干旱胁迫对玉米根际氮的有效性及其相关酶活性和细菌的影响

韩希英[1,2]，宋凤斌[1*]

(1.中国科学院东北地理与农业生态研究所，吉林 长春 130012；2.中国科学院研究生院，北京 100039)

摘　要：通过盆栽试验，研究了干旱胁迫下两基因型玉米根际有效态N及其两种相关酶活性和细菌的变化。结果表明：除白单9苗期外，干旱胁迫增加了玉米根际NH_4^+—N的含量，增加幅度为白单31>白单9；NO_3^-—N受干旱胁迫的影响比较小。干旱胁迫增加了玉米苗期根际蛋白酶的活性，减少了拔节期和抽雄～开花期的活性；脲酶活性受干旱胁迫的影响随基因型和生育时期而发生变化。干旱胁迫减弱了玉米氨化细菌的根际效应，与对照根际氨化细菌数量相比，白单31在苗期和拔节期根际氨化细菌数量受干旱胁迫的影响达极显著水平，在抽雄～开花期达显著水平；根际硝化细菌数量在干旱胁迫下有所增加。干旱胁迫改变了玉米根际NH_4^+—N和NO_3^-—N与蛋白酶、脲酶、氨化细菌和硝化细菌的相关性。

关键词：干旱胁迫；根际；氮；酶活性；细菌

中图分类号：S158.3　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：1000-7601(2007)02-0071-06

根际土壤中的养分分布是不均一的，由于植物的吸收速率和土壤中养分移动性的大小不同，养分在根际出现亏缺或累积。NH_4^+—N和NO_3^-—N在植物根际的富集或亏缺现象因植物种类、生长发育时期而不同[1～3]。根际环境对N的转化产生复杂的影响，例如：活根会促进反硝化作用[4]、根系分泌物和脱落物中含有N的成分[1,2]、土壤粘粒对铵态氮有吸附作用[2]等。土壤中存在着丰富的微生物，这些微生物的存在及其分泌的酶对土壤中氮的转化有重要作用。目前对于作物根际养分、酶活性和微生物的研究多是在正常生长条件下进行的。本文研究了干旱胁迫对玉米根际N的有效性和相关酶活性、细菌数量的影响，以期探讨玉米根际环境的旱害机理。

1　材料和方法

1.1　试验材料

选用吉林省西部主推玉米品种白单9和白单31为试材。盆土采自白城市农业科学院试验田耕层土，土壤类型为黑钙土，其田间持水量为21%。供试土壤基本性质见表1。

表1　供试土壤基本性质

Table 1　Basic characteristics of soil tested

土壤 Soil	全N Total N (g/kg)	全P Total P (g/kg)	全K Total K (g/kg)	速效N Avai·N (mg/kg)	速效P Avai·P (mg/kg)	速效K Avai·K (mg/kg)	pH	有机质 O·M·(%)
黑钙土 Chernozem	0.36	0.16	13.17	47.88	11.07	85.83	8.31	1.36

1.2　盆栽试验

试验采用单株盆栽方式，在吉林省白城市农业科学院防雨棚内进行。试验用塑料盆直径30 cm，高31 cm。每盆装土17 kg，施玉米专用肥(含N 11%、P_2O_5 10%、K_2O 10%)20 g为底肥，并在大喇叭口期追施尿素8 g/盆。

试验设干旱胁迫(土壤含水量为田间持水量的40%～45%)和对照(土壤含水量为田间持水量的75%左右)两个处理。在苗期、拔节期、抽雄～开花期对玉米进行干旱胁迫处理，待盆土水分自然降至胁迫水平后持续6 d，第7 d进行取样，其余时间均为正常供水。干旱处理前，每个基因型选取长势一致的玉米各3盆，称重，测得生物量。处理期间每天早晨8:00用称重法控制土壤水分含量，期间生物量

收稿日期：2006-07-11

基金项目：中国科学院知识创新工程重大项目(KZCX1－SW－19)

