

分根装置中接种 AM 真菌对玉米秸秆降解及土壤微生物量碳、氮和酶活性的影响*

罗 珍 朱 敏 王晓锋 刘先良 郭 涛**

(西南大学资源环境学院 重庆 400716)

摘 要 本试验通过两室分根装置种植玉米,利用网袋法研究接种 *Glomus mosseae* 和 *Glomus etunicatum* 两种 AM 真菌对玉米秸秆降解的影响。试验分别在玉米移栽后第 20 d、30 d、40 d、50 d 和 60 d 时取样,通过测定接种 AM 真菌后玉米秸秆中碳、氮释放,土壤中 3 种常见酶活性、微生物量碳、微生物量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,与未接种根室相比,接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 真菌的菌根室玉米秸秆降解量提高了 20.75% 和 20.97%;另外,接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 加快了玉米秸秆碳素释放,降低了氮素释放,致使碳氮比降低 25.45% 和 26.17%,有利于秸秆进一步降解。在本试验条件下,接种 AM 真菌的菌根室中土壤酸性磷酸酶、蛋白酶和过氧化氢酶活性均有显著提高,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 真菌能够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 玉米秸秆 秸秆降解 土壤酶活性 微生物量碳 微生物量氮 土壤呼吸

中图分类号: S154.39 **文献标识码:** A **文章编号:** 1671-3990(2013)02-0149-08

Influence of arbuscular mycorrhizal inoculation on maize straw degradation and soil microbial biomass carbon and nitrogen, and enzyme activity in di-chamber split-root device

LUO Zhen, ZHU Min, WANG Xiao-Feng, LIU Xian-Liang, GUO Tao

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

Abstract A large number of plant residues enters into soil on a daily basis in nature. The decomposition of these residues forms the foundation of nutrient cycles, especially carbon/nitrogen cycle. Several physical, chemical and biological factors (and interactions) contribute to the degradation processes. Among biological factors, micro-organisms which act as consumers and decomposers directly accelerate degradation processes or indirectly use acids and enzymes to do so. As micro-organisms, mycorrhizas have been recognized with special importance due to their especial microhabitat requirements. Arbuscular mycorrhizal (AM) fungi can form mutualistic symbiosis with more than 80% of higher plant species. The contribution of AM to plant residue degradation processes have varied at different hierarchical levels (plant root, mycorrhizas and soil mycelium), of course with mentioning accompanying bacteria. Most experiments have been carried out in pot or single compartment device conditions, which have made it difficult to clarify different effects of mycorrhiza symbiosis on plant residue degradation. In this study, a di-compartment split-root device was used to quantitatively compare the changes in degradation processes in mycorrhizosphere and rhizosphere conditions. In the experiment, maize straw was used as representative plant residue and two different AM fungi (*Glomus mosseae* and *Glomus etunicatum*) inoculated. Samples were respectively harvested in 20 d, 30 d, 40 d, 50 d and 60 d after inoculation, analyzed for soil enzymatic activity, soil microbial biomass carbon and nitrogen, soil respiration and qCO_2 and the mechanism of how mycorrhizal inoculation accelerated maize straw degradation discussed. The results showed that by inoculation with two different AM fungi, maize straw degradation mass and coefficient in mycorrhizosphere compartment were higher than in root compartment. Mycorrhizal

* 中央高校基本科研业务费专项(XDJK2010B012)和农业部公益性行业专项(201103003)资助

** 通讯作者: 郭涛(1978—), 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为植物营养和农业微生物。E-mail: guotaosd@swu.edu.cn

罗珍(1988—), 女, 硕士, 主要研究方向为农业微生物。E-mail: luozhen813@163.com

收稿日期: 2012-07-30 接受日期: 2012-09-29

inoculation enhanced carbon degradation but limited nitrogen degradation. It also decreased carbon/nitrogen ratio which facilitated further degradation. For soil biological performance, it was noted that catalase, protease, acid phosphatase, microbial biomass carbon, nitrogen and soil respiration were more enhanced in mycorrhizosphere compartment than in root compartment. This initiated the next step of forming more active microbial community. The increased indices involved in the degradation process were the main reasons behind mycorrhizal acceleration of degradation. Different ability to accelerate maize straw degradation lied in function diversity of AM fungi. More AM fungal species and soil types were suggested for consideration in future studies.

