不同樱桃砧木对根际土壤微生物数量动态变化的影响

王 静[1,2]，呼丽萍[1,2]，王 彦[1]，韩李红[1]，慕星星[1]，常 杰[1]

(1.甘肃省天水师范学院 生物工程与技术学院，甘肃 天水 741000；2.甘肃省大樱桃工程技术研究中心，甘肃 天水 741000)

摘 要：采用稀释平板测数法和最大或然数法研究樱桃年生长周期内不同樱桃砧木(大青叶、山樱、考特和马哈利)对根际与非根际土壤微生物数量动态变化的影响。结果表明，樱桃年生长周期内，4 种樱桃砧木根际与非根际土壤微生物数量与其生长发育呈正相关，即土壤微生物数量从萌芽期开始增加，在开花期、坐果期或成熟期达到峰值，落叶期有所下降。不同樱桃砧木根际土壤微生物各生理类群数量差异显著，且均以细菌占绝对优势，放线菌次之，真菌最少。各樱桃砧木土壤微生物数量呈现根际效应。土壤根际微生物多样性指数的变化趋势与土壤根际微生物总数的变化趋势不一致。因此，选择合适的樱桃砧木，有利于土壤微生物数量的提高，从而为樱桃树生长创造良好的土壤微生态环境。

关键词：樱桃砧木；根际土壤；微生物数量

文献标识码：A **文章编号**：1000-288X(2014)05-0093-05 **中图分类号**：S182

DOI:10.13961/j.cnki.stbctb.2014.05.024

Effects of Different Cherry Rootstocks on Dynamic Change of Rhizasphere Soil Microbial Quantity

WANG Jing[1,2], HU Li-ping[1,2], WANG Yan[1], HAN Li-hong[1], MU Xing-xing[1], CHANG Jie[1]

(1. *College of Bioengineering and Technology, Tianshui Normal University, Tianshui, Gansu* 741000, *China*; 2. *Gansu Engineering Research Center for Sweet Cherry, Tianshui, Gansu* 741000, *China*)

Abstract: Using dilute plate counting method and most probable number method, the dynamic of rhizosphere soil microbial quantity was studied during cherry annual growth period under four kinds of cherry rootstocks (*Cerasus pseudocerasus*, *Cerasus sachalinensis* Colt, *Cerasu smahaleb*). The results showed that soil microbial quantity was positively related to the cherry annual growth stages—soil microbial quantity began to rise at germination period and quickly reached its peak at flowering, fruiting or maturation period, but decreased slightly at leaf fall period. The numbers of microbial physiological groups were significantly differences cherry rootstocks, and bacteria was dominant, followed by actinomycetes, and fungi was the least. Soil microbial quantity presented rhizosphere effects. The change trends of total amounts of soil rhizosphere microorganisms and biodiversity indices were different among cherry rootstocks. Therefore, choosing suitable cherry rootstock varieties can be beneficial to increasing the number of soil microorganisms, and create a good micro-ecological environment for the growth of cherry trees.

Keywords: cherry rootstock; rhizosphere soil; microbial quantity

樱桃由砧木和接穗两部分构成，樱桃砧木根系生长状况及分布对果树吸收水分、养分具有决定性作用[1]。土壤微生物是土壤中最活跃的部分，是土壤中物质转化和养分循环的驱动力，它们参与土壤有机质分解、腐殖质形成、土壤养分转化和循环等过程[2-3]。土壤微生物分布和组成是果园生物多样性的重要特征，也是果树生产和生态保护的重要资源，因此果园土壤微生物特性研究倍受国内外学者关注[4-5]。砧木作为樱桃树的重要组成部分，目前的研究主要集中在砧木的育种、栽培和抗逆性等方面的研究[6-8]，而对樱桃砧木根际微域土壤微生物状况的研究较少。本试验通过探讨年生长周期内不同樱桃砧木根际与非根际土壤微生物数量的动态变化，旨在为选择合适的樱桃砧木资源，创造以有益微生物占优势的土壤微生态环境，实现樱桃根际生态的动态平衡，为樱桃的优质丰产提供理论依据。

