

DOI: 10.5846/stxb201211291701

郭涛, 罗珍, 朱敏, 王晓峰. 丛枝菌根真菌对玉米秸秆降解的影响及其作用机制. 生态学报, 2014, 34(14): 4080-4087.

Guo T, Luo Z, Zhu M, Wang X F. Compare different effect of arbuscular mycorrhizal colonization on maize straw degradation. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(14): 4080-4087.

丛枝菌根真菌对玉米秸秆降解的影响 及其作用机制

郭 涛*, 罗 珍, 朱 敏, 王晓峰

(西南大学资源环境学院, 重庆 400716)

摘要: 为了比较菌根、菌丝、植物根系对玉米秸秆降解的影响, 采用 4 室分根装置即土壤室(S)、根室(R)、菌根室(M)和菌丝室(H), 分室间用 400 目尼龙网和有机板分隔, 尼龙网袋包埋玉米秸秆于不同分室内, 以玉米为宿主植物, 接种丛枝菌根(AM)真菌 *Glomus mosseae*。试验分别在移栽后第 20、30、40、50、60 天时取样, 通过测定接种 AM 真菌后玉米秸秆的碳、氮释放, 土壤中 3 种常见酶活性、微生物量碳和氮及土壤呼吸的动态变化, 探讨 AM 真菌降解玉米秸秆可能的作用机制。研究结果表明: 经 60 d 的培养后, 与未接种 S 室相比, 接种 AM 真菌的 M 室和 H 室玉米秸秆降解量提高了 27.72% 和 8.07%; 另外, M 室玉米秸秆碳素释放显著增加, 而氮素的释放减少, 致使碳氮比显著低于其他 3 室, 较初始值降幅达 8.72%, 有利于秸秆进一步降解。在试验条件下, M 室中土壤酸性磷酸酶、蛋白酶、过氧化氢酶活性较其他 3 室都有显著提高, 并增加了微生物量碳、氮和土壤呼吸作用, 形成了明显有别于根际的微生物区系。这一系列影响都反映出 AM 直接或间接作用于玉米秸秆的降解过程, 是导致玉米秸秆降解加快的重要原因。

关键词: 分根装置; 降解; 土壤酶活性; 微生物量碳、氮; 土壤呼吸

Compare different effect of arbuscular mycorrhizal colonization on maize straw degradation

GUO Tao*, LUO Zhen, ZHU Min, WANG Xiaofeng

College of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400716, China

Abstract: The decomposition of plant residues plays an important role in the substance circulation, especial carbon-nitrogen cycle, which is influenced by many microorganism that acts the role of the consumer and decomposer could directly and indirectly accelerated the degradation process. As a member of microorganism, mycorrhizas are recognized as being of special importance as it has an especial microhabitat. Arbuscular mycorrhizal (AM) fungi form mutualistic symbiosis with more than 80% of the higher plant species. The contribution of AM to plant residues' degradation process varied at different hierarchical levels: plant root, mycorrhizas and the soil mycelium, of course the accompanying bacteria should be mentioned. In previous studies, most experiments were carried out with pot or other single compartment devices, this made it difficult to clarify different effects of mycorrhiza symbiosis on plant residues degradation. In present study, the split-root device with four compartments was used to quantitatively compare the change of degradation process in rhizosphere, mycorrhizosphere and hyphaesphere. We choose maize straw as the representative of plant residue, AM fungus, *Glomus mosseae* (*G. m*) was inoculated. Harvested samples respectively in 20, 30, 40, 50 and 60 days, and then analysed the effects of soil enzymatic activity, soil microbial biomass carbon and nitrogen, soil respiration, discuss mechanism of mycorrhizal inoculation accelerate maize straw degradation. The results showed that inoculation with *G. m*, the maize straw degradation mass and degradation coefficient in mycorrhizal compartment were higher than that in root compartment at all

基金项目: 中央高校基本科研业务费专项资金资助(XDJK2010B012); 农业部公益性行业专项(201103003)

收稿日期: 2012-11-29; **网络出版日期:** 2014-02-27

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: guotaosd@swu.edu.cn

stages, Mycorrhizal inoculation enhanced C release but prejudiced N release, and then reduced the C/N ratio, and so as to facilitate its further degradation. For the soil biological performance, we found that the catalase, protease, acid phosphatase, microbial biomass carbon and soil respiration have been enhanced in mycorrhizal compartment compared with root compartment, and the same as hyphae compartment with soil compartment, formed the active microbial community further. The increase of these indexes involved in the degradation process, and become the important reasons for mycorrhizal speed up the degradation. More AM fungal species and soil types will be considered in our following studies.

