

植物根际微生物的影响因素研究进展

徐文静,靳晓东,杨秋生*

(河南农业大学 林学院,河南 郑州 450002)

摘要: 根际土壤微生物是土壤生态系统中最活跃的组分,可作为土壤肥力的指标,因此它对于土壤生态系统具有重要意义。对国内关于植物根际微生物的影响因素研究进展进行了综述,主要包括植物自身因素(植物种类、生长状况、根系分泌物、转基因)和外界因素(CO₂ 浓度、地理条件、重金属与化学物质、施肥),并对该领域未来的研究进行了展望。

关键词: 植物; 土壤; 根际微生物; 影响因素

中图分类号: S154.3 文献标志码: A 文章编号: 1004-3268(2014)05-0006-07

Research Progress on Factors Influencing Plant Rhizosphere Microorganism

XU Wen-jing, JIN Xiao-dong, YANG Qiu-sheng*

(College of Forestry, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China)

Abstract: The most active component is the rhizosphere microorganism in soil ecosystem, which is the index of soil fertility and important in soil ecosystem. This paper summarized the factors influencing plant rhizosphere microorganism such as plant species, growth conditions, root exudates, transgene and CO₂ concentration, geographical conditions, heavy metal and chemicals, fertilization in China, and prospected the future research on factors influencing rhizosphere microorganism.

Key words: plant; soil; rhizosphere microorganism; influence factor

根际是指植物根系与土壤微生物之间相互作用所形成的独特的微生态环境,也是植物-土壤-微生物相互作用的场所^[1-2]。根际微生物是土壤生态系统中最活跃的组分,在土壤生态中起着重要的作用,可以作为土壤肥力的指标之一,它是土壤生态系统中物质循环和能量流动的主要参与者,担负着土壤中C、N、P和S等养分的循环和土壤有机质分解等重任,影响着土壤有机质的转化,同时在陆地生态系统中也发挥着重要的作用^[3-4]。因此,研究植物根际微生物影响因素,对提高土壤肥力和根际土壤微生物数量和活性,改善土壤生态环境具有重要意义。为此,对根际微生物影响因素进行综述,以期对植物根际微生物的深入研究和改善根际土壤肥力提供理论依据。

1 植物自身因素对根际微生物的影响

1.1 植物种类

根际微生物数量和结构的变化导致了根际微生物群落的变化,植物的种类不同,其根际土壤中的微生物种类、结构和功能也不同。章家恩等^[5]研究发现,不同植被下土壤对不同类型的微生物产生的根际效应不同,丫蕨、青皮、大叶相思和广东凤下土壤对真菌、放线菌具有明显的根际效应,尾叶桉、湿地松和木荷分别对放线菌、真菌和细菌有明显的根际效应,但木荷对真菌和放线菌则呈现出负效应,柳叶竹对真菌也呈现负效应。高崇阳^[6]研究发现,飞机草的入侵使真核微生物数量和群落多样性大大降低,薇甘菊入侵使根际土壤中真、细菌群落的多样性

收稿日期:2014-01-02

作者简介:徐文静(1989-),女,河南郑州人,在读硕士研究生,研究方向:园林植物栽培生理。E-mail: xuwenjing_zz@163.com

* 通讯作者:杨秋生(1958-),男,辽宁阜新人,教授,博士生导师,主要从事园林植物栽培教学和研究。

降低,但绝对数量得到了提高。陈文军等^[7]研究了厚荚相思和巨尾桉的土壤微生物类群与数量,结果表明,2种林分的微生物总量及细菌、真菌、固氮菌具有根际正效应,而放线菌则表现出根际负效应。王天龙^[8]研究发现,沙柳、灌木柠条、杨柴和半灌木油蒿这4种植物的根际微生物数量均表现为好气性细菌最多,放线菌居中,真菌最少。马晓梅等^[9]研究发现,胡杨和怪柳根际的真菌、细菌和放线菌的数量和结构都不相同,特别是2种植物根际的真菌、细菌和放线菌数量均存在极显著差异;胡杨的根际微生物总量及真菌、细菌、放线菌数量分别是怪柳的2倍、8倍、2倍、2倍。邹莉等^[10]研究大兴安岭樟子松、落叶松纯林以及樟落混交林根际土壤微生物的多样性发现,在根际土壤中,三大微生物类群数量表现为细菌>放线菌>真菌;主要微生物类群结构、优势类群在不同林型中表现出明显差异,其中,以樟落混交林根际土壤中的优势类群最多。韩艳洁等^[11]研究发现,蒙古落叶松人工林、大青山油松、白桦山杨混交林3种林型的微生物数量以细菌最多,放线菌次之,真菌最少;3种林型的根际效应具有很大的差异,介于0.27~5.32。

