

施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响

李可, 孙彤, 孙涛, 徐应明, 孙约兵

引用本文:

李可, 孙彤, 孙涛, 等. 施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(10): 2316–2324.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0036>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

生物炭对中性水稻土养分和微生物群落结构影响的时间尺度变化研究

盖霞普, 刘宏斌, 翟丽梅, 任天志, 王洪媛

农业环境科学学报. 2016, 35(4): 719–728 <https://doi.org/10.11654/jaes.2016.04.016>

有机肥中重金属对菜田土壤微生物群落代谢的影响

林辉, 孙万春, 王飞, 王斌, 翁颖, 马军伟, 符建荣

农业环境科学学报. 2016, 35(11): 2123–2130 <https://doi.org/10.11654/jaes.2016-0674>

不同施肥措施对华北潮土区玉米田土壤微生物碳源代谢多样性的影响

刘红梅, 安克锐, 王慧, 张思宇, 赵建宁, 杨殿林, 张贵龙

农业环境科学学报. 2020, 39(10): 2336–2344 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0509>

长期施肥对黄土旱塬农田土壤微生物量碳、氮、磷的影响

李春越, 郝亚辉, 薛英龙, 王益, 党廷辉

农业环境科学学报. 2020, 39(8): 1783–1791 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0240>

有机质添加对铅污染农田土生态功能稳定性的影响研究

杨惠子, 陈明龙, 周怡然, 李璇, 穆清, 王丽娜, 王贵鑫, 张园

农业环境科学学报. 2017, 36(4): 694–701 <https://doi.org/10.11654/jaes.2016-1383>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

李可, 孙彤, 孙涛, 等. 施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(10): 2316–2324.

LI Ke, SUN Tong, SUN Tao, et al. Effects of applying organic fertilizer from chicken excrement on the microbial community structural diversity in soils planted with Chinese cabbage (*Brassica chinensis*) [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2020, 39(10): 2316–2324.



开放科学 OSID

施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响

李可¹, 孙彤^{1,2}, 孙涛^{1,3}, 徐应明¹, 孙约兵^{1*}

(1. 农业农村部环境保护科研监测所, 农业农村部产地环境污染防治重点实验室, 天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191; 2. 东北农业大学资源与环境学院, 哈尔滨 150030; 3. 新疆农业大学草业与环境科学学院, 乌鲁木齐 830052)

摘要:为探究施用不同剂量的鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响, 设置0(CK)、7.5 t·hm⁻²(T0.5)、15 t·hm⁻²(T1)、30 t·hm⁻²(T2)和60 t·hm⁻²(T4)5个鸡粪有机肥施用水平, 种植3茬油菜后采集土壤样品, 分析其基础化学性质和微生物磷脂脂肪酸(Phospholipid fatty acid, PLFA)组成特征, 并探究微生物与土壤化学性质之间的关联。结果表明:施用鸡粪有机肥后, 土壤肥力整体趋于升高, 其中T4处理土壤有机质、全氮、全磷、全钾、硝态氮和有效磷含量分别较CK增加了34.1%、48.2%、47.9%、35.5%、3.9%和14.7%;土壤总PLFA、各类群微生物PLFA含量和真菌PLFA/细菌PLFA在中、高量有机肥处理下显著高于不施肥处理, T4处理总PLFA、细菌总PLFA和真菌总PLFA含量分别较CK增加了53.4%、52.1%和108.3%;T2处理的Shannon、Simpson、Pielou指数最高。微生物群落结构在施用极低和低剂量鸡粪有机肥(≤15 t·hm⁻²)时较为相似, 且显著区别于中量和高量施肥处理(≥30 t·hm⁻²);冗余分析结果表明, 土壤基础化学特性解释了群落结构多样性发生变化的87.2%, 起主要作用的环境因子包括硝态氮、总磷和pH, 其中微生物PLFA与有效磷、铵态氮、硝态氮、全氮、全磷含量呈正相关, 与土壤CEC和pH呈负相关。研究表明:施用鸡粪有机肥可以提高土壤肥力, 增加土壤微生物群落多样性, 但土壤微生物群落结构及多样性对不同的施肥剂量的响应结果不同, 施用量为30 t·hm⁻²和60 t·hm⁻²时明显提高了土壤肥力、微生物总量及各菌群生物量, 效果优于其他处理。因此, 在短期内可通过适当增加有机肥的施用量来提高土壤肥力和生物学质量。

关键词:有机肥; 土壤; 肥力; 磷脂脂肪酸; 土壤微生物; 群落结构

中图分类号: S154.36

文献标志码: A

文章编号: 1672-2043(2020)10-2316-09

doi:10.11654/jaes.2020-0036

Effects of applying organic fertilizer from chicken excrement on the microbial community structural diversity in soils planted with Chinese cabbage (*Brassica chinensis*)

LI Ke¹, SUN Tong^{1,2}, SUN Tao^{1,3}, XU Ying-ming¹, SUN Yue-bing^{1*}

(1. Tianjin Key Laboratory of Agro-Environment and Agro-Product Safety, Key Laboratory of Original Agro-Environmental Pollution Prevention and Control, Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin 300191, China; 2. College of Resources and Environment, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 3. College of Grassland and Environment Sciences, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052, China)

Abstract: To better understand the influence of different doses of organic fertilizer from chicken excrement on the soil microbial community diversity in soils planted with Chinese cabbage (*Brassica chinensis*), five levels (CK: 0, T0.5: 7.5 t·hm⁻², T1: 15 t·hm⁻², T2: 30 t·hm⁻², and T4: 60 t·hm⁻²) of organic fertilizer from chicken excrement were applied to the experimental plots. Field trials included three

收稿日期: 2020-01-08 录用日期: 2020-03-15

作者简介: 李可(1995—), 女, 河南浚县人, 硕士研究生, 从事土壤重金属污染治理研究。E-mail: ke_lee@foxmail.com

*通信作者: 孙约兵 E-mail: sunyuebing@aepi.org.cn

基金项目: 国家重点研发计划项目(2017YFD0801402); 天津市自然科学基金重点项目(17JCZDJC34200)

