中国生态农业学报 2013 年 2 月 第 21 卷 第 2 期
Chinese Journal of Eco-Agriculture, Feb. 2013, 21(2): 199−206

DOI: 10.3724/SP.J.1011.2013.00199

毛乌素沙地典型克隆植物根际 AM 真菌多样性研究*

赵金莉 贺学礼

(河北大学生命科学学院 保定 071002)

摘 要 为阐明毛乌素沙地 3 种典型克隆植物沙鞭[*Psammochloa villosa* (Trin.) Bor.]、羊柴(*Hedysarum leave* Maxim)和油蒿(*Artemisia ordosica* Krasch.)根际 AM 真菌多样性, 2006 年的 5 月、7 月、10 月从毛乌素沙地选取东北缘的中国科学院植物研究所鄂尔多斯沙地草地生态研究站和西南缘的陕西榆林珍稀沙生植物保护基地两个样地, 按 0~10 cm、10~20 cm、20~30 cm、30~40 cm、40~50 cm 5 个土层采集 3 种克隆植物根际土壤样品, 研究了其根际 AM 真菌物种多样性和生态分布。在分离出的 4 属 23 种 AM 真菌中, 球囊霉属(*Glomus*)15 种, 无梗囊霉属(*Acaulospora*)5 种, 巨孢囊霉属(*Gigaspora*)2 种, 盾巨孢囊霉属(*Scutellospora*)1 种。摩西球囊霉(*G. mosseae*)是沙鞭根际的优势种, 黑球囊霉(*G. melanosporum*)是 3 种克隆植物共同的常见种; 不同属种的 AM 真菌生态分布亦存在差异。AM 真菌孢子密度、种的丰度和物种多样性指数均表现为在研究站样地的羊柴根际最高。该研究结果表明, 毛乌素沙地的 3 种典型克隆植物与 AM 真菌之间形成良好的共生关系, 这对开发漠境 AM 真菌资源和利用菌根生物技术维护沙地生态系统结构的完整性具有重要意义。

关键词 毛乌素沙地 克隆植物 根际 AM 真菌 物种多样性

中图分类号: Q938 **文献标识码:** A **文章编号:** 1671-3990(2013)02-0199-08

Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi associated with clonal plants in Mu Us Sandy Land

ZHAO Jin-Li, HE Xue-Li

(College of Life Sciences, Hebei University, Baoding 071002, China)

Abstract Arbuscular mycorrhizal (AM) fungi is important in maintaining the functions and biodiversity of arid-land ecosystems and is also an indispensable factor in the restoration and reestablishment of vegetation. In particular, AM fungi are ubiquitous symbiotic fungi and plants. Clonal plants possess wider ecological neighborhoods than non-clonal plants. Clonal plants constitute a form of resource for the restoration of the Mu Us Sandy Land. Clonal plants have been identified as the driver of change in community environments and greatly contribute to the maintenance of community functions in the restoration process of vegetation. Clonal plants considerably enhance the ability of self-rehabilitation of sandy landscapes. To elucidate species diversity and ecological distribution of AM fungi associated with 3 kinds of clonal plants (*Psammochloa villosa*, *Hedysarum leave*, *Artemisia ordosica*) in Mu Us Sandy Land, two representative sites (Research Station and Yulin) were selected from the northeast and southwest of Mu Us Sandy Land. Soil samples at 50 cm depth of rhizosphere of clonal plants were collected in 4 replicates at each location and divided into sections corresponding to 0~10 cm, 10~20 cm, 20~30 cm, 30~40 cm, 40~50 cm depths in May, July and October 2006. A total of 23 AM fungal species belonging to 4 genera were isolated and identified. Of these, 15 species belonged to *Glomus*, 5 to *Acaulospora*, 2 to *Gigaspora*, and 1 to *Scutellospora*. *G. mosseae* was the dominant species in the *P. villosa* rhizosphere; *G. melanosporum* was the common species in the rhizosphere of 3 kinds of clonal plants. The ecological distributions were different among species and AM fungi genera. AM fungi spore density, species richness and species diversity index were highest in *H. leave* rhizosphere in the Research Station. The results showed that AM fungal species diversity was rich in clonal plant rhizospheres in Mu Us Sandy Land. Also the spatial distribution dynamics of AM fungal species in Mu Us Sandy Land was significant. This paper described the diversity and distribution of AM fungi in the rhizospheres of three kinds of clonal plants, which provided the basis for reestablishing ecosystems and sustaining economic development in Mu Us Sandy Land.

