

黄冠南,丁美月,马金才,等. 吉林省四平地区粉黏壤土微生物群落结构与环境因子的关系[J]. 江苏农业科学,2019,47(14):306-310.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.14.070

# 吉林省四平地区粉黏壤土微生物群落结构 与环境因子的关系

黄冠南,丁美月,马金才,朱立月,李慧儒  
(吉林大学环境与资源学院,吉林长春 130012)

**摘要:**微生物作为土壤中的重要组成部分,对土壤生态系统中的物质循环和能量流动有着至关重要的作用。吉林四平地区是东北地区三大粮仓之一,该地区粉黏壤土的微生物群落结构情况虽然重要,却鲜有人进行研究。在该地区的农业土地区域采集 6 个土壤样品点,应用二代高通量测序技术进行分析,并利用样品中的优势类群与土壤理化性质的 Pearson 相关性分析、典范对应分析(CCA)以及方差分解分析(VPA),以确定该地区微生物群落结构与环境因子的关系。分析结果显示,共同影响细菌、真菌优势类群的环境因素是 pH 值和铵态氮含量。方差分解分析(VPA)结果则进一步指出,铵态氮含量、土壤 pH 值及土壤黏粒程度分别解释了 15.73%、22.84%、16.81% 的细菌群落结构组成变化原因;铵态氮含量、土壤 pH 值、溶解性有机碳含量分别解释了 24.32%、20.74%、22.37% 的真菌群落结构组成变化原因。通过二代高通量测序技术以及统计学研究,可以为东北地区粉黏壤土中的微生物群落结构与环境因子的关系研究提供一些新的理论依据。

**关键词:**Illumina MiSeq 高通量测序;粉黏壤土;细菌;真菌;优势类群  
**中图分类号:**X172      **文献标志码:**A      **文章编号:**1002-1302(2019)14-0306-04

土壤作为生态系统中的重要组成部分之一,是人类与动植物生存繁衍的基础,也是土壤微生物的附着生境,并为其提供了较为丰富的食物。微生物在调节地球生物化学营养物质的循环和生态系统功能等方面起着至关重要的作用<sup>[1-2]</sup>。由于近几年来我国对于粮食产量的需求变大,东北农作耕地作为我国重点保护的土壤生态资源,其垦殖面积不断扩增,滥用施肥的情况也日渐凸显,使得黑土资源快速衰退的情况愈发恶化<sup>[3]</sup>。土壤微生物作为土壤结构中极其重要的组成元素,也同时依赖于土壤的生态环境。近几年来,高通量测序技术的日臻完善与成熟发展,为土壤微生物群落结构及多样性的研究搭建了更为宽广的平台和途径,使得人们对于土壤中细菌以及真菌的认识愈加丰富<sup>[4]</sup>。

Illumina MiSeq 高通量测序技术<sup>[5]</sup>具有低成本、低错误率、高通量等优点,目前已经成为分析自然界中细菌、真菌等微生物的群落结构组成以及相对丰度的重要工具。由于目前东北四平地区农耕地中的微生物群落结构组成和多样性以及它们受到环境因子的影响情况鲜有人报道。本研究旨在探究吉林四平地区粉黏壤土<sup>[6]</sup>的微生物群落结构及其与环境因子的关系。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区域概况与样品采集

收稿日期:2018-03-05  
基金项目:国家自然科学基金(编号:41571304)。  
作者简介:黄冠南(1994—),男,吉林吉林人,硕士研究生,主要研究方向为环境微生物。E-mail:892396103@qq.com。  
通信作者:马金才,博士,副教授,研究方向为环境微生物、微生物生态。E-mail:jincaina@jlu.edu.cn。

四平市是吉林省的第三大城市,也是东北地区的农业重点区域,地处松辽平原中部腹地。四平市在地理上可划分为平原、丘陵 2 种地带,该地区的土地类型有着土地资源多样化、地貌结构复杂化、地域差异显著化等特征<sup>[7]</sup>。

