

# 氮添加对土壤和根际微生物群落结构影响的研究进展

康巍巍<sup>1</sup>, 王庆贵<sup>2</sup>, 邢亚娟<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>黑龙江大学现代农业与生态环境学院, 黑龙江 哈尔滨

<sup>2</sup>曲阜师范大学生命科学学院, 山东 曲阜

收稿日期: 2022年4月22日; 录用日期: 2022年5月24日; 发布日期: 2022年5月31日

## 摘要

为了探索氮添加对土壤和根际微生物群落结构的影响, 笔者归纳了近十年来与微生物群落结构相关的国内外文献数据。在前人已有研究基础上, 详细总结了氮沉降对土壤理化性质(土壤pH值、土壤全氮(TN)、土壤全碳(TC))、土壤微生物生物量、土壤微生物、根际微生物群落结构等指标的影响, 并对上述现象做出合理分析。笔者指出氮沉降增加会在一定程度上对土壤和根际微生物群落结构有显著的促进作用, 但是当氮沉降达到一定阈值时, 会显著抑制土壤和根际微生物群落结构的生长。作者通过研究发现目前在模拟试验中有关氮沉降对土壤和根际微生物群落结构的影响, 大部分都仅仅是短期的生物模拟化学实验, 并且大多数人都在谈论模拟实验的现象。因此, 今后在设计模拟试验过程时, 还应进一步延长模拟时间, 对引起试验响应变化的主要机制进行更深入的探讨, 以期能更好的为进一步深入研究有关氮沉降的增加是否对土壤和根际微生物群落结构的具体影响能提供试验参考依据。

## 关键词

氮添加, 根际土壤, 微生物, 土壤微生物群落结构

# Research Progress on the Effects of Nitrogen Addition on Soil and Rhizosphere Microbial Community Structure

Weiwei Kang<sup>1</sup>, Qinggui Wang<sup>2</sup>, Yajuan Xing<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>College of Modern Agriculture and Ecological Environment, Heilongjiang University, Harbin Heilongjiang

<sup>2</sup>School of Life Sciences, Qufu Normal University, Qufu Shandong

Received: Apr. 22<sup>nd</sup>, 2022; accepted: May 24<sup>th</sup>, 2022; published: May 31<sup>st</sup>, 2022

\*通讯作者。

## Abstract

In order to explore the effects of nitrogen addition on soil and rhizosphere microbial community structure, the author summarizes the domestic and foreign literature data related to microbial community structure in the past decade. The effects of nitrogen sedimentation on soil physico-chemical properties (soil pH, soil total nitrogen (TN), soil total carbon (TC)), soil microbial biomass, soil microorganisms, rhizosphere microbial community structure and other indicators were summarized in detail, and the above phenomena were reasonably analyzed. The author points out that the increase in nitrogen sedimentation will have a significant role in promoting soil and rhizosphere microbial community structure to a certain extent, but when nitrogen sedimentation reaches a certain threshold, it will significantly inhibit the growth of soil and rhizosphere microbial community structure. The authors found that most of the current effects of nitrogen deposition on soil and rhizosphere microbial community structure in simulation experiments are only short-term biomimetic chemistry experiments, and most people talk about the phenomena of simulated experiments. Therefore, I believe that in the future, when designing the simulation test process, the simulation time should be further extended, and the main mechanisms that cause changes in the response of the test should be further explored, in order to better provide a reference for further in-depth study of whether the increase in nitrogen deposition has a specific impact on soil and rhizosphere microbial community structure.

## Keywords

Nitrogen Addition, Rhizosphere Soil, Microorganisms, Community Structure of Soil Microorganisms

Copyright © 2022 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

大气氮(N)沉积在全球氮循环的组成部分中占重要地位[1] (图 1)。大气氮含量从 1860 年约  $31.6 \text{ TgNa}^{-1}$  持续增加到 1995 年的  $100 \text{ TgNa}^{-1}$ , 预计到 2050 年达到  $200 \text{ TgNa}^{-1}$ 。15%的陆地氮沉降量超过临界值  $30 \text{ KgNhm}^{-2}\text{a}^{-1}$ 。我国已成为全球三大氮沉降区之一[2] [3]。已有大量研究证明过量的氮沉积会对生态系统和人类健康产生不利影响: 如土壤酸化[4]、生物多样性的减少[5]等不利影响。相反, 适当氮添加不仅会提高生态系统的氮含量[6], 还会同大气  $\text{CO}_2$  的增加, 共同作用从而影响生态系统的生产力[7] [8]。目前, 多数有关氮添加对土壤微生物群落结构的影响的研究表明, 氮添加会使土壤微生物群落结构发生改变。如 Xing-Ye [9]等研究表明, 长期氮添加会改变土壤中细菌和真菌群落的组成; 也有研究指出, 氮添加有可能会通过改变土壤 pH 值、土壤养分有效性以及植被形态来改变土壤微生物群落结构[10] [11]。但是也有研究指出氮添加并没有明显改变土壤微生物多样性和群落结构[12], 原因可能是研究区位于沙漠, 极端干旱条件下存活的微生物群落一般都是抗性高的物种, 外源氮添加量不足以对微生物群落产生影响。还有一种可能, 沙漠中植被覆盖度低, 养分匮乏, 仅有的植物会对外源氮素产生极强的竞争, 氮元素直接被先锋植物吸收。郭等[13]模拟了不同施氮方式和不同施氮量对马尾松和木荷幼苗根系土壤细菌群落结构的试验, 结果表明在不同氮含量的添加下, 根系土壤细菌群落的多样性和细菌群落组成对氮含量的添加有显著不同差异的响应。刘等[14]以我国黄土丘陵地区林龄不同的油松人工林为主要研究对象, 分析试验

中根际土壤的微生物群落结构组成对氮添加的响应状况, 结果表明氮含量的添加对林龄不同的林地内的微生物群落结构多样性和对氮添加的响应有显著的差异性。有少部分的研究结果表明, 适量的氮添加可以促进细菌群落的明显增加和土壤细菌群落多样性。但也有部分研究结论与之相反, 增加氮素可显著降低土壤微生物及真菌生物量, 细菌生物量保持不变或略微的减少[15]。如徐等[16]在研究中发现, 短期(约1a)氮素含量过高时, 土壤微生物生物量明显下降。Allison [17]等在对美国阿拉斯加的森林的试验研究中分析结果中发现, 氮的添加对微生物生物量和真菌的丰富度没有明显的变化。赵等[18]对江苏东台沿海地区杨树人工林地作为研究对象, 运用磷脂脂肪酸法分析了土壤微生物群落的变化特征。试验的研究结果表明, 短时间内施用氮素将导致土壤微生物群落结构发生明显变化。

