

原状土与非原状土对土壤自养微生物碳同化能力的影响*

吴昊^{1,2} 简燕² 葛体达² 王久荣² 袁红朝² 谭立敏¹ 李科林^{1**} 吴金水²
(¹中南林业科技大学林学院, 长沙 410004; ²中国科学院亚热带农业生态研究所, 农业生态系统过程重点实验室, 长沙 410125)

摘要 自养微生物在土壤中广泛存在,但原状土与非原状土对其 CO₂ 同化能力的影响尚不明确。因此,本研究采用¹⁴C 连续标记示踪技术,选取亚热带区 4 种典型土壤进行室内模拟培养,探讨了原状土与非原状土对农田土壤自养微生物碳同化能力及其对土壤碳库活性组分的影响。结果表明:连续标记培养 110 d 后,原状土与非原状土样均表现出可观的 CO₂ 同化能力,根据估算,非原状土、原状土的 CO₂ 同化速率分别为 0.015 ~ 0.148、0.007 ~ 0.050 g · m⁻² · d⁻¹,说明土壤受扰动可能加剧自养微生物的活性,增强土壤自养微生物的 CO₂ 同化能力。相关分析表明,土壤自养微生物同化碳(¹⁴C-SOC)与其微生物截留碳(¹⁴C-MBC)呈极显著正相关($R^2=0.955$)。而且,土壤可溶性有机碳(DOC)、微生物量碳(MBC)和土壤有机碳(SOC)的更新率分别为:0.9% ~ 4.5%、2.2% ~ 9.7% 和 0.09% ~ 0.43% (原状土);0.26% ~ 1.09%、3.6% ~ 20% 和 2.9% ~ 5.7% (非原状土)。土壤自养微生物同化碳的输入对土壤活性碳组分的 DOC、MBC 含量变化影响较大,而对 SOC 影响较小。本研究丰富和扩大了土壤微生物的基本功能和在土壤碳循环过程中作用的认识。

关键词 土壤自养微生物; 原状土; 非原状土; CO₂ 同化; ¹⁴C 连续标记

中图分类号 S963 **文献标识码** A **文章编号** 1000-4890(2014)6-1694-06

Effect of disturbed and undisturbed soils on the carbon assimilation capacity of autotrophic microbes. WU Hao^{1,2}, JIAN Yan², GE Ti-da², WANG Jiu-rong², YUAN Hong-zhao², TAN Li-min¹, LI Ke-lin^{1**}, WU Jin-shui² (¹ College of Forestry, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China; ² Key Laboratory of Agro-ecological Processes in Subtropical Region, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences, Changsha 410125, China). *Chinese Journal of Ecology*, 2014, **33**(6): 1694-1699.

Abstract: Assimilation of atmospheric carbon dioxide (CO₂) by autotrophic microbes is an integral process in the soil environment. However, the influence of disturbed and undisturbed soils on CO₂-assimilation capacity remains poorly understood. In this study, we incubated four types of disturbed and undisturbed soil samples for 110 days in a closed, continuously ¹⁴C-labeled CO₂ atmosphere and measured the amount of ¹⁴C-labeled carbon (C) incorporated in the microbial biomass during this period. The allocation of ¹⁴C-labeled-assimilated C in labile soil C pools such as dissolved organic C (DOC) and microbial biomass C (MBC) was analyzed over the ¹⁴C-labeling span. Significant amounts of ¹⁴C-SOC were detected in both disturbed and undisturbed soils. The assimilative rate ranged from 0.015 to 0.148 g · m⁻² · d⁻¹ in the disturbed soils and from 0.007 to 0.050 g · m⁻² · d⁻¹ in the undisturbed soils. A significant positive linear relationship was detected between the concentrations of ¹⁴C-SOC and ¹⁴C-MBC ($R^2=0.955$, $P<0.01$). The proportions of ¹⁴C-DOC, ¹⁴C-MBC, and ¹⁴C-SOC to the total DOC, MBC, and SOC were 0.9% - 4.5%, 2.2% - 9.7%, and 0.09% - 0.43% in the undisturbed soils, and 0.26% - 1.09%, 3.6% - 20%, and 2.9% - 5.7% in the disturbed soils, respectively. Furthermore, the distribu-

