

DOI:10.11686/cyxb2025089

http://cyxb.magtech.com.cn

宋一欣, 李明源, 麦日艳古·亚生, 等. 新疆高寒草地 3 种植物根际土壤真菌群落结构及功能多样性. 草业学报, 2026, 35(2): 167-178.

SONG Yi-xin, LI Ming-yuan, MAIRIYANGU Ya-sheng, et al. The community structure and functional diversity of rhizosphere soil fungi of three plant species in the alpine grassland of Xinjiang. Acta Prataculturae Sinica, 2026, 35(2): 167-178.

新疆高寒草地 3 种植物根际土壤真菌群落结构及功能多样性

宋一欣^{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:为探究高寒草地植物根际土壤真菌群落结构和生态功能, 利用高通量测序技术分析新疆克孜勒苏柯尔克孜自治州高寒草地 3 种植物蒲公英、早熟禾和野胡萝卜根际土壤真菌群落结构差异, 并分析其与土壤理化因子间的关系。结果显示, 不同植物间真菌群落 α 多样性无明显差异, 但相似性分析 (ANOSIM) 组间差异检验表明, 早熟禾与另两种植物真菌群落结构差异显著。优势菌门包括子囊菌门、担子菌门和被孢霉门; 优势菌属为古根菌属、湿伞属、寡囊盘菌属和柄孢壳属。LefSe 分析表明, 柄孢壳属、湿伞属和古根菌属分别是蒲公英、早熟禾和野胡萝卜的差异标志物。FUNGuild 功能预测表明, 各样品真菌营养模式以腐生型占主导 (相对丰度为 27.1%~28.6%), 而未定义腐生真菌是最优势功能菌群 (相对丰度为 18.5%~24.9%)。土壤有机质、碱解氮、速效磷和全氮是影响真菌多样性的关键因子。由此可见, 新疆克孜勒苏柯尔克孜自治州高寒草地根际土壤真菌群落结构具有植物种类特异性, 研究结果可为解析植物-微生物互作机制及退化草地可持续管理策略的制定提供科学依据。

关键词:高寒草地; 根际土壤真菌; 高通量测序; 功能预测; 植物-微生物互作

The community structure and functional diversity of rhizosphere soil fungi of three plant species in the alpine grassland of Xinjiang

SONG Yi-xin^{1,2}, LI Ming-yuan^{1,2}, MAIRIYANGU Ya-sheng^{1,2}, WANG Ji-lian^{1,2*}

1. College of Life 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: This research investigated the rhizosphere fungal community structure and ecological functions among alpine grassland plant species (*Taraxacum mongolicum*, *Poa annua* and *Daucus carota*) in the alpine grassland of Kizilsu Kirgiz Autonomous Prefecture, Xinjiang, using high-throughput sequencing technology. Correlations between soil physicochemical properties and fungal community structure were also analyzed. No significant differences in fungal alpha diversity were found among plant species. However, an analysis of similarities (ANOSIM) test indicated that the fungal community structure of *P. annua* was significantly different from that of the other two plant species. The dominant fungal phyla were identified as Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota, while the predominant genera included *Archaeorhizomyces*, *Hygrocybe*, *Thelebolus*, and *Podospora*. LefSe analysis identified *Podospora*, *Hygrocybe*, and *Archaeorhizomyces* as biomarkers significantly

收稿日期: 2025-03-20; 改回日期: 2025-05-21

基金项目: 国家自然科学基金 (32160408, 32460428) 和第三次新疆综合科学考察项目 (2022xjkk0200) 资助。

作者简介: 宋一欣 (1998-), 女, 湖北黄冈人, 在读硕士。E-mail: 1292096746@qq.com

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

associated with *T. mongolicum*, *P. annua*, and *D. carota*, respectively. FUNGuild functional annotation revealed that nutritional modes of fungi across all samples were predominantly saprotrophic (27.1%–28.6%), with undefined saprotroph fungi being the most dominant functional group (18.5%–24.9%). Soil organic matter, alkali-hydrolyzable nitrogen, available phosphorus, and total nitrogen were identified as key determinants influencing fungal diversity. In conclusion, the structure and composition of rhizosphere fungal communities in the alpine grassland of Kizilsu Kirgiz Autonomous Prefecture was specific to plant species. These results provide a scientific basis for analyzing the mechanism of plant–microbe interactions and formulating sustainable management strategies for degraded grassland.

Key words: alpine grasslands; rhizosphere soil fungi; high-throughput sequencing; function prediction; plant–microbe interactions

新疆是我国重要的草地资源分布区,其草地面积广阔、类型多样,涵盖了高寒草甸、荒漠草原、山地草原等多种生态系统,不仅承载着独特的生物多样性,也是区域畜牧业发展的物质基础^[1]。克孜勒苏柯尔克孜自治州(以下简称克州)地处帕米尔高原与天山山脉交汇带,天然草地覆盖度约40.2%,以典型的高寒草地生态系统为主,是新疆重要的传统牧区之一^[2]。然而,受高寒环境低温、短生长季及过度放牧等因素影响,克州草地生态系统极端脆弱,呈显著退化趋势,草畜矛盾日益加剧,严重制约了当地畜牧业的可持续发展。尽管国家和地方政府相继采取了一系列政策措施,如落实草地使用权、优化新的草地畜牧业经营结构体系、合理利用与保护并举等,但长期靠天养牧,掠夺式经营,有害自然因素加剧等因素导致草地生态恢复缓慢,退化问题难以遏止。如何科学评估退化草地的生态功能并制定有效修复策略,已成为区域生态保护与经济可持续发展的迫切需求。

植物根际作为连接植物–土壤–微生物相互作用的核心区,被视作地球上动态性最强且最具活力的界面^[3]。而根际微生物的群落组成及多样性深受植物根系分泌物影响,其复杂的互作网络在植物生长及生态系统稳定方面发挥着重要作用,是评判土壤健康和生态平衡的重要指标之一^[4]。近年来,“植物全息生物”概念的提出,进一步凸显了根际微生物的重要地位^[5]。特别地,真菌作为草地生态系统的重要生物组分,在土壤养分循环、植物抗逆性调控及群落稳定性维持中发挥核心作用。真菌可通过形成菌根共生网络、分解有机质及分泌活性代谢产物等途径,直接或间接促进植物生长,增强生态系统对胁迫环境的适应性^[6]。尤其在退化草地修复中,根际真菌群落的多样性与功能特性能够反映土壤健康状态,并为植物–微生物互作驱动的生态恢复提供潜在调控靶点。如菌根真菌的定殖可提升植物对水分和养分的吸收效率,而病原真菌的抑制则有助于缓解植物病害压力,二者共同影响草地群落的演替方向与恢复潜力^[7]。

近年来,关于根际真菌群落的研究多聚焦于温带或热带草地^[8–9],而对高寒草地这一特殊生态系统的关注相对不足。现有研究虽揭示了真菌群落结构与土壤理化性质、植物种类的相关性^[10–11],但针对高寒草地优势植物根际真菌的功能多样性及其驱动机制仍缺乏系统解析。此外,高寒环境严苛的生态条件可能塑造独特的微生物互作模式,但相关区域特异性规律尚未明确。本研究以新疆克州乌恰县高寒草地蒲公英(*Taraxacum mongolicum*)、早熟禾(*Poa annua*)和野胡萝卜(*Daucus carota*)3种优势植物为对象,结合高通量测序技术与功能预测分析,阐明其根际真菌群落结构、功能多样性及其与土壤因子的互作关系,旨在揭示高寒草地植物–微生物协同适应机制,为评估草地生态状况,应用微生物技术修复退化草地生态提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况及样品采集

