

不同腐熟程度有机物料对土壤微生物群落功能多样性的影响

孔维栋^{1,2}, 刘可星², 廖宗文^{2*}, 朱永官¹, 王碧玲²

(1. 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085; 2. 华南农业大学资源环境学院, 广州 510642)

摘要: 室内培养条件下, 施用有机物料初期土壤微生物群落代谢功能 Shannon 多样性指数降低, 中期又提高。有机物料种类和腐熟水平可明显影响土壤微生物群落对 Biolog 微平板中碳源的利用能力, 土壤微生物群落利用各类碳源的能力随培养试验的延长而降低, 在 25d 内新鲜有机物处理对碳源的利用率的下降速度低于同类腐熟有机物料处理。糖类是各处理土壤微生物群落的主要利用碳源。土壤微生物群落主成分分析表明, 在施用有机物料后 25d 内腐熟水平是影响土壤微生物群落的主要因素, 新鲜有机物处理的土壤微生物群落相似, 腐熟有机物处理的土壤微生物群落相似, 培养 50d 后各处理的土壤微生物群落无差异。

关键词: 有机物料; 土壤; 微生物群落; 代谢功能多样性

文章编号: 1000-0933(2005)09-2291-06 中图分类号: Q938. S154. 1 文献标识码: A

Effects of organic matters on metabolic functional diversity of soil microbial community under pot incubation conditions

KONG Wei-Dong^{1, 2}, LIU Ke-Xing², LIAO Zong-Wen^{2*}, ZHU Yong-Guan¹, WANG Bi-Ling² (1. Research Center for Eco-Environmental Sciences, Beijing 100085; 2. College of Natural Resources and Environment Science, South China Agricultural University, Guangzhou 510642). *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(9): 2291-2296.

Abstract Soil sustains an immense diversity of microbes. All life forms rely on microbial processes for their survival. Microbial diversity is greater than the diversity of any other group of organisms. Microbes are responsible for diverse metabolic functions that affect soil, plant, animal and human health. Soil biodiversity is essential for the sustainable functioning of agriculture on which human depends. However microbial diversity is in extinction because of encroachment of human activities on ecosystem and increasing intensification of land use to meet demographic and socio-economic pressures. The urgent problem is how to curb the loss and how to modulate soil biodiversity to maintain soil fertility and productivity.

It is well known that the application of organic matter can change soil microbial community. The objective of this study is to assess the effects of organic matter on soil functional diversity after the organic matter amendment. The soils that mixed with organic matter at 25g/kg dry soil were incubated at room temperature ranging from about 15 to 35°C. The moisture content was adjusted to 60% of the water-holding-capacity by addition of distilled water. Soils were sampled at 5, 25, 50 and 100 days after incorporation of each substrate to soil. The functional diversity of soil microbial community was determined by Biolog method. The results are shown as follows. The application of organic matters into soil reduced the functional Shannon diversity of soil microbial community at early stage (within 5 days) under the present incubation conditions, but increased at middle stage (from 5 to 50 days). The application of organic matters affected the Biolog substrate utilization potential of soil microbial communities. The Biolog substrate utilization potential of soil microbial communities was reduced with time, and the

基金项目: 国家科技部“863”计划资助项目 (2001AA246023)

收稿日期: 2005-02-06; 修订日期: 2005-07-20

作者简介: 孔维栋 (1976-), 男, 河北沧州人, 博士生, 主要从事环境微生物分子生态学研究. E-mail: weidongkong@sohu.com

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: zwlia@sohu.com

Foundation item Ministry of Science and Technology 863 Project (No. 2001AA246023)

Received date 2005-02-06; **Accepted date** 2005-07-20

Biography KONG Wei-Dong, Ph. D. candidate, mainly engaged in molecular ecology for environmental microbiology. E-mail: weidongkong@sohu.com

reduction-rate of the treatments amended with fresh organic matter was lower than that of composted organic matters (10 days). Carbohydrate was the main carbon source for each treatment. Principal component analysis for soil microbial communities showed that the composted level (fresh or composted) was the main factor affecting soil microbial communities within 25 days, soil microbial communities in the treatments with fresh organic matters were similar and those in the treatments amended with composted organic matters were similar. However, after 50 days of the incubation soil microbial community from each treatment became similar.

