

# 中国土壤生物学研究的回顾与展望\*

曹 慧 崔中利 李顺鹏<sup>†</sup>

(南京农业大学农业部农业环境微生物工程重点开放实验室, 南京 210095)

**摘 要** 土壤生物是土壤发生与发展的重要推动力,是土壤生态系统中最为活跃的组成部分。本文在系统查阅近 10 年来国内外土壤生物学文献的基础上,分析了中国土壤生物学研究的现状特点,从土壤生态学、土壤生物化学、土壤微生物学、土壤植物系统、土壤动物学几个方面概括了土壤生物学研究的主要进展。结合国际土壤科学发展的前沿和热点问题,建议重点开展土壤生物与全球环境变化、土壤生物与土壤质量、土壤生物多样性与生态功能、微生物宏基因组学与活性物质开发、土壤污染与生物修复、土壤酶学与元蛋白质组技术等方面的研究。

**关键词** 土壤生物学;微生物多样性;分子生态学;元蛋白质组技术;宏基因组文库  
**中图分类号** S154.22; Q142.3 **文献标识码** A

土壤生物学是传统土壤科学的重要研究内容,也是现代土壤科学的研究热点和前沿。土壤生物包括土壤微生物、土壤动物和土壤低等植物三个部分,其种类丰富、数量巨大,参与土壤有机质的分解与合成、养分的释放与固定等过程,与土壤团聚体的形成以及污染物的降解等密切相关,因而在可持续农业、环境保护和资源开发等方面发挥着重要作用。可以说,土壤生物学是土壤科学一个永恒的研究内容,随着分子生物学和现代分析测试技术的广泛引入,土壤生物学的研究也必将进入一个新的发展时期。

本文在系统查阅近 10 年来国内外土壤生物学文献的基础上,分析了中国土壤生物学研究的现状特点,从土壤生态学、土壤生物化学、土壤微生物学、土壤植物系统、土壤动物学几个方面概括了土壤生物学研究的主要进展,结合国际土壤科学发展的前沿和热点问题,对中国土壤生物学研究提出了展望。

## 1 中国土壤生物学研究的现状

近 10 年来,中国土壤生物学研究队伍不断扩大,研究领域不断拓展,研究水平有较大的提高。从图 1 可以看出,从 1998 年至 2007 年的 10 年间,中国期刊全文数据库收录的土壤生物学方面的文

章呈现大幅度增加的趋势,1998 年发表论文 108 篇,2007 年达到 416 篇,增加 2.85 倍。同期,土壤生物学论文占土壤学论文总数,由 1998 年的 5.95% 增加至 2007 年的 10.70%。土壤生物学论文数量的持续增加,得益于土壤学、环境科学、生物学等学科的交叉渗透,也与新的研究技术和方法的广泛引入有关,尤其是分子生物学技术和现代分析测试技术长足发展,使传统的土壤生物学的研究水平大大提高,目前土壤生物学已经成为土壤科学知识创新的重要生长点。

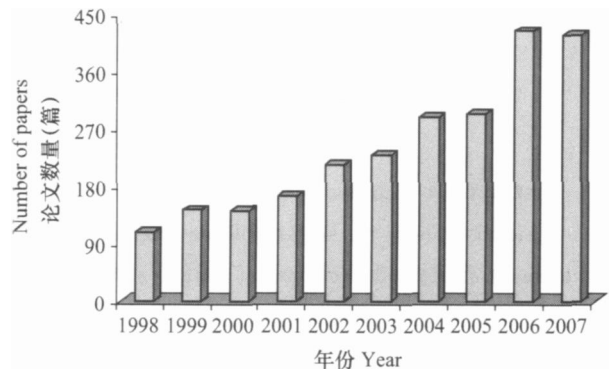


图 1 近 10 年来中国土壤生物学发表的论文数量  
Fig. 1 Number of papers published in Chinese journals during 1998 ~ 2007

注:数据来源于中国期刊全文数据库,在“总目录”下选择查询范围“土壤生物学”

\* 环保公益性行业科研专项 (200709047)、国家自然科学基金项目 (40371069)和江苏省自然科学基金项目 (BK2006501)资助

<sup>†</sup> 通讯作者, E-mail: lsp@njau.edu.cn

作者简介:曹 慧 (1966 ~),男,博士,副教授,主要从事土壤微生物分子生态学研究。E-mail: hcao@njau.edu.cn

收稿日期:2008 - 05 - 06;收到修改稿日期:2008 - 06 - 12

中国土壤生物学的现状具有以下几个特点:

(1) 土壤生物学研究具有不同学科交叉渗透的知识背景。土壤圈与大气圈、水圈、岩石圈、生物圈是相互作用的,土壤科学的研究与农业发展、环境保护和资源利用密切相关,因而也是农学、环境科学、生物科学和地球科学关注的内容,不同学科的交叉渗透有力地促进了土壤生物学的发展。

