2023, 36(2): 79-90
http://www.lykxyj.com

DOI:10.12403/j.1001-1498.20220369

杉木连栽氨氧化古菌群落结构与硝态氮含量的关系

陈雯雯[1,2]，王淑真[1,2]，姜宇杰[1]，周垂帆[1,2*]

(1. 福建农林大学林学院，福建 福州 350002；2. 人工林可持续经营福建省高校工程研究中心，福建 福州 350002)

摘要：[目的]分析不同代数杉木林的土壤有效氮含量变化，探讨硝态氮与不同分类水平的氨氧化古菌（AOA）群落结构、多样性之间的联系，为人工林土壤氮素的有效性和杉木林土壤质量评估提供参考。[方法]在福建南平选取4个代数的杉木人工林，采用高通量测序技术对PCR扩增的*amoA*基因进行测定，运用Mantel_r相关分析、随机森林模型和偏最小二乘路径模型等分析方法研究不同代数的土壤有效氮含量与氨氧化古菌群落丰度、多样性之间的关系。[结果]随杉木连栽代数增加，硝态氮（NO_3^--N）含量显著下降，铵态氮（NH_4^+-N）和微生物量氮（MBN）含量变化不明显。土壤酶活性、氨氧化古菌群落丰度与多样性总体呈降低趋势，土壤有效氮含量与氨氧化古菌群落以及酶活性之间联系密切，其中，氨氧化古菌丰度与多样性指数是影响硝态氮含量的最主要因素。[结论]随着连栽代数增加，氨氧化古菌群落的丰富度与多样性一定程度上降低，除第4代土壤脲酶和氨单加氧酶活性略有上升，土壤氮循环相关酶活性基本呈降低趋势，从而导致土壤硝态氮含量显著降低，限制了杉木连栽林土壤氮素的有效性。

关键词：杉木人工林；地力衰退；硝态氮；氨氧化古菌；土壤酶；连栽代数

中图分类号：S714　　**文献标志码：**A　　**文章编号：**1001-1498(2023)02-0079-12

杉木（*Cunninghamia lanceolata*（Lamb.）Hook.）是我国南方重要的速生用材树种，凭借出材率高、材质优良、适应性广和经济效益高等优点，在我国南方地区广泛种植。然而，随着杉木纯林面积的不断扩大，多代连栽等不合理的营林措施导致了土壤中养分含量的减少，从而引起地力衰退等问题。杉木连栽是指原有林分皆伐后用实生苗在原处进行重新造林的过程。连栽导致林地生产力逐代降低，土壤微生物群落结构多样性下降[1]，土壤酶活性[2]和氮、磷等元素有效性下降。当前研究普遍认为，植物对不同形态氮素的利用具有一定的偏好性。张彦东等[3]研究发现，多数针叶树种偏好吸收NH_4^+-N；李常诚等[4]利用^{15}N同位素示踪法研究不同林龄杉木的养分吸收偏好时也发现，3种林龄的杉木均表现出对NH_4^+-N的较强吸收偏好；但也有研究表明，杉木对NO_3^--N的偏好性大于NH_4^+-N[5-6]。植物吸收和利用氮素的过程很复杂，即使是在同一生态系统，环境条件相同，同一植物亦会在林龄、栽植代数不同时采用不同的氮素获取策略。目前部分学者已从多个角度探究了杉木连栽对土壤硝态氮含量的影响，但尚未达成一致结论。刘先等[7]发现，杉木人工林硝态氮含量并未随着连栽代数增加而减少；而陈郑洪等[8]研究表明，随着连栽代数的增加，连栽杉木人工林土壤硝态氮含量呈现降低趋势。目前关于杉木连栽林硝态氮相关研究的不足，限制了人们对硝态氮转化过程随多代连

收稿日期：2022-07-18　　修回日期：2022-11-29
基金项目："十四五"国家重点研发计划项目（2021YFD2201304-05）；国家自然科学基金项目（32071746）
作者简介：陈雯雯，硕士研究生。主要研究方向：土壤改良。Email：1208218953@qq.com
* 通讯作者：周垂帆，博士，副教授。研究方向：土壤生态修复。Email :zhouchuifan@163.com

栽变化的认知。

微生物活动与土壤氮循环密切相关，可以说氮循环的本质就是微生物驱动的氮素转化、利用及循环的过程[9]，需要植物、真菌、细菌和古菌等共同参与。土壤氮素在微生物作用下最终成为植物可直接吸收利用的有效氮，其中，硝化作用是氮循环的核心环节，此过程能够提高土壤氮的有效性。氨氧化过程被认为是硝化作用的限速步骤，主要由氨氧化古菌（AOA）和氨氧化细菌（AOB）完成，它们能将氨（NH_3）氧化成亚硝态氮（NO_2^-），进而推动硝化反应的进程。氨氧化古菌是酸性土壤氨氧化反应的主要催化者[10]，如贺纪正等[11]对长期施肥处理引起的土壤性质变化研究中发现，酸性条件下氨氧化古菌的丰度和群落组成变化比氨氧化细菌更明显。Lu 等[12]通过稳定性同位素示踪实验证明，氨氧化古菌类群主导了森林土壤氨氧化过程。然而，以往研究多聚焦于不同生态环境、条件处理下氨氧化古菌群落结构和物种丰度变化以及氨氧化古菌在人工给水和污水处理系统中群落分布和所起作用，关于自然条件下多代连栽杉木纯林土壤中的氨氧化古菌群落组成和有效氮素形态转变规律的研究较为罕见。

土壤酶是氮循环过程中关键的催化剂，对土壤物化性质的改变极其敏感。前人研究表明，不同栽植代数会改变杉木林的氮循环特征[13]。土壤微生物是土壤氮循环过程的主要驱动力，直接调节土壤有机质和氮素养分的供给和转化。土壤酶能够表征微生物活性，不同的土壤酶参与土壤氮循环，将土壤中不同形态 N 分解为有效 N 供植物吸收[14]。目前对杉木人工林酶活性的研究主要关注脲酶、过氧化氢酶等，且大部分结果表明，随杉木连栽代数增加酶活性逐代下降[15-16]，但对于参与土壤氮循环过程，尤其是参与土壤硝化、氨氧化过程的酶如氨单加氧酶（AMO）则较少涉及。因此，研究不同栽植代数的杉木人工林土壤氮循环过程中酶活性变化及其影响因子，对提高土壤 N 素利用率和人工林生态恢复管理有重要意义。

鉴于此，本研究选择不同栽植代数的杉木人工林土壤为研究对象，利用高通量测序技术研究杉木连栽对土壤有效态氮形态特征的影响，通过分析连栽杉木土壤中的氨氧化古菌群落组成及多样性，以揭示氨氧化古菌群落结构和多样性随连栽代数演变的规律及有效氮素与氨氧化古菌群落的相关性，最终确定影响连栽杉木林土壤氮有效性的因素，旨在为我国杉木人工林的可持续经营提供实践指导。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与样品采集

