

富含硫氨基酸转基因大豆对根际土壤有机元素含量和微生物群落多样性的影响

陈 丰¹, 彭 欣¹, 华小梅², 张培培¹, 桂 恒¹, 戚金亮¹, 喻德跃³, 杨永华¹

(1. 南京大学 生命科学学院, 医药生物技术国家重点实验室, 南京大学-南京林业大学 植物分子生物学联合研究所, 江苏 南京 210093; 2. 环境保护部 南京环境科学研究所, 江苏 南京 210042; 3. 南京农业大学 国家大豆改良中心, 作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏 南京 210095)

摘要: 为揭示种植富含硫氨基酸的转基因大豆对土壤生态系统的影响, 在网室栽培条件下, 测定了成熟期根际土的有机元素含量, 并利用 Biolog ECO/GN/GP/FF 系统分析了种植转基因大豆(A组: 受体为南农 88-1, 3 个转基因株系为 OE-8, OE-7 和 RNAi-3; B组: 受体为 N2899, 3 个转基因株系为 Galal 17-4, Galal 21-8 和 Galal 57) 对土壤微生物活性和群落功能多样性的影响。结果表明: 种植 2 组转基因大豆后土壤硫元素与各自受体相比均极显著下降($P < 0.01$), A 组中 3 个转基因大豆株系的每孔颜色平均变化率(Average well color development, AWCD)表征的土壤微生物活性和 McIntosh 等多多样性指数均低于对照, 其中, 3 个转基因大豆株系根际土壤革兰氏阴性菌的 AWCD 值极显著低于对照($P < 0.01$), 革兰氏阳性菌的 AWCD 值和 McIntosh 指数均显著低于对照($P < 0.05$); 转基因品系 OE-8 根际土壤真菌的 McIntosh 指数也极显著低于对照($P < 0.01$)。B 组中转基因品系 Galal 17-4 和 Galal 21-8 的革兰氏阳性菌 AWCD 值显著高于对照, 而 Galal 57 的革兰氏阳性菌 AWCD 值显著低于对照($P < 0.05$)。转基因大豆根际土壤微生物在 Biolog 生态板上与对照组相比没有显著差异。因此, 试验所用转基因大豆能够显著影响土壤革兰氏阴性菌和阳性菌的活性以及革兰氏阳性菌与真菌的群落多样性, 且这种影响与受体品种的基因型有关。

关键词: 转基因大豆; 有机元素; Biolog; 土壤微生物

中图分类号: S565.1

文献标识码: A

文章编号: 1000-9841(2012)02-0259-07

Effects of Sulfur-rich Amino Acids Transgenic Soybeans on Soil Organic Elements and Microbial Community Diversity

CHEN Feng¹, PENG Xin¹, HUA Xiao-mei², ZHANG Pei-pei¹, GUI Heng¹, QI Jin-liang¹, YU De-yue³, YANG Yong-hua¹

(1. State Key Laboratory of Pharmaceutical Biotechnology, School of Life Science, NJU-NJFU Plant Molecular Biology Institute, Nanjing University, Nanjing 210093; 2. Nanjing Institute of Environmental Sciences, SEPA, Nanjing 210042; 3. National Center for Soybean Improvement, State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, Jiangsu, China)

Abstract: In this study, the effects of sulfur-rich amino acids transgenic soybeans on soil organic elements and functional diversity of microbial community were investigated to reveal the safety of transgenic soybeans on soil ecology environment. Micro-organism community of transgenic soybeans (Group A: three transgenic soybean lines OE-8, OE-7, RNAi-3 and their recipient Nannong 88-1; Group B: three transgenic soybean lines Galal 17-4, Galal 21-8, Galal 57 and their recipient N2899) in mature stage were analyzed by Biolog ECO/GN/GP/FF systems. The results showed that sulfur contents in rhizosphere soil were significantly decreased in the soil of all transgenic soybean lines ($P < 0.01$). There were also differences in activities, community diversities and richness of soil microbial between transgenic soybeans and non-transgenic soybeans. Two groups of soybeans showed different patterns because of their different recipient genotypes. In Group A, average well color developments (AWCDs) and McIntosh indexes of transgenic soybeans were lower than CK1, especially AWCDs of gram-negative bacteria, and AWCDs, McIntosh indexes of gram-positive bacteria. In rhizosphere soil of three transgenic soybeans, AWCDs of gram-negative bacteria were significantly lower than Nannong88-1 ($P < 0.01$), and McIntosh index of gram-positive bacteria were significantly lower than Nannong88-1 ($P < 0.05$). McIntosh index of fungi in rhizosphere soil of transgenic soybean OE-8 was significantly lower than Nannong88-1 ($P < 0.01$). In Group B, AWCDs of gram-positive bacteria of Galal 17-4 and Galal 21-8 were significantly higher than N2899, while AWCD of gram-positive bacteria of Galal 57 was significantly lower than N2899 ($P < 0.05$). As for both groups, there were no significant differences in whole microorganisms when we compared AWCDs and indexes of community diversity in Biolog ECO plates. These results suggested that transgenic soybeans in our study could change activities of gram-negative and gram-positive bacteria, community diversities of gram-positive bacteria and fungi, and at the same time depended on the genotypes of recipients.

