

DOI: 10.5846/stxb202011172959

汪堃, 南丽丽, 师尚礼, 郭全恩. 干旱胁迫对不同根型苜蓿根系生长及根际土壤细菌的影响. 生态学报, 2021, 41(19): 7735-7742.

Wang K, Nan L L, Shi S L, Guo Q E. Influence of root growth and bacterial community in the rhizosphere of different root types of alfalfa under drought stress. Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(19): 7735-7742.

干旱胁迫对不同根型苜蓿根系生长及根际土壤细菌的影响

汪 堃¹, 南丽丽^{1,*}, 师尚礼¹, 郭全恩²

1 甘肃农业大学草业学院/草业生态系统教育部重点实验室, 兰州 730070

2 甘肃省农业科学院土壤肥料与节水农业研究所, 兰州 730070

摘要:为明确干旱胁迫对根茎型清水紫花苜蓿、直根型陇东紫花苜蓿、根蘖型公农 4 号杂花苜蓿根系生长及根际土壤细菌群落的影响, 采用盆栽试验, 运用 16S rRNA 基因测序技术, 研究了幼苗期干旱胁迫下各根型苜蓿根系生长及根际土壤细菌群落结构的变化。结果表明: 干旱胁迫下各根型苜蓿的 Chao1 和 ACE 丰富度指数均在中度胁迫下最大, Simpson 和 Shannon-wiener 多样性指数各处理间差异不显著; 根际土壤细菌群落均以变形菌门、绿弯菌门、类杆菌门、放线菌门和厚壁菌门为主, 干旱胁迫均显著增加了变形菌门和厚壁菌门的相对丰度, 显著降低了绿弯菌门的相对丰度, 但类杆菌门和放线菌门先提高后下降。统计学分析显示, 幼苗期干旱胁迫显著影响各根型苜蓿生长发育, 随胁迫程度增加, 其株高、地上生物量、地下生物量、根系活力、根体积、根系总长均显著降低, 根冠比先增加后下降且在中度胁迫时达到最大值。重度胁迫下, 清水苜蓿的株高、根系活力显著大于其他品种, 而根冠比、根系干重显著小于其他品种; 陇东苜蓿的根长、根尖数均显著大于其他品种; 根系平均直径、根系总表面积各根型苜蓿间差异不显著。研究结果为植物的抗干旱胁迫以及提高各根型苜蓿在干旱胁迫下的水分利用提供参考。

关键词:根系; 苜蓿; 干旱胁迫; 根际; 细菌群落结构

Influence of root growth and bacterial community in the rhizosphere of different root types of alfalfa under drought stress

WANG Kun¹, NAN Lili^{1,*}, SHI Shangli¹, GUO Quanen²

1 College of Pratacultural Science, Gansu Agricultural University/ Key Laboratory of Grassland Ecosystem, Ministry of Education, Lanzhou 730070, China

2 Soil Fertilizer and Water-Saving Institute, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China

Abstract: To study the effect of drought stress on morphological characteristics of alfalfa root and bacterial community structure and diversity in alfalfa rhizosphere soil, pot experiment using three root types of alfalfa (rhizomatous rooted *Medicago sativa* cv. Qingshui, tap rooted *M. sativa* cv. Longdong, creeping rooted *M. varia* Martin. cv. Gongnong No.4) as the experimental materials was conducted to set up the drought treatment experiments. The total DNA of the seedling rhizosphere soil was extracted and deep sequencing of V4 region of 16S rRNA gene was performed to characterize the bacterial community structure of drought-treated alfalfa. Compared to the normal condition (CK), the richness index of Chao1 and Ace was the highest under moderate stress, whereas the diversity index of Simpson and Shannon Wiener was not significant under different drought stress. Proteobacteria, Chloroflexi, Bacteroidota, Actinobacteria, and Firmicutes were the special bacteria. The relative abundance of Proteobacteria and Firmicutes dramatically increased, while that of Chloroflexi evidently decreased, whereas that of Bacteroidota and Actinobacteria significantly firstly increased then decreased. The plant height,

基金项目:国家自然科学基金(31460630); 甘肃省重点研发计划项目(20YF3FA011); 财政部和农业农村部:国家现代农业产业技术体系

收稿日期:2020-11-17; **网络出版日期:**2021-07-01

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: nanll@gsau.edu.cn

aboveground and underground biomass, root activity, root volume, and total root length were significantly decreased with increasing of drought concentration, while root shoot ratio increased first and then decreased and reached the most under moderate stress. Under severe stress, the plant height and root activity of *M. sativa* cv. Qingshui were significantly higher than those of other varieties, while root shoot ratio and underground biomass were significantly lower than those of other varieties. The root length and root tip number of *M. sativa* cv. Longdong were significantly higher than those of other varieties. There was no significant difference between average root diameter and total root surface area among three root types of alfalfa. Results from this study would present reference to the resistance of plants to drought stress and the improvement of water use of three root types of alfalfa under drought stress.

