

综合研究

黄土高原植被恢复过程中土壤微生物的演变特征

张超¹, 马亚亚², 刘国彬³, 王杰¹, 李静²

(1. 西北农林科技大学 水土保持研究所, 陕西 杨凌 712100; 2. 西北农林科技大学 林学院, 陕西 杨凌 712100; 3. 中国科学院 水利部 水土保持研究所, 陕西 杨凌 712100)

摘要: [目的] 探究黄土高原植被恢复过程中土壤微生物的演变特征, 为黄土高原生态恢复重建工作提供科学参考。[方法] 以 Web of Science 数据库和 CNKI 数据库中的期刊论文为数据源, 运用 CiteSpace 文献计量工具对黄土高原植被恢复过程中土壤微生物演变的研究概况及研究热点进行分析。[结果] 2002—2018 年黄土高原植被恢复过程中土壤微生物演变特征相关文献的发表数量随时间呈增长趋势; 国内外研究热点主要围绕土壤微生物量、微生物群落结构以及酶活性展开, 且对于微生物量的关注度比较高; 在植被演替过程中, 微生物生物量和酶活性总体增加, 微生物群落从贫营养型向富营养型转变, 土壤微生物群落结构和功能的进一步改善。不同植被类型对土壤生物质量改善效果不同, 总体来说, 混交林作用效果最好, 刺槐和柠条纯林次之, 荒草地和油松纯林最低。[结论] 黄土高原植被恢复土壤微生物今后的研究应注重微生物关键种的识别、参与碳氮磷循环的功能微生物以及全球变化对微生物群落影响等方面。

关键词: 土壤微生物; 植被恢复; 文献计量分析; 黄土高原

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2018)06-0240-08

中图分类号: S154.36

文献参数: 张超, 马亚亚, 刘国彬, 等. 黄土高原植被恢复过程中土壤微生物的演变特征[J]. 水土保持通报, 2018, 38(6):240-247. DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2018.06.037. Zhang Chao, Ma Yaya, Liu Guobin, et al. Evolution of soil microbial community during vegetation restoration in Loess Plateau[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2018, 38(6):240-247.

Evolution of Soil Microbial Community During Vegetation Restoration in Loess Plateau

ZHANG Chao¹, MA Yaya², LIU Guobin³, WANG Jie¹, LI Jing²

(1. Institute of Soil and Water Conservation, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China;

2. College of Forestry, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 3. Institute of Soil and

Water Conservation, Chinese Academy of Science & Ministry of Water Resources, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: [Objective] The evolution characteristics of soil microorganism in the process of vegetation restoration in Loess Plateau were studied in order to which provided scientific reference for the ecological restoration and reconstruction of the loess plateau. [Methods] The present study focused on the vegetation restoration in the Loess Plateau and made a systematic analysis of soil microorganism evolution based on the literature data from the database of “Web of Science” and the “China National Knowledge Infrastructure” using CiteSpace bibliometrics tools. [Results] The number of literatures related to soil microorganism during the vegetation restoration of Loess Plateau during 2002—2018 presented an increasing trend. The related works mainly focuses on the soil microbial biomass, microbial community structure, enzyme activities, and especially on the microbial biomass. Vegetation succession caused an increase in microbial biomass and enzyme activities and led to a succession from oligotrophic microbial community to eutrophic community. In general, soil microbial community structure and function was improved during the vegetation succession. Vegetation types had different effects on soil biological quality. The mixed forest had the best quality, followed by the *Robinia*

收稿日期: 2018-09-15

修回日期: 2018-09-20

资助项目: 十三五国家重点研发项目“黄土高原水土流失治理与生态产业协同发展技术集成与模式”(2016YFC0501707); 国家自然科学基金项目(41771554)

第一作者: 张超(1985—), 男(汉族), 陕西省宝鸡市人, 博士, 副研究员, 硕士生导师, 主要从事水土保持与植被恢复研究。E-mail: zhangchao@163.com.

pseudoacacia and *Caragana korshinskii* pure forest, abandoned grassland, and *Pinus tabulaeformis* pure forest. [Conclusion] Research on the soil microorganisms in the vegetation restoration of Loess Plateau in the future should focus on the key identification of soil microbial taxa in microbes involved in the carbon, nitrogen and phosphorus cycling, and the impact of global changes on the microbial community.

Keywords: soil microorganism; vegetation restoration; bibliometric analysis; the Loess Plateau

