

不同调控措施下温室土壤微生物多样性变化及其对黄瓜产量和品质的影响

李 欣¹, 徐 钰^{2,3}, 江丽华^{2,3}, 贺洪军¹, 谭月强¹, 刘兆辉^{2*}

(1.德州市农业科学研究院, 山东 德州 253015; 2.山东省农业科学院农业资源与环境研究所, 山东 济南 250100; 3.农业部山东耕地保育科学观测实验站, 山东 寿光 262700)

摘 要:在日光温室栽培条件下,采用 Biolog 检测法研究了不施肥(CK)、习惯施肥(CF)、秸秆还田(RS)和膜下滴灌(DI)等不同施肥措施下土壤微生物多样性的变化,及其对黄瓜产量、品质的影响。结果表明,反映微生物代谢活性的平均颜色变化率(*AWCD*)以 RS 处理最高,CK 最低。微生物培养 72 h 代谢旺盛,各处理 *AWCD* 值在 0.494~0.881 之间,其中 RS 处理 *AWCD* 值较 CF 显著增加,是 CF 的 1.3 倍;DI 处理 *AWCD* 比 CF 略低,但差异不显著。不同处理下土壤微生物多样性不同,土壤微生物物种丰富度指数(*H*)和均匀度指数(*E*)均以 CF 最低,通过秸秆还田调控土壤 C/N 和滴灌措施对习惯施肥模式进行改进,两指数显著提高。主成分分析结果表明,不同处理土壤微生物碳源代谢特征发生分异,秸秆还田处理分布于第 1 主成分正方向,得分系数在 4.91~5.50 之间;其他处理分布在第 1 主成分负方向,得分系数在-3.26~-0.18 之间。与 CF 相比,RS 和 DI 处理黄瓜产量和品质均无显著变化。多样性指数中优势度指数(*Ds*)和碳源利用丰富度指数(*S*)与黄瓜产量、果实可溶性糖、Vc 含量成正相关,其中 *S* 与黄瓜果实 Vc 含量的相关系数达 0.692。综合考虑,秸秆还田措施有助于改善土壤微生态环境,推动设施农业的可持续发展,较滴灌措施更有应用价值。

关键词:调控措施;温室土壤;微生物功能多样性;产量;品质

中图分类号:S154.36

文献标志码:A

文章编号:2095-6819(2014)04-0349-06

doi: 10.13254/j.jare.2014.0054

Effects of Different Control Measures on Cucumber Yield, Quality and Soil Microbial Diversity Under Green-house Cultivation

LI Xin¹, XU Yu^{2,3}, JIANG Li-hua^{2,3}, HE Hong-jun¹, TAN Yue-qiang¹, LIU Zhao-hui^{2*}

(1.Dezhou Academy of Agricultural Sciences, Dezhou 253015, China; 2.Institute of Agricultural Resources and Environment, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 3.Scientific Observation Lab for Preservation of Cultivate Land in Shandong Province, Ministry of Agriculture, Shouguang 262700, China)

Abstract: In order to research the effects of different control measures on soil microbial diversity by Biolog, the greenhouse soils of cucumber cultivated in Shouguang City, Shandong Province were collected and the relationship between the soils and yield and quality of cucumber was investigated. The results showed that, the average well color development (*AWCD*) of returning straw to field (RS) was the highest and that of no fertilizer (CK) was the lowest. The activity of microbe was vigorous at the time of cultivation of 72 h and *AWCD* of treatments ranged from 0.494 to 0.881. *AWCD* of RS was 1.3 times than that of conventional fertilization (CF) and the difference reached significant level at the moment. However, *AWCD* of drip irrigation (DI) was lower slightly than that of CF. Soil microbial diversity changed in different treatments. CF had the lowest Shannon index (*H*) and Substrate evenness (*E*), but these two indices increased significantly through the application of RS and DI. Principal component analysis showed that carbon utilization by soil microbial communities also changed in different treatments. RS concentrated in the positive direction of the first principal component and the score coefficients ranged from 4.91 to 5.50. Conversely, others concentrated in the negative direction and the score coefficients ranged from -3.26 to -0.18. Compared with CF, cucumber yield and quality of RS and DI treatments had no significant changes. Simpson's dominance (*Ds*) and Substrate richness (*S*) were positively correlated with cucumber yield, Vc and soluble sugar content. Comprehensive consideration, RS was more helpful to improve the soil micro-ecological environment than DI. Therefore, future research of RS is necessary for sustainable development of installation agriculture.

