

杨敬天,胡进耀,张 涛,等. 珙桐土壤微生物数量及其与土壤因子的关系[J]. 江苏农业科学,2014,42(1):278-281.

珙桐土壤微生物数量及其与土壤因子的关系

杨敬天¹, 胡进耀¹, 张 涛², 彭 波², 邓东周³

(1. 绵阳师范学院,四川绵阳 621000; 2. 四川省北川羌族自治县林业局,四川北川 622750;
3. 四川省林业科学院,四川成都 610081)

摘要:为更好地保护珍稀濒危植物——珙桐,对四川 4 个珙桐种群土壤微生物数量特征及其与土壤因子的关系进行了分析。结果表明各珙桐种群 3 大类土壤微生物数量大小顺序均为细菌 > 放线菌 > 真菌;土壤微生物在不同珙桐种类土壤中数量表现为荣经 > 卧龙 > 峨眉 > 北川。土壤微生物数量与土壤因子之间存在着不同程度的关系,对微生物总数、细菌数量影响最大的土壤因子是有机质,对真菌、放线菌数量影响最大的土壤因子是全氮。

关键词:珙桐;土壤微生物数量;土壤因子

中图分类号: S718.8 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2014)01-0278-03

珙桐(*Davidia involucrate*)又名水梨子、鸽子树,属珙桐科(蓝果树科)珙桐属落叶乔木,为我国单属种的特有植物,有“活化石”之称,被列为国家一级重点保护植物,世界著名的珍贵稀有观赏植物,是植物界的“大熊猫”^[1-2]。有关珙桐的研究也已开展多年,主要集中在珙桐的生物学特性、种群生态学、人工繁殖技术及引种栽培、组织培养及休眠机制等方面^[3],但对珙桐种群与环境因子关系的研究还不够深入,尤其是对珙桐种群土壤微生物数量的研究鲜有报道。

森林土壤微生物在林地枯落物分解、腐殖质合成和土壤养分循环等过程中起着十分重要的作用,其数量不仅影响土壤的生物化学活性及土壤养分的组成与转化,也是土壤中生物活性的具体体现,是维持和恢复林地生产力的主要因子之一^[4-8],土壤微生物数量直接影响土壤的生物化学活性及土壤养分的组成与转化,是林地土壤肥力的重要指标之一^[9],土壤中的 3 大类群微生物数量,通常是作为土壤生物活性高低的重要标志之一^[10]。研究土壤微生物的数量是在更深层次上揭示森林生态系统能量流动和物质循环过程的重要环节,因此研究土壤微生物数量及其与土壤性质的相关性,既有助于营造最佳生态效益的林分,保持水土,又能防止地力衰退和改善生态环境。本试验对珙桐种群的土壤微生物的数量及其与土壤因子的关系进行研究,了解珙桐种群的土壤微生态,分析其适宜生长的土壤环境,为保护珙桐这一珍稀濒危植物提供一定的理论依据和科学指导。

1 材料与方法

1.1 试验样地

研究地分别位于四川卧龙自然保护区三江镇鹿尔坪村的

白泥岗、荣经县龙苍沟、峨眉山风景区大坪及北川县禹里乡龙池坪等 4 个珙桐种群主要分布地区,样地的具体概况见表 1。

表 1 样品采集地概况

样地	采集时间 (年-月-日)	纬度 (N)	经度 (E)	海拔 (m)
荣经	2012-07-18	29°36'42"	102°44'21"	1 450
卧龙	2012-07-21	30°52'28"	103°15'19"	1 470
峨眉	2012-07-25	31°54'42"	104°13'36"	1 458
北川	2012-07-27	29°16'51"	103°10'33"	1 420

1.2 样品的采集和处理

根据采样地点的地形,于 2012 年 7 月在荣经、卧龙、峨眉山和北川四个地区采用正方形法和蛇形法 5 点取样,每个样点选取 3 棵健壮植株,在其周围取样,采样时,先除去地面凋落物,再用小土铲去掉表层 3 mm 左右的土壤,用无菌的小铲挖掘 60 cm 深的土壤剖面,由上向下分为 3 层(0~20 cm、20~40 cm 和 40~60 cm)逐层取样,每层取样量基本一致,同区域每个样点同一层土样集中一起混合均匀,然后用四分法混合取样,作为该样点土壤样品,现场编号后将样品装入灭菌塑料保鲜袋带回,并分装大约 1 kg 土壤样品放入冰盒中保存,用于测定土壤中三大类群微生物的数量,剩余样品按照常规方法研磨粉碎、过筛,用于测定含水量、全氮、水解氮、全磷、有效磷、有机质以及 pH 值。

