05$ ), the same below.

松>落叶松>刺槐,其中刺槐的上述两个指数均显著低于荒地。Simpson 指数作为逆向指数,其值越高表明土壤真菌群落中某种或某几种真菌占明显优势,对资源的利用程度强于其他真菌群落。落叶松的 Simpson 指数显著高于刺槐和荒地,分别为刺槐和荒地的 4.2 倍和 3.1 倍,并不利于土壤真菌多样性

的发展,Shannon 指数最低,不到刺槐的 2/3。在 15~30 cm 土层 4 种植被恢复模式间土壤真菌的 ACE 和 Chaol 指数大小规律与 0~15 cm 土层相同,荒地的 ACE 指数显著高于落叶松和刺槐,Chaol 指数达刺槐的 1.5 倍以上,Simpson 和 Shannon 指数在 4 种植被恢复模式间均未出现显著性差异。随土层加深,ACE 和 Chaol 指数减小,其中刺槐减小幅度最大,分别为 24.63%和 19.2%。除落叶松外其他 3 种植被恢复模式的 Simpson 指数均随土层加深而增大,Shannon 指数随土层加深而减小。

如表 4 所示,4 种植被恢复模式土壤细菌各项指数均未出现显著性差异,荒地各项指数的离散程度在两个土层中均为最大,这直接导致了荒地与其他 3 种人工植被恢复模式差异不显著。油松的 ACE、Chaol 指数随土层加深而增大,Simpson 指数随土层加深而减小,呈现出与其他 3 种植被恢复模式不同的规律。4 种植被恢复模式的 Shannon 指数随土层的加深减小 12%左右,除 Simpson 指数外土壤细菌的其他 3 种指数均高于土壤真菌,ACE 和 Chaol 指数更是高出 2 倍以上。

表 3 不同植被恢复模式下土壤真菌多样性

Table 3 Soil fungi diversity under different vegetation recovery modes

土层深度/cm Soil depth	恢复模式 Recovery mode	ACE	Chao1	Simpson	Shannon
0~15	LYS	442.70±36.05bc	452.80±37.71b	0.2236±0.1187a	2.63±0.68b
	YS	497.41±29.38ab	507.48±31.98ab	0.0806±0.0801ab	3.96±0.68a
	CH	432.28±10.14c	448.17±28.43b	0.0533±0.0544b	4.29±0.60a
	CK	542.37±33.78a	549.91±40.21a	0.0710±0.0150b	3.86±0.23a
15~30	LYS	408.54±31.32b	413.76±29.28ab	0.2129±0.2146a	3.04±1.20a
	YS	443.45±36.81ab	458.78±24.21ab	0.1036±0.1217a	3.80±0.73a
	CH	325.81±21.41b	362.11±13.98b	0.1043±0.0701a	3.68±0.75a
	CK	535.41±114.13a	529.94±129.59a	0.0988±0.0683a	3.77±0.78a

表 4 不同植被恢复模式下土壤细菌多样性

Table 4 Soil bacterial diversity under different vegetation recovery modes

土层深度/cm Soil depth	恢复模式 Recovery mode	ACE	Chao1	Simpson	Shannon
0~15	LYS	1376.02±25.70	1390.77±26.03	0.0041±0.0006	6.23±0.05
	YS	1323.46±5.72	1334.23±7.31	0.0048±0.0007	6.12±0.05
	CH	1361.21±12.23	1367.04±15.88	0.0043±0.0002	6.27±0.02
	CK	1337.51±119.56	1340.21±113.82	0.0182±0.0222	5.73±0.78
15~30	LYS	1356.46±25.75	1362.97±21.56	0.0044±0.0006	6.14±0.11
	YS	1331.89±11.16	1341.53±10.27	0.0047±0.0004	6.08±0.06
	CH	1289.11±145.58	1298.63±145.87	0.0122±0.0151	5.77±0.93
	CK	940.96±521.10	947.38±523.70	0.0452±0.0298	5.08±0.98

为了更好地探究土壤微生物的物种多样性,使土壤养分差异的成因具体化,分别绘制 4 种不同植被恢复模式在真菌和细菌门水平上排名前 9 和前 11 的微生物群落。如图 2 所示,4 种不同植被恢复模式土壤微生物群落组成随土层加深没有发生太大变化,在 0~15 cm 土层土壤真菌优势群落主要是子囊菌门(35.32%~60.11%)和担子菌门(15.22%~47.24%),此外还有被孢菌门(1.28%~9.84%)、球囊菌门(0.06%~0.65%)、壶菌门(0.03%~0.31%)、油壶菌门(0.08%~0.22%)、罗兹菌门(0.06%~0.14%)和游动菌门(0.01%~0.05%)。与荒地相比,刺槐的子囊菌门的相对丰度有所提高,落叶松和油松的相对丰度较荒地分别降低了 39.32%和

