

广州流溪河国家森林公园冬季甲螨群落对毛竹扩张的响应*

佟富春¹ 肖以华² 任荣荣¹ 袁泽宇¹
邓惠方¹ 吴智华¹ 林瑞雪¹ 吴晓君¹

(1. 华南农业大学 林学与风景园林学院, 广东 广州 510642; 2. 中国林业科学研究院 热带林业研究所, 广东 广州 510520)

摘要 为研究毛竹 *Phyllostachys heterocycla* 扩张对土壤甲螨群落的影响, 2017年冬季在从化流溪河森林公园内, 采用样方调查法分别对毛竹林、竹阔混交林、阔叶林3种林地进行调查取样, 通过室内 Tullgren 漏斗法对土壤甲螨进行分离和鉴别。结果表明: 共捕获 5 607 头甲螨, 隶属于 67 属, 优势属为角单翼甲螨属、大奥甲螨属和大头甲螨属。竹林土壤甲螨数量最多; 但阔叶林样地的土壤甲螨类群数最多, 群落的 4 种多样性指标亦最高, 毛竹扩张导致竹林地下土壤甲螨数量增加但多样性降低, 各样地土壤甲螨群落相似性和 MGP 分析得出类似的结论。

关键词 毛竹扩张; 土壤甲螨; 群落结构; 从化流溪河森林公园

中图分类号: S714.3 文献标志码: A 文章编号: 2096-2053 (2019) 04-0042-06

Response of Oribatid Mite Community to Expansion of *Phyllostachys heterocycla* in Winter in Liuxihe National Forest Park, Guangzhou

TONG Fuchun¹ XIAO Yihua² REN Rongrong¹ YUAN Zeyu¹
DENG Huifang¹ WU Zhihua¹ LIN Ruixue¹ WU Xiaojun¹

(1. College of Forestry and Landscape Architecture, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642, China; 2. Research Institute of Tropical Forestry, Chinese Academy of Forestry, Guangzhou, Guangdong 510520, China)

Abstract In order to better understand the effect of bamboo (*Phyllostachys heterocycla*) expanding on community structure of soil oribatid mite, an experiment was conducted in Conghua Liuxihe Forest Park. The bamboo forest, bamboo and broad-leaved mixed forest and broad-leaved forest were investigated and sampled by quadrat method in winter of 2017. Soil oribatid mites were extracted and identified by a modified Tullgren method. The results showed that a total of 5 607 oribatid mites were captured, belonging to 67 genera. The dominant genera were *Rostrozetes*, *Lasiobelba* and *Megalotocepheus*. The individual number of soil oribatid mites in bamboo forests was larger than other forests. However, the number of family of soil oribatid mites in broad-leaved forest was the highest among three type of forests, and the four diversity indices of community were also the largest. Our results indicated bamboo forest expanding was conducive to increase the individual number of oribatid mites, but not on the diversity of soil oribatid mite communities. Similar conclusions were drawn by similarity of soil oribatid mite communities and MGP analysis.

Key words expansion of *Phyllostachys heterocycla*; soil oribatid mite; community structure; Conghua Liuxihe Forest Park

* 基金项目: 广东省自然科学基金项目 (2018A030313866)。

第一作者: 佟富春 (1973—), 女, 副教授, 主要从事土壤动物、野生动物研究, E-mail: 543594385@qq.com。

通信作者: 肖以华 (1976—), 男, 副研究员, 主要从事城市林业研究, E-mail: jxxiaoyihua@126.com。

土壤螨类是森林生态系统中的组成部分，其个体数约占土壤动物个体总数的五分之二到五分之三，而甲螨约占土壤螨类总数的五分之四^[1]，土壤螨类，特别是甲螨与森林凋落物的分解密切相关^[2]，它们通过自身栖息和食物链关系改善土壤结构，调控地上与地下生物间的物质循环和能量流动，并能敏感地反映生境质量及人类活动的影响，已成为监测环境变化的重要生物学指标^[3]；土壤甲螨群落组成和结构受到不同地上植被类型和土地利用类型的影响，在森林生态系统中影响土壤螨类群落结构的主要是微生境和林型^[4]。近年关于土壤螨类作为土壤环境质量检测和评定指示生物的研究已成为国际土壤生态学领域的热点之一^[5-6]。目前，国内外关于森林生态系统土壤动物研究较多，但关于我国华南地区特别是竹林扩张过程中土壤螨类的研究报道极少。

