

长期施肥对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响

徐华勤^{1 2}, 肖润林^{2,*}, 邹冬生¹, 宋同清², 罗 文¹, 李盛华³

(1. 湖南农业大学生物科技学院,长沙 410128 ;2. 中国科学院 亚热带农业生态研究所,长沙 410125 3. 湖南湘丰茶厂,长沙 410158)

摘要 利用 BIOLOG 研究长期施肥后茶园土壤微生物群落功能多样性变化 结果表明 :与清耕 (CK)相比 ,各长期施肥处理 *AWCD* 值的变化速度 (斜率)和最终能达到的 *AWCD* 值均有不同程度提高 ,其大小顺序为 :DWY > DY > W > CK ,可见施肥能不同程度提高微生物整体活性和丰富度 ,以有机无机肥配施效果最好。分析多样性指数表明 :各处理对土壤常见微生物种类影响并不大 ,施有机肥使微生物群落均匀度有所降低。对碳源利用主成分起分异作用的主要是糖类和羧酸类物质。对 *AWCD* 值、多样性指数与土壤养分因子的相关性分析表明 ,在红壤茶园中土壤肥力提高有利于土壤微生物活性的提高。

关键词 BIOLOG 施肥 土壤微生物 功能多样性

文章编号 :1000-0933 (2007)08-3355-07 中图分类号 S154.36 文献标识码 :A

Effects of long-term fertilization on functional diversity of soil microbial community of the tea plantation

XU Hua-Qin^{1 2}, XIAO Run-Lin^{2,*}, ZOU Dong-Sheng¹, SONG Tong-Qing², LUO Wen¹, LI Sheng-Hua³

1 College of Bioscience and Biotechnology Hunan Agricultural University ,Changsha 410128 ,China

2 Institute of subtropical Agriculture ,Chinese Academy of Sciences ,Changsha 410125 ,China

3 Hunan Xiangfeng Tea Factory ,Changsha 410158 ,China

Acta Ecologica Sinica 2007 27 (8) 3355 ~ 3361.

Abstract : The effects of long-term fertilization on soil microbial communities of tea plantation were investigated by using BIOLOG techniques. Based on *AWCD* and community diversity index , the treatments with fertilizers resulted in increasing the abundance and diversity of soil microorganisms compared to the non-fertilizing treatment , the combination of inorganic and organic fertilizers showed the greatest effect followed by the application of organic matter while inorganic fertilizer had less effect. Long-term fertilization exhibited little influence on the common species of soil microorganisms according to the analysis of multiple indexes ;however , application of organic fertilizer caused unevenly distribution of microbial communities in soil. After analyzing the principle components , it was found that the differentiation of soil microbial communities was mainly caused by carbohydrate and carboxylic acid. The improvement of soil fertility of tea plantation enhanced the microbial activity.

Key Words : BIOLOG 施肥 soil microbial community 功能多样性

基金项目 :中国科学院知识创新工程重要方向资助项目 (KSCX2-YW-N-48)

收稿日期 2006-12-06 ;修订日期 2007-03-30

作者简介 :徐华勤 (1972 ~) ,女 ,湖南省长沙市人 ,博士生 ,主要从事土壤微生物生态研究. E-mail :xu7541@163. com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail :xiaorl@isa. ac. cn

致谢 :本文在实验过程中得到中国科学院生态环境中心郑华副研究员和杨华博士的帮助 ,在此深表感谢 !

Foundation item : The project was financially supported by the knowledge innovation project of Chinese Academy of Sciences (No. KSCX2-YW-N-48)

Received date 2006-12-06 ;**Accepted date** 2007-03-30

Biography XU Hua-Qin , Ph. D. candidate , mainly engaged in soil microbial ecology. E-mail :xu7541@163. com

土壤微生物生态特征作为评价土壤质量变化的重要指标,已越来越引起人们的关注。诸多研究^[1~4]表明,不同农业管理措施将导致土壤代谢商和微生物功能多样性的变化,不同有机肥料能不同程度影响土壤微生物活性,不同培肥措施还能形成特定的微生物种群。但目前研究主要集中在土壤微生物区系^[5]、微生物量^[6]、酶活性^[7]等指标的变化上,而对土壤微生物功能多样性的影响研究还比较少,特别是具有独特微生物生理类型的茶园红壤,相关研究国内外还鲜见报道。

