

DOI: 10.5846/stxb201910172175

贾彤, 姚玉珊, 郭婷艳. 铜尾矿白羊草各生长阶段根际土壤丛枝菌根真菌群落特征. 生态学报, 2020, 40(13): 4651-4658.

Jia T, Yao Y S, Guo T Y. Characteristics of arbuscular mycorrhizal fungi communities in rhizosphere soil at different growth stages of *Bothriochloa ischaemum* in copper tailings. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(13): 4651-4658.

# 铜尾矿白羊草各生长阶段根际土壤丛枝菌根真菌群落特征

贾 彤\*, 姚玉珊, 郭婷艳

黄土高原生态恢复山西省重点实验室, 山西大学黄土高原研究所, 太原 030006

**摘要:**以北方铜业铜矿峪矿十八河尾矿坝主要恢复植被白羊草为研究对象, 分析重金属污染环境, 白羊草不同生长阶段根际土壤中丛枝菌根真菌(Arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)群落结构与多样性的变化特征, 研究各生长阶段白羊草 AMF 群落结构与环境因子的相互关系。结果发现, 白羊草不同生长阶段根际土壤的理化性质和酶活性均存在显著差异。白羊草各生长阶段根际土壤中具有相同的优势科球囊霉科, 但 AMF 群落组成在各个生长阶段的结构存在明显不同。白羊草各生长阶段主要 AMF 物种对生态因子的响应表现为: 幼苗期根际土壤中球囊霉科主要受土壤养分和碳氮比的影响, 分蘖期根际土壤中多样孢囊霉科的主要影响因素为土壤 pH, 成熟期根际土壤中, 双型囊霉科双型囊霉科与土壤过氧化氢酶显著相关, 类球囊霉科与土壤脲酶显著正相关。总体看来, 白羊草各生长阶段根际土壤 AMF 群落特征受到的生态因子影响具有明显差异。这有助于进一步认识污染环境下 AMF 的群落特征及其关键影响因子, 为铜尾矿生态恢复过程中发掘和利用菌种资源提供科学依据, 从而提高矿区生态修复效率。

**关键词:**铜尾矿; 白羊草; 生长阶段; 丛枝菌根真菌

## Characteristics of arbuscular mycorrhizal fungi communities in rhizosphere soil at different growth stages of *Bothriochloa ischaemum* in copper tailings

JIA Tong\*, YAO Yushan, GUO Tingyan

Shanxi Key Laboratory of Ecological Restoration on Loess Plateau, Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China

**Abstract:** This study was conducted on Shiba River tailings of the Northern Copper Mine, which was the largest underground copper mine in China. *Bothriochloa ischaemum* was the dominant species in this copper tailings dam. We studied the variations characteristics of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) structures and diversities in rhizosphere soil of *B. ischaemum* at different growth stages. Simultaneously, we analyzed the relationship between the AMF community structures and environmental factors. Our results showed that the physicochemical properties and enzyme activities of rhizosphere soil were significantly different in different growth stages of *B. ischaemum*. The rhizosphere soil had the same dominant AMF family, but the structure of AMF community was obviously different in plant development processes. Glomeraceae were mainly affected by soil nutrient and carbon nitrogen ratio at seedling stage, and the main influencing factor was soil pH for Diversisporaceae at tillering stage. Ambisporaceae were significantly correlated with soil catalase, and Paraglomeraceae were positively correlated with urease at mature stage. Taken together, the effects of ecological factors on

**基金项目:**国家自然科学基金项目(31600308); 山西省应用基础研究优秀青年基金项目(201901D211196); 山西省高等学校科技创新项目(2019L0005); 山西省“1331工程”重点创新团队建设计划“受损土壤系统生态修复创新团队”

收稿日期: 2019-10-17; 修订日期: 2020-03-31

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: jiatong@sxu.edu.cn

the community characteristics of rhizosphere soil AMF in different growth stages of *B. ischaemum* were significantly different. These results deepen our understanding of the AMF community characteristics and their driven factors in polluted environmental area in future work. This study provides a scientific basis for exploring and available bacteria resources in processes of ecological restoration in copper tailings, so as to improve the ecological restoration efficiency of mining areas.

