

# 贺兰山西坡不同海拔土壤 AMF 群落多样性特征研究

颜培轩<sup>2</sup>, 侯晖<sup>1</sup>, 吕英泽<sup>2</sup>, 张海英<sup>1</sup>, 谢沁宓<sup>1</sup>, 倪细炉<sup>1\*</sup>

(1 宁夏大学西北土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地, 宁夏 银川 750021; 2 宁夏大学农学院, 宁夏 银川 750021)

**摘要:** 丛枝菌根真菌(AMF)在陆地生态系统中发挥着至关重要的作用。为探明贺兰山西坡 AMF 群落不同海拔多样性及其影响因素, 以贺兰山西坡不同海拔土壤为研究对象, 利用高通量测序方法研究不同环境下土壤 AMF 群落结构与多样性差异及其与环境因子间的相互关系。结果发现: 不同海拔的土壤理化性质存在显著性差异( $P < 0.05$ )。高通量测序共获得 1145 个 OTU, 分属于 1 门、4 纲、6 目、13 科、18 属、135 种, 样本中优势属为 *Glomus*, 平均占比为 75.27%。土壤 AMF 群落  $\alpha$  多样性在不同海拔也有显著性差异( $P < 0.05$ ), 总体上随海拔的升高而增加。根据 NMDS 分析显示, 土壤 AMF 群落结构在属水平上呈差异性。相关性分析结果表明, 土壤 pH、含水量(WC)、有机质(OM)和速效钾、磷、氮等与 AMF 群落  $\alpha$  多样性和物种丰度显著相关( $P < 0.05$ ,  $P < 0.01$ )。根据 RDA 分析和蒙特卡洛检验结果表明, 土壤 pH、WC 和 OM 对 AMF 群落  $\alpha$  多样性和物种丰度有极显著影响( $P < 0.01$ )。本研究探明了贺兰山西坡不同海拔的 AMF 群落结构与多样性和土壤理化性质的关系, 对贺兰山山地生态系统研究具有重要意义。

**关键词:** 丛枝菌根真菌; 群落结构; 贺兰山; 海拔; 土壤理化性质

## Diversity characteristics of arbuscular mycorrhizal fungi communities in the soil along successional altitudes of Helan Mountain, arid, and semi-arid regions of China.

**Abstract:** Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) perform a vital role in terrestrial ecosystems. To investigate the diversity of AMF communities on the western slope of Helan Mountain at different altitudes and their influence factors, high-throughput sequencing was used to study the structure and diversity of soil AMF communities under different environments and their interrelationships between AMF and environmental factors. The results revealed that there were significant differences ( $p < 0.05$ ) in the physical and chemical properties of the soil along the different altitudes. A total of 1,145 OTUs were obtained by high-throughput sequencing, belonging to 1 phylum, 4 class, 6 orders, 13 families, 18 genera and 135 species, with the dominant genus being *Glomus*, which accounted for 75.27% of the relative abundance of the community. Soil AMF community structure was shown to be variable at the generic level according to NMDS analysis. Correlation analysis showed that soil pH, water content (WC), organic matter (OM), available K, available P and N were significantly correlated with AMF community diversity and species abundance ( $p < 0.05$ ,  $p < 0.01$ ). Based on redundancy analysis (RDA) and Monte Carlo test results, soil pH, WC and OM had highly significant effects ( $p < 0.01$ ) on AMF community diversity and species abundance. Discussion: This study investigates the relationship between AMF community structure and diversity and soil physicochemical properties at different elevations on the western slope of Helan Mountain, which is of great significance to the study of the Helan Mountain ecosystem.

**Key words:** arbuscular mycorrhizal fungi, community structure, altitude, soil factor, Helan Mountain

丛枝菌根真菌(AMF)是一种存在于根际土壤中, 能与陆地上 80% 的维管植物形成共生关系的菌根真菌<sup>[1,2]</sup>, 广泛存在于各种陆地生态系统中, 对维持改善植被群落、土壤状况和稳定生态系统功能起到不可替代的作用, 是陆地生态系统的重要组成部分<sup>[3,4]</sup>。研究发现, AMF 可以调节土壤根际微生物群落组成、土壤结构和养分循环<sup>[5,6]</sup>; 且在与植物共生后, 不仅可以提高植物对 N、P 等营养物质的吸收, 还可以提高植物对干旱、盐碱及病虫害等的抗性, 促植物生长<sup>[7,8,9]</sup>。AMF 群落也受到多种环境因素影响, 例如海拔高度、植物群落、土壤理化性质和气候因子等, 其中土壤中 C、N、P 含量和宿主植物种类对 AMF 群落的多样性和丰度有重要影响<sup>[10,11]</sup>。因此, 对 AMF 群落与环境因子之间的关系进行研究有助于加深对陆地生态系统

的了解。

在山地生态系统中,环境因子会随着海拔的变化在较小范围内发生较大变化,使不同海拔之间的动植物群落产生差异<sup>[12,13]</sup>。其中植物群落的与土壤特征的变化都会影响土壤中微生物的群落结构<sup>[14]</sup>。Vieira 的研究表明<sup>[15]</sup>,在温带气候中 AMF 群落多样性会随着海拔的升高而下降;但也有研究表明 AMF 群落多样性与海拔无关或负相关<sup>[16,17]</sup>,目前还没有找到一致的趋势。此外,坡向作为重要的地形因子,阴坡与阳坡之间的土壤理化性质和植被类型也存在一定差异<sup>[18,19]</sup>,可能影响到 AMF 群落结构。总之,不同海拔所具有的不同植被类型、温度、光照和土壤特征等因素都会对 AMF 群落造成影响。

