

## 시설 딸기의 재배방법에 따른 토양 미생물군집 비교

민세규 · 박수선<sup>1</sup> · 이영한<sup>2\*</sup>

고성군농업기술센터, <sup>1</sup>농촌진흥청, <sup>2</sup>경남농업기술원

## Comparison of Soil Microbial Communities to Different Practice for Strawberry Cultivation in Controlled Horticultural Land

Se Gyu Min, Su-Seon Park<sup>1</sup>, and Young-Han Lee<sup>2\*</sup>

Goseong-Gun Agricultural Development Technology Center, Goseong 638-804, Korea

<sup>1</sup>Rural Development Administration, Suwon 441-707, Korea

<sup>2</sup>Gyeongsangnam-do Agricultural Research and Extension Services, Jinju 660-370, Korea

Fatty acid methyl ester (FAME) profiles were used to describe differences in soil microbial communities influenced by conventional farming system (CFS), conventional farming system without pesticides (CFSWP), and organic farming system (OFS) for strawberry cultivation in controlled horticultural land. In comparison to the CFS soils, the average soil microbial biomasses of in the OFS soils were approximately 1.2 times for total FAMEs (195 nmol g<sup>-1</sup>), 1.4 times for total bacteria (58 nmol g<sup>-1</sup>), 1.5 times for Gram-negative bacteria (27.3 nmol g<sup>-1</sup>), 1.2 times for Gram-positive bacteria (26.1 nmol g<sup>-1</sup>), and 1.5 times for actinomycetes (2.8 nmol g<sup>-1</sup>). The microbial communities of total bacteria ( $p<0.05$ ) and Gram-negative bacteria ( $p<0.05$ ) in the OFS and CFSWP soils were significantly higher larger than those in the CFS soils. However, fungal structure was significantly greater in CFS than in OFS and CFSWP ( $p<0.05$ ). In principal component analyses of soil microbial communities, our findings suggest that actinomycetes should be considered as potential factor responsible for the clear microbial community differentiation observed between OFS and CFS in controlled horticultural land.

**Key words:** Fatty acid methyl ester (FAME), Microbial community, Strawberry, Organic farming

### 서 언

시설 딸기는 생산액이 2008년 7,746억 원으로 우리나라 전체 채소 생산액의 10.7%를 차지하는 중요한 원예 작물이며 고추 (12,152억 원), 수박 (9,393억 원) 다음으로 농가의 중요한 소득원이다 (RDA, 2009). 딸기는 토양 염류에 약한 작물로서 반드시 토양 검정을 통한 추천시비량을 권장하고 있다 (NIAST, 2006). 그러나 시설 딸기 재배지는 과다 시비와 연작으로 인하여 유효인산 및 치환성 칼륨 등 염류의 집적이 심화되고 있으며 작물의 생육불량, 수량 감소와 토양의 미생물 생태계에도 부정적인 원인이 되고 있다 (Choi et al., 2010a, Choi et al., 2010b; NIAST, 2005; NIAST, 2009). 그러나 이러한 문제점에도 불구하고 재배방법에 따른 시설 딸기 토양 미생물 다양성에 대한 연구결과는 미

흡한 실정이다.

최근 토양 미생물의 군집은 미생물 세포벽의 지방산 조성을 분석하는 MIDI 기술이 많이 이용되고 있다 (Buyer and Drinkwater, 1997; Cavigelli et al., 1995; Fries et al., 1997; Ibekwe and Kennedy, 1998; Kim and Lee, 2011; Lee et al., 2011; Macalady et al., 1998). 특히 다량의 토양 시료를 비교적 간단하고 빠르게 분석할 수 있는 Fatty acid methyl ester (FAME) 방법을 사용하여 토양의 미생물 생체량 뿐만 아니라 미생물 군집을 쉽게 분석할 수 있다 (Frostegård and Bååth, 1996; Macalady et al., 1998; Schutter and Dick, 2000).

