

基于 BIOLOG 指纹解析三种不同森林类型土壤 细菌群落功能差异*

鲁顺保^{1,2,3} 张艳杰¹ 陈成榕^{3†} 徐志红³ 郭晓敏^{2†}

(1 江西师范大学生命科学学院/亚热带植物资源保护与利用重点实验室,南昌 330022)

(2 江西农业大学林学院,南昌 330045)

(3 Environmental Futures Centre and School of Biomolecular and Physical Sciences, Griffith University, Nathan, Brisbane, Queensland 4111, Australia)

ANALYSIS OF FUNCTIONAL DIFFERENCES BETWEEN SOIL BACTERIAL COMMUNITIES IN THREE DIFFERENT TYPES OF FOREST SOILS BASED ON BIOLOG FINGERPRINT

Lu Shunbao^{1,2,3} Zhang Yanjie¹ Chen Chengrong^{3†} Xu Zhihong³ Guo Xiaomin^{2†}

(1 College of Life Science, Jiangxi Normal University, Key Lab of Protection and Utilization of Subtropic Plant Resources, Nanchang 330022, China)

(2 College of Forestry, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China)

(3 Environmental Futures Centre and School of Biomolecular and Physical Sciences, Griffith University, Nathan, Brisbane, Queensland 4111, Australia)

关键词 森林;土壤微生物;功能多样性

中图分类号 S714.6 文献标识码 A

土壤微生物是生态系统的重要组成部分,直接参与土壤碳氮循环及土壤有机质矿化过程,在生态系统中具有不可替代的作用^[1]。土壤微生物群落多样性反映了群落总体的动态变化,而微生物对不同碳源的利用能力很大程度上取决于微生物的种类和固有性质,因此分析土壤微生物对不同碳源利用能力能够在一定程度上反映土壤碳源转化和土壤微生物多样性情况。

反映土壤微生物群落状态与功能的指标通常包括细菌数量和代谢多样性类型。其中,细菌数量是反映微生物群落大小的一个重要指标, Biolog 作为研究土壤微生物群落结构和功能多样性的一种简单快速且灵敏度高,分辨力强的方法^[1-2],且能得到丰富的信息,主要是通过测试微生物对单一能源碳利用能力,来反映微生物群体代谢特征和代谢功能。目前的研究主要集中于不同土壤类型、气候条件、管理策略下的土壤以及不同植被根际土壤的土

壤微生物群落代谢多样性,而且可反映有关微生物群落总体活性与代谢功能的信息,这是 Biolog 方法弥补传统培养法、生物标志物法、各种分子生物学方法的一个重要方面^[3-6],近年来更多用于环境污染胁迫下土地利用和人为扰动对土壤微生物的影响研究,尽管上述指标具有重要的生态学意义,但是针对不同森林类型土壤微生物功能多样性方面进行的研究很少。湿地松 (*Pinus elliottii* Engelm. var. *elliottii*)、南洋杉 (*Araucaria cunninghamii*) 和贝壳杉 (*Agathis australis*) 是澳大利亚南昆士兰州最主要的森林类型,在昆士兰气候乃至澳洲气候变化中扮演重要角色。本文采用 Biolog 方法开展这三种森林类型土壤微生物群落功能多样性研究,其结果可以为确定不同森林类型土壤微生物群落的主要碳源类型及对碳源的利用程度,同时对于明确土壤微生物群落研究中培养基的选择和揭示森林土壤微生物学过程与效应提供基础数据。

* 国家自然科学基金项目(30860226)、江西省优秀博士论文培养计划项目(YBP08A05)、江西省自然科学基金项目(20114BAB214007)资助

† 通讯作者, E-mail: gxmjxau@163.com

作者简介:鲁顺保(1976—),男,江西崇仁人,博士,主要从事微生物及土壤生态学。E-mail: luxunbao8012@126.com

收稿日期:2012-05-03;收到修改稿日期:2012-07-13

1 研究区与研究方法

1.1 研究区概况

试验地 Cooloola, Tin Can Bay 位于澳大利亚昆士兰州东南部阳光海岸 (25°56'49"S, 153°5'27"E), 属于亚热带季风气候, 冬季湿冷夏季干热, 7 月 (冬季) 平均气温为 12.5°C, 1 月 (夏季) 平均气温为 31.2°C, 年均降水量为 1 600 mm, 海拔 500 m 左右。土壤是由红壤到黄壤, 富含铁铝等矿质的砂壤

