



文献 CSTR:
32001.14.11-6035.csd.2023.0070.zh



文献 DOI:
10.11922/11-6035.csd.2023.0070.zh
数据 DOI:
10.57760/sciencedb.o00119.00080

文献分类: 生物学

收稿日期: 2023-02-18
开放同评: 2023-02-28
录用日期: 2023-07-06
发表日期: 2023-09-05

氮磷添加下典型温带、亚热带森林土壤氮循环功能 基因丰度和微生物群落属性数据集

贾彦茹¹, 唐玉倩^{1*}, 张心昱^{2,3}, 于贵瑞^{2,3}, 王辉民^{2,3}, 陈伏生⁴,

田大栓^{2,3}, 张雷明^{2,3}

1. 中国地质大学, 地理与信息工程学院, 区域生态与环境变化重点实验室, 武汉 430074
2. 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
3. 中国科学院大学, 资源与环境学院, 北京 100190
4. 江西农业大学, 林学院, 南昌 330029

摘要: 氮和磷是维持土壤微生物生长和活性的必需养分。中国温带和亚热带森林之间, 以及森林土壤垂直剖面上的氮、磷含量差异巨大, 土壤微生物群落特征也显著不同。在严重氮沉降影响下, 中国东部土壤养分失衡和磷元素限制日益加剧。但是, 目前并没有系统的数据集展示氮沉降和磷添加如何影响中国东部森林土壤氮循环微生物和土壤理化性质, 从而更好阐释氮沉降和磷添加对森林土壤氮循环的影响。本研究基于全球变化联网实验平台, 测定和整理了3个具有典型代表性的森林氮磷添加样地土壤氮循环功能基因丰度、微生物群落多样性和酶活性, 形成一套较为系统的氮循环功能微生物属性数据集。本数据集包括中国东部温带(长白山)和亚热带(千烟洲和鼎湖山)森林氮磷添加野外控制实验样地的0–10 cm的表层土壤和无养分添加的0–80 cm土壤垂直剖面数据。数据包括: 氮循环功能基因(氨氧化古菌 *amoA*、氨氧化细菌 *amoA*、*nirK*、*nirS*、*nosZ*、*qnorB*、*narG*、*nir*、*nifH* 和 *chiA*) 丰度、群落多样性和组成、微生物潜在活性(硝化活性、反硝化活性、固氮活性、有机氮分解酶活性)和土壤理化性质(pH、土壤含水量、N₂O排放、净硝化速率和有机碳、NH₄⁺、NO₃⁻、有效磷、总氮、总碳、总磷、溶解性有机碳含量)。本数据集的创建和共享将为全球变化氮沉降和磷添加背景下森林土壤氮循环的微生物驱动机制及模拟提供数据和理论支持, 为森林生态系统温室气体N₂O的排放、氮素淋失和养分管理提供数据和依据。

关键词: 温带森林; 亚热带森林; 氮磷添加; 土壤剖面; 氮循环微生物; 功能基因

数据库(集)基本信息简介

数据库(集)名称	氮磷添加下典型温带、亚热带森林土壤氮循环功能基因丰度和微生物群落属性数据集
数据通信作者	唐玉倩(tangyq@igsnr.ac.cn)

* 论文通信作者

唐玉倩: tangyq@igsnr.ac.cn

数据作者	贾彦茹、唐玉倩、张心昱、于贵瑞、王辉民、陈伏生、田大栓、张雷明
数据时间范围	2011–2016年
地理区域	长白山森林生态系统国家野外科学观测研究站（42°24'02"N, 128°05'42"E）；千烟洲亚热带森林生态系统观测研究站（26°44'29.1"N, 115°03'29.2"E）；鼎湖山国家级自然保护区（23°09'21"N–23°11'30"N, 112°30'39"E–112°33'41"E）
数据量	70.16 KB
数据格式	*.xlsx
数据服务系统网址	https://doi.org/10.57760/sciencedb.o00119.00080
基金项目	科技部基础性工作专项课题（2021FY100701）；国家生态科学数据中心（NESDC20210104）；国家自然科学基金（42101069）
数据库（集）组成	数据集由2个Excel文件组成：Excel 1是氮循环微生物属性相关数据，数据量为2475条；Excel 2是土壤理化性质数据，数据量为684条。氮循环微生物属性相关数据包括：氮循环功能基因（氨氧化古菌 <i>amoA</i> 、氨氧化细菌 <i>amoA</i> 、 <i>nirK</i> 、 <i>nirS</i> 、 <i>nosZ</i> 、 <i>qnorB</i> 、 <i>narG</i> 、 <i>nir</i> 、 <i>nifH</i> 、 <i>chiA</i> ）丰度、群落多样性和组成、微生物潜在活性（硝化活性、反硝化活性、固氮活性、有机氮分解酶活性）。土壤理化性质数据包括：pH、土壤含水量、土壤有机碳、NH ₄ ⁺ 、NO ₃ ⁻ 、有效磷、总氮、总碳、总磷和溶解性有机碳含量、N ₂ O排放、净硝化速率。

引言

中国东部森林生态系统是大气氮沉降最严重的区域之一。大气氮沉降能够造成土壤氮含量变化、酸化、有机碳含量变化和磷限制^[1-2]。氮和磷是调节植物和土壤微生物生长及活性的关键限制因素^[3-4]。但不同于土壤氮能够通过氮沉降和生物固氮积累，土壤磷元素的增加速率远小于氮^[5]。在大气氮沉降增加背景下，磷限制在森林生态系统会进一步加剧。磷限制一方面会影响植物生长、限制生态系统生产力和减少生物多样性^[6]；另一方面，全球变暖影响下土壤有机质分解加速，土壤氮、磷有效性增加，这将进一步影响土壤微生物及微生物驱动的土壤养分循环^[3]。有关氮磷添加对森林生态系统土壤微生物影响的数据集可以为养分循环机制研究、森林管理和环境科学研究提供数据和理论支持。

温带和亚热带森林是中国东部森林中具有典型植被和土壤养分状况差异的地区。通常认为，氮沉降在亚热带森林更严重^[7]，土壤相对富氮缺磷，而温带森林氮沉降相对较轻，土壤相对亚热带森林富磷缺氮^[8-9]。养分状况的差异导致氮循环微生物对氮和磷添加有不同的响应^[10-15]。基于温带和亚热带森林长期氮磷添加野外联网控制实验已经开展了大量基础数据调查和氮循环过程研究，但仍缺乏系统的氮循环功能微生物属性的数据集，这将严重影响我们对森林土壤氮循环驱动机制及其对全球变化响应机制的深入理解。