收稿日期：2013-09-13 **修回日期**：2013-10-16

资助项目：科技部星火引导项目“提高大樱桃产量质量技术集成与示范推广”(2012GA860008)；甘肃省青年科技研究基金项目“旱地全膜覆土穴播种植技术对土壤微生物和酶活性的影响”(1308RJYE041)；天水师范学院中青年教师科研资助项目“樱桃砧木对土壤微生物的影响”

作者简介：王静(1982—)，女(汉族)，甘肃省天水市人，硕士，讲师，主要从事土壤微生物方面的研究工作。E-mail:wjing_1228@126.com。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验地设立于甘肃省天水师范学院植物园试验基地。地理坐标为 34°34′10″N,105°41′47″E,海拔为 1 180 m。试验区属大陆性半高寒半湿润气候,年平均降水量 530 mm,年均气温 10.72 ℃,无霜期约 170 d。土壤为典型的黄绵土,土质绵软,土层深厚,质地均匀,储水性能良好。0—40 cm 土壤容重为 1.19 g/cm^3,凋萎含水率 7.1%,饱和含水率 20.9%。

1.2 土样采集

以大青叶、山樱、考特和马哈利 8 年生苗木为试材,分别于萌芽期(2012 年 3 月 5 日)、开花期(3 月 31 日)、坐果期(4 月 28 日)、成熟期(6 月 11 日)、落叶期(10 月 13 日),以抖落法[9]采集不同樱桃砧木根际、非根际的混合土壤,装入无菌塑料袋,用于分析土壤微生物。

1.3 测定方法

细菌、真菌、放线菌、纤维素分解菌、自生固氮菌、有机磷细菌、无机磷细菌的测定采用稀释平板测数法;氨化细菌、硝化细菌的测定采用最大或然数法(MPN)[9]。

菌数(cfu/g)=菌落平均数×稀释倍数/干土质量

1.4 土壤微生物多样性指数(Shannon 指数)[10]

$$H = -\sum P_i \ln P_i \quad (1)$$

式中:H——微生物多样性指数;P_i——i 类群个体数占总个体数的比例。

1.5 数据处理

用 Microsoft Excel 2003 和 SPSS 17.0 软件进行数据分析。

2 结果分析

2.1 不同樱桃砧木根际土壤 3 大微生物数量的生育期变化

由图 1 可以看出,从萌芽期到落叶期 4 种樱桃砧木根际土壤细菌、放线菌和真菌数量均呈先上升后下降的变化趋势,在开花期均达到峰值。结合表 1 可知,4 种樱桃砧木根际土壤微生物均以细菌最多,放线菌次之,真菌最少;其中大青叶、山樱、马哈利和考特根际土壤细菌分别占 97.05%,97.69%,87.40%,96.21%,放线菌分别占 2.81%,2.16%,11.78%,3.59%,真菌分别占 0.14%,0.14%,0.83%,0.29%。由此可见,细菌在樱桃果园根际土壤微生物中处于绝对优势。

