



东北师范大学

长白山野外综合性实习研究课题

撂荒人参地土壤丛枝菌根真菌多样性的研究

实习组别：_____ 生态 1 组 _____

小组组长：_____ 朱昕睿 _____

小组成员：_____ 王瑞婷 常金慧 杨丰任 姜 雪 _____

_____ 宁家琪 任敏慧 张 晓 _____

指导老师：_____ 邢 福 _____

2016 年 9 月 20 日

撂荒人参地土壤丛枝菌根真菌多样性的研究

朱昕睿 王瑞婷 常金慧 杨丰任 姜雪 宁家琪 任敏慧 张晓

(东北师范大学生命科学学院·长春 130024)

摘要 丛枝菌根(*arbuscular mycorrhizal*, AM)真菌是一类广泛分布于土壤中的微生物并与植物形成复杂的种间关系。丛枝菌根真菌多样性变化会导致植物群落的物种多样性改变,但是关于群落演替过程中丛枝菌根真菌多样性如何变化还知之甚少。为了阐明我国东北长白山区人参(*Panax ginseng* C. A. Mey)撂荒地恢复演替过程中的 AM 真菌种类组成和多样性的变化,选取了 6 个不同撂荒年限的植物群落,调查了植物种类及土壤理化性质,用形态学方法鉴定了撂荒参地 0~15cm 土层的 AM 真菌。结果表明,长白山撂荒参地土壤中 AM 真菌有 2 属(球囊霉属和无梗囊霉属)共 21 种,优势种类主要有多果无梗囊霉(*myriocarpa*)、脆无梗囊霉(*delicata*)。AM 的孢子密度和丰富度随撂荒年限增加而增大,相关分析结果表明 AM 的孢子密度以及其多样性与撂荒地的植物多样性、土壤含水量等因素有一定的相关性。综合分析认为,随着撂荒年限的增加,人参地土壤中 AM 真菌多样性亦呈增加趋势。AM 真菌多样性增大可能对于撂荒参地的恢复演替起到一定的促进作用。

关键词 不同年份撂荒参地; 丛植菌根真菌; 长白山地区; 多样性

人参(*Panax ginseng* C. A. Mey)为五加科人参属多年生草本药用植物,我国统名贵中药材,药用价值很高,被冠有“百草之王”的美称^[1]。现代科学研究表明,人参具有提高组织抗缺氧能力、抗衰老、抗辐射、抗肿瘤、提高免疫力等多种生物活性^[2]。人参主要产于我国、日本、韩国、朝鲜等东亚国家,我国的人参产量居全世界之首。人参栽培主要集中在东北三省,其中吉林省占全国人参总产量的 80%以上,人参产业在吉林省农业经济中具有举足轻重的地位^[3]。

有研究发现,植物根际土壤的微生态系统平衡对于维持植物的健康生长意义重大^[4]。土壤微生物多样性是指土壤生态系统中所有的微生物种类、它们所拥有的基因以及微生物与环境间相互作用的多样化程度等,它不仅能体现土壤微生物群落的稳定性,也可以从侧面阐明土壤在胁迫条件下对微生物群落的影响和土壤微生态作用机制。在各种陆地生态系统中,几乎都有丛枝菌根(*Arbuscular mycorrhizal*, 简称 AM)真菌的分布。AM 真菌作为土壤微生物群落的主要组分,能与绝大多数高等植物形成共生关系^[5]。许多研究^[5-7]表明,AM 真菌对植物生长有诸多有益的生理和生态效应。

由于人参忌连作,在人参撂荒地的退耕还林的演替过程中,我们提出丛植菌根真菌的组成和多样性是否会随着生态系统的演替而变化。因此本次实验我们分别选择了 2006、2007、2009、2011 和 2013 的人参撂荒地采取土样,提取 AMF 的孢子进行统计鉴别,结合不同撂荒年份的中植物种类以及土壤含水量对 AMF 的多样性进行分析,增强对植物与真菌的共生关系以及 AM 真菌多样性生态功能的了解;并从 AM 真菌角度探讨和分析人参撂荒地恢复演替过程中物

种更替的原因；为加速人参撂荒地的恢复演替提供重要理论依据^[8]。

1. 样地选择

露水河地处中纬度内陆山区，位于长白山下，属北温带东亚季风气候。冬季漫长、寒冷，夏季多雨、气温潮热，春秋两季干燥，无霜期 110 天左右，属典型的长白山地带气候。露水河镇区自然资源丰富，素以“立体自然宝库”著称，该地森林资源丰富，林地面积 2565 公顷，森林覆盖率 78.5%，其中主要以针阔混交林为主，群落层次分明，土壤为暗棕色森林土。