土^[7], 主要来源于中生代地质组成 (砂岩、粉砂岩、页岩等聚结铁矿岩石)^[8], 土壤贫瘠, 质地疏松, 酸性较强, 阳离子交换量很低, 但是土壤内外通气性能较好, 非常适合外来松科植物生长。主要植被类型为湿地松 (*Pinus elliottii*)、南洋杉 (*Araucaria cunninghamii*)、贝壳杉 (*Agathis robusta*)、桉树 (*Eucalyptus globulus*) 以及相思树 (*Acacia confusa*) 等。实验样方内均为纯林, 郁闭度很小, 林下植被主要是马鞭草 (*Herba Verbenae Officinalis*) 等草本植物, 样地土壤基本情况见表 1。

表 1 实验地土壤的基本性质

森林类型	全碳 (mg g ⁻¹)	全氮 (mg g ⁻¹)	全磷 (μg g ⁻¹)	碳氮比	pH	含水量 (%)	黏粒 (%)	粉粒 (%)	砂粒 (%)	土壤容重 (g cm ⁻³)
湿地松	19.35	0.54	28.2	35.9	4.5	4.9	3.74	0.6	95.7	1.04
南洋杉	12.55	0.57	32.4	21.9	6.0	2.6	2.92	1.4	95.7	1.16
贝壳杉	10.76	0.52	29.9	20.8	6.2	3.4	2.00	2.03	96.0	1.16

1.2 样品采集

2009 年 1 月, 分别在湿地松、南洋杉和贝壳杉 3 种不同森林类型样地内分别设置 4 个 20 m × 20 m 的样方作为重复, 在每个样方内用直径为 7.5 cm 的土钻以 S 型分别采集 5 个土壤 (0 ~ 10 cm) 进行混合, 装入封口袋并放入装有冰块的保温箱。带回实验室, 土样过 2 mm 筛后, 放入 4°C 冰箱, 用于土壤 Biolog 培养实验和土壤理化性质的测定。

1.3 测定方法

土壤全碳 (TC)、全氮 (TN) 在质谱分析仪 (Isoprime-EuroEA3000, Milan Italy) 上进行测定^[9-10], 全磷 (TP) 采用消煮法进行测定^[11], 土壤容重采用环刀法测定。Biolog 研究微生物的载体是微孔板 (MicroPlate), 每板包含 96 个孔, 其中 95 个孔中加入了 95 种单一碳源和四唑染料, 另外一个未加碳源的孔中加水作为对照。Biolog 方法步骤: 10 g 土壤外加 95 ml 无菌的 0.145 mol L⁻¹ NaCl 溶液在摇床上振荡 15 min^[12], 然后将土壤样品稀释至 10⁻³, 再从中取 125 μl 该悬浮液接种至革兰氏阴性板的每一个孔中, 最后将接种好的板放至 25°C 的恒温培养箱中培养, 每隔一定的时间 (4 h) 于波长为 595 nm 处的 Biolog 在电脑显示屏上读数, 培养时间共 96 h。

1.4 计算方法

1.4.1 单孔的平均颜色变化率 (average well color development, AWCD)^[13]
$$AWCD = \sum_{i=1}^{95} (C_i - R) / 95$$
 式中, C_i 为除对照孔外各有培养基孔的光

