

红壤微生物群落结构及其演变影响因素的研究进展^①

周 赛^{1,2}, 梁玉婷¹, 孙 波^{1*}

(1 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2 中国科学院大学, 北京 100049)

摘 要: 南方红壤丘陵区面临土壤肥力和生物功能退化问题, 研究红壤微生物资源分布及其演变规律是培育红壤生物肥力的理论基础。本文综述了环境和人为因素对红壤微生物群落组成及其演变的影响, 提出了红壤微生物群落组成及其功能调控研究的重点。土壤微生物群落组成受历史因素(地理距离、土壤类型)和现代因素(气候和土壤条件的变化)的共同影响, 但不同因素间的相对贡献仍不清楚。土地利用方式和耕作施肥的改变均影响了红壤微生物群落的结构特征, 但微生物结构和功能在耕作施肥过程中的长期变化规律仍需进一步研究。未来需要加强土壤-根系-微生物系统中生物交互作用及其对养分协同代谢和转化的影响, 建立最佳管理措施修复退化红壤的微生物功能。

关键词: 红壤; 微生物群落结构; 微生物功能; 环境因素; 人为因素

中图分类号: Q938

土壤中蕴含着丰富的生物资源^[1], 每克土壤中可能含有几万至几百万种微生物^[2-3], 其中既有非细胞形态的微生物(如病毒、噬菌体), 也有细胞形态的微生物、藻类和原生动物, 这些微生物影响了生物地球化学循环过程^[4]。土壤中还存在着相当数量的动物(指生活史中有一段时间在土壤中渡过, 且对土壤有一定影响的动物^[5]), 包括原生动物和线虫、小型无脊椎动物(节肢动物、线蚓等)、蚯蚓和大型节肢动物^[6]。土壤生物共同驱动了生态系统的物质循环, 影响了生态系统的功能和稳定性。

红壤广泛分布于我国东南部热带和亚热带地区, 区域光温水生产潜力巨大, 是我国水稻和经济作物主产区。红壤是季风型气候条件下形成的一种高度风化和淋溶的地带性土壤^[7], 酸性强、有机质含量较低、氮磷养分贫瘠^[8], 这些性质影响了红壤微生物发育和分布^[9]。在高温多雨的气候条件下, 红壤生态系统生物小循环活跃, 促进了土壤动物的生长^[10]。但是, 红壤区在长期不合理的耕作和管理措施下, 遭受水土流失、土壤酸化和肥力下降等退化过程, 这些退化过程也影响了红壤生物群落和功能的演变^[11]。因此, 研究红壤生物演变的控制因素可以为调控红壤生物结构和功能, 阻控红壤退化提供理论依据。

1 环境因素对红壤生物组成的影响

1.1 气候条件

气候条件影响了土壤的水热状况, 从而影响了土壤微生物的生态分布^[12]。气温变化改变了土壤的理化性状^[13], 不同微生物对土壤温度和湿度的耐受力不同^[14], 因此土壤温度和湿度的变化对土壤微生物群落中不同物种的影响强度和方向可能不一致。与暖温带相比, 亚热带水分、热量条件充分, 红壤微生物生长旺盛, 活性较高^[15]。但基于我国寒温带-暖温带-中亚热带不同地带性土壤(黑土、潮土和红壤)的置换试验结果表明, 暖温带气候条件下土壤好氧性纤维素分解菌数量高于中亚热带^[16]。同时, 红壤从中亚热带置换到暖温带和寒温带 4 年后, 细菌/真菌比例增加, 气候和土壤条件的变化(相对湿度、pH、碱解氮、NH₃-N)共同影响了微生物功能基因(GeoChip3 测定)组成的变化^[17]。

土壤微生物分布格局受历史因素(地点、地理距离、土壤类型)和现代因素(施肥种植)的共同影响。基于不同气候和土壤类型(红壤、水稻土、潮土)的长期试验对比研究表明, 历史因素比现代因素对微生物多样性的影响大(贡献率为 60%)^[18]。然而, 基于相同土壤类型(红壤和紫色土)在不同气候区的长期移置试

