

微生物学报 *Acta Microbiologica Sinica*
55 (2): 214–219; 4 February 2015
ISSN 0001–6209; CN 11–1995/Q
http://journals.im.ac.cn/actamicrocn
doi: 10.13343/j.cnki.wsxb.20140357

笃斯越橘菌根真菌多样性

杨秀丽¹, 闫伟^{2*}

¹呼和浩特职业学院生物化学工程学院, 内蒙古 呼和浩特 010051

²内蒙古农业大学林学院, 内蒙古 呼和浩特 010018

摘要: 【目的】为了了解大兴安岭北部地区野生笃斯越橘的菌根真菌多样性状况。【方法】采用形态学和 rDNA ITS 序列分析相结合的方法。【结果】从笃斯越橘根样中分离得到的真菌分为 6 个类群: 膜盘菌属 (*Hymenoscyphus*)、*Phialocephala*、粒毛盘菌属 (*Lachnum*)、*Cadophora*、担子菌小皮伞属 (*Marasmius*) 和担子菌小菇属 (*Mycena*)。子囊菌 Ascomycotina 占 87.10%, 担子菌 Basidiomycotina 占 12.90%。【结论】与笃斯越橘根共生的真菌类群较丰富, 且是一个异源的群体, 这些共生真菌在笃斯越橘的整个生长期的侵染时间不同。

关键词: 笃斯越橘, 菌根真菌, 多样性

中图分类号: Q939 **文章编号:** 0001-6209 (2015) 02-0214-06

越橘为杜鹃花科 (Ericaceae) 越橘属 (*Vaccinium* spp.) 多年生落叶或常绿灌木型果树, 因果实多呈现蓝色, 所以通常称为蓝莓 (Blueberry)。越桔根系呈纤维状, 没有根毛, 人们发现, 越桔根系与菌根真菌形成共生称杜鹃类菌根 (Ericoidmycorrhiza ERM), 又称毳石楠类菌根。研究发现 ERM 在促进植物生长、提高养分吸收率, 保护植物抵御不良环境胁迫和促进生态系统养分循环中起关键作用, 因此对越橘菌根及其真菌的多样性的研究十分必要。目前已知形成杜鹃类菌根的真菌主要是子囊菌, 常见的如石楠柔膜菌 [*Hymenoscyphus ericae* (Read) Korf & Kernan] 及砖隔膜菌 (*Capronia* sp.) 和树粉孢属真菌 (*Oidiodendron* sp.) 等一些真菌类型。

本研究对内蒙古大兴安岭北部地区的野生笃斯越橘 (*Vaccinium uliginosum* L.) 菌根及其真菌多样性进行研究, 确定并分离与野生越橘共生的优势菌

根菌种。为大兴安岭地区野生越橘资源的保护、开发和利用提供重要的理论依据, 也为有效的开发利用本地区乡土 ERM 类菌根真菌提供本底数据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 笃斯越橘根样: 试验区位于内蒙古大兴安岭森林生态系统国家野外科学观测研究站 (以下简称大兴安岭森林生态站)。该站是国家林业局中国森林生态系统定位研究网络 (CFERN) 和科技部国家野外科学观测研究网络 (CNERN) 的站点成员, 是我国纬度最高的、也是寒温带地区唯一的国家级森林生态系统定位研究站。该站地理坐标为 N50°49′–50°51′和 E121°30′–121°31′。

笃斯越橘根样采集: 在大兴安岭森林生态系统

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31060111); 内蒙古自治区自然科学基金项目 (2014BS0303); 内蒙古自治区科技计划 (20110518)

* 通信作者: Tel: +86-471-4301434; E-mail: yanwei89911@163.com

作者简介: 杨秀丽 (1983–), 女, 内蒙古呼和浩特市人, 讲师, 博士, 主要从事菌根生物技术研究。E-mail: yangxiuli4390@163.com

收稿日期: 2014-07-11; 修回日期: 2014-11-09

定位站附近原始林区选取有代表性的笃斯越橘群落, 设定 5 个采样点, 于 2009 年 6 月初、8 月初和 9 月末分别对 5 个样点进行一次根样采集。采样方法为五点法。采集笃斯越橘根和根际土壤, 将采集到的样品保湿放入 4℃ 冰箱保存, 并在一周内处理完毕。

