

刘 威,王晶晶,师梦楠,等. 茶园阴坡和阳坡土壤微生物群落结构与土壤理化因子的关系[J]. 江苏农业学报,2024,40(2):251-259.

doi:10.3969/j.issn.1000-4440.2024.02.007

茶园阴坡和阳坡土壤微生物群落结构与土壤理化因子的关系

刘 威^{1,2,3}, 王晶晶¹, 师梦楠¹, 张文静¹, 王子浩¹, 郭桂义¹, 张永瑞^{1,2,3}

(1.信阳农林学院茶学院/河南省豫南茶树资源综合开发重点实验室,河南 信阳 464000; 2.河南大别山森林生态系统国家野外科学观测研究站,河南 郑州 450046; 3.信阳生态研究院,河南 信阳 464000)

摘要: 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术探究茶园阴坡和阳坡土壤细菌、真菌群落结构特点,并开展土壤理化因子对土壤细菌、真菌群落结构的影响分析。结果表明,茶园阴坡土壤细菌和真菌分类操作单元数量均高于阳坡。在门分类水平上,阴坡土壤中相对丰度最高的细菌门为酸杆菌门,阳坡为变形菌门,而阴坡和阳坡土壤中相对丰度最高的真菌门均为子囊菌门,相对丰度均超过 55.00%;在目分类水平上,茶园阴坡和阳坡土壤相对丰度最高的细菌、真菌均不同。物种多样性分析结果显示,阴坡和阳坡茶园土壤间细菌和真菌物种多样性和物种相对丰度均无显著差异。阴坡和阳坡富集的细菌不同,而富集的真菌较为相似。冗余分析结果显示,细菌受土壤因子的影响大于真菌,且土壤速效磷含量是影响土壤细菌和真菌群落最主要的环境因子。

关键词: 茶园; 阴坡和阳坡; 土壤微生物; 群落结构; 土壤理化因子

中图分类号: S154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2024)02-0251-09

Relationship between soil microbial community structure and soil physico-chemical factors of shady slope and sunny slope of tea garden

LIU Wei^{1,2,3}, WANG Jing-jing¹, SHI Meng-nan¹, ZHANG Wen-jing¹, WANG Zi-hao¹, GUO Gui-yi¹, ZHANG Yong-rui^{1,2,3}

(1.College of Tea Science, Xinyang Agriculture and Forestry University, Henan Key Laboratory of Tea Plant Comprehensive Utilization in South Henan, Xinyang 464000, China; 2.Henan Dabieshan National Field Observation and Research Station of Forest Ecosystem, Zhengzhou 450046, China; 3.Xinyang Academy of Ecological Research, Xinyang 464000, China)

Abstract: Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was used to explore the bacterial and fungal community structure characteristics of the shady slope and sunny slope of tea garden, and analysis of the effects of soil physical and chemical factors on the bacterial and fungal community structures was conducted. The results showed that the number of bacterial and fungal operational taxonomic units (OTUs) in the shady slope soil was higher than that in the sunny slope soil. At the phylum classification level, the bacterial phyla in the

收稿日期:2023-01-29

基金项目:国家重点研发计划项目(2021YFD1601103);河南省科技攻关项目(232102110212);信阳生态研究院开放基金项目(2023XYQN23)

作者简介:刘 威(1985-),男,河南上蔡人,硕士,讲师,主要从事茶树生理生态与质量安全研究。(E-mail) liuweitea@163.com

通讯作者:张永瑞,(E-mail) 847125997@qq.com

shady slope soil and the sunny slope soil with the highest relative abundance were Acidobacteria and Proteobacteria respectively, and the most abundant fungal phylum in both slopes was Ascomycota, with a relative abundance exceeding 55.00%. At the order classification level, the most abundant bacteria and fungi in the shady slope soil and sunny slope soil were different. Species diversity analysis showed that there was no significant difference in species diversity or richness of bacterial and fungal communities in the soils between the shady and sunny slopes of the tea garden. Different bacterial species were enriched in the shady slope and sunny slope soils, while the fungal species enriched were similar. Redundancy analysis found that bacteria received greater influence by soil factors than fungi, and soil available phosphorus content was the most important environmental factor affecting soil bacterial and fungal communities.

Key words: tea garden; shady slope and sunny slope; soil microorganism; microbial community structure; soil physicochemical factor

茶树是中国重要的经济作物之一,性喜温暖湿润环境^[1]。土壤是茶树生长发育和吸收养分、水分的场所。土壤中微生物的种类及物种数量是植物根际微生态的组成部分,对土壤肥力和土壤物理结构均有重要影响^[2-3]。茶树在进化过程中逐渐适应了特有的生态环境,其中土壤微生物群落结构及物种多样性的变化会对茶树生长产生一系列影响,进而影响茶叶产量和品质^[4]。研究表明,施肥方式、种植模式、覆盖方式等茶园管理措施对茶园根际土壤微生物群落结构及其多样性特征有重要影响^[5-7],此外,茶园所在的海拔、茶树生长年限、茶树品种等对茶园土壤微生物群落多样性也具有重要影响。王峰等^[8]发现常规种植模式下茶园不同坡位之间的土壤细菌群落结构有显著差异,茶园土壤细菌多样性的各项指标均以中坡位最高。郑雪芳等^[9]利用磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法对不同海拔的茶园土壤微生物群落结构进行研究,发现高海拔茶园细菌、真菌种类及多样性均高于低海拔茶园。而不同年限茶园根际土壤细菌、真菌群落结构也存在显著差异,且随着茶园年限增大,土壤微生物种类呈现不同的变化特点,其中一些土壤有益微生物种类有减少趋势^[10-11]。赵兴丽等^[12]利用高通量测序技术,研究中白1号、黄金茶、黄金芽、中茶108等茶树品种的根际土壤真菌群落特点,发现不同品种茶树茶园土壤真菌群落结构不同,其中黄金茶根际土壤真菌群落多样性及丰富度均最高。中国茶园以山地和丘陵为主,坡度和坡向对土壤微生态有很强影响。阴坡和阳坡的温湿度、光照等微环境差异较大,生态条件对土壤微生物多样性具有重要影响^[13]。张倩等^[14]研究发现不同坡向高寒草甸土壤理化特征差异