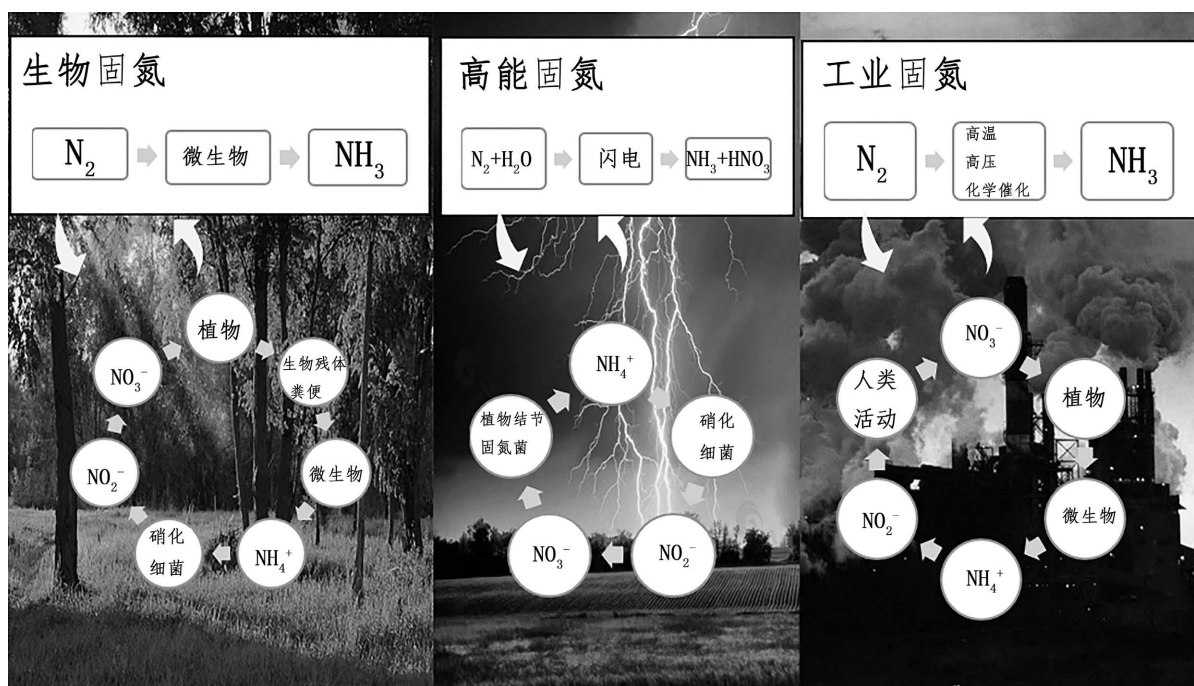
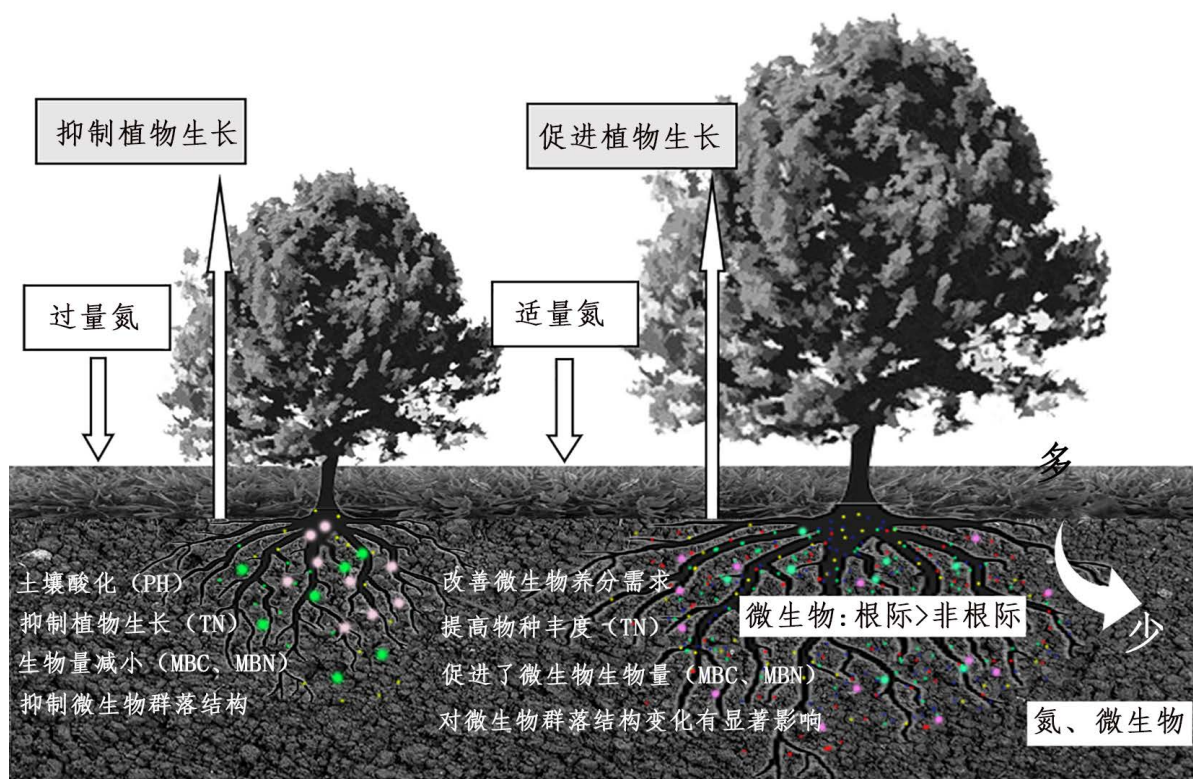


Figure 1. Nitrogen cycle diagram  
图 1. 氮循环示意图

土壤是地壳表面的岩石风化体与它的再搬运沉积物一起在地球表面环境作用下形成的一种疏松的物质。覆盖整个地球表面, 维系着生物的息与繁衍, 支撑着地球的生命与活力[19]。根际(rhizosphere)一词的基本概念是由德国微生物学家 Hiltner 于 1904 年首次提出[20], 他把附着在根际表面的围绕根面、受根系生长影响的土体(即与植物的根直接接触的土壤范围)称为根际土。根际微生物(Rhizosphere microorganism)是分布在植物根际这一特殊生境中土壤微生物的总称。相关科学研究表明, 植物的根际土壤中的微生物数量要比非根际土壤中的微生物数量要多的多, 从根际土壤到非根际土壤, 整个土壤群落的多样性呈递减趋势[21]。在土壤中存在种类丰富的微生物, 它们具有数量大、种类多等特征(图 2)。Dantas 等[22]和 Tedersoo 等[23]指出, 土壤微生物是陆地生态系统的主要组成部分, 且作为分解者或共生者参与土壤养分的生物地球化学循环。除此之外, 土壤微生物在维持森林生产力、养分循环及土壤二氧化碳方面发挥着关键性作用[24]。也有研究表明, 土壤微生物能通过群落的组成和结构变化来反应土壤条件的改变[25]。施等[26]将氮和磷添加作为条件对内蒙古地区温带典型草原土壤微生物群落结构进行相关试验的综合分析, 得出的结论表明不同类型和养分含量的土壤对氮添加的响应不同。如, Ramirez [27]等试验结



果的综合分析表明,氮的添加持续的改变了细菌群落的组成,且增加了放线菌和厚壁菌门的相对丰富度。但也有研究结果与之相反,如 Griepentrong 等[28]研究发现,氮添加对微生物群落结构没有显著影响。



**Figure 2.** Effects of nitrogen addition on pH, TN, TC, MBC, MBN and microbial community structure

**图 2.** 氮添加对 pH、TN、TC、MBC、MBN、微生物群落结构的影响关系示意图

同时,土壤中的微生物多样性对监测土壤结构、肥力、养分综合利用率及植物的可持续生长发育等有着重要的影响[29],也是监测土壤质量动态变化的敏感指标和土壤微生物的群落总体动态变化的综合体现[30]。土壤中普遍存在的微生物群落有:细菌、真菌、丛枝菌根真菌和放线菌,它们在维持多种生态系统功能方面发挥着重要的主导作用,是土壤健康和肥力的关键指标[31] [32] [33]。Hu [34]等在植被类型对中国西南岩溶石漠化区裂隙土壤(SKF)——植物系统微生物特征的影响试验中得出结果表明,土壤微生物群落是生态系统健康状况的间接体现。

笔者根据国内外近十年来的现有科学研究成功数据,通过对土壤的理化性质(土壤 pH、全氮、全碳、微生物生物量)等对于氮添加的响应的研究进行综述,且简要分析了土壤中氮含量对土壤和根际微生物群落结构的影响。最终发现,氮添加对土壤和微生物群落产生影响,但最终取决于施氮量和生境中其他物种对氮的需求量、养分获取策略以及土层深度等因素。适量氮添加会对土壤和土壤微生物起到积极作用,而过量氮添加起到抑制作用。但也存在一种可能,长期氮添加后,受抑制的土壤和微生物群落会进化出另一种微生物群落,或者更适合另一类微生物的繁衍生息。凡此种种,仍需进一步开展研究加以证实。