Key words: Transgenic soybean; Organic element; Biolog; Soil microbes

收稿日期: 2012-02-08

基金项目: 国家重大专项(2011ZX08011-003); 国家自然科学基金(30971871, 40771107); 教育部创新团队项目(IRT1020); 教育部高校科技自主创新工程重大项目培育资金(707027)。

第一作者简介: 陈丰(1986-), 男, 在读硕士, 研究方向为土壤微生物。E-mail: chenfeng05081@sina.com。

通讯作者: 杨永华(1963-), 男, 教授, 博士生导师, 主要研究方向为植物-微生物遗传、转基因环境安全评价。E-mail: yangyh@nju.edu.cn。

自 1996 年以来,转基因作物在商品化和大规模推广种植上取得了举世瞩目的成绩。截至 2010 年,转基因作物已经遍布全球六大洲 20 多个国家,超过 1 540 万农民因此受益,总种植面积超过 1.48 亿 hm^2 ,比 2009 年同期增长了 10%^[1]。

然而,伴随着巨大收益的同时,转基因作物潜在的生态风险也引起了人们的高度关注。我国大豆种质资源丰富,在开发转基因大豆新品种方面具有得天独厚的优势,因此在转基因大豆商业化种植的生态安全方面,构建相关土壤微生态安全评价体系非常必要。分析新型转基因大豆对土壤微生态影响,对于其商业化种植前的安全性评价具有重要的意义,也促进了土壤微生态研究的进一步深入开展。

作为陆地生态系统中含量最多的组成部分,土壤微生物在生物地球化学循环的诸多环节中起到了至关重要的作用。在农业生态系统中,土壤微生物不仅影响植物生长发育、土传植物病原菌的定殖与存活,而且在生态系统中化学元素矿化、土壤肥力保持与改善、能量转化和物质循环等方面发挥着至关重要的作用^[2]。土壤微生物群落对环境变化非常敏感,环境任何微小的改变都有可能引起土壤微生物群落的结构及功能发生变化,由于这一特性,土壤微生物群落研究在土壤生态安全和环境状况的监控、评估、预测等方面,具有极大的潜在利用价值。

Biolog 法是描述微生物群落功能变化的重要指标,其反应特征能代表实际土壤微生物群体底物利用的动力学特征。自 1991 年 Garland 和 Mills 将 Biolog 检测技术首次用于土壤微生物群落多样性分析以来,Biolog 技术已被广泛应用于对环境微生物群落的检测与分析^[3]。近年来在土壤微生物群落的研究中,Biolog 技术主要应用于环境微生物群落比较研究^[4],评价土壤管理方式对微生物群落及其代谢功能的影响^[5]以及研究转基因植物、外来入侵植物对土壤微生物群落的影响^[6]。该文通过运用 4 种 Biolog 平板,对 2 组富含 S 氨基酸转基因大豆的根际土壤微生物活性和群落功能多样性进行研究,从而为评价这 2 组转基因大豆的生态风险提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

采用 2 组富含 S 氨基酸的转基因的大豆株系,并且利用其非转基因受体品种作为对照(表 1),每个样品设 4 个重复。试验地点位于江苏省南京市浦口区南京农业大学大豆改良中心试验场内,试验田为封闭的铁丝网室,院外 300 m 范围内无其它大豆种植。整个试验期间有专人 24 h 负责看管。试验结束后,所有转基因试验材料在专门的焚烧炉中焚毁。

表 1 试验所用的大豆株系

Table 1 Soybean strains used in this research

组别 Groups	受体 Recipient	转基因株系 Transgenic strains	目标基因的功能 Function of target gene
A	南农 88-1 (CK1)	OE-8 OE-7 RNAi-3	大豆内源 CG-3(β 伴大豆球蛋白 a 亚基因)过表达引起富含 S 氨基酸的增加
B	N2899 (CK2)	Gagal 17-4 Gagal 21-8 Gagal 57	通过花粉管转入非洲菊花器官发育调节基因 <i>gagal</i> (C 类)导入大豆受体品种 CK2,引起大豆的球蛋白组成和富含 S 氨基酸含量发生变化

