



第十次全国土壤生物与生物化学学术研讨会 暨第五次全国土壤生态与健康学术研讨会

2018 中国 南京

| 摘要集 |

**第十次全国土壤生物与生物化学学术研讨会
暨第五次全国土壤生态与健康学术研讨会**

摘 要 集

主办单位

中国土壤学会土壤生态专业委员会

中国土壤学会土壤生物与生物化学专业委员会

承办单位

南京农业大学资源与环境科学学院

支持单位

江苏省土壤学会

江苏省生态学会

2018 年 11 月·南京

目 录

土壤生物与生物化学主题	5
呼伦贝尔沙区不同植被类型土壤真菌群落结构和多样性	5
不同水肥管理措施对设施菜田黑土氮素淋溶的影响	6
豫南地区不同品种茶树根系 AM 真菌侵染及其影响因素分析	7
多环芳烃和氧化多环芳烃对农田土壤硝化微生物的影响	8
氮肥与多环芳烃对农田土壤微生物群落的交互影响研究	9
生物炭对土壤真菌多样性和功能群落结构的作用机制	10
Community composition of ectomycorrhizal fungi associated with <i>Pinus sylvestris</i> var. <i>mongolica</i> plantation in Horqin Sandy Land	11
Fe (II) 对两种质地稻田土壤微生物群落多样性和代谢通路的影响	12
我国东北土壤细菌和真菌群落对团聚体大小和长期施肥的响应	13
龙脊梯田古水稻土微生物时间演替规律研究	14
盐分梯度土壤中有机质矿化周转及驱动机制	15
成都平原蚕豆高效根瘤菌的筛选及其促生功能初步评价	16
不同有机质含量农田黑土细菌群落对气候的响应	17
不同吸硅型植物硅稳定同位素组成及分馏机理	18
汞生物有效性研究进展	19
干旱地区渐变降水梯度下土壤细菌群落组成及多样性特征——以中国西北阿拉善荒漠为例	20
Long-term fertilization management changes <i>phoD</i> -harboring bacterial community in the rhizosphere of cotton grown in a grey desert soil	21
不同林龄橡胶 (<i>Hevea brasiliensis</i>) 林土壤碳库和微生物功能多样性的变化	22
不同年代培育的棉花品种的菌根依赖性和磷利用效率筛选	23
Tillage effects on the abundance of AOA, AOB and Comammox in surface and subsurface soil	24
通过土壤碳磷比调控微生物量磷及其对棉花磷吸收的贡献	25
大型真菌 <i>Pleurotus ostreatus</i> ISS-1 对铅的耐受和富集机制研究	26
宏基因组揭示四川盆地不同 pH 紫色土微生物群落结构及功能	27
胡敏酸抑菌活性与其化学结构的构效关系研究	28
硒的生物转化及其产业应用	29

长期施肥条件下土著菌根真菌繁殖体对植物产量的贡献.....	30
潮土细菌和真菌群落对不同施肥的响应模式.....	31
甜樱桃的生长发育和果实品质分析研究.....	32
干湿交替和有机肥添加对土壤 cbbM 固碳细菌群落结构的影响	33
土壤淹水和有机肥添加对 cbbM 固碳菌群群落结构的影响	34
不同 AM 真菌菌丝际合作促进土壤有效磷利用比较	35
不同放牧强度下内蒙古典型草原土壤微生物学指标变化特征.....	36
土壤生态与土壤健康主题	37
间作对作物土传病害的防控效应与作用机制研究进展.....	37
DNA 和 cDNA 水平比较分析三种土壤固碳细菌的群落多样性.....	38
东北黑土区不同开垦年限稻田土壤团聚体中有机碳组分的演变特征.....	39
水氮耦合对设施土壤温室气体排放的影响研究.....	40
生物质炭对黑麦草碳氮周转的影响及其微生物机制.....	41
浙江台州典型电子废弃物无序拆解区土壤多环芳烃和邻苯二甲酸酯污染风险评估	42
<i>Rhodococcus biphenylivorans</i> TG9 对多氯联苯的降解特性研究	43
优化施肥与提前覆膜对辣椒疫病的防治效果及机理研究.....	45
Intercropping with sweet corn expands P acquisition channels of chilli pepper via arbuscular mycorrhizal hyphal networks	46
菌丝际解磷细菌活化土壤磷素周转的调控机理.....	47
蚯蚓体内 TBBPA 的转化及解毒机制.....	48
AM 真菌协助解磷细菌移动促进土壤有机磷利用机理	49
氮肥及抑制剂添加对额尔古纳草地土壤氮循环的影响.....	50
有机物料添加有助于农田土壤 phoD 基因群落的保持.....	51
青藏高原草地土壤固碳微生物多样性与固碳潜力.....	52
茄子不同生命周期中解磷细菌的动态及其对根际微生物生态的影响.....	53
The Role and Performance of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in Intercropping Systems	54
丛枝菌根真菌与蚯蚓协同促进植物磷吸收研究进展.....	55
基于宏基因组解析土壤生物地球化学循环过程驱动机制.....	56
Resource availability, not propagule pressure, controls the dose-response of non-indigenous bacterial survival in soil	57
长期定位试验下寒地黑土养分含量及酶活性的变化.....	58

代表性物种毛利远盲蚓 (<i>Amyntas morrisi</i>) 在我国的种群遗传分化.....	59
氮肥与有机肥配施对设施土壤腐殖质组分的影响.....	60
砷污染胁迫下蚯蚓行为及土壤性质的变化.....	61
好氧土壤中菲的归趋及其结合态残留的稳定性研究.....	62
南亚热带森林土壤线虫多样性海拔变化特征.....	63
秸秆还田量对免耕黑土磷酸酶活性和磷组分的影响.....	64
湿地农业开垦与恢复对土壤有机碳的影响.....	65
Key predictors for the survival rate of Sanqi seedling in the continuous cropping land .	66
Net nitrogen mineralization of granular organic fertilizer was delayed by microbial regulation of enzyme activities	67
设施土壤水解酶对施用粪肥和硝化抑制剂的短期响应.....	68
生物炭和 AM 真菌在不同土壤磷水平下对镉的生物 (玉米) 有效性的影响	69
AM 真菌和解磷细菌互作增强土壤有机磷活化的机理	70
海南岛海岸带防护林沙地土壤碳氮磷含量及其计量学特征研究.....	71
细菌产单质纳米硒颗粒的稳定机制及其叶面喷施效果初探.....	72

土壤生物与生物化学主题

呼伦贝尔沙区不同植被类型土壤真菌群落结构和多样性

曹红雨^{1,2} 高广磊^{1,2*} 丁国栋^{1,2} 张英¹ 赵媛媛^{1,2} 任悦^{1,2} 陈宇轩^{1,2}
郭米山^{1,2}

(1. 北京林业大学水土保持学院, 水土保持国家林业局重点实验室, 北京 100083; 2. 宁夏盐池毛乌素沙地生态系统国家定位观测研究站, 宁夏盐池 751500)

摘 要: 为揭示呼伦贝尔沙区不同植被下土壤真菌的群落结构与多样性, 探究荒漠植被对土壤真菌的影响。以裸沙地的土壤为对照实验组, 选择草地、樟子松人工林和樟子松天然林三种植被类型的土壤为研究对象, 采用野外调查和 ITS 高通量测序分析土壤真菌群落结构和多样性。四种植被类型的土壤共检测到真菌 5 门 22 纲 73 目 28 科 257 属。其中, 裸沙地和草地的土壤优势真菌门为子囊菌门 (*Ascomycota*), 樟子松人工林和天然林中优势真菌门为担子菌门 (*Basidiomycota*)。优势属共 31 属, 裸沙地、草地、人工林和天然林土壤中的优势属分别为被孢霉属 (*Mortierella*)、被孢霉属和 *Archaeorhizomyces*、丝膜菌属 (*Cortinarius*)、红菇属 (*Russula*) 和 *Geminibasidium*。草地土壤真菌物种丰富度和个体数最高, 分布最为均匀; 裸沙地其次; 樟子松天然林和人工林物种丰富度、个体数和多样性指数均较低, 分布也较为集中。裸沙地和草地的土壤真菌进化分支最为接近, 樟子松人工林和天然林更为接近。真菌种类在门水平上无显著性差异 ($LDA > 2$), 但在属水平差异性显著 ($LDA < 2$)。呼伦贝尔沙区不同植被土壤真菌主要由子囊菌门和担子菌门真菌组成, 其中裸沙地和草地、樟子松天然林和人工林群落结构分别较为相似, 但在属水平呈现显著性差异。真菌多样性指数和均匀度指数由高到低排列为草地 > 裸沙地 > 樟子松天然林 > 樟子松人工林。植被能够通过枯落物、根系等影响沙区土壤环境, 从而影响沙区土壤真菌群落结构。羊草、糙隐子草、针茅等草本植物使真菌种类增多且分布更为均匀, 樟子松则在一定程度上降低真菌数量和种类, 并使其分布更为集中。

关键词: 呼伦贝尔沙区; 植被类型; 土壤真菌; 群落结构; 多样性

资助项目: 中央高校基本科研业务费专项“半干旱沙区樟子松人工林外生菌根特征及其对林分质量的影响”(2017PT03); 国家自然科学基金项目“风沙土可蚀性特征及其量化模型研究”(31600583)

不同水肥管理措施对设施菜田黑土氮素淋溶的影响

陈一民^{1,3} 张锦源^{1,3} 徐欣² 侯萌^{1,3} 焦晓光² 隋跃宇^{1,*}

(1. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 哈尔滨 150081; 2. 黑龙江大学农业环境与资源学院, 哈尔滨 150080; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: chenyimin929@163.com; suiyy@iga.ac.cn*

摘 要: 设施菜田蔬菜生产过程中过量投入的氮肥和灌溉会导致氮素淋溶, 而引起地下水污染一系列的环境问题。近年来, 设施蔬菜生产面积迅速扩张, 急需提出既能有效减少 N 淋溶, 同时能维持或提高蔬菜产量和水分利用率的水肥管理措施。本研究中, 以我国东北设施菜田黑土为研究对象, 种植北方常食用的蔬菜茄子, 进而分析常规水肥 (WF)、减少 20% 化肥施用量

(W80%F)、减少灌溉量 (80%WF) 和常规水肥配施生物炭 (WF+B) 对 N 淋溶、茄子产量、水分利用率及 N 在土壤剖面中分布的影响。研究结果表明: 与 WF 相比, WF+B 显著降低了 N 淋失量, 同时也将茄子产量和 WUE 分别提升了 5.5% 和 11%。W80%F 中, N 淋失量、茄子产量和 WUE 均与 WF 中类似, 未检测到显著差异。与 WF 相比较, 80%WF 对降低 N 淋失和提高 WUE 的效果最明显, 但导致茄子产量发生骤降。各水肥管理措施中, NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 含量均随土壤剖面深度加深而降低, 在 0-40 cm 土层中, NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 含量变化趋势均为 $\text{WF+B} > \text{WF} \approx \text{W80\%F} > 80\%\text{WF}$; 40 cm 以下土层中 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 含量变化趋势为: $\text{WF} \approx \text{W80\%F} > \text{WF+B} > 80\%\text{WF}$ 中最低。 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 在土壤剖面中的规律表明, 80%WF 和 WF+B 对 N 淋溶减少的机制不同, 减少灌溉量降低整个土体中 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 含量, 但 WF+B 主要是增加表层土壤中 NO_3^- -N 和 NH_4^+ -N 的分配比例。本研究结果证明, 在常规水肥基础上配施生物炭能降低 N 淋失量, 同时能提高产量和 WUE, 并且能改善土壤剖面中 N 的分布, 是最合理的水肥管理措施。

关键词: N 淋溶; 水肥管理措施; 生物炭; 水分利用率; N 分布

资助项目: “十三五”国家重点研发计划 (2016YFD0800103-04)、黑龙江省高校基本科研业务费黑龙江大学专项资金项目 (HDRCCX-2016Z05)、黑龙江省杰出青年科学基金 (JC2018011)

豫南地区不同品种茶树根系 AM 真菌侵染及其影响因素分析

崔向超¹ 胡君利² 林先贵^{2,*}

(1.信阳师范学院地理科学学院, 信阳 464000; 2.中国科学院南京土壤研究所
土壤与农业可持续发展国家重点实验室//南京土壤研究所-香港浸会大学土壤与
环境联合开放实验室, 南京 210008)

Email: cuixih198878@163.com; xglin@issas.ac.cn*

摘 要: 丛枝菌根 (arbuscular mycorrhizal, AM) 真菌作为土壤中一种重要的功能微生物, 具有促生增产、提质抗逆等关键作用, 在茶园中亦有广泛分布。近年来随着我国茶园种植面积持续增加, 茶树品种也日益增多, 使得我国茶树品种呈现多样化的现象, 但茶树品种的差异性对 AM 真菌在茶园中的应用及相关机理研究造成一定的影响。为明确 AM 真菌对茶树品种的响应及其机理, 本研究从豫南茶叶主产区——信阳市董家河镇不同茶园采集四个品种 (信阳群体种、信阳十号、乌牛早和福鼎大白) 的茶园根际土样及根样, 探讨不同品种茶树根系 AM 真菌侵染的响应及其主要驱动因子。结果发现, 大部分茶园土壤理化性质均适宜茶树生长; 信阳本地种 (信阳群体种和信阳十号) 茶园土壤 pH 均显著低于引进种 (乌牛早和福鼎大白) 茶园 ($P < 0.05$), 同时土壤含水量和电导率亦显著低于福鼎大白茶园 ($P < 0.05$), 而速效 P 则显著低于乌牛早茶园 ($P < 0.05$)。通过分析四种茶树根系 AM 真菌侵染率结果发现, 信阳群体种茶树根系 AM 真菌侵染率显著低于其他三个品种 ($P < 0.05$), 而信阳十号则又显著高于引进种 ($P < 0.05$), 这可能与信阳十号茶园土壤速效 P 含量较低 ($5.52 - 11.21 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) 有关。通过主成分分析 (Principal Component Analysis, PCA) 结果发现, 四组品种茶树样品可以显著分开, 表明 AM 真菌侵染明显受茶树品种的影响。通过实际种群分析 (Virtual Population Analysis, VPA) 发现, 茶树品种与土壤 pH、有机质等理化性质以及 SO_4^{2-} 等水溶性离子共同影响 AM 真菌侵染, 其中茶树品种单独解释度为 6.9%, 土壤理化性质单独解释度为 2.8%, 两者共同解释度为 89.9%。通过 Pearson 相关性分析发现, 土壤水溶性 SO_4^{2-} 和有机质含量均与 AM 真菌侵染率呈显著正相关 ($P < 0.05$), 而 pH 和速效 P 则与 AM 真菌侵染率呈显著负相关 ($P < 0.05$), 土壤中水溶性 F^- 、 Cl^- 、 NO_3^- 以及电导率和含水量则与 AM 真菌侵染无显著相关性 ($P < 0.05$); 此外, 速效 P 与土壤 pH 和有机质含量亦呈显著相关 ($P < 0.05$)。结果表明, 豫南地区不同品种茶树根系 AM 真菌侵染率有明显区别, 其中土壤 pH、有机质和速效 P 以及 SO_4^{2-} 是不同品种茶树根系 AM 真菌侵染分布的主要驱动因子。

关键词: 茶树品种; AM 真菌侵染率; 水溶性离子; 有机质

资助项目: 中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室开放基金 (Y20160028), 信阳师范学院博士科研启动基金 (15020)

多环芳烃和氧化多环芳烃对农田土壤硝化微生物的影响

戴叶亮^{1,2} 吴宇澄¹ 曾 军¹ 李烜桢³ 郑金伟² 林先贵^{1,*}

(1.中国科学院土壤环境与污染修复重点实验室(中国科学院南京土壤研究所) 江苏南京 210008; 2.南京农业大学资源环境与科学学院/农业资源与生态环境研究所, 江苏南京 210095; 3.河南农业大学林学院, 河南郑州 450002)

E-mail: daiyl172839@163.cn; ycwu@issas.ac.cn*

摘 要: 由于氧化作用和微生物代谢作用, 土壤中多环芳烃(PAHs)常常形成氧化产物(O-PAHs), 而这些多环芳烃氧化产物由于更高的极性和亲水性, 往往具备更强的化学活性和迁移能力, 从而可能对土壤环境造成更加深远的影响。为比较 O-PAHs 和 PAHs 对土壤生态功能的影响, 本研究以苯并[a]蒽

(BaA) 及其氧化物苯并[a]蒽醌(BaAD)为 PAHs 和 O-PAHs 代表, 利用酸性土壤的微宇宙培养实验, 在添加 NH_4Cl 刺激土壤硝化过程的基础上, 设置对照以及 BaA 和 BaAD 不同污染浓度 ($1, 10, 100 \text{ mg kg}^{-1}$) 的处理, 通过定量 PCR, 变性梯度凝胶电泳等方法, 比较了 BaA 和 BaAD 对土壤硝化过程以及硝化微生物的影响。实验结果显示, 铵盐刺激了土壤的硝化过程, 促进了硝态氮的积累, 而 BaA 与 BaAD 均未抑制土壤中氨氧化微生物的数量; NH_4Cl 的加入富集了土壤中一些 1.1b 类氨氧化古菌, 但这种富集现象未在 100 mg kg^{-1} BaA 以及全部 BaAD 的处理中出现。以上结果表明, 相比于母体多环芳烃, 土壤中氨氧化古菌对氧化类多环芳烃更加敏感, 暗示了氧化多环芳烃可能存在更高的生态风险。

关键词: 苯并[a]蒽; 苯并[a]蒽醌; 生态毒性; 硝化; 氨氧化古菌

资助项目: 国家自然科学基金(41671266, 41371310); 国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2014CB441106)

氮肥与多环芳烃对农田土壤微生物群落的交互影响研究

戴叶亮 吴宇澄* 曾 军 林先贵

（中国科学院土壤环境与污染修复重点实验室（中国科学院南京土壤研究所），南京 210008）

E-mail: ycwu@issas.ac.cn*

摘 要：肥料和环境污染物的共同存在于农田土壤，对微生物群落具有潜在影响。为探究施氮肥和多环芳烃污染叠加情况下的土壤微生物生态效应，采集农田土壤，设置添加尿素和苯并[a]蒽的组合处理，建立微宇宙进行培养。在测定硝态氮积累、土壤 pH 以及污染物矿化的基础上，结合定量 PCR、高通量测序等方法，研究尿素和苯并[a]蒽对土壤细菌群落特征的影响。结果显示，尿素导致土壤中硝态氮的积累，显著增加了细菌氨单加氧酶基因（*amoA*）拷贝数，但对古菌 *amoA* 丰度的影响不明显；施用尿素导致土壤 pH 值降低，显著影响 14 个主要土壤细菌门中的 10 个，使土壤细菌群落多样性显著下降，整体结构发生较大变化；相对于尿素而言，苯并[a]蒽 84 d 的矿化率为 10% 左右，长期作用下具有改变土壤微生物群落组成和结构的潜力；尿素对苯并[a]蒽的矿化未产生显著影响，但苯并[a]蒽对土壤中氨氧化古菌有抑制作用，抑制比例最高达 63%。这些结果表明，尿素导致土壤中硝化微生物的富集，并通过降低 pH 而对微生物群落产生深远的影响，而苯并[a]蒽对土壤重要功能群和细菌总体群落有潜在的风险。该研究有助于阐明农田土壤中铵态氮肥和多环芳烃的复合生态效应，为揭示有机污染物和氮转化间的交互作用机制提供了科学依据。

关键词：多环芳烃；尿素；矿化；高通量测序；微生物群落

资助项目：国家自然科学基金（41671266）

生物炭对土壤真菌多样性和功能群落结构的作用机制

戴中民^{1,2} Johannes Lehmann² Jorge L.M. Rodrigues³ 徐建明^{1,*}

(1. 浙江大学环境与资源学院, 杭州 310058; 2. Soil and Crop Sciences Section, School of Integrative Plant Science, Cornell University, Ithaca, NY, 14853, USA; 3. Department of Land, Air, and Water Resources, University of California, Davis, Davis, CA, 95616, USA)
E-mail: jmxu@zju.edu.cn*

摘 要: 研究表明生物炭能够改变土壤细菌的群落结构, 并影响土壤养分转化过程。然而, 真菌的多样性、群落结构和功能对生物炭的响应机制尚未明确。本研究通过制备和改性生物炭, 获取分别以微生物可利用碳(脂肪族)组分、稳定的稠合芳香族碳结构组分和矿质养分(灰分)组分为主的三大生物炭分类, 来探讨生物炭的三种组分(或结构)对土壤真菌物种和功能群落结构的影响。研究表明生物炭的微生物可利用碳组分显著改变真菌的群落结构, 其作用程度大于生物炭的芳香族碳组分和矿质养分组分。微生物可利用碳组分显著降低 10%担子菌门的相对丰度, 但对土壤子囊菌门和接合菌门的相对丰度影响不显著。真菌互作网络模型揭示在微生物可利用碳组分的作用下, 真菌腐生菌(saprotroph)呈现“自我聚集”的生存模式, 在整个网络模型中占绝对主导优势; 而在微生物可利用碳组分缺乏的情况下, 真菌腐生菌与其他真菌种群密切联系, 互作程度加强, “自我聚集”程度减弱。同时, 微生物可利用碳组分显著增加土壤腐生菌的相对丰度, 腐生菌在整个群落中的主导优势降低了土壤真菌整体的多样性, 并导致土壤中其他真菌(如病原菌)生长受到抑制。我们将这个规律称之为“食物导致的物种不平衡竞争”理论。另外, 矿质养分组分对微生物群落结构和功能菌群丰度的影响低于微生物可利用碳组分, 说明真菌对矿质养分的依赖程度低于脂肪族可利用碳。本研究强调了生物炭微生物可利用碳组分对土壤真菌功能群落结构的主导调控作用, 并提出通过改变生物炭微生物可利用碳组分的含量从而调节土壤真菌群落结构和功能的可能性。

关键词: 真菌多样性; 群落结构; 降解菌; 微生物可利用碳; 病原菌

资助项目: 国家自然科学基金(41520104001, 41721001)

Community composition of ectomycorrhizal fungi associated with *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantation in Horqin Sandy Land

Mishan Guo^{1,2} Guodong Ding^{1,2} Guanglei Gao^{1,2*} Ying Zhang¹ Hongyu Cao¹
Yue Ren¹

(1. College of Soil and Water Conservation, Key Laboratory of State Forestry Administration on Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China; 2 Yanchi Research Station, School of Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing, China)

E-mail: guomishan@bjfu.edu.cn; gaoguanglei@bjfu.edu.cn*

Abstract: *Pinus sylvestris* var. *mongolica* is an important afforestation tree species in northern China. However, the *P. sylvestris* plantations in most of the introduced areas are accompanied by severe decline. Ectomycorrhizal fungi are closely related to the host plant growth and environmental conditions which plays a significant important role in the forest ecosystem, especially for pinus. The research on ectomycorrhizal fungi may be an important approach to reveal the decline and death of *P. sylvestris*. To characterize the community composition of ectomycorrhizal fungi, soil-roots samplings were analyzed by molecular biology method from *P. sylvestris* plantations with three stand ages in Horqin Sandy Land. The results indicated that (1) the ectomycorrhizal fungi of *P. sylvestris* plantation were identified into 2 phyla, 2 classes, 8 orders, 14 families, and 17 genera in Horqin Sandy Land. The dominant fungal genus was *Wilcoxina*. (2) The diversity and community composition of ectomycorrhizal fungi in the Horqin Sandy Land differed with stand age, the composition of ectomycorrhizal fungi community between half-mature and nearly-mature forests was much similar than others. (3) The mainly soil factors affecting the community structure of ectomycorrhizal fungi are soil aeration, pH, soil carbon content. This study revealed the soil microbial diversity of *P. sylvestris* plantation in Horqin Sandy Land, and it could provide firm basis for the microbial mechanism of degraded *P. sylvestris* plantations. And it provides theoretical basis and scientific support for improving the growth status and health management of *P. sylvestris*.