1.3 测定方法

土壤中的细菌、真菌、放线菌的数量均用平板培养法记数^[11]。细菌总数:牛肉膏蛋白胨培养基稀释涂布平板法;真菌总数:马丁氏培养基稀释涂布平板法;放线菌总数:高氏一号合成培养基稀释涂布平板法。细菌用 1×10^{-4} 、 1×10^{-5} 、 1×10^{-6} 稀释液涂布平板,真菌用 1×10^{-1} 、 1×10^{-2} 、 1×10^{-3} 稀释液涂布平板,放线菌用 1×10^{-3} 、 1×10^{-4} 、 1×10^{-5} 稀释液涂布平板。每一处理重复 3 次,接种后在 28~30 ℃ 温度下,细菌培养 2~3 d,放线菌培养 5~7 d,真菌培养 3~5 d,分别记载结果,并计算各种微生物的总数。

土壤含水量测定用烘干法(LY/T 1213—1999);pH 值测定用复合 pH 计直接测定(LY/T 1239—1999);有机质测定用重铬酸钾氧化-外加热法(LY/T 1237—1999);全氮测定用

收稿日期:2013-05-06

基金项目:四川省科技支撑计划(编号:2010SZ0036);四川省北川羌族自治县汶川地震灾后大熊猫等保护及栖息地恢复重建项目(二期);绵阳师范学院校级项目(编号:MA201007)。

作者简介:杨敬天(1983—),男,四川绵阳人,硕士,讲师,主要从事植物分类学与森林生态学研究。E-mail:250563963@qq.com。

通信作者:胡进耀。E-mail:250563963@qq.com。

半微量凯氏定氮法 (LY/T 1228—1999); 水解氮的测定用氯化镁浸提 - 扩散法 (LY/T 1229—1999); 全磷的测定用酸溶 - 钼锑抗比色法 (LY/T 1232—1999); 有效磷的测定用盐酸 - 硫酸浸提法 (LY/T 1233—1999)。

2 结果与分析

2.1 珙桐分布区土壤微生物数量

表 2 为不同珙桐种群土壤微生物数量的分布状况,从表 2 可以看出,4 个珙桐种群中不同土壤微生物的数量分布都以细菌最多,放线菌次之,真菌最少。并且从数量上来看,细菌的数量要远远大于放线菌和真菌,在土壤微生物区系组成中占绝对优势。这说明 4 个珙桐分布区在土壤中起重要作用的微生物是细菌。虽然放线菌和真菌数量相对较低,但从生物量方面考虑它们在土壤中的作用是不可忽视的^[12]。

表 2 不同珙桐种群土壤微生物数量

样地	土壤深度 (cm)	微生物数量(×10 ⁵ CFU/g)			
		总数	细菌	真菌	放线菌
荣经	0~20	158.319	156.283	0.059	1.977
	20~40	81.150	79.719	0.043	1.388
	40~60	48.226	47.641	0.019	0.566
	平均	95.898	94.548	0.040	1.310
卧龙	0~20	111.797	110.209	0.055	1.533
	20~40	72.668	71.614	0.027	1.027
	40~60	35.213	34.852	0.013	0.348
	平均	73.226	72.225	0.032	0.969
峨眉	0~20	90.085	88.459	0.048	1.578
	20~40	64.367	63.372	0.039	0.956
	40~60	47.389	46.716	0.016	0.657
	平均	67.280	66.182	0.034	1.064
北川	0~20	68.483	67.410	0.044	1.029
	20~40	32.817	32.321	0.024	0.472
	40~60	14.337	14.037	0.016	0.284
	平均	38.546	37.923	0.028	0.595

注:表中数值为 3 次重复的平均值。

2.2 不同珙桐分布区土壤微生物数量区域分布差异

从表 2 还可以看出,土壤微生物总数在不同珙桐种群样地间存在差异。各样地土壤微生物总数的大小顺序为:荣经>卧龙>峨眉>北川。其中,作为土壤微生物区系中占重要组成部分的细菌,其在不同样地土壤的数量分布与微生物

