

DOI: 10. 3969/j. issn. 1000-3142. 2013. 05. 011

董青松, 赵小蓉, 闫志刚, 等. 连作条件下毛鸡骨草根际土壤微生物群落功能多样性变化特征 [J]. 广西植物, 2013, 33 (5): 645—650
Dong QS, Zhao XR, Yan ZG, et al. Variation characteristics of soil microbial community functional diversity in the rhizosphere of *Abrus mollis* under continuous cropping [J]. *Guihaia*, 2013, 33 (5): 645—650

连作条件下毛鸡骨草根际土壤微生物群落功能多样性变化特征

董青松¹, 赵小蓉^{2*}, 闫志刚¹, 陈乾平¹, 白隆华¹

(1. 广西壮族自治区药用植物园, 南宁 530012; 2. 中国农业大学 资源与环境学院, 北京 100093)

摘要: 毛鸡骨草是治疗肝病的重要中草药之一, 而连作障碍致其产量和品质下降。从主产区广西玉林分别采集正茬、重茬和连作三年的毛鸡骨草根际土壤样品, 以种植前水稻土壤为对照, 采用 Biolog GN2 平板碳源分析技术, 研究连作条件下根际土壤微生物群落功能多样性变化特征, 以揭示其连作障碍的原因。结果表明, 连作导致根际土壤微生物功能多样性显著降低, 微生物利用各类碳源的能力下降。主成分分析 (PCA) 表明, 不同种植年限的毛鸡骨草根际土壤微生物群落结构之间存在显著差异, 且均与种植前对照明显不同, 而同一种植年限不同生长期土壤微生物碳代谢群落结构虽有差异, 但并不显著。相关分析表明, 其产量与微生物功能多样性指数 (如 Shannon, Simpson, McIntosh) 以及平均吸光值 (AWCD) 值正相关, 而与第一主成分 (PC1) 呈显著负相关, 说明连作条件下其产量的降低在一定程度上与土壤微生物功能多样性的降低和群落结构的改变有关。

关键词: 毛鸡骨草; 连作障碍; 根际土壤; 微生物功能多样性; Biolog GN2 平板

中图分类号: Q948 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142 (2013) 05-0645-06

Variation characteristics of soil microbial community functional diversity in the rhizosphere of *Abrus mollis* under continuous cropping

DONG Qing-Song¹, ZHAO Xiao-Rong^{2*}, YAN Zhi-Gang¹,
CHEN Qian-Ping¹, BAI Long-Hua¹

(1. *Guangxi Botanical Garden of Medicinal Plant*, Nanning 530023, China; 2. *College of Resources and Environment, China Agricultural University*, Beijing 100093, China)

Abstract: *Abrus mollis* is one of the important Chinese herbal medicine for the treatment of liver disease. However, its yield and quality decline with serious continuous cropping obstacle. In this study, rhizosphere soil samples of *A. mollis* from different years of continuous cropping and uncultivated soil sample as control were collected from Yulin City, Guangxi Zhuang Autonomous Region. The changes of soil microbial community functional diversity in the rhizosphere of *A. mollis* under continuous cropping were assessed using sole-carbon-source utilization by Biolog GN2 plate, in order to explore the production decline mechanisms of *A. mollis* in terms of microbial ecology. The results showed that continuous cropping significantly reduced the microbial functional diversity indices, such as Shannon, Simpson and McIntosh. The ability of utilizing carbon sources by microorganisms also significantly decreased with

收稿日期: 2012-12-06 修回日期: 2013-03-26

基金项目: 广西自然科学基金 (桂科自 0640079)

作者简介: 董青松 (1971-), 女 (壮族), 广西天等人, 硕士, 副主任技师, 主要从事药用植物栽培学研究, (E-mail) ddqss@yahoo.com.cn.

* 通讯作者: 赵小蓉, 博士, 主要从事土壤与环境微生物生态学研究, (E-mail) zhaoxr@cau.edu.cn.

continuous cropping. Principal component analysis (PCA) resolved different years of continuous cropping of *A. mollis*, and the soil microbial community shifted after planting *A. mollis* compared to that in uncultivated soil. Correlation analysis indicated that the yield of *A. mollis* had a positive correlation with microbial diversity indices, AWCD, and had a significant negative correlation with PC1, which showed that the yield reduction of *A. mollis* with continuous cropping to some extent was related to the decline of soil microbial functional diversity and the shift of soil microbial community.