基金项目: 中国科学院战略性先导科技专项(XDB15000000)和国家重点基础研究发展规划项目(2014CB441003)资助。

* 通讯作者(bsun@issas.ac.cn)

作者简介: 周赛(1989—), 女, 江苏江阴人, 硕士研究生, 主要研究方向为微生物生态学。E-mail: szhou@issas.ac.cn

验表明, 移置 20 年后, 虽然土壤矿物组成不变, 但现代因素(气候和施肥种植)的综合作用导致土壤 pH 显著变化, 从而影响了微生物多样性和组成, 特别是氮转化微生物组成^[19]。

红壤地区季节性气候变化影响了植被生长和土壤中植物残体的腐解^[20], 对红壤微生物产生了巨大作用^[21]。研究表明, 红壤微生物量夏季最高、冬季最低, 这与夏季高温多雨、冬季低温干燥对微生物生长的影响有关^[22]。同样, 季节性气候变化通过影响温度、湿度、土壤结构和通气状况、食物来源、植被状况及竞争、捕食等各种非生物和生物因素影响了土壤中蚯蚓和线虫结构的季节波动。红壤中蚯蚓线虫密度和生物量一般春季最高、秋冬其次、夏季最低, 夏季高温抑制了蚯蚓生长^[23]。红壤中线虫的变化趋势与蚯蚓相似, 荒地红壤和林地红壤中, 春季、冬季线虫数量较高, 其次是秋季, 而夏季的线虫数量显著低于其他季节^[24-25]。长期施用有机肥的试验研究表明, 红壤旱地中线虫总数随玉米生长期呈现显著的季节性变化, 土壤中硝态氮和铵态氮含量是主要的影响因子^[26]。

1.2 植被

生态系统中植被的类型、数量和化学组成是土壤生物多样性变化的主要驱动力^[27]。植被一方面通过凋落物、根系分泌物和蒸腾作用影响着土壤微生物的生存环境, 另一方面, 植物也在微生物对土壤养分的转化和迁移过程中获益^[28]。研究发现, 不同植被恢复下侵蚀红壤中土壤表层微生物量差异显著, 0~5 cm 土层的微生物量碳、氮含量变化顺序为: 草地>林地>苔藓>地衣>裸地^[29]。此外, 植被恢复方式、种植时间和耕作管理方式也影响了红壤中线虫的数量, 植被的演替阶段与土壤线虫群落结构的演变密切相关^[25]。

1.3 土壤性质

土壤为不同生物提供了栖息地和各种资源, 形成了高度复杂、相互作用的土壤-生物体系^[30]。土壤物理化学性质具有高度的时空异质性, 土壤温度、酸度、氧化还原电位、有机质和养分等条件都会影响土壤生物的结构及其变化。大多数红壤 pH 在 4.5~5.5^[9], 偏酸的环境抑制了细菌和放线菌的生长, 但真菌对土壤 pH 的适应范围较广, 红壤中真菌与细菌比值一般较高^[11]。土壤 pH 影响土壤基质的化学形态、组成和有效性, 酸性红壤中硝化作用明显受到抑制^[31]。酸性土壤中氮主要以铵离子(NH₄⁺)形式存在, 由于氨氧化细菌进行亚硝化作用所需要的底物 NH₃ 含量较低,

导致红壤中氨氧化作用相对较弱^[32]。土壤酸度显著影响了氨氧化细菌(AOB)和古菌(AOA)的丰度和群落结构变化, 对强酸性红壤的研究发现, 氨氧化古菌中的 1.1b 古菌主导了土壤氨氧化过程^[33-34]。

2 人为因素对红壤生物演变的影响

2.1 耕作

长期采用的水耕方式影响了南方水稻土养分转化和植物吸收过程, 显著改变了土壤有机碳及土壤微生物生物量碳的分布^[35]。与红壤荒地相比, 红壤性水稻土中由于长期植稻和施用化肥, 氨氧化细菌的多样性增加^[36]。与免耕相比, 长期翻耕破坏了表层土壤结构的稳定性, 导致细菌和真菌数量下降、放线菌略增^[37]。长期在冬季种植绿肥, 能提高红壤性水稻土细菌、真菌和放线菌数量和活性^[38]。

