

刘 薇,吕光辉,魏雪峰,等. AM 真菌多样性与植物多样性耦合关系及其对水盐梯度的响应[J]. 江苏农业科学,2018,46(9):252–256.  
doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2018.09.060

# AM 真菌多样性与植物多样性耦合关系 及其对水盐梯度的响应

刘 薇<sup>1,2</sup>, 吕光辉<sup>2,3</sup>, 魏雪峰<sup>1,2</sup>, 龚雪伟<sup>1,2</sup>

(1. 新疆大学资源与环境科学学院, 乌鲁木齐 830046; 2. 绿洲生态教育部重点实验室, 新疆乌鲁木齐 830046;  
3. 新疆大学干旱生态环境研究所, 新疆乌鲁木齐 830046)

**摘要:**选取具有水盐梯度特征的 3 个典型样地,研究干旱荒漠中土壤水盐含量对 AM 真菌与植物多样性耦合关系的影响。结果表明:(1)植物  $\alpha$  多样性指数在不同水盐梯度上呈显著性差异; $\beta$  多样性显示,随水盐梯度的变化,植物群落演替过程趋于选择能适应高盐多水和低盐极少水的极端环境的耐盐植物和耐旱植物。(2)各样地 AM 真菌的  $\alpha$  多样性表现为随水盐逐渐降低而降低; $\beta$  多样性显示,随水盐梯度的下降,AM 真菌群落之间的共有种减少,群落演替速率加快,这种变化趋势与植物群落相反。(3)植物与 AM 真菌的相同  $\alpha$  多样性指数间均呈正相关关系,体现了 AM 真菌对宿主植物和土壤水盐含量的双重响应;随着土壤水盐梯度由多盐多水向少盐少水发展,群落最终的演替成为组成较为简单的群落,相对于植物而言,AM 真菌演替的速率较大。

**关键词:**荒漠生态系统;丛枝菌根真菌;荒漠植物; $\alpha$  多样性; $\beta$  多样性

**中图分类号:** Q948.12;S181 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002–1302(2018)09–0252–04

丛枝菌根(arbuscular mycorrhiza, AM)真菌是一类种类丰富、分布广泛的土壤微生物<sup>[1]</sup>,能与 80% 以上的陆生植物根系形成共生关系<sup>[2]</sup>。在这一共生关系中,AM 真菌为其寄主提供矿质营养,同时也从寄主处获取碳源。借助于 AM 真菌,宿主植物可在恶劣环境中获得良好的生长效应<sup>[3–4]</sup>。近年来,国内外学者已对不同生态系统进行大量的 AM 真菌相关研究,Klironomos 通过大量交叉验证试验发现,植物和 AM 真菌的种属身份都会影响到二者的共生关系<sup>[5]</sup>;也有研究表明,AM 真菌的组成和多样性对植株个体生长有很大影响<sup>[6–7]</sup>。AM 真菌具有很高的物种多样性<sup>[8]</sup>,随着 AM 真菌物种多样性增加,AM 真菌对宿主植物的生长促进效应表现出多样性<sup>[9–10]</sup>,即随着 AM 真菌物种多样性的增加,宿主植物的生长也相应增强。Moora 等发现,AM 真菌能够强化植物种内竞争,促进植物个体的大小不整齐性<sup>[11–12]</sup>。Zhang 等发现,AM 真菌能够影响植物的死亡率,进而影响种群自疏过程<sup>[13–14]</sup>。因此,AM 真菌对植物个体生长的影响在大尺度上可能影响植物群落的构建和多样性特征,进而造成群落结构与功能的差异。

极端干旱、盐渍的生态系统中的 AM 真菌资源状况正在受到越来越多的关注<sup>[15]</sup>。目前,全球范围内共有约 9.32 亿  $\text{hm}^2$  土地遭受盐化和碱化,这些地区植被多样性的恢复与当地的生态安全和经济发展密切相关<sup>[16–17]</sup>。已有研究表明,土

壤盐分是引起干旱区植物群落多样性变化的关键因子之一<sup>[18–20]</sup>,也是干旱区荒漠植物群落动态的决定因素之一<sup>[21]</sup>,但关于土壤水盐协同影响下植物多样性与 AM 真菌多样性耦合关系的变化特征,尚未见报道。

本试验选取典型干旱荒漠区,研究 AM 真菌多样性与植物多样性的耦合关系对水盐梯度的响应,研究结果在一定程度上可为干旱荒漠生态系统的群落构建与生物多样性维持机制提供理论基础。

