

贵州普定土壤酶活性和氮循环功能基因数据集

ISSN 2096-2223
CN 11-6035/N

李丹丹^{1,2}, 张心昱^{1,4*}, 杨洋^{1,3}, 刘霜^{1,4}, 张雷明^{1,4}, 郭志明¹, 刘烁¹,

彭韬⁵



文献 CSTR:

32001.14.11-6035.csd.2023.0083.zh



文献 DOI:

10.11922/11-6035.csd.2023.0083.zh

数据 DOI:

10.57760/sciencedb.07754

文献分类: 生物学

收稿日期: 2023-03-17

开放同评: 2023-05-05

录用日期: 2023-07-24

发表日期: 2023-07-28

1. 中国科学院地理科学与资源研究所, 生态系统网络观测与模拟重点实验室, 北京 100101
2. 中国石油集团安全环保技术研究院有限公司, 石油石化污染物控制与处理国家重点实验室, 北京 102206
3. 河北建筑工程学院, 市政与环境工程系, 河北省水质工程与水资源综合利用重点实验室, 河北张家口 075000
4. 中国科学院大学, 资源与环境学院, 北京 100190
5. 普定喀斯特生态系统观测研究站, 贵州普定 562100

摘要: 中国西南喀斯特地区是我国生态环境最脆弱的地区, 该地区在二十世纪九十年代末启动“退耕还林”恢复工程项目以实现退化生态系统的植被恢复与重建。土壤微生物的丰度、群落组成及功能活性变化关系到土壤养分供应和周转情况, 是影响植被恢复的关键因子。本数据集依托中国科学院普定喀斯特生态系统观测研究站, 以陈旗流域的农田、弃耕地、次生林和灌丛以及天龙山的近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林土壤为监测对象, 采集 5 种植被类型下的剖面土壤和天龙山典型树种根际土壤, 从调查采样过程、样品分析与数据精度三个方面进行数据质量控制和评估, 形成了由 8 个数据表单组成的 1 个 Excel 文件, 涵盖 2016 年 5 种植被类型下表层至基岩层剖面土壤的参与碳、氮、磷转化的微生物酶活性、氮循环微生物功能基因丰度和氮转化速率、不同类群微生物的活体生物量和残体碳含量及土壤理化性质数据; 2018 年近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林优势树种根际土壤酶活性和理化性质的数据。该数据集对于喀斯特地区土壤养分循环的微生物调控机制认识具有重要参考价值, 对于“退耕还林”背景下生态脆弱区土壤养分管理具有重要现实意义。

关键词: 喀斯特生态系统; 植被恢复; 土壤微生物; 酶活性; 功能基因; 微生物生物量

数据库(集)基本信息简介

数据库(集)名称	贵州普定土壤酶活性和氮循环功能基因数据集
数据通信作者	张心昱 (zhangxy@igsnr.ac.cn)
数据作者	李丹丹、张心昱、杨洋、刘霜、张雷明、郭志明、刘烁、彭韬
数据时间范围	2016年、2018年
地理区域	陈旗流域 (26°15'36"–26°15'56" N, 105°43'30"–105°44'42" E) 天龙山 (26°14'48" N, 105°45'51" E)

* 论文通信作者

张心昱: zhangxy@igsnr.ac.cn

数据量	150 KB
数据格式	*.xlsx
数据服务系统网址	https://doi.org/10.57760/sciencedb.07754
基金项目	科技部基础性工作专项课题（2021FY100701）
数据库（集）组成	本数据集集合了 2016 年和 2018 年贵州普定喀斯特生态系统观测研究站的陈旗流域（农田、弃耕地、灌丛、次生林）和天龙山（近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林）5 种植被类型土壤酶活性和氮循环微生物功能基因的数据。数据集由 1 个含有 8 个表单的 Excel 文件组成，包括 2016 年剖面土壤采样点信息、2016 年 5 种植被类型下剖面土壤酶活性数据、氮循环微生物功能基因丰度及氮转化速率的数据、活体微生物量数据、微生物残体碳数据、理化性质数据，以及 2018 年近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林植物根际土壤理化性质和水解酶活性数据。

引言

由于人为活动的影响，我国西南喀斯特地区石漠化及土地退化问题极其严重。为了应对严重的土地退化问题，我国自上世纪末开始实施生态恢复工程措施。在退耕还林的政策下，西南喀斯特地区将坡度 $>25^{\circ}$ 的农田逐步进行退耕，形成了不同的植被类型，有效改善了喀斯特地区的生态环境^[1-2]。

微生物在土壤养分循环中发挥着重要作用，可以作为衡量土壤健康或肥力的综合指标，成为评价生态系统土壤功能恢复的重要组成部分^[3-5]。土壤酶是由含特定功能基因的微生物所编码的，其活性不仅可以反映土壤理化性质、生物量和生物多样性的变化，也可以反映土壤养分循环情况^[6-10]。不同植被类型下，植被的凋落物数量和质量以及根系分泌物数量和化学成分存在着显著的差异，这将影响土壤中微生物群落动态，从而影响土壤养分循环^[11-16]。因此，加强喀斯特地区不同植被类型下参与土壤养分循环的相关微生物酶活性及群落动态监测，不仅能加强我们对退化生态系统土壤功能恢复的理解，也有助于为喀斯特地区土壤养分管理促进生态恢复提供理论依据。

贵州普定喀斯特生态系统国家野外科学观测研究站（以下简称普定站）位于南方喀斯特典型区域，是我国南方喀斯特石漠化和生态破坏最为严重的代表性地区。已有大量研究指出植被恢复有利于该区域土壤养分的提升和微生物功能的恢复。然而，关于喀斯特地区土壤养分含量及其土壤微生物丰度和活性研究中还未有公开的数据集。本研究依托普定站，以陈旗流域的农田、弃耕地、次生林和灌丛以及天龙山的近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林土壤为监测对象，汇总了 5 种植被类型下剖面土壤、根际土壤关于参与碳、氮、磷转化的微生物酶活性、氮循环微生物功能基因、活体和残体微生物量和土壤理化性质的数据，形成了 1 个含有 8 个数据表单 Excel 文件数据集，为喀斯特地区退耕还林对土壤养分循环影响的微生物调控机制研究提供数据支撑。

1 数据采集和处理方法

1.1 采集样地描述

数据采集样地位于普定站的陈旗流域典型集水区（ $26^{\circ}15'36''-26^{\circ}15'56''\text{N}$ ， $105^{\circ}43'30''-105^{\circ}44'42''\text{E}$ ）和天龙山（ $26^{\circ}14'48''\text{N}$ ， $105^{\circ}45'51''\text{E}$ ）。陈旗流域海拔为 1140–1523 m，三面环山，属