Keywords: control measures; greenhouse soil; microbial functional diversity; yield; quality

收稿日期:2014-03-18

基金项目:公益性行业(农业)科研专项经费项目(201003014);山东省科技发展计划(2013GNC11204);中国清洁发展机制基金赠款项目(1214012);山东省现代农业产业技术体系(SCTX2011-02)

作者简介:李 欣,主要从事农业生态环境研究。E-mail:lixinsdnu@163.com

* 通信作者:刘兆辉 E-mail:liuzhaohui@saas.ac.cn

设施蔬菜是发展现代农业的重要标志之一,是我国近年来发展较快、效益较好、对农民增收和农业增效贡献较大的农业产业。据统计资料显示,截止到 2010 年底,我国设施蔬菜种植面积约达 466.7 万 hm^2 , 为世界上设施蔬菜面积最大的国家。然而,在水肥高投入、高产生产模式下,设施蔬菜栽培产生一系列环境问题,尤其是土壤质量下降,主要表现为土壤盐渍化^[1]、硝酸盐积累^[2]和微生物区系破坏^[3],进而导致蔬菜产量降低、品质变劣。

土壤微生物群落及其多样性能够敏感地反映土壤环境质量的变化,其特征可作为生物指标指示土壤质量、评价土壤肥力^[4]。目前,研究土壤微生物多样性的方法很多。其中 Biolog 法自 Garland 等^[5]将其首次用于描述微生物的群落功能特征以来,就因其快速、简便、无需分离培养纯微生物即可获得大量土壤微生物群落结构和功能多样性方面的信息等特点而被广泛应用。主要用于比较不同土壤类型^[6]、同类土壤不同植物物种^[7]、不同管理策略下的农业土壤^[8-10]、不同植被根际^[11]和污染土壤^[12]的微生物特征,但在设施菜地土壤微生物研究中的应用报道较少。

为此,本试验以我国最大设施蔬菜基地——寿光的日光温室土壤为研究对象,采用 Biolog 检测法探讨秸秆还田和滴灌 2 种调控措施对设施黄瓜土壤微生物群落结构特征的影响,旨在综合评价不同调控措施对土壤微生物的影响,以及与黄瓜产量和品质的关系;通过合理的灌溉和施肥,创造良好的设施土壤生态环境,为实现设施土壤的可持续利用和蔬菜的高产优质提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

试验设在山东省寿光市稻田镇河沟村(N 36°50'28.3", E 118°56'7.8")的一个日光温室,土壤类型为褐土。基础土样(0~20 cm)的 pH 值为 7.63,盐分为 0.187%,有机质 18.95 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,全氮 1.259 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效磷和速效钾含量分别为 210.40、498.72 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。试验于 2011 年 2 月 22 日移栽,2011 年 7 月 12 日拉秧;以“世纪星”黄瓜品种为种植作物,一年两茬,行距 60 cm,株距 25 cm。

试验设 4 个处理,分别为(1)空白(CK),不施任何肥料;(2)习惯施肥(CF),施肥量、时间及方式完全按照农民习惯生产方式进行,基施有机肥(有机质 50%, N-P₂O₅-K₂O 为 2.9%-2.62%-0.42%)308.6 $\text{kg}\cdot 667\text{ m}^{-2}$,

追肥(商品冲施肥)12 次,化肥 N、P₂O₅、K₂O 分别投入 52.7、59.7 $\text{kg}\cdot 667\text{ m}^{-2}$ 和 52.9 $\text{kg}\cdot 667\text{ m}^{-2}$,灌溉(沟灌)19 次,灌溉量为 826 $\text{m}^3\cdot 667\text{ m}^{-2}$;(3)秸秆还田(RS),在处理(2)基础上施用腐熟小麦秸秆调节土壤 C/N 比,用量为 500 $\text{kg}\cdot 667\text{ m}^{-2}$ (烘干重);(4)膜下滴灌(DI),施肥量、时间及次数等同于处理(2),施肥及灌溉方式通过滴灌完成,整个生长季灌溉量为 382.7 $\text{m}^3\cdot 667\text{ m}^{-2}$ 。所有处理的其他田间管理措施均一致,每处理均 3 次重复,随机区组设计,试验小区面积 21.6 m^2 。

