植物营养与肥料学报 2005,11(6): 804 - 809
Plant Nutrition and Fertilizer Science

抗病性不同大豆品种根面及根际微生物区系的变化

Ⅰ. 非连作大豆(正茬)根面及根际微生物区系的变化

陈宏宇[1], 李晓鸣[2], 王敬国[1*]

(1 中国农业大学资源与环境学院,农业部植物营养与养分循环重点实验室,教育部植物-土壤相互作用重点实验室,北京 100094; 2 黑龙江省农科院土壤肥料研究所,哈尔滨 150086)

摘要: 采用平板计数法测定了 3 个抗病性不同的大豆品种在生育期内根面和根际微生物区系的变化情况,并应用荧光计数法直接测定了根际细菌和真菌的生物量。结果表明,土体的微生物种类最丰富、根际的次之、根面的较单一。播种后从三叶期到鼓粒初期,根面和根际的可培养细菌总数随生育期逐渐增加,鼓粒初期达最大值,而成熟期则有明显的下降; 大豆根际细菌生物量也存在相同的变化规律。抗病性不同的大豆品种其根面、根际可培养细菌总数存在差异; 抗病品种大豆的根瘤重明显高于感病品种。种植一季后感病品种根际积累的病原生物(镰孢霉 *Fusarium* sp. 和大豆胞囊线虫 Heterodera glycines 的胞囊数)明显高于抗病品种。说明大豆根系分泌物对微生物具有选择性的促进或抑制作用,不同大豆品种以及同一大豆品种在不同生育时期根系分泌物的组成和数量不同,从而使大豆根面及根际形成了特定的微生物区系组成。

关键词: 大豆; 根面; 根际; 微生物区系; 抗病

中图分类号: S565.1; S154　　**文献标识码**: A　　**文章编号**: 1008-505X(2005)06-0804-07

Change of microflora in the rhizoplane and rhizosphere of different disease resistance soybean cultivars

Ⅰ. Change of microflora in the rhizoplane and rhizosphere of soybean under normal rotation cropping condition

CHEN Hong-Yu[1], LI Xiao-Ming[2], WANG Jing-Guo[1*]

(*1 College of Resour. and Environ. Sci., CAU, Key Lab. of Plant Nutrition and Nutrient Cycling, MOA, Key Lab. of Soil-Plant Interaction, MOE, Beijing 100094, China; 2 Soil and Fertilizer Inst., Heilongjiang AAS, Harbin 150086, China*)

Abstract: Previous research found many factors might cause the obstacle, such as the change of physical and chemical properties in the soil, plant allelopathy and soil-borne disease, among which the soybean cyst nematode (SCN) and the soybean root rot (SRR) were the most serious and popular soil-borne diseases. The microflora in the rhizoplane and rhizosphere were affected by the root activity, especially, the root exudates. Differences in component and amount of the root exudates between resistant cultivar and susceptible cultivar hadn't been found. In order to investigate the microflora in the rhizoplane and rhizosphere soil of different disease resistant cultivar, we chose three soybean cultivars, the resistant cultivar (Kangxian 2, K2) to SCN, the resistant cultivar (Suinong 10, S10) to SRR, the susceptible cultivar (Hefeng 25, H25) to both SCN and SRR.

A root box container with three compartment was covered by nylon net (30μm) which could limit the plant root going over. the seeds sowed in the middle compartment. Sampling was taken at the trifoliate stage, beginning of flowering stage, early filling stage and harvest maturity stage, respectively. The microflora in the rhizoplane, rhizosphere and bulk

收稿日期: 2004-11-04　　**修改稿收到日期**: 2005-01-18

基金项目: 国家自然科学基金项目(30270768)资助。

作者简介: 陈宏宇(1976—),女,黑龙江绥化人,博士研究生,主要从事根际微生态学研究。* 通讯作者

soil of the three cultivars was investigated during the growth stage with plate culture method.

