

樱桃属 (*Cerasus*) 植物根围微生物多样性

吕德国, 于 翠*, 杜国栋, 秦嗣军, 李芳东, 刘国成

(沈阳农业大学园艺学院, 沈阳 110161)

摘要:研究了樱桃属 (*Cerasus*) 5 种植物本溪山樱 (*Cs*)、大青叶 (*Cp*)、马哈利 (*Cm*)、考特 (*Cap*)、早红宝石 (*Ca*) 各主要生长期根围微生物数量、种群组成、Shannon-Wiener 指数 (*H*)、丰富度 (*S*)、Pielou 均匀度指数 (*J*)、Simpson 优势度 (*D*) 和优势微生物种群变化动态。从樱桃根围共分离到细菌 18 属, 优势菌属主要为假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和黄杆菌属 (*Flavobacterium*); 放线菌为链霉菌的 12 个类群, 优势类群主要为白色类群 (*Albosporus*)、吸水类群 (*Hygroscopicus*) 和黄色类群 (*Flavus*); 真菌 6 属, 优势菌属为青霉属 (*Penicillium*)。樱桃根围微生物的多样性指数 (*H*)、丰富度指数 (*S*)、均匀度指数 (*J*) 及优势度指数 (*D*) 随樱桃种类不同而发生变化, 细菌的多样性和丰富度指数为 $Ca > Cs > Cp > Cm > Cap$, 放线菌为 $Ca > Cp > Cs > Cm > Cap$, 真菌为 $Cm > Ca > Cp > Cs > Cap$ 。各生长期根围微生物种类与数量发生变化, 新梢迅速生长期 *Ca*、*Cs*、*Cp* 和 *Cm* 根围微生物种类与数量较多, 新梢停长期 *Cap* 根围微生物种类与数量较多, 落叶期 5 种樱桃属植物根围微生物种类与数量均较少。

关键词: 樱桃属植物; 根际; 微生物; 多样性指标

文章编号: 1000-0933(2008)08-3882-09 中图分类号: Q948 文献标识码: A

Microbe diversity in the rhizosphere of *Cerasus* plants

LÜ De-Guo, YU Cui*, DU Guo-Dong, QIN Si-Jun, LI Fang-Dong, LIU Guo-Cheng

College of Horticulture, Shenyang Agricultural University, Shenyang, Liaoning 110161, China

Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(8): 3882 ~ 3890.

Abstract: The rhizosphere microorganisms play very important roles in nutrient and water metabolism, disease resistance, growth and development of plants. An investigation on microbe diversity in the rhizosphere of *Cerasus* plants was carried out at the Fruit Experiment Station of Shenyang Agricultural University. The population, population composition, Shannon-Wiener index (*H*), richness index of genera (*S*), Pielou evenness index (*J*) and Simpson index (*D*) of bacteria, actinomycetes and fungi in the rhizosphere of *Cerasus sachalinensis* Kom. (*Cs*), *Cerasus pseudocerasus* L. (*Cp*), *Cerasus mahaleb* L. (*Cm*), *Cerasus avium* L. × *Cerasus pseudocerasus* Kom. (*Cap*), *Cerasus avium* L. (*Ca*) with various growth stages were determined with dilution plate separation and the physiological biochemical characteristic identification methods. This study showed that bacteria isolated belonged to 18 genus, among which *bacillus*, *pseudomonas*, *flavobacterium* were the dominant ones. *Albosporus*, *hygroscopicus* and *flavus* were the main dominant *streptomyces* in twelve groups of actinomycetes. Fungi was composed of 6 genus, and *penicillium* was the dominate ones. Diversity index (*H*), richness index of genera (*S*), evenness index (*J*) and dominant index (*D*) of cherry rhizosphere microbe varied with cherry varieties, and diversity index and richness index of genera of bacteria followed a pattern of $Ca > Cs > Cp > Cm > Cap$, while actionmyces followed a

基金项目: 辽宁省教育厅高等学校科学研究 A 类资助项目 (051393); 沈阳农业大学青年教师基金资助项目 (2005035)

收稿日期: 2007-04-08; 修订日期: 2008-04-09

作者简介: 吕德国 (1967 ~), 男, 山东省莱芜县人, 教授, 主要从事果树栽培生理与生态研究. E-mail: lvdeguo@163.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yucui-h@163.com

Foundation item: The project was financially supported by Scientific Research Item A of Educational Institute in Liaoning Province (No. 051393), and the Item of Yong Teacher Fund of Shenyang Agricultural University (No. 2005035)

Received date: 2007-04-08; Accepted date: 2008-04-09

Biography: LÜ De-Guo, Professor, mainly engaged in culturing physiology and ecology of fruit trees. E-mail: lvdeguo@163.com

pattern of $Ca > Cp > Cs > Cm > Cap$, and fungi followed a pattern of $Cm > Ca > Cp > Cs > Cap$. The rhizosphere microbe composition and population changed with the growth stage, the species number and population of microbes were more at the fast growing stage of shoots in five *Cerasus* plants, and at withholding growing stage of shoots of *Cap*, while less at defoliation stage.