总数分布完全一致,即荣经区细菌数量居 4 个珙桐分布区之首。然而放线菌和真菌在不同样地土壤的数量分布与细菌的数量分布存在差异,放线菌和真菌的数量分布大小顺序为:荣经>峨眉>卧龙>北川。不同珙桐种群林下土壤微生物数量的差异与多种影响因素有关,如不同的根系分泌物、凋落物以及土壤生化性质都会对林下土壤微生物的数量产生影响。

2.3 不同珙桐分布区土壤微生物数量在土层上的分布

土壤微生物由于受到植物根系,土壤有机质、酸碱度、水分以及土壤母质等因素的影响,不同的土壤深度,不同的森林植被,其微生物在种类和数量上存在很大的差异。一般土壤微生物的土层垂直分布规律是随着土层的加深其数量逐渐减少^[13-14]。4 个珙桐种群的土壤微生物总数、细菌、真菌、放线菌数量的土层分布规律十分明显,总体趋势为:0~20 cm 土层最多,20~40 cm 较少,40~60 cm 最少,且 0~20 cm 土层各种微生物数量要远远多于 20~40 cm 土层和 40~60 cm 土层,甚至超过了 20~40 cm 和 40~60 cm 两个土层微生物数量的总和。可能是由于 0~20 cm 土壤表层积累了较多的枯枝落叶和腐殖质,有机质、氮、磷和钾等土壤养分含量高,为微生物的生长提供了较充分的营养源,而且表层土壤水热条件和通气状况较好,微生物数量和种类较多,随着土层的加深,土壤养分变少,土壤容重增大,孔隙度减小,而且通气状况较差,严重阻碍微生物的生长,因而微生物数量迅速下降。

2.4 土壤微生物数量与土壤因子之间的关系

2.4.1 土壤微生物数量与土壤因子之间的相关性 土壤微生物数量与土壤因子关系密切,土壤养分是保证土壤微生物生长和发育的基本条件,土壤水分有利于可溶性有机质的淋溶,促进土壤微生物的生长繁殖^[6],土壤酸碱度可影响土壤中物质的化学反应、微生物活性和养分的有效性^[15]。采用相关性分析对微生物总数、细菌数量、真菌数量以及放线菌数量与土壤因子的关系进行研究,结果见表 3。由表 3 可以看出,微生物总数与全氮、全磷、水解氮、有效磷、有机质、含水量呈极显著正相关关系,与 pH 值呈显著负相关关系;细菌数量与全氮、全磷、水解氮、有效磷、有机质、含水量呈极显著正相关关系,与 pH 值呈显著负相关关系;真菌数量与全氮、水解氮、有效磷、有机质呈极显著正相关关系,与含水量和全磷呈显著正相关关系;放线菌数量与全氮、全磷、水解氮、有效磷、有机质和含水量呈极显著正相关关系,与 pH 值呈显著负相关关系。这说明了珙桐分布区土壤微生物数量与土壤因子在一定程度上关系密切。

表 3 土壤微生物数量与土壤因子的相关性

微生物	相关系数						
	全氮	全磷	水解氮	有效磷	pH 值	有机质	含水量
微生物总数	0.839 **	0.831 **	0.876 **	0.861 **	-0.631 *	0.989 **	0.827 **
细菌数量	0.837 **	0.830 **	0.874 **	0.860 **	-0.630 *	0.990 **	0.827 **
真菌数量	0.985 **	0.700 *	0.796 **	0.781 **	-0.548	0.844 **	0.661 *
放线菌数量	0.897 **	0.850 **	0.920 **	0.905 **	-0.639 *	0.940 **	0.801 **

注:**表示相关性达 0.01 显著水平,*表示相关性达 0.05 显著水平。

2.4.2 土壤微生物数量与土壤因子之间的多元回归分析 为进一步探明影响珙桐土壤微生物数量的主要土壤影响因素,使用 SPSS 进行多元逐步线性回归分析对微生物总数(y_1)、细菌数量(y_2)、真菌数量(y_3)、放线菌数量(y_4)与土壤

全氮含量(x_1)、土壤全磷含量(x_2)、土壤水解氮含量(x_3)、土壤有效磷含量(x_4)、土壤 pH 值(x_5)、土壤有机质含量(x_6)、土壤含水量(x_7)进行多元逐步回归分析,结果显示:(1)珙桐土壤微生物总数(y_1)与土壤因子的最优关系模型为 $y_1 =$