Key words Split-root device, Maize straw, Straw decomposition, Soil enzyme activity, Microbial biomass carbon, Microbial biomass nitrogen, Soil respiration

(Received Jul. 30, 2012; accepted Sep. 29, 2012)

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 AM 真菌对植物生长、矿质养分的吸收(特别是土壤中移动性差的磷素)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,不能分解利用死亡的植物残体^[3]。但近年有研究发现 AM 真菌具有直接分解植物残体的能力^[4],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^[5]。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^[6],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,菌根能释放出多种酶和分泌物等^[7],并形成明显有别于植物根际的微生物区系^[8]。土壤微生物和酶可能直接或间接地参与植物残体的降解过程。因此,关于 AM 真菌利用植物残体的能力还有待于进一步的探讨^[9]。

本试验采用根际研究中常用的分根装置,将同一宿主植物的根系与菌根分开,一室为不接种 AM 真菌的根室(root room, R),另一室为接种 AM 真菌的菌根室(mycorrhizal room, M),研究 AM 真菌侵染后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,旨在植物生长状况相同的前提下,对该植物根系与菌根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,其基本性状为: pH 5.7、有机质 21.5 g·kg⁻¹、全氮 0.6 g·kg⁻¹、全磷 1.0 g·kg⁻¹、全钾 15.4 g·kg⁻¹、碱解氮 84.2 mg·kg⁻¹、有效磷 27.6 mg·kg⁻¹、速效钾 73.0 mg·kg⁻¹。土壤经湿热灭菌处理,

风干后备用。

供试植物:玉米(*Zea mays* L.)品种为“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 °C 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* 和 *G. etunicatum*,均来自中国农业大学资源环境学院。菌种预先经三叶草和玉米盆栽繁殖,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 °C 下烘干至恒重,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 485.6 g·kg⁻¹、全氮 8.33 g·kg⁻¹、碳氮比 58.30。

1.2 试验设计

本试验在彭思利等^[10]试验装置基础上进行改进,扩大了盛土容量。试验设置 2 个处理组:(1)接种 *G. mosseae*: 根室/菌根室;(2)接种 *G. etunicatum*: 根室/菌根室;每处理重复 15 次,共计 2×15=30 盆。每盆土重共计 3.6 kg,菌种与供试土壤按 1:10 的比例混匀装入菌根室(M),根室(R)则在供试土壤中加入等比例灭菌的菌种,以保持土壤理化性质一致。先分别加 0.30 kg 灭菌土壤置于两分室底部,在两室内相对应的外侧位置分别竖着放置一个装有玉米秸秆的尼龙网袋,然后加入与接种剂充分混合均匀的 1.2 kg 土壤,将植物根系平均分为两份置于两室中,每盆定植 2 株玉米,上面再覆盖 0.30 kg 灭菌土壤。试验过程中控制土壤含水量保持在田间持水量的 60%~70%。

分别在移栽后第 20 d、30 d、40 d、50 d、60 d 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 °C 烘干至恒重,用万分之一天平

称取尼龙网袋内剩余秸秆重量; 盆中的土壤风干后用于菌丝密度、酶活性和土壤呼吸强度等指标的测定。

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碳含量测定方法为重铬酸钾-硫酸法, 氮含量测定方法为凯氏定氮法^[11]; 碳释放量与氮释放量参照申艳等^[12]的方法计算; 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^[13]。玉米根系的菌根侵染率采用方格交叉法测定^[14]; 土壤菌丝密度按照 Abbott 等^[15]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 $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ KMnO}_4$ 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)^[16]; 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)^[17]; 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^[18]。

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及土壤菌丝密度

根系侵染率和土壤菌丝密度如表 1 所示。不接种处理宿主植物玉米根系没有观察到 AM 真菌侵染现象, 接种处理根系均被菌根真菌侵染, 并且随着时间的延长, 菌丝密度和侵染率不断增加, 植物生长到 60 d 时接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 处理的菌根侵染率分别达到 82.90%、76.79%, 菌丝密度达 $96.38 \text{ cm} \cdot \text{g}^{-1}$ 、 $91.98 \text{ cm} \cdot \text{g}^{-1}$ 。植株地上部与根系干重如表 2 所示。30 d 后, 根室的根系干重有高于菌根室根系的趋势, 但在第 60 d 时差异不显著; 接种两种 AM 真菌对菌根室中根系干重及地上部干重没有明显影响。

表 1 分根装置中接种菌根真菌的玉米根系侵染率及菌丝密度

Table 1 Inoculation rate and hyphal density of maize root inoculated by arbuscular mycorrhiza in the split root device

