

生物复混肥对土壤微生物群落功能多样性和微生物量的影响*

邵 丽¹ 谷 洁^{2**} 张社奇¹ 高 华² 秦清军²

(1. 西北农林科技大学理学院 杨凌 712100; 2. 西北农林科技大学资源环境学院 杨凌 712100)

摘 要 在温室盆栽条件下,采用 Biolog 微平板法和氯仿熏蒸蒸提法,研究了玉米施用等养分量的无机肥、有机无机复混肥和生物复混肥后土壤微生物群落功能多样性及土壤微生物量的变化。结果表明:生物复混肥处理的土壤微生物平均颜色变化率(*AWCD*)、微生物群落 Shannon 指数(*H*)和微生物群落丰富度指数(*S*)均最高;施用生物复混肥可明显提高土壤微生物对碳源的利用率,尤其是多酚化合物类和糖类;不同处理土壤微生物碳源利用特征有一定差异,生物复混肥在第1主成分上的得分值为正值,其他各处理在第1主成分上的得分值基本上为负值,起分异作用的主要碳源是糖类和羧酸类。在玉米生长期间各处理土壤微生物量大致呈先升高后逐渐平稳的趋势,且土壤微生物量碳、氮、磷的含量均以生物复混肥处理最高,最高值分别为 333.21 mg·kg⁻¹、53.02 mg·kg⁻¹和 22.20 mg·kg⁻¹。研究表明,生物复混肥的施用比等养分量的有机无机复混肥处理能显著提高土壤微生物群落碳源利用率、微生物群落丰富度和功能多样性,显著增加土壤微生物量碳、氮、磷的含量,有利于维持良好的土壤微生态环境。

关键词 生物复混肥 土壤碳源利用率 土壤微生物量 土壤微生物群落 功能多样性 Biolog
中图分类号: S144.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1671-3990(2012)06-0746-06

Effects of bio-compound fertilizer on soil microbial community functional diversity and microbial biomass

SHAO Li¹, GU Jie², ZHANG She-Qi¹, GAO Hua², QIN Qing-Jun²

(1. College of Sciences, Northwest A&F University, Yangling 712100, China; 2. College of Resources and Environment, Northwest A&F University, Yangling 712100, China)

Abstract The characteristics of soil microbes are sensitive indicators for soil fertility. Fertilization could influence soil physiochemical and biological properties. This study illustrated the functions of bio-compound fertilizers in maintaining good soil micro-ecological environment using the Biolog ECO micro-plate technique and CHCl₃ fumigation-extraction method. The study investigated the effects of bio-compound fertilizer, organic-inorganic compound fertilizer and inorganic fertilizer at equal N, P and K amounts on functional diversities of soil microbial communities and microbial biomass under short-term potted corn experiment in greenhouse conditions. The six types of substances that composed Biolog ECO plate substrates included carbohydrates, carboxylic acids, amino acids, polymers, amines and aromatic chemicals. Principal Component Analysis (PCA) depicted different utilization forms of resource carbon by soil microbes. Average well-color development (*AWCD*), Shannon index (*H*) and richness index (*S*) of soil microbe communities were the highest in bio-compound fertilizer treatment. Bio-compound fertilizers obviously increased microbial source carbon utility, especially those of aromatic chemicals and carbohydrates. A significant difference existed in metabolic ability of soil microorganisms under different fertilizer treatments. Bio-compound fertilizer score was positive for the first principal component, while other treatments scores were negative. The determinant carbon sources for the differences were carbohydrates and carboxylic acids. During corn growth period, soil microbial biomass increased gradually and then stable with time. The amounts of soil microbial biomass C (333.21 mg·kg⁻¹), N (53.02 mg·kg⁻¹) and P (22.20 mg·kg⁻¹) were highest under bio-compound fertilizer

