Journal of Rangeland

Print ISSN: 2008-0891

Online ISSN: 2676-5039

The Effect of Grazing Intensity on the Composition of Root Mycorrhizal Fungal Communities in Steppe Regions

Mohammad Matinizadeh [1], Elham Nouri[*2], Mohammad Bayranvand[3]

[1.] Associate prof., Forest Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran.

[2.] Corresponding Author; Researcher, Forest Research Division, Research Institute of Forests and Rangelands, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Tehran, Iran. E-mail: Nouri@rifr-ac.ir

[3.] Assistant prof., Kerman Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, Agricultural Research Education and Extension Organization (AREEO), Kerman, Iran.

Article Info

Article type:
Research Full Paper

2026; Vol 20, Issue 3

Article history:
Received: 28.04.2025
Revised: 16.08.2025
Accepted: 18.08.2025

Keywords:
Plant-Fungus Symbiosis,
Root Colonization,
Metagenomics Approach,
Grazing Management.

Abstract

Background and Objective: Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) play a crucial role in improving nutrient uptake, enhancing plant tolerance to environmental stresses, and maintaining soil structure in rangeland ecosystems. In dry and semi-arid regions, where food and water scarcity are prominent issues, this symbiosis can be a key determinant for the survival and growth of vegetation. The aim of this study was to investigate the effect of grazing intensity on the composition and diversity of AMF communities associated with the roots of Artemisia sieberi, Salsola laricina, and Stipa hohenackeriana in the steppe rangelands of the Khoshkherod region in the Markazi Province.

Methodology: For this purpose, root samples of three dominant plant species (Artemisia sieberi, Salsola laricina, and Stipa hohenackeriana) were collected from three grazing management systems: heavy grazing (HG), managed grazing (MG), and without grazing (WG) in the semi-steppe and steppe regions of Khoshkherod. The spore density and root colonization percentage were determined, and DNA was extracted for metagenomic analysis and Illumina sequencing. Data processing was performed using SEED2 software. Statistical analyses were conducted using two-way ANOVA in R to assess differences in soil properties, root traits, and diversity indices among plant species and grazing systems. Tukey's HSD test was used for mean comparisons. Alpha diversity indices, including OTU richness, Shannon, Simpson, and Pielou's evenness, were calculated and compared.

Results: The results showed that AMF root colonization was significantly influenced by plant species, grazing intensity, and their interaction. S. hohenackeriana exhibited the highest colonization percentage, while S. laricina showed the lowest. Among the grazing management systems, the highest colonization occurred in the no-grazing system, and the lowest in the managed grazing system. In total, six genera of mycorrhizal fungi from four families were identified in the plant roots, with Glomeraceae being the most dominant family and Rhizophagus the most frequent genus. As grazing intensity increased, the relative frequency of Rhizophagus increased, while Glomus and Septoglomus decreased. Ecological network analysis revealed that the AMF communities in the region had a relatively stable structure with clear symbiotic relationships among several dominant genera. Additionally, alpha diversity indices (Shannon, Simpson, and

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

OTU richness) showed no significant differences between plant species and grazing systems, although species composition was affected by grazing. These findings highlight the importance of grazing management in influencing mycorrhizal-plant symbiosis and suggest that heavy grazing, especially at high intensities, may alter the structure of mycorrhizal communities and weaken ecological interactions in plant roots.

Conclusion: In conclusion, the results of this study suggest that the maintenance and improvement of rangeland management, including reducing grazing intensity and applying sound management practices, can contribute to the sustainability of mycorrhizal communities and, consequently, enhance the resilience of rangeland ecosystems to environmental stresses. The findings of this research could serve as scientific guidance for the sustainable management of dry and semi-arid rangelands and the restoration of degraded ecosystems.

Cite this article: Matinizadeh, M., E. Nouri, M. Bayranvand, 2026. The Effect of Grazing Intensity on the Composition of Root Mycorrhizal Fungal Communities in Steppe Regions. Journal of Rangeland, 20(3): 273-286.



© The Author(s).

DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9

Publisher: Iranian Society for Range Management

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

مـــرتـــع

شاپا چاپی: ۰۸۹۱-۲۰۰۸

شاپا الکترونیکی: ۵۰۳۹-۲۶۷۶

تأثیر شدت چرای دام بر ترکیب جوامع قارچ‌های میکوریزی ریشه گیاهان مناطق استپی (مرتع خشکه‌رود)

محمد متینی‌زاده[۱]، الهام نوری*[۲]، محمد بیرانوند[۳]

۱. دانشیار، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران.

۲ نویسنده مسئول، محقق علمی، مؤسسه تحقیقات جنگل‌ها و مراتع کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، تهران، ایران. رایانامه: Nouri@rifr-ac.ir

۳. استادیار بخش تحقیقات جنگل و مرتع، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان کرمان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرمان، ایران.

اطلاعات مقاله

نوع مقاله:
مقاله کامل – پژوهشی

۱۴۰۵؛ جلد ۲۰، شماره ۳

تاریخ دریافت ۱۴۰۴/۰۲/۰۸
تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۵/۲۵
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۵/۲۷

واژه‌های کلیدی:
درصد کلونیزاسیون ریشه،
رویکرد متاژنومیکس،
مدیریت چرای دام،
همزیستی گیاه و قارچ.

چکیده

سابقه و هدف: قارچ‌های میکوریزی آربسکولار (AMF: Arbuscular Mycorrhizal Fungi) به‌عنوان اجزای کلیدی اکوسیستم‌های مرتعی، نقش مهمی در بهبود جذب مواد غذایی، افزایش تحمل گیاهان به تنش‌های محیطی و پایداری ساختار خاک ایفا می‌کنند. در مناطق خشک و نیمه‌خشک، که کمبود منابع غذایی و آبی به شدت احساس می‌شود، این همزیستی می‌تواند به‌عنوان یک عامل تعیین‌کننده در بقا و رشد پوشش گیاهی مطرح شود. هدف از این پژوهش، بررسی اثر شدت چرای دام بر ترکیب و تنوع جوامع AMF مرتبط با ریشه‌های گونه‌های غالب *Artemisia sieberi*، *Salsola laricina* و *Stipa hohenackeriana* در مراتع استپی منطقه خشکه‌رود استان مرکزی بود.

مواد و روش‌ها: به این منظور، در ناحیه استپی و نیمه‌استپی خشکه‌رود در استان مرکزی نمونه‌برداری از ریزریشه‌های سه گونه گیاهی غالب شامل *Artemisia sieberi*، *Salsola laricina* و *Stipa hohenackeriana* در سه سامانه مدیریت چرا (بر اساس تعداد دام در هکتار) شامل چرا سنگین (HG)، چرا مدیریت‌شده (MG) و بدون چرا (WG) نمونه برداری انجام شد. تراکم اسپور و درصد کلونیزاسیون ریشه تعیین شد و برای تحلیل تنوع میکروبی، DNA استخراج و با استفاده از فناوری متاژنومیکس و توالی‌یابی Illumina مطالعه گردید. پردازش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SEED2 انجام شد. تجزیه و تحلیل‌های آماری برای بررسی تفاوت‌های ویژگی‌های خاک، ریشه و شاخص‌های تنوع بین گونه‌های گیاهی و سامانه‌های چرا با استفاده از تحلیل واریانس دوطرفه با نرم افزار R انجام شد. تست توکی برای مقایسه میانگین‌ها استفاده گردید. شاخص‌های تنوع آلفا شامل غنای OTU، شاخص‌های شانون، سیمپسون و یکنواختی پیلو محاسبه و مقایسه شدند.

