

施用茶树菇栽培废料对青菜土壤中微生物学特征的影响

徐江兵^{1,2,3}, 林先贵^{1,2*}, 王—明^{1,2}, 王俊华^{1,2}

(1.中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008;2.中国科学院南京土壤研究所-香港浸会大学土壤与环境联合开放实验室, 南京 210008;3.中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘 要:通过温室盆栽实验研究了施用茶树菇栽培废料对青菜生物量及株高、土壤微生物数量、酶活性及碳源利用能力的影响。结果表明,施用茶树菇栽培废料显著增加了青菜生物量及土壤中放线菌、有机解磷菌、无机解磷菌、纤维素降解菌的数量,改善了土壤微生物区系,提高了土壤磷酸酶活性。单碳源利用图谱显示,施用茶树菇栽培废料增加了土壤微生物功能多样性指数(Shannon 指数),降低了均—性指数(McIntosh 指数)。主成分分析结果表明,施用茶树菇栽培废料导致土壤微生物主要对糖类物质的利用能力产生分异。研究表明茶树菇栽培废料可作为一种良好的有机肥料,通过增加非优势土壤微生物的功能多样性而改善土壤微生物特性,从而加速土壤碳、磷等元素循环以促进作物生长和增加产量。

关键词:茶树菇;栽培废料;土壤酶;BIOLOG;功能多样性

中图分类号:S181 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-2043(2012)01-0131-06

Influence of *Agrocybe Aegerita* Residue on the Characteristics of Soil Microbe Under Green Vegetables Cultivation

XU Jiang-bing^{1,2,3}, LIN Xian-gui^{1,2*}, WANG Yi-ming^{1,2}, WANG Jun-hua^{1,2}

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2. Joint Open Laboratory of Soil and the Environment, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences and Hongkong Baptist University, Nanjing 210008, China; 3. Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: A pot experiment was carried out to investigate the influence of *Agrocybe Aegerita* residue on biomass and height of green vegetables, and soil microbial numbers, enzyme activities, utilization ability of carbon sources. The numbers of actinomycetes, phosphate-degradating bacteria, cellulose-degradating bacteria and the microbiota was improved as *Agrocybe Aegerita* residue input increased. Results of BI-OLOG showed that the more input of *Agrocybe Aegerita* residue, the larger the functional diversity index (Shannon-Wiener Index) but the smaller the evenness index (McIntosh Index). PCA analysis showed there were different carbon substrate utilization patterns among treatments, and carbohydrates were main cause of variations. Our results suggest that the *Agrocybe Aegerita* residue could be used as favourable organic fertilizer, which could improve the characteristics of soil microbes through increasing microbial functional diversity, then accelerating the cycle of carbon and phosphate, thus promoting plants growth and crop yield.

Keywords: *Agrocybe Aegerita*; mushroom residue; soil enzyme; BIOLOG; functional diversity

目前,我国已成为世界最大的食用菌生产国,年产量占世界总产量的60%以上。食用菌的大规模种

植必将产生大量废料(又名菌糠或菌渣)。栽培废料被随地丢弃或燃烧,不仅造成了资源的极大浪费,而且对生态环境造成严重威胁。因此,开展食用菌栽培废料资源化技术研究,已成为人们普遍关心的问题。

目前国内已有许多学者将栽培废料作为一种资源,进行高值化研究^[1]。赵振等^[2]研究了双孢蘑菇菌糠对小白菜生长及根际土壤的影响;张晶等^[3]通过菇渣

收稿日期:2011-05-17

基金项目:中国科学院知识创新工程重大项目(KSCX2-EW-N-08); 948 项目(2011-G25)

