

红壤区林下侵蚀劣地土壤碳氮及球囊霉素对 接种 AM 真菌的响应

陈晓光^{1,2}, 刘文祥^{1,3}, 于寒青¹

(1.中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所,北京 100081;2.广西大学农学院,
南宁 530004;3.长江水利委员会长江科学院重庆分院,重庆 400026)

摘要: 南方红壤区林下侵蚀劣地近地表植被覆盖度低,导致林下水土流失严重。接种 AM 真菌能够促进植被生长,改善土壤肥力,进而可以减少土壤侵蚀。以马尾松退化林地为对象,设置引种灌木(S)和引种灌木并接菌(S+AMF)2 个处理,研究 AM 真菌接种对林下侵蚀劣地土壤碳氮及球囊霉素的影响。结果表明:接菌近 1 年后,菌根侵染率(MCR)在 S+AMF 处理的坡上部 and 全坡位上显著>S 处理($P<0.05$);SOC、TN、SMBC、EE-GRSP 和 T-GRSP 含量在 S+AMF 处理的坡下部均显著>坡中部($P<0.05$),而在 S 处理下各坡位差异均不显著($P>0.05$);AN、SMBN 和 pH 在各处理不同坡位差异均不显著($P>0.05$);与未接菌 S 处理相比,接菌(S+AMF)处理对 MCR、SOC、TN、SMBC、SMBN、EE-GRSP、T-GRSP、AN 和 pH 的平均贡献率分别为 $43.83\% \pm 15.10\%$, $5.33\% \pm 1.57\%$, $14.69\% \pm 7.92\%$, $27.88\% \pm 4.89\%$, $39.25\% \pm 4.82\%$, $6.90\% \pm 2.56\%$, $12.47\% \pm 7.95\%$, $-13.18\% \pm 6.63\%$ 和 $-0.71\% \pm 2.74\%$ 。简单相关和逐步回归分析表明,MCR、SOC、TN、SMBC、SMBN 和球囊霉素之间呈显著正相关($P<0.05$),TN、SMBC 和 MCR 解释了 SOC 80.5% 的变异,SOC、SMBC、SMBN 和 MCR 共同解释了 TN 90.4% 的变异,而 TN、SMBN、pH 和 MCR 解释了 AN 48.9% 的变异,说明接菌提高了紫穗槐根系的菌根侵染率,从而间接促进了林下土壤碳氮及球囊霉素的增加,为有效改善林下侵蚀劣地土壤质量和促进植被恢复有重要的意义。

关键词: 林下侵蚀劣地; AM 真菌; 土壤碳氮; 球囊霉素; 南方红壤区

中图分类号:S157.1

文献标识码:A

文章编号:1009-2242(2021)05-0354-08

DOI:10.13870/j.cnki.stbcxb.2021.05.047

Response of Soil Carbon, Nitrogen and Glomalin to Inoculation of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in Erosion-Degraded Forestland, Red Soil Region of China

CHEN Xiaoguang^{1,2}, LIU Wenxiang^{1,3}, YU Hanqing¹

(1.Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of
Agricultural Sciences, Beijing 100081; 2.College of Agronomy, Guangxi University, Nanning 530004;
3.Chongqing Branch Institute, Changjiang River Scientific Research Institute, Chongqing 400026)

Abstract: Near-surface vegetation coverage of erosion-degraded forestlands is low in the red soil region of South China, which leading to serious soil erosion. Inoculation of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi can promote vegetation growth and improve soil structure and then can reduce soil erosion. The effects of AM fungi inoculation on soil carbon, nitrogen and glomalin were investigated in erosion-degraded *Pinus massoniana* forestland, and two treatments were set up, including shrub planting (S), and shrub planting with AM fungi (S+AMF). The results showed that nearly one year after inoculation with AM fungi, mycorrhizal colonization rate (MCR) of S+AMF treatment was significantly higher than that of S treatment on the upper slope position and the whole slope ($P<0.05$). The contents of SOC, TN, SMBC, EE-GRSP and T-GRSP in the lower slope were significantly higher than those in middle slope in the S+AMF treatment ($P<0.05$), while there was no significant difference among slope positions in the S treatment ($P>0.05$). There was no

收稿日期:2021-04-07

资助项目:国家重点研发计划项目(2017YFC0505402)

第一作者:陈晓光(1994—),男,硕士研究生,主要从事水土保持研究。E-mail:gxuchenxiaoguang@163.com

通信作者:于寒青(1983—),女,博士,副研究员,主要从事土壤侵蚀与碳循环研究。E-mail:yuhanqing@caas.cn

significant difference in AN, SMBN and pH among different slope positions in each treatment ($P>0.05$). Compared with S treatment, the mean contribution rates of S+AMF treatment to MCR, SOC, TN, SMBC, SMBN, EE-GRSP, T-GRSP, AN and pH were $43.83\% \pm 15.10\%$, $5.33\% \pm 1.57\%$, $14.69\% \pm 7.92\%$, $27.88\% \pm 4.89\%$, $39.25\% \pm 4.82\%$, $6.90\% \pm 2.56\%$, $12.47\% \pm 7.95\%$, $-13.18\% \pm 6.63\%$, $-0.71\% \pm 2.74\%$, respectively. The Pearson correlation and stepwise regression analysis suggested that there was a significant positive correlation between MCR, SOC, TN, SMBC, SMBN and glomalin ($P<0.05$). TN, SMBC and MCR explained 80.5% variation of SOC and SOC, SMBC, SMBN and MCR explained 90.4% variation of TN, while TN, SMBN, pH and MCR explained 48.9% variation of AN, indicating that inoculation with AM fungi increased mycorrhizal colonization rate of *Amorpha fruticosa* Linn root system, which indirectly promoted the increase of soil carbon, nitrogen and glomalin. This study was of great significance for effectively improving the soil quality and promoting vegetation restoration in erosion-degraded forestlands.

