

DOI: 10.5846/stxb201909191955

薛晓敏,王来平,韩雪平,陈汝,王金政. 不同树盘覆盖对矮砧苹果园土壤微生物群落结构和多样性的影响. 生态学报, 2021, 41(4): 1528-1536.

Xue X M, Wang L P, Han X P, Chen R, Wang J Z. Effects of different tree disk mulching on soil microbial community structure and diversity in dwarfing rootstock apple orchard. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(4): 1528-1536.

不同树盘覆盖对矮砧苹果园土壤微生物群落结构和多样性的影响

薛晓敏,王来平,韩雪平,陈 汝,王金政*

山东省果树研究所, 泰安 271000

摘要:以 7 年生矮化中间砧苹果为试材,研究了不同材质树盘覆盖对土壤微生物丰度、群落结构和多样性的影响。高通量测序结果表明,防水园艺地布和塑膜覆盖处理提高了 0—20 cm 土层变形菌门的相对丰度和 20—40 cm 土层变形菌门的相对丰度,防水园艺地布处理还显著提高了土壤细菌 Ace 和 Simpson 指数。相较于防水、塑膜覆盖处理,透水园艺地布不仅提高了 0—20 cm 土层变形菌门、接合菌门的相对丰度,而且提高了土壤细菌 Ace、Chao1 和 Simpson 指数,降低了土壤真菌 Ace、Chao1 和 Simpson 指数。树状聚类图结果显示,树盘覆盖显著改变了土壤细菌和真菌群落结构,以透水园艺地布覆盖处理的改变最为显著。综合分析认为,不同覆盖措施均有利于提高土壤细菌群落的丰富度和多样性,降低土壤真菌群落的丰富度和多样性,优化土壤微生物群落结构,其中以透水园艺地布覆盖的效果最好。

关键词:树盘覆盖;矮砧苹果;高通量测序;细菌;真菌

Effects of different tree disk mulching on soil microbial community structure and diversity in dwarfing rootstock apple orchard

XUE Xiaomin, WANG Laiping, HAN Xueping, CHEN Ru, WANG Jinzheng*

Shandong Pomology Institute, Taian 271000, China

Abstract: In this study, we used 7-year-old dwarf middle-stock apples as the test materials to study the effect of tree disk covered with different materials (waterproof, water-permeable horticultural ground fabrics and plastic film) on the soil microbial abundance, community structure and diversity. High-throughput sequencing results showed that three different types of horticultural ground cloth could increase the relative abundance of Proteobacteria of 0—20 cm soil layer, Proteobacteria abundance of the 20—40 cm soil layer covered by waterproof gardening cloth and plastic film were improved as well as. The results of microbial diversity showed that the horticultural ground fabrics and plastics film all changed the soil bacteria A (Ace), C (Chao 1) and S (Simpson) index. Among them, the permeable horticultural ground fabrics changed the indicators above most significantly, followed by the waterproof horticultural ground fabrics and plastics film. In addition, the permeable gardening cloth significantly reduced the soil fungal A, C and S index. The result of clustering relationship was consistent with the result of diversity, which was also the most obvious change of soil microbial community structure in permeable ground fabrics. Comprehensive analysis showed that different mulching were conducive to improving the richness and diversity of soil bacterial communities, reducing the richness and diversity of soil fungal communities, and optimizing the structure of soil microbial communities. Among them, permeable horticultural ground cover had the optimal effect.

基金项目:国家重点研发计划项目(2016YFD0201100);国家苹果产业技术体系(CARS-27)

收稿日期:2019-09-19; **网络出版日期:**2020-12-24

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wjz992001@163.com

Key Words: tree disk mulching; dwarfing rootstock apple; high throughput sequencing; bacteria; fungi

微生物是土壤生态系统中的重要生物组分^[1],对植物生长及土壤微环境的调节具有重要作用,其群落结构和多样性主要受植物物种组成和土壤质量状况的影响^[2-3]。研究表明,果园实施覆盖后,微生物的群落组成、结构以及多样性发生改变,从而影响整个果园生态系统的物质转换及能量循环,并最终对地上部植物的生长和发育产生一定影响^[4-5]。

由于我国苹果产区长期沿用全园清耕的土壤管理模式,导致土壤肥力退化,土壤微生物群落结构失衡,进而影响了我国的苹果产量和品质^[6]。目前,采用的解决措施主要有生草覆盖^[7]、浅耕、秸秆覆盖^[8]和地膜覆盖^[9]。而树盘直接覆盖秸秆存在操作不便、耗时长且易感病虫害等诸多问题,地膜覆盖残留则会造成土壤污染^[10-11],因此寻找一种新的覆盖措施对于解决果园土壤管理问题及节省人工都具有重要意义。园艺地布是由聚丙烯扁丝做成的一种环保型覆盖材料,具有抑制杂草、渗水透气、改良土壤、防止果树烂根等优点^[12-14]。郑悦等^[15]研究发现园艺地布微垄覆盖可作为渭北旱地苹果栽培体系中的一种有效的蓄水保墒技术措施;此外,地布覆盖还可以显著提高果树的净光合速率和果实品质,及土壤的养分利用率^[16-17]。但前人研究多集中于不同覆盖对土壤温湿度、土壤养分、植株叶片参数、树体生长量和果实品质的影响等方面,对于土壤微生物群落结果的影响鲜有报道,且已有研究大多基于乔化苹果园方面,在矮化苹果方面更是鲜有研究。

