

甘肃省麦积山景区 3 种典型裸子植物土壤微生物群落结构分析

陈利云* 王弋博 李三相 汪之波

(天水师范学院生物工程与技术学院 甘肃省农业微生物重点实验室 甘肃 天水 741000)

摘要:【目的】探明不同种类的植物对其根际土壤微生物数量分布与群落结构的影响。【方法】将微生物计数法与磷脂脂肪酸(PLFA)法相结合,分析比较麦积山景区 3 种典型裸子植物根际土壤微生物的数量分布和 PLFA 种类、含量及主成分结构。【结果】3 种植物根际土壤微生物数量均以细菌最多,真菌最少;总 PLFA 含量以红豆杉[*Taxus chinensis* (Pilg) Rehder.]最高、种类最多,日本落叶松[*Larix kaempferi* (Lamb) Carriere.]最低,红豆杉与云杉(*Picea asperata* Mast) PLFA 主要成分相似度高于日本落叶松;外来种日本落叶松无论微生物数量,还是种类以及 PLFA 结构组成与红豆杉、云杉均有较大的差异,多样性显著下降。【结论】与土著裸子植物相比,外来种日本落叶松能明显改变根际土壤微生物数量分布与群落结构。

关键词: 麦积山景区, 裸子植物, 根际土壤, 微生物群落, 磷脂脂肪酸

Microbial community structure of three typical gymnosperms soil in scenic area of Maijishan, Gansu Province

CHEN Li-Yun* WANG Yi-Bo LI San-Xiang WANG Zhi-Bo

(School of Bioengineering and Technology, Tianshui Normal University, Key Laboratory of Agriculture Microbiology in Gansu Province, Tianshui, Gansu 741000, China)

Abstract: [Objective] In order to identify the microbial community structure of the different gymnosperm types. [Methods] Microbial culture and PLFA (Phospholipid fatty-acid analysis) methods were employed to study the microbe quantity, PLFAs types and content of three typical gymnosperms soil in scenic area of Maijishan, Gansu Province. [Results] There existed distinct difference on composition and structure of soil microbial. Microbial number was highest in bacteria and lowest in fungi. Total PLFAs content and types were the highest of *Taxus chinensis* (Pilg.) Rehder and lowest of *Larix kaempferi* (Lamb.) Carriere. Principal component of PLFA analysis that has high similarity with *Taxus* and *Picea asperata* Mast. than *Larix kaempferi* (Lamb.) Carriere. There was obvious difference with Microbial types and structure form of *Larix kaempferi* (Lamb.) Carrière. Diversity declined significantly than those in the others rhizosphere soils. [Conclusion]

Foundation item: National Natural Science Foundation of China (No. 31060065)

*Corresponding author: Tel/Fax: 86-938-8364219; E-mail: chenliy06@163.com

Received: October 17, 2015; Accepted: March 23, 2016; Published online (www.cnki.net): March 23, 2016
基金项目: 国家自然科学基金项目(No. 31060065)

*通讯作者: Tel/Fax: 86-938-8364219; E-mail: chenliy06@163.com

收稿日期: 2015-10-17; 接受日期: 2016-03-23; 优先数字出版日期(www.cnki.net): 2016-03-23

Microbial number and community structure in rhizosphere soil of *Larix kaempferi* (Lamb.) Carriere have significantly changed comparing with native gymnosperms.

Keywords: Scenic area of Maijishan, Gymnosperm, Rhizosphere soil, Microbial community, PLFA

甘肃省麦积山景区地处西秦岭主脉,是秦岭地区物种多样性最丰富的地区之一,区内自然景观丰富多彩,生态系统保存完整^[1],但近年来由于气候和人为原因,景区原始林地面积明显减少,生物多样性和生态稳定性受到严重影响^[2-3]。自1973年以来,景区引入了以日本落叶松为主的外来种,建置了大面积的人工林地,对景区内森林生态系统的构建起到了积极的促进作用^[4]。大量研究表明日本落叶松能通过改变土壤的微生物群落结构,进而改变本地植物种与土壤微生物之间经过长期协同进化形成的平衡互惠关系,从而影响本地植物种的生长和种群更新^[5-6]。