贺兰山位于宁夏西北,是中国西北地区重要的自然地理分界线和草原与荒漠的分界线,起到重要的生态屏障的作用,具有独特的生态系统,不同海拔之间的植被类型差异明显,随着海拔升高,植被类型依次为荒漠化草原、山地灌丛、疏林草原、山地针叶林和亚高山灌丛草甸或高山草地等<sup>[20]</sup>。而植被的多样性常常与 AMF 群落多样性密切相关,两者间存在着积极的作用。贺兰山不同海拔所蕴含的丰富的 AM 真菌资源在维持和保护贺兰山不同植被生态系统的稳定方面可能发挥着重要作用,但目前对贺兰山的 AMF 群落的研究尚处于空白状态。

因此,本研究以贺兰山西坡为研究对象,采用高通量测序技术研究贺兰山西坡不同海拔根际土壤 AMF 群落多样性特征,并分析贺兰山西坡根际土壤理化性质与 AMF 群落结构特征之间的相关性,为维持贺兰山山地生态系统的稳定与发展及探索 AMF 群落在陆地生态系统中的作用提供理论依据。

## 2. Materials and Methods

### 2.1 试验区概况

实验地点位于宁夏回族自治区银川市贺兰山西坡,处于银川平原和阿拉善高原之间(地处 38°27'-39°30'N, 105°41'-106°41'E 之间),属典型大陆性气候,具有山地气候特征。年均气温 8.6 度,年降水量 200~400mm,主要集中在 5-9 月,年蒸发量较大,达到 2000 mm 以上。研究区主要植物种有蒙古冰草(*Agropyron mongolicum*)、短花针茅(*Stipa breviflora*)、蒙古扁桃(*Prunus mongolica*)、狭叶锦鸡儿(*Caragana stenophylla*)、灰榆(*Ulmus glaucescens*)、杜松(*Juniperus rigida*)、油松(*Pinus tabuliformis*)、青海云杉(*Picea crassifolia*)等。

### 2.2 试验设计

在实地勘察的基础上,于 2021 年夏季在贺兰山西坡海拔 1800-2750 米,沿海拔梯度根据不同群落类型选取 8 个海拔高度(ALT),在每个植被带内设置三个样地,样地面积为 20×20 m<sup>2</sup>。采集时用直径 4cm 的土壤取样器按五点取样法挖取植物根际土壤样品 5 个混合均匀后,放入灭菌袋后放入冷藏保温箱中保存,土壤带回实验室一部分存于-80 °C 冰箱保存用于土壤 AMF 群落多样性的测定,一部分自然风干后过筛用于土壤理化性质的测定(表 1)。

表 1 样地基本信息

Plot	type	ALT
------	------	-----

		2643
SU	亚高山草甸	2638
	Subalpine Meadow	2638
		2635
PI	青海云杉林	2635
	Picea crassifolia Forests	2635
		2360
CO	针叶混交林	2360
	Coniferous Mixed Forest	2360
		2190
CB	针阔混交林	2183
	Coniferous and Broad-Leaved Mixed Forest	2160
		2173
PF	油松林	2129
	Pinus Forest	2123
		2110
SH	灌丛	2110
	Shrub	2110
		1910
UL	灰榆林	1910
	Ulmus glaucescens Forests	1905
		1856
GR	草地	1856
	Grass	1856

### 2.3 测定项目及方法

土壤 pH 使用 pH 计测定，水土比为 5:1； water content(WC)使用烘干法测定； organic matter(OM)采用重铬酸钾稀释热法测定； total nitrogen, (TN)采用半微量凯氏法测定； alkali-hydrolyzable nitrogen(AN)采用碱解扩散法测定； total phosphorus(TP)采用 HClO<sub>4</sub>-H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 消煮，钼锑抗比色法测定； available phosphorus(AP)采用 NaHCO<sub>3</sub> 浸提—钼锑抗比色法测定； available potassium(AK)采用 NH<sub>4</sub>OAc 浸提—火焰光度法测定。

土壤 AMF 群落多样性送至上海美吉生物医药科技有限公司进行土壤 AMF 群落 DNA 的提取，采用 AMV4-5NF/AMDGR 引物<sup>[21]</sup>，引物序列为 5'-AAGCTCGTAGTTGAATTTTCG-3'，5'-CCCAACTATCCCTATTAATCAT-3'，从而进行 PCR 扩增及后续 DNA 双端测序，按 97%的序列相似度进行 OTU 划分，采用 RDP classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析，通过 maarjam20220506/AM 物种数据库进行对比，获取分类学信息。

### 2.4 数据分析

采用 EXCEL2019 进行数据整理，采用 SPSS26 进行单因素方差分析 (One-way ANOVA) 与邓肯检验 (Duncan's test) 分析不同植被类型间土壤理化性质的差异性 ( $P < 0.05$ )，采用单尾显著性检验不同变量间的 Person 相关性分析，采用非度量多维尺度分析 (NMDS) 和相似度分析检验 (ANOSIM) 分析 AM 真菌群落间的差异，基于 999 个排列的 ANOSIM 计算与 NMDS 相关的  $r$  值和  $P$  值。采用 Origin2019 进行绘图。土壤 AMF 群落  $\alpha$  多样性、 $\beta$  多样性和结构利用上海美吉生物医药科技有限公司运算平台以及 R 语言 'Vegan' 程序包进行分析和绘图。

AMF 群落  $\alpha$  多样性分析采用 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数和 ACE 指数。

#### 1) Shannon-Wiener 指数

计算公式为：

$$H_{shannon} = - \sum_{i=1}^{S_{obs}} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N}$$

