农业资源与环境学报 CSCD核心期刊 中文核心期刊 中国科技核心期刊
JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT
欢迎投稿 http://www.aed.org.cn

吕梁山区红枣林生态转型模式对土壤微生物功能多样性的影响

沐春恒, 李嘉琦, 黄富超, 殷海善, 王改玲

引用本文:
沐春恒, 李嘉琦, 黄富超, 等. 吕梁山区红枣林生态转型模式对土壤微生物功能多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2025, 42(6): 1658−1667.

在线阅读 View online: https://doi.org/10.13254/j.jare.2024.0800

沐春恒, 李嘉琦, 黄富超, 等. 吕梁山区红枣林生态转型模式对土壤微生物功能多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2025, 42(6): 1658-1667.

MU C H, LI J Q, HUANG F C, et al. Effects of ecological transition model of jujube forest on soil microbial functional diversity in Lvliang Mountain area[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2025, 42(6): 1658-1667.

开放科学 OSID

吕梁山区红枣林生态转型模式对土壤微生物功能多样性的影响

沐春恒[1], 李嘉琦[1], 黄富超[1], 殷海善[2], 王改玲[1*]

(1.山西农业大学资源环境学院, 山西 太谷 030801; 2.山西农业大学农业经济管理学院, 山西 太谷 030801)

摘 要:通过分析吕梁山区红枣经济林不同生态转型模式下土壤微生物功能多样性,为红枣经济林生态转型的可持续发展提供理论依据和实践参考,本研究采用Biolog-Eco微孔板技术,选取4种典型红枣林生态转型模式:补植油松(CP)、补植侧柏(PO)、补植苜蓿(AL)、补植药材(MM),以红枣林自然撂荒(CK)为研究对象,分析不同生态转型模式下土壤微生物的碳源代谢以及多样性指数特征。结果表明,与CK相比,CP、PO、MM和AL均显著提高了土壤微生物的碳源代谢活性,其中CP处理最高。对糖类、醇类、胺类和羧酸类利用最强的为PO,对氨基酸类和酯类利用最强的为CP,CK对6类碳源利用都表现最弱。不同生态转型模式下土壤均显著(P<0.05)提高了微生物对6类碳源的利用能力。CP处理土壤微生物的Simpson指数(0.94)、McIntosh指数(4.99)和碳源利用丰富度指数(19.01)均为最高,PO处理Shannon指数(2.91)为最高。相关性分析和偏最小二乘路径模型分析表明,土壤微生物功能多样性与土壤pH呈显著负相关(P<0.05),与土壤有机碳、微生物量碳以及全磷含量呈正相关(P<0.05)。有机物质输入量影响了土壤SOC和TN含量,进而影响不同生态转型模式土壤微生物对碳源利用能力和功能多样性指数。研究表明,红枣林中补植不同植被均提高土壤微生物的碳源代谢和多样性指数,其中补植油松、侧柏模式的效果优于补植苜蓿和药材。

关键词:红枣林;生态转型;微生物碳源利用;多样性指数

中图分类号:S154.3;X172 **文献标志码**:A **文章编号**:2095-6819(2025)06-1658-10 **doi**: 10.13254/j.jare.2024.0800

Effects of ecological transition model of jujube forest on soil microbial functional diversity in Lvliang Mountain area

MU Chunheng[1], LI Jiaqi[1], HUANG Fuchao[1], YIN Haishan[2], WANG Gailing[1*]

(1. College of Resources and Environment, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China; 2. College of Economics and Management, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, China)

Abstract: By studying the functional diversity of soil microorganisms under different ecological transition modes of red jujube economic forests in Lvliang Mountainous area, we can provide theoretical basis and practical reference for the sustainable development of ecological transition of red jujube economic forests. In this study, Biolog-Eco microtiter plate technology was used to select four typical ecological transition modes: replanting of red date palm forest with Chinese pine (CP), replanting of cypress (PO), replanting of alfalfa (AL), and replanting of medicinal herbs (MM), and to analyze the carbon metabolism of soil microorganisms as well as the characteristics of diversity indexes under different ecological transition modes with the natural abandonment of red date palm forests (CK) as the object of the study. The results showed that CP, PO, MM and AL significantly increased the carbon source metabolic activity of soil microorganisms compared with CK, with CP treatment being the highest. The strongest utilization of sugars, alcohols, amines and carboxylic acids was PO, the strongest utilization of amino acids and esters was CP, and CK was the weakest utilization of all six types of carbon sources. Different

收稿日期:2024-10-12 **录用日期**:2024-12-27

作者简介:沐春恒(1999—),男,贵州毕节人,硕士研究生,研究方向为矿区复垦与土壤微生物活性。E-mail:3055463135@qq.com

***通信作者**:王改玲 E-mail:gailingwang@qq.com

基金项目:山西省自然科学基金面上项目(202203021211264)

Project supported: Shanxi Provincial Natural Science Foundation Project(202203021211264)

ecological transition model soils significantly (P<0.05) increased the ability of microorganisms to utilize six types of carbon sources cypress. Simpson′s index (0.94), McIntosh′s index (4.99) and carbon source utilization richness index (19.01) were highest for soil microorganisms for the CP treatment and Shannon′s index (2.91) was highest for the PO treatment. Correlation analysis and partial least squares path modeling showed that soil microbial functional diversity was significantly negatively correlated (P<0.05) with soil pH and positively correlated (P<0.05) with soil organic carbon, microbial mass carbon, and total phosphorus content. Organic matter inputs affected soil SOC and TN content, which in turn affected the ability of soil microorganisms to utilize carbon sources and functional diversity indices in different ecological transition modes. The replanting of different vegetation in jujube groves improve the carbon source metabolism and diversity indices of soil microorganisms, in which the replanting of Chinese pine and cypress models is better than the replanting of alfalfa and medicinal herbs.