Keywords: erosion-degraded forestlands; arbuscular mycorrhizal fungi; soil carbon and nitrogen; glomalin; red soil region of South China

我国南方红壤丘陵区由于地形起伏变化大,降雨量大且集中,土壤抗蚀性差,人为活动频繁,使得该地区水土流失严重程度仅次于黄土高原区^[1]。据统计^[2],南方红壤区水土流失面积高达 16 万 km²,尤其以江西、福建、湖南 3 省最为突出。近年来,随着生态保护意识的提高和水土保持工作的加强,红壤区水土流失得到一定遏制^[3],但“远看青山在,近看水土流”的问题依然严峻,甚至还有大片呈裸露斑块的林地,出现了“红色沙漠”现象,严重影响区域环境质量和经济社会发展。

丛枝菌根(arbuscular mycorrhizal, AM)真菌是土壤环境中广泛存在的一类土壤微生物,可以与 70% 以上的陆生植物形成互利共生体系^[4],能够促进宿主植物吸收土壤中的矿质养分^[5],参与植物的生理代谢过程,提高植物的抗逆性^[6]。AM 真菌分泌的球囊霉素相关土壤蛋白能够改善土壤水稳性团聚体,提高土壤通透性和持水性,进而有利于植物生长^[7]。AM 真菌技术广泛应用于矿区复垦、退化植被恢复和重金属污染土壤环境修复上^[8-9]。张延旭等^[8]研究发现,采煤沉陷区苜蓿接种 AM 真菌后,明显提高了土壤含水量、养分含量和磷酸酶活性,改善了土壤根际微环境。Spagnoletti 等^[9]研究表明,AM 真菌侵染植物根系分泌的球囊霉素,可有效固持重金属离子,减少植物根系对重金属离子的吸收累积,从而降低重金属离子对植株的毒害。

马尾松林是水土流失较为严重和典型的森林类型之一,广泛分布于南方红壤低山丘陵区。目前针对马尾松林下劣地各种生态恢复措施已有许多报道^[1]。然而,有关 AM 真菌技术在南方红壤区林下侵蚀劣地恢复治理的应用鲜见报道,接种 AM 真菌对林下劣地土壤碳氮和球囊霉素的影响尚不清楚。紫穗槐是南方红壤区常见的水土保持豆科灌木植物,具有生态适应性广、耐贫瘠、耐干旱等特点,在减少坡面径流

和水土流失方面发挥重要作用^[10]。通常采用传统的水土保持工程和植被恢复措施来改善林下劣地土壤质量成本投入大,见效周期长,因此,开展接种 AM 真菌于紫穗槐的根系以改善林下劣地土壤质量的研究十分必要。

本研究以南方红壤区典型马尾松林下侵蚀劣地为对象,探讨紫穗槐的根系接种 AM 真菌后菌根感染率、土壤碳氮及球囊霉素相关土壤蛋白的变化特征,揭示接种丛枝菌根真菌对林下劣地土壤碳氮及球囊霉素的影响,为林下劣地植被恢复重建和土壤质量改善提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验点选择江西赣州市宁都县石上镇的马尾松林地(26°37'N, 116°03'E)。该区域属于中亚热带季风气候区,气候温和湿润,年平均气温在 14~19℃。雨量充沛,多年平均降水量约 1 700 mm,干湿两季分明,其中 40%~70% 的年降水量集中在 4—6 月,7—9 月降雨明显减少。土壤以花岗岩和红砂岩发育而来的红壤为主,质地粗糙、疏松,保土保肥能力差,容易发生水土流失。由于受到人为活动的影响,原始植被不断减少,现存植被多为次生马尾松林,主要植物有马尾松(*Pinus massoniana*)、铁芒萁(*Dicranopteris linearis*)和狗牙根(*Cynodon dactylon*),林分树种组成成分单一,林分质量较差。试验前样地供试植物紫穗槐菌根感染率和土壤基本性质见表 1。

1.2 试验设计

试验选取侵蚀退化较为严重的飞播马尾松林地作为研究对象,样地坡度范围为 12°~15°,试验开始于 2019 年 3 月,为期 10 个月,设置 2 个处理,分别是引栽灌木(S)但不接菌、引种灌木同时接菌(S+

AMF),每个处理设 3 个重复,在选定的 6 个立地条件相近的坡面随机布设不同处理试验样地。每个样地坡面宽×长为 5 m×15 m,间隔 5 m 分别在坡上、坡中和坡下设置 1 个控制试验小区,每个控制试验小

区面积为 1 m×1 m(图 1)。S 处理为引种灌木紫穗槐(*Amorpha fruticosa* Linn)但不接种菌根,作为对照试验处理;S+AMF 处理为引种灌木紫穗槐,同时接种丛枝菌根真菌处理。引种灌木为乡土树种。

表 1 试验前样地待植灌木菌根侵染率和土壤基本性质

指标	S			S+AMF		
	坡上	坡中	坡下	坡上	坡中	坡下
菌根侵染率/%	42.67±10.26	42.00±5.29	51.33±4.62	34.00±6.00	34.67±11.02	50.00±8.72
土壤有机碳/(g·kg ⁻¹)	5.48±0.66	3.50±2.36	4.09±1.89	3.85±0.58	3.11±0.87	6.56±1.14
全氮/(g·kg ⁻¹)	0.40±0.07	0.26±0.15	0.27±0.08	0.24±0.04	0.20±0.06	0.45±0.10
碱解氮/(mg·kg ⁻¹)	41.55±9.03	33.14±13.47	34.13±6.80	35.58±6.47	37.59±6.00	43.53±12.09
土壤微生物量碳/(mg·kg ⁻¹)	85.49±10.51	79.87±19.28	105.05±6.82	78.29±6.58	74.85±13.50	108.57±17.73
土壤微生物量氮/(mg·kg ⁻¹)	22.53±4.71	17.77±6.52	19.84±6.35	16.67±3.78	15.05±4.31	21.54±4.93
土壤 pH	4.82±0.05	4.97±0.15	4.86±0.16	4.92±0.09	5.00±0.03	4.95±0.12
易提取球囊霉素土壤蛋白/(g·kg ⁻¹)	0.17±0.02	0.16±0.09	0.24±0.07	0.19±0.01	0.15±0.01	0.22±0.02
总提取球囊霉素土壤蛋白/(g·kg ⁻¹)	1.13±0.13	0.98±0.34	1.18±0.23	1.08±0.05	0.94±0.20	1.31±0.08

