

不同水肥条件对农田土壤细菌生理菌群的影响

张雷^{1,2}, 许艳丽², 李春杰², 韩晓增², 魏巍^{1,2}

(¹东北林业大学生命科学学院, 黑龙江 哈尔滨 150040; ²中国科学院东北地理与农业生态研究所, 黑龙江 哈尔滨 150081)

摘要:采用田间试验研究了大豆苗期、花期和鼓粒期在干旱、自然和充足三种水分及无肥、无机肥和无机肥+有机肥三种施肥方式条件下, 根际土壤中氨氧化细菌、自生固氮菌和反硝化细菌三种不同生理菌群的变化。结果表明: 施用无机肥条件下自然降水使氨氧化细菌数量高于充足水和干旱处理, 干旱使好气性自生固氮菌和反硝化细菌数量高于自然降水和充足水, 在自然降水条件不同施肥使功能性细菌发生变化, 施肥促进三种功能菌的生长, 其中, 有机肥配施化肥的效果最为显著。反硝化细菌各处理数量相近, 有机肥数量稍高。

关键词:大豆; 氨氧化细菌; 自生固氮菌; 反硝化细菌

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:1000-9841(2009)02-0251-05

Effect of Water and Fertilizer Conditions on the Bacterial Physiological Groups of Soybean Field

ZHANG Lei^{1,2}, XU Yan-li², LI Chun-jie², HAN Xiao-zeng², WEI Wei^{1,2}

(¹Northeast Forestry University Academy of Life Science, Harbin 150040, Heilongjiang; ²Northeast Institute of Geography and Agroecology, CAS, Harbin 150081, Heilongjiang, China)

Abstract: Field experiments were conducted to determine the difference of ammonia-oxidizing bacteria, aerobic nitrogen-fixing bacteria and denitrifying bacteria in soybean seedling, florescence and seed filling stage at conditions with drought, natural water and sufficient water treatment, no-fertilizer, chemical fertilizer and chemical fertilizer with manure treatment. The results indicated that the number of ammonia-oxidizing bacteria in the natural water treatment was higher than those in the drought and sufficient water treatments, the quantity of aerobic nitrogen-fixing bacteria and denitrifying bacteria in the drought treatment was the highest, fertilization promoted the growth of the three types of bacterial physiological groups, while the application of manure with chemical fertilizer increased the quantity of three bacterial significantly. The quantity of denitrifying bacteria was influenced scarcely by different fertilizer treatments, chemical fertilizer with manure treatment was slightly beneficial to the denitrifying bacteria.

Key words: Soybean; Ammonia-oxidizing bacteria; Aerobic nitrogen-fixing bacteria; Denitrifying bacteria

土壤是作物赖以生存的基础。由于农田管理长期处于掠夺式经营的状态, 致使农田生态系统物质循环较差, 土壤质量严重退化^[1]。在农业生产中, 通过调节水、肥、气、光、热等外在因素可以促进土壤中碳、氮、磷等元素的循环, 进而改善了土壤的健康状况^[2]。其中, 灌溉和施肥作为两种更易掌握和控制的措施, 在生产实践中颇受重视。

大气降水为黑土区唯一水分来源^[3], 水分与养分之间、作物与水肥之间相互促进与拮抗的动态平衡关系, 以及作物生长发育和产量形成对这些关系

的反应称为水肥耦合。合理的水肥交互作用促进作物的生长, 有效提高产量。水分不足或过多, 都会从不同的方面产生抑制作用从而影响植株的正常生长^[4]。大豆产量很大程度上依赖于水分供应的多少, 但水分过高对大豆生产有毒害作用^[5]。施用化肥提高了保水性, 施用有机肥在含水量高的时候, 有排水的作用^[6]。同时, 水肥交互作用在改善土壤微生物群落结构上的作用也越来越引起了重视。作为土壤的重要组成部分, 微生物参与了其中的物质转换和能量循环。微生物作为土壤健康状况的重要指