Keywords: jujube forest; ecological transformation; microbial carbon source utilization; diversity index

退耕还林（草）工程是将易造成水土流失的坡耕地停止耕种，因地制宜地造林种草，恢复植被的转型过程[1-2]。黄土高原是我国水土流失最严重的区域之一。我国黄土高原地区退耕还林工程，已被视为全球环境退化地区有效的环境管理实践。研究表明，植被恢复有助于改善土壤物理性质，同时对土壤养分循环、微生物生理活动有着至关重要的影响[3-4]。土壤微生物在土壤形成与发育、物质转化和能量传递等过程中发挥着重要作用，是评价土壤肥力的重要指标之一[5]。土壤微生物的多样性，尤其是功能多样性在维持土壤健康和质量方面有着不可替代的作用[6]。

近年来，植被恢复过程中土壤微生物功能多样性的变化逐渐成为研究的热点[7-8]。植被通过自身产生的凋落物以及根系分泌物为土壤微生物提供碳源，改变了土壤微环境[9]，从而影响土壤微生物组成[7]。研究发现，黄土高原地区乔木林地土壤微生物对碳源代谢活性高于灌木林地[10]，单一林地低于混交林地，林地大于非林地[11]。Wang等[12]研究发现，土壤微生物对碳源代谢活性随着种植密度的增加而降低。土壤理化性质，如pH、有机质含量等亦是影响土壤微生物功能多样性的重要因素[13-15]。

黄土高原地区是我国最大的红枣生产区，同时也是我国典型的生态脆弱地区[16]，其中吕梁山区拥有13.3万 hm^2红枣经济林。然而，随着社会经济的发展和劳动成本的提高，红枣的经济效益明显下降，导致一些红枣经济林被撂荒。吕梁市已将退化红枣林纳入退耕还林范围[17]，在红枣林中补种其他植物，实施了经济林向生态林转型。对于黄土高原生态转型的研究大多集中于土壤微生物量及土壤理化指标等方面[18-19]，生态转型模式下土壤微生物对功能多样性的影响尚不清楚。本研究基于Biolog-Eco技术，选取红枣林补植油松、补植侧柏、补植苜蓿和补植药材4种生态转型模式，并以自然撂荒作为对照，研究不同生态转型模式下土壤微生物的碳源代谢活性、多样性指数及其土壤理化性质之间的关系，旨在探讨不同生态转型模式下土壤微生物的碳源代谢差异和变化规律，为红枣经济林生态转型的可持续发展提供理论依据和实践参考。

1 材料与方法

1.1 研究区域

研究区位于山西省吕梁市临县，地处37°35′52″~38°14′19″ N，110°39′40″~111°18′02″ E之间，属温带大陆性半干旱气候，海拔796.8~912.2 m，年均气温8.8 ℃，年均降水量518.8 mm，主要集中于夏季[20]。土壤类型主要由黄绵土（钙质甘比土，FAO分类）组成，由风吹黄土沉积物发育而成[21]。

1.2 研究方法

1.2.1 样地设置和采样

本研究于2023年10月选取坡度、坡向和海拔相近的5种枣林生态转型模式样地，分别为红枣林补植油松（CP）、补植侧柏（PO）、补植苜蓿（AL）、补植药材（MM）和撂荒枣林地（CK）进行样品采集。其中红枣林年限都为20年以上，转型前枣树不去除，补植的植物和撂荒年限均为6年，撂荒和转型以后均为自然生长，无施肥、无人为干预。生态转型前，枣林密度为600株·hm^{-2}，株距3 m、行距5 m，枣林补植油松和侧柏采用行内隔株补种，枣树与油松和侧柏的株数比例均为1∶3，药材和苜蓿采用穴播，播种密度为9穴·m^{-2}，撂荒（CK）不采取任何管理措施，任杂草自由生长。样地基本特征见表1。

每个样地内分别设置3个20 m×20 m的样方。采用“S”型五点采样法采集样方0~20 cm土层土壤，混合后按4分法取样。采集后的土壤先剔除植物凋落物，一份装入有冰袋的保温箱中带回实验室用于分析土壤微生物代谢活性和微生物量碳，一份自然风干后用

表1 样地基本情况

Table 1 Basic situation of sample plot

处理 Treatment	地理坐标 Geographical coordinate	海拔 Altitude/m	坡度 Slope/(°)	坡向 Aspect of slope	郁闭度 Canopy density	优势草种 Dominant grass species	优势树种 Dominant tree specy
CP	37°43′12″N、110°53′39″E	843.4	12	半阳	0.7	龙葵 *Solanum nigrum* 牛筋草 *Goosegrass*	枣树 Jujube 油松 Chinese pine
PO	37°43′43″N、110°54′2″E	912.2	10	阳	0.6	芒草 *Miscanthus sinensis* 狗娃花 *Aster hispidus*	枣树 Jujube 侧柏 Cypress
MM	38°02′15″N、110°31′39″E	891.5	11	半阳	0.7	黄芩 *Scutellaria baicalensis Georgi* 柴胡 *Radix bupleuri*	枣树 Jujube
AL	37°44′37″N、110°45′48″E	796.8	13	阳	0.8	车前草 *Asiatic plantain herb* 矮蒿 *Artemisia nana*	枣树 Jujube
CK	38°02′24″N、110°31′58″E	906.5	16	半阳	0.3	铁杆蒿 *Artemisia sacrorum* 狗娃花 *Aster hispidus*	枣树 Jujube

于理化性质测定，另外用环刀采集原状土样用于容重的测定。每个样地内分别设置3个1 m×1 m的样方收集枯落物、地上草本植物和地下0~20 cm根系，烘干法测定各部分总生物量，以此代表有机物质输入量。

1.2.2 土壤性质分析

土壤理化指标参照鲍士旦[22]的方法测定：pH采用水浸提电位法；土壤有机碳（SOC）采用重铬酸钾外加热法；全氮（TN）采用凯氏定氮法；全磷（TP）采用钼锑钪比色法；有效氮（AN）测定采用碱解扩散法；有效磷（AP）采用碳酸氢钠-钼锑比色法；土壤容重（BD）采用烘干法；土壤微生物量碳（MBC）采用氯仿熏蒸-K_2SO_4浸提法[23]。

1.2.3 土壤微生物功能多样性的测定

采用96孔Biolog-ECO平板法测定土壤微生物功能多样性，参照Govaerts等[24]的方法，称取10 g鲜土，混合90 mL 0.85%无菌NaCl溶液，在室温下摇匀30 min。将上清液稀释1 000倍，吸取150 μL接种到ECO板中。接种完成后，ECO板于恒温培养箱中25 ℃培养，用酶标仪（Tecan Austria GmbH）测定OD值，测定波长为595 nm。前3 d每隔12 h测一次，之后每隔24 h测一次，连续测10 d。每个Biolog-ECO板中设有3个重复，每个重复有31种单一碳源及一个空白对照，以平均颜色变化率（*AWCD*）表征微生物对碳源的利用水平。

*AWCD*是表征土壤微生物对碳源利用能力的重要指标[11]。计算公式如下：

$$AWCD=\sum[(C_i-R)/31]$$

采用72 h的OD值计算土壤微生物功能多样性指数，包括McIntosh指数（U）、Shannon指数（H'）、Simpson指数（D）、碳源利用丰富度指数[15]。计算公式如下：

$$U=\sqrt{\left(\sum n_i^2\right)}$$

$$H'=-\sum\left(P_i\times\ln P_i\right)$$

$$D=1-\sum P_i^2$$

碳源利用丰富度指数：$S=N$

式中：C_i为各碳源在595 nm处的OD值；R为对照孔OD值；$n_i=C_i-R$；P_i表示第i个孔的OD值校正值（负值归零）与所有孔的总OD值的比值；N为吸光值≥0.25所有微孔的总和。

