

大气 CO₂ 倍增对植物根内 AMF 群落的影响

杨如意¹, 唐建军², 陈欣^{1*}, 陈静¹, 蒋琦清¹, Shuijin HU³

(1. 浙江大学生命科学院农业生态研究所, 杭州 310029; 2. 浙江大学生命科学院植物科学研究所, 杭州 310027;

3. 美国北卡罗莱纳州立大学农业与生命科学学院植物病理系, Raleigh 27695-7616)

摘要: 采用环境控制生长室控制 CO₂ 浓度的方法, 研究了 CO₂ 浓度 (350 ~ 400 μmol mol⁻¹ 和 680 ~ 750 μmol mol⁻¹) 对植物根内丛枝菌根真菌 (arbuscular mycorrhizal fungi, AMF) 群落的影响。12 种宿主植物于 CO₂ 浓度不同的生长室栽培 180d 后收获取样, 通过 CTAB 法提取共生菌根内丛枝菌根真菌的 DNA, 由特异引物 U1/U2 扩增编码核糖体 28S 大亚基的 rDNA 部分序列, 并进行 DGGE 电泳分析。结果表明, 12 种植物根内的 AMF 存在特异的 AMF 类群 (unique species group, US) 和共有类群 (common species group, CS), 而且 CO₂ 浓度倍增使 US 减少而 CS 增加。与 350 μmol mol⁻¹ 对照相比, 700 μmol mol⁻¹ 处理的玉米、刺苋、大豆、陆稻、无芒稗、黑麦草 6 种植物的 AMF 群落多样性下降, 下降幅度分别达 27.12%、16.84%、10.12%、8.62%、8.58% 和 2.67%; 白车轴、牛筋草、早熟禾、鼠曲草、野燕麦、北美车前 6 种植物的 AMF 群落多样性上升, 分别达 76.26%、28.50%、17.60%、15.08%、1.46% 和 0.96%。CO₂ 倍增处理后 12 种植物的 AMF 多样性平均指数略呈上升趋势。研究指出未来环境变化 (如 CO₂ 增加) 将影响 AMF 群落结构从而影响菌根共生体的形成。

关键词: 大气 CO₂ 倍增; 丛枝菌根真菌; 物种多样性; PCR-DGGE

文章编号: 1000-0933(2006)01-0054-07 **中图分类号:** Q143, Q145+.2, S154.1 **文献标识码:** A

The effects of elevated atmospheric CO₂ on AMF community colonized in roots of various plant species

YANG Ru-Yi¹, TANG Jian-Jun², CHEN Xin^{1*}, CHEN Jing¹, JIANG Qi-Qing¹, Shuijin HU³ (1. Agroecology Institute, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China; 2. Institute of Plant Sciences, College of Life Sciences, Yuquan Campus, Zhejiang University, Hangzhou 310027, China; 3. Department of Plant Pathology, College of Agriculture and Life Sciences, North Carolina State University, Raleigh, NC 27695-7616, USA). *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(1): 54 ~ 60.

Abstract: The effects of elevated CO₂ on the species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) in roots of various species of host plant were studied under pot culture condition in greenhouse. Twelve common cover plants in subtropical orchards were selected as host plants of AMF colonization in this research. These twelve host species were grown at ambient (350 μmol mol⁻¹) and elevated CO₂ (ambient + 350 μmol mol⁻¹) concentrations in growth chamber, respectively. The plants were sampled at 180th day after seedling and DNA of AMF in plant roots was extracted by CTAB method. The partial rDNA sequence encoding ribosomal 28S big unit was amplified with special primers U1/U2 for fungi, and PCR products were analyzed with denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). Species diversity was presented by using Shanno-Weiner diversity index. AMF colonized in roots of 12 host plant species were divided into two different groups, unique species (US) group and common species (CS) group. Results

基金项目: 国家杰出青年科学基金海外合作资助项目 (30228005); 国家自然科学基金资助项目 (39870149); 国家自然科学基金重点资助项目 (30030030); 浙江省教育厅资助项目

收稿日期: 2004-06-09; **修订日期:** 2005-04-08

作者简介: 杨如意 (1979 ~), 男, 安徽怀远人, 硕士, 主要从事植物-真菌分子生态研究. E-mail: yangruiyi@sina.com

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: chen-tang@zju.edu.cn

致谢: 本研究得到浙江大学生命科学院闵航教授和傅承新教授的指导和支持

Foundation item: National Natural Science Foundation of China (No. 30228005, 39870149 and 30030030)

