

DOI:10.11686/cyxb2024417

http://cyxb.magtech.com.cn

王颖, 李明源, 麦日艳古·亚生, 等. 新疆托木尔峰不同植物根际土壤真菌群落结构比较研究. 草业学报, 2025, 34(7): 83-94.

WANG Ying, LI Ming-yuan, Mairiyangu·Yasheng, et al. Comparative study of rhizosphere soil fungal community structure among different plants in Tomur Peak, Xinjiang. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(7): 83-94.

新疆托木尔峰不同植物根际土壤真菌群落结构比较研究

王颖^{1,2}, 李明源^{1,2}, 麦日艳古·亚生^{1,2}, 王继莲^{1,2*}

(1. 喀什大学生命与地理科学学院, 新疆喀什 844006; 2. 新疆帕米尔高原生物资源与生态自治区重点实验室, 新疆喀什 844006)

摘要:为探究新疆托木尔峰不同植物根际土壤真菌群落结构和功能差异, 利用高通量测序技术探究该保护区内野党参、早熟禾、老鹳草、紫花苜蓿4种植物根际土壤真菌群落结构差异, 并分析不同植物根际土壤理化特性与真菌群落结构之间的相关性。结果表明, 野党参根际土壤真菌的Shannon和Simpson指数显著高于老鹳草($P < 0.05$), 但与早熟禾差异不显著。非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)结果表明, 早熟禾根际土壤真菌群落与老鹳草、紫花苜蓿的差异性相对较小, 而早熟禾、老鹳草、紫花苜蓿三者的根际土壤真菌群落与野党参的差异性相对较大。4种植物根际土壤的优势真菌门为子囊菌门、被孢霉门、担子菌门和壶菌门, 而被孢霉目、肉座菌目是其优势菌目, 但它们在植物中的相对丰度不尽相同。从营养类型看, 4种植物根际土壤真菌优势营养模式均以腐生营养型为主, 其相对丰度占32.1%~52.5%, 第二优势营养型在野党参和老鹳草根际土壤中分别是共生营养型(9.3%)和病理腐生过渡型(4.1%), 在早熟禾和紫花苜蓿中是病理营养型(8.3%和15.8%)。从功能类群看, 未定义腐生真菌是4种植物的最优势功能菌群, 其相对丰度占28.6%~44.2%, 而其他功能群在不同植物中的占比各不相同。由此可见, 托木尔峰根际土壤真菌群落结构在不同植物物种间有差异, 研究结果可为深入理解山地植物的环境适应策略和该地区生态环境修复提供理论依据。

关键词:托木尔峰; 高通量测序; 根际土壤真菌; 功能类群; 生态修复

Comparative study of rhizosphere soil fungal community structure among different plants in Tomur Peak, Xinjiang

WANG Ying^{1,2}, LI Ming-yuan^{1,2}, Mairiyangu·Yasheng^{1,2}, WANG Ji-lian^{1,2*}

1. Department of Biologic and Geographic Sciences, Kashi University, Kashi 844006, China; 2. Key Laboratory of Biological Resources and Ecology of Pamirs Plateau in Xinjiang Uygur Autonomous Region, Kashi 844006, China

Abstract: The aims of this study were to explore the structure and function of the rhizosphere fungal community in different plant species growing around Tomur Peak, and to determine how these characteristics contribute to the maintenance of ecosystem stability. High-throughput sequencing technology was used to detect differences in fungal community structure in the rhizosphere soil among four plants; *Codonopsis javanica*, *Poa annua*, *Geranium wilfordii*, and *Medicago sativa*. Correlations between soil physicochemical properties and fungal community structure were also analyzed. The results showed that Shannon's index and Simpson's index, indicators of rhizosphere soil fungal diversity, were higher in *C. javanica* than in the other plant species. A non-metric multidimensional scaling analysis showed that the fungal community structure of *C. javanica* differed from that of the

收稿日期: 2024-10-24; 改回日期: 2024-12-05

基金项目: 国家自然科学基金(32160408)和第三次新疆综合科学考察项目(2022xjkk0200)资助。

作者简介: 王颖(2001-), 男, 海南儋州人, 在读硕士。E-mail: 18889616042@163.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: wjilian0710@163.com

other plant species. Across all samples, the dominant fungal phyla in the rhizosphere soil were Ascomycota, Mortierellomycota, Basidiomycota, and Chytridiomycota. Mortierellales and Hypocreales were the dominant fungal orders, but their relative abundance varied among the four plant species. Among all samples, the dominant nutritional pattern of fungi was saprotrophic (32.1%–52.5%), followed by symbiotrophic in rhizosphere soil of *C. javanica* (9.3%); pathotrophic-saprotrophic in rhizosphere soil of *G. wilfordii* (4.1%), and pathotrophic in rhizosphere soils of *P. annua* and *M. sativa* (8.3% and 15.8%, respectively). Undefined saprophytic fungi was the dominant functional group (28.6%–44.2%), but the proportions of other functional groups differed among plant species. In conclusion, we detected significant differences in the structure and composition of rhizosphere soil fungal communities among plant species. These results provide a theoretical basis for understanding the environmental adaptation strategies of alpine plants and for designing ecological restoration strategies for this region.

Key words: Tomur Peak; high-throughput sequencing; rhizosphere soil fungi; functional group; ecological restoration

植物根系周围数mm范围内的区域被称为根际,其对土壤环境条件的变化非常敏感,是植物—土壤发生物质转换和能量传递的重要场所^[1]。植物根际蕴含着丰富的微生物种群,其在生长发育过程中与植物根系及区域土壤互作产生根际效应,使得这一微生态系统在面对环境胁迫时表现出一定的抵抗力,故微生态环境脆弱地区的植被生长依赖于土壤微生物的响应^[2–3]。在土壤微生物中真菌群落的生物标志物比细菌群落要多,且其生态网络更为紧密和复杂^[4]。此外真菌群落对环境的变化非常敏感,能直接或间接参与植物胁迫,通过与植被和环境之间的相互作用形成互利共生、共栖或寄生的营养方式促进或妨碍植物的生长发育^[5–6]。可以明确,根际土壤真菌介导着土壤生态系统的诸多生物化学过程,维持生态系统的正常运转。因此,探究植物根际土壤真菌群落结构和多样性,可预见其对区域土壤生态系统功能稳定性及其环境的影响^[5,7],对进一步了解根际微生物在陆地生态系统中的作用至关重要。

托木尔峰位于西伯利亚与帕米尔高原昆仑山间的过渡地带,属典型温带大陆性气候,其植物垂直分布明显,是重要的物种交换桥梁之一,但生态环境较为脆弱,我国于1980年6月建立托木尔峰自然保护区。研究托木尔峰典型植被根际土壤微生物群落结构差异及其影响因素有利于维护该区域的生态系统稳定性。但目前国内对该区域生物多样性方面的研究主要集中在地衣、苔藓、藻类等植物生物多样性^[8–10]、人类活动对保护区生态环境的影响^[11]和保护区大型真菌分类及其多样性方面^[12],对其典型植被根际土壤微生物的研究较少。缺乏对托木尔峰生态系统中根际微生物的深入研究,就难以精准把握植被与微生物之间的协同关系,无法确定关键微生物种类对特定植被生长的促进作用,进而在生物多样性保护方面难以制定全面且有针对性的保护策略,使植被保护成效受限,这在一定程度上阻碍了该地区生态修复工作的有效推进。

