



상승온도에 의한 담수토양의 미생물상 및 화학성 변화

어진우, 흥성창*, 김명현, 최순군, 김민경, 정구복, 소규호

국립농업과학원 농업환경부 기후변화생태과

Responses of Soil Chemical Properties and Microbiota to Elevated Temperature under Flooded Conditions

Jinu Eo, Seung-Chang Hong*, Myung-Hyun Kim, Soon-Kun Choi, Min-Kyeong Kim, Goo-Bok Jung and Kyu-Ho So (Climate Change & Agroecology Division, Department of Agricultural Environment, National Institute of Agricultural Sciences, Wanju 55365, Korea)

Received: 26 November 2015 / Revised: 29 February 2016 / Accepted: 14 March 2016

Copyright © 2016 The Korean Society of Environmental Agriculture

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted non-commercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

ORCID

Jinu Eo

<http://orcid.org/0000-0003-3577-9942>

Seung-Chang Hong

<http://orcid.org/0000-0002-9042-1284>

Abstract

BACKGROUND: Our study aims to investigate the impact of temperature on the abundance and structure of soil microbial community in a temperature gradient tunnel.

METHODS AND RESULTS: To investigate the interaction between temperature and input of C and N, rice straw and urea were applied to the study plots, respectively. We also studied the impact of plants by comparing plots cultivated with rice and unplanted plots. Soil microbial response was measured using the phospholipid fatty acid (PLFA) analysis. Soil chemical properties, including pH and ammonia and phosphate concentrations were influenced by warming and material addition. Microbial PLFA was partially influenced by material inputs, and actinomycetes PLFA was decreased by warming. In cultivated rice plots, an increase in the carbon to nitrogen ratio illustrated the effect of plant on microbiota caused by carbon addition through the root residues. Results from the principal component analysis of PLFA data showed that warmed and control plots applied with rice straw could be separated by principal component analysis.

CONCLUSION: Our results suggest that plant influence both the microbial community structure and abundance, and temperature change has a minimal impact on soil microorganisms in flooded soil.

Key words: Plant, PLFA, Rice husk, Urea

서 론

기후변화에 따른 온도상승은 직·간접적으로 토양의 이화학성을 변화시키며, 유기물 분해와 질소 무기화 등의 작용을 통하여 탄소 및 질소를 포함하는 물질순환에 영향을 준다. 온도증가는 유기물을 분해하는 미생물의 활동을 촉진시켜 탄소의 소모를 증가시키거나, 미생물의 체내에 고정되는 질소의 양을 증가시켜, 식물이 이용할 수 있는 질소의 공급원을 제한하여 식물의 생장을 억제할 수 있다(Burger and Jackson, 2003). 토양의 온도는 기온 외에도 환경요소의 조건에 따라 변화하는 양상이 다르며(Zheng *et al.*, 1993; Jungqvist *et al.*, 2014), 식생이나 지리적 특성에 따라 반응이 달라진다(Rustad *et al.*, 2001; Jimenez *et al.*, 2007; Schuering *et al.*, 2014). 토양생태계에 대한 상승온도 효과를 연구하기 위해 다양한 인공시설이 이용되고 있으며, 온도구배터널(Temperature gradient tunnel)은 다양한 온도조건을 효율적으로 조성할 수 있는 장점이 있다(Aranjuelo *et al.*, 2005).

농업생태계 중 논은 벼의 재배기간 중 상당기간 담수되어

*Corresponding author: Seung-Chang Hong
Phone: +82-63-238-2501; Fax: +82-63-238-3823;
E-mail: schong@rda.go.kr

협기상태로 되기 때문에 호기상태인 밭의 토양과 이화학성이 다르다. 담수를 하면 유기물 분해가 느려져 가용성 질소의 양이 줄어들며, 토양표면의 탄소량이 많아지기도 한다(Pan *et al.*, 2003). 미생물상은 산소농도에 영향을 받으며(Noll *et al.*, 2005), 담수기에는 협기성 조건이 형성되기 때문에 수확 후 낙수기의 토양생물 군집은 담수기와 다르다(Nakamura *et al.*, 2003). 논은 환원상태에서 질산환원균, 철환원균, 황환원균, 메탄생성균이 증가할 수 있다(Achtnich *et al.*, 1995).

