

紫茎泽兰根际土壤中优势细菌的筛选鉴定及拮抗性能评价*

牛红榜¹ 刘万学¹ 万方浩^{1**} 刘波²

(¹ 中国农业科学院植物保护研究所植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100081; ² 福建省农业科学院生物技术研究所, 福州 350003)

摘要 采用分离培养的方法,从紫茎泽兰根际土壤中筛选鉴定了优势细菌25株,并测定了其中8株优势细菌及其代谢产物对病原菌的拮抗性能。结果表明:紫茎泽兰根际土壤存在着丰富的芽孢杆菌和假单胞菌,其中枯草芽孢杆菌和巨大芽孢杆菌数量最多,占鉴定细菌总数的55.6%。这些优势细菌类群对番茄枯萎病菌和青枯病菌有不同程度的拮抗作用,以枯草芽孢杆菌 BS-5 和苏云金芽孢杆菌 BT-1 对番茄枯萎病菌的拮抗效果最为明显,其代谢产物的抑菌率分别为85.5%和83.8%。优势细菌代谢液比菌体对病原菌的拮抗作用更强。紫茎泽兰根际丰富的具有强拮抗性能的细菌类群可能是紫茎泽兰不受土传病害侵扰的原因,也是其逃避天敌的重要手段。通过这种根际有益微生物的反馈作用,紫茎泽兰在与当地植物竞争中直接或间接地处于有利地位,从而有利于其排挤当地植物,迅速扩张蔓延。

关键词 紫茎泽兰 外来植物入侵机制 土壤微生物 拮抗细菌 拮抗性能

文章编号 1001-9332(2007)12-2795-06 中图分类号 S718.52+1.3 文献标识码 A

Screening, identification, and antagonism assessment of dominant bacteria in *Ageratina adenophora* Sprengel rhizosphere soil. NIU Hong-bang¹, LIU Wan-xue¹, WAN Fang-hao¹, LIU Bo² (¹State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; ²Institute of Biotechnology, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China). -Chin. J. Appl. Ecol., 2007, 18(12): 2795-2800.

Abstract: By using isolation and culture method, 25 strains of dominant bacteria in *Ageratina adenophora* rhizosphere soil were isolated and identified, of which, 8 strains were assessed for their antagonistic activity. The results showed that *Bacillus* and *Pseudomonas* were highly abundant in *A. adenophora* rhizosphere soil, of which, *B. subtilis* and *B. megaterium* were most abundant and occupied 55.6% of the total identified bacteria. These dominant bacteria had different level antagonistic activity to *Fusarium oxysporum* and *Ralstonia solanacearum*, and *B. subtilis* BS-5 and *B. thuringiensis* BT-1 had the strongest antagonistic effect on *F. oxysporum*, with the antagonistic activity of their metabolic products being 85.5% and 83.8%, respectively. The metabolic products of the dominant antagonistic bacteria had even more stronger antagonistic effect on pathogens than the dominant antagonistic bacteria themselves. The existence of abundant bacterial groups with strong antagonistic activity in *A. adenophora* rhizosphere soil could help *A. adenophora* to resist harmful soil-borne diseases and escape its natural enemies. Through the feedback actions of the beneficial rhizosphere microbes, *A. adenophora* probably earned its competition superiority directly or indirectly, being favorable to its rapid expansion.

Key words: *Ageratina adenophora* Sprengel; exotic plant invasion mechanism; soil microbe; antagonistic bacteria; antagonistic activity.

* 国家重点基础研究发展规划资助项目(2002CB111400)。

** 通讯作者. E-mail: wanfangh@public3.bta.net.cn

2007-06-19 收稿, 2007-10-07 接受。

1 引言

紫茎泽兰(*Ageratina adenophora*)为菊科多年丛生型半灌木草本植物,是一种世界性入侵恶性杂草,原产于中美洲的墨西哥和哥斯达黎加,现广泛分布在世界热带、亚热带30多个国家和地区。此物种约于20世纪40年代从中缅边境传入我国云南省,经半个世纪的扩散,现已广泛分布在我国西南地区,是我国危害最严重的外来入侵植物之一^[20]。该植物耐贫瘠,入侵后可迅速侵占撂荒地、稀疏林地、草地和路边间隙空地,排挤当地植物,形成单优群落,表现出很强的竞争优势,给当地的农、林、牧业生产造成了严重的经济损失和生态破坏^[19,21]。近年来,越来越多的研究证实,外来植物成功入侵与土壤微生物关系密切,因此,明确紫茎泽兰根际土壤微生物群落结构和功能对于探索其入侵的土壤微生物学机制尤为重要,并对紫茎泽兰的生物防治和生态修复有指导作用。

