



张强强,李玲,王若彤,顾沛雯.贺兰山东麓不同酿酒葡萄品种根际土壤AMF群落多样性和组成[J].中国农业大学学报,2025,30(01):76-89.
ZHANG Qiangqiang,LI Ling,WANG Ruotong,GU Peiwen. Diversity and structure of arbuscular mycorrhizal fungi communities in rhizosphere soil of different wine grape varieties in the eastern foot of Helan Mountain[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2025, 30(01): 76-89.
DOI: 10.11841/j.issn.1007-4333.2025.01.07

贺兰山东麓不同酿酒葡萄品种根际土壤AMF群落多样性和组成

张强强¹ 李玲² 王若彤² 顾沛雯^{1,2*}

(1. 宁夏大学 林业与草业学院,银川 750021;

2. 宁夏大学 农学院,银川 750021)

摘要 为明确酿酒葡萄共生丛枝菌根真菌(Arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)的定殖情况和群落多样性,采集来自宁夏贺兰山东麓地区3个主栽酿酒葡萄品种(‘赤霞珠’‘美乐’‘霞多丽’)不同土壤深度(0~20、20~40和40~60 cm)的根段和根际土壤样品,利用醋酸-墨水染色法观察酿酒葡萄根系的AMF侵染状况,采用Illumina MiSeq高通量测序技术全面分析酿酒葡萄根际AMF群落组成与多样性。结果表明:AMF可与酿酒葡萄建立良好的共生关系,定殖于酿酒葡萄根系并形成Arum-type结构。所有土壤样品注释到的AMF共有64个OTUs,分属于1门、3纲、5目、7科、7属和32种。‘赤霞珠’根际土壤AMF的丰富度最高,‘美乐’的群落多样性和均匀度最高,‘霞多丽’的谱系多样性最高。0~20 cm根际土壤AMF的群落多样性、丰富度和均匀度最高,20~40 cm的谱系多样性最高。球囊霉属(*Glomus*)是3个品种和3个土壤深度间的优势属。‘霞多丽’品种在不同的土壤深度下识别出AMF生物标记物。品种是解释酿酒葡萄根际土壤AMF群落变异的重要因素。本研究为未来探索AMF在提高酿酒葡萄产量、品质和可持续性方面的有益应用提供了坚实的基础。

关键词 丛枝菌根真菌;高通量测序;酿酒葡萄品种;土壤深度;共生;球囊霉属

中图分类号 S663.1;S154.37

文章编号 1007-4333(2025)01-0076-14

文献标志码 A

Diversity and structure of arbuscular mycorrhizal fungi communities in rhizosphere soil of different wine grape varieties in the eastern foot of Helan Mountain

ZHANG Qiangqiang¹, LI Ling², WANG Ruotong², GU Peiwen^{1,2*}

(1. School of Forestry and Prataculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China;

2. School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China)

Abstract The purpose of this study was to clarify the colonization and community diversity of symbiotic Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) in wine grapes. The roots and rhizosphere soil samples at a range of soil depths (0-20, 20-40, and 40-60 cm) of three major wine grape varieties (Cabernet Sauvignon, Merlot, and Chardonnay) were collected from the eastern foot of Helan Mountain in Ningxia, China. Acetic acid-ink staining method was used to observe the AMF infection status of wine grape roots. Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was used to comprehensively analyze the composition and diversity of AMF communities in the rhizosphere of wine grapes. The results showed that: AMF could establish a good

收稿日期: 2024-06-03

基金项目: 宁夏回族自治区重点研发计划项目(2023BCF01026)

第一作者: 张强强(ORCID: 0009-0006-8752-8482),博士研究生,E-mail: zhangqiangnxdx@163.com

通讯作者: 顾沛雯(ORCID: 0009-0006-5679-9482),教授,主要从事植物病理学、生物防治与菌物资源利用研究,E-mail: gupeiwen2019@nxu.edu.cn

symbiotic relationship with wine grapes, colonize in grape roots and form Arum-type structure. A total of 64 operational taxonomic units (OTUs) were obtained and further classified into 1 phylum, 3 classes, 5 orders, 7 families, 7 genera, and 32 species. Cabernet Sauvignon had the highest AMF community richness in rhizosphere soil, and Merlot had the highest community diversity, richness, and evenness, and Chardonnay had the highest pedigree diversity. The community diversity, richness, and evenness of AMF in the rhizosphere soil of 0 to 20 cm were the highest, and the pedigree diversity of 20 to 40 cm was the highest. *Glomus* was the dominant genera of AMF among 3 varieties and 3 soil depths. Only Chardonnay recognized AMF biomarkers in different soil depths. Variety was the main factor affecting the variation of the AMF community in the rhizosphere soil of wine grapes. In conclusion, this research provides a firm foundation for future exploration on the beneficial use of AMF in enhancing grapevine production, quality, and sustainability.

Keywords arbuscular mycorrhizal fungi(AMF); Illumina MiSeq; wine grape variety; soil depth; symbiosis; *Glomus*

丛枝菌根真菌 (Arbuscular mycorrhizal fungi, AMF) 属球囊菌门专性营养共生真菌, 广泛存在于各类生态系统土壤中, 能与 80% 以上的陆地高等植物根系形成互惠共生体^[1-2]。相关研究表明, AMF 具有丰富的多样性, 其群落组成会受到管理措施、寄主植物和环境条件等因素的影响^[3-6]。AMF 具有特殊的生物学特征和重要的生态功能, 作为土壤微生物的重要组成部分发挥着关键作用。AMF 可以通过形成复杂的菌丝网络有效促进植物对水分和矿物养分的吸收利用^[7], 有助于植物的生长发育, 增强植物对生物胁迫和非生物胁迫的抵抗能力^[8-9], 影响植物的次生代谢过程, 并直接或间接地影响着不同生态系统的植物群落结构、多样性和生产力^[10-11], 是目前探究和利用有益微生物资源研究的热点。

葡萄 (*Vitis vinifera* L.) 为葡萄科葡萄属藤本植物, 种植历史悠久, 是栽培最广泛的水果作物之一, 具有较高的营养价值^[12]。近年来, 对酿酒葡萄的研究主要集中在采后技术、病虫害防治、化合物、品种选育和葡萄酒香气等方面^[13-17], 对其有益微生物资源尤其是共生 AMF 多样性的报道相对缺乏。Schreiner 等^[18]在 2009 年研究发现葡萄园葡萄根系 AMF 的多样性受到土壤和葡萄年龄的影响, 但无明显季节性变化, 并于 2020 年研究得到土壤深度、管理区域和栽培年份对葡萄根系 AMF 群落有影响^[19]。宁夏贺兰山东麓是中国葡萄酒地理标志产品保护区之一^[20], 地处世界葡萄种植的黄金地带, 在国际具有较高的知名度和美誉度^[21]。房玉林等^[22]对中国西北 5 个不同葡萄园酿酒葡萄‘赤霞珠’ (Cabernet Sauvignon) 根系 AMF 的空间分布进行研

究, 初步证实葡萄与 AMF 具有良好的共生关系, 球囊霉属 (*Glomus*) 占绝对优势; 其中在宁夏贺兰山东麓地区的葡萄根际鉴定到了 *Septoglomus constrictum*、*Rhizophagus intraradices*、*Funneliformis mossae* 和 *G. versiforme* 等常见种, *Claroideoglomus claroideum*、*Funneliformis coronatum*、*C. etunicatum*、*C. luteum*、*Acaulospora rehmi* 和 *A. rugosa* 等稀有种。然而该地区不同酿酒葡萄品种及其根系在不同土壤深度中 AMF 的定殖、二者协同进化产生的具有宿主特异性的菌根真菌多样性和群落组成尚未见报道。

利用高通量测序技术 (High-throughput sequencing, HTS) 探索 AMF 多样性正成为一种越来越流行的方法, 因其具有测序速度快、高通量和低操作成本的优点^[23], 目前已广泛应用于环境修复、农业和林业的 AMF 研究中^[24-26]。高通量测序技术不仅丰富和完善了 AMF 的分类体系, 而且能够准确地评估宿主植物中 AMF 的多样性和群落分布^[6], 已在苹果 (*Malus pumila*)、玉米 (*Zea mays* L.) 和水稻 (*Oryza sativa* L.) 等宿主植物中得到应用^[27-29]。AMF 能够与宁夏酿酒葡萄建立良好的共生关系^[22], 但不同品种和土壤深度对酿酒葡萄根际土壤 AMF 多样性的影响尚不明确。本研究首次采用高通量测序方法对宁夏贺兰山东麓地区酿酒葡萄品种‘赤霞珠’、‘美乐’ (Merlot)、‘霞多丽’ (Chardonnay) 不同土壤深度的根系和根际土壤进行研究, 以期探究酿酒葡萄根系 AMF 的定殖规律, 明确酿酒葡萄根际土壤 AMF 多样性和群落组成分布, 为充分利用 AMF 资源及研发酿酒葡萄专用菌肥提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

宁夏志辉源石酒庄(38°34'18" N, 106°01'43" E, 海拔1 164 m)位于宁夏贺兰山东麓产区,地处中国西北干旱区、东部季风区和青藏高寒区的交汇地带。气候干燥凉爽,光照充足,昼夜温差大,年平均气温9.8℃,年降水量190 mm,年日照时数3 032 h,病虫害少。土壤类型为淡灰钙土、风沙土,且有黄河水灌溉之利。葡萄园面积近1 300 hm²,主栽品种有‘赤霞珠’‘美乐’‘霞多丽’等,树龄10年。

