研究论文
Research paper 22 February 2026, 45(2): 250121 菌物学报 Mycosystema ISSN 1672-6472 CN 11-5180/Q

Copyright © 2026 Institute of Microbiology, CAS. All rights reserved. jwxt@im.ac.cn Http://journals-myco.im.ac.cn Tel: +86-10-64807521
Doi: 10.13346/j.mycosystema.250121
CSTR: 32115.14.j.mycosystema.250121

中国北方春坤山野韭 *Allium ramosum* 根际土和根系 AM 真菌的多样性及其影响因素

王一鸣，王启*，刘广达

包头医学院药学院，内蒙古 包头 014040

摘 要：丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)在陆地生态系统中发挥着至关重要的作用。本研究采用高通量测序技术分析了中国北方春坤山不同海拔野韭 *Allium ramosum* 根际土和根系 AM 真菌群落的结构和多样性、生态分布规律以及与土壤因子之间关系。从根际土和根系共检测出属于 95 个 AM 真菌虚拟分类单元(virtual taxa, VT) 1 431 个扩增子序列变体(amplicon sequence variant, ASV)，这些物种属于 7 科，8 属。其中 *Ambispora* 仅出现在根际土。相对丰度最高属是 *Glomus*，其次为 *Claroideoglomus*。海拔显著影响野韭根际土和根系 AM 真菌群落多样性。根系和根际土 Chao1 指数、根系 Shannon 指数均在中海拔区出现最高值，而根际土 Shannon 指数最高值在高海拔区。野韭根际土 AM 真菌 α 多样性指数显著高于根系(P<0.05)，表明根系对共生 AM 真菌具有选择性。基于冗余分析(RDA)和 Monte Carlo 检验结果，土壤有机碳(P<0.001)对野韭根际土和根系 AM 真菌群落有极显著影响，此外，全磷也显著影响根际土 AM 真菌群落(P<0.001)。本研究探讨了不同海拔野韭根际土和根系 AM 真菌群落结构、多样性与土壤理化性质之间的关系，为野韭进一步开发利用提供了理论依据。

关键词：丛枝菌根真菌；群落结构；海拔；土壤；野韭

[引用本文]
王一鸣，王启，刘广达，2026. 中国北方春坤山野韭 *Allium ramosum* 根际土和根系 AM 真菌的多样性及其影响因素. 菌物学报，45(2): 250121
Wang YM, Wang Q, Liu GD, 2026. AM fungal community diversity and its relationships with environmental factors in the rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* in North China. Mycosystema, 45(2): 250121

资助项目：内蒙古自治区自然科学基金(2025MS08129)；内蒙古自治区高等学校科学技术研究项目(NJZY22086)；包头医学院科学研究发展基金(BYJJ-GCJH202504)
This work was supported by the Natural Science Foundation of Inner Mongolia Autonomous Region of China (2025MS08129), the Research Program of Science and Technology at Universities of Inner Mongolia Autonomous Region (NJZY22086), and the Research and Development Funds of Baotou Medical College (BYJJ-GCJH202504).
*Corresponding author. E-mail: 102015127@btmc.edu.cn
ORCID: WANG Yiming (0009-0003-7265-8389)
Received: 2025-04-24; Accepted: 2025-08-27

AM fungal community diversity and its relationships with environmental factors in the rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* in North China

WANG Yiming, WANG Qi*, LIU Guangda

School of Pharmaceutical Sciences, Baotou Medical College, Baotou 014040, Inner Mongolia, China

Abstract: Arbuscular mycorrhiza (AM) plays crucial roles in terrestrial ecosystems. This study employed high-throughput sequencing to analyze the structure and diversity, ecological distribution patterns, and relationships with soil factors of AM fungal communities in the rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* at different elevations on Chunkun Mountain in North China. In total, 1 431 amplicon sequence variants (ASVs) belonging to 95 AM fungal virtual taxa (VTs) encompassing 7 families and 8 genera were obtained from rhizosphere soil and root samples. Among these, the genus *Ambispora* was exclusively detected in the rhizosphere soil. The genus with the highest relative abundance was *Glomus*, and *Claroideoglomus* was the next. Altitude significantly influenced the diversity of AM fungal communities in the rhizosphere soil and roots of *A. ramosum*. The Chao1 indices for both roots and rhizosphere soil, together with the root Shannon index, peaked in the middle altitude range, whereas the Shannon index of rhizosphere soil reached its highest value in the high-altitude range. The AM fungal alpha diversity index in the rhizosphere soil was significantly higher than that in the roots (P<0.05), suggesting that roots exhibit selectivity towards symbiotic AM fungi. The results of the redundancy analysis (RDA) and the Monte Carlo permutation test indicated that soil organic carbon is a key driving factor for the arbuscular mycorrhizal (AM) fungal communities in the rhizosphere soil and roots of *A. ramosum* (P<0.001). Total phosphorus also had highly significant influence on the AM fungal community in rhizosphere soil (P<0.001). This study provides reference for the further development and utilization of *A. ramosum*.

Keywords: arbuscular mycorrhizal fungi; community structure; altitude; soil; *Allium ramosum*

丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)真菌能与约 80%的陆生植物和超过 95%的植物科形成共生关系(Smith & Read 2008)。作为地上与地下生态系统之间的重要纽带(Willing *et al*. 2024)，AM 真菌帮助植物吸收土壤营养，尤其是磷和氮，提高植物对非生物胁迫(如盐碱、干旱和重金属)和生物胁迫(如土壤病原体，包括真菌、细菌和线虫)的抵抗力，影响植物的生理机能和次生代谢过程(Begum *et al*. 2019；Diagne *et al*. 2020；Fall *et al*. 2022；胡学意等 2023；Wu *et al*. 2023；Wu *et al*. 2024)，作为交换，植物为其提供碳和脂类以维持这种互利关系(Jiang *et al*. 2017；Roth & Paszkowski 2017)。此外，AM 真菌在维持生态系统功能和稳定性方面具有重要意义，如促进土壤团聚体的形成和稳定、碳的固存、为微生物提供更好的栖息地，以及在调节植物群落和生态系统演替中发挥重要作用(Rillig *et al*. 2003；Powell & Rillig 2018；Ma *et al*. 2023)。

分析土壤 AM 真菌沿环境梯度的分布格局和群落结构，对于理解其生态系统功能和稳定性至关重要(Davison *et al*. 2015；Meyer *et al*. 2018；张从明等 2023)。山地生态系统因其显著的环境梯度，为研究 AM 真菌多样性提供了独特的环境。研究表明，AM 真菌多样性的海拔分布模式复杂多样，包括随海拔单调递减(Zhang *et al*.

2021)、随海拔升高而增加(Yan *et al*. 2023)以及在中海拔区域达到最大值(Coutinho *et al*. 2015)等多种形式。例如，秦岭太白山的研究显示，AM 真菌多样性随海拔升高呈现出三次函数的变化趋势(Zhang *et al*. 2021)。而在热带山地的中高海拔地区，AM 真菌物种的多样性更高(Vieira *et al*. 2019)。这些不同的研究结果表明，沿海拔梯度的生物和非生物因素强烈影响着 AM 真菌群落结构，且在不同自然生态系统间存在差异。其中海拔变化引起的气候、植被、土壤等因素显著影响 AM 真菌。例如，在日本中部沿海拔梯度研究发现，AM 真菌群落主要受到土壤 pH 和降水的影响(Liu *et al*. 2023)。在巴西山地，海拔和土壤因子对 AM 真菌群落有显著影响(Vieira *et al*. 2019)。深入研究这些差异有助于我们全面了解 AM 真菌多样性随海拔变化的规律，探究其群落动态及驱动因素，从而为 AM 真菌生物功能在各领域的应用提供理论基础。

根际土和根系 AM 真菌在植物生理和生态中扮演着不同但互补的角色。这两种生境中 AM 真菌群落在功能分化和生物量分配方面有显著差异。根系 AM 真菌用于直接的养分交换和抗逆(例如 *Glomus* 属在根部占主导地位)，而根际 AM 真菌通常多样性更高，有助于更广泛的功能，如养分获取、土壤结构和微生物互作(例如，*Acaulospora* 偏好出现在根际土) (Chagnon *et al*. 2013)。研究表明，海拔显著影响了七子花 *Heptacodium miconioides* 根系 AM 真菌的群落多样性，其中 α 多样性随海拔呈线性下降，而七子花根际土的 AM 真菌 α 多样性则未观察到显著海拔相关性(Li *et al*. 2025)。此外，根际土和根系的 AM 真菌多样性差异还会随海拔升高而减小(Zhao *et al*. 2020；Li *et al*. 2025)。目前，大多数研究仍集中在农田和草地生态系统，对山地生态系统中沿海拔梯度的根际土和根系 AM 真菌多样性变化的研究十分有限。因此，探究沿海拔的这些模式对于理解驱动海拔相关多样性变化的因素及其生态学意义至关重要。

春坤山位于内蒙古包头市，地处草原与荒漠过渡带，降水丰沛、土壤有机质含量高，孕育了丰富的生物多样性，形成了内蒙古西部独具特色的高山草甸景观。野韭 *Allium ramosum* 为百合科葱属植物，具有耐寒、抗旱等特性，广泛分布于我国北方草地。野韭兼具食用和药用价值，有补肾提神、健胃暖胃、散血除湿等多种功效，并因其独特风味而备受青睐。研究表明，野韭富含硫化物和多酚类化合物，具有抑菌、抗氧化作用，是一种具有潜在开发价值的野生植物资源(付常兴等 2022)。已有研究表明，内蒙古中西部草原和荒漠中的野韭表现出较高的菌根侵染率和 AM 真菌多样性，且随着生存环境变化而改变(包玉英 2004；党学峰 2017；王平 2021)。然而，海拔对野韭 AM 真菌多样性影响的研究尚未见报道。因此，本研究采用高通量测序技术，研究春坤山不同海拔根际土和根系 AM 真菌群落的多样性，并分析春坤山土壤因子与野韭 AM 真菌群落的相关性。这将为野韭的人工种植和进一步开发利用提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