نتایج: نتایج نشان داد که میزان کلونیزاسیون AMF در ریشه‌ها به طور معناداری تحت تأثیر گونه گیاهی، شدت چرا و اثر متقابل این دو عامل قرار گرفت. گونه‌ی *S. hohenackeriana* بالاترین درصد کلونیزاسیون و گونه‌ی *S. laricina* کمترین میزان را نشان داد. همچنین، در میان سامانه‌های مدیریتی، بالاترین کلونیزاسیون در سامانه بدون چرا مشاهده شد و چرای مدیریت‌شده کمترین میزان کلونیزاسیون را داشت. در مجموع شش جنس قارچ میکوریزی متعلق به چهار خانواده در ریشه گیاهان شناسایی شد که Glomeraceae غالب‌ترین خانواده و جنس Rhizophagus دارای بیشترین فراوانی نسبی بود. با افزایش شدت چرا، نسبت فراوانی Rhizophagus افزایش و نسبت Glomus و Septoglomus کاهش یافت. تحلیل شبکه‌های اکولوژیکی نشان داد که جوامع AMF در این منطقه دارای ساختاری نسبتاً پایدار با ارتباطات همزیستی مشخص میان چند

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

جنس غالب بودند. همچنین تنوع آلفای قارچی (شاخص‌های شانون، سیمپسون و غنای OTU) در بین گونه‌های گیاهی و سامانه‌های مدیریتی تفاوت معناداری نشان نداد، اگرچه ترکیب گونه‌ای تحت تأثیر چرا تغییر یافت. این یافته‌ها بر اهمیت تأثیر مدیریت چرا بر همزیستی قارچ‌ها و گیاهان تأکید دارد و نشان می‌دهد که چرای دام، به ویژه در شدت‌های بالا، می‌تواند باعث تغییر در ساختار جوامع میکوریزی و تضعیف روابط اکولوژیکی در ریشه گیاهان شود.

نتیجه‌گیری: در نهایت، نتایج این پژوهش نشان می‌دهد که حفظ و بهبود مدیریت مراتع، از جمله کاهش شدت چرا و به‌کارگیری روش‌های مدیریتی اصولی، می‌تواند به پایداری جوامع قارچ‌های میکوریزی و به تبع آن افزایش مقاومت اکوسیستم‌های مرتعی در برابر تنش‌های محیطی کمک کند. یافته‌های این تحقیق می‌تواند به‌عنوان یک راهنمای علمی برای مدیریت پایدار مراتع خشک و نیمه‌خشک و احیای اکوسیستم‌های تخریب شده مورد استفاده قرار گیرد.

استناد: متینی‌زاده، م.، ا.نوری، م. بیرانوند، ۱۴۰۵. تأثیر شدت چرای دام بر ترکیب جوامع قارچ‌های میکوریزی ریشه گیاهان مناطق استپی (مرتع خشکه‌رود). مرتع، ۲۰(۳): ۲۷۳-۲۸۶.

DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9

ناشر: انجمن علمی مرتعداری ایران

© نویسندگان

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

مقدمه

قارچ‌های میکوریزی آربسکولار (AMF) به‌عنوان یکی از اجزای کلیدی قارچ‌های همزیست با ریشه گیاهان، نقش مهمی در پایداری اکوسیستم‌های طبیعی ایفا می‌کنند (۱۷). AMF نوع غالب قارچ‌های میکوریزی در مراتع هستند و جوامع منحصربه‌فردی را در ریشه و خاک ریزوسفر گونه‌های علفی تشکیل می‌دهند (۱۱). این قارچ‌ها با ایجاد همزیستی با ریشه اغلب گیاهان خشکی‌زی، موجب بهبود جذب عناصر غذایی، افزایش تحمل گیاهان به تنش‌های محیطی و ارتقاء ساختار خاک می‌گردند (۶ و ۱۴). در مناطق خشک و نیمه‌خشک، که منابع غذایی و آبی محدود است، همزیستی AMF با گیاهان می‌تواند نقش تعیین‌کننده‌ای در زنده‌مانی و تولید زیست‌توده گیاهی منطقه ایفا کند (۵ و ۱۶).

در مراتع مناطق نیمه‌خشک، نوع پوشش گیاهی و شدت چرای دام به‌عنوان مهم‌ترین عوامل مؤثر بر ساختار جوامع AMF، شناخته شده‌اند (۸). هویت گیاه میزبان در ساختار جوامع AMF حیاتی بوده و میزان کلونیزاسیون ریشه در گونه‌های مختلف گیاهی متفاوت است (۱۱). علاوه بر این، تأثیر چرای دام بر جوامع AMF به گونه گیاه میزبان وابسته است، زیرا ویژگی‌های گیاه تعیین‌کننده انتخاب آن توسط دام می‌باشد (۱۹). افزایش شدت چرای دام منجر به کاهش کلونیزاسیون AMF در ریشه گیاهان می‌گردد (۱۳).

مراتع امروزه با افزایش فشار چرا مواجه هستند، اما چگونگی تأثیر شدت چرا بر تنوع و ترکیب جوامع AMF هنوز به طور کامل مشخص نیست. میزان تأثیر چرا بر عملکرد و ساختار جوامع AMF عمدتاً توسط شدت چرا تعیین می‌شود (۱۹). مدیریت نامناسب چرا می‌تواند منجر به کاهش غنای زیستی، تخریب روابط همزیستی و افت عملکرد خاک شود (۹ و۱۳). در مقابل، مدیریت اصولی و اصلاح روش‌های چرای دام می‌تواند زمینه را برای افزایش تنوع و پایداری جمعیت‌های AMF فراهم آورد (۸). چرای دام به‌عنوان یکی از دلایل اصلی تغییرات در ویژگی‌های فیزیکی، شیمیایی و بیولوژیکی خاک محسوب می‌گردد . فشار چرا با تغییر فرآیندهای متعددی، از جمله فعالیت‌های قارچی و آنزیمی مؤثر در چرخه عناصر غذایی، بر متغیرهای کیفیت خاک تأثیر می‌گذارد (۲). مطالعات متعددی در مناطق خشک و نیمه‌خشک جهان نشان داده‌اند که شدت چرای دام می‌تواند به طور معناداری بر ساختار و ترکیب جوامع قارچ‌های میکوریزی آربسکولار تأثیر بگذارد. برای مثال، با و همکاران (۲۰۱۲) در مراتع استپی چین گزارش کردند که افزایش شدت چرا باعث کاهش تنوع AMF می‌شود (۱). همچنین، دودینسکی و همکاران (۲۰۱۹) در استپ‌های نیمه‌خشک پاتاگونیا نشان دادند که شدت چرا نقش تعیین‌کننده‌ای در شکل‌دهی به جوامع AMF دارد (۷). در مطالعه‌ای دیگر، فقیهی‌نیا و همکاران (۲۰۲۱) به این نتیجه رسیدند که شدت چرا، بیش از خوش‌خوراکی گونه‌های گیاهی، عامل اصلی تغییر در ترکیب جوامع AMF است (۸). این یافته‌ها اهمیت بررسی همزمان شدت چرا و گونه‌های گیاهی غالب را در درک پایداری و عملکرد اکوسیستم‌های مرتعی برجسته می‌سازد. با در نظر گرفتن ارتباط تنگاتنگ بین بخش‌های هوایی و زیرزمینی اکوسیستم‌ها، اثرات مستقیم رویدادهای چرا بر جامعه گیاهی فوق‌زمینی می‌تواند تبیین‌کننده اثرات غیرمستقیم چرای دام بر میزان فراوانی و تنوع AMF باشد (۲۰). پژوهش‌های متعددی نشان داده‌اند که چرای طولانی‌مدت دام، که تأثیرات مثبت یا منفی بر زیست‌توده و تولید گیاهی داشته است، منجر به تغییراتی در ترکیب و عملکرد جوامع AMFمی‌گردد (۱۵ و ۲۰). با این وجود، پیامدهای مشخص چرا برای قارچ‌های AMF همزیست کماکان نامشخص است، که این ابهام می‌تواند ناشی از ماهیت وابسته به شرایط محیطی این ارتباط همزیستی باشد (۸). مطالعات مبتنی بر شناسایی مجموعه‌های AMF کلونیزه‌کننده ریشه بین گیاهان با ترجیحات چرای متفاوت توسط دام می‌تواند بینش بیشتری در مورد تأثیر چرا بر جوامع AMF و مکانیسم‌های اساسی ارائه دهد (۱۷).

