北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

森林转耕后土壤碳质量对微生物碳利用效率的非线性调控机制

聂荟雯 冯志强 曹磊 黄长江 孔童瑶 何杨辉

Nonlinear regulatory mechanisms of soil carbon quality on microbial carbon use efficiency following forest-to-cropland conversion

Nie Huiwen, Feng Zhiqiang, Cao Lei, Huang Changjiang, Kong Tongyao, He Yanghui

引用本文:
聂荟雯, 冯志强, 曹磊, 黄长江, 孔童瑶, 何杨辉. 森林转耕后土壤碳质量对微生物碳利用效率的非线性调控机制[J]. 北京林业大学学报, 2026, 48(5):49–59. doi: 10.12171/j.1000–1522.20250457
Nie Huiwen, Feng Zhiqiang, Cao Lei, Huang Changjiang, Kong Tongyao, He Yanghui. Nonlinear regulatory mechanisms of soil carbon quality on microbial carbon use efficiency following forest–to–cropland conversion[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(5):49–59. doi: 10.12171/j.1000–1522.20250457

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250457

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

树种多样性对森林死木微生物分解及碳循环的影响研究进展

Research progress of impacts of tree species diversity on microbial decomposition of forest deadwood and carbon cycling

北京林业大学学报, 2024, 46(11): 1–9. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240233

增温对高寒草甸土壤微生物多样性及功能潜力的影响

Effects of warming on soil microbial diversity and functional potential in alpine meadows

北京林业大学学报, 2025, 47(1): 29–38. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240064

基于土地利用变化的陕北地区生境质量时空演变及其驱动因素

Spatial–temporal evolution of habitat quality in northern Shaanxi Province of northwestern China based on land use change and its driving factors

北京林业大学学报, 2022, 44(6): 85–95. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210437

山西太岳山不同林龄华北落叶松林土壤微生物群落结构特征

Characteristics of soil microbial community structure with different plantation ages in larch forest in Taiyue Mountain of Shanxi Province, northern China

北京林业大学学报, 2022, 44(5): 86–93. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210132

林下植被叶际微生物群落对生活型与光照的响应

Responses of phyllosphere microbial communities in understory vegetation to plant life form and light intensity

北京林业大学学报, 2025, 47(9): 67–79. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250088

荒漠灌木林土壤*nif*H 基因丰度及固氮微生物群落组成特征

Abundance of *nif*H gene and nitrogen–fixing microbial community composition characteristics in desert scrubland soil

北京林业大学学报, 2024, 46(11): 43–52. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20240202

DOI:10.12171/j.1000−1522.20250457

森林转耕后土壤碳质量对微生物碳利用效率的非线性调控机制

聂荟雯　冯志强　曹　磊　黄长江　孔童瑶　何杨辉
（东北林业大学生态学院，黑龙江 哈尔滨 150040）

摘要:【目的】土地利用变化是影响全球碳循环的关键因素，从微生物代谢角度探讨森林转耕对土壤微生物碳利用效率（CUE）影响及机制，可为评估土地利用变化对生态系统碳循环的影响提供理论基础。**【方法】**以黑龙江帽儿山森林和农田土壤为研究对象，将森林土壤作为对照组，不同耕作年限的农田土壤作为处理组。通过室内试验测定土壤理化性质及微生物性状等关键指标，采用化学计量法计算微生物 CUE，并系统分析驱动微生物 CUE 变化的重要因子及调控机制。**【结果】**(1)农田土壤的微生物 CUE 相较于森林土壤显著降低了 12.61%。随转耕时间增加，微生物 CUE 呈现先下降后上升趋势，以约 16.5 年为转折点。转折前微生物 CUE 下降约 34.8%，其中第 13 年与第 24 年的微生物 CUE 显著低于森林土壤，降幅分别达 26.1% 和 23.9%。(2)在机制层面，土壤碳质量(脂肪族与芳烃的比值 rA2930∶rA1635)是影响森林转耕后 CUE 变化最重要的驱动因子。随土壤碳质量增加，微生物 CUE 整体表现出先降低后增加的趋势。(3)土壤碳质量通过介导微生物 β 多样性与微生物 *r*/*K* 策略变化，进而影响微生物 CUE。以土壤碳质量 0.06 为分界阈值，高、低碳质量农田土壤微生物群落的 β 多样性存在显著差异。农田土壤中 *r* 策略微生物整体占据优势，但当土壤碳质量低于 0.06 时，*r* 策略微生物的优势减弱，而 *K* 策略微生物的相对丰度显著增加。**【结论】**森林转耕后，土壤微生物 CUE 先降低后回升，在 16.5 年时达到最低值。这种非线性变化格局主要由土壤碳质量(脂肪族与芳烃的比值)驱动，且存在 0.06 的阈值效应：当碳质量低于该阈值时，微生物 β 多样性发生显著转变，生活史策略的平衡向 *K* 策略偏移，进而通过提升代谢效率驱动微生物 CUE 在转换后期逐步回升。这表明，土壤碳化学组成通过调控微生物群落结构与功能，是决定土地利用变化下微生物 CUE 动态变化的关键机制。该发现深化了我们对土地利用变化下土壤碳循环调控机制的理解，并为协调农业开发与生态保护提供了理论依据与实践路径。

关键词：微生物碳利用效率；土地利用变化；土壤碳质量；微生物 β 多样性；微生物生活史策略
中图分类号：S714　**文献标志码：**A　**文章编号：**1000−1522(2026)05−0049−11
引文格式：聂荟雯，冯志强，曹磊，等. 森林转耕后土壤碳质量对微生物碳利用效率的非线性调控机制［J］. 北京林业大学学报，2026，48(5)：49−59. Nie Huiwen, Feng Zhiqiang, Cao Lei, et al. Nonlinear regulatory mechanisms of soil carbon quality on microbial carbon use efficiency following forest-to-cropland conversion［J］. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(5): 49−59.

Nonlinear regulatory mechanisms of soil carbon quality on microbial carbon use efficiency following forest-to-cropland conversion

Nie Huiwen　Feng Zhiqiang　Cao Lei　Huang Changjiang　Kong Tongyao　He Yanghui
(College of Ecology, Northeast Forestry University, Harbin 150040, Heilongjiang, China)

Abstract:［**Objective**］Land-use change is a key driver of the global carbon cycle. Understanding its effects on soil microbial carbon use efficiency (CUE) from a microbial metabolic perspective is therefore critical, as

收稿日期: 2025−11−17　**修回日期:** 2026−04−28
基金项目: 国家自然科学基金面上项目(32271713)。
第一作者: 聂荟雯。主要研究方向：全球变化生态学。Email：niehw2000@163.com　地址：150040 黑龙江省哈尔滨市香坊区和兴路 26 号东北林业大学生态学院。
责任作者: 何杨辉，教授，博士生导师。主要研究方向：森林土壤碳循环与气候变化。Email：yhhe@nefu.edu.cn　地址：同上。
本刊网址: https://j.bjfu.edu.cn；https://journal.bjfu.edu.cn