研究林分位于福建省南平市王台镇（118° ～ 119° E，26°40′ ～ 27°20′ N），属武夷山系南伸支脉，是我国杉木中心产区之一。平均海拔 200 m 左右，地处亚热带季风气候区，年均气温 19.3 ℃，相对湿度 83%，年均降水量 1 700 mm，主要集中在春夏季。土壤是由燕山晚期白云母化中细粒花岗岩发育的山地暗红壤，土层厚度在 100 cm 以上。该地栽植有 4 个不同代数的杉木人工林，其中，1 代林林龄 18 a；2 代林林龄 18 a；3 代林林龄 19 a；4 代林林龄 16 a。该林分乔木层主要以杉木为主，1 代林土地植被覆盖度较高，灌木层植物主要有山苍子（*Litsea cubeba* (Lour.) Pers.）、毛冬青（*Ilex pubescens* Hook. et Arn.）、盐肤木（*Rhus chinensis* Mill.）等；草本层植物主要有芒萁（*Dicranopterisdichotoma* (Thunb.) Berhn.）、乌毛蕨（*Blechnum orientale* Linn.）、狗脊（*Cibotium barometz* (L.) J.Sm.）、观音莲座蕨（*Angiopteris fokiensis* Hieron）等。2 代林灌木层植物主要有粗叶榕（*Ficus hirta* Vahl）、草珊瑚（*Sarcandra glabra*（Thunb.）Nakai）等，草本层植物主要有狗脊（*Cibotium barometz* (L.) J.Sm.）、双盖蕨（*Diplazium donianum* (Mett.) Tard.-Blot）、扇叶铁线蕨（*Adiantum flabellulatum* L. Sp.）等。3 代与 4 代植被丰富度则显著下降，灌木层植物主要有粗叶榕（*Ficus hirta* Vahl）、毛冬青（*Ilex pubescens* Hook. et Arn.）等；草本层植物主要有芒萁（*Dicranopterisdichotoma* (Thunb.) Berhn.）、狗脊（*Cibotium barometz* (L.) J.Sm.）等。通过以空间代时间的方法，于 2021 年 10 月，选择立地条件相似、林龄为 18 a 左右的中林龄、代数分别为 1～4 代（G1 ～ G4）的杉木人工林进行采样，样地基本理化性质见表 1。每片林地选择 3 个坡度在 30°～40°，海拔、坡向相近的土坡。每个土坡上划分 20 m × 20 m 的采样地，沿着 S 型采集 6 份样品，去除枯枝落叶后，用土钻钻取深度为 20 cm 的表层土壤，并将 6 份样品等

量混合为一份。每片人工林采集 3 份样品，每份土壤过 20 目筛后放入 4 ℃ 冰箱内冷藏保存，一部分用于土壤理化性质测定，另一部分用于氨氧化古菌群落结构与多样性测定。

表 1　样地土壤理化性质

Table 1　Soil physical and chemical properties of the sample plot

代数 Planting generation	1代 First generation	2代 Second generation	3代 Third generation	4代 Fourth generation
pH	4.66 ± 0.02 a	4.73 ± 0.03 ab	4.77 ± 0.03 ab	4.87 ± 0.11 b
碳氮比 C/N	13.88 ± 0.85 a	13.31 ± 0.31 a	14.00 ± 0.62 a	13.15 ± 0.14 a
全碳 TC/ ($g \cdot kg^{-1}$)	19.32 ± 0.81 b	18.37 ± 0.23 b	18.89 ± 1.67 b	30.30 ± 0.13 a
全氮 TN/ ($g \cdot kg^{-1}$)	1.39 ± 0.05 b	1.38 ± 0.01 b	1.35 ± 0.08 b	2.31 ± 0.02 a
可溶性有机碳 DOC/($mg \cdot kg^{-1}$)	178.00 ± 7.51 ab	205.57 ± 10.78 a	178.07 ± 6.00 ab	157.33 ± 6.32 b
总可溶性氮 TSN/($mg \cdot kg^{-1}$)	13.75 ± 1.41 bc	17.41 ± 1.63 ab	19.55 ± 0.48 a	12.68 ± 1.02 c
可溶性有机氮 SON/($mg \cdot kg^{-1}$)	2.61 ± 1.21 ab	4.88 ± 0.79 ab	6.75 ± 1.86 a	1.60 ± 0.91 b

注：表中数值为平均值 ± 标准误，同行数据后的不同小写字母表示同一形态氮素含量在不同代数之间差异显著 ($P<0.05$)；下同

Notes: The data in the table is the mean ± standard error. Different lowercase letters after the same column of data indicate that the nitrogen content of the same form is significantly different between different stand ages ($P<0.05$), the same below

1.2　土壤理化性质测定

土壤 pH 值采用 pH 计（ST3100-F Ohaus, New Jersey，美国）测定：称取 10 g 风干土倒入 50 mL 烧杯，加入 25 mL 水（去 CO_2 纯水，水土比 2.5:1），混合搅拌静置 30 min 后用 pH 计测定；土壤硝态氮（NO_3^--N）、铵态氮（NH_4^+-N）含量使用全自动连续流动分析仪（AA3 SEAL Analytical, 荷兰）测定，土壤样品经过 2 $mol \cdot L^{-1}$ KCl 溶液浸提后上机测定；土壤微生物量氮（MBN）含量采用氯仿熏蒸浸提法[17] 测定，未熏蒸土样加入 120 mL 0.5 $mol \cdot L^{-1}$ K_2SO_4 溶液（水土比 4:1）浸提，直接震荡过滤，熏蒸土样在真空干燥器中加入氯仿熏蒸，培养 24 h 后浸提，过滤膜后上总有机碳分析（TOC-LCPH, Shimadzu, Japan）测定，直接得出未熏蒸样品的总可溶性氮（TSN）含量，计算熏蒸与未熏蒸样品的总可溶性氮（TSN）含量差值，得到土壤微生物量氮（MBN）含量，转换系数为 0.54。

1.3　土壤酶测定

土壤酶活性使用试剂盒进行测定，每个处理设置 3 个重复。酶活性均使用酶标仪（SpectraMax M4，美国）测定。

土壤氨单加氧酶（S-AMO）：测定原理为氨单加氧酶与 HRP 标记的抗体结合，形成抗体-抗原-酶标抗体复合物，再经洗涤、显色、酸化，用酶标仪在 450 nm 波长下测定吸光度值，即可反应样品氨单加氧酶活性[18]。

土壤脲酶（S-UE）：测定原理为脲酶水解尿素所产生的 NH_3 在强碱性介质中能够与次氯酸钠和苯酚反应，生成水溶性蓝色染料靛酚蓝，在 630 nm 处具有特征吸收峰，通过吸光值的变化可表征土壤脲酶的活性[19]。

土壤过氧化氢酶（S-CAT）：测定原理为 H_2O_2 在 240 nm 处具有特征吸收峰，土壤过氧化氢酶分解 H_2O_2 使反应溶液在 240 nm 处吸光值随反应时间而下降，通过测定吸光值的变化率即可表征土壤过氧化氢酶的活性[20]。

1.4　土壤氨氧化古菌测定

完成基因组 DNA 抽提后，利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA，采用引物 Arch-amoAF（GACTACATMTTCTAYACWGAYTGGGC）、Arch-amoAR（GGKGTCATRTATGGWGGYAAYGTTGG）[21] 对土壤中 *amoA*(26-417) 区域进行 PCR 扩增，PCR 产物使用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增目的条带大小，并用 Agencourt AMPure XP 核酸纯化试剂盒纯化，随后完成 Miseq 文库构建。将符合要求的测序文库在 Illumina Miseq 平台上进行双末端测序（Paried-End），对基因进行物种注释后得到各分类水平上的氨氧化古菌的相对丰度[22]。

1.5　数据分析与处理

数据经过正态分布检验，通过 SPSS 25.0 软件对组间土壤氮素含量和氨氧化古菌 Alpha 多样性指数分别进行单因素方差分析，以 0.05 的显著性

水平为样品均值比较的最小显著差异检验。土壤氮素含量、酶活性及氨氧化古菌群落相对丰度冗余分析（RDA）使用 Canoco5 完成。叠加热图的 Mantel_r 分析和中性群落模型使用在线作图平台完成。利用 R Studio 软件完成随机森林模型和偏最小二乘路径模型以探究土壤氨氧化古菌、酶活性与硝态氮之间的响应关系。