30.60%,原因可能是子囊菌大都与植物根系形成共生或与动植物残体形成腐生,刺槐和荒地中根系分布广泛且枯落物更多,更适宜子囊菌的生存与繁殖。刺槐的担子菌门相对丰度较荒地有所减小,落叶松和油松分别较荒地增长 2.03 倍和 1.46 倍,3 种人工植被恢复模式的被孢菌门相对丰度较荒地都有所降低。土壤细菌中相对丰度超过 10%的微生物群落主要是变形菌门(29.83%~38.42%)、酸杆菌门(17.38%~20.19%)、放线菌门(11%~12.89%)、拟杆菌门(6.57%~11.04%)和厚壁菌门(0.68%~11.04%),3 种人工植被恢复模式的变形菌门和放线菌门相对丰度较荒地均有提高,拟杆菌门和厚壁菌门相对丰度较荒地分别降低 34.51%和 89.04%以

上,酸酐菌门在 4 种植被恢复模式间变化不大。

15~30 cm 土层土壤真菌和细菌群落组成较 0~15 cm 土层没有明显变化,4 种植被恢复模式土壤真菌中子囊菌门和担子菌门相对丰度总占比均达到了 80%以上,担子菌门与子囊菌门作为分布最为广泛的两类菌种,在资源利用上往往具有趋同性,这就导致子囊菌门相对丰度越高的植被恢复模式,其担子菌门相对丰度越低。其中,除落叶松子囊菌门相对丰度较 0~15 cm 土层有所降低外,其他 3 种植被恢复模式子囊菌门相对丰度都有所提高,油松增幅最大为 26.63%,此外,4 种植被恢复模式被孢菌

门的变化范围较 0~15 cm 土层缩小了将近 1/2。土壤细菌中相对丰度超过 10%的微生物群落中除拟杆菌门和厚壁菌门外,其他菌门的相对丰度在 3 种人工植被恢复模式下较荒地均有所提高。随土层加深,4 种植被恢复模式变形菌门的相对丰度降低,其中荒地变化最为显著,降低了一半以上,原因可能是随土层加深变形菌利用光合作用储能受到抑制,导致菌落减小;厚壁菌门的相对丰度提高,其中落叶松和刺槐分别达到了 0~15 cm 土层的 9.3 倍和 9.1 倍,此外,荒地拟杆菌门相对丰度的增长也较为显著。

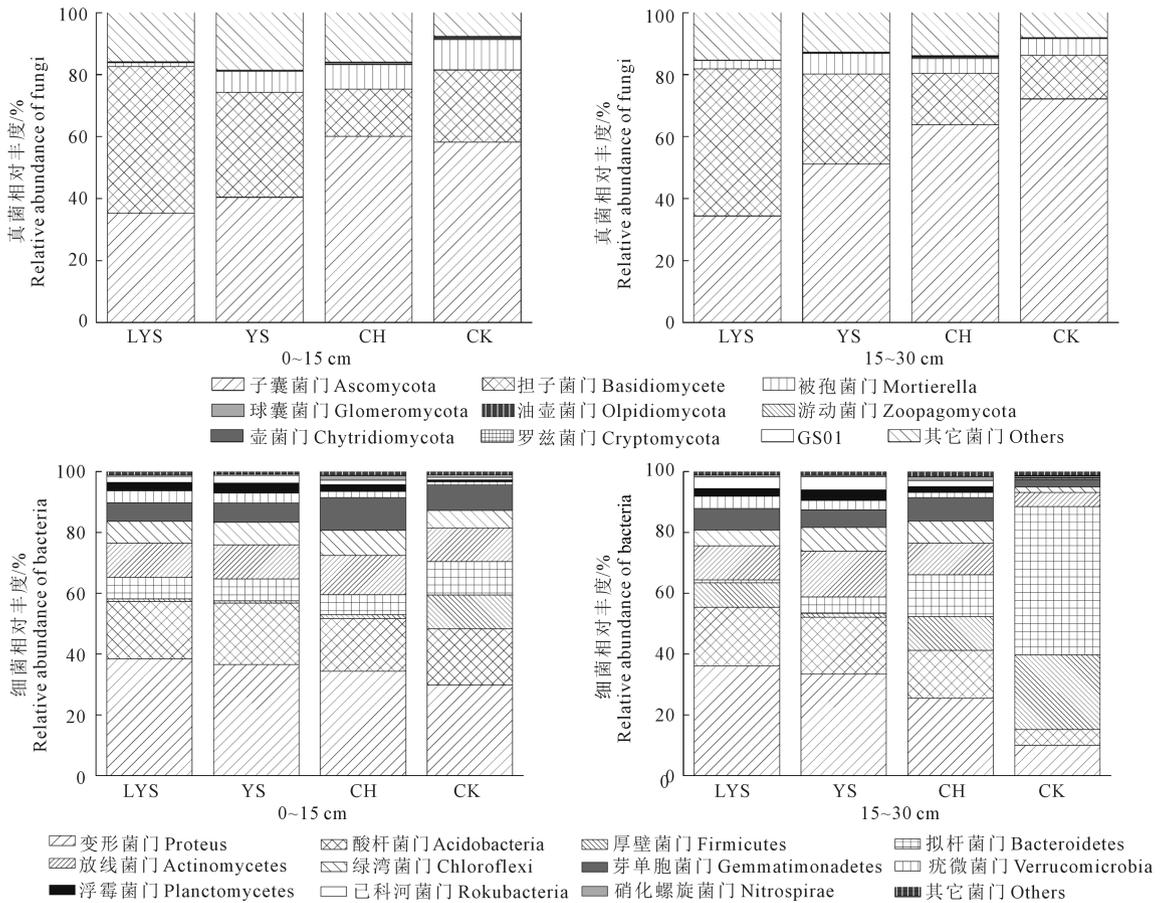


图 2 不同植被恢复模式下土壤微生物群落组成

Fig.2 Composition of soil microbial community under different vegetation recovery modes

