

黄土高原典型林木根际土壤微生物群落结构与功能特征及其环境指示意义

张海涵¹, 唐明^{2*}, 陈辉²

(1. 西北农林科技大学生命科学学院, 杨凌 712100; 2. 西北农林科技大学林学院, 杨凌 712100)

摘要: 通过研究黄土高原典型林木根际土壤微生物群落结构, 为正确评价该生态恢复区土壤环境恢复状况提供理论依据。利用湿筛倾析法、涂平板法和 BIOLOG 法研究了陕北黄土高原 4 种典型林木丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)孢子密度与土壤微生物群落结构多样性。结果表明, 沙棘 AMF 孢子密度为刺槐的 2.24 倍, 顺序为沙棘 > 狼牙刺 > 柠条 > 刺槐, 不同林木土壤细菌和放线菌数量达极显著差异($p < 0.01$), 真菌数量差异不显著($p > 0.05$)。同一林木土壤细菌对 BIOLOG-ECO 板中碳源的利用优势种类和利用程度呈现明显的差异性; 主成分分析表明对主成分 1 和主成分 2 贡献大的碳源为 14 种和 8 种, 柠条和沙棘土壤典型变量值的变异(离散)较小, 而狼牙刺和刺槐土壤典型变量值的变异较大。相关性分析表明, AMF 孢子密度与细菌数量、氨基酸类、多胺类和芳香化合物类碳源呈极显著正相关($p < 0.01$), 与真菌数量、放线菌数量和细菌总代谢活性呈显著正相关($p < 0.05$), 但是与羧酸类、糖类和多聚物类碳源相关性不显著($p > 0.05$)。AMF 孢子密度可以作为评价陕北黄土高原林木土壤细菌生理代谢类群及其多样性的环境生物学指标。

关键词: 林木; 孢子密度; BIOLOG; 土壤微生物群落结构

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2009)08-2432-06

Characterization of Soil Microbial Community Function and Structure in Rhizosphere of Typical Tree Species and the Meaning for Environmental Indication in the Loess Plateau

ZHANG Hai-han¹, TANG Ming², CHEN Hui²

(1. College of Life Sciences, Northwest A & F University, Yangling 712100, China; 2. College of Forestry, Northwest A & F University, Yangling 712100, China)

Abstract: Determination of the soil microbial community structure in rhizosphere of typical tree species in the Loess Plateau can be of great theoretical significance for correctly assessing the characteristics of soil ecological rehabilitation of the Loess Plateau. In this study, spore density analysis, microbial cultivation and BIOLOG were employed to evaluate the AMF spore density and soil microbial community diversity under four tree species with vesicular-arbuscular mycorrhizae in ecological rehabilitation area of the Loess Plateau, north Shaanxi Province. The results show that the different tree species differed significantly in both soil microbial number and microbial functional diversity, AMF spore density of *Hippophae rhamnoides* soil is 2.24 times than that of the *Robinia pseudoacacia* soil, and the rank as following order: *Hippophae rhamnoides* > *Sophora viciifolia* > *Caragana microphylla* > *Robinia pseudoacacia*. The statistical significant are detected in the bacteria and actinomyces numbers, however, there is no statistical significance in fungi number among the treatments. The principle component analyses indicates that scatter of *Caragana microphylla* and *Hippophae rhamnoides* are smaller than that of *Sophora viciifolia* and *Robinia pseudoacacia*, these results suggest that the soil community structure strongly varied among the different tree species. Numbers of carbon sources related to the first two components are 14 and 8. Correlation analysis shows that the AMF spore density appeared extremely significantly and positively correlated with the number of bacteria, and the metabolic of amino acids, amines and aromatic compounds, respectively. Moreover, AMF spore density positively correlated with the average well color development (AWCD), nevertheless, no correlations are found among AMF spore density, carboxylic acids, carbohydrates and polymers. These results suggest that AMF spore density is shown to be an important environmental biology parameter used in correctly assessing the soil bacteria metabolic community and diversity under the tree species in ecological rehabilitation of the Loess Plateau, north Shaanxi Province.