土壤样品于 2017 年 10 月采集于吉林省四平地区的农作耕地区域。采用五点取样法采样,将样品置于冰袋中冷藏,并迅速带回实验室,于-80℃条件下保存,以便后续进行土壤物理化学性质的测定。土壤样品的基本信息如表 1 所示。

表 1 土壤样品的基本信息

样品编号	纬度	经度	海拔(m)	土壤对应农作物
SP <sub>1</sub>	43°52'37"N	125°00'52"E	226	西瓜
SP <sub>2</sub>	43°56'60"N	124°59'10"E	217	马铃薯
SP <sub>3</sub>	43°54'47"N	124°57'39"E	201	马铃薯
SP <sub>4</sub>	43°51'23"N	124°47'60"E	216	玉米
SP <sub>5</sub>	43°48'23"N	124°49'11"E	223	马铃薯
SP <sub>6</sub>	43°48'18"N	124°49'40"E	231	马铃薯

### 1.2 土壤理化性质的测定

土壤样品经过风干以及过筛后,进行以下理化性质的分析:pH 值,使用 pH 计进行测定;水溶性有机碳(简称 DOC)含量(mg/kg),使用总有机碳分析仪(SSM-5000A,日本)测定;总氮(简称 TN)含量(mg/kg),通过过硫酸钾(K<sub>2</sub>S<sub>2</sub>O<sub>8</sub>)氧化分光光度法测定;铵态氮(简称 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)含量(mg/kg)、硝态氮(简称 NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N)含量(mg/kg),分别使用纳氏试剂分光光度法和双波长比色法测定;总溶解性磷(简称 TDP)含量(mg/kg),采用钼锑抗比色法测定;土壤质地(黏粒、粉粒、沙粒含量,%),采用激光粒度分布仪(Bettersize 2000,丹东市百特仪器有限公司)测定。

1.3 总 DNA 的提取及 16S rRNA 基因的 PCR 扩增

土壤总 DNA 基因组的提取是采用 DNA 提取试剂盒进行的。目标片段的 PCR 扩增通常以微生物核糖体 RNA 等能够反映菌群组成和多样性的目标序列为靶点,根据序列中的保守区域设计相应引物,并添加样本特异性条形码序列,进而对 rRNA 基因可变区(单个或连续多个)或特定基因片段进行 PCR 扩增。PCR 扩增采用 NEB 公司的 Q5 高保真 DNA 聚合酶,并严格控制扩增循环数,使循环数尽可能低,同时也保证同一批样本的扩增条件一致。

1.4 统计学分析

应用软件 Mothur 进行统计并计算 4 种常用的生物多样性指数。将优势菌门与土壤理化因子结合进行 Pearson 相关

分析。将细菌、真菌门水平上的分类信息用 Origin 软件制图以进行展示,进一步绘制优势菌门及其优势纲的相对丰度图,细菌、真菌的分类信息用 Origin 9.0 制图。用软件 R (Pheatmap)绘制 CCA、VPA 图。使用 SPSS 19.0 (IBM,美国)开展优势类群与土壤理化性质的 Pearson 相关分析。应用 R 3.3.2 调用 vegan 程序包进行相关统计学分析。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