1.2 生长状况

根系为植物根际微生物的生长提供营养和能源,使其种类、数量以及代谢活性始终保持平衡。植物在不同生长发育时期,其根系分泌物质的种类和数量不同,因此,根际微生物的种群结构与数量随着植物的生长发育而产生变化。杜小刚等^[12]研究发现,刺槐人工林根际微生物群落结构与功能随着树龄的增加存在时间上的连续性,次生林优于相同树龄人工林,丛枝菌根对刺槐根际微生物群落的稳定性和功能多样性的增加具有促进作用。方昉^[13]发现,不同年份种植的雷公藤根际土壤微生物群落结构差异不显著,但根际微生物数量具有差异,其随着雷公藤种植年龄增加而增加。范玉贞^[14]研究发现,白三叶草在不同生长时期对根际细菌、真菌数量及微生物总数的影响相似,根际效应和分布数量随植株生长的盛衰而增减,根际放线菌数量则与植株生长的盛衰呈负相关。邱立友等^[15]发现,在烤烟的整个生育期中,根际微生物数量以旺长期最多,成熟期和采收期次之,团棵期最少;根际微生物生物量碳与微生物数量相似,旺长期、成熟期较高,采收期次之,团棵期最少。谢光新等^[16]发现,细菌和真菌数量以10年生茶树根际土壤中的最多,2年生茶树根际放线菌数量显著高于10年生。

根际微生物与植物的生长有着密切的联系,而根际微生物群落结构与土壤传播的病害具有一定的联系,植物土传病害的发生在某种程度上是根际土壤微生物群体相互作用的结果,根际土壤环境中的生物多样性是影响植物土传病害发生的重要因素之一^[17]。陆宁海等^[18]对玉米茎基腐病植株根际微生物数量的研究发现,感病与健康玉米的根际微生物数量具有显著差异;感病玉米植株的根际细菌和真菌数量均显著高于健康玉米植株,但两者之间的放线菌数量差异不明显;健康玉米植株根系真菌有8种,而感病玉米植株根际真菌仅有2~4种,且只有稀少真菌与优势种,优势种的菌落数占其总菌落数的87.7%以上,远远高于健康玉米。雷娟利等^[19]发现,在西瓜生长发育的不同阶段根际微生物数量不同,其随西瓜生长发育不断增加,至开花结果期达到最大,之后开始下降;根际细菌的数量与西瓜抗枯萎病性具有相关性,在生长发育各个阶段均表现为抗病材料的根际细菌数量远高于感病材料,根际真菌、放线菌数量与西瓜的抗、感枯萎病性不具有相关性。余文英等^[20]对枯萎病黄瓜各生育时期的根际微生物数量进行了研究,结果表明,在初花期根际细菌数量表现出下降趋势;在黄瓜初花期和结果期,根际真菌和放线菌数量均呈明显上升趋势;在结果期,感病黄瓜根际真菌数量明显减少,在某种程度上枯萎病减缓了黄瓜根际放线菌数量的变化。高海有等^[21]发现,笋用竹有病植株的根际微生物数量和种群丰富度均高于正常植株。

1.3 根系分泌物

植物生长发育过程中一直进行着旺盛的新陈代谢,植物的根系从环境中摄取水分与养分的同时,也向其周围土壤中不断地分泌着许多有机化合物,包括有机酸、糖类、酚类等物质,它们给根际微生物提供了物质能量和营养,改变了土壤微生物的活性和生态分布,使根际效应得以产生。赵大君等^[22]发现,凤眼莲根际细菌的生长速率受根系分泌物影响,同时细菌降酚酶活性也受其根系分泌物影响,表现出低浓度促进、高浓度抑制的规律。连作现象普遍存在,由于连作能产生大量根系分泌物,其对根际微生物产生的影响不可小觑。焦海华^[23]发现,在松树、柏树、苹果树的根际分泌物的影响下,离根表距离越远处根际微生物的数量越少。杨远彪^[24]发现,连栽桉树人工林土壤中真菌数量表现为连栽3a>连栽2a>连栽1a>当年栽种,放线菌数量为连栽3a>当年栽种>连栽2a>连栽1a,细菌数量为连

栽 2 a>当年栽种>连栽 3 a>连栽 1 a;连栽 2 a 桉树人工林的微生物总量最多。高艳^[25]研究了刺槐、柠檬桉和大叶相思根系分泌物对根际微生物的影响,结果表明,根际微生物数量与根系分泌物的多少有关,但未形成一定比例关系,二者之间关系比较复杂,当根系分泌物处于低水平时,根际微生物数量较高。周宝利等^[26]发现,在根系分泌物邻苯二甲酸二丁酯的影响下,茄子根际土壤中黄萎菌的增殖受到了抑制,大体上看,根系分泌物邻苯二甲酸二丁酯增加了嫁接茄子根际细菌、放线菌数量以及根际微生物总量,而降低了真菌数量。周宝利等^[27]发现,辣椒根系分泌物中的松香酸使根际微生物总量、放线菌数量减少,真菌和细菌数量增加,细菌与真菌比值升高,放线菌与真菌比值下降,表明松香酸对辣椒根际微生物有一定的自毒作用。马海燕^[28]将未种植过非洲菊的土壤作为对照,研究了非洲菊连作土壤的理化性质、微生物数量和土壤酶活性变化,结果发现,连作后土壤细菌、放线菌数量减少,真菌数量增多;土壤从细菌型转向真菌型,土壤肥力变差,导致地力衰竭。