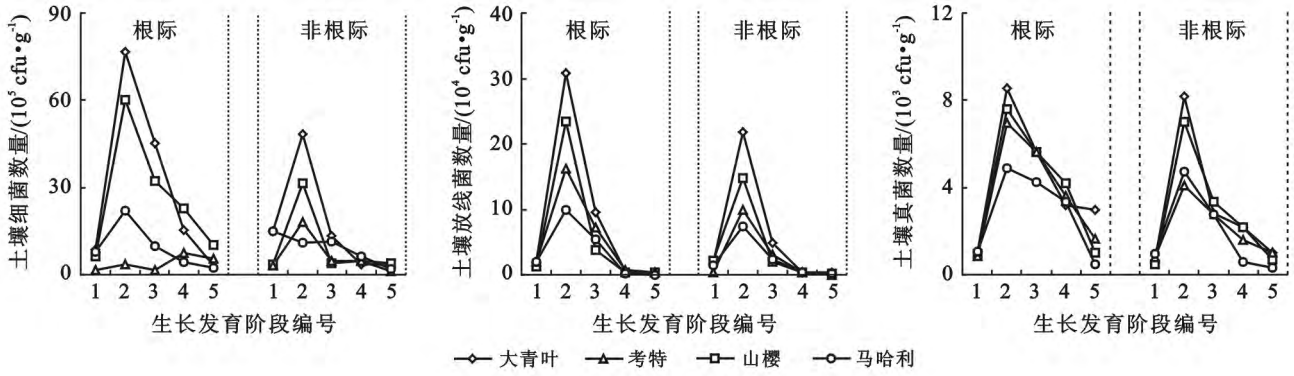


图 1 不同樱桃砧木土壤 3 大微生物数量的动态变化

注:横坐标刻度值 1,2,3,4,5 分别代表樱桃的萌芽期、开花期、坐果期、成熟期和落叶期 5 个阶段。下同。

由图 1 还可看出,年生长周期内,4 种樱桃砧木非根际土壤 3 大微生物数量的变化趋势与根际土壤的类似。各樱桃砧木(除考特)的土壤细菌、放线菌和真菌均表现出一定的根际效应(表 1),细菌 R/S 为2.78~1.02,放线菌 R/S 为 2.02~1.48,真菌 R/S 为1.81~1.42。

2.2 不同樱桃砧木根际微生物主要生理类群数量的生育期变化

2.2.1 *碳素生理类群* 土壤中的碳素转化菌以纤维素分解菌为主[11-12]。

由图 2a 可以看出,根际与非根际土壤中,从萌芽期到落叶期各樱桃砧木土壤纤维素分解菌数量均先上升后下降的变化趋势,在成熟期均达到峰值。

结合表 1 可知,整个生育期中,考特根际土壤纤维素分解菌数量最高,为 1.85×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$),山樱非根际土壤纤维素分解菌数量最高,为 1.70×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$)。且考特和马哈利土壤纤维素分解菌均表现出根际效应,R/S 分别为 1.31 和 1.44;而大青叶和山樱则表现出根际反效应。

2.2.2 *氮素生理类群* 土壤微生物氮素生理类群直接参与土壤 C,N 等营养元素循环和能量流动,其数量和活性直接关系到土壤肥力的高低[13]。

表 1　不同樱桃砧木根际对土壤微生物数量和多样性指数的影响

土壤微生物	根际土壤				非根际土壤			
	大青叶	山樱	考特	马哈利	大青叶	山樱	考特	马哈利
细菌/(10^5 cfu·g^{-1})	29.78a	26.40b	3.93d	9.33c	16.65a	9.50b	6.43d	9.11c
放线菌/(10^4 cfu·g^{-1})	8.63a	5.84b	5.30c	3.49d	4.27a	3.91b	2.75c	2.36d
真菌/(10^3 cfu·g^{-1})	4.28a	3.88b	3.73c	2.81d	2.97a	2.74b	2.06c	1.86d
硝化细菌/(10^2 cfu·g^{-1})	7.60a	5.12d	5.70c	6.00b	4.80b	2.32d	5.56a	2.68c
氨化细菌/(10^4 cfu·g^{-1})	9.80a	5.10d	9.70b	9.60c	5.00a	3.69c	3.44d	4.62b
自生固氮细菌/(10^5 cfu·g^{-1})	4.27a	1.96c	2.94b	1.69d	2.88b	1.64d	3.15a	1.75c
有机磷细菌/(10^5 cfu·g^{-1})	3.35c	4.92a	3.70b	2.97d	2.83a	2.66b	1.77d	2.47c
无机磷细菌/(10^5 cfu·g^{-1})	4.03b	3.19c	2.30d	4.17a	3.39a	2.93b	2.41d	2.82c
纤维素分解菌/(10^5 cfu·g^{-1})	1.39d	1.61c	1.85a	1.80b	1.47b	1.70a	1.40b	1.25c
微生物总数/(10^5 cfu·g^{-1})	44.72a	39.22b	16.27c	21.29d	28.19a	19.22b	15.80d	18.11c
微生物多样性指数 H	1.18c	1.14d	1.81a	1.58b	1.34c	1.50b	1.60a	1.58a