Received date: 2004-06-09; **Accepted date:** 2005-04-08

Biography: YANG Ru-Yi, Master, mainly engaged in molecular ecology of plant-fungi relationship. E-mail: yangruiyi@sina.com

showed elevated CO₂ could enhance species numbers of AMF in US group but reduced that in CS group. Under elevated CO₂ condition species diversity of AMF community colonized in *Zea mays*, *Amarathus spinosus*, *Glycine max*, *Oryza sativa*, *Echinochloa crusgalli* var. *mitis* and *Lolium perenne* decreased by the corresponding percentage of 27.12%, 16.84%, 10.12%, 8.62%, 8.58% and 2.67%, while that in *Trifolium repens*, *Eleusine indica*, *Poa annua*, *Gnaphalium affine*, *Avena fatua* and *Plantago virginica* tended to increase by 76.26%, 28.50%, 17.60%, 15.08%, 1.46% and 0.96%, respectively. The average biodiversity index of AMF colonized in the roots of all 12 plants tended to increase when CO₂ concentration increased from 350 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ to 700 $\mu\text{mol mol}^{-1}$. These results also indicated that the response of species diversity of AMF community to atmospheric CO₂ enrichment largely depended on characteristics of host plant. Biennial plants, including *Avena fatua*, *Plantago virginica*, *Poa annua*, *Trifolium repens* and *Gnaphalium affine* increased AMF diversity (with the exception of *Lolium perenne*), while annual plants *Zea mays*, *Amarathus spinosus*, *Oryza sativa*, *Glycine max* and *Echinochloa crusgalli* var. *mitis* decreased it. (except *Eleusine indica*).

Key words: elevated atmospheric CO₂; arbuscular mycorrhizal fungi(AMF); species diversity; PCR-DGGE

菌根(mycorrhiza)是土壤中的菌根真菌与高等植物营养根系形成的一种共生体,植物菌根的形成显著提高宿主植物在逆境如低磷、干旱、高盐等条件下对营养物的吸收及对于干旱和高盐胁迫的抗性^[1~6],菌根的形成还可改变植物之间的竞争关系、导致群落内物种多样性发生变化^[7~13]。尽管普遍认为菌根真菌与植物之间无专一性,但许多研究发现菌根共生体的功能取决于菌根真菌与植物双方的特性^[14~17]。

大气 CO₂ 浓度升高对丛枝菌根真菌(AMF)生长和侵染活性有明显影响。O'Neill 等的研究表明,CO₂ 浓度升高使北美鹅掌楸(*Liriodendron tulipifera*)根部菌根总的侵染量随着时间稳定增加^[18];Roughier 和 Read 的研究发现,在 CO₂ 浓度升高条件下,长叶车前(*Plantago lanceolata*)试验的第 104 天与第 76 天相比菌根真菌侵染率提高 50%,菌根丛枝数和泡囊数增加^[19];汪杏芬等研究了高浓度 CO₂ 下生长 10~14 d 的小麦(*Triticum aestivum* L.)、大豆(*Glycine max* L.)和玉米(*Zea mays* L.),结果表明,小麦根系 VAM 侵染活力和强度增加,玉米侵染强度被显著促进^[20]。Staddon 等报道,CO₂ 浓度升高可增加长叶车前和白三叶菌根真菌的侵染率和外生菌丝的密度^[21]。Rillig 等的研究表明,CO₂ 浓度升高对不同 AM 物种的侵染活性明显不同,从而推测 CO₂ 浓度升高将导致 AM 群落物种组成发生变化^[22]。但这一方面的研究目前仍缺乏深入的研究。

为此,本试验采用 PCR-DGGE 技术,在 CO₂ 倍增条件下,对 12 种植物物种根系菌根共生体内 AMF 物种组成的变化趋势进行了研究,旨在了解 AMF 群落物种多样性及群落组成发生的变化及原因。

1 材料与方法

1.1 土壤和植物物种准备

由于 CO₂ 对植物生长和根际微生物类群的影响都与土壤营养状况有关,为避免过多氮素对 CO₂ 的倍增效应形成掩盖,本试验采用比较贫瘠的南方红壤(2002 年 10 月采于浙江省常山县胡柚种植园)。土样为 0~20cm 的表土,采集后于 -20℃ 低温冰箱中保存。试验前将土壤中残留的植物根清除,并自然风干。

