

药用植物根际微生物研究进展

肖艳红, 李菁, 刘祝祥*, 李佑稷, 李贵, 龙华

吉首大学, 植物资源保护与利用湖南省高校重点实验室, 湖南 吉首 416000

摘要: 根际是植物与土壤生态系统物质交换的活跃界面, 而根际土壤中的微生物与植物的生长发育、繁殖、代谢等活动密不可分, 因此, 近年来对药用植物与根际微生物的关系研究得到了高度重视。根据近年来国内外关于药用植物与根际微生物关系研究成果, 对药用植物根际微生物的多样性、药用植物与根际微生物的相互作用、药用植物根际微生物的研究方法等方面的研究进展进行综述, 并且提出了今后药用植物与根际微生物方面需要深入研究的几个问题。

关键词: 药用植物; 根际微生物; 土壤生态系统; 繁殖; 代谢

中图分类号: R282.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 0253-2670(2013)04-0497-08

DOI: 10.7501/j.issn.0253-2670.2013.04.024

Advances in studies on rhizospheric microorganism of medicinal plants

XIAO Yan-hong, LI Jing, LIU Zhu-xiang, LI You-ji, LI Gui, LONG Hua

Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Utilization, College of Hunan Province, Jishou University, Jishou 416000, China

Key words: medicinal plant; rhizospheric microorganism; soil ecosystem; breeding; metabolism

根际的概念由德国微生物学家 Lorenz Hiltner 于 1904 年首次提出, 他将根际定义为根系周围、受根系生长影响的土体。根际作为根系、土壤界面的一个微环境, 是土壤-根系-微生物三者紧密结合、相互影响的场所^[1-2]。药用植物根际既包括促进植物生长的有益微生物, 如帮助植物转化与吸收土壤养分等; 也包括抑制植物生长的有害微生物, 如通过自毒作用、改变土壤理化性质和降低土壤肥力等方式致使药用作物连作减产。因此, 近年来对药用植物与根际微生物关系的研究得到了高度重视。本文对国内外近年来关于药用植物根际微生物的多样性、药用植物与根际微生物的相互作用、药用植物根际微生物研究方法等 3 个方面进行了综述。

1 药用植物根际微生物的多样性

1.1 药用植物根际细菌

细菌是药用植物根际微生物中数量最多的类群, 这与细菌代谢旺盛、繁殖速度快有关。在植物根际常见的细菌类群有假单胞菌属 *Pseudomonas*、黄杆

菌属 *Flavobacterium*、产碱杆菌属 *Alcaligenes*、色杆菌属 *Chromobacter*、无色杆菌属 *Achromobacter*^[3] 以及固氮菌属 *Azotobacter*、柄杆菌属 *Caulobacter*、根瘤菌属 *Rhizobium* 等。目前从药用植物根际土壤中分离到的可培养细菌主要类群见表 1。

从表 1 可以看出, 药用植物根际微生物中细菌存在较高的类群多样性, 主要类群有芽孢杆菌属 *Bacillus*、假单胞菌属、黄杆菌属、固氮菌属和根瘤菌属, 其中芽孢杆菌属、假单胞菌属最常见。药用植物根际微生物中细菌除类群具有多样性外, 还存在数量多样性及根际土壤微生物数量要比非根际土壤微生物数量高的特点, 张向东等^[10]对不同种植年限黄芩根际土壤微生物数量进行研究, 发现 1 年生的根际土壤细菌达 1.177×10^8 cfu/g, 非根际土壤细菌达 5.2×10^7 cfu/g; 3 年生的根际土壤细菌达 8.831×10^8 cfu/g, 非根际土壤细菌达 6.127×10^8 cfu/g。此外, 药用植物根际微生物中细菌数量还随药用植物生长时间而呈动态变化, 江曙等^[4]对岷当归从 8 月 15 日至 11 月 3 日, 分 6 次统计了其根际

收稿日期: 2012-10-12

基金项目: 湖南省高校产学研合作示范基地开放项目 (2011JSJK002)

作者简介: 肖艳红 (1987—), 女, 研究生, 研究方向为植物生态学研究。Tel: 15207436686 E-mail: yanhongxiao1987@163.com

*通信作者 刘祝祥 Tel: 13974389334 E-mail: liuzhuxiang@126.com

网络出版时间: 2013-01-21 网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/12.1108.R.20120121.1343.001.html>