于典型的喀斯特峰林洼地地貌（图 1）。天龙山海拔为 1421–1503 m，是喀斯特峰丛中的一座孤山。两个小流域相距 1.2 km，属于亚热带季风气候，年平均降雨量为 1390 mm，年平均气温为 15.1 °C。土壤多为石灰土和黄壤。土壤母质以可溶性的碳酸盐类岩占优势，主要是中三叠纪关岭组形成的石灰岩和泥灰岩，岩溶作用强烈^[3-4]。

二十世纪六十年代，陈旗流域的植被遭到严重破坏，大面积土地被开垦为农田。直到二十世纪末我国政府实施退耕还林政策，陈旗流域大面积的坡耕地陆续从坡顶到坡下进行退耕，逐渐恢复成灌丛，最终演替为次生林，形成了不同的植被类型^[3-4]。灌丛和林地主要分布在山腰至山顶区域，耕地主要分布在沟谷及缓坡地带。天龙山山顶由于长期以来有佛教寺庙的存在，森林植被保存较好，在黔中高高原面已属于近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林^[3]。因此，农田、弃耕地、灌丛和次生林 4 种植物类型位于陈旗流域，近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林位于天龙山。

1.2 样方设置及样品采集

(1) 不同植被类型下不同发生层土壤样品采集：2016 年 6 月，在陈旗流域选取岩性、海拔和地形等条件相似且相邻的 3 个独立的、彼此面对面的喀斯特峰丛山丘用于设置农田、弃耕地、次生林样地。在每个山丘，依照海拔从下到上分别在农田、弃耕地、次生林设置 3 个重复样方，每个样方大小为 5 m×5 m，样方之间距离 10 m 以上。在天龙山上从山脚到山顶，设置了 4 个 5 m×5 m 重复样方，样方之间距离超过 10 m。在每个样方内挖掘 1 个从地表至基岩的土壤剖面（图 1），参照《中国生态系统研究网络观测与分析标准方法-土壤理化分析与剖面描述》^[17]，根据剖面特征将土壤发生层次分淋溶层、淀积层和母质层，分别采集各个发生层次的土壤样品。分析不同发生层土壤样品的氮循环微生物功能基因丰度及氮转化速率、微生物酶活性。

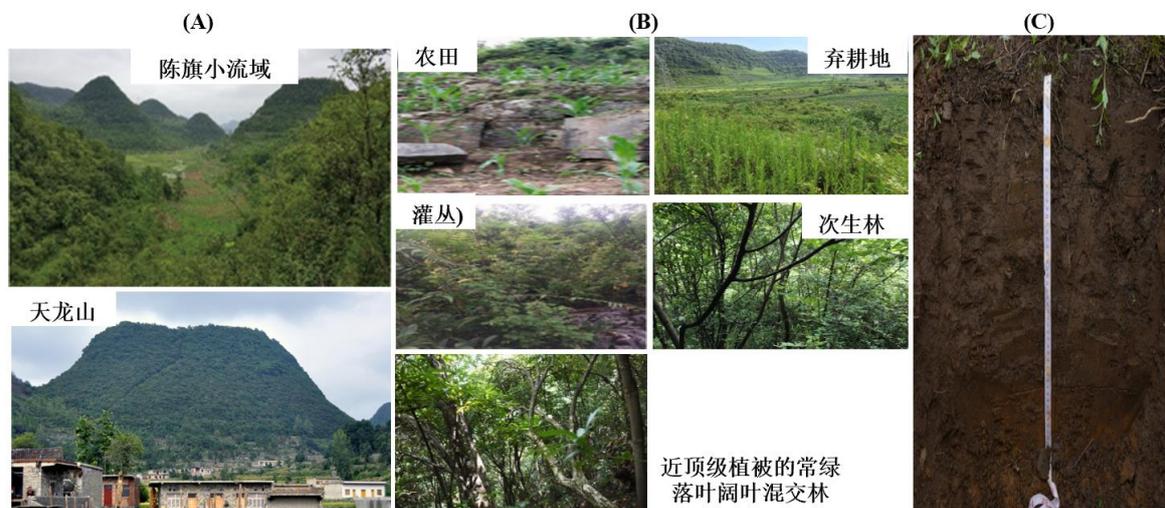


图 1 普定站陈旗流域和天龙山地貌 (A)、不同植被类型的植被群落照片 (B) 和土壤剖面照片 (C)

Figure 1 Physiognomy of Chenqi Catchment and Tianlong Mountain at Puding Station (A), photographs of various vegetation types (B) and the photo of a soil profile (C)

(2) 不同植被类型下不同土层深度样品采集：2016 年 7 月，在陈旗流域选取农田、弃耕地、灌丛、次生林，在天龙山选取近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林，共 5 种不同的植被类型。每个植被类型下依照海拔从下往上设置 4 个重复样方，每个样方大小为 5 m×5 m，样方之间距离 10 m 以上，采集 0~10 cm、10~30 cm、30~50 cm、50 cm 以下深度的土壤剖面样品。分析不同土层深度土壤样品

的微生物酶活性、活体微生物量和微生物残体碳含量。

(3) 喀斯特陈旗流域精细调查样品采集: 2016年7月, 在陈旗流域选择400 m×400 m大小的集水区, 沿着东北坡和西南坡分别布置4条样带, 沟谷布置1条样带, 共布置9条样带开展精细调查。每条样带内设置4个距离大致相等的样方, 共计36个样方。其中11个样方所在研究区的植被类型为次生林, 15个样方为弃耕地, 10个样方为农田。每个样方范围为5 m×5 m, 在样方范围内随机取0~10 cm、10~30 cm、30~50 cm、50 cm以下深度的土壤样品, 分析土壤样品的水解酶活性。

(4) 天龙山根际土壤样品采集: 2018年5月, 在天龙山近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林中从山顶到山脚随机设置了三条样带, 每条样带的长和宽分别为50 m×10 m, 每条样带之间的距离大于100 m。沿着这三条样带, 采集了成熟且健康生长的优势木本植物根际土壤及一级根(距离根轴最远端的吸收根)。分析根际土壤样品的水解酶活性, 并鉴定植物菌根类型。