明显,导致土壤微生物数量不同。龙健等^[15]发现坡向对喀斯特森林土壤微生物群落的影响较显著。为了解坡向对茶园土壤微生物群落结构特点的影响,本研究利用高通量测序技术,结合供试茶园土壤理化因子,分析茶园阴坡、阳坡土壤细菌和真菌群落结构及其与环境因子的关系,探究茶园阴坡、阳坡土壤微生物群落结构特点,以为茶园建设和管理提供参考。

1 材料与方法

1.1 土壤采集与处理

试验地位于信阳市信阳申林茶业开发有限公司茶园(114°43'E,31°87'N),茶园海拔200 m左右,坡度小于15°,茶树品种为薷北种,树龄20年。基地地处南北交界地区,年降水量为700~1 000 mm,平均气温为15~16℃,四季分明,土壤为黄棕壤,土壤偏酸性,适合茶树生长。选取茶园阴坡(北坡中坡)、阳坡(南坡中坡)2个样地,各坡向均设置3块20 m×20 m的样地,共6个样地。采用五点取样法,于2021年11月分别在茶园阴坡、阳坡采集以茶树主干为核心取20~30 cm处的土壤样品。取样时先除去表层落叶及腐殖质,钻取深度为0~20 cm土层土壤样品,每个样地组成1个混合土样。将采集的土壤样品去除枯枝叶、砂石等后,每个混合土样混匀后分为2份,1份阴晾风干,每个样品1 kg,用于测定土壤理化性质;另一部分新鲜土壤在-80℃下存放,每个样品100 g,用于DNA提取。阴坡采集的土壤样品标记为SHS(Shady slope),阳坡采集的土壤样品标记为SUS(Sunny slope)。

1.2 DNA的提取及Illumina高通量测序

使用DNA提取试剂盒进行土壤核酸提取,使用

酶标仪(型号 synergy HTX)对提取的核酸进行浓度检测。对细菌 16 S rRNA 基因 V3+V4 序列进行扩增,引物序列为 F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3');对真菌内转录间隔区(ITS)基因序列进行扩增,引物序列为 F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和 R(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')。PCR 产物经电泳检测和纯化后,用 Illumina HiSeq 2500 平台进行高通量测序。

1.3 土壤基本理化性质分析

土壤理化成分分析方法参考《土壤农业化学分析方法》^[16]。土壤含水量测定采用烘干法;土壤 pH 测定采用水浸电位法;土壤速效氮(AN)含量测定采用凯氏定氮法;土壤速效磷(AP)含量测定采用浸提-钼锑抗比色法;土壤速效钾(AK)含量测定采用浸提-火焰光度法。

1.4 数据的统计与分析

微生物多样性测定是基于 Illumina NovaSeq 测序平台,利用双末端测序(Paired-end)的方法,构建小片段文库进行测序。采用 Trimmomatic V0.33 软件对测序得到的 Raw Read 进行过滤;使用 Usearch v10 软件对每个样品的 Clean Read 进行拼接,并进行长度过滤;使用 UCHIME V4.2 软件鉴定并去除样品嵌合体序列,得到最终有效数据。利用 QIIME 软件得到物种相对丰度,绘制群落结构图。利用 CANOCO 5.0 软件进行环境因子与微生物群

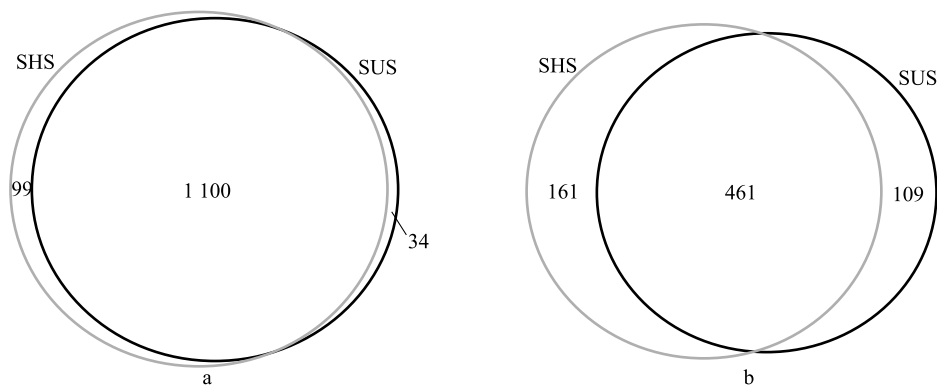
落冗余分析(Redundancy analysis, RDA)。数据处理及方差分析采用 SPSS 22.0 和 Excel 2010 软件进行。