Key words: *Abrus mollis*; continuous cropping obstacle; rhizosphere soil; microbial functional; Biology GN2 plate

毛鸡骨草 (*Abrus mollis*), 又名大叶鸡骨草, 为豆科相思子属植物毛相思子的全草, 分布于我国的广西、广东、湖南等省区, 是常用的中药材 (广西壮族自治区卫生厅, 1990)。全草入药称“鸡骨草”, 有清热解毒、舒肝止痛、活血化瘀之功效, 主要用于治疗急、慢性肝炎, 在保肝护肝、治疗肝炎、肝硬化腹水、胃痛等方面疗效显著 (白隆华等, 2005)。近年来由于市场需求的增加, 毛鸡骨草种植基地面积不断扩大。目前已建立了相应的毛鸡骨草规范化种植技术 (白隆华等, 2009), 研究了毛鸡骨草不同生长期的养分需求变化规律与配方施肥效应 (陈乾平等, 2008), 并开展了对毛鸡骨草化学、药理等方面的研究工作 (周芳等, 2005)。

近年来发现毛鸡骨草种植中存在着严重的连作障碍, 产量和品质大幅度下降。通常药用植物发生连作障碍主要是由于产生化感物质、发生土传病害以及改变了土壤的理化性质等 (郭兰萍等, 2006; 张重义等, 2009), 从而引起减产和品质下降。研究表明, 根系分泌的化感物质不仅可对下茬地黄产生自毒作用, 而且还可导致地黄根际土壤微生物种群失衡, 这是地黄连作障碍的主要原因之一 (李振芳等, 2012)。目前对于毛鸡骨草连作障碍的研究甚少, 毛鸡骨草连作对土壤微生物功能多样性影响尚未见报道。本文采用 Biolog 碳源分析技术, 以未种植毛鸡骨草的前茬水稻样地为对照, 比较了毛鸡骨草正茬 (1年)、重茬 (2年) 和连作3年根际土壤微生物功能多样性和群落结构的变化, 为探索毛鸡骨草连作障碍机理提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 试验设计

试验设3个处理, 分别为正茬、重茬和连作3年处理, 每处理3个重复。样地前茬作物为水稻, 自2007年开始连续3a种植毛鸡骨草。样地分3个小区, 每个小区面积为30 m², 同时采集种植毛鸡骨草之前的前茬水稻样地作为对照。试验地土壤

为第四纪红土发育而成的赤红壤, 种植毛鸡骨草之前的水稻样地的土壤理化性质如下: pH 5.44、有机质 21.50 g·kg⁻¹、全N 1.20 g·kg⁻¹、水解N 32.60 mg·kg⁻¹、速效P 26.84 mg·kg⁻¹、速效K 75.64 mg·kg⁻¹。4月上旬种植, 整地时施 225 000 kg·hm⁻² 腐熟厩肥、900 kg·hm⁻² 钙镁磷肥和 60 kg·hm⁻² 尿素作基肥, 与表土拌匀。6月下旬追施尿素 150 kg·hm⁻², 行间沟施覆土。7月下旬施尿素 225 kg·hm⁻² 和硫酸钾 90 kg·hm⁻², 均行间沟施覆土。12月上旬收获。种植和田间管理按照《广西玉林毛鸡骨草规范化种植标准操作规程 (SOP)》进行 (白隆华等, 2009)。

1.2 土壤样品采集

分别于苗期、盛花盛果期 (以下简称盛果期) 和收获期在每个小区采集根际土壤样品, 每个小区进行5点取样, 苗期取20株以上, 盛果期取15株以上。根际样品采集时将植株连土挖出, 去除根系周围松散的土块, 将紧密粘附在根系上的土壤用力抖脱在样品袋中, 即为根际土壤样品。将各小区样品分别混合均匀, 过2 mm筛后在4℃冰箱保存。同时, 采集种植毛鸡骨草之前的前茬水稻样地表层 (0~20 cm) 土壤作为对照。