Key words: tree species; spore density; BIOLOG; soil microbial community structure

土壤微生物在“土壤-土壤微生物-植物”这一生态系统中扮演着重要角色, 对土壤养分、土壤结构、土壤稳定性和植被生态恢复有重要影响^[1]。根际微生物和菌根真菌群落变异影响着植物群落和陆地生态系统碳循环以及整个陆地生态系统格局的变

收稿日期: 2008-09-21; 修订日期: 2008-11-14

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(30630054); 长江学者和创新团队发展计划项目(IRT0748); 教育部博士点基金项目(20060712025)

作者简介: 张海涵(1981~), 男, 博士研究生, 主要研究方向为微生物生态学, E-mail: haihanzhang2005@126.com

* 通讯联系人, E-mail: tangmingyl@163.com

化^[2].菌根真菌具有促进植物营养吸收、提高植物抗逆性和改善土壤性状等重要生态功能^[3].其中丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)孢子密度作为反映土壤生态特征的一项重要指标,与土壤理化性状有着密切关系^[4].对衰退生态系统的恢复在考虑植物多样性的同时更应该考虑土壤微生物多样性,充分发挥 AMF、菌根促生细菌(mycorrhization helper bacteria, MHB)和植物促生细菌(plant-growth-promoting rhizobacteria, PGPR)的作用^[5].张海涵等^[6]研究了陕北黄土高原外生菌根林木油松(*Pinus tabulaeformis*)菌根根际细菌群落功能多样性.薛蕙等^[7,8]对黄土高原安塞纸坊沟流域人工刺槐林(*Robinia pseudoacacia*)土壤微生物量的演变特征和不同植被恢复模式对该生态脆弱区土壤微生物量的影响进行了研究.但是关于该地区不同林木的 AMF 与土壤微生物群落多样性的研究却鲜见报道.

本实验采用湿筛倾析法、涂平板法和 BIOLOG 法相结合研究了陕北黄土高原 4 种丛枝菌根典型林木土壤微生物群落多样性,分析在自然生态条件下 AMF 与其他土壤微生物群落多样性的关系,以期为评价陕北黄土高原植被生态恢复提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 研究地区概况

采样地为中国科学院陕西安塞水土保持实验站纸坊沟流域(109°16'E, 36°46'N),流域面积 8.27 km²,海拔1 010~1 431 m,年均气温8.8℃,平均无霜期 160 d,气候湿润指数 0.53,年均降雨量 549.1 mm,多集中在 7~9 月,为暖温带半干旱气候,土壤类型为黄绵土,呈碱性.该区域沟壑纵横,植被稀疏,丛枝菌根典型林木主要有柠条(*Caragana microphylla*)、沙棘(*Hippophae rhamnoides*)、狼牙刺(*Sophora viciifolia*)和刺槐(*Robinia pseudoacacia*)等^[6].

1.2 实验材料

(1) 土样采集 采集柠条(CM)、沙棘(HR)、狼牙刺(SV)和刺槐(RP)人工纯林根际土,4 种林木立地条件和土壤基本状况见表 1.在 0~20 cm 深的土壤中采集林木根系,采用抖土法采集根际土样^[9].每种林木随机选取 5 棵,每棵树选 3 个取样点,将 15 份土壤样品充分混合,除去表面可见的动物和植物残体,作为 1 个处理,3 次重复,每个重复间所选树的距离>30 m.将土样置于小冰箱内迅速带回实验室,4℃保存,48 h 内进行土壤微生物群落多样性分析.

表 1 4 种林木立地条件和土壤状况

Table 1 Area conditions of the four tree species and basic parameter of soils					
林木	林龄 /a	海拔 /m	坡度 /(°)	土壤 pH	土壤含水量 /%
CM	23	1 130	23~25	8.13	5.6
HR	22	1 100	23~25	7.85	1.9
SV	22	1 050	15~20	8.23	5.6
RP	22	1 145	20~25	8.25	5.8

(2) BIOLOG-ECO 微平板 BIOLOG-ECO 板的 31 种单一碳源分为 6 大类^[10,11]:氨基酸类(6 种)、羧酸类(7 种)、糖类(10 种)、多胺类(2 种)、多聚物类(4 种)和芳香化合物类(2 种).

1.3 实验测试项目

(1) AMF 孢子密度的测定 分别从各土样中取 100 g 风干土 2 份,1 份在 105℃下烘干至恒重,测定土壤含水量;另 1 份用湿筛倾析法分离孢子于培养皿内,在解剖镜下分格计数,计算出每 100 g 烘干土中的孢子数^[12].各土样均重复 3 次.

