

DOI:10.13866/j.azr.2026.05.11  
CSTR:32277.14.AZR.20260511

# 丛枝菌根真菌对宁夏枸杞生长的影响

赵鑫<sup>1</sup>, 惠学东<sup>2</sup>, 李北草<sup>2</sup>, 贺加怀<sup>3</sup>, 郝爱华<sup>4</sup>, 王亚军<sup>5</sup>, 盛敏<sup>1</sup>

(1. 西北农林科技大学林学院, 陕西 杨凌 712100; 2. 宁夏国有林场和林木种苗工作站, 宁夏 银川 750001;

3. 惠农区治沙林场, 宁夏 石嘴山 753200; 4. 宁夏杞鑫种业有限公司, 宁夏 中卫 755100;

5. 宁夏农林科学院宁夏枸杞科学研究所, 宁夏 银川 750002)

**摘要:** 为明确接种外源丛枝菌根(Arbuscular Mycorrhiza, AM)真菌在自然条件下对枸杞的促生效应并了解其内在机制,以推动菌根技术在枸杞产业中的应用,本研究以宁夏枸杞“宁杞9号”为对象,以根内根抱囊霉(*Rhizophagus intraradices*)和摩西斗管囊霉(*Funneliformis mosseae*)为供试菌剂,设置接种(AM)与不接种(NM)AM真菌两个处理,在宁夏惠农枸杞种植基地进行小区试验,测定不同处理下枸杞植株的生长状况、根系菌根的侵染率、根际土壤的理化性质及真菌群落结构。结果表明:与NM处理相比,AM处理显著提高了宁夏枸杞植株的株高( $P<0.001$ )和地径( $P=0.032$ ),增加了根际土壤中全磷、全钾和速效钾的含量,改变了根际真菌群落的 $\beta$ 多样性,构建了更为复杂、紧密和高效的真菌共现网络(包括更多的节点数与连接度,更低的平均路径长度与介数中心性),降低了土著AM真菌的相对丰度,提高了植物病原菌的相对丰度与多样性,但未对根系菌根的侵染率产生显著影响;层次分割结果表明,真菌共现网络特征对枸杞生长的解释率最高(33.86%),其次为土壤磷钾养分状况(30.78%)、植物病原菌(19.4%)和腐生菌(9.82%)。综上所述,AM真菌对宁夏枸杞的促生作用主要通过重塑根际真菌互作网络、提高土壤磷钾有效性及调控病原菌-腐生菌动态实现,而非依赖传统的高侵染率途径。该发现为干旱区枸杞栽培的微生物调控提供了新视角。

**关键词:** 丛枝菌根真菌; 宁夏枸杞; 根际微生物; 真菌群落

宁夏枸杞(*Lycium barbarum*)是一种传承千年的药用植物,其药用价值主要源于枸杞中富含的多糖、类胡萝卜素和黄酮类化合物<sup>[1]</sup>。鉴于宁夏枸杞显著的药用价值、广阔的应用前景与可观的经济效益<sup>[2]</sup>,其在我国西部进行了广泛种植,现已发展成为一项具有区域特色的支柱产业。然而,受我国西部气候干冷、土壤盐碱化且营养贫瘠等多因素的制约,当前种植的枸杞大多生长缓慢,产量偏低,投产周期长,效益低,枸杞产业发展困难。因此,如何促进枸杞生长已成为当前枸杞产业发展过程中急需解决的关键问题。

丛枝菌根(AM)真菌是关键土壤微生物,能与绝大多数陆生植物共生,成为连接地上与地下生态系统的桥梁<sup>[3-4]</sup>。它们通过扩大根系吸收面积、活化

土壤养分、增强水分和矿质吸收等途径促进植物生长<sup>[5]</sup>,因此,在农业生产中具巨大应用潜力,如提高产量、增强抗逆性和改善土壤<sup>[6]</sup>。近年研究发现,AM真菌的功能依赖于与根际微生物(如解磷细菌)的跨界互作,通过“菌丝际”微域形成“碳-磷互惠”联盟,从而协同提升磷素有效性<sup>[7]</sup>。然而,目前关于AM真菌对枸杞促生机制的研究多限于盆栽实验,对自然条件下的效应与机制认识不足<sup>[8]</sup>。在自然生态系统中,外源微生物的定殖与功能发挥常受土著微生物的强烈竞争<sup>[9]</sup>。因此,明确自然条件下外源AM真菌对枸杞的促生效应及内在机制,对推动该技术在产业中的应用至关重要。

本研究拟通过小区试验,在自然条件下对比分析菌根化和非菌根化枸杞植株的生长状况、根系菌

收稿日期: 2025-12-23; 修订日期: 2026-02-19

基金项目: 中央财政林业科技推广项目—黄河“几字弯”攻坚战宁夏枸杞优新品种(系)菌根化育苗和高效栽培技术推广([2024]ZY02号); 自治区县域科技成果引进示范推广项目(2024DQN06005)

作者简介: 赵鑫(1999-),男,硕士研究生,主要从事菌根化苗木抗逆性机理研究. E-mail: zhaoxin79197@163.com

通讯作者: 盛敏. E-mail: shengmin1977@126.com

根侵染率、根际土壤理化性质及真菌群落结构,从而明确外源添加AM真菌对枸杞根际真菌群落组成与互作模式的影响,解析枸杞生长状况与根际土壤理化性质及真菌群落组成与互作模式变异间的关系。研究结果将有助于增进人们对于AM真菌对枸杞促生机制的认识,为推进菌根技术在枸杞产业发展中的实际应用提供理论依据与实践基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地点

试验地点位于宁夏惠农枸杞种植基地(39.20°~39.21°N, 106.71°~106.72°E), 试验于2024年4—10月进行。该地点为原生荒地, 非枸杞常年栽种区。属中温带大陆气候, 光照充足, 昼夜温差大, 年平均气温为8.9℃, 年平均降水量为141 mm, 土壤类型为砂砾土和石砾堆积土, pH为8.0~9.0。

### 1.2 供试菌剂

将西北农林科技大学林学院微生物实验室提供的根内根孢囊霉(*Rhizophagus intraradices*)和摩西斗管囊霉(*Funneliformis mosseae*)<sup>[10]</sup>分别以玉米(*Zea mays*)为宿主繁殖90 d后镜检玉米根系的菌根侵染情况<sup>[11]</sup>。若侵染成功, 再将含这两种AM真菌的孢子、菌丝体及侵染根段的沙土混合物等体积比混合后制成本试验的供试菌剂。

### 1.3 菌根化和非菌根化宁夏枸杞幼苗的准备

供试宁夏枸杞品种为“宁杞9号”。将约1500个“宁杞9号”插条平均分为两组, 分别置于供试菌剂(菌根化处理)或灭菌供试菌剂(非菌根化处理)与水的等体积比混合物中搅拌约10 s<sup>[12-13]</sup>, 然后将沾满菌剂或灭菌菌剂的插条分别插入两个装有育苗基质的育苗盆(上口径9 cm×下口径6 cm×高17 cm)中, 常规育苗管理约两个月后, 选取长势一致的幼苗备用。

### 1.4 试验设计

本试验采用完全随机设计, 包括菌根化(AM)和非菌根化(NM)两个处理, 每个处理重复5次。于试验地点——宁夏惠农枸杞种植基地100 m×100 m的范围内设置10个5 m×5 m的样方(2种菌根处理×5次重复), 样方的菌根处理类型依据随机的方式进行确定; 将菌根化或非菌根化枸杞幼苗按株行距50 m×70 cm进行定植; 待植株定植约4个月后, 于各样方随机选择5株枸杞植株, 测定其株高和地径, 采

集细根及根际土壤; 将源自同一样方的细根或根际土壤样品分别混合后作为该样方的代表性样品。根系样品用于检测AM真菌的侵染率; 根际土壤样品分为两部分, 一部分风干后用于土壤理化性质分析, 另一部分保存于-80℃下用于真菌群落结构分析。