采用抖落法采集大豆成熟期根际土,用塑料袋装好密封,样品一部分保存于 4℃ 冰箱中,用于土壤含水量、pH 值和 Biolog 测定,另一部分阴干后研磨,用于土壤元素含量测定。

1.2 方法

1.2.1 土壤含水量、pH 和有机元素的测定 土壤含水量采用烘干称重法测定。每个土样称取 10 g 新鲜土样,记录准确数值,在 105℃ 的烘箱内将土样烘 6~8 h 至恒重,再称量烘干后土壤重。利用以下公式来计算土壤含水量:

$$\text{含水量} = (\text{湿土重} - \text{干土重}) / \text{干土重}$$

土壤 pH 值测定方法为:取风干土壤样品 6 g 放置于 10 mL 离心管中,加入 6 mL 除 CO_2 的 H_2O ,磁

力搅拌 10 min;静置 1 h 待澄清后,用 pH 计测烧杯下部悬浊液的 pH 值。如果测得土样 pH 值小于 7.0,则需用 1 $\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 的 KCl 溶液代替除 CO_2 的 H_2O 重新测定土样 pH 值。

土壤全氮全碳全硫含量委托南京大学现代分析中心测定,土壤样品阴干研磨后采用 Foss Heraeus CHN-O-Rapid 仪器(Foss Heraeus Co., Ltd.)分析。

1.2.2 土壤微生物群落功能多样性测定 称取 5 g 新鲜土壤,加入高压灭菌过的 50 mL 三角锥瓶中,再加入 50 mL 冰浴的无菌 0.1 $\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 磷酸缓冲溶液($\text{K}_2\text{HPO}_4/\text{KH}_2\text{PO}_4$, pH 7.0),封口并立即重复冰浴。放在摇床上高速振荡 1 min,冰浴 1 min,共重复 3 次,得到 1:10 提取液。静置 5 min 后,取上清液 5 mL 加

入灭过菌的 50 mL 的三角锥形瓶中,加入 45 mL 无菌 0.1 mol·L⁻¹ 磷酸缓冲溶液(pH 7.0),稍加振荡,得到 1:100 提取液。重复上述步骤,得到 1:1 000 提取液,直至稀释到 Biolog 系统所要求的接种浓度,每毫升提取液大约有 3~4×10⁴ 个微生物。

将 Biolog GN/GP/FF/ECO 平板从冰箱内取出,预热到 25℃。使用 200 mL 多通道移液器取土壤微生物提取液加到 Biolog 微平板中,每孔加 125 mL。将加好样的 Biolog 微平板在 30℃ 黑暗条件下温育 168 h。在温育过程中,每隔 6 h 使用酶标仪在 590 nm 波长读数,测定各个微孔的吸光度变化。计算孔平均颜色变化率、Shannon 指数和 McIntosh 指数。

Biolog 数据分析:Biolog 微平板的 ELISA 反应采用每孔颜色平均变化率(Average well color development,AWCD)来作总体描述,AWCD 值是反映土壤微生物利用单一碳源能力的重要指标,计算方法

如下:

GN2、GP2、FF 板:AWCD = [$\sum (C - R)$]/95

ECO 板:AWCD = [$\sum (C - R)$]/31

其中 C 是所测得反应孔的光吸收值,R 是对照孔 A1 的光吸收值。

根据碳源利用种类和利用数量的差异,引用了几种多样性指数对微生物群落多样性进行定量,各个多样性指数的计算公式和群落多样性定量的用途如表 2 所示。Shannon 指数反映土壤微生物群落的总体丰富度,McIntosh 指数是对多样性的几何度量,能够综合反应土壤微生物群落的功能多样性。Shannon 均匀度指数和 McIntosh 均匀度指数是基于 Shannon 指数和 McIntosh 指数对土壤微生物群落均度的反映。根据不同 Biolog 生理平板的实验结果,从总体微生物、革兰氏阴性菌、革兰氏阳性菌和真菌的角度出发,分别研究种植转基因大豆之后土壤微生物各个群落的多样性变化。

表 2 土壤微生物群落多样性指数计算公式

Table 2 Formula of microbial community diversity index

多样性指数 Diversity index	用途 Function	公式 Formula	备注 Notes
Shannon 指数	评估丰富度和均度	$H = - \sum p_i \ln p_i$	p_i 为第 i 孔相对吸光值 (C-R) 与整个平板相对吸光值总和的比率。
Shannon 均匀度	通过 Shannon 指数计算出的均度	$E = H / \ln S$	S 为颜色变化的孔的数目
McIntosh 指数	基于群落物种多维空间上的 Euclidean 距离的多样性指数	$U = \sqrt{(\sum n_i^2)}$	n_i 是第 i 孔的相对吸光值 (C-R); N 是相对吸光值总和; Simpson 指数用 1/D 值表示。
McIntosh 均匀度	由 McIntosh 指数计算得出的均匀度	$E = \frac{N - U}{N - N / \sqrt{S}}$	同上