土壤采集方法参考《土壤样品的采集、处理和贮存》(NY/T 1121.1-2006)标准^[18]执行。具体来说, 去除地表凋落物层, 用直径为2 cm土钻在样方范围内随机取8~10个土芯, 混匀后作为1个土壤样品。植物的根际土壤采用“追根法”确定每棵目标树种的根系, 利用“抖土法”采集根际土壤。在采样时, 对样地植被类型、优势物种及生态系统干扰历史进行调查, 记录采样地点位置及地形信息(表1), 并拍摄样地景观照片(图1)。将采集的鲜土过2 mm的土筛, 一份直接保存在4℃冰箱用于微生物酶活性及土壤理化性质分析, 另一份保存在-80℃冰箱冷冻用于功能基因分析。此外, 利用“追根法”和“抖土法”确定每棵木本植物的根系, 采集每棵植物100~200个一级根, 置于FAA固定液中, 在4℃冰箱内保存, 用于菌根类型鉴定^[11]。

表1 不同植被类型植物种类的特征和样地信息

Table 1 Characteristics of plant species of different vegetation types and information of the sampled farmlands, abandoned farmlands, shrublands, secondary forests and primary forests

植被类型	管理历史	坡度(°)	海拔(m)	优势植被物种
农田	玉米、大豆和油菜轮作; 粪肥与尿素或复合肥结合使用	20-50	1333-1352	玉米、大豆和油菜
弃耕地	农田弃耕<5年, 植被自然生长	24-35	1316-1333	小蓬草、牛尾蒿、野艾蒿
次生林	农田弃耕后, 植被自然生长>15年	27-34	1320-1466	盐肤木、红叶木姜子和香椿
灌丛	火烧后, 自然恢复2-3年	38-49	1447-1484	茅莓、红花悬钩子、红叶木姜子、小果蔷薇、蒿属、盐肤木
近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林	原始状态, 几乎没有受到人类的干扰	27-36	1234-1460	滇鼠刺、云贵鹅耳枥、窄叶石栎、安顺润楠

1.3 观测方法

(1) 土壤水解酶活性: 参与土壤碳氮磷循环的6种水解酶活性参考 Saiya-cork 等^[19]方法, 采用微孔板荧光法利用多功能酶标仪(SynergyH4, BioTek)。称取1 g鲜土置于250 mL烧杯内, 向烧杯中加入125 mL与土壤样品pH值相近的醋酸钠缓冲液(浓度为50 mmol L⁻¹), 在涡旋振荡器上震荡1 min, 制备成土壤悬浮液; 样品孔中分别加入200 μL的土壤悬浮液和50 μL的底物(浓度为200 μmol L⁻¹); 土壤控制孔中分别加入200 μL的土壤悬浮液和50 μL醋酸钠缓冲溶液; 底物控制孔中分

别加入 50 μL 底物和 200 μL 醋酸缓冲液；标准物质孔中分别加入 50 μL 的标准物质（浓度为 10 μmol L⁻¹）和 200 μL 的醋酸钠缓冲液；在黑暗避光条件下，置于 20 °C 恒温培养箱中培养 4 h；随后，每个孔中加入 10 μL 浓度为 1 mol·L⁻¹ 的 NaOH 溶液终止反应；荧光值在 365 nm 波长处激发，450 nm 波长处进行测定。每个样品孔、土壤控制孔、底物控制孔、标准物质孔均设置了 8 个平行重复。亮氨酸氨基肽酶（LAP）的标准物质为 7-氨基-4-甲基香豆素，其他 5 种水解酶的标准物质为 4-甲基伞型酮。土壤水解酶活性测定的反应底物及功能详见表 2^[20]。

(2) 土壤氧化还原酶活性：土壤氧化还原酶活性采用微孔板吸收光法，通过多功能酶标仪（SynergyH4, BioTek）测定^[4,19]。土壤悬浮液制备方法同上述水解酶测定方法中的土壤悬浮液制备方法一致，称取 1g 鲜土置于 250 mL 烧杯内，加入 125 mL 与土壤样品 pH 值相近的醋酸钠缓冲液（浓度为 50 mmol L⁻¹），在涡旋振荡器上震荡 1 min，制备成土壤悬浮液；吸取土壤悬浮液 600 μL 于 96 深孔板中，加入 150 μL 的底物（浓度为 200 μmol L⁻¹），测定过氧化物酶（PER）的深孔板中再加入 30 μL 10% H₂O₂，所有深孔板在 20°C 的黑暗条件下培养 5 h，停止培养后进行离心 2 min，吸取 250 μL 上清液至透明的 96 微孔板中，在 460 nm 下进行吸收光检测。每个样品均设置了 8 个平行重复。土壤氧化还原酶活性测定的反应底物及功能详见表 2^[20]。

表 2 水解酶和氧化酶的功能及反应底物

Table 2 Functions and substrates of the soil hydrolase and oxidase

分类	酶	编号	底物	功能
水解酶	β-1,4-葡萄糖苷酶 (βG)	3.2.1.21	4-MUB-β-D-glucoside	水解纤维素二糖中释放葡萄糖
	β-1,4-木糖苷酶 (βX)	3.2.1.37	4-MUB-β-D-xyloside	水解半纤维素素中释放木糖
	纤维素二糖水解酶 (CBH)	3.2.1.91	4-MUB-β-D-cellobioside	水解纤维素二糖中释放二糖类
	β-1,4-乙酰基-葡萄糖胺糖苷酶 (NAG)	3.2.1.14	4-MUB-N-acetyl-β-D-glucosaminide	水解低聚糖中释放 N-乙酰基氨基葡萄糖
	亮氨酸氨基肽酶 (LAP)	3.4.11.1	L-Leucine-7-amino-4-methylcoumarin	水解蛋白质释放亮氨酸
	酸性磷酸酶 (LAP)	3.1.3.1	4-MUB-phosphate	水解磷酸多糖和磷脂中释放磷酸盐
氧化酶	多酚氧化酶 (PPO)	1.10.3.2	L-DOPA	用氧分子作为电子受体，氧化分解多酚类物质
	过氧化物酶 (PER)	1.11.1.7	L-DOPA	用 H ₂ O ₂ 作为电子受体，分解木质素、芳香族化合物

注：DOPA 为 L-3,4-dihydroxyphenylalanine; 4-MUB 为 4-methylumbelliferyl。

(3) 氮循环微生物功能基因丰度：通过已知浓度的质粒 DNA 进行连续 10 倍稀释用以制作标准曲线，利用实时定量 PCR 仪（Eco™, Illumina, USA）分析氮循环功能基因（*nifH*、*chiA*、AOA *amoA*、AOB *amoA*、*napA*、*narG*、*nirK*、*nirS*、*norB*、*nosZ*）的拷贝数。同时将无 DNA 的模板设置为阴性对照，每个样品设置 3 次重复。溶解曲线为单一峰用以鉴定产物的特异性，且 PCR 产物经琼脂糖凝胶电泳进一步检测无非特异性扩增和引物二聚体的生成。标准曲线 R²≥0.999、扩增效率为 90%~110% 之间的数据被接受。各基因所负责的功能及扩增通用引物信息见表 3。