1.4 转基因

许多研究发现,转基因会对植物根际微生物产生影响,特别是根际微生物数量和活性。王洪兴等^[29]在实验室条件下研究了转 *Bt* 基因水稻及其亲本秸秆在降解过程中对土壤中细菌、放线菌、真菌、解磷微生物、反硝化细菌数量的影响,结果表明,不同处理细菌数量在秸秆降解过程中的变化趋势相似,转基因水稻与其亲本之间存在显著差异,非转基因水稻细菌数量高于转基因水稻;转基因水稻真菌数量显著高于非转基因水稻(除降解初期第 3 天、第 6 天);放线菌数量变化规律不明显;秸秆降解过程中,非转基因水稻的反硝化细菌活性高于转基因水稻,而各处理之间的解磷微生物活性无明显差异。袁红旭等^[30]研究发现,水稻七转 39 根际土壤中细菌、真菌数量比非转基因水稻少。刘佳等^[31]发现,与非转基因大豆相比,抗草甘膦转基因大豆根际土壤细菌、放线菌数量明显降低,而真菌数量增加;转基因大豆对根际土壤硝化细菌、反硝化细菌和氨化细菌的影响不明显,即转基因大豆对根际土壤真菌生长具有促进作用,而在一定程度上抑制了根际土壤微生物的数量和功能强度。杜伟等^[32]发现,转基因大豆在第 2 生长周期的第 30~100 天极显著地抑制了根际土壤真菌数量,说明根际土壤微生物确实受转基因大豆的影响,但并无明显规律。刘颖^[33]研

究发现,转基因抗虫棉中棉 30 在二叶和五叶期与非转基因棉花的根际土壤微生物的代谢特征有很大的差异;其中转基因中棉 30 与非转基因中棉 16 相比,其根际微生物代谢能力显著提高。

虽然许多研究表明转基因会对植物根际微生物产生影响,但也有学者认为转基因对植物的根际微生物区系没有影响。曹珂珂^[34]研究发现,转 *Bar* 基因小麦和未转基因小麦根际微生物数量均随小麦生长发育时期而变化,在拔节期后,转 *Bar* 基因小麦根际细菌数量与未转基因小麦差异极显著,而放线菌数量差异不明显;从孕穗期开始,转 *Bar* 基因小麦的根际真菌数量与未转基因小麦差异极显著。陆英等^[35]发现,转基因香蕉植株根际土壤中细菌、真菌、放线菌种群及微生物群落功能多样性(72 h)的 5 种指数与非转基因香蕉植株相比均未受到显著影响。王兵等^[36]研究不同生育时期转抗菌蛋白基因烟草、转空载体烟草以及非转基因烟草对紫色土根际微生态环境的影响,结果表明,在整个生育期,转抗菌蛋白基因与转空载体烟草根际细菌数量变化情况与非转基因烟草一致,但在成熟期,非转基因烟草的细菌数量明显高于转抗菌蛋白基因与转空载体烟草;3 种类型的烟草根际真菌数量相对稳定,且差异不显著。王倩倩^[37]研究发现,转基因苹果栽种 30 d 时,根际土壤细菌、真菌数量高于非转基因苹果,但差异不显著;60 d 时,根际土壤真菌数量显著高于非转基因苹果;90 d 时,转基因苹果根际细菌和真菌数量与非转基因苹果差异不显著;转基因苹果在各栽种时期,根际土壤放线菌数量与未转基因苹果差异均不显著。张林森等^[38]发现,转植酸酶玉米、非转基因玉米根际微生物数量在相同发育时期基本一致。

2 外界因素对植物根际微生物的影响

2.1 CO₂ 浓度

大气 CO₂ 浓度升高是全球变暖的重要因素之一,人类长久以来的日常活动不断影响着大气 CO₂ 浓度,大气 CO₂ 浓度也因此逐步上升。植物在光合作用下,能将 20%~50% 的同化物运送到根系,这些物质通过根系死亡和根系分泌物而进入土壤,因而其总量和组成会因 CO₂ 浓度的升高而产生变化。也就是说土壤碳通量在量和质方面发生了变化,因而改变了根际微生物的底物,最终对植物根际微生物产生影响。一些研究发现,CO₂ 浓度升高会影响植物根际微生物的数量。肖玲等^[39]利用自控、封闭、独立的生长室系统研究大气 CO₂ 浓度升高