Key Words: *Cerasus* plants; rhizosphere; microorganism; diversity index

植物根围是生物和物理特性受根系紧密影响的区域,该区域微生物物种多样性丰富。研究表明,植物根系和根围微生物的生理活动对土壤理化性状、养分有效性与植物吸收利用、植物生长发育和健康状况都具有举足轻重的影响^[1~5],国内外对植物根围微生物的研究均有报道^[6,7],陈文军等对两种速生人工纯林土壤微生物类群生态分布的研究表明,两种林分对土壤微生物特别是根际微生物群落组成具有选择性影响^[8];V. Torsvik 比较出了两种农田的微生物多样性和群落结构的不同变化^[9];湛方栋等对烤烟根围微生物种群结构及其动态变化进行研究,表明烤烟根际微生物的数量、群落结构、优势种群和种群多样性及它们的变化受生育期和植烟土壤类型的影响^[10]。但是,目前所能了解的详细的微生物多样性信息大部分来自于几类易于研究的农田、森林、草地等群落类型^[8~13],而对于果树中樱桃属植物根围微生物多样性的研究尚未见到报道。因此,针对樱桃属植物独特的根域特性,本文对其根围微生物进行分离与鉴定,以期为樱桃属植物根系的适应性评价提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试地自然概貌

试验地设在沈阳农业大学果树试验基地,该基地位于北纬 42°,东经 123°,海拔 50~60m 之间;年日照时数 2587.6h 左右,年平均气温在 7~7.9℃之间,最高气温为 35.3℃,最低气温为 -32.3℃,全年无霜期在 153d 左右。四季分明,降水较为集中,年均降水量为 705.4mm,属于受季风影响的湿润和半湿润温带大陆性气候,土壤为粘壤土。

1.2 试验材料及设计

试验于 2005 年进行,以 2 年生本溪山樱 *Cerasus sachalinensis* Kom. (*Cs*) 实生苗、大青叶 *Cerasus pseudocerasus* L. (*Cp*) 分株苗、马哈利 *Cerasus mahaleb* L. (*Cm*) 实生苗、考特 *Cerasus avium* L. × *Cerasus pseudocerasus* Kom. (*Cap*) 分株苗、早红宝石 *Cerasus avium* L. (*Ca*) 组培苗为试材,苗木于 2004 年 5 月定植于冷棚中,常规管理,11 月初进行冬季保护越冬,次年 3 月中旬撤掉防寒。

取样方法与时间:按照四分法采集土壤样品,抖根法取根围土壤,即轻轻抖落黏附于根系上的土壤,然后把根系放入无菌袋内用力抖下的土壤为根围土。分别于 7 月(新梢迅速生长期)、9 月(新梢停长期)、11 月(落叶期)取样,完全随机处理,5 次(株)重复。

1.3 根围微生物的分离及鉴定方法

采用牛肉膏蛋白胨培养基分离培养细菌,采用高氏一号培养基分离培养放线菌,采用马丁氏培养基分离培养真菌,并对分离到的细菌、放线菌和真菌进行分类鉴定^[14~18]。采用稀释平板法计算菌落数(CFU),计数后取 3 个重复的平均值^[14]。采用 DPS 数据统计软件进行数据分析。

1.4 根围微生物的多样性测度

Shannon-Wiener 指数(H)、Pielou 指数(J)和丰富度指数(S)讨论根围环境的微生物多样性特征^[19~22]。多样性指数 H 的计算公式为: $H = - \sum P_i \ln P_i$ 式中, $P_i = N_i/N$, N_i 为属 i 的单菌落数量, N 为土样中总单菌落数量。 S 为属 i 所在土样中属的数目。均匀度指数 J 的计算公式为: $J = - \sum P_i \ln P_i / \ln S$ 。采用 Simpson 优势度指数测定群落内不同物种所起的作用和所占的地位^[23],其公式为: $D = \sum P_i^2$ 。以在最高稀释度平板上出现 5 个以上菌落的菌株为根围优势菌株^[14]。

2 结果与分析

2.1 樱桃根围微生物组成的季节变化

细菌、真菌、放线菌三大类微生物中, *Cp*、*Cm*、*Ca* 全生长期根围土壤微生物总量以细菌所占比例最大, 其次是放线菌, 真菌数量最少; *Cs* 和 *Cap* 则以放线菌所占比例最大, 其次是细菌, 真菌数量亦最少。全生长期樱桃间根围微生物数量为 $Cs > Ca > Cm > Cp > Cap$ (表 1)。新梢迅速生长期 *Cm* 和 *Ca* 根围细菌数量与其他樱桃属植物根围微生物数量差异显著 ($p < 0.05$), 新梢停长期 *Cs* 根围细菌、放线菌数量和 *Cm* 根围放线菌数量与其他樱桃属植物根围微生物数量差异显著 ($p < 0.05$), 落叶期 *Cs* 根围放线菌数量与其他樱桃属植物根围微生物数量差异显著 ($p < 0.05$)。

表 1 樱桃不同生长期根围微生物数量 ($\times 10^6 \text{ CFU} \cdot \text{g}^{-1} \text{ dry soil}$)

Table 1 Microbe population in the rhizosphere of *Cerasus* plants with various growth stages

