

引用格式: 黎志鹏, 毕华兴, 管凝, 等. 黄土区典型林地土壤养分-酶活性-微生物多样性差异分析[J]. 浙江农林大学学报, 2026, 43(2): 370-380. LI Zhipeng, BI Huaxing, GUAN Ning, et al. Differential analysis of soil nutrient-enzyme activity-microbial diversity in typical woodland in loess area[J]. Journal of Zhejiang A&F University, 2026, 43(2): 370-380.

黄土区典型林地土壤养分-酶活性-微生物多样性差异分析

黎志鹏¹, 毕华兴^{1,2,3,4}, 管凝¹, 黄浩博¹, 曾星¹, 康赛¹, 周韬¹, 邱婷¹

(1. 北京林业大学水土保持学院, 北京 100083; 2. 北京林业大学林木资源高效生产全国重点实验室, 北京 100083; 3. 北京林业大学山西吉县森林生态系统国家野外科学观测研究站, 北京 100083; 4. 北京林业大学水土保持国家林业和草原局重点实验室/北京市水土保持工程技术研究中心/林业生态工程教育部工程研究中心, 北京 100083)

摘要: 【目的】探究不同林分类型对土壤养分、酶活性及微生物多样性的影响, 可为土壤功能提升以及从林地改良土壤的视角为研究区适宜树种选择提供理论依据。【方法】选择晋西黄土区 5 种典型林分(刺槐 *Robinia pseudoacacia* 纯林、油松 *Pinus tabulaeformis* 纯林、侧柏 *Platycladus orientalis* 纯林、油松-刺槐混交林、辽东栎 *Quercus wutaishanica*-山杨 *Populus davidiana* 混交林, 并以荒草地为对照, 测定不同林地的土壤养分、酶活性及微生物多样性特征, 结合高通量测序法、单因素分析法、冗余分析等分析土壤养分、土壤酶活性及微生物多样性的相互关系。【结果】①林地土壤养分均优于荒草地, 油松-刺槐混交林和辽东栎-山杨混交林的土壤全氮(TN)和有机质(SOM)质量分数均显著高于其他纯林($P<0.05$)。②辽东栎-山杨混交林的土壤 β -葡萄糖苷酶(BG)、亮氨酸氨基肽酶(LAP)、碱性磷酸酶(ALP)活性最高, 油松纯林的土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶(NAG)活性最高。③土壤细菌的ACE、Chao1和Shannon等 α 多样性指数普遍较高, 但混交林营造显著增强了真菌群落的物种丰富度($P<0.05$)。④土壤酶活性与土壤TN、ANC、NNC、AP和SOM质量分数相关显著($P<0.05$), 土壤微生物多样性与土壤TN、NNC质量分数密切相关($P<0.05$)。土壤NAG、ANC是微生物群落的关键驱动因子。【结论】混交林相较于纯林及荒草地, 在土壤养分积累、酶活性增强以及真菌多样性提升等方面表现出显著的正向效应。因此, 基于林分改良土壤的视角, 建议黄土区植被恢复和重建中优先考虑落叶阔叶或针叶阔叶树种为核心的混交林配置方案。图4表6参32

关键词: 林分类型; 土壤养分; 酶活性; 微生物多样性; 晋西黄土区

中图分类号: S714 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2026)02-0370-11

Differential analysis of soil nutrient-enzyme activity-microbial diversity in typical woodland in loess area

LI Zhipeng¹, BI Huaxing^{1,2,3,4}, GUAN Ning¹, HUANG Haobo¹, ZENG Xing¹,
KANG Sai¹, ZHOU Tao¹, QIU Ting¹

(1. College of Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 2. State Key Laboratory of Efficient Production of Forest Resources, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 3. National Forest Ecosystem Observation and Research Station in Jixian County of Shanxi Province, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 4. Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Soil and Water Conservation/Beijing Engineering Research Center of Soil and Water Conservation/Engineering Research Center of Forestry Ecological Engineering of Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China)

Abstract: [Objective] To investigate the effects of different forest stand types on soil nutrients, enzyme

收稿日期: 2025-03-25; 修回日期: 2025-10-30

基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFF1300401); 国家自然科学基金资助项目(U2243202)

作者简介: 黎志鹏(ORCID: 0009-0004-1314-8685), 从事林业生态工程研究。E-mail: 1597993394@qq.com。通信作者: 毕华兴(ORCID: 0000-0001-9726-5328), 教授, 博士, 从事森林水文、土壤侵蚀、农林复合、林业生态工程建设研究。E-mail: bhx@bjfu.edu.cn

activities and microbial diversity, which can provide theoretical basis for the improvement of soil function and the selection of suitable tree species in the study area from the perspective of soil improvement by forest land. [Method] This study selected 5 typical forest stands (*Robinia pseudoacacia* pure forest, *Pinus tabulaeformis* pure forest, *Platycladus orientalis* pure forest, *Pinus tabulaeformis-Robinia pseudoacacia* mixed forest, *Quercus wutaishanica-Populus davidiana* mixed forest) in the loess area of Western Shanxi, and used the barren grassland as the control, to determine the characteristics of soil nutrients, enzyme activities and microbial diversity in different forests, and to analyze the interrelationships among soil nutrients, enzyme activities and microbial diversity by combining the high-throughput sequencing method, one-way analysis of variance, redundancy analysis, etc. This study also analyzed the relationship between soil nutrients, enzyme activities and microbial diversity of different forests. The relationship between soil nutrients, soil enzyme activity and microbial diversity was analyzed by combining high-throughput sequencing and redundancy analysis. [Result] (1) The soil nutrients of forest land were better than those of barren grassland, and the contents of total nitrogen (TN) and organic matter (SOM) in the *Pinus tabulaeformis-R. pseudoacacia* and *Q. wutaishanica-Populus davidiana* mixed forests were significantly higher than those in the other pure forests ($P < 0.05$). (2) Soil β -glucosidase (BG), leucine aminopeptidase (LAP), and alkaline phosphatase (ALP) activities were the highest in *Q. wutaishanica-Populus davidiana* mixed forests, and soil β -N-acetyl-amino-glucosidase (NAG) activity was the highest in *Pinus tabulaeformis* pure forest. (3) ACE, Chao1 and Shannon's alpha diversity indices of soil bacteria were generally high, but mixed forest creation significantly enhanced the species richness of fungal communities ($P < 0.05$). (4) Soil enzyme activities were significantly correlated with soil TN, ANC, NNC, AP and SOM contents ($P < 0.05$), and soil microbial diversity was closely correlated ($P < 0.05$). Soil NAG and ANC were the key drivers of microbial communities. [Conclusion] The comprehensive study showed that mixed forests exhibited significant positive effects on soil nutrient accumulation, enhanced enzyme activities and increased fungal diversity compared with pure forests and barren grasslands. Therefore, based on the perspective of soil improvement by forest stands, it is recommended that a mixed forest configuration with deciduous broadleaf or coniferous broadleaf species as the core should be prioritized in the vegetation restoration and reconstruction of loess area. [Ch, 4 fig. 6 tab. 32 ref.]