本试验所用的 AMF 宿主植物分为越冬性 2 年生和 1 年生夏季草两种(表 1)。

表 1 盆栽试验所用宿主植物种类

Table 1 The host plant species used in the experiment

序号 No.	宿主 Host	生态习性 Ecological characteristic
1	玉米 <i>Zea mays</i> (Zm)	1 年生植物(生长季从 4~10 月份) Annual plants growing from April to October
2	牛筋草 <i>Eleusine indica</i> (Ei)	
3	刺苋 <i>Amarathus spinosus</i> (As)	
4	陆稻 <i>Oryza sativa</i> (Os)	
5	大豆 <i>Glycine max</i> (Gm)	
6	无芒稗 <i>Echinochloa crusgalli</i> var. <i>mitis</i> (Ecm)	
7	野燕麦 <i>Avena fatua</i> (Af)	2 年生植物(生长季从 10 月到翌年 4 月下旬) Biennial plants growing from October to April next year
8	北美车前 <i>Plantago virginica</i> (Pv)	
9	早熟禾 <i>Poa annua</i> (Pa)	
10	白车轴草 <i>Trifolium repens</i> (Tr)	
11	黑麦草 <i>Lolium perenne</i> (Ip)	
12	鼠曲草 <i>Gnaphalium affine</i> (Ga)	

1.2 试验设计

试验设当前浓度的 CO_2 ($350 \sim 400 \mu\text{mol mol}^{-1}$) 和增加的 CO_2 ($670 \sim 740 \mu\text{mol mol}^{-1}$) 两个处理, CO_2 浓度增高系统由一个与 CO_2 浓度监测仪(ADC Ltd, UK)相连接的压缩 CO_2 钢瓶(液态 CO_2 的纯度为 99.99%, 浙江气体有限公司)组成, 监测仪能够通过控制阀门 24h 监视和调节 CO_2 浓度变化。

种子用 0.5% NaOCl 表面消毒两次, 每次 2 min, 再用灭菌的蒸馏水冲洗两次, 然后播种在盛有 2.5kg(风干重)土壤的盆钵中(高 15.5cm, 直径 17.0 cm)。播种后分别将盆钵放入 CO_2 浓度不同的生长室内。生长室植物的生长条件为: 自然光, 白天和夜间的温度及相对湿度(RH)通过记录温湿计监控(Thermo recorder for windows version 4.001, T&D Corp.), 温湿计每周用水银湿度计校准。冬季, 对照处理的平均温度和相对湿度为 $15.2/9.3^\circ\text{C}$ and $68.0\%/88.7\%$ (白天/夜间), 最低和最高温度范围为 $8.1 \sim 21.7^\circ\text{C}$ (白天)和 $3.3 \sim 14.2^\circ\text{C}$ (夜间)。处理组的平均温度和相对湿度为 $15.3/9.7^\circ\text{C}$ 和 $70.1\%/90.3\%$ (白天/夜间), 最低和最高温度范围为 $8.6 \sim 22.1^\circ\text{C}$ (白天)和 $4.1 \sim 14.8^\circ\text{C}$ (夜间)。夏季, 对照组的平均温度和相对湿度为 $33.9^\circ\text{C}/27.7\%$ 和 $72.4\%/89.3\%$ (白天/夜间), 温度范围为 $25.3 \sim 38.8^\circ\text{C}$ (白天)和 $20.3 \sim 29.8^\circ\text{C}$ (夜间), 处理组的平均温度和相对湿度为 $34.1^\circ\text{C}/28.1\%$ 和 $73.6\%/91.1\%$ (白天/夜间), 温度范围为 $26.2 \sim 39.1^\circ\text{C}$ (白天)和 $21.2 \sim 30.1^\circ\text{C}$ (夜间)。土壤含水量通过每天浇水保持与田间含水量(20%)相同。

1.3 植物取样

宿主植物播种 180d 后开始取样, 将植株地上部分和根系分离, 植物根系用自来水冲洗除去附着的土壤, 并用变色硅胶充分干燥, 用于菌根真菌 DNA 的提取和 PCR-DGGE 分析。

1.4 测定方法

1.4.1 DNA 提取

(1)样品粉碎 称取干燥后的植物根 20mg, 剪成 1cm 左右的片段, 用 Bio 101 Thermo Savant 粉碎 20sec (FastPrep™ FP120, Bio 101 Systems)。

(2)洗涤 将细粉转入 1.5ml 的离心管, 并加入 700 μl 提取缓冲液(100mmol/L Tris-HCl pH7.5, 50mmol/L EDTA, 2% SDS, 1% 2-巯基乙醇), 15000r/min 离心 3min (5415D, Eppendorf), 去上清液。重复加提取缓冲液、离心 3 到 4 次, 彻底除去多糖。

