

杨炜迪,高 婷,朱建宁,等. 几种牧草根际土壤微生物功能多样性分析[J]. 江苏农业科学,2016,44(2):360–364.
doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2016.02.105

几种牧草根际土壤微生物功能多样性分析

杨炜迪¹,高 婷¹,朱建宁²,王 锦¹,王 川¹

(1. 宁夏农林科学院草畜工程技术研究中心,宁夏银川 750002; 2. 宁夏农林科学院农业资源与环境研究所,宁夏银川 750002)

摘要:以宁夏中部干旱带引进的适生牧草品种(710、708、376、859)和蒙古冰草根际微生物为研究对象,采用 Biolog–Eco 方法研究了 5 种牧草的根际微生物群落功能的多样性。结果表明:5 种不同牧草根际土壤微生物活性存在差异;利用羧酸类、碳水化合物最多的是牧草 376,利用聚合物类、酚类化合物、氨基酸类最多的是 708,利用胺类最多的是蒙古冰草;5 个品种主要利用碳源类型为碳水化合物、羧酸类和氨基酸类。丰富度指数与优势度指数结果相似,为 $859 \geq \text{蒙古冰草} \geq 710 > 708 > 376$;多样性和均匀度指数结果一致,为 $\text{蒙古冰草} > 859 > 708 > 376 > 710$;主成分分析将 5 种品种分为 3 个功能类群,376 和 708 为一类,859 和蒙古冰草为同一类,710 为一类;载荷矩阵表明 5 中牧草品种在羧酸和氨基酸利用上差异最大。

关键词:Biolog–Eco;根际土壤;功能多样性;牧草

中图分类号:S154.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002–1302(2016)02–0360–04

根际是指植物根周围数毫米的区域^[1],此区域中根分泌物为微生物提供重要的营养和能量物质并影响着根际微生物的种类和繁殖,而根际微生物的代谢作用又直接促进或抑制根的营养吸收和生长,从而影响根际土壤中的物质转化^[2]。Biolog–Eco 法是在微生物利用 31 种碳底物时发生氧化还原反应,通过颜色变化情况来反映微生物碳源活性的方法^[3–4]。该技术广泛应用在评价和比较不同土壤类型^[5]、相同土壤不同植物物种^[6]、不同植被的根际土壤微生物群落功能多样性^[7]。本研究以 4 种美国引进牧草和蒙古冰草的根际微生物为研究对象,应用 Biolog–Eco 方法,对不同牧草品种根际土壤微生物代谢功能多样性进行比较研究,旨在探讨不同牧草品种根际微生物代谢功能多样性之间的差异,研究结果可为深入探讨植物多样性和土壤微生物多样性之间的关系奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地设在宁夏吴忠市盐池县高沙窝的天然草场。草地类型为荒漠草原,植被稀疏且草层低矮,主要植被类型为蒙古冰草(*Agropyron mongolicum* Keng.)、糙隐子草(*Cleistagenes squarrosa*)、胡枝子(*Lespedeza bicolor* Turcz.)、老瓜头(*Cynanchum komarovii* Al.)、甘草(*Glycyrrhiza*)、细叶骆驼蓬(*Peganum nigellastrum*)、银灰旋花(*Convolvulus ammannii* Desr.)。盖度为 17%~30%,种类组成贫乏。该区属于典型的大陆性

气候,春季干旱多风,夏季炎热,年均降水量 260.75 mm,主要集中在 7—9 月,月平均温度最高月为 6 月(23.5℃)、7 月(24℃)和 8 月(20.5℃),土壤为风沙土,土壤有机质 1.4%~7.5%,pH 值 9.08~9.22。

1.2 牧草品种

本试验选取 4 个引进美国品种(710、708、376、859)和本地优势品种蒙古冰草开展研究。710 品种耐寒性、耐旱、耐高温能力强;708 粗蛋白质含量高、干草产量高;376 青绿期长、适口性好;859 株高大、鲜草产量高;蒙古冰草植株高大,生长速度快。

1.3 播种

将美国引进的牧草品种,随机排列,小区面积为 25 m²,行距 25 cm,对试验区隔带深翻后,于 2011 年 4 月 28 日至 5 月 1 日播种,深翻比例介于 30%~80%,每品种重复 3 次。取样时引进牧草品种生长年限为 4 年。