(2) 新的研究方法与技术的大量引入是土壤生物学不断创新的推动力。随着科学技术的不断发展,尤其是信息科学、系统科学、计算机科学和现代分子生物学技术的广泛引入,土壤生物学研究无论从广度和深度方面均有较大的进展,新的科学技术成为土壤生物学发展的重要推动力。

(3) 土壤生物学研究成果丰硕。中国土壤生物学研究是与国家需求紧密联系的,作为一个农业大国,中国的土壤科学研究面临发展农业与保护环境的双重任务。在此背景下,土壤科学研究在污染土壤的生物修复、土壤质量的生物学指标建立、土地利用与温室气体排放、主要生物化学过程与土壤养分释放等方面取得了重要进展,为世界土壤科学的发展做出了贡献。

(4) 土壤生物学研究内容存在不平衡性。土壤生物学研究内容涉及土壤微生物学、土壤动物学、土壤植物系统、土壤昆虫学、土壤生态学和土壤生物化学等领域。图 2 是近 10 年来土壤生物学不同研究领域文章所占比例,从图中可以看出,土壤生物化学和土壤植物系统两方面的研究内容占有较大比例,并且相对稳定;土壤微生物学和土壤生态学呈现了较快的发展势头;土壤动物学方面的研究较为薄弱并有待进一步加强。

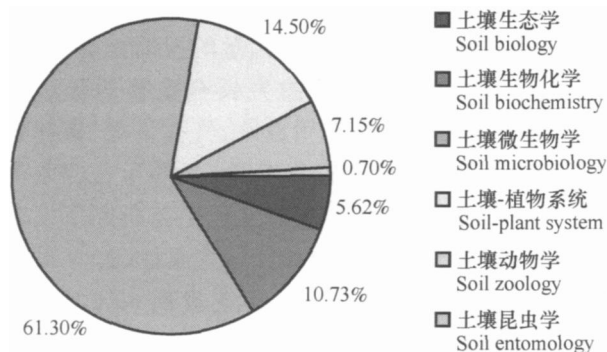


图 2 近 10 年来土壤生物学不同研究领域论文组成

Fig. 2 Contribution of various disciplines in paper to the study of soil biology in China during 1998 ~ 2007

注:数据来源于中国期刊全文数据库,以中图分类号进行分类查询

## 2 中国土壤生物学的主要研究内容与进展

### 2.1 土壤微生物多样性

土壤具备微生物生活所需的各种条件,是微生物生活和繁殖的良好场所。土壤中广泛分布着数量众多的微生物,重要的类群有细菌、放线菌、真菌、藻类和原生动物。土壤微生物多样性包括物种多样性、遗传多样性和生态系统多样性,其与土壤中的主要生态过程与功能密切相关。

中国的土壤微生物多样性研究早期主要借助于平板培养方法,通过对微生物区系分析反映土壤微生物与土壤肥力之间的关系。Biolog微平板法是 20 世纪 90 年代建立起来的一套用于研究土壤微生物群落结构和功能多样性的方法,这种方法是根据微生物对单一碳源底物的利用能力的差异,来表征土壤微生物代谢功能多样性或结构多样性的一种方法。采用 Biolog 体系能够较好地评价我国不同耕地、草地、森林等土壤中的微生物群落结构<sup>[1,2]</sup>。

随着分子生物技术的广泛引入,通过非培养方法研究土壤微生物多样性的报道不断增加,这些方法包括磷脂脂肪酸 (Phospholipids fatty acid, PLFA) 方法<sup>[3]</sup>、脂肪酸甲酯 (Fatty acid methyl ester, FAME) 方法<sup>[4]</sup>、限制性片段长度多态性 (Restriction fragment length polymorphism, RFLP) 方法<sup>[5]</sup> 以及 DGGE/TGGE 方法<sup>[6]</sup> 等,通过这些方法已经揭示出土壤环境中存在高度的微生物多样性。

我国作为世界微生物资源大国,微生物资源开发利用具有重要的科研和经济价值。在根结线虫生防真菌、有机污染物降解微生物、根瘤菌、黏细菌、放线菌等方面均开展了大量的研究,分离、筛选出一批重要的微生物菌种资源。近年来,国家科技部启动“环境微生物菌种资源整理、整合”项目,必将极大地推动微生物资源开发的进程。

### 2.2 土壤生物与养分循环

土壤是一个重要的养分储存和供应库。据估算,我国每  $\text{hm}^2$  表层土壤中储存的 N、P、K 养分量可达几吨至几百吨,这些营养元素的作物当季利用率很低。因此,提高土壤中养分的利用效率,减少农田养分的损失是养分综合管理的一项重要内容。