2.2 施肥

秸秆还田(土)能增加红壤性水稻土(红壤旱地)表层微生物数量。在红壤旱地稻草异地还土显著提高了土壤有机碳和微生物生物量碳^[39]。在红壤地区双季稻田中施用油菜秸秆和早、晚稻秸秆(厢沟腐熟还田), 可以增加表层土壤细菌和真菌数量^[40]。在红壤性水稻土中长期施用化肥可以增加微生物多样性^[41], 化肥配合稻草还田显著增加了细菌和放线菌数量和微生物活性, 同时提高了微生物生物量碳和氮^[42]。

红壤旱地中氨氧化古菌(AOA)数量均高于氨氧化细菌(AOB), 长期施肥增加了 AOA 和 AOB 的数量, 其中化肥和有机肥配施的增幅最大^[43]。在红壤性水稻土中, 长期施肥对 AOA 群落结构的影响要大于对 AOB 的影响^[44]。在红壤旱地中长期施用猪粪提高了红壤不同粒径团聚体的有机碳含量和 pH, 不仅增加了氨氧化微生物的丰度和微生物生物总量, 也增加了线虫总数, 但随团聚体粒径增大, 微生物生物量降低、AOA 和 AOB 丰度增加、线虫数量也增加, 而土壤呼吸熵下降, 硝化活性增加, 说明施肥影响了线虫和微生物的交互作用和功能^[45-46]。在酸性设施地土壤中, 施用生物炭可以提高土壤 pH, 从而增加 AOA、AOB 和反硝化细菌(nirK)的丰度, 提高土壤的硝化潜势^[47]。

2.3 土地利用

红壤在旱地和水田利用方式下, 土壤有机碳库产生显著差异^[48]; 稻田土壤微生物生物量和多样性均高于林地和草地^[49]。坡地红壤在不同利用方式下土壤细菌多样性的变化顺序为: 农田>茶园>自然恢复

地,而细菌数量的变化顺序为:茶园>自然恢复地>农田^[50]。土地利用方式的变化也影响了红壤氨氧化微生物结构和活性,红壤灌木林开垦为旱地(种植花生)30年后,AOA总量增加一倍,土壤硝化活性提高了两倍^[51]。与休闲裸地相比,种植玉米增加了土壤中大部分核心氮转化基因的丰度,显著提高了核心氮转化基因网络的复杂程度^[52]。同样,不同利用方式也影响了红壤线虫的数量和种群结构,线虫密度变化顺序为:草甸>旱地、桔园>杉木林、油茶园,草甸土壤有机质和水分含量高促进了线虫生长,而杉木和油茶分泌的芳香物可以抑制线虫生长^[53]。

3 红壤微生物结构和功能的研究展望

在红壤微生物分布及其演化方面,20世纪90年代起开展的土壤资源调查主要以应用为目标,如筛选具有溶磷固氮能力的菌种和菌根真菌^[54-56],对红壤微生物资源地理分布规律的系统研究仍需加强。近期在科技基础性工作专项“我国南方丘陵山区综合科学考察”和中国科学院战略性先导科技专项“土壤-微生物系统功能及其调控”中,开展了南方不同利用方式下土壤微生物分布的调查。未来需要基于样带研究和长期实验,在大空间和长时间尺度上开展红壤生物分布格局及其演变规律的研究,进一步揭示历史因素和现代因素在微生物演化中的相互作用机制。在此基础上,筛选红壤中对环境变化和人为干扰敏感的微生物监测指标体系,建立红壤微生物资源的评价体系。

在红壤微生物结构和功能方面,20世纪80年代以来开展的作物接种有益微生物(如根瘤菌、促生菌)试验^[57],大多应用于经济作物,针对大田作物的研究较少。这些菌剂接种在小尺度(盆栽、小区)上表现出显著的增产效应,而在大田应用中增产效果不稳定^[58],近期通过制备生物肥,实现了增强微生物在根际的定殖和增产效果^[59]。因此,在调控微生物功能方面,需要在微观尺度(如根际、团聚体)上进一步研究土壤-根系-微生物系统中不同界面的生物耦合结构形成机制,揭示不同生物交互作用对氮磷养分协同转化和代谢的影响机制。