(3)分解 加 $2 \times \text{CTAB}$ 700 μl , 用振荡器充分混匀后, 65°C 水浴 1h。向如上溶液中加入 700 μl 氯仿/异戊醇(24:1), 振荡混匀后 15000r/min 离心 8min, 将上清液转入新的离心管, 重复上述步骤 1 次。在最终的上清液中加入等体积异丙醇, 置于冰盒中 30min 后 8000r/min 离心 10min。弃去上清液, 用 70% 乙醇洗涤沉淀, 真空干燥后加 100 μl 灭菌的双蒸水溶解。

(4)纯化 粗提液用 RNase 和 PEG 纯化, 最后溶解在 100 μl 灭菌的双蒸水中。纯化后的 DNA 样品做电泳检验, 以确定是否提取成功。

1.4.2 PCR 扩增 上述方法提取到的 DNA 样品既含真菌 DNA 也有植物 DNA。PCR 扩增之前将 DNA 样品先稀释 20 倍, 再用真菌特异的引物扩增(PCR System 9700, Applied Biosystems), 这样就可以排除植物 DNA 的影响。本试验所用的引物 U1/U2 来自于 Sandhu^[23] 见表 2。

PCR 反应体系及反应条件: 模板 5 μl , dNTP (每种 10mmol/L) 1 μl , 引物各 10pmol (U1 2 μl , U2 1.5 μl), 50% 甘油-1mmol/L 甲酚红 10 μl , $10 \times \text{buffer}$ (100mmol/L Tris [pH8.3], 500mmol/L KCl, 15mmol/L MgCl_2) 5 μl , Taq 酶 0.2 μl , 加双蒸水 25.3 μl 。反应条件对 Sandhu 的程序略作修改: 94°C 预变性 3min, 然后 94°C 30s, 50°C 1min, 72°C 2min 进行 40 个循环, 最后在 72°C 延伸 5min, 在预变性后再加入 Taq 酶。

表 2 本试验所用引物

Table 2 Primers used in this study

引物 Primer	对应的 28S rRNA 基因位 点 corresponding 28S rRNA gene target	序列 Sequence(5'-3')
U1	真菌 Fungi 28S(403 ~ 422)	GTG AAA TTG TTG AAA GGG AA
U2	真菌 Fungi 28S(662 ~ 645)	GAC TCC TTG GTC CGT GTT

1.4.3 变性梯度凝胶电泳(denaturing gradient gel electrophoresis, DGGE)分析

(1)根据扩增产物的大小和胶的分离范围,所选择的变性剂浓度从 30% 到 50% (100% 的变性剂为 7mol/L 尿素和 40% 的去离子甲酰胺混合物),聚丙烯酰胺凝胶的浓度为 8%,胶的大小为 16 cm × 16cm(长 × 宽)。

(2)加样 待胶完全凝固后,每个加样孔加 PCR 产物和加样缓冲液 (2 × Gel Loading Dye Reagent)各 20μl,电泳缓冲液为 1 × TAE。

(3)电泳及染色 加样后,等温度升到 60℃ 开始电泳,200V 电泳 3h (Dcode™, Bio-Rad)。电泳结束后,小心将胶取下,用 AgNO₃ 染色。

染色后的凝胶用 Bio-Rad 凝胶成像系统 (ChemiDoc EQ system)拍照,条带分布模式和各条带的强度用 Quantity One 软件分析(Bio-Rad)。

1.4.4 群落分析指数的计算 物种多样性采用 Shanno-Weiner 多样性指数公式计算^[24]:

$$H = - \sum P_i \log_2 P_i$$

式中, P_i 是条带 i 的重要值概率, P_i 通过下面的公式得到:

$$P_i = n_i / \sum n_i$$

式中, n_i 是条带 i 在曲线图中的波峰高度。

辛普生优势度指数(Simpson index of dominance)公式计算为:

$$S = \sum P_i^2$$

群落相似度 S_D 用以下公式计算:

$$S_D = 2 \times n_{AB} / (n_A + n_B)$$

式中, n_A 是 A 泳道内出现的条带数, n_B 是 B 泳道内出现的条带数, n_{AB} 是两个泳道内所出现的共有的条带数。

1.5 统计分析方法

本研究中 AMF 物种多样性用 Excel 作单因素方差分析。

2 结果

2.1 PCR 扩增的可行性

12 种宿主植物的 PCR 结果如图 1 所示,扩增产物约为 500bp 和 280bp。rDNA 是目前用 PCR-DGGE 研究微生物群落变化使用的最多的目标序列。与细菌的 16S rDNA 相比,真菌的 28S rDNA 序列在不同种属间差异更大,即使是亲缘关系十分相近的两个物种也可以通过 DGGE 进行区分。U1/U2 是对真菌特异的引物,不扩增植物 DNA。图中 Nc 是用相同的方法提取的植物 DNA,稀释 20 倍后用 U1/U2 扩增,图 1 中未见扩增产物,说明所用的引物的特异性是可信的。