1.3 数据分析

采用Excel 2010对数据进行处理，采用SPSS 26.0软件进行单因素方差分析。通过Pearson相关分析确定土壤微生物的功能多样性指数与碳源利用能力、土壤性质之间的相关关系。用OmicShare软件进行聚类热图比较不同处理土壤微生物的碳源代谢情况，采用偏最小二乘路径模型（PLS）揭示影响土壤微生物功能多样性的关键因子。采用Origin 2021绘图。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物的碳源代谢活性

不同生态转型模式下土壤微生物对碳源的代谢活性（*AWCD*）随培养时间的延长而增大（图1）。在最初的24 h变化不明显，24 h之后迅速增大，72 h后增速明显变缓，144 h后步入平稳期。除CK外，*AWCD*整体呈现“S”形增长趋势。各样地中CP的*AWCD*值最大，最大值为1.25，CK最低，最大值仅为0.23。第3~10天的*AWCD*始终表现为CP>AL>PO>MM>CK，通过方差分析发现4种转型模式显著高于CK（$P<0.05$）。

2.2 土壤微生物对碳源的综合利用

根据碳源的生化性质，Biolog-ECO中的31种碳

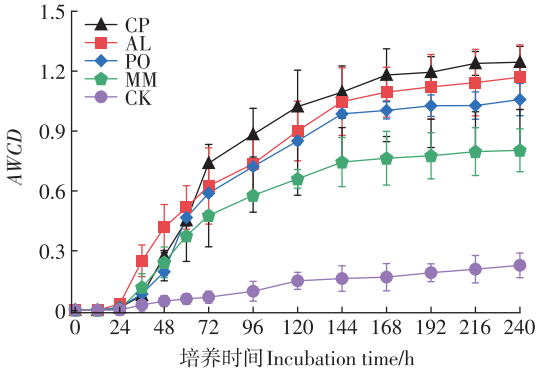


图1 不同生态转型模式土壤微生物平均颜色变化率

Figure 1 *AWCD* of soil community in different ecological transition models

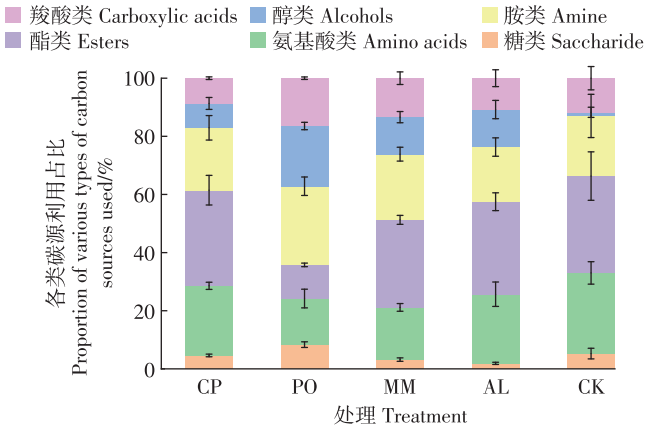


图2 不同生态转型模式土壤微生物对六类碳源利用占比

Figure 2 Utilization of six types of carbon sources by soil microorganisms in different ecological transition models

源可分为6类：羧酸类、氨基酸类、酯类、醇类、胺类和糖类。72 h后所有处理*AWCD*与之前比较相对平稳，能较准确地反映微生物总体生长情况（图1）。因此，选取72 h时土壤*AWCD*值来进一步分析土壤微生物对6类碳源的利用情况。结果（表2）表明，PO处理中土壤微生物对糖类、醇类、胺类和羧酸类碳源利用最强，CP处理中微生物对氨基酸类和酯类的利用最强，CK对6类碳源利用均为最低。CP、AL、MM和CK处理对酯类利用较高（图2），分别占了33%、32%、30%和33%；PO对胺类利用所占比例最高，为27%。除CK对醇类利用最低外，其他4个样地利用最低都为糖类。

2.3 土壤微生物功能多样性指数

从图3可以看出，CP处理的McIntosh指数显著高于CK和MM（$P<0.05$），PO处理的Shannon指数显著高于AL和CK，CP、PO、AL、MM处理的Simpson指数之间差异不显著，但与CK之间存在显著差异（$P<0.05$）。碳源利用丰富度指数最大为CP处理，与MM、AL和CK之间存在显著差异（$P<0.05$）。与CK相比，不同生态转型模式下土壤微生物的多样性指数都得到了显著提高（$P<0.05$）。

2.4 碳源利用的主成分分析

对培养72 h碳源的OD值进行主成分分析，PC1对碳源利用的贡献率为67.6%，PC2为24.0%（图4）。在排序图中，CP、PO、AL、MM和CK都位于不同象限，表明不同生态转型土壤微生物对碳源利用存在较大差异，CK与其他样地之间差异最显著。在6类碳源中，酯类、氨基酸类和胺类位于第一象限，羧酸类、醇类和糖类处于第二象限。在同一象限说明碳源之间关联越强。

31种碳源在PC1和PC2上的载荷系数如表3所示。碳源载荷值越大，表明该碳源对主成分的贡献越显著。对PC1贡献较大（以载荷绝对值>0.6）的碳源有22种，包括糖类（6种）、氨基酸类（4种）、酯类（4种）、醇类（1种）、胺类（2种）和羧酸类（5种）。对PC2贡献较大的碳源有16种，包括糖类（4种）、氨基酸类（5种）、酯类（3种）、醇类（1种）、胺类（1种）和羧酸类（2种）。