2) Simpson 指数

计算公式为：

$$D_{simpson} = \frac{\sum_{i=1}^{S_{obs}} n_i(n_i - 1)}{N(N - 1)}$$

式中， $S_{obs}$  实际观测到的 OTU 数目； $n_i$  为第  $i$  个 OTU 所含的序列数； $N$  为所有的序列数。

3) Chao1 指数

计算公式为：

$$S_{chao1} = S_{obs} + \frac{n_1(n_1 - 1)}{2(n_2 + 1)}$$

式中， $S_{chao1}$  为估计的 OTU 数； $n_1$  为只含有一条序列的 OTU 数目； $n_2$  为只含有两条序列的 OTU 数目。

4) ACE 指数

计算公式为：

$$S_{ACE} = \begin{cases} S_{abund} + \frac{S_{rare}}{C_{ACE}} + \frac{n_1}{C_{ACE}} \hat{\gamma}_{ACE}^2, & \text{for } \hat{\gamma}_{ACE} < 0.80 \\ S_{abund} + \frac{S_{rare}}{C_{ACE}} + \frac{n_1}{C_{ACE}} \tilde{\gamma}_{ACE}^2, & \text{for } \hat{\gamma}_{ACE} \geq 0.80 \end{cases}$$

其中：

$$\hat{\gamma}_{ACE}^2 = \max \left[ \frac{S_{rare}}{C_{ACE}} \frac{\sum_{i=1}^{abund} i(i-1)n_i}{N_{rare}(N_{rare}-1)} - 1, 0 \right]$$

公式中， $S_{rare}$  含有“abund”条序列或者少于“abund”的 OTU 数目； $S_{abund}$  为多于“abund”条序列的 OTU 数目； $abund$  为“优势”OTU 的阈值，默认为 10。

3. Results

3.1 贺兰山西坡不同海拔土壤理化性质

由表 2 可知，不同海拔间土壤理化性质存在显著性差异( $P < 0.05$ )。WC、OM、AK 和 AN 随着海拔的上升而增加，最大值都出现在高海拔区域(14.95%、11.70%、54.27 mg/kg、96.73 mg/kg)。pH 和 TP 随着海拔的上升先增加后减少，最大值都出现在中海拔区域(8.20、213.81 mg/kg)，其中 pH 变化范围为 7.94 到 8.20，说明贺兰山西坡土壤为碱性。TN 和 AP 随着海拔的上升先减少后增加，其中 TN 最大值出现在高海拔区域(202.61mg/kg)，AP 最大值出现在低海拔区域(55.37 mg/kg)。总体而言，土壤中养分含量随着海拔升高而升高。

表 2 土壤理化性质

PLOT	WC/%	pH	TN/(mg/kg)	AN/(mg/kg)	TP/(mg/kg)	AP/(mg/kg)	OM/%	AK/(mg/kg)
SU	14.95±1.77a	7.95±0.03d	113.25±1.89bc	60.77±16.79bc	202.20±6.42b	5.22±0.48c	11.70±0.55a	54.27±3.23a
PI	7.64±2.12b	7.94±0.04d	202.61±2.47a	96.73±16.44a	127.14±5.13d	9.83±0.53ab	7.04±0.46b	31.13±5.40b
CO	7.06±2.17b	8.05±0.06c	104.58±8.15c	55.13±2.14bc	130.33±3.71d	10.09±1.7ab	4.24±0.61d	27.80±6.91b
CB	3.80±1.14cd	8.20±0.04a	103.51±7.55c	65.91±1.33b	213.81±6.06a	8.96±0.60b	5.83±0.70c	45.67±4.54a
PF	7.65±2.53b	8.06±0.03c	54.35±12.72e	23.60±9.78d	144.57±3.18c	8.80±0.95b	4.98±0.69cd	32.17±1.94b
SH	5.41±1.68bc	8.09±0.02bc	78.20±9.46d	45.28±3.79c	132.33±1.90d	8.79±0.25b	5.68±0.11c	28.33±3.16b
UL	2.01±0.32d	8.09±0.04bc	121.21±10.98b	48.83±14.00bc	111.94±7.93e	9.06±0.99b	2.67±0.19e	31.87±3.46b
GR	1.49±0.36d	8.14±0.02ab	88.10±0.54d	10.25±5.44d	106.16±9.47e	11.07±1.4a	0.99±0.23f	28.73±8.81b

注：同列不同小写字母表示差异显著 ( $P<0.05$ )

### 3.2 贺兰山西坡不同海拔土壤 AMF 群落 $\alpha$ 多样性

由图 1 可知，随着测序条数的增加，稀释曲线趋于平缓，表明样本测序数据量足够大，能反应土壤中 AMF 群落的真实情况，可进行后续的数据分析。

对各个样本进行 AMF 检测，共获得有效序列 2158539 条，总碱基数 466973432bp，平均序列长度 216bp。各个样本覆盖度均在 99%以上，说明测序结果能代表样本中 AMF 多样性。由表 3 可知，不同海拔间土壤 AMF 群落  $\alpha$  多样性存在显著性差异( $P<0.05$ )。SU 下土壤 AMF 群落的 Shannon 指数最大，Simpson 指数最小，PI 下土壤 AMF 群落的 Shannon 指数最小，Simpson 指数最大。ACE 指数和 Chao1 指数的最大值在 SU，最小值分别在 GR 和 PI。总体而言，土壤 AMF 群落  $\alpha$  多样性随海拔的上升而上升。