作者简介:徐江兵(1981—),男,博士研究生,主要从事废弃物资源化利用研究。E-mail:jiangbxu@126.com

* 通讯作者:林先贵 E-mail: xglin@issas.ac.cn

和鼠李糖脂联合强化苜蓿修复多环芳烃污染土壤。通过这些方式,将食用菌栽培废料循环利用,不仅节约资源,也降低了环境污染风险。但是这些报道只限于研究施用栽培废料对作物和土壤环境的影响,栽培废料作为有机肥施入土壤后对土壤微生物学特征,尤其是微生物功能多样性方面的研究却鲜见报道。土壤微生物是土壤生态系统功能的驱动者,从土壤微生物的响应可以更全面、深入地揭示添加栽培废料对土壤肥力、作物生长和产量的影响。因此,本研究通过温室盆栽青菜实验,研究茶树菇栽培废料作为有机肥对土壤微生物学特征的影响,进行土壤微生物数量、酶活性、碳源利用能力等多方面探讨,以期茶树菇栽培废料的合理利用提供科学的理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

供试土壤为潮土,采自中国科学院封丘农业生态国家实验站农田(35°04'N, 113°10'E)。土壤采集后风干过 2 mm 筛备用。供试茶树菇栽培废料采自南京某食用菌生产基地,采集时已在废料场堆置一个月左右,实验前粉碎过 2 mm 筛。栽培废料及潮土的基本性质见表 1。

表 1 供试栽培废料及土壤的基本性质

Table 1 The basic properties of tested samples

物料	有机质/g·kg ⁻¹	全氮/g·kg ⁻¹	全磷/g·kg ⁻¹	全钾/g·kg ⁻¹	pH
栽培废料	643.50	34.72	0.70	25.29	7.52
土壤	15.04	0.81	0.69	20.92	8.50

1.2 实验处理

实验采用盆栽方式,在中国科学院南京土壤研究所温室进行。根据栽培废料与土壤的重量比(W/W),设置 3 种处理,分别为低施用量 L(0.8%)、中施用量 M(1.6%)、高施用量 H(3.2%),另设不施茶树菇栽培废料的对照处理 CK,每个处理 4 个重复。每盆装土 2 kg,添加尿素 1 g 并与栽培废料混匀(CK 处理仅添加尿素),在每盆播种 10 粒青菜种子,出苗后 7 d 定苗,每盆留 6 株。盆栽 45 d 后收获测定青菜生物量及株高,并采集土壤样品,过 2 mm 筛,置于 4℃条件下冷藏,进行土壤微生物计数、酶活性和功能多样性的测定。

1.3 测定项目及方法

1.3.1 土壤微生物计数

真菌、细菌、放线菌、有机解磷菌、无机解磷菌采用平板稀释法,纤维素降解菌采用 MPN 计数法^[4]。细

菌采用牛肉膏蛋白胨培养基,真菌采用马丁氏培养基,放线菌采用改良高氏 1 号培养基。其余培养基配方参见文献[5]。

1.3.2 土壤酶活性测定

磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法,转化酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法^[4]。

1.3.3 土壤微生物功能多样性测定

土壤微生物功能多样性采用 BIOLOG ECO 微平板测定^[4]。方法如下:称取 10 g 土壤置于 90 mL 去离子水中,70 r·min⁻¹ 振荡 30 min,然后用去离子水稀释至 10⁻³,通过排孔加样器接种至 BIOLOG 微平板上,每孔 150 μL,3 个重复接在同一微平板上。25℃恒温培养 7 d,每隔 12 h 用 BIOLOG 自动读板仪在 590 nm 下读数。微生物碳代谢活性采用微平板每孔颜色平均变化率(Average Well Color Development, AWCD)来描述。土壤微生物碳源利用多样性采用功能多样性指数(Shannon index)、优势度指数(Simpson index)和均匀度指数(McIntosh index)来评价。

$$\text{Shannon-Wiener 多样性指数: } H' = -\sum_{i=1}^s P_i (\ln P_i)$$

$$\text{Simpson 优势度指数: } D = 1 - \sum (P_i)^2$$

$$\text{McIntosh 均匀度指数: } U = \sqrt{\sum n_i^2}$$

上列各式中, P_i 为第 i 孔的相对吸光值与整个平板相对吸光值总和的比率, n_i 为第 i 孔的相对吸光值。

1.4 数据处理

实验数据采用 Excel 2003 进行处理,用 SPSS 13.0 进行单因素方差(One-Way ANOVA)和主成分分析(Principal Component Analysis, PCA),绘图采用 Origin 8.5 完成。