在红壤生态功能修复技术方面,针对红壤酸化和肥力退还过程,需要研究传统和新型酸度改良剂(如生物炭)对红壤生物群落演变及其肥力功能的影响,提出适酸控酸的生物技术。生物炭含有碱性物质,主要为碳酸盐和有机态的-COOH和-OH^[60],同时具

有高芳香烃孔隙结构,可以吸附养分、水分和污染物^[61-62],已应用于改良酸性土壤^[63]和固碳减排^[64-65]。由于缺乏长期试验,目前时空对生物炭影响土壤微生物群落结构和功能的机制仍不清楚^[66-67]。修复有机物污染土壤,可以通过突变、共代谢、诱导等方式合成新的酶系适应土壤中有机污染物,利用生物降解修复土壤^[68]。同样,在重金属污染红壤修复中,可以通过接种蚯蚓和根菌,促进黑麦草对镉的吸收^[69]。未来需要进一步开展农产品产地和污染场地的化学-生物综合修复技术研究。

参考文献:

- [1] Dance A. Soil ecology: What lies beneath[J]. *Nature*, 2008, 455: 724-725
- [2] Gans J, Wolinsky M, Dunbar J. Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil[J]. *Science*, 2005, 309(5739): 1387-1390
- [3] Torsvik V, Goksøyr J, Daae FL. High diversity in DNA of soil bacteria[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1990, 56(3): 782-787
- [4] 贺纪正, 葛源. 土壤微生物生物地理学研究进展[J]. *生态学报*, 2008, 28(11): 5571-5582
- [5] 尹文英. 中国土壤动物[M]. 北京: 科学出版社, 2000
- [6] 何园球, 孙波. 红壤质量演变与调控[M]. 北京: 科学出版社, 2008: 308-331
- [7] Hao WY, Cao ZB. Microbes in red soils in China[A]// Institute of Soil Science, Academia Sinica. Proceeding of International Symposium on Red Soil[C]. Beijing: Science Press, 1986: 274-285
- [8] 龙光强, 蒋瑀霁, 孙波. 长期施用猪粪对红壤酸度的改良效应[J]. *土壤*, 2012, 44(5): 727-734
- [9] 李庆远. 中国红壤[M]. 北京: 科学出版社, 1983: 128-134
- [10] 王振中, 张友梅, 李忠武. 湘中低山丘陵红壤森林生态系统土壤动物群落[J]. *土壤学报*, 2007, 44(6): 1097-1103
- [11] 孙波. 红壤退化阻控与生态修复[M]. 北京: 科学出版社, 2011: 164-185
- [12] 周才平, 欧阳华. 温度和湿度对长白山两种林型下土壤氮矿化的影响[J]. *应用生态学报*, 2001, 4: 505-508
- [13] Wan S, Luo Y, Wallace LL. Changes in microclimate induced by experimental warming and clipping in tall-grass prairie[J]. *Global Change Biology*, 2002, 8(8): 754-768
- [14] Avrahami S, Liesack W, Conrad R. Effects of temperature and fertilizer on activity and community structure of soil ammonia oxidizers[J]. *Environmental Microbiology*, 2003, 5(8): 691-705
- [15] 李云, 孙波, 李忠佩. 气候对旱地紫色土微生物功能多样性的长期影响[J]. *土壤*, 2009, 41(2): 230-235
- [16] 荣娟敏, 孙波. 水热条件和土壤类型对纤维素分解菌的影响[J]. *土壤*, 2012, 44(1): 84-89

