

陕北地区油松根际真菌资源初步调查及其与
土壤理化性质的关系

杨 韧,张好强,唐 明*

(西北农林科技大学 林学院,陕西 杨陵 712100)

摘 要:为研究陕北不同地区油松(*Pinus tabulaeformis*)根际真菌的资源与分布,以及与土壤理化性质的关系,分别选择陕北神木、府谷、米脂、榆林、安塞、延安 6 个样地的油松纯林采集样本分离纯化油松根际真菌,经分离鉴定共得到 21 种、92 株真菌。结果表明,神木、府谷、安塞地区的真菌种类较多,榆林、米脂、延安地区的真菌种类相对较少;不同地区土壤理化性质差异显著,同一地区的不同土层差异不显著。菌根侵染率与土壤理化性质的相关性表明,速效氮、速效磷、有机质与菌根侵染率呈正相关;全氮、全磷、全钾在榆林地区与侵染率呈显著正相关;速效钾在延安地区与侵染率呈显著正相关;含水量在府谷地区与侵染率呈显著正相关。此外,研究还发现陕北地区的油松根部真菌资源分布与土壤理化性质的相关性存在差异,其中外生菌根真菌(ectomycorrhizal fungi,ECMF)与含水量、有机质、速效氮、速效钾的含量呈正相关,与全钾含量呈显著负相关;深色有隔内生菌(dark septate endophytic fungi,DSE)和内生真菌与含水量、有机质、速效氮、速效磷、速效钾呈正相关。因此,菌根侵染率和油松根部真菌资源分布受不同土壤理化性质的影响。

关键词:油松;真菌资源分布;土壤理化性质;陕北地区

中图分类号:S763.15 **文献标志码:**A **文章编号:**1001-7461(2016)05-0203-08

A Survey of Root Fungal Resources of *Pinus tabulaeformis* and ITS Relationship
with Soil Physicochemical Properties in Northern Shaanxi

YANG Ren,ZHANG Hao-qiang,TANG Ming*

(College of Forestry,Northwest A&F University,Yangling,Shaanxi 712100,China)

Abstract:In order to investigate the relationship between *Pinus tabulaeformis* root associated fungus resources and soil physicochemical properties in north part of Shaanxi,the *P. tabulaeformis* roots were collected from 6 sampling plots to isolate fungi,including Shenmu,Fugu,Mizhi,Yulin,Ansai,and Yan'an. A total of 21 species,92 strains of fungi were isolated. The analyses of fungi resources and soil physicochemical properties indicated that in different samples, fungus species were different, and soil physicochemical properties were significantly different, but no significant difference in different soil layers. Correlation analysis between mycorrhizal infection and soil physicochemical properties indicated that available nitrogen, available phosphorus and organic matter were positively correlated with ectomycorrhizal fungus (ECMF) infection rate. Total nitrogen, total phosphorus, total potassium were positively correlated with ECMF infection rate in Yulin, available potassium was positively related with ECMF infection rate in Yan'an, water content was positively correlated with ECMF infection rate in Fugu. In addition, this study also showed that the distribution of fungi resources of the *P. tabulaeformis* roots was differently correlated with soil

收稿日期:2015-10-28 修回日期:2015-12-25

基金项目:林业公益性行业科研专项经费项目(201404217);国家自然科学基金项目(31170567);西北农林科技大学博士科研启动基金(Z109021503)。

作者简介:杨 韧,男,在读硕士,研究方向:森林微生物学。E-mail:879358490@qq.com

*通信作者:唐 明,女,教授,博士生导师,研究方向:森林微生物学。E-mail:tangmingyl@163.com

physicochemical properties in northern Shaanxi. The ECMF was positively correlated with water content, organic matter, available nitrogen, available potassium, and significantly negative correlated with total potassium. The dark septate endophytic fungus (DSE) was positively correlated with water content, organic matter, available nitrogen, available phosphorus and available potassium. Thus, ECMF infection rate and the distribution of fungus resources of *P. tabulaeformis* root were differently affected by soil physicochemical properties.

Key words: *Pinus tabulaeformis*; fungus resource distribution; soil physicochemical properties; Northern Shaanxi

油松(*Pinus tabulaeformis*)耐贫瘠、耐干旱,具有良好的水土保持作用,是陕北地区造林的先锋树种,也是退耕还林、园林绿化的优良树种^[1-2]。很多研究表明,油松根际微生物对油松生长有重要的影响,例如菌根真菌接种油松幼苗,可以提高油松的成活率,促进油松生长,增强油松对病原菌及逆境环境的抵抗能力^[3-5]。李静^[6]等分析各类植被根际土壤微生物量和土壤酶活性及其与土壤理化因子相关性发现,土壤微生物量和土壤酶活性受植被类型及土壤养分等因素的共同影响。

目前国内外关于油松林下大型菌根真菌和深色有隔内生真菌的调查研究中,极少有油松根部真菌资源调查及其与土壤理化性质关系的报道。张海涵^[1]等研究发现在陕北不同生态条件下,油松菌根根际土壤微生物群落差异显著。褚洪龙^[7]等研究表明坡向、海拔、土壤水分及人类扰动等因素影响黄龙山林场油松根际真菌群落多样性,不同样区的真菌群落多样性和土壤酶活性存在差异,土壤含水量是影响该地区真菌群落多样性与土壤酶活性主要因素之一。徐风美^[8]等研究表明油松根部真菌群落结构和多样性与油松的抗病性以及病害的危害程度相互影响。为进一步了解陕北不同地区的油松根部真菌资源的分布及菌根侵染率与土壤理化性质的关系,本研究分析了陕北不同地区油松根部真菌资源的分布以及资源分布和菌根侵染率与土壤理化性质的相关性,为陕北地区不同土壤和微生物分布下油松造林提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 样地概况