2 结果与分析

2.1 栽培废料对青菜生长的影响

施用栽培废料明显促进青菜的生长,其生物量和株高均显著大于 CK 处理,且促进作用随着栽培废料施用量的增加而增加(表 2)。低、中、高施用量处理的生物量分别较 CK 处理增加了 80.1%、224.3% 和 264.0%;但高施用量与中施用量处理间差异未达到显著水平($P < 0.05$)。3 种施用量处理的青菜株高较 CK 处理增幅在 22.1%~28.1%之间,但 3 种施用量处理间株高差异不显著($P < 0.05$)。

表 2 茶树菇栽培废料对青菜生物量和株高的影响		
Table 2 Effects of mushroom residue on plant biomass and height of greengrocery		
处理	生物量/g·pot ⁻¹	株高/cm
CK	26.09c	13.39b
L	46.99b	16.35a
M	84.61a	17.10a
H	94.97a	17.16a

注: 同列数据后不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上差异显著, 下同。
Note: The different letters at same column indicate significant difference at 5% level, the same below.

2.2 栽培废料对土壤微生物数量的影响

栽培废料处理中土壤微生物数量如表 3 所示。各处理均表现为细菌最多,放线菌次之,真菌最少。不同处理对土壤中微生物数量有较大影响。随施用量的增加,土壤中微生物总量增加,高施用量处理的微生物总量较 CK 处理增加了 70.0%,达到显著性差异($P<0.05$);在中、高施用量处理中,细菌、放线菌也呈增加趋势,土壤放线菌数量显著高于 CK 处理,增加了 279.7%。但真菌数量下降,在高施用量处理中,真菌数量显著低于 CK 处理,为 CK 处理的 64.9%。土壤放线菌数量增多、真菌减少,使得土壤中放线菌与真菌(A/F)的比值增加,高施用量处理中 A/F 显著高于 CK 处理。

茶树菇栽培废料中含有较多纤维素类物质,因而除了三大菌外,还探讨了典型功能菌数量的变化。结果表明,施用栽培废料增加了土壤中解磷菌的数量(表 3),中、高施用量处理中,有机解磷菌数量分别为 CK 处理的 2.6 倍和 2.2 倍,无机解磷菌数量为 CK 处理的 1.8 倍和 2.0 倍,差异均达到显著水平($P<0.05$)。施用栽培废料也增加了纤维素降解菌的数量,中、高施用量处理中,纤维素降解菌数量分别为 CK 处理的 23.0 倍和 47.4 倍,差异均达到显著水平($P<0.05$)。

2.3 栽培废料对土壤酶活性的影响

结果表明,施用茶树菇栽培废料提高了土壤磷酸酶活性(表 4)。中、高施用量处理的磷酸酶活性分别

表 4 茶树菇栽培废料对土壤酶活性的影响		
Table 4 Effects of mushroom residue on enzyme of soil		
处理	磷酸酶/mg·g ⁻¹ soil	转化酶/mg·g ⁻¹ soil
CK	0.30c	3.81a
L	0.35c	3.71a
M	0.42b	3.93a
H	0.49a	3.99a

较 CK 增加了 40.0%和 63.3%,差异达到显著水平($P<0.05$)。施用中、高量茶树菇栽培废料后,土壤转化酶活性有增加趋势,但差异未达到显著水平($P<0.05$)。

2.4 栽培废料对土壤微生物群落功能多样性的影响

2.4.1 土壤微生物对不同碳源的利用情况

从单碳源利用图谱技术的研究结果可以看出,AWCD 值都随着时间的延长而升高,各处理土壤微生物群落反应速度及最终达到的程度略有差异,但未达显著差异(图 1)。这表明短期施用茶树菇栽培废料对土壤微生物的整体碳源利用能力并无显著影响。

