

贾艳艳, 顾大路, 杨文飞, 等. 丛枝菌根真菌对还田麦秆分解及玉米生物量的影响[J]. 江苏农业学报, 2019, 35(3): 612-617.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2019.03.015

丛枝菌根真菌对还田麦秆分解及玉米生物量的影响

贾艳艳, 顾大路, 杨文飞, 吴传万, 孙爱侠, 诸俊, 王伟中, 杜小凤
(江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所, 江苏 淮安 223001)

摘要: 通过盆栽试验探索接种丛枝菌根真菌摩西管柄囊霉(*Funneliformis mosseae*)对麦秆分解速率、土壤微生物量、分解酶活性和玉米生物量的影响。结果表明, 培养 90 d, *F. mosseae* 能与玉米根系形成共生系统, 定殖率超过 63%, 秸秆还田同时接种 *F. mosseae* 菌剂显著提高了玉米根系干物质质量。与单独秸秆还田(对照)相比, 接种 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理显著促进了麦秆的分解。培养 90 d, 接种 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理的土壤微生物量以及与碳、氮、磷元素矿化相关的土壤纤维素酶活性、土壤蛋白酶活性和土壤碱性磷酸酶活性均显著高于对照。说明, 接种 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理可以通过提高土壤微生物量和分解酶的活性, 直接或间接地影响小麦秸秆的矿化过程, 正向调节农田土壤生态系统有机质的养分循环。

关键词: 丛枝菌根真菌; 秸秆分解; 土壤酶活性; 土壤微生物量

中图分类号: S154.36 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2019)03-0612-06

Effects of arbuscular mycorrhizal fungi colonization on wheat-straw decomposition and maize biomass

JIA Yan-yan, GU Da-lu, YANG Wen-fei, WU Chuan-wan, SUN Ai-xia, ZHU jun, WANG Wei-zhong, DU Xiao-feng

(Huaiyin Institute of Agricultural Sciences of the Xuhuai District of Jiangsu Province, Huai'an 223001, China)

Abstract: The effects of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi (*Funneliformis mosseae*) colonization on the decomposition rate of wheat straw, soil microbial biomass, soil enzyme activities and maize biomass were conducted in a pot experiment. Results showed that after 90 days incubation, *F. mosseae* could form symbiotic system with maize roots, and the colonization percentage was over 63%. Wheat straw returning to field and inoculating with *F. mosseae* significantly increased root biomass of maize. The inoculation of *F. mosseae* significantly promoted the decomposition rate of wheat straw. After 90 days of culture, soil microbial biomass and the enzyme activities involved in soil carbon, nitrogen and phosphorus mineralization (cellulase, protease and alkaline phosphatase) under *F. mosseae* colonization treatments were significantly higher than those in the control. These results reflected that wheat straw returning to the field and inoculating AM fungi could directly or indirectly participate in the mineralization of wheat straw by increasing soil microbial biomass and soil enzyme activities, which could positively regulate the release of organic matter in farmland soil ecosystem.

Key words: arbuscular mycorrhizal fungi; straw decomposition; soil enzyme activities; soil microbial biomass

收稿日期: 2018-10-23

基金项目: 江苏省环洪泽湖生态农业生物技术重点实验室自主研发项目(17HZHL007); 淮安市农业科学院院长科研基金项目(HNY201601、HAB201720)

作者简介: 贾艳艳(1986-), 女, 山东聊城人, 博士, 助理研究员, 主要从事土壤养分循环与作物生理研究。(E-mail) yyjia667@163.com

通讯作者: 杜小凤, (E-mail) 15061234456@163.com

作物秸秆是农作物的主要副产品, 含有丰富的有机资源。近年来随着栽培水平的不断提高, 秸秆量也不断增大, 秸秆就地还田是秸秆绿色处理, 维持农业可持续发展的重要手段^[1-4]。越来越多的秸秆