黄土高原丘陵区由于社会经济的快速发展,人口的急剧增长,致使该区域滥砍滥伐、过度放牧以及毁林开荒等现象愈演愈烈,自然植被遭到破坏,生态环境日益恶劣,水土流失严重^[1]。近年来,随着我国西部大开发这一重大战略决策的提出,以退耕还林还草为核心的生态环境建设在黄土高原地区的开展,有效的减少了径流、泥沙和养分的流失,极大地改善了该区的生态环境。而植被恢复作为生态系统重建的第一步,也是黄土高原生态环境治理与水土保持的重要措施,能够有效减少土壤侵蚀、改善和提高土壤质量^[2-4]。土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分,在土壤有机质分解、植物营养供给以及腐殖质形成过程中起着至关重要的作用^[5-6]。土壤微生物与植物之间利用相互促进又相互制约的关系构成了一个稳定的动态系统。一方面,植物作为土壤微生物生长发育的主要驱动力,对微生物群落结构的形成起着至关重要的作用^[1]。植物通过其根系释放的分泌物影响土壤微生物生物量以及群落组成。由于植物群落类型以及植物生长所处阶段的不同,其根系分泌物的成分、种类和含量存在显著的不同,从而导致向土壤微生物供给的营养成分不同,最终影响土壤微生物的种群数量以及群落组成^[7-9]。另一方面,植物根际周围的土壤微生物大量繁育,构成了特有的根际微生物区系环境,显著地影响着植物的生长发育。本文以中国知网和 Web of Science 中的文献资料为基础,运用 CiteSpace 文献计量工具,分析黄土高原 30 a 来植被恢复中土壤微生物的研究进展,并对其梳理和总结,提出该地区今后微生物研究的方向和重点,拟为黄土高原的生态恢复提供科学参考。

1 数据来源与研究方法

1.1 数据来源

所使用的数据来源于中国知识基础设施工程(China National Knowledge Infrastructure, CNKI)和科学引文索引数据库“Web of Science”的核心合集。外文文献检索条目确定为“soil microorganism of Loess Plateau” and “vegetation restoration”,数据样本选取自 Web of Science 核心集合 TM 数据库,以

“主题”=“soil microorganism of Loess Plateau” and “vegetation restoration”,选择检索时间范围为 1986—2018 年,共得检索结果 46 条,对检索结果进行去重、删除无关条目,最终整理得到 46 篇相关文献。将中文文献检索的条目确定为“黄土高原土壤微生物”和“植被恢复”,数据样本选取自中国学术期刊出版总库(CNKI 总库),使用高级检索,以“主题”或者“关键词”=“黄土高原土壤微生物”或含“植被恢复”,选择时间为 1986—2018 年,精确匹配检索,共得检索结果 316 条,对检索结果去重、删除无关条目,最终整理得到 125 篇相关文献。

1.2 研究方法

利用 CiteSpace, Origin 对检索出的中外文文献进行文献量、关键词、被引频次以及研究结果的分析,从而展示黄土高原植物恢复过程中土壤微生物演变的研究概况、研究热点和研究趋势。

2 结果与分析

2.1 文献计量分析

2.1.1 发文量的时间分析 将检索出的中文文献按照发文年份进行文献数量的统计,得到研究期间黄土高原植被恢复过程中土壤微生物演变的发文量及其所占文献总数的比例(图 1)。该领域的发文数量在总体上呈上升趋势,主要是因为黄土高原丘陵区土壤结构疏松,自然植被遭到破坏,而近年来开展的生态建设和退耕还林生态工程极大改善该区的生态环境。因此关于植被恢复过程中土壤微生物如何演变的研究逐步受到学术界的重视,对其针对性的研究也逐渐增多。中文文献中关于土壤微生物的研究大多集中在土壤物理结构^[10-11]、养分状况^[12]以及微生物特性^[13-14]等方面。

某研究领域一定时期的文献发表数量可以在一定程度上代表其研究水平和发展趋势^[15],过去的 14 a 见证了黄土高原植被恢复过程中土壤微生物研究领域的迅猛发展(图 1)。图 1 显示,除部分年度有小幅下降外,总体上呈明显上升趋势。在 2004—2013 年之间关于植被恢复过程中土壤微生物如何演变的相关研究较少,说明该领域研究刚刚起步,正处于萌芽阶段,从 2014 年开始文献数量逐步增加。可

以看出,国际学者对黄土高原植被恢复过程中土壤微生物演变的研究越来越重视。

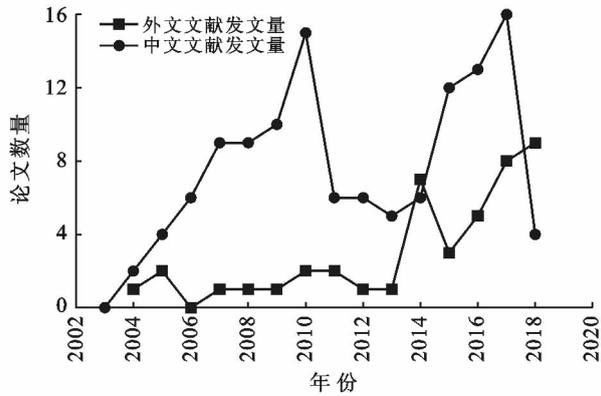


图 1 2002—2018 年有关本研究内容中外文献的发文章量

2.1.2 关键词分析 关键词是对文献内容和主题的高度提炼,对整个领域的高频关键词进行可视化分析,可探究该领域的研究热点^[16]。将检索出的中文文献数据分别导入 CiteSpace 软件中,然后将时间跨度设置为 2003—2018 年,将聚类词来源设置为标题(title)、摘要(abstract)、作者关键词(author keywords)和增补关键词(keywords plus);聚类词库选择突现词(burst terms);节点类型选择关键词(keyword),选取标准设置为每个时间切片中被引频次最高的前 50 个关键词,中文文献数据生成的高频关键词如表 1 所示,外文文献数据生成的高频关键词如表 2 所示。