1.3 土壤微生物功能多样性测定

称取过2 mm筛的土壤样品10 g, 置于装有100 mL无菌水的250 mL三角瓶中, 4℃下振荡1 h, 静置5 min, 即得10⁻¹土壤悬液, 依次稀释至10⁻³。吸取10⁻³稀释液150 μL接种于Biolog GN2微平板孔中, 在25℃下培养7 d, 每24 h用Emax自动读盘机在590 nm下测定吸光值。

以平均吸光值 (AWCD) 代表微生物的整体活性 (Garland & Mills, 1991), 同时计算 Shannon、McIntosh 和 Simpson 多样性指数, Shannon、McIntosh 碳源均匀度等来指示土壤微生物多样性 (Zak *et al.*, 1994; Staddon *et al.*, 1997)。Shannon 指数主要反映了群落中物种的丰富度, McIntosh 指数是群落物种均一性的衡量指标, 而 Simpson 指数则主要反映的是群落中最常

出现的物种的多度 (Staddon *et al.*, 1997)。各指数计算公式见表 1。

AWCD 计算公式: $AWCD = \sum (C - R)/i$, 其中, C 是每个孔所形成的颜色的吸光值, R 为空白孔的吸光值, i 为 GN2 板的碳源底物的数量, 此处为 95。

表 1 多样性指数计算公式
Table 1 Formulae for diversity calculations

| 指数 Index | 公式 Formula | 说明 Illustration |
|------------------|--|---|
| Shannon 多样性指数 | $H' = -\sum p_i \ln p_i$ | p_i 指的是第 i 个孔的修正吸光值, 即第 i 个孔的吸光值除以所有孔的总吸光值 |
| Shannon 均匀度 | $E = H'/\ln S$ | S 为吸光值 > 0.2 的孔的个数 |
| Simpson 指数 | $D = \sum \frac{n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$ | n_i 是第 i 个孔的吸光值, N 是所有孔的总吸光值。Simpson 指数以 $1/D$ 表示 |
| McIntosh 指数 | $U = \sqrt{\sum n_i^2}$ | 同上 |
| McIntosh 均匀度 | $E = \frac{N - U}{N - N/\sqrt{S}}$ | 同上 |

1. 4 数据分析与统计

采用统计软件 SPSS (11. 5) 对 72 h 标准化后的

表 2 不同种植年限毛鸡骨草根际土壤微生物平均吸光值和对六大类碳源的利用特点

Table 2 Average well color development (AWCD) and the utilization characters of 6 main carbon sources of soil microorganisms in the rhizosphere of *A. mollis* under different years of continuous cropping

| 种植年限 Planting age | 生长期 Growth period | 所有碳源 All the carbon source | 聚合物 Polymer | 糖类 Carbohydrate | 羧酸 Carboxylic acid | 胺类 Amine | 氨基酸 Amino acid | 其它 Other |
|--|----------------------|-------------------------------|----------------|--------------------|-----------------------|-------------|-------------------|-------------|
| 种植前 Preplant | | 1. 14 cd | 0. 86 a | 1. 30 d | 1. 20 b | 0. 54 ab | 1. 31 c | 0. 81 b |
| 正茬 Main crops | 苗期 | 1. 57 ef | 1. 28 b | 1. 71 f | 1. 67 fg | 1. 17 d | 1. 80 fg | 1. 01 c |
| | 盛果期 | 1. 68 g | 1. 57 cd | 2. 06 g | 1. 62 fg | 1. 35 de | 1. 71 de | 1. 05 cd |
| | 收获期 | 1. 61 fg | 1. 36 bc | 1. 71 f | 1. 53 ef | 1. 50 e | 1. 90 g | 1. 22 f |
| 重茬 Successive crop | 苗期 | 1. 50 e | 1. 39 bc | 1. 62 ef | 1. 64 fg | 0. 92 c | 1. 60 d | 1. 07 cd |
| | 盛果期 | 1. 59 efg | 1. 69 d | 1. 58 e | 1. 78 h | 1. 19 d | 1. 70 de | 1. 17 ef |
| | 收获期 | 1. 22 d | 1. 37 bc | 1. 29 d | 1. 32 bc | 0. 67 b | 1. 28 bc | 0. 99 c |
| 连作 3 年 Continuous cropping for three years | 苗期 | 1. 01 b | 0. 81 a | 0. 93 ab | 1. 27 bc | 0. 55 ab | 1. 12 b | 0. 82 b |
| | 盛果期 | 1. 10 bc | 0. 82 a | 1. 02 c | 1. 40 de | 0. 57 ab | 1. 21 bc | 0. 85 b |
| | 收获期 | 0. 82 a | 0. 77 a | 0. 84 a | 0. 90 a | 0. 42 a | 0. 91 a | 0. 64 a |

注: 同一列中不同字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著 (Duncan test)。下同。

Note: Different letters in the same column mean significant differences ($P < 0.05$). The same below.

