

## 假高粱根系分泌物对土壤细菌群落多样性的影响

刘纯<sup>1,2</sup>, 黄红娟<sup>2\*</sup>, 张朝贤<sup>2</sup>, 王茂云<sup>2</sup>, 陈小奇<sup>1</sup>, 王金信<sup>2\*</sup>

1. 山东农业大学植物保护学院, 山东 泰安 271018; 2. 中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100193

**摘要:** 为探索外来入侵植物假高粱 (*Sorghum halepense* (L.) Pers) 根系分泌物对入侵地土壤细菌群落的影响, 在室内采用盆栽模拟试验进行了研究。为消除假高粱根系分泌物对土壤的微生物的影响, 实验中分别设计添加活性炭的组以及未添加活性炭的组分别培养。应用 PCR-DGGE 技术, 通过细菌 16S rDNA V3 区片段的变形梯度凝胶电泳 (DGGE) 来研究土壤细菌群落结构的影响。研究表明: 添加活性炭的假高粱根系土壤微生物多样性水平显著低于没有活性炭影响的组, 在生长 160 d 时, 其 Shannon 指数分别是 2.54 和 3.24, 表明假高粱根系分泌物可以显著提高土壤微生物多样性水平和丰富度。在假高粱不同生长时期, 土壤微生物群落结构呈现出差异, 其抽穗开花期后土壤细菌群落结构发生较大变化, 与对照组的相似性指数仅为 50% 左右。这可能是随着假高粱的生长, 根系分泌物的种类和释放量均有所增加, 从而对土壤微生物的影响也较大。对 DGGE 图谱差异条带分析结果显示, 假高粱根系分泌物对部分细菌类群有显著促进作用, 而对部分细菌类群则显示抑制作用, 这表明假高粱根系分泌物对土壤微生物种群的影响具有选择性。由此我们认为, 假高粱可能通过根系分泌物影响入侵地的土壤微生物群落结构和多样性, 并且随着假高粱生长, 影响越来越显著, 这可能成为假高粱成功入侵的重要原因之一, 该研究为进一步研究明确假高粱对土壤微生物的影响奠定了基础。

**关键词:** 假高粱; 根系分泌物; 土壤细菌; DGGE

**中图分类号:** Q948

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1674-5906 (2013) 07-1124-05

**引用格式:** 刘纯, 黄红娟, 张朝贤, 王茂云, 陈小奇, 王金信. 假高粱根系分泌物对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 生态环境学报, 2013, 22(7): 1124-1128.

LIU Chun, HUANG Hongjuan, ZHANG Chaoxian, WANG Maoyun, CHEN Xiaoqi, WANG Jinxin. The effects of root exudates from Johnsongrass on soil bacteria community diversity [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2013, 22(7): 1124-1128.

假高粱 (*Sorghum halepense* (L.) Pers) 原产地中海地区, 是世界公认的十大恶性杂草之一<sup>[1]</sup>, 约于 20 世纪 80 年代侵入我国, 目前已传入我国华南、华中、华北及西南的部分地区, 对农业生产和生物多样性造成严重损失<sup>[2]</sup>, 因此被我国列为首批最具危害的 16 种外来入侵物种之一。假高粱具有强烈的化感作用, 被认为是导致其成功入侵的重要原因之一, 其地下组织分泌物能显著抑制水稻 (*Oryza sativa* L.)、小麦 (*Triticum aestivum*)、棉花 (*Gossypium hirsutum*) 等作物以及藜 (*Chenopodium glaucum*)、反枝苋 (*Amaranthus retroflexus*) 等杂草的种子萌发和幼苗生长, 据报道, 假高粱的地下组织中含有简单酚酸类、蜀黍氰甙、高粱酮内酯、黄酮类化感物质<sup>[3-5]</sup>。

根系分泌是植物化感物质释放的一条重要途径<sup>[6]</sup>。部分外来入侵植物的根系分泌化感物质可改变入侵地土壤微生物群落结构, 如北美矢车菊

(*Centaurea diffusa*) 在北美地区广泛入侵, 它的根系可以释放具有杀菌作用的化感物质 8-羟基喹啉 (8-hydroxyquinoline), 引起土壤微生物群落的变化<sup>[7]</sup>。葱芥 (*Alliaria petiolata*) 是成功入侵北美森林的芸苔类植物, 这类植物大多能够产生植物性硫配糖体 (glucosinolate) 类物质, 通过根系分泌在土壤中不断沉积, 引起土壤微生物群落的改变, 导致植物菌根真菌 (AM) 群落衰落和功能崩溃<sup>[8]</sup>。