1.2 样品采集和测定

本试验于 2011 年 7 月 12 日黄瓜拉秧前采集土壤样品,每小区采集 5 点 0~20 cm 耕层土壤,除去石砾和植物残体等杂物,混合制样,过 2 mm 筛后,拣去可见有机物,放入 4℃ 冰箱内保存,并尽快进行 Biolog 分析。

Biolog 测定基于文献[5]的方法并稍有变动,具体操作步骤如下:(1)将称取相当于 25 g 烘干土的新鲜土样加入内有 250 mL 无菌水的三角瓶中,加无菌棉花塞;(2)往复式震荡机上 200 $\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$ 下振荡 20 min;(3)静置片刻后,按逐步稀释法,依次稀释为 10^{-2} 、 10^{-3} 梯度液,用 8 道加样枪吸取 150 μL 10^{-3} 稀释液接种微平板;(4)在 $(25\pm 1)^\circ\text{C}$ 下培养 168 h,每 12 h 用 Biolog 读数仪(Biolog, Hayward, USA)在 590 nm 下读数。

黄瓜分次采收,累积计产;并于盛瓜期(5 月 4 日)取样分析果实品质,紫外分光光度法测硝酸盐含量,2,6-二氯酚酚滴定法测维生素 C(Vc)含量,斐林比色法测可溶性糖含量。

1.3 数据处理和分析

微生物对碳源的利用采用微平板每孔颜色平均变化率(Average well color development, *AWCD*)描述,物种丰富度指数(Shannon index, *H*)、均匀度指数(Substrate evenness, *E*)、优势度指数(Simpson's dominance, *Ds*)、碳源利用丰富度指数(Substrate richness, *S*)表示土壤微生物碳源利用的多样性,公式参考文献[9]中的方法。

试验数据为 3 次重复的平均值;采用 SAS 软件 Duncan's 新复极差法进行多重比较及差异显著性分析。

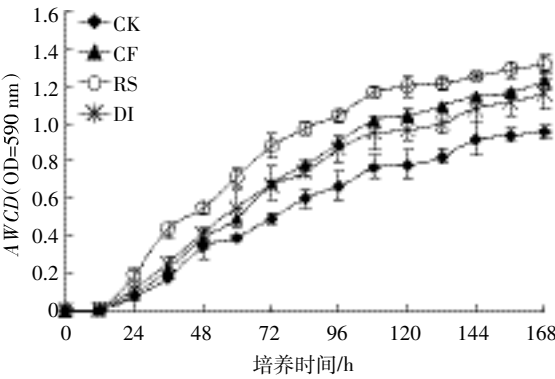
2 结果与分析

2.1 不同调控措施土壤微生物群落多样性的变化

2.1.1 平均颜色变化率的差异

微生物培养开始后,每隔 12 h 测定 *AWCD* 值,得

到 $AWCD$ 随时间的动态变化图(图 1)。结果显示,不同处理土壤微生物群落反应速度有所不同,说明群落能利用单一碳源的微生物数量和种类不同。接种培养后,土壤微生物经过 24 h 的滞后期,逐渐适应 Biolog 微平板基质环境,随后进入对数增长期直至 72 h,然后生长减缓逐渐稳定。



CK 为不施肥,CF 为习惯施肥,RS 为秸秆还田,DI 为膜下滴灌,下同
CK represents no fertiliza, CF represents conventional fertilization,
RS represents returning straw to field and DI represents drip irrigation.
The same below

图 1 土壤微生物群落 $AWCD$ 随培养时间的变化
Figure 1 $AWCD$ changes with incubation time of different treatments