从表 1 可以看出:①研究涉及最多的关键词为“土壤微生物”、“植被恢复”、“微生物生物量”、“土壤有机碳”、“土壤养分”以及“土壤质量”等,表明这 6 种关键词涉及的研究方向是研究热点。②有关“土壤微生物碳”、“土壤酶活性”和“土壤细菌”的研究也较多,证明土壤理化性质和微生物特征是该领域的研究的热点。③在统计关键词中,有关植被类型的关键词也较多,如“刺槐林”、“乔木林”和“沙棘林”,表现出不同植物群落类型与土壤微生物量季节动态、空间动态的变化息息相关,同时也表明了该区域在植被修复的过程中,人们认识到了植物与土壤微生物之间存在着相互作用、相互影响的关系,所以将土壤微生物作为植被恢复进程中衡量环境和土壤质量变化的指标。

从表 2 可以看出:①研究的热点领域出现在“bacterial community”和“vegetation restoration”方面,共占统计关键词的 24.49%,可见研究范围比较明确。②有关磷脂脂肪酸技术(PLFA)的研究是检测土壤微生物活性生物化学方法的研究中占比最高的,可见磷脂脂肪酸技术(PLFA)对于土壤微生物生

物量的分析应用具有重要的价值。③随着人类对土壤微生物研究的深入,对于“vegetation ecosystem”,“natural vegetation succession”,“organic matter”的研究也逐渐增多,这也是可持续发展理念越来越受到科学研究重视的结果,表明植物群落演替是植物与土壤相互影响和相互作用的结果。土壤的演化总是与植物群落的演替相关联,土壤的分异导致植被的变化,植被的变化影响着土壤发育^[18-20]。④土壤酶活性、土壤理化性质以及微生物特征依然是该领域的研究的热点。

表 1 有关本研究内容中文文献高频关键词

关键词	频次	关键词	频次
土壤微生物	38	乔木林	7
植被恢复	25	沙棘林	7
土壤养分	24	天然草地	7
土壤质量	24	土地利用方式	7
微生物生物量	23	放线菌数量	6
土壤有机碳	21	环境因子	6
刺槐林	16	理化性质	6
土壤微生物碳	16	全氮含量	6
土壤酶活性	14	土壤含水率	6
土壤细菌	14	土壤脲酶	6
土壤微生物群落	12	土壤真菌	6
黄土丘陵区	11	植被类型	6

通过对相关关键词的出现频次分析,我们可以发现,在黄土高原土壤微生物相关的外文文献中,土壤微生物在土壤生态环境中扮演着重要的角色。吴建峰等^[21]认为微生物体所产生的聚合物具有分解有机质改善植物营养、降解土壤污染物改善植物生长环境、降低水分胁迫以及供应植物有机营养的能力。

表 2 有关本研究内容外文文献高频关键词

关键词	频次	关键词	频次
bacterial community	19	semi-arid degraded ecosystem	4
vegetation restoration	17	bacterial archaea	4
microbial community	11	comprehensive understanding	3
soil property	11	enzyme activity	3
organic carbon	10	microbial gene	3
soil bacteria	9	natural vegetation succession	3
relative abundance	9	organic matter	2
microbial biomass	7	quantitative response relationship	2
PLFA	7	redundancy analysis	2
vegetation ecosystem	6	soil basal respiration	2
functional gene	6	total mineralization	1
Shannon evenness	5	degraded grassland	1

2.1.3 被引频次分析 论文引用率是指科学论文对文献的引用次数,是衡量一个国家科研文献被其他国家或机构的认可度的标志^[17]。现选取总被引频次排名前十五位的论文,整理其发文期刊、发表年份、总被引频次、年均被引频次和第一作者。国内论文总被引频次和年均被引频次如表 3 所示,国外论文总被引频次和年均被引频次如表 4 所示。由表 3 可知:①赵彤于 2013 年在《生态学报》上发表的论文,年均被引频次最高,年均被引频次达到 15 次以上,同时其总被引频次也相对较高,达到 93 次,其主要选择黄土丘陵区延河流域典型天然草地、人工灌木林、人工乔木林和农地中的土壤为研究对象,测定了土壤微生物量碳、氮、磷和相关基本理化性质,探讨了不同植被类型与植物对土壤微生物量的影响,为该地区植被恢复状况提供参考^[22]。②《生态学报》收录的年均被引频次排名前 15 位的论文最多,是国内研究植被恢复过程中土壤微生物如何演变的核心期刊。③整体来看,国内年均被引频次排名前 15 位的论文主要出现在 2004 年之后,说明我国对黄土高原植被恢复过程中土壤微生物如何演变的研究主要是在 2004 年开始,这也与中文文献的发表年份和发文量的统计相对应。

由表 4 可知:①Zhang Chao 于 2016 年在 *Soil Biology & Biochemistry* 上发表的论文,年均被引频次是最高的,达到 13 次以上,同时其总被引频次也相对较高,达到 40 次,其主要利用 16SrRNA 基因的高通量测序,对黄土高原区弃耕农田年限为 0~30 a 的次生演替过程中微生物群落结构进行研究,表明在微

