烤烟根际和非根际土壤微生物典型相关分析

殷全玉[1,2]，王 岩[2]，郭夏丽[2]，赵铭钦[1*]

（1.河南农业大学烟草学院，郑州 450002；2.郑州大学化工与能源学院，郑州 450001）

摘 要：为揭示烟田土壤微生物相互关系，用典型相关分析（CCA）方法研究了烤烟全生育期根际和非根际土壤中微生物之间的相关关系。结果表明：1）在根际土壤中，细菌和氨化细菌数量呈正相关关系；在非根际土壤中，细菌数量同氨化细菌、亚硝化细菌和好气性纤维素分解菌呈正相关关系。2）根际土壤细菌、放线菌数量与非根际土壤细菌数量呈正相关，但是真菌数量在根际和非根际土壤之间相关性不强。3）根际土壤中好气性纤维素分解菌、氨化细菌数量与非根际土壤呈明显的正相关，而好气性固氮菌、亚硝化细菌、硝化细菌和钾细菌数量在根际与非根际土壤间的相关性不强。在植烟土壤 3 大菌和 6 类生理功能菌群之间、烟株根际和非根际土壤微生物之间均存在相关关系。

关键词：烟草；根际；非根际；微生物；典型相关

中图分类号：S572.06 文章编号：1007-5119（2013）04-0009-07 DOI：10.3969/j.issn.1007-5119.2013.04.003

Canonical Correlation Analysis between Tobacco Rhizosphere and Non-rhizosphere Soil Microorganisms

YIN Quanyu[1,2], WANG Yan[2], GUO Xiali[2], ZHAO Mingqin[1*]

(1. College of Tobacco Science, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China;
2. School of Chemical Engineering and Energy, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China)

Abstract: Canonical correlation analysis (CCA) was applied to assess the relationship of rhizosphere and non-rhizosphere microorganisms of flue-cured tobacco plants. The results indicated that (1) the population of bacteria was positively correlated with those of ammonifying bacteria in rhizosphere soil. On the other hand, in non-rhizosphere soil, in addition of ammonifying bacteria, the population of bacteria was also positively correlated with nitrite bacteria and aerobic cellulose decomposing bacteria. (2) The populations of bacterial and actinomycete in tobacco plant rhizosphere could be predicted by the populations of bacterial in non-rhizosphere soil, whereas the population of fungi in rhizosphere was not closely linked to those in non-rhizosphere. (3) The populations of ammonifying and aerobic cellulose decomposing bacteria in rhizosphere were significantly positive correlated with those in non-rhizosphere. However, the populations of aerobic nitrogen fixing bacteria, nitrite and nitrifying bacteria, and kalium solubilizing bacteria in non- rhizosphere were not in close association with those in rhizosphere. In conclusion, there is a strong relationship between three microbial groups and six microbial physiological groups as well as between tobacco rhizosphere and non-rhizosphere soil microbe. The relationship between microbial flora in tobacco rhizosphere is different from non-rhizosphere soil.

Keywords: flue-cured tobacco; rhizosphere; non-rhizosphere; microorganism; canonical correlation

微生物在土壤生态系统的物质循环和能量流动方面扮演着十分重要的角色。植物根际环境是一个特殊的生态龛，是植物—微生物—土壤三者交互作用的场所[1]。受植物根系生长影响，根际土壤在理化性质和生物学特性方面都与非根际土壤有较大区别，如根际土壤 pH 较非根际土壤低，有机质和营养元素含量较高等[2-5]。根际土壤是陆地生态系统中生物（尤其是土壤微生物）多样性最丰富的场所之一。根际微生物数量几乎是非根际土壤的 10~100 倍[6]。根际微生物与植物生长发育关系密切。因此，关于根际土壤微生物数量、种群结构及其与植物生长关系等方面的研究报道较多[7-11]，已有研究表明，受植物根系生长影响，根际和非根际土壤微生物在数量和结构多样性等方面均存在差

基金项目：吉林省烟草工业有限责任公司重大科技攻关项目（JY2006012）

作者简介：殷全玉，女，讲师，博士，主要从事烟草化学与品质生态研究。E-mail：quanyuy@126.com。*通信作者，E-mail：mqzha0999@tom.com