农田中施用的无机态氮肥,其损失途径包括氨挥发、硝化-反硝化、淋洗和径流。微生物在氮素形态转化方面具有重要作用,通过调控土壤中的微

生物类群可有效地减少土壤中的氮素损失。朱兆良等提出的提高氮利用率的主要技术,包括确定氮肥的适宜施用量、深施、水肥综合管理、平衡施肥、脲酶抑制剂和硝化抑制剂等<sup>[7]</sup>。

施入土壤中的磷、钾和微量元素,其有效利用率低,绝大多数累积在土壤中。挖掘生物高效利用土壤养分的生物学潜力是养分资源综合管理的一项重要内容和有效途径。对大量研究结果的分析表明,肥料、作物品种及其交互作用对作物产量的贡献率大于50%;长期定位施肥条件下对小麦、玉米等作物的研究显示,由于肥料品种的改善可使肥料利用率提高20%~30%<sup>[8]</sup>。近年来,随着生物学和生物技术研究的迅速发展,充分挖掘不同基因型作物种质资源养分高效的遗传潜力,选育养分吸收能力强、利用效率高的新品种的研究工作已取得很大进展,这对降低作物生产中肥料的投入,保护优良种质资源、改善环境、节省能源,协调施肥的经济效益、社会效益和生态效益均将起到积极的推动作用,值得进一步研究。

### 2.3 根际微生物

根际是一个特殊生境。根际微生物的生长密度远高于根际外,其细菌数量可达 $10^9$ 个 $\text{cm}^{-3}$ 。根际微生物对土壤有机物质的分解、无机物质的转化、氮的固定以及提供植物营养、保持土壤肥力均具有重要作用。

我国的根际微生物研究始于20世纪50年代,80年代有了较快的发展,已经开展了不同土地利用方式、不同土壤类型和不同植物种类的根际微生物的区系组成、根际效应、根际微生物与氮素转化、根际酶活性、土壤植物病原菌等方面的研究工作,对菌根菌的资源调查、分类、生理、生化以及分子遗传学的研究,均取得了初步进展,基本解决了外生菌根纯培养过程中存在的问题<sup>[9]</sup>。

### 2.4 生物固氮

生物固氮占全球固氮量的75%,能进行固氮的只有原核生物,现已发现100多属中有固氮菌种。在共生固氮方面,陈文新等采集根瘤标本7000多份,分属100多属、600多种豆科植物,新发现结瘤豆科植物300种,分离、确认并保藏根瘤菌5000多株。这些菌株经多相分类研究,确定并发表根瘤菌新属2个、新种8个,占1984年以来国际上发表根瘤菌新属的1/2,新种的1/3<sup>[10]</sup>。

在基因组学的研究中,国内已经建立了有效的苜蓿根瘤菌全基因组平台,在此基础上进行了其转

录组学的研究。斯氏假单胞菌A1501在自然环境和微好氧条件下具有很好的固氮能力,并作为一种作物生长促生菌得以开发利用,其固氮基因研究一直是该领域的研究热点,我国科学家对该菌株的基因组进行了研究,并绘制出了它的基因组草图<sup>[11,12]</sup>。在根瘤菌群体感应研究方面,朱军等在国际上首次报道了中慢生根瘤菌属中存在群体感应现象,通过转入外源调控蛋白TraR发现华癸根瘤菌群体感应能调控其生物膜的形成,对群体感应相关基因的缺失突变发现其能正调控共生结瘤过程。同时获得天山根瘤菌群体感应信号分子合成酶基因,证明该基因被其调控蛋白正调控,进而影响其根毛吸附能力,而且正调控根瘤菌的共生结瘤能力<sup>[13]</sup>。

我国在固氮酶蛋白表达与调控方面的研究也取得了一定成果。通过定点突变及转基因技术得到了第48位半胱氨酸残基替换为丙氨酸的突变体重组HeR蛋白和蓝细菌突变株,利用酵母双杂交等各项技术证明了重组蛋白和野生型蛋白在生化特性和体内生理功能上存在显著的差异,突变株蓝细菌更不能在缺乏化合态氮素的环境条件下形成异形胞进行固氮作用。发现了HeR同源二聚体蛋白是一类新型的DNA结合蛋白,其特殊结构给其他类似蛋白质性质的研究提供了新的线索,证明了HeR蛋白通过结合目标基因的DNA来调控基因表达水平,从而影响异形胞分化的过程。发现了同源二聚体HeR能正调控*heR*、*hepA*和*patS*的表达,提出了一个新型的基因调控作用方式和模型,给蓝细菌固氮作用中细胞格式形成开辟了深入研究的新方向,将有助于揭示细胞分化的调控机制,以及发育生物学中胚胎发育早期细胞间相互作用的机制<sup>[14]</sup>。

