

## 경남지역 논 토양 유형에 따른 미생물 군집 변화

이영한<sup>†</sup> · 안병구<sup>1†</sup> · 이성태 · 신민아 · 김은석 · 송원두 · 손연규<sup>2\*</sup>

경상남도농업기술원, <sup>1</sup>전라북도농업기술원, <sup>2</sup>국립농업과학원

### Impacts of Soil Type on Microbial Community from Paddy Soils in Gyeongnam Province

Young-Han Lee<sup>†</sup>, Byung-Koo Ahn<sup>1†</sup>, Seong-Tae Lee, Min-A Shin, Eun-Seok Kim, Won-Doo Song, and Yeon Kyu Sonn<sup>2\*</sup>

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

<sup>1</sup>Jeollabuk-do Agricultural Research and Extension Services, Iksan 570-704, Korea

<sup>2</sup>National Academy of Agricultural Science, RDA, Suin-ro 150, Suwon, 441-707, Korea

This study evaluated the soil microbial communities by fatty acid methyl ester (FAME) method in soils (6 sites for immatured paddy, 9 sites for normal paddy, and 5 sites for sandy paddy) in Gyeongnam Province. The soil microbial biomass carbon content in normal and sandy paddy were 1,235 and 441 mg kg<sup>-1</sup>, respectively, showing the soil microbial biomass carbon content in normal paddy was higher than that in sandy paddy. The soil organic matter contents 33 g kg<sup>-1</sup> of immatured and normal paddy were higher than sandy paddy 18 g kg<sup>-1</sup> ( $p<0.05$ ). The communities of total bacteria and Gram-negative bacteria in normal paddy were significantly higher than those in sandy paddy ( $p<0.05$ ). Total bacteria communities should be considered as a potential responsible factor for the obvious microbial community differentiation.

**Key words:** Paddy, Microbial community, Soil type, FAME

## 서 언

토양은 미소동물들을 포함한 다양한 미생물들이 살고 있는 공간이다 (Lee and Kim, 2011; Lee and Yun, 2011). 토양에서 미생물들은 유기물을 분해하여 영양분을 얻고, 다당류 물질을 분비하여 토양을 입단구조로 변화 시키며 항생물질을 분비하여 유해한 미생물로부터 작물을 지켜준다 (Altieri, 2002; Waldrop et al., 2000; Wright et al., 1996). 이러한 토양 미생물의 다양성을 평가하고 유지하는 것은 친환경농업을 추진하기 위한 기본적인 요건이라 할 수 있다 (Lee et al., 2011a; Lee et al., 2011b). 최근 미생물의 다양성을 쉽게 분석하고 평가할 수 있는 방법으로 Fatty acid methyl ester (FAME) 방법이 주목받고 있다 (Kim and Lee, 2011; Lee and Ha, 2011; Lee and Zhang, 2011; Lee et al., 2011c; Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000).

경남지역 밭 토양 25개소의 미생물의 총 FAME 함량은

238 nmol g<sup>-1</sup>, 총 세균 함량은 73 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균 함량은 33 nmol g<sup>-1</sup>, 그람양성 세균 함량은 33 nmol g<sup>-1</sup>, 방선균 함량은 4.5 nmol g<sup>-1</sup>, 곰팡이 함량은 40 nmol g<sup>-1</sup>, 내생균균 함량은 6.8 nmol g<sup>-1</sup>이었으며 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율은 1.00이었고 곰팡이와 총 세균 함량의 비율은 0.58이었다 (Lee and Ha, 2011). 그리고 밭 토양의 미생물 군집은 세균이 30.3%, 그람음성 세균이 13.7%, 그람양성 세균이 13.8%, 방선균 1.9%, 곰팡이 17.4%, 내생균균 2.7%를 나타냈다 (Lee and Ha, 2011). 경남지역 과수원 토양 25개소의 총 FAME 함량은 332 nmol g<sup>-1</sup>, 총 세균 함량은 94 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균 함량은 46 nmol g<sup>-1</sup>, 그람양성 세균 함량은 42 nmol g<sup>-1</sup>, 방선균 함량은 4.8 nmol g<sup>-1</sup>, 곰팡이 54 nmol g<sup>-1</sup>, 내생균균 함량은 9.1 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율은 1.12이었고 곰팡이와 총 세균의 비율은 0.57이었다 (Lee and Lee, 2011). 또한, 과수원 토양의 미생물 군집은 세균 28.1%, 그람음성 세균 13.6%, 그람양성 세균 12.5%, 방선균 1.4%, 곰팡이 15.9%, 내생균균은 2.8%를 나타냈다 (Lee and Lee, 2011).