* 国家自然科学基金项目(41271279 和 41301275)、中国科学院仪器功能开发项目(Y323018010)、湖南省国际与区域科技合作重点项目(2013WK4009)和湖湘青年创新创业平台培养对象项目资助。

** 通讯作者 E-mail: csfukli@163.com

收稿日期: 2013-10-21 接受日期: 2014-03-15

tion and transformation of microbe-assimilated C had much greater influence on the dynamics of DOC and MBC than on those of SOC. These results offer new insights into the importance of microbes in the assimilation of atmospheric CO₂ and of the potentially significant contributions made by microbial autotrophy to terrestrial C cycling.

Key words: soil autotrophic microbes; undisturbed soil; disturbed soil; CO₂ assimilation; ¹⁴C continuous labeling.

土壤固碳问题已日益成为全球变化与地球科学研究领域的前沿和热点问题。全球约有 $1.5 \times 10^{18} \sim 2.5 \times 10^{18}$ g 碳以有机质形态储存于土壤中,是陆地植被碳库 ($0.5 \times 10^{18} \sim 0.6 \times 10^{18}$ g) 的 2~3 倍,是大气碳库 (0.75×10^{18} g) 的 2 倍 (Kumar *et al.*, 2006)。因此,土壤碳库是陆地生态系统碳库中最大的储库,其储量的微小幅度变化,都会强烈(加强或削弱)影响大气 CO₂ 浓度从而影响全球气候变化 (Rustad *et al.*, 2000)。增加并稳定土壤有机碳是全球大气 CO₂ 固定、缓减温室效应的有效措施之一。

陆地生态系统碳循环处于全球碳循环的中心位置 (Lal, 2008), 农田生态系统是陆地生态系统中最活跃且固碳潜力最大的碳库之一 (Smith, 2004; 韩冰等, 2005)。而且,越来越多的研究表明,农田土壤中存在相当数量的自养微生物(光能自养与化能自养) (Selesi *et al.*, 2005; Tulli & King, 2005; 袁红朝等, 2012), 这些自养微生物通过各种固碳途径(卡尔文循环、厌氧乙酰辅酶 A、琥珀酰辅酶 A 途径等)将 CO₂ 同化为土壤有机质参与土壤的碳循环过程 (Ge *et al.*, 2013; Hart *et al.*, 2013)。史然等(2013)研究表明,稻田土壤自养微生物碳同化速率为 $0.08 \sim 0.15 \text{ g} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{d}^{-1}$ 。因此,土壤自养微生物同化碳是大气-土壤系统碳循环的重要组成部分,也是土壤有机碳的重要来源 (Ge *et al.*, 2013)。

农田生态系统是受人为干扰最大的碳库之一,土地类型、利用方式、管理方式(灌溉、施肥等)都可能影响自养微生物群落结构和数量的变化,从而影响自养微生物 CO₂ 同化能力 (袁红朝等, 2012; Ge *et al.*, 2013)。长期施肥导致土壤碳同化自养菌种

群结构产生了明显差异(袁红朝等, 2012), 而且, 80 d 的 ¹⁴C-CO₂ 连续标记培养实验表明,稻田土壤的自养微生物的碳同化能力显著大于旱地土壤 (Ge *et al.*, 2013)。然而,以往的研究,都是集中在受扰动(非原状土:土壤采回后在实验室进行预处理再进行培养)条件下,土壤自养微生物的碳同化能力方面的研究 (Ge *et al.*, 2013; Hart *et al.*, 2013)。但是,原状土和非原状土的碳同化能力未必一致。因此,开展原状土与非原状土的自养微生物 CO₂ 同化能力的研究,对全面认识农田生态系统碳吸收和碳储存有着重要意义。

本研究选取典型稻田与旱地的原状土与非原状土,运用 ¹⁴C 连续示踪技术结合室内模拟实验,定量分析土壤自养微生物碳同化向土壤有机碳库的输入,及其在土壤活性碳库 (¹⁴C-DOC、¹⁴C-MBC) 中的分配特征,探讨原状土与非原状土对土壤自养微生物的碳同化能力的影响,以期为进一步了解农田土壤碳循环过程,增加土壤固碳潜力提供数据支撑与科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