和均匀度结果见表 3。从表 3 可知, 种植毛鸡骨草之前的水稻样地土壤 Shannon 多样性指数、Simpson 多样性指数最低, 而 Shannon 均匀度最高。种植毛鸡骨草后, Shannon 均匀度显著降低, 而多样性指数均显著增加, 但随着连作年限的延长, 尤其是连作 3 年, 根际土壤微生物多样性指数和均匀度均显著降低 ($P < 0.05$), 但正茬和重茬 Shannon 及 Simpson 多样性指数差异并不显著。毛鸡骨草根际微生物多样性指数和均匀度均以盛果

数据进行主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA), 采用 Duncan 方法进行多重比较和显著性分析, Pearson 双尾法进行相关性分析。

2 结果与分析

2. 1 土壤微生物碳源利用特性和多样性的变化

从表 2 可以看出, 正茬毛鸡骨草根际的 AWCD 值比种植前显著增加 ($P < 0.05$), 盛果期可提高 47%。然而, 随着种植年限的延长, AWCD 呈显著下降趋势 ($P < 0.05$), 连作 3 a 收获期的 AWCD 值最低, 仅为 0.82, 比正茬低 49%, 甚至比种植前还低 28%。不同种植年限的毛鸡骨草根际土壤微生物对碳源的利用形式有一定的相似性, 其中微生物对糖类、氨基酸和羧酸类的利用能力较强, 而对胺类的利用能力相对较弱。连作 3 a 之后, 微生物利用各类碳源的能力均显著下降 ($P < 0.05$)。不同生长期毛鸡骨草根际土壤微生物利用碳源的能力存在显著差异, 其中以盛果期利用碳源的能力最强, 而收获期则显著下降 ($P < 0.05$)。

不同种植年限毛鸡骨草根际土壤微生物多样性

期最高, 而收获期相对较低, 尤其在重茬时有显著差异 ($P < 0.05$)。

2. 2 土壤微生物碳代谢群落结构

主成分分析 (PCA) 将不同种植年限的毛鸡骨草根际土壤明显地区分开来 (图 1)。在第 1 主成分 (解释了方差变异的 20.8%) 上, 不同种植年限及不落结构从 PC1 轴负方向逐渐向正方向移动, 正茬和重茬盛果期之前主要分布在负方向上, 得分系数在

表 3 不同种植年限毛鸡骨草根际土壤微生物多样性和均匀度

Table 3 Microbial diversity indices and evenness in the rhizosphere of *A. mollis* under different years of continuous cropping

| 种植年限 Planting age | 生长期 Growth period | 多样性指数 Diversity index | | | 均匀度 Evenness | |
|--|----------------------|-----------------------|---------|----------|--------------|----------|
| | | McIntosh | Shannon | Simpson | Shannon | McIntosh |
| 种植前 Preplant | | 13.91 c | 4.26 a | 61.08 a | 2.257 d | 0.984 c |
| 正茬 Main crops | 苗期 | 17.54 de | 4.38 cd | 72.61 d | 2.230 bc | 0.985 c |
| | 盛果期 | 18.35 f | 4.40 d | 75.69 e | 2.253 d | 0.990 d |
| | 收获期 | 17.73 de | 4.39 cd | 74.55 de | 2.250 cd | 0.989 d |
| 重茬 Successive crop | 苗期 | 16.58 c | 4.39 cd | 73.60 de | 2.223 ab | 0.984 c |
| | 盛果期 | 17.34 de | 4.41 d | 75.40 e | 2.227 ab | 0.986 c |
| | 收获期 | 13.90 c | 4.37 c | 69.73 c | 2.213 ab | 0.981 b |
| 连作 3 年 Continuous cropping three years | 苗期 | 11.89 b | 4.32 b | 65.06 b | 2.213 ab | 0.979 ab |
| | 盛果期 | 12.92 bc | 4.32 b | 65.02 b | 2.220 ab | 0.981 b |
| | 收获期 | 9.69 a | 4.34 b | 64.20 b | 2.207 a | 0.977 a |

