

外来植物紫茎泽兰入侵对菌根菌群落的影响*

于文清^{1,2} 刘万学^{1**} 万方浩¹

(1. 中国农业科学院植物保护研究所 植物病虫害生物学国家重点实验室 北京 100193;

2. 黑龙江省农垦科学院 佳木斯 154007)

摘 要 为了研究紫茎泽兰(*Ageratina adenophora*)入侵对土壤菌根真菌(mycorrhizal fungi, MF)群落的影响,采用嵌套 PCR 技术分析了外来植物紫茎泽兰入侵生境内土著植物群落、土著植物与紫茎泽兰混生群落、紫茎泽兰单优群落中,侵染紫茎泽兰及土著植物的 MF 群落结构,及紫茎泽兰与土著植物根围土壤中 MF 群落结构。结果表明,紫茎泽兰不同入侵进程 MF 群落结构存在差异,其中,从土著植物群落的植物根内检测到内养球囊霉(*Glomus intraradices*)型克隆;从土著植物与紫茎泽兰混生群落的紫茎泽兰根内也检测到内养球囊霉型克隆,而在土著植物根内检测到 1 个球囊霉属(*Glomus* sp 2)型克隆;从紫茎泽兰单优群落的紫茎泽兰根内未检测到 MF,但从其根围土壤中检测到 2 个球囊霉属(*Glomus* sp 1 和 *Glomus* sp 2)型克隆。在土著植物与紫茎泽兰混生群落中,从紫茎泽兰根围土壤中检测到 4 个克隆型,分别为毛舌菌阔孢(*Trichoglossum hirsutum*)、皂味口蘑(*Tricholoma saponaceum*)、亚盖趋本菌(*Xylobolus subpileatus*)和翘鳞肉齿菌(*Sarcodon imbricatus*),从土著植物根围土壤中也检测到 4 个克隆型,分别为小皮伞(*Camarophyllopsis hymenoccephala*)、肉色香蘑(*Lepista irina*)、皂味口蘑及亚侧耳(*Panellus serotinus*)型克隆;在土著植物群落中,从根围土壤只检测到皂味口蘑型克隆。紫茎泽兰入侵改变了土著 MF 群落结构,其中在土著植物占据的土壤中外生菌根真菌为主,而外来植物紫茎泽兰则更多地积累了丛枝菌根真菌。文中讨论了紫茎泽兰改变入侵地土壤菌根菌群落及其可能对紫茎泽兰入侵的反馈。

关键词 外来植物入侵 紫茎泽兰 土著植物 植物群落 菌根真菌群落 嵌套 PCR

中图分类号: S451 文献标识码: A 文章编号: 1671-3990(2011)04-0883-07

Effects of exotic plant *Ageratina adenophora* invasion on mycorrhizal fungal community

YU Wen-Qing^{1,2}, LIU Wan-Xue¹, WAN Fang-Hao¹

(1. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests; Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China; 2. Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences, Jiamusi 154007, China)

Abstract The invasion of exotic plants and probability of successful invasion are affected by the interaction between exotic plants and soil microbes in invaded habitats. Furthermore, interactions among mycorrhizal fungi (MF) and exotic plants have been the focus of the response of soil microbial mechanisms to plant invasion. This study used nested PCR to detect MF in roots and rhizosphere soils of native weeds and *A. adenophora* in native weeds dominated community, *A. adenophora* and native weeds mixed community, and *A. adenophora* dominated community in *A. adenophora* invaded habitats. The results showed that MF community structures were different for different invasion phases. *Glomus intraradices* clones were detected in roots of native weeds grown in native weeds dominated community. *G. intraradices* clones were also noted in roots of *A. adenophora* grown in *A. adenophora* and native weeds mixed community. Only one *Glomus* (*Glomus* sp 2) clone was found in the roots of native weeds grown in *A. adenophora* and native weeds mixed community. No MF was detected in the roots of *A. adenophora* grown in *A. adenophora* dominated communities. Also two *Glomus* (*Glomus* sp 1 and *Glomus* sp 2) clones were obtained in the rhizosphere soils of *A. adenophora* dominated community. *Trichoglossum hirsutum*, *Tricholoma saponaceum*, *Xylobolus subpileatus* and *Sarcodon imbricatus* were detected in rhizosphere

* 国家自然科学基金项目(30871654)和国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2009CB119200)资助

** 通讯作者: 刘万学(1972~), 男, 博士, 副研究员, 主要从事农业外来入侵物种的入侵机理和控制策略研究。E-mail: liuwanxue@263.net
于文清(1979~), 女, 硕士, 助理研究员, 主要从事农业生态、土壤微生物应用研究。E-mail: wenqingyu09@163.com