1.2 试验设计及土样采集

本试验于2021年8月在宁夏志辉源石酒庄采集酿酒葡萄根段和根际土样品。选取培育酿酒葡萄品种为‘赤霞珠’(CXZ)、“美乐”(ML)、“霞多丽”(XDL)的3个样地,各样地面积约6.67~8.00 hm²,生态环境条件一致,且栽培管理措施相同。在采样之前,提前挖掘该酒庄3个品种的酿酒葡萄根系进行初步观察,发现其根系主要集中分布在地表垂直向下0~60 cm。因此,本研究确定了酿酒葡萄的根和根际土采样范围为土壤表面以下0~60 cm。

每个样地采用对角线采样法设置3个采样点,采样点面积为20 m×20 m,各采样点间隔至少>100 m。每个采样点随机选择3株长势良好的酿酒葡萄植株,在距酿酒葡萄植株主干东西南北4个方位水平方向约0~30 cm内,除去表层碎石及枯枝杂草,垂直向下按0~20 cm(d1)、20~40 cm(d2)和40~60 cm(d3)3个土层挖取酿酒葡萄根段和根际土壤样品。附着在根上的土壤被定义为根际土壤^[30]。参考Liu等^[31]的方法,根际土壤取样即轻轻地抖落根部周围的大块土壤,用无菌小毛刷刷下紧紧附着在根表面的土壤,然后将其通过1 mm的筛网除去根部碎屑。每个样本中的根际土壤充分混合后,采用四分法保留5 g,放入带有编号的2 mL灭菌离心管,于冰盒中带回实验室,−80℃冷冻保存用于高通量测序。用无菌剪刀剪下葡萄根段,用无菌水冲洗干净,保存于FAA固定液(V(38%甲醛):V(冰醋酸):V(75%乙醇)=1:1:18)中,用于AMF的形态结构观察和定殖状况检测。在3个品种酿酒葡萄的3块样地的3个土壤深度中共采集27份根段样品和27份土壤样品。

1.3 酿酒葡萄根系中AMF侵染测定及观察

样品参照Phillips等^[32]的方法进行染色。从FAA固定液取出根段,将根段剪成1 cm,每个样品选择100根移入10% KOH中,90℃水浴1 h,乳酸酸化5~10 min,利用5%醋酸-墨水染色液(白醋95 mL,Quink墨水5 mL)染色5 min,乳酸甘油(V(乳酸):V(甘油)=1:1)脱色12 h。脱色完成后,于Olympus BX53(奥林巴斯株式会社,日本)显微镜下观察AMF侵染状况、定殖结构并拍照,每个根段观测30个视野,计算根系AMF总定殖率和定殖强度^[33-34]。计算公式如下:

$$\text{总定殖率} = (\text{丛枝视野数} + \text{泡囊视野数} + \text{菌丝视野数}) / \text{总视野数} \times 100\% \quad (1)$$

$$\text{定殖强度} = \frac{\sum \left(\frac{\text{每根段被侵染长度}}{\text{每根段总长度}} \right)}{\text{被侵染根段总数}} \times 100\% \quad (2)$$

1.4 土壤基因组DNA提取、PCR扩增及测序

利用基因组DNA提取试剂盒(Fast DNA® SPIN Kit for Soil(QBIOgene Inc., Carlsbad, CA, USA))提取土壤总DNA,使用ABI GeneAmp® 9700型PCR仪器进行DNA扩增试验。采用2对特异性引物进行PCR扩增,第一轮扩增引物为AML1(5'-ATCAACTTTCGATGGTAGGATAGA-3')和AML2(5'-GAACCCAAACACTTTGGTTTCC-3')^[35]。第二轮引物为AMV4-5NF(5'-AAGCTCGTAGTTGAATTTTCG-3')和AMDGR(5'-CCCAACTATCCCTATTAATCAT-3')^[5]。20 μL反应体系:5×FastPfu Buffer 4 μL,2.5 mmol/L dNTPs 2 μL,5 μmol/L正反引物各0.8 μL,FastPfu Polymerase 0.4 μL,BSA 0.2 μL,DNA模板10 ng/L,ddH₂O补足至20 μL。PCR程序:95℃3 min;95℃30 s,55℃30 s,72℃45 s;72℃10 min,10℃保温。一轮引物:AML1F/AML2R,退火温度55℃,循环数为32 cycles。二轮引物:AMV4-5NF/AMDGR,退火温度55℃,循环数为20 cycles。PCR产物于2%琼脂凝胶电泳上样3 μL进行检测。上述工作由上海美吉生物医药科技有限公司协助完成,原始数据已上传至GenBank,项目登录号为PRJNA966782。

1.5 生物学信息分析

使用FLASH(version 1.2.7)对MiSeq测序得到双端序列数据,根据PE reads之间的overlap关

系,将成对的 reads 拼接(merge)成一条序列,同时使用 fastp(version 0.19.6)软件对其进行质控过滤。使用 UPARSE 软件(version 7.1)按照 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类。采用 RDP classifier 贝叶斯算法(version 2.11)在 18S rRNA 数据库上对每个 OTU 代表序列进行物种注释分析^[36]。

1.6 数据分析

采用 Mothur 软件(version v. 1.30.2)计算 Alpha 多样性指数。采用 SPSS 23.0 邓肯多重比较(Duncan's multiple range test)进行 AMF 总定殖率、定殖强度以及 Alpha 多样性等样本间双因素差异显著性分析。在不同分类学水平上统计各样本的物种组成及各物种相对丰度,通过群落饼(Pie)图和 Bar 图可视化呈现不同分组(或样本)优势物种的组成。利用维恩(Venn)图展示不同分组间共有和特有的 AMF OTU 数目,直观地表现出样品间 OTU 的重合情况。使用 LEfSe 多级物种差异判别分析^[37]对样本差异产生显著性影响的菌群。基于 Qiime 软件(version 1.9.1)计算 Beta 多样性距离矩阵,综合 ANOSIM 组间差异检验结果,构建主坐标分析(PCoA)图,以此揭示样品间菌群差异^[38]。Permanova 即置换多元方差分析(permutational MANOVA),即利用半度量(如 Bray-Curtis)或度量距离矩阵(如 Euclidean)对总方差进行分解,分析不同分组因素对样品差异的解释度^[39],并使用置换检验对划分的统计学意义进行显著性分析。上述所有数据处理和生物多样性分析均在 Majorbio 生信云平台(<http://www.majorbio.com/>)完成。

2 结果与分析

2.1 酿酒葡萄根系 AMF 定殖状况分析

3 个酿酒葡萄品种‘赤霞珠’‘美乐’‘霞多丽’根系均能被 AMF 侵染形成丛枝菌根结构,结构类型为疆南星型(Arum-type, A-型,图 1)。AMF 定殖于酿酒葡萄根系皮层细胞间隙,延伸生长形成大量胞间菌丝,呈直线形(图 1(a₁))、二叉状分枝(图 1(a₁)、(b₁)~(b₃))或树枝状(图 1(a₁)、(c₁)和(c₂)),之后菌丝连续二分叉式生长形成丛枝(图 1(a₁))。菌丝顶端膨胀在细胞内和细胞间隙内形成大小不等、形态多样的泡囊,泡囊多为纺锤形(图 1(a₄))、圆形(图 1(b₄)和(c₄))、椭圆形(图 1(a₃))、矩形(图 1(c₃))或不规则形(图 1(b₃)),有的泡囊中有内含物(图 1(b₄)和

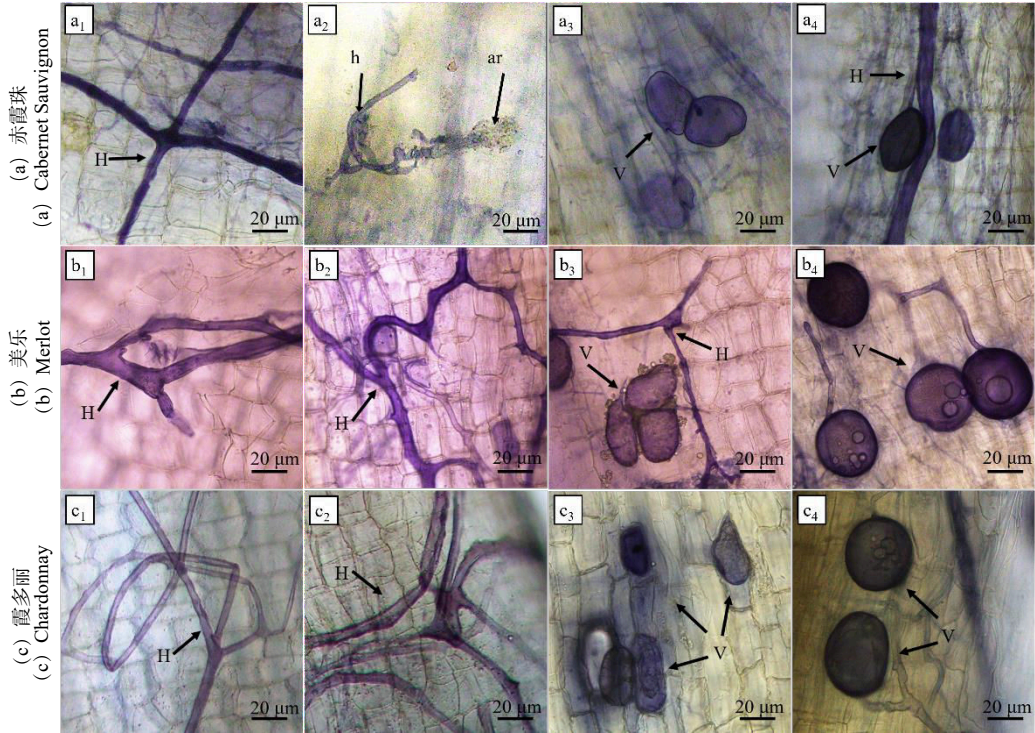
(c₄))。不同品种酿酒葡萄品种菌丝形态和泡囊密集程度不同。‘赤霞珠’根系中菌丝多为直线型,‘美乐’多为二叉型,‘霞多丽’多为树枝状,3 个酿酒葡萄品种根系泡囊密集程度主要表现为‘赤霞珠’>‘美乐’>‘霞多丽’。