그러나 경남지역 논 토양에서 토양 유형에 따른 미생물 군집 변화에 대한 연구결과는 전무한 실정이다. 따라서 본

접수 : 2011. 11. 20 수리 : 2011. 12. 9

<sup>†</sup>공동 제1저자

\*연락처 : Phone: +82312900337

E-mail: sonnyk@korea.kr

연구는 경남지역 미숙답, 보통답, 사질답을 대상으로 FAME 분석을 통한 토양 미생물 군집을 검토하였으며 주성분분석에 의한 주요 변동요인을 해석하여 친환경 토양관리를 위한 기초 자료를 제공하고자 수행하였다.

## 재료 및 방법

**논 토양 지점 선정 및 시료채취 방법** 경남지역 논 토양 미생물 군집을 분석하기 위하여 2011년에 미숙답 6개소, 보통답 9개소, 사질답 5개소를 선정하였다. 토양은 비료를 사용하지 전인 3월부터 4월 사이에 표토를 0-15 cm 깊이에서 500 g 정도를 3반복으로 채취하였다.

**토양 시료조제 및 화학성분 분석방법** 채취한 토양은 실험실에서 7일간 풍건하여 2 mm 체를 통과된 것을 화학성분 분석에 사용하였다. 화학성분 분석은 농촌진흥청 농업과학기술원 토양 및 식물체 분석법 (NIAST, 2000)을 적용하여 분석하였다.

**토양 미생물 군집 분석** 미생물 군집 분석을 위해 채취한 토양은 -20°C에 2일간 보관하여 동결건조 한 후 미생물 군집 분석에 사용하였다. 미생물 군집은 개별적으로 미생물이 가지고 있는 고유 세포벽 지방산을 분석하는 FAME 방법을 이용하였다 (Schutter and Dick, 2000). 또한, 미생물의 정량은 internal standard 19:0을 이용하여 분석하였다. 미생물 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 이용하였다. 칼럼 온도는 170°C에서 270°C가 될 때 까지 분당 5°C씩 가온하였고 마지막 270°C에서 2분간 유지하였다. 분석된 미생물 세포벽 지방산은 MIDI software program package (MIDI, Inc., Newark, DE)을 이용하여 각각의 지방산에 대한 미생물 군집을 분석하였다 (Hamel et al., 2006). 총 세균은 i15:0, a15:0, 15:0, i16:0, 16:1ω9, 16:1ω7, i17:0, a17:0, 17:0, cy17:0, 18:1ω7c 및 cy19:0 함량을 합산하여 분석하였다 (Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000). 그

람음성 세균은 지방산 16:1ω7c, 18:1ω7c, cy17:0 및 cy19:0을 합산하였고 (Zelles, 1997) 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 (Balser et al., 2005; Frostegård et al., 1993; Olsson et al., 1998). 그리고 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율, 곰팡이와 총 세균의 비율을 구하였으며 cy17:0와 16:1ω7c 비율 및 cy19:0와 18:1ω7c 비율은 토양에서 미생물 스트레스 지표로 사용하였다 (Bossio and Scow, 1998).