周相娟等通过GFP标记的根瘤菌接种水稻,发现在其根、茎、叶等部位均有大量的根瘤菌存在,从而成为内生细菌,并对植物生长有重要的促进作用,能显著提高其光合作用速率、气孔导度、蒸腾速率等,累积了较高含量的IAA和GS等生长调节激素<sup>[15]</sup>。中国科学院上海植物生理生态研究所发现*niA*的功能具有根瘤菌菌株和宿主属性,其N端结构域可能决定*niA*的专一性,同时发现*niA*具有调节结瘤作用的功能,其突变菌株侵染后能产生更多的根瘤<sup>[16]</sup>。

### 2.5 土壤生物与温室气体排放

温室气体是指大气层中易吸收红外线的气体,主要的温室气体包括二氧化碳、甲烷、一氧化二氮、

氯氟碳化合物和臭氧。大气中温室气体浓度持续升高导致的全球变暖问题已经引起各国政府和普通民众的关注,控制温室气体排放量成为各国环境外交争论的焦点。我国是一个水稻生产大国,稻田面积约 2 300 万  $\text{hm}^2$ ,水稻产量约占世界总产量的 36%,而稻田生态系统又是影响温室气体排放的重要的源,因此我国稻田甲烷的排放状况一直是国际上关注的热点之一。为了摸清我国稻田生态系统甲烷、氧化亚氮等温室气体的排放规律,蔡祖聪、邢光熹等历时 10 余年的潜心研究,阐明了我国稻田生态系统甲烷排放的时空变化规律,证明了冬季土壤水分状况是控制我国稻田甲烷排放的主导因素以及稻田生态系统对排放氧化亚氮的重要性,并在国际上率先提出了稻田生态系统中甲烷和氧化亚氮排放的相互消长关系。

在弄清稻田生态系统甲烷和氧化亚氮等温室气体排放规律的基础上,还对我国稻田生态系统甲烷和氧化亚氮的排放总量进行了科学估算,其中估算出的我国稻田生态系统甲烷排放总量远低于有关国际组织早期所确认的估算值,从而使得国际上对全球稻田甲烷的排放量有了新的认识,并为我国开展环境外交提供了有利的科学依据。该项研究成果还提出,减少冬灌田面积、冬灌田垄作、南方多雨地区冬季充分排水均能显著地减少稻田生态系统甲烷排放量<sup>[17,18]</sup>。

为了解水稻根系分泌过程和调控因子,我国科学家采用稳定同位素示踪技术深入研究了水稻光合碳在地上-地下部的分配规律,发现水稻光合同化碳通过根系分泌作用快速向土壤微生物转移的现象。并用现代分子生态技术和稳定同位素示踪技术相结合的手段研究了水稻根际碳循环的关键微生物种群和功能,用 RNA 稳定同位素探针技术在水稻根系发现了一组新古菌的产甲烷功能。这些发现对阐明稻田甲烷释放机理有重要意义<sup>[19]</sup>。

在森林土壤碳固定研究方面,周国逸等通过持续 25 年观测鼎湖山 400 年以上的成熟森林,发现成熟森林的土壤能吸收大量的碳,能部分解释全球科学界一直迷惑的“丢失碳”问题,同时对于森林资源丰富的中国和第三世界国家来说,意味着在《京都议定书》的谈判中有了更有利的砝码,更少地由于二氧化碳排放量受限制而影响经济发展<sup>[20]</sup>。

## 2.6 土壤污染与生物修复

土壤污染物的来源广、种类多,大致可分为无机污染物和有机污染物两大类,其中最重要的是农

药和重金属污染。国内的研究工作者结合我国土壤污染的现状,在农药和重金属污染方面开展了大量的研究工作,取得了较大的进展。在农药污染与生物修复方面,福建农业大学将分离出的有机氯农药(六六六、DDT)降解菌株制成复合菌剂,应用于盆栽试验和田间小区试验,所得到的降解效应类似于纯培养试验,对有机氯的降解率达到了 50%~60%<sup>[21]</sup>。裘娟萍等通过循环富集法筛得多效唑高效降解菌群,能彻底降解多效唑产生  $\text{CO}_2$ ,并建立了受多效唑污染土壤的再生修复技术,35 天土壤中多效唑的降解效果达 86.2%<sup>[22]</sup>。张卫等从试验土壤中分离到一株高效降解阿维菌素的菌株,土壤接种该优势菌后有助于加快阿维菌素的降解<sup>[23]</sup>。南京农业大学分离鉴定了多株高效降解菌株,建立了目前国内最大的农药残留微生物降解菌种资源库,包括甲基对硫磷、三嗪类除草剂、三唑磷、呋喃丹、六六六、DDT、菊脂类等农药的微生物降解菌株,已经筛选出农药残留微生物降解菌 500 余株,其中高效微生物降解菌 40 余株,克隆获得新的有机磷农药降解基因 *mpd*,对有机磷农药的代谢途径、*mpd* 基因表达与调控、甲基对硫磷水解酶 (MPH) 的结构与功能等有了深入而系统的认识<sup>[24-26]</sup>。