Key words organic matter; soil; microbial community; metabolic functional diversity

良好的生态环境和持续的农业高产要求人们发展有效的农业管理措施来保护土壤和环境资源。施用有机物料能够改善土壤物理、化学和生物学性状,为农业高产创造良好的土壤生态环境,该措施受到越来越多的研究和应用^[1]。因此,作为土壤微生物的营养源和能源,向土壤中施加有机物料能够调控土壤微生物群落的代谢功能和结构,改善土壤质量。

一些学者研究了在健康土壤上施用有机物料对土壤微生物群落代谢多样性及其代谢功能变化的影响。土壤微生物对 Biolog 微平板中各类碳源的利用情况的差异反应了土壤中微生物群落代谢功能的不同。Fliebach 等^[2]研究了长期施用各种有机物料对土壤微生物群落代谢的影响,结果表明,长期施用有机物料的土壤微生物群落代谢多样性(Biolog 方法)显著高于常规的施用化肥土壤。此外,施用有机物料对土壤微生物具有诱导效应,即施用某类碳源可以诱导土壤中喜该类碳源的微生物的生长,从而对土壤微生物群落代谢特征产生深远影响。Sharma 等^[3]研究证实玉米秸秆施入土壤 1 年后导致土壤微生物群落对氨基酸类碳源的利用率高于对糖类碳源的利用率。目前已有的文献报道集中在健康土壤上添加有机物料对土壤微生物群落的影响,而对在连作障碍性土壤上添加有机物料对土壤微生物群落代谢功能动态影响的报道甚少。

本文应用 Biolog 方法研究了不同种类及不同腐熟水平有机物料对番茄连作障碍性土壤微生物群落代谢功能的动态影响,旨在阐明连作障碍性土壤的微生物群落特征,为克服连作障碍、防治土传病害,改善和提高障碍性土壤的质量提供科学依据。多样性是描述土壤微生物群落的重要指标,多样性与丰富度和均匀度有关,丰富度指微生物种类数,均匀度指物种的分布均匀程度。土壤微生物多样性主要包括物种多样性、基因多样性和功能多样性。功能多样性是一个概括的说法,又可细分为酶多样性^[4]及基于 Biolog 方法的对碳源利用多样性^[5]等。本文将 Biolog 方法测定的土壤微生物群落对碳源的利用称为土壤微生物群落代谢,其多样性称为代谢多样性。不同学者采用不同的多样性指数来表征土壤微生物群落结构,本文参考杨永华等^[6]和 Schutter 等^[7]等采用 Shannon 多样性和均匀度指数来表征施用有机物对土壤微生物群落影响。

1 材料与方法

1.1 供试材料

1.1.1 供试土壤 采自华南农业大学园艺学院番茄试验地,该土壤为赤红壤发育的菜园土,理化性状见表 1。新鲜土样过 4mm 筛,于室温下放置 7d,待微生物活化后供试。

表 1 供试土壤理化性状

Table 1 Physical-chemical characteristics of soil

pH (1: 2.5H ₂ O)	有机碳 Organic C(g/kg)	全 N Total N(g/kg)	碱解氮 Alkaline N(mg/kg)	速效 P Available P(mg/kg)	速效 K Available K(mg/kg)	C/N 比 C/N ratio
5.33	18.17	2.00	192.07	18.83	348.925	9.34

1.1.2 供试有机物料 酒糟来源于广东省清远酒厂,牛粪来源于广东省珠江奶牛场,稻秆来源于本校资环学院农场,这 3 种物料堆腐后,每种有机物料分别取新鲜和腐熟(以下简称新鲜和腐熟)的样品作为实验材料,理化性状见表 2。

1.1.3 仪器设备 Biolog GN2 微平板购自美国 BIOLOG 公司(BIOLOG, Hayward, USA),酶标仪为上海三科仪器有限公司生产的 318MIC 型酶标仪。

