

# 河滨缓冲带植物根系和根际微生物特征 及其对农业面源污染物去除效果\*

尧水红<sup>1</sup> 刘艳青<sup>2</sup> 王庆海<sup>1\*\*</sup> 肖波<sup>1</sup> 宋佃丽<sup>3</sup>

(1. 北京市农林科学院 北京草业与环境研究发展中心 北京 100097; 2. 南京农业大学资源与环境科学学院 南京 210095;  
3. 山东省莒南县农业局 莒南 276600)

**摘要** 对河滨缓冲带常见的3种水生植物根系形态特点、活力特征及其土壤微生物群落多样性进行了研究,并对其农业面源污染物的去除效果进行了调查。结果表明,3种水生植物根系形态和活力特征具有显著差异。根系活力表现为水生鸞尾>菖蒲>千屈菜,与根尖数呈显著相关。同时,3种水生植物具有显著的根际效益,根际土壤微生物生物量显著高于非根际土壤;根际土壤微生物群落数量为细菌>放线菌>真菌;土壤微生物群落多样性指数为水生鸞尾>菖蒲>千屈菜,这与3种水生植物根系活力特征表现一致。3种水生植物河滨缓冲带对农业面源污染物TN、TP和COD<sub>Cr</sub>的去除效果表现为水生鸞尾>菖蒲>千屈菜。说明不同水生植物根系结构导致根系活力不同,由此引起的土壤微生物群落多样性差异对水生植物农业面源污染物去除效果有一定影响。

**关键词** 河滨缓冲带 根系结构 根系活力 土壤微生物 微生物生物量 微生物多样性 去除效果 农业面源污染物

中图分类号: X171.4 文献标识码: A 文章编号: 1671-3990(2010)02-0365-06

## Characteristics of aquatic plant roots, soil microbes and agricultural non-point source pollutant mitigation in riparian buffer zones

YAO Shui-Hong<sup>1</sup>, LIU Yan-Qing<sup>2</sup>, WANG Qing-Hai<sup>1</sup>, XIAO Bo<sup>1</sup>, SONG Dian-Li<sup>3</sup>

(1. Beijing Research and Development Center for Grass and Environment, Beijing 100097, China; 2. College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 3. Agricultural Bureau of Junan Country, Shandong Province, Junan 276600, China)

**Abstract** An experiment was conducted on the characteristics of root morphology and vitality, and soil microbial community diversity of three typical aquatic plants to determine their mitigation efficiency of agricultural non-point source pollutants in riparian buffer zones. All the aquatic plants used have significantly differences in the characteristics of root morphology and vitality. Root vitality values of the aquatic plants are in the following order: *Iris pseudacorus* > *Acorus calamus* > *Lythrum salicaria*. Root vitality has a significant correlation with root tip number. The aquatic plants show significant rhizosphere effect, soil microbial biomass in rhizosphere is markedly higher than that in bulk soils. Furthermore, microbial community in rhizosphere soils of the riparian buffer zone has the composition sequence as: bacteria > actinomycetes > fungi. Soil microbial community diversity index is as follows: *I. pseudacorus* > *A. calamus* > *L. salicaria*, having the same tendency as that of root vitality. The order of removal efficiency of TN, TP and COD<sub>Cr</sub> by the aquatic plants in the riparian buffer zone is *I. pseudacorus* > *A. calamus* > *L. salicaria*. The results suggest that variations in root vitality caused by differences in root structure of aquatic plants influence soil microbial community structure and diversity. This results in the differences in removal efficiencies of agricultural non-point source pollutants in riparian buffer zones.

**Key words** Riparian buffer zone, Root structure, Root vitality, Soil microbe, Microbial biomass, Microbial diversity, Removal efficiency, Agricultural non-point source pollutant

(Received Aug. 5, 2009; accepted Dec. 11, 2009)

