

王 琰, 谢占玲. 不同地区黄绿卷毛菇生长发育相关植物的研究[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(6): 215-219.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.06.071

不同地区黄绿卷毛菇生长发育相关植物的研究

王 琰, 谢占玲

(青海大学生态环境工程学院/高原作物种质资源创新与利用重点实验室, 青海西宁 810016)

摘要:选择青海省海晏、玉树和泽库3个地区, 研究与黄绿卷毛菇(*Floccularia luteovirens*)生长发育相关的植物。比较研究了3个地区与黄绿卷毛菇生长发育相关的植物及其多样性, 观测分析了各种相关植物根部与蘑菇之间的关系, 同时采用外部形态观察和分子生物学的方法测定和分析相关植物。结果发现, 3个地区与黄绿卷毛菇生长发育相关的植物种类共7种; 在主根数、长度和须根数统计中, 试验组中占植物总种类28.6%的高草属和剪叶苔属2种植物, 与对照组差异显著; 3个地区从黄绿卷毛菇根部均分离到的植物为高草属和委陵菜, 比例分别为100%和32.5%; 在菌丝结构染色中, 试验组中占植物总种类28.6%的高草属和委陵菜2种植物, 根部出现红色结构。植物根部分子生物学研究中, 只有毛茛属出现扩增条带, 但测序并没有检测到结果。本研究首次研究了黄绿卷毛菇的生长发育与植物之间的关系, 对今后黄绿卷毛菇子实体结实机制的研究具有一定的指导意义。

关键词:黄绿卷毛菇; 生长发育; 相关植物; 多样性

中图分类号: S646.1⁺10.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2015)06-0215-04

黄绿卷毛菇(*Floccularia luteovirens*), 别称黄金菇、黄环菌、黄蘑菇, 隶属担子菌亚门(Basidiomycotina)、层菌纲(Hymenomycetes)、伞菌目(Agaricales)、白蘑科(Tricholomataceae)^[1], 属由以前的蜜环菌属(*Armillaria*)更改为现在的卷毛菌属(*Floccularia*)^[2]。该蘑菇是一种名贵食用菌, 也是一种重要的高原生物资源, 分布于海拔3 200~4 800 m的草甸上, 主要产于青海省海北、黄南、海南、果洛、玉树等地。近年来, 对于植物与真菌之间关系的研究迅速发展, 菌根是由一类土壤真菌——菌根菌与植物根系所形成的互惠共生体。通常菌根可分为丛枝菌(arbuscular mycorrhiza, AM)、外生菌根(ecto-mycorrhiza, ECM)、内外生菌根(ectendo-mycorrhiza, EEM)、兰科菌根(orchid mycorrhiza, ORM)、欧石楠类或杜鹃花类菌根(ericoid mycorrhiza, ERM)、水晶兰类菌根(monotropoid mycorrhiza, MTM)和浆果莓类菌根(arbutoid mycorrhiza, ABM)等7种类型^[3]。虽然, 刁治民认为黄绿卷毛菇可以和高草属(*Kobresia*)形成菌根^[4], 李晖等指出黄绿卷毛菇似与高草属或苔草属植物的根系形成菌根关系^[5], 但也都只是一句话描述, 并没有菌根结构及菌根类型等证据支持, 也未见详细的报道, 所以本研究对不同地区黄绿卷毛菇生长发育相关植物及其多样性进行了初步的研究。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验于黄绿卷毛菇发生期(6—9月)在青海海晏、玉树和泽库3个地区, 选择黄绿卷毛菇样本, 并以其为中心在面积为10 cm×10 cm的区域内, 采集与每株黄绿卷毛菇根部紧密连接在一起的所有植物及其完整根系作为试验组。选择无黄绿卷毛菇但有相同植物生长的地区, 用相同方法采集相同种类的植物及其完整根系作为对照组。