3. $526 + 0.830x_6 + 1.893x_1 - 27.139x_2 + 0.793x_4$; (2) 珙桐土壤细菌数量(y_2)与土壤因子的最优关系模型为 $y_2 = 3.530 + 0.825x_6 + 1.743x_1 - 27.120x_2 + 0.777x_4$; (3) 珙桐土壤真菌数量(y_3)与土壤因子的最优关系模型为 $y_3 = 0.042 + 0.060x_1 + 0.001x_6$; (4) 珙桐土壤放线菌的数量(y_4)与土壤因子的最优关系模型为 $y_4 = -0.065 + 0.004x_6 + 0.093x_1 + 0.001x_3$ 。珙桐土壤微生物总数、细菌数量的主要影响因素是土壤有机质含量、土壤全氮含量、土壤全磷含量以及土壤有效磷含量;真菌数量的主要影响因素是土壤全氮含量和和土壤有机质含量;放线菌数量主要影响因素是土壤有机质含量、土壤全氮含量和土壤水解氮含量。珙桐土壤微生物的总数、细菌、真菌、放线菌的数量受多种土壤因子的综合作用,除了以上 7 个土

表 4 主要土壤因子对土壤微生物数量的直接通径分析

微生物	全氮	全磷	水解氮	有效磷	pH 值	有机质	含水量
微生物总数	0.109	-0.280	—	0.181	—	0.993	—
细菌数量	0.102	-0.285	—	0.181	—	1.003	—
真菌数量	0.834	—	—	—	—	0.194	—
放线菌数量	0.388	—	0.325	—	—	0.347	—

3 讨论

土壤微生物主要是通过分解动植物残体来参与土壤系统的能量流动和物质循环,并参与土壤中绝大多数的生化反应,从而影响植物生长发育,是土壤肥力的重要指标之一^[16],土壤微生物在增加肥力、改善根际环境、促进根系生长和防治植物病害等方面均有着积极的促进作用^[17-18],从而有利于植物种群数量的扩大和植物正常生长^[19]。土壤中大多数微生物目前是不能培养的,但通过常规稀释平板法研究在有限条件下可培养的微生物三大类群数量分布,具有一定的代表性,对进一步探讨植物与微生物之间的关系具有重要作用^[19]。

细菌、真菌、放线菌由于生态属性不同,其数量及所占比率也不相同^[20]。本研究结果表明:在珙桐土壤中,三大类群土壤微生物的数量是细菌 > 放线菌 > 真菌,细菌数量远大于真菌和放线菌,在土壤微生物区系中占据绝对优势,符合一般的森林土壤微生物组成规律,与前人的报道^[21-22]一致。

土壤微生物数量分布情况与土壤养分、水分、温度和通气状况等有关^[6,22-24]。珙桐土壤微生物数量因不同土层而异,具有明显的垂直分布特征,即 0~20 cm 土层最多,20~40 cm 较少,40~60 cm 最少,随着土层的加深,三大类群微生物数量总体呈下降的趋势。三大类群土壤微生物总数量以表层最高,可能是表层珙桐土壤的结构好,养分丰富,土壤各种环境条件比较适合微生物生长和繁殖。

土壤微生物数量与土壤性质有较好的相关性,能反映土壤养分状况,微生物与土壤因子的关系可作为评价土壤肥力的指标^[16,25]。周智彬等在研究塔克拉玛干沙漠腹地人工绿地土壤微生物数量时发现土壤有效磷对微生物总数的影响最大,其次是有效氮、全氮等^[24]。张崇邦等在研究羊草草原土壤微生物数量时发现土壤全磷对微生物总数的影响最大,其次是全钾全氮等^[26]。本研究结果表明,在珙桐土壤中,影响微生物总数、细菌数量的主要因子是土壤有机质含量、土壤全氮含量、土壤全磷含量以及土壤有效磷含量,其中有机质影响最大;影响真菌数量的主要因子是土壤全氮含量和和土壤有

壤因子外,还有其他影响因素,有待于进一步研究。

2.4.3 土壤微生物数量与土壤因子之间的通径分析 由表 4 可以看出影响微生物总数的主要土壤因子直接通径系数大小顺序为有机质 > 全磷 > 有效磷 > 全氮;影响细菌数量的主要土壤因子直接通径系数大小顺序为有机质 > 全磷 > 有效磷 > 全氮,即对珙桐土壤微生物总数、细菌数量的影响最大土壤因子是有机质;影响真菌数量的主要土壤因子直接通径系数大小顺序为全氮 > 有机质,即对珙桐土壤真菌数量影响最大的土壤因子是全氮;影响放线菌数量的土壤因子直接通径系数大小顺序为全氮 > 有机质 > 水解氮,即对珙桐土壤放线菌数量影响最大的土壤因子是全氮。