1.2 研究方法

试验设 7 个处理: (1) CK, 不施有机物; (2) T1, 施用新鲜酒糟; (3) T2, 施用腐熟酒糟; (4) T3, 施用新鲜稻秆; (5) T4, 施用腐熟稻秆; (6) T5, 施用新鲜牛粪; (7) T6, 施用腐熟牛粪。每处理设 3 次重复。新鲜土样过 4mm 筛后于室温下放置 7d, 待微生物活化后, 按每千克鲜土 25g 有机物的比例分别加入各有机物料, 混匀后倒入 5L 的塑料桶中, 每桶 3kg 土壤, 将含水量调至田间持水量的 60%, 并用湿布盖于土表, 置于室温下培养(在整个培养期内 15~35℃), 培养过程中损失的水分通过称重法补充。在培养过程中按不同时间(第 5、25、50 天和第 100 天)分别取样分析测定。

1.3 测定方法

1.3.1 供试土壤及有机物料基本性状(表 2)测定采用常规方法^[8]

表 2 供试有机物料基本性状

Table 2 Characteristics of tested organic matters in the experiment

供试有机物料 Tested organic materials	有机质 Organic matter(g/kg)	全 N Total N(g/kg)	全 P Total P(mg/kg)	全 K Total K(mg/kg)	C/N 比 C/N ratio
新鲜酒糟 Fresh distiller waste	641.65	24.27	5.78	2.96	15.33
腐熟酒糟 Composted distiller waste	541.04	29.29	10.47	5.52	10.71
新鲜稻秆 Fresh rice straw	598.00	10.21	7.28	20.34	33.97
腐熟稻秆 Composted rice straw	479.62	17.93	4.89	42.41	15.52
新鲜牛粪 Fresh cow manure	496.40	14.10	14.29	9.12	20.42
腐熟牛粪 Composted cow manure	275.17	10.65	7.63	5.93	14.99

1.3.2 Biolog 试验采用 Garland 的方法^[5,9],具体操作如下: (1)称取相当于 10g 烘干土壤的新鲜土壤加入到装有 100 ml 灭菌的生理盐水(0.85%)的 250 ml 三角瓶中,在漩涡震荡机上震荡 3min

(2)取 5 ml 上述土壤浸提液加入 45 ml 灭菌的生理盐水(0.85%)中,然后将上述稀释液加入 Biolog GN2 微平板中,每孔加 150 μ l

(3)将接种的 Biolog GN2 微平板在 30 $^{\circ}$ C 培养,72h 于 578nm 下读取数据

1.4 数据分析方法

采用 Biolog 微平板培养 72h 的数据进行数据统计,采用 Shannon 多样性指数和 Shannon 均匀度指数来表征土壤微生物群落代谢功能多样性^[6,7];将 Biolog GN2 微平板中 95 种碳源分为 6 类^[10]后进行主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)。Biolog 微平板中各孔碳源分类如下:胺类 6 种, F2-F4, H5-H7;氨基酸类 20 种, F5-G12;糖类 28 种, A7-C10;羧酸类 24 种, D1-E12;聚合物类 5 种, A2-A6;其他类 12 种, C11-C12, F1, H1-H4, H8-H12 应用 SAS Release 6.12 进行多样性指数差异显著及主成分分析

表 3 有机物料对土壤微生物群落代谢功能 Shannon 多样性和均匀度指数的影响

Table 3 The effect of organic matter on metabolic functional Shannon diversity and evenness of soil microbial community

处理 Treatment	5d	25d	50d	100d
Shannon 多样性 Shannon diversity				
CK	3.843 a	4.325a	3.410abc	4.339a
T1	3.752 b	4.356a	3.836a	3.991a
T2	3.762b	4.155a	3.155bc	4.012a
T3	3.744b	4.284a	3.813a	4.273a
T4	3.770b	4.195a	3.757ab	4.090a
T5	3.759b	4.342a	3.714ab	4.122a
T6	3.752b	4.193a	3.005c	4.273a
Shannon 均匀度 Shannon evenness				
CK	0.849a	0.918c	0.826a	0.975a
T1	0.830b	0.966ab	0.890a	0.943a
T2	0.837ab	0.937bc	0.835a	0.958a
T3	0.837ab	0.968a	0.908a	0.958a
T4	0.836ab	0.931c	0.873a	0.952a
T5	0.832b	0.963ab	0.905a	0.938a
T6	0.836ab	0.964ab	0.830a	0.958a

