

地膜降解物对土壤微生物群落结构和多样性的影响

张祯明¹, 罗学刚^{1,2}, 樊有国³, 张洪⁴

(1. 西南科技大学 生物质材料教育部工程研究中心, 四川 绵阳 621010;

2. 西南科技大学核废物与环境安全国防重点学科实验室, 四川 绵阳 621010; 3. 青海大学

化工学院盐湖系环境工程教研室, 青海 西宁 810016; 4. 西南科技大学 生命科学与工程学院, 四川 绵阳 621010)

摘要: [目的] 研究降解地膜残余组分对土壤微生物群落结构和多样性的影响, 为环境友好型地膜研发过程中选择对土壤环境有最小负效应的聚乙烯分子量和降解模式提供理论参考。[方法] 以 $L_9(3^4)$ 设计试验, 采用 PCR-DGGE 检测技术分析混入地膜粉末的土壤在 3 a 后的土壤微生物群落结构。[结果] 土壤自身性质是影响土壤微生物群落结构和多样性变化的主要因素。就聚乙烯因素而言, $\bar{M}_n=2\ 000$ (数均分子量, 下同) 和线性低密度聚乙烯(LLDPE) 在以大残留量处理的土壤中的微生物群落结构较之对照处理有明显变化; 混入小分子量聚乙烯、大分子量残留量聚乙烯的土壤中微生物群落多样性丰富。不同处理的土壤微生物复杂系数分别增加了 18.7% 和 2.6%。[结论] 不同处理间土壤微生物群落结构和多样性有明显差异, 且各处理组土壤微生物的数量与相应对照组相比, 多表现出增加的趋势。

关键词: 粉末态残膜; 土壤微生物; 群落结构与多样性; 聚乙烯

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2016)02-0181-04

中图分类号: S154.37

文献参数: 张祯明, 罗学刚, 樊有国, 等. 地膜降解物对土壤微生物群落结构和多样性的影响[J]. 水土保持通报, 2016, 36(2):181-184. DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2016.02.035

Effects of Membrane Degradation Production on Community Structure and Diversity of Soil Microorganisms

ZHANG Zhenming¹, LUO Xuegang^{1,2}, Fanyou Guo³, ZHANG Hong⁴

(1. *Engineering Research Center of Biomass Materials, Ministry of Education,*

Southwest University of Science and Technology, Mianyang, Sichuan 621010,

China; 2. State Defense Key Laboratory of the Nuclear Waste and Environment Security,

Southwest University of Science and Technology, Mianyang, Sichuan 621010, China; 3. Environmental

Engineering Teaching and Research Section, Qinghai University, Xining, Qinghai 810016, China; 4. School of

Life Science and Engineering, Southwest University of Science and Technology, Mianyang, Sichuan 621010, China)

Abstract: [Objective] The effects of membrane degradation residuals on community structure and diversity of soil microorganisms were investigated. These results were expected to provide theoretical references for polyethylene film engineering selection with respect to its molecular weight and degradation model. The selection is inferred that an environmental-friendly kind of polyethylene have the minimum negative effects on soil environment. [Methods] Orthogonal experiment $L_9(3^4)$ and the PCR-DGGE measurement were adopted to analyze the community structure of microorganisms in soil treatments which were mixed with plastic powder in three years. [Results] The results showed that soil properties were the main factors which influence the variations of community structure and diversity of soil microorganisms. The polyethylene with number-averaged molecular weight of 2 000 and linear low density polyethylene(LLDPE) in the soil which treated with large membrane degradation residuals has a more obvious influence on the community structure of microorganisms than the influences that other matched group been observed. The community diversity of microorganisms in the soils which were mixed with low molecular weight polyethylene and large molecular weight polyethylene

收稿日期: 2015-04-25

修回日期: 2015-09-11

资助项目: 国家农业科技成果转化资金项目“牛羊屠宰废水低成本生态化处理技术中试”(2012GB2G200469)

第一作者: 张祯明(1990—), 男(汉族), 四川省遂宁市人, 硕士研究生, 研究方向为土壤地膜污染防治。E-mail: zzmxxh1990@163.com。

通信作者: 罗学刚(1957—), 男(汉族), 四川省中江县人, 教授, 博士生导师, 主要从事环境污染控制与修复研究。E-mail: lxg@swust.edu.cn。

with large membrane degradation residuals became more abundant. The complexity coefficients of soil microorganisms in different test treatment increased with 18.7% and 2.6%, respectively. [Conclusion] Differences of community structure and diversity of soil microorganisms among the treatment were visible, and the number of soil microbial in all treatments showed an increasing trend when compared with the number of the corresponding control group.

