

· 学科进展 ·

# 全球变化背景下的土壤生物学研究进展

陆雅海<sup>1\*</sup> 傅声雷<sup>2</sup> 褚海燕<sup>3</sup> 杨云锋<sup>4</sup> 刘占锋<sup>2</sup>

(1 北京大学 城市与环境学院, 北京 100781; 2 中国科学院 华南植物园, 广州 510650;

3 中国科学院 南京土壤研究所, 南京 210008; 4 清华大学 环境学院, 北京 100082)

**[摘要]** 本文基于中国科学院学部学科发展战略研究项目“土壤和土壤生物学发展战略研究”和国家自然科学基金专项基金项目“土壤生物学发展战略研究”的部分研究成果。系统综述了土壤生物对全球变化的调节作用, 全球变化背景下土壤生物网络的响应与反馈, 全球变化敏感区域的土壤生物群落特征与演变等方面的国内外研究进展, 并提出了未来研究将面临的主要挑战和发展方向。

**[关键词]** 全球变化; 土壤生物学; 温室气体; 响应与反馈; 敏感区域

DOI: 10.16262/j.cnki.1000-8217.2015.01.006

全球变化已经对自然生态系统和社会经济产生了显著影响, 并在未来数十年乃至几个世纪将继续产生更加严重的影响。我国人口众多、生态环境脆弱, 在全球变化背景下, 其可持续发展面临着严峻的挑战, 因此, 研究全球变化的调控措施和适应对策将是我国科技界长期而艰巨的任务。土壤生物不仅直接参与温室气体的产生和转化, 而且在土壤生态系统的结构和功能中扮演极为重要的角色。研究土壤生物对全球变化的响应、适应和反馈机制, 将为土壤生态系统的优化管理和可持续利用提供重要理论基础。

近十多年来, 各国政府和科研机构高度重视关于土壤生物与全球变化相互关系的探索研究。英国自然环境研究委员会(NERC)于1998年启动了土壤生物学重大研究计划<sup>[1]</sup>, 旨在破解陆地生态系统碳循环的关键微生物种群和功能。美国科学基金会(NSF)和美国能源部(DOE)也相继启动了一系列与全球变化土壤生物学相关的重大研究计划, 包括: 微生物观测、相互作用和过程项目群研究计划(Microbial Observatories and Microbial Interactions and Processes)和基因组科学计划(Genomic Science Program)等。这些研究计划已取得丰硕成果, 不仅为理解土壤圈温室气体产生和转化的生物学机理奠定了基础, 而且创新发展了一系列土壤生物研究的新方法, 推动了土壤生物学科的发展。

面对国际土壤生物学研究快速发展的态势, 国家自然科学基金委员会从“十一五”开始积极推动我国土壤生物学的研究发展<sup>[2]</sup>, 通过资助一系列重大、重点研究项目和国家杰出青年科学基金等人才发展计划, 显著推动了我国陆地生态系统包括农田土、自然湿地、草原和森林等生态系统中碳氮转化和温室气体排放的研究, 促进了地下生态系统对全球变化响应和反馈的研究, 取得了一系列重要研究进展, 引起了国际学术界的广泛关注。本文试图对近年来国内外的主要研究进展作一概要综述和分析, 并抛砖引玉, 提出未来研究将面临的主要挑战和发展方向。

## 1 土壤生物对全球变化的调节作用

有机物质在土壤中的转化、分解和积累, 由土壤微生物介导发生, 是土壤碳循环的中心环节, 不仅调控温室气体排放和全球气候变化, 而且影响土壤肥力的发展和演化。长期以来, 土壤学家一直致力于研究由土壤异养呼吸引起的有机质分解及影响因素, 揭示了植物—土壤系统光合同化碳的转移与分配规律<sup>[3,4]</sup>, 并针对不同气候区域构建了土壤碳循环的模拟模型。最近, 研究工作进一步聚焦土壤呼吸对温度变化的响应。一些大尺度的模型模拟研究表明, 近20年来全球尺度的陆地CO<sub>2</sub>排放通量与气温增加呈显著正相关, 不同地理区域CO<sub>2</sub>排放通量

收稿日期: 2014-09-22; 修回日期: 2014-10-11

\* 通信作者, Email: luyh@pku.edu.cn

对温度的敏感性保持高度一致<sup>[5-7]</sup>。这些研究结果强烈暗示,土壤微生物呼吸(CO<sub>2</sub> 排放)对全球气候变化的响应存在着普适性规律。