\* 财政部、农业部社会公益项目“绿色农业科学研究与示范”(2060302)和北京市科技新星计划(2006B03)资助

\*\* 通讯作者, E-mail: wqh@grass-env.com

尧水红(1978-), 女, 博士, 主要从事土壤生态、土壤物理、土壤化学与环境的研究。E-mail: shuihongyao@163.com

收稿日期: 2009-08-05 接受日期: 2009-12-11

河滨缓冲带作为水陆间生态交错的重要生态系统,其生物多样性和生态系统功能完整性对控制水体富营养化、保障饮用水源安全、提高生态系统质量具有十分重要的意义<sup>[1]</sup>。河滨缓冲带的生态系统功能主要是通过植物根系、微生物和土壤相互影响来实现<sup>[2]</sup>。植物根际是植物、微生物和土壤相互影响最强烈的区域。不同植物的根系相对生长优势、根系形态及根系分泌物的变化将改变根际土壤微生物活性、群落结构和多样性<sup>[3]</sup>。目前对河滨缓冲带的研究多集中在污染物去除效果方面,对其生态系统多样性的研究少见报道,而有关河滨缓冲带不同植物根系形态、活力性状及其对土壤微生物群落结构影响的研究更少。

磷脂脂肪酸(PLFAs)是微生物细胞膜的主要成分,提取并测定的土壤 PLFAs 可指示土壤微生物生物量。PLFAs 图谱分析能提供微生物群落结构的信息,已经被越来越多地用于精确定量或半定量描述各种生境内微生物的群落结构<sup>[4-6]</sup>。

本文从研究河滨缓冲带生态系统完整性和生物多样性的角度出发,选取了 3 种河滨缓冲带建植时常用的水生植物:水生鸢尾(*Iris pseudacorus*)、菖蒲(*Acorus calamus*)和千屈菜(*Lythrum salicaria*)为研究对象,探讨其根系形态、活力特征及根际和非根际土壤微生物群落结构的差异,并比较 3 种水生植物对农业面源污染物的去除效果,为人工调节与优化河滨缓冲带生态系统提供理论支撑和实践依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验地概况

试验于 2008 年 4~10 月在农业部绿色农业示范基地山东试验点(山东省莒南县清水涧水库河滨缓冲带,118°49'E,35°10'N,海拔 200 m,河滨缓冲带上方为农作物种植区)进行。试验地年平均气温 12.4℃,年降水量 838.1 mm,坡度 5°~7°。供试土壤为中性偏酸壤土(pH 6.7),潮棕壤,含沙粒(>0.05 mm)57.29%、粉粒(0.05~0.002 mm)23.94%、黏粒(<0.002 mm)18.77%。有机质含量为 6.92 g·kg<sup>-1</sup>,全氮 0.21 g·kg<sup>-1</sup>,全磷 0.23 g·kg<sup>-1</sup>,全钾 14.37 g·kg<sup>-1</sup>,速效钾 13.85 mg·kg<sup>-1</sup>,碱解氮 16.32 mg·kg<sup>-1</sup>,速效磷 2.75 mg·kg<sup>-1</sup>。

河滨缓冲带进水口处水样 pH 7.09,浊度 19.20 NTU,硝态氮(NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N) 3.50 mg·L<sup>-1</sup>,氨态氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)0.57 mg·L<sup>-1</sup>,全氮(TN)55.16 mg·L<sup>-1</sup>,全磷(TP)0.109 mg·L<sup>-1</sup>,化学需氧量(COD<sub>Cr</sub>)157.4 mg·L<sup>-1</sup>。水质参数中化学需氧量和全氮严重超标,全磷也仅为Ⅲ类水标准(GB3838—2002)。

### 1.2 试验设置及样品采集

河滨缓冲带土壤经旋耕、犁平后均匀划分为 4 个区域,每个区域以 PVC 板间隔为 3 个小区,PVC 板高 35cm(15 cm 埋于地下,20 cm 露于地面),小区面积为 75 m<sup>2</sup>(长 7.5 m×宽 10 m)。4 个区域中有 1 个区域为裸地对照,整个试验周期内未种植任何水生植物;另外 3 个区域于 2008 年 4 月分别移栽 3 种供试水生植物水生鸢尾、菖蒲和千屈菜。移栽时尽量挑选大小一致的植株,移栽的株行距均为 40 cm,每个区域内种植 1 500 株。水生植物栽植后定期去除各区域内杂草。

在河滨缓冲带与其上方的农作物种植区间设置一条宽 0.3 m、深 0.2 m 的间隔沟,在雨季农作物种植区内产生大量径流时,径流经过间隔沟进入河滨缓冲带。本试验在间隔沟内齐沟面埋设 5 个水分收集桶,定期收集水样作为河滨缓冲带进水口处水样,同时,在河滨缓冲带的各个区域内埋设 6 个真空吸水杯,每个小区 2 个,定期抽取水样测定土壤渗流水水质。