따라서 본 연구는 시설 딸기 유기재배, 무농약재배, 그리고 관행재배가 토양 미생물 생태계의 변화에 미치는 영향을 검토코자 수행하였다.

접수 : 2011. 5. 13 수리 : 2011. 6. 9

\*연락처 : Phone: +82557716413

E-mail: lyh2011@korea.kr

### 재료 및 방법

**시험포장 및 재배환경** 시설 딸기는 고성군 영오면 영산리 (35°06'N, 128°12'E) 행곡양토 (모래 25.7%, 미사 53.0%, 점토 21.3%)에서 실험품종으로 선정하여 수행하였다. 재배방법에 따른 시험구 처리는 유기재배, 무농약 및 관행재배 등 3수준으로 처리하여 3반복으로 수행하였다. 관행재배는 밀기울을 12 Mg ha<sup>-1</sup>, 유박 2.4 Mg ha<sup>-1</sup>, 깻묵 0.4 Mg ha<sup>-1</sup>, 막걸리 240 L ha<sup>-1</sup>와 탄저병 및 흰가루병 방제를 위해 피라클로스트로빈 유제 4,000배액을 3회 살포하였다. 무농약재배는 유박 3.6 Mg ha<sup>-1</sup>, 원예용비료 (N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O = 13-8-8%) 0.24 Mg ha<sup>-1</sup>, 막걸리 4,000 L ha<sup>-1</sup>, 천해녹즙 50 L ha<sup>-1</sup>, 유기재배는 계분퇴비 0.2 Mg ha<sup>-1</sup>, 벚짳 4 Mg ha<sup>-1</sup>, 쌀겨 4 Mg ha<sup>-1</sup>, 막걸리 600 L ha<sup>-1</sup>, 천해녹즙 60 L ha<sup>-1</sup>, 한방영양제 30 L ha<sup>-1</sup>를 사용하였다. 딸기 작물은 20 cm × 120 cm의 재식거리로 2010년 9월 10일 정식하여 2011년 4월 30일까지 재배하였다. 사용된 농자재의 T-N, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>, K<sub>2</sub>O 성분량은 쌀겨가 2.24%, 1.75%, 1.78% 이었으며 밀기울은 2.20%, 0.62%, 1.04%, 막걸리는 0.39%, 0.08%, 0.04%, 유박은 4.0%, 1%, 2%, 천해녹즙은 0.03%, 0.02%, 0.24%, 한방영양제는 0.16%, 0.03%, 0.06%, 계분퇴비는 3.42%, 1.02%, 1.35%, 깻묵은 5.0%, 1.1%, 1.0%, 벚짳은 0.62%, 0.18%, 1.55%였다.

**토양 화학성** 토양 미생물 군집 변화를 비교하기 위해 수확기인 4월 30일에 채취한 시험포장의 토양 화학성은 pH 6.4-6.8의 범위였고 염류농도는 0.33-2.24 dS m<sup>-1</sup>였으며 토양 유기물은 26-31 g kg<sup>-1</sup>를 나타냈다. 특히 토양 염류농도는 무농약재배가 2.24 dS m<sup>-1</sup>로 높았으며 관행재배는 1.25 dS m<sup>-1</sup>, 유기재배는 0.33 dS m<sup>-1</sup>를 나타냈고 유기물 함량은 유기재배와 무농약재배가 31 g kg<sup>-1</sup>이었으며 관행재배는 26 g kg<sup>-1</sup>으로 낮았다. 유효인산 함량은 391-640 mg kg<sup>-1</sup>의 범위였으며 질산태질소 함량은 10-93 mg kg<sup>-1</sup>를 보였다. 치환성 칼륨은 0.33-0.63 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>, 치환성 칼슘은 8.0-11.2 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>, 치환성 마그네슘은 1.8-2.3 cmol<sub>c</sub> kg<sup>-1</sup>의 범위를 나타낸 전형적인 시설 딸기 재배지 토양의 특성을 나타냈다 (Table 1).