Keywords: residual powder; soil microbial; community structure and diversity; polyethylene

土壤蕴藏着丰富的微生物资源,这些微生物参与元素生物地球化学循环,在陆地生态系统中起着重要作用。承受环境扰动和胁迫的能力,一定程度上反映出生态系统各个过程的稳定性^[1-2]。外界环境会影响土壤微生物的数量和活性,改变微生物的群落结构,进而影响生态系统的机能^[3-4]。微生物多样性又是调节和维护土壤生态系统功能的关键因素,许多研究表明微生物多样性可以快速对土壤系统过程中的环境改变作出反应,可作为评估受扰动或污染的生态系统功能的一个敏感指标^[5],且有利于提高生态系统的稳定性和可持续性^[6-7]。微生物多样性的下降对土壤生态系统是一个严重威胁^[8],说明微生物多样性丰富度对生态系统功能维持的重要作用^[9]。目前,对土壤微生物群落结构多样性进行检测的较为广泛且发展良好的技术是聚合酶链式反应和变性梯度凝胶电泳(PCR-DGGE)技术^[10]。该技术有较好的重复性、较高的可靠性和简便的操作步骤,是研究大样品量土壤样品微生物群落结构的最佳手段之一。大量塑料地膜残留会影响土壤物理结构,如水分渗透、容重等。进而影响土壤的 pH 值和养分含量等化学性质^[11-12],而 pH 值、有机质、土壤类型等因素又强烈影响着土壤微生物主要类群^[13]。有关粉末态不同分子量降解物以及不同残留累积量对土壤微生物影响的报道不多。本研究则通过 PCR-DGGE 技术,探究不同分子量粉末降解物以不同累积量存在于不同土壤类型中对土壤微生物群落结构多样性的影响规律。

1 材料与方法

1.1 试验地概况及试验设计

于 2010 年设计建造 45 个类似地窖的立方体坑,上表面均为 50 cm×50 cm,3 种深度:50,100,150 cm,坑四面及底部封闭,上部开放可种植作物,坑的一侧用钢化玻璃封闭以观察作物根系发育情况,另三侧面均用混泥土封闭。采用聚乙烯蜡(PEW)和 LLDPE 来模拟不同降解程度和在土壤中不同的残余量和分子量水平。残留量的模拟以及试验因素水平设计参考文献^[14]。试验选用农业生产中常见的 3 种土壤类型:砂土、壤土、黏土,均取自四川省绵阳市本地;所选作物为蚕豆,购自四川绵阳绵研种业有限公

司。PEW 和 LLDPE 均为生产聚乙烯降解膜的原料粉末,购自中国石油化工有限公司茂名分公司。PCR 仪为 Biometra 公司生产的 T-gradient,凝胶成像仪为 Bio-Rad 公司的 Gel-Doc 2000 凝胶成像系统。模拟聚乙烯粉末进入土壤环境 3 a 后,于 2013 年 10 月 29 日蚕豆苗期采集土壤,试验检测所用土样均为鲜样,距地表 25 cm 深度取样,以四分法取样后混合为该坑(采样点)样品,并置于 4 ℃ 冰箱备用,以此方法对 1—45 号坑(采样点)进行取样。

1.2 试验分析方法

1.2.1 样品基因组 DNA 提取 采用淤泥基因组 DNA 快速提取试剂盒(北京博友新创生物技术有限公司),提取样本基因组 DNA。提取后将 DNA 溶解于 200 μl 的 TE 中。细菌 16SrDNA 片段的 PCR 扩增以样品基因组 DNA 为模板,采用细菌通用引物 GC-338F 和 518R 扩增样品 16 SrDNA 高变区序列。PCR 扩增体系(50 μl)为:10×PCR buffer 5 μl; dNTP(2.5 mM)3.2 μl;rTaq(5 U/μl)0.4 μl;GC-338F(20 mM)1 μl;518 R(20 mM)1 μl;模板 DNA 50 ng;补 ddH₂O 至 50 μl。PCR 扩增程序:94 ℃ 预变性 5 min;94 ℃ 变性 1 min,55 ℃ 复性 45 s,72 ℃ 延伸 1 min,30 个循环;最终 72 ℃ 延伸 10 min。PCR 产物采用 OMEGA 公司 DNA Gel Extraction Kit 纯化回收。

