

降水变化和氮沉降对荒漠草原土壤细菌群落结构及酶活性的影响

图纳热, 红梅, 闫瑾, 叶贺, 梁志伟, 王占海

引用本文:

图纳热, 红梅, 闫瑾, 叶贺, 梁志伟, 王占海. 降水变化和氮沉降对荒漠草原土壤细菌群落结构及酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(2): 403–413.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0640>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

高效氟吡甲禾灵对潮土微生物呼吸及酶活性的影响

程亚南, 王振东, 任秀娟, 郭彦玲, 刘根源

农业环境科学学报. 2021, 40(5): 1026–1033 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1096>

蚯蚓对金霉素污染土壤酶活性和微生物群落的影响

杨思德, 常兴平, 潘政, 李明堂, 翁莉萍, 李永涛, 赵丽霞

农业环境科学学报. 2021, 40(6): 1268–1280 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1470>

水稻秸秆生物炭对镉污染农田中番茄产量和品质的影响机制

吴伟健, 陈艺杰, 李高洋, 张伟健, 林海虹, 蔺中, 甄珍

农业环境科学学报. 2022, 41(3): 492–503 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0846>

石灰与生物炭对矿山废水污染农田土壤的改良效应

张新帅, 张红宇, 黄凯, 施翠仙, 陈建军, 李元, 湛方栋

农业环境科学学报. 2022, 41(3): 481–491 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0704>

生物炭折流湿地对生活污水的净化效果

王若凡, 汪文飞, 王煜钧, 孙鹤洲, 刘傲展

农业环境科学学报. 2020, 39(9): 2001–2007 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0258>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

图纳热, 红梅, 闫瑾, 等. 降水变化和氮沉降对荒漠草原土壤细菌群落结构及酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(2): 403–413.

TU N R, HONG M, YAN J, et al. Effects of precipitation variation and nitrogen deposition on soil bacterial community structure and enzyme activity in desert steppe[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2023, 42(2): 403–413.

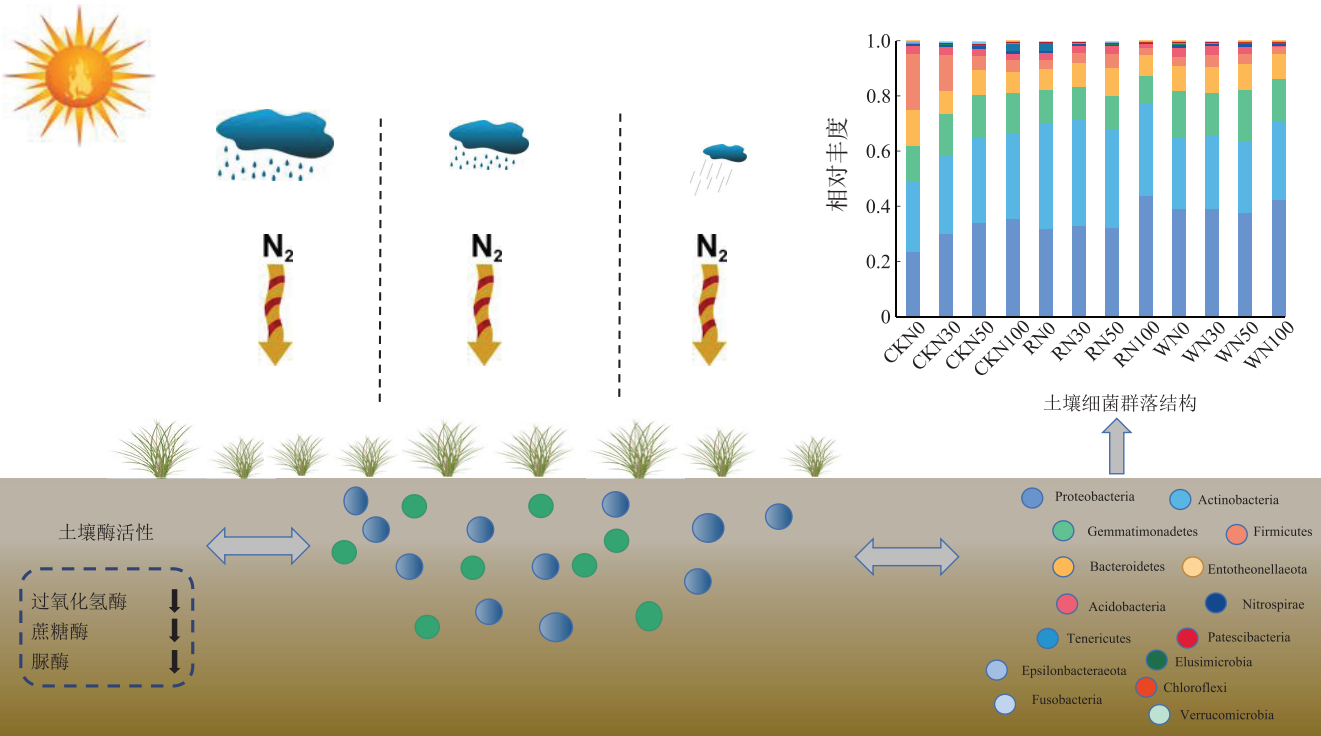


开放科学 OSID

降水变化和氮沉降对荒漠草原土壤细菌群落结构及酶活性的影响

图纳热¹, 红梅^{1,2,3*}, 闫瑾¹, 叶贺¹, 梁志伟¹, 王占海⁴

(1. 内蒙古农业大学, 呼和浩特 010011; 2. 内蒙古自治区土壤质量与养分资源重点实验室, 呼和浩特 010011; 3. 农业生态安全发展与绿色发展自治区高等学校重点实验室, 呼和浩特 010018; 4. 呼伦贝尔市农牧技术推广中心, 内蒙古 海拉尔 021008)



摘要: 为明确降水变化和氮沉降对土壤细菌及酶活性的互作效应, 本研究以短花针茅荒漠草原为研究对象, 试验设计采用裂区设计, 主区为自然降雨(CK)、增雨30%(W)和减雨30%(R)3个水分梯度, 副区为0、30、50、100 kg·hm⁻²·a⁻¹ 4个氮素梯度(分别记为N0、N30、N50、N100), 共12个处理。结果表明: 降水变化和氮沉降改变了土壤细菌群落组成, 但未显著改变土壤细菌 Alpha 多样性; 降水变化和氮沉降对土壤酶活性有显著影响。土壤过氧化氢酶活性在R-N100中最低(1.63 mg·g⁻¹·d⁻¹), 与CK-N0相比显著

收稿日期: 2022-06-25 录用日期: 2022-09-29

作者简介: 图纳热(1996—), 女, 内蒙古乌兰察布人, 硕士研究生, 从事草原土壤资源利用与保护研究。E-mail: 724835512@qq.com

*通信作者: 红梅 E-mail: nmczhm1970@126.com

基金项目: 国家自然科学基金项目(31860136)

Project supported: The National Natural Science Foundation of China(31860136)

降低了7.4%;土壤蔗糖酶活性在W-N0中最高($2.20 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$),与CK-N0相比显著增加了14.6%,在R-N100中最低($1.52 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$),与CK-N0相比显著降低了20.8%;土壤脲酶活性在W-N0中最高($17.66 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$),与CK-N0相比显著增加了16.7%,在CK-N100中最低($9.27 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$),与CK-N0相比显著降低了38.7%。土壤过氧化氢酶与细菌丰富度指数呈显著正相关,蔗糖酶与细菌多样性指数呈显著正相关,与细菌丰富度指数呈极显著正相关;结构方程模型结果进一步表明,土壤细菌群落多样性及pH值是土壤酶活性变化的驱动因子,而土壤硝态氮含量是驱使土壤细菌群落多样性变化的主要环境因素。综合分析表明,降水变化和氮沉降通过改变土壤理化性质影响土壤细菌群落结构及酶活性,细菌群落多样性及土壤pH值是土壤酶活性变化的主控因子,土壤pH值降低抑制土壤酶活性,细菌群落多样性增加有利于增强土壤酶活性。