关于外来植物能够成功入侵,国内外研究人员从不同的角度提出了各种假说^[24]。其中,天敌逃避假说(escape-from-enemy hypothesis)被广泛的引用来说明外来植物的入侵现象,入侵植物的成功入侵是因为入侵植物逃避了原产地的天敌,从而发挥了其潜在的竞争优势^[5,23]。入侵植物原产地的土壤病原菌等微生物成分作为天敌的一部分,已得到关注,并被越来越多的实验证实^[2,14]。外来入侵植物可以通过根系分泌物等各种途径改变入侵地土壤微生物群落结构和功能,进而使自身获得竞争优势,有学者由此提出了外来植物入侵成功的土壤微生物正反馈假说^[8,10,22]。但是这种土壤微生物正反馈的途径目前并不甚清楚,土壤微生物可能活化了土壤营养,加速了入侵植物的养分吸收^[6];或是入侵植物与入侵地土壤微生物形成了菌根真菌^[15,18];也可能是入侵植物根际微生物的驱避病原菌作用使其逃避了土壤病原菌的侵扰。已有研究表明,紫茎泽兰的入侵改变了土壤中微生物群落结构和功能,同时,显著地提高了土壤的有效磷、速效钾、硝态氮、铵态氮,创造对自身生长有利的土壤环境,在紫茎泽兰重度入侵区,土壤自生固氮菌、氨氧化细菌和真菌的数量显著地高于当地植物生长区和裸地土壤。这种土壤微生物群落的变化表现出偏利性,促进了紫茎泽兰自身生长,却显著地抑制了当地植物的生长,被认为是其快速入侵扩张的重要机制之一^[16-17]。

以往的野外实验研究中发现,该植物在入侵地

很少有病害发生,土传病害更是未见,推测是因为其根际土壤中具有丰富的病原微生物拮抗细菌,使其逃避了土壤病原菌的侵扰。这可能是其获得土壤微生物正反馈的重要途径之一。本研究通过对紫茎泽兰根际土壤优势细菌类群及其对土传病原菌拮抗作用的研究,探讨根际微生物在紫茎泽兰入侵过程中的作用,旨在为紫茎泽兰的生态替代和修复提供理论依据。

2 材料与方法

2.1 紫茎泽兰根际土壤采集

于2006年5月云南玉溪澄江县麒麟村外4 km处的山谷地带(24°42'14.2"—24°42'15.5"N,102°52'48.6"—102°52'48.9"E)常绿落叶阔叶混交林下采集紫茎泽兰根际土壤。该区域海拔1 993~2 016 m,属亚热带高原季风气候,干湿季节分明,土壤类型为红壤,土质较粘。紫茎泽兰入侵在10年以上,地表紫茎泽兰群落覆盖度占草本植物层总盖度90%以上,是单优植物种群。拔出紫茎泽兰植株,轻轻抖动后,用清洁毛刷取紫茎泽兰根表1 mm土层,共10份土样,每份约100 g,置于聚乙烯袋中,立即带回实验室过2 mm筛,4℃保存备用。

2.2 土壤细菌的分离培养和优势细菌的筛选

将采集的土样10 g加入装有90 ml无菌水的三角瓶中(内装玻璃珠若干),摇床震荡20 min,然后进行5次10倍系列稀释。吸取稀释液100 μl,在NA培养基平板上涂布均匀,每稀释度5次重复,于28℃下培养2 d后视菌落生长情况,开始挑选单菌落进行分离培养,并每隔24 h检查1次菌落生长情况,再挑选单菌落分离培养,直到没有新的菌落出现。将分离到的细菌单菌落进行生理指标测定和采用苯酚品红染色法镜检观察,根据细菌菌体形态形状和生理特性对分离到细菌分类。菌株数量超过分离细菌总数5%的细菌为优势细菌。