2.4.2 土壤微生物代谢功能多样性分析

选取 72 h 的 AWCD 数据进行 Shannon 指数、Simpson 指数和 McIntosh 指数分析,结果见表 5。3 项多样性指数的变化趋势差别较大。栽培废料施用显著提高了 Shannon 指数,并随着施用量的增加,Shannon 指数呈增加趋势;各处理 Simpson 指数差异不显著;McIntosh 指数与 Shannon 指数相反,中、高施用量处理的 McIntosh 指数显著低于 CK 及低施用量处理。这表明,施加一定量的茶树菇栽培废料后,土壤优势微生物物种的多样性变化不大,但非优势的土壤微生物丰富度增加,导致整体群落物种的均匀度降低。

2.4.3 土壤微生物利用碳源的主成分分析

BIOLOG ECO 微平板中 31 种碳源的测定结果描述了微生物群落碳源底物代谢特征的多元向量,不易直观比较,因此采用主成分分析(Principal Component analysis,PCA)来比较茶树菇栽培废料对土壤碳源利用情况^[5]。

从 31 种因子中提取的 2 个主成分因子表明,不同菇栽培废料施用量处理的土壤微生物群落在这 2

表 3 茶树菇栽培废料对土壤微生物数量的影响(cfu·g ⁻¹ dry soil)								
Table 3 Effects of mushroom residue on microorganism in soil(cfu·g ⁻¹ dry soil)								
处理	细菌(×10 ⁵)	真菌(×10 ²)	放线菌(×10 ⁴)	微生物总量(×10 ⁵)	放线菌/真菌	有机解磷菌(×10 ⁴)	无机解磷菌(×10 ⁴)	纤维素降解菌(×10 ⁴)
CK	7.3a	5.7b	6.9c	8.0b	121	5.8b	7.5b	0.7c
L	8.1a	4.9ab	6.4c	8.7b	131	5.5b	8.6b	1.5c
M	10.2a	4.9ab	14.4b	11.6ab	294	15.1a	13.4a	16.1b
H	11.0a	3.7a	26.2a	13.6a	708	12.6a	15.0a	33.2a

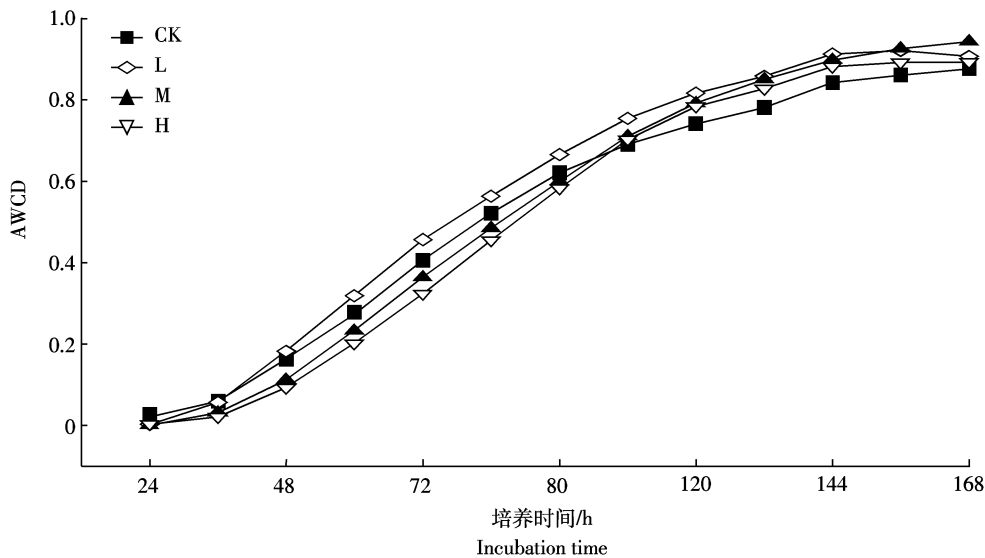


图 1 平均颜色变化率(AWCD)的差异
Figure 1 Variations of average well color development(AWCD)

表 5 土壤微生物群落多样性指数
Table 5 Diversity indices of microbial community in different treatments

处理	Shannon 指数	Simpson 指数	McIntosh 指数
CK	4.23b	0.93a	3.28a
L	4.40b	0.93a	3.62a
M	5.44ab	0.93a	2.73b
H	6.59a	0.94a	2.51b