实验选取长白山地区的六块不同撂荒年份的人参地 0~15cm 土壤中的丛植菌根真菌为研究对象，撂荒年份分别为 2006 年、2007 年、2009 年、2011 年、2012 年及 2013 年，样地植被以多年生草本植物为主，其优势种为宽叶苔草 (*Carex siderosticta Hance*)，灯芯草 (*Juncus concinnus D.Don*)；木本植物的优势种为白桦 (*Betula platyphylla Suk*)，红松 (*Pinus koraiensis Siebold et Zuccarini*)。采集地点的详细地理位置概况见表 1。

表 1 六块不同年份撂荒地地理位置

撂荒年份	地理坐标
2006 年	$N42^{\circ} 30.0950' E127^{\circ} 50.5436' h770m$
2007 年	$N42^{\circ} 29.9970' E127^{\circ} 50.7654' h785m$
2009 年	$N42^{\circ} 29.8565' E127^{\circ} 51.0991' h784m$
2011 年	$N42^{\circ} 25.9007' E127^{\circ} 55.1423' h874m$
2012 年	$N42^{\circ} 26.2028' E127^{\circ} 55.5419' h847m$
2013 年	$N42^{\circ} 25.0933' E127^{\circ} 54.9418' h845m$

2 实验方法

2.1 工具与仪器

野外采样工具

土钻（直径 3cm），土壤袋（或封口袋）、记号笔、GPS 等。

孢子的提取和鉴定

烧杯（1000ml），玻璃棒，滴管，土壤筛（孔径为上层 0.8mm，中层 0.25mm，下层 0.055mm），食品搅拌器，天平，离心机，实体显微镜，表面皿，培养皿。

2.2 方法与步骤

2.2.1 样地选择

请当地林业管理部门或参农做向导，选择撂荒的老参地 6 块。原则上要求每块老参地的撂

荒年限不同，且以撂荒年限差异较大为好，选择撂荒年份分别为 2006 年、2007 年、2009 年、2011 年、2012 年及 2013 年。

2.2.2 土壤样品采集

在每个样地中选择 5 个取样点（1m*1m 的样方）。首先清除样方内的枯枝落叶和腐殖质层，然后用土钻在每个样方内钻取 3 个点，深度是 0~15cm。将每个样方内采集的 3 份土壤样品均匀混合，装入土壤袋做好标记，放入保温箱临时保存，带回实验室，4℃条件下冷藏。记录下每个样地的地理位置、样方中的植物种类、植物盖度以及土壤含水量、PH 值等。

2.2.3 孢子提取

采用改进的湿筛-蔗糖梯度离心法提取真菌的孢子。

(1) 湿筛倾倒。

称取 25g 风干的土壤倒入食品搅拌杯中，加入 600ml 蒸馏水，高速转 3~5s，将根段和土壤中黏在菌丝团中的孢子分离出来。为了使土壤完全分离开，对于粘性较大的土，可现在水中浸泡 20~30 分钟。

将打碎后的材料立即倒出，依次通过 3 个土壤标准筛（孔径为上层 0.8mm，中层 0.25mm，下层 0.055mm），大部分砂砾残余物留在视频搅拌机杯中。用流水冲洗每层筛子，直至流出的水是清水。上层和中层的筛子一般不做离心处理，经过洗涤，转移至大培养皿中，在体视显微镜下观察。

(2) 蔗糖密度梯度离心。

下层筛子里的残余物转至 50ml 含有 50%的蔗糖离心管中，将两个离心管配平，3000 转/min 离心 2~3min。土壤和其他颗粒沉淀下去，孢子和小碎屑则悬浮在蔗糖溶液中，离心管中的上清液迅速倒入较小的筛子。用水冲洗小筛中的上清液遗留物 1~2min 后转移至玻璃培养皿中，在体视显微镜下观察。

2.2.4 孢子分类计数和拍照鉴定

将孢子悬浮液摇晃，倒入表面皿中，在实体显微镜下用细针头将孢子从杂质中分离出来，将分离出来的孢子吸收转移到另一个表面皿中。在体视显微镜下先观察并记录孢子的颜色、大小、连孢菌丝特征等。再用吸管挑取孢子于载玻片上，在综合显微镜下观察并测定孢子的颜色、大小、孢壁颜色、类型、厚度、内含物性质等特征。最后根据国际丛枝菌根真菌保藏中心(INVAM)网站上提供的物种描述，参阅鉴定材料和近几年发表的新种、新记录种等资料进行 AM 真菌种属的检索和鉴定^[9]。

