

Bt 玉米丛枝菌根真菌侵染率与养分含量的变化研究*

冯远娇^{1,2,3} 陈卓娜^{1,2,3} 王建武^{1,2,3**} 杨文亭^{1,2,3} 谈凤笑^{1,2,3}

(1. 华南农业大学热带亚热带生态研究所 广州 510642; 2. 农业部生态农业重点开放实验室 广州 510642;
3. 广东省高等学校农业生态与农村环境重点实验室 广州 510642)

摘 要 本文对比了两个不同转化事件的 Bt 玉米品种“5422Bt1”和“5422CBCL”及其同源常规玉米“5422”丛枝菌根真菌侵染率和叶片及根系氮、磷、钾养分含量的变化,并分析了丛枝菌根真菌侵染率和养分含量的相关性。结果表明,在观测期间,两个 Bt 玉米品种与常规玉米之间根系丛枝菌根真菌侵染率均无显著差异,但氮、磷、钾养分含量则明显不同,丛枝菌根真菌侵染率与养分含量之间的相关性也有所改变,其变化随玉米品种、生育期以及器官不同而不同。Bt 玉米“5422Bt1”在大喇叭口期叶片全钾和根系全磷、开花授粉期叶片全磷和根系全氮、乳熟期叶片全钾以及成熟期叶片全磷和根系全氮、全钾含量均显著高于常规玉米“5422”,而大喇叭口期和开花授粉期叶片全氮、开花授粉期根系全磷和全钾以及乳熟期根系全钾含量则低于常规玉米“5422”。Bt 玉米“5422CBCL”在大喇叭口期叶片全钾和根系全氮及全钾、开花授粉期叶片全磷以及成熟期根系全氮和全钾含量显著大于常规玉米“5422”,而开花授粉期根系全磷、乳熟期根系全磷和全钾以及成熟期叶片全磷含量则小于常规玉米“5422”。相关分析表明,常规玉米“5422”和 Bt 玉米“5422CBCL”的丛枝菌根真菌侵染率与根系全氮含量及叶片全钾含量之间均呈显著正相关($P < 0.05$),而 Bt 玉米“5422Bt1”则无显著相关性($P > 0.05$)。可见,与常规玉米“5422”相比,Bt 玉米养分含量以及丛枝菌根真菌侵染率与养分含量之间相关关系与不同转化事件所形成的品种特性有关。

关键词 Bt 玉米 丛枝菌根真菌 侵染率 植株养分含量

中图分类号: S154.36; S513 文献标识码: A 文章编号: 1671-3990(2010)03-0486-06

Change in abuscular mycorrhizal fungi colonization rate and nutrient content in Bt corn

FENG Yuan-Jiao^{1,2,3}, CHEN Zhuo-Na^{1,2,3}, WANG Jian-Wu^{1,2,3}, YANG Wen-Ting^{1,2,3}, TAN Feng-Xiao^{1,2,3}

(1. Institute of Tropical and Subtropical Ecology, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;
2. Key Laboratory for Ecological Agriculture of Ministry of Agriculture, Guangzhou 510642, China; 3. Key Laboratory for Agro-ecology and Rural Environment of Guangdong Regular Higher Education Institutions, Guangzhou 510642, China)

Abstract Changes in abuscular mycorrhizal fungi colonization rate and in nitrogen, phosphorus and potassium content in Bt corn “5422Bt1” and “5422CBCL” resulting from two different transformation events along with their non-transgenic isogenic lines “5422” were investigated. Meanwhile, the correlation between abuscular mycorrhizal fungi colonization rate and nutrient content was subjected to further analysis in this study. The results indicate no significant differences among three corn cultivars in abuscular mycorrhizal fungi colonization rate for the experiment period. Remarkable differences, however, exist between Bt and non-Bt corn in-terms of nitrogen, phosphorus and potassium content. Moreover, the correlation between abuscular mycorrhizal fungi colonization rate and nutrient content varies with corn variety, growth stage and plant organ. For Bt corn “5422Bt1”, leaf total potassium and root total phosphorus at the large trumpet stage, leaf total phosphorus and root total nitrogen at flowering stage, leaf total potassium at milk stage, and leaf total phosphorus and root nitrogen and potassium at mature stage are significantly higher than those for the

