

# 土壤食物网调控及其生态功能研究的困境与思考

张卫信, 申智锋, 宋博, 马子鹤, 邵元虎, 傅声雷

河南大学地理与环境学院; 黄河中下游数字地理技术教育部重点实验室; 河南大别山森林生态系统国家野外科学观测研究站, 开封 475004

**摘要** 土壤食物网精准调控是探究和发挥土壤生物生态功能的关键和难点。综述了已有的土壤食物网直接和间接调控方法, 讨论了土壤食物网生态功能研究现状及面临的困境, 如常用的直接调控措施很难在野外大规模应用; 间接调控土壤食物网内在机制复杂, 调控效果不易把控; 土壤食物网全图模糊不清, 关键类群及其权重难确定; 土壤食物网的物质循环与能流难量化等。提出探索建立土壤食物网及其相关的生态过程的野外监测技术体系, 发展简单易行的野外土壤食物网调控技术, 关注土壤食物网的“外延”界面, 开展土壤食物网相关的多尺度多因子和多过程的融合研究等4方面的发展建议。

**关键词** 土壤生物精准调控; 野外控制实验; 土壤生物监测; 土壤食物网内部平衡; 生态过程

植物-土壤食物网的关键联系是生态系统服务功能的基础<sup>[1]</sup>。近年来, 土壤食物网研究成为研究热点<sup>[2]</sup>, 特别是在代表性的土壤动物类群(如蚯蚓、线虫和原生动物等)的多度和/或多样性的全球分布格局等方面获得突破<sup>[3-5]</sup>。然而, 人们对于驱动地上-地下生态系统格局形成的关键生态过程, 以及调控这些生态过程的内在机制的研究仍然面临巨大的挑战。其中最重要的瓶颈之一, 就是未能充分揭示土壤食物网特征的演变规律、驱动力及其对生态系统的影响。土壤食物网对植物多样性和

生产力的响应与反馈研究已成为生态学、地学和农学等多学科领域的前沿<sup>[2,6-7]</sup>。

土壤食物网是物质和能量传递的重要载体, 但不仅是“分解者”, 它可以通过多种途径影响植物生产力<sup>[2]</sup>。土壤食物网研究的重要性, 主要体现在2方面。其一, 土壤食物网结构复杂, 多样性高, 是研究生态系统结构与功能关系的绝佳实验平台。土壤食物网若失衡, 土传病害往往比较严重; 土壤食物网的变化, 也可能是生态系统演替的动力<sup>[8]</sup>。其二, 土壤食物网及土壤生物是巨大的生物资源宝

收稿日期: 2021-07-01; 修回日期: 2021-12-01

基金项目: 国家科技基础资源调查专项课题(2018FY100306); 国家自然科学基金面上项目(41877054)

作者简介: 张卫信, 教授, 研究方向为土壤动物生态学, 电子信箱: weixinzhang@vip.henu.edu.cn

引用格式: 张卫信, 申智锋, 宋博, 等. 土壤食物网调控及其生态功能研究的困境与思考[J]. 科技导报, 2022, 40(3): 52-63; doi: 10.3981/j.

issn.1000-7857.2022.03.005

库,尤其是生物间复杂的互作关系,蕴含无穷的“启示”可造福于人类。例如,CRISPR 基因编辑技术就是基于细菌对病毒的免疫机制而发明的<sup>[9]</sup>。可见,探究土壤食物网调控机制,不仅是解决技术瓶颈问题,还蕴含着大量的理论创新的机会。

实现对土壤生物生态功能的可预测的理解是发挥土壤生物积极作用的重要基础<sup>[10]</sup>。但是,如何实现土壤食物网的精准调控,充分发挥土壤食物网的生态系统服务功能仍任重道远<sup>[11]</sup>。主要面临3方面的挑战:(1)如何在野外调控土壤食物网;(2)如何确定土壤食物网和植物群落内部及其之间的“联系”;(3)如何揭示土壤食物网及其主导的生态过程的时空格局?本文综述已有的土壤食物网调控方法,并讨论土壤食物网生态功能研究现状及面临的困境,最后提出初步的展望和思考。

## 1 土壤食物网调控方法

不同土壤生物类群对各种生物和非生物因素的响应既有同一性也有特殊性,这为调控土壤食物网提供了机会。随着医学、农学和食品科学的发展,出现了各种灭菌和病虫害防治的方法。这些基于物理、化学和生物的方法丰富了土壤食物网的调控手段。

### 1.1 土壤食物网的直接调控

按调控手段大概可以分为5类(表1)。(1)物理杀灭法。主要包括湿热高压灭菌法、伽马射线灭菌法、紫外线灭菌法、微波灭菌法和低温等离子体灭菌法等。(2)化学杀灭(抑制)法。主要包括化学杀菌杀(驱)虫法,以及有机药物的熏蒸法。(3)土壤(生物)梯度稀释法。(4)过滤法。(5)接种法。

表1 代表性的土壤食物网直接调控方法

调控方法	举例	适用情形	优点	局限性	参考文献
物理 杀灭法	湿热高压灭菌法	实验室	简便、高效、经济	会改变土壤理化性质,部分土壤生物未被杀灭,需多轮灭菌效果才好;会产生少量有毒物质	[13]-[15]
	伽马射线灭菌法	实验室,车间内较大规模灭菌	几乎不产生有毒物质	对土壤理化有影响,如,常提高土壤磷和铵态氮含量	[14],[15]
	紫外线灭菌法	实验室	简便、经济	灭菌效果差,尤其是无法对土壤内部灭菌	[16]
	微波灭菌法	实验室	对土壤理化影响较小	对某些土壤生物影响弱;温度较高	[12],[17]
	低温等离子体灭菌法	实验室,车间内较大规模灭菌	高效,不产生高温高压	等离子体发射设备仍待优化;未见用于土壤灭菌,需尝试	[18],[19]
化学杀灭 (抑制)法	化学杀菌杀(驱)虫剂	实验室,野外小规模控制实验	高效,有一定的针对性	野外效果难持久,污染环境	[20]
	氯仿熏蒸法	实验室,设施农业	高效	污染环境	[21],[22]
	环氧乙烷熏蒸法	实验室	高效	灭菌后需反复通风去除残留气体,污染环境	[23]
梯度 稀释法	土壤稀释法	实验室	近自然,方便控制生物多样性梯度	歧视稀有物种	[24]
过滤法	膜过滤法	实验室	方便调控土壤微生物网	效率低,只能在实验室开展	[25]
接种法	杀灭-接种法	实验室	针对性强	改变土壤环境,接种效果不确定性大	[26],[30]
	提取-接种法	实验室	近自然,方便调控中小型土壤动物	效率低,不方便大规模实施	无
	驱离-接种法	实验室或野外	方便调控大型土壤动物	难操作,处理效果难维持	[30]