### 2.3 不同植被恢复模式下土壤养分特征

土壤养分主要来源于土壤本身、植物凋落物以及植物根系分泌物,在不同植被恢复模式下存在显著差异<sup>[20]</sup>。如图 3 所示,0~15 cm 土层落叶松与油松的各项养分指标均未出现显著性差异,其中落叶松的碱解氮含量最高,可达  $115.73 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ,为荒地的 1.63 倍。刺槐的速效钾和有机质含量显著高于其他 3 种植被恢复模式,除土壤全氮、速效钾含量外,荒地的其他养分含量均显著低于其他 3 种人工

植被恢复模式,有机质、速效磷、全磷含量分别为刺槐的 1/5、2/5、1/2。4 种植被恢复模式土壤全磷和速效磷含量大小基本一致性,均为刺槐>油松>落叶松>荒地,3 种人工植被恢复模式这两个指标的含量均达到了荒地的 1.5 倍以上。

随土层加深,除 pH 和电导率以外,4 种植被恢复模式的养分含量均有减小的趋势,且差异性基本不变。其中荒地的全氮含量减小幅度最大为 31.88%,其他 3 种人工植被恢复模式的变幅维持在

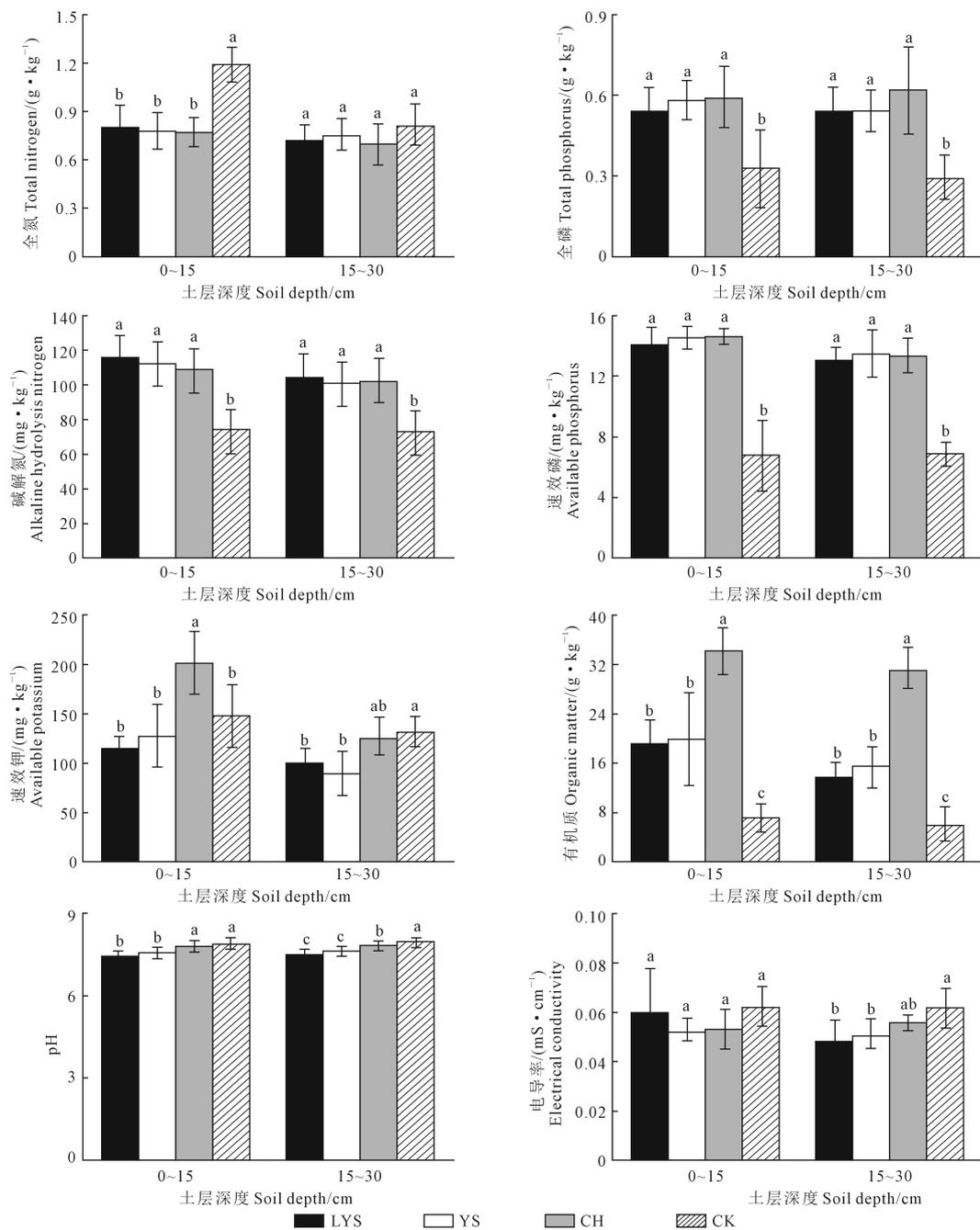


图 3 不同植被恢复模式下土壤养分

Fig.3 Soil nutrients under different vegetation recovery modes

11%以内,刺槐的速效钾含量减小幅度最大,超过了其他3种植被恢复模式变幅的1.25倍以上。0~15 cm和15~30 cm土层pH值的范围维持在7.5~8.0之间,土壤呈弱碱性,不同植被恢复模式间电导率的差异性随土层加深而增加。

#### 2.4 土壤主要酶活性、微生物多样性与土壤养分相关性分析

土壤中的养分、酶活性与土壤微生物是相辅相承的关系,一方面土壤养分为土壤微生物的生长提供食物,为土壤胶结提供腐殖质改变微生物的活动场所,另一方面土壤养分的积累与消耗离不开一系

列的酶促反应,而微生物则是各种水解酶的来源<sup>[21-22]</sup>。如表5所示,脲酶能够加快氮的周转,在0~15 cm土层中与全氮极显著正相关( $P<0.01$ ),与碱解氮、速效磷极显著负相关( $P<0.01$ ),过氧化氢酶同样与上述3种土壤养分极显著相关( $P<0.01$ ),且相关性与脲酶相反。蔗糖酶与土壤速效钾、pH显著正相关( $P<0.05$ ),碱性磷酸酶与土壤养分无显著相关性。真菌ACE、Chao1指数与土壤养分的相关性较Simpson、Shannon指数更强,均与碱解氮、速效磷显著负相关( $P<0.05$ ),分别与土壤有机质极显著正相关( $P<0.01$ )和显著正相关( $P<0.05$ ),其中

ACE 指数还与全氮具有显著的正相关关系 ( $P < 0.05$ )。说明真菌丰度与土壤养分密切相关,土壤有机质为微生物提供生存的食物,是其中极为重要的因素。土壤细菌 ACE、Chao1 指数与土壤养分无显著相关性,Simpson 指数与土壤全氮显著正相关 ( $P < 0.05$ ),与全磷极显著负相关 ( $P < 0.01$ ),Shannon 指数与上述两种养分的相关关系显著性与 Simpson 指数相同,相关关系与 Simpson 指数相反。