* 国家自然科学基金项目(30470335, 30770402)、高等学校博士学科点专项科研基金(20094404120010)、广东省自然科学基金项目(E039254, 06025813, 8451064201001009)、广东省科技计划项目(2006B50104002, 2007A020300009-1)和华南农业大学校长基金项目(2007K037, 2008K021)资助

** 通讯作者, E-mail: wangjw@scau.edu.cn

冯远娇(1977-), 女, 汉, 博士, 助理研究员, 研究方向为转基因作物生态风险评价。E-mail: yjfeng@scau.edu.cn

收稿日期: 2009-09-02 接受日期: 2009-12-12

non-Bt corn “5422”. On the contrary, leaf total nitrogen at large trumpet and flowering stages, root total phosphorus and potassium at flowering stage, and root total potassium at milk stage tend to decrease in Bt corn “5422Bt1”. With regard to Bt corn “5422CBCL”, leaf total potassium and root total nitrogen and potassium at large trumpet stage, leaf total phosphorus at flowering stage, and root total nitrogen and potassium at mature stage are evidently higher than those for the non-Bt corn “5422”. However, root total phosphorus at flowering stage, root total phosphorus and potassium at milk stage, and leaf total phosphorus at mature stage are relatively lower than those for the non-Bt corn “5422”. The analysis shows that arbuscular mycorrhizal fungi colonization rate in non-Bt corn “5422” and Bt corn “5422CBCL” is positively correlated with root total nitrogen and leaf total potassium ($P < 0.05$). Contrarily, there is insignificant correlation between arbuscular mycorrhizal fungi colonization rate and nutrient content in Bt corn “5422Bt1” ($P > 0.05$). In comparison with non-Bt corn, the findings suggest that the changes in nutrient content along with correlation variations between arbuscular mycorrhizal fungi colonization rate and nutrient content of Bt corns are associated with the varietal characteristics induced by transformation process.

Key words Bt corn, Arbuscular mycorrhizal fungi, Colonization rate, Plant nutrient content

(Received Sept. 2, 2009; accepted Dec. 12, 2009)

近年来, 转基因作物种植面积迅速增加, 2008 年全球转基因作物种植面积达 1.25 亿 hm^2 , 其中转基因玉米种植面积占 30%^[1], 而 Bt (*Bacillus thuringiensis*) 玉米是全球商品化最快的抗虫转基因作物之一。自美国环境保护局 (Environmental Protection Agency, EPA) 将转基因作物对土壤生态系统影响的研究列为生态风险评价的重要组成部分以来^[2], Bt 玉米对土壤特异生物种群、功能类群以及土壤生物多样性和土壤生态学过程的影响倍受国内外学者的关注^[3-9]。丛枝菌根真菌 (Arbuscular mycorrhiza fungi, AMF) 是一类与土壤肥力和植物营养关系密切的重要微生物, 它可与绝大多数植物包括玉米的根系形成共生关系^[10-11], 并能扩大宿主根系吸收范围和吸收表面积, 促进宿主对土壤中矿质元素氮、磷、钾等的吸收^[12-15]。Glandorf 等^[16]在 1997 年就提出转基因生物有可能影响丛枝菌根真菌与植物的共生关系的观点。事实上, Bt 玉米的根系和根际土壤中均可以检测到 Bt 毒素的存在^[4, 17-18], 那么 Bt 玉米的种植就有可能影响到玉米与丛枝菌根真菌的共生关系进而影响玉米的养分吸收^[19-25]。

目前有关 Bt 作物种植对丛枝菌根真菌侵染率及养分含量影响的报道主要集中在 Bt 水稻的氮、磷含量^[26], Bt 棉花的 N 含量^[27-28], Bt 棉花^[25]以及 Bt 玉米^[19-20, 22, 24]的丛枝菌根真菌侵染率方面, 而尚少见同时研究 Bt 玉米丛枝菌根真菌侵染率和养分含量及其相关关系的报道。为此, 本试验以不同转化事件的 Bt 玉米品种 “5422Bt1” (Bt11) 和 “5422CBCL” (Mon810) 以及同源常规玉米 “5422” 为供试对象, 研究其丛枝菌根真菌侵染率和养分含量的变化, 分析丛枝菌根真菌侵染率和养分含量之间的相关性, 揭示 Bt 基因导入对丛枝菌根真菌侵染率和养分含量方面的非预期效应, 为 Bt 玉米的生产及安全性评价提