2.5 土壤微生物对碳源利用能力的双向聚类分析

由双向聚类热图（图5）可以看出，就纵向聚类而

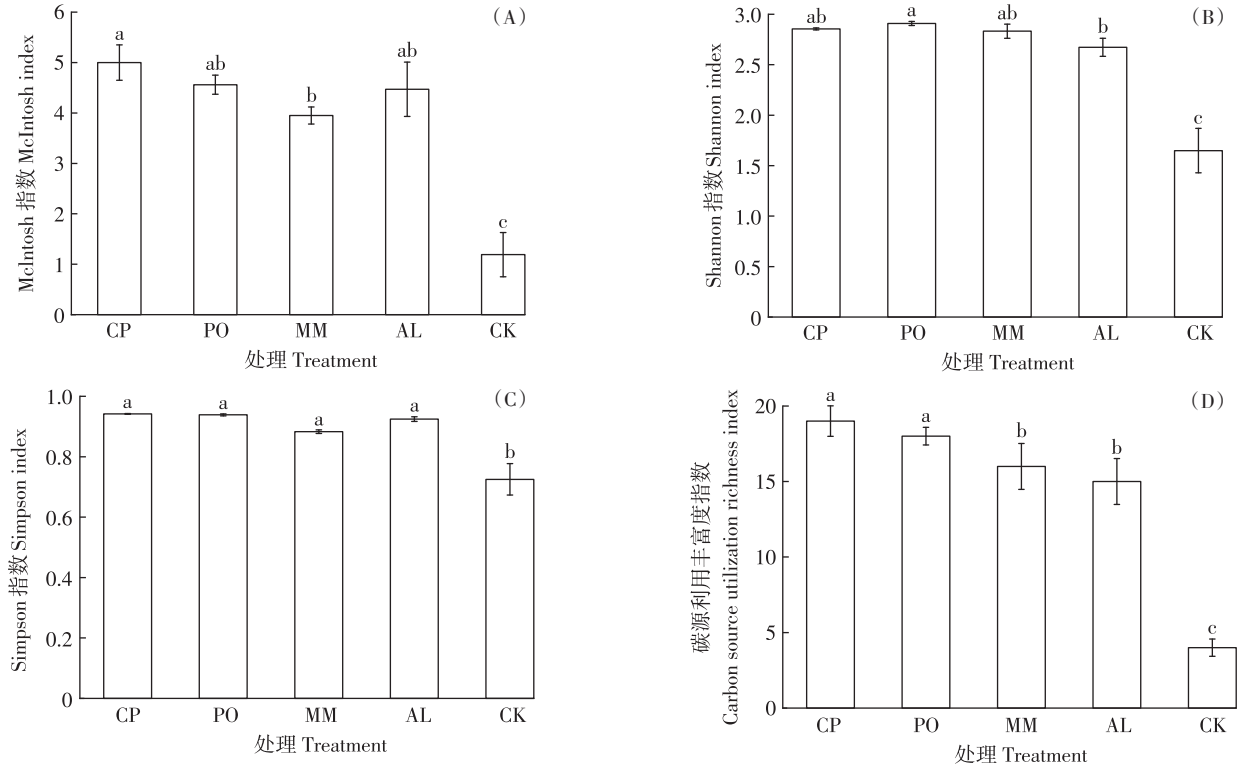
表2 不同生态转型模式土壤微生物对碳源利用强度

Table 2 Soil microorganism utilization intensity of carbon source of different ecological transition models

处理 Treatment	糖类 Saccharide	氨基酸类 Amino acids	酯类 Esters	醇类 Alcohols	胺类 Amine	羧酸类 Carboxylic acids
CP	0.17±0.02b	0.90±0.05a	1.24±0.19a	0.32±0.07b	0.81±0.15ab	0.33±0.02b
PO	0.32±0.04a	0.61±0.12bc	0.45±0.02c	0.80±0.05a	1.05±0.12a	0.64±0.02a
MM	0.10±±0.02bc	0.59±0.04c	0.98±0.05b	0.42±0.06b	0.74±0.07bc	0.44±0.07b
AL	0.07±0.01cd	0.84±0.14b	1.13±0.11b	0.46±0.11b	0.57±0.11c	0.38±0.10b
CK	0.02±0.01d	0.12±0.01d	0.14±0.03d	0.01±0.01c	0.09±0.03d	0.05±0.01c

注：表中数据为平均值±标准差，同一列数据后不同小写字母代表不同处理之间的差异显著（$P<0.05$）。下同。

Note: Data in the table are mean±standard deviation. Different lowercase letters following the same column indicate a significant difference among the various treatments ($P<0.05$). The same below.



柱上不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。

Different lowercase letters above the bars indicate significant differences among treatments(P<0.05).

图3 不同生态转型模式土壤微生物的功能多样性指数

Figure 3 Soil microbial functional diversity index of different models of ecological transition

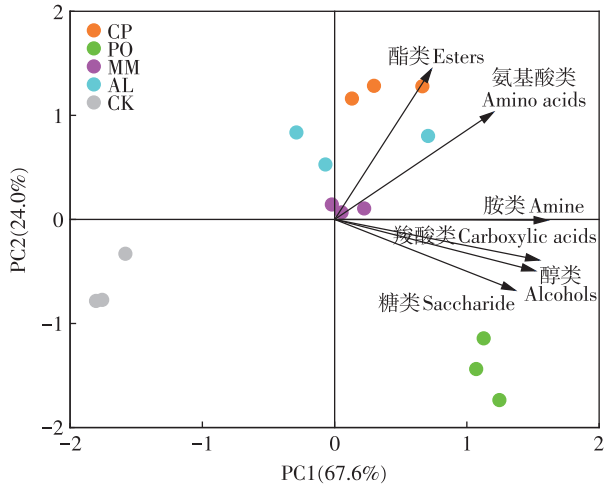


图4 不同生态转型模式土壤微生物碳源利用的PC排序

Figure 4 PC ranking of soil microbial carbon source utilization in different ecological transformation models

言,5个样地可聚为2簇,其中CK为一簇,CP、MM、AL、PO为另一簇。而CP、MM、AL和PO这一簇进一步细分为3个亚簇,其中PO和AL各自形成一个亚簇,CP和MM则共同组成一个亚簇。第2簇(CP、MM、AL、PO)对碳源的利用活性明显强于CK这一簇。

就横向聚类而言,各样地土壤微生物对31种碳源的利用也存在较大差异,CP样地对吐温40、吐温80等碳源利用较强,AL样地对D-甘露醇等碳源利用较强,PO样地对D-葡萄胺酸利用较强等,而CK除了对D-木糖碳利用较强以外,对其他碳源利用能力均很弱。补种植物可显著提高(P<0.05)土壤微生物对碳源利用能力。

2.6 土壤性质、有机物质输入量与微生物功能多样性的相关性分析

由表4可知,CP处理土壤有机碳、全氮、全磷和有效磷含量显著高于其他样地,CP和AL碱解氮含量显著高于其他样地(P<0.05)。各样地土壤均呈碱性,其中CK土壤pH值最高,为8.42;CP最低,为8.28,且各样地之间具有显著性差异。土壤容重PO最小,为1.26 g·cm^{-3};AL最大,为1.41 g·cm^{-3},各样地之间不显著。CP土壤微生物量碳含量最高,显著高于AL、MM和CK。CP和PO处理的有机物质输入量(B)显著高于MM、AL和CK处理。总体来说,与CK相比,生态转型提高了土壤养分含量,尤其是CP和PO模式较显著(P<0.05)。

