

野生黄花蒿土壤的养分状况与微生物特征*

罗世琼^{1,2} 黄建国¹ 袁玲[†]

(1 西南大学资源环境学院, 重庆 400716)

(2 贵州师范大学生命科学院, 贵阳 550001)

摘要 黄花蒿是提取青蒿素的唯一原料植物, 广泛分布于我国西南地区。为探索野生黄花蒿的耐瘠机理, 提高人工种植黄花蒿的产量品质, 研究了野生黄花蒿土壤的养分状况与微生物特性, 以及它们与黄花蒿产量品质的关系。结果表明, 在野生黄花蒿生长的不同样地中, 土壤养分、pH、酶活性和微生物量差异显著, 说明黄花蒿耐瘠耐肥, 具有广泛的生态适应性。利用气相色谱-质谱联用仪共检测出 24 种土壤微生物标记性磷脂脂肪酸 (PLFAs), 包括代表细菌的 19 种 11 ~ 19 碳 PLFAs, 代表放线菌的 10Me18:0, 代表真菌的 18:2 ω 6,9, 18:1 ω 9c 和 18:1 ω 9t, 以及代表线虫的 20:0, PLFAs 总含量均表现出细菌 > 放线菌 > 真菌的现象。在黄花蒿根际土壤中, pH 显著低于非根际土壤, 但有机质、碱解氮、有效磷、速效钾, 蔗糖酶、脲酶和磷酸酶活性, 微生物碳氮量, PLFAs 总含量, 微生物群落的多样性和均匀度指数等显著高于非根际土壤。此外, 在野生黄花蒿根际土壤中, 微生物 PLFAs 总含量与黄花蒿植株生物量、青蒿酸和青蒿素产量呈极显著正相关, 微生物生物量碳氮与青蒿酸和青蒿素产量呈显著或极显著正相关。说明黄花蒿根际土壤适合多种微生物生长繁殖, 种群丰富, 密度高, 酶活性强, 提高了土壤养分的有效性, 有益于野生黄花蒿适应不同的土壤条件, 根际土壤微生物显著影响野生黄花蒿生长及其有效成分的含量。

关键词 野生黄花蒿; 青蒿素; 土壤; 养分; 微生物

中图分类号 S153.6; S154.4 **文献标识码** A

疟疾威胁世界上约 40% 的人口, 目前, 青蒿素作为治疗疟疾的一线首选药物, 黄花蒿 (*Artemisia annua* L.) 是提取青蒿素的唯一原料植物, 内含多种药用成分, 也是我国种植面积最大的药用植物之一, 种植面积和青蒿素产量均超过全球总量的 80%^[1]。

西南地区是我国黄花蒿的主产区, 有大量的野生黄花蒿分布^[2]。黄花蒿类似日本小檗 (*Microste-gium vimineum* (Trin.) A. Canus.)、柔枝莠竹 (*Berberis thunbergii* D. C.)^[3]、燕麦 (*Bromus Secalinus* L.)、雀麦 (*Avena barata* L.)^[4]、紫荆泽兰 (*Ar-eratin aadenophora* Sprengal Asteraceae)^[5]、加拿大一枝黄花 (*Solidago canade* L.)^[6] 等多种入侵荒地的先锋植物^[2], 耐瘠能力强, 能够在土层瘠薄的石漠化地区形成优势群落^[7], 对于防止水土流失和遏制生态环境恶化具有积极作用^[8]。但是, 黄花蒿耐瘠

机理尚不清楚。在贫瘠土壤中, 活化利用土壤养分是黄花蒿正常生长的保障。微生物是土壤生态系统中的重要成分, 直接参与有机质分解和氮、磷、硫等养分的转化利用^[9-11]。土壤中的自生固氮菌、磷细菌和钾细菌等微生物能固氮、溶磷、解钾^[12-13], 提高养分的生物有效性。此外, 微生物分泌土壤酶, 催化土壤生物化学过程, 也与土壤养分的转化利用密切相关^[14]。因此, 研究野生黄花蒿群落的土壤养分、酶活性和微生物有益于揭示其耐瘠机理, 明确土壤微生物及养分对黄花蒿产量品质的影响。

为此, 本研究在大量野外调查的基础上, 选择贵州省 8 个具有代表性的野生黄花蒿样地, 研究了土壤养分、酶活性和微生物特性等, 并探讨了它们与野生黄花蒿产量和有效成分的关系, 目的是为科学利用黄花蒿治理喀斯特地区的生态环境, 提高人工栽培黄花蒿的产量品质提供理论依据。

* 中央高校基本科研业务费专项资金项目 (XDJK2010D002)、重庆市科委自然科学基金项目 (CSTC2011JJA0861) 和云南省烟草公司科技项目 (2013YN1109YN00307A05) 资助

† 通讯作者, 袁玲 (1962—), 女, 四川人, 教授, 主要从事植物营养研究。E-mail: lingyuanh@aliyun.com

作者简介: 罗世琼 (1974—), 女, 贵州人, 侗族, 博士, 教授, 主要从事土壤生态学研究。E-mail: lingyuanh@aliyun.com

收稿日期: 2013-08-24; 收到修改稿日期: 2014-01-20

1 材料与amp;方法

1.1 样地概述

野生黄花蒿样地分别位于贵州省凯里市下司镇(KL)和贵阳市金竹镇(GY)。前者属于亚热带湿润温和气候,兼具高原性和季风性气候特点,年均温 15.3℃,变化于 -7.3℃~35.1℃ 之间,年均

相对湿度 77%,年均降雨量 1 129 mm,年均日照时数 1 148 h,无霜期 250 d;后者属亚热带湿润季风气候,年均气温 16.1℃,变化于 -7℃~37℃,年均相对湿度 80%,年均降雨量 1 243 mm,年均日照 1 289 h,无霜期 282 d。样地均为当地典型、具有代表性的喀斯特地形地貌,自然生长黄花蒿 5 年以上,群落内无其他植物。样地的地理位置及土壤类型见表 1。

表 1 野生黄花蒿样地的地理状况及土壤类型

Table 1 Soil types and geographic information of wild *A. annua* sample sites

样地编号 Site code	样地名称 Sites name	地理位置 Geographic position	海拔 Elevation(m)	土壤类型 Soil type	>2 mm 砾石含量 >2 mm gravels content(%)
KL1	凯里上新寨 Shangxinzhai, Kaili	26°31'45"N、107°49'33"E	632	灰岩黄壤 Calcareous yellow soil	82.15
KL2	凯里下新寨 Xiaxinzhai, Kaili	26°31'27"N、107°50'25"E	656	灰岩黄壤 Calcareous yellow soil	65.28
KL3	凯里湾塘 Wantang, Kaili	26°49'63"N、107°79'09"E	642	第四纪黄壤 Quaternary Period yellow soil	13.45
KL4	凯里保秧洲 Baoyangzhou, Kaili	26°50'30"N、107°79'91"E	618	灰岩黄壤 Calcareous yellow soil	7.25
GY1	贵阳李家庄 Lijiazhuang, Guiyang	26°30'22"N、106°39'17"E	1 135	第四纪黄壤 Quaternary Period yellow soil	16.28
GY2	贵阳烂泥沟 Lannigou, Guiyang	26°31'45"N、106°66'88"E	1 098	灰岩黄壤 Calcareous yellow soil	85.26
GY3	贵阳摆沙村 Baishacun, Guiyang	26°30'24"N、106°38'56"E	1 159	灰岩黄壤 Calcareous yellow soil	35.87
GY4	贵阳摆勺村 Baishacun, Guiyang	26°29'54"N、106°38'15"E	1 157	灰岩黄壤 Calcareous yellow soil	62.95