生物演替过程中细菌主要是从酸杆菌门逐渐转变为变形菌门,退耕之后细菌多样性减少,在 20 a 后基本可以恢复到农田的水平,之后细菌多样性仍然逐渐增加^[23]。②相比中文文献的发表年份,在年均被引频次排名前十五位的外文文献中,最早的 2004 年,但是在 2014 年发表的最多,说明外文文献对于黄土高原植被恢复过程中土壤微生物如何演变的研究开始的较晚。③但在文献被引用频次方面与中文文献存在差距。我国在国际上发表英文文献在时间上的滞后是影响文献被引用的次数的主要原因。

表 3 国内有关本研究内容论文总被引频次和年均被引频次

发文期刊	年份	总被引频次	年均被引频次	第一作者
生态学报	2013	93	15.50	赵彤
水土保持学报	2006	140	10.77	汪文霞
自然资源学报	2007	116	9.67	薛莲
应用生态学报	2008	84	7.64	薛莲
应用生态学报	2009	75	7.50	胡婵娟
生态学报	2006	86	6.61	周正朝
生态学报	2010	59	6.56	王春阳
生态学报	2007	78	6.50	薛莲
生态学报	2008	69	6.27	张文婷
生态学报	2009	61	6.10	胡婵娟
生态学报	2007	69	5.75	刘占锋
生态学报	2009	57	5.70	黄懿梅
北京林业大学学报	2008	57	5.18	张海涵
植物营养与肥料学报	2007	61	5.08	党亚爱
水土保持学报	2004	70	4.67	张社奇

表 4 国外有关本研究内容论文总被引频次和年均被引频次

发文期刊	年份	总被引频次	年均被引频次	第一作者
<i>Soil Biology & Biochemistry</i>	2016	40	13.33	Zhang Chao
<i>Applied Soil Ecology</i>	2014	29	5.80	Raiesi Fayeze
<i>European Journal of Soil Biology</i>	2010	22	2.44	Jia Guomei
<i>Quaternary Research</i>	2004	20	1.33	Xie SC
<i>Organic Geochemistry</i>	2014	18	3.60	Yang Huan
<i>Ecological Engineering</i>	2015	16	4.00	Zhang Chao
<i>Science of the Total Environment</i>	2014	16	3.20	Mi Jia
<i>Natural Hazards and Earth System Sciences</i>	2011	16	2.00	Wang H B
<i>Plant and Soil</i>	2014	11	2.20	Zuo Shengpeng
<i>Journal of Arid Land</i>	2014	7	1.40	Zhao Yanmin
<i>Microbes and Environments</i>	2010	7	0.78	Kenzaka Takehiko
<i>Science China-Earth Sciences</i>	2014	6	1.20	Yang Huan
<i>Catena</i>	2017	5	2.50	Kheirfam Hossein
<i>Journal of Geophysical Research-Biogeosciences</i>	2016	5	1.67	Zhang Haicheng
<i>Journal of Soils and Sediments</i>	2016	5	1.67	Wang Ying

2.2 植被恢复过程中土壤微生物演变特征

2.2.1 植被演替中土壤微生物特征 植被恢复过程

中,植物枯落物增加了有机质向土壤的输入,为微生物提供了充足的碳源和氮源,对土壤微生物量产生了

积极的影响^[24]。研究发现,植被恢复后退耕地土壤微生物量 C, N, P 含量较农耕地显著提高^[25-27]。薛蕙等^[28]对侵蚀黄土丘陵区 6 种不同植被恢复 30 a 后的土壤微生物研究表明,土壤微生物生物量碳、氮、磷含量较农耕地显著增加,且均存在明显的季节变化趋势,表现为:夏季>秋季>春季^[29]。赵彤等^[30-31]研究也得到了类似的结论,只是土壤微生物量 C, N 含量在不同的植被演替阶段下的增幅略有差异,但增加幅度基本相当。另外,微生物生物量随着植被恢复年限的增长显著提高,但微生物量碳是快速增加后然后慢慢趋于平稳,微生物量氮则是持续增长^[32]。土壤酶作为促进土壤生态系统养分循环的生物催化剂,是判别土壤肥力与质量的重要指标^[33-34]。罗蓉等^[35]研究发现,在黄土高原土壤 β -葡糖苷酶、纤维素酶、脲酶、蛋白酶、磷酸酶活性均随哪个树种林龄的增长逐渐增加,并于成熟林时达到最大值。雨季的土壤酶活性均显著高于旱季,表明林龄和季节对沙棘人工林地土壤酶活性有显著影响。姬秀云等^[36]对黄土高原不同植被恢复方式下土壤酶活性的研究发现,天然草地、15 和 25 a 柠条林地土壤酶活性较高,而坡耕地土壤酶活性较低,表明随着人工林种植年限的增加,土壤酶活性逐渐加强,同时也可以改善土壤肥力效应^[37-38]。李林海等^[39]研究也发现土壤水解酶类与土壤物理性质呈显著负相关,与土壤化学性质呈显著正相关,可以敏感指示植被恢复的土壤效应。而过氧化氢酶为氧化还原酶,它在植被恢复过程中的活性变化不同于其他水解酶。黄懿梅等^[40]研究认为,除水解酶之外,过氧化氢酶活性随裸荒地—草本—灌木—乔木植被恢复阶段的推进而逐渐减小。另外,为了解生态恢复过程中土壤微生物功能特征,张超等^[41]采用 Biolog-Eco 微平板法对黄土丘陵区人工灌木、人工草地和天然草地的根际微生物碳源代谢多样性特征进行分析,结果表明,天然草地根际微生物群落代谢功能多样性优于人工灌木和人工草地。在黄土高原微生物群落组成方面,阚尚^[42]等利用磷脂脂肪酸(PLFA)分析了陕西靖边花豹湾聚淤坝地土壤微生物群落结构的变化,结果表明,土壤微生物以细菌为主,约占到 65%~75%,其次为放线菌和真菌。淡静雅等^[43]也对子午岭地区不同植被演替阶段土壤微生物群落组成的研究表明,随着演替的进行,土壤细菌、真菌的数量均呈逐渐上升趋势。Zhang 等、Zeng 等和 Ren 等利用高通量测序技术对细菌进行了分析,揭示了植被恢复中土壤细菌与植物的相互关系。例如,Zhang C 等^[44]研究黄土高原不同时期(0, 10, 25, 35 a)放牧后草原微生物群落的变化结果表明,长期演替过程中,植被