**Key Words:** copper tailings; *Bothriochloa ischaemum*; growth stage; arbuscular mycorrhizal fungi

我国金属矿产资源丰富,随着金属矿产资源开发活动的迅猛发展,矿山周边土壤环境受到污染的现象日趋严重,受损生态系统的修复越来越被重视。山西省作为全国能源重化工基地,工矿企业多、土地破坏面积大、土壤修复任务重,矿区受损生态系统恢复是山西省生态文明建设面临的重大挑战之一。山西省运城市垣曲县,中条山集团北方铜业铜矿峪矿作为全国非煤系统最大的井下开采矿山,在浮选铜精矿过程中废弃尾砂、铜矿石经破碎球磨等工序加工至颗粒度很小的细砂状<sup>[1]</sup>。大量的尾矿堆积导致尾矿库面积迅速增大。尾矿砂有机质含量低、养分贫瘠、重金属污染严重,这使矿区生态系统生物多样性、群落结构和功能均受到不同程度的影响<sup>[2-5]</sup>。近年来,微生物修复技术因其低耗、高效净化和安全备受人们关注,特别是菌根修复在众多领域中得到了广泛的应用。微生物技术可加快生土熟化,加速植被恢复,是培肥矿区土壤和修复矿区生态的一个重要途径。

丛枝菌根真菌(Arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)是陆地生态系统最重要的土壤微生物之一,自然界中80%以上有花植物都能被丛枝菌根真菌侵染。AMF的宿主专一性相对较低,全球AMF物种丰富度范围在341个OTU(分类操作单元,operational taxonomic unit)至1600个OTU,甚至可能多余1600个OTU<sup>[6]</sup>。这些AMF与大约20万种植物形成共生关系<sup>[7]</sup>。AM结构分为表面和根内结构两部分,其中,根系表面菌丝包括从根内长出和生长于土壤中附着于根系表面的菌丝,根外菌丝为根内菌丝长出和土壤中生长分布在土壤中的菌丝。研究表明,芦苇根系周围寄主植物根系的理化特性决定了芦苇根系AMF的种类多样性和侵染强度<sup>[8]</sup>,且土壤理化因素是影响宿主植物根系和根际AMF多样性和群落结构的重要因素<sup>[9-10]</sup>。AMF多样性对不同生态系统的植物群落结构、多样性和生产力有重要影响,在植被重建、生态恢复及植物多样性维持等当面扮演着重要角色<sup>[11-12]</sup>。已有研究表明,不同生态系统中AMF多样性表现出明显差异<sup>[13]</sup>。有研究发现,自然生态系统AMF物种数在热带森林中最多,而在人为干扰的环境中最少,如农田和污染区<sup>[14]</sup>,并且污染生态系统中AM真菌多样性指数最低<sup>[15]</sup>。AM真菌的数量及群落组成,间接受到土地利用方式、土壤耕作等人为干扰的影响,例如,北方农牧交错带在草地转变为农田的过程中,由于土壤结构及养分状况的改变,间接导致AM真菌多样性显著下降及AMF群落结构的改变<sup>[16]</sup>。AMF生态适应性在很大程度上决定了其生态生理功能的发挥。AMF可以促进宿主植物吸收水分和养分,对植物生长具有重要作用,例如,干旱、重金属以及极端温度等逆境胁迫下可提高植物抗逆性<sup>[11,17]</sup>。因此,研究受损生态系统中AMF多样性及其关键影响因子,有助于生态恢复中可利用菌种资源的开发和利用。

本实验选择铜尾矿区主要恢复植被白羊草为研究对象,研究重金属污染环境白羊草各生长阶段中AMF群落结构与多样性的变化,探讨白羊草各个生长阶段中AMF与环境因子的关系,阐明AMF在铜尾矿重金属胁迫环境中的多样性以及对白羊草不同发育阶段的生态因子响应机制,为铜尾矿生态恢复过程中发掘和利用AMF资源提供科学依据,选育具有抗逆性的植物-微生物共生体,进而提高铜尾矿区的生态修复效率。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

试验区位于山西省运城市垣曲县,北方铜业铜矿峪矿十八河尾矿库(35°15′—35°17′N, 118°38′—111°39′E),该尾矿坝建于1969年,位于选矿厂西南6 km的河谷中,由上游拦洪坝和下游尾矿坝及两侧山梁围成。

选矿产生的废弃物以矿砂的形式逐年堆积于十八河尾矿坝,每 3—5 年堆积形成一个新子坝,并在表层覆盖 30 cm 客土,尾矿坝初期坝底标高 486 m,坝顶标高 509 m,现已堆筑 16 道子坝,堆积高度 84 m,总坡比 1:6。该区域属大陆性季风气候,四季分明,春季干旱多风,夏季雨量集中,冬季少雪干燥。年均降雨量为 780 mm,年均气温 14℃,无霜期大于 200 d<sup>[18]</sup>。

## 1.2 样品采集

以铜尾矿坝的优势种白羊草为研究对象,2017 年 6 月初、7 月末和 9 月中旬在 S536 号子坝(恢复 20 年<sup>[1]</sup>)对当年新生白羊草进行根际土壤采集,选择采用五点取样法在 1 m×1 m 的样方内对白羊草根际 5—20 cm 深度土壤进行采集,去除植物少部分枯落物及老旧根系后,选择当年新生根系,利用抖落法收集根际土壤样本,各取样点之间的距离至少大于 50 m,采样期间佩戴无菌手套,避免不同样点间土壤样品污染。采集的样本分为两份,一份用于土壤理化性质的测定,另一份带回实验室置于-80℃超低温冰箱保存,用于微生物高通量测序。