研究区位于新疆克州乌恰县(38°51' N, 73°48' E, 海拔2300~4000 m),属典型温带大陆性干旱气候。研究区地处山区,气候垂直反应迅速,四季不分明,仅有冷暖季之分,温差较大,降水稀少且不均^[12]。区域内生境类型多样,垂直分布特征明显,植被以高寒草甸为主,具有特殊的植物区系,主要包括菊科(Asteraceae)、禾本科

(Poaceae)、伞形科 (Apiaceae) 等^[13]。

依据典型性和代表性原则,于 2023 年 7 月在研究区内采集蒲公英、早熟禾和野胡萝卜 3 种优势植物根际土壤。每种植物均采用“S”形采样法^[14]随机布点 12 处,通过多点混合采样法将 3 个相邻样点采集的根际土壤混合为一个样品,得到每种植物 4 个重复样品,3 种植物共 12 个根际土壤样本。将样品封装于 50 mL 无菌离心管中,于低温下运送至实验室。

1.2 土壤理化指标测定

土壤理化指标测定参照《土壤农化分析》^[15]相关方法,即采用电位法测定土壤 pH(水土比 2.5:1);重铬酸钾氧化—外加热法测定土壤有机质(soil organic matter, SOM)含量;凯氏定氮法测定土壤全氮(total nitrogen, TN)含量;NaOH 碱熔—钼锑抗比色法测定土壤全磷(total phosphorus, TP)含量;NaOH 碱熔—火焰光度法测定土壤全钾(total potassium, TK)含量;碱解扩散法测定土壤碱解氮(alkali-hydrolyzable nitrogen, AN)含量;钼锑抗比色法测定土壤速效磷(available phosphorus, AP)含量;火焰光度法测定土壤速效钾(available potassium, AK)含量。

1.3 土壤真菌 DNA 提取与 PCR 扩增

采用土壤基因组 DNA 提取试剂盒(OMEGA E. Z. N. A. Soil DNA Kit, 美国)提取总基因组 DNA。用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 质量,微量分光光度计(Tnano-800F, 中国)测定 DNA 浓度及纯度。以土壤总 DNA 为模版,采用从奥科生物科技有限公司合成的 ITS1 区通用引物 ITS1-1F-F(5'-CTTGGTCATTTAGAG GAAGTAA-3')和 ITS1-1F-R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')进行 PCR 扩增^[16]。PCR 反应体系为:2×PCR Mix 15 μL,基因组 DNA 2 μL,正反引物各 1 μL,ddH₂O 补齐至 30 μL。反应条件:98 °C 预变性 1 min;98 °C 变性 10 s,50 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 30 s,30 个循环;72 °C 下保持 5 min^[17]。PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶进行电泳检测,合格后用干冰寄送到北京诺禾致源科技股份有限公司,基于 NovaSeq 6000 平台双端 PE 250 对 ITS1 区进行测序,测序读长为 2×250 bp。

1.4 数据处理

根据 PCR 引物和 barcode 序列对下机数据进行拆分,获得原始下机数据。将原始数据去除 barcode 和低质量碱基后,用 FLASH 软件进行拼接,得到高质量数据 Clean Tags。将 Clean Tags 与物种注释数据库比对去除嵌合体,得到最终有效数据(effective tags)。使用 QIIME 2(qiime2-2020.6)软件中的 DADA 2 模块对有效数据进行降噪,并过滤掉丰度小于 5 的序列,获得最终扩增子序列变体(amplicon sequence variants, ASVs)及特征表。与 Unite v 9.0 数据库比对,得到每个 ASVs 的物种信息。各样品群落组成数据经均一化处理后计算 α 多样性指数,并采用 SPSS 27 分析物种多样性指数及优势菌群相对丰度差异(LSD 法, $P < 0.05$)。用主成分分析法计算 β 多样性矩阵距离,基于非参数因子克鲁斯卡尔-沃利斯秩和检验(non-parametric factorial Kruskal-Wallis sum-rank test)检测样品间丰度差异显著的物种,采用成组 Wilcoxon 秩和检验进行组间差异性判断,用线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)实现降维并评估差异显著物种的影响大小(LDA 阈值 > 4)。基于 FUNGuild 数据库对真菌群落 ITS 基因序列进行功能通路预测,用 Spearman 相关性检验和典范对应分析(canonical correspondence analysis, CCA)反映环境因子与物种丰度间的相关性。用 Origin 2018 和 R(v 3.6.3)绘图。

2 结果与分析

2.1 根际土壤理化特性

由表 1 可知,3 种植物根际土壤均呈微碱性,pH 在 7.6~8.0 之间,但差异性不显著。而全氮、碱解氮和速效磷含量在 3 种植物根际土壤中差异显著($P < 0.05$),由高到低均为野胡萝卜 > 早熟禾 > 蒲公英。而野胡萝卜根际土壤的有机质含量显著高于蒲公英和早熟禾($P < 0.05$),但土壤全磷、全钾和速效钾含量差异不显著。

2.2 根际土壤真菌测序分析

所有土壤样品共获得 1015718 条有效序列,平均读长在 227~251 bp 之间。测序数据经质控后共得到 967209 条有效序列,经 DADA2 降噪去重后,共聚类为 2799 个 ASVs(图 1)。3 种植物共有的 ASVs 为 277 个,占 ASVs 总数的 9.90%。从具体分布数量看,以早熟禾 ASVs 最多,为 1349 个,蒲公英最少,为 1195 个。从特有 ASVs 数目

表1 3种优势植物根际土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of rhizosphere soil of three dominant plant species

植被类型 Vegetation type	pH	土壤有机质 Soil organic matter (g·kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen (g·kg ⁻¹)	全磷 Total phosphorus (g·kg ⁻¹)	全钾 Total potassium (g·kg ⁻¹)	碱解氮 Alkali-hydrolyz- able nitrogen (mg·kg ⁻¹)	速效磷 Available phosphorus (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available potassium (mg·kg ⁻¹)
蒲公英 <i>T. mongolicum</i>	7.92±0.05a	65.46±3.11b	3.79±0.07c	0.97±0.02a	13.71±0.62a	220.25±7.75c	10.06±0.11c	216.57±3.61a
早熟禾 <i>P. annua</i>	7.85±0.08a	73.65±2.28b	4.62±0.13b	0.97±0.05a	12.61±0.34a	254.23±5.08b	11.77±0.19b	213.01±2.08a
野胡萝卜 <i>D. carota</i>	7.69±0.04a	92.18±3.06a	5.93±0.08a	1.01±0.06a	11.86±0.37a	343.67±4.09a	15.51±0.22a	217.48±3.78a

注: 数据为平均值±标准误差,不同小写字母表示各植被类型间差异显著($P<0.05$),下同。

Note: The data are presented as mean±standard error. Different lowercase letters indicate significant differences among different vegetation types ($P<0.05$). The same below.