2008 年 10 月 17 日在各植物生长区域内随机选择 3 株植株,采集根际土壤(Rhizosphere soil),在以植株为圆心、0.13 m 为半径的圆形区域内取样,挖出 0~20 cm 深土壤,抓住植株,轻轻抖落附在根上的土壤,抖动大约 1 min 后仍附着于根系的土壤即为根际土壤。非根际土样(Bulk soil)按梅花状在小区内植株行间采集 0~20 cm 深土壤,5 点混匀为 1 个样。每种植物 3 次重复。将根际和非根际土样带回实验室,迅速去除石块、动物和植物残体,过 2 mm 筛,混合均匀后置于无菌自封袋中,4℃冰箱内保存,于 1 周内完成土壤微生物量和微生物群落结构多样性分析。采集根际土壤时,分离出的植物根系洗净后装入自封袋,置于 4℃冰箱中保存以备根系形态指标的测定。

### 1.3 样品分析与测定

**根系分析** 植物根系洗净擦干后,用多功能根系扫描分析仪(Multi-functional root analyser, LC-4800)进行根系形态特征分析,精度为 0.01 mm<sup>2</sup>,分辨率为 1 600×1 600 dpi,分析指标为根总长、根平均直径、根总面积、根总体积、根尖数;并采用 TTC 法测定根系活力,用甲烯蓝蘸根法测定根系总吸收面积和活跃吸收面积。

**土壤微生物群落结构分析** 土壤微生物磷脂脂肪酸(PLFAs)提取参照文献<sup>[7-9]</sup>,酯化 C23:0 为内标,分析流程如下:取相当于 2 g 干土的新鲜土壤,加氯仿-甲醇-柠檬酸缓冲液(1 2 0.8, v/v/v)直接抽提样品的总 PLFAs;提取的 PLFAs 经硅胶柱

(SPE-SI)分离为中性脂肪酸、糖脂脂肪酸和磷脂酸。磷脂酸溶于甲醇/甲苯(1:1, v/v)溶液, 然后加 0.2 mol·L<sup>-1</sup> KOH, 37 °C 酯化 15 min 后, 用 GC-MS (Gas chromatograph-mass spectrometry) 分析仪进行分子分离, 然后用脂肪酸标准谱图(Bacterial fatty acid standards)和美国的 MIDI 系统(Microbial identification system)识别与定量磷脂脂肪酸。磷脂脂肪酸种类用“总碳原子数: 双键数量”表示, 其后的数字表示双键相对于甲基末端的位置<sup>[10-12]</sup>。18:2 $\omega$ 6 和 18:2 $\omega$ 6, 9 代表真菌源 PLFAs<sup>[13-15]</sup>; 细菌源 PLFAs 有更多的 iso-和 anteiso-, 或者其他支链脂肪酸, 单一未饱和脂肪酸或环脂肪酸也代表细菌源 PLFAs<sup>[10-11]</sup>; 放线菌源 PLFAs 常在离羧基端第 10 碳原子上有 1 个甲基团<sup>[12]</sup>。

**土壤其他指标测定** 有机质含量采用 K<sub>2</sub>Cr<sub>2</sub>O<sub>7</sub>-H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 氧化法测定, pH 用 pH<sup>S-3CT</sup> 酸度计测定, 全氮含量用半微量凯氏定氮法测定, 全磷含量采用 NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定, 水分采用烘干称重法测定, 质地采用吸管法分析, 微生物生物量用氯仿熏蒸法测定, 微生物群落多样性指数(Shannon-Weiner index, *H*)采用下式计算:

$$H = -\sum_{i=1}^S P_i \ln P_i \quad (1)$$

式中, *S* 为物种丰度, 即 PLFAs 的数量; *P<sub>i</sub>* 为第 *i* 种 PLFA 数量占总 PLFAs 数量的比例。

**水质测定** 河滨缓冲带进水口处水样的水质参数用多参数水质仪测定(YSI 6500), 其余参照文献[16]。

#### 1.4 统计分析

不同植物根系形态数据及根际和非根际土壤微生物群落数据用 SPSS13.0 软件进行方差分析(ANOVA)和相关性分析, 差异显著性(*P* < 0.05)用最小显著差数法(LSD)检验。