## 1.3 研究方法

### 1.3.1 土壤理化性质及酶活性的测定

用点位法测定土壤 pH(土水比为 1:2.5)。土壤总碳和总氮含量使用元素分析仪(vario EL/MACRO cube, Elementar, Hanau, Germany)进行测定。采用苯酚钠-次氯酸钠比色法对土壤脲酶活性进行测定,过氧化氢酶的测定采用高锰酸钾滴定法,蔗糖酶的测定采用 3,5-二硝基水杨酸比色法,碱性磷酸酶的测定采用磷酸苯二钠比色法<sup>[9]</sup>。

### 1.3.2 白羊草根际土壤 AMF 群落的测定

用 E.Z.N.A.<sup>®</sup> soil 试剂盒(Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.)进行基因组提取,DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop2000 进行检测,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量。PCR 所用的引物选用 AML1/AML2 为第一对引物<sup>[19]</sup>,AMV4.5NF/AMDGR<sup>[20]</sup>为第二对引物。使用 2%琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序,白羊草根际土壤样品送到上海美吉生物医药科技有限公司完成高通量测序。

## 1.4 数据处理

使用 Trimmomatic 软件对原始序列进行数据去杂和质控过滤,得到优化数据。使用的 UPARSE 软件(version 7.1 <http://drive5.com/uparse/>)对得到的高质量序列按照 97%的相似度进行操作分类单元(Operational taxonomic units, OTU)的聚类。对 OTU 代表序列进行物种注释,用 Qiime 软件(Version1.7.0)中的 blast 方法<sup>[21]</sup>与 Unit 数据库<sup>[22]</sup>行物种注释分析,并分别在各个分类水平进行统计 AMF 群落组成。采用 Microsoft Excel 进行数据处理和作图,利用 SPSS 19.0 进行单因素方差分析及 Canoco 4.5 进行 RDA 分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 白羊草不同生长阶段根际土壤的理化性质

白羊草不同生长阶段的根际土壤理化性质表明,土壤养分(总碳和总氮)及土壤碳氮比均表现为幼苗期显著高于分蘖期和成熟期的根际土壤。土壤 pH 为碱性,且白羊草分蘖期的根际土壤 pH 达最大值(8.9),显著高于幼苗期(8.2)和成熟期(8.1)的土壤 pH(表 1)。对于土壤酶活性而言,过氧化氢酶和碱性磷酸酶均在白羊草成熟期达到最大值,而脲酶和蔗糖酶在分蘖期显著高于其他生长阶段(表 1)。这表明白羊草各个生长阶段土壤理化和酶活性都存在显著差异。

### 2.2 白羊草根际土壤 AMF 分类

不同生长阶段白羊草根际土壤样本共得到 6 目,白羊草各个生长阶段根际土壤中优势菌均为球囊霉目(Glomerales),其中,白羊草幼苗期根际土壤中球囊菌目(Glomerales)占 97.5%,分蘖期为 56.82%,成熟期球囊菌目(Glomerales)占 75.14%。和球囊霉目类似,白羊草各个生长阶段的优势菌群也具有明显的差异。分蘖期多样孢囊霉属(*Diversispora*)占优势,其相对丰度达到 31.64%。白羊草成熟期的类球囊霉属(*Paraglomus*)相对

丰度最高(23%)(表2)。在 OTU 水平上,白羊草各生长阶段根际土壤中属于 AMF 的 OTU 分别为 28 个(幼苗期)、19 个(分蘖期)和 15 个(成熟期)。

表 1 白羊草不同生长阶段根际土壤理化特征及酶活性

Table 1 Rhizosphere soil properties and enzyme activities of of *Bothriochloa ischaemum* in different growth stages

因子 Factor	幼苗期 Seedling	分蘖期 Tiller	成熟期 Mature
pH	8.203±0.020b	8.913±0.019a	8.113±0.029c
总氮 Total nitrogen /(g/kg)	0.082±0.001a	0.029±0.003c	0.047±0.005b
总碳 Total carbon /(g/kg)	6.017±0.919a	0.627±0.018b	1.033±0.041b
碳氮比 Carbon nitrogen ratio	73.516±11.817a	21.681±1.164b	22.058±1.474b
过氧化氢 Catalase /(mg g <sup>-1</sup> 20 min <sup>-1</sup> )	0.517±0.033b	0.500±0.076b	0.950±0.058a
脲酶 Urease /(mg g <sup>-1</sup> 24 h <sup>-1</sup> )	17.908±1.767b	31.171±4.766a	37.774±2.658a
蔗糖酶 Sucrase /(mg g <sup>-1</sup> 24 h <sup>-1</sup> )	2.461±0.242b	4.172±0.256a	0.777±0.106c
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase /(mg g <sup>-1</sup> 24 h <sup>-1</sup> )	48.182±1.890b	26.591±0.331c	77.801±15.607a