看,早熟禾最多,为787个,而蒲公英最少,为626个,分别占ASVs总数的28.12%和22.37%。野胡萝卜特有ASVs数量为688个,占ASVs总数的24.58%。

2.3 根际土壤真菌群落多样性

由表2可知,所有土壤样品测序覆盖深度均在0.99以上。3种植物根际土壤真菌群落丰富度指数(观测特征指数、查普曼指数)、均匀度指数(Pielou index)和多样性指数(香农指数、辛普森指数)均为早熟禾>野胡萝卜>蒲公英,但差异性均不显著。优势度指数(Dominance index)越大,群落内物种数量分布越不均匀,优势种地位越突出,蒲公英根际土壤真菌群落的优势度指数最大,说明其中的优势种地位最突出。

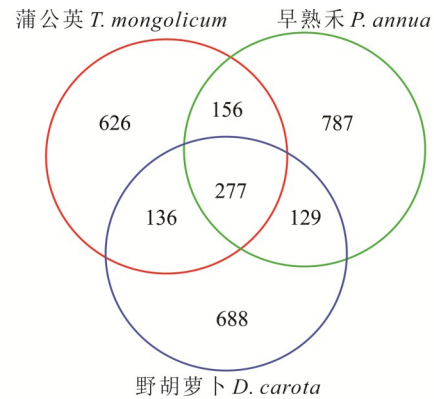


图1 3种植物根际土壤真菌扩增子序列变体分析

Fig. 1 The analysis of fungi amplicon sequence variants among three plant species

表2 3种植物根际土壤真菌群落α多样性分析

Table 2 Alpha diversity analysis of soil fungal communities in the rhizosphere of three plant species

植被类型 Vegetation type	覆盖深度 Coverage	观测特征指数 Observed features index	查普曼指数 Chao1 index	优势度指数 Dominance index	均匀度指数 Pielou index	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index
蒲公英 <i>T. mongolicum</i>	1.0000± 0.0000a	441.0000± 46.5743a	446.4583± 50.2776a	0.0309± 0.0066a	0.7657± 0.0341a	6.6948± 0.1990a	0.9691± 0.0066a
早熟禾 <i>P. annua</i>	1.0000± 0.0000a	529.0000± 50.5602a	541.3155± 58.4673a	0.0210± 0.0032a	0.7948± 0.0153a	7.1703± 0.0608a	0.9790± 0.0032a
野胡萝卜 <i>D. carota</i>	0.9998± 0.0002a	453.5000± 50.9485a	471.9364± 59.7400a	0.0213± 0.0054a	0.7854± 0.0371a	6.8955± 0.2211a	0.9787± 0.0054a

基于加权UniFrac距离算法,采用主坐标分析(principal coordinates analysis,PCoA)研究3种植物根际土壤真菌群落差异。如图2所示,第一轴和第二轴的解释率分别为30.59%和26.25%,累积解释变异量达56.84%。早熟禾与另两种植物根际土壤真菌群落之间没有明显重叠,可相互分开。相似性分析(analysis of similarities,

ANOSIM)表明(表 3),3种植物根际土壤真菌群落结构均是组间差异大于组内差异($R>0$),其中蒲公英—早熟禾和早熟禾—野胡萝卜两两比较差异显著($P<0.05$),组间距离较远,真菌群落结构相似性较低。而蒲公英—野胡萝卜组间距离较近,真菌群落结构较相似。

2.4 根际土壤真菌群落组成分析

12个土壤样品中共检测出真菌12门、39纲、89目、186科、335属和448种。如图3所示,在门分类水平上,相对丰度大于5%的有子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)。其中子囊菌门占绝对优势,其相对丰度在早熟禾根际土壤中占比最高(55.38%),在蒲公英根际土壤中占比最低(51.85%)。担子菌门为亚优势菌门,其相对丰度仍在早熟禾中最高(17.98%),在蒲公英和野胡萝卜根际土壤中分别占8.74%和7.67%。被孢霉门在3种植物根际土壤的相对丰度在7%~10%之间。另外,各样本中相对丰度大于1%的菌门还包括球囊菌门(Glomeromycota)和壶菌门(Chytridiomycota)。相对丰度低于1%的菌门有罗兹菌门(Rozellomycota)、芽枝霉门(Blastocladiomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)和捕虫霉亚门(Zoopagomycota)。毛霉门(Mucoromycota)仅少量存在于蒲公英和野胡萝卜根际土壤,而无柄菌门(Aphelidiomycota)仅在蒲公英根际土壤中被检测到。

属水平上,3种植物根际优势菌属和特有菌属不尽相同。各样本中相对丰度占比前10的属包括古根菌属(*Archaeorhizomyces*)、湿伞属(*Hygrocybe*)、寡囊盘菌属(*Thelebolus*)、柄孢壳属(*Podospora*)、交链孢霉属(*Alternaria*)、粪壳菌纲中分类地位未定属(*Sordariomycetes_gen_Incertae_sedis*)、地舌菌目中分类地位未定属(*Geoglossales_gen_Incertae_sedis*)、古根菌目中分类地位未定属(*Archaeorhizomycetales_gen_Incertae_sedis*)、多孔

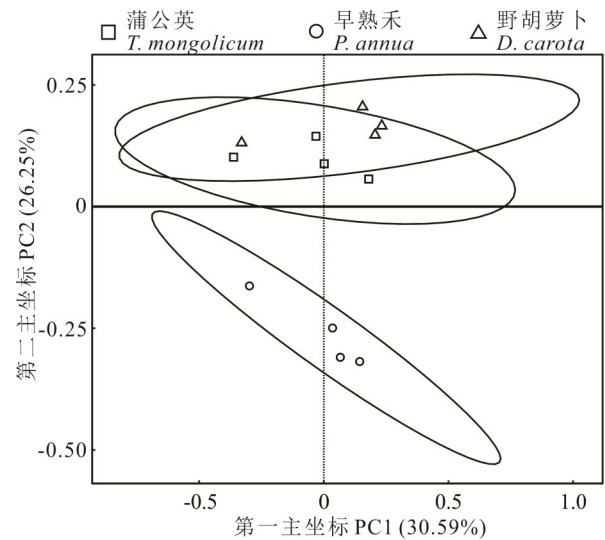


图2 3种植物根际土壤真菌群落主坐标分析
 Fig. 2 Principal coordinates analysis (PCoA) of rhizosphere fungal communities among three plant species

表3 植物根际土壤真菌群落相似性分析组间差异检验
 Table 3 Analysis of similarities (ANOSIM) analysis of rhizosphere soil fungal communities among plant species

组别 Group	R 值 R valve	P 值 P valve
蒲公英—早熟禾 <i>T. mongolicum</i> — <i>P. annua</i>	0.7292	0.0398
早熟禾—野胡萝卜 <i>P. annua</i> — <i>D. carota</i>	0.6251	0.0249
蒲公英—野胡萝卜 <i>T. mongolicum</i> — <i>D. carota</i>	0.2917	0.1542