收稿日期：2011-03-02 修回日期：2013-02-08

异[12-14]。

烟草是我国重要的经济作物，其生长发育期间根际土壤微生物数量显著高于非根际区[14]。沈笑天等[15]对南阳烟区烟草根际土壤和非根际土壤微生态环境相互关系研究认为，烟草根际微生物与非根际部分微生物之间存在显著或极显著相关关系，可以相互表征。典型相关分析（analysis of canonical correlation）是研究两组变量之间相关关系的一种统计方法，1936 年 Hotelling 最早提出，可以更深层次地阐明两组变量集团之间的复杂多样的相互关系[16]。本研究以吉林延边烟区 3 种类型主要植烟土壤（暗棕壤、黑砂土和白浆土）为对象，用典型相关分析方法，研究烟草全生育期土壤细菌、真菌和放线菌 3 大菌数量与 6 种主要生理功能类群微生物之间以及根际土壤和非根际土壤之间微生物的相关关系，为揭示烟田土壤微生物相互关系与分布规律提供数据。

1 材料与方法

1.1 材料

选择吉林省主栽烤烟品种吉烟 9 号作为供试烟株，2008 年 3 月上旬托盘育苗，4 月上旬假植，5 月中旬移栽。烟田管理按当地常规方式进行。

在吉林省延边地区敦化县，选择植烟面积较大且烟叶质量风格差异较大的暗棕壤、黑砂土和白浆土 3 种土壤类型做为供试土壤，土壤基本肥力如表 1 所示。烟田地势平坦，灌溉便利，前茬作物为黄豆。

表 1 土壤基本肥力

Table 1 Basic nutrient contents in the three soils studied

土壤类型	有机质/(g·kg^{-1})	碱解氮/(mg·kg^{-1})	速效磷/(mg·kg^{-1})	速效钾/(mg·kg^{-1})	pH
暗棕壤	20.8 ± 0.55a	89.6 ± 3.15a	10.9 ± 0.67b	207.5 ± 6.79a	6.60
黑砂土	13.1 ± 0.41b	71.3 ± 3.00b	20.3 ± 0.87a	147.4 ± 5.57b	5.65
白浆土	10.3 ± 0.42c	64.7 ± 2.66b	21.5 ± 0.95a	122.5 ± 4.02c	5.20

1.2 方法

根际土壤取样方法：每种土壤类型选取 667 m^2 左右的地块作为试验用地，设 3 次重复，每个重复 222 m^2，试验田管理措施按当地常规方法进行。2008 年 5 月中旬移栽烟苗，移栽后每 20 天取烟株根际土 1 次，共取 6 次（最后 1 次取样，烟叶已经采收结束，但烟秆未拔出，尚有生命力）。在 3 种土壤的各重复中分别随机选取 5 株健壮无病的烟株，去掉 0~2 cm 的表层土壤，挖出烟株根系并除去根围附近较大的土壤团块，小心抖动并收集粘附在烟株根表面 0~4 mm 的土壤，混匀后用灭菌牛皮纸包扎封存，带回实验室 4 ℃保存，一周内完成微生物分析。

非根际土壤取样方法：随机选取两株烟之间无根系生长的垄体土，后期烟株长大根系较多时，在地头取土。去除表层 0~2 cm 土，取 0~20 cm 深土层，5 点法取样，样品混匀后用灭菌牛皮纸包扎密封，带回实验室 4 ℃保存，一周内完成分析。

采用稀释平板法进行根际土壤微生物计数。细菌用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基，放线菌用改良高氏 1 号琼脂培养基，真菌用马丁琼脂培养基+链霉素，好气性固氮菌用改良的阿须贝无氮琼脂培养基，氨化菌采用蛋白胨氨化琼脂培养基，亚硝化菌和硝化菌分别采用硝化细菌琼脂培养基 I 和硝化细菌琼脂培养基 II，好气性纤维素分解菌用刚果红琼脂培养基，解钾细菌采用硅酸盐细菌琼脂培养基[17]。