物理和化学灭菌法多属于伤害性调控措施,干扰大,往往会带来其他不确定性因素。其中,实验室常用的物理杀灭法是湿热高压灭菌法和伽马射线灭菌法<sup>[12]</sup>。湿热高压灭菌法方便、廉价,是最常用的方法,特别是当进行2轮以上灭菌时灭菌效果最佳<sup>[13]</sup>。但是,湿热高压灭菌法对土壤理化及团聚体结构的影响明显,且可能伴随少量有毒物质的产生;相比起来,伽马射线灭菌法更有优势。《Soil Biology & Biochemistry》第1卷第1期就专门报道了伽马射线灭菌技术在植物-土壤-微生物关系研究中的应用<sup>[14]</sup>。伽马射线灭菌法对土壤性质的改变较小,且未发现产生有毒物质,但不同生物对辐射剂量的敏感性及对辐射的响应时间有所不同,故其具体辐射操作需做针对性的调整<sup>[14-15]</sup>。紫外线灭菌法因为难以影响到土壤内部,作用有限<sup>[16]</sup>。微波灭菌法虽然也被用于抑制土传病害,但有土壤温度升高及灭菌不彻底等问题<sup>[12,17]</sup>。低温等离子体灭菌法是新兴的值得关注的技术。它可以在常温下获得很好的灭菌效果,且辐射泄露的风险很小,在医学上的应用日益广泛<sup>[18-19]</sup>;但是,尚未见应用于土壤食物网调控研究。化学灭菌法则面临着污染环境和/或在野外容易失效等困扰<sup>[20-23]</sup>。

梯度稀释法、接种法和过滤法等属于非伤害性调控措施。其好处是一般不会明显改变土壤的理化性质,但有时候也需要与物理和化学灭菌法配合使用。通过土壤梯度稀释,可以构建不同生物多样性水平的土壤系统,进而探究生物多样性与生态功能和过程的关系<sup>[24]</sup>。但梯度稀释法一般未包括大型土壤动物,同时也在客观上“歧视”稀有种。过滤法则通过不同孔径的膜将目标土壤生物去除<sup>[25]</sup>,多用于对土壤微食物网的调控。灭菌后重新接种各种土壤生物,是常规的研究土壤生物生态功能的方法<sup>[26]</sup>;通过干湿漏斗提取(分离)中小型土壤动物,再重新接种,可以很好地探究中小型土壤的生态功能,但目前却未见有相关文献;通过电击法驱除蚯蚓、物理隔离蚂蚁,或以陷阱法驱除地表活动的土壤动物等,可以在野外开展大型土壤动物控制实验<sup>[27-28]</sup>。当然,这些野外调控方法也面临很大的不确定性,如,物理隔离蚂蚁时可能实际隔离的是所

有的地表活动强的节肢动物;而电击蚯蚓时,很难达到理想效果,因为有些蚯蚓对电击法并不敏感<sup>[29-30]</sup>。

## 1.2 土壤食物网的间接调控

所有能影响土壤生物种群动态和群落结构的因素都是潜在的土壤食物网的调控手段。土壤食物网间接调控可以分为生物调控和非生物调控2大类,大概可以分为6小类(表2)。(1)生物互作调控法。如植物通过资源输入、化感作用影响土壤食物网<sup>[31-33]</sup>;又如植物可以通过分泌几丁质酶抑制病虫害<sup>[34]</sup>,或通过芸苔属植物产生的硫代葡萄糖苷进行生物熏蒸来抑制土传病虫害<sup>[35]</sup>;蚯蚓以及蚯蚓与植物的互作还可能改变其他土壤动物和微生物群落结构<sup>[32,36]</sup>。(2)有机底物调控。主要指各种不同质量(如不同碳氮比、木质素含量等)的有机质的输入对土壤食物网的影响<sup>[37]</sup>。(3)无机底物调控。例如施化肥可改变蚯蚓对植食性线虫的抑制作用<sup>[38]</sup>;钠盐可促进土壤食物网中的凋落物分解者的活动<sup>[39-41]</sup>;凋落物的钙含量可影响正蚓科蚯蚓种群大小<sup>[42]</sup>;其他基质如生物炭可能影响土壤有机-无机复合体中的电子传递,进而调控微生物胞外呼吸及其相关的生态过程<sup>[43-44]</sup>。(4)控制水热条件。如适度干旱可提升真菌细菌比<sup>[45]</sup>,灌溉和冻融变化会改变土壤食物网结构<sup>[46-47]</sup>。(5)网袋隔离法。最常用的是凋落物分解袋法<sup>[48-49]</sup>。通过不同孔径的尼龙网袋,限制凋落物与外部环境中土壤动物的交流,进而探究土壤食物网代表性类群在凋落物分解中的相对贡献。后面会详细讨论凋落物袋法的改进思路。(6)综合调控法。如近年来提出的强还原土壤法,利用了薄膜覆盖和碳源添加,形成高温厌氧环境杀灭病原菌<sup>[50]</sup>。

土壤食物网间接调控技术对土壤食物网演变相关基础研究的依赖十分明显。囿于基础研究的相对落后,土壤食物网间接调控往往具有更大的不确定性。但是,随着对土壤食物网演变机制的逐步解析,其调控的针对性会不断提高。而且,多数土壤食物网间接调控措施适合在野外大规模实施,这是前述的直接调控措施所没有的优势。

表2 代表性的土壤食物网间接调控方法

调控方法	举例	适用情形	优点	局限性	参考文献
生物互作调控法	植物资源诱导	实验室或野外	影响持久	作用机制复杂,针对性差	[32]、[33]
	植物化感作用	实验室或野外	其作用机制蕴含理论创新契机	针对性差,效应不易与其他因素区分	[31]
	植物抗病虫性	实验室或野外	针对性较强	效应易受其他因素干扰	[34]、[35]
	土壤生物互作	实验室或野外	其作用机制蕴含理论创新契机	互作机制复杂,针对性差	[32]、[36]
有机底物调控	不同质量的有机物的影响	实验室或野外	好操作	针对性差,对大型、中型和小型土壤动物的影响差别大	[37]
无机底物调控	钠盐的影响	实验室或野外	促进土壤动物中的分解者类群	其效应有剂量依赖	[39]~[41]
	钙的影响	实验室或野外	好操作	仅对部分蚯蚓有影响	[42]
	化肥影响	实验室或野外	好操作	效应不一致,规律性差	[38]、[51]
	其他基质如生物炭的影响	实验室或野外	好操作	正负效应都可能出现,不确定大	[43]、[44]
控制水热条件	干湿、冻融交替影响	实验室或野外	影响范围大	针对性差,且土壤生物以外的因素也在变化	[45]~[47]
网袋隔离法	凋落物分解袋法	实验室或野外	高效,经济	改变袋内微气候,“歧视”活动力弱的土壤动物	[48]、[49]
综合调控法	强还原土壤法	设施农业,大田	高效,经济	可能杀灭有益土壤生物	[50]