收稿日期: 2010-11-12 接受日期: 2011-03-03

soils of *A. adenophora* grown in *A. adenophora* and native weeds mixed community. *Camarophyllopsis hymenoccephala*, *Lepista irina*, *T. saponaceum* and *Panellus serotinus* were found in rhizosphere soils of native weeds grown in *A. adenophora* and native weeds mixed community. *T. saponaceum* was found in rhizosphere soils of native weeds grown in native weeds dominated communities. MF communities were changed by *A. adenophora* invasion and ectomycorrhizal fungi (EMF) more likely habited native weeds rhizosphere soils than *A. adenophora* rhizosphere soils. Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) accumulated more in rhizosphere soils of exotic *A. adenophora* than in native weeds rhizosphere soils. The probability of invasion changed MF community response to *A. adenophora* invasion, which suggested that *A. adenophora* heartened AMF in rhizosphere soils and induced positive AMF feedback, which enhanced *A. adenophora* invasiveness. The study highlighted one of the important soil microbial mechanisms of *A. adenophora* invasion in southeast China.

Key words Exotic plant invasion, *Ageratina adenophora*, Native plant, Vegetation community, Mycorrhizal fungi community, Nested PCR

(Received Nov. 12, 2010; accepted Mar. 3, 2011)

紫茎泽兰 [*Ageratina adenophora* (Sprengel) R. King & H. Robinson] (Synonym: *Eupatorium adenophorum* Sprengel) 是一种世界入侵性恶性有毒杂草, 为菊科 (Compositae) 多年丛生型半灌木草本植物; 原产于南美洲的墨西哥至哥斯达黎加一带, 现已广泛分布于世界热带、亚热带的 30 多个国家和地区^[1-2]。紫茎泽兰约于 20 世纪 40 年代由缅甸传入我国云南边境的临沧地区, 现已在云南、贵州、四川、重庆、广西和西藏等省区广泛分布, 并仍以每年大约 20 km 的速度随西南风向东和向北传播蔓延^[3], 给入侵地的农、林、畜牧业生产造成了严重经济损失。并因其竞争排挤当地植物而很快形成单种优势群落, 造成生态环境的“绿色灾难”, 严重降低了生物多样性, 尤其是造成珍贵植物资源濒危或灭绝, 最终导致生态系统功能退化^[4-6]。因此, 如何揭示外来植物紫茎泽兰在入侵过程中对入侵地植物的竞争排斥作用及其机制, 是直接关系到最终能否成功控制和治理的核心理论问题。

植物与土壤微生物群落的互作关系可以决定植物群落的演替方向和演替进程^[7-9]。由于外来植物一旦在入侵地成功定居, 可通过种群快速扩张而形成单优群落, 不仅造成入侵地生境地上植物群落结构改变和生物多样性丧失, 且对地下土壤微生物群落结构和功能产生更深远的影响^[10], 这一生态过程和生态系统深层次的变化也必然会反过来直接或间接地影响外来植物种群的建立及外来入侵植物与本地植物的竞争关系^[11]。因此, 入侵植物与入侵地土壤微生物的互作关系是影响外来植物入侵力和生态系统可入侵性的一个重要方面, 其影响过程、反馈效应及其机理成为近年国内外备受关注的焦点^[12-13]。由于 80% 的陆地植物种都能形成菌根^[14], 菌根真菌 (mycorrhizal fungi, MF) 又是植物群落空间分布、物种组成和物种多样性的影响因素之一, 决定着植物群落演替方向及进程^[15-16], 因此, MF 与外来入侵植

物的互作关系就成为其中的研究重点^[17-18]。由于大多数外来植物都是菌根植物^[19], 一些外来入侵植物在其种群扩张过程中, 可以改变入侵地土著植物根围 MF 群落组成, 破坏土著植物与 MF 形成的互利共生, 从而削弱和降低入侵地土著植物的竞争能力^[20-22]。

目前研究发现紫茎泽兰可以通过改变土壤微生物群落结构、提高土壤肥力及化感作用来创造对自身生长有利的土壤环境, 从而形成其自我促进式反馈的入侵机制^[23-28]。本研究采用嵌套 PCR 技术与克隆技术^[29-32], 比较分析紫茎泽兰入侵生境内不同入侵进程中侵染植物根及根围土壤中 MF 群落组成和结构的差异, 以解析紫茎泽兰入侵对土著 MF 群落结构的影响。

1 材料和方法

1.1 样品采集区概况

采样点选取受紫茎泽兰入侵最为严重的云南省昆明市澄江县境内澄马公路边的山地 (24°42'N, 102°52'E, 海拔 1 988 m)。该地带属亚热带季风性气候, 年温差小, 日温差大; 夏季最热月平均温度在 19~22 °C 左右, 冬季最冷月平均温度在 6~8 °C 以上; 年降水量在 1 100 mm 左右, 降水最多的月份为 6~8 月, 约占全年降水量的 60%; 11 月至次年 4 月为旱季, 降水量只占全年的 10%~20%, 甚至更少。样区的主要土著植物为大狗尾草 (*Setaria faberii*)、马唐 (*Digitaria sanguinalis*)、野燕麦 (*Avena fatua*)、异形沙草 (*Cyperus difformis*)、风轮 (*Clinopodium confine*)、繁缕 (*Stellaria chinensis*)、野艾蒿 (*Artemisia lavandulaefolia*) 和黄花苜蓿 (*Medicago falcata*) 等。取样地土壤类型为南方红壤土, pH 7.51~7.77 (液土比为 2.5:1), 有机碳含量 29.57~54.10 g·kg⁻¹, 总氮 1.41~2.92 g·kg⁻¹, 总磷 1.34~1.42 g·kg⁻¹, 速效磷 20.92~27.35 mg·kg⁻¹, 有机磷 100.3~147.3 mg·kg⁻¹, 无机磷 1.12~1.28 g·kg⁻¹, 速效钾 94.72~199.80 mg·kg⁻¹。