本试验以山东省果树研究所天平湖基地矮砧苹果园为研究对象,以清耕不覆盖为对照,通过田间试验和高通量测序技术,探讨防水、透水园艺地布覆盖,塑料薄膜覆盖对矮砧苹果园土壤细菌和真菌群落的影响,以期确定矮砧苹果园的土壤管理技术提供理论参考基础。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于2015年至2016年进行,试验园位于山东省果树研究所天平湖基地(北纬:36°12′55.36″,东经:117°01′09.87″),海拔168 m,全年日照时数2627.1 h,年均降水量697 mm,年均气温12.9℃,全年≥0℃的积温47319℃,平均无霜期195 d。果园模式为现代矮砧集约栽培,采用宽行密植、行间生草、起垄栽培、设立支架、高纺锤树形等技术,供试砧穗组合为‘天红2号/SH38/八棱海棠’,树龄7年生,株行距0.75 m×4.0 m;土质为砂壤土,肥力中等,灌溉条件良好,管理水平中等偏上,园相整齐,树势健壮,生长正常。

1.2 试验设计

树盘覆盖在建园时培植的土垄上(即在树干基部培土,沿行向培成高15—30 cm、上部宽40—50 cm、下部宽100—120 cm的“弓背形”土垄)进行,共设4个试验处理(表1),透水园艺地布、防水园艺地布、黑塑料膜以及清耕不覆盖。于2015年11月,选择健康、长势基本一致的苹果树,整行覆盖,3次重复,其他田间管理措施保持一致。

表1 试验处理
Table 1 Test treatment

处理 Treatments	编号 Number	覆盖材料指标 Covering material index	具体操作 Specific operation
园艺地布覆盖(透水) Permeable horticultural cloth	B	黑色无纺布,宽1.2 m,重60 g/m ²	树盘下沿树干基部顺行向覆盖黑色园艺地布,两侧地布互压3 cm左右,整平压实。
园艺地布覆盖(防水) Waterproof horticultural cloth	C	黑色塑料编制布,宽1.2 m,重90 g/m ²	同上
地膜覆盖 Plastic film	D	黑色聚乙烯塑料薄膜,宽1.2 m,厚0.008 mm	同上
清耕 Non-mulching	A		树盘下清耕,不覆盖

1.3 样品采集

于落叶后(2016年11月24日)进行土壤样品采集。采用五点取样法,分别在处理的15株样本树东、南、西、北4个方位距树干60 cm处用直径4 cm土壤取样器采集0—20、20—40 cm土壤,去除杂质后进行混合,装进封口袋放进干冰箱带回实验室,−80℃冰箱保存用于微生物多样性分析。

1.4 高通量测序方法

1.4.1 基因组DNA提取

采用MO-BIO PowerSoil DNA Isolation Kit试剂盒对样本的基因组DNA进行提取,之后取3 μL进行1.2%琼脂糖凝胶电泳,检测DNA的纯度和浓度。

1.4.2 PCR扩增

采用两步PCR扩增方法^[18],第一步采用50 μL反应体系:10 μL 5xBuffer,1 μL dNTP(10 mM),1 U Phusion 超保真DNA聚合酶,F/R 特异引物(10 μM)各1 μL(细菌16S V4—V5区片段扩增采用特异引物515F 5′—GTGCCAGCMGCCGCGGTAA—3′,926R 5′—CCGTCAATTCMTTGTGAGTTT—3′;真菌ITS1片段扩增采用特异引物ITS1F 5′—CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA—3′,ITS1 R 5′—GCTGCGTTCCTTCATCGATG—3′),20 ng DNA模板,ddH₂O补至50 μL。利用ABI9700智能梯度PCR仪进行扩增。反应条件:94℃预变性2 min,94℃变性30 s,56℃(细菌)/50℃(真菌)退火30 s,72℃延伸30 s,共25(细菌)/33(真菌)个循环,72℃延伸5 min终止反应,10℃保温。将产物进行胶回收后作为模板进行第二步PCR扩增,采用40 μL反应体系:8 μL 5xBuffer,1 μL dNTP(10 mM),0.8 U Phusion 超保真DNA聚合酶,1 μL F/R 特异引物(10 μM),5 μL DNA模板,ddH₂O补至40 μL。反应条件:94℃预变性2 min,94℃变性30 s,56℃退火30 s,72℃延伸30 s,共8个循环,72℃延伸5 min终止反应,10℃保温。利用ABI9700智能梯度PCR仪进行扩增。

1.4.3 PCR产物的混样和纯化

取3 μL PCR产物于1.2%的琼脂糖凝胶电泳检测,扩增条带合格后,将PCR扩增产物,于2%琼脂糖凝胶电泳切胶回收。采用AXYGEN公司的AxyPrepDNA凝胶回收试剂盒回收。采用FTC-3000TM real-time PCR仪对胶回收产物进行定量。

1.4.4 文库制备和上机测序

使用TruSeq® DNAPCR-Free Sample Preparation Kit建库试剂盒进行文库构建,构建好的文库用FTC-3000TM real-time PCR仪进行实时荧光定量,文库合格后,使用Hi Seq2500 PE250进行上机测序。