- [17] Liu S, Wang F, Xue K, Sun B, Zhang Y, He Z, Van Nostrand JD, Zhou J, Yang Y. The interactive effects of soil transplant into colder regions and cropping on soil microbiology and biogeochemistry[J]. *Environmental Microbiology*, 2014, DOI: 10.1111/1462-2920.12398
- [18] Ge Y, He JZ, Zhu YG, Zhang JB, Xu ZH, Zhang LM, Zheng YM. Differences in soil bacterial diversity: Driven by contemporary disturbances or historical contingencies[J]. *The ISME Journal*, 2008, 2(3): 254–264
- [19] Sun B, Wan XY, Wang F, Jiang YJ, Li Y, Dong ZX, Zhang XX. A long-term field experiment of soil transplantation demonstrating the role of contemporary geographic separation in shaping soil microbial community structure[J]. *Ecology and Evolution*, 2014, 4(7): 1 073–1 087
- [20] Wang XY, Sun B, Mao J, Sui Y, Cao X. Structural convergence of maize and wheat straw during two-year decomposition under different climate conditions[J]. *Environmental Science and Technology*, 2012, 46(13): 7 159–7 165
- [21] Papatheodorou EM, Argyropoulou MD, Stamou GP. The effects of large- and small-scale differences in soil temperature and moisture on bacterial functional diversity and the community of bacterivorous nematodes[J]. *Applied Soil Ecology*, 2004, 25(1): 37–49
- [22] 刘满强, 胡锋, 何园球, 李辉信. 退化红壤不同植被下恢复下土壤微生物量季节动态及其指示意义[J]. *土壤学报*, 2003, 40(6): 937–944
- [23] 刘满强, 胡锋, 陈小云, 何园球, 李辉信. 退化红壤不同植被恢复方式对蚯蚓种群的影响[J]. *应用生态学报*, 2004, 15(11): 2 152–2 156
- [24] Gupta VVSR, Yeates GW. Soil microfauna as bioindicators of soil health[A]//Pankhurst CE, Doube BM, Gupta VVSR. *Biological Indicators of Soil Health[M]*. New York: CAB International, 1997: 201–233
- [25] 李辉信, 刘满强, 胡锋, 陈小云, 何园球. 不同植被恢复方式下红壤线虫数量特征[J]. *生态学报*, 2002, 22(11): 1 882–1 889
- [26] Jiang C, Sun B, Li HX, Jiang YJ. Determinants for seasonal change of nematode community composition under long-term application of organic manure in an acid soil in subtropical China[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2013, 55: 91–99
- [27] Waid JS. Does soil biodiversity depend upon metabiotic activity and influences[J]. *Applied Soil Ecology*, 1999, 13: 151–158
- [28] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望[J]. *生物多样性*, 2007, 15(3): 306–311
- [29] 王晓龙, 胡锋, 李辉信, 刘满强, 秦江涛, 张斌. 侵蚀退化红壤自然恢复下土壤生物学质量演变特征[J]. *生态学报*, 2007, 27(4): 1 404–1 411
- [30] Young IM, Crawford JW. Interactions and self-organization in the soil-microbe complex[J]. *Science*, 2004, 304(5 677): 1 634–1 637