酿酒葡萄 AMF 在不同品种和不同土壤深度间的定殖状况存在显著性差异($P < 0.05$,表 1)。3 个品种间,‘美乐’根系 AMF 的总定殖率(30.78%)和定殖强度(42.08%)最高,‘霞多丽’的最低。在土壤深度为 20~40 cm 时,酿酒葡萄根系 AMF 的总定殖率(31.89%)和定殖强度(40.1%)最高。‘赤霞珠’‘美乐’葡萄根系 AMF 的总定殖率和定殖强度均随着土壤深度的增加先增加后降低,‘霞多丽’葡萄根系 AMF 的总定殖率和定殖强度均随着土壤深度的增加逐渐降低。

2.2 酿酒葡萄根际土壤 AMF 测序结果与 α 多样性分析

对酿酒葡萄根际土壤的 AMF 进行高通量测序,共获得有效序列 562 284 条,碱基数 121 210 743 个,平均序列长度为 216 bp。基于 97% 相似度的分类水平,共注释得到 64 个 OTUs,分属于 1 门、3 纲、5 目、7 科、7 属、32 种。

采用群落多样性(Shannon 指数)、丰富度(Ace 指数)、均匀度(Shannoneven 指数)和物种的谱系多样性(PD 指数)评估不同酿酒葡萄品种在不同土壤深度根际土壤 AMF 群落结构的 α 多样性(图 2 和表 2)。3 个酿酒葡萄品种根际土壤 AMF 的群落多样性、均匀度有显著差异($P < 0.05$),而丰富度和物种的谱系多样性无显著差异。‘美乐’根际土壤 AMF 的 Shannon 指数、Ace 指数和 Shannoneven 指数最大,‘霞多丽’的 Pd 指数最大,表明‘美乐’的群落多样性、丰富度和均匀度最高,‘霞多丽’的谱系多样性最高(图 2(a)~(d))。在 3 个土壤深度间,酿酒葡萄根际土壤 AMF 的群落多样性、丰富度、均匀度和物种的谱系多样性均有显著差异。0~20 cm 根际土壤 AMF 的 Shannon 指数、Ace 指数和 Shannoneven 指数最大,20~40 cm 的 Pd 指数最大,表明 0~20 cm 根际土壤 AMF、群落多样性、丰富度和均匀度最高,20~40 cm 土壤谱系多样性最高(图 2(e)~(h))。不同品种根际 AMF 的 Ace 指数和 PD 指数随土壤深度变化不存在显著差异($P < 0.05$),说明 AMF 的群落丰富度



H:菌丝; V:泡囊; Ar:丛枝。H, hypha; V, vesicle; Ar, arbuscule.

图1 不同酿酒葡萄品种根系AMF定殖结构

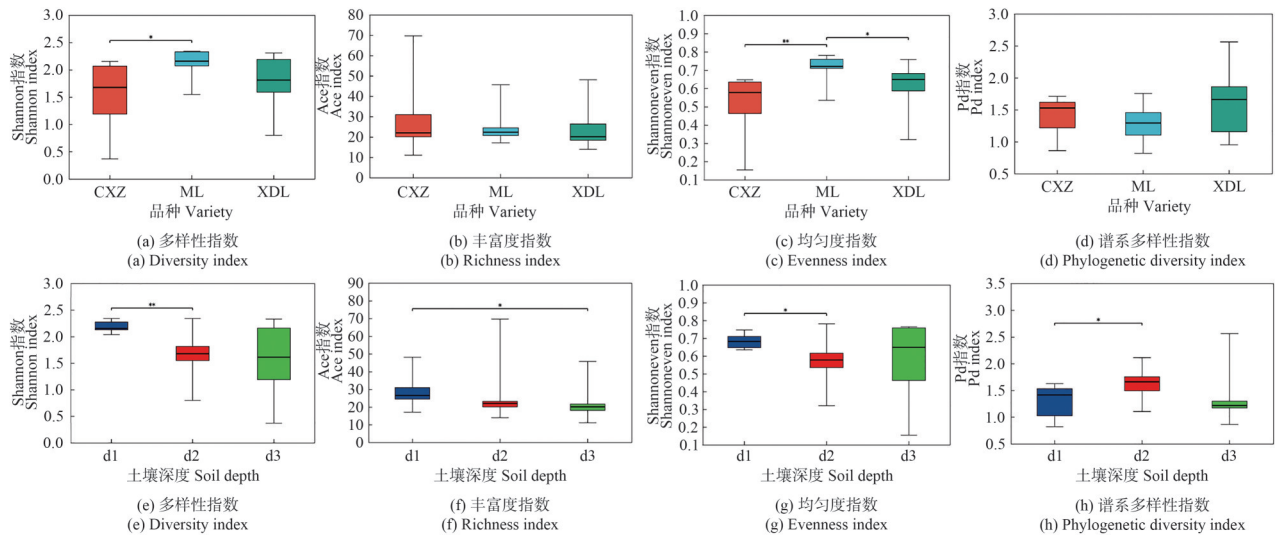
Fig. 1 Structure of AMF colonization in the root systems of different wine grape varieties

和物种的谱系多样性受土壤深度影响较小。除‘美乐’外,‘赤霞珠’‘霞多丽’AMF的Shannon指数和Shannoneven指数存在显著差异($P<0.05$),且随土壤深度变化整体呈现下降趋势(表2),说明土壤深度可能影响酿酒葡萄根际AMF的群落多

样性和均匀度。

2.3 酿酒葡萄根际土壤AMF群落的组成和分布

酿酒葡萄根际土壤AMF共鉴定出1门、3纲、5目、7科、7属、32种。在属水平上,相对丰度较高的4个属有球囊霉属(78.78%~99.96%)、近明球囊霉



*和**分别表示在0.05和0.01水平下差异显著(Wilcoxon rank-sum test)。
* and ** indicate significant difference at 0.05 and 0.01 levels, respectively (Wilcoxon rank-sum test).

图2 酿酒葡萄根际土壤不同品种和土壤深度在OTU水平上的α多样性指数

Fig. 2 The α diversity index of different varieties and soil depths in the rhizosphere soil of wine grapes at the OTU level

表 1 酿酒葡萄根系 AMF 定殖状况

Table 1 AMF colonization of wine grape roots

处理 Treatment	总定殖率/% Total colonization rate	定殖强度/% Colonization intensity
CXZ-d1	19.72±0.86 b	23.82±0.22 b
CXZ-d2	40.72±0.77 a	40.93±0.39 a
CXZ-d3	14.22±2.26 c	17.55±0.73 c
ML-d1	30.28±0.84 b	36.64±0.51 b
ML-d2	40.28±0.96 a	54.44±0.77 a
ML-d3	21.78±0.67 c	35.15±0.50 b
XDL-d1	28.78±0.95 a	34.51±0.64 a
XDL-d2	14.67±0.50 b	24.94±1.74 b
XDL-d3	11.50±0.44 c	22.68±0.94 b
CXZ	24.89±12.18 b	27.43±10.49 b
ML	30.78±8.05 a	42.08±9.31 a
XDL	18.31±7.99 c	27.38±5.54 b
d1	26.26±5.00 b	31.66±5.97 b
d2	31.89±12.94 a	40.10±12.83 a
d3	15.83±4.77 c	25.13±7.86 c
品种 Variety	***	***
土壤深度 Soil depth	***	***
品种×土壤深度 Variety×Soil depth	***	***

注：表中数据为平均值±标准误。CXZ 表示赤霞珠；ML 表示美乐；XDL 表示霞多丽。d1 表示土壤深度 0~20 cm；d2 表示 20~40 cm；d3 表示 40~60 cm。***表示差异显著（双因素方差检验， $P<0.001$ ）。不同小写字母表示不同酿酒葡萄品种定殖情况在不同土层间差异显著（ $P<0.05$ ）。下同。

Note: The data is the mean±SE. CXZ, Cabernet Sauvignon; ML, Merlot; XDL, Chardonnay. d1 indicates soil depth 0 to 20 cm; d2 indicates 20 to 40 cm; d3 indicates 40 to 60 cm. *** indicates significance (two-factor variance test, $P<0.001$). Different lowercase letters indicate that the colonization of different wine grape varieties is significantly different in different soil layers ($P<0.05$). The same below.