注：表中数据为樱桃各生育期中微生物数量的均值；小写字母表示各樱桃砧木间差异显著($p \leqslant 0.05$)。

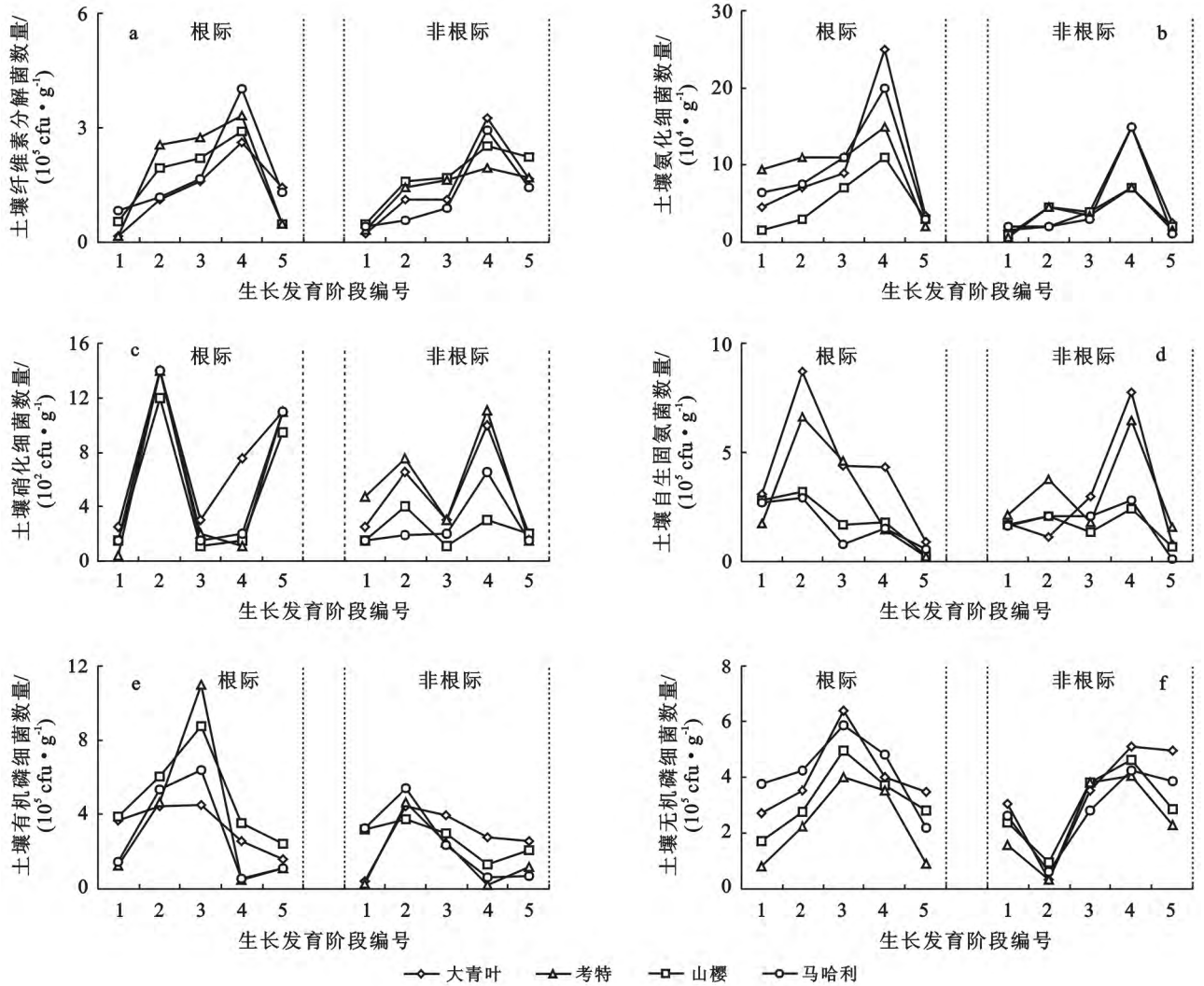


图 2　不同樱桃砧木根际土壤微生物生理类群的动态变化

由图 2b 可以看出，根际与非根际土壤中，土壤氨化细菌数量与纤维素分解菌数量的变化趋势相似，即从萌芽期到落叶期各樱桃砧木土壤氨化细菌数量均呈先上升后下降的变化趋势，在成熟期均达到峰值。结合表 1 可知，整个生育期中，大青叶根际与非根际土壤氨化细菌的数量均最高，分别为 9.80×10^4 和 5.00×10^4 cfu/g($p \leqslant 0.05$)；且各樱桃砧木土壤氨化细菌数量均表现出根际效应，R/S 为 2.82～1.38。