经土壤质地识别系统软件(国际制标准)测定,吉林四平地区的土壤类型均为粉黏壤土。本研究采集的 6 个土壤样品的基本理化性质如表 2 所示。

表 2 土壤样品的基本理化性质

样品 编号	pH 值	电导率 (EC 值) ( $\mu\text{S}/\text{cm}$ )	可溶性有机碳 (DOC)含量 ( $\text{mg}/\text{kg}$ )	总氮 (TN)含量 ( $\text{mg}/\text{kg}$ )	碳氮比 (C/N)	铵态氮 ( $\text{NH}_4-\text{N}$ ) 含量( $\text{mg}/\text{kg}$ )	硝态氮 ( $\text{NO}_3-\text{N}$ ) 含量( $\text{mg}/\text{kg}$ )	TDP(总溶解 性磷)含量 ( $\text{mg}/\text{kg}$ )	黏粒含量 (%)	粉粒含量 (%)	沙粒含量 (%)
SP <sub>1</sub>	7.58	86.07	14.18	21.83	0.65	0.22	4.17	2.74	7.85	74.06	18.09
SP <sub>2</sub>	8.02	182.27	24.30	50.19	0.48	0.81	11.80	4.81	6.70	73.25	20.05
SP <sub>3</sub>	8.03	203.77	38.48	58.19	0.66	1.18	15.48	3.37	7.10	72.56	20.34
SP <sub>4</sub>	7.87	182.40	32.40	28.26	1.15	0.30	5.81	6.43	6.33	70.32	23.35
SP <sub>5</sub>	7.31	122.25	24.30	32.66	0.74	0.40	5.90	4.17	7.04	73.90	19.06
SP <sub>6</sub>	6.78	121.40	28.35	48.22	0.59	1.36	9.45	4.14	7.74	70.27	21.99

2.2 微生物多样性指数分析

微生物多样性指数分析是研究土壤微生物多样性的重要手段之一。对于常用的几种多样性指数,一般来说,Chao1 或 ACE 指数与群落的丰富度呈正相关,即 Chao1 或 ACE 指数越大,表明该群落的丰富度越高<sup>[8]</sup>。在本研究中采集到的土壤样品的微生物多样性指数如表 3 所示。其中细菌中 SP<sub>5</sub> 样品的 ACE 指数高达 3 049.55,Chao1 指数高达 2 906.50,说明在 SP<sub>5</sub> 号样品中的细菌群落丰富度最高。SP<sub>4</sub> 号样品真菌群落的

Chao1 指数、ACE 指数分别为 553.01、553.58,均是同类中最高的,说明 SP<sub>4</sub> 号样品真菌群落的丰富度最高。细菌群落中的 SP<sub>3</sub>、SP<sub>5</sub>,真菌群落中的 SP<sub>2</sub>、SP<sub>3</sub> 的群落丰富度、均匀度都相对较好。细菌和真菌群落 SP<sub>2</sub>、SP<sub>6</sub> 样品的 Chao1 指数或 ACE 指数及 Shannon 指数都较低,说明它们与其他样品相比,群落丰富度和均匀度都是较低的。一般而言,Simpson 指数对群落的均匀度以及优势 OTU(最小操作分类单元)更为敏感,而 Shannon 指数则是对群落的丰富度及稀有 OTU 更为敏感<sup>[9]</sup>。

表 3 土壤样品微生物的多样性指数

样品编号	细菌				真菌			
	Chao1 指数	ACE 指数	Simpson 指数	Shannon 指数	Chao1 指数	ACE 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
SP <sub>1</sub>	2 689.93	2 816.76	0.995 344	9.47	448.00	448.00	0.96	5.87
SP <sub>2</sub>	2 157.44	2 229.09	0.995 022	9.47	452.00	452.00	0.97	6.18
SP <sub>3</sub>	2 805.20	2 858.41	0.995 799	9.61	501.00	501.00	0.95	6.04
SP <sub>4</sub>	2 462.27	2 451.54	0.995 554	9.41	553.01	553.58	0.95	5.92
SP <sub>5</sub>	2 906.50	3 049.55	0.995 659	9.57	456.05	457.43	0.93	5.55
SP <sub>6</sub>	2 334.62	2 501.39	0.991 717	8.98	298.44	306.79	0.85	3.92

2.3 土壤微生物的群落结构组成与分析

将采集的土壤样品进行处理后,共获得细菌 25 门 97 纲 118 目 402 科 801 属和未确定类群。细菌优势门的相对丰度如图 1 所示,可以看出,优势细菌门有放线菌门(Actinobacteria,相对丰度为 32.95%)、变形菌门(Proteobacteria,相对丰度为 29.73%),这二者在细菌优势菌门中占据主导地位,而其余优势菌门中,芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)的相对丰度为 11.15%,酸杆菌门(Acidobacteria)则为 8.87%。