1.5 数据处理

测序数据采用双端fastq格式保存(fq1和fq2),并根据Barcode信息对原始序列进行拆分,确定各样本对应的有效序列数。用Trimmomatic软件对有效序列进行质量过滤,用FLASH软件对每个样品的reads进行拼接^[19];再使用mothur V.1.33.3软件去除(screen),得到优化序列(clean Tags)^[20]。利用Uparse在97%相似度下进行优化序列聚类,得到OTU的代表序列,再用Uchime去除嵌合体^[21],其中16S嵌合体数据库为gold database(v20110519),ITS嵌合体数据库为UNITE(v20140703);然后用usearch_global筛选OUT的代表序列,通过mothur(classify_seqs)软件将OTU代表序列与数据库比对进行物种注释,置信度阈值为0.8。

使用mothur(http://www.mothur.org/wiki/Schloss_SOP_#Alpha_diversity)软件分析Alpha多样性^[22],包括Chao1、ace及simpson指数;使用R软件绘制稀释曲线、聚类图等,使用Excel 2010和SPSS进行数据处理。

2 结果与分析

2.1 优化序列统计

土壤样本测序结果统计如表2所示,其中细菌共测定得有效序列条数为335497,过滤掉低质量的序列后,得到优化序列总数为260764,优化序列所占比例均大于76%;真菌共测定得有效序列条数为400976,过滤掉低质量的序列后,优化序列总数为358816,优化序列所占比例均大于86%。

样品稀释曲线(图 1)是表征高通量测序深度是否能够涵盖样品中所有微生物类群的重要依据,8 个土壤样品的 OTUs 数随着序列读取数量的增加先快速上升而后转变为缓慢地上升,序列数量达到 4000 时,各样本稀释曲线基本趋向平坦,表明测序深度合理,可以反映样品中的物种组成。

表 2 土壤样本细菌和真菌测序结果统计

Table 2 Sequencing data statistics of soil samples of bacteria and fungi							
土层/cm Soil layer	代号 Code	细菌 Bacteria			真菌 Fungi		
		有效序列 Effective tag	优化序列 Optimized tag	比例/% Percent	有效序列 Effective tag	优化序列 Optimized tag	比例/% Percent
0—20	A_1	40544	30917	76. 26	50168	43307	86. 32
	B_1	40829	31894	78. 12	50598	44689	88. 32
	C_1	49925	39254	78. 63	51265	45490	88. 74
	D_1	40393	31282	77. 44	49429	42945	86. 88
20—40	A_2	48585	38113	78. 45	48568	44928	92. 51
	B_2	38755	29983	77. 37	48111	46085	95. 79
	C_2	36302	27984	77. 09	51408	46053	89. 58
	D_2	40164	31337	78. 02	51429	45319	88. 12
总和 Total		335497	260764		400976	358816	

A_1:不覆盖 0—20 cm; A_2:不覆盖 20—40 cm; B_1:透水园艺地布覆盖 0—20 cm; B_2:透水园艺地布覆盖 20—40 cm; C_1:防水园艺地布覆盖 0—20 cm; C_2:防水园艺地布覆盖 20—40 cm; D_1:塑料膜覆盖 0—20 cm; D_2:塑料膜覆盖 20—40 cm

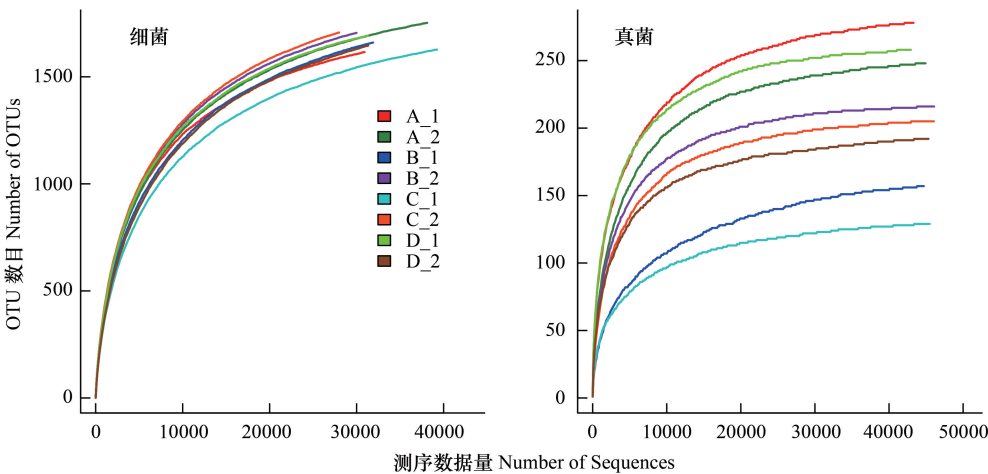


图 1 土壤样本细菌和真菌稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curves of bacteria and fungi of soil samples

A_1:不覆盖 0—20 cm; A_2:不覆盖 20—40 cm; B_1:透水园艺地布覆盖 0—20 cm; B_2:透水园艺地布覆盖 20—40 cm; C_1:防水园艺地布覆盖 0—20 cm; C_2:防水园艺地布覆盖 20—40 cm; D_1:塑料膜覆盖 0—20 cm; D_2:塑料膜覆盖 20—40 cm

2.2 树盘覆盖对土壤微生物 Alpha 多样性的影响

Alpha 多样性(Alpha diversity)主要包括 Chao1 指数、Ace 指数和 Simpson 指数,其中 Chao1 指数和 Ace 指数反映样品中群落的丰富度,Simpson 指数反映群落的多样性^[19-20]。本试验采用 97% 的一致性对样品优化序列进行聚类来研究不同土层微生物物种多样性(表 3),由覆盖度均超过 97% 可知,在选择 OTU 为 0.03 相似度水平下能够表现所测样本中细菌的真实情况。