和细菌的演替较土壤真菌的快,植被通过改变土壤理化性质来改变土壤微生物群落的组成。Zeng 等^[45]选取了黄土高原从南到北的植被生态系统(森林、林草、草地、沙地、沙漠生态系统)作为研究对象,研究了土壤性质对土壤微生物群落组成的影响,研究发现土壤细菌(放线菌和变形菌)相对丰度与 pH 值存在显著相关,说明 pH 对土壤细菌群落的影响较大。Ren 等^[46]研究结果表明,在细菌和真菌类群中,降雨量的减少只影响了变形菌门、芽单胞菌门和绿弯菌门的相对丰度,但对革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌、放线菌、丛枝菌根真菌等测序的细菌门没有影响。此外,Cui 等^[47]Sun 等^[48]分别探讨了黄土高原荒漠草原生态过渡带土壤微生物群落结构的变化以及对竞争的响应。综上所述,随着植被的不断恢复演替,土壤养分和结构状况得到改善,从而为土壤微生物的活动提供了良好的环境。微生物生物量总体增加和土壤酶活性不断增大使土壤肥力不断地得到恢复和提高,改善了土壤微生物群落的结构和功能,使得微生物群落从贫营养型向富营养型转变。

2.2.2 不同植被类型土壤微生物特征 不同植被类型土壤微生物量碳、氮含量存在显著差异,黄土高原从南部到北部,微生物量碳、氮含量显著下降^[49-50],土壤微生物生物量符合:天然草地>人工乔、灌木林>农地的规律^[30]。李静等^[51]研究则发现乔灌木与撂荒地相比,土壤微生物量明显提高,人工林加速土壤微生物量提高。土壤微生物量受植被类型及土壤养分等因素的共同影响,不同植被类型下,灌木的土壤微生物碳、氮含量明显高于乔木和人工草地^[52],人工灌木植被恢复对土壤的培肥作用高于乔木和草本植物^[51]。曾全超等^[53]研究证明了在黄土丘陵区,人工刺槐林对土壤碳氮库的增加有一定的作用,但是相对于辽东栎和侧柏等天然次生林有一定的差距。丛怀军等^[54]也得出了相似的研究结果。以刺槐和柠条等为主的植物群落,其根部共生的根瘤菌可以将空气中的无机氮转化为有机氮固定于土壤中,进而改变根区土壤系统的物质组成和肥力水平^[55-56]。混交林在一定程度上可避免纯林凋落物和根系对土壤作用的单一性,对土壤的恢复效果更好。姚小萌等^[57]研究黄土丘陵沟壑区不同植被类型中土壤微生物量碳的变化规律,结果表明,乔木混交林土壤微生物量碳含量最大。Hu 等^[58]研究也表明,林草混合模式对土壤微生物量 C, N 含量的提高较单一植被的效果更好,能有效促进土壤修复。

退化生态系统酶活性受植被恢复措施的影响较大,相对于桃树、侧柏、荆条林,刺槐的酶活性较

高^[52]。与撂荒地相比,乔、灌植被经植被恢复后,其土壤酶活性有所提高,与之相反的是,草本植被脲酶和过氧化氢酶则下降,土壤碱性磷酸酶、蔗糖酶在不同植被类型下均表现为灌木最大,乔木次之,草本最小,脲酶和过氧化氢酶则是乔木最大,草本最小^[51]。速效磷和碱解氮是影响土壤蔗糖酶和碱性磷酸酶酶活性的主要因子,而有机质主要通过间接作用来影响两种酶活性的变化^[59]。脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性随季节的变化其波动较大,蔗糖酶活性随季节的变化呈现先升高后下降的趋势,脲酶、碱性磷酸酶活性的季节性变化表现为先增加后降低再增加再降低^[60]。另外,为了解不同植被类型土壤微生物群落代谢特征,曹永昌等^[61]利用 BIOLOG 微孔板法研究了秦岭山脉的锐齿栎、油松、华山松、松栎混交、云杉的土壤微生物群落代谢特征,结果表明,不同林区土壤微生物功能多样性的顺序为:华山松>锐齿栎 1>油松>云杉>松栎混交>锐齿栎 2,但通常认为阔叶林土壤微生物功能多样性要高于针叶林土壤微生物功能多样性。

