

植物对土壤微生物多样性的影响研究进展

毕江涛^{1,2}, 贺达汉¹

(¹宁夏大学农学院, 银川 750021; ²宁夏农业技术推广总站, 银川 750001)

摘要: 土壤微生物是植物-土壤系统中比较活跃的组成成分, 土壤微生物多样性代表着微生物群落的稳定性, 对植物的生长发育和群落结构的演替具有重要作用。通过植物类型、植物多样性、植物不同生长发育阶段、同一植物不同基因型、植物根系分泌物和外来植物入侵对土壤微生物多样性的影响分析, 探讨植物和土壤微生物多样性之间的内在联系, 为植物保护和农业可持续发展研究提供参考。

关键词: 植物; 土壤微生物多样性; 影响; 研究进展

中图分类号: S154.3 文献标识码: A

Research Advances in Effects of Plant on Soil Microbial Diversity

Bi Jiangtao^{1,2}, He Dahan¹

(¹Agricultural College, Ningxia University, Yinchuan 750021;

²Ningxia Extension Service for Agricultural Techniques, Yinchuan 750001)

Abstract: Soil microorganism is an active factor in plant-soil ecological system, soil microbial diversity represents the stability of soil microbial community, which is of importance in both plant growth and development and its community succession. In this paper it was through the analysis of effects of plant type, plant diversity, different growth stages of the same plant, plant root exudates and exotic plant invasion on soil microbial diversity to discuss the interrelationship between plant and soil microbial diversity for providing references in studying of plant protection and agricultural sustainability.

Key words: plant, soil microbial diversity, effects, research advances

0 引言

植被是陆地生态系统的重要组成部分, 是生态系统中物质循环与能量流动的中枢^[1], 植被在与周围环境进行物质循环与能量流动过程中, 对土壤微生物产生重要的影响。由于微生物结构相对简单, 容易受环境条件的影响而发生变异, 并产生快速而灵敏的应答反应, 土壤微生物的多样性及变异性, 反映了他们对环境的响应与适应。土壤微生物群落是非常特别的生物学群体, 它们参与土壤生物化学过程、有机质的分解转化、菌根的形成、与植物的互利共生以及对生物多样性和生态系统功能有着重要的影响, 其重要的生理功能已引起学者们的重视^[2-9], 对土壤微生物多样性的研究不仅是探索生命的重要手段, 同时也为微生物资源的

保护和利用提供了丰富的资源。生物技术在土壤微生物研究中的应用使许多抗菌、抗旱、抗盐碱、生物杀虫剂物质合成的相关基因的筛选和克隆成为现实, 尤其是建立在非培养基础上的土壤微生物多样性研究, 为植物保护学、植物营养学、环境科学等许多学科的研究提供了新的思路和途径。

1 土壤微生物多样性

土壤微生物多样性指生命体在遗传、种类和生态系统层次上的变化。通常以土壤生物区系的变化和生物化学过程间的相互作用关系来反映。土壤微生物多样性包括在栖息地中微生物分类群的多样性和微生物分类群内的遗传多样性, 以及包括群落结构的变异、相互作用的复杂性、营养水平(tropic level)和共位群

基金项目: 宁夏人事厅出国留学人员科研活动资助项目“退化生态系统植被恢复过程中土壤微生物群落特征和多样性研究”(国人厅2006164)。

第一作者简介: 毕江涛, 男, 1964年出生, 高级农艺师, 主要从事微生物生态研究。通信地址: 750001 银川市兴庆区北京东路289号, E-mail: jiangtaobi@hotmail.com。

通讯作者: 贺达汉, 男, 1954年出生, 陕西人, 博士、教授、博士生导师, 主要从事草原保护研究。通信地址: 750021 银川市西夏区贺兰山西路489号宁夏大学农学院, Tel: 0951-2061874, E-mail: hedahan@126.com。

收稿日期: 2009-04-04, 修回日期: 2009-4-20。

(guild)数量(功能多样性)在内的生态多样性。目前土壤微生物多样性研究主要从物种多样性、功能多样性和遗传多样性三个层面展开。

土壤微生物作为土壤中的主要分解者,通过营养元素的周转,调节养分的供应,影响植物的生长、资源分配和化学组成,因此土壤微生物多样性对植物的生长以及植物发育、群落结构演替具有重要的作用;同时,植物通过其凋落物和分泌物为土壤微生物提供营养,导致植物和微生物之间的协同进化,促进土壤微生物的多样性。探讨植物与土壤微生物多样性之间的内在联系,对植物多样性保护和农业可持续发展具有重要的意义。