典型相关分析是一种研究两组变量之间相关关系的多元统计分析方法。其基本原理是用类似主成分分析的方法，在每组变量中选择若干个有代表性的综合指标（变量的线性组合），通过研究 2 组综合指标之间的关系来反映两组变量之间的相关关系。具体来说就是在第一组变量中找出一个变量线性组合，在第二组变量中也找出一个变量线性组合，使其具有最大相关，此即找出了第一对线性组合，然后在每一组变量中找出第二对线性组合，使其具有次大的相关程度，将此程序进行下去，直到

两组变量间的相关被提取完毕为止。每对变量的表达式为：

$$V = a_1x_1 + a_2x_2 + a_3x_3 + \ldots + a_px_p$$

$$W = b_1y_1 + b_2y_2 + b_3y_3 + \ldots + b_qy_q$$

式中 a_1，a_2，a_3，…，a_p 和 b_1，b_2，b_3，…，b_q 是待定系数，V 和 W 之间的相关系数即是典型相关系数，用来衡量两个线性函数之间的联系强度，以提示“两组”指标间的内部联系。采用 SPSS 17.0 统计软件进行典型相关分析。

2　结　果

2.1　植烟土壤 3 大菌群与生理功能类群微生物典型相关分析

3 种类型植烟土壤烟株生育期间根际和非根际土壤微生物 3 大菌群（细菌、真菌和放线菌）与 6 种生理功能类群微生物（好气性固氮菌、氨化菌、亚硝化菌、硝化菌、好气性纤维素分解菌和钾细菌）数量如表 2 所示。

将移栽后 20~120 d 三种类型土壤烟株根际土 3 大菌群数量与 6 种生理功能类群微生物数量之间进行典型相关分析，共提取出三对典型变量，其中第一和第二对典型变量相关系数分别为 r=0.986、r=0.767，均达到显著水平（表 3），这两对典型变量共解释了 85.4%的三大菌组内变异和 68.2%的生理功能菌组内变异（表 4），因此，根际土 3 大菌数量与 6 种生理功能类群数量之间存在相关关系。相关系数标准化后，得到两对典型变量表达式如下：

$$V_1 = -0.904x_1-0.144x_2+0.151x_3$$

$$W_1 = 0.243y_1-1.225y_2-0.185y_3-0.240y_4+1.060y_5-0.412y_6$$

$$V_2 = -0.335x_1+0.578x_2+0.770x_3$$

$$W_2 = 1.207y_1-2.134y_2+0.697y_3-1.467y_4+3.192y_5-0.227y_6$$

式中典型变量 V 和 W 分别表示根际土 3 大菌

表 2　3 种类型土壤烟草根际和非根际土壤微生物数量（平均值±标准偏差）

Table 2　Populations of microorganisms in rhizosphere and non- rhizosphere soils (means ± SE)

