

Analysis of Soil Microbial Communities Formed by Different Upland Fields in Gyeongnam Province

Min Keun Kim, Yong Sik Ok¹, Jae-Young Heo, Si-Lim Choi, Sang-Dae Lee, Hyun-Yul Shin,
Je-Hong Kim, Hye Ran Kim^{2**}, and Young Han Lee*

Gyeongsangnam-do Agricultural Research and Extension Services, Jinju 660-370, Republic of Korea

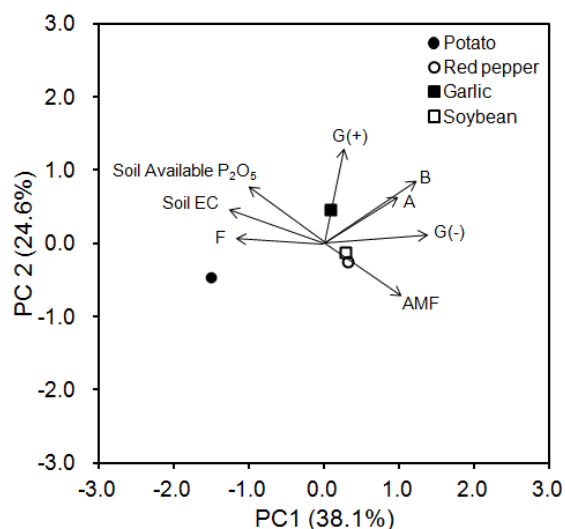
¹Biochar Research Center, Department of Biological Environment, Kangwon National University,
Chuncheon 200-701, Republic of Korea

²Korea Research Institute of Bioscience and Biotechnology, Daejeon 305-806, Republic of Korea

(Received: March 18 2014, Accepted: April 7 2014)

The present study investigated variations in soil microbial communities by fatty acid methyl ester (FAME) and the chemical properties at 24 sites of upland soils in Gyeongnam Province. The electrical conductivity of the soil under potato cultivation was significantly higher than those of the red pepper and soybean soils ($p < 0.05$). The gram-negative bacteria community in potato soil was significantly lower than those in the garlic and soybean soils ($p < 0.05$). The communities of actinomycetes and arbuscular mycorrhizal fungi in the red pepper soil were significantly higher than those in the potato soil ($p < 0.05$). In addition, the cy17:0 to 16:1 ω 7c ratio was significantly lower in red pepper, soybean, and garlic soils compared with potato soil, indicating that microbial stress decreased. Consequently, differences in soil microbial community were highly associated with cultivated crop species, and this might be resulted from the difference in soil chemical properties.

Key words: Soil microbial community, Upland soil, Gram-negative bacteria, FAME



Principal component analyses between microbial communities and chemical properties of different upland soils in Gyeongnam Province. A, actinomycetes; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi; B, total bacteria; EC, electrical conductivity; F, fungi; G(-), gram-negative bacteria; G(+), gram-positive bacteria.

*Corresponding author : Phone: +82552541313, E-mail: lyh2011@korea.kr

**Co-Corresponding author : Phone: +821020777133, E-mail: kimhr@kribb.re.kr

†The first two authors equally contributed to this work.

§Acknowledgement: This study was conducted with the support of the Research Cooperating Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ009198252014), RDA, Republic of Korea.

Introduction

토양의 양분 불균형은 작물의 생육을 저해하는 요인이며 미생물 생태계를 교란시키기 때문에 지속가능한 친환경농업을 위해서는 적절한 토양 양분관리를 통한 미생물의 활성을 증대시키는 것이 필요하다 (Lee and Kim, 2011; Lee and Yun, 2011). 예전에는 토양의 미생물을 평가할 때 선택배지를 이용하였으나 현재에는 신뢰도를 높이기 위해 미생물의 지방산 조성을 분석하거나 (Kim and Lee, 2011; Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000) DNA를 추출하여 분석하는 파이로시퀀싱 기술을 사용하고 있다 (Davinic et al., 2012; Jones et al., 2009). 토양 미생물은 양분, 작물, 기상조건 등 주변 환경에 민감하게 반응하며 최종적으로 환경에 생존하는 미생물이 우점하게 된다. 따라서 건강한 농업 생태계를 유지하기 위해서는 토양 비옥도 뿐만 아니라 토양 미생물의 다양성을 함께 검토해야 한다. 경남지역의 지형별 밭토양의 곰팡이 개체수는 곡간 및 선상지가 하성평탄지 보다 많았고 토양 미생물체량과 탈수소효소 활성은 산록경사지가 높았다. 바실러스균과 곰팡이균은 토양의 유기물 함량과 정의 상관관계를 보였고