### 1.5 测定指标及方法

**1.5.1 土壤理化性质的测定** 参考鲍士旦<sup>[14]</sup>和尚浩博<sup>[15]</sup>的方法进行土壤理化性质的测定。采用H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>-H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>消解-AA3连续流动分析仪(Systea, Italy)法测定土壤全氮和全磷的含量; 采用H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>-H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>消煮-火焰光度法测定土壤全钾的含量; 采用KCl浸提-AA3连续流动分析仪法测定土壤硝态氮与铵态氮的含量; 采用NaHCO<sub>3</sub>浸提-钼锑抗比色法测定土壤速效磷的含量; 采用NH<sub>4</sub>OAc浸提-火焰光度法测定土壤速效钾的含量; 采用重铬酸钾容量法测定土壤有机质的含量; 采用残渣烘干法测定土壤可溶性盐的含量; 采用电位法测定土壤的pH值。

**1.5.2 AM真菌侵染率的测定** 基于Phillips等<sup>[16]</sup>和Giovannetti等<sup>[17]</sup>的方法测定AM真菌侵染率, 步骤如下:

(1) 脱色: 将剪成3~4 cm的根系置于5%的KOH溶液中在90℃水浴条件下脱色15 min。

(2) 酸化: 脱色完后用蒸馏水将根系冲洗3遍, 然后加入2% HCl酸化5 min。

(3) 染色: 将根系从3% HCl溶液中取出, 放入TY phlan染色液90℃水浴5 min; 着色完后加入乳酸甘油, 根系充分混匀, 室温下脱色2 d。

(4) 观察: 采用透明压片法制片, 每个载玻片放10~12个根段, 通过显微镜(BX43F, Japan)观察丛枝、泡囊和菌丝等结构特征, 利用十字交叉法测定根系的菌根侵染率。

侵染率(%)=观察到菌根结构的交叉点数/总交叉点数×100%。

**1.5.3 真菌群落结构的测定** 利用MO BIO公司的土壤DNA提取试剂盒(PowerSoil DNA and PowerPlant Pro-htp DNA isolation kits, MO BIO Laboratories Inc., Solana Beach, USA)从根际土壤样品中提取基因组DNA; 利用真菌通用引物ITS1F-ITS2R<sup>[18]</sup>对核糖体内部转录间隔区(ITS)进行PCR扩增<sup>[19]</sup>, 扩增产物利用纯化试剂盒(QIAquick Gel extraction Kit, Qia-gen, Hilden, Germany)进行纯化, 纯化后的样品采用Illumina MiSeq PE300测序平台进行双端测序(测序

工作由上海美吉生物医药科技有限公司完成)。

使用 QIIME2 2021.11 进行原始序列处理。通过 q2-demux 插件对测序读段进行解 multiplex。利用 ITSxpress 插件<sup>[20]</sup>从所有序列中提取 ITS2 区域,随后采用 q2-dada2 插件<sup>[21]</sup>进行质量过滤与序列去重复,并借助 vsearch 插件<sup>[22]</sup>以 100% 相似度将序列聚类为扩增子序列变体(ASVs)。所有 ASV 均通过 q2-feature-classifier 插件<sup>[23]</sup>基于 UNITE 真菌数据库 8.3 版<sup>[24]</sup>在 94% 置信度水平下进行分类学注释。

## 1.6 统计分析

所有的数据分析及绘图均在 R 语言软件(版本 4.3.1)中<sup>[25]</sup>。本试验共获得 569638 条高质量序列,各样品序列数介于 41406~66634 条。稀释曲线分析结果表明,本试验所选测序深度已足以捕获几乎所有样品的物种多样性(图 1)。为消除测序深度差异的影响,利用 vegan 包中的 rrarefy() 函数将所有样品的序列数抽平至最低测序深度(41406 条)。基于抽平后的数据,首先利用 vegan 包中的 diversity() 和 vegdist() 函数,分别计算真菌总体的  $\alpha$  多样性(以物种丰富度指数和香农指数表征)和  $\beta$  多样性(以 Bray-Curtis 距离表征);随后,再基于 FungalTraits 数据库(版本 1.2)及真菌分类信息,将真菌进一步划分为 AM 真菌、植物病原菌、腐生菌及其他功能类群;根据功能类群的划分结果,分别计算 AM 真菌、植物病原菌及腐生菌类群的  $\alpha$  和  $\beta$  多样性。

利用 stats 包中的 t.test() 函数,对比分析菌根化和非菌根化宁夏枸杞植株的株高、地径、根际土壤理化性质、真菌总体及各功能类群(AM 真菌、植物

病原菌和腐生菌)的  $\alpha$  多样性。利用 stats 包中的 wilcox.test() 函数,对比分析菌根化和非菌根化宁夏枸杞根系菌根侵染率及各功能类群或各属的相对丰度。利用 vegan 包中的 adonis() 函数,对比分析菌根化和非菌根化宁夏枸杞根际真菌总体及各功能类群的  $\beta$  多样性,进一步使用同包中的 metaMDS() 函数进行非度量多维标度分析,以实现高维群落距离的降维,从而直观呈现组间样本的聚集与分离情况。利用 psych 包中的 corr.test() 函数,计算各真菌属相对丰度间的 spearman 相关系数,选择具显著 ( $P < 0.05$ ) 相关性的真菌属构建真菌共现网络;利用 igraph 包中的 subgraph() 函数,提取各样品的子网络及其拓扑属性;利用 stats 包中的 t.test() 函数,对比分析菌根化和非菌根化宁夏枸杞根际真菌共现网络的拓扑属性及部分真菌属的连接度。利用 psych 包中的 corr.test() 函数和 vegan 包中的 mantel() 函数,计算宁夏枸杞植株生长状况、土壤理化性质、差异真菌属的相对丰度及真菌共现网络拓扑属性间的 pearson 相关系数。选择与枸杞生长状况(以株高表征)显著 ( $P < 0.05$ ) 相关的土壤或生物因子,利用 hier.part 包中的层次分割函数 calc.relimp(), 确定宁夏枸杞植株生长状况的关键影响因子。

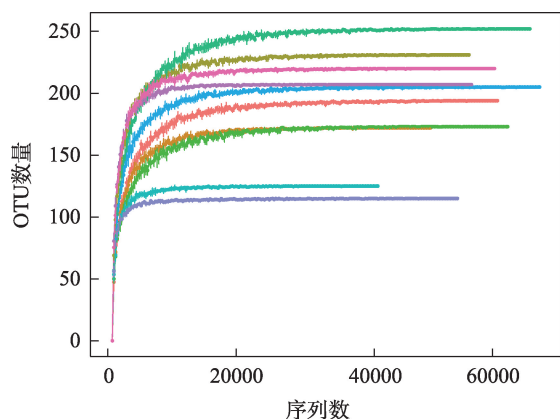
## 2 结果与分析

### 2.1 宁夏枸杞植株的生长状况、根际土壤理化性质及根系菌根侵染率

相较于非菌根化植株,接种 AM 真菌显著增加了宁夏枸杞植株的株高和地径(表 1)。在土壤理化性质方面,菌根化植株根际土壤全磷、全钾和速效钾的含量显著高于非菌根化处理,而全氮、铵态氮、硝态氮、速效磷、有机质和可溶性盐的含量及土壤 pH 值则无显著差异(图 2)。值得注意的是,尽管菌根化宁夏枸杞植株在长势及根际磷钾养分蓄积上表现出了显著的上升趋势,但其根系的菌根侵染率与非菌根化处理相比并无显著差异(表 1)。

### 2.2 宁夏枸杞根际真菌总体的群落结构

从真菌总体多样性来看,宁夏枸杞根际真菌群落的物种丰富度指数 ( $P = 0.31$ ) 和香农指数 ( $P = 0.60$ ) 在菌根化和非菌根化处理间无显著差异,但其  $\beta$  多样性却差异显著(图 3),这表明宁夏枸杞在菌根化后已从整体上重构了其根际真菌的组成格局。从