## 2 土壤食物网生态功能研究现状

土壤食物网在生态系统物质循环、能量传递,以及地上-地下系统内部生态平衡的维持等方面发挥着关键性的作用。但是,土壤食物网生态功能的量化研究滞后严重。其困境至少包括下面3方面。

### 2.1 土壤食物网全图难绘制

首先,有哪些生物很难确定。土壤食物网物种组成复杂,传统的基于形态学的分类工作耗时耗力,效率低下,且面临严重的人员短缺。基于分子生物学的分类技术为开展大规模的土壤动物鉴定工作提供了机会,但是将分子生物学技术与传统的形态分类学有机结合,以获得准确的土壤动物的物种组成、多度和生物量数据,仍未见实质性突破。

当前面临的挑战至少有3点。其一,土壤动物的形态分类数据库和DNA数据库的同步建设进展缓慢。其二,生物残体DNA带来的不确定性和机

遇。DNA测序时如何区分土壤中生物残体的DNA和生物活体的DNA?残体DNA可能会干扰(或辅助)土壤食物网互作关系的分析?一方面,区分活体DNA和残体DNA可以更准确地了解现存的土壤生物群落特征。通过添加光敏性材料叠氮溴化丙锭(propidium monoazide, PMA),可与细胞膜受损的细胞的DNA结合,进而在聚合酶链式反应(PCR)过程中将生物残体DNA排除在外,以减少残体DNA对活体微生物群落特征分析的干扰<sup>[51-55]</sup>。不过,PMA法是否能区分出生物残体中细胞膜仍然完整的细胞中的DNA尚不明确。另一方面,土壤残体DNA的存在也为探究历史的土壤生物群落特征提供了重要契机。例如,Bienert等通过建立法国阿尔卑斯山已知蚯蚓种类的核糖体DNA的参考数据库,设计针对性的引物分析土壤胞外DNA,成功地揭示了所研究样地现有的蚯蚓群落种类组成<sup>[56]</sup>。并且,在某些特殊的生境中,残体DNA分析可以反映很古老的生物区系信息。Lammers等通

过分析北极湖泊沉积物中的残体 DNA, 发现在 1000~23000 cal. a BP 期间有明显的线虫和/或蚯蚓的活动<sup>[57]</sup>。其三, 目前土壤食物网不同类群的受关注程度很不均衡。土壤原生动物和土壤病毒在土壤食物网中的地位值得关注<sup>[58-59]</sup>。

其次, 土壤食物网内生物之间的关系难确定。原因大体有 2 点。其一, 基于数量或生物量的网络分析所揭示的相关关系多大程度上属于因果关系? 如何区分相关关系和因果关系? 如何借助于同位素示踪技术和中性脂肪酸图谱分析等确定土壤食物网内的因果关系? 这些问题都亟待解决。其二, 土壤食物网内存在大量的“杂食者”<sup>[60]</sup>。怎么确定这些跨越多个能流通道的取食行为及其相对贡献? 其三, 土壤食物网内的复杂互作过程可能掩盖了某些土壤生物间的联系(图 1)。至少有 3 种互作关系难厘清<sup>[61]</sup>: (1) 同一过程同时产生了正负效应。如线虫活动对微生物群落的取食过程会降低微生物生物量, 但同时又可能通过接种效应而促进微生物的繁衍<sup>[62]</sup>。(2) 不同过程的正负效应相互抵消。如捕食性线虫对食细菌线虫的下行效应可能与细菌对食细菌线虫的上行效应相抵消, 造成食细菌线虫与细菌和/或捕食性线虫没有明显关系的假象。(3) 碳和养分在小范围内近乎闭合的循环。这种相对闭合的物质和能量循环, 给量化研究土壤食物网在物质循环和能量流动中的作用带来很大的困

扰。不了解土壤食物网内的互作关系, 可能找错“关键生物”, 难以构建真实可信的食物链或食物网, 以至于在实验室构建的食物链或食物网非常不完整, 甚至在自然界完全不存在。

最后, 土壤食物网内部及其与植物和无机世界的信号交流难了解。土壤食物网不仅是“取食-被取食”关系, 还有“识别”“应激反应”“适应”和“反馈”等复杂过程<sup>[63]</sup>; 土壤食物网与植物也不仅仅是碳和养分的交换关系, 还有复杂的互作(如促生菌、病虫害应激反应)<sup>[64]</sup>; 土壤食物网与有机残体及无机矿物间的交流(如电子传递)可能是理解土壤生物所调控生态过程的机制的重要切入点。

## 2.2 土壤食物网的关键类群及其权重难确定

首先, 关键土壤生物类群难确定。土壤食物网中有冗余种么? 最近的一项研究发现少数几个细菌类群就消耗了流向细菌群落的碳通量的 45%~57%<sup>[65]</sup>。说明从土壤碳循环的角度, 优势种微生物的贡献是特别明显的, 但是否可以说存在大量的冗余种仍需要更多的数据支持。另外, 冗余种的判断需要针对特定的生态过程(如植物生产力), 一个物种在某个生态过程中未起明显作用, 却可能在其他生态过程中起关键作用。最近的一项基于长期农田定位站的研究揭示了关键微生物群落与小麦产量的关联<sup>[66]</sup>。土壤动物的某些类群是否也可能是某个生态系统生产力的关键生物? 虽然, 有整合分析研究认为蚯蚓的存在可使作物产量平均提高 25%<sup>[67]</sup>, 但蚯蚓并不一定是真正的调控作物产量的关键生物。

其次, 衡量标准难制定。各生物类群的贡献权重, 尤其是非生物量依赖或非多度依赖的间接作用如何衡量? 没有合适的准则。其中一个重要原因应该是  $r$  对策和  $K$  对策的生物各有优势及局限。一方面, 即使给定时间段内总的生物量累积量相同, 数量多的生物对易利用资源或其他环境因素的改变的响应更快, 但是资源利用效率更低。另一方面, 数量相对少的生物(如多细胞生物, 复杂的较高等的土壤动物)虽然对易利用资源的响应稍慢, 但是它们“挖掘”较难利用资源的能力更强。所以, 如果不考虑冗余种, 生态系统内的不同生物类群各有

