

## 樟树不同组织部位内生真菌群落结构及生态位变异

王颜波, 金志农

(南昌工程学院, 南昌 330099)

**摘要:** 本实验研究了樟树根际土壤真菌和不同组织器官的内生真菌的群落结构及生态位变异, 为园林绿化用樟树的新品种创制、栽培养护和樟树相关微生物的开发利用提供参考依据。选取芳樟醇型成龄樟树无性系的根际土壤、根、一年生枝条、成熟叶片和果实。通过 ITS 扩增子 IlluminaMiSeq 测序确定根际土壤真菌和不同组织器官内生真菌群落的多样性。依据 97% 的序列相似性, 将所有真菌序列归类为 1366 个真菌 OTU。与数据库经过对比, 内生真菌群落结构主要由座囊菌纲, 散囊菌纲, 粪壳菌纲, 囊担菌纲, 被孢霉纲, 伞菌纲, 银耳纲为主。 $\alpha$  多样性和  $\beta$  多样性分析表明, 真菌 OTU 的丰富度、均匀度和多样性均表现出依赖于植物器官的现象, 尤根际土壤、茎和果实中真菌 OTU 的均匀度和多样性显著高于根和叶片。证实了樟树根际土壤及不同组织器官的真菌群落生态位分化, 每个植物器官代表了一个真菌群落的独特生态位。同时, 确定了樟树根际土壤真菌和不同组织器官的核心微生物, 共 37 个核心真菌 OTU, 归属于 30 个属, 9 个纲, 3 个门。研究结果还表明, 在属水平上樟树根际土壤中具有抗菌活性的光黑壳属真菌丰度显著高于樟树内生真菌丰度。樟树叶片中乌氏霉属、果中拟座囊孢属和拟维朗那霉属真菌丰度显著高于其他样本, 可能具有煤污病的发病隐患。樟树根中对植物生长有促进作用的散囊菌纲和粪壳菌纲丰度较高。研究结果对园林绿化用樟树的新品种创制、栽培养护和樟树相关微生物的开发利用具有重要的现实意义。