在农田土壤中被分解,作物秸秆的分解主要是在土壤微生物及其分泌的各种酶系统作用下,通过将复杂的有机化合物分解为简单的小分子来完成的^[5-8]。土壤的生化过程受控于酶的催化活性,因此土壤微生物分解酶的活性决定着秸秆在土壤中的分解状态和最终的还田培肥效果。

丛枝菌根 (Arbuscular mycorrhizal, AM) 真菌是土壤微生物区系中分布最广泛的一类真菌,能与80%的陆生植物形成共生体,这种共生体的互利性是通过双向营养交换来体现的,即植物通过光合作用为菌根真菌提供碳水化合物,而菌根真菌通过其强大的外部菌丝系统提高植物对土壤矿质营养元素的吸收,增强植物对外界不良环境的抵抗能力^[9]。自 Hodge 等^[10]报道 AM 真菌可加速有机物分解后,AM 真菌对凋落物分解的积极作用日益受到重视。Cheng 等^[11]发现,增加二氧化碳浓度后,AM 真菌能够通过促进作物光合产物的释放来调控分解系统,推测 AM 真菌与分解系统之间存在供求关系。采用分根装置对 AM 真菌与凋落物的分解关系进行研究,证明接种 AM 真菌能够通过提高土壤酶活性,增加作用于玉米秸秆^[12-13]和蚕豆秸秆^[14]的微生物量和活性,加快秸秆的分解。在中等土壤养分环境中,AM 真菌通过增大菌丝密度和硝酸还原酶的活性显著促进栓皮栎凋落叶的分解^[15]。

小麦是全球主要粮食作物之一,还田麦秆的分解对整个农田土壤的养分具有主导和支配作用。明确接种 AM 真菌对农田麦秆分解过程的影响,对深入理解 AM 真菌在农田土壤养分循环系统中的作用有重要意义。到目前为止,在小麦-玉米轮作农田土壤生态系统中,AM 真菌对还田麦秆分解过程的影响还缺少深入研究。本研究拟以盆栽玉米作为宿主植物,研究接种 AM 真菌对还田麦秆分解的影响,并通过测定玉米生物量、麦秆分解速率和分解酶活性的变化情况,解析 AM 真菌对麦秆分解的作用机理及对宿主生物量的影响,以期为 AM 真菌对还田麦秆的有效分解和元素转化机制研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

盆栽用土采集于江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所科研创新基地麦田(119°3'57"E, 33°52'89"N)。土壤类型为沙壤土,肥力一般,pH 值为 7.65。土壤

(0~20 cm) 有机质含量 22.84 g/kg,全氮 1.26 g/kg,速效磷 26.27 mg/kg,速效钾 85.35 mg/kg。采集的土壤风干后过 2 mm 筛,在 121 °C 下湿热灭菌 2 h,备用。

供试玉米品种为苏玉 30 号。播种期为 6 月初,种子采用 10% H₂O₂ 表面消毒 10 min,用去离子水反复清洗数遍,沥干水分备用。供试秸秆为新鲜收获的淮麦 30 号地上部分麦秆,统一切割长度为(10±2) cm,室内 60 °C 烘干后备用。试验所用菌种为广适菌种摩西管柄囊霉 (*Funneliformis mosseae*),购自北京市农林科学院丛枝菌根真菌种质资源库。菌种预先经高粱盆栽繁殖,接种菌剂含有扩繁后产生的相应基质、AM 真菌孢子、根外菌丝和植物根段,1 g 菌剂含有 10~20 个孢子。