关键词: 土壤细菌多样性;土壤酶活性;氮沉降;降水处理;荒漠草原

中图分类号: S812.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1672-2043(2023)02-0403-11 doi:10.11654/jaes.2022-0640

Effects of precipitation variation and nitrogen deposition on soil bacterial community structure and enzyme activity in desert steppe

TU Nare¹, HONG Mei^{1,2,3*}, YAN Jin¹, YE He¹, LIANG Zhiwei¹, WANG Zhanhai⁴

(1. Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot 010011, China; 2. Inner Mongolia Key Laboratory of Soil Quality and Nutrient Resources, Huhhot 010011, China; 3. Key Laboratory of Agricultural Ecological Security and Green Development at Universities of Inner Mongolia Autonomous, Hohhot 010018, China; 4. Hulunbeier Agriculture and Animal Husbandry Technology Promotion Center, Hailar 021008, China)

Abstract: A twelve-treatment experiment was designed in the *Stipa breviflora* desert steppe, with a main plot [three water treatments: 30% increase (W), 30% reduction (R), and natural rainfall (CK)], and a split-plot with four nitrogen gradients [0 (N0), 30 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2} \cdot \text{a}^{-1}$ (N30), 50 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2} \cdot \text{a}^{-1}$ (N50), and 100 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2} \cdot \text{a}^{-1}$ (N100)] to investigate the interaction effect of nitrogen deposition and rainfall fluctuations on soil bacterial community structure and enzyme activity. The results revealed that precipitation changes and nitrogen deposition altered the composition of the soil bacterial community, but not the alpha diversity of soil bacteria, and that precipitation changes and different nitrogen treatments had significant effects on soil enzyme activities. Soil catalase activity was the lowest in R-N100 ($1.63 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) and significantly decreased by 7.4% compared with CK-N0. Soil sucrase activity was the highest in W-N0 ($2.20 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) and significantly increased by 14.6% compared with CK-N0, and the lowest in R-N100 ($1.52 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) and significantly decreased by 20.8% compared with CK-N0. Soil urease activity was the highest in W-N0 ($17.66 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) and significantly increased by 16.7% compared with CK-N0, and the lowest in CK-N100 ($9.27 \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$) and significantly decreased by 38.7% compared with CK-N0. Soil catalase was positively correlated with the bacterial richness index, whereas sucrase was positively correlated with both the bacterial diversity index and the bacterial richness index. The structural equation model showed that soil enzyme activity was primarily regulated by the diversity and pH of soil bacterial communities, with soil nitrate nitrogen content being the main environmental factor driving the change in soil bacterial community diversity. Comprehensive analysis revealed that water and nitrogen management influenced soil bacterial community structure and enzyme activity by changing the physical and chemical properties of the soil. The key parameters affecting soil enzyme activity were bacterial community diversity and soil pH, and it could be inhibited by a decrease in soil pH. The increased diversity of the bacterial community was beneficial to the enhancement of soil enzyme activity.

Keywords: soil bacterial diversity; soil enzyme activity; nitrogen deposition; precipitation treatment; desert steppe

工业革命以来,温室气体排放大量增加,导致全球降水格局发生变化,北半球中纬度地区年降水量整体增加^[1],在全国范围内降水量表现出区域性特征,主要表现为东北南部和西南部地区降水减少,西部地区降水增加^[2-3]。由于人类化石燃烧和氮肥的大量使用,大气氮沉降已成为全球变化的重要议题^[4]。人为干扰不断带来全球气候变化,进而影响陆地生态系统植被、土壤生物等的多样性和生态功能^[5]。全球变化因素,如降水格局变化、氮沉降增加等,通过改变土壤

性质和植物生长条件,对土壤微生物群落产生强烈影响^[6]。以细菌和真菌为主的土壤微生物在维持地下生态系统功能方面发挥着至关重要的作用^[7]。

土壤细菌是生态系统的重要组成部分,其群落结构及多样性变化可以作为指示土壤质量变化的评价指标^[8-10]。土壤酶在土壤生态系统中发挥着重要作用,而土壤微生物能够将各种酶释放到土壤中,土壤微生物和酶推动土壤代谢过程^[11]。近年来,国内外学者就土壤细菌群落多样性和土壤酶活性对降水变化

和氮沉降的响应取得了大量研究成果。王少昆等^[12]在对中国科尔沁沙质草甸的研究中发现土壤细菌数量与降水量保持同步动态,而Bapiri等^[13]在对瑞士东南部草地的研究中发现干湿交替循环显著降低了土壤细菌生物量。产生这种差异的原因可能是试验区降水量和不同细菌类群对降水变化的响应不同。土壤水分含量对土壤酶活性有重要影响,水分能够通过影响植物根系和微生物生长进而影响土壤酶活性^[11]。Henry等^[14]在草地生态系统研究中发现,增加降水使水解酶活性降低,过氧化氢酶活性增加。在草地生态系统中,氮沉降对土壤细菌的作用研究结论并不一致。杨山等^[15]在对半干旱草原生态系统的研究中发现,氮添加对土壤细菌多样性指数无显著影响。然而Ramirez等^[16]在研究中发现,氮添加使土壤细菌丰度显著降低。不同水平的氮沉降对土壤酶活性的影响有所差异。赵玉涛等^[17]的研究发现高氮沉降抑制了土壤蔗糖酶活性。白春华等^[18]在对内蒙古荒漠草原的研究中发现,氮沉降提高了土壤脲酶活性,而对蔗糖酶和过氧化氢酶的影响不明显。这可能是氮添加量和添加形式的不同,导致土壤细菌群落和土壤酶对氮添加的响应不一致^[15]。综上所述,目前大多数关于全球变化对土壤微生物群落及土壤酶影响的研究集中在单一因子,而因子之间的相互作用十分复杂,因此研究降水格局变化和大气氮沉降之间的交互作用对土壤微生物和酶活性的影响具有重要的实际意义。

短花针茅荒漠草原是草原向荒漠区过渡的生态系统,其生产力较低,对全球变化较为敏感^[19]。本研究在全球变化背景下,通过降水变化和氮沉降试验,分析降水变化和氮沉降对荒漠草原生态系统土壤细菌群落结构及酶活性的影响,探讨降水变化和氮沉降下土壤酶-土壤-细菌系统的响应机制,研究结果有利于理解地下生态过程的作用与反馈,为草原生态系统保护和生态恢复建设提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验区位于内蒙古乌兰察布市四子王旗短花针茅草原生态系统野外科学试验基地(41°47' N, 111°53' E),海拔高度为1450 m,具有温带干旱、半干旱大陆性季风气候特征,年平均降雨量为280 mm,其中70%的降雨发生在生长季(6—9月),年平均蒸发量是降雨量的8~10倍,年均气温为3.4℃。试验区土壤类型为淡栗钙土,土壤养分贫瘠,具有高钾、低磷和少

氮的特点,pH值为7.90,有机质含量为31.50 g·kg⁻¹,全氮含量为1.83 g·kg⁻¹。主要植被类型为荒漠草原,建群种为短花针茅(*Stipa breviflora*),优势种为冷蒿(*Artemisia frigida*)、无芒隐子草(*Cleistogenes songorica*),伴生种为猪毛蒿(*Artemisia scoparia*)、栉叶蒿(*Neopallasia pectinata*)、银灰旋花(*Convolvulus ammannii*)、木地肤(*Kochia prostrata*)、蒙古韭(*Allium mongolicum*)。