注:表中数据为平均值±标准差。

为了在野外大尺度林下侵蚀劣地有效接种 AM 真菌以便降低成本和菌剂培养用工时间以及提高菌根真菌定殖率,借鉴曹丽霞等^[11]采集菌根的方法,本试验丛枝菌根真菌来源于试验样地周边郁闭度较高和生长状况较好的马尾松和铁芒萁林地,用铁铲采集林下表层(0—10 cm)富含侵染根和丛枝菌根真菌菌群的根土混合样,加水混成泥浆状,充分侵染待植灌木的根系部分,并施入种植穴内。种好灌木后覆土压实,在引种灌木初期 1 个月内定期浇水护理。

壤 pH、碱解氮、易提取球囊霉素土壤蛋白和总球囊霉素土壤蛋白等指标的测定,部分风干土样过 0.15 mm 筛子用于土壤有机碳和全氮的测定。

2020 年 1 月,在已选定的各坡位控制试验小区(S 和 S+AMF 处理)用土钻在紫穗槐根部周围随机采集表层 0—10 cm 根土混合样,共 18 个,做好标记装入自封袋中,迅速带回到实验室进行菌根侵染率的测定。其余土样测定土壤 pH、有机碳、全氮、碱解氮、微生物量碳氮、易提取球囊霉素土壤蛋白和总球囊霉素土壤蛋白等指标。各个指标的土样前处理方法与试验前土样处理一致。

1.3.2 样品分析 土壤理化性质均采用常规方法^[12]测定,土壤 pH 用 pH 计测定,水土比为 2.5 : 1;土壤有机碳(SOC)采用重铬酸钾—外加热法测定;全氮(TN)采用凯氏定氮法测定;碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定。土壤微生物量碳(SMBC)和土壤微生物量氮(SMBN)采用氯仿熏蒸—K₂SO₄浸提法^[12]测定;易提取球囊霉素土壤蛋白(EE—GRSP)和总球囊霉素土壤蛋白(T—GRSP)参考 Wright 等^[13]的方法,采用柠檬酸钠溶液浸提,考马斯亮蓝 G—250 染色剂显色,在 595 nm 波长下比色,用牛血清蛋白做标准液绘制标准曲线,根据吸光度计算球囊霉素相关土壤蛋白的含量(g/kg)。

菌根侵染率(MCR)参照廖楠等^[14]的方法,用纯黑墨水进行染色。将新鲜根系从 FAA 溶液中取出,剪成 1 cm 的根段,经软化透明、漂白、酸化、染色以及脱色步骤后,随机选取 50 个根段进行镜检,根据是否观察到菌丝、丛枝、泡囊等结构来判断根段的侵染情况。

菌根侵染率(%)计算公式为:

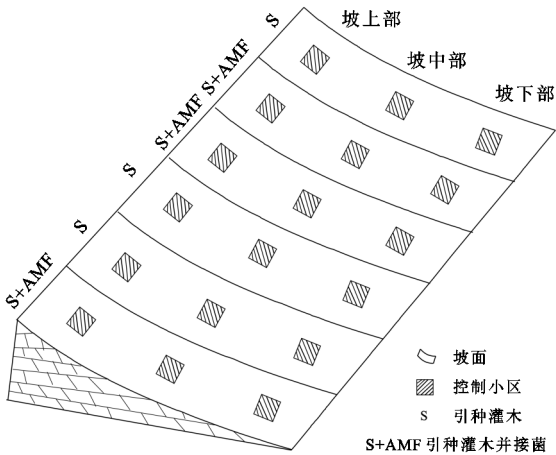


图 1 试验样地示意

1.3 样品采集与分析

1.3.1 样品采集 在布设菌根试验前,在坡面已选定的各坡位控制试验小区(S 和 S+AMF 处理)内多点采集表层(0—10 cm)土壤样品 18 个,同时剪去部分待植紫穗槐的根系,装入自封袋并做好标记,迅速带回实验室,将根系清洗干净后浸泡在 70% FAA 溶液中用于菌根侵染率的测定;去除根系、石粒及动植物残体后,将一部分新鲜土样过 2 mm 筛,用于土壤微生物生物量碳、氮的测定;另一部分土样风干后过 2 mm 筛子,用于土

菌根侵染率 = $N/M \times 100\%$ (1)

式中: N 为被侵染根段数; M 为观察总根段数。

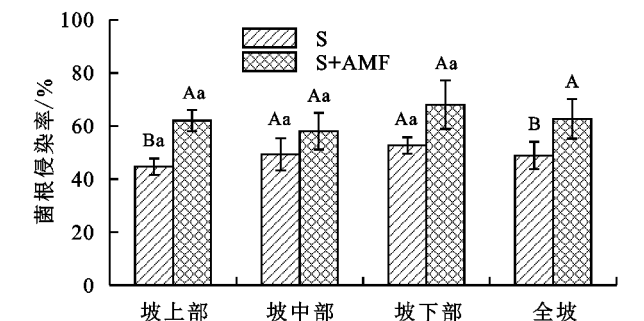
菌根贡献率(%)计算公式为:

$$\text{菌根贡献率} = \frac{\Delta T - \Delta C}{C} \times 100\% \quad (2)$$

式中: ΔT 为 S+AMF 处理试验前后该指标的均差值; ΔC 为 S 处理试验前后该指标的均差值; C 为 S 处理该指标的本底值(即试验前的值)。

1.4 数据分析

使用 Microsoft Excel 2007 软件对数据进行处理,使用 SPSS 17.0 软件进行描述性统计分析、Pearson 相关性分析和逐步回归分析,采用 LSD 法进行多重比较, T 检验进行比较两样本间的差异显著性 ($\alpha=0.05$),使用 Origin 2018 软件进行作图。图表中



注:图柱上方不同大写字母表示同一坡位不同处理间的显著差异($P<0.05$);不同小写字母表示同一处理在不同坡位间显著差异($P<0.05$)。下同。

2.2 接种 AM 真菌对土壤有机碳及氮素的影响

由图 3 可知,试验开展近 1 年后,SOC 含量在 S 和 S+AMF 处理上均有不同程度的增加,分别提高到 3.63~5.88,3.47~7.20 g/kg。接菌后(S+AMF 处理)SOC 含量在坡下部显著>坡中部和坡上部 ($P<0.05$),不接菌处理(S 处理)SOC 含量在各坡位无显著差异($P>0.05$),全坡位上 2 个处理的 SOC 含量无显著差异($P>0.05$)。全坡位接种菌根对 SOC 含量的平均贡献率为 $5.33\% \pm 1.57\%$,在坡中部的菌根贡献率最高,为 6.68%,坡上部次之,为 5.71%,坡下部最低,为 3.60%。