收稿日期: 2008-12-01

基金项目: 中国科学院知识创新工程重要方向资助项目(kzcx2-yw-408-3)。

作者简介: 张雷(1983-), 男, 在读硕士, 主要从事植物病害和土壤微生态研究。E-mail: zhei1983@163.com。

通讯作者: 许艳丽, 研究员, 博士生导师。E-mail: xyll@neigae.hrb.ac.cn。

标之一^[7],其活性和群落结构特征可以反映出土壤的质量。明晰其分布,可指示出生态系统功能的变化,更有利于控制给水和施肥的水平,从而获得更加理想的作物产量。

细菌生理菌群是土壤微生物中一类具有功能的细菌。细菌生理菌群因所处环境的不同会呈现不同的数量分布,而土壤特性也会受生理菌群的构成所影响。通过对土壤中有机物质分解,合成,元素转化等功能,细菌生理菌群表现出其代谢功能的多样性,各生理菌群的分布在一定程度上反映出了土壤养分的利用状况和健康程度,各类生理菌群的功能与微生态互作之间的研究较为广泛。大豆轮作系统利于土壤中有益功能菌的积累,反硝化细菌等有害类群以连作土中数量占优^[8]。尿素可提高土壤水解氮含量,使土壤脲酶活性提高,促进硝化细菌的生长,进而提高硝化率和硝化势^[9]。秸秆覆盖可明显增加各土层中氨氧化细菌的数量,氨氧化细菌的数量高峰均出现在8月或9月^[10]。水稻根圈有明显根圈效应,亚硝化细菌和反硝化细菌的存在,是引起土壤硝化、反硝化气态N损失的潜在动力^[11]。

以往关于水肥条件与土壤微生物之间关系的研究主要集中在真菌,细菌,放线菌这三大土壤微生物类群上。有机肥及单肥P处理显著促进真菌、细菌生长,提高真菌/细菌比值^[12]。淹育处理水稻土的真菌特征性脂肪酸所占比例减少,真菌与细菌特征性脂肪酸比值下降,非淹育处理水稻的微生物平均吸光值(AWCD)显著低于淹育和淹育晾干处理^[13]。施用化学肥料有提高土壤微生物量的效应,但过量施用NPK化肥,降低了土壤微生物量碳含量,而长期化肥配施有机肥不仅显著提高了土壤微生物碳氮量,而且提高了土壤微生物的分子多样性^[14]。

但水肥条件与细菌生理菌群之间关系的研究较少涉及,为了评价不同水肥条件对农田土壤细菌生理菌群的影响,针对大豆不同生育时期根际土壤中的好气性氨氧化细菌,好气性自生固氮细菌以及反硝化细菌3种细菌的生理菌群的种群结构进行研究。从土壤微生物功能角度分析给水和施肥条件对土壤细菌生理菌群的影响,以期揭示给水和施肥措施在农业生产上的作用,找到更加有效提高产量的方法。

1 材料与方法

1.1 试验设计

试验在中国科学院海伦生态试验站可精确控水

的水分平衡场进行。该站位于北纬47°26',东经126°38',土壤为典型中层黑土,地势平坦,肥力均匀。种植作物为大豆,品种是黑农35,正常田间管理,无机肥施入尿素和二铵,施入量为N 69.0 kg·hm⁻²、P₂O₅ 46.0 kg·hm⁻²,有机肥施入腐熟猪粪,施入量为29.985 t·hm⁻²,前茬地秋翻时施入。随机区组,4次重复,小区面积50.4 m²。小区与小区之间用防水材料隔离,小区池埂用钢筋水泥浇灌,在自然降水区一端设一径流场。共分5个处理:分别是(I)自然水+无肥(S₂F₁);(II)自然水+无机肥(S₂F₃);(III)自然水+无机肥+有机肥(S₂F₄);(IV)干旱+无机肥(S₁F₃);(V)充足水+无机肥(S₄F₃)。其中充足水为田间持水量75%以上,低于要求持水量时,计算后进行适量灌溉,使之达到标准。