The biomass of bacteria and fungi in rhizosphere and bulk soil was detected by direct fluorescence microscopic counting. The results showed that the species of microorganisms in bulk were the richest, followed by rhizosphere soil and the microorganism species in rhizoplane were most simplex. The numbers of colony forming units (CFU) of bacteria in rhizoplane and rhizosphere soil increased gradually during the trifoliate stage and the early filling stage, reached a peak at the early filling stage, and then decreased dramatically at the mature stage. The numbers of CFU bacteria in the rhizoplane and rhizosphere soil for different soybean cultivars varied significantly. The root nodule weight of resistant cultivar was significantly higher than that of susceptible one. A more pathogenic microbe (*Fusarium* sp. and cyst of Heterodera glycines) in the rhizoplane and rhizosphere soil of susceptible cultivar at the mature stage was observed. It indicated that soybean root exudates had certain selective acceleration or inhibition role on the microorganisms in the rhizoplane and rhizosphere soil. The component and amount of root exudates varied between different soybean cultivars and even different growth stage of same soybean cultivar, resulting in the formation of special microflora in the rhizoplane and rhizosphere soil.

Key words: soybean; rhizoplane; rhizosphere; microflora; disease resistance

土传病害是导致大豆连作减产的主要原因[1-5]。而根系分泌物可以改变大豆根际微生物的组成[6-7]，并引起根际微生态发生变化，是导致下茬大豆土传病害严重发生的主要因素。相关研究表明，特定植物根际微生物区系的形成与根系分泌物的组分及数量有着密切关系[8]，不同植物种类和不同基因型的植物根系分泌物不同[6]。Neal 等[9]分析了 3 个不同抗性品种的春小麦根际微生物区系的差异，结果发现抗病品种和感病品种根际微生物总数虽然没有区别，但微生物区系的生理学特征却有较大的差异。比较抗线虫病的大豆品种与非抗性品种之间的根际微生物区系的特征也得到类似的结果[10]。水稻各生育期抗病品种根面细菌数量都低于感病品种，品种间微生物区系组成也存在差异，说明抗病性较强的品种病害发生率及病害程度的下降可能与根面定殖细菌量较少相关[11]。

大豆胞囊线虫病和大豆根腐病是引起大豆连作障碍的两大主要土传病害[4]。本研究选用抗大豆根腐病的绥农 10 号(S10)、抗胞囊线虫病的抗线 2 号(K2)以及易感大豆根腐病和胞囊线虫病的合丰 25(H25)等 3 个不同抗病性的大豆品种，通过检测在大豆生育期内不同抗性品种根面及根际微生物区系的变化及三者之间的异同，探讨非连作条件下大豆生长过程中抗性不同的大豆品种根面和根际微生物区系的变化，以进一步了解大豆连作障碍的机理。

1　材料与方法

1.1　试验方法

试验采用三室根箱土培系统，根箱外型尺寸为 25cm × 15cm × 20cm。利用 30μm 尼龙网将生长空间分为 3 部分，使水分和养分自由通过，但根系不能穿过。其中中室尺寸为 25cm × 5.5cm × 20cm，种植植物。每箱总装土量 4.5 kg。试验用土采自黑龙江哈尔滨地区的黑土，其基本理化性状：pH(H_2O)7.4、有机质含量为 29.24 g/kg、全 N 为 1.17 g/kg、Olsen-P 为 38.46 mg/kg、速效钾(NH_4AOc - K)为 105.89 mg/kg。前茬作物为玉米，多年未种植大豆。土样在种植前过筛、混匀、剔除杂物，以避免土壤因素造成的试验误差。试验时施用的肥料为：N[$Ca(NO_3)_2$] 150 mg/kg、P(K_2HPO_4)150 mg/kg、K(KCl)100 mg/kg、Mg($MgSO_4 \cdot 7H_2O$) 50 mg/kg、Zn ($ZnSO_4 \cdot 5H_2O$) 5 mg/kg、Cu ($CuSO_4 \cdot 5H_2O$) 5 mg/kg。采用供试的 3 个大豆品种为易感大豆根腐病和胞囊线虫病的合丰 25(H25)，抗根腐病的绥农 10 号(S10)和抗胞囊线虫病的抗线 2 号(K2)。