**토양 미생물 군집 분석** 시설 딸기 수확기에 재배방법이 토양 미생물 군집에 미치는 영향을 검토하기 위해 4월 30일에 토양을 채취하였다. 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 때까지 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; Pankhurst et al., 2002). 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). 그람 음성 세균은 지방산 16:1ω7c, 18:1ω7c, cy17:0 및 cy19:0을 합산하였고 (Zelles, 1997) 그람 양성 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 그람 음성 세균과 그람 양성 세균의 비율, 곰팡이와 총 세균의 비율, cy19:0와 18:1ω7c 비율 및 불포화 지방산 (MUFA)과 포화 지방산 (SFA) 비율은 토양에서 미생물 스트레스 지표로 사용하였다 (Bossio and Scow, 1998; Grogan and Cronan, 1997; Guckert et al., 1986; Kieft et al., 1997).

**다변량 주성분 분석 및 통계분석** 분석된 토양 화학성은 SAS 프로그램 9.1.3 버전 (2006)을 사용하였다. 토양 미생물 총량과 미생물 군집은 5% 수준에서 LSD 검정을

**Table 1. Comparison of chemical properties in soils affect by different cultivation systems under greenhouse at harvesting stage.**

Treatment <sup>†</sup>	pH	EC	OM	Avail. P <sub>2</sub> O <sub>5</sub>	Exch. Cation			NO <sub>3</sub> -N
					K	Ca	Mg	
	(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>
CFS	6.4	1.25	26	448	0.39	8.7	1.8	20
CFSWP	6.7	2.24	31	391	0.63	11.2	2.3	93
OFS	6.8	0.33	31	640	0.33	8.0	1.8	10
LSD ( <i>p</i> <0.05)	0.42	0.715	2.8	128.6	0.329	0.55	0.17	38.1

<sup>†</sup>CFS, conventional farming system; CFSWP, conventional farming system without pesticides; OFS, organic farming system.

하였고 각각의 미생물 군집은 총 지방산 함량에 대한 %로 변경하여 주성분 분석에 사용하였다.

### 결과 및 고찰

**토양 미생물 함량** 시설 딸기 재배방법에 따른 토양 미생물 함량을 FAME 방법으로 분석한 결과는 Table 2와 같다. 토양 총 FAME 함량은 유기재배가 195 nmol g<sup>-1</sup>, 무농약재배는 186 nmol g<sup>-1</sup>이었으며 관행재배는 160 nmol g<sup>-1</sup>으로 유의적인 차이를 나타냈다 ( $p < 0.05$ ). 이러한 결과는 Lee et al. (2011)이 시설 고추 재배지에서 유기재배가 관행재배보다 총 FAME 함량이 높다고 보고한 결과와 일치하였다. 그람음성 세균 함량은 유기재배가 27.3 nmol g<sup>-1</sup>, 무농약재배 26.9 nmol g<sup>-1</sup>으로 관행재배 17.9 nmol g<sup>-1</sup>에 비해 1.5배 높았다 ( $p < 0.05$ ). 그람양성 세균 함량은 유기재배가 26.1 nmol g<sup>-1</sup>으로 관행재배 21.4 nmol g<sup>-1</sup>에 비해 1.2배 높아 유의적인 차이가 있었으나 ( $p < 0.05$ ) 무농약재배는 22.7 nmol g<sup>-1</sup>으로 관행재배와 차이가 없었다. 따라서 총 세균 함량도 유기재배가 58 nmol g<sup>-1</sup>으로 가장 많았고 무농약재배는 54 nmol g<sup>-1</sup>였으며 관행재배는 42 nmol g<sup>-1</sup>으로 가장 적었다 ( $p < 0.05$ ). 이러한 결과는 Zhang et al. (2010)이 보고한 바