1.2 土壤及根样采集与处理

2009年7月上旬,在样区选取紫茎泽兰入侵10年左右的紫茎泽兰单优群落(A)、紫茎泽兰与土著植物混生群落(A+N,紫茎泽兰在土著植物群落中丛生,丛与丛之间距离2~3 m)和土著植物群落(N)3种群落类型样方。每种群落类型各选择植物生长状态较为均匀一致的样方10个,每个样方面积约1 m²。然后分别用抖土法收集各样方的对应植物根围(0~20 cm)土壤,土壤类型分别记为A(紫茎泽兰单优群落根周土壤)、A/A+N(与土著植物混生群落内的紫茎泽兰根周土壤)、N/A+N(与紫茎泽兰混生群落内的土著植物根周土壤)、N(土著植物群落根周土壤)等4种类型土壤约1 kg,累计得到40个土壤样品。同时收集上述群落中植物的根系得到根样40个,备用。

将上述土壤样品过20目土壤筛后分别将同一来源土壤样品等量充分混合,分装成3份(每份200 mg),置于-40℃冰箱保存备用。将同一来源的植物根系等量混合后用液氮研磨、分装成3份(每份100 mg)后置入-70℃冰箱保存,3 d内完成土壤微生物总DNA提取。

1.3 DNA的提取

用试剂盒(QIAmp DNA Stool Mini Kit, Qiagen, Hilden, Germany)提取土壤微生物总DNA,用试剂盒(QIAmp DNA Plant Mini Kit, Qiagen, Hilden, Germany)提取植物根段微生物总DNA。每个来源样品提取3次DNA,用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA提取质量。并将检测合格土样DNA和根样DNA分别合并,于-40℃保存备用。

1.4 嵌套PCR(Nested-PCR)

采用嵌套PCR技术,将总DNA适当稀释后作模板,进行嵌套PCR扩增。采用GeoA2和Geo11做为第一轮PCR的引物^[33],采用NS31和AM1^[34]作为第2轮PCR的引物,嵌套引物详见表1。

表1 嵌套PCR引物信息
Table 1 Information of nested-PCR primers

引物名称 Name of primer	序列 Sequence
GeoA2	5'CCAGTAGTCATATGCTTGTCTC3'
Geo11	5'ACCTTGTTACGACTTTTACTTCC3'
NS31	5'TTGAGAGGCAAGTCTGGTGCC3'
AM1	5'GTTTCCCGTAAGGCGCCGAA3'

1.4.1 第1轮PCR

用真菌18S通用引物GeoA2和Geo11^[33](表1)进行第1轮PCR反应,PCR反应体系总体积为20 μL, ddH₂O 12.8 μL, 10×buffer 2 μL, dNTP(100 mmol·L⁻¹) 1.6 μL, Geo11(10 μmol·L⁻¹)0.4 μL, GeoA2(10 μmol·L⁻¹)

0.4 μL, Taq 酶(5 u·μL⁻¹)0.2 μL, 模板DNA 1 μL。反应程序: 94℃预变性2 min, 然后在94℃45 s, 54℃1 min, 72℃45 s下进行30个循环, 72℃7 min。为了消除PCR抑制剂,通过模板浓度梯度试验确定PCR的最佳模板浓度,将DNA样品分别稀释10倍、100倍和1 000倍,进行第1轮PCR。

1.4.2 第2轮PCR

参考Husband等^[34]的方法,以第1轮PCR产物为模板,用引物NS31和AM1^[35](表1),进行第2轮PCR。反应体系同第1轮PCR。PCR反应程序: 94℃3 min, 然后在65℃45 s, 72℃60 s下进行30个循环, 72℃延伸7 min。

1.5 第2轮PCR产物的回收

用胶回收试剂盒(DNA Gel Extraction and Purification Kit, CNS Bioservices, 北京盛旭百川生物科技有限公司)回收目的片段。用1%琼脂糖凝胶电泳检测回收片段。