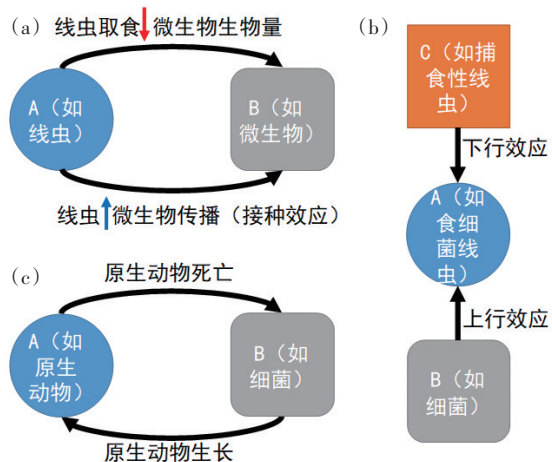


图 1 3 类典型的土壤食物网互作关系概念图  
(a) 同一过程的正负效应; (b) 不同过程的正负效应相互抵消;  
(c) 碳和养分在小范围内的近乎闭合循环

所能,都有可能是生态系统正常运行的关键生物,如果按其主导的能流大小(或其他特定过程)来判断其重要性,似乎都有些偏颇。可见,理论上,如果能兼顾考虑土壤生物的不同角色,可以更好地量化给定土壤生物或整个土壤食物网的贡献。但是,这同样存在一个不同生态功能的相对重要性的赋值难题,即土壤食物网对生态系统多功能性的贡献难量化。Liu等综合运用线性混合效应模型(Linear mixed-effect model, LMM)和结构方程模型,探究了蚯蚓对土壤生态系统多功能性的可能影响机制<sup>[68]</sup>。但是,总的来看,如何将不同尺度的生物类群在食物网中的相对重要性以及将不同的生态功能的相对贡献在一个统一的框架内表达仍任重道远。

## 2.3 土壤食物网物质循环和能流难量化

### 2.3.1 给定时间内累积生物量难量化

现有研究或者局限于对即时生物量和数量的探讨,或者计算累积生物量时所用的关键参数不准确。然而正是这些不准确的关键参数的变化,最能反映土壤食物网特征及其相关生态功能的变化规律。这一缺陷对于土壤动物尤其明显。土壤动物的同化效率、生长效率和死亡速率等常靠估计<sup>[69]</sup>,自然也不清楚土壤动物种群(群落)的周转速率。如此一来,无法计算单位时间内各主要土壤生物类群的累积生物量和累积呼吸量,进而计算单位时间内各能流通道的累积量生物量和累积呼吸量等。

当然,同位素示踪法的应用在测定微生物生长速率方面已经发挥了重要作用。利用放射性同位素示踪法可以估算微生物生长速率。如通过氘标记胸苷掺入DNA法和<sup>14</sup>C标记亮氨酸掺入蛋白质法可测定细菌生长速率<sup>[70-72]</sup>;通过<sup>14</sup>C标记乙酸掺入麦角固醇法可测定真菌生长速率<sup>[73]</sup>。稳定同位素示踪法的应用也很广泛。如<sup>13</sup>C标记的简单碳源可以很方便地估算细菌在不同底物培养下的生长速率<sup>[74]</sup>;而H<sub>2</sub><sup>18</sup>O示踪技术因为可以避免微生物的底物偏好带来的不确定,可能比碳同位素标记更适合用于估算微生物的生长速率<sup>[75-76]</sup>。

再者,要估算土壤生物生物量积累量,除需了解生长速率外,单位时间内土壤生物的种群周转速率也很重要;如果再考虑捕食者带走的生物量,技

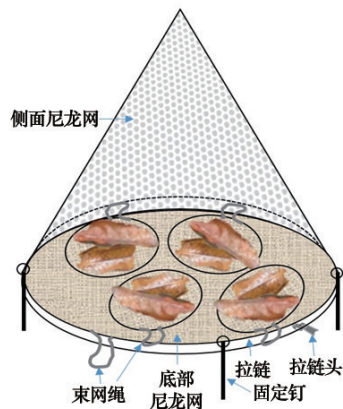
术会更加的复杂。世代周转数的估算离不开对死亡的土壤生物残体的分解过程的监测。同位素示踪法也被用于估算微生物残体的周转<sup>[77]</sup>;细菌和真菌残体的量一定程度上可以用其特征氨基糖的含量来表征<sup>[78]</sup>。但是,土壤动物各主要类群的死亡残体是否有特征生物标志物?仍不得而知。今后需要加快建立土壤动物生长速率、死亡残体的周转速率和种群周转速率的时空变化格局等基础数据库。

### 2.3.2 量化土壤食物网在有机质分解过程中的作用:凋落物分解袋法的改进

网袋隔离法经常用于研究土壤生物对凋落物分解的贡献,但存在3个天然的缺陷:改变了网袋内外的水热环境;只能评估有较强迁移能力的大中型土壤动物的作用;大中型土壤动物能够进入相应网孔大小的网袋并不意味着一定会进入这些网袋,所以,凋落物分解袋法有很大的盲目性,需要很好地结合凋落物中土壤动物群落的演变数据来综合判断其在凋落物分解中的作用。

可以考虑进行2方面的改进。其一,将平面的凋落物分解袋改为立体的凋落物分解笼(图2)。不同孔径的凋落物分解袋阻隔了不同体型大小的土壤动物,但也改变了网袋内的微环境,无法很好地量化土壤动物群落改变对凋落物分解过程的作用。分解笼较大的椎体空间可减少因尼龙网阻隔造成的网内的水热条件变化。分解笼的底面网孔直径可以设为0.48 μm,侧面网孔直径分为3种规格,即7 mm、1 mm和0.48 μm,分别对应(1)允许所有土壤动物进入分解笼,(2)阻止大型土壤动物进入分解笼,(3)阻止大中型土壤动物进入分解笼等3类土壤动物群落处理<sup>[79-80]</sup>。

其二,在开展凋落物分解袋实验的同时,用标准底物评估土壤动物对有机质分解过程的作用。考虑将传统的评估土壤动物活动的饵针法<sup>[81]</sup>和微生物代谢研究所用的Biolog法<sup>[82]</sup>结合起来。应用多类代表性的标准底物或用给定生境的各种潜在食物去“探测”不同土壤生物类群的作用。迫切需要克服的困难有:如何判断哪些土壤生物类群“取食”了哪些饵料?如何开发专一性的生物标记物及其检测技术?



