

接伟光,林厚泽,杨冬莹,等. 根内根孢囊霉对大豆成熟期生物量、根腐病及根际土壤百菌清残留的影响[J]. 江苏农业科学,2023,51(14):153-158.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.14.021

根内根孢囊霉对大豆成熟期生物量、根腐病及根际土壤百菌清残留的影响

接伟光^{1,2},林厚泽²,杨冬莹²,姚延轩²

(1. 黑龙江大学生命科学学院/农业微生物技术教育部工程研究中心/黑龙江省寒区植物基因与生物发酵重点实验室/黑龙江省普通高校微生物重点实验室,黑龙江哈尔滨 150080; 2. 黑龙江东方学院食品工程学院,黑龙江哈尔滨 150066)

摘要:通过随机取样研究接种根内根孢囊霉(*Rhizophagus intraradices*)菌剂对0、1年连作大豆成熟期生物量、根际土壤AMF孢子密度、AMF侵染率及根腐病病情指数的影响,以及*R. intraradices*对大豆根际土壤百菌清残留量的影响。结果表明,接种*R. intraradices*菌剂可以提高大豆植株的生长及养分吸收,显著增加大豆植株生物量、AMF侵染率及AMF孢子密度,同时*R. intraradices*及百菌清均对大豆根腐病有防治效果,且相比于百菌清,*R. intraradices*菌剂在防治根腐病的基础上改善了根际土壤微环境、增加根系发达程度等;在不同的连作年限下,*R. intraradices*菌剂均可显著降低土壤中百菌清残留量,且在接种菌剂+百菌清处理组中,0年连作大豆百菌清残留量最低。

关键词:连作大豆;根内根孢囊霉;生物量;根腐病;百菌清残留

中图分类号:S435.651 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)14-0153-06

大豆是全球第四大粮食作物,也是我国重要的油料作物^[1],具有较高的营养价值以及多种有益于人体健康的活性物质^[2]。近年来,为了追求大豆产量,不断在同一土地上连续种植大豆,导致连作障碍^[3]。大豆连作会降低土壤pH值^[4],使土壤有机化合物(糖、有机酸和脲酶等)增加,从而有利于根腐病致病菌的生长^[5-6],根腐病是大豆连作障碍的直接体现,人们常用百菌清防治大豆等作物根腐病病害^[7]。百菌清是最常用的取代苯类杀菌剂^[8-10],

具内吸性广谱性等特点,可通过接触真菌细胞并抑制与谷胱甘肽相关的细胞呼吸酶而起杀菌作用^[11],该农药在环境中非常稳定,半衰期长,蓄积毒性显著。现有研究表明,在许多蔬菜和水果如卷心菜、黄瓜、大豆中均可以检测到百菌清残留,这已产生了严重的食品安全威胁^[12]。

大量研究表明,丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhiza fungi,简称AMF)对土壤中阿特拉津、多环芳烃、双对氯苯基三氯乙烷(DDT)及对硫磷等农药残留的降解具促进作用^[13]。AMF广泛存在于植物根际,是最重要的土壤微生物之一,可与80%的陆地植物形成植物-微生物共生体,在土壤肥力、植物营养、诱导植物抗性及其次生代谢等方面发挥着

收稿日期:2022-09-13

基金项目:黑龙江省重点研发计划指导类项目(编号:GZ20210166)。

作者简介:接伟光(1981—),男,山东莱阳人,博士,副教授,研究方向为微生物资源挖掘与利用。E-mail:jieweiguang2007@126.com。

[17]孙金秋,任相亮,胡红岩,等. 农田杂草群落演替的影响因素综述[J]. 杂草学报,2019,37(2):1-9.

[18]李昌新,赵锋,芮雯奕,等. 长期秸秆还田和有机肥施用对双季稻田冬春季杂草群落的影响[J]. 草业学报,2009,18(3):142-147.

[19]董春华,曾希柏,文石林,等. 长期施肥对红壤双季稻冬闲田春季杂草群落的影响[J]. 中国生态农业学报,2015,23(9):1150-1157.

[20]张海艳,朱荣松,孙国俊,等. 不同施肥方式对稻麦轮作制稻田杂草群落的影响[J]. 杂草学报,2016,34(1):50-55.