2 结果与分析

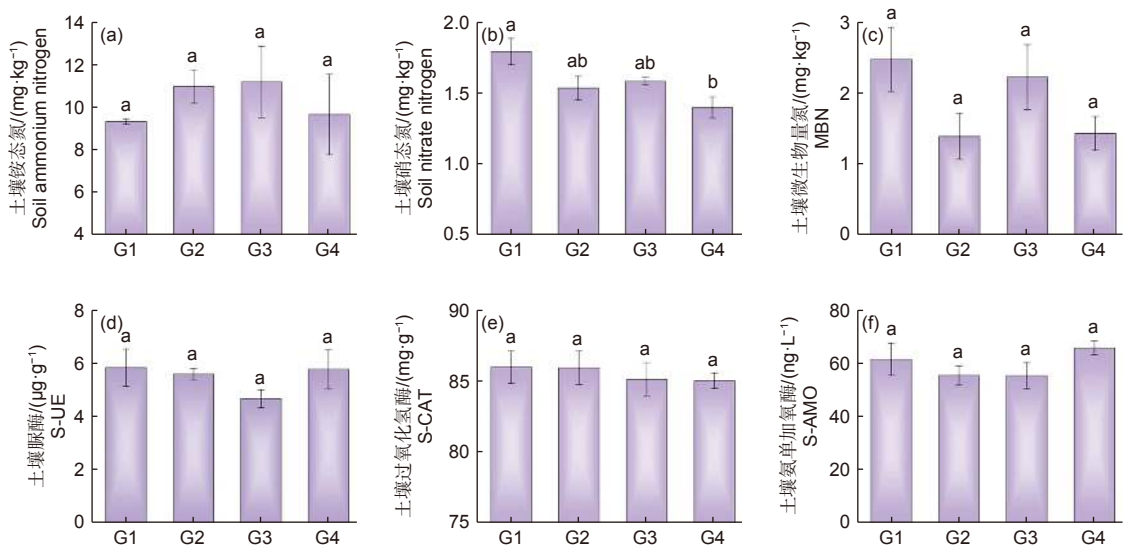
2.1 不同代数杉木林土壤有效氮含量与酶活性

由图 1 可知：代数对杉木林土壤理化性质影响显著，不同土壤理化性质随连栽代数的变化趋势不同。随代数增加，土壤硝态氮（NO_3^--N）呈显著下降趋势（图 1b），而土壤铵态氮（NH_4^+-N）和土壤微生物量氮（MBN）含量变化趋势并不明显且各代之间差异不显著（图 1a、c）。对不同代数杉木林土壤酶活性进行分析，过氧化氢酶（S-CAT）在不同代数杉木林土壤中基本呈降低趋势（图 1e），G1 时 3 种酶活性均最高，G3 时脲酶（S-UE）和氨单加氧酶（S-AMO）均为最低值（图 1d、图 1f），除了过氧化氢酶，测定的脲酶和氨单加氧酶随代数增加均表现出先降后升的趋势，表明土壤酶活性的高低与杉木连栽有密切关系。

2.2 不同代数杉木林土壤中氨氧化古菌丰度与多样性分析

通过 Alpha 多样性指数可以反映微生物群落的丰度和多样性，其中，物种丰度变化能通过丰富度指数（Chao1）变化体现，群落多样性能通过多样性指数（Shannon、Simpson）变化体现。从图 2 氨氧化古菌 Alpha 多样性指数变化可知：随连栽代数增加，Chao1 指数和 Simpson 指数总体表现为先降再升再降趋势，在 G1、G3 时最高，G4 时最低，且 G1~3 和 G4 之间差异显著；而 Shannon 指数总体表现为先升后降趋势，G2 时最高，G4 时显著降低。综上，土壤中氨氧化古菌丰富度和多样性指数总体表现为随代数下降趋势。

不同代数杉木林土壤样本中共检测出 14 个菌门，如图 3 所示，土壤氨氧化古菌在门类水平上，相对含量较高的为变形菌门（Proteobacteria），随代数的增加呈先升后降趋势，从 G1（1.24%）到 G3（1.64%）时升高，G4（0.53%）时最低；属分类水平上，优势类群为慢生根瘤菌属（*Bradyrhizobium*）、*Opitutus*、嗜酸菌属（*Acidiphilium*）、盐长寿菌属（*Halovivax*）、*Nitrosopumilus*、亚硝化球菌属（*Nitrososphaera*）。慢生根瘤菌属呈现先降再升再降的趋势，G3（1.03%）时升高，G4（0.21%）时最低，与

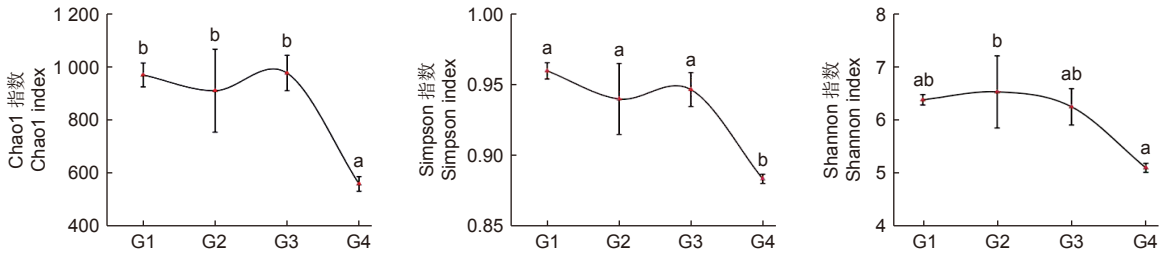


注：G1：1 代杉木林；G2：2 代杉木林；G3：3 代杉木林；G4：4 代杉木林。下同.不同小写字母代表不同代数之间差异显著（p<0.05）

Notes : G1: first generation plantation; G2: second generation plantation; G3: third generation plantation; G4: fourth generation plantation. The same below.Different lowercase letters represent significant differences between different generations of the same content (p< 0.05)

图 1 不同连栽代数杉木林土壤有效氮含量与酶活性

Fig. 1 Soil available nitrogen content and enzyme activity in Chinese fir plantations of different generations



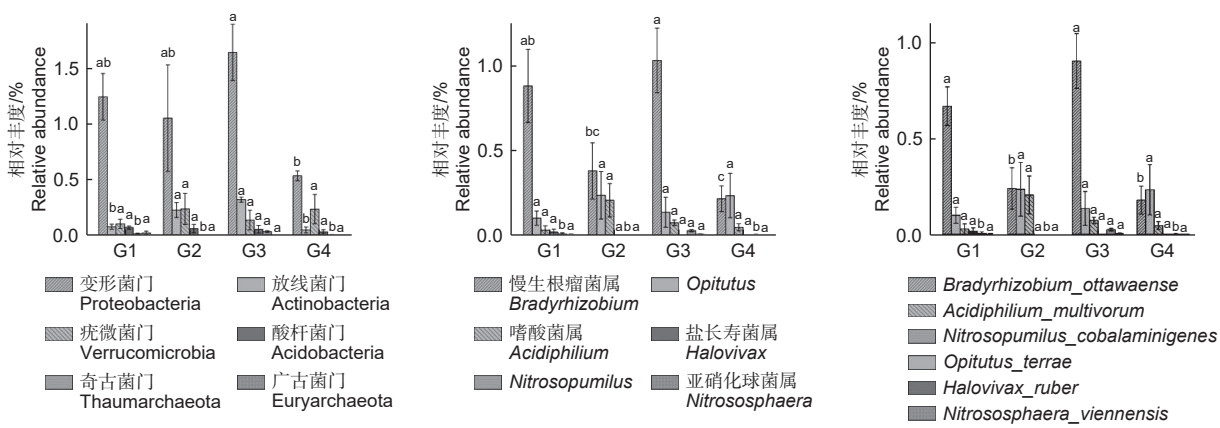
注：不同小写字母代表同一指数不同代数之间差异显著（p<0.05）

Note :Different lowercase letters represent significant differences between different generations of the same index (p<0.05)