2 结果与分析

2.1 坡向对茶园土壤微生物群落结构的影响

2.1.1 阴坡和阳坡土壤微生物相对丰度差异分析

供试土壤样品经高通量测序、双端 Read 质控、拼接、过滤长度和嵌合体后,获得细菌和真菌有效序列数,分别为 70 189 条和 73 486 条,真菌多于细菌。细菌序列平均长度为 416 bp,真菌序列平均长度为 240 bp。在 97.0% 的相似度水平下进行聚类,获得 1 233 个细菌分类操作单元(Operational taxonomic unit, OTU)和 731 个真菌 OTU,细菌多于真菌。韦恩(Venn)图可以展示茶园阴坡和阳坡土壤微生物群落 OTU 组成的差异性及相似性,共有的 OTU 越多,说明二者的相似性越大。由图 1a 可知,SHS 独有的 OTU 数量为 99 个,SUS 独有的 OTU 数量为 34 个,两者共有的 OTU 数量为 1 100 个,共有分类操作单元数占总分类操作单元数的 89.21%。由图 1b 可知,SHS 独有的 OTU 数量为 161 个,SUS 独有的 OTU 数量为 109 个,两者共有的 OTU 数量为 461 个,共有特征数占总特征数的 63.06%。从茶园阴坡和阳坡土壤细菌和真菌共有及特有 OTU 可知,茶园阴坡与阳坡细菌的物种相似度高于真菌。



a 表示细菌 Venn 图;b 表示真菌 Venn 图。SHS 为阴坡土壤样品中微生物;SUS 为阳坡土壤样品中微生物。重叠部分代表样本/分组共有的分类操作单元(OTU)数量;非重叠部分是样本/分组特有的分类操作单元数量。

图 1 阴坡和阳坡茶园土壤细菌及真菌 Venn 图

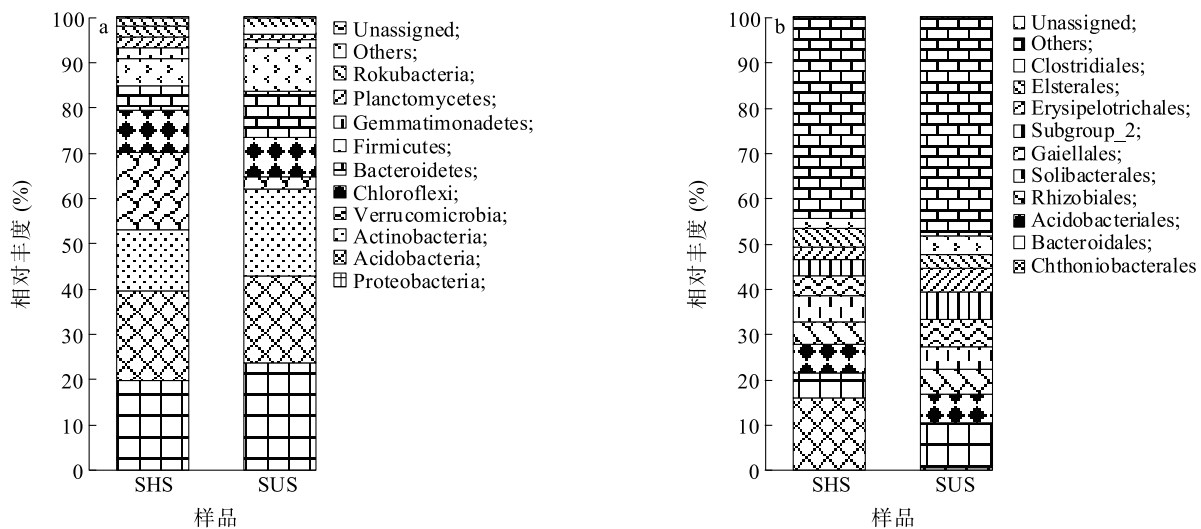
Fig.1 Venn diagrams of bacteria and fungi in shady slope and sunny slope soils of tea garden

2.1.2 门和目分类水平上的细菌群落组成 在细菌门分类水平上,阴坡土壤样品中检测出的细菌有

22 个门, 阳坡土壤样品中检测出的细菌有 20 个门, 阴坡细菌比阳坡多 2 个门。图 2a 显示了阴坡和阳坡土壤部分细菌物种相对丰度分析结果, 疣微菌门 (Verrucomicrobia) 在阴坡土壤中的相对丰度 (17.09%) 是阳坡土壤 (2.96%) 的 5.77 倍, 拟杆菌门 (Bacteroidetes) 在阴坡土壤中的相对丰度 (5.62%) 是阳坡土壤 (10.26%) 的 0.55 倍, 己科河菌门 (Rokubacteria) 在阴坡土壤中的相对丰度 (2.55%) 是阳坡土壤 (0.06%) 的 42.50 倍, 其余菌门在阴坡和阳坡土壤中的相对丰度差异相对较小。阴坡土壤中细菌相对丰度最高的是酸杆菌门 (Acidobacteria), 阳坡土壤中相对丰度最高的为变形菌门 (Proteobacteria)。