表1 药用植物根际可培养细菌主要类群

Table 1 Bacterial groups in medicinal plant rhizospheric soil

药用植物	科	属	药用植物	科	属	
当归 ^[4]	芽孢杆菌科 (Bacillaceae)	芽孢杆菌属	假单胞菌科	假单胞菌属	假单胞菌属	
		<i>Sporolactotabacillus</i>			新鞘脂菌属	
	假单胞菌科 (Pseudomonadaceae)	假单胞菌属		黄杆菌科 (Flavobacteriaceae)	黄杆菌属	黄杆菌属
		固氮菌科 (Azotobacteraceae)				
	微球菌科 (Micrococcaceae)	葡萄球菌属		芽孢杆菌科	芽孢杆菌属	芽孢杆菌属
		<i>Staphylococcus</i>				
	硝化菌科 (Nitrobacteraceae)	微球菌属 <i>Microccus</i>		伊贝母 ^[6]	芽孢杆菌科	芽孢杆菌属
		硝化菌属 <i>Nitrobacter</i>				
	链球菌科 (Streptococcaceae)	链球菌属		丹参 ^[8]	芽孢杆菌科	芽孢杆菌属
		<i>Streptococcus</i>				
	盐杆菌科 (Halobacteriaceae)	盐杆菌属		天山雪莲 ^[9]	假单胞菌科	假单胞菌属
		<i>Halobacterium</i>				
乳杆菌科 (Lactobacillaceae)	乳酸菌属 <i>Lactobacillus</i>	根瘤菌科 (Rhizobiaceae)	根瘤菌科	根瘤菌属		
	链球菌属				奈瑟氏菌科 (Neisseriaceae)	不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i>
薄荷 ^[5]	芽孢杆菌科	芽孢杆菌属				

细菌数量,发现岷当归根际细菌数量在 $1.29 \times 10^7 \sim 1.246 \times 10^8$ cfu/g。

1.2 药用植物根际放线菌多样性

在植物根际土壤中放线菌种类很多,其存在对于根际细菌有明显的抑制和拮抗作用。药用植物根际土壤中常见的放线菌种类见表2。

从表2可知,目前从药用植物根际土壤中分离出的常见放线菌主要有链霉菌属 *Streptomyces* 和诺卡氏菌属 *Nocardia* 等。潘争艳等^[12]从6份五味子园根际土壤中分离放线菌,五味子根际放线菌数量达 $8.7 \times 10^4 \sim 2.06 \times 10^5$ cfu/g; 李琼芳^[13]对不同连作年限的麦冬根际微生物研究发现1~3年麦冬块根根际放线菌数量为 $1.87 \times 10^4 \sim 8.41 \times 10^5$ cfu/g, 须根根际放线菌数量为 $8.2 \times 10^3 \sim 5.01 \times 10^5$ cfu/g; 袁丽杰等^[14]从臭牡丹、苦丁茶、百合、五味子等60种药用植物根际土壤分离出以小多孢菌属和链霉菌属为主的959株根际放线菌,它们分别属于17个不同的属;这充分显示出药用植物根际放线菌的类群和数量多样性。

1.3 药用植物根际真菌多样性

根际土壤真菌是土壤微生物区系的重要组成部分

分,对土壤结构和质地的形成、肥力的提高及土壤微生物区系的平衡等方面发挥着重要的作用^[15]。真菌广泛存在于根际土壤中,且以贫瘠土壤中最多。常见的根际真菌属有镰刀菌属 *Fusarium*、粘帚霉属 *Gliocladium*、青霉属 *Penicillium*、曲霉属 *Aspergillus*、腐霉属 *Pythium* 和木霉属 *Trichoderma* 等^[15]。药用植物根际土壤中常见的真菌种类见表3。药用植物根际土壤真菌类群中,一般以青霉属、曲霉属、木霉属和镰刀菌属等为优势属,根霉 *Rhizopus*、毛霉 *Mucor* 等为常见属,链格孢属 *Alternaria*、枝顶孢属 *Acremonium* 和盘多毛孢属 *Pestalotia* 等为稀少属。潘争艳等^[12,22]从辽宁省各地采集五味子、穿山龙、细辛、龙胆草、黄花乌头和黄芹等20种药用植物根际土壤62份,分离出木霉属真菌9种78株、镰孢菌10种95株及青霉6种73株,还从不同生长年限的6份五味子根际土壤中分离出以镰刀菌属为优势菌的11个属69株真菌,真菌数量可达 $4.3 \times 10^3 \sim 7 \times 10^3$ cfu/g。江曙等^[4]对岷当归从8月15号到11月3号分6次统计了其根际真菌数量,发现岷当归根际真菌数量在 $9.6 \times 10^3 \sim 6.43 \times 10^4$ cfu/g 变化。研究结果充分表明药用植物根际土壤真菌有着丰富的

表2 药用植物根际土壤放线菌类群

Table 2 Actinomycetes groups in medicinal plant rhizospheric soil

药用植物	科	属
当归 ^[4]	小单孢菌科 (Micromonosporaceae)	小单孢菌属 <i>Micromonospora</i>
		双歧放线菌 <i>Actinobifida</i>
	小多孢菌科 (Micropolysporaceae)	小多孢菌属 <i>Micropolyspora</i>
		诺卡氏菌科 (Nocardiaceae)
链球菌科	<i>Streptomyces</i> 钦氏菌属 <i>Chainia</i>	
长穗兔耳风 ^[7]	链球菌科	<i>Streptomyces</i>
耳风 ^[7]	小单孢菌科	小单孢菌属
太子参 ^[11]	诺卡氏菌科	<i>Nocardia</i>