Key words: forest stand type; soil nutrients; enzyme activity; microbial diversity; loess area of Western Shanxi

晋西黄土区面临严重的水土流失与土壤退化问题, 合理选择植被恢复措施可有效保持水土并改善生态环境, 其中营造人工林是该地区生态重建的重要途径^[1]。在生态修复过程中, 植物与土壤通过动态互动逐步形成不同生态功能特征的土壤生态系统^[2]。植物生长依赖土壤养分供给, 而不同林分类型的化学组分、微生物群落结构及其代谢活动的差异性, 驱动土壤养分状况呈现多样化演变趋势^[3]。作为植物根系、土壤动物及微生物活动分泌的高效催化蛋白, 土壤胞外酶几乎参与所有土壤生化反应, 可提升养分有效性, 促进植物吸收利用^[4]。曹雨婷等^[5]在对比不同菌根类型林分发现: 混交林土壤中的 β -葡糖苷酶、 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶及亮氨酸氨基肽酶活性显著高于纯林。此外, 杨君琬等^[6]研究显示: 六盘山针阔混交林地的磷酸酶与脲酶活性居 7 种水源涵养林之首。这种酶活性差异源于不同林分引起的微生物量、种群结构及代谢过程变化^[7]。健康土壤微生物群落对土壤结构改良具有双重效应, 既优化物理性质, 又增强污染物降解能力。反之, 土壤微生物多样性的减少可能会对土壤的长期可持续利用产生不利影响^[8]。张星星等^[9]对亚热带树种的研究表明: 林分类型通过调控凋落物数量与质量影响养分供给, 进而改变微生物底物有效性并调节酶活性。此外, 表层土壤因微生物活动旺盛, 其养分含量显著高于深层土壤^[10]。不同林分类型通过调控土壤养分、酶活性及微生物群落的协同作用, 最终形成差异化的土壤生态功能。

黄土高原面临严峻的环境挑战, 如严重土壤侵蚀、低保水性和土壤养分匮乏等问题。针对当地实际

情况,迫切需要有效的植被恢复措施来管理。有效营造混交林或纯林一直是该地区生态研究的热点。以往研究集中比较混交林和纯林在生长和土壤条件上的差异,聚焦于微生物对土壤碳氮动态变化的作用^[1]。然而,土壤微生物不仅参与养分循环和有机质的转换,还会通过各种生物化学和物理机制改变土壤生存环境^[2]。鉴于此,本研究通过纯林、混交林的土壤养分、酶活性、微生物多样性和组成,主要解决2个关键问题:①混交林是否能够提升土壤肥力和活性,从而缓解黄土区碱性土壤面临的养分匮乏等问题?②林分类型转变如何影响土壤微生物多样性及组成,并与土壤环境因子变化产生关联?本研究旨在为晋西黄土区通过人工造林进行生态恢复提供理论依据。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于山西省吉县蔡家川流域(36°01'13"~36°19'19"N, 110°41'17"~110°47'52"E),该区属于黄土高原残塬沟壑区,总面积为39.33 km²,呈东西走向的狭长地形(长度约14 km),海拔高程为900.0~1 513.0 m。区域气候为温带大陆性季风气候,年均气温为10.0℃,年均降水为575.9 mm,其中76%的降水集中于6—9月,年蒸发量为1 729.0 mm。成土母质为黄土,发育典型褐土。现存植被以水土保持林为主,包括刺槐 *Robinia pseudoacacia*、油松 *Pinus tabulaeformis*、侧柏 *Platycladus orientalis* 等人工纯林及混交林,以及辽东栎 *Quercus wutaishanica*、山杨 *Populus davidiana* 等。林下灌木层以黄刺玫 *Rosa xanthina*、杠柳 *Periploca sepium* 为优势种,草本层由薹草 *Carex* spp.、茜草 *Rubia cordifolia* 等构成。

1.2 采样点设置与样品采集

在对研究区进行全面踏查的基础上,选取具有代表性的刺槐纯林、油松纯林、侧柏纯林、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林5种林分类型,以荒草地作为对照。不同林分类型样地选取尽可能保证立地条件(海拔、密度、坡向)和林分特征(林龄、郁闭度、密度等)基本一致,各林分样地基本信息如表1所示。在每个林分中设3个20 m×20 m的大样方,每个样方中随机选取3处具有代表性的取样点,用土钻取0~20 cm表层土壤,将3个取样点的土壤样品混合均匀作为1个样品,去掉土壤样品中的石砾与动植物残体,分2份装入自封袋带回实验室,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的测定,设置3个重复。

表1 林分样地基本信息

Table 1 Basic information of forest plots

林分类型	海拔/ m	密度/ (株·hm ⁻²)	坡度/ (°)	坡向	郁闭度/ %	林龄/ a	胸径/ cm	树高/ m	土壤含水 量/(g·kg ⁻¹)	凋落物蓄 积量/(t·hm ⁻²)
CH	1 500.9	1 300	20	阳坡	53.4	34	17.08±4.59	9.24±1.13	5.62±1.62	14.48±1.24
YS	1 121.3	1 150	21	阳坡	59.2	33	14.19±2.66	8.48±0.85	6.53±0.25	15.66±2.29
CB	1 123.2	1 325	15	阳坡	41.0	34	10.68±2.75	5.05±0.71	7.85±1.04	13.26±2.28
MF	1 085.7	1 550	25	阳坡	66.0	34	12.76±3.94	9.49±1.27	9.84±0.59	17.95±0.92
CSL	1 047.9	1 400	15	阳坡	63.2	34	10.97±3.46	9.56±1.35	12.07±2.30	32.05±5.01
HC	1 077.0		0						3.74±0.31	

说明: CH、YS、CB、MF、CSL、HC分别表示刺槐、油松、侧柏、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、荒草地。

1.3 指标测定

1.3.1 土壤营养指标测定 参照《土壤农业化学分析方法》^[13],测定土壤全氮(TN)、土壤全磷(TP)、土壤硝态氮(NNC)、土壤铵态氮(ANC)、土壤速效磷(AP)、土壤有机质(SOM)、土壤pH。

1.3.2 土壤酶活性测定 采用荧光酶标法^[14],测定4种土壤酶活性,包括β-葡萄糖苷酶(BG)、β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶(NAG)、亮氨酸氨基肽酶(LAP)、碱性磷酸酶(ALP)。

1.3.3 土壤微生物多样性测序 根据E.Z.N.A.® soil DNA kit说明书进行微生物群落总基因组DNA抽提,使用10 g·L⁻¹的琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组DNA质量,使用NanoDrop2000测定DNA浓度和纯度。以上述提取的DNA为模板,使用携带Barcode序列的上游引物338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和下游引物806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')^[15]对16S rRNA基因

