

南繁条件下转基因水稻对根际土壤微生物的影响

徐 林^{1,2}, 黄启星², 左 娇², 孔祥义³, 王旭初², 郭安平²

¹海南大学农学院, 海南 海口 570228; ²中国热带农业科学院热带生物技术研究所, 海南 海口 571101;

³三亚市南繁科学技术研究院, 海南 三亚 572000

摘要:【背景】随着转基因技术的发展,转基因作物的安全评价已经成为目前的研究热点。海南省南部三亚、乐东、陵水等地形成的南繁育种区是我国的“种业硅谷”,其天然气候与环境优势,为加速世代繁殖、缩短育种年限提供了条件。大量的育种材料汇集于南繁区域,在利用南繁优势的同时,也造成了潜在的生态风险,因而在南繁区开展转基因生物安全评价研究具有重要的意义。【方法】采用平板培养计数和分子鉴定手段,对海南三亚南繁区种植的转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因水稻 TT51 及其对照常规水稻明恢 63 (MH63)的根际土壤微生物进行了监测。【结果】连续 3 个种植周期(42 个采样时间点)的监测发现,TT51 与 MH63 根际土壤微生物数量变化趋势基本一致,说明转基因水稻未对根际土壤微生物数量变化趋势造成明显影响。TT51 与 MH63 根际土壤细菌类群主要种属组成一致。【结论与意义】种植转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因水稻 TT51 不会对根际土壤微生物数量和种类组成造成明显影响。本研究可为在我国南繁育种区开展转基因水稻安全评价提供数据支持。

关键词: 转 *cry1Ab/cry1Ac* 稻; 根际微生物; 平板培养计数; 分子鉴定; 南繁

Study of the effects of transgenic rice to the rhizosphere microorganisms in the Plant Breeding Base of Hainan, China

Lin XU^{1,2}, Qi-xing HUANG², Jiao ZUO², Xiang-yi KONG³, Xu-chu WANG², An-ping GUO²

¹College of Agronomy, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; ²Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou, Hainan 571101, China; ³Sanya Sci-Tech Academy for Crop Winter Multiplication, Sanya, Hainan 572000, China

Abstract: 【Background】GMO safety assessment has been a concern with the development of transgenic technology. The Plant Breeding Base of Hainan, including places of Sanya, Ledong, Lingshui, etc., benefiting from the advantageous climate and environment is very important for the Chinese seed industry, accelerating generations of breeding and shortening the breeding period. However, the concentration of various breeding materials in this area poses special potential biological safety risks. So, it's invaluable to take the GMO safety assessment in this region. 【Method】Taking the normal rice variety MH63 as control, the influence of transgenic *cry1Ab/cry1Ac* rice (TT51) on the rhizosphere microorganisms were studied by Petri dish cultivation, counting and molecular identification in the Plant Breeding Base of Hainan. 【Result】After 3 planting cycles' practice and experiment (including 42 sampling times), no significant differences in the community diversity of the rhizosphere microorganisms (bacteria, fungi, and actinomycetes) between TT51 and MH63 were observed. No obvious tendency on the change of microorganisms caused by TT51 was observed. Furthermore, the compositions of rhizosphere soil bacteria species between TT51 and MH63 were almost the same. 【Conclusion and significance】It seems that the planting of transgenic *cry1Ab/cry1Ac* rice (TT51), may not create overwhelming differences in the diversity of rhizosphere microorganisms. This study could make help for the assessment of GM rice biosafety in the Plant Breeding Base of Hainan.