Key words: ectomycorrhizal fungi; *P. sylvestris* plantation; sandy land; stand age; soil properties

Foundations: The Fundamental Research Funds for the Central Universities (2017PT03) and (2015ZCQ-SB-02); the National Natural Science Foundation of China (31600583)

Fe(II)对两种质地稻田土壤微生物群落多样性和代谢通路的影响

李立峰¹ 张晨阳¹ 曹 慧^{1,*}

(1. 南京农业大学生命科学学院, 南京 210095)

E-mail: 1508001359@qq.com; 2016116050@njau.edu.cn; hcao@njau.edu.cn*

摘 要: 水稻土季节性淹水与排干过程影响铁元素的存在形态。Fe(III)/Fe(II)作为水稻土中主要的氧化还原体系, 其形态的转变会对水稻土的氧化还原性质产生一定影响, 进而影响水稻土细菌群落多样性。铁元素在地壳中丰度排第四, 且在水稻土中大量存在, 铁循环还与很多循环相互耦合, 如氮循环、碳循环。为了了解 Fe(II)对稻田土壤微生物群落多样性的影响, 采用室内培养方法向两种质地(壤土, L 和砂土, S)水稻土中添加不同浓度 Fe(II)(无添加, CK; 低添加, L 和高添加, H), 利用 16S rRNA 高通量测序技术和 PICRUST 软件比较了不同处理对稻田微生物 OTU 多样性、序列相似性、功能和 KEGG 通路的影响。结果表明, 壤土和砂土均随 Fe(II)添加浓度的增加 OTU 多样性降低, 序列相似性也发生改变, 且与转运相关的蛋白功能有所增加。对 16S rRNA 基因高通量测序丰度大于 1% 的优势属的 LEfSe 分析表明, 在壤土中, *Candidatus Koribacter*, *Flavisolibacter*, *Anaeromyxobacter*, *HolopHaga*, *Gemmatimonas*, *Pseudomonas*, *Nitrosovibrio*, *Acidovorax*, *Occallatibacter*, *Candidatus Solibacter*, *Opitutus*, *Derxia* 在 LCK 中含量较高; *Ignavibacterium*, *Prolixibacter*, *Rhodanobacter*, *Symbiobacterium* 在 LL 中含量较高; *Leptolyngbya*, *Sphingobium*, *Bacillus*, *Cellulomonas*, *Desulfosporosinus*, *Alicyclobacillus* 在 LH 中含量较高。在砂土中, *Dokdonella*, *Sphingomonas*, *Massilia*, *Burkholderia*, *Steroidobacter* 在 SCK 中含量较高; *Cellulomonas* 在 SL 中含量较高; *Halomonas*, *Alicyclobacillus*, *Desulfitobacterium* 在 SH 含量较高。PICRUST 分析表明, 属水平群落多样性变化与功能多样性变化呈显著正相关, 与通路多样性变化呈显著负相关。在壤土中, 高 Fe(II)添加能显著增加卡尔文循环部分通路和甲烷产生通路, 低 Fe(II)添加和高 Fe(II)添加均能增加固氮通路; 在砂土中, 低 Fe(II)添加和高 Fe(II)添加均能显著增加卡尔文循环通路; 低 Fe(II)添加和高 Fe(II)添加都能显著减少壤土和砂土同化硫酸盐还原生成硫化氢通路。结果表明, Fe(II)浓度和土壤质地均可能是影响水稻土细菌群落结构的主要因素。

关键词: Fe(II)浓度; 稻田土壤; 高通量测序; 微生物群落结构; PICRUST 功能预测

资助项目: 国家自然科学基金(680600480)

我国东北土壤细菌和真菌群落对团聚体大小和长期施肥的响应

廖浩^{1,2} 张宇辰¹ 黄巧云^{1,2*} 陈雯莉^{1,*}

(1. 华中农业大学生命科学技术学院/农业微生物学国家重点实验室, 武汉 430070; 2. 华中农业大学资源与环境学院/农业部长江中下游耕地保育重点实验室, 武汉 430070)

E-mail: wlchen@mail.hzau.edu.cn*; qyhuang@mail.hzau.edu.cn*

摘 要: 不同粒径大小的土壤团聚体为微生物提供了空间异质性分布的微生物环境。在农田土壤中, 长期施肥如何影响不同粒径团聚体中的微生物, 目前相关研究较少。因此, 我们通过磷脂脂肪酸 (PLFA) 和高通量测序的方法

(HTS), 探究了在 35 年长期定位施肥的黑土中, 三种粒径团聚体中 (2000-250 μm , 250-53 μm 和 <53 μm) 细菌和真菌群落对四种施肥处理 (空白, 化肥, 有机肥, 有机无机肥混施) 的响应。结果表明, >53 μm 的团聚体, 尤其在微团聚体 (250-53 μm) 中, 高含量的土壤 C 和 N 显著促进了土壤微生物, 特别是真菌的定殖。高通量测序结果表明, >53 μm 的团聚体中的子囊菌门相对丰度显著升高, 而接合菌门显著降低。长期施肥和团聚体粒径均显著影响细菌和真菌群落组成。但其中细菌群落主要受无机施肥的影响, 并与 P 的含量变化显著相关。而真菌群落受团聚体粒径的影响更大, 且主要与 C 和 N 变化相关。两种不同的响应模型说明在团聚体尺度上, 真菌和细菌对土壤中生物地球化学循环有着不同的贡献。

关键词: 团聚体粒径; 施肥; 磷脂脂肪酸 (PLFA) 分析; 高通量测序; 细菌群落; 真菌群落

资助项目: 国家重点基础研究发展计划(973)项目(2015CB150504)。

龙脊梯田古水稻土微生物时间演替规律研究

刘文静¹ 冯有智^{1,*}

(1. 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008)

E-mail: wjliu@issas.ac.cn; yzfeng@issas.ac.cn*

摘 要: 揭示微生物群落在特定环境梯度下的时空演替格局是目前微生物生态学的研究重点。当前研究更多集中于揭示微生物群落在空间格局上的分布及演替, 而对时间序列的研究和了解较少。本研究以拥有 630 年水稻种植历史且土层序列保存完好的龙脊梯田古水稻土为研究对象, 克服目前存在较多缺陷的“以空间换时间”研究方法的弊端, 探究土壤发生发育过程中微生物群落结构的时间序列演替规律。我们系统分析了不同深度土壤中细菌和产甲烷古菌群落的丰度、多样性及群落结构, 揭示了微生物群落演替与特定环境因子特别是土壤养分含量以及气候条件影响下的人类活动之间存在高度相关性。NMDS 分析显示微生物群落自动聚集, 组间群落结构相似, 且显著吻合于土壤发生发育时间序列。物种丰度和 alpha 多样性随水稻种植呈增加趋势。产甲烷菌群落结构在人类活动和气候变化, 如小冰川环境、地震及洪水等环境扰动时期较农耕稳定时期波动较大, beta 多样性显著增大, 物种相似性降低。进一步图像识别和模型分析均表明土壤理化性质, 特别 SOC 是驱动细菌群落结构演替的主要环境因子。以上结论表明封存在古梯田水稻土序列中的微生物信息或可用来反映其土壤发生发育过程, 同时古梯田水稻土也是探究时间序列土壤微生物群落演替机制的良好平台。

关键词: 微生物生态学; 土壤发生发育; 时间序列; 微生物群落结构; 演替格局

资助项目: 国家自然科学基金面上项目 41671267

盐分梯度土壤中有机质矿化周转及驱动机制

孟春梅^{1,2} 王开勇^{2,*} 罗煜^{1,*}

(1. 浙江大学环境与资源学院, 杭州 310058; 2. 石河子大学农学院, 石河子 832000)

E-mail: 253531987@qq.com; luoyu@163.com*

摘 要: 棉粕作为盐化土壤改良剂的研究已有报道, 但棉粕对盐化土壤中有机质周转及驱动机制的研究却鲜有报道。本研究以棉粕为底物材料, 盐化梯度土壤(盐分含量 0.25%; 0.58%; 0.75%; 1.00%; 2.64%)为研究对象(C4), 探究棉粕(C3)对盐碱环境下有机质矿化(激发效应)及微生物调控机制。主要对灭菌土壤及不灭菌的梯度盐化土壤添加底物, 开展室内短期培养试验, 通过同位素技术区分底物矿化及有机质激发效应(以未添加底物的土壤为对照), 并对比环境因子(盐分)与微生物数量及活性, 明确棉粕对盐碱土壤有机碳周转过程的驱动因子。研究结果表明, 添加底物的未灭菌处理有机质矿化速率随着培养时间的增加呈现先增加后减小的规律, 并且在第 3 天其矿化速率达到最高, 添加底物的灭菌处理的矿化速率相对未灭菌的呈现一定的滞后效应, 其有机质矿化速率在第 7 天达到最高, 第 7 天之后有机质的矿化速率则缓慢下降并达到平衡。未灭菌处理的有机质激发量显著高于灭菌处理, 相关分析表明微生物数量(MBC)、活性(纤维素酶、 β -葡萄糖苷酶、多酚氧化酶、过氧化物酶)等微生物因子是决定土壤有机质矿化(激发)的主要因素。今后, 盐分与微生物群落相互作用及其对土壤有机质矿化的调控机制还有待进一步研究。

关键词: 土壤有机质; 底物矿化; 激发效应; 微生物调控; 盐分梯度

资助项目: 国家自然科学基金(No.31560169)

成都平原蚕豆高效根瘤菌的筛选及其促生功能初步评价

全紫曼 陈远学 刘 明 徐开未^{1,*}

(1.四川农业大学资源学院, 成都 611130)

E-mail:1220206422@qq.com; xkwei@126.com

摘 要: 筛选适用于成都平原的高效广谱蚕豆根瘤菌, 同时对其相关促生功能初步评价, 为成都平原高效蚕豆根瘤菌剂的研制与应用提供科学依据。采用低氮双层钵砂培法, 以课题组前期初筛的分离自成都平原与四川主栽蚕豆“大白蚕豆”匹配的 6 株蚕豆根瘤菌为供试菌株, 筛选与成都平原主栽品种成胡 14、成胡 15 高效匹配的菌株, 然后再进行田间验证, 最终筛选出促进蚕豆生长、显著增产的高效菌株, 并用多位点基因序列分析法研究其分类地位。同时, 还对这 6 株供试菌用溶磷圈法对其溶磷能力、用 Salkowski 比色法对其分泌 IAA 能力进行初步探索。筛选到两株与 3 个成都平原的主栽蚕豆品种(大白蚕豆、成胡 14、成胡 15) 高效匹配的根瘤菌 SCAUf73、SCAUf76。对这两株菌的田间接种试验结果表明, 接种 SCAUf76 处理的蚕豆产量与不接种处理(CK)间的差异不显著; 接种 SCAUf73 处理蚕豆植株干重、全氮含量等指标均高于 CK, 籽粒鲜产比 CK 显著增加 25.0%, 并显著高于 SCAUf76。多位点基因序列分析表明, SCAUf73 可能是 *Rhizobium* 的一个新类群。促生性试验表明, 6 株菌都能分泌 IAA, 最大分泌量为 21.0 mg/L (SCAUf76); 供试菌株的溶磷能力不明显。本研究筛选到一株具有分泌 IAA 能力的高效广谱根瘤菌 SCAUf73, 适用于成都平原的蚕豆生产。

关键词: 蚕豆; 根瘤菌; 共生匹配性; 促生性; 多位点基因序列分析

不同有机质含量农田黑土细菌群落对气候的响应

隋跃宇^{1,*} 陈一民^{1,3} 徐欣² 侯萌^{1,3} 焦晓光²

(1. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 哈尔滨 150081; 2. 黑龙江大学农业环境与资源学院, 哈尔滨 150080; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: suiyy@iga.ac.cn*

摘 要: 土壤微生物在地球生物化学循环(如 C 循环、N 循环)中起着十分重要的作用, 了解其群落组成与结构是进一步认识地球生物化学循环和生态系统服务功能的基础。气候和土壤有机质是决定土壤微生物群落组成的重要因素, 但目前关于气候和有机质如何综合影响土壤微生物群落的研究鲜有报道。本研究中以 5 种有机质含量农田黑土(SOM1.7、SOM3、SOM5、SOM6、SOM11)为研究对象, 利用空间移位的方法, 将其分别置于中温带大陆性气候

(MAT4.5)和寒温带大陆性气候(MAT1.5)条件下, 研究有机质含量和气候条件对土壤细菌群落的影响。研究表明, 细菌 16S rRNA 基因拷贝数随土壤有机质含量增加而增加; 并且在 SOM1.7 和 SOM3 黑土中, MAT4.5 条件下 16S rRNA 基因拷贝数均显著高于 MAT1.5 条件下的拷贝数($p < 0.05$)。高通量测序结果表明, 气候和有机质含量对土壤细菌 α -多样性受影响不大。两种气候条件下 5 种有机质含量农田黑土中, 优势菌门均为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门, 并且 SOM5、SOM6 和 SOM11 中各优势菌门的相对丰度均无显著差异。NMDS 分析和 PERMANOVA 分析表明, 有机质含量、气候及二者之间的交互作用均能显著影响土壤细菌群落组成; 但随有机质含量的升高, MAT1.5 与 MAT4.5 条件下同一有机质含量农田黑土间 Bray-Curtis 距离逐渐减小。Lefse 分析表明, 气候和有机质含量均能在门水平上对农田黑土中细菌群落组成产生影响。本研究结果证明, 农田黑土细菌群落组成是由气候和有机质含量共同决定的, 并且随土壤有机质含量的升高, 气候对农田黑土细菌群落组成的影响逐渐减弱。

关键词: 农田黑土; 有机质含量; 气候; 细菌群落; 空间移位

资助项目: 国家自然科学基金(41530856; 41471209)、中国科学院战略性先导科技专项(XDB15030201)、黑龙江省杰出青年科学基金(JC2018011)

不同吸硅型植物硅稳定同位素组成及分馏机理

孙 燕^{1,2} 吴良欢^{2,*}

(1. 西安理工大学水利水电学院, 西安 710048; 2. 浙江大学环境与资源学院, 杭州 310058)

E-mail: sunyan199058@126.com; finm@zju.edu.cn*

摘 要: 硅是地球表面含量仅次于氧的第二大元素。硅不仅是硅藻生长所必需的营养元素, 并且从单细胞的藻类到维管植物, 几乎所有的生命体中都可以发现含硅组织的存在。目前硅的有益作用不断被发现, 不仅是生物体的重要组成部分, 还可以缓冲土壤 pH 值、调节大气 CO₂ 浓度。因此, 硅素营养机理和硅生物地球化学循环一直受到人们的广泛关注。在浙江省内不同地区采集的玉米、冬瓜、黄瓜和番茄植株各器官之间的硅同位素组成存在着显著差异。喜硅单子叶植物玉米和不喜硅双子叶植物黄瓜、冬瓜不同器官 $\delta^{30}\text{Si}$ 值的变化范围分别是 -2.7‰ ~ 3.3‰、-1.7‰ ~ 1.5‰ 和 -1.0‰ ~ 1.9‰, 且各器官的 $\delta^{30}\text{Si}$ 值均满足“末端分布规律”, 变化顺序为茎 < 根 < 叶 < 籽粒 (果实), 即除根外, 从底部器官到顶部器官 $\delta^{30}\text{Si}$ 值呈现出逐渐增加的趋势。喜硅植物体内的硅同位素分馏程度要大于不喜硅植物。拒硅型植物番茄不同器官 $\delta^{30}\text{Si}$ 值的变化范围是 -4.3‰ ~ -3.0‰, 各器官之间的 $\delta^{30}\text{Si}$ 值差异不明显。不同吸硅类型植物同一器官不同部位之间的硅同位素组成也存在着明显差异, 并且喜硅植物体内单一器官中的硅同位素分馏程度也达到了整株植株不同器官之间 $\delta^{30}\text{Si}$ 值差异的范围。玉米、黄瓜和冬瓜植株茎部和叶片各部位 $\delta^{30}\text{Si}$ 值的变化趋势相同, 即茎基部 < 茎中部 < 茎顶部, 叶片基部 (基部叶片) < 叶片中部 (中部叶片) < 叶片顶部 (顶部叶片)。

关键词: 稳定同位素; 分馏; 植物; 吸收; 硅

资助项目: 国家自然科学基金 (31572194)

汞生物有效性研究进展

唐雯莉¹ 钟 寰^{1,*}

(1. 南京大学环境学院, 南京 210023)

E-mail: tangwenli@nju.edu.cn; zhonghuan@nju.edu.cn*

摘 要: 汞的生物有效性是其从环境进入生物圈的起点, 也是阐释汞的环境行为、以及预测汞风险的难点。我们借助同步辐射 (XANES, EXAFS)、同位素示踪、汞甲基化微生物基因测试等一系列手段, 围绕自然界有机质、硒、硫、老化等关键地球化学因素对汞生物有效性的影响开展系统研究, 取得进展如下: (1) 有机质可通过多重效应提高或降低汞的生物有效性, 其作用受到有机质自身性质 (如分子大小、老化程度) 的影响; (2) 硒可通过影响降低土壤中汞的微生物有效性, 抑制汞甲基化, 从而降低汞的植物有效性, 且其作用受到硫酸盐、氧化还原电位的调控; (3) 硫酸盐输入可通过活化土壤中的惰性汞, 提高其微生物有效性, 促进土壤汞甲基化; (4) 高活性汞通过沉降、灌溉等方式进入土壤后, 可快速与土壤中的有机质等组分发生络合反应, 经历较快的老化过程, 导致汞生物有效性迅速下降。在此基础上, 我们研发了以降低汞生物有效性为核心的土壤汞修复技术, 可以较低成本有效降低土壤汞的生物累积, 及其生态与食品安全风险。上述研究提高了对于复杂自然环境中汞生物有效性的预测能力, 以及借助汞的环境行为规律控制其风险的能力。

关键词: 汞; 有机质; 硒; 甲基化; 稻田

资助项目: 国家自然科学基金(41673075)

干旱地区渐变降水梯度下土壤细菌群落组成及多样性特征——以中国西北阿拉善荒漠为例

滕泽宇^{1,2} 肖生春^{1,*} 陈小红¹

(1. 中国科学院西北生态环境资源研究院, 兰州 730000; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: Tengzeyu1990@sina.com; xiaosc@lzb.ac.cn*; Chenxiaohong@lzb.ac.cn

摘 要: 在气候变化的背景下, 干旱区土壤微生物对保持区域内脆弱的生态稳定性起着重要作用。然而, 人们对于土壤细菌多样性随降水梯度的变化情况知之甚少。为此, 我们选择了阿拉善荒漠内一个较为平缓的降水梯度(50 - 150mm), 对区内因降水差异而分化的三个典型生态区(荒漠化草原: Ds; 草原化荒漠: Sd; 以及典型荒漠: Td)以及两个土层(A层: 0-10 cm; B层: 10-20 cm)之间的土壤细菌群落组成和多样性变化情况作了初步研究。研究结果表明: 1) 区内的优势菌门主要为放线菌(Actinobacteria)、变形菌

(Proteobacteria)及拟杆菌(Bacteroidetes), 土壤细菌多样性总体上随降水增加而增加, 不同梯度间土壤细菌群落组成存在显著差异($p < 0.05$); 2) 尽管相邻降水梯度间年降水量差异基本一致, 但在土壤细菌多样性方面却表现出非线性差异, 降水量较多的两个梯度间土壤细菌多样性差异不显著($p > 0.05$); 3) 不同土层间土壤细菌组成及多样性差异均不显著($p > 0.05$); 4) 不同降水梯度下土壤细菌群落功能亦存在差异。我们认为出现这些差异的原因除了降水差异外, 还和植被状况、物种竞争以及干旱梯度尺度本身有关。对于当地的沙漠生态系统来说, 本研究选取的平缓降水梯度应当更符合气候变化引起的水分变化条件, 对气候变化下干旱、沙漠地区的环境响应预测具有较高的科学价值和现实意义。

关键词: 阿拉善荒漠; 干旱区; 土壤细菌; 降水梯度; 微生物多样性

资助项目: 国家重点研发计划课题(2016YFC0501001)

Long-term fertilization management changes *phoD*-harboring bacterial community in the rhizosphere of cotton grown in a grey desert soil

Fei Wang^{1,2} Linqi Zhang¹ Yisheng Duan¹ Gu Feng^{1,*}

(1. College of Resources and Environmental Sciences, China Agricultural University, Beijing 100193; 2. School of Resource and Environmental Sciences, Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003)

E-mail: wangfei@hist.edu.cn; fenggu@cau.edu.cn*

Abstract: Microorganisms are a main driver for mineralization and turnover of soil organic phosphorus. The bacterial *phoD* gene encodes alkaline phosphatase (ALP), an enzyme which involves in the hydrolysis of organic phosphorus in soils and is responsible for promoting soil organic P availability. However, little is known about the *phoD*-harboring bacterial communities respond to long-term combined applications of chemical fertilizers and organic materials. In the present study, high-throughput sequencing technology was employed to study the effects of a long-term fertilization (28 years) with no treatment (Control), chemical fertilizers (NPK), and chemical fertilizers plus sheep manure (NPKM) on the *phoD*-harboring bacterial community in the rhizosphere at bud stage and flowering boll-setting stage of cotton. The *phoD*-harboring bacterial community in cotton rhizosphere was significantly changed in response to long-term fertilization and was dominated by *Pseudomonas*, *Mesorhizobium* and *Rhizobacter*, independent of cotton development stages. Moreover, the genus with most significant difference in the *phoD*-harboring bacterial community was *Mesorhizobium*. Soil organic carbon (SOC) was the most influential environmental factor affecting the relative abundance of *phoD*-harboring genus at bud stage of cotton, while the most influential environmental factor became soil pH at flowering boll-setting stage of cotton. These results demonstrated the profound differences in *phoD*-harboring bacterial communities in the cotton rhizosphere under the conditions of long-term fertilization and the composition of *phoD* was governed by the environmental drivers, providing new insights to mediate functional microbiome involved in soil organic phosphorus turnover.