1.2 土壤样品的采集

分别于大豆的苗期(R1)、花期(R2)、鼓粒期(R3)3个生育时期进行取样,各处理均用土钻按五点取样法进行采集。去除表土,采集0~20 cm土壤样品,混合均匀后用无菌封口袋包扎密封,用冰盒带回,4℃保存备用。

1.3 培养基的选择

氨氧化细菌测定选择蛋白胨氨化培养基;好气性自生固氮细菌测定选择阿须贝无氮培养基;反硝化细菌选择铵盐培养基。各培养基的配方参考文献[7]。

1.4 细菌生理菌群测定方法

制备指定稀释浓度土壤悬液作为接种材料。在适于各细菌生理菌群的液体培养基中用微量移液枪进行接种,每管接种1 mL土壤悬液,每个稀释度重复接3管。接种后,25℃黑暗条件下避光培养。氨氧化细菌和好气性自生固氮菌培养7 d,反硝化细菌培养14 d,根据不同稀释度试管内细菌生理菌群的有无情况,用最大或然法(MPN)求得每克干土中该生理菌群的数量,记录测试结果。

2 结果与分析

2.1 不同给水措施对土壤氨氧化细菌的影响

氨化细菌类群参与土壤中有机态氮转化为氨的过程,是硝化过程不可缺少的一步^[15]。由于这类细菌的活动,使土壤中不能被植物利用的有机含氮化合物转化为可给态氮,实现亚硝化作用。氨氧化细菌的存在为农作物提供了大量可利用的氮素营养,

为农作物的生长提供了良好的营养条件。

在大豆苗期、花期和鼓粒期施用无机肥,三种不同给水条件下,自然水处理氨氧化细菌数量均高于干旱和充足水处理(图1),自然水处理氨氧化细菌量在苗期、花期和鼓粒期分别是干旱和充足水处理的10.5倍和7倍,3倍和3.9倍,17倍和3.9倍。自然水和充足水处理氨氧化细菌量均表现为进入花期菌量逐渐升高,随后又逐渐降低。随时间推移,干旱处理菌量变化较为缓慢,呈现逐渐降低的趋势。由此可以看出,干旱和充足水都抑制了土壤中的氨氧化细菌的生长,可能是由于充足的给水导致土壤通气不畅,厌养条件导致氨氧化细菌不易利用氧气分解铵盐,较不利于好气性氨氧化细菌的生长。干旱导致土壤趋酸且土壤中缺水影响细菌对养分的利用,这使土壤环境不适于氨氧化细菌的生长,数量较低。苗期温度低且根系不发达,菌量较少。花期至鼓粒期,温度逐渐升高,超过氨氧化细菌的最适生长温度,其菌量由此呈下降的趋势。

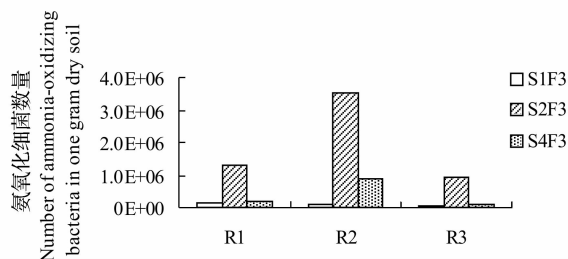


图1 给水对不同生育时期大豆田氨氧化细菌的影响

Fig. 1 Effect of water treatment on the number of ammonia - oxidizing bacteria

2.2 不同施肥措施对土壤氨氧化细菌的影响

在大豆苗期、花期和鼓粒期自然降水供水,三种不同施肥条件下,无机肥+有机肥处理氨氧化细菌数量均高于无机肥和无肥处理,无机肥处理居中(图2),无机肥+有机肥处理氨氧化细菌量在苗期、花期和鼓粒期分别是干旱和充足水处理的6倍和6倍,4倍和10倍,2倍和3倍。三个处理随时间推移变化较为一致,均表现为菌量逐渐升高,至花期达到最大值,随后菌量又逐渐降低。肥料的施用对于氨氧化细菌量的变化有很大的影响,氮肥的施入为氨氧化细菌创造了良好的营养条件,尿素的迅速水解也可在短时间内使土壤pH值上升,利于其生长。有机肥更为氨氧化细菌提供充足的有机态氮供其利用,同时多种营养物质的施入利于土壤中各菌群的协同生长,营养循环顺畅,更加有利于菌群的生长