不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )

表 2 白羊草不同生长阶段根际土壤中 AMF 分类情况

Table 2 Classification of AMF in different growth stages of *B. ischaemum*

分类水平 Taxonomic level			生长阶段 Growth stage		
目 Orders	科 Families	属 Genera	幼苗期 Seedling/%	分蘖期 Tiller/%	成熟期 Mature/%
原囊霉目 Archaeosporales	双型囊霉科 Ambisporaceae	双型囊霉属 <i>Ambispora</i>	0	0	0.73
多样孢囊霉目 Diversisporales	多样孢囊霉科 Diversisporaceae	多样孢囊霉属 <i>Diversispora</i>	0.23	31.64*	1.13
球囊霉目 Glomerales	球囊霉科 Glomeraceae	球囊霉属 <i>Glomus</i>	97.50*	56.82	75.14
类球囊霉目 Paraglomerales	类球囊霉科 Paraglomeraceae	类球囊霉属 <i>Paraglomus</i>	2.26	10.91	23.00*
其他 Others	其他 Others	其他 Others	0	0.63	0

\* 代表相对丰度在该生长阶段的最大值

### 2.3 白羊草不同生长阶段根际土壤 AMF 群落结构与多样性

由图 1 可知,白羊草不同生长阶段根际土壤的 AMF 群落结构具有显著差异,白羊草 3 个生长阶段之间共有的 OTU 数为 8 个,白羊草幼苗期特有的 OTU 数为 9 个,分蘖期和成熟期 AMF 群落中的特有 OTU 数分别为 5 个和 2 个。白羊草幼苗期的 *Glomus perpusillum* VTX00287 菌占比最大(29.8%),分蘖期和成熟期相对丰度最多的丛枝菌根真菌均是 *Glomus MO G18* VTX00064,分别达 26.8%和 27.8%(图 1)

所有采样点测序文库的覆盖度均达到 99%以上,说明绝大部分 AMF 序列可以被测出,测序结果具有较好的代表性。随着白羊草的生长,其根际土壤 AMF 的香农指数逐渐降低,即在幼苗期达到最大值(2.339),而辛普森指数在成熟期达到最大值(0.204)。ACE 指数和 Chao1 指数变化趋势与香农指数一致,均在幼苗期达到最大值,在成熟期丰富度指数最低(表 3)。

表 3 不同生长阶段白羊草根际土壤 AMF 的 OTU 丰度与多样性指数

Table 3 Richness and diversity index of AMF in different growth stages of *B. ischaemum*

生长阶段 Growth stage	97% 相似水平 Similarity 97%				
	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	ACE 指数 ACE index	Chao1 指数 Chao1 index	覆盖度/% Coverage
幼苗期 Seedling	2.339	0.146	28.417	28	99.996
分蘖期 Tiller	2.271	0.137	19.587	19	99.996
成熟期 Mature	1.820	0.204	14.750	15	99.996

