

不同耕作措施对土壤真菌群落结构与生态特征的影响

何玉梅,张仁陟*,张丽华,解开治

甘肃农业大学资源与环境学院,兰州 730070)

摘要 以传统耕作 (T) 为对照,研究了免耕秸秆覆盖 (NTS)、免耕 (NT)、秸秆还田 (TS) 3 种保护性耕作措施对黄土高原西部雨养农业区耕层土壤真菌数量、垂直分布及群落结构的影响。结果表明 不同耕作措施对土壤真菌数量有一定影响,耕层土壤真菌总数 TS > T, NTS > NT, T > NT ;耕作措施对真菌群落结构的影响比较明显,3 种保护性耕作处理其土壤均以绿僵菌属 (*Metarrhizium*)、腐霉属 (*Phythium*)、曲霉属 (*Aspergillus*) 占绝对优势,B-P 优势度指数三者之和都在 0.6 左右 而 T 处理占绝对优势的菌属是绿僵菌属 (*Metarrhizium*) 和镰刀菌属 (*Fusarium*),B-P 优势度指数二者之和在 0.7 左右 土壤真菌群落的多样性指数和均匀性指数均呈现 NTS > TS > T > NT。因此,在黄土高原西部雨养农业区实施 NTS 和 TS 耕作措施,既有利于土壤有益真菌数量的增加,提高养分转化率,又有利于促进该区农业的可持续发展。

关键词 耕作措施 真菌 群落结构 生态特征

文章编号 1000-0933 (2007)01-0113-07 中图分类号 Q93,S31,S34 文献标识码 A

Effects of different tillage practices on fungi community structure and ecologic characteristics in loess soils

He Yumei, Zhang Renzhi*, Zhang Lihua, Xie Kaizhi

College of Resources and Environmental Sciences, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Acta Ecologica Sinica, 2007, 27 (1) 113 ~ 119.

Abstract : Effects of three conservation tillage practices in contrast with conventional tillage (T) on the fungi population, vertical distribution and community structure were studied under field condition of the semi-arid areas of the Loess Plateau. Three conservational tillage practices included conventional tillage with straw incorporated (TS), no-till with no straw cover (NT), no-till with stubble retention (NTS). Results showed that the tillage practices had no significantly effects on total fungi populations. However, the population of fungi was higher on TS than T, NTS > NT and T > NT. Tillage practice had significantly effects on the fungi community structure in the plough layer. For the three conservation tillage practices, the dominant communities were *Metarrhizium*, *Phythium*, *Aspergillus* with the dominance index of Berger-Parker about 0.60, whereas the dominant communities for the conventional tillage were *Metarrhizium* and *Fusarium* with the dominance index of Berger-Parker about 0.70. The order of the index for the diversity and uniformity of soil fungi communities were as follows : NTS > TS > T > NT. Therefore NTS and TS not only increased the number of beneficial fungi and enhance the nutrient conversion rate, but also improve the sustainable development of agriculture in this region in the long-term.

基金项目 :ACIAR 资助项目 (SMCN (WR2)/1999/094);甘肃省农牧厅资助项目 (34048) 中国农村技术开发中心资助项目 (390993)

收稿日期 2006-01-21 ;修订日期 2006-11-12

作者简介 何玉梅 (1979 ~),女,甘肃省民勤县人,硕士生,主要从事微生物生态学研究. E-mail :hym0909@126.com

* 通讯作者 Corresponding author, E-mail :zhangrz@gsau.edu.cn

Foundation item : The project was financially supported by Australia Center for International Agriculture Research (No. SMCN (WR2)/1999/094), Department of Agricultural and Animal Husbandry of Gansu Province (No. 034048), and China Rural Technology Development Center (No. 0390993)

Received date 2006-01-21 ; **Accepted date** 2006-11-12

Biography : He Yumei, Master candidate, mainly engaged in microbiological ecology. E-mail :hym0909@126.com