在细菌目分类水平上, 阴坡土壤样品中总计检

测出的细菌有 117 个目, 阳坡土壤样品中检测出的细菌有 104 个目, 阴坡细菌比阳坡多 13 个目。图 2b 显示了阴坡和阳坡土壤部分细菌相对丰度分析结果, 西索恩氏菌目 (Chthoniobacterales) 在阴坡土壤中的相对丰度 (16.09%) 是阳坡土壤 (0.65%) 的 24.75 倍, 拟杆菌目 (Bacteroidales) 在阴坡土壤中的相对丰度 (5.43%) 是阳坡土壤 (9.95%) 的 0.55 倍, 丹毒丝菌目 (Erysipelotrichales) 在阴坡土壤中的相对丰度 (2.86%) 是阳坡土壤 (5.14%) 中的 0.56 倍, 其余菌目在阴坡和阳坡土壤中的相对丰度差异较小。阴坡土壤相对丰度最高的细菌是 Chthoniobacterales, 阳坡土壤中相对丰度最高的细菌是拟杆菌目 (Bacteroidales)。



a: 表示阴坡和阳坡土壤中细菌门水平上物种组成; b: 表示阴坡和阳坡土壤中细菌目水平上物种组成。SHS 为阴坡土壤样品中微生物, SUS 为阳坡土壤样品中微生物。Proteobacteria: 变形菌门; Acidobacteria: 酸杆菌门; Actinobacteria: 放线菌门; Verrucomicrobia: 疣微菌门; Chloroflexi: 绿弯菌门; Bacteroidetes: 拟杆菌门; Firmicutes: 厚壁菌门; Gemmatimonadetes: 芽单胞菌门; Planctomycetes: 浮霉状菌门; Rokubacteria: 己科河菌门; Chthoniobacterales: 西索恩氏菌目; Bacteroidales: 拟杆菌目; Acidobacteriales: 酸杆菌目; Rhizobiales: 根瘤菌目; Solibacterales: 索利氏菌目; Gaiellales: 没有确定的翻译; Subgroup_2; Erysipelotrichales: 丹毒丝菌目; Elsterales: 没有确定的翻译; Clostridiales: 梭菌目; Others: 其他; Unassigned: 未分类的。

图 2 阴坡和阳坡土壤中门和目分类水平上相对丰度排名前 10 的细菌物种分布

Fig.2 Distribution of bacterial species with relative abundance ranked Top 10 at phylum and order classification levels in soils of shady slope and sunny slopes

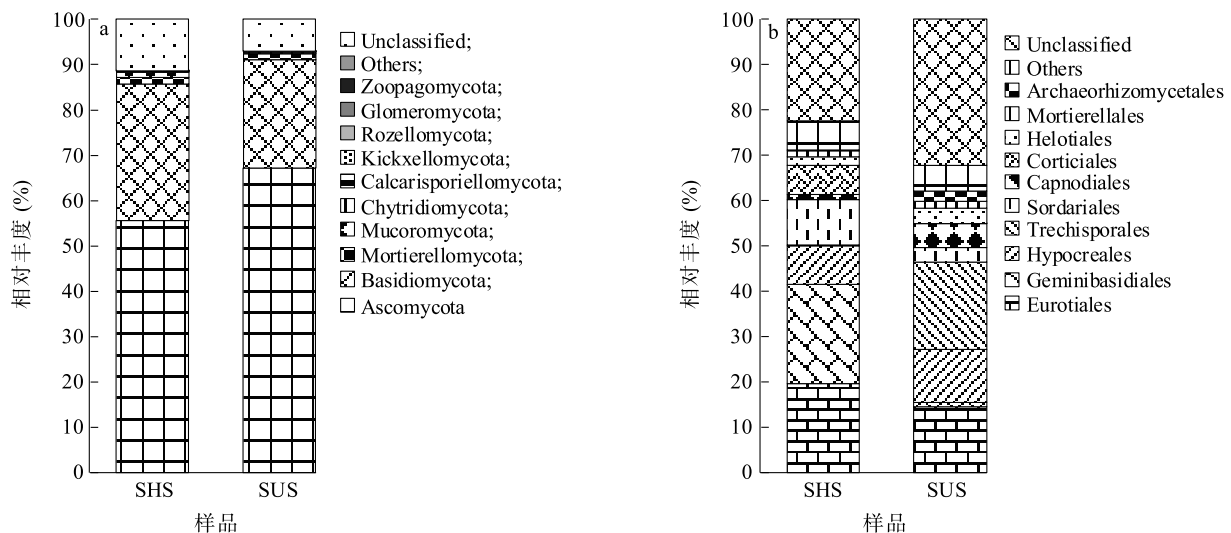
2.1.3 门和目分类水平上的真菌组成 在门分类水平上, 阴坡土壤样品中检测出的真菌有 9 个门, 阳坡土壤样品中检测出的真菌有 10 个门。图 3a 显示了阴坡和阳坡土壤真菌在门水平的相对丰度分析结果, 阴坡土壤中子囊菌门 (Ascomycota) 相对

丰度 (55.57%) 比阳坡土壤 (67.24%) 低 11.67 个百分点, 阴坡土壤中担子菌门 (Basidiomycota) 的相对丰度 (30.14%) 比阳坡土壤 (丰度为 23.77%) 高 6.37 个百分点, 其余菌门在阴坡和阳坡土壤中的相对丰度差异相对较小。阴坡和阳坡土壤中相

对丰度最高的真菌门均为子囊菌门(Ascomycota),相对丰度均超过 55.00%,为土壤中优势菌门,其次是担子菌门(Basidiomycota)。子囊菌门和担子菌门 2 个菌门相对丰度超过 85.00%,为绝对优势菌门。

在目分类水平上,阴坡土壤样品中真菌检测出 48 个目,阳坡土壤样品中检测出 50 个目,阴坡土壤比阳坡土壤少 2 个目。图 3b 显示了阴坡和阳坡土壤部分真菌在目水平的相对丰度分析结果,双担菌目(Geminibasidiales)在阴坡土壤中的相对丰度(21.91%)是阳坡土壤(0.88%)的 24.90 倍,粪壳菌目(Sordariales)在阴坡土壤中的相对丰度(10.00%)是阳坡土壤(3.13%)的 3.19 倍,伏革菌目(Corticiales)在阴坡土壤中的相对丰度为