大豆出苗后每箱定苗 3 株。分别在 V3(三叶期)、R1(初花期)、R5(鼓粒初期)和 R8(成熟期)取样，每次取样设 3 个重复。试验在培养室中进行，生长期间维持温度 20～25℃，每日光照 14h，控制土壤含水量为 18%左右。

1.2　样品的采集与制备

土体土采集边室远离根系一侧紧靠箱壁 5mm 处的土样，混匀后取 10g 土样于三角瓶中加入 90mL 无菌水；根际土采用抖根法采集，首先抖掉粘附于根系上的大块土粒，然后将紧粘附在根上的土用定量的无菌水冲洗到三角瓶中；根面样品为将冲掉根际土的根系用无菌水再冲洗 3 次，然后用灭菌的吸水纸吸干，称鲜重后，剪成 1cm 的小段，用高速组织

捣碎机打碎 1min(10,000r/min)[12]。将上述 3 种溶液均置于 4℃,150r/min 振荡 30min 即分别得到土体土悬液、根际土悬液和根面悬液。

1.3 可培养微生物的分离培养和计数

将制备好的悬浮液,用无菌水稀释,浓度为:细菌 10^{-8}、10^{-9}、10^{-10};真菌 10^{-2}、10^{-3}、10^{-4},分别对可培养的细菌和真菌进行培养。细菌选用土壤浸液培养基进行培养,25℃黑暗培养 2d;真菌培养采用马丁氏培养基,25℃黑暗培养 3~4d,具体方法参见参考文献[13]。对培养出的真菌菌落进行镜检,计数优势菌青霉菌(Penicillium)和根腐病的主要致病菌镰孢霉(Fusarium)总数。对成熟期的样品,根据菌落形态结合镜检,分别计数细菌和真菌的种类。在鼓粒初期和成熟期取样时,收集根瘤并记录根瘤的鲜重。

1.4 微生物生物量的测定

采用荧光显微直接计数法测定了 3 个品种大豆根际细菌和真菌在各个生育期的生物量,同时测定了 S10 的土体细菌和真菌在各个生育期的生物量[13]。

细菌的荧光计数:将土悬液用无菌水稀释至 10^{-4},吸取 2mL 稀释液,加入 50μL 0.1%的丫啶橙(AO)染色 2min,抽滤到聚碳酸脂膜(孔径为 0.2μm,直径为 25mm)上,该膜预先用 Iragan-black(2g 溶于 1L 2%的醋酸中)染色 2~24h,以消除膜自身荧光。选用波长为 455~500nm 的蓝色荧光激发,100×油镜下观察。随机选择 10~20 个视野进行计数,细菌总数应大于 200 个。按照菌体的形状及直径大小进行分组,并记录所观察的视野数。

真菌的荧光计数:将土悬液稀释至 10^{-4},吸取 0.2mL 稀释液,加入 2mL 0.01%的 FITC,染色 20min,抽滤到预先用 Iragan-black 染色的聚碳酸脂膜(孔径为 0.8μm,直径为 25mm)上。激发光用蓝色荧光,40×物镜下观察。随机计数 10~20 个视野,真菌总数应大于 50 个。按照菌体直径的大小进行分组,记录菌丝长度及所观察的视野数。将微生物的生物体积转化为生物量的方法参见 Bakken 等[15]和 Wang 等[16]。

统计时将单菌落数转换成对数进行分析,所有数据均运用 SAS 统计软件 6.12 进行统计分析(LSD 法)。

2 结果与分析

2.1 根面及根际可培养细菌在大豆生育期内的动态变化

在大豆的各生育期,在根面和根际定殖的细菌数量发生了明显的变化。从三叶期到鼓粒初期,H25 品种和 S10 品种大豆根面细菌数量呈逐渐增加趋势,至鼓粒初期达到了最高值,随着成熟期的到来又急剧下降(图 1);K2 品种的大豆根面细菌数量与前两个品种有所不同,三叶期时反而最高,到成熟期最低,有逐渐下降趋势。