Key Words: split-root device; degradation; soil enzymatic activity; microbial biomass carbon and nitrogen; soil respiration

丛枝菌根 (Arbuscular Mycorrhiza, AM) 真菌在自然界中的分布极为广泛,能与绝大多数的陆生植物形成共生体系^[1]。大量文献指出丛枝菌根真菌对植物生长、矿质养分的吸收(特别土壤中移动性差的 P 素)及抗逆性、抗病性等^[2]许多方面的生理机能起着重要作用。以往认为 AM 真菌作为一种活体营养微生物,完全依赖于宿主植物提供碳源,能汲取约 20% 的宿主植物光合产物^[3],而不能分解利用死亡的植物残体^[4]。但近年有研究发现 AM 真菌具有直接分解植物残体的能力^[5],并证实 AM 真菌能在一定程度上加快正在降解的植物残体中氮素的转移,这一效应对氮素循环有重要意义^[6]。植物残体作为生态系统中养分的基本载体,是生态系统物质循环的主要途径^[7],因而 AM 真菌在生态系统中可能具有更广泛的作用。已有研究表明,AM 真菌侵染宿主建立共生体系后,菌根际能释放出多种酶和分泌物等^[8],并形成明显有别于根际的微生物区系^[9]。土壤微生物和酶可能直接或间接的参与到植物残体的降解过程。据此推测,在植物残体降解过程中,AM 真菌可直接导致土壤微环境的优化。因此,近年来关于 AM 真菌影响植物残体降解这方面的研究受到越来越多的关注^[10-11]。

本试验采用 4 室分根装置,将植物的根系、菌根以及根外菌丝隔开,通过分别比较其对玉米秸秆降解的影响,以及土壤中微生物和酶活性的变化动态,旨在植物生长状况相同的前提下,对植物根系、菌根和菌丝及根外菌丝降解玉米秸秆的作用进行量化比较。对深入理解 AM 真菌在生态系统物质循环中的意义,也为进一步阐述其在生态系统中的作用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验在西南大学资源环境学院网室中进行。供

试土壤为酸性紫色土,其基本理化性状为:pH5.7、有机质 21.5 g/kg、全氮 0.6 g/kg、全磷 1.0 g/kg、全钾 15.4 g/kg、碱解氮 84.2 mg/kg、有效磷 27.6 mg/kg、速效钾 73.0 mg/kg。土壤经湿热灭菌处理,风干后备用。

供试植物:玉米 (*Zea mays* L.) “精科糯 2000”,种子以 10% H₂O₂ 表面消毒 10 min,去离子水浸泡 5 h,于 25 ℃ 暗室催芽 30 h 后,在盛有石英砂的培养盆中育苗,随时补充水分和养分,待根系长出 8—10 cm 时进行分根。

供试 AM 真菌菌种: *Glomus mosseae* (G. m),来自中国农业大学资源环境学院。菌种预先经三叶草、玉米盆栽繁殖,接种剂含有 AM 真菌孢子、根外菌丝和侵染的根段,每克菌剂含有 20—30 个孢子。

玉米秸秆尼龙网袋制备:试验材料为秋季农田中的玉米地上部。用去离子水漂洗,于 60 ℃ 下烘干至恒量,磨碎后过筛,使粒径为 0.5—2 mm。称取 2.00 g 材料分别装入孔径为 200 目,长 9 cm 宽 5 cm 的尼龙网袋中。封口后称整个网袋重量,用万分之一天平精确到小数点后 4 位。其初始元素含量为:全碳 427.0 g/kg、全氮 7.72 g/kg、碳氮比 55.41。

1.2 试验设计

本试验所用装置参照彭思利的 4 室隔板分室系统^[12],如图 1 所示。试验设置 1 个接种处理,共计 15 盆。每盆土重共计 3.6 kg,每室盛土 0.9 kg,分别称之为非根际土壤室(S)、根室(R)、菌根室(M)、菌丝室(H)。先分别向中间两室加 0.20 kg 灭菌土壤,在两室外侧相对称位置分别竖放置一个尼龙网袋,然后在 M 室加入与接种剂均匀混合的 0.5 kg 土壤,接种量为 10%,R 室则加入等量灭菌的菌种与土壤混合,以保持土壤理化性质一致。将植物根系平均分为两份置于中间两室中,每盆定植 2 株玉米,上面再覆盖 0.20 kg 灭菌土壤。S 室与 H 室加入的土壤

与 R 室相同。试验过程中采用称重法且合理分配到各室,使每室土壤含水量保持在田间持水量的 60%—70%。

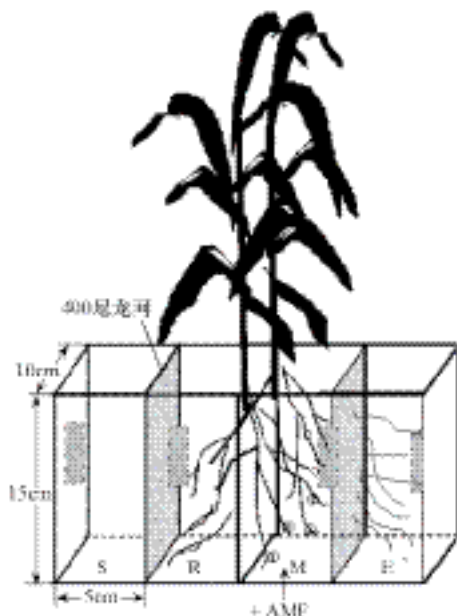


图 1 分根装置示意图

Fig.1 Split-root system

S、R、M、H 分别为处理

根据 AM 真菌侵染规律,将取样时间分别设定在移栽后第 20、30、40、50、60 天时,每处理收获 3 盆,根室与菌根室中根系分开收获,取洗净、混匀的鲜根 1 g 用于侵染率的测定,取出的尼龙网袋于 40℃ 烘干至恒重,用万分之一天平称重。土壤风干后待测。