春坤山 (40°58′34″N，110°37′08″E，海拔 2 353 m)位于内蒙古包头市固阳县境内，是包头市辖区的最高点。山势呈东西走向，东高西低，主要地貌为石山区，坡度平缓，沟壑纵横。由于特殊的地理位置，春坤山保护区形成了西部山区独特的气候环境，表现为气温较低，年平均气温为 2.0–2.6 ℃，无霜期短，仅为 85–95 d。降水相对较多，年降水量为 300–600 mm，属于半湿润地区。该区域植物组成以禾本科、菊科、唇形科、豆科和蔷薇科为主，这些科的植物占据了植物物种总数的一半以上，植物生活型以多年生草本为主。同时还生长着柄扁桃 *Amygdalus pedunculata*、蒙古莸 *Caryopteris mongolica*、蒙古黄芪 *Astragalus membranaceus* var. *mongholicus* 等濒危植物。

1.2 样品采集

样本于 2014 年 9 月采集于野韭生长区域。选取 7 个海拔高度(2 228.9、2 234.0、2 238.0、2 261.1、2 265.2、2 274.9、2 284.6 m) (表 1)进

表 1 各样地土壤性质和孢子密度

Table 1 Soil physicochemical properties and spore density in sampling sites

样地 Sites	土壤性质 Soil properties							
	经纬度 Latitude & longitude	pH	有机碳 SOC/(g/kg)	全氮 TN/(g/kg)	全磷 TP/(mg/kg)	有效氮 AN/(g/kg)	有效磷 AP/(mg/kg)	孢子密度 SD /(spores/ 20 g soil)
S289	41°00′98″N, 110°59′99″E	6.23±0.06 b	86.03±0.55 a	5.07±0.06 b	749.34±1.95 c	0.53±0.22 a	57.95±1.64 a	54±5 a
S340	41°00′14″N, 110°60′83″E	6.40±0.17 ab	63.47±3.33 a	5.10±0.01 b	754.26±7.61 c	0.41±0.01 ab	55.91±0.86 a	33±4 c
S380	41°00′97″N, 110°60′22″E	6.20±0.10 b	84.38±1.26 ab	6.63±0.03 a	864.29±5.23 a	0.45±0.01 ab	70.03±0.63 a	44±6 b
S611	41°00′02″N, 110°60′35″E	6.70±0.00 a	61.03±0.30 b	4.69±0.00 c	672.32±5.50 d	0.42±0.03 ab	101.89±1.45 a	31±5 c
S652	41°00′70″N, 110°60′13″E	6.50±0.10 ab	59.68±0.06 c	6.40±0.01 a	757.82±5.00 c	0.46±0.00 ab	90.67±0.01 a	27±6 c
S749	41°00′73″N, 110°60′35″E	6.10±0.10 b	80.31±0.09 ab	6.85±0.06 a	865.26±4.79 a	0.22±0.01 c	61.59±1.65 a	17±2 d
S846	41°00′56″N, 110°60′33″E	6.30±0.20 b	57.02±0.97 c	2.51±0.00 d	805.58±0.34 b	0.38±0.01 b	70.43±0.71 a	32±4 c

注：相同列的不同字母表示在 $P<0.05$ 下的显著性差异. 下同

Note: SD, spore density of AM fungi; SOC, soil organic carbon; TN, total nitrogen; TP, total phosphorus; AN, available nitrogen; AP, available phosphorus. Different letters in the same column mean significant difference ($P<0.05$). The same below.

行采样。在每个海拔高度，随机设置 3 个 20 m × 20 m 的样方。在每个样方内，随机选取 3 株野韭，采集其根际土壤和根系，混合后作为一个代表该样方的混合样本。每个海拔高度获得 3 个重复的根际土和根系样品，总计 21 个土壤样品和 21 个根系样品。使用无菌毛刷收集附着于根表面的土壤，并过 1 mm 筛。将每个样本的根际土充分混合后(分别标记为 S289、S340、S380、S611、S652、S749、S846)，取 10 g 置于–80 ℃冰箱保存，另取 100 g 置于–4 ℃冰箱保存。同时，采集野韭根系(分别标记为 R289、R340、R380、R611、R652、R749、R846)，一部分置于 2 mL 离心管中，以液氮保存；另一部分装入密封袋，用于侵染率的测定。

1.3 土壤性质测定

采用重铬酸钾水合加热法测定土壤有机碳(soil organic carbon, SOC)，凯式半微量定氮法测定土壤全氮(total nitrogen, TN)，用钼锑抗比色法测土壤全磷(total phosphorus, TP)，碱解扩散法测定有效氮(available nitrogen, AN)，碳酸氢钠-钼锑抗比色法测土壤有效磷(available phosphorus, AP)，酸度计法测定土壤 pH 值(鲍士旦 2018)。土壤理化性质测定结果见表 1 。

1.4 AM 真菌孢子分离

采用湿筛倾注，蔗糖密度梯度离心法分离土壤孢子(Morton 1995；Smith & Read 1997)。套筛孔径大小分别为 800、250 和 55 μm。在体视显微镜下镜检分离得到的孢子，记录 AM 真菌孢子的数量及形态。孢子果用解剖针小心分离释放孢子计数。将分离出的孢子用毛细管吸出用 polyvinyl alcohol lacto-glycerol (PVLG) 和 Melzer’s 试剂制片。将制好的标本在显微镜下观察并根据鉴定手册(Schenck 1990)、INVAM (https://invam.ku.edu)的种类描述以及最新分类系统进行分类鉴定(Redecker *et al*. 2013；王幼珊和刘润进 2017)。

1.5 侵染率的测定

将植物根用蒸馏水洗净后切成约 2 cm 长的根段，每个样品随机选取 9 个根段进行观察，共计观察 189 个根段。用醋酸墨法染色(Vierheilig *et al*. 1998)，在显微镜下用乳酸-甘油(1:1)将染色后的根段制片。在 200 倍显微镜下用十字交叉法观察分析(McGonigle *et al*. 1990)。

1.6 根际土和根系的基因组 DNA 提取、PCR 扩增及测序

采用 CTAB 法提取根和土壤样品中微生物

组的总 DNA。通过琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量，并使用紫外分光光度计进行定量。PCR 扩增所用的引物为 AM 真菌特异性引物 AMV4.5NF (5′-AAGCTCGTAGTTGAATTTCG-3′) 和 AMDGR (5′-CCCAACTATCCCTATTAATCAT-3′) (Sato *et al*. 2005)。PCR 反应体系(25 μL)包含：样品基因组 DNA 50 ng，引物 AMV4.5NF 和 AMDGR 各 2.5 μL，Phusion Hot Start Flex 2× Master Mix 2.5 μL，用 ddH_2O 补足至终体积。PCR 反应条件为：98 ℃预变性 30 s；98 ℃变性 10 s，54 ℃退火 30 s，72 ℃延伸 45 s，35 个循环；72 ℃延伸 10 min，4 ℃保存。PCR 扩增产物通过 2%琼脂糖凝胶电泳进行检测，并使用 AMPure XT beads (Beckman Coulter Genomics)进行纯化，使用 Qubit (Invitrogen)进行定量。纯化后的 PCR 扩增产物由联川生物公司使用 Illumina NovaSeq 平台和 NovaSeq 6000 SP 试剂盒(500 个循环)进行 2 × 250 bp 双端测序。

1.7 数据分析

去除原始数据(Raw Data)中的引物序列和接头序列，将每对双端测序(paired-end reads)序列根据 overlap 区域拼接成一条更长的序列(tag)。通过 QIIME 2 平台的 DADA2 插件(dada2 denoise-paired)进行长度过滤和去噪，共获得 3 129 个扩增子序列变异(amplicon sequence variant, ASV)特征序列。按照样本的最小总丰度进行抽平，过滤低丰度的 ASV。将 ASV 序列与 Maarj*AM* 数据库中的 AM 真菌虚拟分类单元(virtual taxa, VT)和 NCBI 数据库进行比对(Öpik *et al*. 2010)，并在 97%的相似性水平上对序列进行聚类，获得 1 431 个 ASV，其中土壤和根样分别包含 995 个和 781 个 ASV。原始测序的 SRP 号为 BioProject ID PRJNA1138506。使用 R 语言(4.4.2 版本)中的 ggtree 和 vegan 等程序包进行数据可视化。

2 结果与分析

2.1 侵染率

调查了春坤山不同海拔野韭的 AM 真菌侵染率(表 2) (P<0.05)。野韭菌根类型为典型的 Arum-type 结构。其中泡囊侵染率在 46.04%–66.57%之间，R289、R749 和 R846 的泡囊显著高于 R380、R611 和 R652；R289 和 R749 的丛枝显著高于 R380、R611 和 R652；而 R652 的菌丝显著高于 R289、R340、R749 和 R846。

表 2 春坤山不同海拔野韭 AM 真菌的侵染率
Table 2 AM fungal colonization rate in *Allium ramosum* at different elevation on Chunkun mountain

样地 Sites	菌根侵染率 AM fungal colonization rate (%)		
	丛枝 Arbuscules	泡囊 Vesicles	菌丝 Hyphae
R289	19.76±2.78 a	65.44±6.01 a	1.08±1.33 b
R340	14.70±5.88 ab	61.05±5.06 ab	4.43±3.38 b
R380	12.70±0.68 b	46.04±2.58 b	8.34±2.88 ab
R611	8.06±4.39 b	50.82±5.02 b	8.56±3.28 ab
R652	6.69±3.65 b	51.93±8.54 b	11.71±2.92 a
R749	19.49±4.31 a	66.57±5.06 a	4.65±1.90 b
R846	16.68±2.56 ab	62.91±4.04 a	6.85±1.05 b

相关性分析(表 3)表明，土壤有效磷是影响侵染率的关键因子，其含量与丛枝、泡囊侵染率呈极显著负相关，而与菌丝侵染率呈极显著正相关(P<0.01)。同时，土壤 pH 与丛枝侵染率存在极显著的负相关关系(P<0.01)。