珍稀物种保护与合理外来种引种是麦积山景区生物多样性保护的重要举措,而植物物种多样性的变化能通过其根际土壤微生物多样性的变化得以表征,同时土壤微生物群落的变化会对植物物种多样性产生反作用^[7],探讨不同植物根际土壤微生物生理群生态多样性特征对了解土著植物种的生存状态及选择适合的植被类型进行生态保护具有重要意义。本研究将传统平板培养与磷脂脂肪酸(PLFA)分析法相结合,试图通过对麦积山景区3种典型的裸子植物,土著濒危种红豆杉 [*Taxus chinensis* (Pilg) Rehder.]、土著建群种云杉 [*Picea asperata* Mast] 及外来种日本落叶松 [*Larix kaempferi* (Lamb) Carriere.] 根际土壤微生物区系的分析比较,

以阐明不同植物种类与土壤微生物数量分布及群落结构的关系,为景区珍稀物种的保护与合理外来引种寻求科学的理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

小陇山自然保护区位于甘肃省东南部的天水市,地理坐标为 33°31′-34°41′N 和 104°23′-106°43′E,海拔 700-2 500 m,年平均气温 7-12 °C,年均降水量 460-800 mm,多集中在 7-9 月,年蒸发量 989-1 658 mm,相对湿度 68%-78%,年日照时数 1 520-2 313 h,无霜期 120-218 d,≥10 °C 积温 2 444-3 825 °C,土壤以山地褐土和山地棕壤为主,属于独特的温凉湿润区和半湿润区大陆性气候。

1.2 研究方法

1.2.1 根际土壤采样: 于 2013 年 7 月中旬根据小陇山环境和植被状况特征选择生境相似、生长旺盛的红豆杉、云杉、日本落叶松(编号为 I、II、III)样地 3 个,每样地 10 m×10 m,在样地内选取中等大小成年植株 5 株,采用抖动法采集根际土壤混合为土样,挑出土样中的石砾、植物残留根和其它废弃物后,取部分土壤风干过筛,测定土壤有机质、含水量及 pH (表 1)。其余土样过 2 mm 筛后分为两份,一份立刻进行微生物平板培养,测定可培养微生物特征;另一部分-20 °C 冷冻,一周内测定 PLFA。

表 1 供试裸子植物基本特征及根际土壤的理化性质

Table 1 Gymnosperm basic characteristics and soil samples physicochemical property

植物类型 Plant types	植物基本特征		土壤理化性质		
	Gymnosperm basic characteristics		Soil samples physicochemical property		
	高度 Height (m)	胸径 DBH (cm)	有机质 Organic matter (g/kg)	含水量 Water content (%)	土壤 pH Soil pH
I	8.37	51.6	9.49	40.1	6.93
II	17.94	77.3	10.27	42.7	6.34
III	12.33	24.9	7.62	35.5	6.70

1.2.2 根际土壤可培养微生物数量测定: 将处理好的根际土 1 g 加入 9 mL 无菌水制成原菌液, 稀释为不同浓度梯度的土壤悬浮液, 采用涂布方法进行微生物培养, 细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基, 37 °C 培养 2–3 d, 真菌和放线菌培养基分别采用马丁氏和高氏 1 号培养基, 分别于 28 °C 培养 3–5 d, 3 种微生物各浓度均设 3 个重复, 采用平板菌落计数法计数, 培养基配方、菌种鉴定和分类参照文献[8]的方法进行。