1.2 试验设计

选择地形开阔,植被较均匀的地段作为试验样地,采用裂区设计,主区为水分处理,副区为施氮处理。主区水分处理分别为自然降雨(CK)、增雨30%(W)处理和减雨30%(R)处理,增雨试验分别在每年5—8月的1—3日进行,通过多年对荒漠草原降雨量监测并建立模型预测未来降雨量,增加量为近5 a(5月18.4%、6月17.0%、7月28.3%、8月36.3%)平均降雨量的30%,通过流量表加喷头,自制喷灌系统模拟增雨。减雨试验通过减水架减少当地年平均降水量的30%,减水架由条状凹槽式亚克力板构成,亚克力板遮挡面积占小区面积的30%,达到减水30%的目的。副区为0、30、50、100 kg·hm⁻²·a⁻¹ 4个氮素处理,分别为N0、N30、N50、N100,其中不包括大气氮沉降,以硝酸铵(NH₄NO₃)为氮源模拟氮沉降。在生长季(5—9月)进行湿沉降,将各小区的硝酸铵肥料溶于30 L水中,增雨后以每月一次的频率喷施在各小区内,同时N0小区喷施30 L水,在非生长季(10月—次年4月)将各小区的硝酸铵肥料与风干土(直径<2 mm)按照1:10的比例混合均匀,在无风条件下模拟干沉降撒施于各小区内。试验共设12个处理,每个处理3次重复,共计36个小区,每个小区面积49 m²(7 m×7 m),各小区间设2 m隔离带。试验于2015年12月开始。

1.3 土壤样品采集

2020年8月在各试验小区内使用事先消毒灭菌的直径为1 cm的土钻采集0~10 cm土壤,每个小区按“S”型布设取30个样点,土壤充分混匀,处理动植物残体。土样一部分存于-80℃冰箱用于高通量测序分析;一部分存于4℃冰箱,用于土壤无机氮测定;其余土样自然风干后分别过2 mm和0.15 mm筛,用于测定土壤理化性质及酶活性。

1.4 测定方法

使用QIAamp DNA Mini Kit试剂盒进行土壤微生物总DNA的提取。以前端引物343F(5'-TACG-GRAGGCAGCAG-3')和后端引物798R(5'-AGGG-

TATCTAATCCT-3')对16S rRNA的V3~V4进行PCR扩增。样品在上海欧易生物医学科技有限公司 Illumina-Mi Seq 平台完成测序。

土壤 pH 值采用电位法(酸度计 STARTER 2100 型,土:水为1:5)测定;土壤有机质(SOM)采用重铬酸钾容量法测定;土壤速效氮采用 $2 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ KCl 浸提,提取的硝态氮($\text{NO}_3\text{-N}$)、铵态氮($\text{NH}_4\text{-N}$)含量采用流动注射分析仪(AUTO ANACY AA3)测定;土壤含水量(SM)采用烘干称重法测定。

过氧化氢酶活性采用高锰酸钾容量法测定;蔗糖酶活性采用硝基水杨酸比色法测定;脲酶活性采用苯酚-次氯酸钠比色法测定。土壤酶活性的测定参照关松荫的《土壤酶及其研究方法》^[20]。

1.5 数据统计与分析

数据整理及图表制作采用 Excel 2010 软件;使用 QIIME 软件计算样品的多样性指数(Coverage 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数);利用 Origin 9.0 软件进行 Pearson 相关性检验分析;主坐标(PCoA)分析采用 Bray-curtis 算法,用来表示不同处理下群落组成的变化;采用 SPSS 22.0 软件进行双因素方差分析。为了解水氮添加条件下土壤细菌群落结构变化的机制,结合土壤理化性质和土壤酶活性的变化,采用 AMOS 22.0(IBM SPSS)构建结构方程模型(Structural equation modeling),结构方程模型的构建基于以下理论假设:氮素和水分添加改变了土壤理化环境及土壤细菌群落结构,进而影响土壤酶活性^[21]。采用最大似然法将数据与模型进行拟合,通过去除观测变量

之间的关系提升模型的拟合度,以 RMSEA 值小于 0.05 表示模型拟合良好。

2 结果与分析

2.1 土壤环境因子对降水变化和氮沉降的响应

如表 1 所示,降水变化和氮沉降对土壤的理化性质产生了影响。3 种水分条件下,土壤 pH 值均呈下降趋势,其中 W 处理下降幅度较小;氮添加水平越高,pH 值下降幅度越大,R-N100 较 CK-N0 下降了 0.74 个单位,两处理差异显著($P<0.05$)。土壤有机质含量在 CK 处理和 W 处理中随着氮添加水平升高呈先上升后降低的趋势,并在 N50 时达到最大值,而在 R 处理中,随着氮素添加水平的增加,土壤有机质含量整体呈上升趋势并在 N100 达到最大值。土壤铵态氮含量随氮添加水平的增加而提高,在 CK 处理和 R 处理中 N100 显著高于各自对照(N0)。不同氮添加水平硝态氮含量变化范围较大,在 CK 处理和 R 处理中,N50、N100 的硝态氮含量显著高于各自对照,在 W 处理中,N100 的硝态氮含量显著高于对照。相同氮添加水平下,土壤含水量表现为 W 处理>CK 处理>R 处理。

2.2 降水变化和氮沉降对土壤细菌群落的影响

2.2.1 细菌群落结构的变化

通过高通量测序共得到 2 019 677 条有效序列。经对比,共得到 1 959 101 个 OTUs,隶属于 37 个门 98 个纲 237 个目 392 个科 456 个属 874 个种。图 1 显示,土壤细菌群落在门水平上物种组成相对丰度较高的

表 1 土壤理化性质

Table 1 Soil physical and chemical properties

处理 Treatment		pH 值 pH value	有机质 Organic matter/($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	土壤铵态氮 Soil ammonium nitrogen/($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	土壤硝态氮 Soil nitrate potassium/($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	含水量 Soil moisture/%
CK	N0	7.90±0.04ab	31.50±0.53c	0.79±0.12c	5.79±1.02g	5.54±0.54abcd
	N30	7.71±0.05abc	32.74±1.28bc	1.49±0.17c	9.31±0.38efg	5.64±0.93abcd
	N50	7.43±0.10cde	34.34±1.19bc	2.22±0.24c	19.08±1.57cd	5.99±0.25abcd
	N100	7.58±0.06bcd	32.19±0.67bc	10.22±0.78b	29.92±3.48b	5.20±1.07bcd
R	N0	7.71±0.07abc	32.60±0.91bc	1.80±0.57c	9.54±2.09efg	3.35±0.69d
	N30	7.31±0.06de	32.84±0.64bc	2.58±0.34c	13.67±0.72def	4.43±0.70d
	N50	7.42±0.08cde	32.32±0.90bc	3.90±1.27c	23.16±1.93c	4.79±1.29cd
	N100	7.16±0.02e	35.60±0.90ab	29.67±2.60a	36.33±0.98a	3.91±0.34d
W	N0	7.94±0.10a	32.58±0.66bc	1.13±0.07c	7.67±0.10fg	8.85±0.08abcd
	N30	7.89±0.06ab	33.10±0.67bc	1.26±0.18c	10.35±0.09efg	10.21±2.43abc
	N50	7.77±0.12ab	37.76±1.26a	2.48±0.42c	9.12±1.13efg	10.87±1.50ab
	N100	7.70±0.07abc	34.96±0.71ab	3.02±0.40c	14.56±0.65de	11.14±3.03a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences among treatments ($P<0.05$). The same below.