目前测定土壤微生物多样性方法很多,从最常规的稀释平板法到微生物量测定、磷脂脂肪酸分析法、BIOLOG 微平板分析法到分子生物技术方法等。研究方法的改进、创新和完善使土壤微生物研究工作得到长足的进展。BIOLOG 微平板分析法是测定土壤微生物对不同碳源利用能力及其代谢差异,进而用以表征土壤微生物功能多样性或结构多样性的一种方法。随着人们对土壤微生物群落结构及多样性重要性认识的提高,BIOLOG 方法因能利用自动测定装置获得大量有关微生物群落功能方面的重要信息而越来越受到重视。本研究通过比较长期不同培肥方式下茶园土壤微生物群落多样性的变化,探讨生态调控措施对茶园土壤微生物群落的影响,为揭示茶园土壤质量的演变机制和生态茶园的建设提供参考。

1 研究地区与研究方法

1.1 供试土壤

试验地点位于湖南省长沙县湘丰茶厂西山设施茶园(107°81'E 24°44'N,中亚热带南缘季风气候,年平均气温 16.5~20.5℃)。供试土壤为花岗岩母质发育成的红壤,试验地为平地,土壤肥力较一致。试验前供试地 0~20 cm 土壤有机质含量 11.7 g·kg⁻¹,全氮为 1.07 g·kg⁻¹,全磷为 0.36 g·kg⁻¹,全钾为 19.2 g·kg⁻¹,碱解氮 12.7 mg·kg⁻¹,有效磷 12.79 mg·kg⁻¹,有效钾 57.4 mg·kg⁻¹(于 2001 年 10 月测定)。

1.2 试验处理

茶树品种为福云早毫,2001 年 2 月种植,南北向种植,行间距为 120 cm。供试秸秆为当地晚稻稻草,2002 年 3 月覆盖,覆盖量为 15000 kg·hm⁻²,以后每年 3 月初和 11 月初各覆盖一次。小区面积为 1200 m²,顺序排列,不设重复,4 个处理分别为:

DY 稻草覆盖 + 100% 有机肥(菜枯 6000 kg·hm⁻² + 过磷酸钙 450 kg·hm⁻²)

DWY 稻草覆盖 + 50% 有机肥(菜枯 1830 kg·hm⁻²) + 50% NPK 肥(尿素 480 kg·hm⁻² + 过磷酸钙 690 kg·hm⁻² + KCl 82.8 kg·hm⁻²)

W 100% NPK 肥(三元复合肥 600 kg·hm⁻² + 尿素 750 kg·hm⁻² + 过磷酸钙 375 kg·hm⁻² + KCl 465 kg·hm⁻²)

CK 清耕。头年 11 月 5~15 日施基肥(占总施肥量 25.3%),翌年 3 月 1~5 日施早春肥(占总施肥量 44.7%),6 月 20 日左右施夏肥(占总施肥量 30.0%)。

1.3 土样制备及样品分析

2006 年 7 月 20 日,在各处理 5 点法随机采集 0~20 cm 土壤样品,每个样品 3 次重复,土壤样品带回室内分成 2 份,1 份鲜样混合均匀后进行微生物多样性测定。另 1 份风干过筛后供土壤有机碳、全 N、全 P、有效 N、有效 P 等的测定。

土壤有机碳总量采用重铬酸钾氧化还原滴定稀释法(COD_{Cr}法),全 N 用半微量凯氏定氮法,碱解 N 用碱解扩散法,全 P 采用硫酸高氯酸消煮钼锑抗比色法,有效 P 用 Olsen 法。

土壤微生物碳源利用多样性应用 BIOLOG 生态测试板(ECO MicroPlate,美国 Matrix Technologies Corporation 生产)测定。称取相当于 10 g 烘干土重的新鲜土样加入内有 100 ml 无菌水的三角瓶中,加无菌棉花塞,在 200 r·min⁻¹下振荡 30 min,然后按逐步稀释法,依次稀释为 10⁻²、10⁻³梯度液。用 10⁻³稀释液接种生态测试板,接种量为 150 μl,每样 1 板(3 次重复),将接种好的测试板加盖在 (25 ± 1)℃ 下培养 10 d,每隔 12 h 用 BIOLOG 自动读数装置在 590 nm 下读数。