## 2. 氮添加对土壤理化性质的影响

### 2.1. 氮添加对土壤 pH 值的影响

土壤中的 pH 值影响土壤微生物群落结构的组成,张等[35]指出,土壤的 PH 值是影响土壤微生物组

成、生长和活性的重要影响因子之一，显著影响土壤微生物及微生物群落结构。Fanin、Wling 和 Mooshammer [36] [37] [38]等也指出，土壤 pH 值的变化对微生物群落的组成有显著影响。这与王等[39]在研究土地利用变化对湿地微生物群落结构的影响的试验中得出的结论一致。温等[40]为揭示不同人工植被修复模式对喀斯特土壤微生物群落的影响，通过氯仿熏蒸提取法和磷脂脂肪酸法对人工构建的相关林木进行试验。研究发现，在喀斯特峰丛洼地钙质土地区，细菌、放线菌、总磷脂脂肪酸均随土壤 pH 值的增加而增加。此结论与 David [41]等对寒冷荒漠地区生态系统中控制土壤微生物生物量、细菌多样性和群落组成的因素的试验研究结果相一致，而与张[42]等在文中指出的试验研究结果，氮添加降低了 F/B 的比例、降低了丛枝菌根真菌和革兰氏阴性细菌的相对丰度以及革兰氏阳性细菌的相对丰度的研究结果相反。出现上述现象的原因很可能是：① 在氮的添加下，土壤中的微生物对氮添加的需求量不同。从而对微生物的群落结构造成了一定程度的影响。正如程等[43]在实验中指出，总碱性和有效氮的含量是驱动微生物群落结构变化的重要因素，氮素添加可能会改变土壤微生物对养分的需求，从而改变土壤微生物的群落结构。邓等[44]研究指出，氮肥加入可通过多种综合作用影响土壤养分的有效性以及植物-微生物之间的养分竞争等因素而改变群落结构。此研究结论与多数生态学者的研究结果相一致。但是，② 过量的氮添加会引起土壤的酸化[45] [46]，渗透压升高，速效性养分淋失加剧，从而导致土壤微生物的生长受[47]。此外，chen [48]等还指出，氮添加会对微生物对土壤有机质的分解策略产生直接影响。Zhu [49]等研究人员发现，土壤养分含量的增加会促使微生物根据土壤养分计量比来调整自身对碳源的利用方式，这也会对微生物群落结构变化产生重要影响。

## 2.2. 氮添加对土壤全氮(TN)的影响

氮是地球上极为丰富的一种元素，它主要以气态存在于大气中，约占大气体积的 80%。氮元素是生物机体中蛋白质(氨基酸  $RCHNH_2COOH$ )的组成部分，也是构成生物体的重要的化学元素之一。氮在植物中含量为 1%~30%，在生态系统元素循环中氮素循环的重要性不亚于碳素循环。土壤中的全氮含量是对评价土壤资源状况和土壤肥力状况综合评价的重要指标[50]。刘[51]等在实验分析中发现，氮的添加明显提高了全氮(TN)的含量，从而影响了土壤微生物的群落结构。此结论与辛[52]等人在森林土壤长期施肥对潜在硝化作用及氨氧化菌和亚硝酸氧化细菌丰度和群落结构的影响一文中的发现一致。但与许和刘[53] [54]等人在实验研究中得出的结论，氮的添加并没有使土壤全氮的含量发生显著性变化的结论不同。也有部分的研究结果指出，氮添加对土壤全氮含量具有明显的增加，但是随着土层深度的加深，全氮的含量也发生了显著性的递减[55] [56] [57]。产生这种显著递减现象的原因很可能是氮在土壤中的迁移能力较强[58] [59]。也有一些学者解释说，在模拟试验中，氮的添加显著性的提高了土壤表层的全氮含量，随着氮添加增加逐渐达到“氮饱和”状态[14] [60]。氮饱和以后会抑制土壤微生物的正常生长[61]。对土壤微生物产生显著性影响。氮添加增加土壤无机氮浓度( $NO_3^-$ ;  $NH_4^+$ ) [62]。当然全氮的变化对微生物群落结构的影响也是显著的，但是氮添加条件下微生物群落结构的改变仍需更加深入的研究。

## 2.3. 氮添加对全碳(TC)的影响

地球生态系统中的碳素是物质循环中最重要和流通量最大的一种化学元素。地球上的所有生物，都以碳素作为其主要的结构物质，以构成机体的骨架。森林土壤中的碳储量是陆地上最大的碳库[63] [64]，碳储量约占全球土壤的 39% [65]。目前，陆地生态系统中的总碳库量大约为 1950~3150 PgC，土壤碳库为 1500~2500 PgC [66]。土壤全碳包括有机碳和无机碳两部分。部分研究把生物炭广泛用作土壤有机碳添加剂[67]，并且指出，土壤有机碳是调节土壤微生物群落及其功能群丰度变化的主要因素[68]。殷等[69]连续 4 年试验研究发现，炭含量的增加会增加土壤细菌物种丰富度，且随着炭含量的增加显著性的提高

了细菌群落多样性。此试验研究结果与 Graber 等[70]在研究中得出的结果一致；但邵等[71]研究发现，在炭添加以后，土壤根际细菌和真菌的多样性和丰富度均显著降低；这可能是因为炭的添加有利用土壤中氮的保存，并且炭的吸附作用减少了铵化细菌与硝化细菌的接触，所有硝化作用变少[72]。也有部分研究表明氮添加对土壤的全碳、全氮含量无显著性影响[73] [74]。

## 2.4. 氮添加对土壤微生物生物量

土壤微生物生物量是生态系统研究中土壤养分循环、转化的重要动力和主要参与者，也是土壤微生态系统中最活跃的部分[75] [76] [77] [78]。Rousk [79]等人在氮添加试验中得出结论，氮添加显著促进了土壤的微生物生物量，该结论与许、刘等[51] [53]在模拟氮沉降相关的试验得出的结论一致，施氮后，土壤微生物总量有显著升高。但与赵等[42] [80] [81] [82] [83]在研究进展一文中总结出，氮沉降使土壤微生物量减少的结论相反。发生这种试验现象的原因很可能是因为氮添加导致了土壤中的可溶性碳含量的增加，为土壤中微生物的生活提供了较充足的碳源，从而促进了微生物的生长和繁殖。所以氮添加后土壤微生物生物量会显著增加。F 等[84]研究结果指出，氮添加会使土壤有机质层的有机碳含量显著性增加，很可能是因为氮肥的加入可以降低土壤微生物生物量、活性，改变土壤有机质的化学结构，从而达到降低土壤有机碳的矿化作用[80]。也有部分研究指出，当土壤中可利用氮素充足时，能改变土壤微生物的活性、提高氮素的转化[85]、促进植物生长以及生物量的分配[86]，从而对物种多样性和微生物群落结构与功能产生显著影响[87]。短时间的氮添加虽然能在一定程度上缓解氮限制，但是长时间的氮添加会引起土壤酸化、土壤板结，这种情况下不能给微生物的生长所需提供合适的环境从而降低了微生物的活性，减少了微生物生物量[88]。

## 3. 氮添加对根际微生物群落结构的影响

### 3.1. 氮添加对根际细菌群落结构的影响

细菌是单细胞的生物，一个细胞就代表一个个体。土壤中的细菌细胞数量是巨大的，是地球上分布最广的生物群，他们的生命力极强，在极端环境中也能茁壮成长。但是其个体是微小的，长度很少超过几个微米，比真菌的个体(扩展的菌丝体)要小得多。真菌几乎都是好气的，与真菌不同的是细菌既有好气的，也有厌气的，而且还有两者兼有的菌种。土壤中细菌数量的多少与有机物的性质和含量有很大关系。富含腐殖质的土壤中细菌的数量最大。大部分细菌生活所需的最适酸碱度都是接近中性的，强酸或强碱的环境都会抑制细菌的群体生长。细菌的数量与所在土层的深浅有关。一般从最表层向下几厘米细菌数量是增加的，但是随着深度的进一步增加将逐渐减少。在有机质丰富的土壤中，细菌数量随深度而减少的趋势比较不明显[89]。

植物的根际土壤中微生物数量比非根际土壤中多，但从非根际到根际土壤，细菌群落的多样性逐渐减少[90]。细菌是土壤微生物的重要群落之一，参与营养元素碳氮循环[91]、凋落物分解[92]和土壤肥力变化等过程[93]。因此，土壤细菌是人们更好地了解陆地生态系统的重要生态指标。

已有研究指出土壤细菌受植被(物理屏障)的控制[94]。陆地生态系统的地上和地下生物成分基本上互利共生，因为植物为土壤动物提供碳源，土壤动物为植物提供糖等营养物质。Chen, Feng, Tew 等[95] [96] [97]人指出，土壤呼吸、PH、碳和氮浓度对塑造细菌群落和分布起着至关重要的作用。杨山等[98]人在实验研究中发现，在常规的降水和增加降水的处理条件下，土壤中的细菌群落结构均随着氮梯度的增加发生显著性改变。这可能是与微生物种群的基质偏好和养分获取策略有关[99]。不同碳添加处理下的微生物(尤其是细菌)在养分群和功能方面具有不同的共存模式[100]和生态位[101]。细菌的多样性随环境梯度和养分可用性的变化而变化[102]。除此之外，物种对养分吸收和环境胁迫适应性的差异也会导致细菌生长