2.3 优势细菌的脂肪酸(PLFAs)鉴定

细菌的鉴定采用美国MIDI公司(MIDI, Newark, Delaware, USA)开发的基于细菌细胞脂肪酸成分鉴定系统Sherlock MIS 4.5(Microbial Identification System)。细菌的磷脂脂肪酸提取步骤如下:用TSBA培养基活化保存的细菌24 h后,用接种环挑取菌落(约40 mg湿重)置入干燥的有螺旋盖的试管中,加入1.0 ml皂化试剂,拧紧盖子,振荡5~10 s,100℃水浴30 min,室温冷却,加入2.0 ml甲基化试剂,振荡5~10 s,80℃水浴10 min,移开且快速用流动自

来水冷却至室温,加入 1.25 ml 的萃取试剂,混合均匀,取出下层水相部分,加入 3.0 ml 洗涤试剂,温和混合旋转 5 min,转移约 2/3 体积的上层有机相到 GC 小瓶,用于气相检测。气相色谱系统采用的是美国 Agilent 6890N 型,在下述色谱条件下平行分析脂肪酸甲酯混合物标样和待检样本:二阶程序升高柱温,170 °C 起始,5 °C · min⁻¹ 升至 260 °C,而后 40 °C · min⁻¹ 升温至 310 °C,维持 90 s;汽化室温度 250 °C、检测器温度 300 °C,载气为氢气(2 ml · min⁻¹)、尾吹气为氮气(30 ml · min⁻¹);柱前压 68.95 kPa;进样量 1 μl,进样分流比 100:1。以上提取试剂的配置和细菌鉴定的操作程序均由 MIDI 公司提供。

2.4 优势细菌对土传病原菌拮抗性能的测定

拮抗细菌为筛选分离到的优势菌株。将拮抗细菌在 NA 培养基斜面上活化后分别移入 50 ml NA 培养液中,在 28 °C 下摇床(180 r · min⁻¹)培养 12 h 后得到拮抗菌液,含菌量在波长 590 nm 下 OD 值为 0.4~0.5。供试病原菌番茄枯萎病菌(*Fusarium oxysporum*)和青枯菌(*Ralstonia solanacearum*)由福建省农业科学院生物技术中心提供。

2.4.1 番茄枯萎病菌拮抗性能的测定 在 PDA 平板中央放置滤纸片(Φ = 7 mm),吸取拮抗细菌培养液 5 μl 于滤纸片上,呈对角线放置 4 个病原番茄枯萎病菌真菌丝块(Φ = 7 mm),设无拮抗细菌处理为对照,每处理重复 5 次。28 °C 培养,待对照真菌长满平板后测定抑菌圈,抑菌率 = 对照的抑菌圈半径/拮抗细菌的抑菌圈半径 × 100%^[7,13]。

2.4.2 青枯菌拮抗性能的测定 吸取青枯菌培养液 0.1 ml 均匀涂布于 NA 平板上,28 °C 放置 30 min,待表面干燥后呈对角线移入 4 个直径为 7 mm 滤纸

片,分别吸取 5 ul 拮抗细菌培养液接于滤纸片上,每处理重复 5 次。28 °C 培养 48 h 后测定抑菌带宽度,抑菌率 = 对照的抑菌带宽度/拮抗细菌的抑菌带宽度 × 100%^[7,13]。

2.5 细菌代谢产物拮抗性能的测定

将上述优势细菌培养液离心后取上清,经细菌过滤器(直径 0.45 μm)后,测定其对番茄枯萎病菌和青枯菌的拮抗性能,测定方法同 2.4。

2.6 统计分析

数据分析采用单因子方差分析(one-way ANOVA; Fisher's PLSD test),所用软件为 SPSS 12.0 (SPSS Inc., Chicago, Illinois, USA)。

3 结果与分析

3.1 细菌的分离与鉴定

从 10 份紫茎泽兰根际土中共分离获得 327 株细菌,根据细菌形态和生理特征确定优势细菌 25 株。经磷脂脂肪酸鉴定,25 株优势细菌分别属于芽孢杆菌和假单胞菌两大类,且属于 7 个细菌类群,具体见表 1,其中枯草芽孢杆菌和巨大芽孢杆菌数量最多,占鉴定细菌总数的 55.6%。