氮循环是陆地生态系统最重要的养分循环之一，直接影响生态系统服务和功能的稳定性^[16]。土壤氮循环是由微生物驱动的相互联系的网络过程，主要包括生物固氮、矿化、硝化和反硝化。这些过程由一系列氮循环功能基因编码的酶催化^[17-18]。固氮微生物可以将大气中的 N₂ 固定成 NH₃，这个过程是由 *nifH* 基因编码的固氮酶催化^[17]。几丁质是含氮量最丰富的天然大分子之一，其分解是由 *chiA* 基因编码的几丁质酶催化^[19]。硝化过程通常认为包括两个过程，即氨氧化和亚硝酸氧化^[20]。氨氧化过程是自养硝化过程的限速步骤，其涉及的功能基因是氨氧化古菌和氨氧化细菌的 *amoA* 基因^[20]。反硝化过程涉及一系列连续异化还原过程，逐步将 NO₃⁻ 还原为 N₂^[21]。NO₃⁻ 通过 *narG* 和 *napA*

基因编码的硝酸盐还原酶还原为 NO_2^- [22]。 NO_2^- 主要通过 *nirK* 或 *nirS* 基因编码的亚硝酸盐还原酶转化为 NO 或 N_2O [17]。 NO 通过氧化氮还原酶转化为 N_2O 。 N_2O 通过 *nosZ* 基因编码的氧化亚氮还原酶转化为 N_2 [23]。靶向氮循环功能基因能够为氮循环的研究提供更直接的证据。

土壤环境和养分含量是影响氮循环微生物群落和活性的重要因素 [17, 24-25]。森林生态系统中，土壤理化性质和养分含量沿土壤剖面差异显著。相对于亚热带森林，温带森林土壤质地稠密、渗透性弱，溶解性养分难以从土壤表层渗透到下层，导致下层土壤养分含量远低于表层 [18]。因此，氮循环微生物在表层土壤的分布可能不同于下层土壤。同时，受不同气候和植被状况的影响，氮循环微生物沿土壤剖面的分布模式在亚热带和温带森林也是不同的。

本数据集测定和整理了中国东部典型温带和亚热带森林土壤氮循环功能基因的丰度和群落属性，涉及氮磷添加联网控制实验样地和无养分添加土壤垂直剖面的样品。具体数据指标包括氮循环功能基因丰度、群落多样性和结构以及微生物活性。本数据集的创建和共享将为全球变化氮沉降和磷增加背景下森林土壤氮循环的微生物驱动机制及其模拟研究提供支持，为森林生态系统温室气体 N_2O 的排放、氮素淋失和养分管理提供数据和依据。

1 数据采集和处理方法

本数据集涉及 3 个森林样地，即长白山、千烟洲和鼎湖山，分别代表温带原生针阔混交林、亚热带杉木人工林和亚热带次生常绿阔叶混松林 3 种典型森林类型。采样点基本信息、氮磷添加处理及土壤样品采集过程见表 1。所有氮磷添加样地设置为完全随机区组设计。鼎湖山、长白山和千烟洲的最高氮添加量相同，均为 $100 \text{ kg N hm}^{-2}\text{yr}^{-1}$ ，旨在模拟未来氮沉降持续增加的可能影响。长白山和鼎湖山的磷添加量 ($100 \text{ kg P hm}^{-2}\text{yr}^{-1}$) 高于千烟洲 ($50 \text{ kg P hm}^{-2}\text{yr}^{-1}$)，但基于之前的研究结果，两个水平磷添加均显著改变了土壤理化性质和微生物丰度 [11-12, 25]。同时，氮磷添加样品采集时，长白山、千烟洲和鼎湖山三个样地均已施肥 3 年，且三地的施肥样地采样时间均为距上次施肥 30 d 左右。因此认为三地的氮磷添加设置具有可比性。

表 1 采样点基本信息

Table 1 Basic information of the three sampling sites

森林类型	长白山温带森林	鼎湖山亚热带森林	千烟洲亚热带森林
名称	长白山森林生态系统国家野外科学观测研究站	鼎湖山国家级自然保护区	千烟洲亚热带森林生态系统观测研究站
坐标	42°24'02"N, 128°05'42"E	23°09'21"N-23°11'30"N, 112°30'39"E-112°33'41"E	26°44'29.1"N, 115°03'29.2"E
生态系统类型	温带	亚热带	亚热带
年均温 (°C)	2.8	22.0	16.8
年降雨 (mm)	731	1733	1629
海拔 (m)	758	240	102
土壤类型	暗棕壤	砖红壤	红壤
植被类型	原生针阔混交林	次生常绿阔叶混松林	杉木人工林
主要植被种类	红松、蒙古栎	木荷、马尾松	杉木
氮磷添加设置时间	2013 年	2013 年	2011 年

氮磷添加处理	1.无养分: CK, 不施肥 2.氮添加: N, 100 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ 3.磷添加: P, 100 kg P hm ⁻² yr ⁻¹ 4.氮和磷添加: NP, 100 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ + 100 kg P hm ⁻² yr ⁻¹	1.无养分添加: CK, 不施肥 2.氮添加: N, 100 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ 3.磷添加: P, 100 kg P hm ⁻² yr ⁻¹ 4.氮和磷添加: NP, 100 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ + 100 kg P hm ⁻² yr ⁻¹	1.无养分添加: CK, 不施肥 2.低氮添加: N1, 50 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ 3.高氮添加: N2, 100 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ 4.磷添加: P, 50 kg P hm ⁻² yr ⁻¹ 5.低氮和磷添加: N1P, 50 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ + 50 kg P hm ⁻² yr ⁻¹ 6.高氮和磷添加: N2P, 100 kg N hm ⁻² yr ⁻¹ + 50 kg P hm ⁻² yr ⁻¹
施肥方式	肥颗粒溶解于水通过人工喷雾器均匀喷洒	肥颗粒溶解于水通过人工喷雾器均匀喷洒	肥与沙土混合并均匀施撒
施肥频率	每年 5–10 月施肥, 每月平均施肥	全年每月平均施肥	分季度施肥, 3 月和 6 月施肥量占年总量 60 %, 9 月和 11 月施肥量占 40 %
样品采集时间	2016 年 8 月	2016 年 8 月	2014 年 4 月
0–10 cm 土样采集方法	在长白山、鼎湖山和千烟洲氮磷添加样地 10 m × 10 m 小区内随机选取 5 点取土样, 然后将 5 点土样充分混合为 1 个样品。每个养分添加处理取 3 次重复		
0–80 cm 土样采集方法	在长白山和鼎湖山无氮磷添加样地 10 m × 10 m 小区内随机选取 5 点, 挖取 0–80 cm 土柱, 土柱自表层到下层分隔为不均匀的 5 段, 分别为 0–10、10–20、20–40、40–60 和 60–80 cm。将在 5 点获取相同深度的土样混合均匀, 作为本层的一个样品, 每个样品取 3 个重复。		