处理 Treatment	侵染率 Rate of inoculation (%)					菌丝密度 Hyphal density ($\text{cm} \cdot \text{g}^{-1}$)					
	玉米移栽天数 Days after transplanting maize (d)										
	20	30	40	50	60	20	30	40	50	60	
Gm	R	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	M	48.42±3.45a	57.38±1.59a	61.33±2.71a	70.34±1.61a	82.90±2.62a	14.67±2.54a	37.30±2.52a	64.95±5.04a	80.67±3.79a	96.38±3.16a
Ge	R	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND
	M	44.02±3.29a	52.50±2.91a	57.64±4.65a	66.56±1.78a	76.79±1.46b	16.55±3.16a	35.41±3.24a	54.90±1.92b	71.87±1.84b	91.98±2.63a
平均值 Average		46.22E	54.94D	59.48C	68.45B	79.84A	15.61E	36.35D	59.92C	76.27B	94.18A

同列不同小写字母表示同一取样时间不同处理在 0.05 水平差异显著, 同行不同大写字母表示不同取样时间在 0.05 水平差异显著。Gm: 接种 *G. mosseae* 处理; Ge: 接种 *G. etunicatum* 处理; R: 根室; M: 菌根室。下同。ND: 无菌根真菌。Different lowercases in the same column within the same sampling time indicate significant difference among treatments at 0.05 level. Different capital letters in the same line denote significant difference among different sampling times at 0.05 level. R: root room; M: mycorrhizal room. Gm: *G. mosseae* inoculation; Ge: *G. etunicatum* inoculation. The same below. ND: no arbuscular mycorrhiza detected.

表 2 分根装置中接种菌根真菌的玉米地上部和根系干重

Table 2 Dry weight of shoot and root of maize inoculated by arbuscular mycorrhiza in the split root device g

处理 Treatment	根系干重 Root dry weight					地上部干重 Shoot dry weight					
	玉米移栽天数 Days after transplanting maize (d)										
	20	30	40	50	60	20	30	40	50	60	
Gm	R	0.44±0.07b	0.99±0.12a	3.09±0.30a	3.59±0.20a	4.32±0.22a					
	M	0.40±0.05b	0.96±0.09a	2.36±0.13b	2.96±0.21bc	4.13±0.63a	3.68±0.19a	11.43±0.02a	30.32±1.07a	44.38±2.19a	60.67±1.59a
Ge	R	0.46±0.05b	0.96±0.11a	3.21±0.05a	3.33±0.21ab	4.20±0.21a					
	M	0.59±0.08a	1.10±0.12a	2.74±0.42ab	2.86±0.22c	3.99±0.37a	3.94±0.38a	11.45±0.26a	30.86±0.87a	42.87±2.69a	59.44±2.59a
平均值 Average		0.53E	1.03D	2.97C	3.10B	4.10A	3.81E	11.44D	30.59C	43.63B	60.06A

2.2 接种 AM 真菌对玉米秸秆降解的影响

如表 3 所示, 各处理玉米秸秆降解量随着培养时间的增加而增加($P<0.001$)。同一接种处理下, 相同取样时间的玉米秸秆降解量在根室与菌根室之间存在显著差异($P<0.001$), 表现为: 菌根室>根室, 即同一宿主植物条件下, 菌根系与根系土壤环境相比, 对玉米秸秆的降解有明显优势。60 d 时, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 处理的菌根室较相应不接种的根室玉米秸秆降解量分别提高 20.75% 和 20.97%, 可见, 接种这两个菌种都能促进玉米秸秆的降解。

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^[13]。由图 1 可以看出, 各处理秸秆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, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 处理的菌根室秸秆降解系数均高于相应不接种的根室; 植物生长 60 d 后, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室的秸秆降解系数比相应根室分别高 30.57% 和 31.27%。说明接种 AM 真菌能加快玉米秸秆的降解速度, 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。

2.3 接种 AM 真菌对玉米秸秆碳、氮释放量及碳氮比的影响

如表 4 所示, 各处理玉米秸秆中碳素随时间延长表现为净释放特性, 即碳释放量不断增加; 60 d 时, 各处理碳释放量累计占初始量的 47.52%~55.70%, 以接种 *G. etunicatum* 处理为最高; 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室碳释放量均显著高于不接种的根室, 60 d 时达到 11.49% 和 17.08%。在 60 d 培养过程中各处理氮释放量占初始量的 37.99%~54.37%。根室与菌根室玉米秸秆降解过程中氮素释放规律表现不一, 不接种的根室氮释放量表现为随时间累计增加, 而接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室 40 d 后则表现为累计减少, 到 60 d 时, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室与相应根室氮释放量相差 46.27% 和 35.63%。由此可见, 接种