토양 pH는 형광성 슈도모나스균과 정의 상관관계가 있는 것으로 알려져 있다 (Lee and Ha, 2011a). 또한, 토성에 따라 미사질양토는 방선균 군집이 2.2%로 사양토 1.8%에 비해 높았으며 고평이 군집은 사양토에서 20.4%로 양토 16.4%와 미사질양토 15.4%에 비해 높은 것으로 보고되었다 (Lee and Ha, 2011b). 그러나 밭토양에서 작물별 토양 미생물의 군집에 대한 연구는 미미하며 토양 생태계 관리를 위한 기초적인 자료 확보가 시급한 실정이다.

본 연구는 경남지역 밭토양 24개소를 대상으로 2013년에 토양의 화학성과 세포벽 지방산 함량을 분석하여 미생물 군집을 검토하였으며 주성분 분석에 의한 작물별 주요 변동요인을 구명하여 친환경 토양관리를 위한 기초 자료를 제공코자 수행하였다.

Materials and Methods

밭토양 지점 선정 및 시료채취 방법 경남지역 밭토양의 화학성분과 미생물 군집의 상관관계를 분석하기 위하여 2013년에 감자 재배지 3개소, 고추 재배지 4개소, 마늘 재배지 8개소, 콩 재배지 9개소 등 24개소를 선정하였다

Table 1. Upland soil sampling sites from different locations in Gyeongnam Province (n=24).

Region	Crop	Soil texture	Land form	Longitude	Latitude
Jinju	Red pepper	Loam	Hill	128°1'36.74"	35°8'33.49"
Jinju	Potato	Loam	Valley	128°2'12.31"	35°11'25.86"
Sacheon	Soybean	Loam	Mountain foot-slope	128°8'29.05"	34°59'50.55"
Sacheon	Garlic	Loam	Hill	128°6'46.80"	34°55'46.53"
Kimhae	Soybean	Loam	Mountain foot-slope	128°48'51.41"	35°17'58.37"
Geoje	Garlic	Loam	Mountain foot-slope	128°30'35.09"	34°50'32.13"
Yongsan	Garlic	Loam	Alluvial fan	128°56'38.68"	35°20'48.31"
Uiryeong	Red pepper	Silt loam	Valley	128°19'56.86"	35°24'2.16"
Uiryeong	Soybean	Loamy sand	Alluvial plain	128°12'03.08"	35°19'59.61"
Haman	Soybean	Silt loam	Hill	128°22'48.23"	35°16'7.70"
Haman	Garlic	Loam	Mountain foot-slope	128°25'50.24"	35°13'0.10"
Changnyeong	Potato	Silt loam	Alluvial plain	128°35'56.57"	35°23'48.74"
Goseong	Soybean	Loam	Valley	128°12'42.05"	34°59'43.35"
Namhae	Potato	Loam	Hill	127°53'12.11"	34°52'56.00"
Hadong	Garlic	Loam	Mountain foot-slope	127°54'4.83"	35°7'3.08"
Sancheong	Garlic	Loam	Valley	127°53'27.65"	35°24'50.90"
Sancheong	Soybean	Loam	Hill	127°56'57.84"	35°19'40.79"
Hamyang	Soybean	Sandy loam	Valley	127°47'6.04"	35°34'1.95"
Hamyang	Soybean	Sandy loam	Valley	127°47'4.29"	35°32'3.38"
Geochang	Garlic	Loam	Valley	127°56'16.98"	35°39'5.14"
Geochang	Red pepper	Sandy loam	Valley	127°51'1.14"	35°41'39.81"
Hapcheon	Soybean	Silty clay loam	Hill	128°9'15.62"	35°29'41.86"
Hapcheon	Red pepper	Silt loam	Valley	128°7'51.07"	35°25'2.24"
Ulsan	Garlic	Loam	Hill	129°8'42.45"	35°36'35.81"

(Table 1). 토양은 비료를 사용하기 전인 3월부터 4월 사이에 표토를 1 cm 정도 걷어내고 0–15 cm 깊이에서 500 g 정도를 3반복으로 채취하였다.