土壤样品过 2 mm 筛后分小份保存。其中一份样品放于 4 °C, 用于测定土壤含水量、pH、土壤 NO₃⁻、NH₄⁺、速效磷和溶解性有机碳含量; 第二份样品烘干后研磨, 过 0.25 mm 筛, 用于测定总有机碳、总氮和总磷含量; 第三份样品保存于-80 °C, 用于 DNA 提取及后续分子实验; 第四份存放于 4 °C, 并尽快用于测定微生物活性。

1.1 土壤理化性质测定

每个样品重复三次测定土壤理化性质。土壤 pH 值使用玻璃电极测定体积比为 2:5 的土:水悬浮液。土壤含水量用烘干法测定。用 2 mol/L KCl 溶解提取 NO₃⁻和 NH₄⁺, 并且用 0.025 mol/L HCl-0.03 mol/L HN₄F 溶液提取速效磷, 然后用连续流动自动分析仪(Bran Lubbe, AA3, Germany)测量 NO₃⁻、NH₄⁺和速效磷的浓度^[26]。使用总有机碳分析仪(Liqui TOC II, Elementar, Germany)测定溶解性有机碳浓度。总碳和总氮的浓度使用 CN 分析仪(Vario Max, Elementar, Germany)测定。土壤总磷使用 H₂SO₄和 HClO₄消解, 在 700 nm 处用自动分光光度计测定。土壤 N₂O 排放的测定采用静态箱法。气体采集时间为当日 8:00–11:00, 在 40 min 时段内, 用 100 mL 注射器在 0, 10, 20, 30, 40 min 时分别抽取 1 次气体样品, 每个样方共采集 5 个气样, 并于采集后 24 h 内完成浓度测定。施肥一周后连续采样。

1.2 氮循环功能基因丰度测定

采用 Power Soil DNA Isolation Kit 试剂盒(Mo Bio, Carlsbad, CA, USA)进行土壤总 DNA 提取, 所提取的 DNA 用微量紫外分光光度计(Nanodrop Technologies, USA)检测其浓度和纯度。DNA 保存于-

20 °C备用。利用 SYBR Green Premix (TaKaRa Bio Inc.) 荧光试剂, 通过 Eco Real-Time PCR System (Illumina) 对土壤氮循环功能基因进行定量分析。氮循环各过程功能基因 *nifH*、*chiA*、氨氧化古菌 *amoA*、氨氧化细菌 *amoA*、*qnorB*、*narG*、*nirK*、*nirS*、*nosZ* 扩增特异引物和退火温度等信息见表 2。

表 2 氮循环各功能基因的功能和 PCR 扩增引物信息

Table 2 Functions and primer pairs for nitrogen-cycling functional genes used in PCR

功能基因	氮循环过程	序列长度 (bp)	引物名称	退火温度 (°C)
<i>nifH</i>	生物固氮	362	PolF/ PolR ^[27]	55
<i>chiA</i>	有机质分解	400	GA1F/ GA1R ^[28]	57
氨氧化古菌 <i>amoA</i>	氨氧化	643	Arch-amoAF/ Arch-amoAR ^[29]	55
氨氧化细菌 <i>amoA</i>	氨氧化	491	amoA-1F/amoA-2R ^[30]	55
<i>nirK</i>	亚硝酸盐还原	487	F1aCu/ R3Cu ^[31]	58
<i>nirS</i>	亚硝酸盐还原	425	cd3AF/ R3cd ^[32]	58
<i>nosZ</i>	氧化亚氮还原	267	nosZ2F/ nosZ2R ^[33]	60
<i>qnorB</i>	一氧化氮还原	262	qnorB2f/ qnorB5r ^[34]	53
<i>narG</i>	硝酸盐还原	173	narGf/ narGr ^[35]	58

1.3 氮循环功能基因高通量测序

根据表 2 对功能基因进行扩增, 通过琼脂糖凝胶电泳检测 PCR 产物。利用 QIAEX II® Gel Extraction Kit (Qiagen) 对扩增产物进行回收并测定浓度, 然后将 PCR 产物混合, 使各样品用于高通量测序的 DNA 浓度一致。高通量测序委托北京新科开源基因科技有限公司完成。对测序的初步数据通过 next generation sequencing toolkit (NGS version 2.3.1) 进行过滤^[36]。然后对干净的序列进行注释, 除 *chiA* 注释信息来自 NCBI 数据库(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>)外, 其他功能基因注释信息来自 FunGene 数据库^[37]。用 Vsearch 软件在 97% 相似度划分分类单元 (OTU)^[38], 并舍掉数目少于 2 个的 OTU。通过 Mothur 计算各功能基因的香浓多样性指数^[39]。所有测序序列上传至 NCBI Sequence Read Archive (SRA) 数据库。长白山施肥样地氨氧化细菌 *amoA*、氨氧化古菌 *amoA*、*nirS*、*nirK*、*nifH* 和 *chiA* 对应的序列号分别为 SRR5621828、SRR5621829、SRR5621826、SRR5621827、SRR5621833、SRR5621832; 千烟洲施肥样地氨氧化古菌 *amoA* 和 *nirK* 对应的序列号为 SRR3342862-SRR3342865 和 SRR3310928-SRR3310931; 鼎湖山施肥样地氨氧化细菌 *amoA*、氨氧化古菌 *amoA*、*nirS*、*nirK*、*nifH* 和 *chiA* 对应的序列号分别为 SRR5621830、SRR5621831、SRR5621824、SRR5621825、SRR5621835、SRR5621834; 土壤剖面样品的 *chiA*、*nifH*、氨氧化古菌 *amoA* 和 *nirS* 基因对应的序列号分别为 SRR5533727、SRR5533729、SRR5533730、SRR5533726。