1.2 试验设计

本试验采用室内盆栽法,设 5 个处理,分别为:盆栽玉米时接种灭活 *F. mosseae* 菌剂处理(M),盆栽玉米时接种 *F. mosseae* 菌剂(MG),盆栽玉米时接种灭活 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理(MS),盆栽玉米时接种 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理(MGS)以及单独秸秆还田对照(S),每个处理设 3 个重复。所用塑料盆大小为 20 cm×20 cm(口径×高),每盆放置 4 kg 灭菌土(含 400 g 接种菌剂)。盆栽中秸秆还田量参考已报道的小麦草谷比,以中量级 7 500 kg/hm² 在盆深 15 cm 土层处以网袋法直接还田^[16]。各盆土壤放置麦秆后,在盆深 10 cm 处进行菌剂接种处理。玉米种子以 1 盆 3 粒进行播种。出苗后定苗 1 株,并每隔 5 d 浇灌 1 次,1 盆浇灌霍格兰氏营养液 100 ml。所有盆栽置于人工气候室中随机排列,生长期间控制土壤含水量保持在田间最大持水量的 60%~70%,室温维持在 25~30 °C,光照时间为 10 h/d。

1.3 测定项目与方法

丛枝菌根真菌定殖率采用脱色-酸性品红染色法^[17]测定。在成熟期进行测定,每个处理取 100 个 0.5~1.0 cm 长的根段,在载玻片上染色固定,并进行镜检观察,记录染色结果。玉米生物量和秸秆剩余量采用称质量法测定,最后一次取样时取出盆中玉米的根系部分和麦秆网袋,小心去除表面土壤,65 °C 烘干至恒质量后称量计算。

土壤微生物量的测定采用底物诱导呼吸法^[18]。将 1.0 g 新鲜土样加入 100 ml 的西林瓶中,加入 1

ml 0.01 g/ml 的葡萄糖溶液,在通风处敞口放置 30 min,测定瓶内 CO_2 体积分数,封口 25 °C 培养 1 h 后,再测一次 CO_2 体积分数,计算 2 次测量结果的差值。土壤微生物量单位定义为 1 g 土样 1 h 内分解 0.01 g 葡萄糖所产生的 CO_2 量。土壤分解酶活性的测定按照周礼恺等^[19]的方法,土壤纤维素酶单位酶活性(IU)定义为 1 g 土样 1 min 分解产生 1 mg 葡萄糖所需的酶量,土壤脲酶 IU 定义为 1 g 土样 1 h 分解产生 1 mg 氨基氮所需的酶量,土壤蛋白酶 IU 定义为 1 g 土样 1 h 分解生成 1 μg 酪氨酸所需的酶量,土壤碱性磷酸酶 IU 定义为 1 g 土样 1 h 分解产生 1 mg P_2O_5 所需的酶量。

室内试验在江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所中心实验室进行,所用溶液和化学试剂均为国药分纯。

1.4 数据处理

90 d 后的分解速率根据 Olson^[20] 的方法计算,计算公式为:

$$k = -\ln(x_t/x_0)/t$$

k 为麦秆分解系数, x_0 为麦秆的初始质量, t 为分解时间, x_t 为 t 个月凋落物的剩余量。

根据玉米生物量计算 AM 真菌对玉米各部分菌根效应的贡献情况,计算公式:菌根效应=(菌根植物某部分干物质质量-相应非菌根植物某部分干物质质量)/菌根植物某部分干物质质量 $\times 100\%$ 。

试验数据用 SPASS 19.0 软件进行显著性分析,采用双因素方差法分析比较接种 AM 真菌和秸秆还田对土壤微生物量、土壤分解酶活性和玉米生物量的影响。

2 结果与分析

2.1 玉米菌根定殖率

菌根定殖率反映了菌根真菌与玉米之间的亲和力,是菌株在土壤中与宿主共生生长状况的重要指示参数。M 处理和 MS 处理的玉米根系中未检测出菌根真菌,菌根定殖率为 0, MG 处理和 MGS 处理的根际菌根定殖率分别为 64.14% 和 63.32%,二者间差异不显著(表 1)。说明在当地土壤环境中 *F. mosseae* 成功与苏玉 30 号玉米形成菌根共生体。