2 植物对土壤微生物多样性的影响

2.1 植物类型对土壤微生物多样性的影响

在一定的空间尺度上具有相似的环境条件下,随着植物类型的不同,土壤微生物活性和群落结构表现出一定的差异,植物类型初步决定了微生物群落的组成。潘惠霞等^[10]对野生中麻黄(*Ephedra intermedia*)、膜果麻黄(*Ephedra przewalskii*)、乌拉尔甘草(*Glycyrrhiza uralensis*)和胀果甘草(*Glycyrrhiza inflata*)根际土壤微生物的种类、数量、分布规律及其与土壤肥力的关系进行了研究,结果表明麻黄和甘草根际土壤微生物均以细菌为主,其次是放线菌,真菌最少;甘草根际土壤微生物数量多于麻黄;乌拉尔甘草根际土壤微生物数量多于胀果甘草;中麻黄根际土壤微生物数量多于膜果麻黄。杨喜田等^[11]对太行山针阔混交林、针叶混交林、针叶纯林、落叶阔叶纯林、灌丛和裸露地6种不同植被群落中的微生物区系、微生物生物量和土壤呼吸强度变化测定表明,微生物群落特征存在较大差异,灌丛地在微生物数量和微生物生物量两项指标中均最高,其余植被群落在这两项指标中的大小顺序依次为落叶阔叶纯林>针阔混交林>针叶纯林>针叶混交林>裸地;同时,土壤呼吸强度也有相似的变化趋势。韩芳等^[12]对内蒙古皇甫川流域乔木、灌木和草地三种不同土地利用方式下土壤微生物类群物种多样性指数、均匀度、丰富度和优势度进行了研究,结果表明草地的土壤微生物类群和微生物量C多于乔木和灌木,草地放线菌的白孢类群少于乔木和灌木,草地的土壤质量优于乔木和灌木。安韶山等^[13]对宁夏南部宽谷丘陵区不同植被恢复措施、自然恢复演替不同演替阶段条件下土壤脲酶、蔗糖酶、中性磷酸酶和过氧化氢酶活性的变化特征及其在土壤质量评价体系的作用进行了研究,结果说明:天然草地和灌木林地土壤脲酶、蔗糖酶、碱性磷酸酶活性较高,农地和果园土壤酶活性较

低。根据郑华等^[14]对湘南红壤区湿地松人工林、杉木人工林、油茶人工林、天然次生林不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响研究表明,4种森林恢复类型土壤微生物生物量碳、细菌数量差异显著,且微生物代谢多样性指数也有明显差异。Potthoof等^[15]利用磷脂脂肪酸图谱(PLFA)技术研究了美国加利福尼亚草原恢复措施对土壤微生物群落结构的影响表明,耕犁过的休闲地和一年生草地以及多年生草地处理间土壤微生物磷脂脂肪酸图谱差别十分明显,但一年生草地和多年生草地差别不大。Han Xuemei等^[16]利用平板计数、磷脂脂肪酸图谱(PLFA)和Biolog微平板技术对大豆地(Soybean field)、人工草地(artificial turf)、人工灌丛(artificial shrub)、天然灌丛(natural shrub)和玉米地(maize field)进行了植被不同类型对土壤微生物群落特征的研究,结果发现豆科植物能够明显增加可培养微生物数量、微生物生物量和群落代谢多样性;干扰性较小的天然灌丛真菌的微生物生物量和代谢多样性高于干扰性较大的人工草地、人工灌丛和玉米地;并由此证实较多的植被种类、豆科植被和天然植被类型能够促进土壤微生物群落的功能。杨官品等^[17]在土壤细菌16S rRNA基因变异型及其与植被的相关性研究中发现草地、人工林和农田三种植被土壤在细菌群落结构上有分化,同时又存在相似的细菌类群,从草地到农田植被,土壤细菌遗传多样性分化加剧。张于光等^[18]对不同植被类型土壤固氮微生物群落结构研究表明三种植被类型土壤中得到了4个共有的OTUs,不同的植被类型下具有不同的固氮微生物群落。夏北成等^[19]在土壤微生物群落及其活性与植被的关系研究中,揭示受植被影响的土壤环境中土壤微生物群落多样性比不受植被影响或没有植被影响的土壤环境中的微生物群落多样性要高,不受植被影响的表面以下土壤环境中的微生物群落具有显著的优势OUT种群,而表层土壤环境中没有显著的优势OUT种群,并且,植被对微生物的影响同时也表现在对生命物质DNA的影响,即有植被的土壤环境中的微生物DNA具有更高的活性,其基因在克隆过程中更容易转移,获得更多的克隆细胞和种群。薛冬等^[20]应用PCR技术,直接从杭州西湖梅家坞茶园、林地、荒地土壤中抽提总DNA,扩增16S rDNA V3片段,然后进行变性梯度凝胶电泳(DGGE)分析16S rDNA V3片段的多态性,茶园、林地、荒地土壤微生物群落基因多样性指数明显不同($P<0.05$)。张于光等^[21]利用基因芯片技术对四川省理县米亚罗林区原始冷杉林(*Abies faxoniana*)和20世纪60年代原始林采伐后人工更新的云杉(*Picea likiangensis* var *balfouriana*)