活性炭作为根系分泌物的吸附剂被广泛应用, 例如黄瓜 (*Cucumis sativus*)、番茄 (*Lycopersicon esculentum*) 的根系分泌物中含有抑制自身生长的自毒物质, 所以水培的黄瓜、番茄在其生长的中后期, 经常出现植株生长缓慢和死根的现象, 通过添加活性炭到水培液中, 发现能够消除该现象<sup>[9]</sup>, 本试验利用活性炭的添加, 对比研究假高粱根系分泌物对土壤细菌群落多样性的影响。

PCR-DGGE 技术是研究环境样品非 (难) 培

**基金项目:** 国家自然科学基金 (31101453)

**作者简介:** 刘纯 (1986 年生), 女, 硕士研究生, 主要从事入侵生态学研究。E-mail: 709305575@qq.com

\*通信作者: 黄红娟, 女, 副研究员, 主要从事杂草致灾机制研究。E-mail: hjhuang@ippcaas.cn; 王金信, 男, 教授, 主要从事杂草治理技术研究。E-mail: wangjx@sdau.edu.cn

**收稿日期:** 2013-03-12

养微生物的有效方法，可以从土壤微生物基因组的角度揭示其多样性<sup>[10-11]</sup>。由于该技术具有可靠、可重复、快速和容易操作等特点，现已被广泛地用于比较微生物群落的多样性和监测种群动态<sup>[12]</sup>。

研究表明，假高粱能够改变土壤固氮菌的活性，从而改变了土壤氮的可利用性，引起土壤营养循环的改变而成功入侵，然而其根系分泌物对土壤微生物群落是否有影响仍不清楚。因此，开展假高粱地下组织分泌物对土壤细菌群落影响的研究，明确假高粱化感作用的根际生物学过程，进而揭示其化感作用的化学生态学机理。本研究采用 PCR-DGGE 技术研究假高粱地下组织分泌物对土壤细菌种群结构及多样性的影响，为应用分子技术手段更深入研究假高粱入侵化学机制奠定基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 植物培养

供试土壤采自中国农业科学院植物保护研究所试验田表层土 (10 cm)，土壤 pH 为 6.5，磷质量分数为  $1.56 \mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ ，钾质量分数为  $50.08 \mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ ，有机质质量分数为  $1.9 \text{mg}\cdot\text{g}^{-1}$ ，采集土壤后过 2 mm 筛，180 °C 高温干热灭菌 2 h。

设 2 个处理：(1) 活性炭组 (编号 A)；(2) 非活性炭组 (编号 N)。

活性炭组：称取 12.5 kg 直径 2.5 mm 的颗粒状活性炭均匀混入 50 kg 灭菌土壤中，每盆 (上口内直径 24 cm，高 18 cm，下口内直径 16 cm) 填充土壤活性炭混合物 12.5 kg。非活性炭组每盆只加入 10 kg 灭菌土。每盆种植刚露白的假高粱种子 100 粒，采用 25 °C/35 °C、12 h/12 h 的变温培养方式，光照强度为 3 000 lx，光照时间为 12 h。每个处理设置 5 次重复。

自假高粱种植之日期起每 20 d 取土样 1 次，采取 5 点蛇形法取样，混匀过 2 mm 筛后，保存于 -20 °C<sup>[13]</sup>，用于 DGGE 分析。

### 1.2 PCR-DGGE 分析与测序

#### 1.2.1 土壤微生物基因组 DNA 的提取与纯化

DNA 的提取参照 Zhou<sup>[14]</sup>和张瑞福<sup>[15]</sup>土壤微生物基因组 DNA 的提取方法，粗提的 DNA 用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳，将大约 23 kb 的 DNA 条带回收，按照 TaKaRa 生物科技有限公司的胶回收试剂盒 (型号 D823A) 操作说明进行纯化。纯化后的 DNA 用紫外分光光度计定量检测。