1.2.3 根际土壤微生物磷酸脂肪酸测定: PLFA 的提取: 将 4 g 土样加入 25 mL 比色管, 加入 12 mL 体积比为 2:1 的甲醇、氯仿混合液后再加入 3 mL 柠檬酸混合均匀, 萃取 2 次, 萃取液中加入 8 mL 体积比为 1:1 的氯仿与柠檬酸混合液静置过夜, 待溶液分层后取下层液氯仿萃取 3 次, 旋转蒸发萃取液过层析柱, 层析柱淋出液用三角瓶 40 °C 蒸干后, 加 0.5 mL 二氯甲烷和 1 mL 甲醇钠溶液 50 °C 加热 10 min 甲酯化磷脂, 再加 6 mL 分析纯正己烷振荡萃取, 上清液用无水硫酸钠过滤, 滤液在 10 mL KD 浓缩器中经氮气吹干, 色谱纯正己烷定容至 100 μ L 上机检测^[9]。PLFA 的测定: 采用修正的 Bligh-Dyer 方法^[10], Agilent5890 气相色谱仪测定, 火焰离子检测器(FID)温度 280 °C, 进样口温度 250 °C, 柱箱初始温度 120 °C, 最高温度 300 °C, 吹扫气体 N₂, 吹扫时间 0.75 min, 色谱柱采用长 30.00 cm、直径为 320.00 μ m 的 HP-5MS 毛细管柱, 数据采集频率为 20 Hz。PLFA 的识别与定量: 用 i15:0、a15:0、i16:0、i17:0、14:0、16:0、17:0、cy17:0、cy19:0、16:1 ω 7 作为细菌源脂肪酸, 真菌源脂肪酸以

16:1 ω 9c、18:1 ω 9c、18:1 ω 9t 等表示^[11], 放线菌以 10Me16:0、10Me18:0 等作为源脂肪酸^[12], PLFA 含量标定与计算参照文献[13]。

1.3 数据处理

数据统计分析与整理采用 SPSS 15.0 软件和 Microsoft office excel 2003 软件完成。

2 结果与分析

2.1 3 种植物根际土壤可培养微生物数量分析

3 种裸子植物根际土壤微生物数量各有不同, 可培养微生物数量分布与植物种类关系密切(表 2)。3 种植物均以细菌数量最多, 且以红豆杉含量最高, 为 18.15×10^6 CFU/mL; 云杉次之, 为 14.27×10^6 CFU/mL; 日本落叶松最低且与二者间有显著差异。土壤真菌数量以云杉最丰, 为 9.40×10^5 CFU/mL, 与红豆杉无显著差异。放线菌数量以红豆杉最丰, 云杉次之, 但二者间没有显著差异, 微生物总数红豆杉与云杉分别为 25.67×10^6 CFU/mL 和 21.37×10^6 CFU/mL, 日本落叶松最低, 为 5.31×10^6 CFU/mL, 与红豆杉及云杉间有显著差异。

2.2 3 种裸子植物根际土壤微生物菌群 PLFA 含量变化

对 3 种裸子植物根际土壤细菌、真菌和放线菌 PLFA 含量变化分析表明(表 3), 以红豆杉根际土壤总 PLFA 种类为最丰、云杉次之, 日本落叶松最低, 与二者间有显著差异, 3 种植物的细菌和真菌 PLFA 含量与总 PLFA 量变化总趋势相似, 放线菌 PLFA 量与总 PLFA 变化规律差别较大, 以红豆杉最高, 红豆杉次之, 日本落叶松最低, 且三者间有显著差异。革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌均比值以日本落

表 2 3 种裸子植物根际土壤可培养微生物数量特征

Table 2 The quantitative characters of culturable microbial in three gymnosperm of rhizosphere soil

植物种类 Plant types	细菌 Bacteria ($\times 10^6$ CFU/mL)	真菌 Fungi ($\times 10^5$ CFU/mL)	放线菌 Actinomycetes ($\times 10^5$ CFU/mL)	微生物总数 Total microorganism ($\times 10^6$ CFU/mL)
I	18.15a	8.43a	66.74a	25.67a
II	14.27b	9.40a	61.57a	21.37a
III	3.80c	6.71b	8.39b	5.31b

注: 同列小写字母代表 0.05 水平的差异显著(Duncan 法)。下同。

Note: Different letters in the same column mean significant at the 0.05 level. The same below.