[21] Yin L C, Cai Z C, Zhong W H. Changes in weed community

diversity of maize crops due to long-term fertilization[J]. Crop Protection,2006,25(9):910-914.

[22]李儒海,强胜,邱多生,等. 长期不同施肥方式对稻油轮作制水稻田杂草群落的影响[J]. 生态学报,2008,28(7):3236-3243.

[23]汤雷雷,万开元,陈防. 养分管理与农田杂草生物多样性和遗传进化的关系研究进展[J]. 生态环境学报,2010,19(7):1744-1749.

[24]Navas M L. Trait-based approaches to unravelling the assembly of weed communities and their impact on agro-ecosystem functioning[J]. Weed Research,2012,52(6):479-488.

重要作用^[14]。同时,AMF能够提高土壤酶活性,如磷酸酶和脱氢酶等^[15],增加土壤微生物活性及改变根系菌群的结构,对清除土壤中有机污染物有重要作用^[13]。Huang等接种幼套球囊霉(*Glomus etunicatum*)后发现菌根和根外菌丝可促进阿特拉津在土壤中的降解,改变土壤酶活性和总磷脂脂肪酸^[16];Wu等发现,AMF可显著增加根际土壤中细菌和真菌脱氢酶的活性^[17];Huang等发现,AMF对玉米根中阿特拉津的降解率较高。然而,关于AMF对百菌清残留量影响的研究较少^[18]。本研究探究根内根孢囊霉(*Rhizophagus intraradices*)菌剂对0年连作和1年连作大豆成熟期主要生物量、根腐病发病率及大豆根际土壤百菌清残留量的影响,旨在为改善黑龙江省大豆连作障碍、减少大豆中百菌清残留及生物菌剂的田间应用提供理论基础。

1 材料与方 法

1.1 材料与试剂

大豆品种为黑农48(病害敏感型高蛋白品种),购自黑龙江省农业科学院;试剂有百菌清(质量分数为75%,南京利民化工有限责任公司),乙腈、丙酮、正己烷(色谱纯,天津市科密欧化学试剂有限公司),氯化钠、百菌清标准品(质量分数 $\geq 99.0\%$,天津市科密欧化学试剂有限公司)。

AMF菌剂:根内根孢囊霉(*R. intraradices*)由黑龙江东方学院食品工程学院实验室制备。利用紫花苜蓿扩繁制得菌剂:土壤与细沙过筛后,以土壤、细沙和蛭石(体积比为5:2:3)混合物为基质,121℃间歇1h灭菌保存,随后将播种容器表面消毒后装入2/3灭菌基质,浇适量无菌水后均匀撒入40g *R. intraradices*母菌剂,洒少量无菌水覆上述灭菌基质0.5cm,均匀撒入25g紫花苜蓿种子,洒少量无菌水,覆上述灭菌基质3cm,洒少量无菌水,定期浇水;最后于出芽后种植4个月后收获菌剂。

1.2 仪器与设备

试验设备有不锈钢提式灭菌锅(上海申安医疗器械厂)、电热鼓风干燥箱(上海一恒科技有限公司)、电热恒温水浴锅、电热恒温培养箱、生化培养箱(上海一恒科学仪器有限公司)、体式显微镜(北京泰克仪器有限公司)、光学显微镜(麦克奥迪实业集团有限公司)、双人单面净化工作台(苏州净化设备有限公司)、气相色谱仪(安捷伦科技有限公司)、匀浆机(广州仪科实验室技术有限公司)、氮吹仪(北

京优晟联合科技有限公司)、pH值计[梅特勒-托利仪器(上海)有限公司]、台式微量高速离心机(湘仪离心机仪器有限公司)、电泳仪(北京市六一仪器厂)、凝胶成像分析系统(美国Protein Simple公司)。

1.3 试验设计

本试验于2019年5—10月在黑龙江东方学院试验田进行,试验大豆田分为2个主区域,即连作0年大豆田(0年)和连作1年大豆田(1年)。大豆播种日期为5月3日,收获日期为2019年9月30日。试验采用随机区组设计,每个主区域设为2个处理:喷洒百菌清,B;接种*R. intraradices*菌剂+喷洒百菌清,RB。每个处理为1个小区,每个小区面积为20m²,垄间距约为45cm,每个主区域3次重复。将*R. intraradices*菌剂距离表层土4cm均匀撒下,后将大豆种子撒在菌剂上方,每小区均使用菌剂200g;将80g百菌清溶于60L(每667m²用量)水后,有效浓度为80mg/mL。在大豆出苗后60、90d喷洒,每个百菌清处理小区喷洒5.5L,4个农药小区,共记22L。大豆出苗后150d进行取样,随机选择不同处理的大豆植株3株及其根际土壤。