와 같이 관행재배는 합성농약을 사용하기 때문에 총 세균의 함량이 낮아진 것으로 판단되었다. 방선균 함량은 그람양성 세균 함량과 유사한 결과로 유기재배가 2.8 nmol g<sup>-1</sup>으로 관행재배 1.9 nmol g<sup>-1</sup>에 비해 1.5배 높아 유의적인 차이가 있었으나 ( $p < 0.05$ ) 무농약재배는 2.1 nmol g<sup>-1</sup>으로 관행재배와 차이가 없었다. 곰팡이 함량은 무농약재배가 30.7 nmol g<sup>-1</sup>, 관행재배 29.2 nmol g<sup>-1</sup> 및 유기재배 26.2 nmol g<sup>-1</sup> 순이었으나 유의적인 차이는 없었다. 내생균근균 함량은 유기재배가 3.9 nmol g<sup>-1</sup>, 관행재배는 3.7 nmol g<sup>-1</sup>으로 무농약재배 3.0 nmol g<sup>-1</sup> 보다 유의적으로 많았다 ( $p < 0.05$ ).

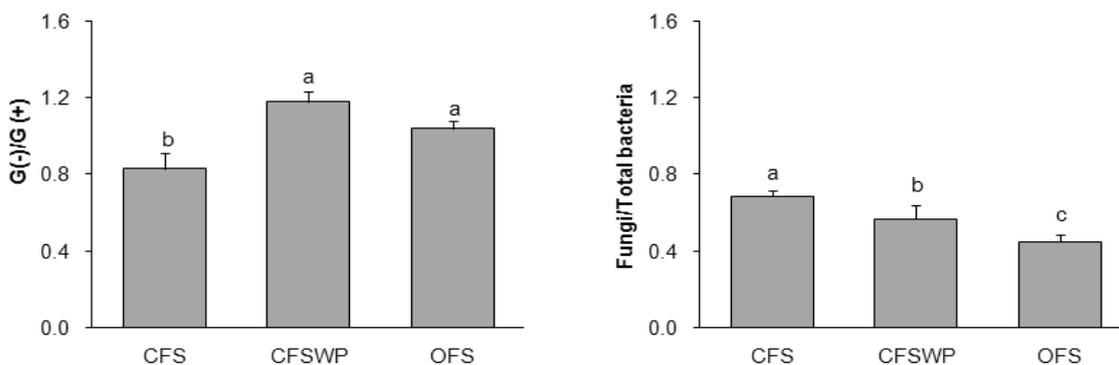
**토양 미생물 스트레스 지표** 토양의 그람음성 세균과 그람양성 세균의 비율은 무농약재배가 1.18로 가장 높았으며 유기재배는 1.04로 관행재배 0.83에 비해 유의적으로 높았다 (Fig. 1). 그람음성 세균은 토양의 탄소함량이 부족할 경우 매우 민감하게 반응하여 개체수가 감소한다 (Guckert et al., 1986; Kieft et al., 1997). 따라서 이러한 결과는 Table 1과 같이 관행재배에서 토양의 유기물 함량이 낮아진 데 기인된 것으로 판단되었다 (Kim and Lee, 2011). 곰팡이와 총 세균의 비율은 관행재배가 0.69, 무농약재배는 0.57 그리고 유기재배는 0.45로서 모든 처리간에 유의적