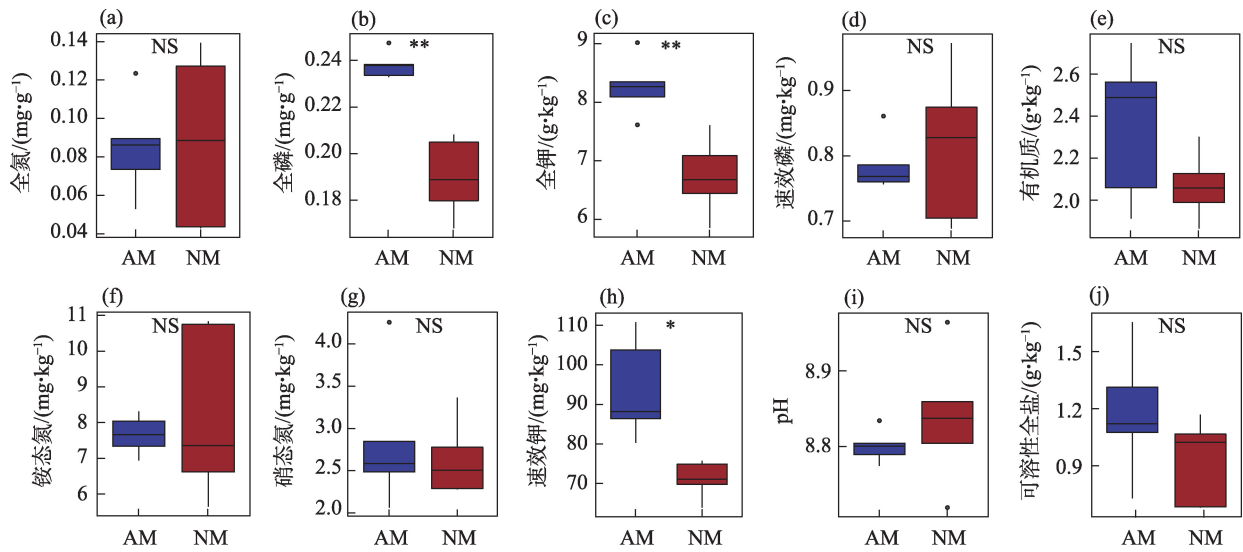


注:不同颜色的曲线代表不同的样品;OTU 为操作分类单元。

图 1 样品测序深度稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of sequencing depth for the samples





注: AM 和 NM 分别表示菌根化和非菌根化处理; NS 表示无显著差异; \* 和 \*\* 分别表示在  $P < 0.05$  和  $P < 0.01$  水平下差异显著。下同。

图2 菌根化和非菌根化宁夏枸杞植株的土壤理化性质

Fig. 2 Soil physicochemical properties in mycorrhizal and non-mycorrhizal *Lycium barbarum* plants

表1 菌根化和非菌根化宁夏枸杞植株的生长状况、根系菌根侵染率及真菌共现网络拓扑属性

Tab. 1 Growth status, mycorrhizal colonization rate and topological properties of fungal co-occurrence networks in mycorrhizal and non-mycorrhizal *L. barbarum* plants

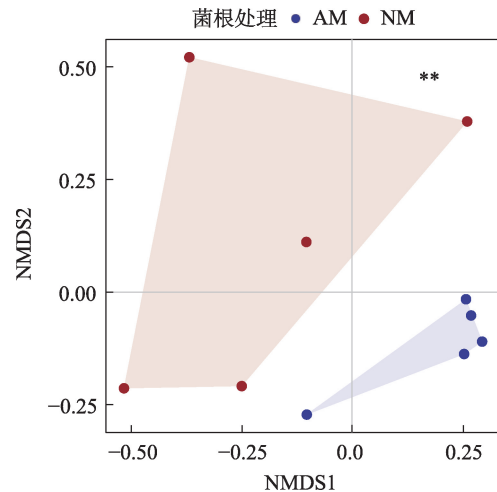
分析指标	菌根处理		差异显著性
	菌根化	非菌根化	
生长状况			
株高/m	1.35±0.08	0.94±0.07	***
地径/cm	0.97±0.19	0.70±0.07	*
根系菌根侵染率/%	14.2±9.68	9.20±3.7	NS
真菌共现网络拓扑属性			
节点数	66.4±7.44	50.2±13.03	*
连接度	5.79±0.52	3.76±0.95	**
平均路径长度	3.26±0.13	3.89±0.25	**
介数中心性	0.11±0.01	0.19±0.05	*

注: NS 表示无显著差异; \*, \*\* 和 \*\*\* 分别表示在  $P < 0.05$ 、 $P < 0.01$  和  $P < 0.001$  水平下差异显著。

真菌共现网络拓扑属性来看(表1),菌根化枸杞根际真菌共现网络的节点数和连接度显著高于非菌根化处理,但其平均路径长度和介数中心性则显著低于非菌根化处理,这表明菌根化处理使枸杞根际的真菌群落结构变得更加复杂、紧密且高效。

### 2.3 宁夏枸杞根际各功能真菌类群的群落结构

菌根化处理对不同功能类群相对丰度的影响不同(图4)。在菌根化枸杞植株根际,AM真菌、植物病原菌和腐生菌约占真菌总数的1.68%、38.24%和19.91%,而在非菌根化植株根际,这三类功能类



注: NMDS 为非度量多维标度。

图3 菌根化和非菌根化宁夏枸杞根际真菌 $\beta$ 多样性的非度量多维标度分析结果

Fig. 3 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) ordination of rhizosphere fungal beta-diversity in mycorrhizal and non-mycorrhizal *L. barbarum* plants

群则分别占8.42%、19.30%和32.58%。AM真菌和植物病原菌的相对丰度在菌根处理和非菌根处理间差异显著。与非菌根化植株相比,菌根化植株根际具有更低的AM真菌相对丰度和更高的植物病原菌相对丰度。

菌根化处理对不同功能类群多样性的影响具有一定的特异性(图5)。在 $\alpha$ 多样性方面,宁夏枸杞

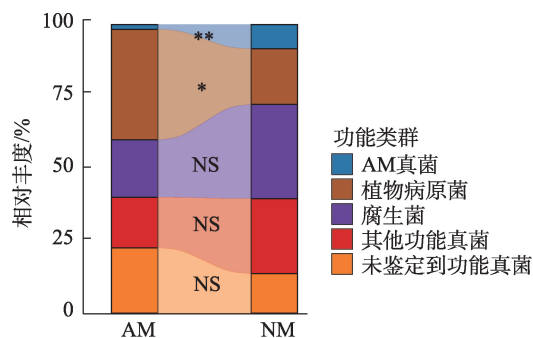


图4 菌根化和非菌根化宁夏枸杞根际各功能真菌类群的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of functional fungal guilds in the rhizosphere of mycorrhizal and non-mycorrhizal *L. barbarum* plants

在菌根化后会显著降低其根际AM真菌的物种丰富度与香农指数、增加病原真菌的物种丰富度,但对腐生菌的物种丰富度与香农指数无显著影响。在 $\beta$ 多样性方面,菌根化处理对AM真菌、植物病原菌和腐生菌均产生了显著影响,这进一步表明菌根化已从整体上重构了宁夏枸杞根际真菌群落的组成格局。

对未经过与经过菌根处理后的AM真菌、植物病原菌及腐生菌在属水平的多样性进行对比分析(表2),发现与非菌根化处理相比,菌根化宁夏枸杞根际植物病原菌链格孢属(*Alternaria*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、织球壳属(*Plectosphaerella*)和帚枝霉属(*Sarocladium*)以及腐生菌双镰刀菌属(*Bisifusari-*

