

## 不同产地米槁根际菌群多样性及其影响因素

吴婷婷<sup>1</sup>, 黄路婷<sup>1</sup>, 谢元贵<sup>1,2\*</sup>, 刘济明<sup>1</sup>, 田秀<sup>1</sup>, 廖小锋<sup>2</sup>

(1. 贵州大学 林学院, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵州科学院, 贵州 贵阳 550001)

**摘要:**以贵州省黔西南、黔南州 3 个产地(BP、LD、XL)的米槁根际土壤为研究对象,采用纯培养手段对米槁根际真菌进行纯化培养,探讨米槁根际土壤可培养真菌多样性和分离潜力,为后期促生真菌的筛选和功能验证提供基础依据。结果表明,从不同产地米槁根际土壤中共分离到真菌 367 株,鉴定为 3 门 5 纲 17 目 38 科 57 属。木霉属 *Trichoderma* 是 3 产地共有的优势属,占总菌株的 20.98%。BP、LD 和 XL 的共有属有 9 种且木霉属是 BP(22.6%)和 LD(27.3%)的绝对优势属, XL 的绝对优势属为青霉菌属(16.7%)。在属水平上, BP 的菌群多样性和丰富度最高, LD 的菌群多样性最低,但其均匀度最高。不同产地米槁根际菌群的组成不同,其中除 BP 与 XL 之间中等不相似,其余产地间极不相似。菌群多样性与土壤化学性质及酶活性存在显著相关性,全氮、速效氮、有效钾和蔗糖酶活性是影响米槁根际菌群多样性的关键因子。

**关键词:**米槁;根际;可培养真菌;菌群多样性;土壤因子

**中图分类号:**S763.15

**文献标志码:**A

**文章编号:**1001-7461(2023)02-0185-08

### Community Diversity and Influencing Factors of the *Cinnamomum migao* Rhizosphere Fungi from Different Places of Origin

WU Ting-ting<sup>1</sup>, HUANG Lu-ting<sup>1</sup>, XIE Yuan-gui<sup>1,2\*</sup>, LIU Ji-ming<sup>1</sup>, TIAN Xiu<sup>1</sup>, LIAO Xiao-feng<sup>2</sup>

(1. College Forestry of Guizhou University, Guiyang 550025, Guizhou, China;

2. Guizhou Academy of Sciences, Guiyang 550001, Guizhou, China)

**Abstract:** The rhizosphere soils of *Cinnamomum migao* from three original places (Bapeng Villiage, BV; Naqing Villiage of Luodian County, LD; Xiangle Villiage, XL) of in Qianxinan and Qiannan prefectures of Guizhou Province were taken as the research objects. The soils were purified, and cultured to investigate the diversity and separation potential of rhizosphere soil culturable fungi to provide the basic information for screening growth-promoting fungi and functional verification. The results showed that a total of 367 strains of fungi were isolated from the soils, belonging to 3 phyla, 5 classes, 17 orders, 38 families, and 57 genera. *Trichoderma* was the dominant genus shared by the three places of origin, accounting for 20.98% of the total bacterial strains. There were 9 common genera of BP, LD, and XL, and *Trichoderma* was the absolutely dominant genus of BP (22.6%) and LD (27.3%), and the absolute dominant genus of XL was *Penicillium* (16.7%). At the genus level, BP had the highest microbiota diversity and richness, while LD had the lowest microbiota diversity but the highest uniformity. The composition of the *C. migao* rhizosphere flora varied from different origins, the composition dissimilarity between BP and XL was in medium level, while between other origin pair, the dissimilarity was extremely high. There was a significant correlation between microbiota diversity and soil chemistry and enzyme activities. Total nitrogen, available nitro-

收稿日期:2022-03-11 修回日期:2022-04-21

基金项目:贵州省科技计划项目(黔科合支撑[2019]2774号);贵州省土地绿色整治工程研究中心(黔发改投资[2019]号);贵州科学院资助项目(黔科院科专合字[2019]06号、黔科院人才[2019]07号);贵阳国家高新区科技计划项目(GXYF-2018-003)。

第一作者:吴婷婷。研究方向:植物生态学。E-mail:1915472823@qq.com

\* 通信作者:谢元贵,研究员。研究方向:土地资源与生态修复。E-mail:yuangui\_xie@163.com

gen, available potassium, and S-SC activities were the key factors influencing the *Cinnamomum migao* microbiota diversity.

**Key words:** *Cinnamomum migao*; rhizosphere; culturable fungus; microbiota diversity; edaphic factor

根际是植物-微生物-土壤相互作用的场所, 生活着大量各种类型的微生物<sup>[1]</sup>。其中, 微生物在植物整个生命周期中的生长和繁殖中起着至关重要的作用<sup>[2-4]</sup>。而微生物群落多样性的变化也可以直观反映土壤质量和环境状况的变化<sup>[5]</sup>。因此, 了解米槁根际土壤微生物群落的多样性, 不仅有利于提高土壤肥力与森林健康状况, 还有利于植物的高效生产<sup>[5]</sup>。米槁 (*Cinnamomum migao*) 为樟科 (Lauraceae) 樟属常绿乔木, 主要分布于我国滇、黔、桂三省等西南地区<sup>[6-7]</sup>。其干燥果实是我国西南少数民族地区的著名民族药材, 具有理气止痛, 温中的功效<sup>[8-11]</sup>。此外, 因其果实中油脂含量高而作为香料等, 可给当地带去经济效益<sup>[12-13]</sup>。与此同时, 已有研究基于高通量测序结果证实根际真菌中伞菌属 (*Agaricus*)、镰孢菌属 (*Fusarium*)、瓶霉属 (*Phialophora*) 对米槁果实化学成分积累存在潜在的促进作用<sup>[11, 14-15]</sup>, 但是尚缺乏直接分离相关类群接种验证, 而微生物纯培养是获得目标菌株的关键手段。因此, 本研究采用纯培养手段对米槁根际真菌进行纯化培养, 探讨米槁根际可培养真菌多样性和分离潜力, 为后期促生真菌的进一步筛选和功能验证提供基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 土壤样品的采集