1.4 土壤采集

6 月下旬在盐池县高沙窝天然草场对 5 种牧草品种按五点取样法选取牧草植株,每点每品种取 3~5 株,重复 3 次。将根系区域土样用铁铲挖出,抖落根系外围土,取紧贴于根表周围的土样。将土样装入无菌纸袋,标记,立即带回实验室,研磨过 1 mm 筛后于 4℃冰箱保存。

1.5 牧草根际土壤微生物群落功能多样性研究

Biolog–Eco 分析:本研究采用有 31 种碳源的生态板(规格为 EcoPlate,由 Biolog 公司生产,华粤企业集团有限公司提供)分析微生物群落的代谢特征。每品种土样均匀混合后按照四分法称取 10 g,加入 90 mL 无菌生理盐水稀释,在摇床里振摇 30 min,静置沉淀 3~5 min,然后进行 100 倍稀释,以每孔 150 μL 稀释液加入微孔板中,将制备好的菌悬液倒入无菌移液槽中,使用八孔移液器将其接种于微平板的 96 孔中。接种好的微平板放到铺有 6 层纱布的塑料饭盒中,为防止微平板鉴定孔中的菌悬液挥发,纱布保持一定的湿度。塑料饭盒用保鲜膜包裹,保鲜膜上用注射针头扎若干个小眼,以保证微

收稿日期:2015–08–13

项目基金:宁夏农林科学院科技创新先导资金(编号:NKYJ–2014–11);宁夏自然科学基金(编号:NZ1073)。

作者简介:杨炜迪(1983—),女,河南偃师人,硕士,助理研究员,研究方向为牧草育种。E–mail:12345ywol@163.com。

通信作者:高 婷,硕士,研究员,研究方向为牧草新品种选育。E–mail:ecogt9@163.com。

生物的培养所需要的氧气,将微平板避光培养。ECO 生态板放到 30 ℃ 恒温培养。分别于 24、48、72、96、120、168 h 时读数,测定波长为 590 nm。

1.6 牧草根际土壤微生物群落功能多样性数据分析

平均颜色变化率 (average well color development, AWCD) 是反映土壤微生物利用单一碳源能力的一个重要指标^[8-9],在一定程度上可反映土壤微生物种群的结构特征和数量。AWCD 值变化范围越大,活性越高,其利用碳源的能力就越强,微生物丰富度也较高^[10]。其计算公式为:

$$AWCD = \sum (C - R) / n_0 \quad (1)$$

式中: C 为每个碳源孔的两波段光密度差值; R 为对照孔的光密度值; n 为培养基碳源种类数,在本研究中为 31。

丰富度指数是被利用的碳源的孔数,即 $(C_i - R)$ 的值大于 0.25 的孔个数。

Shannon - Wiener 指数,又称多样性指数,反映微生物群落物种的变化度和差异度。其计算公式为:

$$H' = - \sum (P_i \times \log P_i) \quad (2)$$

式中: P_i 为有碳源的孔和对照孔的光密度值之差与整板总差的比值,即 $P_i = (C_i - R) / \sum (C_i - R)$ 。

Simpson 指数,又称优势度指数,是针对多样性方面的集中性度量。其计算公式:

$$D = 1 / \sum P_i^2 \quad (3)$$

Pielou 指数,即均匀度指数是群落实测多样性和最大多样性的比率。其计算公式:

$$E = H' / \ln S \quad (4)$$

式中: S 为被利用的碳源总数。

利用 DPS 软件进行土壤微生物群落功能多样性指数^[11]计算、主成分分析^[12]、因子分析及主成分作图。

2 结果与分析

2.1 不同牧草品种 AWCD 变化及利用碳源分析

从图 1 可知,5 种牧草品种根际微生物群落利用碳源量随培养时间的延长逐渐增加。每种牧草根际土壤的 AWCD 值在 24 h 内变化不明显,表明该时期根际微生物活性较低,碳源利用很少;在 24 h 之后显著增加,碳源利用明显。在整个培养过程中,各品种根际微生物 AWCD 值存在差异,培养 168 h 时,总碳源 AWCD 值为 708 > 710 > 376 > 蒙古冰草 > 859。羧酸类 AWCD 值为 376 > 710 > 708 > 859 > 蒙古冰草,聚合物类 AWCD 值为 708 > 710 > 376 > 859 > 蒙古冰草,碳水化合物 AWCD 值为 376 > 708 > 710 > 蒙古冰草 > 859,酚类 AWCD 值为 708 > 376 > 710 > 859 > 蒙古冰草,胺类 AWCD 值为蒙古冰草 > 376 > 708 > 710 > 859,氨基酸类 AWCD 值为 708 > 710 > 376 > 蒙古冰草 > 859,5 种牧草主要利用碳源为碳水化合物、氨基酸和羧酸类。