图 2　不同连栽代数杉木林土壤氨氧化古菌 Alpha 多样性指数

Fig. 2　The Alpha diversity index of Soil ammonia-oxidizing archaea in Chinese fir forests of different generations

Opitutus（G3：0.14%；G4：0.23%）先升再降再升的趋势相反；种分类水平上，*Bradyrhizobium_*ottawaense 相对含量在 G2（0.24%）和 G4（0.18%）时显著降低；*Opitutus_terrae* 则在 G2（0.24%）和 G4（0.23%）时升高。随代数增加，亚硝化球菌属（G3：0.005%；G4：0）、嗜酸菌属（G2：0.21%；G4：0.05%）和 *Nitrosopumilus*（G3：0.03%；G4：0.002%）变化趋势相同，均呈先升高后降低趋势，在 G2、G3 时升高，G4 时降低。盐长寿菌属则呈逐代降低趋势，G1（0.02%）时最大，G2 后无丰度值。本研究还发现，放线菌门（Actinobacteria）相对含量在 G3（0.32%）时最高，G4（0.05%）时最低；酸杆菌门（Acidobacteria）从 G1（0.07%）到 G4（0.03%）明显降低；*Acidiphilium_multivorum*（G2：0.21%；G4：0.05%）、*Nitrosopumilus_cobalaminigenes*（G3：0.03%；G4：0.002%）和 *Nitrososphaera_viennensis*（G3：0.005%；G4：0）的变化趋势基本一致，均在 G2、G3 时升高，G4 时降低。



注：不同小写字母代表同一分类水平上同种微生物不同代数之间差异显著 (p < 0.05)

Note : Different lowercase letters represent significant differences between different generations of the same microorganism at the same taxonomic level(p < 0.05)

图 3　不同分类水平上土壤氨氧化古菌相对丰度

Fig. 3　Relative abundance of Soil ammonia oxidizing archaea at different taxonomic levels

由于本次高通量测序是将 *amoA* 基因作为标记从分子水平上进行探究，采用引物 Arch-*amoA*F（GACTACATMTTCTAYACWGAYTGGGC）、Arch-*amoA*R（GGKGTCATRTATGGWGGYAAYGTTGG）对土壤中 *amoA*(26-417) 区域进行 PCR 扩增，与同是 *amoA* 基因作为标记的氨氧化细菌的引物 *amoA*-1F（GGGGTTTCTACTGGTGGT）、*amoA*-2R（CCCCTCKGSAAAGCCTTCTTC）相似，本次土壤氨氧化古菌测定结果在不同分类水平上也检测出部分细菌。

为了明确随机过程对不同栽植代数杉木人工林氨氧化古菌群落组装的潜在重要性，通过中性群落模型（NCM）评估群落中 OTU 出现频率与相对丰度之间的关系。如图 4 所示，蓝色实线表示中性群落模型的最适拟合值，蓝色虚线代表模型的 95% 置信区间，出现频率高于或低于中性群落模型预测的 OTU 以不同颜色显示。结果显示：中性群落模型能够估计 OTU 的出现频率与相对丰度变化之间的一部分关系，R^2 值（R^2=0.43）在氨氧化古菌群落中具有合理的解释率（R^2>0.4），较小的 m 值说明在群落中物种扩散受限制。总的来说，随机过程在不同栽植代数杉木人工林氨氧化古菌群落的空间分布较为重要，但也受扩散限制。

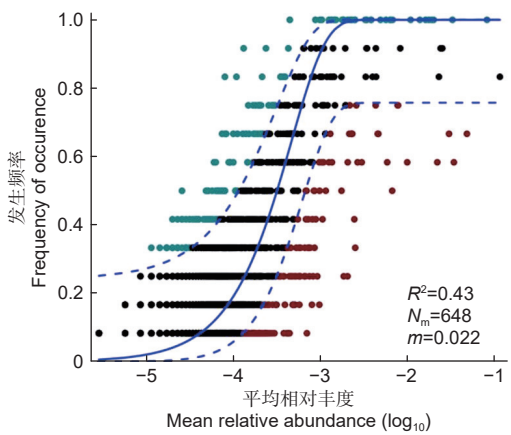
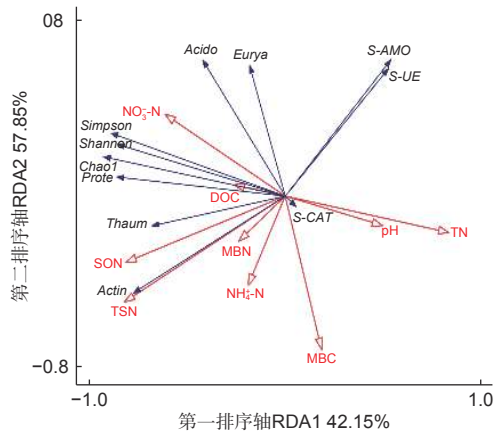


图 4 中性群落模型分析

Fig. 4 Analysis of neutral community model

2.3 土壤理化性质、酶活性与氨氧化古菌丰度和多样性的冗余分析

对不同代数杉木林土壤理化性质、酶活性与氨氧化古菌丰度和多样性进行冗余分析，如图 5 所示，箭头线段越长，表示研究对象影响程度越高，反之则相反；箭头间的夹角表示二者之间的相关关系，夹角越接近 0°，二者越呈正相关关系，夹角越接近 180°，二者越呈负相关关系。第一排序轴（RDA1）解释群落变化的 42.15%，第二排序轴（RDA2）解释群落变化的 57.85%。在所有土壤理化性质中，NO_3^--N 对 Chao1 指数、Simpson 指数以及 Shannon指数影响最大，呈正相关关系，而 pH、TN 与之呈负相关；TSN、SON 与 Chao1 指数呈正相关。S-AMO 与 pH、TN 呈正相关，与 TSN 呈负相关；S-UE 与 NH_4^+-N 呈负相关；S-CAT 与 pH 呈正相关。酸杆菌门和广古菌门（Euryarchaeota）与 NO_3^--N 呈正相关，与 NH_4^+-N 呈负相关；变形菌门和奇古菌门（Thaumarchaeota）与 NO_3^--N 呈正相关，与 pH、TN 呈负相关；放线菌门与 TSN呈正相关，与 S-AMO 呈负相关。



注：pH：pH 值；TN：全氮；TC：全碳；NH_4^+-N：铵态氮；TSN：总可溶性氮；SON：可溶性有机氮；NO_3^--N：硝态氮；MBN：微生物量氮；DOC：可溶性有机碳；Chao1：丰富度指数；Shannon：多样性指数；Simpson：多样性指数；S-CAT：土壤过氧化氢酶；S-UE：土壤脲酶；S-AMO：土壤氨单加氧酶；Eurya：广古菌门；Acido：酸杆菌门；Prote：变形菌门；Thaum：奇古菌门；Actin：放线菌门

Notes:pH:pH value; TN:Total nitrogen; TC: Total carbon; NH_4^+-N: Ammonium nitrogen; TSN:Soluble organic nitrogen; SON:Soluble Organic Nitrogen; NO_3^--N:Nitrate nitrogen; MBN:Microbial biomass nitrogen; DOC: Dissolved organic carbon; Chao1:richness index; Shannon:diversity index; Simpson: diversity index; S-CAT:Soil catalase; S-UE:Soil urease; S-AMO:Soil ammonia monooxygenase; Eurya: Euryarchaeota; Acido:Acidobacteria; Prote:Proteobacteria; Thaum: Thaumarchaeota; Actin: Actinobacteria