不同处理下土壤 TN 含量在各坡位上的变化趋势与土壤有机碳一致,接菌后(S+AMF 处理)TN 含量在坡下部显著>坡中部($P<0.05$),不接菌处理(S 处理)TN 含量在各坡位无显著差异($P>0.05$),全坡位上 2 个处理的 TN 含量无显著差异($P>0.05$)。菌根对 TN 的平均贡献率为 $14.69\% \pm 7.92\%$,菌根贡献率在坡位上的大小排序为坡上部(21.37%)>坡中部(16.76%)>坡下部(5.95%)。

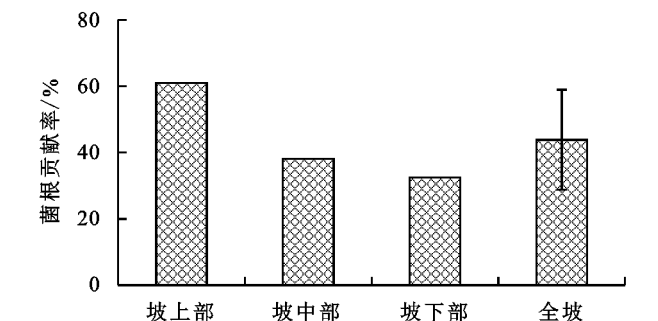
而 AN 含量在 S 和 S+AMF 处理各坡位均有不同程度下降,分别下降至 23.73~30.08,23.18~31.65 mg/kg,但 AN 含量在 2 个处理不同坡位之间差异均

数据均为平均值±标准差。

2 结果与分析

2.1 接种 AM 真菌对植物根系菌根侵染率的影响

由图 2 可知,试验进行近 1 年后,S 和 S+AMF 处理的灌木根系菌根侵染率范围分别增加至 44.67%~52.67%和 58.00%~68.00%。菌根侵染率分别在 S 和 S+AMF 处理的各个坡位上的差异均不显著($P>0.05$),而在坡上部和全坡位上 S+AMF 处理显著>S 处理($P<0.05$),S+AMF 处理菌根侵染率在坡上部和全坡位分别比 S 处理提高了 38.81%和 28.18%。在坡上、坡中和坡下接种菌根对灌木根系菌根侵染率的贡献分别为 60.94%,38.10%和 32.47%,全坡平均贡献率为 $43.83\% \pm 15.10\%$ 。



不显著($P>0.05$),全坡位上 2 个处理的 AN 含量也不显著($P>0.05$)。因此菌根对 AN 的平均贡献率为 $-13.18\% \pm 6.63\%$,在坡上部、坡中部和坡下部的贡献率依次为 -5.80% , -15.10% , -18.63% 。

2.3 接种 AM 真菌对土壤微生物量碳、氮的影响

由图 4 可知,试验进行近 1 年后,SMBC 含量在 S 和 S+AMF 处理下分别增加到 91.42~115.19,107.43~143.86 mg/kg,各处理 SMBC 含量在坡位上分布均表现为坡下部显著>坡中部($P<0.05$),在全坡位上,SMBC 含量在 S+AMF 处理下显著>S 处理($P<0.05$)。菌根对全坡的平均贡献率为 $27.88\% \pm 4.89\%$,在坡上部、坡中部和坡下部的贡献率依次为 33.35%,26.33%和 23.94%,说明了接种 AM 真菌可明显提高 SMBC 含量,并且对坡上部和坡中部的 SMBC 含量增加影响较大。

而 SMBN 含量在 S 和 S+AMF 处理下分别增加至 20.26~28.99,25.25~33.48 mg/kg,但在不同坡位上的差异均不显著($P>0.05$)。对于 SMBN,其菌根的平均贡献率为 $39.25\% \pm 4.82\%$,在坡中部最高,为 43.41%,坡下部次之,为 40.37%,坡上部最低,为 33.97%。