또한, 토양미생물은 유기물 분해를 통해 이산화탄소를 배출함으로써 기온에 대한 상승적인 피드백 작용을 한다(Davidson and Janssens, 2006). 온도가 상승하면 식물의 광합성물이 증가하여 뿌리잔자와 근권분비물을 증가시키기 때문에 주변 미생물의 활동을 촉진시킬 수 있다. 또한, 온도는 미생물의 밀도뿐만 아니라 군집구성에 영향을 미치기 때문에(Deslippe *et al.*, 2012; Zhang *et al.*, 2013), 식물의 대사활동에 간접적으로 영향을 미친다.

본 연구는 담수토양에서 상승온도가 식물이나 탄소 및 질소 투입과의 작용에 의해 토양의 미생물과 환경에 미치는 영향을 밝히는 것을 목표로 하였다. 미생물 밀도 및 군집 변화는 인지질지방산(Phospholipid fatty acid, PLFA)을 분석하여 조사하였다. PLFA 분석은 미생물군별 양적변화를 알아보는데 유용하며, 다양한 환경스트레스의 지표로 활용할 수 있는 장점이 있다(Kaur *et al.*, 2005). 온도변화는 농업생태계에서 작물생장과 밀접한 관계가 있기 때문에, 벼를 재배하여 식물의 영향을 검토하였다. 또한, 탄소와 질소의 투입 효과를 알아보기 위하여 벗꽃과 요소를 투입하여 온도변화와의 상호작용을 알아보고자 하였다.

재료 및 방법

온도구배터널

본 시험은 전라북도 완주군 이서면(E 127°02'25.3" N 35°49'36.1")에 위치한 실험포장에서 실시하였다. 온도구배터널의 전체구조는 길이 25 m, 폭 2.5 m, 높이 3.5 m로 이루어졌고, 4개의 구획으로 나누어졌다(T1~T4, 각 길이 6.3 m). 각 구획 사이에 송풍시설을 설치하여 외부공기가 T1으로 들어와서 T4로 빠져나가게 했다. 온도는 T1에서 T4쪽으로 갈수록 높아졌으며, 실험은 T1과 T3을 대조구와 상승온도처리 구로 각각 설정하여 진행하였다. 기온은 지상부 50 cm 부근에 센서를 설치하여 측정하였고, 토양온도는 10 cm 깊이로 센서를 매설하여 측정하였다. 실험기간 중 온도변화는 매시간 자동으로 측정하여 일평균 값으로 나타내었다.

처리방법

실험은 2014년 6월 12일에 시작하여 약 52일간 수행하였다. 와그너포트(1/5000 a)에 양질사토를 채운 후 탄소와 질소의 투입효과를 알아보기 위하여 생벗꽃(5 t/ha)과 요소(150 N kg/ha)를 토양에 혼합하여 무처리구와 비교하였다.

식물의 영향을 알아보기 위하여 벼(*Oryza sativa* cv. Dongjin)를 재배하여 식물이 없는 처리구와 비교하였으며, 각 처리구별로 난괴법 3반복으로 수행하였다. 토양의 관리는 점적관수를 이용하여 담수조건을 유지하였다.

토양 및 식물체 분석

토양과 식물의 조사는 2014년 8월 3일에 실시하였다. 토양은 표면에서 5~15 cm 깊이의 시료를 채취하여 미생물과 화학성 분석에 이용하였고, 벼는 지상부를 수거하여 건물중을 조사하였다. 토양의 화학성 분석은 RDA(2002)에 따라 실시하였다. 토양의 pH는 토양과 중류수의 비율을 1:5로 하여 그 혼탁액을 초자전극법으로 측정하였다. 유효인산은 Acetate-lactate buffer로 추출하였고, 암모니아테 질소는 2M KCl로 추출 후 SmartChem autoanalyzer(Westco, Italy)를 이용하여 제조사의 방법에 따라 발색법으로 측정하였다. 토양 C/N을 분석은 Vario MX CN(Elimantar Analysen systeme, Hanau, Germany)을 이용하여 수행하였다.