#### 1.2.2 细菌 16S rDNA 的 PCR 扩增

第 1 次 PCR：采用普通 PCR，所用引物为扩增细菌 16S rDNA 的通用引物 F27 和 R518。

第 2 次 PCR：第 1 次 PCR 产物稀释 10 倍后

再进行扩增，采用细菌通用引物 F357 和 R518 扩增 16S rDNA V3 高变区，上游引物 F357 序列为 5'-CCTACGGGAGGCAGCAG-3'，下游引物 R518 序列为 5'-ATTACCGCGGCTGCTGG-3'，在引物 F357 的 5'末端连一段富含 GC 的夹子，GC 夹序列为

5'-CGCCCGCCGCGCGCGGGCGGGGCGGGGCGGGCACGGGGGG-3'。

PCR 体系：PCR Easy SuperMix (Transgen. Beijing) 25  $\mu\text{L}$ ，上下游引物分别各 1  $\mu\text{L}$ ，引物浓度为  $10 \text{pmol}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ ，稀释 10 倍后的 DNA 模板 2  $\mu\text{L}$ ；最后加灭菌双蒸水至 50  $\mu\text{L}$ 。为减少扩增过程中的非特异性产物，采用 Touch-down PCR 程序：95 °C，预变性 360 s，前 20 个循环为 94 °C 60 s，65 ~ 55 °C 45 s (每循环降低 0.5 °C)，72 °C 45 s，后 10 个循环为：94 °C 60 s，55 °C 45 s 和 72 °C 45 s，最后 72 °C 600 s。于 4 °C 保存。PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。

#### 1.2.3 PCR 产物的变性梯度凝胶电泳 (DGGE) 分析

采用双变性梯度凝胶电泳，聚丙烯酰胺凝胶的含量为 6% ~ 12% (W/V)，尿素变性含量为 16.8% ~ 25.2% (W/V)，尿素的浓度从正极到负极依次递增，点样量为 PCR 产物 35  $\mu\text{l}$  DGGE 分析。在 1×TAE 缓冲液中，预热后点样，60 V 电压、60 °C 条件下电泳 16 h。电泳完毕后用 GelRed (ddH<sub>2</sub>O 将 GelRed 10 000× 储液稀释 3 300 倍到 0.1 M NaCl 中) 核酸染料染色 30 min，染色后立即成像，并拍照。DGGE 指纹图谱分析用 Bio-Rad 公司的凝胶成像系统进行条带判读，土壤细菌的 Shannon 多样性指数 (H) 和相似性指数 (Jaccard 指数) 的计算和聚类分析用 Quantity one 软件进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 土壤微生物总 DNA 提取

本实验采用 SDS 高盐法提取土壤基因组 DNA，DNA 获得率最高，纯度相对较低，但这对 PCR 扩增和 DGGE 分析影响不显著。土壤微生物 DNA 的粗提液中均含有不同程度的抑制物质，本试验采用 Takara 生物工程有限公司的胶回收试剂盒对土壤样品粗提基因组 DNA 进行纯化，结果表明，提取的各土壤样品基因组 DNA 均在 23 kb 左右 (图 1)，且 OD<sub>260</sub>/OD<sub>280</sub> 比值在 1.8~2.0，

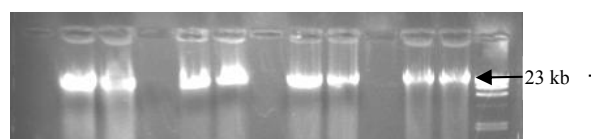


图 1 土壤总 DNA 提取效果

Fig. 1 Quality of total DNA extracted from soil

表1 假高粱根际土壤 DNA 提取量(ng/ul)及纯度检测  
Table 1 Soil DNA products and purity of rhizosphere Soil in Johnsongrass

| 处理   | 采样时间/d         |                |                |                |                |                |                |                |
|------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
|      | 20             | 40             | 60             | 80             | 100            | 120            | 140            | 160            |
| 活性炭  | 46.4<br>(1.86) | 45.7<br>(1.83) | 45.6<br>(1.83) | 46.7<br>(1.83) | 48.7<br>(1.89) | 49.5<br>(1.83) | 49.6<br>(1.87) | 49.6<br>(1.81) |
| 非活性炭 | 42.2<br>(1.81) | 46.9<br>(1.84) | 47.5<br>(1.93) | 50.3<br>(1.81) | 51.6<br>(1.86) | 53.4<br>(1.81) | 60.5<br>(1.86) | 60.4<br>(1.80) |