1.3 测定项目及方法

每个尼龙网袋单独测定;降解量 = $B_0 - B_t$; B_0 为玉米秸秆初始重量, B_t 为玉米秸秆剩余重量;网袋内剩余玉米秸秆的 C 含量测定方法为重铬酸钾-硫酸

法, N 含量测定方法为凯氏定氮法^[13]; C 释放量与 N 释放量参照申艳等人的方法计算^[14];应用 Olson 的指数模型 $B_t/B_0 = e^{-kt}$ 计算玉米秸秆的降解系数 k 值^[15]。玉米根系的菌根侵染率采用方格交叉法测定^[16];土壤菌丝密度按照 Abbott 等人^[17]的方法进行。

土壤过氧化氢酶活性测定采用高锰酸钾滴定法,活性单位以 30 min 后 1 g 土壤消耗 0.1 mol/L $KMnO_4$ 的毫升数表示 (U);蛋白酶活性测定采用茚三酮比色法,活性单位以 24 h 后 1 g 土壤中氨基氮的毫克数表示 (U)^[18];酸性磷酸酶活性测定采用磷酸苯二钠比色法,活性单位以 3 h 后 100 g 土壤中酚的毫克数表示 (U)^[19];土壤呼吸强度测定采用碱吸收法;微生物量碳、氮测定采用氯仿熏蒸- K_2SO_4 浸提法^[20]。

1.4 数据处理

原始数据在 Excel 中进行标准化处理,应用 SAS 软件 (Version 9.13; SAS Institute, Cary, NC) 对试验数据进行二因素方差分析,5% 水平下 LSD 多重比较检验各处理平均值之间的差异显著性。

2 结果与分析

2.1 宿主植物菌根侵染率、土壤菌丝密度和生物量

从表 1 可以看出,接种 *G. m* 的 M 室形成了良好的菌根共生体,并且随着时间的延长,侵染率和菌丝密度不断增加,根系侵染率在 60 d 时为 83.76%,而不接种的 R 室均未形成菌根共生体。由于 AM 真菌根外菌丝可以通过 M 室和 H 室之间的尼龙网到达 H 室,在 M 室和 H 室均有大量的菌丝,60 d 时菌丝密度在 67.47—96.17 cm/g 之间, M 室最高, R 室和 S 室没有菌丝存在。M 和 R 室根系生物量除 60 d 时差异均不显著。

表 1 分根装置中接种菌根真菌的宿主植物根系侵染率及菌丝密度

Table 1 Inoculation rate and hyphal density of non-mycorrhizal and mycorrhizal host plants in the split-root device

处理 Treatment		侵染率 Rate of inoculation/%					菌丝密度 Hyphal density (cm/g)				
		20d	30d	40d	50d	60d	20d	30d	40d	50d	60d
真菌	S	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>Glomus</i>	R	0b	0b	0b	0b	0b	—	—	—	—	—
<i>mosseae</i>	M	43.07aE	55.12aD	64.58aC	74.17aB	83.76aA	14.88a	48.19a	64.11a	82.55a	96.17a
	H	—	—	—	—	—	8.38bE	15.09bD	42.53bC	58.67bB	67.47bA

表中结果为 3 个重复的平均值。同一列中不同小写字母表示同一取样时间的不同接种处理在 $P = 0.05$ 水平差异显著;同一行中的不同大写字母表示不同取样时间的平均数在 $P = 0.05$ 水平差异显著

表 2 分根装置中接种菌根真菌的宿主植物地上部、根系干重										
Table 2 Shoot dry weight, root dry weight of non-mycorrhizal and mycorrhizal host plants in the split-root device										
处理 Treatment	根系干重 Root dry weight/g					地上部干重 Shoot dry weight /g				
	20d	30d	40d	50d	60d	20d	30d	40d	50d	60d
真菌	R	0.09a	0.21a	0.54a	0.67a	0.82b				
<i>Glomus mosseae</i>	M	0.11aE	0.23aD	0.59aC	0.73aB	0.90aA	0.82	2.54	5.12	6.07 7.65

2.2 接种 AM 真菌对玉米秸秆降解的影响

如表 3 所示,各室降解量随着培养时间的增加而增加($P<0.001$)。在相同取样时间,各室的玉米秸秆降解量有显著差异($P<0.001$),且均表现为:M 室>R 室>H 室>S 室,即同一宿主植物条件下,与根系相比,菌根系土壤环境对玉米秸秆的降解有明显优势;60 d 时,与 S 室相比,R 室、M 室和 H 室玉米秸秆降解量分别提高了 18.49%、27.72%和 8.07%。由此可见,接种 *G. m* 的 M 室不仅显著提高玉米秸秆的降解,而且当一定数量的根外菌丝进入到 H 室后,也能加快玉米秸秆降解,但菌丝的作用仍不及根系。

