杨 柳,王 彬,刘 伟,等.基于典型分子标记物的若尔盖泥炭地土壤有机质的更替研究 [J]. 中国环境科学, 2025,45(11):6295-6306.
Yang L, Wang B, Liu W, et al. Study on the replacement of soil organic matter in Zoige peatland based on typical molecular markers [J]. China Environmental Science, 2025,45(11):6295-6306.

基于典型分子标记物的若尔盖泥炭地土壤有机质的更替研究

杨 柳[1],王 彬[1*],刘 伟[1],杨文广[1],龙 泉[2],罗 勇[3] (1.西南科技大学,低成本废水处理技术四川省国际科技合作基地,四川 绵阳 621010；2.四川省环境保护科学研究院,四川 成都 610041；3.四川省自然资源科学研究院,四川 成都 610015)

摘要：以川西北高原红原县沼泽(WQZ)与亚高山草甸(AMX)土壤为对象,通过分析土壤剖面木质素分布、降解特征及环境因子互作机制,揭示 SOM 来源、转化过程及其对环境的影响.结果表明:AMX 土壤 pH 值随深度升高,含水率较低,SOM 和木质素含量随深度减少,且土壤质地呈现明显的垂向变化;WQZ 土壤 pH 值层间差异小,含水率高(≥AMX 的 3 倍),其 SOM 与木质素分布受季节性积水影响呈现先降后升趋势,其剖面均为黏壤土,细粒含量超过 90%.两地 SOM 均源于被子草本维管植物. AMX 表层高木质素含量与根系输入相关,并随深度显著减少;WQZ 因长期淹水,木质素通过淋溶或生物扰动在深层积累,其相对有机质含量高于表层.AMX 和 WQZ 土壤各层的愈创木基类单体酸醛比(Ad/Al)v 与紫丁香基类单体酸醛比(Ad/Al)s 值均大于 0.6,表明木质素侧链经历了显著的氧化降解,并随土壤剖面加深而增强.与 WQZ 相比 AMX 土壤的去甲基/甲氧基降解作用更为强烈.土壤质地调控木质素稳定性,黏粉粒中木质素绝对含量(Σ8)较高,而砂粒与木质素相对同层土壤有机质的含量(Λ8)呈正相关,大粒径土壤物理屏障延缓木质素分解.环境因子通过调节微生物群落影响 SOM 转化路径. 原核菌群和真核菌群丰度受土壤含水率、pH 值调控,AMX 表层变形菌门占优,深层酸杆菌门主导,WQZ 则呈现绿弯菌门随深度富集,且 AMX 担子菌门丰度显著高于 WQZ.研究强调了木质素作为分子标记物在追踪 SOM 分布和周转中的应用,为高寒生态系统 SOM 循环及碳汇管理提供了理论依据.

关键词：典型分子标记物；土壤剖面；土壤有机质；木质素；环境因子；碳循环
中图分类号：X142 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)11-6295-12

Study on the replacement of soil organic matter in Zoige peatland based on typical molecular markers. YANG Liu[1], WANG Bin[1*], LIU Wei[1], YANG Wen-guang[1], LONG Quan[2], LUO Yong[3] (1.Low-cost Wastewater Treatment Technology International Technology Cooperation Base of Sichuan, Southwest University of Science and Techndogy, Mianyang 621010, China；2.Sichuan Academy of Environmental Sciences, Chengdu 610041, China；3.Sichuan Academy of Natural Resources Sciences, Chengdu 610015, China). *China Environmental Science,* 2025,45(11)：6295~6306

Abstract: The dynamic changes of soil organic matter (SOM) in alpine ecosystems were investigated using lignin as a molecular marker. Soils from a swamp meadow (WQZ) and a subalpine meadow (AMX) in Hongyuan County, on the northwestern Sichuan Plateau, were analyzed to examine the vertical distribution, degradation state, and environmental drivers of lignin within the soil profile. The results indicated that: In AMX, soil pH was observed to increase with depth, while water content remained low. Both SOM and lignin contents were found to decrease with depth, and soil texture exhibited clear vertical variation. In contrast, WQZ soils showed minimal inter-layer pH variation and high water content (≥3times that of AMX). Affected by seasonal waterlogging, SOM and lignin in WQZ initially decreased and then increased with depth. All WQZ profiles were identified as clay loam, with fine particle content exceeding 90%. High lignin content in the AMX surface layer was attributed to root input and declined markedly with depth. In WQZ, long-term flooding was associated with lignin accumulation in deeper layers via leaching or bioturbation, resulting in higher relative lignin contribution to SOM at depth compared to surface layers. Ratios of guaiacyl (Ad/Al)v and syringyl (Ad/Al)s monomers in both soil types exceeded 0.6across all layers, indicating significant oxidative degradation of lignin side chains, which intensified with depth. Demethylation/methoxylation degradation was more pronounced in AMX than in WQZ. Lignin stability was regulated by soil texture: absolute lignin content (Σ8) was higher in clay silt, while sand content was positively correlated with the lignin contribution to SOM (Λ8) within the same layer. *Prokaryotic* and *eukaryotic* abundances were influenced by soil water content and pH. *Proteobacteria* dominated the surface layer of AMX, whereas *Acidobacteria* were more abundant in deeper layers. In WQZ, *Chloroflexi* were enriched with depth, and *basidiomycete* abundance was significantly higher in AMX than in WQZ.

Key words：typical molecular markers；soil profile；soil organic matter；lignin；environmental factors；carbon cycle

收稿日期：2025-04-16
基金项目：四川省科技计划项目(2023YFQ0080);黄河流域生态保护和高质量发展联合研究(2022-YRUC-01-050202-01)

* 责任作者, 教授, greenworldwb@swust.edu.cn

土壤碳库作为陆地生态系统最大的碳库,其碳汇/碳源功能的动态变化深刻影响着全球碳循环过程[1-4].据估算,全球土壤有机碳储量约为 1500~2400Pg,是大气碳库的 2~3 倍[4],而土壤有机质(SOM)作为其主要载体,占陆地碳总量的 75%以上,对缓解大气 CO_2 浓度上升具有长期调节作用[5-6].近年来,IPCC 第六次评估报告指出,全球变暖背景下土壤碳库的脆弱性显著增加,其碳释放潜力可能加速气候变化的恶性循环[7].这一趋势促使学界聚焦于 SOM 的储存与降解机制研究,尤其是高寒生态系统因其低温环境本底下的碳封存优势与气候敏感性,成为关键研究对象[8].

SOM 的组成复杂,约 60%~80%为腐殖质,其余为木质素、脂类、糖类等组分[9-10].其中,木质素因其芳香环结构的生物抗性,它的苯丙烷单元(C_6–C_3)结构通过醚键、碳–碳键交联形成三维网状大分子,其降解需依赖特定氧化酶(如漆酶、过氧化物酶)的协同作用,这一特性使其在土壤中的半衰期可达数十年至数百年,被称为“植物分子化石”[11-12].因此,木质素单体比值被广泛用于解析 SOM 来源、降解程度及碳库稳定性[12-13].木质素在土壤中的分布受到环境因素、土壤利用方式、气候变化以及植被类型等因素的影响,譬如温度、含水率、pH 值、土壤粒径、容重等[14-15].

据统计,现有研究多为探究 SOM 在不同类型土壤在表层的含量及分布[16-17],而忽略了 SOM 在深层土壤的积累及其在碳汇功能中的关键作用.特别是在川西北高原这一重要陆地碳汇区,气候变化与人类活动已导致该区域生态系统呈现其出现了不同程度的退化,其典型的空间演替序列表现为“沼泽—沼泽化草甸—草甸—沙化草甸”[18-20],亟待通过不同退化梯度下深层土壤木质素分布特征研究,揭示 SOM 更替机制及其对碳汇/碳源转换和区域碳循环稳定性的影响.

