

落叶松枯梢病对微生物群落结构和功能的影响及微生物生态修复

张美玉¹, 赵银娟^{1*}

(1. 南京林业大学林草学院、水土保持学院, 江苏 南京 210037)

摘要: [目的]落叶松枯梢病病原菌新壳梭孢菌 (*Neofusicoccum laricinum*) 致使落叶松树势衰败, 形成枯死树, 对北方地区广泛种植的落叶松林生态区造成了严重威胁。目前, 国内外对该病害多采用化学方法进行林间防治及利用梢栖真菌抑制病原菌的生物防治; 但化学防治容易造成环境污染, 且病害对环境及微生物群落结构可能产生的生态影响尚不明晰。为此, 本研究从系统性认知病原物-寄主-环境三者之间的关系出发, 探究病害如何影响落叶松林根际土壤和枝梢内生性微生物群落结构及功能变化, 为落叶松枯梢病的生物防治提供新的思路。[方法]本研究从具有代表性的长白山地区落叶松集中种植区选取样地, 定株调查及采样。结合分子检测、宏基因组学、扩增子测序和对 pH、全 N、脲酶、酸性磷酸酶等 13 个土壤理化指标进行测定的方法, 将病害组枝梢及健康组枝梢 16s 和 ITS 扩增子测序。使用 CoNet 构建微生物群落共生网络, 识别共生网络中的枢纽微生物; 利用结构方程模型 PLS-PM、相关性分析 RDA 探究病害入侵变化下土壤性质、微生物交互作用、多样性之间的直接以及间接关系。[结果]研究表明, 1. 健康组 (Lh 组) 土壤的 α 多样性 (Shannon 指数) 显著高于病害组 (Lu 组) 土壤。经 LefSe 检验 (LDA 阈值 > 2) 筛选得到 Lh 组以类伯克霍尔德氏菌 (*Paraburkholderia*)、假单胞菌 (*Pseudomonas*) 为代表的 17 个生物标志物和 Lu 组以巴士底病毒 (*Bastillevirus*)、束毛球菌 (*Thermopagus*) 为代表的 4 个生物标志物。在丰度排名前 20 的科水平分类中, 根瘤菌科、慢生根瘤菌科和假单胞菌在 Lh 组中的含量显著高于 Lu 组。不仅如此, 土壤养分含量和酶活性也在两组间存在显著性差异, Lh 组有效氮 (N-NH_4^+ 、 N-NO_3^-)、有机质 OM、速效钾 AK、有效磷 AP 均显著高于 Lu 组, Lh 组脲酶、酸性磷酸酶和过氧化氢酶的活性也显著性高于 Lu 组。PLS-PM 的结构方程模型分析可以推测, N 和 P 在影响微生物群落结构的过程中作为关键驱动因子参与, 并通过改变参与 N 和 P 循环的微生物相对丰度来响应病害对森林带来的影响。2. 基于 Bray-Curtis 相似性系数对落叶松枝梢 ITS 进行非度量多维尺度分析方法 NMDS 分析表示两组间存在显著性差异, Lu 组中病原菌新壳梭孢属丰度显著; 而 16s 测序结果显示 Lh 中显著存在的微生物分属于变形菌门和厚壁菌门, 其中伯克霍尔德氏菌起重要积极作用, 而 Lu 组中均属于变形菌门。[结论]枯梢病显著改变落叶松林根际土壤微生物以及枝梢内生性微生物之间的潜在交互作用, N 和 P 循环中参与的微生物在驱动微生物群落分布中发挥功能, 且进一步影响林木的微生态环境而影响林木健康。本研究为落叶松枯梢病的科学防治及生态修复打下了理论基础。

关键词: 落叶松; 枯梢病; 微生物群落; 宏基因组; 生物标志物