微生物和植物可以联合修复土壤重金属污染,一方面是因为它能通过各种代谢活动直接或间接地转化或溶解土壤中的重金属,使其转变为更易被植物吸收的形式。土壤微生物通过代谢活动产生的有机酸、氨基酸、酶类以及其他代谢产物能溶解重金属及含重金属的矿物;根际微生物从土壤和根系分泌物获得营养并通过分解有机物产生的产物活化根际土壤重金属;微生物的强氧化还原能力,可以还原土壤中的铁锰氧化物,使被结合的重金属释放出来;菌根真菌能影响菌根植物对重金属的积累和分配,使菌根植物体内重金属积累量增加。微生物的这些活化作用将在一定程度上增加土壤中重金属有效态的含量。另一方面,某些微生物如植物根际促生细菌 (PGPR)、菌根菌和根瘤菌等能促进植物旺盛生长,增加植物生物量,提高重金属的总吸收量。根际微生物可以合成氨基酸、植物生长素和赤霉素,加快种子萌发速率和根毛发育,从而有利于植物生长;微生物可以通过竞争和拮抗作用抑制或杀死植物病原微生物,确保植物的良好生长;菌根真菌向宿主植物传递营养,使宿主植物抗逆性增强、生长加快,间接地促进植物对重金属的修复作用<sup>[27,28]</sup>。因此,微生物强化植物修复重金属

污染土壤是一条高效、经济、环境友好的很有发展前景的生物修复新途径。

### 2.7 土壤酶学

由于土壤酶活性与土壤的理化性质、土壤类型等密切相关,所以土壤酶活性一直以来被作为表征土壤生产力和土壤肥力质量的指标。但随着人口的不断增长,土地利用开发强度不断加大,为实现土壤资源持续利用和防止土壤质量退化,对土壤环境质量的评估和预测越来越重要,传统的理化指标已难以满足土壤质量研究的需要,因而寻找用以较全面地反映土壤生物学肥力质量变化和判别胁迫环境下以及人为扰动下土壤生态系统的早期预警指标,已成为现代土壤科学的一项主要任务,有越来越多的证据表明土壤酶活性在这一方面的潜力。

中国土壤酶学的系统研究始于20世纪60年代,内容涉及主要土壤类型中的酶的种类、存在部位与活性及其与土壤肥力的相关性。70年代后,进一步涉及土壤酶在陆地生态系统中的功能,和在人为扰动条件下的催化特性。近年来,更在提高矿质肥料的利用率、减少土壤植物系统的温室气体排放及评价转基因作物的生态风险等方面进行了许多土壤酶学的应用基础研究<sup>[29]</sup>。

### 2.8 土壤动物学

土壤动物是指其生活中有一段时间定期在土壤中度过,而且对土壤有一定影响的动物。主要涉及原生动物、扁形动物、轮形动物、线形动物、软体动物、环节动物、缓步动物和节肢动物,有时甚至将部分两栖动物、爬行动物和哺乳动物中的食虫目和啮齿目也包括进来。

20世纪80年代以后我国才开始进行土壤动物学的系统性研究,近年来主要完成了土壤动物多样性和地带特征的调查,获得各类土壤动物50余万号(不包括原生动物数量),经鉴定共有3000多种,充分显示出我国土壤动物丰富的物种多样性;开展了土壤动物在凋落物分解过程中和不同植被类型影响下,群落结构、演替及其动态变化等的试验研究;在人类活动对土壤动物影响方面,研究了土地利用方式、农田耕作制度和耕作方法,肥料施用、杀虫剂喷洒,工业粉尘和酸雨的侵蚀等对土壤动物的种类、数量、生活史、群落结构以及对它们的生理过程和生态功能的影响特点。先后出版了《中国亚热带土壤动物》、《中国土壤动物检索图鉴》、《中国土壤动物》等系列专著<sup>[30,31]</sup>。

总之,土壤动物学的研究力量较为薄弱,尚需

进一步开展土壤动物及其生态功能、土壤动物与土壤质量等方面的研究工作。

## 3 研究展望

土壤生物学研究是土壤科学研究的一个热点,也是现代土壤科学研究的最重要内容之一<sup>[32,33]</sup>。土壤生物学研究队伍不断扩大,不同学科之间的交叉渗透,使中国土壤生物学研究焕发出勃勃生机,成为土壤科学知识创新的重要生长点。但同时我们也应该注意到,中国土壤生物学与欧美发达国家相比,仍然存在着较大的差距,因此追踪国际土壤生物学发展的前沿和热点,发挥资源和人才优势,大力开展国际合作,加大对土壤科学研究的投入,是摆在我们面前的迫切任务。为此特别要注意开展如下方面的研究:

(1) 土壤生物与全球环境变化。注重土壤温室气体形成生物学机理与变化规律研究,包括参与CO<sub>2</sub>、CH<sub>4</sub>、NO等温室气体形成的微生物种群、数量和分布特征,重要功能基因的克隆与代谢过程,以及CO<sub>2</sub>浓度升高条件下土壤微生物的响应等方面的研究。

(2) 土壤生物多样性及其生态功能。土壤生物参与土壤中的重要生态过程,包括有机质的分解、土壤养分固定、污染物的降解、土壤团聚体的形成等。采用分子生物学方法,结合同位素标记技术,可以深入分析C、N元素循环的过程和相关的土壤功能生物类群<sup>[34]</sup>。

(3) 土壤生物与土壤质量。传统的土壤质量指标体系是以土壤理化指标为基础的,由于它们的相对稳定性,难以反映土壤质量短期的、微小的变化。随着人们对土地开发利用强度的不断增加,寻找某些敏感的生物学指标成为土壤科学的一个主要研究内容。

(4) 土壤污染与生物修复。应加强环境微生物种质资源和基因资源的收集与保护,研究高分子有机污染物降解过程中的共代谢机理和代谢工程与生物修复相结合以解决难降解污染物的生物降解问题,加强污染环境中的降解性微生物分子生态的研究。

(5) 未培养微生物与土壤宏基因组学。土壤中蕴藏着极其丰富的微生物资源,但绝大部分属于未培养的微生物类群。通过优化培养基质和培养条件,可以获得某些未培养的功能微生物。近年来,通过构建土壤微生物宏基因组文库,可以获得较大片段的微生物基因<sup>[35,36]</sup>,为微生物基因资源开发与

活性物质筛选提供了一个新的途径。

(6) 土壤酶学与元蛋白质组学技术。土壤酶是存在于土壤环境中的各种蛋白质,它是一个特定土壤生态系统中微生物活性的反映,因此可以利用元蛋白质组 (metaproteome) 技术进行微生物群落生态功能分析。元蛋白质组是利用物理或化学的手段,直接分离提取某一特定环境中的蛋白质组,并对其中的蛋白质成分进行大规模的鉴定,从而认识环境中微生物特定活性的方法<sup>[37]</sup>。近年来,采用元蛋白质组学技术,对环境蛋白质的生物来源、环境微生物多样性及其生态功能进行研究的报道迅速增加<sup>[38,39]</sup>,环境元蛋白质组学技术的研究正在受到越来越多的关注。