当前,土壤因子与木质素降解的关联性仍存在争议[21-22],尤其是不同退化梯度下 SOM 分子组成的变化规律缺乏系统研究.此外,微生物群落对 SOM 转化的调控作用与其环境响应的耦合机制尚不明确[23-24].本文以若尔盖泥炭地为研究对象,结合典型分子标记物(木质素单体)与土壤理化性质,选则退化序列中典型的高寒草甸和沼泽草甸为研究对象,探究:高寒草原退化过程中 SOM 的分子组成特征;深层土壤木质素的迁移与保存机制;土壤因子与微生物群落对 SOM 更替的协同调控作用. 研究结果可为高寒生态系统碳汇功能评估提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 研究区域

研究地点位于典型的高寒湿地草原区若尔盖高原. 采样点位于阿坝藏族羌族自治州红原县境内的阿木乡及瓦切镇,位于 31°51′~33°33′N, 101°51′~103°22′E,平均海拔在 3500~4000m.其环境具有地势高、气候寒、光照强的特征.该地区为大陆性高原寒温带季风气候,气候偏冷,境内沼泽面积 240 万亩,占全县面积的 20%,天然草场面积达 1158 万亩,占县境面积的 91.8%. 土壤多为亚高山草甸土及沼泽土.牧草及牛羊粪便丰富,土壤含有丰富的有机质.因此,系统研究其基本理化性质对于深入揭示土壤有机质的更替及对药物的吸附有重要作用(图 1:https://www.resdc.cn/).

1.2 样品采集

本次取样以五点取样法在红原县阿木乡取草甸土(AMX,102.600716°E,北纬 32.870027°N,海拔 3452m)采集深度 0~0.8m 的土壤样品,在瓦切镇(WQZ,102.648491°E,33.099223°N,海拔 3475m)取沼泽土采集深度为 0~0.5m 的沼泽地土壤样品,土壤每 0.1m 作为一个分层,将同层次的五点样品均匀混合,经四分法缩分后形成一个综合代表样品,以确保样品的代表性,并记录土壤含水率及湿重. 在将样品带回后将鲜活植物清除并自然风干,混合均匀后再用颚破机将土样碾碎,挑出石块和植物残体后再将土壤碾碎成细颗粒或粉状,尽可能保持土壤颗粒的完整性. 对粉碎后的土壤样品进行过筛分处理(40 目,孔径 0.425mm),避光保存备用.

1.3 土壤物理化学特性分析

对采集的 AMX 和 WQZ 样品进行特性分析. 土壤 pH 值在现场测定,含水率及土壤容重参照《土壤分析技术规范第二版》.

粒径分析:称取 AMX 和 WQZ 样品 0.5g 放入烧杯中,加入 10mL 浓度为 10%的过氧化氢,放在电热板上加热,至其不再冒泡,去除样品当中的有机质;再加入浓度为的 10%的盐酸溶液 10mL 加热至其不再

冒泡,碳酸类无机碳以产生的 CO_2 形式排出.加入去离子水,放置在稳定无震动的环境中,过夜抽取上层清液,重复此操作 3~5 次,以去除杂质.最后加入 10mL 0.5mol/L 的六偏磷酸钠溶液,振荡混合均匀后,使用 LS13320 激光颗粒分析仪进行测定.

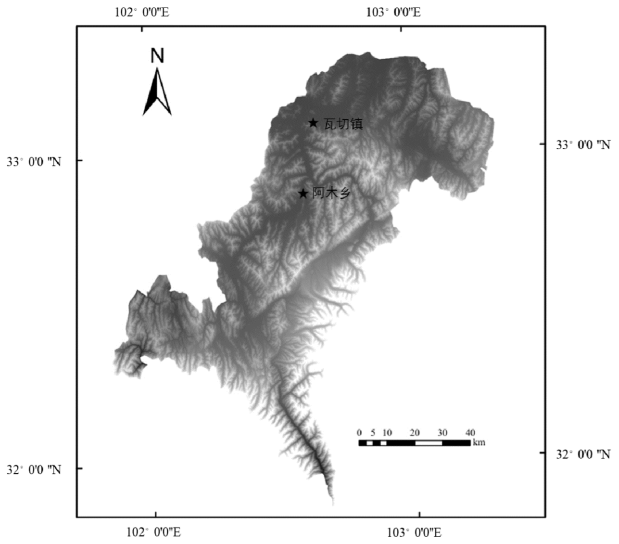


图 1　采样区地理位置

Fig.1　Geographic location map of the sampling area

1.4　有机质含量分析

实验选择水合热重铬酸钾氧化—比色法测定土壤中的有机质含量.

标准曲线绘制:配制 5g/L 有机碳(葡萄糖)标准溶液,分别吸取 0,0.5,1.0,1.5,2.0,2.5,3.0mL 放入烧杯中,加水至 3.0mL,再加 10mL 重铬酸钾溶液($K_2Cr_2O_7$)=0.8mol/L,以及浓硫酸 10mL,摇均匀后放置 20min,最后加水 10mL,摇匀,过夜. 取 15.0mL 上层清液于 50mL 容量瓶中,用水定容并摇匀.用空白液调零点,在 559nm 波长处用 1cm 比色皿测定吸收值.

待测液制备:称取过 100 目筛的 AMX 土壤 1.0000g 及 WQZ 土壤 0.3000g,分别放人 50mL 烧杯中,加水 3mL 使土壤分散,其余操作同上,同时做空白试验.

测定:用 1 cm 比色皿在 559nm 波长处用空白试验调零点,测定待测液的吸收值,由标准曲线或回归方程求得待测液的含碳量.

结果计算:

$$有机质(g/kg)=\frac{m_1\times1.742\times1.32}{m\times1000}$$

式中:m_1 为待测液含碳量,mg;1.32 为氧化校正系数;1.724 为由有机碳换算成有机质的系数;m 为烘干土壤的质量,g.

1.5　典型分子标记物的测定

采用氧化铜氧化乙醚萃取法提木质素,称取 2.00g 土壤样品放置于聚四氟乙烯反应釜中,加入 1.0g CuO 粉末、0.10g 六水合硫酸亚铁铵和 15mL 摩尔浓度为 2mol/L 的 NaOH 溶液混匀.通入氮气排出反应釜中的空气,盖好盖子后放置于烘箱中于 170℃反应 5.0h.自然冷却后,将上层液体转移至离心管,并用 10mL 去离子水清洗剩余固体(加入搅拌子磁力搅拌),重复 1~2 次,收集所有液体,以 3000r/min 离心 30min.取离心后上层离心液,弃去下层沉淀,调节 pH 值为 1,静置于黑暗处 1h(防止肉桂基反应).再以 3000r/min 离心 20min,并将上清液移至 100mL 分液漏斗中,加入乙醚,多次震荡混匀(注意排气),并加入无水硫酸钠去除乙醚萃取液中的残留水分.旋蒸至 10mL 左右,转移至已知质量的 15mL 洁净棕色小瓶中,氮吹至恒重,记录.样品于−20℃下保存.

将萃取所得样品溶于色谱纯级的有机溶剂(二氯甲烷:甲醇=1:1,体积比)中,密封好瓶盖,于水浴超声机中超声 20min,保证样品全部溶解,无絮状物或沉淀,呈透明色. 取溶液 100μL 于气相小瓶中,氮吹干,加入 90μL 双(三甲基甲硅烷基)三氟乙酰胺(BSTFA)、10μL 吡啶,放置于 70℃烘箱中反应 3h,其目的是保护不稳定基团,从而增加了化合物的稳定性,且其有助于混合物的分离,增大化合物在仪器上的响应度. 样品在室温下冷却后,加入 2.9mL 正己烷稀释并混匀.

样品采用气相色谱−质谱联用仪(GC−MS)分析,型号为 Agilent 7890B 系列 G3440B.配置的毛细管色谱柱为 HP−5MS(30m×0.250mm,0.25μm).将氦气及氮气气压设定为 0.3 及 0.5MPa,打开计算机、色谱及质谱电源,稳定后点击进入软件界面. 设定离子源及四级杆温度分别为 230℃及 150℃,抽真空.待仪器真空抽好后,进行仪器自动调谐.无误后建立测定方法.设定其进样方式为自动进样,进样量设置为 5μL,分流比为 2:1,进针前后洗针次数为 3 次,清洗剂(正己烷)进样量为最大.其升温程序设置为:初始温度 65℃,保留时间为 2min;6℃/min 上升至 300℃,保留时间为 20min. 进样口温度为 290℃,传输线温度为 280℃,质谱电离源为 EI 源,工作电压为 70eV,溶剂延

迟时间为 8min,质量扫描范围为 50~650Da.