**다변량 주성분 분석 및 통계분석** 분석된 미생물 특성은 SAS 프로그램 9.1.3 버전 (2006)을 사용하였다. 유형별 토양 미생물 특성과 화학성은 5% 수준에서 Tukey's studentized range test를 하였다. 또한, 토양 화학성분과 미생물 군집은 주성분 분석을 통하여 토양 유형에 따른 차이를 비교 검토하였다.

## 결과 및 고찰

**논 토양 미생물 함량 비교** 경남지역 논 토양의 유형별 미생물 함량을 FAME 방법으로 분석한 결과는 Table 1과 같다. 경남지역 논 토양 미생물 함량 평균값은 보통답에서 총 FAME 함량이 514 nmol g<sup>-1</sup>이었으며 총 세균 함량은 170 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균은 93 nmol g<sup>-1</sup>으로 사질답의 총 FAME 함량 333 nmol g<sup>-1</sup>, 총 세균 함량 98 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균 49 nmol g<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았다 (p < 0.05). 미숙답은 총 FAME 함량이 481 nmol g<sup>-1</sup>이었으며 총 세균 함량은 152 nmol g<sup>-1</sup>, 그람음성 세균은 74 nmol g<sup>-1</sup>으로 보통답 및 사질답과 유의적인 차이는 없었다. 그리고 그람양성 세균, 방선균, 곰팡이 및 내생균군군 함량은 토양 유형에 따른 차이가 없었다. 사질답에서 일반적으로 미생물 함량이 낮은 것은 Lee and Lee (2011)가 보고한 바와 같이 토양 유기물 함량이 낮은데 (Table 2) 기인된 것으로 판단되었다.

**Table 1. Microbial biomass in paddy soils as affected by soil type.**

Paddy field	TF <sup>†</sup>	B	G(-)	G(+)	A	F	AMF	G(-)/G(+)	F/B	SMBC	DHA	G	Sample
	----- nmol g <sup>-1</sup> -----								mg kg <sup>-1</sup>	μg TPF g <sup>-1</sup> 24h <sup>-1</sup>	mg g <sup>-1</sup>		
Immature	481ab <sup>‡</sup>	152ab	74ab	63a	6.2a	67a	7.1a	1.19b	0.46a	854ab	148a	0.88a	6
Normal	514a	170a	93a	62a	6.5a	73a	7.1a	1.52a	0.43a	1,235a	193a	0.86a	9
Sandy	333b	98b	49b	40a	3.3a	48a	4.2a	1.25ab	0.49a	441b	68a	0.57a	5

<sup>†</sup>TF, total FAMES; B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi; SMBC, soil microbial biomass carbon; DHA, dehydrogenase activity; G, glomalin.

<sup>‡</sup>Tukey's studentized range test at 5% level.

**Table 2. Chemical properties of affected soil type in paddy.**

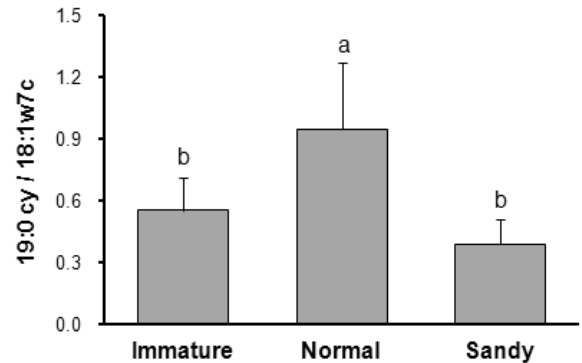
Paddy field	pH	EC	OM	Avail. P <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	Exch. Cation			Avail. SiO <sub>2</sub>	CEC	
					Ca	Mg	Na			
	(1:5)	dS m <sup>-1</sup>	g kg <sup>-1</sup>	mg kg <sup>-1</sup>	-----	cmol <sub>c</sub> kg <sup>-1</sup>	-----	mg kg <sup>-1</sup>	cmol <sub>c</sub> kg <sup>-1</sup>	
Immature	6.5a <sup>†</sup>	0.67a	33a	312a	0.54a	7.7a	1.8a	0.54a	248a	15.0a
Normal	6.3a	0.60a	33a	217a	0.38b	6.9a	1.7a	0.38b	170ab	14.5a
Sandy	6.3a	0.50a	18b	220a	0.23b	5.6a	1.2a	0.38b	109b	11.7b

<sup>†</sup>Tukey's studentized range test at 5% level.