1.4 大豆主要生物量测定

试验于大豆成熟期进行取样,随机选择不同处理的大豆植株3株,测定其株高、茎粗、根干质量、地上干质量和百粒质量。大豆植株的株高从茎与根的连接处开始至植株的最高点;茎粗是量取大豆植株根与茎部连接处的粗度;根干质量是以茎与根连接点为标记,取大豆植株根,测定其干质量;地上干质量是以茎与根连接点为标记,取大豆植株地上部分,杀青后以80℃将大豆植株烘干至质量不再变化测定其质量;百粒质量是在大豆成熟期,从每个处理中随机选取100粒大豆,测定其质量。

1.5 大豆根际土壤AMF孢子密度测定

在大豆成熟期时利用湿筛倾析法测定大豆根际土壤AMF孢子密度。称取50g土样于烧杯中,加入100mL蒸馏水后浸泡30min。将筛子孔径数目为由上至下以40~280目摆好,上层3/4的上清液集中一点缓慢倒入上层筛子中,接着继续向烧杯中加入50mL蒸馏水,重复操作,直到烧杯中土壤溶液澄清后,将其全部倒入筛网中,用蒸馏水轻轻冲洗各筛面上的筛出物,将280目筛子上的残余物用蒸馏水冲洗到100mL的离心管中,3000r/min离心3min,离心后立即弃去上清液,并重复1次后将60mL60%蔗糖溶液倒入管内,用玻璃棒缓慢搅动

使沉淀充分悬浮,离心 2 min 后再次搅动沉淀重复离心 1 次。将清液滤于 280 目筛,用无菌水冲去蔗糖后缓慢冲至 85 mm 平皿内。实体显微镜下记录 40 个视野的孢子数量。

1.6 大豆侵染率的测定

在大豆成熟期时随机选取大豆根系 50 个根段,用碱性品红法测定 AMF 侵染率,方法如下。

采用碱性品红法测定 AMF 侵染率。首先随机选取 50 个根样用蒸馏水冲洗干净后晾干,切成约 1 cm 长的小根段后于福尔马林 - 醋酸 - 乙醇 (FAA) 固定液中浸泡 4 h 以上,随后取出根段,用蒸馏水反复冲洗晾干后放入 10% KOH 溶液的试管中完全浸泡,于 90 °C 水浴锅中加热 1 h 后,倒掉 KOH 溶液,用蒸馏水冲洗根样直至溶液澄清,随后向试管中加 5% 乳酸溶液浸泡 5 min 后,在试管中加入酸性品红染色液,水浴 90 °C 加热 1 h 后,将根样取出,于乳酸甘油溶液中浸泡脱色后,将根样置于甘油中,最后将根样置于载玻片上进行观察。

AMF 侵染率 = (AMF 侵染的根段数/检测根段数) × 100%, 每个处理重复 3 次。

1.7 大豆根腐病发病率的测定

在大豆成熟期时取不同连作年限各处理大豆完整根系,用自来水将根部冲洗干净,自然阴干。参照表 1 评定大豆根腐病的病情指数,每个处理重复 3 次。

表 1 大豆根腐病病情指数

病情指数	发病特征
0	无病斑
1	主根没有变化,须根根尖有零星病斑
2	主根有成片零星病斑
3	病斑面积占根面积的 25%
4	病斑面积占根面积 30% 以上,且病斑绕茎成片
5	病斑面积占根面积 50% 以上

1.8 百菌清残留测定方法

1.8.1 色谱条件 色谱柱:弗罗里矽柱;柱温:270 °C;进样口温度:200 °C;检测器温度:320 °C;载气:氮气;流速:1 mL/min;进样方式:分流进样,进样比 10 : 1;进样量:1.0 μL。