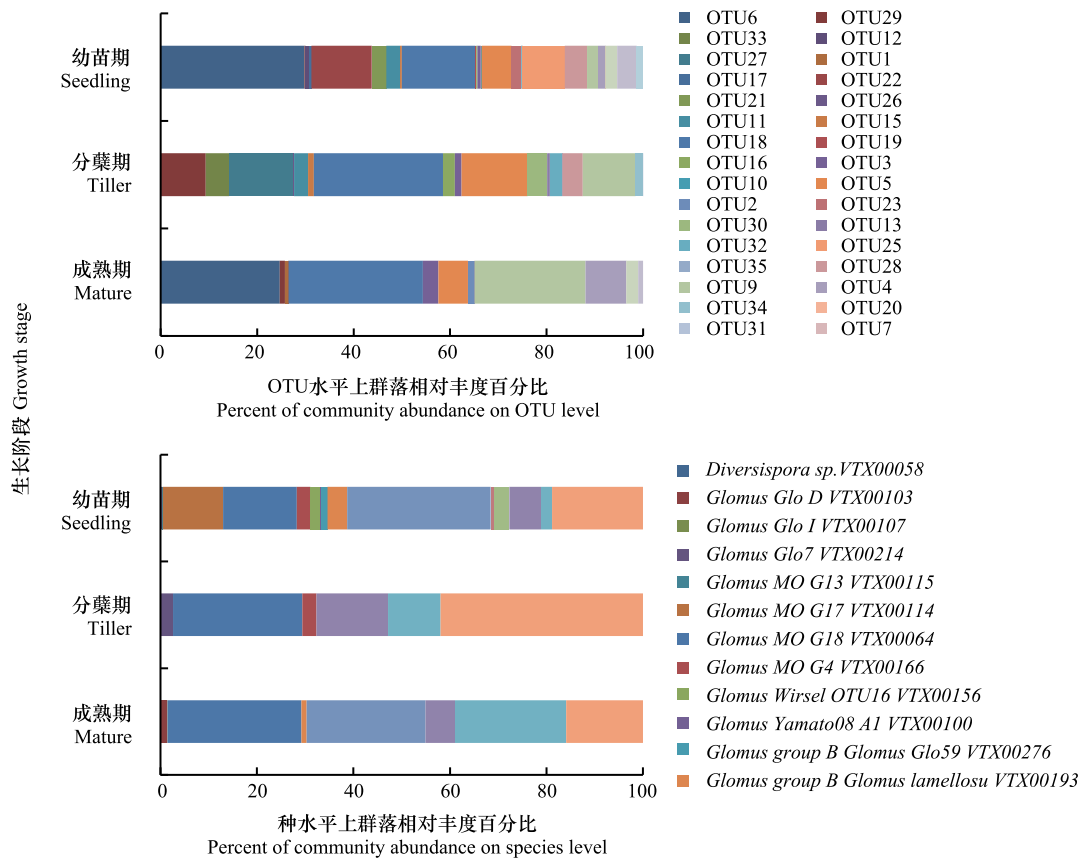


图1 在 OTU(分类操作单元,operational taxonomic unit) 水平和种水平上白羊草不同生长阶段 AMF 群落相对丰度

Fig.1 Relative abundance of AMF community on OTU and species levels in different growth stages of *B. ischaemum*

OTU:分类操作单元,operational taxonomic unit,不同数字表示各 OTU 编号;*Diversispora*:多孢囊霉属;*Glomus*:球囊霉属;*Paraglomus*:类球囊霉属;不同属名后字母及编号;在种水平上各属丛枝菌根真菌的菌株编号

## 2.4 土壤理化性质及酶活性对白羊草 AMF 群落的影响

白羊草不同生长阶段中,AMF 群落受到土壤理化性质和土壤酶活性的影响(图 2),为研究这些生态因子对 AMF 群落结构的影响大小以及各时期影响 AMF 的关键因素,使用软件 Canoco 4.5 对实验数据进行了 RDA 约束排序分析,得到在科水平上 AMF 的群落组成与 6 种土壤理化性质及 4 种土壤酶活性之间的关系。结果表明土壤理化性质和土壤酶活性分别能够解释 81.0% 和 83.0% 的变异信息,白羊草各生长阶段 AMF 群落组成具有差异性,其中,第一排序轴解释了 68.2%,第二排序轴解释了 12.8% 的信息,主要影响幼苗期白羊草根际土壤球囊霉科(Glomeraceae)的是土壤养分(总碳和总氮)和碳氮比。分蘖期白羊草根际土壤中的多样孢囊霉科(Diversisporaceae)与土壤 pH 显著相关。分蘖期白羊草根际土壤中的多样孢囊霉科(Diversisporaceae)的丛枝菌根真菌主要受土壤 pH 的影响(图 2)。白羊草幼苗期,球囊霉科(Glomeraceae)与碱性磷酸酶显著正相关;分蘖期多样孢囊霉科(Diversisporaceae)与蔗糖酶显著相关,成熟期的双型囊霉科(Ambisporaceae)与土壤过氧化氢酶显著相关,类球囊霉科(Paraglomeraceae)与土壤脲酶也具有显著正相关关系(图 2)。这表明不同生长阶段白羊草根际土壤的丛枝菌根真菌群落受土壤理化性质和酶活性的影响大小也各有差异。

## 3 讨论

AMF 群落主要分布在根系周围的土壤中,与土壤环境紧密相关。土壤养分可直接或间接影响 AMF 侵染、菌根共生体系发育、产孢和分布<sup>[23]</sup>。Wang<sup>[24]</sup>等对毛乌素沙漠 AMF 群落结构和多样性的研究发现,不同土壤深度的植物 AMF 组成中,球囊霉属(*Glomus*)和无梗囊霉属(*Acaulospora*)占总数的 70% 以上,多样孢囊霉