CK 对照 Control; T1 新鲜酒糟 Fresh distiller waste; T2 腐熟酒糟 Composted distiller waste; T3 新鲜稻秆 Fresh rice straw; T4 腐熟稻秆 Composted rice straw; T5 新鲜牛粪 Fresh cow manure; T6 腐熟牛粪 Composted cow manure; 用 Duncan 法统计,表中同列字母表示为 5% 差异显著水平; Tested by Duncan method, the letter in the same column means significant difference at $T < 0.05$

2 结果与分析

2.1 土壤微生物群落代谢多样性变化

土壤微生物群落代谢功能 Shannon 多样性和均匀度指数随有机物料施入时间的变化见表 3 由表 3 看出,在整个培养期内,各处理总的变化趋势是: Shannon 多样性先升高,第 25 天时达到最大值,然后降低,第 100 天时又稍有升高。有机物料处理与对照相比,培养第 5 天时,施用各类有机物料处理的土壤微生物群落代谢功能 Shannon 多样性指数显著低于对照;第 25 天时,与对照的多样性持平;在最后培养阶段(第 100 天),有机物料处理的多样性均低于对照。各有机物料处理的比较显示,在 25 天、第 50 天两个取样时间点,新鲜有机物料处理的多样性均高于同类的腐熟有机物料处理。Shannon 均匀度指数随时间的变化趋势与 Shannon 多样性指数相似:培养 5d 后,有机物料处理的均匀度均低于对照;第 25 天、第 50 天两个取样点时,新鲜酒糟和新鲜牛粪处理均高于施用同类的腐熟有机物料,且在第 25 天和第 50 天时全部有机物料处理的均匀度均高于对照。

2.2 土壤微生物群落对各类碳源的利用情况变化

土壤微生物多样性反映了群落总体的变化,但未能反映微生物群落代谢的详细信息^[11]。研究土壤微生物对不同碳源利用能力的差异,有助于更全面地了解微生物群落代谢功能特征。图 1 显示了施用各类有机物料处理的土壤微生物群落对 Biolog 微平板中 6 类碳源利用率的影响。由该图可以看出,随

培养时间延长,各处理土壤微生物对6类碳源的利用率均逐渐降低,培养100d后降到最低点,对Biolog微平板中碳源的平均利用率低于0.10D。新鲜有机物处理5~50d内对糖类、羧酸类、聚合物类和其他类4类碳源的利用率显著高于腐熟有机物料处理,下降幅度也远远小于腐熟有机物处理,且在第25天时这种差异达到最大。第100天培养结束时,各处理对这6类碳源的利用率基本没有差异。因此,施用有机物后第25天左右是研究不同处理间土壤微生物群落代谢特征差异合适的时间点。