Key Words :tillage practices ;fungi ;community structure ;ecologic characteristics

耕作措施改革是农业结构调整的动力,是效益农业的主要技术支撑。近一个世纪以来,耕作措施发生了根本性变化,保护性耕作措施免耕和秸秆覆盖就是其中两项重要的农业管理措施^[1,2]。不同的耕作措施创造了不同的土壤环境,从而影响了土壤微生物的数量和组成^[3,4]。土壤真菌对于土壤肥力来说,有着举足轻重的作用。一方面分解有机质形成腐殖质并释放养分,另一方面又同化土壤碳素和固定无机营养,形成真菌生物量。真菌对土壤养分的调控作用,已经成为土壤培肥,耕作制度改革和作物栽培实践中的重要理论之一^[5,6]。20 世纪初期人们开始研究真菌在氨化、硝化、氮转化、纤维素分解、腐殖质化中的作用^[7,8]。有关土壤真菌群落分析工作有大量报道^[9],Upadhyay 等^[10]分析了印度土壤并分离出 31 个属的 70 多个种,提出 *Aspergillus* 是优势属,而 *Trichoderma* 在低 pH 和有机质含量高的土壤中很丰富;Ranzoni^[11]研究了美国西南 Sonoran 沙漠,认为不存在特征性的沙漠真菌区系;Elmholt & Kjoller^[2]发现真菌的数量与种类季节性变异比处理间差异大,但有机农田真菌种类丰富度较高;Bissett 等、Bandick 等^[13,14]研究指出海拔增高真菌多样性和均匀度下降,并且不同植被与海拔高度优势种群不同。

然而关于不同耕作措施土壤真菌群落结构的研究却很少报道,本文就不同耕作措施对土壤真菌数量、群落结构和生态特征进行了分析,以期评价不同耕作措施的生态及经济适应性提供参考。

1 材料和方法

1.1 试区概况

试验设在甘肃农业大学定西旱农生态综合试验站,试验区属于中温带偏旱区,平均海拔 2000m,年均太阳辐射 141.6 ×4.184kJ/cm²,日照时数 2476.6h,年均气温 6.4℃,≥10℃ 年积温为 2239.1℃,年均降水量为 390.9mm,年蒸发量为 1531mm,为黄土高原西部典型的半干旱雨养农业区。

1.2 供试土壤特性

试区土壤为典型的黄绵土,土质松软,土层深厚,质地均匀,贮水性能良好,凋萎湿度为 7.3%,饱和导水率为 21.9%,主要理化性质如表 1 所示。

表 1 试区土壤主要理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of the soil			
层次 Layer (m)	容重 Bulk density (g/cm ³)	土壤排水上限 Drainage upper limit (m ³ /cm ³)	有机质 Organic matter (g/kg)
0 ~ 5	1.29	0.27	13.15
5 ~ 10	1.23	0.27	12.86
10 ~ 30	1.32	0.27	11.95

1.3 参试作物

春小麦 (*Triticum aestivum* L.) 和豌豆 (*Pisum satium* Linn),春小麦品种为定西 35 号,豌豆品种为燕农。

1.4 试验设计

试验共设 4 个处理,如表 2 所示。种植方式采用小麦豌豆双序列轮作,即小麦-豌豆-小麦 (2002 年小麦-2003 年豌豆-2004 年小麦-2005 年豌豆,简称 W-P-W-P) 和豌豆-小麦-豌豆 (2002 年豌豆-2003 年小麦-2004 年

表 2 试验处理描述

Table 2 Treatments description		
代码 Treatment code *	耕作 Tillage	覆盖 Cover
T	传统耕作 Conventional tillage	无覆盖 No cover
NT	免耕 No-tillage	无覆盖 No cover
TS	传统耕作 Conventional tillage	秸秆还田 Stubble incorporated
NTS	免耕 No-tillage	秸秆覆盖 Stubble mulch