1.4 氮循环微生物潜在活性测定

土壤净硝化速率利用室内培养法测定^[40]。鲜土 10 g 置于 100 mL 的聚乙烯瓶中, 在 20 °C 培养箱中培养 14 d。通过最终和最初单位干土中 NO_3^- 的变化量计算土壤的净硝化速率, 单位为 $\mu\text{g NO}_3^- \text{N g}^{-1} \text{soil d}^{-1}$ 。

硝化潜势的测定采用悬浆培养法^[41]。鲜土 2.5 g 中加入 35 mL 含 1 mmol/L $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 的培养液, 并置于 30 °C, 200 rpm 震荡, 黑暗中培养 48 h。每隔 12 h 开瓶通风 20 min 保证有氧环境。在培养的

第 20 min、48 h 分别取 5 mL 悬浆用于测定 NO_2^- 、 NO_3^- 含量。硝化潜势用 $\mu\text{g N}-(\text{NO}_3^-+\text{NO}_2^-)\text{h}^{-1}\text{g}^{-1}$ 表示。

反硝化潜势的测定采用乙炔抑制法^[42-43]。鲜土 4 g 置于 150 mL 含培养液（含 KNO_3 : $50 \mu\text{g N g}^{-1}$ 干土，葡萄糖: 0.5 mg C g^{-1} 干土和谷氨酸钠: 0.5 mg C g^{-1} 干土）的厌氧瓶中，震荡混匀。将厌氧瓶抽真空后持续通入 $\text{N}_2\text{-C}_2\text{H}_2$ （90:10 体积比）的混合气，以制造厌氧环境并抑制 N_2O 的还原。分别在培养的初始时刻和培养后 2 h 抽取气体样品，利用气相色谱仪(Agilent 7890A, USA)测定 N_2O 浓度。反硝化潜势用 $\text{ng N-N}_2\text{O h}^{-1}\text{g}^{-1}$ 干土表示。

固氮微生物活性的测定采用乙炔还原法^[44]。鲜土 10 g 置于 120 mL 血清瓶中，滴加葡萄糖溶液，使土壤中的 C 含量保持在 1 mg C g^{-1} 土壤，密封后混匀。抽取 10 % 瓶中空气后注入同体积的乙炔。在 28°C 恒温黑暗培养 2 d。培养结束后，抽取 $50 \mu\text{L}$ 气体样品，用气相色谱仪(Agilent, 7890A, USA)测定培养瓶中乙烯 (C_2H_4) 气体浓度。固氮酶活性单位用乙炔还原速率表示，单位 $\text{nmol C}_2\text{H}_4 \text{ h}^{-1}\text{g}^{-1}$ 。

有机氮分解潜势采用 MUB 底物结合微孔板荧光法测定 β -1,4-乙酰基-葡萄糖胺糖苷酶 (β -1,4-N-acetyl-glucosaminidase, NAG) 活性^[45]。具体操作为：取 1 g 鲜土，用醋酸缓冲液充分混匀，制备土壤悬浮液，吸取 $200 \mu\text{L}$ 土壤悬浮液和 $50 \mu\text{L}$ 4-甲基伞形酮酰-乙酰基- β -D-氨基葡萄糖苷 (4-MUB-N-acetyl- β -D-glucosaminide) 底物于 96 孔板。 20°C 黑暗中培养 4 h，加入 $10 \mu\text{L}$ 1 mol/L 的 NaOH 终止反应。标准物质是 4-甲基伞形酮(4-MUB, 4-methylumbelliferyl)，在 365 nm 波长处激发，450 nm 波长处测定。NAG 活性的单位是 $\text{nmol h}^{-1}\text{g}^{-1}$ 。

2 数据样本描述

本数据集集合了东部典型温带（长白山）和亚热带森林（鼎湖山和千烟洲）联网控制实验氮磷添加样地和无氮磷添加样地土壤垂直剖面中氮循环功能基因丰度、群落多样性和组成、氮循环微生物潜在活性和土壤理化性质的数据。

数据集由 2 个 Excel 文件组成：Excel 1 为氮循环微生物属性相关数据，Excel 2 为土壤理化性质数据。Excel 1 由 7 个 Sheet 组成，具体内容及字段含义见表 3。

表 3 本数据集 Excel 1 内容及字段含义

Table 3 Data content and descriptions in Excel 1

字段名称	数据类型	量纲	说明
生态系统	字符型	无	包括亚热带森林和温带森林
地点	字符型	无	包括鼎湖山和千烟洲
处理	字符型	无	在千烟洲有 6 个处理组，分别是 CK、N1、N2、P、N1P 和 N2P；在长白山和鼎湖山有 4 个处理组，分别是 CK、N、P 和 NP
深度	整数型	cm	沿土壤表层向下的剖面深度，例如 0–10 cm 表示表层以下 0–10 cm 土壤剖面
潜在硝化活性	浮点型	$\mu\text{g N}-(\text{NO}_3^-+\text{NO}_2^-) \text{ h}^{-1}\text{g}^{-1}$	例如：在长白山氮磷添加样地 CK 中，潜在硝化活性为 $3.11 \mu\text{g N}-(\text{NO}_3^-+\text{NO}_2^-) \text{ h}^{-1}\text{g}^{-1}$
潜在反硝化活性	浮点型	$\text{ng N-N}_2\text{O h}^{-1}\text{g}^{-1}$	例如：在长白山氮磷添加样地 CK 中，潜在硝化活性为 $3713.4 \text{ ng N-N}_2\text{O h}^{-1}\text{g}^{-1}$

字段名称	数据类型	量纲	说明
潜在固氮活性	浮点型	$\text{nmol C}_2\text{H}_4 \text{ h}^{-1}\text{g}^{-1}$	例如：在长白山氮磷添加样地 CK 中，潜在硝化活性为 $157.2 \text{ nmol C}_2\text{H}_4 \text{ h}^{-1}\text{g}^{-1}$
有机氮分解酶活性	浮点型	$\text{nmol h}^{-1}\text{g}^{-1}$	例如：在长白山氮磷添加样地 CK 中，潜在硝化活性为 $103.3 \text{ nmol h}^{-1}\text{g}^{-1}$
功能基因丰度	浮点型	$\log \text{ number of gene copies g}^{-1} \text{ dry soil}$	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，nirK 基因丰度为 $8.74 \log$ 转化后基因拷贝数/克干土 ($\log \text{ number of gene copies g}^{-1} \text{ dry soil}$)
功能基因多样性	浮点型	无	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，nirK 基因的香浓多样性指数为 2.51
群落微生物组成	浮点型	%	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，nirS_Actinobacteridae 占总 nirS 细菌的 1.35 %