本研究以托木尔峰自然保护区不同植物根际土壤真菌为材料,基于ITS高通量测序分析不同植物根际土壤真菌群落结构差异,并探讨土壤理化性质和真菌群落结构之间的相关性。结合真菌功能注释数据库FunGuild对真菌功能进行预测,探究根际土壤真菌功能群在不同植物根际的分布格局。研究结果将为托木尔峰自然保护区的生态环境保护 and 植被培育提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

2023年8月,在新疆维吾尔自治区阿克苏地区温宿县境内的托木尔峰自然保护区(80°40′6″ E, 41°50′6″ N)采集样品。该区域海拔为2200~2600 m,属温带大陆性气候,年均气温0~2℃,最热月均气温12~16℃,最冷月均气温-18~-17℃,年降水量在700 mm以上。托木尔峰自然保护区南、北两翼的气候受天山和塔克拉玛干大沙漠的影响,使其植被呈现出典型的亚洲荒漠植被带谱结构。

1.2 样本采集及土壤理化性质测定

依据典型性和代表性原则,使用多点采样法对保护区内的野党参(*Campanumoea javanica*)、早熟禾(*Poa annua*)、老鹳草(*Geranium wilfordii*)、紫花苜蓿(*Medicago sativa*)4种植物根际土壤进行采样。即在样区内采取“S”型路线进行随机布点,共设置12处样点,各样点间距离不低于30 m。在每个样点均选取3株植株,用铁锹进行深挖操作,以完整取出整株根系,采用抖根法收集其根际土壤。将每3个相邻点采集的同一植物根系充分混合为一个样品,每种植物设置4个重复。样品带回实验室后分成两份,一份进行根际土壤基因组提取,另一份以四分法混匀^[13],过筛去杂质后测定土壤理化性质,包括土壤pH、总氮、速效氮、总磷、速效磷、总钾、速效钾和有机质^[14]。

1.3 土壤总基因组DNA提取

抖落根系表面浮土,将不同植物根系装入50 mL无菌离心管内,加入20 mL无菌生理盐水,振荡30 min制成土壤悬液。所得土壤悬液经4 ℃、24000 r·min⁻¹离心10 min后弃上清液,使用试剂盒(OMEGAE. ZNA. SoilDNAKit,美国)提取DNA^[15]。使用0.7%琼脂糖凝胶电泳和微量紫外分光光度计(Nanodrop 2000)检验基因组纯度和浓度,引物序列为ITS1-1F-F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和ITS1-1F-R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'),具体的PCR反应体系和反应参数设置参照马东旭等^[16]的方法。PCR产物经2%琼脂糖凝胶电泳检测合格后,交由北京诺禾致源生物信息科技有限公司(简称诺禾)进行高通量测序。

1.4 生物信息学分析

在诺禾平台上使用FLASH(Version 1.2.11)软件对下机数据过滤、拼接和去除嵌合体,后使用QIIME 2(Version QIIME 2-202202)软件中的DADA 2模块进行降噪,对相似度100%的序列归为1个操作分类单元,即扩增子序列变体(amplicon sequence variants, ASVs)以及特征表^[17]。使用QIIME 2软件平台依据ASVs表进行物种注释,并使用诺禾云平台计算物种的相对丰度后依据物种相对丰度表在诺禾云平台计算真菌群落的 α 和 β 多样性。利用FunGuild数据库解析真菌生态学功能,并对菌群营养类型和功能类群进行分类。

1.5 数据处理

相关数据分析与多重比较(Duncan法)使用SPSS(Version 27)软件进行,数值表示为平均值±标准差。

2 结果与分析

2.1 不同植物根际土壤理化性质

土壤理化性质分析表明(表1),野党参、早熟禾、老鹳草、紫花苜蓿4种植物根际土壤均呈碱性,pH由高到低依次为早熟禾、野党参、老鹳草和紫花苜蓿。土壤总氮、速效氮和总磷含量在4种植物中无显著性差异,而速效磷

表1 4种植物根际土壤理化性质

Table 1 Physicochemical properties of rhizosphere soil among four plant species

植被类型 Vegetation type	pH	TN (mg·kg ⁻¹)	AN (mg·kg ⁻¹)	AP (mg·kg ⁻¹)	TP (g·kg ⁻¹)	TK (g·kg ⁻¹)	AK (mg·kg ⁻¹)	SOM (g·kg ⁻¹)
野党参 <i>C. javanica</i>	8.05±0.23ab	3.00±0.16a	172.38±9.85a	5.94±0.19c	0.88±0.07a	15.94±0.38a	219.26±9.77b	44.04±1.65c
早熟禾 <i>P. annua</i>	8.40±0.15a	3.05±0.16a	170.76±10.43a	22.66±1.57b	0.88±0.07a	14.47±0.80ab	773.66±13.13a	62.18±3.03b
老鹳草 <i>G. wilfordii</i>	7.71±0.22b	3.56±0.22a	209.41±3.54a	48.08±2.66a	1.00±0.08a	13.40±0.76bc	246.26±7.38b	86.16±1.89a
紫花苜蓿 <i>M. sativa</i>	7.69±0.17b	2.93±1.07a	162.96±44.79a	16.08±6.73b	0.96±0.18a	12.72±0.25c	236.50±12.31b	47.99±13.08bc

TN: 总氮 Total nitrogen; AN: 速效氮 Available nitrogen; AP: 速效磷 Available phosphorus; TP: 总磷 Total phosphorus; TK: 总钾 Total potassium; AK: 速效钾 Available potassium; SOM: 有机质 Soil organic matter. 不同小写字母表示在不同植物间有显著差异($P<0.05$),下同。Different lowercase letters indicated significant differences among different plants ($P<0.05$). The same below.

含量差异显著($P < 0.05$), 尤以老鹳草最高, 野党参最低。而总钾含量则在野党参根际土壤中最高, 紫花苜蓿根际土壤中最低。速效钾在早熟禾根际土壤中的含量显著大于其他植被类型($P < 0.05$)。有机质含量在老鹳草根际土壤中最高, 早熟禾其次, 另外两种植物间差异不显著。

2.2 不同植物根际土壤真菌DNA测序

所有土壤样本共得到有效序列 1389285 条, 质控过滤和去除嵌合体后得到 1303839 条优质序列。依据物种 Venn 图分析所有样品, 共检测到 2441 个根际土壤真菌 ASVs, 其中 4 种植物共有的 ASVs 数为 49 个, 约占总数的 2.0%, 涉及 12 门 38 纲 85 目 74 科 321 属 411 种。4 种植物根际土壤真菌 ASVs 分布数目由大到小排序为: 早熟禾、野党参、老鹳草、紫花苜蓿(图 1), 即早熟禾根际独有的土壤真菌 ASVs 最多, 为 575 个, 而紫花苜蓿根际最少, 为 452 个, 分别占总 ASVs 数的 23.6% 和 18.5%。

2.3 不同植物根际土壤真菌群落多样性

真菌群落 α 多样性指数分析显示(表 2), 4 种植物根际土壤真菌群落丰富度(Chao1 指数)和均匀度(Pielou_e 指数)均无显著性差异($P > 0.05$)。而野党参根际土壤真菌的香农指数(Shannon index)和辛普森指数(Simpson index)显著高于老鹳草($P < 0.05$), 但与紫花苜蓿、早熟禾差异不显著。总体上, 野党参根际土壤真菌的物种多样性最高, 而老鹳草最低, 且与野党参和早熟禾差异显著。

表 2 4 种植物根际土壤真菌 α 多样性指数

Table 2 The α -diversity indexes of rhizosphere soil fungi among four plant species