1.4 数据处理及统计分析

根据培养基利用碳源的丰富度、多样性和均匀度指数,按照计算物种指数的方法^[8]计算土壤微生物群落

的功能多样性。数据经 Excel-2003 整理后 ,采用 SPSS12.0 (Statistical Product and Service Solutions)软件进行方差分析、相关性分析和主成分分析。

2 结果与分析

2.1 不同处理对土壤主要肥力因素的影响

土壤中主要养分含量的多少是衡量土壤肥力水平的重要指标 ,也是不同培肥效果的综合反映。由表 1 可见 ,与 CK 相比 ,DY、DWY、W 处理均提高了土壤主要养分含量 ,其中全氮分别增加了 3. 74%、30. 84%、6. 54% ,碱解氮 33. 31%、77. 01%、102. 92% ;全磷 11. 48%、1. 64%、6. 56% ,全钾 19. 44%、20. 49%、7. 16%。除单施化肥 (W 处理)外 ,DY、DWY 处理有机质分别增加 5. 98% 和 17. 69% ;可见 DY、DWY 处理显著地提高了土壤有机质、全钾含量 ,这可能是由于稻草与饼肥本身含丰富的碳、氮、钾 ,腐解后为土壤提供了丰富的碳和钾 ,而单施化肥虽然也提高了土壤全氮和碱解氮含量 ,但土壤有机质没有增加 ,C/N 比降低 ,土壤中大量积累 N 素 ,将使植株 N 代谢增强 ,这不利于生产优质茶叶。

表 1 不同处理土壤养分差异
Table 1 Difference of soil nutrient in different treatments

处理 Treatments	全氮 Soil total N (g·kg ⁻¹)	碱解氮 Alkali-hydrolyzable N (mg·kg ⁻¹)	有机质 Organic matter (g·kg ⁻¹)	全磷 Soil total P (g·kg ⁻¹)	全钾 Soil total K (g·kg ⁻¹)
DY	1. 11	16. 41	12. 40	0. 68	1. 819
DWY	1. 40	21. 79	13. 77	0. 62	1. 835
W	1. 14	24. 98	11. 71	0. 65	1. 632
CK	1. 07	12. 31	11. 70	0. 61	1. 523

2.2 土壤培育过程中 ELISA 反应 AWCD 值变化

将平均吸光值 (Average Well Color Development , AWCD)作为微生物整体活性的有效指标^[9]。AWCD 值的变化速度 (斜率)和最终能达到的 AWCD 值反映了土壤微生物利用某一碳源物质的能力。土壤培育过程 ELISA (酶标记免疫测定法 ,Enzyme-Linked Immunosorbent Assay)反应 AWCD 值变化如图 1 ,结果表明 ,与 CK 处理相比 ,其他处理 AWCD 值的变化速度 (斜率)和最终能达到的 AWCD 值均有不同程度提高 ,其大小顺序为 :DWY > DY > W > CK。可见不同培肥方式都提高了微生物活性 ,而施用有机肥的效果好于单施用化肥。这与前人研究结果一致^[10~12]。Garland 等^[9]认为土壤微生物群落的酶联反应速度和最终能达到的程度 ,与群落能利用单一碳底物的微生物的数目和种类有关。因此 ,不同处理土壤微生物群落的组成上是有所不同的。对 DY、DWY、W、CK 之间的 AWCD 值进行方差分析 (表 2) 结果表明 :DY、DWY、W、CK 各处理间的 AWCD 值有极显著性差异 ($\phi < 0. 01$) ,DY、DWY、W 之间的 AWCD 值达到显著性差异的水平 ($\phi < 0. 05$)。

进一步比较 ,发现稻草覆盖后施用有机肥 (DY 处理)和有机无机肥配施 (DWY 处理)时 ,AWCD 值的变化速度 (斜率)和最终能达到的 AWCD 最高值明显高于单施化肥 (W 处理)和清耕 (CK) ,且 DWY 处理最高 ,可见有机物对土壤微生物整体活性造成了明显影响 ,稻草和饼肥腐烂后进入土层 ,为土壤提供了丰富的有机碳源 ,大大增加了微生物数量和整体活性 ,并且稻草覆盖后配施化肥 ,能适当补充氮源 ,调节了土壤 C、N 比 ,创造了更有利于微生物生长的环境。