米槁根际土壤样品于米槁主要分布区贵州省黔东南州望谟县典型天然种群和黔东南州罗甸县人工种群采集 (表 1)。在每个采样地随机选取 5 株长势一致且健康的米槁挂果植株并用抖根法<sup>[16]</sup>采集根际土壤, 混合均匀后装入无菌样品收集袋, 低温储存并带回实验室。将土样分成 3 份: 一份土样立即用于真菌分离培养; 另一份在过 0.25 mm 筛后储存于 4℃ 冰箱, 用于测定土壤酶活性; 最后一份自然风干过 2 mm 和 0.25 mm 筛用于测定土壤化学性质。

表 1 米槁根际土壤采集地点

Table 1 The sampling sites for the *Cinnamomum migao* rhizosphere soil

产地	经纬度	海拔/m
贵州·望谟县坝碰村 (BP)	25°7'N, 106°3'E	670
贵州·罗甸县纳庆村 (LD)	26°15'N, 106°31'E	790
贵州·望谟县祥乐村 (XL)	25°10'N, 106°5'E	570

### 1.2 真菌菌株的分离纯化

采用马丁氏-孟加拉红琼脂培养基 (蛋白胨 5.0

g/L, 磷酸二氢钾 1.0 g/L, 硫酸镁 0.5 g/L, 葡萄糖 10.0 g/L, 氯霉素 0.1 g/L, 孟加拉红 0.033 3 g/L, 琼脂 20 g/L, 水 1 000 mL, pH 7.0~7.4) 进行根际土壤真菌的分离, 并在每 100 mL 培养基中加入 1% 链霉素 0.3 mL 和 1% 青霉素 0.3 mL 来抑制细菌的生长。采用马铃薯葡萄糖琼脂培养基 (PDA) (马铃薯淀粉 5.0 g/L, 葡萄糖 20.0 g/L, 琼脂 15.0 g/L, 氯霉素 0.1 g/L, pH 5.8~6.2) 进行菌种的纯化。灭菌条件为 121℃, 30 min。分离与纯化具体操作参考李鹏<sup>[17]</sup>。菌种采用 30% 甘油冻存液进行保存。

### 1.3 分离菌株 DNA 的提取、扩增及测序

1.3.1 DNA 的提取 根据真菌基因组 DNA 提取试剂盒 (北京百泰克生物技术有限公司) 的方案进行 DNA 提取。

1.3.2 PCR 扩增及测序 所用引物为真菌通用引物和 PCR 反应体系组成参考黄路婷<sup>[6]</sup>。在 PCR 反应体系的基础上, 使用美国伯乐公司 (Bio-Rad) 梯度 PCR 仪 (T100 型) 设定 8 个退火温度梯度 (分别为 48、49、50、51、52、53、54、55、56℃), 对所用引物逐一进行温度梯度 PCR, 以确定每个引物的最佳退火温度。PCR 反应条件如下: 在 94℃ 预变性 2 min, 变性 30 s, 分别在 8 个设定温度下退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 进行 30 个循环, 循环结束后于 72℃ 延伸 2 min, 4℃ 保存。通过 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测扩增好的 PCR 产物, 合格后送至北京天根生化科技有限公司进行测序。

### 1.4 菌株的鉴定

形态鉴定: 参照《真菌学辞典》第 10 版<sup>[18]</sup>对纯化后的真菌初步进行形态学鉴定。

分子鉴定: 将所得 ITS 序列导入 NCBI (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov>) 进行 BLAST 比对搜索, 从结果中挑选相似度最高的参考序列并结合形态学观察结果, 进行待测菌株的种属鉴定。

### 1.5 根际土壤化学性质及酶活性的测定

测定 TN、TP、TK、有机质以及 5 种土壤酶的风干土样过 0.149 mm 筛。TN 测定须称取 1.0 g 土样并采用半微量开氏法; TP 须称 0.250 g 土并采用碱熔-钼锑抗比色法; TK 须称 0.250 g 土并采用碱熔-火焰光度法; 有机质须称 0.2 g 土并采用重铬酸钾氧化容量法; 过氧化氢酶 (S-CAT) 须称 0.02 g 土; 纤维素酶 (S-CL) 须称 0.25 g 土; 酸性磷酸酶 (S-ACP) 须称 0.1 g 土; 脲酶 (S-UE) 须称 0.05 g 土; 蔗

糖酶(S-SC)须称 0.03 g 土。土壤酶的测定方法与计算采用北京索莱宝生物科学技术有限公司(solar-bio.com)的试剂盒。测定 pH、速效氮、有效磷和有效钾的风干土样过 2 mm 筛。称 10.0 g 土并加入 25 mL 新制备的纯水(去除 CO<sub>2</sub>),用 pH 计测定经振荡、静置后的上清液得 pH;称 2.00 g 土,采用碱解扩散法测定速效氮;称 5.00 g 土,采用乙酸铵浸提-火焰光度法测定有效钾;称 5.00 g 土,采用乙酸铵浸提-火焰光度法测定有效钾<sup>[19]</sup>。

1.6 数据处理

1.6.1 相对丰度 分离到的某一科(属)真菌菌株数占分离到的总菌株科(属)数的百分率,用来判定不同产地根际土壤中可培养真菌的优势类群<sup>[20]</sup>。

相对丰度(%) =  $\frac{\text{某一真菌分离株总数}}{\text{所有真菌分离株总数}} \times 100\%$

1.6.2 多样性指数

(1)Shannon-Wiener 指数(H')

$$H' = - \sum_{i=1}^S (P_i) (\ln P_i)$$
 (1)

(2)Pielou 指数(J)

$$J = H' / \ln S$$
 (2)

(3)Margalef 丰富度指数(R)

$$R = (S - 1) / \ln N$$
 (3)

式中:P<sub>i</sub> 表示为某一属占总菌株属的比值;S 表示为属 i 所在样本中属的数目;N 是所有样本的菌株属之和<sup>[21-22]</sup>。

1.6.3 Jaccard(C<sub>j</sub>)相似性系数 通过比较样本之间菌群组成的相似程度来判定真菌分布差异程度<sup>[23]</sup>。

$$C_j = \frac{j}{(a + b - j)}$$
 (4)