it can provide a theoretical foundation for assessing the impact of land use change on ecosystem carbon cycling. [**Method**] This study analyzed soil samples collected from forest and cropland site in Maoershan, Heilongjiang Province. Primary forest soil served as the control group, while cropland soils with varying durations since conversion constituted the treatment groups. Key indicators including soil physicochemical properties and microbial traits were measured through laboratory experiments. Microbial CUE was calculated using stoichiometric methods, and the key factors and regulatory mechanisms driving its changes were systematically analyzed. [**Result**] (1) Following conversion from forest-to-cropland, microbial CUE decreased significantly by 12.61% relative to the original level. With increasing cultivation duration, microbial CUE exhibited a nonlinear trend characterized by an initial decline followed by a later increase, with the lowest point occurring at approximately 16.5 years after conversion. Prior to this threshold, microbial CUE declined overall by 34.78%. Specifically, microbial CUE in the plots cultivated for 13 and 24 years was significantly lower than in forest soil, showing reductions of 26.1% and 23.9%, respectively. (2) Soil carbon quality (ratio of aliphatic to aromatic carbon, rA2930∶rA1635) was the most significant driver of microbial CUE changes post-conversion. As soil carbon quality increased, microbial CUE initially decreased and then increased at a threshold value of 0.06. (3) Soil carbon quality regulates microbial CUE by driving shifts in microbial β-diversity and *r/K* strategies. Using 0.06 as the threshold for the soil carbon quality, there were significant differences in the β-diversity of microbial communities between high and low carbon quality cropland soils. Overall, *r*-strategists dominated in post-conversion soils; however, when soil carbon quality fell below 0.06, the dominance of *r*-strategists diminished, while the relative abundance of *K*-strategists microorganisms increased significantly. [**Conclusion**] After forest conversion to cropland, soil microbial CUE first decreased and then recovered, reaching its minimum at 16.5 years. This dynamic is primarily driven by soil carbon quality (the ratio of aliphatic to aromatic carbon) and exhibits a threshold effect at 0.06, below this threshold, microbial β-diversity undergoes a significant shift, with the balance of life history strategies tilting toward *K*-strategy. This, in turn, drives a gradual recovery of microbial CUE in the later stages of conversion by enhancing metabolic efficiency. This study demonstrates that soil carbon chemistry, by regulating microbial community structure and functional strategies, serves as a key mechanism determining soil carbon cycle efficiency under land-use change. Research demonstrates that soil carbon quality plays a fundamental role in regulating microbial community structure and function, thereby governing the efficiency of microbial CUE under land-use change. This finding enhances the mechanistic understanding of carbon cycling under tillage disturbance and offers a scientific basis for harmonizing agricultural production with ecological conservation.

Key words: microbial carbon use efficiency; land use change; soil carbon quality; microbial beta diversity; microbial life history strategies

土壤管理策略不仅直接调控养分稳定性[1]，也对全球气候系统的稳定性具有深远影响。当前，以农业开发为驱动的森林向耕地转换已成为全球范围内最重要的土地利用转变形式，显著改变陆地生态系统的结构与功能[2]。伴随人口增长与消费升级所推动的农业扩张与集约化，耕地扩展已成为影响生态平衡的关键因素[3]。土地利用变化通过改变地表覆盖与土壤管理方式，进而调控自然因素（如地形、气候）与人为干扰（如施肥、耕作）对土壤性质及养分循环的相对影响[4−5]。森林转耕主要通过移除多年生木本植被、改变凋落物输入动态[6]以及扰动土壤团聚体结构[7]等一系列连锁反应，从根本上重塑土壤生态系统的结构与功能，进而引发土地退化[8]、养分流失及有机质含量下降[9]，削弱土壤肥力与结构稳定性，降低持水能力并减少生物多样性[10]。然而，现有研究大多聚焦于转换导致的土壤有机碳“数量”（即储量）变化，或基于生态化学计量视角探讨微生物碳利用效率（carbon use efficiency，CUE）的调控机制[10]。而停留在宏观生态化学指标的表征上的研究，难以系统揭示转换过程中土壤有机碳“质量”，即化学组成与生物有效性的根本性改变，亦未能深入阐明其对土壤碳循环功能的深层调控作用[11−12]。因此，从土壤碳质量演化视角出发，系统揭示森林转耕对土壤碳循环的调控机制，对协调农业发展与生态保护

具有重要科学意义。

微生物是陆地碳循环的关键驱动者，其系列代谢活动构建了植物−土壤系统的碳流通枢纽[13–14]，主导土壤碳固存[15]与分解[16]。微生物 CUE 作为表征土壤碳周转过程的核心指标，反映了微生物对土壤有机碳的分配策略[17]。从生态系统功能视角看，微生物 CUE 是调控土壤碳通量方向与强度的关键因子[13]。较高的微生物 CUE 意味着外源碳更高效地转化为微生物生物量[18]，进而以残体形式进入稳定有机质库[19]，尤其是矿物结合态碳库，从而增强土壤的长期碳封存潜力[20]。然而，当前关于土地利用变化对微生物 CUE 影响机制的认知仍存在明显不足。首先，前人大多数研究侧重于环境因子（如土壤 pH[21]、温度[15,22]、养分有效性[23]）或碳输入量对 CUE 的直接影响，而较少深入探讨其根本驱动机制。其次，尽管有研究开始关注碳质量的调控作用，如指出顽固性芳香碳积累会限制微生物可利用性，进而影响代谢与碳累积，或从碳可用性视角将碳质量与微生物 *r*/*K* 生活史策略建立理论关联[18]。但这些认识多停留于静态对比或单一时间点的现象描述，例如对不同植被类型下土壤碳化学组成与微生物群落的关联分析[21]，尚未在连续动态变化框架下揭示碳质量变化如何驱动微生物群落结构与功能策略的演替。事实上，森林向耕地转换是一个长期的土地利用转变过程，其核心特征在于土壤有机碳质量的连续改变。这一改变可能驱动微生物群落结构（β 多样性）与功能策略（*r*/*K* 策略）发生规律性演变，进而导致微生物 CUE 呈现非线性响应。然而，碳质量对微生物代谢格局与碳循环效率的调控是否存在明确阈值，目前仍缺乏系统研究。

已有研究虽广泛关注了森林耕地转换对土壤微生物 CUE 的多路径影响[24]，包括土壤物理结构[25]，资源化学计量[26]及微生物群落组成[27]的作用，但尚未识别土壤碳化学组成（如脂族碳/芳香碳）的动态变化在连接环境扰动与微生物代谢响应中的枢纽作用，尤其未能揭示其是否存在驱动微生物功能发生转变的阈值效应[28]。基于此，本研究以森林和不同转耕时间的耕地土壤为对象，提出以下假设：（1）森林耕地转换及转耕时间导致微生物 CUE 显著降低；（2）土壤碳质量是调控微生物 CUE 变化的关键因子；（3）碳质量通过介导微生物 β 多样性和生活史策略（*r*/*K* 策略）调控微生物 CUE 的动态变化。研究旨在阐明森林转耕对土壤微生物 CUE 的影响机制，重点解析碳质量驱动的微生物群落演变在 CUE 调控中的关键作用，为土地利用变化下的土壤碳循环响应提供机制性认识，并为农田土壤碳管理提供理论依据。

1　研究区概况与研究方法

1.1　研究区概况

研究地点位于黑龙江省哈尔滨市帽儿山森林生态系统国家野外科学观测研究站（45°24′N，127°40′E）附近。该地区属长白山系张广才岭西坡，平均海拔高度约 400 m，土壤类型为典型的暗棕壤，属温带大陆性季风气候。最热月（7 月）和最冷月（1 月）的平均温度分别为 20.5 ℃ 和−20.7 ℃，无霜期 130 d 左右。平均年降水量 726 mm，主要集中在 7—8 月，全年蒸发量为 884 mm。植被类型为阔叶红松（*Pinus koraiensis*）林经过不同程度人为干扰后演替形成的东北东部山区典型的温带天然次生林、人工林以及农田[29]。

1.2　试验设计与样品采集

2023 年 7 月，在试验区选取 4 对相邻的森林与农田样地（编号 A、B、C、D），以森林为对照，农田耕作时间分别为 4、13、24 与 > 40 年（表 1），作物类型为大豆（*Glycine max*）和玉米（*Zea mays*）轮作，森林为阔叶林，林龄为 30 年左右。采样点地处平坦地区（坡度 < 5°），实测海拔 315 ~ 415 m，地形特征与附近的森林生态系统相似。每个样地按照五点采样法，在样地中心和中心到 4 个角的等距中心确定 5 个采样点，用土钻采集 0 ~ 10 cm 土层土壤样品（采样前清除表层枯枝落叶），用四分法取约 1 kg 土壤样品，过 2 mm 筛，装入无菌自封袋。取 5 ~ 10 g 土壤用干冰维持低温状态，寄送微生物测序公司进行测序。将剩余样品分为 3 份：一份−20 ℃ 冷冻保存；一份 4 ℃ 保存，用于测定微生物生物量、水解酶活性、无机氮等指标；另一份样品自然风干后研磨过筛，用于测定土壤理化性质。