注:KL 表示凯里,GY 表示贵阳,1、2、3、4 为样地编号。下同 Note: KL = Kaili and GY = Guiyang, 1, 2, 3 or 4 is number of sample site. The same below

1.2 样品采集

2012 年 8-9 月,于黄花蒿现蕾期,分别采取黄花蒿根际和非根际土壤,每个样地采取 3 个土壤样品。采样时,挖取黄花蒿植株,抖动去掉容易抖落的土壤,收集黏附于根系表面的土壤(每株约 20 g),视为根际土壤;距离黄花蒿植株根围外 20 cm 左右的土壤视为非根际土壤。取样后,将土样装入无菌塑料袋,迅速运回实验室,每个样品一分为二,其中一份自然风干,各测土壤理化性质和酶活性;另一份置于 -4℃ 冰箱中,用于分析土壤微生物标记性磷脂脂肪酸(PLFAs)。

在采集土样的同时,同步采集长势一致的 9 株

黄花蒿,带回实验室。分开根、茎、叶,105℃ 杀青,室温阴干,用于测定青蒿素和青蒿酸含量。取少量叶片 70℃ 烘干,测定水分系数,粉碎过 40 目筛,待测相关项目。

1.3 测定项目与方法

土壤基本理化性质采用常规分析方法^[15]。分别用苯酚-次氯酸钠比色法、3,5-二硝基水-杨酸比色法和磷酸苯二钠比色法测定土壤脲酶、蔗糖酶和磷酸酶活性,其活性分别以 24 h 后 1 g 土壤中铵态氮(NH₄⁺-N)、葡萄糖和苯酚的毫克数来表示^[10]。新鲜土样经氯仿熏蒸后,氧化还原法测定微生物量碳,靛酚蓝比色法测定微生物量氮^[14]。借鉴

Bligh 和 Dyer^[16]方法提取新鲜土壤中的 PLFAs,经一系列提取和预处理后,用气相色谱-质谱联用仪(GCMS-QP2010)测定 PLFAs 含量。色谱条件为:HP-5MS (30 m × 0.25 mm × 0.25 μm) 石英毛细管色谱柱;升温程序为 70℃ 保持 5 min,20℃ min⁻¹升至 190℃,保持 1 min,5℃ min⁻¹升至 200℃,停留 2 min,10℃ min⁻¹升至 280℃,保留 8 min;进样口温度:250℃;载气:He (0.9 ml min⁻¹);分流比:10:1;离子源温度:230℃;四极杆:150℃;质量扫描范围:30~600 m z⁻¹。以甲酯化的 C19:0 (non-adeanoate) 为内标,微生物脂肪酸甲酯混标 (Bacterial Acid Methyl Esters Mix) (47080-U, Sigma-Aldrich) 为外标。

按照 Frostegard 等^[17]的方法对 PLFAs 进行命名。代表细菌类群的 PLFAs 有 2-OH 10:0、11:0、12:0、2-OH 12:0、3-OH 12:0、13:0、14:0、2-OH 14:0、15:0、i15:0、α15:0、16:0、2-OH 16:0、i16:0、i17:0、16:1ω7c、cy17:0、17:0、cy17:0。其中,i15:0、α15:0、i16:0、i17:0 代表格兰氏阳性细菌 (G⁺); 2-OH 10:0、2-OH 12:0、3-OH 12:0、2-OH 14:0、2-OH 16:0、16:1ω7c、cy17:0、cy19:0 代表格兰氏阴性细菌 (G⁻)^[17-18]。代表真菌类群的包括 18:2ω6,9、18:1ω9c、18:1ω9t;10Me18:0 代表放线菌类群;20:0 代表线虫^[19]。

青蒿酸及青蒿素的提取参照 Jessing 等^[20]方法。精密称取 250 mg 样品粉末,置于 100 ml 磨口带塞三角瓶中,加入 25 ml 无水乙醇,称重,在 25℃ 下,避光,培养箱中振荡,以 121 r min⁻¹振荡 20 h,无水乙醇补足损失重量,过滤,将滤液密封于 -18℃ 保存待用。采用 GC-MS 分析^[21],分析条件:色谱柱:DB-5 MS (30 m × 0.25 mm × 0.25 μm);升温程序:50~220℃ (15℃ min⁻¹,保持 5 min);220~230℃ (15℃ min⁻¹,保持 10 min);载气:氦气 (恒流,31.4 cm s⁻¹);分流比:10:1;检测器温度:250℃;离子源温度:250℃。青蒿酸及青蒿素的产量等于它们的含量乘以生物量 (干重)。

1.4 统计分析

试验数据用 Excel 2007 整理,SPSS 13.0 软件进行统计分析,包括方差分析 (ANOVA) 和 LSD 显著性检验,显著水平均为 $p < 0.05$ 。

用黄花蒿土壤 PLFAs 含量计算土壤微生物的种群特征参数,包括多样性指数、均匀度指数和优

势度指数^[14]。Shannon-Wiener 多样性指数 (H') 的计算公式为: $H' = -\sum P_i \ln P_i$, 其中 $P_i = N_i/N$, N_i 为第 i 种 PLFA 含量, N 为该土壤的总 PLFAs 含量; Pielou 均匀度指数 (E) 的计算公式为 $E = H'/\ln S$, S 为该土壤 PLFAs 类别总数; Simpson 优势度指数 (D) 的计算公式为: $D = 1 - \sum P_i^2$ 。

2 结果

2.1 土壤养分特征

表 2 可见,不同黄花蒿样地土壤的有机质、pH、全量和碱解氮、有效磷、速效钾含量因样地不同而异。土壤有机质是各种营养元素特别是氮、磷的重要来源,也是土壤微生物必不可少的碳源和能源,其量的多少,是土壤肥力高低的一个重要指标。野生黄花蒿土壤有机质含量变化于 107.7~143.6 (根际土壤) 和 89.5~130.8 g kg⁻¹ (非根际土壤) 之间。根际土壤有机质含量显著高于非根际土壤 (KL1 和 KL4 除外),与根际根系分泌物及残体分解物较非根际土壤多有关。

pH 与土壤养分对植物的有效性有一定的关联。植物根系分泌物对土壤 pH 可能产生影响,因此比较不同黄花蒿样地根际与非根际土壤 pH 的差异。结果显示各样地土壤 pH 分别变化于 6.53~8.07 (根际土壤) 和 6.82~8.21 (非根际土壤)。灰岩黄壤的 pH 显著高于第四纪黄壤,但根际土壤 pH 显著低于非根际土壤 (KL1 例外,二者无显著差异)。

全量养分氮、磷、钾是衡量土壤肥力的基础指标。样地对应土壤类型不同,全量养分也不一样。全氮高低相差 2.34 倍 (根际土壤) 和 2.22 倍 (非根际土壤),全磷相差 2.51 倍 (根际土壤) 和 2.69 倍 (非根际土壤),全钾相差 2.39 倍 (根际土壤) 和 3.06 倍 (非根际土壤)。比较黄花蒿根际和非根际土壤,全量养分无明显变化规律。

有效养分氮、磷、钾与植物生长关系密切,在不同样地之间,土壤碱解氮、有效磷、速效钾的变化类似有机质、pH 和全量养分。但是,黄花蒿根际土壤的有效养分显著高于非根际土壤 (GY1 的有效磷和 GY2 的速效钾除外)。以平均值计,根际土壤碱解氮、有效磷、速效钾分别较非根际土壤高 26.86%、39.75%、31.87%。