微生物/(cfu•g^{-1})	土壤类型	移栽后时间/d											
		20		40		60		80		100		120	
		根际	非根际	根际	非根际	根际	非根际	根际	非根际	根际	非根际	根际	非根际
好气性固氮菌×10^4	暗棕壤	14.10	8.07	40.62	21.96	47.21	21.61	40.81	10.71	4.44	5.68	6.30	8.02
	黑砂土	6.61	6.80	45.29	55.18	43.43	58.15	49.64	75.21	9.49	6.99	5.66	9.64
	白浆土	3.46	19.78	41.27	71.21	60.98	44.14	41.77	46.79	5.49	6.48	7.84	7.16
氨化细菌×10^6	暗棕壤	7.29	5.29	10.98	7.23	19.29	13.29	21.02	13.35	34.04	20.08	19.26	11.92
	黑砂土	4.86	3.04	8.91	3.91	11.86	5.54	15.27	6.76	10.34	6.66	7.82	6.09
	白浆土	3.09	1.87	5.46	3.94	10.69	5.87	8.56	5.51	7.37	5.13	3.06	3.34
亚硝化细菌×10^5	暗棕壤	14.23	8.68	24.602	11.22	41.83	14.80	45.30	18.39	49.12	14.99	35.91	14.22
	黑砂土	11.35	7.03	21.06	8.21	35.35	11.83	38.22	11.27	21.99	13.80	19.69	11.29
	白浆土	7.77	4.12	12.65	7.01	29.57	9.72	27.15	11.52	15.58	8.52	7.23	6.62
硝化细菌×10^5	暗棕壤	6.03	4.20	11.58	5.81	13.23	6.60	13.93	4.93	23.51	6.55	5.44	2.45
	黑砂土	4.64	3.73	8.32	4.62	9.44	5.41	10.39	5.53	7.23	7.49	2.54	2.05
	白浆土	2.24	0.62	7.81	4.65	14.24	5.42	15.30	5.61	13.13	6.22	1.18	1.16
好气性纤维素分解菌×10^5	暗棕壤	4.31	3.06	5.93	4.25	16.31	12.66	18.62	12.21	51.71	24.25	23.96	17.98
	黑砂土	2.34	1.44	5.63	4.26	14.34	13.44	15.83	11.16	11.32	12.41	5.75	3.86
	白浆土	1.87	1.24	3.65	3.05	10.99	9.88	14.67	9.62	19.82	8.39	2.38	2.84
钾细菌×10^5	暗棕壤	1.31	0.79	1.50	1.78	9.29	11.98	16.38	6.48	28.64	21.83	5.39	1.75
	黑砂土	0.90	1.46	0.65	1.64	5.01	4.64	3.62	8.70	2.66	8.24	1.35	2.35
	白浆土	0.59	2.54	1.34	3.20	3.46	3.87	7.68	3.74	6.64	0.94	0.43	0.62
细菌×10^6	暗棕壤	22.33	10.87	38.29	18.30	55.51	24.85	78.87	25.26	86.18	35.26	36.87	30.2
	黑砂土	17.81	8.29	23.64	11.07	46.40	17.89	45.06	15.66	29.93	19.34	20.37	16.21
	白浆土	12.54	5.11	21.49	9.33	33.07	12.43	18.73	11.72	18.99	15.04	13.40	11.1
放线菌×10^5	暗棕壤	15.75	13.6	32.96	15.67	42.52	18.71	47.89	19.37	52.04	16.77	80.26	17.03
	黑砂土	16.60	11.98	24.68	12.81	43.18	10.19	37.23	12.01	40.38	14.96	13.73	13.37
	白浆土	7.41	5.41	19.94	9.02	21.17	7.19	40.03	18.63	9.08	7.40	5.83	8.04
真菌×10^4	暗棕壤	16.06	9.67	25.74	15.26	21.71	6.78	23.11	8.82	23.58	6.30	24.50	6.40
	黑砂土	17.32	10.52	20.97	12.77	40.72	9.34	26.96	13.88	16.48	12.00	16.41	11.37
	白浆土	20.18	13.95	28.34	14.87	31.02	14.57	28.32	14.30	26.66	8.75	25.52	7.15

表 3 典型变量及典型相关系数显著性检验

Tbale 3 Canonical correlation with significance test in CCA

变量来源	典型变量	典型相关系数	卡方（χ^2）	*df*	*p*
根际土壤 3 大菌群/根际土壤 6 类功能菌群	V_1W_1	0.986	61.863	18	0.000
	V_2W_2	0.767	19.201	10	0.038
	V_3W_3	0.714	8.570	4	0.073
非根际土壤 3 大菌群/非根际土壤 6 类功能菌群	V_1W_1	0.979	53.890	18	0.000
	V_2W_2	0.820	15.918	10	0.102
	V_3W_3	0.434	2.510	4	0.643
根际土壤 3 大菌群/非根际土壤 3 大菌群	V_1W_1	0.941	31.020	9	0.000
	V_2W_2	0.349	1.807	4	0.771
	V_3W_3	0.064	0.056	1	0.813
根际土壤 6 类功能菌群/非根际土壤 6 类功能菌群	V_1W_1	0.992	113.718	36	0.000
	V_2W_2	0.952	70.143	25	0.000
	V_3W_3	0.924	45.187	16	0.000
	V_4W_4	0.874	25.048	9	0.003
	V_5W_5	0.767	9.870	4	0.043
	V_6W_6	0.227	0.556	1	0.456

表 4 土壤 3 大菌群与 6 类功能菌群显著典型变量典型结构分析

Table 4 Structure coefficients or correlations between the original variables and the significant canonical V_i and W_i produced by CCA for rhizosphere/ non- rhizosphere