Project supported: National Key R&D Program of China (2017YFD0801402); The Key Program of Natural Science of Tianjin Foundation, China (17JCZDJC34200)

crops of Chinese cabbage. After the Chinese cabbages were harvested, soil samples were collected for analyzing the basic chemical properties and the microbial phospholipid fatty acid (Phospholipid fatty acid, PLFA) composition to investigate the changes in the microbial population and community structure and diversity, and the correlation between them when different levels of fertilizers were applied. Results show that the application of organic fertilizer from chicken excrement increased the soil fertility. The soil organic matter (SOM), total nitrogen (TN), total phosphorus (TP), total potassium (TK), nitrate nitrogen (nitrate-N), and available phosphorus (AP) increased respectively by 34.1%, 48.2%, 47.9%, 35.5%, 3.9%, and 14.7% in T4 over that in CK. The total PLFA content, that of each microbial group, and the fungus-to-bacteria PLFA ratios in middle and high fertilizer treatments were higher than that in the treatment without fertilizer. Among these treatments, the total PLFA content, the bacterial, and the fungal PLFA in T4 increased by 53.4%, 52.1%, and 108.3%, respectively in contrast to the control. The Shannon, Simpson, and Pielou indexes in T2 were the highest among the treatments. Microbial community structural diversity was similar among treatments with no fertilizer, extremely low, and low fertilizer applications ($\leq 15 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$), and differed significantly from treatments with moderate and high fertilizer applications ($\geq 30 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$). The results of redundant analysis (RDA) showed that the basic chemical characteristics of soil explained 87.2% of the changes in the community structural diversity. The main driving factors were nitrate-N, TP, and pH. Microbial PLFA were positively correlated with the AP, ammonium nitrogen (ammonium-N), nitrate-N, TN, and TP, while they were negatively correlated with soil CEC and pH. These results indicate that the fertility and microbial community diversity in soil can be improved by the application of organic fertilizer from chicken excrement. However, changes in soil microbial community structure and diversity varied according to different doses of organic fertilizer from chicken excrement. Fertilization rates of $30 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ and $60 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ were more effective for improving soil fertility and microbial amounts when compared to other treatment levels. Therefore, organic fertilizer derived from chicken excrement can be used to improve the soil fertility and biological quality by appropriately increasing the rate of application in a short time.

Keywords: organic fertilizer; soil; fertility; phospholipid fatty acid (PLFA); soil microbes; community structure

土壤微生物是农田生态系统中最活跃的一部分,通常作为土壤环境发生变化的指示物^[1],可反映土壤的健康程度^[2],已成为目前生态农业研究的热点之一。土壤微生物对人为因素的干扰极其敏感,其中施用有机肥不仅可以影响土壤肥力和理化性质^[3],而且还会引起土壤微生物结构和多样性的变化。随着研究的深入,越来越多的方法应用于土壤微生物研究当中,其中磷脂脂肪酸(Phospholipid fatty acid, PLFA)分析法可以定量地反映不同类群活体微生物的量、微生物总量和群落结构等信息^[4-5],具有分析速度快、方法简单、稳定性好等特点,因此在土壤微生物多样性分析中得到了广泛应用^[6-7]。白震等^[8]在种植玉米的农田上研究发现,与单施化肥相比,施用猪粪有机肥和猪粪有机肥化肥配施均有效地提高了土壤氮磷钾等养分的含量,土壤真菌、细菌的 PLFA 含量显著增加。李金岚等^[9]针对种植玉米的土壤进行研究,指出不同施肥处理中,化肥+有机肥(鸡粪)处理可明显增加土壤微生物总 PLFA 的含量,主成分分析结果显示,化肥+有机肥处理的微生物群落结构相较于不施肥和施化肥处理变化较大。张恩平等^[10]通过研究种植番茄土壤的微生物发现,配施有机肥(马粪)可提高番茄根际土壤微生物群落功能多样性,其中丰富度指数普遍高于单施化肥处理,香农指数、均匀度指数和优势

度指数无显著差异。有机肥对土壤肥力和微生物群落结构影响显著,但目前的研究多集中于不同施肥方式,如有机肥化肥配施和单施化肥对土壤微生物群落结构的影响,而针对有机肥不同施肥量和菜地施用有机肥微生物群落结构变化的报道较少。

畜禽粪便中含有丰富的有机质和氮磷等营养元素,经过堆肥处理的畜禽粪便施用于土壤,可以减少养殖废弃物的排放,实现资源化利用,同时可替代化肥的使用,改善地力。鸡的消化道较短,对饲料消化率低,导致大量营养物质随粪便排出^[11],鸡粪中氮、磷、钾含量相对较高,分别为 1.63%、1.54% 和 0.85%^[12],因此鸡粪作为有机肥主要原料之一,被广泛应用于农业生产当中。本研究通过大田试验,采用 PLFA 技术探讨鸡粪有机肥不同施用水平下,土壤化学特性和微生物群落结构的变化规律,旨在明确不同施肥量对土壤微生物群落结构的影响,以期科学养田、提高菜地土壤生物学质量、确定有机肥合理施用量提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点位于天津市东丽区露天菜地,该地土壤类型为潮土,基本化学特征为:pH 8.19,有机质 28.23

$\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 阳离子交换量 $33.63 \text{ cmol} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全氮 $0.83 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全磷 $0.94 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全钾 $14.61 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 铵态氮 $11.56 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 硝态氮 $100.35 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 有效磷 $117.58 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。鸡粪有机肥购自天津市中埴盛华农业科技有限公司, 其基础化学特性为: pH 8.39, 有机质 $345.50 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全氮 $21.56 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全磷 $20.18 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全钾 $15.8 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。

1.2 试验设计与样品采集

试验设置5个鸡粪施用量, 分别为0、7.5、15、30、60 $\text{t} \cdot \text{hm}^{-2}$, 分别记为CK(不施肥)、T0.5(极低量有机肥)、T1(低量有机肥)、T2(中量有机肥)和T4(高量有机肥), 其中T2为常规施肥量处理。每个处理3次重复, 共15个小区, 每个小区面积 10 m^2 , 各小区随机分组排列并用田埂隔开, 小区内种植小油菜, 品种为当地广泛种植的寒绿(*Brassica chinensis* cv. Hanlv)。采用人工撒施的方法将有机肥于2017年4月15日一次性均匀施入小区内, 翻耕, 混匀(深度20 cm), 浇水。小油菜共种植3茬, 每茬油菜种植周期为40 d, 每10 d左右灌一次水, 使田间持水量保持在60%~80%。小油菜生长期间不再施用其他肥料, 定期除草, 按照田间常规管理方式进行管理。第3茬小油菜收获后, 采用多点混合采样的方法采集各小区0~20 cm土层土壤样品, 一部分土壤样品于 -20°C 冷冻保存, 用于土壤PLFA的测定, 另一部分土样在室内自然风干, 去除杂物和植物的残体, 研磨, 过筛, 用于土壤化学特性的测定。