表 2 野生黄花蒿样地土壤的基本理化性质

Table 2 Basic physicochemical property of soils in the wild *A. annua* sample sites

样地编号 Site code	R&N	pH	有机质	全氮	全磷	全钾	碱解氮	有效磷	速效钾
			O M (g kg ⁻¹)	Total N (g kg ⁻¹)	Total P (g kg ⁻¹)	Total K (g kg ⁻¹)	Alkalystic N (mg kg ⁻¹)	Available P (mg kg ⁻¹)	Available K (mg kg ⁻¹)
KL1	R	8.05aA	107.9cA	1.44eB	0.369eB	13.54aA	114.5bA	14.06fA	119.3bA
	N	8.11bA	89.5dB	2.33aA	0.558bA	12.98aA	105.3aB	7.10fB	105.0aB
KL2	R	7.57bB	137.1aA	1.36eA	0.342eA	6.75eA	82.68eA	25.00dA	126.0aA
	N	7.84eA	128.7aB	1.33dA	0.249eB	6.25eA	74.50cB	12.37eB	57.11eB
KL3	R	6.53fB	117.7bA	2.28bA	0.699cA	7.85dA	100.9cA	16.92eFA	78.52dA
	N	6.82fA	104.4cB	2.17bA	0.486bB	7.54dA	88.34bB	10.97eB	67.52dB
KL4	R	7.42cB	109.5cA	3.18aA	0.858aA	5.65fA	97.57cA	18.22eA	72.06deA
	N	7.86dA	103.9cA	1.39dB	0.441cB	4.24fB	84.40bB	17.36cB	57.49eB
GY1	R	7.16eB	138.6aA	2.44bA	0.774bA	8.02dA	103.4cA	48.41bA	106.9cA
	N	7.72eA	118.5bB	1.64cB	0.408cB	7.86dB	59.28deB	47.81aA	97.14abB
GY2	R	8.07aB	111.2bcA	1.87cA	0.642cA	11.23bA	91.69dA	57.55aA	68.12eA
	N	8.21aA	107.3cB	1.05eB	0.669aA	11.05bA	63.02dB	37.24bB	64.45dA
GY3	R	7.52bB	107.7cA	1.66dA	0.501dB	12.62abA	143.9aA	35.24cA	121.6abA
	N	8.04bcA	94.8dB	1.51cA	0.585bA	11.92abA	107.9aB	14.60dB	90.20bB
GY4	R	7.25dB	143.6aA	1.77cdB	0.549dA	9.23cA	77.40eA	59.37aA	127.2aA
	N	7.95cA	130.8aB	2.24abA	0.312dB	8.76cB	57.45eB	49.20aB	82.87cB

注:R 表示根际土壤,N 表示非根际土壤,下同;同一样地根际与非根际土壤之间,不同大写字母者表示差异显著 ($p < 0.05$);同一列中,不同样地间根际土壤或非根际土壤之间不同小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$)。Note: R = rhizosphere and N = no-rhizosphere. The same below. Different capital letters indicate significant difference between R and N in the soils at the same site ($p < 0.05$), while different lowercase letters in the same column indicate significant difference at $p < 0.05$

2.2 土壤酶活性特征

土壤蔗糖酶是土壤中的生物催化剂,反映了土壤中生物活性的强弱及物质转化的速度。不同样地之间,土壤蔗糖酶有差异,变化于 5.81 ~ 13.84 mg g⁻¹ 24h⁻¹ 之间。根际土壤蔗糖酶活性显著高于非根际土壤(图 1),以平均值计,前者的平均值分别为 11.90(KL)和 11.98 mg g⁻¹ 24h⁻¹(GY),后者仅为 8.20(KL)和 9.08 mg g⁻¹ 24h⁻¹(GY)。说明黄花蒿根际土壤生物活性强,物质转化速度快。

脲酶是土壤氮循环的一种关键性酶,生成的氨是植物氮素营养来源之一。各样地脲酶活性变化于 75.70 ~ 315.7 mg g⁻¹ 24h⁻¹ 之间,根际土壤脲酶活性也显著高于非根际土壤(图 1),以平均值计,凯里样地的根际土壤脲酶活性较非根际土壤高 14.61%,贵阳样地根际土壤脲酶活性较非根际土壤高 82.95%,说明根际土壤氮素代谢旺盛,有利于植株对氮的吸收。

碱性磷酸酶是评价碱性土壤有机磷素生物转化方向和强度的重要指标。类似土壤蔗糖酶和脲

酶,碱性磷酸酶活性在样地间有差异,相差 1.40 倍,且根际土壤碱性磷酸酶活性显著高于非根际土壤(图 1)。前者的平均值分别为 1.60(KL)和 1.21 mg g⁻¹ 24h⁻¹(GY),后者仅为 1.24(KL)和 0.97 mg g⁻¹ 24h⁻¹(GY),可见黄花蒿根际土壤磷酸酶可增加有机磷对植株的有效性。

2.3 土壤微生物生物量碳、氮特征

土壤微生物生物量碳、氮是土壤有效碳、氮的重要来源,成为评价土壤养分有效性和土壤微生物活性的重要指标。表 3 结果显示在野生黄花蒿土壤中,样地土壤微生物量碳分别变化于 102.6 ~ 231.5 mg kg⁻¹(KL)和 161.7 ~ 296.9 mg kg⁻¹(GY)之间。此外,根际土壤微生物量碳显著高于非根际土壤,前者的平均值分别为 201.1 mg kg⁻¹(KL)和 260.4 mg kg⁻¹(GY),后者仅为 138.9 mg kg⁻¹(KL)和 185.7 mg kg⁻¹(GY),黄花蒿根系分泌物或根茬腐解释放的有机物较多,根际营养物质和能源较非根际土壤丰富,从而使根际土壤微生物量碳显著高于非根际土壤。微生物量氮的变化类似于微生物量