3.2 优势芽孢杆菌的多态性聚类分析

利用美国 MIDI 公司 LGS 4.5(Library Generation Software)软件对鉴定的 25 株优势细菌的脂肪酸进行聚类分析,得到系统树图(图 1)。当欧氏距离(euclidian distance)λ = 6 时,25 株细菌分成 5 个大的类群,但枯草芽孢杆菌分为 2 个类群,其中 BS-2 和 BS-8 为一个类群,与恶臭假单胞菌关系较近,同属于一个类群,BS-1、BS-3、BS-4、BS-5、BS-6、BS-7 和 BS-9 为一个类群,与解淀粉芽孢杆菌、短小芽孢杆

表 1 紫茎泽兰根际土壤中分离的优势细菌类群及菌落形态特征

Tab.1 Groups and characteristics of dominant bacteria isolated from *A. adenophora* rhizosphere soil

细菌类别 Microbe group	菌株数 Strain number	乳糖 Lactose	纤维糖 Inositol	甘露醇 Mannitol	山梨醇 Sorbitol	甜醇 Dulcitol	革兰氏 Gram(+)(-)	菌落形态特征 Characteristics
枯草芽孢杆菌 <i>Bacillus subtilis</i>	9	+	-	+	-	+	+	A
巨大芽孢杆菌 <i>B. megaterium</i>	5	-	+	-	-	-	+	B
解淀粉芽孢杆菌 <i>B. amyloliquefaciens</i>	4	+	+	+	+	+	+	C
地衣芽孢杆菌 <i>B. licheniformis</i>	3	+	-	-	+	-	+	D
苏云金芽孢杆菌 <i>B. thuringiensis</i>	2	-	-	-	-	+	+	E
短小芽孢杆菌 <i>B. pumilus</i>	1	-	+	+	-	-	+	F
恶臭假单胞菌 <i>Pseudomonas putida</i>	1	+	+	-	+	-	-	G

所有细菌脂肪酸鉴定的匹配度均在 0.8 以上 Similarity index of PLFAs identification for all bacteria strains was above 0.8。A: 菌体不规则,灰白色,有褶皱,边缘波纹状,菌体杆状 The shape of the colony was irregular, grayish white, crapy, the margin was undulate and isolate cells were bacilliform; B: 菌体无光泽,灰白色,边缘波纹状,菌体短杆状 The surface of colony was pallid, grayish white, the margin was undulate and isolate cells were short bacilliform; C: 菌体有光泽,稍有隆起,灰白色,呈流质,菌体杆状 The surface of the colony was luster, grayish white, convex, isolate cells were bacilliform, colony can flow on the agar; D: 菌体透明,乳白色,有光泽,边缘不规则,有粘性 The shape of the colony was transparent and had consistency, milk-white and margin is undulate; E: 菌体不规则,波纹状,不平整,色暗 The shape of the colony is irregular, pallid, umbonate and margin was undulate; F: 菌体平整,光滑,粘性强,有光泽 The shape of the colony was circle and had consistency, viscid, flat and margin was entire; G: 菌体圆滑,有光泽,菌体短杆状 The shape of the colony was circle, luster, crapy, the margin was undulate and isolate cells were short bacilliform.