V3~V4 可变区进行 PCR 扩增。利用 Illumina Nextseq 2000 平台进行测序，并使用 USEARCH 软件借助 DADA2 方法进行拼接和过滤，按照 $\geq 99\%$ 相似度聚类为特征单元 (ASV)，将其比对至 UNITE 真菌数据库和 SILVA 细菌数据库进行物种注释，最后，按最小样本序列将得到的数据抽平后，进行土壤微生物多样性分析，具体分析微生物 α 多样性和微生物群落组成，测序工作委托上海美吉生物医药科技有限公司完成。

1.4 数据处理

采用 Excel 2019 和 SPSS 21.0 软件进行数据分析，用 Origin 2022 绘图。采用单因素方差分析 (one-way ANOVA 法) 评价不同林分类型间土壤养分、酶活性以及微生物多样性的差异，用 Duncan 法进行多重比较，显著性水平为 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，采用 RDA 冗余分析研究微生物群落组成与土壤环境因子间的相互关系。使用 R 语言“vegan”包中的“varpart()”函数进行 VPA 分析，量化不同环境因子 (如土壤养分、土壤酶活性等) 对微生物群落变异的单独解释度与共同解释度，并计算不同环境因子对微生物群落变异的独立与交互贡献比例。

2 结果与分析

2.1 不同林分类型土壤养分特征

由表 2 表明：土壤全氮 ($0.92 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$)、土壤全磷 ($0.48 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$)、土壤硝态氮 ($9.23 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)、土壤速效磷 ($1.25 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)、土壤有机质 ($32.05 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$) 质量分数在辽东栎-山杨混交林中最高。不同林分类型间土壤养分指标所呈现的规律一致，从大到小依次为辽东栎-山杨混交林、油松-刺槐混交林、刺槐纯林、油松纯林、侧柏纯林、荒草地。整体上，林地土壤硝态氮、土壤速效磷、土壤有机质质量分数是荒草地的 1.5 倍以上。

表 2 不同林分类型土壤养分质量分数

Table 2 Soil nutrient content in different forest stand types

林分类型	全氮/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	全磷/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)	硝态氮/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	铵态氮/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	速效磷/ ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)	pH	有机质/ ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$)
CH	$0.48 \pm 0.06 \text{ b}$	$0.43 \pm 0.04 \text{ a}$	$8.21 \pm 2.18 \text{ ab}$	$9.27 \pm 1.31 \text{ bc}$	$0.93 \pm 0.12 \text{ ab}$	$8.58 \pm 0.02 \text{ a}$	$18.61 \pm 5.89 \text{ b}$
YS	$0.33 \pm 0.22 \text{ bc}$	$0.38 \pm 0.23 \text{ a}$	$7.89 \pm 2.43 \text{ ab}$	$9.77 \pm 1.06 \text{ abc}$	$0.86 \pm 0.39 \text{ ab}$	$8.57 \pm 0.02 \text{ a}$	$13.90 \pm 6.28 \text{ bc}$
CB	$0.37 \pm 0.09 \text{ c}$	$0.42 \pm 0.09 \text{ a}$	$4.59 \pm 0.44 \text{ bc}$	$8.08 \pm 1.74 \text{ c}$	$0.56 \pm 0.15 \text{ b}$	$8.66 \pm 0.07 \text{ a}$	$8.24 \pm 1.63 \text{ c}$
MF	$0.82 \pm 0.05 \text{ a}$	$0.43 \pm 0.14 \text{ a}$	$8.85 \pm 2.65 \text{ a}$	$12.71 \pm 2.02 \text{ a}$	$0.99 \pm 0.38 \text{ ab}$	$8.63 \pm 0.01 \text{ a}$	$30.04 \pm 2.52 \text{ a}$
CSL	$0.92 \pm 0.08 \text{ a}$	$0.48 \pm 0.13 \text{ a}$	$9.23 \pm 2.10 \text{ a}$	$11.33 \pm 2.08 \text{ ab}$	$1.25 \pm 0.36 \text{ a}$	$8.55 \pm 0.13 \text{ a}$	$32.05 \pm 9.93 \text{ a}$
HC	$0.45 \pm 0.06 \text{ c}$	$0.35 \pm 0.01 \text{ a}$	$3.77 \pm 1.26 \text{ c}$	$7.77 \pm 1.00 \text{ c}$	$0.56 \pm 0.19 \text{ b}$	$8.54 \pm 0.02 \text{ a}$	$8.15 \pm 1.16 \text{ c}$

说明：CH、YS、CB、MF、CSL、HC 分别表示刺槐、油松、侧柏、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、荒草地。不同小写字母表示不同林分类型间差异显著 ($P < 0.05$)。

2.2 不同林分类型土壤酶活性特征

由图 1 表明：土壤 β -葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶、碱性磷酸酶活性在辽东栎-山杨天然混交林中最高，分别为 18.41 、 18.92 、 $14.84 \mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ ，分别为荒草地的 2.23、2.15、2.83 倍。土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性在油松纯林中最高，为 $6.36 \mu\text{mol} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ ，是荒草地的 3.23 倍。侧柏纯林的土壤 β -葡萄糖苷酶活性低于荒草地，仅为荒草地的 40%。除了油松纯林的土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性和荒草地的土壤 β -葡萄糖苷酶活性外，土壤 β -葡萄糖苷酶、 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、亮氨酸氨基肽酶、碱性磷酸酶活性在不同林分类型间表现出相似的规律性，从大到小依次为混交林、纯林、荒草地。

2.3 不同林分类型土壤微生物多样性特征

由表 3 表明：5 种不同林分类型土壤真菌的 ACE 和 Chao1 指数从大到小依次为油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、侧柏纯林、刺槐纯林、油松纯林，其中辽东栎-山杨混交林的 ACE 和 Chao1 指数均显著高于其他林分 ($P < 0.05$)。油松纯林的 Simpson 指数高于其他林分，是荒草地的 5.4 倍，但 Shannon 指数最低，不到混交林的 70%。