* 国家自然科学基金项目(40471075)和河北大学博士基金项目(2009-166)资助
赵金莉(1973—), 博士, 副教授, 主要从事土壤生态学与菌根生物技术研究。E-mail: plant@hbu.edu.cn
收稿日期: 2012−05−10 接受日期: 2012−09−29

Key words Mu Us Sandy Land, Clonal plant, Rhizosphere, Arbuscular mycorrhizal fungi, Species diversity index
(Received May 10, 2012; accepted Sep. 29, 2012)

毛乌素沙地是我国 12 大沙漠和沙区之一, 是具有特殊地理景观的生态过渡地带, 也是沙漠化研究的一个重点地区, 现在水热条件比西部好的东南部也出现了大范围流动沙丘, 沙漠化过程十分活跃[1]。治理荒漠化的有效途径是恢复和增加植被覆盖。毛乌素沙地的地理位置、沙的优势覆盖与水分特点确定了这里的优势生活型是耐风沙、耐干旱的灌木和根茎发达的禾草类, 其中 *Psammochloa villosa* (Trin.) Bor.、羊柴 (*Hedysarum leave* Maxim) 和油蒿 (*Artemisia ordosica* Krasch.)等具有克隆生长特性的植物, 具有较强的适应恶劣环境和生存竞争的能力, 在更新、恢复生态过程中起着重要的作用[2]。

这些沙生克隆植物能在这种极端环境中顺利完成生活史, 除其本身的植物生理特点外, 还与土壤微生物特别是 AM 真菌的共生有着密切关系[3−4]。AM 真菌侵染植物后, 在植物根际形成庞大的菌丝网络系统, 菌丝分泌的黏性物质对于稳定土壤结构、固定沙丘、改善土壤理化性质, 特别是对退化生态系统植被恢复和生态重建具有重要意义[5−6]。毛乌素沙地克隆植物 AM 真菌的时空分布及克隆植物生长对 AM 真菌的影响已有报道[7−8], 本试验主要对毛乌素沙地 3 种典型克隆植物根际的 AM 真菌物种多样性和生态分布进行系统研究, 旨在为进一步开发荒漠 AM 真菌种质资源和菌根生物技术在沙地生态系统重建中的应用提供依据。

1 材料与方法

1.1 样品采集

1.1.1 采样地点和宿主植物

采样点为位于毛乌素沙地东北缘的中国科学院植物研究所鄂尔多斯沙地草地生态站(39°29′37.6″N, 110°11′29.4″E, 以下简称研究站)和东南缘的陕西榆林珍稀沙生植物保护基地(38°21′42.3″N, 109°40′14.9″E, 以下简称榆林)。

2006 年 5 月、7 月和 10 月分别在两个采样点随机选取克隆植物沙鞭、羊柴和油蒿各 4 株, 分不同深度土层进行样品采集, 共采集样品 360 份。

1.1.2 样品采集方法

在选择的宿主植物根际 0~20 cm 直径范围内采集土样, 具体采样方法是先去掉表土 2 cm, 按 0~10 cm、10~20 cm、20~30 cm、30~40 cm 和 40~50 cm 分层取样, 取根际土壤混合样品 1 kg, 装入密封袋中, 附上标签, 记录采样人、采样时间、地点、宿主植物名称及周围环境等。土壤样品带回实验室后, 一部分用于 AM 真菌的盆栽诱集培养[9]并进行种类鉴定, 一部分用于土壤理化性质测定和 AM 真菌多样性研究。

1.2 AM 真菌的鉴定

通过湿筛倾析——蔗糖离心法[10]从原始土样和诱集加富培养土壤中筛取孢子, 在体视显微镜下先观察记录孢子的颜色、大小、连孢菌丝特征、内含物、孢壁层次、各层颜色和孢壁厚度及孢子果形态等, 然后用解剖针挑取孢子置于载玻片上, 滴加载浮剂(水、乳酸甘油、Melzer 试剂、PVLG 等), 压片后在 Nikon YS100 显微镜下进行观察。根据 Scheck 的“VA 菌根鉴定手册”[11]和国际丛枝菌根真菌保藏中心(INVAM)在 Internet 上 http://invam.caf.wvu.edu 提供的种的描述及图片, 并参阅近期发表的新种等进行种属检索、确定。

1.3 测定项目及方法

孢子密度(spore density, *SD*): 100 g 风干土中的孢子个数; 种的丰度(species richness, *SR*): 植物根际 20 g 土壤中含有的 AM 真菌种数; 相对丰度(relative abundance, *RA*): 某样地 AM 真菌某种或属的孢子数/该样地 AM 真菌总孢子数×100%; 频度(frequency, *F*): AM 真菌某属或种的出现次数/土样数×100%, 将频度大于 75%的种类定义为优势种, 大于 25%的种类为常见种; 重要值(important value, *IV*): 某样地 AM 真菌种或属的分离频度与相对多度和的平均值, 即 $I=(F+RA)/2$; 多样性采用 Shannon-Wiener 指数(*H*)和 Simpson 指数(*D*)来表示:

$$H=-\sum_{i=1}^{S}(Pi\times\ln Pi) \quad (1)$$

$$D=1-\sum_{i=1}^{S}(Pi\times Pi) \quad (2)$$

式中: Pi 为某样地土壤内种 i 的孢子级数(Ni)与该地区土壤内 AM 真菌孢子总级数(N)之比, 即 $Pi=Ni/N$; S 为某样地中 AM 真菌的种数。

土壤有机质采用重铬酸钾容量法测定, 土壤速效磷采用碳酸氢钠浸提–钼锑抗比色法测定, 土壤速效氮采用碱解扩散法测定, 速效钾采用火焰光度计法测定, 土壤 pH 采用 1∶1 水解浸提法测定[12], 土壤温度和湿度分别用土壤温度计和湿度计实地测定。样地土壤理化性质见表 1。