미생물 PLFA 분석

온도가 토양미생물에 미치는 영향을 알아보기 위해 Li *et al.* (2006)의 방법에 따라 인지질지방산(PLFA)을 분석하였다. 냉동건조한 토양시료 5 g에 chloroform(4 mL), methanol (8 mL), buffer solution(3.2 mL, pH 7.4)을 혼합하여 지질을 추출한 후 silicic acid column으로 neutral-, glyco- 및 phospho-lipid로 분리하였다. 수집한 phospholipid는 mild alkaline methanolysis에 의해 fatty acid methyl esters로 transesterification 하였다. 시료에 같이 첨가한 19:0 지방산을 표준으로 하여, MIDI Sherlock Microbial Identification System(MIDI Inc., Newark, DE)으로 지방산을 정성 및 정량을 하였다. 단불포화 지방산은 16:1 ω5c, 17:1 ω8c, 18:1 ω7c, 포화지방산은 14:00, 15:00, 16:00, 17:00, 18:00, 20:00을 지표지방산으로 사용하였다. 그램 음성균의 지표 지방산은 18:1 ω7c, 19:0cy ω8c, 17:1 ω8c, 그램양성균은 i14:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, a17:0을 이용하였고, 세균은 그램 음성균과 양성균의 합계로 하였다. 곰팡이는 18:2 ω6,9c, 방선균은 10Me16:0, 10Me17:0, TBSA10Me18:0을 이용하였다.

통계분석

온도와 벼재배가 미생물 PLFA에 미치는 효과를 분석하기 위해 t-test를 실시하였다. 또한, 동일한 온도 및 벼재배 조건에서 벗꽃이나 요소를 투입한 처리간 비교를 위하여 최소유의차검정법(LSD)를 실시하였다. 미생물 군집구성이 처리에 의해 영향을 받았는지 분석하기 위해 주요인분석(Principal component analysis)을 실시하였다. 모든 통계분석은 XLSTAT(Addinsoft, Brooklyn, NY, USA)을 이용하여 수행하였다.

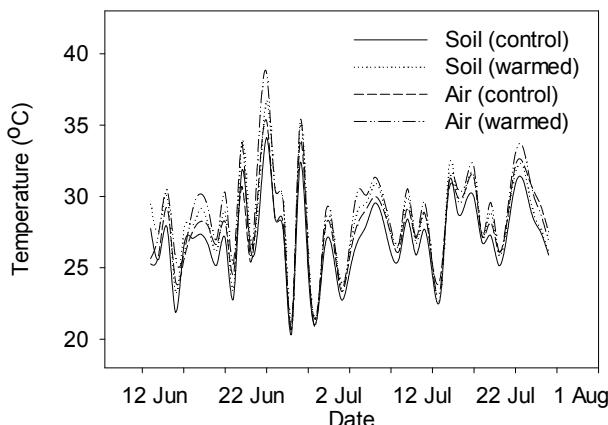


Fig. 1. Seasonal changes in daily mean air and soil temperature in a temperature gradient tunnel.

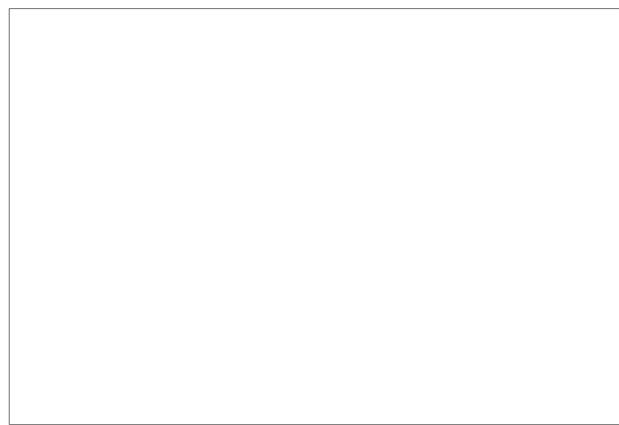


Fig. 2. Aboveground biomass of rice as affected by material input. Means followed by different letters are significantly different by LSD test ($p < 0.05$).