(2) 微生物数量测定 采用稀释涂平板法对土样中细菌、真菌和放线菌数量进行测定,并计算出百分数(百分数=细菌或放线菌或真菌数/微生物总数×100%).其中细菌、真菌和放线菌培养基分别为牛肉膏-蛋白胨培养基、马丁氏培养基+0.3%乳酸和高氏 I 号培养基+3%重铬酸钾^[13].

(3) 细菌群落代谢多样性 BIOLOG 法的操作参见文献[14,15].

1.4 数据处理

(1) AMF 孢子密度的计算 每 100 g 烘干土中的孢子数=孢子总数×100/[土壤湿重×(1-土壤含水量)],土壤含水量(%)=(土壤湿重-土壤干重)/土壤湿重×100%.

(2) 细菌群落代谢多样性 采用接种的 ECO 板培养 144 h 的数据,平均颜色变化率(AWCD)和丰富度指数(S)和 Shannon 指数(H)计算公式见文献[6].

(3) 数据采用 Excel(V2003)、SAS(V8.1)和 SPSS(V13.0)软件在计算机上进行统计分析,用 Excel(V2003)和 Sigma Plot(V8.1)进行绘图.

2 结果与分析

2.1 不同林木土壤微生物数量分析

由表 2 可见,AMF 孢子密度大小顺序为沙棘>狼牙刺>柠条>刺槐,其中沙棘 AMF 孢子密度是刺槐的 2.24 倍,差异达极显著水平($p<0.01$),但是沙

棘和狼牙刺没有差异.在 4 种林木中不同土壤微生物总数存在较大变异,微生物数量大小均为细菌>放线菌>真菌,各处理土壤中细菌占绝对优势,百分含量均在 96% 以上;不同林木的细菌数量大小依次为沙棘>狼牙刺>柠条>刺槐,沙棘土壤细菌数量

极显著高于柠条、狼牙刺和刺槐($p < 0.01$);放线菌数量大小依次为狼牙刺>沙棘>刺槐>柠条,差异达极显著水平($p < 0.01$),沙棘和刺槐间无显著差异;林木间真菌数量差异不显著($p > 0.05$),百分含量均小于 0.06%.

表 2 林木土壤微生物数量与组成分析¹⁾

林木	AMF 孢子密度 ^{**} /个·(100 g) ⁻¹	细菌 ^{**}		真菌 ^{NS}		放线菌 ^{**}	
		数量×10 ⁵ /CFU·g ⁻¹	百分含量/%	数量×10 ² /CFU·g ⁻¹	百分含量/%	数量×10 ⁴ /CFU·g ⁻¹	百分含量/%
CM	433±50 b	113±17 b	98.31	44±12 a	0.04	19±1 c	1.65
HR	674±85 a	320±28 a	99.42	59±4 a	0.01	30±4 b	0.57
SV	601±138 a	120±31 b	96.97	54±5 a	0.04	37±2 a	2.99
RP	301±24 b	87±14 b	96.71	55±5 a	0.06	29±1 b	3.22

1) 数值为平均值(3 次重复)±标准差;* 和 ** 分别表示同列差异达显著水平($p < 0.05$)和极显著水平($p < 0.01$),下同

2.2 细菌群落的碳源代谢多样性分析

2.2.1 同一林木土壤细菌对 BIOLOG-ECO 板 6 类碳源的利用

微生物对不同碳源的利用可以反映微生物的代谢功能类群.由表 3 可见,同一林木土壤细菌对碳源的优先利用种类和利用程度有明显差异,从而反映出该林木土壤细菌生理碳代谢群落结构不同.柠条的优势群落结构为:多聚物代谢类群>氨基酸类代谢群>糖代谢群.沙棘的优势群落则变为:氨基酸类

代谢群>多胺化合物代谢群>多聚物代谢群.狼牙刺土壤细菌群落中糖代谢群、多胺化合物代谢群、氨基酸类代谢群成为优势种群.刺槐的优势群落为:多聚物代谢类群>糖代谢群>多胺化合物代谢群.由此可见,同一林木土壤细菌碳代谢群落结构不同,其中柠条、刺槐土壤优势种群均为多聚物代谢群,沙棘为氨基酸类代谢群,狼牙刺为糖代谢群,各林木土壤的最弱碳代谢群落均为芳香化合物代谢群.