的异质性和丰度[103]的不同。这与 Sheik 等[104]人指出的，微生物会改变大多数营养素的可用性的说法一致。也有很多研究表明氮添加对土壤细菌群落的变化具有显著性影[105]。

### 3.2. 氮添加对根际真菌群落结构的影响

大部分研究表明，在根际微生境中，植物和微生物之间存在着密切的合作与竞争关系[106] [107]。在整个生态系统中，绝大部分微生物的营养都是直接或间接地来自植物，而这些植物所需要的氮、磷、钾等营养元素则主要来自微生物对有机物质的分解。土壤是微生物繁衍生活的集中营，是微生物的数量和种类都十分丰富的生境。这其中的微生物就包括真菌。真菌是土壤微生物的重要组成部分。真菌主要由七个主要门组成：壶菌门、子囊菌门、担子菌门、微孢子菌门、球囊菌门、Callimastigomycota 和 Blastocladiomycota [108]。生活于不同生境中的真菌群落结构和生理学活性是显著不同的。此结论与周[109]等在相关实验研究结果中所指出的，土壤微生物对其周边微生境的变化是非常敏感的，当环境或者生态机制发生某些变化时，相关的微生物群落结构也会发生变化的观点相同。Demoling 等[110]人，在实验中发现，氮沉降显著的抑制了真菌的生长速率，降低了微生物量和活性。此结果可能与氮沉降量有关。这与 Allison 等[111]人指出的：适量的氮添加能促进真菌的生长、提高活性的观点不一致。

### 3.3. 氮添加对根际丛枝菌根真菌群落结构的影响

丛枝菌根(AM)真菌是陆地生态系统过程中的重要成员，它能与植物的根系互利共生，从而促进农、林、牧业生产的可持续性发展，AM 真菌分布于各地生态系统中。植物与丛枝菌根真菌形成有益结合，这有助于从土壤中获取养分[89]。P 等[112]人在实验中发现植物在接种丛枝真菌后，叶面细菌群落组成的变化与叶片含氮量的变化呈显著正相关。最后实验结果表明，是从丛枝菌根真菌在根部的定殖对植物功能性状产生了深远影响。Faust 等[113]人最近研究指出：共生系统在自然界是复杂的，多个微生物的相互作用会影响植物的功能性状。AM 真菌广泛的存在于植物的根际土壤环境中，通过对植物根系的侵染后，能与其形成菌根共生体。AM 真菌能够通过该共生体系来增强植物的抗逆能力，促进植物的生长，提高宿主植物的病害抗性，改善土壤成分和肥力[114]。胡家欣等[115] [116]人通过长期实验研究发现，氮添加对土壤 AMF 群落多样性的影响不显著，但对 AMF 群落结构组成有显著性的影响，并且发现 15a 和 11a 杨树人工林 AMF 群落结构有显著性差异。

此结论可能是因为氮的添加下，根际土壤氮素富集增加了细根的氮含量，导致根呼吸和代谢活性的增加，从而促进了地上部分叶光合速率(Noguchi *et al.*, 2013, Reich *et al.*, 2008; Roumet *et al.*, 2016)。这与 Diepen 等[117]人在研究中发现的结论一致。朱彪[118]在发表论文中揭示氮沉降对丛枝菌根真菌群落的影响，研究表明，具有不同生物量分配模式的 AM 真菌对氮添加的响应不同：将更多生物量分配到宿主植物根内的 AM 真菌(rhizophilic guild)丰度受氮添加引起的土壤酸化的影响而显著降低，从而导致根系侵染率的显著下降；而将更多生物量分配到根外土壤中的 AM 真菌(edaphophilic guild)则受到了植物地下生物量响应的调节，进而导致根外菌丝密度变化不明显，由此揭示了根内外两个部分(intra-radical and extra-radical portion)的 AM 真菌生物量对氮添加响应模式的不一致及其潜在的机制。AM 真菌根外生物量以及丰富度和多样性对氮添加响应变化的差异，主要是由于土壤磷的相对有效性在全球范围内的巨大异质性使得宿主植物碳—磷资源交易策略发生变化，从而影响了 AM 真菌的响应。诸多研究都已经表明氮添加对真菌群落结构有显著性变化，但是对丛枝菌根真菌(AMF)群落结构的变化并没有明确的指示。这可能与宿主植物的类型、获取营养的策略、林龄以及氮添加的多少有关，仍需生态学者的深入研究。

### 3.4. 氮添加对根际放线菌群落结构的影响

放线菌(Actinobacteria)是细菌中重要的一大门类，在整个生态系统中的物质循环和能量流动过程中发

挥着重要的作用。杨越[119]等人通过实验研究发现：氮添加对高寒草原、典型草原和草甸草原土壤微生物生物量、细菌生物量、真菌生物量和放线菌生物量都没有显著性的影响，对其多样性和群落结构亦没有显著影响。此结论与 Eisenlord 等[120]研究发现，氮沉降对放线菌的相对丰度没有显著影响，但能够显著改变其群落结构的结论相反。

#### 4. 展望

综上所述可发现，氮沉降对土壤和根际微生物群落结构的影响是多方面的，氮添加量的多少、宿主植物的营养获取策略的不同、土层深浅等各方面的因素都会对土壤和根际微生物群落结构产生一定的影响。到目前为止，由于各模拟试验研究所存在的差异性，导致相同处理的实验指标在对氮沉降的影响表现出不同结果。为了能够更加深入客观的研究氮沉降对土壤和根际微生物群落结构的影响，还需要不断加强以下几个方面的试验研究：1) 由于诸多实验都是短期内模拟氮沉降的研究，所以可以在现有研究基础上延长观测时间，从而提高实验数据的精度。2) 在氮沉降方向的诸多研究中，大多数都是宏观的研究探讨，可以多一些微观的机制的研究。3) 将氮沉降和其他环境因子综合起来考虑。可以关注一些氮沉降对宿主植物生理、形态、生殖等因素的影响，只研究氮添加对土壤和微生物群落结构的影响不够全面，存在很多可变因素，需诸多因素一起考虑。

#### 5. 小结

通过对近 10 年文献的总结分析，得出结论如下：我国已成为世界第三大氮沉降区，氮沉降量到 2050 年预计达到  $200 \text{ TgNa}^{-1}$ ；模拟氮沉降试验研究表明，氮沉降改变了微生物群落的组成和结构，并对土壤理化性质和土壤微生物群落结构产生显著影响，主要包括：第一，适量氮添加会对土壤、土壤微生物群落结构和植物生长起到促进作用，对生态系统的物质循环和能量流动起到积极作用；第二，过量氮沉降会对生态系统功能起到抑制作用；第三，氮沉降对森林生态系统的影响取决于生态系统的氮饱和状态、土层深度、微生物群落养分获取策略、微生境中的群落竞争等因素。

#### 参考文献

- [1] Zhang, Q., Li, Y., Wang, M., Wang, K., Meng, F., Liu, L., Zhao, Y., Ma, L., Zhu, Q., Xu, W. and Zhang, F. (2021) Atmospheric Nitrogen Deposition: A Review of Quantification Methods and Its Spatial Pattern Derived from the Global Monitoring Networks. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, **216**, Article ID: 112180. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112180>
- [2] Galloway, J.N., Townsend, A.R., Erisman, J.W., et al. (2008) Transformation of the Nitrogen Cycle: Recent Trends, Questions, and Potential Solutions. *Science*, **320**, 889-892. <https://doi.org/10.1126/science.1136674>
- [3] Gruber, N. and Galloway, J.N. (2008) An Earth-System Perspective of the Global Nitrogen Cycle. *Nature*, **451**, 293-296. <https://doi.org/10.1038/nature06592>
- [4] Turner, M.M. and Henry, H. (2010) Interactive Effects of Warming and Increased Nitrogen Deposition on  $^{15}\text{N}$  Tracer Retention in a Temperate Old Field: Seasonal Trends. *Global Change Biology*, **15**, 2885-2893. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2009.01881.x>
- [5] Midolo, G., Alkemade, R., Schipper, A.M., Benítez-López, A., Perring, M.P. and De Vries, W. (2018) Impacts of Nitrogen Addition on Plant Species Richness and Abundance: A Global Meta-Analysis. *Global Ecology and Biogeography*, **398**, 398-413. <https://doi.org/10.1111/geb.12856>
- [6] Zhou, Z., Wang, C., Zheng, M., Jiang, L. and Luo, Y. (2017) Patterns and Mechanisms of Responses by Soil Microbial Communities to Nitrogen Addition. *Soil Biology and Biochemistry*, **115**, 433-441. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2017.09.015>
- [7] Maurer, S., Egli, P., Spinnler, D. and Körner, C. (1999) Carbon and Water Fluxes in Beech Spruce Model Ecosystems in Response to Long-Term Exposure to Atmospheric  $\text{CO}_2$  Enrichment and Increased Nitrogen Deposition. *Functional Ecology*, **13**, 748-755. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2435.1999.00378.x>
- [8] 鲁显楷, 莫江明, 张炜, 等. 模拟大气氮沉降对中国森林生态系统影响的研究进展[J]. 热带亚热带植物学报,