细菌群落结构多样性结果表明,园艺地布覆盖和塑膜覆盖处理均显著提高了 0—20 cm 土层的 Ace 和 Chao1 丰富度指数,其中除 C 与 A 相比差异不显著外,其他覆盖处理与对照相比差异显著,各覆盖处理之间差异不显著。Simpson 优势度指数以 C 最高达到 0.0147,高出对照 93.42%,由大到小顺序是 C、B、D、A,各覆盖

处理均显著高于对照,但是 B 和 D 之间差异不显著。对于 20—40 cm 土层,4 种处理的细菌 Ace 丰富度指数由大到小的顺序为 C、A、B、D;Chao1 丰富度指数由大到小的顺序为 A、C、D、B,各处理均未达到显著性差异;Simpson 优势度指数由大到小的顺序为 D、C、B、A,各覆盖处理均显著高于对照,且表现出显著性差异。

真菌群落结构多样性结果表明,园艺地布覆盖和塑膜覆盖处理均显著降低了 0—20 cm 土层真菌的 Ace 和 Chao1 丰富度指数,由大到小的顺序均为 A、D、B、C,各覆盖处理均显著低于对照,但是 A 和 D 之间差异不显著。Simpson 优势度指数由大到小的顺序与此相反,且与对照均表现出显著性差异。对于 20—40 cm 土层,4 种处理的真菌 Ace、Chao1 丰富度指数由大到小的顺序均为 A、B、C、D,Simpson 优势度指数由大到小的顺序为 C、A、D、B,且各处理间表现出显著性差异。

综上,树盘覆盖处理可以提高 0—20 cm 土层细菌群落的丰富度和优势度,降低真菌群落的丰富度和多样性,同时降低 20—40 cm 土层细菌群落的丰富度和多样性和真菌群落的丰富度,其中防水园艺地布处理最佳。

表 3 树盘覆盖对土壤微生物 Alpha 多样性的影响
Table 3 Effects of mulching on Alpha diversity of soil microorganisms

土层/cm Soil layer	代号 Code	细菌 Bacteria				真菌 Fungi			
		Ace 指数 Ace index	Chao11 指数 Chao11 index	Simpson 指数 Simpson index	覆盖度/% Coverage	Ace 指数 Ace index	Chao11 指数 Chao11 index	Simpson 指数 Simpson index	覆盖度/% Coverage
0—20	A_1	1789.8b	1784.77b	0.0076c	99.11	288.98a	289.19a	0.0762d	99.95
	B_1	1886.85a	1909.90a	0.0097b	98.96	173.11c	174.39b	0.2149b	99.96
	C_1	1820.67ab	1827.22ab	0.0147a	99.24	137.54d	137.77c	0.3788a	99.95
	D_1	1900.18a	1905.18a	0.0092b	99.11	264.31b	267.34a	0.1036c	99.98
20—40	A_2	1940.73a	1956.70a	0.0074c	99.12	256.87a	267.00a	0.1918b	99.97
	B_2	1921.12a	1907.46a	0.0084b	98.93	221.13b	222.20b	0.1468d	99.78
	C_2	1944.92a	1947.48a	0.0091b	98.73	211.08bc	209.60b	0.2548a	99.97
	D_2	1903.06a	1925.75a	0.0192a	98.86	200.08c	201.88b	0.1629c	99.97

同列不同小写字母代表处理间差异显著 ($P < 0.05$)

2.3 树盘覆盖对土壤微生物 Beta 多样性的影响

Beta 多样性 (Beta diversity) 研究中,选择 unweighted unifrac 指数来衡量样品间微生物群落的相似度,用 unweighted unifrac 距离绘制样品相似度聚类树。土壤细菌群落结构树状图如图 2 左所示,在较低的相似度水平下,土壤细菌群落结构被聚为两大支,树盘覆盖处理单独聚为一支,不覆盖样本聚为另一支,表明树盘覆盖土壤中的细菌群落结构明显区别于不覆盖土壤;而对于树盘覆盖单支来说,覆盖材料和土层深度对细菌群落结构都有影响,透水园艺地布 0—20、20—40 cm 土样被聚在一起,说明其覆盖材料的影响大于土层深度影响;而防水园艺地布 20—40 cm、塑膜 20—40 cm 被聚在一起,说明其土层深度的影响高于覆盖材料差异;地膜覆盖 0—10 cm 和透水园艺地布覆盖 0—10 cm 细菌群落结构相似度较近,而防水园艺地布覆盖 0—10 cm 土壤细菌群落结构与其他覆盖处理的差异较大。

土壤真菌群落结构树状图如图 2 右所示,可见除个别样本外,土壤真菌群落结构整体被聚为两大支,树盘覆盖处理单独聚为一支,不覆盖样本聚为另一支,表明树盘覆盖处理使土壤中的真菌群落结构发生了明显改变。而对于树盘覆盖单支来说,土层深度对细菌群落影响较大,除透水园艺地布 0—20、20—40 cm 土样因覆盖材料影响较大被聚在一起外,其他不同土层样品均未聚在一起;需要特别说明的是,防水园艺地布覆盖 20—40 cm 与不覆盖 0—20 cm 聚在一起,说明其真菌群落结构相似度较高,甚至高于不覆盖处理两个土层的,具体原因需进一步分析。