类群和数量多样性。

2 药用植物与根际微生物的相互作用

2.1 药用植物对根际微生物的影响

植物和土壤类型是影响药用植物根际微生物群落结构形成的主要因子, 不同植物以及同一植物不同的生长发育时期, 或者同一植物的不同基因型之间, 同一基因型植物的不同部位的根系之间在根系分泌物组成和量都存在着较大的差异, 而且分泌物的种类也有所不同^[23-24]。康业斌等^[18]研究了牡丹两个不同品种在同一产地、同一生长年限、同一栽培条件下, 不同牡丹品种根际微生物数量明显不同, 牡丹根皮中丹皮酚的量也不同。陈曦等^[20]研究了东北3个人参主产区不同土壤类型的人参根际真菌多样性, 发现不同产地和土壤类型的人参根际真菌在种群组成和优势种类方面存在不同。Zak等^[25]研究了植物种类多样性与根际土壤微生物之间的关系, 结果发现, 随着植物种类数量的增加, 土壤中的细菌和放线菌的磷脂脂肪酸(PLFAs)数量下降, 而

表3 药用植物根际土壤真菌多样性

Table 3 Fungus biodiversity in medicinal plant rhizospheric soil

药用植物	科	属	药用植物	科	属	
当归 ^[4]	酵母菌科 (Saccharomycetaceae)	针孢酵母菌属 <i>Nematospora</i>	三七 ^[16]	肉座菌科 Pleiosporaceae	粘帚霉属	
		Ascoideaceae			<i>Ascoidea</i>	枝顶孢属
	内孢霉科 (Endomycetaceae)	双足囊菌属 <i>Dipodascus</i>		科未定	<i>Mycothecium</i>	
		内孢霉属 <i>Endomyces</i>		毛霉菌科	毛霉属	
		瘤座孢科 (Tuberculariaceae)		<i>Scoriomyces</i>	根霉属	
	Scolecosporioideae	壳针孢属 <i>Septoria</i>		丛梗孢科	青霉属	
	半壳孢科 (Leptostromataceae)	<i>Strococcus</i>		西洋参 ^[17]	腐霉科(Pythiaceae)	曲霉属
	黑盘孢科 (Melanconiaceae)	<i>Leptothyrium</i>				木霉属
	刺盘孢属 <i>Colletotrichum</i>	瘤座孢科				腐皮镰刀菌 <i>Fusariumsolani</i>
	五味子 ^[12]	丛梗孢科 (Moniliaceae)		壳针孢属 <i>Septoria</i>	无孢菌类 (Mycelia Sterilia)	丝核菌 <i>Rhizoctonia</i>
				<i>Strococcus</i>	牡丹 ^[18]	丛梗孢科
<i>Leptothyrium</i>			曲霉属			
木霉属		木霉属				
青霉属		毛霉菌科	根霉属			
曲霉属		瘤座孢科	镰刀菌属			
毛霉属	肉座菌科	枝顶孢属				
毛霉菌科	镰刀菌属	盘多毛孢属				
瘤座孢科	腐质霉属 <i>Humicola</i>	瑞香 ^[19]	丛梗孢科	青霉属		

续表 3

药用植物	科	属	药用植物	科	属
人参 ^[20]	毛霉菌科 (Mucoraceae)	木霉属	Herpotrichiellaceae	霉属 <i>Aureobasidium</i>	
		曲霉属		外瓶霉属 <i>Exophiala</i>	
		拟青霉属 <i>Paecilomyces</i>		毛壳菌科 (Chaetomiaceae)	毛壳属 <i>Chaetomium</i>
		根霉属		暗色孢科 (Dematiaceae)	枝孢属 <i>Cladosporium</i>
		镰刀菌属		Pleosporaceae	瓶霉属 <i>Phialophora</i>
		盘多毛孢属			弯孢属 <i>Curvularia</i>
		枝顶孢属			细基格孢属 <i>Ulocladium</i>
		链格孢属			链格孢属
		枝顶孢属		小囊菌科 (Microasaceae)	帚霉属 <i>Scopulariopsis</i>
		曲霉属		Plectosphaerellaceae	轮枝孢属 <i>Verticillium</i>
	青霉属	川八角 丛梗孢科	青霉属		
	木霉属	莲 ^[21]	木霉属		
	拟青霉属		念珠菌属 <i>Monilia</i>		
	腐质霉属 <i>Humicola</i>	瘤座孢科	镰刀菌属		
	根霉属	毛霉菌科	毛霉属		
	毛霉属	暗色孢科	枝孢属 <i>Cladosporium</i>		
	镰刀菌属	球壳孢科	茎点霉属 <i>Phoma</i>		
	丛赤壳属 <i>Nectria</i>				
	柱孢属 <i>Cylindrocarpon</i>				