1.6 微生物群落结构分析

每层取 10g 样品用干冰在-20℃下保存,并立即送往测定机构测定.对原核生物检测采用 16S rDNA 测序技术,样品测定过程首先要经过样本检测,确保样品合格,再经过聚合酶链式反应(PCR)放大扩增,再纯化样品,最后建库以及上机测序.真菌检测采用 ITS 测序技术,其包含了 ITS1 和 IT 区设计通用引物进行 PCR 扩增,然后对高变区进行测序分析和菌种鉴定.根据所扩增区域的特点,基于 IonS5TMXL 测序平台,利用单端测序的方法,构建小片段文库进行单端测序.通过对 Reads 剪切过滤,OTUs 聚类,并进行真菌及原核生物物种注释及丰度分析,揭示样品微生物物种构成.

1.7 统计分析

观察到的任何差异的显著性采用单向方差分析和 Fisher 最小显著差异法(LSD)进行评估,然后进行 Tukey 检验采用 SPSS 软件套件 22.0 版本.利用 Pearson 相关系数定量了土壤有机碳、氮与稳定碳、氮同位素之间的相关性.采用 Origin 2019b 软件对图形进行分析和处理.

2 结果与讨论

2.1 土壤土壤基本理化特性

对样品进行理化性质分析结果如下表 1 所示. AMX 与 WQZ 都是弱酸性土壤,pH 值为 5.3~6.2. AMX 土壤 pH 值随随深度增加而增加,而 WQZ 的土壤样品 pH 值相差不大.AMX 和 WQZ 土壤样品含水率都比较高,WQZ 土壤样品含水率为 AMX 土壤样品 3 倍以上.AMX 土壤有机质含量随土壤层深增加而减少,WQZ 则相反. WQZ 土壤有机质含量远远高于 AMX,说明季节性积水有利于 SOM 的保存.

根据表 2 可知,AMX 和 WQZ 剖面土壤均为壤土,其组成主要以黏粒、粉粒和细砂为主.从 AMX 土壤剖面来看,土样类型均为细粒类土,在 0~30cm 的土样粒径主要分布在<0.002mm 和 0.002~0.075mm 区间内,粉粒含量较高,且细粒组含量高达 90%以上,因而将其划分为黏壤土.30~60cm 样品仍以粉粒占比为最高,而相较于 0~30cm 土壤,粉粒和黏粒含量均有所下降,细砂含量增高,且细粒组中粉粒大于 50%,故将该部分土壤划分为粉质壤土.在土壤深度为 60~80cm 时,土壤粉粒含量有明显差别,表现为骤减趋势,且 60~80cm 土壤中中砂、粗砂含量较高,超过 6%以上,而粉粒含量为 43.23%和 26.72%.根据国标可知,粉粒含量体积比≤50%时,可将该部分土壤划分为砂质壤土.而 WQZ 土壤粒径中也以粘粒和粉粒为主,且细粒含量>90%,因而均划分为黏壤土.

表 1 土壤基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of soil samples

地点	样品 (cm)	含水率 (%)	pH 值	SOM (g/kg)	容重 (g/cm^3)	孔隙度
AMX	0~10	88.9	5.54	75.36	0.78	0.71
	10~20	86.6	5.57	77.23	0.81	0.69
	20~30	78.3	5.75	69.90	1.09	0.59
	30~40	72.4	5.96	47.74	1.13	0.57
	40~50	66	5.98	31.65	1.22	0.54
	50~60	58.6	6.10	30.29	1.35	0.49
	60~70	46.8	6.06	19.78	1.43	0.46
	70~80	35.5	6.17	19.22	1.51	0.43
WQZ	0~10	244.57	5.42	328.88	0.263	0.900
	10~20	235.25	5.45	387.50	0.266	0.899
	20~30	252.17	5.37	442.90	0.258	0.903
	30~40	227.94	5.40	428.42	0.277	0.895
	40~50	260.38	5.39	450.71	0.270	0.898

表 2 粒组划分

Table 2 Grain group division

地点	样品 (cm)	机械组成(%)					土壤类型
		黏粒 (mm)	粉粒 (mm)	细砂(mm)	中砂 (mm)	粗砂 (mm)	
		<0.002	0.002~0.075	0.075~0.25	0.25~0.5	0.5~2	
AMX	0~10	15.90	75.66	8.43	0.01	0	黏壤土
	10~20	12.19	78.09	9.51	0.21	0	黏壤土
	20~30	11.81	80.64	7.45	0.10	0	黏壤土
	30~40	5.19	77.13	17.65	0.03	0	粉质壤土
	40~50	5.94	79.60	14.45	0.14	0	粉质壤土
	50~60	7.98	70.47	21.36	0.19	0	粉质壤土
	60~70	6.05	43.23	37.88	6.61	6.23	砂质壤土
	70~80	3.43	26.72	41.10	18.75	10.00	砂质壤土
WQZ	0~10	15.29	80.78	3.90	0.03	0	黏壤土
	10~20	8.26	87.05	4.69	0	0	黏壤土
	20~30	7.58	89.28	3.13	0.01	0	黏壤土
	30~40	8.06	85.96	5.90	0.08	0	黏壤土
	40~50	7.05	83.38	9.05	0.52	0	黏壤土

2.2　分子标记物木质素来源解析

对羟基苯(C 类)、紫丁香基(S 类)与愈创木基(V 类)木质素单体的比值 C/V 和 S/V 常被用于示踪土壤中有机质的具体来源,可在一定程度上反映木质素降解情况. 而 V 类和 S 类单体的酸醛比(Ad/Al)能更敏感地指示木质素的降解程度[25].

由图 2 可知,0~80cm AMX 和 0~50cm WQZ 土壤有机质都源于被子草本植被组织,说明很长一段时间内,这里并未发生较大程度的植物类型更替. 而 AMX 与 WQZ 差异较大,说明这两地主要植被类型有一定差异.而由表 3 可知,两地枯草中三类单体含量 C:S:V 约为 1:1:1,表明植被类型属于被子草本植物[26].木质素氧化分解产物还包含对羟基苯甲酸(PAD)、对羟基苯甲醛(PAL)和对羟基苯乙酮(PON)三类对羟基苯酚类(P)单体,其中对羟基苯乙酮(PON)仅来源于木质素分解产物,而 PAD 和 PAL 还可能来自于氨基酸之类的有机物,因而常用 PON/P 值来判断 P 系列单体是否主要来源于木质素[27-28]本文中 AMX 和 WQZ 枯草 PON/P 值分别为 0.27 和 0.19,而 AMX 和 WQZ 土壤 PON/P 值在 0.27~0.34 和 0.09~0.15 区间内,其差别不大,说明 P 系列单体主要来源木质素,即有机质主要来源于维管植物.

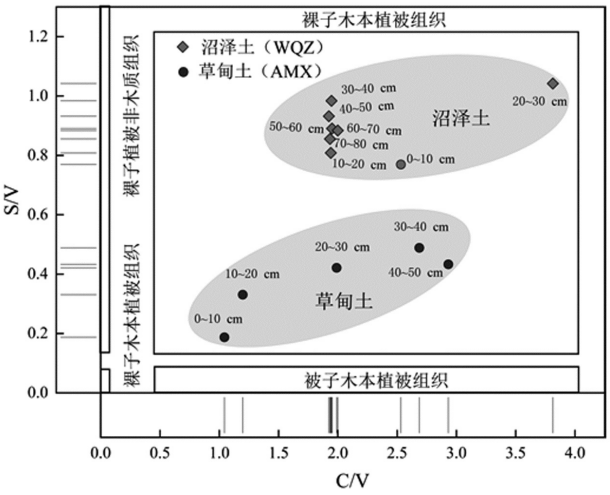


图 2　C/V 和 S/V 示踪土壤有机物来源

Fig.2　The source of soil organic matter by C/V and S/V

表 3　植物有机质木质素酚类单体含量

Table 3　Plant lignin phenolic monomer content

样品	含量	C	S	V	C/V	S/V	(Ad/Al)v	(Ad/Al)s
AMX 枯草	植物体(μg/g plant)	16812.10	16476.90	15615.30	1.08	1.06	0.59	0.68
WQZ 枯草	植物体(μg/g plant)	18428.75	18149.15	16481.35	1.12	1.10	0.53	0.61

注:(Ad/Al)v为V类单体酸醛比,表征木质素酚的侧链氧化降解程度;(Ad/Al)s为S类单体酸醛比,表征木质素酚的侧链氧化降解程度.