毛竹 (*Phyllostachy heterocycla*) 是禾本科 (Poaceae) 刚竹属 (*Phyllostachys*) 的常绿木状竹类植物。毛竹通常依靠强大的竹鞭和繁殖能力，通过地下扩鞭向周围其他林种 (如阔叶林) 实现种群克隆扩张^[7]，导致阔叶林往往容易演替成为竹阔混交林，在人为干扰作用下还会形成毛竹纯林^[8]。而毛林扩张会造成一系列的生态变化，如改变土壤的物理化学性质、改变林分结构、使林地土壤退化、造成森林景观的破坏以及降低森林

生态系统碳储总数^[9]，从而影响了生活在土壤中的土壤螨类群落结构。本研究在从化流溪河森林公园内，采用样方调查法分别对毛竹林、竹阔混交林、阔叶林 3 种林地 (代表 3 种竹密度梯度) 进行取样调查土壤甲螨的物种组成及多样性，研究结果不仅可以提供该区域毛竹扩张过程中土壤甲螨群落特征方面的基础资料，还可为森林生态系统环境健康评价提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究样地概况

样地设于从化流溪河森林公园的西北部。流溪河森林公园位于广东省广州市从化区东北部，公园总面积 8 831 hm²，地处亚热带，气候温和，降水丰沛，资源丰富，物种繁多，年平均气温为 20.3 ℃，平均最高气温为 31.9 ℃，平均最低气温为 11.8 ℃，年降雨量平均 2 000 mm。按照竹密度梯度设置 3 个样地：(1) 毛竹纯林；(2) 竹阔混交林；(3) 阔叶林。毛竹纯林内主要植物有常春藤 (*Hedera nepalensis*)、华南毛蕨 (*Cyclosorus pareticus*)、山麦冬 (*Liriope spicata*) 等，覆盖率较低，冬季零散分布；竹阔混交林林内植被类型以华润楠 (*Machilus chinensis*)、鸭脚木 (*Schefflera octophylla*)、罗浮锥 (*Castanopsis fabri*)、杜英 (*Elaeocarpus decipiens*)、荷木 (*Schima superba*)

表 1 样地概况
Table 1 Polt survey

样地概况 Polt survey	竹林 Bamboo forest	竹阔混交林 Bamboo-broad mixed forest	阔叶林 Broad-leaved forest
样地面积 /m ² Area	400	400	400
林龄 Age	10	40	45
海拔 /mAltitude	384	438	428
郁闭度 Canopy density	0.71	0.76	0.81
地理位置 Geographical position	113° 81'06" E, 23° 73'53" N	113° 81'66" E, 23° 72'31" N	113° 81'85" E, 23° 72'55" N
平均胸径 /cmAverage	8.74	9.64	9.43
林分密度 (株 /hm ²) Stand density	17 175	13 400	8 425
全氮 /(g · kg ⁻¹)Total nitrogen	4.05 ± 0.22	3.88 ± 0.46	4.00 ± 0.53
全磷 /(g · kg ⁻¹)Total phosphorus	0.11 ± 0.03	0.08 ± 0.01	0.08 ± 0.01
全碳 /(g · kg ⁻¹)Total phosphorus	44.86 ± 2.31	36.18 ± 4.36	43.08 ± 6.75
pH 值 pHvalue	4.56 ± 0.08	4.47 ± 0.21	4.26 ± 0.10

