

接种丛枝菌根真菌的种植紫花苜蓿土壤中球囊霉素含量与 PAHs 去除的关系

杨振亚^{1,2}, 宗 炯², 朱雪竹², 凌婉婷^{2*}

(1.江苏省环境科学研究院,江苏省环境工程重点实验室,江苏 南京 210036; 2.南京农业大学土壤有机污染控制与修复研究所,江苏 南京 210095)

摘要:以菲和芘为多环芳烃(PAHs)代表物,以紫花苜蓿(*Medicago sativa* L.)为宿主植物,选用幼套球囊霉(*Glomus etunicatum*, Ge)、摩西球囊霉(*Glomus mosseae*, Gm)和层状球囊霉(*Glomus lamellosum*, Gla)3种丛枝菌根真菌(AMF),研究了接种 AMF 下土壤中 AMF 菌丝密度、球囊霉素含量与 PAHs 去除率的关系。35~75 d,接种 Ge、Gm、Gla 处理的土壤中菌丝密度、总球囊霉素含量、易提取球囊霉素含量均随时间延长而显著增大,与不接种对照相比,75 d 时接种 Ge、Gm、Gla 处理的土壤中易提取球囊霉素含量提高了 48.58%、55.99%和 50.23%,总球囊霉素含量则提高了 38.75%、50.95%和 46.12%。接种 AMF 促进了土壤中菲和芘的去除,随着时间(35~75 d)延长,接种 Ge、Gm、Gla 处理的土壤中菲去除率分别高达 83.4%~92.7%、82.1%~93.8%、86.9%~93.4%,芘去除率达 42.2%~63.5%、43.7%~69.2%、44.6%~66.4%。接种 Ge、Gm 和 Gla 处理土壤中 AMF 菌丝密度、总球囊霉素含量均与土壤中菲和芘的去除率之间存在极显著正相关关系,表明接种 AMF 提高了土壤中 AMF 菌丝密度和总球囊霉素含量,并促进了土壤中 PAHs 的去除。研究结果为阐明丛枝菌根修复 PAHs 污染土壤的规律及机理提供了依据。

关键词:丛枝菌根真菌(AMF);菌丝密度;球囊霉素;多环芳烃;土壤修复

中图分类号:X53 文献标志码:A 文章编号:2095-6819(2016)04-0349-06 doi: 10.13254/j.jare.2016.0086

引用格式:

杨振亚,宗 炯,朱雪竹,等.接种丛枝菌根真菌的种植紫花苜蓿土壤中球囊霉素含量与 PAHs 去除的关系[J].农业资源与环境学报,2016,33(4): 349-354.

YANG Zhen-ya, ZONG Jiong, ZHU Xue-zhu, et al. Correlations of Glomalin Contents and PAHs Removal in Alfalfa-vegetated Soils with Inoculation of Arbuscular Mycorrhizal Fungi[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2016, 33(4): 349-354.

Correlations of Glomalin Contents and PAHs Removal in Alfalfa-vegetated Soils with Inoculation of Arbuscular Mycorrhizal Fungi

YANG Zhen-ya^{1,2}, ZONG Jiong², ZHU Xue-zhu², LING Wan-ting^{2*}

(1. Jiangsu Key Laboratory of Environmental Engineering, Jiangsu Provincial Academy of Environmental Science, Nanjing 210036, China; 2. Institute of Organic Contaminant Control and Soil Remediation, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: The correlations of glomalin contents and removal of phenanthrene and pyrene as representative polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in soils with inoculation of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) were investigated. The test AMF included *Glomus etunicatum* (Ge), *Glomus mosseae* (Gm), and *Glomus lamellosum* (Gla), and the host plant was alfalfa (*Medicago sativa* L.). The AMF hyphal density and contents of easily extractable glomalin and total glomalin in AMF-inoculated soils were observed to increase with cultivation time from 35 d to 75 d. Comparing with the control treatment (CK) without AMF inoculation, the contents of easily extractable glomalin in soil increased 48.58%, 55.99% and 50.23%, and total glomalin contents increased 38.75%, 50.95% and 46.12% with Ge, Gm and Gla inoculation after 75 d, respectively. AMF inoculation promoted the removal of test PAHs in soils. The removal rates of phenanthrene and pyrene in soils with AMF enhanced in 35~75 d. 83.4%~92.7%, 82.1%~93.8% and 86.9%~93.4% of phenanthrene and 42.2%~63.5%, 43.7%~69.2% and 44.6%~66.4% of pyrene in soils with Ge, Gm, Gla were removed in 75 d respectively. AMF hyphal density and total glomalin contents were observed to be significantly positively correlated with the removal rates of PAHs in soils, indicating that the colonization of AMF enhanced hyphal density and total glomalin contents and thus promoted the degradation of PAHs in the soil environments.