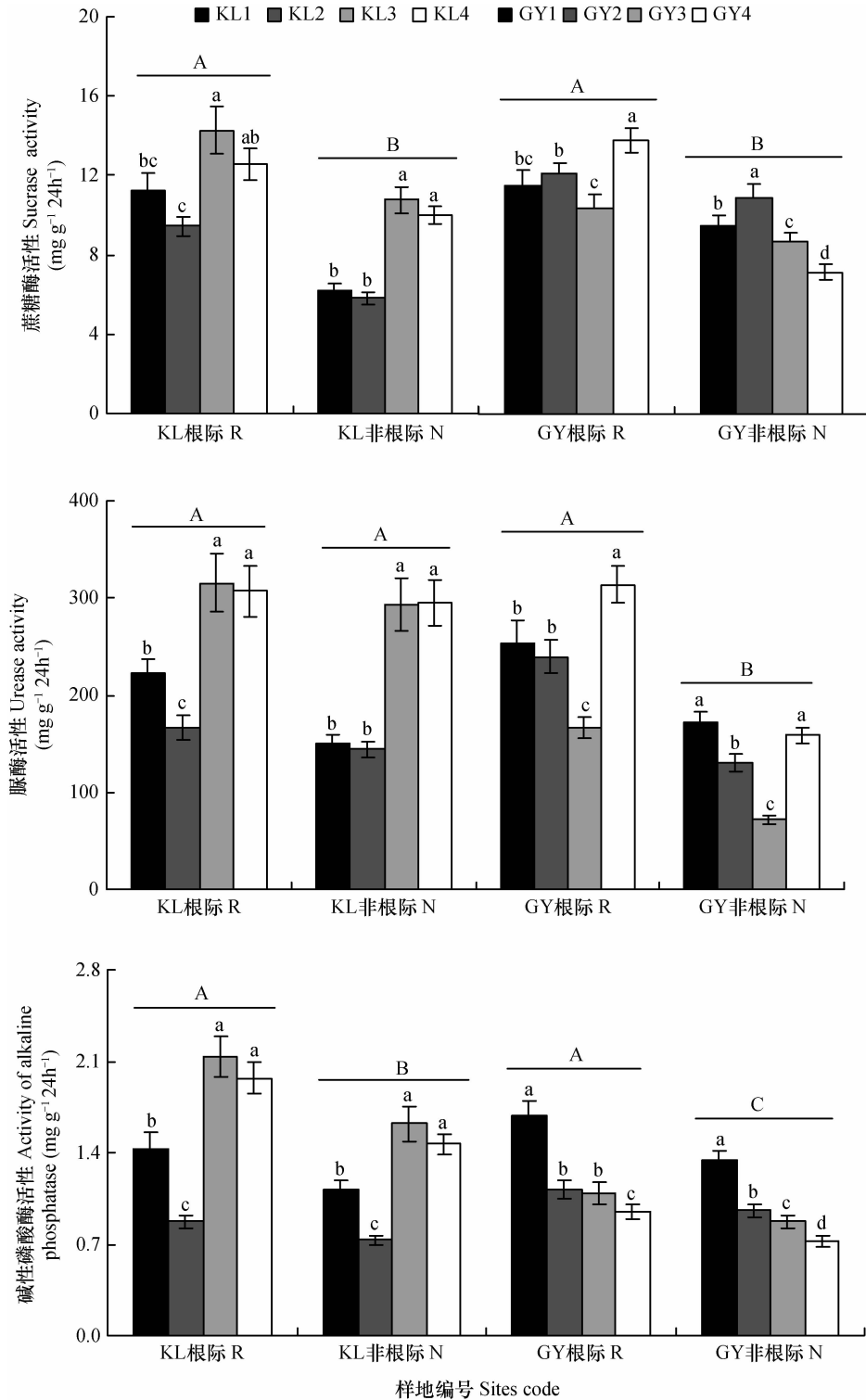


图1 野生黄花蒿土壤酶活性

Fig. 1 Enzymatic activities in the soil with wild *A. annua*

注: R = 根际土壤, N = 非根际土壤; 不同小写字母表示不同样地间差异显著 ($p < 0.05$), 不同大写字母表示根际与非根际土壤之间差异显著 ($p < 0.05$)

Note: R = rhizosphere and N = non-rhizosphere. Different lowercase letters indicate significant difference between different sample sites at $p < 0.05$. Different capital letters indicate significant difference between R and N

表 3 野生黄花蒿土壤微生物生物量碳、氮及碳氮比值
Table 3 Microbial biomass C and N and C/N in soils with wild *A. annua*

样地编号 Sites code	微生物生物量碳(mg kg ⁻¹) Microbial biomass C		微生物生物量氮(mg kg ⁻¹) Microbial biomass N		微生物生物量碳氮比值 C/N in microorganisms	
	R	N	R	N	R	N
	KL1	174.1eA	156.6cB	22.84eA	12.58fB	7.62aB
KL2	179.8eA	102.6eB	37.48cA	21.67eB	4.80cA	4.74eA
KL3	219.1dA	171.3bB	34.86cA	10.48gB	6.29bB	16.34aA
KL4	231.5cA	125.1dB	30.32dA	11.64fgB	7.63aB	10.74cA
GY1	255.4bA	194.5aB	48.03bA	42.71cA	5.32cB	4.55eA
GY2	213.4dA	210.1aA	42.64bA	33.25dB	5.00cB	6.32dA
GY3	275.9abA	161.7cB	86.45aA	78.89aA	3.19dA	2.05gB
GY4	296.9aA	176.6bB	84.09aA	55.87bB	3.53dA	3.16fA

注:同行不同大写字母表示同一样地根际与非根际土壤之间差异显著 ($p < 0.05$); 同列不同小写字母表示不同样地间差异显著 ($p < 0.05$) Note: Different capital letters indicate significant different between rhizosphere (R) and non-rhizosphere (N) in the same site at $p < 0.05$. In each column, different lowercase letters indicates significant difference at $p < 0.05$

碳,贵阳样地根际土壤微生物量氮(平均 65.30 mg kg⁻¹)显著高于凯里样地(平均 31.38 mg kg⁻¹)。非根际土壤中贵阳样地微生物量氮(平均 52.68 mg kg⁻¹)也显著高于凯里样地(平均 14.09 mg kg⁻¹)。表明贵阳样地的土壤微生物活性较高,有机无机养分转化力较强。

微生物生物量碳氮比变化于 2.05 ~16.34 之间,相差近 8 倍。凯里样地微生物碳氮比平均值(根际 6.58;非根际土壤 11.08)较高,说明有较高的通过微生物量储存氮的能力,贵阳样地(根际 4.26;非根际土壤 4.02)较低,说明有较高的通过微生物量周转释放氮的潜力。

2.4 土壤微生物 PLFAs 含量及组成特征

PLFAs 是微生物活细胞相对稳定的组成成分,因它们的类群不同而异,可用于微生物群落结构的动态监测。在野生黄花蒿生长的土壤中,分别检出 24 种 PLFAs,包括代表细菌的 19 种 11 ~ 19 碳 PLFAs;代表放线菌的 10Me18:0;代表真菌的 18:2 ω 6,9、18:1 ω 9c 和 18:1 ω 9t;代表线虫的 20:0。其中,PLFAs 总含量细菌 > 放线菌 > 真菌,含量较高的 PLFAs 有 14:0、16:0、18:2 ω 6,9、18:1 ω 9c、18:1 ω 9t、10Me18:0 和 20:0 (表 4)。从不同样地的 PLFAs 含量看,贵阳样地的微生物总 PLFAs 含量显著高于凯里样地,前者平均为 1 145 μ g g⁻¹,而后者仅为 489 μ g g⁻¹。

在野生黄花蒿根际土壤中,微生物总 PLFAs 含量的平均值为 1 012 μ g g⁻¹,显著高于非根际土壤(534 μ g g⁻¹),相差近 1 倍。从细菌、真菌、放线菌

和线虫的 PLFAs 含量看,总体上根际土壤显著高于非根际土壤(GY2 样地的细菌、GY2 和 KL1 样地的真菌、KL1 样地的放线菌除外)。

2.5 土壤微生物的群落特征

利用 PLFAs 含量可计算出土壤微生物的群落特征值(表 5)。结果表明,在不同样地之间,土壤微生物的多样性指数、均匀度指数和优势度指数等群落特征值差异显著。就微生物群落的多样性指数和均匀度指数而言,根际土壤高于或与非根际土壤相似(KL2 样地除外)。微生物群落的优势度指数表现出根际土壤高于非根际土壤(GY3 和 GY4 样地);根际土壤低于非根际土壤(KL2 和 KL4 样地);根际土壤和非根际土壤相似(GY1、GY2、KL1 和 KL3)等多种现象。