表 2 不同酿酒葡萄品种根际土壤 AMF 在各土壤深度的 α 多样性指数

Table 2 The AMF α diversity index among different varieties and soil depths of wine grape rhizosphere soil

处理 Treatment	Shannon 指数 Shannon index	Ace 指数 Ace index	Shannoneven 指数 Shanoneven index	Pd 指数 Pd index
CXZ-d1	2.12±0.05 a	37.19±28.13 a	0.64±0.01 a	1.59±0.05 a
CXZ-d2	1.70±0.04 a	34.94±11.08 a	0.57±0.02 a	1.58±0.12 a
CXZ-d3	0.84±0.42 b	14.56±6.07 a	0.35±0.17 b	1.10±0.21 a
ML-d1	2.17±0.16 a	20.71±3.71 a	0.72±0.02 a	1.06±0.39 a
ML-d2	1.98±0.4 a	23.43±1.29 a	0.67±0.13 a	1.44±0.33 a
ML-d3	2.25±0.09 a	29.25±14.23 a	0.75±0.02 a	1.25±0.07 a
XDL-d1	2.26±0.06 a	34.43±11.86 a	0.68±0.01 a	1.20±0.20 a
XDL-d2	1.25±0.52 b	17.43±3.18 a	0.47±0.15 b	1.88±0.23 a
XDL-d3	1.75±0.26 ab	19.32±1.53 a	0.66±0.09 a	1.73±0.81 a
品种 Variety	***		***	
土壤深度 Soil depth	***		*	
品种×土壤深度 Variety×Soil depth	***		*	

属(*Claroideoglossus*, 0.54%~16.29%)、球囊菌门未定属(*unclassified Glomeromycota*, 0.01%~2.73%)和多样孢囊霉属(*Diversipora*, 0.03%~2.18%, 图3(a))。在种水平上, 相对丰度较高的4个种有 *unclassified Glomus* (33.92%~88.18%)、*sp. VTX00304* (2.97%~48.78%)、*sp. VTX00067*

(0.86%~30.55%)和 *MO-G6 VTX00214* (9.44%~22.37%, 图3(b))。3个酿酒葡萄品种不同土壤深度的根际土壤样品中AMF群落组成和优势属存在明显差异。球囊霉属和 *unclassified Glomus* 的丰度在3个品种和3个土壤深度间均为最高, 占绝对优势。

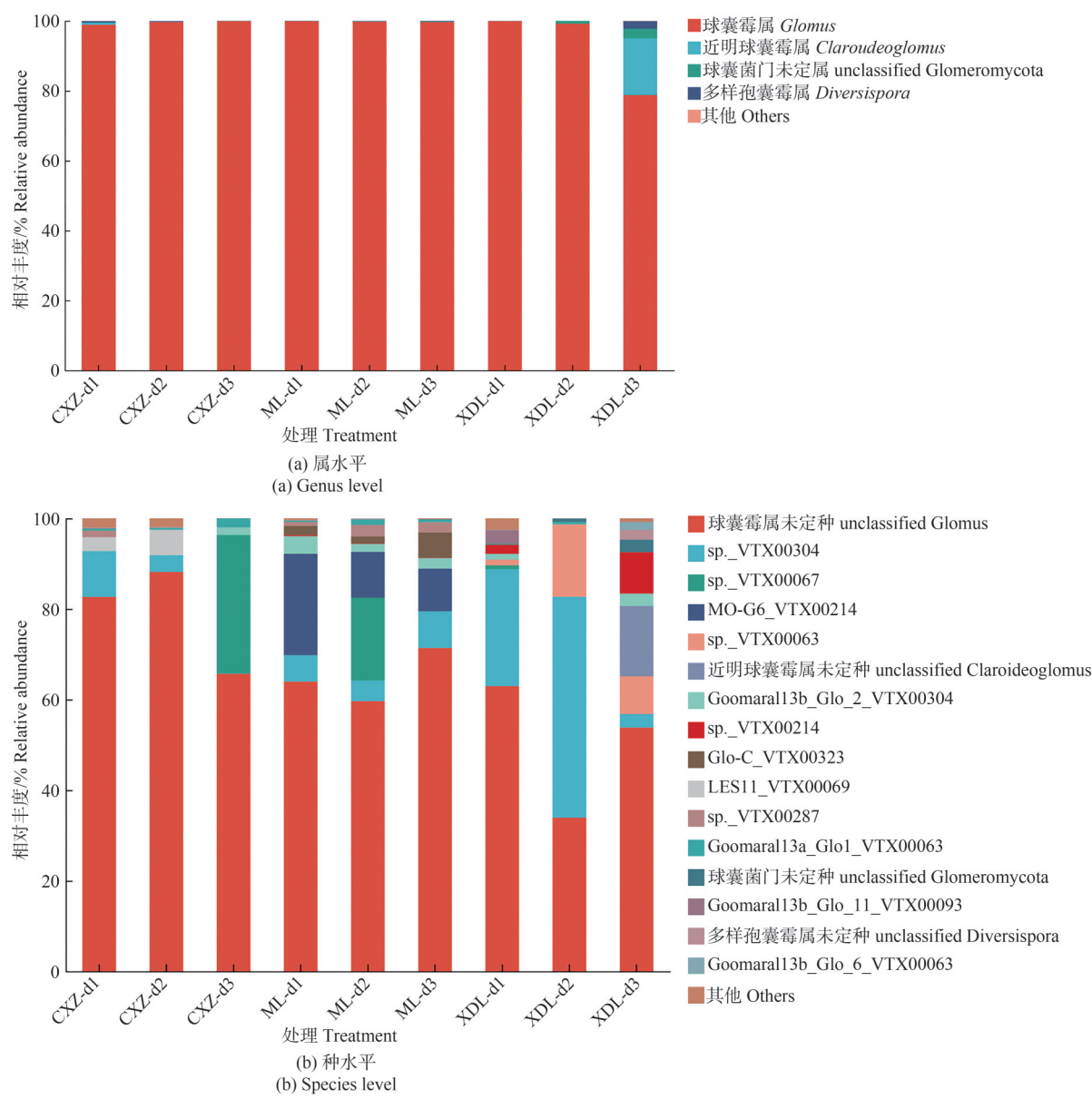


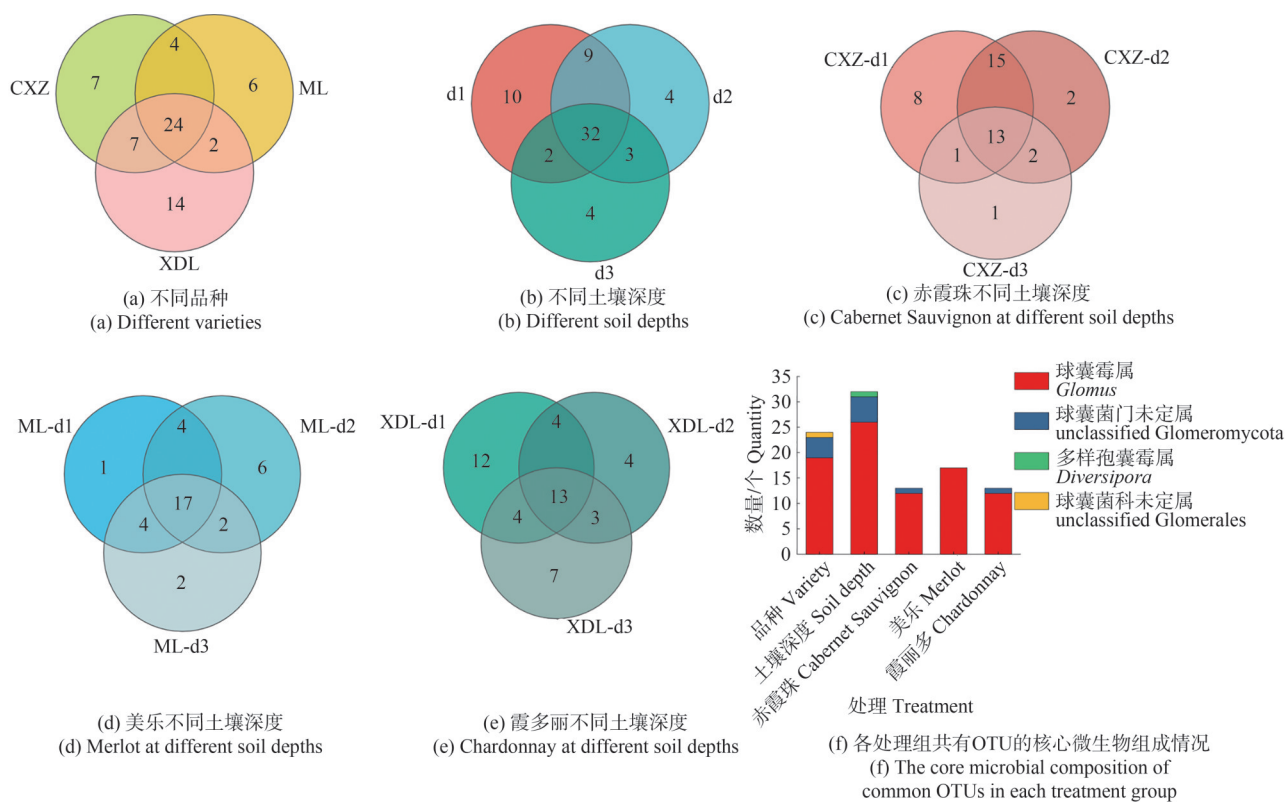
图3 酿酒葡萄根际土壤中AMF的群落组成
Fig. 3 The community composition of AMF in soil