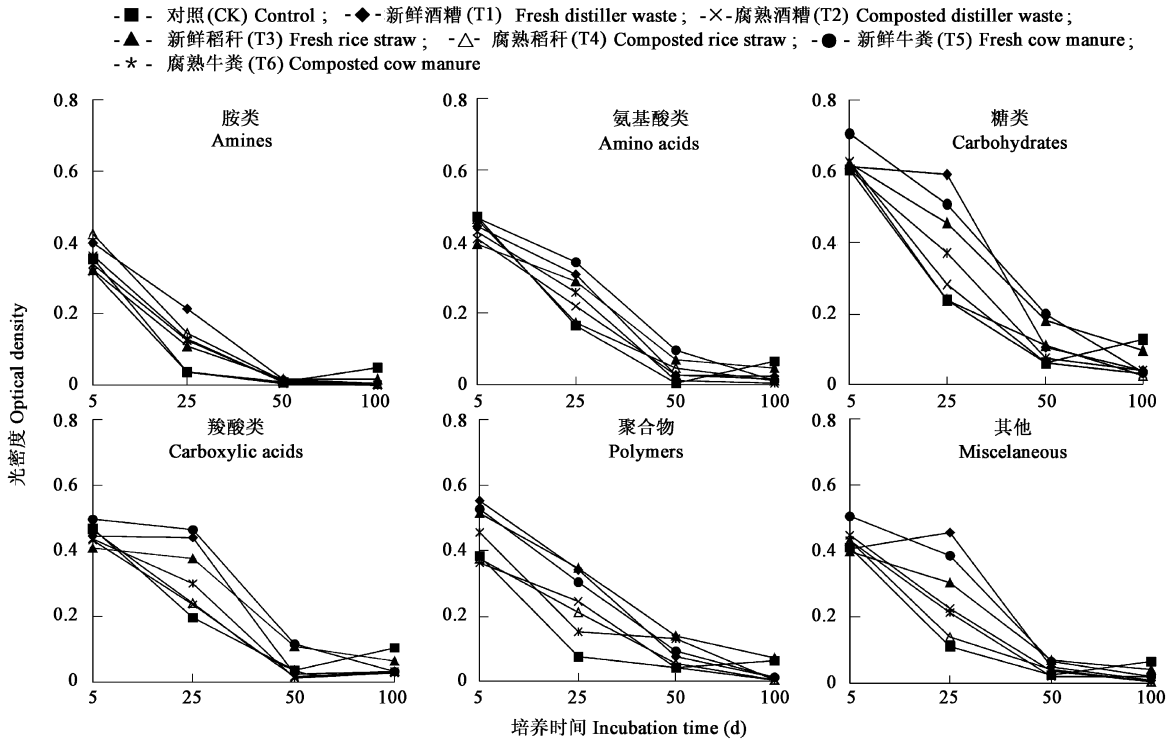


图1 不同培养时间不同处理土壤微生物群落对同类碳源的利用比较

Fig. 1 The comparison of utilization of the same carbon source by soil microbial community form different

比较每个处理的土壤微生物群落对Biolog微平板中六类碳源的优先利用顺序,可以进一步分析施用不同有机物后土壤微生物群落代谢功能变化。由图1还可以看出,在整个培养期内,各处理的土壤微生物群落对糖类的利用率最高,对胺类的利用率最低。就稻秆和酒糟而言,在培养5d时,聚合物是施用各类新鲜有机物土壤微生物的第二高利用率碳源,而氨基酸和羧酸是各类腐熟有机物处理土壤微生物的第二、三高利用率碳源,50d后腐熟有机物处理对6类碳源的利用率差异不大;施用新鲜和腐熟牛粪两个处理的土壤微生物对各类碳源的利用情况相似。

2.3 土壤微生物群落代谢功能主成分分析

对土壤微生物群落利用Biolog微平板中6类碳源的情况进行主成分分析后发现(图2),第5天时,在PC1轴方向上各处理间差异不明显,在PC2轴方向上施用新鲜酒糟和新鲜稻秆及新鲜牛粪、腐熟牛粪4个处理的土壤微生物群落落在PC2正端方向,因此这4个处理的土壤微生物群落代谢功能较相似,对照、腐熟酒糟和腐熟稻秆处理落在PC2轴负端,故这3个处理的群落代谢功能较相似。所以腐熟水平是影响土壤微生物群落的主要因素。在第25天也有相似规律,即新鲜有机物料处理的土壤微生物群落相似,腐熟有机物料处理的群落相似。第50天和第100天时,各处理的土壤微生物群落聚在一起,说明各群落代谢特征趋于一致(第100天时仅对照和新鲜稻秆处理的土壤微生物群落偏离其他处理),因此随着培养时间延长,有机物料对土壤微生物群落的影响逐渐变小而使各处理的土壤微生物群落代谢趋于一致。对各个取样点的土壤微生物群落对6类碳源利用率于其PC进行相关性分析后发现,PC1与各类碳源利用率相关性均达到极显著水平,而PC2仅与胺类存在显著相关。