土壤异养呼吸和 CO<sub>2</sub> 排放的研究大部分是在有氧环境进行,而在缺氧土壤如水稻土和自然湿地中,有机物质会发生厌氧降解,形成最终产物甲烷。近 10 多年来,学术界针对缺氧土壤有机质降解和产甲烷的微生物机理开展了广泛研究并取得了一系列突破。欧美科学家针对北半球湿地特别是泥炭沼泽地的有机质降解和甲烷产生机理开展了系统研究,通过分子生物学和传统分离培养相结合的方法,探明了北半球典型酸性泥炭土中起关键作用的产甲烷古菌群落<sup>[8]</sup>。德国、日本和我国科学家则对水稻田的有机质降解和产甲烷过程机理开展了大量研究,研究者发现在水稻土中起关键作用的并非传统菌群,而是一类新型产甲烷古菌<sup>[9,10]</sup>。通过长期系统研究,科学家不仅发现这类新型古菌拥有适应水稻田环境条件的独特遗传机制<sup>[11-13]</sup>,而且在微生物分类上属于一个新目分类单元,突破了产甲烷古菌的传统分类体系<sup>[14,15]</sup>。这些研究成果为调控和减缓湿地和稻田的甲烷排放提供了理论基础。

土壤固碳潜力是另一个倍受关注的科学问题。蚯蚓作为“土壤生态系统的工程师”,在陆地生态系统碳循环中发挥着重要作用。有研究表明蚯蚓可以加快碳的活化过程,但也可通过“稳定”和“矿化”的不对等效应促进碳的净固存<sup>[16]</sup>。土壤微团聚体的形成可显著加强对土壤碳库的物理保护作用。研究发现生物因子特别是菌根真菌对土壤微团聚体的形成起关键作用<sup>[17]</sup>。由丛枝菌根真菌分泌的球囊霉素具有疏水性,是一种天然的土壤颗粒黏结剂,可显著促进土壤团聚体形成,保护土壤有机质免受亲水性水解酶的分解,从而提升土壤的固碳潜力。目前编码球囊霉素的基因已被初步解译<sup>[18]</sup>,这将有助于发展分子生态学方法(包括组学技术),通过调控微生物球囊霉素的生产而促进土壤微团聚体的形成,从而为发展土壤碳捕获技术提供理论基础。

## 2 土壤生物对全球变化的响应与反馈

研究陆地生态系统对全球变化因子的响应和反馈,有助于准确预测未来气候情景下全球变化对陆地生态系统的影响,最大限度地减少全球变化可能引发的不良后果,并对生态系统进行有效管理,满足人类社会可持续发展的需求<sup>[19]</sup>。在过去 10 多年来,科学家针对全球变化因子对陆地植被生态系统的结

构和功能的影响开展了大量研究,但缺乏对地下生态系统的深入研究。理解地下生物网络对全球变化的响应与反馈是预测未来全球变化影响不可或缺的基础。

气温升高是全球变化的主要表现形式,温度升高可加速土壤微生物分解有机质的速率,从而增加土壤异养呼吸及 CO<sub>2</sub> 排放,对全球变暖产生正反馈作用。但最新研究表明这种响应并非呈线性关系<sup>[20]</sup>。随着气温的升高,土壤呼吸增加的趋势发生减缓。引起这种响应减弱的机理可能与土壤微生物群落结构的改变、微生物个体的生理变化和适应相关。有研究表明在高纬度生态系统,温度升高可使土壤真菌的相对丰度增加<sup>[21]</sup>。此外,温度变化还可引起植被群落演替,改变凋落物的质量和数量,从而影响地下分解食物网的结构和功能。由于地上与地下不同物种对温度响应不同步,气温升高可能对陆地生态系统的结构和功能产生十分复杂的影响。

土壤有机质可依据其分解特点划分为易分解碳库和难降解碳库。温度升高将会刺激微生物对易分解碳的利用,但是难降解碳的分子结构复杂,其温度敏感度目前尚不清楚<sup>[22]</sup>。地球高寒和极地区域的土壤中蕴含大量易分解有机碳库,因全球变化导致的升温表现最为强烈,因此,高寒和极地土壤的微生物群落结构和功能已成为近年来国际学术界的研究焦点。而在中纬度区域,土壤有机碳库主要以难降解碳为主,因此中纬度区域的研究更多关注长期增温条件下土壤难降解碳库的动态和微生物响应机理。