作者简介：韩希英(1979－)，女，山东潍坊人，博士研究生，研究方向为作物生理生态。

* **通讯作者**：宋凤斌，E-mail：songfb@neigae.ac.cn。

中国知网 http://www.cnki.net

增加量忽略不计。

1.3 取样方法

根际土壤的收集采用剥落分离法(抖动法)。取样时将带土的植株从盆中取出,轻轻抖动,视抖落下来的土为非根际土,粘附在根系上的土为根际土,每次取样采用3次重复。

1.4 测定方法

土壤全N、P、K,速效N、P、K,有机质,NH_4^+—N和NO_3^-—N等理化性质的测定均按照参考文献[5]进行。

蛋白酶:А. Ш. галстян 与 Э. А. Арутюнян 法[6]。

脲酶:G·Hoffmann 与 K·Teicher 法[7],培养24 h。

氨化细菌:最大概率法(奈斯试剂);培养基:蛋白胨琼脂培养[8]。

硝化细菌:最大概率法(格利斯试剂);培养基:改良Stephensen培养基[8]。

2 结果与分析

2.1 干旱胁迫下玉米根际土壤有效氮的变化

因为在孕穗期对玉米追施了尿素,所以抽雄~开花期土壤中N的含量明显高于苗期和拔节期(图1,2)。从图1可以看出,正常供水下,玉米根际NH_4^+—N在苗期和拔节期高于非根际。根系分泌物中有机氮化合物和根际微生物量氮的矿化以及土壤粘粒对矿化产物铵态氮的吸附是造成NH_4^+—N富集的原因[2]。但在抽雄~开花期玉米根际NH_4^+—N低于非根际,这可能是由玉米在这一时期对土壤NH_4^+—N的吸收速率较高、并且向地上部转运速率较高引起的[3]。

在干旱胁迫下,玉米根际NH_4^+—N在3个生育时期均高于非根际,而且除白单9苗期外,也都高于对照,这可能是干旱胁迫抑制了玉米根系对NH_4^+—N的吸收造成的。从两个基因型来看,白单31根际NH_4^+—N的增加幅度明显高于白单9。在拔节期,白单31干旱胁迫下根际土壤NH_4^+—N含量比对照增加了105.94%,比干旱胁迫下白单9增加了29.56%(图1)。玉米根际土壤中NO_3^-—N的含量明显高于NH_4^+—N(图1,2),这与吴龙华等[3]的研究结果一致。正常供水下玉米根际NO_3^-—N的变化与NH_4^+—N相似,干旱胁迫对NO_3^-—N的影响相对较小:玉米苗期白单9根际NO_3^-—N呈低于对照趋势,白单31则有高于对照趋势;拔节期白单9和白单31均高于对照;抽雄~开花期白单9低于对照;白单31略高于对照(图2)。

2.2 干旱胁迫下玉米根际土壤蛋白酶活性的变化

蛋白酶能酶促土壤中的蛋白物质分解成肽,进而将肽水解成氨基酸,因而它在一定程度上反映土壤的氮素营养状况。由于土壤中蛋白酶来源于微生物和根系的释放[9],所以玉米根际土壤蛋白酶活性明显高于非根际,这和前人的研究结果一致[10~12]。干旱胁迫下玉米苗期根际蛋白酶活性增加,能分解较多的蛋白物质,为玉米提供可利用态N,这可能是玉米苗期受旱减产比较小的原因之一。拔节期和抽雄~开花期干旱胁迫明显降低了玉米根际蛋白酶的活性。从变化幅度来看,白单9和白单31在苗期、抽雄~开花期变化相差不大,在拔节期白单31比对照下降了34.87%,达极显著水平;白单9的下降了26.88%,达显著差异水平(图3)。因蛋白酶活性和根系分泌物[11]、微生物的群落组成相关[13],所以蛋白酶活性的变化说明干旱胁迫下玉米根系分泌物和微生物的组成均可能发生变化。