真菌的 PLFAs 呈现上升的趋势。由于植物种类多样性而使得根际土壤微生物结构发生改变，这也影响到土壤生态系统的功能。魏志华等^[26]对 2 年和 10 年生连翘根际微生物和土壤酶活性进行研究，结果表明随着连翘生长年限的延长，根际微生物总量呈上升趋势，其中细菌和真菌数量增加，放线菌数量减少。还有研究发现人参根系会分泌相当数量的氨基酸到根系周围的土壤中，促进了人参根际微生物的生长繁殖，增加其活性；人参分泌物还对人参根际微生物中的各种霉菌均表现出明显地刺激作用^[7,20]。根系分泌物是植物与根际微生物相互作用的中间媒介，吸引微生物在植物根际聚集生长成为根际微生物。同时其又为微生物提供重要的营养和能量来源，其种类和数量直接影响着根际微生物的代谢和生长发育，进而对根际微生物的种类、数量和分布产生影响^[27]。研究表明植物大约将光合作用产生的 12%~40% 碳水化合物释放到土壤中，特别是药用植物产生的次级代谢产物（黄酮、生物碱、萜类、蒽醌、酚类等）很丰富，在药用植物生长过程中很容易释放到土壤中，从而引起药用植物根际土壤理化性质的改变，导致根际微生物和根际土壤酶活性较非根际有更大的变化^[26-27]，这些变化将对药用植物的生长和有效成分的累积产生影响。

2.2 根际微生物对药用植物生长和有效成分量的影响

2.2.1 根际微生物对药用植物转化和吸收土壤养分的影响

植物生长除了需要二氧化碳、氧和阳光以外，还需要至少 17 种元素。在 17 种元素中，有 6 种大量元素（N、P、K、S、Mg 和 Ca）和 8 种微量元素（B、Cl、Cu、Fe、Mn、Mo、Ni 和 Zn）依靠根系从土壤中直接吸收^[28]。江曙等^[4]在当归根际微生物中发现有固氮菌和硝化杆菌菌株。张国华等^[9]在天山雪莲根际发现有根瘤菌菌株。李琼芳^[13]研究麦冬根际微生物发现麦冬根际有氨化细菌（ $10^6/g$ 级）、硝化细菌（ $10^3/g$ 级）和固氮菌（ $10^2/g$ 级）存在，氨化细菌、硝化细菌和固氮菌在连翘、丹参和地黄等药用植物根际中也存在^[26,29-30]，在中药丹参根际中还发现有机磷分解菌、无机磷分解菌、硫化细菌和铁细菌等微生物的存在^[29]。药用植物根际微生物合成的植物激素类物质，如细胞分裂素、吲哚-3-乙酸、赤霉素，可促进植物根系有效地吸收土壤中的水分和养分，以促进植物的生长发育，同时对植物体其他生命活动进行调控^[30]。Ryuc 等^[31]研究发现微生物产生的一些挥发物如 2, 3-丁二醇、三羟基二丁酮可促进拟南芥的生长。根际有益微生物还可产生嗜铁素，从而使有害微生物的可利用的

铁减少,最终导致致病性下降^[32]。通过对大量药用植物根际微生物研究发现在药用植物根际存在促进植物对各种元素吸收的微生物。药用植物根际的固氮菌、解磷菌、铁细菌和硫细菌等可促进药用植物转化和吸收各种元素。由于根际微生物的适度生长可明显加快根际土壤有效养分的转化与储存,刺激植物根系的吸收,因此根际微生物的种类和数量与药用植物的生长以及繁殖密切相关。

2.2.2 根际微生物对药用植物产量和有效成分量的影响 根际微生物可直接作用于植物,促进或抑制其生长,直接影响药用植物产量和有效成分量的变化^[33-37]。潘惠霞等^[6,38]研究发现伊贝母根际真菌数量与伊贝母中西贝素量显著相关,同时还发现1株根际有益微生物芽孢杆菌在伊贝母的不同生长发育期灌根和喷叶后,可以将伊贝母产量提高16.8%。刘飞等^[39]研究青蒿根际微生物及其与青蒿素量的关系发现,青蒿根际微生物中细菌和放线菌数量越高植株的青蒿素量越高。任嘉红等^[40]从南方红豆杉根际共分离出4株高效溶磷细菌,分别鉴定为荧光假单胞菌、蜡状芽孢杆菌、草木樨中华根瘤菌和地衣芽孢杆菌,4株细菌对南方红豆杉苗期的生长有明显的促进作用。杨娜等^[41]从药用白菊根际分离到一株具生防作用的微生物,用其发酵液处理栽培白菊,白菊生物量与对照相比增加了4.47倍。王静等^[42]发现栽培秦艽生物量和根际的细菌、氨化细菌及固氮菌数量呈显著正相关。一般连作障碍可导致药用植物产量和品质下降,连作障碍是指同一作物或近缘作物连作以后,即使在正常管理的情况下,也会产生产量降低、品质下降、生育状况变差的现象。长久以来连作障碍都是药用植物栽培中的一个突出问题,麦冬、连翘、丹参、地黄、人参、西洋参、贝母和三七等药用作物都存在不同程度的连作障碍现象^[13,26,29-30,38,43]。造成连作障碍的原因主要有3方面:1)理化性质改变及土壤肥力下降^[44];2)药用植物的自毒作用^[45-46];3)根际微生物群落结构失调及病原菌数量增加^[29-30]。Wu等^[34]提取了地黄根际土壤中由地黄根和根际微生物产生的蛋白,利用二维电泳展开蛋白,选择了103个点,用飞行时间质谱对103个点蛋白进行鉴定;采用宏蛋白组学分析了蛋白的特性,发现其中33个蛋白和地黄种植年限有关。随着种植年限的增加,在33个蛋白中,地黄产生的与碳、氮代谢及逆境响应相关蛋白均增高,而谷胱甘肽S-转移酶降低(重要的生物解毒酶