式中:a 和 b 分别为样品 A 和样品 B 的属数;j 为

2 个样品间共有的真菌属数。

1.6.4 根际土壤化学性质及酶活性 在 Excel 2020 对数据进行初步处理,将所得菌株采用 MEGA6.0 软件,以邻接(N-J)法建立以真菌的纲为水平的系统发育树。在 SPSS 20.0 中采用单因素方差分析和 LSD 方差显著性检验(P<0.05)对土壤化学性质及酶活性的数据分析并通过 Origin 2018 进行统计分析和作图。

2 结果与分析

2.1 米槁根际土壤化学性质及酶活性特征

从表 2 可知,3 产地米槁根际土壤的 TN、速效氮、有效钾和蔗糖酶(S-SC)活性均有显著性差异,其中 XL 的 TN、速效氮、有效钾和蔗糖酶活性均显著高于 BP 和 LD。BP 的 TK 和纤维素酶(S-CL)活性最高;LD 的 pH 和有机质最高;XL 的 TP、有效磷、过氧化氢酶(S-CAT)、酸性磷酸酶(S-ACP)和脲酶(S-UE)活性最高。因此,3 个产地部分土壤因子之间存在显著差异。

2.2 米槁根际菌群组成

从 3 个产地米槁根际土壤中共分离到真菌 367 株,鉴定为 3 门 5 纲 17 目 38 科 57 属。在纲水平上,BP 的优势纲为粪壳菌纲(65.85%)、散囊菌纲 Eurotiomycetes(17.07%)(图 1a);LD 的优势纲分别为粪壳菌纲(70.13%)、散囊菌纲(10.39%),其中图 1b 中有一属名鉴别为 *Heterocephalums* 属的菌株隶属于子囊菌亚门,不属于子囊菌门下任何纲;从图 1c 看出,XL 的优势纲为粪壳菌纲(57.14%)和散囊菌纲(28.57%)。在科水平上,种名鉴别为 *Uncultured Bionectria* 的菌株能鉴定到生赤壳科 Bionectriaceae,在属上还未有所分类。从图 2a 看,

表 2 米槁根际土壤化学性质及酶活性特征

Table 2 Characteristics of chemical properties and enzyme activity of the *C. migao* rhizosphere soil

产地	BP	LD	XL
pH	5.39±0.11 a	6.66±0.13 a	5.95±0.35 a
TP(g·kg <sup>-1</sup> )	9.35±0.86 a	8.20±0.92 a	14.08±2.25 a
有效磷(mg·kg <sup>-1</sup> )	227.37±20.97 a	295.82±20.35 a	296.07±45.44 a
TN(g·kg <sup>-1</sup> )	0.36±0.03 b	0.4±0.03 b	1.02±0.08 a
速效氮(mg·kg <sup>-1</sup> )	130.55±6.56 b	103.81±7.34 b	251.88±19.78 a
TK(g·kg <sup>-1</sup> )	13.33±1.84 a	12.25±1.77 a	11.69±1.49 a
有效钾(mg·kg <sup>-1</sup> )	60.28±1.38 a	16.23±0.81 b	65.28±0.81 a
有机质(g·kg <sup>-1</sup> )	41.36±2.95 a	70.66±7.48 a	46.58±4.61 a
过氧化氢酶活性[ml/(g·20 min)]	12.78±1.74 a	16.16±3.38 a	19.08±4.85 a
纤维性酶活性[μmol/(d·g)]	12.38±1.11 a	11.70±0.90 a	11.90±0.44 a
酸性磷酸酶活性[μmol/(d·g)]	58.03±4.27 a	41.16±5.30 a	66.36±5.85 a
脲酶活性[NH <sub>3</sub> <sup>+</sup> -Nμg/(g·d)]	12.54±0.72 a	8.67±0.87 a	14.56±4.46 a
蔗糖酶活性[mg/(g·d)]	2.60±0.17 b	5.59±0.28 b	56.04±4.42 a