AM 真菌对玉米秸秆中碳、氮释放有很大影响, 尤其是氮。

玉米秸秆中碳素与氮素释放量的不同必然引起碳氮比的变化。图 2 反映了玉米秸秆降解过程中碳氮比的变化动态。可以看出, 整个降解过程中, 玉米秸秆碳氮比为根室>菌根室。根室中玉米秸秆碳氮比随时间延长非但没有下降反而有所增加; 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室中玉米秸秆碳氮比逐渐降低, 与其初始值相比, 60 d 时降幅达 25.45% 和 26.17%。

2.4 接种 AM 真菌对土壤中酶活性的影响

图 3 显示了接种 AM 真菌对土壤中酸性磷酸酶、蛋白酶和过氧化氢酶活性的影响。首先, AM 真菌菌丝能通过与细菌的协同作用来提高磷酸酶活性^[19], 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 3a 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降低的趋势, 以 40 d 时为最高; 同时, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室酶活性均显著高于相应的根室处理。

蛋白酶是水解酶类的一种, 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 3b 所示, 蛋白酶活性总体表现为先下降后上升的趋势, 在 50 d 时均有一定程度下降; 但接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室蛋白酶活性均显著高于根室。

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^[20]。由图 3c 可以看出, 两接种处理的菌根室过氧化氢酶活性变化较为相似, 并明显高于相应未接种的根室。

综上所述, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室相对于根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, 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。

表 3 接种 AM 真菌对玉米秸秆降解量的影响

Table 3 Effect of AM fungi inoculation on degradation mass of maize straw

g

处理 Treatment	玉米移栽天数 Days after transplanting maize (d)					
	20	30	40	50	60	
Gm	R	0.743 3±0.010 3b	0.777 5±0.005 6b	0.856 5±0.004 3b	0.863 3±0.007 3b	0.875 4±0.002 3b
	M	0.821 7±0.012 9a	0.901 3±0.015 6a	0.944 1±0.007 2a	1.030 3±0.006 4a	1.057 0±0.006 9a
Ge	R	0.664 6±0.006 1c	0.765 3±0.011 3b	0.827 7±0.002 6c	0.855 1±0.005 9b	0.885 0±0.012 2b
	M	0.805 9±0.010 4aE	0.905 7±0.003 9aD	0.949 7±0.009 8aC	1.032 0±0.002 8aB	1.070 6±0.005 8aA

表 4 接种 AM 真菌对玉米秸秆碳、氮释放量的影响
Table 4 Effect of AM fungi inoculation on C, N release of maize straw

处理 Treatment	玉米移栽天数 Days after transplanting maize (d)						
	20	30	40	50	60		
碳释放量 C release (g)	Gm	R	0.362±0.005b	0.379±0.002c	0.424±0.015b	0.434±0.014b	0.462±0.018c
		M	0.398±0.007a	0.450±0.007a	0.487±0.003a	0.519±0.019a	0.515±0.007b
	Ge	R	0.348±0.003b	0.393±0.003b	0.431±0.001b	0.448±0.014b	0.463±0.009c
		M	0.413±0.014aE	0.448±0.009aD	0.488±0.012aC	0.521±0.007aB	0.542±0.002aA
氮释放量 N release (mg)	Gm	R	6.36±0.08a	8.13±0.11a	8.34±0.08a	8.35±0.04a	9.01±0.01a
		M	6.32±0.12a	6.53±0.18c	6.33±0.08d	6.43±0.06c	6.16±0.11c
	Ge	R	6.23±0.06a	8.01±0.06a	8.17±0.05b	8.28±0.07a	9.06±0.08a
		M	6.39±0.05aC	6.85±0.08bB	6.90±0.09cB	6.70±0.02bB	6.68±0.07bA