1.2.2 各样本群落结构的 PCR-DGGE 分析 采用变性梯度为 35%~55%,浓度为 8%的聚丙烯酰胺凝胶[化学变性剂为 100%尿素 7 mol/L 和 40%的丙烯酰胺]在 1×TAE 缓冲液中 150 V 60 ℃ 下电泳 4 h。变性梯度凝胶电泳(DGGE)完毕后,银染法染色。将染色后的凝胶用凝胶影像分析系统分析。数据处理采用 Excel 软件以及 DGGE 图谱采用 Quantity one 软件进行数据处理。

2 结果与分析

2.1 DGGE 指纹图谱分析结果比较

根据 9 个处理土样和 9 个处理样与相应对照组土样的细菌 16srDNA 基因片段的 DGGE 指纹图谱可知,处理组之间土壤微生物群落的 DGGE 谱图格局彼此均有差异。对照组和相应的处理组相比指纹

基本相似,但部分样品发生了明显变化。而且在聚乙烯因素中,低分子量和大残留量水平处理组变异更明显。

2.2 聚类分析和主成分分析

将各处理土样按 DGGE 指纹图谱一一对应数字化,根据条带个数和灰度值反映不同条带的相似性百分比聚类分析,得到 9 个处理之间相互比较的聚类关系和增加相应对照处理后的聚类结果。从聚类结果可以看出,浅坑、中坑和深坑处理的土壤样品聚于一大类;未经过聚乙烯处理的同类土壤(沙土、壤土和黏土)样品聚于一大类,微生物群落结构相似性较高,说明土壤样品的均一性较好,但是 RB,RC,RE,RF 号样品与相应的对照相比聚类结果差别较大,均为壤土和黏土处理,并且是以 50,100 a 大残留量处理的试验样品,黏土和壤土均具有较好的保水能力,而大量的较大分子量的聚乙烯加入可能会影响土壤中水分的循环而导致微生物群落结构的变化,而 RB,RF 是 2 000,5 000 低分子量水平处理土样,其中微生物群落结构的改变除了受到累积作用影响还可能是由于小分子量聚乙烯埋藏 3 a 后发生降解导致。主成分

分析结果表明,9 个处理之间相互比较的两个主成份 PC₁ 和 PC₂ 分别解释了总变异的 37.2% 和 14.6%;增加相应对照处理后的两个主成份 PC₁ 和 PC₂,分别解释了总变异的 27.4% 和 13.7%。表明聚乙烯处理条件下,各样品与对照基本聚于一类,且在 PC 轴上相距较近,说明整体上聚乙烯因素对土壤微生物群落结构未产生影响。但是,由主成份分析结果筛选出与对照相比主成份变化最明显的样品 RA 和 RD 来看,均属同种土壤(砂土)处理,分别为小分子量聚乙烯在 1 和 100 a 残留量试验条件下的处理,造成该试验结果的原因可能是由于小分子量聚乙烯在砂土中埋藏两年的过程中,由于一些物理作用(雨水冲刷造成的磨损侵蚀作用)和微生物侵蚀而导致一定程度的降解^[15],从而改变了土壤有机质含量进一步使土壤中微生物数量和群落结构发生了变化。

2.3 序列比对结果及多样性指数分析

对土壤样品的优势条带进行割胶分析,分析土壤微生物在聚乙烯因素处理下群落结构的变化情况,得到序列对比结果(表 1)。由对比结果(表 1)计算可得多样性情况(表 2)。