1.8.2 百菌清残留测定 首先将大豆成熟期土壤样品过筛,备用。称取 5.0 g 样品并加入 10 mL 乙腈放入匀浆机中匀浆 2 min,滤纸过滤,将清液滤至含有 1 g NaCl 的 100 mL 具塞量筒中,收集滤液 5 mL,置于超声波清洗仪中振荡 1 min 使有效成分

充分溶解后,室温静置 30 min 使乙腈相与水相分离,随后从原溶液中移取 10.00 mL 乙腈溶液置于烧杯,80 °C 水浴,通入氮气,蒸发近干后加入 2 mL 正己烷,盖上铝箔,待净化;随后将 5 mL 丙酮 - 正乙烷 (体积比为 1 : 9) 混合溶剂、5 mL 正乙烷淋至固相萃取色谱柱中,溶剂将至色谱柱表层时,立即加入上述净化液,用刻度离心管收集洗脱液,然后使用 5 mL 混合溶剂淋洗固相萃取色谱柱 2 次,对装有净化的离心管进行氮吹,50 °C 水浴,溶剂小于 5 mL 后用正乙烷定容至 5 mL,在振荡器上混合后待测。

1.8.3 百菌清残留量计算 定性分析:以试样中未知成分保留时间,对比同方法下标准样品的保留时间,相差在 ±0.05 min 内,即确定为同一物质。

定量结果计算:测得样品百菌清残留量以质量分数 ω 计,单位为 mg/kg。

$$\omega = \rho \times \frac{V_1 \times A \times V_3}{V_2 \times A_s \times m};$$

式中: ρ 表示百菌清标准品质量浓度,mg/L;A 表示样品中百菌清峰面积; A_s 表示百菌清标准品峰面积; V_1 表示样品液体体积,mL; V_2 表示进样液体体积,mL; V_3 表示样品定容体积,mL; m 表示试样质量,g;计算结果保留 2 位有效数字。

1.9 数据处理

使用 SPSS 22.0 软件处理数据及计算标准差,数据均使用 3 次重复均值 ± 标准差表示,显著水平为 $P < 0.05$,使用 Origin 8.5 软件作图。

2 结果与分析

2.1 *R. intraradices* 菌剂和百菌清对大豆主要生物量的影响

表 2 为不同连作年限下大豆植株的生物量。由表 2 可知,随着连作年限增加,大豆植株株高、茎粗、根干质量、地上干质量和百粒质量逐渐减低,且不同试验处理对大田大豆植株各项生物量影响不同。0 年连作大豆接种菌剂后,鲜质量、株高、茎粗、根长和百粒质量比对照组分别增加 16%、20%、82%、45%、9%,与百菌清处理组相比,分别增加 7%、8%、36%、27%、4%,说明接种 *R. intraradices* 菌剂可使大豆主要生物量明显增高,且相比于百菌清,菌剂更有促生作用。1 年连作大豆接种菌剂后,大豆主要生物量分别增加 19%、20%、101%、56% 和 10%,与 1 年连作百菌清处理组相比,分别增加了 12%、4%、51%、11% 和 2%,该种变化趋势与 0 年

连作大豆变化趋势相似。接种菌剂后,0 年连作和 1 年连作大豆主要生物量比对照组增加了 9% ~ 101%。喷洒百菌清后,0 年连作大豆株高、根干质量、百粒质量比对照组分别增加 8%、33% 和 6%,茎粗和地上干质量无显著变化,1 年连作大豆株高、茎粗、根干质量、地上干质量、百粒质量与空白对照相比分别增加 7%、15%、34%、41% 和 8%,表明喷洒百菌清对 0 年连作大豆部分生物量影响较小。喷洒百菌清后,与空白对照相比,0 年连作和 1 年连作大豆主要生物量增加了 6% ~ 41%。当菌剂和百菌清混合施用,对比 0 年连作大豆对照组植株株高、茎粗、根干质量、地上干质量和百粒质量分别增加

19%、26%、60%、56% 和 7%,与菌剂单独作用相比,株高、茎粗和地上干质量增加 3%、5%、8%,根干质量降低 12%,百粒质量无显著变化 ($P > 0.05$),与百菌清单独作用相比,株高、茎粗、根干质量、地上干质量和百粒质量分别增加 10%、13%、20%、37% 和 1%,表明 *R. intraradices* 菌剂可改善土壤环境,促进大豆根系中干物质的积累和转运,比菌剂和农药混合施用更有利于提高大豆生物量。而 CK 1 年连作大豆对比 0 年连作株高、茎粗、根干质量、地上干质量和百粒质量分别降低 4%、8%、24%、26% 和 21%,表明连作可导致土壤环境改变,显著降低大豆生物量。