植被类型 Vegetation type	Chao1 指数 Chao1 index	均匀度指数 Pielou_e index	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index
野党参 <i>C. javanica</i>	285.31 ± 30.91a	0.78 ± 0.04a	6.36 ± 0.30a	0.97 ± 0.01a
早熟禾 <i>P. annua</i>	357.66 ± 85.01a	0.74 ± 0.02a	6.29 ± 0.18a	0.97 ± 0.01ab
老鹳草 <i>G. wilfordii</i>	262.02 ± 42.78a	0.72 ± 0.02a	5.71 ± 0.24b	0.94 ± 0.01b
紫花苜蓿 <i>M. sativa</i>	232.00 ± 140.34a	0.77 ± 0.05a	5.84 ± 0.32ab	0.96 ± 0.01ab

基于 Bray-Curtis 距离矩阵的非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, NMDS)显示(图 2), 压力(stress) < 0.2, 说明其能很好地反映不同植被根际土壤真菌群落的结构和关系。总体看, 4 种植物根际土壤真菌群落存在差异, 尤其野党参根际土壤真菌群落与其他 3 种植物明显分离, 显示其群落结构与其他 3 种植物明显不同, 具有特异性。而早熟禾与老鹳草、紫花苜蓿根际土壤真菌群落在一定程度上有重叠, 表明它们具有一些共同的群落组成, 根际土壤真菌群落差异性相对较小。

2.4 4 种植物根际土壤真菌群落组成及优势物种差异

所有样品共检测到真菌 12 门 38 纲 85 目 74 科 321 属 411 种。在门水平上(图 3a), 相对丰度大于 5% 的主要为子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和壶菌门(Chytridiomycota), 尤其子囊菌门在野党参、早熟禾和紫花苜蓿根际土壤中占绝对优势, 占比达 55% 以上。而被孢霉门是早熟禾、老鹳草、紫花苜蓿的第二优势门, 其相对丰度分别为 11.52%、32.22%、12.89%, 担子菌门是野党参根际土壤的第二优势门(15.41%)。此外, 相对丰度大于 1% 的菌门还包括罗兹菌门(Rozellomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、

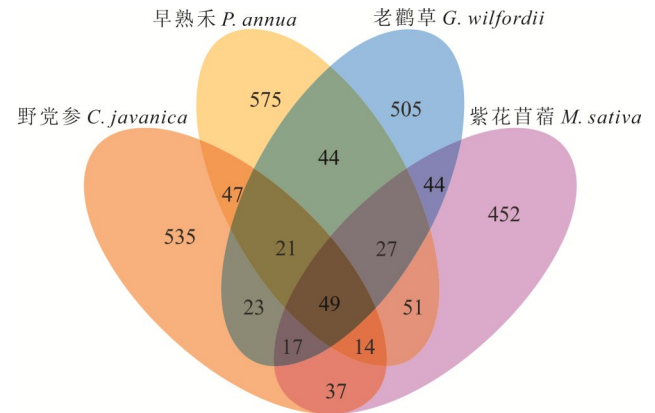


图 1 不同植被根际土壤真菌扩增子序列变体分析

Fig. 1 The analysis of fungi amplicon sequence variants (ASVs) among different plant species

图中每个圈代表一种植物, 重叠部分的数字代表样本之间共有的扩增子序列变体数目, 非重叠部分的数字代表每个样本所特有的扩增子序列变体数目。Each circle in the figure represented a kind of plant. The numbers in the overlapping parts represented the number of amplicon sequence variants shared among the samples, while the numbers in the non-overlapping parts represented the number of amplicon sequence variants unique to each sample.

芽枝霉门(Blastocladiomycota),而在各样本中均少量存在的菌门为油壶菌门(Olpidiomycota)。

4种植物根际土壤真菌相对丰度前10的目分别是被孢霉目(Mortierellales)、肉座菌目(Hypocreales)、格孢腔菌目(Pleosporales)、粪壳菌目(Sordariales)、小丛壳目(Glomerellales)、伞菌目(Agaricales)、节壶菌目(Spizellomycetales)、寡囊盘菌目(Thelebolales)、盘菌目(Pezizales)、线黑粉菌目(Filobasidiales)(图3b)。野党参的盘菌目、粪壳菌目、伞菌目相对丰度明显高于其余植被,而小丛壳目的相对丰度则明显降低。老鹤草被孢霉目的丰度明显高于其余植被,而紫花苜蓿的格孢腔菌目、节壶菌目、小丛壳目的相对丰度明显高于其余植物。

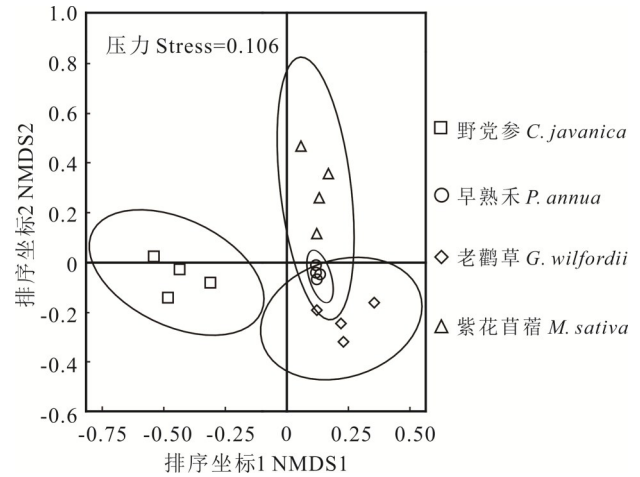


图2 4种植物根际土壤真菌群落非度量多维尺度分析
Fig. 2 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) analysis of rhizosphere soil fungal communities among four plant species

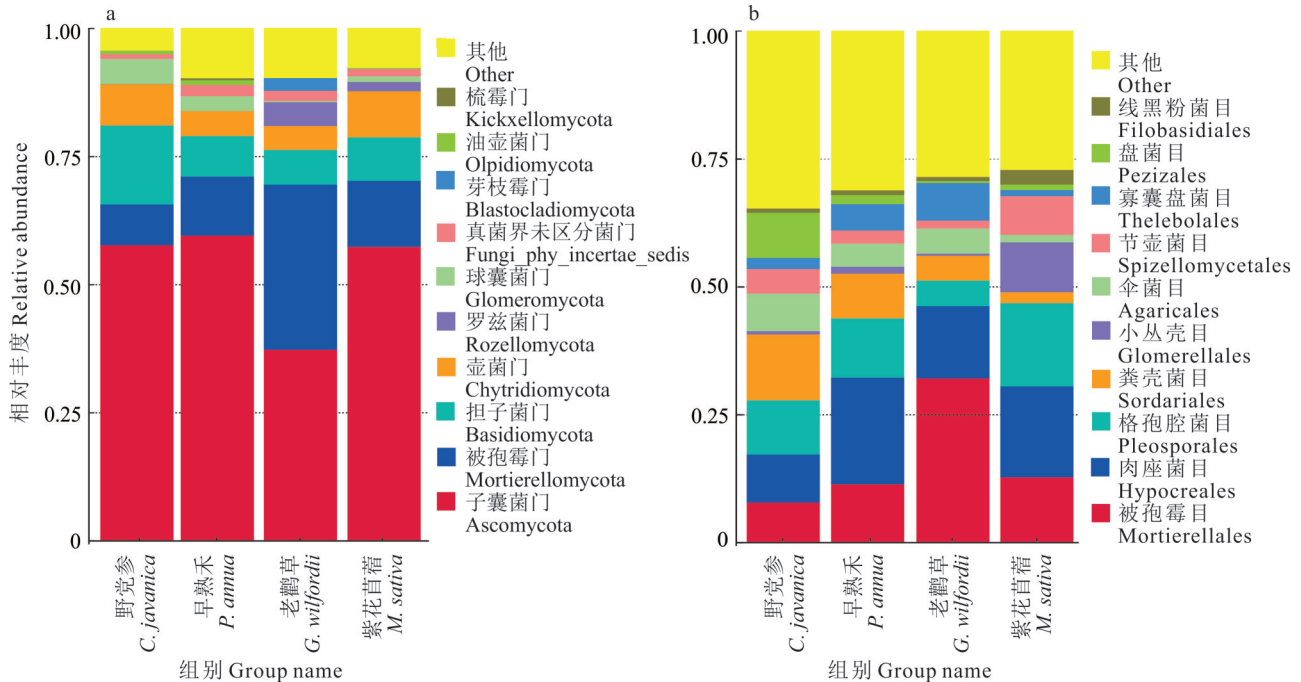


图3 不同植物根际土壤中优势真菌相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of rhizosphere soil fungal communities among different plant species