2.2 接种 AM 真菌对还田麦秆分解速率的影响

分解系数是衡量分解速率的一个指标,分解系数越大其分解速度就越快。表 1 显示,经过 90 d 的

盆栽分解试验,MS 和 MGS 处理中小麦秸秆的分解系数均高于 S 对照,其中 MGS 处理显著促进麦秆的分解,与 S 对照相比,分解系数的增幅为 7.23%。MS 处理下的麦秆分解系数为 0.085,虽然高于 S 对照的 0.083,但无显著差异。说明,接种丛枝菌根真菌能加快小麦秸秆的分解,提高麦秆中元素的矿化速率。

表 1 盆栽 90 d 后各处理下玉米菌根定殖率、麦秆分解系数和土壤微生物量

Table 1 Colonization rate of mycorrhizal fungi, decomposition coefficient of wheat straw and soil microbial biomass under different treatments after 90 days of potting

处理	菌根定殖率 (%)	麦秆分解系数	土壤微生物量 [$\mu\text{g}/(\text{h} \cdot \text{g})$]
M	0		49.21b
MS	0	0.085b	49.39b
MG	64.14a		52.07ab
MGS	63.32a	0.089a	53.67a
S		0.083b	48.85bc

同列数据后不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。M: 盆栽玉米时接种灭活 *F. mosseae* 菌剂处理;MG: 盆栽玉米时接种 *F. mosseae* 菌剂;MS: 盆栽玉米时接种灭活 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理;MGS: 盆栽玉米时接种 *F. mosseae* 菌剂并进行秸秆还田处理;S: 单独秸秆还田对照。

2.3 接种 AM 真菌对土壤微生物量和分解酶活性的影响

2.3.1 土壤微生物量 土壤微生物量是评价土壤基质中碳稳定性的重要指标。表 1 显示, S 对照中土壤微生物量最低,与 M 处理、MS 处理、MG 处理相比无显著差异。与 MS 处理相比, MGS 处理下土壤微生物量显著增加 ($P < 0.05$)。双因素方差分析结果(表 2)表明,单独接种 AM 真菌以及接种 AM 真菌与秸秆还田二者的交互作用均显著影响土壤微生物量。

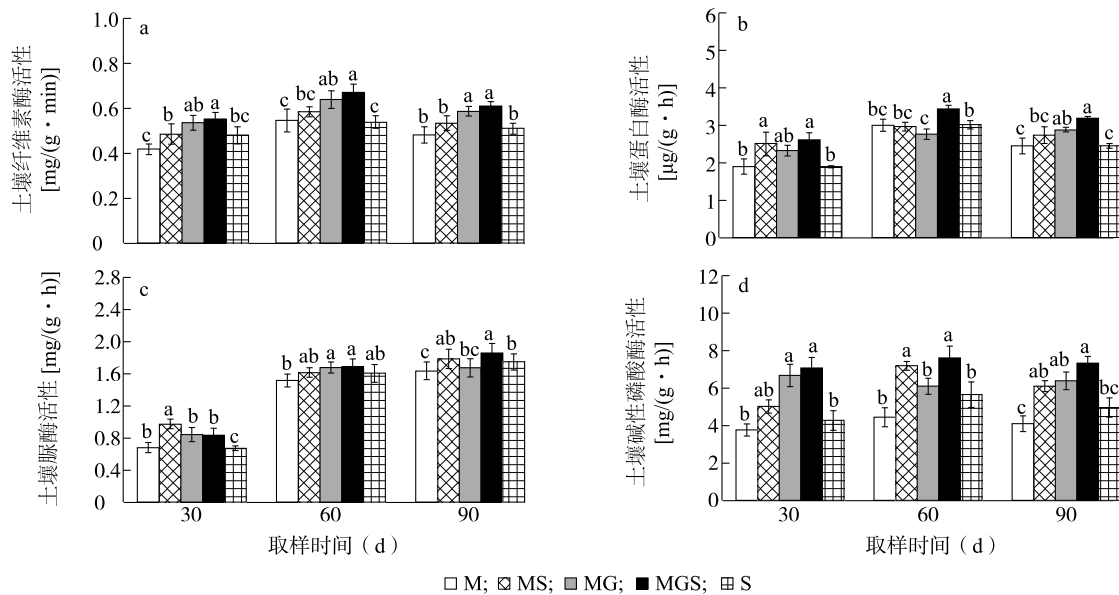
2.3.2 土壤分解酶活性 图 1 显示,经过 90 d 的分解试验,与 M 处理、MS 处理和 S 处理相比, MG 处理和 MGS 处理下与碳分解相关的土壤纤维素酶活性、与氮分解相关的土壤蛋白酶活性以及与磷转化相关的土壤碱性磷酸酶活性较高。在整个试验过程中,土壤纤维素酶活性在 MG 处理和 MGS 处理下均高于其他处理,在第 90 d 表现出显著差异。培养 90 d 的双因素方差分析结果(表 2)也表明,单独接种 AM 真菌以及秸秆还田和接种 AM 真菌二者的交互作用均对土壤纤维素酶活性有显著影响。