روش‌های سنتی شناسایی AMF مبتنی بر رنگ آمیزی ریشه‌ها، تنوع واقعی و فعال این جوامع را به‌طور کامل نشان نمی‌دهند. تکنیک‌های مولکولی نوین، به ویژه متاژنومیکس (Metagenomics) و توالی‌یابی ژن‌های rDNA ، امکان شناسایی دقیق‌تر تنوع AMF همزیست با ریشه و تحلیل ساختار جوامع آن‌ها در ریشه گیاهان را فراهم می‌کنند و در بررسی اثرات متقابل پوشش گیاهی، مدیریت چرا و تنوع میکروبی خاک کارآمد هستند (۱، ۴ و ۱۸). این

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

روش با فراهم کردن امکان بررسی مستقیم DNA استخراج‌شده از ریشه گیاهان، دقت و قدرت تفکیک بالاتری نسبت به روش‌های سنتی (مانند رنگ‌آمیزی ریشه یا شمارش اسپور) دارد و قادر است گونه‌های نادر و کم‌فراوانی را که در روش‌های میکروسکوپی قابل شناسایی نیستند، آشکار سازد. استفاده از متاژنومیکس به‌ویژه در اکوسیستم‌های خشک و نیمه‌خشک، که تنوع قارچی اغلب پایین است، امکان تحلیل دقیق‌تری از ترکیب و ساختار جوامع AMF را فراهم می‌آورد (۱۸).

با توجه به اهمیت نقش شدت چرای دام در پایداری اکوسیستم‌های مرتعی و همچنین ارتباط تنگاتنگ آن با همزیستی گیاه-قارچ، هدف این پژوهش بررسی اثر شدت چرای دام بر درصد کلونیزاسیون ریشه، ترکیب جوامع قارچ‌های میکوریزی آربسکولار و تنوع آنها در ریشه سه گونه گیاهی غالب (*A. sieberi*, *S. laricina*, *S. hohenackeriana*) منطقه خشکه‌رود در استان مرکزی بود. در این راستا، علاوه بر مقایسه سیستم‌های مختلف مدیریتی چرا (چرای سنگین، چرای مدیریت‌شده و بدون چرا)، تنوع (آلفا، شاخص‌های شانون، سیمپسون و یکنواختی پیلو) و ساختار اکولوژیک جوامع قارچی با رویکرد متاژنومیکس مورد ارزیابی قرار گرفت.

فرضیات تحقیق عبارت بودند از:

شدت چرای دام موجب کاهش درصد کلونیزاسیون ریشه و تغییر در ترکیب جوامع AMF می‌شود.

گونه‌های گیاهی مختلف در سطح کلونیزاسیون و الگوی همزیستی با AMF تفاوت معناداری دارند.

اثر متقابل گونه گیاهی و شدت چرا می‌تواند منجر به تغییر معنادار در ساختار و تنوع جوامع AMF شود.

مواد و روش‌ها

منطقه مورد مطالعه

منطقه مورد مطالعه در ناحیه استپی و نیمه‌استپی خشکه‌رود در استان مرکزی واقع شده که با اقلیم خشک، تنوع گیاهی محدود و تنش‌های محیطی بالا شناخته می‌شود (طول جغرافیایی ´۳۵ ۵۰ تا ´۴۹ ۵۰ شرقی، عرض جغرافیایی ´۲۳ ۳۵ تا ´۳۰ ۳۵ شمالی، با ارتفاع ۱۴۰۰ متر بالاتر از سطح دریا). آب و هوای این منطقه با میانگین دمای سالانه ۱۹.۳ درجه سانتی‌گراد و میانگین بارندگی سالانه ۱۹۰ میلی‌متر مشخص می‌شود. در این مطالعه، سه گونه گیاهی غالب شامل *A. sieberi*، *S. laricina* و *S. hohenackeriana* در سه سامانه مدیریت چرا شامل چرای سنگین (Heavy Grazing: HG)، چرای مدیریت‌شده (Managed Grazing: MG) و بدون چرا (Without Grazing: WG) مورد بررسی قرار گرفتند که دارای دامنه اکولوژیکی وسیعی در مراتع خشک و نیمه‌خشک ایران هستند. این سه گونه می‌توانند pH تا ۸/۸ و EC تا ۲ دسی‌زیمنس بر متر را تحمل کنند. آنها همچنین بالاترین دوره چرای خود را در ماه نوامبر دارند و حتی در خشکسالی نیز در برابر چرای دام مقاوم هستند. *S. hohenackeriana* به دلیل چرای بیش از حد در قطعه HG وجود نداشت. نمونه‌برداری در سه سایت مجاور با شدت چرای متفاوت انجام شد. بدون چرا (WG): حفاظت شده در تمام طول سال در برابر چرای گوسفند و بز توسط حصار به مدت بیش از ۱۵ سال، که قبلاً تحت چرای مدیریت شده قرار گرفته بود؛ ۲) چرای مدیریت شده (MG): چرای گردشی اشتراکی توسط ۲۲۰۰ راس گوسفند و بز در مساحت ۴۴۸۷ هکتار با دوره‌های استراحت؛ و ۳) چرای سنگین (HG): چرای سنگین مداوم توسط ۴۰۰۰ راس گوسفند و بز در مساحت ۴۱۷۵ هکتار در طول سال. رژیم‌های چرایی حداقل به مدت سه دهه در قطعات مورد مطالعه حفظ شده‌اند.

نمونه‌برداری

در هر تیمار چرایی، به‌طور تصادفی یک پلات به مساحت ۱۰۰ × ۱۰۰ متر مشخص شد. سه نمونه ریشه مرکب (هر نمونه از پنج پایه) به ازای هر گونه گیاهی، از هر قطعه برداشته شد، به جز *S. hohenackeriana* که به دلیل چرای بیش از حد در سایت HG وجود نداشت. نمونه ها با فاصله بیش از ۱۰ متر از یکدیگر جمع آوری شدند. در مجموع ۲۴ نمونه ریشه نازک جمع آوری شد (۲ تیمار چرایی × ۳ گونه × ۳ تکرار + ۱ تیمار چرایی × ۲ گونه × ۳ تکرار). به‌منظور جمع‌آوری نمونه‌های ریشه گیاهان از ابزار استریل شده استفاده گردید. در اطراف گیاهان مورد نظر حفاری صورت پذیرفت تا سیستم ریشه آن‌ها آشکار شده و تلاش شد تا کمترین آسیب به ریشه‌ها وارد شود. برای انتخاب، ریشه‌های جوان و فعال (معمولاً نازک‌تر و با رنگ

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

سفید یا روشن) که احتمال کلونیزاسیون میکوریزی در آن‌ها بالاتر بود، انتخاب شده و از برداشت ریشه‌های پوسیده یا به شدت آسیب‌دیده خودداری شد. در مرحله برداشت، با استفاده از ابزار استریل، مقدار مناسبی از ریشه‌ها (حدودا ۵ گرم وزن تازه) جدا گردید و سعی شد تا ریشه‌ها با حداقل میزان خاک همراه باشند. برای نگهداری نمونه‌ها در دو مرحله صورت گرفت: در مرحله اول، ریشه‌ها بلافاصله در لوله‌های استریل حاوی محلول نگهدارنده مانند CTAB قرار گرفتند، به‌طوری که حجم محلول حداقل پنج برابر حجم ریشه‌ها بود. در مرحله دوم، ریشه‌ها در کیسه‌های نمونه‌برداری استریل حاوی مقدار زیادی سیلیکاژل جای داده شدند و اطمینان حاصل شد که ریشه‌ها به خوبی با سیلیکاژل در تماس هستند تا رطوبت آن‌ها به سرعت جذب شده و از تخریب DNA جلوگیری شود. نهایتاً، نمونه‌ها بلافاصله در یخدان حاوی یخ خشک یا بسته‌های یخ قرار داده شد و به آزمایشگاه منتقل شدند. پس از رسیدن به آزمایشگاه، نمونه‌ها در دمای مناسب (۲۰- درجه سانتی‌گراد برای نمونه‌های خشک شده با سیلیکاژل) تا زمان استخراج DNA نگهداری شدند (۱۱).