观察值（x）	V_1	V_2	观察值（y）	W_1	W_2
根际细菌（x_1）	-0.987	0.061	根际好气性固氮菌（y_1）	-0.124	0.404
根际放线菌（x_2）	-0.670	0.564	根际氨化细菌（y_2）	-0.954	0.220
根际真菌（x_3）	0.073	0.902	根际亚硝化细菌（y_3）	-0.879	0.432
			根际硝化细菌（y_4）	-0.691	0.217
			根际纤维素分解菌（y_5）	-0.778	0.319
			根际钾细菌（y_6）	-0.871	0.086
方差	0.476	0.378	方差	0.590	0.092
累计方差	0.854		累计方差	0.682	
非根际细菌（x_1）	-0.970		非根际好气性固氮菌（y_1）	0.260	
非根际放线菌（x_2）	-0.728		非根际氨化细菌（y_2）	-0.948	
非根际真菌（x_3）	0.539		非根际亚硝化细菌（y_3）	-0.904	
			非根际硝化细菌（y_4）	-0.441	
			非根际纤维素分解菌（y_5）	-0.872	
			非根际钾细菌（y_6）	-0.703	
方差	0.613		方差	0.563	
累计方差	0.613		累计方差	0.563	

群变量和生理功能菌群变量。原始变量 x_1，x_2，x_3 分别代表细菌、放线菌和真菌，原始变量 y_1 到 y_6 分别代表好气性固氮菌、氨化细菌、亚硝化细菌、硝化细菌、好气性纤维素分解菌和钾细菌。

典型变量 V_1 解释了 47.6%的根际土壤 3 大菌群原始变量方差，V_1 与根际土壤细菌呈高度负相关关系（r=-0.987），与放线菌也呈现较强的负相关（r=-0.670），与真菌相关性不大（r=0.073）（表 4）。此外，在 V_1 表达式中，细菌权重系数（-0.904）绝对值最大，放线菌和真菌较小，权重系数分别-0.144 和 0.151，因此 V_1 主要表征的是细菌。

典型变量 W_1 解释了 59.0%的根际土壤微生物生理菌群原始变量方差。除好气性固氮菌外，W_1 和其他 5 个生理菌群原始变量均呈现较大的负相关关系，和氨化细菌相关性最大，r=-0.954。在 W_1 表达式中，y_2（氨化细菌）、和 y_5（好气性纤维素分解菌）的权重系数（分别为-1.225 和 1.060）绝对值较大，但 W_1 与 y_5 的相关系数（r=-0.778）符号同其在典型变量 W_1 表示式中的系数符号相反，因此 y_5 是一个矫正变量，W_1 主要表征的是氨化细菌。综上所述，第一对典型变量 V_1W_1 主要反应了烟草根际土壤中细菌和氨化细菌之间的正相关关系。

典型变量 V_2 解释了 37.8%的根际土壤 3 大菌群原始变量方差，典型变量 W_2 解释了 9.2%的根际土壤生理菌群原始变量方差。同理分析可知 V_2 主要表征的是真菌，其次为放线菌，W_2 主要表征的是好气性好气性固氮菌和纤维素分解菌，因此第二对典型变量 V_2W_2 主要反应了根际土壤真菌、放线菌同好气性固氮菌、好气性纤维素分解菌之间的正相关关系。

同理分析移栽后 20~120 d 烟草非根际土壤 3 大菌数量同 6 种生理功能菌之间相关关系，提取出的 3 对典型变量中只有第一对典型变量相关系数（r=0.979）达到显著水平（表 3），可以解释 61.3%的微生物 3 大菌组内变异和 56.3%的生理功能菌内变异（表 4），因此，非根际土壤中 3 大菌数量与 6 种生理功能类群数量之间存在相关关系。相关系数经标准化后，第一对典型变量表达式为：

$V_1 = -0.924x_1-0.160x_2-0.062x_3$

$W_1 = 0.014y_1-0.652y_2-0.301y_3-0.004y_4-0.214y_5+0.148y_6$

V 表征的是非根际土壤细菌（x_1）、放线菌（x_2）和真菌（x_3）数量这一指标，W 表征的是非根际土壤功能微生物类群指标，原始变量 y_1 到 y_6 分别代表好气性固氮菌、氨化细菌、亚硝化细菌、硝化细菌、好气性纤维素分解菌和钾细菌数量。分析可知第一对典型变量 V_1W_1 主要反应了烟草非根际土壤细菌同氨化细菌、亚硝化细菌和好气性纤维素分解菌三类功能菌之间的正相关关系。