2.3　分子标记物木质素在剖面土壤中的分布

WQZ 与 AMX 植被中木质素含量总体差距不大,为 48.91~53.06mg/g plant.由图 3 可知,C 类单体含量均高于 S 类和 V 类单体含量,这是因为土壤中木质素主要来源于草本植物组织,草本植物中含有大量的 C 类单体,而木本基本不含有此种单体.一般而言,木质素单体稳定性为 C<S<V,C 类单体被微生物优先利用可能是导致C类单体土壤层间差异较大的主要原因.

土壤中木质素主要来源于枯落物分解及植物根系输入[29].本研究中 AMX 土壤剖面木质素含量随土壤深度增加而减少,0~30cm 剖面土壤木质素含量 (258.20mg/kg soil) 显著大于 30~80cm 土壤 (133.67mg/kg soil).这种垂向分布特征与根系生物量的空间异质性密切相关,表层土壤(0~30cm)发达的根系网络为木质素输入提供了主要来源,而深层土壤(40~80cm)因根系稀疏导致输入量显著降低[30].土壤颗粒机械组成及降雨对深层土壤有机质含量有较大的影响,而深层土壤层间差异主要源于迁移过程中的消耗.AMX 剖面土壤 0~30cm 为黏壤土,30~60cm 为粉质壤土,60~80cm 为砂质壤土.中层土壤(30~60cm)的粉质壤土质地使其对木质素的吸附固定能力较强,尽管降雨导致的淋溶作用活跃,但木质素在迁移过程中被土壤颗粒有效截留,因此相较于深层土壤反而呈现损失较小的现象.越深层土壤 SOM 越难以降解,导致层间差异较小.而 60~80cm 土壤砂粒含量很高(>50%),不利于小分子有机质的积累[31],而大分子木质素则能较好的保存下来.说明表层土壤中木质素来源于枯落物及根系,而深层木质素主要依赖于表层土壤(0~30cm)木质素的垂向迁移.

通过图 4 可知,AMX 土壤中木质素相对有机质含量在 4.7~9.2mg/g OC 范围内,WQZ 土壤在 10.1~18.8mg/g OC 范围内.总体含量小于森林土壤

(含量为 12.52~22.37mg/g OC)相比,而对比青藏高原表层草甸土上的含量 10.51~56.85mg/g OC 更低.造成这种现象的原因有可能是土壤性质存在较大的差异.

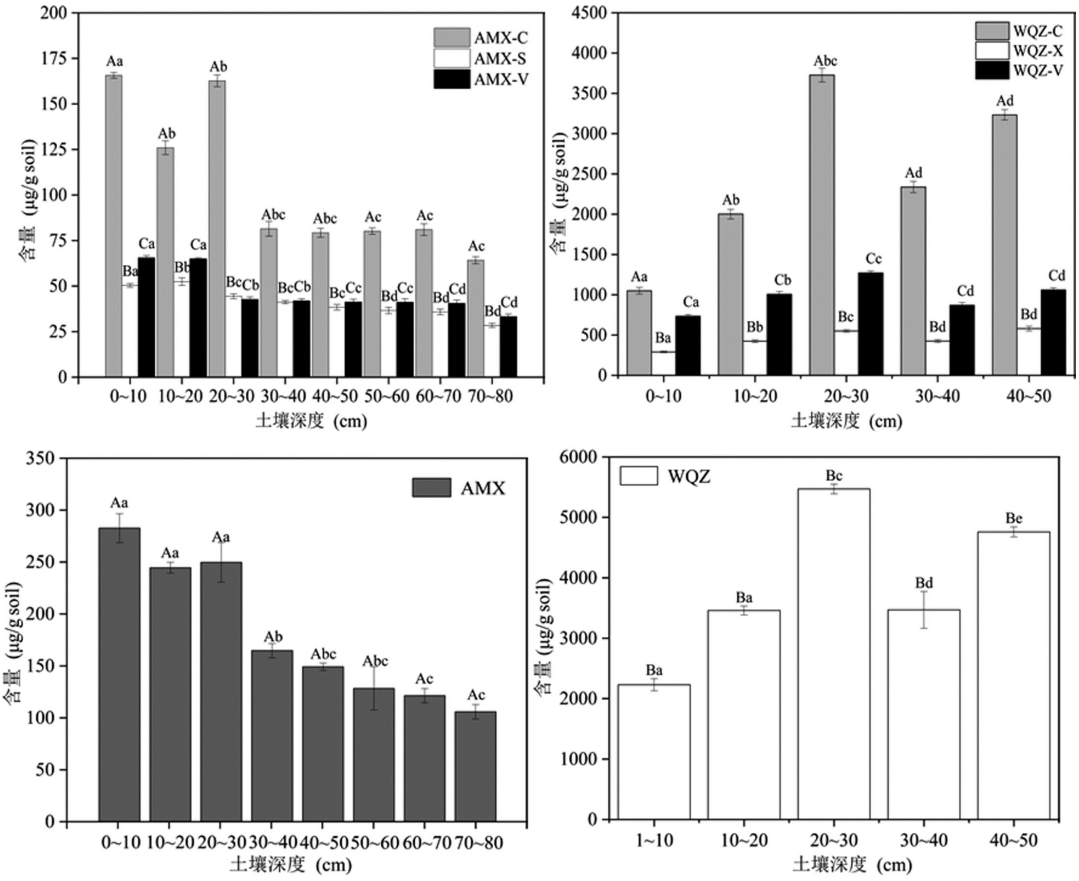


图 3 土壤剖面中木质素酚单体含量及显著性分析

Fig.3 Content of various lignin monomers in soil samples

不同大写字母表示不同类型土壤间差异显著(P<0.05);不同小写字母表示同一土壤不同深度间差异显著(P<0.05)

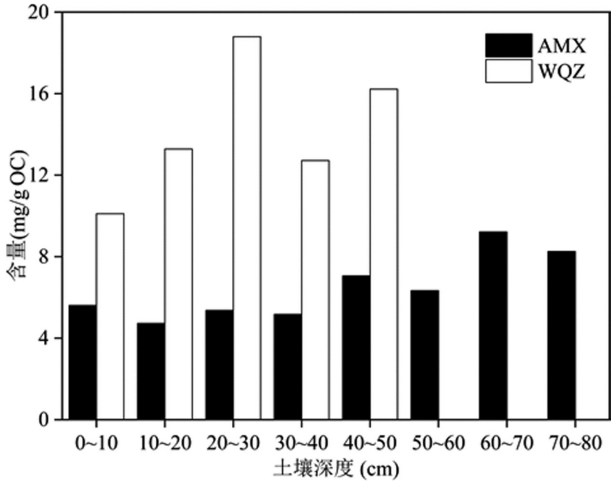


图 4 木质素相对有机质含量

Fig.4 Relative organic matter content of lignin

在 AMX 土壤剖面中,木质素相对含量随深度增加呈显著累积趋势,60~80cm 层位的含量较 0~60cm 增幅达 37.5%. SOM 组成分析显示,0~30cm 层 SOM 仅占剖面总量的 50.87%,而 60~80cm 层贡献了 14.76%的 SOM 储量.结合前期发现的 AMX 土壤木质素周转速率略低于 SOM 整体的周转速率,表明木质素对 AMX 深层土壤 SOM 的稳定有重要的影响[32].WQZ 土壤中,随着土壤深度增加,在 0~30cm,木质素相对含量显著增加. 在 30~40cm 显著降低,40~50cm 中木质素相对含量又有所提升.这一结果表明,木质素在表层土壤 SOM 中能够较好地储存.也有可能是由于 WQZ 土壤含水率大,土壤长期处于淹没状态.而有机质的大量输入,导致其在土壤上实现层层积累,微生物对小分子易降解有机质优先利用,使得难降解的木质素经过淋溶或者生物扰动进入下层土壤中,导致木质素相对含量随深度增加而增加.而在 30~40cm,木质素相对含量的急剧减少,该

现象符合木质素氧化中间产物积累规,暗示特定氧化还原界面存在阶段性分解过程[33].

2.4　分子标记物木质素在剖面土壤中的降解

木质素在土壤中的降解过程主要包括侧链氧化、去甲基/去甲氧基作用等.因侧链氧化会导致 V 和 S 类的醛类单体含量减少,酸类单体增多,所以常用 V 类单体中的酸醛比(Ad/Al)v 和 S 类单体中的酸醛比(Ad/Al)s 作指示土壤中木质素侧链氧化程度的指标.