(EC)和温度(ET)及两者交互作用(ECT)对不同栽植密度红桦根际可培养微生物数量的影响发现,高密度条件下EC使根际细菌数量增加,而EC对低密度处理的根际细菌数量影响不显著;低密度条件下EC使根际放线菌数量明显增加,而无论在高密度或低密度条件下,ET和ECT对根际放线菌数量都没有影响;EC和ET对高、低密度条件下的根际真菌数量无显著影响,而ECT显著增加了根际真菌数量。张文会等^[40]发现,CO₂浓度倍增能够使大豆齐黄27根瘤菌数量和根际真菌数量增加,而且CO₂浓度增加能够减弱UV-B增强对放线菌的抑制作用。张习美等^[41]发现,高浓度CO₂明显增加了美洲商陆根际土壤中的放线菌、真菌、细菌数量,其增幅分别是21%~41%、25%~58%、19%~32%。

2.2 地理条件

地理位置不同,其气候、地势等因素都会有所不同,进而会影响植物的生长,同时也会对植物的根际环境产生影响。张海涵等^[42]研究不同生态条件下陕南商南和陕北安塞油松菌根根际微生物群落发现,安塞油松菌根根际微生物的优势类群是氨基酸类代谢群,商南油松菌根根际微生物的优势类群是糖代谢群;商南油松菌根根际微生物多样性、群落大小及活性均高于安塞油松,而微生物群落稳定性则低于商南油松。马晓梅^[43]研究塔里木河中下游的库木吐格、铁干里克、英苏和阿拉干这几个地理环境中9种植物的根际微生物数量发现,塔里木荒漠河岸林主要建群植物的根际微生物三大类群的数量以细菌最多,放线菌次之,真菌最少;该地区植物根际真菌、放线菌数量明显超过其他地区。张爱梅等^[44]发现,林缘河滩沙棘灌丛的沙棘根际微生物总数和细菌、放线菌、真菌数量均高于阳坡干旱草地,且根际微生物种类组成存在很大差异。张新军等^[45]发现,长鞭红景天的根际效应显著,细菌、真菌、放线菌的根际效应最高分别为67.6、105.3、42.4,并且其根际微生物中存在多种植物根际促生菌,长鞭红景天根际微生物显著的根际效应及根际促生菌的存在对长鞭红景天适应高原环境有很大帮助。吴洁婷^[46]研究芦苇在不同生长季和生境下的根际微生物群落结构发现,芦苇根际放线菌、细菌群落结构变化以及根际微生物碳源代谢差异的主导影响因子均为湿地类型,芦苇根际真菌群落结构变化的主要影响因子是生长季变化与湿地类型。易思荣等^[47]发现,根际微生物总量随海拔梯度增加没有明显变化,随土壤深度增加呈现出明显递减的趋势。卢鑫萍

等^[48]发现,在盐渍化土壤中,根际微生物碳源利用类型具有显著差异;在草甸盐土中,根际微生物以氨基酸代谢类群为优势类群;在盐化灌淤土中,根际微生物主要为多聚化合物代谢类群;碳水化合物代谢类群是碱化龟裂土中根际微生物的优势类群。

2.3 重金属与化学物质

土壤微生物是保持土壤活性的主要因素之一,在C、N、P、K、S和其他元素的生物地化循环中起着重要的作用,同时对土壤中有毒重金属的迁移转化、有机污染物的自净等发挥重要的作用^[49]。重金属对植物根际微生态的影响已成为当今的研究热点。廖继佩等^[50]发现,随着Cu、Cd浓度的增加根际微生物数量减少。王兆炜^[51]发现,在有机物与Cu复合污染下微生物生物量相对于无污染土壤明显降低,随着复合污染程度的增加,黑麦草、番薯、水稻根际微生物生物量碳大大降低。周宝利^[52]对高、中、低3个砷污染程度的蜈蚣草根际与非根际土壤进行研究发现,其根际土壤中细菌数量与砷污染程度呈负相关,并且细菌数量显著高于真菌与放线菌;而土壤中放线菌数量与砷污染程度无相关性。石汝杰等^[53]研究发现,土壤被铅污染后,4种草本植物根际土壤中细菌和真菌数量均增加,但增幅不同;黑麦草和早熟禾根际土壤放线菌数量降低,翦股颖根际土壤放线菌数量波动起伏。李廷强等^[54]发现,东南景天根际微生物对重金属胁迫的敏感性为放线菌>细菌>真菌,硝化细菌>自生固氮菌>氨化细菌>磷细菌>纤维分解菌。傅绍光等^[55]发现,低水平的铝、氟处理对2种不同基因型茶树(白茶和智仁早茶)根际土壤中放线菌和细菌的生长繁殖以及呼吸强度具有刺激作用,高水平的铝、氟处理对这些微生物表现为明显的抑制作用;高水平的铝、氟处理对真菌生长表现为促进作用。刘彦华^[56]发现,土壤被低浓度的萘污染(质量浓度小于50 mg/kg或100 mg/kg)后,小叶章某些生理指标显示出受其胁迫,在高浓度时其胁迫作用显著;与未受萘胁迫的小叶章相比,在50 mg/kg和100 mg/kg萘处理下的小叶章,土壤根际微生物数量增加,在200 mg/kg和400 mg/kg萘处理下,土壤根际微生物数量减少。周玲莉等^[57]发现,杨树根际土壤微生物量碳含量与五氯酚污染浓度呈负相关,即五氯酚对土壤微生物活性具有毒害作用;经五氯酚污染后,杨树根际土壤微生物群落的Simpson指数、Shannon指数和McIntosh指数升高,微生物群落的丰富度、均匀度和优势度增强,并且五氯酚对土壤微生物的刺激作用随浓度的增加而