放线菌门亚纲水平上的相对丰度如图 2 所示。可以看出,放线菌门下优势亚纲中放线菌亚纲(Actinobacteria)的相对丰度达到了 58.43%,在放线菌门中的亚纲水平上占据主

导地位,嗜热油菌纲(Thermoleophilia)的相对丰度为 16.71%,醋酸菌亚纲(Acidimicrobiia)的相对丰度为 12.26%,红细菌亚纲(Rubrobacteria)的相对丰度为 8.26%。其中放线菌亚纲(Actinobacteria)为最优势亚纲,其相对丰度也最高。

变形菌门亚纲水平上相对丰度如图 3 所示。可以明显看出, $\alpha$ -变形菌纲( $\alpha$ -alphaproteobacteria)最具优势,相对丰度达到 62.89%。而变形菌门亚纲水平上的其他亚纲排序依次为  $\beta$ -变形菌纲( $\beta$ -betaproteobacteria)、 $\delta$ -变形菌纲( $\delta$ -deltaproteobacteria)、 $\gamma$ -变形菌纲( $\gamma$ -gammaproteobacteria),相对丰度分别为 14.90%、12.28%、9.92%。

由图 4 可见,采集的土壤样品经处理后共获得真菌 7 门

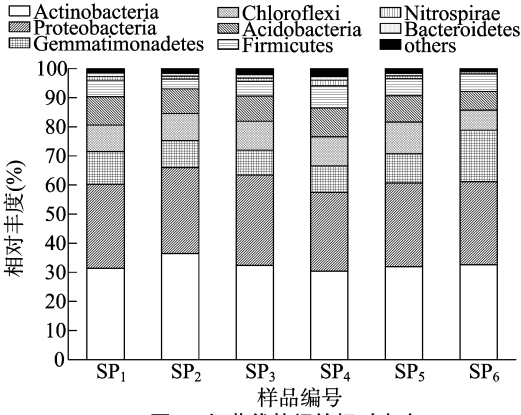


图1 细菌优势门的相对丰度

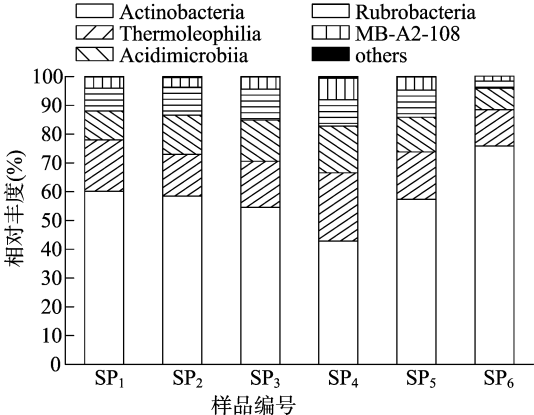


图2 放线菌门亚纲水平上的相对丰度

31 纲 92 目 190 科 326 属和未确定类群。其中优势的真菌门有子囊菌门(Ascomycota),相对丰度为 89.20%,在优势真菌门中占据主导地位。而担子菌门(Basidiomycota)则占真菌总体的 8.16%。

由于子囊菌门的相对丰度达到了 89.20%,笔者对于其下属的优势亚纲进行分析,发现其中粪壳菌纲

(Sordariomycetes)的相对丰度达到了 51.32%,从图 5 可以明显看出。但是其余真菌优势门在采集的样品中的比例体现得并不相对均匀,经过分析统计得出,散囊菌纲(Eurotiomycetes)占 13.40%,座囊菌纲(Dothideomycetes)占 11.45%,未知菌纲占 20.60%。