括号中数字表示 DNA 纯化产物的纯度: OD260/OD280

表明纯化后的 DNA 纯度较高,为继续进行 PCR 反应提供了高质量的基因组 DNA 模板。

用紫外分光光度计对每次取样的两种不同处理土壤粗提 DNA 纯化产物进行定量测定,结果如表 1。两种不同处理土壤的 DNA 提取量有差异:第 1 次取样的土壤 DNA 量,活性炭处理>非活性炭处理。自第 2 次及后来取样的土壤 DNA 量,非活性炭处理>活性炭处理。表明假高粱根系分泌物可显著提高土壤遗传物质含量。

## 2.2 细菌的两次 PCR

实验先采用细菌 16S 通用引物 F27 和 R518 扩增土壤样品中提取纯化的基因组总 DNA,然后对 16S rDNA V3 区进行扩增,所用引物为 F357 和 R518,在引物 F357 的 5'末端添加一段 GC 夹来提高扩增片断的分离效果。采用 Touch-downPCR 程序提高了对样品扩增的特异性,为准确分离和鉴别样品中微生物的种类提供重要保证。本试验 PCR 扩增得到大约 250 bp 的基因片段(图 2),且 PCR 扩增产物均为一条较亮的条带,表明可以用于后续的微生物多样性分析。

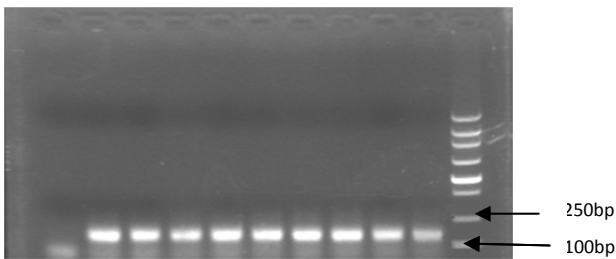
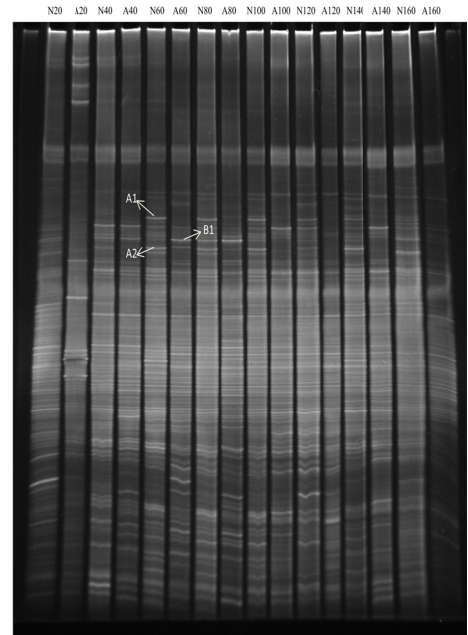


图2 16S rDNA V3 区 PCR 效果  
Fig.2 Quality of PCR amplified of 16S rDNA V3 fragments from soil samples

## 2.3 DGGE 图谱特征

活性炭处理和非活性炭处理的假高粱根际土壤 16S rDNA PCR 扩增产物的 DGGE 图谱结果如图 3。每个土壤样品的扩增产物均被明显区分为较多的 DNA 条带,且不同处理条带信号强度之间有较大差别,表明供试土壤细菌类群具有多样性。不同泳道上有一些共同的 DNA 条带,说明不同处理和不同生长阶段存在着共同的细菌类群,但这



N 表示非活性炭处理组, A 表示活性炭处理组, 数字表示取样天数

图3 各样品 16S rDNA V3 区细菌的 DGGE 图谱

Fig.3 DGGE profile of bacterial 16S rDNA V3 fragments retrieved

些共有的 DNA 条带信号强度不同,说明假高粱根系分泌物对土壤细菌多样性有影响。不同生长阶段的 DNA 条带也有差异,显示土壤细菌群落在假高粱不同生长阶段上有一定的变化。