不同林型土壤微生物有机碳降解基因多样性研究结果显示,在该2种样地中分别检测到32个和37个有机碳降解基因,分别占总基因的82%和60%,说明有机碳降解基因在两个样地中存在较大的多样性和丰度差异,林型不同显著影响了土壤微生物群落结构和有机碳降解微生物的多样性。

植物物种的丧失能够引起土壤中微生物群落的变化以及有机物质降解的变化。Waid^[22]指出,植被的类型、数量和化学组成可能是土壤微生物多样性变化的主要决定因素,这种影响主要是基于植物凋落物及根系分泌物的特性,尤其是化学组成特性。植被通过其凋落物和地下根系分泌物为土壤微生物提供营养和能量,不同的植物凋落物和根系分泌物物理化学性状不一样,在分解过程中释放的有机无机物有很大的差异,从而对土壤微生物生长具有选择性刺激作用,进而影响微生物群落结构和功能及其多样性,作为对资源可利用性的响应,微生物直接影响土壤中的碳氮循环。因此,土壤微生物在植物和整个生态系统功能之间具有机制连接。

2.2 植物多样性对土壤微生物多样性的影响

植物群落的结构和组成的变化会导致植物物种组成的差异,并对微生物产生重大影响^[1,23]。Zak等研究了植物种类多样性与土壤微生物之间的关系,他们在9 m×9 m的小区中分别种植1、2、4、8和16种不同的C₃和C₄草原植物,并保持每个小区植物种子的播种量基本一致,植物生长7年后采取土壤样品测定土壤微生物磷脂脂肪酸(PFLA)含量和组成,结果表明植物多样性明显影响磷脂脂肪酸含量和组成,且由8种和16种植物种类组成的小区其处理差异显著(ANOVA; $F=5.16$, $df=4111$; $P<0.001$),随着植物多样性的增加,微生物生物量、土壤呼吸、真菌丰富度明显增加,微生物群落的这种变化是由于植物多样性的增加和植物生产量的增加^[24]。Loranger-Merciris G等^[25]在沙壤土上利用小区试验开展植物多样性对土壤微生物群落的快速影响效果试验,结果显示:种植4种植物的处理土壤可培养微生物群落活性和多样性高于种植3种、2种和1种植物的处理,说明草原生态系统植物多样性和结构的增加导致细菌活性和多样性的快速响应。有研究表明,在实验草原生态系统中植被种类的丰富度和植被功能多样性对可培养细菌群落的代谢活性和代谢多样性有正面的影响,可培养细菌的代谢活性和代谢多样性与植被种类数和功能群数的对数成线形关系^[26]。Kowalchuk等^[27]通过植物对土壤微生物的影响研究表明,植物组成和群落结构能够明显地改变植物根际土

壤微生物的群落结构和多样性。大量研究表明,植物通过影响土壤环境,进而影响土壤微生物群落结构和多样性,土壤微生物多样性与覆盖于土壤上的植物群落多样性呈正相关。

2.3 植物不同生长发育阶段对土壤微生物多样性的影响

同一植物在不同的生长发育阶段对微生物存在一定的影响。薛冬等^[20]在茶园土壤微生物群落基因多样性的研究中结果显示,50年茶园土壤的微生物群落基因多样性指数(Shannon指数, $H=3.28$; 丰富度指数, $S=27$; 均匀度指数, $(E_H)=0.997$)、微生物量碳和基础呼吸明显高于8年(Shannon指数, $H=3.17$; 丰富度指数, $S=24$; 均匀度指数, $(E_H)=0.997$)和90年茶园(Shannon指数, $H=3.16$; 丰富度指数, $S=16$; 均匀度指数, $(E_H)=0.997$);随茶园生态系统的发展,茶园土壤微生物量、基础呼吸和群落基因多样性有相似的特征,50年以后,茶树凋落物、根系分泌物和施肥管理措施可能引起了pH的降低和抗性物质的增加,导致微生物数量、活性和种类的减小。孟庆杰等^[28]在中国科学院海伦生态试验站长期定位实验区,采用Biolog方法研究了不同季节草地、农田和裸地等3个利用21年时间的生态系统土壤微生物功能多样性的动态变化,结果表明:在春季和夏季,土壤微生物平均颜色变化率(AWCD)和Shannon多样性指数均表现为草地最高,农田次之,裸地最低;在草地和农田生态系统中,土壤微生物代谢活性和功能多样性随季节变化趋势均为夏季升高,秋季降低;在裸地生态系统中,土壤微生物代谢活性和功能多样性随季节变化逐渐升高。曹成有等^[29]通过采集半流动沙丘、5年、10年和22年生小叶锦鸡儿人工固沙植被的土壤样品,对各类型土壤的营养状况、微生物和主要土壤酶活性进行对比研究,结果表明,采用植物固沙工程固定沙丘后,表层(0~10 cm)土壤有机C和全氮含量显著增加,土壤微生物量C和N的含量以及土壤脲酶、蔗糖酶、磷酸单脂酶和多酚氧化酶等微生物活性明显提高,这种改良效应随树龄增长而逐渐增加,土壤微生物量碳与土壤总有机碳,微生物生物量N与土壤全N存在着明显的正相关。曾路生等^[30]在水稻不同生育期土壤微生物量和酶活性的变化研究中显示,土壤微生物和酶活性明显受到水稻生长发育的影响,随着水稻生长,土壤微生物量C、土壤微生物量N、呼吸作用强度表现为先升后降,到成熟期有所回升的变化规律,且在水稻不同生育阶段差异显著;土壤微生物代谢商一直下降,土壤脲酶活性表现为先升后降,酸性磷酸酶与脱氢酶活性则表现为先降后升再降的变化过程;