试验地选择陕北神木、榆林、米脂、延安、府谷、安塞 6 个不同地区,按照不同干旱程度梯度选择采样地,每个样地选择油松纯林作为采样区,林区郁闭度在 65%~85%,树龄 20~40 a。表 1 是 6 个采样区的基本情况。

1.2 样品采集

1.2.1 土样和根样采集 在每个采样区随机设置

3 个 20 m×20 m 样方,每个样方内随机选取 3 棵油松,在距植株 0~30 cm 处按东西南北 4 个方位,除去表层土后挖 0~40 cm 的土壤剖面,剪取带有细根的根系带土装入无菌自封袋内,置于冰盒带回^[1]。用土钻钻取 0~20 cm、20~40 cm 2 个土层的土样分别装入无菌自封袋内,用于土壤理化性质的测定。

1.2.2 子实体采集 在采样区内调查林地中的大型真菌,发现子实体后沿菌索挖至根系,以确定是否为外生菌根真菌,然后采集子实体,用吸水纸包好后装入预备的硬纸盒中带回室内分离鉴定。

表 1 陕北采样区基本情况

Table 1 Basic information of sampling areas in Northern Shaanxi

不同样区	海拔 /m	年平均 降雨量/mm	坐标
神木	1 344	440.8	N38°83′、E109°65′
榆林	1 121	406.9	N36°57′、E107°28′
米脂	1 049	451.6	N37°39′、E109°49′
延安	1 389	500	N35°21′、E107°41′
府谷	1 186	453.4	N38°42′、E110°22′
安塞	1 371	505.3	N36°30′、E108°05′

1.3 土壤理化性质测定

土壤含水量采用烘干恒重法测定(105℃,2 h),速效磷测定采用 0.5 mol/L 碳酸氢钠浸提法,全磷测定采用氢氧化钠熔融-钼锑抗比色法,速效钾测定采用 1 mol/L 乙酸铵浸提-火焰光度法,全钾测定采用氢氧化钠熔融-火焰光度法,全氮测定采用凯氏定氮仪测量,铵态氮和硝态氮测定采用流动分析仪测定,有机质测定采用重铬酸钾容量法-外加热法^[9]。

1.4 油松根部真菌分离与鉴定

1.4.1 油松根部真菌分离与纯化 子实体组织分离:采用组织分离法用 75%酒精将子实体进行表面消毒,然后在菌盖与菌柄交界处切 1 小块组织(约 0.4 mm³),迅速移接到马铃薯葡萄糖琼脂(potato dextrose agar,PDA)斜面培养基上,25℃恒温培养。

根尖分离:从每个样品中挑选形态不同的新鲜根尖,用 0.5%次氯酸钠表面消毒后,斜切成 0.5 cm 长的小段,将切口斜插于 PDA 平板上,25℃恒温倒置培养。同时对形成外生菌根的根尖统计菌根侵染率^[10]。

纯化:待长出菌丝后,采用尖端菌丝挑取法,把菌丝转移到新的 PDA 平板上进行纯化培养。纯化后的菌株转接到 PDA 斜面上,于 4℃ 冰箱保存。

1.4.2 分离真菌的分子生物学鉴定 由于很多真菌不产孢,形态结构比较简单,因此对分离纯化的真菌进行分子生物学鉴定。将分离纯化菌株在表面铺有无菌玻璃纸的 PDA 平板上 25℃ 培养 2 周后,收集新鲜菌丝,采用真菌 DNA 微量提取试剂盒(美国 Omega 公司,产品编号: D3390-01)提取总基因组 DNA 作为 ITS(Internal transcribed spacer)序列扩增的模板。ITS 序列扩增引物为 ITS5 (5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3') 和 ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3')^[11]。PCR 扩增采用 30 μL 体系:引物各 1 μL(10 pmol/μL),2 × Taq mixture 13 μL(Takara),模板 DNA 1 μL,ddH₂O 1 μL。PCR 扩增反应条件为:94℃ 预变性 5 min;94℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 1 min,共 30 个循环;72℃ 终止延伸 10 min。PCR 产物经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测后送南京金斯瑞生物科技有限公司进行测序。

1.4.3 序列分析与构建系统发育树 将真菌测序所得的 ITS 序列(约 500~750 bp)进行剪切和比对,相似度≥97% 的序列被认为是相同序列。通过 Bioedit 软件对真菌序列进行编辑,利用 ClustalX 软件进行序列比对合并,在 NCBI 上进行 Blast 序列比

对,并从 GenBank 数据库中下载高同源性序列及其相关信息,用 MEGA 5.1 进行多序列比对分析,最后用 MEGA 5.1 中的极大似然法(Maximum - Likelihood)构建系统发育树。

1.5 数据处理与分析

用 Microsoft Excel2013 对试验数据进行基本处理,SPSS 20.0(SPSS Inc,Chicago,IL,USA)进行统计分析,用 SigmaPlot 10.0 软件绘图,用 MEGA 5.1 处理 ITS 序列并绘制进化树。