* 国家自然科学基金项目(40871119, 41171203)和农业部“948”项目(2010-Z20)资助

** 通讯作者: 谷洁(1963—), 男, 研究员, 博士生导师, 主要从事农业废弃物资源化利用以及有机肥和生物有机肥研究。E-mail: gujoyer@sina.com
邵丽(1985—), 女, 在读硕士, 主要从事微生物肥料研究。E-mail: shaoli1723@126.com

收稿日期: 2011-11-17 接受日期: 2012-02-08

treatment. At the same nutrient rates, bio-compound fertilization significantly improved utilization rates of carbon source, richness indexes and functional diversities of soil microbial community. This also increased the amounts of soil microbial biomass C, N and P.

Key words Bio-compound fertilizer, Utilization of soil carbon source, Soil microbial biomass, Soil microbial community, Functional diversity, Biolog

(Received Nov. 17, 2011; accepted Feb. 8, 2012)

土壤微生物是土壤生态系统中极其重要和最活跃的部分,在土壤养分转化、生态系统稳定性和土壤可持续生产力中占据重要地位,参与土壤生态系统的物质循环和能量流动。土壤微生物群落组成及活性变化是衡量土壤质量和维持土壤肥力的一个重要指标^[1],因此,对土壤微生物群落结构和功能的研究一直是土壤生态学上研究的热点。近年来 Biolog 方法可以比较全面地了解各种条件下土壤微生物群落结构的变化情况,应用微生物群落生理代谢指纹(physiological fingerprint)来研究土壤微生物群落组成特征,可进一步了解土壤微生物群落代谢功能的变化,促进微生物生态学的发展^[2-3]。肥料的施用不仅调节土壤养分的储存和转化,也影响土壤肥力和土壤微生物区系^[4],不同施肥制度对土壤微生物数量、群落结构的影响差异显著^[5-6],一些研究也表明向土壤中添加有机肥可提高土壤生态肥力、改善土壤微生态环境和土壤微生物群落结构^[7-9]。因此,施用集微生物独特的生理调节功能、无机肥的高效性和有机肥的长效性于一体的生物复混肥,对调控和改善土壤微生物群落结构和土壤生态系统稳定性具有重要意义。目前,国内有关生物复混肥对土壤微生物的研究主要集中在对土壤酶和土壤微生物数量的研究,且大多采用传统的方法,缺乏对土壤微生物群落功能多样性的深入探讨。本试验通过盆栽试验,利用 Biolog 微平板技术和土壤微生物量测定方法,研究生物复混肥、有机无机复混肥和无机肥的施用对土壤微生物生态环境的影响,以期为生物复混肥的推广使用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

1.1.1 供试土壤

供试土壤采自西北农林科技大学试验田,土壤类型为壤土,土壤肥力中等,其主要理化性质为: pH 8.32,有机质 $13.20 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,全氮、全磷、全钾含量分别为 $0.79 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $0.61 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $11.14 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,碱解氮、速效磷、速效钾含量分别为 $61.03 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $16.67 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $154.40 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。土样风干、混合均匀后过筛备用。

1.1.2 供试肥料

供试肥料包括尿素、磷酸二氢铵、硫酸钾、有

机无机复混肥、生物复混肥。

有机肥为将猪粪、小麦秸秆等调节到合适的 C/N、pH 和含水量后经高温堆制发酵腐熟制作而成,其主要养分含量为 N $18.6 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 P_2O_5 $9.0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 K_2O $12.2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。生物复混肥是在有机肥的基础上加入少量的无机肥,无机肥配比为 N 4%、 P_2O_5 2%、 K_2O 3%^[10],然后将液体芽孢杆菌复合菌剂(固氮菌 *Azotobacter chroococcum*、解磷菌 *Bacillus megaterium*、解钾菌 *Bacillus mucilaginosus* 由西北农林科技大学资源环境学院微生物实验室提供,已鉴定各菌株间无拮抗)与蛭石按 1:2 混合吸附,均匀掺入上述有机无机复混肥中。有机无机复混肥是添加等量灭菌的蛭石,其中的有机肥、无机肥及其配比均与生物复混肥完全相同。肥料均为自制,配制完成后保存 1 个月再施用。生物复混肥和有机无机复混肥中氮磷钾含量均为 N $55.5 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 P_2O_5 $18.7 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 K_2O $36.9 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,有机质 $360.8 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,功能芽孢杆菌总量为 $0.21\times 10^8 \text{ cfu}\cdot\text{g}^{-1}$ 。