增强。李淑英等^[58]研究重金属 Pb^{2+} 、 Cr^{6+} 、 Cd^{2+} 和 Hg^{2+} 对大藻根际微生物和氮循环细菌区系的影响时发现,在 4 种不同浓度的重金属胁迫下,根际微生物的结构和数量具有一定的差异,特别是硝化细菌、氨化细菌、反硝化细菌和亚硝化细菌的变化最为明显; Hg^{2+} 对细菌、放线菌、真菌数量抑制最明显,其次是 Pb^{2+} ;被 4 种重金属胁迫影响最显著地是放线菌,其次是细菌,真菌对重金属的反应最不敏感。贾夏等^[59]发现,在冬小麦出苗 3 周时, Cd^{2+} 对根际土壤真菌、细菌、亚硝化细菌以及自生固氮菌的数量具有明显的抑制作用,而对放线菌数量具有明显的促进作用;随着 Cd^{2+} 浓度增加,在群落中细菌所占比例和微生物总数下降,而微生物多样性指数、放线菌与真菌的比值以及真菌与细菌的比值升高。司美茹等^[60]研究了不同酸度模拟酸雨与 Zn、Cd 单独或复合处理对绞股蓝根际土壤微生物多样性的影响,结果表明,Zn 单独处理时,绞股蓝根际细菌、真菌、放线菌、纤维素分解菌数量均高于未受污染土壤;酸雨作用下,当 Zn-Cd 复合污染低浓度处理时,根际细菌、真菌、放线菌、氮素生理类群、纤维素分解菌及绞股蓝茎叶总皂甙含量表现拮抗效应;Zn-Cd 高浓度处理时,根际三大类群微生物、氮素生理类群、纤维素分解菌及绞股蓝茎叶总皂甙含量具有协同效应。

2.4 施肥

学者们在施肥对根际微生物影响方面进行了大量的研究。贾志红等^[61]研究发现,对不同的作物进行施肥,其根际微生物的数量具有差异,特别当施 N、P、K 完全肥时根际微生物数量最多,施肥作物比不施肥作物的根际微生物数量要多。文景芝等^[62]研究发现,单施有机肥最有利于根际真菌和放线菌的生长繁殖,同时对根际硝化细菌、亚硝酸细菌的生长繁殖也具有促进作用。陈伟等^[63]发现,施肥对平邑甜茶不同根际微生物类群的影响具有明显差异,除根际固氮菌以外,其他微生物类群的数量受有机肥、氮肥显著影响;当氮肥质量浓度为 500 mg/kg 时,放线菌、纤维素分解菌、细菌数量被抑制,但此抑制作用会被 3% 与 6% 的有机肥缓解。熊桂林等^[64]发现,小麦根际荧光假单胞菌种群量在稻秸秆还田、草木灰和钾肥处理后都有提高,此外,钾肥还显著增加了小麦根际纹枯菌拮抗细菌指数。倪才英等^[65]为探究绿肥根际调控效果的原因,分析了紫云英根际微生物的种类,发现其根际土壤中主要是以氨基酸、糖类、酯类和醇类四大碳源为生的微生物,而与以磷酸盐、羧酸和胺类为碳源的微生物关系不大;另外,