供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试玉米品种为美国 Beck's Superior Hybrids 公司培育的两个不同转化事件的转 Bt 基因[所导入的杀虫蛋白均为 *CryIA(b)*]玉米品种 “5422Bt1” (Bt11) 和 “5422CBCL” (Mon810), 以及非转基因同源常规玉米 “5422”, 这 3 个品种均由美国普渡大学农学系 Cindy Nakatsu 博士惠赠。

1.2 试验设计

试验在华南农业大学农学院教学实验农场的玻璃温室水泥池内进行。土壤为赤红壤, 基本性状为 pH 6.16, 有机质 $18.20 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全氮 $0.90 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全磷 $0.70 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全钾 $16.75 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。采用随机区组设计, 共 4 个小区, 每小区分别种植 3 个品种的玉米各 10 株 (株距 34 cm, 行距 75 cm), 隔 3 d 浇水。试验于 2007 年 8 月 21 日播种, 分别在 9 月 4 日、9 月 14 日和 10 月 9 日施挪威复合肥 (氮、磷、钾含量均为 16%) 1.75 kg 、 1.5 kg 和 1.5 kg , 全生育期不施任何农药。分别于播种后 36 d (大喇叭口期)、50 d (开花授粉期)、64 d (乳熟期) 和 78 d (成熟期) 在 4 个小区每品种随机选取 1 株玉米带回实验室, 将根系和叶片分开, 根系一部分用于检测丛枝菌根真菌侵染率, 剩余根系和叶片烘干粉碎后测定全氮、全磷和全钾含量。

1.3 测定方法

根系中丛枝菌根真菌侵染率的测定方法参照 Phillips 等^[29]以及 McGonigle 等^[30]的方法加以改进。将洗净后的玉米根系剪成 1 cm 长小段放入试管中, 用 FAA (甲醛: 醋酸: 50% 酒精 = 5: 5: 90) 固定液固定, 加入 10% 的 KOH 溶液, 水浴 (90 $^{\circ}\text{C}$) 40 min, 蒸馏水冲洗 3 次后加入碱性 H_2O_2 常温浸泡 20 min, 蒸馏水再冲洗 3 次, 然后加入 1% HCl 溶液室温浸泡,

再加曲利苯蓝染色液到试管中,水浴(90)40 min 左右,直至根段被染成蓝色,最后将染色后的根段置于培养皿中,蒸馏水分色过夜,在 Motic Image Plus 2.0 数码显微镜下观察,采用十字交叉法计算丛枝菌根真菌侵染率。

玉米叶片和根系中全氮、全磷和全钾含量的测定参考鲍士旦^[31]的方法。

1.4 数据分析

数据均用 Excel 整理,采用统计软件 SAS9.0 进行多重比较和相关性分析,多重比较使用邓肯氏新复极差检验法(Duncan's multiple range test, DMRT),差异显著性水平为 0.05。

2 结果与分析

2.1 Bt 玉米与非 Bt 玉米丛枝菌根真菌侵染率的比较

在播种后 36 d(大喇叭口期)、50 d(开花授粉期)、64 d(乳熟期)和 78 d(成熟期)对丛枝菌根真菌侵染率的测定结果表明,Bt 玉米“5422Bt1”和“5422CBCL”以及它们的同源常规玉米“5422”之间丛枝菌根真菌侵染率在统计上无显著差异(图 1)。