Key words: transgenic *cry1Ab/cry1Ac* rice; rhizosphere microorganisms; counting of petri dish cultivation; molecular identification; Plant Breeding Base of Hainan

南繁是指秋冬季节全国各地人员到海南从事农作物品种选育、种子生产和种质鉴定等活动。长期以来,海南省南部三亚、乐东、陵水等地形成了南繁基地。南繁地区是我国独一无二的天然大温室,能够提供动植物周年生长、繁殖的优良自然条件(陈冠铭等,2006),为缩短农作物繁育年限和加速世代繁育提供了条件。近年来,随着转基因技术的发展,转基因作物安全评价备受关注。为保障南繁育种区的育种安全,急需在加强对转基因作物监管的同时,研究南繁条件下转基因作物对环境的影响,为开展转基因作物育种安全评价提供支撑。土壤微生物群落结构是衡量土壤质量的指标之一(Sharma *et al.*, 2011)。因此,研究转基因作物对根际土壤微生物的影响已经成为转基因作物安全评价的一项重要内容。国内外关于转基因作物对其根际土壤微生物的影响已屡见报道(张美俊等, 2008; Andreote *et al.*, 2009),但针对南繁条件下的此类研究较少(王昊等,2011)。本研究经过对水稻 3 个种植周期的试验,探讨转基因水稻对根际土壤可培养微生物的影响,以期在南繁区开展转基因水稻的安全评价提供数据支持。

1 材料与方法

1.1 水稻品种

本研究选取转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因水稻华恢 1 号(TT51)为材料,以其亲本水稻明恢 63(MH63)为对照。2 种材料均由中国农业科学院植物保护研究所提供。

1.2 种植规格

试验田位于海南省三亚市南繁科学技术研究院内(18°18'10"N、109°24'44"E),海拔 27 m。试验地为砂壤土,肥力中等偏上。试验地面积为 30 m × 20 m,周围有围墙隔离。转基因水稻种植区面积(5 × 5) m²,株行距 20 cm × 20 cm,其余地块均种植非转基因水稻,不同水稻由田埂进行隔离。种植期间未施用农药。

1.3 土壤样品采集

在水稻种植中心区域,采用对角线采样法随机多点采样,然后均匀混合成 1 个样品。每 10 d 采 1 次样。将土壤样品置于室内,自然风干。

1.4 根际土壤理化性质监测

将在水稻幼苗期和收获期采集的土壤经 20 目过筛后,分别对其理化性质进行测定。测定指标包括 pH、全氮、碱解氮、全磷、速效磷、全钾、速效钾等含量。该部分试验委托中国热带农业科学院分析测试中心检测。

1.5 土壤微生物培养和计数

采用平板菌落计数法(沈萍等,1999)对土壤微生物进行计数。细菌、放线菌和真菌分别用牛肉膏蛋白胨、高氏一号和孟加拉红培养基培养。采用人工计数方法统计菌落数量,计算每克干土中的菌落数/(CFU · g⁻¹)。

1.6 细菌种属鉴定

根据菌落形态,从每个样品中挑选 30 个单菌落进行平板划线纯化。提取菌体 DNA,使用 16S 通用引物 27F、1492R(王昊等,2011)对细菌、放线菌 16S rDNA 进行 PCR 扩增。采用 AxyPrep DNA gel extraction Kit 回收目的条带,送上海生工生物工程公司测序。采用 BLAST 序列比对方法,将测序结果与 GenBank 数据库进行比对,初步鉴定到属一级。

1.7 土壤线虫的计数

参考王昊等(2011)报道的方法统计土壤线虫数量。

1.8 数据分析

运用 Microsoft excel 2007 软件对数据进行 *t*-test 等统计分析。

2 结果与分析

2.1 根际土壤理化性质

由表 1 可以看出,水稻收获期与幼苗期相比,TT51 和 MH63 都存在以下情况:土壤 pH 略有上升;全氮含量基本未发生变化;碱解氮含量明显上升;全磷含量大幅度降低;速效磷、速效钾含量均明显上升。不同的是,TT51 幼苗期土壤的有机质少于收获期,而 MH63 则相反;TT51 收获期全钾含量高于幼苗期,而 MH63 在 2 个时期的全钾含量变化较小。此外,在幼苗期或收获期,TT51 与 MH63 各土壤理化指标的差异较小,说明 TT51 对其根际土壤理化性质的影响较小。