1.4 数据分析

采用 SPSS 16.0 生物统计软件对试验数据进行统计分析。

表 1　毛乌素沙地采样点土壤理化性质
Table 1　Physical and chemical characters of soil in sampling plots in Mu Us Sandy Land

项目 Item	研究站 Research station			榆林 Yulin		
	沙鞭 *P. villosa*	羊柴 *H. laeve*	油蒿 *A. ordosica*	沙鞭 *P. villosa*	羊柴 *H. laeve*	油蒿 *A. ordosica*
速效氮 Available N ($mg \cdot kg^{-1}$)	5.54a	9.68b	18.32c	9.65b	10.03b	9.19b
速效磷 Available P ($mg \cdot kg^{-1}$)	3.66a	4.10a	5.32b	6.87b	6.16b	7.24b
速效钾 Available K ($mg \cdot kg^{-1}$)	21.80a	31.86a	46.11b	50.33b	49.36b	60.26c
有机质 Organic matter ($mg \cdot g^{-1}$)	0.91a	3.46b	4.34b	1.69c	1.83c	1.46c
pH	7.58a	7.99a	8.04a	7.87a	7.85a	7.98a
温度 Soil temperature (℃)	17.77a	19.35b	19.48b	20.43c	19.23b	18.68ab
湿度 Soil moisture (%)	2.09a	2.69b	3.12c	1.89a	1.88a	2.04a

同行不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著 Means in each row with different small letters are significantly different at P=0.05 level.

2　结果与分析

2.1　毛乌素沙地克隆植物根际 AM 真菌种类及生态分布

在采集的原始土壤样品和诱集培养土壤中共分离出 4 属 23 种 AM 真菌(图 1), 其中球囊霉属(*Glomus*)15 种, 无梗囊霉属(*Acaulospora*)5 种, 巨孢囊霉属(*Gigaspora*)2 种, 盾巨孢囊霉属(*Scutellospore*)1 种。在不同种类植物间, 以羊柴根际的 AM 真菌种类最多(18 种), 沙鞭和油蒿根际均为 11 种; 其中红色盾巨孢囊霉(*S. erythropa*)仅出现在沙鞭根际, 海得拉巴球囊霉(*G. hydembadensis*)、缩球囊霉(*G. constrictum*)、卷曲球囊霉(*G. convolutum*)、沙荒球囊霉(*G. deserticola*)、宽柄球囊霉(*G. magnicaule*)和丽孢无梗囊霉(*A. elegans*)是羊柴根际所特有, 长孢球囊霉(*G. dolichosporum*)、蜜色无梗囊霉(*A. mellea*)和珠状巨孢囊霉(*G. margarita*)仅出现在油蒿根际。在不同样地间, 研究站样地的 AM 真菌种类(21 种)略多于榆林样地(19 种); 其中沙荒球囊霉(*G. deserticola*)和格氏无梗囊霉(*A. gerdemannii*)仅出现在研究站样地, 海得拉巴球囊霉(*G. hydembadensis*)和珠状巨孢囊霉(*Gi. margarita*)是榆林样地所特有(表 2)。

2.2　AM 真菌相对丰度、频度和优势种

两个样地 AM 真菌的优势种和常见种具有很高的相似性, 摩西球囊霉是两个样地共同优势种, 黑球囊霉、易误巨孢囊霉、地球囊霉和缩球囊霉是两个样地共同常见种。AM 真菌在不同克隆植物间存在特异性, 摩西球囊霉是沙鞭根际的优势种, 黑球囊霉和易误巨孢囊霉是其常见种; 摩西球囊霉、黑球囊霉、地球囊霉和缩球囊霉是羊柴根际的常见种; 黑球囊霉和地球囊霉是油蒿根际的常见种(表 3)。由此可见, 黑球囊霉是毛乌素沙地克隆植物根际分布最为广泛的 AM 真菌种类。

2.3　AM 真菌孢子密度、种的丰度和物种多样性

由表 4 可见, 同一生态条件下不同克隆植物间和同一克隆植物在不同生态条件下, AM 真菌的孢子密度、丰度和物种多样性存在显著差异。在沙鞭根际, 榆林样地的 AM 真菌孢子密度、丰度和 Shannon-Wiener 指数显著高于研究站样地; 在羊柴根际, 研究站样地 AM 真菌的孢子密度显著高于榆林样地, 但种的丰度、Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数在两样地间没有明显差异; 在油蒿根际, AM 真菌孢子密度在两样地间没有显著差异, 但研究站样地的 AM 真菌种的丰度、Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数显著高于榆林样地。总体来看, 在研究站样地的羊柴根际 AM 真菌孢子密度最高, 并且 AM 真菌多样性也最为丰富。

2.4　环境因子与 AM 真菌物种多样性的相关性

AM 真菌孢子密度与种的丰度、Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数呈极显著正相关。土壤碱解氮与 AM 真菌孢子密度、Shannon-Wiener 指数和 Simpson 指数呈极显著负相关, 与种的丰度呈显著负相关; 速效磷与 AM 真菌孢子密度和 Simpson 指数呈显著正相关; 有机质与 AM 真菌孢子密度、种的丰度和 Shannon-Wiener 指数呈显著负相关, 与 Simpson 指数呈极显著负相关; 速效钾、pH、温度和湿度这些环境因子与 AM 真菌物种多样性没有显著相关性。