## 1 试验设计与研究方法

### 1.1 研究区及植被概况

艾比湖湿地国家级自然保护区位于新疆精河县西北( $82^{\circ}30' \sim 82^{\circ}50'E, 44^{\circ}37' \sim 45^{\circ}10'N$ ),该区为典型大陆性干旱气候,干燥少雨多风,年平均气温  $5^{\circ}\text{C}$ ,年平均降水量为 105.17 mm,蒸发量为 1 315 mm。该区典型地带性土壤为灰漠土、灰棕漠土和风沙土隐域性土壤为盐(盐渍化)土、草甸土和沼泽土。多样化的土壤类型决定了旱生、超旱生、沙生、盐生、湿生和水生等植物群落的形成。艾比湖特殊的湿地—荒漠生态环境分布着数百种动植物,有其独特的生物资源多样性<sup>[22]</sup>。主要植物种类有胡杨(*Populus euphratica*)、梭梭(*Haloxylon ammodendron*)、芦苇(*Phragmites australis*),在平原低地还有怪柳(*Tamarix ramosissima*)、黑果枸杞(*Lycium ruthenicum*)、甘草(*Glycyrrhiza uralensis*),湖滨盐沼地有盐穗木(*Halostachys caspica*)、盐节木(*Halocnemum strobilaceum*)、碱蓬(*Suaeda glauca*)和盐爪爪(*Kalidium foliatum*),山前冲积洪扇有琵琶柴(*Reaumuria soongorica*)等<sup>[23]</sup>。

### 1.2 样品材料的采集

在艾比湖自然保护区南部阿奇克苏河北岸垂直河道每隔约 2.0 km 选取水盐交互作用梯度明显的 3 个典型样地,即高

收稿日期:2016–12–08

基金项目:国家自然科学基金(编号:31560131)。

作者简介:刘 薇(1990—),女,硕士研究生,主要从事干旱区生态环境演变等研究。E-mail:3061292985@qq.com。

通信作者:吕光辉,教授,博士生导师,主要从事干旱区生态学教学和科研工作。E-mail:ler@xju.edu.cn。

盐多水样地 (SW-1), 距河约 1.0 km; 中盐中水 (SW-2), 距河约 3.0 km; 低盐少水样地 (SW-3), 距河约 5.0 km (表 1)。在每块样地布设 30 m × 30 m 的样方, 以横坐标每隔 10 m、纵坐标每隔 10 m 采集 1 份样品, 共 9 个小样方, 作植物多样性调查; 以横坐标每隔 5 m、纵坐标每隔 6 m 采 1 份样品, 共 30 组植物样品, 在植物根围, 去掉表面的碎屑层后, 挖取土壤 (长 10 cm × 宽 10 cm × 深 20 cm), 连同植物根系装入无菌的塑料袋内, 每份样品约 5 kg, 带回实验室进行 AM 真菌多样性分析。

表 1 样地基本信息

水盐梯度	北纬	东经	土壤含水量 (%)	电导率 (S/m)
SW-1	44°37'27.9"	83°33'53.8"	10.93 ± 0.17a	6.34 ± 0.30a
SW-2	44°38'24.5"	83°34'28.6"	2.39 ± 0.13b	2.63 ± 0.36b
SW-3	44°39'41.2"	83°34'46.8"	0.64 ± 0.21b	0.98 ± 0.18c