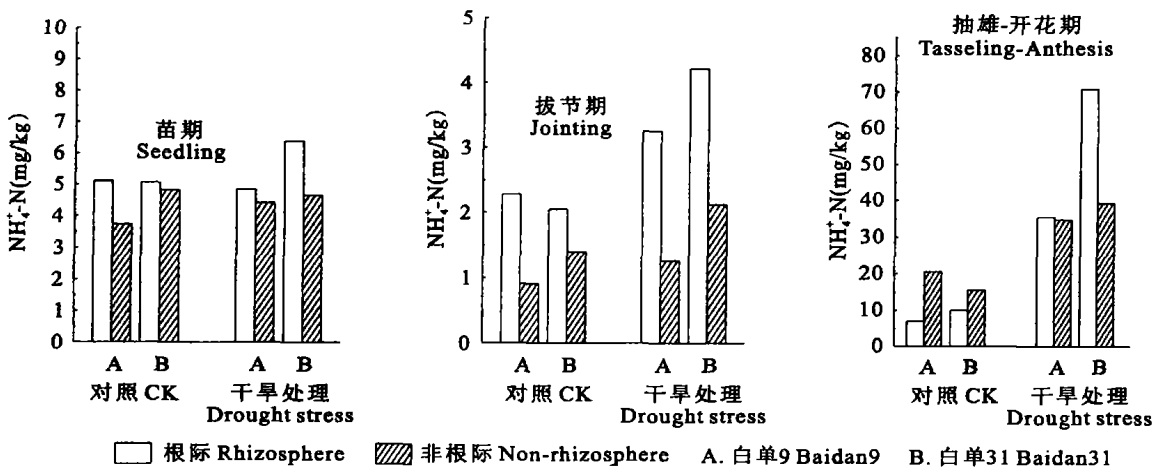

图1 干旱胁迫下玉米根际土壤NH_4^+—N的变化

Fig·1 Changes of rhizospheric NH_4^+—N of maize under drought stress

中国知网 https://www.cnki.net

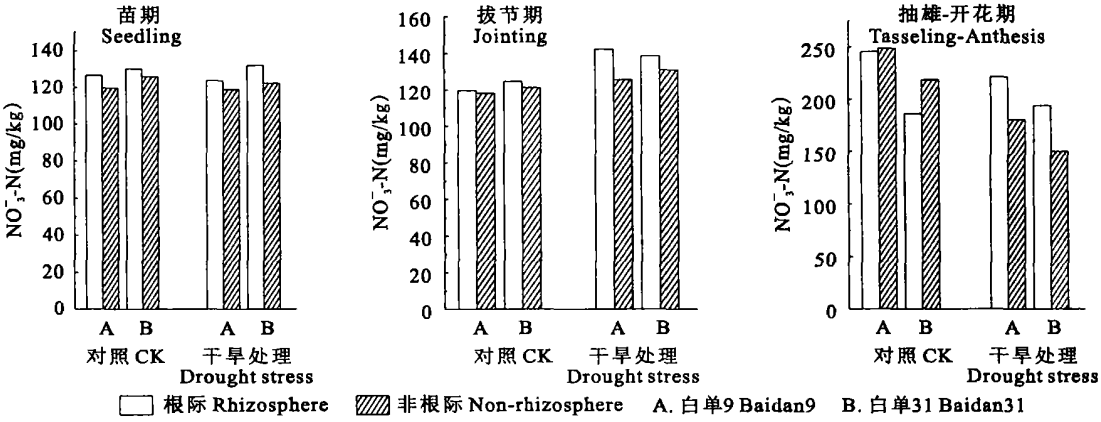

图 2　干旱胁迫下玉米根际土壤 NO_3^- − N 的变化

Fig. 2　Changes of rhizospheric NO_3^- − N of maize under drought stress

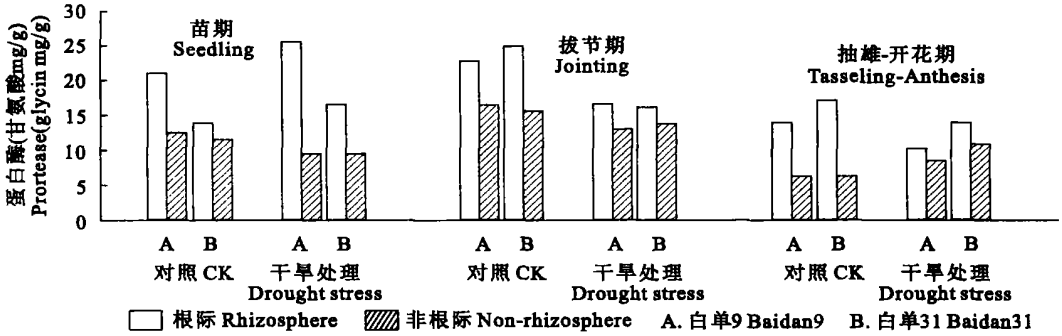

图 3　干旱胁迫下玉米根际土壤蛋白酶活性的变化

Fig. 3　Changes of rhizospheric protease activity of maize under drought stress

2.3　干旱胁迫下玉米根际土壤脲酶活性的变化

脲酶是一种高度专一性的酶,它能水解尿素释放出氨和二氧化碳。氨可供高等植物直接吸收利用。因此,脲酶的活性也常被用来表示土壤的氮素养分状况。土壤水分含量对脲酶活性的影响取决于土壤中尿素的浓度[14]。干旱胁迫条件下,玉米根际土壤脲酶活性呈现一直高于非根际的趋势,这种不同土区脲酶活性的差异可能和根系分泌物的影响有关[15]。与对照相比,白单 9 在苗期根际脲酶活性明显降低,下降幅度为 15.45%;在拔节期和抽雄～开花期变化不明显。白单 31 在苗期与对照相差不大,在拔节期低于对照 16.17%,抽雄～开花期高于对照 16.03%(图 4)。说明脲酶受干旱胁迫的影响随玉米基因型和生长发育时期不同而变化。

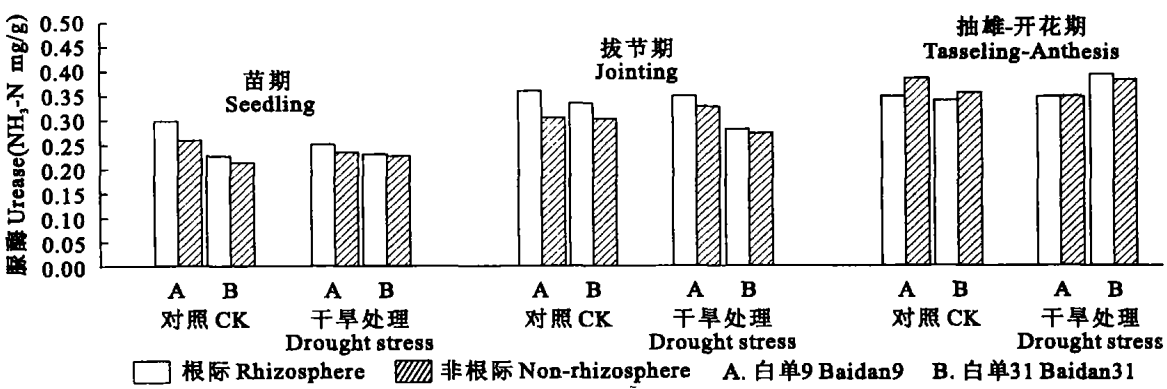