* 下同 the same below

豌豆-2005 年小麦,简称 P-W-P-W) 两个轮作序列,3 次重复,共 24 个小区,小区面积 4m × 20m ,随机区组排列,2001 年 8 月开始布置试验,前茬作物为胡麻,免耕秸秆覆盖和秸秆还田处理的秸秆均使用小麦秸秆(4500kg/hm²),从 2002 年 7 月开始每年收获后将免耕秸秆覆盖和秸秆还田处理的全部秸秆归还原小区。

1.5 土壤样品采集与测定

采样时间为 2005 年 4 月 7 日,土样采于前茬为小麦的豌豆播前地。除去地面植被和地表覆盖物,并铲除表面 1 cm 左右的表土,以避免地面微生物与土样混杂。在选定的采样点上,在同一剖面上逐层用采样器采样,采用五点法分别取各小区 0 ~ 5 cm、5 ~ 10 cm、10 ~ 30 cm 土层的土样。将所得的大约 1 kg 土样装入灭菌聚乙烯袋,内外附上标签,写明采集地点、采集时间、采样深度、采集日期。样品保鲜带回实验室冷藏备用,如果当天来不及分析可以保存于 - 15℃ 条件下,并在 48 小时之内完成对供试土样的分离培养,以免供试土样在实验室保存过程中真菌数量与种群发生变化。

1.6 真菌的分离、纯化、鉴定

采用平板表面涂抹法对土壤样品中的真菌进行分离计数,培养基用马丁氏培养基^[5],为抑制细菌的生长,使用时每 10 ml 培养基加入 0.03% 链霉素溶液 1 ml (含链霉素 30ug/ml),25 ~ 28℃ 培养 3 ~ 5d,记数并记录各个菌种的发生频率,然后挑菌,经 1 ~ 2 次纯化后进行鉴定,以形态特征为主。

() 个体形态和结构 菌落颜色、大小、菌丝质地、稀密、长短等 ;

ℓ) 培养特征 观察其在培养基上生长速度和菌落的颜色、质地、结构、边缘、高度,以及产生的色素 颜色、是否扩散) 渗出物、气味等 ;

§) 显微结构 菌丝粗细、有无隔、生殖结构形状,如孢子梗的着生方式,孢子的大小、形状、结构排列、表面粗糙与否等。具体按参考文献^[6,17]进行鉴定。

1.7 群落生态指标

群落的生态优势度、群落的均匀度状况和群落的多样性水平通过以下指数来加以定量测度^[8]。

() 种群优势度 以 Berger-Parker 的优势度指数 ℓ) 简称 B-P 优势度指数) 表示 : $d = N_i / N$

ℓ) 种类多样性 以 Shannon-Wiener 指数 ℓ) 表示 : $D = - \sum p_i \ln p_i$ ($i = 1, 2 \cdots S$)

§) 均匀度 以 Alatalo 均匀度指数 ℓa) 表示 : $Ea = (\sqrt{\sum P_i^2} - 1) / [\exp (- \sum P_i \cdot \ln P_i) - 1]$

2 结果与分析

2.1 不同耕作措施土壤真菌数量变化

图 1 为不同处理真菌数量随土壤剖面变化图。从图 1 可以看出,不同耕作措施土壤真菌数量呈现一定趋势。从层次看,0 ~ 5 cm, NTS > T > TS > NT 处理 ; 5 ~ 10 cm, TS > NTS > T > NT 处理 ; 10 ~ 30 cm, TS > T > NT > NTS 处理。从处理看,除 NTS 处理随着土层深度的加深呈递减趋势外,其余各处理均随着土层深度的加深而逐渐递增。

2.2 不同耕作措施土壤真菌群落结构组成

不同耕作措施影响了土壤真菌生存的生态环境,也影响了真菌生长的碳素供应,使土壤含水量,腐殖质含量等因素发生了变化,导致不同耕作措施土壤真菌群落之间存在明显差异。表 3 为不同处理条件下土壤真菌的群落构成情况。