注:同一列不同小写字母表示不同产地米槁根际土壤化学性质及酶活性之间差异(P<0.05)。



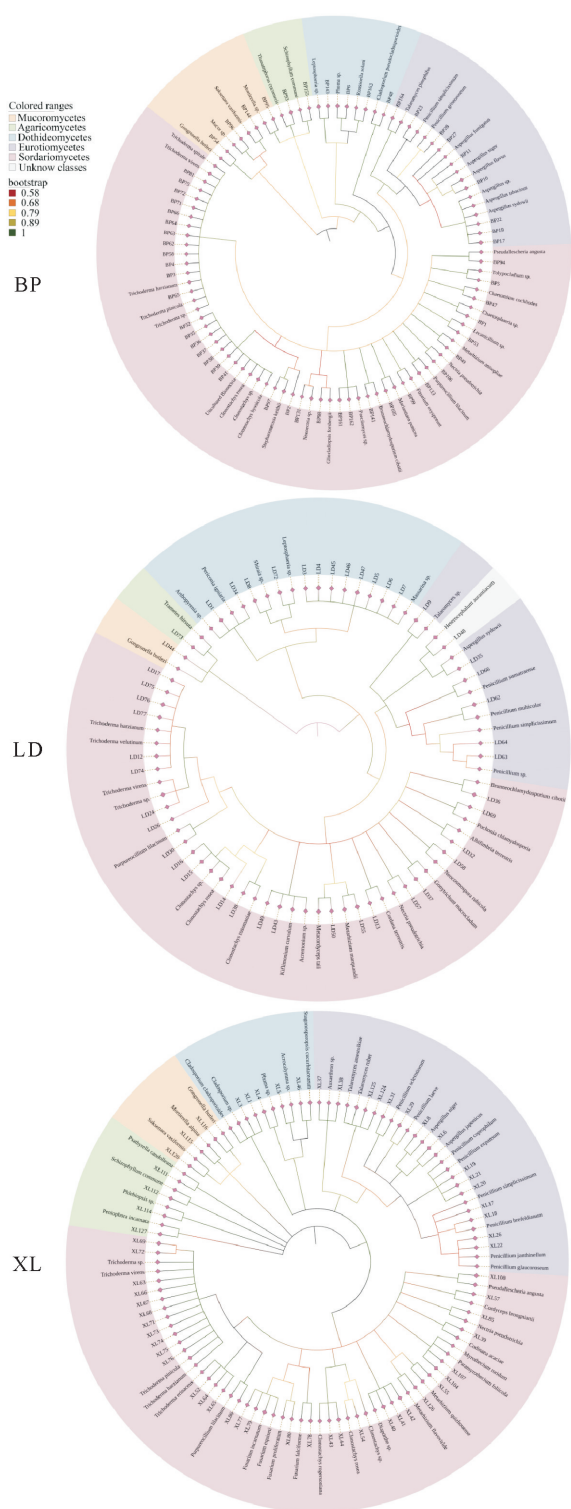


图1 米槁根际菌群纲水平上的系统发育树

Fig. 1 Phylogenetic trees at the class level of the

*C. migao* rhizosphere flora

BP 的优势科按照相对丰度大小依次为曲霉科 *Aspergillaceae* (13.41%) < 丛赤壳科 (21.95%) < 肉座菌科 (22.56%) ; LD 的优势科是肉座菌科, 占比 28.57% ; XL 的优势科为虫草科 *Ophiocordycipitaceae* (14.40%)、肉座菌科 (15.20%) 和曲霉科 (25.60%)。由图 2b 可知, 木霉属类群在属水平上

是 BP、LD、和 XL 3 产地中主要的真菌属, 分别占 22.6%、27.3% 和 15.1%。相对丰度排在前五位的真菌属分别为木霉属 (15.1%~27.3%)、青霉菌属 *Penicillium* (4.9%~16.7%)、紫色拟青霉属 *Purpureocillium* (4.9%~14.3%)、粘帚霉属 *Clonostachys* (7.9%~9.1%) 和曲霉菌属 *Aspergillus* (1.3%~8.7%)。属名为枝顶孢属 *Acremonium* 能鉴别到属这一水平, 但是还没有明确的科分类。

从图 3 可知, BP、LD 和 XL 分别鉴定出 31、26、27 种属, 共有属 9 种, 分别有木霉属、曲霉菌属、粘帚霉属等。BP 和 LD 还有 *Brunneochlamydosporium* 属和小球腔霉属 *Leptosphaeria* 2 种共有属; BP 和 XL 还有 7 种共有属, 分别是枝孢属 *Cladosporium*、镰刀菌属 *Fusarium*、被孢霉属 *Mortierella*。BP 有毛壳菌属 *Chaetomium*、*Chaetosphaeria* 属、*Gliocladiopsis* 属等 13 种特有属; LD 有 15 种特有属, 分别为枝顶孢属 *Acremonium*、*Albifimbria* 属、星核衣属 *Arthopyrenia* 等; XL 有 11 种特有属, 分别为 *Acrocalymma* 属、*Auxarthron* 属、*Codinaea* 属等。上述结果分析得知, 不同产地的根际菌群组成不仅具有丰富性还存在差异性。

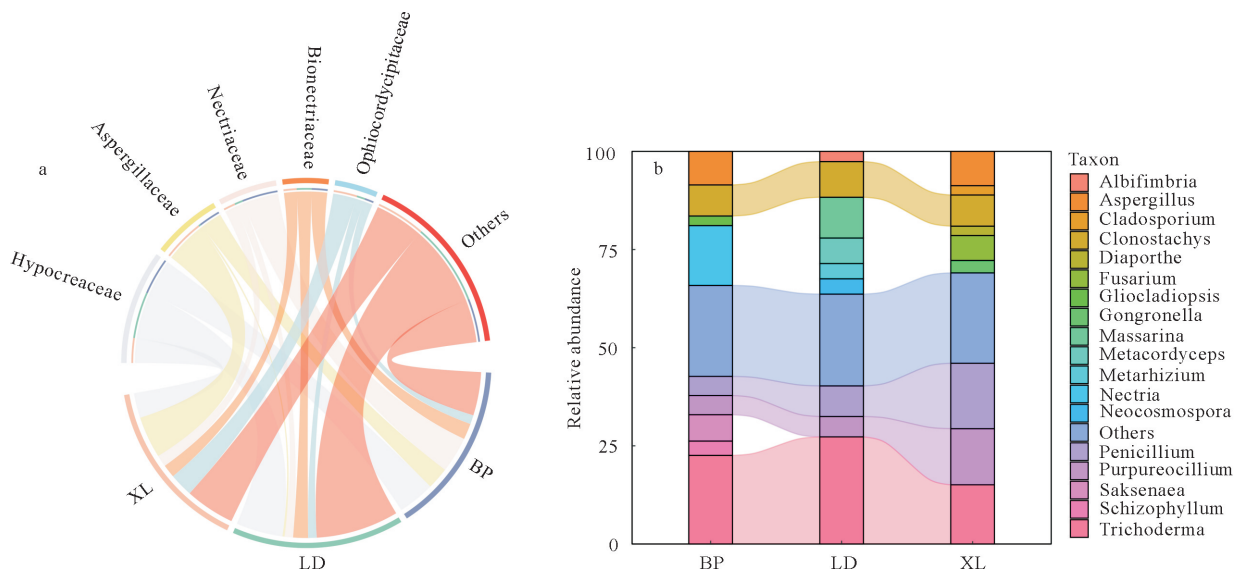
### 2.3 米槁根际真菌的多样性差异分析

2.3.1 多样性分析 多样性指数越高表明该菌群多样性越大。丰富度指数越高表明该群落越丰富; 均匀度指数越高, 则表明该群落越均匀<sup>[24]</sup>。从多样性指数分析得知, BP 的多样性指数最高且菌群最丰富, LD 的菌群均匀度最高, 说明不同产地根际菌群的多样性具有一定差异。

2.3.2 相似性分析 根据 Jaccard 相似性原理<sup>[24]</sup>, 从表 4 可看出, 不同产地间菌群的相似系数都 < 0.50。其中除 BP-XL 的相似系数为 0.381, 属于中等不相似, 其余产地之间属于极不相似, 说明不同产地米槁根际真菌的组成有所不同。

### 2.4 米槁根际菌群与土壤因子的关系

为探究米槁根际菌群多样性与土壤因子之间的关系, 对属水平上的相对丰度前 5 位的真菌属类群、菌群多样性指数和土壤因子 3 者之间进行了相关性分析。从图 4 得知, 木霉属、青霉菌属、紫色拟青霉属等类群与 TN、速效氮、有效钾、蔗糖酶活性、丰富度指数有着密切联系; TN、速效氮、蔗糖酶活性与丰富度指数呈极显著负相关; 有效钾与均匀度指数呈极显著负相关; TN 与速效氮呈极显著的正相关, 且两者与蔗糖酶活性呈极显著的正相关。上述分析得知, TN、速效氮、有效钾和蔗糖酶活性这 4 个土壤因子与菌群存在紧密联系。