2.6 黄花蒿的产量与品质

表 6 可见,不同样地之间,黄花蒿植株生物量相差 1 倍以上,叶片生物量相差 2.54 倍。其中,样地 KL2、KL1、KL4 及 GY2 的植株生物量超过 100 g plant⁻¹。

在野生黄花蒿叶片中,青蒿酸含量变化于 560 ~ 4 326 mg kg⁻¹之间,样地 GY1 最高,样地 KL1 最低,相差 7.72 倍;青蒿酸产量为 13.48 ~ 86.05 mg plant⁻¹,贵阳样地的平均值显著高于凯里样地。

叶片青蒿素含量变化于 13 400 ~ 5 886 mg kg⁻¹之间,均高于工业提取的最低要求(5 000 mg kg⁻¹)^[22]。其中,样地 GY3 最高,KL2 最低,二者相差 2.28 倍。青蒿素的单株产量因样地不同而异,介于 157.7 ~ 403.4 mg plant⁻¹之间,样地 GY2 最高,KL3 最低,二者相差 2.56 倍。

表 4 野生黄花蒿土壤微生物 PLFAs 含量及组成

Table 4 Content and composition of microbial PLFAs in the soils with wild *A. annua* ($\mu\text{g g}^{-1}$) ($n=3$)

类群 Group	GY1		GY2		GY3		GY4		KLI		KLI2		KLI3		KLI4		
	R	N	R	N	R	N	R	N	R	N	R	N	R	N	R	N	
革兰氏阳性细菌 G ⁺ -bacteria	i-15:0	6.00e	2.83i	5.37f	8.07c	6.92d	0.78m	30.36a	10.02b	4.42g	1.96j	6.85d	3.63h	5.13f	2.75i	3.98h	1.49k
	α -15:0	2.34d	1.53e	3.13c	3.42bc	2.84c	0.54f	6.40a	3.86b	1.72e	0.58f	3.24c	1.66e	1.32e	0.82f	2.89c	0.47f
	i-16:0	3.79f	1.99g	4.04ef	5.57d	2.17g	0.81h	11.32a	4.30e	3.76f	1.07h	4.12ef	2.19g	8.42b	7.24c	3.62f	1.24h
	i-17:0	1.28d	0.63e	1.42d	2.12c	2.83b	0.27e	6.15a	1.81d	1.15d	0.39e	1.13d	0.70e	0.64e	0.82d	0.91d	0.31e
	总和 Total	13.40d	6.98g	13.96d	19.19b	14.76cd	2.40j	54.23a	20.00b	11.05e	4.00h	15.33c	8.18f	15.52c	11.62e	11.41e	3.51i
革兰氏阴性细菌 G ⁻ -bacteria	2-OH 10:0	0.53e	1.01d	1.48c	4.24a	1.12d	1.10d	1.61c	2.12b	0.54e	0.94d	1.18d	0.27f	0.26f	0.25f	0.21fg	0.19g
	2-OH 12:0	1.12c	1.29c	2.40b	6.51a	1.49c	1.39c	2.73b	2.30b	1.29c	1.68c	1.39c	0.61d	0.80d	0.59d	0.59d	0.57d
	3-OH 12:0	0.08c	0.02e	0.04d	0.11b	0.17a	0.04d	0.08c	0.19a	0.11b	0.11b	0.11b	0.04d	0.00f	0.05d	0.05d	0.07c
	2-OH 14:0	4.59d	7.06b	10.42a	7.65b	7.93b	7.28b	10.88a	10.58a	5.02d	6.58c	4.74f	2.04e	1.96e	2.03e	1.93e	2.08e
	16:1 ω 9c	14.92d	10.49e	17.17c	22.73b	5.82g	1.71i	25.83a	24.42ab	9.54e	4.42h	8.42f	9.93e	8.56f	9.82e	3.79h	1.46i
Cy17:0	0.09g	0.83d	0.03g	0.61e	1.63a	0.05g	0.12f	0.09g	1.71a	1.01c	1.38b	0.70e	0.99c	0.83d	1.67a	0.94c	
2-OH 16:0	0.79e	1.17d	2.09d	6.57a	5.84b	1.10d	3.11c	1.90d	0.75e	0.15f	0.16f	0.11f	0.00i	0.01h	0.07g	0.17f	
Cy19:0	0.72c	0.32e	1.18b	3.14a	3.73a	0.46d	1.22b	0.96b	0.60d	0.55d	0.40d	0.31e	0.71c	0.07f	0.32e	0.33e	
总和 Total	22.86e	22.19e	34.81c	52.19a	27.79d	13.14i	45.67b	42.63b	19.57f	15.43g	17.78f	14.01h	13.28i	13.66i	8.63j	5.85k	
其他细菌 Other bacterium	11:0	0.10bc	0.30a	0.15b	0.16b	0.15b	0.10c	0.07d	0.11c	0.08d	0.18b	0.13bc	0.09d	0.15b	0.04e	0.09d	0.02e
	12:0	9.12d	7.74f	9.47d	16.70b	8.57e	0.17j	21.44a	10.98c	4.38h	4.29h	9.73d	7.54f	6.43g	4.52h	4.31h	2.47i
细菌总和 Total bacteria	13:0	3.23f	4.84e	6.35c	20.55a	4.74e	4.28e	6.48c	8.31b	2.54g	4.40e	5.18d	1.85h	1.51h	1.38h	1.14i	1.14i
	14:0	31.04cd	21.48e	21.48e	33.61c	29.66d	40.94b	70.53a	35.70c	18.37f	33.28c	40.02b	22.49e	12.46g	11.48h	10.20h	3.42i
	15:0	6.69c	4.45d	7.95c	10.67b	4.13d	1.53f	17.98a	7.41c	4.30d	2.36e	10.21b	4.75d	7.21c	3.37e	4.44d	1.01f
	16:0	921.2d	399.4f	1272.3a	1205.0b	280.9i	169.5j	1124.1c	425.8f	368.6g	255.3i	798.2e	324.7h	236.8i	217.6j	129.1k	67.3m
	17:0	4.65c	2.00d	5.48c	7.39b	7.77b	1.27e	16.08a	5.58c	3.40d	1.49e	4.09c	2.82d	2.89d	2.32d	2.43d	0.79f
总和 Total	975.9c	432.3f	1323.2a	1294.1b	335.9f	217.8g	1256.7b	493.9e	401.6f	301.3f	867.5d	364.2f	267.4g	240.7g	151.7h	76.1i	
真菌 Fungi	10Me18:0	1012.3b	461.5e	1371.9a	1365.5a	378.4f	233.4g	1356.6a	556.5d	432.3e	320.7f	900.6c	386.4f	296.2g	266.0g	171.7h	85.5i
	18:2 ω 6:0	32.51b	14.24d	21.83c	60.83a	6.26g	4.35i	56.16a	17.91cd	11.99d	7.87f	18.55cd	7.59f	9.60e	6.26g	5.43h	9.05e
	18:1 ω 9c	95.49c	47.57e	69.98d	178.6b	49.21e	7.94l	140.73b	44.66e	28.37g	18.91h	49.81e	23.52g	29.61g	32.69f	15.13i	9.34j
总和 Total	139.8c	67.31e	106.90d	272.6a	73.07e	16.75i	231.5b	75.51e	46.45f	30.55g	77.31e	37.73f	43.75f	43.61f	25.04h	22.51h	
放线菌 Actinomycetes	10Me18:0	118.6d	90.09e	220.8b	69.68f	224.7b	33.15h	325.8a	154.8c	90.21e	57.40g	110.2d	32.66h	105.9d	114.3d	15.79i	71.93f
线虫 Nematode	20:0	20.43d	5.76h	44.20b	28.00c	28.09c	5.28h	53.08a	17.19e	6.47g	4.23i	10.58f	17.95e	47.20b	29.94c	7.87g	2.98i
磷脂脂肪酸总量 Total PLFAs	1291.1e	624.6g	1743.9b	1735.7b	704.3f	288.5k	1966.9a	804.1e	575.4h	412.9j	1098.7d	474.7i	493.2i	453.9i	220.4l	182.9m	