水稻酶活性受土壤微生物及水稻生长规律的共同影响,表明了水稻地上部分的生长发育影响地下部分土壤微生物和土壤酶活性的变化,但不同生育期水稻生理指标的变化与土壤微生物和土壤酶活性的变化无显著的相关性。

2.4 同一植物不同基因型对土壤微生物多样性的影响

同一植物不同基因型间土壤微生物群落结构也存在一定的差异。Arab等^[31]采用培养法和PLFA方法研究了对小麦根腐病表现不同抗性的两种小麦基因型根际土壤微生物群落结构组成,结果表明:在小麦品种Bohouth-6根际提取的微生物磷脂脂肪酸中,19:0cy和Sif7含量明显高于品种Salamouni,而19:0cy和Sif7是革兰氏阴性细菌假单胞杆菌(*pseudomons*)的特有脂肪酸图谱,表明*pseudomons* spp.在Bohouth-6根际定植数量多,这与平板分离的结果一致。由于*pseudomons* spp.的许多种类可产生多种拮抗物质抑制根腐病菌的生长,所以有此结果推断某些对土传病害具有抗性作用的品种的抗性机制可能与改变了根基微生物群落的结构,促进了具有拮抗作用微生物在根际的定植有关。金剑等^[32]利用盆栽试验和Biolog-Eco技术对2个大豆不同基因型花期的根际和非根际微生物群落功能多样性进行研究,结果表明,不同基因型大豆对根际微生物群落功能多样性有显著影响,高产大豆北丰11根际微生物总体表现较高的活性,而且根际微生物利用碳源的类型有别于海9731,其利用羧酸类和多聚物相对较多,如 α -丁酮酸、4-羟基苯甲酸、衣康酸、肝糖、吐温40和吐温80,而海9731利用氨基酸类及胺/氨类碳源较多,如腐胺和L-精氨酸。有研究证明,根系分泌物不仅为根际微生物提供所需的能量,而且不同根系分泌物直接影响着根际微生物的数量和种群结构^[33-35],根际分泌物的多样性是根际微生物区系建立的先决条件,在一定程度上主宰着根际微生物生态演替和种群格局的变化^[36]。所以,不同基因型根系分泌物的差异及其对根际微生物群落结构和功能的特异影响还有待深入研究。周晓罡等^[37]对转基因西红柿及对照土壤样品12份,采用稀释平板法对该土样的微生物进行分离鉴定,结果表明种植转基因西红柿的土壤样品中土壤微生物数量有一定的变化,但是由于土壤微生物数量变化很大,这种差异并不显著;同样,Di-Giovanni GD等^[38]利用BIOLÓG GN和ERIC-PCR对转基因苜蓿根际微生物群落结构研究也表明,转基因苜蓿与其亲本间根际微生物群落结构发生了变化。