从整个土壤微生物群落结构来看,覆盖处理中以透水园艺地布影响较大,显著地改变了土壤细菌和真菌群落结构。

2.4 树盘覆盖对土壤微生物群落组成的影响

将聚类结果与数据库比对,根据物种注释结果,在各分类水平上统计各样本的群落组成,生成物种相对丰

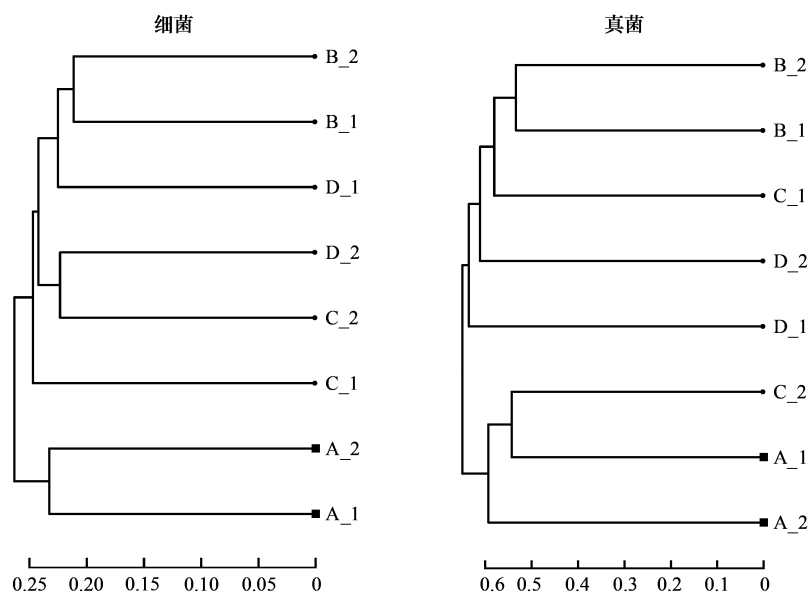


图2 土壤微生物细菌和真菌群落结构相似性聚类分析图

Fig. 2 Cluster analysis of soil microbial bacteria and fungicommmunity structure similarity

度柱状累积图,以便形象直观地比较各样本在不同分类水平上相对丰度较高的物种及比例。以门水平物种相对丰度柱形图为例,分析树盘覆盖对土壤微生物群落组成的影响(图3)。

由图3可知,在细菌水平上,不同覆盖处理间细菌群落结构相似度较高,其中丰度较高的前10个门分别为变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、*Latescibacteria*、硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)以及疣微菌门(*Verrucomicrobia*),各细菌相对含量分析显示,优势类群为变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和拟杆菌门,这4种优势类群所占比例均在80%左右,对0—20 cm土层来说,透水 and 防水园艺地布处理均提高了变形菌门的相对丰度,较对照分别提高了13.65%和14.52%,降低了拟杆菌门和酸杆菌门的相对丰度,较对照分别降低了11.32%、11.23%和1.31%、4.87%,透水园艺地布处理提高了放线菌门的丰度,较不覆盖分别提高了8.75%;塑膜覆盖降低了变形菌门、放线菌门的相对丰度,较对照降低了12.02%和38.04%,提高了酸杆菌门和拟杆菌门的相对丰度。对20—40 cm土层来说,防水园艺地布和塑膜覆盖处理均提高了变形菌门和放线菌门的丰度,分别较对照提高了3.28%、35.95%和8.43%、1.30%,降低了酸杆菌门的丰度,较对照分别降低了3.53%和5.68%。透水园艺地布处理提高了酸杆菌门的相对丰度,降低了变形菌门、放线菌门和拟杆菌门的相对丰度,较对照分别降低了6.44%、0.08%和1.16%。

由图3可知,在真菌水平上,丰富度较高的门分别为接合菌门(*Zygomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)、子囊菌门(*Ascomycota*)、球囊菌门(*Glomeromycota*)、壶菌门(*Chytridiomycota*)、芽枝霉门(*Blastocladiomycota*),结合相对含量分析,优势类群分别为接合菌门、担子菌门和子囊菌门,这3种优势类群中,除不覆盖20—40 cm样本外,所占比例均在90%左右,对0—20 cm土层来说,透水、防水园艺地布和塑膜覆盖均提高了接合菌门相对丰度,较不覆盖分别提高了117.96%、113.61%和52.56%;降低了担子菌门相对丰度,较不覆盖分别降低了56.82%、96.44%和78.23%;对于子囊菌门,园艺地布覆盖使其丰度降低,塑膜覆盖使其丰度升高。对20—40 cm土层来说,透水、防水园艺地布和塑膜覆盖,覆盖处理均提高了接合菌门相对丰度,较不覆盖分别提高了26.94%、118.81%和57.29%;而透水园艺地布和塑膜覆盖处理均提高了担子菌门和子囊菌门相对丰度,较不覆盖分别提高了56.79%、168.83%和49.41%、10.59%;防水园艺地布覆盖降低了担子菌门和子囊菌门相对丰度,较对照分别降低了57.21%和33.48%。