锥体侧面的尼龙网和底部的尼龙网以拉链连接,方便更换不同网孔大小的侧面尼龙网;锥体底部尼龙网上方的圆圈所示为采样单元,设置多个采样单元,可方便进行多目的采样;若需严格控制土壤动物的迁入迁出,考虑以凡士林封闭拉链空隙,具体效果待验证。

图2 用于评估不同土壤动物类群对凋落物分解的影响的分解笼示意

综上所述,土壤食物网调控及其生态功能研究的现状为:(1) 缺少大尺度的土壤食物网现状的系统研究;(2) 土壤动物的研究落后于土壤微生物相关研究;(3) 很少探究土壤动物食性、肠道微生物及粪粒等与其生态功能密切相关的特征;(4) 野外控制实验非常少,对土壤食物网生态功能认识“模糊”。总之,远未实现对土壤食物网的精准调控,更毋论实现对生态系统关键过程进行精准调控。

### 3 思考与展望

尽管困难很多,近年来土壤食物网相关研究已经表现出向好的发展态势。主要体现在3个转变:(1) 从分散的土壤生物群落的点上调查向较大时空尺度的面上调查和大样地的长期定点观测转变;(2) 从关注典型生物群落向关注整个土壤食物网的特征和功能转变;(3) 从单纯的野外调查向野外调查与较大尺度的控制实验及整体性研究方法相结合的转变。随着脂肪酸图谱、同位素示踪、宏基因组和网络分析等技术手段的快速发展和融合<sup>[83-84]</sup>,当代“地下工作者”比前辈更有机会揭示并调控土壤食物网的生态系统服务功能。但是如何

实现从单纯的土壤食物网特征研究向关注土壤食物网主导的生态过程的时空格局研究的转变,进而在生态系统及区域尺度上的土壤食物网的精准调控仍任重道远。但唯有如此,才可能使土壤食物网研究真正的“接地气”,进而在可持续农业及“碳中和”等国家战略中做出积极的贡献。以下4方面研究值得重视。

#### 3.1 探索建立土壤食物网及其相关的生态过程的野外监测技术体系

通过在野外对各类主要生态系统类型的系统性监测,揭示土壤食物网特征及与其紧密相关的生态过程的时空变化规律,是因地制宜地调控和构建土壤食物网的重要基础。可从以下几方面入手。(1) 充分借鉴已有的监测手段。如可以用视窗扫描,近地面雷达扫描等监测土壤结构、细根分布、大型土壤动物活动等。(2) 注意将“地下”监测与地面的遥感等大尺度监测数据相匹配。(3) 发展土壤微生物和土壤动物等活动的原位观测技术。如探索针对性的生物标记物,开发感知或反映微生物和土壤动物活动的传感器等。(4) 土壤食物网监测需要与关键生态过程监测同步。理想中的状态,是在实现自动化全天候多参数或过程的连续监测的基础上,迎来土壤食物网监测的大数据时代。

#### 3.2 发展简单易行的野外土壤食物网调控技术

要实现野外的大规模的土壤食物网调控,必须化繁就简。以农田土壤食物网为例,有3个“牵一发而动全身”的调控支点(图3)。(1) 耕作强度,包括传统耕作和保护性耕作;(2) 资源输入,包括秸秆还田,施有机肥和化肥;(3) 关键土壤生物,如代表性的“生态系统工程师”——蚯蚓,以及与作物养分吸收及抗逆性紧密相关的菌根真菌。有机质分解和养分矿化面临物理的、化学的、生物的障碍,如何解除它们,是可持续农业的着力点<sup>[85]</sup>。理论上,通过对上述3个支点的调控有机会解除上述障碍。我们认为,判定障碍解除的标准就是要找到并维持以细菌为基础的土壤食物网与以真菌为基础的土壤食物网间的特定平衡。若细菌能流通道过强,则物质循环过快,生态系统活力“过热”,资源处于快速消耗状态;即时生产力虽高,但资源利用效率低,

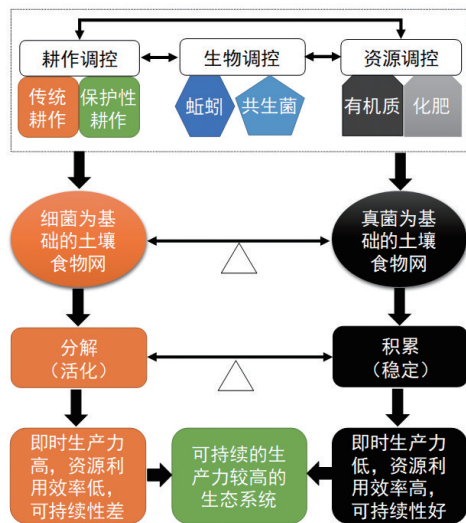


图3 农田土壤食物网调控的着力点及关键的“平衡”

可持续性差。相反,若真菌能流通道过强,则物质循环过慢,生态系统活力“偏冷”,资源处于持续积累状态;即时生产力过低,但资源利用效率高,可持续性好。

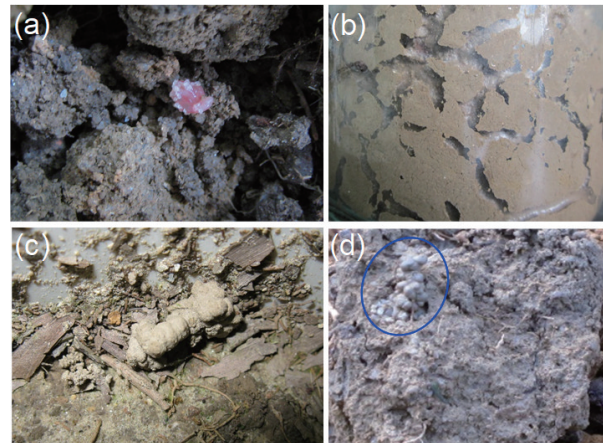
20世纪50年代,任继周在甘肃天祝高山草原生态系统试验站的研究发现,该地的高山草毡厚达20 cm,通气透水性不好,草长得很差;但是用燕尾犁划破草皮后,草场的生产力明显提高<sup>[86-87]</sup>。这一现象可能是划破草皮抑制了原来的以真菌为基础的食物网的相对优势,促进了以细菌为基础的食物网所致。

### 3.3 关注土壤食物网的“外延”界面

深入理解土壤食物网的生态功能,不仅需要关注传统意义上的基于取食关系形成的食物网,还得关注其“辐射”效应,即“影子土壤食物网”,如肠道-粪便,洞穴等界面的生态过程,是土壤食物网影响生产力的重要途径。例如蚯蚓及蚯蚓活动形成的蚓触圈对土壤结构和生态过程有深远的影响(图4)<sup>[88]</sup>。另外,将活体土壤生物与土壤生物死亡后的残体综合起来考虑,可以更清晰地了解土壤生物的互作关系。例如,可以从脂肪酸组成和氨基糖组成的变化找土壤食物网内部及其与植物互作的线索<sup>[78]</sup>。