1.1.2 培养基: 本研究菌根菌的分离方法采用根段直接培养方法。分离培养基使用土豆琼脂培养基 (PDA) 和改良马丁氏 - 孟加拉红培养基 (MA)。纯化培养基使用土豆琼脂培养基 (PDA)。

1.1.3 菌根合成菌剂及合成基质: 挑取菌落接种在 PDA 固体培养基上, 25℃ 黑暗培养 15 d, 收集菌丝体作为菌根合成菌剂。菌根合成基质为从采样地带回的原土过 1mm 筛和河沙按体积比 1:1 的混合物; 1×10^5 Pa 灭菌 1 h, 无菌分装待用。笃斯越橘种子无菌处理后播种在上面准备好的合成基质上, 温室条件下培养, 待长出 4 - 6 片真叶时用于菌根合成。

1.1.4 主要试剂和仪器: Biospin 真菌基因组 DNA 提取试剂盒, PCR 扩增试剂 $2 \times$ Taq Master Mix (南京博尔迪生物科技有限公司); 供试引物 (上海生工生物工程公司合成); 其他试剂均为国产分析纯。采用 T-Thermolock PCR 仪。

1.2 菌株分离

分离方法采用根段直接培养方法^[1-3]。

1.3 菌株形态观察

将从根段中长出的菌落转接至 PDA 培养基中, 培养 2 周后肉眼观察菌落形态的一致性和均匀性, 若发现形态差异, 进行 2 次分离, 3 周后对菌落形态特征稳定的菌株进行观察记录, 光学显微镜 100 倍下观察菌丝体形态和孢子形状。菌落形态特征的描述依据 Mclean 等在 1999 年发表文章的方法^[4]。将纯化后的菌株, 保存在含液体石蜡的 PDA 斜面试管中 (4℃ 冰箱中保存)。

1.4 菌根合成

1 份河沙和 1 份原土样混合, 高压灭菌后分装于无菌花盆, 播种笃斯越橘种子 (10% 的 H_2O_2 中浸泡 10 min) 于花盆内, 置 25℃ 光照培养箱中培养两个月左右, 待实生苗长出 4 - 6 片真叶时, 接种准备好的合成菌剂, 每个处理 3 盆, 每盆约 10 株, 共约 30 株, 并设置不接种对照。继续于 25℃, 湿度 65% 光照室培养 3 个月后, 剪取幼苗的根系采用翠盼蓝

染色法进行检测, 在 40 倍双目解剖镜下观察幼根表皮及皮层细胞间或细胞中是否有菌丝或菌丝结侵染。

1.5 菌株 rDNA ITS 序列分析

菌株菌丝体培养使用 PDA 培养基, 平板 25℃ 培养箱中黑暗培养 2 周, 收获菌丝体作为菌株总 DNA 提取的材料。DNA 提取采用的是 Biospin 真菌基因组 DNA 提取试剂盒 (南京博尔迪生物科技有限公司)。

rDNA 的扩增引物选择真菌 ITS 区通用引物 ITS1F 和 ITS4, 引物由上海生工生物工程公司合成。ITS1F: 5'-CTTggTCATTTAgAggAAgTAA-3'; ITS4: 5'-TCCTCCgCTTATTgATATgC-3'。

PCR 反应体系为: $2 \times$ PCR TaqMix 25 μ L, 引物各 2 μ L (10 μ mol/L), 模板 DNA 2 μ L, 用超纯水定容至 50 μ L。PCR 反应条件: 94℃ 2 min; 94℃ 40 s, 56℃ 40 s, 72℃ 45 s, 35 个循环; 72℃ 10 min。

PCR 产物纯化后直接测序, 测序工作由上海生工生物工程公司完成。实验获得的 ITS 序列上传至 GenBank 数据库中, 获得每个菌株序列的登录号。

1.6 分离菌株所属物种的分析与判断

对供试菌株 rDNA ITS 区段 DNA 序列运用 GenBank 中的 BLAST 工具软件在 DNA 序列数据库中搜索同源 DNA 序列并进行比较分析, 根据 BLAST 搜索和比较的结果, 并结合菌株形态特征判断真菌的物种或与其近缘的物种, 列出分类报告。