## 2 结果与讨论

### 2.1 河滨缓冲带 3 种水生植物根系形态及活力特征

供试 3 种植物的根系总长度、表面积、体积、根平均直径和根尖数等根系形态参数如表 1 所示。从表 1 可以看出, 菖蒲的根系总表面积最大, 达 1 735 cm<sup>2</sup>, 其次是水生鸢尾(1 024 cm<sup>2</sup>), 千屈菜(760 cm<sup>2</sup>)最小。根系总长、总体积、平均直径与总表面积的顺序相同, 且 3 种植物间所有参数差异显著(*P* < 0.05)。

表 1 河滨缓冲带不同水生植物的根系形态特征  
Tab. 1 Root morphology of different aquatic plants in riparian buffer zone

植物种 Plant species	根总表面积 Total root surface area (cm <sup>2</sup> )	根总长 Total root length (cm)	根总体积 Total root volume (cm <sup>3</sup> )	根平均直径 Average root diameter (mm)	根尖数 Root tip number
千屈菜 <i>L. salicaria</i>	760c	5 639c	22.85c	0.44c	15 584c
菖蒲 <i>A. calamus</i>	1 735a	8 152a	78.07a	2.98a	28 599b
水生鸢尾 <i>I. pseudacorus</i>	1 024b	6 374b	48.55b	2.07b	36 391a

不同小写字母表示不同处理在 5% 水平上差异显著, 下同。Different small letters mean significant difference at 5% level. The same below.

根总表面积在不同直径根系间的分布比例(图 1)表明: 供试 3 种植物直径 >4 mm 根系的比例, 千屈菜最大, 为 14.2%, 菖蒲为 11.4%, 水生鸢尾最小, 仅为 7.1%; 直径 2~4 mm 根系的比例, 菖蒲较小, 为 6.3%, 水生鸢尾和千屈菜间无显著差异; 直径 1~2 mm 的根系为千屈菜 > 菖蒲 > 水生鸢尾; 直径 <1 mm 的根系所占比例, 水生鸢尾为 48.7%, 菖蒲为 46.8%, 千屈菜为 36.9%(图 1)。植物的根尖主要集中在直径 <1 mm 的根系中, 因此, 河滨缓冲带的 3 种水生植物根尖数(表 1)顺序为: 水生鸢尾 > 菖蒲 > 千屈菜 (*P* < 0.05)。

根尖是根生命活动最活跃的部分, 除生长和组织分化外, 根对水分和养料的吸收主要在根尖内进行<sup>[17]</sup>。因此, 3 种供试植物的根系活力特征指标(根总吸收面积、根活跃吸收面积和根总活性)与根尖数量表现一致: 水生鸢尾根活性最强, 菖蒲次之, 千屈菜最小(表 2)。相关分析表明, 根总吸收面积(*P* =

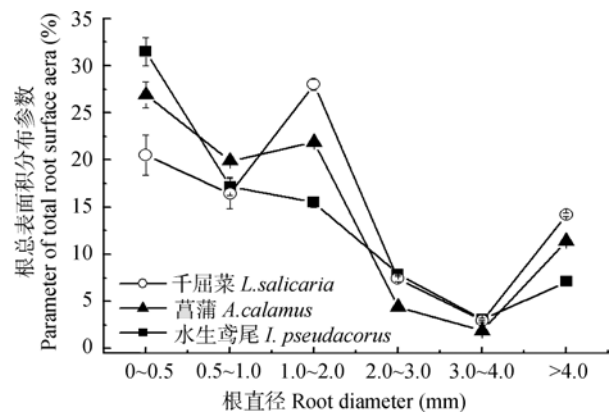


图 1 河滨缓冲带不同水生植物的不同直径等级根系总表面积分布情况

Fig. 1 Distribution of total root surface area with different root diameter of different aquatic plants in riparian buffer zone

0.047, *n* = 9) 和根活跃吸收面积 (*P* = 0.030, *n* = 9) 与根尖数显著相关, 根总活性与根尖数极显著相关 (*P* = 0.002, *n* = 9)。

表 2 河滨缓冲带不同水生植物的根系活力特征  
Tab. 2 Root activity of different aquatic plants in riparian buffer zone