注:a表示真菌科水平上的相对丰度;b表示真菌属水平上的相对丰度。

图 2 米槁根际菌群不同水平上的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of the *C. migao* rhizosphere flora at different levels

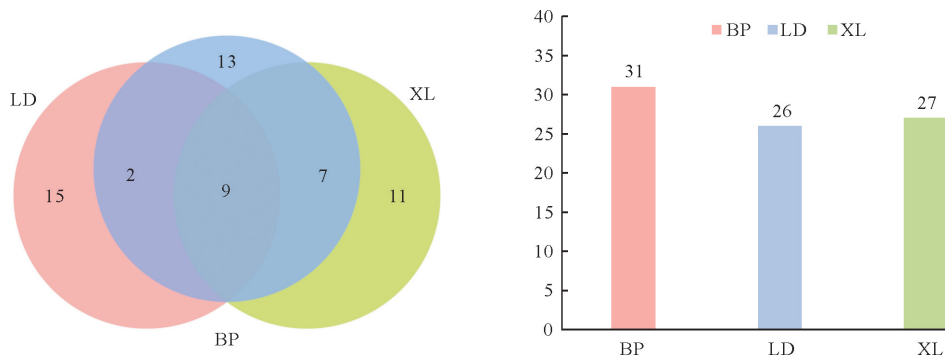


图 3 米槁根际菌群属水平上的韦恩图

Fig. 3 Venn diagram of the *C. migao* rhizosphere flora at the genus level

表 3 不同产地米槁根际菌群的多样性

Table 3 The *C. migao* microbiota diversity from different places of origin

产地	真菌属数	多样性指数 ( $H'$ )	丰富度指数 ( $R$ )	均匀度指数 ( $J$ )
BP	31	3.434	5.883	0.673
LD	26	3.258	5.755	0.750
XL	27	3.296	5.376	0.681

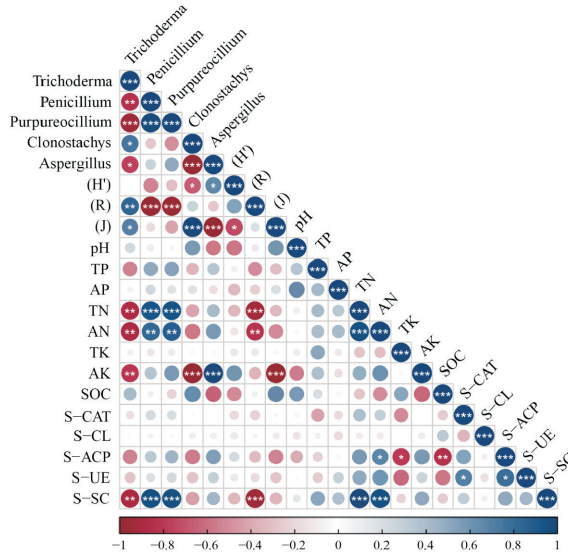
表 4 不同产地米槁根际真菌相似系数比较

Table 4 Comparison of similarity coefficients of *C. migao* rhizosphere fungi from different places of origin

	BP	LD	XL
BP	1	0.239	0.381
LD		1	0.205
XL			1

3 结论与讨论

本研究从 3 个产地共分离到 367 株真菌,鉴定为 57 属 160 种。优势门为子囊菌门(89.65%),优



注: \* 表示  $P < 0.05$ , \*\* 表示  $P < 0.01$ , \*\*\* 表示  $P < 0.001$ 。

图 4 米槁根际菌群与土壤因子的相关性

Fig. 4 Correlation between the *C. migao* rhizosphere flora and edaphic factor

势纲为粪壳菌纲(63.76%),优势目为肉座菌目(49.04%),优势科为肉座菌科(21.25%)和丛赤壳科(13.36%),优势属为木霉属(20.98%)。不同产地米槁根际菌群的组成表现出较大差异性,可能是不同产地的土壤养分和酶活性含量存在一定的差异性所致<sup>[15]</sup>。根据 Jaccard 相似性系数表明,BP-XL 的菌群组成为中等不相似,其余产地间为极不相似,说明群落组成存在着一定差异,同时还发现不同产地的优势菌属有所差异,可能是属水平上的某一类群与土壤某些养分相互偏好性选择的结果<sup>[25]</sup>。对比 3 个产地分离培养出的真菌多样性发现,BP 的多样性、丰富度指数最高以及 pH 最低,一方面是因为土壤真菌在低酸度环境下长势更好<sup>[26]</sup>;另一方面土壤 pH 与菌群呈负相关<sup>[27]</sup>,土壤的酸化促使土壤养分得以提升且活化效果显著<sup>[28-29]</sup>,从而吸引更多微生物的聚集,因而土壤微生物多样性较高<sup>[30-32]</sup>。

TN、速效氮、有效钾和蔗糖酶活性是本研究影响米槁根际菌群多样性的关键因子。N、P 和土壤有机 C 是评价土壤肥力和健康的重要指标<sup>[33]</sup>。LD 的速效氮、TN 和脲酶活性都较低,是因为该采样点水土流失,与胡朋成等<sup>[34]</sup>的研究结果一致。LD 的有机质含量最高,是因为较低的脲酶活性导致土壤供氮不足,这时需要大量的有机质矿化释放供氮<sup>[35]</sup>。该产地的有机碳含量与菌群均匀度指数呈正相关性,与何中声等<sup>[36]</sup>对戴云山南坡不同海拔森林土壤微生物功能多样性特征及影响因素研究一致。LD 的多样性最低且均匀度最高,可能是因为该产地是人工林,存在人为干扰的影响<sup>[37]</sup>。而决定 N、P 元素供应的关键是水热状况<sup>[38]</sup>。XL 的菌群组成不如 BP 丰富,但 TN、速效氮、TP 和有效磷含量都是最高的,可能与当时采样时水热条件较适宜有关系,土壤温度和湿度是影响土壤 P 素形态转化和有效性的关键因子<sup>[39]</sup>。本研究中发现 LD 的有效钾含量显著低于 BP、XL,可能是该采样点雨水充沛导致水土流失严重,冲走了土壤中的有效钾<sup>[40]</sup>。