시료조제 및 화학성분 분석방법 작물별로 채취한 토양은 그늘진 곳에서 7일간 건조한 후 2 mm 체를 통과된 것을 화학성분 분석에 사용하였다. 토양의 화학성분은 농촌진흥청 국립농업과학원 토양 화학 분석법 (NIAS, 2010a)을 적용하여 pH와 EC는 토양과 증류수의 비율을 1:5로 희석한 후 pH meter (Orion 520A pH meter, Orion Research Inc., Boston, USA)와, EC meter (Orion 3STAR EC meter, Orion Research Inc., Boston, USA)로 분석하였다. 유기물은 Tyurin법, 유효인산은 Lancaster법으로 비색계 (UV-1650PC, Shimadzu Co., Kyoto, Japan)를 사용하여 분석하였다. 치환성 칼륨, 칼슘, 마그네슘, 나트륨 등의 양이온은 1M NH₄OAc로 추출하여 적당량 희석한 후 ICP (AAAnalyst 300, Perkin-Elmer, Norwalk, USA)로 분석하였다.

미생물 군집 분석 밭토양 미생물 군집은 습토를 냉동실에 보관하면서 분석하였다. 미생물 군집은 미생물이 가지고 있는 고유 세포벽 지방산을 분석하는 fatty acid methyl ester (FAME) 방법을 이용하였다 (Schutter and Dick, 2000). 미생물의 군집 분석은 GC Agilent 6890N (Agilent Technologies, USA)과 HP-ULTRA 2 capillary column (25 m × 0.2 mm × 0.33 μm film thickness, Agilent Technologies, USA)을 이용하였고 미생물 정량은 내부 표준 지방산 (19:0)을 이용하여 상대적인 비율을 계산하였다. 분석된 지방산 조성은 MIDI software program package (MIDI, Inc., Newark, DE)을 이용하여 미생물 군집으로 분석하였다 (Hamel et al., 2006). 총 세균은 관련된 지방산 i15:0, a15:0, 15:0, i16:0, 16:1ω9, 16:1ω7, i17:0, a17:0, 17:0, cy17:0, 18:1ω7c 및 cy19:0을 합산하여 분석하였다 (Macalady et al., 1998; Schutter and Dick,

2000). 그람음성 세균은 지방산 16:1ω7c, 18:1ω7c, cy17:0 및 cy19:0을 합산하였고 그람양성 세균은 지방산 i15:0, a15:0, i16:0, i17:0 및 a17:0을 합산하여 구하였다 (Zelles, 1997). 방선균은 지방산 10Me18:0을 사용하였고 (Schutter and Dick, 2000) 곰팡이는 지방산 18:1ω9c와 18:2ω6c를 사용하였다 (Bradley et al., 2006). 또한, 지방산 16:1ω5c는 arbuscular mycorrhizal fungi의 biomarker로 이용하였다 (Balsler et al., 2005; Frostegård et al., 1993; Olsson et al., 1998). 그리고 곰팡이와 총 세균의 비율을 조사하였고 지방산 cy17:0과 16:1ω7c의 비율은 미생물의 스트레스 지표로 사용하였다 (Guckert et al., 1986; Grogan and Cronan, 1997).

다변량 주성분 분석 및 통계분석 분석된 토양 화학성과 미생물 군집은 SAS 프로그램 (버전 9.1.3, 2006)을 사용하여 통계분석 하였다. 작물별 토양 미생물 특성과 화학성은 5% 수준에서 Tukey's studentized range test를 하였다. 그리고 토양 EC와 유효인산 함량 및 미생물 군집은 주성분 분석을 통하여 작물 재배지에 따른 차이를 비교 검토하였다.