线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA>4)表明,在门水平上,早熟禾根际土壤中的子囊菌门与其他植被间差异显著,而被孢霉门、罗兹菌门、芽枝霉门在老鹤草根际与其他植被之间差异显著(图4)。此外野党参根际土壤中的球囊菌门(Glomeromycota)与其他植被之间差异显著。在目水平上,鸡油菌目(Cantharellales)、球囊霉目(Glomerales)、柔膜菌目(Helotiales)、伞菌目(Agaricales)、盘菌目(Pezizales)、粪壳菌目(Sordariales)是野党参根际土壤中的优势目,且与其余3种植物存在显著差异;被孢霉目(Mortierellales)、寡囊盘菌目(Thelebolales)、芽枝霉目(Blastocladiiales)是老鹤草根际土壤的优势目,且与其余3种植物存在显著差异;格孢腔菌目(Pleosporales)、小丛壳目(Glomerellales)、节壶菌目(Spizellomycetales)是紫花苜蓿根际土壤的优势目,且与其余3种植物存在显著差异。纲水平上,盘菌纲(Pezizomycetes)、伞菌纲(Agaricomycetes)和球囊菌纲(Glomeromycetes)是野党参根际土壤中的优势纲,且与其余3种植物存在显著差异;被孢霉纲

(Mortierellomycetes)、芽枝霉纲(Blastocladiomycetes)、锤舌菌纲(Leotiomyces)、罗兹菌亚纲未区分菌纲(Rozellomycotina_cls_incertainae_sedis)是老鹤草根际土壤的优势纲,且与其余3种植物存在显著差异;节壶菌纲(Spizellomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes)是紫花苜蓿根际土壤的优势纲,且与其余3种植物存在显著差异。属水平上,黑蛋巢菌属(*Cyathus*)、毛盘菌属(*Tricharina*)、四枝孢属(*Tetracladium*)、毛球壳科未区分菌属(*Lasiochaeriacae_gen_incertainae_sedis*)是野党参根际土壤的优势属,且与其余3种植物存在显著差异;裂壳菌属(*Schizothecium*)、锥盖伞属(*Conocybe*)、聚孢霉属(*Clonostachys*)、双隔镰刀菌属(*Bisifusarium*)、小球腔菌属(*Leptosphaeria*)是早熟禾根际土壤的优势属,且与其余3种植物存在显著差异;寡囊盘菌属(*Thelebolus*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、被孢霉目未区分菌属(*Mortierellales_gen_incertainae_sedis*)、*GS11gen_incertainae_sedis*、芽枝霉目未区分菌属(*Blastocladiiales_gen_incertainae_sedis*)是老鹤草根际土壤的优势属,且与其余3种植物存在显著差异;织球壳属(*Plectosphaerella*)、链格孢属(*Alternaria*)、土球酵母属(*Solicoccozyma*)、壳二孢属(*Ascochyta*)是紫花苜蓿根际土壤的优势属,与其余植物差异明显。

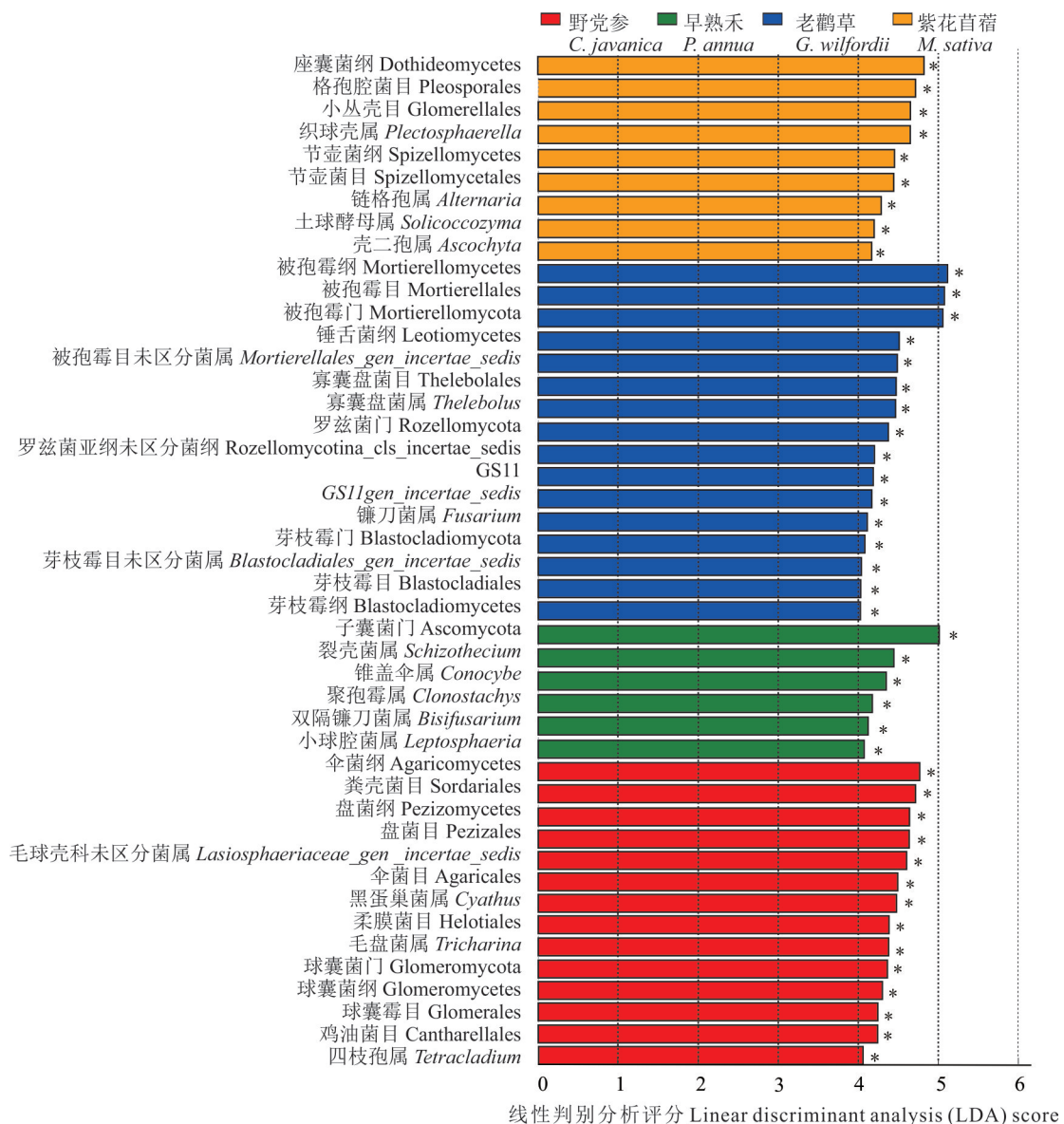


图4 4种植物根际土壤真菌线性判别分析值

Fig. 4 The linear discriminant analysis (LDA) values of fungi in rhizosphere soil among four plant species

图中显示的线性判别分析值均在4种植物之间存在显著差异($P < 0.05$)。"*"表示在不同植物间有显著差异($P < 0.05$)。The linear discriminant analysis (LDA) values shown in the figure exhibited significant differences among the four vegetation types, with "*" indicating significant differences between different plant species ($P < 0.05$).