بررسی درصد کلونیزاسیون ریشه

کلونیزاسیون AMF ریشه با شفاف‌سازی قطعات ریز ریشه‌ها در محلول ۱۰ درصد هیدروکسید پتاسیم در دمای ۹۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲ ساعت، سفیدسازی در محلول ۷/۵ درصد پراکسید هیدروژن به مدت ۵ دقیقه و اسیدی‌سازی در محلول ۱ درصد اسید کلریدریک به مدت ۵ دقیقه قبل از رنگ‌آمیزی در محلول ۰/۰۵ درصد تریپان‌بلو در لاکتوگلیسرول در دمای ۹۰ درجه سانتی‌گراد به مدت ۲۰ دقیقه تعیین شد. کل کلونیزاسیون ریشه توسط ساختارهای AMF (آربوسکول‌ها، هیف‌ها و وزیکول‌ها) با استفاده از روش تقاطع خطوط شبکه بر روی ۱۰۰ تقاطع در بزرگنمایی ۱۰۰ برابر با استفاده از میکروسکوپ المپیوس CH_2 تعیین شد (۱۲).

استخراج DNA قارچی از ریشه‌ها، تکثیر PCR و توالی‌یابی

نمونه‌های ریشه پس از خشک‌شدن، با نیتروژن مایع خرد شده و استخراج DNA با استفاده از کیت Qiagen Plant Mini (آلمان) طبق دستورالعمل سازنده انجام شد. کیفیت و غلظت DNA با استفاده از دستگاه نانودراپ ((Thermo Fisher Scientific, USA بررسی شد و نمونه‌ها تا زمان استفاده در دمای ۲۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شدند.

برای تکثیر بخشی از ژن ریبوزومی LSU از جفت پرایمرهای (5′- TTG YTGCRG TTA AAA AGC -3′) NS31_Glo3 TCG و AML2 (5′- GAA CCC AAA CAC TTG GTTTCC -3′) حدود ۵۰۰ جفت‌باز استفاده شد. واکنش‌های PCR در حجم نهایی ۲۵ میکرولیتر با سه تکرار فنی انجام گرفت. هر واکنش شامل بافر Taq، dNTP، MgCl2، پرایمرها، BSA، آنزیم Taq و DNA الگو بود. شرایط حرارتی PCR شامل مراحل: ۵ دقیقه در ۹۴ درجه، ۴۰ چرخه (۳۰ ثانیه در ۹۴ درجه، ۳۰ ثانیه در ۵۲ درجه، ۴۵ ثانیه در ۷۲ درجه) و در نهایت ۲۰ دقیقه در ۷۲ درجه بود. محصولات PCR با استفاده از کیت Qiaquick تصفیه و بر روی دستگاه Illumina MiSeq (2×250 bp) توالی‌یابی شدند. داده‌های خام تعیین توالی AMF تولید شده در این مطالعه در پایگاه داده NCBI SRA با شناسه BioProject PRJNA1039602 سپرده و منتشر شده‌اند.

پردازش داده‌های زیستی

پردازش داده‌ها با استفاده از نرم‌افزار SEED2 نسخه ۲/۰/۴ انجام شد (V˘etrovský و همکاران، ۲۰۱۸). به دلیل طول نسبتاً زیاد قطعه تکثیر شده (۵۰۰ bp)، توالی‌هایی با شروع پرایمر NS31 از فایل R1 وارد تحلیل شدند. توالی‌های با کیفیت پایین و تگ‌های ناهمخوان حذف و تنها توالی‌های با طول بیش از ۲۵۰ جفت‌باز در آنالیز نهایی نگه داشته شدند. توالی‌ها با استفاده از نرم‌افزار USEARCH و الگوریتم UPARSE با آستانه شباهت ۹۷٪ خوشه‌بندی و OTUها تعیین شدند. توالی‌های کایمریک و تک‌رخدادها حذف شده و نهایتاً ۱۵۴۴ OTU باقی ماند. با تطبیق توالی‌های غالب هر OTU با پایگاه‌های GenBank و MaarjAM، فقط OTUهای وابسته به شاخه Glomeromycotina در آنالیز باقی ماندند. تمام توالی‌های غیر از شاخه Glomeromycota و توالی‌های بدون همتا از تجزیه و تحلیل‌های بیشتر حذف شدند. برای بررسی تنوع آلفا، داده‌ها به ۸۵۶ خوانش برای هر نمونه استانداردسازی شدند.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

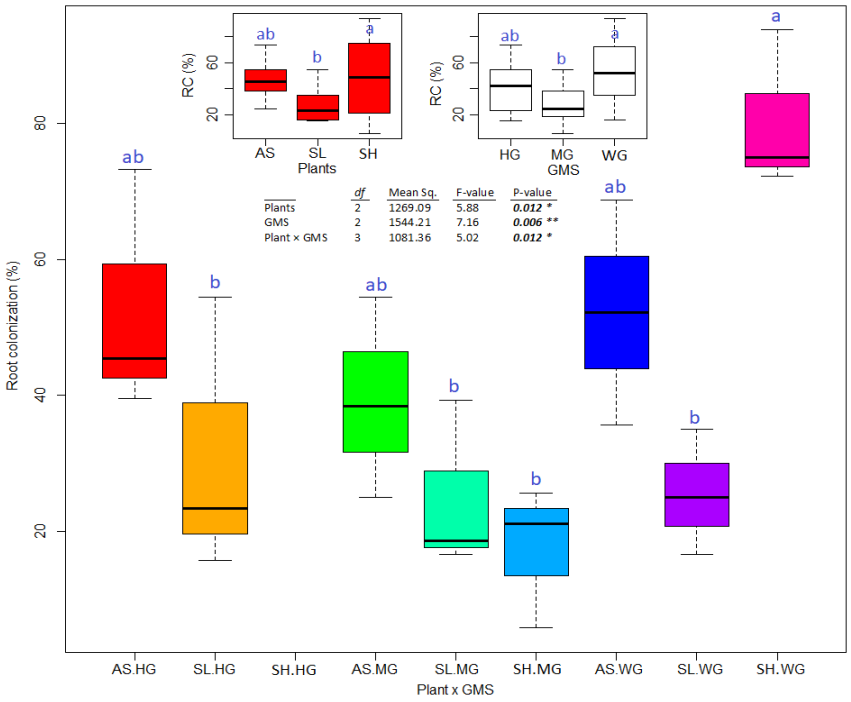
[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

تحلیل‌های آماری

تجزیه و تحلیل‌های آماری برای بررسی تفاوت‌های ویژگی‌های خاک ، ریشه و شاخص‌های تنوع میکروبی بین گونه‌های گیاهی (سه گونه) و سامانه‌های چرا (سه سطح) با سه تکرار به صورت فاکتوریل در قالب طرح کاملاً تصادفی با استفاده از تحلیل واریانس دوطرفه (ANOVA) انجام شد. تست توکی (Tukey HSD) برای مقایسه میانگین‌ها استفاده گردید. برای بررسی نرمال بودن داده‌ها از آزمون کولموگروف-اسمیرنوف و برای یکنواختی واریانس‌ها از آزمون لون استفاده شد. شاخص‌های تنوع آلفا شامل غنای OTU، شاخص‌های شانون، سیمپسون و یکنواختی پیلو محاسبه و مقایسه شدند. همه تجزیه و تحلیل‌ها با نرم افزار R انجام شد.