土壤酶作为土壤中的活性物质,与土壤微生物活动及养分状况有密切相关性<sup>[41-43]</sup>。过氧化氢酶活性在 BP 中最低且该产地菌群最为丰富,说明该产地的土壤根际真菌具有良好的生长环境,对植物的毒害作用最小<sup>[44]</sup>。脲酶活性与 TN、速效氮呈显著正相关,是因为脲酶是氮素的主要来源,其活性可以表征土壤氮素状况<sup>[45]</sup>。酸性磷酸酶活性和海拔高度由小到大排序皆为 LD<BP<XL,在一定范围内,随着海拔高度降低,气温逐渐升高,使酸性磷酸酶活性受到限制<sup>[46]</sup>。纤维素酶的活性变化趋势与有机质含量变化一致<sup>[47-48]</sup>,但本研究中纤维素酶活

性与有机质呈负相关,LD 的有机质含量最高,纤维素酶反而最低,这可能因为人工林的纤维素酶活性低于天然林<sup>[49]</sup>。XL 的蔗糖酶活性高得多,可能因为该产地受人工干扰的程度最小,人为干扰与土壤呼吸速率呈显著负相关,土壤呼吸强度又影响了蔗糖酶活性<sup>[50]</sup>。李鑫等<sup>[39]</sup>表示菌群越丰富,蔗糖酶的活性也越高,这一研究结果与本研究不一致,可能是植物根系和土壤微生物吸收养分而产生竞争导致蔗糖酶受到抑制<sup>[51]</sup>。

## 参考文献:

- [1] CHEN Y, TU P, YANG Y, *et al.* Diversity of rice rhizosphere microorganisms under different fertilization modes of slow-release fertilizer[J]. *Scientific Reports*, 2022, 12(1): 2694.
- [2] ZHENG M, ZHIHAO Y, KANURU B, *et al.* Community dynamics in rhizosphere microorganisms at different development stages of wheat growing in confined isolation environments[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, 105(9): 3843-3857.
- [3] FAN Z, LU S, LIU S, *et al.* Changes in plant rhizosphere microbial communities under different vegetation restoration patterns in Karst and non-Karst ecosystems[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 8761.
- [4] RICHARD D. BARDGETT, ROGER D. LOVELL, PHIL J. HOBBS, *et al.* Seasonal changes in soil microbial communities along a fertility gradient of temperate grasslands[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31: 1021-1030.
- [5] 江慧, 张琴. 土壤质量指标与评价研究进展[J]. *四川林业科技*, 2016, 37(6): 22-26.
- [6] 黄路婷. 不同果期米槁根际土壤可培养真菌群落多样性分析[D]. 贵阳: 贵州大学, 2019.
- [7] 中国科学院植物研究所. 中国高等植物科属检索表[M]. 北京: 科学出版社, 1979.
- [8] 孙学惠, 隋艳华, 邱德文. 大果木姜子油对猫急性实验性心肌缺血的保护作用[J]. *中国药理学杂志*, 1995, 30(6): 341-344.
- [9] 隋艳华, 邱德文, 谢春风, 等. 大果木姜子油抗实验性心律失常作用[J]. *中国中药杂志*, 1998, 23(8): 47-49.
- [10] 刘同祥, 刘庆山, 申刚义, 等. 大果木姜子镇痛作用活性部位筛选[J]. *北京中医药大学学报*, 2010, 33(8): 50-54.
- [11] LIU T X, LIU Q S, SHEN G Y, *et al.* Filtration of active fractions with analgesic effect from Daguomujiangzi (Fructus Cinnamomi) [J]. *Journal of Beijing University of Chinese Medicine*, 2010, 33(8): 50-54. (in Chinese)
- [11] 童炳丽, 刘济明, 陈敬忠, 等. 米槁根际土壤真菌多样性及其与果实药用活性成分含量的相关性分析[J]. *菌物学报*, 2019, 38(7): 1058-1070.
- [12] TONG B L, LIU J M, CHEN J Z, *et al.* Correlation between fungal diversity in rhizosphere soil and medicinal active components in fruit of *Cinnamomum migao* [J]. *Journal of Fungus*, 2019, 38(7): 1058-1070. (in Chinese)
- [12] 郑亚玉, 邱德文, 梁光义, 等. 贵州苗药大果木姜子的研究及产业化[J]. *世界科学技术*, 2005, 7(2): 112-114.