Keywords: arbuscular mycorrhizal fungi; hyphal density; glomalin; polycyclic aromatic hydrocarbons; soil remediation

收稿日期:2016-04-01

基金项目:国家自然科学基金(21477056,31270574);农业部公益性行业(农业)科研专项(201503107)

作者简介:杨振亚,男,江苏金湖人,工程师,主要研究方向为环境污染评价与控制。E-mail: 0517jhyzy@163.com

*通信作者:凌婉婷 E-mail: lingwanting@njau.edu.cn

丛枝菌根真菌 (Arbuscular Mycorrhizal Fungi, AMF) 是土壤微生物区系中生物量最大、最重要的成员之一,能与 80% 以上的陆生植物和绝大多数速生草本植物形成共生体系^[1-2]。近些年来,已有一些研究表明,接种 AMF 可影响植物吸收多环芳烃 (PAHs),并促进土壤中 PAHs 去除^[3-4]。程兆霞等^[5]研究得出,接种 *Glomus mosseae* 或 *Glomus etunicatum* 显著地提高了三叶草根的萘含量、积累量和根系富集系数;Gao 等^[6]发现,*Glomus mosseae* 和 *Glomus etunicatum* 促进了萘在黑麦草根中的积累,并进一步揭示了丛枝菌根中萘的亚细胞分布。已证实,接种 AMF 能显著提高污染土壤中 PAHs 降解率,提出了 PAHs 污染土壤的丛枝菌根修复技术。刘世亮等^[9]发现,接种 *Glomus caledonium* 后,种植紫花苜蓿土壤中可萃取态苯并[a]芘的降解率远高于不接种土壤;李秋玲等^[11]以紫花苜蓿为宿主植物,发现接种 *Glomus mosseae*、*Glomus etunicatum*、*Glomus versiforme*、*Glomus constrictum* 和 *Glomus intraradices* 土壤中菲去除率均在 91% 以上,其机制是接种 AMF 提高了土壤微生物的数量和活性,进而促进了土壤中 PAHs 的降解。

AMF 侵染植物后,可形成根内菌丝和外生菌丝。菌丝直径约为 2~27 μm ,存在于土壤中的外生菌丝具有较强的穿透力,且能形成大量的分支,是直接联系土壤和植物根系的纽带^[6]。Gao 等^[7]证实,AMF 外生菌丝能直接从土壤中吸收 PAHs,并将其传输到植物根部。球囊霉素 (Glomalin) 则是 AMF 菌丝分泌的一类含有金属离子的耐热蛋白,产生于 AMF 菌丝表面,能够随菌丝和孢子的脱落和降解进入土壤中^[8]。球囊霉素主要由蛋白质和碳水化合物组成,自然状态下较为稳定^[9]。研究发现,球囊霉素在保护外生菌丝被土壤微生物降解、改善土壤结构、提高土壤微生物活性、固定土壤重金属等方面具有重要作用^[10-11]。然而,有关 AMF 影响下土壤中 AMF 菌丝密度和球囊霉素的响应及其与 PAHs 去除的关系,国内外文献报道较少。

本文以菲和芘为 PAHs 代表物,以紫花苜蓿 (*Medicago sativa* L.) 为宿主植物,研究了接种 AMF 下土壤中 AMF 菌丝和球囊霉素含量变化及其与 PAHs 去除的关系,试图为深入地阐明丛枝菌根修复 PAHs 污染土壤的规律及机理提供基础依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试植物:紫花苜蓿 (*Medicago sativa* L.)。

供试 AMF 菌种:幼套球囊霉 (*Glomus etunicatum*, Ge)、摩西球囊霉 (*Glomus mosseae*, Gm) 和层状球囊霉 (*Glomus lamellosum*, Gla),由北京市农林科学院植物营养与资源研究所“丛枝菌根真菌种质资源库 (BGC)”提供。

供试土样:采自南京市江宁区旱作水稻土表层 (0~20 cm),土壤类型为黄棕壤,pH 6.02,有机质含量为 24.1 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,砂粒、粉粒和粘粒含量分别为 13.4%、61.9% 和 24.7%。土样采集后风干、过 2 mm 筛,备用。试验用沙为河沙,水洗后晾干过 2 mm 筛。将土壤与河沙按 3:1 的质量比例进行混合,多次过 2 mm 筛后备用。