2.2 土壤性质和孢子密度

化学分析结果表明，春坤山野韭根际土壤呈酸性(pH 范围为 6.10–6.70) (表 1) (P<0.05)。低海拔区(S289、S340)的 SOC 显著高于高海拔(S846) (表 1)。低海拔区(S289)的野韭根际土 AN 显著高于高海拔区(S749 和 S846)。各海拔区野韭根际土 AP 无显著差异(表 1)。S289 的孢子密度最高，而 S340、S611、S652 和 S846 之间的孢子密度无显著差异。

2.3 AM 真菌的孢子形态组成

调查的野韭根际土孢子形态共发现 6 个属，8 个种(表 4)，其中无梗囊霉属 *Acaulospora* 2 种，近明球囊霉属 *Claroideoglomus* 1 种，多孢囊霉属 *Diversispora* 1 种，斗管囊霉属 *Funneliformis* 2 种，球囊霉属 *Glomus* 1 种，隔球囊霉属 *Septoglomus* 1 种。在 S289 检测到最多，共 8 种；S611 和 S846 最少，均 5 种。不同海拔的野韭根际土中孢子的组成不同。*Acaulospora* sp2、*Claroideoglomus claroideum* 和 *Glomus microaggregatum* 出现在调查的所有海拔。

表 3 春坤山野韭菌根侵染率与土壤性质的相关性

Table 3 Correlation between the mycorrhizal colonization rate of *Allium ramosum* and soil properties on Chunkun mountain

	pH	有机碳 SOC	全氮 TN	全磷 TP	有效氮 AN	有效磷 AP	丛枝 Arbuscules /%	泡囊 Vesicles /%	菌丝 Hyphae /%
pH	1								
有机碳 SOC	–0.600**	1							
全氮 TN	–0.230	0.547	1						
全磷 TP	–0.778**	0.492*	0.361	1					
有效氮 AN	0.274	0.043	–0.105	–0.374	1				
有效磷 AP	0.710**	–0.522*	–0.036	–0.537*	0.121	1			
丛枝 Arbuscules/%	–0.687**	0.445*	–0.119	0.406	–0.164	–0.738**	1		
泡囊 Vesicles/%	–0.362	0.085	–0.269	0.099	–0.340	–0.554**	0.463*	1	
菌丝 Hyphae/%	0.449*	–0.432	0.125	–0.068	0.055	0.655**	–0.587**	–0.791**	1

Note: ** $P<0.01$, * $P<0.05$.

表 4 不同海拔根际土 AM 真菌孢子的相对多度

Table 4 Relative abundance of AM fungal spores in rhizosphere soil along an elevational gradient/%

AM 真菌种类 AM fungal species	S289	S340	S380	S611	S652	S749	S846
无梗囊霉属 *Acaulospora*							
Acaulospora sp1	3.70	5.88	4.55	3.23			
Acaulospora sp2	9.26	5.88	15.91	6.45	7.41	11.76	6.25
近明球囊霉属 *Claroideoglomus*							
C. claroideum	20.37	38.24	6.82	38.71	7.41	11.76	46.87
多孢囊霉属 *Diversispora*							
Dive. spurca	3.70	2.94				11.76	
斗管囊霉属 *Funneliformis*							
F. mosseae	9.26	2.94	11.36		11.11	5.88	
F. geosporus	18.52		11.36	38.71	40.74	17.65	9.38
球囊霉属 *Glomus*							
G. microaggregatum	22.22	14.71	40.91	12.90	14.81	23.53	18.75
隔球囊霉属 *Septoglomus*							
S. constrictum	12.97	29.41	9.09		18.52	17.65	18.75

2.4 AM 真菌多样性和群落组成

在野韭根际土和根系中共鉴定 7 个科(Glomeraceae、Claroideoglomeraceae、Diversisporaceae、Gigasporaceae、Ambisporaceae、Archaeosporaceae、Paraglomeraceae)，8 个属(双型囊霉属 *Ambispora*、原囊霉属 *Archaeospora*、近明球囊霉属 *Claroideoglomus*、多孢囊霉属 *Diversispora*、盾巨孢囊霉属 *Scutellospora*、根孢囊霉属 *Rhizophagus*、类球囊霉属 *Paraglomus*、球囊霉属 *Glomus*)的 AM 真菌(图 1)。其中 *Ambispora* 仅出现于根际土中，未在根系找到。所有样本中相对丰度最高的为 *Glomus*，其次是 *Claroideoglomus*。*Glomus*、*Claroideoglomus* 和 *Diversispora* 存在于所有根系。*Glomus*、*Claroideoglomus*、*Diversispora* 和 *Ambispora* 4 个属分布于所有根际土。*Glomus* 相对丰度在 R846 中最高(94.49%)，S749 中最低(43.02%)。*Claroideoglomus* 相对丰度在 R625 中最高(17.26%)，在 R749 中最低(0.96%)，*Paraglomus* 仅出现在 S611 和 R380。

本研究采用 Bray-Curtis 距离，并使用非加权组平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)进行 AM 真菌属水平的层次聚类分析(图 1)。结果显示，根系样品 R340 和 R380 的 AM 真菌群落组成具有高度相似性；同样，根际土壤样品 S289 和 S846 的 AM

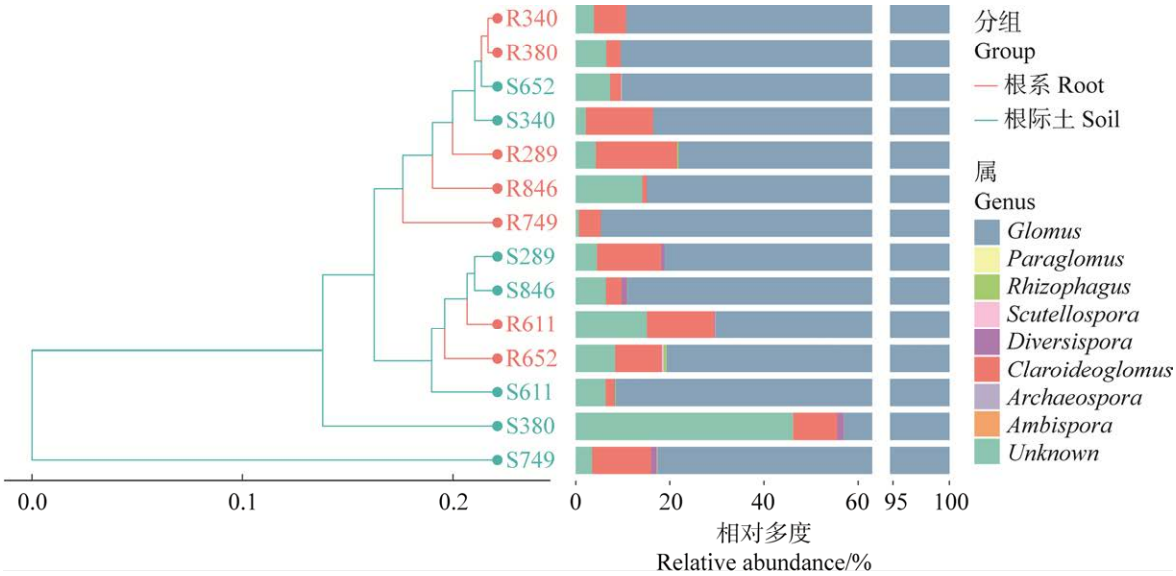

图 1 不同海拔野韭根际土和根系 AM 真菌群落的层次聚类分析
Fig. 1 Hierarchical clustering analysis of AM fungal communities in rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* along an elevational gradient.

真菌群落组成也具有高度相似性。然而，同一海拔下，野韭根际土与根系的 AM 真菌群落组成差异较大，如 S749 与 R749，S289 与 R289。

基于筛选后的 1 431 ASV，在 Maarj*AM* 数据库中共鉴定出 95 个不同的 AM 真菌 VTs (图 2)。根际土和根系共有 22 种 VTs。在每个海拔梯度上，根际土中的 AM 真菌 VT 种类均多于根系。其中，根际土样品中 AM 真菌 VT 种类最少的是 S652 (77 种)，最多的是 S611 和 S380 (均为 90 种)；根系样品中 AM 真菌 VT 种类最少的是 S340 (57 种)，最多的是 R380 (82 种)。

海拔显著影响野韭根际土和根系 AM 真菌的 α 多样性(Chao1、Simpson、Shannon 和 Pielou 指数) (图 3) (P<0.05)。除 S340 和 R340 的 Pielou 指数外，其他指数均表现出相同海拔下根际土大于根系。根际土中 AM 真菌群落的 Shannon、Simpson 指数均在最高海拔(S846)处达到最大值，而根系则在中海拔(R611)达到最大值。S846 的 Shannon 指数显著高于 S289、S380 和 S652，与其他土样无显著差异。R611 的 Shannon 指数显著高于 R289、R380、R749 和 R846，与其他土样无显著差异。最高海拔(S846)的根际土 Pielou 指数值最高，但与 S611 和 S749 无显著性差异。根际土和根系 Chao1 指数的最高值均出现在中海拔。根系 Chao1 指数在 R289、R380、R611、R652 和 R846 间没有显著性差异。野韭根际土中的 AM 真菌多样性指数和均匀度指数显著高于根系(P<0.05)。

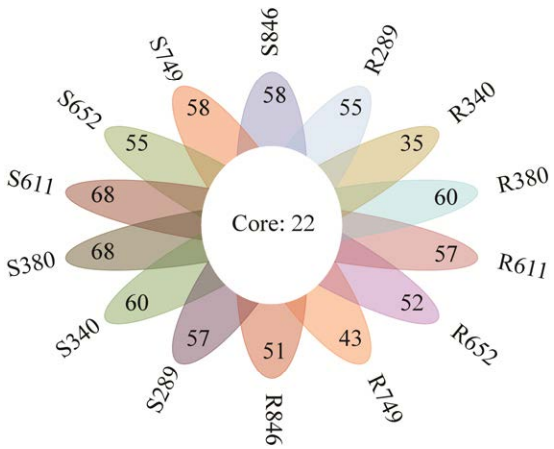

图 2 不同海拔野韭根际土和根系 AM 真菌的花瓣图
每个样品有不同的 AM 真菌的 VTs，也有共同的 VTs
Fig. 2 Petal diagram of AM fungal VTs in rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* at different elevations. Each sample has unique and shared VTs.