大气 CO<sub>2</sub> 浓度升高既是全球变化的原因也是其主要表现形式。因土壤孔隙的 CO<sub>2</sub> 浓度远高于大气,大气 CO<sub>2</sub> 浓度升高可能对土壤生物并不产生直接影响。但是,CO<sub>2</sub> 浓度升高可通过影响地上植被的群落结构和植物凋落物的数量和质量间接影响土壤生物。CO<sub>2</sub> 浓度升高对植被的影响依赖于土壤的氮素水平,对于高投入的农田土壤,提高 CO<sub>2</sub> 浓度可促进植物生长,从而通过增加地下碳输入而提高土壤微生物的数量和活性。而在氮素贫乏的自然土壤,这种影响可能并不明显<sup>[23]</sup>。与升温效应相似,CO<sub>2</sub> 升高的影响可产生复杂的食物链效应。首先 CO<sub>2</sub> 升高可促进光合作用、增加光合产物向地下的分配,这可能引发土壤微生物群落从细菌向真菌为优势的方向转变,并进一步影响食真菌线虫的群落结构<sup>[24,25]</sup>。

目前许多研究主要集中在大尺度范围预测大气 CO<sub>2</sub> 浓度升高对陆地生态系统的影响及反馈,这对

模型模拟预测全球变化的影响十分重要。但是陆地生态系统中地上和地下不同生物种类和基因型对CO<sub>2</sub>升高的响应与反馈存在很大差异,未来研究应更多关注不同物种的个体差异以及地上和地下生物群落演替的不同步性特征。

大气氮沉降是伴随全球变化的重要环境因子。自然生态系统的生产力通常受到氮素水平的限制,氮沉降会促进地上植被群落中快速生长和生产力高的物种,从而改变群落的结构与生产力。大气氮沉降通过改变植物生长和碳输入影响地下生物群落的结构和活性,进而改变土壤养分循环过程。在不少自然生态系统中氮沉降通常会抑制真菌的生物量,导致微生物群落向细菌为主导的食物网转变<sup>[26]</sup>。氮沉降引起的植被系统和土壤微生物变化又可通过食物链效应影响到土壤动物的数量和分布状况<sup>[27,28]</sup>。全球变化背景下氮沉降对土壤生物网络的长期影响目前尚缺少足够理解,值得未来研究的关注。

全球变暖还可引起降雨格局变化和生物入侵。降雨格局的变化可以对陆地生态系统产生深远的影响,对于干旱、半干旱地区,降雨格局变化的影响可能超过温度和CO<sub>2</sub>升高的影响。降雨格局改变可以直接或间接地影响土壤微生物群落,但是影响的方向和幅度目前存在很多不确定性。一般而言,长时间干旱会限制旱地土壤中微生物的生长和呼吸,因而对CO<sub>2</sub>排放产生负反馈效应。但干旱会增加湿地土壤的氧气供应,加速湿地土壤的有机质分解,从而对CO<sub>2</sub>排放产生正反馈效应。研究降雨格局变化对土壤生物群落及其生态过程的影响,对于准确预测干旱半干旱区域生态系统对未来气候变化的响应和反馈具有十分重要的意义。

外来物种入侵是导致物种多样性减少和自然生境退化的主要原因之一。目前对地上植被和大型动物的入侵已有许多研究,但对地下生物的入侵及其影响还了解较少。很多腐生微生物类群不仅功能多样性丰富,而且其分布不受地理位置的限制,因此,它们的入侵会产生深远的生态效应。例如,土壤病原真菌的入侵可能导致入侵地植被的生物量下降甚至大面积死亡<sup>[29]</sup>。对土壤动物入侵的研究表明,蚯蚓入侵已经在全球范围广泛发生,如亚洲和欧洲蚯蚓已经入侵到北美森林。蚯蚓入侵可显著改变土壤物理结构,促进土壤有机质矿化,引起土壤养分流失<sup>[30]</sup>,改变地上植被的群落结构和生态平衡。