污染土样制备^[7]:配制含不同浓度菲和芘的丙酮溶液,加入到上述土样中,待丙酮挥发后,充分搅拌均匀、过 2 mm 筛 15 次,制得含菲和芘的污染土样,置于储藏架上静置 10 d 后混匀、备用;测得各土样中菲和芘含量分别为 41.87 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 42.80 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

1.2 试验方法

称取 350 g 污染土样于盆钵中,均匀加入 20 g 的 AMF 菌剂覆盖其上,然后再覆盖相应的 100 g 污染土样,加入蒸馏水至 50% 田间持水量。以接种灭过菌的 Ge、Gm 和 Gla 菌剂 (各 6.67 g) 处理为对照。紫花苜蓿种子用 10% 的双氧水消毒后,置于培养箱催芽,待 5 d 出苗后移栽到各盆钵中。一周后间苗,每盆留苗 7 株,生长 35~75 d 后收获、采样。各处理组分别接种 Ge、Gm 和 Gla。每个处理设置 3 个重复。植物在温室中培养,试验期间白天温度 25~35 $^{\circ}\text{C}$,夜晚 15~25 $^{\circ}\text{C}$ 。植物生长过程中定期浇水,每周施加 1 次 15 mL 标准 Hoagland 营养液。采样时采集土样和植物根部样品,根样用去离子水洗净,用滤纸蘸干后立即测定侵染率等指标。

1.3 分析方法

土壤中 PAHs 测定:依据参考文献[12]。

菌丝密度测定:参照 Jakobsen 等^[13]的微孔滤膜抽滤法。首先称取 5 g 待测的土壤样品于 500 mL 的大烧杯中,之后加入 250 mL 水与适量土壤分散剂 (六偏磷酸钠),静置 5 min 后,用玻璃棒充分搅拌,悬浊液过不同孔径的多层筛子,使用蒸馏水进行洗涤。将下筛中物质冲入机械搅拌器,搅拌 30 s 后将悬浊液转移到三角瓶中,吸取 10 mL (分 2 次、每次 5 mL) 至 0.45 μm 的微孔滤膜上进行真空泵抽滤,滴加数滴曲利苯蓝溶液染色,待滤膜微干后于显微镜下观察 25 个视野的交叉点,即网格交叉法计算。

易提取球囊霉素提取^[14]:称取 0.25 g 待测土样于塑料离心管中,加入 2 mL 柠檬酸钠浸提剂(20 mmol·L⁻¹、pH 7.0),盖紧后摇匀,置于灭菌锅(103 kPa、121 ℃)中提取 30 min,取出离心管滤干外表面水分,离心 6 min(转速 10 000 r·min⁻¹),收集上清液。

总球囊霉素提取^[14]:称取 0.25 g 待测土样于塑料离心管中,加入 2 mL 柠檬酸钠浸提剂(50 mmol·L⁻¹、pH 7.0),盖紧后摇匀。总球囊霉素需要重复提取 6 次,每次加入浸提剂后摇匀土样,使土样与浸提剂充分接触,之后置于灭菌锅(103 kPa、121 ℃)中提取 60 min,取出离心管滤干外表面水分,离心 6 min(转速 10 000 r·min⁻¹),将表面上浮物分离并收集上清液于离心管中,4 ℃备用。

提取液中易提取球囊霉素或总球囊霉素的测定:吸取 0.5 mL 待测样品上清液于比色管中,加入 5 mL 经过过滤的考马斯亮蓝 G-250 染色剂,盖紧后颠倒,显色 10 min 并进行比色测定(波长 595 nm)。测定试验前先配制牛血清蛋白(BSA)标准液,考马斯亮蓝显色后比色测定,绘制牛血清蛋白标准曲线。通过标线比照计算出土壤样品的易提取球囊霉素和总球囊霉素相关土壤蛋白含量,单位以 μg·g⁻¹ 表示。

1.4 统计方法

采用 SPSS 12.0 对数据进行统计分析,由于 Ge、Gm 和 Gla 3 个处理组中菌丝密度、总球囊霉素含量和土壤中 PAHs 去除率符合正态分布,因此采用 Pearson 相关系数表征三者的相关性强弱。同时,采用多元回归分析以表明菌丝密度和总球囊霉素含量对土壤中 PAHs 去除率的影响。