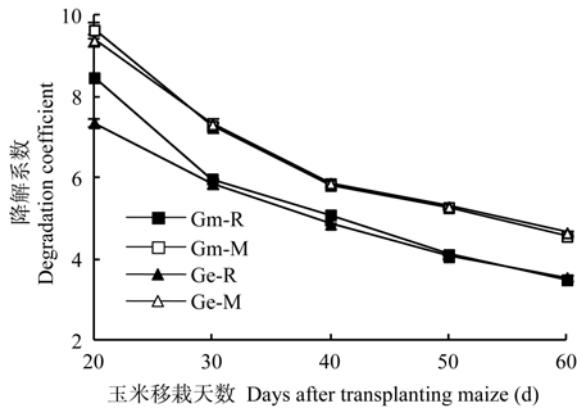


图 1 接种 AM 真菌对玉米秸秆降解系数的影响
Fig. 1 Effect of AM fungi inoculation on degradation coefficient of maize straw

Gm-R 和 Ge-R 分别表示接种灭活 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的根室, Gm-M 和 Ge-M 分别表示接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室, 下同。Gm-R and Ge-R show the root room inoculated with inactive *G. mosseae* and *G. etunicatum*, respectively. Gm-M and Ge-M show the mycorrhizal room inoculated with *G. mosseae* and *G. etunicatum*, respectively.

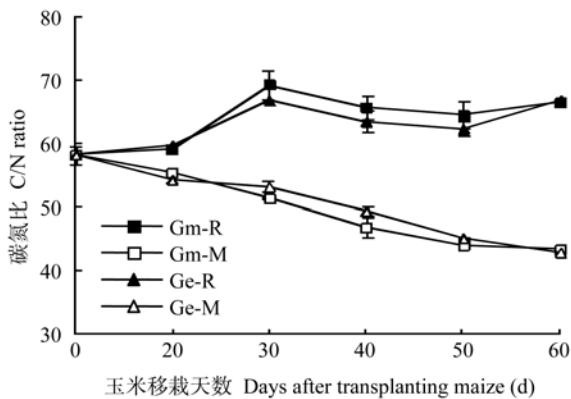


图 2 接种 AM 真菌对玉米秸秆碳氮比的影响
Fig. 2 Effect of AM fungi inoculation on C/N ratio of maize straw

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

由表 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。各处理微生物量碳均呈先

升后降趋势, 50 d 时接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室达到最高, 较相应根室分别高出 69.96% 和 48.32%。整个降解过程中, 接种 AM 真菌的菌根室微生物量碳均显著高于不接种的根室。微生物量氮也是如此, 以 60 d 时接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室最高, 较相应根室分别高 58.48% 和 63.74%。

2.6 接种 AM 真菌玉米秸秆降解过程中土壤呼吸作用及呼吸熵的动态变化

土壤呼吸(soil respiration)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^[21]。表 6 表明, 同一取样时间下, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室土壤呼吸均显著高于相应不接种的根室。因此可以认为, 接种 AM 真菌相对提高了土壤中微生物的活性。对土壤呼吸熵(respiration quotient, qCO_2)而言, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室在 40 d 后显著低于相应不接种的根室。

3 讨论

本试验采用两室分根装置, 利用网袋法研究了接种两种 AM 真菌 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 后对玉米秸秆降解的影响。在同一宿主植物的前提下, 通过测定土壤酶活性、微生物量碳、微生物量氮和土壤呼吸及呼吸熵的变化动态, 明确 AM 真菌促进玉米秸秆降解的可能原因。

结果表明, 接种 *G. mosseae* 和 *G. etunicatum* 的菌根室与相应不接种根室相比, 显著促进了玉米秸秆的降解。Schädler 等^[22]也认为 AM 真菌侵染后, 会引起植物残体降解速率发生变化。在本文为期 60 d 的试验过程中, 菌根室相比根室玉米秸秆的降解速度有明显提高, 从而引起最终降解量增加。