培养期间,不施肥处理 $AWCD$ 最低,微生物培养 72 h 各处理 $AWCD$ 在 0.494~0.881 之间;与 CF 处理相比,RS 处理 $AWCD$ 显著增加,是 CF 的 1.3 倍;DI 处理 $AWCD$ 略低,但差异不显著。表明施肥有利于提高微生物的代谢活性,习惯施肥模式基础上添加秸秆调节土壤 C/N 比,土壤微生物利用碳源的能力及代谢活性进一步提高。

2.1.2 土壤微生物多样性指数的差异

物种丰富度指数、均匀度指数、优势度指数和碳源利用丰富度指数是表征群落多样性的常用指数。根据对吸光度变化曲线的分析发现 72 h 前后的吸光度数据能够很大程度上反映不同微生物群落的代谢特性差异,因此采用反应 72 h 的数据用于微生物代谢特性的分析。

如表 1 所示,除 CK 外,CF 处理物种丰富度指数、均匀度指数、优势度指数和碳源利用丰富度指数最低,表明农民习惯施肥模式下过量的肥料投入造成微生物功能降低,需要进行土壤培育。与 CF 处理相比,RS 和 DI 处理土壤微生物群落物种丰富度指数和碳源利用丰富度指数显著增加,表明秸秆还田和滴灌措施的应用有利于提高土壤微生物多样性。

表 1 土壤微生物群落多样性指数				
Table 1 Diversity indices for soil microbial communities				
处理	物种丰富度指数(H)	均匀度指数(E)	优势度指数(D_s)	碳源利用丰富度指数(S)
CK	2.95±0.13a	1.00±0.04a	0.933±0.01b	17.33±1.53c
CF	2.34±0.11b	0.81±0.02b	0.935±0.00ab	17.67±1.15c
RS	3.16±0.04a	0.97±0.01a	0.952±0.00a	26.33±1.53a
DI	3.01±0.05a	0.97±0.02a	0.942±0.00ab	22.67±2.52b

注:同一列中不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。下同。
Note: Different lowercase letters in the same column mean significant difference($P<0.05$). The same below.

2.1.3 不同处理中土壤微生物群落碳源利用的主成分分析

主成分分析是处理数学降维的一种方法,将多个变量通过线性变换以选出较少个数重要变量。主成分个数的提取原则是相对应特征值大于 1 的前 m 个主成分。根据此原则,共提取出了 8 个主成分,累计贡献率达 93.06%。其中第 1 主成分(PC1)贡献率是 33.9%,权重最大;第 2 主成分(PC2)贡献率是 14.22%;第 3~8 主成分贡献率分别是 12.01%、9.36%、7.72%、6.93%、5.34%和 3.56%,因第 3~8 主成分贡献率较小,所以本文只解释第 1 主成分和第 2 主成分(图 2)。不同处理在 PC 轴上出现了明显的分布差异。RS 处理分布在 PC1 轴的正方向上,平均得分系数为 5.21;其他处理全部分布在 PC1 轴的负方向上,得分系数在 -3.26~-0.18 之间。在 PC2 轴上,CK 分布在负方向上,RS 处理在正负方向上都有分布。

对微生物碳源利用的主成分进行方差分析(表 2)可知,不同处理在 PC1 和 PC2 上的得分系数出现显

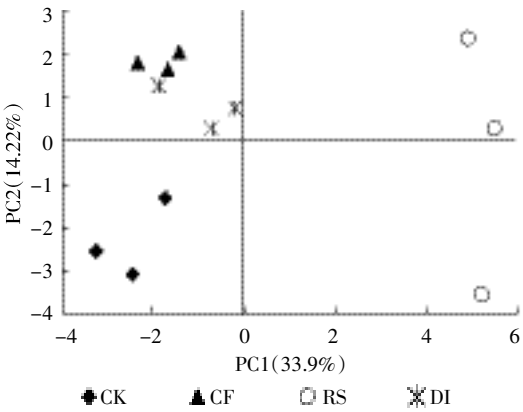


图 2 不同处理土壤微生物碳源利用主成分分析
Figure 2 Principal components analysis for carbon utilization of soil microbial communities in different treatments

著差异($P<0.05$)。RS 处理在 PC1 轴上的得分显著高于其他处理,由于第 2 主成分的贡献率(14.22%)远远小于第 1 主成分(33.9%),因此第 1 主成了解释了大部分的变异,对综合得分的影响也主要取决于第 1 主成分。各处理综合得分也以 RS 最高,其次是 DI 处理,且差异显著。