图 4　干旱胁迫下玉米根际土壤脲酶活性变化

Fig. 4　Changes of rhizospheric urease activity of maize under drought stress

中国知网　https://www.cnki.net

2.4 干旱胁迫下玉米根际氨化细菌和硝化细菌的变化

土壤中的氨化细菌能将有机氮转化为 NH_4^+—N，供植物利用。正常供水下玉米苗期根际土壤氨化细菌和非根际无明显差异，而在拔节期和抽雄～开花期有明显的根际效应。干旱胁迫一定程度上降低了玉米根际氨化细菌的数量。白单9拔节期受干旱胁迫的影响达显著水平；白单31在苗期和拔节期均极显著地受干旱胁迫的影响，在抽雄～开花期与对照的差异也达显著水平(表2)。

硝化细菌可以将 NH_4^+—N 转化为 NO_3^-—N。正常供水下玉米根际硝化细菌数量低于非根际(表2)。这是因为植物根和异养微生物都同硝化细菌竞争 NH_4^+—N，不利于硝化作用的进行[16]。干旱胁迫下除白单9苗期根际硝化细菌数量低于对照外，其余均略高于对照(表2)。张树兰[17]认为土壤含水量低于田间持水量60%时，硝化作用会明显下降；但是作为土壤硝化作用第一底物的 NH_4^+ 的增加却有可能增加硝化细菌的数量[18]。可见干旱胁迫下，玉米根际 NH_4^+—N 含量对硝化细菌的影响较大。

干旱胁迫下玉米根际氨化细菌在一定程度上减少、硝化细菌有所增多，但是其根际 NH_4^+—N 含量却高于对照，进一步说明干旱胁迫减弱了玉米根系对 NH_4^+—N 的吸收，尤其是白单31表现更为明显(表2)。

表2 干旱胁迫下玉米根际氨化细菌和硝化细菌的变化

Table 2 Changes of rhizospheric ammonifying bacteria and nitrifying bacteria of maize under drought stress