1.2 试验方法

1.2.1 植物根的形态观察及统计分析 将采集来的带有完整植物根系的黄绿卷毛菇按菌盖直径大小从小到大进行编号。将带有黄绿卷毛菇和植物的土块先进行浸泡, 1 h后当土块开始松散时, 用手将植物从黄绿卷毛菇根部进行剥离。冲洗剥离下的植物直至无土壤等杂质。同时记录从每株黄绿卷毛菇根部分离出来的植物种类, 根据形态学将其鉴定到属。采用同样的方法对对照组植物进行处理。

根据编号从小到大的顺序, 对每株黄绿卷毛菇根部分离出来的植物种类进行计数, 以研究植物种类多少与黄绿卷毛菇大小是否有正相关或负相关关系。

分别以每株黄绿卷毛菇为统计单位和以地区为统计单位对植物进行比例计算。在以每株黄绿卷毛菇为统计单位时: 植物出现比例 = 该植物在蘑菇根部出现的次数/蘑菇总数; 在以地区为统计单位时, 植物出现比例 = 该地区该植物在蘑菇根部出现的次数/该地区蘑菇总数。综合3个地区, 对每种植物进行比例计算, 公式为: 植物出现比例 = 3个地区该植物出现比例之和/3。

使用软件 EstimateS 8.2 计算 Shannon-Weiner 多样性指数 H' ^[6], 单位为 dit。用公式 $Ma = (S-1)/\ln N$ 计算物种丰富度指数^[7]; 其中 S 为种数, N 为植物总数。用公式 $J = H'/H'_{max}$ 计算均匀度指数^[8], 其中 $H'_{max} = \log_2 S$ 。为比较不同

收稿日期: 2014-12-12

基金项目: 国家自然科学基金(编号: 31260021); 青海省科技项目(编号: 2014-Z-903); 青海省重点基础研究项目(编号: 2011-Z-14); 国家重点实验室培育基地青海省高原作物种质资源创新与利用重点实验室开放课题(编号: 2011-05); 青海大学高层次人才项目(编号: 2012-QGC-4)。

作者简介: 王 琰(1993—), 女, 主要从事真菌研究。E-mail: wangyan19931030@126.com。

通信作者: 谢占玲, 博士, 教授, 主要从事真菌及酶学研究。E-mail: xiezhanling2012@126.com。

地区分离到的植株中各种类的相似性,用公式 $C_s = 2C/(A + B)$ 计算相似性系数^[9];其中, A 和 B 分别代表待比较的 2 个地区各自含有的种数, C 代表 2 个地区共有种数。将各地区分离出来的各植物数目按黄绿卷毛菇株数进行平均,即将每株黄绿卷毛菇根部作为一个生态系统样地。以上计算均使用平均数。

对试验组植物的根部与对照组植物的根部进行颜色观察,并进行对比与拍照。用量尺分别测量试验组植物和对照组植物主根数、长度和须根数并记录,计算试验组植物和对照组植物主根数、长度和须根数的平均值,利用软件 SPSS 19.0 的 t 检验功能检验二者在 1% 水平上是否存在显著性差异。

最后将上述清洗干净的每种植物均分为 2 个部分,一部分用于根部染色,一部分烘干用于分子鉴定。

1.2.2 根部染色 用碱解离-乳酸甘油酸性品红染色法^[10]对试验组植物根和对照组植物根进行染色,并观察是否有红色的菌丝体结构。

1.2.3 分子鉴定 用 CTAB 法^[11]对试验组及对照组的植物根系进行 DNA 的提取。然后进行 ITS 序列的 PCR 扩增,1% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测。PCR 扩增的引物参考文献^[12],引物序列见表 1。

表 1 用于 PCR 扩增的引物

位点名称	引物名称	引物类型	序列(5'→3')	大小(bp)
ITS	ITS5	Forward	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG	22
	ITS4	Reverse	TTCTTCGCTTATTGATATGC	20

PCR 扩增采用以下反应体系: ddH₂O 15.25 μL、10 × PCR buffer 2.5 μL、Mg²⁺ 2 μL、dNTPs (10 mmol/L) 2 μL、Forward primer (10 μmol/L) 1 μL、Reverse primer (10 μmol/L) 1 μL、Taq DNA Polymerase 0.25 μL、DNA 1 μL。ITS 基因 PCR 扩增程序如下: 94 °C 1 min; 94 °C 15 s, 58 °C 15 s, 72 °C 1 min, 35 个循环; 72 °C 5 min。PCR 结束后取 5 μL 扩增产物在 1% 琼脂糖凝胶上进行电泳,紫外灯下检测并记录扩增产物在琼脂糖凝胶上的条带。