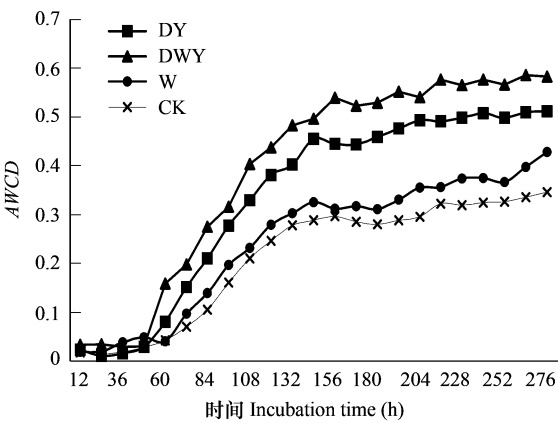


图 1 培养过程中的 AWCD 变化
Fig. 1 Variation in AWCD over time

2.3 土壤微生物群落多样性分析

采用土壤 ELISA 反应 144h 的数据计算土壤微生物群落对 31 种碳源利用的不同 ,分别计算丰富度、多样性、均匀度 (见表 3)。Maguran 指出 Shannon 指数受群落物种丰富度影响较大^[8]。DWY 与 DY、W、CK 处理存在显著性差异 ($p < 0.01$) ,可见有机肥无机肥配施能大大提高微生物丰富度。但在 DY、W、CK 之间 Shannon 指数没有显著性差异 ($p > 0.05$)。

表 2 各处理土壤 AWCD 值的方差分析
Table 2 ANOVA of AWCD for different treatments

变 量 Variables	差异源 Source	偏差平方和 SS	自由度 df	均方差 MS	F 值 F value	ρ 值 ρ-value
AWCD (DY、DWY、W、CK)	组间 Between Groups	0.465	3	0.155	5.438	0.002
	组内 Within Groups	2.510	88	0.029		
	总和 Total	2.976	91			
AWCD (DY、DWY、W)	组间 Between Groups	0.251	2	0.127	3.812	0.027
	组内 Within Groups	2.175	66	0.033		
	总和 Total	2.427	68			

表 3 土壤微生物群落多样性指数
Table 3 Diversity indices of soil microbial communities

处 理 Treatments	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Pielou 指数 Pielou index
DY	4.1950 ± 0.019	0.9790 ± 0.011	1.1040 ± 0.013
DWY	4.3402 ± 0.041	0.9810 ± 0.061	1.0685 ± 0.041
W	4.180 ± 0.023	0.9849 ± 0.023	1.1931 ± 0.035
CK	4.1524 ± 0.017	0.9812 ± 0.039	1.1618 ± 0.043

Simpson 指数较多反映群落中常见的物种 ,姚槐应等^[13]发现茶园土中革兰氏阳性菌占有相对较高的比例 ,亦含有数目较多的、代谢缓慢的革兰氏阴性菌。本实验中与 CK 处理相比 ,各处理 Simpson 指数没有显著差异 ($p > 0.05$) ,可见不同处理对茶园土壤中常见菌种影响不大。

从均匀度 Pielou 指数来看 ,与 CK 处理相比 ,DY、DWY 处理均匀度均有所降低 ,存在显著性差异 ($p < 0.05$) ,W 处理与 CK 相比较均匀度却有所提高 ,不存在显著性差异 ($p > 0.05$)。可能是在 DY、DWY 处理下 ,某些微生物种类数量大幅度得到提高 ,从而降低了整个群落均匀度。陈芝兰等^[12]研究发现秸秆还田能明显提高纤维素分解菌及固氮菌数量。刘刚等^[14]发现秸秆覆盖后 ,桑树不同生育期耕层土壤细菌、真菌、氨化菌和固氮菌均显著增加。徐晶等^[15]发现秸秆还田可提高细菌和真菌数量 ,但放线菌、固氮菌、氨化细菌、硝化细菌及纤维分解菌都较低。以上研究均证明稻草覆盖能明显提高某些微生物数量 ,可能这也是使群落均匀度降低的原因之一。