3　讨论

本研究调查的 AM 真菌资源涉及荒漠克隆植物定居的流动沙丘、半固定沙丘和固定沙丘, 共鉴定出 4 属 23 种 AM 真菌。从各个属所包含的 AM 真菌种类可以看出, 球囊霉属和无梗囊霉属真菌是荒漠生态系统中的优势类群, 分别占总种数的 65.22%和 21.74%, 2 个属的真菌占全部真菌近 90%, 这与其他荒漠生态系统研究的结果相一致[13−14]。并且在 3 种克隆植物根际都分离到了根内球囊霉, 根内球囊霉是全球广泛分布的种群[15], 干旱环境对其影响不大[16]。

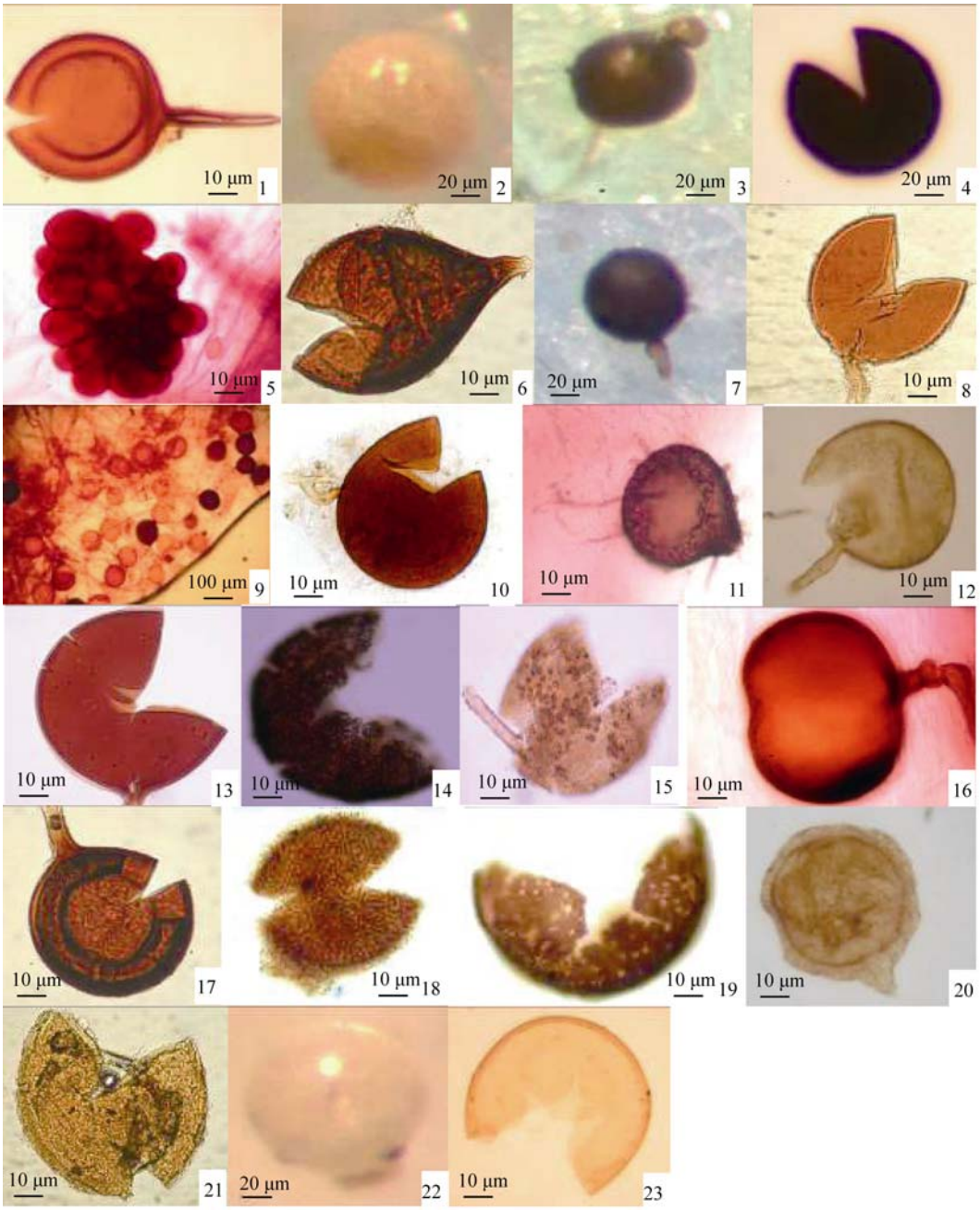


图 1 毛乌素沙地克隆植物根际 **AM** 真菌的形态特征

Fig. 1 23 AM fungal species isolated from Mu Us Sandy Land

1: 地球囊霉 *Glomus geosporum*; 2: 透光球囊霉 *G. diaphanum*; 3: 海得拉巴球囊霉 *G. hydembadensis*; 4: 黑球囊霉 *G. melanosporum*; 5: 聚丛球囊霉 *G. aggregatum*; 6: 长孢球囊霉 *G. dolichosporum*; 7: 缩球囊霉 *G. constrictum*; 8: 卷曲球囊霉 *G. convolutum*; 9: 根内球囊霉 *G. intraradices*; 10: 膨果球囊霉 *G. pansihalos*; 11: 多梗球囊霉 *G. multicaule*; 12: 摩西球囊霉 *G. mosseae*; 13: 沙荒球囊霉 *G. deserticola*; 14: 网状球囊霉 *G. reticulatum*; 15: 宽柄球囊霉 *G. magnicaule*; 16: 红色盾巨孢囊霉 *Scutellospora erythropa*; 17: 蜜色无梗囊霉 *Acaulospora mellea*; 18: 瑞氏无梗囊霉 *A. rehmii*; 19: 凹坑无梗囊霉 *A. excavate*; 20: 双网无梗囊霉 *A. bireticulata*; 21: 格氏无梗囊霉 *A. gerdemannii*; 22: 珠状巨孢囊霉 *Gigaspora margarita*; 23: 易误巨孢囊霉 *Gi. Decipiens.*

该研究分离到的 AM 真菌种类明显少于一些研究所报道的荒漠油蒿[17]和沙柳[18]根际 AM 真菌。Sykorová 等[19]利用分子生物学技术证实了 AM 真菌群落组成受到寄主植物种类的影响。如不同生长习性或起源和遗传背景复杂的一些多年生木本植物都会影响 AM 真菌的多样性[20–21]。而地上植物群落多样性在一定程度上也决定了 AM 真菌的多样性[22], 植物种类越丰富, AM 真菌物种多样性就越高。沙鞭在研究站样地的生长环境为流动沙丘和半固定沙丘, 地上植物种类非常稀少, 因而 AM 真菌物种多样性就可能较低; 羊柴在研究站样地的生长环境为固定沙丘, 植被种类相对比较丰富, 并且沙质土壤透气性好, 有利于好氧性 AM 真菌生长, 因而 AM 真菌物种多样性就可能较高。本研究结果证实了这一推断。