2.2 牧草品种根际微生物群落功能多样性分析

本研究采用丰富度、优势度、多样性指数和均匀度来比较 5 个牧草品种的土壤根际微生物群落利用 31 种碳源的多样性。丰富度指数表示被利用的碳源种类多少,优势度指数可反映出土壤群落中最常见的物种,多样性指数反映微生物群落物种的变化度和差异度,均匀度为群落物种丰富度与均一性的度量。由表 1 可知,丰富度与优势度指数为 859 ≥ 蒙古

冰草 ≥ 710 > 708 > 376;多样性指数与均匀度分析结果一致,蒙古冰草 > 859 > 708 > 376 > 710,说明 859、蒙古冰草根际微生物群落中某些优势菌生长旺盛。以上研究结果表明蒙古冰草根际微生物群落种类最多且较均匀。

2.3 不同牧草品种根际微生物群落功能多样性主成分分析

采用主成分分析比较 5 个品种根际微生物群落功能多样性(表 2)。总变异的 100% 为前 4 个主成分,即包含全部变异信息。总变异的 48.36%、21.73% 分别来自第 1、第 2 主成分,故第 1、第 2 主成分为变异主要来源。利用这 2 个主成分将微生物群落代谢功能划分成 3 个功能类群(图 2),376 和 708 土壤根际微生物群落为同一类,710 品种土壤根际微生物群落为同一类,859 和蒙古冰草土壤根际微生物群落为同一类,空间差异较大。

因子载荷矩阵表明(表 3),因子 1 主要由 $x(30)$ 、 $x(15)$ 、 $x(25)$ 起分离作用,对应的碳源为 D - 苹果酸、 L - 丝氨酸、 L - 磷酸葡萄糖;因子 2 主要由 $x(19)$ 、 $x(18)$ 、 $x(27)$ 起分离作用,对应的碳源为 L - 苏氨酸、 γ - 羟丁酸、苯乙胺。5 种牧草根际微生物群落在以上 6 种碳源利用上差异最大,主要为羧酸类和氨基酸类。

3 结论与讨论

本试验通过 Biolog - Eco 微平板方法证实了 5 种不同牧草的根际土壤微生物在代谢活性、不同碳源利用、微生物多样性指数等方面均有自身特征并存在差异,说明不同牧草品种在退化土壤生态环境的修复中提供不同作用,导致这种差异的主要因素是牧草品种、植物残体、根系分泌物等方面^[11]。毕江涛等研究表明,荒漠草原 5 种植被类型土壤微生物群落代谢活性和利用碳源种类都存在差异^[12];安韶山等对宁南山区 9 种典型植物根际微生物研究表明微生物活性(AWCD)、微生物多样性指数和均匀度指数均存在明显差异^[8]。利用 Biolog - Eco^[9-10]、16S rRNA 分析^[13]、PCR - DGGE^[14] 等方法开展的研究均显示不同植被类型、同一植物不同品种或不同基因型间以及同一基因型不同发育时期的根际土壤微生物多样性都有所不同。

本试验结果表明,不同牧草根际土壤的 AWCD 在 24 h 内变化不大,随培养时间增加,其利用碳源量也不断增加,与诸多文献结果^[8,15-16]一致,708、376、710 的根际土壤微生物代谢活性较强,蒙古冰草和 859 根际土壤微生物代谢活性较弱。各品种在各类碳源利用上存在差异,利用羧酸类、碳水化合物最多的是 376,利用聚合物类、酚类化合物、氨基酸类最多的是 708,利用胺类最多的是蒙古冰草,5 个牧草品种主要利用碳源类型为碳水化合物、羧酸类和氨基酸类,与吴则焰等研究的武夷山各植被类型土壤微生物利用主要碳源类型^[7]一致。另外,郑华等研究表明 4 种森林类型土壤微生物群落比较好、利用率较高的 3 类碳源是糖类、羧酸类和氨基酸类^[5]。根际微生物群落功能多样性分析表明,5 种牧草的丰富度和优势度指数结果相似,多样性和均匀度指数结果一致,向泽宇等研究表明,土壤微生物群落多样性与均匀度指数也表现出相似规律^[17]。蒙古冰草根际微生物群落种类最多且较均匀,原因可能是蒙古冰草与其他牧草品种生长年限不同^[18-19],且蒙古冰草为原生植被,而其他 4 个品种为人工种植的牧草品