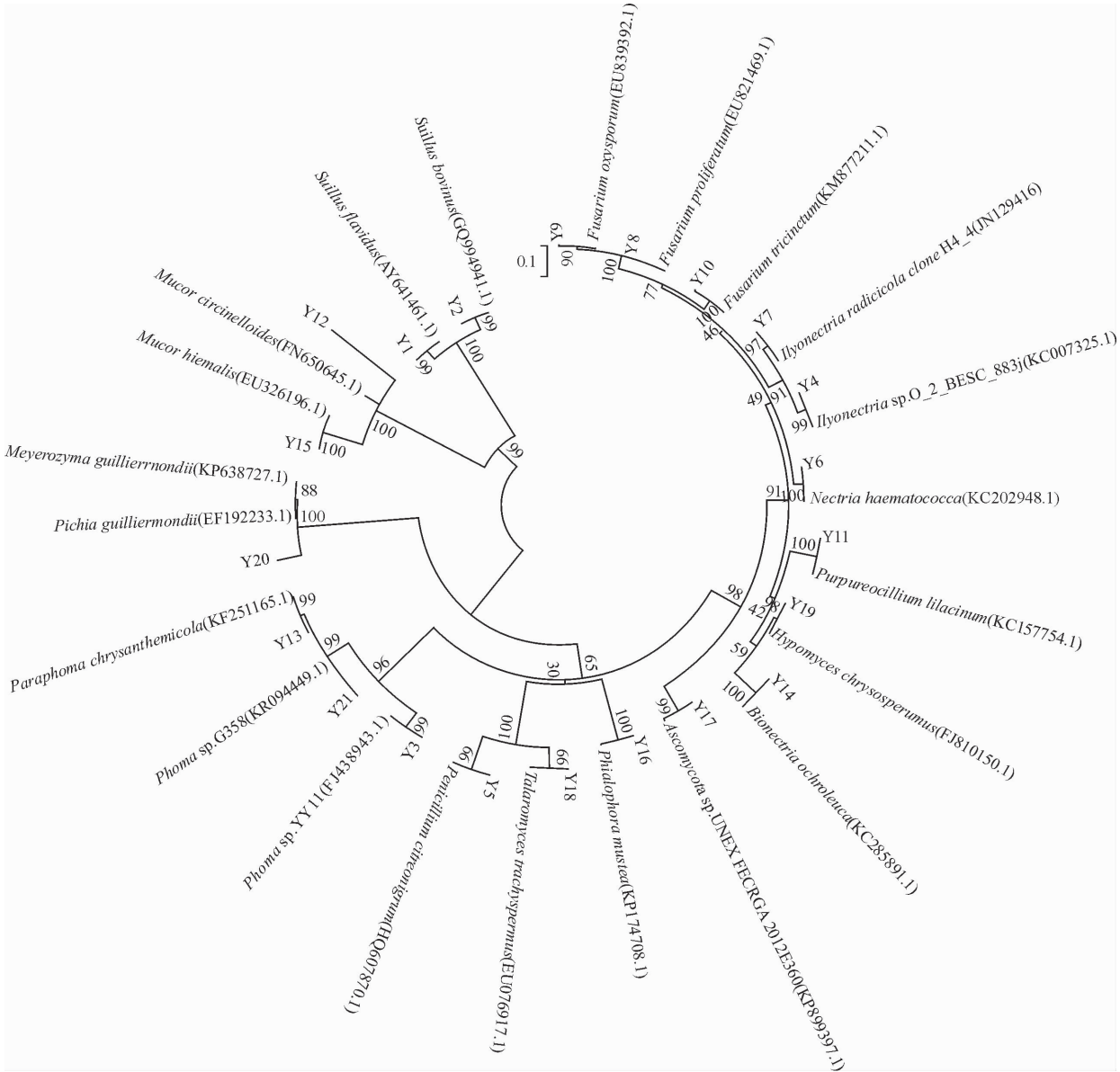
2 结果与分析

2.1 真菌资源和分布

2.1.1 真菌的分离鉴定 通过子实体组织分离法分离纯化得到 3 株真菌,通过根尖分离纯化得到 89 株真菌,总计 92 株真菌。将 92 株真菌测序所得序列进行比对,有 21 条不同 ITS 序列(编号为 Y1~Y21),将获得的 21 条 ITS 序列在 GenBank 中进行同源序列比对后,挑选相似度最高的序列进行聚类分析,生成系统进化树(图 1)。通过进化树分析发现,除了 Y9、Y20 和 Y21 的 ITS 序列相似度与聚在同一进化枝上的相应真菌 ITS 序列相似度未达到 97% 以外,其余 18 种真菌均≥97%,通过计算模型确认其分类地位一致。而 Y9 只能确认为镰刀菌属,Y20 和 Y21 确认属于子囊菌门,具体分类地位有待进一步确认(表 2)。

表 2 油松根部分离真菌的分类地位及类型

Table 2 Taxonomic status and types of the fungi isolated from the roots of <i>P. tabulaeformis</i>			
真菌编号	分类地位	类型	分布
Y1	<i>Suillus flavidus</i>	ECMF	安塞
Y2	<i>Suillus bovinus</i>	ECMF	神木、府谷
Y3	<i>Phoma</i> sp. YY11	腐生真菌	神木、府谷
Y4	<i>Ilyonectria</i> sp. O_2_BESC_883j	内生真菌	府谷
Y5	<i>Penicillium citreonigrum</i>	腐生真菌	延安、安塞
Y6	<i>Nectria haematococca</i>	腐生真菌	安塞、延安
Y7	<i>Ilyonectria radiculicola</i> cloneH4_4	DSE	神木、榆林
Y8	<i>Fusarium proliferatum</i>	病原真菌	神木、米脂、安塞
Y9	<i>Fusarium</i> sp.		榆林、米脂
Y10	<i>Fusarium tricinctum</i>	病原真菌	神木、府谷
Y11	<i>Purpureocillium lilacinum</i>	内寄生真菌	神木、府谷
Y12	<i>Mucor circinelloides</i>	腐生真菌	安塞
Y13	<i>Paraphoma chrysanthemicola</i>	DSE	延安
Y14	<i>Bionectria ochroleuca</i>	DSE	府谷
Y15	<i>Mucor hiemalis</i>	病原真菌	安塞
Y16	<i>Phialophora mustea</i>	DSE	安塞
Y17	<i>Ascomycota</i> sp. UNEX FECRGA 2012E360	DSE	米脂
Y18	<i>Talaromyces trachyspermus</i>	内生真菌	榆林、米脂
Y19	<i>Hypomyces chrysospermus</i>	菌寄生真菌	延安、米脂
Y20	<i>Ascomycota</i> sp.		府谷
Y21	<i>Ascomycota</i> sp.		延安