2.2　烟草根际土壤与非根际土壤间微生物典型相关分析

用典型相关方法分别分析了 3 大微生物菌群和六类生理功能菌群在烟株根际土壤和非根际土壤之间的相关关系。在 3 大菌群间提取出了 3 对典型变量，其中第一对典型变量相关系数（r=0.941）到显著水平（表 3），可以解释 53.6%的根际土壤组内变异和 56.3%的非根际土壤组内变异（表 5）。因此，3 大菌在根际土壤和非根际土壤间存在相关关系。相关系数标准化后，得到第一对典型变量表达式：

$V_1 = -0.579x_1-0.544x_2+0.106x_3$

$W_1 = -1.013y_1-0.152y_2-0.227y_3$

典型变量 V 表征的是根际土壤 3 大菌指标，原始变量 x_1，x_2 和 x_3 分别表示根际土壤细菌、放线菌和真菌。V_1 和根际土壤 3 大菌数量均呈负相关关系，与细菌、放线菌负相关程度很大，相关系数分别为 r=-0.913 和 r=-0.878，与真菌相关性极低，r=-0.059（表 5），在 V_1 表达式中真菌（x_3）是一个校正变量。所以 V_1 主要表征的是根际土细菌和放线菌。典型变量 W 表征的是非根际土壤三大菌指标，原始变量 y_1，y_2 和 y_3 分别表示非根际土壤细菌、放线菌和真菌。分析可知 W_1 主要表征的是非根际土壤细菌。因此第一对典型变量主要反应了根际土壤中细菌、放线菌和非根际土壤中细菌之间的正相关关系。

在 6 类生理功能菌群间共提取出 6 对典型变

表 5　根际土壤与非根际土壤微生物显著典型变量典型结构分析

Table 5　Structure coefficients or correlations between the original variables and the significant canonical V_i and W_i produced by CCA for three groups / six physiological groups

观察值（x）	V_1	V_2	V_3	V_4	V_5	观察值（y）	W_1	W_2	W_3	W_4	W_5
根际细菌	-0.913					非根际细菌	-0.975				
根际放线菌	-0.878					非根际放线菌	-0.740				
根际真菌	-0.059					非根际真菌	0.437				
方差	0.536					方差	0.563				
累计方差			0.536			累计方差			0.563		
根际好气性固氮菌	0.172	0.522	0.032	0.833	0.021	非根际好气性固氮菌	0.035	0.819	-0.031	0.475	-0.222
根际氨化细菌	0.971	-0.229	0.006	0.050	0.037	非根际氨化细菌	0.919	-0.381	0.022	0.037	0.038
根际亚硝化细菌	0.912	-0.025	-0.185	0.300	0.208	非根际亚硝化细菌	0.745	-0.294	-0.275	0.305	0.425
根际硝化细菌	0.756	0.049	0.451	0.218	0.244	非根际硝化细菌	0.460	0.123	0.478	0.368	0.596
根际纤维素分解菌	0.925	-0.092	0.132	-0.283	0.127	非根际纤维素分解菌	0.938	0.030	-0.097	-0.179	0.276
根际钾细菌	0.857	-0.314	0.129	-0.066	0.013	非根际钾细菌	0.822	-0.231	0.151	0.019	-0.040
方差	0.661	0.072	0.046	0.153	0.020	方差	0.528	0.162	0.056	0.081	0.111
累计方差			0.952			累计方差			0.938		

量，其中 5 对典型相关系数达到显著或极显著水平（表 3）。达到显著水平的 5 对典型变量共解释了 95.2%的根际微生物变量和 93.8%非根际微生物变量。因此，6 类生理菌群在根际土壤和非根际土壤间存在相关关系。相关系数标准化后，典型变量表达式：