表 3 各功能基因的主要功能和 PCR 扩增引物信息

Table 3 Functions and primer pairs of the nitrogen-cycling functional genes used in PCR

基因	功能	引物名称	引物序列	退火温度
<i>nifH</i> ^[21]	固氮	PolF	TGCGAYCCSAARGCBGAGA	55 °C
		PolR	ATSGCCATCATYTCRCC	
<i>chiA</i> ^[22]	有机氮分解	GA1F	CGTCGACATCGACTGGGGCAG	57 °C
		GA1R	ACGCCGGTCCAGCCNCCA	
AOA <i>amoA</i> ^[23]	氨氧化	Arch-amoAF	STAATGGTCTGGCTTAGACG	55 °C
		Arch-amoAR	GCGGCCATCCATCTGTATGT	
AOB <i>amoB</i> ^[24]	氨氧化	amoA-1F	GGGGTTTCTACTGGTGGT	55 °C
		amoA-2R	CCCCTCKGSAAAGCCTTCTTC	
<i>napA</i> ^[25]	硝酸盐还原	V17m	TGGACVATGGGYTTYAAYC	58 °C
		napA4r	ACYTCRCGHGCVGTRCCRCA	
<i>narG</i> ^[25]	硝酸盐还原	narGf	TCGCCSATYCCGGCSATGTC	58 °C
		narGr:	GAGTTGTACCAGTCRGC SGAYTCSG	
<i>nirK</i> ^[26]	亚硝酸盐还原	F1aCu	ATCATGGTSCTGCCGCG	58 °C
		R3Cu	GCCTCGATCAGRTTGTGGTT	
<i>nirS</i> ^[27]	亚硝酸盐还原	nirSCd3aF	AACGYSAAGGARACSGG	55 °C
		nirSR3cd	GASTTCGGRTGSGTCTTSAYGAA	
<i>norB</i> ^[28]	一氧化氮还原	qnorB2f	GGNCAYCARGGNTAYGA	55 °C
		qnorB5r	ACCCANAGRTGNACNACCCACCA	
<i>nosZ</i> ^[29]	氧化亚氮还原	nosZ2F	CGCRACGGCAASAAGGTSMSST	55 °C
		nosZ2R	CAKRTGCAKSGCRTGGCAGAA	

(4) 氮转化速率：氮转化速率包括固氮速率和反硝化速率。固氮速率参照 Li 等^[30]方法，通过室内培养实验，利用乙炔还原法测定 28 °C 条件下乙炔 (C₂H₂) 还原生成乙烯 (C₂H₄) 的量。潜在反硝化速率和基础反硝化速率参照 Shrewsbury 等^[31]的方法，利用乙炔抑制法通过室内培养实验进行测定。潜在反硝化速率测定厌氧培养条件下微生物在可利用性碳和氮源供应充分情况下产生 N₂O 的最大量；基础反硝化速率测定厌氧培养条件下微生物在田间养分状态下产生 N₂O 的量。C₂H₄ 和 N₂O 的浓度均采用气相色谱 (Agilent GC 7890A, Agilent, USA) 测定。微生物固氮速率和反硝化速率分别用单位时间内每克干土产生的 C₂H₄ 和 N₂O 的量表示。在培养过程中，每个样品设置 3 次重复，同时将仅添加土样和乙炔设置为对照。

(5) 活体微生物量：磷脂脂肪酸 (PLFA) 是微生物活体细胞膜的成分，可作为活体微生物生物量的指标。采用脂肪酸 19:0 作为内标，参考 Frostegard 等^[32]和 Bossio 等^[33]方法，利用气相色谱通过 MIDI 软件系统 (Version 4.5) 分析微生物细胞膜 PLFA 各组分含量。称取相当于 8 g 干重的鲜土，依次加入 3.0 mL 磷酸缓冲液、6.0 mL 氯仿、12 mL 甲醇，避光震荡 2 h 后，在 3000 r min⁻¹ 下离心 10 min，将上清液转移到装有 12 mL 三氯甲烷，12 mL 磷酸缓冲液的分液漏斗中，摇动分液漏斗 2 min，避光条件下，静置过夜。次日，用 50 mL 试管收集分液漏斗下层溶液，收集的液体在 30 °C 水浴中用氮气

吹干以获得浓缩磷脂样品，用 1000 uL 三氯甲烷将试管内浓缩的样品分两次转到萃取硅胶柱上。采用 5 mL 三氯甲烷、10 mL 丙酮、5 mL 甲醇依次对硅胶柱上磷脂样品进行洗脱，收集甲醇相，并用氮气吹干。在吹干后的样品中加入 1 mL 的 1:1 甲醇甲苯及 1 mL 0.2 mol L⁻¹ 氢氧化钾，在 37 °C 水浴加热 15 min，最后用正己烷萃取，再用氮气吹干储存在 4 °C 冰箱待上机测定。用于指示革兰氏阴性菌、革兰氏阳性菌、细菌、真菌、放线菌种群的磷脂脂肪酸标志物见表 4^[34-36]。

表 4 用于表征微生物类型的磷脂脂肪酸 (PLFA) 标志物

Table 4 Common phospholipids biomarkers representing different types of microbes

名称	磷脂脂肪酸 (PLFAs)
细菌	15:0, 17:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, 16:1 ω 7c, cy17:0, cy19:0
革兰氏阴性菌	16:1 ω 7c, cy17:0, cy19:0
革兰氏阳性菌	i15:0, a15:0, i16:0, i17:0
真菌	18:1 ω 9c, 18:2 ω 6
放线菌	10Me16:0, 10Me18:0

(6) 微生物残体碳：根据 Indorf 等^[37]方法，采用邻苯二甲醛柱前在线衍生-高效液相色谱法测定土壤中氨基胞壁酸 (MurN)、氨基甘露糖 (GalN)、氨基葡萄糖 (GluN) 三种氨基糖的含量。利用氨基胞壁酸和氨基葡萄糖分别计算细菌和真菌残体碳，利用三种氨基糖的总和计算土壤中微生物残体碳^[12, 38]。标准样品平行样、土壤样品平行样和重复样的相对标准偏差均 < 5%，且标准曲线性 R² > 0.999 时获得的数据被接受。