在此过程中, 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

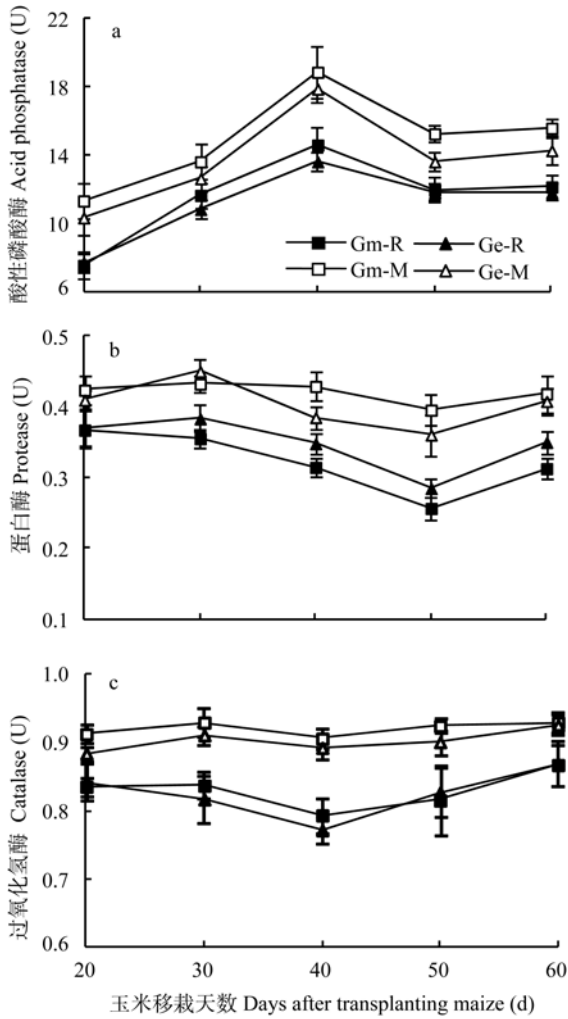


图 3 分根装置中接种 AM 真菌对土壤酶活性的影响
Fig. 3 Effect of AM fungi inoculation on soil enzymatic activity in the split root device

物残体中的碳素^[4], 但菌根际特有的多种伴生菌群的存在^[23], 大大增加了碳水化合物的消耗, 因此, 在同一时期, 菌根室碳释放量显著高于根室, 且表现为净释放特性。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氮循环起作用^[24], 使植物残体的氮矿化速率平均增加 228%^[5], 并从中

获取氮素^[4], 值得注意的是获取的氮素仅有 3% 供给宿主植物, 大部分仍存在共生体的真菌结构中, 而菌丝的氮含量可高达 5%^[25], 加之 AM 真菌具有在有机质斑块中富集生长的特性^[26], 随着时间的延长, 大量根外菌丝不断在尼龙网袋内积累, 这可能是引起菌根室后期氮释放量显著低于根室的重要原因。

秸秆中碳素与氮素不同程度释放, 进而影响了秸秆碳氮比的变化。一般认为, 较低的碳氮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^[27]。虽然试验中各处理玉米秸秆碳氮比均高于 30, 但随着降解的进行, 接种 AM 真菌的菌根室显著降低了玉米秸秆碳氮比, 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^[28-29]。Atul-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不接种根室均有显著提高。作为土壤中生化反应的调控者, 土壤酶在土壤氮素循环和有机质的形成中扮演着重要角色^[30], 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, 接种 AM 真菌后还导致土壤微生物量、区系组成以及代谢过程改变^[8], 使得主要由土壤微生物产生的土壤酶的数量和活性发生变化。菌根室微生物量碳、微生物量氮和土壤呼吸相对于根室均明显增加。土壤呼吸熵, 又称微生物代谢熵(qCO_2), 能够反映土壤微生物种群利用土壤有机成分的效率, 还可以同时表示微生物量的大小和活性^[31]。 qCO_2 值越低表明微生物碳利用效率

表 5 分根装置中接种 AM 真菌对土壤微生物量碳、氮的影响

Table 5 Effect of AM fungi inoculation on soil microbial biomass carbon and nitrogen in the split root device $mg \cdot kg^{-1}$

处理 Treatment	微生物量碳 Microbial biomass carbon					微生物量氮 Microbial biomass nitrogen				
	玉米移栽天数 Days after transplanting maize (d)									
	20	30	40	50	60	20	30	40	50	60
Gm R	88.64±3.00b	90.41±3.20c	112.59±4.58d	112.30±2.99c	98.65±6.94b	7.96±0.97c	12.64±2.33c	23.32±2.47b	35.05±4.00b	39.81±1.98b
Gm M	123.34±10.61a	114.11±5.44b	149.52±1.70b	190.87±3.19a	161.17±5.80a	16.35±1.93b	24.78±1.59b	43.14±4.87a	57.73±6.61a	63.09±7.08a
Ge R	77.70±6.08b	89.12±7.37c	123.47±6.12c	134.40±5.99b	94.76±4.57b	9.19±1.84c	14.72±2.71c	25.72±5.50b	41.94±2.35b	40.57±2.92b
Ge M	122.99±12.18a	127.21±4.93a	176.25±4.29a	199.34±7.30a	161.26±7.19a	24.88±1.67a	32.84±2.52a	50.43±3.67a	63.88±1.40a	66.43±4.44a
平均值 Average	103.17D	105.21D	140.46B	159.23A	128.96C	14.59D	21.24C	35.65B	49.65A	52.47A