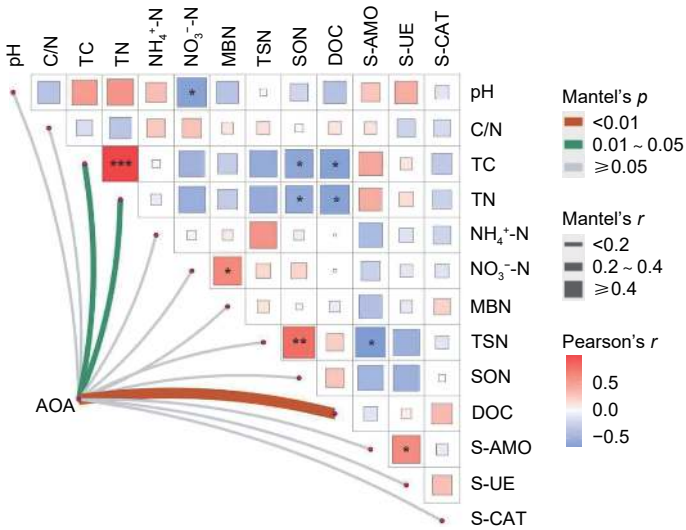
图 5 不同连栽代数杉木林土壤理化性质、酶活性与氨氧化古菌丰度与多样性的冗余分析（RDA）

Fig. 5 Correlation analysis between the soil physical and chemical properties,enzyme activities and abundance and diversity of ammonia-oxidizing archaea with different continuous planting generations

2.4 氨氧化古菌与土壤理化性质和酶活性之间的 Mantel_r 相关性分析

以 Mantel_r 对 2 个矩阵相关性进行检验。p 值越小，Mantel_r 的相关性系数越大，说明环境因子对微生物群落的影响越大，且它的偏分析可以排除环境因子之间自相关的干扰。结果（图 6）表明：AOA 对 DOC 的影响最大，呈极显著正相关（p<0.01），AOA 与 TC、TN 呈显著正相关

（p<0.05）。TC 与 TN 呈强显著正相关（p<0.001），TSN 与 SON 呈极显著正相关（p<0.01），与 S-AMO 呈显著负相关（p<0.05）；NO_3^--N 与 MBN 呈显著正相关（p<0.05），与 pH 呈显著负相关（p<0.05），SON、DOC 与 TC、TN 呈显著负相关（p<0.05）。



注：*、**分别表示在 0.05 和 0.01 水平上显著相关，其中，矩形框表示使用 Pearson 建立的不同环境因素之间的相关性，蓝色表示负相关、红色表示正相关，并且颜色越深表明具有更显著的相关性。图中不同范围的 p 值以不同颜色的线条表示，而 Mantel's r 值以线条的粗细表示

Notes : * and** were significantly correlated at the level of 0.05 and 0.01, respectively. Among them, the rectangular box represents the correlation between different environmental factors established by Pearson, blue represents negative correlation, red represents positive correlation, and darker color indicates more significant correlation.*P* values of different ranges in the figure are represented by lines of different colors, while Mantel's r value is represented by lines of thickness

图 6　叠加热图的 Mante_r 分析

Fig. 6　Mante_r analysis of superimposed heat maps

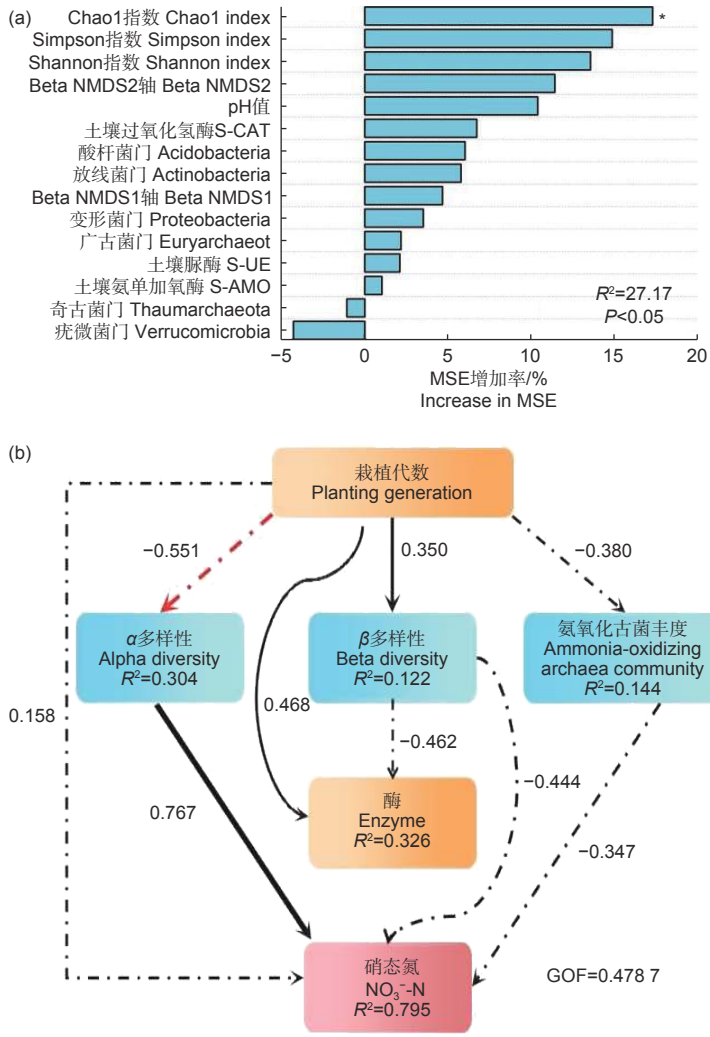
2.5　氨氧化古菌丰度与多样性各因素对土壤硝态氮的重要性分析

利用随机森林模型（RF）和偏最小二乘路径模型（PLS-PM）分析氨氧化古菌丰度与多样性各因素对土壤硝态氮的相对重要性，图 7 表明：各指标对硝态氮均有一定影响。随机森林模型（图 7a）表明：氨氧化古菌 Alpha 多样性指数对硝态氮影响最大，其中，Chao1 指数是影响硝态氮的最重要因素。偏最小二乘路径模型（图 7b）表明：对硝态氮的直接影响最明显的是氨氧化古菌 Alpha 多样性指数（0.767），其次是群落相对丰度（−0.347）。

3　讨论

3.1　杉木连栽对土壤有效氮含量和酶活性的影响

硝态氮与铵态氮是土壤有效氮存在的 2 种主要形式，是植物可直接利用的氮源。本研究中，随栽植代数增加，土壤中 NO_3^--N 含量逐渐降低，NH_4^+-N 含量变化不明显，这与 Chen 等[23] 的研究结果相似。一方面是土壤 NH_4^+-N 带正电，容易被土壤胶体吸附留存于土壤中，而 NO_3^--N 带负电，移动性强，在酸性土壤中容易流失，且更易于被植物利用。另一方面可能反应出土壤为适应氮素匮乏而采取的保氮机制，尽管土壤全氮未见明显下降，但土壤矿化率升高，硝化率降低，能够减少土壤氮流失的风险，这与 Chen 等[24] 的研究结果相似。土壤氮有效性很大程度上是通过氮矿化过程来调控，该过程在微生物参与下将土壤有机氮转化为无机氮。有报道表明，随着连栽代数增加，杉木林土壤中氨氧化古菌的数量和种类有所下降[25]，这可能是导致土壤 NO_3^--N 含量降低的原因。土壤微生物量氮是土壤有机氮中最活跃的组分，也是土壤氮循环和转化过程中的重要参数[26]。本研究相关分析表明，土壤 MBN 与土壤 NO_3^--N 呈显著正相关，表明硝化过程是影响土壤微生物量氮的一个重要因素，这与刘金炽等[27] 的研究结果相似。由于多代连栽抑制了土壤的硝化作用，土壤中微生物可利用的物质减少，微生物量氮矿化分解步骤减少，从而降低了土壤微生物量氮含量[28]。