2.4 接种 AM 真菌对土壤 pH 的影响

由图 5 可知,试验后土壤 pH 在 S 和 S+AMF

处理的不同坡位无显著变化($P>0.05$)。土壤 pH 的菌根贡献率平均值为 -0.71% ,坡中部的菌根贡献率

最大,为 1.95% ,而坡上部和坡下部的菌根贡献率分别为 -3.52% 和 -0.55% 。

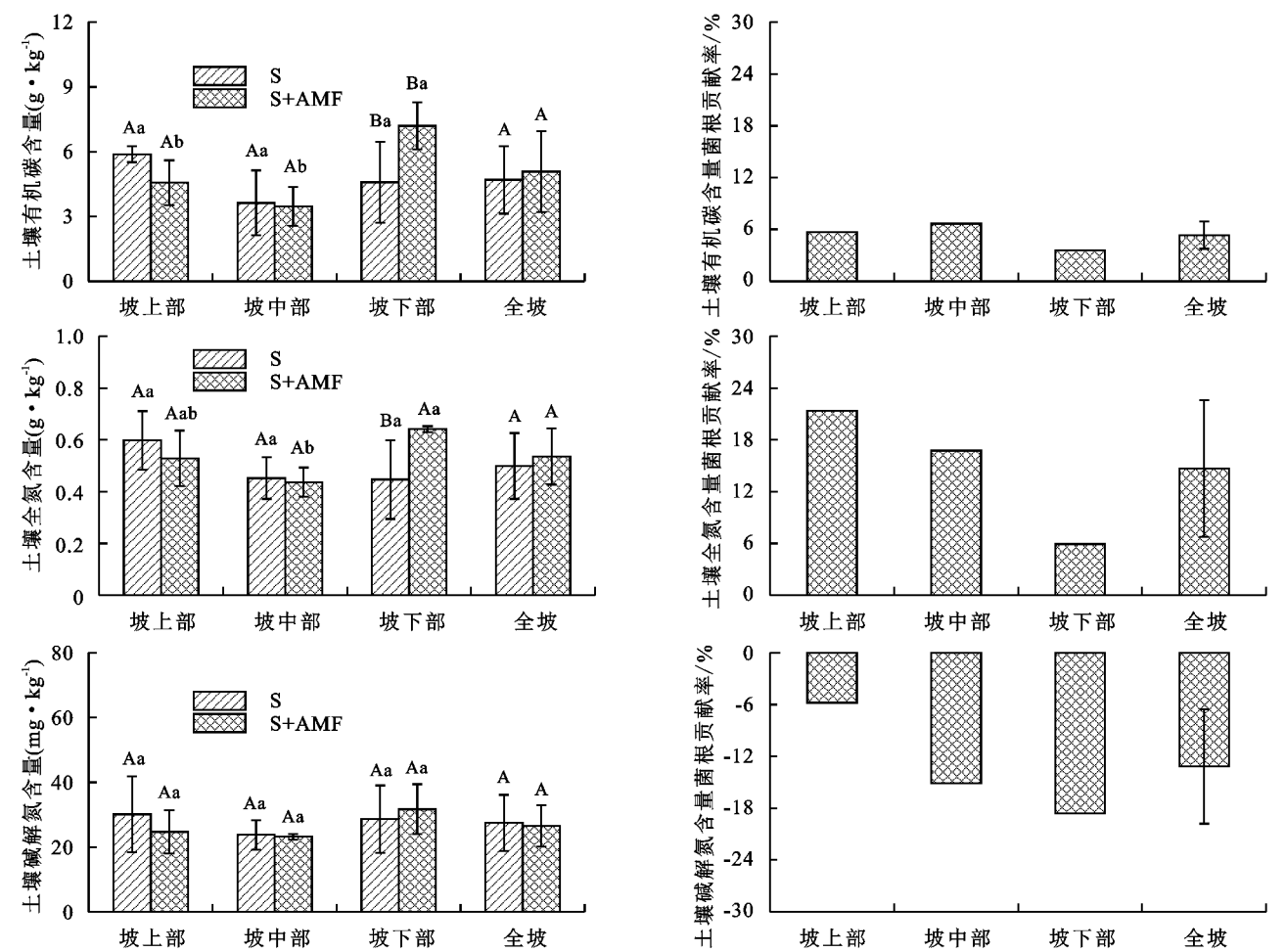


图 3 各处理不同坡位土壤有机碳、全氮和碱解氮含量及其菌根贡献率

2.5 接种 AM 真菌对球囊霉素相关土壤蛋白的影响

由图 6 可知,试验进行近 1 年后,EE-GRSP 含量在 S 和 S+AMF 处理下分别增加至 $0.18\sim0.25$, $0.18\sim0.24$ g/kg,未接菌 S 处理的 EE-GRSP 含量在坡下部显著 $>$ 坡中部和坡上部($P<0.05$),而接菌后(S+AMF 处理)EE-GRSP 含量在坡上部和坡下部显著 $>$ 坡中部($P<0.05$)。菌根对 EE-GRSP 的平均贡献率为 $6.90\%\pm2.56\%$,在坡位上贡献率的大小排序依次为坡上部(9.43%) $>$ 坡中部(6.99%) $>$ 坡下部(4.23%)。试验后,S 和 S+AMF 处理的 T-GRSP 含量增加至 $1.19\sim1.43$, $1.31\sim1.60$ g/kg,各处理的 T-GRSP 含量在相同坡位和全坡位上无显著差异($P>0.05$),但 T-GRSP 含量在不同坡位上的变化趋势与 EE-GRSP 含量一致。菌根对 T-GRSP 的平均贡献率为 $12.47\%\pm7.95\%$,其在坡位上的大小排序与 EE-GRSP 菌根贡献率结果一致,即坡上部(17.28%) $>$ 坡中部(16.84%) $>$ 坡下部(3.30%)。

2.6 菌根侵染率、土壤碳氮及球囊霉素菌根相关性

及碳氮回归分析

相关性分析(表 2)表明,MCR 与 SOC、TN、

SMBC、SMBN、EE-GRSP 和 T-GRSP 均呈极显著正相关关系($P<0.01$)。SOC 与 TN、SMBC、SMBN、EE-GRSP 和 T-GRSP 均呈极显著正相关关系($P<0.01$),与 AN 呈显著正相关($P<0.05$)。TN 与 SMBC、SMBN、EE-GRSP 和 T-GRSP 均呈极显著正相关($P<0.01$),与 AN 呈显著正相关($P<0.05$)。AN 与 SMBN 呈显著正相关($P<0.05$)。SMBC 与 SMBN、EE-GRSP 和 T-GRSP 均呈极显著正相关($P<0.01$)。SMBN 与 EE-GRSP 和 T-GRSP 呈极显著正相关($P<0.01$)。而土壤 pH 与各个指标都没有任何显著相关性。EE-GRSP 和 T-GRSP 呈极显著正相关($P<0.01$)。

逐步回归分析(表 3)表明,TN、SMBC 和 MCR 对 SOC 变异的综合解释 80.50% ($P<0.001$),这表明 TN、SMBC 和 MCR 是 SOC 差异的主导因子;SOC、SMBC、SMBN 和 MCR 能共同解释 TN 90.40% 的变异程度($P<0.001$),说明 SOC、SMBC、SMBN 和 MCR 是控制 TN 变异的主要因子;而 TN、SMBN、pH 和 MCR 解释 AN 变异的 48.90% ($P<0.01$)。