从表 3 可看出 此次试验从供试土壤中共分离出 11 个属的真菌,但不同处理其优势菌并不完全相同。在 NTS、NT、TS 3 种保护性耕作措施中 *Metarrhizium*、*Phythium*、*Aspergillus* 3 种菌属的真菌占绝对优势,其 B-P 优

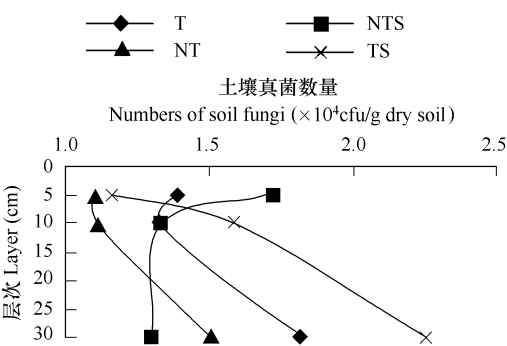


图 1 不同耕作措施土壤真菌数量

Fig. 1 The numbers of soil fungi in different treatments

势度指数三者之和在 0.6 左右。而对照土壤除 5 ~ 10 cm 土层之外占绝对优势的菌属是 *Metarrhizium* 和 *Fusarium*,B-P 优势度指数二者之和在 0.7 左右。

表 3 不同处理土壤真菌群落的构成和发生 B-P 优势度指数
Table 3 The soil fungi population under different treatments Berger-Parker dominance index

菌属 (Genus name)	0 ~ 5cm				5 ~ 10cm				10 ~ 30cm			
	T	NT	NTS	TS	T	NT	NTS	TS	T	NT	NTS	TS
<i>Metarrhizium</i>	0.500	0.147	0.238	0.183	0.441	0.278	0.325	0.267	0.548	0.629	0.189	0.258
<i>Aspergillus</i>	0.068	0.353	0.190	0.300	0.265	0.167	0.078	0.311	0.055	0.317	0.174	0.242
<i>Mucor</i>	0.023	0.090	0.036	0.123	0.074	0.167	0.156	0.067	0.027	0.010	0.232	0.015
<i>Penicillium</i>	0.000	0.030	0.036	0.000	0.000	0.028	0.078	0.111	0.000	0.000	0.029	0.106
<i>Phythium</i>	0.091	0.000	0.262	0.117	0.059	0.139	0.273	0.156	0.027	0.041	0.000	0.288
<i>Thamnidium</i>	0.091	0.118	0.179	0.033	0.029	0.000	0.000	0.044	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Alternaria</i>	0.023	0.148	0.060	0.067	0.000	0.194	0.000	0.044	0.082	0.000	0.159	0.030
<i>Trichoderma</i>	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.026	0.000	0.000	0.000	0.129	0.045
<i>Fusarium</i>	0.182	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.065	0.000	0.192	0.000	0.000	0.015
<i>Saprolegnia</i>	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000	0.000	0.014	0.010	0.000	0.000
<i>Erysiphe</i>	0.023	0.000	0.000	0.000	0.132	0.028	0.000	0.000	0.055	0.000	0.087	0.000

T 处理 *Metarrhizium* 菌属 B-P 优势度指数在 3 层均最大,分别为 0.500、0.441 和 0.548,为优势菌属。在 0 ~ 5 cm 土层有 8 个菌属,*Fusarium* 的 B-P 优势度指数为 0.182,是亚优势菌属 5 ~ 10 cm 土层含有 6 个菌属,*Aspergillus* 的 B-P 优势度指数为 0.265,为亚优势菌属 ;0 ~ 30 cm 有 8 个菌属,以 *Fusarium* 为亚优势菌属,B-P 优势度指数为 0.192。