2.2.5 数据处理计算方法

(1) 孢子密度(spore density, D)

密度指单位面积上的生物个体数，我们用每个观测 25g 土样内 AM 真菌孢子级数来表示，即： $D=N1$ （AM 真菌所有种的孢子级数之和）/N（土样数）

公式中 N1，不是样本中孢子绝对数，由于考虑到各样本的代表性、孢子数量波动等系统误差，及所采土样、观察样本的随机误差等的存在，使用一次性鉴定的孢子绝对数显然是不合理的。故改用“孢子级数”加以部分修正，即每 5 个孢子为 1 级，孢子数 1—5 个为 1 级，6—10 个为 2 级，余类推。

（2）相对优势度：某一种 AM 真菌孢子在整个样地内的优势度为该种 AM 真菌孢子在该样地内相对多度和相对频度的算术平均值。

（3）种的丰富度(species richness, R)
种的丰富度指一个生境中物种数目的多寡^[10]，本文指根围 25g 土壤中含有的 AM 真菌种数，即： $R=T$ （AM 真菌总种次数）/N（土样数）

（4）Shannon-Wiener 指数

假设 1 个包含 N 个个体的随机样本，其中种 i 的个体数为 Ni，则 $P_i=N_i/N$ ，从而 Shannon-Wiener 指数：

$$H=-\sum_{n=i}^s (P_i \ln P_i)$$

s 为某采样点 AM 真菌的种类数，Pi 为种 i 所占的比例。

（5）Pielou 均匀度指数(Pielou evenness index)：Pielou(1969)把均匀度 J 定义为群落的实测多样性 H 与最大多样性 Hmax，（即在给定物种数 S 下的完全均匀群落的多样性）之比，以 Shannon-Weiner 指数 H 为基础的群落均匀度为^[11]：

$$J = H / \log_2 S$$

J 为 Pielou 均匀度指数，S 物种数目，H 物种的多样性指数。

（5）统计分析

本次实验数据采用 SPSS16.0 做不同撂荒年份 AMF 孢子密度、多样性的单因素方差分析，以及 AMF 密度和多样性与环境因子之间的相关性分析。

3. 实验结果

3.1 土壤中 AM 真菌孢子组成比较

根据形态特征将孢子进行分类鉴定，实验采集的土壤样品中共鉴定出 2 属(球囊霉属和无梗囊霉属)共 21 种 AM 真菌孢子（见表 2），其中，三年人参撂荒地有 9 种 AM 真菌孢子；四年人参撂荒地有 12 种 AM 真菌孢子；五年人参撂荒地有 16 种 AM 真菌孢子；七年人参撂荒地有 17 种 AM 真菌孢子；九年人参撂荒地有 11 种 AM 真菌孢子；十年人参撂荒地有 13 种 AM 真菌孢子。六个样地都有的 AM 真菌有 4 种，包括多果无梗囊霉 (*Acaulospora myriocarpa*)、*Acaulospora sporocarpia*、*Acaulospora kentinensis*、疣状无梗囊霉 (*Acaulospora tuberculata*)。

不同人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子种类组成存在差异,十年人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子的优势种是多果无梗囊霉 (*Acaulospora myriocarpa*), 亚优势种为 *Acaulospora sporocarpia*; 九年人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子的优势种是 *Acaulospora sporocarpia*, 亚优势种为疣状无梗囊霉 (*Acaulospora tuberculata*); 七年人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子的优势种是 *Acaulospora sporocarpia*, 亚优势种为多果无梗囊霉 (*Acaulospora myriocarpa*); 五年人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子的优势种是 *Acaulospora sporocarpia*, 亚优势种为多果无梗囊霉 (*Acaulospora myriocarpa*) 和脆无梗囊霉 (*Acaulospora delicata*); 四年人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子的优势种是多果无梗囊霉 (*Acaulospora myriocarpa*), 亚优势种 *Acaulospora sporocarpia*; 三年人参撈荒地土壤中丛枝菌根真菌孢子的优势种是 *Acaulospora sporocarpia*, 亚优势种为多果无梗囊霉 (*Acaulospora myriocarpa*)。

土壤中 AM 真菌的孢子的相对多度在六个不同撈荒年限参地中存在差异。优势种疣状无梗囊霉、多梗球囊霉、多果无梗囊霉的相对多度随人参撈荒地年限的增加而增加; 而孔窝无梗囊霉、细齿无梗囊霉、脆无梗囊霉、刺无梗囊霉等的相对多度随人参撈荒地年限增加而减少。