- [13] 李佳,刘济明,文爱华,等.米槁幼苗光合作用及光响应曲线模拟对干旱胁迫的响应[J].生态学报,2019,39(3):913-922.  
LI J,LIU J M,WEN A H,*et al.* Simulated photosynthesis responses of *Cinnamomum migao* during drought stress evaluated using light-response models[J]. Acta Ecologica Sinica, 2019,39(3):913-922. (in Chinese)
- [14] CHEN J Z,HUANG X L,TONG B L,*et al.* Effects of rhizosphere fungi on the chemical composition of fruits of the medicinal plant *Cinnamomum migao* endemic to southwestern China[J]. BMC Microbiology,2021,21:206.
- [15] 陈敬忠,黄小龙,刘济明,等.影响不同果期米槁主要成分的根际优势微生物群落及其对土壤性质的响应[J].植物营养与肥料学报,2021,27(10):1779-1791.
- [16] 刘波,胡桂萍,郑雪芳,等.利用磷脂脂肪酸(PLFAs)生物标记法分析水稻根际土壤微生物多样性[J].中国水稻科学,2010,24(3):278-288.
- [17] 李鹏.小蓬竹根际土壤可培养微生物及其酶活性研究[D].贵阳:贵州大学,2015.
- [18] KIRK P M,CANNON P F,MINTER D W,*et al.* Dictionary of the Fungi [M]. Commonwealth Mycological Institute, 2008.
- [19] 鲁如坤.土壤农业化学分析方法[M].中国农业科技出版社,2000.
- [20] 刘永兰,张丽娜,梁路,等.贵州赤水桫欏自然保护区桫欏内生真菌多样性研究[J].菌物学报,2021,40(10):2673-2684.  
LIU Y L,ZHANG L N,LIANG L,*et al.* Diversity of endophytic fungi from *Alsophila spinulosa* in Chishui Alsophila National Nature Reserve, Guizhou Province, Southwest China[J]. Journal of Fungus,2021,40(10):2673-2684. (in Chinese)
- [21] 肖龙敏,唐明,张好强.不同种植年限宁夏枸杞根际微生物的群落多样性[J].西北林学院学报,2018,33(6):31-39.  
XIAO L M,TANG M,ZHANG H Q. Diversity of microbial community in rhizosphere soils of *Lycium barbarum* relative to cultivation history[J]. Journal of Northwest Forestry College,2018,33(6):31-39. (in Chinese)
- [22] 姜海燕,闫伟,李晓彤,等.兴安落叶松林土壤真菌的群落结构及物种多样性[J].西北林学院学报,2010,25(2):100-103.  
JIANG H Y,YAN W,LI X T,*et al.* Diversity and community structure of soil fungi in *Larix gmelinii* forest[J]. Journal of Northwest Forestry College,2010,25(2):100-103. (in Chinese)
- [23] LOPEZ-GONZALEZ A J,SUAREZ-ESTRELLA,VARGAS-GARCIA C M,*et al.* Dynamics of bacterial microbiota during lignocellulosic waste composting: studies upon its structure, functionality and biodiversity [J]. Bioresour Technology, 2015,175:406-416.
- [24] 张青青,董醇波,梁宗琦,等.不同产地杜仲树皮可培养内生真菌群落组成和多样性[J].菌物学报,2021,40(10):2685-2699.  
ZANG Q Q,DONG C B,LIANG Z Q,*et al.* Community composition and diversity of culturable endophytic fungi in bark of *Eucommia ulmoides* from different regions of China[J]. Journal of Fungus,2021,40(10):2685-2699. (in Chinese)
- [25] 邵宝林,龚国淑.横断山北部高山区土壤真菌群落多样性研究[J].中国农学通报,2009,25(17):217-221.
- [26] RICHARD D,BARDGETT R D,LOVELL P J,*et al.* Jarvis. seasonal changes in soil microbial communities along a fertility gradient of temperate grasslands[J]. Soil Biology and Biochemistry,1999,31(7):1021-1030.
- [27] 葛应兰,孙廷.马铃薯根际与非根际土壤微生物群落结构及多样性特征[J].生态环境学报,2020,29(1):141-148.
- [28] PRIYADHARSINI P,MUTHUKUMAR T. Interactions between arbuscular mycorrhizal fungi and potassium-solubilizing microorganisms on agricultural productivity[J]. Springer India,2016,8:111-125.
- [29] SHERIDAN C,DEPUYDT P,DE R M,*et al.* Microbial community dynamics and response to plant growth-promoting microorganisms in the rhizosphere of four common food crops cultivated in hydroponics[J]. Microbial Ecology,2016,73(2):1-16.
- [30] ZHANG Y,TAO Y,ZHANG H,*et al.* Effect of di-n-butyl phthalate on root physiology and rhizosphere microbial community of cucumber seedlings[J]. Journal of Hazardous Materials,2015,289(30):9-17.
- [31] LI Z G,ZU C,WANG C,*et al.* Different responses of rhizosphere and non-rhizosphere soil microbial communities to consecutive *Piper nigrum* L. monoculture[J]. Scientific Reports,2016,6:35825.
- [32] STEWART C E,ROOSEDAAL D,DENEK K,*et al.* Seasonal switchgrass ecotype contributions to soil organic carbon,deep soil microbial community composition and rhizodeposit uptake during an extreme drought[J]. Soil Biology & Biochemistry,2017,112:191-203.
- [33] 姚有华,王玉林,姚晓华,等.不同种植模式对青稞根际土壤微生物群落结构的影响[J].西北农业学报,2021,30(4):545-554.
- [34] 胡朋成,尹娟,魏小东,等.不同水氮处理对马铃薯品质及土壤脲酶活性的影响[J].江苏农业科学,2022,50(6):87-92.
- [35] 申建波,张福锁.根分泌物的生态效应[J].中国农业科技导报,1999,1(4):21-2.  
SHEN J B,ZHANG F S. Ecological effects of root exudates [J]. China Agricultural Science and Technology Herald, 1999,1(4):21-2. (in Chinese)
- [36] 何中声,陈佳嘉,朱静,等.戴云山南坡不同海拔森林土壤微生物功能多样性特征及影响因素研究[J].生态学报,2022,9:1-12.
- [37] 谭宏伟,杨尚东,吴俊,等.红壤区桉树人工林与不同林分土壤微生物活性及细菌多样性的比较[J].土壤学报,2014,51(3):575-584.
- [38] 卢同平,张文翔,牛洁,等.典型自然带土壤氮磷化学计量空间分异特征及其驱动因素研究[J].土壤学报,2017,54(3):682-692.
- [39] LU T P,ZHANG W X,NIU J,*et al.* Study on spatial variability and driving factors of stoichiometry of nitrogen and phosphorus in soils of typical natural zones of China[J]. Journal of Soil,2017,54(3):682-692. (in Chinese)
- [39] 李鑫,马瑞萍,安韶山,等.黄土高原不同植被带土壤团聚体有机碳和酶活性的粒径分布特征[J].应用生态学报,2015,26(8):2282-2290.  
LI X,MA R P,AN S S,*et al.* Characteristics of soil organic carbon and enzyme activities in soil aggregates under different vegetation zones on the Loess Plateau[J]. Chinese Journal of