Excel 2 为土壤理化性质数据，由 2 个 Sheet 组成，具体内容及字段含义见表 4。Excel 中的空白项为未测定数据。

表 4 本数据集 Excel 2 内容及字段含义

Table 4 Data content and descriptions in Excel 2

字段名称	数据类型	量纲	说明
生态系统	字符型	无	包括温带森林和亚热带森林
地点	字符型	无	包括长白山、千烟洲和鼎湖山
处理	字符型	无	在千烟洲有 6 个处理组，分别是 CK、N1、N2、P、N1P 和 N2P；在长白山和鼎湖山有 4 个处理组，分别是 CK、N、P 和 NP
深度	整数型	cm	沿土壤表层向下的剖面深度，例如 0–10 cm 表示表层以下 0–10 cm 土壤剖面
pH 值	浮点型	无	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，pH 值为 5.41
土壤含水量	浮点型	%	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，土壤含水量为 75.35 %
有机碳浓度	浮点型	mg kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，土壤有机碳浓度 71.54 mg kg^{-1}
NH_4^+ 浓度	浮点型	mg N kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中， NH_4^+ 浓度为 $11.15 \text{ mg N kg}^{-1}$
NO_3^- 浓度	浮点型	mg N kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中， NO_3^- 浓度为 $35.58 \text{ mg N kg}^{-1}$
有效磷浓度	浮点型	mg kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，有效磷浓度为 19.20 mg kg^{-1}
总氮浓度	浮点型	g kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，总氮浓度为 5.77 g kg^{-1}
总碳浓度	浮点型	g kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，总碳浓度为 87.29 g kg^{-1}
总磷浓度	浮点型	g kg^{-1}	例如：长白山氮磷添加样地 CK 中，总磷浓度为 1.10 g kg^{-1}
N_2O 浓度	浮点型	$\mu\text{g m}^{-2}\text{hr}^{-1}$	例如：千烟洲氮磷添加样地 CK 中， N_2O 浓度为 $2.02 \mu\text{g m}^{-2}\text{hr}^{-1}$
净硝化速率	浮点型	$\text{mg N kg}^{-1}\text{d}^{-1}$	例如：千烟洲氮磷添加样地 CK 中，净硝化速率为 $1.95 \text{ mg N kg}^{-1}\text{d}^{-1}$

3 数据质量控制和评估

3.1 季节差异、采样和样品测试误差控制

长白山温带森林和鼎湖山亚热带森林采样时间为 8 月，为植物生长季；千烟洲亚热带森林土壤采样时间为 4 月，尽管季节上存在差异，但是也基本进入了亚热带的生长季。因此，所采样品能够代表氮磷添加影响下典型温带和亚热带森林土壤。

所有土壤样品的采集均采用五点采样法，以保证样品的均匀性和代表性。同时，采样均无降水天气晴好的时间进行。此外，除测序外，土壤理化性质和微生物属性的测定均在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严格按照标准流程进行，以降低测试误差。

3.2 功能基因丰度数据质量控制

氮循环功能基因丰度测定时，阴性对照、样本和标准品一式三份同时扩增，优化扩增条件确保扩增效率达到 90%–110%， R^2 值达到 0.996–0.999。定量 PCR 扩增产物的特异性通过溶解曲线估计，扩增片段的大小使用琼脂糖凝胶电泳法确定。

3.3 功能基因高通量测序数据质量控制

原始序列通过 Next Generation Sequencing toolkit (NGS version 2.3.1) 进行质量筛选^[36]，其中短于 200 bp 的序列、长于 6 bp 的均聚物、包括模糊碱基或者超过 50 % 的低质量碱基数 (average Q value < 15) 的片段被移除。为获得高质量的测序序列，通过 Mothur 软件移除条形码和错误序列，通过 UCHIME 算法移除嵌合体序列，通过 pre.cluster command (diffs=2) 对序列进行降噪处理。

3.4 气体样本 N_2O 数据质量控制

气体 N_2O 的采集采用施肥后一周连续采样，减少 N_2O 通量日波动的影响。样本采集后，在一天内完成样本浓度测定，避免其他气体的污染。每个样方重复测量 5 次，减少测量误差。

4 数据价值

目前已有数据集提供中国森林生态系统的土壤性质、土壤微生物分类和大气氮沉降数据。然而还没有基于中国典型森林生态系统氮磷添加联网实验平台的氮循环功能微生物属性数据集，也没有系统的数据集展示氮循环微生物在土壤剖面的分布模式。本数据集选取中国东部具有代表性的典型森林生态系统，以温带针阔混交林，亚热带杉木人工林和亚热带次生林作为研究对象，旨在对比不同森林类型中土壤氮循环微生物的不同分布模式，及其在全球变化氮沉降和磷添加影响下的不同响应。本数据集既可以与之前发表的温带、亚热带森林生态系统碳水通量^[46–48]和土壤理化性质^[49]等数据协同使用，也对缺乏的温带、亚热带森林土壤微生物数据做了补充。

本数据集的各项指标测定均基于全国联网氮磷添加实验平台，保证了各台站之间数据的有效性和可比性，能够为温带和亚热带森林氮循环过程对全球变化氮沉降和磷添加的响应机制提供数据基础。鉴于功能微生物在调节氮循环过程中的重要生态作用，本数据集提供的氮循环功能基因丰度和氮循环微生物活性等数据有助于深入理解森林生态系统中氮循环的微生物驱动机制，为研究陆地生态系统养分周转和温室气体排放机制提供数据支撑，为降低森林土壤养分损失的管理措施提供数据