1.3　土壤理化指标测定

土壤含水率（water holding capacity，WHC）采用称重法测定[30]，土壤 pH 值采用电位法测定（土∶水 = 1∶2.5）。

将风干的土壤样品过 100 目筛，置于锡纸中，使用 Vario MAX 碳氮分析仪测定全氮（total nitrogen，TN）和全碳（total carbon，TC）。用 H_2SO_4-$HClO_4$ 消煮后，使用连续流动分析仪（Seal AA3，德国）测定土壤全磷（total phosphorus，TP）含量；可溶性有机碳、氮（dissolved organic carbon，DOC、dissolved organic nitrogen，DON）用硫酸钾溶液浸提法提取，利用 TOC 仪进行测定。采用傅里叶变换红外光谱获取反射光谱（400 ~ 4 000 cm^{-1}），计算相对峰面积。相对峰面积反映了不同有机 C 官能团的相对丰度，脂肪族 C（2 930 cm^{-1}）和芳香族 C（1 635 cm^{-1}）相对峰面积之

表 1 采样点概况

Tab. 1 Sampling point overview

样对编号	样地编号	土地利用类型	耕作时间/a	经度	纬度	海拔/m	坡度/(°)
A	AF	森林	0	127°39′03″E	45°17′14″N	404.11	1
	AC	农田	4	127°39′02″E	45°16′38″N	404.53	0
B	BF	森林	0	127°38′59″E	45°17′14″N	397.55	0
	BC	农田	13	127°38′24″E	45°16′58″N	377.71	0
C	CF	森林	0	127°37′17″E	45°16′29″N	414.20	2
	CC	农田	24	127°37′20″E	45°16′29″N	409.36	3
D	DF	森林	0	127°34′18″E	45°21′25″N	335.61	3
	DC	农田	> 40	127°34′42″E	45°20′08″N	317.80	0

比(rA2930∶rA1635)可表征土壤碳质量，该比值越高表明碳质量越高[31]。

微生物生物量碳、氮(microbial biomass carbon，MBC、microbial biomass nitrogen，MBN)用氯仿熏蒸−浸提法测定[32]，测定时分熏蒸和未熏蒸处理，利用硫酸钾溶液浸提后，用 TOC 仪测定碳、氮含量。熏蒸与未熏蒸样品碳、氮含量的差值分别除以提取系数 0.45、0.54 即为土壤 MBC 和 MBN 含量。微生物生物量磷(microbial biomass phosphorus，MBP)同样用氯仿熏蒸−浸提法测定，用碳酸氢钠溶液浸提[31, 33]后，利用 Seal AA3 测定熏蒸与未熏蒸样品磷含量，差值除以提取系数 0.40，得到 MBP。KCl 浸提后，利用 Seal AA3 测定 NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量。将土壤过 100 目筛，用 0.03 mol/L NH_4F 和 0.025 mol/L HCl 浸提后，采用 Seal AA3 测定有效磷(available phosphorus，AP)。进一步测定了与碳氮磷循环相关的水解酶，包括分解碳化合物的 β-葡萄糖苷酶(β-glucosidase，BG)与纤维二糖水解酶(cellobiosidase，CBH)、分解氮化合物的 β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶(β-N-acetylglucosaminidase，NAG)、分解磷化合物的酸性磷酸酶(acid phosphatase，ACP)，采用改进的 96 孔微孔板荧光法测定[34]，选择甲基伞形酮作为标示底物，以醋酸盐缓冲液(pH = 5)，在 20 ℃ 下避光孵育 4 h 后，采用多功能酶标仪(SpectraMax M5，Molecular Devices，美国)在激发波长 365 nm、发射波长 450 nm 条件下测定[35]。土壤微生物 CUE 则用化学计量法计算得到[36]。

$$CUE = C_{max} \times \sqrt{\frac{S_{C:N} \times S_{C:P}}{(K_{C:N} + S_{C:N}) \times (K_{C:P} + S_{C:P})}}$$

$$S_{C:N} = B_{C:N} / L_{C:N} \times (1/E_{C:N})$$

$$S_{C:P} = B_{C:P} / L_{C:P} \times (1/E_{C:P})$$

式中：$K_{C:N}$ 和 $K_{C:P}$ 为 CUE 半饱和常数，取值 0.5；C_{max} 是微生物碳利用效率的最大值，取值 0.6[37]。$B_{C:N}$、$B_{C:P}$ 分别为 MBC 与 MBN、MBC 与 MBP 的含量比；$L_{C:N}$、$L_{C:P}$ 分别表示 DOC 与(NO_3^--N + NH_4^+-N)、DOC 与 AP 的含量比；$E_{C:N}$、$E_{C:P}$ 分别表示(BG + CBH)与 NAG、(BG + CBH)与 ACP 的含量比。

1.4 土壤微生物多样性测定

采用 PowerSoil DNA 试剂盒提取 DNA，使用 NanoDrop One(Thermo Fisher Scientific，Massachusetts，美国)测定 DNA 浓度和纯度。用引物 515F(5′-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3′)和 806R(5′-GGACTACNVGGGTWTCTAAT-3′)扩增 16S rRNA 基因 V4 区，用引物 ITS1-f(5′-CTTGGTCATTTAGAGTAA-3′)和 ITS2(5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′)扩增内转录间隔区(ITS1)。用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物的长度与浓度。测序文库使用 NEBNext® Ultra™ II DNA Library Prep Kit for Illumina®(New England Biolabs，Massachusetts，美国)，并按照制造商的建议添加索引代码后构建。使用 Qubit@2.0 荧光仪(Thermo Fisher Scientific，Waltham，美国)评估文库质量。最后，在 Illumina NovaSeq 6000 平台上对文库进行测序[38]。

1.5 微生物分析

用 UPARSE 法将 97% 相似度水平的可操作分类单元(OTU)进行聚类分析。细菌与真菌 OTU 表的注释分别来自 RDP 和 UNITE 数据库。从原始 OTU 表中分别提取细菌和真菌数据，进行严格的质量控制，移除全为 0 的 OTU 及在少于 10% 样本中出现的稀有 OTU，最终通过总和标准化计算相对丰度用于后续分析。采用 Bray-Curtis 距离度量样本间群落差异，通过主坐标分析(PCoA)可视化群落结构差异，并采用 PERMANOVA 进行 999 次置换检验评估碳质量分组的显著性，辅以 ANOSIM 和 Betadisper 检验验证结果可靠性。基于门水平分类信息，细菌 *r* 策略包括变形菌门(Proteobacteria)、拟杆

菌门（Bacteroidetes）等；*K* 策略包括放线菌门（Actinobacteria）、酸杆菌门（Acidobacteria）等[39]。真菌 *r* 策略包括子囊菌门（Ascomycota）等；*K* 策略包括担子菌门（Basidiomycota）和球囊菌门（Glomeromycota）等[40]。计算各样本中两类策略微生物（含细菌与真菌）的相对丰度及其比值。

1.6　数据处理及统计分析

对所有连续变量进行正态性检验（Shapiro-Wilk 检验）和方差齐性检验（Levene 检验），结果显示各变量均符合正态分布与方差齐性假定。采用单因素方差分析（one-way ANOVA）比较森林与不同转耕年限农田土壤之间微生物 CUE 的差异，并进行事后多重比较（Tukey HSD 检验）以识别组间差异显著性。采用随机森林回归模型评估环境因子对微生物 CUE 影响的相对重要性（以 %IncMSE 表示），并以方差膨胀因子（VIF < 5）排除共线性变量。采用分段回归分析识别 CUE 与关键驱动因子间关系的阈值，断点显著性通过 supF 检验和似然比检验确定。所有统计分析在 R 4.3.1 中完成，显著性水平设定为 $\alpha = 0.05$。