2.5 植物根系分泌物对土壤微生物多样性的影响

根系分泌物(Root exudates)是指植物在生长过程

中其根系通过各种方式向周围环境释放的各种有机无机物质。从分泌物的来源看,包括分泌物、渗出物、脱落物和裂解物;从成分看,既包括高分子量的粘胶(多糖和多糖醛酸)、外酶等,又包括低分子量的糖、氨基酸、有机酸、生长因子、酶类、核苷、黄酮类等^[39]。根据作用性质有分为专一性根分泌物和普通分泌物^[40]。由于根分泌物的产生,使得植物根系周围产生特殊的根际微生态环境,在这个环境中,根分泌物为微生物提供重要的能量物质,其成分和数量影响着微生物的种类和繁殖。研究表明,不同植物种类或同种植物在不同发育阶段其根际微生物的数量、种类、优势种等存在很大差异,这与植物根系释放的有机物种类和数量有关^[41-42]。同时,根系分泌物通过改变根际环境,如pH、氧化还原电位等间接地影响根际微生物活性、群落结构和多样性。胡峰^[43]在研究中发现,小麦根际与非根际细菌、真菌和原生动物数量均为抽穗期最高,线虫则为成熟期最高,不同基因型小麦品种根际效应不同,抗病与感病品种根际微生物数量、种类的差异主要与不同品种、不同时期根系分泌物有关。水稻根分泌物对反硝化细菌更强的选择性吸引作用使得水稻根际中反硝化细菌:假单胞菌属(*Pseudomonas*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)、微球菌属(*Micrococcus*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、不动杆菌属(*Acnetobacter*)和肠细菌属(*Enterobacteria*)等的数量远高于非根际土壤,且这些反硝化细菌在水稻不同生育阶段其数量也会发生明显变化,抽穗期数量最多,成熟期明显下降^[44]。罗明等^[45]研究了红柳(*Tamarix ramosissima* Iedeb)、梭梭(*Haloxylon ammodendron* (Mey.) Bunge)、沙拐枣(*Calligonum mongolicum* Turcz)3种固沙植物的根际和非根际土壤微生物的数量、组成、生理群微生物及土壤养分,结果表明这3种固沙植物具有较强的根际正效应,其根际微生物和非根际微生物的比率(R/S)在1.69~75.24之间,经F检验,这3种固沙植物根际的微生物数量有极显著的差异,其中以梭梭的根际效应最大,沙拐枣其次,红柳最小,这可能与梭梭强大的侧根系产生一些特定的根系分泌物,从而刺激了微生物生长有关。另外,苜蓿根系中分泌的毛地黄酮能专一性地诱导苜蓿根瘤菌nod基因的表达,根瘤菌结瘤基因表达后,将合成并分泌一类脂寡糖化合物,即结瘤因子,作为根瘤菌返还给宿主植物的信号分子。大量研究表明,植物根系能够感知根际中微生物的存在,并通过根系分泌一系列物质,诱导菌群繁殖,抑制致病菌的生长^[46]。

2.6 外来入侵植物对土壤微生物多样性的影响

外来植物扩散到新栖息地并形成稳定的种群,会

影响侵入地的植物群落结构,进而引起土壤生物多样性和生态系统过程发生改变。有关植物入侵对土壤微生物群落结构的影响的研究报道较少^[47-48]。Saggar^[49]等比较了入侵新西兰的外来植物绿毛山柳菊(*Hieracium pilosella*)与土著植物群落土壤中微生物的生物量,结果表明外来植物显著增加了土壤微生物生物量。Kourtev等^[47]比较了入侵美国新泽西州的外来植物日本小蘗(*Berberis thunbergii*)和柔枝莠竹(*Microstegem vimineum*)与土著越橘属植物(*Vaccinium* spp.)的根际土(rhizosphere soil)与非根际土(bulk soil)中微生物群落结构与功能,结果表明两种外来植物与土著种根际土和非根际土微生物群落结构和功能之间差异显著。随后,他们用受控试验证实了这一结果^[50]。牛红榜等^[51]采用磷脂脂肪酸(PLFAs)和传统培养相结合的方法研究了外来入侵植物紫茎泽兰对侵入地土壤微生物群落结构的影响,结果表明紫茎泽兰入侵改变了土壤微生物群落结构,提高了土壤自生固氮、氨氧化细菌和真菌的数量。紫茎泽兰在侵入地成功定植后改变土壤微生物群落是其入侵的一部分,这种改变进而加速了土壤养分循环,增强了紫茎泽兰的养分吸收,促进其生长、竞争和扩张。于兴军等^[52]测定了紫茎泽兰(*Eupatorium adenophorum*)重度侵入地土壤(对照与轻度侵入地土壤)的pH、有机质、N、P、K养分状况和细菌群落特征(Biolog Ecoplate™)的变化,结果显示改变土壤细菌群落可能是紫茎泽兰入侵过程的一个重要组成部分,外来植物可以通过改变重度侵入地土壤微生物群落结构,阻碍本地植物的生长和更新。

植被通过影响土壤环境,从而影响到土壤微生物群落的结构和多样性,受植被影响的土壤环境中的土壤微生物活性和群落结构组成及其多样性比不受植被影响或者没有植被影响的土壤环境中的微生物活性和群落结构组成及其多样性要高。James M. Tiedie^[53]曾提出有关微生物群落多样性变化的几个假设:从微生物群落多样性的全球格局来看,植物群落类型初步决定了微生物群落的组成,土壤微生物多样性与覆盖于土壤上的植物群落多样性呈正相关;从微生物群落多样性的区域格局来看,土壤微生物群落多样性与覆盖于土壤上的植物群落生产力和多样性呈正相关,随着植物群落存在的年限而增加。陆地生态系统中植物通过凋落物和地下根系分泌物为土壤中微生物提供营养物质,不同的植物凋落物和分泌物理化性状不同,在分解过程中释放的有机无机物也不同,从而对土壤中微生物生长具有选择性刺激作用,这种选择性的强度随植物不同而有差异,这种选择性影响具有植物