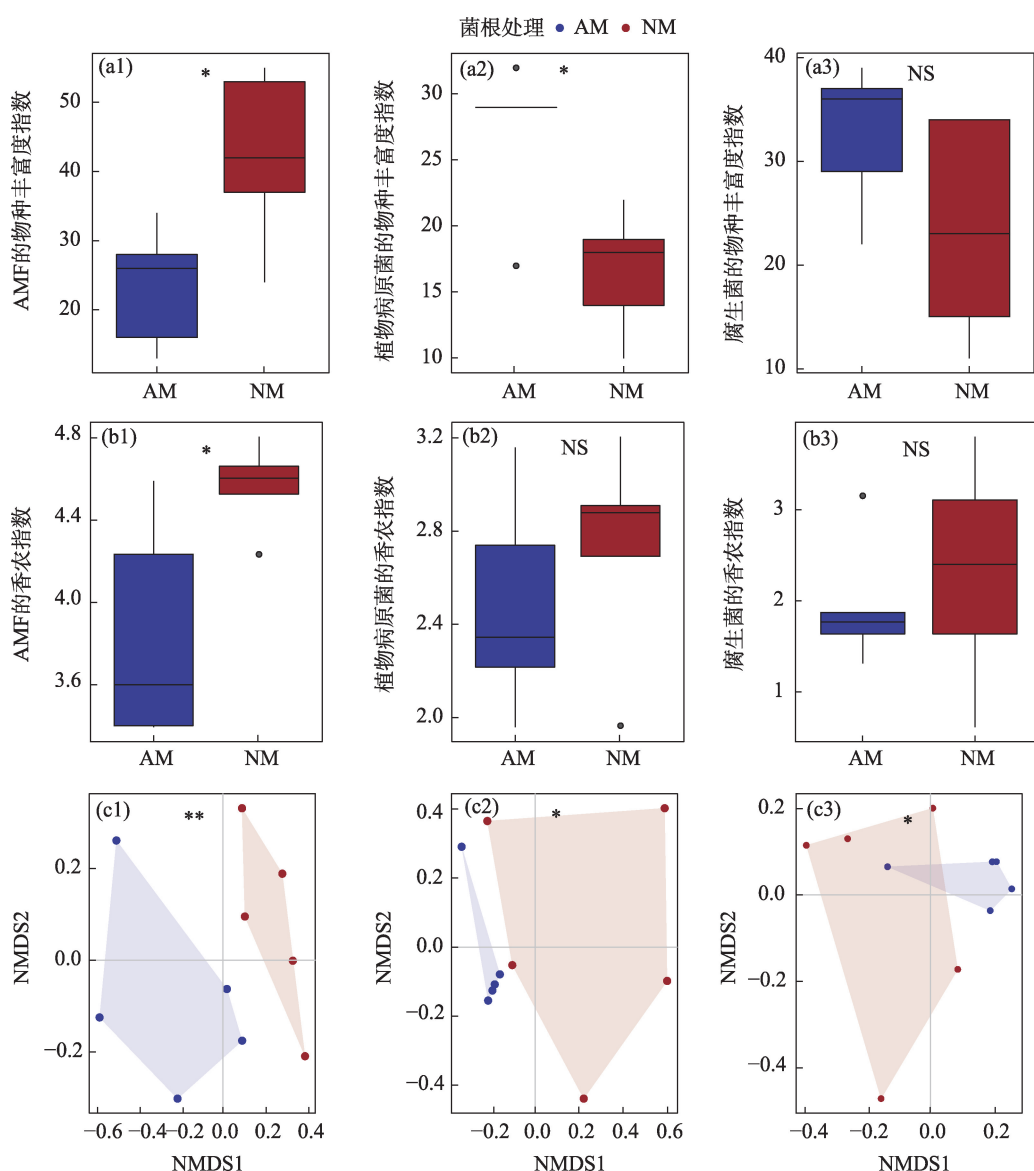


图5 菌根化和非菌根化宁夏枸杞根际真菌的多样性

Fig. 5 Fungal diversity in the rhizosphere of mycorrhizal and non-mycorrhizal *L. barbarum* plants

表2 菌根化和非菌根化宁夏枸杞根际差异真菌属的相对丰度及其在真菌共现网络中的连接度

Tab. 2 Relative abundance of differentially enriched fungal genera in the rhizosphere of mycorrhizal and non-mycorrhizal *L. barbarum* plants and their connectivity within the fungal co-occurrence network

功能类群	属名	相对丰度/%			连接度		
		菌根化	非菌根化	显著性	菌根化	非菌根化	显著性
AM 真菌	多米尼克囊霉属	0.06±0.09	0.4±0.28	#	6.2±4.55	5.2±2.68	NS
	<i>Pervetustus</i>	0.04±0.07	1.08±2	#	2±2.74	2.4±1.52	NS
植物病原菌	链格孢属	14.15±4.71	4.95±4.3	*	9.6±1.14	6±1.58	**
	镰刀菌属	12.89±6.75	4.49±4.05	#	11.6±1.14	7.6±1.67	**
	织球壳属	5.34±8.15	0.07±0.07	*	13.4±1.52	6.2±5.67	*
	帚枝霉属	0.083±0.089	0.00097±0.0022	*	4.6±2.61	0.2±0.45	*
腐生菌	双镰刀菌属	0.13±0.13	0±0	#	1.8±1.64	0±0	#
	枝孢属	10.31±4.28	2.21±1.41	**	13.4±2.07	7.6±2.41	**
	拟鬼伞属	0.05±0.08	0±0	*	8.6±4.88	0±0	*
	水球壳属	0.04±0.05	0±0	#	1.8±1.64	0±0	#
	维希尼克酵母属	0.14±0.1	0.02±0.05	#	8.2±4.66	1.8±4.02	*

注: *Pervetustus* 无中文名; NS 表示无显著差异; #、\* 和 \*\* 分别表示在  $P<0.1$ 、 $P<0.05$  和  $P<0.01$  水平下差异显著。

um)、枝孢属(*Cladosporium*)、拟鬼伞属(*Coprinopsis*)、水球壳属(*Hydropisphaera*)和维希尼克酵母属(*Vishniacozyma*)的相对丰度显著增高,而AM真菌多米尼克囊霉属(*Dominikia*)和*Pervetustus*的相对丰度则显著下降。真菌共现网络分析显示,AM真菌多米尼克囊霉属和*Pervetustus*的连接度在不同菌根处理间无显著差异,而植物病原菌链格孢属、镰刀菌属、织球壳属和帚枝霉属及腐生菌双镰刀菌属、枝孢属、拟鬼伞属、水球壳属和维希尼克酵母属则在菌根化枸杞根际具有较高的连接度。在微生物互作网络中,高连接度通常意味着该物种与群落中其他成员之间存在着更紧密的生态关联。由此推测,菌根化枸杞根际这些显著富集的植物病原菌和腐生菌还可通过增强与周边微生物的互作强度,以实现根际微生态系统结构与功能的重塑。

## 2.4 宁夏枸杞生长状况的影响因子

相关分析结果表明(图6a),宁夏枸杞的株高主要与土壤全磷、全钾和速效钾含量、链格孢属、枝孢属、织球壳属和帚枝霉属相对丰度及真菌共现网络的连接度呈显著正相关,但与多米尼克囊霉属相对丰度,真菌共现网络的平均路径长度和介数中心性呈显著负相关;地径主要与枝孢属和帚枝霉属相对丰度、以及真菌共现网络的连接度呈正相关。

选择与宁夏枸杞生长状况(以株高作为表征)显著相关的土壤和生物因子进行基于线性模型的层次分割,确定各因子对宁夏枸杞生长的贡献度。

层次分割结果表明,真菌共现网络特征对宁夏枸杞生长状况变异的解释率最高(33.86%),其次为土壤磷钾养分状况(30.78%)、植物病原菌(19.4%)和腐生菌(9.82%),而AM真菌则相对较低(6.14%)(图6b)。

## 3 讨论

### 3.1 菌根处理改善了枸杞根际磷钾养分状况

本研究发现在自然条件下接种AM真菌能显著提升宁夏枸杞根际的全磷、全钾及速效钾含量,但对全氮、铵态氮、硝态氮、速效磷、有机质含量及土壤pH值无显著影响。这表明AM真菌在宁夏枸杞根际养分的活化与再分配中具有明显的功能特异性。