生态系统对环境变化的响应通常呈现时滞现象。例如,土壤呼吸对增温的响应,在一开始时表现

为迅速上升,但到达峰值后逐渐下降,在增温十年后又回到了初始水平。多个长期定位试验的结果表明,不论是土壤生物还是地表植被的群落结构,在环境因子变化的最初几年与多年以后的差异很大。因此,在长时间尺度上研究土壤生物群落的结构和功能及其对全球变化因子的响应与适应,对于准确理解全球变化对陆地生态系统产生的影响具有重要意义,也可为预测未来全球环境变化的发展趋势以及制定适应和减缓全球变化的对策提供数据支持与理论依据。此外,在真实环境中环境因子很少单独起作用,更多地表现为多个因子的协同影响。为了模拟和预测土壤生态系统在未来的气候情景下的演变,就需要在不同时空尺度对包括土地利用方式在内的人类活动、二氧化碳浓度、氮沉降、气温、降雨等多因子的耦合作用进行系统集成研究。

### 3 全球变化敏感区域的土壤生物学研究

陆地生态系统的某些区域由于其生境的特殊性而对全球变化特别敏感,这些区域主要分布于气候边界地带、生态脆弱地带、海陆交界地带、赤道地带以及三极地带等。高寒生态系统及干旱半干旱生态系统是敏感区域的典型代表,目前国内外学术界高度关注在这些区域的土壤生物学研究<sup>[31-34]</sup>。

高寒生态系统分布在高纬度或高海拔、气候寒冷、冻土分布广泛的地区,如北极、北部森林、青藏高原、高山苔原等地区。由于漫长时期的生物固碳及其缓慢的生物降解,高寒土壤中储存了大量易分解的有机碳,在全球碳平衡中起举足轻重的作用。高寒生态系统对气候变化异常敏感,其气候变暖速度高于地球平均水平,例如,北极变暖速度是地球上其他地区的2倍。气候变暖不但使冰川与冻土退缩,同时伴随降水格局改变与大气氮沉降增加,由此加速高寒生态系统的退化<sup>[35]</sup>。随着气候不断变暖,高寒冻土活动层加深,土壤性质发生剧烈改变,引发倍增的水文循环效应,使土壤异养呼吸和CO<sub>2</sub>排放显著增加。有研究表明,随着冻土融化,微生物群落结构、系统发育、功能基因和代谢途径都发生了改变,放线菌、产甲烷菌在永久冻土融化过程中相对丰度明显增加<sup>[32]</sup>。

干旱半干旱生态系统分布于不同气候带,类型极度多样化,干旱半干旱区域经常又是生态脆弱的地带,对全球变化十分敏感。但相对于高寒生态系统,干旱半干旱区域的人口密度很高,因此,该生态系统的稳定性与人类社会的可持续发展休戚相关。

尽管干旱半干旱区域的地理景观复杂多样,但由于受到干旱半干旱水文特征的共性制约,其土壤生物群落组成仍存在一定共性特征,例如:植物群落通常呈现斑块化的分布格局,形成植物覆盖区和植物间隔区,这种独特的地表景观也显著影响到土壤微生物群落的组成与分布<sup>[36]</sup>。另外,干旱半干旱生态系统的特殊气候因子和土壤因子也是形成独特微生物群落分布格局的重要因素<sup>[37]</sup>。

针对全球变化敏感区内的土壤生物学研究有助于预测全球气候变化背景下各敏感生态系统的演变过程,为敏感区域的可持续发展提供科学依据。

#### 4 未来主要的研究方向和科学问题

全球变化背景下,未来土壤生物学研究将主要面临以下科学问题的挑战:第一,不同生态系统温室气体产生和转化的关键微生物种类、时空变异及其对全球变化的调节作用;第二,维持生态系统功能稳定性的关键生物种类及其对全球变化的响应和敏感性;第三,地上与地下生态系统的相互作用机制及演变;第四,气候变化敏感区域的土壤生物多样性及生态功能。

为了解决上述科学问题,我国在未来5—10年或更长时间,建议考虑以下土壤生物学问题,作为优先发展领域和方向:

(1) 建立野外长期定位观测实验,研究土壤生物群落对全球变化的调节、响应及反馈机制。以往研究通常关注短期时间尺度上全球变化与土壤生物的相互作用和反馈,而对长期时间尺度上陆地生态系统的结构与功能对全球变化的调节、适应及其反馈作用研究较少。因此,需要进行长时间尺度上的研究,长期观测模拟土壤温室气体的排放规律,研究预测大气氮沉降、CO<sub>2</sub>浓度变化、大气温度变化等对土壤生物群落的影响,建立土壤生物数据库和信息系统,通过分析土壤生物群落特征变异情况,破解长时间尺度上土壤生物对全球变化的调节、响应与反馈。此外,野外模拟控制试验需要考虑真实的全球变化情景,对多个环境因子的综合影响和耦合作用加以深入系统研究,以准确揭示土壤生物群落对全球变化的调节功能与适应机制。