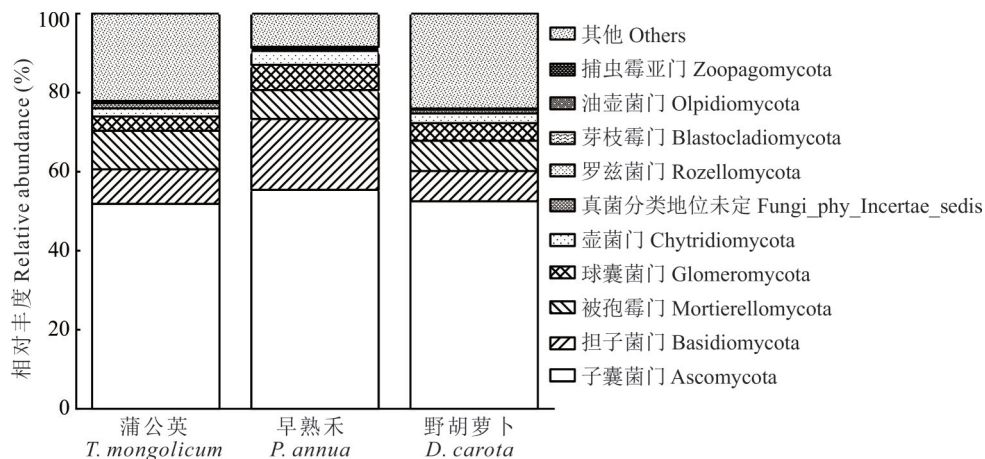


图3 门水平上3种植物根际土壤真菌群落分布特征
 Fig. 3 Distribution characteristics of rhizosphere fungal communities among plant species at phylum level

菌目中分类地位未定属(*Polyporales_gen_Incertae_sedis*)和螺旋聚孢霉属(*Clonostachys*),占比为18.45%~25.32%(图4a)。尤以古根菌属、湿伞属、寡囊盘菌属和柄孢壳属占绝对优势,但古根菌属、湿伞属和柄孢壳属的丰度在3种植物间差异显著(图4b)。古根菌属是野胡萝卜根际的最优势菌属(7.58%),在早熟禾根际为亚优势菌属(5.94%),但在蒲公英根际却不占优势(1.06%)。湿伞属在早熟禾根际占绝对优势(9.83%),但在另外两种植物中的丰度均低于0.5%。柄孢壳属为蒲公英根际的最优势菌属(4.59%),是早熟禾根际的第3优势菌属(2.59%),而在野胡萝卜根际的占比仅为0.2%。从特有菌属看,蒲公英有35个,早熟禾有49个,野胡萝卜有35个。其中,*Sonorphlyctis*、*Hannaella*、短梗霉属(*Aureobasidium*)、掷孢酵母属(*Sporobolomyces*)仅存在于蒲公英根际;*Stachybotriaceae_gen_Incertae_sedis*、*Blastocladias_gen_Incertae_sedis*、*Paurocotylis*、尾孢菌属(*Cercospora*)、木耳属(*Auricularia*)仅存在于早熟禾根际;节担菌属(*Wallemia*)、*Bolbitiaceae_gen_Incertae_sedis*、微球菌属(*Minutisphaera*)仅少量存在于野胡萝卜根际土壤中。

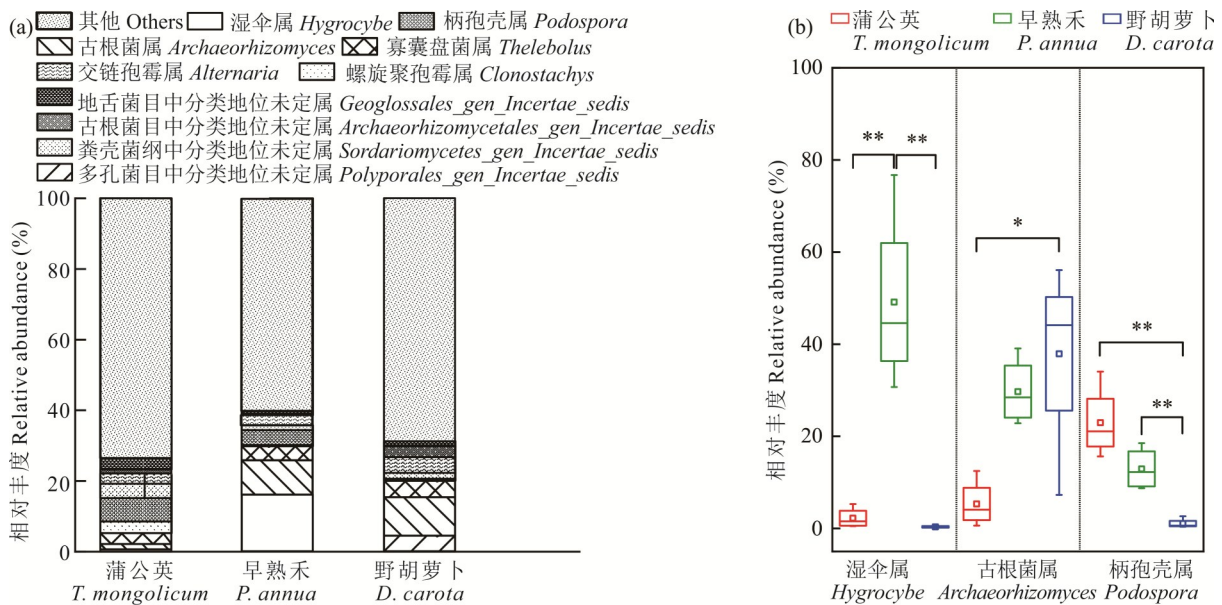


图4 属水平上3种植物根际土壤真菌群落分布特征

Fig. 4 Distribution characteristics of rhizosphere fungal communities among plant species at genus level

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

2.5 差异物种分析

通过线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)和LefSe分析(LDA 阈值 >4 , $P < 0.05$),找出组间有显著差异的物种(biomarker)及显著影响组间差异性的物种或群落。如图5a所示,在3种植物根际土壤中共发现13个生物标志物,分别为1纲、3目、3科、3属和3种。蒲公英根际土壤中,毛球壳科(*Podosporaceae*)、柄孢壳属和柄孢壳菌(*Podospora*_sp.)的丰度存在显著差异($P < 0.05$)。早熟禾根际土壤中,粪壳菌目(*Sordariales*)、伞菌目(*Agaricales*)、蜡伞科(*Hygrophoraceae*)、湿伞属和尖锥形湿伞(*Hygrocybe acutoconica*)5个类群的丰度存在显著差异($P < 0.05$)。野胡萝卜根际土壤中,古根菌纲(*Archaeorhizomycetes*)、古根菌目(*Archaeorhizomycetales*)、古根菌科(*Archaeorhizomycetaceae*)、古根菌属和古根菌属中未确认种(*Archaeorhizomyces*_sp)等的丰度存在显著差异($P < 0.05$)。通过进化分支图(图5b)可以观察到,3种植物根际土壤真菌衍生出多条进化支,其中野胡萝卜差异菌系的进化路线保持一定的独立性,而蒲公英和早熟禾差异菌系进化路线重合,表明它们有相似的进化方向。