个主成分因子上具有较明显的分异,第一主成分(PC1)解释了 17.9%的变异,第二主成分(PC2)解释了 12.1%的变异。

CK、低施用量处理与中、高施入量处理在 PC1 和 PC2 上均能明显的区分。由图 2 可见,CK 和低施用量处理所对应的投影点分布于 PC1 正端、PC2 负端,说明这两种处理的土壤微生物主要利用 PC1 轴所载荷的碳源,对 PC2 端的碳源利用能力较低;中施用量及

高施用量处理则相反,所对应的投影点分布于 PC2 正端、PC1 负端,土壤微生物群落功能相似。由此可见,增施茶树菇栽培废料后,土壤微生物对底物碳源的代谢特征产生了差异,从而引起土壤微生物群落结构的变化。

进一步分析表明,与 PC1 相关性较高的培养基是 D-甘露醇、L-丝氨酸等,与 PC2 相关性较高的是 D-纤维二糖、I-赤藻糖醇等。对 PC1 和 PC2 起分异作用的主要碳源是糖类物质,还有少部分羧酸类、氨基酸类物质(表 6)。

3 讨论

茶树菇栽培废料含有较为丰富的矿质元素及纤维素、木质素、蛋白质等,还有激素、酶等活性物质,可作为一种优质的有机肥源,为作物生长提供养分,从而促进作物增产。温室盆栽结果表明,施用茶树菇栽

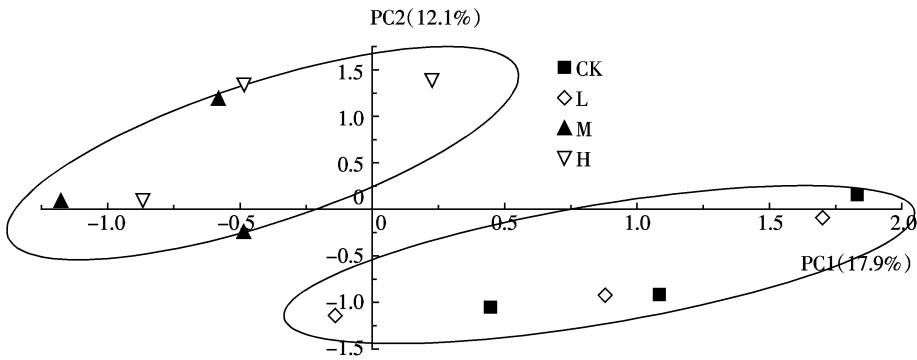


图 2 土壤微生物碳源利用主成分分析的因子荷载图
Figure 2 Loadings for PCA analysis of carbon utilization for soil microbial communities

表 6 土壤中分别与 PC1、PC2 相关性高的主要培养基
Table 6 Main substrates with high correlation coefficients for
PC1 and PC2 in PCA of diversity patterns

	序号	培养基	相关系数 r
PC1 相关培养基	1	β -甲基 D-葡萄糖苷	0.706
	2	D-甘露醇	0.923
	3	L-丝氨酸	0.877
	4	N-乙酰基-D-葡萄糖胺	0.785
	5	肝糖	0.771
	6	D,L- α -甘油	0.772
PC2 相关培养基	1	I-赤藻糖醇	0.683
	2	α -环式糊精	0.682
	3	D-纤维二糖	0.796
	4	α -D-乳糖	0.628
	5	γ -羟基丁酸	-0.649

注:相关系数只取绝对值大于 0.6。

Note: Absolute values of coefficients larger than 0.6 were shown.

培废料能显著地促进青菜生长,提高青菜产量,在农业生产中具有较高的实用价值。此外,栽培废料施入土壤中,能为微生物活动提供多类碳源,使土壤微生物区系发生变化,从而对土壤微生物生态功能产生影响^[6]。土壤微生物是土壤中活的有机体,是最活跃的土壤肥力因子之一。细菌、放线菌和真菌是土壤微生物的三大类群,构成了土壤微生物的主要生物量,它们的区系组成和数量变化能反映土壤生物活性水平。本研究结果表明,施用茶树菇栽培废料能增加土壤中细菌、放线菌的数量,不仅如此,还改变了土壤微生物的组成,提高土壤中放线菌与真菌数量的比值(A/F)。土壤中细菌、放线菌数量的增加和真菌数量的减少以及 A/F 比值增加表明土壤微生物区系更趋合理,对减少病害有积极作用^[7]。因而,施用茶树菇栽培废料后,土壤微生物区系正朝着有利的方向演替。