樱桃属 Cerasus	微生物 Microbes	FGS	WGS	DS
<i>Cs</i>	细菌 Bacteria	274.36 $\pm$ 27.82b	153.33 $\pm$ 35.23a	107.69 $\pm$ 9.34b
	真菌 Fungi	0.00 $\pm$ 0.00e	0.35 $\pm$ 0.03f	0.10 $\pm$ 0.06c
	放线菌 Actinomyces	96.03 $\pm$ 5.67cde	158.67 $\pm$ 6.11a	324.36 $\pm$ 92.41a
<i>Cp</i>	细菌 Bacteria	97.22 $\pm$ 6.63cde	37.65 $\pm$ 7.20de	116.67 $\pm$ 30.93b
	真菌 Fungi	0.00 $\pm$ 0.00e	0.38 $\pm$ 0.04f	0.04 $\pm$ 0.006c
	放线菌 Actinomyces	18.159 $\pm$ 4.37cd	72.84 $\pm$ 3.55c	112.96 $\pm$ 10.97b
<i>Cm</i>	细菌 Bacteria	466.67 $\pm$ 95.30a	66.03 $\pm$ 6.36cd	21.11 $\pm$ 8.95c
	真菌 Fungi	0.50 $\pm$ 0.07e	0.19 $\pm$ 0.02f	0.04 $\pm$ 0.02c
	放线菌 Actinomyces	124.78 $\pm$ 9.01cd	164.10 $\pm$ 16.58a	47.78 $\pm$ 3.39bc
<i>Cap</i>	细菌 Bacteria	20.37 $\pm$ 8.50e	31.35 $\pm$ 0.69e	12.50 $\pm$ 2.50c
	真菌 Fungi	0.00 $\pm$ 0.00e	0.09 $\pm$ 0.02f	0.00 $\pm$ 0.00c
	放线菌 Actinomyces	35.09 $\pm$ 1.97de	42.86 $\pm$ 2.16de	8.33 $\pm$ 4.43c
<i>Ca</i>	细菌 Bacteria	551.04 $\pm$ 26.58a	45.83 $\pm$ 6.10cde	26.47 $\pm$ 5.88c
	真菌 Fungi	0.67 $\pm$ 0.08e	0.22 $\pm$ 0.04f	0.01 $\pm$ 0.002c
	放线菌 Actinomyces	162.19 $\pm$ 9.93c	104.76 $\pm$ 9.83b	2.94 $\pm$ 0.94c

表中数据为 3 次重复的平均值 $\pm$ 标准差; 不同小写字母表示差异显著; FGS 为新梢迅速生长期, WGS 为新梢停长期, DS 为落叶期; 下同
Data were calculated from mean standard deviation and based on three replicates. Data with different small letters are significantly different ($p < 0.05$); FGS is fast growing stage of shoots, WGS is withholding growing stage of shoots, and DS is defoliation stage; the same below

2.2 樱桃根围细菌种群组成变化动态

樱桃根围细菌种群组成随生长期而发生变化, 由表 2 可见, 根围细菌以革兰氏阴性杆菌为主, 分别属于芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、黄杆菌属 (*Flavobacterium*)、产碱菌属 (*Alcaligenes*)、埃希氏菌属 (*Escherichia*)、根瘤菌属 (*Rhizobium*)、德克斯氏菌属 (*Derxia*)、黄单胞菌属 (*Aanthomonas*)、拜叶林克氏菌属 (*Beijerinckia*)、葡糖杆菌属 (*Gluconobacter*)、固氮菌属 (*Azotobacter*)、气单胞菌属 (*Aeromonas*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 等。优势种群为假单胞菌属、芽孢杆菌属、黄杆菌属等。樱桃属植物间, 全生长期根围细菌数量为 $Ca > Cm > Cs > Cp > Cap$ 。*Cs*、*Cp*、*Cm* 与 *Ca* 根围细菌数量均于新梢迅速生长期最多, 而 *Cap* 于新梢停长期最多。

2.3 樱桃根围放线菌种群组成变化动态

樱桃根围放线菌以链霉菌类群为主, 由表 3 可见, 分别属于白色类群 (*Albosporus*)、烬灰类群 (*Cinereus*)、吸水类群 (*Hygrosopicus*)、黄色类群 (*Flavus*)、青色类群 (*Glaucus*)、蓝色类群 (*Cyaneus*)、绿色类群 (*Viridis*)、金色类群 (*Aureus*)、淡紫灰类群 (*Lavendulas*)、粉红色类群 (*Roseosporus*)、灰褐类群 (*Griseofuscus*)、玫瑰紫亚群 (*Roseovilaceus*) 等。优势类群为白色类群、吸水类群、黄色类群、烬灰类群、青色类群、灰褐类群。樱桃属植物间, 全生长期根围链霉菌属数量为 $Cs > Cm > Ca > Cp > Cap$ 。*Ca* 新梢迅速生长期根围链霉菌数量最多, *Cm* 与