1.1.3 供试作物

供试作物为“郑单 518”玉米,由西北农林科技大学种子公司提供。

1.2 试验设计

试验采用盆栽的方式,于 2011 年 6 月在西北农林科技大学资源环境学院玻璃网室中进行。试验设置对照(CK,不施肥)、无机肥(T1)、有机无机复混肥(T2)、生物复混肥(T3)4 个处理,4 次重复。生物复混肥按 $0.20 \text{ g(N)}\cdot\text{kg}^{-1}$ (土)施入,其他肥料均按生物复混肥中氮磷钾的量等量施用。将肥料与 12.5 kg 土样充分混匀后装盆,浇透水至土壤含水量为田间最大持水量的 60%。玉米催芽后直接播种,出齐苗后间苗,每盆保留 3 棵,并于定苗 1 d、15 d、30 d、45 d、60 d 时采集土壤样品,在各个处理 4 次重复内随机取 0~20 cm 的土壤各 100 g 并置于 4°C 冰箱,用于分析土壤微生物学特性;取玉米生长 60 d 时的土样在 48 h 内进行土壤微生物群落功能多样性分析。试验设置保护行,试验期间根据实际情况定量浇水,并经常更换盆的位置,不同处理的盆栽管理措施均一致。

1.3 测定项目和方法

土壤微生物群落功能多样性分析采用 BIOLOG ECO 测试板进行测定^[11]。

土壤微生物量碳、氮、磷用氯仿熏蒸提取法测定^[11-12], 采用重铬酸钾外加热法测定提取液中的可溶性碳, 采用过硫酸钾氧化法测定提取液中的总氮, 采用 NaHCO_3 浸提-钼锑抗比色法测定提取液中的总磷, 土壤微生物量碳、氮、磷的换算系数分别为 0.38、0.54、0.40。

1.4 数据处理

采用微平板培养 96 h 的数据进行数据统计分析, 采用 *AWCD*、Shannon 指数和丰富度指数来表征土壤微生物群落代谢功能多样性^[8,13]。数据经 Excel 2003 处理后, 采用 SPSS 16.0 软件进行方差分析和主成分分析, 主成分分析采用协方差矩阵为因子提取依据, 其他参数选取系统默认值。

2 结果与分析

2.1 生物复混肥对土壤微生物群落功能多样性的影响

2.1.1 土壤微生物群落多样性指数分析

土壤微生物群落功能多样性是土壤微生物群落状态与功能的指标, 反映了土壤微生物的生态特征。表 1 为玉米生长 60 d 时各施肥处理的土壤微生物群落功能多样性指数, 从表 1 可以看出, BIOLOG 微平板培养 96 h 时, T3 处理 *AWCD* 与其他处理间差异显著; 微生物群落 Shannon 指数大小顺序为 $T3 > T1 > T2 > CK$, T3 处理与其他处理间差异显著; T3 处理土壤微生物群落的丰富度指数高于其他处理。以上结果表明, 生物复混肥处理(T3)可以提高土壤微生物群落的功能多样性和种群丰富度, 有利于提