繁殖。

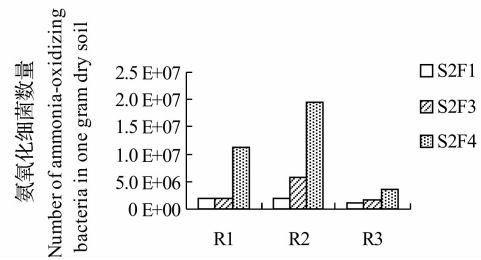


图2 施肥对不同生育时期大豆田氨氧化细菌的影响

Fig. 2 Effect of fertilizer treatment on the number of ammonia - oxidizing bacteria

2.3 不同给水措施对土壤好气性自生固氮细菌的影响

自生固氮菌具有固定大气中氮素的能力,使气态氮转变为植物可以利用的形态,这对于土壤中的氮素补充和平衡具有重大的作用。另外,固氮细菌还能形成维生素和异生长素,不仅能刺激农作物生长发育,提高产量,也能加强其他微生物的生命活动,促进土壤有机质的矿化作用^[16]。

大豆三个生育时期内采用无机肥施用方式,三种不同给水条件下,苗期自然水的自生固氮菌数量高于充足水和干旱处理(图3),分别是充足水和干旱处理的5倍和8倍。花期各处理菌量均达到最大值,其中干旱处理高于自然水处理,充足水处理最低,分别是自然水处理和充足水处理的1.5倍和9.6倍。至鼓粒期,各处理氨氧化细菌数量均减少。氧气对自生固氮细菌菌群变化有较大的影响,充足水处理的土壤中自生固氮细菌的数量保持在一个很低的水平,这可能与水分过多致使通气不畅有关。干旱处理其菌量于花期迅速增加,高于自然水和充足水处理,可能是由于干旱处理土壤水分含量低,导致养分循环不畅且土壤pH值较低,环境条件不利于大部分异养微生物和化能自养微生物的生长,

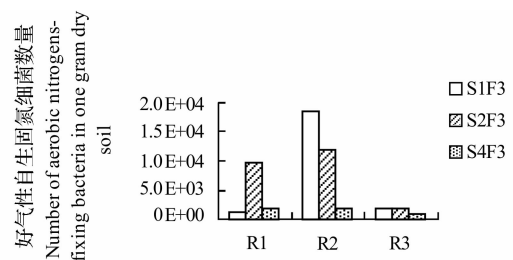


图3 给水对不同生育时期大豆田好气自生固氮细菌的影响

Fig. 3 Effect of water treatment on the number of aerobic nitrogens - fixing bacteria

其他菌群对自生固氮菌的竞争减弱且自生固氮菌较适应其所在生境,这些可能是引起自生固氮菌数量大量增加的原因。鼓粒期各处理菌量均表现出下降的趋势,可能是由于温度升高、有害物质的积累和土壤趋酸等因素引起的。

2.4 不同施肥措施对土壤好气性自生固氮细菌的影响

采用相同的灌水方式,三种不同施肥条件下,苗期无机肥处理的自生固氮菌数量略高于有机肥+无机肥和无肥处理(图4)。大豆花期和鼓粒期无机肥+有机肥处理的自生固氮菌数量均高于无机肥和无肥处理,分别是无机肥和无肥处理的2.15倍和7.17倍,1.75倍和2.33倍。有机肥的配施对土壤中的物理、化学和生物性质都有很大的改善,同时为氨氧化细菌不同阶段的的生长发育提供了更加全面的营养,因此随着时间的推移,无机肥+有机肥处理的自生固氮菌数量大量增加且高于无机肥和无肥处理。无肥处理由于其营养匮乏,不能满足微生物的营养需求,自生固氮菌生长同样受到了抑制,其数量在各处理中最少。