注:在同一行中,不同小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$) Note: Different lowercase letter in the same row indicate significant difference at $p < 0.05$

表 5 利用磷脂脂肪酸 (PLFAs) 获得的野生黄花蒿土壤微生物种群特征值

Table 5 Characteristic values of microorganism colonies in wild *A. annua* soil obtained by PLFAs

样地编号 Sites code	多样性指数 Diversity index		均匀度指数 Evenness index		优势度指数 Dominance index	
	R	N	R	N	R	N
	KL1	1.41cd	1.47c	4.47e	4.66de	0.56cd
KL2	1.18f	1.38d	3.74f	4.38e	0.45ef	0.52d
KL3	1.73a	1.65b	5.42bc	5.31bc	0.71b	0.72b
KL4	1.75a	1.53bc	5.58ab	4.87d	0.64c	0.82a
GY1	1.19f	1.22e	3.84f	3.88f	0.48de	0.45ef
GY2	1.05f	1.25e	3.40f	3.98f	0.46ef	0.47ef
GY3	1.79a	1.51bc	5.75a	4.88d	0.73b	0.62c
GY4	1.59b	1.05g	5.13c	3.40g	0.64c	0.47ef

注: 同列不同小写字母表示不同样地根际或非根际土壤间差异显著 ($p < 0.05$) Note: Different small letters in the column indicate significant differences at $p < 0.05$

表 6 野生黄花蒿产量及品质

Table 6 Yield and quality of wild *A. annua* ($n = 3$)

样地编号 Sites code	植株生物量 Plant biomass (g plant ⁻¹)	叶片生物量 Leaf biomass (g plant ⁻¹)	青蒿酸(叶) Artemisic acid (leaf)		青蒿素(叶) Artemisinin (leaf)	
			含量 Concentration (mg kg ⁻¹)	产量 Yield (mg plant ⁻¹)	含量 Concentration (mg kg ⁻¹)	产量 Yield (mg plant ⁻¹)
			KL1	132.8b	36.21b	567.1g
KL2	101.8d	27.25c	627.9f	17.11e	5.886g	160.4f
KL3	83.40e	23.53d	560.2g	13.18f	6.702f	157.7f
KL4	144.2a	48.00a	1.214e	58.29b	8.289e	397.9a
GY1	71.24f	19.89e	4.326a	86.05a	10.785b	214.5d
GY2	114.4c	30.11b	2.768c	83.35a	9.976d	403.4a
GY3	74.19f	18.88e	2.592d	48.92c	13.398a	188.3e
GY4	92.60d	27.97c	3.039b	84.98a	8.340e	233.2c

注: 同列不同小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$) Note: Different lowercase letters in the same row indicate significant difference at $p < 0.05$

2.7 根际土壤养分、酶活性及微生物与黄花蒿产量品质的相关性

相关分析表明,在野生黄花蒿根际土壤中,有机质与碱解氮、有效磷、速效钾和微生物 PFLAs 总含量呈显著或极显著正相关;微生物 PFLAs 总含量分别与碱解氮和有效磷呈显著或极显著正相关,相关系数分别为 0.470* 和 0.726** ($n = 24$),微生物

生物量碳氮均与有效磷呈显著正相关($r_{\text{微生物生物量碳}} = 0.498^*$; $r_{\text{微生物生物量氮}} = 0.536^{**}$, $n = 24$)。值得注意的是,PFLAs 总含量分别与黄花蒿植株生物量、青蒿酸和青蒿素产量呈显著和极显著正相关,相关系数分别为 0.623**、0.587**、0.479* ($n = 24$),微生物生物量碳氮均与青蒿酸和青蒿素产量呈显著或极显著正相关(表 7)。

表 7 野生黄花蒿根际土壤微生物、酶活性及养分与黄花蒿产量品质的相关性

Table 7 Relationships of yield and quality of wild *A. annua* with soil microbes, enzyme activities and nutrients ($n=24$)

项目 Items	有机质 Organic matter	碱解氮 Alkalytic N	有效磷 Available P	速效钾 Available K	总 PLFAs Total PLFAs	蔗糖酶 Sucrase	脲酶 Urease	磷酸酶 Phosphatase	微生物 生物量碳 Microbial biomass C	微生物 生物量氮 Microbial biomass N	植株 生物量 Plant biomass	青蒿素 产量 Yield of artemisinin acid	
有机质 Organic matter	1												
碱解氮 Alkalytic N	0.712*	1											
有效磷 Available P	0.465*	-0.120	1										
速效钾 Available K	0.477*	-0.676**	0.314	-1									
总 PLFAs Total PLFAs	0.716**	0.470*	0.726**	-0.144	1								
蔗糖酶 Sucrase	0.052	0.473*	0.155	0.364	0.147	1							
脲酶 Urease	0.133	0.655**	0.201	0.679**	0.075	-0.420*	1						
磷酸酶 Phosphatase	-0.316	0.772**	0.568**	0.710**	-0.514**	-0.376	-0.624**	1					
微生物生物量碳 Microbial biomass C	0.310	0.241	0.498*	0.372	0.739**	-0.018	0.169	-0.648**	1				
微生物生物量氮 Microbial biomass N	0.296	-0.239	0.536**	-0.102	0.749**	0.248	0.467*	0.476*	0.652**	1			
植株生物量 Plant biomass	-0.394	0.638**	-0.370	-0.305	0.623**	-0.140	-0.017	0.048	-0.0051	-0.34	1		
青蒿素产量 Yield of artemisinin acid	0.421*	0.341	0.067	0.143	0.587**	0.096	0.036	0.252	0.525*	0.604**	0.318	1	
青蒿素产量 Yield of artemisinin	-0.282	-0.075	0.086	0.198	0.479*	-0.146	-0.241	-0.113	0.435*	0.444*	0.251	0.751**	1

* 表示显著相关 ($p < 0.05$); ** 表示极显著相关 ($p < 0.01$) Note: * and ** indicate significant correlation at $p < 0.05$ and $p < 0.01$, respectively

3 讨 论

我国野生黄花蒿资源丰富,分布广泛,尤以西南地区的黄花蒿品种最多,分布面积最大,质量最好^[7]。野外调查表明,在云、贵、川、渝、桂、鄂、湘、赣、闽等9省48个地区均有黄花蒿分布,它们的群落处于相对稳定的状态^[22],说明黄花蒿具有广泛的生态适应能力。在供试野生黄花蒿样地土壤中,养分、pH、酶活性、微生物生物量碳氮及标记性 PLFAs 等差异巨大,进一步说明黄花蒿不仅耐瘠而且耐肥,在比较肥沃的农业土壤中,容易实现人工集约化栽培,为生产青蒿素提供稳定的原料;在土层浅薄、养分含量较低的石漠化地区,黄花蒿可改善当地生态条件。

