

油茶幼林不同间作模式下土壤真菌群落及生态功能的变化研究*

蔡文燕¹ 刘婷, 宁晨

(1. 中南林业科技大学 湖南 长沙 410004)

(2. 南方林业生态应用技术国家工程实验室 湖南 长沙 410004)

摘要: 油茶 (*Camellia Oleifera*) 作为一种多功能经济作物, 在我国热带和亚热带地区广泛种植。然而, 单一种植模式下的油茶林容易导致土壤退化和病害加剧。农林间作模式通过将油茶与其他作物或林木混合种植, 有望改善土壤健康, 提高生态系统稳定性。土壤真菌在维持土壤生态平衡和植物健康方面起到重要作用, 研究农林间作模式对油茶土壤真菌功能群落的影响具有重要的生态学意义。本研究以湖南省四种典型的幼龄油茶间作系统 (油茶-黑麦草、油茶-白三叶、油茶-决明子、油茶-花生) 为研究对象, 通过测定根际与非根际土壤理化性质、酶活性, 结合高通量测序技术分析土壤真菌 (ITS 区间) 和丛枝菌根真菌 (ITS2 区间) 群落结构特征, 探究不同油茶间作模式下土壤真菌群落结构差异和关键生态功能变化。研究结果表明: (1) 油茶间作农作物后, 四种间作模式中土壤有机碳(SOC)、可溶性有机碳(DOC)、全氮(TN)、全钾(TK)和微生物生物量碳(MBC)含量均增加, 其中油茶-白三叶在根际土中的 SOC、TN 和 TK 含量最高, 在非根际土壤中的 DOC 和 MBC 含量最高。此外, 所有间作模式下土壤 β -葡萄糖苷酶 (BG)、N-乙酰- β -葡萄糖氨基水解酶 (NAG)、酸性磷酸酶 (ACP) 活性显著提高, 最高增幅达 766%、165%、655%。土壤酶活性阈值模型中 $MPL (-0.55 \sim 1.65) > MNL (-0.99 \sim 0.37) > MCL (-7.57 \sim 1.49)$ 的次序表明间作后真菌和丛枝菌根真菌群落的生产和代谢更易受到磷和氮的可利用性限制。(2) 油茶-决明子间作模式下根际和非根际土壤真菌、丛植真菌多样性指数显著高于其他 4 种间作模式, 并且在根际土中更明显。间作后, 土壤真菌和丛枝真菌群落 α -多样性增加, 且群落组成发生了显著变化, 主要体现在 *Coniosporium* 属、*Glomus* 属丰度增加、*Pseudallescheria* 属丰度减少, 其中 *Coniosporium* 属的丰度在油茶与黑麦草、决明子和白三叶间作模式中显著增加, 但 *Pseudallescheria* 属丰度减少。(3) 网络共线性分析表明, 间作后真菌群落表现出更高的复杂性, 其中油茶-花生的节点连通性 (度) 最高, 说明该间作模式为真菌提供了多样化的生态位, 促使真菌群落的进一步发展和复杂化。(4) Mantel 分析结果表明间作后 TN、 NH_4^+ 、MBN 和 DON 含量是驱动土壤真菌和丛植菌群落变化的主要因素。综上, 油茶间作豆科植物相较于非豆科植物展现出了更为显著的优势, 其中油茶-白三叶间作模式能够有效改善油茶林土壤养分和酶活性, 提高土壤真菌多样性, 增加土壤真菌功能群网络复杂度, 从而提高油茶幼林生态功能多样性与土壤质量。本研究对油茶农林间作系统的生物多样性及稳定性研究及可持续性经营发展提供了重要的理论指导基础。

关键词: 油茶间作; 土壤酶计量; 土壤真菌群落; 丛枝菌根真菌