2.2.2 BIOLOG 结果的主成分分析(PCA)

表 3 同一林木土壤细菌对 6 类碳源利用的方差分析

林木	氨基酸类	羧酸类	糖类	多胺化合物类	多聚物类	芳香化合物类
CM ^{**}	0.59±0.02ab	0.37±0.14b	0.45±0.16ab	0.09±0.01c	0.62±0.07a	0.07±0.01c
HR ^{**}	1.17±0.09a	0.56±0.08c	0.51±0.09c	0.97±0.05ab	0.92±0.20b	0.44±0.11c
SV [*]	0.49±0.29abc	0.32±0.22bc	0.97±0.29c	0.64±0.47ab	0.38±0.18bc	0.07±0.01c
RP ^{**}	0.21±0.14bc	0.18±0.12bc	0.40±0.01ab	0.32±0.21ab	0.48±0.17a	0.04±0.01c

用培养 144 h 的数据进行主成分分析(PCA),31 个主成分因子前 11 个的累积方差贡献率就达到 100%,其中前 5 个主成分方差贡献率为:32.34%、16.45%、12.57%、9.66%和 7.91%.从中提取可以聚集单一碳源变量的数据变异(累积方差贡献率)为 48.79%的前 2 个主成分 PC1、PC2(特征根值为 10.03 和 5.10)来分析细菌群落功能多样性.由图 1 可见,4 种林木在主成分坐标体系中分布差异十分明显.PC1 的方差贡献率最大,主要综合了刺槐、柠条和沙棘的变异.PC2 将狼牙刺与刺槐、柠条、沙棘明显区分.沙棘处于 PC1 的正端,典型变量值达 1.53.狼牙刺处于 PC2 的最正端.PC1 典型变量值差异极显著($F = 9.81, p < 0.01$),这种差异表现在:柠

条土壤和狼牙刺土壤跟其他 2 个处理土壤差异均显著,而狼牙刺与刺槐土壤不显著.PC2 典型变量值差异也达到极显著水平($F = 14.12, p < 0.01$),表现在:沙棘、狼牙刺和刺槐差异显著,但是刺槐、柠条与沙棘差异不显著.柠条和沙棘土壤典型变量值的变异(离散)很小,而狼牙刺和刺槐土壤典型变量值的变异较大(图 1).考察 PCA 的相关性矩阵,可知单一碳源对 PC1 和 PC2 贡献的特征向量系数(图 2),由图 2 可见,对 PC1 贡献大的碳源(系数>0.50)有 14 种,羧酸类占 5 种,氨基酸占 5 种,多聚物占 3 种,可见影响 PC1 的主要为羧酸类和氨基酸类,对 PC2 贡献大的碳源分别为 8 种,其中糖类占 50%.可见影响 PC2 的主要为糖类.L-天门冬酰胺对 PC1 和 PC2

贡献系数都 > 0.50.

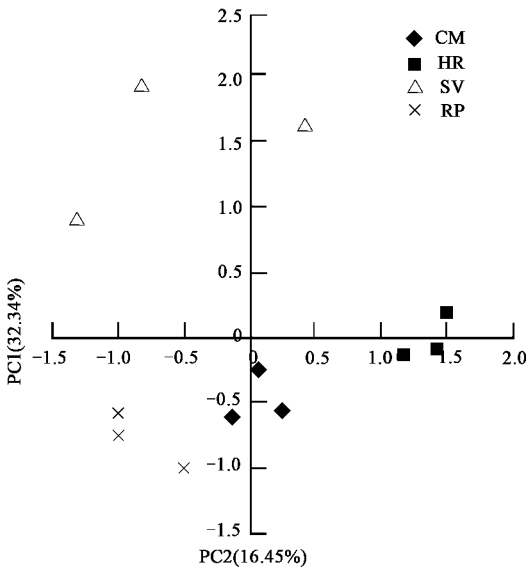
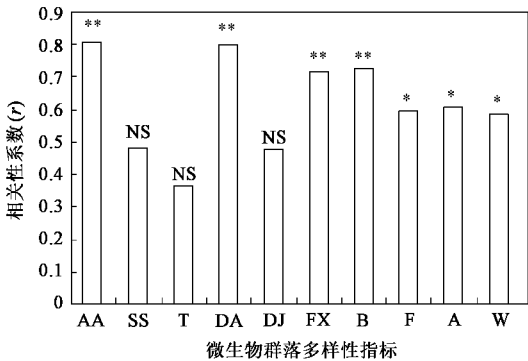


图 1 不同林木土壤细菌群落主成分分析

Fig.1 Principal component analysis of soil bacteria communities for different tree species

氨基酸代谢群、多胺代谢群和芳香化合物代谢群微生物数量随着 AMF 密度的增加而增加,在一定程度上,AMF 孢子密度可以表征这几类细菌生理代谢群的特性.