AMX 及 WQZ 表层及剖面土壤(Ad/Al)v 及(Ad/Al)s 值均大于 0.6(图 5),说明木质素侧链氧化降解程度较高. 这与木质素分子在垂向迁移过程中经历的多次周转有关,其结构特征在迁移过程中仍保持上层土壤的典型特性[26].沿土壤剖面方向,AMX 土壤(Ad/Al)v 及(Ad/Al)s 值逐渐增大,表明 AMX 土壤中木质素在垂向运输过程中,其侧链氧化程度进一步加深.而如漆酶、过氧化物酶、锰过氧化物酶等生物酶对于木质素具有降解作用,其原理是通过攻击木质素侧链,将甲氧基氧化为酸类,从而使木质素分子碳链断裂.而白腐菌主要是通过分泌这一类酶实现木质素降解.

WQZ 土壤 30~50cm 木质素(Ad/Al)v 及(Ad/Al)s 比值小于 0~30cm(图 5),可能是深层沼泽土壤中不利于木质素的侧链氧化,对木质素形成了较好的保护作用.也有可能是木质素分子自身结构转变,形成了比木质素更稳定的腐殖质类有机物木质素含量与不同层深植物根系量也有很大关系,0~30cm 根系量远多于下层土壤,由于木质素结构复杂,难以降解,其迁移量小于其余小分子类有机质. WQZ 0~30cm 层(Ad/Al)v 及(Ad/Al)s 均值(3.51 和 1.71)显著高于 AMX 同层位值(2.02 和 1.78),表明前者表层木质素侧链氧化更强烈.高原强紫外辐射可能是重要诱因,已有研究证实紫外辐照可加速木质素分解,且其降解速率与初始含量呈正相关[32].本研究中,AMX 及 WQZ 植物(Ad/Al)v 及(Ad/Al)s 值大于 0.5,这也可能是导致土壤中 S 类和 V 类酸醛比值大于 0.6 的原因[29].

木质素另一主要降解过程为去甲基/甲氧基作用,S 类单体和 V 类单体中含有大量的甲氧基及甲基,因而发生去甲基/甲氧基降解时,(S+V)单体含量会下降,P/(S+V)的值会随降解程度升高而增加.一般认为,P/(S+V)<0.39 时降解程度低,P/(S+V)>0.63 时降解程度较高[35]. WQZ 土壤 P/(S+V)值在 0.50~0.76 区间内,均值为 0.63,AMX 土壤 P/(S+V)值在 1.07~2.15 区间内,均值为 1.69,可以看出,相较于 WQZ 土壤,AMX 土壤发生了较强烈的去甲基/甲氧基降解. 在 WQZ 土壤中,P/(S+V)沿剖面逐渐增大,木质素去甲基/甲氧基作用加深,而棕腐菌和褐腐菌主要通过氧化甲基和甲氧基,即攻击 S 类和 V 类单体降解木质素.因而,结合其他参数来判断木质素降解过程是十分必要的.

综上所述,在 AMX 土壤中,木质素的降解依靠侧链氧化和去甲基/甲氧基作用共同影响,而在 WQZ 土壤中,表层发生了较强烈的侧链氧化,在下层可能依靠各类微生物作用以及木质素本身的结构转化,形成更稳定的 SOM.

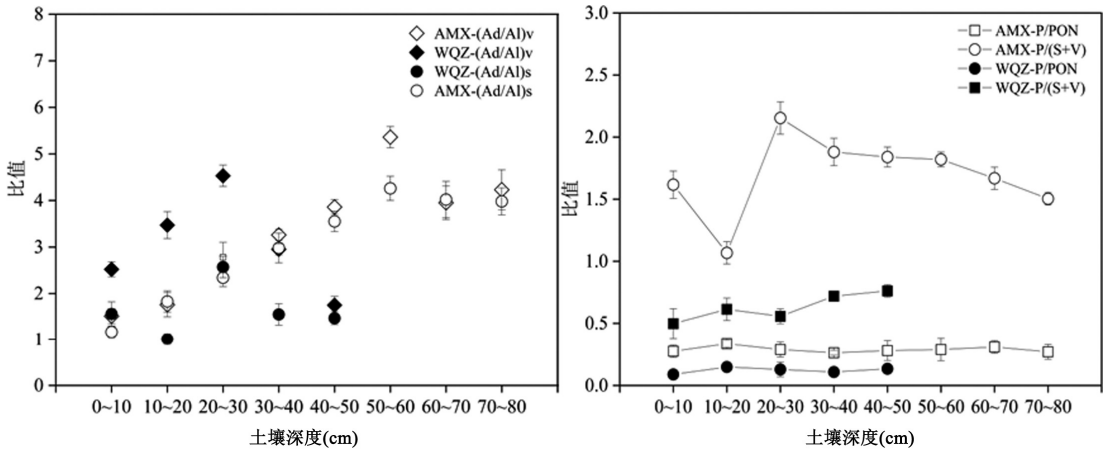


图 5　土壤中木质素的降解参数

Fig.5　Degradation parameters of lignin in soil sample

2.5 土壤理化性质对 SOM 及木质素标记物的调控机制

土壤理化性质的复杂性影响着 SOM 的分布与储存量.探讨不同类型中环境因子对于典型分子标记物与 SOM 作用,有助于阐释土壤碳库的碳汇/碳源机制,为缓解日益增多的 CO_2 等温室气体及带来的环境危害有一定参考作用(表 4).

AMX 与 WQZ 土壤含水率均与有机质(SOM)呈正相关,表明水分增加有利于 SOM 的储存(图 6).表层土壤中,植物根系量极大,而随着土壤加深,根系量减少,既减少了 SOM 的来源,也不利于水分的保持. AMX 土壤无河流、沼泽地的水分大量输入,降雨是 AMX 土壤水分主要来源. WQZ 为沼泽土,土壤含水率与 AMX 呈现巨大的差异,这导致 SOM 在土壤各层中与含水率相关性不明显.由于大量水分的存在,WQZ 土壤 SOM 降解受到很大影响,植物残体以及死亡微生物的积累,且植被残体输入量的不确定性,在淋溶作用下,SOM 在深层土壤中分布出现较大差异.

表 4 典型分子标记物、SOM 与环境因子的相关性分析

Table 4 Correlation analysis of typical molecular markers, SOM and environmental factors

地点	指标	含水率	pH 值	容重	孔隙度	粘粒含量	粉粒含量	砂粒含量	原核物种数	真核物种数
AMX	SOM	0.937**	−0.959**	−0.948**	0.948**	0.878**	0.693	−0.776*	0.287	0.699
	Σ8	0.913**	−0.971**	−0.931**	0.936**	0.932**	0.648	−0.746**	0.305	0.687
	Λ8	−0.873*	0.710*	0.809*	−0.802*	−0.614	−0.825*	0.842*	−0.018	−0.484
WQZ	SOM	0.304	−0.663	0.245	−0.109	−0.923*	0.591	0.476	−0.601	−0.879*
	Σ8	0.547	−0.74	−0.196	0.33	−0.804	0.659	0.226	−0.202	−0.591
	Λ8	0.577	−0.7	−0.34	0.465	−0.747	0.686	0.114	−0.056	−0.472

注:“Σ8”表示土壤中木质素绝对含量,“Λ8”表示木质素相对同层土壤有机质的含量. “*”代表显著性P<0.05,表示差异性显著;“**”代表显著性P<0.001,表示差异性极显著.

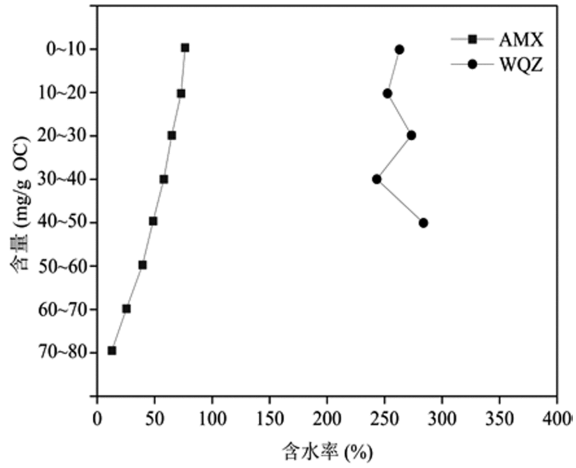


图 6 含水率分布

Fig.6 Water content distribution

pH 值通过调控微生物活性影响 SOM 分解过程.在 AMX 土壤中,SOM、Σ8 与 pH 值呈现为负相关,表明随 pH 值的增大,土壤不利于 SOM 的保存.AMX 土壤 pH 值随深度增大而趋于中性,更有利于大多数微生物的生存,尤其是部分原核微生物.由此推测对 AMX 土壤 SOM 其降解作用的主要为原核微生物.Λ8 在一定程度上反映了木质素的降解情况,数据显示,Λ8 与 pH 值显著正相关,这表明深层土壤 pH 值有利于木质素的稳定与保存,延缓 SOM 的循环时间.在 WQZ 土壤中,pH 值与 SOM、Σ8、Λ8 的分布不相关.这可能是由于各层土壤 pH 值接近,对微生物活性影响很小,导致土壤 pH 值变化几乎不影响 SOM 与典型分子标记物的更替过程(图 7).