3 结论与讨论

3.1 有机物料对土壤微生物群落代谢功能多样性的影响

与对照相比,培养初期(5d内),施用各类有机物均降低了土壤微生物群落代谢功能多样性和均匀度,培养中期(第25天和第50天)又复升高。这与以前^[12]及Hu等^[13]的研究结果一致。这可能是由于有机物料含有大量易分解碳源,因此在施用有机物料前期诱导了少数种类富营养、快速生长微生物的生长而导致土壤微生物多样性的降低,随着培养时间的延长,有机物料中易降

解碳源含量降低,诱导了土壤中种类较多的贫营养微生物大量生长从而提高了土壤微生物多样性^[14]

- 对照 (CK) Control; -◆- 新鲜酒糟 (T1) Fresh distiller waste; -×- 腐熟酒糟 (T2) Composted distiller waste;
- ▲- 新鲜秸秆 (T3) Fresh rice straw; -△- 腐熟秸秆 (T4) Composted rice straw; -●- 新鲜牛粪 (T5) Fresh cow manure;
- *- 腐熟牛粪 (T6) Composted cow manure

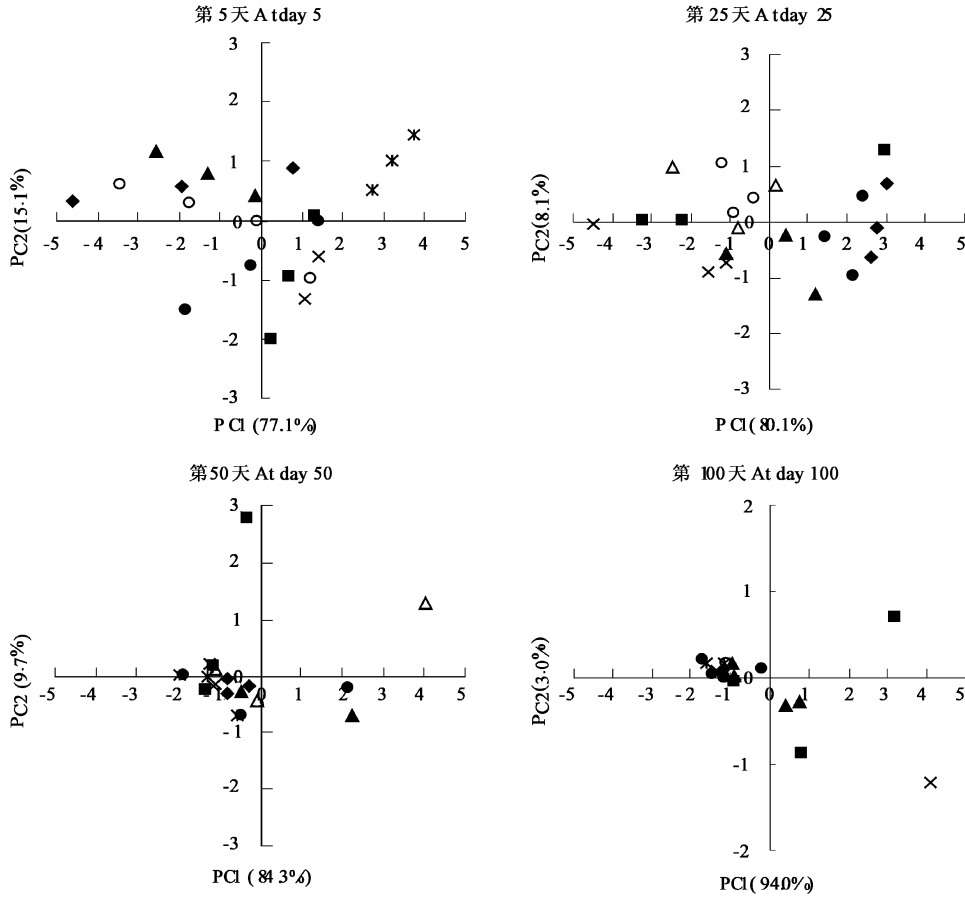


图 2 不同培养时间各处理土壤微生物群落利用碳源能力主成分分析

Fig. 2 Principal component analysis of substrate utilization potential of soil microbial communities at different incubation time