类,可与外源化学大分子结合,防止外源化学物质与细胞大分子结合,解除对细胞或机体的损害,起到解毒作用);地黄根际微生物产生的与蛋白质代谢、细胞壁合成相关蛋白均增高,而二萜类物质合成相关酶下降。结果揭示了地黄连作障碍产生的可能原因因为随着地黄种植年限增加,其根系分泌物积累,改变了地黄根际土壤微生物生态,从而影响根际营养循环,妨碍了地黄的生长和发育。根际微生物群落结构失调及病原菌数量增加是造成药用植物连作障碍的主要原因^[47]。大多数药用植物连作障碍研究均表明:连作会使药用植物根际微生物从高肥力的“细菌型土壤”向低肥力的“真菌型土壤”转变或破坏了根际微生物种群的平衡^[13,48-49]。药用植物根际微生物既可以提高药用植物生物量和有效成分的量,也由于连作障碍的存在,改变根际微生物群落结构,引起药用植物品质的下降。因此,对药用植物根际微生物利用研究不但要筛选根际促生菌提高药用植物的产量和有效成分的量,而且要找到破除药用植物连作障碍的方法。

3 药用植物根际微生物研究方法

目前对药用植物根际微生物的研究主要从以下两个层面来进行:一是从根际微生物多样性方面进行研究,包括从微生物遗传多样性、微生物种类多样性及微生物功能多样性等3个方面展开;二是从植物与根际微生物相互作用方面进行研究。

3.1 药用植物根际微生物多样性研究方法

3.1.1 纯培养技术 传统纯培养技术主要以物种的组成为基础进行微生物群落结构的分析。由于其可以直接对研究对象进行形态观察,所以可以直接评估植物根际微生物的多样性。因此,该方法广泛应用于药用植物根际土壤微生物多样性的研究中。江曙等^[4]对当归根际微生物种群结构的研究,乔卿梅等^[48]对怀山药根际土壤微生物的研究,李键等^[50]对雷公藤根际微生物的研究采用的都是传统的纯培养方法。

3.1.2 免培养技术 免培养技术可以更直观地反映微生物生理活动的强度,而且具有可靠性强、重现性高、方便快捷等优点。目前在药用植物根际微生物研究中应用的主要有 BIOLOG 法、磷脂脂肪酸(PLFA)分析法、变性梯度凝胶电泳(DGGE)、末端限制性片段长度多态性(T-RFLP)、扩增片段长度多态性(AFLP)、随机扩增多态性DNA(RAPD)技术等。祈建军^[51]采用基于 BIOLOG 唯一碳源利用的群落水平生理剖面(CLPP)法,研究了地黄根际

土壤微生物的群落功能和结构变化。Duineveld 等^[52]应用 DGGE 技术对药用植物菊花生长过程中的根系细菌类群多样性的动态变化进行了研究,发现其生长过程中根系细菌类群的 DGGE 带谱通过 UPGMA 算法聚类分析,带谱之间的相似性为 82%,这和纯培养方法的研究结果一致。李勇等^[47]采用 RAPD 技术对人参及西洋参根际土和根围土的微生物种群结构进行遗传多样性分析,表明栽培年限对根际土和根围微生物群落结构有显著影响。张重义等^[53]采用 T-RFLP 技术研究地黄连作根际土壤细菌群落的动态变化,结果显示地黄连作细菌优势种群的比例显著下降,使其根际土壤细菌种类大量减少,群落结构趋于简单;连作后细菌群落多样性水平的变化导致根际土壤微生物群落功能失调,可能是引发连作障碍的原因之一。

3.2 药用植物与根际微生物相互作用研究方法

3.2.1 稳定同位素标记技术 稳定同位素是天然存在的不具有放射性的一类同位素,目前主要采用的方法是将稳定同位素标记技术与分子生态技术相结合,来探索植物与根际微生物的相互作用。张淼^[54]研究牛蒡根际微生物采用的就是稳定同位素法。刘微等^[55]应用稳定碳同位素技术研究根际土壤-植物系统,通过稳定碳同位素技术在植物光合作用及光合产物运转、土壤有机质周转以及植物-根际微生物相互作用等方面进行了研究。

