

# 土地利用变化对土壤微生物群落组成有显著影响

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/27524.html>

**本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！**

土地利用变化对土壤微生物群落组成有显著影响。近日，中国科学院成都生物研究所（以下简称成都生物所）科研团队以天然林、人工林、灌丛和农田四种土地利用类型的土壤为研究对象，探讨青藏高原东南缘亚高山生态系统土地利用类型变化对土壤碳组分、碳循环酶基因和相关微生物群落的影响。相关研究成果发表于《应用土壤生态学》。

土地利用变化可通过改变植被覆盖和其他相关属性进而影响土壤物理、化学和生物特性，对土壤碳循环有重要影响。青藏高原是世界屋脊、亚洲水塔，是地球第三极，也是全球最脆弱的地区之一，生态系统容易受到全球气候变化和人类活动的影响，该区域在环境和植被覆盖变化方面具有高度多样性。了解土地利用变化对青藏高原地区土壤碳循环相关酶活性和微生物群落的影响，对评估该区域土壤碳循环和地力可持续性具有至关重要的作用。

这项研究的结果表明，由于枯落物输入量减少，天然林转化为其他土地利用类型后，土壤碳组分含量显著下降19-55%，碳循环相关酶活性显著降低。

此外，土地利用的变化对土壤碳水化合物活性酶基因和微生物群落组成影响显著。天然林土壤中Proteobacteria、Candidatus Rokubacteria和Verrucomicrobia等微生物门相对丰富，灌丛和农田土壤中Actinobacteria、Acidobacteria、Chloroflexi和Gemmatimonadetes等相对丰富。微生物群落的变化与土壤有机碳、全氮、含水量、容重及pH有关。研究区土壤碳水化合物活性酶基因主要来源于Actinobacteria、Acidobacteria和Proteobacteria。土地利用变化显著改变了土壤碳循环功能基因和相关微生物群落组成，这些变化对研究土壤碳循环以及促进该区域土壤质量的可持续管理具有重要意义。

据悉，成都生物所博士研究生朱仁欢、Belayneh Azene为论文共同第一作者，研究员潘开文、副研究员张林为论文通讯作者。（来源：中国科学报杨晨）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2024.105442>

作者：潘开文等 来源：《应用土壤生态学》

更多科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](http://iikx.com)转发