特异性^[54-55],植物的这种特异性在菌根菌和Frankia菌等与植物具有共生关系的微生物中表现的更加明显。土壤是微生物生活的场所,土壤条件(理化性质、土壤类型以及土壤管理措施)、环境污染、气候变化等对土壤微生物群落均产生一定的影响^[56-62];同时,土壤微生物与其他土壤生物也存在一定的相互作用关系^[63-64]。植被恢复是生态恢复的关键,植被与土壤生物尤其是土壤微生物间的反馈作用是植被恢复成功与否的关键。植物通过生理生态学过程为土壤微生物提供C源^[65],土壤微生物通过改变土壤理化性质和营养元素的周转以及共生或寄生关系而影响植物的生长发育和群落结构。

3 存在的问题与研究前景

综上所述,植被对微生物多样性的影响机制非常复杂,植物类型及其多样性、植物凋落物的质与量、根系及其分泌物特征、物候等生理生态的变化、土壤条件和人为因素的干扰对土壤微生物多样性都产生重要的影响,基于目前的研究现状和研究水平,以下几个方面的研究亟待加强:

(1)加强对特定生态环境条件下的微生物群落研究,尤其是优势植被种类或建群种下的土壤微生物群落多样性和相互作用关系研究,充分利用现代分子生物学手段,探索土壤微生物群落结构与生态功能的关系,使土壤中有益菌群占据主要生态位,抑制土壤中病原微生物的生长和繁殖,维护生态系统健康和稳定。

(2)研究植被对土壤微生物的影响时,还要考虑多方面的因素,重视植被、土壤微生物和土壤生态系统过程三者之间的相互关系,在种群、群落和生态系统多个层面上研究土壤微生物多样性的响应与适应,并整合不同尺度、不同生态系统下的研究成果。

虽然目前的研究还不足以让研究者认识土壤微生物多样性的全部状况和信息,但土壤微生物作为活的有机体,随着基因组时代的盛兴和后基因组时代(功能基因组)的到来,为阐明全球变化背景下的植被-土壤-微生物之间的响应和适应机制开辟了广阔的前景。

参考文献

- [1] 温仲明,焦锋,卜耀军,等.植被恢复重建对环境影响的研究进展[J].西北林学院学报,2005,20(1):10-15.
- [2] 安登第.天然草原的另类资源-土壤微生物[J].草业科学,2003,20(12):68-71.
- [3] Kennedy AC, Smith KL. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils[J]. Plant and soil, 1995, 170: 75-86.
- [4] 藤应,黄昌永,骆永明,等.铅锌银尾矿区土壤微生物活性及其群落