种水平(图 4A)最主要的 AM 真菌在 3 个根际土中(S289，S380 和 S749)均是 *Glomus* sp. VTX00166 (19.59%–23.41%)。在 S611 和 S652 中最主要的是 *Glomus* sp. VTX00130 (17.89%和

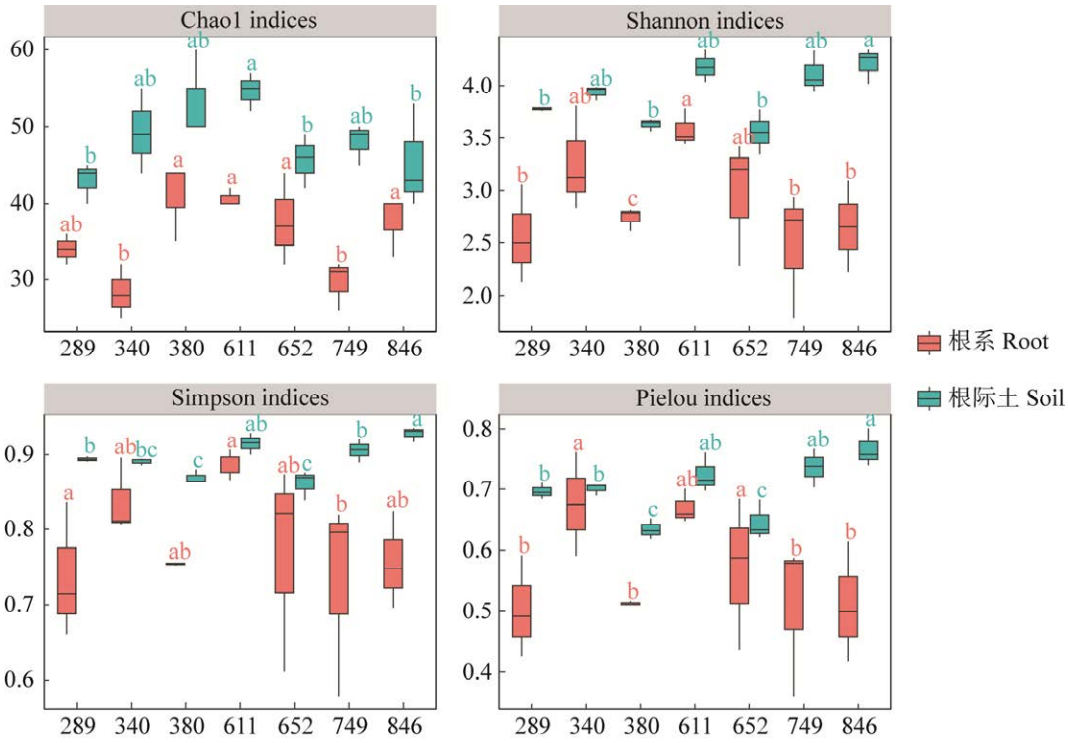

图 3 不同海拔野韭根际土和根系 AM 真菌 Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数和 Pielou 指数的箱线图 相同颜色的不同字母表示在 $P<0.05$ 下的显著性差异

Fig. 3 Boxplots of the Chao1, Shannon, Simpson, and Pielou indices of AM fungi in the rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* at different elevations. Different letters in the same color indicate significant differences at $P<0.05$.

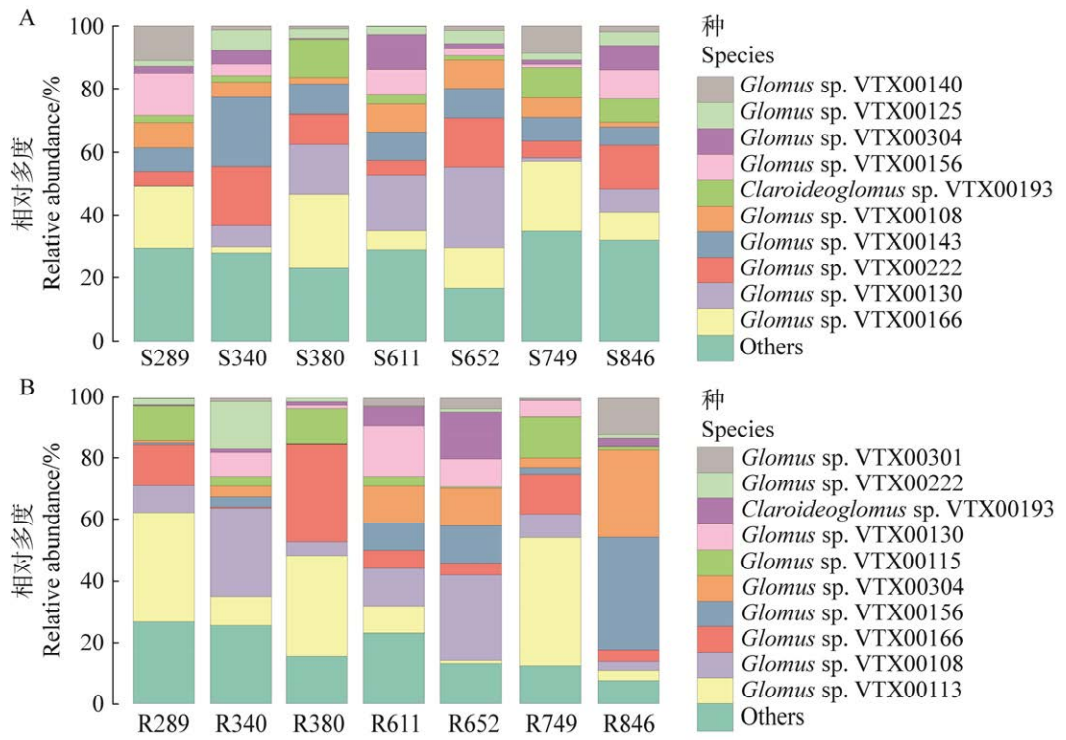

图 4 不同海拔高度下野韭根际土(A)和根系中(B)丰度最高的 10 种 AM 真菌种(虚拟分类单元，VTs)的相对丰度

Fig. 4 Relative abundances of the top 10 AM fungal virtual taxa (VTs) in rhizosphere soil (A) and roots (B) of *Allium ramosum* along an elevational gradient.

25.66%)。在 S340 中最主要的是 *Glomus* sp. VTX00143 (21.82%)，而在 S846 中是 *Glomus* sp. VTX00222 (14.10%)。

在根系的种水平上(图 4B)，R289、R380 和 R749 中 *Glomus* sp. VTX00113 占绝对优势(33.11%–41.96%)。在 R340 和 R652 中优势种为 *Glomus* sp. VTX00108 (分别为 28.66%和 28.19%)。R611 中最主要的种是 *Glomus* sp. VTX00130 (16.82%)，R846 中 *Glomus* sp. VTX00156 占比第一(36.78%)。根际土和根系中占比第一的均为 *Glomus* 属。

热图显示了相对丰度最高的 35 种 VTs 的分布和相对丰度(图 5) (P<0.05)。R846 中的 *Glomus* sp. VTX00156、*Glomus* sp. VTX00304 和 *Glomus* sp. VTX00301 的相对丰度显著高于其他根际土和根系；S846 中的 *Glomus* sp. VTX00419 和 S289 中的 *Claroideoglomus* sp. VTX00056 的丰度显著最高。S340 中的 *Glomus* sp. VTX00143 和 *Glomus* sp. VTX00064 的相对丰度最高。S380 和 S749 中 *Claroideoglomus claroideum* VTX00279 的相对丰度显著高于其他样本，而 S380 和 S749 间没有显著性差异。S380 中 *Glomus* sp. VTX00186 的相对丰度显著最高。R380 中 *Glomus* sp. VTX00149 和 *Glomus* sp. VTX00247 的相对丰度显著高于其他样本。春坤山不同海拔梯度下，野韭根际土 AM 真菌的组成存在显著差异，且同一海拔下根际土和根系中丰度最高的两种 AM 真菌种类也各不相同。

2.5 AM 真菌群落的影响因素

AM 真菌群落分布采用了去趋势对应分析(detrended correspondence analyses, DCAs)。根际土 AM 真菌群落组成的第一轴长度为 2.161。根据这个结果选择冗余分析(redundancy analysis, RDA)。在 RDA 中第一轴和第二轴的特征值分别是：19.252 和 11.568。数据的前两轴的累积百分比 90.82%。排序图显示了 AM 真菌群落与环境因子之间的关系(图 6A)。S611 和 S652 的 AM 真菌群落 AP 和 pH 的显示正相关，与 SOC 和 TN 显示负相关。S749 和 S289 的 AM 真菌群落正好相反，与 SOC 和 TN 呈正相关，与 AP 和 pH 呈负相关。蒙特卡罗置换检验显示野韭根际土 AM 真菌群落显著相关土壤 SOC (P<0.001)、TP (P<0.001)、AP (P<0.01)和 pH (P<0.01)，与 TN 和 AN 的相关性不显著。

根系 AM 真菌群落组成的第一轴长度为 3.284。选择冗余分析(RDA)。在 RDA 中第一轴和第二轴的特征值分别是 14.867 和 6.927。种类数据的前两轴的累积百分比为 59.30%。排序图显示了根系 AM 真菌群落与环境因子之间的关系(图 6B)。在调查的野韭根系发现 R611 和 R652 的 AM 真菌群落更偏好高土壤 pH，低 SOC、低 TN 和低 AP；R289 和 R749 的 AM 真菌群落正好与之相反。蒙特卡罗置换检验显示野韭根系 AM 真菌群落显著相关土壤 SOC (P<0.001)、TN (P<0.01)、TP (P<0.01)和 pH (P<0.05)，与 AN 和 AP 没有显著性。