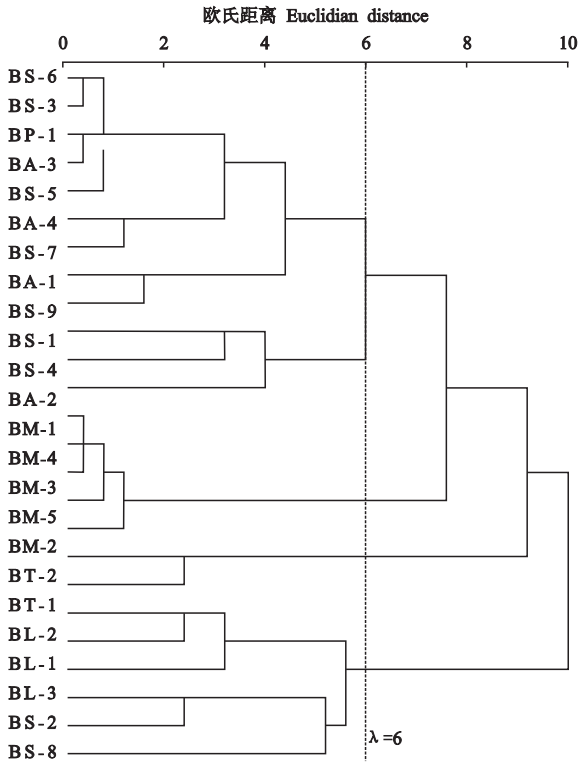


图1 25株鉴定细菌的脂肪酸聚类分析系统树图
Fig.1 Dendrogram of cluster analysis for 25 strains of identified dominant bacteria based on fatty acids.
 BS: 枯草芽孢杆菌 *B. subtilis*; BM: 巨大芽孢杆菌 *B. megaterium*; BA: 解淀粉芽孢杆菌 *B. amyloliquefaciens*; BL: 地衣芽孢杆菌 *B. licheniformis*; BT: 苏云金芽孢杆菌 *B. thuringiensis*; BP: 短小芽孢杆菌 *B. pumilus*; PP: 恶臭假单胞菌 *P. putida*. 1~9 菌株编号 No. of strains.

菌关系较近,同属于一个类群.

7种细菌的平均脂肪酸种类和优势脂肪酸的平均含量也存在差异(表2). 苏云金芽孢杆菌的平均脂肪酸种类最多,有24种,巨大芽孢杆菌最少,有14种. 7种细菌的优势脂肪酸为15:0 ANTEISO、15:0 ISO和17:0 ANTEISO,是特征性色谱峰,但含量有较

表3 优势细菌及其代谢产物对2种土传病害病原菌的抑菌率

Tab.3 Inhibitory effects of dominant bacteria and their metabolic products on soil-borne diseases (% , means ± SE)

拮抗菌株 Antagonistic bacteria	番茄枯萎病菌 <i>F. oxysporum</i>		青枯菌 <i>R. solanacearum</i>	
	菌体 Bacteria	代谢产物 Metabolic products	菌体 Bacteria	代谢产物 Metabolic products
枯草芽孢杆菌 <i>B. subtilis</i> BS-5	78.5 ± 6.2Ab	85.5 ± 4.9Aa	51.2 ± 6.6Db	74.1 ± 5.6Ba
枯草芽孢杆菌 <i>B. subtilis</i> BS-8	70.2 ± 5.6Ba	75.1 ± 7.3Ba	58.6 ± 6.4Ca	58.5 ± 8.3Da
巨大芽孢杆菌 <i>B. megaterium</i> BM-1	67.6 ± 4.3Ba	65.9 ± 8.4Ca	74.7 ± 5.6Ab	82.7 ± 5.6Aa
解淀粉芽孢杆菌 <i>B. amyloliquefaciens</i> BA-1	53.2 ± 5.7Ca	56.3 ± 10.5Da	70.3 ± 3.5ABb	77.3 ± 4.4Ba
地衣芽孢杆菌 <i>B. licheniformis</i> BL-3	46.3 ± 4.2Db	70.2 ± 8.2BCa	66.2 ± 6.0Bb	75.5 ± 7.2Ba
苏云金芽孢杆菌 <i>B. thuringiensis</i> BT-1	75.5 ± 6.8Ab	83.8 ± 7.6Aa	61.0 ± 10.8BCa	65.4 ± 4.6Ca
短小芽孢杆菌 <i>B. pumilus</i> BP-1	50.7 ± 5.6CDa	51.2 ± 4.3Da	50.6 ± 7.3Db	58.0 ± 6.1Da
恶臭假单胞菌 <i>P. putida</i> PP-1	67.1 ± 5.4Ba	72.7 ± 10.3Ba	70.2 ± 6.2ABb	82.3 ± 8.5Aa

大写字母表示不同拮抗细菌对同一病原菌的抑菌率差异显著,小写字母表示同一拮抗细菌的不同形式(菌体和代谢产物)对病原菌的抑菌率差异显著. Different capitals indicated significant difference among antagonistic bacteria strains, and different small letters indicated significant difference among antagonistic bacteria and its metabolic products.

表2 优势土壤微生物主要脂肪酸的比较

Tab.2 Comparison of fatty acids characteristics in identified dominant bacteria

细菌类别 Microbe group	平均脂肪酸种类 Average kinds of fatty acid	主要脂肪酸平均含量 Average percentage of plentiful fatty acids (%)		
		15:0 ANTEISO	15:0 ISO	17:0 ANTEISO
枯草芽孢杆菌 <i>B. subtilis</i>	20	38.81	23.95	13.86
巨大芽孢杆菌 <i>B. megaterium</i>	14	33.52	42.81	2.15
解淀粉芽孢杆菌 <i>B. amyloliquefaciens</i>	19	34.59	30.25	9.30
地衣芽孢杆菌 <i>B. licheniformis</i>	16	30.28	28.67	10.38
苏云金芽孢杆菌 <i>B. thuringiensis</i>	24	13.82	39.60	1.31
短小芽孢杆菌 <i>B. pumilus</i>	15	34.40	40.88	3.01
恶臭假单胞菌 <i>P. putida</i>	19	29.64	23.82	15.28

大差异,优势脂肪酸所占比例短小芽孢杆菌最大,为79.3%,苏云金芽孢杆菌最小,为54.7%.