植物种 Plant species	根总吸收面积 Total abstract areas of root (cm <sup>2</sup> )	根活跃吸收面积 Activate abstract area of root (cm <sup>2</sup> )	根总活性 Total vitalities of root (mg · g <sup>-1</sup> · h <sup>-1</sup> )
千屈菜 <i>L. salicaria</i>	591±78b	264±39c	49.85±8.92c
菖蒲 <i>A. calamus</i>	724±104ab	315±27bc	74.07±10.21b
水生鸢尾 <i>I. pseudacorus</i>	896±98a	375±11a	98.55±10.97a

## 2.2 河滨缓冲带 3 种水生植物土壤微生物群落结构特征

根际是一个特殊的微区域,受植物根系影响,其物理、化学和生物性质与土壤主体不同。大量研究表明,植物在吸收养分的同时,通过根系向周围环境释放有机分泌物,其成分从简单的碳水化合

物、氨基酸到复杂的生长物质<sup>[3,17]</sup>,这些分泌物是土壤微生物的重要碳源,因此植物根系的差异会引起土壤微生物尤其是根际微生物的变化。3 种水生植物根际与非根际土壤微生物群落结构见表 3。共鉴定到 28 种 PLFAs, C 链长度从 11 到 20, 包括饱和、不饱和、甲基化分支和环化脂肪酸。PLFAs 分析结果表明,供试 3 种水生植物根际与非根际土壤中细菌 PLFAs (11:0, 12:0, 13:0, 14:0, i15:0, a15:0, 15:0, i16:0, 16:1ω9, 16:0, i17:0, cy 17:0, 17:0, 18:1ω9, 18:1ω11, 18:0, cy 19:0, 19:0, 20:0) 占整个微生物群落总生物量的 62.4%~71.6%, 3 种水生植物中菖蒲和水生鸢尾的根际与非根际间细菌 PLFAs 相对含量差异显著,且 3 种植物种植区根际细菌数量均显著小于裸地(74.2%)( $P<0.05$ , 表 3)。因此,土壤细菌不仅受土壤母质的支配,植被对其也有相当的影响。

表 3 河滨缓冲带不同水生植物根际及非根际土壤微生物群落 PLFAs 的相对含量  
Tab. 3 Relative content of PLFAs of soil microbial community of different aquatic plants in riparian buffer zone %

微生物种类 Microbe	PLFAs	裸地 Bare land	千屈菜 <i>L. salicaria</i>		菖蒲 <i>A. calamus</i>		水生鸢尾 <i>I. pseudacorus</i>	
			非根际土 Bulk soil	根际土 Rhizosphere soil	非根际土 Bulk soil	根际土 Rhizosphere soil	非根际土 Bulk soil	根际土 Rhizosphere soil
细菌 Bacteria	11:00	2.54	3.65	4.37	5.40	9.38	11.28	16.92
	12:00	25.45	20.39	22.59	19.18	17.32	17.72	12.36
	13:00	15.32	13.83	19.23	21.00	5.57	14.78	8.59
	14:00	3.12	2.42	0.52	0.61	1.71	1.90	1.53
	i 15:0	2.58	2.97	0.63	1.43	1.89	2.82	1.47
	a 15:0	2.76	1.16	1.53	0.60	1.74	0	1.39
	15:00	0.06	1.93	1.83	0.46	1.28	0	2.97
	i 16:0	0.92	0.73	1.15	6.05	1.19	2.03	1.56
	16:1 9	0.64	0	4.38	1.93	11.62	0	6.18
	16:00	0.40	0	0.24	0.46	13.22	2.56	1.15
	i17:0	0.54	0.45	0.65	0	0.27	0	2.14
	cy 17:0	3.26	0	0.96	1.32	0.42	1.74	2.16
	17:00	1.20	1.60	0.85	0.06	0.90	2.42	1.93
	18:1 ω 9	0.31	1.60	0.34	0.60	0.92	0	2.47
	18:1 ω 11	2.02	0.69	0.26	0.97	0.54	0	2.14
	18:00	2.07	2.20	0.27	0.61	0.66	0	1.68
	cy 19:0	0.35	0.75	0.24	4.59	0.32	1.25	0.43
19:00	0.85	0	0.44	0.58	0.59	1.26	1.57	
20:00	9.80	10.25	1.87	0.25	2.06	0	1.21	
合计 Total		74.19**	64.62	62.35	69.10	71.60*	59.76	69.85*
放线菌 Actinomycetes	10Me 17:0	0.75	1.10	7.10	2.30	4.07	5.90	2.60
	10Me 18:0	0.90	3.20	7.90	3.00	3.21	1.10	2.57
	合计 Total	1.65**	4.30	15.00*	5.30	7.28*	7.00	5.17*
真菌 Fungi	18:2 ω 6, 9	1.16**	4.35	5.63*	2.42	3.62*	4.25	4.58*
其他 Others	2-OH 10:0	11.18	14.95	6.13	8.36	6.01	9.37	9.04
	2-OH 12:0	7.28	1.63	2.11	4.66	3.97	3.63	2.92
	3-OH 12:0	1.26	5.73	7.82	6.71	4.17	9.01	4.20
	2-OH 14:0	0.55	1.20	0.45	1.06	1.51	2.90	1.47
	3-OH 14:0	2.18	1.38	0.38	1.31	1.67	2.69	1.62
	2-OH 16:0	0.56	1.85	0.15	1.09	0.18	1.40	1.17