2.4 酿酒葡萄根际土壤AMF的核心物种分析
目前定义核心菌群采用的分析方法是“成员法”, 成员法是通过比较宿主微生物组中是否存在共有的OTU来确定核心微生物组^[40]。Venn图直观地展现

了酿酒葡萄品种和土壤深度土壤样本AMF所共有和独有的OTU数量, 各AMF群落之间既存在一定程度的交集, 又彼此独立(图4)。总体而言, 3个品种特有的OTU分别是CXZ 7个、ML 6个和XDL 14

个;共有的 OTU 是 24 个,代表了品种的核心微生物群(图 4(a))。3 个土壤深度特有的 OTU 分别是 d1 10 个、d2 4 个、d3 4 个;共有的 OTU 是 32 个,代表了土层核心微生物群(图 4(b))。每个酿酒葡萄品种不同土

壤深度 AMF 的特有和共有 OTU 如图 4(c)~(e)所示。共有的 OTU 在分类上是多样化的(图 4(f)),但大多数均属于 *Glomus*, 仅土层的核心微生物中含 *Diversipora*。



(a)~(e): 重叠部分的数字代表多个分组中共有的物种数目, 非重叠部分的数字代表对应分组所特有的物种数目。

(a) to (e): The number of overlapping parts represents the number of species shared by multiple groups, and the number of non-overlapping parts represents the number of species unique to the corresponding group.

图 4 酿酒葡萄根际土壤 AMF 的核心物种分析

Fig. 4 Analysis of core species of AMF in wine grape rhizosphere soil

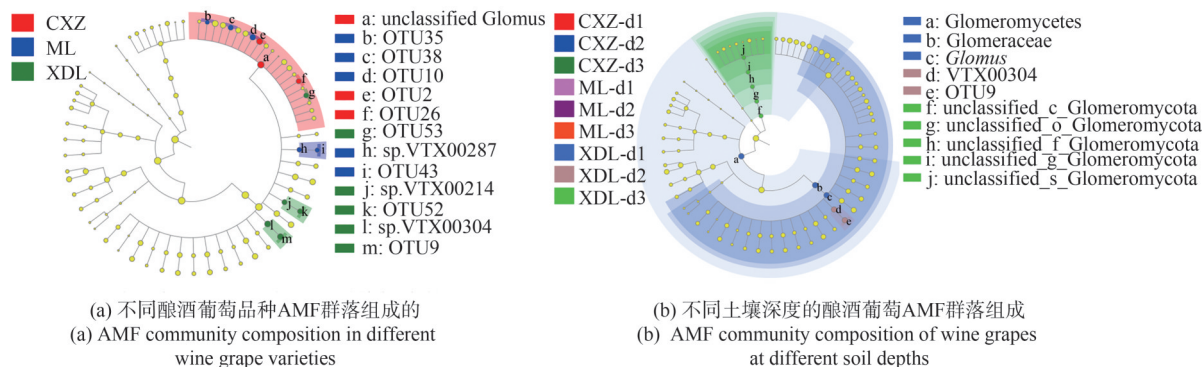
2.5 酿酒葡萄根际土壤 AMF 的生物标记物分析

LEfSe 分析用于识别酿酒葡萄根际土壤的生物标记物, 即组间具有显著差异的物种^[37]。就品种而言(图 5(a)), 在 OTU 水平上, ‘美乐’的生物标志物丰度最高, unclassified *Glomus*、OTU2 和 OTU26 在 ‘赤霞珠’根际土壤中显著富集 ($P < 0.05$), OTU38、OTU10、sp. VTX00287 和 OTU43 在 ‘美乐’根际土壤中显著富集, OTU53、sp. VTX00214、OTU52、sp. VTX00304 和 OTU9 在 ‘霞多丽’中显著富集 ($P < 0.05$)。在不同的土壤深度下(图 5(b)), 仅有 ‘霞多丽’品种识别出生物标记物, *Glomeromycetes*、*Glomeraceae* 和 *Glomus* 在 0~20 cm 土层显著富集 ($P < 0.05$), VTX00304 在 20~40 cm 土层显著富集, unclassified *Glomeromycota* 在

40~60 cm 土层显著富集 ($P < 0.05$)。

2.6 酿酒葡萄根际土壤 AMF β 多样性分析

在 OTU 水平评估不同酿酒葡萄品种根际土壤 AMF 群落的 β 多样性(图 6)。通过 bray-curtis 距离算法进行主坐标分析(PCoA, 图 6(a)), PC1、PC2 分别解释了总变异的 26.5% 和 18.33%, 总解释度为 44.83% ($R = 0.5908$, $P = 0.001$)。非度量多维标度(NMDS)排序分析显示 stress = 0.153, $R = 0.5908$, $P = 0.001$ (图 6(b))。3 个酿酒葡萄品种分别形成了不同的聚集群, 其中 ‘美乐’ ‘霞多丽’的 AMF 群落相距最远, 表明两者 AMF 群落结构相似性低, 差异最大; ‘赤霞珠’ ‘美乐’ AMF 群落部分重叠, 表明两者菌群结构差异较小。而 3 个不同土壤深度的 AMF 群落重叠部分较大, 表明 3 个不同的土壤深度 AMF 群落

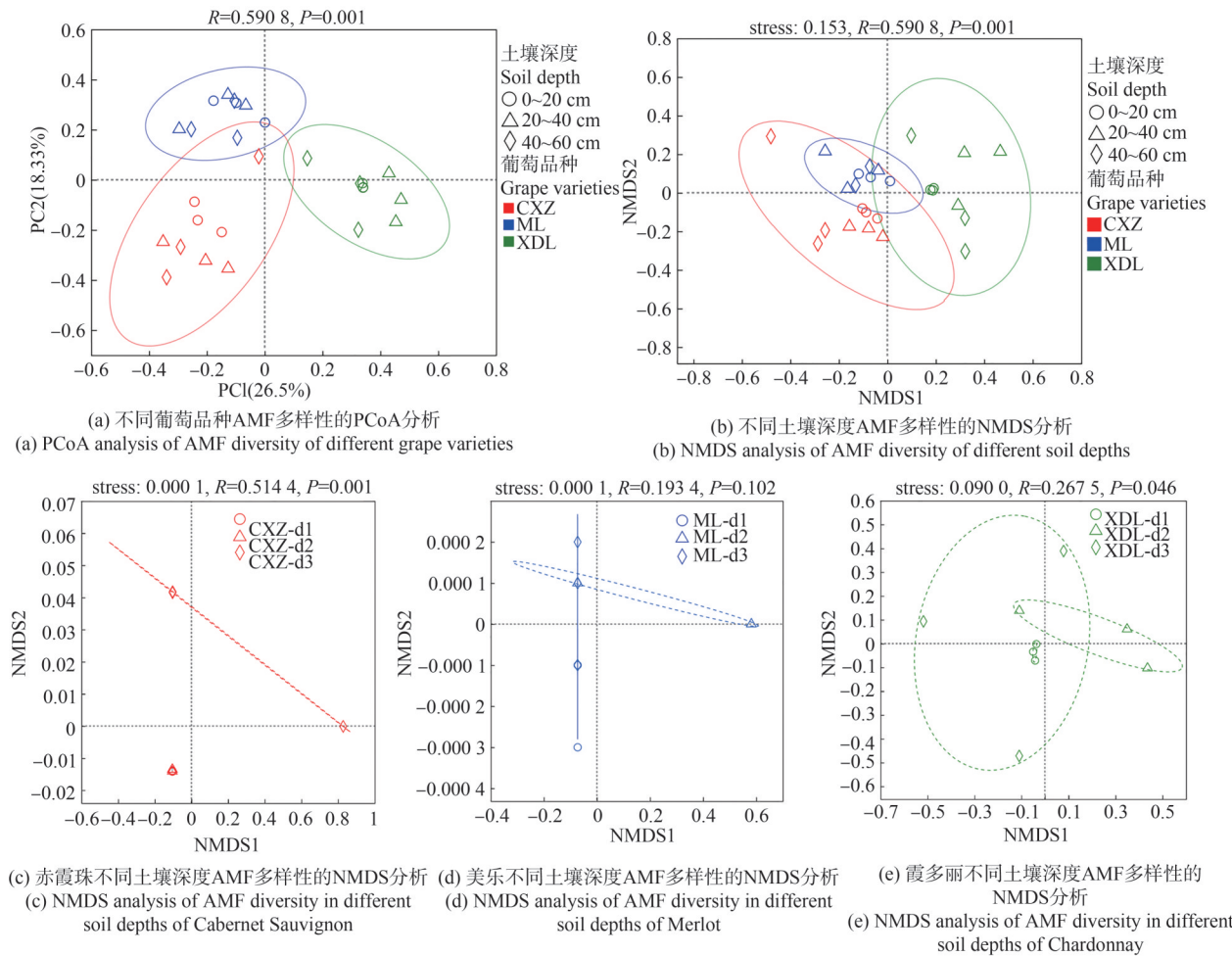


由内至外的7层圈依次为门、纲、目、科、属、种、OTU。小圆圈大小代表该分类水平下该物种相对丰度大小。无显著差异物种标记为黄色，有显著差异物种以着色标记。

The seven large circles are phylum, class, order, family, genus, specious and OTU from the inside out. Small circle size represents the relative abundance of the species at the taxonomic level. Species with no significant difference are marked in yellow, while species with significant difference are marked in color.