高土壤生态系统的稳定性。

2.1.2 土壤微生物对 6 类碳源的利用

土壤微生物对不同碳源的利用情况反映了土壤微生物的代谢功能类群。从表 2 可以看出, 玉米生长 60 d 时, T1、T2、T3 处理土壤微生物群落利用碳源的显著类型为糖类、羧酸类和氨基酸类, 可能是因为这 3 类碳源是土壤微生物代谢最基本的物质, 能够被大多数土壤微生物代谢利用。而对于多聚物类、多酚化合物类和多胺类这 3 类碳源, T3 处理与其他处理间差异显著, 表明 T3 处理的土壤微生物碳代谢群落结构与其他处理有所不同, 该处理土壤微生物群落对多酚化合物类的利用明显高于其他处理, 可能是土壤中施入的有机肥在微生物作用下, 腐殖化过程中多酚类物质有一定积累, 进而激活了能够利用多酚类物质的微生物的活性, 从而提高了土壤微生物对多酚化合物类物质的代谢与利用。土壤中微生物对多酚类物质的利用显著提高的现象在其他研究中也出现^[14], 具体原因还需要进一步研究。

2.1.3 土壤微生物群落功能多样性主成分分析

为清晰地了解不同施肥处理对土壤微生物群落代谢能力的影响, 利用培养 96 h 后测定的 *AWCD* 数据进行主成分分析(PCA)。从表 3 可以看出, 对 PC1 (第 1 主成分)贡献大的碳源(特征向量 ≥ 0.50)有 17 种, 其中糖类占 35%, 羧酸类占 24%, 影响 PC1 的主要碳源为糖类, 其次为羧酸类和氨基酸类; 对 PC2 (第 2 主成分)贡献最大的碳源糖类占 50%, 其次为羧酸类(25%), 因此, 对 PC1 和 PC2 起分异作用的主要碳源是糖类和羧酸类。与 PC1 正相关程度较高的碳

表 1 玉米生长 60 d 时不同施肥处理的土壤微生物群落多样性指数

Table 1 Soil microbial community diversity indexes of different fertilizer application treatments at 60 days of corn growth

处理 Treatment	平均颜色变化率(<i>AWCD</i>) Average well-color development value	Shannon 指数 Shannon index	丰富度指数 Richness index
对照 Control (CK)	0.81±0.03c	3.01±0.04c	21±0.58b
无机肥 Inorganic fertilizer (T1)	0.98±0.02b	3.15±0.02b	25±1.00a
有机无机复混肥 Organic-inorganic compound fertilizer (T2)	0.98±0.01b	3.12±0.03b	23±0.58b
生物复混肥 Bio-compound fertilizer (T3)	1.14±0.01a	3.21±0.01a	26±1.00a

同列不同字母表示差异显著($P < 0.05$) Different letters in the same column mean significant difference at 0.05 level. 下同 The same below.

表 2 玉米生长 60 d 时不同施肥处理土壤微生物对 6 类碳源的利用

Table 2 Utilization of six groups of carbon sources by soil microbe under different fertilizer application treatments at 60 days of corn growth

处理 Treatment	糖类 Carbohydrates	羧酸类 Carboxylic acids	氨基酸类 Amino acids	多聚物类 Polymers	多酚化合物类 Aromatic chemicals	多胺类 Amines
CK	0.70c(b)	0.82b(a)	0.77bc(b)	1.11a(b)	0.67c(b)	0.94ab(ab)
T1	1.27a(a)	0.78bc(a)	0.90b(a)	1.10ab(b)	0.61c(b)	0.72bc(c)
T2	1.22a(a)	0.86b(a)	1.00ab(a)	0.86b(b)	0.53c(c)	0.82b(bc)
T3	1.32a(a)	0.85c(a)	1.06bc(a)	1.45a(a)	0.83c(a)	1.18b(a)

同行及同列(括号内)不同字母表示差异显著($P < 0.05$) Different letters in the same line or column (in the bracket) mean significant difference at 0.05 level.