2.5 真菌功能预测

利用 FunGuild 数据库查询所有样品中的真菌群落生态学功能并注释,对其营养类型和功能类群进行分类,去除未定义真菌共有 8 个营养型,取其相对丰度前 10 的优势功能类群并去除未定义真菌共有 9 个功能类群。8 个营养型分别是腐生营养型(saprotroph)、病理营养型(pathotroph)、共生营养型(symbiotroph)、病理腐生共生过渡型(pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、病理腐生过渡型(pathotroph-saprotroph)、病理共生过渡型(pathotroph-symbiotroph)、腐生共生过渡型(saprotroph-symbiotroph)和病原体腐生共生过渡型(pathogen-saprotroph-symbiotroph)(表 3)。腐生营养型是所有植被根际土壤中的最优势营养型,但在不同植物根际土壤中其相对丰度不尽相同,在早熟禾中的相对丰度显著高于其他植被($P < 0.05$)。其次是病理营养型,其在紫花苜蓿根际土壤中的相对丰度显著高于其余植被,在早熟禾中次之,均显著高于野党参与老鹳草($P < 0.05$)。而共生营养型的相对丰度在野党参中显著高于其余植被,病原体腐生共生过渡型只存在于紫花苜蓿根际土壤中。

表 3 不同植物根际土壤真菌群落营养型相对丰度

Table 3 Relative abundance of trophic types in rhizosphere soil fungal communities among different plants

营养型 Trophic type	野党参 <i>C. javanica</i>	早熟禾 <i>P. annua</i>	老鹳草 <i>G. wilfordii</i>	紫花苜蓿 <i>M. sativa</i>
腐生营养型 Saprotroph	0.337±0.069b	0.515±0.023a	0.379±0.067b	0.321±0.049b
病理营养型 Pathotroph	0.033±0.010c	0.083±0.011b	0.014±0.004c	0.158±0.054a
共生营养型 Symbiotroph	0.093±0.022a	0.041±0.005b	0.005±0.000c	0.014±0.004bc
病理腐生共生过渡型 Pathotroph-saprotroph-symbiotroph	0.018±0.003abc	0.056±0.029ab	0.011±0.005c	0.064±0.036a
病理腐生过渡型 Pathotroph-saprotroph	0.007±0.006b	0.018±0.007ab	0.041±0.010a	0.035±0.026ab
病理共生过渡型 Pathotroph-symbiotroph	0.024±0.009a	0.021±0.011a	0.007±0.003a	0.023±0.011a
腐生共生过渡型 Saprotroph-symbiotroph	0.002±0.001a	0.002±0.001a	0.003±0.001a	0.002±0.001a
病原体腐生共生过渡型 Pathogen-saprotroph-symbiotroph	—	—	—	0.000±0.000

“—”表示无该类群,下同。“—” indicated the absence of this group. The same below.

9 个功能类群分别是未定义腐生真菌(undefined-saprotroph)、植物病原菌(plant-pathogen)、动物病原体—内生真菌—植物病原体—木材腐生真菌(animal pathogen-endophyte-plant pathogen-wood saprotroph)、粪便腐生真菌(dung-saprotroph)、丛枝菌根真菌(arbuscular-mycorrhizal)、植物病原体—土壤腐生物—木材腐生真菌(plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph)、外生菌根真菌(ectomycorrhizal)、内生真菌—植物—病原菌(endophyte-plant-pathogen)、粪便腐生真菌—未定义腐生菌—木材腐生真菌(dung saprotroph-undefined saprotroph-wood saprotroph),其中未定义腐生真菌是所有植物的最优势功能菌群(表 4)。丛枝菌根真菌在野党参根际土壤中的相对丰度显著高于其他植被($P < 0.05$)。植物病原菌在紫花苜蓿根际土壤真菌中的相对丰度显著高于其余植被,在早熟禾中次之,且均显著高于野党参与老鹳草($P < 0.05$)。外生菌根真菌在野党参根际土壤中的相对丰度显著高于其余植被($P < 0.05$),在早熟禾中最低。而粪便腐生真菌—未定义腐生菌—木材腐生真菌功能群只存在于紫花苜蓿中。

2.6 环境因子与真菌多样性的相关性分析

基于 Pearson 相关性分析,根际土壤真菌群落 α 多样性与土壤理化因子的相关性结果表明(表 5),均匀度指数(Pielou_e index)与速效磷和土壤有机质含量呈显著负相关($P < 0.05$),Shannon 指数和 Simpson 指数均与 pH 呈显著正相关,但和速效磷含量呈显著负相关。除此之外,Shannon 指数还和全钾含量呈显著正相关,Simpson 指数与土壤有机质含量呈显著负相关。

表 4 不同植物根际土壤真菌群落优势功能类群相对丰度

Table 4 Relative abundance of dominant functional groups in rhizosphere soil fungal communities among different plant species

功能类群 Guild groups	野党参 <i>C. javanica</i>	早熟禾 <i>P. annua</i>	老鹳草 <i>G. wilfordii</i>	紫花苜蓿 <i>M. sativa</i>
未定义腐生真菌 Undefined-saprotroph	0.304±0.067b	0.442±0.022a	0.355±0.056ab	0.286±0.052b
植物病原菌 Plant-pathogen	0.032±0.011c	0.075±0.010b	0.014±0.004c	0.156±0.055a
动物病原体-内生真菌-植物病原体-木材腐生真菌 Animal pathogen-endophyte-plant pathogen-wood saprotroph	0.008±0.006b	0.042±0.023a	0.007±0.006b	0.047±0.035a
粪便腐生真菌 Dung-saprotroph	0.018±0.010b	0.065±0.011a	0.019±0.012b	0.007±0.004b
丛枝菌根真菌 Arbuscular-mycorrhizal	0.049±0.008a	0.029±0.008b	0.003±0.002c	0.011±0.014bc
植物病原体-土壤腐生生物-木材腐生真菌 Plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph	0.002±0.001c	0.003±0.001bc	0.021±0.016a	0.019±0.008ab
外生菌根真菌 Ectomycorrhizal	0.027±0.014a	0.000±0.000b	0.003±0.001b	0.002±0.001b
内生真菌-植物-病原菌 Endophyte-plant-pathogen	0.024±0.009a	0.021±0.011a	0.008±0.002a	0.024±0.011a
粪便腐生真菌-未定义腐生菌-木材腐生真菌 Dung saprotroph-undefined saprotroph-wood saprotroph	—	—	—	0.016±0.010

表 5 真菌群落 α多样性与生态因子相关分析

Table 5 Correlation analysis of fungal α-diversity indices and soil ecological factors

项目 Items	pH	TN	AN	AP	TP	TK	AK	SOM
Chao1 指数 Chao1 index	0.296	0.083	0.049	-0.028	0.443	0.163	0.490	0.119
均匀度指数 Pielou_e index	0.323	-0.377	-0.394	-0.627**	-0.496	0.314	-0.132	-0.611*
香农指数 Shannon index	0.591*	-0.094	-0.145	-0.515*	0.048	0.558*	0.352	-0.322
辛普森指数 Simpson index	0.521*	-0.394	-0.438	-0.703**	-0.185	0.397	0.205	-0.589*

*表示存在显著相关性 ($P<0.05$), **表示存在极显著相关性 ($P<0.01$)。 * indicates a significant correlation ($P<0.05$), and ** indicates an extremely significant correlation ($P<0.01$).