降解系数是衡量分解速率的一个指标,降解系数越大其分解速度就越快^[15]。由图 2 可以看出,各室玉米秸秆的降解系数随时间的增加逐渐减小,即玉米秸秆的降解速度到后期越来越缓慢;且同一取样时期,各室降解系数均为:M 室>R 室>H 室>S 室;植物生长到 60 d 时,R 室、M 室和 H 室的降解系数比 S 室分别高出 24.82%、38.32%和 10.58%。说明接种 AM 真菌能加快玉米秸秆的降解速度,并带动菌丝的作用,但根系的影响却不容忽视,这与表 3 中接种 AM 真菌处理增加玉米秸秆降解量结果相一致。

表 3 接种 AM 真菌对玉米秸秆降解量的影响						
Table 3 Effect of AMF inoculation on degradation mass of maize straw						
处理 Treatment	降解量 Degradation mas/g					
	20d	30d	40d	50d	60d	
真菌	S	0.6578c	0.6726c	0.7011d	0.7112d	0.7263d
<i>Glomus</i>	R	0.7018b	0.7457b	0.8227b	0.8486b	0.8606b
<i>mosseae</i>	M	0.7801a	0.8402a	0.8530a	0.9091a	0.9276a
	H	0.6361cE	0.7010cD	0.7511cC	0.7557cB	0.7849cA

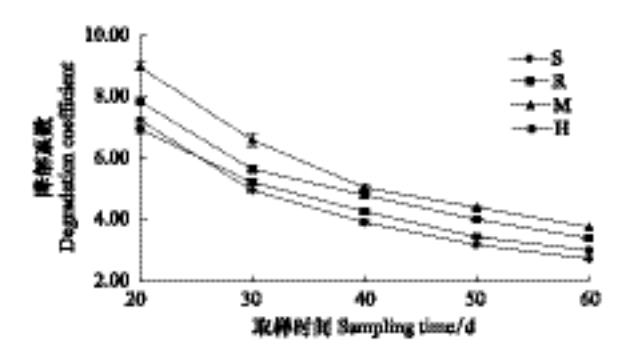


图 2 接种 AM 真菌对玉米秸秆降解系数的影响
Fig.2 Effect of AMF inoculation on degradation coefficient of maize straw

2.3 接种 AM 真菌对玉米秸秆 C、N 释放量及 C/N 比的影响

如表 4 所示,各室玉米秸秆中碳素随时间延长表现为净释放特性,即 C 释放量不断增加;60 d 时,各室 C 释放量累计占初始量的 31.91%—45.42%,以

M 室为最高;对于 C 释放量,同一取样时期 4 室均表现出相同的趋势:M 室>R 室>H 室>S 室。在整个培养过程中,氮素释放规律表现不一。60 d 时,各室 N 释放量占到初始量的 37.14%—44.91%,以 R 室为最高。S 室与 R 室 N 释放量表现为随时间累计增加,而接种 *G. m* 的 M 室,在 40 d 时则有一个 N 释放减缓的过程。同一取样时期 4 室均表现出相同的趋势;R 室>M 室>S 室>H 室。。由此可见,接种 AM 真菌对玉米秸秆中 C、N 释放有很大影响,尤其是改变了 N 释放规律。

玉米秸秆中碳素与氮素释放量的不同必然引起 C/N 比的变化。图 3 反映了玉米秸秆降解过程中 C/N 比的变化动态。可以看出,整个降解过程中,C/N 比始终表现为 S 室>H 室>R 室>M 室,且 S 室、H 室和 R 室的玉米秸秆 C/N 比随时间非但没有下降反而较初始值有所增加;接种 *G. m* 的 M 室中玉米秸

秆 C/N 比却逐渐降低,60 d 时与其初始值相比,降幅达 8.72%。

表 4 接种 AM 真菌对玉米秸秆 C、N 释放量的影响

Table 4 Effect of AMF inoculation on C release and N release of maize straw

处理 Treatment		C、N 释放量 C release (g) and N release (mg)				
		20d	30d	40d	50d	60d
C 释放量 C release/g						
真菌 <i>Glomus mosseae</i>	S	0.2172b	0.2369c	0.2520d	0.2604c	0.2726c
	R	0.2872a	0.3188b	0.3459b	0.3553b	0.3604b
	M	0.3006a	0.3499a	0.3672a	0.3777a	0.3882a
	H	0.2325bE	0.2548cD	0.2710cC	0.2770cB	0.2846cA
N 释放量 N release/mg						
真菌 <i>Glomus mosseae</i>	S	4.88b	5.48b	5.87b	5.91bc	6.01b
	R	5.55a	6.18a	6.63a	6.90a	6.94a
	M	5.45a	6.04a	5.96b	6.05b	6.23b
	H	4.75bD	5.39bC	5.57bB	5.62cAB	5.74bA