2 结果与分析

2.1 转基因大豆对土壤有机元素含量的影响

如表 3 所示,土壤氮元素和碳元素在种植 2 组不同受体的转基因大豆后存在明显差异。A 组氮元素含量均低于 1%,而 B 组氮元素含量超过 3%,但是组内转基因大豆与其受体之间无显著差异。A

组碳元素高于 2.5%,B 组中碳元素含量均低于 2.1%,但 2 组转基因大豆与它们的受体之间同样不存在显著差异。2 组转基因大豆土壤碳氮比存在较大差异。而土壤硫元素分析结果表明,由于富含硫氨基酸的转基因大豆种植,2 组富含硫氨基酸转基因大豆土壤硫元素含量均极显著低于其非转基因受体对照。

表 3 大豆成熟期主要有机元素,pH 及含水量

Table 3 The content of major organic elements,pH and water in soybean maturity

	CK1	OE-8	OE-7	RNAi-3	CK2	Gagal 17-4	Gagal 21-8	Gagal 57
Water	0.201	0.192	0.176	0.195	0.213	0.223	0.212	0.217
pH	6.843	6.848	6.923	6.858	6.688	6.740	6.993 *	6.738
N/%	0.775	0.968	0.818	0.815	4.383	4.658	3.068	3.425
C/%	2.893	3.185	3.028	2.978	1.135	2.053	1.065	0.583
S/%	0.575	0.266 **	0.176 **	0.190 **	0.286	0.164 **	0.087 **	0.083 **
C/N	4.104	3.325	3.834	3.713	0.279	0.455	0.340	0.161

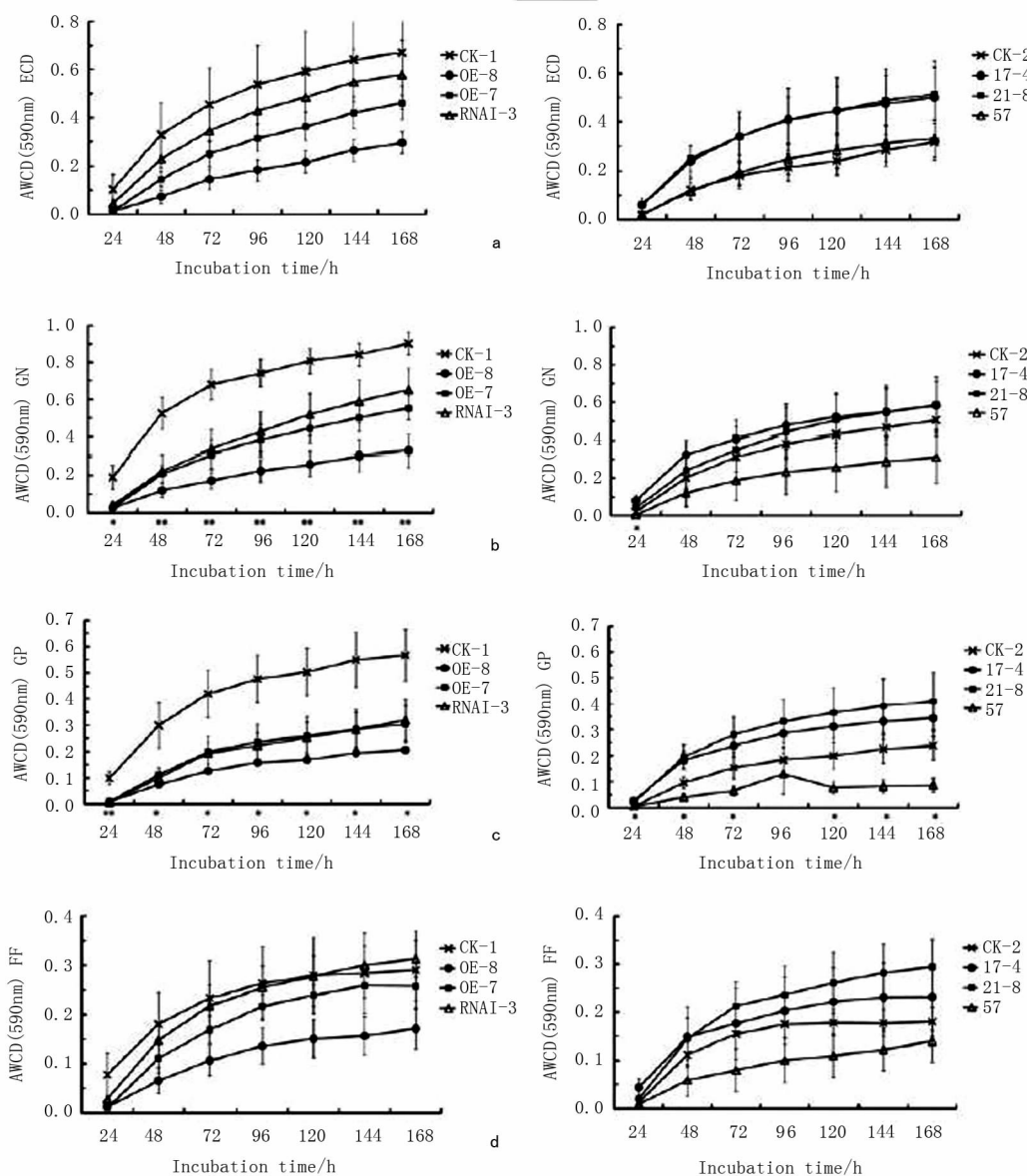
** 表示与对照差异极显著 ($P < 0.01$); * 表示与对照差异显著 ($P < 0.05$)。