### 2.3.1 Shannon 多样性指数和丰富度

用 Quantity one 软件对 DGGE 指纹图谱的 Shannon 指数和丰富度分析,结果如表 2:活性炭对照组的 Shannon 指数和丰富度同比小于非活性炭处理组,表明假高粱根系分泌物可显著增加细菌种群丰富度。特别是假高粱进入抽穗开花期后,Shannon 指数和丰富度的增长速度达到最大值,说明此时假高粱的根系分泌物对土壤细菌的促进作用最强。

### 2.3.2 DGGE 图谱的聚类分析

DGGE 图谱聚类分析结果如图 4。自假高粱抽穗开花期开始(种植后 80 d),活性炭处理组和非活性炭处理组聚为两个族群,两大族群的相似性指数在 50%左右。说明在假高粱根系分泌物的影响下根际土壤细菌的群落结构发生了很大变化。

表 2 假高粱根际土壤细菌 Shannon 多样性指数和丰富度  
Table 2 Shannon index and richness of rhizosphere Soil in Johnsongrass

| 处理   | 采样时间/d       |              |              |              |              |              |              |              |
|------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
|      | 20           | 40           | 60           | 80           | 100          | 120          | 140          | 160          |
| 活性炭  | 1.97<br>(17) | 2.21<br>(19) | 2.24<br>(21) | 2.39<br>(21) | 2.56<br>(22) | 2.63<br>(24) | 2.71<br>(27) | 2.54<br>(22) |
| 非活性炭 | 2.55<br>(21) | 2.61<br>(24) | 2.63<br>(24) | 2.67<br>(25) | 2.76<br>(27) | 2.83<br>(29) | 3.02<br>(31) | 3.24<br>(33) |

括号中数字表示丰富度

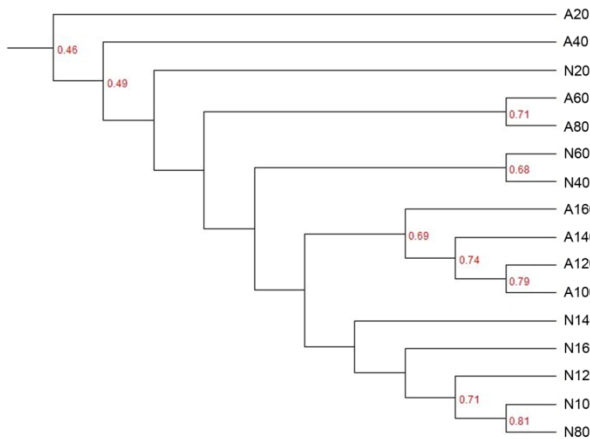


图 4 DGGE 图谱聚类分析

Fig.4 Clustering analysis of the DGGE patterns

结合 DEEG 图谱分析,幼苗期以后(种植 40 d 后),假高粱根际土壤微生物群落趋于稳定,假高粱根系分泌物能够显著促进某些土壤微生物群落生长,而抑制另外一类微生物生长,说明假高粱根系分泌物可选择性的影响其根际细菌的数量和群落结构,形成假高粱特有的根际土壤细菌群落结构和多样性。

### 3 讨论

本研究显示假高粱根系分泌物能够显著提高入侵地土壤微生物多样性,在假高粱幼苗期,由于根系分泌物种类和分泌量较少,对土壤微生物多样性以及群落结构影响较小。而随着进入植物生长期,非活性炭处理组聚为一大族群,活性炭处理组聚为另一族群,两大族群的相似性指数仅在 50% 左右,说明假高粱根系分泌物可以使土壤细菌的种类发生较大变化。土壤细菌生物量的积累依赖于根系分泌物的释放,分泌物越多,土壤细菌生长越旺盛;有研究证明假高粱的地下组织中含有大量的对羟基苯甲酸、对羟基苯甲醛、蜀黍氰甙等多种化感物质,而这些化感物质的释放随假高粱不同生长时期而变化<sup>[16]</sup>,这可能是造成土壤微生物群落和多样性在不同时期有所差异的原因。

DGGE 指纹图谱显示,两种不同处理的土壤有很多共有条带,也有各自的特异性条带,结果显示,在假高粱根系分泌物的影响下土壤中 A1、

A2 两个细菌种群含量显著多于没有根系分泌物影响下的土壤,同时 B1 细菌在没有根系分泌物影响下的根际土壤中较为优势。说明假高粱根系分泌物可以促进某些土壤细菌的生长,也可以抑制另一些类群土壤细菌的生长。