表 2　毛乌素沙地克隆植物根际 AM 真菌种类及生态分布

Table 2　Ecological distribution and species of AM fungi in the rhizosphere of clonal plants in Mu Us Sandy Land

AM 真菌种类 AM fungal species	沙鞭 *P. villosa*		羊柴 *H. laeve*		油蒿 *A. ordosica*	
	研究站 Research station	榆林 Yulin	研究站 Research station	榆林 Yulin	研究站 Research station	榆林 Yulin
球囊霉属 *Glomus*						
根内球囊霉 *G. intraradices*	+	+	+	+	+	+
黑球囊霉 *G. melanosporum*	+	+	+	+	+	+
多梗球囊霉 *G. multicaule*	–	+	–	–	+	+
摩西球囊霉 *G. mossae*	+	+	+	+	–	–
地球囊霉 *G. geosporum*	–	–	+	+	+	+
海得拉巴球囊霉 *G. hydembadensis*	–	–	–	+	–	–
缩球囊霉 *G. constrictum*	–	–	+	+	–	–
聚丛球囊霉 *G. aggregatum*	–	–	+	–	+	+
透光球囊霉 *G. diaphanum*	+	+	+	+	–	–
膨果球囊霉 *G. pansihalos*	+	+	+	+	–	–
卷曲球囊霉 *G. convolutum*	–	–	+	+	–	–
长孢球囊霉 *G. dolichosporum*	–	–	–	–	+	–
网状球囊霉 *G. reticulatum*	+	+	+	+	–	–
沙荒球囊霉 *G. deserticola*	–	–	+	–	–	–
宽柄球囊霉 *G. magnicaule*	–	–	+	+	–	–
无梗囊霉属 *Acaulospora*						
凹坑无梗囊霉 *A. excavata*	+	+	+	+	+	+
瑞氏无梗囊霉 *A. rehmii*	–	–	+	+	+	+
蜜色无梗囊霉 *A.mellea*	–	–	–	–	+	+
双网无梗囊霉 *A. bireticulata*	+	+	+	+	–	–
格氏无梗囊霉 *A. gerdemannii*	–	–	+	–	–	–
巨孢囊霉属 *Gigaspora*						
易误巨孢囊霉 *Gi. decipiens*	+	+	+	+	+	+
珠状巨孢囊霉 *Gi. margarita*	–	–	–	–	–	+
盾巨孢囊霉属 *Scutellospora*						
红色盾巨孢囊霉 *S. erythropa*	+	+	–	–	–	–

"+"表示样品中有 AM 真菌分布 "+" means distribution of AM fungi in the sample; "–"表示样品中没有 AM 真菌分布 "–" means no distribution of AM fungi in the sample.