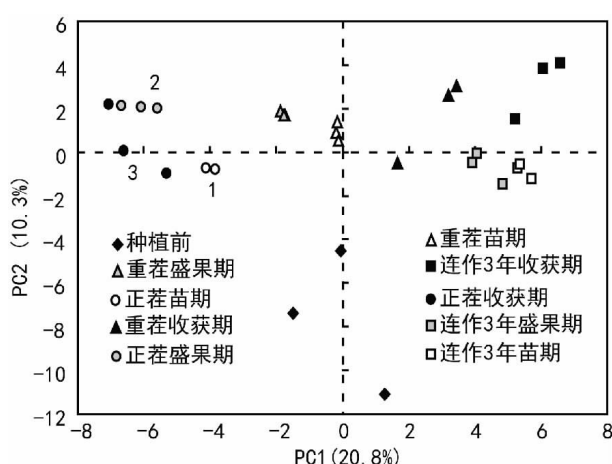


图 1 不同种植年限毛鸡骨草根际土壤微生物碳代谢主成分分析

Fig. 1 Principal components analysis of carbon catabolism by microorganisms in the rhizosphere soil of *A. mollis* under different years of continuous cropping

-0.32~-0.16 之间；重茬收获期和连作 3 年主要分布在正方向上，得分系数在 2.77~5.96 之间（表 4）。由于第 1 主成分与 AWCD 值呈极显著的相关性 ($r=-0.92$, $P<0.01$), 说明 PC1 轴上的分异主要来源于 AWCD 值的改变。第 2 主成分（解释了方差变异的 10.3%）将种植前的土壤与种植毛鸡骨草的土壤显著分开 ($P<0.05$), 而不同连作年限的毛鸡骨草土壤之间并没有显著性差异（表 4）。与第 1 主成分相关的主要是糖类、羧酸和氨基酸，而与第 2 主成分相关的主要是多聚物，表明不同的微生物群落之间对碳源的利用形式有很大的差异。由于连续种植毛鸡骨草，根系分泌特定的碳源，对微生物具有一定的选择作用，导致微生物利用碳源类群发生明显地改变。对 PC1 中最有影响的碳源分析表明，蔗糖、丙酮酸甲酯、柠檬酸、半乳糖醛酸、葡萄糖酸、醌酸、D-

表 4 不同种植年限毛鸡骨草根际土壤微生物碳代谢主成分得分系数

Table 4 PC scores for carbon catabolism by microorganisms in the rhizosphere soil of *A. mollis* under different years of continuous cropping

| 种植年限 Planting age | 生长期 Growth period | PC1 | PC2 |
|--|----------------------|-------------|--------------|
| 种植前 Preplant | | -0.09±1.38d | -7.65±3.31a |
| 正茬 Main crops | 苗期 | -4.01±0.17b | -0.74±0.03b |
| | 盛果期 | -6.10±0.53a | 2.05±0.07cd |
| | 收获期 | -6.32±0.90a | 0.40±1.62bc |
| 重茬 Successive crop | 苗期 | -0.16±0.03d | 0.93±0.42bcd |
| | 盛果期 | -1.78±0.07c | 1.75±0.11bed |
| | 收获期 | 2.77±0.98e | 1.68±1.93bcd |
| 连作 3 年 Continuous cropping three years | 苗期 | 5.46±0.24g | -0.86±0.34b |
| | 盛果期 | 4.28±0.50f | -0.69±0.73b |
| | 收获期 | 5.96±0.69g | 3.13±1.42d |

葡萄糖二酸、琥珀酸、天冬酰氨、天冬氨酸、谷氨酸、甘油-L-谷氨酸和丁二醇等与之正相关，而与组氨酸、亮氨酸、脯氨酸、L-丝氨酸、苯乙基胺和腐胺等负相关。对于 PC2 来说，糊精、糖原与之正相关，而癸二酸和山梨糖醇与之负相关。