Keywords: Long-term fertilization; alkaline phosphatase; *phoD* gene communities; cotton rhizosphere; organic phosphorus

Funding: This study was supported by the National Key Research and Development Program of China (2017YFD0200203), and the National Natural Science Foundation of China (U1703232).

不同林龄橡胶 (*Hevea brasiliensis*) 林土壤碳库和微生物功能多样性的变化

任常琦 王进闯*

(热带农业科学研究院环境与植物保护研究所, 海口 571101)

E-mail: jinchuangwang@yahoo.com*

摘 要: 土壤微生物对土壤中复杂有机化合物的矿化和分解起着至关重要的作用。有机物输入的数量和种类随着林龄的变化会对土壤微生物有较大的影响。尽管如此, 关于微生物功能多样性在不同的林龄下是如何发生变化的, 我们知之甚少。因此, 我们研究了土壤有机碳组成与微生物功能多样性之间的关系, 旨在回答以下问题: (1) 微生物群落对基质的代谢功能是否会随着林龄发生变化, (2) 不同林龄下, 微生物群落功能多样性的主要影响因素是什么? 因此, 我们选取 4(幼龄)、15(成龄)、31(老龄) 三个林龄阶段的橡胶林, 测定了土壤活性有机碳库和稳定有机碳库含量, 并通过群落水平生理学指纹分析 (CLPP) 和基础呼吸研究了微生物代谢功能多样性。结果显示, 活性碳库、稳定碳库在成龄林中均显著高于幼龄林和老龄林。每孔平均颜色变化率 (AWCD) 在幼龄林中最高, 其次是老龄林, 成龄林中最低。成龄林土壤微生物倾向于利用双亲化合物和聚合物类碳源, 幼龄林倾向于利用氨基酸类碳源, 而老龄林倾向于利用胺/氨基化合物。冗余分析 (RDA) 结果显示, pH 和总氮是影响碳源利用的主要因子。上述结果表明, 橡胶林土壤微生物既可以利用活性碳库, 也可以利用稳定碳库, 并且, 林龄引起的土壤化学性质的变化会影响土壤微生物利用的碳源种类和效率。

关键词: 橡胶林; 林龄; 土壤有机碳; 微生物功能多样性

资助项目: 国家自然科学基金(31640014); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(17CXTD-04, 2015hzs1J012); 海南省自然科学基金(317235)

不同年代培育的棉花品种的菌根依赖性和磷利用效率筛选

王乐田¹ 白灯莎·买买艾力提² 冯 固^{1,*}

(1. 中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193; 2. 新疆农业科学院核生物
技术研究所, 乌鲁木齐 830091)

E-mail: wangecology@163.com; fenggu@cau.edu.cn*

摘 要: 田间条件下作物往往受到多种 AM 真菌的侵染, 因此棉花吸收磷不仅仅依靠根系途径, 菌根途径同样不可忽视。大水大肥的选择压力下获得的现代棉花品种和在低肥力条件下选育的老品种对接 AM 真菌和不同供磷强度的响应尚缺乏研究。本研究以 1950s 至今不同年代和熟性的 24 个棉花品种作为试验材料, 采用盆栽试验的方法, 研究不同施磷水平和接种 AM 真菌对其产生的效应。研究结果表明, 低磷条件下不同棉花品种接种 AM 真菌, 显著促进了棉花苗期的相对生长速率, 棉花生物量显著增加; 菌根响应度在低磷和高磷条件下均为正效应, 但是不同棉花品种的生物量菌根响应度存在显著差异, 与低磷相比, 新陆早 2 号、新陆早 13 号、新陆早 19 号等品种在高磷条件下菌根响应度降低, 车 61-72、新陆中 54 号、新陆中 4 号在高磷下菌根响应度反而增加, 其余品种在高磷和低磷条件下菌根响应度基本一致; 同样地, 不同品种的吸磷量菌根响应度同样存在显著差异。未接种 AM 真菌处理, 不同棉花品种的磷利用效率显著不同, 但是接种 AM 真菌后补偿这种差异, 磷利用效率趋于一致。植物根系分泌有机酸活化利用土壤中的难溶性磷, 同时会螯合释放出土壤中的金属元素, 被植株吸收, 因此接种 AM 真菌改变棉花根系分泌物, 将会导致其叶片中金属含量发生变化。

关键词: 棉花品种; 丛枝菌根真菌; 磷; 菌根响应度

资助项目: 国家重点研发计划 (2017YFD0200200)

Tillage effects on the abundance of AOA, AOB and Comammox in surface and subsurface soil

Shuling Wang Qihui Wan Zhihui Wang Xianjun Jiang*

(College of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715, China)

E-mail: 1290113421@qq.com; jiangxj@swu.edu.cn*

Abstract: The discovery of complete ammonia oxidizer (comammox) has upset the traditional conviction on the microbial regulation of the aerobic nitrification process. Although the newly reported comammox has been detected to be widely distributed in both natural and engineered ecosystem, more systematic survey of comammox and other canonical nitrifiers in various terrestrial ecosystems is urgently needed to assess the prevalence and distribution patterns of the major comammox lineages shaped by abiotic and biotic factors at regional, national and global scales. Here, we quantified the comammox *Nitrospira* and ammonia oxidizing microbes (AOM) using Quantitative PCR in a sub-tropical purple paddy soil under combination ridge with no-tillage (RT) and conventional tillage (CT) for 29 years in Chongqing, China, investigated vertical distribution of comammox *Nitrospira* and AOM along with soil profile (0-5, 5-10 and 10-20 cm) and explored the response of the comammox *Nitrospira* and AOM to tillage regimes. Quantitative PCR analysis showed that both two clades of comammox *Nitrospira* were highly abundant in the purple paddy soils and tended to be more abundant than canonical AOM across the entire gradient of soil sampling depth in both of the two tillage treatments. The number of clade A *amoA* genes ranged from 3.76×10^7 to 2.31×10^8 per g of dry soils, and clade B *amoA* genes ranged from 3.75×10^6 to 1.21×10^7 per g of dry soils in the two tillage treatments within 0-20 cm soil depth. The number of AOA *amoA* genes ranged from 1.21×10^7 to 2.78×10^7 per g of dry soils, and AOB ranged from 6.83×10^4 to 9.38×10^6 per g of dry soils in the two tillage treatments within 0-20 cm soil depth. Moreover, comammox clade A was more abundant than AOA, with ratio of clade A to AOA ranging from 2.5 to 5.8 and 6.5 to 8.8 along with the soil profile in RT and CT treatments, respectively. Abundance of AOA and AOB turned to be significantly higher in RT plots than in CT plots in 0-5 cm, however, no significant difference was observed in 5-10 and 10-20 cm. Analyzed of two-way ANOVA showed that Comammox clade A was significantly affected by the interaction of tillage and soil depth, while comammox clade B responded less to tillage, depth and interaction of tillage and depth, which indicated that the clade B may have better adaptability in poor nutrient or poor oxygen conditions than the comammox clade A. Correlation analysis showed that potential nitrification rate (PNR) was significantly correlated to abundance of AOA and AOB in 0-5 cm depth, and significantly correlated to clade B in 10-20 cm depth. These results suggested that AOA and AOB may be relevant functionally in 0-5 cm depth, and comammox *Nitrospira* performed its function of nitrification in 10-20 cm depth, the autotrophic nitrification could likely be determined by a complex suite of environment factors in vertical profiles of the purple paddy soil tested.

Keywords: Comammox *Nitrospira*; Purple paddy soil; Tillage regime; Soil profile

Acknowledgments: This work was funded by the National Science Foundation of China (41671232, 41271267).

通过土壤碳磷比调控微生物量磷及其对棉花磷吸收的贡献

王 晓¹ 彭 懿¹ 冯 固^{1,*}

(中国农业大学资源与环境学院, 北京 100094)

E-mail: 1911402863@qq.com; fenggu@cau.edu.cn

摘 要: 利用土壤微生物挖掘土壤磷肥利用潜力是实现我国减肥增效计划的重要手段。土壤微生物量磷是土壤有效磷的“源”和“库”, 是土壤有机磷库中最活跃的部分之一, 是作物磷营养的重要的来源。土壤中微生物量磷库的大小直接受到土壤中碳磷比的直接影响。如何调控土壤微生物量磷库, 促进作物的磷营养是目前亟待解决的关键科学问题。本研究以泰安的低磷棕壤为供试土壤, 棉花(新陆早 57)为供试植物, 设置三个磷水平(0、450、1140 mg/kg P), 四个碳水平(0、0.68、1.36、2.27 g/kg C)的双因素随机区组试验, 并设置未种植磷的空白试验作为严格对照, 磷和碳水平分别通过添加 KH_2PO_4 和葡萄糖的形式实现。通过比较比较了不同磷、碳添加处理下棉花的生物量、植株磷浓度、土壤中酸性磷酸酶活性、土壤微生物量磷以及土壤速效磷等指标, 研究土壤微生物量磷库调控及其对作物磷营养的贡献。研究结果表明, 未种植植物的处理中, 加碳后土壤有效磷水平显著降低而微生物量磷有增加的趋势; 在三个施磷水平下, 加碳均显著降低了土壤速效磷的水平, 这说明微生物将土壤有效磷固定为微生物量磷, 减少了土壤有效磷被淋洗的风险;。随着磷添加量的增加, 显著降低了土壤酸性磷酸酶的活性, 而加碳显著提高了土壤酸性磷酸酶的活性, 这说明加碳显著增加了微生物的活性, 能够促进土壤难溶性磷的活化。随着磷水平的增加, 土壤微生物量磷显著增加, 在低磷和高磷水平下, 碳的添加均会显著增加土壤中的微生物量磷的量, 此时微生物量磷的量与土壤碳磷比的大小呈显著地正相关的关系。在中磷水平下, 微生物量磷随土壤碳磷比的增加, 呈现先增加后降低的趋势, 可能在该碳磷比条件下, 土壤中的微生物先固定一部分的磷, 在一定碳磷比下释放出来, 供植物吸收利用。另外, 在三个磷水平下, 植株磷浓度随土壤碳磷比的增加显著增加。综上所述, 土壤微生物能够固持土壤中的磷, 减少淋洗风险。随着土壤碳磷比的增加, 微生物活性增强, 对土壤难溶性磷矿化能力增加。同时微生物会释放一部份固持的磷, 被植物吸收利用, 促进作物的磷营养。

关键词: 土壤碳磷比; 土壤微生物量磷; 土壤有效磷; 酸性磷酸酶活性; 植株磷浓度

资助项目: 土壤微生物与菌根促进作物高效利用磷的机制(21197160)

大型真菌 *Pleurotus ostreatus* ISS-1 对铅的耐受和富集机制研究

王幽静¹ 余浩² 潘彦硕¹ 李烜桢^{2,*}

(1. 河南农业大学生命科学学院, 郑州 450002; 2. 河南农业大学林学院, 郑州 450002)

E-mail: 1096029116@qq.com; xzli2015@sina.com*

摘要: 目前我国农田土壤面临着严重的铅(Pb)污染问题, 而大型真菌对 Pb 等重金属有较强的富集能力, 有望用于农田污染的修复。本研究通过摇瓶实验, 研究了大型真菌 *Pleurotus ostreatus* ISS-1 对 Pb 的耐受和富集机制。结果表明, 液体培养下 *Pleurotus ostreatus* ISS-1 对 Pb 具有较强的耐受能力, Pb 浓度为 500 mg L⁻¹ 时菌体仍能正常生长, 同时对 Pb 的去除率高达 53.7%。进一步分析发现菌体主要通过胞外吸附、胞内积累和胞外沉淀三种方式来去除 Pb; 在细胞水平上, Pb 主要分布在细胞壁中, 其次为液泡和细胞器。基于傅立叶变换红外光谱(FTIR)结果发现羟基、酰胺基、羧基和巯基为 Pb 提供了结合位点; 通过 X 射线衍射技术(XRD)发现 Pb 在细胞表面以 PbS 和 PbCO₃ 的形式存在。铅胁迫提高了菌体胞内巯基化合物和草酸含量, 同时也观察到了大量的胞外沉淀, 经 XRD 鉴定后发现沉淀的主要成分为草酸铅, 这表明胞内螯合剂(巯基化合物和草酸)和胞外螯合剂(草酸)均在 Pb 解毒过程中起到重要作用。此外, 通过同位素标记相对和绝对定量技术(iTRAQ)分析发现 Pb 胁迫下细胞中部分蛋白, 如在 ABC 转运体、细胞色素 P450 酶系统、过氧化物酶体及钙信号等代谢通路中表达有显著差异, 表明这些蛋白可能参与了 Pb 在菌体中的积累和解毒。这些结果将为进一步提高 *Pleurotus ostreatus* ISS-1 对 Pb 的富集和耐受能力, 从而为推动发展大型真菌修复技术奠定基础。

关键词: 糙皮侧耳; 铅; 富集; 耐受; 积累

资助项目: 国家自然科学基金项目(41401350)、河南省高等学校重点科研项目(17A610001)

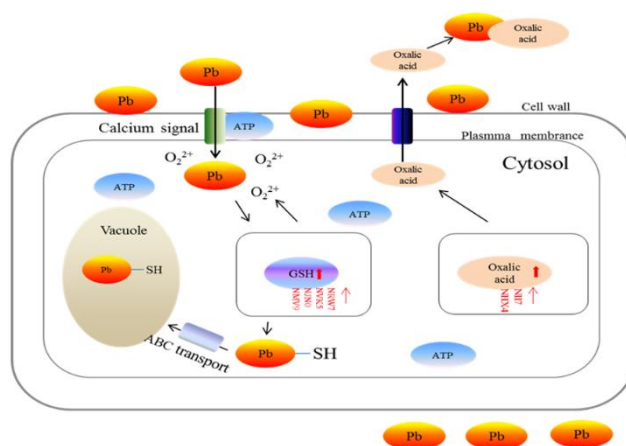


图 1 大型真菌 *Pleurotus ostreatus* ISS-1 对铅的耐受和富集机制

宏基因组揭示四川盆地不同 pH 紫色土微生物群落结构及功能

王智慧 蒋先军*

(西南大学资源环境学院, 重庆 400715)

E-mail: 759045919@qq.com; jiangxj@swu.edu.cn*

摘 要: 土壤微生物群落结构直接影响土壤生态系统功能, 研究不同土壤条件下微生物群落结构至关重要。影响土壤微生物群落结构的因素众多, 其中 pH 是尤为重要的一个因素。本研究以四川盆地三种不同 pH 的紫色旱地土为研究对象, 通过基于高通量测序的宏基因组学技术来探究四川盆地不同 pH 紫色土中微生物的群落结构。经过宏基因组测序, 每个土样产生大约 11Gb 的数据量, 总共发现 89 门, 222 纲, 527 目, 1009 科, 2769 属, 14354 种。宏基因组高通量测序能将土壤所有微生物测通, 本试验中各个样品获得的微生物序列都在不少于 7 千万条, 有的甚至达到 9 千万条, 其结果更加全面可靠, 能够更接近原位真实情况。所有土样中检测到 10 种相同的优势菌群, 中性紫色土检测到一个特有的优势菌群 Nitrospirae (硝化螺菌门), 石灰性紫色土缺少优势菌群 Thaumarchaeota (奇古菌门), Proteobacteria (变形菌门) 在三种紫色土中均占比最多。从界的分类水平来看, 酸性紫色土和石灰性紫色土更相似, 古菌占土壤中所有微生物的 2%, 而中性紫色土有明显差异, 其古菌占土壤中所有微生物的 8%, 而从门分类水平来看, 酸性紫色土和中性紫色土更相似, 各个门在土壤中所有微生物的占比更接近, 而与石灰性紫色土有明显差异, 石灰性紫色土中变形菌门的占比显著高于酸性和中性紫色土。对三种土壤的预测 ORFs 进行了 COG 功能分类预测, 三种紫色土中注释到功能未知 S (Function unknown) 的 ORF 最多, 其次是一般代谢 R (General function prediction only)、氨基酸运输代谢 E (Amino acid transport and metabolism)、能量产生与转化 C (Energy production and conversion)。三种紫色土中注释到各个 COG 功能的基因丰度都是酸性紫色土>石灰性紫色土>中性紫色土。冗余分析结果表明三种不同 pH 紫色土的微生物群落结构差异很大, 对微生物群落和土壤性质的相关性分析发现土壤的 pH 值、有机质、总氮、铵氮、硝氮和田间持水量对土壤微生物的群落结构都具有显著的相关性, 其中土壤 pH 对微生物群落结构的影响最大 ($R^2=0.9985$, $P=0.001$)。

关键词: pH; 紫色土; 微生物; 宏基因组学

资助项目: 本项目获得国家自然科学基金 (41671232, 41271267) 资助

胡敏酸抑菌活性与其化学结构的构效关系研究

魏世平^{1,2} 吴 萌^{1,2} 李忠佩^{1,2,*}

(1. 中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

spwei@issas.ac.cn; zhpli@issas.ac.cn*

摘 要: 已有研究证明胡敏酸(HA)对植物病原真菌存在抑制效应,但是其中的构效关系还不是很清楚。本研究广泛选取了 14 种不同的原料,测定其抑菌活性、元素(C、N、S、O)含量以及利用 CPMAS ¹³C NMR (Cross polarization magic angle spinning ¹³C nuclear magnetic resonance)测定其有机碳的组成。结果得到:从 14 种原料中提取出的 HA,对供试的植物病原菌均存在抑制作用;其中,云南褐煤 HA 对 *Physalospora piricola* 的抑制率甚至达到了 85.3%。土壤和堆肥 HA、藓类泥炭和草本泥炭的 ARO (aromaticity) 指数均小于 50%,表现为脂族性;而所有的煤炭 HA 和木本泥炭 HA 的 ARO 均大于 60%,表现为芳香性。对胡敏酸抑菌活性与化学结构的构效关系进行 Mantel 测验和 RDA (Redundancy analysis) 分析,得到: Mantel 检验出与抑菌活性显著相关的元素与碳组分分别为: N、S、O、N/O、carbonyl C, aromatic C-O 和 anomeric C。RDA 分析的结果表明 S 含量与抑菌活性成正相关,而 O 含量成负相关; carbonyl C 与抑菌活性成正相关,而 anomeric C 和 aromatic C-O 成负相关。研究最后的毒性试验表明所有供试 HA 对植物生长均存在促进作用。因此,HA 中 S 和活性组分(carbonyl C)的含量越高,将可能得到高抑菌活性的 HA。本研究鉴定了多种原料来源的 HA 的抑制真菌活性,为 HA 在农业领域的应用提供理论依据。

关键词: 抑菌活性, 胡敏酸, 植物真菌病原菌, 化学结构, 构效关系

资助项目: 国家自然科学基金(41430859,41771298), 江苏省基础研究计划(自然科学基金)--面上项目(BK20181510)

硒的生物转化及其产业应用

吴文良^{1,2*} 郭岩彬^{1,2} 李花粉^{1,2}

(1. 中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193; 2. 生物多样性与有机农业北京市重点实验室, 北京 100193)

E-mail: wuwenl@cau.edu.cn*

摘 要: 硒是人体必需微量元素, 对人体健康有重要作用。硒在地球上的分布属于分散型稀有元素, 我国目前缺硒地区约占国土总面积的 72%。土壤中硒的缺乏, 使得人体食物硒摄入不足, 引起克山病和大骨节病等地方病, 同时癌症、心血管病等疾病高发。通过植物或者微生物对硒进行生物转化, 再进入人的饮食是目前最普遍、经济、有效的补硒方式。本研究以小麦 (*Triticum aestivum* L.)、蛹虫草 (*Cordyceps militaris*) 和水生拉恩氏菌 HX2 菌株