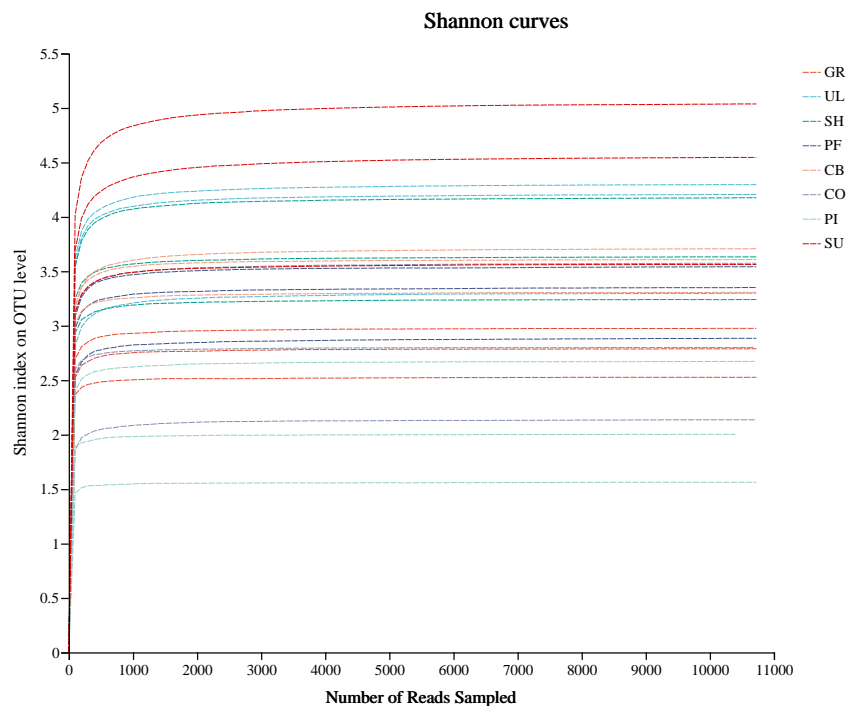


图 1 土壤 AMF 群落稀释曲线

表 3 土壤 AMF 多样性指数

PLOT	Shannon	Simpson	ACE	Chao1	Coverage
SU	4.38±0.75a	0.03±0.02b	395.02±144.70a	395±145a	0.9954±0.0009d
PI	2.08±0.56d	0.21±0.10a	140.13±90.58cd	96±35c	0.9981±0.0008ab

CO	2.84±0.72cd	0.16±0.15ab	146.48±66.25cd	144±61c	0.9979±0.0010ab
CB	3.54±0.21abc	0.06±0.003b	240.62±21.54bc	221±49bc	0.9961±0.0004cd
PF	3.26±0.34bc	0.10±0.04ab	192.178±26.89bcd	187±24bc	0.9969±0.0006bc
SH	3.68±0.47abc	0.05±0.02b	216.06±72.20bcd	208±69bc	0.9971±0.0008bc
UL	3.93±0.55ab	0.07±0.06b	293.93±13.80ab	296±27ab	0.9956±0.0009cd
GR	2.76±0.23cd	0.11±0.02ab	99.31±26.86d	102±26c	0.9986±0.0007a

注：同列不同小写字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )

### 3.3 贺兰山西坡不同海拔土壤 AMF 分类学组成和分布

高通量测序数据分析结果表明，通过 maarjam20220506/AM 物种数据库进行对比可得，不同环境下共分为 1 门 4 纲 6 目 13 科 18 属 135 种。

根据图 2 可知，属水平土壤 AMF 相对丰度在不同样本中存在差异。*Glomus* 在所有样本中的相对丰度均为最高，平均占比为 75.27%，在 GR 中相对丰度达到最大值(94.04%)，且在 GR、UL、SH 中相对丰度均超过 90%，说明 *Glomus* 是贺兰山西坡土壤 AMF 群落的优势种，通过对不同样本下属水平物种差异分析表明(图 3)，仅在 SU 中发现 *Acaulospora*、*Sclerocystis* 和 *Entrophospora*。*Glomus*、*unclassified\_p\_Glomeromycota*、*Diversispora*、*Archaeospora*、*Acaulospora* 和 *Sclerocystis* 在不同样本中呈显著差异( $P < 0.05$ )。