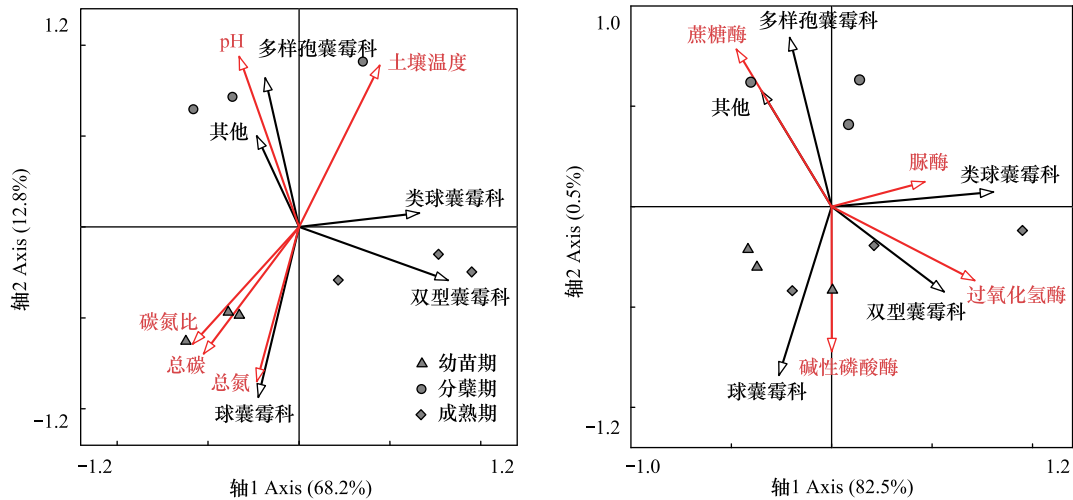


图 2 不同生长阶段白羊草 AMF 群落与土壤理化性质(A)及土壤酶活性(B)的 RDA 分析

Fig.2 Redundancy analysis (RDA) bi-plot of AMF community at family level, soil properties (A) and enzyme activity (B)

属 (*Diversispora*) 和巨孢囊霉属 (*Gigaspora*) 仅在浅层土壤中发现。本研究,处于相同生长阶段,白羊草根际土壤的 AMF 群落组成也具有明显差异,分蘖期多样孢囊霉属 (*Diversispora*) 占优势,成熟期类球囊霉属 (*Paraglomus*) 相对丰度最高,这可能由于分蘖期植物根系所处土层较浅,而随着植物生长,根系不断伸长,所处土层深度增加,优势菌逐渐变为球囊霉属 (*Glomus*)。有研究发现,AMF 的丰度和密度随着土壤肥力的提升均呈增加趋势<sup>[25]</sup>,并且在一定范围内 AMF 孢子数量随有机质含量的升高而增多<sup>[26]</sup>。本研究中白羊草幼苗期,根际土壤中球囊霉科 (*Glomeraceae*) 的主要因子是土壤总碳、总氮和碳氮比,这与前人的研究结果类似。土壤 pH 直接影响丛枝菌根的形成、AMF 的产孢和种属分布。有研究表明,不同 AM 真菌种的最适 pH 不同,球囊霉属 (*Glomus*) 能适应较广泛的土壤 pH 范围,但喜在碱性和中性土壤中生长<sup>[27-28]</sup>。相一致地,本研究发现白羊草各生长阶段的优势 AMF 均为球囊霉属 (*Glomus*),这可能与铜尾矿土壤 pH 呈碱性 (8.1—8.9) 有关。此外,白羊草分蘖期,根际土壤中的多样孢囊霉科 (*Diversisporaceae*) 与土壤 pH 显著相关,这表明相对于 AMF 物种而言,环境对各 AMF 的筛选差异更加直接和显著<sup>[29]</sup>。

AMF 群落的环境影响因子除非生物因子外,生物因子如宿主植物及人为干扰也会对 AM 真菌的分布产生明显的影响。AMF 与植物形成的共生体系,二者通常具有紧密联系,地上植被可对 AMF 群落产生关键影响<sup>[30-32]</sup>。有研究表明,AMF 的物种数与植物群落的物种数存在显著正相关关系<sup>[31]</sup>。本研究中,不同生长发育阶段的白羊草 AMF 的物种组成和多样性表现出明显差异,这可能由于不同生长阶段宿主植物所需的光合产物不同,因此,输送给对使自身生长更为有利的 AMF 具有一定差异,进而影响各个生长阶段 AMF 的群落组成和多样性<sup>[33]</sup>,而且植被恢复过程中,白羊草周围的非菌根植物或弱菌根植物的存在也会对 AMF 的群落组成及多样性产生影响<sup>[34]</sup>。此外,AMF 与土壤中其他微生物之间关系复杂,可相互促进、抑制或互不影响<sup>[35]</sup>。研究表明,逆境条件下 AMF 有助于提高土壤中微生物的量,同时也提高了土壤中相关酶的活性<sup>[36]</sup>。本研究中,成熟期白羊草根际土壤中类球囊霉科与土壤脲酶显著正相关,这与前人的研究结果一致。