نتایج

نتایج نشان داد کلونیزاسیون قارچ‌های میکوریزی آربوسکولار به‌طور معنادار تحت تأثیر گونه گیاهی، نوع سیستم چرا و و اثر متقابل آن‌ها قرار داشت (شکل ۱). بیشترین میانگین کلونیزاسیون به ترتیب مربوط به ریشه گونه‌های *S. hohenackeriana* ، *A. sieberi* و *S. laricina* بود. همچنین بین سیستم مدیریت چرایی تفاوت معناداری را نشان داد (شکل ۱). بیشترین کلونیزاسیون در شرایط بدون چرا (WG) ۹۳٪ بود و کمترین مقدار در شرایط چرای مدیریت‌شده (MG) با مقدار ۵٪ مشاهده شد ($p < 0.01$) همچنین تعامل بین این دو عامل نیز معنادار بود ($p < 0.05$). بالاترین کلونیزاسیون در ترکیب SH.WG (یعنی گونه SH در شرایط بدون چرا) مشاهده شد. در حالیکه پایین‌ترین میزان در ترکیب SL.MG مشاهده شد.

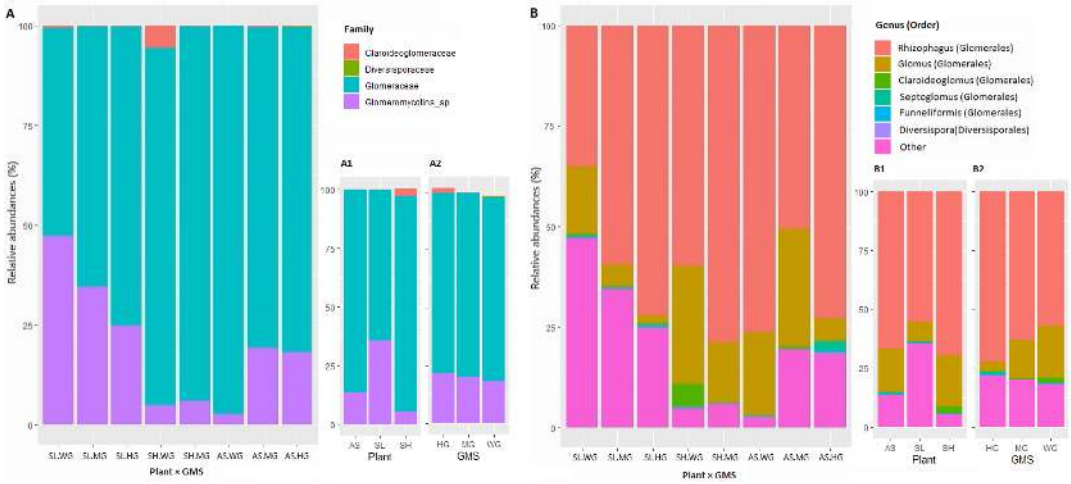


شکل ۱: کلونیزاسیون ریشه (RC) در گونه‌های مختلف گیاهی [*S. laricina* (SL) *A. sieberi* (AS) و *S. hohenackeriana* (SH)] سیستم‌های مدیریت چرای دام [(HG) چرای سنگین، (MG) چرای مدیریت‌شده و (WG) بدون چرا] و اثر متقابل آن‌ها. حروف کوچک نشان‌دهنده تفاوت‌های معنی‌دار بین گونه‌های گیاهی، سیستم‌های مدیریت چرا و اثر متقابل آن‌ها بر اساس آنالیز واریانس دوطرفه و آزمون توکی ($p < 0.05$) HSD است.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

شش جنس (*Rhizophagus*, *Glomus*, *Claroideoglomus*, *Septoglomus*, *Funneliformis* & *Diversispora*) متعلق به چهار خانواده از قارچ‌های میکوریز آربوسکولار در ریشه‌های گیاهان *A. sieberi*، *S. laricina* و *S. hohenackeriana* شناسایی شدند (شکل ۲). در میان جنس‌های شناسایی‌شده، *Rhizophagus* دارای بیشترین فراوانی نسبی در بین همه گونه‌ها و تیمارهای چرا بود، در حالی که راسته *Diversisporales* کمترین حضور را در ریشه‌های گونه‌های گیاهی مورد مطالعه داشت (شکل ۲). همچنین حدود ۲۰ درصد از توالی های موجود با مرکز داده های مورد بررسی مطابقت نداشت. بیشترین درصد نسبی جنس‌های *Rhizophagus*، *Glomus* و *Claroideoglomus* در ریشه گونه *S. hohenackeriana* و کمترین درصد مربوط به گونه *S. laricina* بوده است در حالی که گونه *A. sieberi* حالت بینابینی را نشان داد. همچنین نتایج نشان داد که با افزایش شدت چرا فراوانی قارچ‌های میکوریزی به سمت تک جنسی رفته است و فراوانی جنس‌های *Rhizophagus* و *Funneliformis*زیاد شده است و از فراوانی جنس‌های *Glomus* و *Claroideoglomus* کاسته شده است (شکل ۲). بالاترین درصد فراوانی جنس *Rhizophagus* در ترکیب SH.MG و AS.WG (یعنی گونه SH در شرایط مدیریت چرا و گونه AS تحت شرایط بدون چرای دام) مشاهده شد، در حالیکه پایین‌ترین میزان در ترکیب سالسولا در منطقه بدون چرا (SL.WG) و سالسولا در منطقه چرای مدیریت شده (SL.MG) مشاهده شد. بالاترین درصد فراوانی جنس *Glomus* در ترکیب SH.WG و AS.MG (یعنی گونه SH در شرایط بدون چرا و گونه AS تحت شرایط مدیریت چرا) مشاهده شد، در حالیکه پایین‌ترین میزان در ترکیب SL.HG و SL.MG مشاهده شد (شکل ۲).



شکل ۲: ترکیب جوامع قارچ‌های میکوریز آربوسکولار (AMF) (A: سطح خانواده و B: سطح جنس) در ریشه گونه‌های مختلف گیاهی [*A. sieberi* (AS)، *S. laricina* (SL) و *S. hohenackeriana* (SH)] سیستم‌های مدیریت چرای دام [چرای سنگین، (MG) چرای مدیریت‌شده و (WG) بدون چرای دام.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

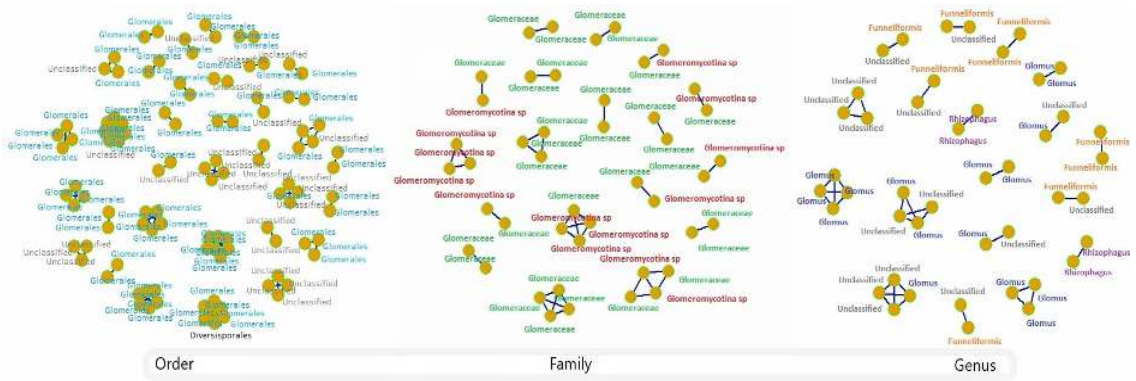
[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

جدول ۱: نتایج مدل‌های خطی تعمیم‌یافته (GLMs) برای بررسی اثرات گونه‌های گیاهی و سیستم‌های مدیریت چرا بر شاخص‌های تنوع آلفا جوامع قارچ‌های میکوریز آربوسکولار MS: میانگین مربعات، F: مقدارF، P: مقدار P بر اساس آنالیز واریانس (ANOVA) و آزمون توکی HSD (P < 0.05)