由图2c可以看出，从萌芽期到开花期各樱桃砧木根际土壤硝化细菌数量均迅速上升达到整个生育期的最大值，从开花期到成熟期开始下降，从成熟期到落叶期回升。从萌芽期到开花期各樱桃砧木非根际土壤硝化细菌数量均迅速上升，从开花期到坐果期开始下降，从坐果期到成熟期回升，从成熟期到落叶期又下降。结合表1可知，整个生育期中，大青叶根际土壤硝化细菌数量最高，为760 cfu/g($p\leqslant0.05$)，考特非根际土壤硝化细菌数量最高，为556 cfu/g($p\leqslant0.05$)；且各樱桃砧木土壤硝化细菌数量均表现出根际效应，R/S为2.24～1.03。

由图2d可以看出，根际土壤自生固氮菌数量的变化趋势与土壤3大微生物数量的非常相似，即从萌芽期到落叶期各樱桃砧木根际土壤自生固氮菌数量均呈先上升后下降的变化趋势，在开花期均达到峰值。4种樱桃砧木非根际土壤自生固氮菌数量的变化趋势与根际土壤自生固氮菌的相似，但均在成熟期达到峰值。结合表1可知，整个生育期中，大青叶根际土壤自生固氮菌数量最高，为4.27×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$)，考特非根际土壤自生固氮菌数量最高，为3.15×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$)；且大青叶和山樱土壤自生固氮菌数量均表现出根际效应，R/S分别为1.49和1.20。

2.2.3 *磷素生理类群* 土壤中存在着一些微生物能够将难溶性的磷酸盐转化为可利用形态，这些微生物称为解磷微生物，又称土壤磷素生理类群[14]。由图2e，2f可以看出，随着樱桃生育期的推进，4种樱桃砧木根际土壤有机磷细菌和无机磷细菌数量均迅速上升，均在坐果期达到峰值，之后开始下降。结合表1可知，整个生育期中，山樱根际土壤有机磷细菌数量最高，为4.92×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$)，马哈利根际土壤无机磷细菌数量最高，为4.17×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$)，大青叶非根际土壤有机磷细菌和无机磷细菌数量均最高，为2.83×10^5和3.39×10^5 cfu/g($p\leqslant0.05$)；且各樱桃砧木(除考特)土壤有机磷和无机磷基本表现出根际效应，R/S分别为2.10～1.18和1.48～1.09。

2.3 不同樱桃砧木土壤微生物多样性分析

生物多样性指数是描述生物类型数和均匀度的一个度量指标，它在一定程度上可反映生物群落中物种的丰富程度及其各类型间的分布比例。一般而言，一个群落中物种类型数越多，各类型间分布比例越均匀，该群落的生物多样性指数就越高[15]。由表1可知，不同樱桃砧木根际土壤微生物多样性指数存在显著差异($p\leqslant0.05$)，说明不同樱桃砧木根际土壤微生物群落的丰富度不同。不同樱桃砧木根际土壤微生物多样性指数与土壤根际微生物总数的变化趋势不一致，即微生物总数高的樱桃砧木根际土壤，其多样性指数不一定高，如大青叶根际土壤微生物总数均最多，但微生物多样性指数并不相应的最高(表1)。这与陈汝等[16]研究结果一致。