菌群分别为变形菌门 Proteobacteria (23.6%~44.9%)、放线菌门 Actinobacteria (25.0%~38.8%)、芽单胞菌门 Gemmatimonadetes (9.5%~18.1%)、拟杆菌门 Bacteroidetes (7.4%~13.3%)和厚壁菌门 Firmicutes (2.4%~20.5%),其占总丰度的95%以上。在CK处理中,随着氮添加水平升高,变形菌门、放线菌门和芽单胞菌门相对丰度呈升高趋势;拟杆菌门和厚壁菌门相对丰度呈降低趋势。在R处理中,随着氮添加量的逐渐增加,变形菌门相对丰度逐渐升高;放线菌门相对丰度逐渐降低;芽单胞菌门、拟杆菌门和厚壁菌门相对丰度均呈现出先升高后降低的趋势,在N50出现拐点。在W处理下,随着氮添加量的逐渐增加,变形菌门相对丰度逐渐升高;放线菌门和厚壁菌门相对丰度呈先升高后降低的趋势;芽单胞菌门相对丰度呈先升高后降低的趋势,在N50出现拐点;拟杆菌门相对丰度则无显著变化。

2.2.2 细菌 Alpha 多样性的变化

如表 2 所示,降水处理对土壤细菌群落 Shannon 指数有显著影响 ($P<0.05$),对土壤细菌群落 Chao1 指数有极显著作用 ($P<0.01$),氮处理对土壤细菌群落 Shannon 指数有极显著影响 ($P<0.01$),水氮交互对土壤细菌群落 Shannon 指数有显著影响 ($P<0.05$)。由表 3 可知,土壤细菌群落多样性指数的覆盖度均大于 0.95,表明此次测序结果能够反映样本细菌多样性。Shannon 指数变化范围在 9.19~10.00 之间,方差分析结果表明,W 处理的 Shannon 指数整体高于 R 处理和 CK 处理,R-N100 显著降低了 Shannon 指数 ($P<0.05$)。Chao1 指数变化范围在 4 252.37~5 223.13 之间,不同水氮处理对 Chao1 指数无显著影响,随着氮添加水平

表 2 水分、氮素添加对土壤细菌多样性指数双因素方差分析
Table 2 Variance analysis of two factors of soil bacterial diversity by water and nitrogen addition

指数 Index	水分处理 Water treatment	氮素处理 Nitrogen treatment	水氮交互 Water-nitrogen interaction
Shannon 指数	5.05*	6.26**	3.75*
Chao1 指数	15.83**	2.15	1.51

注: * $P<0.05$, ** $P<0.01$ 。下同。
Note: * indicates $P<0.05$, ** indicates $P<0.01$. The same below.

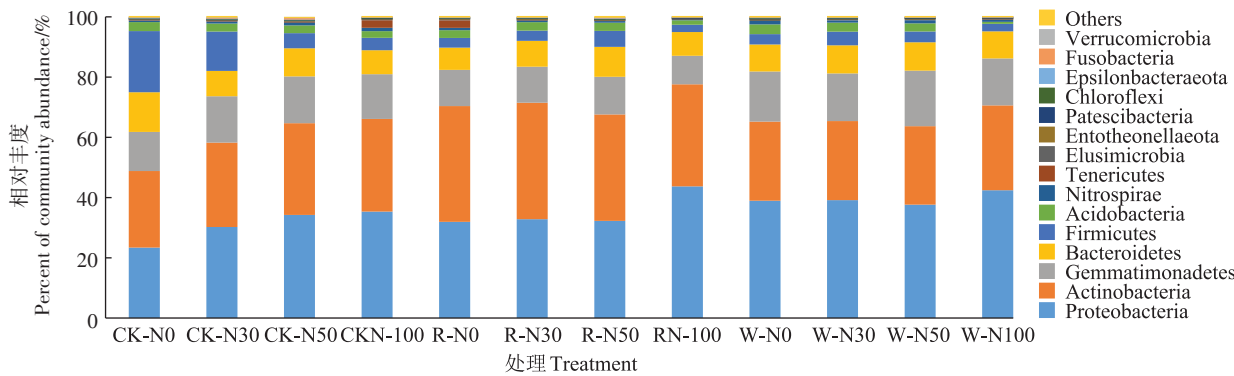
表 3 土壤细菌群落多样性指数
Table 3 Diversity index of soil bacterial community

处理 Treatment		Coverage 指数 Coverage index	Shannon 指数 Shannon index	Chao1 指数 Chao1 index
CK	N0	0.97±<0.01a	9.84±0.07a	4 757.36±33.10ab
	N30	0.97±<0.01a	9.85±0.09a	4 829.13±160.61ab
	N50	0.97±<0.01a	9.89±0.09a	4 633.62±190.01ab
	N100	0.97±<0.01a	9.83±0.06a	4 640.13±127.55ab
R	N0	0.97±<0.01a	9.87±0.03a	4 692.47±119.03ab
	N30	0.97±<0.01a	9.92±0.03a	4 751.26±46.44ab
	N50	0.97±<0.01a	10.00±0.09a	4 535.62±378.81ab
	N100	0.97±<0.01a	9.19±0.14b	4 252.37±163.52b
W	N0	0.96±<0.01a	9.93±0.08a	5 129.90±165.27ab
	N30	0.97±<0.01a	9.95±0.06a	5 223.13±159.15a
	N50	0.96±<0.01a	9.98±0.06a	5 074.10±1.48ab
	N100	0.97±<0.01a	9.42±0.39ab	4 507.12±356.74ab

升高,Chao1 指数呈先增加后降低的趋势。

2.2.3 细菌 Beta 多样性的变化

采用主坐标分析方法对各处理组土壤细菌在 OTU 水平上进行分析,评估细菌群落间的差异。由图



CK: 自然降雨;R: 减雨 30%;W: 增雨 30%;N0: 0 kg·hm⁻²·a⁻¹;N30: 30 kg·hm⁻²·a⁻¹;N50: 50 kg·hm⁻²·a⁻¹;N100: 100 kg·hm⁻²·a⁻¹;Proteobacteria 变形菌门;Actinobacteria 放线菌门;Gemmatimonadetes 芽单胞菌门;Bacteroidetes 拟杆菌门;Firmicutes 厚壁菌门;Acidobacteria 酸杆菌门;Nitrospirae 硝化螺旋菌门;Tenericutes 软壁菌门;Elusimicrobia 迷踪菌门;Entothionellacota 肠杆菌门;Chloroflexi 绿弯菌门;Fusobacteria 梭杆菌门;Verrucomicrobia 疣微菌门;Others 相对丰度小于 1% 的菌群被合并为其他

图 1 土壤细菌群落门水平相对丰度

Figure 1 Relative abundance of soil bacterial community at phylum level

2a可以看出,横轴所代表的主成分1(PC1)解释了30.76%的细菌组分,纵轴所代表的主成分2(PC2)解释了18.83%的细菌组分。在PC1横轴方向,CK-N0处理主要位于负半轴且与CK-N30、CK-N50和CK-N100均距离较远,这表明施肥后土壤中的细菌群落结构发生了一定程度的改变。在PC2纵轴方向,CK-N30、CK-N50和CK-N100均分布在负半轴,样品间的点距离比较近,说明它们的细菌群落结构比较相似。从图2b可以看出,PC1和PC2对土壤细菌群落结构变异的解释量分别为23.86%和13.95%,R-N0、R-N30和R-N50分布较为集中,R-N100与其他样品距离较远,说明R-N100的土壤细菌群落结构发生了显著变化。从图2c可以看出,PC1和PC2对土壤细菌群落结构变异的解释量分别为36.70%和14.21%,W-N0、W-N30、W-N50和W-N100分布较为集中,说明在W处理中,各处理细菌群落结构均比较相似。

2.3 降水变化和氮沉降对土壤酶活性的影响

如表4所示,水分处理对过氧化氢酶活性、蔗糖酶活性有极显著影响($P<0.01$),对脲酶活性有显著影响($P<0.05$);氮素处理对过氧化氢酶活性、蔗糖酶活性、脲酶活性均有极显著影响($P<0.01$);水氮交互作用对过氧化氢酶活性有显著影响($P<0.05$),对脲酶活性有极显著影响($P<0.01$)。由表5可见,降水变化和氮沉降对过氧化氢酶、蔗糖酶、脲酶活性均产生了显著影响。各氮添加处理均降低了过氧化氢酶和脲酶活性,蔗糖酶活性在CK处理中随氮添加量的提高呈先增加后下降的趋势,拐点出现在N30。无氮添加处理下,不同水分条件对3种土壤酶活性均产生显著影响;3种土壤酶活性在相同氮添加条件下,W处理整体高于CK处理和R处理,且W-N0显著高于W-N100。