2.6 相关性热图

Mantel 检验显示，AN、AP、TP、TN、pH 值和 SOC 含量与野韭的 AM 真菌群落密切相关(图 7)。土壤 SOC 和 AP 含量是影响根际土中 *Glomus* 分布的主要因素(Mantel's $r \geq 0.4$, P<0.01) (图 7A)。SOC 显著影响根际土中 *Claroideoglomus*、*Diversispora* 的分布。pH、TP 和 AP 对根际土 *Scutellospora* 的分布具有显著性影响。AP 含量与 *Rhizophagus* 相关性较强。

TN 显著影响根系 *Claroideoglomus* 和 *Diversispora* 的相对多度(Mantel's r≥0.4, P<0.01) (图 7B)。pH、TP 和 AP 与根系 *Scutellospora* 有强相关性。TP 含量显著影响 *Rhizophagus* 的相对多度。根系 *Glomus* 受土壤 TN (Mantel's r≥0.4, P<0.01)影响最强，其次与之呈正相关的是 SOC、TP 和 AN (Mantel's 0.2<r<0.4, P<0.01)。

为了确定影响 AM 真菌种水平群落组成的关键驱动因素，进行 Mantel 检验(图 7C)。SOC (Mantel's r≥0.4, P<0.01)影响根际土中 *Glomus* sp. VTX00130、*Glomus* sp. VTX00156、*Glomus* sp. VTX00304 和 *Glomus* sp. VTX00140 的分布。TN (Mantel's 0.2<r<0.4, P<0.01)与根际土中 *Claroideoglomus* sp. VTX00193 相关性较强。

土壤 SOC 显著影响根系 *Glomus* sp. VTX00166 (Mantel's 0.2<r<0.4, P<0.01)和 *Glomus* sp. VTX00113

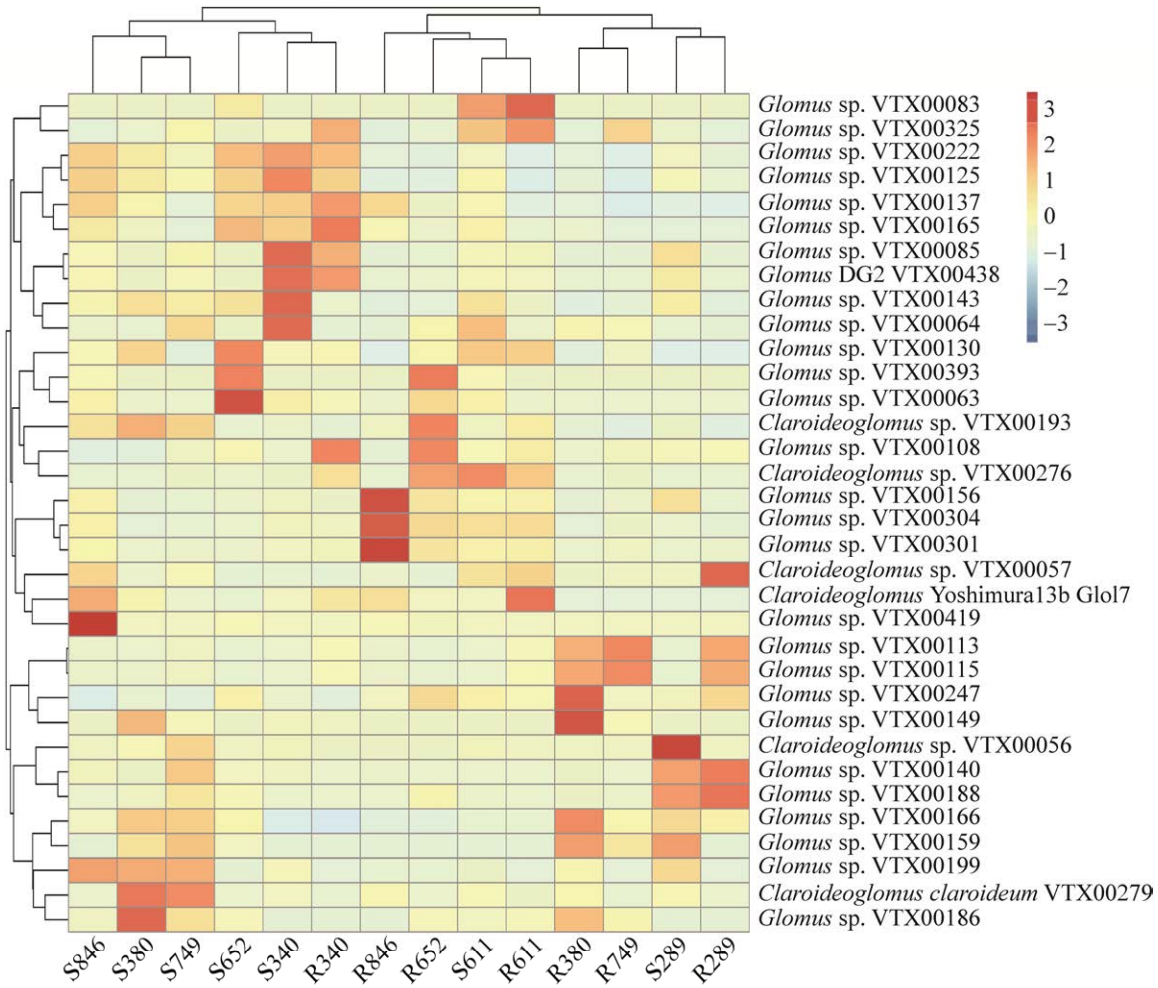

图 5 不同海拔高度下野韭根际土和根系相对多度前 35 种 AM 真菌 VTs 的分层聚类热图 颜色从蓝色到红色表示 VT 的丰度逐渐增加

Fig. 5 Hierarchical clustering heatmap of the top 35 AM fungal VTs by relative abundance in the rhizosphere soil and roots of *Allium ramosum* across an elevational gradient. Colors from blue to red indicating increasing VT abundance.

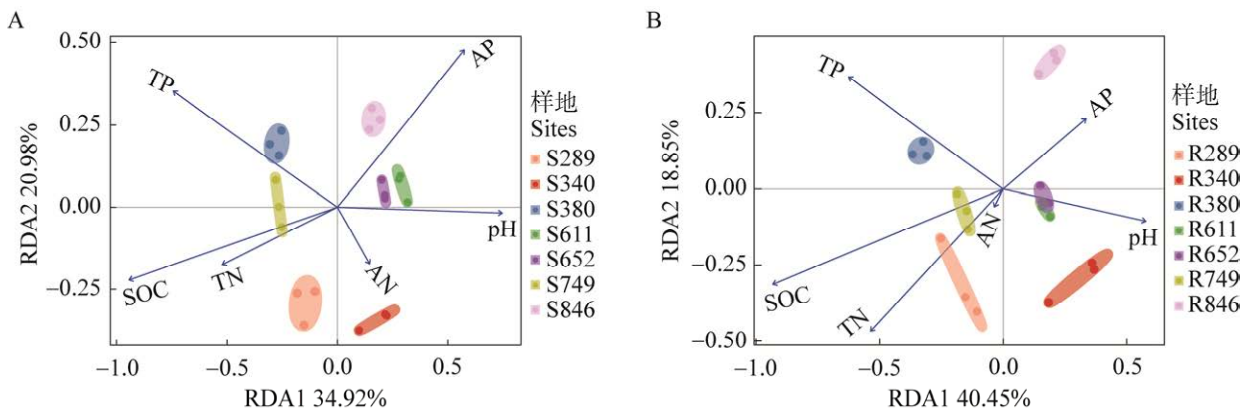

图 6 土壤性质与野韭根际土(A)和根系(B) AM 真菌群落的 RDA 排序 SOC：土壤有机碳；TN：全氮；TP：全磷；AN：有效氮；AP：有效磷；下同

Fig. 6 RDA ordination of AM fungal communities in the rhizosphere soil (A) and roots (B) of *Allium ramosum* in relation to soil properties. SOC, soil organic carbon; TN, total nitrogen; TP, total phosphorus; AN, available nitrogen; AP, available phosphorus. The same below.