보통답은 그람음성 세균과 그람양성 세균 비율이 1.52로 미숙답 1.19 보다 높았으며 ( $p < 0.05$ ) 사질답 1.25와는 차이가 없었다. 그람음성 세균은 토양 유기물 함량과 급격한 환경변화에 따라 급격하게 개체수가 감소하는 것으로 알려져 있다 (Kieft et al., 1997). 따라서 경남 논 토양에서 보통답은 미생물의 생육적응이 미숙답과 사질답에 비해 큰 것으로 판단되었다. 이러한 결과는 시설고추 재배지 0.75 (Lee et al., 2011), 논 초기 토양 1.0-1.3 (Kim and Lee), 밭 토양 0.98 (Lee and Ha, 2011), 과수원 토양 1.20 (Lee and Lee, 2011) 보다 높았다. 토양 미생물체량은 보통답이 1,235 mg kg<sup>-1</sup>으로 사질답 441 mg kg<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았으며 ( $p < 0.05$ ) 미숙답은 854 mg kg<sup>-1</sup>으로 유의적인 차이가 없었다. 탈수소효소 활성은 보통답이 193  $\mu$ g TPF g<sup>-1</sup> 24h<sup>-1</sup>, 미숙답 148  $\mu$ g TPF g<sup>-1</sup> 24h<sup>-1</sup>, 사질답 68  $\mu$ g TPF g<sup>-1</sup> 24h<sup>-1</sup> 순이었으나 유의적인 차이가 없었다. 또한, 토양 입단과 관련이 있는 글로말린 (Lee and Yun, 2011, Lee and Kim, 2011; Min et al., 2011; Wright et al., 1996) 함량은 미숙답이 0.88 mg g<sup>-1</sup>, 보통답이 0.86 mg g<sup>-1</sup>, 사질답이 0.57 mg g<sup>-1</sup>으로 토양 유형별로 유의적인 차이가 없었다.

**미생물 스트레스 지표** 토양 환경과 영양적인 스트레스 지표로 사용되는 cy19:0과 18:1w7c 비율은 Fig. 1과 같이 보통답에서 0.95로 미숙답 0.55와 사질답 0.39 보다 유의적으로 높았다 ( $p < 0.05$ ). 일반적으로 cy19:0과 18:1w7c 비율이 낮을수록 미생물이 받는 스트레스는 감소되는 것으로 알려져 있다 (Mechri et al., 2010). 이러한 경향은 산소 부족 등의 요인에 따라 cyclopropyl 지방산이 집적됨으로 세균의 스트레스가 증가되는 것으로 해석되었다 (Guckert et al., 1986; Grogan and Cronan, 1997).

**논 토양 화학성분** 경남지역 논 토양의 화학성분은 Table 2와 같다. 토양 유기물 함량은 미숙답과 보통답이 33 g kg<sup>-1</sup>으로 사질답의 18 g kg<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았다 ( $p < 0.05$ ). 또한, 토양 양이온 치환용량도 미숙답 15.0 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>, 보통답 14.5 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>으로 사질답 11.7 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 높았다 ( $p < 0.05$ ). 미숙답에서 치환성 K 함량은 0.54 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>, Na 함량이 0.54 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>으로 보통



**Fig. 1. Ratio of 19:0 cyclo to 18:1 w7c in paddy soils. Mean with the same letter are not significantly different with Tukey's studentized range test at 5% level. Bars represent one standard deviation of the mean.**

답과 사질답에 비해 유의적으로 많았으며 ( $p < 0.05$ ) 유효구산 함량도 248 mg kg<sup>-1</sup>으로 사질답 109 mg kg<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았다 ( $p < 0.05$ ).