2 结果与分析

2.1 黄绿卷毛菇生长发育相关植物的类群及比例

2.1.1 相关植物的类群 对与黄绿卷毛菇根部紧密结合的植物进行分离,试验结果如表 2 所示。共分离到 7 种植物与黄绿卷毛菇根部紧密结合,分别是蒿草属、委陵菜、毛茛属、黄华属、龙胆属、剪叶苔属、蒲公英属。3 个地区的黄绿卷毛菇合计 26 株黄绿卷毛菇,其中海晏地区共 7 株,玉树地区共 14 株,泽库地区共 5 株。为研究植物种类多少与黄绿卷毛菇大小的关系,各地区按菌盖直径从小到大的顺序进行编号,编号如表 2 所示(海晏地区菌盖直径大小为 Hy1 < Hy2 < Hy 3 < Hy 4 < Hy 5 < Hy 6 < Hy 7,玉树地区、泽库地区同理)。结果表明,分离出来的植物种类多少与黄绿卷毛菇大小没有正相关或负相关的关系。

2.1.2 植物的比例 以每株黄绿卷毛菇为统计单位时的结果为: 26 株黄绿卷毛菇根部均分离出蒿草属,出现比例是 100%; 7 株黄绿卷毛菇根部分离出委陵菜,出现比例是 26.9%; 2 株黄绿卷毛菇根部各分离出了毛茛属、黄华属、龙胆属、剪叶苔

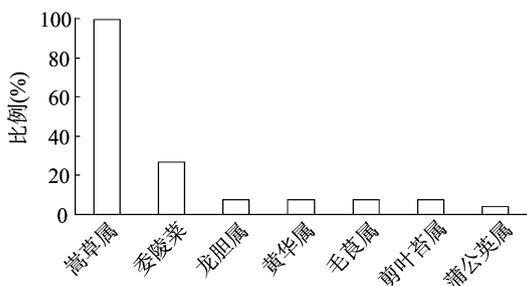
表 2 相关植物的种类

海晏地区		玉树地区	
黄绿卷毛菇编号	植物种类	黄绿卷毛菇编号	植物种类
Hy1	蒿草属、委陵菜	Ys1	蒿草属、剪叶苔属
Hy2	蒿草属	Ys2	蒿草属、剪叶苔属
Hy3	蒿草属、委陵菜	Ys3	蒿草属
Hy4	蒿草属、毛茛属	Ys4	蒿草属
Hy5	蒿草属、委陵菜、黄华属	Ys5	蒿草属
Hy6	蒿草属	Ys6	蒿草属
Hy7	蒿草属、毛茛属	Ys7	蒿草属、委陵菜
泽库地区		Ys8	蒿草属、委陵菜、剪叶苔属
黄绿卷毛菇编号	植物种类	Ys9	蒿草属、剪叶苔属
Zk1	蒿草属、委陵菜	Ys10	蒿草属
Zk2	蒿草属、委陵菜、龙胆属	Ys11	蒿草属
Zk3	蒿草属	Ys12	蒿草属、蒲公英属
Zk4	蒿草属、黄华属	Ys13	蒿草属
Zk5	蒿草属、龙胆属	Ys14	蒿草属

属,出现比例均是 7.69%; 1 株黄绿卷毛菇根部分离出蒲公英属,出现比例是 3.85%。植物出现比例大小为蒿草属(100%) > 委陵菜(26.9%) > 毛茛属(7.69%) = 黄华属(7.69%) = 龙胆属(7.69%) = 剪叶苔属(7.69%) > 蒲公英属(3.85%)。