** and * indicate significant at $P < 0.01$ and $P < 0.05$ probability levels compared with CK, respectively.

2.2 土壤微生物利用碳源动力学分析

土壤微生物平均吸光值(AWCD)变化特征反映了土壤微生物群落对碳源利用的整体情况及利用活性。如图1所示,土壤微生物群落活性在4种Biolog板上的变化趋势均为随培养时间的增加而增加。而2组转基因大豆的表现则不尽相同。在A组转基因大豆中,转基因大豆在ECO板和FF板上的AWCD值相比较于非转基因对照,差异不显著;而在GN板上的AWCD值极显著低于CK1,在GP板上的AWCD值显著低于CK1,说明随着转基因大豆的种植,土壤革兰氏阴性菌和革兰氏阳性菌的生理生化活动被压制,活性呈现极显著和显著的下

降;而微生物的整体活性和真菌的活性没有出现显著差异。在B组大豆品系中,转基因大豆Gagal 17-4和Gagal 21-8只有在GP平板上显著高于CK2,而在其它3种Biolog平板上的AWCD值相比较对照CK2都没有显著差异,呈现出了与A组不同的表现;转基因大豆Gagal 57的表现却与A组中的转基因大豆类似,但只有在革兰氏阳性菌中显著低于CK2。上述结果表明,转基因大豆对土壤微生物群落活性的影响与受体品种的基因型有关。而转基因大豆影响土壤微生物群落活性的方式主要是通过影响土壤革兰氏阴性菌和革兰氏阳性菌活性来实现的。



a:ECO板; b:GN板; c:GP板; d:FF板; **表示极显著差异 ($P<0.01$); *表示显著差异 ($P<0.05$); 误差线代表标准误差SE, 下同。
a:ECO plate; b:GN plate; c:GP plate; d:FF plate; **means high significance ($P<0.01$); *means significance ($P<0.05$); bars indicate SE ($n=4$); the same below.

图1 Biolog板AWCD指数随温育时间的变化曲线

Fig. 1 AWCD value of BIOLOG plates during incubation

2.3 土壤微生物多样性指数比较分析

2.3.1 四种 Biolog 板微生物多样性指数 根据不同培养时间光密度数据(C-R),计算不同培养时间 Biolog 板的 Shannon 指数、Shannon 均匀度指数、McIntosh指数和 McIntosh 均匀度。随着培养时间的增加,微生物的多样性、丰富度和差异性,都有先增加然后逐渐平稳的趋势。从不同培养时间 4 种多样性指数总体趋势得出,4 种多样性指数的整体变化趋势和上文提到的微生物总体活性变化(AWCD 值)基本保持一致。以 McIntosh 指数为例,在 Biolog ECO 板上,A 组大豆中 3 个转基因大豆株系的多样性相比较于非转基因对照,差异不显著;而在 B 组中,3 个转基因大豆株系与 CK2 在多样性上也没有

显著的差异;但在 Biolog GN 板上,A 组中转基因大豆土壤革兰氏阴性菌群落的 McIntosh 指数显著低于非转基因对照 CK1,表明 A 组中转基因大豆土壤中革兰氏阴性菌群落的多样性,特别是几何度量因素上的多样性显著降低,差异减小。B 组中转基因大豆土壤革兰氏阴性菌各项多样性指标与非转基因对照也没有显著差异;同样,在 Biolog GP 板上,A 组中种植转基因大豆土壤革兰氏阳性菌 McIntosh 指数显著低于非转基因对照,B 组中各大豆品系的多样性指数之间无显著差异;在 Biolog FF 板上,转基因品系 OE-8 的 McIntosh 指数出现了极显著低于 CK1 的情况,B 组中各大豆品系的多样性指数之间无显著差异(图 2)。