表 3 不同施肥处理土壤微生物群落主成分分析的 PC1 和 PC2 贡献的特征向量 ≥ 0.50 的碳源数目
Table 3 Numbers of carbon sources with loadings ≥ 0.50 of principal component analysis of soil microbial community under different fertilizer application treatments

碳源 Carbon sources	PC1	PC2
糖类 Carbohydrates	6	4
氨基酸类 Amino acids	3	0
羧酸类 Carboxylic acids	4	2
多聚物类 Polymers	2	1
多胺类 Amines	1	1
多酚化合物类 Aromatic chemicals	1	0
总和 Total	17	8

源有 α -D-乳糖和 L-精氨酸, 负相关的碳源有 D,L- α 磷酸甘油和吐温 40, 不同施肥处理土壤微生物在碳源的利用上既有共同点又有差异, 差异可能是由于不同处理土壤微生物群落有所差异, 也可能是因为某些碳源是微生物生理代谢途径中的重要物质^[15]。

从不同施肥处理土壤微生物群落功能多样性的主成分分析可以了解各种处理土壤微生物群落功能的相似状况, 结果如图 1 所示, PC1 方差贡献率为 27.640%, PC2 为 19.089%。不同处理土壤微生物群落在碳源的利用能力上存在明显差异, 表现在它们在第 1、2 主成分上得分系数差异明显。CK、T1 和 T2 处理的土壤微生物在 PC1 上的得分值分布一致, 与 T3 处理区分明显, T3 处理土壤微生物在 PC1 上的得分值均为正值, CK、T1 和 T2 处理土壤微生物在 PC1 上的得分值基本为负值; T2 处理土壤微生物在 PC2 上的得分值为正值, 而 CK 和 T1 处理土壤微生物在 PC2 上的得分值基本上为负值, 较难分开。这表明生物复混肥处理的土壤微生物群落代谢结构与其他处理具有明显差异, 而无机肥和 CK 处理土壤微生物群落功能相似。施用生物复混肥能提高土壤微生物对不同碳源的代谢能力, 提高土壤微生物群落功能多样性, 为土壤提供一个良好的生态环境。

2.2 生物复混肥对土壤微生物量碳、氮、磷的影响
土壤微生物生物量是土壤有机库中的活性部分,

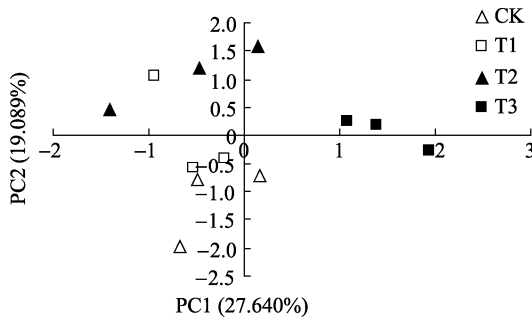


图 1 不同施肥处理土壤微生物群落的主成分分析
Fig. 1 Principal component analysis of soil microbial community under different fertilizer application treatments

是存在于土壤微生物体内或残体细胞中可供利用的养分的贮备库, 是土壤养分转化的动力和中转站, 与土壤中的 C、N、P 等养分转化和循环过程密切相关, 反映土壤微生物活动的强弱和养分转化速率的快慢, 从宏观上反映土壤微生物活性的总体状况, 是土壤生物质量、土壤肥力变化的灵敏指标。研究表明, 不同施肥制度对土壤微生物生物量也有显著影响^[16-18]。

从图 2 可以看出, 土壤微生物量碳、氮、磷的变化规律大体一致, 土壤微生物量在玉米整个生长期中大致呈先升高后逐渐平稳的变化趋势, 与王艳霞等^[19]研究结果相似; 且土壤微生物量碳、氮、磷的含量均以生物复混肥处理最高, 最高值分别为 333.21 mg·kg⁻¹、53.02 mg·kg⁻¹ 和 22.20 mg·kg⁻¹。在土壤微生物量碳变化规律中, 生物复混肥处理在玉米生长第 30 d、45 d 时较高, 并且显著高于其他处理。生物复混肥处理显著提高土壤微生物量碳的主要原因可能是生物复混肥中所添加的功能性微生物菌群施入到土壤中, 能够使有益微生物在土壤中形成优势种群, 很好地在植物根际成功定殖, 发挥其生态功能; 另一方面, 生物复混肥本身带入的活性有机碳源促进了土壤微生物的繁殖, 提高了土壤微生物活性。