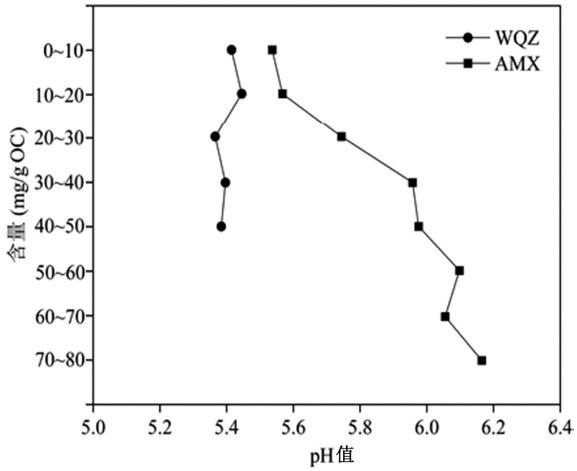


图 7 AMX 及 WQZ 土壤 pH 值在层间的分布

Fig.7 Inter−layer variation of soil pH

根据图 8 可知,随土壤深度增加,AMX 土壤容重增大,与之对应的是土壤孔隙度减小,土壤孔径增大,有利

SOM 在土壤中的迁移.不利于 SOM 及 Σ8 的在土壤中的储存和积累. Λ8 与容重之间显著正相关,表明土壤容重越大,典型分子标记物在 SOM 中占得比重越高.深层土壤有利于 SOM 的稳定,延长了典型分子标记物在土壤中的周转时间. WQZ 层间土壤容重无显著差异,即土壤容重对于 SOM 及典型分子标记物的影响在层间无显著差异.因而,WQZ 土壤容重的细微改变在相关性分析中不能很好地体现与土壤碳储存的联系.

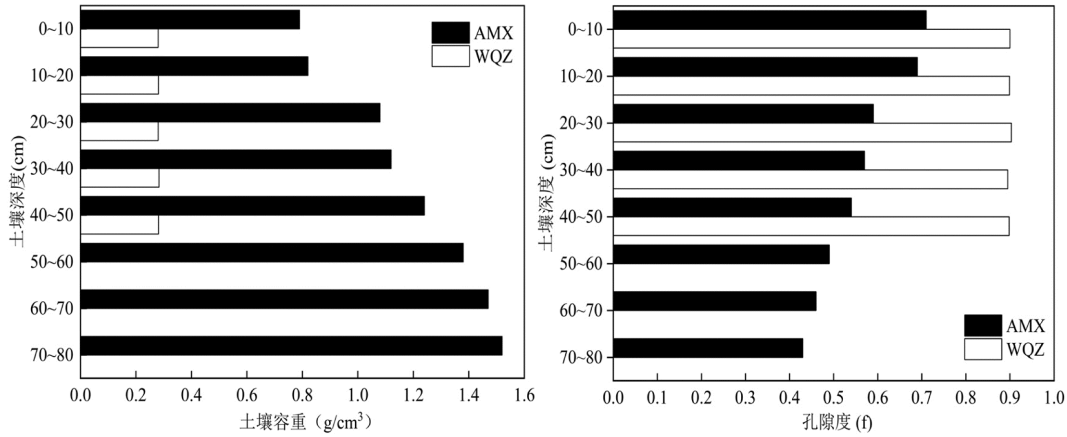


图 8　剖面土壤容重及孔隙度变层间化

Fig.8　Variable interstratification of soil bulk density and porosity in profile

根据图 9,粉粒 AMX 和 WQZ 土壤中含量最丰富的.砂粒含量在土壤中呈上升趋势,黏粒含量沿剖面方向下降. 在 AMX 土壤中,SOM、Σ8 与黏粒含量显著正相关,与砂粒含量显著负相关.一方面,这可能是由于黏粒含量高,土壤孔径小,有机质较难通过,从而导致 SOM 及木质素累积;另一方面,黏粒颗粒表面为 SOM 的吸附、络合提供了更多的位点,导致 SOM 的“富集”.砂粒含量高,孔径大,不利于 SOM 及典型分子标记物的储存,其原因可能是淋溶损失较大导致的.实验表明,土壤越深,越不利于易降解 SOM 的积累,而木质素则更加稳定.Λ8 与粉粒含量显著负相关,即表明粉粒有利于延长木质素的周转时间.而在 SOM 的迁移过程中,微生物优先降解易降解的有机质,对 Λ8 也有一定影响.砂粒含量与 Λ8 显著正相关,表明土壤颗粒粒径越大,对于木质素的保存作用越强.

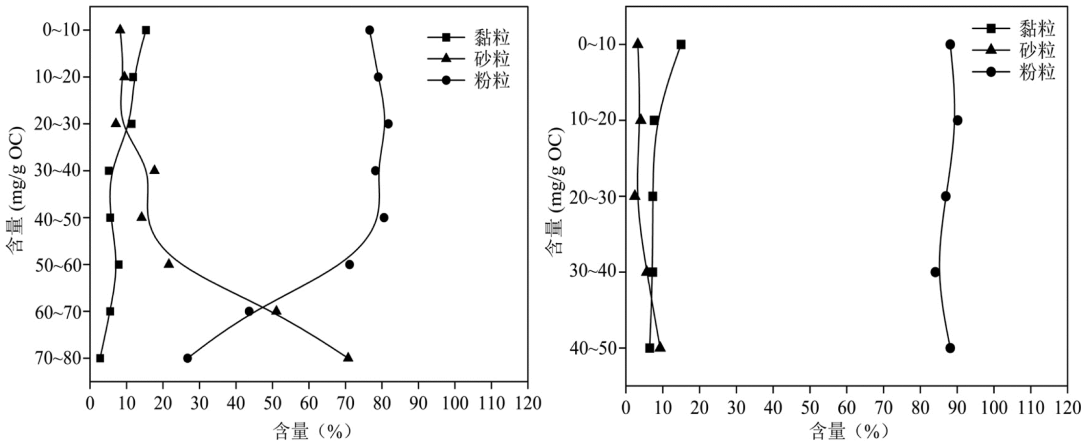


图 9　土壤颗粒机械组成

Fig.9　Mechanical composition of soil particles

2.6　土壤微生物群落结构对 SOM 及分子标记物木质素的影响

由图 10 可见,在属水平上,AMX 和 WQZ 表层土壤中不明真菌丰度较高,其次为刺子莞属

(*Rhynchospora*)、春蓼属(*Persicaria*)等植物及黄胶黏柄菇属(*Gliophorus*). AMX 剖面土壤中丰度较高的是黄胶黏柄菇(*Gliophorus*),木贼属(*Equisetum*),线黑粉酵母属(*Filobasidium*),小被孢霉*(Mortierella*),单型属古根菌属*(Archaeorhizomyces*)等. WQZ 30~50cm 土壤中丰度较高的是 *Lulwoana*, 紫螺菌(*Neobulgaria*),酵母菌属(*Mrakia*),而 AMX 土壤中不含紫螺菌(*Neobulgaria*). 0~20cm 土壤中 *Spumella*、*Boudiera*,20~30cm 微生物群落组成中索罗迪夫斯菌属 (*Sorodiplophrys*) 、 *Spumella* 、 刺子莞属(*Rhynchospora*)、*Pedospumella* 丰度较高,WQZ 组内差异较大.