试验选取亚热带地区 4 种不同利用方式的典型耕作层 (0~20 cm) 土壤,分别采自湖南省长沙县黄兴镇 (U1)、湖南省桃源县盘塘镇 (P1、P2、U2) 2 个地区的典型第四纪红壤,属典型亚热带湿润气候。P1、P2 为水稻土, U1、U2 为旱地土。供试土壤基本理化性质见表 1。

表 1 供试土壤基本理化性质

Table 1 Soil characteristics used in this study

| 土壤 | 利用方式 | pH* | SOC (g · kg ⁻¹) | TN (g · kg ⁻¹) | CEC (cmol · kg ⁻¹) | 黏土含量 (%) |
|----|-------|-----------|--------------------------------|-------------------------------|-----------------------------------|-------------|
| P1 | 双季稻 | 5.66±0.01 | 20.90±0.72 | 2.80±0.00 | 13.20±0.23 | 33.20±0.43 |
| P2 | 水旱轮作 | 5.79±0.01 | 6.34±0.01 | 1.02±0.00 | 8.76±0.10 | 28.10±1.27 |
| U1 | 蔬菜 | 6.60±0.01 | 18.70±0.10 | 2.60±0.02 | 13.70±0.10 | 26.10±1.84 |
| U2 | 玉米-小麦 | 4.40±0.03 | 6.20±0.04 | 1.40±0.00 | 11.10±0.10 | 31.40±0.55 |

* 土壤 pH 测定的浸提剂是水,水土比为 2.5:1。

1.2 土样采集及前处理

非原状土采集:用直径为 5 cm 的不锈钢土钻采集。

原状土采集:用铁铲挖一直径 40 cm 的土柱,用直径 20 cm、高 35 cm 的 PVC 桶倒扣在土柱中心,然后用铁铲将土柱外围的土削掉,当削至距桶 1~2 cm 时换用小刀小心的削掉土柱裸露在外的土直至最后土柱能装进 PVC 桶。

上述原状土与非原状土运回实验室后,取 1 kg 室内风干,分别过 0.25 和 0.149 mm 筛,用于测定土壤基本理化性质(表 1)。剩余土壤做如下处理:用蒸馏水将稻田土壤调节含水量至饱和田间持水量,旱地土壤调节至田间持水量的 45%,平衡 2 周后,开始¹⁴C 同位素标记培养实验。试验盆钵是用 PVC 材料做成的高 20 cm、直径 10 cm 的圆柱形盆钵。

1.3 ¹⁴C-CO₂连续标记的土壤培养实验

对不同类型土壤 P1、P2、U1 和 U2 进行¹⁴C 连续标记法培养实验,每种土壤分别分为原状土与非原状土,每个处理重复 5 次。培养装置和方法参考文献(肖和艾等,2007;Ge *et al.*,2013)建立的研究方法。土壤置于标记箱(专利号 No. ZL2006100197402,宽×长 70 cm×250 cm,高 150 cm)中,于 2010 年 10 月 18 日开始标记,连续标记 110 d。培养箱内温度设定为白天 31±1 °C,晚上 24±1 °C(智能型精密数显温度控制器,SNT-96S,杭州),每天光照 12 h(8:00—20:00),相对湿度 80%~90%,光照强度 500 mmol·m⁻²·s⁻¹ PAR。箱体壁上安装 1 个高度为 50~80 cm 的玻璃弯管式压力计,压力计一端穿过箱壁与箱内连通,另一端置于箱外与大气连通,压力计弯管内装液体石蜡,用于观察箱内压力变化来检查箱体气密性。标记过程中,及时补充去离子水维持稻田土壤水深 1~2 cm 基本不变。旱地土壤每隔 2 d 添加 20 mL 去离子水以维持其含水量保持在田间持水量的 45%。