2 结果和分析

2.1 笃斯越橘菌根真菌分离培养物菌落特征以及合成的菌根形态

从 3 批 75 份 (于 2009 年 6 月、8 月和 9 月分别进行一次根样采集) 根样中共分离得到到菌株 167 个, 其中第一批分类出 46 个, 第二批分离出 81 个, 第三批分离出 40 个。从菌株菌落形态特征和菌丝体的显微结构特征初步将 167 个菌株合并为 40 个菌株类型, 再将这 40 个菌株进行菌根合成试验, 有 31 个能够合成菌根。这 31 个菌株在 PDA 培养基上的菌落形态特征和合成的菌根形态见表 1。

表 1. 笃斯越橘菌根真菌纯培养菌落形态特征和合成菌根形态特征

Table 1. The mycorrhizal fungal colony morphology from root of *Vaccinium uliginosum* and synthetic mycorrhizal morphology

Code	Colony color (Front)	Colony color (Back)	Configuration of the colony	Pigment	Aerial mycelium	Diameter after 7 days cultivation	Morphology of synthetic mycorrhizal
J4	White	White	Irregular, flat	Nothing	Short, villous	About 2.6 cm	Coils, NH
J7	White	White	Nearly circular, convex	Nothing	Short, villous	3.8 cm	Coils, NH
J12	Grey green	Grey	Nearly circular, convex	Tan	Short, villous	2.8 cm	Coils
J16	White	Tan	Irregular	Tan	Long, villous	About 2.3 × 4.0 cm	Coils, NH
J18	Black	Black	Irregular, flat	Nothing	Very short	About 0.5 × 1.5 cm	Coils
J19	Black	Black	Nearly circular, convex	Nothing	Very short	1.6 cm	Coils
J20	White	Tan	circular, flat	Tan	Long, villous	4.6 cm	NH
S6	White	Brown	Nearly circular, flat	Brown	Long, flocculent	7.2 cm	Coils, NH
S6B	White	White	Irregular, flat	Nothing	Long, flocculent	About 7.5 cm	Coils, NH
S8	White	Tan	Circular, raised	Tan	Short, villous	3.5 cm	Coils, NH
S14	Dark gray	Black	Circular, raised	Nothing	Short, villous	1.6 cm	Coils, NH
S14B	Dark gray	Black	Irregular, raised	Nothing	Very short	About 0.4 cm	Coils, NH
S15	Black	Dark gray	Nearly circular, raised	Nothing	Very short	0.5 cm	Coils
S18	White	White	Nearly circular, convex	Nothing	Very short	2.3 cm	Coils, NH
S19	White	Tan	Nearly circular, raised	Tan	Very short	2.8 cm	Coils, NH
S21	White	Gray	Nearly circular, raised	Gray	Long, flocculent	1.5 cm	Coils, NH
X6	White	Brown	Nearly circular, raised	Dark yellow	Short	3.0 cm	Coils, NH
X18	White	Brown	Nearly circular, raised	Light brown	Short, villous	3.2 cm	Coils, NH
X21B	Black	Black	Irregular, flat	Nothing	Very short	About 0.8 cm	Coils
Y4	Black		Concentric circles	Nothing	Very short	1.0 cm	NH
Y15B	Dark gray	Black	Nearly circular, raised	Nothing	Short	3.0 cm	NH
Y18	Gray	Dark gray	Irregular, convex	Yellow	Very short	About 0.3 cm	Coils, NH
Y15C	Black	Black	Irregular, raised	Nothing	Very short	About 0.8 cm	Coils
J1B	Dark gray	Dark gray	Circular, raised	Nothing	Long, villous	6.2 cm	NH, IH, HOR
S1A	Dark gray	Black	Circular, raised	Nothing	Long, villous	5.0 cm	NH, IH, HOR
S1B	Dark gray	Black	Circular, raised	Nothing	Long, villous,	6.5 cm	NH, IH, HOR
S1C	Black	Black	Circular, flat	Nothing	Long, radial	3.5 cm	NH, IH, HOR
S1D	Grey green	Black	Circular, flat	Nothing	Long, villous,	7.5 cm	NH, IH, HOR
X1B	Dark gray	Black	Circular, convex	Nothing	Long, flocculent	6.8 cm	NH, IH, HOR
Y1A	Dark gray	Dark gray	Circular, raised	Nothing	Long, flocculent	2.4 cm	NH, IH, HOR
Y11	White	Dark brown	Concentric circles	Tan	Short, flocculent	2.5 cm	NH, . HOR

NH-intercellular hyphae; Coils-hyphal coils; IH-intracellular hyphae; HOR-hyphae on root; cm-centimeter.