(2) 破解土壤温室气体产生和转化的微生物分子机理。过去大量研究工作聚焦土壤温室气体产生和转化的微生物群落结构,主要关注相关微生物的种类和生态生理特性,研究工作停留在种群或细胞水平。实际上,土壤中温室气体的产生和转化过程

主要通过一系列特殊的生化机制和代谢途径,这些途径可被看作是驱动土壤温室气体产生和转化的分子引擎。新一代分子生物技术的发展扫除了破译这些分子引擎的技术障碍,理解这些分子系统的作用机理及其对全球变化的响应和适应将是二十一世纪土壤生物学面临的一个巨大挑战。未来研究需要融合不同学科的方法和理论,综合应用稳定同位素探测(SIP)技术、高通量测序技术、转录组学和蛋白组学等新兴技术手段,在分子水平上破解土壤温室气体的产生和转化机制,探索发现新的微生物过程机理,并发展其调控技术和方法。为调控土壤中温室气体的产生和排放提供理论基础和技术支撑。

(3) 加强气候变化对地上一地下相互作用以及这些互作调控生态系统对气候变化响应的研究。过去大量研究表明对全球变化影响的理解必需考虑地上和地下生物的相互作用。全球变化对地下生态系统的影响很大程度上取决于地上植被的变化,而地下生态系统的变化又将对地上系统作出反馈,影响地上植被的生长和分布格局。地上一地下相互作用在调控生态系统属性和功能方面发挥着极端重要的作用。但目前大部分全球变化影响研究并没有整合地上一地下的相互作用及反馈,这明显限制了对全球变化生态效应的预测能力。因此,理解全球气候变化对陆地生态系统的影响以及陆地生态系统的反馈需要充分考虑土壤生物与地上生物的相互作用。

(4) 探索全球变化背景下土壤生物入侵的生态学效应。全球变化是驱动生态系统物种增加或丧失的重要因子,这会对生态系统的属性和功能产生深远影响。越来越多的证据表明全球变化背景下物种的分布范围在类群和地理区域上发生了迁移,气候变暖在驱动物种迁移和分布范围方面发挥着重要的作用。在全球变化背景下,物种分布范围的扩展会显著影响生态系统的地上和地下部分及其对气候变化的反馈。土壤生物在调控物种分布范围方面将发挥重要作用。未来面临的挑战是理解气候变化如何通过影响土壤生物物种分布范围,进而直接或间接地影响入侵地的地上和地下生物群落。

(5) 开展全球变化敏感区域土壤微生物群落结构和功能的系统研究。作为全球变化的敏感区,高寒生态系统对气候变化的响应与反馈不仅影响当地生态系统,也将对全球生态系统以及人类生活产生巨大影响。开展高寒土壤微生物生态学研究,在全球变化、生物多样性保护等领域具有重大意义,目前已成为国内外生态环境科学研究的热点。未来土壤

生物学拟重点研究：高寒土壤微生物的组成与分布；高寒土壤微生物对气候变化的响应；高寒冻土退化过程中生物群落演替；气候变化背景下高寒土壤微生物群落的预测。

干旱半干旱地区幅员辽阔，几乎覆盖了从热带到温带再到寒带的所有气候地带。但存在生态退化、环境脆弱问题，对全球变化极度敏感。同时其生态系统退化不仅给本地的生态环境和农业发展带来严重阻碍，对临近生态系统也将造成难以预计的影响。干旱半干旱地区土壤微生物的群落组成与分布对降雨、温度和土壤理化性质变化具有高度敏感性。因此，亟需研究该区域土壤生物群落的自身特点及其对全球气候变化的响应，揭示土壤生物与植物的相互作用，阐明土壤生物结皮对气候变化的响应及演替规律。