注: 同列数据后不同字母表示差异显著 ( $P < 0.05$ )。

1.3 分析方法

筛选出植物根围土样 1 kg 自然风干后 (2 ~ 5 d) 保存在低温库内 ( $< 10\text{ }^{\circ}\text{C}$ ), 用于 AM 真菌孢子筛选、分离与鉴定。从每份样品中抽取 100 g 土样, 用改进的湿筛倾析 - 蔗糖离心法筛选 AM 真菌孢子<sup>[24-25]</sup>。在体视镜下先观察孢子的颜色、大小、连孢菌丝、孢子果等形态特征, 进行初步分类, 在此基础上, 加浮载剂 PVLG (聚乙烯醇 - 乳酸 - 甘油, 即 1.66 g 聚乙烯醇、10 mL 蒸馏水、10 mL 乳酸、1 mL 甘油), 在光学显微镜 (Classica, 麦克奥迪 E221) 及体视显微镜 (舜宇 SZ-6745) 下观察、测定孢子的颜色、大小、表面特征, 孢壁颜色、类型、厚度等特征, 内含物的性质, 鉴定中可辅助使用 Melzer's 试剂 (100 g 水合氯醛、100 mL 蒸馏水、1.5 g 碘、5 g 碘化钾) 和棉兰试剂 (10 g 石炭酸、10 mL 乳酸、20 mL 甘油、0.02 g 棉兰、10 mL 蒸馏水), 观察孢子的化学反应, 对有代表性的形态进行拍照; 综合以上观察结果, 根据文献 [26]、国际真菌 INVAM (International Culture Collection of Arbuscular and Vesicular - Arbuscular Mycorrhizal Fungi) 网址 (www.invam.caf.wdu.edu) 信息进行 AM 真菌鉴定。AM 真菌孢子密度 (spore density) 以 1 g 土样中含有的孢子数表示; 相对多度 (relative abundance, RA) 指该采样点 AM 真菌某属或某种孢子数占总孢子数的比率, 即  $RA = (\text{该采样点 AM 真菌某属或某种孢子数} / \text{该采样点 AM 真菌总孢子数}) \times 100\%$ 。

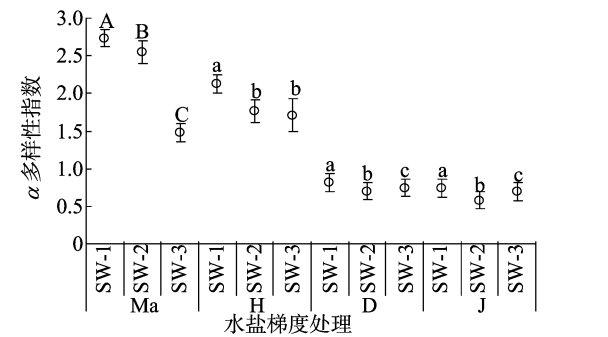
1.4 数据处理

利用 Excel 2010 及 R 软件 (<http://cran.rproject.org>) 的 Vegan 程序包整理和计算 AM 真菌和植物物种多样性; 用 SPSS 20.0 软件进行单因素方差分析检验 AM 真菌和植物在 3 个样地之间的差异。

2 结果与分析

2.1 水盐梯度下 AM 真菌 α、β 多样性的响应

比较各样地 AM 真菌 α 多样性可以看出, 从 SW-1 到 SW-3, Margalef 指数随水盐梯度降低而降低, 且样地间呈极显著差异 ( $P < 0.01$ ) (图 1)。而对物种多度依赖较强的 Shannon - Wiener 多样性指数、Simpson 多样性指数、Pielou 均匀度指数在样地间呈显著差异 ( $P < 0.05$ )。



图中误差线为标准差, 不同大写、小写字母表示差异极显著 ( $P < 0.01$ )、显著 ( $P < 0.05$ ); Ma 代表 Margalef 多样性指数, H 代表 Shannon-Wiener 多样性指数, D 代表 Simpson 多样性指数, J 代表 Pielou 均匀度指数。下同

图 1 各样地 AM 真菌 α 多样性指数比较

从 β 多样性分析结果可以看出, 3 个梯度之间 AM 真菌种类组成的 Sorenson 相似性指数从高到低为: SW-1 与 SW-2 样地 > SW-1 与 SW-3 样地 > SW-2 与 SW-3 样地; Cody 指数从高到低为: SW-2 与 SW-3 样地 > SW-1 与 SW-3 样地 > SW-1 与 SW-2 样地, 2 种指数排序相反。SW-2 与 SW-3 样地间的 Sorenson 指数最小, 为 0.36; Cody 指数最大, 为 10.05 (表 2)。说明 2 个梯度的 AM 真菌群落组成差异最大, 同时随着水盐梯度变化而变化。

表 2 各样地 AM 真菌种类 β 多样性

水盐梯度	多样性指数		
	SW-1	SW-2	SW-3
SW-1	1.00	0.63	0.40
SW-2	7.50	1.00	0.36
SW-3	9.00	10.05	1.00

注: 以“1.00”为对角线, 右上角的为 Sorenson 指数  $\beta_{sor}$ , 左下角的为 Cody 指数  $\beta_c$ 。表 3 同。