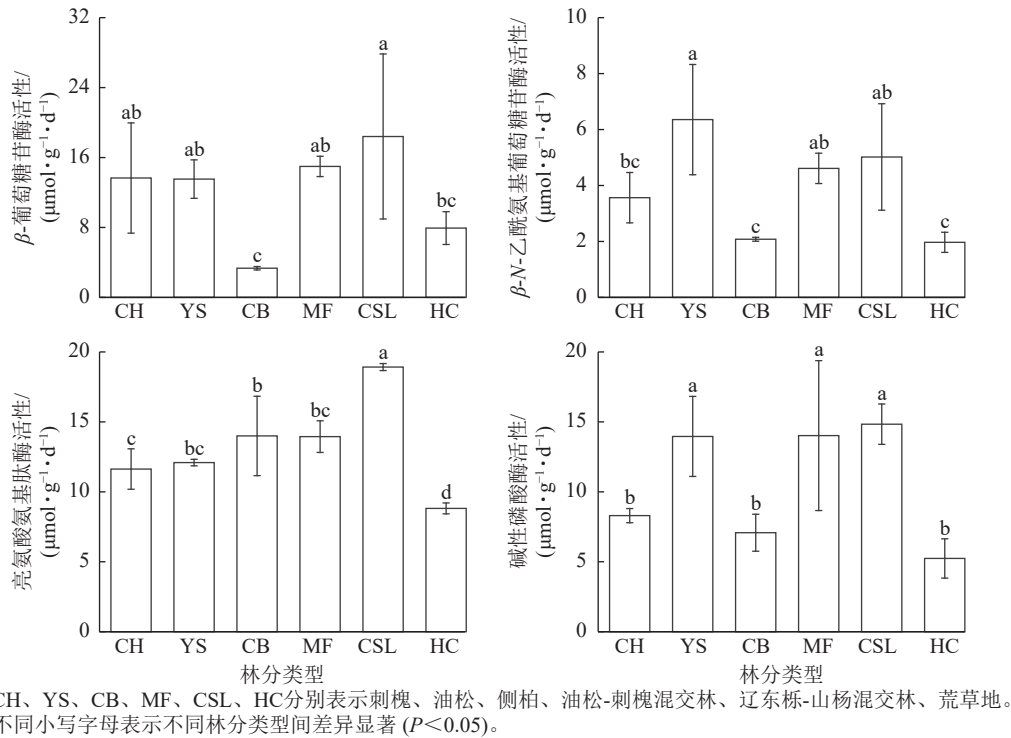


图 1 不同林分类型土壤酶活性

Figure 1 Soil enzyme activities in different forest stand types

表 3 不同林分类型土壤真菌多样性

Table 3 Soil fungal diversity in different forest stand types

林分类型	ACE指数	Chao1指数	Shannon指数	Simpson指数
CH	398.81±88.37 b	398.59±90.38 b	3.80±0.65 c	0.064 9±0.050 0 ab
YS	251.91±49.91 c	251.27±49.87 c	3.02±0.31 d	0.113 1±0.044 6 a
CB	468.18±49.78 b	468.02±49.79 b	4.65±0.16 ab	0.030 8±0.006 2 b
MF	677.11±51.03 a	676.53±50.74 a	5.02±0.16 a	0.014 0±0.003 1 b
CSL	505.53±113.37 b	505.10±113.07 b	4.15±0.39 bc	0.047 5±0.025 2 b
HC	471.17±56.28 b	470.79±56.30 b	4.71±0.31 ab	0.021 0±0.008 6 b

说明: CH、YS、CB、MF、CSL、HC 分别表示刺槐、油松、侧柏、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、荒草地。不同小写字母表示不同林分类型间差异显著 ($P < 0.05$)。

由表 4 表明: 5 种不同林分类型土壤细菌的 ACE 和 Chao1 指数从大到小依次为侧柏纯林、刺槐纯林、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、油松纯林, 其中侧柏纯林的 ACE 和 Chao1 指数显著高于油松纯林 ($P < 0.05$)。油松纯林的 Simpson 指数最高, 显著高于侧柏纯林、辽东栎×山杨混交林和荒草地 ($P < 0.05$), 是它们的 1.3 倍, Shannon 指数最低。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 Chao1 指数更是高出 2 倍以上。

研究区不同林分类型土壤微生物群落组成分析 (图 2) 显示: 真菌优势菌群为子囊菌门 Ascomycota (27.3%~78.99%) 和担子菌门 Basidiomycota (4.24%~55.56%)。相较于荒草地, 子囊菌门相对丰度在刺槐纯林和油松-刺槐混交林中有所提高, 而油松纯林、侧柏纯林和辽东栎-山杨混交林分别降低 53.55%、36.47% 和 56.69%; 担子菌门相对丰度在油松、侧柏和辽东栎-山杨混交林中较荒草地分别增长 3.61、0.95 和 2.96 倍, 而刺槐和油松-刺槐混交林则减少。相较于荒草地, 被孢霉门 Mortierellomycota 在所有林分中均呈下降趋势 (降幅为 2.56%~15.19%)。细菌优势菌群为放线菌门 Actinobacteriota (26.4%~36.19%)、变形菌门 Proteobacteria (16.21%~27.73%)、酸杆菌门 Acidobacteriota (13.34%~22.87%) 和绿弯菌门 Chloroflexi (9.42%~16.86%)。细菌群落的相对丰度在各林分间均差异不明显。

2.4 土壤养分-酶活性-微生物多样性相关分析

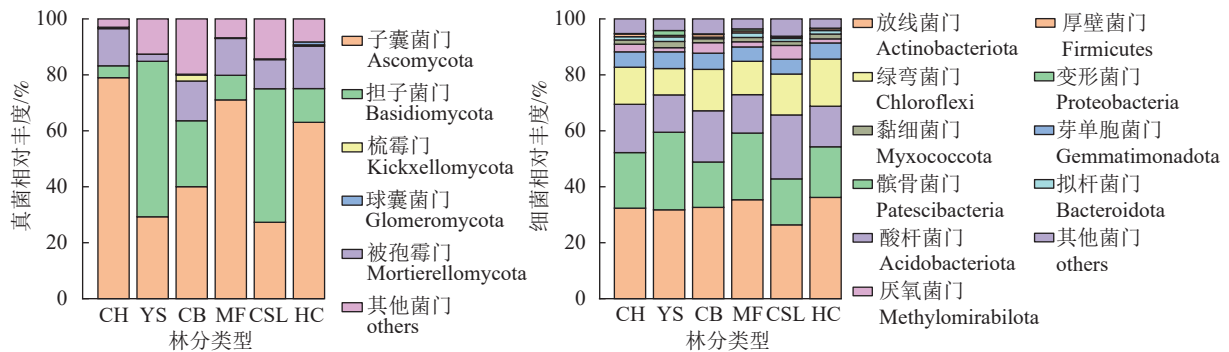
相关分析 (表 5) 表明: 土壤 β -葡萄糖苷酶与土壤全氮呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与土壤铵态氮、土壤