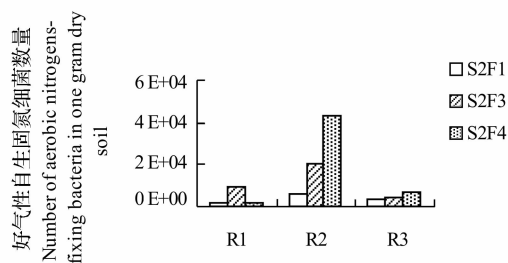


图4 施肥对不同生育时期大豆田好气自生固氮细菌的影响
Fig. 4 Effect of fertilizer treatment on the number of aerobic nitrogens - fixing bacteria

2.5 不同给水措施对土壤反硝化细菌的影响

生物的反硝化作用是氮素循环的另一重要过程^[17]。施肥条件相同,三种不同给水条件下,干旱处理反硝化细菌数量在大豆三个生育时期均高于自然水和充足水处理(图5),分别是自然水处理和充足水处理的6.4倍和4.7倍,1.39倍和1.52倍,1.21倍和1.11倍。随着时间的推移,反硝化细菌数量呈上升的趋势。可能是由于干旱处理更利于兼性的反硝化细菌的积累,而充足水处理中由于土壤湿度大,通气不良,利于反硝化细菌对硝酸盐进行还原,因此其反硝化细菌的数量略高或相近于自然水处理。

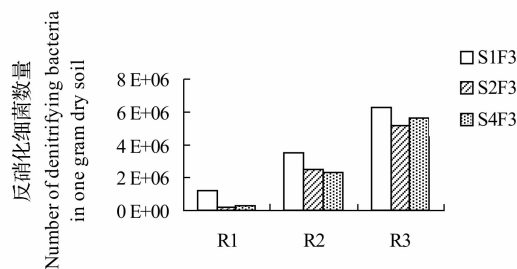


图5 给水对不同生育时期大豆田反硝化细菌的影响

Fig. 5 Effect of water treatment on the number of denitrifying bacteria

2.6 不同施肥措施对土壤反硝化细菌的影响

水分条件相同,三种不同施肥条件下,各处理土壤中的反硝化细菌的数量在苗期和花期相近,鼓粒期无机肥+有机肥其处理数量较多(图6)。各处理反硝化细菌数量呈增多的趋势,无肥处理土壤中的反硝化细菌数量在各生育时期均为最低。可能是由于肥料的施入为反硝化作用的顺利进行提供了更多可利用的有机物质,无肥料施入致使细菌生长所需营养匮乏,因此抑制了反硝化细菌的生长。随着时间的推移,土壤中大豆残体难分解物质的增加、有害物质的积累和养分竞争加剧等因素抑制了土壤中各生理菌群的生长和繁殖,而无机肥配施有机肥有效的改善了土壤的生境,N素循环更加顺畅,这些可能都是导致无机肥+有机肥处理土壤中反硝化细菌数量随时间变化大量增加的原因。

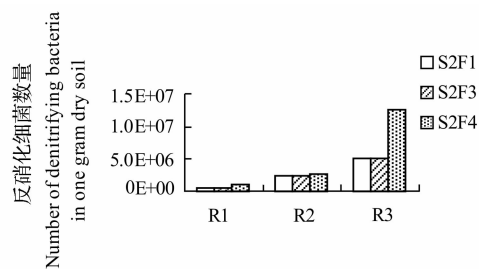


图6 施肥对不同生育时期大豆田反硝化细菌的影响

Fig. 6 Effect of fertilizer treatment on the number of aerobic nitrogens - fixing bacteria

3 结论和讨论

施肥条件相同时,自然水处理更益于氨氧化细菌生长繁殖,水分条件过早或过涝不利于其生长;给水条件相同时,无机肥配施有机肥更利于氨氧化细菌的生长,无肥抑制了其生长。在施肥条件相同时,过量的灌水抑制了自生固氮菌的生长,在水分较缺乏的生境也能正常完成其生理过程;给水条件相同