NT 处理 0 ~ 5 cm 土层有 6 个菌属,*Aspergillus* 菌属 B-P 优势度指数最大为 0.353,为优势菌属, *Alternaria* 和 *Metarrhizium* B-P 优势度指数分别为 0.148 和 0.147,为亚优势菌属。5 ~ 10 cm 土层含有 7 个菌属, *Metarrhizium* 菌属 B-P 优势度指数 0.278,为优势菌属 ;*Alternaria*,*Aspergillus* 和 *Mucor* B-P 优势度指数分别为 0.194、0.167 和 0.167,为亚优势菌属。10 ~ 30 cm 有 5 个菌属,*Metarrhizium* B-P 优势度指数为 0.629,为优势菌属 ;*Aspergillus* B-P 优势度指数为 0.317,为亚优势菌属。

TS 处理 0 ~ 5 cm 土层有 8 个菌属, *Aspergillus* B-P 优势度指数为 0.300,为优势菌属 ;*Metarrhizium* 和 *Trichoderma* B-P 优势度指数分别为 0.183 和 0.167,为亚优势菌属。5 ~ 10 cm 土层含有 7 个菌属, *Aspergillus* 和 *Metarrhizium* B-P 优势度指数分别为 0.311 和 0.267,为优势菌属 ;*Phythium* 和 *Penicillium* B-P 优势度指数分别为 0.156 和 0.111,为亚优势菌属。10 ~ 30 cm 有 8 个菌属,*Phythium*、*Metarrhizium* 和 *Aspergillus* B-P 优势度指数分别为 0.288、0.258 和 0.242,为优势菌属 ;*Penicillium* B-P 优势度指数为 0.106,为亚优势菌属。

NTS 处理 0 ~ 5 cm 土层有 7 个菌属, *Phythium* 和 *Metarrhizium* B-P 优势度指数分别为 0.262 和 0.238,为优势菌属 ;*Aspergillus* 和 *Trichoderma* B-P 优势度指数分别为 0.190 和 0.179,为亚优势菌属。5 ~ 10 cm 土层含有 7 个菌属,*Metarrhizium* 和 *Phythium* B-P 优势度指数分别为 0.325 和 0.273,为优势菌属 ;*Mucor* B-P 优势度指数为 0.156,为亚优势菌属。10 ~ 30 cm 有 7 个菌属, *Mucor* B-P 优势度指数为 0.232,为优势菌属 ;*Metarrhizium*, *Aspergillus* 和 *Alternaria* B-P 优势度指数分别为 0.188、0.174 和 0.159,共同组成亚优势菌属。

2.3 土壤真菌群落的生态特征

2.3.1 不同耕作措施土壤真菌群落的多样性

表 4 为不同处理土壤真菌多样性指数 (shannon-Wiennner 指数) 及其差异显著性。从表 4 可见,不同耕作措施土壤真菌的多样性指数差异极显著。总体而言,3 种保护性耕作措施 (TS、NT、NTS) 土壤真菌多样性优于对照处理,但层次间表现并不完全相同,除 NTS 处理外,其余各处理均随土壤剖面的加深,多样性指数随之降低。

2.3.2 不同耕作措施土壤真菌群落的均匀性

均匀度是衡量一个群落物种均匀性的指标。土壤真菌种类分布越均匀,均匀度就越高。表5为不同耕作措施土壤真菌均匀度指数(Alatalo指数)及其差异显著性。由表5可见,3种保护性耕作措施(TS、NT、NTS)土壤真菌群落均匀性均高于传统耕作。0~5 cm,Alatalo均匀度指数值 NT>NTS>TS>T,说明NT处理下土壤真菌群落的均匀性高于NTS处理、NTS处理高于TS处理、TS处理高于T处理;5~10 cm,Alatalo均匀度指数值 NT>TS>NTS>T,NT处理下土壤真菌群落的均匀性高于TS处理、TS处理高于NTS处理、NTS处理高于T处理;10~30 cm,Alatalo均匀度指数值 NTS>TS>NT>T,NTS处理下土壤真菌群落的均匀性高于TS处理、TS处理高于NT处理、NT处理高于T处理。总体呈现 在0~5 cm和5~10 cm之间,NT处理有利于土壤真菌向着群落均匀性的方向演替 在5~10 cm和10~30 cm之间,NTS处理有利于土壤真菌向着群落均匀性的方向演替。