1.3 土壤基本化学特征分析方法

土壤pH按照1:2.5固液比浸提, 滤液使用pH计(NY/T 1377—2007)测定; 土壤有机质采用重铬酸钾容量法(NY/T 1121.6—2006)测定; 土壤阳离子交换量采用一次性平衡法测定; 全氮采用自动定氮仪测定(NY/T 1121.24—2012); 铵态氮、硝态氮采用 $0.01 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 CaCl_2 浸提, 使用连续流动分析仪测定; 全磷采用NaOH熔融-钼锑抗比色法测定; 有效磷采用 $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NaHCO_3 浸提剂浸提, 使用紫外分光光度计测定; 土壤全钾采用NaOH熔融-原子吸收分光光度法测定。

1.4 土壤磷脂脂肪酸(PLFA)生物标记分析方法

磷脂脂肪酸(PLFA)的测定参照Bossio等^[13]的方法并进行改进。取冻干土样8.0 g, 将土壤进行两次浸提与分离, 然后依次进行萃取磷脂、酯化, 以十九烷酸甲酯(C19:00)为内标, 所得样品在气相色谱仪(Agilent 7890B)上采用美国MIDI公司生产的微生物

自动鉴定系统(MIDI Sherlock)进行磷脂脂肪酸鉴定, 每种磷脂脂肪酸的定量通过样品中的内标(C19:00)来表达^[14]。土壤微生物的磷脂脂肪酸的表征参照文献[15–17], 通过分析不同处理土壤特征磷脂脂肪酸的变化, 来揭示土壤微生物群落组成及结构的变化, 并以PLFA数据为依据, 通过计算不同施肥处理的Simpson指数^[18]、Shannon指数^[18]和Pielou指数^[19], 分析土壤微生物的多样性、丰富度和均匀度的变化情况。

1.5 统计分析

实验数据利用Excel 2013进行整理, 采用DPS进行单因素方差分析及差异显著性分析, Canoco 5.0进行主成分分析和冗余分析, 绘图使用Origin 2018软件。

2 结果与分析

2.1 土壤基本化学特征

土壤基本化学性质如表1所示。土壤pH为7.80~8.26, 呈弱碱性, 与CK相比, 施用极低和低量(T0.5和T1)鸡粪有机肥提高了土壤pH, 但未达到显著水平($P>0.05$), 中量和高量(T2和T4)显著降低了土壤pH($P<0.05$)。与不施肥相比, 施用有机肥可以提高菜地土壤有机质(7.0%~34.1%)、CEC(5.8%~13.5%)、全氮(9.6%~48.2%)、全磷(10.6%~47.9%)、全钾(7.4%~35.5%)、铵态氮(8.7%~46.1%)、硝态氮(1.2%~3.9%)和有效磷(2.9%~14.7%)的含量, 其中有机质、全磷、全钾、硝态氮和有效磷的含量随着有机肥施用量的增加而增大, 且各处理有机质、全磷和全钾的含量均显著高于CK($P<0.05$)。

2.2 土壤微生物群落结构多样性

2.2.1 磷脂脂肪酸含量变化

有机肥不同施用量对土壤微生物PLFA的影响各不相同(表2), 土壤总PLFA、革兰氏阴性菌(G^-)、革兰氏阳性菌(G^+)、细菌和真菌的PLFA变化趋势基本一致, PLFA含量表现为在极低量和低量施肥处理(T0.5和T1)下有所抑制, 降低幅度分别为9.1%~11.7%、10.4%~18.9%、5.0%~6.5%、8.6%~13.1%和5.3%~7.7%, 且除真菌外, 其他较对照组均显著降低($P<0.05$); 而在中、高剂量有机肥处理(T2和T4)下, PLFA含量均有所上升, 且在T4处理时显著升高并达到最大值, 与CK相比, 最高增幅分别为53.4%、65.5%、52.9%、52.1%和108.3%。

前人研究发现 G^- PLFA/ G^+ PLFA和真菌PLFA/细

表1 土壤主要化学参数
Table 1 Main chemical parameters of soil

参数 Parameters	CK	T0.5	T1	T2	T4
pH	8.19±0.07a	8.26±0.01a	8.22±0.02a	7.83±0.11b	7.80±0.01b
有机质 SOM/(g·kg ⁻¹)	28.23±0.37d	30.22±0.96c	31.06±0.40c	35.11±0.63b	37.86±1.09a
阳离子交换量 CEC/(cmol·kg ⁻¹)	33.63±0.45d	37.01±0.92ab	38.17±1.04a	35.57±0.51c	36.13±0.23bc
全氮 Total N/(g·kg ⁻¹)	0.83±1.15e	1.15±0.01b	0.95±0.01c	0.91±0.02d	1.23±0.01a
全磷 Total P/(g·kg ⁻¹)	0.94±0.04d	1.04±0.03c	1.22±0.02b	1.26±0.01b	1.39±0.23a
铵态氮 Ammonium-N/(mg·kg ⁻¹)	11.56±0.27d	12.56±0.89d	14.08±0.72c	16.89±1.97a	15.57±0.68b
硝态氮 Nitrate-N/(mg·kg ⁻¹)	100.35±1.15d	101.51±0.44cd	101.93±0.34bc	103.06±0.49ab	104.28±0.96a
有效磷 Available P/(mg·kg ⁻¹)	117.58±3.03c	121.04±3.68c	126.08±2.40b	133.50±1.88a	134.87±4.01a
全钾 Total K/(g·kg ⁻¹)	14.61±0.45d	15.69±0.26c	16.26±0.26c	17.42±0.67b	19.80±0.69a

注:不同字母代表不同处理间差异显著($P<0.05$)。下同。
Note: Different letters represent significant differences under diverse fertilization treatments ($P<0.05$). The same below.