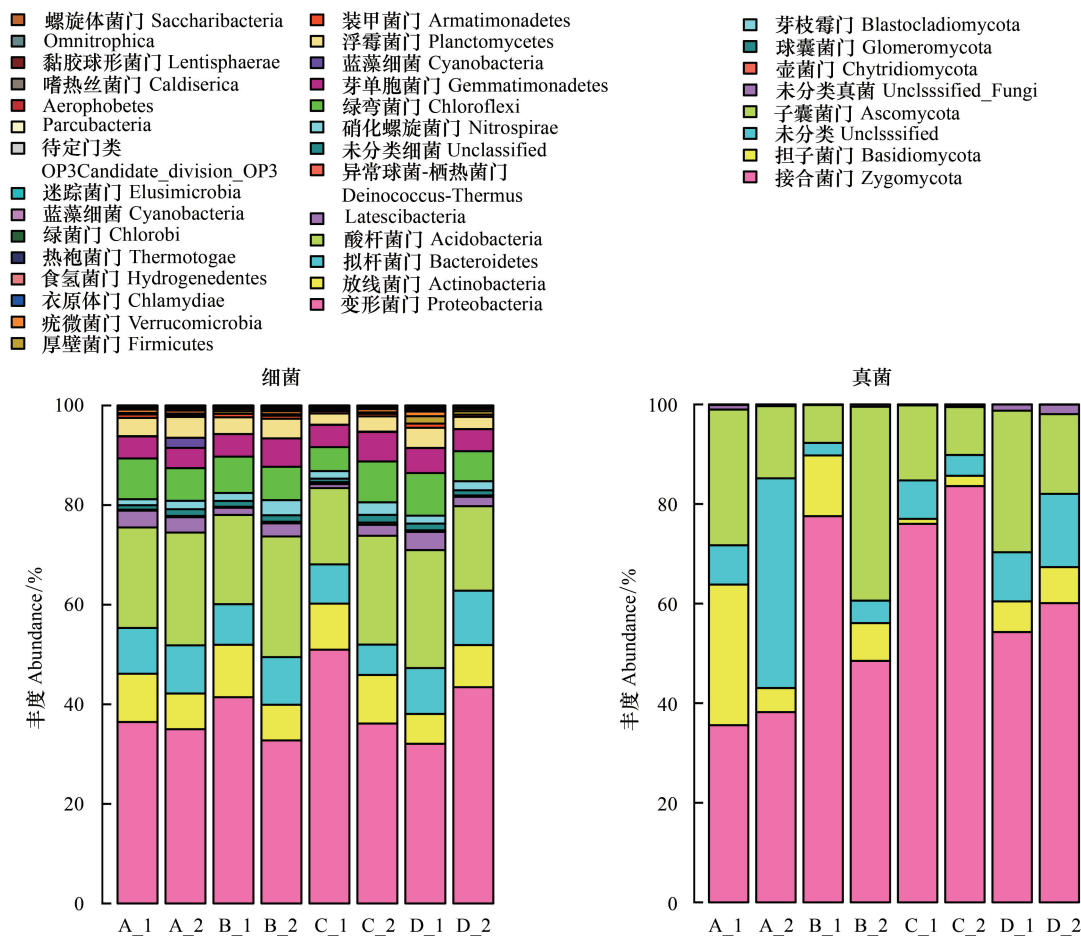


图3 门分类水平土壤样本细菌和真菌群落组成

Fig. 3 Composition and relative abundance of bacterial and fungal communities in soil samples at phylum level

3 讨论

土壤微生物作为土壤中最重要活性组分,其多样性水平也是反映土壤环境的重要指标,而微生物的群落组成受覆盖类型的影响较大,不同的地面覆盖对土壤温湿度等生态环境的影响不同,导致土壤微生物多样性和丰富度会有所不同^[23-24]。魏倩倩等^[25]研究发现,矮砧苹果园覆盖白三叶,短期内可显著提高土壤微生物代谢活性,增加土壤微生物多样性;孙萌等^[26]研究发现地膜覆盖对5—15 cm土层温度的提高有显著效果,同时提高了土壤微生物活性及呼吸率。本试验Alpha多样性分析结果显示,透水园艺地布处理显著提高了0—20 cm土层细菌的多样性指数,降低了细菌优势度指数,说明透水园艺地布覆盖丰富了土壤细菌群落结构,同时使物种均匀度变高,进而提高了抗病原菌的综合能力^[27-29]。温晓霞等^[30]研究发现秸秆和地膜覆盖处理下,土壤微生物数量随土层深度的增加而减少,这与本试验结果一致,经过园艺地布树盘覆盖处理后20—40 cm土层细菌和真菌群落的多样性和丰富度有所降低,其中透水园艺地布处理显著降低了土壤真菌的优势度指数。

土壤微生物群落结构及多样性对生态系统的平衡起着重要作用,由于许多细菌和真菌种类的生活史未知以及其不可培养性使得土壤微生物的重要性被低估^[31]。应用高通量测序分析技术,可以比较准确地反映细菌和真菌群落特征^[32]。陈汝等^[12]研究发现,不同覆盖物及耕作措施等都会对微生物的群落结构组成及其多样性产生较大影响。在本研究中3个覆盖处理在门水平上细菌优势菌群组成相似,主要有变形菌门、放线菌

门、拟杆菌门及酸杆菌门,该结果与刘岳飞^[33]的研究结果一致,这些菌群在其他一些研究中也被认为是优势种群^[34]。变形菌门的微生物多为兼性或者专性厌氧及异养生活微生物,该门的鞘氨醇单胞菌属有去除难降解污染物的能力^[35],放线菌能够分解纤维素和木质素,丰富的放线菌有利于土壤中植物有机残体的分解^[36]。本试验结果显示透水园艺地布处理显著提高了0—20 cm 土层变形菌门和放线菌门的相对丰度,而塑料地膜处理结果与此相反,说明地布覆盖在一定程度上可以改善土壤微生物的群落结构。本试验3种覆盖处理后酸杆菌门和拟杆菌门的相对丰度均有所降低,可能与酸杆菌门大多是嗜酸菌,更喜欢养分含量较低的土壤环境有关^[33],而拟杆菌门与DNA、蛋白质和脂类等有机物质的转化紧密相关^[37],具体联系仍需进一步探讨。