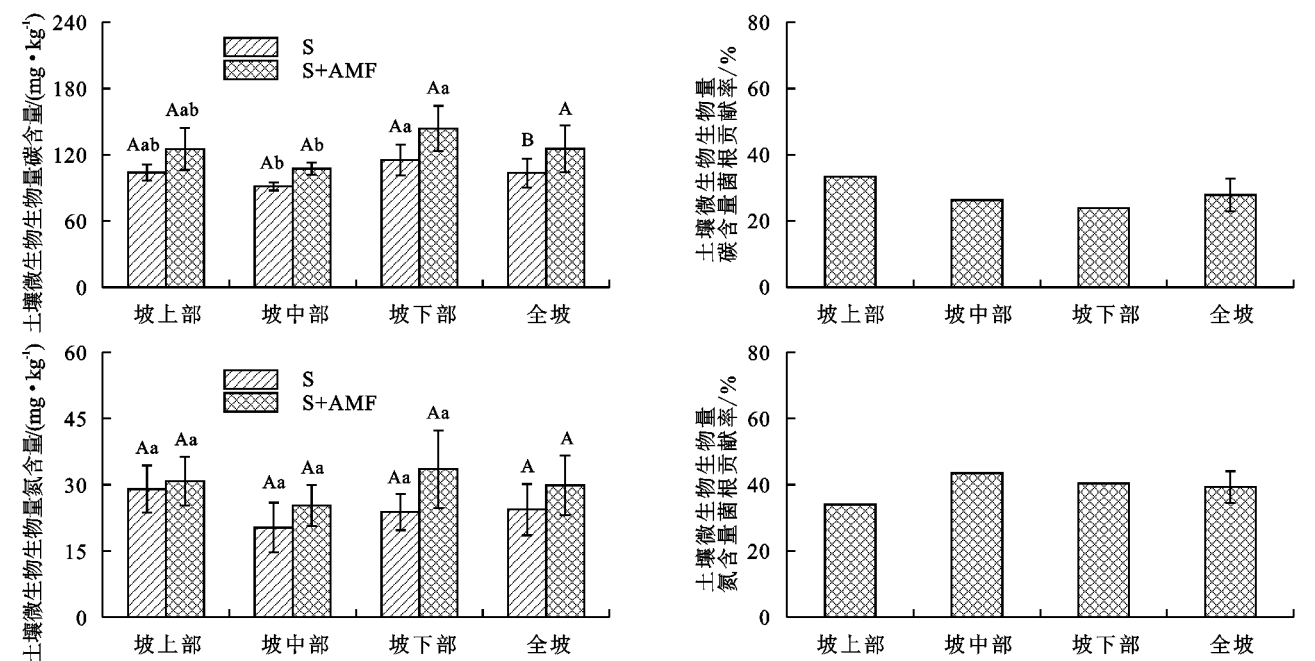


图4 各处理不同坡位土壤微生物生物量碳、氮含量及其菌根贡献率

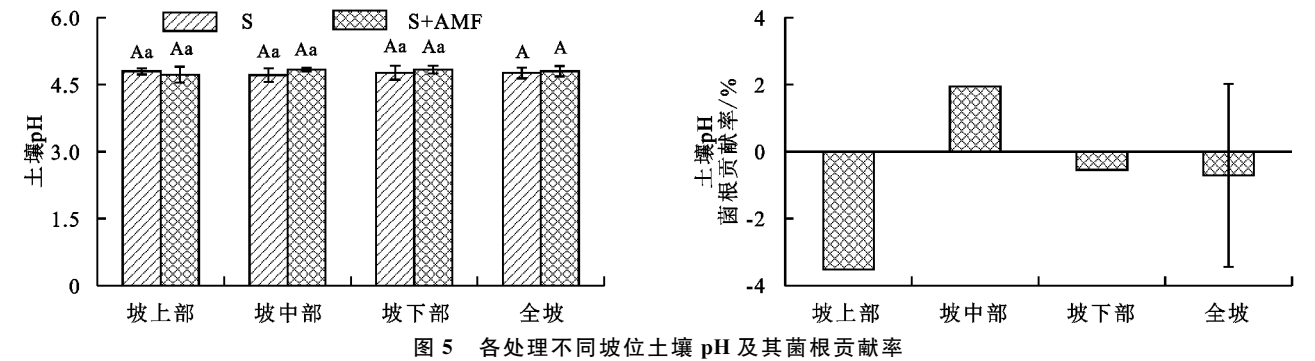


图5 各处理不同坡位土壤 pH 及其菌根贡献率

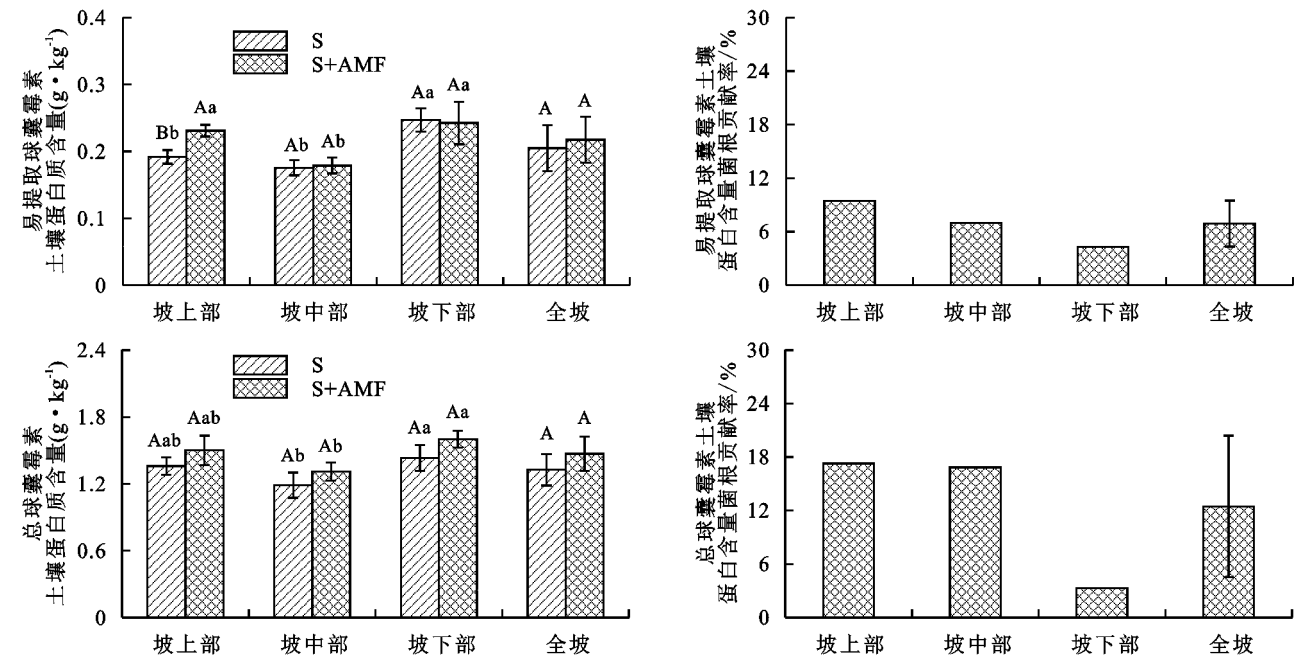


图6 各处理不同坡位球囊霉素相关土壤蛋白含量及其菌根贡献率

3 讨论

本研究发现,接菌后灌木菌根侵染率显著提高,且坡上部和坡中部的菌根侵染率菌根贡献率最大

(60.94%和38.10%)(图2)。这是因为马尾松侵蚀退化劣地生境极其恶劣,尤其是在坡上部和坡中部,土壤侵蚀严重,表层土壤养分大量流失,水热状况极差,

在养分胁迫和水分胁迫双重条件下,增强了宿主植物根系对丛枝菌根真菌的依赖性和亲和程度^[15],以适应环境变化^[16-17]。

表 2 菌根侵染率与土壤因子间的简单相关分析

因子	MCR	SOC	TN	AN	SMBC	SMBN	pH	EE-GRSP	T-GRSP
MCR	1.000								
SOC	0.652 **	1.000							
TN	0.850 **	0.814 **	1.000						
AN	0.114	0.454 *	0.399 *	1.000					
SMBC	0.739 **	0.799 **	0.707 **	0.358	1.000				
SMBN	0.707 **	0.718 **	0.848 **	0.455 *	0.694 **	1.000			
pH	0.031	-0.064	0.064	-0.237	-0.042	0.160	1.000		
EE-GRSP	0.855 **	0.713 **	0.809 **	0.266	0.815 **	0.672 **	0.016	1.000	
T-GRSP	0.799 **	0.747 **	0.823 **	0.368	0.872 **	0.764 **	0.074	0.912 **	1.000

表 3 土壤碳氮与各因子的逐步回归分析

变量	回归模型	R ²	P
SOC	$y = -2.404 + 7.696TN + 0.042SMBC - 2.748MCR$	0.805	<0.001
TN	$y = 0.120 + 0.044SOC - 0.002SMBC + 0.008SMBN + 0.331MCR$	0.904	<0.001
AN	$y = 112.602 + 25.710TN + 0.436SMBN - 20.800pH - 19.982MCR$	0.489	<0.01