## 参考文献

- [ 1 ] Li Z P, Wu X C, Chen B Y. Changes in transformation of soil organic C and functional diversity of soil microbial community under different land uses. *Agricultural Sciences in China*, 2007, 6(10): 1 235 ~ 1 245
- [ 2 ] 郑华, 陈法霖, 欧阳志云, 等. 不同森林土壤微生物群落对 Biolog-GN 板碳源的利用. *环境科学*, 2007, 28(5): 1 126 ~ 1 130. Zheng H, Chen F L, Ouyang Z Y, *et al* Utilization of different carbon sources types in Biolog-GN microplates by soil microbial communities from four forest types (In Chinese). *Chinese Journal of Environmental Science*, 2007, 28(5): 1 126 ~ 1 130
- [ 3 ] Han X M, Wang R Q, Liu J, *et al* Effects of vegetation type on soil microbial community structure and catabolic diversity assessed by polyphasic methods in North China. *Journal of Environmental Sciences*, 2007, 19(10): 1 228 ~ 1 234
- [ 4 ] Zhang Y L, Dai J L, Wang R Q, *et al* Effects of long-term sewage irrigation on agricultural soil microbial structural and functional characterizations in Shandong, China. *European Journal of Soil Biology*, 2008, 44(1): 84 ~ 91
- [ 5 ] 滕齐辉, 曹慧, 崔中利, 等. 太湖地区典型菜地土壤微生物 16S rDNA 基因的 PCR-RFLP 分析. *生物多样性*, 2006, 14(4): 345 ~ 351. Teng Q H, Cao H, Cui Z L, *et al* PCR-RFLP analysis of bacterial 16S rDNA gene from a typical garden soil in Taihu catchment (In Chinese). *Biodiversity Science*, 2006, 14(4): 345 ~ 351
- [ 6 ] Wang Y P, Shi J Y, Wang H, *et al* The influence of soil heavy metals pollution on soil microbial biomass, enzyme activity, and community composition near a copper smelter. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2007, 67(1): 75 ~ 81
- [ 7 ] 朱兆良. 农田中氮肥的损失与对策. *土壤与环境*, 2000, 9(1): 1 ~ 6. Zhu Z L. Loss of fertilizer N from plants-soil system and the strategies and techniques for its reduction (In Chinese). *Soil and Environmental Sciences*, 2000, 9(1): 1 ~ 6
- [ 8 ] 宇万太, 赵鑫, 张璐, 等. 长期施肥对作物产量的贡献. *生态学杂志*, 2007, 26(12): 2 040 ~ 2 044. Yu W T, Zhao X, Zhang L, *et al* Contribution of long-term fertilization to crop yield (In Chinese). *Chinese Journal of Ecology*, 2007, 26(12): 2 040 ~ 2 044
- [ 9 ] Zhang F S, Shen J B, Li L, *et al* An overview of rhizosphere processes related with plant nutrition in major cropping systems in China: New challenges for rhizosphere research at the entrance of the 21st century. *Plant Soil*, 2004, 260: 89 ~ 99
- [ 10 ] 陈文新, 李阜棣, 闫章才. 我国土壤微生物和生物固氮的回顾与展望. *世界科技研究与发展*, 2002, 24(4): 6 ~ 12. Chen W X, Li F D, Yan Z C. Retrospect and prospect of soil microbiology and biological nitrogen fixation researches in China (In Chinese). *World Sci-Tech Research & Development*, 2002, 24(4): 6 ~ 12
- [ 11 ] Xie Z H, Yang Y, Ping S Z, *et al* Study on molecular interaction between NifA and NifL of *Pseudomonas stutzeri* A1501 by using the yeast two-hybrid system. *Chinese Science Bulletin*, 2005, 50(2): 190 ~ 192
- [ 12 ] Yan Y L, Yang J, Chen L H, *et al* Structural and functional analysis of denitrification genes in *Pseudomonas stutzeri* A1501. *Science in China (Series C)*, 2005, 35(3): 246 ~ 253
- [ 13 ] Zhu J, Chai Y, Zhong Z, *et al* An agrobacterium bioassay strain for ultrasensitive detection of N-acylhomoserine lactone-type quorum-sensing molecules: Detection of autoinducers in *Mesorhizobium huakuii*. *Applied Environmental Microbiology*, 2003, 69: 6 949 ~ 6 953
- [ 14 ] Huang X, Dong Y Q, Zhao J D. HetR homodimer is a DNA-binding protein required for heterocyst differentiation, and the DNA-binding activity is inhibited by PatS. *Proceedings of National Academy of Science*, 2004, 101(14): 4 848 ~ 4 853
- [ 15 ] 周相娟, 梁宇, 沈世华, 等. 接种根瘤菌和遮光对大豆固氮和光合作用的影响. *中国农业科学*, 2007, 40(3): 478 ~ 484. Zhou X J, Liang Y, Shen S H, *et al* Effects of rhizobial inoculation and shading on nitrogen fixation and photosynthesis of soybean (In Chinese). *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(3): 478 ~ 484
- [ 16 ] Yang C T, Yu G Q, Shen S J, *et al* Functional difference between *Sinorhizobium meliloti* NifA and *Enterobacter cloacae* NifA. *Science in China (Series C)*, 2004, 47(1): 44 ~ 51
- [ 17 ] 蔡祖聪, 谢德体, 徐华, 等. 冬灌田影响水稻生长期甲烷排放量的因素分析. *应用生态学报*, 2003, 14(5): 705 ~ 709. Cai Z C, Xie D T, Xu H, *et al* Factors influencing CH<sub>4</sub> emissions from a permanently flooded rice field during rice growing period (In Chinese). *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003, 14(5): 705 ~ 709
- [ 18 ] Cai Z C, Yan X Y. Kinetic model for methane oxidation by paddy soil as affected by temperature, moisture and N addition. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(5): 715 ~ 725
- [ 19 ] Lu Y H, Conrad R. In situ stable isotope probing of *Methanogenic archaea* in the rice rhizosphere. *Science*, 2005, 309: 1 088 ~ 1 090
- [ 20 ] Zhou G Y, Liu S G, Li Z, *et al* Old-growth forests can accumulate carbon in soils. *Science*, 2006, 314: 1 417
- [ 21 ] 方玲. 降解有机氯农药的微生物菌株分离筛选及应用效果.