表 3 3 种裸子植物根际土壤微生物菌群 PLFA 含量变化分析
Table 3 PLFA contents of different microbial groups in three gymnosperm of rhizosphere soil (ng/g)

微生物 PLFA 特征 PLFA characters of different microbial	植物种类 Plant types		
	I	II	III
总 PLFA 含量 Total PLFA	16.42±1.07a	13.99±0.48a	7.791±0.87b
细菌 Bacteria	7.247±1.02a	6.513±0.68a	4.652±0.13b
真菌 Fungi	4.872±0.35a	5.489±0.57a	1.782±0.62b
放线菌 Actinomyces	4.303±0.24a	1.988±0.63b	1.057±0.02c
革兰氏阳性菌 Total Gram ⁺	3.695±0.16a	3.620±0.47a	2.751±0.24b
革兰氏阴性菌 Total Gram ⁻	3.552±0.26a	2.892±0.35a	1.901±0.11b
革兰氏阳性菌比革兰氏阴性菌 Gram ⁺ /Gram ⁻	1.042b	1.252b	1.447a
真菌比细菌 Fungi/Bacteria	0.672a	0.843a	0.383b

注：数据为 3 个重复的平均值±标准差，同行中不同字母表示差异显著($P<0.05$)。

Note: Data are means ± standard deviation of triplicate. Different letters within rows indicate means are significantly different ($P<0.05$).

叶松最高，且与红豆杉及云杉间有显著差异，真菌与细菌比值以云杉最高，红豆杉次之，二者间无显著差异，日本落叶松则最低。

2.3 3 种裸子植物根际土壤 PLFA 标记物含量分析

对 3 种裸子植物根际土壤中占总 PLFA 含量 0.5% 以上的 15 种标记成分分析表明(图 1)，含量较高的脂肪酸为 18:1 ω 9c、16:1 ω 7c、10Me16:0、16:00、i16:0 和 i15:0，占 3 种植物脂肪酸总量的 40% 以上，其中 3 种脂肪酸 16:1 ω 7c、10Me16:0 和 i16:0 占红豆杉土壤总脂肪酸的 6% 以上，10Me16:0、i16:0 和

16:00 占云杉总脂肪酸的 8% 以上，i16:0、16:00 和 i15:0 占日本落叶松总脂肪酸的 9% 以上。3 种植物中含量最高的前 5 种 PLFA 生物标记物各不相同，且含量也存在着明显的差异，并呈现不同的变化趋势。

2.4 3 种植物根际土壤微生物群落 PLFA 的主成分分析

对 3 种裸子植物根际土壤微生物群落 PLFA 主成分分析表明，与土壤微生物 PLFA 生物标记多样性相关的主成分 1、2 分别解释变量方差的 55.47% 与 34.69% (图 2)。进一步分析发现，红豆杉位于主

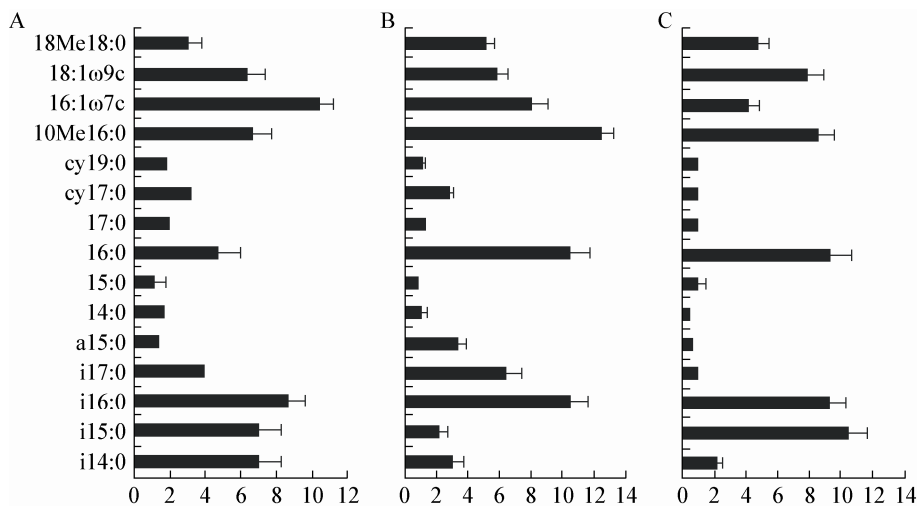


图 1 3 种裸子植物根际土壤微生物 PLFA 标记物含量分析(%)

Figure 1 PLFA biomarkers analysis of microbial in three gymnosperm of rhizosphere soils (%)

注：A、B、C：红豆杉、云杉和日本落叶松，下同。

Note: A, B and C: *Taxus chinensis* (Pilg) Rehder., *Picea asperata* Mast and *Larix kaempferi* (Lamb) Carriere.. The same below.