- [31] Kemmitt SJ, Wright D, Goulding KWT, Jones DL. pH regulation of carbon and nitrogen dynamics in two agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(5): 898–911
- [32] Kowalchuk GA, Stephen JR. Ammonia-oxidizing bacteria: A model for molecular microbial ecology[J]. *Annual Review of Microbiology*, 2001, 55: 485–529
- [33] Nicol GW, Leininger S, Schleper C, Prosser JI. The influence of soil pH on the diversity, abundance and transcriptional activity of ammonia oxidizing archaea and bacteria[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(11): 2 966–2 978
- [34] Wang BZ, Zheng Y, Huang R, Zhou X, Wang DM, He YQ, Jia ZJ. Active ammonia oxidizers in an acid soil are phylogenetically closely related to neutrophilic archaeon[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, 80(5): 1 684–1 691
- [35] 李辉, 张军科, 江长胜, 郝庆菊, 吴艳, 谢德体. 耕作方式对紫色水稻土有机碳和微生物生物量碳的影响[J]. *生态学报*, 2012, 32(1): 247–255
- [36] 钟文辉, 蔡祖聪, 尹力初. 种植水稻和长期施用无机肥对红壤氨氧化细菌多样性和硝化作用的影响[J]. *土壤学报*, 2008, 45(1): 105–111
- [37] 王英, 滕齐辉, 崔中利, 孙波, 曹慧, 胡锋. 免耕水稻土壤中细菌多样性及其空间分布的研究[J]. *土壤学报*, 2007, 44(1): 138–143
- [38] 杨曾平, 高菊生, 郑圣先, 聂军, 徐明岗, 谢坚, 廖育林. 长期冬种绿肥对红壤性水稻土微生物特性及酶活性的影响[J]. *土壤*, 2011, 43(4): 576–583
- [39] 李玲, 朱捍华, 苏以荣, 肖和艾, 黄道友, 吴金水. 稻草还田和易地还土对红壤丘陵农田土壤有机碳及其活性组分的影响[J]. *中国农业科学*, 2009, 42(3): 926–933
- [40] 汪金平, 何园球, 柯建国, 黄国勤. 南方双季稻田秸秆厢沟腐熟还田免耕土壤生态效应研究[J]. *南京农业大学学报*, 2004, 27(2): 21–24
- [41] 颜慧, 钟文辉, 李忠佩, 蔡祖聪. 长期施肥对红壤水稻土磷脂脂肪酸特性和酶活性的影响[J]. *应用生态学报*, 2008, 219(1): 71–75
- [42] 聂军, 周健民, 王火焰, 陈小琴, 杜昌文. 长期不同施肥对红壤性水稻土微生物生态特征的影响[J]. *湖南农业大学学报(自然科学版)*, 2007, 33(3): 337–340
- [43] He JZ, Shen JP, Zhang LM, Zhu YG, Zheng YM, Xu MG, Di HJ. Quantitative analyses of the abundance and composition of ammonia-oxidizing bacteria and ammonia-oxidizing archaea of a Chinese upland red soil under long-term fertilization practices[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(9): 2 364–2 374
- [44] Chen X, Zhang LM, Shen JP, Wei WX, He JZ. Abundance and community structure of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in an acid paddy soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2011, 47: 323–331
- [45] Jiang YJ, Sun B, Jin C, Wang F. Soil aggregate stratification of nematodes and microbial communities affects the metabolic quotient in an acid soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 60: 1–9
- [46] Jiang YJ, Jin C, Sun B. Soil aggregate stratification of nematodes and ammonia oxidizers affects nitrification in an