رویشگاه	غنایOTU			تنوع شانون			
	df	میانگین مربعات	آزمون F	معنی‌داری	MS	آزمون F	معنی‌داری
گیاه	۲	۲۰/۳۶	۰/۶۰	۰/۵۵۴	۰/۰۶	۰/۲۷	۰/۷۶
GMS	۲	۲۲/۷۲	۰/۶۷	۰/۵۱۸	۰/۱۱	۰/۵۶	۰/۵۷
	۳	۶۰/۴۹	۱/۷۹	۰/۱۷۱	۰/۱۸	۰/۸۸	۰/۴۶
		تنوع سیمپسون			یکنواختی پیلو		
گیاه	۲	۰/۰۰۸	۰/۱۷	۰/۸۴۲	۰/۰۰۳	۰/۱۳	۰/۸۷۵
GMS	۲	۰/۰۱۹	۰/۳۸۳	۰/۶۸۵	۰/۰۱۴	۰/۶۸	۰/۵۱۵
گیاه × GMS	۳	۰/۰۳۲	۰/۶۲	۰/۶۰۷	۰/۰۱۷	۰/۷۹	۰/۵۰۹

تحلیل تنوع آلفا با استفاده از شاخص‌های OTU richness، شاخص شانون، سیمپسون و یکنواختی Pie Lou تفاوت معنی‌داری میان جوامع قارچی در گونه‌های گیاهی مختلف و سامانه‌های مدیریتی چرای دام نشان نداد (جدول ۱).

برای درک تعاملات پیچیده AMF، شبکه‌ای ارتباطی بر اساسOTU ها در سطوح راسته، تیره و جنس ایجاد و تحلیل شد (شکل ۳). این تحلیل، خوشه‌های OTU شامل ۹۵ راسته، ۴۴ تیره و ۴۴ جنس را نشان داد و نمودار توزیع درجات گره‌ها نیز ارتباطات متوسطی را در شبکه نمایان ساخت (شکل ۳). هدف از این تحلیل شبکه، بررسی الگوهای هم‌رخدادی در جوامع AMF ریشه گیاهان بود که در آن هر گونه به‌عنوان گره و روابطشان به‌عنوان یال در نظر گرفته شدند. در این مطالعه، چهار جنس AMF به همراه یک OTU ناشناس با روابط هم‌زمانی و هم‌مکانی مشخص شدند؛ در شبکه ایجادشده، هر گره معرف یک واحد رده‌بندی میکروبی و هر یال نشان‌دهنده ارتباط معنی‌دار بین آن‌ها است.



شکل ۳: شبکه حاصل از واحدهای تاکسونومی عملیاتی (OTUs) در سطوح راسته، تیره و جنس جوامع قارچ‌های میکوریز آربوسکولار در منطقه مورد مطالعه. هر گره نمایانگر یک OTU است که می‌تواند معرف یک جمعیت AMF باشد. رنگ گره‌ها نشان‌دهنده سطوح طبقه‌بندی اصلی متفاوت است.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

بحث و نتیجه‌گیری

کلونیزاسیون قارچ‌های میکوریزی آربوسکولار در ریشه گیاهان منطقه مورد مطالعه به‌طور قابل توجهی تحت تأثیر گونه گیاهی، سیستم مدیریت چرا و تعامل بین این دو عامل قرار دارد (۱۷). این یافته‌ها بر اهمیت هر دو عامل بیولوژیکی (گونه گیاهی) و مدیریتی (سیستم چرا) در شکل‌دهی ارتباطات همزیستی گیاه و قارچ در این اکوسیستم تأکید می‌کند (۲). بر اساس نتایج، گونه *S. hohenackeriana* به‌طور متوسط بالاترین میزان کلونیزاسیون را نشان داد، در حالی که گونه *S. laricina* کمترین میزان را به خود اختصاص داد. این تفاوت می‌تواند ناشی از نیازهای تغذیه‌ای متفاوت، فیزیولوژی ریشه و یا ترشحات ریشه‌ای متفاوت این گونه‌ها باشد که به‌طور انتخابی بر استقرار و رشد قارچ‌های AM تأثیر می‌گذارد (۱۷). به‌عنوان مثال، برخی گونه‌های گیاهی ممکن است ترکیبات خاصی را در ریزوسفر ترشح کنند که باعث جذب بیشتر اسپورهای قارچی و افزایش کلونیزاسیون ریشه می‌شود. علاوه بر گونه گیاهی، سیستم مدیریت چرا نیز به‌طور قابل توجهی بر میزان کلونیزاسیون قارچ‌های AM تأثیر داشت (۷). بیشترین میزان کلونیزاسیون در شرایط بدون چرا مشاهده شد، در حالی که چرای مدیریت‌شده کمترین میزان را نشان داد. این امر احتمالاً به دلیل تأثیر چرای دام بر ساختار خاک، تهویه و دسترسی به مواد مغذی است (۱۹). چرای سنگین و حتی مدیریت‌شده می‌تواند با فشردگی خاک و کاهش مواد آلی، شرایط نامطلوبی را برای رشد شبکه هیفی قارچ‌های AM فراهم کند. در این زمینه با و همکاران (۲۰۱۲) چرای شدید احتمالاً کلونیزاسیون قارچ‌های میکوریز آربوسکولار در ریشه را کاهش می‌دهد، اما این امر ممکن است به دلیل تغییر در گونه‌های گیاهی و افزایش گیاهان غیرمیکوریزی باشد، نه آسیب مستقیم به قارچ‌ها (۲). تأثیر چرا بر این تعاملات پیچیده بوده و به شدت چرا و نوع اکوسیستم بستگی دارد (۷). در مقابل، عدم چرای دام منجر به عدم اختلال فیزیکی خاک و تجمع مواد آلی می‌شود که می‌تواند محیط مطلوب‌تری برای استقرار و گسترش این قارچ‌ها ایجاد کند (۱۷). کاهش کلونیزاسیون در شرایط چرای مدیریت‌شده نسبت به عدم چرا، نیازمند بررسی دقیق‌تر شدت و تناوب چرا در این سیستم مدیریتی خاص است. نکته قابل توجه دیگر، وجود اثر متقابل معنادار بین گونه گیاهی و سیستم مدیریت چرا بر کلونیزاسیون AM بود. بیشترین کلونیزاسیون در گونه *S. hohenackeriana* در شرایط بدون چرا مشاهده شد، که نشان می‌دهد این گونه در نبود چرای دام، همزیستی قوی‌تری با قارچ‌های AM دارد (۲۱). در مقابل، کمترین میزان کلونیزاسیون در گونه *S. laricina* تحت چرای مدیریت‌شده دیده شد، که نشان‌دهنده حساسیت این گونه به اثرات منفی این نوع مدیریت چرا بر کلونیزاسیون AM است (۱۷). این مطالعه نشان داد که نوع گیاه، سیستم مدیریت چرا و تعامل بین آن‌ها به طور قابل توجهی بر میزان کلونیزاسیون قارچ‌های AM در این اکوسیستم تأثیر می‌گذارند (۲۱). این یافته‌ها برای مدیریت مراتع و حفظ تنوع زیستی اهمیت دارند، زیرا قارچ‌های AM در جذب مواد مغذی، تحمل تنش‌ها و سلامت گیاهان نقش اساسی دارند (۷). در نظر گرفتن اثرات متقابل گونه‌های گیاهی و شیوه‌های مدیریت چرا بر جوامع قارچی خاک، می‌تواند به توسعه راهبردهای مدیریتی پایدارتر و مؤثرتر کمک کند.