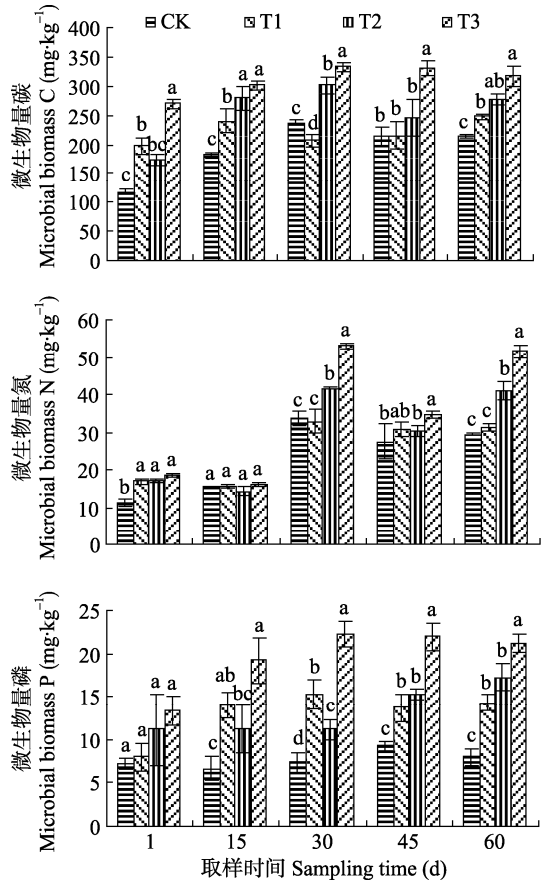


图 2 不同施肥处理土壤微生物量碳、氮、磷比较
Fig. 2 Comparison of soil microbial biomass C, N and P of different fertilizer application treatments

各处理土壤微生物量氮含量在定苗前期没有明显差异,在玉米生长第 30 d 时显著升高,生物复混肥处理的微生物量氮含量与其他处理相比差异显著。反映出玉米快速生长期时由于根际活动等促进土壤微生物大量繁殖,生物复混肥处理提高了土壤微生物活性,氮素固定同化到微生物体内引起土壤微生物量氮含量升高。

土壤微生物量磷的变化规律与土壤微生物量碳、氮不同,玉米生长前期各处理间差异不明显,在玉米生长第 15 d 后生物复混肥处理的土壤微生物量磷显著升高,说明玉米快速生长期时,土壤微生物对土壤中有机态和无机态磷的同化作用加大,以微生物量磷的形式存在,土壤中微生物解磷与固磷作用也与土壤中可降解有机物的数量有关,有机或无机肥料中的磷素对土壤微生物量磷的增加有明显的贡献作用^[20-22]。本试验土壤微生物量磷的升高趋势比较稳定,与赵兰凤等^[23]研究结果相似。