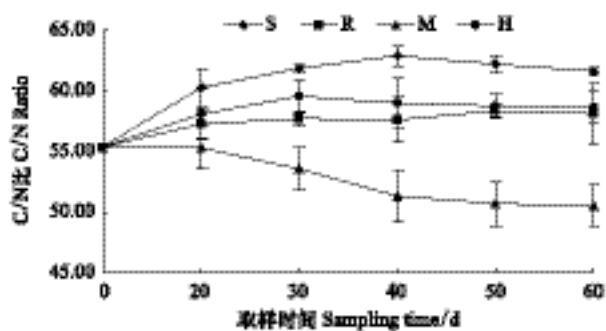


图 3 接种 AM 真菌对玉米秸秆碳氮比的影响

Fig.3 Effect of AMF inoculation on C/N ratio of maize straw

2.4 接种 AM 真菌对土壤中酶活性的影响

图 4 分别为土壤中酸性磷酸酶、蛋白酶和过氧化氢酶的活性。首先,AM 真菌菌丝能与细菌的协同作用来提高磷酸酶活性^[21],促进有机磷化合物的水解,以活化植物通常不能直接利用的有机磷源。从图 4 可以看出,整个过程中各处理的酸性磷酸酶活性均表现为先升高后下降的趋势,以 40 d 时 M 室为最高;在相同取样时期,4 室均表现一致,M 室>R 室>H 室>S 室。

蛋白酶是水解酶类的一种,它参与土壤中氨基酸、蛋白质及含氮有机化合物的酶解,可将蛋白质水解为肽,最终形成氨基酸为植物提供氮源。如图 4 所示,蛋白酶活性总体表现为波浪式变化,且在 60 d 时均有一定程度下降;但在相同取样时期,4 室均表现为相同的趋势,M 室>R 室>H 室>S 室。

过氧化氢酶能解除由生物呼吸和生物化学反应

而产生的过氧化氢的毒害,参与土壤中物质和能量转化,其活性表示土壤腐质化强度大小和有机质积累程度^[22]。图 4 可以看出,对于过氧化氢酶活性,在相同取样时期 4 室的均表现为相同的趋势,M 室>R 室>H 室>S 室。

综上所述,接种 *G. m* 的 M 室相对于 R 室显著提高了土壤中酸性磷酸酶、蛋白酶和过氧化氢酶活性,且 H 室的相对于 S 室酶活性也有所提高,这些酶可能参与玉米秸秆的降解过程,进而影响了秸秆的降解。

2.5 接种 AM 真菌玉米秸秆降解过程中土壤微生物量碳、氮的动态变化

表 5 数据可以看出,接种与否对土壤微生物量碳、氮产生很大影响。整个培养过程中,同一时期 4 室的微生物量碳均表现为 M 室最高,60 d 时比 S 室、R 室和 H 室分别高出 34.87%、18.93% 和 26.33%。微生物量氮也是如此,以 60 d 时接种 *G. m* 的 M 室最高,比 S 室、R 室和 H 室分别高出 119.79%、31.84% 和 41.40%。

2.6 接种 AM 真菌玉米秸秆降解过程中土壤呼吸的动态变化

土壤呼吸是评价土壤基质中碳稳定性的重要指标,同时也反映了土壤微生物的活性^[23]。表 6 数据表明,同一取样时间下,接种 *G. m* 的 M 室土壤呼吸总是最高,且 4 室均表现为相同的趋势:M 室>R 室>H 室>S 室。因此可以认为,接种 AM 真菌相对提高了土壤中的微生物活性。

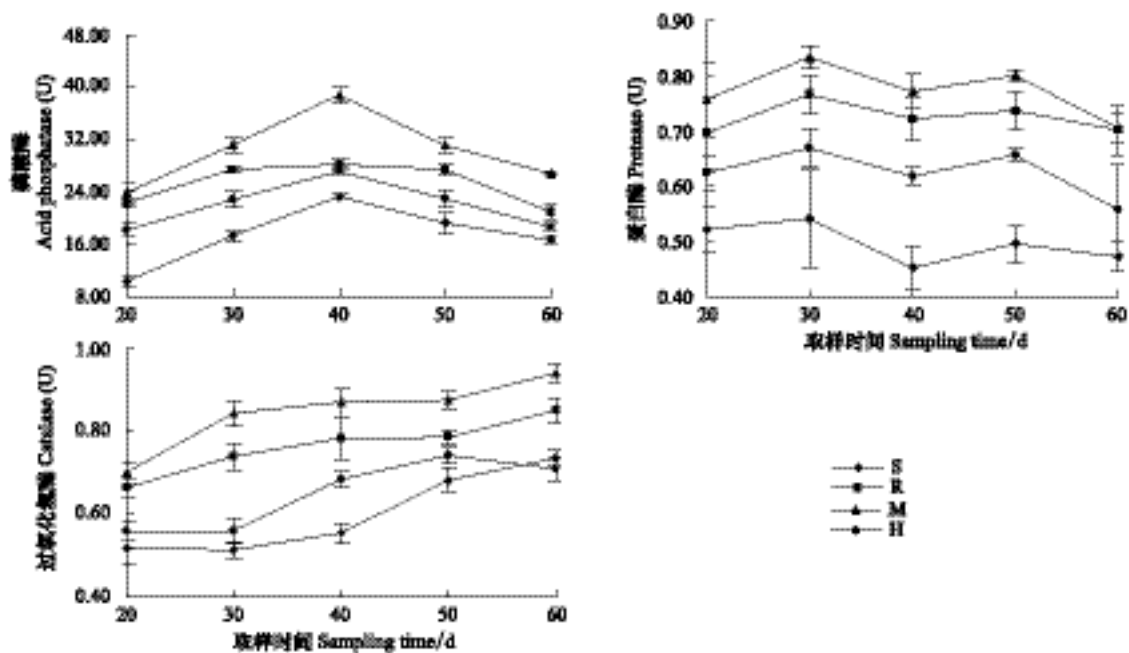


图 4 分根装置中接种 AM 真菌对土壤酶活性的影响
Fig.4 Effect of AMF inoculation on soil enzymatic activity in the split-root device