2.2 水盐梯度下植物 α、β 多样性特征

依据 α 多样性指数的计算结果可以看出, 植物多样性随水盐梯度降低在 3 个梯度之间均有差异性 (图 2)。具体来看, 从 SW-1 到 SW-3, Margalef 多样性指数呈先上升后下降趋势, 且样地间表现出极显著差异 ( $P < 0.01$ ); Shannon - Wiener 多样性指数、Simpson 多样性指数和 Pielou 均匀度指数都随水盐含量减少呈先下降后上升趋势, 即 SW-1 > SW-3 > SW-2, 且在高盐多水与中盐中水样地间呈显著差异 ( $P < 0.05$ )。

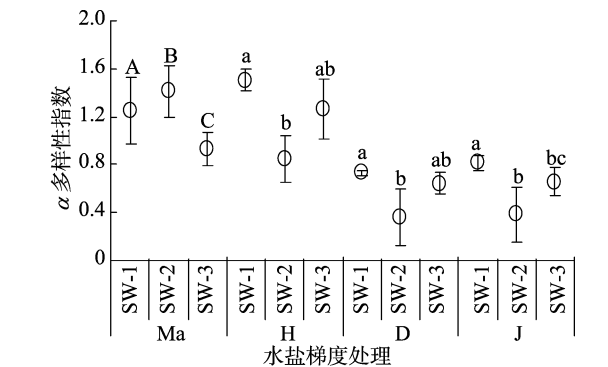


图 2 各样地植物 α 多样性指数比较

从  $\beta$  多样性计算结果可以看出, Sorensen 指数排序为 SW - 1 与 SW - 2 > SW - 2 与 SW - 3 > SW - 1 与 SW - 3; Cody 指数排序为 SW - 1 与 SW - 3 > SW - 2 与 SW - 3 > SW - 1 与 SW - 2, 2 种多样性指数趋势相反(表 3)。随着水盐含量的减少群落组成更加相似, 而且群落物种替代速率也在减弱。

表 3 植物  $\beta$  多样性

水盐梯度	多样性指数		
	SW - 1	SW - 2	SW - 3
SW - 1	1.00	0.61	0.21
SW - 2	4.50	1.00	0.46
SW - 3	7.50	6.00	1.00

2.3 AM 真菌多样性与植物多样性的相关性

2.3.1 AM 真菌  $\alpha$  多样性指数与植物  $\alpha$  多样性指数相关性

对 AM 真菌和植物  $\alpha$  多样性进行 Pearson 相关分析, 结果表明, AM 真菌的 Shannon - Wiener 多样性和植物的 Margalef 多样性呈极显著正相关( $P < 0.01$ ), 相关系数达到 0.991; AM 真菌的均匀度指数与植物的 Simpson 多样性呈显著正相关( $P < 0.05$ ), 相关系数为 0.953; 同一种多样性指数比较时, AM 真菌的多样性与植物均呈正相关, 其中 Shannon - Wiener 指数相关系数最小为 0.020(表 4)。

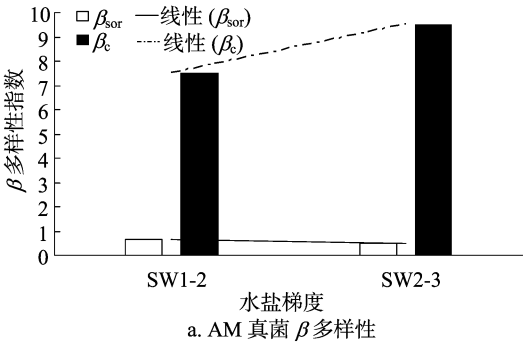


表 4 植物与 AM 真菌  $\alpha$  多样性的相关性

真菌多样性指数	与植物多样性指数的相关系数			
	Ma	H	J	D
Ma	0.871	-0.419	-0.507	-0.514
H	0.991 **	0.020	-0.079	-0.089
J	-0.347	0.914	0.948	0.953 *
D	0.722	0.735	0.667	0.656

注: \*、\*\* 分别表示在 0.05、0.01 水平上显著相关。

2.3.2 AM 真菌与植物  $\beta$  多样性指数比较分析 在垂直河道自南向北的水盐梯度下, AM 真菌 Sorensen 指数呈下降趋势, 但不明显, Cody 指数呈上升趋势, 即 AM 真菌群落种群的演替过程是群落组成的共有种减少(图 3)。说明随着土壤水盐梯度由多盐多水向少盐少水发展, 群落组成相似性减小, 而群落物种替代速率增大。植物 Sorensen 指数呈上升趋势, Cody 指数呈下降趋势, 体现了植物群落由多盐多水向少盐少水变化过程中植物的共有种增多、种群相似性增大, 而群落物种替代速率减小。部分说明随着土壤水盐梯度向极端环境发展的过程中, 耐盐植物群落向耐旱群落演替, 由于水分在 SW - 2 向 SW - 3 发展过程中, 土壤水分含量处在低水平, 所以耐干旱植物群落占有优势。