(7) 菌根类型鉴定：在 90 °C 条件下，将一级根用 10% 的 KOH (w/v) 溶液透明化 30 min；在室温条件下，用 2% 的 HCl 溶液 (v/v) 酸化 30 min；再用 0.1% 的酸性品红溶液分别在 90 °C 和 60 °C 条件下进行染色 30 min 和 60 min；染色结束后，用等体积的乳酸-甘油-水混合溶液脱色。利用显微镜 (DM500, Frankfurt, Germany) 观察根系解剖结构。根系皮质细胞中若出现线圈或丛状的结构被认定为内生菌根，根系根尖若有黄棕色或金棕色的菌丝鞘且肿胀认定为外生菌根。

(8) 土壤的基本理化性质：土壤容重、含水量、pH、有机碳、全氮、全磷、溶解性有机碳、铵态氮、硝态氮、速效磷的测试方法参照《土壤农化分析》进行测定^[39]。

2 数据样本描述

本数据集的数据储存于 1 个 Excel 文件中的 8 个数据表单中，包含了采样点信息，2016 年不同土壤发生层土壤酶活性、氮循环功能基因丰度、氮转化速率、土壤理化性质数据，2016 年不同土层深度土壤酶活性、活体微生物量、微生物残体碳数据，2016 年陈旗流域精细调查土壤水解酶活性、理化性质数据和 2018 年天龙山近顶级植被的常绿落叶阔叶混交林根际土壤样品采样点、理化性质和酶活性数据。采样点信息涵盖了样品编号、采样深度、采样时间、采样点坐标、优势种、海拔、坡度和坡向等；土壤酶包括水解酶 (β G、 β X、CBH、NAG、LAP 和 ALP) 和氧化酶 (PPO 和 PER)；氮循环功能基因包括 *nifH*、*chiA*、*AOA amoA*、*AOB amoA*、*napA*、*narG*、*nirK*、*nirS*、*norB* 和 *nosZ*，氮转化速率包括固氮速率、基础反硝化速率和潜在反硝化速率；活体微生物量包括革兰氏阴性菌、革兰氏阳性菌、细菌、真菌和放线菌生物量；土壤理化性质包括土壤容重、含水量、pH、有机碳、全氮、全磷、溶解性有机碳、铵态氮、硝态氮、速效磷。具体的字段名称、类型及示例见表 5、表 6。

表 5 本数据集 Sheet 1 内容及字段含义

Table 5 Data content and description in Sheet 1

字段名称	量纲	数据类型	示例
采样时间	无	数字型	2016.6.17 13:00
植被类型	无	字符型	农田
样品名称	无	字符型	CHN-16 CHQ-S7
土壤剖面	无	字符型	淋溶层
土层深度	cm	字符型	0~15
土壤类型	无	字符型	黄壤
优势种	无	字符型	玉米
海拔	m	整数型	1350
经度	无	字符型	105°46'30"E
纬度	无	字符型	26°15'52"N
坡度	°	整数型	20
坡向	°	字符型	东北坡 60°

表 6 本数据集 Sheet 2-Sheet 8 内容及字段含义

Table 6 Data content and description from Sheet 2 to Sheet 8

字段名称	量纲	数据类型	示例
样品名称	无	字符型	CHN-16 CHQ-S7
土壤剖面	无	字符型	淋溶层
土层深度	cm	字符型	0~15
植被类型	无	字符型	农田
水解酶活性	nmol g ⁻¹ h ⁻¹	整数型	573
氧化酶活性	umol g ⁻¹ h ⁻¹	整数型	63
氮循环功能基因丰度	Copies g ⁻¹ dry soil	整数型	589486358
固氮速率	nmol C ₂ H ₄ g ⁻¹ d ⁻¹	整数型	379
潜在反硝化速率	ng-N ₂ O g ⁻¹ h ⁻¹	浮点型	10.07
基础反硝化速率	ng-N ₂ O g ⁻¹ h ⁻¹	浮点型	9.35
活体微生物量	mg kg ⁻¹ dry soil	浮点型	1.45
氨基糖	ug g ⁻¹ dry soil	浮点型	0.23
微生物残体碳	g kg ⁻¹ dry soil	浮点型	2.38
容重	g cm ⁻³	浮点型	0.96
含水量	%	整数型	40
pH	无	浮点型	7.1
有机碳	g kg ⁻¹	整数型	44
全氮	g kg ⁻¹	浮点型	3.2
全磷	g kg ⁻¹	浮点型	0.85

字段名称	量纲	数据类型	示例
可溶性有机碳	mg kg ⁻¹	整数型	28
硝态氮	mg kg ⁻¹	整数型	29
铵态氮	mg kg ⁻¹	浮点型	1.7
有效磷	mg kg ⁻¹	浮点型	3.0
物种名	无	字符型	白筋
拉丁名	无	字符型	<i>Eleutherococcus trifolius</i>
菌根类型	无	字符型	内生菌根
生活型	无	字符型	灌木
叶片形态	无	字符型	常绿

注：数据集中空白为未检测此项。

3 数据质量控制和评估

为确保调查数据具有代表性、准确性，本数据集在建立过程中主要从调查采样过程、样品分析与数据精度三个方面进行质量控制和评估。

3.1 调查采样过程质量控制

沿海拔梯度在陈旗和天龙山两个小流域选择研究区域内具有代表性的植被类型，涵盖了坡上、中、下以及不同坡向。由于陈旗流域和天龙山在地形上存在差异，两流域采取差异化样地设置方式。同时，在陈旗流域选择 400 m×400 m 大小的集水区开展精细调查，建立地形和植被类型相结合的垂直剖面土壤取样体系。在样地设置方面综合考虑了地形和地势等环境因素，使得数据采集更加全面和具有代表性。此外，在各样方内随机设置重复样地并随机取样，在各个样地内将 8–10 个土芯混匀作为 1 个样品，降低空间异质性对数据结果产生的影响。在土壤样品采集时，仔细去除土壤表面凋落物层，对所不同土层土壤样品进行准确标记。采样结束后，仔细核实样品数量与样品记录信息。

3.2 样品室内分析质量控制

土壤样品带回实验室后，尽快测定相关指标，针对不同的检测指标采取特定的样品保存方式。在样品检测前，再次核实样品信息，包括样地名称、样方编号、样品数量等。在测定过程严格按照方法规范操作，在每一批次样品检测过程中，均设置独立的空白对照，并插入标样、盲样，将标准曲线 $R^2 > 0.999$ 进行数据校正，以保证原始数据采集结果的准确性。