$V_1=0.460x_1+0.621x_2-0.236x_3-0.402x_4+0.903x_5+0.003x_6$

$W_1=0.277y_1+0.832y_2-0.215y_3-0.025y_4+0.483y_5 0.069y_6$

$V_2=1.559x_1-1.342x_2-0.552x_3-1.046x_4+3.112x_5-0.644x_6$

$W_2=0.700y_1-0.169y_2-0.571y_3+0.140y_4+1.074y_5-0.627y_6$

$V_3=0.129x_1+2.107x_2-2.097x_3+1.825x_4-0.557x_5-1.136x_6$

$W_3=0.130y_1+1.595y_2-1.604y_3+1.157y_4-0.422y_5-0.491y_6$

$V_4=0.161x_1+0.897x_2+0.337x_3+0.649x_4-2.117x_5+0.306x_6$

$W_4=0.668y_1+0.649y_2+0.954y_3+0.245y_4-1.550y_5+0.013y_6$

$V_5=2.193x_1-2.200x_2+3.401x_3+2.349x_4-1.041x_5-1.635x_6$

$W_5=0.601y_1-1.471y_2+0.746y_3+0.668y_4+0.723y_5-0.203y_6$

典型变量 V 和 W 分别表征的是根际土壤和非根际土壤功能微生物类群指标，原始变量 x_1 到 x_6（或 y_1 到 y_6）分别代表根际土壤（或非根际土壤）好气性固氮菌、氨化细菌、亚硝化细菌、硝化细菌、好气性纤维素分解菌和钾细菌数量。第一对典型变量 V_1W_1 解释了 66.1%的根际微生物组内变异和 52.8%的非根际微生物组内变异，第二至五对典型变量分别解释了 7.2%、4.6%、15.3 和 2.0%的根际微生物组内变异和 16.2%、5.6%、8.1%和 11.1%非根际微生物组内变异（表 5）。除第一对典型变量外，其余四对达到显著水平的典型变量与原始变量相关性不强，且包含信息较少，不能很好的反应根际土和非根际土微生物间的相关性。因此，只对第一对典型变量进行分析。

V_1 与根际土壤 6 类生理功能菌群均呈现正相关关系，除好气性固氮菌外，与其他 5 类生理菌群相关性均较大，相关系数分别为 r=0.971、r=0.912、r=0.756、r=0.925、r=0.857，（表 5）。在 V_1 表达式中，x_3 和 x_4 为矫正变量，x_6 权重系数接近于零（0.003），可以忽略不计，因此 V_1 主要表征的是 x_2（根际氨化细菌）和 x_5（根际好气性纤维素分解菌）。同理分析知 W_1 主要表征的是 y_2（非根际氨化细菌）和 y_5（非根际好气性纤维素分解菌）。因此第一对典型变量 V_1W_1 主要反应了根际土壤中好气性纤维素分解菌、氨化细菌同非根际土壤中氨化细菌、好气性纤维素分解菌之间呈现较强的正相关关系。

3 讨 论

土壤微生物在土壤中参与有机质和各种养分的分解与转化，与土壤质量或肥力高低密切相关。氨化细菌参与土壤的氨化作用，氨化细菌数量的多少直接反映了土壤氨化作用的强弱。典型相关分析表明根际土壤和非根际土壤中，氨化细菌数量均与土壤细菌数量呈现出极强的正相关关系，说明细菌在土壤有机氮转化分解中起着至关重要的作用。在非根际土壤中，细菌数量还与亚硝化细菌、好气性纤维素分解菌数量呈明显正相关，而在根际土壤中，好气性纤维素分解菌、固氮菌数量同真菌和放线菌呈正相关，表明根际土壤微生物间的相关关系与非根际土壤有差异。由于根系分泌物的选择作用，根际微生物在种类、微生物活性、多样性和均匀性等方面均与非根际土壤环境存在差异[18-19]，这可能是导致二者微生物菌群间相关性存在差异的一个原因。

受植物生长影响，根际与非根际微生物的生存环境有很大的差异，但根际与非根际并不是截然不同的环境，两者会相互影响，根际与非根际部分微生物之间存在着相关关系[15]。沈笑天等[15]研究认为，烟草根际微生物和非根际微生物间存在相关关系，但不存在对应相关关系，可用部分烟草非根际土壤微生物表征根际土壤微生物。本研究通过根际和非根际微生物之间的典型相关分析表明，细菌、放线菌数量在根际与非根际土壤之间不仅存在较强的正相关关系，而且是对应相关，与沈笑天等研究不相一致，这可能与植烟土壤类型不同有关。本研究显示，根际土壤真菌数量与非根际土壤相关性不大，这可能与供试 3 种类型土壤 pH 差别较大有关。研究还发现，好气性纤维素分解菌、氨化细菌数量在根际土壤与非根际土壤间存在明显的正相关关系，而好气性固氮菌、亚硝化细菌、硝化细菌