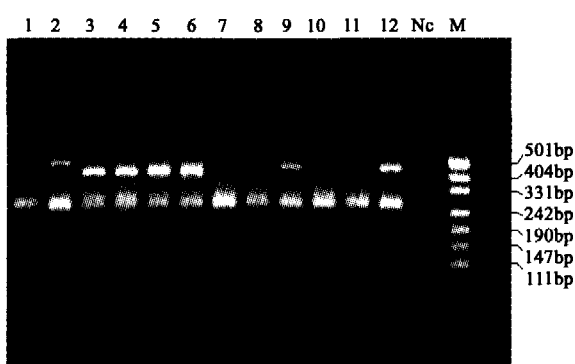


图 1 不同宿主植物 28SrRNA 基因 PCR 扩增产物琼脂糖凝胶电泳图谱

Fig.1 Agarose gel (1.7%) electrophoresis of PCR amplified 28S rRNA gene of different hosts

M: pUC19 DNA/MspI Marker; Nc: negative control; 1 to 12, amplified DNA of different hosts

2.2 变性梯度凝胶电泳 (DGGE)

2.2.1 相同 CO₂ 浓度下不同植物的 AMF 群落间差异

变性梯度凝胶电泳的结果如图 2 及图 3 所示。两个处理尤其是 350 μmol mol⁻¹ 对照组中有许多条带在不同的宿主植物间是特异的 (特异的 AMF 类群, unique species group, US), 如图 2 中的条带 a, b, c, f 及图 3 中

的条带 m, j; 另一方面, 也有些 AMF 类群在两个处理的所有或大部分宿主植物中都出现 (非特异的 AMF 类群, common species group, CS), 如图 2 及图 3 中的条带 c, d, h。

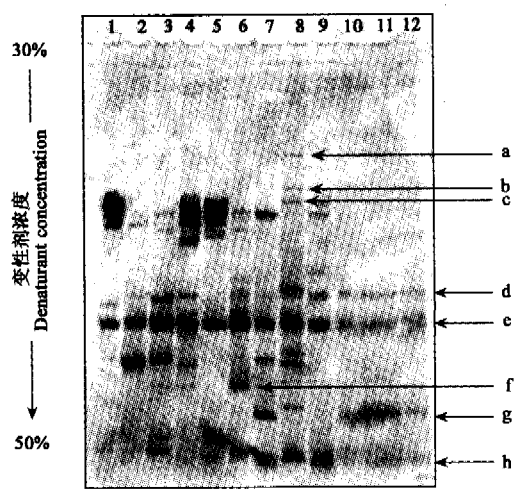


图2 350 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ CO₂ 浓度下 12 种宿主植物的 DGGE 图谱
Fig.2 DGGE plate of 12 host plants treated by 350 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ CO₂

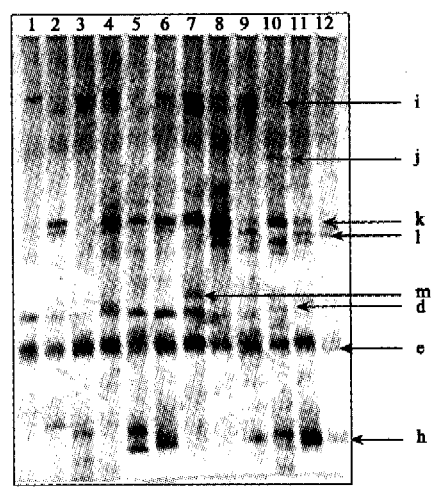


图3 700 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ CO₂ 浓度下 12 种宿主植物的 DGGE 图谱
Fig.3 DGGE plate of 12 host plants treated by 700 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ CO₂

2.2.2 不同 CO₂ 浓度下同一植物 AMF 群落间的差异 CO₂ 浓度倍增使 US 减少而 CS 增加,如 350 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ 对照组中的 a, b, c 和 f 在 700 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ 处理组中都消失了,新出现的 US 有 j 和 m;而处理组除了保留了对照组中的 CS 如 d, e, h 以外(g 消失),又出现了新的 CS 如 i, k, 和 l。