和依据。

致 谢

感谢中国生态系统研究网络(CERN)长白山、千烟洲和鼎湖山野外台站和样地负责老师以及样地维护人员对本项目取样和指标测定提供的便利和帮助。

数据作者分工职责

贾彦茹(1998—),女,河南濮阳人,硕士研究生,研究方向为土壤微生物生态学。主要承担工作:数据汇编、整理和论文撰写。

唐玉倩(1985—),女,山东烟台人,博士,研究方向微生物生态学。主要承担工作:数据测定、汇编、整理和论文撰写。

张心昱(1973—),女,辽宁桓仁人,研究员,研究方向为地球环境化学。主要承担工作:鼎湖山站数据检测和技术指导;数据质量控制,技术指导和论文修改。

于贵瑞(1959—),男,辽宁大连人,研究员,研究方向生态学。主要承担工作:项目统筹和论文修改。

王辉民(1967—),男,吉林长春人,研究员,研究方向生态学。主要承担工作:千烟洲站数据检测和技术指导。

陈伏生(1973—),男,江西永丰人,教授,研究方向生态学。主要承担工作:千烟洲站杉木林施肥样地建立和维护,数据检测和技术指导。

田大栓(1985—),男,内蒙古呼和浩特人,副研究员,研究方向生态学。主要承担工作:长白山站数据检测和技术指导。

张雷明(1974—),男,河南开封人,副研究员,研究方向生态学。主要承担工作:数据和技术指导。

参考文献

- [1] TIAN D, DU E Z, JIANG L, et al. Responses of forest ecosystems to increasing N deposition in China: a critical review[J]. Environmental Pollution, 2018, 243: 75–86. DOI: 10.1016/j.envpol.2018.08.010.
- [2] SUN Y, WANG C T, CHEN H Y H, et al. Responses of C: N stoichiometry in plants, soil, and microorganisms to nitrogen addition[J]. Plant and Soil, 2020, 456(1): 277–287. DOI: 10.1007/s11104-020-04717-8.
- [3] DONG J F, WANG S P, NIU H S, et al. Responses of soil microbes and their interactions with plant community after nitrogen and phosphorus addition in a Tibetan alpine steppe[J]. Journal of Soils and Sediments, 2020, 20(4): 2236–2247. DOI: 10.1007/s11368-020-02586-3.
- [4] DEMOLING F, FIGUEROA D, BÅÅTH E. Comparison of factors limiting bacterial growth in different soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(10): 2485–2495. DOI: 10.1016/j.soilbio.2007.05.002.
- [5] TURNER B L, LAMBERS H, CONDRON L M, et al. Soil microbial biomass and the fate of phosphorus during long-term ecosystem development[J]. Plant and Soil, 2013, 367(1): 225–234. DOI: 10.1007/s11104-012-1493-z.

- [6] CHEN F S, NIKLAS K J, LIU Y, et al. Nitrogen and phosphorus additions alter nutrient dynamics but not resorption efficiencies of Chinese fir leaves and twigs differing in age[J]. *Tree Physiology*, 2015, 35(10): 1106–1117. DOI: 10.1093/treephys/tpv076.
- [7] YU G R, JIA Y L, HE N P, et al. Stabilization of atmospheric nitrogen deposition in China over the past decade[J]. *Nature Geoscience*, 2019, 12(6): 424–429. DOI: 10.1038/s41561-019-0352-4.
- [8] TIAN D, JIANG L, MA S H, et al. Effects of nitrogen deposition on soil microbial communities in temperate and subtropical forests in China[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 607/608: 1367–1375. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2017.06.057.
- [9] WALKER T W, SYERS J K. The fate of phosphorus during pedogenesis[J]. *Geoderma*, 1976, 15(1): 1–19. DOI: 10.1016/0016-7061(76)90066-5.
- [10] SZUKICS U, HACKL E, ZECHMEISTER-BOLTENSTERN S, et al. Rapid and dissimilar response of ammonia oxidizing Archaea and bacteria to nitrogen and water amendment in two temperate forest soils[J]. *Microbiological Research*, 2012, 167(2): 103–109. DOI: 10.1016/j.micres.2011.04.002.
- [11] 唐玉倩. 温带与亚热带森林土壤氮循环过程对外源氮磷响应的微生物机制[D]. 中国科学院大学, 2019. [TANG Y Q. Microbial mechanisms behind the changes in soil nitrogen cycling in response to exogenous nitrogen and phosphorus additions to temperate and subtropical forests[D]. University of Chinese Academy of Sciences, 2019.]
- [12] TANG Y Q, YU G R, ZHANG X Y, et al. Environmental variables better explain changes in potential nitrification and denitrification activities than microbial properties in fertilized forest soils[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 647: 653–662. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2018.07.437.
- [13] LEVIČNIK-HÖFFERLE Š, NICOL G W, AUSEC L, et al. Stimulation of thaumarchaeal ammonia oxidation by ammonia derived from organic nitrogen but not added inorganic nitrogen[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, 80(1): 114–123. DOI: 10.1111/j.1574-6941.2011.01275.x.
- [14] DUAN P P, XIAO K C, JIANG Y L, et al. Mechanisms underlying the responses of soil N₂O production by ammonia oxidizers to nitrogen addition are mediated by topography in a subtropical forest[J]. *Geoderma*, 2022, 425: 116036. DOI: 10.1016/j.geoderma.2022.116036.
- [15] STOPNIŠEK N, GUBRY-RANGIN C, HÖFFERLE Š, et al. Thaumarchaeal ammonia oxidation in an acidic forest peat soil is not influenced by ammonium amendment[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(22): 7626–7634. DOI: 10.1128/aem.00595-10.
- [16] ISOBE K, OHTE N. Ecological perspectives on microbes involved in N-cycling[J]. *Microbes and Environments*, 2014, 29(1): 4–16. DOI: 10.1264/jsme2.me13159.
- [17] LEVY-BOOTH D J, PRESCOTT C E, GRAYSTON S J. Microbial functional genes involved in nitrogen fixation, nitrification and denitrification in forest ecosystems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 75: 11–25. DOI: 10.1016/j.soilbio.2014.03.021.
- [18] TANG Y Q, YU G R, ZHANG X Y, et al. Changes in nitrogen-cycling microbial communities with depth in temperate and subtropical forest soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2018, 124: 218–228. DOI: 10.1016/j.apsoil.2017.10.029.
- [19] BRANKATSCHK R, TÖWE S, KLEINEIDAM K, et al. Abundances and potential activities of nitrogen cycling microbial communities along a chronosequence of a glacier forefield[J]. *The ISME Journal*, 2011,

5(6): 1025–1037. DOI: 10.1038/ismej.2010.184.

[20] FRIJLINK M J, ABEE T, LAANBROEK H J, et al. The bioenergetics of ammonia and hydroxylamine oxidation in *Nitrosomonas europaea* at acid and alkaline pH[J]. Archives of Microbiology, 1992, 157(2): 194–199. DOI: 10.1007/BF00245290.

[21] WRAGE N, VELTHOF G L, VAN BEUSICHEM M L, et al. Role of nitrifier denitrification in the production of nitrous oxide[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(12/13): 1723–1732. DOI: 10.1016/s0038-0717(01)00096-7.