有研究证明:入侵植物与土壤微生物的互作在植株群落结构组成中起着很大的作用<sup>[17]</sup>,并且通过复杂的反馈作用可能增加了植物的入侵能力<sup>[18]</sup>。土壤微生物群落可能是外来植物一种新的入侵机制<sup>[19-22]</sup>:外来入侵植物在与本地植物群落竞争中,土壤微生物群落起到了重要的“桥梁”作用,通过改变了入侵地土壤微生物群落结构,破坏了本地种植物与土壤微生物之间经过长期历史形成的平衡共生关系,影响本地种的生长和种群的更新,使自身间接的获得了偏利,成功入侵扩张。我们的研究表明假高粱在入侵地快速生长、扩张,造成生物多样性丧失,这一生态过程可能与入侵地土壤微生物群落反馈存在密切关系。假高粱根系分泌物可以改变土壤细菌群落结构,一些土壤细菌的介入会提高假高粱的竞争优势。是否是假高粱根系分泌物中的化感物质造成了对某类细菌生长的影响,以及根系分泌物影响入侵地土壤微生物的种类,还有待于进一步深入研究。

### 4 结论

综上所述,假高粱在进入到新的环境中时,通过其强大的地下根茎的分泌物影响入侵地土壤微生物,增加一些对自身有益的微生物种群,而抑制一些对自身生长有害的微生物种群,改善土壤环境,促进自身生长,从而达到成功入侵。在前期刚刚定植时期,由于根系还不太发达,根系分泌物较少,而对土壤微生物的影响不显著,而随着生长期根系逐渐发达,其根系分泌物量也随之增加,根系分泌物对土壤微生物的影响也越来越大,而假高粱是多年生植物,随着地下根茎的形成,其对土壤微生物的影响是长期的,这可能是假高粱能够形成单一优势群落的原因之一。