3.2.2 模拟土壤自然环境法 模拟土壤自然环境法主要是指模拟目标物的光照、温度、水分等主要环境因子,主要考虑植物根系生长条件接近大田环境的程度。该方法简便可行,对大田环境模拟性强,与其他鉴定方法相比较更具有独特性。目前该方法在药用植物中尚未见报道。王齐等^[56]采用室内土柱模拟实验的方法,研究了再生水灌溉下 6 种绿地植物根际土壤微生物数量的季节动态变化。结果表明与清水相比,再生水灌溉下土壤细菌、放线菌和真菌数量分布有增加的趋势;土壤微生物数量呈单峰曲线变化。由于植物根际土壤微生物研究方法具有一定的通用性,因此,也可以将模拟土壤自然环境法应用到药用植物与根际微生物的相互作用研究中。

4 展望

药用植物根际土壤中存在丰富多样的细菌、放线菌和真菌菌株。药用植物根际微生物与药用植物的生长、繁殖以及代谢活动息息相关,因此对药用植物根际微生物的研究一直受到普遍重

视。研究药用植物及其根际微生物,不仅有助于分析并阐明药用植物与根际有益微生物及有害微生物相互作用的机制等基础理论,而且也有助于解决药用植物病害防治及解决连作障碍等实际生产应用问题,提高药用植物的产量和品质。鉴于此,今后应进一步加大对药用植物根际微生物的研究力度,特别是以下几个方面研究亟待深入和加强:(1) 药用植物根际微生物的多样性研究方法需要进一步优化。传统的微生物研究方法主要是纯培养方法,随着分子生物学技术的发展,免培养方法在药用植物根际微生物研究被广泛应用,虽然免培养方法有自身的长处,但不能得到活的菌株,不能对根际促生菌研究提供菌株,因此在药用植物根际微生物多样性研究时纯培养和免培养方法最好同时使用,互为补充。(2) 药用植物与根际微生物相互作用机制的研究还较为薄弱,处于较低的水平。该研究领域所采用的方法技术还较为单一,可以借鉴农作物与根际微生物相互作用研究方法,以加快药用植物与根际微生物相互作用机制的研究进展,丰富其研究成果,为解决药用植物连作障碍等药用植物栽培问题提供理论科学依据。(3) 应当注重并加强药用植物根际环境促生微生物的研究。植物根际微生物是土壤肥力因子组成中最为活跃的成分,且其种类多样、丰富。目前对药用植物根际微生物的研究大多停留在根际微生物多样性方面,仅少数对药用植物根际促生菌进行研究。药用植物根际促生微生物有些可以提高药用植物生物量,有些可以提高有效成分的量。吕德国等^[57]认为从对环境变化响应的敏感性可将微生物分为两类:一类对环境条件变化响应敏感性低,种群稳定;一类对环境条件变化响应敏感性高,种群随环境条件的变化发生迅速的消长变化。后者是推动土壤物质能量循环的主要动力,应当引起人们的足够重视。加强并深入开展药用植物根际环境促生微生物的基础理论及应用开发研究,必将对药用植物的优质高产起到令人鼓舞的促进作用。

参考文献

- [1] Hiltner L. Uber neue erfahrungen und probleme auf dem gebiete der bodenbakteriologie [J]. *Arbeiten Der Deutschen Landwirtschaft Gesellschaft*, 1904, 98: 59-78.
- [2] Butler J L, Williams M A, Bottomley P J, et al. Microbial community dynamics associated with rhizosphere carbon