2.6 根际土壤真菌功能预测

基于FUNGuild数据库,对3种植物根际土壤真菌群落的营养型和功能类群进行鉴定分类。由表4可知,去

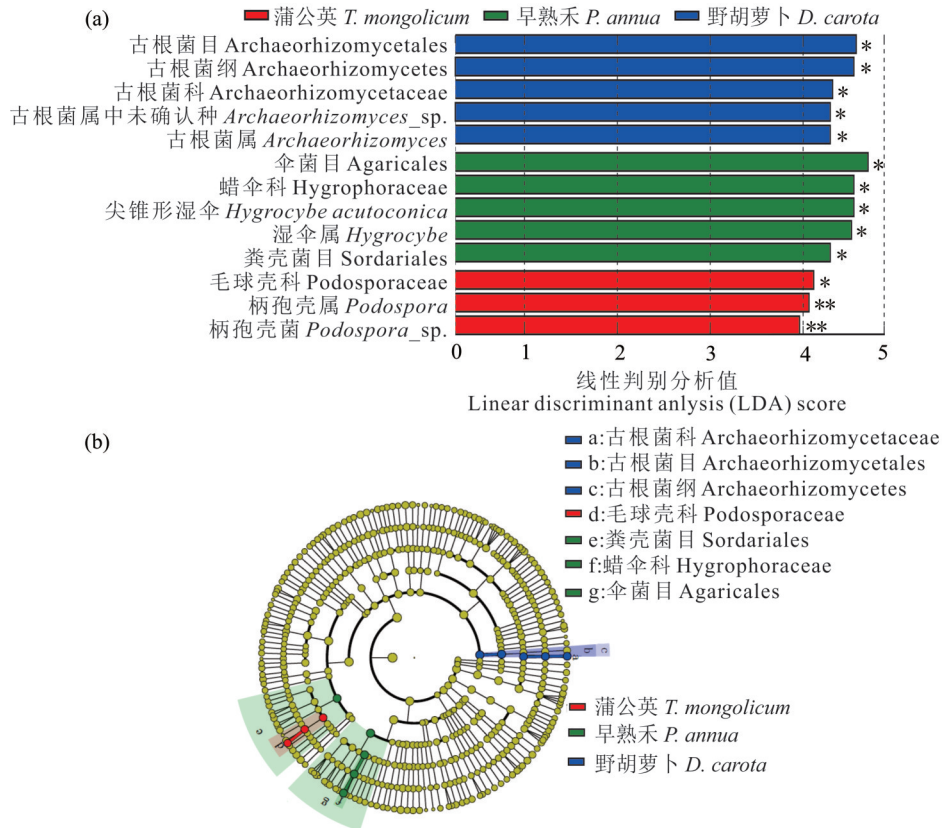


图 5 基于 LefSe 分析 3 种植物根际土壤真菌生物标志物

Fig. 5 Identification of fungal biomarkers in the rhizosphere soil of three plant species based on LefSe analysis

除未分配真菌 (unassigned) 共有 4 种营养型, 分别为腐生营养型 (saprotroph)、复合营养型 (polytroph)、共生营养型 (symbiotroph) 和病理营养型 (pathotroph)。其中腐生营养模式是最优势营养型, 在早熟禾中的丰度最高。其次是复合营养型, 其在早熟禾中的丰度显著高于蒲公英和野胡萝卜 ($P < 0.05$)。而共生营养型和病理营养型在 3 种植物间无显著差异。

表 4 3 种植物根际土壤真菌群落营养模式相对丰度

Table 4 Relative abundance of nutritional modes in rhizosphere fungal communities among three plant species

样品名称 Sample name	未分配 Unassigned	腐生营养型 Saprotroph	复合营养型 Polytroph	共生营养型 Symbiotroph	病理营养型 Pathotroph
蒲公英 <i>T. mongolicum</i>	0.529 ± 0.045ab	0.271 ± 0.052a	0.108 ± 0.012b	0.048 ± 0.015a	0.044 ± 0.018a
早熟禾 <i>P. annua</i>	0.412 ± 0.018b	0.286 ± 0.036a	0.189 ± 0.018a	0.076 ± 0.021a	0.037 ± 0.007a
野胡萝卜 <i>D. carota</i>	0.573 ± 0.043a	0.274 ± 0.041a	0.081 ± 0.016b	0.052 ± 0.016a	0.021 ± 0.004a

3 种植物根际土壤真菌功能类型共 46 类, 除去未分配营养模式外的主要功能类型 (相对丰度 > 1%) 包括 12 类 (表 5), 以未定义腐生菌为最优势功能群。土壤腐生菌 (soil saprotroph) 在野胡萝卜根际土壤中的丰度最高, 在蒲公英中最低。未定义腐生—未定义的生物营养菌 (undefined saprotroph—undefined biotroph)、粪腐生—内生—凋落物腐生—未定义腐生菌 (dung saprotroph—endophyte—litter saprotroph—undefined saprotroph) 和植物病原—未定义腐生菌 (plant pathogen—undefined saprotroph) 在早熟禾根际土壤中的丰度显著高于野胡萝卜 ($P < 0.05$)。其他功能类群在 3 种植物间无显著差异。

2.7 根际土壤真菌与土壤理化因子相关性分析

土壤理化因子与优势菌群的 Spearman 相关性分析表明 (图 6), 土壤 pH 与拟球壳科中分类地位未定属

表5 3种植物根际土壤真菌群落功能类型相对丰度

Table 5 Relative abundance of functional types of fungal communities in rhizosphere soil of three plant species

功能类型 Functional group	蒲公英 <i>T. mongolicum</i>	早熟禾 <i>P. annua</i>	野胡萝卜 <i>D. carota</i>
未定义腐生菌 Undefined saprotroph	0.2486±0.0478a	0.2096±0.0394a	0.1851±0.0558a
土壤腐生菌 Soil saprotroph	0.0107±0.0052b	0.0594±0.0072ab	0.0758±0.0212a
丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi	0.0364±0.0126a	0.0636±0.0192a	0.0445±0.0154a
兰花菌根菌 Orchid mycorrhizal	0.0039±0.0009a	0.0063±0.0013a	0.0044±0.0009a
外生菌根 Ectomycorrhizal	0.0067±0.0026a	0.0037±0.0015a	0.0014±0.0002a
植物病原菌 Plant pathogen	0.0419±0.0181a	0.0356±0.0072a	0.0162±0.0039a
未定义腐生—未定义的生物营养菌 Undefined saprotroph—undefined biotroph	0.0044±0.0022b	0.0983±0.0196a	0.0007±0.0003b
粪腐生—内生—凋落物腐生—未定义腐生菌 Dung saprotroph—endophyte—litter saprotroph—undefined saprotroph	0.0459±0.0079a	0.0259±0.0046a	0.0021±0.0011b
动物病原—内生—植物病原—木质腐生菌 Animal pathogen—endophyte—plant pathogen—wood saprotroph	0.0202±0.0044a	0.0173±0.0043a	0.0312±0.0077a
内生—植物病原菌 Endophyte—plant pathogen	0.0122±0.0024a	0.0188±0.0021a	0.0223±0.0061a
植物病原—土壤腐生—木质腐生菌 Plant pathogen—soil saprotroph—wood saprotroph	0.0061±0.0015a	0.0043±0.0031a	0.0169±0.0053a
植物病原—未定义腐生菌 Plant pathogen—undefined saprotroph	0.0034±0.0018ab	0.0137±0.0041a	0.0026±0.0017b