通过基于距离的冗余分析 (distance-based redundancy analysis, db-RDA) 解释真菌群落与土壤理化因子间的相关性, 结果显示第 1、2 排序轴累计解释变异量达 62.50% (图 5)。样本点分布呈现出较为明显的聚类态势。沿第 1 轴方向可划分为两个集群, 野党参根际土壤样品处于负轴区域, 而早熟禾、老鹳草与紫花苜蓿则位于正轴位置。沿第 2 轴方向同样分为两个集群, 野党参与老鹳草根际土壤样品位于负轴, 而早熟禾与紫花苜蓿位于正轴。约束在第 1 轴上的关键因子包括 pH、总磷 (total phosphorus, TP)、速效磷 (available phosphorus, AP)、总钾 (total potassium, TK)、速效钾 (available potassium, AK) 与有机质 (soil organic matter, SOM), 而第 2 轴上的重要因子为总氮 (total nitrogen, TN) 与速效氮 (available nitrogen, AN)。 *Neophiobolus* 和黑蛋巢菌属 (*Cyathus*) 的方向与 TK 箭头方向一致, 表明这 2 个属的丰度与 TK 正相关, 而链格孢属 (*Alternaria*) 和被孢霉属 (*Mortierella*) 与 TK 负相关; 寡囊盘菌属 (*Thelebolus*) 的方向与 SOM 和 AP 箭头方向相同, 说明其丰度与 SOM 和 AP 正相关。

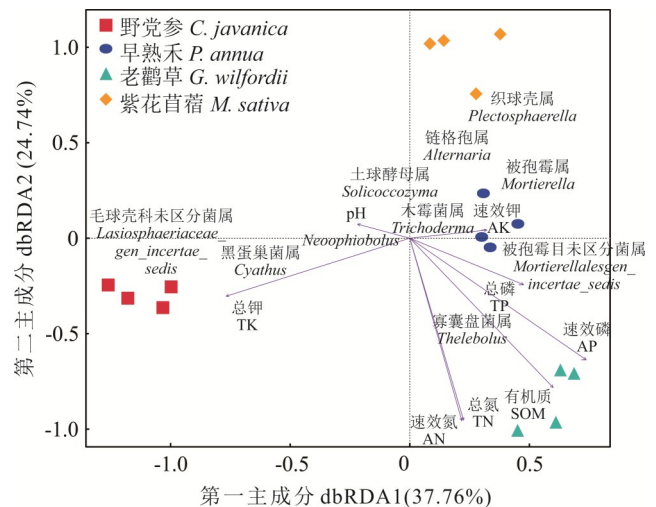


图 5 环境因子与真菌群落冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis of environmental factors and fungal communities

3 讨论

植被的凋落物与根系分泌物会影响根际土壤理化性质、有机质和养分含量,造成植物根际土壤微生物多样性的变化^[18-19]。张旭升等^[20]研究不同植被恢复模式下矿区复垦土壤真菌群落时发现,不同植被类型下土壤真菌多样性存在差异。本研究基于Bray-Curtis距离矩阵的NMDS分析对4种不同植被根际土壤真菌群落结构的差异性进行比较,发现早熟禾、老鹳草、紫花苜蓿根际土壤真菌群落结构与野党参有明显差异,说明不同的植被类型会对真菌群落多样性产生影响,与Masse等^[21]和Liu等^[22]的研究结果类似。有研究发现,土壤真菌多样性受土壤理化性质的显著影响^[23],土壤pH及土壤养分等会调控土壤真菌种类和数量^[24],而土壤总氮、速效磷、有机质等也可通过降低土壤pH调控真菌群落多样性^[25]。在本研究中pH、总氮、速效氮、速效磷、总钾、有机质含量等与根际土壤真菌群落多样性有显著相关性,表明土壤环境因子是制约真菌群落多样性的关键因素。

子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)是典型的腐生真菌,壶菌门大多数是腐生真菌,广泛存在于各种植物根际土壤中。子囊菌门、担子菌门能够降解木质素和角质素,而被孢霉门能够降解半纤维素、纤维素和木质素,壶菌门能降解纤维素和几丁质,具有促进植物生长和帮助植物抑制病害的潜力,在物质转换和能量传递以及微生物的生态位稳定中发挥重要作用^[26-28]。本研究发现,子囊菌门、被孢霉门和担子菌门是托木尔峰植物根际土壤的优势菌门,该结果与新疆棉(*Gossypium hirsutum*)田土壤和南疆盐生植物根际土壤真菌群落结构特征一致^[15,29]。综上表明,环境中共同存在的优势真菌群落在应对环境变化时具有较强的抗逆性,即便不同土壤和植被类型会对土壤真菌多样性和其群落结构产生影响,但土壤中的优势菌门基本相似。本研究中,老鹳草根际土壤中被孢霉目的相对丰度明显高于其余植被,原因可能是被孢霉目通常分布在可为腐生真菌提供有机质的物种根际土壤中^[30],而老鹳草根际土壤的有机质含量显著高于其余3种植物。此外,有研究认为,粪壳菌目相对丰度与pH和凋落物含量呈正相关^[31],而本研究中野党参地上冠幅比其余植被大,所形成的茎秆、碎叶等木质化凋落物含量更多且容易堆积在根部,进而被盘菌目、粪壳菌目、伞菌目等腐生真菌分解。

真菌有着复杂的生活史,部分真菌为了适应生存环境会主动采用多种营养方式^[32]。本研究中4种植物根际土壤真菌的营养型均以腐生营养型为主导,意味着子囊菌门、被孢霉门、壶菌门和担子菌门是主要的营养类群。腐生真菌是土壤中最重要有机质分解者,在土壤养分循环方面起着重要作用^[33],其在野党参、早熟禾、老鹳草和紫花苜蓿4种植物根际土壤中通过分解凋落物进入根际,形成“肥岛效应”促进自身生长发育。此外,早熟禾、紫花苜蓿根际土壤中的病理营养型仅次于腐生营养型,而老鹳草根际的土壤病理腐生过渡型仅次于腐生营养型。病理型真菌通过损害宿主细胞而获取营养,意味着这些植物可能会被致病菌感染,妨碍自身的生长发育,甚至导致植株死亡。但被孢霉门是所有植被的共有优势门,其除了能调控土壤微生物群落提高植物抗病性外还能诱导植物防御病原菌,通过分泌拮抗物质抑制病原菌^[27]。因此,托木尔峰植被虽然面临病原菌的侵害,但通过自身优势菌门能在一定程度上抵抗病原菌的侵害,也可以通过人工接种被孢霉菌剂调控其根际土壤真菌群落来提高其抗病性。

研究发现,托木尔峰4种植物根际土壤真菌的功能类型都以未定义腐生真菌为主,这意味着根际土壤真菌能依靠宿主植物凋落物为自身生长发育提供营养。此外,丛枝菌根真菌类群在野党参根际土壤中的丰度最高,而丛枝菌根真菌具有促进植物生长、改善土壤结构及提高植物抵御不良环境的能力^[34-35],据此推测野党参抵御植物病原菌的能力较强。值得注意的是,外生菌根真菌的营养类型属于共生营养型^[36],其在野党参根际土壤中的相对丰度显著高于其他3种植物,这可能是导致野党参根际土壤中的共生营养型丰度高于其他植被的原因。外生菌根真菌在提高植物对养分和水分吸收的同时能提高植物的抗逆性,因此,在托木尔峰自然保护区通过人工接种外生菌根的方式能促进其他植被生长发育,进而提高生态系统的稳定性。