表2 土壤磷脂脂肪酸含量特征
Table 2 Content of phospholipid fatty acid (PLFA) in soils

处理 Treatments	总磷脂脂肪酸 TPLFA/(nmol·g ⁻¹)	革兰氏阴性菌 G ⁻ /(mol·g ⁻¹)	革兰氏阳性菌 G ⁺ /(mol·g ⁻¹)	细菌总量 Total bacteria/(mol·g ⁻¹)	真菌总量 Total fungus/(mol·g ⁻¹)	真菌 PLFA/细菌 PLFA Fungus PLFA/Bacteria PLFA	革兰氏阳性菌 PLFA/革兰氏阴性菌 PLFA G ⁺ PLFA/G ⁻ PLFA
CK	165.88±4.32c	46.33±0.29b	41.66±1.87b	130.53±1.21c	6.01±0.30c	0.046±0.002c	0.90±0.04c
T0.5	146.51±2.52d	37.56±0.48d	38.96±1.05c	113.46±2.34e	5.69±0.09c	0.050±0.002bc	1.04±0.03a
T1	150.73±0.98d	41.49±0.26c	39.59±1.13c	119.35±0.81d	5.55±0.27c	0.047±0.003c	0.95±0.03b
T2	186.19±6.57b	48.39±2.99b	43.11±3.07b	144.36±2.42b	8.67±1.60b	0.060±0.004ab	0.89±0.03c
T4	254.46±5.53a	76.68±4.33a	63.71±3.61a	198.54±5.25a	12.52±1.15a	0.063±0.003a	0.83±0.07d

菌 PLFA 的比值可作为研究微生物群落结构变化的指标^[20]。投加鸡粪有机肥后真菌 PLFA/细菌 PLFA 的比值均有所提高,且 T2 和 T4 处理显著高于 CK ($P<0.05$),其中 T4 处理比值最高。说明随着施肥量的增加,土壤真菌与细菌的构成发生了显著变化,真菌的占比增大,细菌反之。 G^+ PLFA/ G^- PLFA 的比值范围为 0.83~1.04,T0.5 处理比值最高,而 T4 处理比值最低。除 T0.5 和 T1 处理外,其他处理的 G^+ PLFA/ G^- PLFA 比值均低于对照,且随施肥量的增加而降低,并在 T4 处理达到显著水平 ($P<0.05$),说明有机肥不同施用量明显改变了土壤细菌结构。

由图 1 可知,细菌为各处理土壤的优势微生物,其 PLFA 含量占微生物 PLFA 总量的 75.6%~77.2%,细菌类群中,革兰氏阴性菌和革兰氏阳性菌所占的比重较高,分别为 25.5%~30.1% 和 23.2%~26.6%,革兰氏阴性菌在 CK、T1、T2 和 T4 处理中为优势菌群,占比分别为 27.9%、27.5%、26.0% 和 30.1%;而在 T0.5 处理中则以革兰氏阳性菌为主,其占比为 26.6%;两种菌群对不同施肥处理的响应结果不同。除细菌外,真菌的总 PLFA 含量占比较高,为 3.6%~5.2%,且占比随施肥

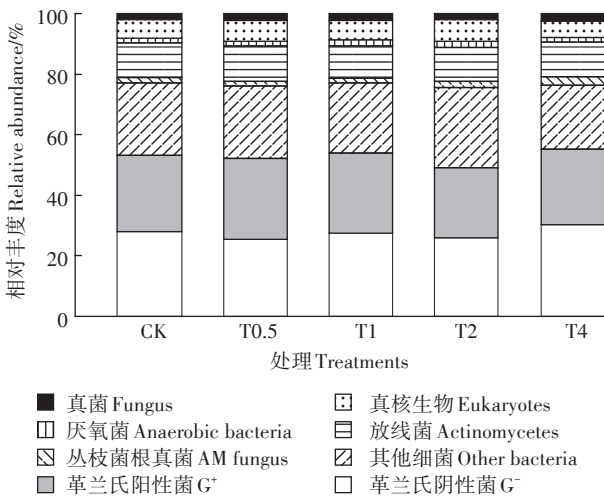


图1 施用鸡粪有机肥对土壤微生物 PLFA 占比的影响
Figure 1 The ratio of microbes PLFA under different treatments of organic fertilizer from chicken excrement

量的增加而升高(除 T0.5 处理外)。厌氧菌和真核生物 PLFA 含量占比则相对较少。

2.2.2 生态学指数特征分析
Shannon 指数表征微生物群落物种组成的多样

性^[21-22],其值越大,说明微生物物种的多样性越高。Simpson 指数表征群落中最常见物种的优势度^[23-24]。Pielou 指数反映群落中物种的均匀度^[23-24]。土壤微生物群落多样性的分析结果(表3)表明,施用有机肥处理的 Simpson 指数、Shannon 指数和 Pielou 指数较对照组均有不同程度的增加,其中 Simpson 指数的最大值出现在 T2 处理,为 0.790,显著高于 CK ($P<0.05$),CK 处理的值最小,为 0.782;Shannon 指数和 Pielou 指数值较高的是 T2 和 T4 处理,均显著高于 CK ($P<0.05$),并在 T2 时取到最大值。说明施用有机肥增加了土壤微生物的多样性,施肥量 $\geq 30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时,对土壤微生物多样性的影响较大。

2.2.3 土壤微生物群落主成分分析

不同处理的土壤磷脂脂肪酸主成分分析结果(图2)表明,第一主成分轴和第二主成分轴对不同施肥处理的差异贡献率分别为 90.4% 和 4.6%,其累计贡献率达到 95.0%。各处理中,CK、T0.5、T1 最为接近,均位

表3 磷脂脂肪酸生物标记物生态学指数

Table 3 Ecological index of phospholipid fatty acid biomarkers

处理 Treatments	Simpson 指数 Simpson index	Shannon 指数 Shannon index	Pielou 指数 Pielou index
CK	0.782±0.001c	1.667±0.009c	1.040±0.005c
T0.5	0.788±0.001ab	1.696±0.005ab	1.054±0.003b
T1	0.784±0.001bc	1.686±0.001bc	1.048±0.004bc
T2	0.790±0.005a	1.713±0.020a	1.065±0.013a
T4	0.785±0.004bc	1.701±0.013ab	1.057±0.008ab