表 3　毛乌素沙地克隆植物根际 AM 真菌的相对丰度、频度和重要值

Table 3　Relative abundance, frequency and importance value of AM fungi isolated from the rhizosphere of clonal plants in Mu Us Sandy Land

宿主植物 Host plant	AM 真菌种类 AM fungal species	研究站 Research station			榆林 Yulin		
		相对丰度 Relative abundance (%)	频度 Frequency (%)	重要值 Important value	相对丰度 Relative abundance (%)	频度 Frequency (%)	重要值 Important value
沙鞭 *P. villosa*	根内球囊霉 *G. intraradices*	4.5	6.7	5.60	3.9	8.3	6.10
	黑球囊霉 *G. melanosporum*	25.8	63.3*	44.55	23.7	68.3*	46.00
	多梗球囊霉 *G. multicaule*	0.0	0.0	0.00	4.7	5.0	4.85
	摩西球囊霉 *G. mossae*	39.9	81.7**	60.80	39.8	83.6**	61.70
	透光球囊霉 *G. diaphanum*	3.8	13.2	8.50	3.6	12.3	7.95
	膨果球囊霉 *G. pansihalos*	3.1	16.8	9.95	2.1	8.7	5.40
	网状球囊霉 *G.reticulatum*	4.7	18.2	11.45	4.5	14.2	9.35
	凹坑无梗囊霉 *A. excavata*	5.2	21.7	13.45	7.3	23.3	15.30
	双网无梗囊霉 *A. bireticulata*	5.9	12.6	9.25	4.7	16.8	10.75
	易误巨孢囊霉 *Gi. decipiens*	7.1	25.0*	16.05	10.4	29.7*	20.05
	红色盾巨孢囊霉 *S. erythropa*	1.6	4.8	3.20	2.6	5.8	4.20

续表 3

宿主植物 Host plant	AM 真菌种类 AM fungal species	研究站 Research station 相对丰度 Relative abundance (%)	研究站 Research station 频度 Frequency (%)	研究站 Research station 重要值 Important value	榆林 Yulin 相对丰度 Relative abundance (%)	榆林 Yulin 频度 Frequency (%)	榆林 Yulin 重要值 Important value
羊柴 *H. laeve*	根内球囊霉 *G. intraradices*	3.5	8.9	6.20	3.8	7.1	5.45
	黑球囊霉 *G. melanosporum*	12.4	53.0*	32.70	13.3	56.6*	34.95
	摩西球囊霉 *G. mossae*	25.6	72.8*	49.20	22.6	69.4*	46.00
	地球囊霉 *G. geosporum*	12.3	52.6*	32.45	15.1	51.7*	33.40
	海得拉巴球囊霉 *G. hydembadensis*	0.0	0.0	0.00	2.9	6.0	4.45
	缩球囊霉 *G. constrictum*	8.7	32.1*	20.40	7.4	36.9*	22.15
	聚丛球囊霉 *G. aggregatum*	3.5	11.3	7.40	0.0	0.0	0.00
	透光球囊霉 *G. diaphanum*	2.6	9.2	5.90	3.1	9.2	6.15
	膨果球囊霉 *G. pansihalos*	3.2	6.6	4.90	2.5	3.6	3.05
	卷曲球囊霉 *G. convolutum*	3.7	11.6	7.65	3.8	9.7	6.75
	网状球囊霉 *G. reticulatum*	2.6	9.0	5.80	1.9	12.8	7.35
	沙荒球囊霉 *G. deserticola*	3.7	12.5	8.10	2.5	11.9	7.20
	宽柄球囊霉 *G. magnicaule*	2.2	8.7	5.45	2.6	7.6	5.10
	凹坑无梗囊霉 *A. excavata*	5.4	15.2	10.30	6.4	12.3	9.35
	瑞氏无梗囊霉 *A. rehmii*	4.6	8.3	6.45	4.3	7.1	5.70
	双网无梗囊霉 *A. bireticulata*	2.9	13.6	8.25	3.7	11.3	7.50
	格氏无梗囊霉 *A. gerdemannii*	1.5	7.1	4.30	1.9	6.9	4.40
	易误巨孢囊霉 *Gi. decipiens*	3.5	9.3	6.40	5.2	10.4	7.80
油蒿 *A. ordosica*	根内球囊霉 *G. intraradices*	9.7	15.3	12.5	12.4	18.4	15.40
	多梗球囊霉 *G. multicaule*	3.2	16.8	10.00	3.6	10.3	6.95
	黑球囊霉 *G. melanosporum*	18.5	38.2*	28.35	20.7	41.2*	30.95
	聚丛球囊霉 *G. aggregatum*	6.4	9.7	8.05	8.5	17.1	12.80
	地球囊霉 *G. geosporum*	23.6	61.7*	42.65	27.2	58.6*	42.90
	长孢球囊霉 *G. dolichosporum*	8.3	6.9	7.60	0.0	0.0	0.00
	蜜色无梗囊霉 *A. mellea*	3.5	13.2	8.35	4.8	8.7	6.75
	瑞氏无梗囊霉 *A. rehmii*	10.6	12.7	11.65	9.3	15.7	12.50
	凹坑无梗囊霉 *A. excavata*	3.4	7.8	5.60	2.9	10.4	6.65
	珠状巨孢囊霉 *Gi. margatira*	4.5	11.3	7.90	4.9	9.8	7.35
	易误巨孢囊霉 *Gi. decipiens*	8.3	10.9	9.60	5.7	12.5	9.10