如表 6 所示,在 15~30 cm 土层,土壤脲酶与速效钾、pH 值极显著正相关 ( $P < 0.01$ ),碱性磷酸酶和过氧化氢酶均与全磷、碱解氮、速效磷显著正相关

( $P < 0.05$ ),与速效钾、pH 值显著负相关 ( $P < 0.05$ ),其中与速效钾的负相关关系达到了极显著水平 ( $P < 0.01$ )。这是因为土壤钾含量过高易造成土壤板结,不利于微生物活动分泌土壤酶,且碱性条件下会抑制碱性磷酸酶与过氧化氢酶活性。土壤真菌 ACE 和 Chao1 指数与土壤养分的相关性随土层加深基本呈增强趋势,Simpson 和 Shannon 指数与土壤养分无显著相关性。土壤细菌 Simpson 指数与全氮、全磷、pH 值的相关性随土层加深而减弱,与碱解氮、速效磷的相关性达到了极显著负相关 ( $P < 0.01$ )。

表 5 0~15 cm 土层土壤酶活性、微生物多样性与土壤养分相关性

Table 5 Correlation between soil enzyme activities, microbial diversity and soil nutrients in 0~15 cm soil layer

指标 Index	全氮 Total nitrogen	全磷 Total phosphorus	碱解氮 Alkaline hydrolysis nitrogen	速效磷 Available phosphorus	速效钾 Available potassium	有机质 Organic matter	pH	电导率 Electrical conductivity	
脲酶 Urease activity	0.88 **	-0.57	-0.84 **	-0.83 **	0.07	-0.57	0.51	0.32	
蔗糖酶 Sucrase activity	0.26	0.19	-0.38	-0.14	0.60 *	0.35	0.62 *	0.21	
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase activity	-0.29	0.38	0.26	0.31	-0.52	-0.20	-0.51	-0.06	
过氧化氢酶 Catalase activity	-0.77 **	0.52	0.87 **	0.863 **	-0.19	0.47	-0.51	-0.26	
真菌 Fungi	ACE 0.61 *	-0.43	-0.60 *	-0.70 *	-0.29	0.72 **	0.27	0.07	
Chao1	0.56	-0.38	-0.58 *	-0.66 *	-0.24	0.68 *	0.21	0.13	
Simpson	-0.16	0.06	0.22	0.16	-0.50	-0.01	-0.62 *	0.28	
Shannon	0.10	0.01	-0.19	-0.06	0.60 *	0.14	0.60 *	-0.21	
细菌 Bacteria	ACE	-0.01	0.24	-0.04	0.12	-0.04	0.14	-0.23	0.20
Chao1	-0.09	0.35	0.00	0.18	-0.08	0.16	-0.34	0.19	
Simpson	0.67 *	-0.79 **	-0.35	-0.55	0.09	-0.40	0.58 *	0.10	
Shannon	-0.64 *	0.79 **	0.32	0.54	-0.02	0.46	-0.55	-0.06	