综上所述,各生物与非生物因子并不是独立地对 AMF 群落产生作用,而是作为一个整体综合发挥作用<sup>[33]</sup>。同时,由于铜尾矿区重金属污染严重<sup>[3-4]</sup>,因而,重金属可能对 AMF 群落结构与多样性也有重要的影响,而白羊草根际土壤中 AMF 的优势物种在胁迫环境中表现出良好的适应性,为进一步研究重金属胁迫下 AMF 群落生态功能提供科学基础,同时,白羊草各个生长阶段的优势 AMF 可为矿区生态修复提供可利用的菌种资源,从而加速铜尾矿区受损生态系统的恢复。

## 参考文献 (References):

- [ 1 ] Jia T, Cao M W, Jing J H, Liu J X, Chai B F. Endophytic fungi and soil microbial community characteristics over different years of phytoremediation in a copper tailings dam of Shanxi, China. *Science of the Total Environment*, 2017, 574: 881-888.
- [ 2 ] Jia T, Wang R H, Chai B F. Various phyllosphere and soil bacterial communities of natural grasses and the impact factors in a copper tailings dam. *Current Microbiology*, 2019, 76(1): 7-14.
- [ 3 ] Jia T, Wang R, Chai B. Effects of heavy metal pollution on soil physicochemical properties and microbial diversity over different reclamation years in a copper tailings dam. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2019, 74(5): 439-448.
- [ 4 ] 王瑞宏, 贾彤, 曹苗文, 柴宝峰. 铜尾矿坝不同恢复年限土壤理化性质和酶活性的特征. *环境科学*, 2018, 39(7): 3339-3348.
- [ 5 ] Jia T, Guo T Y, Cao M W, Chai B F. Effects of heavy metals on phyllosphere and rhizosphere microbial community of *Bothriochloa ischaemum*. *Applied Sciences*, 2018, 8(9): 1419.
- [ 6 ] Kivlin S N, Winston G C, Goulden M L, Treseder K K. Environmental filtering affects soil fungal community composition more than dispersal limitation at regional scales. *Fungal Ecology*, 2014, 12: 14-25.
- [ 7 ] Brundrett M C. Mycorrhizal associations and other means of nutrition of vascular plants: understanding the global diversity of host plants by resolving conflicting information and developing reliable means of diagnosis. *Plant and Soil*, 2009, 320: 37-77.
- [ 8 ] van Diepen L T A, Lilleskov E A, Pregitzer K S. Simulated nitrogen deposition affects community structure of arbuscular mycorrhizal fungi in northern hardwood forests. *Molecular Ecology*, 2011, 20(4): 799-811.
- [ 9 ] Rodríguez-Echeverría S, Freitas H. Diversity of AMF associated with *Ammophila arenaria* ssp. *arundinacea* in Portuguese sand dunes. *Mycorrhiza*, 2006, 16(8): 543-552.
- [ 10 ] Dai J, Hu J L, Zhu A N, Bai J F, Wang J H, Lin X G. No tillage enhances arbuscular mycorrhizal fungal population, glomalin-related soil protein content, and organic carbon accumulation in soil macroaggregates. *Journal of Soils and Sediments*, 2015, 15(5): 1055-1062.
- [ 11 ] 刘敏, 峥嵘, 白淑兰, 王璐钢, 李龙, 段国珍. 丛枝菌根真菌物种多样性研究进展. *微生物学通报*, 2016, 43(8): 1836-1843.
- [ 12 ] van der Heijden M G A, Bardgett R D, van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems. *Ecology Letters*, 2008, 11(3): 296-310.
- [ 13 ] Driver J D, Holben W E, Rillig M C. Characterization of glomalin as a hyphal wall component of arbuscular mycorrhizal fungi. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(1): 101-106.
- [ 14 ] Öpik M, Moora M, Liira J, Zobel M. Composition of root-colonizing arbuscular mycorrhizal fungal communities in different ecosystems around the globe. *Journal of Ecology*, 2006, 94(4): 778-790.
- [ 15 ] 刘润进, 焦惠, 李岩, 李敏, 朱新产. 丛枝菌根真菌物种多样性研究进展. *应用生态学报*, 2009, 20(9): 2301-2307.
- [ 16 ] Xiang D, Verbruggen E, Hu Y J, Veresoglou S D, Rillig M C, Zhou W P, Xu T L, Li H, Hao Z P, Chen Y L, Chen B D. Land use influences arbuscular mycorrhizal fungal communities in the farming-pastoral ecotone of northern China. *New Phytologist*, 2014, 204(4): 968-978.
- [ 17 ] 徐丽娟, 张金政, 袁玉清, 李敏, 刘润进. AMF 和 PGPR 修复甲胺磷污染土壤的效应. *土壤学报*, 2016, 53(4): 919-929.
- [ 18 ] Liu J X, Li C, Jing J H, Zhao P Y, Luo Z M, Cao M W, Ma Z Z, Jia T J, Chai B F. Ecological patterns and adaptability of bacterial communities in alkaline copper mine drainage. *Water Research*, 2018, 133: 99-109.
- [ 19 ] Lee J, Lee S, Young J P W. Improved PCR primers for the detection and identification of arbuscular mycorrhizal fungi. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 65(2): 339-349.
- [ 20 ] Sato K, Suyama Y, Saito M, Sugawara K. A new primer for discrimination of arbuscular mycorrhizal fungi with polymerase chain reaction-denature gradient gel electrophoresis. *Grassland Science*, 2005, 51(2): 179-181.
- [ 21 ] Altschul S F, Gish W, Miller W, Myers E W, Lipman D J. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 1990, 215(3): 403-410.
- [ 22 ] Kõljalg U, R Nilsson R H, Abarenkov K, Tedersoo L, Taylor A F S, Bahram M, Bates S T, Bruns T D, Bengtsson - Palme J, Callaghan T M, Douglas B, Drenkhan T, Eberhardt U, Dueñas M, Grebenc T, Griffith G W, Hartmann M, Kirk P M, Kohout P, Larsson E, Lindahl B D, Lücking R, Martín M P, Matheny P B, Nguyen N H, Niskanen T, Oja J, Peay K G, Peintner U, Peterson M, Põldmaa K, Saag L, Saar I, Schüßler A, Scott J A, Senés C, Smith M E, Suija A, Taylor D L, Telleria M T, Weiss M, Larsson K H. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi. *Molecular Ecology*, 2013, 22(21): 5271-5277.
- [ 23 ] 向丹, 徐天乐, 李欢, 陈保冬. 丛枝菌根真菌的生态分布及其影响因子研究进展. *生态学报*, 2017, 37(11): 3597-3606.
- [ 24 ] Wang K, He X L, Xie L L, Zhao L L. Arbuscular mycorrhizal fungal community structure and diversity are affected by host plant species and soil depth in the Mu US Desert, northwest China. *Arid Land Research and Management*, 2018, 32(2): 198-211.