- 2019, 27(5): 23.
- [9] Yu, X.-Y., *et al.* (2021) Effects of Nitrogen Addition on Rhizospheric Soil Microbial Communities of Poplar Plantations at Different Ages. *Forest Ecology and Management*, **494**, Article ID: 119328. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119328>
- [10] Li, Y., *et al.* (2019) Changes in Litter Quality Induced by N Deposition Alter Soil Microbial Communities. *Soil Biology and Biochemistry*, **130**, 33-42. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.11.025>
- [11] Craig, H., *et al.* (2021) Nitrogen Addition Alters Composition, Diversity, and Functioning of Microbial Communities in Mangrove Soils: An Incubation Experiment. *Soil Biology and Biochemistry*, **153**, Article ID: 108076. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.108076>
- [12] Sha, M., Xu, J., Zheng, Z. and Fa, K. (2021) Enhanced Atmospheric Nitrogen Deposition Triggered Little Change in Soil Microbial Diversity and Structure in a Desert Ecosystem. *Global Ecology and Conservation*, **31**, Article ID: e01879. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01879>
- [13] 郭萍萍, 黄幸然, 吴旺旺, 郑丽丽, 方熊, 易志刚. 不同施氮方式和施氮量对马尾松和木荷幼苗根系土壤细菌群落的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(1): 149-161. <https://doi.org/10.5846/stxb201907071429>
- [14] 刘桂要, 陈莉莉, 袁志友. 氮添加对黄土丘陵区油松人工林根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(1): 117-126.
- [15] Treseder, K.K. (2008) Nitrogen Additions and Microbial Biomass: A Metaanalysis of Ecosystem Studies. *Ecology Letters*, **11**, 1111-1120. <https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2008.01230.x>
- [16] 许凯, 徐钰, 张梦珊, 徐长柏, 曹国华, 葛之葳, 等. 氮添加对苏北沿海杨树人工林土壤活性有机碳库的影响[J]. 生态学杂志, 2014, 33(6): 1480-1486.
- [17] Allison, S.D., Czimczik, C.I. and Treseder, K.K. (2008) Microbial Activity and Soil Respiration Under Nitrogen Addition in Alaskan Boreal Forest. *Global Change Biology*, **14**, 1156-1168. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2008.01549.x>
- [18] 赵超, 王文娟, 阮宏华, 葛之葳, 徐长柏, 曹国华. 氮添加对杨树人工林表层土壤微生物群落结构的影响[J]. 东北林业大学学报, 2015, 43(6): 83-88.
- [19] 黄昌勇, 徐建明. 土壤学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2010.
- [20] Hartmann, A., Rothballer, M. and Schmid, M. (2008) Lorenz Hiltner, a Pioneer in Rhizosphere Microbial Ecology and Soil Bacteriology Research. *Plant and Soil*, **312**, 7-14. <https://doi.org/10.1007/s11104-007-9514-z>
- [21] Zhang, R.F., Vivanco, J.M. and Shen, Q.R. (2017) the Unseen Rhizosphere Root-Soil-Microbe Interactions for Crop Production. *Current Opinion in Microbiology*, **37**, 8-14. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2017.03.008>
- [22] Dantas, G. and Sommer, M. (2014) How to Fight Back Against Antibiotic Resistance. *American Scientist*, **102**, 42. <https://doi.org/10.1511/2014.106.42>
- [23] Tedersoo, L., Bahram, M., Polme, S., Koljalg, U., Yorou, N.S., Wijesundera, R., Ruiz, L.V., Vasco-Palacios, A.M., Thu, P.Q., Suija, A., Smith, M.E., Sharp, C., Saluveer, E., Saitta, A., Rosas, M., Riit, T., Ratkowsky, D., Pritsch, K., Poldmaa, K., Piepenbring, M., Phosri, C., Peterson, M., Parts, K., Partel, K., Otsing, E., Nouhra, E., Njouonkou, A. L., Nilsson, R.H., Morgado, L.N., Mayor, J., May, T.W., Majuakim, L., Lodge, D.J., Lee, S.S., Larsson, K.-H., Kohout, P., Hosaka, K., Hiiesalu, I., Henkel, T.W., Harend, H., Guo, L.-D., Greslebin, A., Grelet, G., Geml, J., Gates, G., Dunstan, W., Dunk, C., Drenkhan, R., Dearnaley, J., De Kesel, A., Dang, T., Chen, X., Buegger, F., Brearley, F.Q., Bonito, G., Anslan, S., Abell, S. and Abarenkov, K. (2014) Global Diversity and Geography of Soil Fungi. *Science*, **346**, Article ID: 1256688. <https://doi.org/10.1126/science.1256688>
- [24] Lei, L., Xiao, W., Zeng, L., Frey, B., Huang, Z., Zhu, J., Cheng, R. and Li, M.-H. (2021) Effects of Thinning Intensity and Understory Removal on Soil Microbial Community in *Pinus Massoniana* Plantations of Subtropical China. *Applied Soil Ecology*, **167**, Article ID: 104055. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2021.104055>
- [25] 李延茂, 胡江春, 汪思龙, 王书锦. 森林生态系统中土壤微生物的作用与应用[J]. 应用生态学报, 2004, 15(10): 1943-1946.
- [26] 施瑶, 王忠强, 张心昱, 孙晓敏, 刘希玉, 何念鹏, 庾强. 氮磷添加对内蒙古温带典型草原土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学报, 2014, 34(17): 4943-4949. <https://doi.org/10.5846/stxb201306081430>
- [27] Ramirez, K.S., Craine, J.M. and Fierer, N. (2012) Consistent Effects of Nitrogen Amendments on Soil Microbial Communities and Processes across Biomes. *Global Change Biology*, **18**, 1918-1927. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2486.2012.02639.x>
- [28] Griepentrog, M., Eglinton, T.I., Hagedorn, F., Schmidt, M.W.I. and Wiesenberger, G.L.B. (2015) Interactive Effects of Elevated CO<sub>2</sub> and Nitrogen Deposition on Fatty Acid Molecular and Isotope Composition of Above- and Belowground Tree Biomass and Forest Soil Fractions. *Global Change Biology*, **21**, 473-486. <https://doi.org/10.1111/gcb.12666>