AA. 氨基酸类, SS. 羧酸类, T. 糖类, DA. 多胺类, DJ. 多聚物类, FX. 芳香化合物类, B. 细菌, F. 真菌; A. 放线菌, W. AWCD: * 表示 $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, NS: 相关性不显著

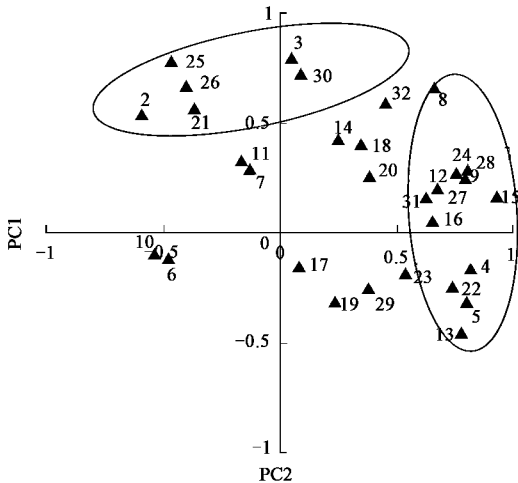
图 3 AMF 孢子密度与土壤微生物群落多样性的相关系数

Fig.3 Correlation coefficients of AMF spore density and the diversity of soil microbial community

在微生物数量和细菌总代谢活性方面,AMF 孢子密度与细菌数量呈极显著正相关($p < 0.01$).而与真菌量、放线菌量、AWCD 均呈显著性正相关($p < 0.05$).说明随着 AMF 孢子密度的增加,土壤细菌数量也增加,原因可能是 AMF 代谢产物为细菌生长提供了营养,还可能是 AMF 侵染林木根系,使林木根系活力增大,从而根系的代谢旺盛,进而影响到其他微生物群落;同时真菌、放线菌数量增大及其细菌代谢活性及其细菌群落多样性也增加.可能在自然条件下 AMF 与其他土壤微生物有协同作用.

3 讨论

AMF 孢子密度是反映土壤生态特征的一个重要指标^[16].相关性分析显示 AMF 孢子密度与土壤微生物多样性各指标存在显著相关性,说明 AMF 群落对土壤其他微生物群落有影响,反之其他土壤微生物对 AMF 群落也有影响.菌根真菌可以通过直接分泌抗生物物质或促生物物质促进植物生长^[17],或者通过改变植物根系的物理结构和菌根际的化学成分来间接影响土壤微生物群落^[18].AWCD 表示的是微生物代谢活性^[19],AMF 孢子密度与其呈显著正相关,说明 AMF 孢子密度越大,土壤细菌活性越高,随着 AMF 孢子密度增加,其他土壤微生物数量也增加.4 种林木土壤细菌的氨基酸代谢群、多胺代谢群和芳香化合物代谢群微生物代谢活性随着 AMF 密度的增大而增强.还可能是



2~32 代表 ECO 板上 31 种单一碳源

图 2 31 种碳源对 PC1 和 PC2 贡献的特征向量系数

Fig.2 Eigenvector coefficients of carbon sources with loadings for PC1 and PC2

2.3 AMF 孢子密度与土壤微生物群落多样性关系

AMF 孢子密度与土壤微生物多样性指标进行相关性分析,结果见图 3,AMF 孢子密度与氨基酸类、多胺类和芳香化合物类碳源呈极显著性正相关($p < 0.01$),但是与羧酸类、糖类和多聚物类碳源相关性不显著($p > 0.05$).说明 4 种林木土壤细菌的氨基酸代谢群、多胺代谢群和芳香化合物代谢群微生物代谢活性随着 AMF 密度的增大而增强.还可能是