### 3.4 多尺度多因子和多过程的融合

土壤食物网生态功能要真正在农林业生产实



(a) 南美岸蚓及其钙腺分泌的结晶;(b) 室内培养时蚯蚓活动产生的蚓道;(c) 土表的蚓粪;(d) 土内的蚓粪

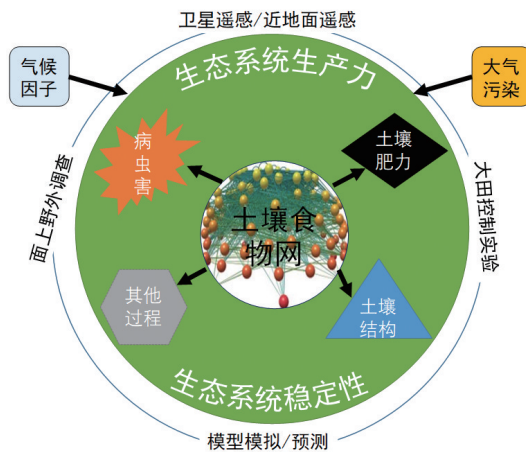
图4 蚯蚓及蚯蚓活动形成的部分蚓触圈

践中发挥作用,面临3方面挑战:(1) 尺度推绎,(2) 多学科融合发展,(3) 多过程的效应解析。即使在国外,土壤食物网调控研究的尺度仍然偏小,且考虑的因子单一。例如,Bender和van der Heijden建立了16个小型实验系统(直径59 cm,高80 cm),主要关注原生动物、菌根真菌和细菌,未考虑大型土壤动物的贡献;该实验系统偏小,且持续时间偏短(2年);同时也未监测气体氮( $N_2$ 和 $N_2O$ )损失等重要的生态过程<sup>[89]</sup>。

在大田尺度上建立全土壤剖面的植物-土壤-土壤生物互作的“空-地-土”连续观测系统,并同时考虑气象条件和大气污染等因素的影响,进而结合较大规模的作物-土壤食物网关系的面上调查和作物生产力和水热条件遥感监测,是实现在区域尺度上理解土壤食物网在可持续农林业中贡献的必由之路(图5)。

## 4 结论

土壤食物网的直接调控措施虽然有很大的局限性,但仍是探究土壤食物网内外的生物和非生物互作关系的重要手段,进而为建立简单易行的野外土壤食物网精准调控技术体系奠定基础,同时为土壤生态学的基础理论创新提供契机。对土壤食物网本身,土壤食物网“外延”界面,土壤食物网相关



注:土壤食物网拓扑结构图引自Digel等的研究成果<sup>[90]</sup>

图5 土壤食物网调控生态系统生产力和稳定性研究概念图

的生态过程等开展野外长期观测和多尺度-多因子-多过程的融合研究,是揭示土壤食物网特征并发挥其生态服务功能的重要途径。

### 参考文献(References)

- [1] Wardle D A. Ecological linkages between aboveground and belowground biota[J]. *Science*, 2004, 304(5677): 1629-1633.
- [2] 傅声雷, 张卫信, 邵元虎, 等. 土壤生态学——土壤食物网及其生态功能[M]. 北京: 科学出版社, 2019.
- [3] van den Hoogen J, Geisen S, Routh D, et al. Soil nematode abundance and functional group composition at a global scale[J]. *Nature*, 2019, 572: 194-198.
- [4] Phillips H R P, Guerra C A, Bartz M L C, et al. Global distribution of earthworm diversity[J]. *Science*, 2019, 366(6464): 480-485.
- [5] Oliverio A M, Geisen S, Delgado-Baquerizo M, et al. The global-scale distributions of soil protists and their contributions to belowground systems[J]. *Science Advances*, 2020, 6: eaax8787.
- [6] Bardgett R D, Wardle D A. Aboveground-belowground linkages: Biotic interactions, ecosystem processes, and global change[M]. Oxford: Oxford University Press, 2010.
- [7] Bardgett R D, van der Putten W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning[J]. *Nature*, 2014, 515: 505-511.
- [8] de Deyn G B, Raaijmakers C E, Zoomer H R, et al. Soil invertebrate fauna enhances grassland succession and diversity[J]. *Nature*, 2003, 422: 711-713.
- [9] Lino C A, Harper J C, Carney J P, et al. Delivering CRISPR: A review of the challenges and approaches[J]. *Drug Delivery*, 2018, 25(1): 1234-1257.
- [10] Blaser M J, Cardon Z G, Cho M K, et al. Toward a predictive understanding of earth's microbiomes to address 21st century challenges[J]. *mBio*, 2016, 7(3): e00714-16.
- [11] Zhang W X, Fu S L. Special issue on the biodiversity and ecological functions of soil fauna[J]. *Soil Ecology Letters*, 2021, 3(2): 83.
- [12] Trevors J T. Sterilization and inhibition of microbial activity in soil[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1996, 26(1/2): 53-59.
- [13] Dietrich P, Cesarz S, Eisenhauer N, et al. Effects of steam sterilization on soil abiotic and biotic properties [J]. *Soil Organisms*, 2020, 92(2): 99-108.
- [14] McLaren A D. Radiation as a technique in soil biology and biochemistry[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1969, 1(1): 63-73.
- [15] Berns A E, Philipp H, Narres H D, et al. Effect of gamma-sterilization and autoclaving on soil organic matter structure as studied by solid state NMR, UV and fluorescence spectroscopy[J]. *European Journal of Soil Science*, 2008, 59(3): 540-550.
- [16] 周玉田. 4种灭菌方法控制微生物限度的实验研究[J]. *现代中西医结合杂志*, 2009, 18(22): 2635-2637.
- [17] Brodie G, Khan M J, Gupta D. Microwave soil treatment and plant growth[M] //Hasanuzzaman M, Fujita M, Filho M C M T, et al. Sustainable crop production. Nogueira: IntechOpen, 2020.
- [18] 曹金祥. 低温等离子体灭菌方法与特点[J]. *现代物理知识*, 1999(1): 11-12.
- [19] 陈芳艳, 吴三女, 宋莉, 等. 等离子体消毒灭菌的研究进展[J]. *中国消毒学杂志*, 2021, 38(2): 144-148.
- [20] Xiong Y M, Shao Y H, Xia H P, et al. Selection of selective biocides on soil microarthropods[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(10): 2706-2709.
- [21] 谢越, 杨高文, 周翰舒, 等. 丛枝菌根真菌研究中土壤灭菌方法综述[J]. *草业科学*, 2012, 29(5): 724-732.
- [22] 郑嘉慧, 陈鸿洋, 李金全, 等. 不同土壤灭菌方法对土壤微生物活性的影响[J]. *复旦学报(自然科学版)*, 2017, 56(6): 681-691.
- [23] 朱建民, 刘兆滨, 董振鹏, 等. 环氧乙烷灭菌现状与发展[J]. *中国消毒学杂志*, 2021, 38(5): 373-376.
- [24] Yan Y, Kuramae E E, Klinkhamer P G, et al. Revisiting