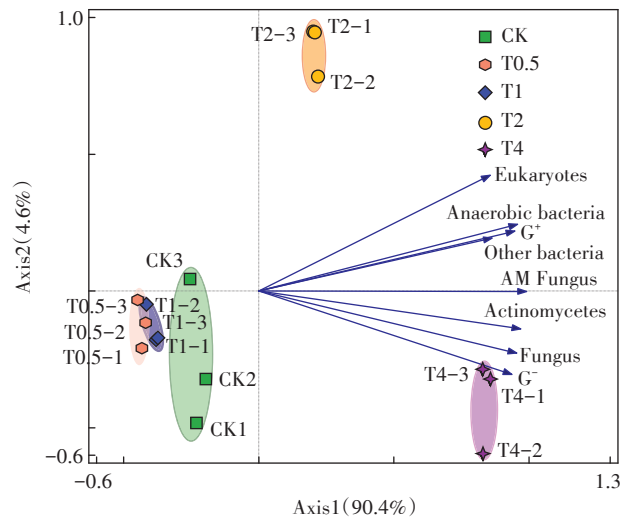


图2 不同施肥处理的土壤微生物特征磷脂脂肪酸主成分分析
Figure 2 Principal component analysis of phospholipid fatty acids in soil microbial characteristics under different fertilization treatments

于第三象限,说明以上3个处理微生物群落组成较为相似;而 T2 和 T4 分别位于第一象限和第四象限,表明 T2 和 T4 处理的微生物群落结构发生了较大的变化,且与 CK、T0.5、T1 处理差异显著。T2 和 T4 处理与各类群微生物箭头指向基本一致,呈锐角,说明该施肥处理与微生物的 PLFA 含量相关性较强,而 CK、T0.5、T1 处理与箭头方向相反,呈钝角,说明其相关性较弱。以上结果表明,施肥改变了土壤原有微生物群落的组成和结构,尤其是在有机肥施用量为 $30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 $60\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时对各类群微生物的影响较大。

2.2.4 土壤微生物与环境因子的 RDA 分析

为解释引起土壤中微生物群落结构变化的主要环境因子,对各类群微生物 PLFA 含量与土壤化学特征进行冗余分析(Redundant analysis, RDA)(图3)。首先对微生物群落的 PLFA 值进行除趋势对应(DCA)分析,结果表明其4个排序轴的长度均小于3,因此选用 RDA 进行分析。利用 Canoco 5.0 软件对影响土壤微生物群落结构变化的土壤基础化学性质等环境因子进行蒙特卡罗检验。有机质和全钾的膨胀因子(F)均大于 20,与其他环境因子具有多重共线性,因此去除以上两个因子。筛选结束后选择 CEC($F=2.6$, $P=0.110$)、全氮($F=0.2$, $P=0.764$)、全磷($F=3.6$, $P=0.076$)、硝态氮($F=13$, $P=0.004$)、铵态氮($F=0.6$, $P=0.468$)、有效磷($F=3.9$, $P=0.070$)、pH($F=6.3$, $P=0.034$)几个环境因子进行冗余分析。由图4可知,两个排序轴对物种变量的解释度达 87.2%,其中第一、

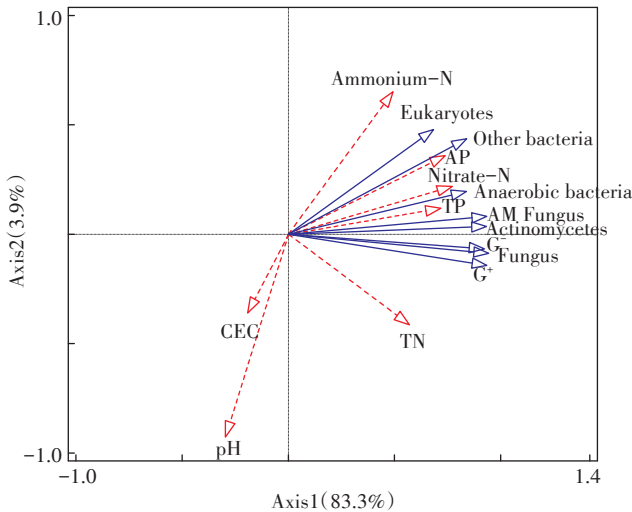


图3 土壤微生物群落特征与环境因子的 RDA 排序图
Figure 3 RDA ordination diagram of microbial communities characteristics and environmental factors of soil

第二排序轴分别解释了微生物群落变化的83.3%和3.9%。硝态氮和pH分别占总解释度的50.0%和11.9%,是对微生物结构变异影响较大的两个环境因子,其次是总磷(10.1%)、CEC(8.9%)和有效磷(5.7%),铵态氮和全氮所占的比例较小,分别为0.9%和0.3%。由环境因子与微生物PLFA箭头的夹角可知,CEC、pH与各微生物PLFA表现为负相关,有效磷、铵态氮、硝态氮、全氮、全磷与各菌群PLFA呈正相关。

3 讨论

施用有机肥可提高土壤肥力,改善土壤环境条件。胡诚等^[25]研究发现,随着有机肥施用量的增加,土壤pH降低,逐渐接近中性。本研究中,土壤pH在施肥量小于 $30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时与不施肥相比无显著变化,施肥量为 $30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 $60\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时,pH低于不施肥处理,原因可能是大量施入有机肥使得土壤硝化作用增强,产生了大量的 H^+ ,从而降低了土壤的pH^[26]。宇万太等^[27]研究发现,施用有机肥能显著提高土壤中全磷和全钾含量,且高量有机肥处理增加幅度明显高于低量施肥处理,这与本研究结果相一致。宋蒙亚等^[20]发现,菜地土壤有效态养分含量增加的直接原因可能是大量施用有机肥后土壤的氮磷等营养物质得到了有效的补充,这也可能是本研究中土壤铵态氮、硝态氮和有效磷含量随着施肥量的增加不断累积,且在施肥量较高时明显增加的原因。弓萌萌等^[28]研究发现,土壤有机质含量随有机肥施用量的增加而增大,其主要原因是有机肥中有机质含量丰富,在本研究中,有机质的变化规律与上述结果一致,且施用鸡粪有机肥后有机质含量显著升高。