**논 토양 미생물 군집 분석** 토양 미생물의 함량을 총 FAME 함량으로 나누어 미생물 군집을 분석한 결과는 Table 3과 같다. 논 토양 평균 미생물 군집은 보통답이 총 세균이 33.0%, 그람음성 세균은 18.1%로서 사질답의 총 세균 29.4%, 그람음성 세균 14.8% 그리고 미숙답의 그람음성 세균 15.4%에 비해 유의적으로 많았다 ( $p < 0.05$ ). 그람양성 세균, 방선균 및 내생균균 비율은 미숙답이 각각 13.0%, 1.24%, 1.42%로 사질답의 11.9%, 0.96%, 1.28% 보다 많았으나 유의적인 차이는 없었다. 곰팡이 비율은 사질답에서 14.4%로 미숙답 14.3%, 보통답 14.0% 보다 많았으나 유의적인 차이가 없었다.

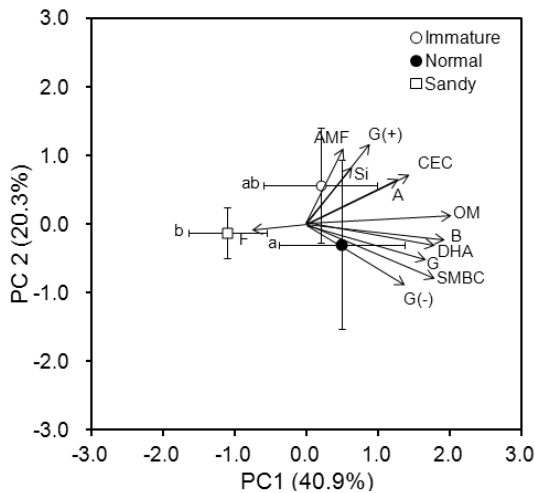
논 토양 유형별 미생물 군집과 토양 유기물 함량, 양이온 치환용량 및 유효구산 함량을 포함한 지형에 따른 주성분 분석결과는 Fig. 2와 같다. 주성분 분석은 토양 미생물 군집을 몇 가지의 성분으로 추출하여 설명하고 예측할 수 있다 (Lee and Kim, 2011; Lee and Yun, 2011; Lee et al., 2011c). 주성분 분석결과 제1주성분이 40.9%, 제2주성분이 20.3%로서 전체 61.2%의 자료를 설명할 수 있었다. 주성분 분석결과 보통답과 사질답은 PC1에서 유의적인 차이를 나타냈다

**Table 3. Microbial communities in paddy soils as affected by soil type.**

Paddy field	B <sup>†</sup>	G(-)	G(+)	A	F	AMF	Sample
	----- %, nmol -----						
Immature	31.4ab <sup>‡</sup>	15.4b	13.0a	1.24a	14.3a	1.42a	6
Normal	33.0a	18.1a	12.1a	1.24a	14.0a	1.39a	9
Sandy	29.4b	14.8b	11.9a	0.96a	14.4a	1.28a	5

<sup>†</sup>B, total bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; A, actinomycetes; F, fungi; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi.

<sup>‡</sup>Tukey's studentized range test at 5% level.



**Fig. 2. Principal component analysis between soil microbial communities and soil chemical properties.** 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. A, actinomycetes; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi; B, bacteria; CEC, cation exchange capacity; DHA, dehydrogenase activity; G, glomalin; G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; OM, soil organic matter; Si, soil available SiO<sub>2</sub>; SMBC, soil microbial biomass carbon. Mean with the same letter are not significantly different with Tukey's studentized range test at 5% level.