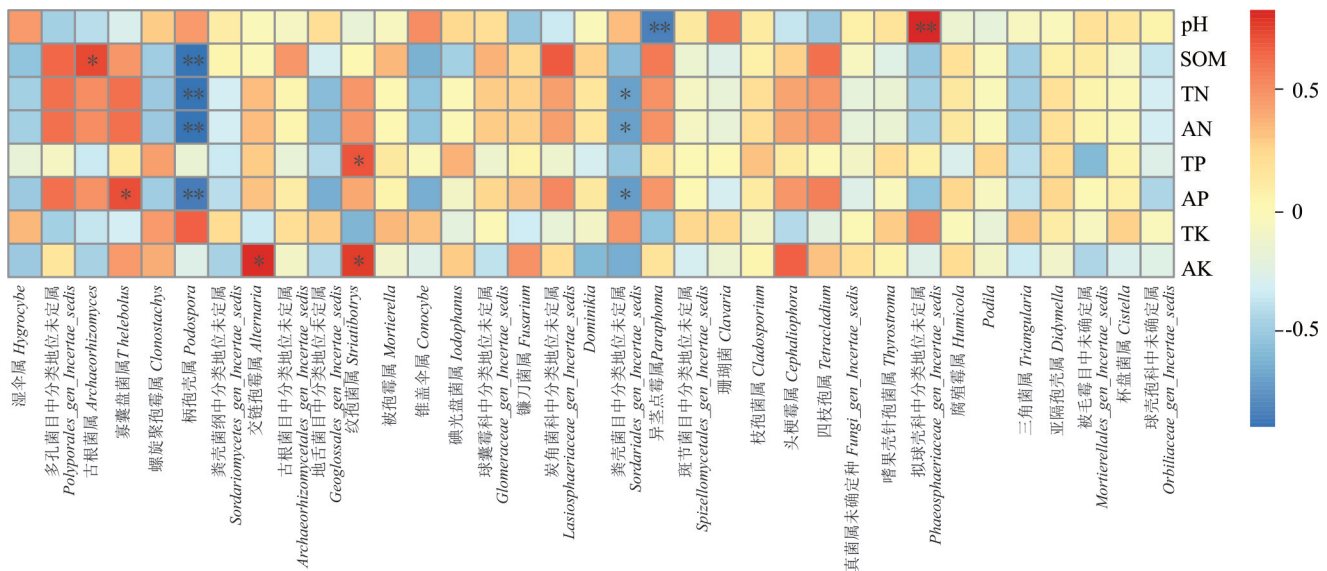


图6 属水平上物种丰富度与土壤理化因子 Spearman 相关性分析

Fig. 6 Spearman correlation analysis of species richness and soil physicochemistry factor at genus level

SOM: 土壤有机质 Soil organic matter; TN: 全氮 Total nitrogen; AN: 碱解氮 Available nitrogen; TP: 全磷 Total phosphorus; AP: 速效磷 Available phosphorus; TK: 全钾 Total potassium; AK: 速效钾 Available potassium. 下同 The same below.

(*Phaeosphaeriaceae_gen_Incertae_sedis*)呈极显著正相关($r=0.8152, P<0.01$),与异茎点霉属(*Paraphoma*)呈极显著负相关($r=-0.8404, P<0.01$)。土壤有机质与古根菌属呈显著正相关($r=0.7167, P<0.05$),速效磷与寡囊盘菌属呈显著正相关($r=0.7000, P<0.05$)。全磷与纹孢菌属(*Striatibotrys*)呈显著正相关($r=0.6833, P<0.05$)。土壤有机质、全氮、碱解氮、速效磷均与柄孢壳属呈极显著负相关($P<0.01$)。速效钾与纹孢菌属、交链孢霉属呈显著正相关($P<0.05$)。

通过典范对应分析真菌群落与土壤理化因子间的相关性(图7),第一、二排序轴的解解释率分别为22.72%和18.93%,累计解释率为41.65%。寡囊盘菌属、螺旋聚孢霉属(*Clonostachys*)、交链孢霉属与AK、TP箭头方向相

同,说明其群落丰度与AK、TP呈正相关。古根菌属与AK、TP箭头方向相反,说明其群落丰度与AK、TP呈负相关。湿伞属和柄孢壳属与TK、pH呈正相关,与SOM、AP、AN和TN呈负相关。综上,对优势菌属有重要影响的土壤理化因子为土壤有机质($r^2=0.6171$)、碱解氮($r^2=0.4499$)、速效磷($r^2=0.4244$)和全氮($r^2=0.3939$)。

3 讨论

土壤微生物的丰富度和多样性是维持生态系统稳定性的重要基础^[18]。本研究中,早熟禾根际真菌群落相较蒲公英和野胡萝卜具有更高的物种丰富度和均匀度,说明其微生物群落具备更强的结构稳定性和抗干扰能力,更有利于应对外界环境波动。然而,3种植物真菌群落 α 多样性无显著差异,这可能与它们生

长在同一样地,共享相同的微生境有关。小尺度空间内植物凋落物资源同源,这种生境均质化效应可能驱使不同植物塑造相似的根际真菌群落,形成内稳态结构^[19]。尽管土壤pH通常被证实为真菌 α 多样性的关键驱动因子^[20],但本研究中3种植物土壤pH无显著性差异,这与干旱半干旱区植物根际微环境特征相符^[21]。但早熟禾与蒲公英、野胡萝卜根际真菌群落结构差异显著,这可能与植物根系构型及其分泌物组成差异密切相关^[22]。具体而言,早熟禾作为禾本科植物,其发达的须根系不仅通过增强水分—养分竞争效率影响群落演替进程^[23],而且根系分泌物中富含的糖类、有机酸等代谢物还可特异性调节根际微环境,从而构建独特的微生物互作网络^[24]。

门分类水平上,所有样品中真菌组成并不丰富,仅检测到12个菌门,这可能与克州山区土壤较贫瘠、pH偏碱、高寒气候等因素有关。优势菌群子囊菌门、担子菌门和被孢霉门的分布模式未表现出植物宿主依赖性,与其他高寒草地研究结果一致^[25-26]。子囊菌门具有较强的抗逆性、耐寒性及降解复杂有机质能力,这可能使其能在高寒草地的低温寡营养生境中形成竞争优势,而担子菌门在分解复杂的木质纤维素方面性能突出,这使其在凋落物富集的区域分布更多^[27]。属水平上共检测出13个差异类群,其中古根菌属在有机质含量较高的野胡萝卜根际土壤中显著富集,其抗逆特性与盐碱生境适应性存在潜在关联,并能抑制病害^[28]。此外,野胡萝卜储藏根分泌的糖类、氨基酸等物质能吸引有益微生物定殖,如具有土壤修复功能的节担菌属和增强抗逆性的微球菌属^[29]。早熟禾根际以湿伞属占绝对优势,这可能源于其须根系形成的多孔微域促进菌丝网络扩展,而菊科、伞形科植物根系分泌物萜类物质对该属有抑制作用^[30]。蒲公英根际柄孢壳属丰度与土壤有机质呈负相关,其孢子抗逆特性与贫瘠的土壤环境形成适配。因此,不同宿主植物对根际真菌群落的差异化选择,凸显了植物—土壤—微生物互作系统的环境适应性。