- [25] 张旭红, 朱永官, 王幼珊, 林爱军, 陈保冬, 张美庆. 不同施肥处理对丛枝菌根真菌生态分布的影响. *生态学报*, 2006, 26(9): 3081-3087.
- [26] 刘润进, 刘鹏起, 徐坤, 吕志范. 中国盐碱土壤中 AM 菌的生态分布. *应用生态学报*, 1999, 10(6): 721-724.
- [27] Gai J P, Christie P, Feng G, Li X L. Twenty years of research on community composition and species distribution of arbuscular mycorrhizal fungi in China: a review. *Mycorrhiza*, 2006, 16(4): 229-239.
- [28] 盖京苹, 刘润进. 土壤因子对野生植物 AM 真菌的影响. *应用生态学报*, 2003, 14(3): 470-472.
- [29] 贺学礼, 强薇, 赵丽莉. 丛枝菌根真菌遗传多样性影响因素和维持机制研究进展. *河北大学学报: 自然科学版*, 2018, 38(5): 509-516.
- [30] Hiiesalu I, Pärtel M, Davison J, Gerhold P, Metsis M, Moora M, Öpik M, Vasar M, Zobel M, Wilson S D. Species richness of arbuscular mycorrhizal fungi: associations with grassland plant richness and biomass. *New Phytologist*, 2014, 203(1): 233-244.
- [31] McGuire K L, Henkel T W, de la Cerda I G, Villa G, Edmund F, Andrew C. Dual mycorrhizal colonization of forest-dominating tropical trees and the mycorrhizal status of non-dominant tree and liana species. *Mycorrhiza*, 2008, 18(4): 217-222.
- [32] Liu R J, Wang F Y. Selection of appropriate host plants used in trap culture of arbuscular mycorrhizal fungi. *Mycorrhiza*, 2003, 13(3): 123-127.
- [33] Bever J D, Richardson S C, Lawrence B M, Holmes J, Watson M. Preferential allocation to beneficial symbiont with spatial structure maintains mycorrhizal mutualism. *Ecology Letters*, 2009, 12(1): 13-21.
- [34] Lekberg Y, Schnoor T, Kjølner R, Gibbons S M, Hansen L H, Al - Soud W A, Sørensen S J, Rosendahl S. 454-sequencing reveals stochastic local reassembly and high disturbance tolerance within arbuscular mycorrhizal fungal communities. *Journal of Ecology*, 2012, 100(1): 151-160.
- [35] Zhang L, Fan J Q, Ding X D, He X H, Zhang F S, Feng G. Hyphosphere interactions between an arbuscular mycorrhizal fungus and a phosphate solubilizing bacterium promote phytate mineralization in soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 74: 177-183.
- [36] Li S P, Bi Y L, Kong W P, Yu H Y, Lang Q, Miao Y. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on ecological restoration in coal mining areas. *Russian Journal of Ecology*, 2015, 46(5): 431-437.