图5 酿酒葡萄根际土壤AMF的多级物种层级树图(LEfSe)分析

Fig. 5 Linear discriminant analysis effect size (LEfSe) analysis of AMF in wine grape rhizosphere soil



不同颜色或形状的点代表不同分组的样本,两样本点越接近,表明两样本物种组成越相似。纵横坐标表示相对距离,无实际意义。

The points of different colors or shapes represent samples of different groups. The closer the two sample points are, the more similar the species composition of the two samples is. The horizontal and vertical coordinates represent the relative distance, which is of no practical significance.

图6 基于Bray-Curtis距离的酿酒葡萄根际土壤AMF β多样性分析

Fig. 6 Analysis of AMF β diversity in wine grape rhizosphere soil based on Bray-Curtis distance

结构无明显差异(图 6(c)~(e))。这些结果通过酿酒葡萄品种和土壤深度之间 AMF 群落结构的 ADONIS 成对比较得到证实(表 3)。PERMANOVA 分析(表 4)揭示不同品种对于酿酒葡萄菌群差异的解释度(0.43)和可信度(0.001)较高,而土壤深度对于 AMF 群落结构差异的解释度(0.09)和可信度较低(0.30)。上述分析表明,品种是解释酿酒葡萄根际土壤 AMF 群落变异的重要因素。

表 3 酿酒葡萄根际土壤不同品种和土壤深度间 AMF 微生物群落结构的 ADONIS 配对比较

Table 3 ADONIS pairwise comparisons of AMF microbiota structure between varieties and soil depths in the root-soil of wine grapes

处理 Treatment	分类 Category	R^2	P value
品种比较 Variety comparison	赤霞珠 vs 美乐	0.362 4	0.001
	赤霞珠 vs 霞多丽	0.348 3	0.001
	美乐 vs 霞多丽	0.379 1	0.001
土壤深度比较 Soil depth comparison	0~20 cm vs 20~40 cm	0.053 3	0.465
	0~20 cm vs 40~60 cm	0.107 5	0.054
	20~40 cm vs 40~60 cm	0.041 3	0.688

注: R^2 值表示分组因素对样本差异的解释程度; R^2 越大,说明分组对差异的解释程度越高。 $P<0.05$ 表明本试验的置信水平较高。下同。
Note: The R^2 value represents the degree of explanation of the grouping factors on the differences of the samples; a larger R^2 indicates a higher degree of explanation of the differences by grouping; P value less than 0.05 indicates a high confidence level of this test. The same below.

表 4 酿酒葡萄根际土壤不同品种和土壤深度的 AMF 微生物群落结构的 PERMANOVA 分析

Table 4 PERMANOVA analysis of AMF microbial community structure in different varieties and depths of wine grape root soil

处理 Treatment	总方差 Total square deviation	平均方差 Mean variance	F 检验值 F model	R^2	P 值 P value	校准后的 P 值 P adjust
品种 Variety	2.882 5	1.441 3	9.099 6	0.431 3	0.001	0.002
土壤深度 Soil depth	0.576 5	0.288 2	1.132 7	0.086 3	0.297	0.297

3 讨 论

3.1 AMF 侵染酿酒葡萄根系的特征

AMF 能与陆地生态系统中 80% 左右的植物形成菌根联合体^[41],是根际微生物群落的重要组成部分。本研究中,AMF 侵染酿酒葡萄根系形成丛枝菌根,总定殖率为 15.83%~36.59%,定殖强度为 25.13%~42.08%,表明 AMF 与 3 个不同酿酒葡萄品种在不同深度采集的根系均能建立共生关系。AMF 侵染酿酒葡萄根系形成典型的 Arum-type 结构。丛枝为 AMF 结构的关键特征和最重要的结构,包括疆南星型(Arum-type, A 型)、重楼型(Paris-type, P 型)以及中间类型(Intermediate type, I 型)^[42]。在自然植物群落中,中间类型较为少见,主要见于豆科、大戟科和唇形科等中的部分植物种类;P 型较为多见,尤其在苔鲜、蕨类植物、裸子植物

和野生的被子植物中占主导地位;而 A-型则常见于栽培植物中^[42]。酿酒葡萄长久以来是栽培经济果树之一,这可以解释为何 A-型是酿酒葡萄中 AMF 的主要侵染类型。

3.2 高通量测序技术在获取 AMF 生物多样性信息方面的应用

研究 AMF 的方法包括孢子鉴定工作和分子分析^[43-44]。然而,孢子鉴定是一项时间和能量密集型任务,易受区域变化、宿主物种、微生物年龄和孢子形态的可变性影响,因此区分相似物种的孢子具有挑战性^[36]。相比之下,高通量测序是研究 AMF 群落结构和多样性的一种越来越稳健和普遍的方法^[45-47]。本研究首次采用高通量测序技术从基因组水平对宁夏贺兰山东麓酿酒葡萄根际土壤 AMF 的多样性和群落结构进行分析,共检测到 1 门、3 纲、5 目、7 科、7 属、32 种、64 个 OTUs,表明酿酒葡萄根际

土壤具有丰富的AMF物种多样性。

3.3 宿主植物对AMF多样性和群落结构的影响

宿主植物影响AMF多样性和群落结构^[4]。Kumar等^[48]研究表明,相较于荔枝树空间分布、树龄和田间管理措施,品种对荔枝树AMF的定殖率影响更大。吕燕等^[49]利用高通量测序技术比较分析了不同品种宁夏枸杞根系AMF多样性,发现品种影响宁夏枸杞根系AMF群落 α 多样性、优势种,但不影响 β -多样性。本研究中3个酿酒葡萄品种根际土壤AMF的总定殖率和定殖强度差异显著,‘美乐’最高,且其群落多样性(Shannon指数)、均匀度(Shannoneven指数)也显著高于其他品种,表明酿酒葡萄的品种是影响AMF定殖和 α 多样性的重要因素,这与吕燕等^[49]研究结果一致,说明‘美乐’可能是AMF的最佳宿主植物。不同品种中AMF菌群的相对丰度存在一定差异,LEfSe分析所识别到的生物标记物也显著不同,表明不同品种酿酒葡萄AMF群落组成差异明显。此外,3个酿酒葡萄品种根际土壤的 β 多样性显示‘赤霞珠’‘美乐’‘霞多丽’分别形成了不同的聚集群,且不同品种对于酿酒葡萄菌群差异的解释度和可信度更高,表明品种是解释酿酒葡萄根际土壤AMF群落变化的因素。在物种水平上,不同种寄主植物生理代谢、根系内环境及分泌物不同,必然会影响AMF的侵染策略,从而改变其群落组成^[11]。

3.4 土壤深度对AMF多样性的影响

作为一类重要的土壤微生物,AMF多样性也受到土壤因子的调节。本研究中AMF定殖情况、多样性和群落组成在不同土壤深度有差异,在0~20 cm处较高,随着土壤深度的增加整体呈现下降趋势。这可能是植物残留物通常积聚在土壤表面的结果,这些残留物与土壤高养分含量、良好的通风和有利的水热条件有关,这些条件有利于土壤微生物的生长^[36]。此外,土壤特性(如pH、水分和养分含量)已被确定为AMF物种发生和相对丰度的重要影响因子^[50]。未来可进一步测定土壤的理化性质和酶活等指标,以探索酿酒葡萄AMF多样性与土壤因子的相关性。

3.5 球囊霉属和多样孢囊霉属的功能及应用

据相关报道,球囊霉属在酿酒葡萄根际土壤中高度富集,为进一步研究其特定生态功能提供了有用的信息^[22,51]。本研究得到了同样的结论,球囊霉

属和多样孢囊霉属不仅是酿酒葡萄根际土壤的优势属,也是核心微生物群,两者在植物生防领域发挥着积极作用。房玉林等^[52]研究发现,给‘赤霞珠’扦插苗接种变形球囊霉(*G. versiforme*)能促进葡萄幼苗的生长发育。Villani等^[53]研究证明接种AMF黏质隔球囊霉(*G. viscosum*)能够增强受大丽轮枝菌(*Verticillium dahliae*)影响的朝鲜蓟植株的防御抗氧化系统,缓解其氧化应激症状。此外,Wang等^[54]研究发现在中等程度的盐胁迫下,*D. versiformis*的定殖提高了杭白菊的生长和根系氮吸收。*D. versiformis*和钠膨润土的联合施用还能够显著改善植物的土壤结构和磷利用率^[55]。AMF是否能促进贺兰山东麓地区酿酒葡萄生长发育还有待进一步研究。

3.6 酿酒葡萄共生AMF资源开发利用的展望

AMF在葡萄园生态系统中发挥越来越重要的作用,对葡萄栽培具有有益的影响^[56]。本研究对宁夏贺兰山东麓酿酒葡萄共生AMF资源的开发利用具有重要意义,未来可从以下方面进行深入研究:1)挖掘有益的核心或关键AMF菌株,为葡萄植株在减少肥力需求、增强营养元素的吸收、增强抵御生物胁迫或非生物胁迫、改善土壤结构等可持续栽培育种方面提供依据;2)利用AMF调节葡萄果实的酚类代谢(如花青素)和化学成分(如苹果酸和酒石酸等游离有机酸)来促进葡萄果实品质的改良;3)研究AMF对葡萄植株中氨基酸或挥发性化合物等的影响,或许可以提高葡萄酒口感风味和芳香特性,促进葡萄酒产业的发展。