表 1 水稻幼苗期和收获期土样理化性质

Table 1 Chemical properties of soil sampled at the start of the experiments and after the growth of non-transgenic rice and transgenic rice at the Plant Breeding Base of Hainan

处理 Treatment	pH	有机质 Organic material /(g · kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen /%	碱解氮 Alkalihydrolyzable nitrogen /(mg · kg ⁻¹)	全磷 Total phosphorus /(mg · kg ⁻¹)	速效磷 Rapidly available phosphorus /(mg · kg ⁻¹)	全钾 Total potassium /%	速效钾 Rapidly available potassium /(mg · kg ⁻¹)
TT51 幼苗期 TT51 seedling stage	6.2	9.5	0.06	39.7	173.82	103.1	0.176	26.1
TT51 收获期 TT51 harvest	6.6	11.6	0.07	102.3	0.02	131.4	0.289	81.6
MH63 幼苗期 MH63 seedling stage	6.3	12.6	0.06	47.2	206.31	103.7	0.227	19.3
MH63 收获期 MH63 harvest	6.7	11.3	0.06	81.5	0.02	135.1	0.221	106.0

TT51 为转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因水稻华恢 1 号; MH63 为亲本水稻明恢 63。下同。
TT51 is transgenic *cry1Ab/cry1Ac* rice Huahui 1; MH63 is parent rice Minghui 63. The same as below.

2.2 转基因水稻对根际土壤微生物数量组成的影响

由表 2 可以看出,细菌方面,在 3 个种植周期(42 个监测时间点)中,有 16 个监测点出现明显变化。TT51 根际土壤细菌群落数量显著高于对照 MH63 的监测点有 7 个($P<0.05$),其中,极显著高于对照的监测点有 3 个($P<0.01$);TT51 根际土壤细菌群落数量显著低于 MH63 的监测点有 9 个($P<0.05$),其中,极显著低于对照的监测点有 3 个($P<0.01$)。

真菌方面,在 3 个种植周期(42 个监测时间点)中,有 21 个监测点出现明显变化。TT51 根际土壤真菌数量显著高于对照 MH63 的监测点有 5 个($P<0.05$),其中,极显著高于对照的监测点有 3 个($P<0.01$);TT51 根际土壤真菌数量显著低于 MH63 的监测点有 16 个($P<0.05$),其中,极显著低于对照的监测点有 7 个($P<0.01$)。

放线菌方面,在 3 个种植周期(42 个监测时间点)中,有 20 个监测点出现明显变化。TT51 根际土壤放线菌数量显著高于对照 MH63 的监测点有 10 个($P<0.05$),其中,极显著高于对照的监测点有 8 个($P<0.01$);TT51 根际土壤放线菌数量显著低于 MH63 的监测有 10 个($P<0.05$),其中,极显著低于对照的监测点有 3 个($P<0.01$)。

此外,通过连续 3 个种植周期监测水稻根际土壤微生物种群数量,发现土壤微生物种群数量变化与水稻生育期之间无明显相关性。TT51 与对照 MH63 根际土壤细菌、真菌和放线菌的数量变化趋势相似。从总体上看,转基因水稻对土壤微生物数量未造成明显影响。仅有个别监测时间点显示两

者间存在明显差异,但变化不成规律,这可能是由于采样和计数误差造成。

2.3 转基因水稻对根际土壤微生物物种组成的影响

采集第一种植周期水稻收获时的土壤,分别用牛肉膏蛋白胨、高氏一号培养基培养,纯化细菌、放线菌。分子鉴定及与 GenBank 序列 BlastN 比对结果显示,TT51 与 MH63 细菌种类大体相同,为芽孢杆菌属 *Bacillus*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、链霉菌属 *Streptomyces*(表 3)。

2.4 转基因水稻对根际土壤线虫的影响

在第三种植周期(14 个监测时间点)中,有 6 个监测点出现明显变化。TT51 根际土壤线虫数量显著高于对照 MH63 的监测点有 5 个,MH63 根际土壤线虫数量显著高于 TT51 的监测点有 1 个(图 1)。