在微生物群落结构方面,刘洋等^[62]利用 454 焦磷酸高通量测序方法,分析黄土丘陵区土壤微生物细菌的多样性,研究结果表明,草原植被土壤分布更多的是放线菌门,森林植被土壤分布更多的是变形菌门,并且多样性指数表明草原植被土壤多样性高于森林植被土壤。封晔等^[63]研究 8 种植物根际细菌与丛枝菌根真菌群落多样性及其相互关系,结果表明刺槐根际细菌的 Shannon 指数最高,垂柳最低,根际 AMF 的 Shannon 指数最高为小叶杨,最低为沙棘,因此刺槐可作为黄土高原区植被恢复的先锋树种。

不同植被类型对土壤生物质量改善效果不同。总体来说,混交林作用效果最好,刺槐和柠条纯林次之,荒草地和油松纯林较差^[20]。混合植被种类丰富且根系多,土壤微生物种类明显增加,同时也增加了凋落物资源的异质性,可以满足不同种类土壤微生物的营养需求,因而土壤微生物酶活性及微生物量增加。故建议当地退耕还林应以混交林为主,对提高土壤肥力和质量效果最好。

3 未来研究应开展的重点工作

本文基于 Citespace 知识图谱对黄土高原植被恢复过程中土壤微生物演变的文献量、研究热点及趋势、被引频次、研究结果进行全面分析。①从数量上看,国内外论文发表数量总体上呈明显上升趋势,说明关于植被恢复过程中土壤微生物如何演变的研究逐步受到学术界的重视,对其针对性的研究逐渐增

多。②从研究热点上看,国内的研究热点为“土壤微生物”、“植被恢复”、“微生物生物量”、“土壤有机碳”、“土壤养分”以及“土壤质量”,国外的研究热点为“bacterial community”,“vegetation restoration”,“microbial community”,“soil property”,“organic carbon”,说明国内外研究热点基本上是相同的。③从被引频次上看,外文文献的引用频次明显低于中文文献的引用频次。我国在国际上发表英文文献在时间上的滞后是影响文献被引用的次数的主要原因。

迄今,关于黄土高原植被恢复过程中土壤微生物演变的研究已有相当丰富的研究成果,综合前文的分析结果,认为未来的研究应关注以下几方面:

(1) 关于植被恢复过程中土壤微生物的群落演变已有大量研究,但主要集中于不同植被恢复模式对土壤微生物群落变化及其与植被群落、土壤酶活性和理化性质的关系,而土壤关键微生物对植被生态重建的响应及其机制尚不清楚^[64]。因此,今后还需要加强对植被恢复过程中土壤微生物群落关键的识别、碳氮磷循环微生物的研究,以期为今后的退耕还林还草过程的实施提供科学的理论指导。

(2) 在全球气候变化(增温、氮沉降、降雨)的环境下,生态系统的不稳定性可能增高,敏感的生态系统以及生存其中的微生物都会受到影响。降水格局、地表温度、土壤盐分的改变都会引起微生物的群落组成和功能多样性的改变,从而使整个生态系统也受到影响。目前对于全球变化对黄土高原微生物群落影响的研究相对缺乏,因此开展这方面工作对于完善整个生态系统有着重要意义。

[参 考 文 献]

- [1] 张超,刘国彬,薛蕙,等. 黄土丘陵区不同植被根际土壤微量元素含量特征[J]. 应用生态学报, 2012, 23(3): 645-650.
- [2] Hu Hangwei, Xu Zhihong, He Jizheng. Ammonia-Oxidizing Archaea Play a Predominant Role in Acid 3Soil Nitrification [M]. Elsevier Science & Technology, 2014.
- [3] 邢肖毅,黄懿梅,安韶山,等. 黄土丘陵区不同植被土壤氮素转化微生物生理群特征及差异[J]. 生态学报, 2013, 33(18): 5608-5614.
- [4] Fierer N, Jackson R B. The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, 103(3): 626-31.
- [5] Liu Junjie, Sui Yueyu, Yu Zhenhua, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of