\*表示根际土与非根际土间 5% 水平上差异显著, \*\*表示植物种植区与裸地间 5%水平上差异显著。\* means significant difference between bulk soil and rhizosphere soil at 5% level. \*\* means significant difference between plant area and bare area at 5% level.

3 种植物的根际真菌和放线菌相对含量均显著高于非根际( $P < 0.05$ , 表 3)。3 种水生植物根际与非根际土壤真菌 PLFA(18:2 ω 6,9)和放线菌 PLFA(10Me 17:0 和 10Me 18:0)都具有较高丰度, 植物种植区较裸地真菌 PLFAs 高 2.09~3.95 倍, 放线菌 PLFAs 高 2.61~9.69 倍(表 3)。

3 种供试植物非根际土壤微生物的总生物量(总 PLFAs)以水生鸢尾最高[431.61  $\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}(\text{soil})$ ], 其

余 2 种植物较小, 且与裸地[192.26  $\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}(\text{soil})$ ]间无显著差异( $P > 0.05$ )。3 种供试植物根际土壤微生物总生物量和细菌生物量均表现为: 水生鸢尾>菖蒲>千屈菜, 且差异显著( $P < 0.05$ , 表 4)。从 3 种水生植物根际与非根际土壤微生物总生物量及真菌、细菌和放线菌的分布来看, 根际与非根际间差异显著, 这进一步说明植物根系通过根系分泌物、脱落物和分解物等改变土壤微环境, 显著影响土壤微生物群落结构。

表 4 河滨缓冲带不同水生植物的根际和非根际土壤微生物生物量和类群

Tab. 4 Microbial biomass and groups in rhizosphere and bulk soil of different aquatic plants in riparian buffer zone

植物种 Plant species	细菌 Bacteria			真菌 Fungi			放线菌 Actinomycetes			总微生物生物量 Total PLFAs		
	BS	RS	RS/BS	BS	RS	RS/BS	BS	RS	RS/BS	BS	RS	RS/BS
	$\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}(\text{soil})$			$\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}(\text{soil})$			$\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}(\text{soil})$			$\text{nmol} \cdot \text{g}^{-1}(\text{soil})$		
千屈菜 <i>L. salicaria</i>	130.37b	156.62c*	1.20b	8.78b	14.14b*	1.61b	8.68c	37.68a*	4.34a	201.75b	251.19c*	1.25b
菖蒲 <i>A. calamus</i>	145.23b	299.93b*	2.07a	5.09c	15.16b*	2.98a	11.14b	30.52b*	2.74b	210.17b	418.89b*	1.99a
水生鸢尾 <i>I. seudacorus</i>	257.93a	352.81a*	1.37b	18.34a	23.11a*	1.26c	30.21a*	26.11c	0.86c	431.61a	505.09a*	1.17b

RS: 根际土 Rhizosphere soil; BS: 非根际土 Bulk soil. 不同小写字母表示植物间 5%水平上差异显著 Different small letters mean significant difference among plant species at 5% level; \*表示根际土与非根际土间 5% 水平上差异显著 \* means significant difference between BS and RS at 5% level.