2.4 降水变化和氮沉降对土壤酶-土壤-细菌系统的影响

2.4.1 土壤细菌群落与酶活性的相关分析

选取各处理下相对丰度前15的细菌属类以及细菌多样性指数与3种土壤酶活性进行相关性分析。由图3可以看出,土壤过氧化氢酶活性与细菌丰富度指数呈显著正相关($P<0.05$),与乳杆菌属(*Lactobacillus*)呈显著负相关关系($P<0.05$),与MND1呈显著正相关($P<0.05$)。土壤蔗糖酶活性与细菌丰富度指数呈极显著正相关($P<0.01$),与细菌多样性指数呈显著正相关($P<0.05$),与拟杆菌属(*Bacteroides*)、硝化螺旋属(*Nitrospira*)、MND1呈极显著正相关($P<0.01$),

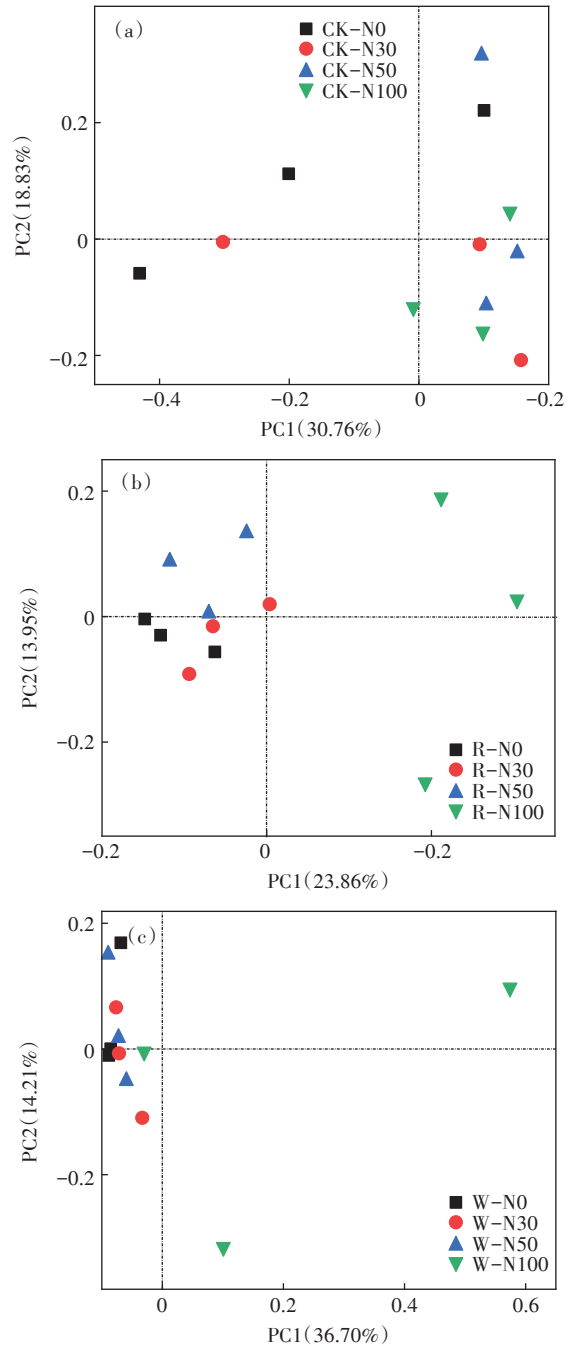


图2 土壤细菌 OTU 水平 PCoA 分析

Figure 2 The PCoA results of soil bacterium at OTU level

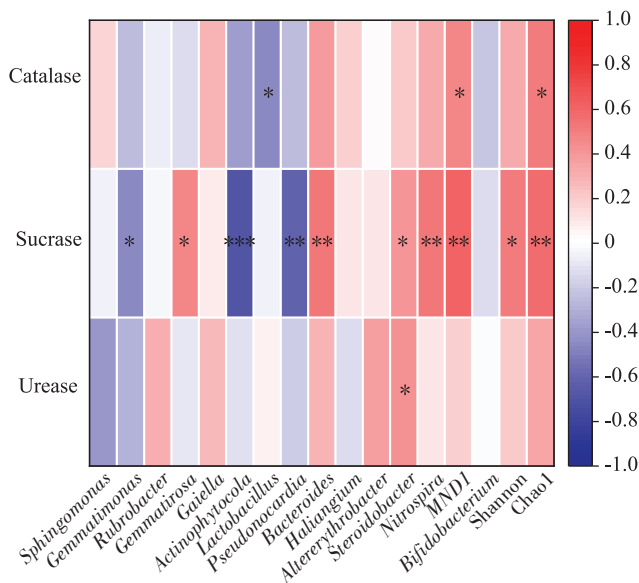
表4 水分、氮素添加对土壤酶活性的双因素方差分析

Table 4 Variance analysis of two factors of soil enzyme activities by water and nitrogen addition

指标 Index	水分处理 Water treatment	氮素处理 Nitrogen treatment	水氮交互 Water-nitrogen interaction
过氧化氢酶Catalase	29.85**	16.03**	4.62*
蔗糖酶Sucrase	77.26**	7.99**	1.69
脲酶Urease	3.90*	45.52**	7.35**

表5 土壤酶活性变化($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$)Table 5 Change of soil enzyme activity($\text{mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$)

处理 Treatment		过氧化氢酶 Catalase	蔗糖酶 Sucrase	脲酶 Urease
CK	N0	1.76±0.01ab	1.92±0.02b	15.13±0.52b
	N30	1.73±<0.01bc	1.98±0.03b	14.64±0.03b
	N50	1.71±0.01c	1.95± 0.02b	11.86±0.50cde
	N100	1.73±<0.01bc	1.76±0.01c	9.27±0.16f
R	N0	1.72±<0.01bc	1.75±0.01c	13.26±0.08bc
	N30	1.71±<0.01c	1.63±0.02cd	11.88±0.24cde
	N50	1.72±<0.01bc	1.64±0.05cd	12.42±0.85cd
	N100	1.63±<0.01d	1.52±0.02d	11.21±0.34de
W	N0	1.77±0.01a	2.20±<0.01a	17.66±0.13a
	N30	1.76±0.01a	1.97±0.03b	14.33±0.19b
	N50	1.76±<0.01a	2.17±0.03a	11.19±0.58de
	N100	1.72±0.01bc	2.00±0.07b	10.10±0.35ef



Catalase 过氧化氢酶; Sucrase 蔗糖酶; Urease 脲酶; *Sphingomonas* 鞘脂单胞菌属; *Gemmatimonas* 芽单胞菌属; *Rubrobacter* 红色杆菌属; *Gaiella* 盖埃拉菌属; *Lactobacillus* 乳杆菌属; *Pseudonocardia* 假诺卡氏菌属; *Bacteroides* 拟杆菌属; *Haliangium* 黏细菌属; *Altererythrobacter* 交替赤细菌属; *Steroidobacter* 类固醇杆菌属; *Nitrospira* 硝化螺旋属; *Bifidobacterium* 双歧杆菌属; Shannon 指数 Shannon index; Chao1 指数 Chao1 index

* $P<0.05$, ** $P<0.01$, *** $P<0.001$. 下同

* indicates $P<0.05$, ** indicates $P<0.01$, and *** indicates $P<0.001$. The same below

图3 土壤细菌与土壤酶活性的相关性分析

Figure 3 Correlation analysis between soil bacteria and soil enzyme activity

与 *Gemmatiroso*、类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) 呈显著正相关 ($P<0.05$), 与芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 呈显著负相关 ($P<0.05$), 与假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*) 呈极显著负相关 ($P<0.01$), 与 *Actinophytocolla* 呈极显