(*Rahnella aquatilis*) 为对象, 研究植物、真菌和细菌对硒酸盐、亚硒酸盐、硒代蛋氨酸等不同形态硒的吸收与转化机理。结果表明小麦吸收的亚硒酸盐可以很快的转化为各种有机形态的硒, 并累积在根部, 而小麦吸收的硒酸盐很快转移到地上部; 蛹虫草可以高效将硒酸钠和亚硒酸钠转化为硒代蛋氨酸和硒代胱氨酸, 将硒代蛋氨酸转化为硒代胱氨酸, 并且不同形态硒能够显著提高虫草素的生物合成; *R. aquatilis* HX2 菌株对不同形态硒具有较强的耐受能力, 并能够将硒酸钠和亚硒酸钠高效转化为 100-300 纳米粒径的纳米单质硒, 不同形态硒对 HX2 的细胞膜透性具有损伤并影响鞭毛合成, 其中亚硒酸钠影响大于硒代蛋氨酸大于硒酸钠。在明确植物、真菌、细菌对硒的吸收与转化机理基础上, 形成植物富硒生物强化制剂、药食同源食用菌硒强化剂等生产技术, 并依托公益性行业 (农业) 科研专项“优质高效富硒农产品关键技术研究与示范

(201303106)”和中国富硒农业产业技术创新联盟, 在北京、山东、江西、黑龙江等省市开展技术示范与产业应用, 带动我国富硒产业的规范发展。

关键词: 硒; 生物转化; 产业应用

资助项目: 国家自然科学基金 (31470531 和 41073094)、公益性行业 (农业) 科研专项“优质高效富硒农产品关键技术研究与示范 (201303106)

长期施肥条件下土著菌根真菌繁殖体对植物产量的贡献

续 珍 杨志兰 冯 固*

(中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193)

E-mail: xuzhen1105@163.com; fenggu@cau.edu.cn*

摘 要: 菌根真菌 (AMF) 是土壤中一类重要的微生物, 其与植物形成共生关系, 有效改善植物养分吸收。目前 AMF 已被广大学者作为模式微生物研究, 接种单一菌种或混合菌种促进植物生长的室内研究试图揭示接种效应的机制, 但少有研究挖掘土壤中土著 AMF 作为一种生物资源, 其数量多大, 对作物生长有何影响? 本试验主要目的是充分挖掘土壤土著 AMF 潜力, 探明其对作物生长的影响。通过采集三个土壤类型长期定位试验和长期磷定位试验的土壤样品, 用最大或然数法 (MPN) 定量评价土著菌根真菌繁殖体生物量, 揭示长期施肥条件下土壤菌根真菌生物资源的数量以及其对作物产量及养分吸收量的影响。结果表明相比于不施肥 (CK) 处理, 长期施化肥 (NPK) 和有机肥 (M) 均显著增加土著菌根真菌繁殖体数量, 有机肥和化肥配施 (NPKM) 处理土壤菌根真菌 MPN 最高, 说明宿主植物生物量的增加促进了土著菌根真菌繁殖体的形成, 使土壤累积了大量的菌根真菌生物资源。不同土壤类型上长期定位试验的结果表明土壤类型不是影响土著菌根繁殖体生物量的主要因素, 施肥显著促进土著菌根繁殖体的形成与累积。长期磷定位试验结果表明随着施磷量的增加, 土著菌根真菌繁殖体数量显著增加, 且 MPN 与土壤 Olsen-P 呈显著正相关关系, 这说明在磷大量累积的土壤上, 土著菌根真菌生物量是可观的生物资源。MPN 与产量及磷吸收量的关系说明土著菌根繁殖体对作物磷吸收以及产量有促进作用, 进一步证实了土著 AMF 作为一种生物资源, 其生物肥力促进作物产量的假设。高通量测序结果进一步揭示了长期施磷条件下 AMF 多样性, 高磷条件下 AMF 多样性减少, 但属水平上 *Paraglomus* 显著增加, 且 *Paraglomus* 相对丰度与 Olsen P 显著正相关, 可能土壤养分条件充足条件下 *Paraglomus* 发挥更大的作用。该属生物资源的生物量。本研究结论是长期施肥显著增加土著菌根真菌繁殖体数量, 且 MPN 对产量有显著促进作用, 这说明长期施肥不仅补充了土壤养分, 还提升了土壤生物肥力, 增加了土壤生物资源。

关键词: 长期施肥; 菌根繁殖体; MPN; Olsen-P; AMF 多样性

资助项目: 国家自然科学基金 (U1403285、U1703232)、国家重点研发计划 (2017YFD0200200)

潮土细菌和真菌群落对不同施肥的响应模式

姚童言^{1,2} 陈瑞蕊^{1,*}

(1. 中国科学院南京土壤研究所土壤和可持续农业国家重点实验室, 南京 210008; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: tyyao@issas.ac.cn; rrchen@issas.ac.cn*

摘要: 潮土农田生态系统中, 有机无机肥料配施比单独施用化肥更利于提高土壤微生物活性, 提升土壤地力和产量稳定性。然而, 微生物群落对这两种施肥措施的响应模式及其与土壤功能的关系尚不明确。同时, 针对土壤微生物群落的研究中, 单独细菌和真菌的研究较多, 同时比较细菌和真菌群落结构对施肥响应的研究还很匮乏。基于此, 本研究利用河南封丘玉麦轮作的长期定位实验, 选取其中不施化肥的对照, 施用化肥的 F 处理和菇渣化肥配施的 MRF 处理, 利用高通量测序技术, 分别研究细菌和真菌群落结构的差异, 再通过比较施肥处理与对照处理的差异, 研究细菌和真菌群落对不同施肥措施的响应模式。研究表明: MRF 处理与对照间土壤微生物群落的距离大于 F 处理与对照。与对照的细菌群落相比, MRF 处理有 9 个门, 88 个属和 185 个 OTU 发生显著变化, 分别占其总数的 29%, 17% 和 11%, OTU 的平均变异幅度为 0.06%; F 处理仅有 2 个门, 9 个属和 30 个 OTU 发生变化, 分别占其总数的 6%, 2% 和 1%, OTU 的平均变异为 0.11%。真菌群落也具有类似的结果。因此, 潮土微生物群落对不同施肥措施具有不同的响应模式, 有机无机配施后, 土壤微生物群落呈现变异数量多, 平均变幅小的 mm (most and moderate) 模式, 而施用化肥后, 呈现变异数量少, 平均变幅大的 ss (small and sharp) 模式。前者的变异方向更有利于微生物多样性和功能的稳定。此外, 研究表明真菌群落对有机无机配施的响应比细菌更大, 表现在有机无机配施后真菌群落 α 多样性显著提高, 而细菌没有显著差异。MRF 处理和对照处理间的真菌群落距离为 0.62, 显著大于细菌群落距离 (0.40)。真菌群落共有 70 个属, 223 个 OTU 发生显著变异, 分别占真菌属和 OTU 总数的 26% 和 7%, OTU 相对丰度变化了 24%; 而细菌群落发生显著变异的有 88 个属, 185 个 OTU, 分别占细菌属和 OTU 总数的 17% 和 3%, OTU 相对丰度变化了 11%, 各指标均小于真菌。真菌网络

(7.25) 连接度大于细菌网络 (3.88), 真菌网络的连接性 (0.83) 也大于细菌网络 (0.67)。本研究表明有机无机配施有利于维持微生物多样性和功能的稳定, 使微生物群落内部联系更均匀, 这种演替方向更有利于农田生态系统稳定和可持续发展。真菌群落对土壤肥力的响应比细菌更大, 说明真菌群落可以更好地指示土壤肥力的变化。

关键词: 潮土; 细菌; 真菌; 化肥; 有机无机配施; 响应模式

资助项目: 中国科学院科技服务网络计划(STS)区域重点项目(KFJ-STQ-QYZD-020), 国家自然科学基金重点项目 (41430859)、中科院南京土壤研究所前沿领域项目 (Grant No. ISSASIP1118-3)。

甜樱桃的生长发育和果实品质分析研究

曾黎琼¹ 仇明华^{2,*} 赵庆明³ 张晏² 于菲² 陆琳²

(1.云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所/云南省农业生物技术重点实验室/农业部西南作物基因资源与种质创制重点实验室, 昆明 650223; 2. 云南省农业科学院园艺作物研究所, 昆明 650205; 3. 鲁甸县科技局, 昭通 657100)

摘要: 【目的】研究不同甜樱桃品种的生长发育和果实品质。【方法】对云南省昭通市鲁甸县种植的不同甜樱桃品种的生物特性、产量以及果实品质进行了调查分析研究。【结果】布鲁克斯、先锋、早大果是开花较早的甜樱桃品种, 而红蜜、西尔维亚、斯克乃德斯三个品种开花较晚。不同甜樱桃品种的花期在 12-23d。红灯、早大果的果实成熟较早, 果实生育期较短; 西尔维亚的果实成熟较晚, 西尔维亚、南阳红的果实生育期较长。叶芽开放期在 3 月 16-29 日, 落叶终止期在 12 月 8-10 日。定植 3 年的 6 个甜樱桃品种中, 早大果的树高、干周、平均单果重最大, 分别为 3.16m、22.85cm、7.92g。布鲁克斯的单株产量最大, 为 1.08kg。定植 11 年的本地樱桃-布莱特的树高、干周、平均单果重、单株产量分别为 4.25m、50.35cm、8.64g、34.85kg。定植 12 年的 10 个甜樱桃品种中, 南阳红的树高最大, 为 4.67m; 雷吉娜的干周最大, 为 61.88cm; 早大果的平均单果重最大, 为 11.44g; 龙冠的单株产量最大, 为 36.60kg。布鲁克斯的裂果率最大, 为 51%; 红灯、西尔维亚、先锋、萨米脱的裂果率在 10% 以下, 其它品种未发现裂果现象。8 个甜樱桃品种的磷、锌、铁、锰、镁、钙、铜、钠、钾平均含量分别为 199mg/kg、0.715mg/kg、3.44mg/kg、1.49mg/kg、108mg/kg、98.7mg/kg、0.431mg/kg、1.94mg/kg、0.183% ; 总糖、维生素 C、粗纤维、总酸、水分、可溶性固形物的平均含量分别为 11.22%、21.9mg/100g、0.10%、1.20%、83.1%、15.79%。布鲁克斯的糖酸比值最高, 萨米脱的最低。

【结论】不同甜樱桃品种生物学特性、产量、果实品质有所差异。

关键词: 甜樱桃; 生物学特性; 果实; 品质

基金项目: 桃、樱桃新产品选育及示范(项目编号: 2015BB012)。

干湿交替和有机肥添加对土壤 *cbbM* 固碳细菌群落结构的影响

赵 娟 殷逸凡 曹 慧*

(南京农业大学生命科学学院, 南京 210095)

E-mail: 2018216014@njau.edu.cn; hcao@njau.edu.cn*

摘 要:自养固碳细菌是对大气 CO₂ 起调节作用的重要微生物, 广泛存在于土壤中, 并受到各种自然或人为因素的影响。本试验以三种质地(粘土, 砂土及壤土)农田土壤为材料, 在淹水和排干条件下设置鸽粪添加处理, 模拟农田土壤氧化/还原条件下有机肥施用对固碳细菌群落结构的影响。以 *cbbM* 基因为靶, 进行荧光定量分析, 采用混合测序方法进行 Illumina MiSeq 测序, 通过比较基因组学和多元统计分析方法阐明农田土壤自养微生物群落组成、多样性以及各类种群的丰度的差异, 明确驱动固碳细菌群落结构演变的环境因子。结果表明, *cbbM* 基因丰度在土壤质地中呈现壤土>粘土>砂土的规律, 添加鸽粪会显著降低其基因丰度; 添加鸽粪后在淹水条件下粘土、壤土固碳细菌丰度高于排水条件土壤, 而砂土丰度变化相反。淹水及鸽粪添加对粘土和壤土中固碳微生物多样性影响较小, 但对砂土中固碳微生物多样性影响显著, 表现为淹水、添加鸽粪、淹水并添加鸽粪三种处理均显著增加了砂土中 *cbbM* 基因的多样性。此外, 参与 CO₂ 固定的优势菌群包括 *Acidihalobacter*、*Thiobacillus*、*Sulfuricella* 等。综上所述, 土壤水分和肥料管理对固碳细菌群落结构产生影响, 合理的田间管理可以提高土壤微生物的固碳能力。

关键词: *cbbM* 基因; 荧光定量; 混合测序; 群落多样性

资助项目: 国家自然科学基金(680600480)

土壤淹水和有机肥添加对 cbbM 固碳菌群群落结构的影响

赵 娟 殷逸凡 曹 慧*

(南京农业大学生命科学学院, 南京 210095)

E-mail: 2018216014@njau.edu.cn; hcao@njau.edu.cn*

摘 要:作为土壤碳汇中对大气 CO₂ 起反向调节作用的重要微生物体, 自养固碳菌群活跃于土壤圈并受各种自然或人为因素的影响。本文对三种类型农田土壤(粘土, 砂土及壤土)添加鸽粪及淹水条件设置不同处理, 以模拟农业生态系统中水旱耕作及有机肥施用等措施。培养土壤提取微生物总 DNA, 以 cbbM 基因为靶, 进行荧光定量分析, 后依据混合测序技术, 将 DNA 样品混合, 进行 Illumina MiSeq 测序, 通过比较基因组学和多元统计分析方法分析农田土壤自养微生物群落组成、多样性以及各类种群的丰度的差异, 并进一步探究群落结构对不同生境及土壤理化指标的响应。荧光定量分析发现, cbbLM 基因丰度在土壤质地中呈现壤土>粘土>砂土的规律, 添加鸽粪会显著降低其基因丰度, 而淹水处理仅对添加鸽粪的土壤有显著影响, 具体表现为粘, 壤土中丰度升高, 而砂土中丰度降低。采用 Illumina MiSeq 测序技术对 cbbM 基因类群测序并分析发现, 淹水及鸽粪添加对粘土及壤土中携带 cbbM 基因的微生物群落影响较小, 但却显著影响了砂土中该群落的多样性。据此, 我们推测, 适宜的土壤养分及较低的孔隙率有助于土壤固碳菌固碳能力的提升, 而有机肥的施用可能会降低 cbbM 基因固碳菌群的丰度。合理的因地(指代土壤质地)制宜可使土壤微生物最大限度地固定二氧化碳。

关键词: cbbM 基因; 荧光定量; 混合测序; Illumina MiSeq 测序; 群落多样性; 群落组成

资助项目: 国家自然科学基金(680600480)

不同 AM 真菌菌丝际合作促进土壤有效磷利用比较

周家超¹ 冯 固^{1,*}

(中国农业大学资源与环境学院, 北京 100094)

E-mail: zhjchao1990@126.com; fenggu@cau.edu.cn*

摘 要: 利用土壤微生物挖掘土壤磷肥利用潜力是实现我国减肥增效计划的重要手段。丛枝菌根 (AM) 真菌能够与大多数的农作物形成共生关系, 促进作物的磷营养。在长期进化过程中, AM 真菌失去了腐生能力, 只能依靠菌丝际的微生物来矿化土壤中有有机磷。目前的研究表明, AM 真菌能够促进菌丝际细菌数量和碱性磷酸酶基因 (*alp*) 表达量。但是在植物根系同时定殖着多种 AM 真菌, 这些 AM 真菌在形态和生理上均存在显著地差异, 但不同 AM 真菌与菌丝际细菌相互合作促进土壤有机磷矿化的机理是否也不同还需要进一步的研究。本实验以玉米为实验材料, 利用分根培养体系, 分别在根室接种三种不同的 AM 真菌, *Rhizophagus intraradices* (*R.i*)、*Funneliformis mosseae* (*F.m*) 和 *Gigaspora margarita* (*Gig.m*), 结合 ¹³C-SIP 和高通量测序技术, 通过比较三种同 AM 真菌菌丝际微生物组和解磷功能基因 *alp* 基因群落组成, 以及土壤有效磷, 磷酸酶, *alp* 基因表达量等指标, 比较不同 AM 真菌菌丝际微生物组矿化有机磷的机理。结果表明, 接种 AM 真菌显著促进了作物的生物量和磷营养。接种 AM 真菌后, 菌丝际有效磷浓度显著降低, 而且 *R.i* 和 *F.m* 菌丝际土壤有效磷水平显著低于 *Gig.m*。而土壤有机磷浓度却有不同趋势, 接种 AM 真菌后土壤有机磷浓度显著下降, 而且 *Gig.m* 菌丝际有机磷浓度显著低于 *R.i* 和 *F.m*。接种 AM 真菌也使得菌丝际碱性磷酸酶活性显著升高, 而且在 *Gig.m* 菌丝际有最高的磷酸酶活性。而且土壤磷酸酶活性与有机磷含量显著负相关。从定量 PCR 的结果来看, 接种 *R.i* 和 *F.m* 显著提高了土壤 16S rDNA 和 *alp* 基因的表达量, 而 *Gig.m* 菌丝际 16S rDNA 数量与对照相比没有显著差异, 而 *alp* 基因表达量却显著高于对照和 *R.i*、*F.m* 菌丝际, 而且 *alp* 基因表达量与土壤磷酸酶活性显著正相关。从 *alp* 基因表达量与 16S rDNA 表达量的比值来看, *R.i* 和 *F.m* 与对照没有显著差异, 而 *Gig.m* 菌丝际显著高于对照和 *R.i*、*F.m* 菌丝际。¹³C-SIP 的结果表明, 三种不同的 AM 真菌菌丝释放的有机碳的量明显不同, Microresp 的结果也菌丝分泌物的组成也存在差异。微生物组的结果表明三种不同的 AM 真菌菌丝际定殖着完全不同的微生物组和解磷功能微生物组。综上所述, AM 真菌菌丝际合作促进土壤有机磷利用进而促进作物磷营养。不同的 AM 真菌通过分泌不同数量和组成的含碳分泌物吸引完全不同的微生物组在菌丝际定殖。AM 真菌根外菌丝均能够通过提高 *alp* 基因数量来提高土壤磷酸酶的活性, 进而促进土壤有机磷的矿化。但不同 AM 真菌菌丝际合作策略明显不同, *R.i* 和 *F.m* 通过分泌物更多的细菌定殖进而提高 *alp* 基因数量, 而 *Gig.m* 通过不能提高土壤细菌的量, 但是可以吸引更多的解磷功能细菌定殖。

关键词: 丛枝菌根真菌; 菌丝际合作; 微生物组; 碱性磷酸酶; *alp* 基因

资助项目: 土壤微生物与菌根促进作物高效利用磷的机制 (21197160)

不同放牧强度下内蒙古典型草原土壤微生物学指标变化特征

朱晓亚¹ 赵小蓉^{1,*} 李子豪¹ 林启美¹ 李贵桐¹

(中国农业大学资源环境学院, 北京 100193)

Email: 1353040941@qq.com; zhaoxr@cau.edu.cn*

摘 要: 磷是植物生长发育所必须的元素, 是草原生态系统中最主要的养分限制因子之一。土壤中的磷以有效性较低的有机磷为主, 需要经过酶的降解才能被植物吸收和利用。土壤微生物十分活跃并参与土壤有机磷矿化和难溶性磷的活化过程, 在磷元素周转中起着重要作用。本文以内蒙古锡林郭勒典型草原放牧控制试验样地为研究平台, 对 2014 年-2017 年间不同放牧强度下土壤微生物碳氮磷含量以及 2017 年不同放牧强度下土壤酸性磷酸酶、碱性磷酸酶、植酸酶活性等指标进行了调查, 得出结论如下: (1) 2014 年-2017 年, 微生物量磷和微生物量氮年际变化显著, 连续 4 年放牧导致微生物碳氮磷均有下降趋势;

(2) 不同放牧强度下, 微生物碳氮磷均在 G8 处理下达到最大值或峰值, 中度放牧强度可能最适宜微生物生存; (3) 土壤酸性磷酸酶活性随着放牧强度增加而显著降低, 土壤碱性磷酸酶和植酸酶活性也有随着放牧强度增加而降低的趋势, 但影响并不显著。

关键词: 放牧; 典型草原; 微生物量; 酶活性

资助项目: 国家重点基础研究发展计划 (2014CB38801)

土壤生态与土壤健康主题

间作对作物土传病害的防控效应与作用机制研究进展

蔡 鹏^{1,2} 胡君利^{1,3,*} 程 章² 林先贵¹

(1. 中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008; 2. 四川农业大学环境学院, 成都 611130; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: 1243060256@qq.com; jlhu@issas.ac.cn*

摘 要: 作物合理间作具有高产高效的优点, 在未来农业发展中占有越来越重要的地位。目前对间作系统的研究大多限于提高作物产量和品质、筛选栽培模式和改善地上生态条件等方面, 而关于两种作物地下部互作方面的研究甚少, 尤其是间作对土传病害的地下防控过程尚不清楚。土传病害是指土壤中的病原物侵染作物而导致的病害, 而现代农业集约化、商品化生产模式加剧了土传病害对作物的影响。近年来, 世界多地正在广泛应用间作方式以达到防病增产目的, 并摸索出很多有效的间作组合: 如混作小麦能有效控制大麦霉病, 间作玉米能有效控制马铃薯枯萎病, 间作辣椒能大幅降低西瓜枯萎病。此外, 利用同一种植物的不同基因型或不同品种也可以控制病害, 如间作抗病水稻能抑制易感病水稻稻瘟病的发生, 混植不同品种的香蕉能显著降低极具危害的线虫数量。目前有关间作防控土传病害的机理研究取得了一定进展, 如间作形成了高低起伏的作物冠层、改变了亲和寄主的空间分布, 不利于病原菌的传播和侵染; 增加了土壤中的有益微生物和原生动物, 强化了对病原菌的抑制(拮抗或捕食作用); 形成了对病原菌侵染具有不利影响的微气候环境(相对湿度、温度和露珠形成等), 通过间作物的根际分泌物和非寄主病原菌孢子诱发植株对病原菌侵染产生寄主抗性等。由此可见, 间作可以通过改变土壤环境进而影响土传病害的发生, 其中根系分泌物与土壤矿质养分均发挥着重要作用。在根系分泌物的化感作用方面, 间作玉米后其根系分泌物能抑制引起大豆红冠根腐病的寄生帚梗柱孢菌(*Cylindrocladium parassiticum*)的生长, 而间作茼蒿后其根系分泌物中的月桂酸能调节番茄根结线虫的趋药性并控制其侵染; 在间作改善作物根际营养和提高作物抗病性方面, 矿质养分既可以作为植物组织的构成成分直接参与新陈代谢而发挥作用, 又可以通过改变植物的生长方式、形态和解剖特征(如使表皮细胞加厚、高度木质化或硅胶化), 形成机械屏障增强其抗病能力。综上所述, 加强间作对土传病害的防控机理研究将为集约化农业的健康发展和间作技术的改良提升提供理论基础和决策依据。