在野生黄花蒿根际土壤中,碱解氮、有效磷、速效钾含量显著高于非根际土壤,说明黄花蒿根际土壤养分的生物有效性高,供应良好。值得注意的是,黄花蒿根际土壤的 pH 显著低于非根际土壤,故黄花蒿根系或根际微生物能分泌大量的氢离子,促进磷酸钙镁盐溶解^[23]。此外,氢离子直径为 $1.6 \sim 1.7 \times 10^{-15} \text{ m}$,小于钾离子,能进入膨胀性和非膨胀性 2:1 型含钾矿物的晶层,将钾离子交换至土壤溶液中^[18]。因此,黄花蒿根系或根际微生物分泌的氢离子能活化土壤钙、镁、磷、钾等养分,提高有效性,这可能是黄花蒿耐瘠能力较强的原因之一。土壤有机质的数量和质量显著影响土壤理化性质,被视为土壤肥力的重要指标之一^[24]。在野生黄花蒿生长过程中,根系能分泌大量的有机酸、糖类、氨基酸、低分子肽等,并产生大量的脱落细胞^[23],使黄花蒿根际土壤中的有机质含量较非根际土壤高,不仅有益于改善根际土壤理化性质,而且还向微生物提供丰富的碳源和能源,促进生长繁殖,增加其数量,故黄花蒿根际土壤微生物生物量碳氮和 PLFAs 含量显著高于非根际土壤。

微生物种类不同,细胞化学成分和细胞膜 PLFAs 组成也有一定差异,故土壤微生物生物量碳氮比和 PLFAs 组成可以指示它们的种群变化。在不同样地、根际与非根际土壤之间,微生物生物量碳氮比和 PLFAs 组成存在差异,说明在不同样地、根际和非根际土壤中,土壤微生物种群也不同,地理生态条件、土壤类型、黄花蒿根系显著影响土壤微生物的种群结构。从土壤微生物标记性 PLFAs 看,在野生黄花蒿土壤中,PLFAs 种类繁多,共检测到

24 种 PLFAs,包括细菌、真菌、放线菌和线虫的 PLFAs,说明在野生黄花蒿土壤中,有较多的微生物种群。此外,在黄花蒿根际土壤中,微生物多样性指数和均匀性指数显著高于非根际土壤。多样性指数表示生物群落中的物种多寡,数值越大表示群落中的物种越丰富;均匀度指数表示生物物种在群落中的相对密度,均匀度指数高,相对密度大^[25]。因此,根际微生物种群丰富,相对密度较高。在稳定良好的生态环境中,生物多样性指数和均匀度指数较高,是生态系统稳定和健康发展的重要表现^[25]。所以,相对于黄花蒿非根际土壤,根际土壤生态条件较好,适合多种微生物繁殖生长,不仅数量巨大,而且种群丰富,密度增加。数量巨大和种类丰富的土壤微生物有益于野生黄花蒿适应不同的土壤条件。

土壤酶催化土壤生物化学过程,参与土壤物质能量代谢,有益于促进有机质转化,提高土壤氮、磷、硫等养分的生物有效性^[14]。土壤蔗糖酶催化蔗糖水解,反映了土壤有机质转化速度;脲酶催化尿素水解,参与土壤氮循环,故黄花蒿根际土壤碱解氮与脲酶活性呈极显著正相关($r = 0.655^{**}$, $n = 24$);土壤有机磷在磷酸酶的催化作用下,转化为植物可利用的形态,黄花蒿根际土壤有效磷与碱性磷酸酶活性呈极显著正相关($r = 0.568^{**}$, $n = 24$)。在不同样地之间,土壤蔗糖酶、脲酶和磷酸酶差异显著,说明土壤类型和地理生态条件不同,黄花蒿土壤酶活性也有差异。此外,黄花蒿根际蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性显著高于非根际土壤,可促进黄花蒿根际土壤有机质转化,提高氮磷养分的生物有效性。考虑到土壤微生物、植物残体和根系分泌是土壤酶的重要来源,故黄花蒿根际土壤酶活性显著高于非根际土壤的原因可能与根系分泌物和根际土壤微生物较多有关。

青蒿素是主要的抗疟成分,青蒿酸是青蒿素的合成前体,均具有杀菌作用,叶片是它们合成和贮存的主要器官^[21]。土壤理化生物学性质和地理生态条件不一样,相应黄花蒿的生长、青蒿酸和青蒿素的含量也有差异^[7]。统计分析表明,根际微生物 PFLAs 总含量与黄花蒿植株生物量、青蒿酸和青蒿素产量呈极显著正相关,微生物生物量碳氮与青蒿酸和青蒿素产量呈显著和极显著正相关,说明土壤微生物影响野生黄花蒿生长、产量和品质。此外,在根际土壤中,微生物 PFLAs 与碱解氮和有效磷呈显著或极显著正相关,微生物生物量碳氮均与有效磷呈显著正相关,说明微生物促进氮磷养分转化供

应,增加它们的生物有效性,改善植物营养,有益于野生黄花蒿生长发育,以及青蒿酸和青蒿素等药用成分的积累。

4 结 论

以8个野生黄花蒿样地为研究对象,比较根际与非根际土壤养分状况和微生物特征,并探讨它们与黄花蒿产量品质的相关性,结果表明:根际土壤有机质、碱解氮、有效磷、速效钾和蔗糖酶、脲酶及磷酸酶活性明显高于非根际土壤,相反,pH则表现为根际显著低于非根际土壤。全量养分氮磷钾在根际与非根际土壤之间无显著变化。根际土壤微生物生物量碳氮及PLFAs总量显著高于非根际土壤,表明野生黄花蒿根际土壤较非根际土壤为微生物提供更多的营养和能源,有利于微生物的生长繁殖。根际土壤微生物与土壤氮磷养分转化密切相关,显著影响黄花蒿的生长、青蒿酸和青蒿素的积累。