机质含量,其中全氮含量影响最大;影响放线菌数量主要因子是土壤有机质含量、土壤全氮含量和土壤水解氮含量,其中全氮含量影响最大。

本研究在一定的空间尺度上探讨了珙桐土壤微生物的数量、分布状况及其与土壤因子的关系,为深入了解珙桐种群生态系统的结构与功能提供基础数据,也为珙桐引种栽培及经营管理提供科学依据。而土壤因子对微生物数量的影响复杂,需综合考虑。因此,本研究结果只能一定程度上反映珙桐土壤微生物数量和土壤因子的关系,其内在作用机理还需要进行深入研究。

参考文献:

[1] 苏智先,张素兰. 珙桐种群生殖物候及其影响因素的研究[J]. 四川师范学院学报:自然科学版,1999,20(4):313-318.

[2] Li Y X. Cloning sequence analysis, and prokaryotic expression of cDNA encoding a putative non-specific lipid-transfer protein from the bracts of dovetree (*Davidia involucrate* Baill.) [J]. Journal of Plant Biology, 2003, 46(3): 167-172.

[3] 黎云祥. 珙桐生物学研究现状与展望[J]. 西华师范大学学报:自然科学版, 2003, 24(3): 269-275.

[4] 池振明. 现代微生物生态学[M]. 北京: 科学出版社, 2006: 33-37.

[5] 杨涛,徐慧,方德华,等. 樟子松林下土壤养分、微生物及酶活性的研究[J]. 土壤通报, 2006, 37(2): 253-257.

[6] 赵萌,方晰,田大伦,等. 第 2 代杉木人工林地土壤微生物数量与土壤因子的关系[J]. 林业科学, 2007, 43(6): 7-12.

[7] 张奇春,王光火,方斌. 不同施肥处理对水稻养分吸收和稻田土壤微生物生态特性的影响[J]. 土壤学报, 2005, 42(1): 116-121.

[8] 魏媛,张金池,俞元春,等. 退化喀斯特植被恢复对土壤微生物数量及群落功能多样性的影响[J]. 土壤, 2010, 42(2): 230-235.

[9] Keun H K, Stephan P. Landscape character, biodiversity and land use planning. The case of Kwangju City Region, South Korea [J]. Land Use Policy, 2007, 24(1): 264-275.

谢修鸿,王晓红,刘玉伟,等.不同有机物料复合对土壤微生物呼吸作用的影响[J].江苏农业科学,2014,42(1):281-283.

不同有机物料复合对土壤微生物呼吸作用的影响

谢修鸿¹,王晓红¹,刘玉伟¹,梁运江²

(1. 长春大学园林学院,吉林长春 130022; 2. 延边大学农学院,吉林龙井 133400)

摘要:采用室内培养试验方法,研究有益复合菌与菌糠等有机物料复合对土壤微生物呼吸作用的影响。结果表明,有益复合菌与菌糠等有机物料复合均可提高土壤微生物 CO₂ 释放量,有益复合菌与不同有机物料复合 CO₂ 释放能力不同,以麦麸为主体采用玉米秸秆调节碳氮比处理有利于 CO₂ 释放,以菌糠调节碳氮比处理的 CO₂ 释放能力不及麦麸;以菌糠、麦麸、玉米秸秆为主体添加菌剂对土壤微生物 CO₂ 释放量有影响,但差异不显著。结果表明,以土壤微生物呼吸作用来评价土壤生物总体活性的影响,选择适宜有益复合菌适合的有机载体非常必要。

关键词:菌剂;菌糠;有机物料;土壤微生物;呼吸作用

中图分类号: S154.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2014)01-0281-03

土壤微生物是植物养料转化、有机碳代谢及污染物降解的驱动力,在土壤肥力和生态系统中具有重要作用。土壤微生物活动中释放 CO₂ 的过程可用来衡量土壤微生物的活性。土壤环境条件及养分耗竭状况影响土壤微生物的数量及比例^[1]。随种植制度的演变,复种指数增加,土壤微生物活性变化,土壤性质恶化,农作物病虫害日趋严重等,从而应运而生了高生物技术研制而成的新型生物菌剂^[2-6],此类菌剂在改善土壤微生物菌群、抑制土壤病原菌繁殖、活化土壤有机