时,肥料的施入利于自生固氮菌的生长,有机肥的配施在大豆生育后期对其生长更为有利。施肥条件相同时,过涝影响了反硝化细菌的生长,水分缺乏这种恶劣的环境对其影响较小;给水条件相同时,配施有机肥有利于反硝化细菌的积累。

水分和养分对农作物的作用和功能不同。水分和养分的改变给土壤带来诸如土壤团聚体的分散与聚合、有机碳氮的周转与转化、土壤 pH 变化等理化性质的改变的同时,也影响着土壤中微生物群落的形成和生长。反之,微生物群落的合理构成也对营养和水分的合理分配和运转有积极的作用,三者密不可分。研究显示,氨氧化细菌等有益功能菌的积累与土壤的肥力存在正相关,这同张华勇等报道氨氧化细菌和好气性自生固氮菌在改善土壤环境,提高土壤肥力等方面起着重要作用等结论相一致,肥和细菌生理菌群的互作在促进了肥料的迅速转化的同时,提供了大量可给态的养分,利于土壤中微生物和作物的生长,协调土壤微生态的各组分的功能^[18]。其中,有机肥的施用在促进各功能菌群生长上的作用尤为突出。

结果表明,过涝对好气性细菌生理菌群有抑制的作用,这可能是通气不良导致的厌氧条件所致,通气性的改善更有利于好气性生理菌菌量的增加,不同的给水条件对土壤的通气性及养分的利用等有显著的影响,此结论在王淑彬等的报道中也有提及^[19]。王春风研究指出,中水条件更利于大豆品质的提高^[20]。倪君蒂等也指出,半淹处理明显抑制苗根的生长和降低苗的根冠比,淹水对根瘤有抑制作用^[21]。另外,大豆生长受过涝抑制,根系分泌物减少,养分的缺乏可能也是过涝的水条件影响土壤中微生物生长的又一原因。因此调节给水和施肥的水平可有效的改变土壤中生理菌群的分布和数量,在生产实践中有必要结合微生物群落的研究选择最适的给水和施肥条件,使之更利于健康的微生态环境的建立,进而提高农作物产量。