Key Words: root system; alfalfa; drought stress; rhizosphere; bacterial community structure

苜蓿 (*Medicago sativa*) 是畜牧业生产中不可或缺的植物蛋白资源,也是我国当前草地农业和生态建设工程中应用最为广泛的草种^[1],其根系类型可划分为直根型、侧根型、根蘖型和根茎型 4 类^[2]。直根型苜蓿基因源主要来自于紫花苜蓿,根茎型、侧根型和根蘖型苜蓿都不同程度地具有野生黄花苜蓿的基因,其对干旱、严寒的抵抗力较强。

我国干旱和半干旱地区的面积约占国土面积的 52.5%^[3],干旱胁迫严重影响作物的生长和产量。根系是植物吸收、转化和储藏营养物质的重要器官。当出现干旱胁迫时,植物根系最先感知并迅速产生信号传递到各个器官,植物通过改变自身形态和生理生化特性以适应变化的水分环境^[4],进而影响根际环境^[5]。根际是受植物根系及其生长活动显著影响的土壤微域环境^[6],根际微生物群落种类和数量与植物生长、繁殖密切相关^[7]。干旱胁迫能调控植物根际土壤细菌群落结构和组成,使得某些功能菌群、有益菌群和有害菌群显著变化^[8],对土壤生物化学活性及养分组成与转化、植物生长发育及抗胁迫能力有直接影响^[9]。

目前对不同根型苜蓿根颈变化特征^[10]、根系发育能力^[11]、根系与产量的关系^[12]、抗逆性^[13-14]进行了对比研究,但有关干旱胁迫对根系生长及根际细菌菌群结构影响的研究鲜见报道。为此,本试验设置水分胁迫处理,以幼苗期不同根型苜蓿根系生长及根际土壤为研究对象,利用 16S rRNA 基因测序技术对土壤中细菌种类及多样性进行系统分析,研究不同根型苜蓿根系生长及根际土壤细菌群落结构对干旱胁迫的响应,为不同根型苜蓿根际土壤菌群结构平衡、增强胁迫耐受性提供参考,为旱地苜蓿丰产、高效、优质栽培提供依据和技术指导。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试苜蓿有:Ⅰ.根茎型“清水”紫花苜蓿 (rhizomatous rooted *M. sativa* cv. Qingshui, QS)、Ⅱ.直根型“陇东”紫花苜蓿 (tap rooted *M. sativa* cv. Longdong, LD)、Ⅲ.根蘖型“公农 4 号”杂花苜蓿 (creeping rooted *M. varia* Martin. cv. Gongnong No.4, GN),其中Ⅲ的种子由吉林省农科院提供,其余均由甘肃农业大学草业学院提供。

1.2 试验设计

在甘肃农业大学草业学院植物生长室,采用沙培盆栽试验,选用 12 cm(高)×9.2 cm(盆底直径)塑料盆为试验用盆,每盆装用去离子水洗净、105 ℃ 恒温干燥箱烘 48 h 后的沙子 1 kg,播种饱满、均匀、无病虫害的苜蓿种子 35 粒,播种后每盆定量浇灌 300 mL Hoagland 营养液,待长出两片真叶时进行间苗,每盆留苗 18 株。于幼苗生长至第 42 天始干旱胁迫。试验采用两因素完全随机设计,因素 A 为 3 个不同根型苜蓿品种;因素 B 为不同水分处理,分别为对照 (Control, CK)、中度 (Medium, M) 和重度 (Severe, S) 水分胁迫,3 个处理的土壤含水量分别为河沙最大持水量的 65%—75%、45%—55% 和 25%—35%,即不同处理每隔 2 d 分别浇灌 257、128、77 mL Hoagland 营养液,每个处理重复 4 次,共 36 盆。处理 15 d 后采集苜蓿幼苗根系,抖掉根系外围河沙,用毛刷取紧贴在根系上的河沙,每个处理的所有重复混合后作为根际土,保存在 -80℃ 冰箱中用于土壤微生物