**Table 2. Soil microbial biomass in different cultivation systems in controlled horticultural land.**

Soil microbial biomass	CFS <sup>†</sup>	CFSWP	OFS	LSD ( $p < 0.05$ )
	----- nmol g <sup>-1</sup> -----			
Total FAMES	160 ± 15.0 <sup>‡</sup>	186 ± 11.1	195 ± 17.4	29.4
Total bacteria	42 ± 5.9	54 ± 2.9	58 ± 4.5	9.2
Gram-negative bacteria	17.9 ± 3.58	26.9 ± 2.07	27.3 ± 2.79	5.75
Gram-positive bacteria	21.4 ± 2.09	22.7 ± 0.76	26.1 ± 1.60	3.16
Actinomycetes	1.9 ± 0.21	2.1 ± 0.20	2.8 ± 0.06	0.34
Fungi	29.2 ± 4.16	30.7 ± 4.17	26.2 ± 4.49	NS
Arbuscular mycorrhizal fungi	3.7 ± 0.36	3.0 ± 0.26	3.9 ± 0.17	0.55

<sup>†</sup>CFS, conventional farming system; CFSWP, conventional farming system without pesticides; OFS, organic farming system.

<sup>‡</sup>Standard deviation of the mean.



**Fig. 1. Ratios of Gram-negative bacteria to Gram-positive bacteria and fungi to total bacteria in controlled horticultural soils. G(-), Gram-negative bacteria; G(+), Gram-positive bacteria; CFS, conventional farming system; CFSWP, conventional farming system without pesticides; OFS, organic farming system. Different letters indicate significantly different values ( $p < 0.05$ ). Bars represent one standard deviation of the mean.**

인 차이가 있었다 ( $p < 0.05$ ). 이러한 결과는 Table 2와 같이 곰팡이의 영향 보다 총 세균의 영향이 크게 작용한 것으로 생각된다.

토양 환경과 영양적인 스트레스 지표로 사용되는 cy19:0과 18:1 $\omega$ 7c 비율은 상대적으로 토양 염류가 높은 무농약재배에서 1.27로 높게 나타나 유의적인 차이가 있었으나 ( $p < 0.05$ ) 유기재배 0.97과 관행재배 0.84는 유의적인 차이는 없었다 (Fig. 2). 반면에 영양적인 스트레스 지표로 사용되는 불포화지방산과 포화지방산 함량의 비율은 관행재배가 0.63, 유기재배는 0.59로서 무농약재배 0.56 보다 높게 나타났다. 따라서 무농약재배는 토양 염류농도의 증가로 인하여 미생물의 스트레스가 유기재배와 관행재배에 비해 증가되는 것을 알 수 있었다 (Bossio and Scow, 1998; Grogan and Cronan, 1997; Guckert et al., 1986; Kieft et al., 1997). 따라서 미생물의 다양성을 유지하고 스트레스를 경감시킬 수 있는 방법은 토양 양분을 적정수준으로 관리하는 것이 무엇보다 중요한 것으로 판단된다. 향후 이러한 관점에서 작물별 토양 양분과 미생물 스트레스 지표와의 관계를 분석하여 적정시비 수준을 검토할 필요가 있을 것이다.

#### 토양 미생물 군집 비교 토양 미생물 함량을 전체

FAME 함량으로 나누어 % 단위로 미생물 군집을 분석한 결과는 Table 3과 같다. 그람음성 세균은 무농약재배가 14.5%, 유기재배는 14.0%로 관행재배의 11.1% 보다 유의적으로 높았다 ( $p < 0.05$ ). 반면에 그람양성 세균은 관행재배와 유기재배가 13.4%, 무농약재배는 12.2%를 나타냈다 ( $p < 0.05$ ). 이러한 경향은 유기물의 공급으로 그람양성 세균 보다 그람음성 세균의 증가 속도가 빠르게 나타나기 때문인 것으로 판단된다 (Kim and Lee, 2011). 방선균의 군집은 유기재배에서 1.5%로 관행재배와 무농약재배의 1.2% 보다 높았으며 ( $p < 0.05$ ) 곰팡이의 군집은 관행재배가 18.2%로 무농약재배 16.5%와 유기재배 13.4% 보다 높았다 ( $p < 0.05$ ). 그리고 내생균근균의 군집도 관행재배가 2.3%로 유기재배 2.0%, 무농약재배 1.6% 보다 유의적으로 높게 나타났다 ( $p < 0.05$ ).