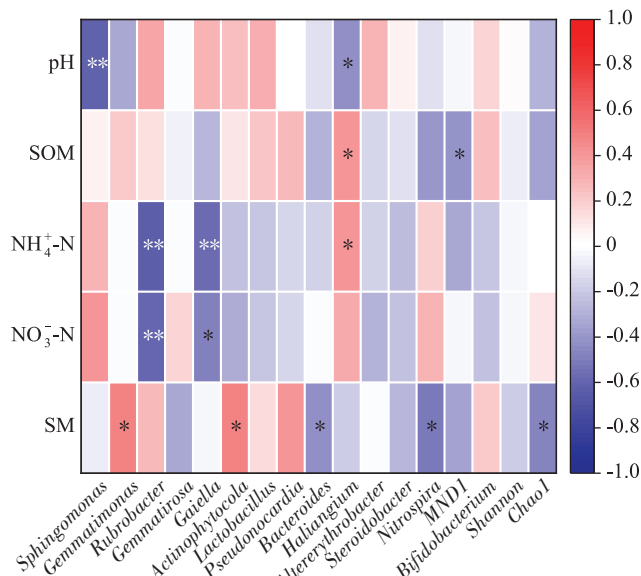


图4 环境因子与土壤细菌的相关性分析

Figure 4 Correlation analysis between environmental factors and soil bacteria

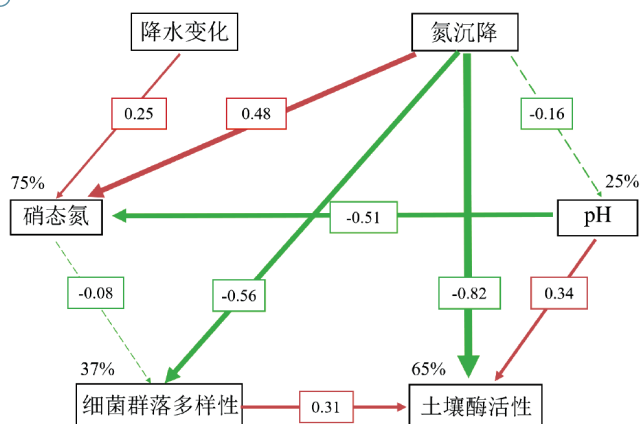
著负相关 ($P<0.001$)。土壤脲酶活性与细菌类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) 呈显著正相关 ($P<0.05$)。

2.4.2 土壤细菌群落与环境因子的相关分析

由图4可知, 鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 与 pH 值呈极显著负相关 ($P<0.01$); 芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 与含水量呈显著正相关 ($P<0.05$); 红色杆菌属 (*Rubrobacter*) 与土壤铵态氮、硝态氮含量呈极显著负相关 ($P<0.01$); 盖埃拉菌属 (*Gaiella*) 与土壤铵态氮含量呈极显著负相关 ($P<0.01$); *Actinophytocolla* 与含水量呈显著正相关 ($P<0.05$); 拟杆菌属 (*Bacteroides*) 与含水量呈显著正相关 ($P<0.05$); 黏细菌属 (*Haliangium*) 与 pH 值呈显著负相关 ($P<0.05$), 与有机质、土壤铵态氮含量呈显著正相关 ($P<0.05$); 硝化螺旋属 (*Nitrospira*) 与含水量呈显著负相关 ($P<0.05$); *MND1* 与有机质含量呈显著负相关 ($P<0.05$)。

2.4.3 土壤酶-土壤-细菌群落系统结构模型构建

为明确土壤酶活性变化的驱动因素, 通过构建结构方程模型研究了降水变化和氮沉降对土壤酶-土壤-微生物系统的影响 (图5)。在降水变化和氮沉降条件下, 最终模型拟合结果为: $\lambda^2=5.181$, $P=0.269$, $\text{RMSEA}<0.001$, 说明模型适配良好。该模型解释了硝态氮含量75%的变化, pH值25%的变化, 细菌群落多样性37%的变化, 以及土壤酶活性65%的变化。降水变化和氮沉降极显著提高了土壤硝态氮的含量 ($P<0.001$)。氮沉降极显著改变了细菌群落多样性和土



路径系数的大小由变量间箭头的粗细表示,系数为正数用红色箭头表示,系数为负数由绿色箭头表示,实线表示影响显著,虚线表示影响不显著

The size of the path coefficient is indicated by the thickness of the arrow between variables. If the coefficient is positive, it is indicated by the red arrow. If the coefficient is negative, it is indicated by the green arrow. The solid line indicates that the impact is significant, and the dotted line indicates that the impact is not significant

图5 土壤酶-土壤-细菌群落系统的结构方程模型

Figure 5 Structural equation model of soil enzyme-soil-bacterial community system

壤酶活性($P<0.001$), pH值的降低极显著改变了土壤酶活性($P<0.001$)。细菌群落多样性及pH值的变化仍然是土壤酶活性发生变化的主要影响因素。在3种水分处理条件下,土壤硝态氮的变化主要通过改变细菌群落多样性来影响土壤酶活性。

3 讨论

3.1 降水变化和氮沉降对土壤理化性质的影响

短花针茅荒漠草原是草原向荒漠区过渡的生态系统,对全球变化较为敏感^[19],土壤环境受降水和氮沉降的影响发生变化。本研究中,氮添加降低了土壤pH值,低氮添加下土壤pH值未发生显著变化,因土壤具有一定的缓冲能力使其pH值保持稳定^[22],但高氮添加下土壤铵态氮含量增加,土壤硝化作用增强,释放出 H^+ ,使土壤pH值显著降低^[23]。在相同氮添加条件下,土壤pH值呈W处理>CK处理>R处理的趋势,降水变化通过改变土壤含水量,影响土壤中缓冲溶液浓度,导致土壤pH值发生变化。本研究结果表明,土壤有机质含量在各水氮处理间无显著差异,均随降水量和氮添加的增加呈上升趋势,可能是因为水分和氮沉降共同促进了植物生长,增加了凋落物产量,使得向土壤输入的有机碳增加;此外氮添加能够降低稳定性碳的矿化速率,减少土壤碳的输出,并且通过促进土壤腐殖质的形成来增加有机碳的积

累^[24]。土壤硝态氮含量随着降水量的增加呈显著下降趋势,Zhou等^[25]在对北方半干旱草地生态系统的研究中发现,增加降水量可以通过调节土壤孔隙度使氮素在土壤中转移,但水分过多会引起土壤中的氮淋溶^[26],导致土壤氮含量降低,相较铵态氮,硝态氮更易淋溶。随着氮添加量增加,土壤硝态氮含量呈上升趋势,而土壤铵态氮含量变化不显著,可能是因为样地所在的荒漠草原属于碱性土壤,土壤表层的铵态氮易以 NH_3 形式挥发^[27]。

3.2 降水变化和氮沉降对土壤细菌群落的影响

水分和氮素一直是荒漠草原的主要限制因子,水氮交互作用通过改变土壤养分状况进而对土壤细菌群落产生影响。本研究结果表明,变形菌门和放线菌门是本研究区丰度最高的两个菌群,W处理增加了变形菌门相对丰度,并且随氮添加量增加而增加,其相对丰度高于CK处理和R处理,放线菌门相对丰度在CK处理和W处理下随氮添加量增加而升高,但在R处理下随氮添加量增加而逐渐降低,且R处理的放线菌门相对丰度高于CK处理和W处理。前人研究认为变形菌门属于富营养型类群,在氮添加环境中能快速生长繁殖^[28],与本研究结果一致,可能是因为大多数反硝化菌属于变形菌门,而土壤硝态氮的累积有利于变形菌门细菌生长,变形菌门细菌通过呼吸和反硝化作用参与土壤氮循环^[29]。氮添加后,土壤细菌群落组成的变化与Fierer等^[30]提出的营养假说一致,即适量的养分添加对富营养微生物类群(如放线菌门)起积极作用,并加快了其生长速率,而放线菌门喜低水分环境^[31],当水分缺乏时,氮添加对微生物存在负效应^[32]。本研究中,不同水分条件下,W处理提高了Shannon指数和Chao1指数,但影响不显著,单一氮添加对Shannon指数和Chao1指数无显著影响,而在水氮交互下,Shannon指数和Chao1指数均呈先升高后降低的趋势。Maaroufi等^[33]的研究表明,低浓度的氮添加可以提高微生物多样性,与本试验得出的结果一致。原因可能是荒漠草原生态系统存在养分限制,适量的氮添加对土壤细菌反而是有利的;而高氮添加抑制了土壤细菌多样性,一方面氮素添加降低了土壤pH值,进而对细菌多样性产生抑制作用^[34],另一方面氮素添加促进了杂草植物生长,土壤中的氮素大部分被植物吸收,土壤中细菌吸收的氮不满足自身的生长繁殖,导致细菌多样性降低。Sagova等^[35]的研究认为,氮添加通过改变土壤环境,使植物多样性改变,从而影响输入土壤的碳源类型,最终导致土