2.3 毛鸡骨草产量与微生物多样性指数的关系

从 3 年的种植试验结果来看，随着连作的进行，毛鸡骨草产量显著下降。正茬毛鸡骨草的产量为 10312.5 kg·hm⁻²，重茬为 8418 kg·hm⁻²，而连作 3 年仅为 7500 kg·hm⁻²，产量分别比正茬显著下降 18.4% 和 27.3% ($P<0.05$)。从表 5 可见，毛鸡骨草产量与 AWCD 值、Shannon 指数、McIntosh 指数和 Simpson 指数均呈正相关关系，而与 PC1 呈显著负相关关系 ($P<0.05$)。

3 结论与讨论

一般认为，碳素利用法能反映土壤微生物的碳

表 5 毛鸡骨草产量与微生物多样性指数的相关系数

Table 5 Correlation coefficient between the yield of *A. mollis* and microbial diversity indices

| 产量 Yield | AWCD | McIntosh | Shannon | Simpson | PC1 | PC2 |
|---------------------|--------|----------|---------|---------|----------|---------|
| Pearson correlation | 0. 978 | 0. 975 | 0. 951 | 0. 972 | -0. 997* | -0. 973 |
| Sig. (2-tailed) | 0. 133 | 0. 143 | 0. 199 | 0. 151 | 0. 046 | 0. 148 |

代谢剖面特点，从而较好地评估微生物的功能多样性。尽管 Biolog 方法存在一定的局限性，如只适合于可培养的快速生长的微生物 (Yao *et al.*, 2000)，受接种密度的影响很大 (Garland, 1996a)，只能反映潜在的代谢多样性等 (Garland & Mills, 1991)，但由于根系分泌大量的有机物质，使得 Biolog 用于根际土壤微生物群落代谢多样性的分析更为适合 (Garland, 1996b; Grayston *et al.*, 1998)。因此采用 Biolog 方法能够揭示连作条件下根际土壤微生物功能多样性的变化特征。

AWCD 值反映了土壤微生物利用碳源的能力和代谢活性大小，其值越高，微生物代谢活性也就越高 (Garland, 1997)。本研究结果表明，连作导致毛鸡骨草根际土壤 AWCD 值显著降低，而且随着连作年限的延长，利用各种碳源的能力显著下降，说明连作可能在根际产生特定的有机分泌物，诱导或限制了某些具有特定生理特征的微生物群落的发展，从而影响根际微生物对不同碳源的利用能力和活性。毛鸡骨草不同生长期中，盛果期根际微生物群落 AWCD 值和各类碳源利用率显著高于其它生长期。这可能是由于毛鸡骨草根分泌大量糖类、氨基酸类等低分子量有机物刺激根际微生物群落的生长，尤其是在盛果期分泌量最大。不同作物根系分泌物的成分和含量不同，从而改变了土壤微生物群落的生长代谢 (Nayyar *et al.*, 2009)。

不同多样性指数反映了土壤微生物群落功能多样性的不同侧面。Shannon 指数主要反映群落中物种的丰富度，McIntosh 指数是群落物种均一性的衡量指标，而 Simpson 指数则主要反映的是群落中最常出现的物种的多度 (Staddon *et al.*, 1997)。种植毛鸡骨草后，由于根系分泌大量的糖类、羧酸和氨基酸类等低分子量有机物质，刺激根际微生物大量生长和繁殖，因此与未种植前的土壤样地相比，毛鸡骨草根际土壤微生物多样性和均匀度都显著增加 ($P < 0.05$)。连作导致根际土壤微生物多样性和均匀度均显著下降，这可能与连作改变了根际土壤的理化环境及分泌特定有机物质有关。由于根系分泌物的长期影响，使微生物种群趋于单一，微生物群落功能多样性降低，从而引起产量

的大幅度下降 (图 2, 表 3)。尽管目前对毛鸡骨草连作障碍的研究很少，但相关研究表明，地黄连作可导致营养物质的利用下降，根系分泌的化感物质引起根际微生物细菌数量减少，土壤酶活性降低，从而使地黄的产量和品质均大幅度下降 (李振方等, 2012)。这可能是由于前茬作物的根系分泌物和根茬腐解物对于微生物的生长和繁殖有明显的化感作用有关 (张重义等, 2009)。