和钾细菌数量受根际环境影响较大，与非根际土相关性不强。根际微生物是受植物影响最大的土壤微生物群体，与根外相比，不仅微生物数量发生了变化，微生物结构和功能多样性也发生了变化[14,18-19]，但根际微生物生活环境被非根际土壤包围，它们之间是有联系的，因此根际和非根际微生物间即有联系又有区别，且受植物种类、季节、土壤等因素影响，表现出复杂的相关关系[5]。

4 结　论

细菌、真菌和放线菌 3 大菌群与 6 类生理功能菌群间存在相关关系，但根际土壤微生物间的相关关系与非根际土壤有所不同。

根际土壤和非根际土壤微生物间存在相关关系，细菌和放线菌数量在根际土壤和非根际土壤间表现为对应相关关系。

参考文献

[1] 韩艳洁，张秋良. 内蒙古大青山几种乔木根际微生物数量和根际效应[J]. 内蒙古农业大学学报，2010，31（2）：53-59.

[2] 吉艳芝，冯万忠，陈立新，等. 落叶松混交林根际与非根际土壤养分、微生物和酶活性特征[J]. 生态环境，2008，17（1）：339-343.

[3] 董兆佳，孟磊. 海南蕉园根际与非根际土壤氮素含量特征[J]. 中国农学通报，2010，26（6）：309-312.

[4] 龙新宪，刘洪彦，戴军，等. 两种生态型东南景天根际与非根际土壤微生物特征的差异性[J]. 土壤学报，2009，46（3）：547-552.

[5] 方昉，吴承祯，洪伟，等. 植物根际、非根际土壤酶与微生物相关性研究进展[J]. 亚热带农业研究，2007，3（3）：209-215.

[6] 鲁如坤. 土壤-植物营养学[M]. 北京：化学工业出版社，1998.

[7] Chandra Shekhar Nautiyal, Patrice Dion. Molecular Mechanisms of Plant and microbe Coexistence[M]. Berlin and Heidelberg: Springer, 2008.

[8] Petra Marschner, Zdenko Rengel. Nutrient Cycling in Terrestrial Ecosystems[M]. Berlin and Heidelberg: Springer, 2007.

[9] 陆雅海，张福锁. 根际微生物研究进展[J]. 土壤，2006，38（2）：113-121.

[10] 刘涛，刁治民，祈永青，等. 根际微生物及对植物生长效应的初步研究[J]. 青海草业，2008，17（4）：41-44，47.

[11] 徐广惠，王宏燕，刘佳. 抗草甘膦转基因大豆（RRS）对根际土壤细菌数量和多样性的影响[J]. 生态学报，2009，29（8）：4535-4541.

[12] 凌云，丁浩，徐亚同. 芦苇人工湿地根际微生物效应研究[J]. 农业系统科学与综合研究，2008，24（2）：214-222.

[13] 靳正忠，雷加强，李生宇，等. 流动沙漠腹地灌木根际土壤微生物比较分析[J]. 应用与环境生物学报，2010，16（6）：759-764.

[14] 冯云. 土壤特性对烤烟根际微生物和烟叶活性氧代谢的影响[D]. 郑州：河南农业大学，2008.

[15] 沈笑天，冯云，刘国顺，等. 烟区烟草根际与非根际土壤微生物的生态因子作用分析[J]. 生态环境，2007，16（5）：1504-1511.

[16] 钱永平. 邓恩桉根系生物量和根长的典型相关分析[J]. 亚热带农业研究，2009，5（4）：247-250.

[17] 姚占芳，吴云汗. 微生物学实验技术[M]. 北京：气象出版社，1998.

[18] 安韶山，李国辉，陈利顶. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤微生物功能多样性[J]. 生态学报，2011，31（18）：5225-5234.

[19] 林凤敏，姬文秀，李虎林. 烟草根际与非根际细菌的系统发育多样性研究[J]. 湖北农业科学，2011，50（5）：1058-1062.