3 结论与讨论

本研究在南繁条件下连续 2 年对转 *cry1Ab/cry1Ac* 水稻根际土壤可培养微生物群落数量动态进行了监测。结果显示,转 *cry1Ab/cry1Ac* 基因水稻 TT51 对根际土壤细菌、真菌和放线菌的群落数量没有明显影响,这与 Kim *et al.* (2008) 和 Wu *et al.* (2009) 的研究结果一致。此外, Lee *et al.* (2011) 运用 T-RFLP 和实时荧光定量 PCR 方法对转基因水稻的根际细菌、真菌群落进行研究,发现与非转基因水稻相比,转基因水稻不会对土壤细菌和真菌的群落结构产生影响。然而,杨保军等(2009)认为,转基因水稻根际土壤细菌、真菌和放线菌数量显著高于非转 *Bt* 基因水稻 MH63,并且转

Bt 基因水稻对根际细菌数量的影响与水稻生育期相关。本研究中仅有部分监测结果显示转基因水稻与其对照的根际土壤微生物数量存在明显差异,其中既有转基因水稻根际土壤微生物数量显著高于非转

基因的情况,也有相反的情况,但总体变化趋势一致。这可能是由平板计数的技术特点和大田试验中多种不可控条件(如气候、温度)等因素造成。因此,目前获得的初步结论仍有待进一步验证。

表 2 水稻根际土壤细菌、真菌和放线菌群落数量变化

Table 2 Population dynamics of bacteria, fungi and actinomycetes isolated from rice rhizosphere soil