Results and Discussion

밭토양 화학성 분석결과 경남지역 미생물 군집을 분석하기 위한 밭토양의 화학성분의 분석결과는 Table 2와 같다. 밭토양의 pH는 고추 재배지가 6.9로서 감자 재배지 5.7 보다 유의적으로 높은 반면 ($p < 0.05$) 염류농도는 감자 재배지가 1.66 dS m⁻¹로 콩 재배지 0.54 dS m⁻¹ 및 고추 재배지 0.50 dS m⁻¹ 보다 유의적으로 높았다 ($p < 0.05$). 치환성 칼륨과 치환성 칼슘 함량은 마늘 재배지가 1.34 cmol_c kg⁻¹ 및 10.0 cmol_c kg⁻¹으로서 고추 재배지 칼륨 함량인 0.48 cmol_c kg⁻¹와 감자 재배지 칼슘 함량인 4.1 cmol_c kg⁻¹ 보다 유의적으로 높았다 ($p < 0.05$). 밭토양의 유기물, 유효인산, 치환성 마그네슘 및 치환성 나트륨

Table 2. Chemical properties of upland soils in Gyeongnam Province as affected by different crops.

Crop	pH	EC	OM	Avail. P ₂ O ₅	Exch. cation				Site
					K	Ca	Mg	Na	
	(1:5)	dS m ⁻¹	g kg ⁻¹	mg kg ⁻¹	cmol _c kg ⁻¹				No.
Potato	5.7b [†]	1.66a	18a	945a	0.94ab	4.1b	1.2a	0.34a	3
Red pepper	6.9a	0.50b	20a	742a	0.48b	5.6ab	1.7a	0.28a	4
Garlic	6.7ab	1.17ab	28a	885a	1.34a	10.0a	2.2a	0.38a	8
Soybean	6.3ab	0.54b	31a	610a	0.69ab	7.6ab	1.5a	0.34a	9
Average	6.5	0.89	27	766	0.90	7.6	1.7	0.34	24

[†]Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Tukey's studentized range test.

Table 3. Microbial biomass of upland soils in Gyeongnam Province as affected by different crops.

Crop	TF [†]	B	G(-)	G(+)	A	F	AMF	G(-)/G(+)	F/B
	----- nmol g ⁻¹ -----								
Potato	299a [‡]	70.7a	30.1a	36.0a	3.8a	72.0a	3.4a	0.84a	1.02a
Red pepper	195a	52.6a	24.7a	24.3a	3.7a	30.0a	5.4a	1.02a	0.57b
Garlic	341a	97.3a	46.4a	44.2a	6.4a	62.0a	8.9a	1.05a	0.64ab
Soybean	302a	85.9a	41.4a	39.1a	5.2a	47.9a	6.9a	1.06a	0.56b
Average	297	82.3	38.9	37.9	5.2	52.6	6.9	1.03	0.62

[†]TF, total FAMES; B, total bacteria; G(-), gram-negative bacteria; G(+), gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

[‡]Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Tukey's studentized range test.

류 함량은 작물별로 유의적인 차이가 없었다. 발토양 화학 성분의 평균값은 pH 6.5, 염류농도 0.89 dS m⁻¹, 유기물 27, 유효인산 766 mg kg⁻¹, 치환성 칼륨 0.90 cmol_c kg⁻¹, 치환성 칼슘 7.6 cmol_c kg⁻¹, 치환성 마그네슘 1.7 cmol_c kg⁻¹, 치환성 나트륨 0.34 cmol_c kg⁻¹로서 발토양 적정수준 (NIAS, 2010b) 보다 유효인산, 치환성 칼륨 및 치환성 칼슘 함량이 높았다. 이러한 결과는 Lee and Ha (2011a)가 보고한 결과와 일치하였다.