3 讨 论

微生物是土壤生态系统中最具活力的组成部分。根际是植物与土壤环境接触的重要界面，植物根系以多种形式向周围的土壤释放有机物质，并以其自身的活动影响这部分土壤的理化及生物学性状，特别是影响微生物区系的发育[17-18]。砧木、树势及季节变化等因子对土壤微生物的种群结构、分布和数量均有显著影响[19]。本研究表明，根际与非根际土壤中，随着樱桃生育期的推进，4种砧木的土壤微生物数量呈先上升，后下降的变化趋势(除硝化细菌)。这主要由于，一方面，地温是影响土壤微生物活性的一个重要因素，春季随气温回升，地温也呈现上升趋势，从而促使微生物活性增强。另一方面，开花期到成熟期是樱桃年生长周期中新陈代谢最旺盛的时期，该时期是土壤释放易吸收可利用养分最多的时期，又是植物吸收养分最多的时期，因此该时期土壤微生物数量最多。最后，落叶期内无新根发生，根活力下降，微生物数量下降。这种土壤微生物数量与植株生长发育呈正相关的现象在其他文献中也有相似报道[20-21]。

4种樱桃砧木土壤微生物各生理类群数量差异显著，且均以细菌占绝对优势，放线菌次之，真菌最少。整个生育期内，根际土壤中大青叶细菌、放线菌、真菌和氮素生理类群数量最高，山樱有机磷细菌数量最高，马哈利无机磷细菌数量最高，考特纤维素分解菌数量最高，且均显著高于其他3种樱桃砧木根际土壤各生理类群的数量；且不同樱桃砧木土壤微生物各生理类群数量均表现出明显的根际效应。自然条件下，不同的植物根系有不同的分泌物、不同的根部碎片和其他有机成分，形成根际独特而稳定的微生物区系[22]。不同樱桃砧木间基因型不同，根系分泌的物质数量和组成不同[23]，根系分泌物可通过改变根际pH值，Eh和螯合作用来影响根际元素的溶解度和有效性，进而直接或间接影响根际土壤微生物的数量和种群结构[4]。根际微生物数量和种类越多，土壤生物活性越强，对植物生长的促进作用越明显。

不同樱桃砧木根际土壤微生物多样性指数差异显著，说明不同樱桃砧木根际土壤微生物群落的丰富度不同。但不同樱桃砧木根际土壤微生物多样性指数与土根际壤微生物总数量的变化趋势不一致，即微

生物总数高的樱桃砧木根际土壤，其多样性指数不一定高。这可能是由于不同樱桃砧木根际微域环境对各类微生物的作用不同，它可能会适合于某一类或几类微生物的生长，而对其他类群微生物的生存不一定产生影响，结果使得土壤中微生物总数可能很高，但其微生物多样性指数不一定高[24]。

4　结 论

（1）根际与非根际土壤中，大青叶、山樱、考特和马哈利的土壤 3 大微生物数量和微生物各生理类群数量（除硝化细菌）与樱桃年生长周期内的生长发育呈正相关，即土壤微生物数量从萌芽期开始增加，在开花期、坐果期、或成熟期达到峰值，落叶期有所下降。

（2）土壤 3 大微生物中，各樱桃砧木根际与非根际土壤均以细菌所占比例最高，为 87.4%～97.69%；放线菌次之，为 2.16%～11.78%；真菌最少，为 0.14%～0.83%。不同樱桃砧木对根际与非根际土壤纤维素分解菌、氨化细菌、硝化细菌、自生固氮菌、有机磷细菌和无机磷细菌的影响存在明显的差异；且各土壤微生物生理类群数量均表现出明显的根际效应。

（3）不同樱桃砧木根际土壤微生物多样性指数：考特＞马哈利＞大青叶＞山樱；根际土壤微生物总数：大青叶＞山樱＞马哈利＞考特。这表明土壤微生物多样性指数的变化趋势与土壤微生物总数的变化趋势不一致。

因此，选择合适的樱桃砧木，有利于土壤微生物数量的提高，为樱桃树生长创造良好的微生态环境。

［参 考 文 献］

[1] 李天忠，张志宏. 现代果树生物学[M]. 北京：科学出版社，2008.

[2] 张萍，郭辉军，刀志灵，等. 高黎贡山土壤微生物的数量和多样性[J]. 生物多样性，1999，7(4)：297-302.