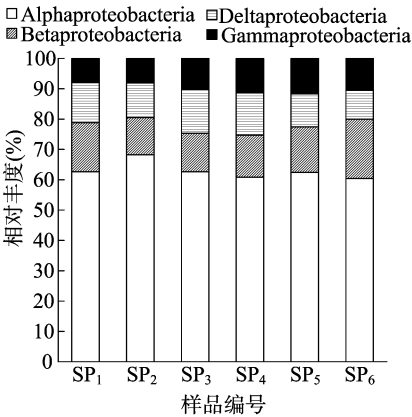


图3 变形菌门亚纲水平上的相对丰度

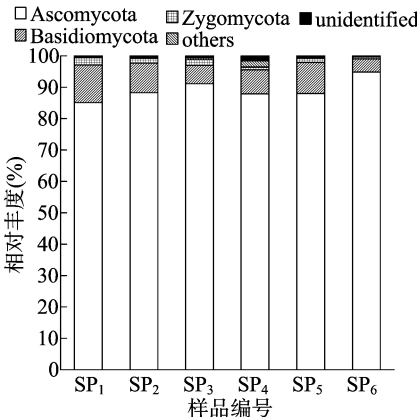


图4 真菌优势门的相对丰度

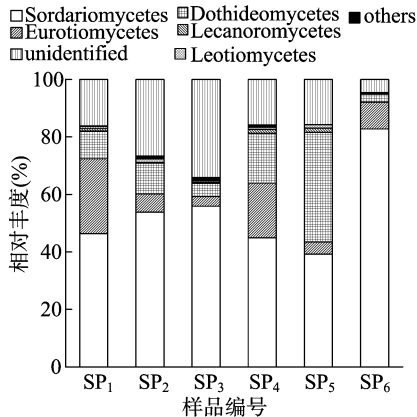


图5 子囊菌门亚纲水平上的相对丰度

2.4 优势类群与土壤理化性质的 Pearson 相关性分析

将细菌(相对丰度大于 5%)和真菌(相对丰度大于 1%)的优势菌门与土壤中各项理化性质作 Pearson 相关性分析。表 4 结果显示,细菌群落中的酸杆菌门(Acidobacteria)与  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量呈显著负相关,芽单胞菌门

(Gemmatimonadetes)与 pH 值呈显著负相关,其余的相关性均不显著。而在真菌群落中,子囊菌门(Ascomycota)与  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量呈显著正相关,而担子菌门(Basidiomycota)则与  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量呈显著负相关(表 5)。

表 4 细菌优势门与土壤理化性质的 Pearson 相关性分析结果

细菌类群	相关系数					
	DOC 含量	TN 含量	$\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 含量	$\text{NO}_3^- - \text{N}$ 含量	pH 值	黏粒含量
Actinobacteria	-0.096	0.585	0.391	0.532	0.221	-0.112
Proteobacteria	0.250	0.705	0.522	0.790	0.342	0.228
Gemmatimonadetes	-0.169	0.078	0.490	-0.130	-0.905 *	0.661
Acidobacteria	-0.221	-0.645	-0.875 *	-0.445	0.626	-0.391
Chloroflexi	0.100	-0.251	-0.599	-0.103	0.610	-0.588
Firmicutes	0.189	-0.550	-0.330	-0.554	-0.289	-0.095

注: \* 和 \*\* 分别代表统计学上 0.05 和 0.01 水平上的可信度。表 5 同。

2.5 土壤理化性质对微生物群落结构的影响

对于微生物群落组成与环境因子之间的关系,笔者采用典范对应分析(CCA)进行研究<sup>[10]</sup>。其中主要环境因子包括 pH 值、TN 含量、DOC 含量、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量、 $\text{NO}_3^- - \text{N}$  含量和

clay 含量等。通过典范对应分析,得到对细菌群落组成影响较大的因素分别有  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量、pH 值和 clay 含量(图 6),对真菌群落组成影响较大的因素则为 DOC 含量、pH 值、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量(图 7)。