3.3 数据精度质量控制

完成检测后，认真记录原始数据，所有数据的原始记录不得涂抹、删改，以备数据后续核查。当数据出现异常值时，应严格核实。核对数据计算过程，如发现数据计算过程错误导致结果偏差较大时，立即溯源原始数据。此外，通过对数据离散程度分析，以组内不超过测定指标均值 3 倍标准差为正常样，剔除数据的异常样本。

4 数据价值

本研究公开发表了贵州普定喀斯特区域的陈旗流域和天龙山 5 种不同植被类型下参与土壤碳、氮、磷循环相关微生物酶活性及功能基因的数据。微生物酶活性数据揭示了喀斯特生态系统植被在恢复前期存在氮、磷养分限制，而在恢复后期存在磷养分限制的问题，为植被恢复过程中制定合理的养分管理策略提供参考价值^[8]。氮循环微生物功能基因丰度及微生物氮转化速率数据进一步揭示植被恢复改善了土壤物理结构，实现了土壤对氮循环功能微生物在水、碳、氮和磷养分方面的可持续供给，进而提高氮循环微生物活性，为喀斯特生态系统可持续氮素管理提供科学依据^[9-10, 14]。利用基础反硝化速率和潜在反硝化速率的比值揭示了喀斯特地区植被恢复过程中土壤氮循环状态的变化，为“退耕还林”背景下土壤 N₂O 排放控制机制研究提供数据参考^[13]。通过微生物量数据量化了活体微生物与残体微生物对土壤有机碳库的贡献，对提高喀斯特地区植被恢复过程中维持土壤碳库的稳定性机制的认识具有重要意义^[12]。不同树种根际土壤酶活性数据揭示了外生菌根与丛枝菌根养分获取能力和途径上的差异，为喀斯特森林中物种的共存和树种多样性的维持提供数据支撑^[15]。

总之，本数据集为探究喀斯特地区植被恢复对土壤碳氮磷循环过程的微生物调控机制研究提供新的认识。此外，本数据集的公开也是进一步系统性地研究脆弱生态系统在“退耕还林”背景下土壤养分循环及微生物功能活性研究的重要数据来源，为未来区域生态环境治理提供重要的数据支撑。

致 谢

感谢普定站在数据采集过程中关于样方设置及样品采集方面给予的支持。

数据作者分工职责

李丹丹（1988—），女，黑龙江哈尔滨人，博士后，研究方向为土壤氮循环过程及其微生物机制。主要承担工作：数据整理与论文撰写。

张心昱（1973—），女，辽宁桓仁人，研究员，研究方向为陆地生态系统土壤碳、氮、磷循环的微生物机制。主要承担工作：总体方案设计与组织实施，样品采集与分析的质量控制、数据质量控制与评估，技术指导与论文修改。

杨洋（1991—），女，黑龙江哈尔滨人，讲师，研究方向为土壤养分循环及微生物机制。主要承担工作：根际土壤样品的采集与分析工作。

刘霜（1995—），女，河南永城人，博士生，研究方向为土壤磷循环及微生物机制。主要承担工作：样品采集与土壤酶活性分析工作。

张雷明（1974—），男，河南开封人，副研究员，研究方向为陆地生态系统碳水交换、土壤温室气体通量、植被物候。主要承担工作：技术指导与论文修改工作。

郭志明（1992—），男，湖南醴陵人。博士生，研究方向为土壤碳生物地球化学过程。主要承担工作：剖面样品采集，土壤微生物碳标志物及土壤养分分析工作。

刘烁（1992—），男，河北南宫人。硕士，研究方向为土壤酶活性空间分布特征。主要承担工作：样品采集，土壤酶活性分析。

彭韬（1984—），男，贵州省贵阳人，研究方向为喀斯特地区生态环境研究、土壤侵蚀与水土保持、水文水资源研究。主要承担工作：采样指导与论文修改工作。

参考文献

- [1] TONG X W, BRANDT M, YUE Y M, et al. Increased vegetation growth and carbon stock in China Karst via ecological engineering[J]. *Nature Sustainability*, 2018, 1(1): 44–50. DOI: 10.1038/s41893-017-0004-x.
- [2] QUINE T, GUO D L, GREEN S M, et al. Ecosystem service delivery in Karst landscapes: anthropogenic perturbation and recovery[J]. *Acta Geochimica*, 2017, 36(3): 416–420. DOI: 10.1007/s11631-017-0180-4.
- [3] 李丹丹. 植被恢复对喀斯特地区土壤氮循环影响的微生物机制[D]. 沈阳农业大学, 2021. [LI D D. Microbial mechanism of vegetation restoration on soil nitrogen cycle in karst area[D]. Shenyang Agriculture University, 2021.]
- [4] 郭志明. 中国西南喀斯特地区植被类型对土壤微生物群落和酶活性的影响[D]. 中国科学院大学, 2018. [GUO Z M. Effects of vegetation types on soil microbial communities and enzyme activities of Karst area in southwest China[D]. University of Chinese Academy of Sciences, 2021.]
- [5] 刘烁. 贵州喀斯特典型集水区土壤酶活性空间异质性[D]. 沈阳农业大学, 2018. [LIU S. Spatial heterogeneity of soil enzyme activities in typical catchment area of karst in Guizhou province[D]. Shenyang Agriculture University, 2018.]
- [6] 刘霜, 张心昱. 不同植物根际土壤碳氮水解酶活性热点区的空间分布特征[J]. *生态学报*, 2020, 40(13): 4462–4469. DOI: 10.5846/stxb201908201733. [LIU S, ZHANG X Y. Spatial distribution of carbon and nitrogen acquiring hydrolase activity hotspots in rhizosphere soils of different plants[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(13): 4462–4469. DOI: 10.5846/stxb201908201733.]
- [7] 刘烁, 王秋兵, 史文娇, 等. 喀斯特典型集水区土壤水解酶活性空间异质性及其影响因素[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(8): 2615–2623. DOI: 10.13287/j.1001-9332.201808.023. [LIU S, WANG Q B, SHI W J, et al. Spatial heterogeneity of soil hydrolase activities and their influencing factors in a typical Karst Catchment of Guizhou Province, China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29(8): 2615–2623. DOI: 10.13287/j.1001-9332.201808.023.]
- [8] GUO Z M, ZHANG X Y, GREEN S M, et al. Soil enzyme activity and stoichiometry along a gradient of vegetation restoration at the Karst Critical Zone Observatory in Southwest China[J]. *Land Degradation & Development*, 2019, 30(16): 1916–1927. DOI: 10.1002/ldr.3389.
- [9] LI D D, LI X C, DU X Y, et al. Response of heterotrophic respiration to vegetation restoration in a Karst area of SW China[J/OL]. *Land Degradation & Development*, 2023. DOI: 10.1002/ldr.4625.
- [10] LI D D, ZHANG X Y, GREEN S M, et al. Nitrogen functional gene activity in soil profiles under progressive vegetative recovery after abandonment of agriculture at the Puding Karst Critical Zone Observatory, SW China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 125: 93–102. DOI: 10.1016/j.soilbio.2018.07.004.
- [11] 杨洋. 亚热带森林丛枝和外生菌根树种对土壤磷的获取机制[D]. 中国科学院大学, 2021. [YANG Y. Mechanisms of arbuscular mycorrhizal and ectomycorrhizal tree species acquiring for soil phosphorus in subtropical forests[D]. University of Chinese Academy of Sciences, 2021.]
- [12] GUO Z M, ZHANG X Y, DUNGAIT J A J, et al. Contribution of soil microbial necromass to SOC stocks during vegetation recovery in a subtropical Karst ecosystem[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 761: 143945. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.143945.