Table 1. Soil chemical properties affected by temperature, material input and plant cultivation

			pH	C/N	EC (dS/m)	NH_4^+ (mg/kg)	Av. P_2O_4 (mg/kg)	
<i>Unplanted</i>	Control	Untreated	5.08b	12.5a	0.34a	25.2b	264.1a	
		Urea	5.08b	13.1a	0.38a	92.4a	233.1b	
		Straw	5.26a	12.4a	0.32a	53.6b	205.7c	
	Warmed	Untreated	5.26b	12.9a	0.37a	47.5b	231.1a	
		Urea	5.52a	11.3a	0.34a	115.1a	227.0ab	
		Straw	5.42ab	14.2a	0.34a	39.4b	214.5b	
<i>t-test</i>			*	ns	ns	ns	ns	
<i>Planted</i>	Control	Untreated	5.25b	15.0a	0.30a	12.7a	222.5a	
		Urea	5.53a	16.4a	0.29a	13.6a	190.7b	
		Straw	5.43ab	15.8a	0.23a	12.9a	210.0ab	
	Warmed	Untreated	5.35a	19.0a	0.32a	10.9a	226.9a	
		Urea	5.41a	17.5a	0.22a	12.6a	208.1b	
		Straw	5.35a	15.7a	0.30a	10.8a	223.0a	
<i>t-test</i>			ns	ns	ns	ns	ns	
<i>t-test</i>			**	**	**	**	**	

Means followed by a same letter are not significantly different by LSD test. * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, ns = not significant.

결과 및 고찰

온도구배터널 온도변화

온도구배터널에서의 기온 및 지온의 일평균 변화는 Fig. 1에 나타내었다. 시험기간중 대기의 평균온도는 대조구에서 27.9°C, 상승온도처리구에서 28.8°C이었다. 토양의 평균온도는 대조구에서 27.0°C, 상승온도처리구에서 28.3°C였다. 본 실험에서는 포트가 지상에 노출되어 있었기 때문에 기온과 지온에 큰 차이는 없었던 것으로 판단된다.

토양환경 및 식물생장

토양 화학성은 온도뿐만 아니라 벗꽃과 요소의 투입에 영향을 받았으며, 벼재배구와 무재배구에서 다른 경향이 나타났

다. 토양의 pH 또는 양분의 변화는 토양 미생물에 영향을 미치는 중요한 요소이다(Lauber et al., 2009; Zhao et al., 2014). 토양 pH는 무재배구보다 벼재배구에서 높았다(Table 1). 벼 잔사에 의해 토양 pH가 증가할 수 있으며 (Wang et al., 2015), 벼재배 중에 뿌리의 잔사나 분비물 등의 유기물이 증가하기 때문에 이러한 차이가 나타난 것으로 추측된다. 암모니아태질소 농도는 요소처리에 의해 무재배구에서는 증가하였으나 벼재배구에서는 차이가 없었다. 이것은 식물이 투입된 질소양분을 흡수하여 생장에 이용했기 때문에 처리간 차이가 줄어든 것으로 판단된다. 한편, 벼의 지상부 건물중은 상승온도에 의한 차이는 없었지만(*t-test*), 요소투입에 의해 증가하였다(Fig. 2). 벼는 온도의 증가에 따라 생장이 증가하는 것으로 알려져 있으나(Baker et al., 2005), 본

Table 2. Bioindicator of microbial PLFA for environmental condition and abundance of microbial groups

		G-/G+	Sat/unsat	Cyclo/Pre	Fun	Bac (nmol PLFA/g soil)	Act
<i>Unplanted</i>	Control	Untreated	0.3a	4.6a	0.5a	6.1a	1.6a
		Urea	0.3a	4.6a	0.8a	5.9a	1.5a
		Straw	0.4a	3.3a	0.5a	6.8a	1.4a
	Warmed	Untreated	0.3a	4.8a	0.8a	0.5a	5.2a
		Urea	0.3a	3.8b	0.6ab	0.6a	6.6a
		Straw	0.3a	3.0b	0.4b	0.5a	7.3a
	<i>t</i> -test		ns	ns	ns	ns	*
<i>Planted</i>	Control	Untreated	0.3b	4.3a	0.6a	1.1a	7.2a
		Urea	0.4ab	3.9a	0.6a	1.6a	8.6a
		Straw	0.4a	3.1a	0.5a	1.0a	7.4a
	Warmed	Untreated	0.3a	3.8a	0.4a	1.1a	6.8a
		Urea	0.3a	3.8a	0.6a	0.8a	6.3a
		Straw	0.5a	2.3a	0.3a	0.7a	8.2a
	<i>t</i> -test		ns	ns	ns	ns	*
	<i>t</i> -test		*	ns	ns	**	**
						**	**

G-, gram negative bacteria; G+, gram positive bacteria; Sat, saturated fatty acid; Unsat, unsaturated fatty acid; Cyclo, cyclo fatty acid; Pre, precursor; Fun, fungi; Bac, bacteria; Act, actinomycetes. Means followed by a same letter are not significantly different by LSD test. * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, ns = not significant.