表 5 分根装置中接种 AM 真菌对土壤微生物量碳、氮的影响

		微生物量碳 Microbial biomass carbon/(mg/kg)					微生物量氮 Microbial biomass nitrogen/(mg/kg)				
处理 Treatment		20d	30d	40d	50d	60d	20d	30d	40d	50d	60d
真菌	S	69.71c	87.98c	86.05c	94.88c	100.70c	11.03b	19.60c	40.66b	35.88c	33.55c
<i>Glomus</i>	R	87.32b	104.53b	116.47a	112.99b	114.19b	28.18a	39.79b	46.89b	63.95a	55.93b
<i>mosseae</i>	M	102.62a	116.40a	117.74a	140.68a	135.81a	36.20a	57.12a	66.82a	69.86a	73.74a
	H	90.44bD	87.96cC	98.02bB	122.46bA	107.50bA	26.13aC	44.04bB	53.88abA	47.01bA	52.15bA

表 6 分根装置中接种 AM 真菌对土壤呼吸的影响

		土壤呼吸 Soil respiration/(mgC · kg ⁻¹ · h ⁻¹)				
处理 Treatment		20d	30d	40d	50d	60d
真菌	S	7.95d	9.53d	10.58c	11.24d	11.96b
<i>Glomus mosseae</i>	R	13.14b	14.72b	15.70a	16.03b	16.56a
	M	14.72a	16.10a	16.76a	17.02a	16.95a
	H	10.32cC	12.16cB	13.73bA	13.14cA	12.75bA

3 讨论

本试验采用 4 室分根装置,利用网袋法研究了接种 AM 真菌后对玉米秸秆降解的影响。在同一宿主植物的前提下,通过比较非根际土壤室、根际土壤室、菌根际土壤室和菌丝际土壤室中玉米秸秆降解的情况,并测定土壤酶活性、微生物量碳、氮以及土壤呼吸的变化动态,明确 AM 真菌促进玉米秸秆降

解可能原因。

结果表明,接种 *G. m* 的 M 室与 S 室、R 室和 H 室相比,显著促进了玉米秸秆的降解(表 3)。Schädler 也认为 AM 真菌侵染后,会引起植物残体降解速率发生变化^[24]。在本试验为期 60 d 的试验过程中,根室的降解作用均高于接种 AM 真菌的 H 室,但显著低于 M 室,在一定程度上说明根系在植物残体降解过程中的作用超过了单独的菌丝作用,但还

是小于菌丝和根系共同的作用(图 2)。

除此之外,玉米秸秆内在元素也发生一定变化。虽然目前没有证据表明 AM 真菌能直接利用植物残体中的碳素^[5],但菌根际特有的多种伴生菌群的存在^[25],大大增加碳水化合物的消耗,Lei 等^[26]在其研究中也指出 AM 真菌对土壤中有有机碳的分解有显著促进作用。本研究结果中,菌根相对根系、菌丝在 C 释放量上也有显著作用(表 4)。目前,已有研究表明 AM 真菌可能通过影响土壤中的自养微生物群体对 N 循环起作用^[27],使植物残体的氮矿化速率平均增加 228%^[6],并从中获取氮素^[5]。值得注意的是一方面,宿主植物对氮素(铵态氮)的需求对 AM 真菌影响植物残体降解具有一定的驱动作用,土壤中铵态氮含量高则可能会降低这种效应^[26],菌丝将植物残体降解释放的铵态氮保存起来,不仅能够避免土壤铵态氮含量升高,同时也可以减轻其他腐食性生物的代谢压力^[28];另一方面 AM 真菌仅将获取氮素的 3%供给宿主植物,其余大部分仍存在共生体的真菌结构中,尤其菌丝的氮含量可高达 5%^[29],加之 AM 真菌在有机质斑块中富集生长的特性^[30],随着时间的延长,大量根外菌丝不断在尼龙网袋内积累,这可能是引起 M 室后期氮释放减缓甚至减少的重要原因(表 4),也是 H 室氮释放低于 S 室的可能原因。

秸秆中碳素与氮素不同程度释放,进而影响了秸秆 C/N 的变化。一般认为,较低的 C/N 比有利于玉米秸秆中矿质态养分的释放,其值越高玉米秸秆越不易降解^[31]。虽然试验中各室玉米秸秆 C/N 比均高于 30(图 3),但随着降解的进行,接种 AM 真菌的 M 室显著降低了玉米秸秆 C/N 比,使其更易于降解。

AM 真菌促进玉米秸秆降解,可能是 AM 真菌的直接降解作用,以及通过改变土壤酶活性,影响根际微生物共同作用的结果。土壤酶主要来自土壤微生物的代谢,还有部分来自动植物分泌^[32-33]。Nayyar 等^[5]认为,AM 真菌的根外菌丝也可以分泌多种酶类对植物残体的降解产生作用。本研究数据表明,接种 AM 真菌后,土壤酸性磷酸酶、蛋白酶和过氧化氢酶活性比其他 3 室均有显著提高(图 4)。另外,M 室的作用虽低于 R 室,但却显著高于 S 室。作为土壤中生化反应的调控者,土壤酶为土壤氮素循环和有机质的形成扮演着重要角色^[34],影响土壤中的各