발토양 미생물 함량 비교 경남지역 발토양의 미생물 함량은 Table 3과 같다. 발토양 24개소의 평균값은 총 FAME 함량이 297 nmol g⁻¹이었으며 총 세균 함량은 82.3 nmol g⁻¹, 그람음성 세균 함량은 38.9 nmol g⁻¹, 그람양성 세균은 37.9 nmol g⁻¹, 방선균 함량은 5.2 nmol g⁻¹, 곰팡이 함량은 52.6 nmol g⁻¹, 내생균근균 함량은 6.9 nmol g⁻¹이었다. 이러한 결과는 Lee and Ha (2011b)가 보고한 경남지역 발토양 25개소의 평균값인 총 FAME 함량 238 nmol g⁻¹, 총 세균 73 nmol g⁻¹, 그람음성 세균과 그람양성 세균은 33 nmol g⁻¹, 방선균 4.5 nmol g⁻¹, 곰팡이 40 nmol g⁻¹, 내생균근균 6.8 nmol g⁻¹ 보다 약간 높았다. 따라서 경남지역 발토양의 미생물 함량은 2013년에 약간 증가되는 것으로 나타났으며 미생물의 분류에 따른 함량은 크게 변화가 없는 것으로 판단된다. 경남지역 발토양의 미생물 함량은 시설 재배지에 비해 세균과 곰팡이 함량은 낮았고 (Lee et al., 2011) 논에서 벼 생육초기 토양에 비해 세균 함량은 낮고 곰팡이 함량은 높았다 (Kim and Lee, 2011). 그리고 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율은 1.03으로 논에서 벼 생육초기 토양의 1.0-1.3과 비슷하였다 (Kim and Lee, 2011). 일반적으로 그람음성 세균은 토양에서 미생물의 영양분이 부족할 경우 개체수가 감소하는데 이러한 결과로 볼 때 경남지역 발토양의 양분 상태는 양호한 것으로 생각된다 (Kieft et al., 1997).

작물 재배지별 미생물 함량은 마늘 재배지에서 총 FAME

함량이 341 nmol g⁻¹, 총 세균 함량이 97.3 nmol g⁻¹, 그람음성 세균 46.4 nmol g⁻¹, 그람양성 세균 44.2 nmol g⁻¹, 방선균 6.4 nmol g⁻¹, 내생균근균 8.9 nmol g⁻¹으로 다른 작물에 비해 높았으나 유의적인 차이는 없었다. 곰팡이/세균의 비율은 감자 재배지가 1.02로 가장 높은 반면 고추 재배지가 0.56으로 가장 낮은 것으로 나타났다 ($p < 0.05$). 토양 pH가 낮았던 감자 재배지에서 곰팡이와 세균의 비율이 높은 것은 곰팡이가 세균에 비해 대체로 pH 변화에 대한 내성이 강하고 토양 pH가 낮을수록 곰팡이/세균의 비율이 증가한다는 연구 결과와 일치하였다 (Rousk et al., 2009; Rousk et al., 2010).

미생물 스트레스 지표 발토양의 환경과 양분함량에 대한 스트레스 지표로 사용되는 cy17:0과 16:1ω7c 비율은 Fig. 1과 같다. 일반적으로 cy17:0과 16:1ω7c 비율이 낮을수록 미생물이 받는 스트레스는 감소되는 것으로 알려져 있다 (Mechri et al., 2010). 경남지역 발토양은 감자 재

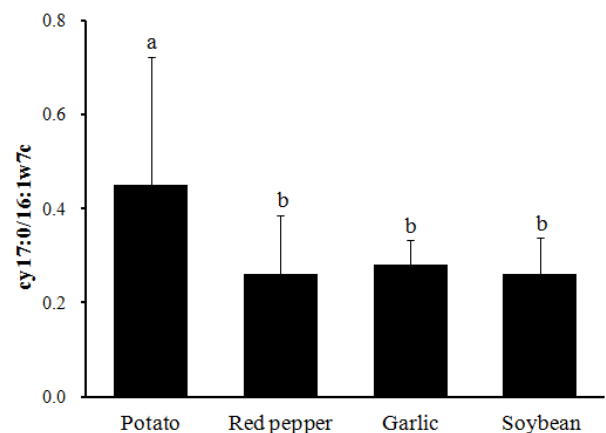


Fig. 1. Ratio of fatty acid cy17:0 to 16:1ω7c of different upland soils in Gyeongnam Province. Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Tukey's studentized range test. Bars represent one standard deviation of the mean.

Table 4. Microbial communities of upland soils in Gyeongnam Province as affected by different crops.