密度值, R 为对照孔的光密度值。

1.4.2 碳源对土壤微生物群落的贡献 Biolog-GN 平板含有 95 种碳源, 根据碳源官能团将这 95 种碳源分为糖类、羧酸类、氨基酸类、胺/氨类、聚合物类、其他类, 其 n 取值分别为 30、24、20、6、5、10, 采用曲线整合方法估计颜色扩展^[14] 来判断微生物对碳源利用程度来研究不同森林类型土壤微生物群落的差异。

$$\text{梯形面积} = \sum_{i=1}^n \frac{v_i + v_{i-1}}{2} \times (t_i - t_{i-1})$$

式中, v_i 为 i 时刻的光密度。

1.4.3 土壤微生物群落功能多样性的分析 对培养 96 h 平均颜色变化率进行分析, 其中在计算 Simpson 指数时, 数据扩大 1 000 倍以防止出现负数^[15]。

1.5 数据处理

应用 SPSS 17.0 软件对数据进行方差分析 (onevway ANOVA), 并用 LSD 法进行差异显著性检验, 利用 Pearson 相关系数评价不同因子间的相关关系, 应用 Canoco 4.5 软件对土壤生物代谢指标和理化性质进行冗余分析 (RDA), 显著性水平为 $\alpha = 0.05$ 。采用 Shannon-Winner 指数、Evenness 和 Simpson 指数来比较土壤微生物群落代谢多样性^[16]。

2 结果

2.1 碳源平均颜色变化率

由图 1 可知, 在对微生物培养 16 h 内, 微生物

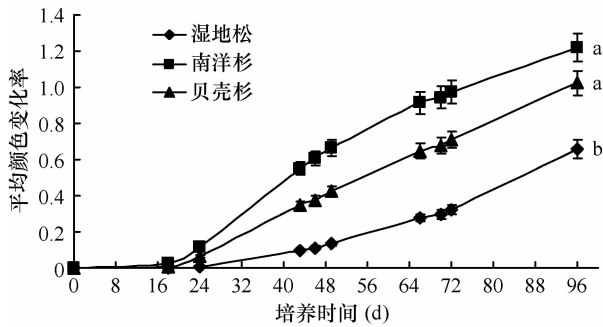


图1 不同森林类型土壤微生物群落碳源平均颜色变化率(AWCD)

对底物的利用并不明显,在培养16~24 h后,微生物对底物的利用迅速增加。在96 h的培养过程中,不同生态系统土壤微生物利用单一碳源能力的大

表2 不同森林类型土壤微生物群落功能多样性

森林类型	Shannon 指数(H')	Shannon 均匀度(E')	Simpson 指数(D_w)	McIntosh 指数(U')	McIntosh 均匀度(E')
湿地松	4.274 ± 0.020b	0.045 ± 0.000b	53.58 ± 3.99b	8.33 ± 2.05b	0.962 ± 0.005b
南洋杉	4.391 ± 0.005a	0.046 ± 0.000a	67.90 ± 0.48a	14.07 ± 0.27a	0.979 ± 0.001a
贝壳杉	4.390 ± 0.016a	0.046 ± 0.000a	66.68 ± 1.11a	11.95 ± 0.64ab	0.977 ± 0.001a

2.3 不同森林类型对碳源的利用

同一森林类型下土壤微生物对不同类碳源的利用程度差异显著(图2),在Biolog微平板96 h的培养期内,南洋杉林土壤微生物群落对碳源利用变异比较大,湿地松和贝壳杉林地土壤微生物对糖类和聚合物类培养基的利用强度较大,并且这两类碳源的利用强度与其他四类碳源的利用强度相比,均达到显著差异($p < 0.05$)。这一点在南洋杉林地土壤中表现得更加明显。由此可以推断,土壤微生物比较偏好的碳源类型为糖类和聚合物类。