表 2 *R. intraradices* 和百菌清对大豆成熟期主要生物量的影响

连作方式	处理	株高 (cm)	茎粗 (cm)	根干质量 (g)	地上干质量 (g)	百粒质量 (g)
0 年连作	CK	75.28 ± 2.36cd	0.88 ± 0.12ab	2.84 ± 0.47cd	25.63 ± 0.49cd	24.64 ± 1.21b
	B	81.51 ± 5.44bc	0.98 ± 0.17ab	3.79 ± 0.47bc	29.24 ± 4.93bcd	26.01 ± 0.17ab
	R	87.31 ± 1.96ab	1.06 ± 0.08ab	5.17 ± 0.67a	37.17 ± 3.06ab	26.94 ± 1.01a
	RB	89.71 ± 3.60a	1.11 ± 0.12a	4.54 ± 0.16ab	40.01 ± 8.64a	26.20 ± 0.10a
1 年连作	CK	72.35 ± 2.27d	0.81 ± 0.09b	2.16 ± 0.38d	19.04 ± 1.38d	19.48 ± 0.63d
	B	77.15 ± 3.18cd	0.93 ± 0.10ab	2.89 ± 0.45cd	26.78 ± 3.14bcd	20.96 ± 0.50cd
	R	86.41 ± 1.18ab	0.97 ± 0.06ab	4.35 ± 0.45ab	29.74 ± 2.82abc	21.40 ± 1.16c
	RB	84.38 ± 1.31ab	1.01 ± 0.09ab	3.83 ± 0.43bc	32.70 ± 6.17abc	22.15 ± 0.75c

注:R、CK 分别表示接种 *R. intraradices* 菌剂及对照;B、RB 分别表示喷洒百菌清、接种 *R. intraradices* 菌剂 + 喷洒百菌清;同列数据后不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著,下表同。

2.2 *R. intraradices* 菌剂和百菌清对大豆根际土壤

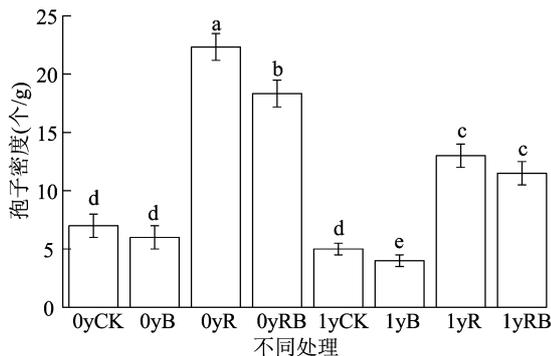
AMF 孢子密度、AMF 侵染率和根腐病发病率的影响

2.2.1 不同处理对 AMF 孢子密度的影响

由图 1 可知,接种 *R. intraradices* 菌剂后可显著提高土壤中 AMF 孢子密度,说明 *R. intraradices* 与本试验样地土著 AMF 之间无竞争作用,在侵染、发育及繁殖方面相互促进共同生长;随着连作年限的增加,各处理 AMF 孢子密度逐渐降低。由喷洒百菌清处理组、接种 *R. intraradices* 菌剂并喷洒百菌清处理组可以看出,百菌清对 AMF 孢子密度有一定抑制作用,可能的原因是百菌清对大豆根际土壤产生一定毒性作用,进而降低了 AMF 孢子密度。

2.2.2 不同处理对 AMF 侵染率的影响

大豆在幼苗期时,AMF 即可侵染大豆根系(0 年连作、1 年连作)形成共生关系,无论是接种 *R. intraradices* 菌剂、喷洒百菌清及 *R. intraradices* 菌剂与百菌清混合处理,AMF 均可和 大豆形成菌根共生体,并随着大豆生长时间的增加而不断增加,且不同处理的 AMF 侵