- [29] Kennedy, A.C. and Smith, K.L. (1995) Soil Microbial Diversity and The Sustainability of Agricultural Soils. *Plant and Soil*, **170**, 75-86. <https://doi.org/10.1007/BF02183056>
- [30] 隋心, 张荣涛, 杨立宾, 许楠, 柴春荣, 王继丰, 付晓玲, 钟海秀, 邢军会, 张玉, 倪红伟. 模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤细菌多样性的影响[J]. 草业科学, 2016, 33(4): 589-598.
- [31] Bardgett, R.D., Mawdsley, J.L., Edwards, S., et al. (1999) Plant Species and Nitrogen Effects on Soil Biological Properties of Temperate Upland Grasslands. *Functional Ecology*, **13**, 650-660. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2435.1999.00362.x>
- [32] Bardgett, R.D. and Mcalister, E. (1999) The Measurement of Soil Fungal: Bacterial Biomass Ratios as an Indicator of Ecosystem Self-Regulation in Temperate Meadow Grasslands. *Biology and Fertility of Soils*, **29**, 282-290. <https://doi.org/10.1007/s003740050554>
- [33] Bardgett, R.D. and Van der Putten, W.H. (2014) Belowground Biodiversity and Ecosystem Functioning. *Nature*, **515**, 505-511. <https://doi.org/10.1038/nature13855>
- [34] Yan, Y.J., Dai, Q.H., Hu, G., et al. (2020) Effects of Vegetation Type on the Microbial Characteristics of the Fissure Soil-Plant Systems in Karst Rocky Desertification Regions of SW China. *Science of the Total Environment*, **712**, Article ID: 136543. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.136543>
- [35] 张地, 张育新, 曲来叶, 张霜, 马克明. 海拔对辽东栎林地土壤微生物群落的影响[J]. 应用生态学报, 2012, 23(8): 2041-2048.
- [36] Fanin, N., Fromin, N., Buatois, B., et al. (2013) An Experimental Test of the Hypothesis of Non-Homeostatic Consumer Stoichiometry in a Plant Litter-Microbe System. *Ecology Letters*, **16**, 764-772. <https://doi.org/10.1111/ele.12108>
- [37] Waring, B.G., Averill, C., Hawkes, C.V. and Holyoak, M. (2013) Differences in Fungal and Bacterial Physiology Alter Soil Carbon and Nitrogen Cycling: Insights from Meta-Analysis and Theoretical Models. *Ecology Letters*, **16**, 887-894. <https://doi.org/10.1111/ele.12125>
- [38] Mooshammer, M., Wanek, W., Zechmeister-Boltenstern, S. and Richter, A. (2014) Stoichiometric Imbalances between Terrestrial Decomposer Communities and Their Resources: Mechanisms and Implications of Microbial Adaptations to Their Resources. *Frontiers in Microbiology*, **5**, Article No. 22. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00022>
- [39] 王娜, 高婕, 魏静, 刘颖, 庄绪亮, 庄国强. 三江平原湿地开垦对土壤微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2019, 40(5): 2375-2381.
- [40] 张彧娜, 周晓果, 温远光, 朱宏光, 王磊, 邵文哲, 陈秋海. 喀斯特地区三种人工林土壤微生物群落结构特征[J/OL]. 广西植物, 2021: 1-17. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/45.1134.Q.20210511.0907.002.html>, 2021-11-22.
- [41] Van Horn, D.J., Van Horn, M.L., Barrett, J.E., Gooseff, M.N., Altrichter, A.E., Geyer, K.M., Zeglin, L.H., Takacs-Vesbach, C.D. and Gilbert, J.A. (2013) Factors Controlling Soil Microbial Biomass and Bacterial Diversity and Community Composition in a Cold Desert Ecosystem: Role of Geographic Scale. *PLoS ONE*, **8**, Article ID: e66103. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066103>
- [42] Zhang, T., Chen, H. and Ruan, H. (2018) Global Negative Effects of Nitrogen Deposition on Soil Microbes. *The ISME Journal*, **12**, 1817-1825. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0096-y>
- [43] 程蕾, 周嘉聪, 林开森, 张秋芳, 周锦容, 林巧玉, 郑蔚, 王涛, 陈岳民. 氮添加对亚热带毛竹林土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学杂志, 2020, 39(6): 1929-1937.
- [44] 邓玉峰, 田善义, 成艳红, 胡正锟, 刘满强, 胡锋, 等. 模拟氮沉降下施石灰对休耕红壤优势植物根际土壤微生物群落的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(6): 1449-1458.
- [45] 薛璟花, 莫江明, 李炯, 王晖. 氮沉降增加对土壤微生物的影响[J]. 生态环境, 2005(5): 777-782. <https://doi.org/10.16258/j.cnki.1674-5906.2005.05.032>
- [46] Wu, J., Liu, W., Fan, H., Huang, G., Wan, S., Yuan, Y. and Ji, C. (2013) Asynchronous Responses of Soil Microbial Community and Understory Plant Community to Simulated Nitrogen Deposition in a Subtropical Forest. *Ecology and Evolution*, **3**, 3895-3905. <https://doi.org/10.1002/ece3.750>
- [47] Zechmeister-Boltenstern, S., Michel, K. and Pfeffer, M. (2011) Soil Microbial Community Structure in European Forests in Relation to Forest Type and Atmospheric Nitrogen Deposition. *Plant and Soil*, **343**, 37-50.
- [48] Chen, R.R., Senbayram, M., Blagodatsky, S., et al. (2014) Soil C and N Availability Determine the Priming Effect: Microbial N Mining and Stoichiometric Decomposition Theories. *Global Change Biology*, **20**, 2356-2367. <https://doi.org/10.1111/gcb.12475>
- [49] Zhu, Z.K., Ge, T., Luo, Y., et al. (2018) Microbial Stoichiometric Flexibility Regulates Rice Straw Mineralization and Its Priming Effect in Paddy Soil. *Soil Biology & Biochemistry*, **121**, 67-76. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2018.03.003>
- [50] 汪欣, 向兆, 李策, 朱婧, 吴晶, 张明杰, 汪岸, 肖伟. 全自动凯氏定氮仪测定土壤全氮含量方法的优化探索[J].

- 山东农业大学学报(自然科学版), 2020, 51(3): 438-440+446.
- [51] 刘春华, 吴东梅, 刘雨晖, 陈辉, 沈宝贵, 蒋宗培, 刘小飞. 氮沉降对米楮天然林土壤有机碳及微生物群落结构的影响[J]. 林业科学研究, 2021, 34(2): 42-49.
- [52] Wertz, S., Leigh, A.K.K. and Grayston, S.J. (2012) Effects of Long-Term Fertilization of Forest Soils on Potential Nitrification and on the Abundance and Community Structure of Ammonia Oxidizers and Nitrite Oxidizers. *FEMS Microbiology Ecology*, **79**, 142-154. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01204.x>
- [53] 许可, 王春梅, 张艺, 杨欣桐, 刘卫敏. 模拟大气氮沉降对温带森林土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学杂志, 2016, 35(10): 2676-2683.
- [54] 刘红梅, 李洁, 王丽丽, 赵建宁, 王慧, 杨殿林. 氮添加对贝加尔针茅草原植物和土壤化学计量特征的影响[J]. 草业学报, 2018, 27(7): 25-35.
- [55] 江晶, 武均, 张仁陟, 董博, 蔡立群. 碳氮添加对雨养农田土壤全氮、有机碳及其组分的影响[J]. 水土保持学报, 2019, 33(3): 215-220+227.
- [56] 陈磊, 朱广宇, 刘玉林, 上官周平, 邓蕾. 黄土高原人工油松林土壤碳氮对短期氮添加的响应[J]. 水土保持学报, 2018, 32(4): 346-352.
- [57] 耿倩倩, 王银柳, 牛国祥, 王楠楠, 哈斯木其尔, 李昂, 黄建辉. 长期氮添加对草甸草原生态系统氮库的影响[J/OL]. 应用生态学报. 2021: 1-9. <https://doi.org/10.13287/j.1001-9332.202108.005>, 2021-07-02.
- [58] 宋大利, 刁向银, 黄绍敏, 张水清, 袁秀梅, 黄伏森, 刘阳, 王秀斌. 秸秆生物炭配施氮肥对潮土土壤碳氮含量及作物产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(2): 369-379.
- [59] 王慧, 刘金山, 惠晓丽, 戴健, 王朝辉. 旱地土壤有机碳氮和供氮能力对长期不同氮肥用量的响应[J]. 中国农业科学, 2016, 49(15): 2988-2998.
- [60] Tian, D. and Niu, S. (2015) A Global Analysis of Soil Acidification Caused by Nitrogen Addition. *Environmental Research Letters*, **10**, Article ID: 024019. <https://doi.org/10.1088/1748-9326/10/2/024019>
- [61] 黄幸然, 郭萍萍, 吴旺旺, 胡宝叶, 易志刚. 模拟氮沉降增加对不同树种土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学杂志, 2016, 35(6): 1420-1426.
- [62] 涂利华, 胡庭兴, 张健, 李仁洪, 戴洪忠, 雒守华. 模拟氮沉降对华西雨屏区苦竹林土壤有机碳和养分的影响[J]. 植物生态学报, 2011, 35(2): 125-136.
- [63] 刘世荣, 王晖, 栾军伟. 中国森林土壤碳储量与土壤碳过程研究进展[J]. 生态学报, 2011, 31(19): 5437-5448.
- [64] Lun, F., Li, W. and Liu, Y. (2012) Complete Forest Carbon Cycle and Budget in China, 1999-2008. *Forest Ecology and Management*, **264**, 81-89. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2011.10.004>
- [65] Intergovernmental Panel on Climate Change (2000) Land Use, Land Use Change and Forestry. Special Report, Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press, Cambridge.
- [66] Stocker, T., Qin, D., Plattner, G.-K., Tignor, M., Allen, S.K., Boschung, J., Nauels, A., Xia, Y., Bex, V., Midgley, P.M. and Intergovernmental Panel on Climate Change (2013) the Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Climate Change 2013. Cambridge University Press, Cambridge.
- [67] Atkinson, C.J., Fitzgerald, J.D. and Hipps, N.A. (2010) Potential Mechanisms for Achieving Agricultural Benefits from Biochar Application to Temperate Soils: A Review. *Plant and Soil*, **337**, 1-18. <https://doi.org/10.1007/s11104-010-0464-5>
- [68] Li, D.J., Wen, L., Jiang, S., et al. (2018) Responses of Soil Nutrients and Microbial Communities to Three Restoration Strategies in a Karst Area, Southwest China. *Journal of Environmental Management*, **207**, 456-464. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2017.11.067>
- [69] 殷全玉, 李想, 王典, 张明月, 王兆双, 云菲, 王新发, 刘国顺. 连续 4 年施用生物炭对土壤细菌多样性及其群落结构的影响[J/OL]. 河南农业大学学报, 2021, 55(4): 752-760+775. <https://doi.org/10.16445/j.cnki.1000-2340.20210512.001>
- [70] Graber, E.R., Meller Harel, Y., Kolton, M., Cytryn, E., Silber, A., Dalia Rav, D., Tsechansky, L., Borenshtein, M. and Elad, Y. (2010) Biochar Impact on Development and Productivity of Pepper and Tomato Grown in Fertigated Soilless Media. *Plant and Soil*, **37**, 481-496. <https://doi.org/10.1007/s11104-010-0544-6>
- [71] 邵慧芸, 张阿凤, 王旭东, 郝珊, 张艳玲. 两种生物炭对烤烟生长、根际土壤性质和微生物群落结构的影响[J]. 环境科学学报, 2019, 39(2): 537-544.
- [72] Lu, H., Siddique Lashari, M., Liu, X., Ji, H., Li, L., Zheng, J., Kibue, G.W., Joseph, S. and Pan, G. (2015) Changes in Soil Microbial Community Structure and Enzyme Activity With Amendment of Biochar-Manure Compost and Pyro-