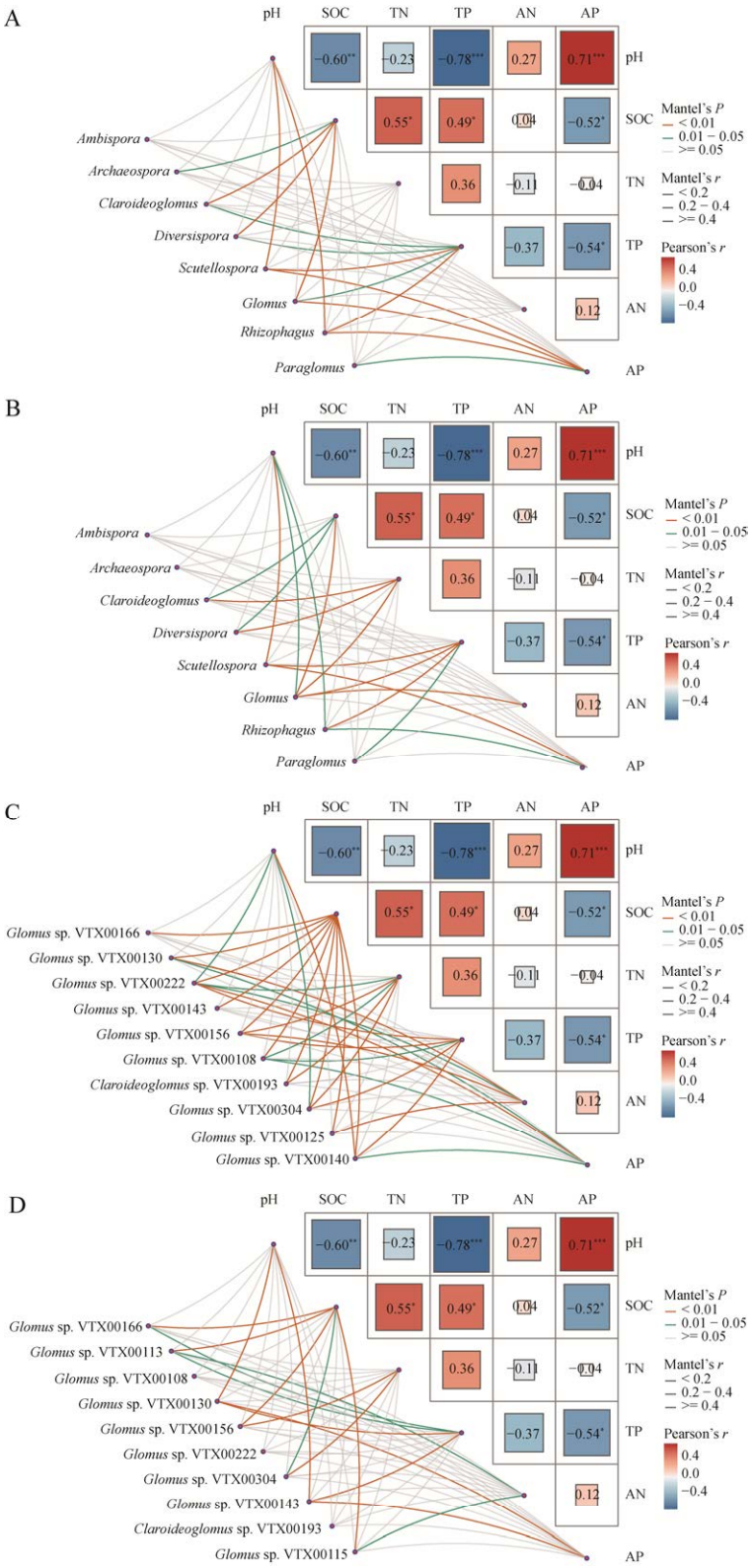

图 7 土壤环境因子与不同分类水平 AM 真菌群落相对丰度的相关性分析　A：根际土属水平；B：根系属水平；C：根际土种水平；D：根系属水平；*表示 P<0.05 水平的显著相关，**表示 P<0.01 水平的显著相关

Fig. 7 Correlation analysis between soil environmental factors and the relative abundance of AM fungal communities at different taxonomic levels. A: Rhizosphere soil, at the genus level; B: Roots, at the genus level; C: Rhizosphere soil, at the species level; D: Roots, at the genus level. * Indicates a significant correlation at P<0.05; ** Indicates a significant correlation at P<0.01.

(Mantel's r≥0.4, P<0.01)的出现(图 7D)。pH (Mantel's r≥0.4, P<0.01)、TP (Mantel's 0.2<r<0.4, P<0.01)和 AP (Mantel's r≥0.4, P<0.01)与根系 *Glomus* sp. VTX00130 显著正相关。SOC (Mantel's 0.2<r<0.4, P<0.01)和 TN (Mantel's r≥0.4, P<0.01)与根系 *Glomus* sp. VTX00156 相关性较强(图 7D)。TP、AP 和 pH 显著影响根系 *Glomus* sp. VTX00143 的丰度(Mantel's 0.2<r<0.4, P<0.01) (图 7D)。根系 *Glomus* sp. VTX00108 、*Claroideoglomus* sp. VTX00193 和 *Glomus* sp. VTX00222 未发现与测定的土壤因子有显著相关性(Mantel's r<0.2, P>0.05) (图 7D)。

3 讨论

春坤山野韭具有较高的侵染率,菌根类型为 Arum-type，这与前人研究的结果一致(包玉英 2004；党学峰 2017；李繁盛 2022；Zhou *et al*. 2022)。菌根侵染率会受到多种环境因素的影响。在内蒙古典型草原,野韭菌根侵染率会随着样地和采集时间的不同而变化,且存在大量的丛枝和根内菌丝，数量也因样地不同而表现各异(包玉英 2004；党学峰 2017)。Zhou *et al*. (2022)研究发现，野韭侵染率会随着降水量减少而显著增加。本研究发现野韭菌根侵染不仅受到海拔的显著调控，更重要的是，在高磷土壤中表现出一种复杂的响应模式。传统观点认为,在高磷条件下,植物通常减少对菌根真菌的碳水化合物和脂类供给，从而削弱真菌与植物间的共生关系(Vosnjak *et al*. 2021；Ahmed *et al*. 2025)。然而，本研究观察到高浓度的有效磷抑制了野韭根内丛枝和泡囊的形成,这一过程并不影响已存在丛枝和泡囊的功能，但菌丝却显著增加。土壤养分显著影响着共生结构(Olsson *et al*. 2014；Liu *et al*. 2021；Ahmed *et al*. 2025)。野韭菌丝的生长可能帮助野韭在土壤中更有效地获得其他营养物质，进而维持共生关系。表明野韭菌根共生在高磷环境下的功能和策略可能比我们以往认为的更加多样和灵活，有待进一步研究。

不同生境下，野韭 AM 真菌群落组成存在差异。基于孢子形态鉴定，内蒙古典型草原野韭根际土 AM 真菌的常见种为 *Septoglomus constrictum* 和 *Claroideoglomus claroideum* (党学峰 2017)。而春坤山野韭根际土 AM 真菌的常见种为 *Acaulospora* sp2 、*C. claroideum* 和 *Glomus microaggregatum*。分子生物学鉴定表明，在内蒙古典型草原，基于 18S rDNA 序列的测序，野韭根系出现 *C. etunicatum* 和 *C. claroideum*；通过 ITS 序列的高通量测序，野韭根系 AM 真菌群落结构主要聚类于 *Septoglomus* 属(党学峰 2017)。而基于 SSU rRNA 基因序列高通量测序分析春坤山野韭 AM 真菌群落表明，无论是在根际土还是在根系中 *Glomus* 均为优势属。进一步证明了 *Glomus* 属在内蒙古草原具有广泛的适应性和高效的共生能力(Wang *et al*. 2014, 2020；王平 2021)。

基于 rRNA 基因测序的分子方法显著推动了 AM 真菌分类体系的更新，但基本分类单元(如 ASVs)与形态鉴定种的对应仍面临挑战(Öpik *et al*. 2010, 2014；Schüßler & Walker 2010；Kohout *et al*. 2012；Redecker *et al*. 2013)。不同核糖体基因区域在物种分辨能力上的差异,既取决于其自身的序列变异水平,也受到公共数据库序列覆盖度和质量的影响(Öpik & Davison 2016)。目前，因 SSU rRNA 基因覆盖范围广而在 AM 真菌群落生态研究中应用最为普遍，但分辨率有限(Öpik *et al*. 2014；Hart *et al*. 2015)；ITS 区为真菌的标准条形码，但因种内变异较高而影响不同数据集的比较与整合(Schoch *et al*. 2012)。尽管如此，部分研究表明两者在 AM 真菌多样性评估中结果趋于一致，其中 SSU rRNA 基因在根系与土壤 AM 真菌群落对比研究中表现出更高的适用性(Berruti *et al*. 2017)。新兴的 PacBio (Pacific Biosciences)单分子实时(real-time, SMRT)测序可一次性获得覆盖 SSU-ITS-LSU 约 2.5 kb 的长片段，为整合多标记数据、提升物种鉴定精度提供了可能(Kolaříková *et al*. 2021)。然而，该方法在 PCR 扩增过程中可能引入丰度偏差，并易形成嵌合序列，仍需在技术优化和数据质控方面进一步探索。

此外，不同生境下 AM 真菌优势类群对环

境因子的响应存在显著差异。本研究中，春坤山草甸草原环境下，野韭根系中 *Glomus* 属与土壤 TN 呈显著正相关(P<0.01)。而在内蒙古典型草原中，AM 真菌的孢子密度主要受 TP 驱动，如 *Septoglomus constrictum* 的出现与 TP 及碱性磷酸酶活性呈负相关(党学峰 2017)。这些差异表明，不同优势属在氮、磷等关键养分梯度下表现出功能分化与特定适应策略，反映了 AM 真菌在多样化生态系统中对养分循环与野韭共生关系的调节能力。

在种(VT)水平上，我们发现不同海拔的野韭根系共生了不同的优势 AM 菌种，表现出高度的特异性和选择性。例如 R289、R380 和 R749 根系中最主要种是 *Glomus* sp. VTX00113；R340 和 R652 中是 *Glomus* sp. VTX00108；R611 中的优势种是 *Glomus* sp. VTX00130；R846 中 *Glomus* sp. VTX00156 占比第一。不同的 *Glomus* 菌种具有不同的生态功能(Grace *et al*. 2009；Powell & Rillig 2018)，土壤 SOC 显著影响根系 *Glomus* sp. VTX00113 的出现(图 7D)。*Glomus* sp. VTX00108 能够在植物生长的早期阶段形成菌根(Kaidzu *et al*. 2020)。与耕地和森林相比，*Glomus* sp. VTX00130 和 *Glomus* sp. VTX00156 是永久性草地的指示种(Moora *et al*. 2014)。此外，野韭根际土的 AM 真菌多样性指数和均匀度指数显著高于根系(P<0.05)，这进一步表明野韭对 AM 真菌种类的选择有一定的偏好性(包玉英等 2007；党学峰 2017；Luginbuehl *et al*. 2017)。在不同生境下，野韭会依据自身的生理状态和生长需求，选择性地与最适宜的 AM 真菌形成高效共生。这种调节机制可确保植物与 AM 真菌共生体之间养分的交换平衡，从而在不同条件下实现互利共赢。因此，有效利用菌根共生作用促进野韭生长的关键在于针对其特定生境筛选出与其功能高度匹配的 AM 真菌菌种。