采样时间 Sampling time	细菌 Bacteria/(10 ⁶ CFU · g ⁻¹)			真菌 Fungi/(10 ³ CFU · g ⁻¹)			放线菌 Actinomycetes/(10 ⁵ CFU · g ⁻¹)		
	TT51	MH63	<i>P</i>	TT51	MH63	<i>P</i>	TT51	MH63	<i>P</i>
第 2010-01-07	15.40 ± 1.35 *	33.00 ± 8.72	0.03	60.50 ± 9.19	58.00 ± 11.31	0.96	22.67 ± 1.53	32.67 ± 6.43	0.06
一 2010-01-17	48.33 ± 2.52 **	17.20 ± 2.48	0.00	93.50 ± 3.54	90.67 ± 15.18	0.43	27.00 ± 5.20	25.00 ± 2.65	0.58
周 2010-01-27	14.93 ± 0.97 **	32.00 ± 1.00	0.00	87.33 ± 5.03 **	56.67 ± 5.51	0.00	25.47 ± 3.31 *	45.33 ± 8.39	0.02
期 2010-02-05	37.00 ± 5.00 *	19.30 ± 0.42	0.02	183.50 ± 2.12 **	47.00 ± 10.39	0.00	13.95 ± 0.07 *	30.33 ± 3.79	0.02
2010-02-17	18.07 ± 2.84 *	8.00 ± 2.65	0.01	63.00 ± 4.36 **	107.67 ± 8.08	0.00	114.67 ± 5.03 **	45.67 ± 6.51	0.00
2010-03-07	—	34.33 ± 9.71	—	81.00 ± 0.00	27.67 ± 10.69	0.98	58.67 ± 2.31 **	31.33 ± 4.16	0.00
2010-03-17	37.00 ± 17.00	14.47 ± 0.38	0.15	106.67 ± 5.51 *	91.33 ± 7.77	0.05	56.67 ± 6.51	57.67 ± 3.79	0.83
2010-03-26	11.13 ± 0.67	11.47 ± 2.04	0.81	50.67 ± 7.57	59.67 ± 2.52	0.17	44.67 ± 3.21 *	62.00 ± 9.64	0.04
2010-04-06	10.67 ± 0.31 **	14.80 ± 0.53	0.00	78.00 ± 19.08 *	126.00 ± 4.00	0.01	239.00 ± 45.18 *	86.67 ± 2.52	0.03
2010-04-22	18.90 ± 4.67	12.27 ± 0.70	0.08	131.00 ± 0.00	99.33 ± 5.03	0.33	157.67 ± 16.17 **	72.00 ± 9.54	0.00
2010-05-03	20.40 ± 0.85 **	9.67 ± 0.64	0.00	—	—	—	87.33 ± 10.97	101.67 ± 18.88	0.32
第 2010-05-18	18.57 ± 0.85	19.33 ± 0.31	0.22	110.00 ± 12.49 **	150.00 ± 1.00	0.01	122.33 ± 5.51	115.00 ± 6.08	0.20
二 2010-06-08	51.22 ± 5.53	61.10 ± 1.25	0.08	59.58 ± 7.89	60.38 ± 4.11	0.88	83.97 ± 1.60 *	57.49 ± 9.27	0.04
周 2010-06-18	37.40 ± 6.18 *	19.18 ± 0.75	0.03	108.09 ± 6.57	103.62 ± 5.79	0.43	87.89 ± 11.79	80.22 ± 6.51	0.39
期 2010-06-28	18.14 ± 2.13	28.37 ± 5.21	0.06	106.96 ± 6.15	102.88 ± 4.58	0.41	75.10 ± 16.54	59.70 ± 7.73	0.25
2010-07-08	14.18 ± 0.36	17.21 ± 1.79	0.09	140.09 ± 37.63	91.00 ± 2.90	0.09	67.31 ± 5.96 *	108.55 ± 11.60	0.01
2010-07-19	8.57 ± 1.76 *	15.46 ± 0.93	0.01	85.69 ± 17.56 *	137.09 ± 12.04	0.01	8.95 ± 1.39	11.27 ± 1.73	0.15
2010-07-29	16.51 ± 1.77	27.50 ± 7.96	0.13	105.74 ± 21.68	132.08 ± 14.58	0.16	67.33 ± 4.17	70.90 ± 6.33	0.47
2010-08-08	15.38 ± 2.06	20.47 ± 4.75	0.20	142.38 ± 11.37	128.88 ± 3.66	0.12	68.63 ± 4.73	76.57 ± 4.31	0.10
2010-08-18	62.43 ± 4.62	64.23 ± 11.38	0.82	72.83 ± 7.22 **	224.01 ± 26.08	0.00	38.92 ± 4.67 *	90.73 ± 12.88	0.01