表 5 真菌优势门与土壤理化性质的 Pearson 相关性分析结果

真菌类群	相关系数					
	DOC 含量	TN 含量	$\text{NH}_4^+ - \text{N}$ 含量	$\text{NO}_3^- - \text{N}$ 含量	pH 值	clay 含量
Ascomycota	0.584	0.707	0.915 *	0.551	-0.505	0.203
Basidiomycota	-0.780	-0.676	-0.837 *	-0.577	0.298	0.015
Zygomycota	-0.407	-0.191	-0.385	0.007	0.551	0.228

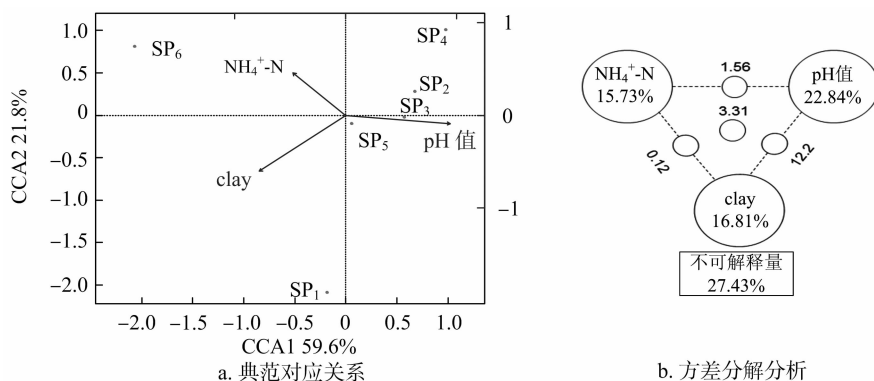
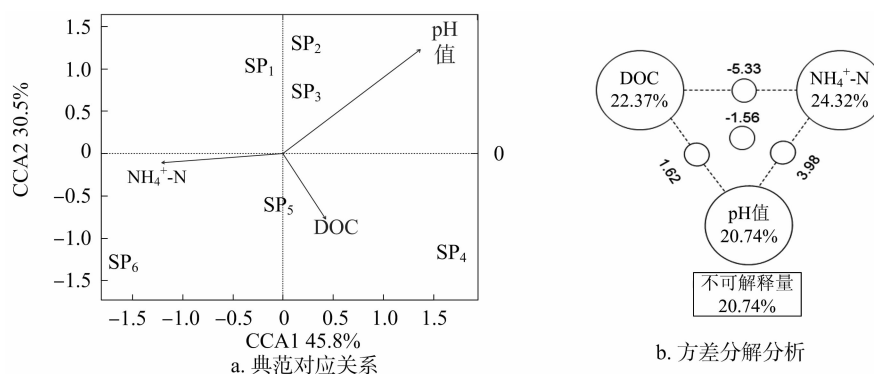


图6 细菌群落与土壤理化性质的典范对应分析与方差分解分析

图7 真菌群落与土壤理化性质的典范对应分析与方差分解分析  
SP<sub>1</sub> 指四平 1 号样品, 其他以此类推

结合 Pearson 相关分析结果和细菌、真菌的 CCA 结果,选取这 3 个主要环境因素进行方差分解分析 (VPA), 以进一步量化主要环境因素对微生物群落结构组成影响的具体贡献。在细菌群落中,  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量、pH 值和黏粒含量这 3 个变量共解释了 72.57% 的细菌群落结构变化原因, 其中  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量、pH 值和黏粒含量分别解释了 15.73%、22.84%、16.81% 的细菌群落结构变化原因。在真菌微生物群落中, DOC 含量、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量和 pH 值这 3 个变量共解释了 79.26% 的真菌群落结构变化原因, DOC 含量、pH 值、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量则分别解释了 22.37%、20.74%、24.32% 的真菌群落结构变化原因。