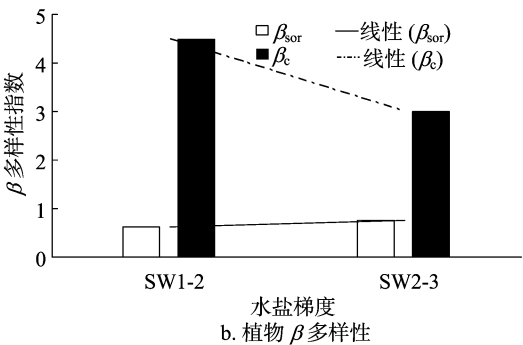


图 3 AM 真菌与植物  $\beta$  多样性指数比较

3 讨论

从  $\alpha$  多样性来看, AM 真菌的 Margalef 指数在 3 个水盐梯度上随水盐降低而降低, 与植物不同; 植物在 SW - 1 多样性相对较高, 到 SW - 2 和 SW - 3 时水分成为主要胁迫, 所以多样性指数降低, 但 SW - 3 高于 SW - 2, 可能是因为盐胁迫降低, 有利于草本植物生长<sup>[23]</sup>, 使多样性升高。而宿主植物种类和根系结构特征是 AM 真菌共生与繁殖的重要因素, 所以随着水盐梯度的变化, 宿主植物不同, AM 真菌种类、多样性也随之变化<sup>[27]</sup>。AM 真菌的 Shannon - Wiener 多样性指数、Simpson 多样性指数、Pielou 均匀度指数变化趋势与植物相应多样性指数大致相同, 相较于植物 AM 真菌样地间变化幅度较小但差异显著。因为在干旱区, 水分是植物生长的最主要限制因子<sup>[28]</sup>, 研究表明 AM 真菌能够提高植物的水分利用效率。干旱胁迫会诱导植物多种调控蛋白的基因表达, AM 真菌可以通过调控植物抗旱性基因的表达量, 来实现对干旱胁迫的适应<sup>[29]</sup>。

从  $\beta$  多样性来看, 大量的研究结果<sup>[30-33]</sup>证实 AM 真菌可以通过改变植物的种间竞争能力影响植物群落组成。本研究中植物与 AM 真菌在不同梯度上的群落变化特征不一致, 样

地之间演替甚至呈相反的趋势, 也有研究发现增加土壤中 AM 真菌的多样性可以显著提高植物群落的物种多样性<sup>[34]</sup>。植物的 Sorensen 指数呈上升趋势, 说明随着水盐梯度的变化, 群落间的共有种越来越少, 因为在水盐共同胁迫下群落内的物种逐渐演变为耐旱和耐盐植物, 群落组成趋向简单, 而且 Cody 指数呈下降趋势, 因为在极端环境下由耐旱耐盐植物组成的群落不易被代替, 所以群落演替速率降低。对于 AM 真菌而言, 共有种减少可能是由于在研究区内 AM 真菌易寄生的植物种并非一定是植物群落的优势种<sup>[35]</sup>。相对于植物演替的速率, AM 真菌演替的速率较大, 这可能与 AM 真菌对寄生植物和对环境因素特异适应, 及植物根系根际环境反作用 AM 真菌有关, 随着土壤水分含量达到极低的水平, 能够适应干旱环境的植物明显减少, 耐旱植物成为群落种的优势植物, 而寄生于根下的 AM 真菌形成特异寄生干旱植物的 AM 真菌群落, 此时在演替过程中植物消失 1 个种的宿主, 对于特异寄生根系消失的却是一个 AM 真菌群落, 所以 AM 真菌群落演替速率快于植物群落。

通过对植物多样性和 AM 真菌多样性进行相关性分析可以看出, 宿主植物和寄生 AM 真菌的各多样性指数都成正相关关系, 这可能是由于水分和盐分这两大因素直接影响到植

物的多样性,同时也间接影响到 AM 真菌的物种多样性<sup>[36]</sup>。

#### 4 结论

植物  $\alpha$  多样性指数在不同水盐梯度上呈显著性差异,且随水盐变化, $\beta$  多样性表明植物群落演替趋于选择能适应高盐多水和低盐极少水的极端环境的耐盐植物和耐旱植物。