토양 미생물 군집의 차이를 비교하기 위하여 개별적인 미생물 분포비율을 주성분 분석에 사용하였다 (Drenovsky et al., 2004; Steenwerth et al., 2003). 주성분 PC1은 미생물 군집의 50.9%를 설명할 수 있었고 주성분 PC2는 미생물 군집의 30.5%를 설명하여 전체 81.4%를 설명할 수 있었다 (Fig. 3). PC 1에서 유기재배와 무농약재배는 양의 값을 보인 반면 관행재배는 음의 값을 보였다. 유기재배, 무농약재배 및 관행재배는 PC1 뿐만 아니라 PC2에서 유

Table 3. Soil microbial community in different cultivation systems in controlled horticultural land.

Soil microbial community	CFS <sup>†</sup>	CFSWP	OFS	LSD ( $p < 0.05$ )
	%			
Total bacteria	26.4 $\pm$ 1.16 <sup>‡</sup>	28.9 $\pm$ 1.08	29.8 $\pm$ 0.48	1.91
Gram-negative bacteria	11.1 $\pm$ 1.14	14.5 $\pm$ 0.69	14.0 $\pm$ 0.22	1.56
Gram-positive bacteria	13.4 $\pm$ 0.06	12.2 $\pm$ 0.04	13.4 $\pm$ 0.12	0.66
Actinomycetes	1.2 $\pm$ 0.02	1.2 $\pm$ 0.04	1.5 $\pm$ 0.12	0.15
Fungi	18.2 $\pm$ 0.98	16.5 $\pm$ 1.44	13.4 $\pm$ 1.08	2.36
Arbuscular mycorrhizal fungi	2.3 $\pm$ 0.19	1.6 $\pm$ 0.23	2.0 $\pm$ 0.09	0.36

<sup>†</sup>CFS, conventional farming system; CFSWP, conventional farming system without pesticides; OFS, organic farming system.

<sup>‡</sup>Standard deviation of the mean.

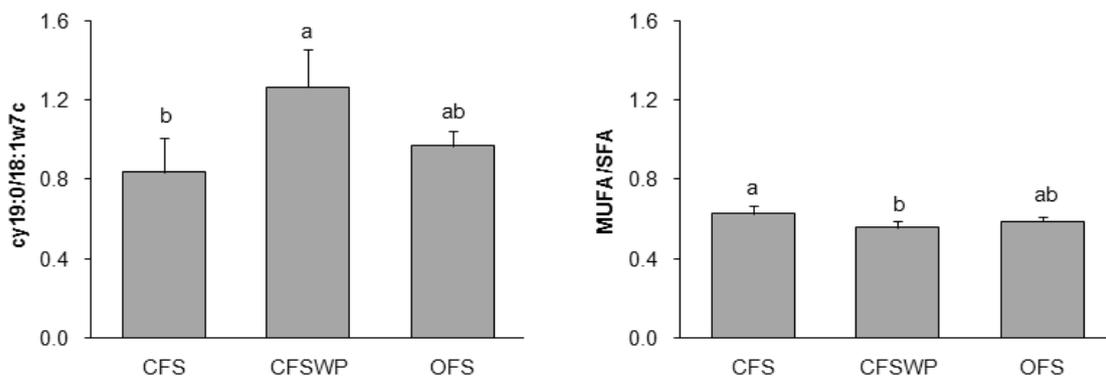
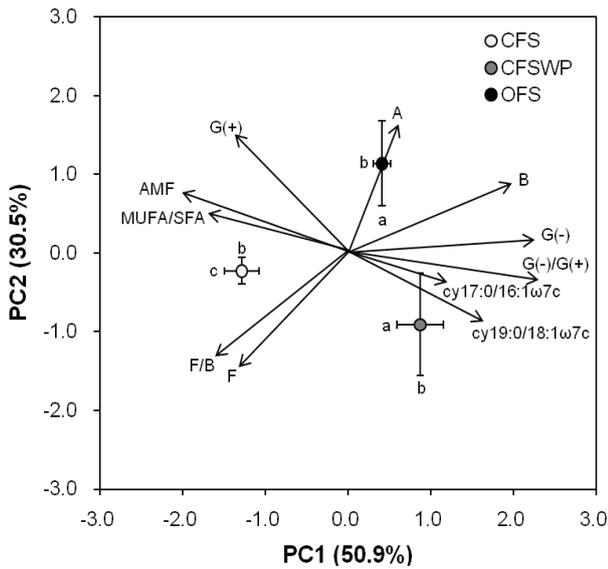