壤微生物改变。Evans等^[36]的研究发现,增加降水显著改变了土壤细菌丰富度。而水氮交互作用可以通过改变荒漠草原生态系统的地上净初级生产力,使荒漠草原生态系统氮利用率改变,从而影响高氮对细菌的抑制作用。

3.3 降水变化和氮沉降对土壤酶活性及土壤酶-土壤-细菌系统的影响

土壤酶是生态系统过程的核心,介导生物地球化学循环中必不可少的许多反应。本研究结果表明,氮沉降抑制了过氧化氢酶活性,可能是因为过氧化氢酶主要由白腐真菌分泌,而氮添加会导致白腐真菌的相对丰度降低,进而减少过氧化氢酶的分泌^[37],这与赵晓琛等^[38]对草地生态系统的模拟试验结果一致。氮添加减缓了凋落物分解速率,使微生物可利用的碳源减少^[39],微生物优先利用易分解的碳源^[40],进而降低了蔗糖酶活性。在本研究中,脲酶对氮添加表现出负响应,原因可能是氮添加可以提高土壤中的有效氮源,降低微生物获取氮的难度,导致参与氮素供应的脲酶活性降低,这与Chen等^[41]的荟萃分析研究结果一致,即氮添加对脲酶有抑制作用。在本研究中,土壤酶活性呈 $R-N0 < CK-N0 < W-N0$ 的趋势,土壤酶活性对水分变化十分敏感,土壤水分增加能够改变土壤孔隙度,使养分更容易被获取,进而提高了土壤酶活性。Sardans等^[42]的研究发现,减少10%~20%的土壤含水量显著降低了土壤酶活性。在本研究中,水氮交互作用对土壤酶活性有显著影响,适当的氮素添加及增雨处理可以提高土壤酶活性,水分添加可以提高氮肥的有效性,二者交互作用提高了植物生物量^[43]及微生物数量,改善了土壤环境,导致土壤酶活性增强。

水分和氮素一直是荒漠草原生长的主要限制因子,二者交互作用可改变土壤环境。结构方程模型表明,土壤细菌群落多样性和pH值是驱动土壤酶活性变化的主要环境因素。Liu等^[40]发现氮添加通过增加土壤酸化来影响土壤酶活性,而不是改变植物群落组成,一方面pH值通过影响微生物种类改变微生物分泌酶的数量和种类,另一方面pH值通过影响土壤酶参与生化反应的速度,从而调控有机大分子物质的生物降解和矿化过程^[44];此外,在降雨变化和氮沉降背景下,硝态氮含量对土壤细菌群落多样性有负效应,并通过土壤细菌群落的影响,间接影响土壤酶活性。

4 结论

(1)连续5 a降水变化和氮沉降显著改变了短花

针茅荒漠草原的土壤理化性质和土壤细菌群落结构,但未显著改变土壤细菌Alpha多样性。

(2)氮沉降对土壤酶活性有抑制作用,而增雨对土壤酶活性有促进作用,还可减缓氮沉降对土壤酶活性的抑制作用。

(3)水氮交互作用主要通过改变土壤细菌群落多样性和pH值,驱动土壤酶活性变化。

参考文献:

- [1] 丁一汇. 中国的气候变化及其预测[M]. 北京:气象出版社, 2016. DING Y H. Climate change and its prediction in China[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2016.
- [2] YAN Z Q, QI Y C, DONG Y S, et al. Precipitation and nitrogen deposition alter litter decomposition dynamic in semiarid temperate steppe in Inner Mongolia, China[J]. *Rangeland Ecology and Management*, 2018, 71(2): 220-227.
- [3] 陈琳, 曾冀, 李华, 等. 全球降水格局变化下土壤氮循环研究进展[J]. 生态学报, 2020, 40(20): 7543-7551. CHEN L, ZENG J, LI H, et al. Research advances in the soil nitrogen cycle under global precipitation pattern change[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(20): 7543-7551.
- [4] 王杰, 李刚, 修伟明, 等. 氮素和水分对贝加尔针茅草原土壤酶活性和微生物量碳氮的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2014, 31(3): 237-245. WANG J, LI G, XIU W M, et al. Effects of nitrogen and water on soil enzyme activity and soil microbial biomass in *Stipa baicalensis* steppe, Inner Mongolia of north China[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2014, 31(3): 237-245.
- [5] 刘红梅, 张爱林, 皇甫超河, 等. 氮沉降增加对贝加尔针茅草原土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态环境学报, 2017, 26(7): 1100-1106. LIU H M, ZHANG A L, HUANGFU C H, et al. Effects of increasing nitrogen deposition on soil microbial community structure of *Stipa baicalensis* steppe in Inner Mongolia, China[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2017, 26(7): 1100-1106.
- [6] TOJU H, PEAY K G, YAMAMICHI M, et al. Core microbiomes for sustainable agroecosystems[J]. *Nature Plants*, 2018, 4: 247-257.
- [7] YANG Y, LI T, WANG Y, et al. Negative effects of multiple global change factors on soil microbial diversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 156: 108229.
- [8] 刘红梅, 杨殿林, 张海芳, 等. 氮添加对贝加尔针茅草原土壤细菌群落结构的影响[J]. 草业学报, 2019, 28(9): 23-32. LIU H M, YANG D L, ZHANG H F, et al. Effects of nitrogen deposition on soil bacteria community structure in *Stipa baicalensis* steppe[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2019, 28(9): 23-32.
- [9] 乌英嘎, 张贵龙, 赖欣, 等. 生物炭施用对华北潮土土壤细菌多样性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2014, 33(5): 965-971. WU Y G, ZHANG G L, LAI X, et al. Effects of biochar application on bacterial diversity of fluvo aquic soil in north China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2014, 33(5): 965-971.
- [10] 张海芳, 刘红梅, 赵建宁, 等. 模拟氮沉降和降雨变化对贝加尔针