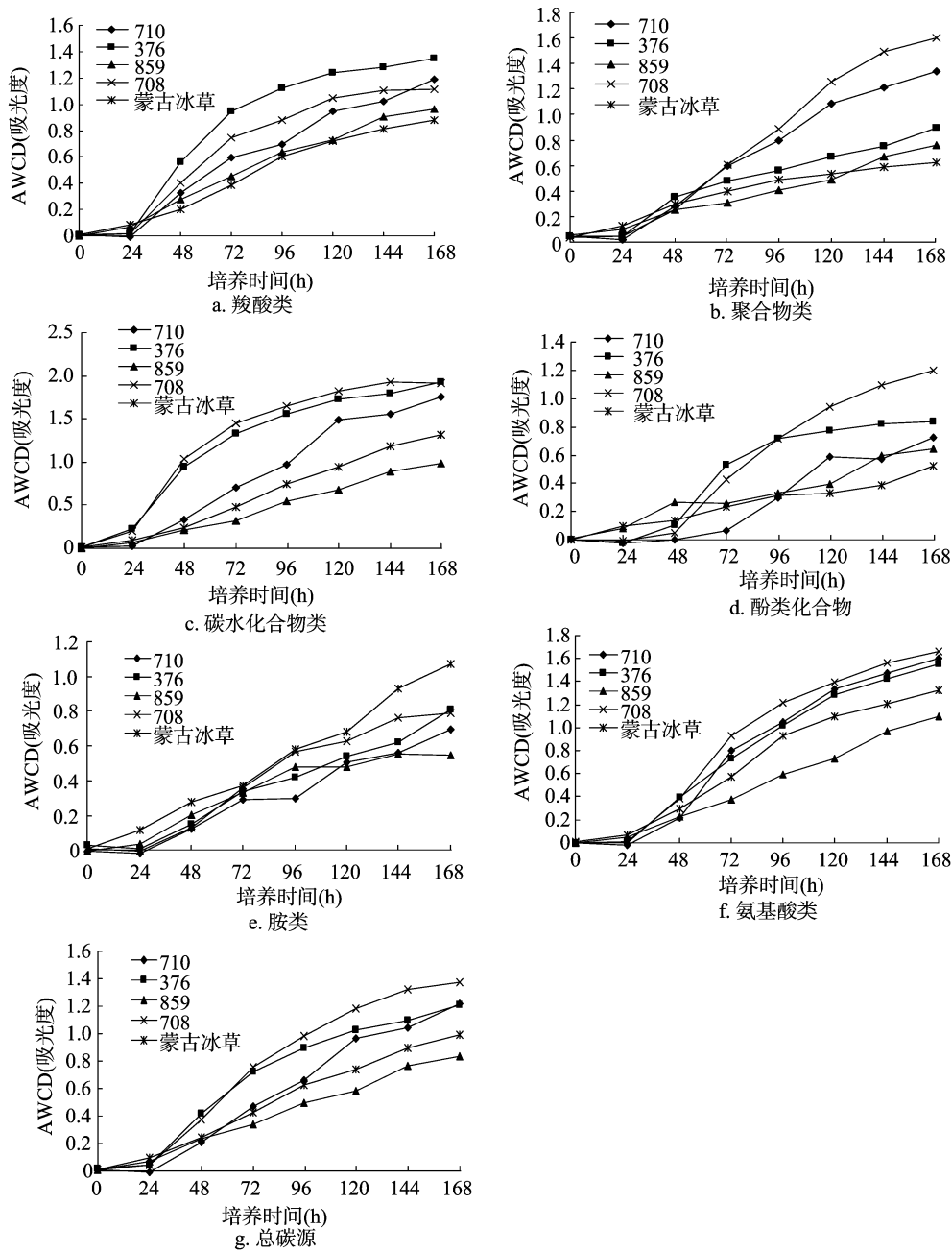


图1 随培养时间牧草品种根际土壤微生物AWCD的变化

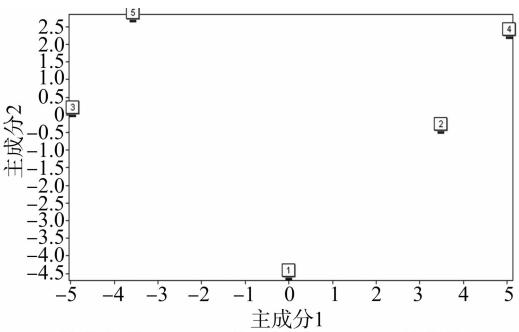
表 1 不同牧草品种根际微生物群落功能多样性指数				
品种	丰富度	优势度	多样性指数	均匀度
710	31	0.984 4	4.385 5	0.885 2
376	28	0.977 8	4.448 2	0.925 3
859	31	1.016 3	4.673 4	0.943 3
708	29	0.978 5	4.541 1	0.934 8
蒙古冰草	31	1.002 8	4.695 5	0.947 8

表 2 5 种牧草根际土壤微生物利用碳源主成分特征值和累计贡献率			
主成分	特征值	贡献率 (%)	累计贡献率 (%)
1	14.992	48.360	48.363
2	6.739	21.732	70.100
3	5.638	18.187	88.286
4	3.631	11.714	100.000

种^[20];859 和蒙古冰草根际微生物群落中某些优势菌生长旺盛,利用碳源类型较其他 3 个品种多。

5 个品种根际微生物主成分分析将 5 个品种土壤根际微生物群落碳代谢功能分为 3 类,376 和 708 为同一类,710 品种为一类,859 和蒙古冰草为同一类,与各品种碳源代谢活性

和根际微生物群落功能多样性分析结果一致。林青等研究发现新疆富蕴地震断裂带 6 种次生植物根际土壤微生物碳源利用差异主要体现在糖类、氨基酸类、羧酸类^[16]。因子载荷矩阵表明,5 种牧草根际微生物群落主要在羧酸和氨基酸的利用上差异最大。



1—牧草品种710; 2—牧草品种376; 3—牧草品种859;
4—牧草品种708; 5—蒙古冰草
图2 不同牧草品种的根际微生物群落功能多样性主成分分析

参考文献:

[1]刘芷宇,施卫明. 根际研究方法[M]. 南京:江苏科学技术出版社,1996:308-327.
[2]王茹华,张启发,周宝利,等. 浅析植物根分泌物与根际微生物的相互作用关系[J]. 土壤通报,2007,38(1):167-172.
[3]Garland J L, Mills A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization[J]. Applied and Environmental Microbiology,1991,57(8):2351-2359.
[4]田雅楠,王红旗. Biolog 法在环境微生物功能多样性研究中的应用[J]. 环境科学与技术,2011,34(3):50-57.