表3　31种碳源在PC1和PC2上的载荷系数

Table 3　Loading coefficients of the 31 carbon sources on PC1 and PC2

碳源类型 Carbon source type	碳源 Carbon source	PC1	PC2
糖类	α-环式糊精	−0.626	−0.717
	肝糖	−1.039	0.715
	D-纤维二糖	−0.737	0.473
	α-D-乳糖	−0.898	−0.481
	β-甲基D-葡萄糖苷	−0.773	−0.692
	D-木糖	−1.022	−0.042
	α-葡萄糖-1-磷酸盐	−0.385	−0.944
氨基酸类	L-精氨酸	1.401	0.241
	L-天冬酰胺	1.002	2.152
	L-苯丙氨酸	0.403	−1.271
	L-丝氨酸	1.591	−0.812
	L-苏氨酸	−0.879	−0.653
	L-谷氨酸	−0.281	−0.733
酯类	丙酮酸甲基脂	1.687	−0.302
	吐温40	1.028	1.927
	吐温80	1.418	−0.896
	D-半乳糖内酯	1.809	−1.571
醇类	I-赤藻糖醇	−1.023	0.546
	D-甘露醇	0.598	0.382
	D,L-α-甘油	−0.545	−0.664
胺类	N-乙酰基葡糖胺	0.441	1.784
	苯乙胺	−1.131	0.254
	腐胺	0.986	0.072
羧酸类	D-葡萄胺酸	−0.054	0.589
	D-半乳糖醛酸	−0.885	−0.341
	2-羟苯甲酸	−0.953	−0.530
	4-羟基苯甲酸	1.156	−0.419
	γ-羟基丁酸	0.064	2.415
	衣康酸	−0.664	−0.055
	α-丁酮酸	−1.408	0.573
	D-苹果酸	−0.278	−0.936

相关分析（图6）表明，土壤微生物McIntosh指数、Shannon指数和碳源利用丰富度指数与pH值呈显著负相关，与土壤有机碳和土壤全磷呈显著正相关（$P<0.05$）。AWCD、McIntosh指数、Shannon指数和碳源利用丰富度指数均与微生物量碳、有机物质输入量呈显著正相关关系（$P<0.05$，图6）。

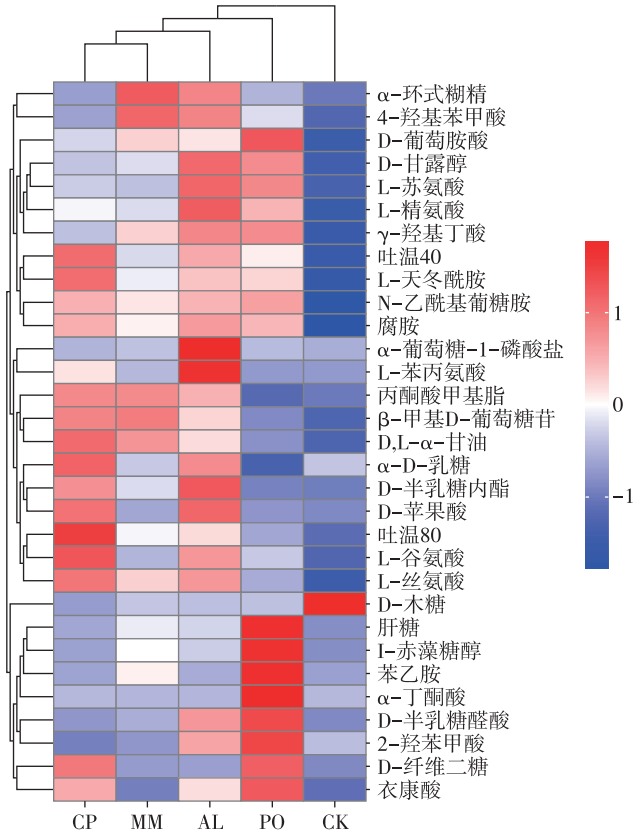


图5　不同生态转型模式下31种碳源聚类热图

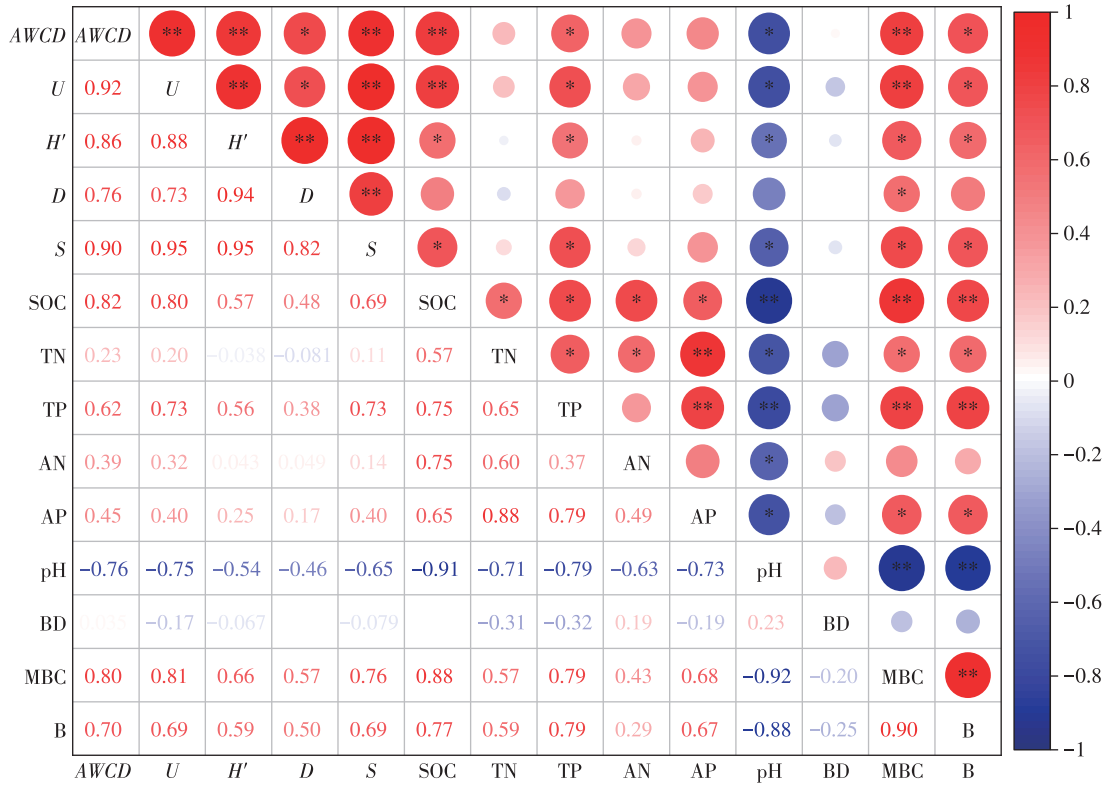
Figure 5　Clustering heat map of 31 carbon sources under different ecological transformation models