AM真菌与根系形成共生体后,其外延菌丝网络可通过扩大吸收面积帮助宿主获取养分<sup>[26]</sup>,并通过分泌有机酸降低根际pH,加速难溶性养分的释放<sup>[27]</sup>。对枸杞而言,AM真菌可能通过其庞大菌丝网络招募并富集解磷、解钾细菌,协同活化土壤中的磷、钾元素,并将其转运给宿主<sup>[28-29]</sup>。植物生长量的增加,又将更多枯落物与根系分泌物归还至根际,经微生物分解后进一步促进了根际磷、钾的累积<sup>[6,28]</sup>。此外,AM真菌菌丝分泌的碳源可特异性招募解磷细菌(PSB)至“菌丝际”,形成“碳-磷互惠”联盟,共同活化土壤有机磷<sup>[30]</sup>。因此,本研究根际有效磷的提升,可能是AM真菌直接活化与跨界调控PSB功能共同作用的结果。

本研究未观测到根际氮素的显著累积,可能原

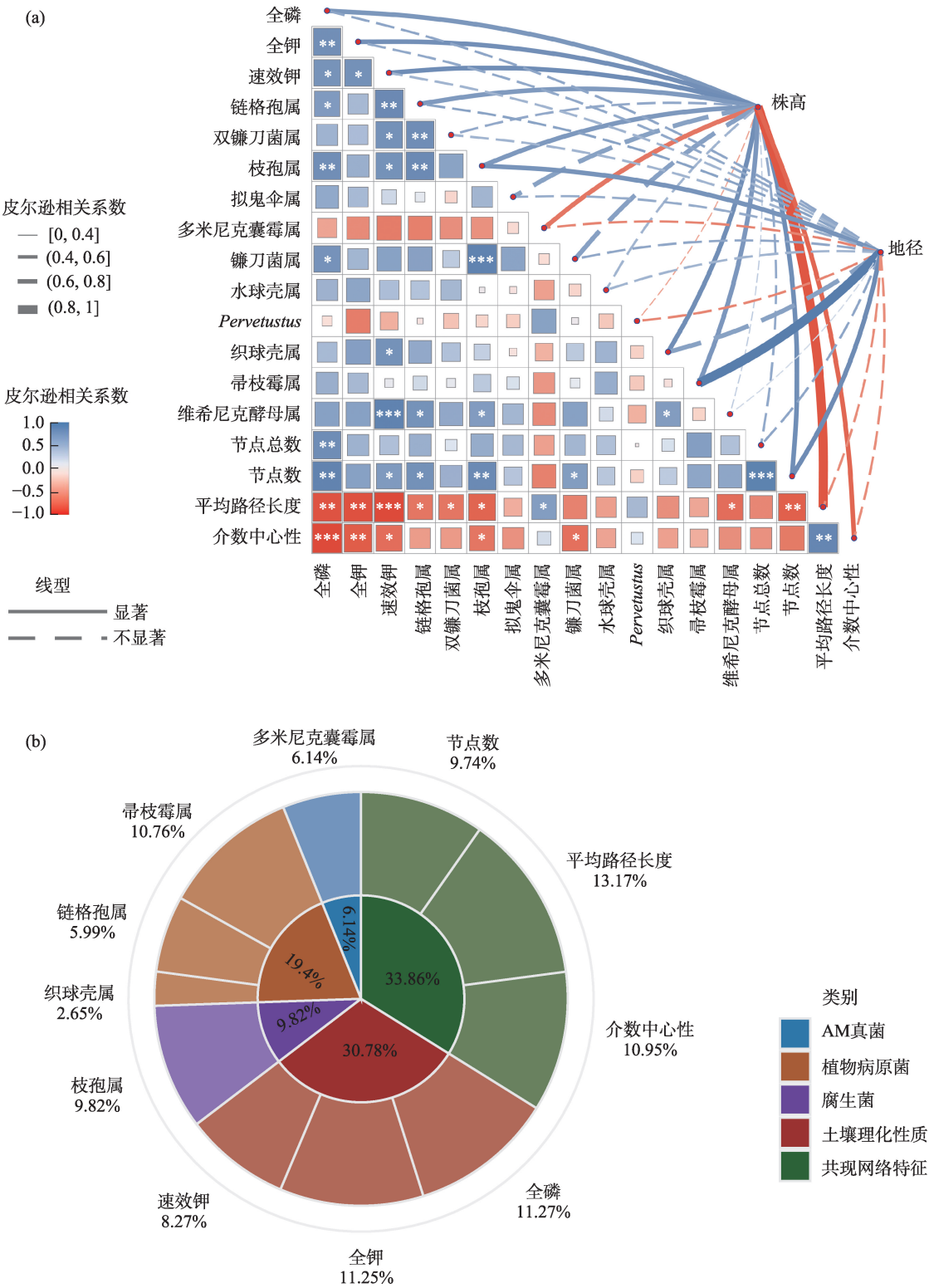


图6 宁夏枸杞生长状况与土壤磷钾含量、功能真菌相对丰度及真菌共现网络特征的相关分析(a)与层次分割结果(b)  
Fig. 6 Correlation analysis (a) and hierarchical partitioning results (b) of *L. barbarum* growth status in relation to soil phosphorus and potassium concentrations, relative abundance of functional fungi and fungal co-occurrence network characteristics

因包括:一方面,试验地氮素供应相对充足,满足了枸杞基本需求,可能诱导AM真菌将吸收重点转向磷、钾等限制性元素<sup>[31-33]</sup>;另一方面,氮素在土壤中

移动性强,植物归还的氮易扩散,难以在根际明显累积<sup>[34-35]</sup>。AM真菌在养分吸收中表现出的这种偏向性,在杨树、沙棘等木本植物中亦有类似报道<sup>[36-37]</sup>,这



一发现对枸杞等经济林植物的精准施肥与管理具有指导意义。

### 3.2 菌根处理重塑了枸杞根际真菌群落结构及其互作关系

这种对根际微生态的跨界重塑,直接体现在真菌群落结构的显著变化上。本研究中,接种AM真菌作为外源干预,显著改变了宁夏枸杞根际真菌群落的 $\beta$ 多样性,成功重构了其组成格局。这一变化与根际磷钾养分的改善及根系分泌物组成的改变密切相关。类似效应在其他体系中也有证实,例如接种外源微生物可重塑丹参根际的真菌群落<sup>[29]</sup>。在寒旱草地生态系统中,植物生产力与微生物群落的 $\beta$ 多样性显著相关<sup>[38]</sup>,这提示宿主植物与微生物的相互作用是驱动群落变化的核心动力。本研究中,AM真菌与枸杞的共生正是通过重塑根际微环境,富集了那些更适应新养分状况和根系分泌物特征的真菌类群,最终形成了差异化的群落结构。

从网络拓扑属性来看,菌根化处理使枸杞根际真菌共现网络的节点数和连接度显著增加,而平均路径长度和介数中心性显著降低。这表明真菌间的互作关系变得更复杂、紧密,信号传递与资源分配效率更高。这种优化的网络结构,与寒旱草地中稳定性强、功能冗余度高的生态网络特征一致<sup>[39]</sup>,也符合植物-AM真菌-细菌连续体通过强化种间合作来提升根际整体功能的机制<sup>[26]</sup>。