3 小结与讨论

3.1 耕作措施对土壤真菌数量的影响

不同的耕作措施创造了不同的土壤环境,进而影响土壤真菌的数量以及在不同土层的垂直分布特征。T和NT处理相比较,土壤中真菌数量在各个层次普遍较高,主要是T处理在一定程度上使得土壤孔隙度要优于NT处理,养分矿化速度快,增强了土壤中真菌的活性。T和TS处理相比较,TS处理土壤真菌数量在各个层次普遍较高,主要是因为TS处理为土壤真菌提供了大量的营养与能源物质。从土壤层次上来看,NTS处理自土壤表层向下真菌数量逐渐减少,主要由于表层有大量秸秆覆盖,因而适合真菌的繁殖。

3.2 土壤环境对土壤真菌群落结构的影响

从真菌群落结构来看,土壤层次对土壤真菌群落结构有一定影响,在不同覆盖及耕作措施下,土壤真菌形成了各自特征性的群落结构。T处理土壤中存在常见的土壤真菌和以 *Fusarium* 为亚优势的特征性真菌群落结构,类群大部分是半知菌、子囊菌和接合菌。*Penicillium* 是NT、NTS、T处理特有的,容易分离得到。NTS处理具有独特的真菌群落结构,存在着大量的 *Penicillium* 以及一些不常见的真菌属 *Cladosporium*、*Alternaria*、*Botrys* 和 *Ulocladium*。Bandick等^[4]认为 *Cladosporium*、*Alternaria*、*Botrys* 和 *Ulocladium* 为初级腐生真菌,它们能大量腐解新鲜植物物质,是有机农业比传统农业具有较高分解有机物质能力的主要原因。它们均从NT和NTS处理中分离得到,使得NT和NTS处理C、N转化能力较强。NT和NTS土壤并没有增加一些植物病原菌如 *Fusariumoxysporum*、*Fsolani* 的数量, *Gerlachianivalis* 根本没有被发现。虽然 *Penicillium* 是最典型的土壤真菌,是“短命基质上生存的短命习居者”,是土壤真菌的r-对策生物,但在NT土壤中数量较少。同时,在NT和NTS土壤中存在大量的菌丝态真菌,如 *Trichoderma*、*Fusarium*、*Stachybotrys* 等,说明NT和NTS能

表4 不同耕作措施土壤真菌群落多样性的差异显著性 (Shannon-Wiener 指数)

Table 4 The difference significance of the fungi diversity in different treatments (the exponent of Shannon-wiener)

处 理 Treatments	层 次 Layer (cm)		
	0~5	5~10	10~30
T	1.533 dD	1.443 dD	1.425 cC
NTS	1.722 cC	1.679 cC	1.830 aA
NT	1.757 bB	1.745 aA	0.882 dD
TS	1.901 aA	1.707 bB	1.663 bB

同一列的不同小写字母表示同一层次不同处理在5%水平上的显著差异,大写字母表示同一层次不同处理在1%水平上的显著差异
Different lowercase in the same column represents significant difference at $p\leq0.05\%$ between treatments in the same layer, Different majuscule in the same column represents significant difference at $p\leq0.01\%$ between treatments in the same layer

表5 不同耕作措施土壤真菌群落均匀性的差异显著性 (Alatalo 指数)

Table 5 The difference significance of the fungi uniformity in different treatments (the exponent of Alatalo)

处 理 Treatments	层 次 Layer (cm)		
	0~5	5~10	10~30
T	1.382 dD	1.641 dD	1.256 dD
NTS	2.073 bB	1.897 cC	2.323 aA
NT	2.137 aA	2.641 aA	1.410 cC
TS	1.921 cC	2.038 bB	1.935 bB