3.3 优势细菌对番茄枯萎病菌和青枯菌的拮抗作用

根据优势细菌的聚类分析结果,从五大类群中选取枯草芽孢杆菌2株(BS-5、BS-8),巨大芽孢杆菌1株(BM-1),解淀粉芽孢杆菌1株(BA-1),地衣芽孢杆菌1株(BL-3),苏云金芽孢杆菌1株(BT-1),短小芽孢杆菌1株(BP-1)和恶臭假单胞菌1株(PP-1)进行病原菌拮抗性能测定.

8株优势细菌的菌体和代谢产物对两种病原菌的抑菌率测定结果见表3.从中可以看出,所有菌株对两种病原菌的都存在不同程度拮抗作用,地衣芽孢杆菌BL-3菌体对番茄枯萎病菌的抑菌率最低,为46.3%,而枯草芽孢杆菌BS-5代谢产物对番茄枯萎病菌的抑菌率最高,为85.5%.枯草芽孢杆菌BS-5

和苏云金芽孢杆菌 BT-1 对番茄枯萎病菌的拮抗作用显著高于其它菌株,其代谢产物的抑菌率分别为 85.5% 和 83.8%,而巨大芽孢杆菌 BM-1 和恶臭假单胞菌 PP-1 对青枯菌的拮抗作用显著高于其它菌株,其代谢产物的抑菌率均为 82.3%。对于同一细菌的不同形式(菌体或代谢产物)而言,除少数菌株(如枯草芽孢杆菌 BS-8)不存在显著差异外,其它菌株都是代谢产物的抑菌率显著高于菌体,其中地衣芽孢杆菌 BL-3 代谢产物比菌体对番茄枯萎病菌的抑菌率高出 23.9%。虽然 BS-5 和 BS-8 均为枯草芽孢杆菌,但它们的菌体或代谢产物对番茄枯萎病菌和青枯菌的抑菌率都存在显著差异,说明同一细菌的拮抗作用会因菌株不同而有所差异。

4 讨 论

以往的研究^[16-17]认为,紫茎泽兰的成功入侵部分得益于土壤微生物的有益反馈。本研究补充了紫茎泽兰根际优势细菌拮抗性的实验,发现紫茎泽兰根际存在丰富的具有拮抗作用的微生物类群。这就使紫茎泽兰具有了逃避土壤病原菌侵染的能力,有力地支持了上述观点。

土壤中微生物菌群复杂,有益和有害微生物共存,二者比例的失调,势必引起植物病害,拮抗微生物是植物抵御病害的重要手段。根际细菌是植物根系防御病原物侵染的第一道防线^[3,11]。枯草芽孢杆菌、苏云金芽孢杆菌、解淀粉芽孢杆菌、短小芽孢杆菌和假单胞菌通过成功定殖至植物根际,同病原菌竞争植物周围的营养、分泌抗菌物质抑制病原菌生长,能够同时诱导植物防御系统抵御病原菌入侵^[12]。本研究采用病原菌离体培养的方法测定拮抗细菌的拮抗效果,说明了紫茎泽兰根际细菌的功能,验证了我们的假设,而且研究采用的两种植物病原菌(番茄枯萎病菌和青枯菌)分别是真菌和细菌病害,都是寄主非常广的土传病害,具有很强的代表性。研究发现,紫茎泽兰根际细菌对病原微生物有较强的拮抗作用,而且其代谢产物的拮抗性能和抑菌率更高,说明抗菌物质的产生可能是紫茎泽兰根际优势细菌的重要拮抗机理。由于植物根际中的微生物与宿主植物之间的相互依赖的关系,致使不同植物根际的微生物群落具有很高的特异性,根际丰富的拮抗微生物组成为外来入侵植物逃避土壤病原菌侵扰提供了帮助,紫茎泽兰的扩散和蔓延可能依赖于其特有的根际细菌群落。