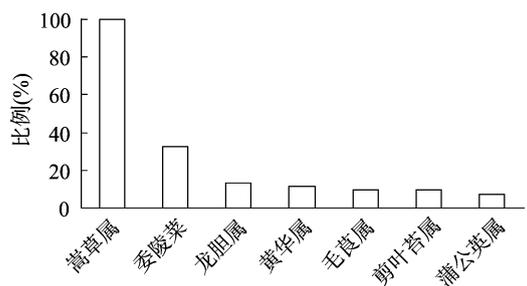
以地区为统计单位时的结果为:海晏地区 7 株黄绿卷毛菇根部均分离出蒿草属,出现比例是 100%; 3 株黄绿卷毛菇根部分离出委陵菜,出现比例是 42.9%; 2 株黄绿卷毛菇根部分离出毛茛属,出现比例是 28.6%; 1 株黄绿卷毛菇根部分离出黄华属,出现比例是 14.3%。玉树地区 14 株黄绿卷毛菇根部均分离出蒿草属,出现比例是 100%; 4 株黄绿卷毛菇根部分离出剪叶苔属,出现比例是 28.6%; 2 株黄绿卷毛菇根部分离出委陵菜,出现比例是 14.3%; 1 株黄绿卷毛菇根部分离出蒲公英,出现比例是 7.1%; 泽库地区 5 株黄绿卷毛菇根部均分离出蒿草属,出现比例是 100%; 2 株黄绿卷毛菇根部各分离出了委陵菜和龙胆属,出现比例均是 40%; 1 株黄绿卷毛菇根部分离出黄华属,出现比例是 20%。对各地区分离出来的植物进行比例计算为:蒿草属 = (100% + 100% + 100%) / 3 = 100%; 委陵菜 = (42.9% + 14.3% + 40%) / 3 = 32.4%; 龙胆属 = 40% / 3 = 13.3%; 黄华属 = (14.3% + 20%) / 3 = 11.4%; 毛茛属 = 28.6% / 3 = 9.53%; 剪叶苔属 = 28.6% / 3 = 9.53%; 蒲公英 = 7.1% / 3 = 7.1%。3 个地区均分离出的植物及出现比例大小为:蒿草属(100%) > 委陵菜(32.4%); 部分地区分离出的植物出现比例大小为龙胆属(13.3%) > 黄华属(11.4%) > 毛茛属(9.53%) = 剪叶苔属(9.53%) > 蒲公英属(7.1%)。对上述结果作柱状图(图 1、图 2)。

在以每株黄绿卷毛菇为统计单位和以地区为统计单位时,相同之处是:蒿草属所占比例均最高(100%),其次是委陵菜;毛茛属与剪叶苔属的比例均相同;所占比例最小的均是蒲公英属。不同之处是:虽然二者中委陵菜所占比例都是第二,但前者中委陵菜的比例较后者大;前者中龙胆属 = 黄华属 = 毛茛属 = 剪叶苔属,而后者中龙胆属 > 黄华属 > 毛茛属 = 剪叶