2.2 笃斯越橘菌根真菌基因组 DNA 的提取效果

从供试的 31 个菌株的菌丝体材料中均提取到了基因组 DNA,经电泳和凝胶分析仪检测,提取的 DNA 在 1.5% 琼脂糖凝胶上电泳后均表现为单一的清晰条带。经用紫外分光光度法检测, OD_{260}/OD_{280} 值 > 1.7,提取的 DNA 样品溶液浓度为 100 $\mu\text{g/mL}$ 左右,其提取质量可满足进一步研究分析的需要。

2.3 笃斯越橘菌根真菌 rDNA ITS 区段的 PCR 扩增效果

以供试菌株的基因组 DNA 为模版,对 rDNA 的 ITS 区段进行了 PCR 扩增,经电泳检测,各供试菌株 PCR 扩增产物情况较好,均表现出一条清晰明亮的条带,可满足进一步研究分析的需要。

2.4 笃斯越橘菌根真菌基因组 rDNA ITS 区段测序

PCR 产物纯化后直接测序,测序工作由上海生物工程公司完成,样品的测序结果较为理想。将试验获得的 ITS 序列上传至在 GenBank 数据库中,并获得每个菌株序列的登录号,见表 2。

运用 GenBank 的序列局部相似性查询系统 (BLAST),在 GenBank + EMBL + DDBJ + PDB 4 个 DNA 序列数据库(以下简称 DNA 序列数据库)搜索与之 DNA 序列相似的序列,并进行分析比较。分析结果见表 2。

2.5 笃斯越橘菌根真菌类型判定

结合分离菌株形态特征和 rDNA ITS 区段测序的结果与分析,笃斯越橘菌根真菌分离菌株初步归类和分布情况见表 3。

表 2. 各菌株 rDNA ITS 序列在 GenBank 的登录号及与之序列最相似的真菌

Table 2. The accession numbers in GenBank of the strains ITS sequences and fungal species with highest sequence similarity to 31 mycorrhizal strains

Code	GenBank accession No.	Closest species match	Sequence identity /%	Types
S1B	KJ817278	<i>Phialocephala fortinii</i> (gb AY394921)	99	Ascomycota
S1C	KJ817279	<i>Phialocephala fortinii</i> (gb EU888624)	99	Ascomycota
S1D	KJ817280	<i>Phialocephala fortinii</i> (gb EU529970)	99	Ascomycota
Y1A	KJ817297	<i>Phialocephala fortinii</i> (gb AY394921)	99	Ascomycota
Y11	KJ817299	<i>Phialocephala</i> sp. (gb EU434851)	97	Ascomycota
X1B	KJ817290	Uncultured <i>Phialocephala</i> sp. (gb FJ553417)	98	Ascomycota
J4	JQ088278	<i>Marasmius scorodoni</i> (gb DQ450006)	97	Basidiomycota
S6	KJ817281	<i>Marasmius scorodoni</i> (gb DQ450006)	98	Basidiomycota
S6B	KJ817282	<i>Marasmius scorodoni</i> (gb DQ450006)	96	Basidiomycota
S8	KJ817283	<i>Hymenoscyphus monotropae</i> (gb AF169309)	98	Ascomycota
S14B	KJ817285	<i>Hymenoscyphus ericae</i> (emb AJ430121)	99	Ascomycota
J18	KJ817274	<i>Hymenoscyphus ericae</i> (emb AJ430121)	98	Ascomycota
Y15C	KJ817301	<i>Hymenoscyphus ericae</i> (emb AJ430121)	97	Ascomycota
S14	KJ817284	<i>Rhizoscyphus ericae</i> (gb AY394907)	98	Ascomycota
Y18	KJ817303	<i>Rhizoscyphus ericae</i> (gb AY394907)	99	Ascomycota
J12	KJ817268	<i>Rhizoscyphus</i> sp. (gb FJ553360)	98	Ascomycota
J7	KJ817267	<i>Lachnum pygmaeum</i> (emb AJ430215)	98	Ascomycota
J20	KJ817276	Uncultured <i>Lachnum</i> sp. (gb FJ440910)	98	Ascomycota
S19	KJ817288	Uncultured <i>Lachnum</i> sp. (gb FJ440910)	97	Ascomycota
X6	KJ817293	Uncultured <i>Lachnum</i> (gb FJ440910)	98	Ascomycota
X18	KJ817295	Uncultured <i>Lachnum</i> sp. (gb FJ440910)	98	Ascomycota
J19	KJ817275	<i>Cadophora</i> sp. (gb DQ497941)	93	Ascomycota
X21B	KJ817296	<i>Cadophora</i> sp. (gb DQ497941)	92	Ascomycota
Y4	KJ817298	<i>Cadophora finlandica</i> (dbj AB543058)	98	Ascomycota
S18	KJ817287	<i>Mycena</i> sp. (gb DQ384586)	97	Basidiomycota
S15	KJ817286	Uncultured ectomycorrhiza (<i>Cadophora</i>) (DQ497941)	93	Ascomycota
Y15B	KJ817300	Uncultured ectomycorrhiza (<i>Cadophora</i>) sp. (gb DQ497941)	93	Ascomycota
S1A	KJ817277	Uncultured ectomycorrhiza (gb EU529970)	99	Ascomycota
S21	KJ817289	Fungal endophyte sp. (gb EU314698)	98	Ascomycota
J16	KJ817272	Uncultured soil fungus (gb GU083219)	98	Ascomycota
J1B	JQ088276	Uncultured soil fungus (gb GU083311)	99	Ascomycota