علاوه بر بررسی میکروسکوپی کلونیزاسیون ریشه، این مطالعه با استفاده از روش متاژنومیکس به شناسایی همزیستان و ترکیب جمعیت قارچ‌های AM مرتبط با ریشه سه گونه گیاهی (*A. sieberi*, *S. laricina*, *S. hohenackeriana*) در سیستم‌های مدیریت چرا پرداخته است. آنالیز متاژنومیکس، شناسایی شش جنس متعلق به چهار خانواده مختلف قارچ‌های AM با ترکیبات متفاوت در ریشه این گیاهان را آشکار ساخته است و به نتایج ژو و همکاران (۲۰۲۵) نزدیک است و آنها نیز در مراتع تحت چراهای مختلف هفت جنس از این قارچ ها را شناسایی کردند(۲۱). این تنوع جنسی نشان‌دهنده پیچیدگی جوامع قارچی همزیست با این گیاهان در منطقه مورد مطالعه و تعاملات همزیستی چندگانه در سطح هر گیاه است. فراوانی نسبی جنس‌های مختلف قارچی در ارتباط با گونه‌های گیاهی نشان داد که *S. hohenackeriana* بالاترین درصد فراوانی جنس‌های *Glomus*, *Rhizophagus* و *Claroideoglomus*را دارا بود، در حالی که *S. laricina* کمترین میزان را نشان داد و *A. sieberi* وضعیت بینابینی داشت (۱۱). این تفاوت‌ها احتمالاً ناشی از تعاملات

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

اختصاصی بین گونه‌های گیاهی و قارچ‌های AM است (۲۱). در سطح جنس، *Rhizophagus* با بیشترین فراوانی نسبی در تمامی گونه‌های گیاهی و سیستم‌های مدیریت چرا غالب بود، که احتمالاً نشان‌دهنده سازگاری بالا و توانایی همزیستی مؤثر آن است (۱۶). مطابق با مطالعه حاضر، ژو و همکاران (۲۰۲۵) بیان داشتند که جنس قارچ *Funneliformis* در مراتع با چرای زیاد گاوی و گوسفندی بیشتر مشاهده شد و در مراتع بدون چرا کمتر بود، در حالی که جنس *Glomus* در هر سه الگوی بهره‌برداری از مراتع شناسایی شد(۲۱). در مقابل، راسته *Diversisporales* کمترین حضور را داشت. نکته قابل توجه، عدم تطابق حدود ۲۰ درصد از توالی‌ها با داده‌های موجود بود که ضرورت تحقیقات بیشتر برای شناسایی کامل تنوع قارچ‌های AM در این منطقه را برجسته می‌کند. همراستا با مطالعه Bai و همکاران (۲۰۱۳) اثر سیستم‌های مدیریت چرا نیز بر ساختار جوامع قارچی AM معنادار بود(۳). افزایش شدت چرا منجر به تغییر ترکیب قارچ‌ها و افزایش غلبه جنس *Rhizophagus* شد، در حالی که فراوانی جنس‌های *Glomus* و *Claroideoglomus* کاهش یافته است (۱۶). در مطالعه‌ای مشابه، با و همکاران (۲۰۱۲) چهار جنس گلوموس، آکالوسپورا، پاراگلوموس و اسکوتلوسپورا شناسایی در مراتع استپی در شرایط سیستم چرا شناسایی کردند و بیان داشتند که ترکیب و فراوانی این گونه‌ها در مکان‌های با فشارهای چرای مختلف، متفاوت بود (۱). جنس گلوموس در مراتع حفاظت‌شده غالب بود، یافته‌ای که با پژوهش حاضر در مناطق خشک و نیمه‌خشک همخوانی دارد (۷). این تغییرات احتمالاً ناشی از تأثیرات چرا بر ویژگی‌های فیزیکوشیمیایی خاک و ترکیب گیاهی و اثر منفی آنها بر کاهش تنوع همزیستی قارچها است (۲۰). بررسی تعامل بین گونه گیاهی و سیستم مدیریت چرا نشان داد که بالاترین فراوانی *Rhizophagus* در *S. hohenackeriana* تحت چرای مدیریت‌شده و *A. sieberi* بدون چرا مشاهده شد، در حالی که کمترین میزان در *S. laricina* تحت هر دو شرایط به‌دست آمد (۱۶). الگوهای مشابهی برای جنس *Glomus* نیز مشاهده شد. این نتایج نشان می‌دهند که پاسخ جوامع قارچی AM به مدیریت چرا به شدت وابسته به گونه گیاهی میزبان است (۷). در مجموع، این مطالعه نشان داد که تنوع و ساختار جوامع قارچ‌های AM در این اکوسیستم مرتعی به طور قابل توجهی تحت تأثیر گونه‌های گیاهی و سیستم‌های مدیریت چرا قرار دارد و تعاملات پیچیده بین این عوامل وجود دارد (۳). تغییر در ساختار جوامع قارچی به سمت غلبه یک یا چند جنس خاص تحت تأثیر چرای شدیدتر می‌تواند پیامدهای مهمی برای عملکرد اکوسیستم و سلامت گیاهان داشته باشد. چرای شدید با محدود کردن فتوسنتز گیاه و کربن دریافتی قارچها، ترکیب و تنوع قارچ‌های میکوریز آربوسکولار را کاهش می‌دهد و همچنین افزایش گیاهان غیرمیکوریزی در شرایط چرای شدید نیز به کاهش کلونیزاسیون ریشه و تنوع قارچها را در پی دارد (۲).

تحلیل تنوع آلفای جوامع AMF در گونه‌های گیاهی مختلف و تحت مدیریت چرای دام نشان داد که تنوع درون‌جامعه‌ای غنای OTU، شاخص‌های شانون و سیمپسون، و یکنواختی پیلو بین تیمارهای مختلف تفاوت معنی‌داری ندارد. این در حالی است که ترکیب جوامع قارچی (فراوانی نسبی جنس‌ها) ممکن است تحت تأثیر گونه گیاهی و مدیریت چرا تغییر کند. به عبارت دیگر، سطح کلی غنا، تنوع و یکنواختی جوامع قارچی AMF در این مطالعه، علی‌رغم تفاوت در گونه گیاهی و مدیریت چرا، نسبتاً ثابت بوده است. این امر احتمالاً نشان‌دهنده مقاومت تنوع آلفا در برابر این تغییرات و یا توانایی سازگاری بالای AMF به شرایط متغیر است (۱۰). در این زمینه یانگ و همکاران (۲۰۱۳) بیان داشتند که تنوع و غنای قارچ‌های میکوریزی در خاک بیشتر تحت تاثیر گونه‌های گیاهی قرار می‌گیرند و تنوع قارچی در ریشه کمتر دچار تغییر می‌شود. در مطالعه‌ای مشابه فقیهی‌نیا و همکاران (۲۰۲۱) بیان داشتند که تنوع آلفای AMF با شدت چرا تغییر می‌کند و تاکسون‌های مختلف پاسخ‌های متفاوتی نشان می‌دهند (۸). همچنین نتیجه گرفتند که ترجیح چرای گوسفندان برای گیاهان میزبان، بخش زیادی از تغییرات در تنوع آلفای AMF را تبیین نمی‌کند و شدت چرا بر تنوع شانون تأثیری نداشت. این یافته‌ها اهمیت قارچ‌های AMF در پایداری اکوسیستم‌های مرتعی و نیمه‌خشک و نقش کلیدی آن‌ها در حفظ عملکرد زیست‌محیطی خاک را، حتی در شرایط مدیریتی متفاوت، تأیید می‌کنند.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

تحلیل شبکه ارتباطی OTUها در سطوح مختلف تاکسونومی، ساختار پیچیده و متنوع جوامع AMF منطقه مورد مطالعه را با ارتباطات متوسط و فقدان هاب غالب نشان داد. شناسایی الگوهای هم‌رخدادی خاص بین چهار جنس شناخته‌شده و یک OTU ناشناس، روابط اکولوژیکی بالقوه مهمی را آشکار ساخت که می‌تواند بر ساختار و عملکرد جوامع AMF و سلامت گیاهان تأثیر بگذارد (۲۱). ساختار همبستگی متوسط OTUها احتمالاً نشان‌دهنده ثبات نسبی جوامع AMF در برابر تغییرات اکولوژیکی جزئی است، در حالی که غالب بودن جنس *Rhizophagus* اهمیت اکولوژیکی آن را تأیید می‌کند (۱۶). این یافته‌ها درک تعاملات درون‌جامعه‌ای AMF و نقش آن‌ها در اکوسیستم را ارتقا داده و ضرورت تحقیقات آتی را برای تعیین ماهیت این تعاملات و استفاده از روش‌های توالی‌یابی و تحلیل شبکه در مدیریت پایدار منابع طبیعی و حفاظت از تنوع میکروبی خاک برجسته می‌سازد.