2010-08-28	13.81 ± 0.75 *	17.07 ± 0.16	0.01	112.10 ± 10.90	110.86 ± 16.88	0.92	14.65 ± 1.48	13.60 ± 5.47	0.77
2010-09-08	18.28 ± 2.28	18.40 ± 1.03	0.94	116.68 ± 15.85	110.02 ± 9.10	0.56	91.21 ± 6.52	68.37 ± 12.42	0.07
2010-09-18	21.00 ± 1.66	22.74 ± 0.08	0.21	134.64 ± 10.97	151.88 ± 14.07	0.17	69.67 ± 9.40	52.65 ± 9.51	0.09
2010-09-28	10.32 ± 0.27 *	19.59 ± 1.68	0.01	54.10 ± 9.63 *	96.62 ± 13.26	0.01	64.42 ± 9.08	49.84 ± 7.48	0.10
2010-10-08	18.24 ± 0.67	17.91 ± 1.01	0.67	129.62 ± 8.90	139.67 ± 17.35	0.42	97.11 ± 5.12 **	58.47 ± 7.44	0.00
2010-10-18	24.56 ± 2.77	33.32 ± 8.00	0.19	59.36 ± 1.17 **	99.69 ± 0.47	0.00	54.75 ± 2.91 **	67.73 ± 2.05	0.00
2010-10-28	27.65 ± 0.62 *	40.70 ± 3.39	0.02	80.07 ± 6.92 *	93.98 ± 1.70	0.03	90.12 ± 1.65	97.67 ± 7.77	0.23
第 2010-12-21	23.70 ± 1.09 *	16.09 ± 2.55	0.02	48.93 ± 5.30 **	98.19 ± 3.46	0.00	27.81 ± 0.90 **	22.58 ± 0.75	0.00
三 2010-12-29	21.60 ± 1.45 **	13.07 ± 1.05	0.00	52.22 ± 4.78 *	63.15 ± 2.87	0.03	91.97 ± 7.07	83.16 ± 5.65	0.17
周 2011-01-09	18.43 ± 1.80	20.54 ± 6.09	0.62	37.64 ± 3.53 *	50.51 ± 6.06	0.03	49.80 ± 11.43	53.87 ± 5.56	0.61
期 2011-01-17	25.87 ± 3.45	33.56 ± 5.78	0.13	36.41 ± 3.45 *	46.15 ± 4.05	0.03	48.87 ± 7.48	39.56 ± 11.23	0.30
2011-01-31	42.59 ± 2.44	53.29 ± 9.02	0.17	54.31 ± 4.74 *	72.12 ± 6.01	0.02	69.15 ± 5.11	63.71 ± 5.51	0.28
2011-02-10	47.05 ± 2.77	48.06 ± 4.90	0.77	104.89 ± 11.08 *	81.83 ± 4.46	0.03	68.65 ± 2.18 *	130.53 ± 13.81	0.01
2011-02-19	33.62 ± 6.35	30.12 ± 7.81	0.58	16.41 ± 3.67 **	85.54 ± 6.44	0.00	32.82 ± 3.67 *	60.25 ± 14.59	0.03
2011-03-02	28.57 ± 2.91	24.05 ± 1.70	0.10	50.42 ± 4.54	46.25 ± 5.70	0.38	37.81 ± 5.49	36.26 ± 2.79	0.68
2011-03-14	24.19 ± 7.25 **	87.34 ± 13.27	0.00	129.48 ± 8.69	112.11 ± 8.87	0.07	41.39 ± 6.87 **	112.44 ± 14.67	0.00
2011-03-24	33.76 ± 4.85	28.94 ± 0.55	0.23	101.94 ± 5.59	108.14 ± 8.12	0.34	64.24 ± 5.42	64.88 ± 13.86	0.94
2011-04-03	60.31 ± 4.54	68.78 ± 5.19	0.10	42.22 ± 7.12 *	72.67 ± 9.08	0.01	68.49 ± 5.17 **	41.53 ± 3.89	0.00
2011-04-12	28.41 ± 3.30	40.43 ± 6.42	0.06	16.54 ± 3.79 **	44.31 ± 4.20	0.00	56.82 ± 6.13 *	39.65 ± 4.20	0.02
2011-04-23	61.55 ± 11.72	53.60 ± 10.23	0.43	125.60 ± 19.59 *	69.64 ± 14.38	0.02	73.06 ± 2.29 **	171.77 ± 9.59	0.00
2011-05-03	51.77 ± 12.51	33.32 ± 4.28	0.11	161.52 ± 8.70	167.02 ± 8.93	0.49	84.07 ± 4.70 **	41.55 ± 8.22	0.00
2011-05-16	8.37 ± 1.26 *	12.04 ± 0.46	0.03	39.80 ± 5.07	36.25 ± 12.83	0.68	20.49 ± 1.22	23.32 ± 1.40	0.06