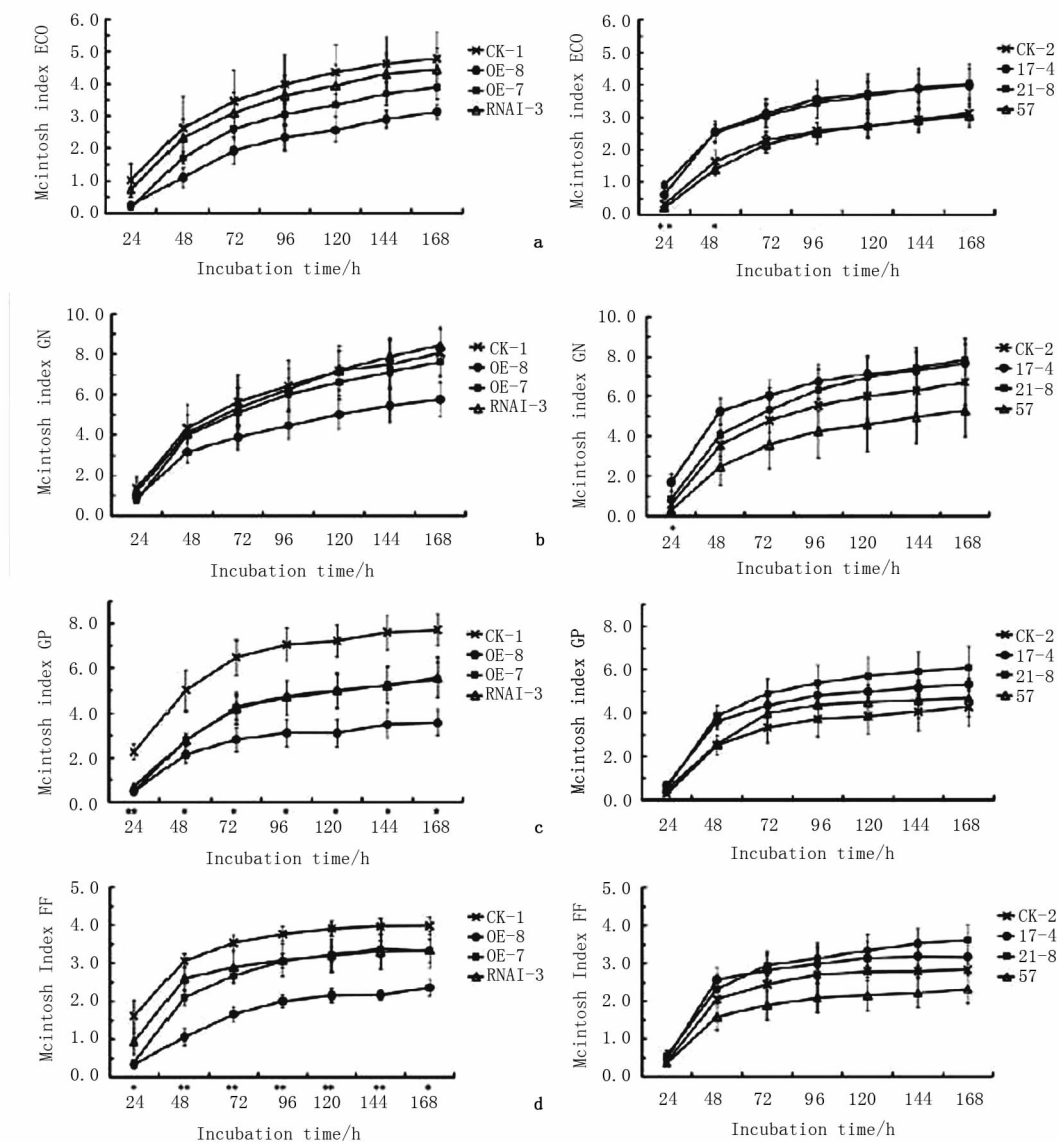


图 2 Biolog 板 McIntosh 指数随温育时间的变化曲线

Fig. 2 McIntosh value of Biolog plates during incubation

2.3.2 四种 Biolog 板微生物多样性指数整体分析 综合上述 4 种 Biolog 板微生物多样性指数,发现种植 2 组转基因大豆后,根际土土壤微生物的群