Crop	B [‡]	G(-)	G(+)	A	F	AMF
	----- % -----					
Potato	24.3b [‡]	10.9b	12.0a	1.3b	20.0a	1.1b
Red pepper	27.3a	13.0ab	12.5a	2.0a	15.2a	2.9a
Garlic	28.8a	13.7a	13.1a	1.8ab	18.0a	2.5ab
Soybean	27.8a	13.4a	12.8a	1.7ab	15.6a	2.3ab
Average	27.6	13.1	12.8	1.8	16.9	2.3

[‡]B, total bacteria; G(-), gram-negative bacteria; G(+), gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

[‡]Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Tukey's studentized range test.

배지가 0.45로서 마늘 재배지 0.28, 고추 및 콩 재배지 0.26 보다 유의적으로 높았다 ($p < 0.05$). 이러한 경향은 Table 2와 같이 감자 재배지는 산성 토양에 유기물이 부족한 반면 유효인산 함량은 높아 세균의 스트레스가 증가된 것으로 생각되었다 (Bossio and Scow, 1998).

밭토양 미생물 군집 분석 밭토양 미생물의 함량을 총 FAME 함량으로 나누어 각 미생물의 군집을 분석한 결과는 Table 4와 같다. 밭토양 평균 미생물 군집은 총 세균이 27.6%, 곰팡이 16.9%, 그람음성 세균은 13.1%, 그람양성 세균은 12.8%, 내생균균 2.3%, 방선균 1.8%의 비율을 나타냈다. 이러한 결과는 Lee and Ha (2011b)가 보고한 경남지역 밭토양 평균 미생물 군집 보다 총 세균은 2.7%, 곰팡이는 0.5% 낮은 경향이였다. 경남지역 밭토양의 작물별 총 세균 군집은 마늘 재배지 28.8%, 콩 재배지 27.8%, 고추 재배지가 27.3%로서 감자 재배지 24.3% 보다 유의적으로 많았다 ($p < 0.05$). 이러한 경향은 그람음성 세균의 군집이 크게 영향을 미친 것으로 나타났다. Kieft et al. (1997)이 보고한 바에 따르면 그람음성 세균은 토양에서 미생물의 영양분이 부족할 경우 분포비율이 감소하게 되는데 본 연구에서는 Table 2와 같이 감자 재배지의 유기물 함량이 낮아 그람음성 세균의 분포에 영향을 미친 것으로 생각된다. 그리고 방선균과 내생균균의 군집은 고추 재배지가 각각 2.0% 및 2.9%로서 감자 재배지의 1.3%와 1.1%에 비해 유의적으로 많은 것으로 나타났으며 ($p < 0.05$) Lee and Ha (2011b)가 보고한 결과와 일치하였다. 이러한 결과는 감자 재배지의 유기물 부족과 관련된 것으로 생각된다.

경남지역 밭토양의 미생물 군집과 토양 염류농도와 유효인산 함량을 포함한 작물 재배지별 주성분 분석결과는 Fig. 2와 같다. 여러 가지 요인을 주성분으로 분석한 결과는 토양 미생물 군집을 간단하게 설명하고 예측할 수 있다 (Lee et al., 2011; Yang et al., 2012). 주성분 분석결

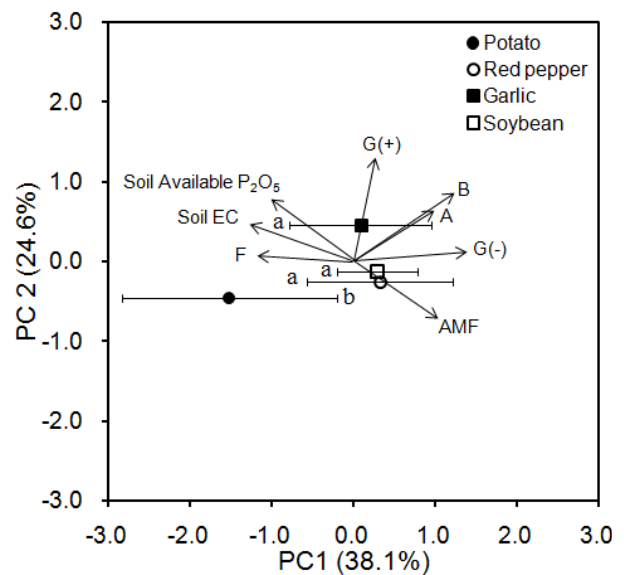


Fig. 2. Principal component analyses between microbial communities and chemical properties of different upland soils in Gyeongnam Province. The variance explained by each principal component (PC) axis is shown in parentheses. PC analysis shows loading values for the individual microbial biomarkers. The bars represent one standard deviation of the mean. Means by the same letter within a column are not significantly different at 0.05 probability level according to Tukey's studentized range test. A, actinomycetes; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi; B, total bacteria; EC, electrical conductivity; F, fungi; G(-), gram-negative bacteria; G(+), gram-positive bacteria.