研究发现，海拔显著影响野韭根际土和根系 AM 真菌群落多样性，这与 Coutinho *et al*. (2015) 和 Zhang *et al*. (2022)的研究结果一致。Zhang *et al*. (2021)指出，随着海拔升高，物种丰富度呈现下降趋势。我们的研究发现，中海拔区的野韭根系 AM 真菌群落的 Chao1、Shannon 和 Simpson 指数达到最高值，说明这个海拔区域可能是一个最适宜野韭共生 AM 真菌生存和繁殖的生境。海拔是一个复杂的生态梯度，它不仅代表了高度变化，还伴随温度、湿度、土壤性质和光照等的变化(Barbi *et al*. 2025)。在不同环境下，AM 真菌具有获取不同养分的策略或对土壤养分的适应性。先前的研究强调土壤 AP 和 AN 对 AM 真菌多样性的重要性(Johnson *et al*. 2010；Camenzind *et al*. 2014；Guo *et al*. 2016；Shi *et al*. 2021)。我们的结果却显示，这些因素对野韭根系的 AM 真菌群落没有显著影响。土壤有机碳(SOC)是影响春坤山野韭根系 AM 真菌分布和丰度的关键因子。与内蒙古其他常见野生葱属植物通常适应于养分贫瘠和退化草地不同，野韭更偏好在土壤养分富集的环境中生长。SOC 可以通过提供更多的碳源和更好的土壤结构，支持 AM 真菌的生长和多样性(Yang *et al*. 2011)。本研究强调海拔对野韭共生 AM 真菌多样性的重要影响，并揭示土壤 SOC 的关键驱动作用，为野韭进一步开发利用提供了理论基础。

作者贡献

王一鸣：数据调查、数据管理；王启：实验设计、论文构思、数据调查、数据管理、论文撰写；刘广达：实验设计、数据调查、数据管理。

利益冲突声明

该研究不存在任何潜在利益冲突的商业或财务关系。

[REFERENCES]

Ahmed N, Li J, Li Y, Deng L, Deng L, Chachar M, Chachar Z, Chachar S, Hayat F, Raza A, Umrani J, Gong L, Tu P, 2025. Symbiotic synergy: how arbuscular mycorrhizal fungi enhance nutrient uptake, stress tolerance, and soil health through molecular mechanisms and hormonal regulation. International Mycological Association Fungus, 16: e144989

Bao SD, 2018. Soil agrochemical analysis. 3rd ed. China Agricultural Press, Beijing. 1-485 (in Chinese)

Bao YY, 2004. Diversity and ecological distribution of

arbuscular mycorrhizal symbiosis in the grassland and desert of Inner Mongolia. PhD Dissertation, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot. 1-49 (in Chinese)

Bao YY, Yan W, Zhang MQ, 2007. Arbuscular mycorrhizal fungi associated with common plants in grassland of Inner Mongolia. Mycosystema, 26(1): 51-58 (in Chinese)

Barbi F, Martinović T, Odriozola I, Machac A, Moravcová A, Algora C, Ballian D, Barthold S, Brabcová V, Awokunle Hollá S, Human Z, Kraigher H, Lazarević J, Lepinay C, Mészárošová L, Kumazawa Morais D, Nikolov N, Thoen E, Tláskal V, Větrovský T, Baldrian P, Kohout P, 2025. Disentangling drivers behind fungal diversity gradients along altitude and latitude. New Phytologist, 238(3): 1047-1065

Begum N, Qin C, Ahanger MA, Raza S, Khan MI, Ashraf M, Ahmed N, Zhang L, 2019. Role of arbuscular mycorrhizal fungi in plant growth regulation: implications in abiotic stress tolerance. Frontiers in Plant Science, 10: 1068

Berruti A, Desirò A, Visentin S, Zecca O, Bonfante P, 2017. ITS fungal barcoding primers versus 18S AMF-specific primers reveal similar AMF-based diversity patterns in roots and soils of three mountain vineyards. Environmental Microbiology Reports, 9(5): 658-667

Camenzind T, Hempel S, Homeier J, Horn S, Velescu A, Wilcke W, Rillig MC, 2014. Nitrogen and phosphorus additions impact arbuscular mycorrhizal abundance and molecular diversity in a tropical montane forest. Global Change Biology, 20(12): 3646-3659

Chagnon PL, Bradley RL, Maherali H, Klironomos JN, 2013. A trait-based framework to understand life history of mycorrhizal fungi. Trends in Plant Science, 18: 484-491

Coutinho ES, Fernandes GW, Berbara RLL, Valério HM, Goto BT, 2015. Variation of arbuscular mycorrhizal fungal communities along an altitudinal gradient in rupestrian grasslands in Brazil. Mycorrhiza, 25(8): 627-638

Dang XF, 2017. The study on the genetic diversity of fungi in roots and rhizosphere soil of eight *Allium* plants in Inner Mongolia. MS Thesis, Inner Mongolia University, Hohhot. 20-54 (in Chinese)

Davison J, Moora M, Öpik M, Adholeya A, Ainsaar L, Bâ A, Burla S, Diedhiou AG, Hiiesalu I, Jairus T, Johnson NC, Kane A, Koorem K, Kochar M, Ndiaye C, Pärtel M, Reier Ü, Saks Ü, Singh R, Vasar M, Zobel M, 2015. Global assessment of arbuscular mycorrhizal fungus diversity reveals very low endemism. Science, 349: 970-973

Diagne N, Ngom M, Djighaly PI, Fall D, Hocher V, Svistoonoff S, 2020. Roles of arbuscular mycorrhizal fungi on plant growth and performance: importance inbiotic and abiotic stressed regulation. Diversity, 12(10): 370

Fall AF, Nakabonge G, Ssekandi J, Founoune-Mboup H, Apori SO, Ndiaye A, Badji A, Ngom K, 2022. Roles of arbuscular mycorrhizal fungi on soil fertility: contribution in the improvement of physical, chemical, and biological properties of the soil. Frontiers in Fungal Biology, 3: 17

Fu CX, Huang YX, Wang HQ, Zhou WD, 2022. Research and prospects for *Allium ramosum*. Soil and Crops, 11(4): 377-384 (in Chinese)

Grace EJ, Cotsaftis O, Tester M, Smith FA, Smith SE, 2009. Arbuscular mycorrhizal inhibition of growth in barley cannot be attributed to extent of colonization, fungal phosphorus uptake or effects on expression of plant phosphate transporter genes. New Phytologist, 181: 938-949

Guo Y, Du Q, Li G, Ni Y, Zhang Z, Ren W, Hou X, 2016. Soil phosphorus fractions and arbuscular mycorrhizal fungi diversity following long-term grazing exclusion on semi-arid steppes in Inner Mongolia. Geoderma, 269: 79-90

Hart MM, Aleklett K, Chagnon PL, Egan C, Ghignone S, Helgason T, Lekberg Y, Öpik M, Pickles BJ, Waller L, 2015. Navigating the labyrinth: a guide to sequence-based, community ecology of arbuscular mycorrhizal fungi. New Phytologist, 207: 235-247

Hu XY, Wu HY, Zhu CS, Li W, Guo X, Li M, Guo SX, 2023. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi and their dominant species on *Flaveria bidentis* plant growth and development. Mycosystema, 42(3): 692-706 (in Chinese)

Jiang Y, Wang W, Xie Q, Liu N, Liu L, Wang D, Zhang X, Yang C, Chen X, Tang D, Wang E, 2017. Plants transfer lipids to sustain colonization by mutualistic mycorrhizal and parasitic fungi. Science, 356(6343): 1172-1175

Johnson NC, Wilson GWT, Bowker MA, Wilson JA, Miller RM, 2010. Resource limitation is a driver of local adaptation in mycorrhizal symbioses. Proceedings of the National Academy of Sciences, 107(5): 2093-2098

Kaidzu T, Kazuki S, Hayato S, Onur AM, Ali E, Can TO, Masanori N, Harada N, 2020. The composition characteristics of arbuscular mycorrhizal fungal communities associated with barley in saline-alkaline soils in Central Anatolia. Soil Science and Plant Nutrition, 66(2): 268-274

Kohout P, Sýkorová Z, Čtvrtlíková M, Rydlová J, Suda J, Vohník M, Sudová R, 2012. Surprising spectra of root-associated fungi in submerged aquatic plants. Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology, 80(1): 216-235

Kolaříková Z, Slavíková R, Krüger C, Krüger M, Kohout P, 2021. PacBio sequencing of Glomeromycota rDNA: a novel amplicon covering all widely used ribosomal

barcoding regions and its applicability in taxonomy and ecology of arbuscular mycorrhizal fungi. New Phytologist, 231(1): 490-499

Li FS, 2022. Plant community and arbuscular mycorrhizal fungal diversity of the Wulangada volcano group in Inner Mongolia. MS Thesis, Inner Mongolia University, Hohhot. 20-80 (in Chinese)

Li Y, Luo G, Wu S, Yang D, Lv P, Jin Z, Li J, 2025. Variation of arbuscular mycorrhizal fungi communities between root and rhizosphere soil of endangered plant *heptacodium miconioides* along elevation gradient. Journal of Fungi, 11(3): 222

Liu M, Shen Y, Li Q, Xiao W, Song X, 2021. Arbuscular mycorrhizal fungal colonization and soil pH induced by nitrogen and phosphorus additions affects leaf C:N:P stoichiometry in Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) forests. Plant and Soil, 461(1): 421-440

Liu Z, Fang J, Song B, Yang Y, Yu Z, Hu J, Dong K, Takahashi K, Adams JM, 2023. Stochastic processes dominate soil arbuscular mycorrhizal fungal community assembly along an elevation gradient in central Japan. Science of the Total Environment, 855: 158941

Luginbuehl LH, Menard GN, Kurup S, van Erp H, Radhakrishnan GV, Breakspear A, Oldroyd GED, Eastmond PJ, 2017. Fatty acids in arbuscular mycorrhizal fungi are synthesized by the host plant. Science, 356(6343): 1175-1178