外来入侵植物在营养物吸收、改变周围生境等方面远远强于当地植物,这也是多数外来植物入侵成功

的重要原因^[10]。紫茎泽兰入侵改变了土壤微生物群落组成,提高了土壤养分,其成功入侵可能是通过改变土壤微生物群落结构和功能来实现的。本研究表明,紫茎泽兰根际土壤中含有十分丰富的芽孢杆菌和假单胞菌,其中主要的类群为枯草芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌和解淀粉芽孢杆菌,它们都是土壤病原微生物生防菌,对番茄枯萎病菌和青枯菌有很好的抑菌效果,增强了土壤抑制土传病原菌的能力。这可能是紫茎泽兰很少受到病害侵扰的原因,也是其逃避天敌的重要手段。通过这种根际有益微生物的反馈作用,紫茎泽兰在与当地植物竞争中直接或间接地处于有利地位,进而排挤当地植物,迅速扩张蔓延。有益微生物的反馈作用除了对病原微生物的生防作用外,也包括对土壤养分的活化作用^[6]。紫茎泽兰入侵地土壤中可被植物吸收的养分水平较高,原因之一可能是其优势细菌芽孢杆菌的大量存在。

入侵植物通过根系分泌物与土壤微生物保持高效的地下通讯,以此调控根系周围的土壤微生物群落^[1,4]。研究发现,在果园中种植入侵植物胜红蓼(*Ageratum conyzoides*)其根系分泌物具有改良土壤的作用,可以有效减少病害的发生^[9]。这可能是因为入侵植物改变了土壤微生物群落,使具有拮抗作用的微生物数量提高。替代控制被认为是防治入侵植物的有效方法,但如果替代植物选择不当就会降低防治效果或引起再次入侵^[15,22]。有研究表明,喜树(*Camptotheca acuminata*)可能通过根际分泌物破坏了紫茎泽兰根系周围的真核微生物群落,导致在喜树和紫茎泽兰混栽体系中根际真菌的数量明显降低,从而制约了混栽体系中紫茎泽兰植株的过度蔓延^[25]。通过种植根系发达,分泌物丰富,对土壤微生物有强抑制作用的当地植物,可能会破坏紫茎泽兰根系周围有利的微生物群落,有效制约其蔓延,从而实现紫茎泽兰的成功替代。

致谢 本研究紫茎泽兰根际优势细菌的磷脂脂肪酸鉴定是在福建省农业科学院生物技术中心完成,Imtiaz Ali Khan 博士对中英文摘要进行了修改,一并表示感谢。

参考文献

- [1] Bais HP, Park SW, Weir TL, et al. 2004. How plants communicate using the underground information superhighway. *Trends in Plant Science*, 9(1):26-32
- [2] Callaway RM, Thelen GC, Rodriguez A, et al. 2004. Soil biota and exotic plant invasion. *Nature*, 427:731-733
- [3] Chen H-B (程洪斌), Liu X-Q (刘晓桥), Chen H-M (陈红漫). 2006. Research advance in controlling plant