1.6 第2轮PCR产物的克隆、测序及序列分析

将第2轮PCR产物切胶回收后,连接到T-载体上(pGEM-T Easy, Promega),并转化*Escherichia coli*(DH5α),37℃培养12 h后,采用蓝白斑法进行初筛,将筛得的阳性转化子,用NS31和AM1为引物,进行菌落PCR。PCR反应程序: 94℃30 s, 然后在65℃45 s, 72℃60 s下进行24个循环, 72℃延伸7 min。取5 μL扩增产物,在1%琼脂糖凝胶中进行电泳检测。将菌落PCR检测结果为阳性的克隆进行测序(仪器型号: ABI PRISMA 377)。将所得序列提交到NCBI Gene bank数据库进行序列相似性比对。用序列分析软件DNA MAN 10进行多重比对并生成系统发育树状图。

2 结果与分析

2.1 样品DNA提取质量检测

用试剂盒提取的微生物基因组总DNA在1%琼脂糖凝胶中进行电泳检测,结果显示,DNA片段大小整齐一致,没有降解,并且长度在23 kb以上,DNA的 A_{260}/A_{280} 在1.8~2.0之间,可用于PCR扩增。

2.2 嵌套PCR条件优化及电泳检测

2.2.1 模板浓度试验及第1轮PCR电泳检测

从土壤样品中提取的微生物总DNA,稀释10倍、100倍和1 000倍均不能扩增出目的片段,而根段微生物总DNA样品稀释100倍和1 000倍时均能扩增出长度约为1 800 bp的目的片段。稀释100倍时,在除了单优群落紫茎泽兰根样外,其他3个根样微生物总DNA中均扩增出与目的片段长度一致的片段;稀释1 000倍时,能在紫茎泽兰根样中扩增

出与目的片段长度一致的片段,而土著植物根段样品中却未见明显条带(图 1)。选择稀释 100 倍模板的 PCR 产物,进行下一轮 PCR。

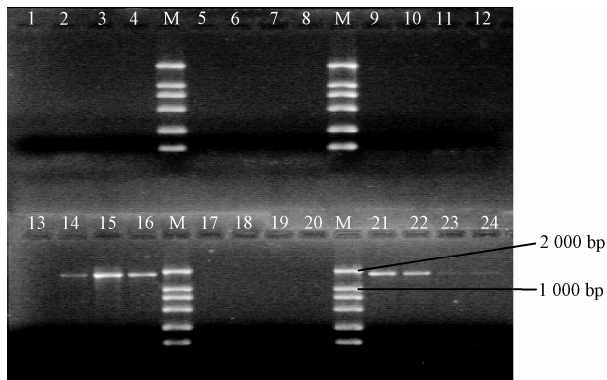


图 1 第 1 轮 PCR 产物电泳检测

Fig. 1 Agarose gel electrophoresis of first PCR product
1~4 和 5~8、9~12 和 13~16、17~20 和 21~24 分别为稀释 10 倍、100 倍、1 000 倍的 A、A/A+N、N/A+N、N 的根样和土样中微生物总 DNA。其中, A 为单优群落的紫茎泽兰, A/A+N 为与本地植物混生群落的紫茎兰, N/A+N 为与紫茎泽兰混生群落的本地植物, N 为土著植物群落中的本地植物。M 代表标记物。下同。Channels of 1~4 and 5~8, 9~12 and 13~16, 17~20 and 21~24 are microbial total DNA from root and rhizosphere soil samples of A, A/A+N, N/A+N and N with the dilution ratios of 10, 100 and 1 000, respectively. Among them, A means *A. adenophora* from *A. adenophora* dominated community, A/A+N and N/A+N mean *A. adenophora* and native weeds from the mixed community of *A. adenophora* and native weeds, N means native weeds from native weeds dominated community. M means marker. The same below.

2.2.2 第 2 轮 PCR 电泳检测

对稀释 100 倍的土壤和根段微生物总 DNA 样品为模板的第 1 轮 PCR 产物,进行了第 2 轮 PCR。第 2 轮 PCR 产物电泳检测结果表明,所有样品均能扩增出长度约为 550 bp 的目的片段(图 2a)。

2.3 第 2 轮 PCR 产物克隆及阳性克隆的筛选

将第 2 轮 PCR 产物进行琼脂糖电泳后处于 550 bp 处的条带切胶回收,经电泳检测,回收 DNA 的质量符合克隆要求(图 2b)。将回收产物克隆到大肠杆菌 DH α 中。用蓝白斑筛选得到的阳性克隆进行菌落 PCR 检验,结果表明,已成功克隆到长度约为 550 bp 的 DNA 片段。

2.4 阳性克隆序列分析

将根样中得到的 17 个阳性克隆和土样中得到的 332 个阳性克隆分别进行测序和对比。将匹配率大于 97% 的序列归为一类,共得到 10 个类型序列(表 2,图 3),分别与球囊霉属(*Glomus* sp 1 和 *Glomus* sp 2)、内养球囊霉(*Glomus intraradices*)、小皮伞(*Camarophyllopsis hymenoccephala*)、肉色香蘑(*Lepista irina*)、皂味口蘑(*Tricholoma saponaceum*)、亚侧耳(*Panellus serotinus*)、亚盖趋本菌(*Xylobolus subpileatus*)、翘鳞肉齿菌(*Sarcodon imbricatus*)和毛舌菌阔孢(*Trichoglossum hirsutum*)的 18S SSU rDNA 部分序列的匹配率在 97% 以上。