处理 Treatments		苗期 Seedling		拔节期 Jointing		抽雄～开花期 Tasseling～Anthesis	
		氨化细菌 Ammonifying bacteria ($\times10^8$)	硝化细菌 Nitrifying bacteria ($\times10^5$)	氨化细菌 Ammonifying bacteria ($\times10^8$)	硝化细菌 Nitrifying bacteria ($\times10^5$)	氨化细菌 Ammonifying bacteria ($\times10^8$)	硝化细菌 Nitrifying bacteria ($\times10^5$)
白单9+对照	R	4.83	6.82	5.31	7.17	9.67	7.12
Baidan9+Control	NR	4.90	7.62	4.10	8.10	6.70	8.43
白单9+干旱处理	R	4.83	6.35	4.33**	7.28	9.50	7.31
Baidan9+Drought stress	NR	5.10	5.93	4.30	7.60	6.60	8.19
白单31+对照	R	4.16	6.37	6.54	7.16	9.83	7.39
Baidan31+Control	NR	4.10	8.16	5.70	8.50	7.10	8.53
白单31+干旱处理	R	3.40**	6.48	4.72**	7.24	9.10*	7.51
Baidan31+Drought stress	NR	3.80	6.94	4.70	8.20	6.70	8.39

注：R—Rhizosphere，NR—Non-rhizosphere；* 和 ** 分别表示 $P<0.05$ 和 $P<0.01$。* and ** stand for $P<0.05$ and $P<0.01$.

2.5 玉米根际 NH_4^+—N、NO_3^-—N 与蛋白酶、脲酶、氨化细菌、硝化细菌的相关分析

从表3可以看出，两个不同的基因型玉米，其根际 NH_4^+—N、NO_3^-—N 与两种酶和细菌的关系不完全相同。与对照相比，干旱胁迫条件下白单9根际蛋白酶活性对 NH_4^+—N 和 NO_3^-—N 的影响有所增大；白单31根际脲酶活性的影响突出。氨化细菌与玉米根际 NH_4^+—N 和 NO_3^-—N(除正常供水下白单31根际 NH_4^+—N 以外)的相关性都达到了显著或极显著水平，说明氨化细菌对于玉米根际N的转化和循环具有重要作用。正常供水下，硝化细菌只与白单31根际 NO_3^-—N 显著相关，其余均不显著；干旱胁迫条件下，硝化细菌与玉米根际 NO_3^-—N 的相关性变得不显著，与 NH_4^+—N 的相关性却有增大趋势，其中白单31达到了显著水平，说明 NH_4^+—N 对硝化细菌的影响确实有所增大。

3 结论

正常供水下，玉米根际 NH_4^+—N 和 NO_3^-—N 的亏缺或累积随着生育时期发生变化。根际较强的蛋白酶活性和较多的氨化细菌，对于活化土壤中的N起着重要的作用。

除白单9苗期外，干旱胁迫明显增加了玉米根际 NH_4^+—N 的富集；玉米根际 NO_3^-—N 受干旱胁迫影响相对较小，而且存在基因型差异。蛋白酶活性在干旱胁迫下的变化说明根系分泌物和根际微生物的群落组成都发生了变化。根际脲酶活性受干旱胁迫的影响随基因型和生育时期的不同而变化。干旱胁迫下，玉米氨化细菌的根际效应有所减弱；相反，因为 NH_4^+—N 含量的大量增加及其对硝化细菌的影响较大，硝化细菌的根际效应有增大趋势。

中国知网

表 3　玉米根际 NH_4^+—N、NO_3^-—N 与蛋白酶、脲酶、氨化细菌、硝化细菌的相关分析

Table 3　The correlation between NH_4^+—N or NO_3^-—N and protease, urease activity, ammonifying bacteria and nitrifying bacteria