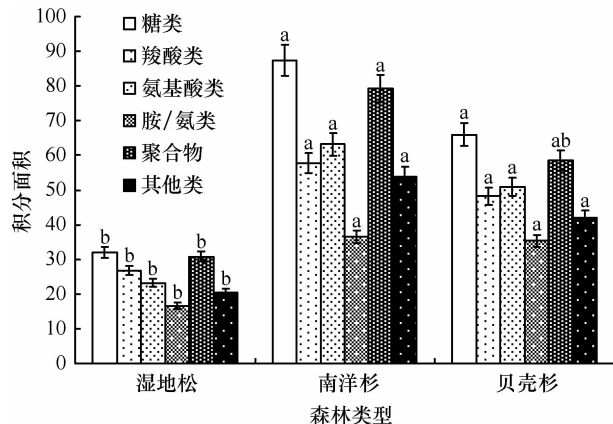


图2 同一森林类型土壤微生物对不同类碳源的利用

小顺序为:南洋杉林 > 贝壳杉林 > 湿地松林,南洋杉林土壤微生物群落具有最强的代谢能力,湿地松与其他两种森林类型的碳源利用达显著差异($p < 0.05$)。

2.2 微生物群落功能多样性分析

将BIOLLOG GN微平板中的AWCD值进行5种多样性指数分析,可以在数量特征上相对反映土壤微生物群落物种组成和个体数量分布的情况,结果见表2,南洋杉林地土壤的Shannon指数为4.391,Shannon均匀度为0.046,Simpson指数为67.90,McIntosh指数为14.07,McIntosh均匀度为0.979,均高于其他两种森林类型,除McIntosh指数外,湿地松与南洋杉和贝壳杉林地土壤的多样性指数和均匀度均达差异显著($p < 0.05$)。图1也证实了这点,南洋杉林地土壤微生物活性最强。

2.4 不同类型碳源对区分不同森林类型土壤微生物群落的贡献

对三种森林类型的土壤微生物群落代谢多样性类型进行分析,结果表明不同森林土壤微生物群落的代谢多样性类型差异明显。在土壤微生物代谢多样性类型的PCA分析中得出PC1对群落的贡献远远大于PC2,因此根据PC1可以比较各处理微生物群落功能的异同。每一主成分得分系数与95种碳源吸光度值的相关分析结果表明(表3),对土壤微生物群落PC1和PC2起分异作用的主要碳源分别为糖类和聚合物类物质。

2.5 土壤微生物代谢特性与环境因子的相关性分析

经相关分析,土壤微生物对所利用的不同碳源之间以及pH与土壤微生物所利用的碳源之间的相关性均达差异显著($p < 0.01$,表4)。这说明土壤微生物对不同的碳源利用差异明显。本文对不同森林土壤微生物代谢特性进行冗余分析,其结果显示碳源与环境之间基本上是呈现出负相关关系(图3),因此土壤含水量和TC对土壤微生物利用碳源有一定的限制作用,这一结论可以猜测,土壤含水量和TC是土壤微生物利用碳源的调控因子。

表 3 不同森林类型土壤微生物群落代谢多样性主成份 PC1 和 PC2 相关系数

PC1	r	PC2	r
D-阿拉伯糖醇	0.956	D-葡萄糖酸	0.720
纤维二糖	0.901	D-葡萄糖醛酸	0.677
乳果糖	0.960	γ -羟基	-0.682
麦芽糖	0.920	D,L-乳酸	0.843
D-阿洛酮糖	0.943	奎宁酸	0.621
L-鼠李糖	0.952	丁二酸	0.934
蔗糖	0.950	2,3-丁二醇	0.605
甲基丙酮酸酯	0.952	甘油	-0.610
甲基琥珀酸酯	0.955	葡萄糖醛酰胺	-0.656
糖原	0.952	L-丙氨酰甘氨酸	-0.743
顺乌头酸	0.929	嘧啶核苷	-0.676
丙氨酸	0.916		
1-磷酸葡萄糖	0.924		
羟基-L-脯氨酸	0.906		
L-氨基联苯	0.909		
腐胺	0.928		