**致谢** 感谢中国科学院傅伯杰院士、国家自然科学基金委员会地球科学部宋长青副主任和冷疏影处长的指导和帮助。本研究得到中国科学院学部学科发展战略研究合作项目和国家自然科学基金(批准号：L1322005)的支持。

### 参 考 文 献

- [1] Usher MB, Sier ARJ, Hornung M et al. Understanding biological diversity in soil: The UK's Soil Biodiversity Research Programme. *Appl Soil Ecol*, 2006, 33: 101—113.
- [2] 宋长青, 吴金水, 陆雅海, 等. 中国土壤微生物学研究—10年回顾. *地球科学进展*, 2013, 28: 1087—1105.
- [3] Butler JL, Williams MA, Bottomley PJ et al. Microbial community dynamics associated with rhizosphere carbon flow. *Appl Environ Microbiol*, 2003, 69: 6793—6800.
- [4] Lu YH, Murase J, Watanabe A et al. Linking microbial community dynamics to rhizosphere carbon flow in a wetland rice soil. *FEMS Microbiol Ecol*, 2004, 48: 179—186.
- [5] Bond-Lamberty B, Thomson A. Temperature-associated increases in the global soil respiration record. *Nature*, 2010, 464: 579—582.
- [6] Mahecha MD, Reichstein M, Carvalhais N et al. Global Convergence in the Temperature Sensitivity of Respiration at Ecosystem Level. *Science*, 2010, 329: 838—840.
- [7] Yvon-Durocher G, Caffrey JM, Cescatti A et al. Reconciling the temperature dependence of respiration across timescales and ecosystem types. *Nature*, 2012, 487: 472—476.
- [8] Brauer SL, Cadillo-Quiroz H, Yashiro E et al. Isolation of a novel acidiphilic methanogen from an acidic peat bog. *Nature*, 2006, 442: 192—194.
- [9] Lu YH, Conrad R. In situ stable isotope probing of methanogenic archaea in the rice rhizosphere. *Science*, 2005, 309: 1088—1090.
- [10] Erkel C, Kube M, Reinhardt R et al. Genome of Rice Cluster I archaea—the key methane producers in the rice rhizosphere. *Science*, 2006, 313: 370—372.
- [11] Gan YL, Qiu QF, Liu PF et al. Syntrophic oxidation of propionate in rice field soil at 15 and 30°C under methanogenic conditions. *Appl Environ Microbiol*, 2012, 78: 4923—4932.
- [12] Liu PF, Qiu QF, Lu YH. *Syntrophomonadaceae*-affiliated species as active butyrate-utilizing syntrophs in paddy field soil. *Appl Environ Microbiol*, 2011, 77: 3884—3887.
- [13] Lü Z, Lu Y. Complete genome sequence of a thermophilic methanogen, *Methanocella conradii* HZ254, isolated from Chinese rice field soil. *J Bacteriol*, 2012, 194: 2398—2399.
- [14] Lü Z, Lu Y. *Methanocella conradii* sp. nov., a thermophilic, obligate hydrogenotrophic methanogen, isolated from Chinese rice field soil. *PLoS ONE*, 2012, 7: e35279.
- [15] Sakai S, Imachi H, Sekiguchi Y et al. Isolation of key methanogens for global methane emission from rice paddy fields; a novel isolate affiliated with the clone cluster rice cluster I. *Appl Environ Microbiol*, 2007, 73: 4326—4331.
- [16] Zhang WX, Hendrix PF, Dame LE, et al. Earthworms facilitate carbon sequestration through unequal amplification of carbon stabilization compared with mineralization. *Nature Communications*, 2013, 4: 2576.
- [17] Bedini S, Turrini A, Rigo C et al. Molecular characterization and glomalin production of arbuscular mycorrhizal fungi colonizing a heavy metal polluted ash disposal island, downtown Venice. *Soil Biol Biochem*, 2010, 42: 758—765.
- [18] Purin S, and Rillig MC. Immuno-cytolocalization of glomalin in the mycelium of the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus intraradices*. *Soil Biol Biochem*, 2008, 40: 1000—1003.
- [19] 傅伯杰, 牛栋, 赵士洞. 全球变化与陆地生态系统研究: 回顾与展望. *地球科学进展*, 2005, 20: 556—560.
- [20] Melillo J, Steudler P, Aber J et al. Soil warming and carbon-cycle feedbacks to the climate system. *Science*, 2002, 298: 2173—2176.
- [21] Allison SD, Treseder KK. Warming and drying suppress microbial activity and carbon cycling in boreal forest soils. *Global Change Biol*, 2008, 14: 2898—2909.
- [22] Smith P, Fang C. Carbon cycle: A warm response by soils. *Nature*, 2010, 464: 499—500.
- [23] Reid JP, Adair EC, Hobbie SE et al. Biodiversity, nitrogen deposition, and CO<sub>2</sub> affect grassland soil carbon cycling but not storage. *Ecosystems* 2012, 15: 580—590.
- [24] Jones TH, Thompson LJ, Lawton JH et al. Impacts of rising atmospheric carbon dioxide on model terrestrial ecosystems. *Science*, 1998, 280: 441—443.
- [25] Wardle DA, Bardgett RD, Klironomos JN et al. Ecological linkages between aboveground and belowground Biota. *Science*, 2004, 304: 1629—1633.
- [26] Frey SD, Knorr M, Parrent JL et al. Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests. *Forest Ecol Manag*, 2004, 196: 159—171.
- [27] Xu GL, Mo JM, Sandra B et al. Effects of simulated N deposition on soil fauna. *Acta Ecol Sin*, 2004, 24: 2245—2251.
- [28] Zhao J, Wang FM, Li J, et al. Effects of experimental nitrogen and/or phosphorus additions on soil nematode communities in a secondary tropical forest. *Soil Biol Biochem*, 2014, 75: 1—10.
- [29] Venette RC, Cohen SD. Potential climatic suitability for establishment of *Phytophthora ramorum* within the contiguous United States. *Forest Ecol Manag*, 2006, 231: 18—26.