6.39%,而在阳坡中检出量极少。阴坡土壤中相对丰度较高的真菌还有散囊菌目(Eurotiales)。而糙孢孔目(Trechisporales)在阳坡土壤中的相对丰度(19.32%)是阴坡土壤(0.12%)的 161 倍,煤炱目(Capnodiales)在阳坡土壤中的相对丰度(5.35%)是阴坡土壤(1.20%)的 4.46 倍,阳坡土壤中相对丰度较高的还有肉座菌目(Hypocreales)、柔膜菌目(Helotiales)、被孢霉目(Mortierellales)、古根菌目(Archaeorhizomycetales)。阴坡和阳坡土壤中目水平上的真菌相对丰度差异较大。阴坡土壤中相对丰度最高的真菌为双担菌目(Geminibasidiales),阳坡土壤中相对丰度最高的为糙孢孔目(Trechisporales)。



a:真菌门水平上物种组成;b:真菌目水平上物种组成。SHS 为阴坡土壤样品中微生物,SUS 为阳坡土壤样品中微生物。Ascomycota:子囊菌门;Basidiomycota:担子菌门;Mortierellomycota:被孢霉目;Mucoromycota:黏菌门;Chytridiomycota:壶菌门;Calcarisporiellomycota:没有确定的翻译;Kickxellomycota:梳霉门;Rozellomycota:罗兹菌门;Glomeromycota:肾小球菌门;Zoopagomycota:捕虫霉门。Eurotiales:散囊菌目;Geminibasidiales:双担菌目;Hypocreales:肉座菌目;Trechisporales:糙孢孔目;Sordariales:粪壳菌目;Capnodiales:煤炱目;Corticiales:伏革菌目;Helotiales:柔膜菌目;Mortierellales:被孢霉目;Archaeorhizomycetales:古根菌目;Others:其他;Unclassified:未分类的。

图 3 阴坡和阳坡土壤中门和目分类水平上相对丰度排名前 10 的真菌物种分布

Fig.3 Distribution of soil fungus species with relative abundance ranked Top 10 at phylum and order levels in soils of shady slope and sunny slopes

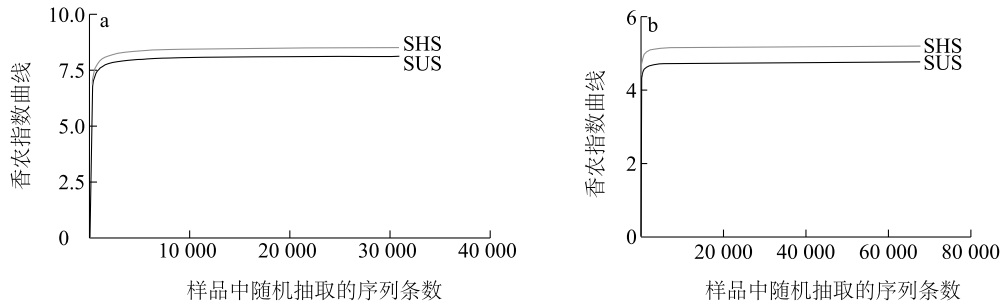
2.2 坡向对茶园土壤微生物多样性及丰度的影响

所有样品的香农指数(Shannon index)曲线趋于平坦,说明测序样品数量足够大,测序结果可以反映供试阴坡和阳坡茶园土壤微生物多样性特点。香农指数越大则物种种类越多,物种越

丰富。由图 4 可知,检出的土壤细菌、真菌物种多样性均为阴坡大于阳坡。基于 OTU 的 Alpha 多样性指数可以反映单个土壤样品内部微生物物种的多样性。从表 1 可以看出,阴坡与阳坡土壤间细菌 OTU 或真菌 OTU 没有显著差异,6 个样

品的覆盖率均超过 99%,说明样品覆盖率较高。按照 97%的相似水平,OTU 可以反映土壤微生物群落的相对丰度,Chao1 和 Ace 指数可以衡量物种丰富度,指数越大,表明群落丰富度越高;Shannon 指数可估算微生物多样性特点,Shannon 指数越大,说明群落多样性和均匀度越高。由表 1 可

知,检出的茶园阴坡与阳坡土壤间细菌、真菌物种相对丰度和均匀度没有显著差异。*PD whole tree* 值越大,表明群落多样性越大。由表 1 可知,检出的茶园土壤细菌、真菌群落多样性没有明显差异。



a 表示细菌香农指数曲线;b 表示真菌香农指数曲线。SHS 为阴坡土壤样品中微生物;SUS 为阳坡土壤样品中微生物。

图 4 阴坡和阳坡土壤真菌和细菌香农指数曲线

Fig.4 Shannon index curve of fungi and bacteria in soils of shady slope and sunny slope