2.3 物种多样性、群落优势度和相似度

多样性和优势度指数的结果如表 3 所示。从多样性数据来看上升和下降的各占 50%,方差分析表明,AMF 群落多样性总体上呈上升的趋势,但变化不显著($p > 0.05$)。上升最多的是白车轴草的 AMF 群落(上升 1.51),上升幅度达 76.26%;下降最多的是玉米的 AMF 群落(下降 0.83),下降幅度达 27.12%。

群落相似性的结果如表 4 所示,相似性最高的是牛筋草和陆稻的 AMF 群落,达到 0.67,最低的是北美车前的 AMF 群落,只有 0.22。

表 3 不同处理中 AMF 群落的多样性及优势度指数

Table 3 The index of diversity and dominance of AMF community in different treatments

序号 No.	宿主 Host	CO ₂		700 $\mu\text{mol mol}^{-1}$ CO ₂	
		多样性 指数 H	优势度 S	多样性 指数 H	优势度 S
1	玉米 <i>Zm</i>	3.06	0.13	2.23	0.22
2	牛筋草 <i>Ei</i>	2.14	0.25	2.75	0.15
3	刺苋 <i>As</i>	2.97	0.14	2.47	0.19
4	陆稻 <i>Os</i>	3.25	0.11	2.97	0.13
5	大豆 <i>Gm</i>	3.26	0.11	2.93	0.14
6	无芒稗 <i>Ecm</i>	3.03	0.13	2.77	0.15
7	野燕麦 <i>Af</i>	2.74	0.16	2.78	0.15
8	北美车前 <i>Pv</i>	3.11	0.12	3.14	0.12
9	早熟禾 <i>Pa</i>	2.50	0.19	2.94	0.14
10	白车轴草 <i>Tr</i>	1.98	0.26	3.49	0.09
11	黑麦草 <i>Lp</i>	2.25	0.22	2.19	0.24
12	鼠曲草 <i>Ga</i>	1.99	0.25	2.29	0.21

表 4 不同处理中与宿主共生的 AMF 群落的相似系数

Table 4 The similarity index of AMF community accrete with host in different treatments

序号 No.	宿主 Host	群落相似度 Community similarity index
1	玉米 <i>Zm</i>	0.43
2	牛筋草 <i>Ei</i>	0.67
3	刺苋 <i>As</i>	0.53
4	陆稻 <i>Os</i>	0.67
5	大豆 <i>Gm</i>	0.44
6	无芒稗 <i>Ecm</i>	0.63
7	野燕麦 <i>Af</i>	0.43
8	北美车前 <i>Pv</i>	0.22
9	早熟禾 <i>Pa</i>	0.57
10	白车轴草 <i>Tr</i>	0.38
11	黑麦草 <i>Lp</i>	0.40
12	鼠曲草 <i>Ga</i>	0.44

3 讨论

3.1 AMF 对植物的选择性差异及 CO₂ 的影响

一般认为 AMF 与宿主之间没有选择性^[25],即一种 AMF 可以侵染不同的宿主,同一宿主也可以被不同的 AMF 侵染。然而,Kowalchuk 等人的研究表明 AMF 对宿主的侵染有选择性^[26]。Husband 对热带森林的 AMF 群

落的研究说明 AMF 种群与宿主之间存在着非随机的联系^[27]。Vandenkoornhuyse 和 Bidartondo 最近对两种不同生态系统内 AMF 的研究表明,AMF 对宿主具有不同程度的选择性^[28,29]。本试验采用变性梯度凝胶电泳(DGGE)对不同 CO₂ 浓度下 12 种植物的 AMF 群落的研究也证实,AM 真菌对宿主的侵染存在一定的选择性(图 2,图 3)。有些 AMF 类群更易于侵染某种特定类型的宿主,而另外一些 AMF 类群几乎可以侵染所有的宿主。这种选择性可能是长期协同进化的结果,也可能是竞争的结果^[28]。另外,AM 真菌与宿主之间的选择性受 CO₂ 处理的影响,CO₂ 浓度增加使特异的 AMF 类群(US)减少而非特异的 AMF 类群(CS)增多(图 2 及图 3)。这可能是因为非特异的 AMF 类群能够适应多种宿主的根际环境,而特异的 AMF 类群只能适应某种单一的根际环境,CO₂ 浓度升高使非特异的 AMF 类群具有更大的生存优势和竞争力。由于 CO₂ 浓度升高对 AMF 群落物种组成的影响研究的很少,因此具体的原因还有待进一步的试验证实。AMF 对 CO₂ 浓度升高的响应不同,将会引起 AMF 物种组成的变化。由于 AMF 对植物群落起着重要的调节作用,因此这将会改变植物-植物间竞争关系,从而对宿主的群落结构产生深刻影响^[30]。