注：平均值 ± 标准差 Note: Average ± standard deviation

等;阔叶林内主要的植被类型为荷木 (*Schima superba*)、罗浮锥 (*Castanopsis fabri*)、杜英 (*Elaeocarpus decipiens*)、石栎 (*Lithocarpus glaber*)、广东润楠 (*Machilus kwangtungensis*)、杉木 (*Cunninghamia lanceolata*)、鸭公树 (*Neolitsea chui*) 等。所选样地具体情况见表 1, 每个样地设置 4 个采样点, 记录采样点表层土的理化性质等数据。

1.2 研究方法

1.2.1 采样方法 于 2017 年冬季对 3 种类型样地 (毛竹林、竹阔混交林和阔叶林) 进行取样调查, 每个样地设置 4 个 2 m × 2 m 样方, 每个样方内按对角线法选取 5 个点, 先在每一点周边, 用边长 15 cm × 15 cm 的正方形线框收集地表凋落物层, 取 3 次合为一个样, 这样每个样方得到 3 个样, 记作 0 层 (凋落层)。在每一点周边用直径 6 cm 的采土器分 1 层 (0~10 cm) 和 2 层 (10~20 cm) 取样, 将这 5 个采样点分层混和成 3 个样。共取凋落物和土样 108 个。采样后土壤样品立即带回实验室, 采用 Tullgren 干漏斗法对土壤甲螨进行分离。所得标本用 75% 的酒精保存, 参照尹文英《中国土壤动物检索图鉴》^[10] 在体式显微镜下进行分类鉴定和数据统计, 土壤甲螨鉴定属。

1.2.2 土壤理化性质研究方法 土壤 pH 值采用玻璃电极法测定 (水土比 v: w = 2: 1)。速效磷采用 0.5 mol/L NaHCO₃ 浸提比色法进行测定。全氮测定采用凯氏定氮法, 全磷测定采用硫酸—高氯酸消煮法以及钼锑抗比色法, 全碳采用重铬酸钾—硫酸氧化法测定。详细步骤见土壤农业化学分析方法^[11]。

1.2.3 数据处理及统计 各类群数量等级划分: 个体数量占全部捕获量 10% 以上为优势类群; 介于 1%~10% 之间的为常见类群; 介于 0.1%~1% 为

稀有类群; 0.1% 以下的为极稀有类群。

土壤甲螨群落结构指标的测定采用如下公式:

Shannon-Weaner 多样性指数:

$H' = -\sum Pi \ln Pi$ (式中 $Pi = ni / N$, ni 为第 i 类群的个体数, N 为群落中所有类群的个体总数)

Pielou 均匀度指数: $E = H' / \ln S$ (式中 H' 为 Shannon-Weaner 多样性指数, S 为类群数)

Simpson 优势度指数: $D = 1 - \sum (Pi)^2$ (式中 $Pi = ni / N$, ni 为第 i 类群的个体数, N 为群落中所有类群的个体总数)

Margalef 丰富度指数 (M)^[11]: $M = (S-1) / \ln N$

Jaccard 相似性指数: $S = 2c / (a+b)$ (式中, a 为 A 群落类群数, b 为 B 群落类群数, c 为 A、B 两群落共有的类群数)

根据 Jaccard 相似系数公式规定, 当相似系数为 0~0.25 时, 为极不相似; 为 0.25~0.50 时, 为中等不相似; 为 0.50~0.75 时, 为中等相似; 为 0.75~1.0 时, 为极相似。

采用 SPSS 19.0 完成数据处理, 利用 One-way ANOVA 单因素方差分析、多重比较 (LSD) 方法对不同处理数据进行差异显著性测验, 差异显著性水平取 $P < 0.05$ 。

甲螨 MGP 分析^[12]: M, 大孔低等甲螨 (Macropyliina); G, 无翅坚背甲螨 (Gymnonota); P, 有翅孔背甲螨 (Poronota)。根据三大类甲螨各占群落的百分比来进行群落类型划分, 详见表 2。

2 结果与分析

2.1 甲螨亚目种类和数量变化

通过 Tullgren 干漏斗分离鉴定得到甲螨亚目 5607 头, 隶属于 67 属, 优势类群为角单翼甲螨属 (*Rostrozetes*)、大奥甲螨属 (*Lasiobelba*) 和大头