- 应用生态学报, 2000, 11(2): 249~252 Fang L. Isolation and selection of strains used to degrade organic chlorine pesticides and application effects (In Chinese). Chinese Journal of Applied Ecology, 2000, 11(2): 249~252
- [22] 裘娟萍. 耕地受多效唑农药污染后的再生修复技术. 土壤学报, 2002, 39(1): 46~51. Qiu J P. The reparative regeneration technology of soil that was contaminated by paclobutrazol (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2002, 39(1): 46~51
- [23] 张卫, 虞云龙, 吴加伦, 等. 阿维菌素在土壤中的降解和高效降解菌的筛选. 土壤学报, 2004, 41(4): 591~596 Zhang W, Yu Y L, Wu J L, *et al* Degradation of abamectin in soils and screening of highly efficient degradation bacterium (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2004, 41(4): 591~596
- [24] 李顺鹏, 蒋建东. 农药污染土壤的微生物修复研究进展. 土壤, 2004, 36(6): 577~583. Li S P, Jiang J D. Microbial remediation of pesticide-contaminated soil (In Chinese). Soils, 2004, 36(6): 577~583
- [25] Cui Z L, Li S P, Fu G P. Isolation of methyl parathion degrader strain M6 and cloning of the methyl parathion hydrolase gene. Applied Environmental Microbiology, 2001, 67: 4 922~4 925
- [26] Cui Z L, Zhang X Z, Zhang Z H, *et al* Construction and application of a promoter trapping vector with methyl parathion hydrolase gene *mpd* as the reporter. Biotechnology Letters, 2004, 26: 1 115~1 118
- [27] 滕应, 骆永明, 李振高. 污染土壤的微生物修复原理与技术进展. 土壤, 2007, 39(4): 497~502. Teng Y, Luo Y M, Li Z G. Principles and techniques of microbial remediation of polluted soils (In Chinese). Soils, 2007, 39(4): 497~502
- [28] 周启星, 魏树和, 刁春燕. 污染土壤生态修复基本原理及研究进展. 农业环境科学学报, 2007, 26(2): 419~424. Zhou Q X, Wei S H, Diao C Y. Basic principles and researching progresses in ecological remediation of contaminated soils (In Chinese). Journal of Agro-Environment Science, 2007, 26(2): 419~424
- [29] 中国土壤学会编. 中国土壤科学的现状与展望. 南京: 河海大学出版社, 2007. 101~109. Soil Sciences Society of China ed. Present and Expectation of Soil Science in China (In Chinese). Nanjing: Hohai University Press, 2007. 101~109
- [30] 傅声雷. 土壤生物多样性的研究概况与发展趋势. 生物多样性, 2007, 15(2): 109~115. Fu S L. A review and perspective on soil biodiversity research (In Chinese). Biodiversity Science, 2007, 15(2): 109~115
- [31] 尹文英. 土壤动物学研究的回顾与展望. 生物学通报, 2001, 36(8): 1~3. Yin W Y. A brief review and prospect on soil zoology (In Chinese). Bulletin of Biology, 2001, 36(8): 1~3
- [32] 赵其国. 21世纪土壤科学展望. 地球科学进展, 2001, 16(5): 704~709. Zhao Q G. Prospects of soil science in the 21st century (In Chinese). Advances in Earth Science, 2001, 16(5): 704~709
- [33] Andr e H M, Noti M I, Lebrun P. The soil fauna: the other last biotic frontier. Biodiversity and Conservation, 1994, 3(1): 45~56
- [34] Vigdis T, Lisc O. Microbial diversity and function in soil: From gene to ecosystems. Current Opinion in Microbiology, 2002, 5: 240~245
- [35] Streit W R, Schmitz R A. Metagenomics-The key to the uncultured microbes. Current Opinion in Microbiology, 2004, 7: 492~498
- [36] Daniel R. The metagenomics of soil. Nature, 2005, 3: 470~478
- [37] Rodriguez-Valera F. Environmental genomics, the big picture? FEMS Microbiol Lett, 2004, 231: 153~158
- [38] Thomas T, Egan S, Burg D, *et al* Integration of genomics and proteomics into marine microbial ecology. Marine Ecology Progress Series, 2007, 332: 291~299
- [39] Bertin P N, M digue C, Nomand P. Advances in environmental genomics: Towards an integrated view of microorganisms and ecosystems. Microbiology, 2008, 154: 347~359

## RESEARCH ON SOIL BIOLOGY IN CHINA: RETROSPECT AND PERSPECTIVES

Cao Hui Cui Zhongli Li Shunpeng<sup>†</sup>

(Key Laboratory of Microbiological Engineering of Agricultural Environment, MOA, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

**Abstract** Soil organism is a key driving force of soil formation and evolution, and the most active component of a soil ecosystem as well. Based on literatures available of the past decade the world over, status quo of the study of soil biology in China was analyzed, and major progresses of the study was summarized from the angles of soil biology, soil biochemistry, soil microbiology, soil-plant system and soil zoology. By taking into consideration the frontier and hot issues of the study on soil science the world over, it is recommended that foci of the study should be placed on soil biology and global environment changes, soil biology and soil quality, soil biodiversity and its ecological functions, soil microbial metagenomics and development of active substances, soil pollution and bioremediation, and soil enzymology and metaproteomic techniques, etc.

**Key words** Soil biology; Microbial diversity; Molecular ecology; Metaproteome; Metagenomic library