* 表示差异显著 ($P < 0.05$) ; ** 表示差异极显著 ($P < 0.01$) 。 — 表示数据缺失。
* indicate significant difference ($P < 0.05$) ; ** indicate greatly significant difference ($P < 0.01$) . — indicate data missing.

表 3 水稻根际土壤细菌序列 BlastN 比对结果
Table 3 BlastN results of rice rhizosphere soil bacterial sequences

处理 Treatment	提交序列 编号 Query	命中序列编号 No. of subject accession	最高得分 Max score	序列覆盖度 Query coverage	最大相似度 Max identity	E 值 E-value	种属 Genus
TT51	113	NR_025842.1	2638	0.95	0.99	0	<i>Bacillus</i> sp.
	115	NR_041702.1	2584	0.95	0.98	0	<i>Pseudomonas</i> sp.
	125	NR_041085.1	2512	0.97	0.98	0	<i>Streptomyces</i> sp.
MH63	213	NR_043401.1	2662	0.97	0.99	0	<i>Bacillus</i> sp.
	219	NR_024662.1	2034	0.99	0.98	0	<i>Pseudomonas</i> sp.
	228	NR_041066.1	2580	0.97	0.99	0	<i>Streptomyces</i> sp.

表中只列出部分鉴定结果。
Only part of the results in the table are shown.

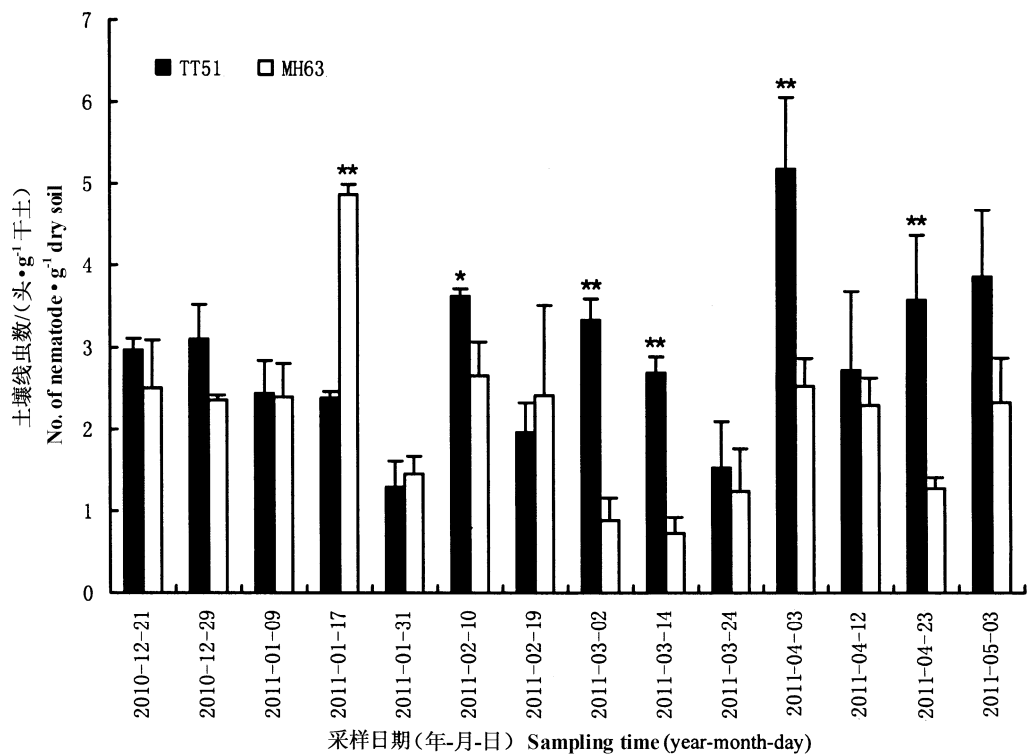


图 1 水稻根际土壤线虫群落数量变化
Fig.1 Population dynamics of nematode isolated from rice rhizosphere soil
* 表示差异显著 ($P<0.05$); ** 表示差异极显著 ($P<0.01$)。
* indicate significant difference ($P<0.05$); ** indicate greatly significant difference ($P<0.01$).