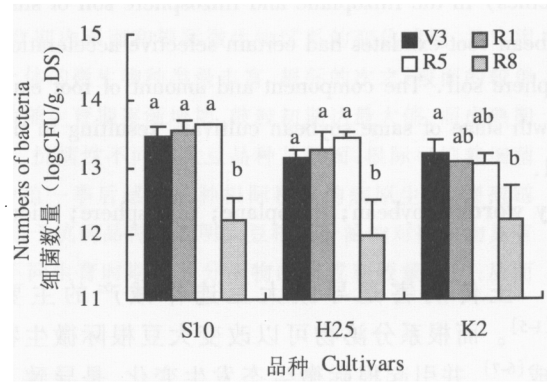

图 1 不同品种大豆根面细菌随生育期的变化

Fig.1 Change of bacteria numbers in rhizosplane of soybean cultivars

3 个不同抗性品种大豆根际可培养细菌数量与根面可培养细菌有类似的变化规律:三叶期到鼓粒初期呈逐渐增加趋势,到成熟期又急剧下降;土体可培养细菌总数随生育期基本无明显变化。说明土体基本不受根系影响,而且数量仅为根际细菌的百分之一左右(图 2)。

在成熟期根据细菌菌落形态的不同,分别统计了根面、根际和土体细菌的种类,主要为以下几个

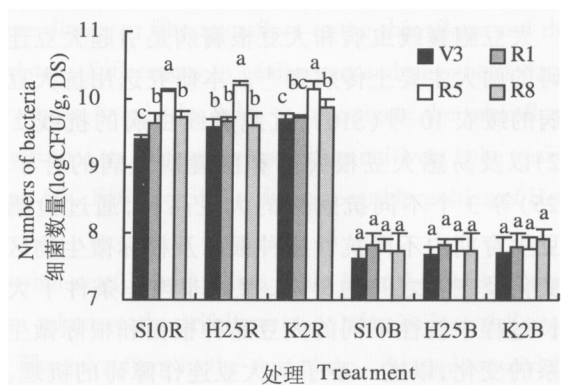

图 2 不同品种大豆根际和土体细菌随生育期的变化

Fig.2 Change of bacteria numbers in rhizosphere and bulk soil of soybean cultivars

(R:根际 Rhizosphere;B:土体 Bulk soil)

属：假单胞菌（*Pseudomonas* SP.）、土壤杆菌（*Agrobaterrium* SP.）、芽孢菌（*Bacillus* SP.）、微球菌（*Micrococcus* SP.）和黄杆菌（*Flavobacterium* SP.）。结果显示，土体相对丰富（5～8 种）；根际次之（4～7 种）；根面细菌种类单一（3～5 种）。这种差异说明大豆根系分泌物对微生物具有一定的选择性作用。镜检的结果还表明，土体土中芽孢菌（*Bacillus*）数量比根面和根际中多，这可能是由于土体土相对于根面和根际营养比较贫瘠造成的。

2.2　同一生育期内不同大豆品种根面及根际可培养细菌总数的比较

图 1、图 2 还看出，在大豆三叶期和鼓粒初期，抗根腐病品种 S10 根面可培养细菌数量显著高于感病品种 H25；在初花期和鼓粒初期，抗胞囊线虫病品种 K2 根面细菌数量都显著低于感病品种 H25；在三叶期、初花期和成熟期两对抗感品种（S10 和 H25；K2 和 H25）根际细菌数量之间没有差异，仅在鼓粒初期，S10 根面细菌数量显著低于 H25。