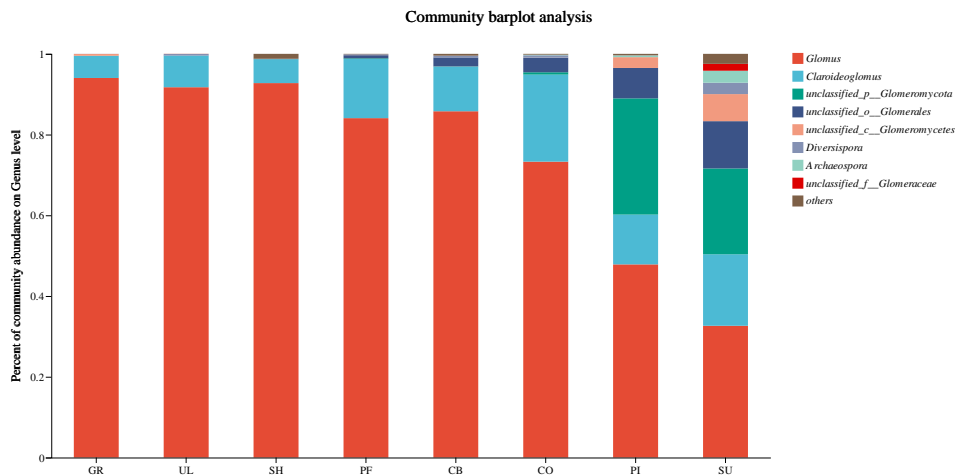
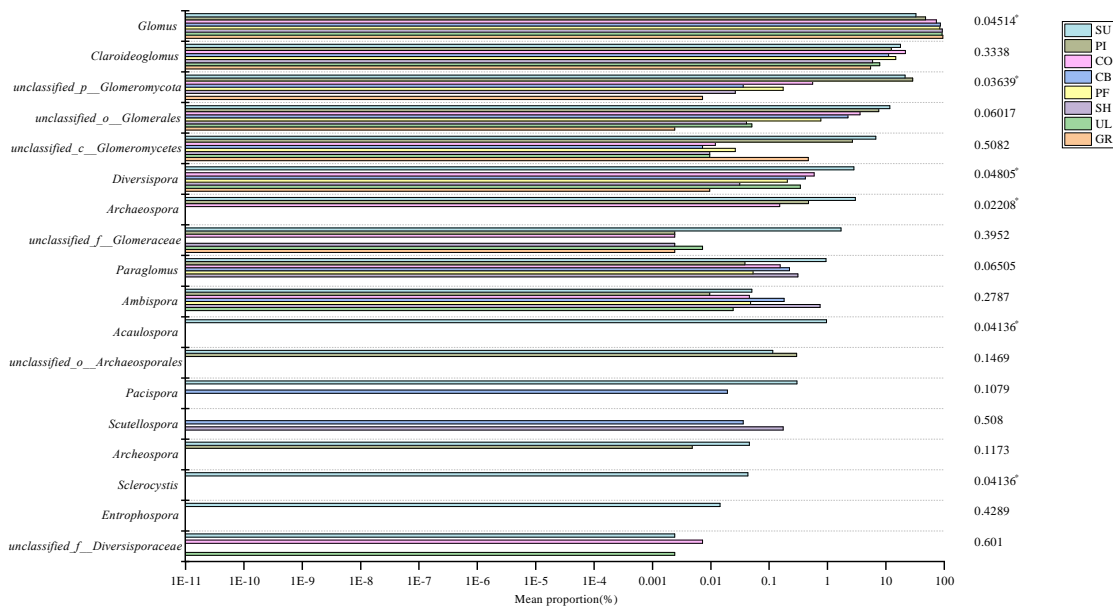


图 2 土壤 AMF 群落属水平组成



注：\*和\*\*分别代表 0.05 和 0.01 水平显著相关。

图 3 AMF 物种差异显著性检验

基于属水平和 bray\_curtis 距离计算的土壤 AMF 群落结构的 NMDS 分析结果表明(图 4)，PI 组内相对较为分散，说明其组内重复性较差；其余样品组内相对较为集中，说明其余样本组内重复间相似性较好。低海拔的 GR、UL 和 SF 组间重合区域较大，说明三个样本间群落结构差异较小，而高海拔的 PI 和 SC 之间无重合区域，说明两个样本间群落结构差异较大，且低海拔与高海拔之间的群落结构有较大差异。针对其中差异最大的两组样本(GR 和 SU)进一步进行 LEfse 分析(图 5)，其中其中 GR 中 *Glomus* 的丰度显著高于 SU，SU 中 *unclassified\_p\_Glomeromycota*、*unclassified\_o\_Glomerales*、*Diversispora*、*Archaeospora*、*Paraglomus* 和 *Ambispora* 的丰度显著高于 GR。对 999 个排列组合的 ANOSIM 分析发现( $r=0.5073$ ,  $P=0.001$ )，说明不同样本的土壤 AM 真菌群落多样性在属水平下具有差异性。