- [13] LI D D, ZHANG X Y, DUNGAIT J A J, et al. Main controls on the denitrification rates during cropland revegetation in the southwest China Karst Critical Zone Observatory[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2021, 308: 107228. DOI: 10.1016/j.agee.2020.107228.
- [14] LI D D, ZHANG X Y, DUNGAIT J A J, et al. Changes in the biological N₂-fixation rates and diazotrophic community as vegetation recovers on abandoned farmland in a Karst region of China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 158: 103808. DOI:10.1016/j.apsoil.2020.103808.
- [15] YANG Y, ZHANG X Y, HARTLEY I P, et al. Contrasting rhizosphere soil nutrient economy of plants associated with arbuscular mycorrhizal and ectomycorrhizal fungi in Karst forests[J]. *Plant and Soil*, 2022, 470(1): 81–93. DOI: 10.1007/s11104-021-04950-9.
- [16] LIU S, ZHANG X Y, DUNGAIT J A J, et al. Rare microbial taxa rather than *phoD* gene abundance determine hotspots of alkaline phosphomonoesterase activity in the Karst rhizosphere soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2021, 57(2): 257–268. DOI: 10.1007/s00374-020-01522-4.
- [17] 刘光崧. 土壤理化分析与剖面描述[M]. 北京: 中国标准出版社, 1996: 5–23. LIU G S. Soil physical and chemical analysis & description of soil profiles[M]. Beijing: Standards Press of China, 1996: 5–23.
- [18] 中华人民共和国农业部. 土壤检测 第 1 部分: 土壤样品的采集、处理和贮存: NY/T 1121.1—2006[S]. 北京: 中国标准出版社, 2006. [Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. Soil testing-Part 1: Soil sampling, processing and reposition[S]. Beijing: Standards Press of China, 2006.]
- [19] SAIYA-CORK K R, SINSABAUGH R L, ZAK D R. The effects of long term nitrogen deposition on extracellular enzyme activity in an *Acer saccharum* forest soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(9): 1309–1315. DOI: 10.1016/S0038-0717(02)00074-3.
- [20] STONE M M, DEFOREST J L, PLANTE A F. Changes in extracellular enzyme activity and microbial community structure with soil depth at the Luquillo Critical Zone Observatory[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 75: 237–247. DOI: 10.1016/j.soilbio.2014.04.017.
- [21] POLY F, MONROZIER L J, BALLY R. Improvement in the RFLP procedure for studying the diversity of *nifH* genes in communities of nitrogen fixers in soil[J]. *Research in Microbiology*, 2001, 152(1): 95–103. DOI: 10.1016/S0923-2508(00)01172-4.
- [22] WILLIAMSON N, BRIAN P, WELLINGTON E H. Molecular detection of bacterial and streptomycete chitinases in the environment[J]. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2000, 78(3): 315–321. DOI: 10.1023/A:1010225909148.
- [23] FRANCIS C A, ROBERTS K J, BEMAN J M, et al. Ubiquity and diversity of ammonia-oxidizing Archaea in water columns and sediments of the ocean[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2005, 102(41): 14683–14688. DOI: 10.1073/pnas.0506625102.
- [24] ROTTHAUWE J H, WITZEL K P, LIESACK W. The ammonia monooxygenase structural gene *amoA* as a functional marker: molecular fine-scale analysis of natural ammonia-oxidizing populations[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63(12): 4704–4712. DOI: 10.1128/aem.63.12.4704-4712.1997.
- [25] BRU D, SARR A, PHILIPPOT L. Relative abundances of proteobacterial membrane-bound and periplasmic nitrate reductases in selected environments[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, 73(18): 5971–5974. DOI: 10.1128/AEM.00643-07.

- [26] YU Y J, ZHANG J B, CHEN W W, et al. Effect of land use on the denitrification, abundance of denitrifiers, and total nitrogen gas production in the subtropical region of China[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, 50(1): 105–113. DOI: 10.1007/s00374-013-0839-x.
- [27] PETERSEN D G, BLAZEWICZ S J, FIRESTONE M, et al. Abundance of microbial genes associated with nitrogen cycling as indices of biogeochemical process rates across a vegetation gradient in Alaska[J]. *Environmental Microbiology*, 2012, 14(4): 993–1008. DOI: 10.1111/j.1462-2920.2011.02679.x.
- [28] GUIEYSSE B, PLOUVIEZ M, COILHAC M, et al. Nitrous Oxide (N₂O) production in axenic *Chlorella vulgaris* microalgae cultures: evidence, putative pathways, and potential environmental impacts[J]. *Biogeosciences*, 2013, 10(10): 6737–6746. DOI: 10.5194/bg-10-6737-2013.
- [29] HENRY S, BRU D, STRES B, et al. Quantitative detection of the nosZ gene, encoding nitrous oxide reductase, and comparison of the abundances of 16S rRNA, narG, nirK, and nosZ genes in soils[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2006, 72(8): 5181–5189. DOI: 10.1128/AEM.00231-06.
- [30] LI D J, WANG Z C, SUN X B, et al. Tree species effects on asymbiotic N₂ fixation in subtropical Karst and non-Karst forests[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 117: 185–190. DOI: 10.1016/j.soilbio.2017.11.024.
- [31] SHREWSBURY L H, SMITH J L, HUGGINS D R, et al. Denitrifier abundance has a greater influence on denitrification rates at larger landscape scales but is a lesser driver than environmental variables[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 103: 221–231. DOI: 10.1016/j.soilbio.2016.08.016.
- [32] FROSTEGARD A, TUNLID A, BAATH E. Changes in microbial community structure during long-term incubation in two soils experimentally contaminated with metals[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28(1): 55–63. DOI: 10.1016/0038-0717(95)00100-X.
- [33] BOSSIO DA, SCOW K M. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns[J]. *Microbial Ecology*, 1998, 35(3): 265–278. DOI: 10.1007/s002489900082.
- [34] FIERER N, SCHIMEL J P, HOLDEN P A. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(1): 167–176. DOI: 10.1016/S0038-0717(02)00251-1.
- [35] BACH E, BAER S, MEYER C, et al. Soil texture affects soil microbial and structural recovery during grassland restoration[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(12): 2182–2191. DOI: 10.1016/j.soilbio.2010.08.014.
- [36] LANDESMAN W J, DIGHTON J. Response of soil microbial communities and the production of plant-available nitrogen to a two-year rainfall manipulation in the New Jersey Pinelands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(10): 1751–1758. DOI: 10.1016/j.soilbio.2010.06.012.
- [37] INDORF C, DYCKMANS J, KHAN K S, et al. Optimisation of amino sugar quantification by HPLC in soil and plant hydrolysates[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2011, 47(4): 387–396. DOI: 10.1007/s00374-011-0545-5.
- [38] 于颖超, 张心昱, 戴晓琴, 等. 亚热带红壤区森林土壤剖面微生物残体碳分布及影响因素[J]. *生态学报*, 2022, 42(3): 1108–1117. DOI: 10.5846/stxb202006171568. [YU Y C, ZHANG X Y, DAI X Q, et al. Distributions and influencing factors of microbial residue carbon contents in forest soil profiles in subtropical