表 2. 不同年份撈荒地 AMF 孢子组成

撈荒年份 AMF 孢子种类	2006 年	2007 年	2009 年	2011 年	2012 年	2013 年
<i>Acaulospora delicata</i>	√		√	√	√	√
<i>Acaulospora colombiana</i>	√		√	√	√	√
<i>Acaulospora myriocarpa</i>	√	√	√	√	√	√
<i>Acaulospora denticulata</i>	√		√	√	√	√
<i>Acaulospora sporocarpia</i>	√	√	√	√	√	√
<i>Acaulospora spinosa</i>	√				√	√
<i>Acaulospora kentinensis</i>	√	√	√	√	√	√
<i>Acaulospora laevis</i>	√		√	√		
<i>Acaulospora lacunosa</i>	√	√	√	√		
<i>Acaulospora tuberculata</i>	√	√	√	√	√	√
<i>Acaulospora Koskei</i>	√		√	√		
<i>Acaulospora scrobiculata</i>		√	√	√	√	
<i>Acaulospora Capsiculata</i>		√				
<i>Acaulospora foveata</i>		√	√	√	√	
<i>Acaulospora rehemii</i>		√		√		
<i>Acaulospora dilatata</i>			√			
<i>Acaulospora mellea</i>				√		
<i>Glomus multicaule</i>	√	√	√	√	√	
<i>Glomus clavisporam</i>	√		√		√	√
<i>Glomus pansihalos</i>		√	√	√		
<i>Glomus lacteum</i>			√	√		

注: “√” 表示样地中存在该种 AMF 孢子。

3.2 不同撂荒年份土壤中 AM 真菌孢子密度的比较

由图 1 可知，撂荒人参地土壤中 AM 真菌的孢子密度随撂荒年限增加而增多。另外，不同种类孢子的密度变化趋势存在差异。多果无梗囊霉、疣状无梗囊霉、的孢子密度随人参撂荒地年限的增加而增加；细齿无梗囊霉、孔窝无梗囊霉的孢子密度随着人参撂荒地年限的增加而逐渐降低；多果无梗囊霉和多梗球囊霉的孢子密度为撂荒十年人参地最高，脆无梗囊霉的孢子密度为五年人参撂荒地最高。

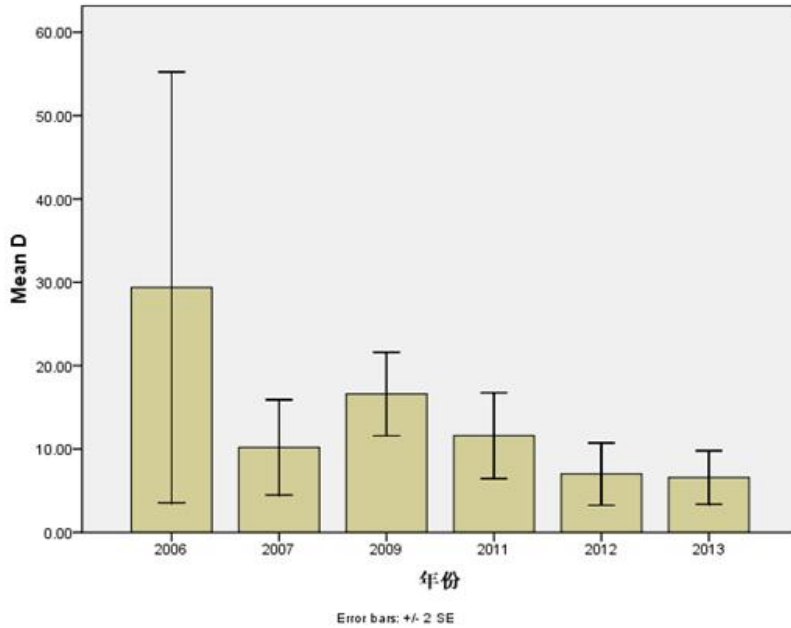


图 1 不同年限人参撂荒地 AM 真菌孢子密度比较

3.3 土壤中 AM 真菌孢子多样性比较

物种的多样性具有两种涵义：其一是种的数目或丰富度，它是指一个群落或生境中的物种数目的多寡，是不少生态学家经常使用的一个反应群落物种多样性的指标；其二是种的均匀度，它是指一个群落或生境中的全部物种个体数目的分配情况，它反映的是各物种个体数目分配的均匀程度。多样性指数则是反映丰富度和均匀度的综合指标。

不同年限人参撂荒地 AM 真菌孢子种类均匀度指数和多样性指数在撂荒十年的人参地中最高，在撂荒三年参地中最低。通过撂荒三年，四年，五年参地分析，可得出均匀度指数和多样性指数呈现随撂荒年限的增加而增加的趋势。