- the dilution procedure used to manipulate microbial biodiversity in terrestrial systems[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, 81(13): 4246–4252.
- [25] Polyanskaya L M, Yumakov D D, Tyugay Z N, et al. Fungi and bacteria in the dark-humus forest soil[J]. *Eurasian Soil Science*, 2020, 53(9): 1255–1259.
- [26] Buchan D, Gebremikael M T, Ameloot N, et al. The effect of free-living nematodes on nitrogen mineralisation in undisturbed and disturbed soil cores[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 60: 142–155.
- [27] Liu Z G, Zou X M. Exotic earthworms accelerate plant litter decomposition in a Puerto Rican pasture and a wet forest[J]. *Ecological Applications*, 2002, 12: 1406–1417.
- [28] Wardle D A, Hyodo F, Bardgett R D, et al. Long-term aboveground and belowground consequences of red wood ant exclusion in boreal forest[J]. *Ecology*, 2011, 92: 645–656.
- [29] 申智锋, 于彬彬, 李素莉, 等. 长白山杨桦林不同蚯蚓类群对电击采样的响应及其影响因素[J]. *生态学杂志*, 2020, 39(7): 2374–2382.
- [30] Lv M, Fu S, Shao Y, et al. Earthworm *Pontoscolex corethrurus* stimulated soil CO<sub>2</sub> emission by enhancing substrate availability rather than changing microbiota community structure[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 717: 137227.
- [31] 严珺, 吴纪华. 植物多样性对土壤动物影响的研究进展[J]. *土壤*, 2018, 50(2): 231–238.
- [32] Shao Y H, Zhang W X, Eisenhauer N, et al. Exotic earthworms maintain soil biodiversity by altering bottom-up effects of plants on the composition of soil microbial groups and nematode communities[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2019, 55: 213–227.
- [33] 于彬彬. 不同气候带下的植物资源输入方式改变对土壤线虫和微生物群落的影响[D]. 开封: 河南大学, 2019.
- [34] 许梦秋, 钟增明, 龚琰, 等. 几丁质酶在植物病害生物防治中的应用[J]. *现代农业科技*, 2010, 39(5): 122–123.
- [35] 李玉群, 范成明. 生物熏蒸法控制芸苔属植物土传病害[J]. *农业与技术*, 2006, 26(2): 57–60.
- [36] Lv M, Shao Y, Lin Y, et al. Plants modify the effects of earthworms on the soil microbial community and its activity in a subtropical ecosystem[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 103: 446–451.
- [37] Fujii S, Berg M P, Cornelissen J H C. Living litter: Dynamic trait spectra predict fauna composition[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2020, 35(10): 886–896.
- [38] Shao Y H, Zhang W X, Eisenhauer N, et al. Nitrogen deposition cancels out exotic earthworm effects on plant-feeding nematode communities[J]. *Journal of Animal Ecology*, 2017, 86: 708–717.
- [39] Kaspari M, Clay N A, Donoso D A, et al. Sodium fertilization increases termites and enhances decomposition in an Amazonian forest[J]. *Ecology*, 2014, 95(4): 795–800.
- [40] Jia Y Y, Kong X S, Weiser M D, et al. Sodium limits litter decomposition rates in a subtropical forest: Additional tests of the sodium ecosystem respiration hypothesis [J]. *Applied Soil Ecology*, 2015, 93: 98–104.
- [41] 贾艳艳, 杜小凤, 王伟中, 等. 钠添加对亚热带森林凋落物分解及其微生物活性的影响[J]. *东北林业大学学报*, 2017, 45(11): 39–44.
- [42] Reich P B, Oleksyn J, Modrzynski J, et al. Linking litter calcium, earthworms and soil properties: A common garden test with 14 tree species[J]. *Ecology Letters*, 2005, 8(8): 811–818.
- [43] Yuan H, Zhang Z, Li M Y, et al. Biochar's role as an electron shuttle for mediating soil N<sub>2</sub>O emissions[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 133: 94–96.
- [44] 唐静, 袁访, 宋理洪. 施用生物炭对土壤动物群落的影响研究进展[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(7): 2473–2480.
- [45] Sun Y, Chen H Y H, Jin L, et al. Drought stress induced increase of fungi: Bacteria ratio in a poplar plantation[J]. *Catena*, 2020, 193: 104607.
- [46] 彭艳, 杨万勤, 薛樵, 等. 季节性冻融期间土壤动物对高山草甸两种凋落叶木质素降解的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2016, 22(2): 300–306.
- [47] 郑文静, 吴建强, 郭晋川, 等. 不同灌溉模式对广西蔗田大型土壤动物群落结构的影响[J]. *生态与农村环境学报*, 2017, 33(8): 722–729.
- [48] Wall D H, Bradford M A, St John M G, et al. Global decomposition experiment shows soil animal impacts on decomposition are climate-dependent[J]. *Global Change Biology*, 2008, 14: 2661–2677.
- [49] Lin D, Wang F, Fanin N, et al. Soil fauna promote litter decomposition but do not alter the relationship between leaf economics spectrum and litter decomposability[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 136: 107519.
- [50] 刘亮亮, 黄新琦, 朱睿, 等. 强还原土壤对尖孢镰刀菌的抑制及微生物区系的影响[J]. *土壤*, 2016, 48(1): 88–94.