PCA 分析表明，随着连作年限的延长，毛鸡骨草根际微生物群落代谢特征发生显著改变 (图 1)。相关性分析表明六大类碳源均与 PC1 主成分显著相关，说明在毛鸡骨草连作条件下，根际土壤微生物群落代谢特征的变化是各种碳源综合作用的结果，但在不同生长期微生物群落的变化与利用糖类、氨基酸和胺类的微生物变化高度相关，而不同种植年限中重茬毛鸡骨草根际微生物群落与利用羧酸、胺类、氨基酸及其它类碳源均显著相关，连作 3 年则仅与糖类物质利用显著相关。这说明不同生长时期，利用糖类、氨基酸和胺类的微生物的变化是影响毛鸡骨草根际微生物群落结构的主要微生物类群；而不同连作年限根际土壤微生物利用碳源的种类有差异，重茬主要是羧酸、胺类、氨基酸及其它类碳源的微生物类群发生改变，而连作 3 a 则主要是利用糖类的微生物类群的变化对群落结构的影响最大。

参考文献：

- 广西壮族自治区卫生厅. 1990. 广西中药材标准 [S]. 南宁：广西科学技术出版社：161-163
- Bai LH (白隆华), Dong QS (董青松), Chen QP (陈乾平), *et al.* 2009. Standard operating procedure (GAP) on *Abrus mollis* Hance in Yulin, Guangxi (广西玉林毛鸡骨草规范化种植标准操作规程) [J]. *Lishizhen Med Mat Med Res* (时珍国医国药), 20 (9): 2 283-2 285
- Bai LH (白隆华), Dong QS (董青松), Pu RY (蒲瑞翎). 2005. Study on Chinese medicine Chicken-bone herba (中药鸡骨草研究概况) [J]. *Guangxi Agric Sci* (广西农业科学), 36 (5): 476-478
- Garland JL, Mills AL. 1991. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns on community-level, sole-carbon-source utilization [J]. *Appl Environ Microbiol*, 57: 2 351-2 359
- Garland JL. 1996a. Analytical approaches to characterization

- of samples of microbial communities using sole C source utilization patterns [J]. *Soil Biol & Biochem*, **28**: 213–221
- Garland JL. 1996b. Patterns of potential C source utilization by rhizosphere communities [J]. *Soil Biol & Biochem*, **28**: 223–230
- Garland JL. 1997. Analysis interpretation of community level physiological profiles in microbial ecology [J]. *Microbial Ecol*, **24**: 289–300
- Grayston SJ, Wang S, Campbell CD, *et al.* 1998. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere. [J]. *Soil Biol & Biochem*, **30**: 369–378
- Chen QP (陈乾平), Dong QS (董青松), Bai LH (白隆华), *et al.* 2008. Studies on nutrition characteristics and effects of formulation fertilization of nitrogen (N), phosphorus (P) and potassium (K) in *Abrus mollis* Hance (毛骨草氮、磷、钾营养特性及配方施肥效应研究) [J]. *Chin Agric Sci Bull* (土壤肥料科学), **24** (6): 250–254
- Guo LP (郭兰萍), Huang LQ (黄璐琦), Jiang YX (蒋有绪), *et al.* 2006. Soil deterioration during cultivation of medicinal plants and ways to prevent it (药用植物栽培种植中的土壤环境恶化及防治策略) [J]. *Chin J Chin Mat Med* (中国中药杂志), **31**: 714–719
- Li ZF (李振方), Yang YQ (杨燕秋), Xie DF (谢冬凤), *et al.* 2012. Effects of continuous cropping on the quality of *Rehmannia glutinosa* L and soil micro-ecology (连作条件下地黄药用品质及土壤微生态特性分析) [J]. *Chin J Eco-Agric* (中国生态农业学报), **20** (2): 217–224
- Nayyar A, Hamel C, Lafond G, *et al.* 2009. Soil microbial quality associated with yield reduction in continuous-pea [J]. *Appl Soil Ecol*, **43** (1): 115–121
- Staddon WJ, Duchesne LC, Trevors JT. 1997. Microbial diversity and community structure of postdisturbance forest soils as determined by sole-carbon-source utilization patterns [J]. *Microbial Ecol*, **34**: 125–130
- Yao H, He Z, Wilson MJ, *et al.* 2000. Microbial biomass and community structure in a sequence of soils with increasing fertility and changing land use [J]. *Microbial Ecol*, **40**: 223–237
- Zak JC, Willing MR, Moorhead DL, *et al.* 1994. Function diversity of microbial communities: a quantitative approach [J]. *Soil Biol & Biochem*, **26**: 1 101–1 108
- Zhang CY (张重义), Lin WX (林文雄). 2009. Study on Continuous cropping obstacles and allelopathic autotoxicity in medicinal plants (药用植物化感自毒作用与连作障碍) [J]. *Chin J Eco-Agric* (中国生态农业学报), **17** (1): 189–196
- Zhou F (周芳), Li FY (李爱媛). 2005. Experimental study on anti-inflammatory and immuno-regulating effect of Chicken-bone herba and *Abrus cantoniensis* Hance (鸡骨草与毛骨草抗炎免疫的实验研究) [J]. *Yunan J Trad Chin Med Mat Med* (云南中医中药杂志), **26** (4): 33–35