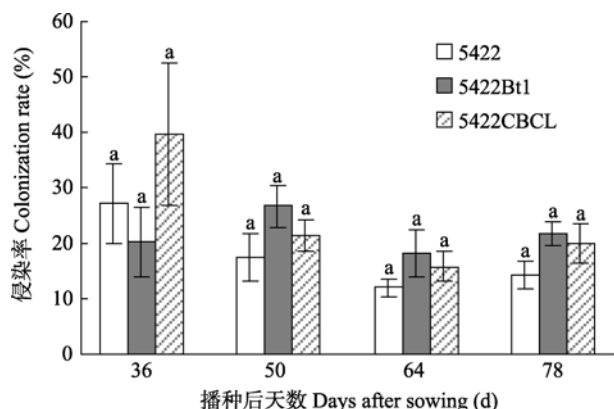


图 1 Bt 玉米与非 Bt 玉米丛枝菌根真菌侵染率的比较

Fig. 1 Comparison of arbuscular mycorrhizal fungi colonization rate among Bt and non-Bt corns

同一生育期不同字母表示差异达 5% 显著水平,下同。Different letters indicate significant difference at 5% in the same growth stage. The same below.

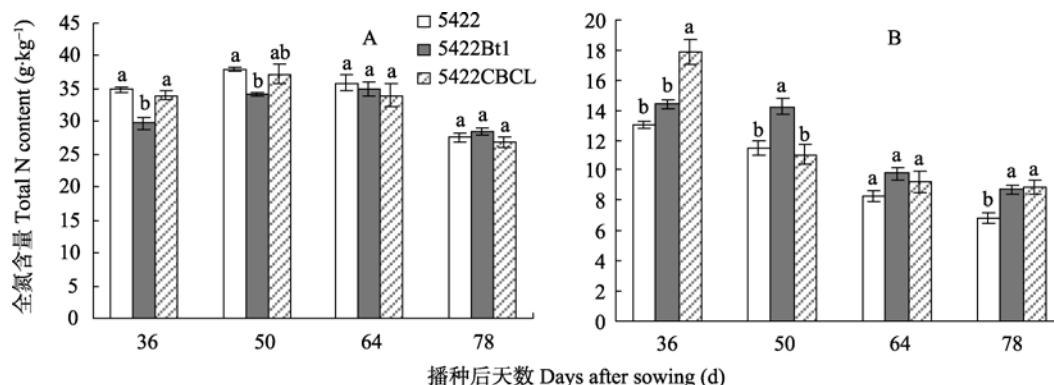


图 2 Bt 玉米与非 Bt 玉米叶片(A)和根系(B)全氮含量的比较

Fig. 2 Comparison of total nitrogen contents in leaves (A) and roots (B) among Bt and non-Bt corns

2.2 Bt 玉米与非 Bt 玉米全氮含量的比较

2.2.1 叶片全氮含量

Bt 玉米“5422Bt1”叶片的全氮含量在生长前中期显著低于相应的常规玉米“5422”,后期(乳熟期和成熟期)两者间无显著差异;而 Bt 玉米“5422CBCL”的叶片全氮含量在整个生长期与“5422”均无显著差异(图 2A)。在播种后 36 d(大喇叭口期)和 50 d(开花授粉期),Bt 玉米“5422Bt1”叶片中全氮含量分别比非 Bt 玉米“5422”低 15%和 10%。3 个品种中丛枝菌根真菌侵染率与叶片全氮含量均无显著相关性($P>0.05$)。

2.2.2 根系全氮含量

与同源常规玉米“5422”相比,两个 Bt 玉米根中的全氮含量有增加的趋势(图 2B)。Bt 玉米“5422Bt1”根中全氮含量在播种后 50 d(开花授粉期)和 78 d(成熟期)分别显著增加 24%和 27%,而“5422CBCL”则在大喇叭口期(36 d)和成熟期(78 d)显著增加,增加的百分比分别为 37%和 30%。常规玉米“5422”($r=0.5068$, $P=0.0451$)以及 Bt 玉米“5422CBCL”($r=0.5560$, $P=0.0256$)的丛枝菌根真菌侵染率与根系全氮含量之间均呈显著正相关($P<0.05$),但另一 Bt 玉米“5422Bt1”的丛枝菌根真菌侵染率与根系全氮含量之间则无显著相关性($P>0.05$)。