- ligneous Solution in a Saline Soil from Central China. *European Journal of Soil Biology*, **70**, 67-76. <https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2015.07.005>
- [73] 周纪东, 史荣久, 赵峰, 韩斯琴, 张颖. 施氮频率和强度对内蒙古温带草原土壤 pH 及碳、氮、磷含量的影响[J]. 应用生态学报, 2016, 27(8): 2467-2476.
- [74] 贺佩, 李悦, 江明兢, 刘颖慧, 杜薇, 张家琦, 景海超. 连续氮添加 14 年对温带典型草原不同深度土壤碳氮组分及物理结构的影响[EB/OL]. 生态学报, 2021(5): 1-16. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.2031.q.20201231.1618.051.html>, 2021-11-22.
- [75] Kiran, S. (2019) Alleviation of Adverse Effects of Salt Stress on Lettuce (*Lactuca Sativa* Var. Crispa) by Application of Vermicompost. *Acta Scientiarum Polonorum. Hortorum Cultus*, **18**, 153-160. <https://doi.org/10.24326/asphc.2019.5.15>
- [76] 秦玮玺, 斯贵才, 雷天柱, 张生银, 马建忠. 氮肥添加对土壤微生物量及酶活性的影响[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(1): 170-175.
- [77] 周枫, 罗佳琳, 赵亚慧, 张炎, 王宁, 焦加国, 于建光. 翻耕和不同泡田方式对土壤微生物量及其酶活性的影响[J]. 土壤通报, 2020, 51(2): 352-357.
- [78] 张志阳. 牦牛粪分解及对土壤理化性质、微生物生物量和酶活性的影响[D]: [硕士学位论文]. 兰州: 兰州大学, 2019.
- [79] Rousk, J., Brookes, P.C. and Bååth, E. (2011) Fungal and Bacterial Growth Responses to N Fertilization and PH in the 150-Year 'Park Grass' UK Grassland Experiment. *FEMS Microbiology Ecology*, **76**, 89-99. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2010.01032.x>
- [80] Zak, D.R., Freedman, Z.B., Upchurch, R.A., *et al.* (2016) Anthropogenic N Deposition Increases Soil Organic Matter Accumulation Without Altering Its Biochemical Composition. *Global Change Biology*, **23**, 933-944. <https://doi.org/10.1111/gcb.13480>
- [81] 赵超, 彭赛, 阮宏华, 张雅坤. 氮沉降对土壤微生物影响的研究进展[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2015, 39(3): 149-155.
- [82] Zhao, C., Zhu, L., Liang, J., *et al.* (2014) Effects of Experimental Warming and Nitrogen Fertilization on Soil Microbial Communities and Processes of Two Subalpine Coniferous Species in Eastern Tibetan Plateau, China. *Plant and Soil*, **382**, 189-201. <https://doi.org/10.1007/s1104-014-2153-2>
- [83] 王长庭, 王根绪, 李香真, 等. 氮肥添加对高寒藏嵩草(*Kobresia tibetica*) 沼泽化草甸和土壤微生物群落的影响[J]. 生态学报, 2017, 37(2): 405-415. <https://doi.org/10.5846/stxb201508041642>
- [84] Frey, S.D., Ollinger, S., Nadelhoffer, K., *et al.* (2014) Chronic Nitrogen Additions Suppress Decomposition and Sequester Soil Carbon in Temperate Forests. *Biogeochemistry*, **121**, 305-316. <https://doi.org/10.1007/s10533-014-0004-0>
- [85] Sinsabaugh, R.L., Belnap, J., Rudgers, J., Kuske, C.R., Martinez, N. and Sandquist, D. (2015) Soil Microbial Responses to Nitrogen Addition in Arid Ecosystems. *Frontiers in Microbiology*, **6**, Article No. 819. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00819>
- [86] Zhou, X.B., Bowker, M.A., Tao, Y., *et al.* (2018) Chronic Nitrogen Addition Induces a Cascade of Plant Community Responses with Both Seasonal and Progressive Dynamics. *Science of the Total Environment*, **626**, 99-108. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.01.025>
- [87] 郭超, 王霖娇. 氮沉降对森林生态系统土壤微生物、酶活性以及细根生产与周转的影响研究进展[J]. 生态学杂志, 2021, 40(11): 3730-3741. <https://doi.org/10.13292/j.1000-4890.202111.010>
- [88] 朱瑞芬, 唐凤兰, 刘杰淋, 刘凤歧, 陈积山. 羊草草甸草原土壤微生物生物量碳氮对短期施氮的响应[J]. 草地学报, 2016, 24(3): 553-558.
- [89] 程东升. 森林微生物生态学[M]. 黑龙江: 东北林业大学出版社, 1993.
- [90] Bulgarelli, D., Garrido-Oter, R., Muench, P.C., Weiman, A., Droege, J., Pan, Y., McHardy, A.C., Schulze-Lefert, P. (2015) Structure and Function of the Bacterial Root Microbiota in Wild and Domesticated Barley. *Cell Host & Microbe*, **17**, 392-403. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2015.01.011>
- [91] Billings, S.A., Tiemann, Z.K., Ballantyne IV, F., Lehmeier, C.A. and Min, K. (2015) Investigating Microbial Transformations of Soil Organic Matter: Synthesizing Knowledge from Disparate Fields to Guide New Experimentation. *SOIL*, **1**, 313-330. <https://doi.org/10.5194/soil-1-313-2015>
- [92] Hobara, S., Osono, T., Hirose, D., Noro, K., Hirota, M. and Benner, R. (2014) the Roles of Microorganisms in Litter Decomposition and Soil Formation. *Biogeochemistry*, **118**, 471-486. <https://doi.org/10.1007/s10533-013-9912-7>
- [93] Parkinson, D. and Coleman, D.C. (1991) Microbial Communities, Activity and Biomass. *Agriculture Ecosystems & Environment*, **34**, 3-33. [https://doi.org/10.1016/0167-8809\(91\)90090-K](https://doi.org/10.1016/0167-8809(91)90090-K)

