

间作白及对油茶根际土壤微生物群落结构的影响

张志丽, 曹小青, 张爱婷, 徐小牛*

(安徽农业大学林学院 合肥 230036)

摘要:【目的】为探究油茶-白及间作对根际土壤微生物群落结构的影响。【方法】以油茶单作(CK)和油茶白及间作(CB)根际土壤微生物为研究对象, 利用高通量测序方法分析土壤微生物结构及其与环境因子的关系。【结果】单作油茶土壤 EC、SWC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、TN、MBC、SOC、K、Mg 均高于间作油茶, 且 EC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、MBC 差异显著 ($P<0.05$); 间作油茶土壤 pH 高于单作油茶, 但差异不显著; 间作油茶 TP、MBN、Ca 含量显著高于单作油茶 ($P<0.05$)。间作油茶土壤细菌、真菌序列数、菌群丰富度和多样性高于单作油茶。Proteobacteria、Acidobacteriota、Planctomycetota、Actinobacteriota、Verrucomicrobiota、Chloroflexi 是细菌的优势菌门, 平均占比 82.14%; RB41、Gemmatellaceae_unclassified、Vicinamibacterales_unclassified、Elsterales_unclassified 和 Subgroup_2_unclassified 是细菌的优势属; Ascomycota、Basidiomycota、Fungi_unclassified 和 Glomeromycota 是真菌的优势门, 平均占比 95.72%; Fungi_unclassified、Ascomycota_unclassified 是真菌的共同优势属。细菌群落中, 间作对油茶土壤的 Firmicutes 相对丰度差异显著 ($P<0.05$), 对 Myxococcota 的相对丰度差异极显著 ($P<0.01$); 对优势属 WD2101_soil_group_unclassified、Pedosphaera ceae_unclassified 的相对丰度差异显著。真菌优势菌门无显著差异, 间作对优势属 Clavaria、Nectria 的相对丰度有显著差异, 对 Sebacina 和 Fusarium 的相对丰度有极显著差异。Person 相关分析表明, Proteobacteria 与 EC 显著正相关, Acidobacteriota 与 TN 显著正相关, Verrucomicrobiota、Myxococcota、Gemmatimonadota、Bacteroidota 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 显著负相关, Firmicutes 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 显著正相关。真菌优势门中 Fungi_unclassified 与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 显著负相关, Zygomycota 与 TN 显著正相关。冗余分析显示, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 是显著影响油茶根际土壤微生物群落结构的环境因子。【结论】油茶与白及间作对土壤理化性质、微生物群落结构组成有显著影响, 改善土壤氮素状况可作为油茶白及间作系统可持续管理的有效措施。

关键词: 油茶; 白及; 根际土壤; 土壤微生物; 微生物群落结构