即使是以同一类物质为碳源的微生物种群,在紫云英根际的表现也不完全一样。郑华等^[66]研究不同施肥处理对烤烟根际微生物的影响发现,在施用菜籽饼时,烤烟根际微生物数量显著增加。吕德国等^[67]研究不同施肥时期和方式对苹果根际微生物数量与土壤酶活性的影响,结果表明,不同施肥方式对寒富苹果根际微生物数量的影响以覆膜施肥最为显著,其次是不覆膜施肥;在不同施肥时期,根际细菌、真菌和放线菌数量在覆膜施肥的作用下显著提高。刘玮等^[68]研究发现,在施肥条件下,毛竹根际微生物的多样性指数会增加;肥料种类和施肥量能很大程度地影响毛竹根际微生物种群的组成,在氮、磷养分相同的情况下,毛竹根际微生物种群组成会受钾肥施入的影响;此外,随着钾肥施用量的增加,根际微生物多样性呈升高的趋势。黄玥^[69]研究了烤烟、玉米在不同施肥处理下其根际土壤微生物数量的变化规律,结果表明:在烤烟团棵期、旺长期以及成熟期,有机肥与无机肥的搭配施用对土壤根际放线菌、细菌数量有促进作用;在玉米大喇叭口期、拔节期和成熟期,土壤根际细菌数量在有机肥与无机肥搭配处理的情况下,比其他处理都高;在整个玉米的生育期,生物有机肥处理的根际土壤放线菌数量高于其他处理。赵兰凤等^[70]研究不同施肥处理对香蕉根际土壤微生物群落功能多样性的影响发现,不同施肥处理对香蕉根际微生物数量和群落功能影响显著,其中经生物有机肥处理的根际微生物的活性比较高。

3 展望

近年来,根际微生物的研究主要偏重于根际微生物的多样性、植物与根际微生物的相互作用等,已经取得了令人瞩目的成果和进展,但是对于根际微生物影响因素的研究还比较片面,现在的研究主要是从单方面因素对根际微生物的影响进行分析,其中主要有根际分泌物、施肥、重金属等。气候因素是环境条件中的重要因素,根际微生物的差别在很大程度上是以气候条件为转移的,极端的气候条件会对根际微生物产生不利的影响。然而,近百年来,人类活动造成全球气候变化明显,主要包括 CO_2 浓度增加、气温升高、UV-B 辐射增强和降雨模式改变等。单个影响因子已经不足以阐明根际微生物变化的原因,因此,进行根际微生物对极端温度、增高的 CO_2 浓度、太阳辐射以及降雨模式变化等复合逆境响应的机制性、动态性和综合性研究显得十分必要而且意义深刻。

参考文献:

- [1] 蔡晓红,杨京平,马维娜,等.稻田根际微生物生物量碳与水分、氮素影响效应分析[J].浙江大学学报,2008,34(6):662-668.
- [2] 陆雅海,张福锁.根际微生物研究进展[J].土壤,2006,38(2):113-121.
- [3] Sehmel D, Melillo J M, Tian H Q, *et al.* Contribution of increasing CO₂ and climate to carbon storage by ecosystem in the United States[J]. Science, 2000, 287(5460):2004-2006.
- [4] Preston M J, Boddy I, Randerson P F. Analysis of microbial community functional diversity using sole-carbon-source utilization profiles-acritique[J]. Fems Microbiol Ecol, 2002, 42(1):1-14.
- [5] 章家恩,刘文高,王伟胜.南亚热带不同植被根际微生物数量与根际土壤养分状况[J].土壤与环境,2002,11(3):279-282.
- [6] 高崇阳.紫荇泽兰、薇甘菊和飞机草根际微生物分子生态学研究[D].哈尔滨:东北林业大学,2006.
- [7] 陈文军,熊英,黄世芳,等.两种速生人工纯林土壤微生物类群生态分布与养分状况的研究[J].广西农业生物科学,2007,26(z1):107-112.
- [8] 王天龙.内蒙古鄂尔多斯几种典型固沙植物根际微生物研究[D].雅安:四川农业大学,2007.
- [9] 马晓梅,尹林克,陈理.塔里木河干流胡杨和柽柳根际土壤微生物及其垂直分布[J].干旱区研究,2008,25(2):183-189.
- [10] 邹莉,唐庆明,王轶.落叶松、樟子松纯林及混交林土壤微生物的群落分布特征[J].东北林业大学学报,2010,38(11):63-64,79.
- [11] 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.
- [12] 杜小刚,唐明,陈辉,等.黄土高原不同树龄刺槐丛枝菌根与根际微生物的群落多样性[J].林业科学,2008,44(4):78-82.
- [13] 方昉.不同年龄雷公藤根际微生物与土壤酶活性的研究[D].福州:福建农林大学,2009.
- [14] 范玉贞.白三叶草不同生长期根际微生物的变化[J].江苏农业科学,2010(5):459-460.
- [15] 邱立友,祖朝龙,杨超,等.皖南烤烟根际微生物与焦甜香特色风格形成的关系[J].土壤,2010,42(1):45-52.
- [16] 谢光新,张荣先,黄雪飞,等.不同生长年限茶树根际微生物分布的差异[J].湖北农业科学,2012,51(15):3177-3179.
- [17] 蔡燕飞,廖宗文,董春,等.番茄青枯病的土壤微生态防治研究[J].农业环境保护,2002,21(5):417-420.
- [18] 陆宁海,吴利民.健康与罹病玉米根际微生物数量及真菌区系研究[J].玉米科学,2007,15(5):136-138.
- [19] 雷娟利,寿伟松,董文其,等.抗感枯萎病西瓜根际微生物比较研究[J].微生物学通报,2008,35(7):1034-1038.
- [20] 余文英,郑宏,张绍井.温室黄瓜枯萎病根际微生物动态变化研究[J].中国农学通报,2009,25(7):235-238.
- [21] 高海有,邓超颖,周小慧.笋用竹正常植株和病害植株根际微生物的分析[J].中南林业科技大学学报,2010,30(9):181-186.
- [22] 赵大君,郑师章.凤眼莲根分泌物氨基酸对根际肠杆菌属 F2 细菌降解酶的影响[J].应用生态学报,1996,7(4):435-438.
- [23] 焦海华.根的分泌物与根际微生物关系的研究[J].洛阳师范学院学报,2003(2):88-90.
- [24] 杨远彪.连栽桉树根际微生物分析及固氮菌的研究[D].南宁:广西大学,2008.
- [25] 高艳.不同干旱条件下的根系分泌物及其与根际微生物的关系[D].重庆:西南大学,2008.
- [26] 周宝利,孙传齐,韩琳,等.邻苯二甲酸二丁酯对茄子根际土壤黄萎菌数量及土壤微生物组成的影响[J].华北农学报,2010,25(6):150-153.
- [27] 周宝利,李燕,李东,等.化感物质松香酸对辣椒种子萌发、幼苗生长及根际微生物的影响[J].华北农学报,2010,25(5):155-160.
- [28] 马海燕.非洲菊连作的土壤环境变化及其化感效应研究[D].泰安:山东农业大学,2012.
- [29] 王洪兴,陈欣,唐建军,等.转 *Bt* 基因水稻秸秆降解对土壤微生物可培养类群的影响[J].生态学报,2004,24(1):89-94.
- [30] 袁红旭,张建中,郭建夫,等.种植转双价抗真菌基因水稻对根际微生物群落及酶活性的影响[J].土壤学报,2005,42(1):122-126.
- [31] 刘佳,刘志华,徐广惠,等.抗草甘膦转基因大豆(RRS)对根际微生物和土壤氮素转化的影响[J].农业环境科学学报,2010,29(7):1341-1345.
- [32] 杜伟,黄启星,左娇,等.南繁条件下转基因大豆对根际土壤可培养微生物的影响[J].热带作物学报,2012,33(3):417-421.
- [33] 刘颖.转基因棉花对土壤根际微生物多样性的影响[D].福州:福建农林大学,2006.
- [34] 曹珂珂.转 *Bar* 基因小麦根际微生物区系分析及风险性评价[D].合肥:安徽农业大学,2006.
- [35] 陆英,贺春萍,吴伟怀,等.转基因香蕉植株对根际土壤微生物的影响[J].热带作物学报,2008,29(1):38-41.
- [36] 王兵,杨星勇,郭涛,等.转基因(*LJAMP2*)烟草对紫色土根际微生物和酶的影响[J].西南大学学报,2013,35(5):1-7.