Cap 新梢停长期最多, *Cs* 与 *Cp* 落叶期最多。

表 2 樱桃根围细菌种群*多样性

Table 2 Population diversity of bacteria in rhizosphere of *Cerasus* plants

樱桃属 <i>Cerasus</i>	生长期 Growth stages	单菌落数 Colony numbers	属及单菌落数 The genera and its respectively colony numbers
<i>Cs</i>	FGS	18	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (4), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (7), 德克斯氏菌属 <i>Derrxia</i> (1), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (4), 未知菌 Unknown (2)
	WGS	17	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (5), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (2), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (6), 不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i> (1), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (1), 微球菌属 <i>Micrococcus</i> (1), 未知菌 Unknown (1)
	DS	15	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (1), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (3), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (5), 土壤杆菌属 <i>Agrobacterium</i> (1), 微球菌属 <i>Micrococcus</i> (1), 黄单胞菌属 <i>Xanthomonas</i> (1), 动胶菌属 <i>Zoogloea</i> (1), 葡糖杆菌属 <i>Gluconobacter</i> (1), 未知菌 Unknown (1)
<i>Cp</i>	FGS	20	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (4), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (3), 微球菌属 <i>Micrococcus</i> (1), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (3), 葡萄球菌属 <i>Staphylococcus</i> (1), 产碱菌属 <i>Alcaligenes</i> (1), 葡糖杆菌属 <i>Gluconobacter</i> (1), 克雷伯氏菌属 <i>Klebsiella</i> (6)
	WGS	16	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (1), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (6), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (7), 不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i> (1), 拜叶林克氏菌属 <i>Beijerinckia</i> (1)
	DS	11	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (1), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (2), 土壤杆菌属 <i>Agrobacterium</i> (1), 埃希氏菌属 <i>Escherichia</i> (1), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (2), 德克斯氏菌属 <i>Derrxia</i> (1), 动胶菌属 <i>Zoogloea</i> (1), 葡糖杆菌属 <i>Gluconobacter</i> (1), 未知菌 Unknown (1)
<i>Cm</i>	FGS	34	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (7), 产碱菌属 <i>Alcaligenes</i> (6), 根瘤菌属 <i>Rhizobium</i> (2), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (11), 德克斯氏菌属 <i>Derrxia</i> (1), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (5), 埃希氏菌属 <i>Escherichia</i> (1), 葡糖杆菌属 <i>Gluconobacter</i> (1)
	WGS	24	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (2), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (9), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (8), 不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i> (1), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (2), 拜叶林克氏菌属 <i>Beijerinckia</i> (1), 未知菌 Unknown (1)
	DS	11	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (2), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (3), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (4), 动胶菌属 <i>Zoogloea</i> (1), 气单胞菌属 <i>Aeromonas</i> (1)
<i>Cap</i>	FGS	7	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (1), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (3), 微球菌属 <i>Micrococcus</i> (1), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (2)
	WGS	13	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (3), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (3), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (4), 不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i> (1), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (1), 埃希氏菌属 <i>Escherichia</i> (1)
	DS	6	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (3), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (2), 不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i> (1)
<i>Ca</i>	FGS	39	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (7), 产碱菌属 <i>Alcaligenes</i> (3), 根瘤菌属 <i>Rhizobium</i> (5), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (11), 德克斯氏菌属 <i>Derrxia</i> (1), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (2), 黄单胞菌属 <i>Xanthomonas</i> (4), 拜叶林克氏菌属 <i>Beijerinckia</i> (4), 葡糖杆菌属 <i>Gluconobacter</i> (2)
	WGS	28	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (4), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (7), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (10), 不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i> (2), 黄杆菌属 <i>Flavobacterium</i> (2), 埃希氏菌属 <i>Escherichia</i> (1), 气单胞菌属 <i>Aeromonas</i> (1), 未知菌 Unknown (1)
	DS	10	固氮菌属 <i>Azotobacter</i> (3), 芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i> (2), 假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i> (3), 埃希氏菌属 <i>Escherichia</i> (1), 拜叶林克氏菌属 <i>Beijerinckia</i> (1)

表中数据为 3 个平皿 (3 次重复) 所分离到菌属与数量, 表 3 与表 4 同 Data were the genus and population calculated from three plates (three replicates), and table 3 and table 4 is the same; * 下同 the same below

2.4 樱桃根围真菌种群组成变化动态

樱桃根围真菌数量较少, 种群组成如表 4, 分别为曲霉属 (*Aspergillus*)、青霉属 (*Penicillium*)、毛霉属 (*Mucor*)、木霉属 (*Trichoderma*)、根霉属 (*Rhizopus*) 等, 优势类群为青霉属和木霉属。樱桃属植物间, 全生长期根围真菌数量为 $Ca > Cm > Cs > Cp > Cap$ 。*Cm* 与 *Ca* 新梢迅速生长期根围真菌数量最多, *Cs*、*Cp* 和 *Cap* 新梢停长期最多。