- flow [J]. *Appl Environ Microbiol*, 2003, 69: 6793-6800.
- [3] Delgado S, Núñez F, Sánchez B, *et al.* Toxicogenic microorganisms in medicinal plants used for ritual protection of infants [J]. *Food Res Int*, 2011, 44(1): 304-309.
- [4] 江 曙, 段金焱, 严 辉, 等. 当归根际微生物种群结构与生态分布的研究 [J]. *中国中药杂志*, 2009, 34(12): 1483-1488.
- [5] 梁 越, 刘 洋, 田兆丰, 等. 薄荷根内生及根际细菌多样性探究 [J]. *生物技术通报*, 2010, (10): 104-115.
- [6] 潘惠霞, 程争鸣, 齐晓玲, 等. 伊贝母根际有益微生物对栽培产量的影响 [J]. *干旱区地理*, 2010, 33(6): 917-922.
- [7] Zhao K, Penttinen P, Chen Q, *et al.* The rhizospheres of traditional medicinal plants in Panxi, China, host adverse selection of actinobacteria with antimicrobial properties [J]. *Appl Microbiol Biotechnol*, 2012, 94(5): 1321-1335.
- [8] 陈 章. 中江丹参连作土壤微生物特性研究 [D]. 成都: 四川农业大学, 2010.
- [9] 张国华, 罗会颖, 丁建南, 等. 新疆天山雪莲根际冻土微生物富集培养的初步研究 [J]. *江西科学*, 2010, 28(4): 453-460.
- [10] 张向东, 何 伟. 不同种植年限黄芩田土壤微生物数量特征研究 [J]. *山西农业科学*, 2011(4): 3-5.
- [11] 林茂兹. 太子参连作障碍及其分子生态学机制研究 [D]. 福州: 福建农林大学, 2010.
- [12] 潘争艳, 傅俊范, 周如军, 等. 五味子园根际真菌多样性初探及拮抗菌株筛选 [J]. *吉林农业大学学报*, 2007, 29(6): 636-639.
- [13] 李琼芳. 不同连作年限麦冬根际微生物区系动态研究 [J]. *土壤通报*, 2006, 37(3): 563-565.
- [14] 袁丽杰, 章广玲, 张玉琴, 等. 药用植物根际放线菌的种群多样性生物活性初步研究 [J]. *中国抗生素杂志*, 2009, 34(8): 463-469.
- [15] 于慧瑛, 吕国忠, 孙晓东, 等. 病健人参根际土壤真菌种类及数量的研究 [J]. *安徽农业*, 2007, 35(26): 8279-8291.
- [16] 官会林, 陈昱君, 刘士清, 等. 三七种植土壤微生物类群动态与根腐病的关系 [J]. *西南农业大学学报*, 2006, 28(5): 706-709.
- [17] 祁建军, 赵晓萌, 周丽莉, 等. 西洋参根际土壤微生物群落组成与多样性研究 [J]. *中国中药杂志*, 2010(18): 2378-2382.
- [18] 康业斌, 商鸿生, 董苗菊. 凤丹与洛阳红根际微生物及其与根皮中丹皮酚含量的关系 [J]. *西北农林科技大学学报*, 2006, 34(12): 159-162.
- [19] 杨航宇, 芦维忠, 袁君辉, 等. 甘肃瑞香根际真菌与内生真菌多样性的研究 [J]. *西北农业学报*, 2006, 15(2): 78-80.
- [20] 陈 曦, 孙晓东, 毕思远, 等. 东北地区人参根际土壤真菌多样性研究 [J]. *安徽农业科学*, 2010, 38(10): 5515-5517.
- [21] 郭仕平, 张玲绮, 蒋 斌, 等. 川八角莲内生真菌及根际真菌的分离和鉴定 [J]. *陕西师范大学学报*, 2004, 18(1): 82-84.
- [22] 潘争艳, 傅俊范. 辽宁省主要药用植物根际土壤真菌优势属种类和数量分析 [J]. *辽宁农业科学*, 2009(4): 17-19.
- [23] 韩玉竹, 曾 兵, 赵建军, 等. 象草根际微生物研究 [J]. *土壤通报*, 2010(6): 1349-1354.
- [24] Garbeva P, van Elsas J D, van Veen J A. Rhizosphere microbial community and its response to plant species and soil history [J]. *Plant Soil*, 2008, 302: 19-32.
- [25] Zak D R, Holmes W E, White D C, *et al.* Plant diversity, soil microbial communities, and ecosystem function: Are there any links [J]. *Ecology*, 2003, 84: 2042-2050.
- [26] 魏志华, 程茂高, 介晓磊, 等. 连翘根际微生物区系和土壤酶活性变化的研究 [J]. *北方园艺*, 2010(6): 12-14.
- [27] Nihorimbere V, Ongena M, Smargiassi M, *et al.* Beneficial effect of the rhizosphere microbial community for plant growth and health [J]. *Biotechnol Agron Soc Environ*, 2011, 15(2): 327-337.
- [28] Morgan J A W, Bending G D, White P J. Biological costs and benefits to plant-microbe interactions in the rhizosphere [J]. *J Exp Bot*, 2005, 56(7): 1729-1739.
- [29] 林贵兵, 万德光, 王瑞婷, 等. 丹参栽培对土壤微生物区系组成特征的影响 [J]. *华西药学杂志*, 2010, 25(4): 438-443.
- [30] 陈 慧, 郝慧荣, 熊 君, 等. 地黄连作对根际微生物区系及土壤酶活性的影响 [J]. *应用生态学报*, 2007, 18(12): 2755-2759.
- [31] Ryuc M, Farag M A, Huc H. Bacterial volatiles promote growth in Arabidopsis [J]. *Proc Natl Acad Sci*, 2003, 100: 4927-4932.
- [32] Zhang H, Kim M S, Krishnamachari V, *et al.* Rhizobacterial volatile emissions regulate auxin homeostasis and cell expansion in Arabidopsis [J]. *Planta*, 2007, 226: 839-851.
- [33] Jaleel C A, Manivannan P, Sankar B, *et al.* *Pseudomonas fluorescens* enhances biomass yield and ajmalicine production in *Catharanthus roseus* under water deficit stress [J]. *Colloids Surfaces B: Biointerfaces*, 2007, 60(1): 7-11.
- [34] Wu L K, Wang H B, Zhang Z X, *et al.* Comparative metaproteomic analysis on consecutively *Rehmannia glutinosa*-monocultured rhizosphere soil [J]. *PLoS*, 2011, 6(5): 1-12.