[22] BRU D, RAMETTE A, SABY N P A, et al. Determinants of the distribution of nitrogen-cycling microbial communities at the landscape scale[J]. The ISME Journal, 2011, 5(3): 532–542. DOI: 10.1038/ismej.2010.130.

[23] CHAN Y K, MCCORMIC W A, WATSON R J. A new nos gene downstream from nosDFY is essential for dissimilatory reduction of nitrous oxide by *Rhizobium* (*Sinorhizobium*) meliloti[J]. Microbiology, 1997, 143(8): 2817–2824. DOI: 10.1099/00221287-143-8-2817.

[24] TANG Y Q, TIAN J, LI X Z, et al. Higher free-living N₂ fixation at rock-soil interfaces than topsoils during vegetation recovery in Karst soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, 159: 108286. DOI: 10.1016/j.soilbio.2021.108286.

[25] TANG Y Q, ZHANG X Y, LI D D, et al. Impacts of nitrogen and phosphorus additions on the abundance and community structure of ammonia oxidizers and denitrifying bacteria in Chinese fir plantations[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, 103: 284–293. DOI: 10.1016/j.soilbio.2016.09.001.

[26] BRAY R H, KURTZ L T. Determination of total, organic, and available forms of phosphorus in soils[J]. Soil Science, 1945, 59(1): 39–46. DOI: 10.1097/00010694-194501000-00006.

[27] 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.

[28] 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.

[29] 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.

[30] 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.

[31] HALLIN S, LINDGREN P E. PCR detection of genes encoding nitrite reductase in denitrifying bacteria[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1999, 65(4): 1652–1657. DOI: 10.1128/AEM.65.4.1652-1657.1999.

[32] MICHOTÉY V, MÉJEAN V, BONIN P. Comparison of methods for quantification of cytochrome *cd*(1)-denitrifying bacteria in environmental marine samples[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000, 66(4): 1564–1571. DOI: 10.1128/aem.66.4.1564-1571.2000.

- [33] 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.
- [34] BRAKER G, TIEDJE J M. Nitric oxide reductase (*norB*) genes from pure cultures and environmental samples[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(6): 3476–3483. DOI: 10.1128/aem.69.6.3476-3483.2003.
- [35] 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.
- [36] PATEL R K, JAIN M. NGS QC Toolkit: a toolkit for quality control of next generation sequencing data[J]. PLoS One, 2012, 7(2): e30619. DOI: 10.1371/journal.pone.0030619.
- [37] FISH J A, CHAI B L, WANG Q, et al. FunGene: the functional gene pipeline and repository[J]. Frontiers in Microbiology, 2013, 4: 291. DOI: 10.3389/fmicb.2013.00291.
- [38] ROGNES T, FLOURI T, NICHOLS B, et al. VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics[J]. PeerJ, 2016, 4: e2584. DOI: 10.7717/peerj.2584.
- [39] SCHLOSS P D, WESTCOTT S L, RYABIN T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(23): 7537–7541. DOI: 10.1128/AEM.01541-09.
- [40] WANG C H, WAN S Q, XING X R, et al. Temperature and soil moisture interactively affected soil net N mineralization in temperate grassland in Northern China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(5): 1101–1110. DOI: 10.1016/j.soilbio.2005.09.009.
- [41] TAYLOR A E, ZEGLIN L H, DOOLEY S, et al. Evidence for different contributions of Archaea and bacteria to the ammonia-oxidizing potential of diverse Oregon soils[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(23): 7691–7698. DOI: 10.1128/AEM.01324-10.
- [42] DASSONVILLE N, GUILLAUMAUD N, PIOLA F, et al. Niche construction by the invasive Asian knotweeds (species complex *Fallopia*): impact on activity, abundance and community structure of denitrifiers and nitrifiers[J]. Biological Invasions, 2011, 13(5): 1115–1133. DOI: 10.1007/s10530-011-9954-5.
- [43] SMITH M S, TIEDJE J M. Phases of denitrification following oxygen depletion in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1979, 11(3): 261–267. DOI: 10.1016/0038-0717(79)90071-3.
- [44] BARRON A R, WURZBURGER N, BELLENGER J P, et al. Molybdenum limitation of asymbiotic nitrogen fixation in tropical forest soils[J]. Nature Geoscience, 2009, 2(1): 42–45. DOI: 10.1038/ngeo366.
- [45] FREEMAN C, LISKA G, OSTLE N J, et al. The use of fluorogenic substrates for measuring enzyme activity in peatlands[J]. Plant and Soil, 1995, 175(1): 147–152. DOI: 10.1007/BF02413020.
- [46] 李跃林, 闫俊华, 孟泽, 等. 2003—2010 年鼎湖山针阔叶混交林碳水通量观测数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2021, 6(1). (2021-03-02). DOI: 10.11922/csdata.2020.0046.zh. [LI Y L, YAN J H, MENG Z, et al. An observation dataset of carbon and water fluxes in a mixed coniferous broad-leaved forest at Dinghushan, Southern China(2003-2010)[J/OL]. China Scientific Data, 2021, 6(1). (2021-03-02). DOI: 10.11922/csdata.2020.0046.zh.]
- [47] 吴家兵, 关德新, 王安志, 等. 2003—2010 年长白山阔叶红松林碳水通量观测数据集[J/OL]. 中

国科学数据, 2021, 6(1). (2020-11-06). DOI: 10.11922/csdata.2020.0041.zh. [WU J B, GUAN D X, WANG A Z, et al. A dataset of carbon and water flux observation in a broad-leaved red pine forest in Changbai Mountain(2003-2010)[J/OL]. China Scientific Data, 2021, 6(1). (2020-11-06). DOI: 10.11922/csdata.2020.0041.zh.]

[48] 戴晓琴, 王辉民, 徐明洁, 等. 2003—2010 年千烟洲人工针叶林碳水通量观测数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2021, 6(1). (2020-06-02). DOI: 10.11922/csdata.2020.0036.zh. [DAI X Q, WANG H M, XU M J, et al. An observation dataset of carbon and water fluxes of artificial coniferous forests in Qianyanzhou(2003-2010)[J/OL]. China Scientific Data, 2021, 6(1). (2020-06-02). DOI: 10.11922/csdata.2020.0036.zh.]