紫穗槐根系接种丛枝菌根真菌后,与 S 处理相比,SOC 和 TN 含量分别增加了 5.33%和 14.69%,而 AN 含量却下降 13.18%。这与已有研究^[18]结果一致,说明接菌一定程度上促进了土壤碳氮的提升,提高了植物根系吸收土壤速效养分能力从而减少速效养分含量。菌根可将大量的光合作用产物转移到土壤中^[19],同时菌丝体将碳输送到远离根系的土壤环境中,避免植物根系通过呼吸作用消耗过多的有机物^[20],此外,菌根真菌生物量及菌根分泌物是土壤碳库的重要组分^[21-22],从而增加了土壤碳库储量和碳的固持。而对于 TN 的增加,主要是因为丛枝菌根真菌增强了豆科植物的固氮能力^[23],降低了菌根际反硝化细菌数量和土壤反硝化作用^[24],改善了根际土壤结构并提高了土壤保水能力^[25],同时促进宿主植物对无机态氮的吸收,减少了氮素淋溶损失^[26]。接菌后 AN 含量下降,尤其是在养分条件相对较好的坡下部,土壤 AN 的菌根贡献率最小,这可能是丛枝菌根真菌侵染植物根系后,根围会产生大量的菌丝,扩大宿主植物根系的吸收面积,提高对土壤养分和水分的吸收能力^[8]。

本研究中 SMBC、SMBN 和球囊霉素相关土壤蛋白含量在接种 AM 真菌后均显著增加。一方面,丛枝菌根真菌通过影响土壤中部分酶的活性来促进植物残体的降解^[27],同时改善了根际土壤中的水分状况和养分供应^[25],有助于土壤微生物的繁殖和生长;另一方面,菌丝通过分泌一些有机物质(可溶性糖、游离氨基酸和有机酸等),为菌丝际土壤微生物提供碳源和氮源养分,进而影响土壤微生物群落的组成^[28]。球囊霉素相关土壤蛋白是丛枝菌根真菌定殖植物根系后,由宿主植物根系

因此,在土壤养分较低的坡上部和坡中部,菌根侵染率增幅较高,而在土壤养分较高的坡下部,菌根侵染率增幅较低。

的根内菌丝和延伸到根际土壤外的根外菌丝死亡分解后产生的一类糖蛋白^[22],因此接菌会增加土壤丛枝菌根真菌生物量,菌丝密度增加,进而促进了球囊霉素相关土壤蛋白含量的提高。

本研究结果表明,菌根侵染率、土壤碳氮、土壤微生物量碳氮和球囊霉素相关土壤蛋白之间存在显著的正相关关系($P < 0.05$),同时菌根侵染率和微生物量碳氮是影响土壤碳氮变化的主要因素。说明接种丛枝菌根真菌一定程度上改善了土壤养分状况和根际微环境,提高了土壤微生物活性,间接促进了土壤碳氮、土壤微生物生物量碳氮和球囊霉素相关土壤蛋白含量的增加^[18]。而土壤 pH 与 AN 之间呈负相关关系,这是因为氮是林地植物生长最重要的限制性因子^[29],植物根系通过分泌有机酸活化难溶性养分,促进土壤碱解氮的吸收以满足植物生长需要,一定程度上促进了林地土壤养分的周转和利用。

4 结论

(1)红壤区林下侵蚀劣地引栽灌木接种 AM 真菌,可显著提高菌根侵染率、T-GRSP 和 EE-GRSP 含量,且在坡上部和坡中部均高于坡下部,全坡面平均菌根贡献率分别为 $43.83\% \pm 15.10\%$, $6.90\% \pm 2.56\%$ 和 $12.47\% \pm 7.95\%$ 。