表 4 不同森林类型土壤有机碳氮相关性

	糖类	羧酸类	氨基酸类	胺/氨类	聚合物	其他类	全碳	全氮	碳氮比	含水量
羧酸类	0.955 **									
氨基酸类	0.946 **	0.965 **								
胺/氨类	0.920 **	0.906 **	0.892 **							
聚合物	0.981 **	0.929 **	0.937 **	0.910 **						
其他类	0.978 **	0.959 **	0.980 **	0.889 **	0.965 **					
全碳	-0.602 *	-0.668 *	-0.726 **	-0.608 *	-0.585 *	-0.691 *				
全氮	0.063	0.055	-0.009	-0.033	0.011	-0.006	0.534			
碳氮比	-0.739 **	-0.803 **	-0.856 **	-0.694 *	-0.688 *	-0.816 **	0.857 **	0.039		
含水量	-0.720 **	-0.803 **	-0.811 **	-0.697 *	-0.728 **	-0.785 **	0.756 **	0.279	0.719 **	
pH	0.687 *	0.755 **	0.793 **	0.604 *	0.643 *	0.780 **	-0.802 **	0.014	-0.968 **	-0.693 *

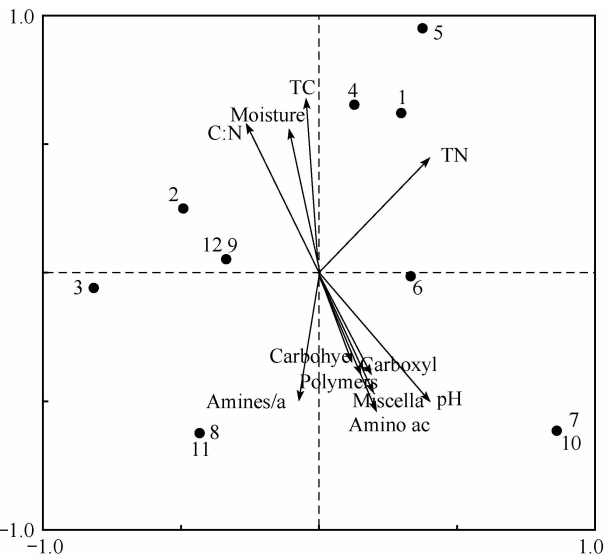


图 3 土壤微生物代谢特性冗余分析(RDA)排序图

3 讨论

1991 年 Garland 和 Mills 首次将 Biolog 微孔板分析技术来描述微生物群落特征^[13], 如今该技术用于环境微生物群落变化研究, 拓展了 Biolog 技术的应用范围, 研究土壤微生物对不同碳源利用能力的差异, 能更深入了解微生物群落的结构组成^[17-18]。考虑到 Biolog-GN 平板含有 95 种碳源, 因此有必要对其进行分类讨论, 本研究根据碳源官能团将这 95 种碳源分为 6 大类: 糖类、羧酸类、氨基酸类、胺/氨类、聚合物类以及其他类, 以研究不同森林类型土壤微生物群落功能的综合差异和相似状况^[19-20]。AWCD 随时间的变化反映土壤微生物对单一碳源利用强度^[21-22]。本研究结果表明微生物活性随培

养时间的延长而提高,在培养 24 ~ 48 h 间,微生物对底物的利用迅速增加。在 96 h 的整个培养过程中,不同森林类型土壤微生物群落对底物碳源的利用数量和利用强度存在明显差异(图 1,图 2),不同生态系统土壤微生物利用单一碳源能力的从大到小依次为:南洋杉林、贝壳杉林和湿地松林,尽管南洋杉林地土壤微生物对碳源的利用与贝壳杉之间的差异并不显著(图 1),但这两种土壤微生物群落对 Biolog 微孔板上碳源代谢能力上却显著地高于湿地松林地土壤($p < 0.05$),南洋杉林土壤微生物群落具有较强的代谢能力,并且湿地松与其他两种森林类型的碳源利用差异显著。这表明南洋杉和贝壳杉林地土壤微生物群落代谢功能的作用大于湿地松林地,其原因很可能是因此湿地松改变微生物量及群落结构来影响土壤微生物的群落代谢功能^[10]。