2 结果与分析

2.1 AMF 菌丝密度

随着时间(35~75 d)延长,PAHs 污染土壤中 AMF 菌丝不断增多(图 1)。接种 35 d 时收获的 Ge、Gm 和 Gla 菌丝密度分别为 140.4、161.5 cm·g⁻¹ 和 146.6 cm·g⁻¹,75 d 收获时各接种处理的菌丝密度达最大值,与 35 d 相比分别增加了 144.3%、141.4%和 130.5%。不同 AMF 产生的菌丝密度略有差异,同一收获时间时 Gm 作用下土壤中菌丝密度明显高于 Ge 与 Gla 处理,55 d 收获时 Gm 的菌丝密度相比 Ge 和 Gla 差异最显著($p < 0.05$),此时 Gm 的菌丝密度相比 Ge 和 Gla 分别提高了 33.45%和 35.02%。生长后期 AMF 菌丝仍有一定的延伸潜力,此时(65~75 d)菌丝密度的增长斜率仍然较高。供试时间(35~75 d)内,不接种对照

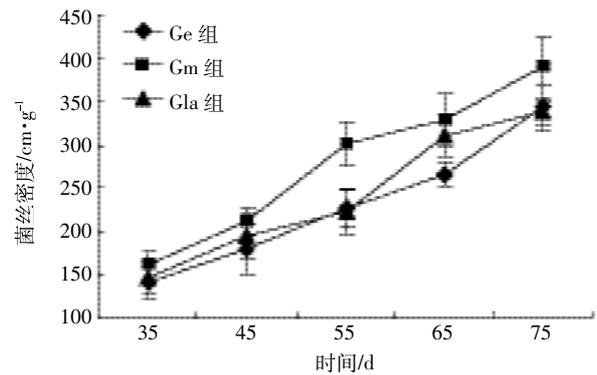


图 1 不同处理时间后土壤中 AMF 菌丝密度

Figure 1 Hyphal density of AMF in soil after 35~75 d

处理土样中 AMF 菌丝密度未检出。

2.2 球囊霉素含量

接种 AMF 可促进土壤中易提取球囊霉素的产生,且不同 AMF 产生易提取球囊霉素的含量有所差异(图 2)。接种 35 d 后,Ge、Gm 和 Gla 产生的易提取球囊霉素相比不接种对照处理分别提高了 29.98%、32.59%和 39.49%,其中 Gla 产生的易提取球囊霉素含量高于 Ge 和 Gm 处理;接种 75 d 后,Ge、Gm 和 Gla 处理产生的易提取球囊霉素相比对照处理分别提高了 48.58%、55.99%和 50.23%,其中 Gm 产生的易提取球囊霉素含量高于 Ge 和 Gla 处理。总体来看,随时间延长(35~75 d),土壤中易提取球囊霉素的产生量增多,表明土壤中存在易提取球囊霉素积累效应。

接种 AMF 也有利于土壤中总球囊霉素的产生,且随着时间延长,各处理的总球囊霉素含量不断增加。由图 3 可知,接种 AMF 35 d 后,对照处理、Ge、Gm 和 Gla 处理组产生的总球囊霉素含量分别为 888.5、1 160.2、1 041.8 μg·g⁻¹ 和 1 061.8 μg·g⁻¹;接种 AMF 后培养 75 d,这些处理的土壤中总球囊霉素含量达最