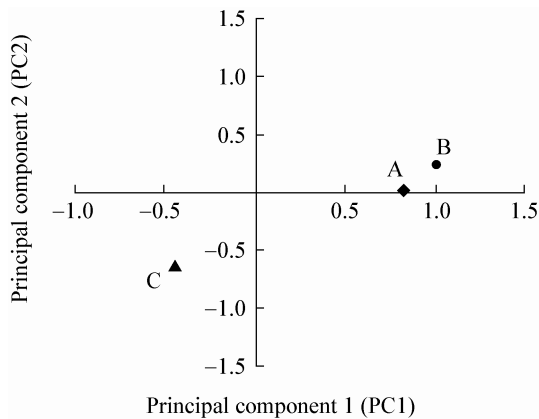


图 2 3 种裸子植物根际土壤微生物脂肪酸主成分分析
Figure 2 Principal component analysis of microbial PLFA in three gymnosperm of rhizosphere soils

成分 1 的正端和主成分 2 的正端, 云杉位于主成分 1 的正端和主成分 2 的正、负端交叉点, 日本落叶松位于主成分 1 的负端和主成分 2 的负端。土壤微生物群落结构可以分成 2 种类型, 红豆杉与云杉具有相似的微生物群落结构, 日本落叶松则与前者有明显差异。因此, 主成分分析再次证明外来种日本落叶松对土壤微生物的影响强于土著种红豆杉与云杉。

2.5 3 种植物根际土壤微生物多样性分析

将 3 种裸子植物根际土壤可培养微生物数量与 PLFA 含量特征相结合进行多样性分析显示(表 4), Simpson 指数和 Shannon-Wiener 指数等多样性指数值体现了良好的一致性, 均以红豆杉根际土壤微生物多样性指数为最高, 云杉次之, 日本落叶松为最低, 且与前两者间有显著差异, 说明外来种日本落

叶松根际土壤微生物种群发生了较大的变化, 已经改变了本地土壤微生物的结构与特征。

3 结论与讨论

多种研究方法相结合是土壤微生物多样性研究中常用的措施, 实验采用传统平板计数法与磷脂脂肪酸图谱(PLFA)法研究了麦积山景区 3 种典型裸子植物根际土壤微生物的数量分布与群落结构特征。传统平板计数法与 PLFA 分析法同时显示不同植物之间根际土壤微生物数目、种类及多样性指数间均存在一定的差异, 此结果与郑华、张于光、安韶山等的研究结果相一致^[14-16]。植物产生的根分泌物是微生物重要的能量物质, 能在根系周围营造特殊的根际微生态环境, 影响微生物的种类和繁殖, 进而影响微生物群落结构和功能及其多样性^[17-18]。本研究中 3 种植物的 PLFA 图谱组成各不相同, 红豆杉与云杉磷酸脂肪酸种类数目相似, 而日本落叶松明显减少, 同时日本落叶松根际微生物群落组成也发生了明显变化, 多样性降低, 且 *cy17:0*、*i17:0*、*i15:0* 等几种脂肪酸变化明显。

与土著种不同, 进入新环境的外来种具有比土著种更强的竞争力, 赵溪竹等将长白落叶松、兴安落叶松与外来种日本落叶松幼苗光合作用特性进行了比较, 结果显示日本落叶松对强光利用能力最强, 且不易发生光抑制^[19]。牛小云、陈立新等的研究表明, 日本落叶松林下枯落物积累多、分解慢, 加速了地力的衰退, 且近熟林阶段林分郁闭度大, 林下植物很难存活^[20-21]。本研究中将濒危土著种红豆杉、建群土著种云杉及外来种日本落叶松根际土壤微生物群落结构组成进行分析对比发现, 日本落