2.4 AWCD 值、多样性指数与土壤养分因子的关系

相关性分析表明 (表 4) ,AWCD 值与有机质、全氮、全钾含量呈极显著正相关 (R^2 分别为 0.894 ,0.726 ,0.982 $n = 23$)。Shannon 指数与有机质、全氮含量呈极显著正相关 (R^2 分别为 0.976 ,0.988 $n = 7$) ,与全钾含

表 4 AWCD 值、多样性指数与土壤养分因子的关系
Table 4 The relationships between soil nutrient and AWCD or diversity indices

项目 Item	全氮 Soil total N (g·kg ⁻¹)	碱解氮 Alkali ydrolyzable N (mg·kg ⁻¹)	有机质 Organic matter (g·kg ⁻¹)	全 磷 Soil total P (g·kg ⁻¹)	全 钾 Soil total K (g·kg ⁻¹)
AWCD 值 (N = 23)AWCD value	0.726 *	0.249	0.894 **	0.304	0.982 **
Shannon 指数 Shannon index	0.988 **	0.431	0.976 **	-0.223	0.735 *
Simpson 指数 Simpson index	-0.034	0.661 *	-0.393	-0.201	-0.488
Pielou 指数 Pielou index	-0.705 *	0.065	-0.916 **	-0.025	-0.840 **

量呈显著正相关 (R^2 为 0.735 $n=7$)。Simpson 指数与碱解氮呈显著正相关 (R^2 为 0.661 $n=7$)。以上均说明肥力高的土壤有利于提高土壤微生物活性,这与黎宁等^[6]对广州白云区菜园土壤微生物生态特征与理化性质关系的研究相似。Pelou 指数与有机质、全钾含量呈极显著负相关 (R^2 分别为 -0.916, -0.840 $n=7$),与全氮含量呈显著负相关 (R^2 为 -0.705 $n=7$)。这可能是由于茶园土壤中有有机质和全氮含量的提高对不同类型微生物生长繁衍的刺激作用有很大差异,使得某些物种大幅度增长而群落均匀性降低。

2.5 土壤微生物碳源利用多样性的主成分分析

土壤微生物多样性反映了群落总体的变化,但未能反映微生物群落代谢的详细信息,研究土壤微生物对不同碳源利用能力的差异,有助于更全面地了解微生物群落代谢功能特性^[17]。4 种处理土壤微生物群落的代谢多样性类型的比较结果,可以提供不同处理对土壤微生物群落影响的信息。应用主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA) 在 31 种因子中提取的 2 个主成分因子,分别可以解释所有变量方差的 51.26% 和 26.47%。由图 2 可以看出, DY、W 处理处理的土壤在 PCA1 轴上的得分值较低,并且与 CK 的得分非常接近,说明单施有机肥和单施化肥对茶园土壤微生物碳源利

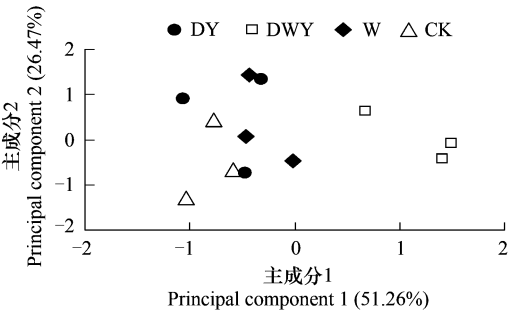


图2 不同处理土壤微生物碳源利用的主成分分析

Fig.2 Principal components analysis of carbon utilization profiles of diverse treatments

用的影响较小,可能是本实验中稻草未经腐熟处理,直接覆盖在茶树行间,稻草本身 C/N 常 >50/1,甚至达 100/1,而微生物在生长繁殖过程中对碳氮的利用量也有一定比例,据估算适合多种微生物生活在一起的 C/N 大约在 25/1 左右^[4]。稻草覆盖配施饼肥使相当长的一段时间土壤碳源丰富而氮源不足,而长期单施化肥使得土壤中氮源丰富而碳源不足,氮源或碳源不足都使得后期微生物生长受到了抑制。