연구에서 차이가 없었던 것은 토양이나 시설내 온도특성 등 의 차이에 의한 것으로 추측된다.

미생물 PLFA

미생물의 PLFA에 대하여 온도 또는 벗짚과 질소 투입의 효과가 부분적으로 나타났다(Table 2). 미생물의 환경 스트레스를 나타내는 포화/불포화 지방산 비율과 Cyclo/precursors 지방산 비율이 상승온도처리구에서 벗짚투입에 의해 감소하였으며, 기질의 증가 등에 의해 환경스트레스가 감소한 것으로 추측된다(Kaur *et al.*, 2005). 온도 증가에 대해 토양 미생물의 밀도는 증가하거나(Shi *et al.*, 2012) 감소 할 수 있고(Fu *et al.*, 2012; Poll *et al.*, 2013), 또한 영향이 없다는(Shindlbacher *et al.*, 2012; Yin *et al.*, 2012; Zhou *et al.*, 2013) 등의 다양한 반응이 보고되었다. 토양미생물의 밀도는 온도가 높아짐에 따라 증가할 수 있는데 본 연구에서는 이러한 효과가 없었다. 온도 증가로 초기에는 미생물이 증가하였지만 점차 기질이 감소하여 조사 시점에서 미생물 밀도 차이가 나타나지 않았을 가능성이 있다(Frey *et al.*, 2008). 한편, 상승온도에 의해 미생물군 중 세균과 곰팡이의 밀도는 차이가 나타나지 않았고, 방선균 밀도만 감소되었다. 방선균은 25~30°C에서 생장이 가장 좋다고 보고되었기 때문에(Goodfellow and Williams, 1983), 온도가 적정범위를 벗어날 경우 방선균의 밀도가 감소하는 효과가 있었을 것으로 추측된다. 온도변화에 따른 토양이화학성의 변화는 직접적으로 미생물에 영향을 줄 수 있다(Fissore *et al.*, 2008). 본

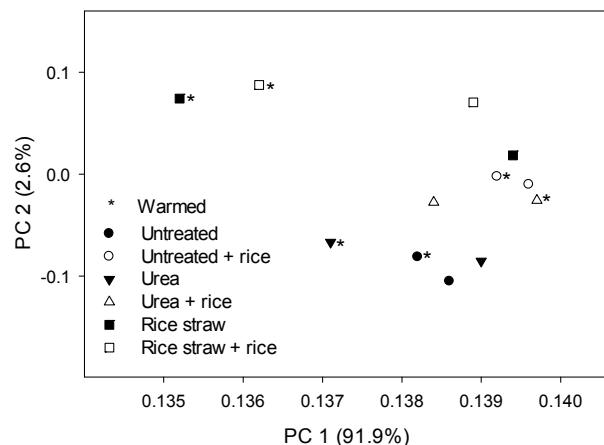


Fig. 3. Principal component analysis based on microbial phospholipid fatty acid analysis.

연구에서는 벼재배의 유무에 따른 차이는 커으나, 온도가 이러한 식물의 효과에 미치는 추가적인 영향은 적었던 것으로 판단된다. 다만, PLFA분석은 미생물 군집의 종구성에 대한 정보를 제공하지는 못하기 때문에 미생물 다양성 변화에 대한 추가적인 연구가 필요하다.

벗짚의 투입효과

미생물 PLFA의 주요인 분석에서 벗짚투입구의 상승온도처리구와 대조구가 PC1에 의해 분리되었다(Fig. 3).