¹⁴C-CO₂ 通过¹⁴C-NaHCO₃ (1 mol·L⁻¹, 16.5 × 10³ Bq·mL⁻¹)和 HCl(1 mol·L⁻¹)反应产生。每周向培养箱加入 200 mL 1 mol·L⁻¹¹⁴C-NaHCO₃ 溶液,通过控制 HCl 加入量使标记箱内 CO₂ 浓度维持在 270~350 μmol·mol⁻¹ 浓度范围(二氧化碳检测系统(Shsen-QZD,青岛))。

1.4 测定和分析方法

标记培养试验结束(2011 年 2 月 27 日,连续标

记 110 d)后,采集 PVC 塑料盆钵中的供试土壤样品并充分混匀,一份立即处理,用于测定¹⁴C-DOC 和¹⁴C-MBC 含量;一份室内自然风干后,磨碎过 100 目筛,用于¹⁴C-SOC 含量的测定。

土壤 SOC 采用元素分析仪测定;土壤 DOC 采用 0.5 mol·L⁻¹ K₂SO₄ 浸提法测定;土壤 MBC 采用氯仿熏蒸-0.5 mol·L⁻¹ K₂SO₄ 浸提法测定;¹⁴C-DOC 和¹⁴C-MBC 含量测定参见文献(Ge *et al.*,2012;聂三安等,2012)的方法进行,土壤¹⁴C-SOC 采用文献(Wu & O'Donnell,1997)的方法测定。

1.5 数据处理

数据统计分析采用 SPSS 13.0 for Windows 和 Microsoft Excel 2000 软件进行。差异显著性用 one-way ANOVA(单因素方差分析)分析,不同土壤之间的多重比较采用 Duncan 法,原状土与非原状土的多重比较采用 *t* 检验,相关性采用皮尔森指数(Pearson)分析。

2 结果与分析

2.1 土壤¹⁴C-SOC 含量及其碳同化速率

连续标记 110 d 后,原状土和非原状土¹⁴C-SOC 的含量分别为 6.21~43.39 和 13.35~127.41 mg·kg⁻¹(图 1);¹⁴C-SOC 含量均表现为水稻土(P1、P2)高于旱地土(U1、U2),¹⁴C-SOC 在非原状土中含量远高于其在原状土中的含量。

不同类型土壤¹⁴C-SOC 含量表现出显著性差异($P<0.05$),表现为 P1>P2>U1>U2;原状土与非原状土之间¹⁴C-SOC 含量差异也达显著性水平($P<0.05$);根据估算,在本试验条件下,表层土壤(0~17 cm)土壤微生物碳同化速率为:原状土 0.007~0.050 g·m⁻²·d⁻¹,非原状土 0.015~0.148 g·m⁻²·d⁻¹;供试土壤原状土样与非原状土样平均碳同化速率分别为 0.03 和 0.07 g·m⁻²·d⁻¹(图 1)。非原状土中 SOC 同化速率大约是原状土中 SOC 同化速率的 2.1~2.8 倍。

2.2 土壤¹⁴C-MBC、¹⁴C-DOC 含量

¹⁴C-CO₂ 连续标记 110 d 后,原状土¹⁴C-MBC、¹⁴C-DOC 含量分别为 5.1~17.87、0.71~2.39 mg·kg⁻¹(图 2),各处理间差异达显著性水平($P<0.05$),¹⁴C-MBC 表现为 P1>P2>U1>U2,¹⁴C-DOC 则表现为 U1>P2>P1>U2(图 2)。