- [35] Soundarapandian S, Dhandayuthapani K. Interaction of plant growth promoting rhizobacteria (PGPA) and endophytes with medicinal plants-new avenues for phytochemicals [J]. *J Phytol*, 2010, 2(7): 91-100.
- [36] Horinouchi S. Combinatorial biosynthesis of plant medicinal polyketides by microorganisms [J]. *Curr Opin Chem Biol*, 2009, 13(2): 197-204.
- [37] Karthikeyan B, Abdul J C, Lakshmanan G M A, et al. Studies on rhizosphere microbial diversity of some commercially important medicinal plants [J]. *Colloids Surfaces B: Biointerfaces*, 2008, 62(1): 143-145.
- [38] 潘惠霞, 程争鸣, 牟书勇, 等. 伊贝根际微生物分布与西贝素的相关性 [J]. *微生物学通报*, 2010, 37(8): 1253-1257.
- [39] 刘飞, 伍晓丽, 崔广林, 等. 青蒿根际微生物数量动态及其与青蒿素含量的关系研究 [J]. *时珍国医国药*, 2010, 21(1): 37-38.
- [40] 任嘉红, 刘辉, 吴晓蕙, 等. 南方红豆杉根际溶无机磷细菌的筛选、鉴定及其促生效果 [J]. *微生物学报*, 2012, 52(3): 295-303.
- [41] 杨娜, 沈其荣, 徐阳春, 等. 一株抗药用白菊枯萎病生防菌的分离与生防效应研究 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2011, 17(3): 731-736.
- [42] 王静, 梁健, 安毅, 等. 秦艽地上和地下生物量与其根际微生物群落结构关系的研究 [J]. *中草药*, 2011, 42(12): 2535-2540.
- [43] 刘莉, 刘大会, 金航, 等. 三七连作障碍的研究进展 [J]. *山地农业生物学报*, 2011, 30(1): 70-75.
- [44] 吴凤芝, 赵凤艳, 刘元英. 设施蔬菜连作障碍原因综合分析防治措施 [J]. *东北农业大学学报*, 2000, 31(3): 241-247.
- [45] 张子龙, 王文全. 药用植物连作障碍的形成机理及其防治 [J]. *中国农业科技导报*, 2009, 11(6): 19-23.
- [46] 傅佳, 李先恩, 傅俊范. 西洋参生长过程中土壤微生物区系的动态变化 [J]. *中国农学通报*, 2008, 24(9): 371-375.
- [47] 李勇, 应益昕, 赵东岳, 等. 人参及西洋参栽培土壤微生物种群遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. *中草药*, 2010, 41(11): 1871-1875.
- [48] 乔卿梅, 程茂高, 王新民, 等. 怀山药根际土壤微生物、酶活性和酚酸物质变化及其关系研究 [J]. *中国农学通报*, 2009, 25(24): 151-154.
- [49] 何江华, 付香斌, 马东明, 等. 地黄块根膨大过程中土壤化感物质含量及微生物数量变化研究 [J]. *河南科学*, 2008, 26(11): 1369-1372.
- [50] 李健, 唐佳栋, 吴承祯, 等. 雷公藤根际微生物特征研究 [J]. *中国生态农业学报*, 2011, 19(4): 878-882.
- [51] 祁建军. 地黄种质遗传关系及根际土壤微生物多样性研究 [D]. 北京: 中国协和医科大学, 2007.
- [52] Duineveld B M, Rosado A, Elsas J D, et al. Analysis of the dynamics of bacterial communities in the rhizosphere of the chrysanthemum via denaturing gradient gel electrophoresis and substrate utilization [J]. *Appl Environ Microbiol*, 1998, 64(12): 4950-4957.
- [53] 张重义, 陈慧, 杨艳会, 等. 连作对地黄根际土壤细菌群落多样性的影响 [J]. *应用生态学报*, 2010, 21(11): 2843-2848.
- [54] 张森. 牛蒡相关微生物对牛蒡生长及品质影响的研究 [D]. 福州: 福建农林大学, 2010.
- [55] 刘微, 吕豪豪, 陈英旭, 等. 稳定碳同位素技术在土壤-植物系统碳循环种的应用 [J]. *应用生态学报*, 2008, 19(3): 674-680.
- [56] 王齐, 李宏伟, 师春娟, 等. 短期中水灌溉对绿地土壤微生物数量的影响 [J]. *草业科学*, 2012, 29(3): 346-351.
- [57] 吕德国, 秦嗣军. 樱桃根系生物学 [M]. 北京: 科学出版社, 2011.