- Applied Ecology, 2015, 26(8): 2282-2290. (in Chinese)
- [40] 朱青, 王兆寿, 陈正刚, 等. 中国西南地区坡地钾素平衡及管理措施探讨[J]. 植物营养与肥料学报, 2006(6): 772-777.
- [41] CABRERA R I, DEVEREAUX D R. Effects of nitrogen supply on growth and nutrient status of containerized crape myrtle[J]. Journal of Environmental Horticulture, 1998, 16(2): 98-104.
- [42] BADIANE NN Y, CHOTTE J L, PATE E, *et al.* Use of soil enzyme activities to monitor soil quality in natural and improved fallows in semi-arid tropical regions[J]. Applied Soil Ecology, 2001, 18(3): 229-238.
- [43] 刘江, 袁勤, 张立欣, 等. 库布齐沙漠北缘不同人工灌木林地土壤肥力质量状况[J]. 西北林学院学报, 2021, 36(2): 46-53.  
LIU J, YUAN Q, ZHANG L X, *et al.* Soil quality assessment in different artificial shrub plantations in northern margin of Kubuqi Desert, China[J]. Journal of Northwest Forestry College, 2021, 36(2): 46-53. (in Chinese)
- [44] VISSER S, PARKINSON D. Soil biological criteria as indicators of soil quality: soil microorganisms[J]. American Journal of Alternative Agriculture, 1992, 7(1-2): 33-37.
- [45] 党学峰. 内蒙古八种葱属植物根内及根际土中丛枝菌根真菌遗传多样性的研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2017.
- [46] 隋夕然, 王妍, 刘云根, 等. 典型喀斯特区云南松林土壤养分和细菌群落对海拔的响应[J]. 浙江农业学报, 2021, 33(12): 2348-2357.  
SUI X R, WANG Y, LIU Y G, *et al.* Responses of soil nutrients and microbial community to altitude in typical *Pinus yunnanensis* forest at rocky desertification region[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2021, 33(12): 2348-2357. (in Chinese)
- [47] 刘旭辉, 覃珊, 覃勇荣, 等. 不同植被对石漠化地区土壤纤维素分解酶活性的影响[J]. 中国农学通报, 2010, 26(18): 335-340.
- [48] 萨如拉, 杨恒山, 高聚林, 等. 内蒙古玉米秸秆还田土壤细菌多样性特征[J]. 中国土壤与肥料, 2019(4): 31-38.
- [49] 刘星, 汪金松, 赵秀海. 模拟氮沉降对太岳山油松林土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(14): 4613-4624.  
LIU X, WANG J S, ZHAO X H. Effects of simulated nitrogen deposition on the soil enzyme activities in a *Pinus tabulaeformis* forest at the Taiyue Mountain[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(14): 4613-4624. (in Chinese)
- [50] 胡雷, 王长庭, 王根绪, 等. 三江源区不同退化演替阶段高寒草甸土壤酶活性和微生物群落结构的变化[J]. 草业学报, 2014, 23(3): 8-19.  
HU L, WANG C T, WANG G X, *et al.* Changes in the activities of soil enzymes and microbial community structure at different degradation succession stages of alpine meadows in the headwater region of Three Rivers[J]. Journal of Grass Industry, 2014, 23(3): 8-19. (in Chinese)
- [51] 李东坡, 武志杰, 陈利军, 等. 长期定位培肥黑土土壤蔗糖酶活性动态变化及其影响因素[J]. 中国生态农业学报, 2005, 13(2): 102-105.  
LI D P, WU Z J, CHEN L J, *et al.* Dynamics of invertase activity of black soil treated by a long-term located fertilization and its influence[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2005, 13(2): 102-105. (in Chinese)

#### (上接第 146 页)

- [11] 妙旭华, 赵晓同, 孟浩贤. 气候变化对秦岭太白红杉分布影响预测[J]. 中国水土保持, 2018, 10: 48-52.  
MIAO X H, ZHAO X J, MENG H X. Prediction of the impact of climate change on the distribution of Taibai Sequoia in Qinling Mountains[J]. China Soil and Water Conservation, 2018, 10: 48-52. (in Chinese)
- [12] 王育松, 上官铁梁. 关于重要值计算方法的若干问题[J]. 山西大学学报: 自然科学版, 2010, 33(2): 312-316.
- [13] 马克平. 生物群落多样性的测度方法: I.  $\alpha$  多样性的测度方法(上)[J]. 生物多样性, 1994, 2(3): 162-168.
- [14] 马菁, 张学俭. 红松针阔混交林乔灌木生物多样性研究[J]. 林业调查规划, 2018, 43(5): 56-59.
- [15] 方精云, 朴世龙, 宗占江, 等. 大兴安岭呼中地区白卡鲁山植物群落结构及其多样性研究[J]. 生物多样性, 2004, 12(1): 182-189.
- [16] 仝玉琴, 王军利, 韩振江, 等. 秦岭中段锐齿槲栎天然次生林群落的物种多样性研究[J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2019, 47(2): 69-78.  
TONG Y Q, WANG J L, HAN Z J, *et al.* Species diversity of *Quercus aliena* var. *acuteserrata* natural secondary forest community in middle segment of Qinling Mountains[J]. Journal of Northwest A&F University: Nat Sci Ed, 2019, 47(2): 69-78. (in Chinese)
- [17] 张喜亭, 张建宇, 李斯雯, 等. 大兴安岭双河保护区植物多样性和群落结构特征分析[J]. 北京林业大学学报, 2021, 43(7): 79-87.  
ZHANG X T, ZHANG J Y, LI S W, *et al.* Characteristics of plant diversity and community structure in Shuanghe Nature Reserve in Daxinganling area of Northeastern China[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2021, 43(7): 79-87. (in Chinese)
- [18] 赵安, 周晓雷, 田青, 等. 迭山北坡云冷杉林火烧迹地灌木群落特征和物种多样性研究[J]. 西部林业科学, 2021, 50(5): 90-99.
- [19] 何斌, 李青, 陈群利, 等. 黔西北黄杉群落物种多样性的海拔梯度格局[J]. 生态环境学报, 2021, 30(6): 1111-1120.
- [20] 任学敏, 杨改河, 王得祥, 等. 环境因子对巴山冷杉—糙皮桦混交林物种分布及多样性的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(2): 605-613.  
REN X M, YANG G H, WANG D X, *et al.* Effects of environmental factors on species distribution and diversity in an *Abies fargesii*—*Betula lutilis* mixed forest[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(2): 605-613. (in Chinese)
- [21] 张喜, 王莉莉, 刘延惠, 等. 喀斯特天然林植物多样性指数和土壤理化指标的相关性[J]. 生态学报, 2016, 36(12): 3609-3620.  
ZHANG X, WANG L L, LIU Y H, *et al.* Correlation on plant diversity indices and soil physical and chemical indicators of karst natural forest, Southern Guizhou Province, China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(12): 3609-3620. (in Chinese)