以每株黄蘑菇为统计单位

图1 各植物所占比例



以地区为统计单位

图2 各植物所占比例

苔属;虽然二者中蒲公英属所占比例均最低,但前者中所占比例较后者大;除了嵩草属外,后者所有的植株所占比例均比前者中对应植株所占比例大。

2.2 不同地区植物的比较

对3个地区分离出来的植物进行相似性系数的计算,海晏地区与玉树地区的相似性系数为0.5,海晏地区与泽库地区的相似性系数为0.75,玉树地区与泽库地区的相似性系数

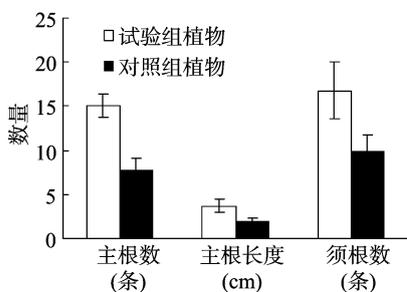


图4 玉树地区嵩草属

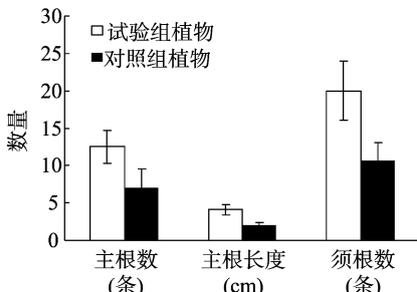


图5 泽库地区嵩草属

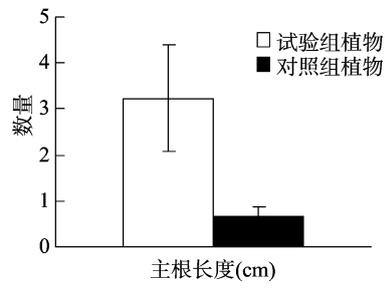


图6 玉树地区剪叶苔属

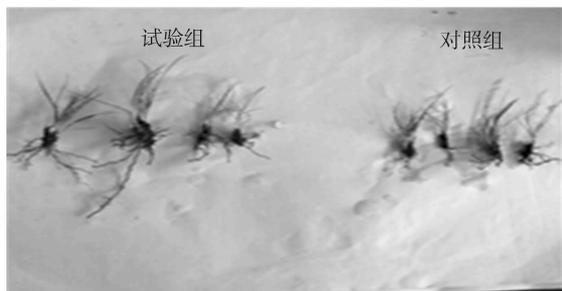


图7 嵩草属



图8 剪叶苔属

2.4 植物根系的染色

用解离-乳酸甘油酸性品红染色法^[10]对试验组和对照组植物根进行染色观察,试验结果显示:玉树地区试验组嵩草

为0.5。结果显示:海晏地区与泽库地区的相似程度比较高,海晏地区的 Ma 高于玉树地区和泽库地区(表3),玉树地区的 H' 和 J 高于海晏地区和泽库地区(表3),这可能与环境有关。

表3 不同地区植物多样性的比较

地区	植物数目	丰富度指数 Ma	多样性指数 H'	均匀度指数 J
海晏	2	4.33	3.86	1.93
玉树	15/7	3.94	4.58	2.29
泽库	14/5	2.91	2.28	1.14

2.3 植物根的形态观察

利用软件 SPSS 19.0 的 t 检验功能对7种植物主根数、主根长度、须根数各平均数进行检验。其中在1%水平上存在显著性差异的有2种,分别是嵩草属和剪叶苔属。其中3个地区嵩草属的主根数、主根长度、须根数,玉树地区剪叶苔属的主根长度,存在显著性差异。对其作柱状图(图3至图6)所示,对出现显著性差异的相关植物和对照植物进行拍照(图7、图8)。