处理 Treatments		NH_4^+—N	NO_3^-—N	蛋白酶 Protease	脲酶 Urease	氨化细菌 Ammonifying bacteria	硝化细菌 Nitrifying bacteria
白单 9+对照	NH_4^+—N	1.000	0.779**	−0.344	−0.473	0.697*	−0.262
Baidan9+Control	NO_3^-—N	0.779**	1.000	−0.507	0.021	0.982**	0.222
白单 9+干旱处理	NH_4^+—N	1.000	0.912**	−0.741*	0.355	0.983**	0.501
Baidan9+Drought stress	NO_3^-—N	0.912**	1.000	−0.804**	0.409	0.906**	0.615
白单 31+对照	NH_4^+—N	1.000	0.335	−0.821**	−0.178	0.242	−0.262
Baidan31+Control	NO_3^-—N	0.335	1.000	−0.258	0.394	0.822**	0.600*
白单 31+干旱处理	NH_4^+—N	1.000	0.917**	−0.563	0.930**	0.975**	0.753*
Baidan31+Drought stress	NO_3^-—N	0.917**	1.000	−0.518	0.856**	0.889**	0.610

注:* 为 0.05 水平上显著,* * 为 0.01 水平上显著。Note: * and * * stand for $P<0.05$ and $P<0.01$.

干旱胁迫在一定程度上改变了 NH_4^+—N 和 NO_3^-—N 与各因子之间的相关性。干旱胁迫下,氨化细菌是根际 N 的转化的重要影响因素。蛋白酶和脲酶分别对白单 9 和白单 31 根际 NH_4^+—N 和 NO_3^-—N 的影响增大;NH_4^+—N 和硝化细菌的相关性也有增大趋势。

根际生态系统是一个复杂的系统,根系分泌物、微生物活动和酶活性以及土壤理化性质等因素间相互作用、相互联系。Maschner 等[12]的研究表明植物根际微生物的群落组成和与 C、N 转化有关的某些酶的活性具有相关性;根系分泌物、土壤湿度、土壤 pH、养分可利用性等也能影响根际微生物的群落组成[13,19~21]。因此对根际环境进行系统的研究是对其进行有效调控的前提。本文只是研究了干旱胁迫下玉米根际 N 的有效性和相关的部分酶活性、细菌的变化情况,对于干旱胁迫对玉米根际其它元素的循环转化和其影响因素的影响还要进行深入系统的研究,以便从系统的角度揭示玉米根际环境的旱害机理,为改善根际环境、降低干旱胁迫的影响提供依据。

参 考 文 献:

[1] 钦绳武,刘芷宇.土壤—根系微区养分状况的研究Ⅵ. 不同形态肥料氮素在根际的迁移规律[J].土壤学报,1989,26(2):117−123.

[2] 张福锁.环境胁迫与植物根际营养[M].北京:中国农业出版社,1998.91.

[3] 吴龙华,张素君,刘兰民,等.不同土壤类型和肥力玉米地土壤养分根际效应研究[J].应用生态学报,2000,11(4):545−548.

[4] Hall J M, Killham K, Paterson E. The effect of elevated CO_2 concentration and soil pH on the relationship between plant growth and rhizosphere denitrification potential[J]. Global Change Biol, 1998,4(2):209−216.

[5] 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,2000.159−162.

[6] 严昶升.土壤肥力研究方法[M].北京:农业出版社,1988.271−274.

[7] Φ.X.哈兹耶夫. 郑洪元,周礼恺,张德生译.土壤酶活性[M].北京:科学出版社,1980.111−113.

[8] 许光辉,郑洪元.土壤微生物分析方法手册[M]. 北京:农业出版社,1986.110−116.

[9] 郑洪元,张德生.土壤蛋白酶活性的测定及其性质[J].土壤通报,1981,12(3):32−34.

[10] Marumoto T. Turnover of microbial biomass nitrogen in rhizosphere soil of upland crops[A]. 17th ICSS Transactions, Int. Congress of Soil Sci[C]. Vol. Ⅲ. Kyoto, Japan, 1990.49−54.

[11] 庞欣,张福锁,王敬国.根际土壤微生物量氮周转率的研究[J].核农学报,2001,15(2):106−110.

[12] 周国英,陈小艳,李倩茹,等.油茶林土壤微生物生态分布及土壤酶活性的研究[J].经济林研究,2001,19(1):9−12.

[13] Maschner P, Grierson P F, Rengel Z. Microbial community compositeon and functioning in the rhizosphere of three Banksia species in native woodland in Western Australia[J]. Appl Soil Ecol, 2005,28:191−201.

[14] 范亚文.种植耐盐植物改良盐碱土的研究[D].哈尔滨:东北林业大学博士学位论文,2001.