落多样性,丰富度,差异度等方面的变化和土壤微生物的整体活性变化相似。即转基因大豆的种植,会对土壤微生物群落多样性产生影响,这种影响与

受体品种的基因型有关,2 组大豆因为受体基因型的不同而呈现出不同的表现,特别是 GP 板上的 McIntosh 指数,在 A 组中出现了显著差异,说明 A 组中 3 种转基因大豆根际土壤革兰氏阳性菌的多样性指数显著低于 CK1;而在 FF 板上,转基因品系 OE-8 的 McIntosh 指数也出现了极显著低于 CK1 的情况,说明 OE-8 根际土的真菌多样性极显著低于 CK1。而在 B 组中,3 种转基因大豆根际土的革兰氏阳性菌群落多样性与对照组相比没有显著差异,与 A 组的结果不同,表明这种影响与受体品种的基因型有关。而转基因大豆影响土壤微生物群落多样性的方式主要是通过影响土壤革兰氏阳性菌和真菌群落多样性来实现的。

3 讨 论

近年来,运用 Biolog 技术对转基因植物的生态风险进行研究已经成为了一种相当普遍的手段^[7-8]。转基因物质主要通过转基因技术使植物产生新的蛋白质、激素等高分子物质,它们进入土壤生态系统的主要途径为秸秆分解、根系分泌物、花粉飘落^[9]。其进入土壤后引起土壤的特异微生物功能类群及土壤微生物多样性发生改变^[10]。目前研究的大部分转基因作物都是通过这个原因影响根际微生物活性和群落功能多样性,其中最具代表性的是 Bt 作物,Bt 蛋白通过根系分泌物,植物残体等方式进入土壤,对土壤微生物活性和多样性产生影响^[11]。最近的一些研究还证明了转基因作物种植后,目标基因片段在土壤中发生水平基因转移的风险性。Hart 等^[12]通过种植转基因玉米研究发现,被转入的 *cp4 epsps* 基因片段可以长期存留在由节肢动物、线虫和蚯蚓等组成的土壤食物链中。Lee 等^[13]在对转基因西瓜的研究中发现,可以在土壤细菌中检测到转入的 35 S 启动子基因。该试验中,富含 S 氨基酸大豆基因功能的改变,必然会导致根系分泌物能一系列因素发生变化,特别是 B 组转基因大豆,外源基因的导入会使根系分泌物的种类和数量发生变化,从而引起根系土壤微生物群落功能多样性的变化。

研究表明,外源基因的导入可能影响到植物分解速率和 C、N 水平^[14],碳氮比的增大会降低土壤微生物氮元素的利用度,从而会导致土壤降解速率的降低^[15]。该文对转基因大豆种植后土壤微生物群落的研究表明,由于转基因受体和基因操作方式的不同,2 组转基因大豆种植后土壤的营养代谢模式出现了差异。在 A 组中高碳氮比导致氮元素的利用性受限制以及生物降解能力降低,而在 B 组中

低碳氮比说明该组转基因大豆及其受体种植后,土壤微生物的氮元素可利用性和降解能力较高。这种品系之间的差异可能是由于转基因受体和基因操作方式的不同而引起的。

作为作物必需的 16 种营养元素之一,硫元素是构成含硫氨基酸和蛋白质的基本元素,是合成其它生物活性物质的重要成分,直接参与作物新陈代谢^[16]。有研究表明,土壤硫元素含量的多少会直接影响土壤微生物的活性,土壤硫肥的施用会显著增加土壤微生物的活性及含量^[17]。该文中,由于富含 S 氨基酸大豆对硫元素的富集作用,一方面,在一定程度上降低微生物的整体活性;另一方面又能促进土壤内与硫循环相关的微生物的活性,这 2 个因素的相互影响,可能会产生不同的微生物活性结果,造成 2 组转基因大豆土壤微生物活性与相应对照组的差异。因此,该试验中转基因大豆对土壤微生物群落和功能多样性的影响可能是通过外源基因表达产物进入土壤和改变土壤元素结构这 2 种因素来综合起作用的。但是到底哪种因素占主导作用,还需要进一步的试验来验证。