Ma X, Xu X, Geng Q, Luo Y, Ju C, Li Q, Zhou Y, 2023. Global arbuscular mycorrhizal fungal diversity and abundance decreases with soil available phosphorus. Global Ecology and Biogeography, 32(8): 1423-1434

McGonigle T, Miller M, Evans D, Fairchild G, Swan J, 1990. A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi. New Phytologist, 115(3): 495-501

Meyer KM, Memiaghe H, Korte L, Kenfack D, Alonso A, Bohannan BJM, 2018. Why do microbes exhibit weak biogeographic patterns? The International Society for Microbial Ecology Journal, 12: 1404-1413

Moora M, Davison J, Öpik M, Metsis M, Saks Ü, Jairus T, Vasar M, Zobel M, 2014. Anthropogenic land use shapes the composition and phylogenetic structure of soil arbuscular mycorrhizal fungal communities. Federation of European Microbiological Societies Microbiology Ecology, 90(3): 609-621

Morton JB, 1995. Taxonomic and phylogenetic divergence among five *Scutellospora* species based on comparative developmental sequences. Mycologia, 87(1): 127-137

Olsson O, Olsson PA, Hammer EC, 2014. Phosphorus and carbon availability regulate structural composition and complexity of AM fungal mycelium. Mycorrhiza, 24(6): 443-451

Öpik M, Davison J, 2016. Uniting species- and community-oriented approaches to understand arbuscular mycorrhizal fungal diversity. Fungal Ecology, 24: 106-113

Öpik M, Davison J, Moora M, Zobel M, 2014. DNA-based detection and identification of Glomeromycota: the virtual taxonomy of environmental sequences. Botany, 92(2): 135-147

Öpik M, Vanatoa A, Vanatoa E, Moora M, Davison J, Kalwij JM, Reier Ü, Zobel M, 2010. The online database Maarj*AM* reveals global and ecosystemic distribution patterns in arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota). New Phytologist, 188(1): 223-241

Powell JR, Rillig MC, 2018. Biodiversity of arbuscular mycorrhizal fungi and ecosystem function. New Phytologist, 220(4): 1059-1075

Redecker D, Schüßler A, Stockinger H, Stürmer SL, Morton JB, Walker C, 2013. An evidence-based consensus for the classification of arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota). Mycorrhiza, 23(7): 515-531

Rillig MC, Ramsey PW, Morris S, Paul EA, 2003. Glomalin, an arbuscular-mycorrhizal fungal soil protein, responds to land-use change. Plant and Soil, 253(2): 293-299

Roth R, Paszkowski U, 2017. Plant carbon nourishment of arbuscular mycorrhizal fungi. Current Opinion in Plant Biology, 39: 50-56

Sato K, Suyama Y, Saito M, Sugawara K, 2005. A new primer for discrimination of arbuscular mycorrhizal fungi with polymerase chain reaction-denature gradient gel electrophoresis. Grassland Science, 51(2): 179

Schenck NC, 1990. Manual for the identification of VA mycorrhizal fungi. Synergistic Publications, Gainesville. 1-286

Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W, Consortium FB, List FBCA, Bolchacova E, 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. Proceedings of the National Academy of Sciences, 109(16): 6241-6246

Schüßler A, Walker C, 2010. The Glomeromycota: a species list with new families and new genera. Published in libraries at Royal Botanic Garden Edinburgh, Kew, Botanische Staatssammlung Munich, and Oregon State University, Gloucester, UK. 1-69

Shi J, Zhao B, Zheng S, Zhang X, Wang X, Dong W, Xie Q, Wang G, Xiao Y, Chen F, Yu N, Wang E, 2021. A phosphate starvation response-centered network regulates mycorrhizal symbiosis. Cell, 184(22): 5527-5540

Smith SE, Read DJ, 1997. Mycorrhizal symbiosis, 2rd ed. Academic Press, London. 1-172

Smith SE, Read DJ, 2008. Mycorrhizal symbiosis, 3rd ed.

Academic Press, San Diego. 1-179

Vieira LC, da Silva DKA, da Silva IR, Gonçalves CM, de Assis DMA, Oehl F, da Silva GA, 2019. Ecological aspects of arbuscular mycorrhizal fungal communities in different habitat types of a Brazilian mountainous area. Ecological Research, 34: 182-192

Vierheilig H, Coughlan AP, Wyss U, Piché Y, 1998. Ink and vinegar, a simple staining technique for arbuscular-mycorrhizal fungi. Applied and Environment Microbiology, 64(12): 5004-5007

Vosnjak M, Likar M, Osterc G, 2021. The effect of mycorrhizal inoculum and phosphorus treatment on growth and flowering of ajania [*Ajania pacifica* (Nakai) Bremer et Humphries] plant. Horticulturae, 7: 178

Wang P, 2021. Study on the feedback effect of mycorrhizal fungi on dominant plants in different restoration succession stages of typical steppe. PhD Dissertation, Beijing Forestry University, Beijing. 32-93 (in Chinese)

Wang Q, Bao Y, Liu X, Du G, 2014. Spatio-temporal dynamics of arbuscular mycorrhizal fungi associated with glomalin-related soil protein and soil enzymes in different managed semiarid steppes. Mycorrhiza, 24(7): 525-538

Wang Q, Bao Y, Nan J, Xu D, 2020. AM fungal diversity and its impact across three types of mid-temperate steppe in Inner Mongolia, China. Mycorrhiza, 30(1): 97-108

Wang YS, Liu RJ, 2017. A checklist of arbuscular mycorrhizal fungi in the recent taxonomic system of Glomeromycota. Mycosystema, 36(7): 820-850 (in Chinese)

Willing CE, Wan J, Yeam JJ, Cessna AM, Peay KG, 2024. Arbuscular mycorrhizal fungi equalize differences in plant fitness and facilitate plant species coexistence through niche differentiation. Nature Ecology & Evolution, 8: 2058-2071

Wu QS, Silva FSB, Hijri M, Kapoor R, 2023. Editorial: arbuscular mycorrhiza-mediated augmentation of plant secondary metabolite production. Frontiers in Plant Science, 14: 1150900

Wu Y, Chen C, Wang G, 2024. Inoculation with arbuscular mycorrhizal fungi improves plant biomass and nitrogen and phosphorus nutrients: a meta-analysis. BMC Plant Biology, 24(1): 960

Yan P, Hou H, Lv Y, Zhang H, Li J, Shao L, Xie Q, Liang Y, Li J, Ni X, 2023. Diversity characteristics of arbuscular mycorrhizal fungi communities in the soil along successional altitudes of Helan Mountain, arid, and semi-arid regions of China. Frontiers in Microbiology, 14: 1099131

Yang H, Yuan Y, Zhang Q, Tang J, Liu Y, Chen X, 2011. Changes in soil organic carbon, total nitrogen, and abundance of arbuscular mycorrhizal fungi along a large-scale aridity gradient. CATENA, 87: 70-77

Zhang CM, Man XW, Wu F, Yuan Y, Bian LS, 2023. A comparison of soil-plant continuum microbial communities in plantations of *Pinus tabuliformis* and *P. sylvestris* var. *mongolica* in West Mountain of Beijing. Mycosystema, 42(10): 2041-2062 (in Chinese)

Zhang M, Shi Z, Yang M, Lu S, Cao L, Wang X, 2021. Molecular diversity and distribution of arbuscular mycorrhizal fungi at different elevations in Mt. Taibai of Qinling Mountain. Frontiers in Microbiology, 12: 609386

Zhang M, Yang M, Shi Z, Gao J, Wang X, 2022. Biodiversity and variations of arbuscular mycorrhizal fungi associated with roots along elevations in Mt. Taibai of China. Diversity, 14(8): 626-639

Zhao F, Feng X, Guo Y, Ren C, Wang J, Doughty R, 2020. Elevation gradients affect the differences of arbuscular mycorrhizal fungi diversity between root and rhizosphere soil. Agricultural and Forest Meteorology, 284: 107894

Zhou M, Guo Y, Sheng J, Yuan Y, Zhang WH, Bai W, 2022. Using anatomical traits to understand root functions across root orders of herbaceous species in a temperate steppe. New Phytologist, 234: 422-434

[附中文参考文献]

鲍士旦，2018. 土壤农化分析(第三版). 北京：中国农业出版社. 1-485

包玉英，2004. 内蒙古草原和荒漠丛枝菌根共生多样性及其生态分布. 内蒙古农业大学博士论文，呼和浩特. 1-49

包玉英，闫伟，张美庆，2007. 内蒙古草原常见植物根围 AM 真菌. 菌物学报，26(1): 51-58

党学峰，2017. 内蒙古八种葱属植物根内及根际土中丛枝菌根真菌遗传多样性的研究. 内蒙古大学硕士论文，呼和浩特. 20-54

付常兴，黄迎新，王鹤琪，周道玮，2022. 野韭(*Allium ramosum*)研究及展望. 土壤与作物，11(4): 377-384

胡学意，吴海英，祝诚尚，李伟，郭霄，李敏，郭绍霞，2023. 黄顶菊 AM 真菌多样性及其优势种对植株生长的影响. 菌物学报，42(3): 692-706

李繁盛，2022. 内蒙古乌兰哈达火山群的植物群落及丛枝菌根真菌多样性. 内蒙古大学硕士论文，呼和浩特. 20-80

王平，2021. 菌根真菌对典型草原不同恢复演替阶段优势植物的反馈机制研究. 北京林业大学博士论文，北京. 32-93

王幼珊，刘润进，2017. 球囊菌门丛枝菌根真菌最新分类系统菌种名录. 菌物学报，36(7): 820-850

张从明，满孝武，吴芳，员瑗，边禄森，2023. 北京西山油松 *Pinus tabuliformis* 和樟子松 *P. sylvestris* var. *mongolica* 人工林土壤-林木连续体微生物群落比较. 菌物学报，42(10): 2041-2062