非原状土中¹⁴C-MBC、¹⁴C-DOC 含量分别为 4.93~40.27、2.45~4.87 mg·kg⁻¹(图 2),平均比

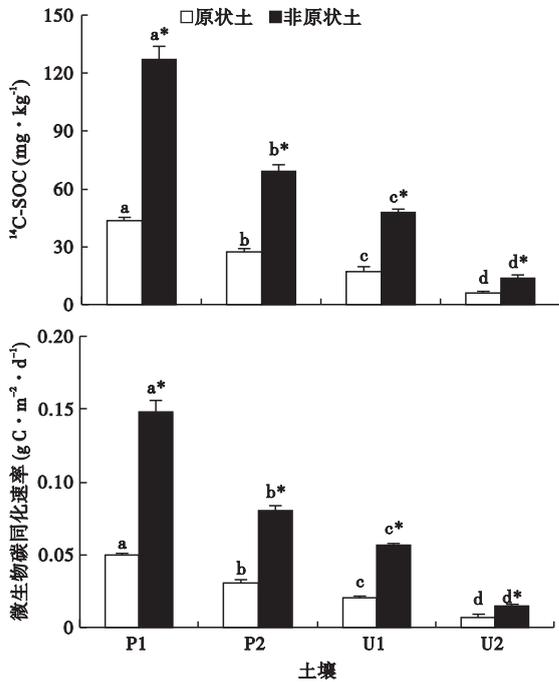


图1 原状土与非原状土中¹⁴C-SOC的含量及其微生物碳同化速率

Fig.1 Content of ¹⁴C-SOC and soil microbial carbon assimilative rate in disturbed and undisturbed soils

不同字母表示不同供试土壤之间差异显著, *表示同一土壤原状土与非原状土之间差异显著($P < 0.05$),下同。

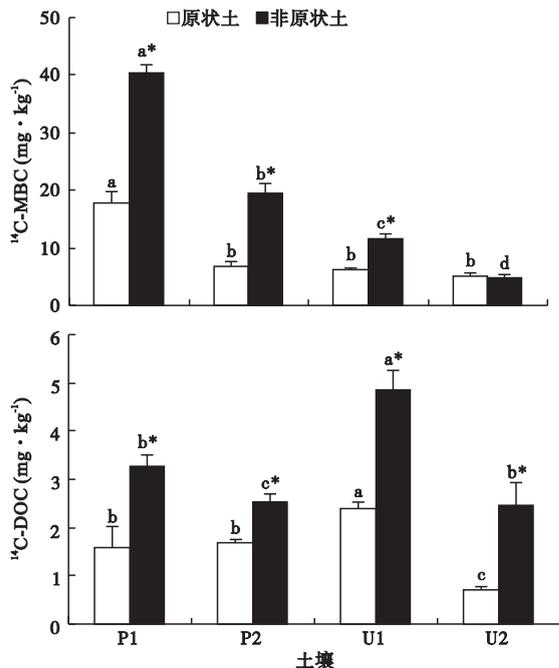


图2 原状土与非原状土中¹⁴C-MBC与¹⁴C-DOC的含量

Fig.2 Content of ¹⁴C-MBC and ¹⁴C-DOC in disturbed and undisturbed soils

不同字母表示不同供试土壤之间差异显著, *表示同一土壤原状土与非原状土之间差异显著($P < 0.05$),下同。

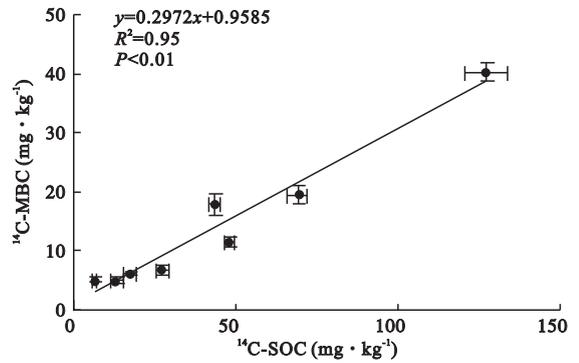


图3 ¹⁴C-SOC与¹⁴C-MBC的相关关系

Fig.3 Relationship between ¹⁴C-SOC and ¹⁴C-MBC from disturbed and undisturbed soils

原状土样中含量高0.83~1.28倍和0.49~2.45倍。非原状土中¹⁴C-MBC含量表现为 $P1 > P2 > U1 > U2$,与原状土样一致;而¹⁴C-DOC含量则表现为 $U1 > P1 > P2 > U2$ (图3)。

此外,相关性分析表明,土壤自养微生物同化碳(¹⁴C-SOC)与其微生物量(¹⁴C-MBC)呈极显著的正相关关系($R^2 = 0.955^{**}$, $n = 8$)(图3)。

2.3 土壤自养微生物同化碳在土壤DOC、MBC和SOC的更新率

土壤培养110 d后,原状土样MBC的更新率(¹⁴C-MBC/MBC)为2.2%~9.7%,土壤自养微生物同化碳对土壤MBC的贡献大小为 $P2 > U1 > U2 > P1$;土壤DOC的更新率(¹⁴C-DOC/DOC)为0.9%~4.5%;而土壤SOC的更新率(¹⁴C-SOC/SOC)为0.09%~0.43%(表2)。