Fig. 2. Ratios of cy19:0 to 18:1 $\omega$ 7c and monounsaturated fatty acids (MUFA) to saturated fatty acids (SFA) in controlled horticultural soils. CFS, conventional farming system; CFSWP, conventional farming system without pesticides; OFS, organic farming system. Different letters indicate significantly different values ( $p < 0.05$ ). Bars represent one standard deviation of the mean.



**Fig. 3. Principal component analysis of soil microbial communities in different cultivation systems in different cultivation systems in controlled horticultural land.** CFS, conventional farming system; CFSWP, conventional farming system without pesticides; OFS, organic farming system. Different letters indicate significantly different values ( $p < 0.05$ ). Bars represent one standard deviation of the mean. Principal component analysis showing loading values of individual microbial biomarkers. A, atinyomycetes; AMF, arbuscular mycorrhizal fungi; B, total bacteria; F, fungi; G(+), Gram-positive bacteria; G(-), Gram-negative bacteria; MUFA, monounsaturated fatty acids; SFA, saturated fatty acids.

의적인 차이를 보였다 ( $p < 0.05$ ). 주성분 분석에서 그람 음성 세균과 그람양성 세균의 비율이 PC1에 가장 큰 영향을 미친 것으로 나타났으며 유기재배는 방선균의 영향을 가장 많이 받는 것으로 나타났다.

이상의 결과 FAME 분석방법을 적용하여 시설 딸기 유기재배, 무농약재배와 관행재배의 토양 미생물 다양성에 대한 차이점을 구분할 수 있었다. 이와 같이 앞으로 다양한 환경의 토양에 FAME 분석기술을 적용할 수 있을 것으로 판단되며 토양 물리적인 특성과 화학적인 특성을 접목하여 다양한 분석을 도출할 수 있을 것으로 기대된다.

## 요 약

시설 딸기 유기재배, 무농약재배 그리고 관행재배 방법이 토양 미생물 생태계의 변화에 미치는 영향을 FAME 분석으로 검토하였다. 유기재배는 관행재배에 비해 총 FAME 함량은 1.2배, 총 세균 함량은 1.4배, 그람양성 세균은 1.5배, 그람양성 세균은 1.2배, 방선균 함량은 1.5배 높았다 ( $p < 0.05$ ). 미생물 군집은 유기재배와 무농약재배가 관행재배에 비해

총 세균 및 그람양성 세균의 군집비율이 높은 반면, 곰팡이 군집비율은 낮았다 ( $p < 0.05$ ). 주성분 분석결과 주성분 PC1은 50.9%, 주성분 PC2는 30.5%로 관행재배, 무농약재배 및 관행재배의 미생물 군집에 대한 유의적인 차이를 보였으며 방선균 군집비율은 유기재배에 대한 지표로서 나타났다. 무농약재배는 토양 염류가 높아 cy19:0과 18:1ω7c 비율은 1.27로 높았으며 불포화지방산과 포화지방산의 비율은 0.56로 낮게 나타났다 ( $p < 0.05$ ). 따라서 미생물의 다양성을 유지하고 스트레스를 경감시킬 수 있는 방법으로 토양 양분을 적정수준으로 관리하는 것이 무엇보다 중요한 것으로 판단되었다.