比较 DWY 处理与 CK 处理,在 PCA1 轴上的得分值之间则有很好的分离,也就是说,稻草覆盖后有机无机肥配施微生物对碳源利用与清耕有较大差异,说明稻草覆盖后有机无机肥配施不但提供了丰富的碳源和氮源,而且提供了适合土壤微生物生长所需合适 C/N 比的环境,微生物得到丰富,与清耕形成明显区别。

与主成分 1 和主成分 2 具有较高相关系数的碳源见表 5。由表 5 可以看出,对主成分 1 和主成分 2 (图 2) 起分异作用的主要碳源分别是糖类和羧酸类物质 (表 5)。

3 讨论

朱海平等^[3]研究发现,培肥管理措施导致了土壤代谢商和微生物功能多样性的系统变化,并能形成特定的土壤微生物种群。孔瑞莲等^[8]发现,NPK 与有机肥长期配合施用能明显提高土壤有机质和氮磷钾养分含量,促进微生物的代谢和繁育,增加土壤微生物的数量,这种施肥方式可以为作物稳产高产创造良好的土壤生态环境。本研究结果同样表明,在红壤茶园中长期施肥能不同程度增加茶园土壤微生物整体活性和丰富度,而有机物与无机肥配施调节了土壤 C/N,能提供更适应微生物生活的环境。比较多样性指数发现,不同处理对茶园土壤常见微生物物种种类影响并不大,但施用有机肥降低了微生物群落均匀度。主成分分析表明,受影响较大的碳源主要是糖类和羧酸类物质,另外还有少量的氨基酸类物质。

土壤微生物群落多样性变化不仅受不同施肥方式影响,往往还受到土壤有机质等本底因子的影响,孔维栋等^[1]发现在本底有机质含量较高的土壤中,施用不同腐熟程度的有机肥后前期土壤微生物多样性降低,中后期对土壤微生物群落代谢功能多样性差异不大。Bending 等^[9]的研究结果表明,在有机质含量不同的土壤上施用黑麦草地上部后,在培养后期,本底有机质含量高的土壤 (2.5%) 的微生物群落代谢多样性低于未施有机物料的对照,而本底有机质含量低的土壤 (0.8%) 的微生物群落代谢多样性则显著高于对照。另外,不同种类有机物料这种效应也不同,如施用甜菜地上部则显著提高有机质含量低的土壤微生物群落代谢多样性,而在高有机质土壤上则提高程度未达显著水平,但施用小麦秸秆则均能显著提高这两种土壤的多样

性。本研究中长期施肥后茶园土壤微生物活性都显著提高,应该与供试茶园土壤为有机质含量较低的红壤有关。目前关于土壤微生物功能多样性 (BIOLOG 法)与土壤养分之间关系的研究还较少,诸多研究已经证明^[2,18,20],土壤微生物量、微生物区系、基础呼吸等微生物生态特征对不同农业管理措施都有明显的响应,但要建立一个准确表征土壤肥力的微生物指标体系仍需要进行深入的研究。

表 5 土壤中与 PCA1 和 PCA2 相关显著的主要培养基

Table 5 Main substrates with high correlation coefficients for PCA1 and PCA2 in PCA of diversity patterns for each site of upper layer			
PCA1	r	PCA2	r
糖类 Carbohydrates		糖类 Carbohydrates	
D (-)-半乳糖酸-γ-内酯 D-Galactonic Acid γ-Lactone	0.754	D,L-α-磷酸甘油 D,L-α-Glycerol Phosphate	0.697
N-乙酰-D-葡萄糖胺 N-Acetyl-D-Glucosamine	0.952	α-D-乳糖 α-D-Lactose	0.654
聚氧乙烯山梨糖醇酐单棕榈酸酯 Tween 40	0.766	糖原 Glycogen	0.810
聚氧乙烯 (20)山梨醇酐单油酸酯 Tween 80	0.710	苯乙氨 Phenylethyl-amine	0.733
D-甘露糖醇 D-Mannitol	0.955	羧酸类 Carboxylic Acids	
L-天冬酰胺 L-Asparagine	0.988	D (+)-苹果酸 D-Malic Acid	0.649
腐胺 Putrescine	0.815	2-羟基苯甲酸 2-Hydroxy Benzoic Acid	0.754
羧酸类 Carboxylic Acids		氨基酸类 Amino Acids	
葡萄糖-1-磷酸 Glucose-1-Phosphate	0.789	L-丝氨酸 L-Serine	0.886
D-半乳糖醛酸 D-Galacturonic Acid	0.908		
3-羟基-4-甲氧基苯甲酸 α-Ketobutyric Acid	0.665		
D-氨基葡萄糖酸 D-Glucosaminic Acid	0.735		
4-羟基苯甲酸 4-Hydroxy Benzoic Acid	0.978		
氨基酸类 Amino Acids			
L-精氨酸 L-Arginine	0.767		
L-苯丙氨酸 L-Phenylalanine	0.718		