과 제1주성분이 38.1%, 제2주성분이 24.6%로서 전체 62.7%의 자료를 설명할 수 있는 것으로 나타났다. 제1주성분은 그람음성 세균 군집(0.455), 곰팡이군집(-0.380)과 토양 염류농도(-0.408)가 제2주성분은 그람양성 세균(0.627)이 주로 관련된 것으로 나타났으며, 통 세균 군집(0.428)과 방선균 군집은 제1주성분 및 제2주성분에 모두 관여하는 것으로 나타났다. 작물 재배지별 주성분 분석결과 감자

재배지는 제1주성분에서 고추 재배지, 마늘 재배지 및 콩 재배지에 비해 유의적으로 낮았다 ($p < 0.05$). 그러나 제2 주성분은 작물 재배지별로 유의성 있는 차이가 없었다.

Conclusions

경남지역 밭토양 24개소를 대상으로 2013년에 미생물 세포벽 지방산 함량을 분석하여 작물별 미생물 군집을 주 성분 분석으로 해석하였다. 경남지역 밭토양은 감자 재배지는 유기물 함량이 18 g kg^{-1} 으로 부족한 토양으로 지방산 cy17:0 과 $16:1\omega7c$ 비율이 0.45로서 마늘 재배지 0.28, 고추 및 콩 재배지 0.26 보다 유의적으로 높아 미생물이 받는 스트레스는 큰 것으로 나타났으며 그람음성 세균의 군집도 10.9%로 마늘 재배지 13.7%와 콩 재배지 13.4%에 비해 낮았다. 미생물 군집의 주성분 분석결과 제1주성분이 38.1%, 제2주성분이 24.6%로서 전체 62.7%의 자료를 설명할 수 있었으며 그람음성 세균의 군집이 가장 크게 영향을 주는 것으로 나타났다. 토양에서 미생물 군집의 변화는 토양환경과 복잡한 관계를 형성하고 있기 때문에 유기물 함량을 높이고 pH를 적정범위로 유지하는 것이 무엇보다 중요하며 환경변화에 따른 미생물 변동에 대해 지속적으로 모니터링이 필요할 것이다.

References

Balser, T., K.K. Treseder, and M. Ekenler. 2005. Using lipid analysis and hyphal length to quantify AM and saprotrophic fungal abundance along a soil chronosequence. *Soil Biol. Biochem.* 37:601-604.

Bossio, D.A. and K.M. Scow. 1998. Impacts of carbon and flooding on soil microbial communities: phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. *Microb. Ecol.* 35:265-278.

Bradley, K., A. Rhae, R.A. Drijber, and J. Knopsc. 2006. Increased N availability in grassland soils modifies their microbial communities and decreases the abundance of arbuscular mycorrhizal fungi. *Soil Biol. Biochem.* 38:1583-1595.

Davinic, M., L.J. Fultz, V. Acosta-Martinez, F.J. Calderón, S.B. Cox, S.E. Dowd, V.G. Allen, J.C. Zak, and J. Moore-Kucera. 2012. Pyrosequencing and mid-infrared spectroscopy reveal distinct aggregate stratification of soil bacterial communities and organic matter composition. *Soil Biology and Biochemistry.* 46:63-72.

Frostegård, Å., A. Tunlid, and E. Bååth. 1993. Phospholipid fatty acid composition, biomass and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. *Appl. Environ. Microbiol.* 59:3605-3617.

Grogan, D.W. and J.E. Cronan. 1997. Cyclopropane ring formation in membrane lipids of bacteria. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.*

61:429-441.