香化合物代谢群微生物代谢活性随着 AMF 密度的增大而增强.同时已有研究表明 AMF 与其他土壤微生物间存在密切关系,尤其是 MHB 的研究,如荧光假单胞菌(*Pseudomonas fluorescens*)和恶臭假单胞菌(*Pseudomonas putida*)可以促进 AMF 孢子萌发和菌丝生长^[20];菌根真菌与植物根系共生产生“菌根际”(mycorrhizosphere)效应,使根系分叉增多^[21],同时菌根菌丝体也为其他微生物提供了附着空间,又为 MHB 提供了丰富的能源物质,如菌根真菌代谢分泌的糖类、有机酸和氨基酸类物质对土壤中芽孢杆菌(*Bacillus* sp.)等解磷微生物的生长和繁殖有直接促进作用^[22].Marschner 等^[23]研究认为菌根真菌通过影响植物的生长,进一步影响菌根际细菌群落结构.蔡晓布等^[24]通过野外实验,对天然长芒草(*Stipabungeana*)直接接种 AMF,结果认为接种 AMF 对提高天然长芒草根干物重、根系吸磷量和根际土壤细菌数量有很大促进作用,而且混合 AMF 接种效果优于单一接种.Wamberg 等^[25]研究认为接种 AMF 根内球囊霉(*Glomus intraradices*)能影响豌豆(*Pisum sativum*)根际土壤微生物呼吸及酶活性和细菌群落结构.但是,关于“菌根真菌-土壤微生物-植物”互作机制还有待进一步研究.

AMF 是土壤微生物的重要组成部分,能调节根际微生物群落的大小及组成,研究自然条件下 AMF 与其他土壤微生物的关系对于揭示根际土壤微生物群落的动态变化对植物生长的影响及其正确评价衰退土壤环境恢复效果有重要意义,因此应该结合生物化学方法(PLFA)和分子生物学方法(DGGE、TGGE 或 SSCP)进一步研究该区域林木 AMF 和其他土壤微生物群落多样性及其关系,充分发挥 AMF、MHB、菌根伴生真菌(mycorrhiza associated-fungi,MAF)和菌根伴生放线菌(mycorrhiza associated-actinomycetes,MAA)在陕北黄土高原退化生态区域植被恢复中的作用.

4 结论

(1) AMF 孢子密度指标显示沙棘土壤孢子密度最大,刺槐最小,放线菌数量为狼牙刺最大.各林木土壤细菌数量所占百分数均最大,真菌所占比例最小.

(2) BIOLOG 检测表明同一林木土壤细菌对碳源的优先利用种类和利用程度有明显差异,从而反映出该林木土壤细菌生理碳代谢群落结构不同.4 种林木土壤细菌的最弱碳代谢群落均为芳香化合物

代谢群.主成分分析表明,柠条和沙棘土壤典型变量值的变异(离散)很小,而狼牙刺和刺槐土壤典型变量值的变异较大,说明柠条和沙棘根际细菌群落稳定性好于狼牙刺和刺槐.

(3) AMF 孢子密度与细菌数量呈极显著正相关.而与真菌数量、放线菌数量、AWCD 均呈显著性正相关.AMF 孢子密度与氨基酸类、多胺类和芳香化合物类碳源呈极显著性正相关,但是与羧酸类、糖类和多聚物类碳源相关性不显著.因此,本研究提出以后可以将 AMF 孢子密度作为评价陕北黄土高原林木土壤细菌生理代谢类群及其多样性的环境生物学指标的观点.

参考文献:

- [1] Grayston S J, Prescott C E. Microbial communities in forest floors under four tree species in coastal British Columbia[J]. Soil Biol Biochem, 2005, **37**(6): 1157-1167.
- [2] Paradi I, Baar J. Mycorrhizal fungal diversity in willow forests of different age along the river Waal, The Netherlands [J]. For Ecol Manage, 2006, **237**(1-3): 366-372.
- [3] Hodge A. Microbial ecology of the arbuscular mycorrhiza[J]. FEMS Microbiol Ecol, 2000, **32**(2): 91-96.
- [4] 盛敏,唐明,张峰峰,等.土壤因子对西北盐碱土中 VA 菌根真菌的影响[J].土壤学报,2008, **45**(4): 758-763.
- [5] Roesti D, Gaur R, Johri B N, et al. Plant growth stage, fertiliser management and bio-inoculation of arbuscular mycorrhizal fungi and plant growth promoting rhizobacteria affect the rhizobacterial community structure in rain-fed wheat fields [J]. Soil Biol Biochem, 2006, **38**(5): 1111-1120.
- [6] 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.
- [7] 薛莲,刘国彬,戴全后,等.侵蚀环境生态恢复过程中人工刺槐林(*Robinia pseudoacacia*)土壤微生物量演变特征[J].生态学报,2007, **27**(3): 909-917.
- [8] 薛莲,刘国彬,戴全后,等.不同植被恢复模式对黄土丘陵区侵蚀土壤微生物量的影响[J].自然资源学报,2007, **22**(1): 20-27.
- [9] Courchesne F, Gobran G R. Mineralogical variations of bulk and rhizosphere soils from a Norway spruce stand[J]. Soil Sci Soc Am J, 1997, **61**(4): 1245-1249.
- [10] Papatheodorou E M, Efthimiadou E, Stamou G P. Functional diversity of soil bacteria as affected by management practices and phenological stage of *Phaseolus vulgaris* [J]. Eur J Soil Biol, 2008, **44**(4): 429-436.
- [11] 谢文军,周健民,王火焰.重金属 Cu²⁺、Cd²⁺ 及氯氰菊酯对不同施肥模式土壤微生物功能多样性的影响[J].环境科学, 2008, **29**(10): 2919-2924.
- [12] 弓明钦,陈应龙,仲崇禄.菌根研究及应用[M].北京:中国林业出版社,1997. 133-136.

- [13] 沈萍, 范秀容, 李广武. 微生物学实验[M]. 北京: 高等教育出版社, 1999. 49-57.
- [14] 郑华, 陈法霖, 欧阳志云, 等. 不同森林土壤微生物群落对 Biolog-GN 板碳源的利用[J]. 环境科学, 2007, **28**(5): 1126-1130.
- [15] Kong W D, Zhu Y G, Fu B J, *et al.* The veterinary antibiotic oxytetracycline and Cu influence functional diversity of the soil microbial community [J]. Environ Pollut, 2006, **143**(1): 129-137.
- [16] 贺学礼, 杨磊, 唐宏亮, 等. 克隆植物芦苇 (*Phragmites communis*) 生长对 AM 真菌时空分布的影响[J]. 自然科学进展, 2007, **17**(7): 978-983.
- [17] Duchesne L C, Peterson R L, Ellis B E. The accumulation of plant-produced antimicrobial compounds in response to ectomycorrhizal fungi: A review [J]. Phytoprotection, 1987, **68**(1): 17-27.
- [18] Werner A, Zadworny M. In vitro evidence of mycoparasitism of the ectomycorrhizal fungus *Laccaria laccata* against *Mucor hiemalis* in the rhizosphere of *Pinus sylvestris* [J]. Mycorrhiza, 2003, **13**(1): 41-47.
- [19] 席劲瑛, 胡洪营, 姜健, 等. 生物过滤塔中微生物群落的代谢特性[J]. 环境科学, 2005, **26**(4): 165-170.
- [20] Gryndler M, Hrselová H, Sriteská D. Effect of soil bacteria on hyphal growth of the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus claroideum* [J]. Folia Microbiol, 2000, **45**(6): 545-551.
- [21] Barea J M, Azcon R, Azcon-Aguilar C. Mycorrhizosphere interactions to improve plant fitness and soil quality [J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2002, **81**(1-4): 343-351.
- [22] Frey-Klett P, Garbaye J, Tarkka M. The mycorrhiza helper bacteria revisited [J]. New Phytol, 2007, **176**(1): 22-36.
- [23] Marschner P, Timonen S. Interactions between plant species and mycorrhizal colonization on the bacterial community composition in the rhizosphere [J]. Appl Soil Ecol, 2005, **28**(1): 23-36.
- [24] 蔡晓布, 盖京苹, 冯固. 青藏高原天然长芒草地丛枝菌根真菌接种效应[J]. 应用生态学报, 2006, **17**(11): 2121-2126.
- [25] Wamberg C, Christensen S, Jakobsen I, *et al.* The mycorrhizal fungus (*Glomus intraradices*) affects microbial activity in the rhizosphere of pea plants (*Pisum sativum*) [J]. Soil Biol Biochem, 2003, **35**(10): 1349-1357.