表 1 土壤中细菌和真菌 α 多样性分析结果

Table 1 Alpha diversity index of fungi and bacteria in the soil

微生物类群	类型	α 多样性分析结果 (97%相似水平)					
		OTU	Chao1 指数	Ace 指数	Shannon 指数	<i>PD whole tree</i>	覆盖率 (%)
细菌	阴坡	1 106.00 \pm 9.64a	1 164.81 \pm 26.94a	1 152.65 \pm 13.89a	8.51 \pm 0.06a	57.30 \pm 0.08a	99 \pm 0a
	阳坡	987.67 \pm 77.31a	1 070.59 \pm 56.01a	1 051.48 \pm 63.85a	8.12 \pm 0.18a	53.04 \pm 3.10a	99 \pm 0a
真菌	阴坡	454.33 \pm 16.86a	525.21 \pm 23.33a	505.58 \pm 19.05a	5.20 \pm 0.65a	79.03 \pm 8.17a	99 \pm 0a
	阳坡	397.67 \pm 39.63a	474.29 \pm 34.50a	454.33 \pm 38.11a	4.76 \pm 0.96a	69.46 \pm 1.01a	99 \pm 0a

OUT:分类操作单元;Chao1 指数:用 Chao1 算法估计样本 OTU 数量的指数;Ace 指数:基于相对丰度的覆盖率估计指数;Shannon 指数:香农指数;*PD whole tree*:基于系统发育树来计算的一种多样性指数。表中数据为平均值 \pm 标准差,不同小写字母代表差异显著 ($P<0.05$)。

2.3 环境因子与微生物菌群的关系

如表 2 所示,阴坡和阳坡土壤 pH 值均呈酸性,阴坡土壤 pH 值显著小于阳坡 ($P<0.05$)。阴坡土壤速效氮含量高于阳坡,但差异不显著。阴坡土壤速效钾含量、速效磷含量均显著高于阳坡 ($P<0.05$)。阴坡土壤养分含量整体高于阳坡。图 5 为真菌和细菌属水平上群落结构与土壤理化性质 (pH、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量) 的冗余分析 (RDA),结果表明,土壤速效磷含量是细菌和真菌群落结构最主要的土壤因子,其次是土壤速效钾含量、土壤 pH,土壤速效氮含量对细菌、真菌群落结构影响最小。土壤 pH、土壤速效氮含量对阴坡土

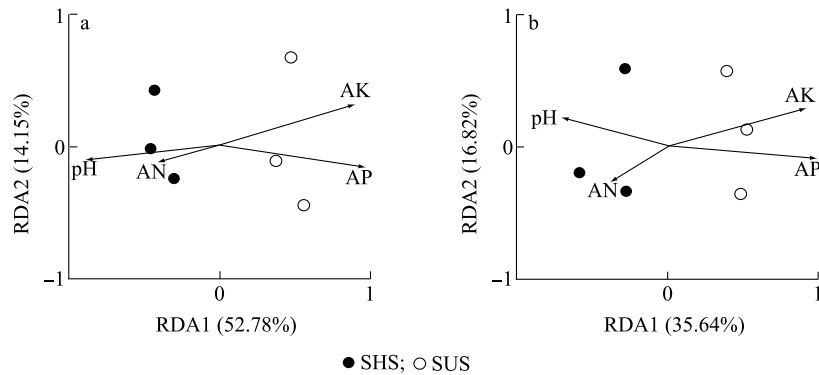
壤微生物物种群落的分布影响呈正相关;土壤速效钾含量、土壤速效磷含量对阳坡土壤微生物物种群落的分布影响呈正相关。细菌受土壤环境因子的影响大于真菌。

表 2 土壤理化性状

Table 2 Soil physical and chemical properties

类型	pH	速效氮含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)
阴坡	5.06 \pm 0.15b	12.63 \pm 1.51a	5.90 \pm 0.50a	3.13 \pm 0.38a
阳坡	5.60 \pm 0.20a	12.30 \pm 1.28a	4.40 \pm 0.61b	1.13 \pm 0.21b

表中数据为平均值 \pm 标准差,同列数据后不同小写字母代表差异显著 ($P<0.05$)。



a:细菌 RDA 关系;b:真菌 RDA 关系。SHS 为阴坡土壤样品中微生物;SUS 为阳坡土壤样品中微生物。图中实线箭头表示各环境因子,RDA 是响应变量矩阵与解释变量矩阵之间多元多重线性回归的拟合值矩阵的 PCA 分析。RDA1 和 RDA2 分别表示排序轴 1、排序轴 2。(1)箭头的长度代表该环境因子对群落变化影响的强度,箭头的长度越长,表示环境因子的影响越大。(2)箭头与坐标轴的夹角代表该环境因子与坐标轴的相关性,夹角越小,代表相关性越高。(3)样本点与箭头距离越近,该环境因子对样本的作用越强。(4)样本位于箭头同方向,表示环境因子与样本物种群落的变化正相关,样本位于箭头的反方向,表示环境因子与样本物种群落的变化负相关。(5)纵坐标和横坐标是冗余分析。坐标轴括号中的百分比代表对应的坐标轴所能解释的原始数据中差异的比例。

图 5 细菌和真菌群落结构与理化因子的冗余分析

Fig.5 Redundancy analysis between bacterial and fungal community structures and soil physical and chemical factors

3 讨论

微生物是土壤生态系统中活跃的组成部分^[17-20],其群落结构受土壤环境影响,外界环境的改变会导致土壤微生物多样性和丰富度的变化^[21]。茶园土壤微生物能够在一定程度上促进土壤有机质分解和矿物质循环、增加茶园土壤肥力、改善土壤微生态等^[22]。阴坡与阳坡所接收的太阳辐射不同,导致不同坡向上的气温产生差异。研究表明,阳坡的地下生物量明显大于阴坡,且阳坡根系分布相对更深,地下生物量影响微生物的种类与数量^[23],不同坡位土壤细菌群落组成也明显不同^[5]。本研究采用高通量测序技术对茶园阴坡和阳坡土壤真菌、细菌群落多样性进行分析,从茶园土壤细菌和真菌共有及特有 OTU 数量可知,土壤中细菌种类多于真菌,且阴坡与阳坡细菌的物种相似度均高于真菌。本研究中阴坡细菌和真菌相对丰度及多样性与阳坡没有显著差异,这与李瑞等^[24]的研究结果不同,可能与供试茶园的海拔较低有关。从阳坡到阴坡,土壤微生物总量整体表现为上升趋势,这可能与阴坡茶园相对湿度高于阳坡,其适宜的温湿水平为土壤中细菌、真菌的生长提供了适宜的环境条件有关。