2.3 Bt 玉米与非 Bt 玉米全磷含量的比较

2.3.1 叶片全磷含量

两个 Bt 玉米叶片的全磷含量与同源常规玉米“5422”相比有所增加,且 Bt 玉米“5422Bt1”与“5422”之间的差异明显大于另一 Bt 玉米(图 3A)。“5422Bt1”叶片全磷含量在播种后 50 d(开花授粉期)和 78 d(成熟期)分别比同源常规玉米“5422”显著高出 16%和 52%,而“5422CBCL”则只在播种后 50 d(开花授粉期)显著高出 11%。3 个品种中丛枝菌根真菌侵染率与叶片的全磷含量均无显著相关性($P>0.05$)。

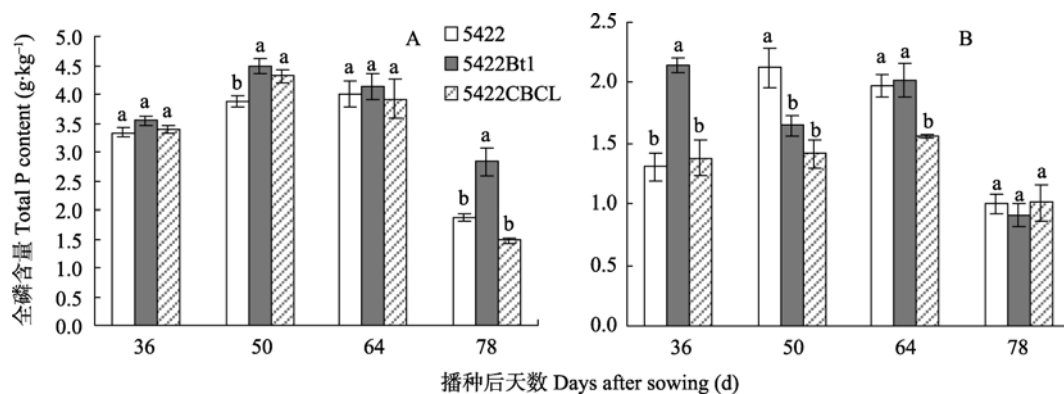


图3 Bt玉米与非Bt玉米叶片(A)和根系(B)全磷含量的比较

Fig. 3 Comparison of total phosphorus contents in leaves (A) and roots (B) among Bt and non-Bt corns

2.3.2 根系全磷含量

从图 3B 可以看出, Bt 玉米“5422Bt1”根系的全磷含量与“5422”相比有增有减, 而“5422CBCL”与“5422”相比则有所降低。与同源常规玉米“5422”相比, “5422Bt1”根系的全磷含量在播种后 36 d(大喇叭口期)显著增加 64%, 播种后 50 d(开花授粉期)则显著减少 23%; 而 Bt 玉米“5422CBCL”则在播种后 50 d(开花授粉期)和 64 d(乳熟期)比“5422”分别显著降低 33%和 20%。相关分析表明, 3 个品种丛枝菌根真菌侵染率与根系的全磷含量均无显著相关性($P > 0.05$)。

2.4 Bt 玉米与非 Bt 玉米全钾含量的比较

2.4.1 叶片全钾含量

对于叶片全钾含量来说, 两个 Bt 玉米高于常规玉米“5422”(图 4A)。与“5422”相比, Bt 玉米“5422Bt1”叶片的全钾含量在播种后 36 d(大喇叭口期)和 64 d(乳熟期)显著增加, 而 Bt 玉米“5422CBCL”则在播种后 36 d(大喇叭口期)显著高于常规玉米“5422”12%。相关分析结果显示, 常规玉米“5422”($r=0.502\ 5$, $P=0.047\ 3$)以及 Bt 玉米“5422CBCL”($r=0.588\ 3$, $P=0.021\ 6$)的丛枝菌根真

菌侵染率与叶片全钾含量之间均呈显著正相关($P < 0.05$), 但另一 Bt 玉米“5422Bt1”的丛枝菌根真菌侵染率与叶片全钾含量之间则无显著相关性($P > 0.05$)。

2.4.2 根系全钾含量

Bt 玉米与非 Bt 玉米根系全钾含量的差异因品种和生育期而异(图 4B)。Bt 玉米“5422Bt1”根系的全钾含量在播种后 50 d(开花授粉期)和 64 d(乳熟期)均显著低于常规玉米“5422”, 成熟期(78 d)则显著高于“5422”; 而另一 Bt 玉米“5422CBCL”则在 36 d(大喇叭口期)和 78 d(成熟期)显著高于“5422”, 64 d(乳熟期)显著低于“5422”。通过相关分析可知, 3 个品种的丛枝菌根真菌侵染率与根系的全钾含量均无显著相关性($P > 0.05$)。