为深入探究红枣林生态转型如何影响土壤微生物功能多样性，进行了偏最小二乘路径模型分析，模型拟合度为0.699。如图7所示，SOC和碳源利用效率直接影响了功能多样性指数。有机物质输入量对SOC和TN含量有显著的正向直接影响（0.88，$P<0.001$；0.30，$P<0.05$），进而间接影响功能多样性指数和碳源利用效率。

表4　不同生态转型模式的土壤性质与有机物质输入量

Table 4　Soil properties and organic matter input in different ecological transition models

样地 Sample piot	容重 BD/(g·cm^{-3})	pH	有机碳 SOC/(g·kg^{-1})	全氮 TN/(g·kg^{-1})	全磷 TP/(g·kg^{-1})	碱解氮 AN/(mg·kg^{-1})	有效磷 AP/(mg·kg^{-1})	微生物量碳 MBC/(mg·kg^{-1})	有机物质输入量 B/(kg·hm^{-2})
CP	1.25±0.12a	8.28±0.01c	4.72±0.12a	0.40±0.02a	0.49±0.01a	31.19±0.75a	8.17±0.61a	283.85±3.71a	550.44±13.67a
PO	1.26±0.13a	8.33±0.02b	3.91±0.49b	0.27±0.02b	0.44±0.01ab	22.64±1.34b	4.17±0.48b	260.74±14.37ab	542.42±18.59a
MM	1.32±0.14a	8.41±0.02a	3.13±0.12c	0.22±0.01c	0.39±0.02bc	22.52±1.58b	3.03±0.52b	209.19±4.11c	178.61±2.52c
AL	1.41±0.08a	8.35±0.01b	4.47±0.17ab	0.28±0.03b	0.40±0.04bc	32.47±0.73a	3.53±0.46b	248.29±19.58b	356.77±3.89b
CK	1.31±0.05a	8.42±0.02a	2.78±0.32c	0.29±0.03b	0.34±0.04c	25.30±2.25b	3.62±0.33b	193.19±14.26c	175.30±4.51c



*P<0.05 显著，**P<0.01 极显著。下同。

* P<0.05 Significant, ** P<0.01 Extremely significant. The same below.

图6 土壤微生物多样性与土壤性质和生物量的Pearson相关性分析

Figure 6 Pearson correlation analysis of soil microbial diversity with soil properties and biomass

3 讨论

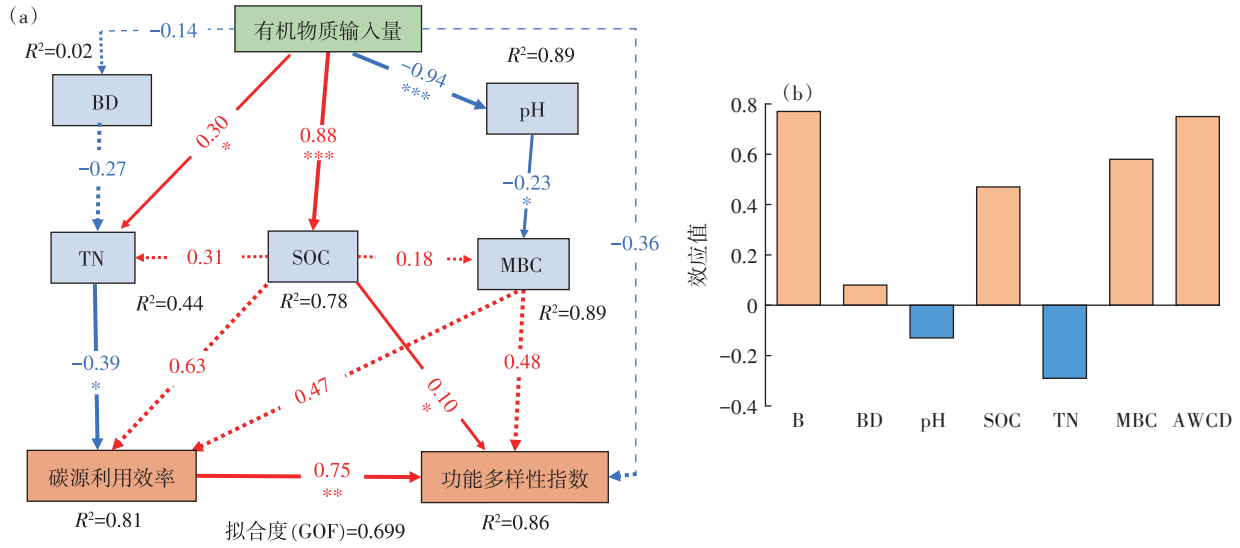
3.1 不同生态转型模式下土壤微生物对碳源代谢活性的影响

AWCD值是反映微生物功能多样性的重要指标，代表了土壤微生物对碳源的利用能力[12]。在10 d培育期内，不同生态转型模式下土壤微生物对碳源代谢表现出显著差异，CP处理土壤微生物对碳源代谢能力最强。原因可能在于油松属于乔木植物，生长高大旺盛，产生的枯落物和根系分泌物较多，为土壤提供了更多有机物质，刺激了土壤微生物的生长和繁殖，进而影响微生物的代谢活性[11]。

不同生态转型模式土壤微生物对酯类、胺类利用较强，对糖类利用较弱，这与李万年等[8]研究人工林混交对土壤微生物碳源利用的研究结果一致。整体而言，乔木植物对碳源的利用效果强于草本植物和红枣林。这可能是因为在较短时间的生态转型中，幼林乔木植物根系生长较迅速，小分子根系分泌物，如有机酸和糖类等相对较多[25]，有利于提高微生物活性[26]，从而提高了碳源利用能力。由聚类热图可知，不同生态转型模式土壤微生物对特定碳源利用有重要影响，如CP处理土壤微生物对L-谷氨酸较强，PO对苯乙胺利用较强。一方面可能是因转型植被类型发生改变，导致进入土壤的凋落物成分存在差异，使土壤养分含量增加，土壤理化性质得到改善[13]。另一方面，植被类型差异产生了不同的根系分泌物，提高了土壤酶活性同时还能够分泌有机酸类、酯类等化合物[27]，为土壤微生物提供碳源[12]，使得微生物功能多样性得到恢复。有研究发现，油松主要分泌酸类、酯类等物质[28]，这与本研究中的油松样地对酸类和酯类利用较强一致。研究表明，不管是补植乔木植物还是补植草本植物，微生物对碳源利用都强于CK，说明补种植物均显著提高了土壤微生物对碳源的利用能力。

3.2 不同生态转型模式土壤微生物多样性指数与理化性质的关系

不同生态转型模式下土壤微生物的Shannon指数、Simpson指数变化较小，McIntosh指数和碳源利用丰富度指数变化较大。相对于CK而言，补种植物显著提高了微生物的多样性指数，尤其是CP和PO处理。这可能是因为CP、PO样地属于乔木，有更长的



红色和蓝色箭头分别表示因果关系的正向和负向效应，箭头旁边的数字表示标准化路径系数，实线箭头表示显著关系，虚线箭头表示关系不显著，R^2表示由每个因变量解释的方差比例。

Red and blue arrows indicate the positive and negative effects of causality, respectively, numbers next to the arrows indicate the normalized path coefficients, solid arrows indicate significant relationships, dashed arrows indicate non-significant relationships, and R^2 represents the proportion of variance explained by each dependent variable.