非原状土样MBC更新率(¹⁴C-MBC/MBC)为

表2 原状土与非原状土壤自养微生物同化碳在土壤DOC、MBC和SOC的更新率(%)

Table 2 Renewal rates of soil DOC, MBC and SOC in disturbed and undisturbed soils

| 处理 | 土壤 | ¹⁴ C-MBC/MBC | ¹⁴ C-DOC/DOC | ¹⁴ C-SOC/SOC |
|------|----|-------------------------|-------------------------|-------------------------|
| 原状土 | P1 | 2.2±0.1 dB | 4.5±0.1 aB | 0.21±0.01 bB |
| | P2 | 9.7±0.3 aB | 4.1±0.2 aB | 0.43±0.02 aB |
| | U1 | 4.1±0.1 cA | 2.9±0.1 bB | 0.09±0.01 cB |
| | U2 | 3.6±0.2 bB | 0.9±0.01 cB | 0.10±0.00 cA |
| | 平均 | 4.9±1.7 | 3.1±0.81 | 0.2±0.08 |
| 非原状土 | P1 | 4.2±0.2 bA | 5.7±0.2 aA | 0.61±0.02 bA |
| | P2 | 20.0±1.2 aA | 4.9±0.3 aA | 1.09±0.05 aA |
| | U1 | 3.6±0.1 bA | 5.2±0.1 aA | 0.26±0.02 cA |
| | U2 | 4.4±0.2 bA | 2.9±0.1 bA | 0.95±0.07 aA |
| | 平均 | 8.1±3.99 | 4.7±0.6 | 0.7±0.19 |

不同小写字母表示原状土、非原状土不同土壤类型之间差异显著($P < 0.05$);不同大写字母表示同一土壤类型原状土与非原状土之间差异显著($P < 0.05$)。

3.6%~20.0%,土壤自养微生物同化碳对其贡献大小为P2显著高于P1、U1、U2,后三者差异不显著;土壤DOC的更新率($^{14}\text{C-DOC}/\text{DOC}$)为2.9%~5.7%;而土壤SOC的更新率($^{14}\text{C-SOC}/\text{SOC}$)为0.26%~1.09%(表2)。

由表2可知,原状土样MBC更新率最高,平均为4.9%,约为DOC、SOC更新率的1.58、2.45倍。非原状土MBC更新率高达20%,平均为8.1%,约比DOC更新率高了72%,是SOC更新率的11.5倍。 t 检验分析表明,土壤扰动(原状土和非原状土)显著影响DOC、MBC和SOC的更新率(表2)。除了土壤扰动(原状土与非原状土)对U1的MBC更新率、U2的SOC更新率无显著影响外,其余的均表现为非原状土的DOC、MBC和SOC的更新率显著大于原状土(表2)。

3 讨论

通过110 d的 $^{14}\text{C-CO}_2$ 连续标记培养实验,原状土与非原状土自养微生物均具有客观的 CO_2 同化能力(图1),这与已有研究相符(Ge *et al.*, 2013; 史然等, 2013)。而且,不管是原状土还是非原状土,稻田土壤的碳同化能力($^{14}\text{C-SOC}$)均显著高于旱地土壤(图1),这可能与稻田土壤长期处于淹水状态,碳同化功能微生物数量、碳同化关键酶(1,5-二磷酸核酮糖羧化/加氧酶 RubisCO)显著高于旱地土壤有关(Yuan *et al.*, 2012)。本研究还发现,菜地土壤的自养微生物碳同化能力显著高于玉米-小麦轮作的旱地土壤,这可能与菜地土壤的养分状况优于旱地土壤有关,这两种利用方式下的碳同化自养微生物的数量及其功能种群的结构特征还需要进一步研究。据估算,在110 d的培养期内,非原状土的碳同化速率($0.007\sim 0.050\text{ g}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{d}^{-1}$)为原状土($0.015\sim 0.148\text{ g}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{d}^{-1}$)的2倍左右,这说明土壤受扰动,可能提高了自养微生物的活性(Klironomos, 2002),增强了土壤自养微生物的 CO_2 同化能力。DeGroot等(2005)研究也表明,非原状土的微生物数量及种群多样性均显著高于原状土。因此,通常进行的非原状土培养研究可能会高估土壤自养微生物的 CO_2 同化能力及其潜力。