本研究通过对托木尔峰自然保护区野党参、早熟禾、老鹳草及紫花苜蓿4种植物根际土壤真菌群落结构特征比较及功能注释发现,子囊菌门、被孢霉门和担子菌门等腐生真菌在其群落中占据优势生态位,然而,值得注意的是,植物病原菌等致病菌同样占据相当比例,这意味着该地区生境面临遭受一定程度破坏的潜在风险。但野党参根际土壤真菌群落结构与其他3种植物存在明显差异,且丛枝菌根真菌和外生菌根在野党参根际土壤真菌群落

中的占比高于病原菌,由此推测野党参可能在维护托木尔峰植被生态系统稳定性方面发挥着关键作用。在制定托木尔峰生态系统的维护策略时,或许可以考虑扩增野党参的种植规模。亦可采用生物防治手段,即从野党参根际土壤中分离筛选具有抗逆促生功能的有益真菌,并将其接种于植株,以此实现对托木尔峰生态系统的有效保护。需要说明的是,本研究仅基于FUNGuild数据库对托木尔峰不同植物根际土壤真菌功能进行了初步探索,各类群的确切功能仍有待进一步明晰。后续研究将通过改良培养基类型、模拟托木尔峰自然生态条件等分离筛选出具有抗逆促生功效的有益菌株,以期为该区域相关生态保护提供更坚实的理论依据。

4 结论

从新疆托木尔峰野党参、早熟禾、老鹳草及紫花苜蓿4种植物16个根际土壤样品中共获得2441个真菌ASVs,被划分为12门、38纲、85目、74科、321属、411种。根际土壤真菌群落多样性和丰富度在不同植被间有一定差异,NMDS分析显示野党参植物根际土壤真菌群落结构与其他3种植物明显不同。4种植物共有的优势菌门为子囊菌门、被孢霉门、担子菌门和壶菌门。不同植物根际土壤真菌群落被划分为8个营养型,尤以腐生营养型为主,而9个功能类群中以未定义腐生真菌占优势。不同植物根际土壤真菌群落结构变化受到土壤理化特性的影响。

参考文献 References:

- [1] Chu Q Q. Characteristics of fungi community in rhizosphere soil of navel orange in southern Jiangxi Province. Shanghai: East China University of Science and Technology, 2023.
褚奇奇. 赣南脐橙根际土壤真菌群落特征研究. 上海: 东华理工大学, 2023.
- [2] Ding Z J, Tang M, Chen X, *et al.* Measuring rhizosphere effects of two tree species in a temperate forest: A comprehensive method comparison. *Rhizosphere*, 2019, 10(6): 100153.
- [3] Wu W W, Han X, Wang J P, *et al.* Alterations with plantation years of *Fructus aurantii* on rhizosphere microbiome and soil properties. *Acta Pedologica Sinica*, 2024, 61(6): 1729—1740.
吴微微, 韩雪, 王继朋, 等. 种植年限对枳壳根际微生物群落和土壤性质的影响. *土壤学报*, 2024, 61(6): 1729—1740.
- [4] Chen J, Nan J, Xu D L, *et al.* Response differences between soil fungal and bacterial communities under opencast coal mining disturbance conditions. *Catena*, 2020, 194: 104779.
- [5] Ji C, Huang J, Yu H, *et al.* Do the reclaimed fungal communities succeed toward the original structure in eco-fragile regions of coal mining disturbances? A case study in North China loess-aeolian sand area. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 770715.
- [6] Jiang C, Dong Y H, Meng L Q, *et al.* Research progress on soybean root rot caused by *Fusarium* and its biological control. *Soybean Science*, 2024, 43(5): 656—662.
姜超, 董禹含, 孟利强, 等. 镰孢菌引发的大豆根腐病及其生物防治研究进展. *大豆科学*, 2024, 43(5): 656—662.
- [7] Dong Z Y, Rao M P N, Liao T J, *et al.* Diversity and function of rhizosphere microorganisms between wild and cultivated medicinal plant *Glycyrrhiza uralensis* Fisch under different soil conditions. *Archives of Microbiology*, 2021, 203(6): 3657—3665.
- [8] Turhong·Nurdong, Yang C, Maimaitimin·Sulaiman. Bryophytes in the Tomur Peak National Nature Reserve. *Forestry of Xinjiang*, 2023(6): 30—33.
吐尔洪·努尔东, 杨纯, 买买提明·苏来曼. 托木尔峰国家级自然保护区的苔藓植物. *新疆林业*, 2023(6): 30—33.
- [9] Dolathan·Tohsun, Turhong·Nurdong, Reyimu·Mamuti, *et al.* Study on microlichen species diversity in Tuomuer Peak National Nature Reserve, Xinjiang. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2024, 52(9): 87—91.
杜来提罕·托合荪, 吐尔洪·努尔东, 热衣木·马木提, 等. 新疆托木尔峰国家级自然保护区微型地衣多样性研究. *安徽农业科学*, 2024, 52(9): 87—91.
- [10] Yong H Y, Turhong·Nurdong, Reyimu·Mamuti, *et al.* Macrolichen flora and diversity in Tuomuer Peak National Nature Reserve, Xinjiang, China. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2024, 38(4): 147—154.
雍海英, 吐尔洪·努尔东, 热衣木·马木提, 等. 新疆托木尔峰国家级自然保护区大型地衣多样性及区系研究. *干旱区资源与环境*, 2024, 38(4): 147—154.
- [11] Liu F F, Yang J, Wang G Q, *et al.* Effects of disturbances on vegetation diversity and soil physicochemical properties of Tomur national nature reserve. *Science Technology and Engineering*, 2023, 23(7): 2787—2793.