土壤微生物数量的变化必将影响土壤微生物的生态功能,如土壤酶活性等。土壤酶驱动着生物地球化学循环,可作为评价土壤肥力的重要指标之一,其中磷酸酶在土壤有机磷向无机磷的分解转化方面起着重要作用^[8]。先前一些研究发现^[9],秸秆还田能提高土壤碱性磷酸酶活性。潮土是黄河中、下游冲积平原的一种主要土壤类型,长期受缺磷等因素的制约,本研究结果表明,施用茶树菇栽培废料能增强磷酸酶活性,这对增加土壤磷素的有效供给、活化土壤磷库、加速潮土磷素循环具有积极意义。

土壤微生物区系的优化及土壤酶活性的改变,又将对土壤微生物群落功能多样性产生重要的影响。施

用茶树菇栽培废料后,土壤微生物 Shannon 指数增加,即微生物的功能多样性增加(表 5)。茶树菇栽培料的主要碳源是稻草、棉籽壳、木屑等,其性质与秸秆类物质接近。于建光等^[10]研究表明,添加秸秆的土壤中施用腐熟剂后,土壤微生物对碳源利用出现明显分异;孙凤霞等^[11]发现,秸秆配施化肥的红壤微生物对碳水化合物类碳源的利用率最高;周文新等^[12]研究表明,稻草还田对土壤微生物碳源利用起分异作用的主要是糖类及少数聚合物类、羧酸类、氨基酸类。本研究中,施用茶树菇栽培废料后,土壤微生物在 PC1 和 PC2 上对糖类物质的利用能力产生分异(表 6),这与先前有关研究的结果一致。

Simpson 指数和 McIntosh 指数分析结果表明,施用茶树菇栽培废料后,土壤微生物优势度没有变化,但是均匀度下降。这说明施用茶树菇栽培废料主要影响了土壤非优势微生物的碳源利用能力。先前一些研究也有类似结果,如:罗希茜等^[13]研究表明,秸秆还田处理能增加微生物物种的数量及优势度,但却使物种均匀度指数低于对照;徐华勤等^[14]研究表明,秸秆覆盖加有机肥的处理,微生物均匀度指数亦低于对照处理。施用茶树菇栽培废料可能促进了某些非优势微生物种群的生长代谢而抑制了其他非优势种群的生长代谢,致使群落均匀度下降。

4 结论

施用茶树菇栽培废料能增加土壤中微生物总量,改善土壤微生物区系,并提高典型土壤酶的活性;由于茶树菇栽培废料增加了土壤糖类物质的含量,刺激了某些非优势土壤微生物的生长,从而改变了土壤微生物功能多样性。土壤微生物的良性反应加速了土壤物质和能量循环,也促进了作物生长而增加了作物产量。因此,茶树菇栽培废料是一种良好的有机肥料,可广泛用于农业生产。

参考文献:

- [1] 王德汉,项钱彬,陈广银.蘑菇渣资源的生态高值化利用研究进展[J].有色冶金设计与研究,2007,28(2):262-266.
WANG De-han, XIANG Qian-bin, CHEN Guang-yin. Research progress of ecological higher value application of spent mushroom compost[J]. *Nonferrous Metals Engineering & Research*, 2007, 28(2): 262-266.
- [2] 赵振,曲娟娟,许修宏,等.双孢蘑菇菌糠对小白菜生长及根际土壤的影响[J].中国土壤与肥料,2009,6:74-78.
ZHAO Zhen, QU Juan-juan, XU Xiu-hong, et al. Effect of agaricus bisporus residue on the growth of pakchoi and rhizosphere soil[J]. *Soils and*

Fertilizers Sciences in China, 2009, 6: 74–78.