参 考 文 献

- [1] World Health Organization. World Malaria Report 2010. WHO, Geneva, 2010: 28
- [2] 路洪顺. 黄花蒿的开发利用价值与栽培技术. 中国林副特产, 2002, 60(1): 6—7. Lu H S. The utilization value and cultivation techniques of *Artemisia annua* L. (In Chinese). Forest by-Product and Speciality in China, 2002, 60(1): 6—7
- [3] Kourteva P S, Ehrenfelda J G, Häggblomb M. Experimental analysis of the effect of exotic and native plant species on the structure and function of soil microbial communities. Soil Biology & Biochemistry, 2003, 35(7): 895—905
- [4] Hawkes C V, Wren I F, Herman D J, et al. Plant invasion alters nitrogen cycling by modifying the soil nitrifying community. Ecology Letter, 2005, 8: 976—985
- [5] 牛红榜, 刘万学, 万方浩. 紫茎泽兰 (*Ageratina adenophora* Sprengel (Asteraceae)) 入侵对土壤微生物群落和理化性质的影响. 生态学报, 2007, 27(7): 2051—2060. Niu H B, Liu W X, Wan F H. Invasive effects of *Ageratina adenophora* Sprengel (Asteraceae) on soil microbial community and physical and chemical properties (In Chinese). Acta Ecologica Sinica, 2007, 27(7): 2051—2060
- [6] 吴海荣, 强胜. 加拿大一枝黄花生物生态学特性及防治. 杂草科学, 2005(1): 52—56. Wu H R, Qiang S. Bioecology characteristics and prevention of *Solidago canadensis* L. (In Chinese). Weed Science, 2005(1): 52—56
- [7] 张小波, 郭兰萍, 黄璐琦, 等. 广西青蒿生产适宜性的区域差异分析. 资源科学, 2008, 30(5): 759—764. Zhang X B, Guo L P, Huang L Q, et al. Study on planting suitability regionalization of *Artemisia annua* L. in Guangxi (In Chinese). Resources Science, 2008, 30(5): 759—764
- [8] Peng W X, Wang K L, Song T Q, et al. Controlling and restoration models of complex degradation of vulnerable Karst ecosystem. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(2): 811—820
- [9] 俞慎, 李勇, 王俊华, 等. 土壤微生物生物量作为红壤质量生物指标的探讨. 土壤学报, 1999, 36(3): 413—422. Yu S, Li Y, Wang J H, et al. Study on soil microbial biomass as a bioindicator of soil quality in the red earth ecosystem (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 1999, 36(3): 413—422
- [10] 杨成德, 龙瑞军, 陈秀蓉, 等. 东祁连山高寒草甸土壤微生物量及其与土壤物理因子相关性特征. 草业学报, 2007, 16(4): 62—68. Yang C D, Long R J, Chen X R, et al. Study on microbial biomass and its correlation with the soil physical properties under the alpine grassland of the east of Qilian Mountains (In Chinese). Acta Pratacultorea Sinica, 2007, 16(4): 62—68
- [11] 姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术. 北京: 科学出版社, 2006: 144—146. Yao H Y, Huang C Y. Ecology and study method of soil microorganism (In Chinese). Beijing: Science Press, 2006: 144—146
- [12] Jenkinson D S, Ladd J N. Microbial biomass in soil: Measurement and turnover. Soil Biochemistry, 1981(5): 415—471
- [13] 吉艳芝, 冯万忠, 陈立新, 等. 落叶松混交林根际与非根际土壤养分、微生物和酶活性特征. 生态环境, 2008, 17(1): 339—343. Ji Y Z, Feng W Z, Chen L X, et al. Soil nutrition, microorganisms and enzyme activity of the rhizosphere and non-rhizosphere soils of mixed plantation of *Larix* (In Chinese). Ecology and Environment, 2008, 17(1): 339—343
- [14] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986. Guan S Y. Soil enzymes and its research methods (In Chinese). Beijing: Agriculture Press, 1986
- [15] 鲍士旦. 土壤农化分析. 第3版, 北京: 中国农业出版社, 2000. Bao S D. Analyses of soil agro-chemistry (In Chinese). 3rd ed, Beijing: China Agriculture Press, 2000
- [16] Bligh E G, Dyer W J. A rapid method of total lipid extraction and purification. Canadian Journal of Biochemistry and Physiology, 1959, 37(8): 911—917
- [17] Frostegard A, Tunlid A, Baath E. Phospholipid fatty acid composition, biomass, and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59: 3605—3617
- [18] Djukic I, Zehetner F, Mentler A, et al. Microbial community composition and activity in different Alpine vegetation zones. Soil Biology & Biochemistry, 2009, 41(1): 1—7
- [19] 颜慧, 蔡祖聪, 钟文辉. 磷脂脂肪酸分析方法及其在土壤微生物多样性研究中的应用. 土壤学报, 2006, 43(5): 851—859. Yan H, Cai Z C, Zhong W H. PLFA analysis and its applications in the study of soil microbial diversity (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2006, 43(5): 851—859
- [20] Jessing KK, Cedergreen N, Jensen J, et al. Degradation and ecotoxicity of the biomedical drug artemisinin in soil. Environment Toxicology and Chemistry, 2009, 28(4): 701—710

- [21] 余正文. 青蒿抗疟化合物代谢积累及其相关性研究. 重庆: 重庆大学, 2010. Yu Z W. Study on the metabolic accumulation and correlation of anti-malaria-related compounds in *Artemisia annua* L. (In Chinese). Chongqing: Chongqing University, 2010
- [22] 韦树根, 马小军, 冯世鑫, 等. 中国黄花蒿主产区种质资源评价. 中国中药杂志, 2008, 33 (3): 241—244. Wei S G, Ma X J, Feng S X, et al. Evaluation on germplasm resources of main production area of *Artemisia annua* in China (In Chinese). China Journal of Chinese Materia Medica, 2008, 33 (3): 241—244
- [23] 陈立新. 落叶松人工林土壤酸度变化与无机磷形态的关系. 中国水土保持科学, 2005, 3(4): 108—114. Chen L X. Soil acidity change of larch plantations and relation between change and inorganic phosphorus types (In Chinese). Science of Soil and Water Conservation, 2005, 3(4): 108—144
- [24] 霍颖, 张杰, 王美超, 等. 梨园行间种草对土壤有机质和矿物质元素变化及相互关系的影响. 中国农业科学, 2011, 44 (7): 1415—1424. Huo Y, Zhang J, Wang M C. et al. Effects of inter-row planting grasses on variations and relationships of soil organic matter and soil nutrients in pear orchard (In Chinese). Scientia Agricultura sinica, 2011, 44(7): 1415—1424
- [25] Bais H P, Weir T L, Perry L G, et al. The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms. Annual Review of Plant Biology, 2006, 57: 233—266

NUTRIENTS AND MICROORGANISMS IN SOILS WITH WILD *ARTEMISIA ANNUA* L.

Luo Shiqiong^{1,2} Huang Jianguo¹ Yuan Ling^{1†}

(1 College of Resource and Environment, Southwest University, Chongqing 400716, China)

(2 College of Life Sciences, Guizhou Normal University, Guiyang 550001, China)

Abstract *Artemisia annua* L., widely distributed in Southwest China, is the sole plant source of artemisinin. To understand the mechanism of resistance to desert about this medicinal plants for higher yield and quality of artemisinin, researches were done to study nutrients and microorganisms in soils where wild *A. annua* grew. Results show that the soils at different sample sites varied greatly in organic matter, nutrients, pH, enzyme activity and population of microbes, suggesting that *A. annua* is tolerable to either high or low soil fertility and hence highly adaptable to a variety of habitats. In soil analysis, 24 kinds of phospholipid fatty acids (PLFAs), biomarkers of soil microbes, were detected with a gas chromatograph-mass spectrometer (GC-MS), including 19 kinds of PLFAs with 11 ~ 19 carbons (C), biomarkers of bacteria, 10Me18:0, biomarker of *actinomyces*, 18:2ω6,9, 18:1ω9c and 18:1ω9t, biomarkers of fungi, and 20:0, biomarker of nematode. And in terms of total amount of FLFAs, the sequence of bacteria > *actinomyces* > fungi was found. In the rhizosphere of *A. annua*, pH was obviously lower than in the bulk soil, but contents of organic matter, alkalystic N, available P, readily available K, microbial C and N, and FLFAs, activities of sucrase, urease and phosphatase, and indexes of diversity and homogeneity of microbial colonies were just the otherwise. Rhizosphere microorganisms were closely involved in transformation of N and P in the soils. In addition, total PLFAs in soil microbes were significantly and positively related to plant biomass and yields of artemisic acid and artemisinin, and so were soil microbial biomass C and N to yield of artemisinin. The study provides evidence that it was suitable for growth of various species of microorganisms, high density and enzyme activities in rhizosphere soil of wild *A. annua*, so effectiveness of the soil nutrient improved was beneficial to the wild *A. annua* adapted to different soil conditions and that the existence of soil microorganisms significantly affects growth and contents of effective component of wild *A. annua*.

Key words Wild *Artemisia annua* L.; Artemisinin; Soil; Nutrient; Microorganism

(责任编辑:檀满枝)