表 3. 笏斯越橘菌根真菌类型及分布情况

Table 3. Mycorrhizal fungi type and distribution of *Vaccinium uliginosum*

Code	Types	Distribution		
		June	August	September
Ascomycotina				
S14, Y18, S14B,	<i>Hymenoscyphus</i> sp. 1	+	+	+
S8	<i>Hymenoscyphus</i> sp. 2	+	+	
J12	<i>Hymenoscyphus</i> sp. 3	+	+	
Y15C, J18	<i>Hymenoscyphus</i> sp. 4	+	+	+
J7	<i>Lachnum</i> sp. 1	+	+	
J16	<i>Lachnum</i> sp. 2.		+	
J20	<i>Lachnum</i> sp. 3	+		
S19, X6, X18	<i>Lachnum</i> sp. 4	+	+	
Y4	<i>Cadophora</i> sp. 1	+		
J19, S15, X21B	<i>Cadophora</i> sp. 2		+	
Y15B	<i>Cadophora</i> sp. 3		+	
S21, Y11	<i>Phialocephala</i> sp. 1	+	+	+
S1B, S1C, S1D, X1B, Y1A	<i>Phialocephala</i> sp. 2	+	+	+
S1A, J1B	<i>Phialocephala</i> sp. 3	+	+	+
Basidiomycotina				
S6, S6B, J4	<i>Marasmius</i> sp.	+	+	
S18	<i>Mycena</i> sp.	+	+	
Total	16 Species	13 Species	14 Species	5 Species

" + " denotes that the fungi has been isolated.

3 结论和讨论

分离得到的 31 个类型的纯培养菌落形态各异,颜色上有白色、灰色、黄色和黑色,形状有圆形、近圆形、同心圆环状、不规则形等。小部分产生色素,大部分不产生色素,生长快慢差异性也很大,多数生长缓慢。这些纯培养菌株菌根合成试验有些能形成典型的杜鹃花类菌根(ERM)特征,有些只观察到了细胞间菌丝,我们将这些只在根细胞间侵染的真菌也作为与笃斯越橘共生的真菌。因为人工条件下也与笃斯越橘形成了菌根,虽然形成的不是典型的胞内菌丝节,而是胞间菌丝。