依赖丰度的 AM 真菌  $\alpha$  多样性指数表现为随水盐梯度逐渐降低,多样性亦降低,而对物种多度依赖较强的  $\alpha$  多样性指数表现较为均衡; $\beta$  多样性显示,随水盐梯度变化,AM 真菌不同,水盐梯度上群落之间的共有种减少,群落演替速率加快;而植物共有种增多,群落不易被替代。

植物与 AM 真菌的 4 种多样性指数均呈正相关关系,体现了 AM 真菌对宿主植物和土壤水盐的双重响应;随着土壤水盐梯度由多盐多水向少盐少水发展,群落最终的演替成为组成较为简单的群落,AM 真菌的演替速率大于植物群落。

#### 参考文献:

- [1] Smith S E, Read D J. Mycorrhizal symbiosis [M]. 3rd ed. San Diego: Academic Press, 2008: 573.
- [2] Wang B, Qiu Y L. Phylogenetic distribution and evolution of mycorrhizas in land plants [J]. Mycorrhiza, 2006, 16(5): 299–363.
- [3] 祝英,熊俊兰,吕广超,等. 丛枝菌根真菌与植物共生对植物水分关系的影响及机理 [J]. 生态学报, 2015, 35(8): 2419–2427.
- [4] 李晓林,冯固,张美庆,等. 丛枝菌根生态生理 [M]. 北京: 华文出版社, 2001: 136–138.
- [5] Klironomos J N. Variation in plant response to native and exotic arbuscular mycorrhizal fungi [J]. Ecology, 2003, 84(9): 2292–2301.
- [6] 陈云,马克明. 城市菌根真菌多样性变化机制及功能应用 [J]. 生态学报, 2016, 36(14): 1–12.
- [7] 金樑,孙莉,王强,等. AM 真菌在草原生态系统中的功能 [J]. 生态学报, 2016, 36(3): 873–882.
- [8] 杨海水,熊艳琴,王琪,等. AM 真菌物种多样性: 生态功能,影响因素及维持机制 [J]. 生态学报, 2016, 36(10): 2826–2832.
- [9] der Heijden M G, Klironomos J M, Ursic M, et al. Mycorrhizal fungal diversity determines plant biodiversity, ecosystem variability and productivity [J]. Nature, 1998, 396(6706): 69–72.
- [10] Smith F A, Jakobsen I, Smith S E. Spatial differences in acquisition of soil phosphate between two arbuscular mycorrhizal fungi in symbiosis with *Medicago truncatula* [J]. New Phytologist, 2000, 147(2): 357–366.
- [11] Moora M, Zobel M. Effect of arbuscular mycorrhiza on inter- and intraspecific competition of two grassland species [J]. Oecologia, 1996, 108(1): 79–84.
- [12] Moora M, Zobel M. Can arbuscular mycorrhiza change the effect of root competition between conspecific plants of different ages? [J]. Canadian Journal of Botany, 1998, 76(4): 613–619.
- [13] Zhang Q, Xu L M, Tang J J, et al. Arbuscular mycorrhizal mediation of biomass–density relationship of *Medicago sativa* L. under two water conditions in a field experiment [J]. Mycorrhiza, 2011, 21(4): 269–277.
- [14] Zhang Q, Zhang L, Weiner J, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi alter plant allometry and biomass–density relationships [J]. Annals

of Botany, 2011, 107(3, SI): 407–413.