表 4 不同林分类型土壤细菌多样性

Table 4 Soil bacterial diversity in different forest stand types

林分类型	ACE指数	Chao1指数	Shannon指数	Simpson指数
CH	1 705.36±233.99 ab	1 697.90±236.41 ab	6.83±0.13 ab	0.001 8±0.000 2 ab
YS	1 361.93±52.44 b	1 355.59±53.41 b	6.62±0.07 b	0.002 1±0.000 1 a
CB	1 844.42±383.68 a	1 840.13±389.50 a	6.91±0.22 a	0.001 6±0.000 3 b
MF	1 525.60±154.26 ab	1 518.86±144.67 ab	6.74±0.04 ab	0.001 9±0.000 1 ab
CSL	1 483.60±105.52 ab	1 475.22±102.09 ab	6.78±0.07 ab	0.001 6±0.000 1 b
HC	1 600.95±14.91 ab	1 596.63±15.25 ab	6.87±0.02 a	0.001 6±0.000 1 b

说明：CH、YS、CB、MF、CSL、HC 分别表示刺槐、油松、侧柏、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、荒草地。不同小写字母表示不同林分类型间差异显著 ($P<0.05$)。



CH、YS、CB、MF、CSL、HC 分别表示刺槐、油松、侧柏、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、荒草地。

图 2 不同林分类型下土壤微生物群落组成

Figure 2 Composition of soil microbial communities under different forest stand types

硝态氮、土壤速效磷、土壤有机质呈极显著正相关 ($P<0.01$)。土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶与土壤速效磷呈显著正相关 ($P<0.05$)，与土壤硝态氮呈极显著正相关 ($P<0.01$)。土壤亮氨酸氨基肽酶与土壤铵态氮、土壤速效磷呈显著正相关 ($P<0.05$)，与土壤全氮、土壤有机质呈极显著正相关 ($P<0.01$)。土壤碱性磷酸酶与土壤全氮、土壤铵态氮、土壤硝态氮呈显著正相关 ($P<0.05$)，与土壤速效磷、土壤有机质呈极显著正相关 ($P<0.01$)。土壤真菌 ACE、Chao 1 指数均与土壤全氮呈显著正相关 ($P<0.05$)。细菌 Simpson 指数与土壤养分无显著相关性，ACE、Chao 1、Shannon 指数与土壤硝态氮呈显著负相关 ($P<0.05$)。

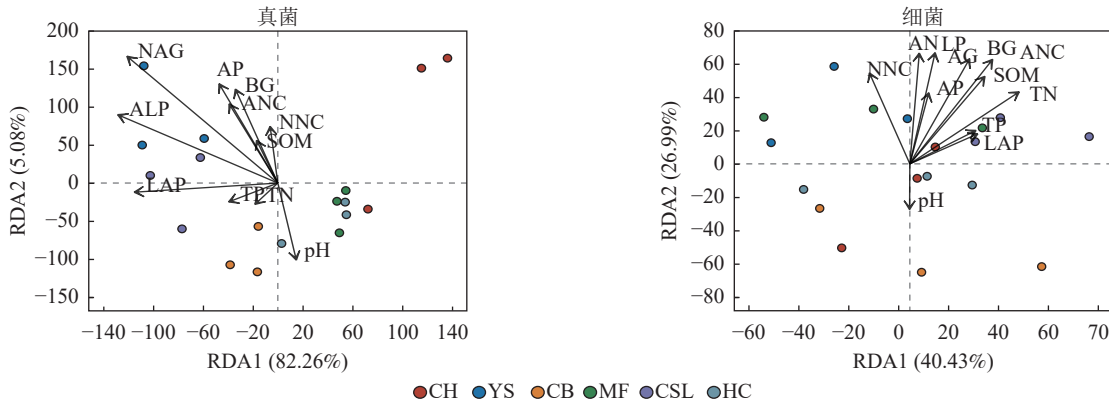
表 5 土壤养分与土壤酶活性、微生物多样性相关性

Table 5 Correlation between soil nutrients, soil enzyme activity and microbial diversity

指标	全氮	全磷	铵态氮	硝态氮	速效磷	pH	有机质	
土壤酶	β -葡萄糖苷酶	0.54*	0.19	0.60**	0.75**	0.64**	-0.22	0.63**
	β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶	0.24	0.06	0.46	0.72**	0.58*	-0.13	0.44
	亮氨酸氨基肽酶	0.60**	0.37	0.55*	0.37	0.51*	0.18	0.65**
	碱性磷酸酶	0.53*	0.06	0.58*	0.57*	0.74**	0.02	0.62**
真菌	ACE	0.57*	-0.05	0.37	0.01	0.13	0.10	0.38
	Chao1	0.57*	-0.05	0.37	0.01	0.13	0.10	0.38
	Shannon	0.31	-0.04	0.06	-0.26	-0.22	0.19	0.03
	Simpson	-0.27	0.01	-0.01	0.23	0.27	-0.11	-0.02
细菌	ACE	-0.16	-0.13	-0.31	-0.51*	-0.19	0.27	-0.25
	Chao1	-0.16	-0.13	-0.31	-0.51*	-0.20	0.27	-0.25
	Shannon	-0.02	-0.06	-0.37	-0.49*	-0.20	0.12	-0.20
	Simpson	-0.25	-0.01	0.22	0.37	-0.04	0.01	-0.02

说明：*表示显著相关 ($P<0.05$)；**表示极显著相关 ($P<0.01$)。

冗余分析(图3)显示:前2个轴分别解释了受土壤环境因子影响的真菌群落组成和细菌组成的方差,分别为87.34%和67.42%。土壤真菌群落与土壤β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤碱性磷酸酶呈显著相关($P < 0.05$),土壤细菌群落与土壤全氮、土壤铵态氮、土壤有机质、土壤β-葡萄糖苷酶、土壤β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤碱性磷酸酶呈显著相关($P < 0.05$)。土壤β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤铵态氮分别是真菌、细菌群落解释率最高的环境因子(表6),表明这2个因子对真菌、细菌群落的分布和多样性有显著影响。



CH、YS、CB、MF、CSL、HC分别表示刺槐、油松、侧柏、油松-刺槐混交林、辽东栎-山杨混交林、荒草地。TN、TP、NNC、ANC、AP、SOM分别代表土壤全氮、土壤全磷、土壤硝态氮、土壤铵态氮、土壤速效磷、土壤有机质。BG、NAG、LAP、ALP分别代表土壤β-葡萄糖苷酶、土壤β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤亮氨酸氨基肽酶、土壤碱性磷酸酶。

图3 土壤微生物群落组成与环境因子的冗余分析(RDA)

Figure 3 Redundancy analysis (RDA) of soil microbial community composition with environmental factors