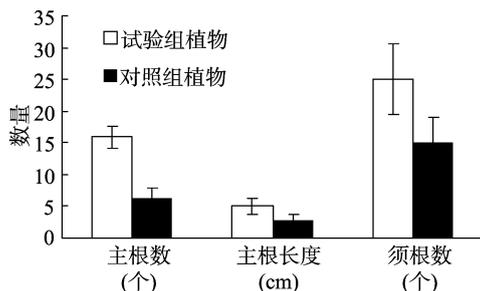


图3 海晏地区嵩草属

属、泽库地区试验组嵩草属、泽库地区试验组委陵菜出现红色结构,说明有AM真菌的侵染,而在对照组中则没有出现(图9、图10)。

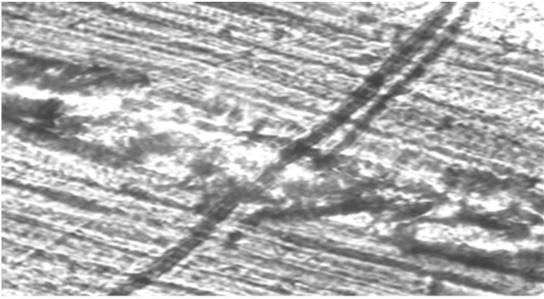


图9 试验组植物根染色结果

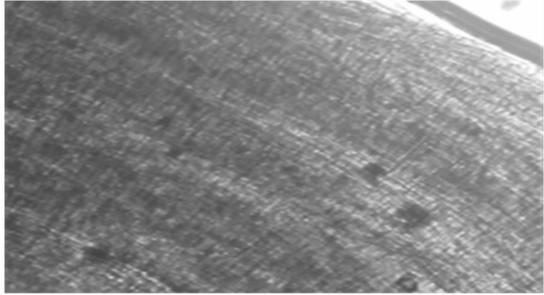


图10 对照组植物根染色结果

3 结论

对与黄绿卷毛菇生长发育相关的植物进行分离与鉴定,发现共7种植物,分别为蒿草属、委陵菜、毛茛属、黄华属、龙胆属、剪叶苔属、蒲公英属,但植物种类多少与黄绿卷毛菇大小没有明显的正相关或负相关关系。

通过对与黄绿卷毛菇根部紧密结合的植物进行分离,蒿草属在各地区的出现比例是100%。通过 t 检验得到的结果中试验组的蒿草属与对照组中蒿草属的主根个数、长度和须根个数在1%水平上有显著差异;染色结果中蒿草属根部出现AM真菌菌丝体。据此可得出蒿草属与黄绿卷毛菇的生长发育相关。

3个地区中均分离出了委陵菜,海晏地区试验组的委陵菜根部发黄,染色结果中委陵菜根部出现AM真菌菌丝体,但 t 检验没有明显差异,据此可得出委陵菜可能与黄绿卷毛菇的生长发育有关,但还需更进一步的研究。

黄华属、蒲公英属、龙胆属被分离出来,但在其他试验中无结果;试验组的剪叶苔属与对照组中剪叶苔属的主根长度在1%水平上有显著差异;毛茛属在凝胶电泳中出现扩增条带但送至上海生物工程公司检验并未出现结果。据此可得出,这5种植物可能与黄绿卷毛菇的生长发育有关,但还需更进一步的研究。

4 讨论

黄绿卷毛菇生长于高寒蒿草草甸上,生长发育的植被均为草本。刁治民认为黄绿卷毛菇可以和蒿草属(*Kobresia*)形成菌根^[4],在本试验中虽然观察到蒿草属和委陵菜根部有AM真菌的侵入,但在凝胶电泳检测中并没有检测出扩增条带,有可能是由于黄绿卷毛菇侵染率极低,用于凝胶电泳的根段没有菌丝体的侵入,即样本不够大造成的;也有可能是侵入植物根部的AM真菌不是黄绿卷毛菇而是其他真菌;另外由于采样时间为黄绿卷毛菇的发生期,对于菌根的形成季节目

前尚不清楚,黄绿卷毛菇的发生期不是菌根的形成期也是可能的原因之一。具体原因还待更进一步的研究。

卢素锦等调查了青海省各区域黄绿卷毛菇的伴生植物:海北祁连为矮嵩草、蒲公英;黄南泽库为羊茅;果洛大武乡为高山嵩草、羊茅;果洛格桑滩为扁秆蔗草、双叉细柄草;青海湖江西沟为青海固沙草、羊茅、柄状苔草^[13],在本试验中也出现了蒲公英属,但并没有充足的证据说明蒲公英属与黄绿卷毛菇生长发育有关,还待更深一步的研究。

发生黄绿卷毛菇的区域植被有明显的圈带状分布特点,形成宽度大约5 m、直径大约6 m的蘑菇圈。在蘑菇圈上共有26种植物组成,平均总盖度达90.20%,各物种分盖度总和为143.74%^[1],蘑菇圈上和圈外植物群落组成种类不同,圈上物种数明显高于圈外物种数,圈上各物种分盖度总和比圈外高出49.16%,但圈上和圈外优势种及主要伴生种相同^[14],圈上禾本科植物增长特别明显,圈上植物群落物种多样性指数,均匀度指数均高于圈外,但黄绿卷毛菇的生长对群落均匀度的影响不大^[15]。蘑菇圈上的植被之所以如此丰富,很可能是黄绿卷毛菇和植被之间的物质交换引起的,即本试验中研究的植物与黄绿卷毛菇的生长发育有关。