表 6 15~30 cm 土层土壤酶活性、微生物多样性与土壤养分相关性

Table 6 Correlation between soil enzyme activities, microbial diversity and soil nutrients in 15~30 cm soil layer

指标 Index	全氮 Total nitrogen	全磷 Total phosphorus	碱解氮 Alkaline hydrolysis nitrogen	速效磷 Available phosphorus	速效钾 Available potassium	有机质 Organic matter	pH	电导率 Electrical conductivity	
脲酶 Urease activity	0.05	-0.19	-0.42	-0.38	0.84 **	0.34	0.81 **	0.64 *	
蔗糖酶 Sucrase activity	0.01	0.22	0.04	0.11	0.37	0.63 *	0.38	0.42	
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase activity	-0.36	0.62 *	0.70 *	0.70 *	-0.82 **	0.12	-0.68 *	-0.67 *	
过氧化氢酶 Catalase activity	-0.30	0.64 *	0.77 **	0.78 **	-0.85 **	0.24	-0.64 *	-0.56	
真菌 Fungi	ACE 0.65 *	-0.75 **	-0.68 *	-0.69 *	-0.03	0.77 **	0.31	0.27	
Chao1	0.72 **	-0.69 *	-0.64 *	-0.63 *	-0.01	0.67 *	0.38	0.34	
Simpson	-0.01	0.13	0.15	0.19	-0.13	-0.02	-0.50	0.29	
Shannon	-0.01	-0.12	-0.14	-0.17	0.05	0.02	0.45	-0.24	
细菌 Bacteria	ACE	-0.02	0.49	0.54	0.57	-0.35	0.36	-0.33	-0.19
Chao1	-0.02	0.49	0.54	0.57	-0.35	0.37	-0.33	-0.19	
Simpson	0.32	-0.64 *	-0.71 **	-0.75 **	0.48	-0.44	0.54	0.38	
Shannon	-0.24	0.44	0.52	0.55	-0.39	0.32	-0.42	-0.22	

## 3 讨论

### 3.1 植被恢复模式对土壤酶活性、微生物多样性的影响

植被恢复模式对土壤养分、酶活性等有着较大影响。荒地作为一种自然生态恢复方式,其土壤状况更符合自然演替规律<sup>[23-24]</sup>。土壤酶使土壤的各种养分有效化,酶活性越大催化作用越强,各种酶协同作用维护了生态系统的稳定性<sup>[25-26]</sup>。土壤中脲酶活性能够反映氮素周转速率,由于草本植物的固氮作用强于木本植物,因此荒地的脲酶活性较强<sup>[27]</sup>。凋落物化学组成和根系分泌物影响了土壤有机质的输入,蔗糖酶在植物碳水化合物代谢中发挥着重要作用<sup>[28]</sup>,因此刺槐恢复模式土壤有机质含量最高,蔗糖酶活性也最强。油松作为一种油料植物,其叶片中含有大量磷素,根系分泌产生磷酸酶,故土壤中碱性磷酸酶活性最强。过氧化氢酶是一种还原酶,其稳定性较强,随土层加深酶活性变化不大,这与黄懿梅等<sup>[29]</sup>研究结果一致,但其活性的大小与土壤 pH 的变化呈现一定的规律,即土壤 pH 值越高,过氧化氢酶活性越低,这可能是过氧化氢酶活性在碱性条件下受到抑制所导致<sup>[30]</sup>。

本研究中植被恢复模式对土壤细菌多样性无显著影响,而对真菌影响较大,说明了土壤细菌对于环境的适应能力更强,土壤真菌对于植被类型的选择较细菌更为严苛。3种人工植被恢复模式并未显著提高土壤微生物的多样性,其中刺槐还降低了土壤真菌的 ACE、Chaol 指数,这可能是由于土壤孔隙度较小,不利于土壤微生物的活动,抑制了微生物的代谢过程和群落结构的发展。荒地土壤真菌多样性最为丰富,这可能与土壤水分有关,在适宜的水分条件下真菌种类及数量最多,且荒地的氮素储量 and 周转速率最快,这都为土壤真菌的生存提供了必要条件<sup>[31]</sup>。此外,土壤真菌多样性还与有机质含量密切相关,有机质含量越高可供微生物利用的碳源越多,但在本研究中有有机质含量最高的刺槐土壤微生物多样性并非最大,原因可能在于人工种植刺槐对土壤中原来的微生物群落结构造成了扰动,新的微生物群落不成熟,旧的群落遭到破坏,且由于植物特性土壤中固氮微生物较多,制约了利用其他资源的微生物的发展,所以土壤微生物多样性不及荒地。土壤真菌以子囊菌门和担子菌门为主要优势菌种,子囊菌门作为全球土壤生态系统的优势类群,能够利用多种养分供其自身发展,而担子菌门的一些类群对环境扰动十分敏感,因此可以作为