表 2 甲螨群落类型划分

Table 2 Community types assigned to soil mites (Oribatida)

群落类型 Community types	甲螨类群百分比 Value range of oribatid mite groups	群落类型 Community types	甲螨类群百分比 Value range of oribatid mite groups
M 型 M type	M > 50%	MG 型 MG type	M, G = 20%~50%, P < 20%
G 型 G type	G > 50%	GP 型 GP type	G, P = 20%~50%, M < 20%
P 型 P type	P > 50%	MP 型 MP type	M, P = 20%~50%, G < 20%
O 型 O type	20% < M, G, P < 50%		

注: M: 大孔低等甲螨, G: 无翅坚背甲螨, P: 有翅孔背甲螨, O: 全部, MG: 大孔低等 - 无翅坚背甲螨, GP: 无翅坚背 - 有翅孔背甲螨, MP: 大孔低等 - 有翅孔背甲螨 Note: M: Macropyliina; G: Gymnonota; P: Poronota; O: Overall; MG: Macropyliina-Gymnonota; GP: Gymnonota-Poronota; MP: Macropyliina-Poronota

甲螨属 (*Megalotocepheus*), 三者分别占甲螨亚目总数的 16.49%、12.53% 和 11.82%; 常见类群有三皱甲螨属 (*Rhysotritia*)、四奥甲螨属 (*Quadropia*) 和盲甲螨属 (*Malaconothrus*) 等 18 个属, 共占甲螨亚目个体数 49.79%; 稀有类群有 46 个, 共占甲螨亚目个体数 9.35%。

毛竹林样地共捕获甲螨亚目 2 687 头, 隶属 30 属, 优势类群为大奥甲螨属、大头甲螨属、三皱甲螨属和四奥甲螨属, 分别占甲螨亚目总数的 20.00%、19.91%、12.22% 和 12.21%; 常见类群有角单翼甲螨属、步甲螨属和鳞顶甲螨等 9 个属, 共占甲螨亚目个体数 31.57%; 稀有类群有 16 个, 共占甲螨亚目个体数 4.14%。

竹阔混交林样地共捕获甲螨亚目 1 871 头, 隶属 39 属, 优势类群为角单翼甲螨, 占甲螨亚目总数的 23.77%; 常见类群有盲甲螨属、盖头甲螨属和树穴甲螨属等 20 个属, 共占甲螨亚目个体数 67.27%; 稀有类群有 18 个, 共占甲螨亚目个体数 7.11%。

阔叶林样地共捕获甲螨亚目 1 049 头, 隶属 54 属, 优势属为角单翼甲螨属, 占甲螨亚目总数的 25.56%; 常见属有盲甲螨属、树穴甲螨属和大奥甲螨属等 20 个属, 共占甲螨亚目个体数 61.34%; 稀有属有 33 个, 共占甲螨亚目个体数的 12.84%。

从土壤甲螨数量来看, 毛竹林 (2 687 头, 47.95%) > 竹阔混交林 (1 871 头, 33.40%) > 阔叶林 (1 049 头, 18.73%), 但 3 个样地甲螨亚目总数差异不显著 ($P=0.8576$); 从种类来看毛竹林 (30

属, 24.39%) < 竹阔混交林 (39 属, 31.71%) < 阔叶林 (54 属, 43.90%), 但 3 个样地甲螨亚目种类差异不显著 ($P=0.2914$)。3 个样地中均属于优势属和常见属的甲螨类群主要有: 大奥甲螨属、大头甲螨属、三皱甲螨属和角单翼甲螨属。其中角单翼甲螨属是竹阔混交林样地和阔叶林样地的优势属。