不同年限人参撂荒地 AM 真菌孢子的丰富度在撂荒七年的人参地中最高，在撂荒三年参地中最低。通过撂荒三年，四年，五年及七年参地分析，可得出孢子的丰富度呈现随撂荒年限的增加而增加的趋势。（如图 2 至图 6）。

[DataSet0]

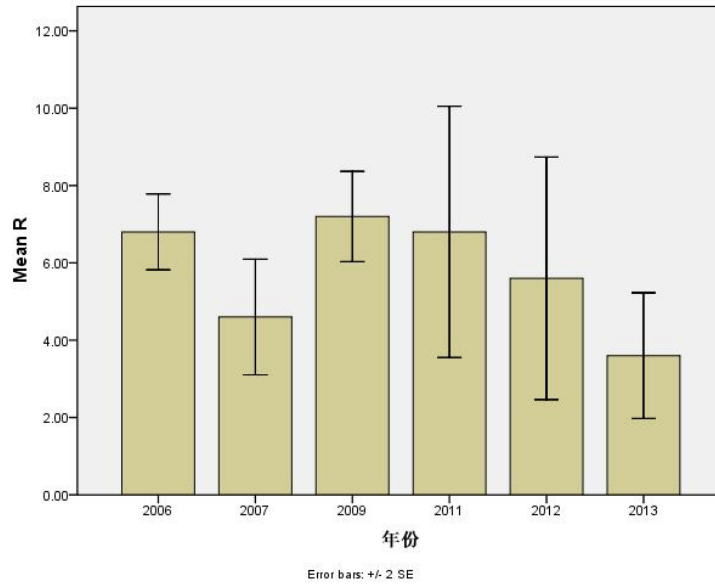


图 2 撂荒年份为 2006-2013 年的参地 AM 真菌孢子丰富度

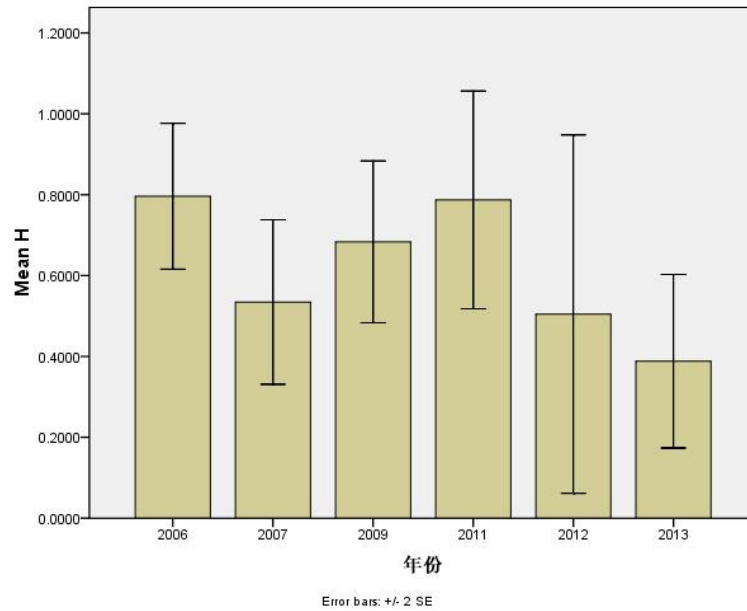


图 3 撂荒年份为 2006-2013 年的参地 AM 真菌孢子多样性指数

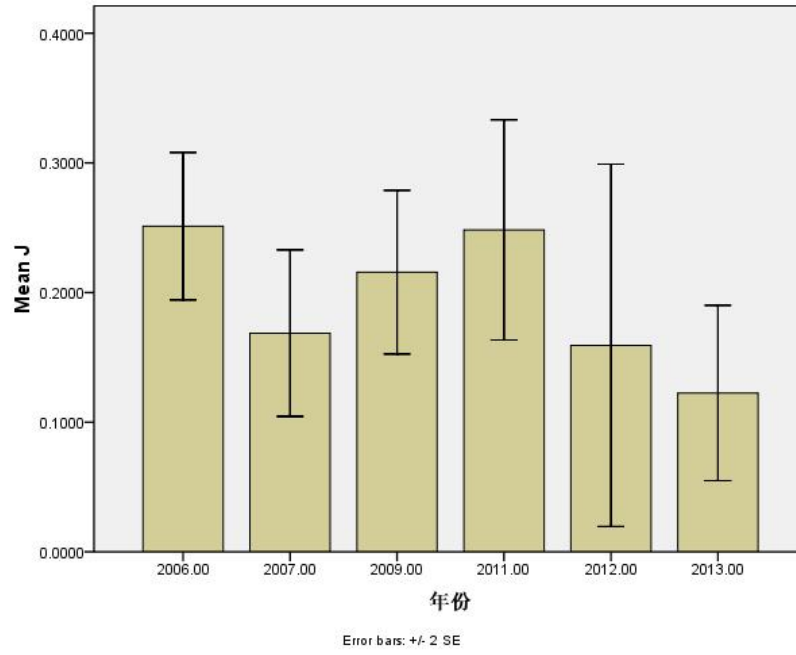