BIOLOG 测试系统是快速测定土壤微生物群落功能代谢多样性的一种潜在有效手段,但由于茶园土壤微生物具有独特的生理类型,使得茶园土壤具有独特的微生物多样性^[13],因此,在应用 BIOLOG 测试系统鉴定微生物群落的潜在功能多样性时,应进一步研究产生其代谢土壤剖面差异的微生物种类,将碳源利用速率与根际环境实际存在碳源有效性联系起来研究,以完善该技术在茶园土壤环境研究中的应用。本研究借助 BIOLOG 测试系统这一现代微生物学手段对茶园土壤微生物功能多样性进行定量描述,并探讨了土壤微生物多样性与土壤肥力的关系,力求使微生物活性能够更加真实全面地反映土壤质量和生产力,这也是将土壤微生物多样性作为评价茶园土壤健康质量指标的一次有益尝试。但是,如何结合其他微生物活性变化特征来建立全面评价有机茶园土壤质量标准的土壤微生物学预警体系,尚有待进一步研究。

References :

[1] Kong W D , Liu K X , Liao Z W , *et al.* Effects of organic matters on metabolic functional diversity of soil microbial community under pot incubation conditions. *Acta Ecologica Sinica* ,2005 25 (9) :2291 — 2296.

[2] Cai X B ,Zhang Y Q , Qian C , *et al.* Effects of different fertilizing manners on the fertility characteristics of the degraded soil in central Tibet. *Acta Ecologica Sinica* 2004 24 (1) :75 — 83.

[3] 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 (2) :140 — 142.

[4] Li F D , Hu Z J. *Microbiology*. Beijing :Chinese Agriculture Press ,2005.222 — 223.

[5] Cai X B ,Qian C ,Peng Y L *et al.* Fertility and restoration of degraded soil in central Tibet. *Acta Pedologica Sinica* ,2004 41 (4) :603 — 611.

[6] Shen C W ,Xiao R L ,Xu H Q *et al.* Effects of the cover and intercropping of microbial biomass of soil of tea plantations in subtropical hilly region. *Journal of Soil and Water Conservation* ,2006 20 (3) :141 — 144.

[7] Wang J W , Feng Y J . Effects of planting Bt corn on soil microbial activity and soil fertility. *Acta Ecologica Sinica* 2005 ,25 (5) :1213 — 1220.

[8] Magurran A E. Ecological diversity and its measurement. Princeton , N. J :Princeton University Press ,1988. 141 — 162.

[9] Garland J L , Mills A L. Classification and characterization of het-erotrophic microbial communities on basis of patters of community level sole-carbon-source utilization. Appli Environ Microbial ,1991 ,57 2351 — 2359.

[10] Cai Y F , Liao Z W , Zhang J E , *et al.* Effect of ecological organic fertilizer on tomato bacterial wilt and soil microbial diversities. Chinese Journal of Applied Ecology 2003 ,14 (3) 349 — 353.

[11] Fliebbach A , Eyhorn F , Mader P , *et al.* “DOK ” long term farming system trial : microbial biomass , activity and diversity affected the decomposition of plant residues. In : Rees R M , Campell B C (eds) , Sustainable Management of Organic Matter. Walling ford : CABI Publishing , 2001. 363 — 369.

[12] Chen Z L , Zhang F P , Cai X B. Effects of returning straws to field on microbes of degenerated soil in central Tibet. Acta Pedologica Sinica , 2005 , 42 (4) 696 — 699.

[13] Yao H Y , He Z L , Huang C Y. Effect of land use history onmicrobial diversity in red soils. Journal of Soil and Water Conservation , 2003 ,17 (2) : 51 — 55.