**: 优势种 Dominant species; *: 常见种 Common species.

表 4 毛乌素沙地克隆植物根际 AM 真菌的孢子密度、种的丰度和物种多样性指标

Table 4 Spore density, species richness and species diversity index of AM fungi isolated from the rhizosphere of clonal plants in Mu Us Sandy Land

项目 Item	沙鞭 *P. villosa* 研究站 Research station	沙鞭 *P. villosa* 榆林 Yulin	羊柴 *H. laeve* 研究站 Research station	羊柴 *H. laeve* 榆林 Yulin	油蒿 *A. ordosica* 研究站 Research station	油蒿 *A. ordosica* 榆林 Yulin
孢子密度 Spore density [No.·100g^{-1}(soil)]	134.0a	442.8b	735.2c	264.4a	463.0b	413.0b
丰度 Species richness	4.70a	6.48b	10.46c	9.54c	9.20c	6.06b
Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index	0.672 3a	0.860 1b	1.097 1c	1.067 6c	0.975 0c	0.822 0b
Simpson 指数 Simpson index	0.311 7a	0.381 2ab	0.522 1c	0.512 2c	0.408 3b	0.342 5a

同行不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著 Different small letters in same row means significant difference at 0.05 level.

在影响乃至决定 AM 真菌多样性的各种环境因子中, 尤以土壤因子对丛枝菌根的影响最为突出[23]。本研究表明, 土壤碱解氮和有机质是对毛乌素沙地克隆植物根际 AM 真菌生态分布影响最大的因子。土壤养分过高或过低均不利于菌根的生长发育和功能的发挥[24−25]。彭岳林等[26]研究了西藏高原针茅草地土壤因子对丛枝菌根真菌物种多样性的影响, 结果发现, 当土壤有机质含量在 10.0~17.5 g·kg^{-1} 时,

表 5　毛乌素沙地克隆植物根际 **AM** 真菌多样性与土壤因子相关性分析

Table 5　Correlation analysis between AM fungal species diversity and soil factors of the rhizosphere of clonal plants in Mu Us Sandy Land

	孢子密度 Spore density	碱解氮 Available N	速效磷 Available P	速效钾 Available K	有机质 Organic matter	pH	温度 Temperature	湿度 Moisture
孢子密度 Spore density	1.000	–0.819**	0.764*	0.323	–0.679*	0.652	0.608	–0.394
种的丰度 Species richness	0.936**	–0.764*	0.615	0.174	–0.723*	0.315	0.487	–0.516
Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index	0.967**	–0.826**	0.628	0.427	–0.771*	0.284	0.513	–0.528
Simpson 指数 Simpson index	0.962**	–0.890**	0.681*	0.418	–0.878**	0.261	0.479	–0.537

*: $P<0.05$; **: $P<0.01$.

AM 真菌种的丰度最高, 而土壤有机质含量在 20.2~77.4 g·kg^{-1}时, AM 真菌孢子密度最高, AM 真菌物种多样性指数随土壤有机质含量的增加呈下降趋势。本研究区域内, 土壤养分贫瘠, 有机质含量(0.91~4.34 mg·g^{-1})和碱解氮含量(5.54~18.32 g·kg^{-1})普遍偏低, 因此, 土壤养分过低抑制了 AM 真菌的生长发育, 这可能是造成土壤碱解氮与有机质对 AM 真菌孢子密度和物种多样性指数呈极显著负相关的原因之一。

参考文献

[1] 吴薇. 近 50 年来毛乌素沙地的沙漠化过程研究[J]. 中国沙漠, 2001, 21(2): 164–169
Wu W. Study on process of desertification in Mu Us Sandy Land for last 50 years, China[J]. Journal of Desert Reseach, 2001, 21(2): 164–169

[2] Dong M, Alaten B. Clonal plasticity in response to rhizome severing and heterogeneous resource supply in the Rhizomatous grass *Psammochloa villosa* in an Inner Mongolian dune, China[J]. Plant Ecology, 1999, 141(1/2): 53–58

[3] Bethlenfalvay G J. Vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi in nitrogen-fixing legumes: Problems and prospects[J]. Methods in Microbiology, 1992, 24: 375–389

[4] Lynd J Q, Ansman T R. Mycorrhizal etiology of favorable proteoid rhizogenesis, nodulation, and nitrogenase of lupines[J]. Journal of Plant Nutrition, 1995, 18(11): 2365– 2377

[5] Kahiluoto H, Ketoja E, Vestberg M. Contribution of arbuscular mycorrhiza to soil quality in contrasting cropping systems[J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2009, 134(1/2): 36–45

[6] Smith S E, Facelli E, Pope S, et al. Plant performance in stressful environments: Interpreting new and established knowledge of the roles of arbuscular mycorrhizas[J]. Plant and Soil, 2009, 326(1/2): 3–20

[7] 赵金莉, 贺学礼. 毛乌素沙地油蒿根际 AM 真菌空间分布研究[J]. 河北农业大学学报, 2007, 30(2): 74–78
Zhao J L, He X L. Studies on spacial distribution of arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizospheres of *Artemisia ordosica* in Mu Us Sandland[J]. Journal of Agricultural University of Hebei, 2007, 30(2): 74–78