根据菌落和菌丝体形态特征以及 rDNA ITS 序列分析,将从笃斯越橘根样中分离得到的真菌分为 6 个类群:膜盘菌属(*Hymenoscyphus*) 真菌,其中 7 个菌株被鉴定为此属真菌; *Phialocephala* 真菌,其中 9 个菌株被鉴定为此属真菌;粒毛盘菌属(*Lachnum*) 真菌,其中 6 个菌株被鉴定为此属真菌; *Cadophora* 真菌,其中 5 个菌株被鉴定为此属真菌;担子菌小皮伞属(*Marasmius*),其中 3 个菌株被鉴定为此属真菌;担子菌小菇属(*Mycena*),其中 1 个菌株被鉴定为此属真菌。子囊菌(Ascomycotina)占 87. 10%,担子菌(Basidiomycotina)占 12. 90%。

在本研究中发现 *Hymenoscyphus* 和 *Phialocephala* 为笃斯越橘菌根真菌优势类群。

以前学者研究发现 *Hymenoscyphus* 真菌是杜鹃花科植物根系中的一种广谱型共生真菌^[3-8],本研究也证实了这一点,*Hymenoscyphus* 真菌是与笃斯越橘共生的优势菌群,且形成比较典型的 ERM 特征。

在本研究中发现 *Phialocephala* 属真菌也是与笃斯越橘形成共生的优势菌群,但观察到形成的菌根不是典型 ERM 特征,这类真菌菌丝体棕色,有隔,多数只在细胞间侵染,少数在细胞内形成菌核。这与一些学者的研究类似^[9-11]。对于这类真菌是否属于杜鹃花类菌根真菌还有争议,一些研究将其视为暗色有隔内生真菌(DSE)^[12-13],但是很多研究表明,*Phialocephala* 是一种能够侵染多种植物的有益的根内生真菌,是一种广谱型有益共生真菌,可以同很多植物根形成共生,比如大麦,中国白菜,茄子,冬瓜^[9-10]。可以推测这类真菌 *Phialocephala* 是笃斯越橘根的有益共生真菌。

在本研究中还发现担子菌(*Marasmius*, *Mycena*) 也是笃斯越橘的菌根真菌共生类型。在以前学者的研究也表明担子菌是杜鹃花类菌根真菌,但是至今人工培养没有分离出担子菌的类型^[14-16],而我们却从笃斯越橘菌根内分离到了 4 株担子菌,这是一个突破。

Lachnum 和 *Cadophora* 类真菌在杜鹃花类菌根方面未见报道,但有报道发现此类真菌为外生菌根菌^[8,17],我们却从笃斯越橘菌根中分离得到了此类真菌,这也是我们的一个新的发现。

不同的菌根真菌在笃斯越橘生长周期内侵染的时间是不同的,其中六月和八月侵染的类型多,九月侵染的类型较少,这与笃斯越橘的生长规律是一致的,同时也提醒我们做多样性调查有必要在植物的整个生长期的不同时间和季节都要做调查,才能真实的反映此种植物菌根真菌多样性状况。

本研究数据发现,与笃斯越橘根共生的真菌类群较丰富,且是一个异源的群体,这些共生真菌在笃斯越橘的整个生长期的侵染时间不同。菌根的生理生态功能尚需更广泛深入的研究。

参考文献

- [1] 刘润进, 陈应龙. 菌根学. 北京: 科学出版社, 2007: 161-162.
- [2] Usuki F, Abe JP, Kakishima M. Diversity of ericoid mycorrhizal fungi isolated from hair roots of *Rhododendron obtusum* var. *kaempferi* in a Japanese red pine forest. *Mycoscience*, 2003, 44 :97-102.
- [3] Allen TR, Miller T, Berch SM. Culturing and direct DNA extraction find different fungi from the same ericoid mycorrhizal roots. *New Phytologist*, 2003, 160 :255-272.
- [4] Mclean CB, Cunnington JH, Laerie AC. Molecular diversity within and between ericoid endophytes from the Ericaceae and Epacridaceae. *New Phytologist*, 1999, 144 :351-358.
- [5] Bougoure DS, Cairney JW. Fungi associated with hairroots of *Rhododendron lochia* (Ericaceae) in an Australian tropical cloud forest revealed by culturing and culture independent molecular methods. *Environmental Microbiology*, 2005, 7 (11) :1743-1754.
- [6] Bonfante P. Occurrence of a basidiomycetes in living cells of mycorrhizal hair roots of *Calluna vulgaris*. *Transactions of the British Mycological Society*, 1980, 75 :320-325.
- [7] Egger KN, Sigler L. Relatedness of the ericoid

endophytes *Scyталidium vaccinii* and *Hymenoscyphus ericae* inferred from analysis of ribosomal DNA. *Mycologia*, 1993, 85 :219-230.