表 2 不同处理主成分得分系数

Table 2 The scores of principal components for different treatments

处理	PC1	PC2	综合得分
CK	-2.48±0.77c	-2.31±0.90b	-1.17±0.36c
CF	-1.82±0.46bc	1.83±0.20a	-0.36±0.17c
RS	5.21±0.30a	-0.30±3.01ab	1.72±0.40a
DI	-0.92±0.87b	0.78±0.50ab	-0.20±0.25b

2.2 不同调控措施下黄瓜产量和品质的分析

对黄瓜产量进行分析表明(表 3),不施肥处理黄瓜产量最低,为 3 325.32 kg·667 m⁻²;施肥能显著提高黄瓜产量,是不施肥处理的 2.8 倍左右。与 CF 处理相比,RS 处理下黄瓜产量略增产 0.69%,DI 处理减产 0.84%,但差异均未达显著水平。对黄瓜盛瓜期品质进行分析表明,施肥可显著提高果实可溶性糖含量和 Vc 含量,但 CF、RS、DI 三处理之间差异不显著。

表 3 不同处理的黄瓜产量与品质

Table 3 The yield and fruit nutrient quality in different treatments

处理	产量/ kg·667 m ⁻²	可溶性糖含量/ g·kg ⁻¹	Vc 含量/ mg·100 g ⁻¹	硝酸盐含量/ mg·kg ⁻¹
CK	3 325.32±283.27b	4.21±0.45b	4.71±0.32b	38.81±2.60b
CF	9 274.08±115.93a	6.86±0.36a	7.15±0.80a	50.24±2.33a
RS	9 337.66±85.69a	6.81±1.08a	8.24±0.17a	46.72±6.64ab
DI	9 195.88±143.46a	6.12±0.52a	8.08±0.34a	51.93±1.11a

土壤微生物群落多样性指数与黄瓜产量、品质的相关性分析结果(表 4)表明,优势度指数和碳源利用丰富度指数与产量、可溶性糖、Vc 呈正相关,均匀度指数与黄瓜产量品质呈负相关。其中碳源利用丰富度指数与黄瓜果实 Vc 含量相关性最高,为 0.692,达到极显著水平。

3 讨论

Biolog 方法是基于微生物群落对碳源的利用度来描述微生物功能的动态变化。本文利用 Biolog 方法研究不同调控措施对日光温室土壤微生物群落结构及功能多样性的影响,结果表明,反映土壤微生物代

表 4 土壤微生物多样性指数与黄瓜产量、品质相关分析结果

Table 4 The correlation between soil microbial diversity index with cucumber yield and fruit quality

项目	物种丰富度 指数(H)	均匀度指数 (E)	优势度指数 (D_s)	碳源利用丰 富度指数(S)
产量	-0.160	-0.485	0.431	0.545 *
可溶性糖含量	-0.186	-0.531 *	0.535 *	0.496 *
Vc 含量	0.120	-0.209	0.575 *	0.692 **
硝酸盐含量	-0.209	-0.439	0.224	0.328

注(Note): $n=16$,“*”: $P<0.05$;“**”: $P<0.01$ 。

谢活性大小的 $AWCD$ 值随培养时间的延长而升高,符合一般微生物利用基质的规律,即存在明显的适应期、对数增长期、稳定期等阶段^[9]。 $AWCD$ 值越高,土壤中微生物群落代谢活性也就越高^[13]。本研究表明,施肥能够提高土壤微生物的代谢活性;通过秸秆还田调节土壤 C/N 措施,土壤微生物的代谢活性显著提高。土壤微生物活性是反映土壤生态系统功能的重要指标,土壤微生物活性高,土壤生态系统稳定性和缓冲容量大,功能增强,因而土壤对外来胁迫所引起的生态系统波动的恢复能力就会提高^[14]。