关键词: 土传病害; 连作障碍; 间作; 根系分泌物; 矿质营养; 化感作用

资助项目: 国家自然科学基金面上项目(41671265)、国家重点研发计划项目(2017YFD0200603)、中国科学院南京土壤研究所“一三五”规划和领域前沿项目(ISSASIP1634)、土壤与农业可持续发展国家重点实验室优秀青年人才项目(Y412010009)

DNA 和 cDNA 水平比较分析三种土壤固碳细菌的群落多样性

曹滢¹ 杨青萌¹ 汪妍¹ 张晨阳¹ Abdelhadi Abdallah Abdelhadi² 曹慧^{1,*}
(1.南京农业大学生命科学院, 南京 210095; 2.开罗大学农业学院, 埃及 吉萨)

Email: 2016116049@njau.edu.cn; hcao@njau.edu.cn*

摘要: 大气中的二氧化碳(CO₂)可被固碳菌同化并转化为土壤有机碳, 具有重要的环境意义。然而, 大多数关于固碳细菌的研究局限在 DNA 水平上。本试验提取了三种土壤细菌的 DNA 和 RNA, 用于比较整体群落和活跃群落之间群落多样性的差异。首先, 为了从不同质地的土壤中提取高质量的微生物总 RNA, 本实验通过降低提取液中苯酚的 pH 值、缩短热解时间和沉淀时间, 建立了 CTAP-SDS 优化法。该优化方法成功地应用于提取三种土壤(壤土、粘土和砂土)微生物的总 RNA。然后, 利用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对 *cbbM* 基因进行测序, 比较在 DNA 和 cDNA 水平上不同质地土壤中固碳细菌群落的群落组成、种群的多样性和丰富度。研究发现, 不同质地土壤的固碳细菌群落在 DNA 和 cDNA 水平上的组成结构趋于一致, 但在细菌丰度上存在显著差异, DNA 样品的细菌群落丰度显著高于 RNA 样品。这种丰度差异不仅由细菌群落中的优势菌属如 *Thiobacillus* 等驱使, 也受一些稀有菌属的影响, 例如 *Halothiobacillus*、*Sideroxydans*、*Thioflavicoccus* 等属的相对丰度在 DNA 和 cDNA 水平上存在显著差异。土壤质地和测序类型都能影响样品重复的稳定性, 但主要受前者的影响。重复稳定性从高到低依次是壤土、粘土和砂土。DNA 和 cDNA 水平上的菌属丰度差异, 暗示固碳细菌的生态功能在一定的程度上受环境因子所调控。

关键词: 土壤质地; 总 RNA 提取; 高通量测序; *cbbM* 基因; 群落多样性。

资助项目: 国家自然科学基金(680600480)

东北黑土区不同开垦年限稻田土壤团聚体中有机碳组分的演变特征

迟美静 安 晶 张玉玲* 范庆锋 虞 娜 邹洪涛

(沈阳农业大学土地与环境学院, 农业部东北耕地保育重点实验室, 土肥资源
高效利用国家工程实验室, 沈阳 110866)

E-mail: 781091909@qq.com; yuling_zhang@163.com*

摘 要: 以东北黑土区荒地(0年)和不同开垦年限(12年、35年、62年和85年)稻田土壤为研究对象, 利用湿筛法、物理分组技术和稳定同位素质谱技术, 研究不同开垦年限稻田土壤团聚体中有机碳及其组分的演变特征, 从土壤团聚体中有机碳组分的微小尺度揭示中国东北典型黑土区开垦后稻田土壤团聚体中有机碳的固定与稳定机制。结果表明, 土壤有机碳含量随种稻年限延长呈先升高后降低趋势, 不同开垦年限土壤均以大团聚体(>0.25mm)为主, 其组成及其有机碳含量也均随开垦年限延长呈先增加后下降趋势, 是赋存有机碳的主要粒级; 各年限土壤中的 $\delta^{13}\text{C}$ 值均随团聚体粒级的减小而增加, 各级团聚体中的 $\delta^{13}\text{C}$ 值均随开垦年限延长呈现先降低后增加趋势。土壤大团聚体(>0.25mm)中均以微团聚体间的粗颗粒有机碳(Inter-mM cPOC)和矿物结合有机碳(Inter-mM MOC与Intra-mM MOC之和)组分为主, 其分配比例分别为15.67%-42.65%和25.28%-52.41%, 且二者呈互相消长的变化趋势, 但Inter-mM cPOC受开垦年限影响较大, 其含量与大团聚体组成、大团聚体有机碳及土壤有机碳含量显著相关($P < 0.05$)。土壤游离微团聚体(0.25-0.053mm)中颗粒有机碳(Intra-m POC)和矿物结合有机碳(Intra-m MOC)含量及其分配比例均随开垦年限延长呈先降低后增加趋势, 但Intra-m POC受开垦种稻年限影响较大。开垦种稻12年后, 随开垦种稻年限延长, 被大团聚体(>0.25mm)和微团聚体(0.25-0.053mm)物理保护的总颗粒有机碳(总POC)的分配比例(30.89%-55.92%)显著降低($P < 0.05$), 而被各粒级团聚体物理化学保护的总矿物结合有机碳(总MOC)的分配比例(44.08%-69.11%)显著增加($P < 0.05$)。由此可见, 黑土区开垦种稻后(85年间), 大团聚体(>0.25mm)是赋存有机碳的主体, 被大团聚体物理保护的Inter-mM cPOC的逐年减少是导致开垦后稻田土壤总有机碳和团聚体稳定性降低的关键组分, 而被大团聚体物理化学保护的矿物结合有机碳(Inter-mM MOC与Intra-mM MOC之和)的逐年增加是维持开垦后稻田土壤有机碳固定与稳定的重要组分。团聚体对有机碳的物理化学保护作用随开垦年限逐年增强, 是开垦后稻田土壤有机碳固持与稳定的重要机制。

关键词: 稻田土壤; 开垦年限; 有机碳组分; 土壤团聚体

资助项目: 国家自然科学基金项目(41571280, 41101276)和国家重点研发计划项(2017YFD0300707)

水氮耦合对设施土壤温室气体排放的影响研究

杜世宇 薛 飞 虞 娜*

(沈阳农业大学土地与环境学院, 沈阳 110866)

E-mail: shiy_Du@163.com; sausoilyn@163.com*

摘 要: 水分和氮素是设施农业生产易于调控的因子, 其供应状况影响土壤氮素的损失途径。作为主要的温室气体, N_2O 、 CO_2 和 CH_4 在不同生态系统下的排放特征及其全球增温潜势越来越引起重视。目前, 关于水氮耦合下设施农业土壤温室气体排放的研究还比较有限。本研究以连续 5 年设施水氮定位试验的土壤为供试土壤, 田间小区试验设置不同灌水下限 (W_1 : 25 kPa、 W_2 : 35 kPa、 W_3 : 45 kPa) 和施氮量 (N_1 : 75 kg $\text{N}\cdot\text{hm}^{-2}$ 、 N_2 : 300 kg $\text{N}\cdot\text{hm}^{-2}$ 、 N_3 : 525 kg $\text{N}\cdot\text{hm}^{-2}$) 组合共 9 个处理, 比较分析水氮耦合对设施土壤温室气体 (N_2O 、 CO_2 和 CH_4) 排放特征的影响, 估算了温室气体的全球增温潜势 (*GWP*) 和温室气体排放强度 (*GHGI*) 的差异。研究结果表明, 设施土壤 N_2O 和 CO_2 排放通量受灌水施肥时期的影响, 施肥后 N_2O 排放通量呈增加趋势, 高灌水量 (灌水下限 25 kPa) 促进 N_2O 和 CO_2 排放。 CH_4 的排放通量表现为中等和强变异特点。除水氮交互对 CO_2 累积排放总量和施氮量对 CH_4 累积排放总量影响不显著外, 灌水下限、施氮量和水氮交互对 N_2O 、 CO_2 、 CH_4 累积排放总量、*GWP*、*GHGI* 和番茄产量的影响显著或极显著。随氮肥用量的增加, N_2O 累积排放总量增加。 N_2O 和 CO_2 累积排放总量与 *GWP* 之间均达到极显著正相关, 且各处理 N_2O 对 *GWP* 平均贡献率为 5.25%, CO_2 为 94.59%。适当减少氮肥用量和增加灌水下限能够有效地降低温室气体排放。 W_2N_1 (灌水下限 35 kPa, 施氮量 75 kg $\text{N}\cdot\text{hm}^{-2}$) 处理是本研究减缓温室气体排放并提高番茄产量的最佳水氮管理措施。

关键字: 水氮耦合; 设施土壤; 温室气体; 全球增温潜势

资助项目: 国家自然科学基金项目 (41401322)、国家重点研发计划项目课题

(2016YFD0300807)、国家科技支撑计划项目 (2015BAD23B01)、农业部东北耕地保育重点实验室开放基金课题项目 (2015NYBKFT-01)

生物质炭对黑麦草碳氮周转的影响及其微生物机制

符颖怡¹ 罗煜^{1,*}

(1. 浙江大学环境与资源学院, 杭州 310058)

E-mail: 396345228@zju.edu.cn; Luoyu@zju.edu.cn*

摘 要: 过盆栽试验方法, 采用 ^{13}C 脉冲和 ^{15}N 肥料标记技术和稳定同位素质谱分析技术以及微生物高通量测序技术, 研究了在两个不同生育期 (分别在第 16 天、第 30 天采样) 中添加了生物质炭后氮素在“黑麦草-土壤”和光合碳在“黑麦草-土壤-微生物”系统中的分配比率及其在土壤粒级的动态变化, 探讨生物质炭对植物氮素吸收以及光合碳在“土壤-微生物”系统中的运转、分配规律及其微生物机制, 为明确生物质炭对黑麦草生态系统中氮碳素循环过程提供理论依据。结果表明, 在两个不同的生育期中, 添加生物质炭的处理能增加黑麦草对 ^{15}N 的吸收 (42.9%-60%)。相对于光合碳而言其降低了 ^{13}C 在三个土壤粒级 (0.25-2mm, 0.053-0.25mm, <0.053mm) 中的含量, 分别减少了 17-66.7%, 57.6%-71.4%, 23%, 同时提高了微生物量碳的含量。此外, 通过进一步对其微生物机制进行分析, 结果表明生物炭通过改变土壤性质 (pH、TN、DON) 和植物生长 (根和茎生物量) 来影响土壤中细菌群落结构, 但是对真菌的群落结构无过大的影响。在同一生育期中, 添加了生物质炭的处理中, 其细菌群落中的 *Acidobacteria*, *Chloroflexi* 相对丰度增加, 植物茎对 ^{13}C 的吸收也随之增加; *Cyanobacteria* 相对丰度增加, 植物茎对 ^{15}N 的吸收也增加; *Verrucomicrobia* 的相对丰度增加, 植物根部对 ^{15}N 的吸收量随之增加。其真菌群落中, *Rozellomycota* 与土壤中的 ^{15}N 含量呈正相关。结果证明了生物质炭可以通过改变土壤微生物群落, 进而影响 ^{13}C 和 ^{15}N 在土壤-植物中的分配。

关键词: 生物质炭; 根系分泌物; 碳固定; 氮吸收; 土壤粒级

浙江台州典型电子废弃物无序拆解区土壤多环芳烃和邻苯二甲酸酯污染风险评估

顾卫华^{1,2,3} 姚海燕^{1,2,3} 白建峰^{1,2,3,*} 王景伟^{1,2,3}

(1. 上海第二工业大学电子废弃物研究中心, 上海 201209; 2. 上海电子废弃物资源化协同创新中心, 上海 201209; 3. 上海第二工业大学资源循环科学与工程中心, 上海 201209)

E-mail: whgu@sspu.edu.cn; jfbai@sspu.edu.cn*

摘 要: 电子废弃物无序拆解活动会导致其中多环芳烃 (PAHs) 和邻苯二甲酸酯 (PAEs) 的无规律排放, 进而对周边生态环境和居民人体健康构成威胁。为了量化电子废弃物无序拆解区土壤中 PAHs 和 PAEs 含量及其对人体健康的风险, 本研究选取台州市路桥区某典型电子废弃物无序拆解区为调查对象, 分别采集来自作坊式电子废弃物拆解点、作坊式塑料加工点、作坊式金属加工点、电子废弃物尾渣倾倒点等 4 个点位共计 7 个土壤样品, 以气相色谱—质谱联用法和美国能源部规定的暴露量化及风险表征方法为分析手段开展相关分析工作。研究结果表明: 四个点位共计 7 个土壤样品中的 Σ PAHs 含量范围为 32.62~1053.71 ug/kg, 平均值为 414.05 ug/kg, 其中作坊式电子废弃物拆解点 (东北侧) 的土壤中 PAHs 含量属于重污染级别, 表明该处土壤存在强烈的环境风险。相应地, 样品中 Σ PAEs 含量范围为 256.59~10866.47 ug/kg, 平均值为 4746.95 ug/kg。PAEs 中邻苯二甲酸二 (2-乙基己基) 酯 (DEHP)、邻苯二甲酸二丁酯 (DBP)、邻苯二甲酸丁苄酯 (BBP)、邻苯二甲酸二正辛酯 (DNOP) 的平均含量分别是美国土壤中 PAEs 控制标准的 1.20、5.51、0.08 和 0.09 倍。非致癌物质 DBP、DNOP 和致癌物质 DEHP、BBP 通过不同途径对人体造成的健康风险程度为: 经口途径 > 皮肤接触 > 呼吸途径。此外, PAHs 通过不同途径对人体造成的健康风险程度为: 呼吸途径 > 皮肤接触 > 经口途径。其中 PAHs 中菲 (Phe)、蒽 (Ant)、荧蒽 (Fla) 和 芘 (Pyr) 对总健康风险贡献率较大, PAEs 中则是 DBP 和 DNOP 对总健康风险贡献率较大。尽管电子废弃物无序拆解活动产生的 PAHs 和 PAEs 对周边居民的健康风险尚在可接受范围内, 但场地内土壤已形成 PAHs 和 PAEs 污染, 急需建立相关环境管理措施及污染控制标准, 逐步规范电子废弃物无序拆解活动。

关键词: 电子废弃物; 无序拆解; 土壤; 多环芳烃; 邻苯二甲酸酯; 风险评估

基金项目: 国家自然科学基金项目 (21307080)、上海知识服务平台项目 (ZF1224)、上海市高原学科-环境科学与工程 (资源循环科学与工程)、上海第二工业大学重点学科建设项目 (XXKZD1602)

Rhodococcus biphenylivorans TG9 对多氯联苯的降解特性研究

郭莉 王慧 胡金星 沈超峰*
(浙江大学环境与资源学院, 杭州 310058)
E-mail: ysxzt@zju.edu.cn*

摘要: 多氯联苯 (Polychlorinated Biphenyls, PCBs) 是环境中典型的持久性有机污染物, 土壤与底泥是其主要的源和汇。近年来, 土壤有机污染微生物修复是环境科学领域研究的热点, 而获得高效降解菌并阐明其降解机制是生物修复的关键。本实验室前期从 PCBs 污染底泥中通过休眠菌复苏的方法分离出一株 PCBs 降解新种 *Rhodococcus biphenylivorans* (嗜联苯红球菌) TG9, 但其 PCBs 降解特性尚未系统研究。本论文研究了该菌株对不同 PCBs 同系物的降解能力; 筛选了可作为 TG9 唯一生长碳源和能源的 PCB 单体, 并对其降解动力学和中间代谢产物进行了考察; 最后利用全基因组测序结果对 TG9 的 PCBs 降解基因及通路进行分析, 并对降解通路中的关键酶活性进行了检测。主要研究结果和结论如下:

(1) 以 PCBs 商品混合物 Aroclor 为降解底物, 初步探究经联苯诱导后 TG9 对各氯代同系物的降解能力。结果表明, TG9 对浓度均为 10 mg/L 的 Aroclor1221、Aroclor1242、Aroclor1254 和 Aroclor1260 在 7 天的消减率分别为 94.4%、58.5%、27.3% 和 3.3%, TG9 经联苯诱导后可降解部分高氯代同系物, 但对四氯及以下 PCBs 同系物降解效果更显著。TG9 对 PCB 单体的降解结果表明, TG9 对二氯 PCB 单体的降解效果分别为一氯 > 二氯 > 三氯 > 四氯, TG9 对二氯代 PCBs 的降解能力依次是 2,2'-CB > 3,3'-CB > 4,4'-CB, 同时呈对称结构的 PCB 单体不利于 TG9 的降解。

(2) 探究了 TG9 经联苯诱导后对不同浓度 Aroclor1242 和 PCB 单体的降解能力。结果表明 TG9 能耐受较高浓度的污染物, 其对 50 mg/L、250 mg/L 和 500 mg/L 的 Aroclor1242 消减率分别为 61.1%、29.0% 和 12.1%。对不同浓度的 PCB31 的降解结果表明, 污染物浓度过高或过低均不利于菌体的降解。

(3) 菌株 TG9 能在联苯诱导后以共代谢方式降解 PCBs, 进一步考察其是否可将 PCBs 作为唯一碳源和能源。开展了三氯及以下全部 39 种 PCB 单体筛选实验, 共有 18 种 PCB 单体可作为 TG9 生长的唯一碳源和能源。锥形瓶大体系培养验证表明: PCB1、PCB3、PCB9、PCB12、PCB14 和 PCB18 能作为 TG9 生长的唯一碳源和能源, PCB10 和 PCB31 不能作为 TG9 生长的唯一碳源和能源, 所得结果与筛选结果一致。

(4) 从降解动力学上分析 PCBs 作为唯一碳源和在共代谢方式下的降解差异。TG9 对可作为唯一碳源和能源的单体降解动力学表明, 氯取代数量影响生物降解速率, 其对 PCB1、PCB3 和 PCB12 的降解符合一级动力学方程, 且以 PCB3 的降解速率常数最大为 0.139。经联苯活化后, TG9 对 PCB31、PCB8 和 PCB11 的降解也符合一级动力学方程, 降解速率常数分别为 0.197、0.470 和 0.453, 可能是 TG9 体内的 Bph 降解酶被联苯大量诱导表达所致。

(5) 考察 PCBs 同系物的中间代谢产物。各氯代单体均产生相应的氯代苯甲酸, 说明 TG9 对 PCBs 的生物降解沿着 *bph* 途径进行。同时 TG9 对 PCBs 代谢产物氯代苯甲酸也有一定的降解能力, 并且与已有报道的 PCBs 降解菌不同, 其对二氯代苯甲酸 2,5-CBA 的降解效果显著。

(6) 利用全基因组测序法, 对 TG9 降解 PCBs 的系列降解酶基因进行解析。发现在 TG9 体内, 存在完整的 PCBs 降解编码基因, 其 PCBs 上游降解途径中存在 3 个 *bphC* 编码基因, 且 TG9 的基因簇可能是一种新的基因簇。质粒消除和提取结果表明, TG9 中不存在质粒。

(7) 利用转录组结果分析, TG9 在正常活性培养状态与模拟环境中休眠状态相比, 除 *bphB* 基因外, 其余 *bph* 基因转录水平均上调。不同底物培养实验表明, TG9 的 BphA 和 BphC 活性在可以作为唯一碳源和能源的联苯、PCB1 和 PCB12 的培养体系中, 均显著提高, 而在必须以共代谢方式降解的 PCB31 培养体系中, 这两种酶的活性都无显著诱导。进一步明确了 TG9 对 PCBs 不同代谢方式的降解基因诱导表达机制。以上结果为进一步深入研究 TG9 的 PCBs 高效降解机制及其环境污染修复应用奠定了基础。

关键词: 多氯联苯; 生物降解; 生长碳源; 代谢产物; *bph* 基因

优化施肥与提前覆膜对辣椒疫病的防治效果及机理研究

侯劭炜^{1,2} 张 昱^{2,3} 李明慧² 刘红敏² 吴福勇^{1,*} 胡君利^{2,4,*} 林先贵²

(1. 西北农林科技大学资源环境学院(农业农村部西北植物营养与农业环境重点实验室), 杨凌 712100; 2. 中国科学院南京土壤研究所(土壤与农业可持续发展国家重点实验室), 南京 210008; 3. 上海第二工业大学电子废弃物研究中心(上海电子废弃物资源化协同创新中心), 上海 201209; 4. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: 649722685@qq.com; fuyongwu@nwsuaf.edu.cn*; jlhu@issas.ac.cn*

摘 要: 辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 是一种重要的调料、经济作物, 市场前景广阔, 在我国栽培面积逐年增长。但随着土地高强度集约化利用, 连作土传病害特别是辣椒疫病严重影响辣椒的产量与品质。研究发现, 强还原灭菌、太阳能杀菌和施用杀菌剂等均能有效防控土传病害, 但目前关于三者的联合抑病效果鲜见报道。本研究以石辣 7 号为供试辣椒品种, 在重庆石柱连作辣椒多年的地块上设置 Control (传统施肥+正常覆膜)、Iof (优化施肥+正常覆膜)、Iof+Afm (优化施肥+提前覆膜)、Iof+T+Afm (优化施肥+杀菌剂+提前覆膜) 等 4 个处理、各 3 个重复, 其中优化施肥是指在基肥中添加强还原性物质 (强还原灭菌), 提前覆膜比正常移栽提前一个月施入基肥并覆膜 (强还原灭菌+太阳能杀菌), 杀菌剂为一种常见的农业生产废弃物。结果发现: 1) 与对照相比, Iof 处理对辣椒疫病没有明显影响, 但果实产量趋于升高; Iof+Afm 处理辣椒疫病疫情指数趋于降低、果实产量趋于升高, 整体效果略优于 Iof 处理; Iof+T+Afm 处理辣椒疫病疫情指数显著降低、果实产量显著增加 ($P<0.05$), 其中产量提高 33.4%; 2) 三种处理的 AM 真菌侵染率与根际土壤中的 AM 真菌数量较对照分别提高 34.7% 和 27.2%、42.7% 和 55.2%、64.0% 和 85.6% (即 Iof+T+Afm 处理效果最佳), 且疫情指数与 AM 真菌的侵染率和数量均呈显著负相关 ($P<0.05$), 而果实产量与 AM 真菌侵染率呈极显著正相关 ($P<0.01$); 3) 三种处理对辣椒植株的氮、磷、钾总吸收量均没有显著影响, 但明显促进钾向果实部分转运 (根系和茎叶钾含量均显著降低、而果实部分钾含量趋于升高或显著升高), 最终钾在果实中的含量和富集比 (即占植株总吸收量的比值) 较对照分别提高 8.32% 和 39.9%、6.79% 和 49.7%、10.9% 和 84.0% (其中 Iof+T+Afm 处理最高并达到显著水平), 且果实产量与果实中钾的含量呈显著正相关 ($P<0.05$)。结果表明, 田间条件下优化施肥 (即在基肥中添加强还原性物质和杀菌剂) 并提前覆膜可有效防控辣椒疫病、提高辣椒果实产量, 这除了上述措施在土壤中的直接杀菌作用外, 还很可能与这些措施可促进土著 AM 真菌生长、提高它们对辣椒根系的侵染以及增强钾向果实部分转运有关。