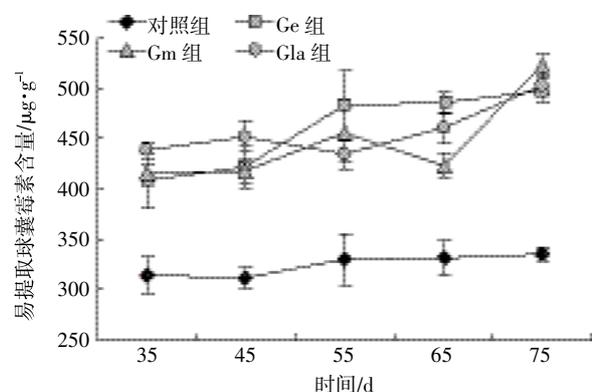


图 2 不同处理时间后土壤 AMF 易提取球囊霉素含量

Figure 2 Contents of easily extractable glomalin in soil

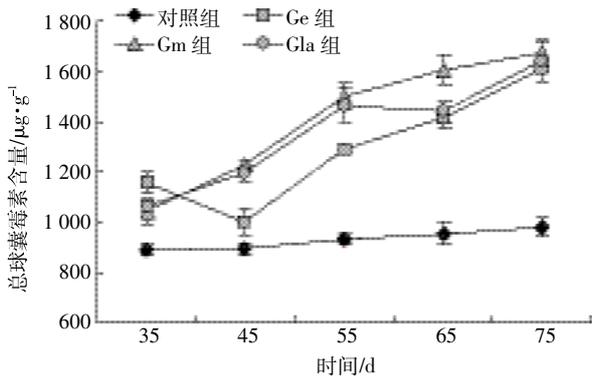


图 3 不同处理时间后 AMF 总球囊霉素含量

Figure 3 Contents of total glomalin of AMF in soil

大值, 相比 35 d 时分别增加了 10.13%、38.64%、60.47% 和 54.47%。接种后 35~75 d 内, Ge、Gm 和 Gla 处理平均产生的总球囊霉素含量相比不接种对照处理分别增加了 38.75%、50.95% 和 46.12%; 其中 45~75 d 内, Gm 处理组产生的总球囊霉素相比 Ge 和 Gla 处理分别提高了 3.94%~22.50% 和 1.93%~11.57%。

2.3 土壤中 PAHs 去除率

接种 AMF 后随着时间延长, 各处理土壤中 PAHs 去除率不断提高, 这和土壤中菌丝密度、易提取球囊霉素和总球囊霉素含量变化的规律相一致。由图 4 可见, 35~75 d, 接种 Ge、Gm、Gla 处理的土壤中菲的去除率分别达 83.4%~92.7%、82.1%~93.8%、86.9%~93.4%, 芘的去除率分别达 42.2%~63.5%、43.7%~69.2%、44.6%~66.4%; 与不接种 AMF 对照处理相比, 接种 AMF 处理促进了土壤中供试 PAHs 的去除。接种 35~75 d 后 Ge、Gm 和 Gla 处理组土壤中菲的去除率比不接种 AMF 对照处理分别提高了 2.38%~13.09%、4.29%~11.40% 和 2.64%~18.30%, 土壤中芘的去除率则分别提高了 12.52%~24.92%、15.28%~

38.14% 和 12.30%~29.10%。

接种不同 AMF 处理的土壤中 PAHs 去除率存在差异。与接种 Ge 和 Gla 处理相比, 接种 45~75 d 后 Gm 处理的土壤中菲和芘的去除率更高, 这与 Gm 具有更强的产菌丝和产球囊霉素能力相一致。培养 45~75 d, Gm 产生的菌丝和总球囊霉素均高于 Ge 和 Gla (图 1~图 3), 对应的 PAHs 去除率也高于 Ge 和 Gla, 该侵染时间内, Gm 产生的菌丝密度相比 Ge 和 Gla 增加了 13.64%~33.48% 和 5.62%~35.02%, 产生的总球囊霉素相比 Ge 和 Gla 也增加了 3.94%~22.50% 和 1.47%~11.57%。

2.4 AMF 菌丝密度、球囊霉素含量与土壤中 PAHs 去除的关系

为了进一步明确 AMF 菌丝密度、总球囊霉素含量与土壤中 PAHs 去除的关系, 分别对 Ge、Gm 和 Gla 3 个处理组的 AMF 菌丝密度和总球囊霉素含量与土壤中 PAHs 去除率进行了相关性分析和回归分析。相关性分析结果见表 1。在 Ge、Gm 和 Gla 处理组中, AMF 菌丝密度和总球囊霉素含量与土壤中菲和芘去除率之间具有极显著的正相关关系。回归分析结果见表 2。可用线性方程拟合接种 AMF 处理的土壤中 PAHs 去除率与菌丝密度、总球囊霉素含量的关系, 表明, 接种 AMF 提高了土壤中 AMF 菌丝密度和球囊霉素含量, 并促进了土壤中 PAHs 的降解和去除。

3 讨论

近些年来, 一些研究表明, 接种 AMF 提高了土壤中 PAHs 等有机污染物的去除效率, 由此提出了丛枝菌根修复技术^[4]。3 环以上高分子量 PAHs 一般在土壤中难于降解、易持留, 可长期危害农产品安全和人类