土壤扰动强弱的指示真菌<sup>[32]</sup>。两种针叶林的担子菌门较荒地均有所提高,说明人工植被恢复在一定程度上减小了外界环境对土壤生态系统的扰动。

### 3.2 植被恢复模式对土壤养分的影响

不同植被恢复模式下生物量、植被盖度、根系分泌物与枯落物的化学组成,以及根系周转速率均存在差异<sup>[33]</sup>,土壤酶活性以及微生物种类不同,这些因素增强了工植被恢复对土壤养分的改善效果<sup>[34]</sup>。其中刺槐是固氮植物在改善土壤养分上表现最好,蔗糖酶活性强,加快了土壤中碳的运转,加上刺槐凋落物产量大,阔叶分解较针叶更快,有机质积累迅速,继而增加了土壤中其他元素的有效性。荒地的全氮含量最高,因为荒地草本植物居多且根系多分布在 0~15 cm 土层,细菌中的拟杆菌门常与根系形成共生固氮,且大量植被在一年内衰败很快归于土壤,周而复始。在荒地中土壤脲酶活性强加速了氮的转化,碱解氮常常供不应求,因此积累较少<sup>[35]</sup>,且荒地没有冠层遮蔽,降雨对养分的淋溶更严重,导致荒地的养分含量较低<sup>[36]</sup>。落叶松、油松两种针叶林属于油料植物,其枯落物化学组成中磷素含量较为丰富,枯落物分解营养元素回归土壤,全磷和速效磷含量升高,再加上植被根系分泌物以及根际微生物作用,碱性磷酸酶活性强,促进了土壤磷素有效性。

## 4 结论

人工植被恢复模式对于养分的改善效果较自然恢复更为显著,其中刺槐模式对提高土壤养分的作用明显。荒地虽然提高了土壤微生物多样性,但土壤养分条件较差。综合土壤养分、主要酶活性及微生物多样三个方面看,在今后营造水源涵养林时,刺槐类的固氮阔叶树种可以作为宁南山区营造水源涵养林的优先选择的树种。

### 参考文献:

- [1] 唐克丽,张仲子,孔晓玲,等.黄土高原水土流失与土壤退化的研究[J].水土保持通报,1987,(6):12-18.  
TANG K L, ZHANG Z Z, KONG X L, et al. Bulletin of soil and water conservation[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 1987,(6): 12-18.
- [2] LI W, ZHENG Z C, LI T X, et al. Effect of tea plantation age on the distribution of soil organic Carbon fractions within water-stable aggregates in the hilly region of Western Sichuan, China[J]. Catena, 2015, 133: 198-205.
- [3] 张秀艳,杜卫兵,张小平,等.川西植被恢复过程中的土壤微生物评价及与土壤因子的关系[J].生态环境,2007,16(5):1470-1474.  
ZHANG X Y, DU W B, ZHANG X P, et al. Soil microbes evaluation

