

土壤肥料·节水灌溉

采用分子生物学技术分析不同施肥土壤中细菌多样性

吴展才,余旭胜,徐源泰

国立台湾大学园艺学研究所

收稿日期 2004-9-14 修回日期 2005-8-15 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 本研究探讨在小白菜栽培时,分别添加果蔬加工废弃物生产的堆肥和化肥对土壤微生物区系的影响。利用扩增16S rRNA基因来比较微生物群落的技术,分离出所有群落DNA,再以此DNA为模板,以专一性引物扩增出16S rRNA基因(rDNA)。随后建立16S rDNA基因文库后,再以计算机仿真的方式,选出能将上述引物扩增的16S rDNA基因中间切割成片段长度范围集中的一组限制性内切酶--AclI、BstUI、和RsaI。结果表明,无施肥土壤与添加堆肥土壤中微生物较接近。无施肥、添加堆肥、添加化肥土壤三者的微生物多样性指数分别为0.990、0.986和0.962;均匀度为0.979、0.977和0.931。

**关键词** [堆肥](#) [化肥](#) [土壤微生物](#) [多样性](#) [均匀度](#)

分类号

**DOI:**

通讯作者:

徐源泰 [tedshyu@ntu.edu.tw](mailto:tedshyu@ntu.edu.tw)

作者个人主页: [吴展才](#); [余旭胜](#); [徐源泰](#)

#### 扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(415KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“堆肥”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [吴展才](#)

· [余旭胜](#)

· [徐源泰](#)