3.2 AMF 群落变化与宿主特性之间的关系

虽然 CO₂ 浓度倍增使 AMF 群落在许多方面发生了变化,但还不清楚这些变化是由 CO₂ 直接引起的,还是由于植物生长、根系碳固定和分配的变化间接引起的。Staddon 等人对 AMF 侵染率的研究表明侵染率变化是由植物的生长策略而不是由 CO₂ 浓度升高直接引起的^[31]。因此,CO₂ 浓度升高对 AMF 群落的影响与宿主特性密切相关。本试验中,CO₂ 浓度倍增对 AMF 的多样性变化影响不大(上升不显著),但其变化与宿主的生态习性有相关性。1 年生夏季植物的 AMF 多样性降低(牛筋草除外),而越冬性 2 年生植物的 AMF 多样性上升(黑麦草除外)。1 年生夏季植物的 AMF 群落相似度比越冬性 2 年生植物的 AMF 群落相似度平均高 0.15,说明 CO₂ 浓度倍增对 1 年生夏季植物的 AMF 群落影响较小。

References:

- [1] Auge R M, Foster J G, Loeschner W H, *et al.* Symplastic mobility of free amino acid and sugars in *Rosa* root with regard to VA mycorrhizae and drought. *Symbiosis*, 1992, 12:1 ~ 17.
- [2] Levitt J. *Response of Plant to Environmental Stress*, 2nd ed. New York: Academic Press, 1980.
- [3] Poss J A, Pond E, Menge J A, Jarrell W M. Effect of salinity on mycorrhizal onion and tomato in soil with and without additional phosphate. *Plant and Soil*, 1985, 88:307 ~ 319.
- [4] Smith S E, Ginainazzi P V. Physiological interaction between symbionts in vesicular arbuscular mycorrhizal plants. *Ann Rev Physiol Plant Mol Biol*, 1988, 39:221 ~ 224.
- [5] Wang H G, Wu G Y, Li H Q. Effect of Vesicular-arbuscular mycorrhiza on the growth of *Phaseolus aureus* and its water use. *Acta Pedologica Sinica*, 1989, 26(4):394 ~ 400.
- [6] Feng G, Li X L, Zhang F S, *et al.* Effect of AM fungi on water and nutrition status of corn plants under salt stress. *Chinese Journal of applied ecology*, 2000, 11(4):595 ~ 598.
- [7] Smith D M, Hartnett D C, Wilson G W T. Interacting influence of mycorrhizal symbiosis and competition on plant diversity in tallgrass prairie. *Oecologia*, 1999, 121:574 ~ 582.
- [8] Van der Heijden M G A, Klironomos J N, Ursic M, *et al.* Mycorrhizal fungal diversity determines plant biodiversity, ecosystem variability and productivity. *Nature*, 1998, 396:69 ~ 72.
- [9] Klironomos J N, McCune J, Hart M, *et al.* The influence of arbuscular mycorrhizae on the relationship between plant diversity and productivity. *Ecology Letters*, 2000, 3:137 ~ 142.
- [10] O'Connor P J, Smith S E, Smith E A. Arbuscular mycorrhizas influence plant diversity and community structure in a semiarid herbland. *New Phytologist*, 2002, 154:209 ~ 218.
- [11] Van der Heijden M G A, Wiemken A, Sanders I R. Different arbuscular mycorrhizal fungi alter coexistence and resource distribution between co-occurring plant. *New Phytologist*, 2003, 157:569 ~ 578.
- [12] Urcelay C, Diaz S. The mycorrhizal dependence of subordinates determines the effect of arbuscular mycorrhizal fungi on plant diversity. *Ecology Letters*, 2003, 6:388 ~ 391.