图7　土壤微生物多样性指数影响因素的偏最小二乘路径模型

Figure 7　Partial least squares path model of the influencing factors of soil microbial diversity index

根系和更多的凋落物，根系分泌物和凋落物的化学成分就越多样化[29]。因为较长的根系能够深入较深土层吸收更多养分，同时有机物质输入量提高较显著，为土壤微生物提供更多的养分，多样性指数随之变化。这也是CK土壤微生物的多样性指数显著低于其他样地的原因，这与程智超等[15]的研究结论一致。这说明植被类型会影响土壤微生物多样性指数。

Pearson相关性分析表明，生态转型模式下土壤微生物的多样性指数与pH呈显著负相关，pH是影响土壤养分、微生物活性的重要因素，这与李秀清等[30]的研究结果一致。多样性指数与土壤养分和MBC呈显著正相关。SOC可以增强土壤微生物的生理活性，有利于生态系统分解和养分循环功能的改善[31]，为微生物提供了更多的碳源。Ren等[32]发现SOC含量与土壤微生物代谢活性显著相关，进而影响土壤微生物功能多样性。值得注意的，AL虽然为草本植物，但McIntosh指数却高于CP，这可能是因为AL属豆科植物，具有固氮的作用[33]，对土壤氮含量产生了影响。进一步影响了土壤的C∶N值，使土壤微生物组成发生了改变。

偏最小二乘路径模型分析表明，有机物质输入量对土壤养分有显著的正向影响，尤其是SOC(0.88，$P<0.001$)，TN含量对土壤微生物的碳源利用有显著的直接影响，与Deng等[34]关于TN含量显著影响土壤微生物的碳源代谢的研究结果一致。而SOC是微生物能量和碳元素获取的主要来源，促进了土壤碳循环，高的SOC含量可以促进土壤微生物对养分的利用，从而增强土壤微生物的代谢活性[35]。

4　结论

(1)红枣经济林生态转型模式下土壤微生物对碳源代谢活性表现为补植油松>补植苜蓿>补植侧柏>补植药材>红枣林自然撂荒，相对红枣林自然撂荒而言，不同生态转型模式均显著提高了土壤微生物的多样性指数。

(2)与红枣林自然撂荒相比，4种转型模式下土壤微生物对氨基酸类、胺类和酯类碳源有较高的利用程度。

(3)土壤SOC、TN和有机物质输入量是影响土壤微生物碳源代谢活性和多样性指数的重要因子。

(4)红枣经济林生态转型提高了土壤养分和有机物质输入量，进而影响了微生物碳源利用和多样性指数。综合而言，红枣林中补植不同植物均能提高土壤微生物的碳源代谢和多样性指数，其中补植油松、侧柏模式的效果优于补植苜蓿和补植药材。

参考文献：

[1] MA Y Q, HUANG L, LI J H, et al. Carbon potential of China's grain to green program and its contribution to the carbon target[J]. *Resources*,

Conservation and Recycling, 2024, 200: 107272.

[2] XU H, YUE C, ZHANG Y, et al. Forestation at the right time with the right species can generate persistent carbon benefits in China[J]. *PNAS*, 2023, 120(41): e2304988120.

[3] FENG T J, QI Y L, ZHANG Y F, et al. Long-term effects of vegetation restoration and forest management on carbon pools and nutrient storages in northeastern Loess Plateau, China[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 354: 120296.

[4] GUO Y N, LIU X H, TSOLMON B, et al. The influence of transplanted trees on soil microbial diversity in areas affected by coal mining subsidence of the Loess Plateau in China[J]. *Global Ecology and Conservation*, 2019, 21: 1-14.

[5] DELGADO-BAQUERIZO M, REICH P B, TRIVEDI C, et al. Multiple elements of soil biodiversity drive ecosystem functions across biomes [J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2020, 4(2): 210-220.

[6] CUI Y X, FANG L C, GUO X B, et al. Natural grassland as the optimal pattern of vegetation restoration in arid and semi-arid regions: evidence from nutrient limitation of soil microbes[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 648: 388-397.

[7] ZHOU T, WU S, GAO M L, et al. The heterogeneous habitat of Taiga forests changes the soil microbial functional diversity[J]. *Microorganisms*, 2024, 12(5): 959.

[8] 李万年, 罗益敏, 黄则月, 等. 望天树人工幼林混交对土壤微生物功能多样性与碳源利用的影响[J]. 植物生态学报, 2022, 46(9): 1109-1124. LI W N, LUO Y M, HUANG Z Y, et al. Effects of mixed young plantations of *Parashorea chinensis* on soil microbial functional diversity and carbon source utilization[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2022, 46(9): 1109-1124.

[9] LI J J, ZHOU X M, YAN J X, et al. Effects of regenerating vegetation on soil enzyme activity and microbial structure in reclaimed soils on a surface coal mine site[J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, 87: 56-62.

[10] 胡婵娟, 傅伯杰, 刘国华, 等. 黄土丘陵沟壑区典型人工林下土壤微生物功能多样性[J]. 生态学报, 2009, 29(2): 727-733. HU C J, FU B J, LIU G H, et al. Soil microbial functional and diversity under typical artificial woodlands in the hilly area of the Loess Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(2): 727-733.

[11] YAO Z W, ZHANG X D, WANG X, et al. Functional diversity of soil microorganisms and influencing factors in three typical water-conservation forests in Danjiangkou Reservoir area[J]. *Forests*, 2022, 14 (1): 67.

[12] WANG C Q, XUE L, DONG Y H, et al. Soil organic carbon fractions, C-cycling hydrolytic enzymes, and microbial carbon metabolism in Chinese fir plantations[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 758: 143695.

[13] DESIE E, VANCAMPENHOUT K, NYSSEN B, et al. Litter quality and the law of the most limiting: opportunities for restoring nutrient cycles in acidified forest soils[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 699: 134383.