不同功能类群对菌根处理的响应存在明显差异。AM真菌类群的相对丰度从8.42%降至1.68%,物种丰富度与香农指数也显著下降。这可能源于接种菌株与土著AM真菌的生态位竞争,以及在磷钾养分改善后,枸杞对其共生依赖度降低<sup>[40]</sup>;植物病原菌的相对丰度从19.30%升至38.24%,物种丰富度增加,但未抑制枸杞生长。这一现象符合“病原稀释效应”,即适度增加的病原菌多样性可能通过调节寄主-微生物组互作形成正反馈<sup>[41]</sup>。同时,磷钾养分的改善提升了枸杞自身的抗逆性<sup>[42]</sup>,而复杂的真菌网络也通过种间竞争与拮抗作用,制约了病原菌的致病潜力<sup>[43]</sup>;腐生菌整体虽无显著差异,但双镰刀菌属、枝孢属、拟鬼伞属等特定属的相对丰度和连接度显著上升。这些腐生菌参与有机物分解和养分循环,可能进一步辅助了磷钾元素的活化与利用,与AM真菌的功能产生协同<sup>[44]</sup>。

### 3.3 菌根促进了宁夏枸杞植株的生长

接种AM真菌显著提升了宁夏枸杞的株高和地径,这一生长促进效应源于根际磷钾养分改善与真菌群落重塑的协同作用,体现了AM真菌对木本经济植物生长的积极调控价值。该结果与以往关于AM真菌通过促进林木营养吸收与代谢来增加生长量的研究结论一致<sup>[45]</sup>。

相关分析与层次分割结果进一步揭示了枸杞生长促进的核心驱动因素。其中,真菌共现网络特征对生长变异的解释率最高(33.86%),其次为土壤磷钾养分状况(30.78%),二者共同构成主要驱动力。真菌共现网络中的关键节点(如高连接度菌种)通常是维持群落稳定的核心,复杂稳定的网络往往意味着更高效的养分交换、信息传递与功能协作,从而有助于枸杞根系吸收水分和养分(尤其是磷),并增强抗逆能力<sup>[46]</sup>。不同产区枸杞的品质差异,也可能与关键真菌类群的组成有关<sup>[47]</sup>。另一方面,土壤磷钾含量的提升为枸杞株高与地径生长提供了直接的物质基础,支撑了光合作用、细胞壁合成等生理过程<sup>[48]</sup>。

优化后的真菌共现网络通过强化微生物互作,不仅促进了养分循环与吸收,还可能通过调节根际益生真菌(如AM真菌)的丰度与活性,间接影响枸杞生长。例如,已有研究指出枸杞根际AM真菌丰度与土壤速效钾含量呈正相关<sup>[49]</sup>。此外,枝孢属、帚枝霉属、织球壳属等特定微生物属与植物株高、地径呈显著正相关,进一步证实了微生物群落结构重塑对植物生长的积极影响。

值得关注的是,植物病原菌丰度上升并未抑制枸杞生长,这不仅说明该调控路径具有稳定性<sup>[26,50]</sup>,也印证了AM真菌可通过增强宿主抗逆性来抵御病原菌胁迫<sup>[51]</sup>。接种AM真菌能显著提高枸杞体内多酚氧化酶、超氧化物歧化酶等防御酶活性,从而强化植株抗病机制<sup>[28]</sup>;同时,矿质营养的改善也能从物理、生化及分子层面提升植物对病原菌的抗性<sup>[52]</sup>。这为理解接种后根际微生态平衡机制提供了新的视角。除了促进生长,AM真菌介导的根际生态优化还可能潜在地提升枸杞的药用品质。磷钾等营养的改善是合成枸杞多糖、类胡萝卜素等活性成分的基础。已有研究显示,在盐胁迫下接种AM真菌能显著提高枸杞叶片中芦丁(黄酮类)和酸性多糖的含量<sup>[53]</sup>。因此,本试验中菌根化枸杞在获得营养



与抗性优势的同时,其果实活性成分的积累也可能得到同步优化,这为未来生产优质枸杞产品提供了有价值的生态调控线索。

## 4 结 论

本研究通过分析接种AM真菌对宁夏枸杞植株生长、根际土壤性质及真菌群落结构的影响,识别出影响枸杞生长的关键驱动因子,主要结论如下:

(1) 接种AM真菌显著促进了宁夏枸杞植株的株高和地径生长,并提升了根际土壤全磷、全钾和速效钾含量,但未显著提高根系菌根侵染率。这表明AM真菌对枸杞的促生作用可能不依赖于直接的根系侵染,而是与根际磷、钾养分有效性的改善密切相关。

(2) 菌根化处理显著改变了根际真菌群落的组成结构( $\beta$ 多样性),并重塑了真菌互作网络。接种后真菌网络的节点数与连接度显著增加,而平均路径长度和介数中心性降低,表明菌根化使根际真菌群落结构更复杂、连接更紧密、功能传递更高效。

(3) 菌根化对不同功能类群真菌的影响具有差异性,根际AM真菌的相对丰度与多样性显著降低,植物病原菌的相对丰度与丰富度显著上升,腐生菌则未受显著影响。在属水平上,病原菌如链格孢属、镰刀菌属以及腐生菌如枝孢属在菌根化根际的相对丰度与网络连接度显著上升,而AM真菌属多米尼克囊霉属和 *Pervetustus* 的相对丰度显著下降。

(4) 影响枸杞植株生长(以株高为代表)的关键因子贡献度依次为:真菌共现网络特征(33.86%)>土壤磷钾养分(30.78%)>植物病原菌(19.4%)>腐生菌(9.82%)>AM真菌(6.14%)。株高与土壤磷钾含量、部分病原菌与腐生菌属的相对丰度及网络连接度呈显著正相关,与部分AM真菌属丰度及网络结构参数呈负相关。

本研究的结果显示,在宁夏枸杞体系中,接种AM真菌可能主要通过重构根际真菌互作网络、提升土壤磷钾有效性,并调节病原菌与腐生菌的组成与互作关系,从而间接促进植株生长,而非依赖于传统认知中的高菌根侵染率。该结果对于深入理解干旱区植物-微生物互作机制,以及指导枸杞栽培中菌根技术的应用具有重要理论意义。

## 参考文献(References):

- [1] Duan L J, Liu Q M, Liu N Y, et al. Comparative study on physico-chemical characterization and immunomodulatory activities of neutral and acidic *Lycium barbarum* polysaccharides[J]. Biomedicine & Pharmacotherapy, 2024, 181: 117659.
- [2] Baimakhanova B, Sadanov A, Bogoyavlenskiy A, et al. Exploring phytochemicals and their pharmacological applications from ethnomedicinal plants: A focus on *Lycium barbarum*, Solanaceae[J]. Heliyon, 2025, 11(2): e41782.
- [3] Mondal S, Halder S K, Mondal K C, et al. Trends of Applied Microbiology for Sustainable Economy[M]. London: Academic Press, 2022.
- [4] Mishra S, Srivastava A, Singh A, et al. An overview of symbiotic and pathogenic interactions at the fungi-plant interface under environmental constraints[J]. Frontiers in Fungal Biology, 2024, 5: 51363460.
- [5] 张妹倩, 刘晓明. 菌根真菌对植物生长和养分吸收的影响及其在农业中的应用潜力[J]. 分子植物育种, 2023, 21(19): 6553–6559. [Zhang Shuqian, Liu Xiaoming. The effects of mycorrhizal fungi on plant growth and nutrient uptake, and their application potential in agriculture[J]. Molecular Plant Breeding, 2023, 21(19): 6553–6559. ]
- [6] Duan S, Feng G, Limpens E, et al. Cross-kingdom nutrient exchange in the plant-arbuscular mycorrhizal fungus-bacterium continuum[J]. Nature Reviews Microbiology, 2024, 22: 773–790.
- [7] Duan S L, Huo Y J, Tian Y X, et al. The interplay of direct and mycorrhizal pathways for plants to efficiently acquire phosphorus from soil[J]. Frontiers of Agricultural Science and Engineering, 2025, 12(1): 47–56.
- [8] Kaili C, Gang H, Yuekun L, et al. Illumina miSeq sequencing reveals correlations among fruit ingredients, environmental factors, and AMF communities in three *Lycium Barbarum* producing regions of China[J]. Microbiology Spectrum, 2022, 10(2): e0229321.
- [9] Albright M B N, Louca S, Winkler D E, et al. Solutions in microbiome engineering: Prioritizing barriers to organism establishment [J]. The ISME Journal, 2021, 16(2): 331–338.
- [10] Shi M, Wu Y, Wu R, et al. Differential impacts of *Funneliformis mosseae* and *Rhizophagus intraradices* on the rice rhizosphere microbiome, nutrient availability, and yield in paddy fields[J]. Mycorrhiza, 2025, 35(6): 61.
- [11] 李侠, 叶诚诚, 张俊伶, 等. 丛枝菌根真菌侵染指标与植物促生效应相关性分析[J]. 中国农业大学学报, 2021, 26(10): 41–53. [Li Xia, Ye Chengcheng, Zhang Junling, et al. Correlation analysis between arbuscular mycorrhizal fungi colonization indices and plant growth promoting effect[J]. Journal of China Agricultural University, 2021, 26(10): 41–53. ]
- [12] 安巍, 王亚军, 贺加怀, 等. 一种叶用枸杞容器菌根化硬枝扦插