2　结果与分析

2.1　转耕对微生物 CUE 的影响及其主要驱动因子

森林转为农田后，微生物 CUE 整体降低了 12.61%（$P < 0.05$，图 1a）。具体来看，森林及转耕后 4 年、13 年、24 年和 > 40 年土壤的微生物 CUE 均值分别为 0.46 ± 0.06、0.43 ± 0.04、0.34 ± 0.03、0.35 ± 0.09 和 0.46 ± 0.04（图 1b）。其中，转耕 13 年与 24 年的微生物 CUE 较森林分别显著降低 26.1% 和 23.9%（$P < 0.05$），而转耕初期的第 4 年及转耕 > 40 年与森林之间无显著差异。分段回归分析进一步识别出微生物 CUE 随时间变化的拐点，即在转耕后第 16.5 年时，微生物 CUE 达到最低值，约为 0.30（图 1c）。森林转为农田后第 16.5 年时，微生物 CUE 整体较森林土壤下降 34.78%。随机森林分析发现，土壤碳质量是影响森林转农田后微生物 CUE 变化的最主要因素（图 1d）。

2.2　碳质量与微生物 CUE 及转耕时间的关系

森林转为农田后，随着土壤碳质量增加，微生物 CUE 先降低后升高，并且在碳质量为 0.06 时达到最低值 0.30（图 2a）。土壤碳质量与转耕时间呈显著负相关（$P < 0.001$），在转耕 16.5 年时，碳质量降至 0.06（图 2b）。

2.3　碳质量影响微生物 CUE 的群落机制

为进一步探究碳质量影响微生物 CUE 的微生物机制，以碳质量 0.06 为界，将转耕后土壤样本分为两组，分析微生物群落结构差异。结果表明，碳质量对真菌（$P < 0.01$）和细菌（$P < 0.05$）群落结构均具有显著影响（图 3a，b）。真菌群落中，PCo1 解释了 26.54% 的变异；细菌群落中 PCo1 解释度高达 40.73%，碳质量是驱动细菌群落演变的主要因子。两组样本在 PCo1 轴上呈现明显分离，且细菌与真菌在响应方向上存在差异：当碳质量低于 0.06 时，真菌群落的 PCo1 值显著较低（$P = 0.008$），而细菌群落的 PCo1 值则显著较高（$P = 0.024$）。

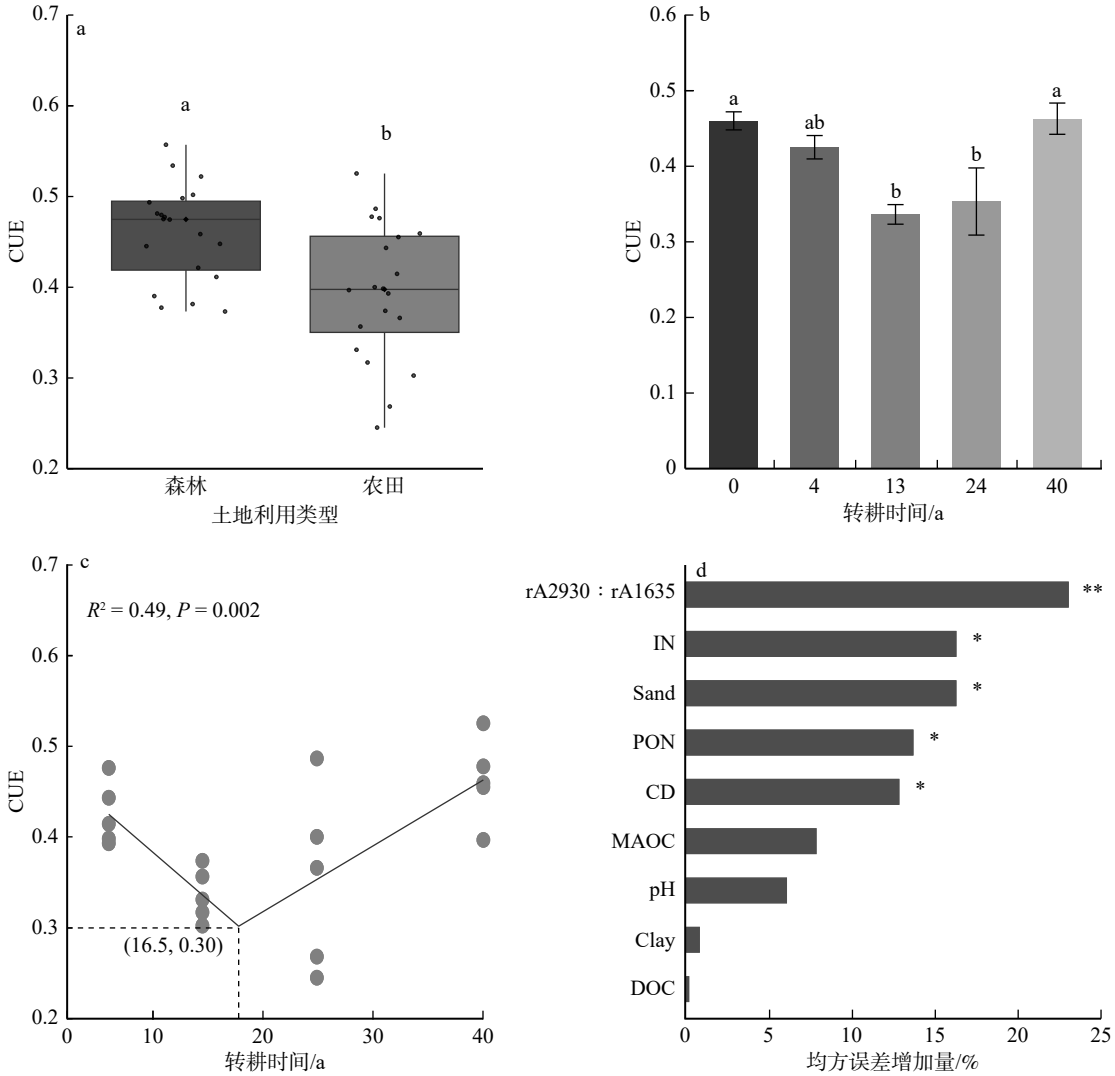
进一步分析表明，微生物生活史策略也与碳质量密切相关。以 0.06 为阈值分组时，两组间微生物的 *r*/*K* 存在显著差异（$P < 0.05$，图 4a）。碳质量低于 0.06 时，*r*/*K* 中位数为 7.361，高于 0.06 时，*r*/*K* 中位数为 8.937，转耕后微生物均以 *r* 策略占优势。分别评估 *r* 策略和 *K* 策略微生物丰度发现，*K* 策略微生物在低碳质量条件下的中位数为 0.027，显著高于高碳质量条件下的 0.016（$P < 0.05$，图 4c）；而 *r* 策略微生物在两组间无显著差异（图 4b）。

为系统揭示土壤环境与微生物生活史策略的关联，进一步分析了多类土壤指标与微生物策略的相关性（图 5）。结果显示，MBP 与微生物 *r* 策略显著正相关，CBH 与微生物 *K* 策略显著负相关，DOC、IN、MBC、MBN、BG、ACP 与 *r*/*K* 呈显著正相关。

3　讨　　论

3.1　森林转耕后微生物 CUE 动态变化与阈值响应

本研究通过构建连续时间序列（4、13、24、> 40 年），系统解析了森林转为耕地后土壤微生物 CUE 随转耕时间变化的动态过程。结果表明，土壤微生物 CUE 随转耕年限呈现显著的“先下降后升高”的非线性动态变化。这一发现为理解以往研究中关于土地利用变化对微生物 CUE 影响方向的矛盾结论提供了新的视角。先前全球尺度整合分析认为，土地利用转换对微生物 CUE 的影响呈现高度异质性和方向上的不确定性[24]。这种不一致性源于气候、植被类型和管理措施等多重因素的复杂交互作用。例如，在亚北极地区，森林开垦可通过提升土壤 pH 和优化碳氮比，使微生物 CUE 显著增加[41]；而旱地生态系统研究则指出，农业开垦整体上倾向于导致土壤碳库耗竭，且生态恢复对农田碳库的积极效应往往需要长期（> 30 年）才能显现[42]。此外，许多基于单一转耕时间的观测结果显示出不同的微生物 CUE 变化，如上升[41]、下降[43–44]或无显著变化[45–46]等。这些结果看似矛盾却存在时间依赖性，揭示了一个关键问题：多数研究可能仅捕捉了转换过程中的一个瞬时片段。因此，它们难以揭示微生物 CUE 完整的、可能非线性的响应轨迹。