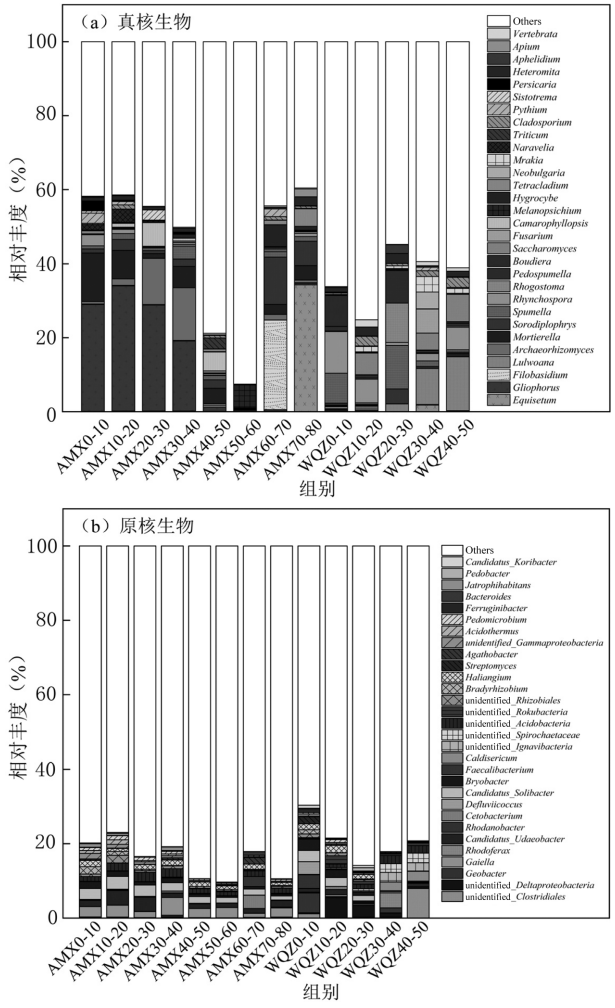


图 10 AMX 和 WQZ 剖面土壤在属水平上群落组成

Fig.10 The profile soil samples of AMX and WQZ are composed of the level of the genus.

表层土壤原核微生物中群落结构组成基本一致.占比最高的为不动杆菌属(*Acinetobacter*),其次为绿脓杆菌(*Pseudomonas*)、慢生根瘤菌(*Chronic rhizobia*)、节杆菌属(*Arthrobacter*). AMX 剖面土壤各层分布基本一致,*Gaiella*(放线菌的一种)、念珠菌属(*Candidatus_Udaeobacter*)、*Candidatus Solibacter* (利用碳源的细菌)以及不明酸杆菌属(unidentified_*Acidobacteria*)丰度相对较高, *Candidatus Solibacter* 丰度(利用碳源的细菌)与土壤有机质含量成正比,这与杜思瑶等[36]的研究结果一致. WQZ 40~50cm 土壤不明梭菌属(unidentified_*Clostridiales*)含量较高,0~20cm 中以不明变形菌属(unidentified_*Deltaproteobacteria*,推测参与碳氮循环)、地杆菌属(*Geobacter*,属厌氧菌)、Defluviicoccus (变形菌门下一个属)、*Candidatus_Solibacter* 含量较高,40~50cm 土壤中以不明绿弯菌属(unidentified_*Ignavibacteria*) 、 *Caldisericum* 、不明螺旋体属(unidentified_*Spirochaetaceae*) 和不明酸杆菌属(unidentified_*Acidobacteria*)最多.40~50cm 其他原核生物丰度均小于 0~30cm 土壤.

3 结论

3.1 AMX 和 WQZ 土壤均呈弱酸性,但理化性质差异显著. AMX 土壤 pH 值随深度增加而升高,含水率较低,SOM 和木质素含量随深度增加而减少;WQZ 土壤 pH 值层间差异小,含水率高达 AMX 的 3 倍以上,SOM 和木质素含量随深度增加呈先降后升趋势,季节性积水环境促进了 SOM 保存. 土壤质地方面,AMX 剖面由上层为黏壤土(0~30cm)逐步过渡为中层粉质壤土(30~60cm)和下层砂质壤土(60~80cm);WQZ 全剖面均为黏壤土,细粒含量超过 90%.

3.2 两地 SOM 均来源于被子草本植被,木质素单体比值(C:S:V≈1:1:1)及 PON/P 值(AMX 0.27~0.34,WQZ 0.09~0.15)表明其主要来源于维管植物. 木质素分布呈现显著垂向差异,AMX 土壤剖面中,木质素含量随深度增加而减少,0~30cm 土壤层木质素含量显著高于 30~80cm 层,这与根系生物量的空间分布特征紧密相连,表层发达根系是木质素的主要输入源.WQZ 土壤在长期淹水条件下,木质素通过淋溶和生物扰动逐层积累,深层木质素相对有机质含量显著高于表层.

3.3 两地土壤木质素侧链氧化降解程度较高((Ad/Al)v 及(Ad/Al)s>0.6),但降解路径存在差异.

AMX 土壤随深度增加,木质素侧链氧化程度逐渐加深,同时去甲基/甲氧基作用强烈(P/(S+V)均值1.69);WQZ 表层因高原强紫外辐射呈现强烈侧链氧化,(Ad/Al)v 及(Ad/Al)s 均值(3.51 和 1.71)显著高于 AMX 同层位,但深层(30~50cm)淹水厌氧环境抑制氧化过程,木质素可能通过结构转化形成更稳定的 SOM.

3.4　含水率和土壤质地是影响 SOM 与木质素分布的关键因子. AMX 中,含水率与 SOM、木质素绝对含量(Σ8)呈正相关;pH 值升高(趋近中性)可通过调控微生物活性加速 SOM 分解. WQZ 因长期淹水,含水率对 SOM 分布影响减弱,但黏壤土土特性(细粒含量>90%)通过提供吸附位点持续保存有机质. 土壤颗粒机械组成方面,AMX 粘粒含量与 Σ8 正相关,砂粒含量与 Λ8 正相关,表明细粒能够吸附有机质,粗粒则通过物理保护延缓木质素周转.

3.5　微生物群落结构与土壤碳循环功能密切关联. AMX 表层以变形菌门为主,深层以酸杆菌门为主,其中利用碳源的 *Candidatus Solibacter* 丰度与 SOM 正相关,表明原核生物主导 SOM 降解,WQZ 深层绿弯菌门和不明梭菌属丰度较高.在真核微生物中,AMX 担子菌门丰度显著高于 WQZ. 相关性分析表明,AMX 中 pH 值和含水率调控原核群落组成,而 WQZ 中有机质含量与真核群落多样性呈负相关.

参考文献：

[1] Shuai R, Tao W, Bertrand G, et al. Projected soil carbon loss with warming in constrained Earth system models [J]. Nature Communications, 2024,15(1):102−102.

[2] Fang X M, Wang G G, Xu Z J, et al. Litter addition and understory removal influenced soil organic carbon quality and mineral nitrogen supply in a subtropical plantation forest [J]. Plant and Soil, 2021, 460(1/2):1−14.

[3] Nastaran P, Asa G, Vahid K, et al. Digital mapping of soil organic carbon using remote sensing data: A systematic review [J]. Catena, 2023,232.

[4] Erratum for the Research Article "Size, distribution, and vulnerability of the global soil inorganic carbon" by Y. Huang et al [J]. Science (New York, NY), 2024,384(6698):eadq4518−eadq.

[5] 余　健,房　莉,卞正富,等.土壤碳库构成研究进展 [J]. 生态学报, 2014,34(17):4829−4838.
Yu J, Fan L, Bian Z F, et al. Research progress on soil carbon pool composition [J]. Acta Ecologica Sinica, 2014,34(17):4829−4838.

[6] Hawkins H J, Cargill R I M, Van M E, et al. *Mycorrhizal mycelium* as a global carbon pool [J]. Current Biology, 2023,33(11):R560−R73.

[7] Intergovernmental Panel on Climate, C. Climate Change 2021–The Physical Science Basis, 2023.

[8] Bai Y, Peng Y, Zhang D, et al. Heating up the roof of the world: Tracing the impacts of in−situ warming on carbon cycle in alpine grasslands on the Tibetan Plateau [J]. National Science Review, 2025,12(2): nwae371.

[9] Marshal M H M, Mckelvie J R, Simpson A J, et al. Characterization of natural organic matter in bentonite clays for potential use in deep geological repositories for used nuclear fuel [J]. Applied Geochemistry, 2015,54:43−53.