图 4 撂荒年份为 2006-2013 年的人参地 AM 真菌孢子均匀度指数

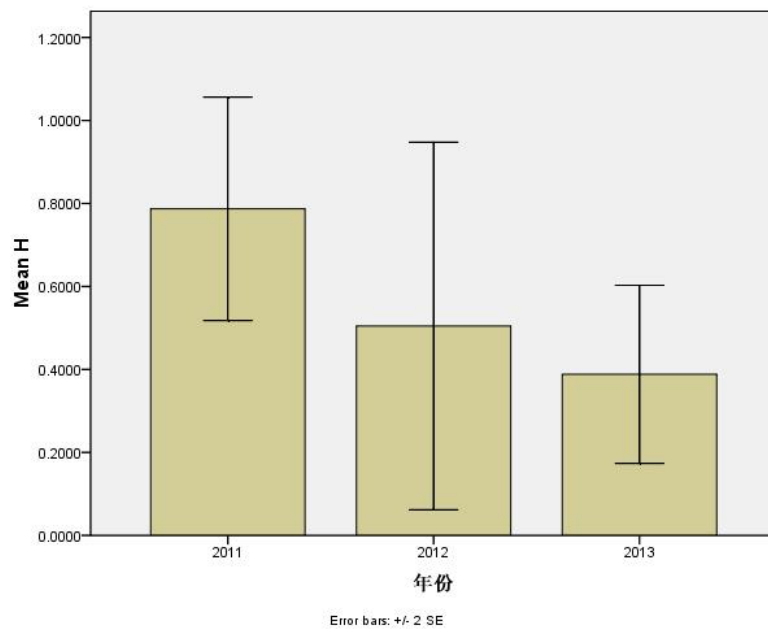


图 5 撂荒年份为 2011-2013 年的人参地 AM 真菌孢子多样性指数

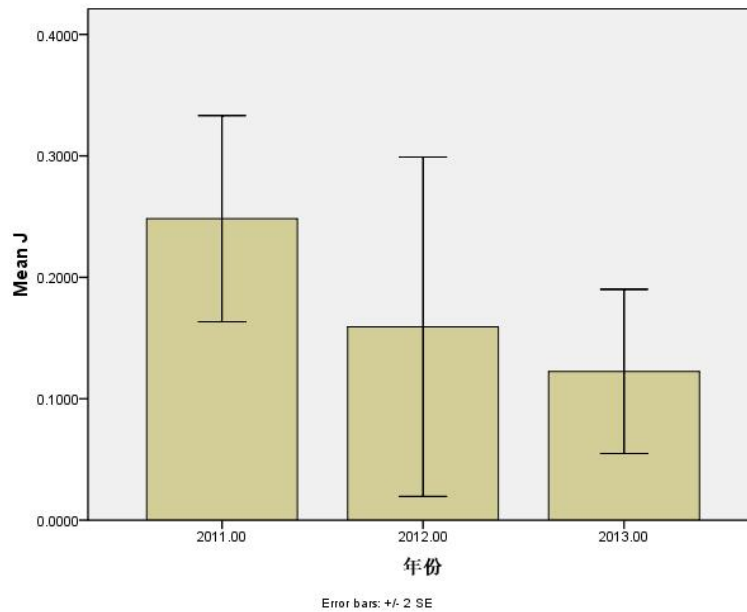


图 6 撂荒年份为 2011-2013 年的人参地 AM 真菌孢子均匀度指数

3.4 影响土壤中 AM 真菌孢子多样性的因素

为了确定不同撂荒年份中土壤中 AM 真菌多样性的主要影响因子，调查分析了样地样方中的植物种类、植物盖度、土壤含水量以及 PH 值 AM 真菌多样性及其分布的影响，因而进行了 AM 真菌孢子密度、多样性指数及种的丰度、与这些因子的相关性分析。结果见表 3。