表6 环境因子对土壤微生物群落的解释率

Table 6 Explanatory rate of soil microbial communities by environmental factors

群落	指标	RDA1	RDA2	解释率	P	群落	指标	RDA1	RDA2	解释率	P
真菌	TN	-0.62	-0.79	0.01	0.93	细菌	TN	0.69	0.73	0.39	0.02*
	TP	-0.92	-0.39	0.02	0.84		TP	0.76	0.65	0.11	0.39
	NNC	-0.21	0.98	0.06	0.62		NNC	-0.17	0.99	0.30	0.07
	ANC	-0.49	0.87	0.15	0.29		ANC	0.49	0.87	0.53	0.00**
	AP	-0.48	0.88	0.23	0.12		AP	0.26	0.97	0.19	0.21
	SOM	-0.44	0.90	0.04	0.74		SOM	0.52	0.86	0.39	0.02*
	pH	0.28	-0.96	0.12	0.39		pH	-0.11	-0.99	0.07	0.61
	BG	-0.41	0.91	0.19	0.20		BG	0.40	0.91	0.48	0.00**
	NAG	-0.69	0.72	0.57	0.00**		NAG	0.24	0.97	0.47	0.01**
	LAP	-1.00	0.01	0.18	0.23		LAP	0.79	0.61	0.10	0.45
ALP	-0.86	0.51	0.35	0.03*	ALP	0.16	0.99	0.45	0.01*		

说明: TN、TP、NNC、ANC、AP、SOM 分别代表土壤全氮、土壤全磷、土壤硝态氮、土壤铵态氮、土壤速效磷、土壤有机质。BG、NAG、LAP、ALP 分别代表土壤β-葡萄糖苷酶、土壤β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤亮氨酸氨基肽酶、土壤碱性磷酸酶。*表示解释显著($P < 0.05$); **表示解释极显著($P < 0.01$)。

方差分解分析(图4)显示:在真菌群落中,土壤酶活性的解释度为72.50%,高于土壤养分含量的解释度(30.96%)。在细菌群落中,土壤酶活性的解释度为10.73%,低于土壤养分含量的解释度(15.23%)。此外,土壤养分含量和酶活性对真菌群落的共同解释度为16.78%,高于对细菌群落的共同解释度(3.83%),表明土壤养分含量和酶活性在真菌群落中具有较强的协同作用。

3 讨论

3.1 不同林分类型对土壤养分、酶活性的影响

本研究表明:油松-刺槐混交林和辽东栎-山杨混交林中土壤全氮和土壤有机质质量分数显著高于纯

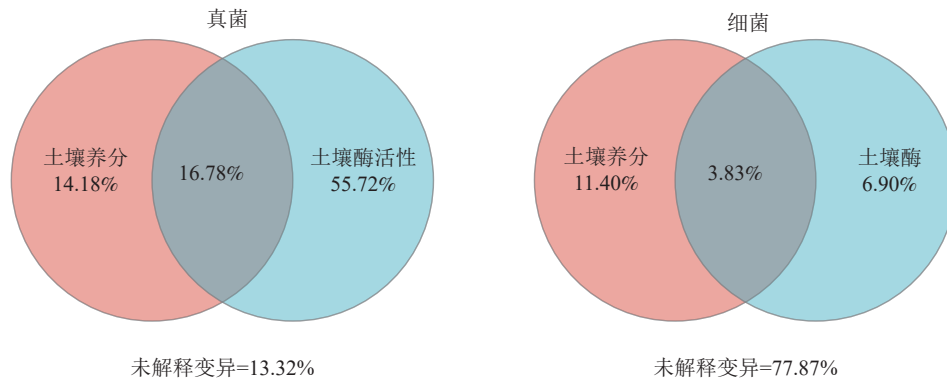


图 4 不同环境因子对土壤微生物群落的方差分解分析 (VPA)

Figure 4 Variance decomposition analysis (VPA) of soil microbial community by different environmental factors

林及荒草地，这可能与 2 种混交林中较高的凋落物蓄积量有关，这些凋落物在微生物的作用下逐步分解，促进了养分循环，从而提高了土壤养分水平^[16]。相比之下，荒草地的养分含量最低，但全氮质量分数高于油松纯林和侧柏纯林。这可能是由于荒草地生态系统中，浅根系草本植物与拟杆菌门 *Bacteroidaceae* 形成的根际共生固氮体系虽可促进表层氮素短期积累，但冠层结构的缺失显著加剧了降雨驱动的营养淋失过程，导致荒地的养分含量较低^[17-18]。此外，土壤全磷质量分数在各林分类型间无显著差异，这可能是全磷更易受水分和气温等环境因素的影响，对林分类型变化的响应较小^[19]。

土壤胞外酶作为促进有机质分解的催化剂，在生态系统物质循环和能量流动中扮演着重要的角色^[20]。本研究发现：不同林分类型对土壤酶活性有显著影响，辽东栎-山杨混交林的土壤 β -葡萄糖苷酶、土壤亮氨酸氨基肽酶和土壤碱性磷酸酶活性显著高于其他林分，这可能是因为辽东栎-山杨混交林土壤具有较高的养分水平和水分条件，可为微生物提供良好的生长环境，从而促进土壤胞外酶的产生^[21]。与此相比，油松纯林的土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性最高，这可能是因为其分泌的凋落物含有的木质素、纤维素等物质比例更适合 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶参与分解，为土壤微生物提供了丰富的碳源，刺激微生物分泌更多的 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶来分解这些物质，这与马园园等^[22]的研究结果相一致。

3.2 不同林分类型对土壤微生物多样性的影响

林分类型的变化对土壤微生物 α 多样性具有显著影响。本研究发现：在真菌群落中，油松-刺槐混交林的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数显著增加，这与以往的研究一致，可能是因为混交林中具有更丰富的营养资源和复杂的栖息环境，促进了土壤真菌丰富度和多样性的提升^[23]。在细菌群落中，侧柏纯林的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数显著高于其他林分，与前人研究结果存在一定的差异^[24]，这可能是由于侧柏凋落物的分解产生适合特定细菌群落的碳源和氮源，形成稳定的微生物环境，从而支持更多专一性细菌的生长^[25]。

进一步分析表明：林分类型的变化对土壤微生物群落组成具有显著影响，尤其是对真菌类群的相对丰度。在真菌群落中，子囊菌门、担子菌门为优势类群。本研究发现刺槐纯林和油松-刺槐混交林中，子囊菌门相对丰度显著提高，而在油松纯林、侧柏纯林和辽东栎-山杨混交林中则有所下降，这可能是由于子囊菌门能够分泌降解易分解有机质的酶类，而刺槐作为固氮树种，其凋落物富含氮元素且易于分解，这为子囊菌门的生长提供了有利的营养条件^[26]。而担子菌门相对丰度的结果与之相反，这可能是由于担子菌门可以降解较难分解的木质纤维素，而针叶树种（侧柏、油松）的凋落物中富含蜡质和难降解的木质素，从而促进了担子菌门的生长^[27]。细菌群落中，变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和绿弯菌门为优势菌门，其相对丰度在各林分间无明显差异。这表明细菌群落对林分类型的变化具有较强的适应性，这主要得益于细菌在分解复杂有机物和维持养分循环方面的生态功能特性，使其能够在不同的环境条件下生存并持续发挥作用^[28]。