2.2 各样地土壤甲螨多样性分析

对 3 个样地的土壤甲螨多样性、均匀度、优势度和丰富度进行计算和分析, 结果见表 2 所示。

其中 Shannon-Wiener 多样性指数和 Margalef 丰富度指数表现为阔叶林 > 竹阔混交林 > 毛竹林; Simpson 优势度指数和 Pielou 均匀度指数均表现为阔叶林 > 毛竹林 > 竹阔混交林。但上述差异均未达到显著水平 ($P > 0.05$)。

由此可知, 尽管毛竹林地土壤甲螨数量最多, 但阔叶林地的甲螨多样性指数、丰富度指数、优势度指数和均匀度指数均最高, 竹阔混交林则大致居中。

2.3 各样地土壤甲螨群落相似性

表 3 是各个样地之间土壤甲螨群落的相似性计算结果, 可见各个样地相似性指数均较高。毛竹林样地与竹阔混交林样地的相似性指数、竹阔混交林样地与阔叶林样地的相似性指数均大于 0.50 而小于 0.75, 表现为中等相似; 而毛竹林样地与阔叶林样地的相似性指数为 0.50, 表现为中等不相似。

2.4 土壤甲螨群落 MGP 分析

土壤甲螨群落 MGP- I 和 MGP- II 分析均表

表 2 土壤甲螨群落多样性指标

Table 2 Diversity Indicators of soil oribatid mite communities

样地 Sample area	个体数 Individual number	属数 Group number	多样性指数 Shannon-Wiener	优势度指数 Simpson index	均匀度指数 Pielou index	丰富度指数 Margalef index
竹林 Bamboo forest	298.51 ± 150.30 a	11.22 ± 4.21 a	1.7487 ± 0.4818 a	0.7360 ± 0.1221 a	0.7319 ± 0.1085 a	1.8560 ± 0.7932 a
竹阔混交林 Bamboo-broad mixed forest	207.70 ± 76.92 a	12.33 ± 3.64 a	1.8118 ± 0.4381 a	0.7319 ± 0.1397 a	0.7260 ± 0.1181 a	2.1309 ± 0.6190 a
阔叶林 Broad-leaved forest	116.30 ± 69.12 a	15.89 ± 3.69 a	2.3008 ± 0.2247 a	0.8522 ± 0.0490 a	0.8430 ± 0.0888 a	3.2798 ± 0.8536 a

注: 平均值 ± 标准差; 同列数据间不同上标字母表示差异显著 ($P < 0.05$) Note: Average ± standard deviation, number within the same column followed by different superscript are significantly different ($P < 0.05$)

明,毛竹林属于G型,竹阔混交林和阔叶林均属于O型。说明毛竹林甲螨以无翅坚背甲螨为主(>50%),而竹阔混交林和阔叶林大孔低等甲螨、无翅坚背甲螨和有翅孔背甲螨3个群均超过20%,但未超过50%。

3 结论与讨论

冬季毛竹林样地共捕获甲螨亚目2687头(30属)>竹阔混交林样地1871头(39属)>阔叶林样地1049头(54属)。可见,毛竹向阔叶林扩张过程中,冬季土壤甲螨的个体数增加,而类群数量降低。这可能与林分的土壤理化性质(表1)有关。如Bedano等^[13]发现蜱螨亚纲最适合生活在pH值接近中性的土壤中。由于毛竹地下鞭根系发达、周转快、生物量大,从而迅速补充了土壤碳库,使竹林表层土壤有机质含量增加^[14]。有机质的增加,会进一步促进全氮和速效磷含量的提高^[15]。韩慧莹等^[16]发现长白山土壤动物数量对速效N和速效K有着显著正向响应,对速效P有着显著负向响应。本研究的结果与其基本一致,土壤甲螨数量在pH值(4.56±0.08)更加接近中性值,全碳(44.86±2.31)、全氮含量(4.05±0.22)较高的毛竹纯林中更多。但本研究中土壤甲螨对全P有着正向响应,具体原因有待进一步深入研究。欧洲一些其他研究结果也是较为相似^[17]。而江西庐山毛竹扩张对土壤动物的研究^[9]与本研究结果有差异:冬季庐山土壤动物个体数和类群数均表现为毛竹纯林>日本柳杉(*Cryptomeria japonica*)纯林>毛竹-日本柳杉交错带。这可能与