表 3 樱桃根围放线菌种群组成 * 多样性

Table 3 Population diversity of actinomycetes in rhizosphere of *Cerasus* plants

樱桃属 <i>Cerasus</i>	生长期 Growth stages	单菌落数 Colony numbers	属及单菌落数 The genera and its respectively colony numbers
<i>Cs</i>	FGS	12	白色类群 <i>Alboporus</i> (2), 蓝色类群 <i>Cyaneus</i> (3), 黄色类群 <i>Flavus</i> (5), 青色类群 <i>Glaucus</i> (2) WGS16 白色类群 <i>Alboporus</i> (6), 黄色类群 <i>Flavus</i> (4), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (4), 未知菌 Unknown (2)
	DS	24	吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (7), 烟灰类群 <i>Cinereus</i> (6), 黄色类群 <i>Flavus</i> (4), 青色类群 <i>Glaucus</i> (4), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (3)
<i>Cp</i>	FGS	10	白色类群 <i>Alboporus</i> (2), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (5), 青色类群 <i>Glaucus</i> (1), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (1), 黄色类群 <i>Flavus</i> (1)
	WGS	13	白色类群 <i>Alboporus</i> (3), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (1), 黄色类群 <i>Flavus</i> (5), 烟灰类群 <i>Cinereus</i> (3), 未知菌 <i>Unknown</i> (1) DS16 白色类群 <i>Alboporus</i> (6), 黄色类群 <i>Flavus</i> (4), 青色 类群 <i>Glaucus</i> (5), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
<i>Cm</i>	FGS	18	白色类群 <i>Alboporus</i> (7), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (4), 青色类群 <i>Glaucus</i> (3), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (3), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
	WGS	21	白色类群 <i>Alboporus</i> (6), 黄色类群 <i>Flavus</i> (4), 金色类群 <i>Aureus</i> (3), 灰褐类群 <i>Griseofuscus</i> (7), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
	DS	8	白色类群 <i>Alboporus</i> (2), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (3), 青色类群 <i>Glaucus</i> (3)
<i>Cap</i>	FGS	7	白色类群 <i>Alboporus</i> (3), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (3), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
	WGS	9	白色类群 <i>Alboporus</i> (3), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (2), 黄色类群 <i>Flavus</i> (1), 灰褐类群 <i>Griseofuscus</i> (1), 未知菌 <i>Unknown</i> (2)
	DS	5	白色类群 <i>Alboporus</i> (2), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (2), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (1)
<i>Ca</i>	FGS	20	白色类群 <i>Alboporus</i> (7), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (5), 绿色类群 <i>Viridis</i> (2), 蓝色类群 <i>Cyaneus</i> (2), 粉红色类群 <i>Roseosporus</i> (1), 金色类群 <i>Aureus</i> (1), 淡紫灰类群 <i>Lavendulas</i> (1), 玫瑰紫亚群 <i>Roseovilaceus</i> (1)
	WGS	17	白色类群 <i>Alboporus</i> (5), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (3), 黄色类群 <i>Flavus</i> (5), 烟灰类群 <i>Cinereus</i> (2), 灰褐类群 <i>Griseofuscus</i> (1), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
	DS	6	白色类群 <i>Alboporus</i> (4), 吸水类群 <i>Hygroscopicus</i> (2)

* 下同 the same below

表 4 樱桃根围真菌种群组成 * 多样性

Table 4 Population diversity of fungi in rhizosphere of *Cerasus* plants

樱桃属 <i>Cerasus</i>	生长期 Growth stages	单菌落数 Colony numbers	属及单菌落数 The genera and its respectively colony numbers
<i>Cs</i>	FGS	—	—
	WGS	7	青霉 <i>Penicillium</i> (4), 木霉 <i>Trichoderma</i> (3)
	DS	4	毛霉 <i>Mucor</i> (1), 曲霉 <i>Aspergillus</i> (1), 青霉 <i>Penicillium</i> (2)
<i>Cp</i>	FGS	—	—
	WGS	6	镰刀菌 <i>Fusarium</i> (2), 木霉 <i>Trichoderma</i> (4)
	DS	2	毛霉 <i>Mucor</i> (1), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
<i>Cm</i>	FGS	15	木霉 <i>Trichoderma</i> (3), 青霉 <i>Penicillium</i> (6), 镰刀菌 (3), 未知菌 <i>Unknown</i> (3)
	WGS	5	毛霉 <i>Mucor</i> (2), 镰刀菌 <i>Fusarium</i> (3)
	DS	2	毛霉 <i>Mucor</i> (1), 青霉 <i>Penicillium</i> (1)
<i>Cap</i>	FGS	—	—
	WGS	6	毛霉 <i>Mucor</i> (2), 根霉 <i>Rhizopus</i> (4)
	DS	—	—
<i>Ca</i>	FGS	20	木霉 <i>Trichoderma</i> (5), 青霉 <i>Penicillium</i> (12), 根霉 <i>Rhizopus</i> (2), 未知菌 <i>Unknown</i> (1)
	WGS	5	毛霉 <i>Mucor</i> (2), 木霉 <i>Trichoderma</i> (3)
	DS	4	青霉 <i>Penicillium</i> (1), 曲霉 <i>Aspergillus</i> (3)

* 下同 the same below

2.5 樱桃根围微生物多样性变化动态

樱桃根围细菌的多样性、丰富度、均匀度及优势度指数见表 5, 细菌的多样性、丰富度指数以 *C_p* 落叶期最大, *Ca_p* 落叶期最小; 均匀度指数以 *C_p* 落叶期最大, 新梢停长期最小。樱桃根围链霉菌类群的多样性与丰富度指数以 *Ca* 新梢迅速生长期最大, 落叶期最小; 均匀度指数以 *C_m* 落叶期最大, *C_p* 新梢迅速生长期最小。樱桃根围真菌的多样性、丰富度指数以 *C_m* 新梢迅速生长期最大, *Ca* 落叶期最小。樱桃属植物间, 全生育期 *Ca* 根围细菌的多样性及丰富度指数较大, *C_s* 次之, *Ca_p* 最小。 *Ca* 根围链霉菌的多样性及丰富度指数较大, *C_p* 次之, *Ca_p* 最小; *Ca* 和 *Ca_p* 根围链霉菌均匀度及优势度指数较大。 *C_m* 根围真菌的多样性及丰富度指数较大, *Ca* 次之, *Ca_p* 最小; *Ca* 和 *C_m* 根围真菌均匀度及优势度指数较大。