种代谢过程和能量转化,并能参与土壤中有机物质的分解和转化,对解释菌根加快降解植物残体提供依据。

除了 AM 真菌自身的作用,它还促使某些腐生微生物在植物残体附近快速繁殖^[35],并缓慢释放易利用的有机碳辅助其生长^[3]。因此接种 AM 真菌会引起土壤微生物量、区系组成以及代谢过程发生变化^[9]。M 室微生物量碳、氮(表 5)和土壤呼吸(表 6)相对于其他 3 室均有增加。且 H 室相比 S 室,微生物量的大小和活性均有提高,可能成为玉米秸秆降解加快的重要驱动力。

本研究结果表明菌根能够显著加快玉米秸秆降解,并影响玉米秸秆碳素和氮素的释放,致使秸秆碳氮比降低,利于其进一步降解;根系在植物残体降解过程中的作用超过了单独的菌丝作用,但还是小于菌丝和根系共同的作用。在本试验条件下,菌根际提高了土壤中酸性磷酸酶、蛋白酶、过氧化氢酶活性,并形成活跃的明显有别于根际的微生物区系。另外,土壤中微生物与酶活性都反映出直接或间接地参与了玉米秸秆的降解过程。据此可以推断,AM 真菌和宿主植物形成共生体系后,可能是通过提高土壤酶活性、增加微生物量的大小和活性来作用于玉米秸秆的降解过程,成为导致玉米秸秆降解加快的重要原因;另外需要说明的是菌丝际对玉米秸秆的降解作用虽不及根际,但对于非根际而言,其作用也不容忽视。

References:

- [1] Smith S E, Read D J. Mycorrhizal Symbiosis. 3rd Edition. London: Academic Press, 2008, 79-123.
- [2] Li X L, Feng G. Arbuscular mycorrhizal ecology and physiology. Beijing: Huawen Press, 2001, 49-203.
- [3] Barbara D, Agata S P, Henk D, Anna M K, Hannes A G, Marco J H, Henricus T S. Shifting carbon flow from roots into associated microbial communities in response to elevated atmospheric CO₂. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2010, 107 (24): 10938-10942.
- [4] Sawers R J H, Gutjahr C, Paszkowski U. Cereal mycorrhizae: an ancient symbiosis in modern agriculture. Trends in Plant Science, 2008, 13: 93-97.
- [5] Hodge A, Campbell C, Fitter A H. An arbuscular mycorrhizal fungus accelerates decomposition and acquisition nitrogen directly from organic material. Nature, 2001, 413: 297-299.
- [6] Nayyar A A, Hamel C, Hanson K, Germida J. The arbuscular mycorrhizal symbiosis links N mineralization to plant demand. Mycorrhiza, 2009, 19: 239-246.
- [7] Berg B, McClaugherty C. Plant Litter: Decomposition, Humus