在过去的十年里,我国菌根研究有了极大的发展,但在研究深度上仍需进一步加强。超过半数的研究是关于内生菌根,研究的重点主要集中在菌根真菌提高植物抗病性^[16-17]、提高植物抗盐碱胁迫能力^[18-19]、修复土壤污染^[20-21]、提高植物促生抗逆性^[22-23]、加强植物对重金属的耐受性和富集能力^[24]等方面,主要是菌根对植物的影响,而关于植物对真菌影响的报道很少,虽然目前我们还不清楚植物与黄绿卷毛菇之间的关系,但进行植物对黄绿卷毛菇生长发育影响的研究仍具有深远的意义。

虽然李晖指出黄绿卷毛菇似与蒿草属或苔草属植物的根系形成了菌根关系^[5],但在本试验中并没有发现足够的证据能够证实这种关系,只能够说明蒿草属肯定与黄绿卷毛菇生长发育相关,所以黄绿卷毛菇与周围植物是否形成菌根关系或其他关系是今后研究的方向。

参考文献:

- [1] 谢红民,刁治民,邓君. 青藏高原黄绿蜜环菌资源现状及可持续发展的研究[J]. 郧阳师范高等专科学校学报,2005,25(6): 67-70.
- [2] 戴玉成,周丽伟,杨祝良,等. 中国食用菌名录[J]. 菌物学报,2010,29(1):1-21.
- [3] 石兆勇,刘德鸿,王发园,等. 菌根类型对森林树木净初级生产力的影响[J]. 生态环境学报,2012,21(3):404-408.
- [4] 刁治民. 青海草地黄绿蜜环菌生态学特性及营养价值的研究[J]. 中国食用菌,1997,16(4):21-22.
- [5] 李晖,央金卓嘎. 黄绿蜜环菌的生态调查[J]. 西藏科技,2002(5):25.
- [6] Colwell R K. Estimates; statistical estimation of species richness and shared species from samples; Version 8.2. User's guide and application published[EB/OL]. [2014-11-12]. <http://purl.oclc.org/estimates>.
- [7] Magurran A E. Measuring biological diversity[M]. Oxford:Blackwell Publishing,2004:1-256.

韩兴宝,谢占玲. 黄绿卷毛菇生长规律的初步研究[J]. 江苏农业科学,2015,43(6):219-222.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.06.072

黄绿卷毛菇生长规律的初步研究

韩兴宝¹, 谢占玲^{1,2}

(1. 青海大学生态环境工程学院,青海西宁 810016;2. 青海省高原物种质资源创新与利用重点实验室,青海西宁 810016)

摘要:为探究黄绿卷毛菇的野外生长规律,于2014年7月在青海省玉树藏族自治州对黄绿卷毛菇的野外生长进行观测。结果表明,根据黄绿卷毛菇菌盖直径,结合其生长速度与鳞片状态,将黄绿卷毛菇的生长发育过程分为5个阶段,即菌核期(菌盖直径<1 cm)、初生期(菌盖直径1.0~<2.5 cm)、幼年期(菌盖直径2.5~<4.5 cm)、开伞期(菌盖直径4.5~6.5 cm)和衰败期(菌盖直径>6.5 cm);黄绿卷毛菇的生长周期为18~22 d;降水对黄绿卷毛菇的生长具有明显的促进作用。本研究首次调研了野生条件下黄绿卷毛菇的生长发育规律,对于解释蕈菌的生长发育机制具有指导意义。

关键词:黄绿卷毛菇;生长规律;菌盖直径;降雨

中图分类号:S646.1+10.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2015)06-0219-04

黄绿卷毛菇(*Floccularia luteovirens*)^[1]别称金蘑菇、黄环菇、黄蘑菇^[2],主要分布于青藏高原海拔3 200~4 800 m的草甸上,具有较高的营养价值和生态学功能。目前对黄绿卷毛菇的报道较少,更未见野外观测记录,野外观测可以直观地获得研究对象的第一手资料,有利于阐释其与环境因子相互作用的规律,在生物研究中具有重要作用。目前对动植物及细