微生物是土壤生态环境中重要的组成部分,对土壤环境的变化极其敏感^[29]。施肥后土壤中微生物的量会发生明显变化,表现为显著增加^[30]。本研究中,微生物总PLFA的含量在施用较低剂量有机肥料($\leq 15\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$)时低于CK,而中、高剂量($\geq 30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$)施肥处理则高于CK,此外, G^- 、 G^+ 、真菌和细菌PLFA含量的变化规律与总PLFA基本一致。有机肥施用量较大时,土壤细菌和真菌均有所增加,其中真菌增长幅度相对较大,但细菌在微生物类群中仍占据绝对优势。大量有机肥提供的养分满足了土壤中微生物代谢活动的需要^[31],同时缓解了土壤不适宜的酸碱度对微生物的影响^[32];此外,施肥量较高时向土壤中输入了大量的外源微生物,在一定程度上起到了“接种”的作

用^[33-34]。土壤微生物的生态学指数均明显高于不施肥处理,这与夏昕等^[35]的研究结果一致,施肥量为 $30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时,土壤微生物的生态学指数最高,说明施用有机肥会增加土壤微生物群落的多样性,使土壤微生物的量及群落构成发生变化。施加高量有机肥($60\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$)时,土壤微生物群落的多样性、丰富度和均匀度较常规施肥量虽有所降低,但Shannon指数和Pielou指数的降低幅度较小,均未达到显著水平。

真菌PLFA/细菌PLFA的值可反映土壤真菌与细菌的结构比例、土壤生态系统稳定性及健康程度,且比值越高越稳定^[36]。施用有机肥后,土壤真菌与细菌的磷脂脂肪酸比值均有所升高,中量和高量有机肥处理显著高于不施肥处理,这与裴雪霞等^[37]的研究结果一致,该结果说明施肥改变了真菌与细菌的比例结构,施用有机肥的土壤生态系统的稳定性优于不施肥处理,且施肥量 $\geq 30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时更有利于生态系统的稳定性,其原因可能是真菌可通过菌丝移动来分解外来营养物质,且对碳源的同化效率高,而细菌则不具备此优势^[35]。施用有机肥为土壤提供了外来碳源,有利于真菌的生长繁殖,且施肥量较大时,真菌比细菌更占据优势。 G^+ PLFA/ G^- PLFA的比值可表征土壤的营养状况,比值越低营养状况越好^[38]。本研究结果表明,随着有机肥投入量的增加,革兰氏阴性菌的相对丰度高于革兰氏阳性菌,且 G^+ PLFA/ G^- PLFA的比值呈降低趋势,说明随着有机肥施用量的增加,土壤所受的营养胁迫降低,由表1可知,施肥量较高时土壤营养状况明显改善。

主成分分析(图2)将不同施肥量处理明显区分开来,分为不施肥处理和较低剂量有机肥处理、中量有机肥处理、高量有机肥处理3部分,这表明施肥量对土壤微生物的结构影响显著,且施肥量 $\geq 30\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 时微生物群落结构开始发生转变。土壤微生物群落结构受到土壤理化性质的影响,因此微生物群落结构的改变也可能是由于不同施肥处理的土壤环境中理化性质的差异造成不同处理间微生物的生长、繁殖与富集不尽相同^[39]。牛佳等^[40]研究发现,土壤中的碳、氮含量是土壤微生物生长的主要限制因素。Bekku等^[41]认为土壤有机质和全氮可能是影响土壤微生物生长的主要因素。在本研究中,硝态氮(50%)、pH(11.9%)和总磷(10.1%)对群落结构改变的解釋度最大,硝态氮和总磷是土壤养分的重要组成部分,说明施用有机肥主要是通过改变土壤氮磷的养分水平及土壤的酸碱度,从而对土壤微生物群落结构产生影

响,这与章家恩等^[42]和孙瑞莲等^[43]的研究结果相一致。CEC和pH与各微生物PLFA的量表现为负相关,这可能是造成施肥量较低时,土壤微生物PLFA含量降低的原因。张蓉等^[44]以复垦多年的林地和草地为研究对象,发现CEC与土壤微生物PLFA含量呈正相关,与本试验研究结果相反,这可能与研究区域土壤本身性质、土壤利用方式及气候因素等的差异有关,其具体原因还有待进一步验证。

4 结论

(1)施加鸡粪有机肥有效地改变了土壤的化学性质,提高了土壤肥力。在极低量有机肥处理下土壤铵态氮、硝态氮和有效磷含量未明显增加;而不同施肥水平下,土壤CEC、有机质、全氮、全磷和全钾含量均显著增加。

(2)中量和高量有机肥处理促进了土壤微生物PLFA含量的增加,土壤微生物生态指数的增长,明显提高了真菌与细菌磷脂脂肪酸的比值。

(3)施加鸡粪有机肥有效地改变了土壤微生物的群落结构,且施加中量和高量有机肥处理($\geq 30 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$)土壤微生物群落结构显著区别于不施肥和较低剂量有机肥处理($\leq 15 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$),驱动土壤微生物群落组成发生变化的主要因素为硝态氮、全磷和pH。

参考文献:

- [1] An S S, Mentler A, Acosta-Martínez V, et al. Soil microbial parameters and stability of soil aggregate fractions under different grassland communities on the Loess Plateau, China[J]. *Biologia*, 2009, 64(3): 424-427.
- [2] 张薇,魏海雷,高洪文,等.土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J]. *生态学杂志*, 2005, 24(1): 48-52.
ZHANG Wei, WEI Hai-lei, GAO Hong-wen, et al. Advances of studies on soil microbial diversity and environmental impact factors[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2005, 24(1): 48-52.
- [3] 丁建莉,姜昕,关大伟,等.东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应[J]. *中国农业科学*, 2016, 49(22): 4408-4418.
DING Jian-li, JIANG Xin, GUAN Da-wei, et al. Responses of micro-population in black soil of northeast China to long-term fertilization and crops[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2016, 49(22): 4408-4418.
- [4] 董黎明.利用磷脂脂肪酸表征白洋淀沉积物微生物特征[J]. *环境科学*, 2011, 31(11): 1875-1880.
DONG Li-ming. Microbial characteristics in the sediments of Baiyang-dian Lake utilizing phospholipid fatty acids analysis[J]. *China Environmental Science*, 2011, 31(11): 1875-1880.
- [5] 张秋芳,刘波,林营志,等.土壤微生物群落磷脂脂肪酸PLFA生物标记多样性[J]. *生态学报*, 2009, 29(8): 4127-4137.
ZHANG Qiu-fang, LIU Bo, LIN Ying-zhi, et al. The diversity of phospholipid fatty acid (PLFA) biomarker for the microbial community in soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2009, 29(8): 4127-4137.
- [6] Ibekwe A M, Kennedy A C. Phospholipid fatty acid profiles and carbon utilization patterns for analysis of microbial community structure under field and greenhouse conditions[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 1998, 26(2): 151-163.
- [7] 白震,何红波,张威,等.磷脂脂肪酸技术及其在土壤微生物研究中的应用[J]. *生态学报*, 2006, 26(7): 2387-2394.
BAI Zhen, HE Hong-bo, ZHANG Wei, et al. PLFAs technique and its application in the study of soil microbiology[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(7): 2387-2394.
- [8] 白震,张明,宋斗妍,等.不同施肥对农田黑土微生物群落的影响[J]. *生态学报*, 2008, 28(7): 3244-3253.
BAI Zhen, ZHANG Ming, SONG Dou-yan, et al. Effect of different fertilization on microbial community in an arable mollisol[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(7): 3244-3253.
- [9] 李金岚,洪坚平,谢英荷,等.采煤塌陷地不同施肥处理对土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态学报*, 2010, 30(22): 6193-6200.
LI Jin-lan, HONG Jian-ping, XIE Ying-he, et al. Effects of different fertilization treatments on reclaimed soil microbial community structure in core-mining subsidence area[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(22): 6193-6200.
- [10] 张恩平,田悦悦,李猛,等.长期不同施肥对番茄根际土壤微生物功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(14): 5027-5036.
ZHANG En-ping, TIAN Yue-yue, LI Meng, et al. Effects of various long-term fertilization regimes on soil microbial functional diversity in tomato rhizosphere soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(14): 5027-5036.
- [11] 杨丽英,周小燕.生物饲料的现状与发展前景[J]. *畜牧与饲料科学*, 2010, 31(1): 34-36.
YANG Li-ying, ZHOU Xiao-yan. Current situation and development prospects of biological feed[J]. *Animal Husbandry and Feed Science*, 2010, 31(1): 34-36.
- [12] Ravindran B, Mkeni P N S. Bio-optimization of the carbon-to-nitrogen ratio for efficient vermicomposting of chicken manure and waste paper using *Eisenia fetida*[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, 23(17): 16965-16976.
- [13] Bossio D A, Scow K M. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: Phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns[J]. *Microbial Ecology*, 1998, 35(3/4): 265-278.
- [14] Abaye D A, Lawlor K, Hirsch P R, et al. Changes in the microbial community of an arable soil caused by long-term metal contamination[J]. *European Journal of Soil Science*, 2005, 56(1): 93-102.
- [15] Frostegård Å, Bååth E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1993, 25(6): 723-730.
- [16] Tunlid A, Hoitink H A, Low C, et al. Characterization of bacteria that suppress rhizoctonia damping-off in bark compost media by analysis of fatty acid biomarkers[J]. *Applied & Environmental Microbiology*, 1989, 55(6): 1368-1374.

- [17] 郭芸, 孙本华, 王颖, 等. 长期施用不同肥料土 PLFA 指纹特征[J]. 中国农业科学, 2017, 50(1): 94-103.
GUO Yun, SUN Ben-hua, WANG Ying, et al. PLFA fingerprint characteristics of an anthropogenic loess soil under long-term different fertilizations[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(1): 94-103.
- [18] 陈佳勃, 赵瑞辰, 王艳杰, 等. 基于大型底栖动物群落生物指数的清河水环境模糊综合评价[J]. 农业环境科学学报, 2018, 37(12): 2837-2845.
CHEN Jia-bo, ZHAO Rui-chen, WANG Yan-jie, et al. Fuzzy comprehensive evaluation based on macroinvertebrate biological indices for water quality monitoring in the Qing River basin[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, 37(12): 2837-2845.
- [19] 孙海新, 刘训理. 茶树根际微生物研究[J]. 生态学报, 2004, 24(7): 1353-1357.
SUN Hai-xin, LIU Xun-li. Microbes studies of tea rhizosphere[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(7): 1353-1357.
- [20] 宋蒙亚, 李忠佩, 吴萌, 等. 不同种植年限设施菜地土壤微生物量和群落结构的差异[J]. 中国农业科学, 2015, 48(18): 3635-3644.
SONG Meng-ya, LI Zhong-pei, WU Meng, et al. Changes in soil microbial biomass and community structure with cultivation chronosequence of greenhouse vegetables[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 48(18): 3635-3644.
- [21] Kourtev P S, Ehrenfeld J G, Häggblom M. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil[J]. *Ecology*, 2002, 83(11): 3152-3166.
- [22] 张超, 周旭, 张海, 等. 苹果专用肥对旱地果园土壤酶活性以及微生物多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2017, 36(12): 3485-3492.
ZHANG Chao, ZHOU Xu, ZHANG Hai, et al. Effect of apple special fertilizer on soil enzyme activities and functional diversity of microbial community in a non-irrigated apple orchard[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2017, 36(12): 3485-3492.
- [23] 林辉, 孙万春, 王飞, 等. 有机肥中重金属对菜田土壤微生物群落代谢的影响[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(11): 2123-2130.
LIN Hui, SUN Wan-chun, WANG Fei, et al. Effects of heavy metal within organic fertilizers on the microbial community metabolic profile of a vegetable soil after land application[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2016, 35(11): 2123-2130.
- [24] 朱金山, 张慧, 马连杰, 等. 不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析[J]. 环境科学, 2018, 39(5): 2400-2411.
ZHU Jin-shan, ZHANG Hui, MA Lian-jie, et al. Diversity of the microbial community in rice paddy soil with biogas slurry irrigation analyzed by illumina sequencing technology[J]. *Environmental Science*, 2018, 39(5): 2400-2411.
- [25] 胡诚, 曹志平, 罗艳蕊, 等. 长期施用生物有机肥对土壤肥力及微生物生物量碳的影响[J]. 中国生态农业学报, 2007, 15(3): 48-51.
HU Cheng, CAO Zhi-ping, LUO Yan-rui, et al. Effect of long-term application of microorganismic compost or vermicompost on soil fertility and microbial biomass carbon[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2007, 15(3): 48-51.
- [26] Guo J H, Liu X J, Zhang Y, et al. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. *Science*, 2010, 327(5968): 1008-1010.
- [27] 宇万太, 姜子绍, 马强, 等. 施用有机肥对土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2009, 15(5): 1057-1064.
YU Wan-tai, JIANG Zi-shao, MA Qiang, et al. Effects of application of manure on soil fertility[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2009, 15(5): 1057-1064.
- [28] 弓萌萌, 王红, 张雪梅, 等. 不同有机肥施用量对苹果园土壤养分及酶活性的影响[J]. 西北林学院学报, 2019, 34(3): 74-78, 97.
GONG Meng-meng, WANG Hong, ZHANG Xue-mei, et al. Effects of different organic fertilizer amounts on soil nutrient and enzyme activity of apple orchard[J]. *Journal of Northwest Forestry University*, 2019, 34(3): 74-78, 97.
- [29] 余贤美, 安森, 王海荣, 等. 枯草芽孢杆菌 Bs-15 对板栗土壤微生物种群数量及功能多样性的影响[J]. 生态环境学报, 2014, 23(4): 598-602.
YU Xian-mei, AN Miao, WANG Hai-rong, et al. Influence of *Bacillus subtilis* Bs-15 on the microbial population and functional diversity of microbial communities in the chestnut soil[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2014, 23(4): 598-602.
- [30] 郭萍, 文庭池, 董玲玲, 等. 施肥对土壤养分含量、微生物数量和酶活性的影响[J]. 农业现代化研究, 2011, 32(3): 362-366.
GUO Ping, WEN Ting-chi, DONG Ling-ling, et al. Effect of fertilizer to content of soil nutrient, amount of soil microorganism and soil enzyme activities[J]. *Research of Agricultural Modernization*, 2011, 32(3): 362-366.
- [31] 林诚, 王飞, 李清华, 等. 不同施肥制度对黄泥田土壤酶活性及养分的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2009(6): 24-27.
LIN Cheng, WANG Fei, LI Qing-hua, et al. Effects of different fertilizer application strategies on nutrients and enzymatic activities in yellow clayey soil[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2009(6): 24-27.
- [32] 蔡泽江, 孙楠, 王伯仁, 等. 长期施肥对红壤 pH、作物产量及氮、磷、钾养分吸收的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2011, 17(1): 71-78.
CAI Ze-jiang, SUN Nan, WANG Bo-ren, et al. Effects of long term fertilization on pH of red soil, crop yields and up takes of nitrogen, phosphorous and potassium[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2011, 17(1): 71-78.
- [33] Ancheng L, Xi S. Effect of organic manure on the biological activities associated with insoluble phosphorus release in a blue purple paddy soil[J]. *Communications in Soil Science & Plant Analysis*, 2008, 25(13/14): 2513-2522.
- [34] 于淑玲. 腐生真菌在有机质分解过程中的作用研究进展[J]. 河北师范大学学报, 2003, 27(5): 519-522.
YU Shu-ling. A study of function that rot funguses have in the decomposition of organic matter[J]. *Journal of Hebei Normal University Natural Science Edition*, 2003, 27(5): 519-522.
- [35] 夏昕, 石坤, 黄欠如, 等. 长期不同施肥条件下红壤性水稻土微生物群落结构的变化[J]. 土壤学报, 2015, 52(3): 697-705.
XIA Xin, SHI Kun, HUANG Qian-ru, et al. The changes of microbial community structure in red paddy soil under long-term fertilization[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2015, 52(3): 697-705.