- 功能多样性研究[J].土壤学报,2004,41(1):113-119.
- [5] Van Bruggen AHC, Semenov AM. In search of biological indicators for soil health and disease suppression[J]. *Applied Soil Ecology*, 2000,15:13-24.
- [6] 何良菊,魏德洲,张维庆.土壤微生物处理石油污染的研究[J].环境科学研究,1999,7(3):110-115.
- [7] 苏永中,赵哈林,张铜会,等.农田沙漠化演变中土壤质量的生物学特性变化[J].干旱区研究,2002,19(4):64-68.
- [8] 易泽夫,荣湘民,鹏建伟.微生物变量作为土壤质量评价指标的探讨[J].湖南农业科学,2006,(6):64-65.
- [9] Harris JA. Measurement of the soil microbial community for estimating the success of restoration [J]. *European Journal of Soil Science*, December 2003, 54: 801-808.
- [10] 潘惠霞,程争鸣,王芳,等.甘草、麻黄根际土壤微生物的生态分布特征[J].西北植物学报,2003,23(10):1792-1795.
- [11] 杨喜田,宁国华,董慧英,等.太行山区不同植被群落土壤微生物学特征变化[J].应用生态学报,2006,17(9):1761-1764.
- [12] 韩芳,邵玉琴,赵吉,等.皇甫川流域不同土地利用方式下的土壤微生物多样性[J].内蒙古大学学报:自然科学版,2003,34(3):298-303.
- [13] 安韶山,黄懿酶,刘梦云,等.宁南宽谷丘陵区植被恢复中土壤酶活性的响应及其评价[J].水土保持学报,2005,12(3):31-34.
- [14] 郑华,欧阳志云,王效科,等.不同森林恢复类型对土壤微生物群落的影响[J].应用生态学报,2004,15(11):2019-2024.
- [15] Potthoff M, Steenwerth K, Jackson LE, et al. Soil microbial community composition as affected by restoration practices in California grassland[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38: 1851-1860.
- [16] Han Xuemei, Wang Renqing, Liu Jian, et al. Effects of vegetation types on soil microbial community composition and catabolic diversity assessed by polyphasic methods in North China[J]. *Journal of environmental Sciences*, 2007, 19: 1228-1234.
- [17] 杨官品,朱艳红,陈亮,等.土壤细菌16SrRNA基因变异型及其与植被的相关研究[J].应用生态学报,2001,12(5):757-760.
- [18] 张于光,王慧敏,李迪强,等.三江源地区不同植被土壤固氮微生物群落结构研究[J].微生物学报,2005,45(3):420-425.
- [19] 夏北成,Zhou JZ,Tiedje JM.土壤微生物群落及其活性与植被的关系[J].中山大学学报:自然科学版,1998,37(3):94-98.
- [20] 薛冬,姚槐应,黄昌永.茶园土壤微生物群落基因多样性[J].应用生态学报,2007,18(4):843-847.
- [21] 张于光,张小全,刘学瑞,等.不同林型土壤微生物有机碳降解基因的多样性[J].生态学报,2007,27(4):1412-1419.
- [22] Waid JS. Does soil biodiversity depend upon metabolic activity and influences?[J]. *Applied Soil Ecology*, 1999, 13: 151-158.
- [23] 谢龙莲,陈秋波,王真辉.环境变化对土壤微生物的影响[J].热带农业科学,2004,24(3):39-47.
- [24] Zak DR, Holmes WE, White DC, et al. Plant diversity, soil microbial communities, and ecosystem function: are there any links? [J]. *Ecology*, 2003, 84(8): 2042-2050.
- [25] Loranger-Merciris G, BarthesLaure, Gastine A, et al. Rapid effects of plant species diversity and identity on soil microbial communities in experimental grassland ecosystems[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38: 2336-2343.
- [26] Stephan A, Meyer AH, Schmid B. Plant diversity affects culturable soil bacteria in experimental grassland communities[J]. *Journal of Ecology*, 2000, 22:988-998.
- [27] Kowalchuk GA, Buma DS, Boer WD, et al. Effects of above-ground plant species composition and diversity on below-ground soil-borne microorganisms[J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2002, 81:509-520.
- [28] 孟庆杰,许艳丽,李春杰,等.不同植被覆盖对黑土微生物功能多样性的影响[J].生态学杂志,2008,27(7):1134-1140.
- [29] 曹成有,腾晓慧,崔振波,等.植物固沙工程对土壤微生物活性的影响[J].辽宁工程技术大学学报,2006,25(4):606-609.
- [30] 曾路生,廖敏,黄昌勇,等.水稻不同生育期的土壤微生物量和酶活性的变化[J].中国水稻科学,2005,19(5):441-446.
- [31] Arab HGDE, Vlich V, Sikora RA. The use of phospholipids fatty acids (PLFA) in the determination of rhizosphere specific microbial communities of two wheat cultivars[J]. *Plant & Soil*, 2001, 228: 291-297.
- [32] 金剑,王光华,陈雪丽,等. Biolog-ECO解析不同大豆基因型R1期根际微生物群落功能多样性[J].大豆科学,2007,26(4):565-570.
- [33] Bakken LR. Microbial growth and immobilization/mineralization of N in the Rhizosphere[J]. *Symbiosis*, 1990,9:37-41.
- [34] Texier M, Billes G. The role of the rhizosphere on C and N cycles in a lant-soil system[J]. *Symbiosis*, 1990, 9:117-123.
- [35] 申建波,张福锁,毛达如.根际微生态系统中的碳循环[J].植物营养与肥料学报,2001,7(2):232-240.
- [36] 朱丽霞,章家恩,刘文高.根系分泌物与根际微生物相互作用研究综述[J].生态环境,2003,12(1):102-105.
- [37] 周晓罡,张绍松,李成云,等.转基因植物种植地土壤微生物区系生态变化及其外源基因的分子检测[J].云南农业学报,2005,18(6):734-738.
- [38] Di Giovanni GD, Wastrud LS, Seidler RJ, et al. Comparison of parental and transgenic alfalfa rhizosphere bacterial communities using Biolog GN metabolic fingerprinting and enterobacterial repetitive intergenic consensus sequence PCR(ERIC-PCR) [J]. *Microbial Ecology*, 1999, 39,129-139.
- [39] Westion ILA. Root exudates:an overview[J]. *Ecological Studies*, 2003, 168:235-256.
- [40] 徐书新,孙锦荷,郭智芬,等.植物根系分泌物和植物营养关系评述[J].土壤与环境,2000,9(1):64-67.
- [41] 解文科,王小青,李斌,等.植物根系分泌物研究综述[J].山东林业科技,2005,(5):63-67.
- [42] Kapoor R. Root exudation and its application on rhizosphere mycoflora[J]. *Advances in microbial biotechnology*, 1999, 351-362.
- [43] 胡峰.两种基因型小麦根际土壤生物动态研究及根际效应[J].土壤通报,1998,29(3):133-135.
- [44] 李振高,万焕楣.水稻根际反硝化细菌生态分布研究[J].土壤学报,1987,24(2):120-125.
- [45] 罗明,单娜娜,文气凯,等.几种固沙植物根际土壤微生物特性研究[J].应用与环境生物学报,2002,8(6):618-622.
- [46] Bais HP, Park SW, Weir TL, et al. How plants communicate using the underground information superhighway[J]. *Trends of Plant Sciences*, 2004, 9(1):26-32.
- [47] Kourtev PS, Ehrenfeld JG, Haggblom M. Exotic plant species alter