同一列的不同小写字母表示同一层次不同处理在5%水平上的显著差异,大写字母表示同一层次不同处理在1%水平上的显著差异
Different lowercase in the same column represents significant difference at $p\leq0.05\%$ between treatments in the same layer, Different majuscule in the same column represents significant difference at $p\leq0.01\%$ between treatments in the same layer

够提高土壤真菌的 K-对策生物,具有较稳态的土壤环境和较稳态的生物类群。

3.3 不同耕作措施对土壤真菌群落生态特征的影响

本次试验得出不同耕作措施对土壤真菌的多样性和均匀性具有极显著影响,土壤真菌群落的多样性总体呈现保护性耕作高于传统耕作。耕层内 TS、NT 和 T 处理多样性递减,NTS 呈递增趋势,在 10 ~ 30 cm 达到最大。这与很多学者的研究一致。Liu 等^[9]研究指出,土壤扰动会降低土壤微生物的多样性和活性。Lupwayi 等^[6]发现耕作对土壤微生物多样性有不同的影响,传统耕作对于偏酸、有机质较低的土壤降低微生物多样性,而在中性、有机质丰富土壤没有影响。Bending 等^[1]研究了作物残茬、土壤有机质质量和土壤微生物多样性之间的相互作用,秸秆或根茬还田都能够提高土壤微生物的多样性。在秸秆还田时,少耕比翻耕和免耕更能够使土壤微生物得以激活。从微生物数量及多样性来看,免耕覆盖可能更有效地为当季作物提供养分,并且在提高土壤有机质含量及减少有害物质的产生等方面要优于免耕和翻耕,具体情况还有待于进一步研究。

4 结论

(1) 土壤真菌数量的垂直分布除 NTS 处理呈递减趋势外,其余各处理均随着土层深度的加深而逐渐递增。

(2) 免耕、秸秆覆盖能改善土壤真菌群落结构组成,有利于有益真菌的大量繁殖。

(3) 耕作措施能显著影响土壤真菌群落的多样性和均匀性。土壤真菌群落的多样性总体呈现保护性耕作高于传统耕作。耕层内 TS、NT 和 T 处理多样性递减,NTS 呈递增趋势且在 10 ~ 30 cm 达到最大;3 种保护性耕作措施土壤真菌群落均匀性均高于传统耕作。

Reference :