表 4 3 种裸子植物根际土壤微生物群落多样性分析

Table 4 Diversity analysis of microbial communities in three gymnosperm of rhizosphere soils

土壤类型 Soil types	Simpson (<i>J</i>)	Shannon-Wiener (<i>H</i>)	均匀度 Evenness	Brillouin	McIntosh (<i>Dmc</i>)
I	0.79a	1.42a	0.73a	3.35a	0.76a
II	0.72a	1.37ab	0.70a	3.27a	0.71ab
III	0.62b	1.28b	0.66b	3.02b	0.67b

注: 同列不同字母表示差异显著, $P < 0.05$ 。

Note: Different letters in the same column mean significant at the 0.05 level.

叶松根际土壤微生物组成发生了明显的变化,多样性降低。因此对于麦积山景区,缺乏科学依据的外来种引入及大面积日本落叶松速生林的建植是否会影响到景区生物多样性的保护及珍稀植物的生存,还需更进一步的深入研究。

参 考 文 献

- [1] Wu GH, Jiang CY. Comprehensive Physical Regionalization in Gansu Province[M]. Lanzhou: Gansu Science and Technology Press, 1998: 28-48 (in Chinese)
伍光和, 江存远. 甘肃省综合自然区划[M]. 兰州: 甘肃科学技术出版社, 1998: 28-48
- [2] Zhao QS. Malysis on changes of forest resources in Tianshui[J]. Journal of Gansu Forestry Science and Technology, 2001, 26(1): 16-21 (in Chinese)
赵前生. 天水市国有林区森林资源变化分析[J]. 甘肃林业科技, 2001, 26(1): 16-21
- [3] Fu ZJ, Zhang XY, Liu SY, et al. The summarize of research on the flora and vegetation of the Qinling mountain range[J]. Journal of Southern Agriculture, 1996, 16(5): 93-106 (in Chinese)
傅志军, 张行勇, 刘顺义, 等. 秦岭植物区系和植被研究概述[J]. 西北植物学报, 1996, 16(5): 93-106
- [4] Mao ZJ, Zhao XZ, Liu LX, et al. Photosynthetic physiological characteristics in response to elevated CO₂ concentration of three Larch (*Larix*) species seedlings[J]. Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(2): 317-323 (in Chinese)
毛子军, 赵溪竹, 刘林馨, 等. 3种落叶松幼苗对CO₂升高的光合生理响应[J]. 生态学报, 2010, 30(2): 317-323
- [5] Yang X, Cao J, Dong MX, et al. Effects of exotic *Larix kaempferi* on forest soil quality and bacterial diversity[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2008, 19(10): 2109-2116 (in Chinese)
杨鑫, 曹靖, 董茂星, 等. 外来树种日本落叶松对森林土壤质量及细菌多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2008, 19(10): 2109-2116
- [6] Yu XJ, Yu D, Lu ZJ, et al. A new mechanism of invader success: Exotic plant inhibits natural vegetation restoration by changing soil microbe community[J]. Chinese Science Bulletin, 2005, 50(9): 896-903 (in Chinese)
于兴军, 于丹, 卢志军, 等. 一个可能的植物入侵机制: 入侵种通过改变入侵地土壤微生物群落影响本地种的生长[J]. 科学通报, 2005, 50(9): 896-903
- [7] Che YL, Wang H, Hu HY, et al. Research progresses on analytical technologies used in microbial community structure and diversity[J]. Ecology and Environment, 2005, 14(1): 127-133 (in Chinese)
车玉伶, 王慧, 胡洪营, 等. 微生物群落结构和多样性解析技术研究进展[J]. 生态环境, 2005, 14(1): 127-133
- [8] Yao HY, Huang CY. Soil Microbial Ecology and Their Experimental Techniques[M]. Beijing: Science Press, 2007: 186-189 (in Chinese)
姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术[M]. 北京: 科学出版社, 2007: 186-189
- [9] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: a review[J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, 29(2): 111-129
- [10] Bai Z, Zhang M, Yan Y, et al. Effect of long-term fertilization of nitrogen, phosphorus and organic fertilizer on PLFA in Chinese arable mollisol[J]. Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Science Edition), 2008, 34(1): 73-80 (in Chinese)