致谢:感谢海伦农业生态试验站的大力协助,同时感谢王守宇和乔云发老师在试验中给予帮助和支持。

参考文献

- [1] 孙羲.作物营养与肥料[M].北京:农业出版社,1990:26-29. (Sun X. Crop nutrition and fertilizer[M]. Beijing: Agricultural Press,1990:26-29.)
- [2] 王子龙,付强,姜秋香.土壤肥力综合评价研究进展[J].农业系统科学与综合研究,2007,23(4):15-18. (Wang Z L, Fu Q, Jiang Q X. Research progress in the integrated evaluation of soil fertility[J]. System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture,2007,23(4):15-18.)
- [3] 韩晓增,王守宇,宋春雨,等.海轮地区农业土壤水分动态平衡特征研究[J].农业系统科学与综合研究,2003,19(4):252-255. (Han X Z, Wang S Y, Song C Y, et al. Research of the feature of the dynamic balance on the soil moisture in farmland of blank soil in Hailun district[J]. System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture,2003,19(4):252-255.)
- [4] 王美兰,白福秋,陈重,等.大豆需水规律与增产措施的研究[J].黑龙江水利科技,1998(2):9-20. (Wang M L, Bai F C, Chen C. Research of the feature of water condition and the yield of soybean[J]. Heilongjiang Science and Technology of Water Conservancy,1998(2):9-20.)
- [5] 乔云发,韩晓增,苗淑杰,等.黑土区水肥耦合对大豆产量的影响[J].大豆通报,2007,1:25-27. (Qiao Y F, Han X Z, Miao S J, et al. Effects of water and fertilizer coupling on yield of soybean at black soil area[J]. Soybean Bulletin,2007,1:25-27.)
- [6] 宋春雨,张兴义.不同施肥措施对黑土土壤水分及保水性的影响[J].农业系统科学与综合研究,2007,23(2):161-171. (Song C Y, Zhang X Y. Impact of fertilization methods on soil water and soil water retention[J]. System Sciences and Comprehensive Studies in Agriculture,2007,23(2):161-171.)
- [7] 许光辉,郑洪元.土壤微生物分析手册[M].北京:农业出版社,1986:35-39. (Xu G H, Zheng H Y. Soil microbial analysis of the manual[M]. Beijing: Agricultural Press,1986:35-39.)
- [8] 刘新品,许艳丽,李春杰,等.大豆轮作系统对土壤细菌生理菌群的影响[J].大豆科学,2007,26(5):723-727. (Liu X J, Xu Y L, Li C J. Effect of soybean rotation system on the bacterial physiological groups[J]. Soybean Science,2007,26(5):723-727.)
- [9] 钟文辉,蔡祖聪,尹力初,等.种植水稻和长期施用无机肥对红壤氨氧化细菌多样性和硝化作用的影响[J].土壤学报,2008,45(1):105-111. (Zhong W H, Cai Z C, Yin L C, et al. Effects of rice cultivation and long-term application of inorganic fertilizers on ammonium oxidizers diversity and nitrification of red soils[J]. Acta Pedologica Sinica,2008,45(1):105-111.)
- [10] 高美英,刘和,冀常军,等.覆盖对果园土壤氨化细菌数量年变化的影响[J].土壤通报,2000,31(6):273-274. (Gao M Y, Liu H, Ji C J. Effect of covering on the Ammonia-oxidizing bacteria in the orchard[J]. Chinese Journal of Soil Science,2000,31(6):273-274.)
- [11] 李振高.小麦苗期根系分泌物对根际反硝化细菌的影响[J].土壤学报,1995,32(4):408-413. (Li Z G. Influence of the root exudates of wheat shoots on the denitrifiers in rhizosphere[J]. Acta Pedologica Sinica,1995,32(4):408-413.)
- [12] 白震,张明,闫颖.长期施用氮、磷及有机肥对农田黑土 PLFA 的影响[J].浙江大学学报,2008,34(1):73-80. (Bai Z, Zhang M, Yan Y. Effect of long-term fertilization of nitrogen, phosphorus and organic fertilizer on PLFA in chinese arable mollisol[J]. Journal of Zhejiang University,2008,34(1):73-80.)

(下转第 265 页)

近缘野生大豆和豆科杂草的可能^[8,15]。尽管已知大豆天然杂交率只有 0.5% ~ 1%,通过花粉传播使基因漂移的可能性极小或不存在。但一旦发生这 0.5% ~ 1% 的可能,将对大豆资源和生态平衡将产生不可估量的严重后果。在试验中,未发现风媒引起基因漂移,但这只是初步的结果,还需要进行较长时期的跟踪监测,不能得出最终的结论;在特定的环境和试验条件下,在有大量虫媒传粉的情况下,抗草甘膦大豆的抗草甘膦基因还是有可能漂移至栽培大豆的,但漂移概率很低,只有 0.05%,漂移距离只有 70 cm。这就要求在种植抗草甘膦大豆时要慎之又慎。

黑土生态系统是大豆种植区的主要土壤类型,是世界宝贵的三大黑土区之一,近年来的研究表明,转基因作物的外源基因和基因表达产物可通过根系分泌物或残茬进入土壤生态系统,进而对土壤生物功能类群及多样性造成影响。初步探讨 RRS 对根际土壤微生物数量和多样性有影响。但由于土壤生态系统的复杂性,需要将转基因大豆对土壤的生物多样性和土壤中的相关功能的影响进行深入的研究。