0y 代表 0 年连作; 1y 代表 1 年连作。下同
图 1 不同试验处理对 AMF 孢子密度的影响

染率均在大豆成熟期时达到最高。

此外,由图 2 可知,接种 *R. intraradices* 菌剂可显著提高连作大豆 AMF 的侵染率;由接种 *R. intraradices* 菌剂处理组和接种 *R. intraradices* 菌剂并喷洒百菌清处理组对比可以看出,百菌清对 AMF 有一定的刺激作用,会提高其对大豆的侵染率,但随着大豆生长的推移这种刺激作用逐渐减弱,大豆

成熟期时转为抑制作用。同时,随着连作年限的增加,大豆 AMF 侵染率大体呈增长趋势。

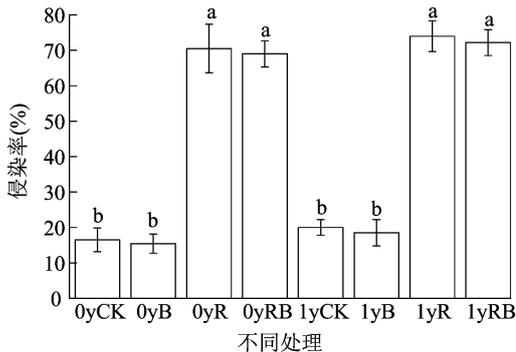


图2 不同试验处理对大豆 AMF 侵染率的影响

2.2.3 不同处理对根腐病病情指数的影响 大豆成熟期时不同处理对连作大豆根腐病病情指数的影响如图3所示,可以看出不同连作年限及接种处理,大豆根腐病的病情指数不同。从CK来看,大豆根腐病病情指数随着连作年限的增加而增加,说明连作会使大豆植株病情加重。由图3还可以看出,百菌清在大田防治大豆根腐病有良好的应用效果,但在不同的连作年限下防治效果不同,可能的原因是土壤中不同的微生物菌群结构导致的。接种 *R. intraradices* 菌剂后,不同连作年限大豆根腐病病情指数均有下降,说明接种 *R. intraradices* 菌剂对不同连作年限大豆根腐病均有防治效果。

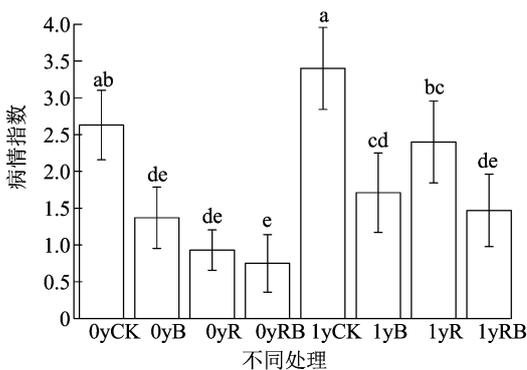


图3 不同处理下大豆根腐病情指数

2.3 *R. intraradices* 菌剂对大豆及根际土壤百菌清残留量的影响

大豆成熟期时不同处理土壤中百菌清残留情况如图4所示。由图4可以看出,随着连作年限的增加,大豆根际土壤中百菌清残留量增加,但不显著,可能是由连作障碍引起的大豆根际土壤性质发生改变,进而影响百菌清的降解。