注：分支上的数字表示 Bootstrap 验证中基于 1 000 次重复该节点的可信度；图中标尺表示演化距离。

图 1 油松根部分离真菌的系统进化树

Fig. 1 Phylogenetic tree of the fungi isolated from the roots of *P. tabulaeformis*

2.1.2 真菌的分布 由表 2 可知,21 种真菌包括: 2 种 ECMF *Suillus flavidus* 和 *S. bovinus*^[12], *S. bovinus* 分布在神木和府谷, *S. flavidus* 分布在安塞; 5 种 DSE *Ilyonectria radicola* cloneH4_4 分布在神木和榆林, *Paraphoma chrysanthemicola*、*Bionectria ochroleuca*、*Phialophora mustea* 和 *Ascomycota* sp. UNEX FECRGA 2012E360 分别分布在延安、府谷、安塞和米脂^[13-15]; 2 种寄生真菌 *Purpureocillium lilacinum* 分布在神木和府谷, *Hypomyces chrysospermus* 分布在延安和米脂^[16-17]; 4 种腐生真菌 *Phoma* sp. YY11 分布在神木和府谷, *Nectria haematococca* 和 *Penicillium citreonigrum* 均分布在安塞和延安, *Mucor circinelloides* 分布在安塞^[18-20]; 2 种内生真菌 *Ilyonectria* sp. O_2_BESC

_883j 分布在府谷, *Talaromyces trachyspermus* 分布在榆林和米脂^[21-22]; 3 种病原真菌 *Fusarium proliferatum* 分布在神木、米脂和安塞, *Mucor hiemalis* 分布在安塞, *F. tricinctum* 分布在神木和府谷^[23]。确认属于镰刀菌属的 Y9(*Fusarium* sp.) 分布在榆林和米脂, 属于子囊菌门的 Y20(*Ascomycota* sp.) 分布在府谷, Y21 (*Ascomycota* sp.) 分布在延安。

21 种真菌在神木有 6 种, 府谷有 7 种, 榆林有 3 种, 米脂有 5 种, 延安有 5 种, 安塞有 7 种。

2.2 油松根部菌根真菌的侵染率

由表 3 可知, 安塞侵染率最高(49.7%), 其次为神木(46.93%), 米脂侵染率最低(22.87%), 府谷、延安、榆林的侵染率都比较高, 分别为 43.07%、

38.53%和 30.03%。这说明安塞的油松根部菌根真菌比较活跃或者种类比较多,而米脂则相对较少。通过单因素方差分析发现不同样区的侵染率差异极显著($P<0.01$),说明各样区油松根部的菌根真菌对油松侵染的差异较大,可以间接反应各样区的菌根真菌群落差异明显。

2.3 陕北不同地区不同土层的土壤理化性质分析

陕北不同地区油松不同土层的土壤理化性质测

表 3 陕北地区不同样地菌根侵染率

Table 3 Colonization rate of different sample in Northern Shaanxi

不同样区	神木 SM	榆林 YL	米脂 MZ	延安 YA	府谷 FG	安塞 AS
ECMF 侵染率/%	46.93+3.72a	30.03+1.71bc	22.87+2.49c	38.53+2.83ab	43.07+2.42ab	49.70+4.53a