Nakamura 등(2003)은 PLFA 분석을 통해 벗짚 투입으로 그램양성세균과 협기성 그램음성균이 발달하였다고 보고하였으며, 본 연구에서도 벼재배 대조구에서 벗짚투입에 의한 그램음성균/양성균 비율의 증가가 관찰되었다(Table 2). 벼 재배기 토양의 세균군락은 주로 그램음성균으로 구성되며, 토양에 혼합된 벗짚은 이들에 의해 0.5 mm 이하까지 분해된다고 추정된다(Matsuyama et al., 2007). 유기물 분해를 주도하는 미생물은 온도와 매립시기에 따라 다르기 때문에(Rui et al., 2009), 온도증가가 벼 재배시기별로 벗짚의 분해 속도나 이에 참여하는 미생물의 구성에 미치는 영향이 다를 수 있다.

식물의 영향

미생물 군집 구성은 식물에 의해 바뀔 수 있으며 (Marschner et al., 2001), 본 연구에서도 벼재배에 의한 영향이 크게 나타났다. 토양 미생물 PLFA의 주요인 분석에서도 식물의 유무에 의해 구분이 되는 것으로 나타났다(Fig 3). 벼재배는 직접적으로 토양의 이화학성에도 영향을 미쳤으며, C/N율은 무재배구보다 벼재배구에서 높았다(Table 1). 식물의 생장량 증가와 더불어 광합성생산물이 뿌리를 통해 분비되거나 뿌리의 발달로 인해 잔사가 많아져 탄소의 공급이 증가하였기 때문에 C/N율이 높아진 것으로 추측된다. 또한, 암모니아태 질소의 농도는 무재배구보다 벼재배구에서 낮았는데, 식물이 무기태 질소를 흡수하여 이용했기 때문인 것으로 보인다. 근권발달에 의한 유기물의 증가는 미생물의 밀도나 활성을 증가시킬 수 있으며(Berg and Smalla, 2009), 담수조건에서 식물 뿌리 분비액은 메탄생성반응을 통한 탄소의 소모를 촉진할 수 있다(Strom et al., 2005). 본 연구에서도 미생물 PLFA 수치가 벼재배구가 무재배구보다 평균 1.3배 높았기 때문에 이러한 식물의 효과를 보여준다. 환경변화에 대한 토양미생물의 반응에는 식물을 통한 간접적인 효과가 크게 작용할 수 있기 때문에(Jones et al., 2009; Drigo et al., 2010), 온도증가와 벼재배가 토양 미생물에 미치는 상호작용에 대한 추가적인 연구가 필요하다.

요약

본 연구는 상승온도가 벼재배나 벗짚 및 요소 투입과의 복합작용을 통해 토양미생물에 미치는 영향에 대한 평가를 하였다. 상승온도에 의해 토양이화학성이 부분적으로 영향을 받았으며, 이러한 환경변화는 토양미생물에 간접적인 영향을 줄 것으로 판단된다. 온도가 전체 토양미생물 밀도에 미치는 효과는 크지 않았으며, 방선균만 온도의 증가로 감소하였기 때문에 미생물 군집구성이 온도변화에 의해 부분적으로만 영향을 받았다는 것을 보여준다. 또한, 벼 재배에 의해 전체 PLFA 수치가 1.3배 증가하였다는 것은 식물이 토양미생물에 크게 영향을 미칠 수 있는 인자라는 것을 의미한다. 따라서 이러한 미생물 밀도 및 군집 변화가 물질순환이나 토양의 기능성에 미치는 영향에 대한 추가적인 검토가 필요할 것으로 생각된다.

Acknowledgement

This study was carried out with the support of "Research Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ010063)", National Institute of Agricultural Sciences, Rural Development Administration, Republic of Korea.