- 育苗方法(CN120202836A)[P]. 2025. [An Wei, Wang Yajun, He Jiahui, et al. A Method for Containerized Mycorrhizal Hardwood Cutting Propagation of *Lycium barbarum*(CN120202836A)[P]. 2025. ]
- [13] 王斌, 俞天泉, 冯祥元, 等. 一种枸杞接种丛枝菌根真菌孢子的方法(CN110036812A) [P]. 2019. [Wang Bin, Yu Tianquan, Feng Xiangyuan, et al. A Method for Inoculating Wolfberry with Arbuscular Mycorrhizal Fungal Spores(CN110036812A) [P]. 2019. ]
- [14] 鲍士旦. 土壤农业化学分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000. [Bao Shidan. Soil and Agricultural Chemistry Analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000. ]
- [15] 尚浩博. 土壤农化常规分析方法[M]. 杨凌: 西北农林科技大学出版社, 2014. [Shang Haobo. Conventional Analysis Methods of Soil and Agricultural Chemistry[M]. Yangling: Northwest A & F University Press, 2014. ]
- [16] 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): 158–161.
- [17] Giovannetti M, Mosse B. An evaluation of techniques for measuring vesicular arbuscular mycorrhizal infection in roots[J]. New Phytologist, 1980, 84: 489–500.
- [18] White T J, Bruns T, Lee S, et al. PCR Protocols: A guide to Methods and Applications[M]. San Diego: Academic Press, 1990.
- [19] Orgiazzi A, Lumini E, Nilsson R H, et al. Unravelling soil fungal communities from different Mediterranean land-use backgrounds [J]. PLoS One, 2012, 7(4): e34847.
- [20] El Mouzan M I, Korolev K S, Al Mofarreh M A, et al. Fungal dysbiosis predicts the diagnosis of pediatric Crohn's disease[J]. World J Gastroenterol, 2018, 24(39): 4510–4516.
- [21] Rivers A R, Weber K C, Gardner T G, et al. ITSxpress: Software to rapidly trim internally transcribed spacer sequences with quality scores for marker gene analysis[J]. F1000Research, 2018, 7: 1418.
- [22] Callahan B J, McMurdie P J, Rosen M J, et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. Nature Methods, 2016, 13: 581–583.
- [23] Bokulich N A, Kaehler B D, Rideout J R, et al. Optimizing taxonomic classification of marker-gene amplicon sequences with QIIME 2's q2-feature-classifier plugin[J]. Microbiome, 2018, 6: 1–17.
- [24] Rognes T, Flouri T, Nichols B, et al. VSEARCH: A versatile open source tool for metagenomics[J]. PeerJ, 2016, 4: e2584.
- [25] R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing[CP/OL]. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2023.
- [26] Nthebere K, Prakash R T, Bhimireddy P, et al. Conservation agricultural practices promoted arbuscular mycorrhizal fungal colonization and glomalin content on sandy clay loam of southern India [J]. Heliyon, 2025, 11: e41196.
- [27] 李佳齐, 王晓慧, 何鑫, 等. 丛枝菌根真菌提高植物耐酸碱能力及改善土壤pH应用潜力[J]. 中国农学通报, 2023, 39(34): 123–129. [Li Jiaqi, Wang Xiaohui, He Xin, et al. Improvement of plant acid and alkali resistance and soil pH application potential by arbuscular mycorrhizal fungi[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2023, 39(34): 123–129. ]
- [28] Huang Y, Zhai L, Zhou Y, et al. MdPHR2 and MdARF6–4 synergistically regulate arbuscular mycorrhizal symbiosis and the transcription of MdPHT1; 13, enhancing phosphorus uptake in apple rootstocks[J]. The Plant Journal, 2025, 121: e70070.
- [29] 孙悦, 何松, 曾一峰, 等. 高通量扩增子测序分析生防细菌对丹参根际和根表土壤真菌群落多样性的影响[J]. 中国微生态学杂志, 2023, 35(10): 1144–1150. [Sun Yue, He Song, Zeng Yifeng, et al. Effects of biocontrol bacteria on fungal community diversity in rhizosphere and rhizoplane soil of *Salvia miltiorrhiza* based on high throughput amplicon sequencing[J]. Chinese Journal of Microecology, 2023, 35(10): 1144–1150. ]
- [30] 段世龙, 严文辉, 冯固, 等. 植物根系/菌根途径获取养分的碳磷互惠机制[J]. 植物营养与肥料学报, 2023, 29(6): 1160–1167. [Duan Shilong, Yan Wenhui, Feng Gu, et al. Carbon-phosphorus reciprocal mechanism for plants to acquire nutrients through the root/mycorrhizal pathway[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2023, 29(6): 1160–1167. ]
- [31] Shujuan Z, Anika L, Weishuang Z, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi increase grain yields: A meta-analysis[J]. The New Phytologist, 2019, 222(1): 543–555.
- [32] Gong M, Zhang Q, Cheng K, et al. Symbiosis of arbuscular mycorrhizal fungi and *Lycium barbarum* L. prefers NO<sub>3</sub> over NH<sub>4</sub><sup>+</sup>[J]. Horticulturae, 2023, 9: 637.
- [33] 高文礼, 再努尔·吐尔逊, 桑钰, 等. 丛枝菌根真菌对植物氮素吸收作用的研究进展[J]. 中国农学通报, 2021, 37(27): 53–58. [Gao Wenli, Zaynur Turxun, Sang Yu, et al. Effect of arbuscular mycorrhizal fungi on nitrogen absorption of plants: A review[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2021, 37(27): 53–58. ]
- [34] Johnson N C, Graham J H, Smith F A. Functioning of mycorrhizal associations along the mutualism-parasitism continuum[J]. New Phytologist, 1997, 135: 575–585.
- [35] Kuzyakov Y, Xu X L. Competition between roots and microorganisms for nitrogen: Mechanisms and ecological relevance[J]. The New Phytologist, 2013, 198(3): 656–69.
- [36] 彭思利, 张鑫, 武仁杰, 等. 杨树人工林土壤丛枝菌根真菌群落对氮添加的季节性动态响应[J]. 浙江农林大学学报, 2023, 40(4): 792–800. [Peng Sili, Zhang Xin, Wu Renjie, et al. Seasonal dynamic responses of soil arbuscular mycorrhizal fungal community to nitrogen additions in a poplar plantation[J]. Journal of Zhejiang A & F University, 2023, 40(4): 792–800. ]
- [37] Anna J, Wioletta B. Chemical composition and antioxidant activity of leaves of mycorrhized sea-buckthorn (*Hippophae rhamnoides* L.) [J]. Chilean Journal of Agricultural Research, 2017, 77(2): 155–162.
- [38] 严文辉, 段世龙, 张林. AM真菌与菌丝际细菌协同活化土壤有

机磷的机制与调控[J]. 植物研究, 2025, 45(3): 345–351. [Yan Wenhui, Duan Shilong, Zhang Lin. Mechanisms and regulation of interactions between AM fungi and hyphosphere bacteria in organic phosphorus mineralization[J]. Bulletin of Botanical Research, 2025, 45(3): 345–351. ]

- [39] Wang Y C, Dang N, Feng K, et al. Grass-microbial inter-domain ecological networks associated with alpine grassland productivity [J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1109128.