### 3 结论与讨论

微生物组成与土壤理化性质的 Pearson 相关性分析结果显示, 影响细菌各优势类群相对丰度的环境因素主要有  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量、pH 值和黏粒含量等, 影响真菌各优势类群相对丰度的环境因素主要有 DOC 含量、pH 值、 $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量。而反映微生物群落的总体水平受环境因素影响的 CCA 结果和 Pearson 相关性分析表明,  $\text{NH}_4^+ - \text{N}$  含量、pH 值是影响沙土中细菌、真菌群落结构组成的共同环境因素。此外, 细菌微

生物群落结构组成还受黏粒含量的影响, 真菌微生物群落结构组成还受 DOC 影响。

VPA 结果又进一步指出 3 个主要因素在细菌微生物群落、真菌微生物群落多样性变化中的具体贡献。其中 pH 值可能对细菌群落结构产生影响, 也可能通过改变其他土壤理化性质, 包括阳离子金属溶解度、有机碳含量、土壤水分状况和电导率等间接影响微生物群落结构。但是, 由于本研究中 pH 值的分布范围较窄, 所以得出的结果应谨慎对待。

本研究应用二代高通量测序技术对从吉林四平地区粉黏壤土采集的 6 个土壤样品的微生物多样性进行了 16S rRNA 基因测序及整理, 并运用统计学方法进行了分析<sup>[11-14]</sup>。本研究初步掌握了吉林四平地区粉黏壤土中细菌和真菌微生物群落结构组成和多样性结构及其受环境因子影响的情况以及主要影响因子之间的关系, 并进一步进行相关性分析, 从而为该地区农业耕地微生物群落结构与环境因子的关系提供更为重要的依据。

### 参考文献:

- [1] 冯 瑞. 三峡库区消落带的微生物群落结构、碳氮矿化和硝化作用的研究[D]. 重庆: 西南大学, 2016.

何炬,张雪松,邓振,等. 低山丘陵地区农村居民点空间分布特征及影响因素——以湖北省随县为例[J]. 江苏农业科学,2019,47(14):310-315.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.14.071

# 低山丘陵地区农村居民点空间分布特征及影响因素 ——以湖北省随县为例

何炬<sup>1</sup>, 张雪松<sup>1</sup>, 邓振<sup>1</sup>, 李德寿<sup>1</sup>, 张晗<sup>2,3</sup>, 张茂茂<sup>1</sup>

(1. 华中师范大学城市与环境科学学院, 湖北武汉 430079; 2. 江西农业大学/江西省鄱阳湖流域农业资源与生态重点实验室/南方粮油作物协同创新中心, 江西南昌 330045; 3. 江西农业大学国土资源与环境学院, 江西南昌 330045)

**摘要:**为探讨中部低山丘陵地区的农村居民点空间格局及其影响因素,运用核密度分析、多环缓冲区分析、平均最近邻指数法、空间叠加分析等方法,对“低山丘陵为主兼有山地和冲积平原”复杂地形的湖北省随县进行典型研究。结果表明,随县主要以小规模农村居民点形式存在,大规模的农村居民点数量较少;平均分离度 = 18.53,最大分离度 = 157.04,是凤凰山林场,最小分离度 = 1.31,是古均街居委会;平均最近邻指数为 0.68,表明随县农村居民点存在显著的集聚特征;核密度分析显示,农村居民点主要集聚在县域中南部和西北角地区;自然因素中地形因素影响明显,社会经济因素中建制镇辐射影响明显。本研究结果可为长江流域水源充足、道路通达度高、低山丘陵为主的地形复杂区农村居民点整治和乡村振兴提供依据。

**关键词:**农村居民点;核密度;低山丘陵;多环缓冲区;平均最近邻

**中图分类号:** F321.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)14-0310-06

乡村振兴问题近年来一直是中国发展的重要议题,而对于农村居民点的研究一直是乡村发展问题的热点内容<sup>[1-3]</sup>。农村居民点作为人口空间集聚的重要载体,在生产生活、经济社会发展、文化传承和生态维护等各方面充当重要角色<sup>[4-6]</sup>。中国国土广袤,地形复杂多样,历史文化多元悠久,农村居民