CUE. 碳利用效率；rA2930：rA1635. 土壤碳质量；IN. 无机氮；Sand. 砂粒；PON. 颗粒有机氮；CD. 转耕年限；MAOC. 矿物结合有机碳；pH. 土壤酸碱度；Clay. 黏粒；DOC. 可溶性有机碳。不同小写字母表示各处理间差异显著（$P < 0.05$）。*. $P < 0.05$，**. $P < 0.01$。下同。

图 1 转耕对微生物 CUE 的影响及其主要驱动因子

Fig. 1 Effects of forest-to-cropland conversion on microbial CUE (carbon use efficiency) variations and their primary driving factors

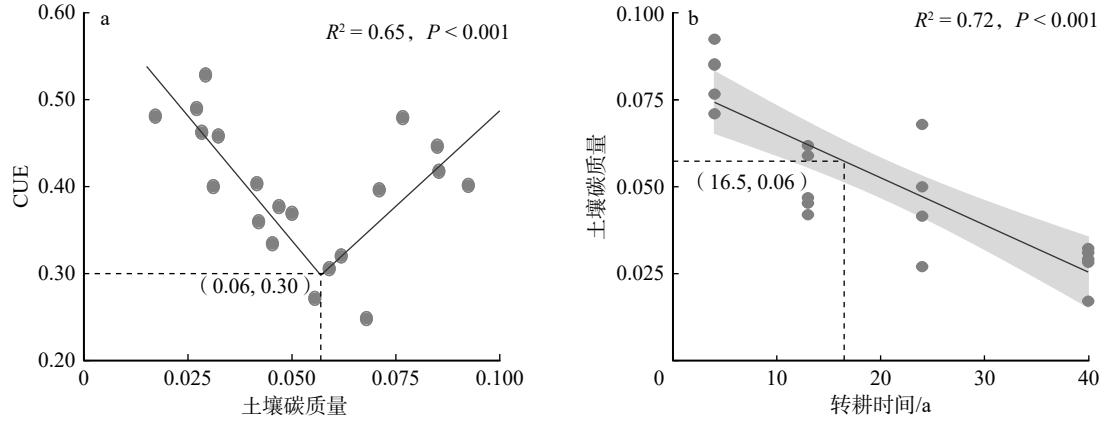


图 2 土壤碳质量与微生物 CUE、转耕时间的关系

Fig. 2 The relationships of soil carbon quality with microbial CUE and conversion duration

本研究发现，转耕第 4 年的微生物 CUE 与森林土壤无显著差异（图 1b），这与 Marti-Roura 等[45]（地中海地区）和 Peng 等[47]（全球尺度）的研究结论相一致。这可能是因为在转耕初期，尽管地上植被快速更替，但土壤中原有的活性碳库及其他养分具有一定的缓冲能力，并未被立刻大量消耗掉，这为微生物

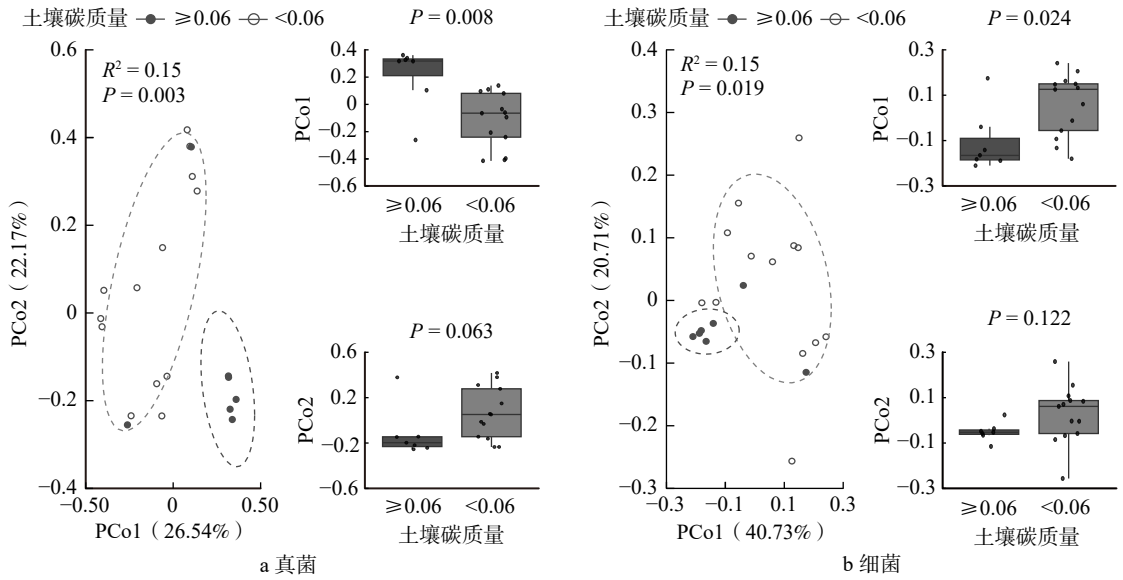


图 3　土壤碳质量与转耕后微生物 β 多样性的关系

Fig. 3　Relationship between soil carbon quality and microbial beta diversity

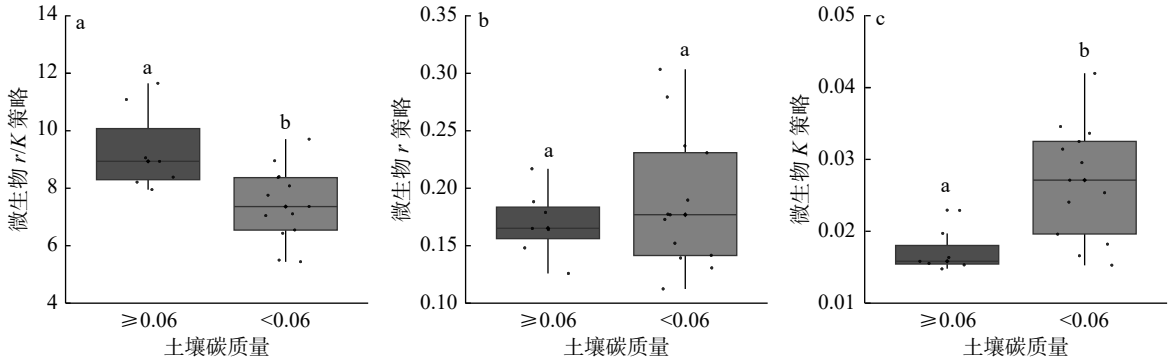


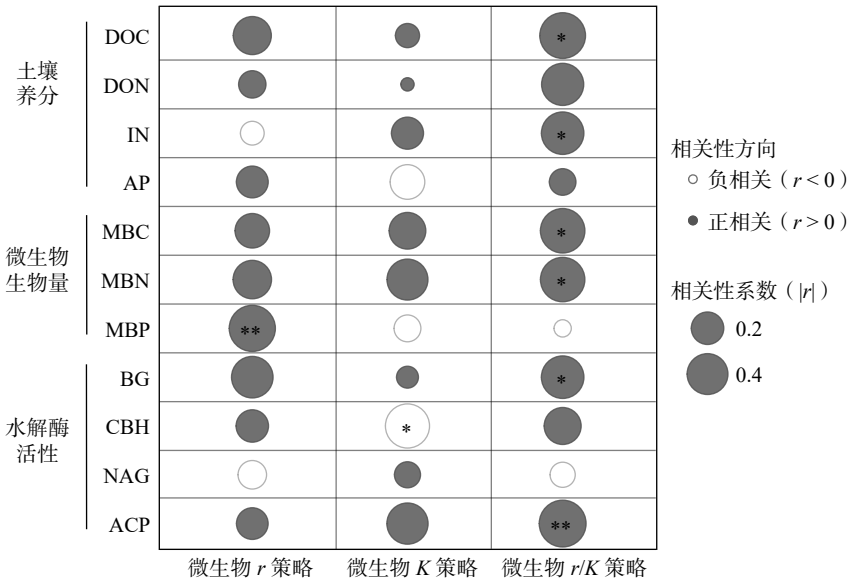
图 4　转耕后土壤碳质量与微生物生活史策略的关系

Fig. 4　Relationship between soil carbon quality and microbial life history strategies following conversion