- [36] Vries F T D, Hoffland E, Eekeren N V, et al. Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38(8):2092-2103.
- [37] 裴雪霞, 周卫, 梁国庆, 等. 长期施肥对黄棕壤性水稻土生物学特性的影响[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(20):4198-4206.
- PEI Xue-xia, ZHOU Wei, LIANG Guo-qing, et al. Effect of long-term fertilization on soil biological characteristics in a paddy soil derived from yellow-brown earth[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(20):4198-4206.
- [38] 刘红梅, 张爱林, 皇甫超河, 等. 氮沉降增加对贝加尔针茅草原土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态环境学报*, 2017, 26(7):1100-1106.
- LIU Hong-mei, ZHANG Ai-lin, HUANGFU Chao-he, et al. Effects of increasing nitrogen deposition on soil microbial community structure of *Stipa Baicalensis* steppe in Inner Mongolia[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2017, 26(7):1100-1106.
- [39] 王光华, 金剑, 徐美娜, 等. 植物、土壤及土壤管理对土壤微生物群落结构的影响[J]. *生态学杂志*, 2006, 25(5):550-556.
- WANG Guang-hua, JIN Jian, XU Mei-na, et al. Effects of plant, soil and soil management on soil microbial community diversity[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2006, 25(5):550-556.
- [40] 牛佳, 周小奇, 蒋娜, 等. 若尔盖高寒湿地干湿土壤条件下微生物群落结构特征[J]. *生态学报*, 2011, 31(2):474-482.
- NIU Jia, ZHOU Xiao-qi, JIANG Na, et al. Characteristics of soil microbial communities under dry and wet condition in Zoige alpine wetland[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, 31(2):474-482.
- [41] Bekku Y, Kume A, Nakatsubo T, et al. Microbial biomass in relation to primary succession on Arctic deglaciated moraines[J]. *Polar Bioscience*, 1999, 12:47-53.
- [42] 章家恩, 刘文高, 胡刚. 不同土地利用方式下土壤微生物数量与土壤肥力的关系[J]. *生态环境学报*, 2002, 11(2):140-143.
- ZHANG Jia-en, LIU Wen-gao, HU Gang. The relationship between quantity index of soil microorganisms and soil fertility of different land use systems[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2002, 11(2):140-143.
- [43] 孙瑞莲, 朱鲁生, 赵秉强, 等. 长期施肥对土壤微生物的影响及其在养分调控中的作用[J]. *应用生态学报*, 2004, 15(10):1907-1910.
- SUN Rui-lian, ZHU Lu-sheng, ZHAO Bing-qiang, et al. Effects of long-term fertilization on soil microorganism and its role in adjusting and controlling soil fertility[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(10):1907-1910.
- [44] 张蓉, 于亚军. 煤矸山复垦林地和草地土壤微生物多样性和群落组成的差异及其影响因素[J]. *生态学杂志*, 2018, 37(6):1662-1668.
- ZHANG Rong, YU Ya-jun. Differences of soil microbial diversity and community composition between reclaimed woodland and grassland in coal waste pile and their influencing factors[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2018, 37(6):1662-1668.