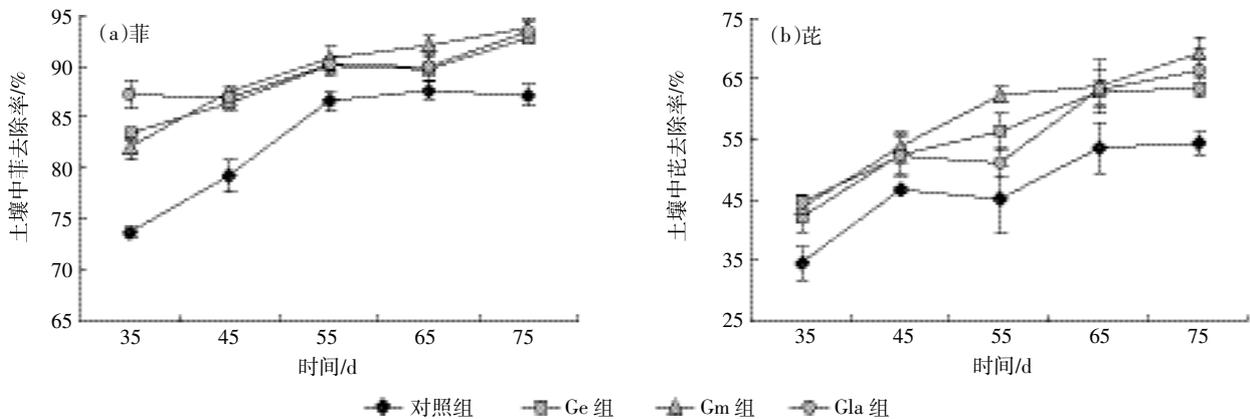


图 4 不同处理土壤中 PAHs 的去除率

Figure 4 Removal rates of PAHs in soil over time

表 1 接种 AMF 处理的土壤中菌丝密度、总球囊霉素含量与 PAHs 去除率的 Pearson 相关系数
Table 1 The Pearson correlation coefficient between hyphal density and PAHs removal rate, total glomalin and PAH removal rate in soils with AMF inoculation

项目	Ge		Gm		Gla	
	菲去除率	芘去除率	菲去除率	芘去除率	菲去除率	芘去除率
菌丝密度	0.897**	0.849**	0.922**	0.909**	0.771**	0.919**
总球囊霉素	0.793**	0.716**	0.937**	0.954**	0.888**	0.772**

** 表示相关性达到极显著水平($p < 0.01$)。

表 2 接种 AMF 处理的土壤中 PAHs 去除率与菌丝密度、总球囊霉素含量的回归分析结果

Table 2 Regression analysis for the correlations of PAHs removal rate with hyphal density and total glomalin contents in soils with AMF inoculation

AMF	PAHs	回归方程	R^2
Ge	菲	去除率(菲)=78.046+0.038×菌丝密度+0.001×总球囊霉素	0.807
	芘	去除率(芘)=34.913+0.100×菌丝密度-0.002×总球囊霉素	0.722
Gm	菲	去除率(菲)=69.602+0.017×菌丝密度+0.011×总球囊霉素	0.892
	芘	去除率(芘)=8.959+0.009×菌丝密度-0.034×总球囊霉素	0.911
Gla	菲	去除率(菲)=75.303-0.002×菌丝密度+0.011×总球囊霉素	0.790
	芘	去除率(芘)=35.083+0.122×菌丝密度-0.007×总球囊霉素	0.722

健康;如何强化这类 PAHs 在土壤中的降解一直受到研究者的关注。Joner 等^[15]采用三叶草和黑麦草为宿主植物,研究了其对两种工业污染土壤的修复作用,发现接种 AMF 后土壤中 PAHs 去除率提高。其他学者得出了相似的结论^[9]。本研究结果也发现,接种 Ge、Gm 和 Gla 促进了种植紫花苜蓿土壤中菲和芘的去除。然而已有文献证实,植物吸收积累并非是从丛枝菌根修复 PAHs 污染土壤的主要机制,其对土壤中 PAHs 去除的贡献很小^[9];而 AMF 作用下良好的菌根际环境提高了土壤微生物对 PAHs 的降解作用,这应是接种 Ge、Gm 和 Gla 促进土壤中菲和芘去除的主要机理。