- [30] McLean MA, Parkinson D. Field evidence of the effects of the epigeic earthworm *Dendrobaena octaedra* on the micro-fungal community in pine forest floor. *Soil Biol Biochem*, 2000, 32: 351—360.
- [31] Mackelprang R, Waldrop MP, Deangelis KM et al. Metagenomic analysis of a permafrost microbial community reveals a rapid response to thaw. *Nature*, 2011, 480: 368—371.
- [32] Yergeau E, Bokhorst S, Kang SH et al. Shifts in soil microorganisms in response to warming are consistent across a range of Antarctic environments. *The ISME J*, 2012, 6(3): 692—702.
- [33] Shen C, Liang W, Yu S, Lin X, Zhang H, Wu X, Xie G, Chain P, Grogan P, Chu H. Contrasting elevational diversity patterns between eukaryotic soil microbes and plants. *Ecology*, 2014, DOI:95:3190-3202.
- [34] Xiang X, Shi Y, Yang J, Kong J, Lin X, Zhang H, Zeng J, Chu H. Rapid recovery of soil bacterial communities after wildfire in a Chinese boreal forest. *Scientific Rep*, 2014, 4: 3829.
- [35] 李娜, 王根绪, 高永恒, 等. 青藏高原生态系统土壤有机碳研究进展. *土壤*, 2009, 41(4):512—519.
- [36] Ben-David EA, Zaady E, Sher Y et al. Assessment of the spatial distribution of soil microbial communities in patchy arid and semi-arid landscapes of the Negev Desert using combined PLFA and DGGE analyses. *FEMS Microbiol Ecol*, 2011, 76:492—503.
- [37] Yeager CM, Kuske CR, Carney TD et al. Response of biological soil crust diazotrophs to season, altered summer precipitation, and year-round increased temperature in an arid grassland of the Colorado plateau, USA. *Frontiers Microbiol*, 2012, 3:358.

### Recent advances in global change and soil biology

Lu Yahai<sup>1</sup> Fu Shenglei<sup>2</sup> Chu Haiyan<sup>3</sup> Yang Yunfeng<sup>4</sup> Liu Zhanfeng<sup>2</sup>

(1. College of Urban and Environmental Sciences, Peking University, Beijing 100871;

2. South China Botanical Gardens, Chinese Academy of Science, Guangzhou 510650;

3. Soil Science Institute, Chinese Academy of Science, Nanjing 210008;

4. College of Environmental Science, Tsinghua University 100082)

**Abstract** Here we summarize the major advances in the researches on soil biology related to global change, including the regulation of soil biota on greenhouse gas emissions, the response and feedback of soil biota to global change effects and the structure and evolution of soil biota in climate-change most sensitive regions. We proposed a set of overarching scientific challenges that need to be addressed in the forthcoming research plans in China.

**Key words** global change; soil biology; greenhouse gases; response and feedback; sensitive regions