代谢提供了相对稳定的底物环境[6]，使微生物 CUE 维持在接近森林土壤的水平。在转耕后 4 ~ 16.5 年，土壤微生物 CUE 持续降低（图 1c），与 Zhang 等[43]（干旱河谷）和 Pabst 等[44]（东非山地）的发现相吻合。这可能是因为随着转耕时间的延长，持续的耕作扰动和作物吸收导致碳库持续消耗[42, 48]。此时微生物群落面临日益加剧的碳限制，被迫将更多碳分配于维持代谢而非生长[47]，从而在 16.5 年时降至最低（图 1c）。在 16.5 至 > 40 年期间，微生物 CUE 不断升高，与 Schroeder 等[41]在亚北极的研究结果相印证。这可能是因为经过长期的耕作，土壤系统逐渐建立起以外源投入和作物残留为基础的新稳态，微生物群落通过功能性状的适应性调整，实现了有限资源的高效利用，从而驱动了微生物 CUE 的逐步恢复[48]。Corbeels 等[48]在巴西稀树草原的研究同样发现，有效的农田管理有助于微生物 CUE 的稳定。这两项独立研究结果共同表明，在转耕后的农田生态系统中，适当的管理措施能够改善土壤养分化学计量平衡，优化微生物代谢途径，提高碳利用效率。因此，评估森林转耕对土壤碳循环的影响时，必须重视时间序列的完整性，关注潜在的非线性响应机制。

3.2　土壤碳质量驱动微生物 CUE 的非线性变化格局

随机森林分析表明，土壤碳质量是调控转耕后微生物 CUE 变化的关键因子。与传统研究多聚焦于碳氮磷化学计量比或土壤理化性质等静态指标不同[49]，本研究从土壤碳化学稳定性出发，揭示了碳质量对微生物 CUE 的影响。Chen 等[31]的研究支持了这一观点，认为土壤碳可用性（包括碳质量和碳数量）塑造微生物群落结构，碳质量越高则表示微生物可利用的资源越多。这与 Liang 等[50]提出的理论框架一致，即土壤有机质的化学性质能够调控微生物代谢效率。土壤有机质的化学复杂性与顽固性会提高微生物的代谢成本，从而约束 CUE。森林转为农田后，土壤有机碳库的输入输出平衡被打破，同时碳组分也发生了显著改变[49]。转耕后，原生森林持续输



MBC、MBN、MBP. 微生物量碳、氮、磷；BG. β-葡萄糖苷酶；CBH. 纤维二糖水解酶；NAG. β-N-乙酰氨基葡萄糖苷酶；ACP. 酸性磷酸酶

图 5 转耕后土壤理化性质、微生物生物量及酶活性与微生物生活史策略的相关性

Fig. 5 Correlations between soil physicochemical properties, microbial biomass, enzyme activities, and microbial life history strategies following conversion

入的易分解凋落物被富含难分解木质素的作物残茬替代[51]，同时耕作活动破坏土壤团聚体，使原先受物理保护的有机碳暴露于空气中[52]；以及施肥引发的“激发效应”也加速了有机碳分解[53]。这些过程共同导致土壤中原有的易分解脂肪族碳被快速优先消耗，而顽固芳香族碳相对富集，表现为碳质量下降。而 Kallenbach 等[54]和 Nong 等[55]均认为微生物 CUE 的大幅减少主要归因于顽固性碳（如芳香族碳）的增加。本研究发现，碳质量与微生物 CUE 呈现阈值响应特征：在碳质量小于 0.06 时，微生物 CUE 与碳质量负相关；当碳质量大于 0.06 时，微生物 CUE 随着碳质量增加而增加（图 2a）。这一发现突破了传统上认为碳质量与微生物 CUE 存在简单线性关系的认知框架。同时，该结果也表明碳质量可能通过介导微生物群落结构和生活史策略（图 3、4）实现对微生物 CUE 的非线性调控。

3.3 土壤碳质量介导的微生物机制转变调控微生物 CUE

从微生物角度看，土壤碳质量通过驱动真菌与细菌群落的差异化响应、调控微生物生活史策略，重塑了系统的代谢格局（图 3、4），进而影响微生物 CUE。β 多样性分析表明，微生物群落结构在碳质量阈值（0.06）前后存在显著差异，且真菌与细菌的响应方向相反（图 3）。这与 Wang 等[56]在中国亚热带人工林以及 Brunel 等[57]在地中海凋落物试验中的结论一致，证实土壤或凋落物中芳香碳与脂肪碳组成的改变是驱动微生物群落结构变化的关键因子。而本研究进一步揭示了这种依赖关系存在临界点：以碳质量 0.06 为界，群落结构发生方向性转变（图 3），微生物生活史策略虽然仍为 *r* 策略主导，但 *K* 策略微生物丰度显著升高（图 4a、c）。这是由于土壤有机碳库化学组成的显著变化及其引发的微生物能量获取策略的适应性重构[28]。

在碳质量高于阈值的阶段，*r* 策略微生物的主导地位与土壤有效养分的富集状态呈现显著耦合关系。相关性分析表明（图 5），微生物 *r*/*K* 的升高与土壤有效养分（DOC、IN）、微生物生物量（MBC、MBN）以及多种水解酶活性均呈正相关，这证实在易分解碳资源相对充足的条件下，土壤整体表现出更高的资源可用性与代谢活跃度，从而支持了以高速生长为特征的 *r* 策略微生物占据优势。这种策略通过快速同化资源驱动了土壤养分的周转，形成了高资源-*r* 策略–高代谢通量的格局。而在碳质量低于阈值时，微生物生活史策略发生变化（图 4），进而改变了微生物的整体代谢格局。*r* 策略者因碳质量降低而代谢效率骤降，但仍维持较高的基础呼吸。新兴的 *K* 策略者为利用顽固碳源，需支付高昂的酶合成与生理适应成本[58]。这两方面共同导致群落的基础呼吸消耗随碳质量下降而增加，从而引发微生物 CUE 持续下降至最低点。这一“低质量碳源–高呼吸成本–低微生物 CUE”的机制，与 Min 等[59]在控制试验中发现的碳可利用性降低导致微生物呼吸增加的结果相吻合。同时，Wang 等[60]在煤矿复垦区观察到施肥降低微生物 CUE 的现象，也从资源调控的角度侧面

印证了上述逻辑。然而，随着碳质量持续下降并跌破 0.06 的阈值，顽固性芳香碳成为主导，导致上述易分解资源基础瓦解。*K* 策略者通过高亲和力底物转运系统、完整碳氧化途径及优化能量分配策略，实现有限资源的高效利用[31]，系统性降低了单位生长的碳消耗，驱动微生物 CUE 从最低值回升。该过程与 Zhu 等[61]在植被恢复研究中的发现类似，即微生物策略转变提升碳利用效率。尽管 *r* 策略者仍占优，但 *K* 策略者功能活性增强提升了群落整体的代谢效率，从而驱动微生物 CUE 从最低值实现回升[61]。综合来看，本研究通过碳质量阈值将微生物群落结构与功能响应有机联系，突破了以往研究多从单一角度探讨微生物响应的局限。本研究的阈值模型能够更好地解释微生物 CUE 变异的非线性特征。这些发现深化了对土地利用变化下土壤碳–微生物相互作用机制的理解，为预测生态系统碳循环对人为干扰的响应提供了新的理论基础。

3.4　研究不足与展望

本研究在揭示森林转耕过程中土壤碳质量对微生物 CUE 的非线性驱动机制方面仍存在一定局限，有待进一步深入研究。首先，受野外采样条件限制，本研究未能系统收集不同田块连续多年的田间管理数据（如灌溉、施肥的具体时间与用量），此类人为管理措施是调控微生物 CUE 不可忽视的因素。其次，部分样地间存在海拔差异，这可能对土壤水热条件产生潜在影响。最后，本研究采用基于化学计量学的模型估算微生物 CUE，该方法在绝对数值的精确度上，与基于^{18}O 等同位素标记的直接测定法相比存在一定差异。需要说明的是，本研究的核心在于揭示土壤碳质量与微生物功能之间的响应关系。通过配对设计控制土地利用类型，并基于长期时间序列进行分析，上述管理信息不全、地形差异及方法选择等因素，并未削弱研究主体结论。数据分析显示，碳质量变化显著驱动了微生物 CUE 的非线性趋势、微生物群落结构转变，及其生活史策略的调整。本文提出的碳质量阈值（0.06）及其作用途径，为理解土地利用变化下的土壤碳循环响应提供了一个机制性视角。今后可在管理记录完整、环境条件受控的长期定位试验中，结合直接测定技术，对该阈值机制的普适性进行验证与拓展。