表 2 培养 90 d 接种 AM 真菌和秸秆还田对土壤微生物量、土壤分解酶活性和玉米生物量影响的双因素方差分析结果

Table 2 Two-way analysis of variance of the effects of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi and wheat-straw on soil microbial biomass, soil enzyme activities and dry matter accumulation of maize after 90 days of culture

处 理	F 值						
	土壤微生物量	土壤纤维素酶活性	土壤蛋白酶活性	土壤脲酶活性	土壤碱性磷酸酶活性	玉米地上部干物质质量	玉米根系干物质质量
接种 AM 真菌	5.570 *	6.931 *	6.249 *	0.063	24.364 **	6.910 *	29.580 **
秸秆还田	0.346	2.588	5.067	4.123 *	22.780 **	1.550	8.150 *
接种 AM 真菌×秸秆还田	0.220 *	0.908 *	0.182 *	0.226 *	1.512 *	0.257	16.310 **

* 表示处理对指标影响显著 ($P < 0.05$); ** 表示处理对指标影响极显著 ($P < 0.01$)。AM: 丛枝菌根。



M、MG、MS、MGS、S 见表 1 注。图中不同小写字母表示同一取样时间下不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

图 1 秸秆还田和接种 AM 真菌处理下土壤分解酶活性变化情况

Fig.1 Changes of soil enzyme activities under the treatment of wheat straw returning and inoculation with AM fungi

土壤蛋白酶和脲酶直接参与土壤含氮有机化合物的转化,其活性强度常用来表征土壤氮素供应强度。图 1 显示,MGS 处理下的土壤蛋白酶活性最强,显著高于 S 对照。在 30 d 取样时,MS 处理土壤脲酶活性最高,随着培养时间的增加,MGS 处理脲酶的活性逐渐升高,在第 90 d 取样时,MGS 处理脲酶活性最高。双因素方差分析结果(表 2)显示,秸秆还田和接种 AM 真菌的交互作用会显著影响土壤蛋白酶和脲酶的活性,而且在第 90 d 取样时,MGS 处理下的土壤蛋白酶和脲酶活性最高,说明秸秆还田条件下接种 AM 真菌能促进土壤蛋白酶和脲酶的分泌,加快秸秆中含氮有机化合物的分解。

土壤碱性磷酸酶的主要功能是水解有机质中的磷脂键,提高有机磷的脱磷速度,提高土壤磷素的有

效性。图 1 显示,在第 90 d 取样时,MGS 处理下的土壤碱性磷酸酶活性显著高于 M 处理和 S 处理。第 60 d 取样时,MGS 处理下土壤碱性磷酸酶活性最强,与 S 处理相比增加了 40.32% ($P < 0.05$)。双因素方差分析结果(表 2)显示,接种 AM 真菌、秸秆还田处理以及二者的交互作用均显著影响到土壤碱性磷酸酶的活性。说明,土壤碱性磷酸酶对 AM 真菌和还田秸秆的协作调控反应较敏感,秸秆还田同时接种 AM 真菌能够提高土壤碱性磷酸酶的活性,加快土壤磷素的转化。