[8] 赵金莉, 贺学礼. 毛乌素沙地克隆植物生长对 AM 真菌多样性和菌根形成的影响[J]. 生态学报, 2010, 30(5): 1349–1355
Zhao J L, He X L. Effects of the growth of clonal plants on the diversity of AM fungi and mycorrhizal formation in Mu Us Sandland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2010, 30(5): 1349–1355

[9] 蔡晓布, 彭岳林, 盖京苹, 等. 藏北高寒草原土壤活性有机碳对 AM 真菌物种多样性的影响[J]. 农业工程学报, 2012, 28(增刊 1): 216–223
Cai X B, Peng Y L, Gai J P, et al. Effect of ASOC on diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in alpine steppe of north Tibet[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2012, 28(Supp.1): 216–223

[10] Ianson D C, Allen M F. The effects of soil texture on extraction of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungal spores from arid sites[J]. Mycologia, 1986, 78(2): 164–168

[11] Schenck N C, Pérez Y. Manual for the identification of VA mycorrhizal Fungi[M]. Florida: FNVAM Gainesville, 1988: 91–97

[12] 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
Lu R K. Analysis methods of soil agricultural chemistry[M]. Beijing: Chinese Agricultural Science and Technology Press, 2000

[13] Ferrol N, Calvente R, Cano C, et al. Analysing arbuscular mycorrhizal fungal diversity in shrub-associated resource islands from a desertification-threatened semiarid Mediterranean ecosystem[J]. Applied Soil Ecology, 2004, 25(2): 123– 133

[14] Panwar J, Tarafdar J C. Arbuscular mycorrhizal fungal dynamics under *Mitragyna parvifolia* (Roxb.) Korth. in Thar Desert[J]. Applied Soil Ecology, 2006, 34(2/3): 200–208

[15] Öpik M, Moora M, Liira J, et al. Composition of root-colonizing arbuscular mycorrhizal fungal communities in different ecosystems around the globe[J]. J Ecol, 2006, 94: 778–790

[16] Öpik M, Vanatoa A, Vanatoa E, et al. The online database MaarjAM reveals global and ecosystemic distribution patterns

in arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota)[J]. New Phytologist, 2010, 188(1): 223–241

[17] 钱伟华, 贺学礼. 荒漠生境油蒿根围 AM 真菌多样性[J]. 生物多样性, 2009, 17(5): 506–511
Qian W H, He X L. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi associated with a desert plant *Artemisia ordosica*[J]. Biodiversity Science, 2009, 17(5): 506–511

[18] 杨静, 贺学礼, 赵丽莉. 内蒙古荒漠沙柳 AM 真菌物种多样性[J]. 生物多样性, 2011, 19(3): 377–385
Yang J, He X L, Zhao J L. Species diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in the rhizosphere of *Salix psammophila* in Inner Mongolia desert[J]. Biodiversity Science, 2011, 19(3): 377–385

[19] Sykorová Z, Wiemken A, Redecker D. Cooccurring *Gentiana verna* and *Gentiana acaulis* and their neighboring plants in two Swiss upper montane meadows harbor distinct arbuscular mycorrhizal fungal communities[J]. Applied Environmental Microbiology, 2007, 73(17): 5426–5434

[20] Munkvold L, Kjøller R, Vestberg M, et al. High functional diversity within species of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. New Phytologist, 2004, 164(2): 357–364

[21] 郭绍霞, 张玉刚, 李敏, 等. 我国洛阳与菏泽牡丹主栽园区 AM 真菌多样性研究[J]. 生物多样性, 2007, 15(4): 425–431
Guo S X, Zhang Y G, Li M, et al. AM fungi diversity in the main tree-peony cultivation areas in China[J]. Biodiversity Science, 2007, 15(4): 425–431

[22] 刘润进, 王发园, 孟祥霞. 渤海湾岛屿的丛枝菌根真菌[J]. 菌物系统, 2002, 21(4): 525–532
Liu R J, Wang F Y, Meng X X. Arbuscular mycorrhizal fungi in the islands of the Bohai bay[J]. Mycosystema, 2002, 21(4): 525–532

[23] 盖京苹, 冯固, 李晓林. 我国北方农田土壤中 AM 真菌的多样性[J]. 生物多样性, 2004, 12(4): 435–440
Gai J P, Feng G, Li X L. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in field soils from North China[J]. Biodiversity Science, 2004, 12(4): 435–440

[24] 刘润进, 陈应龙. 菌根学[M]. 北京: 科学出版社, 2007: 1–404
Liu R J, Chen Y L. Mycorrhizology[M]. Beijing: Science Press, 2007: 1–404

[25] 陈宁, 王幼珊, 杨延杰, 等. 不同氮磷比例营养液对 AM 真菌生长发育的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2007, 13(1): 143–147
Chen N, Wang Y S, Yang Y J, et al. Effects of nutrient solutions with different ratios of N to P on development of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2007, 13(1): 143–147

[26] 彭岳林, 杨敏娜, 蔡晓布. 西藏高原针茅草地土壤因子对丛枝菌根真菌物种多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2010, 21(5): 1258–1263
Peng Y L, Yang M N, Cai X B. Influence of soil factors on species diversity of arbuscular mycorrhizal (AM) fungi in Stipa steppe of TibetP lateau[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2010, 21(5): 1258–1263