- northeast China[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 70(2):113-122.
- [6] Liu Wenhui, Zhu Jiaojun, Jia Quanquan, et al. Carbon sequestration effects of shrublands in Three-North Shelterbelt Forest region, China [J]. *Chinese Geographical Science*, 2014, 24(4):444-453.
- [7] Walker T S, Bais H P, Grotewold E, et al. Root exudation and rhizosphere biology [J]. *Plant Physiology*, 2003, 132(1):44.
- [8] 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.
- [9] 刘桂婷,程林,王保莉,等. 长期不同施肥对黄土旱塬黑垆土氨氧化细菌多样性的影响[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(13):2706-2714.
- [10] 安韶山,张扬,郑粉莉. 黄土丘陵区土壤团聚体分形特征及其对植被恢复的响应[J]. *中国水土保持科学*, 2008, 1(2):66-70.
- [11] Zhang Chao, Liu Guobin, Song Zilin, et al. Natural succession on abandoned cropland effectively decreases the soil erodibility and improves the fungal diversity [J]. *Ecological Applications*, 2017, 27(7):2142-2154.
- [12] 温仲明,焦峰,刘宝元,等. 黄土高原森林草原区退耕地植被自然恢复与土壤养分变化[J]. *应用生态学报*, 2005, 16(11):2025-2029.
- [13] 杨亚辉,赵文慧,木热提江·阿不拉,等. 不同植被对土壤理化性质影响:以王东沟小流域为例[J]. *水土保持通报*, 2016, 36(1):249-252.
- [14] Zhang Tong, Shao Mingfei, Ye Lin. 454 pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants [J]. *Isme Journal*, 2012, 6(6):1137-1147.
- [15] 张影,巩杰,马学成,等. 基于文献计量的近 20 多年来土地利用对土壤有机碳影响研究进展与热点[J]. *土壤通报*, 2016, 47(2):480-488.
- [16] 祝薇,向雪琴,侯丽朋,等. 基于 Citespace 软件的生态风险知识图谱分析[J]. *生态学报*, 2018, 38(12):4504-4515.
- [17] 荆延德,樊蕊. 基于 CNKI 和 WOS 的非点源污染模型的研究热点及趋势分析[J]. *生态学报*, 2017, 38(11): 4077-4087.
- [18] 曲国辉,郭继勋. 松嫩平原不同演替阶段植物群落和土壤特性的关系[J]. *草业学报*, 2003, 12(1):18-22.
- [19] 欧阳学军,黄忠良,周国逸,等. 鼎湖山亚热带森林群落演替对土壤化学性质影响的累积效应研究[J]. *水土保持学报*, 2003, 17(4):51-54.
- [20] 杨宁,邹冬生,杨满元,等. 紫色土丘陵坡地植被恢复过程中土壤微生物生物量碳、微生物熵的变化[J]. *水土保持通报*, 2014, 34(5):39-43.
- [21] 吴建峰,林先贵. 土壤微生物在促进植物生长方面的作用[J]. *土壤*, 2003, 35(1):18-21.
- [22] 赵彤,闫浩,蒋跃利,等. 黄土丘陵区植被类型对土壤微生物量碳氮磷的影响[J]. *生态学报*, 2013, 33(18): 5615-5622.
- [23] Zhang Chao, Liu Guobin, Xue Sha, et al. Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2016, 97: 46-49.
- [24] Heinze S, Oltmanns M, Joergensen R G, et al. Changes in microbial biomass indices after 10 years of farmyard manure and vegetal fertilizer application to a sandy soil under organic management [J]. *Plant & Soil*, 2011, 343(1/2):221-234.
- [25] 从怀军,成毅,安韶山,等. 黄土丘陵区不同植被恢复措施对土壤养分和微生物量 C,N,P 的影响[J]. *水土保持学报*, 2010, 24(4):217-221.
- [26] Hu Yufu, Peng Jiajia, Yuan Shu, et al. Influence of ecological restoration on vegetation and soil microbiological properties in Alpine-cold semi-humid desertified land [J]. *Ecological Engineering*, 2016, 94(1):88-94.
- [27] Arunachalam A, Pandey H N. Ecosystem restoration of Jhum fallows in Northeast India: Microbial C and N along altitudinal and successional gradients [J]. *Restoration Ecology*, 2003, 11(2):168-173.
- [28] 薛莲,刘国彬,戴全厚,等. 不同植被恢复模式对黄土丘陵区侵蚀土壤微生物量的影响[J]. *自然资源学报*, 2007, 22(1):20-27.
- [29] 胡婵娟,刘国华,陈利顶,等. 黄土丘陵沟壑区坡面上土壤微生物生物量碳、氮的季节变化[J]. *生态学杂志*, 2011, 30(10):2227-2232.
- [30] 赵彤,闫浩,蒋跃利,等. 黄土丘陵区植被类型对土壤微生物量碳氮磷的影响[J]. *生态学报*, 2013, 33(18): 5615-5622.
- [31] 吴建平,韩新辉,许亚东,等. 黄土丘陵区不同植被类型下土壤与微生物 C,N,P 化学计量特征研究[J]. *草地学报*, 2016, 24(4):783-792.
- [32] 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.
- [33] 向泽宇,王长庭,宋文彪,等. 草地生态系统土壤酶活性研究进展[J]. *草业科学*, 2011, 28(10):1801-1806.
- [34] Boerner R E J, Brinkman J A, Smith A. Seasonal variations in enzyme activity and organic carbon in soil of a burned and unburned hardwood forest [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 37(8):1419-1426.
- [35] 罗蓉,杨苗,余旋,等. 沙棘人工林土壤微生物群落结构及酶活性的季节变化[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(4):