2.3　不同品种大豆根瘤重的差异

对鼓粒初期和成熟期取样时收集的大豆根瘤进行称重发现，3 个品种大豆每克鲜根的根瘤重也不相同（图 3），排序依次为：S10 > K2 > H25。

2.4　不同品种大豆根面及根际可培养真菌的动态变化及优势菌群

不同品种大豆之间根面可培养真菌总数在大豆各个生育期基本无差异。在成熟期不同品种大豆根面的优势菌存在显著差异：感病品种 H25 根面的优势菌为镰孢霉 *Fusarium* SP.，占真菌总数的 71%；而抗病品种 S10 根面的优势菌为青霉菌 *Penicillium* SP.，占真菌总数的 44%，镰孢霉占 22%；K2 根面的优势菌为青霉菌，占真菌总数的 42%，镰孢霉占 21%（表 1）。其中分离的两株优势镰孢霉经中国科学院微生物研究所鉴定为尖孢镰刀菌（*Fusarium oxysporm* Schlecht.）和茄腐镰刀菌［*Fusarium solani*（Mart.）Sacc.］。

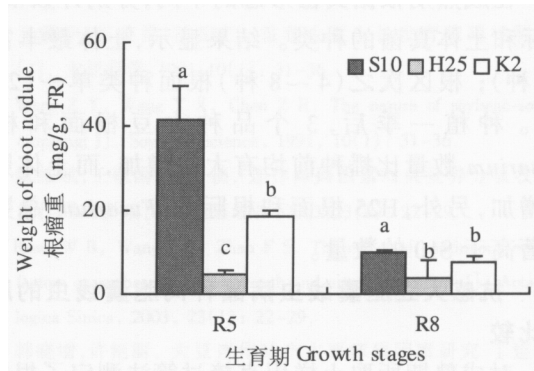

图 3　不同品种大豆根瘤重

Fig.3　Weight of root nodule for different soybean cultivars

（R5：鼓粒初期 Early grain filling；R8：成熟期 Maturity harvest）

对 3 个品种之间根际可培养真菌总数进行比较发现：在三叶期，感病品种 H25 根际的可培养真菌数明显高于抗病品种 S10 和 K2 根际的；在初花期和鼓粒初期，3 个品种根际的可培养真菌总数无明显差异；而在成熟期，H25 根际的可培养真菌总数明显高于 S10 根际的。菌落形态鉴定显示，H25、S10 和 K2 的根际优势真菌都是 *Penicillium* SP.，分别占 48%、55% 和 48%，*Fusarium* sp. 占 16%、7% 和 14%（表 1）。

表 1　成熟期不同抗性品种大豆根面、根际及土体优势真菌分析

Table 1　The dominating fungi in the rhizosplane, rhizosphere and bulk soil of different soybean cultivars at mature stage

项目 Item	播种前 Before seeding（$\times 10^3$/g, DS）	根面 Rhizosplane（$\times 10^3$/g, FR）			根际 Rhizosphere（$\times 10^3$/g, DS）			土体 Bulk（$\times 10^3$/g, DS）		
		S10	H25	K2	S10	H25	K2	S10	H25	K2
镰孢霉 *Fusarium* SP.	1	59	349	64	6	25	25	3	3	2
青霉菌 *Penicillium* SP.	3	134	48	223	50	74	46	35	34	46
其它 Others	6	126	92	181	34	59	113	34	40	32
真菌总数 Total of fungi	10	319	490	467	90	158	184	72	77	80
镰/总 *Fusarium* / fungi	0.15	0.22	0.71	0.20	0.07	0.16	0.14	0.05	0.04	0.02
青/总 *Penicillium* / fungi	0.35	0.44	0.13	0.42	0.55	0.48	0.57	0.48	0.44	0.57
其它/总 Others/ fungi	0.61	0.40	0.19	0.39	0.38	0.37	0.61	0.47	0.52	0.40