表 3 因子载荷矩阵

类别	碳源类型	因子 1	因子 2	因子 3	因子 4
x(1)	β -甲基-D-葡萄糖苷	0.892 5	-0.115 7	0.236 8	0.365 9
x(2)	D-半乳糖酸 γ -内酯	0.004 5	-0.704 1	-0.172 3	0.688 9
x(3)	L-精氨酸	0.167 8	-0.829 3	0.376 7	0.377 1
x(4)	丙酮酸甲酯	0.582 2	-0.026 6	0.760 9	-0.285 1
x(5)	D-木糖/戊醛糖	0.831 3	-0.550 8	0.014 2	0.072 8
x(6)	D-半乳糖醛酸	0.393 4	-0.905 9	-0.121 4	-0.098 9
x(7)	L-天门冬酰胺	0.273 3	-0.604 2	0.429 0	0.613 3
x(8)	吐温 40	0.015 2	-0.910 2	0.074 1	0.407 3
x(9)	赤藓糖醇	0.274 4	-0.350 9	0.895 3	-0.002 2
x(10)	2-羟基苯甲酸	-0.510 5	0.853 3	-0.102 2	0.028 8
x(11)	L-苯丙氨酸	-0.090 1	0.688 5	0.258 6	0.671 5
x(12)	吐温 80	-0.099 6	-0.966 4	0.236 9	-0.004 0
x(13)	D-甘露醇	0.515 0	-0.813 2	0.271 1	-0.000 6
x(14)	4-羟基苯甲酸	0.931 7	-0.338 6	0.127 7	0.030 4
x(15)	L-丝氨酸	0.976 7	-0.136 5	-0.164 8	0.011 2
x(16)	α -环式糊精	-0.131 0	0.232 8	0.896 6	0.353 1
x(17)	N-乙酰-D-葡萄糖氨	0.911 8	-0.271 2	0.247 7	0.183 4
x(18)	γ -羟丁酸	-0.183 4	0.919 4	-0.290 7	-0.191 4
x(19)	L-苏氨酸	-0.144 7	0.926 1	0.347 8	0.019 0
x(20)	肝糖	0.543 9	0.148 3	0.822 4	0.075 9
x(21)	D-葡萄糖胺酸	0.509 6	-0.160 6	0.619 0	0.575 6
x(22)	衣康酸	0.551 7	-0.016 9	-0.821 0	0.146 1
x(23)	甘氨酸-L-谷氨酸	0.598 7	0.401 3	-0.037 2	0.692 2
x(24)	D-纤维二糖	0.826 4	-0.486 4	0.154 8	0.237 5
x(25)	1-磷酸葡萄糖	0.939 5	-0.276 3	-0.202 1	0.005 0
x(26)	α -丁酮酸	0.257 0	0.477 9	-0.832 6	-0.110 7
x(27)	苯乙胺	-0.284 6	0.912 1	0.137 3	0.261 2
x(28)	α -D-乳糖	-0.040 4	-0.123 0	0.040 9	0.990 7
x(29)	D,L- α -磷酸甘油	0.641 5	-0.139 4	0.009 9	0.754 3
x(30)	D-苹果酸	0.978 1	-0.137 8	-0.090 3	-0.126 7
x(31)	腐胺	0.828 2	0.252 5	0.487 9	0.110 8

[5]郑 华,陈法霖,欧阳志云,等. 不同森林土壤微生物群落对 Biolog-GN板碳源的利用[J]. 环境科学,2007,28(5):1126-1130.
[6]李世朋,蔡祖聪,杨 浩. 不同植被下红壤性质对细菌碳源利用的影响[J]. 应用与环境生物学报,2008,14(6):793-797.
[7]吴则焰,林文雄,陈志芳,等. 武夷山国家自然保护区不同植被类型土壤微生物群落特征[J]. 应用生态学报,2013,24(8):2301-2309.
[8]安韶山,李国辉,陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. 生态学报,2011,31(18):5225-5234.
[9]Grayston S J, Wang S Q, Campbell C D, et al. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere [J]. Soil Biology & Biochemistry,1998,30(3):369-378.
[10]张萌萌,敖 红,张景云,等. 建植年限对紫花苜蓿根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 草业科学,2014,31(5):787-796.
[11]Kowalchuk G A, Buma D S, De Boer W, et al. Effects of above-ground plant species composition and diversity on the diversity of soil-borne microorganisms[J]. Antonie Van Leeuwenhoek International Journal of General and Molecular Microbiology,2002,81(1/2/3/4):509-520.

单爱琴,肖洁,杨秀婧. 四氯化碳与四氯乙烯复合污染对土壤呼吸率的影响[J]. 江苏农业科学,2016,44(2):364-367.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.02.106

四氯化碳与四氯乙烯复合污染对土壤呼吸率的影响

单爱琴^{1,2},肖洁^{1,2},杨秀婧²

(1. 江苏省资源环境信息工程重点实验室,江苏徐州 221008;2. 中国矿业大学环境与测绘学院,江苏徐州 221008)

摘要:通过室内模拟试验对土壤进行四氯化碳与四氯乙烯复合染毒,采用直接吸收法(密闭静置培养测二氧化碳法)研究四氯化碳与四氯乙烯复合污染对土壤呼吸率的影响。结果表明,四氯化碳对土壤呼吸作用的影响随时间呈先抑制、后恢复的过程,且四氯化碳体积分数越高,抑制作用越强;四氯化碳与四氯乙烯复合污染增强了对土壤呼吸作用的抑制,四氯乙烯高体积分数组(0.40~1.60 mg/kg)与四氯化碳各质量分数复合处理的抑制作用均强于对照;四氯化碳与四氯乙烯的交互作用对土壤呼吸的影响主要表现为协同作用。