- 茅草原土壤细菌群落结构的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(1):244-253. ZHANG H F, LIU H M, ZHAO J N, et al. Effects of simulated nitrogen deposition and precipitation change on soil bacterial community structure in a *Stipa baicalensis* steppe[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(1):244-253.
- [11] 闫钟清, 齐玉春, 彭琴, 等. 降水和氮沉降增加对草地土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2017, 37(9):3019-3027. YAN Z Q, QI Y C, PENG Q, et al. Effects of increased precipitation and nitrogen deposition on soil enzyme activities[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(9):3019-3027.
- [12] 王少昆, 赵学勇, 左小安, 等. 科尔沁沙质草甸土壤微生物数量的垂直分布及季节动态[J]. 干旱区地理, 2009, 32(4):610-615. WANG S K, ZHAO X Y, ZUO X A, et al. Vertical distribution and seasonal dynamics of soil microbial number in sandy grassland of Horqin[J]. *Arid Land Geography*, 2009, 32(4):610-615.
- [13] BAPIRI A, BAATH E, ROUSK J. Drying-rewetting cycles affect fungal and bacterial growth differently in an arable soil[J]. *Microbial Ecology*, 2010, 60(2):419-428.
- [14] HENRY H A L, JUAREZ J D, FIELD C B, et al. Interactive effects of elevated CO₂, N deposition and climate change on extracellular enzyme activity and soil density fractionation in a California annual grassland[J]. *Global Change Biology*, 2005, 11(10):1808-1815.
- [15] 杨山, 李小彬, 王汝振, 等. 氮水添加对中国北方草原土壤细菌多样性和群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2015, 26(3):739-746. YANG S, LI X B, WANG R Z, et al. Effects of nitrogen and water addition on soil bacterial diversity and community structure in temperate grasslands in northern China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(3):739-746.
- [16] RAMIREZ K S, CRAINE J M, FIERER N. Consistent effects of nitrogen amendments on soil microbial communities and processes across biomes[J]. *Global Change Biology*, 2012, 18(6):1918-1927.
- [17] 赵玉涛, 李雪峰, 韩士杰, 等. 不同氮沉降水平下两种林型的主要土壤酶活性[J]. 应用生态学报, 2008, 19(12):2769-2773. ZHAO Y T, LI X F, HAN S J, et al. Soil enzyme activities under two forest types as affected by different levels of nitrogen deposition[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2008, 19(12):2769-2773.
- [18] 白春华, 红梅, 韩国栋, 等. 土壤三种酶活性对温度升高和氮肥添加的响应[J]. 内蒙古大学学报:自然科学版, 2012, 43(5):509-513. BAI C H, HONG M, HAN G D, et al. Response of three kinds of enzyme activity to simulate warming and nitrogen addition[J]. *Journal of Inner Mongolia University (Natural Science Edition)*, 2012, 43(5):509-513.
- [19] 高雪峰, 韩国栋, 张国刚. 短花针茅荒漠草原土壤微生物群落组成及结构[J]. 生态学报, 2017, 37(15):5129-5136. GAO X F, HAN G D, ZHANG G G. Soil microbial community structure and composition of *Stipa Breviflora* on the desert steppe[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(15):5129-5136.
- [20] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社, 1986. GUAN S Y, Soil enzymes and their research methods[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986.
- [21] 李晨华, 贾仲君, 唐立松, 等. 不同施肥模式对绿洲农田土壤微生物群落丰度与酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2012, 49(3):567-574. LI C H, JIA Z J, TANG L S, et al. Effect of model of fertilization on microbial abundance and enzyme activity in oasis farmland soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(3):567-574.
- [22] GLASER K, HACKL E, INSELBACHER E, et al. Dynamics of ammonia-oxidizing communities in barley-planted bulk soil and rhizosphere following nitrate and ammonium fertilizer amendment[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2010, 74:575-591.
- [23] KHALIL M I, RAHMAN M S, SCHMIDHALTER U, et al. Nitrogen fertilizer-induced mineralization of soil organic C and N in six contrasting soils of Bangladesh[J]. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 2007, 170:210-218.
- [24] ZAK D R, FREEDMAN Z B, UPCHURCH R A, et al. Anthropogenic N deposition increases soil organic matter accumulation without altering its biochemical composition[J]. *Global Change Biology*, 2017, 23:933-944.
- [25] ZHOU X, CHEN C, WANG Y, et al. Soil carbon and nitrogen, microbial biomass and microbial metabolic activity in response to warming and increased precipitation in a semiarid Inner Mongolian grassland[J]. *Geoderma*, 2013, 206:24-31.
- [26] 刘禹, 李兴福, 丁成翔, 等. 短期增水对高寒草甸补播草地植被群落和土壤养分的影响[J]. 草地学报, 2019, 27(6):1622-1632. LIU Y, LI X F, DING C X, et al. Effect of water addition on vegetation communities and soil nutrients in reseeded alpine meadow[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2019, 27(6):1622-1632.
- [27] BEIER C, EMMETT B, GUNDERSEN P, et al. Novel approaches to study climate change effects on terrestrial ecosystems in the field: Drought and passive night time warming[J]. *Ecosystems*, 2004, 7(6):583-597.
- [28] 张紫薇, 陈召莹, 张甜娜, 等. 岗南水库沉积物好氧反硝化菌群落时空分布特征[J]. 环境科学, 2022, 43(1):314-328. ZHANG Z W, CHEN Z Y, ZHANG T N, et al. Spatial and temporal distribution of aerobic denitrification bacteria community in sediments of Gangnan reservoir[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(1):314-328.
- [29] ZHANG T, SHAO M F, YE L. 454 pyrosequencing reveals bacterial diversity of activated sludge from 14 sewage treatment plants[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(6):1137-1147.
- [30] FIERER N, LAUBER C L, RAMIREZ K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(5):1007-1017.
- [31] 李金融, 侯湖平, 王深, 等. 基于高通量测序的复垦土壤细菌多样性研究[J]. 环境科学与技术, 2018, 41(12):148-157. LI J R, HOU H P, WANG S, et al. Soil bacteria diversity of reclaimed soil based on high throughput sequencing[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 41(12):148-157.
- [32] ZHANG N L, WAN S Q, GUO J X, et al. Precipitation modifies the effects of warming and nitrogen addition on soil microbial communities in northern Chinese grasslands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 89:12-23.
- [33] MAAROUFI N I, NORDIN A, HASSELQUIST N J, et al. Anthropo-

- genic nitrogen deposition enhances carbon sequestration in boreal soils[J]. *Global Change Biology*, 2015, 21(8):3169–3180.
- [34] CHEN D M, LAN Z C, HU S J, et al. Effects of nitrogen enrichment on belowground communities in grassland: Relative role of soil nitrogen availability vs. soil acidification[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 89:99–108.
- [35] SAGOVA-MARECKOVA M, OMELKA M, CERMAK L, et al. Microbial communities show parallels at sites with distinct litter and soil characteristics[J]. *Applied & Environmental Microbiology*, 2011, 77(21):7560–7567.
- [36] EVANS S E, WALLENSTEIN M D. Climate change alters ecological strategies of soil bacteria[J]. *Ecology Letters*, 2014, 17:155–164.
- [37] ALLISON S D, CZIMCZIK C I, TRESEDER K K. Microbial activity and soil respiration under nitrogen addition in Alaskan boreal forest[J]. *Global Change Biology*, 2008, 14:1156–1168.
- [38] 赵晓琛, 皇甫超河, 刘红梅, 等. 贝加尔针茅草原土壤酶活性及微生物量碳氮对养分添加的响应[J]. 草地学报, 2016, 24(1):47–53.
- ZHAO X C, HUANGFU C H, LIU H M, et al. Response of soil enzyme activity and microbial biomass carbon and nitrogen to the nutrient addition of *Stipa baicalensis* Steppe in Inner Mongolia[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2016, 24(1):47–53.
- [39] 王晖, 莫江明, 薛璟花, 等. 氮沉降增加对森林凋落物分解酶活性的影响[J]. 热带亚热带植物学报, 2006(6):539–546. WANG H, MO J M, XUE J H, et al. Effects of elevated nitrogen deposition on the activities of enzymes in forest litter decomposition: A review[J]. *Journal of Tropical and Subtropical Botany*, 2006(6):539–546.
- [40] LIU X C, ZHANG S T. Nitrogen addition shapes soil enzyme activity patterns by changing pH rather than the composition of the plant and microbial communities in an alpine meadow soil[J]. *Plant and Soil*, 2019, 440:11–24.
- [41] CHEN H, LI D J, ZHAO J, et al. Effects of nitrogen addition on activities of soil nitrogen acquisition enzymes: A meta-analysis[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2018, 252:126–131.
- [42] SARDANS J, PENUÉLAS J. Drought decreases soil enzyme activity in a Mediterranean *Quercus ilex* L. forest[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(5):455–461.
- [43] 白春利, 阿拉塔, 陈海军, 等. 氮素和水分添加对短花针茅荒漠草原植物群落特征的影响[J]. 中国草地学报, 2013, 35(2):69–75.
- BAI C L, A L T, CHEN H J, et al. Effects of addition of nitrogen and water on plant community characteristics of *Stipa breviflora* desert steppe[J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2013, 35(2):69–75.
- [44] 万忠梅, 宋长春. 土壤酶活性对生态环境的响应研究进展[J]. 土壤通报, 2009(4):951–956. WAN Z M, SONG C C. Advance on response of soil enzyme activity to ecological environment[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2009(4):951–956.

(责任编辑:朱晓昱)