注：随机森林模型给出了每个因素对土壤硝态氮的重要性程度。偏最小二乘路径模型中，线条越粗代表影响程度越大，实线表示正影响，虚线表示负影响，红色代表影响显著

Notes: The random forest model gives the importance of each factor to soil nitrate nitrogen. In the partial least squares path model, the thicker the line is, the greater the impact is ; the solid line represents a positive impact ; the dotted line represents a negative impact ; and the red represents a significant impact

图 7 随机森林模型（RF）和偏最小二乘路径模型（PLS-PM）

Fig. 7 Random Forest and partial Least Squares Path Modeling

其次，土壤酶是促进土壤氮循环过程的催化剂。酶活性高低不仅能够反应微生物化学过程的强度和方向，还可表征土壤养分元素的动态变化。土壤过氧化氢酶在微生物代谢过程中起着重要作用，它参与土壤中许多重要的生物化学过程，其活性与土壤氮素关系密切[29]。土壤脲酶是有机氮矿化和氮动态调节的重要指标，它能促进尿素水解生成氨，是林木氮素营养的直接来源[30]。本研究中，土壤脲酶、过氧化氢酶活性均随代数增加呈降低趋势，这与张威等[31]的研究结果一致。由于杉木连栽代数的增加，土壤中有机残体分解速度及腐殖质合成能力明显下降，这可能与酶促作用底物浓度降低有关。因为土壤有机质和腐殖质数量减少，使土壤黏粒含量和微生物数量下降，这些变化导致了土壤酶活性下降[32]。胡亚林等[33]研究证实，杉木凋落物的数量与土壤酶活性呈显著正相关，杉木属常绿针叶树种，枝叶常年不易掉落，林下凋落物总类和数量较少，因此，不同连栽代数杉木人工林地凋落物可能也是影响土壤酶活性的原因之一。氨单加氧酶（AMO）是参与土壤氨氧化过程的关键功能酶[34]，包含 amoA、amoB、amoC 三个亚基。氨氧化古菌和氨氧化细菌都含有氨单加氧酶基因，amoA 亚

基常作为研究氨氧化微生物的分子标记，来研究自然环境中氨氧化微生物的丰度和多样性。本研究中，土壤 AMO 活性随代数增加呈先降低后升高的趋势。由于 AMO 是驱动土壤中氨氧化微生物向有效氮养分转化的关键酶，随着栽植代数的增加，土壤微生物活性逐渐降低，矿化速率逐渐减慢，影响着 AMO 的活性，更对杉木多代连栽过程土壤养分的活化、周转和积累产生显著影响[35]。

3.2　杉木连栽对土壤氨氧化古菌群落丰度与多样性的影响

微生物群落在土壤中处于一个动态平衡的过程，任何影响土壤理化性质的因子都会干扰土壤微生物群落的变化，进而影响微生物的活性、生态功能及土壤肥力[36]。本研究中，土壤 AOA 丰度与多样性大致呈现逐代降低趋势，杉木多代连栽抑制了 AOA 的生长。前人研究表明，森林土壤微生物中存在一种“杉木连栽土壤存在中毒物质”的观点，由 Mikola、Mazzola 等研究者确立起来[37]，证实了森林土壤比耕作土壤具有更强的毒性，并认为这种森林土壤中毒的现象可能来自于土壤微生物。同时，冯宗炜等[38] 也在湖南会同森林生态实验中证实，杉木连栽土壤存在毒性物质，杉木的凋落物便是杉木自毒物质的来源之一，主要是一些酚醛类化合物影响了土壤微生物的数量和分布。本研究 Mante_r 分析表明，土壤 AOA 和 DOC、TC、TN 均呈显著相关性。不同代数连栽意味着不同的林分养分状况和微生态条件，因此，氨氧化古菌群落形成了对各连栽代数土壤环境的反应。对于连栽人工林来说，凋落物是林地的主要养分来源，森林土壤的毒性（镰刀菌属真菌作为主要病原菌）和多种土壤养分含量的变化，对 AOA 群落结构和多样性产生了复杂的影响，进而影响到土壤硝态氮含量[39]。也有研究认为，土壤 AOA 的丰度与多样性由它们的生态特征决定，一定程度上，微生物群落结构与地上种群有关，林下植被的变化对土壤微生物群落的组成也有显著影响[40]，从 G1 到 G4，林下植被种类逐渐单一、生物多样性降低，杉木细根生物显著减少，根系分泌物发生改变[41]，导致 AOA 群落丰度与多样性逐代下降。说明 AOA 丰度与多样性变化会受到土壤理化性质的影响。

本研究中，氨氧化古菌测定结果在不同分类水平上也检测出部分细菌的存在。典型氨氧化过程被认为是一个由变形菌纲中的一小部分细菌类群所进行的专性好氧的化能自养过程[42]，而氨氧化古菌和氨氧化细菌的功能类似，都利用 *amoA* 基因作为标记从分子水平上进行氨氧化作用。有研究表明[43]，16S rRNA 基因由于多拷贝和基因组内部异质性，因此，导致对氨氧化微生物多样性分析的偏差。土壤铵态氮含量对氨氧化古菌的奇古菌门和广古菌门有直接影响作用，铵态氮含量变化与之密切相关[44]。根据土壤理化性质的分析，铵态氮含量随代次呈现先升后降趋势，第 3 代时最高，这与奇古菌门及亚硝化球菌属相对丰度变化一致。其次，相关分析结果显示，NH_4^+-N 与奇古菌门呈正相关，与广古菌门呈负相关，这与 Zhalnina 等[45] 的研究结果一致。Jiao 等[44] 在玉米和水稻土壤古菌试验中发现，亚硝化球菌属为奇古菌门的优势种，同时也是硝化过程的氨氧化剂，从 1 代至 3 代，由于土壤吸附住的铵态氮含量的升高，导致 NH_3 对氨氧化剂的可用性增大，从而提高了奇古菌门及亚硝化球菌属相对丰度。变形菌门、放线菌门、酸杆菌门等为氨氧化过程的主要优势菌群，与魏志超等[46] 研究结果相似。由于变形菌门是典型的 R 策略菌，有机质含量高，pH 低的环境会加速促进 R 策略菌生存和繁殖，从第 1 代到第 4 代，pH 值升高，这也解释了变形菌门相对丰度减小的原因。变形菌门需要消耗有机质来供应代谢活动所需要的能量，因此，变形菌门与土壤 TN 呈负相关。但也有研究认为，土壤变形菌门含量对土壤氮素是起到正向促进作用的，如李艳春等[47] 研究发现，变形菌门代谢活动是土壤中最主要的细菌活动，随着土壤氮素含量增加，变形菌门的丰度增加。由于在酸性土壤中，不同林地凋落物的组成成分、数量与植被根系分布状况和数量的不同，森林土壤的空间异质性及林分类型的差异也是群落结构差异的原因。本研究中，放线菌门与总可溶性氮和可溶性有机氮呈正相关，这与 Sekaran 等[48] 的研究结果相似。本研究样品采集地为南方典型酸性壤土，土壤酸杆菌门呈显著下降趋势，由于酸杆菌具有嗜酸性，随连栽代数增加，pH 略微升高，导致土壤酸杆菌逐代减少。放线菌为 K 对策者，在资源有限的条件下，选择可维持长期生存状态的繁殖策略[49]。综上，变形菌门、放线菌门、酸杆菌门对促进氮素形态转化过程发挥重要作用。

3.3 杉木多代连栽过程中硝态氮与氨氧化古菌的关系

不同连栽代数杉木人工林土壤中硝态氮与AOA有密切联系。AOA主要通过控制硝化关键步骤的氨氧化过程速度及编码氨单加氧酶2种机制影响土壤中硝态氮的含量和转化。一方面，AOA丰度和多样性特征与土壤环境因子的响应会影响土壤硝态氮的变化，另一方面AOA编码AMO能够影响酶和底物的构象及酶对土壤的吸附性等，进而影响土壤硝态氮的转化[9]。Guo等[50]在杉木林转化过程对微生物群落和氮功能基因研究中发现，变形菌门、酸杆菌门等为优势类群，这与本研究结果相同，变形菌门和酸杆菌门在森林土壤中具有广泛的代谢和生理途径，对土壤氮循环起重要作用。