(上接第 662 页 Continue from page 662)

- tegration of the Serophulariaceae [J]. *Am J Bot*, **88**: 348–361
- Paszko B. 2006. A critical review and a new proposal of karyotype asymmetry indices [J]. *Plant Syst Evol*, **258**: 39–48
- Ree RH. 2005. Phylogeny and the evolution of floral diversity in *Pedicularis* (Orobanchaceae) [J]. *Int J Plant Sci*, **166**: 595–613
- Shishkin BK, Bobrov EG. 1994. Flora of the USSR 22. India: Bishen Singh Mahendra Pal Singh and Koeltz Scientific Books: 775
- Stebbins GL. 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants [M]. London: Edward Arnold Ltd: 495–520
- Stebbins GL. 1980. Polyploidy in plants: unsolved problems and prospects [M] //Lewis WH (eds). Polyploidy, Biological Relevance. New York: Plenum Press: 495–520
- Tanaka R. 1971. Types of resting nuclei in Orchidaceae [J]. *Bot Mag Tokyo*, **84**: 118–122
- Tanaka R. 1977. Recent karyotype studies [M] //Ogawa K, Koike S, Kurosumi I (eds). Plant Cyto. Tokyo: Asakura: 293–326
- Tanaka R. 1987. The karyotype theory and wide crossing as an example in Orchidaceae [M] //Hong DY (eds). Plant Chro Res. Proceedings of the Sino-Japanese Symposium on Plant Chromosomes. Hiroshima: Nishiki Print Co.: 1–10
- Tsoong PC. 1955. A new system for the genus *Pedicularis* [J]. *Acta Phytotax Sin*, **4**: 71–147
- Von Wettstein R. 1897. Serophulariaceae [M] //Engler A, Prantl K (eds). Die Natürlichen Pflanzenfamilien. Germany: Leipzig, **4** (3b): 39–107
- Yang HB (杨汉碧), Holmgren NH, Mill RR. 1998. *Pedicularis* L [M] //Wu ZY, Raven PH (eds). Flora of China. Beijing: Science Press, **18**: 97–209
- Yang YS (杨福生), Li YF (李宇飞), Ding X (丁昕), *et al.* 2008. Extensive population expansion of *Pedicularis longiflora* (Orobanchaceae) on the qinghai-Tibetan Plateau and its correlation with the Quaternary climate change (青藏高原斑唇马先蒿的居群扩张以及它与第四纪气候变化的关系) [J]. *Mol Ecol* (分子生态), **17**: 5 135–5 145
- Yang FS (杨福生), Wang XQ (汪小全), Hong DY (洪德元). 2003. Unexpected high divergence in nrDNA ITS and extensive parallelism in floral morphology of *Pedicularis* (Orobanchaceae) (列当科马先蒿属在核基因 ITS 的高度分化和花形态的平行进化) [J]. *Plant Syst Evol*, **240**: 90–105
- Yuan Q (袁琼), Yang QE (杨亲二). 2008. Low incidence of polyploids and high uniformity of karyotypes displayed by *Delphinium* (Ranunculaceae) in the Hengduan Mountains region of southwest China (中国西南部横断山区毛茛科翠雀属的核型高度一致性和多倍化的发生率) [J]. *Bot J Lim Soc* (林奈学会植物学杂志), **158** (1): 172–188