注（Note）：FR—鲜根 Fresh root；DS—干土 Dry soil

在成熟期根据真菌形态的不同,分别计数根面、根际和土体真菌的种类。结果显示,土体最丰富(7～9种);根区次之(4～8种)根面种类单一(2～6种)。种植一季后,3个品种大豆根面和根际 *Fusarium* 数量比播种前均有大幅增加,而土体则稍有增加,另外,H25根面和根际的 *Fusarium* 总数要显著高于S10的数量。

2.5 抗感大豆胞囊线虫病品种间胞囊线虫的胞囊数比较

对成熟期所取土样用直接过筛法测定了根箱室中根际土大豆胞囊线虫的胞囊数。结果表明,每百克风干土中抗病品种K2为4个胞囊,感病品种H25为9个胞囊;种植一季大豆后,无论是感病还是抗病品种,其胞囊密度均小于20个胞囊,虽然对大豆的田间生长危害不明显,但感病品种更有利于胞囊的积累,必将使连作后积累较多的胞囊,更易导致胞囊线虫病的发生。

2.6 不同品种大豆根际微生物生物量的动态变化

表2看出,从播种到鼓粒初期,根际细菌个数和生物量随生育期而逐渐增加,到鼓粒初期达最大值,到成熟期则有明显的下降。真菌的菌丝长度和生物量从播种到初花期不断增加,鼓粒初期稍有下降,到成熟期达到最高值。根际细菌和真菌的总生物量从大豆播种到成熟呈现出不断递增的趋势。各个生育期土体细菌个数和生物量与播种前比变化不大,真菌生物量比播种前略有增加。

表2 不同品种大豆各生育期根际细菌和真菌的生物量

Table 2 The biomass of bacteria and fungi in the rhizoshpere soil of different soybean cultivars for each growth stage

生育期 Growth stage	处理 Treat.	细菌数 Bacteria No. (10^9/g, DS)	真菌菌丝长度 Length of fungi (10^3m/g, DS)	生物体积 Biovolume (mm^3/g, DS)		生物量 Biomass (mg/g, DS)		
				细菌 Bacteria	真菌 Fungi	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	总计 Total
播种前 Before seeding		1.4	0.29	1.02	0.65	1.11	0.71	1.83
三叶期	H25R	17.9	1.15	17.64	6.46	19.23	7.04	26.27
Trifoliate	K2R	18.4	0.51	7.23	3.60	7.88	3.93	11.80
	S10R	15.0	0.53	18.20	4.30	19.84	4.69	24.53
初花期	H25R	30.3	1.98	22.09	11.12	24.08	12.12	36.19
Beginning of flowering	K2R	25.1	0.92	29.26	6.59	31.89	7.18	39.07
	S10R	23.8	1.43	18.56	9.53	20.23	10.39	30.62
鼓粒初期	H25R	67.8	1.01	65.97	6.01	71.71	6.55	78.27
Early grain filling	K2R	70.9	1.53	57.87	7.77	63.07	8.47	71.55
	S10R	39.1	1.11	37.59	6.81	40.97	7.43	48.40
成熟期	H25R	7.7	12.35	5.70	90.95	6.22	99.14	105.36
Maturity harvest	K2R	12.3	15.80	9.86	142.53	10.74	155.36	166.10
	S10R	7.4	11.21	5.30	78.50	5.78	85.57	91.35
三叶期 Trifoliate	S10B	1.6	0.35	1.21	3.00	1.32	3.27	4.58
初花期 Beginning of flowering	S10B	1.9	0.40	1.34	4.26	1.46	4.64	6.10
鼓粒初期 Early grain filling	S10B	1.4	0.39	1.28	4.63	1.40	5.04	6.44
成熟期 Maturity harvest	S10B	1.7	0.31	1.17	2.55	1.28	2.78	4.06

R—根际 Rhizosphere; B—土体 Bulk soil

3 讨论

从九十年代初,大豆根际微生物区系的变化就成为研究热点。大量试验表明连作使大豆根际微生物区系发生变化,打破了微生态的平衡,引起病害的发生,最终导致产量降低和品质下降等连作障碍现象。根际微生物是存在于根表面和其周围土壤中的微生物,植物根系是导致根际微生物发生变化的重要因素[7]。以前的研究多集中在根际微生物区系的变化,而忽视了根面微生物区系的变化。本试验采