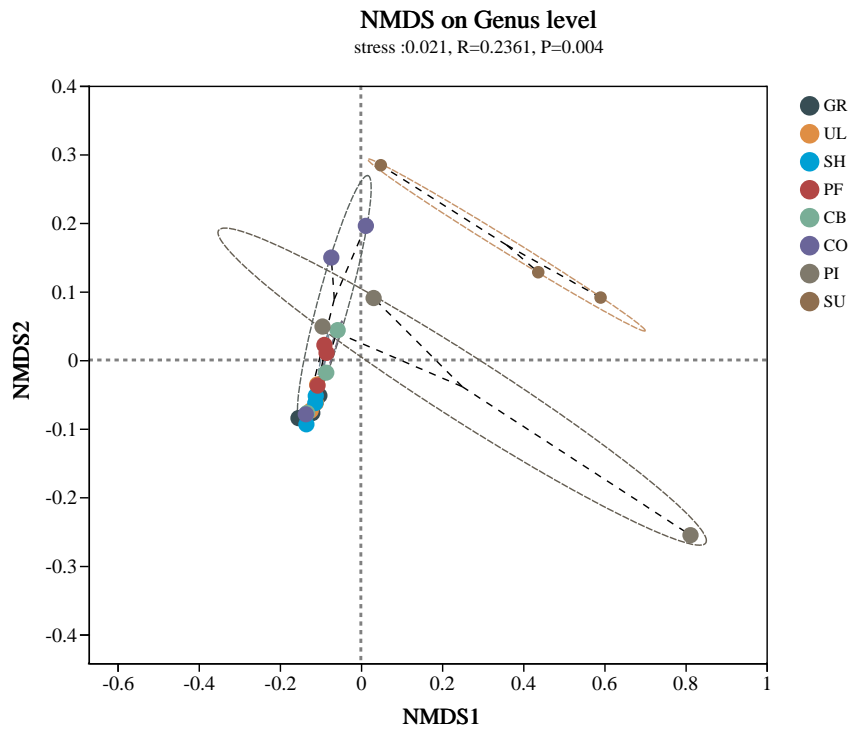


图 4 土壤 AMF 群落 β 多样性的 NMDS 分析

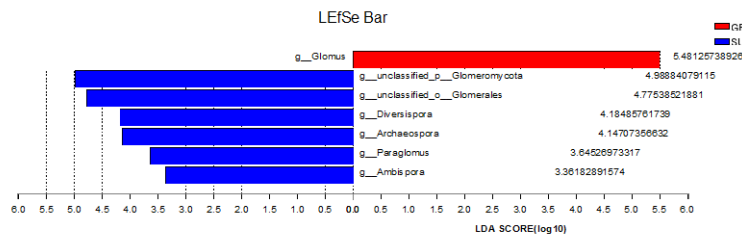


图 5 GR 与 SU 的 LEfSe 分析

### 3.4 贺兰山西坡不同海拔土壤 AMF 群落多样性与土壤理化性质间的相关分析

通过相关性分析可知 (表 3), ALT、WC、OM 和 AK 与 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao1 指数呈极显著正相关, 与 Simpson 指数呈极显著负相关; pH 与 Shannon 指数呈极显著负相关, 与 ACE 指数和 Chao1 指数呈显著正相关, 与 Simpson 指数呈极显著正相关; AN 与 Simpson 指数呈显著负相关, 与 ACE 指数呈显著正相关; TP 与 Shannon 指数、ACE 指数和 Chao1 指数呈显著正相关; AP 与 Shannon 指数和 Chao1 指数呈极显著负相关, 与 AVCE 指数呈显著负相关, 与 Simpson 指数呈极显著正相关

通过 RDA 分析可知(图 6), Shannon 指数、ACE 指数和 Chao1 指数与 ALT、AK、WC、OM、TP、AN 和 TN 呈正相关, 与 pH 和 AP 呈负相关, 其中 ALT 对 AMF 群落结构影响最大。根据蒙特卡洛检验结果表明, ALT( $r^2=0.6623, P=0.001$ )、WC( $r^2=0.5036, P=0.002$ )、OM( $r^2=0.482, P=0.004$ )和 pH( $r^2=0.3888, P=0.006$ )对 AMF 群落 α 多样性和物种丰度有显著影响。第一排序轴解释了 AMF 群落组成 78.40%的变异, 第二排序轴解释了 AMF 群落组成 10.21%的变异。第一排序轴对贺兰山西坡不同海拔土壤 AMF 群落多样性及丰富度的变化解释最多。



表 3 土壤 AMF 群落多样性与土壤理化性质间的 person 相关分析

	ALT	Shannon	Simpson	ACE	Chao1
ALT		0.741**	-0.770**	0.525**	0.599**
WC	0.792**	0.739**	-0.713**	0.582**	0.716**
TN	0.566**	0.237	-0.267	0.283	0.184
pH	-0.738**	-0.542**	0.571**	-0.382*	-0.410*
AN	0.712**	0.329	-0.391*	0.357*	0.309
TP	0.441*	0.418*	-0.331	0.512*	0.483*
AP	-0.451*	-0.673**	0.628**	-0.362*	-0.633**
OM	0.834**	0.784**	-0.739**	0.648**	0.788**
AK	0.414*	0.671**	-0.647**	0.528**	0.655**

注：\*和\*\*分别代表 0.05 和 0.01 水平显著相关。

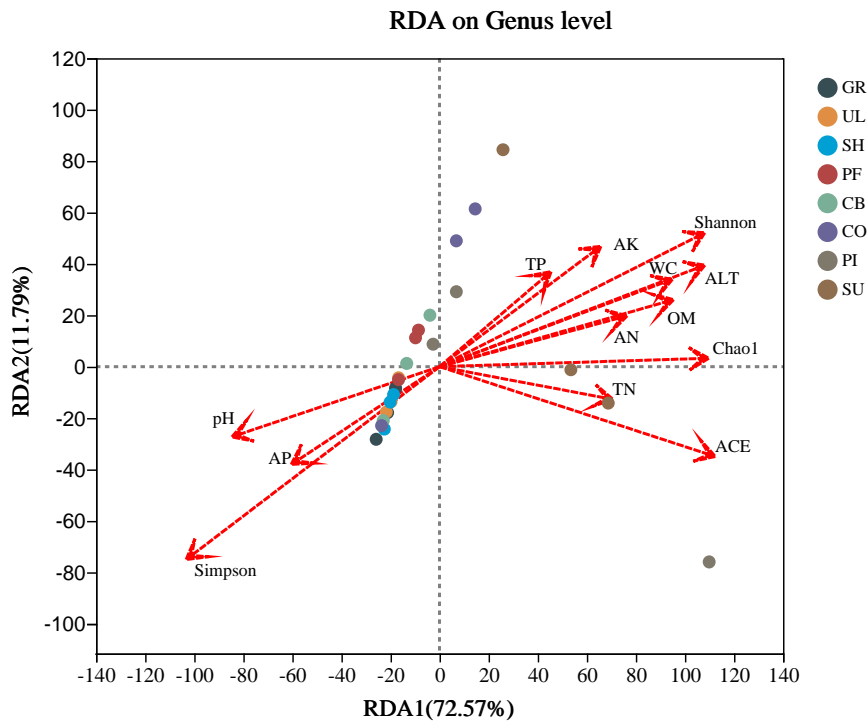
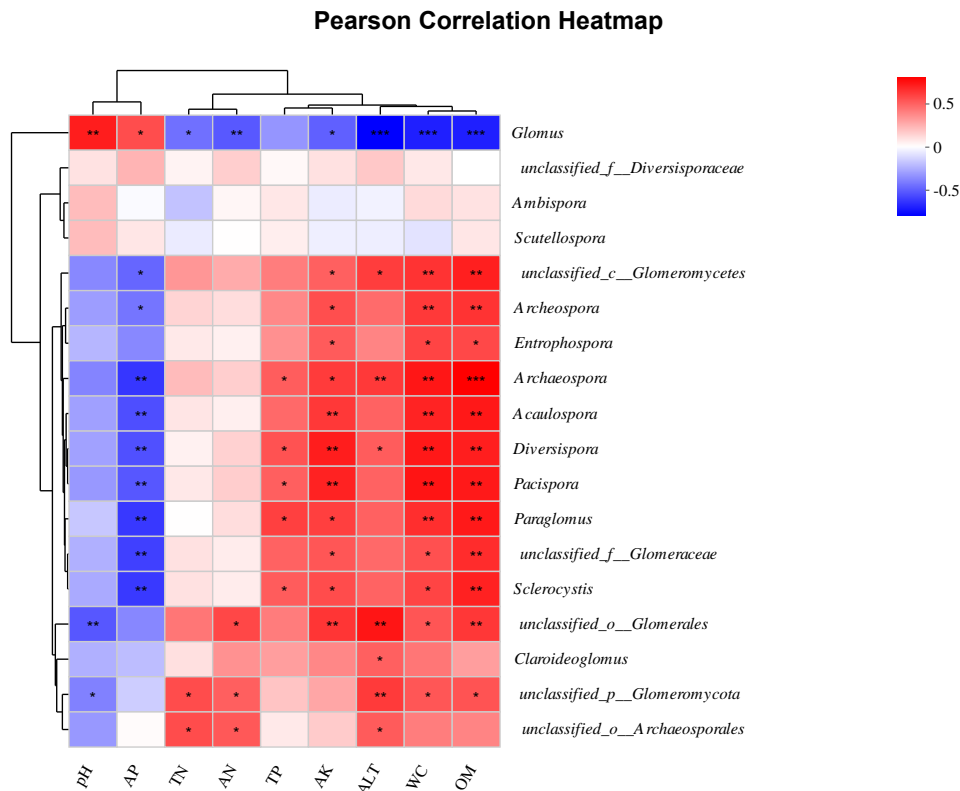