4 结 论

本研究利用Illumina MiSeq高通量测序技术分析宁夏贺兰山东麓不同酿酒葡萄品种根际AMF在不同土壤深度的群落组成与多样性,为未来研究酿酒葡萄AMF的功能和探索AMF在提高酿酒葡萄产量、品质和可持续性方面的有益应用提供了参考依据。主要结论如下:

1)AMF与3个不同酿酒葡萄品种根系均能建立良好的共生关系,并形成典型的Arum-type结构。

2)贺兰山东麓酿酒葡萄根际土壤具有丰富的AMF物种多样性,包括1门、3纲、5目、7科、7属、32种、64个OTUs。球囊霉属占主导地位,也是核心微生物群。

3)不同酿酒葡萄品种是影响AMF多样性和分布格局的因素之一,酿酒葡萄栽培品种众多,具有丰富的AMF物种多样性,未来在筛选AMF时应注意到品种与AMF之间的匹配,以达到事半功倍的效果。

参考文献 References

- [1] Liang J Y, Zou R, Huang Y, Qin H Z, Tang J M, Wei X, Liang Y, Chai S F. Structure and diversity of mycorrhizal fungi communities of different part of *Bulbophyllum tianguii* in three terrestrial environments [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 992184
- [2] Xu X Y, Qiu Y P, Zhang K C, Yang F, Chen M F, Luo X, Yan X B, Wang P, Zhang Y, Chen H H, Guo H, Jiang L, Hu S J. Climate warming promotes deterministic assembly of arbuscular mycorrhizal fungal communities[J]. *Global Change Biology*, 2022, 28(3): 1147-1161
- [3] Jansa J, Erb A, Oberholzer H-R, Smilauer P, Egli S. Soil and geography are more important determinants of indigenous arbuscular mycorrhizal communities than management practices in Swiss agricultural soils[J]. *Molecular Ecology*, 2014, 23(8): 2118-2135
- [4] Vályi K, Rillig M C, Hempel S. Land-use intensity and host plant identity interactively shape communities of arbuscular mycorrhizal fungi in roots of grassland plants[J]. *New Phytologist*, 2015, 205(4): 1577-1586
- [5] van Geel M, Busschaert P, Honnay O, Lievens B. Evaluation of six primer pairs targeting the nuclear rRNA operon for characterization of arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) communities using 454 pyrosequencing [J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2014, 106: 93-100
- [6] Zhang M G, Shi Z Y, Yang M, Lu S C, Cao L B, Wang X G. Molecular diversity and distribution of arbuscular mycorrhizal fungi at different elevations in Mt. Taibai of Qinling Mountain [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 609386
- [7] Smith S E, Jakobsen I, Grønlund M, Smith F A. Roles of arbuscular mycorrhizas in plant phosphorus nutrition: Interactions between pathways of phosphorus uptake in arbuscular mycorrhizal roots have important implications for understanding and manipulating plant phosphorus acquisition[J]. *Plant Physiology*, 2011, 156(3): 1050-1057
- [8] Mickan B S, Abbott L K, Stefanova K, Solaiman Z M. Interactions between biochar and mycorrhizal fungi in a water-stressed agricultural soil [J]. *Mycorrhiza*, 2016, 26(6): 565-574
- [9] Boldt-Burisch K, Naeth M A, Schneider U, Schneider B, Hüttl R F. Plant growth and arbuscular mycorrhizae development in oil sands processing by-products [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 621: 30-39
- [10] Jing X, Sanders N J, Shi Y, Chu H Y, Classen A T, Zhao K, Chen L T, Shi Y, Jiang Y X, He J S. The links between ecosystem multifunctionality and above- and belowground biodiversity are mediated by climate[J]. *Nature Communications*, 2015, 6: 8159
- [11] Yang H S, Xiong Y Q, Wang Q, Guo Y, Dai Y J, Xu M M. Arbuscular mycorrhizal fungal species diversity: Ecological functioning, determinants and assembling mechanisms [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, 36(12): 2826-2832
- [12] Massa N, Bona E, Novello G, Todeschini V, Boatti L, Mignone F, Gamalero E, Lingua G, Berta G, Cesaro P. AMF communities associated to *Vitis vinifera* in an Italian vineyard subjected to integrated pest management at two different phenological stages [J]. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 9197
- [13] Liu J B, Zhu X L, Ullah N, Tao Y S. Aroma glycosides in grapes and wine[J]. *Journal of Food Science*, 2017, 82(2): 248-259
- [14] Cauduro Girardello R, Rich V, Smith R J, Breneman C, Heymann H, Oberholster A. The impact of grapevine red blotch disease on *Vitis vinifera* L. Chardonnay grape and wine composition and sensory attributes over three seasons[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2020, 100(4): 1436-1447
- [15] Mencarelli F, Bellincontro A. Recent advances in postharvest technology of the wine grape to improve the wine aroma[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2020, 100(14): 5046-5055
- [16] Mele M A, Kang H M, Lee Y T, Islam M Z. Grape terpenoids: Flavor importance, genetic regulation, and future potential[J]. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 2021, 61(9): 1429-1447
- [17] Fernández-López D J, Fernández-Fernández J I, Martínez-Mora C, Bleda-Sánchez J A, Ruiz-García L. Productiveness and berry quality of new wine grape genotypes grown under drought conditions in a semi-arid wine-producing Mediterranean Region[J]. *Plants*, 2022, 11(10): 1363
- [18] Schreiner R P, Mihara K L. The diversity of arbuscular mycorrhizal fungi amplified from grapevine roots (*Vitis vinifera* L.) in Oregon vineyards is seasonally stable and influenced by soil and vine age [J]. *Mycologia*, 2009, 101(5): 599-611
- [19] Schreiner R P. Depth structures the community of arbuscular mycorrhizal fungi amplified from grapevine (*Vitis vinifera* L.) roots [J]. *Mycorrhiza*, 2020, 30(1): 149-160
- [20] Zhang Z, Zhang Q C, Yang H, Sun L J, Xia H C, Sun W J, Wang Z, Zhang J X. Bacterial communities related to aroma formation during spontaneous fermentation of 'cabernet sauvignon' wine in Ningxia, China [J]. *Foods*, 2022, 11(18): 2775
- [21] 胡泽军, 张亚红, 张晓煜, 王锐. 宁夏贺兰山东麓酿酒葡萄不同产区土壤肥力特征与评价[J]. *中国土壤与肥料*, 2021(6): 35-41
- Hu Z J, Zhang Y H, Zhang X Y, Wang R. Characteristics and evaluation of soil fertility in different grape production areas at the eastern foot of Helan Mountain, Ningxia[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2021 (6): 35-41 (in Chinese)
- [22] 房玉林, 屈雁朋, 张稼涵, 孟江飞, 刘金串, 程宝森, 栾丽英. 西北地区赤霞珠葡萄根际土壤中AM真菌的多样性[J]. *植物营养与肥料学报*, 2011, 17(1): 124-130
- Fang Y L, Qu Y P, Zhang J H, Meng J F, Liu J C, Cheng B S, Luan L Y. The screening, identification of arbuscular mycorrhizal fungi in Northwestern vineyards [J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2011, 17(1): 124-130 (in Chinese)
- [23] Wang R T, Zhang Q C, Ju M X, Yan S Y, Zhang Q Q, Gu P W. The endophytic fungi diversity, community structure, and ecological function prediction of *Sophora alopecuroides* in Ningxia, China [J]. *Microorganisms*, 2022, 10(11): 2099
- [24] Higo M, Kang D J, Isobe K. First report of community dynamics of arbuscular mycorrhizal fungi in radiocesium degradation lands after the Fukushima-Daiichi Nuclear disaster in Japan [J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 8240
- [25] Higo M, Tatewaki Y, Iida K, Yokota K, Isobe K. Amplicon sequencing analysis of arbuscular mycorrhizal fungal communities colonizing maize roots in different cover cropping and tillage systems [J]. *Scientific*