4　结　　论

森林转为农田显著降低了土壤微生物碳利用效率，且微生物 CUE 与转耕时间存在非线性关系。转耕后微生物 CUE 整体呈现“先下降后升高”的趋势，并于转耕后 16.5 年达到最低值。这一动态与土壤碳质量（rA2930∶rA1635）的变化高度耦合，表明碳质量是驱动微生物 CUE 演变的关键环境因子。更为重要的是，碳质量对微生物 CUE 的调控存在 0.06 的阈值效应：当碳质量低于此阈值时，微生物 β 多样性发生显著转变，尽管 *r* 策略微生物在整体上仍占据优势，但微生物生活史策略的平衡向 *K* 策略偏移。微生物群落结构与生活史策略的改变影响其代谢效率，最终推动微生物 CUE 在转耕后期逐步回升。本研究揭示了土壤碳化学组成通过调控微生物群落结构与生活史策略，进而影响土壤碳循环效率的内在机制，强调了碳质量阈值在预测土地利用变化下土壤碳动态中的关键指示作用。

参　考　文　献

[1] Zheng S M, Xia Y H, Hu Y J, et al. Stoichiometry of carbon, nitrogen, and phosphorus in soil: effects of agricultural land use and climate at a continental scale [J]. Soil and Tillage Research, 2021, 209: 104903.

[2] Raiesi F, Beheshti A. Evaluating forest soil quality after deforestation and loss of ecosystem services using network analysis and factor analysis techniques [J]. Catena, 2022, 208: 105778.

[3] Zabel F, Delzeit R, Schneider J M, et al. Global impacts of future cropland expansion and intensification on agricultural markets and biodiversity [J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 2844.

[4] Bi X Q, Chu H, Fu M M, et al. Distribution characteristics of organic carbon (nitrogen) content, cation exchange capacity, and specific surface area in different soil particle sizes [J]. Scientific Reports, 2023, 13: 12242.

[5] 程铄茵, 张国栋, 张楠, 等. 热带橡胶林不同经营模式对土壤呼吸及其组分的影响 [J]. 北京林业大学学报, 2025, 47(7): 82−91.
Cheng S Y, Zhang G D, Zhang N, et al. Effects of management patterns on soil respiration and its components in tropical rubber plantations [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(7): 82−91.

[6] Kim D G, Kirschbaum M U F, Eichler-Löbermann B, et al. The effect of land-use change on soil C, N, P, and their stoichiometries: a global synthesis [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2023, 348: 108402.

[7] 孟慧婷, 陈龙池, 余鑫, 等. 土地利用变化对东江湖流域森林土壤有机碳含量的影响 [J]. 生态学杂志, 2026, 45(1): 77−83.
Meng H T, Chen L C, Yu X, et al. Effects of land use change on soil organic carbon contents in mountainous forest at the Dongjiang Lake Basin [J]. Chinese Journal of Ecology, 2026, 45(1): 77−83.

[8] Belay T, Mengistu D A. Impacts of land use/land cover and climate changes on soil erosion in Muga watershed, Upper Blue Nile basin (Abay), Ethiopia [J]. Ecological Processes, 2021, 10(1): 68.

[9] Davari M, Gholami L, Nabiollahi K, et al. Deforestation and cultivation of sparse forest impacts on soil quality (case study: west Iran, Baneh) [J]. Soil and Tillage Research, 2020, 198:

104504.

[10] Kaupper T, Hetz S, Kolb S, et al. Deforestation for oil palm: impact on microbially mediated methane and nitrous oxide emissions, and soil bacterial communities [J]. Biology and Fertility of Soils, 2020, 56(3): 287−298.

[11] 王玉崧, 赵实, 王玲, 等. 退耕还林对土壤有机碳含量、组分及化学结构的影响 [J]. 生态学杂志, 2026, 45(2): 617−626.
Wang Y S, Zhao S, Wang L, et al. Effects of restoring farmland to forest on the contents, components, and chemical structure of soil organic carbon [J]. Chinese Journal of Ecology, 2026, 45(2): 617−626.

[12] 张泽茂. 东北黑土区典型森林与农田土壤有机碳积累及其稳定性特征的比较研究 [D]. 南宁: 广西大学, 2025.
Zhang Z M. Comparative study on soil organic carbon accumulation and stability characteristics in typical forests and agricultural fields in the black soil region of Northeast China [D]. Nanning: Guangxi University, 2025.

[13] Tao F, Huang Y Y, Hungate B A, et al. Microbial carbon use efficiency promotes global soil carbon storage [J]. Nature, 2023, 618: 981−985.

[14] 樊容源, 叶绍明, 吴昊, 等. 不同林龄桉树人工林土壤细菌群落结构与功能多样性变化特征 [J]. 北京林业大学学报, 2024, 46(12): 41−52.
Fan R Y, Ye S M, Wu H, et al. Characteristics of changes in soil bacterial community structure and functional diversity in *Eucalyptus* sp. plantation of different ages [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2024, 46(12): 41−52.

[15] Luo Z Y, Ren J N, Manzoni S, et al. Temperature controls the relation between soil organic carbon and microbial carbon use efficiency [J]. Global Change Biology, 2024, 30(9): e17492.

[16] Wieder W R, Bonan G B, Allison S D. Global soil carbon projections are improved by modelling microbial processes [J]. Nature Climate Change, 2013, 3(10): 909−912.

[17] Li Z K, Qi D D. The response mechanism of soil microbial carbon use efficiency to land-use change: a review [J]. Sustainability, 2025, 17(15): 7023.

[18] Smart K E, Breecker D O, Blackwood C B, et al. A new approach to continuous monitoring of carbon use efficiency and biosynthesis in soil microbes from measurement of CO_2 and O_2 [J]. Biogeosciences, 2025, 22(1): 87−101.

[19] Kästner M, Miltner A, Thiele-Bruhn S, et al. Microbial necromass in soils: linking microbes to soil processes and carbon turnover [J]. Frontiers in Environmental Science, 2021, 9: 756378.

[20] Yang Y, Gunina A, Cheng H, et al. Unlocking mechanisms for soil organic matter accumulation: carbon use efficiency and microbial necromass as the keys [J]. Global Change Biology, 2025, 31(1): e70033.

[21] Malik A A, Puissant J, Buckeridge K M, et al. Land use driven change in soil pH affects microbial carbon cycling processes [J]. Nature Communications, 2018, 9: 3591.

[22] 吴菲, 高章伟, 张睿博, 等. 增温对高寒草甸土壤微生物多样性及功能潜力的影响 [J]. 北京林业大学学报, 2025, 47(1): 29−38.
Wu F, Gao Z W, Zhang R B, et al. Effects of warming on soil microbial diversity and functional potential in alpine meadows [J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(1): 29−38.

[23] Hu J X, Cui Y X, Manzoni S, et al. Microbial carbon use efficiency and growth rates in soil: global patterns and drivers [J]. Global Change Biology, 2025, 31(1): e70036.

[24] Shi J W, Deng L, Wu J Z, et al. Global change modulates microbial carbon use efficiency: mechanisms and impacts on soil organic carbon dynamics [J]. Global Change Biology, 2025, 31(5): e70240.

[25] Hartmann M, Six J. Soil structure and microbiome functions in agroecosystems [J]. Nature Reviews Earth & Environment, 2023, 4(1): 4−18.

[26] Mooshammer M, Wanek W, Zechmeister-Boltenstern S, et al. Stoichiometric imbalances between terrestrial decomposer communities and their resources: mechanisms and implications of microbial adaptations to their resources [J]. Frontiers in Microbiology, 2014, 5: 22.