流溪河是毛竹分布的南缘,位于华南地区,与庐山的立地条件不同有关。

毛竹林样地与竹阔混交林样地的土壤甲螨相似性指数、竹阔混交林样地与阔叶林样地的相似性指数均分别为0.638和0.645,表现为中等相似;而毛竹林样地与阔叶林样地的相似性指数为0.50,表现为中等不相似。说明毛竹向阔叶林扩张过程中甲螨群落有了相应改变。一般来说,生境的空间异质性越高,可以提供的微生境条件越丰富,也就意味着更高的生物多样性^[6,18]。阔叶林凋落物层较厚、水热条件好、原生植被保存较好,能为土壤甲螨提供丰富的食物源和栖息环境,因而土壤甲螨多样性指数高。竹林凋落物层较薄、植被单一,可能是致使其个体数多但类群数少的原因^[19-20]。由此可以看出土壤甲螨群落多样性与其所处的微生境密切相关。

本研究MGP分析I和II结果均表明,竹林土壤甲螨群落属于G型;竹阔混交林和阔叶林土壤甲螨群落均属于O型,说明G型的竹林主要分布以无翅坚背甲螨为主,而甲螨无翅类是骨化程度较低、体壁较柔的低等甲螨,适于生活在类似毛竹纯林这样单纯的生境;O型的竹阔混交林和阔叶林相对环境复杂的生境则以体壁骨化程度较高的甲螨为主^[21-22]。因此,本研究结果表明,与竹林相比,阔叶林植被复杂,土壤性状较好,养分可持续积累,因而阔叶林土壤甲螨的类群数和多样性比较高^[23-24]。但是不同土壤甲螨类群对于环境的响应是否稳定还需要进一步的研究和验证。

表3 3个样地土壤甲螨群落的相似性

Table 3 Similarity of soil oribatid mite communities in three plots

样地 Sample area	竹林 Bamboo forest	竹阔混交林 Bamboo-broad mixed forest
竹阔混交林 Bamboo-broad mixed forest	0.638	
阔叶林 Broad-leaved forest	0.500	0.645

表4 3个样地土壤甲螨MGP分析结果 Table 4 MGP analysis of soil oribatid mites in three plots

样地 Sample area	属数占比 Genera percent				个体数占比 Individual percent			
	M/%	G/%	P/%	类型 Type	M/%	G/%	P/%	类型 Type
竹林 Bamboo forest	24.14	51.72	24.14	G	14.37	68.25	17.38	G
竹阔混交林 Bamboo-broad mixed forest	28.21	46.15	25.64	O	27.95	35.49	36.56	O
阔叶林 Broad-leaved forest	24.07	42.59	33.33	O	28.50	27.55	43.95	O