总 DNA 提取。

1.3 测定方法

采用烘干法测定 10 个植株叶茎、根系干物质质量并计算根冠比(根系干物质质量/叶茎干物质质量),将叶茎、根系置于 60 ℃ 的恒温干燥箱烘 48 h,烘至恒重。将各处理的根系用蒸馏水冲洗干净,采用台式扫描仪对根系进行扫描并将图像存入电脑,采用 WinRHIZO 根系分析系统软件可以获得根系总长度、根系总表面积、根系平均直径、根体积和根尖数等。根系活力采用氯化三苯基四氮唑(TTC)法测定^[15]。

土壤总 DNA 提取及细菌 16S rRNA 基因扩增:采用 CTAB 方法对样本的基因组 DNA 进行提取,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的质量,取适量的样品于离心管中,使用无菌水稀释样品至 1 ng/μL。以稀释后的基因组 DNA 为模板,根据测序区域的选择,使用带 Barcode 的特异引物,New England Biolabs 公司的 Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer,和高效高保真酶进行 PCR,确保扩增效率和准确性。利用引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')与 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增其 V4 区基因片段,每个样品 3 次重复。PCR 扩增反应条件为:98 ℃ 预变性 1 min,98 ℃ 变性 10 s,50 ℃ 退火 30 s,72 ℃ 延伸 30 s,共 30 个循环,最后在 72 ℃ 下延伸 5 min。反应产物用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测。通过 Hiseq 2500 平台(Illumina, San Diego, CA, USA)进行测序(诺禾致源生物信息科技有限公司,北京)。下机数据经过 QIIME(v1.8.0)软件过滤、拼接、去除嵌合体后^[16-17],得到可用于后续分析的有效序列(effective tags)。

1.4 数据分析

用 Excel 2003 进行数据统计,用 SPSS 20.0 软件对数据进行单因素方差分析(One-way ANOVA),用 Duncan 法对数据进行多重比较。利用 Uparse 软件对样品的有效序列进行 OTUs 聚类(Operational Taxonomic Units,相似度 97%以上),用 Mothur 方法^[18]与 Silva 软件的 SSUrRNA 数据库^[19]进行物种注释(设定阈值为 0.8—1.0);采用 MUSCLE(3.8.31)软件^[20]进行快速多序列比对,采用 Qiime(1.9.1)软件计算 Alpha 多样性指数,使用 R 软件(2.15.3)绘制稀释曲线。

2 结果与分析

2.1 各根型苜蓿根系生长差异分析

由表 1 可知,随胁迫程度增加,各根型苜蓿的株高、茎叶生物量、根系干重、根系活力、根体积、根系总长均显著降低($P<0.05$),重度胁迫下,Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ的株高较 CK 下降了 21.05%、26.66%和 27.29%,茎叶生物量较 CK 降低了 31.52%、29.37%和 31.99%,根系干重较 CK 减少了 23.71%、23.22%和 42.82%,根系活力较 CK 降低了 76.63%、58.49%和 75.70%,根体积较 CK 下降了 38.15%、35.20%和 49.38%,根长较 CK 减少了 7.49%、4.47%和 14.57%,且Ⅰ的株高、根系活力显著大于Ⅱ和Ⅲ($P<0.05$),Ⅱ的根长显著大于Ⅰ和Ⅲ($P<0.05$),Ⅱ和Ⅲ的根系干重显著高于Ⅰ($P<0.05$);不同根型苜蓿的根冠比随胁迫程度加剧呈先增加后下降趋势,在中度胁迫时达到最大值,Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ的根冠比较 CK 分别增加了 30.05%、32.94%和 18.51%($P<0.05$),且Ⅰ的根冠比显著小于Ⅱ和Ⅲ($P<0.05$);根系平均直径、根系总表面积各根型苜蓿间差异不显著;Ⅰ的根尖数随胁迫程度加剧呈先上升后下降趋势($P<0.05$),而Ⅱ和Ⅲ的根尖数呈显著下降趋势($P<0.05$),重度胁迫下,Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ的根尖数较 CK 分别降低了 16.34%、24.24%和 51.82%,且Ⅱ的根尖数显著高于Ⅰ和Ⅲ($P<0.05$)。