(2)接种 AM 真菌后,增加了 SOC、TN 和微生物量碳氮含量,提高了植物根系吸收土壤速效养分能力从而减少 AN 含量,但对土壤 pH 影响不显著。

(3)引栽灌木的根系菌根侵染率与 SOC、TN、微生物量碳氮和球囊霉素含量显著正相关,菌根侵染率和微生物量碳氮是影响土壤碳氮变化的主要因素。

南方红壤丘陵区林下侵蚀劣地接种 AM 真菌,可有效改善土壤质量和促进植被恢复,对侵蚀退化林地的生态治理有重要意义。

参考文献:

- [1] 袁再健,马东方,聂小东,等.南方红壤丘陵区林下水土流失防治研究进展[J].土壤学报,2020,57(1):12-21.
- [2] 中华人民共和国水利部.第一次全国水利普查水土保持情况公报[EB/OL].(2013-05-29)[2020-08-15].http://www.mwr.gov.cn/sj/tjgb/zgstbcgb/201612/t20161222_776093.html.
- [3] 石海霞,梁音,朱旭超,等.南方红壤区水土流失治理成效的多尺度趋势分析[J].中国水土保持科学,2019,17(3):66-74.
- [4] Parniske M. Arbuscular mycorrhiza: The mother of plant root endosymbiosis[J].Nature Reviews Microbiology,2008,6(10):763-775.
- [5] 陈保冬,于萌,郝志鹏,等.丛枝菌根真菌应用技术研究进展[J].应用生态学报,2019,30(3):1035-1046.
- [6] Xie X Y, Weng B S, Cai B P, et al. Effects of arbuscular mycorrhizal inoculation and phosphorus supply on the growth and nutrient uptake of *Kandelia obovata* (Sheue, Liu and Yong) seedlings in autoclaved soil[J]. Applied Soil Ecology,2014,75:162-171.
- [7] 肖玖军,邢丹,毛明明,等.AM 真菌对桑树根围土壤团聚体的影响机制[J].土壤学报,2020,57(3):773-782.
- [8] 张延旭,毕银丽,王瑾.接种菌根对采煤沉陷区苜蓿生长及土壤改良影响研究[J].煤炭科学技术,2020,48(4):142-147.
- [9] Spagnoletti F, Carmona M, Gómez N E T, et al. Arbuscular mycorrhiza reduces the negative effect of *M. phaseolina* on soybean plants in arsenic-contaminated soils[J].Applied Soil Ecology,2017,121:41-47.
- [10] 曹艳,刘峰,包蕊,等.西南丘陵山区坡耕地植物篱水土保持效益研究进展[J].水土保持学报,2017,31(4):57-63.
- [11] 曹丽霞,侯伟峰,钱洁鑫,等.菌根接种对羊草根围土壤主要养分与球囊霉素含量的影响[J].草地学报,2016,24(3):537-543.
- [12] 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.
- [13] Wright S F, Upadhyaya A. A survey of soils for aggregate stability and glomalin, a glycoprotein produced by hyphae of arbuscular mycorrhizal fungi[J].Plant and Soil,1998,198(1):97-107.
- [14] 廖楠,张金莲,李冬萍,等.甘蔗根系内生真菌染色方法探讨[J].西南农业学报,2016,29(4):814-819.
- [15] 张延旭,毕银丽,郭楠,等.接种不同丛枝菌根真菌对黄花苜蓿生长影响[J].煤炭学报,2019,44(12):3815-3822.
- [16] 温苗,施松梅,罗协,等.不同树龄桑园丛枝菌根侵染、球囊霉素土层分布及与土壤因子的关系[J].应用与环境生物学报,2020,26(5):1138-1146.
- [17] Chang Q, Diao F W, Wang Q F, et al. Effects of arbuscular mycorrhizal symbiosis on growth, nutrient and metal uptake by maize seedlings (*Zea mays* L.) grown in soils spiked with Lanthanum and Cadmium[J]. Environmental Pollution,2018,241:607-615.
- [18] 胡晶晶,毕银丽,龚云丽,等.接种 AM 真菌对采煤沉陷区文冠果生长及土壤特性的影响[J].水土保持学报,2018,32(5):344-348,354.
- [19] 张峰,南志标,闫飞扬,等.AM 真菌在草地生态系统碳汇中的重要作用[J].草地学报,2015,24(4):191-200.
- [20] Zhu Y G, Miller R M. Carbon cycling by arbuscular mycorrhizal fungi in soil-plant systems[J].Trends in Plant Science,2003,8(9):407-409.
- [21] 何树斌,王焱,程宇阳,等.丛枝菌根真菌与柳枝稷协同固碳机制及对土壤碳氮循环的调控[J].草地学报,2016,24(4):802-806.
- [22] 杨满元,杨宁,刘慧娟,等.衡阳紫色土丘陵坡地不同土地利用方式对球囊霉素相关土壤蛋白分布的影响[J].草地学报,2020,28(5):1260-1265.
- [23] Matiwane S E, Aremu A O, Valentine A J, et al. Nutritional status of KwaZulu-Natal soils affects microbe symbiosis, nitrogen utilization and growth of *Vigna radiata* (L.) R. Walczak[J].South African Journal of Botany,2019,126:115-120.
- [24] 陈永亮,陈保冬,刘蕾,等.丛枝菌根真菌在土壤氮素循环中的作用[J].生态学报,2014,34(17):4807-4815.
- [25] 毕银丽,郭晨,肖礼,等.微生物复垦后土壤有机碳组分及其高光谱敏感性识别效应[J].煤炭学报,2020,45(12):4170-4177.
- [26] Chen Y L, Xu Z W, Hu H W, et al. Responses of ammonia-oxidizing bacteria and archaea to nitrogen fertilization and precipitation increment in a typical temperate steppe in Inner Mongolia[J].Applied Soil Ecology,2013,68:36-45.
- [27] Cheng L, Booker F L, Tu C, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi increase organic carbon decomposition under elevated CO₂[J].Science,2012,337:1084-1087.
- [28] Finlay R D, Mahmood S, Rosenstock N, et al. Reviews and syntheses: Biological weathering and its consequences at different spatial levels - from nanoscale to global scale[J].Biogeosciences,2020,17(6):1507-1533.
- [29] Liu M H, Chen S X, Korpelainen H, et al. Nitrogen addition affects eco-physiological interactions between two tree species dominating in subtropical forests[J]. Plant Physiology and Biochemistry,2021,162:150-160.