百菌清在土壤中的降解以细菌为主,如土壤中存在大量的芽孢杆菌 (*Bacillus* sp.) 和肠杆菌

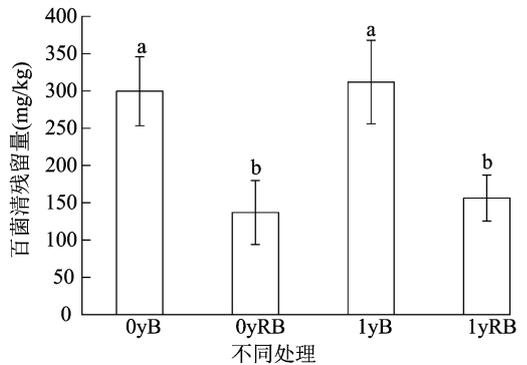


图4 不同试验处理对大豆根际土壤中百菌清残留量的影响

(*Enterobacter* sp.), 可对百菌清进行分解代谢,由连作土壤高通量测序分析结果可知大豆连作会抑制细菌的生长繁殖、改变根际土壤的菌群结构,显著降低细菌的丰度,从而导致百菌清的降解受阻。由接种 *R. intraradices* 菌剂并喷洒百菌清处理组可以看出,*R. intraradices* 可显著降低大豆根际土壤中百菌清的残留量,目前 AMF 对土壤中有有机污染物的降解机制尚不清楚,本研究接种 *R. intraradices* 菌剂并喷洒百菌清处理组可降低百菌清残留量可能的原因是 *R. intraradices* 对土壤中百菌清降解有关酶及土著降解菌生物活性具有积极的促进作用,菌根圈效应可显著提高根际土壤包括百菌清降解菌在内的多种微生物及土壤酶的生物活性^[19],这可能是百菌清残留量降低的主要原因。此外,研究发现 AMF 可加速土壤中多数有机污染物的降解速率,如阿特拉津、多环芳烃及 DDT 等^[20]。

3 结论与讨论

本试验通过测定不同处理、不同连作年限对大豆成熟期时植株主要生物量、根腐病病情指数及百菌清残留量的影响,结果表明,接种 *R. intraradices* 菌剂、喷洒百菌清均可以显著提高大豆生物量,且 *R. intraradices* 菌剂与百菌清相比作用更全面、持久且环保;接种 *R. intraradices* 菌剂会显著提高 AMF 的侵染率及 AMF 孢子密度,连作及百菌清对 AMF 孢子密度有抑制作用;连作会提高大豆根腐病病情指数,*R. intraradices* 及百菌清对大豆根腐病均有防治效果,且相比于百菌清直接抑制致病菌外,*R. intraradices* 菌剂还可以改善根际土壤环境、增加根系发达程度等。程蛟等的试验证明,田间施加不同的 AMF 菌剂可以提高大豆的生物量;在大豆连作苗期接种根内根孢囊 (*R. intraradices*) 可改变根际真菌群落组成,能显著降低大豆根腐病的病情指

数^[21-22];Frey - Klett 等的试验表明,植物分泌的萜内酯是帮助 AMF 定位宿主的萌发信号,可刺激 AMF 菌丝的生长,促进 AMF 侵染^[23]。

喷洒百菌清后,农药在大豆根际土壤中形成不同程度的残留,随着连作年限的增加,土壤中百菌清的残留较多,说明百菌清在自然环境中不易被完全降解,同时连作障碍会抑制降解菌的生理活性,延长百菌清在土壤中完全降解的时间。在不同的连作年限下,*R. intraradices* 菌剂均可降低土壤中百菌清的残留量,说明 *R. intraradices* 对土壤中百菌清的降解有促进作用。*R. intraradices* 也可能直接参与了百菌清的降解,Sogorb 等的研究表明,微生物主要通过产生还原酶、水解酶等对百菌清进行降解^[24],同时 Singh 等研究发现,AMF 的菌丝可以产生水解酶来分解土壤中多数有机物,很有可能也参与百菌清的分解,AMF 既可以促进土壤中有有机物的分解,又可以加速植物及根际细菌对土壤中有有机质的利用^[25]。

参考文献:

[1] Zhao X, Jiang H P, Feng L, et al. Genome - wide association and transcriptional studies reveal novel genes for unsaturated fatty acid synthesis in a panel of soybean accessions [J]. BMC Genomics, 2019,20(1):68.

[2] Jie W G, Lin J X, Guo N, et al. Community composition of rhizosphere fungi as affected by *Funneliformis mosseae* in soybean continuous cropping soil during seedling period [J]. Chilean Journal of Agricultural Research, 2019,79(3):356 - 365.

[3] 蔡秋燕, 阳显斌, 孟祥, 等. 不同连作年限对植烟土壤性状的影响 [J]. 江西农业学报, 2020,32(10):93 - 98.

[4] 吴凤芝, 朱维伟. 不同轮作模式对黄瓜幼苗生长及土壤化学性质的影响 [J]. 东北农业大学学报, 2020,51(5):1 - 9.

[5] 吴风云, 崔秀明, 杨野, 等. 不同施肥处理调节土壤 pH 值对三七发病率及其生长的影响 [J]. 云南大学学报(自然科学版), 2017,39(5):908 - 914.

[6] Sun J B, Peng M, Wang Y G, et al. The effects of different disease - resistant cultivars of banana on rhizosphere microbial communities and enzyme activities [J]. FEMS Microbiology Letters, 2013, 345(2):121 - 126.