- acid soil[J]. *Environmental Microbiology*, 2014, DOI: 10.1111/1462-2920.12339
- [47] 王晓辉, 郭光霞, 郑瑞伦, 钟敏, 朱永官. 生物炭对设施退化土壤氮相关功能微生物群落丰度的影响[J]. *土壤学报*, 2013, 50(3): 624-631
- [48] Qian HY, Pan JJ, Sun B. The relative impact of land use and soil properties on sizes and turnover rates of soil organic carbon pools in Subtropical China[J]. *Soil Use and Management*, 2013, 29: 510-518
- [49] 刘明, 李忠佩, 张桃林. 不同利用方式下红壤微生物生物量及代谢功能多样性的变化[J]. *土壤*, 2009, 41(5): 744-748
- [50] 秦红灵, 袁红朝, 张慧. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2011, 48(3): 594-602
- [51] Huang R, Wu YC, Zhang JB, Zhong WH, Jia ZJ, Cai ZC. Nitrification activity and putative ammonia-oxidizing archaea in acidic red soils[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2012, 12: 420-428
- [52] 汪峰, Zhou J, 孙波. 我国东部土壤氮转化微生物的功能分子生态网络结构及其对作物的响应[J]. *科学通报*, 2013, 58: 1-10
- [53] 胡锋, 林茂松, 吴珊眉. 赣中低丘红壤生态系统的线虫种群特征[A]//中国科学院红壤生态实验站. 红壤生态系统研究(第二集)[C]. 南昌: 江西科学技术出版社, 1993: 177-182
- [54] 尹瑞龄. 红壤中的细菌资源[A]//中国科学院红壤生态实验站. 红壤生态系统研究(第一集)[C]. 北京: 科学出版社, 1992: 189-194
- [55] 吴铁航, 郝文英, 林先贵, 施亚琴. 侵蚀红壤中 VA 菌根真菌的侵染力及接种效果研究[A]//中国科学院红壤生态实验站. 红壤生态系统研究(第一集)[C]. 北京: 科学出版社, 1992: 211-217
- [56] 施亚琴, 林先贵, 吴铁航. 红壤中 VA 菌根真菌优良菌种的筛选[A]//中国科学院红壤生态实验站. 红壤生态系统研究(第五集)[C]. 北京: 中国农业科技出版社, 1998: 286-291
- [57] 曹景勤. 低丘红壤豆科绿肥接种根瘤菌的效果[A]//中国科学院红壤生态实验站. 红壤生态系统研究(第四集)[C]. 南昌: 江西科学技术出版社, 1997: 223-226
- [58] 陈文新, 汪恩涛, 陈文峰. 根瘤菌-豆科植物共生多样性与地理环境的关系[J]. *中国农业科学*, 2004, 37(1): 81-86
- [59] 张瑞福, 颜春荣, 张楠, 李俊, 沈其荣. 微生物肥料研究及其在耕地质量提升中的应用前景[J]. *中国农业科技导报*, 2013, 15(5): 8-16
- [60] Yuan JH, Xu RK, Zhang H. The forms of alkalis in the biochar produced from crop residues at different temperatures[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(3): 3 488-3 497
- [61] 王萌萌, 周启星. 生物炭的土壤环境效应及其机制研究[J]. *环境化学*, 2013, 32(5): 768-780
- [62] Beesley L, Moreno-Jiménez E, Gomez-Eyles JL, Harris E, Robinson B, Sizmur T. A review of biochars' potential role in the remediation, revegetation and restoration of contaminated soils[J]. *Environmental Pollution*, 2011, 159: 3 269-3 282
- [63] Yuan JH, Xu RK. The amelioration effects of low temperature biochar generated from nine crop residues on an acidic Ultisol[J]. *Soil Use and Management*, 2011, 27(1): 110-115
- [64] 何飞飞, 荣湘民, 梁运姝, 吴爱平, 刘强. 生物炭对红壤菜田土壤理化性质和 N₂O、CO₂ 排放的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2013, 32(9): 1 893-1 900
- [65] 孟梦, 吕成文, 李玉娥, 秦晓波, 万运帆, 高清竹. 添加生物炭对华南早稻田 CH₄ 和 N₂O 排放的影响[J]. *中国农业气象*, 2013, 34(4): 396-402
- [66] 丁艳丽, 刘杰, 王莹莹. 生物炭对农田土壤微生物生态的影响研究进展[J]. *应用生态学报*, 2013, 24(11): 3 311-3 317
- [67] Khodadad CLM, Zimmerman AR, Green SJ, Uthandi S, Foster JS. Taxa-specific changes in soil microbial community composition induced by pyrogenic carbon amendments[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43: 385-392
- [68] Horne I, Harcourt RL, Sutherland TD, Russell RJ, Oakshott JG. Isolation of a *Pseudomonas monteilii* strain with a novel phosphotriesterase[J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2002, 206: 51-55
- [69] 成杰民, 俞协治, 黄铭洪. 蚯蚓-菌根在植物修复镉污染土壤中的作用[J]. *生态学报*, 2005, 25(6): 1 256-1 263

Research Advances in Environmental and Human Factors Affecting Microbial Community Structure and Evolution in Red Soils

ZHOU Sai^{1,2}, LIANG Yu-ting¹, SUN Bo^{1*}

(1 *State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences), Nanjing 210008, China*; 2 *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China*)

Abstract: Red soil region is faced with the degradation of soil fertility and microbial function. The mechanisms of geographic distribution and evolution of soil microbe is the theoretic basis for improving soil fertility. The research progress was reviewed about the effects of environmental and human factors on changes in the microbial community composition in red soils, then the research focus and direction are discussed. The microbial communities in red soils are strongly influenced by the historical contingencies including geographic location and soil type as well as contemporary environmental disturbances including changes in climate conditions and farming practices, but their combined impact and relative importance remain poorly understood. The land use change and cultivation alter soil microbial community compositions, however more researches are needed to explore the temporal change mechanisms of soil microbial diversity and activity during long-term cultivation and fertilization based on chronosequential study. In the future, more attention should be paid to study soil–root–microbe interactions and their impacts on synergetic metabolism and translocation of soil nutrients, then to build best management practices for restoring microbial functions of degraded red soils.

Key words: Red soil; Microbial community structure; Microbial function; Environmental factor; Human factors