- Formation, Carbon Sequestration, 2nd Edition. Springer: Verlag Berlin Heidelberg, 2008, 27-53.
- [8] Lerat S, Lapointe L, Gutjahr S, Piché Y, Vierheilig H. Carbon partitioning in a split-root system of arbuscular mycorrhizal plants is fungal and plant species dependent. *New Phytologist*, 2003, 157 (3): 589-595.
- [9] Bomberg M, Jurgens G, Saano A, Robin S, Sari T. Nested PCR detection of Archaea in defined compartments of pine mycorrhizospheres developed in boreal forest humus microcosms. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 43(2): 163-171.
- [10] Talbot J M, Allison S D, Treseder K K. Decomposers in disguise: mycorrhizal fungi as regulators of soil C dynamics in ecosystems under global change. *Functional Ecology*, 2008, 22: 955-963.
- [11] Luo Z, Wang X F, Zhu M, Xian Y X, Guo T. Influence of mycorrhizal inoculation on maize straw degradation. *Journal Soil and Water Conservation*. 2012, 26(4): 267-270.
- [12] Peng S L, Shen H, Zhang Y T, Guo T. Compare different effect of arbuscular mycorrhizal colonization on soil structure [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(3): 863-870.
- [13] Bao S D. *Soil Agrochemical Analysis*, 3rd Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 76-79.
- [14] Shen Y, Yang H L, He W M. Nutrient availability in habitats affects carbon and nitrogen releases of litter in winter wheat. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2010, 34(5): 498-504.
- [15] Olson J A. Energy storage and the balance of producers and decomposers in ecological systems. *Ecology*, 1963, 44 (2): 322-332.
- [16] Giovannetti M, Mosse B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in root. *New Phytologist*, 1980, 84: 489-500.
- [17] Abbott L K, Robson A D, Deboer G. The effect of phosphorus on the formation of hyphae in soil by the vesicular arbuscular mycorrhizal fungus, *Glomus fasciculatum*. *New Phytologist*, 1984, 97: 437-446.
- [18] Guan S Y. *Soil Enzymes and study method*. Beijing: Agriculture Press, 1986, 260-353.
- [19] Zheng H Y, Zhou L K//Haziye. *Soil Enzymes Activities*. Beijing: Science Press, 1980: 24-75.
- [20] Lu R K. *Analytical Method of Soil Agrochemistry*. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1999: 231-233.
- [21] Li X L, Yao Q. VA-mycorrhizal and mineral nutrition of plant. 2000, 10(6): 524-531.
- [22] Pan X J, Zhang W E, Fan W G, Peng G H, Luo G H. Effects of Sod Culture and Intercropping Green Manure on the Soil Nutrient, Enzyme Activities and Microorganisms in Bonsai Citrus. *Acta Horticulturae Sinica*, 2010, 37(8): 1235-1240.
- [23] Lee K H, Jose S. Soil respiration, fine root production, and microbial biomass in cottonwood and loblolly pine plantations along a nitrogen fertilization gradient. *Forest Ecology and Management*, 2003, 185: 263-273.
- [24] Schädler M, Brandl R, Kemple A. Afterlife effects of mycorrhization on the decomposition of plant residues. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42: 521-523.
- [25] Roesti D, Ineichen K, Braissant O, Dirk R, Andres W, Michel A. Bacteria associated with spores of the arbuscular mycorrhizal fungi *Glomus geosporum* and *Glomus constrictum*. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(11): 6673-6679.
- [26] Lei C, Fitzgerald L B, Cong T, Burkey K O, Zhou L, Shew H D, Rufty T W, Hu S. Arbuscular mycorrhizal fungi increase organic carbon decomposition under elevated CO₂. *Science*, 2012, 337: 1084-1087.
- [27] Aneja M K, Sharma S, Fleischmann F, Susanne S, Werner H, Günther B, Jean C M, Michael S. Microbial colonization of beech and spruce litter-influence of decomposition site and plant litter species on the diversity of microbial community. *Microbial Ecology*, 2006, 52:127-135.
- [28] Daniel G, William R H, Rainer G J, Bernard L. Pathways of nitrogen utilization by soil microorganisms-A review. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(12): 2058-2067.
- [29] Hodge A, Fitter A H. Substantial nitrogen acquisition by arbuscular mycorrhizal fungi from organic material has implications for N cycling. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2010, 107: 13754-13759.
- [30] Hodge A, Robinson D, Fitter A H. An arbuscular mycorrhizal inoculum enhances root proliferation in, but not nitrogen capture from, nutrient-rich patches in soil. *New Phytologist*, 2000, 145: 575-584.
- [31] Moore T R, Trofymow J A, Taylor B, Prescott C, Camiré C, Duschene L, Fyles J, Kozak L, Kranabetter M, Morrison I, Siltanen M, Smith S. Litter decomposition rates in Canadian forests. *Global Change Biology*, 1999, 5(1): 75-82.
- [32] Wang J H, Lu Y T, Hui D, Shen G Q. Combined effects of cadmium and butachlor on microbial activities and community DNA in a paddy soil. *Pedosphere*, 2009, 19(5): 623-630.
- [33] Zimmermann S, Frey B. Soil respiration and microbial properties in an acid forest soil effects of wood ash. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34 (11): 1727-1737.
- [34] Yao X H, Hang M, Lü Z H, Yuan H P. Influence of acetamiprid on soil enzymatic activities and respiration. *European Journal of Soil Biology*, 2006, 42:120-126.
- [35] Bonfante P, Anca I A. Plants, mycorrhizal fungi, and bacteria: A network of interactions. *Annual Review of Microbiology*, 2009, 63: 363-383.

参考文献:

- [2] 李晓林, 冯固. 丛枝菌根生态生理. 北京: 华文出版社, 2001, 49-203.
- [11] 罗珍, 王晓锋, 朱敏, 线岩相洼, 郭涛. 接种丛枝菌根真菌对玉米秸秆降解的影响. *水土保持学报*, 2012, 26(4): 267-270.
- [12] 彭思利, 申鸿, 张宇亭, 郭涛. 不同丛枝菌根真菌侵染对土壤结构的影响. *生态学报*, 2012, 32(3): 863-870.
- [13] 鲍士旦. *土壤农化分析*. 第3版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 76-79.
- [14] 申艳, 杨慧玲, 何维明. 冬小麦生境中土壤养分对凋落物碳氮释放的影响. *植物生态学报*, 2010, 34(5): 498-504.
- [18] 关松荫. *土壤酶及其研究法*. 北京: 农业出版社, 1986, 260-353.
- [19] 郑洪元, 周礼恺, 译//哈兹耶夫著. *土壤酶活性*. 北京: 科学出版社, 1980, 24-75.
- [20] 鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*. 北京: 中国农业科技出版社, 1999: 231-233.
- [21] 李晓林, 姚青. VA 菌根与植物的矿质营养. *自然科学进展*, 2000, 10(6): 524-531.
- [22] 潘学军, 张文娥, 樊卫国, 蓬桂华, 罗国华. 自然生草和间种绿肥对盆栽柑橘土壤养分、酶活性和微生物的影响. *园艺学报*, 2010, 37(8): 1235-1240.