[27] Domeignoz-Horta L A, Pold G, Liu X A, et al. Microbial diversity drives carbon use efficiency in a model soil [J]. Nature Communications, 2020, 11: 3684.

[28] Soares M, Rousk J. Microbial growth and carbon use efficiency in soil: links to fungal-bacterial dominance, SOC-quality and stoichiometry [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, 131: 195−205.

[29] 于普, 张全智, 王传宽. 帽儿山水曲柳和落叶松径向变化及其影响因素 [J]. 植物生态学报, 2026, 50(1): 160−172.
Yu P, Zhang Q Z, Wang C K. Radial variation and its influencing factors of *Fraxinus mandshurica* and *Larix gmelinii* in Mao'ershan [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2026, 50(1): 160−172.

[30] 窦金熙, 郭玉明, 王盛, 等. 土壤含水率测定方法研究 [J]. 山西农业科学, 2017, 45(3): 482−485.
Dou J X, Guo Y M, Wang S, et al. Study on determination methods of moisture content in soil [J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2017, 45(3): 482−485.

[31] Chen H Y, Jing Q F, Liu X, et al. Microbial respiratory thermal adaptation is regulated by r-/ K-strategy dominance [J]. Ecology Letters, 2022, 25(11): 2489−2499.

[32] Vance E D, Brookes P C, Jenkinson D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C [J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703−707.

[33] Murphy J, Riley J P. A modified single solution method for the determination of phosphate in natural waters [J]. Analytica Chimica Acta, 1962, 27: 31−36.

[34] Wang X H, Li S, Zhu B, et al. Long-term nitrogen deposition inhibits soil priming effects by enhancing phosphorus limitation in a subtropical forest [J]. Global Change Biology, 2023, 29(14): 4081−4093.

[35] 丁俊霞. 温带森林土壤有机碳激发效应对温度变化的响应及机制 [D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2025.
Ding J X. Responses of priming effect on soil organic carbon to altered temperature in temperate forests [D]. Harbin: Northeast Forestry University, 2025.

[36] Sinsabaugh R L, Turner B L, Talbot J M, et al. Stoichiometry of microbial carbon use efficiency in soils [J]. Ecological

Monographs, 2016, 86(2): 172−189.

[37] Sinsabaugh R L, Manzoni S, Moorhead D L, et al. Carbon use efficiency of microbial communities: stoichiometry, methodology and modelling [J]. Ecology Letters, 2013, 16(7): 930−939.

[38] 郭李琦, 闫晓蕾, 曹磊, 等. 树种菌根类型与根系性状对根际微生物网络复杂性的影响 [J]. 植物生态学报, 2025, 49(4): 573−584.
Guo L Q, Yan X L, Cao L, et al. Effects of mycorrhizal types and root traits of tree species on rhizosphere microbial network complexity [J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2025, 49(4): 573−584.

[39] Zhang Y Q, Mo C Y, Pan Y Q, et al. Responses of soil microbial survival strategies and functional changes to wet-dry cycle events [J]. Microorganisms, 2023, 11(11): 2783.

[40] Zhuang W R, Li Y, Kang X M, et al. Changes in soil oxidase activity induced by microbial life history strategies mediate the soil heterotrophic respiration response to drought and nitrogen enrichment [J]. Frontiers in Microbiology, 2024, 15: 1375300.

[41] Schroeder J, Peplau T, Pennekamp F, et al. Deforestation for agriculture increases microbial carbon use efficiency in subarctic soils [J]. Biology and Fertility of Soils, 2024, 60(1): 17−34.

[42] Wang Y G, Luo G P, Li C F, et al. Effects of land clearing for agriculture on soil organic carbon stocks in drylands: a meta-analysis [J]. Global Change Biology, 2023, 29(2): 547−562.

[43] Zhang H Y, Du Y, Pan H B, et al. Deforestation for terraced orchards declined microbial carbon use efficiency in arid valley soils [J]. Ecological Processes, 2025, 14(1): 83.

[44] Pabst H, Gerschlauer F, Kiese R, et al. Land use and precipitation affect organic and microbial carbon stocks and the specific metabolic quotient in soils of eleven ecosystems of Mt. Kilimanjaro, Tanzania [J]. Land Degradation & Development, 2016, 27(3): 592−602.

[45] Martí-Roura M, Hagedorn F, Rovira P, et al. Effect of land use and carbonates on organic matter stabilization and microbial communities in Mediterranean soils [J]. Geoderma, 2019, 351: 103−115.

[46] Okolo C C, Dippold M A, Gebresamuel G, et al. Assessing the sustainability of land use management of northern Ethiopian drylands by various indicators for soil health [J]. Ecological Indicators, 2020, 112: 106092.

[47] Peng Z H, Qian X, Liu Y, et al. Land conversion to agriculture induces taxonomic homogenization of soil microbial communities globally [J]. Nature Communications, 2024, 15: 3624.

[48] Corbeels M, Marchão R L, Neto M S, et al. Evidence of limited carbon sequestration in soils under no-tillage systems in the Cerrado of Brazil [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 21450.

[49] Tong X L, Fan L C, Wang M D, et al. Anthropogenic land-use driven changes in soil stoichiometry reduce microbial carbon use efficiency [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2025, 392: 109766.

[50] Liang C, Schimel J P, Jastrow J D. The importance of anabolism in microbial control over soil carbon storage [J]. Nature Microbiology, 2017, 2: 17105.

[51] Qin Z C, Zhu Y K, Canadell J G, et al. Global spatially explicit carbon emissions from land-use change over the past six decades (1961–2020) [J]. One Earth, 2024, 7(5): 835−847.

[52] 童滢滢, 张垚, 程旭, 等. 有机无机肥配施对砂姜黑土区麦玉轮作体系土壤团聚体及有机碳组分的影响 [J/OL]. 农业环境科学学报, 2025-11-06. https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=NHBH20251105002&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ.
Tong Y Y, Zhang Y, Cheng X, et al. Effects of combined organic and inorganic fertilization on soil aggregates and organic carbon fractions in Shajiang black soil under wheat-maize rotation [J/OL]. Journal of Agro-Environment Science, 2025-11-06. https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=NHBH20251105002&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ.

[53] Chen H, Yin C, Fan X P, et al. Effect of P availability on straw-induced priming effect was mainly regulated by fungi in croplands [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2021, 105(24): 9403−9418.

[54] Kallenbach C M, Grandy A S, Frey S D, et al. Microbial physiology and necromass regulate agricultural soil carbon accumulation [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2015, 91: 279−290.

[55] Nong T T, Yang X T, Pan R, et al. *Spartina* alterniflora invasion exacerbates soil microbial carbon and phosphorus co-limitations and alters microbial carbon and nitrogen use efficiency in the coastal wetlands of Eastern China [J]. Ecological Processes, 2025, 14(1): 72.

[56] Wang H, Liu S R, Chang S X, et al. Soil microbial community composition rather than litter quality is linked with soil organic carbon chemical composition in plantations in subtropical China [J]. Journal of Soils and Sediments, 2015, 15(5): 1094−1103.

[57] Brunel C, Gros R, Lerch T Z, et al. Changes in soil organic matter and microbial communities after fine and coarse residues inputs from Mediterranean tree species [J]. Applied Soil Ecology, 2020, 149: 103516.

[58] Morrissey E M, Kane J, Tripathi B M, et al. Carbon acquisition ecological strategies to connect soil microbial biodiversity and carbon cycling [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2023, 177: 108893.

[59] Min K, Lehmeier C A, Iv F B, et al. Carbon availability modifies temperature responses of heterotrophic microbial respiration, carbon uptake affinity, and stable carbon isotope discrimination [J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 2083.

[60] Wang J F, Luo Z M, Li J, et al. Fertilization decreases microbial CUE *via* enhancing soil properties and microbial respiration in coal mine reclamation area [J]. Applied Soil Ecology, 2025, 211: 106145.

[61] Zhu W L, Hao M, Zhao W, et al. Changes of microbial life history strategies to soil nutrient limitations following vegetation restoration and its impact on carbon utilization efficiency [J]. Journal of Environmental Management, 2025, 392: 126684.

（责任编辑　孟　瑶
责任编委　臧润国）