采用生态学中的 5 种多样性指数来反映群落内部物种数和物种相对多度,但只具有数量特征,而无方向性^[23],对 Biolog 微平板中的 AWCD 值进行多样性指数分析主要是为了表明群落本身的物种组成和个体数量分布的情况。不同的多样性指数反映微生物群落功能多样性的不同侧面,如 Shannon 指数可以表征土壤中微生物群落丰富度, Simpson 指数评估土壤中微生物群落优势度, McIntosh 指数反映土壤中微生物群落均匀度^[16]。上述分析结果表明南洋杉林地土壤微生物多样性均高于湿地松和贝壳杉这两种森林类型,湿地松林最低,除 McIntosh 外湿地松与南洋杉林地土壤的多样性指数和均匀度间的差异均达显著水平(表 1, $p < 0.05$),图 1 也表明了南洋杉林地土壤微生物活性最强。同一森林类型下土壤微生物对不同类碳源的利用程度差异显著,在 Biolog 微平板 96 h 培养期内,除南洋杉林土壤微生物群落变异比较大以外,其他两种森林类型土壤微生物对糖类和聚合物类培养基的利用强度较大,并且这两类碳源的利用强度与其他四类碳源的利用强度相比,其差异均达到显著水平,这一点在南洋杉林地土壤中表现得更加明显,可以推断土壤微生物比较偏好利用率较高的碳源类型为糖类和聚合物类这两种碳源。基于土壤微生物群落的复杂性,而且 Biolog 微平板中碳源是为鉴定已分离纯化的微生物物种而设计,因此其分析的结果很可能会影响其信息的全面性和有效性。主成分分析方法是区别不同森林类型土壤微生物群落对碳源的利用的有效手段,通过降维后的主元

向量空间中可以用点的位置直观地反映出不同微生物群落功能的综合差异和相似状况^[19-20]。95 种碳源的测定结果形成了描述微生物群落代谢特征的多元向量,不易直观比较,所以 PCA 贡献率的定量分析是关键。本研究三种森林类型的土壤微生物群落代谢多样性表明,土壤微生物群落的代谢多样性类型分异明显。在土壤微生物代谢多样性类型的 PCA 分析中,PC1 得分系数的差异达到显著水平($p < 0.05$),且 PC1 对群落的贡献远远大于 PC2,因此根据 PC1 可以比较各处理微生物群落功能的异同。每一主成分得分系数与 95 种碳源吸光度值的相关分析结果表明(表 2),对土壤微生物群落 PC1 和 PC2 起分异作用的主要碳源分别是糖类和聚合物类物质。由此可见,糖类和聚合物类是引起森林土壤微生物群落变化的敏感碳源。

相关分析表明不同土壤微生物对不同的碳源利用存在差异($p < 0.01$)。冗余分析能独立保持各个变量(土壤生物代谢指标)对森林类型的贡献率,在不同的变量组合下可进行单个变量的统计学特征描述,进而决定变量的优劣^[17]。对不同森林土壤微生物代谢特性进行冗余分析结果表明碳源与环境之间基本上是呈现出负相关关系,可以推断土壤含水量和 TC 对土壤微生物利用碳源有一定的调控作用,这一结论可以猜测土壤含水量和 TC 是土壤微生物利用碳源的调控因子。尽管 Biolog 技术常被用于研究土壤微生物群落功能,但该技术本身也有局限性。Biolog 技术表征的只是土壤中生长快速或富营养微生物的活性,而不能反映土壤中生长缓慢或不可培养微生物活性^[24-25]。因此采用 Biolog 技术解析的只能是土壤中部分微生物群落特征,要全面解析土壤微生物群落结构还需结合其他的研究手段。

4 结 论

1) 南洋杉林土壤微生物群落的碳源代谢能力较其他两种森林类型强,主要通过较高的 AWCD 值来表征;其次是贝壳杉林,而外来种湿地松林最低。

2) 3 种不同森林类型下土壤微生物群落对糖类和聚合物类碳源的利用率显著高于聚合物类、胺/氨类和其他类碳源。因此,在应用培养法研究土壤微生物群落时,应该优先考虑糖类和聚合物类碳源对微生物的诱导作用。

3) 不同森林类型对土壤微生物群落多样性产

生显著影响,但在区分土壤微生物群落功能多样性的碳源类型的贡献不尽相同。本研究结果表明,糖类和聚合物类是区分土壤微生物群落功能多样性的主要碳源类型,各处理间的差异主要是土壤微生物群落对糖类和聚合物类碳源利用的差异引起的,可以推断这两类碳源是区分不同土壤微生物群落的最敏感碳源。