2.4 秸秆还田后接种 AM 真菌对玉米生物量的影响

表 3 显示,经过 90 d 的盆栽试验,秸秆还田和接种 AM 真菌对玉米地上和地下部分的生长均有很

大影响。与 M 处理和 MS 处理相比, MG 处理显著增加了玉米地上部干物质质量。MG 处理玉米地上部干物质质量与 MGS 处理的差异不显著, 说明接种 AM 真菌条件下进行秸秆还田并未显著增加玉米地上部生物量。与 MS 处理相比, MG 处理和 MGS 处理玉米根系干物质质量显著增加。与 MG 处理相比, MGS 处理显著促进了玉米地下部分的生长发育。双因素方差分析结果(表 2)也表明, 接种 AM 真菌显著促进玉米地上部干物质质量和根系干物质质量的增加, 秸秆还田处理显著影响玉米根系干物质质量, 而且接种 AM 真菌与秸秆还田处理之间的交互作用对玉米根系干物质质量的影响极显著, 说明秸秆直接还田条件下接种 AM 真菌加快了玉米根系的生长, 对根系的促生作用强。

表 3 秸秆还田和接种 AM 真菌对玉米干物质质量的影响

Table 3 Effect of wheat straw returning and inoculation with AM fungi on dry matter accumulation of maize

处理	地上部干物质质量(g, 1 株)	根系干物质质量(g, 1 株)
M	21.34b	2.92bc
MS	20.86b	2.81c
MG	23.38a	3.05b
MGS	22.24ab	3.69a

M、MG、MS、MGS 见表 1 注。同列数据后不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

3 讨论

接种 AM 真菌对玉米叶片养分含量、茎粗、总生物量和产量均有促进作用^[21-22]。这种增产促进作用一般依赖于 AM 真菌与宿主之间的亲和力, 即菌根定殖率。本试验中, MG 处理下, AM 真菌 *F. mosseae* 在宿主苏玉 30 号玉米根系中的定殖率达到 64.14%。与 MG 处理相比, MGS 处理下宿主植物玉米的地上部干物质质量没有显著变化, 但玉米根系干物质质量显著提高, 秸秆还田与接种 AM 真菌处理之间的交互作用对玉米根系干物质质量的影响极显著, 这可能是因为秸秆还田条件下, 玉米植株本身与 AM 真菌的共生作用, 改变了根际的生态环境, 影响了植株生物量的分配比例。

接种 AM 真菌能够促进麦秆的分解, 增加土壤微生物量。AM 真菌定殖宿主植物形成共生体, 导致植物残体分解速率发生变化^[23-24]。Nuccio 等^[25]发现, AM 真菌主要通过氮输出对土壤微生物群落

结构进行调控, 约 10% 的细菌群落、放线菌群落对 AM 真菌做出积极响应。有数据显示, 在凋落物分解后期(180 d), AM 真菌与土壤微生物群落相互竞争养分, 抑制土壤中真菌和细菌的生长^[24]。AM 真菌对凋落物分解的促进作用与所在土壤的养分含量有关, 在中等营养土壤环境中接种丛枝菌根真菌能够调控凋落物中氮素的矿化速度, 加快分解^[15]。本研究中, 接种 AM 真菌处理的土壤微生物量与对照相比明显增加, 可能盆栽玉米的适时追肥保证了土壤中足够的养分供给, 使得 AM 真菌与土壤微生物分解功能群之间协调生长, 减少了 AM 真菌与土壤微生物分解功能群对土壤养分的竞争。