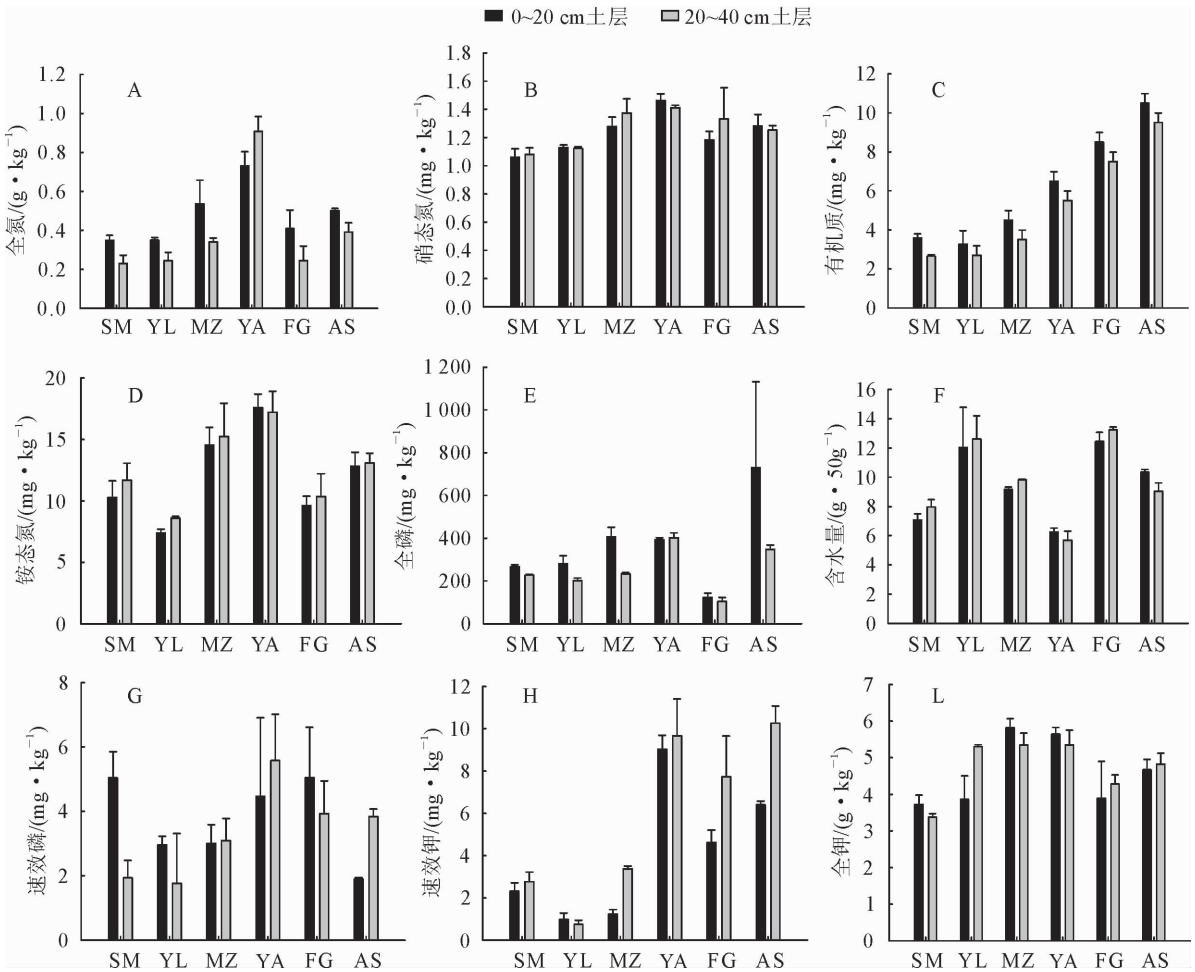


图 2 陕北地区不同土层的土壤理化性质分析

Fig. 2 Analysis of soil physicochemical properties of different soil layers in Northern Shaanxi

2.3.2 磷含量分析 各样区的全磷分析表明由图 2E 可知,不同样区的全磷含量差异显著($P=0.025$),安塞最高,府谷最低,侵染率结果表明府谷高于安塞,但是真菌种数 2 个地区一样;不同土层的全磷含量差异不显著($P=0.146$),深层土壤 20~40 cm 比表层土壤 0~20 cm 的全磷含量整体要偏高。由图 2 可知,不同样区速效磷含量差异不显著($P=0.206$),延安最高,榆林最低;不同土层速效磷含量

定结果如图 2。

2.3.1 氮含量分析 由图 2A、图 2B、图 2D 可知,不同样区的全氮含量差异极其显著($P<0.01$),延安最高,神木最低。不同样区的硝态氮含量差异极显著($P=0.001$)、铵态氮含量差异也极显著($P<0.01$),也是延安最高,神木最低。不同土层的全氮、硝态氮和铵态氮含量差异不显著,基本是 0~20 cm 土层的氮含量高于 20~40 cm 土层。

差异不显著($P=0.593$)。

2.3.3 钾含量分析 由图 2L 可知,不同样区全钾含量差异极其显著($P<0.01$),米脂最高,神木最低;不同土层全钾含量差异不显著($P=0.680$)。由图 2H 可知,不同样区速效钾含量差异极其显著($P<0.01$),延安最高,榆林最低;不同土层速效钾含量差异不显著($P=0.176$),基本是 0~20 cm 土层的速效钾含量高于 20~40 cm 土层。

2.3.4 有机质含量和土壤含水量分析 由图 2C 可知,不同样区有机质含量差异极其显著($P<0.01$),安塞最高,榆林最低,而安塞的真菌种类数和侵染率皆高于榆林;不同土层有机质含量差异不显著($P=0.327$),所有样区 0~20 cm 土层的有机质含量都高于 20~40 cm 土层。

由图 2F 可知,陕北地区普遍土壤含水量较低,不同样区含水量差异极其显著($P<0.01$),府谷最高,延安最低,并且府谷的真菌种数和侵染率都高于延安;不同土层的含水量差异不显著($P=0.860$),基本上同一地区不同土层的含水量 20~40 cm 土层的高于 0~20 cm 土层。

2.4 陕北地区菌根侵染率及根部真菌资源与土壤理化性质的相关性

2.4.1 不同地区菌根侵染率与土壤理化性质的相关性 由表 4 可知,不同地区的菌根侵染率与土壤理化性质的相关性不一致,即土壤理化性质的差异

表 4 不同样区侵染率和土壤理化性质的相关性

Table 4 Correlation analysis between colonization and soil physicochemical properties in different sampling areas

不同样区的侵染率	全氮	速效氮	全磷	速效磷	全钾	速效钾	有机质	含水量
神木	0.655	0.204	0.995**	0.339	-0.445	-0.144	0.983**	-0.564
榆林	0.981**	0.819	0.934*	0.989**	0.920*	0.472	0.992**	0.435
米脂	-0.153	0.319	-0.174	0.986**	0.635	0.286	0.618	-0.455
延安	-0.363	0.135	0.388	-0.937*	0.505	0.878*	0.594	0.475
府谷	0.600	0.757	-0.798	0.997**	0.318	0.761	0.639	0.967**
安塞	-0.225	-0.818	-0.995**	0.889*	-0.960*	-0.999**	-0.655	-0.961