- fungous diseases by *Bacillus subtilis*. *Acta Agriculturae Shanghai* (上海农业学报), **22**(1):109–112 (in Chinese)
- [4] De Deyn GB, Raaijmakers CE, van der Putten WH. 2004. Plant community development is affected by nutrients and soil biota. *Journal of Ecology*, **92**(5):824–834
- [5] Ehrenfeld JG, Kourtev P, Huang W. 2001. Changes in soil functions following invasions of exotic understory plants in deciduous forests. *Ecological Applications*, **11**(5):1287–1300
- [6] Hawkes CV, Wren IF, Herman DJ *et al.* 2005. Plant invasion alters nitrogen cycling by modifying the soil nitrifying community. *Ecology Letters*, **8**(9):976–985
- [7] Jiang Y-H (姜英华), Hu B-S (胡白石), Liu F-Q (刘凤权). 2005. Selection and identification of antagonistic bacteria against soil-borne pathogens. *Chinese Journal of Biological Control* (中国生物防治), **21**(4):260–264 (in Chinese)
- [8] Klironomos JN. 2002. Feedback with soil biota contributes to plant rarity and invasiveness in communities. *Nature*, **417**:67–70
- [9] Kong CH, Liang WJ, Hu F, *et al.* 2004. Allelochemicals and their transformations in the *Ageratum conyzoides* intercropped citrus orchard soils. *Plant and Soil*, **264**:149–157
- [10] Kourtev PS, Ehrenfeld JG, Höggelom M. 2002. Exotic plant species alter the microbial community structure and function in the soil. *Ecology*, **83**(11):3152–3166
- [11] Li Y-M (李延茂), Hu J-C (胡江春), Wang S-L (汪思龙), *et al.* 2004. Function and application of soil microorganisms in forest ecosystem. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), **15**(10):1943–1946 (in Chinese)
- [12] Liu B (刘波). 2006. Literature Research of *Bacillus* Genus. Guangzhou: Guangdong Travel and Tourism Press (in Chinese)
- [13] Liu Y-Z (刘邮洲), Chen Z-Y (陈志谊), Liu R (刘荣), *et al.* 2002. Effects of antagonistic bacteria on *Alternaria solani*. *Jiangsu Agricultural Sciences* (江苏农业科学), (6):50–51 (in Chinese)
- [14] Lu J-Z (陆建忠), Qiu W (裘伟), Chen J-K (陈家宽) *et al.* 2005. Impact of invasive species on soil properties: Canadian goldenrod (*Solidago canadensis*) as a case study. *Biodiversity Science* (生物多样性), **13**(4):347–356 (in Chinese)
- [15] Marler MJ, Zabinski CA, Callaway RM. 1999. Mycorrhizae indirectly enhance competitive effects of an invasive forb on a native bunchgrass. *Ecology*, **80**(4):1180–1186
- [16] Niu H-B (牛红榜), Liu W-X (刘万学), Wan F-H (万方浩). 2007. Invasive effects of *Ageratina adenophora* Sprengel (Asteraceae) on soil microbial community and physical and chemical properties. *Acta Ecologica Sinica* (生态学报), **27**(7):3051–3060 (in Chinese)
- [17] Niu HB, Liu WX, Wan FH, *et al.* 2007. An invasive aster (*Ageratina adenophora*) invades and dominates forest understories in China: Altered soil microbial communities facilitate the invader and inhibit natives. *Plant and Soil*, **294**:73–85
- [18] Roberts KJ, Anderson RC. 2001. Effects of garlic mustard [*Alliaria petiolata* (Beib. Cavara and Grande)] extracts on plants and arbuscular mycorrhizal (AM) fungi. *American Midland Naturalist*, **146**(1):146–152
- [19] Wan F-H (万方浩), Guo J-Y (郭建英), Wang D-H (王德辉). 2002. Alien invasive species in China: Their damages and management strategies. *Biodiversity Science* (生物多样性), **10**(1):119–125 (in Chinese)
- [20] Wang C-Y (王重云), Liu W-Y (刘文耀), Liu L-H (刘伦辉) *et al.* 2006. Plant diversity of different replaced communities after *Eupatorium adenophorum* removal. *Chinese Journal of Applied Ecology* (应用生态学报), **17**(3):377–383 (in Chinese)
- [21] Wang J-J (王进军). 2005. *Ageratina adenophora* (Spreng.) // Wan F-H (万方浩), eds. Biology and Management of Invasive Alien Species in Agriculture and Forestry. Beijing: Science Press: 651–661 (in Chinese)
- [22] Wolfe BE, Klironomos JN. 2005. Breaking new ground: Soil communities and exotic plant invasion. *BioScience*, **55**(6):477–487
- [23] Wolfe LM. 2002. Why alien invaders succeed: Support for escape-from-enemy hypothesis. *American Naturalist*, **160**(6):705–711
- [24] Xu C-Y (徐承远), Zhang W-J (张文驹), Lu B-R (卢宝荣), *et al.* 2001. Progress in studies on mechanisms of biological invasion. *Biodiversity Science* (生物多样性), **9**(4):430–438 (in Chinese)
- [25] Zu Y-G (祖元刚), Gao C-Y (高崇洋), Wang W-J (王文杰) *et al.* 2006. Soil microbial characteristics in *Ageratina adenophora* displacement by *Camptotheca acuminata* Decaisne. *Science in China Series C* (中国科学·C辑), **36**(5):459–467 (in Chinese)

作者简介 牛红榜 男, 1982年生, 硕士研究生. 主要从事外来植物入侵机制的相关研究. E-mail: Hongbangniu@hotmail.com

责任编辑 张雪姝