- [1] Gong J, Huang G B, Chen L D, *et al.* Comprehensive ecological effect of straw mulch on spring wheat field in dryland area. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2003, 21 (4) : 69 - 73.
- [2] Gao H W, Li W Y, Li H W. Conservation tillage technology with Chinese characteristics. *Transactions of the CSAE*, 2003, 19 (4) : 1 - 4.
- [3] Zhong W H, Cai Z C. Effect of soil management practices and environmental factors on soil microbial diversity : a review. *Biodiversity Science*, 2004, 12 (4) : 456 - 465.
- [4] Zhu H P, Yao H Y, Zhang Y Y, *et al.* Effect of fertilizer system on soil microbial ecology. *Chinese Journal of Soil Science*, 2003, 34 (1) : 140 ~ 142 .
- [5] Ogram A. Soil molecular microbial ecology at age 20 : methodological challenges for the future. *Soil Biology & Biochemistry*, 2000, 32 (1 ~ 12) : 1499 - 1504.
- [6] Kierkegaard J A, Sarwar M, Wong P T W, *et al.* Field studies on the biofumigation of take-all by Brassica break crope . *Australian Journal of Agricultural Research*, 2000, 51 (4) : 445 - 456 .
- [7] Gao Y C, Zhu W S, Chen W X. Community structures of saprophytic soil microfungi in three differently cultivated field soils in the North of China. *Acta Ecologica Sinica*, 2001, 21 (10) : 1704 - 1710.
- [8] Lussenhop J. Analysis of microfungial component communities. In : Wicklow D T & Carroll G C Eds. *The Fungal Community : Its Organization and Role in the Ecosystem*. Marcel Dekker Inc, 1981. 37 - 46.
- [9] Yang F, Xu Q F. Advance in studies on diversity of microorganism in soil. *Jour of Zhejiang forestry Sci & Tech*, 2002, 22 (6) : 39 - 41.
- [10] Upadhyay R, Rai B. Ecological survey of Indian soil fungi with special reference to *Aspergillus*, *Penicillia* and *Trichoderma*. *Rev Ecol Biol Soil*, 1979, 16 (1) : 39 - 49.
- [11] Ranzoni F V. Fungi isolated in culture from soils of the Sonoran Desert. *Mycologia*, 1968, 60 (1) : 356 - 371.
- [12] Elmholt S, Kjoller A. Comparison of the occurrence of the saprophytic soil fungi in two differently cultivated field soils. *Biological Agriculture and Horticulture*, 1978, 6 : 229 - 239.
- [13] Bissett J & Parkinson D. fungal community structure in some alpine soils. *Can. J. Bot.*, 1979, 57 : 1609 - 1629.
- [14] Bandick A K, Dick R P. Field management affects on soil enzyme activities . *Soil Biol. Biochem.*, 1999, 31 (1) : 1471 - 1479.
- [15] The pedology research institute of Nanjing of Chinese Science Academy. *The Soil Microbial Research Technology*. Beijing : Agricultural Press, 1984.
- [16] Wei J C. *The Identification Manual of Fungus*. Shanghai : The Science and Technology Press of Shanghai, 1979.

[7] Xing L J, Li M C. General Mycology. Beijing :Higher Education Press, 1999.

[8] Ma K P. Measurement of biodiversity. In :Qian Y Q ed. Principle and methods of biodiversity studies. Beijing :Chinese Scientific &Technological Press, 1994 :141 – 165.

[9] Liu X Y, Lindemann W C, Whit fords W G, *et al.* Microbial diversity and activity of disturbed soil in the northern Chihuahuan Desert. Biology and Fertility of Soils, 2000, 32 (3) :243 – 249.

[10] Lupwayi N Z, Arshad M A, Rice W A, *et al.* Bacterial diversity in water-stable aggregates of soils under conventional and zero tillage management. Applied Soil Ecology, 2001, 16 (3) :251 – 261.

[11] 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. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34 (6) :1073 – 1082.

参考文献：

[1] 巩杰,黄高宝,陈利顶,等. 旱作麦田秸秆覆盖的生态综合效应研究. 干旱地区农业研究,2003,21 (3) 59 ~ 73.

[2] 高焕文,李问盈,李洪文. 中国特色保护性耕作技术. 农业工程学报,2003,19 (3) 3 ~ 4.

[3] 钟文辉,蔡祖聪. 土壤管理措施及环境因素对土壤微生物多样性影响研究进展. 生物多样性,2004,12 (4) 456 ~ 465.

[4] 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. 土壤通报,2003,34 (1) 140 ~ 142.

[7] 高云超,朱文珊,陈文新. 秸秆覆盖免耕土壤真菌群落结构与生态特征的研究. 生态学报,2001,21 (10) 1704 ~ 1710.

[9] 杨芳,徐秋芳. 土壤微生物多样性研究进展. 浙江林业科技, 2002, 22 (6) :39 ~ 41.

[5] 中国科学院南京土壤研究所. 土壤微生物研究法. 北京 农业出版社,1984.

[6] 魏景超. 真菌鉴定手册,上海 :上海科技出版社,1979.

[7] 邢来君,李明春. 普通真菌学. 北京 :高等教育出版社,1999.

[8] 马克平. 生物多样性的测定. 见 钱迎倩主编. 生物多样性研究的原理与方法. 北京 中国科学技术出版社,1994. 141 ~ 165.