### 参考文献:

- [1] HOLM L G, PLUCKNETT D L, PANCHO J V, et al. The World's

- Worst Weeds, Distribution and Biology, (*Sorghum halepense* L. Pers.) [M]. The University Press of Hawaii, 1977: 54-61.
- [2] 吴荣海, 强胜, 段惠, 等. 假高粱的特性特征及控制[J]. 杂草科学, 2004, 1: 52-54.
- [3] CZARNOTA M A, RIMANDO A M, WESTON L A. Evaluation of root exudates of seven sorghum accessions [J]. Journal of Chemical Ecology, 2003, 29(9):2073-2083.
- [4] 黄红娟, 孟庆辉, 张朝贤, 等. 外来入侵杂草假高粱的化感潜力[J]. 生态学杂志, 2008, 27(7):1234-1237.
- [5] 刘艳, 黄红娟, 张朝贤, 等. 假高粱根状茎和须根的化感潜力[J]. 植物保护学报, 2010, 37(3):273-276.
- [6] 林文雄, 熊君, 周军建, 等. 化感植物根际生物学特性研究现状与展望[J]. 中国生态农业学报, 2007, 15(4): 1-8.
- [7] VIVANCO J M, BAIS H P, STERMITZ F R, et al. Biogeographical variation in community response to root allelochemistry: novel weapons and exotic invasion [J]. Ecology Letters, 2004, 7: 285-292.
- [8] VAUGHN S F, BERHOW M A. Allelochemicals isolated from tissues of the invasive weed garlic mustard (*Alliaria petiolata*) [J]. Journal of Chemical Ecology, 1999, 25: 2495-2504.
- [9] YU J Q, LEE K S, MATSUI Y. Effects of the addition of activated charcoal to the nutrient solution on the growth of tomato in hydroponic culture [J]. Soil Science and Plant Nutrition, 1993, 39: 13-22.
- [10] ENWALL K, NYBERG K, BERTILSSON S, et al. Long-term impact of fertilization on activity and composition of bacterial communities and metabolic guilds in agricultural soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39 (1): 106-115.
- [11] GU Y F, ZHANG X P, TU S H, et al. Soil microbial biomass, crop yields, and bacterial community structure as affected by long-term fertilizer treatments under wheat-rice cropping [J]. European Journal of Soil Biology, 2009, 45(3):239-246.
- [12] HATAMOTO M, TANAHASHI T, MURASE J, et al. Eukaryotic communities associated with the decomposition of rice straw compost in a Japanese rice paddy field estimated by DGGE analysis[J]. Biology and Fertility of Soils, 2008, 44(3): 527-532.
- [13] BASTIDA F, KANDELER E, HERNANDEZ T, et al. Long-term effect of municipal solid waste amendment on microbial abundance and humus-associated enzyme activities under semiarid conditions[J]. Microbial Ecology, 2008, 55(4):651-661.
- [14] ZHOU J Z, BRUNS M A, TIEDJE J M. DNA recovery from soils of diverse composition[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62: 316-322.
- [15] 张瑞福, 曹慧, 崔中利, 等. 土壤微生物总 DNA 的提取和纯化[J]. 微生物学报, 2003, 43(2): 276-282.
- [16] LIU Y, ZHANG C X, WEI S H, et al. Compounds from the subterranean part of Johnsongrass and their allelopathic potential [J]. Weed Biology and Management, 2011(11): 160-166.
- [17] BAIS H P, VEPACHEDU R, GILROY S, et al. Allelopathy and exotic plants invasion: from molecules and genes to species interactions [J]. Science, 2003, 301: 1377-1380.
- [18] WARDLE D A, BARDGETT R D, KLIRONOMOS J N, et al. Ecological linkages between aboveground and belowground biota [J]. Science, 2004, 304:1629-1633.
- [19] HAUBENSAK K A, PARKER I M. Soil changes accompanying invasion of the exotic shrub *Cytisus scoparius* in glacial outwash prairies of western Washington [USA] [J]. Plant Ecology, 2004, 175: 71-79.
- [20] RICHARDSON D M, ALLSOPP N, Antonio C M. Plant invasions-the role of mutualisms [J]. Biology Revision, 2000, 75: 65-93.
- [21] WOLFE B E, KLIRONOMS J N. Breaking new ground: soil communities and exotic plant invasion [J]. BioScience, 2005, 55: 477-493.
- [22] KNOPS J M H, TILMAN D, HADDAD N, et al. Effects of Plant species richness on invasion dynamics, disease outbreaks, insect abundances and diversity [J]. Ecology Letters, 1999, 2: 286-293.

## Effects of root exudates from Johnsongrass on soil bacteria community diversity

LIU Chun<sup>1,2</sup>, HUANG Hongjuan<sup>2\*</sup>, ZHANG Chaoxian<sup>2</sup>, WANG Maoyun<sup>1</sup>, CHEN Xiaoqi<sup>2</sup>, WANG Jinxin<sup>2\*</sup>

1. College of Plant Protection, Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China;

2. Institute of plant Protection, Chinese Academy of Agricultural sciences, Beijing 100193, China

**Abstract:** The aim of the present study is to investigate the effects of invasive plant Johnsongrass (*Sorghum halepense* (L.) Pers) root exudates on soil bacteria. In a greenhouse experiments, activated carbon was used to investigate root exudates of Johnsongrass because it adsorbs and thereby neutralizes root exudates. The experiment consisted of two combined soil treatments: with or without activated carbon. 16S-rDNA-V3-fragment-base DGGE (denaturing gradient gel electrophoresis) was applied to explore variation of the soil bacterial structure. To calculate the diversity parameter, Shannon algorithm was used. The results showed that activated carbon led to a considerable decrease in the soil bacterial diversity level and abundance compared to the without activated carbon treatments. The Shannon diversity index is 2.54 and 3.24 separately in the 160 days. This indicates that Johnsongrass root exudates alter community structure and increase diversity of soil bacteria in rhizobacterial communities. It is different in the bacterial structure with the growth of the plant. The bacterial community showed a high difference with the 50% Jaccard's index of similarity in the florescence, suggesting that increases in root exudates support an increased soil bacterial population. DGGE analysis results show that Johnsongrass root exudates promoted some kinds of rhizobacterial, and show inhibition to some other kinds of the communities. This study establishes root exudates as a mechanism through which a plant is able to regulate soil bacterial community composition, and could be related to the invasive of exotic invasive plants and the soil microbes in rhizosphere.

**Key words:** Johnsongrass; root exudates; soil bacteria; DGGE