用根箱装置，分别取根面、根际和土体样品，在控制条件下（光照、水、肥条件均相同），通过比较他们之间微生物区系的差异，可以更详细地了解大豆根系对根面及根际微生物区系的影响。选择三个抗病性不同的大豆品种，结果发现不同品种大豆的根面和根际微生物在种类和数量上均存在一定的差异。

根面和根际微生物种类相对于土体变得单一化，即微生物多样性降低，表明大豆根系对微生物具有一定的选择性作用，那些易于利用大豆根系分泌物的微生物种群可以顺利地在根面和根际定殖并大量繁殖。

以前研究大豆根际微生物数量均是采用平板培养法，然而该法只能检测到那些可培养的微生物，并不能反映土壤微生物总的生物量。本试验还采用平板培养和荧光直接计数相结合的方法测定了大豆根际和土体细菌和真菌生物量在各个生育期的变化。结果表明，种植一季大豆后根际土壤微生物区系从高肥的“细菌型”土壤向低肥的“真菌型”土壤转化，这一结果与于贵瑞等[5]、王震宇等[2]采用传统平板法得到的研究结果相符合。

本研究结果还表明，大豆根系对微生物的这种选择作用因品种的抗病性不同而存在差异。感病品种的根面和根际更有利于镰孢霉和胞囊的积累，而且分离到的两株优势镰孢霉为尖孢镰刀菌（*Fusarium oxysporm* Schlecht.）和茄腐镰刀菌［*Fusarium solani*（Mart.）Sacc.］，是大豆根腐病的主要致病菌[17-18]。抗病品种大豆的根瘤重明显高于感病品种，说明抗病品种一方面可能通过大量结瘤来固氮，改善自身的营养状况，提高抗病能力；另一方面可能通过根瘤菌在根面的大量定殖，对有害生物在侵入位点或是养分上都构成竞争，最终达到抗病的目的。

因此推断，大豆根系分泌物是引起根际微生物区系变化的主要因素，其在连作障碍中起着不可忽视的作用。但是，大豆根系分泌物具体是如何选择性地促进或抑制微生物的，还有待于进一步研究其组分，以及各组分与根际各类有益和有害微生物之间的关系。

参 考 文 献：

[1] 刘增柱．大豆连、轮作土壤微生物生态分布与大豆胞囊线虫群体动态的研究[J]．大豆科学，1990，9(2)：206-211．
Liu Z Z. Study on ecological distribution of soil microorganisms and colony dynamics of cyst forming nematodes in continuous and rotation cropping systems of soybean[J]. Soybean Science, 1990, 9(2): 206-211.

[2] 王震宇，王英祥，陈祖仁．重茬大豆生长发育障碍机制初探[J]．大豆科学，1991，10(1)：31-36．
Wang Z Y, Wang Y X, Chen Z R. The nature of soybean-soybean cropping[J]. Soybean Science, 1991, 10(1): 31-36.

[3] 阮维斌，王敬国，张福锁．连作障碍因素对大豆养分吸收和固氮作用的影响[J]．生态学报，2003，23(1)：22-29．
Ruan W B, Wang J G, Zhan F S. The effect of continuous cropping factors on soybean seedling growth and nitrogen fixation[J]. Acta Ecologica Sinica, 2003, 23(1): 22-29.

[4] 韩晓增，许艳丽．大豆连作减产主要障碍因素研究 Ⅰ连作大豆土壤有害生物的障碍效应[J]．大豆科学，1999，18(1)：47-52．
Han X Z, Xu Y L. Study of main factors causing yield decrease of continuous cropping soybean. Ⅰ Effects of decomposing matters of roots continuous cropping soybean[J]. Soybean Science, 1999, 18(1): 47-52.