- [15] 冀春花,张淑彬,盖京苹,等. 西北干旱区 AM 真菌多样性研究 [J]. 生物多样性, 2007, 15(1): 77–83.
- [16] Hoeksema J D, Chaudhary V B, Gehring C A, et al. A meta-analysis of context–dependency in plant response to inoculation with mycorrhizal fungi [J]. Ecology Letters, 2010, 13(3): 394–407.
- [17] 张义飞,王平,毕琪,等. 不同强度盐胁迫下 AM 真菌对羊草生长的影响 [J]. 生态学报, 2016, 36(17): 1–10.
- [18] Wang S X, Dong X G, Liu L. Natural vegetation diversity differentiation under water and salt gradients in the oasis of Yanqi Basin, Xinjiang [J]. Journal of Glaciology and Geocryology, 2010, 32(5): 999–1006.
- [19] Gu F X, Zhang Y D, Pan X L, et al. Correlation between soil saltilisation and community diversity: the case of Fukang oasis [J]. Resources Science, 2002, 24(3): 42–48.
- [20] Shi R H, Li X, Dong X G, et al. Research on the relationship between natural vegetation growth and groundwater in Yanqi Basin [J]. Journal of Natural Resources, 2009, 7(4): 542–549.
- [21] 张雪妮,吕光辉,杨晓东,等. 基于盐分梯度的荒漠植物多样性与群落、种间联接响应 [J]. 生态学报, 2013, 33(18): 5714–5722.
- [22] 杨晓东,吕光辉,田幼华,等. 新疆艾比湖湿地自然保护区植物的生态分组 [J]. 生态学杂志, 2009, 28(12): 2489–2494.
- [23] 杨晓东,吕光辉,张雪梅,等. 艾比湖湿地自然保护区 8 个乔灌木种群空间分布格局分析 [J]. 植物资源与环境学报, 2010, 19(4): 37–42.
- [24] Gerdemann J W, Nicolson T H. Spores of mycorrhizal Endogone species extracted from soil by wet sieving and decanting [J]. Transactions of the British Mycological Society, 1963, 46(2): 235–244.
- [25] Daniels B A, Skipper H D. Methods for the recovery and quantitative estimation of propagules from soil [Vesicular–arbuscular mycorrhizal fungi] [C]. Scheack N C. Methods and principles of mycorrhizal research, 1982: 29–37.
- [26] Schenck N C, Perez Y. Manual for identification of vesicular arbuscular mycorrhizal fungi [M]. 2nd ed. Florida: INVAM University of Florida Gainesville, 1988: 245.
- [27] Tawaray K, Saito M, Morioka M. Effect of phosphate application to arbuscular mycorrhizal onion on the development and succinate dehydrogenase activity of internal hyphae [J]. Soil Science and Plant Nutrition, 1994, 40(4): 667–673.
- [28] Ruiz–Lozano J M, Porcel R, Aroca R. Does the enhanced tolerance of arbuscular mycorrhizal plants to water deficit involve modulation of drought–induced plant genes [J]. New Phytologist, 2006, 171(4): 693–698.
- [29] 叶佳舒,李涛,胡亚军,等. 干旱条件下 AM 真菌对植物生长和土壤水稳定性团聚体的影响 [J]. 生态学报, 2013, 33(4): 1080–1090.
- [30] Smith M D, Harenett D C, Wilson G T. Interacting influence of mycorrhizal symbiosis and competition on plant diversity in tallgrass prairie [J]. Oecologia, 1999, 121: 574–582.
- [31] West H M. Influence of arbuscular mycorrhizal infection on competition between *Holcus lanatus* and *Dactylis glomerata* [J]. Journal of Ecology, 1996, 84(3): 429–438.
- [32] Watkinson A R, Freckleton R P. Quantifying the impact of

吴丽芳,魏晓梅,尹 辉,等. 干旱胁迫对白刺花根尖细胞有丝分裂的影响[J]. 江苏农业科学,2018,46(9):256-259.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.09.061

# 干旱胁迫对白刺花根尖细胞有丝分裂的影响

吴丽芳<sup>1,2</sup>, 魏晓梅<sup>1,2</sup>, 尹 辉<sup>1</sup>, 颜岳辉<sup>1</sup>, 李 通<sup>1</sup>

(1. 曲靖师范学院生物资源与食品工程学院, 云南曲靖 655011;

2. 云南省高校云贵高原动植物多样性及生态适应性进化重点实验室, 云南曲靖 655011)

**摘要:**为探讨白刺花(*Sophora davidii*)种子萌发期对干旱的适应性,采用 PEG-6000 模拟干旱胁迫环境对白刺花根尖细胞有丝分裂、染色体畸变、微核变化等进行研究。结果表明,短时间(0~6 h)、低浓度(10%)胁迫对白刺花根尖细胞有丝分裂指数有促进作用,分裂指数由 8.78% 上升至 9.09%;中度处理及长时间、高浓度胁迫致使细胞分裂指数下降,抑制效应明显,尤其当浓度达到 50% 时,细胞分裂指数由 3.14% 下降至 1.96%。在染色体畸变类型中,出现类型最多是染色体断片,当 PEG-6000 浓度为 0~20% 时,白刺花根尖细胞染色体畸变率在 10% 以下;当浓度大于 30%,染色体畸变率均在 10% 以上。微核的观察随处理时间和胁迫浓度的变化而变化,当 PEG-6000 浓度小于 20% 时,微核率的大小在 10‰ 以下;当 PEG-6000 浓度高于 20% 后,微核率均大于 10‰;尤其当浓度达到 50% 时,处理 48 h 的微核率最高,达 15.76‰,且多以间期微核和单微核为主。