- [94] Berg, N., Unc, A. and Steinberger, Y. (2015) Examination of Biotic and Abiotic Controls of Soil Bacterial Diversity Under Perennial Shrubs in Xeric Soils. *CATENA*, **127**, 124-128. <https://doi.org/10.1016/j.catena.2014.12.029>
- [95] Chen, Y., Neilson, J.W., Kushwaha, P., Maier, R.M. and Barberán, A. (2020) Life-History Strategies of Soil Microbial Communities in An Arid Ecosystem. *The ISME Journal*, **15**, 649-357. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-00803-y>
- [96] Feng, W., Zhang, Y., Lai, Z., Qin, S., Yan, R., Sun, Y. and She, W. (2020) Soil Bacterial and Eukaryotic Co-Occurrence Networks across a Desert Climate Gradient in Northern China. *Land Degradation & Development*, **32**, 1938-1950. <https://doi.org/10.1002/ldr.3844>
- [97] Erta, B., Eiv, C. and Wjs, A. (2011) Alternative Afforestation Options on Sandy Heathland Result in Minimal Long-Term Changes in Mineral Soil Layers. *Forest Ecology and Management*, **483**, Article ID: 118906.
- [98] 杨山, 李小彬, 王汝振, 蔡江平, 徐柱文, 张玉革, 李慧, 姜勇. 氨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.
- [99] Goldfarb, K.C., Karaoz, U., Hanson, C.A., Santee, C.A., Bradford, M.A., Treseder, K.K., Wallenstein, M.D. and Brodie, E.L. (2011) Differential Growth Responses of Soil Bacterial Taxa to Carbon Substrates of Varying Chemical Recalcitrance. *Frontiers in Microbiology*, **2**, Article No. 94. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2011.00094>
- [100] Chen, Y., Cao, J., He, X., Liu, T., Shao, Y., Zhang, C., Zhou, Q., Li, F., Mao, P., Tao, L., Liu, Z., Lin, Y., Zhou, L., Zhang, W. and Fu, S. (2020) Plant Leaf Litter Plays a More Important Role Than Roots in Maintaining Earthworm Communities in Subtropical Plantations. *Soil Biology and Biochemistry*, **144**, Article ID: 107777. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2020.107777>
- [101] Schmidt, M.W.I., Torn, M.S., Abiven, S., Dittmar, T., Guggenberger, G., Janssens, I.A., Kleber, M., Kögel-Knabner, I., Lehmann, J., Manning, D.A.C., Nannipieri, P., Rasse, D.P., Weiner, S. and Trumbore, S.E. (2011) Persistence of Soil Organic Matter As An Ecosystem Property. *Nature*, **478**, 49-56. <https://doi.org/10.1038/nature10386>
- [102] Huber, P., Metz, S., Unrein, F., *et al.* (2020) Environmental Heterogeneity Determines the Ecological Processes That Govern Bacterial Metacommunity Assembly in a Floodplain River System. *The ISME Journal*, **14**, 2951-2966. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-0723-2>
- [103] Salcher, M., Posch, T. and Pernthaler, J. (2013) *In Situ* Substrate Preferences of Abundant Bacterioplankton Populations in a Prealpine Freshwater Lake. *The ISME Journal*, **7**, 896-907. <https://doi.org/10.1038/ismej.2012.162>
- [104] Sheik, C.S., Beasley, W.H., Elshahed, M.S., Zhou, X., Luo, Y. and Krumholz, L.R. (2011) Effect of Warming and Drought on Grassland Microbial Communities. *The ISME Journal*, **5**, 1692-1700. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.32>
- [105] Ollivier, J., Töwe, S., Bannert, A., Hai, B., Kastl, E.-M., Meyer, A., Su, M.X., Kleineidam, K. and Schloter, M. (2011) Nitrogen Turnover in Soil and Global Change. *FEMS Microbiology Ecology*, **78**, 3-16. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2011.01165.x>
- [106] Kuzyakov, Y. and Xu, X. (2013) Competition between Roots and Microorganisms for Nitrogen: Mechanisms and Ecological Relevance. *New Phytologist*, **198**, 656-669. <https://doi.org/10.1111/nph.12235>
- [107] Verbruggen, E., Van Der Heijden, M.G.A., Rillig, M.C. and Toby Kiers, E. (2012) Mycorrhizal Fungal Establishment in Agricultural Soils: Factors Determining Inoculation Success. *New Phytologist*, **197**, 1104-1109. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2012.04348.x>
- [108] Simões, M.F., Pereira, L., Santos, C., *et al.* (2013) Polyphasic Identification and Preservation of Fungal Diversity: Concepts and Applications. In: Malik, A., Grohmann, E. and Alves, M., Eds., *Management of Microbial Resources in the Environment*, Springer, Dordrecht, 91-117. [https://doi.org/10.1007/978-94-007-5931-2\\_5](https://doi.org/10.1007/978-94-007-5931-2_5)
- [109] 周丹燕, 卜丹蓉, 葛之葳, 严靖, 肖晗冉, 阮宏华, 等. 氮添加对沿海不同林龄杨树人工林土壤动物群落的影响[J]. *生态学杂志*, 2015(9): 2553-2560.
- [110] Demoling, F., Nilsson, L.O. and Bååth, E. (2008) Bacterial and Fungal Response to Nitrogen Fertilization in Three Coniferous Forest Soils. *Soil Biology & Biochemistry*, **40**, 370-379. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2007.08.019>
- [111] Allison, S.D., Lebauer, D.S., Ofrecio, M.R., *et al.* (2009) Low Levels of Nitrogen Addition Stimulate Decomposition by Boreal Forest Fungi. *Soil Biology & Biochemistry*, **41**, 293-302. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2008.10.032>
- [112] Poosakkannu, A., Nissinen, R. and Kytöviita, M.-M. (2017) Native Arbuscular Mycorrhizal Symbiosis Alters Foliar Bacterial Community Composition. *Mycorrhiza*, **27**, 801-810. <https://doi.org/10.1007/s00572-017-0796-6>
- [113] Faust, K. and Raes, J. (2012) Microbial Interactions: From Networks to Models. *Nature Reviews Microbiology*, **10**, 538-550. <https://doi.org/10.1038/nrmicro2832>
- [114] 阮仕琴, 陶刚, 娄璇, 赵兴丽. 丛枝菌根真菌生态功能及其与共生植物互作机理[J/OL]. *中国土壤与肥料*, 2021: 1-9. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5498.S.20210914.1841.002.html>, 2021-11-22.
- [115] Hu, J., Peng, S., Zhang, D., Ge, Z. and Yang, N. (2020) Effects of Nitrogen Addition on Arbuscular Mycorrhizal Fungi

- 
- Community in Poplar Plantations at Different Ages. *Ecology and Environmental Sciences*, **29**, 1768-1775.
- [116] Santos, J.C., Finlay, R.D. and Tehler, A. (2006) Molecular Analysis of Arbuscular Mycorrhizal Fungi Colonising a Semi-Natural Grassland Along a Fertilisation Gradient. *New Phytologist*, **172**, 159-168.  
<https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2006.01799.x>
- [117] Diepen, L.T.A.V., Lilleskov, E.A., Pregitzer, K.S., *et al.* (2010) Simulated Nitrogen Deposition Causes a Decline of Intra-And Extraradical Abundance of Arbuscular Mycorrhizal Fungi and Changes in Microbial Community Structure in Northern Hardwood Forests. *Ecosystems*, **13**, 683-695. <https://doi.org/10.1007/s10021-010-9347-0>
- [118] Yong, Z., Yong-Chan, K., Tian, X.F., *et al.* (2015) Differential Responses of Arbuscular Mycorrhizal Fungi to Nitrogen Addition in a Near Pristine Tibetan Alpine Meadow. *FEMS Microbiology Ecology*, **89**, 594-605.  
<https://doi.org/10.1111/1574-6941.12361>
- [119] 杨越. 氮添加对草地生态系统土壤微生物群落的影响[D]: [硕士学位论文]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2019.
- [120] Eisenlord, S.D. and Zak, D.R. (2010) Simulated Atmospheric Nitrogen Deposition Alters Actinobacterial Community Composition in Forest Soils. *Soil Science Society of America Journal*, **74**, 1157-1166.  
<https://doi.org/10.2136/sssaj2009.0240>