土壤分解酶直接参与了土壤有机物质的矿化过程, 是土壤系统生化反应大小和方向的调控者^[26]。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, 其活性在一定程度上反映了微生物的代谢速率和土壤养分转化的动态进程^[27-28]。AM 真菌不能像腐生微生物群一样直接分泌分解酶, 菌丝单独存在时并不能矿化土壤中的凋落物^[29], 但 AM 真菌能够促进土壤中多种酶的分泌, 增强多种土壤酶(如 β -葡萄糖苷酶^[30]、碱性磷酸酶^[31-32]、过氧化氢酶^[13]、脲酶^[32]和硝酸还原酶^[15])的活性, 对植物残体的降解产生作用^[33]。本研究发现, 接种 AM 真菌处理对与碳、氮和磷分解相关的土壤纤维素酶、土壤蛋白酶以及土壤碱性磷酸酶的活性有显著影响, 故而本研究中 AM 真菌能够促进麦秆分解, 是因为其除了通过对土壤微生物量进行调控外, 还通过增加参与麦秆分解过程中的各种土壤酶活性来促进有机质的分解。

综上所述, 小麦秸秆还田同时接种 AM 真菌的处理能够增加玉米根系干物质质量, 通过提高土壤微生物量、土壤蛋白酶活性和土壤碱性磷酸酶活性, 直接或间接地参与催化小麦秸秆的矿化过程, 促进小麦秸秆的分解。通过根系微环境调控地下凋落物分解的过程是多元且复杂的, AM 真菌与宿主根系活动以及秸秆分解之间的相互作用机制尚需进一步研究。摩西管柄囊霉菌作为优化促生菌种之一, 可应用于玉米-小麦轮作农田地下有机质的养分循环研究中。

参考文献:

- [1] 曾宪楠, 高斯倜, 冯延江, 等. 水稻秸秆还田对土壤培肥及水稻产量的影响研究进展[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(18): 13-16.
- [2] 潘剑玲, 代万安, 尚占环, 等. 秸秆还田对土壤有机质和氮素有