土壤微生物群落的多样性指数在一定程度上指示微生物群落结构的稳定性<sup>[18-19]</sup>。从图 2 可以看出, 3 种水生植物根际微生物群落多样性指数为水生鸢尾>菖蒲>千屈菜, 非根际微生物群落多样性指数植物间变化与根际相近, 但各植物间差异很小; 且各植物均表现为根际>非根际。说明 3 种水生植物根际土壤微生物群落结构均较非根际稳定。物种丰度也是群落生物组成结构的重要指标, 反映了群落所含物种的多寡, 3 种水生植物物种丰度依次为菖蒲>水生鸢尾>千屈菜。

### 2.3 河滨缓冲带水生植物对农业面源污染的去除效果

河滨缓冲带对农业面源污染的去理机理包括:

(1) 通过植被种植, 滞缓径流, 截留泥沙, 使部分营养物质随颗粒物被截留; (2) 植物自身直接吸收利用面源污染物和土壤中的营养物质; (3) 植被增加有机物来源, 改善土壤结构, 根系生长可增加土壤渗透能力, 使部分营养物质被土壤固持/吸附; (4) 植物通过发达的根系向土壤中输送微生物降解面源污染物所需的氧, 提高微生物对面源污染物的降解能力。河滨缓冲带各水生植物根系及其微生物群落对农业面源污染物的去除主要是后 3 种机理。故本研究测定了水生植物对地表层以下渗流中农业面源污染物的去除效果<sup>[20-21]</sup>。由表 5 可知, 在河滨缓冲带进水处农业面源污染 TN、TP 和  $\text{COD}_{\text{Cr}}$  浓度相同的情况下, 不同水生植物缓冲区渗流出水 TN、TP 和  $\text{COD}_{\text{Cr}}$  去除效果均为水生鸢尾>菖蒲>千屈菜。

这与植物根尖数、根系活力特征指标(表 2)及各水生植物缓冲区内土壤微生物群落的多样性指标(图 2)结果一致, 说明不同植物的根系活力不同, 使土壤微生物群落结构多样性不同, 进而不同水生植物缓冲带对农业面源污染物去除效果不同。

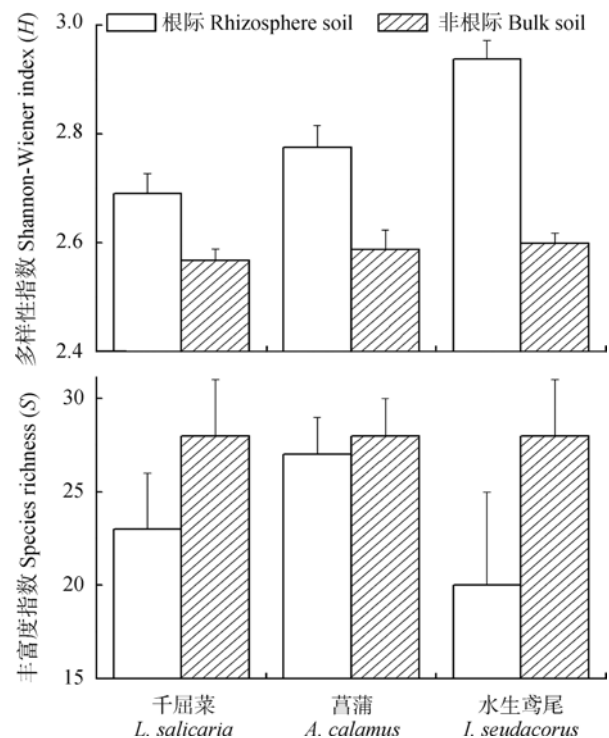


图 2 河滨缓冲带不同水生植物根际和非根际土壤微生物群落多样性指数和物种丰度

Fig. 2 Shannon-Wiener index and species richness of microbe estimated by PLFAs in rhizosphere and bulk soil of different aquatic plants in riparian buffer zone

表 5 河滨缓冲带不同水生植物对土壤渗流中 TN、TP 和 COD<sub>Cr</sub> 的去除效果

Tab. 5 Removal rates of TN, TP and COD<sub>Cr</sub> from seepage by different aquatic plants in riparian buffer zone

植物种 Plant species	渗流出水浓度 Concentration in seepage (mg · L <sup>-1</sup> )			去除率 Removal rate (%)		
	TN	TP	COD <sub>Cr</sub>	TN	TP	COD <sub>Cr</sub>
	千屈菜 <i>L. salicaria</i>	30.13	0.083	56.20	45.38c	24.13c
菖蒲 <i>A. calamus</i>	26.59	0.063	46.98	51.79b	42.08b	70.15ab
水生鸢尾 <i>I. seu-dacorus</i>	20.39	0.027	39.83	63.03a	75.29a	74.70a