- [8] Gao Q, Yang ZL. Ectomycorrhizal fungi associated with two species of *Kobresia* in an alpine meadow in the eastern Himalaya. *Mycorrhiza*, 2010, 20 (4) : 281-287.
- [9] Kazuhiko N, Sarah H, Randolph S. *Heteroconium chaetospora*, a dark septate root endophyte allied to the Herpotrichiellaceae (Chaetothiriales) obtained from some forest soil samples in Canada using bait plants. *Mycoscience*, 2007, 48 (5) : 274-281.
- [10] Bruzone MC, Fontenla SB, Vohník M. Is the prominent ericoid mycorrhizal fungus *Rhizoscyphus ericae* absent in the Southern Hemisphere's Ericaceae? A case study on the diversity of root mycobionts in *Gaultheria* spp. from northwest Patagonia Argentina. *Mycorrhiza*, 2014, 24 (9) :339-345.
- [11] Tejesvi MV, Ruotsalainen AL, Markkola AM. Root endophytes along a primary succession gradient in northern Finland. *Fungal Diversity*, 2010, 41 (1) :125-134.

- [12] Ari J. Dark septate endophytes – are they mycorrhizal? *Mycorrhiza*, 2001, 11 (4) : 207-211.
- [13] Saravesi K, Ruotsalainen AL, Cahill JF. May Contrasting impacts of defoliation on root colonization by arbuscular mycorrhizal and dark septate endophytic fungi of *Medicago sativa*. *Mycorrhiza*, 2014, 24 (4) : 239-245.
- [14] Berch SM, Allen TR, Berbee ML. Molecular detection, community structure and phylogeny of ericoid mycorrhizal fungi. *Plant and Soil*, 2002, 244 :55-66.
- [15] Allen TR, Miller T, Berch SM. Culturing and direct DNA extraction find different fungi from the same ericoid mycorrhizal roots. *New Phytologist*, 2003, 160: 255-272.
- [16] Berger R, Perotto S, Girlanda M. Ericoidmycorrhizal fungi are common root associates of a Mediterraneanectomycorrhizal plant (*Quercus ilex*). *Molecular Ecology*, 2000, 9: 1639-1650.
- [17] Khastini RO, Ogawara T, Sato Y. Control of *Fusarium* wilt in melon by the fungal endophyte, *Cadophora* sp. . *European Journal of Plant Pathology*, 2014, 39 (2) : 339-348.

Mycorrhizal fungi diversity of *Vaccinium uliginosum* L

Xiuli Yang¹, Wei Yan^{2*}

¹ Biological and Chemical Engineering College, Hohhot Vocational College, Hohhot 010051, Inner Mongolia Autonomous Region, China

² College of Forestry, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010010, Inner Mongolia Autonomous Region, China

Abstract: [Objective] The diversity of mycorrhizal fungi isolated from *Vaccinium uliginosum* L in the northern region of Daxing'anling mountains was examined for the first time. [Methods] Morphology and ITS sequence analysis were used to identify the fungal communities. [Results] Six groups of fungi were isolated from *Vaccinium uliginosum* root samples: one belongs to *Hymenoscyphus*; one to *Phialocephala*; one to *Lachnum*; one to *Cadophora*; one to *Marasmius* and one to *Mycena*. Among them, 87.10% belong to ascomycetes and 12.90% belong to Basidiomycotina. [Conclusion] The diversity of fungi associated with *Vaccinium uliginosum* is abundant and the fungi are from heterogenous group.

Keywords: *Vaccinium uliginosum* L., mycorrhizal fungi, diversity

(本文责编:王晋芳)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (31060111), by the Natural Science Foundation of Inner Mongolia (2014BS0303) and by the Science and Technology Program of Inner Mongolia (20110518)

* Corresponding author. Tel: +86-471-4301434; E-mail: yanwei89911@163.com

Received: 11 July 2014/ Revised: 9 November 2014