**关键词:**白刺花;干旱胁迫;根尖细胞有丝分裂;染色体畸变;微核

**中图分类号:** Q945.78 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)09-0256-04

种子是有性繁殖植物的重要繁殖器官,种子能否顺利萌发及萌发初期长势直接影响到幼苗的建成、存活、竞争和个体未来的适合度。而植物种子萌发、生长发育有赖于细胞数目的增加和细胞体积的扩大,细胞数目的增加主要通过细胞分裂来实现,如果细胞分裂周期过程中遇到不利的逆境,将直接影响到植物整个生命周期活动,这一过程中,又以早期萌发生长期最具典型和敏感性。

白刺花(*Sophora davidii*)属豆科槐属落叶灌木,在我国主要分布在云南、四川、陕西、甘肃、山西、河北、河南、湖北、湖南、江苏、浙江等地,具深根性、抗旱强等特点,是集药用、食用、饲料、蜜源、水土保持、改良土壤、生态修复为一体的喀斯特山地优良野生植物。云贵高原属于典型的喀斯特地区,该区域石漠化现象日趋严重,且连年干旱的气候促使生态系统岌岌可危。云南自 2009—2012 年出现了史无前例的旱情,且今后干旱环境将一直存在,给生态治理提出了严峻地考验,从自然界中筛选抗旱植物,用于土壤、生态退化修复已收到了事半功倍的成效。干旱胁迫将导致植物一系列的连锁反应,从

对逆境的感知、传导、转录因子控制到生理反应和形态结构的改变,最终影响到植物的生长发育。目前已对白刺花抗旱性进行了多方面的研究,王慧慧等研究了干旱胁迫下白刺花种子大小与种子萌发的关系<sup>[1]</sup>;邵莉研究了白刺花干旱胁迫下生理相应机制及克隆了 *P5CS*、*DREB*、*DHN* 3 个与抗旱相关的基因<sup>[2]</sup>;王海珍等研究了白刺花适应干旱的生理机理<sup>[3]</sup>;王红梅等研究了干旱胁迫下白刺花幼苗的生理生化变化<sup>[4]</sup>;吴福忠等通过施用外源氮研究了干旱河谷白刺花幼苗生长、生物量及碳、氮、磷积累与分配的关系<sup>[5]</sup>;李芳兰等研究了干旱胁迫下白刺花的形态和生理变化<sup>[6]</sup>。从现有资料来看,多数研究主要围绕干旱环境下白刺花种子萌发、幼苗生长过程的形态及生理生化变化以及在分子水平上相关抗旱基因的克隆,而对于从细胞分裂基础研究干旱胁迫下的遗传损伤少见报道。基于此,本试验在模拟干旱环境下,研究幼苗萌发过程中短期的干旱胁迫对白刺花根尖细胞染色体的分裂、结构变化,为进一步开展抗逆生境的基础研究提供更多的数据资料。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料于 2014 年 10 月在曲靖师范学院校园里采集,脱去外壳剔除有虫害的种子后,实验室自然风干保存于 4 ℃ 冰箱中备用。

收稿日期:2016-12-13

基金项目:国家级大学生创新创业训练项目(编号:201410684006);  
云南省教育厅项目(编号:2014Y440)。

作者简介:吴丽芳(1980—),女,云南宣威人,硕士,副教授,主要从事植物资源评价与利用等研究。E-mail:wulifang0871@163.com。

arbuscular mycorrhiza on plant competition[J]. Journal of Ecology, 1997, 85(4):541-545.

[33] Hart M M, Reader R J, Klironomos J N. Plant coexistence mediated by arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Trends in Ecology & Evolution, 2003, 18(8):418-423.

[34] van der Heijden M G, Horton T R. Socialism in soil? The importance of mycorrhizal fungal networks for facilitation in natural

ecosystems[J]. Journal of Ecology, 2009, 97(6):1139-1150.

[35] Grime J, Mackey J L, Hillier S H, et al. Floristic diversity in a model system using experimental microcosms[J]. Nature, 1987, 328(6129):420-427.

[36] 杨高文,刘 楠,杨 鑫,等. 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[J]. 草业学报,2015, 24(6):188-203.