### 3 结论

本文从河滨缓冲带水生植物根系形态特点、活力特征及各植被缓冲区土壤微生物群落结构和多样性的差异角度出发,探讨河滨缓冲带 3 种水生植物根系生长及其根际微生物群落多样性对农业面源污染去除效果的影响。研究表明,3 种水生植物根系活力特征指标值均表现为:水生鸢尾>菖蒲>千屈菜,与其根系生长的活跃区(根尖数)显著相关。同时,3 种水生植物土壤微生物群落的多样性指数为水生鸢尾>菖蒲>千屈菜,这与 3 种水生植物根系活力特征指标值一致。因此,3 种水生植物缓冲区对农业面源污染物的去除效果最终表现为水生鸢尾>菖蒲>千屈菜。说明植物根系活力不同,其土壤微生物群落结构多样性的影响也不同,从而造成河滨缓冲区不同水生植物对农业面源污染物去除效果的差异。

### 参考文献

- [1] 饶良懿, 崔建国. 河岸植被缓冲带生态水文功能研究进展[J]. 中国水土保持科学, 2008, 6(4): 121-128
- [2] Dvid L C. Principles of planning and establishment of buffer zones[J]. Ecological Engineering, 2005, 24: 433-439
- [3] 张福锁. 根系分泌物及其在植物营养中的作用(综述)[J]. 北京农业大学学报, 1992, 8(4): 353-358
- [4] 吴振斌, 王亚芬, 周巧红, 等. 利用磷脂脂肪酸表征人工湿地微生物群落结构[J]. 中国环境科学, 2006, 26(6): 737-741
- [5] 李潞滨, 刘敏, 杨淑贞, 等. 毛竹根际可培养微生物种群多样性分析[J]. 微生物学报, 2008, 48(6): 772-779
- [6] Liu B R, Jia G M, Chen J, et al. A review of methods for studying microbial diversity in soils[J]. Pedosphere, 2006, 16(1): 18-24
- [7] Bossio D A, Fleck J A, Scow K M, et al. Alteration of soil microbial communities and water quality in restored wetlands[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(6): 1223-1233
- [8] Frostegard A, Bååth E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25: 723-730
- [9] Tunlid A, White D C. Biochemical analysis of biomass, community structure, nutritional status, and metabolic activity of microbial communities in soil[M]//Stotzky G, Bollageds J M. Soil biochemistry. New York: Marcel Dekker, 1992: 229-262
- [10] Bligh E G, Dyer W J. A rapid method of total lipid extraction and purification[J]. Can J Biochemical Physiology, 1959, 37: 911-917
- [11] White D C, Davis W M, Nickels J S, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractible lipid phosphate[J]. Oecologia, 1979, 40: 51-62
- [12] Petersen S O, Klug M J. Effects of sieving, storage, and incubation temperature on the phospholipid fatty profile of a soil microbial community[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1994, 60(7): 2421-2430
- [13] Bååth E, Anderson T H. Comparison of soil fungal/bacterial ratios in a pH gradient using physiological and PLFA based techniques[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2003, 35(7): 955-963
- [14] Bailey V L, Smith J L, Bohon H Jr. Fungal-to-bacterial ratios in soils investigated for enhanced C sequestration[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(7): 997-1007
- [15] Klamer M, Bååth E. Estimation of conversion factors for fungal biomass determination in compost using ergosterol and PLFA 18:2ω 6, 9[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36: 57-65
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000
- [17] 韦红群, 邓建珍, 曹建华, 等. 柱花草根系与根际微生物类群的研究[J]. 草业科学, 2009, 26(1): 69-73
- [18] Ibekwe A M, Kennedy A C. Phospholipid fatty acid profiles and carbon utilization patterns for analysis of microbial community structure under field and greenhouse conditions[J]. FEMS Microbiology Ecology, 1998, 26: 151-163
- [19] Girvan M S, Campbell C D, Killham K, et al. Bacterial diversity promoted community structure stability and functional resilience after perturbation[J]. Environmental Microbiology, 2005, 7: 301-313
- [20] 杨丽霞, 杨桂山, 苑韶峰, 等. 影响土壤氮素径流流失的因素探析[J]. 中国生态农业学报, 2007, 15(6): 190-194
- [21] Weier K L. Nitrogen use and losses in agriculture in sub-tropical Australia[J]. Fertilizer Res, 1994, 39(3): 245-257