在门水平上真菌优势菌群主要有接合菌门、担子菌门和子囊菌门,这3种优势类群中,除不覆盖20—40 cm 样本外,所占比例均在90%左右,有研究发现接合菌门的被孢霉科(Mortierellaceae)能分解土壤中的糖类和简单多糖物质,是土壤有机质和养分含量丰富的标志^[38]。本试验结果显示3种覆盖处理均提高了不同土层接合菌门的相对丰度,以透水园艺地布处理提高最显著,说明地布覆盖可以提高土壤养分。子囊菌多数为腐生菌,可以分解木质素、角质素等难降解的有机质,在养分循环中担任着重要角色^[39],担子菌门的滑锈伞属、丝膜菌属可与植物共生形成菌根,增强植株抗性^[34]。本试验结果中,防水园艺地布处理显著降低了不同土层担子菌门和子囊菌门的相对丰度,而透水园艺地布和塑膜处理提高了20—40 cm 土层担子菌门和子囊菌门的相对丰度,以透水园艺地布处理提高最明显,说明透水地布处理优化了土壤真菌群落组成。从Beta多样性分析结果来看,三种覆盖处理下土壤细菌和真菌的物种组成和群落结构均异于对照,且与对照处理相似性最高的为防水地布覆盖处理,塑膜覆盖处理次之,透水地布覆盖处理较对照相似性最低,说明其对土壤细菌和真菌的物种组成和群落结构变化影响最明显。

综合以上研究结果,透水园艺地布覆盖对改变不同土壤空间细菌和真菌的丰富度和多样性最明显,可提高0—20 cm 土层细菌的丰富度和多样性,降低不同土层真菌的丰富度和多样性;可提高0—20 cm 土层变形菌门、接合菌门和放线菌门的相对丰度,提高20—40 cm 土层担子菌门和子囊菌门的相对丰度,改善了土壤微生物组成与结构,优化了土壤环境。因此,透水园艺地布覆盖作为一种良好的地面管理措施,具有良好的应用价值。

参考文献(References):

- [1] Meng F Q, Qiao Y H, Wu W L, Smith P, Scott S. Environmental impacts and production performances of organic agriculture in China: a monetary valuation. *Journal of Environmental Management*, 2017, 188: 49-57.
- [2] Berg G. Plant-microbe interactions promoting plant growth and health: perspectives for controlled use of microorganisms in agriculture. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2009, 84(1): 11-18.
- [3] Wardle D A. A comparative assessment of factors which influence microbial biomass carbon and nitrogen levels in soil. *Biological Reviews*, 1992, 67(3): 321-358.
- [4] Riah-Anglet W, Trinsoutrot-Gattin I, Martin-Laurent F, Laroche-Ajzenberg E, Norini M P, Latour X, Laval K. Soilmicrobial community structure and function relationships: a heat stress experiment. *Applied Soil Ecology*, 2015, 86: 121-130.
- [5] Cummings P J, Ahmed R, Durocher J A, Jessen A, Vardi T, Obom K M. Pyrosequencing for microbial identification and characterization. *Journal of Visualized Experiments*, 2013, (78): e50405.
- [6] 王清江. 矮砧苹果园秸秆覆盖模式及秸秆机械化覆盖作业技术研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
- [7] 方敏彦, 梁慧敏, 鲍荣静, 章明. 果园生草覆盖研究动态及发展方向. *浙江农业科学*, 2012, (12): 1655-1659.
- [8] Amir J, Sinclair T R. A straw mulch system to allow continuous wheat production in an arid climate. *Field Crops Research*, 1996, 47(1): 21-31.
- [9] Lakatos T, Bubón T, Helmecci B. Effects on the number of soil microorganisms and tree nutrition of groundcover management systems. *Acta Horticulturae*, 2001, (564): 201-207.
- [10] 王永珍, 刘润堂, 张剑国. 地膜覆盖导致番茄早衰的生理机制研究. *山西农业大学学报*, 2004, (1): 60-62.
- [11] 张剑国, 杜素惠, 王永珍, 孙世春. 覆膜早甘蓝干物质积累与养分吸收的研究. *山西农业大学学报*, 1995, (2): 134-138.
- [12] 陈汝. 苹果园土壤微生物多样性及酵母菌新种研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2012.
- [13] 董海强, 李丙智, 王金锋, 王俊峰, 刘富庭, 李雪薇. 不同覆盖方式对苹果树体生长及土壤理化特性的影响. *西北农业学报*, 2015, 24