土壤中的 AM 真菌孢子密度，随着植物种类以及植被盖度的增加而减少，其中 2013 年的人参撂荒地中孢子密度与植物种数呈显著负相关 ($P \leq 0.01$)，与植物盖度也呈显著负相关 ($P \leq 0.05$)；但随着土壤含水量以及 pH 值的增高而明显减少，其中 2012 年撂荒地中孢子密度与土壤含水量及 PH 呈显著负相关 ($P \leq 0.05$)。

土壤中的 AM 真菌的多样性指数，随着植物种数的增多而增多，随着植被盖度、土壤含水量及 PH 的增多而减少。其中 2012 年及 2013 年 AMF 孢子多样性与植被盖度呈显著的负相关关系 ($P \leq 0.05$)。

土壤中的 AM 真菌丰富度，随着植物种数的增多而增多，随着植被盖度、土壤含水量及 PH 的增多而减少。其中 2007 年 AMF 孢子丰富度与植物种数呈显著的正相关关系 ($P \leq 0.05$)，2012 年 AMF 孢子丰富度与土壤 PH 值呈显著的负相关关系 ($P \leq 0.05$)。

可见，不同年份撂荒地中 AMF 的孢子密度以及多样性与该地区植物多样性、土壤的含水量及 PH 值有关，植物种类越多，AMF 的多样性及丰富度就越多，且中性偏酸含水量低的土壤更有利于 AM 真菌的生长。

表 3 不同年份撂荒参地 AMF 孢子密度、多样性指数、丰富度与环境的相关性分析

Pearson Correlations					
	撂荒年份	盖植物度	植物种数	土壤 PH	土壤含水量
D	2006	-0.843	-0.162	0.304	0.307
	2007	-0.261	0.534	-0.627	-0.627
	2009	-0.563	-0.502	-0.488	-0.484
	2011	0.520	0.589	-0.283	-0.287
	2012	-0.524	-0.137	-0.900*	-0.899*
	2013	-0.932*	-0.982**	0.036	0.028
H	2006	0.529	0.483	0.086	0.086
	2007	-0.0141	0.687	-0.281	-0.274
	2009	-0.303	0.521	0.528	0.533
	2011	0.336	0.739	-0.170	-0.020
	2012	-0.927*	0.238	-0.819	-0.815
	2013	-0.952*	-0.801	-0.451	-0.457
R	2006	0.753	-0.218	0.222	0.219
	2007	-0.186	0.883*	-0.524	-0.517
	2009	-0.297	0.572	0.314	0.325
	2011	0.358	0.717	-0.610	-0.068
	2012	-0.654	-0.145	-0.914*	-0.911
	2013	-0.869	-0.930	-0.229	-0.236

注： *Correlation is significant at the 0.05 level(2-tailed)

**Correlation is significant at the 0.01level(2-tailed)

4. 讨论分析

本次实验采集的 30 份土壤样品中共鉴定出 2 属(球囊霉属和无梗囊霉属)共 21 种 AM 真菌孢子, 土壤中 AM 真菌孢子的相对多度在六个不同撂荒年限参地中存在差异。不同年限人参撂荒地 AM 真菌孢子种类均匀度和多样性在撂荒十年的人参地中最高, 在撂荒三年参地中最低, 且孢子密度、均匀度、丰富度及其多样性呈现随撂荒年限的增加而增加的趋势。

有实验研究得到结论: 不同植被类型下 AM 真菌的分布不同, 内养霉属只在荒漠分布, 类球囊霉属在绿洲农田和荒漠有分布, 原囊霉属在草原和荒漠有分布, 巨盾包囊霉属在草原、针叶阔叶林、草原有分布, 无梗囊霉属和球囊霉属在荒漠、草原、针叶阔叶林、草甸和绿洲农田都有分布^[12]。长白山地区多为针阔混交林, 从实验结果可知在撂荒地中主要存在的是球囊霉属

和无梗囊霉属，可以看出人参撂荒地的是向着针阔混交林方向进行恢复演替的。

在生态系统中能够影响 AMF 物种多样性的因素很多：每一处生境中 AMF 的物种多样性及其分布特征都是由各种生物和非生物因素共同作用的结果。郑克军^[13]等分析了在森林演替过程中菌根资源的变化情况和可能的影响因素。通过对演替初期的马尾松林、演替中期的针阔叶混交林、演替顶级的季风常绿阔叶林三个典型区域丛枝根菌多样性的研究发现：森林生态系统中 AM 真菌的多样性却随着土壤演替的等级呈现先降后升的现象。演替系列上的森林生态系统的菌根的差异与植物物种多样性和群落结构，尤其是林下的灌木、草本层密度存在一定的相关性，同时也受土壤养分状况的影响。