功能预测显示,腐生型真菌占主导地位,这可能与核心菌群中具有分解功能的菌门,如子囊菌门和担子菌门占比较高有关。腐生菌作为凋落物降解的主要力量,能凭借强大的腐养能力在贫瘠土壤中生存^[31]。而子囊菌门和担子菌门作为土壤中活跃的分解者,可通过其菌丝网络改善土壤质量,促进贫瘠土地的植被恢复^[32]。进一步的植物特异性分析发现,蒲公英根际土壤真菌以腐生营养模式占比最高,病理型次之,这与多年生植物根际病原菌会持续累积特征相符^[33]。而早熟禾和野胡萝卜中真菌共生型多于病理型,有研究表明草地退化会使共生型真菌减少,病理型真菌增加^[34]。本研究中早熟禾根际土壤真菌多样性和丰富度最高,说明其抗病性较强^[35],且一年生植物根际微生物能加速土壤肥力改善和植被演替^[36]。因此,在克州高寒草地退化修复中,建议优先选用早熟禾作为先锋物种,推测其一年生特性可通过快速周转的根系激活微生物群落,为后续植物定植创造良性微环境。

在退化草地生态修复实践中,人工补播作为关键手段需遵循植物—微生物—土壤互作系统的协同优化原则。本研究中柄孢壳属、湿伞属和古根菌属分别在蒲公英、早熟禾和野胡萝卜根际呈现特异性分布,而土壤理化性质

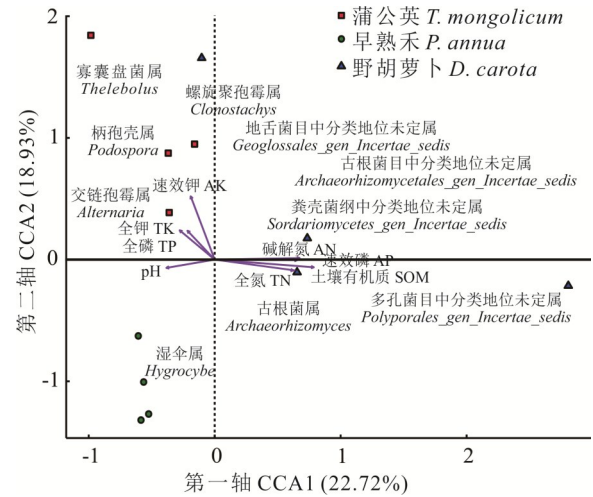


图7 优势真菌类群与土壤环境因子的典范对应分析

Fig. 7 Canonical correspondence analysis of dominant fungal groups and soil environmental factors

也深刻影响真菌群落组成和功能。这为天然草地人工补播技术优化提供新思路,即应构建“草种筛选—微生物调配—土壤改良”三位一体的修复方案,优先选择早熟禾等须根系禾草,其发达的须根系统可培育多样性较丰富的真菌群落,增强生态系统稳定性。同时,配施微生物菌肥,既能活化土壤养分库,又可通过提升植物抗逆性实现草原生态系统“近自然修复”目标。本研究虽明确了标志性菌属的生态位分化规律,但其与宿主植物的互动机制仍有待深入探究。未来需结合菌种分离培养、菌液回施等实验技术,解析柄孢壳属、湿伞属等关键菌属在植物养分吸收、抗逆调控中的具体功能,为高寒草地修复提供更具操作性的科学依据。

4 结论

从新疆克州高寒草地蒲公英、早熟禾和野胡萝卜3种优势植物根际土壤中共获得真菌12门、39纲、89目、186科、335属和448种。真菌群落多样性和丰富度在不同植被间无显著差异,但早熟禾根际土壤真菌群落结构与蒲公英、野胡萝卜差异较大。3种植物共有的优势菌门是子囊菌门、担子菌门和被孢霉门,而古根菌属、湿伞属、寡囊盘菌属和柄孢壳属是优势菌属。所有真菌群落被划分为5个营养型,以腐生营养模式占主导地位,而46个功能类群中以未定义腐生菌为主。土壤有机质、碱解氮、速效磷和全氮是驱动真菌群落结构转变的重要因素。本研究首次揭示了克州高寒草地根际真菌的植物特异性,填补了该区域相关研究空白,为基于植物—微生物—土壤协同调控的高寒退化草地修复提供了理论支撑。

参考文献 References:

- [1] Liu L L, Sheng J D, Cheng J H, *et al.* Relationship between plant species characteristics and climate factors in different grassland types of Xinjiang. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(5): 1–12.
刘利利, 盛建东, 程军回, 等. 新疆不同草地类型植物物种特征与水热因子的关系研究. *草业学报*, 2016, 25(5): 1–12.
- [2] Chu S L, Yun J, Asiya-Manlike, *et al.* Evaluation of grassland productivity in Kizilsu Kirgiz autonomous prefecture of Xinjiang. *Pratacultural Science*, 2011, 28(1): 53–58.
储少林, 负静, 阿斯娅·曼力克, 等. 克州地区天然草地生产力评价. *草业科学*, 2011, 28(1): 53–58.
- [3] Lv L L, Huang H L, Lv J T, *et al.* Unique dissolved organic matter molecules and microbial communities in rhizosphere of three typical crop soils and their significant associations based on FT-ICR-MS and high-throughput sequencing analysis. *Science of the Total Environment*, 2024, 919: 170904.
- [4] Tan W Y, Nian H, Tran L S P, *et al.* Small peptides: Novel targets for modulating plant-rhizosphere microbe interactions. *Trends in Microbiology*, 2024, 2385: 12.
- [5] Mesny F, Hacquard S, Thomma B P. Co-evolution within the plant holobiont drives host performance. *EMBO Reports*, 2023, 24(9): e57455.
- [6] Warnasuriya S D, Udayanga D, Manamgoda D S, *et al.* Fungi as environmental bioindicators. *Science of the Total Environment*, 2023, 892: 164583.
- [7] Koziol L, Bever J D. The missing link in grassland restoration: arbuscular mycorrhizal fungi inoculation increases plant diversity and accelerates succession. *Journal of Applied Ecology*, 2017, 54(5): 1301–1309.
- [8] Sweeney C J, Vries F T, Dongen B E, *et al.* Root traits explain rhizosphere fungal community composition among temperate grassland plant species. *New Phytologist*, 2021, 229(3): 1492–1507.
- [9] Oliveira T B, Lucas R C, Scarcella A S A, *et al.* Fungal communities differentially respond to warming and drought in tropical grassland soil. *Molecular Ecology*, 2020, 29(8): 1550–1559.
- [10] Zhou Q, Wang J L, Zhang T, *et al.* Special fungal community structure formed by typical halophytes in the rhizosphere soil under the synergistic action of different saline and alkaline environments. *Journal of Plant Growth Regulation*, 2024, 43(12): 4635–4652.
- [11] Ma Y, Wang X L, Ma Y S, *et al.* Effects of the degree of alpine meadow degradation on the rhizosphere soil fungal community and the ecological network of dominant species. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(2): 125–137.
马源, 王晓丽, 马玉寿, 等. 高寒草甸退化程度对优势物种根际土壤真菌群落和生态网络的影响. *草业学报*, 2024, 33(2): 125–137.
- [12] Mao W Y, Yao J Q, Chen J, *et al.* Change characteristics of extreme temperature-rising process in the east Pamirs during