Guckert, J.B., M.A. Hood, and D.C. White. 1986. Phospholipid ester-linked fatty acid profile changes during nutrient deprivation of *Vibrio cholerae*: increases in cis/trans ratio and proportions of cyclopropyl fatty acid. *Appl. Environ. Microbiol.* 52:794-801.

Hamel, C., K. Hanson, F. Selles, A.F. Cruz, R. Lemke, B. McConkey, and R. Zentner. 2006. Seasonal and long-term resource-related variations in soil microbial communities in wheat-based rotations of the Canadian prairie. *Soil Biol. Biochem.* 38:2104-2116.

Jones, R.T., M.S. Robeson, C.L. Lauber, M. Hamady, R. Knight, and N. Fierer. 2009. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses. *ISME J.* 3:442-453.

Kieft, T.L., E. Wilch, K. O'connor, D.B. Ringelberg, and D.C. White. 1997. Survival and phospholipid fatty acid profiles of surface and subsurface bacteria in natural sediment microcosms. *Appl. Environ. Microbiol.* 63:1531-1542.

Kim E.S. and Y.H. Lee. 2011. Response of soil microbial communities to applications of green manures in paddy at an early rice growing stage. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:221-227.

Lee, Y.H. and H. Kim. 2011. Response of soil microbial communities to different farming systems for upland soybean cultivation. *J. Korean Soc. Appl. Biol. Chem.* 54:423-433.

Lee, Y.H. and H.D. Yun. 2011. Changes in microbial community of agricultural soils subjected to organic farming system in Korean paddy fields with no-till management. *J. Korean Soc. Appl. Biol. Chem.* 54:434-441.

Lee, Y.H. and S.K. Ha. 2011a. Impacts of chemical properties on microbial population from upland soils in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:242-247.

Lee, Y.H. and S.K. Ha. 2011b. Impacts of topography on microbial community from upland soils in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:485-491.

Lee, Y.H., B.K. Ahn, and Y.K. Sonn. 2011. Effects of electrical conductivity on the soil microbial community in a controlled horticultural land for strawberry cultivation. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:830-835.

Macalady, J.L., M.E. Fuller, and K.M. Scow. 1998. Effects of metam sodium fumigation on soil microbial activity and community structure. *J. Environ. Qual.* 27:54-63.

Mechri, B., H. Chehab, F. Attia, F.B. Mariem, M. Braham, and M. Hammami. 2010. Olive mill wastewater effects on the microbial communities as studied in the field of olive trees by analysis of fatty acid signatures. *Eur. J. Soil Bio.* 46:312-318.

NIAS (National Institute of Agricultural Science and Technology). 2010a. Methods of soil chemical analysis. Suwon, Korea.

NIAS (National Institute of Agricultural Science and Technology). 2010b. Fertilizer recommendation for crops. Suwon, Korea.

Olsson, P.A., R. Francis, D.J. Read, and B. Söderström. 1998. Growth of arbuscular mycorrhizal mycelium in calcareous dune sand and its interaction with other soil micro-organisms

- as estimated by measurement of specific fatty acids. *Plant Soil* 201:9-16.
- Rousk, J., P.C. Brookes, and E. Bååth. 2009. Contrasting soil pH effects on fungal and bacterial growth suggest functional redundancy in carbon mineralization. *Appl. Environ. Microbiol.* 75:1589-1596.
- Rousk, J., E. Bååth, P.C. Brookes, C.L. Lauber, C. Lozupone, J.G. Caporaso, R. Knight, and N. Fierer. 2010. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil. *ISME J.* 4:1340-1351.
- SAS Institute. 2006. SAS Version 9.1.3. SAS Inst., Cary, NC.
- Schutter, M.E. and R.P. Dick. 2000. Comparison of fatty acid methyl ester (FAME) methods for characterizing microbial communities. *Soil Sci. Soc. Am. J.* 64:1659-1668.
- Yang, S.K., M.K. Kim, Y.W. Seo, K.J. Choi, S.T. Lee, Y.S. Kwak, and Y.H. Lee. 2012. Soil microbial community analysis of between no-till and tillage in a controlled horticultural field. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 28:1797-1801.
- Zelles, L. 1997. Phospholipid fatty acid profiles in selected members of soil microbial communities. *Chemosphere* 35:275-294.