- 效性影响及机制研究进展[J]. 中国生态农业学报, 2013, 21(5): 526-535.
- [3] 孙小祥, 常志卅, 靳红梅, 等. 太湖地区不同秸秆还田方式对作物产量与经济效益的影响[J]. 江苏农业学报, 2017, 33(1): 94-99.
- [4] 宋朝玉, 宫明波, 高倩, 等. 长期玉米秸秆还田模式下氮肥用量对玉米生长发育及土壤养分的影响[J]. 山东农业科学, 2017, 49(10): 55-59.
- [5] BURNS R G. Enzyme activity in soil: location and a possible role in microbial ecology[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1982, 14(5): 423-427.
- [6] 韩颖颖, 王雨桐, 高丽, 等. 降解秸秆微生物及秸秆腐熟剂的研究进展[J]. 南方农业学报, 2017, 48(6): 1024-1030.
- [7] JIA Y, KONG X, WEISER M D, et al. Sodium limits litter decomposition rates in a subtropical forest: Additional tests of the sodium ecosystem respiration hypothesis[J]. Applied Soil Ecology, 2015, 93: 98-104.
- [8] 尹蕾, 王伟舵, 陈子璇, 等. 水稻秸秆高效降解菌株的筛选鉴定及其降解产物分析[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(19): 292-296, 305.
- [9] SELOSSE M, ROUSSET F. The plant-fungal marketplace[J]. Science, 2011, 333(6044): 828.
- [10] 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: 297-299.
- [11] CHENG L, BOOKER F L, TU C, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi increase organic carbon decomposition under elevated CO₂[J]. Science, 2012, 337(6098): 1084-1087.
- [12] 罗珍, 朱敏, 王晓峰, 等. 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[J]. 中国生态农业学报, 2013, 21(2): 149-156.
- [13] 郭涛, 罗珍, 朱敏, 等. 丛枝菌根真菌对玉米秸秆降解的影响及其作用机制[J]. 生态学报, 2014, 34(14): 4080-4087.
- [14] 郭涛, 石孝均, 朱敏, 等. 分根装置中丛枝菌根真菌影响蚕豆秸秆降解作用研究[J]. 草业学报, 2014, 23(5): 263-270.
- [15] KONG X, JIA Y, SONG F, et al. Insight into litter decomposition driven by nutrient demands of symbiosis system through the hypha bridge of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, 25(6): 5369-5378.
- [16] 王虎, 王旭东, 田霄鸿. 秸秆还田对土壤有机碳不同活性组分储量及分配的影响[J]. 应用生态学报, 2014, 25(12): 3491-3498.
- [17] PHILLIPS J M, HAYMAN D S. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection[J]. Transactions of the British Mycological Society, 1970, 55(1): 158-161.
- [18] BAILEY V L, PEACOCK A D, SMITH J L, et al. Relationships between soil microbial biomass determined by chloroform fumigation-extraction, substrate-induced respiration, and phospholipid fatty acid analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(9): 1385-1389.
- [19] 周礼恺, 张志明. 土壤酶活性的测定方法[J]. 土壤通报, 1980(5): 37-38.
- [20] OLSON J S. Energy storage and the balance of producers and decomposers in ecological systems[J]. Ecology, 1963, 44(2): 322-331.
- [21] 钟旺, 曾慧兰, 王建武. Bt 基因导入对侵染丛枝菌根真菌的玉米生长生理及磷转运基因表达的影响[J]. 中国生态农业学报, 2017, 25(8): 1198-1205.
- [22] 任祺, 王建武, 冯远娇, 等. 丛枝菌根真菌侵染 Bt 玉米及其生长的影响[J]. 生态学杂志, 2011, 30(6): 1163-1168.
- [23] 李欢, 李晓林, 向丹. 丛枝菌根真菌对羊草凋落物降解作用的研究[J]. 生态环境学报, 2010, 19(7): 1569-1573.
- [24] GUI H, HYDE K, XU J, et al. Arbuscular mycorrhiza enhance the rate of litter decomposition while inhibiting soil microbial community development[J]. Scientific Reports, 2017, 7: 42184.
- [25] NUCCIO E E, HODGE A, PETT R J, et al. An arbuscular mycorrhizal fungus significantly modifies the soil bacterial community and nitrogen cycling during litter decomposition[J]. Environmental Microbiology, 2013, 15(6): 1870-1881.
- [26] JIA Y, LYU Y, KONG X, et al. Insight into the indirect function of isopods in litter decomposition in mixed subtropical forests in China[J]. Applied Soil Ecology, 2015, 86: 174-181.
- [27] TURNER S, SCHIPPERS A, MEYER-STÜVE S, et al. Mineralogical impact on long-term patterns of soil nitrogen and phosphorus enzyme activities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 68: 31-43.
- [28] FREEMAN C, OSTLE N, KANG H. An enzymic 'latch' on a global carbon store[J]. Nature, 2001, 409(6817): 149.
- [29] NOTTINGHAM A T, TURNER B L, WINTER K, et al. Root and arbuscular mycorrhizal mycelial interactions with soil microorganisms in lowland tropical forest[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, 85(1): 37-50.
- [30] ARMADA E, LÓPEZ-CASTILLO O, ROLDÁN A, et al. Potential of mycorrhizal inocula to improve growth, nutrition and enzymatic activities in *Retama sphaerocarpa* compared with chemical fertilization under drought conditions[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2016, 16: 380-399.
- [31] ZAREA M J, KARIMI N, GOLTAPPEH E M, et al. Effect of cropping systems and arbuscular mycorrhizal fungi on soil microbial activity and root nodule nitrogenase[J]. Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences, 2011, 10(2): 109-120.
- [32] ZHANG H, WU X, LI G, et al. Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and phosphate-solubilizing fungus (*Mortierella* sp.) and their effects on *Kosteletzkya virginica* growth and enzyme activities of rhizosphere and bulk soils at different salinities[J]. Biology and Fertility of Soils, 2011, 47(5): 543.
- [33] ATUL-NAYYAR A, HAMEL C, HANSON K, et al. The arbuscular mycorrhizal symbiosis links N mineralization to plant demand[J]. Mycorrhiza, 2009, 19(4): 239-246.

(责任编辑:王妮)