References

- Achtnich, C., Schuhmann, A., Wind, T., & Conrad, R. (1995). Role of interspecies H₂ transfer to sulfate and ferric iron-reducing bacteria in acetate consumption in anoxic paddy soil. FEMS Microbiology Ecology, 16(1), 61-69.
- Aranjuelo, I., Irigoyen, J. J., Pérez, P., Martínez-Carrasco, R., & Sanchez-Díaz, M. (2005). The use of temperature gradient tunnels for studying the combined effect of CO₂, temperature and water availability in N₂ fixing alfalfa plants. Annals of Applied Biology, 146(1), 51-60.
- Baker, J. T., Kim, S. H., & Gitz, D. C., Timlin, D., & Reddy, V. R. (2005). Photosynthesis and yield of southern USA rice cultivars in response to CO₂ and temperature. Journal of Agricultural Meteorology, 60(5), 457-462.
- Berg, G., & Smalla, K. (2009). Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere. FEMS Microbiology Ecology, 68(1), 1-13.
- Burger, M., & Jackson, L. E. (2003). Microbial immobilization of ammonium and nitrate in relation to ammonification and nitrification rates in organic and conventional cropping systems. Soil Biology and Biochemistry, 35(1), 29-36.
- Davidson, E. A., & Janssens, I. A. (2006). Temperature sensitivity of soil carbon decomposition and feedbacks to climate change. Nature, 440(7081), 165-173.
- Deslippe, J. R., Hartmann, M., Simard, S. W., & Mohn, W. W. (2012). Long-term warming alters the composition of Arctic soil microbial communities. FEMS microbiology ecology, 82(2), 303-315.
- Drigo, B., Pijl, A. S., Duyts, H., Kielak, A. M., Gamper, H. A., Houtekamer, M. J., Boschker, H. T. S., Bodelier, P. L. E., Whiteley, A. S., van Veen, J. A., & Kowalchuk, G. A. (2010). Shifting carbon flow from roots into associated microbial communities in response to elevated atmospheric CO₂. Proceedings of the National Academy of Sciences, 107(24), 10938-10942.
- Fissore, C., Giardina, C. P., Kolka, R. K., Trettin, C. C.,