- [40] 杨沐, 郭寰, 段国珍, 等. 丛枝菌根真菌在提高植物抗逆性与土壤改良中的作用与机制研究进展[J]. 中国粉体技术, 2024, 30(2): 164–172. [Yang Mu, Guo Huan, Duan Guozhen, et al. Role and mechanism of arbuscular mycorrhizal fungi in enhancing plant stress resistance and soil improvement: A review[J]. China Powder Science and Technology, 2024, 30(2): 164–172. ]

- [41] 王敏, 彭大榕, 曾吉兴, 等. 植物矿质营养与病害研究进展及展望[J]. 植物营养与肥料学报, 2024, 30(7): 1339–1353. [Wang Min, Peng Darong, Zeng Jixing, et al. Research progress and prospects on plant mineral nutrition and diseases[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2024, 30(7): 1339–1353. ]

- [42] Wang G, Burrill H M, Podzikowski L Y, et al. Dilution of specialist pathogens drives productivity benefits from diversity in plant mixtures[J]. Nature Communications, 2023, 14: 8417.

- [43] Luo L, Wang Z P, Yan X B, et al. Diversified *Alternaria* pathogenicity alters plant-soil feedbacks through leaf-root-microbiome dynamics in agroforestry systems[J]. Horticulture Research, 2025, 12(8): uhaf137.

- [44] Cao T T, You Fang Y, Chen Y R, et al. Synergy of saprotrophs with mycorrhiza for litter decomposition and hotspot formation depends on nutrient availability in the rhizosphere[J]. Geoderma, 2022, 410: 115662.

- [45] Jiang Q, Jia L, Chen W, et al. Complementary foraging of roots and mycorrhizal fungi among nutrient patch types in four subtropical monospecific broadleaved tree plantations[J]. The New Phytologist, 2025, 247(3): 1401–1414.

- [46] Zhao Y, Ran W, Xu W, et al. ITS amplicon sequencing revealed

that rare taxa of tea rhizosphere fungi are closely related to the environment and provide feedback on tea tree diseases[J]. Microbiology Spectrum, 2024, 13(1): e0188924.

- [47] 李越鲲, 孙燕飞, 雷勇辉, 等. 枸杞根际土壤真菌群落多样性的高通量测序[J]. 微生物学报, 2017, 57(7): 1049–1059. [Li Yuekun, Sun Yanfei, Lei Yonghui, et al. Fungal community diversity in rhizosphere soil of *Lycium barbarum* L. based on high-throughput sequencing[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2017, 57(7): 1049–1059. ]

- [48] 宋威, 程才, 王嘉伟, 等. 土壤微生物对植物多样性-生态系统功能关系的调控作用[J]. 生物多样性, 2025, 33(4): 205–222. [Song Wei, Cheng Cai, Wang Jiawei, et al. Soil microbes regulate the relationships between plant diversity and ecosystem functions [J]. Biodiversity Science, 2025, 33(4): 205–222. ]

- [49] 张海涵. 黄土高原枸杞根际微生态特征及其共生真菌调控宿主生长与耐旱响应机制[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2011. [Zhang Haihan. Micro-ecosystem Associated with the Rhizosphere of *Lycium barbarum* from the Loess Plateau and the Mechanisms of Symbiotic Fungal Inoculation on the Host Plant Growth and Drought Resistance[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2011. ]

- [50] Xie X, Fan X. Fungal small RNA hijacking: A new layer of cross-kingdom communications in arbuscular mycorrhizal symbiosis[J]. The New Phytologist, 2025, 246(3): 814–817.

- [51] Nie W, He Q, Guo H, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi: Boosting crop resilience to environmental stresses[J]. Microorganisms, 2024, 12(12): 2448–2448.

- [52] 韦素贞, 张好强, 胡文涛, 等. AM真菌和施钾对宁夏枸杞响应干旱胁迫的交互影响[J]. 西北林学院学报, 2016, 31(5): 165–170, 260. [Wei Suzhen, Zhang Haoqiang, Hu Wentao, et al. Interactive effects of arbuscular mycorrhizal fungus and potassium application on response of *Lycium barbarum* to drought stress[J]. Journal of Northwest Forestry University, 2016, 31(5): 165–170, 260. ]

- [53] 刘洪光. AM真菌提高枸杞耐盐性的机制研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2016. [Liu Hongguang. Mechanisms of Arbuscular Mycorrhizal Fungi Enhancing Salt Tolerance of *Lycium Barbarum* L.[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2016. ]



## Effects of arbuscular mycorrhizal fungi on the growth of *Lycium barbarum*

ZHAO Xin<sup>1</sup>, HUI Xuedong<sup>2</sup>, LI Beicao<sup>2</sup>, HE Jiahuai<sup>3</sup>,

HAO Aihua<sup>4</sup>, WANG Yajun<sup>5</sup>, SHENG Min<sup>1</sup>

(1. College of Forestry, Northwest A & F University, Yangling 712100, Shaanxi, China; 2. Ningxia State-Owned Forest Farm and Forestry Seedling Workstation, Yinchuan 750001, Ningxia, China; 3. Huinong District Desertification Control Forest Farm, Shizuishan 753200, Ningxia, China; 4. Ningxia Qixin Seed Industry Co., Ltd., Zhongwei 755100, Ningxia, China; 5. Institute of Wolfberry Science, Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yinchuan 750002, Ningxia, China)

**Abstract:** This study aimed to elucidate the growth-promoting effects and underlying mechanisms of exogenous inoculation with arbuscular mycorrhizal (AM) fungi on *Lycium barbarum* under natural field conditions, with the goal of advancing mycorrhizal technology in the *L. barbarum* industry. *Lycium barbarum* ‘Ningqi No. 9’ was used as the plant material, and *Rhizophagus intraradices* and *Funneliformis mosseae* served as the test inoculants. A field plot experiment was conducted at the Huinong *L. barbarum* Planting Base in Ningxia, comprising two treatments: inoculation with AM fungi (AM) and a non-inoculated control (NM). Parameters assessed included plant growth, root mycorrhizal colonization rate, rhizosphere soil physicochemical properties, and fungal community structure. The results demonstrated that, relative to the NM treatment, the AM treatment significantly enhanced plant height ( $P < 0.001$ ) and stem diameter ( $P = 0.032$ ) of *L. barbarum*, and increased the concentrations of total phosphorus, total potassium, and available potassium in the rhizosphere soil. Furthermore, AM inoculation altered the beta-diversity of the rhizosphere fungal community and fostered a more complex, densely connected, and efficient fungal co-occurrence network, as evidenced by higher node counts and connectivity, along with reduced average path length and betweenness centrality. The AM treatment also decreased the relative abundance of indigenous AM fungi while increasing both the relative abundance and diversity of plant pathogenic fungi. Notably, root mycorrhizal colonization rate was not significantly affected. Hierarchical partitioning analysis revealed that attributes of the fungal co-occurrence network accounted for the largest proportion of the variance in *L. barbarum* growth (33.86%), followed by soil phosphorus and potassium nutrient status (30.78%), plant pathogenic fungi (19.40%), and saprophytic fungi (9.82%). In conclusion, the growth-promoting effect of AM fungi on *L. barbarum* is primarily achieved through the restructuring of the rhizosphere fungal interaction network, the enhancement of soil phosphorus and potassium availability, and the modulation of the balance between pathogenic and saprophytic fungi, rather than through the conventional mechanism of high mycorrhizal colonization. These findings offer a novel perspective for microbial management strategies in *L. barbarum* cultivation within arid regions.

**Keywords:** arbuscular mycorrhizal fungi; *Lycium barbarum*; rhizosphere microbiome; fungal community