在对门水平下的氨氧化古菌类群与土壤酶活性进行冗余分析中发现，NO_3^--N与奇古菌门、广古菌门呈正相关，与氨单加氧酶呈负相关。Stein等[51]在研究含有铵或亚硝酸盐的欧洲猪笼草孵化实验中发现，一定浓度下的氨氧化作用所产生的亚硝酸盐会对AMO的活性有削弱作用。本研究中，硝态氮含量随代数逐渐降低，AMO活性在G1~G3时降低，在G4时升高，为此一种可能的机制是，第1代至第3代土壤进行的氨氧化作用所生成的亚硝酸盐不足以抑制AMO活性，第4代亚硝酸盐的减少使土壤AMO的活性升高。

长期以来，微生物丰度与多样性一直被认为是调节生态系统功能的关键因素。土壤微生物群落丰度与多样性的降低将严重影响到土壤养分的分解、循环和保留。通过构建随机森林模型和偏最小二乘路径模型分析氨氧化古菌丰度与多样性各因素对土壤硝态氮的相对重要性，结果显示，氨氧化古菌丰度与多样性是影响硝态氮的最重要因素，这与郑有坤等[52]研究结果一致。Zhou等[53]在连栽 *C. equisetifolia* 种植园试验表明，连栽种植会降低土壤pH值、有机质含量、C/N比和P素，这也显著改变了土壤微生物群落的组成和多样性，使得土壤氮有效性降低。考虑到土壤微生物群落是土壤养分循环过程（凋落物分解、矿化）的关键驱动力，同时它本身也是养分有效性的来源和汇。因此在不同栽植代数的林分中，逐代林下凋落物数量和分解速率显著下降，降低了AOA微生物群落丰度及多样性[54]，从而间接降低了土壤硝态氮（杉木偏好吸收的有效氮素）的含量。

4 结论

随杉木连栽代数增加，铵态氮变化不明显，硝态氮含量显著下降，除第四代土壤脲酶和氨氮加氧酶酶活性略有上升，土壤氮循环相关酶活性基本呈现降低趋势。氨氧化古菌群落丰度与多样性总体呈现降低趋势，表明连栽对氨氧化古菌微生物群落产生显著影响。不同代数杉木林AOA群落结构有较大差异，其中变形菌门、放线菌门为优势类群，随代数呈现降低趋势。本研究证实了土壤养分含量与AOA微生物群落以及土壤酶活性之间联系密切，AOA对杉木人工林土壤氮素循环硝化过程起着重要的作用，对有效评判杉木林土壤质量变化有重要意义。

参考文献：

[1] 罗 扬, 刘书影, 周柳婷, 等. 连栽杉木根际土壤镰刀菌属真菌群落变化规律[J]. 生态学杂志, 2020, 39（9）：2921-2929.

[2] 郭佳欢, 孙杰杰, 冯会丽, 等. 杉木人工林土壤肥力质量的演变趋势及维持措施的研究进展[J]. 浙江农林大学学报, 2020, 37（4）：801-809.

[3] 张彦东, 白尚斌. 氮素形态对树木养分吸收和生长的影响[J]. 应用生态学报, 2003 , 14（11）：2044-2048.

[4] 李常诚, 李倩茹, 徐兴良, 等. 不同林龄杉木氮素的获取策略[J]. 生态学报, 2016, 36（9）：2620-2625.

[5] 陈雅敏. 亚热带主要造林树种的氮吸收偏好及其调控因子[D]. 福州: 福建师范大学, 2018.

[6] 闫小莉, 胡文佳, 马远帆, 等. 异质性供氮环境下杉木、马尾松、木荷氮素吸收偏好及其根系觅氮策略[J]. 林业科学, 2020, 56（2）：1-11.

[7] 刘 先, 索沛蘅, 杜大俊, 等. 连栽杉木人工林参与土壤碳氮转化过程酶活性及其与土壤理化因子的相关性[J]. 生态学报, 2020, 40（1）：247-256.

[8] 陈郑洪, 阮超越, 程芳花, 等. 连栽杉木丛枝菌根真菌侵染率和土壤性质的关系[J]. 亚热带资源与环境学报, 2019, 14（4）：43-47,70.

[9] 刘正辉, 李德豪. 氨氧化古菌及其对氮循环贡献的研究进展[J]. 微生物学通报, 2015, 42（4）：774-782.

[10] 刘 帅. 典型生境中氨氧化古菌(AOA)和氨氧化细菌(AOB)的微生物生态学研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2015.

[11] 贺纪正, 张丽梅. 土壤氮素转化的关键微生物过程及机制[J]. 微生物学通报, 2013, 40（1）：98-108.

[12] LU L, HAN W Y, ZHANG J B, *et al*. Nitrification of archaeal ammonia oxidizers in acid soils is supported by hydrolysis of urea[J]. The ISME Journal, 2012, 6(10): 1978-1984.

[13] 刘爱琴, 范少辉, 林开敏, 等. 不同栽植代数杉木林养分循环的比较研究[J]. 植物营养与肥料学报, 2005 , 11（2）：273-278.

[14] 边雪廉, 赵文磊, 岳中辉, 等. 土壤酶在农业生态系统碳、氮循环中的作用研究进展[J]. 中国农学通报, 2016, 32（4）：171-178.

[15] 杜国坚, 张庆荣, 洪利兴, 等. 杉木连栽林地土壤微生物区系及其生化特性和理化性质的研究[J]. 浙江林业科技, 1995, 15（5）：14-20.

[16] 孙启武, 杨承栋, 焦如珍. 江西大岗山连栽杉木人工林土壤性质的变化[J]. 林业科学, 2003, 39（3）：1-5.

[17] 何振立. 土壤微生物量的测定方法: 现状和展望[J]. 土壤学进展, 1994, 22（4）：36-44.

[18] TAYLOR A E, GIGUERE A T, ZOEBELEIN C M, *et al*. Modeling of soil nitrification responses to temperature reveals thermodynamic differences between ammonia-oxidizing activity of archaea and bacteria[J]. The ISME Journal, 2017, 11(4): 896-908.

[19] TABATABAI M A, BREMNER J M. Assay of urease activity in soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1972, 4(4): 479-487.

[20] JOHNSON J L, TEMPLE K L. Some Variables Affecting the Measurement of “Catalase Activity” in Soil[J]. Soil Science Society of America Journal, 1964, 28(2): 207-209.

[21] HE J Z, SHEN J P, ZHANG L M, *et al*. 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): 2364-2374.

[22] FITZGERALD C M, CAMEJO P, OSHLAG J Z, *et al*. Ammonia-oxidizing microbial communities in reactors with efficient nitrification at low-dissolved oxygen[J]. Water Research, 2015, 70: 38-51.

[23] CHEN L C, GUAN X, WANG Q K, *et al*. Effects of phenolic acids on soil nitrogen mineralization over successive rotations in Chinese fir plantations[J]. Journal of Forestry Research, 2020, 31(1): 303-311.

[24] CHEN T H, CHIU C Y, TIAN G. Seasonal dynamics of soil microbial biomass in coastal sand dune forest[J]. Pedobiologia, 2005, 49(6): 645-653.

[25] 唐楚珺, 高李文, 彭紫薇, 等. 连栽杉木人工林土壤氮循环功能基因丰度特征 [J]. 应用与环境生物学报 , 2023 , 29 (1): 154-162 .

[26] 张成霞, 南志标. 土壤微生物生物量的研究进展[J]. 草业科学, 2010, 27（6）：50-57.