[5] 于贵瑞，陆欣来，韩静淑，王德身．大豆、向日葵等作物连作障碍与轮作效应机理的研究初报[J]．生态学杂志，1988，7(2)：1-8
Yu G R, Lu X L, Han S J, Wang D S. Soil sickness due to continuous cropping and mechanism of rotational effects of sunflower, soybean and other crops[J]. Journal of Ecology, 1988, 7(2): 1-8.

[6] Funck J D, Hockenhull J. Root exudation, rhizoshere microorgaisims and disease control[J]. Vaxtskyddsnotiser, 1984, 48: 49-54.

[7] 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．
Zhu L X, Zhang J E, Liu W G. Review of studies on interactions between root exudates and rhizopheric microorganisms[J]. Ecology and Environment, 2003, 12(1): 102-105.

[8] 王敬国．根际微生物的植物基因型特征[A]．张福锁．植物营养生态生理学和遗传学[M]．北京：中国科学技术出版社，1993．322．
Wang J G. Plant genotype of rhizosphere micro-organism[A]. Zhan F S. Plant nutrition ecological physiology and genetics[M]. Beijing: Chinese Scientific and Technological Press, 1993. 322.

[9] Neal J L, Atkinson Jr T G, Larson Ruby I. Changes in the rhizosphere microflora of spring wheat induced by disomic substitution of achromosome[J]. Canadian Journal of Microbiology, 1970, 16: 153-158.

[10] Kloepper J W, Schroth M N, Miller T D. Effects of rhizosphere colonization by plant growth-promoting rhizobacteria on potato yield and development[J]. Phytopathol, 1980, 70: 1078-1082.

[11] 孙晓璐，杨海莲，陈志和，宋未．两个品种水稻植株根面细菌的区系组成研究[J]，植物病理学报，2000，30(2)：284-285．
Sun X L, Yang H L, Chen Z H, Song W. Population components of bacteria on plant rhizoplane of two rice cultivars[J]. Acta phytopathological sinica, 2000, 30(2): 284-285.

[12] Wieland G, Neumann R, Backhaus H. Variation of microbial communities in soil, rhizosphere, and rhizoplane in respons to crop species, soil type, and crop development[J]. Applied and Envirmental Microbiology, 2001, 67(12): 5849-5854.

［下转第 815 页］

[上接第 809 页]

[13] 中国科学院南京土壤所微生物室. 土壤微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社,1985.
Microorganism Group in Institute of Soil Science China Academy of Sciences. Study methods of soil micro-organism[M]. Beijing: Science Press, 1985. 54-57.

[14] Hobbie J E, Daley R J, Jasper S. Use of nuclepore filters for counting bacteria by fluorescence microscopy[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1977, 33(5): 1225-1228.

[15] Bakken L R, Olsen R A. Buoyant densities and dry - matter contents of microorganisms: Conversion of a measured biovolume into biomass [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1982, 45(4) : 1188 -1195.

[16] Wang J G, Bakken L R. Competition for nitrogen during mineralization of plant residues in soil: microbial response to C and N availability[J]. Soil Biol. Biochem., 1997, 29(2): 163-170.

[17] 陈宗泽,殷勤燕,王旭明,杨振明. 土壤病原菌对连作大豆的致病性初探[J]. 吉林农业大学学报, 1999, 21(1): 29-32.
Chen Z Z, Yin Q Y, Wang X M, Yang Z M. Preliminary research on the pathogen city of soil pathogens to the continuous cropping soybean[J]. Journal of Jilin Agric. Univ., 1999, 21(1): 29-32.

[18] 马汇泉,辛惠普. 大豆根腐病病原菌种类鉴定及其生物学的研究[J]. 黑龙江八一农垦大学学报. 1985,2(2): 115-121.
Ma H Q, Xin H P. Identification the pathogen of soybean root rot and biology research[J]. J. of Heilongjiang August First Land Reclamation Univ., 1985, 2(2): 115-121.