- (8): 101-109.
- [14] 沈鹏飞. 不同覆盖措施对渭北苹果园土壤理化性质及微生物群落结构的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2019.
- [15] 郑悦. 覆盖对渭北矮化苹果园土壤贮水及产量的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2019.
- [16] 王金锋, 张林森, 张永旺, 韩晓毓, 李喜凤, 王延平, 李丙智. 地布覆盖对渭北旱塬苹果园土壤水热效应及产量品质的影响. 灌溉排水学报, 2015, 34(1): 75-78, 84-84.
- [17] 曹欣冉, 安贵阳, 张紫嫣. 几种覆盖方式对旱地苹果园土壤养分、酶活性及树体生长的影响. 西北农业学报, 2016, 25(5): 788-794.
- [18] 于少鹏, 史传奇, 胡宝忠, 丁俊男, 孟博, 杨春雪. 古大湖湿地盐碱土壤微生物群落结构及多样性分析. 生态学报, 2020, 40(11): 3764-3775.
- [19] Magoç T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies. Bioinformatics, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [20] Bokulich N A, Subramanian S, Faith J J, Gevers D, Gordon J I, Knight R, Mills D A, Caporaso J G. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing. Nature Methods, 2013, 10(1): 57-59.
- [21] Haas B J, Gevers D, Earl A M, Feldgarden M, Ward D V, Giannoukos G, Ciulla D, Tabbaa D, Highlander S K, Sodergren E, Methé B, DeSantis T Z, The Human Microbiome Consortium, Petrosino J F, Knight R, Birren B W. Chimeric 16S rRNA sequence formation and detection in Sanger and 454-pyrosequenced PCR amplicons. Genome Research, 2011, 21(3): 494-504.
- [22] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. Nature Methods, 2013, 10(10): 996-998.
- [23] Acosta-Martínez V, Burow G, Zobeck T M, Allen V G. Soil microbial communities and function in alternative systems to continuous cotton. Soil Science Society of America Journal, 2010, 74(4): 1181-1192.
- [24] 卜玉山, 苗果园, 周乃健, 邵海林, 王建程. 地膜和秸秆覆盖土壤肥力效应分析与比较. 中国农业科学, 2006, 39(5): 1069-1075.
- [25] 魏倩倩, 寇建村, 李尚玮, 方国文, 慕小倩, 韩明玉. 苹果园覆盖白三叶对土壤微生物和营养特性的影响. 草地学报, 2016, 24(3): 544-552.
- [26] 孙萌, 刘洋, 李保国, 齐国辉, 张雪梅. 核桃园行内地面覆盖的土壤微域生态效应. 生态学报, 2017, 37(13): 4434-4443.
- [27] 丁访军, 王兵, 赵广东. 毛竹树干液流变化及其与气象因子的关系. 林业科学, 2011, 47(7): 73-81.
- [28] 张旭龙, 马森, 吴振振, 张志政, 林慧. 油菜与光果甘草间作对根际土壤酶活性及微生物功能多样性的影响. 土壤, 2016, 48(6): 1114-1119.
- [29] 高玉峰, 贺字典. 影响土壤真菌多样性的土壤因素. 中国农学通报, 2010, 26(10): 177-181.
- [30] 温晓霞, 殷瑞敬, 高茂盛, 艾绥龙. 不同覆盖模式下旱作苹果园土壤酶活性和微生物数量时空动态研究. 西北农业学报, 2011, 20(11): 82-88.
- [31] Tedersoo L, Nilsson R H, Abarenkov K, Jairus T, Sadam A, Saar I, Bahram M, Bechem E, Chuyong G, Kõljalg U. 454 Pyrosequencing and Sanger sequencing of tropical mycorrhizal fungi provide similar results but reveal substantial methodological biases. New Phytologist, 2010, 188(1): 291-301.
- [32] 艾铄, 张丽杰, 肖芃颖, 张晓凤, 邢志林. 高通量测序技术在环境微生物领域的应用与进展. 重庆理工大学学报: 自然科学版, 2018, 32(9): 111-121.
- [33] 刘岳飞. 基于传统和高通量测序技术研究地膜对辣椒土壤特性及微生物多样性的影响[D]. 南宁: 广西大学, 2018.
- [34] Tang K, Yuan B, Lai Q L, Wang R G, Bao H Z, Feng F Y. *Hymenobacter terrenus* sp. nov., isolated from biological soil crusts. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2015, 65: 4557-4562.
- [35] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman F D, Costello E K, Fierer N, Peña A G, Goodrich J K, Gordon J I, Huttley G A, Kelley S T, Knights D, Koenig J E, Ley R E, Lozupone C A, McDonald D, Muegge B D, Pirrung M, Reeder J, Sevinsky J R, Turnbaugh P J, Walters W A, Widmann J, Yatsunenko T, Zaneveld J, Knight R. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nature Methods, 2010, 7(5): 335-336.
- [36] Kanokratana P, Uengwetwanit T, Rattanachomsri U, Bunternsook B, Nimchua T, Tangphatsornruang S, Plengvidhya V, Champreda V, Eurwilaichitr L. Insights into the phylogeny and metabolic potential of a primary tropical peat swamp forest microbial community by metagenomic analysis. Microbial Ecology, 2011, 61(3): 518-528.
- [37] Michaud L, Lo Giudice A, Troussellier M, Smedile F, Bruni V, Blancheton J P. Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system. Journal of Applied Microbiology, 2009, 107(6): 1935-1946.
- [38] Puget P, Angers D A, Chenu C. Nature of carbohydrates associated with water-stable aggregates of two cultivated soils. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 31(1): 55-63.
- [39] Beimforde C, Feldberg K, Nylander S, Rikkinen J, Tuovila H, Dörfelt H, Gube M, Jackson D J, Reitner J, Seyfullah L J, Schmidt A R. Estimating the phanerozoic history of the ascomycota lineages: combining fossil and molecular data. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014, 78: 386-398.