菌等的生长规律有较完善的研究和系统的描述^[3-5],但缺乏对蕈菌生长规律的研究。为了探究黄绿卷毛菇在野外环境中的生长规律及受水分影响的特点,笔者在黄绿卷毛菇发生时进行野外考察、观测、研究、分析,获得了其生长发育的初步数据和分析结论。

1 材料与方法

1.1 调研地

为避免人为采摘及其他非自然因素的干扰,选择青海大学-清华大学三江源高寒草地生态环境野外监测站院作为本次观测的观测点,调研地面积为1万m²且基本没有遮光物,受人类活动影响小。经纬度为33°24′30″N,97°18′00″E,海拔4 270 m,高原高寒气候,年均温2.9℃,1月均温-7.5℃,7

收稿日期:2014-12-18

基金项目:国家自然科学基金(编号:31260021);青海省科技资助项目(编号:2014-Z-903)。

作者简介:韩兴宝(1993—),男,山东莱芜人,研究方向为真菌。E-mail:hxbwls@126.com。

通信作者:谢占玲,博士,教授,研究方向为真菌及酶学。E-mail:xiezhanling2012@126.com。

[8] Pielou E C. Ecological diversity[M]. New York: Wiley-Interscience Publication, 1975: 1-165.

[9] Odum E P. Principles and concepts pertaining to organization at the community level[M]//Odum E P. Fundamentals of ecology. Philadelphia, PA: Saunders, 1971: 140-161.

[10] 朱毓霞,宋杰,肖文娟. 中江石泉丹参丛枝菌根真菌鉴定[J]. 中药与临床,2011,2(3): 17-20.

[11] 旦巴,何燕,卓嘎,等. SDS法和CTAB法提取西藏黄籽油菜干种子DNA用于SSR分析[J]. 西藏科技,2011(8): 9-11.

[12] 田恩静. 中国球盖菇科几个属的分类与分子系统学研究[D]. 长春:吉林农业大学,2011.

[13] 卢素锦,李军乔,陈刚,等. 青海黄绿蜜环菌植被类型及伴生植物的初步调查[J]. 食用菌,2006,28(3): 4-5.

[14] 王启兰,姜文波,陈波. 黄绿蜜环菌蘑菇圈生长对土壤及植物群落的影响[J]. 生态学杂志,2005,24(3): 269-272.

[15] 王文颖,王启基,姜文波,等. 黄蘑菇的生长对草地植被及土壤的影响[J]. 草业学报,2004,13(4): 34-38.

[16] 宋培玲,郝丽芬,李欣州,等. 丛枝菌根真菌特性及其提高植物抗病性的研究进展[J]. 内蒙古农业科技,2013(3): 84-85,106.

[17] 毛爱军. VA菌根诱导植物抗病性研究概述[J]. 长江蔬菜,

2005(2):38.

[18] 祝文婷,陈为京,陈建爱,等. 丛枝菌根真菌提高植物抗盐碱胁迫能力的研究进展[J]. 安徽农业科学,2013,41(5): 2061-2062,2221.

[19] 王桂君,张丽辉,赵骥民,等. 盐性条件下的AM真菌以及AM真菌提高植物耐盐性研究[J]. 长春师范学院学报:自然科学版,2004,23(4): 64-68.

[20] 佟丽华,侯卫国. 菌根生理机能及其在污染土壤修复中的应用[J]. 安徽农学通报,2007,13(17): 19-22.

[21] 陈梅梅,陈保冬,许毓,等. 菌根真菌对石油污染土壤修复作用的研究进展[J]. 生态学杂志,2009,28(6): 1171-1177.

[22] Garbaye J. Helper bacteria: a new dimension to them corrhizal symbiosis[J]. New Phytologist, 1994, 128: 197-210.

[23] Barea J M, Azcón R, Azcón-Aguilar C. Mycorrhizosphere interactions to improve plant fitness and soil quality[J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2002, 81(1/2/3/4): 343-351.

[24] Wang F Y, Lin X G, Yin R. Effect of arbuscular mycorrhizal fungal inoculation on heavy metal accumulation of maize grown in a naturally contaminated soil[J]. International Journal of Phytoremediation, 2008, 9(4): 345-353.