red soil region[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(3): 1108–1117. DOI: 10.5846/stxb202006171568.]

[39] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000. [BAO S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.]

论文引用格式

李丹丹, 张心昱, 杨洋, 等. 贵州普定土壤酶活性和氮循环功能基因数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2023, 8(4). (2023-07-28). DOI: 10.11922/11-6035.csd.2023.0083.zh.

数据引用格式

李丹丹, 张心昱, 杨洋, 等. 贵州普定土壤酶活性和氮循环功能基因数据集[DS/OL]. Science Data Bank, 2023. (2023-07-27). DOI: 10.57760/sciencedb.07754.

A dataset of soil microbial enzyme activities and nitrogen cycling functional genes in Puding County of Guizhou Province

LI Dandan^{1,2}, ZHANG Xinyu^{1,4*}, YANG Yang^{1,3}, LIU Shuang^{1,4}, ZHANG Leiming^{1,4}, GUO Zhiming¹, LIU Shuo¹, PENG Tao⁵

1. Key Laboratory of Ecosystem Network Observation and Modeling, Institute of Geographic Sciences and Natural Resources Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, P. R. China

2. State Key Laboratory of Petroleum Pollutants Control, China National Petroleum Corporation Research Institute of Safety and Environment Technology, Beijing 102206, P. R. China

3. Hebei Key Laboratory of Water Quality Engineering and Comprehensive Utilization of Water Resources, Department of Municipal and Environmental Engineering, Hebei University of Architecture, Zhangjiakou 075000, P. R. China

4. College of Resources and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, P. R. China

5. Puding Karst Ecosystem Research Station, Puding 562100, P. R. China

* Email: zhangxy@igsnr.ac.cn

Abstract: The karst ecosystem in southwest China is the most fragile ecological environment in China. To protect the ecological environment, the project of "Grain to Green Program" was initiated in the late 1990s for the vegetation restoration in this region. Changes in soil microbial abundance, community composition and functional activity are closely linked to soil nutrient supply and turnover, which are the critical factors influencing vegetation restoration processes. Soils were sampled from five different vegetation types at Chenqi catchment and Tianlong Mountain, and rhizosphere soils were sampled from the typical tree species at Tianlong Mountain. Through rigorous data quality control processes (including survey sampling, sample analysis, and data accuracy checks), we obtained a dataset of soil microbial enzyme activities and nitrogen cycling functional genes in different vegetation types from the karst ecosystem. This dataset consisted of one

excel file with eight different sheets, which contains the data on soil microbial enzyme activities, nitrogen cycling functional gene abundance and nitrogen transformation rate, microbial living biomass, microbial residue carbon, and soil physicochemical properties along soil profile ranging from the surface to bedrock layer in various vegetation types of 2016. Furthermore, the dataset also includes the enzyme activity and physicochemical properties of the rhizosphere soils from typical tree species in the primary forest in 2018. The dataset serves as valuable reference data for better understanding the microbial regulation mechanism of soil nutrient cycling in karst areas, and it is also of great practical significance for soil nutrient management in ecologically fragile regions under the background of "Grain to Green Program" policy.

Keywords: karst ecosystem; vegetation restoration; soil microorganism; enzyme activity; functional gene; microbial biomass

Dataset Profile

Title	A dataset of soil microbial enzyme activities and nitrogen cycling functional genes in Puding County of Guizhou Province
Data corresponding author	ZHANG Xinyu (zhangxy@igsnr.ac.cn)
Data author(s)	LI Dandan, ZHANG Xinyu, YANG Yang, LIU Shuang, ZHANG Leiming, GUO Zhiming, LIU Shuo, PENG Tao
Time range	2016 and 2018
Geographical scope	Chenqi catchment (26°15'36"-26°15'56"N, 105°43'30"-105°44'42" E); Tianlong Mountain (26°14'48" N, 105°45'51" E)
Data volume	150 KB
Data format	*.xlsx
Data service system	https://doi.org/10.57760/sciencedb.07754
Source(s) of funding	The Special Project on National Science and Technology Basic Resources Investigation of China (2021FY100701)
Dataset composition	This dataset includes the data on soil microbial enzyme activities and nitrogen cycling functional genes under five vegetation types from Chenqi Catchment (farmland, abandoned farmland, shrubland, and secondary forest) and Tianlong Mountain (primary forest) at the Puding Karst Station in 2016 and 2018. The dataset consists of one excel file with 8 sheets, covering the basic information of the profile soils at the study sites in 2016, soil enzymes activities, nitrogen cycling functional gene abundance and nitrogen transformation rate, microbial living biomass, microbial residue carbon, and soil physicochemical properties of profile soils along soil profiles ranging from surface to bedrock layer under the different vegetation types of 2016. Furthermore, the dataset also includes physicochemical properties and enzyme activities of the rhizosphere soils in the primary forest of 2018.