注:表中数值表示两两之间的 Pearson 相关性;正值表示正相关,负值表示负相关;* 表示在 0.05 水平(双侧检验)上显著相关;** 表示在 0.01 水平(双侧检验)上显著相关。表 5 同。

2.4.2 根部真菌资源与土壤理化性质的相关性 由表 5 可知,陕北 6 个样区的油松根部真菌种类总数与速效磷、速效钾、有机质呈正相关,与全氮、速效氮、全磷、全钾、含水量呈负相关。但各类真菌与土壤理化性质的相关性有所不同,其中 ECMF 与含水量、有机质、速效氮、速效钾的含量呈正相关,与全钾含量

影响着不同地区的侵染率。其中神木地区的菌根侵染率与全氮、速效氮、速效磷、全磷、有机质呈正相关,与全钾、速效钾、含水量呈负相关;榆林地区菌根侵染率与速效氮、速效钾、含水量呈正相关,与全氮、全磷、速效磷、全钾、有机质呈显著正相关;米脂地区的菌根侵染率与速效氮、速效磷、全钾、速效钾、有机质呈正相关,与全氮、全磷、含水量呈负相关;延安地区菌根侵染率与速效氮、全磷、全钾、速效钾、有机质、含水量呈正相关,与全氮、速效磷呈负相关;府谷地区菌根侵染率与全氮、速效氮、速效磷、全钾、速效钾、有机质、含水量呈正相关,与全磷呈负相关;安塞地区菌根侵染率与速效磷呈正相关,与全氮、速效氮、全磷、全钾、速效钾、有机质、含水量呈负相关。在 6 个样区中,速效氮、速效磷、有机质含量基本与菌根侵染率呈正相关,而全氮、全磷、全钾、速效钾、含水量根据各地区差异不同,与菌根侵染率的相关性也呈不同表现。

呈显著负相关;DSE 和内生真菌与含水量、有机质、速效氮、速效磷、速效钾呈正相关;寄生真菌和腐生真菌与全氮、速效磷呈正相关;病原真菌基本与土壤理化性质都呈负相关,尤其是与含水量呈显著负相关;全磷、全钾含量与油松根部真菌资源皆呈负相关。全氮在油松根部真菌资源分布中的影响效果不一。

表 5 真菌资源与土壤理化性质的相关性(0~20 cm 土层)

Table 5 Correlation analysis between fungi and soil physicochemical properties in Northern Shaanxi

油松根部真菌资源	全氮	全磷	含水量	有机质	速效氮	速效磷	全钾	速效钾
ECMF	-0.448	-0.268	0.114	0.523	0.293	-0.093	-0.812*	0.32
DSE 及内生真菌	0.004	-0.194	0.644	0.629	0.497	0.455	-0.545	0.625
寄生真菌及腐生真菌	0.286	-0.165	-0.061	-0.198	-0.207	0.302	-0.310	0.049
病原真菌	-0.390	-0.096	-0.980**	-0.532	-0.598	-0.704	-0.256	-0.632

3 结论与讨论

从陕北地区油松根部分离出 92 株真菌,经鉴定为 21 种,其中以腐生真菌和 DSE 居多,ECMF 和内生菌及其他真菌比较少。如神木、府谷、安塞地区的真菌种类相对较多,榆林、米脂、延安地区的则相对

较少。尚蓓等研究表明不同林型、不同土壤性质、不同海拔高度等都会影响土壤真菌的分布,包括土壤真菌种类和数量^[24]。本研究中分离的真菌种类和数量都呈现地区差异,但腐生真菌、DSE、ECMF 和内生菌及其他真菌的分布在该区域有其独特性。

本研究所选不同样地均为油松纯林,不同土层

的土壤理化性质差异不显著。有机质、全氮、速效氮和速效钾含量都是 0~20 cm 土层高于 20~40 cm 土层,是由于表层土壤结构疏松,通气性好,腐殖质含量丰富,微生物活动强烈,对枯落物及动植物残体的分解加多所致^[25-26]。全磷和速效磷含量是 20~40 cm 土层略高于 0~20 cm 土层,只有安塞和延安的速效磷含量是 0~20 cm 土层高于 20~40 cm 土层,这可能是因为菌根真菌庞大的外延菌丝通过分泌物的释放来活化土壤难溶性养分的程度不同而异^[27]。各样区的含水量基本是 20~40 cm 土层高于 0~20 cm 土层,这是因为表层土蒸腾作用强于深层土的原因^[28]。此外本研究还发现陕北地区油松根系侵染率普遍偏低(20%~50%),并且各样区之间侵染率差异极显著。这与不同气候条件和不同土壤质地对菌根侵染的影响有关^[29]。陕北地区气候条件比较恶劣,土壤比较贫瘠等因素综合导致菌根侵染率普遍偏低^[30]。