从表征微生物群落多样性的几个常用指数来看,除不施肥处理外,习惯施肥模式下土壤微生物多样性指数最低,过量的肥料投入造成土壤微生物功能降低,生态环境恶化。而秸秆还田调节 C/N 措施下物种丰富度指数、均匀度指数和碳源利用丰富度指数显著增加,表明土壤微生物多样性显著提高,这是由于小麦秸秆含有大量碳水化合物以及氮、磷、钾等营养元素,具有改善土壤理化性质^[15]、补充土壤水分、激发微生物活性等作用^[16]。土壤碳库是保持土壤微生物多样性的关键^[17],秸秆中含有大量易分解、易被微生物利用的有机物质,添加这类物质有利于促进土壤微生物增殖^[18]。滴灌措施的应用能够保持良好的土壤结构^[15],也能提高土壤微生物多样性。

主成分分析解释了不同处理土壤微生物碳源利用是否存在差异^[19]。通过主成分分析表明,不同的施肥措施下土壤微生物对碳源的利用能力不同,第 1 主成了解释了大部分的变异,秸秆还田处理分布于第 1 主成分正方向,而其他处理分布在第 1 主成分负方向上,表明秸秆还田处理下土壤微生物群落代谢特征发生改变。土壤有机物质含量和组成的变化可能是影响不同处理土壤微生物碳源代谢特征的重要原因之一,秸秆还田处理通过添加含有大量碳水化合物的有机物质后,土壤中有机物质的含量和组成发生改变,尤

其是氨基糖和单糖等物质的含量显著提高,土壤微生物可利用的碳源趋于稳定^[20]。

黄瓜的产量和品质受水肥管理影响较大。本研究结果表明,施用肥料可以显著提高黄瓜产量,改善黄瓜品质。但与当地习惯施肥模式相比,秸秆还田和滴灌措施的应用并没有引起黄瓜显著增产,可溶性糖含量、Vc 含量和硝酸盐等品质指标也没有显著变化,具体原因有待于继续研究。黄瓜产量、可溶性糖含量和 Vc 含量与土壤微生物群落优势度指数和碳源利用丰富度指数呈正相关,表明合理的水肥配合能促进土壤微生物的生长繁殖,增加土壤微生物群落多样性,进而促进高产、优质的黄瓜生产。

4 结论

不同处理平均颜色变化率呈现出以下变化规律:秸秆还田>农民习惯施肥>膜下滴灌>不施肥;显著性分析表明,施肥能够提高土壤微生物的代谢活性;通过秸秆还田调节土壤 C/N 措施使土壤微生物的代谢活性显著提高。不同处理的土壤微生物物种丰富度指数和均匀度指数均以习惯施肥模式最低;通过秸秆还田调控土壤 C/N 和滴灌措施对习惯施肥模式进行改进,微生物多样性指数显著提高。不同处理土壤微生物碳源代谢特征发生分异,秸秆还田处理分布于第 1 主成分正方向,得分系数在 4.91~5.50 之间;其他处理分布在第 1 主成分负方向,得分系数在-3.26~-0.18 之间。

与习惯施肥相比,秸秆还田和膜下滴灌处理黄瓜产量和品质均无显著变化。微生物多样性指数中优势度指数和碳源利用丰富度指数与黄瓜产量、果实可溶性糖和 Vc 含量成正相关。

通过秸秆还田和膜下滴灌 2 种措施均有助于改善土壤微生态环境,尤以前者效果最佳。

参考文献:

- [1] 余海英,李廷轩,周健民,等. 设施土壤盐分的累积、迁移及离子组成变化特征[J]. 植物营养与肥料学报,2007,13(4): 642-650.
YU Hai-ying, LI Ting-xuan, ZHOU Jian-min, et al. Salt accumulation, translocation and ion composition in greenhouse soil profiles[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2007, 13(4): 642-650. (in Chinese)
- [2] 黄得志,任晓燕,吴明丽,等. 设施栽培对土壤环境质量的影响[J]. 甘肃农业大学学报,2011,46(3): 70-73.
HUANG De-zhi, REN Xiao-yan, WU Ming-li, et al. Influence of installation cultivation on soil environmental quality[J]. *Journal of Gansu Agricultural University*, 2011, 46(3): 70-73. (in Chinese)
- [3] 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. (in Chinese)
- [4] Steenwertha K L, Jackson L E, Caldero F J, et al. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(11): 1599-1611.
- [5] Garland J L, Mills A. 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.
- [6] 王晓玥,蒋瑞霖,隋跃宇,等. 田间条件下小麦和玉米秸秆腐解过程中微生物群落的变化——Biolog 分析 [J]. 土壤学报,2012,49(5): 1003-1011.
WANG Xiao-yue, JIANG Yu-ji, SUI Yue-yu, et al. Changes of microbial communities during decomposition of wheat and maize straw: analysis by Biolog[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(5): 1003-1011. (in Chinese)
- [7] 郑 华,欧阳志云,王效科,等. 不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响[J]. 应用生态学报,2004,15(11): 2019-2024.
ZHENG Hua, OUYANG Zhi-yun, WANG Xiao-ke, et al. Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(11): 2019-2024. (in Chinese)
- [8] 侯晓杰,汪景宽,李世朋. 不同施肥处理与地膜覆盖对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报,2007,27(2): 655-661.
HOU Xiao-jie, WANG Jing-kuan, LI Shi-peng. Effects of different fertilization and plastic-mulching on functional diversity of soil microbial community[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(2): 655-661. (in Chinese)
- [9] 时 鹏,高 强,王淑平,等. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报,2010,30(22): 6173-6182.
SHI Peng, GAO Qiang, WANG Shu-ping, et al. Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(22): 6173-6182. (in Chinese)
- [10] 杨宇虹,陈冬梅,晋 艳,等. 不同肥料种类对连作烟草根际土壤微生物功能多样性的影响[J]. 作物学报,2011,37(1): 105-111.
YANG Yu-hong, CHEN Dong-mei, JIN Yan, et al. Effects of different fertilizers on functional diversities of microbial flora in rhizospheric soil of monoculture tobacco[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2011, 37(1): 105-111. (in Chinese)
- [11] 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.
ZHANG Hai-han, TANG Ming, CHEN Hui, et al. Diversity of soil microbial communities in the mycorrhizosphere of five afforestation tree species in the loess plateau[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2008, 30(3): 85-90. (in Chinese)
- [12] 杨永华,姚 健,华晓梅. 农药污染对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 微生物学杂志,2000,20(2): 23-25.
YANG Yong-hua, YAO Jian, HUA Xiao-mei. Effect of pesticide pol-

- lution against function microbial diversity in soil[J]. *Journal of Microbiology*, 2000, 20(2): 23–25. (in Chinese)
- [13] Konopka A, Oliver L, Turco R F. The use of carbon substrate utilization patterns in environmental and ecological microbiology[J]. *Microbial Ecology*, 1998, 35(2): 103–115.
- [14] O'Flaherty S. Comparison of phenotypic, functional and genetic diversity of bacterial communities in soils[C]//Ress R M, Campell B C, et al. Sustainable management of organic matter. Wallingford: CABI Publishing, 2001, 370–376.
- [15] 李 欣, 徐 钰, 江丽华, 等. 不同调控措施对设施蔬菜土壤理化性质的影响[J]. 山东师范大学学报: 自然科学版, 2012, 27(1): 92–96. LI Xin, XU Yu, JIANG Li-hua, et al. Effect of different control measures on soil physicochemical properties under greenhouse cultivation [J]. *Journal of Shandong Normal University: Natural Science*, 2012, 27(1): 92–96. (in Chinese)
- [16] Debosza K, Peter H R, Pedersena A R. Temporal variations in microbial biomass C and cellulolytic enzyme activity in arable soils: effects of organic matter input[J]. *Applied Soil Ecology*, 1999, 13(3): 209–218.
- [17] Guo J H, Liu X J, Zhang Y, et al. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. *Science*, 2010, 327: 1008–1010.
- [18] Degens B P, Schipper L A, Sparling G P, et al. Decreases in organic reserves in soils can reduce the catabolic diversity of soil microbial communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2000, 32(2): 189–196.
- [19] Mubarak A R, Rosenani A B. Soil organic matter fractions in humid tropics as influenced by application of crop residues[J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2003, 34(7/8): 933–943.
- [20] 罗希茜, 郝晓辉, 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. (in Chinese)