表 6 分根装置中接种 AM 真菌对土壤呼吸及呼吸熵的影响
Table 6 Effect of AM fungi inoculation on soil respiration and respiration quotient (qCO_2) in the split root device

处理 Treatment	土壤呼吸 Soil respiration [$mg(C) \cdot kg^{-1} \cdot h^{-1}$]					呼吸熵 Respiration quotient (h^{-1})				
	玉米移栽天数 Days after transplanting maize (d)									
	20	30	40	50	60	20	30	40	50	60
Gm R	11.07±0.31c	11.81±1.05c	12.77±1.27b	9.71±1.08b	11.14±0.20b	0.125±0.001b	0.131±0.009a	0.114±0.016a	0.087±0.012a	0.113±0.006a
M	14.67±0.72a	15.55±0.12a	15.96±0.31a	13.51±0.94a	12.63±1.50ab	0.120±0.012b	0.136±0.007a	0.107±0.001a	0.071±0.005b	0.078±0.010b
Ge R	11.95±0.89c	11.41±0.62c	12.83±1.58b	9.85±0.47b	11.88±0.12ab	0.154±0.016a	0.129±0.016ab	0.104±0.017a	0.073±0.007ab	0.126±0.007a
M	13.44±0.24b	13.99±0.61b	15.82±0.73a	12.90±1.39a	13.44±1.00a	0.110±0.009b	0.110±0.005b	0.090±0.006a	0.065±0.005b	0.083±0.006b
平均值 Average	12.78BC	13.19B	14.34A	11.49D	12.27C	0.127A	0.126A	0.104B	0.074C	0.100B

就越高^[32]。这些数据证实菌根室中的微生物量大小和活性相对根室均有提高, 进而对玉米秸秆的降解产生影响。

在此试验条件下, 不同的菌种虽然在秸秆降解量上未表现出差异性, 但接种 *G. mosseae* 对降低玉米秸秆碳氮比, 提高土壤酶活性优于 *G. etunicatum*, 接种 *G. etunicatum* 对提高微生物量碳、微生物量氮的效果较好。因此, 在将 AM 真菌应用于实践时, 有必要筛选更为有效的菌种, 以获得更高的作用。

本研究发现 AM 真菌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。在本试验条件下, 接种 AM 真菌提高了土壤中酸性磷酸酶、蛋白酶和过氧化氢酶活性, 并形成活跃的微生物区系。另外, 土壤中微生物与酶都反映出直接或间接地参与了玉米秸秆的降解过程。由此可以推断, AM 真菌和宿主植物形成共生体系后, 通过提高土壤酶活性、增加微生物量的大小和活性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。