3.3 土壤养分-酶活性-微生物多样性间的交互影响

有研究表明：土壤养分与酶活性存在显著或极显著的相关性^[29]，这与本研究结果相一致。此外，本研究还发现：真菌群落与土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤碱性磷酸酶呈显著相关，但与土壤养分含

量并无明显相关性,而细菌群落与土壤全氮、土壤铵态氮、土壤有机质、土壤 β -葡萄糖苷酶、土壤 β -N-乙酰氨基葡萄糖苷酶、土壤碱性磷酸酶呈显著相关,表明真菌和细菌群落在土壤养分需求和响应上存在差异^[30]。有研究指出细菌群落对氮和磷的响应比真菌群落更为敏感^[31],本研究结果进一步验证了这一观点。

方差分解分析表明:土壤酶活性对真菌群落变化的解释度显著高于对细菌群落的解释度,这表明在黄土高原典型林地土壤中,真菌群落的结构更容易受到土壤酶活性的驱动^[32]。此外,土壤养分和酶活性对真菌群落的联合解释度明显高于对细菌群落的联合解释度,该结果进一步表明真菌群落受到土壤养分含量和酶活性的共同调控^[10]。

4 结论

与纯林相比,混交林显著提高了土壤养分含量和酶活性,表明单一树种的种植已难以有效解决晋西黄土区面临的土壤养分匮乏等问题,而多样化的树种组成更有助于改善土地肥力,增强林地生态系统的稳定性。林分类型显著影响微生物多样性,尤其是在混交林中,真菌多样性得到显著增加,这有助于增强复杂有机物的分解能力,促进土壤养分循环,优化土壤生态功能。建议在晋西黄土区植被恢复和重建中,优先考虑落叶阔叶或针叶阔叶树种为核心的混交林配置方案,这种混交模式在提升土壤肥力的同时,可优化微生物群落结构,从而增强林地生态系统的稳定性与可持续发展能力。

5 参考文献

- [1] 熊瑛楠,冯天骄,王平,等.晋西黄土区长期人工林恢复对土壤水分和养分性质的影响[J].*水土保持学报*,2022,36(2):228–237,246. XIONG Yingnan, FENG Tianjiao, WANG Ping, *et al.* Effects of long-term artificial forest restoration on soil moisture and nutrient characteristics in the loess area of western Shanxi Province, China[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2022, 36(2): 228–237, 246. DOI: 10.13870/j.cnki.stbcbx.2022.02.029.
- [2] LI Wei, ZHENG Zicheng, LI Tingxuan, *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. DOI: 10.1016/j.catena.2015.05.017.
- [3] MENG Miaoqing, LIN Jie, GUO Xiaoping, *et al.* Impacts of forest conversion on soil bacterial community composition and diversity in subtropical forests[J]. *CATENA*, 2019, 175: 167–173. DOI: 10.1016/j.catena.2018.12.017.
- [4] SINSABAUGH R L, FOLLSTAD SHAH J J. Ecoenzymatic stoichiometry and ecological theory[J]. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2012, 43: 313–343. DOI: 10.1146/annurev-ecolsys-071112-124414.
- [5] 曹雨婷,于水强,邵慧妹,等.不同优势树种菌根类型差异对土壤胞外酶活性的影响[J].*生态学报*,2023,43(5):1971–1980. CAO Yuting, YU Shuiqiang, SHAO Huimei, *et al.* Effects of different mycorrhizal types in dominant tree species on soil extracellular enzyme activity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(5): 1971–1980. DOI: 10.5846/stxb202201040021.
- [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(自然科学)*,2018,38(5):13–19. YANG Junlong, LI Xiaowei, CAO Bing, *et al.* Effects of different vegetation restoration models on soil fertility and enzyme activity in eco-emigration area of Liupanshan[J]. *Journal of Southwest Forestry University (Natural Sciences)*, 2018, 38(5): 13–19. DOI: 10.11929/j.issn.2095-1914.2018.05.003.
- [7] CHAI Zongzheng, ZHU Jie, ZHAO Zhongwen. Close-to-nature management alleviated microbial P limitation in middle-aged Masson pine plantations: evidence derived from ecoenzymatic stoichiometry[J]. *Forest Ecology and Management*, 2025, 580: 122543. DOI: 10.1016/j.foreco.2025.122543.
- [8] QIU Liping, ZHANG Qian, ZHU Hansong, *et al.* Erosion reduces soil microbial diversity, network complexity and multifunctionality[J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(8): 2474–2489. DOI: 10.1038/s41396-021-00913-1.
- [9] 张星星,杨柳明,陈忠,等.中亚热带不同母质和森林类型土壤生态酶化学计量特征[J].*生态学报*,2018,38(16):5828–5836. ZHANG Xingxing, YANG Liuming, CHEN Zhong, *et al.* Patterns of ecoenzymatic stoichiometry on types of forest soils from different parent materials in subtropical areas[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(16): 5828–5836. DOI:

10.5846/stxb201708181492.