白震, 张明, 闫颖, 等. 长期施用氮、磷及有机肥对农田黑土 PLFA 的影响[J]. 浙江大学学报: 农业与生命科学版, 2008, 34(1): 73-80
- [11] Qi HY, Xue K, Zhang HX. Phospholipid fatty acid analysis and its applications in microbial ecology[J]. Acta Ecologica Sinica, 2003, 23(8): 1576-1582 (in Chinese)
齐鸿雁, 薛凯, 张洪勋. 磷脂脂肪酸谱图分析方法及其在微生物生态学领域的应用[J]. 生态学报, 2003, 23(8): 1576-1582
- [12] Macnaughton SJ, O'Donnell AG. Tuberculostearic acid as a means of estimating the recovery (using dispersion and differential centrifugation) of actinomycetes from soil[J]. Journal of Microbiological Methods, 1994, 20(1): 69-77
- [13] Liu B, Hu GP, Zheng XF, et al. Analysis on microbial diversity in the rhizosphere of rice by phospholipid fatty acids biomarkers[J]. Chinese Journal of Rice Science, 2010, 24(3): 278-288 (in Chinese)
刘波, 胡桂萍, 郑雪芳, 等. 利用磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法分析水稻根际土壤微生物多样性[J]. 中国水稻科学, 2010, 24(3): 278-288
- [14] Zheng H, Ouyang ZY, Wang XK, et al. Effects of forest restoration patterns on soil microbial communities[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2004, 15(11): 2019-2024 (in Chinese)
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[J]. 应用生态学报, 2004, 15(11): 2019-2024
- [15] Zhang YG, Wang HM, Li DQ, et al. The community and structure of nitrogen-fixing microorganism in Sanjiangyuan Natural Reserve[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2005, 45(3): 420-425 (in Chinese)
张于光, 王慧敏, 李迪强, 等. 三江源地区不同植被土壤固氮微生物的群落结构研究[J]. 微生物学报, 2005, 45(3): 420-425
- [16] An SS, Li GH, Chen LD. Soil microbial functional diversity between rhizosphere and non-rhizosphere of typical plants in the hilly area of southern Nixia[J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(18): 5225-5234 (in Chinese)
安韶山, 李国辉, 陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. 生态学报, 2011, 31(18): 5225-5234
- [17] Kapoor R. Root exudation and its application on rhizosphere mycoflora[J]. Advances in Microbial Biotechnology, 1999: 351-362
- [18] Bais HP, Park SW, Weir TL, et al. How plants communicate using the underground information super highway[J]. Trends of Plant Sciences, 2004, 9(1): 26-32
- [19] Zhao XZ, Jiang HF, Mao ZJ. The studies of the photosynthetic characteristics of *Larix olgensis* Herry., *Larix kaempferi* Carr. and *Larix gmelinii* Rupr. seedlings[J]. Bulletin of Botanical Research, 2007, 27(3): 361-366 (in Chinese)
赵溪竹, 姜海凤, 毛子军. 长白落叶松、日本落叶松和兴安落叶松幼苗光合作用特性比较研究[J]. 植物研究, 2007, 27(3): 361-366
- [20] Niu XY, Sun XM, Chen DS, et al. Soil enzyme activities of the litter in *Larix kaempferi* plantation[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2015, 51(4): 16-25 (in Chinese)
牛小云, 孙晓梅, 陈东升, 等. 日本落叶松人工林枯落物土壤酶活性[J]. 林业科学, 2015, 51(4): 16-25
- [21] Chen LX, Xiao Y. Evolution and evaluation of soil fertility in forest land in *Larix gmelinii* plantations at different development stages in Daxinganling forest region[J]. Science of Soil and Water Conservation, 2006, 4(5): 50-55 (in Chinese)
陈立新, 肖洋. 大兴安岭林区落叶松林地不同发育阶段土壤肥力演变与评价[J]. 中国水土保持科学, 2006, 4(5): 50-55