与无机养分,提高肥效率、促进作物循环、长效吸收利用,改善土壤团粒结构、消除板结、提高保水保肥能力,增强抗逆能力等方面可发挥较好效果。相关菌剂与不同有机物料复合对土壤呼吸作用的影响研究较少。本试验采用室内碱液吸收法,研究菌剂与菌糠等有机物料复合对土壤呼吸作用的影响,探寻菌剂施用适宜的有机载体,为菌剂发挥有效功能提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 土壤与有机物料

土壤:采集于吉林省松原市风沙土(原种植作物:玉米)。土壤 pH 值为 8.1,含有机质 8.56 g/kg、全氮 0.47 g/kg、全磷 0.45 g/kg、碱解氮 42.21 mg/kg、速效磷 2.38 mg/kg。

收稿日期:2013-05-02

基金项目:吉林省教育厅“十二五”科技计划[编号:吉教科合字 2012(259)]。

作者简介:谢修鸿(1972—),女,吉林长春人,博士,讲师,主要从事废弃物利用与土壤改良研究。E-mail: yuxiaoran@163.com。

[10] 杨承栋. 森林土壤研究几个方面的进展[J]. 世界林业研究, 1994,7(4):14-20.

[11] 蔡信之,黄君红. 微生物学[M]. 2 版. 北京:高等教育出版社, 2002:333-354.

[12] 杨玉盛,李振问,俞新妥,等. 南平溪后杉木林取代杂木林后土壤肥力变化的研究[J]. 植物生态学报,1994,18(3):236-242.

[13] 廖仰南,张桂芝,王芳玫. 内蒙古草原土壤微生物生态学研究 I. 锡林河流域土壤微生物的季节变化及其土层垂直分布[C]//中国科学院内蒙古草原生态系统定位站. 草原生态系统研究:第三集. 北京:科学出版社,1988:166-194.

[14] 郭继勋,祝廷成. 羊草草原土壤微生物的数量和生物量[J]. 生态学报,1997,1(1):80-84.

[15] 毛玉东,梁社往,何忠俊,等. 土壤 pH 对滇重楼生长、养分含量和总皂甙含量的影响[J]. 西南农业学报,2011,24(3):985-989.

[16] 张星杰,刘景辉,李立军,等. 保护性耕作方式下土壤养分、微生物及酶活性研究[J]. 土壤通报,2009,40(3):542-546.

[17] Glick B R, Bashan Y. Genetic manipulation of plant growth - promoting bacteria to enhance biocontrol of phytopathogens[J]. Biotechnology Advances,1997,15(2):353-378.

[18] Cavicchioli R, Siddiqui K S, Andrews D, et al. Low - temperature extremophiles and their applications[J]. Current Opinion in Biotechnology,2002,13(3):253-261.

[19] 戴雅婷,闫志坚,王慧,等. 油蒿根际土壤微生物数量及其与土壤养分的关系[J]. 中国草地学报,2012,34(2):71-75.

[20] Rao A V, Venkateswarlu B. Microbial ecology of the soil of Indian desert[J]. Agriculture Ecosystem and Environment,1983,10(4):361-370.

[21] 尚爱军. 黄土高原植被恢复存在的问题及对策研究[J]. 西北林学院学报,2008,23(5):46-50,54.

[22] 刘增文,刘卓玛姐,段而军,等. 黄土高原半湿润丘陵区林下植物群落数量特征研究[J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2008,36(10):74-80.

[23] 李 颀,张金池,王 丽,等. 上海市沿海防护林土壤微生物三大类群变化特征[J]. 南京林业大学学报:自然科学版,2010,34(1):43-47.

[24] 周智彬,李培军. 塔克拉玛干沙漠腹地人工绿地土壤中微生物的生态分布及其与土壤因子间的关系[J]. 应用生态学报,2003,14(8):1246-1250.

[25] 郑诗樟,肖青亮,吴蔚东,等. 丘陵红壤不同人工林型土壤微生物类群、酶活性与土壤理化性状关系的研究[J]. 中国生态农业学报,2008,16(1):57-61.

[26] 张崇邦,杨靖春,管致锦,等. 羊草草原土壤微生物的分布及其与土壤因子之间的关系[J]. 植物生态学报,1995,19(4):368-374.