本研究结果表明在有机物施用中后期 (25d 后) 有机物料对土壤微生物群落代谢功能多样性影响不大,这可能与供试有机物料种类和土壤的本底有机质含量过高有关。Bending 等^[9]的研究结果表明,在有机质含量不同的土壤上施用黑麦草地上部后,在培养后期,本底有机质含量高的土壤 (2.5%) 的微生物群落代谢多样性低于未施有机物料的对照,而本底有机质含量低的土壤 (0.8%) 的微生物群落代谢多样性则显著高于对照。同时他们的结果也表明,不同种类有机物料这种效应也不同,如施用甜菜地上部则显著提高有机质含量低的土壤微生物群落代谢多样性,而在高有机质土壤上则提高程度未达显著水平,但施用小麦秸秆则均能显著提高这两种土壤的多样性。Zhou 等^[15]的研究结果也表明外界干扰 (如添加外源物) 对低有机质土壤的微生物群落多样性的影响大于高有机质土壤。可见土壤微生物群落多样性变化不仅受所施用的有机物料种类影响,往往还同时受到土壤有机质等本底因子的影响。

3.2 有机物料腐熟水平是影响土壤微生物群落代谢特征的主要因素

有机物料对土壤微生物群落多样性的影响表明,在土壤培养中期 (25d 至 50d) 新鲜有机物料处理的 Shannon 多样性和均匀度指数均高于腐熟有机物料处理。尽管各处理的土壤微生物群落对碳源的利用率随培养时间的延长而逐渐降低,但新鲜有机物料处理的土壤微生物群落对糖类、羧酸类、聚合物类和其他类 4 类碳源利用率的下降速度低于对照和腐熟有机物料处理,这说明有机物料能够提供丰富碳源,减缓土壤微生物活性降低,使土壤微生物群落保持较高的活性,由于新鲜有机物料的 C/N 比高于腐熟物料,因此新鲜有机物料的这种效果更明显。与土壤微生物群落活性变化相对应,土壤微生物群落代谢特征主成分分析表明,培养 5d 和 25d 时,腐熟水平是影响土壤微生物群落的主要因素,其影响程度明显大于有机物料种类,新鲜有机物料处理的土壤微生物群落代谢功能相似,腐熟有机物料处理的土壤微生物群落相似;但随着培养时间延长 (50~100d),各处理的土壤微生物群落代谢功能的差异趋于消失 (图 2)。这说明随着培养时间的延长,有机物料被分解,腐殖化程度不断升高,新鲜与腐熟

有机物分解的中间产物种类及其相对含量趋于相近,所以培养后期不同腐熟水平有机物诱导的土壤微生物群落代谢功能逐渐相似。

3.3 有机物料对土壤微生物群落代谢功能的影响具有时间性

有机物料对土壤微生物群落代谢功能影响的差异敏感具有时段性。本研究表明,施用有机物料后土壤微生物群落对各类碳源的利用率随时间而变化,以第25天时各处理土壤微生物群落对各类碳源的利用率差异最大。因此在本试验条件下第25天是研究土壤微生物代谢特征差异最敏感的时间点。这对于今后研究有机物料对土壤微生物群落影响时间的确定以及有机物料防治作物连作障碍的最佳时期,具有重要的参考价值。

本试验所用土壤为番茄连作10a以上的番茄青枯病试验田,在一定的湿度和温度下引起土壤中番茄青枯病菌的大规模爆发,侵染番茄而造成绝产。一般而言,只有当土壤中青枯病菌数量足够大才能侵染番茄植株,土壤中青枯病菌的大规模爆发会引起土壤微生物群落结构及功能的显著变化,但在本培养试验条件下包括对照在内各处理的土壤微生物群落代谢功能并未发生明显异常变化,因此在本试验条件下可能没有引起青枯病菌的大规模爆发。需进一步进行番茄盆栽试验来探讨番茄青枯病与土壤微生物群落的关系。