参考文献

- [1] HILDA. Hilda Soltero Taylor. Impact of environmental stressors on soil mite population in grasslands in the northern Chihuahuan Desert[D]. Texas: University of Texas, 2005.
- [2] 王宗英, 路有成, 王慧英, 等. 九华山土壤螨类的生态分布[J]. 生态学报, 1996, 16(1): 58-64.
- [3] MARIBIE C W, NYAMASYO G H N, NDEGWA P N, et al. Abundance and diversity of soil mites (acari) along a gradient of land use types in Taita Taveta, Kenya[J]. Tropical & Subtropical Agroecosystems, 2011, 13(1): 11-26.
- [4] WU D H, ZHANG B, BU Z Y, et al. The community characteristics of soil mites under different land uses in Changchun metropolitan area, China .Acta Ecologica Sinica, 2006, 26(1): 16-25.
- [5] YAN Z, JIN D, ZHOU Y, et al. Community composition and diversity of soil oribatid mites(Acari: Oribatida) in karst forests in Shibing, Guizhou, Southwestern China[J]. Acta Entomologica Sinica, 2015, 58(7): 791-799.
- [6] OMAR A, AJAR Q, MUKARAM H, et al. Community Diversity and its Seasonal Dynamics of Soil Mites in Oasis of the Sangong River Watershed of Xinjiang, China[J]. Journal of Xinjiang University(Natural Science Edition), 2016, 33(1): 6-19.
- [7] 赵雨虹, 范少辉, 罗嘉东. 毛竹扩张对常绿阔叶林土壤性质的影响及相关分析[J]. 林业科学研究, 2017, 30(2): 354-359.
- [8] 丁丽霞, 王祖良, 周国模, 等. 天目山自然保护区毛竹林扩张遥感监测[J]. 浙江林学院学报, 2006, 23(3): 297-300.
- [9] 廖丽琴, 刘苑秋, 孔凡前, 等. 庐山冬季土壤动物群落及功能群对毛竹扩张的影响[J]. 江西农业大学学报, 2017, 39(4): 721-730.
- [10] 尹文英等. 中国土壤动物检索图鉴[M]. 2版. 北京: 科学出版社, 2003.
- [11] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [12] 谢桂林, 傅荣恕, 刘建丽, 等. 菏泽牡丹园土壤甲螨群落特点研究[J]. 生态学报, 2004, 24(4): 693-699.
- [13] BEDANO J C, CANTU M P, DOUCET M E. Soil springtails (Hexapoda: Collembola), symphylans and pauropods (Arthropoda: Myriapoda) under different management systems in agroecosystems of the subhumid Pampa (Argentina) [J]. European Journal Soil Biology, 2006, 42: 107-119.
- [14] 徐秋芳, 姜培坤. 不同森林植被下土壤水溶性有机碳研究[J]. 水土保持学报, 2004, 18(6): 84-87.
- [15] 王莹. 土壤有机质与氮磷钾的相关性[J]. 土壤肥料, 2008, 17: 32-33.
- [16] 韩慧莹, 殷秀琴, 寇新昌. 长白山地低山区土壤动物群落特征及其对环境因子变化的响应[J]. 生态学报, 2017, 37(7): 2197-2205.
- [17] GARCIA R R, OCHARAN F J, GARCIA U, et al. Arthropod fauna on grassland-heathland associations under different grazing managements with domestic ruminants[J]. Comptes Rendus Biologies, 2010, 333: 226-234.
- [18] GAO M X, HE P, ZHANG X P, et al. Relative roles of spatial factors, environmental filtering and biotic interactions in fine-scale structuring of a soil mite community[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 79: 68-77.
- [19] 阿加尔·恰肯, 吾玛尔·阿布力孜, 排孜力耶·合力力. 新疆玛纳斯河流域土壤螨类群落多样性[J]. 生态学报, 2017, 37(24): 8385-8396.
- [20] ZHANG Y, JIN D C, ZHOU Y F, et al. Community composition and diversity of soil oribatid mites(Acari: Oribatida)in karst forests in Shibing, Guizhou, Southwestern China[J]. Acta Entomologica Sinica, 2015, 58 (7): 791-799.
- [21] FISCHER B M, SCHATZ H. Biodiversity of oribatid mites(Acari: Oribatida)along an altitudinal gradient in the Central Alps[J]. Zootaxa, 2013, 3626(4): 429-454.
- [22] MUMLADZE L, MURVANIDZE M, MARAUN M, et al. Oribatid mite communities along an elevational gradient in Sairme gorge(Caucasus)[J]. Experimental and Applied Acarology, 2015, 66: 41-51.
- [23] BAI X, ZHAO S L, DUO L. Impacts of carbon nanomaterials on the diversity of microarthropods in turfgrass soil[J]. Scientific Reports, 2017, 7(1): 1779.
- [24] MINOR M A, ERMILOV S G, ANICHKIN A E. Biodiversity of soil oribatid mites(Acari: Oribatida)in a tropical highland plateau, Bi Doup-Nui Ba National Par, Southern Vietnam[J]. Tropical Ecology, 2017, 58(1): 45-55.