在门分类水平上,阴坡、阳坡土壤中相对丰度较

高的真菌为子囊菌门、担子菌门,占土壤微生物 85.00%以上,为绝对优势菌。相对丰度排名第 3 的细菌门存在差异,阴坡为疣微菌门,阳坡为放线菌门,其中阴坡疣微菌门相对丰度是阳坡的 5.77 倍,而阳坡拟杆菌门相对丰度显著高于阴坡。在目的分类水平上,细菌、真菌物种相对丰度存在明显差异,这说明在细菌、真菌的组成上,阴坡和阳坡土壤微生物群落结构存在较大差异。阴坡和阳坡土壤真菌的相对丰度差异比细菌显著,这与严淑娴等^[25]的研究结果较为相似。

相比不同坡向土壤微生物多样性而言,茶园阴坡与阳坡土壤中存在差异的微生物有哪些及差异的程度可能更为重要。阴坡土壤中富集的真菌主要为散囊菌目、双担菌目、粪壳菌目、肉座菌目、伏革菌目等,细菌主要为西索恩氏菌目、拟杆菌目、酸杆菌目、根瘤菌目、索利氏菌目等;阳坡土壤富集的真菌主要为糙孢孔目、散囊菌目、肉座菌目等,细菌主要为拟杆菌目、酸杆菌目、根瘤菌目、索利氏菌等,其中真菌以糙孢孔目相对丰度最高,细菌以拟杆菌目相对丰度最高。阴坡、阳坡土壤富集的真菌物种较为相似,但相对丰度不同,富集的细菌物种及相对丰度差异均较大。在自然界中,微生物与土壤、生态环境和植物之间存在着复杂的相互关系,不仅直接影响着土壤肥力与养分循

环,还影响着植物的生长和健康^[26-27]。因此,深入研究土壤微生物群落结构对改善植物的生长环境及病害防控均有重要意义。

土壤理化因子对根际微生物群落组成也有重要作用。本研究中阴坡土壤养分含量高于阳坡,阴坡向阳坡变化中土壤温度与光照度均呈上升趋势,速效磷含量阴坡显著高于阳坡,这与张倩等^[14]和 Gong 等^[28]的研究结果一致。从微生物群落组成与土壤环境因子 RDA 结果上看,细菌受土壤环境因子的影响大于真菌。土壤速效磷是影响真菌和细菌群落结构最主要的环境因子,其次是速效钾含量和 pH,而综合多项研究结果^[24,29-30]发现,土壤 pH、有机碳含量、水解性氮含量、有效磷含量等都可能都是土壤微生物群落结构的主要影响因素,因此影响土壤细菌和真菌群落结构最主要的环境因子并不确定。速效氮含量对细菌、真菌群落结构的影响最小,这与一些已发表的研究结果^[8,31]不一致,可能跟本研究中阴坡和阳坡氮含量本身没有显著差异有关。土壤因子 pH、速效氮含量与阴坡物种群落变化呈正相关,速效钾含量、速效磷含量与阳坡物种群落变化呈正相关。除土壤理化性质外,植物根系分泌物^[32-33]、重金属含量^[34-35]、有机污染物^[36]、土壤有机质含量^[7,37]等也是影响土壤微生物多样性及相对丰度的重要因素。因此,在茶园管理上还应结合实际情况,开展茶园施肥、修剪、耕作、病虫草防控等,通过合理的管理方式,改善土壤营养状况,调节微生物群落组成和分布,从而改善茶树生长发育状况。

4 结 论

坡向对茶园土壤的理化性质及细菌、真菌群落组成影响较大,阴坡和阳坡富集的细菌物种不同,而富集的真菌物种较为相似。细菌群落结构及多样性受土壤理化因子的影响大于真菌,土壤速效磷含量是影响细菌、真菌群落结构最主要的环境因子。

参考文献:

- [1] 韦持章,农玉琴,陈远权,等. 茶树/大豆间作对根际土壤微生物群落及酶活性的影响[J]. 西北农业学报,2018,27(4):537-544.
- [2] 崔佩佩,武爱莲,王劲松,等. 不同施肥处理对高粱根际土壤微生物功能多样性的影响[J]. 华北农学报,2018,33(5):195-202.
- [3] DEGENS B P, SCHIPPER L A, SPARLING G P, et al. Decreases in organic C reserves in soils can reduce the catabolic diversity of soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2000,32(2):189-196.
- [4] 杨广容,马 燕,蒋 宾,等. 基于 16 S rDNA 测序对茶园土壤细菌群落多样性的研究[J]. 生态学报,2019,39(22):8452-8461.
- [5] 王 峰,陈玉真,吴志丹,等. 有机管理模式对茶园土壤真菌群落结构及功能的影响[J]. 茶叶科学,2022,42(5):672-688.
- [6] 张 健,徐 明,陈 驰,等. 黔中山地不同种植方式茶园土壤真菌群落特征[J]. 茶叶学报,2022,63(1):1-10.
- [7] 赵晓楠,李玉红,芦阿度,等. 有机肥不同施肥量对茶园土壤微生物区系的影响[J]. 江苏农业科学,2018,46(24):311-314.
- [8] 王 峰,陈玉真,吴志丹,等. 种植模式和坡位对茶园土壤细菌群落结构及功能类群的影响[J]. 生态学报,2022,42(20):8435-8452.
- [9] 郑雪芳,苏远科,刘 波,等. 不同海拔茶树根系土壤微生物群落多样性分析[J]. 中国生态农业学报,2010,18(4):866-871.
- [10] ARAFAT Y, TAYYAB M, KHAN M U, et al. Long-term monoculture negatively regulates fungal community composition and abundance of tea orchards[J]. Agronomy,2019,9(8):1-15.
- [11] 徐 广,王梦姣,邓百万,等. 不同植茶年限茶树根际土壤细菌多样性及群落结构研究[J]. 生物技术通报,2020,36(3):124-132.
- [12] 赵兴丽,卯婷婷,张金峰,等. 不同品种茶树根际土壤真菌群落多样性及结构特征[J]. 茶叶通讯,2019,46(3):284-290.
- [13] 曹宏杰,倪红伟. 土壤微生物多样性及其影响因素研究进展[J]. 国土与自然资源研究,2015(3):85-88.
- [14] 张 倩,姚宝辉,王 缠,等. 不同坡向高寒草甸土壤理化特性和微生物数量特征[J]. 生态学报,2019,39(9):3167-3174.
- [15] 龙 健,赵 畅,张明江,等. 不同坡向凋落物分解对土壤微生物群落的影响[J]. 生态学报,2019,39(8):2696-2704.
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业科技出版社,2000.
- [17] 程金金,孙 星,田莉莉,等. 不同邻苯二甲酸二丁酯污染方式对其降解和土壤细菌群落的影响[J]. 江苏农业学报,2022,38(5):1248-1256.
- [18] 游 琪,杨启良. 不同排水体对三七生长、土壤养分及根区土壤微生物的影响[J]. 排灌机械工程学报,2022,40(9):959-965,972.
- [19] 赵 鹏,黄占斌,任忠秀,等. 中国主要退化土壤的改良剂研究与应用进展[J]. 排灌机械工程学报,2022,40(6):618-625.
- [20] 刘 智,张 虹,罗会婷,等. 不同种植模式下凤丹根际微生物群落结构和多样性分析[J]. 江苏农业学报,2022,38(2):502-511.
- [21] ACOSTA M V, BUROW G, ZOHECK T M, et al. Soil microbial communities and function in alternative systems to continuous cotton[J]. Soil Science Society of America Journal,2010,74(4):1181-1192.

- [22] 周才碧,陈文品. 茶园土壤微生物的研究进展[J]. 中国茶叶, 2014,36(3):14-15.
- [23] 陈文年. 高山草甸生物量及多样性的阴阳坡差异[J]. 西北师范大学学报(自然科学版),2022,58(5):83-90.
- [24] 李 瑞,刘旻霞,张 灿,等. 甘南亚高寒草甸不同坡向土壤微生物群落分布特征[J]. 生态环境学报,2017,26(11):1884-1891.
- [25] 严淑娟,刘 茗,刘彩霞,等. 毛竹纯林土壤微生物多样性高于杉木纯林[J]. 土壤学报,2022,59(6):1704-1717.
- [26] 孙跃志. 农作物根际微生物群落组成研究概述[J]. 农业灾害研究,2019,9(4):120-121.
- [27] ABALLAY E, PRODAN S, MÅRTENSSON A, et al. Assessment of rhizobacteria from grapevine for their suppressive effect on the parasitic nematode *Xiphinema index*[J]. Crop Protection,2012,42:36-41.
- [28] GONG X, BRUECK H, GIESE K M, et al. Slope aspect has effects on productivity and species composition of hilly grassland in the Xilin River Basin, Inner Mongolia, China[J]. Journal of Arid Environments,2008,72(4):483-493.
- [29] 朱 怡,吴永波,安玉亭. 基于高通量测序的禁牧对土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学报,2022,42(17):7137-7146.
- [30] 李艳春,汪 航,李兆伟,等. 几种改良措施对酸化茶园土壤理化性质和微生物群落结构的影响[J]. 茶叶科学,2022,42(5):661-671.
- [31] 季凌飞,倪 康,马立锋,等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. 生态学报,2018,38(22):8158-8166.
- [32] 皮 静,周星月,滕 凯,等. 根系分泌物介导的植物-微生物相互作用[J]. 植物医学,2022,1(3):11-17.
- [33] 周文杰,吕德国,秦嗣军. 植物与根际微生物相互作用关系研究进展[J]. 吉林农业大学学报,2016,38(3):253-260.
- [34] 张瀚丹,刘新会,王宇静,等. 土壤剖面重金属污染对微生物群落结构的影响[J]. 环境科学与技术,2022,45(4):184-191.
- [35] 万泽一. 雨水生物滤池设置条件对重金属形态及微生物多样性影响研究[D]. 南京:南京信息工程大学,2021.
- [36] GANS J, WOLINSKY M, DUNBAR J. Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil[J]. Science,2005,309(5739):1387-1390.
- [37] 王明亮,刘惠芬,王丽丽,等. 不同覆盖作物模式对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 农业资源与环境学报,2020,37(3):332-339.

(责任编辑:陈海霞)