“新碳”(如自养微生物同化碳)进入土壤后,其在土壤中的转化过程与其稳定性有关(Yevdokimov *et al.*, 2006; Kuzyakov & Gavrichkova, 2010)。Liang等(2002)通过 ^{13}C 稳定性同位素培养试验研究了玉

米根际沉积碳在土壤碳库中的分配,认为水溶性有机碳(DOC)和微生物碳(MBC)是“新碳”的主要去向。而作为农田土壤“新碳”输入方式之一的“自养微生物同化碳”输入土壤后,也向其活性碳库DOC和MBC转化。在本研究中,标记培养110 d后,土壤自养微生物同化碳向DOC($^{14}\text{C-DOC}$)、MBC($^{14}\text{C-MBC}$)转化的量分别为2.45~4.87、4.93~40.27 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ (非原状土),0.71~2.39、5.1~17.87 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ (原状土)。而且,土壤自养微生物同化的 CO_2 ($^{14}\text{C-SOC}$)与微生物截留碳($^{14}\text{C-MBC}$)呈极显著的正相关关系(图3)。而Marx等(2007)的盆栽实验结果则显示,小麦根际沉积碳中的“新碳”主要分布在MBC和土壤总有机碳库中,而在DOC中未检测到新碳。这可能与碳输入(新碳)类型、标记时间、土壤类型等因素有关(Lu & Conrad, 2005; Tavi *et al.*, 2013)。而且,原状土的DOC与MBC的更新率分别为0.9%~4.5%、2.2%~9.7%;非原状土样DOC与MBC的更新率达到2.9%~5.7%、3.6%~20%,DOC与MBC的更新率均比SOC更新率大得多(表2),这表明自养微生物同化碳的输入对土壤DOC、MBC含量变化影响较大,这与前人研究结果基本一致(Ge *et al.*, 2012; 聂三安等, 2012)。稻田以其淹水或者干湿交替的特殊田间水分管理方式而显著区别于旱地土壤,稻田土壤具有较高的碳密度和较大的固碳潜力(Pereiro & Munch, 2005)。与旱地土壤相比,稻田土壤自养微生物数量多,土壤自养微生物的碳同化能力及其转化量明显高于旱地。其次,稻田土壤的细菌数量、群落以及功能的多样性均高于旱地,促进了微生物对土壤新碳的利用(Yuan *et al.*, 2012),从而导致稻田土壤自养微生物同化碳向 $^{14}\text{C-DOC}$ 和 $^{14}\text{C-MBC}$ 的转化量及其更新率显著大于旱地土壤。因此,在未来的碳循环研究中应该充分认识自养微生物同化碳对土壤活性碳库(DOC、MBC)的贡献,将自养微生物的 CO_2 同化过程纳入农田生态系统碳循环研究中。

参考文献

- 韩冰,王效科,欧阳志云. 2005. 中国农田生态系统土壤碳库的饱和水平及其固碳潜力. 农村生态环境, 21(4): 6-11.
- 聂三安,周萍,葛体达,等. 2012. 水稻光合同化碳向土壤有机碳库输入的定量研究—— ^{14}C 连续标记法. 环境科学, 33(4): 326-331.
- 史然,陈晓娟,吴小红,等. 2013. 土壤自养微生物同化