关键词: 辣椒疫病; 强还原灭菌; 太阳能杀菌; 杀菌剂; 丛枝菌根真菌; 钾
资助项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFD0200603)、国家自然科学基金面上项目 (41671265)、中国科学院南京土壤研究所“一三五”规划和领域前沿项目 (ISSASIP1634)、土壤与农业可持续发展国家重点实验室优秀青年人才项目 (Y412010009)

Intercropping with sweet corn expands P acquisition channels of chilli pepper via arbuscular mycorrhizal hyphal networks

Junli Hu^{1,2} Minghui Li¹ Homgmin Liu¹ Qi Zhao¹ Xiangui Lin^{1,*}

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049)

E-mail: jlhu@issas.ac.cn; xglin@issas.ac.cn*

Abstract: Intercropping of chilli pepper (*Capsicum annuum* L.) with corn (*Zea mays* L.) is one of the main valuable intercropping patterns. However, the potential contribution of arbuscular mycorrhizal (AM) fungal hyphal networks is still poorly understood. The purpose of this work was to resolve the changes of AM fungal propagation and colonization in the pepper/corn intercropping systems due to the constitution of hyphal networks, and the networks' effects on plant nutrient uptake and interspecific competitive relations. An 18-week pot experiment on an unsterilized soil was carried out to test mycorrhizal performance and P acquisition of chilli pepper and sweet corn in two compartments, which were absolutely separated (Sep) by polyvinyl chloride layer, or semi-separated (Semi-Sep) by nylon mesh (30 μ m) screen that only allow the passage of AM fungal hyphae but not plant roots. In the Sep system, root mycorrhizal colonization, P acquisition amount, shoot biomass, and rhizosphere AM fungal abundance of corn were all higher ($P < 0.05$) than those of pepper, but soil available P concentration was lower ($P < 0.05$) in corn compartment than in pepper one. Compared with Sep, Semi-Sep had higher ($P < 0.05$) mycorrhizal colonization rates with both intercrops, and higher ($P < 0.05$) soil acid phosphatase activity and AM fungal abundance in corn and pepper compartments, respectively. Semi-Sep decreased ($P < 0.05$) soil available P concentrations with both compartments, but did not narrow the difference of soil available P concentration between compartments, suggesting there was no gradient diffusion of soil available P between compartments. Semi-Sep increased ($P < 0.05$) the P acquisition ratio and fruit yield of pepper, but not corn. Take together, constitution of hyphal networks increased mycorrhizal colonization with both intercrops, and corn supplied part of photosynthetic C for increasing AM fungal propagules in pepper compartment by gradient expansion since AM fungi formed better symbioses with corn. However, hyphal networks increased pepper fruit yield via improving P distribution to pepper, but acquired relatively higher P from corn compartment via elevating the soil acid phosphatase activity, suggesting enhanced P competitive ability of pepper against corn upon hyphal networks.

Keywords: AM fungal abundance; P competitive ability; Semi-separation; Soil acid phosphatase activity; Soil available P

Foundation: The National Natural Science Foundation (No.41671265) and National Key R & D Program (2016YFD0200306) of China, and the Strategic Priority Research Program (XDB15030202) and Knowledge Innovation Program (ISSASIP1634) of Chinese Academy of Sciences.

菌丝际解磷细菌活化土壤磷素周转的调控机理

霍伟歌 冯 固*

(中国农业大学资源与环境学院, 北京 100193)

E-mail: wghuo@cau.edu.cn; fenggu@cau.edu.cn*

摘 要: 丛枝菌根真菌 arbuscular mycorrhizal fungus (AMF) 可以通过菌根及菌丝际效应影响土壤细菌群落结构, 包括一些功能微生物解磷细菌 (phosphate solubilizing bacterium) 相关微生物群落的结构组成, 从而对土壤中难溶性磷及有机态磷进行降解, 故在提高土壤累积态磷的利用效率中发挥重要作用。目前还没有关于 AMF 菌丝际解磷微生物对土壤磷素周转活化机理的报道, 本研究以新疆灰漠土为试供土壤, 棉花为试供植物, 通过在包含三个不同施肥处理的长期定位试验条件下, 田间掩埋 PVC 管的方法研究施肥方式改变对与土壤磷周转密切相关的微生物—AM 真菌与菌丝际解磷细菌的相互作用对土壤有机磷的活化利用机理。结果表明 AM 真菌增强菌丝际微生物量磷, 提高磷酸酶活性进而促进土壤有机磷矿化, 为棉花磷养分的吸收做贡献; 施 NPKM 处理对土壤的磷酸酶活性、无机磷的耗竭量及微生物量磷的作用显著高于施 NK 处理, 高于施 NPK 处理; 通过高通量测序发现根内棉花 AM 真菌的多样性受施肥方式的影响, NK、NPK、NPKM 三个不同施肥处理间均呈现显著差异, 表明施加磷肥和有机质均能显著影响根内 AM 真菌群落的多样性。

关键词: 磷; 丛枝菌根真菌; 高通量测序; 解磷微生物群落

资助项目: 国家自然科学基金-新疆联合基金项目 (U170320023)

蚯蚓体内 TBBPA 的转化及解毒机制

季 荣* 陈 娴 辜建强 王晓蓉

(污染控制与资源化研究国家重点实验室, 南京大学环境学院, 南京 210023)

E-mail: ji@nju.edu.cn*

摘 要: 四溴双酚 A (Tetrabromobisphenol A, TBBPA) 是一类广泛应用的溴代阻燃剂, 土壤是其在环境中的主要归趋, 然而有关 TBBPA 在土壤动物体内的行为还不清楚。我们采用 C-14 同位素示踪技术, 研究了 TBBPA 在蚯蚓体内的富集、转化以及转化产物对蚯蚓的毒性。食土蚯蚓 *Metaphire guillelmi* (威廉腔蚓) 主要是通过消化道吸 TBBPA, 而食腐蚯蚓 *Eisenia fetida* (赤子爱胜蚓) 则主要以皮肤吸收 TBBPA。TBBPA 在两种蚯蚓体内都发生甲基化转化, 生成 TBBPA 单甲基醚 (MeO-TBBPA) 和双甲基醚 (diMeO-TBBPA), 但是在 *M. guillelmi* 体内转化速率大于 *E. fetida* 体内; 转化产物对蚯蚓毒性大小为: TBBPA > MeO-TBBPA > diMeO-TBBPA; 由于蚯蚓体内 TBBPA 被快速甲基化成 diMeO-TBBPA, 并被快速排出体外, 所以蚯蚓对 TBBPA 的解毒过程是对其甲基化, 然后快速排出甲基化产物, 这种解毒机制不同于对污染物形成亲水性共轭物后排出体外的机制。大量 TBBPA 在蚯蚓体内被转化成极性化合物, 并与蚯蚓组织形成结合态残留, 在 *M. guillelmi* 体内量高于 *E. fetida*; 蚯蚓对 TBBPA 转化的差异性, 与 *M. guillelmi* 对 TBBPA 毒性比 *E. fetida* 更敏感有关。结果揭示了不同生态型蚯蚓对 TBBPA 富集途径和毒性敏感性存在差异, 表明进行污染物生态毒性评价时, 采用本地蚓种更能体现污染物的真实环境风险。甲基化解毒机制在土壤动物体内的普遍性需要进一步研究。

关键词: 蚯蚓; TBBPA; 生物富集; 生物转化; 同位素示踪

资助项目: 国家自然科学基金 (21237001, 21477052)

AM 真菌协助解磷细菌移动促进土壤有机磷利用机理

江飞焰 冯 固*

(中国农业大学环境与资源学院, 北京 100193)

E-mail: wingtalaowochey@163.com; fenggu@cau.edu.cn*

摘 要: 丛枝菌根 (AM) 真菌在土壤中产生大量根外菌丝, 分泌含碳化合物吸引其它土壤微生物在菌丝际定殖。菌丝际土壤微生物和 AM 真菌存在密切的关系, 深刻影响着 AM 真菌生态功能的发挥。土壤中 40% 以上的可培养细菌具备活化有机磷的能力, 这些解磷细菌同 AM 真菌的相互作用可能在土壤有机磷的活化利用过程中发挥着重要作用。本研究应用 3D 打印菌丝管道、分隔培养皿培养毛根两种体系, 在土壤培养和培养基无菌培养条件下, 选用 AM 真菌 *Rhizophagus irregularis* DAOM 197198 和解磷细菌 *Rahnella aquatilis* HX2, 从土壤生物化学过程、微生物生理生化的不同层面, 系统研究了 AM 真菌协助解磷细菌移动从而增加对土壤有机磷利用的具体过程以及互作的机理, 主要得到以下结果: (1) 在不饱和水体系的土壤条件下, 细菌无法通过自身的运动进入有机磷的斑块中, 但在 AM 真菌的协助下, 细菌可以利用 AM 真菌表面的水膜及其提供的碳源快速的移动至有机磷斑块 (2) AM 真菌与细菌的这种相互作用可以显著改变土壤微生物的群落, 在有机磷斑块中, 携带碱性磷酸酶 ALP 基因的细菌丰度和 AM 真菌的生物量显著增加 (3) 通过对 AM 真菌菌丝分泌物的研究, 发现其中存在趋化因子, 可以诱导解磷细菌 HX2 的定向移动, 并且 AM 真菌分泌的葡萄糖也会作为碳源, 刺激解磷细菌的生长, 从而加快解磷细菌像有机磷斑块移动的效率, 但这种分泌策略是否会受到磷水平的调节, 还需要进一步的研究。本研究通过多种培养体系, 通过控制在厘米尺度的隔离实验, 阐述了 AM 真菌对于土壤细菌对养分响应的重要性, 揭示了生物之间相互作用可能对于土壤异质性的形成和解释存在着重大的作用, 并且通过模拟实验阐述了其相互作用的具体机理, 菌丝的分泌物即可以作为水相供细菌在不饱和的土壤环境中游动, 也可能做为碳源和信号分子, 通过刺激其活性和诱导其移动来高效协同响应土壤异质性。

关键词: 细菌移动; 菌丝分泌物; 菌丝际; 3D 打印; 趋化性

资助项目: 国家自然科学基金 (U1403285、U1703232)、国家重点研发计划 (2017YFD0200200)

氮肥及抑制剂添加对额尔古纳草地土壤氮循环的影响

姜东奇 陈利军*

(中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 310058)

E-mail: dqjiangiae@126.com; ljchen@iae.ac.cn*

摘 要: 添加氮肥是我国北方常见的草地管理措施, 脲酶抑制剂 NBPT 和硝化抑制剂 DMPP 则能有效提高氮肥利用率和减缓氮损失, 二者组合使用有利于草地土壤氮素的循环与氮素肥力保持, 进而使草地生态系统功能得到更好的发挥。然而氮肥和抑制剂的添加对土壤氮组分含量及氮矿化周转酶活性造成何种影响是重要却缺乏关注的课题。本研究以沈阳应用生态研究所额尔古纳森林草原过渡带生态系统研究站为平台, 采用双因素随机区组设计, 分别设置无肥、尿素(Urea)、有机肥-牛粪(OM)、1/2 尿素+1/2 有机肥(1/2(U+O))和 CK、脲酶抑制剂(NBPT: N-丁基硫代磷酸三胺)、硝化抑制剂(DMPP: 二甲基吡唑磷酸盐)、脲酶抑制剂+硝化抑制剂组合(N+D)交互添加处理, 以 0-10cm 土层土壤为供试对象, 研究氮组分及相关氮矿化周转酶活性的变化特征。研究结果表明, 氮添加增加了水解成铵态氮和氨基酸态氮含量, 抑制剂对氮组分的影响与氮肥添加的种类相关; 氮肥添加显著增加了草地土壤蛋白酶、N-乙酰- β -D-氨基葡萄糖苷酶活性, 抑制剂添加均显著降低了蛋白酶活性、N-乙酰- β -D-氨基葡萄糖苷酶活性、脲酶活性; N-乙酰- β -D-氨基葡萄糖苷酶、蛋白酶和酰胺酶对有机氮组分变异的解释度普遍较高。这些结果表明, 在不同氮肥添加条件下, NBPT、DMPP 及其组合能有效调控可利用氮源的形态和酶的活性, 从而影响草地土壤氮循环。

关键词: 脲酶抑制剂(NBPT), 硝化抑制剂(DMPP), 氮肥, 氮循环

资助项目: 国家重点研发专项子课题(No.2016YFD0300802-2)

有机物料添加有助于农田土壤 *phoD* 基因群落的保持

姜楠¹ 陈晓冬¹ 陈利军^{1,*}

(1. 中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016)

E-mail: jiangnan@iae.ac.cn; ljchenchina@hotmail.com*

摘 要: 细菌 *phoD* 基因编码的碱性磷酸酶 (Alkaline phosphatase, AIP) 可水解土壤有机磷, 为植物提供生长必需的无机磷, 对土壤磷的有效性至关重要。现有研究发现, 长期施入化肥可显著降低 AIP 活性或对 AIP 活性无显著影响, 有机物料的配施能增加土壤 AIP 活性并提高 P 的有效性。然而, 该条件下 *phoD* 基因的响应及其作用机制并不十分清楚。本研究以我国东北地区长期施肥试验地土壤为供试土壤, 应用实时定量 PCR 及高通量测序技术, 以无任何添加的土壤为对照 (Control), 研究长期 (28 年) 单施尿素 (U)、单施猪粪 (M) 以及尿素添加猪粪 (UM) 对土壤 *phoD* 基因丰度及群落的影响。结果表明, 土壤 AIP 活性依次为: Control > M > UM ≈ U; *phoD* 基因的丰度依次为: Control > UM ≈ M > U; 土壤 *phoD* 基因 alpha-多样性指数 (Chao1 和 Shannon) 依次为: Control ≈ M ≈ UM > U ($P < 0.05$)。此外, 与对照相比, 添加处理均显著改变 *phoD* 基因的 beta-多样性 ($P < 0.05$), 而尿素添加猪粪对其改变最小。对序列进行物种分类发现超过 98% 的 OTUs 隶属于 6 个细菌门: *Actinobacteria*, *Cyanobacteria*, *Firmicutes*, *Gemmatimonadetes*, *Planctomycetes* 和 *Proteobacteria*。其中 5 个门的相对丰度在不同处理之间存在显著差异 (One-way ANOVA, $P < 0.05$)。与对照相比, 单施尿素或猪粪分别显著改变 3 个菌门的相对丰度 (Duncan's test, $P < 0.05$), 而尿素添加猪粪均在一定程度上缓解这些变化。类似地, 在主要的 16 个细菌属中, 11 个属在不同处理之间存在显著差异 (One-way ANOVA, $P < 0.05$), 除了 *Bradyrhizobium*, 其他主要菌属的相对丰度在对照与尿素添加猪粪的土壤中并无显著差异 (Duncan's test, $P < 0.05$)。为进一步解析 *phoD* 基因群落对不同处理的响应差异, 结合 OTU 的数量与频数, 在对照、单施猪粪以及单施尿素的土壤中分别发现 4、2 和 12 个指示 OTUs。共计的 18 个指示 OTUs 中, 有超过一半曾被报道与土壤磷循环相关, 然而并未发现其与 AIP 活性的直接关系。有趣的是, 在尿素添加猪粪的处理中并未获得指示 OTU, 进一步佐证长期施入尿素添加有机物料对 *phoD* 基因的影响较为温和。综上所述, 长期单施尿素或猪粪显著驱动土壤 *phoD* 基因的改变, 而尿素添加猪粪尽管未能显著提高 AIP 活性, 却有助于保持土壤 *phoD* 基因丰度及群落组成, 产生 AIP 产物及活性潜力更大。

关键词: 农田土壤; 有机物料; 碱性磷酸酶; *phoD*; 高通量测序

资助项目: 国家自然科学基金 (41471217)、国家重点研发项目 (2016YFD0300802)

青藏高原草地土壤固碳微生物多样性与固碳潜力

孔维栋*

(中国科学院青藏高原研究所, 北京 100101)

E-mail: wdkong@itpcas.ac.cn

摘 要: 青藏高原是世界海拔最高、面积最大的高原。高寒草地为其主要陆地生态系统, 约 160 万平方公里。低温、生长期短、干旱、太阳辐射高以及土壤养分低等极端环境限制在很大程度上限制了植物固碳潜力。土壤微生物可固定大气中的 CO₂, 且固碳量较大。我们的研究表明, 青藏高原草甸土壤固碳微生物数量和固碳酶活性均较高, 可达 10⁹ 个/克土和 25 nmol CO₂/克土。随海拔升高 (4400-5100 米), 细菌类固碳微生物数量显著增加, 其群落结构随海拔升高而逐渐变化; 弯曲热单胞菌数量逐渐降低, 根瘤菌逐渐增加。土壤固碳微生物主要为细菌类, 其群落结构主要受土壤温度、水分和 NH₄⁺ 驱动。荒漠草地土壤固碳微生物数量也较高, 但显著低于草原和草地, 相反的, 荒漠草地土壤微生物固碳潜力显著高于草原和草地土壤。固碳微生物在土壤中能够快速定殖, 约 2-3 年即可达到 10⁹ 个/克土, 其群落结构 5 年基本达到稳定, 主要为光合蓝细菌。荒漠土壤固碳数量与土壤有机质含量显著正相关, 说明固碳微生物是土壤中有机质的主要来源。这些研究结果说明, 在青藏高原草地和荒漠植被生长受到极端环境因子极大限制的大背景下, 土壤固碳微生物数量和固碳潜力大, 应深入研究。

关键词: 青藏高原; 土壤微生物; 固碳; 微生物群落

资助项目: 中国科学院地球科学前沿重点项目 (QYZDB-SSW-DQC033)、国家自然科学基金委项目 (41525002)。

茄子不同生命周期中解磷细菌的动态及其对根际微生物生态的影响

李蕙秀¹ 丁晓艳¹ 陈晨¹ 郑项楠¹ 李季¹ 许艇¹ 丁国春^{1,*}

(1. 中国农业大学生物多样性和有机农业北京重点实验室, 中国农业大学资源与环境科学学院, 北京 100193)

Email: gc_ding@cau.edu.cn*

摘 要: 了解解磷细菌(phosphonate solubilizing bacteria, PSBs)的生态机制对于制定更好的策略来提高作物产量至关重要。本研究在茄子生命周期的四个阶段, 研究了有机、综合和常规农业生产体系中栽培的茄子根际 PSBs 的多样性。选择性培养表明, 在开花和结果阶段, 根际富集了解磷肠杆菌 *Enterobacter* (> 29 %)。基于 16S *rRNA* 基因扩增子的宏基因组分析表明, 农业生产体系解释了土壤微生物群落总变异的 23 %。植物发育阶段和农业生产体系协同塑造了茄子根际微生物群落, 其中农业生产体系影响的变异程度从 56 %降至 26.3 %至 16.3 %, 最终随着茄子进入结果期而无显著影响。选择性培养和宏基因组分析结果均证实了开花期和结果期茄子根际解磷肠杆菌 *Enterobacter* 的富集, 这表明植物的营养需求可能会驱动根际微生物群落的组合。Pangenome 分析表明, 根际和土壤解磷细菌之间的双组分和转运系统各不相同。这项研究阐明了农业生产体系、植物发育阶段和根际微生物组之间复杂的相互作用。

关键词: 有机农业; eggplant (*Solanum melongena* L.); 根际微生物组; 解磷细菌 (phosphonate solubilizing bacteria, PSBs); BOX-PCR; 16S *rRNA*; pangenome

资助项目: 国家重点研究开发项目 ((2016YFD0800602, 2016YFD0800601, 2016YFD0501404))、国家自然科学基金 (31570441, 31400095)、Chinese Universities Scientific Fund (2016QC058)

The Role and Performance of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in Intercropping Systems

Minghui Li¹ Junli Hu^{1,2,*} Xiangui Lin¹

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, PR China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, P.R.China)
E-mail: limh0411@hotmail.com; jlhu@issas.ac.cn*

Abstract: Intercropping has the potential to deliver sustainable and productive agriculture through well-designed crop mixtures. The multifaceted benefits of intercropping are largely attributed to soil complementarity and facilitation processes, and closely associated with microbial activities in the rhizosphere. Arbuscular mycorrhizal (AM) fungi are soil functional group that play key roles in soil nutrient cycling, plant growth and ecosystem services. Under intercropping context, the mycelial networks of AM fungi interlink roots of intercropped plant species, conducting interspecific nutrient transfer, mediating root facilitative interactions, and increasing resistance of intercrops to stresses. Understanding AM fungal activity is important for disclosing the soil biochemical processes behind nutrient uptake, interspecific facilitation and other beneficial effects of intercropping and developing sound management strategies. This review aims to (1) synthesize ecological conceptual and theoretical frameworks related to AM fungi and intercropping (stress-gradient hypothesis, niche complementarity hypothesis, receptive-rewards and common goods hypothesis, and the relationship between biodiversity and ecosystem functioning); (2) demonstrate the roles of AM fungi on interspecific nutrient transfer, plant facilitation and competition, and pathogen resistance under intercropped systems; and (3) explore changes in AM fungal community and functionalities in response to intercropping. A systematical understanding of the relationships among intercrops, soil, and key groups of soil microbes would bring new insights into modeling and design of intercropping systems.