本研究发现不同地区土壤理化性质影响着不同样区的侵染率。如速效氮、速效磷、有机质基本与侵染率呈正相关;而全氮、全磷、全钾、速效钾、含水量根据各地区差异不同,与侵染率的相关性有呈正相关,也有负相关。段艳涛^[31]等研究表明速效氮、速效磷对菌根侵染率的影响较大,方燕^[32]等研究丛枝菌根真菌时也发现土壤有机质和速效氮对菌根侵染率的影响呈正效应。因此土壤理化性质是影响侵染率的重要因素之一。此外本研究还发现陕北地区的油松根际 ECMF、DSE、内生真菌、寄生真菌和腐生真菌等不同类型的真菌与土壤理化性质的相关性是有差异的,不同土壤微生物群落与土壤理化性质是相互影响的。如 ECMF 与含水量、有机质、速效氮、速效钾的含量呈正相关,与全钾含量呈显著负相关;DSE 和内生真菌与含水量、有机质、速效氮、速效磷、速效钾呈正相关。所以土壤中速效磷、有机质、速效钾的含量对土壤中油松根部真菌群落多样性有积极的影响,或者是土壤中油松根部真菌群落多样性比较丰富,能提高土壤中速效磷、有机质、速效钾成分的含量,从而更加利于油松的生长。褚洪龙^[7]等研究表明不同样区的真菌群落多样性和土壤酶活存在差异,土壤含水量是影响真菌群落多样性和土壤酶活的主要因素。Zak^[33]等研究表明土壤微生物是生态系统的重要组成部分,它对土壤肥力的形成、污染物降解和土壤结构保持等起着积极作用。土壤微生物群落与土壤理化性质息息相关,会由于各区域气候环境、植被种类和土壤类型不同,表现出来的相关性会有所差异。总之,对不同类型微生物资源的开发和应用要适应不同立地条件的土壤理化性

质,才能更加有利于油松的生长。

参考文献:

[1] 张海涵,唐明,陈辉,等. 不同生态条件下油松(*Pinus tabulaeformis*)菌根根际土壤微生物群落研究[J]. 生态学报,2007,27(12):5463-5470.
ZHANG H H,TANG M,CHEN H,*et al.* Microbial communities in *Pinus tabulaeformis* is mycorrhizosphere under different ecological conditions[J]. Acta Ecologica Sinica,2007,27(12):5463-5470. (in Chinese)

[2] YUAN B Y,YUE D X. Soil microbial and enzymatic activities across a chronosequence of Chinese pine plantation development on the Loess Plateau of China[J]. Pedosphere,2012,22(1):1-12.

[3] 张茹琴,唐明,张海涵. 四种外生菌根真菌对油松幼苗的抗猝倒病和促生作用[J]. 菌物学报,2011,30(5):812-816.
ZHANG R Q,TANG M,ZHANG H H. Effects of four ectomycorrhizal species on controlling damping off and promoting the growth of *Pinus tabulaeformis* seedlings[J]. Mycosystema,2011,30(5):812-816. (in Chinese)

[4] 唐明,薛甓,任嘉红,等. AMF 提高沙棘抗旱性的研究[J]. 西北林学院学报,2003,18(4):29-31.
TANG M,XUE S,REN J H,*et al.* Mechanism of the promotion of drought resistance of *Hippophae rhamnoides* with arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Journal of Northwest Forestry University,2003,18(4):29-31. (in Chinese)

[5] 郭渊,唐明,王亚军,等. 外生菌根真菌对油松幼苗的接种效应[J]. 西北林学院学报,2006,21(5):116-119.
GUO Y,TANG M,WANG Y J,*et al.* Effect of inoculating *Pinus tabulaeformis* with ectomycorrhizal fungi[J]. Journal of Northwest Forestry University,2006,21(5):116-119. (in Chinese)

[6] 李静,蔚晓燕,唐明. 黄土高原纸坊沟流域不同植物对土壤微生物生物量和土壤酶活性的影响[J]. 西北植物学报,2013,33(2):387-393.
LI J,YU X Y,TANG M. Effects of different plants on soil microbial biomass and enzyme activities in Zhifanggou watershed of Loess Plateau[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica,2013,33(2):387-393. (in Chinese)

[7] 褚洪龙,李莎,唐明. 黄土高原油松根际土壤酶活性及真菌群落多样性研究——以黄龙山林场为例[J]. 土壤学报,2015,52(1):154-161.
CHU H L,LI S,TANG M. Soil enzyme activity and fungal community diversity in rhizosphere of *Pinus tabulaeformis* Carr. growing on Loess Plateau—a case study of Huanglongshan forest farm[J]. Acta Pedologica Sinica,2015,52(1):154-161. (in Chinese)

[8] 徐凤美,王春燕,褚洪龙,等. 松萎蔫病发生区和未发生区油松根部真菌群落研究[J]. 西北植物学报,2014,34(8):1627-1634.
XU F M,WANG C Y,CHU H L,*et al.* Research on root fungal community of *Pinus tabulaeformis* in pine wilt disease damaged and undamaged areas[J]. Acta Bota. Boreali.-Occident. Sin.,2014,34(8):1627-1634. (in Chinese)

[9] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.

[10] 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.

[11] WHITE T J, BRUNS T, LEE S, *et al.* Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[J]. PCR Protocols: a Guide to Methods and Applications, 1990, 18: 315-322.

[12] RUYTINX J, NGUYEN H, VAN HEES M, *et al.* Zinc export results in adaptive zinc tolerance in the ectomycorrhizal basidiomycete *Suillus bovinus* [J]. Metallomics, 2013, 5(9): 1225-1233.

[13] DE GRUYTER J, WOUDEMBERG J H C, AVESKAMP M M, *et al.* Systematic reappraisal of species in *Phoma* section *Paraphoma*, *Pyrenochaeta* and *Pleurophoma*[J]. Mycologia, 2010, 102(5): 1066-1081.