表 5 樱桃根围微生物的多样性、丰富度、均匀度及优势度指数

樱桃属 <i>Cerasus</i>	生长期 Growth stages	细菌 Bacteria				放线菌 Actinomycetes				真菌 Fungi			
		<i>H</i>	<i>S</i>	<i>J</i>	<i>D</i>	<i>H</i>	<i>S</i>	<i>J</i>	<i>D</i>	<i>H</i>	<i>S</i>	<i>J</i>	<i>D</i>
<i>C_s</i>	FGS	1.4405	5	0.8950	0.2654	1.3086	4	0.9440	0.2917	—	—	—	—
	WGS	1.6459	7	0.8458	0.2388	1.3209	4	0.9528	0.2813	0.6829	2	0.9852	0.5102
	DS	1.9518	9	0.8883	0.1822	1.5631	5	0.9712	0.2188	1.0397	3	0.9464	0.3750
<i>C_p</i>	FGS	1.7398	7	0.8941	0.2022	1.3592	5	0.8445	0.3200	—	—	—	—
	WGS	1.1275	5	0.7005	0.4375	1.4389	5	0.8940	0.2662	0.6365	2	0.9183	0.5556
	DS	2.1458	9	0.9766	0.1240	1.3197	4	0.9520	0.2803	0.6931	2	1.0000	0.5000
<i>C_m</i>	FGS	1.7563	8	0.8446	0.2059	1.4594	5	0.9068	0.2593	1.3321	4	0.9610	0.2800
	WGS	1.4848	7	0.7630	0.3125	1.4630	5	0.9090	0.2517	0.6730	2	0.9710	0.5200
	DS	1.4681	5	0.9122	0.2562	1.0822	3	0.9851	0.3438	0.6931	2	1.0000	0.5000
<i>Ca_p</i>	FGS	1.2770	4	0.9212	0.3061	1.0042	3	0.9141	0.3878	—	—	—	—
	WGS	1.6313	6	0.9105	0.2189	1.5230	5	0.9463	0.2346	0.6365	2	0.9183	0.5556
	DS	1.0144	3	0.9206	0.3889	1.0549	3	0.9602	0.3600	—	—	—	—
<i>Ca</i>	FGS	1.9917	9	0.9064	0.1611	1.7737	8	0.8530	0.2150	1.0331	4	0.7452	0.4350
	WGS	1.8145	8	0.8726	0.3152	1.6111	6	0.8992	0.2249	0.6730	2	0.9710	0.5200
	DS	1.5048	5	0.9350	0.2400	0.6365	2	0.9183	0.5556	0.5623	2	0.8113	0.6250

表中数据由表 2、表 3 和表 4 中数据计算所得 The data were calculated from table 2, table 3 and table 4

2.6 樱桃根围微生物种群组成比较

樱桃根围微生物种群结构差异如表 6, 樱桃属植物全生长期根围共有细菌为芽孢杆菌属、假单胞菌属、黄杆菌属、固氮菌属、不动杆菌属。葡萄球菌属为 *C_p* 根围特有菌属。根围共有的链霉菌为白色类群、吸水类群、黄色类群、粉红色类群。玫瑰紫亚群、淡紫灰类群与绿色类群为 *Ca* 根围特有链霉菌类群。根围共有真菌为毛霉属。

3 讨论

试验结果表明, 樱桃属不同种类根围微生物种群构成和优势种群不同。例如 *Ca* 根围微生物种群结构较丰富, 分离到的优势微生物数量较多, 而种间杂种如 *Ca_p* 较单一, 且各生长期均未分离到优势细菌和放线菌。这与湛方栋等^[10]试验结果有一定差异, 表明根围微生物种群区系的组成具有植物基因型的差异。全生长期樱桃根围中均分离到假单胞菌属和芽孢杆菌属菌株, 表明二者的分离率较大。湛方栋等认为假单胞杆菌和芽孢杆菌为土壤典型的发酵类型微生物, 它们对环境条件变化反应迅速, 生长很快。此与本试验结果大体相同。

植物根系形态结构与生长特点不同, 也会影响根围微生物种类与数量。其中组培苗根系为须根系, 根系发达; 实生苗根系为直根系, 主根发达须根不发达; 分株苗为浅根系, 水平根发达, 这些均导致根围微生物种类与数量不同。本研究樱桃属植物中 *Ca* 组培苗根围微生物种类与数量较多, *C_m* 实生苗次之, *Ca_p* 分株苗最少, 表明根围微生物与根系的生长发育状况有着密切关系, 其内在机制和生产中的潜在意义有待进一步研究。

表 6 樱桃根围微生物种群结构的差异

Table 6 The difference of population structure of microbes in rhizosphere of *Cerasus* plants

樱桃属 <i>Cerasus</i>	细菌 Bacteria			放线菌 Actinomycetes			真菌 Fungi		
	特有属 Special genera	共有属 Common genera	非共有属 Non-common genera	特有属 Special genera	共有属 Common genera	非共有属 Non-common genera	特有属 Special genera	共有属 Common genera	非共有属 Non-common genera
<i>Cs</i>	—	芽孢杆菌,	沙门氏菌,	—	白色类群,	青色类群,	—	毛霉	曲霉, 木霉,
<i>Cp</i>	葡萄球菌	假单胞菌,	葡糖杆菌,	—	吸水类群,	灰褐类群,	—		根霉, 镰刀
<i>Cm</i>	—	黄杆菌,	德克斯氏	—	黄色类群,	蓝色类群,	—		菌, 青霉
<i>Cap</i>	—	固氮菌,	菌, 动胶	—	粉红色	金色类群,	—		
<i>Ca</i>	—	不动杆菌	菌, 气单		类群	烬灰类群	—		
			胞菌, 根				—		
			瘤菌, 克						
			雷伯氏菌,	淡紫灰类					
			黄单胞菌,	群, 绿色					
			土壤杆菌,	类群, 玫					
			微球菌,	瑰紫亚群					
			产碱菌,						
			拜叶林克						
			氏菌, 埃						
			希氏菌						