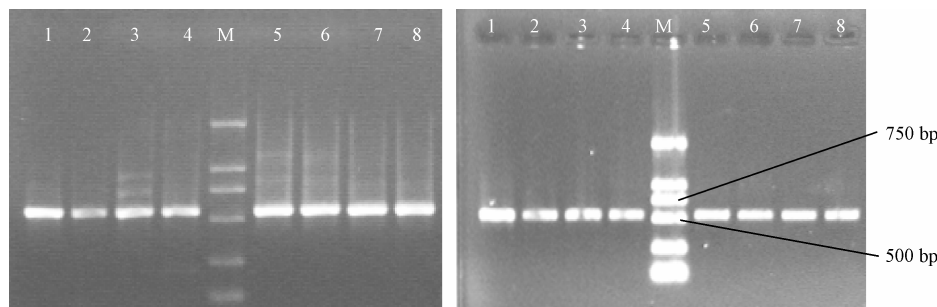


图 2 第 2 轮 PCR 产物(a)及其回收产物(b)电泳检测

Fig. 2 The agarose gel electrophoresis of second PCR product and its retrieved product
1~4 和 5~8 依次为 A、A/A+N、N/A+N 和 N 的土样和根样微生物总 DNA。1~4 和 5~8 represents microbial total DNA from rhizosphere soil and roots of A, A/A+N, N/A+N and N, respectively.

表 2 不同群落内植物根样及根围土壤样品中微生物总 DNA PCR 产物克隆数量

Table 2 Clones numbers of the DNA samples from the root and rhizosphere soil of plants in different communities

克隆类型 Type of clones	序列号 Sequence number	样品来源 Source of sample							
		根 Root				根围土壤 Rhizosphere soil			
		A	A/A+N	N/A+N	N	A	A/A+N	N/A+N	N
毛舌菌阔孢 <i>T. hirsutum</i>	AY789312.1	—	—	—	—	—	21	—	—
球囊霉属 1 <i>Glomus</i> 1	EU417640.1	—	—	—	—	5	37	—	—
球囊霉属 2 <i>Glomus</i> 2	AM946840.1	—	—	7	—	14	48	—	—
内养球囊霉 <i>G. intraradices</i>	FJ009602.1	—	5	—	5	—	—	—	—
小皮伞 <i>C. hymenoccephala</i>	DQ444862.1	—	—	—	—	—	—	16	—
肉色香蘑 <i>L. irina</i>	AY705948.1	—	—	—	—	—	—	3	—
皂味口蘑 <i>T. saponaceum</i>	AY654883.1	—	—	—	—	—	16	66	82
亚侧耳 <i>P. serotinus</i>	AF026590.1	—	—	—	—	—	—	1	—
亚盖趋本菌 <i>X. subpileatus</i>	AB084610.1	—	—	—	—	—	11	—	—
翘鳞肉齿菌 <i>S. imbricatus</i>	AY293157.1	—	—	—	—	—	12	—	—
克隆总数量 Total number of clones		0	5	7	5	19	145	86	82