- Reports*, 2020, 10(1): 6039
- [26] Xu X L, Wang X J, Cleary M, Wang P, Lu N N, Sun Y J, Rönnerberg J. Slope position rather than thinning intensity affects arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) community in Chinese fir plantations [J]. *Forests*, 2020, 11(3): 273
- [27] van Geel M, Ceustermans A, van Hemelrijck W, Lievens B, Honnay O. Decrease in diversity and changes in community composition of arbuscular mycorrhizal fungi in roots of apple trees with increasing orchard management intensity across a regional scale [J]. *Molecular Ecology*, 2015, 24(4): 941-952
- [28] Zhu C, Ling N, Guo J J, Wang M, Guo S W, Shen Q R. Impacts of fertilization regimes on arbuscular mycorrhizal fungal (AMF) community composition were correlated with organic matter composition in maize rhizosphere soil [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1840
- [29] Parvin S, van Geel M, Yeasmin T, Lievens B, Honnay O. Variation in arbuscular mycorrhizal fungal communities associated with lowland rice (*Oryza sativa*) along a gradient of soil salinity and arsenic contamination in Bangladesh [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 686: 546-554
- [30] Zhou T, Wang L, Li S X, Gao Y, Du Y L, Zhao L, Liu W G, Yang W Y. Interactions between light intensity and phosphorus nutrition affect the P uptake capacity of maize and soybean seedling in a low light intensity area [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10: 183
- [31] Liu W S, Qiu K Y, Xie Y Z, Wang R X, Li H C, Meng W F, Yang Y, Huang Y Y, Li Y Y, He Y. Years of sand fixation with *Caragana korshinskii* drive the enrichment of its rhizosphere functional microbes by accumulating soil N [J]. *PeerJ*, 2022, 10: e14271
- [32] Phillips J M, Hayman D S. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection [J]. *Transactions of the British Mycological Society*, 1970, 55(1): 158-168
- [33] Yan J, He X L, Zhang Y J, Xu W, Zhang J, Zhao L L. Colonization of arbuscular mycorrhizal fungi and dark septate endophytes in roots of desert *Salix psammophila* [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, 38(9): 949-958
- [34] 曹冠华, 张雪, 顾雯, 陈迪, 和志伟, 陈籽翰, 俞捷, 贺森. 不同产地滇黄精丛枝菌根真菌、深色有隔内生真菌定殖调查及与主要功效成分含量相关性分析 [J]. *中草药*, 2019, 50(16): 3930-3936
- Cao G H, Zhang X, Gu W, Chen D, He Z W, Chen Z H, Yu J, He S. Colonization investigation of arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) and dark septate endophytes (DSE) in roots of *Polygonatum kingianum* and their correlations with content of main functional components in rhizomes [J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2019, 50(16): 3930-3936 (in Chinese)
- [35] Lee J, Lee S S, Young J P W. Improved PCR primers for the detection and identification of arbuscular mycorrhizal fungi [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2008, 65(2): 339-349
- [36] Luo Y F, Wang Z K, He Y L, Li G F, L X H, Zhuang L. High-throughput sequencing analysis of the rhizosphere arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) community composition associated with *Ferula sinkiangensis* [J]. *BMC Microbiology*, 2020, 20(1): 335
- [37] Segata N, Izard J, Waldron L, Gevers D, Miropolsky L, Garrett W S, Huttenhower C. Metagenomic biomarker discovery and explanation [J]. *Genome Biology*, 2011, 12(6): R60
- [38] Yan K, Pei Z H, Meng L N, Zheng Y, Wang L, Feng R Z, Li Q Z, Liu Y, Zhao X M, Wei Q, El-Sappah A H, Abbas M. Determination of community structure and diversity of seed-vectored endophytic fungi in *Alpinia zerumbet* [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 814864
- [39] Ziegler M, Grupstra C G B, Barreto M M, Eaton M, BaOmar J, Zubier K, Al-Sofyani A, Turki A J, Ormond R, Voolstra C R. Coral bacterial community structure responds to environmental change in a host-specific manner [J]. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 3092
- [40] Dong C B, Shao Q Y, Zhang Q Q, Yao T, Huang J Z, Liang Z Q, Han Y F. Preferences for core microbiome composition and function by different definition methods: Evidence for the core microbiome of *Eucommia ulmoides* bark [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 790: 148091
- [41] Aseel D G, Rashad Y M, Hammad S M. Arbuscular mycorrhizal fungi trigger transcriptional expression of flavonoid and chlorogenic acid biosynthetic pathways genes in tomato against *Tomato mosaic virus* [J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 9692
- [42] Smith F A, Smith S E. Structural diversity in (vesicular): Arbuscular mycorrhizal symbioses [J]. *New Phytologist*, 1997, 137(3): 373-388
- [43] Idondo L F, Colombo R P, Recchi M, Silvani V A, Pèrgola M, Martínez A, Godeas A M. Detection of arbuscular mycorrhizal fungi associated with pecan (*Carya illinoensis*) trees by molecular and morphological approaches [J]. *MycKeys*, 2018(42): 73-88
- [44] Stevens B M, Propster J R, Öpik M, Wilson G W T, Alloway S L, Mayemba E, Johnson N C. Arbuscular mycorrhizal fungi in roots and soil respond differently to biotic and abiotic factors in the Serengeti [J]. *Mycorrhiza*, 2020, 30(1): 79-95
- [45] Rodríguez-Echeverría S, Teixeira H, Correia M, Timóteo S, Heleno R, Öpik M, Moora M. Arbuscular mycorrhizal fungi communities from tropical Africa reveal strong ecological structure [J]. *New Phytologist*, 2017, 213(1): 380-390
- [46] Rodríguez-Caballero G, Caravaca F, Roldán A. The unspecificity of the relationships between the invasive *Pennisetum setaceum* and mycorrhizal fungi may provide advantages during its establishment at semiarid Mediterranean sites [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 630: 1464-1471
- [47] Faggioli V, Menoyo E, Geml J, Kemppainen M, Pardo A, Salazar M J, Becerra A G. Soil lead pollution modifies the structure of arbuscular mycorrhizal fungal communities [J]. *Mycorrhiza*, 2019, 29(4): 363-373
- [48] Kumar V, Kumar R, Kumar A, Anal D. Spore population, colonization, species diversity and factors influencing the association of arbuscular mycorrhizal fungi with litchi trees in India [J]. *Journal of Environmental Biology*, 2016, 37(1): 91-100
- [49] 吕燕, 刘建利, 李靖宇, 侯琳琳, 孙敏, 荀琪. 不同品种和产区宁夏枸杞根系AMF多样性 [J]. *生物技术通报*, 2021, 37(6): 36-48
- Lv Y, Liu J L, Li J Y, Hou L L, Sun M, Gou Q. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi inhabiting the roots of *Lycium barbarum* in different varieties and cultivation regions [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2021, 37(6): 36-48 (in Chinese)
- [50] Moora M, Davison J, Öpik M, Metsis M, Saks Ü, Jairus T, Vasar M, Zobel M. Anthropogenic land use shapes the composition and phylogenetic structure of soil arbuscular mycorrhizal fungal communities [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, 90(3): 609-621
- [51] Moukarzel R, Ridgway H J, Guerin-Laguette A, Jones E E. Grapevine rootstocks drive the community structure of arbuscular mycorrhizal fungi in New Zealand vineyards [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2021, 131(6): 2941-2956
- [52] 房玉林, 张稼涵, 宋士任, 屈雁朋, 张振文, 孟江飞, 刘金串, 孙艳. 渭北旱塬葡萄园土著AM真菌对赤霞珠葡萄促生效应研究 [J]. *植物营养与肥*

科学报, 2010, 16(3): 701-707

Fang Y L, Zhang J H, Song S R, Qu Y P, Zhang Z W, Meng J F, Liu J C, Sun Y. Promotion effects of native AM fungi on Cabernet Sauvignon grapevines in vineyards of Weibei Tableland [J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Science*, 2010, 16(3): 701-707 (in Chinese)

- [53] Villani A, Tommasi F, Paciolla C. The arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus viscosum* improves the tolerance to *Verticillium* wilt in artichoke by modulating the antioxidant defense systems[J]. *Cells*, 2021, 10(8): 1944

- [54] Wang Y H, Wang M Q, Li Y, Wu A P, Huang J Y. Effects of arbuscular

mycorrhizal fungi on growth and nitrogen uptake of *Chrysanthemum morifolium* under salt stress[J]. *PLoS One*, 2018, 13(4): e0196408

- [55] Li S Q, Li G D, Peng K M, Yang L H, Huang X F, Lu L J, Liu J. The combined effect of *Diversispora versiformis* and sodium bentonite contributes on the colonization of *Phragmites* in cadmium-contaminated soil[J]. *Chemosphere*, 2022, 293: 133613

- [56] Trouvelot S, Bonneau L, Redecker D, van Tuinen D, Adrian M, Wipf D. Arbuscular mycorrhiza symbiosis in viticulture: A review [J]. *Agronomy for Sustainable Development*, 2015, 35(4): 1449-1467

责任编辑: 董金波



第一作者简介: 张强强, 宁夏大学林业与草业学院, 2022 级博士研究生。主要从事生物防治与菌物资源利用、葡萄病虫害防治和检测预警研究。以第一作者身份发表 CSCD 论文 3 篇、北大核心 1 篇, 获得专利授权 2 项。



通讯作者简介: 顾沛雯, 博士, 教授, 博士生导师。主要从事植物病理学、生物防治及微生物资源利用等方面的教学与科研工作。中国植物病理学会第十二届理事, 宁夏植保学会理事, 宁夏葡萄产业专家组成员, 宁夏红寺堡葡萄产业协会专家顾问, 国家自然科学基金项目网上评审专家, 《农业科学研究》《干旱地区农业研究》等刊物审稿人。主持完成国家自然科学基金 3 项, 在研 1 项; 主持完成国家重点研发子课题、“十二五”国家科技支撑计划子课题、自治区“十三五”重点研发项目和自治区科技支撑项目各 1 项; 主持完成自治区重点研发项目 1 项, 在研 1 项; 主持在研自治区重大科技成果转化项目 1 项。登记科技成果 6 项, 授权国家发明专利 1 项、实用新型专利 9 项、软件著作权 5 项; 发表学术论文 90 余篇; 主编教材 2 部, 参编教材 4 部。获宁夏科技进步奖 4 项、宁夏高等院校优秀硕士论文指导教师 2 项、宁夏大学本科毕业论文优秀指导教师 3 项、宁夏自然科学优秀论文奖 6 项、宁夏大学校级教学奖 5 项。