点所处的自然环境和社会经济条件必然千差万别,对复杂多样地形区的农村居民点研究就显得尤为重要。

农村居民点的空间分布特征是农村历史、经济、自然、文化、生态和社会等各方面因素综合作用的结果<sup>[7-9]</sup>。一直以来,对农村居民点的研究是国内外学者不断探究的热点问题。针对中国多样的地形地貌特征和不同地区的经济文化条件,相关学者开始尝试从典型地形区角度对农村居民点进行研究,卢德彬等对梵净山地区进行了山区农村居民点空间分布特征与空间重构的研究,为西部山区新农村规划提供参考<sup>[10]</sup>。张磊等以大理市海西地区为例,对高原湖泊平坝区的农村居民点空间格局演变状况进行了分析并提出相关预测<sup>[11]</sup>。针对此研究方向的新颖性,本研究以“低山丘陵为主兼有山地和冲积平原”复杂地形的湖北省随县进行典型研

收稿日期:2018-04-24

基金项目:国家自然科学基金(编号:41371183,41271534);地理国情监测国家测绘信息地理局重点实验室开放基金(编号:2014NGCM03)。

作者简介:何炬(1994—),男,江苏泰兴人,硕士研究生,主要从事土地利用方面研究。E-mail:torchheju@outlook.com。

通信作者:张雪松,博士,教授,主要从事土地利用、景观生态学、遥感测绘等方面研究。E-mail:zxsgis@263.net。

[2]汪海燕,王辉,董元华,等. 土壤生态环境质量评价指标及方法研究概述[J]. 安徽农业科学,2013,41(20):8575-8577,8652.

[3]崔明,蔡强国,范吴明. 东北黑土区土壤侵蚀研究进展[J]. 水土保持研究,2007,14(5):29-34.

[4]刘玉莉,魏霜,刘碧琳,等. 第二代高通量测序技术用于进口细菌型微生物肥料菌群分析[J]. 安徽农业科学,2017,45(28):146-147,150.

[5]李桥. 基于高通量测序技术下土壤微生物群落结构的研究[D]. 济南:山东师范大学,2014.

[6]郭彦彪,戴军,冯宏,等. 土壤质地三角图的规范制作及自动查询[J]. 土壤学报,2013,50(6):1221-1225.

[7]秦天柱,陈长胜,李德恒. 吉林省四平地区农业气候资源特征分析[J]. 气象灾害防御,2017,24(2):43-48.

[8]Gasc A, Pavoine S, Lellouch L, et al. Acoustic indices for biodiversity assessments: analyses of bias based on simulated bird assemblages and recommendations for field surveys[J]. Biological Conservation, 2015,

191:306-312.

[9]Bandeira B, Jamet J L, Jamet D. Mathematical convergences of biodiversity indices[J]. Ecological Indicators, 2013, 29:522-528.

[10]蔡树美,徐四新,张翰林,等. 滩涂土壤固氮菌群落与环境因子的典范对应分析[J]. 土壤,2017,49(6):1159-1165.

[11]夏国围,贾仲君. 高通量测序和 DGGE 分析土壤微生物群落的技术评价[J]. 微生物学报,2014,54(12):1489-1499.

[12]张彩霞. 新一代高通量测序技术研究土壤微生物群落结构对环境条件的响应[D]. 南京:南京农业大学,2012.

[13]王佩雯,朱金峰,陈征,等. 高通量测序技术下连作植烟土壤细菌群落与土壤环境因子的耦合分析[J]. 农业生物技术学报,2016,24(11):1754-1763.

[14]Chen Z B, Xia T Y, Wang D K, et al. Diversity analysis of endophytic fungi in *Mentha* using illumina MiSeq high-throughput sequencing technology[J]. Medicinal Plant, 2016, 7(1/2):46-50.