- [3] 张 晶, 林先贵, 李烜桢, 等. 菇渣和鼠李糖脂联合强化苜蓿修复多环芳烃污染土壤[J]. 环境科学, 2010, 31(10): 2431–2437.
ZHANG Jing, LIN Xian-gui, LI Xuan-zhen, et al. Interactive effect of spent mushroom compost and rhamnolipids to enhance the efficiency of alfalfa remediation of aged pahs contaminated soil[J]. *Chinese Journal of Environmental Science*, 2010, 31(10): 2431–2437.
- [4] 林先贵. 土壤微生物研究原理与方法[M]. 北京: 高等教育出版社, 2010.
LIN Xian-gui. Principles and methods of soil microbiology research[M]. Beijing: Higher Education Press, 2010.
- [5] Hackett C A, Griffiths B S. Statistical analysis of the time-course of bi-olog substrate utilization[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 1997, 30(1): 63–69.
- [6] 赵 娜, 林威鹏, 蔡昆争, 等. 家畜粪便堆肥对番茄青枯病、土壤酶活性及土壤微生物功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2010, 30(19): 5527–5537.
ZHAO Na, LIN Wei-peng, CAI Kun-zheng, et al. Impacts of livestock waste compost on tomato bacterial wilt, soil enzyme activity and soil microbial functional diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(19): 5527–5537.
- [7] 张乃明, 董 艳. 施肥与设施栽培措施对土壤微生物区系的影响[J]. 生态环境, 2004, 13(1): 61–62.
ZHANG Nai-ming, DONG Yan. Effects of fertilization and protected soil planting on soil microflora [J]. *Ecology and Environment*, 2004, 13(1): 61–62.
- [8] 王俊华, 尹 睿, 张华勇, 等. 长期定位施肥对农田土壤酶活性及其相关因素的影响[J]. 生态环境, 2007, 16(1): 191–196.
WANG Jun-hua, YIN Rui, ZHANG Hua-yong, et al. Changes in soil enzyme activities, microbial biomass, and soil nutrition status in response to fertilization regimes in a long-term field experiment[J]. *Ecology and Environment*, 2007, 16(1): 191–196.
- [9] 路文涛, 贾志宽, 张 鹏, 等. 秸秆还田对宁南旱作农田土壤活性有机碳及酶活性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2011, 30(3): 522–528.
LU Wen-tao, JIA Zhi-kuan, ZHANG Peng, et al. Effects of straw returning on soil labile organic carbon and enzyme activity in semi-arid areas of Southern Ningxia, China.[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2011, 30(3): 522–528.
- [10] 于建光, 常志州, 黄红英, 等. 秸秆腐熟剂对土壤微生物及养分的影响[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(3): 563–570.
YU Jian-guang, CHANG Zhi-zhou, HUANG Hong-ying, et al. Effect of microbial inoculants for straw decomposing on soil microorganisms and the nutrients.[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2011, 29(3): 563–570.
- [11] 孙凤霞, 张伟华, 徐明岗, 等. 长期施肥对红壤微生物生物量碳氮和微生物碳源利用的影响[J]. 应用生态学报, 2010, 21(11): 2792–2798.
SUN Feng-xia, ZHANG Wei-hua, XU Ming-gang, et al. Effects of long-term fertilization on microbial biomass carbon and nitrogen and on carbon source utilization of microbes in a red soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(11): 2792–2798.
- [12] 周文新, 陈冬林, 卜毓坚, 等. 稻草还田对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 环境科学学报, 2008, 28(2): 326–330.
ZHOU Wen-xin, CHEN Dong-lin, BU Yu-jian, et al. Effects of rice-straw returning to the field on the metabolic diversity of soil microbial communities[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2008, 28(2): 326–330.
- [13] 罗希茜, 郝晓晖, 陈 涛, 等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2009, 29(2): 740–748.
LUO Xi-qian, HAO Xiao-hui, CHEN Tao, et al. Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(2): 740–748.
- [14] 徐华勤, 肖润林, 邹冬生, 等. 长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(8): 3355–3361.
XU Hua-qin, XIAO Run-lin, ZOU Dong-sheng, et al. Effects of long-term fertilization on functional diversity of soil microbial community of the tea plantation[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(8): 3355–3361.