表 1 土壤微生物在聚乙烯因素处理下群落结构的序列比对结果

相似菌(登录号)	相似度/%	分类
Uncultured Chloroflexi bacterium clone GSY-XJ108(JN225546)	100	Chloroflexi
Pseudomonas sp. E102(AF451270)	99	Gammaproteobacteria
Ochrobactrum sp. C-1-1(KF479632)	100	Alphaproteobacteria
Candidate division TM7 bacterium clone (JN836389)	98	Saccharibacteria
Vibrio fluvialis strain f05(KF317830)	100	Gammaproteobacteria
Uncultured bacterium clone BD07003(JQ191027)	100	environmental samples
Sphingobium sp. acr34(KF447543)	100	Alphaproteobacteria
Ochrobactrum intermedium strain NK 2. HA-1(EU352758)	99	Alphaproteobacteria
Micrococcus luteus strain BPB1(KF410697)	100	Actinobacteria
ncultured Firmicutes bacterium clone S1P6018(KF145559)	99	Firmicutes
Clostridium sp. enrichment culture clone MRHull-S-08H(KC404042)	98	Firmicutes
Uncultured Enterobacteriaceae bacterium clone 0907_Mf_HT2_B3(JQ516481)	99	Gammaproteobacteria
Uncultured Anaerolineaceae bacterium clone CNY_02064(JQ401847)	100	Chloroflexi
Uncultured Acidobacteria bacterium clone S3-076(KF183204)	100	Acidobacteria
Uncultured Pseudomonas sp. clone S2P1061(KF145944)	97	Gammaproteobacteria
Uncultured bacterium clone 06MIC068(JF340738)	98	environmental samples

由表 2 可知,处理条件下土壤微生物群落发生了一定变化,实验结果中除去深坑的 3 个处理外,样品多样性指数均高于对照,说明聚乙烯在深坑处理下相对于浅坑和中坑处于长期深埋状态,对微生物量产生了负效应。结合主成份分析结果和表 1 可以得出实验处理造成微生物群落结构变化明显处理下的菌种和其变化情况和序列对比结果获得明显变异菌种及

其变化情况,RA 处理 Uncultured Chloroflexi bacterium clone GSY-XJ108 (JN225546), Pseudomonas sp. E102 (AF451270), Ochrobactrum sp. C-1-1 (KF479632) 等菌种多样性指数有增加的趋势,而 Candidate division TM7 bacterium clone (JN836389) 有减少的趋势;RF 处理下 Vibrio fluvialis strain f05 (KF317830), Uncultured bacterium clone BD07003

(JQ191027), *Sphingobium* sp. acr34 (KF447543), *Ochrobactrum intermedium* strain NK 2. HA-1 (EU352758) 和 *Micrococcus luteus* strain BPB1 (KF410697) 等菌种多样性指数有增加的趋势, 而 Uncultured Firmicutes bacterium clone S1P6018 (KF145559), *Clostridium* sp. enrichment culture clone MRHull-S-08H(KC404042) 和 Uncultured Enterobacteriaceae bacterium clone 0907_Mf_HT2_B3 (JQ516481) 等菌种有下降的趋势; RG 处理下, Uncultured Anaerolineaceae bacterium clone CNY_02064 (JQ401847) 菌种增加, 而 Uncultured Acidobacteria bacterium clone S3-076 (KF183204) 和 Uncultured *Pseudomonas* sp. clone S2P1061 (KF145944) 等菌种有下降的趋势; RH 处理下 Uncultured bacterium clone 06MIC068(JF340738) 菌种多样性指数呈增加的趋势。

表 2 多样性指数计算结果

样品编号	香农指数(H)	均匀度(E)	丰富度(S)	效应
A ₀	3.138	0.963	26	
R _A	2.496	0.946	14	-
B ₀	2.763	0.956	18	
R _B	2.498	0.946	14	-
C ₀	2.428	0.947	13	
R _C	2.881	0.946	21	+
D ₀	3.223	0.989	26	
R _D	2.734	0.965	17	-
E ₀	3.356	0.987	30	
R _E	3.223	0.967	28	-
F ₀	3.184	0.977	26	
R _F	3.268	0.981	28	+
G ₀	3.043	0.970	23	
R _G	2.922	0.960	21	-
H ₀	2.975	0.949	23	
R _H	2.843	0.949	20	-
I ₀	3.022	0.978	22	
R _I	2.787	0.984	17	-

注释: R_A—R_I 表示 9 个实验处理组, A₀—I₀ 表示与 9 个处理分别相对应的对照处理组。与对照相比多样性指数增加记“+”, 否则记为“-”。

3 讨论和结论

(1) 将降解型聚乙烯塑料袋埋土半年后, 通过扫描电镜显示其表面出现微孔, 红外谱图中有羟基吸收峰, 土壤微生物种类有所增加^[16], 聚乙烯可作为土壤微生物碳源^[17]。本研究表明, 土壤类型是影响土壤微生物群落结构和多样性变化的主要因素。通过对