参考文献

- [1] Smith S E, Read D J. Mycorrhizal symbiosis[M]. 3rd ed. London: Academic Press, 2008: 79–123
- [2] 李晓林, 冯固. 丛枝菌根生态生理[M]. 北京: 华文出版社, 2001: 49–203
Li X L, Feng G. Arbuscular mycorrhizal ecology and physiology[M]. Beijing: Huawen Press, 2001: 49–203
- [3] Sawers R J H, Gutjahr C, Paszkowski U. Cereal mycorrhiza: An ancient symbiosis in modern agriculture[J]. Trends in Plant Science, 2008, 13(2): 93–97
- [4] Hodge A, Campbell C D, Fitter A H. An arbuscular mycorrhizal fungus accelerates decomposition and acquires nitrogen directly from organic material[J]. Nature, 2001, 413(6853): 297–299
- [5] Atul-Nayyar A, Hamel C, Hanson K, et al. The arbuscular mycorrhizal symbiosis links N mineralization to plant de-
- mand[J]. Mycorrhiza, 2009, 19(4): 239–246
- [6] Berg B, McClaugherty C. Plant litter: Decomposition, humus formation, carbon sequestration[M]. 2nd ed. Heidelberg: Springer, 2008: 27–53
- [7] Lerat S, Lapointe L, Gutjahr S, et al. Carbon partitioning in a split-root system of arbuscular mycorrhizal plants is fungal and plant species dependent[J]. New Phytologist, 2003, 157(3): 589–595
- [8] Bomberg M, Jurgens G, Saano A, et al. Nested PCR detection of archaea in defined compartments of pine mycorrhizospheres developed in boreal forest humus microcosms[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, 43(2): 163–171
- [9] 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[J]. Functional Ecology, 2008, 22(6): 955–963
- [10] 彭思利, 申鸿, 袁俊吉, 等. 丛枝菌根真菌对中性紫色土土壤团聚体特征的影响[J]. 生态学报, 2011, 31(2): 498–505
Peng S L, Shen H, Yuan J J, et al. Compare different effect of arbuscular mycorrhizal colonization on soil structure[J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, 31(2): 498–505
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 76–79
Bao S D. Soil agrochemical analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 76–79
- [12] 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[J]. 植物生态学报, 2010, 34(5): 498–504
Shen Y, Yang H L, He W M. Nutrient availability in habitats affects carbon and nitrogen releases of litter in winter wheat[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2010, 34(5): 498–504
- [13] Olson J S. Energy storage and the balance of producers and decomposers in ecological systems[J]. Ecology, 1963, 44(2): 322–332
- [14] Giovannetti M, Mosse B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots[J]. New Phytologist, 1980, 84(3): 489–500
- [15] 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*[J]. *New Phytologist*, 1984, 97(3): 437–446
- [16] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 260–353
Guan S Y. Soil enzymes and study method[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986: 260–353
- [17] 哈兹耶夫. 土壤酶活性[M]. 郑洪元, 周礼恺, 译. 北京: 科学出版社, 1980: 24–75
Hatz Jef. Soil enzymes activities[M]. Zheng H Y, Zhou L K, Trans. Beijing: Science Press, 1980: 24–75
- [18] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 231–233
Lu R K. Analytical method of soil agrochemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 231–233
- [19] 李晓林, 姚青. VA 菌根与植物的矿质营养[J]. *自然科学进展*, 2000, 10(6): 524–531
Li X L, Yao Q. VA-mycorrhizal and minerl nutrition of plant[J]. *Progress in Natural Science*, 2000, 10(6): 524–531
- [20] 潘学军, 张文娥, 樊卫国, 等. 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[J]. *园艺学报*, 2010, 37(8): 1235–1240
Pan X J, Zhang W E, Fan W G, et al. Effects of sod culture and intercropping green manure on the soil nutrient, enzyme activities and microorganisms in bonsai citrus[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2010, 37(8): 1235–1240
- [21] Lee K H, Jose S. Soil respiration, fine root production, and microbial biomass in cottonwood and loblolly pine plantations along a nitrogen fertilization gradient[J]. *Forest Ecology and Management*, 2003, 185(3): 263–273
- [22] Schädler M, Brandl R, Kemple A. “Afterlife” effects of mycorrhization on the decomposition of plant residues[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, 42(3): 521–523
- [23] Roesti D, Ineichen K, Braissant O, et al. Bacteria associated with spores of the arbuscular mycorrhizal fungi *Glomus geosporum* and *Glomus constrictum*[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, 71(11): 6673–6679
- [24] Aneja M K, Sharma S, Fleischmann F, et al. Microbial colonization of beech and spruce litter-influence of decomposition site and plant litter species on the diversity of microbial community[J]. *Microbial Ecology*, 2006, 52(1): 127–135
- [25] Hodge A, Fitter A H. Substantial nitrogen acquisition by arbuscular mycorrhizal fungi from organic material has implications for N cycling[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2010, 107(31): 13754–13759
- [26] 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[J]. *New Phytologist*, 2000, 145(3): 575–584
- [27] Moore T R, Trofymow J A, Taylor B, et al. Litter decomposition rates in Canadian forests[J]. *Global Change Biology*, 1999, 5(1): 75–82
- [28] Wang J H, Ding H, Lu Y T, et al. Combined effects of cadmium and butachlor on microbial activities and community DNA in a paddy soil[J]. *Pedosphere*, 2009, 19(5): 623–630
- [29] Zimmermann S, Frey B. Soil respiration and microbial properties in an acid forest soil effects of wood ash[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34 (11): 1727–1737
- [30] Yao X H, Hang M, Lü Z H, et al. Influence of acetamiprid on soil enzymatic activities and respiration[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2006, 42(2): 120–126
- [31] Anderson T H, Domsch K H. Application of eco-physiological quotients ($q\text{CO}_2$ and qD) on microbial biomasses from soils of different cropping histories[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1990, 22(2): 251–255
- [32] Dilly O, Munch J C. Microbial biomass content, basal respiration and enzyme activities during the course of decomposition of leaf litter in a Black Alder (*Alnus glutinosa* (L.) Gaertn.) forest[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28(8): 1073–1081