根围微生物主要的营养源和能源是植物根系活动的分泌物和脱落物,植物在不同生育时期,其代谢和根系分泌作用有差别,必然影响到根围微生物^[24,25]。本试验中樱桃根围微生物种群结构随植株生长期而发生变化,新梢迅速生长期与新梢停长期根围微生物种群结构最丰富,可能与此时根系代谢活跃,根系分泌物增多,为微生物提供充足的营养和能源物质有关。另外,新梢停长期微生物数量多和种群多样,有利于土壤养分循环与转化,提高土壤养分的生物有效性,促进树体吸收养分,改善土壤水分和通气状况等,从而影响果树的生长发育和产量、品质的形成,生产中于此期向果树根部施入一定的有机物料,使微生物数量增多,并能充分分解利用养料,将有利于树体养分积累,为来年生长发育打下良好基础。

本文采用传统的微生物培养法,这种方法对于衡量小群体多样性方面不失为一种快速的方法^[26]。但由于这种方法人为限定了一些培养条件,无法全面反映微生物生长的自然条件,常常造成某些微生物的富集生长,而另一些微生物缺失,可能导致部分微生物资源遗漏。但这种方法在分离具有一定功能的特殊目标物种时是非常有用的,利用这种方法已获得许多很有应用价值的微生物种类,并应用于基因介导及生态修复等方面,研究和利用这些丰富的微生物资源库,通过改善根围微生态环境来促进植物的生长以及从根围微环境中筛选具有良好促生和抗菌作用的有益菌群,日益受到人们的重视^[27~29]。本试验对樱桃根围微生物种群组成进行了较为系统的研究,但对根围中的有益菌群没有进行筛选,此项工作有待深入研究。

References:

- [1] Liu J J, Chen H B, Tian C M. Soil Properties of Rhizosphere microecosystem in main kinds of trees in Huoditang forest region of Qinling. *Journal of Soil Erosion and Soil and Water Conservation*, 1998, 4(3): 52—56.
- [2] Zhang S X, Gao Z Q. Continuous cropping obstacle and rhizosphere microecology II. Root exudates and phenolic acids. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2000, 11(1): 152—156.
- [3] Wasaki J, Rothe A, Kania A. Root exudation, phosphorus acquisition and microbial diversity in the rhizosphere of white lupine as affected by phosphorus supply and atmospheric carbon dioxide concentration. *Journal of Environmental Quality*, 2005, 34(6): 2157—2167.
- [4] Lin M, Ping S Z, You C B. Effects of inoculation with *Alcaligenes faecalis* on proton efflux of rice roots and microecology in Rhizosphere. *Acta Phytophysiological Sinica*, 1992, 18(3): 233—238.
- [5] Wang Z W, Li X Z, Zhang C M, *et al.* Selection and application of disease-resistant and growth-promoting microbial strains in protected tomato cultivation. *Journal of Hebei Agricultural Sciences*, 2004, 8(2): 28—31.
- [6] Stromberger M, Klose S, Ajwa S, *et al.* Microbial populations and enzyme activities in soils fumigated with methyl bromide alternatives. *Soil*