土壤样品基因组 DNA 进行 PCR 扩增后, 再以变性梯度凝胶电泳(DGGE)技术对得到的 16 SrDNA 序列进行分离。根据 DGGE 谱图中条带的亮度和数量, 可清楚的反映出各处理微生物群落中的优势菌以及物种多样性^[18]。从结果观察到, 黏土和壤土样中土壤微生物群落比砂土稳定性较差, 但丰富度较高且差异明显的处理组相比砂土较多。本研究 3 种不同分子量的聚乙烯粉末在土壤中埋藏 3 a 后对土壤生物的作用效应, 由于粉末状聚乙烯跟土壤接触更充分, 作用更加容易, 无论降解程度还是对土壤微生物的影响都会更加明显。

(2) $\overline{Mn}=2\ 000/5\ 000$ 的聚乙烯粉末处理组可能由于自身在光、温、水和气综合作用下, 随时间的累积而发生程度不同的降解, 从而改变土壤中有机质含量等化学性质, 继而影响土壤的微生物群落; LLDPE 在 100 年残留量和 50 a 残留量的试验处理中, 可能由于残留量过大, 附着于土壤团粒结构表层, 改变了土壤的透气性等物理性质从而对土壤微生物群落结构也产生比较明显的影响。

(3) 模拟聚乙烯地膜降解粉末残余埋土 3 a 后的试验表明, 4 因素中的坑深度因素影响表现为, 深坑各类型土壤的微生物多样性指数小于浅坑和中坑。综合情况表现为: 小分子量聚乙烯粉末以大残留量进入土壤环境后对土壤微生物多样性的影响具有正效应, 各处理土壤中微生物数量大致表现出增加的趋势。此结论可作为可降解型地膜研制的重要参考指数。

[参 考 文 献]

- [1] Michel L. Linking biodiversity and ecosystems towards a unifying ecological theory[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society*, 2010, 365(1573): 49-60.
- [2] 李晶, 刘玉荣, 贺纪正, 等. 土壤微生物对环境胁迫的响应机制[J]. *环境科学学报*, 2013, 33(4): 959-967.
- [3] Catriona A, Macdonald. Long-term impacts of zinc and copper enriched sewage sludge additions on bacterial, archaeal and fungal communities in arable and grassland soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(5): 932-941.
- [4] Steven A W, Chu Guixin, Broos K, et al. Structural and functional response of soil microbiota to addition of plant substrate are moderated by soil Cu levels[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2010, 46(4): 333-342.
- [5] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils[J]. *Plant and Soil*, 1995, 170(1): 75-86.

层土颗粒之间发生固化联接,形成完整性的抗风蚀性保护膜,发挥抑尘效果。

(3) SH 抑尘剂对于建设场地类型土(粉土、粉煤灰、黏土、碎石土)均具有较好的适用性。经 SH 抑尘剂固化后,土样在 9 级风力吹蚀作用下不会产生的 PM₁₀ 和 PM_{2.5} 颗粒。固化时间 3 d 时,SH 抑尘剂与土颗粒之间的胶结反应已基本完成,所形成的抗风蚀保护膜可以满足建设场地抑尘要求。从施工和经济角度,建议选取的 SH 抑尘剂喷洒量为 1.2 kg/m²,固化时间为 3 d。

[参 考 文 献]

- [1] 张庆丰,罗伯特·克鲁克斯. 迈向环境可持续的未来: 中华人民共和国国家环境分析[M]. 北京: 中国财政经济出版社, 2013.
- [2] Zhao Pusheng, Feng Yinchang, Zhu Tan, et al. Characterizations of resuspended dust in six cities of North China[J]. *Atmospheric Environment*, 2006, 40(30): 5807-5814.
- [3] 田刚,李建民,李钢,等. 建筑工地大气降尘与总悬浮颗粒物相关性研究[J]. *环境科学*, 2007, 28(9): 1941-1943.
- [4] Wang Ying, Zhang Guoshun, Zhang Xingying, et al. The ion chemistry, seasonal cycle, and sources of PM_{2.5} and TSP aerosol in Shanghai[J]. *Atmospheric Environ-*

ment, 2006, 40(16): 2935-2952.