关键词:四氯化碳;四氯乙烯;复合污染;土壤呼吸率

中图分类号: X53 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)02-0364-04

氯代脂肪烃被广泛应用于工农业生产中,如四氯乙烯可作为织物的干洗剂、金属的脱脂洗涤剂、干燥剂、驱虫剂、有机合成中间体等^[1-3],四氯化碳常作为重要的化工原料和有机溶剂。但由于其性质稳定、不易降解,进入环境中的氯代脂肪烃会改变该环境的生态功能及组成,如进入土壤环境后将改变微生物群落结构及土壤酶活性,使土壤呼吸作用降低。氯代脂肪烃是威胁生态系统最普遍的一类持久性有机污染物^[4-5]。

氯代脂肪烃复合污染土壤及地下水的事件在国内外均有发生,如我国北方某城市浅层地下水氯代烃污染已被证实^[1,6-9],其中三氯甲烷、四氯化碳、三氯乙烯、四氯乙烯是污染区的主要污染物,且四氯化碳(CT)与四氯乙烯(PCE)常共存于污染场地。1999年至今10余年的连续监测发现,某农

药厂排放的四氯化碳对其所在岩溶水源地补给区的土壤造成污染,并从中检测出四氯化碳的各种同系物^[7]。

目前,国内外学者已对土壤、地下水环境中的氯代脂肪烃污染进行了大量研究^[9-12]。毒理学研究多集中于其动物医学毒性特征^[13-14],大多仅考虑单一污染物水平的环境行为,对土壤中复合污染的研究极少,而实际情况中复合污染更为常见。

在土壤环境中,土壤呼吸作用强度是土壤肥力、微生物代谢旺盛程度、氮循环的重要指标之一^[15],不仅关系到土壤中有机物的分解,且土壤呼吸所释放的二氧化碳是植物同化二氧化碳的重要来源,与植物生长密切相关^[16-17]。通过模拟试验研究CT与PCE复合污染对土壤呼吸率的影响,探讨复合污染对土壤微生态毒理效应、保障生态安全、提高土壤质量具有重要指示性意义。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

取江苏省校内一处未经污染的土壤,将其风干后研磨,过2 mm筛备用。土壤的基本性质见表1。

收稿日期:2015-01-11

基金项目:住房和城乡建设部项目(编号:2013-K7-11);江苏省自然科学基金(编号:BK2008134)。

作者简介:单爱琴(1966—),女,山东诸城人,副教授,博士生导师,主要从事环境生物毒理及生态修复研究。E-mail: klsaq2003@163.com。

[12] 毕江涛,贺达汉,沙月霞,等. 荒漠草原不同植被类型土壤微生物群落功能多样性[J]. 干旱地区农业研究,2009,27(5):149-155.

[13] Kaiser O, Puhler A, Selbitschka W. Phylogenetic analysis of microbial diversity in the rhizosphere of oilseed rape (*Brassica napus* cv. Westar) employing cultivation-dependent and cultivation-independent approaches[J]. Microbial Ecology, 2001, 42(2): 136-149.

[14] Smalla K, Wieland G, Buchner A, et al. Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: Plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67(10): 4742-4751.

[15] 张海涵,唐明,陈辉,等. 黄土高原5种造林树种菌根根际

土壤微生物群落多样性研究[J]. 北京林业大学学报,2008,30(3):85-90.

[16] 林青,曾军,马晶,等. 新疆地震断裂带次生植物根际土壤微生物碳源利用[J]. 应用生态学报,2011,22(9):2297-2302.

[17] 向泽宇,张莉,张全发,等. 青海不同林分类型土壤养分与微生物功能多样性[J]. 林业科学,2014,50(4):22-31.

[18] 曹成有,姚金冬,韩晓姝,等. 科尔沁沙地小叶锦鸡儿固沙群落土壤微生物功能多样性[J]. 应用生态学报,2011,22(9):2309-2315.

[19] 王阳,王奇赞. 种植年限对大棚蔬菜地土壤微生物群落结构多样性的影响[J]. 浙江农业学报,2013,25(3):567-576.

[20] 熊毅,郭彦萃,张志. 原始红松林与人工林土壤微生物多样性分析[J]. 浙江农业学报,2014,26(1):159-164.