3 讨论

本文通过染色法检测了 3 个玉米品种的丛枝菌根真菌侵染率, 发现两个不同转化事件的 Bt 玉米“5422Bt1”和“5422CBCL”根系的丛枝菌根真菌侵染率与常规玉米“5422”并无显著差异, 这与 de Vaufléury 等^[22]对 Bt 玉米、Knox 等^[25]对 Bt 棉花的

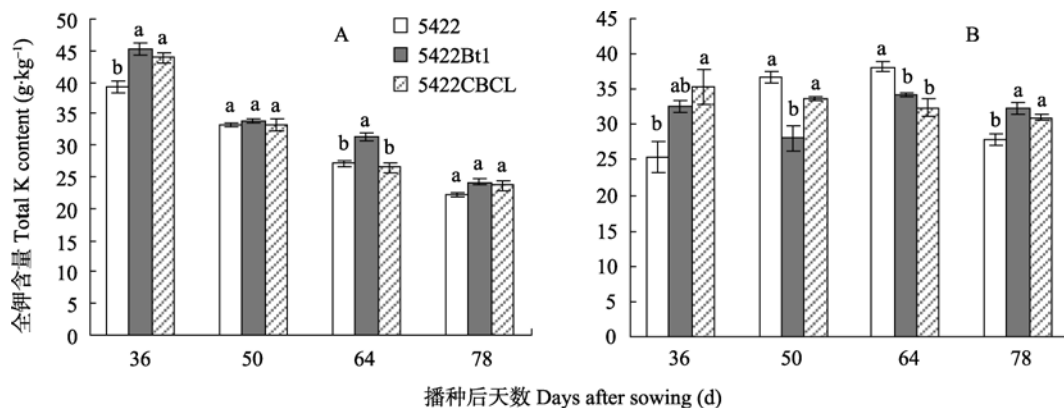


图4 Bt玉米与非Bt玉米叶片(A)和根系(B)全钾含量的比较

Fig. 4 Comparison of total potassium contents in leaves (A) and roots (B) among Bt and non-Bt corns

研究结果一致,但也有 Bt 玉米丛枝菌根真菌侵染率明显低于非 Bt 玉米的报道^[19-20,24],这可能是由于试验采用的 Bt 玉米品系不同所致。另外,随着检测丛枝菌根真菌方法的不断改进,分子生物学方法也逐渐应用到丛枝菌根真菌的研究中,虽然本文通过常规染色法得出 Bt 基因导入没有影响到丛枝菌根真菌的侵染率,但是否会影响到丛枝菌根真菌群落的物种多样性及数量,则需要加强分子生物学方法如 DGGE^[32-33]和 RT-PCR^[34]等的应用,以便获得更精确的评价。

氮、磷、钾是玉米生长发育所必需的三大营养元素^[24]。本研究表明,不同转化事件的 Bt 玉米品种养分含量存在显著差异。在水肥条件一致的情况下,Bt 玉米与非 Bt 玉米之间养分含量的差异会因生育期不同而有所差异,这与对 Bt 水稻^[26]和 Bt 棉花^[27-28]叶片氮、磷含量变化研究的观点一致。例如贾乾涛等^[26]对 Bt 水稻分蘖期、拔节期、抽穗期和灌浆期养分含量的研究表明,Bt 水稻叶片中氮含量在分蘖期、拔节期和抽穗期显著比非 Bt 水稻高,而在灌浆期显著比非 Bt 水稻低,拔节期、抽穗期和灌浆期时叶片的磷含量则显著比非 Bt 水稻高;陈后庆等^[27]对 Bt 棉花进行了 5 个时期(盛蕾期、盛花期、盛铃期、吐絮期和盛絮期)的研究,发现叶片中全氮含量只在盛蕾期和盛铃期明显高于亲本,但徐立华等^[28]则得出 Bt 棉花叶片的全氮含量在整个生育期均明显高于常规棉的结论。