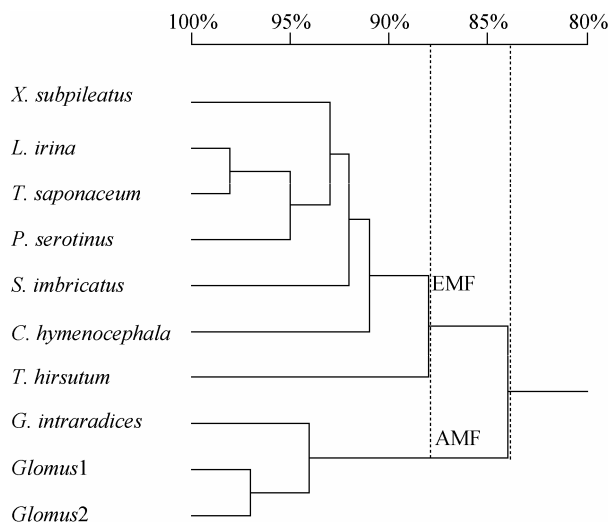


图3 微生物总 DNA 克隆序列聚类分析

Fig. 3 Clustering of DNA sequences of microorganisms

来自单优群落的紫茎泽兰(A)根样微生物总DNA的PCR产物克隆子中未得到阳性克隆。从来自与本地植物混生的紫茎泽兰(A/A+N)根样微生物总DNA的PCR产物克隆子中得到了内养球囊霉型克隆,从与紫茎泽兰混生的本地植物(N/A+N)根样微生物总DNA克隆子中得到了1种球囊霉属型克隆(*Glomus* sp 2),从本地植物群落(N)根样微生物总DNA克隆子中得到了内养球囊霉型克隆。从A根围土壤微生物总DNA克隆子中得到了2个球囊霉属克隆型;从A/A+N根围土壤中得到了6个克隆型,分别为毛舌菌阔孢、2个球囊霉属、皂味口蘑、亚盖趋本菌、翘鳞肉齿菌型克隆;从N/A+N根围土壤微生物总DNA克隆子中得到了小皮伞、肉色香蘑、皂味口蘑及亚侧耳4个克隆型;在N根围土壤微生物总DNA克隆子中得到了皂味口蘑型克隆。其中5个克隆型为紫茎泽兰根围土壤特有的克隆型,3个为本地植物根围特有的。可见,紫茎泽兰与本地植物根及根围各自具有不同的MF群落,其中紫茎泽兰根围除了具有与土著植物根围不同的外生菌根真菌(ectomycorrhizal fungi, EMF)型克隆外,还更多地积累了丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)。而且对于本地植物和紫茎泽兰来说,不同入侵进程即混生和单优状态使其各自根围的MF群落结构也不尽相同。

10个克隆型聚类分析结果显示(图3,表2),其在本源性大约为88%处聚成2类。来自植物根段样品的2个类型克隆全部聚于一类,来自植物根围样品的1个克隆型也与其聚为一类,均为球囊霉属AMF。来自根围土壤样品中的7个EMF克隆型聚于一类。EMF型与AMF型在相似率约为83.8%处聚为一类。可见,本地植物占据的土壤中以EMF为主,

而外来植物紫茎泽兰较本地植物更多地积累了AMF。

3 讨论

外来植物竞争排斥土著植物进而成为优势种,这一过程对土著AMF群落的影响是客观存在的。由于不同AMF种与相同或不同植物之间可能存在相互选择性,这种具有相互选择性的专一互作一旦被干扰,反过来会影响外来植物与本地植物的竞争关系^[36-37]。对于在外来植物入侵这一生态过程中,系统研究AMF发生的变化及这些变化对入侵的反馈调节作用及其机制是外来植物入侵机制研究的一个新突破点。尽管有人提出菌根共生抵抗假说,即AMF在外来植物入侵中的作用是抵抗外来植物入侵^[38-39],但是越来越多的研究认为AMF在外来植物入侵中,可能更多地起到正反馈调节作用,成为外来植物入侵的驱动者^[17,40-41]。紫茎泽兰可能通过打破MF与本地植物的互惠共生或与入侵地AMF形成互惠共生实现入侵,特别是外来植物通过与土著AMF形成互利共生对入侵实现正反馈促进作用及其机制受到极大的关注^[19,21,42-44]。

本研究结果表明,紫茎泽兰入侵改变了土著MF群落结构,并在其根围选择积累了球囊霉属AMF。这些结果暗示紫茎泽兰入侵不但干扰了EMF与土著植物形成长期稳定的菌丝网,还可能通过与土著AMF的互惠共生增强其对本地植物的竞争力。Niu等^[24]通过脂肪酸分析结果显示,紫茎泽兰具有在其根围富集AMF的能力。Mummey和Rillig^[22]通过野外试验表明,外来入侵植物斑点矢车菊(*Centaurea maculosa*)改变了入侵地AMF群落,该研究认为这可能促进了矢车菊的成功入侵。入侵北美的外来植物蒜芥(*Alliaria petiolata*)能够打破MF与本地植物形成的互惠共生而实现成功入侵^[22]。

本试验中,在与土著植物混生的紫茎泽兰根内检测到了内养球囊霉,而在其根围却没有发现这一AMF,这可能是因为根围土壤中存在更多的EMF,由于PCR反应中可能存在的模板竞争问题,从而致使在进行PCR扩增时,干扰了内养球囊霉的PCR结果。同样,在本地植物群落根围只检测到了皂味口蘑,但是并不意味着本地植物根围不存在其他MF菌种,可能因为本地植物根围皂味口蘑多度占优势,PCR扩增时优先扩增了这一MF种。采用恰当的引物进行嵌套PCR,对rDNA区来讲是一个直接鉴定根部AMF的有力工具。Redecker^[29]用特异引物对扩增每一AMF种的数量,提高扩增到目的片段的机率,但是在野外AMF多样性分析中,也不能克服分子方法本身的固有局限。每个引物都不可能同时完美地