[27] 刘金炽, 招礼军, 朱栗琼, 等. 喀斯特地区泡核桃林土壤酶、微生物量及无机氮的动态研究[J]. 广东农业科学, 2020, 47（10）：83-92.

[28] 胡亚林, 汪思龙, 颜绍馗, 等. 杉木人工林取代天然次生阔叶林对土壤生物活性的影响[J]. 应用生态学报, 2005, 16（8）：1411-1416.

[29] REN C, KANG D, WU J P, *et al*. Temporal variation in soil enzyme activities after afforestation in the Loess Plateau, China[J]. Geoderma, 2016, 282: 103-111.

[30] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.

[31] 张　威, 张　明, 张旭东, 等. 土壤蛋白酶和芳香氨基酶的研究进展[J]. 土壤通报, 2008 , 39（6）：1468-1474.

[32] 杨玉盛, 邱仁辉, 俞新妥, 等. 杉木连栽土壤微生物及生化特性的研究[J]. 生物多样性, 1999 , 7（1）：1-7.

[33] 胡亚林, 汪思龙, 黄　宇, 等. 凋落物化学组成对土壤微生物学性状及土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2005 , 25（10）：2662-2668.

[34] LEININGER S, URICH T, SCHLOTER M, *et al*. Archaea predominate among ammonia-oxidizing prokaryotes in soils[J]. Nature, 2006, 442(7104): 806-809.

[35] 王　涛, 马宇丹, 许亚东, 等. 退耕刺槐林土壤养分与酶活性关系[J]. 生态学杂志, 2018, 37（7）：2083-2091.

[36] 李　娟, 赵秉强, 李秀英, 等. 长期不同施肥制度下几种土壤微生物学特征变化[J]. 植物生态学报, 2008 , 32（4）：891-899.

[37] 李延茂, 胡江春, 张　晶, 等. 杉木连栽土壤微生物多样性的比较研究[J]. 应用生态学报, 2005 , 16（7）：1275-1278.

[38] 冯宗炜, 陈楚莹, 李昌华, 等. 湖南会同杉木人工林生长发育与环境的相互关系[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 1982（3）：19-38.

[39] QIN H L, YUAN H Z, ZHANG H, *et al*. Ammonia-oxidizing archaea are more important than ammonia-oxidizing bacteria in nitrification and NO_3^--N loss in acidic soil of sloped land[J]. Biology and Fertility of Soils, 2013, 49(6): 767-776.

[40] LANGE M, EISENHAUER N, SIERRA C A, *et al*. Plant diversity increases soil microbial activity and soil carbon storage[J]. Nature Communications, 2015, 6(1): 6707.

[41] 魏晓骁. 连栽障碍地杉木优良无性系土壤特性分析及酚酸鉴定[D]. 福州: 福建农林大学, 2017: 4-5.

[42] KONNEKE M, BERNHARD A E, de la TORRE J R, *et al*. Isolation of an autotrophic ammonia- oxidizing marine archaeon[J]. Nature, 2005, 437(7058): 543-546.

[43] SUN D L, JIANG X, WU Q L, *et al*. Intragenomic heterogeneity of 16S rRNA genes causes overestimation of prokaryotic diversity[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(19): 5962-5969.

[44] JIAO S, XU Y, ZHANG J, *et al*. Environmental filtering drives distinct continental atlases of soil archaea between dryland and wetland agricultural ecosystems[J]. Microbiome, 2019, 7 (1): 15.

[45] ZHALNINA K, de QUADROS PD, CAMARGO F A O, *et al*. Drivers of archaeal ammonia-oxidizing communities in soil[J]. Front Microbiol., 2012, 3 (210): 210.

[46] 魏志超, 黄　娟, 刘雨晖, 等. 不同发育阶段杉木人工林土壤细菌类群特征[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2017, 37（5）：122-129.

[47] 李艳春, 林忠宁, 陆　烝, 等. 茶园间作灵芝对土壤细菌多样性和群落结构的影响[J]. 福建农业学报, 2019, 34（6）：690-696.

[48] SEKARAN U, SAGAR K L, DENARDIN L G D O, *et al*. Responses of soil biochemical properties and microbial community structure to short and long-term no-till systems[J]. European Journal of Soil Science, 2020, 71(6): 1018-1033.

[49] GÄRTNER A, BLÜMEL M, WIESE J, *et al*. Isolation and characterisation of bacteria from the Eastern Mediterranean deep sea[J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2011, 100(3): 421-435.

[50] GUO J, FENG H, MCNIE P, *et al*. The Effect of the conversion

from natural broadleaved forests into Chinese fir (Cunninghamia lanceolata (Lamb.) Hook.) plantations on soil microbial communities and nitrogen functional genes[J]. Forests, 2022, 13(2): 158.

[51] STEIN L Y, ARP D J. Loss of ammonia monooxygenase activity in Nitrosomonas europaea upon exposure to nitrite[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1998, 64(10): 4098-4102.

[52] 郑有坤, 王宪斌, 辜运富, 等. 若尔盖高原湿地土壤氨氧化古菌的多样性[J]. 微生物学报, 2014, 54（9）：1090-1096.

[53] ZHOU L T, LI J J, LUO Y, *et al*. Variation in soil fungal community structure during successive rotations of Casuarina equisetifolia plantations as determined by high-throughput sequencing analysis[J]. Plant Growth Regulation, 2019, 87(3): 445-453.

[54] TANG Y, YU G, ZHANG X, *et al*. Changes in nitrogen-cycling microbial communities with depth in temperate and subtropical forest soils[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 124: 218-228.

Relationship between Ammonia-Oxidizing Archaea Community Structure and Nitrate Nitrogen Content in Chinese Fir Plantations at Different Generations

CHEN Wen-wen[1,2], *WANG Shu-zhen*[1,2], *JIANG Yu-jie*[1], *ZHOU Chui-fan*[1,2]

(1. College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, Fujian, China; 2. Fujian University Engineering Research Center for Sustainable Management of Plantations, Fuzhou 350002, Fujian, China)

Abstract: [**Objective**] This article aims to analyze the changes of soil available nitrogen content in Chinese fir plantations at different generations, and explore the internal relationship between nitrate nitrogen and the structure and diversity of ammonia-oxidizing archaea community, which provides reference for the effective use of soil nitrogen of plantations and soil quality assessment of Chinese fir forest. [**Method**] Four Chinese fir plantations with different generations were selected in Nanping, Fujian Province. High-throughput sequencing technology was used to determine the amoA gene amplified by PCR. Mantel_r correlation analysis, random forest model and partial least squares path model were used to study the relationship between soil available nitrogen content, ammonia-oxidizing archaea community abundance and diversity in different generations. [**Result**] With the increase of continuous cropping generations of Chinese fir, the content of nitrate nitrogen (NO_3^--N) decreased significantly, and the content of ammonium nitrogen (NH_4^+-N) and microbial biomass nitrogen (MBN) did not change significantly. Soil enzyme activity and the abundance and diversity of ammonia-oxidizing archaea (AOA) community showed a decreasing trend. Soil available nitrogen content was closely related to ammonia-oxidizing archaea community and enzyme activity, and the abundance and diversity of ammonia oxidizing archaea community was the most important factor affecting nitrate nitrogen content. [**Conclusion**] With the increase of planting generation, the abundance and diversity of ammonia oxidizing archaea community decrease to a certain extent. Except for the fourth generation of soil urease and ammonia nitrogen oxygenase enzyme activity increased slightly, soil nitrogen cycle related enzyme activity shows a decreasing trend, resulting in a significant reduction in soil nitrate nitrogen content, which limits the effectiveness of soil nitrogen in continuous cropping Chinese fir plantations.

Keywords: Chinese fir plantation; soil degradation; nitrate nitrogen; ammonia-oxidizing archaea; soil enzyme; continuous cropping generation

（责任编辑：张 研）