参考文献

- [1] 郑华,欧阳志云,方治国,等. Biolog 在土壤微生物群落功能多样性研究中的应用. 土壤学报, 2004, 41(3): 456—461
- [2] Garland J L. Analysis and interpretation of community-level physiological profiles in microbial ecology. FEMS Microbiology Ecology, 1997, 24: 289—300
- [3] Bossio D A, Scow K M. Impact of carbon and flooding on the metabolic diversity of microbial communities in soils. Applied and Environmental Microbiology, 1995, 61: 4043—4050
- [4] Buyer J S, Drinkwater L E. Comparison of substrate utilization assay and fatty acid analysis of soil microbial communities. Journal of Microbiological Methods, 1997, 30: 3—11
- [5] 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. 环境科学, 2005, 26(4): 165—170
- [6] 杨元根, Paterson E, Campbell C. Biolog 方法在区分城市土壤与农村土壤微生物特性上的应用. 土壤学报, 2002, 39(4): 582—589
- [7] Isbell R F. The Australian Soil Classification. CSIRO Publishing, Collingwood, Australia, 1996
- [8] John S, David O. Performance of seven hardwood species underplanted to *Pinus elliottii* in south-east Queensland. Forest Ecology and Management, 2006, 233: 303—308
- [9] Xu Z H, Ward S, Chen C R, et al. Soil carbon and nutrient pools, microbial properties and gross nitrogen transformations in adjacent natural forest and hoop pine plantations of subtropical Australia. Journal of Soils and Sediments, 2008, 8: 99—105
- [10] Chen C R, Xu Z H, Blumfield T J, et al. Soil microbial biomass during the early establishment of hoop pine plantation: Seasonal variation and impacts of site preparation. Forest Ecology and Management, 2003, 186(1/3): 213—225
- [11] Chen C R, Condron L M, Davis M R, et al. Effects of afforestation on phosphorus dynamics and biological properties in a New Zealand grassland soil. Plant Soil, 2000, 220: 151—163
- [12] Schutter M, Dick R. Shift in substrate utilization potential and structure of soil microbial communities in response to carbon substrates. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33: 1481—1491
- [13] 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. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57: 2351—2359
- [14] Guckert J B, Carr G J, Johnson T D, et al. Community analysis by Biolog: C urve integration for statistical analysis of activated sludge microbial habitats. Journal of Microbiological Methods, 1996, 27: 183—197
- [15] Magurran A E. Ecological diversity and its measurement. Princeton, NJ: Princeton University Press, 1988
- [16] 申卫收,林先贵,张华勇,等. 不同施肥处理下蔬菜塑料大棚土壤微生物活性及功能多样性. 生态学报, 2008, 28(6): 2682—2689
- [17] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. Plant and Soil, 1995, 170: 75—86
- [18] 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. 环境科学, 2007, 28(5): 1126—1130
- [19] Garland J L. Analytical approaches to the characterization of samples of microbial communities using patterns of potential C source utilization. Soil Biology and Biochemistry, 1996, 28(2): 213—221
- [20] 谭兆赞,刘可星,廖宗文. 土壤微生物 Biolog 分析中特征碳源的判别. 华南农业大学学报, 2006, 27(4): 10—13
- [21] Choi K H, Dobbs F C. Comparison of two kinds of biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities. Journal of Microbiological Methods, 1999, 36(3): 203—213
- [22] Grayston S J, Wang S, Campbell C D, et al. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 30: 369—378
- [23] 戈峰. 现代生态学. 北京: 科学出版社, 2002
- [24] Konopka A, Oliver L, Turco R F. The use of carbon substrate utilization patterns in environmental and ecological microbiology. Microbial Ecology, 1998, 35(2): 103—115
- [25] Buyer J S, Roberts D P, Russek-Cohen E. Soil and plant effects on microbial community structure. Canadian Journal of Microbiology, 2002, 48(11): 955—964