Keywords: Biodiversity; Common mycorrhizal networks; Interspecific competition; Interspecific facilitation; Nutrient transfer

Foundation: The National Natural Science Foundation of China (No.41671265), the National Key R & D Program of China (2017YFD0200603), the Knowledge Innovation Program of Chinese Academy of Sciences (ISSASIP1634), and the Talents Project of State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture(Y412010009)

丛枝菌根真菌与蚯蚓协同促进植物磷吸收研究进展

刘君博^{1,2} 胡君利^{1,3,*} 程 章² 林先贵¹

(1. 中国科学院南京土壤研究所土壤与农业可持续发展国家重点实验室, 南京 210008; 2. 四川农业大学环境学院, 成都 611130; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: 359123634@qq.com; jlhu@issas.ac.cn*

摘 要: 磷是植物生长发育不可或缺的营养元素, 是植物能量转换、信号转导、生物大分子合成、光合和呼吸等代谢过程必不可少的物质。土壤中植物可直接吸收利用的有效磷含量较低, 施用磷肥在满足植物生长需要的同时, 也会导致土壤中磷的大量累积。土壤生物(包括动物和微生物)是土壤生态系统的重要组成部分, 在土壤有机质分解、矿质营养循环、土壤肥力维持与提高等方面发挥着关键作用。例如, 丛枝菌根(*Arbuscular mycorrhizal*, AM)真菌和蚯蚓都是有益土壤生物, 其中AM真菌可与大多数植物的根系形成互惠共生体, 通过根外菌丝帮助植物获取磷并转运到根内, 加速或增加磷在植物体内的贮存; 蚯蚓是最常见的土壤动物, 通过取食、消化、排泄和掘穴等活动, 直接或间接地影响着土壤中有效磷的含量: 蚯蚓的活动可以提高磷在土壤中的移动, 蚯蚓的分泌物可以增加磷的有效性。随着生物技术和相关学科的交叉, 应加强土壤动物与微生物对磷的协同作用研究。多数研究表明, 共同接种AM真菌与蚯蚓可以促进植物对磷的吸收, 其中蚯蚓可将AM真菌的繁殖体传播到更广的区域, 并显著提高侵染率、菌丝密度、丛枝丰度和根内菌丝丰度; 蚯蚓的活动也会提高菌丝际微生物的活性, 促进磷的转化与传递。也有研究发现, 两者共同接种对植物磷吸收没有积极作用甚至会产生负效应。近年来, 国内外在AM真菌与蚯蚓协同促进植物磷吸收方面做了大量研究工作, 但对两者的互作机理研究相对较少且不全面, 目前还存在一些尚未解决的关键科学问题: 如不同试验条件下蚯蚓会对AM真菌的侵染产生正或负效应, 但这是否会对植物生长产生利害影响尚无定论; 且大多数研究是在灭菌条件下进行的, 这些结果能在多大程度上反映自然条件下的真实状况有待评估。尽管蚯蚓与AM真菌不在同一营养级上, 但蚯蚓的确会通过直接或间接作用影响菌根发挥作用, 今后需要进一步明确不同土壤中蚯蚓和AM真菌的种群与活力特征, 并应用分子生态学原理和技术研究蚯蚓和菌根的互作机理以及这种互作对植物的实际影响, 期为农业生产实践提供理论依据与技术支撑。

关键词: 丛枝菌根真菌; 蚯蚓; 相互作用; 协同作用; 有效磷

资助项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0200306)、中国科学院战略性先导科技专项(XDB15030202)和国家自然科学基金面上项目(41671265)

基于宏基因组解析土壤生物地球化学循环过程驱动机制

马 斌^{1,2} 徐建明^{1,2,*}

(1. 浙江大学环境与资源学院土水资源与环境研究所, 杭州 310058; 2. 浙江省农业资源与环境重点实验室, 杭州 310058)

Email: bma@zju.edu.cn; jmxu@zju.edu.cn

摘 要: 土壤微生物是土壤生物地球化学循环过程最重要的驱动因子, 解析土壤生物地球化学循环过程与土壤微生物类群的关系是我们理解土壤生态功能的关键。土壤中大量未培养的微生物“暗物质”极大限制了我们对土壤功能的认识, 而宏基因组则可以突破微生物“暗物质”的限制解析土壤生物地球化学循环过程的驱动机制。本研究基于我国东部典型植被梯度带下的 45 个土壤宏基因组, 解析了土壤中对碳、氮、磷、硫、铁等关键元素生物地球化学循环过程的功能特征及其主要驱动微生物类群。土壤宏基因组中功能基因丰度随纬度升高而降低, 不同的生物地球化学循环过程对纬度梯度响应也有所不同, 而微生物群落中驱动主要元素循环的微生物类群也随纬度梯度而变化。本研究建立了土壤中重要的生物地球化学循环过程与其主要驱动微生物类群的对应关系, 为理解土壤生物地球化学循环过程的驱动机制提供了重要线索。

关键词: 宏基因组; 元素循环; 基因通路; 驱动微生物; 地理分布格局

资助项目: 国家自然科学基金(41721001, 41520104001)

Resource availability, not propagule pressure, controls the dose-response of non-indigenous bacterial survival in soil

Chao Ma^{1,2} Lin Jiang³ Hongjian Gao¹ Manqiang Liu^{2,*}

(1. School of Resources and Environment, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China; 2. College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 3. School of Biological Sciences, Georgia Institute of Technology, Atlanta, GA 30332, USA)
E-mail: machao.0910@163.com; liumq@njau.edu.cn*

Abstract: Propagule pressure is fundamental to invasion success, yet our understanding of its role in the microorganism domain is limited. To expand our knowledge of microbial invasion, we investigated the survival of non-indigenous *Ralstonia solanacearum*, with four different inoculum levels, in soils under ambient temperature or previously subjected to heating disturbance. Dose-response curve of the non-indigenous *Ralstonia solanacearum* in non-disturbed and disturbed soil was both of the exponential type 3 days after inoculation. However, there was significant difference in the dose-response curve of the non-indigenous bacteria between non-disturbed (exponential) and disturbed (horizontal) soil after 42 days introduction. These results revealed that invasion success of non-indigenous *Ralstonia solanacearum* in soil was mainly determined by soil resource level rather than the size of the initial inoculum. Our findings suggest that propagule pressure may not necessarily be a significant determinant of microbial invasion, which has important implications for the prevention and treatment of bacteria-induced soil-borne diseases.

Key Words: Disturbance; Invasion success; Microbial invasion; Propagule pressure; *Ralstonia solanacearum*

Funding: National Natural Science Foundation of China (41371263; 31700452) and Provincial Natural Science Foundation of Anhui (1808085MD97)

长期定位试验下寒地黑土养分含量及酶活性的变化

苏鑫 郭迎岚 岳中辉*

(哈尔滨师范大学生命科学与技术学院/黑龙江省普通高等学校植物生物学重点实验室, 哈尔滨 150025)

E-mail: 18746428101@163.com; 18045608945@163.com; yuezhonghui@136.com*

摘 要: 在长期定位试验条件下, 对东北寒地黑土区土壤养分含量和土壤酶活性的变化进行研究。结果表明: 与 2002 年相比, 2017 年土壤有机质含量、全氮含量、速效磷含量都降低 ($P<0.05$), 降低率分别为 3.41%-57.1%、0.0%-113.7%、18.15%-1983.0%; 全磷含量增加 ($P<0.05$), 增加率为 11.5%-59.1%。土壤转化酶、脲酶活性、硝酸还原酶活性和磷酸酶活性显著降低 ($P<0.05$), 降低率分别为 9.05%-133.95%、35.2%-363.4%、50.2%-164%和 9.0%-88.41%; 土壤过氧化氢酶活性增加 ($P<0.05$), 增加率 36.1%-71.4%。相关分析结果表明: 与 2002 年相比, 2017 年土壤磷酸酶活性与有机质含量、全氮含量和全磷含量相关性减弱, 未达到显著水平 ($P>0.05$), 转化酶活性和脲酶活性与有机质含量、全氮含量相关性增强, 达到显著正相关 ($p<0.01$)。主成分分析结果表明: 在养分含量因子中, 有机质含量是主要因子, 其他养分因子由 2002 年的全磷、碱解氮和全钾因子变为 2017 年的速效磷和全氮因子; 酶活性因子中, 占有主要因子的是转化酶和脲酶, 2017 年增加了过氧化氢酶因子。以上结果说明, 15 年的连续生产使土壤养分和酶活性都发生较大变化。

关键词: 寒地黑土; 土壤养分; 土壤酶活性

资助项目: 黑龙江省自然科学基金项目(C2017039)和黑龙省省属高等学校基本科研业务费科研项目(2017-KYYWF-0135)资助

代表性物种毛利远盲蚓 (*Amyntas morrisi*) 在我国的种群遗传分化

孙 静^{1,2} 姚 波¹ 邱江平³ 蒋际宝³ 董 彦³ 胡 锋^{1,*}

(1.南京农业大学资源与环境科学学院土壤室, 南京 210095; 2.成都工业学院, 成都 611730; 3.上海交通大学农业与生物学院, 上海 200240)

摘 要: 蚯蚓的迁移扩散能力很弱, 是低基因流土壤生物的代表性类群。毛利远盲蚓起源于中国, 主要分布于我国南方, 目前已扩散至东南亚、北美洲南部、南美洲、澳洲和欧洲部分地区, 因此该广布种是从种群水平上探索群体遗传结构的很好材料, 通过遗传学数据考察各地理种群的历史动态和各单倍型之间的遗传关系具有重要意义。本文选取毛利远盲蚓为研究对象, 以西起横断山脉、东至长江中下游、北达大巴山脉、南止海南岛的南方 11 省为研究区域, 利用以往积累的蚯蚓标本, 通过本研究的补充采样, 以线粒体基因和简化基因组 SNP 为分子标记, 探讨种群遗传多样性、历史动态及种群间的基因流, 构建其扩散模式。研究结果显示, 毛利远盲蚓大部分的遗传变异来自于种群内, 种群间的遗传变异水平较低; 种群间的地理距离和遗传距离无相关关系; 毛利远盲蚓种下有四个世系, 世系 LD 于晚第三纪中新世 (3.5605Ma) 最先分化出来, 而世系 LC、LA 和 LB 的分化均发生在第四纪更新世 (0.8233Ma、0.414Ma)。

关键词: 蚯蚓; 毛利远盲蚓; 种群; 系统发育; 遗传分化

氮肥与有机肥配施对设施土壤腐殖质组分的影响

孙莹 侯玮 迟美静 虞娜 范庆锋 邹洪涛 张玉玲*

(沈阳农业大学土地与环境学院, 农业部东北耕地保育重点实验室, 土肥资源
高效利用国家工程实验室, 沈阳 110866)

E-mail: 524087592@qq.com; yuling_zhang@163.com*

摘 要: 土壤腐殖质组分含量及其组成比例是评估土壤有机碳品质的重要指标, 对土壤结构和质量具有重要影响。不同结合形态腐殖质对土壤结构状况具有不同的影响, 对土壤的肥沃状况也有很大的影响。因此, 研究设施栽培条件下氮肥与有机肥配施对土壤腐殖质组分含量、组成及其剖面分布的影响, 对于设施蔬菜生产的合理施肥有重要意义。以连续 5 a 设施番茄栽培定位施肥田间试验为依托, 选择施氮量 0、187.5、375.0、562.5 kg·hm⁻² (N₀、N₁、N₂、N₃) 及氮肥与有机肥 (M: 75 000 kg·hm⁻²) 配施 (MN₀、MN₁、MN₂、MN₃) 8 个处理, 研究了不同施氮及氮肥与有机肥配施处理土壤总有机碳 (Total organic carbon, TOC) 和水溶性有机碳 (Water soluble substance carbon, WSS-C) 的含量及其剖面分布, 土壤松/稳结态胡敏酸碳 (Humic acid carbon, HA-C) 和富里酸碳 (Fulvic acid carbon, FA-C) 含量、组成及其剖面分布。采用傅积平和 Hsu 法提取土壤水溶性物质、松结态腐殖质和紧结态腐殖质, 采用腐殖质组成修改法分离胡敏酸 (Humic acid, HA) 和富里酸 (Fulvic acid, FA), 并测定其有机碳含量。结果表明: 各施肥处理土壤 TOC、WSS-C、稳结态胡敏酸碳

(Stably combined humic acid carbon, HA₂-C) 和富里酸碳 (Stably combined fulvic acid carbon, FA₂-C) 含量均随土层深度增加呈逐渐下降趋势, 而松结态胡敏酸碳 (Loosely combined humic acid carbon, HA₁-C) 和富里酸碳 (Loosely combined fulvic acid carbon, FA₁-C) 含量均随土层深度增加呈先增加后逐渐下降趋势, 但土壤 TOC、WSS-C 和腐殖质各组分碳含量均以 0~20 cm 土层为最高。与单施氮肥处理相比, 氮肥与有机肥配施处理均使 0~50 cm 土壤 TOC、WSS-C、HA₁-C、FA₁-C 和 HA₂-C 含量有所提高, 其提高幅度分别为 12.44%~87.38%、11.01%~168.32%、10.15%~235.54%、2.41%~205.21% 和 3.42%~92.61%, 其中, 使 0~20 cm 土层 TOC、WSS-C、HA₁-C、FA₁-C 和 HA₂-C 含量增加显著 (P<0.05), 也使 40~50 cm 土层 HA₁-C、FA₁-C 和 HA₂-C 含量增加显著 (P<0.05); 氮肥与有机肥配施也显著提高了 0~20 cm 土层 HA₁/FA₁、HA₂/FA₂、HA/FA 的比值及 PQ₁ (HA₁-C/(HA₁-C+FA₁-C))、PQ₂ (HA₂-C/(HA₂-C+FA₂-C))、PQ 值 (HA-C/(HA-C+FA-C))

(P<0.05), 同时使 0~20 cm 土层 HA₁、HA₂ 和 FA₂ 的 C/N 比值增加, FA₁ 的 C/N 比值下降, HA 的 E₄/E₆ 值 (在波长为 465nm 和 665nm 处吸光度的比值) 降低, FA 的 E₄/E₆ 值增加。本设施番茄栽培田间试验条件下, 连续 5 a 氮肥与有机肥配施不仅显著提高了 0~20 cm 土壤有机碳数量, 而且有利于 FA 向 HA 转化, 促进胡敏酸的形成与累积, 尤其是松结态胡敏酸的形成与累积, 进而使土壤有机碳品质得到明显改善, 氮素用量 187.5 kg·hm⁻² 与有机肥用量 75 000 kg·hm⁻² 配合施用提高土壤有机碳数量和改善其品质效果为最好。

关键词: 设施土壤; 连续定位施肥; 松结态腐殖质; 稳结态腐殖质; PQ 值

资助项目: 国家科技支撑计划项目 (2015BAD23B01)

砷污染胁迫下蚯蚓行为及土壤性质的变化

王亚利¹ 吴宜钊¹ Jo Cavanagh² 岑佳美¹ 杨晓磊³ 王秀红¹ 邱江平¹
李银生^{1,*}

(1. 上海交通大学农业与生物学院, 上海 200240; 2. Landcare Research, PO Box 40, 7640, Lincoln, New Zealand; 3. 上海农技推广中心, 上海 201103)

E-mail: wangyali098@sjtu.edu.cn; yinshengli@sjtu.edu.cn*

摘 要: 砷(As)是一种普遍存在的元素,我国土壤砷污染形式严峻。蚯蚓是土壤中的大型动物,被誉为生态工程师,蚯蚓通过掘穴会改善土壤的物理结构及化学性质,在维持和改善土壤表层土壤中起到非常重要的作用。目前针对砷污染对蚯蚓行为学的改变研究较少,本研究主要针对砷污染胁迫对蚯蚓行为的改变如掘穴行为及呼吸速率变化,以及砷污染土壤在接种蚯蚓前后,土壤理化性质的变化。土壤人为添加不同浓度的砷(5, 20, 80 mg As.kg⁻¹)老化 28 d,之后接种蚯蚓并培养 60 d,之后将蚯蚓取出,在清洁土壤中分别测定蚯蚓的掘穴行为及呼吸速率的变化;并测定引入蚯蚓前后土壤砷形态, pH, 电导率,速效磷,速效钾,氨态氮和硝态氮。掘穴实验表明,蚯蚓累积掘穴距离随砷胁迫的浓度增加而降低,且 80 mg.kg⁻¹ 处理组蚯蚓的累积掘穴距离最低;蚯蚓的呼吸速率也随砷胁迫的浓度增加而降低。与接种蚯蚓前相比,土壤 pH 值降低,电导率增加。蚯蚓土壤中 NO₃⁻-N、Olsen-P 和有效钾含量增加,且显著高于对照。结果表明,蚯蚓的穴居行为和呼吸速率是土壤砷污染的潜在生物标志,蚯蚓可以改变土壤亚砷酸盐污染的土壤性质。本研究有助于了解亚砷酸盐的生态风险及蚯蚓在改善土壤亚砷酸盐污染中的作用。

关键词: 蚯蚓; As³⁺; 掘穴行为; 呼吸速率; 土壤性质

资助项目: 国家自然科学基金(41471203)、上海市农委重点项目(2016 No. 6-3-2)。

好氧土壤中菲的归趋及其结合态残留的稳定性研究

王永峰¹ 徐军¹ 单军^{1,2} 马旖旎^{1,*} 季荣¹

(1. 南京大学环境学院污染控制与资源化研究国家重点实验室, 南京 210023; 2. 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008)

E-mail: mayini@nju.edu.cn*

摘要: 有机污染物的环境归趋研究尤其是结合态(不可提取态)残留的形成及其稳定性对评价其环境风险有着极其重要的意义。本研究中我们利用¹⁴C同位素示踪技术研究了多环芳烃菲在好氧土壤中的归趋和结合态残留形成及分布情况以及食土蚯蚓威廉腔蚓(*Metaphire guillelmi*)对其归趋的影响。实验结果表明在非灭菌土壤中 28 天后菲主要被矿化成 CO₂ ($40 \pm 3.1\%$) 或者形成了结合态残留 ($70.1 \pm 1.9\%$)。其中 92% 以上的结合态残留为结合在胡敏素上的部分。通过硅烷化处理, 我们发现活性土的胡敏素结合的放射性有 $45.3 \pm 5.3\%$ 为物理包裹态, 其余部分为化学结合态以及微生物物质结合态。与此对应, 在灭菌土中, 几乎没有矿化产生, 另外, 结合态残留仅占初始加入量的 $43.4 \pm 12.6\%$, 且均为物理包裹态。这一结果表明微生物在菲的降解尤其是结合态残留形成的过程中起到了重要的作用。与微生物作用相比, 蚯蚓对菲在土壤中的归趋影响较小。食土蚯蚓的存在显著抑制了活性土中菲的矿化, 但是对结合态残留的形成并无显著影响, 仅有 1.9–5.3% 的菲及其代谢产物被蚯蚓富集。为了进一步研究结合态残留在土壤中的稳定性, 我们将胡敏素结合态部分与新鲜土壤混合培养, 结果发现活性土和灭菌土的结合态部分分别有 33.9% 及 12.4% 被矿化。这一结果菲在土壤中的结合态残留仍然具有一定的生物可利用性, 因此当环境条件发生改变时, 这一部分结合态残留尤其是物理结合的部分, 有可能重新释放到环境中造成危害。

关键词: 多环芳烃; 好氧土壤; 结合态残留; 蚯蚓

资助项目: 国家自然科学基金 (21237001, 21477052)

南亚热带森林土壤线虫多样性海拔变化特征

吴文佳¹ 况露辉 周丽霞 刘占锋^{1,*}

(1. 中国科学院华南植物园, 中国科学院退化生态系统植被恢复与管理重点实验室, 广州 510642)

E-mail: liuzf@scbg.ac.cn

摘 要: 土壤线虫在土壤食物网中占有重要的地位, 其多样性和取食偏好在调控微生物群落结构和土壤养分循环方面发挥着重要作用。我国南亚热带热带多山体, 海拔梯度为研究土壤线虫多样性的空间分布特征及其与土壤微生物的互作关系提供了很好的平台。我们以广东省惠州市白盆珠为研究对象, 按照 50 m 间隔采取不同海拔梯度的土壤样品 (100~1000m), 采用 Illumina MiSeq PE250 技术分析土壤线虫的分类多样性和食性组成。研究发现, 随海拔增加, 土壤线虫分类多样性显著增加, 物种优势度降低。土壤线虫食性结构对海拔的响应受其取食偏好的影响, 食细菌线虫的相对多度随着海拔梯度的增加, 而植食性、食真菌性和杂食/捕食性线虫相对多度变化与海拔相关性较弱。食细菌性线虫相对多度与革兰氏阳性: 革兰氏阴性菌比值成显著负相关, 表明白盆珠食细菌性线虫种群对革兰氏阳性菌可能有较强的取食偏好性; 食真菌性线虫相对多度与真菌生物量和真菌: 细菌比值成显著负相关, 表明食真菌性线虫相对多度的变化是主导真菌和细菌 PFLA 生物量比变化的因素。综上所述, 土壤线虫的分类多样性和食性构成随着海拔梯度表现出明显变化, 并在调控土壤微生物的群落结构方面发挥重要作用