- 1961—2017. *Arid Zone Research*, 2019, 36(6): 1368—1378.
- 毛炜峰, 姚俊强, 陈静, 等. 1961—2017 年东帕米尔高原极端升温过程气候变化特征. *干旱区研究*, 2019, 36(6): 1368—1378.
- [13] Chen H M, Li W J, Qiu J, *et al.* A checklist of wild vascular plants in Xinjiang, China. *Biodiversity Science*, 2023, 31(9): 56—62.
- 陈慧妹, 李文军, 邱娟, 等. 新疆野生维管植物名录. *生物多样性*, 2023, 31(9): 56—62.
- [14] 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.
- [15] 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.
- [16] Su Z X, Su B Q, Wu Y, *et al.* A less complex but more specialized microbial network resulted in faster fine-root decomposition in young stands of *Robinia pseudoacacia*. *Applied Soil Ecology*, 2023, 182: 104735.
- [17] Liu H Q, Sun W C, Guo Q, *et al.* Ecological benefit analysis of winter rapeseed rhizosphere soil fungi driving and influencing soil fertility. *Acta Ecologica Sinica*, 2025, 45(1): 80—90.
- 刘海卿, 孙万仓, 郭倩, 等. 冬油菜根际土壤真菌驱动及其影响土壤肥力的生态效益分析. *生态学报*, 2025, 45(1): 80—90.
- [18] Yang H Q, Xiang Y Q, Lv Q, *et al.* A comparative study on the soil fungal community structure across three mixed forests at the initial stage of afforestation. *Acta Ecologica Sinica*, 2024, 44(8): 3360—3371.
- 杨慧琴, 向涌旗, 吕倩, 等. 3 种混交林造林初期土壤真菌群落结构特征. *生态学报*, 2024, 44(8): 3360—3371.
- [19] Wang S H, Chang S L, Li X, *et al.* Soil fungal diversity and its community structure in Tianshan Forest. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(1): 124—134.
- 王诗慧, 常顺利, 李鑫, 等. 天山林区土壤真菌多样性及其群落结构. *生态学报*, 2021, 41(1): 124—134.
- [20] Geml J, Arnold A E, Semenova-Nelsen T A, *et al.* Community dynamics of soil-borne fungal communities along elevation gradients in neotropical and palaeotropical forests. *Molecular Ecology*, 2022, 31(7): 2044—2060.
- [21] Zhang Y, Cao H Y, Zhao P S, *et al.* Evolution of soil fungal community with the stand aging of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* forests in semi-arid and dry sub-humid regions. *Environmental Science*, 2025, 46(6): 3975—3984.
- 张英, 曹红雨, 赵珮杉, 等. 半干旱—亚湿润干旱区樟子松林地土壤真菌群落随林龄增长的演变. *环境科学*, 2025, 46(6): 3975—3984.
- [22] Williams A, Vries F T. Plant root exudation under drought: implications for ecosystem functioning. *New Phytologist*, 2020, 225(5): 1899—1905.
- [23] Ma C X, Yu Q, Liu Y J, *et al.* The characteristics of rhizosphere soil fungal community of restored vegetation in Inner Mongolia open pit mine dump. *Acta Ecologica Sinica*, 2025, 45(4): 1974—1986.
- 马晨鑫, 俞琦, 刘永杰, 等. 内蒙古露天煤矿排土场植物恢复根际土壤真菌群落特征. *生态学报*, 2025, 45(4): 1974—1986.
- [24] Liu B C, Li F Y, Zhao Q H, *et al.* Research progress on remediation of polycyclic aromatic hydrocarbons contaminated soil by Gramineae plants. *Chemical Industry and Engineering Progress*, 2023, 42(7): 3736—3748.
- 刘柏成, 李法云, 赵琦慧, 等. 禾本科植物修复多环芳烃污染土壤研究进展. *化工进展*, 2023, 42(7): 3736—3748.
- [25] Feng L, Li Z K, Wang H, *et al.* Changes of rhizosphere soil microbial community structure of *Stellaria dichotoma* L. var. *lanceolata* Bge. planted for different years. *Microbiology China*, 2024, 51(10): 4132—4148.
- 冯璐, 李振凯, 王红, 等. 不同种植年限银柴胡根际土壤微生物群落结构变化. *微生物学通报*, 2024, 51(10): 4132—4148.
- [26] Nie J M, Zhang X F, Zhang Q D, *et al.* Responses of soil fungal community structure to seasonal soil layer interactions in typical grassland of Inner Mongolia. *Acta Agrestia Sinica*, 2024, 32(11): 3408—3416.
- 聂佳明, 张晓馥, 张起迪, 等. 内蒙古典型草原土壤真菌群落结构对季节土层交互的响应. *草地学报*, 2024, 32(11): 3408—3416.
- [27] Zhang Y C, Yang W Q, Wei X Y, *et al.* Study on vegetation and soil characteristics of different types of grassland in Qilian Mountain National Park. *Chinese Journal of Grassland*, 2024, 46(11): 23—34.
- 张阳灿, 杨文权, 魏兴勇, 等. 祁连山国家公园不同类型草地植被及土壤特征研究. *中国草地学报*, 2024, 46(11): 23—34.
- [28] Zhang C B, Ren C H, Wang Y L, *et al.* Uncovering fungal community composition in natural habitat of *Ophiocordyceps sinensis*

- using high-throughput sequencing and culture-dependent approaches. *BMC Microbiology*, 2020, 20(1): 331.
- [29] Patkowska E, Mielniczuk E, Jamiołkowska A, *et al.* The influence of *Trichoderma harzianum* Rifai T-22 and other biostimulants on rhizosphere beneficial microorganisms of carrot. *Agronomy*, 2020, 10(11): 1637.
- [30] Zhang H, Li W H, Zhao H X, *et al.* Effects of invasive Compositae plants on soil nitrogen content. *Pratacultural Science*, 2023, 40(7): 1766–1778.
张涵, 李伟华, 赵海霞, 等. 菊科植物改变土壤氮素的可利用性. *草业科学*, 2023, 40(7): 1766–1778.
- [31] Guo Z M, Zhang X Y, Dungait J A J, *et al.* Contribution of soil microbial necromass to SOC stocks during vegetation recovery in a subtropical Karst ecosystem. *Science of the Total Environment*, 2021, 761: 143945.
- [32] Priyashantha A K H, Dai D Q, Bhat D J, *et al.* Plant-fungi interactions: Where it goes? *Biology*, 2023, 12(6): 809.
- [33] Sui J K, Li C Y, Wang Y P, *et al.* Microecological shifts in the rhizosphere of perennial large trees and seedlings in continuous cropping of poplar. *Microorganisms*, 2023, 12(1): 58.
- [34] Dong L, Li J J, Sun J, *et al.* Soil degradation influences soil bacterial and fungal community diversity in overgrazed alpine meadows of the Qinghai-Tibet Plateau. *Scientific Reports*, 2021, 11: 11538.
- [35] Gong M X, Wang J L, Li M Y. Plant species shaping rhizosphere fungal community structure in the subalpine forest steppe belt. *Rhizosphere*, 2025, 33: 100999.
- [36] Hauchhum R, Tripathi S K. Impact of rhizosphere microbes of three early colonizing annual plants on improving soil fertility during vegetation establishment under different fallow periods following shifting cultivation. *Agricultural Research*, 2020, 9(2): 213–221.