- and the relation with soil factors during the vegetation restoration in western Sichuan [J]. *Ecology and Environment*, 2007, 16 (5): 1470-1474.
- [4] 朱新玉,胡云川,芦杰.豫东黄河故道湿地土壤生物学性状及土壤质量评价[J].*水土保持研究*,2014,21(2):27-32.  
ZHU X Y, HU Y C, LU J. Evaluation on soil biological characteristics and quality of the wetlands in ancient bed of Yellow River of East Henan Province[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2014, 21 (2): 27-32.
- [5] 刘飞渡,韩蕾.亚热带红壤丘陵区不同人工林型对土壤理化性质、微生物类群和酶活性的影响[J].*生态环境学报*,2015,24(9):1441-1446.  
LIU F D, HAN L. Effects of different artificial forestry on Soil physiochemical properties, microbial groups and enzyme activities in subtropical red Soil hilly region [J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2015, 24(9): 1441-1446.
- [6] 杨君珑,李小伟,曹兵,等.六盘山生态移民迁出区不同植被恢复模式对土壤养分和土壤酶活性的影响[J].*西南林业大学学报*,2018,38(5):13-19.  
YANG J L, LI X W, CAO B, et al. Effects of different vegetation restoration modes on soil fertility and enzyme activity in eco-emigration area of Liupanshan [J]. *Journal of Southwest Forestry University*, 2018, 38(5): 13-19.
- [7] 郑华,陈法霖,欧阳志云,等.不同森林土壤微生物群落对 Biolog-GN 板碳源的利用[J].*环境科学*,2007,28(5):1126-1130.  
ZHENG H, CHEN F L, OUYANG Z Y, et al. Utilization of different Carbon sources types in Biolog-GN microplates by soil microbial communities from four forest types[J]. *Environmental Science*, 2007, 28 (5): 1126-1130.
- [8] 焦永吉,程功,马永健,等.烟草连作对土壤微生物多样性及酶活性的影响[J].*土壤与作物*,2014,3(2):56-62.  
JIAO Y J, CHENG G, MA Y J, et al. Effects of continuous tobacco on Soil microbial diversity and enzyme activities[J]. *Soil and Crop*, 2014, 3(2): 56-62.
- [9] WANG S Q, LI T X, ZHENG Z C, et al. Soil aggregate-associated bacterial metabolic activity and community structure in different aged tea plantations [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 654: 1023-1032.
- [10] 胡婵娟,傅伯杰,靳甜甜,等.黄土丘陵沟壑区植被恢复对土壤微生物生物量碳和氮的影响[J].*应用生态学报*,2009,20(1):45-50.  
HU C J, FU B J, JIN T T, et al. Effects of vegetation restoration on soil microbial biomass C and N in hilly areas of Loess Plateau [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2009, 20(1): 45-50.
- [11] 闫玉厚,曹炜.黄土丘陵区土壤养分对不同植被恢复方式的响应[J].*水土保持研究*,2010,17(5):51-53, 58.  
YAN Y H, CAO W. The responses of Soil nutrients to different restoration approaches [J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2010, 17(5): 51-53, 58.
- [12] 刘丽,徐明恺,汪思龙,等.杉木人工林土壤质量演变过程中土壤微生物群落结构变化[J].*生态学报*,2013,33(15):4692-4706.  
LIU L, XU M K, WANG S L, et al. Effect of different Cunninghamialanceolata plantation soil qualities on soil microbial community structure[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, 33(15): 4692-4706.
- [13] 鲍士旦.土壤农化分析[M].北京:中国农业出版社,2000.  
BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis [M]. Beijing: China Agriculture Press ,2000
- [14] 李振高,骆永明,滕应.土壤与环境微生物研究法[M].北京:科学出版社,2008.  
LI Z G, LUO Y M, TENG Y. Soil and environmental microbiology [M]. Beijing: Science Press,2008
- [15] von MERSI W, SCHINNER F. An improved and accurate method for determining the dihydrogenase activity of soils with iodinitrotetrazolium chloride[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1991, 11: 216-220.
- [16] 蔡立佳,徐永刚,宇万太,等.下辽河平原杨树连栽对土壤养分、微生物生物量和酶活性的影响[J].*生态学杂志*,2013,32(2):337-343.  
CAI L J, XU Y G, YU W T, et al. Effects of continuous planting poplar on the soil nutrient contents, microbial biomass, and enzyme activities in lower reaches of Liaohe River Plain, Northeast China[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2013, 32(2): 337-343.
- [17] 刘占锋,刘国华,傅伯杰,等.人工油松林(*Pinus tabulaeformis*)恢复过程中土壤微生物生物量 C、N 的变化特征[J].*生态学报*,2007,27(3):1011-1018.  
LIU Z F, LIU G H, FU B J, et al. Dynamics of soil microbial biomass C, N along restoration chronosequences in pine plantations[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007,27(3): 1011-1018.
- [18] SMOLANDER A, KITUNEN V. Soil microbial activities and characteristics of dissolved organic C and N in relation to tree species [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(5): 651-660.
- [19] WARDLE D A. A comparative assessment of factors which influence microbial biomass C and N levels in soil [J]. *Biological Reviews*, 1992, 67(3): 321-358.
- [20] 张笑培,杨改河,任广鑫,等.黄土高原南部植被恢复对土壤理化性状与土壤酶活性的影响[J].*干旱地区农业研究*,2010,28(6):64-68.  
ZHANG X P, YANG G H, REN G X, et al. Effects of vegetation restoration on soil physical-chemical properties and activities of soil enzyme in the gully region of the Loess Plateau [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2010, 28(6): 64-68.
- [21] 任天志.持续农业中的土壤生物指标研究[J].*中国农业科学*,2000,(1):71-78.  
REN T Z. Soil bioindicators in sustainable agriculture [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2000,(1): 71-78.
- [22] 张胜男,闫德仁,袁立敏.森林土壤微生物分布及其功能特征研究进展[J].*世界林业研究*,2018,31(5):19-25.  
ZHANG S N, YAN D R, YUAN L M. Research progress in microbial distribution in forest soil and its functional characteristics [J]. *World Forestry Research*, 2018, 31(5): 19-25.
- [23] 刘素慧,刘世琦,张自坤,等.大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响[J].*中国农业科学*,2010,43(5):1000-1006.  
LIU S H, LIU S Q, ZHANG Z K, et al. Influence of garlic continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(5): 1000-1006.
- [24] 唐龙,梁宗锁,杜峰,等.陕北黄土高原丘陵区撂荒演替及其过程中主要乡土牧草的确定与评价[J].*生态学报*,2006,26(4):1165-1175.  
TANG L, LIANG Z S, DU F, et al. Vegetation succession of arable