این پژوهش نشان داد که استقرار و ساختار جوامع قارچ‌های میکوریز آربوسکولار در اکوسیستم مرتعی مورد مطالعه به طور معناداری تحت تأثیر گونه گیاهی، سیستم مدیریت چرا و تعامل پیچیده بین این دو عامل قرار دارد. گونه‌های گیاهی مختلف، به دلیل نیازهای تغذیه‌ای و ترشحات ریشه‌ای متفاوت، سطوح و ترکیبات متفاوتی از کلونیزاسیون AMF را نشان دادند. افزایش شدت چرا، با تغییر در ترکیب جوامع قارچی به سوی غلبه جنس *Rhizophagus* و کاهش فراوانی *Glomus*، اثرات نامطلوبی بر ساختار جوامع AMF اعمال نمود. با این حال، تنوع آلفای جوامع AMF در سطح منطقه، علیرغم این تغییرات، نسبتاً پایدار باقی ماند که احتمالاً ناشی از سازگاری بالای این قارچ‌ها است. تحلیل شبکه ارتباطی نیز پیچیدگی و تنوع بالای جوامع AMF و الگوهای هم‌رخدادی خاص بین تاکسون‌ها را آشکار ساخت. در مجموع، این یافته‌ها بر اهمیت در نظر گرفتن اثرات متقابل عوامل بیولوژیکی و مدیریتی بر جوامع قارچی خاک برای مدیریت پایدار مراتع و حفظ تنوع زیستی تأکید می‌کنند و ضرورت تحقیقات بیشتر برای درک کامل تعاملات پیچیده بین گیاهان و قارچ‌های AM و پیامدهای اکولوژیکی تغییرات در این جوامع را برجسته می‌سازند.

References

1. Albornoz, F.E., S.M. Prober, A. Bissett, M. Tibbett & R.J. Standish, 2024. Arbuscular mycorrhizal communities respond to nutrient enrichment and plant invasion in phosphorus-limited eucalypt woodlands. J. Ecol., 112(8): 1842-1855.
2. Ba, L., J. Ning, D. Wang, E. Facelli, J.M. Facelli, Y. Yang & L. Zhang, 2012. The relationship between the diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and grazing in a meadow steppe. Plant Soil, 352: 143-156.
3. Bai, G., Y. Bao, G. Du & Y. Qi, 2013. Arbuscular mycorrhizal fungi associated with vegetation and soil parameters under rest grazing management in a desert steppe ecosystem. Mycorrhiza, 23: 289-301.
4. Bayranvand, M., M. Akbarinia, G. Salehi Jouzani, J. Gharechahi, Y. Kooch & P. Baldrian, 2021. Composition of soil bacterial and fungal communities in relation to vegetation composition and soil characteristics along an altitudinal gradient. FEMS Microbiol. Ecol., 97(1): fiaa201.
5. Begum, S., M.A. Khan & M.I. Rashid, 2019. Role of arbuscular mycorrhizal fungi in the sustainability of dryland ecosystems. J. Arid Environ., 162: 32-39.
6. Brundrett, M.C. & L. Tedersoo, 2018. Evolution of mycorrhizal symbioses: Insights from the fossil record and molecular phylogenies. New Phytol., 220(4): 1108-1123.
7. Dudinszky, N., M.N. Cabello, A.A. Grimoldi, S. Schalamuk & R.A. Golluscio, 2019. Role of grazing intensity on shaping arbuscular mycorrhizal fungi communities in Patagonian semiarid steppes. Rangeland Ecol. Manage., 72(4): 692-699.
8. Faghihinia, M., Y. Zou, Y. Bai, M. Dudáš, R. Marrs & P.L. Staddon, 2021. Grazing intensity rather than host plant's palatability shapes the community of arbuscular mycorrhizal fungi in a steppe grassland. Microb. Ecol.: 1-10.
9. Fester, T., M. Götz & A. Polle, 2020. The role of grazing in the functional diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in grasslands. Mycorrhiza, 30(1): 1-12.
10. Hart, M.M., R.J. Reader & J.N. Klironomos, 2003. Plant coexistence mediated by arbuscular mycorrhizal fungi. Trends Ecol. Evol., 18(8): 418-423.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]

11. Matinizadeh, M., E. Nouri, M. Bayranvand, Z. Kolarikova & M. Janoušková, 2024. Arbuscular mycorrhiza and rhizosphere soil enzymatic activities as modulated by grazing intensity and plant species identity in a semi-arid grassland. Rhizosphere, 30: 100893.
12. McGonigle, T.P., M.H. Miller, D.G. Evans, G.L. Fairchild & J.A. Swan, 1990. A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi. New Phytol., 115(3): 495-501.
13. Rong, Y., T.A. Monaco, Z. Liu, M. Zhao & G. Han, 2022. Soil microbial community structure is unaltered by grazing intensity and plant species richness in a temperate grassland steppe in northern China. Eur. J. Soil Biol., 110: 103404.
14. Smith, S.E. & D.J. Read, 2008. Mycorrhizal Symbiosis (3rd ed.). Academic Press.
15. Stover, H.J., M.A. Naeth & K. Boldt-Burisch, 2018. Soil disturbance changes arbuscular mycorrhizal fungi richness and composition in a fescue grassland in Alberta Canada. Appl. Ecol., 131: 29-37.
16. Taniguchi, T., Y. Akaji, M. Yamato, R. Kusakabe, A. Goomaral, J. Undarmaa & N. Yamanaka, 2022. Dominance of arbuscular mycorrhizal fungi is key for Mongolian steppe management under livestock grazing, as indicated by ecosystem multifunctionality. Ecol. Indic., 136: 108686.
17. Toledo, S., P.L. Peri & S.B. Fontenla, 2022. Environmental conditions and grazing exerted effects on arbuscular mycorrhizal in plants at southern Patagonia rangelands. Rangeland Ecol. Manage., 81: 44-54.
18. Yang, W., Y. Zheng, C. Gao, X. He, Q. Ding & others, 2013. The arbuscular mycorrhizal fungal community response to warming and grazing differs between soil and roots on the Qinghai-Tibetan Plateau. PLoS ONE, 8(9): e76447.
19. Yang, X., J. Chen, Y. Shen, F. Dong & J. Chen, 2020. Global negative effects of livestock grazing on arbuscular mycorrhizas: a meta-analysis. Sci. Total Environ., 708: 134553.
20. Yang, X., Y. Shen, W.B. Badgery, Y. Guo & Y. Zhang, 2018. Arbuscular mycorrhizal fungi alter plant community composition along a grazing gradient in Inner Mongolia Steppe. Basic Appl. Ecol., 32: 53-6.
21. Zhou, J., P. Wang, L. Wei, J. Zhang, X. Li, N. Huang, G. Liu, K. Zou, R. Fan, L. Liu, X. Ma, T. Huang & F. Sun, 2025. Grazing increases, the complexity of networks and ecological stochastic processes of mycorrhizal fungi. J. Environ. Manage., 373: 123933.

[Downloaded from rangelandsrm.ir on 2026-11-25]

[DOR: 20.1001.1.20080891.1405.20.3.5.9]