[14] 朱梦圆, 宋艳宇, 高思齐, 等. 三江平原不同植被类型湿地土壤微生物碳源代谢多样性特征[J]. 生态环境学报, 2022, 31(12): 2310-2319. ZHU M Y, SONG Y Y, GAO S Q, et al. Diversity characteristics of soil microbial carbon source metabolism in wetlands with different vegetation types in the Sanjiang Plain[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2022, 31(12): 2310-2319.

[15] 程智超, 杨立宾, 隋心, 等. 黑龙江中央站黑嘴松鸡国家级自然保护区不同森林类型土壤微生物功能多样性分析[J]. 环境科学研究, 2021, 34(5): 1177-1186. CHENG Z C, YANG L B, SUI X, et al. Soil microbial functional diversity responses to different revegetation types in Heilongjiang Zhongyangzhan black-billed capercaillie nature reserve[J]. *Research of Environmental Sciences*, 2021, 34(5): 1177-1186.

[16] 刘颖异, 刘涵宇, 张琦, 等. 黄土高原次生林演替对团聚体有机碳含量及化学稳定性的影响[J]. 生态学报, 2024, 44(5): 1940-1950. LIU Y Y, LIU H Y, ZHANG Q, et al. Effects of soil aggregate-associated organic carbon content and its chemical stability during secondary forest succession on the Loess Plateau[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, 44(5): 1940-1950.

[17] 吕梁市人民政府. 关于大力推进新一轮退耕还林还草工作的实施意见[EB/OL]. (2020-06-22). http://www.lvliang.gov.cn/llxxgk/zfxxgk/xxgkml/bgtwj/202008/t20200810_1423422.html. Lvliang Municipal People's Government. Implementation opinions on vigorously promoting a new round of work to return farmland to forest and grassland[EB/OL]. (2020-06-22). http://www.lvliang.gov.cn/llxxgk/zfxxgk/xxgkml/bgtwj/202008/t20200810_1423422.html

[18] 王荟, 孙琳, 李嘉琦, 等. 生态转型模式对吕梁山红枣经济林土壤团聚体及其有机碳分布的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2024, 42 (2): 80-87. WANG H, SUN L, LI J Q, et al. Effects of ecological transition patterns on the distribution of soil aggregatesand organic carbon in jujube economic forest in Lvliang Mountain[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2024, 42(2): 80-87.

[19] WANG G L, YAO X C, ZHANG Z Y, et al. Effect of jujube orchard abandonment time on soil properties and enzyme activities at soil profile in the Loess Plateau[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14(1): 18943.

[20] NAEEM S, ZHANG Y Q, ZHANG X Z, et al. Both climate and socioeconomic drivers contribute to vegetation greening of the Loess Plateau[J]. *Science Bulletin*, 2021, 66(12): 1160-1163.

[21] XIAO L, LIU G B, LI P, et al. Ecoenzymatic stoichiometry and microbial nutrient limitation during secondary succession of natural grassland on the Loess Plateau, China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2020, 200: 104605.

[22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.

[23] 吴金水, 林启美, 黄巧云, 等. 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. WU J S, LIN Q M, HUANG Q Y, et al. Methods for measuring soil microorganism biomass and their applications[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2006.

[24] GOVAERTS B, MEZZALAMA M, UNNO Y, et al. Influence of tillage, residue management, and crop rotation on soil microbial biomass and catabolic diversity[J]. *Applied Soil Ecology*, 2007, 37(1/2): 18-30.

[25] MARSCHNER P, CROWLEY D, YANG C H. Development of

specific rhizosphere bacterial communities in relation to plant species, nutrition and soil type[J]. *Plant and Soil*, 2004, 261(1):199-208.

[26] 苑亚茹, 韩晓增, 李禄军, 等. 低分子量根系分泌物对土壤微生物活性及团聚体稳定性的影响[J]. 水土保持学报, 2011, 25(6):96-99. YUAN Y R, HAN X Z, LI L J, et al. Effects of soluble root exudates on microbial activity and aggregate stability of black soils[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2011, 25(6):96-99.

[27] 吴林坤, 林向民, 林文雄. 根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J]. 植物生态学报, 2014, 38(3):298-310. WU L K, LIN X M, LIN W X. Advances and perspective in research on plant-soil-microbe interactions mediated by root exudates[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, 38(3):298-310.

[28] 邵东华, 任琴, 宁心哲, 等. 油松和虎榛子不同林型根系分泌物组分及化感效应[J]. 浙江农林大学学报, 2011, 28(2):333-338. SHAO D H, REN Q, NING X Z, et al. Root exudate constituents and allelopathic effects from forests of *Pinus tabulaeformis*, *Ostryopsis davidiana*, and a mixed forest[J]. *Journal of Zhejiang A & F University*, 2011, 28(2):333-338.

[29] KLIMEK B, NIKLIŃSKA M, JAŹWA M, et al. Covariation of soil bacteria functional diversity and vegetation diversity along an altitudinal climatic gradient in the western Carpathians[J]. *Pedobiologia*, 2015, 58(2/3):105-112.

[30] 李秀清, 李晓红. 鄱阳湖湿地不同植物群落土壤养分及微生物多样性研究[J]. 生态环境学报, 2019, 28(2):385-394. LI X Q, LI X H. Variation of soil nutrients and microbial community diversity in the wetland of Poyang Lake[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, 28(2):385-394.

[31] CHEN W Q, WANG J Y, CHEN X, et al. Soil microbial network complexity predicts ecosystem function along elevation gradients on the Tibetan Plateau[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 172:108766.

[32] REN C J, LIU W C, ZHAO F Z, et al. Soil bacterial and fungal diversity and compositions respond differently to forest development [J]. *CATENA*, 2019, 181:104071.

[33] 王晓菲, 罗珠珠, 李玲玲, 等. 黄土高原不同种植年限苜蓿土壤固氮微生物群落结构和丰度特征[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2023, 31(5):665-676. WANG X F, LUO Z Z, LI L L, et al. Characteristics of structure and abundance of soil nitrogen-fixing bacterial community in alfalfa with different growing ages in the Loess Plateau[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2023, 31(5):665-676.

[34] DENG J J, ZHOU Y B, BAI X J, et al. Soil microbial functional diversity responsesto different revegetation typesin Baishilazi nature reserve[J]. *Polish Journal of Environmental Studies*, 2019, 28(5):3675-3686.

[35] ZHAO M L, WANG M, ZHAO Y T, et al. Variations in microbial carbon metabolic activities in sedge peatlands along an altitudinal gradient in the Changbai Mountain, China[J]. *CATENA*, 2023, 220:106722.