- 碳向土壤有机碳库输入的定量研究—— ^{14}C 连续标记法. *环境科学*, **34**(7): 313–318.
- 肖和艾, 吴金水, 李玲, 等. 2007. 采用 ^{14}C 同位素标记植物的装置与方法. *核农学报*, **21**(6): 630–632.
- 袁红朝, 秦红灵, 刘守龙, 等. 2012. 长期施肥对稻田土壤固碳功能菌群落结构和数量的影响. *生态学报*, **32**(1): 183–189.
- DeGroot SH, Claassen VP, Scow KM. 2005. Microbial community composition on native and drastically disturbed serpentine soils. *Soil Biology and Biochemistry*, **37**: 1427–1435.
- Ge TD, Wu XH, Chen XJ, et al. 2013. Microbial phototrophic fixation of atmospheric CO_2 in China subtropical upland and paddy soils. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, **113**: 70–78.
- Ge TD, Yuan HZ, Zhu HH, et al. 2012. Biological carbon assimilation and dynamics in a flooded rice-soil system. *Soil Biology and Biochemistry*, **48**: 39–49.
- Hart KM, Oppenheimer SF, Moran BW, et al. 2013. CO_2 uptake by a soil microcosm. *Soil Biology and Biochemistry*, **57**: 615–624.
- Klironomos JN. 2002. Feedback with soil biota contributes to plant rarity and invasiveness in communities. *Nature*, **417**: 67–70.
- Kuzyakov Y, Gavrichkova O. 2010. Time lag between photosynthesis and carbon dioxide efflux from soil: A review of mechanisms and controls. *Global Change Biology*, **16**: 3386–3406.
- Kumar R, Pandey S, Pandey A. 2006. Plant roots and carbon sequestration. *Current Science*, **91**: 885–890.
- Lal R. 2008. Carbon sequestration. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, **363**: 815–830.
- Lu Y, Conrad R. 2005. In situ stable isotope probing of methanogenic archaea in the rice rhizosphere. *Science*, **9**: 1088–1090.
- Liang BC, Wang XL, Ma BL. 2002. Maize root-induced change in soil organic carbon pools. *Soil Science Society of America Journal*, **66**: 845–847.
- Marx M, Buegger F, Gatteringer A, et al. 2007. Determination of the fate of ^{13}C labelled maize and wheat rhizodeposit-C in two agricultural soils in a greenhouse experiment under ^{13}C - CO_2 -enriched atmosphere. *Soil Biology and Biochemistry*, **39**: 3043–3055.
- Perelo LW, Munch JC. 2005. Microbial immobilisation and turnover of ^{13}C labelled substrates in two arable soils under field and laboratory conditions. *Soil Biology and Biochemistry*, **37**: 2263–2272.
- Rustad LE, Huntington TG, Boone RD. 2000. Controls on soil respiration: Implications for climate change. *Biogeochemistry*, **48**: 1–6.
- Smith P. 2004. Carbon sequestration in croplands: The potential in Europe and the global context. *European Journal of Agronomy*, **20**: 229–236.
- Selesi D, Schmid M, Hartmann A. 2005. Diversity of green-like and red-like ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large-subunit genes (*cbbL*) in differently managed agricultural soils. *Applied and Environmental Microbiology*, **171**: 175–184.
- Tolli J, King GM. 2005. Diversity and structure of bacterial chemolithotrophic communities in pine forest and agroecosystem soils. *Applied and Environmental Microbiology*, **71**: 8411–8418.
- Tavi NM, Martikainen PJ, Lokko K, et al. 2013. Linking microbial community structure and allocation of plant-derived carbon in an organic agricultural soil using ^{13}C pulse-chase labelling combined with ^{13}C -PLFA profiling. *Soil Biology and Biochemistry*, **58**: 207–215.
- Wu J, O'Donnell AG. 1997. Procedure for the simultaneous analysis of total and radioactive carbon in soil and plant materials. *Soil Biology and Biochemistry*, **29**: 199–202.
- Yuan HZ, Ge TD, Chen CY, et al. 2012. Microbial autotrophy plays a significant role in the sequestration of soil carbon. *Applied and Environmental Microbiology*, **78**: 2328–2336.
- Yevdokimov I, Ruser R, Buegger F, et al. 2006. Microbial immobilisation of ^{13}C rhizodeposits in rhizosphere and root-free soil under continuous ^{13}C labelling of oats. *Soil Biology and Biochemistry*, **38**: 1202–1211.
-
- 作者简介 吴昊,男,1989年生,硕士研究生,主要研究方向为土壤生态环境。E-mail: sjtugtd@gmail.com
- 责任编辑 魏中青
-