本研究发现,不同转化事件的 Bt 玉米与非 Bt 玉米之间养分含量的差异较大。与常规玉米“5422”相比,Bt 玉米“5422Bt1”大喇叭口期叶片全氮、开花授粉期叶片全氮和根系全钾含量明显降低,而此时另一品种“5422CBCL”的这些指标则与常规玉米“5422”无显著差异;另外 Bt 玉米“5422Bt1”大喇叭口期根系全磷、开花授粉期根系全氮、乳熟期叶片全钾和成熟期叶片全磷含量比常规玉米“5422”高,而这些时期“5422CBCL”和常规玉米“5422”相应的养分含量则无显著差异。另外,丛枝菌根真菌侵染率与养分含量之间的相关性分析表明,常规玉米“5422”和 Bt 玉米“5422CBCL”的丛枝菌根真菌侵染率与根系全氮含量、叶片全钾含量之间均呈显著正相关,而 Bt 玉米“5422Bt1”则无显著相关性。

由此可见,Bt 基因的导入虽然未影响到丛枝菌根真菌的侵染率,但却改变了玉米的养分含量以及丛枝菌根真菌侵染率与养分之间的相关性,并有普遍增加叶片和根系养分含量的趋势,但两个不同转化事件的 Bt 玉米养分含量变化的差异较大,说明不

同转化事件形成的品种特性不同,其机理尚待进一步深入研究。

参考文献

- [1] James C. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2008, the first thirteen years, 1996 to 2008[R]. ISAAA Briefs No.39 Ithaca: ISAAA, 2009
- [2] U. S. EPA. *Bacillus thuringiensis* plant-pesticides registration action document: Preliminary risks and benefits sections[R]. U.S. Washington, DC: Environmental Protection Agency, Office of Pesticide Programs, 2000
- [3] 王建武,冯远娇,骆世明. 转基因作物对土壤生态系统的影响[J]. 应用生态学报, 2002, 13(4): 491-494
- [4] 王建武,冯远娇. 种植 Bt 玉米对土壤微生物活性和肥力的影响[J]. 生态学报, 2005, 25(5): 1213-1220
- [5] Griffiths B S, Caul S, Thompson J, et al. Soil microbial and faunal community responses to Bt maize and insecticide in two soils[J]. Journal of Environmental Quality, 2006, 35(3): 734-741
- [6] Shen R F, Cai H, Gong W H. Transgenic Bt cotton has no apparent effect on enzymatic activities or functional diversity of microbial communities in rhizosphere soil[J]. Plant and Soil, 2006, 285(1): 149-159
- [7] Cortet J, Griffiths B S, Bohanec M, et al. Evaluation of effects of transgenic Bt maize on microarthropods in a European multi-site experiment[J]. Pedobiologia, 2007, 51(3): 207-218
- [8] Devare M, Londoño-R L M, Thies J E. Neither transgenic Bt maize (MON863) nor tefluthrin insecticide adversely affect soil microbial activity or biomass: A 3-year field analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(8): 2038-2047
- [9] Griffiths B S, Heckmann L H, Caul S, et al. Varietal effects of eight paired lines of transgenic Bt maize and near-isogenic non-Bt maize on soil microbial and nematode community structure[J]. Plant Biotechnology Journal, 2007, 5(1): 60-68
- [10] Smith S E, Read D J. Mycorrhizal symbiosis[M]. 2nd Edn. London, UK: Academic Press, 1997
- [11] 黄京华,曾任森,骆世明. AM 菌根真菌诱导对提高玉米纹枯病抗性的初步研究[J]. 中国生态农业学报, 2006, 14(3): 167-169
- [12] Gupta M L, Prasad A, Ram M, et al. Effect of the vesicular-arbuscular mycorrhizal (VAM) fungus *Glomus fasciculatum* on the essential oil yield related characters and nutrient acquisition in the crops of different cultivars of menthol mint (*Mentha arvensis*) under field conditions[J]. Bioresource Technology, 2002, 81(1): 77-79
- [13] 冯海艳,冯固,宋建兰,等. 丛枝菌根真菌根内菌丝碱性磷酸酶活性与菌根共生效应的研究[J]. 中国生态农业学报, 2004, 12(2): 124-127
- [14] 刘翠花,陈保冬,朱永官,等. 丛枝菌根真菌对青稞生长发育及磷营养的影响研究[J]. 土壤学报, 2006, 43(6): 1052-1055
- [15] 赵昕,阎秀峰. 丛枝菌根对喜树幼苗生长和氮、磷吸收的影