[3] 陈珊，张常钟，刘东波，等. 东北羊草草原土壤微生物生物量的季节变化及其与土壤生境的关系[J]. 生态学报，1995，15(1)：91-94.

[4] Rumberger A，Yao S G，Merwin I A，et al. Rootstock genotype and orchard replant position rather than soil fumigation or compost amendment determine tree growth and rhizosphere bacterial community composition in an apple replant soil[J]. Plant and Soil，2004，264(1)：247-260.

[5] 谭向平，和文祥，杨静，等. 渭北旱塬苹果园土壤酶特征研究[J]. 园艺学报，2011，38(4)：621-630.

[6] 蔡宇良，冯瑛，张雪，等. 樱桃新砧木：马哈利‘CDR-1’的选育[J]. 果树学报，2013，30(1)：177-178.

[7] 赵亚楠，文晓鹏. 樱桃砧木实生苗对根癌菌侵染的抗性及生理响应[J]. 西北植物学报，2012，32(7)：1390-1394.

[8] 周逊，徐晓舒，陈莉敏. 甜樱桃砧木高倍快繁技术研究[J]. 北方园艺，2010(14)：136-137.

[9] 关松荫. 土壤微生物及其研究法[M]. 北京：农业出版社，1983：91-137.

[10] 郭正刚，王根绪，沈禹颖，等. 青藏高原北部多年冻土区草地植物多样性[J]. 生态学报，2004，24(1)：149-155.

[11] 王静，张天佑，杨娟娟，等. 旱地不同膜覆盖种植模式对土壤微生物数量的影响[J]. 生态与农村环境学报，2011，27(6)：55-58.

[12] 王英，王爽，李伟群，等. 长期定位施肥对土壤生理转化菌群的影响[J]. 生态环境，2008，17(6)：2418-2420.

[13] 黄明勇，王怀锋，路福平，等. 海湾泥碱渣和粉煤灰作为园林种植基质的氮素生理类群及生化作用研究[J]. 农业环境科学学报，2007，26(4)：1522-1525.

[14] 王光华. 解磷菌的研究现状与展望[J]. 土壤与环境，2001，10(3)：256-258.

[15] Susanne K，Veronica A M，Husein A. Microbial community composition and enzyme activities in a sandy loam soil after fumigation with methyl bromide or alternative biocides[J]. Soil Biology & Biochemistry，2006，38(6)：1243-1254.

[16] 陈汝，王海宁，姜远茂，等. 不同苹果砧木的根际土壤微生物数量及酶活性[J]. 中国农业科学，2012，45(10)：2099-2106.

[17] 朱丽霞，章家恩，刘文高. 根系分泌物与根际微生物相互作用研究综述[J]. 生态环境，2003，12(1)：102-105.

[18] Nihorimbere V，Ongena M，Smargiassi M，et al. Beneficial effect of the rhizosphere microbial community for plant growth and health[J]. Biotechnology，Agronomy，Society and Environment，2011，15(2)：327-337.

[19] 许衡，杨和生，徐英，等. 果树根际微域环境的研究进展[J]. 山东农业大学学报：自然科学版，2004，35(3)：476-480.

[20] 胡元森，吴坤，刘娜，等. 黄瓜不同生育期根际微生物区系变化研究[J]. 中国农业科学，2004，37(10)：1521-1526.

[21] 张凤华，马富裕，郑重，等. 不同水肥处理膜下滴灌棉田根际微生物及棉花生长发育的研究[J]. 新疆农业大学学报，2000，23(4)：56-58.

[22] Xu Yanxia，Wang Guanghua，Jin Jian，et al. Bacterial communities in soybean rhizosphere in response to soil type，soybean genotype，and their growth stage[J]. Soil Biology and Biochemistry，2009，41(5)：919-925.

[23] Walker T S，Bais H P，Grotewold E，et al. Root exudation and rhizosphere biology[J]. Plant Physiology，2003，132(1)：44-51.

[24] 严君，韩晓增，王树起，等. 不同形态氮素对种植大豆土壤中微生物数量及酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报，2010，16(2)：341-347.