图 6 AMF 多样性与土壤理化性状间的 RDA 分析

根据环境因子与土壤 AMF 属水平的 Heatmap 图结果显示(图 7)，土壤理化性质与海拔对各个属具有不同的影响。*Glomus* 受到土壤理化性质与海拔的影响最大，其中 *Glomus* 与 ALT、WC、OM 和 AN 呈显著负相关，pH 极显著正相关，AK 和 TN 呈显著负相关，AP 显著正相关。pH 与 *unclassified\_o\_Glomerales* 呈极显著负相关，与 *unclassified\_p\_Glomeromycota* 呈显著正相关。*Acaulospora*、*Diversispora* 和 *Pacispora* 与 OM 和 AK 呈极显著正相关，与 AP 呈极显著负相关。此外，土壤理化性质和海拔对 *Ambispora*、*unclassified\_f\_Diversisporaceae* 和 *Scutellospora* 没有显著性影响。



注：\*，\*\*和\*\*\*分别代表 0.05、0.01 和 0.001 水平显著相关。

图 7 AMF 群落属水平与土壤理化性状的 Pearson 相关 Heatmap 图

#### 4. 讨论

##### 4.1 不同海拔土壤 AMF 群落结构变化特征

本研究共获得 1418 个 AMF 的 OUT，分属于 1 门、4 纲、6 目、13 科、18 属、135 种，说明贺兰山西坡 AMF 种类丰富且分布广泛，是生态系统的重要组成部分。研究表明，*Glomus* 是贺兰山西坡土壤 AMF 群落中的优势属，这与大部分温带山区对 AMF 群落的研究结果相一致<sup>[22,23]</sup>，这是因为 *Glomus* 包括的 AMF 物种较多，并且可以产生大量的菌丝碎片和孢子，使它可以在植物根部进行更广泛的传播与定殖且具有较强的环境适应能力<sup>[24,25]</sup>。在本研究中，*Glomus* 的相对丰度与海拔呈极显著负相关，这与 Haug et al. 的研究结果相一致<sup>[26]</sup>，而其他大部分 AMF 属与海拔呈正相关。一些研究表明，*Glomus* 可以在干旱条件下增强植物抗逆性并提高生物量<sup>[27]</sup>；温度和降水的适当增加可以可以提升宿主植物的光和作用效率，使植物可以提供更多的光和作用产物给 AMF，促进菌丝和孢子的发育<sup>[28]</sup>。随着海拔的上升，一方面，降水量增加，可能使宿主植物对 *Glomus* 的依赖程度降低；另一方面，温度降低限制 AMF 菌丝和孢子的发育，对 *Glomus* 的影响可能大于其他 AMF 属。也说明海拔对土壤 AMF 群落的群落结构和属间关系存在影响。

除了分布不同，AMF 群落多样性在不同海拔之间也存在差异。部分研究表明<sup>[29,30]</sup>，AMF 群落多样性随海拔的升高而先增加后减少，在不同海拔区域具有不同的相关性。在本研究中，海拔与 AMF 群落  $\alpha$  多样性呈极显著正相关，与其他研究结果不同<sup>[19,30]</sup>。原因可能是本研究的研究区域较小，海拔较低且土壤养分有限。有研究表明，土壤养分的增加和人为扰动的减少都会对 AMF 群落多样性起到正面影响<sup>[32,33]</sup>。在本研究中，随海拔的升高，土壤养分有显著增加且受人为扰动更少，与多种环境因素一起对 AMF 群落产