[7] 孙浩, 姚中统, 刘洋, 等. 黑龙江省大豆田农药用量及未来变化趋势研究与分析 [J]. 大豆科学, 2018,37(6):932 - 942.

[8] 陈秋森, 陈凤琼, 刘汉林, 等. 外源褪黑素对菜用大豆残留百菌清和多菌灵降解的影响 [J]. 中国油料作物学报, 2022,44(4):893 - 900.

[9] 高庆超, 胡家萌, 李亚辉, 等. 吡虫啉、苯醚甲环唑和百菌清在甘蓝中的消解及残留分布 [J]. 农药学报, 2021,23(6):1213 - 1218.

[10] 张德胜, 白瑞英, 乔奇, 等. 甲基硫菌灵和百菌清浸苗防治甘

薯黑斑病的影响因素分析 [J]. 农药学报, 2021,23(2):331 - 340.

[11] 郭继平. 不同药剂对茼蒿炭疽病菌的抑菌效果 [J]. 北方园艺, 2012(21):118 - 119.

[12] Jiang B, He J R, Yang S Q, et al. Fusion of machine vision technology and AlexNet - CNNs deep learning network for the detection of postharvest apple pesticide residues [J]. Artificial Intelligence in Agriculture, 2019,1:1 - 8.

[13] Wu N Y, Zhang S Z, Huang H L, et al. Enhanced dissipation of phenanthrene in spiked soil by arbuscular mycorrhizal alfalfa combined with a non - ionic surfactant amendment [J]. The Science of the Total Environment, 2008,394(2/3):230 - 236.

[14] Song J, Han Y Y, Bai B X, et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in rhizosphere soils of the Chinese medicinal herb *Sophora flavescens* Ait [J]. Soil and Tillage Research, 2019,195:104423.

[15] Yu Z, Liang K N, Wang X B, et al. Alterations in arbuscular mycorrhizal community along a chronosequence of teak (*Tectona grandis*) plantations in tropical forests of China [J]. Frontiers in Microbiology, 2021,12:737068.

[16] Huang H L, Zhang S Z, Wu N Y, et al. Influence of *Glomus etunicatum/Zea mays* mycorrhiza on atrazine degradation, soil phosphatase and dehydrogenase activities, and soil microbial community structure [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2009,41(4):726 - 734.

[17] Wu N Y, Zhang S Z, Huang H L, et al. DDT uptake by arbuscular mycorrhizal alfalfa and depletion in soil as influenced by soil application of a non - ionic surfactant [J]. Environmental Pollution, 2008,151(3):569 - 575.

[18] Huang H L, Zhang S Z, Shan X Q, et al. Effect of arbuscular mycorrhizal fungus (*Glomus caledonium*) on the accumulation and metabolism of atrazine in maize (*Zea mays* L.) and atrazine dissipation in soil [J]. Environmental Pollution, 2007,146(2):452 - 457.

[19] 周妍, 王丽娜, 张美珍, 等. 盐碱土加沙后接种溶磷菌对绿豆根际土壤细菌多样性的影响 [J]. 山东农业科学, 2022,54(6):73 - 81.

[20] Fan X X, Chang W, Sui X, et al. Changes in rhizobacterial community mediating atrazine dissipation by arbuscular mycorrhiza [J]. Chemosphere, 2020,256:127046.

[21] 程蛟. 田间接种 AM 真菌对大豆生长效应的影响 [D]. 哈尔滨:黑龙江大学, 2012.

[22] 宋福强, 程蛟, 常伟, 等. 田间施加 AM 菌剂对大豆生长效应的影响 [J]. 中国农学通报, 2013,29(6):69 - 74.

[23] Frey - Klett P, Garbaye J, Tarkka M. The mycorrhiza helper bacteria revisited [J]. The New Phytologist, 2007,176(1):22 - 36.

[24] Sogorb M A, Vilanova E. Enzymes involved in the detoxification of organophosphorus, carbamate and pyrethroid insecticides through hydrolysis [J]. Toxicology Letters, 2002,128(1/2/3):215 - 228.

[25] Singh B K, Walker A. Microbial degradation of organophosphorus compounds [J]. FEMS Microbiology Reviews, 2006,30(3):428 - 471.