- [5] Muleski G E, Chatten C J, Kinsey J S. Particulate emission from construction activities [J]. *Journal of Air&Waste Management's Association*, 2005, 55(6): 772-783.
- [6] 王莉莉,王跃思,吉东生,等. 天津滨海新区秋冬季大气污染特征分析[J]. *中国环境科学*, 2011, 31(7): 1077-1086.
- [7] Tjoe E N, Hilhorst S, Spee T, et al. Dust control measures in the construction industry[J]. *The Annals of Occupational Hygiene*, 2003, 47(3): 211-218.
- [8] 余勇. 扬尘的污染特性及防治措施的研究[J]. *江苏环境科技*, 2008, 21(1): 129-132.
- [9] 张晶,胡春玲,任庆. 城市扬尘污染现状及防治对策[J]. *环境保护科学*, 2008, 34(2): 4-6.
- [10] 王蛟龙,胡志光,张玉玲. 化学抑尘剂的研究现状分析[J]. *化学工程师*, 2014, 226(7): 51-53.
- [11] 王银梅,谌文武,韩文峰. SH 固沙机理的微观探讨[J]. *岩土力学*, 2005, 26(4): 650-655.
- [12] 王银梅,韩文峰,谌文武. 新型高分子材料固沙抗冻性能试验研究[J]. *中国地质灾害与防治学报*, 2006, 17(4): 145-148.
- [13] Li Min, Chai Shouxi, Du Hongpu, et al. Feasibility of reinforced saline soil with treated wheat straw and lime [J]. *Soil and Foundaitons*, 2012, 52(2): 231-241.

(上接第 184 页)

- [6] Dang C K, Eric C, Gessner M O. Magnitude and variability of process rates in fungal diversity-litter decomposition relationships[J]. *Ecology Letters*, 2005, 8(11): 1129-1137.
- [7] Kahindi J H P, Giller K E, Woomer P, et al. Agricultural intensification, soil biodiversity and ecosystem function in the tropics: The role of nitrogen-fixing bacteria[J]. *Applied Soil Ecology*, 1997, 6(1): 55-76.
- [8] Bell T, Newman J A, Silverman B W, et al. The contribution of species richness and composition to bacterial services[J]. *Nature*, 2005, 436(25): 1157-1160.
- [9] Griffiths B S, Ritz K, Bardgett R D, et al. Ecosystem response of pasture soil communities to fumigation-induced microbial diversity reductions: An examination of the biodiversity-ecosystem function relationship [J]. *Oikos*, 2000, 90(2): 279-294.
- [10] 吴利,余育和,冯伟松. PCR-DGGE 技术在环境微生物群落研究中的应用[J]. *合肥师范学院学报*, 2010, 28(6): 103-108.
- [11] 解红娥,李永山,杨淑巧,等. 农田残膜对土壤环境及作物生长发育的影响研究[J]. *农业环境科学学报*, 2007,

26(S): 153-156.

- [12] 常瑞甫,严昌荣. 中国农用地膜残留污染现状及防控对策[M]. 北京: 中国农业科学与技术出版社, 2012.
- [13] Chu Haiyan, Noah Fierer, Christian L L, et al. Soil-bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biomes[J]. *Environmental Microbiology*, 2010, 12(11): 2998-3006.
- [14] 樊有国,罗学刚. 环境降解聚乙烯地膜残余组分对土壤酶活性的影响[J]. *环境科学与技术*, 2014, 37(6): 1-6.
- [15] Lucas N, Bienaime C, Belloy C. Polymer biodegradation Mechanisms and estimation techniques: A review [J]. *Chemosphere*, 2008, 73(4): 429-442.
- [16] Elshafei G M S, El-Said M M, Attia H A E, et al. Environmentally friendly pesticides: Essential oil-based w/o/w multiple emulsions for anti-fungal formulations [J]. *Industrial Crops & Products*, 2010, 31(1): 99-106.
- [17] 全世普,刘嘉藩,侯哲. 淀粉/聚烯烃共混降解材料的发展趋势[J]. *塑料包装*, 2003, 13(2): 41-47.
- [18] 卓凤萍,陈仕江,殷幼平,等. 贡嘎蝠蛾幼虫肠道菌群的分析[J]. *重庆大学学报: 自然科学版*, 2004, 27(11): 26-29.