- 响[J]. 植物生态学报, 2006, 30 (6): 947–953
- [16] Glandorf D C M, Bakker P, van Loon L C. Influence of the production of antibacterial and antifungal proteins by transgenic plants on the saprophytic soil microflora[J]. Acta Botanica Neerlandica, 1997, 46(1): 85–104
- [17] 王建武, 冯远娇, 骆世明. Bt 玉米抗虫蛋白表达的时空动态及其土壤降解研究[J]. 中国农业科学, 2003, 36(11): 1279–1286
- [18] Saxena D, Stotzky G. Fate and effects in soil of the insecticidal toxins from *Bacillus thuringiensis* in transgenic plants[J]. Collection of Biosafety Reviews, 2003, 1: 9–85
- [19] Turrini A, Sbrana C, Nuti M P, et al. Development of a model system to assess the impact of genetically modified corn and aubergine plants on arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Plant and Soil, 2004, 266: 69–75
- [20] Castaldini M, Turrini A, Sbrana C, et al. Impact of Bt corn on rhizospheric and soil eubacterial communities and on beneficial mycorrhizal symbiosis in experimental microcosms[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71: 6719–6729
- [21] O'Callaghan M, Glare T R, Burgess E P J, et al. Effects of plants genetically modified for insect resistance on non-target organisms[J]. Annual Review of Entomology, 2005, 50: 271–292
- [22] de Vaufléury A, Kramarz P E, Binet P, et al. Exposure and effects assessments of Bt-maize on non-target organisms (gastropods, microarthropods, mycorrhizal fungi) in microcosms[J]. Pedobiologia, 2007, 51(3): 185–194
- [23] 刘文科, 杜连凤. 转 Bt 基因作物对丛枝菌根真菌的影响研究进展[J]. 中国土壤与肥料, 2007(6): 10–18
- [24] Cheeke-Icoz T E, Cruzan M B. Effects of nutrient stress on the colonization of mycorrhizal fungi in transgenic Bt corn[C]. The 93rd ESA Annual Meeting, Wisconsin, 2008: 8
- [25] Knox O G G, Nehl D B, Mor T, et al. Genetically modified cotton has no effect on arbuscular mycorrhizal colonisation of roots[J]. Field Crops Research, 2008, 109: 57–60
- [26] 贾乾涛, 石尚柏, 杨长举, 等. 转 Bt 基因水稻生长期几种重要成分含量的变化研究[J]. 中国农业科学, 2005, 38(10): 2002–2006
- [27] 陈后庆, 刘燕, 张祥, 等. Bt 转基因棉氮代谢生理变化的研究[J]. 扬州大学学报: 农业与生命科学版, 2004, 25(4): 20–24
- [28] 徐立华, 李国锋, 杨长琴, 等. 转 Bt 基因抗虫棉 33B 的氮素代谢特征[J]. 江苏农业学报, 2005, 21(3): 150–154
- [29] 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: 158–160
- [30] Mcgonigle T P, Millers M H, Evans D G. A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi[J]. New Phytologist, 1990, 115: 492–501
- [31] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 农业出版社, 2000
- [32] 龙良鲲, 姚青, 羊宋贞, 等. AM 真菌 DNA 的提取与 PCR-DGGE 分析[J]. 菌物学报, 2005, 24(4): 564–569
- [33] Liang Z B, Drijber R A, Lee D J, et al. A DGGE-cloning method to characterize arbuscular mycorrhizal community structure in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40: 956–966
- [34] Pascale M A S, Christine A, Marie T, et al. Spatial monitoring of gene activity in extraradical and intraradical developmental stages of arbuscular mycorrhizal fungi by direct fluorescent in situ RT-PCR[J]. Fungal Genetics and Biology, 2008, 45: 1155–1165