- the microbial community structure and function in the soil[J]. Ecology, 2002, 83:3152-3166.
- [48] Duda JJ, Freeman DC, Emlen JM. Differences in native soil ecology associated with invasion of the exotic annual chenopod, *Halogeton glomeratus* [J]. Biology and Fertility of Soils. 2003, 38: 72-77.
- [49] Saggar S, McIntosh PD, Hedley CB, et al. Changes in soil microbial biomass, metabolic quotient, and organic matter turnover under Hieracium (*H. pilosella* L.)[J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, 30: 232-238.
- [50] Kourtev PS, Ehrenfeld JG, Haggblom M. Experimental analysis of the effects of exotic and native plant species on the structure and function of soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35:895-905.
- [51] 牛红榜,刘万学,王芳浩.紫茎泽兰(*Ageratina adenophora*)入侵对土壤微生物群落和理化性质的影响[J].生态学报,2007, 27(7): 3051-3060.
- [52] 于兴军,于丹,卢志军,等.一个可能的植物入侵机制:入侵中可能通过改变入侵地土壤微生物群落影响本地种的生长[J].科学通报, 2005, 50(9): 896-903.
- [53] 夏北成, Tiedje JM. 植被对土壤微生物群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 1998, 9(3): 296-300.
- [54] Philippe L,Thérèse C, Louis G, et al. Effects of two plant species, Flax(*Linum usitatissimum* L) and tomato(*Lycopersicon esculentum* Mill), on the diversity of soilborne populations of Fluorescent pseudomonads[J]. Applied Environmental Microbiology, 1995, 61 (3): 1004-1012.
- [55] Garbeva P, van Veen JA, vanElsasJD. Microbial diversity in soil: Selection of microbial populations by plant and soil type and implications for disease suppressiveness[J]. Annual Review Phytopathologist, 2004,42: 243-270.
- [56] Girvan MS, Bullimore J, Pretty JN, et al. Soil type is the primary determinant of the composition of the total and active bacterial communities in Arab soils[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(3): 1800-1809.
- [57] Girva MS, Bullimore J, Ball AS, et al. Responses of active bacterial and fungal communities in soils under winter wheat to different fertilizer and pesticides regimens[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(5): 2692-2701.
- [58] Finzi AC, Sinsabaugh RL,LongTM, et al. Microbial community responses to atmospheric carbon dioxide enrichment in a warm-temperate forest[J]. Ecosystems, 2006, 9: 215-226.
- [59] 同小娟,陶波,曹明奎.陆地生态系统土壤呼吸、氮矿化对气候变暖的响应[J].地理科学进展,2005,24(4):84~96.
- [60] 吴秀臣,孙辉,杨万勤.土壤酶活性对温度和CO₂浓度升高的响应研究[J].土壤, 2007, 39(3): 358-363.
- [61] Schwinning S, Starr BI, Wojcik NJ, et al. Effects of nitrogen deposition on an arid grassland in the Colorado plateau cold desert [J]. Rangeland Ecological Mangement, 2005, 58: 567-574.
- [62] 刘守龙,苏以荣,黄道友,等.微生物商对亚热带地区土地利用及施肥制度的响应[J].中国农业科学, 2006, 39(7): 1411-1418.
- [63] Barea JM, Pozo MJ, Azcón R, et al. Microbial cooperation in Rhizosphere[J]. Journal of Expeimental Botany,56(417): 1761-1778.
- [64] MaoXF, Hu F, Griffiths BS, et al Bacterial-feeding nematodes enhance root growth of tomato seedlings[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38, 1615-1622.
- [65] 贺金生,王政权,方精云.全球变化的地下生态学:问题与展望[J].科学通报,2004,49(13):226-233.