综上所述,有机物料种类、腐熟水平及土壤因子等均影响土壤微生物群落代谢多样性,深入研究这些因素对土壤健康、生态肥力培育及土壤资源可持续利用具有重要的理论和实践意义。从本研究可以看出,有机物料种类及其腐熟水平可以调控和改善土壤微生物群落代谢特征,使土壤保持较高的生物活性。这些结果对于深入研究有机物料的肥效机理和发展生物肥料的关键技术均有重要意义。随着研究的深入和测试技术的改进,结合其他土壤微生物群落研究方法,如脂肪酸甲酯技术(Fatty Acid Methyl Ester, FAME),分子生物学技术(如PCR-DGGE, Microarray)将有助于提高对土壤微生物群落结构和功能的认识,从而为调控和改善土壤微生物群落功能,改善土壤的生产与生态功能提供理论依据。

References

- [1] Liu G L. *Organic Fertilizers In China*. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1991. 127- 132.
- [2] Fliebbach A, Eyhorn F, Mader P, *et al.*. 'DOK long-term farming system trial' microbial biomass, activity and diversity affected the decomposition of plant residues. In: Rees R M, Campell B C (eds) *Sustainable Management of Organic Matter*. Wallingford: CABI Publishing, 2001. 363- 369.
- [3] Sharma S, Ranger A, Insam H. Effect of decomposing maize litter on community level physiological profiles of soil bacteria. *Microb. Ecol.*, 1998, **35**: 301- 310.
- [4] Bending G D, Turner M K, Jones J E, *et al.* Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the metabolic functional diversity of soil microbial communities. *Soil Biol. Biochem.*, 2002, **34**: 1073- 1082.
- [5] 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. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1991, **57**: 2351- 2359.
- [6] Yang Y H, Yao J, Hua X M. Effect of pesticide pollution against functional microbial diversity in soil. *J. Microbiol.*, 2000, **20**(2): 56- 63.
- [7] Schutter M E, Dick R P. Shifts in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. *Soil Biol. Biochem.*, 2001, **33**: 1481- 1491.
- [8] Lu R K. *Analytical methods for soil and agricultural chemistry*. Beijing: China Agricultural Science Press, 1999.
- [9] BIO LOG Inc. Hayward, USA. Instruction for BIO LOG GN2, 2002.
- [10] Juliet P M. Analysis of microbial community functional diversity using sole-carbon-source utilization profiles—a critique. *FEMS Microbiol. Ecol.*, 2002, **42**: 1- 14.
- [11] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. *Plant Soil*, 1995, **170**: 75- 86.
- [12] Kong W D, Liu K X, Liao Z W. Effects of different matters and their composting levels on soil microbial community. *Chin. J. of Appl. Ecol.*, 2004, **15**(3): 487- 492.
- [13] Hu S J, van Bruggen A H C, Grunwald N J. Dynamics of bacterial populations in relation to carbon availability in a residue-amended soil. *Appl. Soil Ecol.*, 1999, **13**: 21- 30.
- [14] van Bruggen A H C, Dementov A M. In search of biological indicators for soil health suppression. *Appl. Soil Ecol.*, 2000, **15**: 13- 24.
- [15] Zhou J Z, Xia B C, Treves D, *et al.* Spatial and resource factors influencing high microbial diversity in soil. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2002, **68**: 326- 334.

参考文献:

- [1] 刘更另. 中国有机肥. 北京: 中国农业科技出版社, 1991. 127- 132.
- [6] 杨永华, 姚健, 华晓梅. 农业污染对土壤微生物群落功能多样性的影响. 微生物学杂志, 2000, **20**(2): 56- 63.
- [8] 鲁如坤主编. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 1999.
- [12] 孔维栋, 刘可星, 廖宗文. 有机物料种类及腐熟水平对土壤微生物群落的影响. 应用生态学报, 2004, **15**(3): 487- 492.