生影响,使群落  $\alpha$  多样性在不同海拔间出现显著差异。因此,在未来研究中还需进一步探索贺兰山不同海拔对 AMF 群落造成影响的机制。

#### 4.2 土壤 AMF 群落结构的影响因素

本研究结果表明,土壤理化性质对 AMF 群落多样性有重要影响,与许多研究结论一致<sup>[37,38]</sup>。通过对土壤理化性质和 AMF 群落  $\alpha$  多样性进行相关性分析表明,pH、WC、AP、OM 和 AK 是主要的影响因素。在本研究中,pH 和 AP 与群落  $\alpha$  多样性呈极显著负相关,pH 是影响 AMF 群落的重要因素,原因可能是 pH 不仅可以影响 AMF 孢子的形成与发育<sup>[23]</sup>,还可以通过影响植物群落组成及植物对土壤养分的吸收利用来间接影响 AMF 群落<sup>[39]</sup>;AP 对 AMF 群落多样性的影响与 Ji and Bever 和 Ceulemans et al. 的研究结果相同<sup>[40,41]</sup>,可能因为 AP 含量上升会抑制 AMF 的孢子萌发和菌丝生长,并使植物减少根系与 AMF 共生,直接从土壤中吸收 P<sup>[42,43]</sup>。此外,本研究还发现 WC、OM 和 AK 与群落  $\alpha$  多样性极显著正相关,原因很可能是 WC 增加不仅促进 AMF 的繁殖发育<sup>[24]</sup>,还会改变宿主植物对 AMF 的选择与定殖,对 AMF 群落结构和多样性产生显著影响<sup>[44]</sup>,OM 对 AMF 的孢子密度和定殖具有正向作用,并会在在一定程度上提高 AMF 繁殖能力<sup>[28]</sup>,AK 可以促进 AMF 对植物的侵染,影响 AMF 群落。在本研究中,土壤 N 是影响 AMF 群落的次要因子,与部分研究结果不同<sup>[40]</sup>,原因可能是贺兰山西坡的坡度较缓,使土壤 N 在不同海拔间的变化不明显。

RDA 分析结果表明土壤 pH、WC 和 OM 对 AMF 群落结构和多样性有极显著影响( $P < 0.01$ ),并且通过对 Heatmap(图 7)进行分析,表明土壤理化性质对不同属的 AMF 具有不同影响,Glomus 作为优势属受到土壤理化性质影响最大,并且大部分属都受到土壤因子影响,与部分研究结果相同<sup>[39,45]</sup>,在一定程度上解释了不同样本间 AMF 群落差异。进一步说明了土壤因子对 AMF 群落结构和多样性具有重要影响。

此外,有研究表明,宿主植物是山地生态系统中影响 AMF 群落的主要因素之一<sup>[34]</sup>,这可能与不同植物具有不同营养需求有关<sup>[35]</sup>,且在部分研究中发现植物物种多样性与真菌群落多样性呈正相关<sup>[46]</sup>。在中低海拔区域(GR-CO),AMF 群落结构差异较小, $\alpha$  多样性差异较大,其中 UL 和 SH 植物植物多样性较高,GR 植物多样性较低<sup>[47]</sup>,与 AMF 群落  $\alpha$  多样性的变化相同,说明了植物多样性对 AMF 群落多样性的影响。在中高海拔区域(PF-SU),*Claroideoglomus* 的相对丰度高于低海拔区域,研究发现 *Claroideoglomus* 可以促进植物对营养的吸收<sup>[48]</sup>,这可能使在中高海拔区域的土壤养分上升促进植物与 *Claroideoglomus* 进行共生,使植物吸收更多的营养,并提高生物量。有研究发现,在高海拔更加恶劣的气候因素下,植物会更多的选择可以增强植物抗寒性的 AMF 进行共生<sup>[49,50]</sup>。这可能是高海拔区域(PI、SU) AMF 群落结构与低海拔区域明显差异的原因。在群落属水平组成方面,*unclassified\_p\_Glomeromycota*、*unclassified\_o\_Glomerales* 和 *unclassified\_c\_Glomeromycetes* 的相对丰度在高海拔区域有显著提高,可能是提高植物抗寒性的关键属,但还需进一步研究以确定具体种类和功能。此外,PI 和 SU 的 AMF 群落结构间也有显著差异,且 SU 的群落  $\alpha$  多样性远高于 PI,原因可能是 SU 和 PI 的植被类型有显著差异,SU 的植物多样性和土壤养分显著高于 PI,且 PI 中青海云杉主要与外生菌根真菌进行共生,AMF 群落不是主要的真菌门类<sup>[36]</sup>,进一步说明了植被类型、植物多样性和土壤因子对 AMF 群落的影响。

在未来研究中,可以对贺兰山西坡不同海拔的土壤 AMF 群落与植物群落特征和土壤养分的相互关系进行研究,进一步论证土壤 AMF 群落对植物和土壤的改良作用,为保护贺兰山生态、植被恢复和土壤治理等方面提供理论基础。

## 5. 结论

在本次研究中,贺兰山西坡土壤 AMF 隶属于 1 门、4 纲、6 目、13 科、18 属、135 种,优势属为 *Glomus*。土壤 AMF 群落群落结构及多样性在不同海拔之间有显著差异,AMF 群落  $\alpha$  多样性随海拔的升高而增加。土壤理化性质和植被类型对土壤 AMF 群落结构及多样性有显著影响,其中土壤 pH、WC、AP、OM 和 AK 是影响 AMF 群落的主要因子。