土壤微生物种属鉴定结果显示,TT51 与 MH63 根际主要微生物类群一致。但由于在常规培养条件下,土壤中可培养微生物不到其总量的 1%,仅鉴定出 3 个属,即芽孢杆菌属、链霉菌属、假单胞菌属。经过连续 3 个种植周期的监测,发现种植转基因水稻短期不会对其根际土壤微生物种类构成产生明显影响,也不会对根际微生物产生累积影响。

土壤微生物群落结构是土壤生态监测的重要内容,因此,转基因作物对其根际土壤微生物群落结构的影响还有待进一步研究,特别是采用新技术(如宏基因组测序)对不可培养微生物的研究。此

外,植物主要通过植物组织(包括植物残茬和花粉)(Icoz & Stotzky,2008; Wu *et al.* ,2009)和根部分泌物(Bardgett *et al.* ,1999)影响土壤微生物的多样性。转基因植物组织降解后,具有生物活性的外源片段有可能向土壤微生物发生基因横向转移(Pontioli *et al.* ,2009),从而使土壤微生物获得新的性状,进而改变土壤微生物多样性(包括生物多样性和功能多样性),造成潜在的生态风险。因此,后续研究还可采取 ELISA 等技术探讨外源基因及其表达产物对土壤微生物的影响(付庆灵,2011)。

参考文献

- 陈冠铭, 曹兵, 李劲松, 林亚琼. 2006. 农业南繁的形成发展与重要影响. 中国种业, 12(7): 7–8.
- 付庆灵. 2011. 种植转 *Bt* 基因棉土壤中 *Bt* 蛋白的分布. 应用生态学报, 22(6): 1493–1498.
- 沈萍, 范秀容, 李广武. 1999. 微生物学试验. 北京: 高等教育出版社.
- 王昊, 黄启星, 孔祥义, 袁经天, 郭安平. 2011. 南繁条件下转基因棉花对根际土壤微生物及棉田虫害影响的初步研究. 热带作物学报, 32(5): 874–880.
- 杨保军, 唐健, 江云珠, 彭于发. 2009. 转 *cry1Ab* 基因克螟稻对根际可培养细菌类群的影响. 生态学报, 29(6): 3036–3043.
- 张美俊, 杨武德, 李燕娥. 2008. 不同生育期转 *Bt* 基因棉种植对根际土壤微生物的影响. 植物生态学报, 32(1): 197–203.
- Andreote F D, Rossetto P B, Mendes R, Avila L A, Labate C A, Pizzirani-Kleiner A A, Azevedo J L and Araujo W L. 2009. Bacterial community in the rhizosphere and rhizoplane of wild type and transgenic eucalyptus. *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, 25(6): 1065–1073.
- Bardgett R D, Denton C S and Cook R. 1999. Below-ground herbivory promotes soil nutrient transfer and root growth in grassland. *Ecology Letters*, 2(6): 357–360.
- Icoz I and Stotzky G. 2008. Fate and effects of insect-resistant *Bt* crops in soil ecosystems. *Soil Biology and Biochemistry*, 40(3): 559–586.
- Kim M C, Ahn J H, Shin H C, Kim T, Ryu T H, Kim D H, Song H G, Lee G H and Kai J O. 2008. Molecular analysis of bacterial community structures in paddy soils for environmental risk assessment with two varieties of genetically modified rice, Iksan 483 and Milyang 204. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 18(2): 207–218.
- Lee S H, Kim C G and Kang H. 2011. Temporal dynamics of bacterial and fungal communities in a genetically modified (GM) rice ecosystem. *Microbial Ecology*, 61(3): 646–659.
- Pontiroli A, Rizzi A, Simonet P, Daffonchio D, Vogel T M and Monier J M. 2009. Visual evidence of horizontal gene transfer between plants and bacteria in the phytosphere of transplastomic tobacco. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(10): 3314–3322.
- Sharma S K, Ramesh A, Sharma M P, Joshi O P, Govaerts B, Steenwerth K L and Karlen D L. 2011. Microbial community structure and diversity as indicators for evaluating soil quality. *Biodiversity, Biofuels, Agroforestry and Conservation Agriculture*, 5: 317–358.
- Wu W X, Liu W, Lu H H, Chen Y X, Devare M and Thies J. 2009. Use of C-13 labeling to assess carbon partitioning in transgenic and non-transgenic (parental) rice and their rhizosphere soil microbial communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 67(1): 93–102.

(责任编辑: 杨郁霞)