[14] Liu G , Tong W H , Du Z H. The annual change of soil microorganism in the straw-covered mulberry field. Sericulture Science , 2003 ,29 (2) 185 — 188.

[15] Xu J , Chen W H , Sun R L , *et al.* Effects of different fertilization systems on amount of soil microorganism and enzyme activity in red soil of Hunan. Soil Fertilizer , 2003 (5) 8 — 11.

[16] Li N , Li H X , Zhu FJ , *et al.* Relationships between soil mircrobial ecological characteristics and physical-chemical properties of vegetable garden soil. Chinese Journal of Applied Ecology , 2006 ,17 (2) 285 — 290.

[17] Zhen H , Ou Yang Z Y , Wang X K , *et al.* Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities. Chinese Journal of Applied Ecology , 2004 ,15 (11) 2019 — 2024.

[18] Sun R L , Zhu L S , Zhao B Q , *et al.* Effects of long-term fertilization on soil microorganism and its role in adjusting and controlling soil fertility. Chinese Journal of Applied Ecology 2004 ,15 (10) : 1907 — 1910.

[19] Bending G D , Turner M K , Jones J E , *et al.* Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the metabolic functional diversity of soil microbial communities. Soil Biol Biochem , 2002 ,34 :1073 — 1082.

[20] Kong W D , Liu K X , Liao Z W. Effects of different organic materials and their composting levels on soil microbial community. Chinese Journal of Applied Ecology 2004 ,15 (3) : 487 — 492.

参考文献：

[1] 孔维栋 ,刘可星 ,廖宗文 ,等. 不同腐熟程度有机物料对土壤微生物群落功能多样性的影响. 生态学报 2005 ,25 (9) 2291 ~ 2296.

[2] 蔡晓布 ,张永青 ,钱成 ,等. 西藏中部退化土壤在不同培肥措施下的肥力特征. 生态学报 ,2004 ,24 (1) 75 ~ 83.

[3] 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 (2) :140 ~ 142.

[4] 李阜棣 ,胡正嘉主编. 微生物学. 北京 :中国农业出版社 2005. 222 ~ 223.

[5] 蔡晓布 ,钱成 ,彭岳林 ,等. 西藏中部退化农田土壤肥力的变化特征及其重建. 土壤学报 2004 ,41 (4) 603 ~ 611.

[6] 沈程文 ,肖润林 ,徐华勤 ,等. 覆盖与间作对亚热带丘陵区茶园土壤微生物量的影响. 水土保持学报 2006 ,20 (3) :141 ~ 144.

[7] 王建成 ,冯远娇. 种植 Bt 玉米对土壤微生物活性和肥力的影响. 生态学报 ,2005 ,25 (5) :1213 ~ 1220.

[10] 蔡燕飞 ,廖宗文 ,章家恩 ,等. 生态有机肥对番茄青枯病及土壤微生物多样性的影响. 应用生态学报 2003 ,14 (3) 349 ~ 353.

[12] 陈芝兰 ,张涪平 ,蔡晓布. 稻秆还田对西藏中部退化农田土壤微生物的影响. 土壤学报 2005 ,42 (4) 696 ~ 699.

[13] 姚槐应 ,何振立 ,黄昌勇. 不同土地利用方式对红壤微生物多样性的影响. 水土保持学报 2003 ,17 (2) 51 ~ 55.

[14] 刘刚 ,佟万红 ,杜周和. 秸秆覆盖对桑园土壤微生物年变化的影响. 蚕业科学 2003 ,29 (2) :185 ~ 188.

[15] 徐晶 ,陈婉华 ,孙瑞莲 ,等. 不同施肥处理对湖南红壤中微生物数量及酶活性的影响. 土壤肥料 2003 (5) 8 ~ 11.

[16] 黎宁 ,李华兴 ,朱凤娇 ,等. 菜园土壤微生物生态特征与土壤理化性质的关系. 应用生态学报 2006 ,17 (2) 285 ~ 290.

[17] 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. 应用生态学报 2004 ,15 (11) 2019 ~ 2024.

[18] 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. 应用生态学报 2004 ,15 (10) : 1907 ~ 1910.

[20] 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. 应用生态学报 2004 ,15 (3) : 487 ~ 492.