( $p < 0.05$ ). 제1주성분은 토양 유기물 함량 (1.96)이 가장 크게 기여하였으며 총 세균 (1.88), 탈수소효소 활성 (1.80), 미생물체량 (1.79), 글로말린 함량 (1.66), 양이온 치환용량 (1.46), 그람음성 세균 (1.40)과 방선균 (1.29) 비율 순으로 정의 기여를 하였으며 곰팡이 (-0.72)는 부의 기여를 하는 것으로 나타났다. 반면 제2주성분은 그람양성 세균 (1.16), 내생균근균 (1.10), 토양 유효규산 함량 (0.83) 순으로 정의 기여를 하였다.

### 요 약

경남지역 논 토양 미숙답 6개소, 보통답 9개소, 사질답 5개소를 대상으로 2011년에 미생물 세포벽 지방산 함량을 분

석하여 미생물 군집과 토양 화학성을 주성분분석으로 해석하였다. 토양 미생물체량은 보통답이 1,235 mg kg<sup>-1</sup>으로 사질답 441 mg kg<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았으며 ( $p < 0.05$ ) 미숙답은 854 mg kg<sup>-1</sup>으로 유의적인 차이가 없었다. 토양 유기물 함량은 미숙답과 보통답이 33 g kg<sup>-1</sup>으로 사질답의 18 g kg<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았다 ( $p < 0.05$ ). 미생물 군집은 보통답이 총 세균 33.0%, 그람음성 세균 18.1%로서 사질답의 총 세균 29.4%, 그람음성 세균 14.8% 그리고 미숙답의 그람음성 세균 15.4%에 비해 유의적으로 많았다 ( $p < 0.05$ ). 주성분 분석결과 토양 유기물 함량과 총 세균 군집 비율이 경남지역 논 토양의 보통답과 사질답의 특성을 구분할 수 있었다.

### 사 사

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업 (과제번호: PJ006906202011)의 지원에 의해 이루어진 것임.

### 인 용 문 헌

Altieri, M.A. 2002. Agroecology: The science of natural resource management for poor farmers in marginal environments. *Agric. Ecosyst. Environ.* 93:1-24.

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.

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.
- 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.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(3): 434-441.
- 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(3):423-433.
- Lee, Y.H. and S.K. Ha. 2011. Impacts of topography on microbial community from upland soils in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(3):485-491.
- Lee, Y.H. and S.T. Lee. 2011. Comparison of microbial community of orchard soils in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(3):492-497.
- Lee, Y.H. and Y.S. Zhang. 2011. Response of microbe to chemical properties from orchard soil in Gyeongnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(2):236-241.
- Lee, Y.H., B.K. Ahn, and Y.S. Kwak. 2011a. Impacts of organic farming system on the soil microbial ecology in no-till paddy. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(5):814-818.
- Lee, Y.H., Y.K. Sonn, B.K. Ahn, S.T. Lee, M.A. Shin, E.S. Kim, W.D. Song, and Y.S. Kwak. 2011b. Impacts of organic farming system on the soil microbial population in upland soil. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(5): 819-823.
- Lee, Y.S., J.H. Kang, K.J. Choi, S.T. Lee, E.S. Kim, W.D. Song, and Y.H. Lee. 2011c. Response of soil microbial communities to different cultivation systems in controlled horticultural land. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(1):118-126.
- 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.* 146:312-318.
- Min, S.G., S.S. Park, and Y.H. Lee. 2011. Comparison of soil microbial communities to different practice for strawberry cultivation in controlled horticultural land. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44(3):479-484.
- NIAST. 2000. Methods of analysis of soil and plant. National Institute of Agricultural Science and Technology, 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.
- 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.
- Waldrop, M.P., T.C. Balsler, and M.K. Firestone. 2000. Linking microbial community composition to function in a tropical soil. *Soil Biol. Biochem.* 32:1837-1846.
- Wright, S.F., M. Franke-Snyder, J.B. Morton, and A. Upadhyaya. 1996. Time-course study and partial characterization of a protein on hyphae of arbuscular mycorrhizal fungi during active colonization of roots. *Plant Soil* 181:193-203.
- Zelles, L. 1997. Phospholipid fatty acid profiles in selected members of soil microbial communities. *Chemosphere* 35:275-294.