3 讨论

不同施肥措施会导致土壤微生物功能多样性的系统变化,形成各自特定的土壤微生物种群,长期施用有机肥可明显增加土壤微生物种群的变异程度^[24]。罗希茜等^[25]研究稻田土壤微生物群落发现,施用化肥或配施有机肥可使黄泥土土壤微生物的碳源利用率显著高于对照,有利于维持土壤微生物的碳源利用能力。Wei 等^[26]研究长期不同施肥处理对黑土细菌群落结构和功能的影响,结果表明无机肥处理与有机无机复混肥处理土壤微生物在单一碳源利用率方面没有显著性差异,但在土壤微生物群落结构组成、功能稳定性上有差异,施用化学肥料会降低土壤微生物群落的稳定性,本研究结果与上述研究结果类似。徐华勤等^[27]对茶园土壤微生物群落功能多样性的主成分分析表明,糖类和羧酸类物质是区分各处理的主要碳源。本研究主成分分析结果也表明,不同施肥处理土壤微生物功能多样性差异明显,起分异作用的主要碳源是糖类和羧酸类。Garland 等^[28]研究表明,样本在主成分轴上的分布与微生物对碳源底物的利用能力有关,PC1 解释了大部分的变异,生物复混肥处理分布在 PC1 的正方向,结合生物复混肥处理对 6 类碳源的利用,进一步证实生物复混肥处理可提高土壤微生物的代谢能力。

土壤微生物功能多样性变化不仅受施肥影响,还与土壤养分密切相关,但是这方面的研究还较少。孔维栋等^[29]和区余瑞等^[30]的研究表明,土壤有机质和全氮含量与土壤微生物功能多样性呈正相关。因此,为了全面表征土壤肥力的微生物指标体

系,本研究将从土壤微生物多样性与养分的关系方面进一步探讨生物复混肥的施用效果。

土壤微生物量能够快速反映土壤养分含量变化及植物根际活动带来的土壤微生物活性的变化。Masto 等^[17]认为微生物熵更能够反映出土壤微生物活性和土壤有机碳的动态变化。土壤微生物群落结构的变化可能是导致土壤微生物量变化的首要原因^[31]。在本研究中,生物复混肥处理能够提高土壤微生物群落功能多样性,其土壤微生物群落结构也比较稳定,因此,在玉米快速生长期时生物复混肥处理的土壤微生物量显著高于其他处理,具有较大的 N、P、K 中周转代谢库,能够为植株提供更多的有效养分。

4 结论

施肥可提高土壤微生物群落碳源利用率、微生物群落丰富度和功能多样性,生物复混肥处理的土壤微生物平均颜色变化率(AWCD)、土壤微生物群落丰富度指数和 Shannon 指数均最高。生物复混肥处理的土壤微生物碳代谢群落结构与其他处理不同,其土壤微生物群落对多酚化合物类的利用明显高于其他处理。土壤微生物群落的主成分分析表明,不同施肥处理土壤微生物群落代谢能力有明显差异,生物复混肥处理分布在 PC1 的正方向,CK、无机肥和有机无机复混肥处理分布在 PC1 的负方向;但不同处理土壤微生物碳源利用特征不同,对 PC1 和 PC2 起分异作用的主要碳源是糖类和羧酸类。不同处理土壤微生物量在整个玉米生长期大致呈先升高后逐渐平稳的趋势,生物复混肥的施用能显著增加玉米快速生长期土壤微生物量碳、氮、磷含量,并能够形成良好的土壤微生态环境。

参考文献

- [1] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterization of microbial communities in soil: A review[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 29: 111-129
- [2] 张奇春,王光火,方斌. 不同施肥处理对水稻养分吸收和稻田土壤微生物生态特性的影响[J]. *土壤学报*, 2005, 42(1): 116-121
- [3] 钟文辉,蔡祖聪. 土壤微生物多样性研究方法[J]. *应用生态学报*, 2004, 15(5): 899-904
- [4] Hai L, Li X G, Li F M, et al. Long-term fertilization and manuring effects on physically-separated soil organic matter pools under a wheat-wheat-maize cropping system in an arid region of China[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2010, 42(2): 253-259
- [5] Sarathchandra S U, Ghani A, Yeates G W, et al. Effect of nitrogen and phosphate fertilizers on microbial and nematode