- old land after being abandoned in Loess Plateau hilly region & ascertaining dominant native herbage in the process, analyzing their chemical nutrient composition[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(4): 1165-1175.
- [25] 付美云,杨宁,杨满元,等.衡阳紫色土丘陵坡地不同恢复阶段土壤微生物与养分的耦合关系[J].*生态环境学报*,2015,24(1):41-48.  
FU M Y, YANG N, YANG M Y, et al. Coupling relationship between soil microbe with soil nutrient in re-vegetation stages on sloping-land with purple soils in hengyang of Hunan Province, south-central China[J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2015, 24(1): 41-48.
- [26] 陈璟,杨宁.亚热带红壤丘陵区5种人工林对土壤性质的影响[J].*西北农林科技大学学报(自然科学版)*,2013,41(12):167-173, 178.  
CHEN J, YANG N. Effects of five plantations on soil properties in subtropical red soil hilly region[J]. *Journal of Northwest A&F University(Natural Science Edition)*, 2013, 41(12): 167-173, 178.
- [27] 杨宁,付美云,杨满元,等.衡阳紫色土丘陵坡地不同土地利用模式下土壤种子库特征[J].*西北植物学报*,2014,34(11):2324-2330.  
YANG N, FU M Y, YANG M Y, et al. Soil Seed bank properties under different land-used models on sloping-land with purple soils in Hengyang of Hunan province, south-central China[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2014, 34(11): 2324-2330.
- [28] 梁敏,李楠楠,邹东恢.蔗糖酶的提取工艺及性质研究[J].*湖北农业科学*,2010,49(9):2218-2220.  
LIANG M, LI N N, ZOU D H. Research on extraction technology and enzyme quality of invertase from yeast[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2010, 49(9): 2218-2220.
- [29] 黄懿梅,安韶山,曲东,等.黄土丘陵区植被恢复过程中土壤酶活性的响应与演变[J].*水土保持学报*,2007,21(1):152-155.  
HUANG Y M, AN S S, QU D, et al. Responses and evolution of soil enzymatic activities during process of vegetation recovering [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2007, 21(1): 152-155.
- [30] 高玉峰,贺字典.影响土壤真菌多样性的土壤因素[J].*中国农学通报*,2010,26(10):177-181.  
GAO Y F, HE Z D. Study on soils effect factors to fungi diversity in Hebeiprovince[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2010, 26(10): 177-181.
- [31] 蔡立佳,徐永刚,宇万太,等.下辽河平原杨树连栽对土壤养分、微生物生物量和酶活性的影响[J].*生态学杂志*,2013,32(2):337-343.  
CAI L J, XU Y G, YU W T, et al. Effects of continuous planting poplar on the soil nutrient contents, microbial biomass, and enzyme activities in lower reaches of Liaohe River Plain, Northeast China[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2013, 32(2): 337-343.
- [32] 张胜男,闫德仁,黄海广,等.短期封育对科尔沁沙地榆树疏林土壤微生物群落结构的影响[J].*生态学杂志*,2020,39(9):2860-2867.  
ZHANG S N, YAN D R, HUANG H G, et al. Effects of short-term fencing on soil microbial community structure in Ulmuspumila scattered woodland of Horqin Sandy Land[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, 39(9): 2860-2867.
- [33] 李刚,王丽娟,李玉洁,等.呼伦贝尔沙地不同植被恢复模式对土壤固氮微生物多样性的影响[J].*应用生态学报*,2013,24(6):1639-1646.  
LI G, WANG L J, LI Y J, et al. Effects of different vegetation restoration patterns on the diversity of soil nitrogen-fixing microbes in Hulunbeier sandy land, Inner Mongolia of North China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(6): 1639-1646.
- [34] 金晶炜,苏纪帅,白于,等.宁南山区土壤质量对人工植被恢复模式的响应[J].*农业工程学报*,2014,30(16):283-289.  
JIN J W, SU J S, BAI Y, et al. Response of soil quality to artificial vegetation restoration patterns in hilly area of Southern Ningxia[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2014, 30(16): 283-289.
- [35] 杨宁,邹冬生,李建国.衡阳盆地紫色土丘陵坡地植被恢复模式建设[J].*草业科学*,2010,27(10):10-16.  
YANG N, ZOU D S, LI J G. The vegetation restoration mode construction in sloping-land with purple soils in Hengyang basin [J]. *Pratacultural Science*, 2010, 27(10): 10-16.
- [36] 韩凤朋,郑纪勇,张兴昌.黄土退耕地植物根系分布特征及其对土壤养分的影响[J].*农业工程学报*,2009,25(2):50-55.  
HAN F P, ZHENG J Y, ZHANG X C. Plant root system distribution and its effect on soil nutrient on slope land converted from farmland in the Loess Plateau[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2009, 25(2): 50-55.