- [10] XU Zhiyuan, HU Zhenhong, JIAO Shuo, *et al.* Depth-dependent effects of tree species identity on soil microbial community characteristics and multifunctionality[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, **878**: 162972. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2023.162972](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.162972).
- [11] 王曼, 姜永孟, 张世良, 等. 树种混交对侵蚀退化地马尾松林土壤酶活性和碳利用效率的影响[J]. *水土保持学报*, 2024, **38**(6): 264–272. WANG Man, JIANG Yongmeng, ZHANG Shiliang, *et al.* Effects of mixing tree species on soil enzyme activity and carbon-use efficiency in eroded Masson pine forest[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2024, **38**(6): 264–272. DOI: [10.13870/j.cnki.stbcb.2024.06.030](https://doi.org/10.13870/j.cnki.stbcb.2024.06.030).
- [12] PHILIPPOT L, CHENU C, KAPPLER A, *et al.* The interplay between microbial communities and soil properties[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, **22**(4): 226–239. DOI: [10.1038/s41579-023-00980-5](https://doi.org/10.1038/s41579-023-00980-5).
- [13] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000. LU Rukun. *Methods of Soil Agrochemical Analysis*[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
- [14] YAN Benshuai, DUAN Mengcheng, WANG Runchao, *et al.* Planted forests intensified soil microbial metabolic nitrogen and phosphorus limitation on the Loess Plateau, China[J]. *CATENA*, 2022, **211**: 105982. DOI: [10.1016/j.catena.2021.105982](https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105982).
- [15] LIU Chunshuang, ZHAO Dongfeng, MA Wenjuan, *et al.* Denitrifying sulfide removal process on high-salinity wastewaters in the presence of *Halomonas* sp.[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, **100**(3): 1421–1426. DOI: [10.1007/s00253-015-7039-6](https://doi.org/10.1007/s00253-015-7039-6).
- [16] 龚世豪, 查同刚, 张晓霞, 等. 晋西黄土区典型林分凋落物-土壤养分对降雨再分配变化的响应[J]. *生态学报*, 2024, **44**(17): 7748–7759. GONG Shihao, ZHA Tonggang, ZHANG Xiaoxia, *et al.* Responses of litter-soil nutrients to rainfall redistribution in typical stand on loess area of western Shanxi Province[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, **44**(17): 7748–7759. DOI: [10.20103/j.stxb.202401090086](https://doi.org/10.20103/j.stxb.202401090086).
- [17] 陶吉杨, 谭军利, 郑飞龙, 等. 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[J]. *干旱地区农业研究*, 2022, **40**(3): 207–217. TAO Jiyang, TAN Junli, ZHENG Feilong, *et al.* Effects of vegetation recovery modes on major enzyme activities, microbial diversity, and nutrients in hilly soils of southern Ningxia[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2022, **40**(3): 207–217. DOI: [10.7606/j.issn.1000-7601.2022.03.25](https://doi.org/10.7606/j.issn.1000-7601.2022.03.25).
- [18] 高子滢, 王海燕, 张亦凡, 等. 土壤碳氮磷化学计量特征及其驱动因素[J]. *浙江农林大学学报*, 2025, **42**(3): 645–656. GAO Ziyong, WANG Haiyan, ZHANG Yifan, *et al.* Soil carbon, nitrogen and phosphorus stoichiometric characteristics and driving factors: a review[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2025, **42**(3): 645–656. DOI: [10.11833/j.issn.2095-0756.20240564](https://doi.org/10.11833/j.issn.2095-0756.20240564).
- [19] 付志高, 肖以华, 许涵, 等. 南亚热带常绿阔叶林土壤微生物生物量碳氮年际动态特征及其影响因子[J]. *生态学报*, 2024, **44**(3): 1092–1103. FU Zhigao, XIAO Yihua, XU Han, *et al.* Inter-annual dynamics of soil microbial biomass carbon and nitrogen in subtropical evergreen broad-leaved forest and its environmental impact factors[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, **44**(3): 1092–1103. DOI: [10.20103/j.stxb.202212313717](https://doi.org/10.20103/j.stxb.202212313717).
- [20] LUO Xu, XIE Yingzhong, HAN Cui, *et al.* Plant species richness increases the relationship between soil microbial and extracellular enzyme activities and enhances soil fertility[J]. *Ecological Indicators*, 2025, **171**: 113202. DOI: [10.1016/j.ecolind.2025.113202](https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2025.113202).
- [21] CHODAK M, NIKLIŃSKA M. Effect of texture and tree species on microbial properties of mine soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2010, **46**(2): 268–275. DOI: [10.1016/j.apsoil.2010.08.002](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2010.08.002).
- [22] 马园园, 肖列, 闵旭旭, 等. 黄土丘陵区不同林型土壤碳氮磷转化相关酶活性及动力学特征[J]. *水土保持通报*, 2024, **44**(5): 271–279. MA Yuanyuan, XIAO Lie, MIN Xuxu, *et al.* Soil carbon, nitrogen and phosphorus transformation-linked enzyme activities and kinetic characteristics of different forest types in Loess Hilly Region[J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2024, **44**(5): 271–279. DOI: [10.13961/j.cnki.stbctb.2024.05.029](https://doi.org/10.13961/j.cnki.stbctb.2024.05.029).
- [23] 刘炜璇, 李依蒙, 江红星, 等. 吉林莫莫格国家级自然保护区四种典型植物群落下土壤微生物组成的对比分析[J]. *生态学杂志*, 2024, **43**(10): 2988–2998. LIU Weixuan, LI Yimeng, JIANG Hongxing, *et al.* Comparative analysis of soil

- microbial composition of four typical plant communities in Momoge National Nature Reserve, Jilin Province[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2024, **43**(10): 2988–2998. DOI: [10.13292/j.1000-4890.202410.040](https://doi.org/10.13292/j.1000-4890.202410.040).
- [24] LI Wannian, XIE Le, XU Yuanyuan, *et al.* Effect of mixed planting on soil nutrient availability and microbial diversity in the rhizosphere of *Parashorea chinensis* plantations[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, **15**: 1464271. DOI: [10.3389/fmicb.2024.1464271](https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1464271).
- [25] BAI Xuejuan, ZHAI Guoqing, WANG Baorong, *et al.* Litter quality controls the contribution of microbial carbon to main microbial groups and soil organic carbon during its decomposition[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2024, **60**(2): 167–181. DOI: [10.1007/s00374-023-01792-8](https://doi.org/10.1007/s00374-023-01792-8).
- [26] CHENG Xuefei, JIANG Siyuan, EL-NAGGAR A, *et al.* Dynamics of fine root decomposition in different vegetation types: investigating the impact of soil fungal communities and enzyme activities[J]. *Forests*, 2023, **14**(7): 1321. DOI: [10.3390/f14071321](https://doi.org/10.3390/f14071321).
- [27] TRESEDER K K, MALTZ M R, HAWKINS B A, *et al.* Evolutionary histories of soil fungi are reflected in their large-scale biogeography[J]. *Ecology Letters*, 2014, **17**(9): 1086–1093. DOI: [10.1111/ele.12311](https://doi.org/10.1111/ele.12311).
- [28] GUO Jing, WU Yaqiong, WU Xiaohong, *et al.* Soil bacterial community composition and diversity response to land conversion is depth-dependent[J]. *Global Ecology and Conservation*, 2021, **32**: e01923. DOI: [10.1016/j.gecco.2021.e01923](https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01923).
- [29] WU Jiangqi, WANG Haiyan, LI Guang, *et al.* Vegetation degradation impacts soil nutrients and enzyme activities in wet meadow on the Qinghai-Tibet Plateau[J]. *Scientific Reports*, 2020, **10**(1): 21271. DOI: [10.1038/s41598-020-78182-9](https://doi.org/10.1038/s41598-020-78182-9).
- [30] DING Xiaxia, LIU Guanglu, FU Songling, *et al.* Tree species composition and nutrient availability affect soil microbial diversity and composition across forest types in subtropical China[J]. *CATENA*, 2021, **201**: 105224. DOI: [10.1016/j.catena.2021.105224](https://doi.org/10.1016/j.catena.2021.105224).
- [31] CHEN Youchao, YIN Shuwei, SHAO Yun, *et al.* Soil bacteria are more sensitive than fungi in response to nitrogen and phosphorus enrichment[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, **13**: 999385. DOI: [10.3389/fmicb.2022.999385](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.999385).
- [32] XU Miaoping, LI Wenjie, WANG Jiayi, *et al.* Soil ecoenzymatic stoichiometry reveals microbial phosphorus limitation after vegetation restoration on the Loess Plateau, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **815**: 152918. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2022.152918](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.152918).