- diversity in pasture soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2001, 33(7/8): 953–964
- [6] Li Z P, Wu X C, Chen B Y. Changes in transformation of soil organic C and functional diversity of soil microbial community under different land uses[J]. *Agricultural Sciences in China*, 2007, 6(10): 1235–1245
- [7] Marschner P, Kandeler E, Marschner B. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2003, 35(3): 453–461
- [8] Bending G D, Turner M K, Jones J E. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2002, 34(8): 1073–1082
- [9] 胡可, 李华兴, 卢维盛, 等. 生物有机肥对土壤微生物活性的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2010, 18(2): 303–306
- [10] 李华兴. 一种多功能生物复混肥、其制备方法和应用[P]. 中国专利: 200910038426. 5. 2009-09-09
- [11] 李振高, 骆永明, 滕应. 土壤与环境微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 2008
- [12] 杨绒, 赵满兴, 周建斌. 过硫酸钾氧化法测定溶液中全氮含量的影响条件研究[J]. *西北农林科技大学学报: 自然科学版*, 2005, 33(12): 107–111
- [13] Dobranic J K, Zak J C. A microtiter plate procedure for evaluating fungal functional diversity[J]. *Mycologia*, 1999, 91(5): 756–765
- [14] 董立国, 袁汉民, 李生宝, 等. 玉米免耕秸秆覆盖对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态环境学报*, 2010, 19(2): 444–446
- [15] 张海涵, 唐明, 陈辉, 等. 不同生态条件下油松(*Pinus tabulaeformis*)菌根根际土壤微生物群落[J]. *生态学报*, 2007, 27(12): 5463–5470
- [16] 路磊, 李忠佩, 车玉萍. 不同施肥处理对黄泥土微生物生物量碳氮和酶活性的影响[J]. *土壤*, 2006, 38(3): 309–314
- [17] Mastro R E, Chhonkar P K, Singh D, et al. Changes in soil biological and biochemical characteristics in a long-term field trial on a sub-tropical inceptisol[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38(7): 1577–1582
- [18] Kouno K, Tuchiya Y, Ando T. Measurement of soil microbial biomass phosphorus by an anion exchange membrane method[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1995, 27(10): 1353–1357
- [19] 王艳霞, 冯宏, 李华兴, 等. 生物复混肥对土壤微生物的影响研究[J]. *植物营养与肥料学报*, 2008, 14(6): 1206–1211
- [20] Kouno K, Wu J, Brookes P C. Turnover of biomass C and P in soil following incorporation of glucose or ryegrass[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2002, 34(5): 617–622
- [21] 李东坡, 武志杰, 陈利军, 等. 长期培肥黑土微生物量磷动态变化及影响因素[J]. *应用生态学报*, 2004, 15(10): 1897–1902
- [22] 吴金水, 肖和艾, 陈桂秋, 等. 旱地土壤微生物磷测定方法研究[J]. *土壤学报*, 2003, 40(1): 70–78
- [23] 赵兰凤, 李华兴, 刘远金, 等. 生物复混肥施用量对土壤微生物的影响[J]. *华南农业大学学报*, 2008, 29(3): 6–10
- [24] 朱海平, 姚槐应, 张勇勇, 等. 不同培肥管理措施对土壤微生物生态特征的影响[J]. *土壤通报*, 2003, 34(2): 140–142
- [25] 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
- [26] Wei D, Yang Q, Zang J Z, et al. Bacterial community structure and diversity in a black soil as affected by long-term fertilization[J]. *Pedosphere*, 2008, 18(5): 582–592
- [27] 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): 3356–3361
- [28] 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[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1991, 57(8): 2351–2359
- [29] 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[J]. *应用生态学报*, 2004, 15(3): 487–492
- [30] 区余瑞, 苏志尧, 彭桂香, 等. 车八岭山地常绿阔叶林冰灾后土壤微生物群落功能多样性[J]. *生态学报*, 2009, 29(11): 6156–6163
- [31] Wardle D A. Controls of temporal variability of the soil microbial biomass: A global-scale synthesis[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1998, 30(13): 1627–1637