参考文献

- [1] James C. Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2010. ISAAA Brief No. 42. ISAAA; Ithaca, NY.
- [2] Stefanowicz A. The Biolog plates technique as a tool in ecological studies of microbial communities [J]. Polish Journal of Environmental Studies, 2006, 15 (5) : 669-676.
- [3] Garland J L, Mills A L. Classification and characterization of heterotrophic microbial communities on the basis of patterns of community-level sole-carbon-source utilization [J]. Applied and Environmental Microbiology, 1991, 57 (8) : 2351-2359.
- [4] Malosso E, English L, Hopkins D W, et al. Community level physiological profile response to plant residue additions in Antarctic soils [J]. Biology and Fertility of Soils, 2005, 42 (1) : 60-65.
- [5] 董立国, 蒋齐, 蔡进军, 等. 基于 Biolog-ECO 技术不同退耕年限苜蓿地土壤微生物功能多样性分析 [J]. 干旱区研究, 2011, 28 (4) : 630-637. (Dong L G, Jiang Q, Cai J J, et al. Analysis on functional diversity of edaphon communities in Medicago sativa fields of different growth years based on Biolog-ECO plates [J]. Arid Zone Research, 2011, 28 (4) : 630-637.)
- [6] Shen R F, Cai H, Gong W H. Transgenic Bt cotton has no apparent effect on enzymatic activities or functional diversity of microbial communities in rhizosphere soil [J]. Plant and Soil, 2006, 285 (1) : 149-159.
- [7] 魏锋, 朱荷琴, 肖蕊, 等. 转 *Chi + Glu* 双价基因棉对土壤微生物群落功能多样性的影响 [J]. 农业环境科学学报, 2011, 30 (10) : 2081-2090. (Wei F, Zhu H Q, Xiao R, et al. Effects of transgenic *Chi + Glu* cotton on functional diversity of soil microbial community [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2011, 30 (10) : 2081-2090.)

- [8] 崔红娟,束长龙,宋福平,等. 转 *cry1Ah* 基因玉米对根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 东北农业大学学报,2011,42(7):30-38. (Cui H J, Su C L, Song F P, et al. Effect of *cry1Ah*-transgenic maize on community structure of microorganism in rhizosphere soil[J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2011, 42(7):30-38.)
- [9] 徐征. 农业转基因生物对土壤生态系统功能影响的研究进展[J]. 中国农学通报,2004,20(4):47-50. (Xu Z. Studies on the effects influenced the function of soil-ecosystem by transgenes[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2004, 20(4):47-50.)
- [10] Angle J S. Release of transgenic plants: biodiversity and population-level considerations [J]. Molecular Ecology, 1994, 3 (1): 45-50.
- [11] Icoz I, Saxena D, Andow D A, et al. Microbial populations and enzyme activities in soil in situ under transgenic corn expressing Cry proteins from *Bacillus thuringiensis* [J]. Journal of Environmental Quality, 2008, 37:647-662.
- [12] Hart M M, Powell J R, Gulden R H, et al. Detection of transgenic cp4 epsps genes in the soil food web [J]. Agronomy for Sustainable Development, 2009, 29(4):497-501.
- [13] Lee B, Park J Y, Park K W, et al. Evaluating the persistence of DNA from decomposing transgenic watermelon tissues in the field [J]. Journal of Plant Biology, 2010, 53(5):338-343.
- [14] Donegan K K, Seidler R J, Doyle J D, et al. A field study with genetically engineered alfalfa inoculated with recombinant *Sinorhizobium meliloti*: effects on the soil ecosystem [J]. Journal of Applied Ecology, 1999, 36(6):920-936.
- [15] Hu S, Chapin F S, Firestone M K, et al. Nitrogen limitation of microbial decomposition in a grassland under elevated CO₂ [J]. Nature, 2001, 409:188-191.
- [16] Moreau J W, Zierenberg R A, Banfield J F. Diversity of dissimilatory sulfite reductase genes (*dsrAB*) in a salt marsh impacted by long-term acid mine drainage [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(14):4819-4828.
- [17] Zhao Y, Xiao X, Bi D, et al. Effects of sulfur fertilization on soybean root and leaf traits, and soil microbial activity [J]. Journal of Plant Nutrition, 2008, 31(3):473-483.

科学出版社新书推介

农作物多基因型种群育种 及种子生产技术体系



李晓方
科学出版社
定价:60
出版时间:
2012.2
语种:中文
装帧:平装

相对于目前均一化的单一基因型育种学(选个体)的主流体系而言,该书提出了多基因型种群育种学的新方向,总论从遗传育种学理念与技术的微观角度,论述农作物多基因型种群育种体系的概念、原理和技术,也从农作物种子体系变革的宏观角度,论述多基因型种群育种技术的价值和意义,各论论述了不同类型作物培育多基因型种群产品、多基因型分子设计和转基因种群的育种方法。面向 80% 中低产田大规模推广应用该技术体系,将在保持高生产力的同时有利于从农业生产系统源头上恢复作物遗传多样性缓解病虫害灾害,减少农药使用,提高稳产性,增加农产品安全性和促进作物可持续生产,其系列知识产权将为应对国外知识产权诉讼提供新的解决方案和应对措施,并显著提升种业核心竞争力、保障国家粮食安全。

购书网站:

学士书店:<http://www.xueshi.com.cn>;

当当网:<http://www.dangdang.com/>;

亚马逊:<http://www.Amazon.cn>;

京东图书:<http://book.360buy.com/>

获取更多图书信息请您关注

<http://www.lifescience.com.cn/>

欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书