- Science Society of America Journal, 2005, 69(6): 1987—1990.
- [7] Feng J, Zhang J. Ecological distribution patterns of soil microbes under artificial Eucalyptus Grandis stand. Chinese Journal of Applied Ecology, 2005, 16(8): 1422—1426.
- [8] Chen W J, Xiong Y, Huang S F, *et al.* Study on the relationship between micro-ecology and soil nutrient in two kinds of fast growing-plantation. Journal of Guangxi Agric and Biol Science, 2007, 26(supplement): 107—112.
- [9] Torsvik V. Microbial diversity and community structure in two different agricultural soil community. Microbial Ecology, 1998, 36: 303—3151.
- [10] Zhan F D, Lu Y G, Guan G J, *et al.* Community structures of microorganisms and their dynamics in the rhizosphere of flue-cured tobacco. Acta Pedologica Sinica, 2005, 42(3): 488—494.
- [11] Orwin K H, Wardle D A, Greenfield L G. Context-dependent changes in the resistance and resilience of soil microbes to an experimental disturbance for three primary plant chrono sequences. Oikos, 2006, 112, 196—208.
- [12] Sun H Y, Deng S P, Raun W R. Bacterial community structure and diversity in a century-old manure-treated agroecosystem. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70, 5868—5874.
- [13] Nemergut D R, Costello E K, Meyer A F, *et al.* Structure and function of alpine and arctic soil microbial communities. Research in Microbiology, 2005, 156, 775—784.
- [14] Microbiological Department, Institute of Soil, Chinese Academy of Sciences. Research Methods of Soil Microorganism. Beijing: Science Press. 1985, 86—97.
- [15] Dong X Z, Cai M Y. Manual of Determinative Bacteriology. Beijing: Science Press, 2001.
- [16] Yan X C. The taxonomy and identification of actinomyce. Beijing: Science Press, 1992.
- [17] Dai F L. The morphological and classification of fungi. Beijing: Science Press, 1987.
- [18] Wei J C. Manual of fungi taxonomy. Shanghai: Shanghai Science and Technology Press, 1979.
- [19] Guo Z G, Wang G X, Shen Y Y, *et al.* Plant species diversity of grassland plant communities in permafrost regions of northern Qinghai-Tibet Plateau. Acta Ecologica Sinica, 2004, 24(1): 149—155.
- [20] Shen Z H, Fang J Y, Liu Z L, *et al.* Patterns of biodiversity along the vertical vegetation spectrum of the east aspect of Gongga mountain. Acta Phytocologica Sinica, 2001, 25(6): 721—732.
- [21] Yang L M, Han M, Li J D. Plant diversity change in steppe communities along a grazing disturbance in the northeast China transect. Acta Phytocologica Sinica, 2001, 25(1): 110—114.
- [22] Ma K P, Huang J H, Yu S L, *et al.* Plant community diversity in Donglingmountain, Beijing, China II. Species richness, evenness and species diversities. Acta Ecologica Sinica, 1995, 15(3): 268—277.
- [23] Yu Z Y, Peng S L. Ecological studies on vegetation rehabilitation of tropical and subtropical degraded ecosystems. Guangzhou: Guangdong Science and Technology Press, 1996. 55—58.
- [24] Wasaki J, Rothe A, Kania A. Root exudation, Phosphorus acquisition and microbial diversity in the rhizosphere of white lupine as affected by phosphorus supply and atmospheric carbon dioxide concentration. Journal of Environmental Quality, 2005, 34(6): 2157—2167.
- [25] Hu Y S, Wu K, Liu N, *et al.* Study on microbial population dynamics in the cucumber rhizosphere at different developmental stages. Scientia Agriculture Sinica, 2004, 37(10): 1521—1526.
- [26] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. Plant and Soil, 1995, 170: 75—86.
- [27] Shiomi Y, Nishiyama M, Onizuka T, *et al.* Comparison of bacterial community structures in the rhizoplane of tomato plants grown in soils suppressive and conducive towards bacterial wilt. Applied and Environmental Microbiology, 1999, 365(9): 996—1001.
- [28] Wang Z W, Li X Z, Liu Y L. Effects of root microbes on root development and yield related characters in winter wheat. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2000, 15(supplement): 51—54.
- [29] Liao M, Xie X M, Subhani A, *et al.* Combined effect of nutrient and pest managements on substrate utilization pattern of soil microbial population in hybrid rice cropping System. Pedosphere, 2002, 12(3): 219—228.

参考文献:

- [1] 刘建军, 陈海滨, 田呈明, 等. 秦岭火地塘林区主要树种根际微生态系统土壤性状研究. 土壤侵蚀与水土保持学报, 1998, 4(3): 52

~56.

- [2] 张淑香, 高子勤. 连作障碍与根际微生态研究 II. 根系分泌物与酚酸物质. 应用生态学报, 2000, 11 (1): 152 ~ 156.
- [5] 王占武, 李晓芝, 张翠绵, 等. 防病促生功能性微生物的筛选及应用研究. 河北农业科学, 2004, 8(2): 28 ~ 31.
- [7] 冯健, 张健. 巨桉人工林地土壤微生物类群的生态分布规律. 应用生态学报, 2005, 16(8): 1422 ~ 1426.
- [8] 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. 广西农业生物科学, 2007, 6(增刊): 107 ~ 112.
- [10] 湛方栋, 陆引罡, 关国经, 等. 烤烟根际微生物群落结构及其动态变化的研究. 土壤学报, 2005, 42(3): 488 ~ 494.
- [14] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法. 北京: 科学出版社, 1985.
- [15] 佟秀珠, 蔡妙英. 常见细菌系统鉴定手册. 北京: 科学出版社, 2001.
- [16] 阎逊初. 放线菌的分类和鉴定. 北京: 科学出版社, 1992.
- [17] 戴芳澜. 真菌的形态和分类. 北京: 科学出版社, 1987.
- [18] 魏景超. 真菌鉴定手册. 上海: 科学技术出版社, 1979.
- [19] 郭正刚, 王根绪, 沈禹颖, 等. 青藏高原北部多年冻土区草地植物多样性. 生态学报, 2004, 24(1): 149 ~ 155.
- [20] 沈泽昊, 方精云, 刘增力, 等. 贡嘎山东坡植被垂直带谱的物种多样性格局分析. 植物生态学报, 2001, 25(6): 721 ~ 732.
- [21] 杨利民, 韩梅, 李建东. 中国东北样带草地群落放牧干扰植物多样性的变化. 植物生态学报, 2001, 25 (1): 110 ~ 114.
- [22] 马克平, 黄建辉, 于顺利, 等. 北京东灵山地区植物群落多样性的研究 II. 丰富度、均匀度和物种多样性指数. 生态学报, 1995, 15 (3): 268 ~ 277.
- [23] 余作岳, 彭少麟. 热带亚热带退化生态系统植被恢复生态学研究. 广州: 广东科学技术出版社, 1996. 55 ~ 58.
- [25] 胡元森, 吴坤, 刘娜, 等. 黄瓜不同生育期根际微生物区系变化研究. 中国农业科学, 2004, 37(10): 1521 ~ 1526.
- [28] 王占武, 李晓芝, 刘彦利. 根际微生物对冬小麦根系及产量性状的影响. 华北农学报, 2000, 15(增刊): 51 ~ 54.