[15] Yan He, Jianming Xu, Caixian Tang, et al. Facilitaiton of pentachlorophenol degradeation in the rhizosphere of ryegrass(*Lolium perenne* L.)[J]. Soil Biol Biochem, 2005,37:2017−2024.

[16] Woldendorp J W. Nutrients in the Rhizosphere[A]. International Potash Institute. Agricultural Yield Potentials in Continental Climates[C]. Bern, Switzerland:《Der Bund》A G, 1981.99−125.

[17] 张树兰,杨学云,吕殿青,等. 温度、水分及不同氮源对土壤硝化作用的影响[J].生态学报,2002,22(12):2147−2153.

[18] Aurelio M, Briones Jr, Satoshi Okabe, et al. Ammonia-oxidizing bacteria on root bilfilms and their possible contribution to N use efficiency of different rice cultivars[J]. Plant Soil, 2003,250:335−348.

中国知网 https://www.cnki.net

[19] Rumberger, A, Marschner, P. Phenylethylisothiocyanate liberated by living canola roots affects the microbial community composition in the rhizosphere[J]. Soil Biol Biochem, 2003, 35: 445—452.

[20] Maschner P, Crowley D E, Yang C H. Development of specific rhizosphere bacterial comm·unities in relation to plant species, nutriation and soil type[J]. Plant Soil, 2004, 261: 199—208.

[21] Liljeroth, E, Bååth, E, Mathiasson, I, et al. Root exudation and rhizoplane bacterial abundance of barley (*Hordeum vulgare* L.) in relation to nitrogen fertilization and root growth[J]. Plant Soil, 1990, 127: 81—89.

Effects of drought stress on Rhizospheric available N, Enzyme activities and bacteria related to N transformation in maize

HAN Xi-ying[1,2], SONG Feng-bin[1*]

(1. *Northeast Institute of Geography and Agricultural Ecology, Chinese Academy of Science, Changchun, Jilin* 130012, *China*; 2. *Graduate School of the Chinese Academy of Science, Beijing* 100039, *China*)

Abstract: Rhizospheric soil available N, enzyme activities and bacteria related to N transformation under drought stress in two genotypes of maize were investigated with a pot experiment. The results showed that except Baidan9 at seedling, rhizospheric NH_4^+—N of maize was increased under drought stress, and the increment of Baidan31 was higher than Baidan9. The changes of rhizospheric NO_3^-—N were not evident under drought stress. Rhizospheric protease activity was enhanced at seedling, but decreased at jointing and tasseling-anthesis under drought stress. Changes of rhizospheric urease activity under drought stress were different along with different genotypes and phases. Drought stress weakened the rhizosphere effect of ammonifying bacteria. Under drought stress, rhizospheric ammonifying bacterium amount of Baidan31 was very significantly different at seedling and jointing, and significantly different at tasseling-anthesis from that of control. Rhizospheric nitrifying bacteria tended to increase under drought stress. Drought stress changed the correlation of NH_4^+—N and NO_3^-—N with protease, urease activity, ammonifying bacteria and nitrifying bacteria.

Keywords: drought stress; rhizosphere; N; Enzyme activity; bacteria

(上接第70页)

Effects of different boron concentration on the morphology and growth of mung bean

LU Tao[1], XU Qiang[1,2*], YANG Li-wei[1]

(1. *Landscape greening bureau of Puyang city, Puyang, He'nan* 457000, *China*; 2. *Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi* 712100, *China*)

Abstract: Under conditions of growth chamber, hydroponic culture was employed to investigate the effects of different boron concentration on the morphology and growth of mung bean (*Phaseolus aureus* Roxb.). The results showed that limited supply of boron reduced mung bean biomass production, which was accompanied with an increased shoot to root ratio. Leaf expansion also was inhibited together with specific leaf area (SLA) by boron deficiency. The boron deficiency plant appears inter-venial chlorosis, thickening, crisping leaves and increased leaf weight ratio (LWR). Compared with optimum boron supply concentration, too high boron supply levels badly influenced plant growth, however did not induce significant changes in shoot to root ratio, which suggest that supra-optimum boron supply has similar influence on above-ground and blow-ground growth. Born toxicity led to early abscission of the older leaves, reducing total photosynthesis leaf area, but did not influence SLA or LWR.

中国知网 https://www.cnki.net

Keywords: boron; mung bean (*Phaseolus aureus* Roxb.); plant morphology; growth