[49] 刘佩伶, 张倩媚, 刘效东, 等. 2002—2016 年鼎湖山典型森林生态系统土壤含水量数据集[J/OL]. 中国科学数据, 2019, 4(4). (2019-12-24). DOI: 10.11922/csdata.2018.0063.zh. [LIU P L, ZHANG Q M, LIU X D, et al. A dataset of soil moisture content in the typical forest ecosystem of Dinghu Mountain(2002-2016)[J/OL]. China Scientific Data, 2019, 4(4). (2019-12-24). DOI: 10.11922/csdata.2018.0063.zh.]

论文引用格式

贾彦茹, 唐玉倩, 张心昱, 等. 氮磷添加下典型温带、亚热带森林土壤氮循环功能基因丰度和微生物群落属性数据集 [J/OL]. 中国科学数据, 2023, 8(4). (2023-09-05). DOI: 10.11922/11-6035.csd.2023.0070.zh.

数据引用格式

贾彦茹, 唐玉倩, 张心昱, 等. 氮磷添加下典型温带、亚热带森林土壤氮循环功能基因丰度和微生物群落属性数据集 [DS/OL]. Science Data Bank, 2023. (2023-09-05). DOI: 10.57760/sciencedb.o00119.00080.

A dataset of soil nitrogen-cycling functional genes abundance and microbial community properties in typical temperate and subtropical forests under nitrogen and phosphorus additions

JIA Yanru¹, TANG Yuqian^{1*}, ZHANG Yinyu^{2,3}, YU Guirui^{2,3}, WANG Huimin^{2,3}, CHEN Fusheng⁴, TIAN Dashuan^{2,3}, ZHANG Leiming^{2,3}

1. Key Laboratory of Regional Ecology and Environmental Change, School of Geography and Information Engineering, China University of Geosciences, Wuhan 430074, P. R. China

2. 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

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

4. Forestry College, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330029, P. R. China

*Email: tangyq@igsnrr.ac.cn

Abstract: Nitrogen (N) and phosphorus (P) are essential nutrients for soil microbial growth and activities. There are notable differences in the concentrations of N and P and the characteristics of microbial communities observed between temperate and subtropical forests soils, and this is also true for soil vertical profiles. As a consequence of the rise in global atmospheric N deposition, soil nutrient imbalances and P limitation are increasingly aggravated in eastern China. However, there is a lack of systematic dataset showing how N deposition and P addition affect soil N cycling microbes and soil physicochemical properties in eastern China; hence a comprehensive dataset is needed to a better understanding of the impact of N deposition and P addition on soil nitrogen cycle. This dataset is constructed based on the field experimental setup in the forests of Chinese Ecosystem Research Network (CERN). To obtain a systematic dataset on N-cycling microbial communities, we conducted measurements and collected data of soil N-cycling functional genes abundance, N-cycling microbial community diversities and compositions and enzyme activities in three typical forests with N and/or P additions. We collected 0-10 cm top soils from a temperate forest (Changbai Mountain) and two subtropical forests (Qianyanzhou and Dinghu Mountain) with field N and/or P additions, and the soils along 0-80 cm vertical profiles without nutrient additions. The N-cycling functional genes involved in the datasets cover ammonia oxidizing archaea *amoA*, ammonia oxidizing bacteria *amoA*, *nirK*, *nirS*, *nosZ*, *qnorB*, *narG*, *nir*, *nifH* and *chiA*. The potential activities included in the datasets cover nitrification activity, denitrification activity, nitrogen fixation activity and organic nitrogen decomposition enzyme activity. The datasets also include soil physiochemical properties, including soil pH, moisture content, N₂O emission, net nitrification rate and the concentrations of organic carbon, NH₄⁺, NO₃⁻, available phosphorus, total nitrogen, total carbon, total phosphorus and dissolved organic carbon. The creation and sharing of the datasets can provide data and support for understanding the microbial mechanisms of soil N-cycling and the modelling processes under the scenario of aggravated N deposition and P addition. The datasets will also provide support for forest management efforts with regard to greenhouse gas N₂O emission, N and nutrient loss in forest ecosystems.

Keywords: temperate forest; subtropical forest; nitrogen and phosphorus additions; soil profile; nitrogen-cycling microbes; functional genes

Dataset Profile

Title	A dataset of soil nitrogen-cycling functional genes abundance and microbial community properties in typical temperate and subtropical forests under nitrogen and phosphorus additions
Data corresponding author	TANG Yuqian (tangyq@igsnrr.ac.cn)
Data author(s)	JIA Yanru, TANG Yuqian, ZHANG Xinyu, YU Guirui, WANG Huimin, CHEN Fusheng, TIAN Dashuan, ZHANG Leiming
Time range	2011–2016
Geographical scope	National Field Scientific Observation and Research Station of Changbai Mountain Forest

	Ecosystem (42°24'02"N, 128°05'42"E); Qianyanzhou Subtropical Forest Ecosystem Observation and Research Station (26°44'29.1"N, 115°03'29.2"E); Dinghu Mountain National Natural Reserve (23°09'21"N–23°11'30"N, 112°30'39"E–112°33'41"E)
Data volume	70.16 KB
Data format	*.xlsx
Data service system	https://doi.org/10.57760/sciencedb.o00119.00080
Source(s) of funding	Basic Work of the Ministry of Science and Technology (2021FY100701); National Ecosystem Science Data Center (NESDC20210104); National Natural Science Foundation of China (42101069)
Dataset composition	The datasets is composed of two Excel files. Excel 1 contains 2,475 results involved in the properties of nitrogen-cycling microbes and Excel 2 contains of 684 results involved in the soil physiochemical properties. Data concerning nitrogen-cycling microbial attributes include N-cycling functional genes abundance, microbial community diversities, compositions and potential activities. The N-cycling functional genes involved in the datasets cover ammonia oxidizing archaea <i>amoA</i> , ammonia oxidizing bacteria <i>amoA</i> , <i>nirK</i> , <i>nirS</i> , <i>nosZ</i> , <i>qnorB</i> , <i>narG</i> , <i>nir</i> , <i>nifH</i> and <i>chiA</i> . The potential activities involved in the datasets include nitrification activity, denitrification activity, nitrogen fixation activity and organic nitrogen decomposition enzyme activity. These dataset also contains soil physiochemical properties, including soil pH, moisture content, the concentrations of organic carbon, NH_4^+ , NO_3^- , available phosphorus, total nitrogen, total carbon, total phosphorus and dissolved organic carbon, N_2O emission, and net nitrification rate.