- [37] 王倩倩. 转基因苹果对微生物群落数量及植株花粉育性影响研究[D]. 保定: 河北农业大学, 2013.
- [38] 张林森, 杨正友, 孙红炜, 等. 转植酸酶玉米生育期及秸秆还田期根际微生物数量和细菌菌群多样性[J]. 山东农业科学, 2013, 45(3): 71-75.
- [39] 肖玲, 王开运, 张远彬. CO₂ 浓度和温度升高对红桦根际微生物的影响[J]. 生态学报, 2006, 26(6): 1701-1708.
- [40] 张文会, 刘立科, 苗秀莲, 等. CO₂ 倍增及 UV-B 增强对大豆植株生长和根际微生物的影响[J]. 西北植物学报, 2009, 29(4): 724-732.
- [41] 张习美, 唐世荣, 宋正国, 等. CO₂ 浓度升高对美洲商陆富积钡及其根际微生物特征的影响[J]. 核农学报, 2010, 24(6): 1255-1261.
- [42] 张海涵, 唐明, 陈辉, 等. 不同生态条件下油松 (*Pinus tabulaeformis*) 菌根根际土壤微生物群落[J]. 生态学报, 2007, 27(12): 5463-5470.
- [43] 马晓梅. 塔里木荒漠河岸林主要建群植物根际微生物分布特点[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2007.
- [44] 张爱梅, 孙坤, 达文燕. 马街山两种不同生境沙棘根际微生物研究[J]. 西北师范大学学报: 自然科学版, 2008, 44(1): 69-73.
- [45] 张新军, 郑维列, 兰小中, 等. 色季拉山长鞭红景天根际微生物初步研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(28): 172-177.
- [46] 吴洁婷. 湿生芦苇根际微生物群落结构与功能研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2011.
- [47] 易思荣, 黄娅, 肖波, 等. 濒危植物银杉根际微生物群落动态变化研究[J]. 西南大学学报, 2012, 34(12): 48-53.
- [48] 卢鑫萍, 杜摇茜, 闫永利, 等. 盐渍化土壤根际微生物群落及土壤因子对 AM 真菌的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(13): 4071-4078.
- [49] Knight B P, McGrath S P, Chaudri A M. Biomass ar-bon measurements and substrate utilization patterns of microbial populations from soils amended with cadmium, copper, or zinc[J]. Applied Environmental Microbiology, 1997, 63: 39-43.
- [50] 廖继佩, 林先贵, 曹志洪, 等. 丛枝菌根真菌与重金属的相互作用对玉米根际微生物数量和磷酸酶活性的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2002, 8(4): 408-413.
- [51] 王兆炜. 有机-重金属复合污染根际微生物生态效应[D]. 杭州: 浙江大学, 2005.
- [52] 周宝利. 蜈蚣草富集砷过程中的土壤微生物变化与钾、钙分析[D]. 重庆: 西南大学, 2006.
- [53] 石汝杰, 陆引罡. 酸性黄壤铅污染下植物根际微生物和酶活性研究[J]. 水土保持学报, 2008, 22(1): 114-117.
- [54] 李廷强, 舒钦红, 杨肖娥. 不同程度重金属污染土壤对东南景天根际土壤微生物特征的影响[J]. 浙江大学学报: 农业与生命科学版, 2008, 34(6): 692-698.
- [55] 傅绍光, 刘鹏, 罗虹. 铝和氟对茶树根际土壤微生物交互作用的研究[J]. 浙江师范大学学报: 自然科学版, 2009, 32(3): 332-337.
- [56] 刘彦华. 蔡污染对湿地植物小叶章 (*Calamagrostis angustifolia*) 根际微生物及土壤酶的影响[D]. 吉林: 东北师范大学, 2010.
- [57] 周玲莉, 姚斌, 向仰州, 等. 五氯酚胁迫对杨树生长及根际微生物群落的响应特征[J]. 林业科学, 2010, 46(10): 62-68.
- [58] 李淑英, 周元清, 陈艳, 等. 重金属胁迫下大藻根际微生物的变化[J]. 贵州农业科学, 2010, 38(3): 79-82.
- [59] 贾夏, 周春娟, 董岁明. 重金属 Cd²⁺ 对冬小麦幼苗根际微生物种群数量的影响[J]. 中国农学通报, 2011, 27(21): 246-252.
- [60] 司美茹, 苏涛, 赵云峰. 模拟酸雨与重金属复合胁迫对绞股蓝生长及根际微生物的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2011, 27(2): 69-74.
- [61] 贾志红, 孙敏, 杨珍平, 等. 施肥对作物根际微生物的影响[J]. 作物学报, 2004, 30(5): 491-495.
- [62] 文景芝, 李刚, 张齐凤, 等. 施肥对大棚黄瓜根际微生物群落结构和数量消长的影响[J]. 中国蔬菜, 2007(12): 11-14.
- [63] 陈伟, 束怀瑞. 施肥对平邑甜茶根际微生物的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2008, 14(2): 328-333.
- [64] 熊桂林, 陈怀谷, 李伟, 等. 不同施肥处理对小麦纹枯病发生及根际微生物的影响[J]. 江苏农业学报, 2008, 24(4): 414-418.
- [65] 倪才英, 曾珩, 黄玉源, 等. 紫云英根际微生物碳源利用多样性研究[J]. 广西植物, 2009, 29(5): 614-620.
- [66] 郑华, 石俊雄, 樊立辉, 等. 菜籽饼与化肥配施对烤烟根际微生物的影响[J]. 中国烟草科学, 2009, 30(6): 46-48, 52.
- [67] 吕德国, 孟倩, 秦嗣军, 等. 冷凉地区不同施肥时期与方式对苹果根际微生物和土壤酶活性的影响[J]. 江苏农业科学, 2010(4): 133-136.
- [68] 刘玮, 邓光华, 张嘉超, 等. 不同施肥处理对毛竹根际微生物影响及其 PCR-DGGE 分析[J]. 东北林业大学学报, 2011, 39(5): 50-53.
- [69] 黄玥. 施肥和种植方式对烤烟、玉米根际微生物数量及细菌群落的影响[D]. 重庆: 西南大学, 2013.
- [70] 赵兰凤, 胡伟, 刘小锋, 等. 生物有机肥对香蕉根际土壤生物多样性的影响[J]. 华南农业大学学报, 2013, 34(2): 144-148.