## 사 사

본 연구는 농촌진흥청 공동연구사업 (과제번호: PJ006906202011)과 농촌진흥청 전문지도사 연수지원 사업에 의해 이루어진 것임.

## 인 용 문 헌

- 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.
- Buyer, J.S. and L.E. Drinkwater. 1997. Comparison of substrate utilization assay and fatty acid analysis of soil microbial communities. *J. Microbiol. Meth.* 30:3-11.
- Cavigelli, M.A., G.P. Robertson, and M.J. Klug. 1995. Fatty acid methyl ester (FAME) profiles as measures of soil microbial community structure. *Plant Soil* 170:99-113.
- Choi, M.T., J.I. Lee, Y.U. Yun, J.E. Lee, B.C. Lee, E.S. Yang, and Y.H. Lee. 2010a. Characteristics of fertility on strawberry cultivated soil of plastic film house in Chungnam Province in Korea. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 43:160-165.
- Choi, M.T., J.I. Lee, Y.U. Yun, J.E. Lee, B.C. Lee, E.S. Yang, and Y.H. Lee. 2010b. Relationship between fertilizer application level and soil chemical properties for strawberry cultivation under greenhouse in Chungnam Province. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 43:153-159.

- Drenovsky, R.E., D. Vo, K.J. Graham, and K.M. Scow. 2004. Soil water content and organic carbon availability are major determinants of soil microbial community composition. *Microb. Ecol.* 48:424-430.
- Fries, M.R., G.D. Hopkins, P.L. McCarty, L.J. Forney, and J.M. Tiedje. 1997. Microbial succession during a field evaluation of phenol and toluene as the primary substrates for trichloroethene cometabolism. *Appl. Environ. Microbiol.* 63:1515-1522.
- Frostegård, Å. and E. Bååth. 1996. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. *Biol. Fertil. Soils* 22:59-65.
- 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.
- Ibekwe, A.M. and A.C. Kennedy. 1998. Fatty acid methyl ester (FAME) profiles as a tool to investigate community structure of two agricultural soils. *Plant Soil* 206:151-161.
- 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.S., J.H. Kang, K.J. Choi, S.T. Lee, E.S. Kim, W.D. Song, and Y.H. Lee. 2011. Response of soil microbial communities to different cultivation systems in controlled horticultural land. *Korean J. Soil Sci. Fert.* 44:118-126.
- 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.
- NIAS (National Institute of Agricultural Science and Technology). 2005. Annual report of the monitoring project on agro-environmental quality in 2004. RDA, Suwon, Korea.
- NIAS (National Institute of Agricultural Science and Technology). 2006. Fertilizer recommendation for crops. RDA, 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.
- Pankhurst, C.E., A. Pierret, B.G. Hawke, and J.M. Kirby. 2002. Microbiological and chemical properties of soil associated with macropores at different depths in a red-duplex soil in NSW Australia. *Plant soil* 238:11-20.
- RDA (Rural development administration). 2009. Farming textbook of Strawberry. RDA, Suwon, Korea.
- SAS. 2006. SAS enterprise guide Version 4.1. 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.
- Steenwerth, K.L., L.E. Jackson, F.J. Calderon, M.R. Stromberg, and K.M. Scow. 2003. Soil microbial community composition and land use history in cultivated and grassland ecosystems of coastal California. *Soil. Biol. Biochem.* 35:489-500.
- Zelles, L. 1997. Phospholipid fatty acid profiles in selected members of soil microbial communities. *Chemosphere* 35:275-294.
- Zhang, C., X. Liu, F. Dong, J. Xu, Y. Zheng, and J. Li. 2010. Soil microbial communities response to herbicide 2,4-dichlorophenoxyacetic acid butyl ester. *Eur. J. Soil Biol.* 46:175-180.