- 1163-1169.
- [36] 姬秀云,李玉华. 黄土高原植被恢复对不同粒径土壤团聚体中酶活性的影响[J]. 水土保持通报, 2018, 38(1): 24-28, 35.
- [37] 张笑培,杨改河,王得祥,等. 黄土高原沟壑区不同植被恢复模式对土壤生物学特性的影响[J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版, 2008, 36(5): 149-154.
- [38] 赵燕娜,廖超英,李晓明,等. 毛乌素沙地不同林龄樟子松人工林土壤酶活性变化特征[J]. 西北林学院学报, 2014, 29(2): 1-5.
- [39] 李林海,邱莉萍,梦梦. 黄土高原沟壑区土壤酶活性对植被恢复的响应[J]. 应用生态学报, 2012, 23(12): 3355-3360.
- [40] 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.
- [41] 张超,刘国彬,薛蕙,等. 黄土丘陵区不同植被类型根际微生物群落功能多样性研究[J]. 草地学报, 2015, 23(4): 710-717.
- [42] 阚尚,李福春,田智宇,等. 陕西靖边花豹湾聚淤坝地土壤微生物群落结构特征及其影响因子[J]. 土壤, 2016, 48(2): 291-297.
- [43] 淡静雅,梁健,王静,等. 子午岭土壤可培养微生物对植被演替的响应[J]. 水土保持通报, 2011, 31(2): 82-87.
- [44] Zhang Chao, Liu Guobin, Song Zilin, et al. Interactions of soil bacteria and fungi with plants during long-term grazing exclusion in semiarid grasslands [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 124: 47-58.
- [45] Zeng Quanchao, Dong Yanghong, An Shaoshan. Bacterial community responses to soils along a latitudinal and vegetation gradient on the Loess Plateau, China [J]. *Plos One*, 2016, 11(4): e0152894.
- [46] Ren Chengjie, Chen Ji, Lu Xingjie, et al. Responses of soil total microbial biomass and community compositions to rainfall reductions [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 116: 4-10.
- [47] Cui Yongxing, Fang Linchuan, Guo Xiaobin, et al. Responses of soil microbial communities to nutrient limitation in the desert-grassland ecological transition zone [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 642: 45-55.
- [48] Youfeng N, Weiguo L, Zhisheng A. A 130-ka reconstruction of precipitation on the Chinese Loess Plateau from organic carbon isotopes [J]. *Palaeogeography Palaeoclimatology Palaeoecology*, 2008, 270(1): 59-63.
- [49] 党亚爱,李世清,王国栋,等. 黄土高原典型土壤有机碳和微生物碳分布特征的研究[J]. 自然资源学报, 2007, 22(6): 936-945.
- [50] 党亚爱,李世清,王国栋,等. 黄土高原典型土壤全氮和微生物氮剖面分布特征研究[J]. 植物营养与肥料学报, 2007, 13(6): 1020-1027.
- [51] 李静,蔚晓燕,唐明. 黄土高原纸坊沟流域不同植物对土壤微生物生物量和土壤酶活性的影响[J]. 西北植物学报, 2013, 33(2): 387-393.
- [52] 蒋跃利,赵彤,闫浩,等. 黄土丘陵区不同土地利用方式对土壤微生物量碳氮磷的影响[J]. 水土保持通报, 2013, 33(6): 62-68.
- [53] 曾全超,李鑫,董扬红,等. 黄土高原不同乔木林土壤微生物量碳氮和溶解性碳氮的特征[J]. 生态学报, 2015, 35(11): 3598-3605.
- [54] 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(6): 1370-1375.
- [55] 翟辉,张海,邱梅,等. 黄土高原退耕坡地不同类型林分土壤生物学活性的研究[J]. 西北林学院学报, 2016, 31(4): 33-38.
- [56] Deng Lei, Shangguan Zhouping, Rui Li. Effects of the grain-for-green program on soil erosion in China [J]. *International Journal of Sediment Research*, 2012, 27(1): 120-127.
- [57] 姚小萌,周正朝,王凯博,等. 黄土丘陵沟壑区天然植被恢复类型对土壤微生物碳的影响[J]. 干旱区研究, 2016, 33(6): 1287-1293.
- [58] Hu Chanjuan, Fu Bojie, Liu Guohua, et al. Vegetation patterns influence on soil microbial biomass and functional diversity in a hilly area of the Loess Plateau, China [J]. *Journal of Soils & Sediments*, 2010, 10(6): 1082-1091.
- [59] 杨晓娟,廖超英,李晓明,等. 榆林沙区樟子松林土壤酶活性与土壤化学性质的通径分析[J]. 干旱区资源与环境, 2013, 27(9): 109-112.
- [60] 景宇鹏,李跃进,年佳乐,等. 土默川平原不同盐渍化土壤酶活性特征的研究[J]. 生态环境学报, 2013(9): 1538-1543.
- [61] 曹永昌,谭向平,和文祥,等. 秦岭地区不同林分土壤微生物群落代谢特征[J]. 生态学报, 2016, 36(10): 2978-2986.
- [62] 刘洋,黄懿梅,曾全超. 黄土高原不同植被类型下土壤细菌群落特征研究[J]. 环境科学, 2016, 37(10): 3931-3938.
- [63] 封晔,唐明,陈辉,等. 黄土高原六道沟流域 8 种植物根际细菌与 AMF 群落多样性研究[J]. 环境科学, 2012, 33(1): 314-322.
- [64] 赵婷,张义,赵伟,等. 退耕还林还草工程对土壤微生物和土壤酶影响的研究进展[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(1): 9-14.