- King, G. M., Jurgensen, M. F., Barton, C. D., & McDowell, S. D. (2008). Temperature and vegetation effects on soil organic carbon quality along a forested mean annual temperature gradient in North America. *Global Change Biology*, 14(1), 193-205.
- Frey, S. D., Drijber, R., Smith, H., & Melillo, J. (2008). Microbial biomass, functional capacity, and community structure after 12 years of soil warming. *Soil Biology and Biochemistry*, 40(11), 2904-2907.
- Fu, G., Shen, Z., Zhang, X., & Zhou, Y. (2012). Response of soil microbial biomass to short-term experimental warming in alpine meadow on the Tibetan Plateau. *Applied Soil Ecology*, 61, 158-160.
- Goodfellow, M., & Williams, S. T. (1983). Ecology of actinomycetes. *Annual Reviews in Microbiology*, 37(1), 189-216.
- Jiménez, C., Tejedor, M., & Rodríguez, M. (2007). Influence of land use changes on the soil temperature regime of Andosols on Tenerife, Canary Islands, Spain. *European Journal of Soil Science*, 58(2), 445-449.
- Jones, D. L., Nguyen, C., & Finlay, R. D. (2009). Carbon flow in the rhizosphere: carbon trading at the soil-root interface. *Plant and Soil*, 321(1), 5-33.
- Jungqvist, G., Oni, S. K., Teutschbein, C., & Futter, M. N. (2014). Effect of climate change on soil temperature in Swedish boreal forests. *PloS One*, 9(4), e93957.
- Kaur, A., Chaudhary, A., Kaur, A., Choudhary, R., & Kaushik, R. (2005). Phospholipid fatty acid - A bioindicator of environment monitoring and assessment in soil ecosystem. *Current Science*, 89(7), 1103-1112.
- Lauber, C. L., Strickland, M. S., Bradford, M. A., & Fierer, N. (2008). The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types. *Soil Biology and Biochemistry*, 40(9), 2407-2415.
- Li, W. H., Zhang, C. B., Jiang, H. B., Xin, G. R., & Yang, Z. Y. (2006). Changes in soil microbial community associated with invasion of the exotic weed, Mikania micrantha HBK. *Plant and Soil*, 281(1), 309-324.
- Marschner, P., Yang, C. H., Lieberei, R., & Crowley, D. E. (2001). Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere. *Soil Biology and Biochemistry*, 33(11), 1437-1445.
- Matsuyama, T., Nakajima, Y., Matsuya, K., Ikenaga, M., Asakawa, S., & Kimura, M. (2007). Bacterial community in plant residues in a Japanese paddy field estimated by RFLP and DGGE analyses. *Soil Biology and Biochemistry*, 39(2), 463-472.
- Nakamura, A., Tun, C. C., Asakawa, S., & Kimura, M. (2003). Microbial community responsible for the decomposition of rice straw in a paddy field: estimation by phospholipid fatty acid analysis. *Biology and Fertility of Soils*, 38(5), 288-295.
- Noll, M., Matthies, D., Frenzel, P., Derakshani, M., & Liesack, W. (2005). Succession of bacterial community structure and diversity in a paddy soil oxygen gradient. *Environmental Microbiology*, 7(3), 382-395.
- Pan, G., Li, L., Wu, L., & Zhang, X. (2003). Storage and sequestration potential of topsoil organic carbon in China's paddy soils. *Global Change Biology*, 10(1), 79-92.
- Poll, C., Marhan, S., Back, F., Niklaus, P. A., & Kandeler, E. (2013). Field-scale manipulation of soil temperature and precipitation change soil CO₂ flux in a temperate agricultural ecosystem. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 165, 88-97.
- Rui, J., Peng, J., & Lu, Y. (2009). Succession of bacterial populations during plant residue decomposition in rice field soil. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(14), 4879-4886.
- Rustad, L. E., Campbell, J. L., Marion, G. M., Norby, R. J., Mitchell, M. J., Hartley, A. E., Cornelissen, J. H. C., & Gurevitch, J. (2001). A meta-analysis of the response of soil respiration, net nitrogen mineralization, and aboveground plant growth to experimental ecosystem warming. *Oecologia*, 126(4), 543-562.
- Schindlbacher, A., Wunderlich, S., Borken, W., Kitzler, B., Zechmeister-Boltenstern, S., & Jandl, R. (2012). Soil respiration under climate change: prolonged summer drought offsets soil warming effects. *Global Change Biology*, 18(7), 2270-2279.
- Schuerings, J., Jentsch, A., Hammerl, V., Lenz, K., Henry, H. A. L., Malyshev, A. V., & Kreyling, J. (2014). Increased winter soil temperature variability enhances nitrogen cycling and soil biotic activity in temperate heathland and grassland mesocosms. *Biogeosciences*, 11(23), 7051-7060.
- Shi, F., Chen, H., Chen, H., Wu, Y., & Wu, N. (2012). The combined effects of warming and drying suppress CO₂ and N₂O emission rates in an alpine meadow of the eastern Tibetan Plateau. *Ecological Research*, 27(4), 725-733.
- Ström, L., Mastepanov, M., & Christensen, T. R. (2005). Species-specific effects of vascular plants on carbon turnover and methane emissions from wetlands. *Biogeochemistry*, 75(1), 65-82.
- Wang, W., Lai, D. Y. F., Sardans, J., Wang, C., Datta, A., Pan, T., Zeng, C., Bartrons, M., & Penuelas, J. (2015).

- Rice Straw incorporation affects global warming potential differently in early vs. late cropping seasons in Southeastern China. *Field Crops Research*, 181, 42-51.
- Yin, H., Xu, Z., Chen, Z., Wei, Y., & Liu, Q. (2012). Nitrogen transformation in the rhizospheres of two subalpine coniferous species under experimental warming. *Applied Soil Ecology*, 59, 60-67.
- Zhang, X., Zhang, G., Chen, Q., & Han, X. (2013). Soil bacterial communities respond to climate changes in a temperate steppe. *PloS One*, 8(11), e78616.
- Zhao, J., Ni, T., Li, Y., Xiong, W., Ran, W., Shen, B., ... & Zhang, R. (2014). Responses of bacterial communities in arable soils in a rice-wheat cropping system to different fertilizer regimes and sampling times. *PloS One*, 9(1), e85301.
- Zheng, D., Hunt Jr, E. R., & Running, S. W. (1993). A daily soil temperature model based on air temperature and precipitation for continental applications. *Climate Research*, 2(3), 183-191.
- Zhou, X., Chen, C., Wang, Y., Xu, Z., Duan, J., Hao, Y., & Smaill, S. (2013). Soil extractable carbon and nitrogen, microbial biomass and microbial metabolic activity in response to warming and increased precipitation in a semiarid Inner Mongolian grassland. *Geoderma*, 206, 24-31.