参考文献

- [1] Pia Malnoe. A progress report; Biosafety considerations on transgenic potato plants expressing antifungal genes [C]//Sino- Italian Workshop on Biosafety Symposium, Beijing; 2001: 77-81.
- [2] Lipp M, Brodmann P, Pietsch K, et al. IUPAC collaborative trial study of a method to detect genetically modified soybeans and maize in dried powder [J]. Journal of AOAC International, 1999, 84(4): 923-928.
- [3] York A C, Stewart A M, Vidrine P R, et al. Control of volunteer glyphosate-resistant cotton in glyphosateresistant soybean [J]. Weed Technology, 2004, 18: 532-539.
- [4] Carol Mallory Smith, Maria Zapiola. Gene flow from glyphosate-resistant crops [J]. Pest Management Science, 2008, 64: 428-440
- [5] Wang T, Li Y, Shi Y, et al. Gene flow from cultivated herbicide-resistant foxtail millet to its wild relatives; a basis for risk assessment of the release of transgenic millet [C]//Sino- Italian Workshop on Biosafety Symposium, 2001, 82-87.
- [6] Zhu Z. Development of highly insect-resistance transgenic rice and its risk assessment [C]// Sino-Italian Workshop on Biosafety Symposium, Beijing; 2001, 49-62.
- [7] 雷勃钧, 吕晓波, 单红, 等. PCR-ELISA 法对大豆品种的转基因定性检测研究 [J]. 大豆科学, 2004, 1, 55-58. (Lei B J, Lu X B, Shan H, et al. Study on qualitative test of transgenes by PCR-ELISA in soybean cultivars [J]. Soybean Science, 2004, 1, 55-58.)
- [8] 刘琦, 李希臣, 刘昭军, 等. 抗草甘膦转基因大豆基因漂移的研究 I 大豆风媒介传粉的基因漂移实验研究 [J], 黑龙江农业科学, 2008(1): 14-16. (Liu Q, Li X C, Liu Z J, et al. Study on gene flow of roundup ready soybean with CP4 EPSPS. I Study on roundup ready gene move to soybean by anemophily [J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2008(1): 14-16.)
- [9] Li N, Wang H Y. Effect of RRS on nitrogen transition and related bacteria in rhizosphere soil [J]. Journal of Northeast Agricultural University (English Edition), 2007, 14(4): 333-336.
- [10] Mark Tepfer. Biosafety questions concerning virus-resistant transgenic plants [M]// Sino- Italian Workshop on Biosafety Symposium, Beijing, 2001; 67-71.
- [11] Shirong Jia. Commercialization of Bt Cotton and Its Environmental Risk Assessment in China [C]//Sino- Italian Workshop on Biosafety Symposium, Beijing, 2001; 34-38.
- [12] Di Giovanni et al. Comparison of parental and transgenic alfalfa rhizosphere bacterial communities using biology GN metabolic fingerprinting and antrobacterial repetitive intergenic consensus sequence-PCR (ERIC-PCR) [J]. Microbial Ecology, 1999, 37: 129-139.
- [13] Donegan 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: 920-936
- [14] 许光辉, 郑洪元. 土壤微生物分析方法手册 [M], 北京: 农业出版社. 1986. (Xu G H, Zheng H Y. The analytical method handbook of edaphon [M]. Beijing: Agricultural Publishing Company, 1986)
- [15] 刘琦, 李希臣, 刘昭军, 等. 抗草甘膦转基因大豆基因漂移的研究 [J]. 江苏农业学报, 2008, 24(增刊): 84-87. (Liu Q, Li X C, Liu Z J, et al. Study on gene flow of roundup ready soybean with CP4 EPSPS [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2008, 24(Supplement) 84-87.)

(上接第 255 页)

- [13] 刘岳燕, 姚槐应, 黄昌勇. 水分条件对水稻土微生物群落多样性及活性的影响 [J]. 土壤学报, 2006, 43(5): 818-834. (Liu Y Y, Yao K Y, Huang C Y. Influence of Soil moisture regime on microbial community diversity and activity in a paddy soil [J]. Acta Pedologica Sinica, 2006, 43(5): 818-834.)

- [14] Ebhin Mastro R, Chhonkar P K, Dhyhan Singh, et al. Changes in soil biological and biochemical characteristics in a long-term field trial on a subtropical incept soil [J]. Soil Biology & Biochemistry. 2006, 38(7): 1577-1582.
- [15] Wang Y, Zhang Y P. NH_4^+ adsorption in a Eum-orthic anthrosol at different solution/soil ratios and temperatures [J]. Pedosphere,