- 刘霏霏, 杨静, 王国庆, 等. 扰动对托木尔峰国家自然保护区植被多样性和土壤理化性质的影响. 科学技术与工程, 2023, 23(7): 2787—2793.
- [12] Zhao Z X. Diversity of macrofungi in Tomur National Nature Reserve and molecular systematics of important taxa. Alaer: Tarim University, 2022.
赵振西. 托木尔峰国家级自然保护区大型真菌多样性及重要类群分子系统学研究. 阿拉尔: 塔里木大学, 2022.
- [13] Bai Y X, Liu R H, Su J H, *et al.* Effects of tree species mixing on bulk and rhizosphere soil microbial resource limitation in stands of *Pinus massoniana* and *Castanopsis hystrix*. Acta Ecologica Sinica, 2024, 44(23): 10770—10781.
白昱欣, 刘润洪, 苏洁桦, 等. 树种混交对马尾松和红锥根际与非根际土壤微生物资源限制的影响. 生态学报, 2024, 44(23): 10770—10781.
- [14] Bao S D. Soil agrochemical analysis (The Third Edition). Beijing: China Agriculture Press, 2000.
鲍士旦. 土壤农化分析(第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [15] Li M Y, Wang J L, Zhou Q, *et al.* Analysis on the rhizosphere fungal community structure of four halophytes in Southern Xinjiang. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(21): 8484—8495.
李明源, 王继莲, 周茜, 等. 新疆四种盐生植物根际土壤真菌群落结构特征. 生态学报, 2021, 41(21): 8484—8495.
- [16] Ma D X, Wang J Q, Lan W L, *et al.* Response of fungal communities in container seedling substrates of *Cunninghamia lanceolata* to exponential fertilization. Journal of Sichuan Agricultural University, 2024, 42(2): 388—396.
马东旭, 王佳琪, 蓝伟立, 等. 指数施肥对杉木容器育苗基质真菌群落及功能类群的影响. 四川农业大学学报, 2024, 42(2): 388—396.
- [17] Zhu W Y, Lin M T, Wu Z Y, *et al.* Diversity and function analysis of endophytic bacteria in *Phyllostachys edulis* stems at different ages. Journal of Sichuan Agricultural University, 2022, 40(5): 766—774.
朱伟焱, 林梦婷, 吴仲义, 等. 不同竹龄毛竹茎干内生细菌多样性与功能预测. 四川农业大学学报, 2022, 40(5): 766—774.
- [18] Wang L Y, Sun H Z, Yang X. Structure and functional diversity of bacterial community in rhizosphere soil of typical vegetation in the riparian zone along the downstream of Songhua River. Environmental Science, 2022, 43(4): 2182—2191.
王露莹, 孙慧珍, 杨雪. 松花江下游滨岸带典型植被根际土壤细菌群落结构与功能多样性. 环境科学, 2022, 43(4): 2182—2191.
- [19] Guo C Q, Yang C, Fu J S, *et al.* Effects of crop rotation on sugar beet growth through improving soil physicochemical properties and microbiome. Industrial Crops and Products, 2024, 212: 118331.
- [20] Zhang X S, Guo P J, Zhang Y L, *et al.* Community composition and diversity of fungi in reclaimed soil in mining areas under different vegetation restoration types. Mycosystema, 2022, 41(11): 1831—1844.
张旭升, 郭鹏杰, 张瀛澜, 等. 不同植被恢复模式下矿区复垦土壤真菌群落组成及多样性. 菌物学报, 2022, 41(11): 1831—1844.
- [21] Masse J, Hamel C, Bainard L D, *et al.* Diversification of crops and intensification of canola impact the diversity, community structure, and productivity in successive crop systems: A study on arbuscular mycorrhizal fungal communities in roots and rhizosphere. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2025, 377: 109256.
- [22] Liu A L, Li Y X, Wang Q Q, *et al.* Analysis of microbial diversity and community structure of rhizosphere soil of *Cistanche salsa* from different host plants. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 971228.
- [23] Yao T, Hu X L, Jia Y H, *et al.* Effects of corn stalk biochar on soil physicochemical properties and fungal community structure in the rhizosphere of *Gaillardia pulchella* Foug. Journal of Southern Agriculture, 2021, 52(4): 942—950.
姚彤, 胡晓龙, 贾永红, 等. 玉米秸秆生物炭对天人菊土壤理化性质及根际土壤真菌群落结构的影响. 南方农业学报, 2021, 52(4): 942—950.
- [24] Li S, Wang D L, Xu S T, *et al.* Correlation analysis of rhizosphere soil fungal community structure and physicochemical in *Aquilaria sinensis* (Lour.) Spreng before and after agarwood induction in different planting areas. Chinese Journal of Tropical Crops, 2024, 45(5): 1061—1071.
李思, 王德立, 徐诗涛, 等. 不同种植区白木香结香前后根际土壤真菌群落结构与理化因子相关性分析. 热带作物学报, 2024, 45(5): 1061—1071.
- [25] Li H, Su M D, Huang L P, *et al.* Effects of nitrogen, phosphorus and potassium application on available nutrients and fungal diversity in tobacco-growing soil. Crops, 2023(3): 238—245.
李航, 苏梦迪, 黄浪平, 等. 氮磷钾配施对植烟土壤速效养分和真菌多样性的影响. 作物杂志, 2023(3): 238—245.

- [26] Koechli C, Campbell A N, Pepe-Ranney C, *et al.* Assessing fungal contributions to cellulose degradation in soil by using high-throughput stable isotope probing. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 130(2019): 150–158.
- [27] Qiu Z J, Suo M, Wang Z B, *et al.* Research progress on the application of *Mortierella* in sustainable agricultural production. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 40(4): 762–768.
裘智杰, 索萌, 王照贝, 等. 被孢霉在可持续农业生产中的应用研究进展. *江苏农业学报*, 2024, 40(4): 762–768.
- [28] Xi S H, Ming A G, Tan L, *et al.* Comparison of soil fungal community diversity and functional groups between native tree species and *Eucalyptus* plantations in south subtropical China. *Guihaia*, 2024, 44(7): 1232–1244.
席守鸿, 明安刚, 谭玲, 等. 南亚热带乡土树种与桉树人工林土壤真菌群落多样性和功能类群的比较. *广西植物*, 2024, 44(7): 1232–1244.
- [29] Liu H Y. Big data analysis of soil microorganisms and evaluation of soil quality in cotton region in Xinjiang. Shihezi: Shihezi University, 2021.
刘海燕. 新疆土壤微生物大数据分析及其棉区土壤质量评价. 石河子: 石河子大学, 2021.
- [30] Man B Y, Xiang X, Luo Y, *et al.* Characteristics and influencing factors of soil fungal community of typical vegetation types in Mount Huangshan, East China. *Mycosystema*, 2021, 40(10): 2735–2751.
满百膺, 向兴, 罗洋, 等. 黄山典型植被类型土壤真菌群落特征及其影响因素. *菌物学报*, 2021, 40(10): 2735–2751.
- [31] Chen W, Wang J, Meng Z, *et al.* Fertility-related interplay between fungal guilds underlies plant richness-productivity relationships in natural grasslands. *New Phytologist*, 2020, 226(4): 1129–1143.
- [32] Xiong D, Ou J, Li L P, *et al.* Community composition and ecological function analysis of endophytic fungi in the roots of *Rhododendron simsii* in *Pinus massoniana* forest in central Guizhou. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(4): 1228–1239.
熊丹, 欧静, 李林盼, 等. 黔中地区马尾松林下杜鹃根部内生真菌群落组成及其生态功能. *生态学报*, 2020, 40(4): 1228–1239.
- [33] Yang P, Zhai Y P, Zhao X, *et al.* Effect of arbuscular mycorrhizal fungi and rhizobium inoculation on soil fungal community structure and function in the rhizosphere of *Medicago sativa*. *Pratacultural Science*, 2020, 37(9): 1669–1680.
杨盼, 翟亚萍, 赵祥, 等. AM真菌和根瘤菌互作对苜蓿根际土壤真菌群落结构的影响及功能预测. *草业科学*, 2020, 37(9): 1669–1680.
- [34] Che Y Y. Study on the growth-promoting and disease-resistant effects of arbuscular mycorrhizal fungi inoculation on *Quercus variabilis* seedlings. Qufu: Qufu Normal University, 2024.
车钰莹. 接种丛枝菌根真菌对栓皮栎幼苗的促生和抗病作用研究. 曲阜: 曲阜师范大学, 2024.
- [35] Wang F, Dong C X, Zhang Y H. Effects of inoculation with arbuscular mycorrhizal fungal on physiological and secondary metabolite of *Oenothera biennis* under salt stress. *Journal of Northeast Forestry University*, 2024, 52(10): 110–118.
王非, 董晨肖, 张玉红. 接种丛枝菌根真菌对盐胁迫下月见草生理及次生代谢产物的影响. *东北林业大学学报*, 2024, 52(10): 110–118.
- [36] Zhao Y H, Sun J Q, Sun J S, *et al.* Community composition of ectomycorrhizal fungi associated with *Quercus mongolica* in Beijing, China. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2024, 33(7): 1364–1374.
赵誉涵, 孙佳琦, 孙静双, 等. 北京地区蒙古栎(*Quercus mongolica*)外生菌根真菌群落特征. *西北农业学报*, 2024, 33(7): 1364–1374.