关键词: 南亚热带森林; 海拔梯度; 土壤线虫; 分类多样性; 取食偏好

秸秆还田量对免耕黑土磷酸酶活性和磷组分的影响

武国慧^{1,2} 陈振华¹ 陈利军^{1,*}

(1. 中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

E-mail: 15542169029@163.com; ljchenchina@hotmail.com*

摘 要: 农作物秸秆作为物质、养分和能量的载体, 是一种重要的自然资源。研究表明, 秸秆还田能够改善土壤质量, 提升土壤肥力, 增加土壤有机质含量。但受分解速率以及 C/N 比等条件的限制, 秸秆还田需适宜的添加量。磷作为作物必需的元素, 在土壤中受到秸秆还田量的影响, 但是不同秸秆还田量对东北黑土土壤磷酸酶活性和磷组分的影响尚不清楚。本研究以有钙质反应的黑土为供试土壤, 玉米秸秆为供试秸秆, 采用液体 ^{31}P 核磁共振技术, 研究不同秸秆还田量对土壤磷酸酶活性和磷组分的影响。试验共设置 4 个处理, 包括免耕+0% 还田 (秸秆不还田), 免耕+33% 还田 (2.5 t/ha), 免耕+67% 还田 (5.0 t/ha), 免耕+100% 还田 (7.5 t/ha); 每个处理 4 次重复。研究结果表明, 免耕+33% 还田量能够显著增加土壤有机质、速效磷含量和酸性磷酸单酯酶、无机焦磷酸酶活性; 且对土壤磷组分有显著影响, 增加了有机磷组分中的正磷酸单酯和正磷酸二酯含量及无机磷组分中的正磷酸盐和焦磷酸盐含量。结构方程模型结果表明, 免耕秸秆覆盖引起表层与次表层的土壤有机磷转化机制趋异: 即表层以二酯酶作用为主, 而次表层以碱性磷酸单酯酶作用为主。因此, 从磷素肥力及转化角度来看, 33% 的秸秆还田量较为适宜。

关键词: 磷组分; ^{31}P 核磁共振; 磷酸酶活性; 秸秆还田量; 免耕; 黑土

资助项目: 国家重点研发计划项目专题 (2016YFD0300802-2)

湿地农业开垦与恢复对土壤有机碳的影响

徐尚起¹ 田春杰^{1,*}

(1. 中国科学院东北地理与农业生态研究所, 长春 130102)

E-mail: xushangqi@neigae.ac.cn; tiancj@neigae.ac.cn*

摘 要: 湿地生态系统是全球最重要的天然碳库。全球大面积的湿地处于剧烈变化之中, 湿地退化与恢复过程在各地上演。湿地变化对湿地土壤碳库有重要影响, 但由于缺少全球范围内的对比分析, 目前关于湿地变化引起的土壤有机碳变化情况尚不够清晰。湿地土壤碳库的变化受湿地类型、气候类型、人类活动情况等影响, 其次, 作为湿地生态功能的重要参与者, 土壤微生物的变化与土壤有机碳变化关系密切。由此, 本研究采用 Meta 分析方法, 揭示不同湿地类型、不同气候条件或不同人类活动等对湿地土壤碳库及土壤微生物的影响情况, 以为湿地保护与管理提供数据支撑。

主要研究结果如下: 首先, 湿地开垦造成土壤有机碳显著降低, 所有研究结果的效应量 -15.2% ($95\%CI=-25.3\%--3.8\%$, $P<0.05$), 但特定情况下土壤有机碳仍有可能增加, 这些情况主要有: 滨海湿地和盐碱湿地开垦, 湿地分布在年均温在 $15-20^{\circ}C$ 之间, 年降水量在 $800-1600mm$ 间的区域, 湿地开垦年限超过 80 年以上。其次, 湿地恢复并不一定造成土壤有机碳增加; 与天然湿地相比, 恢复湿地土壤有机碳仍显著降低 ($RR=-26.4\%$, $95\%CI=-38.6\%--14.1\%$, $P<0.001$), 且极少有情况土壤有机碳增加; 与开垦湿地相比, 恢复湿地虽然能增加土壤有机碳含量, 但并不显著 ($RR=2.1\%$, $95\%CI=-13.1\%-17.2\%$, $P>0.5$), 土壤有机碳显著增加的情况主要有: 湿地恢复方法为弃耕, 恢复年限 6-10 年左右, 季节性淹水湿地的恢复, 排干湿地的恢复, 分布在年降水量低于 $600mm$ 的湿地; 但仍有很多情况下湿地恢复反而会造成土壤有机碳进一步降低: 分布在年降水量高于 $1400mm$ 的湿地, 年均温大于 $17^{\circ}C$ 的湿地, 湿地恢复方法为种植植被, 湿地恢复前经历的开垦年限在 15-30 年间, 湿地水文状态为潮汐或永久积水的湿地等。最后, 不论是湿地开垦或是恢复, 湿地土壤有机碳变化与土壤 pH 和土壤容重呈显著的负相关关系, 与土壤氮呈显著正相关关系; 湿地开垦或恢复过程中, 土壤微生物量与土壤有机碳的变化趋势较为一致, 但其总体变化趋势并不显著; 但是, 与开垦湿地相比, 恢复湿地中土壤微生物量的增加趋势较土壤有机碳增加更为明显, 说明湿地恢复后土壤有机碳增加效果不明显的原因可能是由于恢复年限较短所致。

综上, 湿地变化对湿地土壤有机碳的影响主要是降低了土壤有机碳, 恢复湿地对土壤有机碳的增加效果仍十分有限, 在进行湿地开垦或恢复时, 如要增加土壤有机碳含量, 须综合考虑湿地类型、水文情况、开垦或恢复措施、区域气候情况等。

关键词: 土壤有机碳; Meta 分析; 湿地开垦; 湿地恢复

资助项目: 吉林省优秀青年人才基金 (20180520090JH)、国家自然科学基金 (41807049, 41571255)

Key predictors for the survival rate of Sanqi seedling in the continuous cropping land

XU Wumei (徐武美) WU Fengyun (吴凤云) Guan Huilin (官会林)*
(School of Energy and Environment Science, Yunnan Normal University, Kunming 650500)
E-mail: ghl0871@aliyun.com

Abstract: Sanqi (*Panax notoginseng*, Araliaceae) is a well-known traditional Chinese medicine, while the continuous cropping obstacle (CCO) is very serious which remarkably restricted its sustainable production, investigating key predictors for the Sanqi survival rate in the continuous cropping land helps to find solutions coping with this issue. Here we conduct an experiment in a 6 year heterogeneous continuous cropping land (CCL), 7 plots each 1.2 m×2 m were randomly set and different soil factors i.e. pH, hydrolyzable nitrogen, available phosphorus, available potassium, available calcium, available magnesium, phosphatase, urease, cellulase, polyphenol oxidase, bacteria-fungi biomass and its ratio (B/F) which used as soil predictors were investigated. Seedlings of Sanqi were transplanted in Jan. 2015 for each plot and survival rate was investigated after 7 months (Sep. 2015). Pearson correlation analysis showed that the activity of phosphatase, urease, cellulase activity, B/F, hydrolyzable nitrogen and pH were significantly correlated with the survival rate of Sanqi ($P < 0.05$). These soil factors are also closely inter-correlated and principle component analysis across the investigated soil factors indicated that the first principle component (61.15% variance explained) mainly explained these factors. Soil pH is usually taken as a key factor affecting soil quality, in this study, it was highly correlated with the activity of phosphatase ($r = 0.965$, $P < 0.001$), urease ($r = 0.966$, $P < 0.001$), cellulase ($r = 0.930$, $P = 0.002$), B/F ($r = 0.932$, $P = 0.002$), hydrolyzable nitrogen ($r = 0.892$, $P = 0.007$) as well as the survival rate of Sanqi seedling ($r = 0.920$, $P = 0.003$). We thus suggest that soil pH can be taken as the key predictor for the survival rate of Sanqi seedling in CCL, and ways that improving soil pH in acid red soil would improve soil quality (e.g. enzyme activity, microbial composition) and ameliorate the CCO of Sanqi.

Key words: *Panax notoginseng*; continuous cropping obstacle; soil properties; survival rate

Supported program: National Natural Science Foundation of China (41661069, 41361075), Key program of Yunnan Provincial Department of Education (ZD2013008).

Net nitrogen mineralization of granular organic fertilizer was delayed by microbial regulation of enzyme activities

Xinyi Yang¹ Guitong Li^{1,*} Qimei Lin¹ Xiaorong Zhao¹
(1. 中国农业大学资源与环境学院, 北京 100083)
E-mail: Yangxy0804@cau.edu.cn; lgtong@cau.edu.cn*

Abstract: Organic farming systems receive organic amendments to contribute to nitrogen (N) mineralization for plant growth; however, it remains unclear how inputs of organic mixtures in granular form drive N transformation and release of available N. Maize straw (MS) and the high-N organic fertilizer (HN) were applied to the soil in different forms (scattered organic fertilizer (SOF) and granular organic fertilizer (GOF)) and different proportions (95%HN-5%MS and 85%HN-15%MS), and assessed net N mineralization (NNm) during a 105 days incubation study. Mineral N, enzyme activities and microbial biomass were decreased in scattered treatments and increased in granular treatments until the end of the trial. Compared to CK, NNm occurred before the day 15 and then stayed in immobilization or weak mineralization in SOF group, while soil NNm always existed and were highest on the day 75 in the GOF group. Structural equation modeling revealed that potential NNm was influenced by dissolved organic N and neutral detergent fiber (NDF) in the SOF group, while in the GOF group NNm was strongly driven by soil EEAs, all of which is influenced directly and indirectly by in substrate C: N and microbial CUE: NUE. In terms of agricultural production, our study suggests that addition of GOF could delay soil NNm for 60 days, it may be more suitable for the pattern of crop N uptake, even though, N loss will not increase. We propose that information on granular organic fertilizer chemistry in conjunction with soil mineral N concentration could be useful for constructing N mineralization prediction models to improve N fertilizer management in agricultural soils.

Keywords: N mineralization; EEAs; CUE: NUE; GOF; SOF

资助项目: 十二五国家科技支撑计划项目“北方城郊环保型多功能生态农业模式研究与示范”(2014BAD14B03)

设施土壤水解酶对施用粪肥和硝化抑制剂的短期响应

尹俊慧 曹文超 王敬国 陈清*

(农田土壤污染防治与修复北京市重点实验室, 中国农业大学环境与资源学院, 北京 100193)

E-mail: YJHui@cau.edu.cn; qchen@cau.edu.cn*

摘 要: 酶是表征土壤微生物活动强度和养分状况的重要指标。设施菜田大量粪肥施用影响土壤养分循环并增加了温室气体排放, 目前多数研究集中于硝化抑制剂对土壤温室气体的减排效应, 而较少关注该种植管理措施下土壤水解酶活性的变化。本研究以寿光设施菜田土壤为研究对象, 模拟设施土壤田间粪肥施用和水分散失状况, 设置三个处理: 对照 (CK)、施用鸡粪(CM)和施用鸡粪+硝化抑制剂处理(CM+DMPP), 利用荧光微型板酶检测技术测定土壤水解酶 (磷酸酶、硫酸酯酶、 β -葡萄糖苷酶、 β -纤维二糖苷酶、乙酰氨基葡萄糖苷酶、 β 木糖苷酶、 α -葡萄糖苷酶和亮氨酸氨肽酶) 活性。其中, 鸡粪施用量为 $95.1 \text{ mg N kg}^{-1}$, DMPP 添加量为粪肥全氮量的 1%。结果表明, 随着培养天数的增加和水分含量减少, 不同处理土壤酶活性均明显下降; 与 CK 处理相比, 培养 1 天后 CM 处理土壤硫酸酯酶、 β -葡萄糖苷酶、 β -纤维二糖苷酶、乙酰氨基葡萄糖苷酶和 β 木糖苷酶活性均显著增加 ($P < 0.05$), 同时磷酸酶和 α -葡萄糖苷酶活性增加, 而亮氨酸氨肽酶活性降低; 与 CM 处理相比, 添加 DMPP 显著抑制土壤亮氨酸氨肽酶活性达 94.8% (培养 1 天后, $P < 0.05$), 抑制 β -木糖苷酶活性 30.8% (培养 3 天后, $P < 0.05$)。综上所述, 设施土壤粪肥施用显著增加了参与土壤养分循环的水解酶活性。但在施用粪肥的条件下, DMPP 显著抑制了土壤与氮转化相关的亮氨酸氨肽酶活性和与碳转化相关的 β -木糖苷酶活性。

关键词: 水解酶; DMPP; 粪肥; 设施土壤; 好氧培养

资助项目: 国家自然科学基金重点基金项目 (41230856)

生物炭和 AM 真菌在不同土壤磷水平下对镉的生物（玉米）有效性的影响

张华伟 甄华杨 王 坤 黄财德 乔玉辉*

（中国农业大学资源与环境学院，北京 100193）

E-mail: echofaye@live.com; qiaoyh@cau.edu.cn*

摘 要：水稻生物炭在不同的磷水平下与丛枝菌根真菌（AM 真菌）进行独立或联合作用，作为 Cd 污染土壤修复的可能处理方法。由于菌根的形成、金属结合糖蛋白和球囊霉素的产生受土壤磷水平的影响，文章研究了不同浓度磷对菌根降低玉米植株 Cd 生物有效性的影响。结果表明，生物炭通过降低 DTPA-和酸可提取态 Cd，显著降低其生物有效性（ $P < 0.001$ ）。生物炭的影响至少部分归因于土壤 pH 值的增加和用生物炭修复的土壤中溶可溶性有机碳（DOC）水平的增加。AM 真菌接种玉米植物对对照或生物炭改良土壤中的 Cd 生物有效性几乎没有影响，并且在不同磷水平下没有观察到生物炭和 AM 真菌之间的相互作用。磷肥有助于增加植物生长，稀释植物组织中的 Cd 浓度，但没有影响 AM 真菌的活性。该研究表明，生物炭应用对降低 Cd 生物利用度具有积极作用，并支持其用于修复 Cd 污染土壤，但对于 AM 真菌接种与生物炭添加相结合的独立或协同效应还有待于进一步研究。

关键词：稻草生物炭；丛枝菌根真菌；Cd 吸收；生物有效性；磷

资助项目：国家自然科学基金（41471410）

AM 真菌和解磷细菌互作增强土壤有机磷活化的机理

张林 冯固*

(中国农业大学环境与资源学院, 北京 100193)

E-mail: linzhang@cau.edu.cn; fenggu@cau.edu.cn*

摘 要: 丛枝菌根 (AM) 真菌在土壤中产生大量根外菌丝, 分泌含碳化合物吸引其它土壤微生物在菌丝际定殖。菌丝际土壤微生物和 AM 真菌存在密切的关系, 深刻影响着 AM 真菌生态功能的发挥。土壤中 40% 以上的可培养细菌具备活化有机磷的能力, 这些解磷细菌同 AM 真菌的相互作用可能在土壤有机磷的活化利用过程中发挥着重要作用。本研究应用分室根盒、分隔培养皿培养毛根两种体系, 在土壤培养和培养基无菌培养条件下, 选用 AM 真菌 *Rhizophagus intraradices* BEG 141、*Rhizophagus irregularis* DAOM 197198 和解磷细菌 *Rahnella aquatilis* HX2, 从土壤生物化学过程、微生物生理生化的不同层面, 系统研究了 AM 真菌与菌丝际解磷细菌相互作用的具体过程以及互作对土壤有机磷活化和植物吸收磷的影响, 主要得到以下结果: (1) AM 真菌菌株 *R. irregularis* DAOM 197198 不具备活化有机磷的能力, 解磷细菌在有机磷活化过程中发挥作用。有机磷经磷酸酶水解释放出无机磷后才能被 AM 真菌吸收, 然而在无菌培养体系下排除其它微生物干扰, 发现 AM 真菌不能改变培养基中磷酸酶活性; 而解磷细菌显著提高了磷酸酶活性, 增强了有机磷活化。(2) AM 真菌菌丝分泌物含有相当浓度的含碳 (约 4 mM) 化合物, 一方面作为碳源增加解磷细菌数目, 一方面作为信号分子刺激解磷细菌磷酸酶基因表达, 最终提高了解磷细菌分泌的磷酸酶活性来增强其活化有机磷的能力。(3) 解磷细菌可以增强 AM 真菌根外菌丝吸收和转运无机磷的能力。解磷细菌能够刺激 AM 真菌根外菌丝生长, 增加菌丝吸收磷的范围。(4) 菌丝际土壤 C:P 比可以调节 AM 真菌-解磷细菌间的互作关系。当土壤有效磷浓度比较低时, 尽管解磷细菌也能活化有机磷, 但由于细菌自身对磷的需求, 同 AM 真菌发生竞争将土壤磷生物固定, 使活化出的无机磷不能被 AM 真菌吸收。添加适量的无机磷降低土壤碳磷比, 可以缓解解磷细菌和 AM 真菌对磷的竞争, AM 真菌菌丝可以吸收解磷细菌活化出的无机磷, 提高植物磷含量。本研究通过两种培养体系, 系统研究了 AM 真菌-解磷细菌间相互作用提高有机磷利用效率的机理, 提高了对 AM 真菌生态功能和菌丝际微生物相互作用的认识。同时, 本研究发现添加适量无机磷可以调节 AM 真菌-解磷细菌间的关系, 这对于将来通过调控农田生态系统中土著 AM 真菌来提高土壤有机磷利用效率可能具有重要意义。

关键词: 果糖; 菌丝分泌物; 菌丝际; 磷酸酶; 碳磷比

资助项目: 国家自然科学基金 (U1403285、U1703232)、国家重点研发计划 (2017YFD0200200)

海南岛海岸带防护林沙地土壤碳氮磷含量及其计量学特征研究

张书齐 许全 杨秋* 贾高辉 蒋亚敏 吴婷婷 王旭 刘文杰

(海南大学热带农林学院, 海口 570228)

E-mail: 806896297@qq.com; yangqiu0903@163.com*

摘 要: 研究海岸带沙地防护林土壤碳氮磷含量及其计量学特征, 可以为评估防护林对土壤养分和碳汇功能的改善提供理论依据。以海南岛海岸带沿岸 12 个市县的 24 个沙地(木麻黄海防林和光滩)土壤为研究对象, 通过对不同土层深度(0~10 cm 和 10~20 cm)的土壤有机碳、全氮、全磷(SOC、TN、TP)含量进行测定, 来分析海岸带沙地土壤碳氮磷生态化学计量学特征, 比较防护林和光滩的差异, 探究气象因子对土壤碳氮磷含量和化学计量学特征的影响, 并对海岸带碳储量进行估算。结果表明: 海南岛海岸带防护林沙地土壤 SOC、TN、TP 的在 0~10 cm 土层中平均含量分别为 4.33、0.38 和 0.26 g·kg⁻¹, 比光滩相同深度土层高 2.56、0.17 和 0.07 g·kg⁻¹; 在 10~20 cm 土层中的平均含量为 3.05、0.35 和 0.18 g·kg⁻¹, 比光滩相同深度土层高 2.17、0.12 和 0.03 g·kg⁻¹。防护林沙地土壤的 0~10 cm 的平均 C:N、C:P、N:P 比值分别为 12.44、24.1 和 2.41, 10~20 cm 的比值分别为 8.79、20.96 和 2.5。相关性分析结果表明, SOC、TN、C:P 和 N:P 主要受年平均气温的影响, TP 和 N:P 则主要受年降水量的影响。在相同土层深度的海防林土壤, SOC、TN 含量均显著高于光滩, 在 0~10 cm 土层中 TP 含量的显著高于光滩。海南岛海岸带 0~20 cm 土壤的碳储量约为 8.32 Tg。研究结果表明海南岛海岸带沙地土壤的碳、氮、磷含量及其化学计量比普遍较低, 但海防林能显著改善土壤碳氮磷养分, 提高土壤碳储量。

关键词: 海岸带; 化学计量学; 海防林; 木麻黄

项目资助: 海南省自然科学基金(417050 和 418MS019), 国家自然科学基金地区科学基金项目(41663010); 海南大学科研启动项目(kydq1604, kyqd1605)

细菌产单质纳米硒颗粒的稳定机制及其叶面喷施效果初探

郑世学^{1,*} 许定¹ Christopher Rensing² 王革娇¹

(1. 华中农业大学生命科学技术学院, 农业微生物学国家重点实验室, 武汉 430070; 2. 福建农林大学资源与环境学院, 环境微生物研究所, 福州 350002)

E-mail: zhengsx@mail.hzau.edu.cn (郑世学)

摘 要: 单质硒纳米颗粒 (SeNPs) 在医疗、生物富硒、环境修复以及材料科学中具有广泛应用。许多微生物可以还原氧化态硒形成稳定、低毒的 SeNPs, 但其形成与稳定的机制并不完全清楚。我们首先研究了丛毛单胞菌 S44 还原亚硒酸盐并在胞内形成 SeNPs 的稳定机制。化学表征分析表明 SeNPs 在 572 nm 处有最大吸收峰, 粒径大小主要分布在 100-300 nm 范围内, zeta 电位值为 -31.4 mV。透射电镜、红外光谱分析和定量检测等手段证明在 SeNPs 表面覆盖有一层厚厚的有机质, 其中蛋白质为其主要成分, 在 SeNPs 的形成和稳定过程中起着主要作用。进一步分析, 发现主要是富含带电氨基酸残基 (Asp、Glu、Arg 和 Lys) 的蛋白质结合在 SeNPs 的表面, 维持其表面电荷, 从而影响其颗粒的形成与稳定。本研究有助于绿色可控合成稳定的 SeNPs。其次, 对一株芽孢杆菌产纳米硒颗粒的发酵条件进行了优化, 可以在 24 小时内完全还原 5 mM 亚硒酸钠产生纳米硒, 并将其喷施于小白菜叶面研究其吸收情况。结果表明: 植物吸收硒的情况, 喷施纳米硒和硒酸钠的效果一致, 显著优于亚硒酸钠 ($P < 0.05$)。纳米硒的浓度 (2-10 mg/kg) 与植物体的硒含量呈良好的线性关系。通过喷施前后植株酶活的对比发现, SeNPs 和硒酸盐处理组的过氧化氢酶活性和过氧化物酶活性显著增加, 丙二醛含量显著降低 ($P < 0.05$), 结合植物体内的总硒水平, 提示硒有助于提高植物抗衰老、抗氧化、抗逆境胁迫的能力。

关键词: 单质硒纳米颗粒 (SeNPs); 蛋白质; 叶面喷施; 植物富硒

资助项目: 国家自然科学基金 (31470227, 41771283)