[14] EBRAHIM W, KJER J, EL AMRANI M, *et al.* Pullularins E and F, two new peptides from the endophytic fungus *Bionectria ochroleuca* isolated from the mangrove plant *Sonneratia caseolaris*[J]. Marine Drugs, 2012, 10(5): 1081-1091.

[15] POSADA F, VEGA F E. Establishment of the fungal entomopathogen *Beauveria bassiana* (Ascomycota: Hypocreales) as an endophyte in *cocoa* seedlings (theobroma cacao)[J]. Mycologia, 2005, 97(6): 1195-1200.

[16] LUANGSA-ARD J, HOUBRAKEN J, DOORN T, *et al.* *Purpureocillium*, a new genus for the medically important *Paecilomyces lilacinus* [J]. FEMS Microbiology Letters, 2011, 321(2): 141-149.

[17] JUMPPONEN A. Soil fungal communities underneath willow canopies on a primary successional glacier forefront: rDNA sequence results can be affected by primer selection and chimeric data[J]. Microbial Ecology, 2007, 53(2): 233-246.

[18] YANG X, STROBEL G, STIERLE A, *et al.* A fungal endophyte-tree relationship: *Phoma* sp. in *Taxus wallachiana* [J]. Plant Science, 1994, 102(1): 1-9.

[19] WANG X, SENA FILHO J G, HOOVER A R, *et al.* Chemical epigenetics alters the secondary metabolite composition of guttate excreted by an atlantic-forest-soil-derived *Penicillium citreonigrum* [J]. Journal of Natural Products, 2010, 73(5): 942-948.

[20] ZHANG Y, ADAMS I P, RATLEDGE C. Malic enzyme: the controlling activity for lipid production? overexpression of malic enzyme in *Mucor circinelloides* leads to a 2.5-fold increase in lipid accumulation[J]. Microbiology, 2007, 153(7): 2013-2025.

[21] DANN E K, COOKE A W, FORSBERG L I, *et al.* Pathogenicity studies in avocado with three nectriaceous fungi, *Calonectria ilicicola*, *Gliocladiopsis* sp. and *Ilyonectria liriodendri*[J]. Plant Pathology, 2012, 61(5): 896-902.

[22] O'DONNELL K. Molecular phylogeny of the *Nectria haematococca-Fusarium solani* species complex [J]. Mycologia, 2000, 92(5): 919-938.

[23] DAFERERA D J, ZIOGAS B N, POLISSIOU M G. The effectiveness of plant essential oils on the growth of *Botrytis cinerea*, *Fusarium* sp. and *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*[J]. Crop Protection, 2003, 22(1): 39-44.

[24] 尚蓓. 松山林区木腐菌与两类主要林型土壤真菌的研究[D]. 北京: 北京林业大学, 2008.

[25] 马麟英. 不同土层土壤有机质含量对速效氮分配的影响[J]. 中国农学通报, 2010, 26(24): 193-196.

MA L Y. Effect on the distribution of organic matter content on the available nitrogen in different layer of soil[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2010, 26(24): 193-196. (in Chinese)

[26] 陈钦程, 徐福利, 王渭玲, 等. 秦岭北麓不同林龄华北落叶松土壤速效钾动态变化规律研究[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(5): 1244-1250.

CHEN Q C, XU F L, WANG W L, *et al.* Seasonal dynamics of available K in soil for different ages of *Larix principis-rupprechtii* in the northern foot of the Qinling[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2014, 20(5): 1244-1250. (in Chinese)

[27] TRESEDER K K. A meta-analysis of mycorrhizal responses to nitrogen, phosphorus, and atmospheric CO₂ in field studies [J]. New Phytologist, 2004, 164(2): 347-355.

[28] 赵景波, 孙桂贞, 岳应利, 等. 关中平原人工林地的干层及其成因[J]. 地理研究, 2007, 26(4): 763-772.

ZHAO J B, SUN G Z, YUE Y L, *et al.* Research of dried earth layer and its formation in the artificial forest land of Guanzhong plain [J]. Geographical Research, 2007, 26(4): 763-772. (in Chinese)

[29] 蔡晓布, 钱成, 彭岳林, 等. 环境因子对西藏高原草地植物丛枝菌根真菌的影响[J]. 应用生态学报, 2005, 16(5): 859-864.

CAI X B, QIAN C, PENG Y L, *et al.* Effects of environmental factors on AM fungi around steppe plant roots in Tibet Plateau[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2005, 16(5): 859-864. (in Chinese)

[30] 刘润进, 陈应龙. 菌根学[M]. 北京: 科学出版社, 2007.

[31] 段艳涛, 何忠俊, 梁社往, 等. 滇重楼总皂苷含量和菌根侵染率与土壤因子的关系[J]. 中国中药杂志, 2011, 36(22): 3091-3095.

DUAN Y T, HE Z J, LIANG S W, *et al.* Study on correlations between total saponins content in rhizome or mycorrhizal infection rate of *Pairs polyphylla* var. *yunnanensis* and soil factors[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2011, 36(22): 3091-3095. (in Chinese)

[32] 方燕, 唐明, 孙学广, 等. 不同气候条件下 AM 真菌资源与土壤理化性质的关系[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2010, 38(10): 76-82.

FANG Y, TANG M, SUN X G, *et al.* Relationship between AM fungi resources and soil factors under different climatic conditions[J]. Journal of Northwest A&F University: Nat. Sci. Edi., 2010, 38(10): 76-82. (in Chinese)

[33] ZAK D R, HOLMES W E, WHITE D C, *et al.* Plant diversity, soil microbial communities, and ecosystem function: are there any links[J]. Ecology, 2003, 84(8): 2042-2050.