AMF 菌丝的产生有利于土壤中 PAHs 的运输,且 AMF 菌丝密度的增加可促进 PAHs 污染土壤的修复效果。前期的研究发现^[14],AMF 根外菌丝可以吸收污染土壤中的菲和芘,且菌丝更易吸收低分子量的菲,由于菌丝的作用使得植物菌根可吸收更多的土壤 PAHs,同时通过菌丝释放的大量分泌物也提高了土壤中微生物的数量和活性,促进微生物降解 PAHs^[4]。本文结果显示,接种 Ge、Gm 和 Gla 后产生的外生菌丝促进了土壤中 PAHs 的降解,接种 AMF 处理的土壤 PAHs 去除率高于不接种对照处理。45~75 d 内 Gm 处理的菌丝密度显著高于 Ge 和 Gla 处理,其对应土壤中菲、芘的去除率也比 Ge 和 Gla 处理要高;这是因为外生菌丝能不断增生并产生庞大的菌丝网,AMF

通过菌丝网强大的吸附能力与桥梁作用来吸收土壤中的 PAHs^[16],将其转运到植物体内,AMF 自身也可将吸收的部分污染物转化为自身的养分源^[5],同时,与 Ge 和 Gla 相比,Gm 能产生更多的外生菌丝,从而增加了其与土壤 PAHs 的接触面积,通过向土壤中输送大量分泌物提高了土壤中微生物数量和活性,促进了土壤中 PAHs 降解。

接种 AMF 能够在土壤中产生大量球囊霉素;然而,有关球囊霉素与土壤中 PAHs 等有机污染物环境行为的关系,国内外至今少有报道。1996 年,Wright 等^[11]首次从土壤中提取并发现了球囊霉素,这也是迄今发现的唯一一类由 AMF 产生并释放到土壤中的蛋白质;后来,Rillig^[17]和 Lovelock 等^[18]进一步将其命名为球囊霉素相关土壤蛋白(Glomalin related soil protein,GRSP)。Driver 等^[19]发现,球囊霉素不会直接释放到土壤中,而是牢牢地固定在菌丝细胞壁和真菌孢子中,并随着二者衰亡和降解后进入土壤。球囊霉素难溶于水,不被蛋白酶水解、难于降解,在土壤中含丰富、且自然状态下极为稳定。近年来,土壤中球囊霉素的生态和环境效应备受学者关注。据报道,AMF 产生的球囊霉素是土壤有机质的主要成分之一,也是土壤碳氮的重要来源^[10,17]。本研究发现,土壤中球囊霉素含量与 PAHs 去除间存在显著正相关关系,这主要与以下因素有关:接种 AMF 后土壤中球囊霉素含量增加有利于植物生长,促进了植物释放根系分泌物,

进而提高了土壤微生物的数量和活性^[14];AMF 侵染产生的球囊霉素可以保护菌丝免受外界环境的侵袭^[10],这种保护机制可以间接促进菌丝对土壤中污染物的吸收和运输,并促进菌丝向土壤中输送分泌物,有利于微生物数量和活性的提高,进而提高了土壤中 PAHs 的去除效率。

4 结论

(1)接种 AMF 可在土壤中产生大量菌丝和球囊霉素。与不接种对照相比,75 d 时接种 Ge、Gm、Gla 处理的土壤中易提取球囊霉素含量提高了 48.58%、55.99%和 50.23%,总球囊霉素含量则提高了 38.75%、50.95%和 46.12%。

(2)接种 AMF 促进了土壤中菲和芘的去除。35~75 d,接种 Ge、Gm、Gla 处理的土壤中菲的去除率分别高达 83.4%~92.7%、82.1%~93.8%、86.9%~93.4%,芘的去除率达 42.2%~63.5%、43.7%~69.2%、44.6%~66.4%。

(3)接种 Ge、Gm 和 Gla 处理土壤中 AMF 菌丝密度、总球囊霉素含量与土壤中菲和芘的去除率之间存在极显著正相关关系。

参考文献:

- [1] 李秋玲,凌婉婷,高彦征,等.丛枝菌根对土壤中多环芳烃降解的影响[J].农业环境科学学报,2008,27(5):1705-1710.
LI Qiu-ling, LING Wan-ting, GAO Yan-zheng, et al. Effects of arbuscular mycorrhizae on degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in soils[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2008, 27(5): 1705-1710. (in Chinese)
- [2] 孙艳娣,凌婉婷,刘娟,等.丛枝菌根真菌对紫花苜蓿吸收菲和芘的影响[J].农业环境科学学报,2012,31:1920-1926.
SUN Yan-di, LING Wan-ting, LIU Juan, et al. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on the uptake of phenanthrene and pyrene by alfalfa[J]. *Journal of Agro-environmental Science*, 2012, 31:1920-1926. (in Chinese)
- [3] 刘世亮,骆永明,丁克强.苯并[a]芘污染土壤的丛枝菌根真菌强化植物修复作用研究[J].土壤学报,2004,41:336-342.
LIU Shi-liang, LUO Yong-ming, DING Ke-qiang. Enhanced phytoremediation of benzo[a]pyrene contaminated soil with arbuscular mycorrhizal fungi [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41: 336-342. (in Chinese)
- [4] Gao Y Z, Li Q L, Ling W T, et al. Arbuscular mycorrhizal phytoremediation of soils contaminated with phenanthrene and pyrene[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2011, 185: 703-709.
- [5] 程兆霞,凌婉婷,高彦征.丛枝菌根对芘污染土壤修复及植物吸收的影响[J].植物营养与肥料学报,2008,14:1178-1185.
CHENG Zhao-xia, LING Wan-ting, GAO Yan-zheng. Impacts of arbuscular mycorrhizae on plant uptake and phytoremediation of pyrene in soils[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2008, 14:1178-1185. (in Chinese)
- [6] Gao Y Z, Cao X Z, Kang F X, et al. PAHs pass through the cell wall and partition into organelles of arbuscular mycorrhizal roots of ryegrass[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2011, 40(2): 653-656.
- [7] Gao Y Z, Cheng Z X, Ling W T, et al. Arbuscular mycorrhizal fungal hyphae contribute to the uptake of polycyclic aromatic hydrocarbons by plant roots[J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101:6895-6901.
- [8] 阙弘,葛阳洋,康福星,等.南京典型利用方式土壤中球囊霉素含量及剖面分布特征[J].土壤,2015,47(4):719-724.
QUE Hong, GE Yang-yang, KANG Fu-xing, et al. Content and distribution of glomalin-related soil protein in soils of Nanjing under different land use types[J]. *Soil*, 2015, 47(4): 719-724. (in Chinese)
- [9] Chern E C, Tsai D W, Ogunseitan O A. Deposition of glomalin-related soil protein and sequestered toxic metals into watersheds [J]. *Environmental Science and Technology*, 2007, 41(10): 3566-3572.
- [10] 王建,周紫燕,凌婉婷.球囊霉素相关土壤蛋白在土壤中的分布及环境功能[J].应用生态学报,2016,27(2):634-642.
WANG Jian, ZHOU Zi-yan, LING Wan-ting. Distribution and environmental function of glomalin-related soil protein: A review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2016, 27(2): 634-642. (in Chinese)
- [11] Wright S F, Upadhyaya A. Extraction of an abundant and unusual protein from soil and comparison with hyphal protein of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. *Soil Science*, 1996, 161(9): 575-586.
- [12] 高彦征,朱利中,凌婉婷,等.土壤和植物样品的多环芳烃分析方法研究[J].农业环境科学学报,2005,24:1003-1006.
GAO Yan-zheng, ZHU Li-zhong, LING Wan-ting, et al. Analysis method for polycyclic aromatic hydrocarbons in soil and plant samples [J]. *Journal of Agro-environmental Science*, 2005, 24: 1003-1006. (in Chinese)
- [13] Jakobsen I, Abbott L K, Robosen A D. External hyphae of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi associated with *Trifolium subterraneum* L. [J]. *New Phytologist*, 1992, 120(3): 371-380.
- [14] 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.
- [15] Joner E J, Leyval C. Influence of arbuscular mycorrhiza on clover and ryegrass grown together in a soil spiked with polycyclic aromatic hydrocarbons[J]. *Mycorrhiza*, 2001, 11:155-159.
- [16] Verdin A, Sahraoui A L, Fontaine J, et al. Effects of anthracene on development of an arbuscular mycorrhizal fungus and contribution of the symbiotic association to pollutant dissipation[J]. *Mycorrhiza*, 2006,16(6): 397-405.
- [17] Rillig M C. Arbuscular mycorrhizae, glomalin, and soil aggregation[J]. *Canadian Journal of Soil Science*, 2004, 84: 355-363.
- [18] Lovelock C E, Wright S F, Clark D A, et al. Soil stocks of glomalin produced by arbuscular mycorrhizal fungi across a tropical rain forest landscape[J]. *Journal of Ecology*, 2004, 92:278-287.
- [19] Driver J D, Holben W E, Rillig M C. Characterization of glomalin as a hyphal wall component of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37:101-106.