覆盖所有目的基因,也不可能具有 100%的特异性,本文还是在一定程度上反映了紫茎泽兰入侵对土著 MF 群落的影响。

参考文献

- [1] 强胜. 世界性恶性杂草——紫茎泽兰研究的历史及现状[J]. 武汉植物学研究, 1998, 16(4): 366–372
- [2] 王进军. 紫茎泽兰[M]//万方浩, 郑小波, 郭建英. 重要农林外来入侵物种的生物学与控制. 北京: 科学技术出版社, 2005: 650–661
- [3] Wang R, Wang Y Z. Invasion dynamics and potential spread of the invasive alien plant species *Ageratina adenophora* (Asteraceae) in China[J]. Diversity and Distributions, 2006, 12(4): 397–408
- [4] Xu H G, Ding H, Li M Y, et al. The distribution and economic losses of alien species invasion to China[J]. Biological Invasions, 2006, 8(7): 1495–1500
- [5] 丁晖, 徐海根, 刘志磊. 外来入侵植物紫茎泽兰对植物多样性的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2007, 23(2): 29–32
- [6] 刘万学, 杨国庆, 冯玉龙, 等. 紫茎泽兰的入侵机制与控制管理[M]//万方浩, 郭建英, 张峰, 等. 中国生物入侵研究. 北京: 科学出版社, 2009: 197–208
- [7] Mills K E, Bever J D. Maintenance of diversity within plant communities: Soil pathogens as agents of negative feedback[J]. Ecology, 1998, 79(5): 1595–1601
- [8] Buyer J S, Roberts D P, Russek-Cohen E. Soil and plant effects on microbial community structure[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2002, 48(11): 955–964
- [9] De Deyn G B, Raaijmakers C E, Van Putten W H. Plant community development is affected by nutrients and soil biota[J]. Journal of Ecology, 2004, 92(5): 824–834
- [10] Ravit B, Ehrenfeld J G, Haggblom M. A comparison of sediment microbial communities associated with *Phragmites australis* and *Spartina alterniflora* in two brackish wetlands of new jersey[J]. Estuaries, 2003, 26(28): 465–474
- [11] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, et al. Ecological linkages between aboveground and belowground biota[J]. Science, 2004, 304(5677): 1629–1633
- [12] Callaway R M, Thelen G C, Rodriguez A, et al. Soil biota and exotic plant invasion[J]. Nature, 2004, 427(6976): 731–733
- [13] Van der Putten W H, Klironomos J N, Wardle D A. Microbial ecology of biological invasions[J]. The International Society for Microbial Ecology Journal, 2007, 1(1): 28–37
- [14] Wang B, Qui Y L. Phylogenetic distribution and evolution of mycorrhizas in land plants[J]. Mycorrhiza, 2006, 16(5): 299–363
- [15] Stein C, Rissmann C, Hempel S, et al. Interactive effects of mycorrhizae and a root hemiparasite on plant community productivity and diversity[J]. Oecologia, 2009, 159(1): 191–205
- [16] van der Heijden M G A, Horton T R. Socialism in soil? The importance of mycorrhizal fungal networks for facilitation in natural ecosystems[J]. Journal of Ecology, 2009, 97(6): 1139–1150
- [17] Shah M A, Reshi Z A, Khass D P. Arbuscular mycorrhizas: Drivers or passengers of alien plant invasion[J]. Botanical Review, 2009, 75(4): 397–417
- [18] Pringle A, Bever J D, Gardes M, et al. Mycorrhizal symbioses and plant invasions[J]. Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 2009, 40: 699–715
- [19] Fumanal B, Plenchette C, Chauvel B, et al. Which role can arbuscular mycorrhizal fungi play in the facilitation of *Ambrosia artemisiifolia* L. invasion in France?[J]. Mycorrhiza, 2006, 17(1): 25–35
- [20] Hawkes C V, Belnap J D, D'Antonio C, et al. Arbuscular mycorrhizal assemblages in native plant roots change in the presence of invasive exotic grasses[J]. Plant and Soil, 2006, 281(1/2): 369–380
- [21] Stinson K A, Campbell S A, Powell J R, et al. Invasive plant suppresses the growth of native tree seedlings by disrupting belowground mutualisms[J]. PLoS Biology, 2006, 4(5): 727–731
- [22] Mummey D L, Rillig M C. The invasive plant species *Centaurea maculosa* alters arbuscular mycorrhizal fungal communities in the field[J]. Plant and Soil, 2006, 288(1/2): 81–90
- [23] Yu X J, Yu D, Lu Z J, et al. A new mechanism of invader success: Exotic plant inhibits natural vegetation restoration by changing soil microbe community[J]. Chinese Science Bulletin, 2005, 50(11): 1105–1112
- [24] Niu H B, Liu W X, Wan F H, et al. An invasive aster (*Ageratina adenophora*) invades and dominates forest understories in China: Altered soil microbial communities facilitate the invader and inhibit natives[J]. Plant and Soil, 2007, 294(1/2): 73–85
- [25] 牛红榜, 刘万学, 万方浩, 等. 紫茎泽兰根际土壤中优势细菌的筛选鉴定及拮抗性能评价[J]. 应用生态学报, 2007a, 18(12): 2795–2800
- [26] 牛红榜, 刘万学, 万方浩. 紫茎泽兰(*Ageratina adenophora*)入侵对土壤微生物群落和理化性质的影响[J]. 生态学报, 2007b, 27(7): 3051–3060
- [27] 李会娜, 刘万学, 戴莲, 等. 紫茎泽兰入侵对土壤微生物、酶活性及肥力的影响[J]. 中国农业科学, 2009, 42(11): 3964–3971
- [28] 万欢欢, 刘万学, 万方浩. 紫茎泽兰叶片凋落物对入侵地 4 种草本植物的化感作用[J]. 中国生态农业学报, 2011, 19(1): 130–134
- [29] Redecker D. Specific PCR primers to identify arbuscular mycorrhizal fungi within colonized roots[J]. Mycorrhiza, 2000, 10(2): 73–80
- [30] Bidartondo M I, Redecker D, Hijri I, et al. Epiparasitic plants specialized on arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Nature, 2002, 419(6905): 389–392
- [31] Redecker D, Hijri I, Wiemken A. Molecular identification of arbuscular mycorrhizal fungi in roots: Perspectives and problems[J]. Folia Geobotanica, 2003, 38(2): 113–124
- [32] Kjoller R, Rosendahl S. Detection of arbuscular mycorrhizal fungi (*Glomales*) in roots by nested PCR and SSCP (Single Stranded Conformation Polymorphism)[J]. Plant and Soil, 2000, 226(2): 189–196
- [33] Schwarzott D, Schüßler A. A simple and reliable method for SSU rRNA gene DNA extraction, amplification, and cloning from single AM fungal spores[J]. Mycorrhiza, 2001, 10(4): 203–207