- [13] Bray S R, Kitajima K, Sylvia D M. Mycorrhizae differentially alter growth, physiology and competitive ability of an invasive shrub. *Ecological Applications*, 2003, 13:565 ~ 574.
- [14] Burrows R L, Pfleger F L. Host responses to AMF from plots differing in plant diversity. *Plant Soil*, 2002, 240:169 ~ 179.
- [15] Bever J D, Morton J B, Antonovics J, Schultz P A. Host dependent sporulation and species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in a mown grassland. *J. Ecol*, 1996, 84:71 ~ 82.
- [16] Eom A H, Hartnett D C, Wilson G W T. Host plant effects on arbuscular mycorrhizal fungal communities in tallgrass prairie. *Oecologia*, 2000, 122: 435 ~ 444.
- [17] Lovelock C E, Andersen K, Morton J B. Arbuscular mycorrhizal communities in tropical forests are affected by host tree species and environment. *Oecologia*, 2003, 135:268 ~ 297.
- [18] O'Neill E G, O'Neill R V, Norby R J. Hierarchy theory as a guide to mycorrhizal research on large scale problem. *Environmental Pollution*, 1991, 73: 271 ~ 284.
- [19] Roughier H, Read D J. The role of mycorrhiza in determining the response of *Plantago lanceolata* to CO₂ enrichment. *New Phytologist*, 1998, 139:367 ~ 373.
- [20] Wang X F, Li S Y, Bai K Z, *et al.* Effects of atmospheric CO₂ enrichment on the root surface area of plant and colonization and its intensity of AMF in plant. *Chin Sci Bull*, 1998, 43(19):2083 ~ 2084.
- [21] Staddon P L, Fitter A H, Graves D. Effect of elevated atmospheric CO₂ on mycorrhizal colonization, external mycorrhizal hyphal production and phosphorus inflow in *Plantago lanceolata* and *Trifolium repens* in association with the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus mosseae*. *Global Change Biol*, 1999, 5(3): 347 ~ 358.
- [22] Rilling M C, Allen M F, Klironomos J N, *et al.* Arbuscular mycorrhizal percent root infection and infection intensity of *Bromus hordeaceus* grown in elevated atmospheric CO₂. *Mycologia*, 1998, 90(2): 199 ~ 205.
- [23] Sandhu G S, Lline B C, Stockman L, *et al.* Molecular probes for diagnosis of fungal infections. *Journal of Clinical Microbiology*, 1995, 33(11):2913 ~ 2919.
- [24] Ampe F, Miambi E. Cluster analysis, richness and biodiversity indexes derived from denaturing gradient gel electrophoresis fingerprints of bacterial communities demonstrate that traditional maize fermentations are driven by the transformation process. *International Journal of Food Microbiology*, 2000, 60: 91 ~ 97.
- [25] Smith S E, Read D. J. *Mycorrhizal Symbiosis*. Academic Press, 1997.
- [26] Kowalchuk G A, Francisco A D, Johannes A V. Community analysis of arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Ammophila arenaria* in Dutch coastal sand dunes. *Molecular Ecology*, 2002, 11:571 ~ 581.
- [27] Husband B, Herre E A, Turner S L. Molecular diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and patterns of host associate * ion over time and space in a tropical forest. *Molecular Ecology*, 2002, 11: 2669 ~ 2678.
- [28] Vandenkoornhuyse P, Husband B, Daniell T J. Arbuscular mycorrhizal community composition associated with two plant species in a grassland ecosystem. *Molecular Ecology*, 2002, 11: 1555 ~ 1564.
- [29] Bidartondo, M. I., Redecker D, Hijri I. Epiparasitic plants specialized on arbuscular mycorrhizal fungi. *Nature*, 2002, 419:389 ~ 392.
- [30] Staddon P L, Fitter A H. Does elevated atmospheric carbon dioxide affect arbuscular mycorrhizas? *Trends Ecol Evolut*, 1998, 13:455 ~ 458.
- [31] Staddon P L, Graves J D, Fitter A H. Effect of enhanced atmospheric CO₂ on mycorrhizal colonization and phosphorus inflow in 10 herbaceous species of contrasting growth strategies. *Functional Ecology*, 1999, 13:190 ~ 199.

参考文献:

- [5] 汪洪钢, 吴观以, 李慧基. VA 菌根对绿豆 (*Phaseolus aureus*) 生长及水分利用的影响. *土壤学报*, 1989, 26(4):394 ~ 400.
- [6] 冯固, 李晓林, 等. 盐胁迫下丛枝菌根真菌对玉米水分和养分状况的影响. *应用生态学报*, 2000, 11(4):595 ~ 598
- [20] 汪杏芬, 李世仪, 白克智, 等. 大气浓度倍增对植物根系表面积和泡囊-丛枝菌根侵染活力和强度的影响. *科学通报*, 1998, 43(19):2083 ~ 2084.