作为生活在植物根内的专性共生真菌，AMF 的物种多样性水平势必要受到寄主植物的影响。由于不同植物在生理代谢、根系形态结构与分泌物等方面可以存在较大差异，这必然会影响到 AMF 对寄主植物的识别和感染，进而影响到 AMF 的生长发育、产孢、分布、群落组成、多样性等^[14]。在植物多样性高的生境中 AMF 的物种多样性水平往往也较高。有研究发现植物的种植密度决定了其菌根生长效应，在种植密度较低时植物对 AMF 接种的生长反应最高，且随着植物密度的增加，AMF 对植物磷吸收的贡献降低，植物的菌根生长效应降低。随着植株密度增加，植物从 AMF 获得的养分减少，而对 AMF 投入的光合产物增加，根据 AMF 与植物间的投入—产出模型(cost-benefitmodels)，植株密度增加将降低植物的菌根生长效应。也就是说植株密度降低植物的菌根生长效应，进而影响 AMF 孢子的多样性^[15]。

许多研究表明，在退化生态系统的植被恢复过程中，AMF 群落以及植物群落随着演替的进程而呈现出动态的变化，表现出一定的协同性^[16-17]。但是在恢复过程中，无论是植被还是 AMF 群落都相当缓慢，AMF 群落的恢复可能更多的依赖于宿主植物^[18]。因此，在退化生态系统重建时，应当综合考虑 AMF 的影响效应，只有这样才能使植被和 AMF 群落快速地恢复到自然状态水平。

参考文献

- [1] 何永明: 人参本草史考证[J]. 中成药, 2001, 23(5): 384-386.
- [2] 王箱默. 人参药理研究的进展[J]. 人参研究, 2001, 13(3): 2-9.
- [3] 杨利民, 陈长宝, 王秀全, 等. 长白山区参后地生态恢复与再利用模式及其存在的问题[J]. 吉林农业大学学报, 2004, 5: 546-549, 553.
- [4] 金慧, 于树莲, 曹志强. 老参地、农田地改造, 连续栽培人参、西洋参[J]. 世界科学技术, 2006, 8(1): 84-87.
- [5] 弓明钦, 陈应龙, 仲崇禄. 菌根研究及应用[M]. 北京: 中国林业出版社, 1997.
- [6] 刘润进, 李晓林. 丛枝菌根及其应用[M]. 北京: 科学出版社, 2000.
- [7] 李晓林, 冯固. 丛枝菌根生态生理[M]. 北京: 华文出版社, 2001.
- [8] 邢福. 长白山生态实习指导[M]. 北京: 高等教育出版社, 2013, 7.
- [9] 王幼珊, 张淑彬, 张美庆. 中国丛植菌根真菌资源与种质资源[M]. 北京: 中国农业出版社, 2012, 3.
- [10] 孙儒泳, 李博, 诸葛阳, 尚玉昌, 普通生态学[M]. 高等教育出版社, 1993, 133 — 138.
- [11] 李振基, 陈圣宾等. 群落生态学[M]. 气象出版社. 2011, 2(1): 15-20
- [12] Juniper S, Abbott K. Soil salinity delays germination and limits growth of hyphae from propagules of arbuscular mycorrhizal fungi [J]. Mycorrhiza, 2006, 16: 371 — 379.
- [13] 郑克军, 唐旭利, 张静, 韩天丰. 季风常绿阔叶林演替系列菌根及其与群落多样性的关系 [J] 生态环境学报. 2013, 22(5): 729-738
- [14] 王宇涛, 辛国荣, 李韶山. 丛枝菌根真菌最新分类系统与物种多样性研究概况[J]. 生态学报, 2013, 33(3).
- [15] 杨高文, 刘楠, 杨鑫, 张英俊. 丛枝菌根真菌与个体植物的关系及其对群落生产力和物种多样性的影响. 草业学报, 2015, 24(6): 188-203.
- [16] Johnson N C, Zak D R, Tilman D, et al Dynamics of vesicular arbuscular mycorrhizae during old field succession[J]. Oecologia, 1991, 86: 349 -358 .
- [17] Barni E, Siniscalco C. Vegetation dynamics and arbuscular, mycorrhiza in old-field successions of the western Italian Alps[J]. Mycorrhiza. 2001, 10:63-72.
- [18] 刘永俊, 冯虎元, 不同演替阶段人工柠条林丛枝菌根真菌分子多样性研究[J], 中国沙漠. 2009, 29(6): 1141—1147.