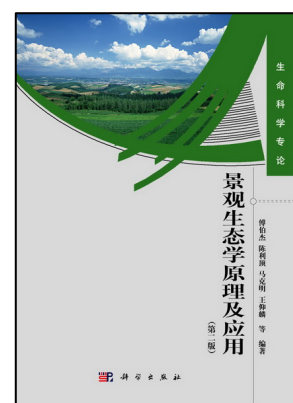
- [34] Husband R, Herre E A, Turner S L, et al. Molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and patterns of host association over time and space in a tropical forest[J]. *Molecular Ecology*, 2002, 11(12): 2669–2678
- [35] Simon L, Lalonde M, Bruns T D. Specific amplification of 18S fungal ribosomal genes from vesicular–arbuscular endomycorrhizal fungi colonizing roots[J]. *Appl Environ Microbiol*, 1992, 58(1): 291–295
- [36] Bever J D, Morton J B, Antonovics J, et al. Host-dependent sporulation and species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a mown grassland[J]. *Journal of Ecology*, 1996, 84(1): 71–82
- [37] Bever J D. Host-specificity of AM fungal population growth rates can generate feedback on plant growth[J]. *Plant and Soil*, 2002, 244(1/2): 281–290
- [38] Mack R N. Biotic barriers to plant naturalization[C]//Moran V C, Hoffman J H. *Proceedings of the 9th international symposium on biological control of weeds*. Stellenbosch: University of Cape Town, 1996: 39–46
- [39] Kisa M, Sanon A, Thioulouse J, et al. Arbuscular mycorrhizal symbiosis can counter balance the negative influence of the exotic tree species *Eucalyptus camaldulensis* on the structure and functioning of soil microbial communities in a sahelian soil[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, 62(1): 32–44
- [40] Reinhart K O, Callaway R M. Soil biota and invasive plants[J]. *New Phytologist*, 2006, 170(3): 445–457
- [41] Richardson D M, Allsopp N, D'antonio C M, et al. Plant invasions—the role of mutualisms[J]. *Biological Reviews*, 2000, 75(1): 65–93
- [42] Callaway R M, Cipollini D, Barto K, et al. Novel weapons: Invasive plant suppresses fungal mutualists in America but not in its native Europe[J]. *Ecology*, 2008, 89(4): 1043–1055
- [43] Carey E V, Marler M J, Callaway R M. Mycorrhizae transfer carbon from a native grass to an invasive weed: Evidence from stable isotopes and physiology[J]. *Plant Ecology*, 2004, 172(1): 133–141
- [44] Harner M J, Mummey D L, Stanford J A, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi enhance spotted knapweed growth across a riparian chronosequence[J]. *Biological Invasions*, 2009, 12(6): 1481–1490

《景观生态学原理及应用(第二版)》

傅伯杰 等著 科学出版社出版

ISBN 978-7-03-030009-6 ¥48.00 2011年2月

本书系统全面地论述了景观生态学的原理及应用。全书共分11章,重点论述了景观生态学的基本理论、景观格局与生态过程、景观的动态模拟、景观生态规划与设计以及景观生态学在生物多样性保护、土地可持续利用和全球气候变化等研究中的应用。特点是系统性强、理论与实践相结合、方法与应用相结合,并且融入了作者在国内的实际研究工作。本书适合生态学、地理学、环境科学、自然保护等专业的科研和教学人员阅读,也可作为高等院校相关专业的教材和教学参考书。



购书联系: 科学出版社科学销售中心 周文宇 电话: 010-64031535

E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com

网上订购: www.dangdang.com www.amazon.cn

联系科学出版社: 010-64012501 www.lifescience.com.cn E-mail: lifescience@mail.sciencep.com