- [51] 朱强根, 朱安宁, 张佳宝, 等. 长期施肥对黄淮海平原农田中小型土壤节肢动物的影响[J]. 生态学杂志, 2010, 29(1): 69–74.
- [52] Nocker A, Cheung C Y, Camper A K. Comparison of propidium monoazide with ethidium monoazide for differentiation of live vs. dead bacteria by selective removal of DNA from dead cells[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2006, 67: 310–320.
- [53] Cangelosi G A, Meschke J S. Dead or alive: Molecular assessment of microbial viability[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80: 5884–5891.
- [54] Carini P, Marsden P, Leff J, et al. Relic DNA is abundant in soil and obscures estimates of soil microbial diversity[J]. *Nature Microbiology*, 2017, 2: 16242.
- [55] Ni H, Jing X, Xiao X, et al. Microbial metabolism and necromass mediated fertilization effect on soil organic carbon after long-term community incubation in different climates[J]. *ISME Journal*, 2021, 15(9): 2561–2573.
- [56] Bienert F, De Danieli S, Miquel C, et al. Tracking earthworm communities from soil DNA[J]. *Molecular Ecology*, 2012, 21: 2017–2030.
- [57] Lammers Y, Clarke C L, Erséus C, et al. Clitellate worms (Annelida) in lateglacial and Holocene sedimentary DNA records from the Polar Urals and northern Norway[J]. *Boreas*, 2019, 48(2): 317–329.
- [58] Geisen S, Mitchell E A D, Adl S, et al. Soil protists: A fertile frontier in soil biology research[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2018, 42(3): 293–323.
- [59] 王光华, 刘俊杰, 朱冬, 等. 土壤病毒的研究进展与挑战[J]. *土壤学报*, 2020, 57(6): 1319–1332.
- [60] Wolkovich E M. Reticulated channels in soil food webs [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 102: 18–21.
- [61] Coleman D C, Zhang W X, Fu S. *Toward a holistic approach to soils and plant growth*[M]//Dighton J, Krumins J. *Interactions in soil: Promoting plant growth*. New York: Springer Science, 2014: 211–223.
- [62] Fu S L, Ferris H, Brown D, et al. Does the positive feedback effect of nematodes on the biomass and activity of their bacteria prey vary with nematode species and population size?[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37: 1979–1987.
- [63] Khalid S, Keller N P. Chemical signals driving bacterial–fungal interactions[J]. *Environmental Microbiology*, 2021, 23(3): 1334–1347.
- [64] Hayat R, Ali S, Amara U, et al. Soil beneficial bacteria and their role in plant growth promotion: A review[J]. *Annals of Microbiology*, 2010, 60: 579–598.
- [65] Stone B W, Li J, Koch B J, et al. Nutrients cause consolidation of soil carbon flux to small proportion of bacterial community[J]. *Nat Communications*, 2021, 12: 3381.
- [66] Fan K, Delgado-Baquerizo M, Guo X, et al. Biodiversity of key-stone phylotypes determines crop production in a 4-decade fertilization experiment[J]. *ISME Journal*, 2021, 15: 550–561.
- [67] van Groenigen J, Lubbers I, Vos H, et al. Earthworms increase plant production: A meta-analysis[J]. *Scientific Reports*, 2014, 4: 6365.
- [68] Liu T, Chen X, Gong X, et al. Earthworms coordinate soil biota to improve multiple ecosystem functions[J]. *Current Biology*, 2019, 29(20): 3420–3429.
- [69] Rousk J. Biomass or growth? How to measure soil food webs to understand structure and function[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 102: 45–47.
- [70] Bååth E. Thymidine incorporation into macromolecules of bacteria extracted from soil by homogenization–centrifugation[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1992, 24: 1157–1165.
- [71] 赵灿灿, 王伟. 氚标记胸腺嘧啶掺入法在土壤细菌生长速率研究中的应用[J]. *热带亚热带植物学报*, 2014, 22: 101–106.
- [72] Bååth E. Measurement of protein synthesis by soil bacterial assemblages with the leucine incorporation technique [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1994, 17: 147–153.
- [73] Bååth E. Estimation of fungal growth rates in soil using  $^{14}\text{C}$ -acetate incorporation into ergosterol[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33: 2011–2018.
- [74] Basan M, Honda T, Christodoulou D, et al. A universal trade-off between growth and lag in fluctuating environments[J]. *Nature*, 2020, 584: 470–474.
- [75] Schwartz E. Characterization of growing microorganisms in soil by stable isotope probing with  $\text{H}_2^{18}\text{O}$ [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73: 2541–2546.
- [76] Qu L R, Wang C, Bai E. Evaluation of the  $^{18}\text{O}$ - $\text{H}_2\text{O}$  incubation method for measurement of soil microbial carbon use efficiency[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 145: 107802.
- [77] Wang X, Wang C, Cotrufo M, et al. Elevated temperature increases the accumulation of microbial necromass nitrogen in soil via increasing microbial turnover[J]. *Global Change Biology*, 2020, 26: 5277–5289.
- [78] He X X, Chen Y Q, Liu S J, et al. Cooperation of earthworm and arbuscular mycorrhizae enhanced plant N up-

- take by balancing absorption and supply of ammonia[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 116: 351–359.
- [79] Anderson J M. Succession, diversity and trophic relationships of some soil animals in decomposing leaf litter[J]. *Journal of Animal Ecology*, 1975, 44: 475–495.
- [80] Fujii S, Takeda H. Succession of collembolan communities during decomposition of leaf and root litter: Effects of litter type and position[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 54: 77–85.
- [81] von Törne E. Assessing feeding activities of soil-living animals[J]. *Pedobiologia*, 1990, 34: 89–101.
- [82] Choi K-H, Dobbs F C. Comparison of two kinds of Biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1999, 36(3): 203–213.
- [83] Geisen S, Briones M J I, Gan H, et al. A methodological framework to embrace soil biodiversity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 136: 107536.
- [84] 张卫信, 申智锋, 邵元虎, 等. 土壤生物与可持续农业研究进展[J]. *生态学报*, 2020, 40(10): 3183–3206.
- [85] Whalen J K. Managing soil biota-mediated decomposition and nutrient mineralization in sustainable agroecosystems[J]. *Advances in Agriculture*, 2014, 2014: 384604.
- [86] 任继周. 皇城滩和大马营草原调查报告[M]. 北京: 畜牧兽医图书出版社, 1954.
- [87] 任继周. 划破草皮改良草原[M]. 兰州: 甘肃民族出版社, 1965.
- [88] 张卫信, 陈迪马, 赵灿灿. 蚯蚓在生态系统中的作用[J]. *生物多样性*, 2007, 15(2): 142–153.
- [89] Bender S F, van der Heijden M G A. Soil biota enhance agricultural sustainability by improving crop yield, nutrient uptake and reducing nitrogen leaching losses[J]. *Journal of Applied Ecology*, 2015, 52: 228–239.
- [90] Digel C, Curtsdotter A, Riede J, et al. Unravelling the complex structure of forest soil food webs: Higher omnivory and more trophic levels[J]. *Oikos*, 2014, 123: 1157–1172.

## Soil food web manipulation and ecological functions: Challenges and perspectives

ZHANG Weixin, SHEN Zhifeng, SONG Bo, MA Zihe, SHAO Yuanhu, FU Shenglei

College of Geography and Environmental Science, Henan University; Key Laboratory of Geospatial Technology for Middle and Lower Yellow River Regions, Ministry of Education; Henan Dabieshan National Field Observation and Research Station of Forest Ecosystem, Kaifeng 475004, China

**Abstract** Precision manipulation of soil food web is a critical point for exploring and enhancing the ecological functions of soil biota. In this study, we outline the current approaches to soil food web manipulation, discuss the present status and challenges of studies on the ecological functions of soil food web. The direct manipulation methods are limited in field application. Alternatively, soil food web could be indirectly manipulated but the manipulation consequences are likely not consistent due to the complexity of interactions. The figure of soil food web is still vague; the key stone taxa of soil food web and their contribution weights are difficult to be recognized; and finally the material cycling and energy flow in soil food web are not fully quantified. We suggest to explore the solutions from four dimensions: 1) developing field technique systems for monitoring both soil food web and related ecological processes; 2) developing simple and practicable techniques for field manipulation of soil food web; 3) focusing on the soil food web-sphere; 4) performing soil food web-related integrated studies of multiple scales, multiple factors and multiple processes.

**Keywords** precision manipulation of soil biota; field manipulation experiment; soil biota monitoring; internal balance of soil food web; ecological process ●



(责任编辑 徐丽娇)