[10] Albers C N, Banta G T, Hansen P E, et al. The influence of organic matter on sorption and fate of glyphosate in soil−Comparing different soils and humic substances [J]. Environmental Pollution, 2009,157(10): 2865−2870.

[11] Shu F, Jiang B, Yuan Y F, et al. Biological activities and emerging roles of lignin and lignin−based products—a review [J]. Biomacromolecules, 2021, 22(12):819−832.

[12] 冯晓娟,王依云,刘　婷,等.生物标志物及其在生态系统研究中的应用 [J]. 植物生态学报, 2020,44(4):384−94.
Feng X J, Wang Y Y, Liu T, et al. Biomarkers and their applications in ecosystem research [J]. Plant Ecology, 2020,44(4):384−394.

[13] 胡宗达,刘世荣,罗明霞,等.川西亚高山不同演替阶段天然次生林土壤碳氮含量及酶活性特征 [J]. 植物生态学报, 2020,44(9):973−985.
Hu Z D, Liu S R, Luo M X, et al. Characteristics of soil carbon and nitrogen content and enzyme activity in natural secondary forests at different succession stages in subalpine areas of western Sichuan [J]. Acta Phytoecologica Sinica, 2020,44(9):973−985.

[14] Salgado J F M, Hervé V, Vera M A G, et al. Unveiling lignocellulolytic potential: a genomic exploration of bacterial lineages within the termite gut [J]. Microbiome, 2024,12(1):201−201.

[15] Ghulam M, Zeeshan A, Mohammand V, et al. Recent trends and economic significance of modified/functionalized biochars for remediation of environmental pollutants [J]. Scientific Reports, 2024, 14(1):217−217.

[16] 孙梦瑶,常　潇,康志超,等.极端微生物降解木质素的研究进展 [J]. 微生物学报, 2024,64(11):4036−4053.
Sun M Y, Chang X, Kang Z C, et al. Research progress on lignin degradation by extremophiles [J]. Acta Microbiology, 2024,64(11): 4036−4053.

[17] 陈冰玉,邸明伟.木质素解聚研究新进展 [J]. 高分子材料科学与工程, 2019,35(6):157−164.
Chen B Y, Di M W. New progress in lignin depolymerization [J]. Polymer Materials Science and Engineering, 2019,35(6):157−64.

[18] 谢文栋,旦久罗布,何世丞,等.藏北高寒草地植被退化及其治理对策研究 [J]. 中国畜禽种业, 2019,15(8):9−11.
Xie W D, Dan J B L, He S C, et al. Study on vegetation degradation of alpine grassland in northern Tibet and its control countermeasures [J]. China Livestock and Poultry Seed Industry, 2019,15(8):9−11.

[19] Wei Y, Lu H, Wang J, et al. Dual influence of climate change and anthropogenic activities on the spatiotemporal vegetation dynamics over the Qinghai−Tibetan Plateau from 1981 to 2015 [J]. Earth Future, 2022,10(5):DOI:10.1029/2021EF002566.

[20] 欧阳玲,马会瑶,王宗明,等.气候变化与人类活动对内蒙古东部草地

净初级生产力的影响 [J]. 生态学报, 2020,40(19):6912-24.
Ouyang L, Ma H Y, Wang Z M, et al. Effects of climate change and human activities on net primary productivity of grassland in eastern Inner Mongolia [J]. Ecology, 2020,40(19):6912-24.

[21] Bourget M Y, Fanin N, Fromin N, et al. Plant litter chemistry drives long‐lasting changes in the catabolic capacities of soil microbial communities [J]. Functional Ecology, 2023,37(7):2014-28.

[22] 杜淑辉,褚建民,段俊光,等.木质素酚类物质对内蒙古退化草地土壤有机碳的影响 [J]. 植物生态学报, 2025,49(1):30-41.
Du S H, Zhu J M, Duan J G, et al. Effects of lignophenols on soil organic carbon in degraded grassland of Inner Mongolia [J]. Plant Ecology, 2025,49(1):30-41.

[23] Bardgett R D, Caruso T. Soil microbial community responses to climate extremes: resistance, resilience and transitions to alternative states [J]. Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences, 2020,375(1794):20190112.

[24] 李怡佳,马俊伟,李玉倩,等.土壤微生物群落对全球气候变化响应的研究进展 [J]. 微生物学通报, 2023,50(4):1700-19.
Li Y J, Ma J W, Ii Y Q, et al. Research progress on the response of soil microbial community to global climate change [J]. Microbiology Bulletin, 2023,50(4):1700-1719.

[25] 李 铭,朱利川,张全发,等.不同土地利用类型对丹江口库区土壤氮矿化的影响 [J]. 植物生态学报, 2012,36(6):530-538.
Li, Zhu, Zhang et al. Effects of different land use types on soil nitrogen mineralization in Danjiangkou Reservoir area [J]. Plant Ecology, 2012,36(6):530-538.

[26] Pautler B G, Austin J, Otto A, et al. Biomarker assessment of organic matter sources and degradation in Canadian High Arctic littoral sediments [J]. Biogeochemistry, 2010,100(1-3):75-87.

[27] Ma T, Yang Z, Shi B, et al. Phosphorus supply suppressed microbial necromass but stimulated plant lignin phenols accumulation in soils of alpine grassland on the Tibetan Plateau [J]. Geoderma, 2023,431: 116376.

[28] 李芳芳.基于分子标记物的云南典型土壤有机质更替及吸附特性研究 [D]. 昆明:昆明理工大学, 2018.
Li F F. Study on the replacement and adsorption characteristics of typical soil organic matter in Yunnan based on molecular markers [D]. Kunming: Kunming University of Science and Technology, 2018.

[29] Feng Y, Han S, Chen W, et al. Variation in soil lignin protection mechanisms in five successional gradients of mixed broadleaf-pine forests [J]. Soil Scienxe Soceiety of America Journal, 2020,84(1): 232-50.

[30] 李龙波,涂成龙,赵志琦,等.黄土高原不同植被覆盖下土壤有机碳的分布特征及其同位素组成研究 [J]. 地球与环境, 2011,39(4):441-449.
Li L B, Tu C L, Zhao Z Q, et al. Study on the distribution characteristics and isotopic composition of soil organic carbon under different vegetation cover in the Loess Plateau [J]. Earth and Environment, 2011,39(4):441-449.

[31] 覃智莲.湘中南地区土壤有机碳组成及其碳同位素特征 [D]. 长沙:湖南师范大学, 2020.
Qin Z L. Soil organic carbon composition and carbon isotope characteristics in central and southern Hunan [D]. Changsha: Hunan Normal University, 2020.

[32] 张朋超,李芳芳,常兆峰,等.利用分子生物标志物法揭示种植芭蕉的农业土壤中有机质的来源与降解 [J]. 土壤通报, 2018,49(2):349-354.
Zhao P C, Li F F, Chang Z F, et al. Using molecular biomarker method to reveal the source and degradation of organic matter in agricultural soil planted with plantain [J]. Soil Bulletin, 2018,49(2):349-354.

[33] Guo Y X, Yu G H, Hu S, et al. Deciphering the intricate control of minerals on deep soil carbon stability and persistence in Alaskan permafrost [J]. Global Change Biology, 2024,30(10).

[34] Austin A T, Ballaré C L. Dual role of lignin in plant litter decomposition in terrestrial ecosystems [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2010,107(10):4618-4622.

[35] 赫风彩,张婧斌,邢鹏飞,等.围封对晋北赖草草地土壤碳氮磷生态化学计量特征的影响及其与植被多样性的关系 [J]. 草地学报, 2019, 27(3):644-650.
He C F , Zhang J B, Xing P F, et.al. Effects of fencing on the ecological stoichiometry of soil carbon, nitrogen and phosphorus and its relationship with vegetation diversity in Leymus secalinus grassland in northern Shanxi [J]. Academic Journal of Grassland, 2019,27(3):644-650.

[36] 杜思瑶,于 淼,刘芳华,等.设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响 [J]. 中国生态农业学报, 2017,25(11):1615-1625.
Du S Y, Yu M, Liu F H, et al. Effects of facility planting patterns on soil bacterial diversity and community structure [J]. Chinese Journal of Ecological Agriculture, 2017,25(11):1615-1625.

作者简介：杨 柳(1999-)女,四川广安人,西南科技大学硕士研究生,主要从事土壤生态修复方向究.2719453613@qq.com.