2.2 根际土壤细菌群落丰度与 Alpha 多样性分析

由表 2 可知,通过高通量测序,过滤掉低质量的序列后,QS.CK、QS.M、QS.S、LD.CK、LD.M、LD.S、GN.CK、GN.M、GN.S 的有效序列在 55943—67703 范围内变动,OTU 数分别为 711、785、701、645、752、707、662、658、762。由图 1 可知,各样品文库的覆盖度均在 98%以上,并结合样品稀释曲线均趋于平缓,说明本研究测序数据合理,能够准确反映出土壤细菌群落的真实信息。各处理 Chao1 指数和 ACE 指数均在中度胁迫下最大,且处理间差异不显著;Simpson 和 Shannon-wiener 指数各处理间差异不显著。由图 2 可知,所有样品共有 OTUs 数目为 493 个,其中 QS.CK、QS.M、QS.S、LD.CK、LD.M、LD.S、GN.CK、GN.M、GN.S 所特有的 OTUs 数目分别为

38、384、28、26、27、21、18、25、25 个。

表 1 干旱胁迫对不同根型苜蓿根系生长的影响

Table 1 Effect of root growth of different root types of alfalfa under drought stress										
处理 Treatment	株高 Plant height/cm	地上干重 Dry weight of aboveground biomass/ g _{10株}	根系干重 Root dry weight/ g _{10株}	根冠比 Root shoot ratio	根系活力 Root activity/ ($\mu\text{g g}^{-1} \text{h}^{-1}$)	根系平均直径 Average root diameter/ mm	根体积 Root volume/cm ³	根系总表面积 Total root surface/cm ²	根系总长 Total root length/cm	根尖数 Root tip number
QS.CK	40.7±2.92a	2.08±0.10ab	0.43±0.04c	0.20±0.01c	1023.02±1.67a	0.34±0.04a	0.21±0.09b	9.08±0.29a	112.9±1.22a	465±1.59f
QS.M	36.8±3.84b	1.49±0.21b	0.38±0.08d	0.25±0.02b	712.12±1.86b	0.31±0.02a	0.14±0.06c	8.87±0.26a	108.8±3.22b	634±1.99a
QS.S	32.1±3.28c	1.43±0.07b	0.33±0.03d	0.23±0.01c	239.07±1.10g	0.26 ±0.02a	0.13±0.06c	8.81±0.39a	104.4±3.58c	541±1.77c
LD.CK	39.9±2.70a	2.27±0.56ab	0.57±0.08b	0.26±0.04b	383.69±3.47e	0.35±0.08a	0.25±0.06a	9.18±0.14a	113.2±2.36a	495±1.52e
LD.M	36.9±3.43b	1.64±0.04b	0.47±0.15c	0.29±0.08b	267.54±1.84f	0.34±0.03a	0.20±0.09b	9.14±0.21a	111.5±2.62a	524±2.78d
LD.S	29.2±2.99d	1.60±0.25b	0.44±0.07c	0.28±0.04b	159.26±1.32h	0.31±0.02a	0.16±0.01c	9.01±0.13a	108.1±2.38b	615±1.64b
GN.CK	40.5±3.40a	2.80±0.61a	0.80±0.21a	0.28±0.04b	667.16±1.78c	0.34±0.07a	0.27±0.06a	9.13±0.12a	113.2±1.17a	371±1.10g
GN.M	32.2±2.97c	2.16±0.35ab	0.73±0.15a	0.34±0.03a	526.94±3.34d	0.32±0.01a	0.16±0.06c	9.08±0.43a	103.1±2.23c	500±1.95e
GN.S	29.4±3.47d	1.91±0.44ab	0.46±0.17c	0.24±0.04c	162.11±0.92h	0.30±0.01a	0.14±0.04c	8.76±0.21a	96.7±2.09d	563±1.78c

QS:“清水”紫花苜蓿 *Medicago sativa* cv.Qingshui;LD:“陇东”紫花苜蓿 LD. *M. sativa* cv.Longdong;GN:“公农4号”杂花苜蓿 *M.varia* Martin.cv.Gongnong No.4;
CK:对照 CK. Control;M:中度胁迫 Medium stress;S:重度胁迫 Severe stress;数据为平均值±标准差($n=3$);同列不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著($P<0.05$)

表 2 样品序列数统计、丰富度与多样性指数

Table 2 Sample sequence numbers statistics, richness and diversity index							
处理 Treatment	有效序列 Effective sequence	Observed OTUs	香农-威纳指数 Shannon-wiener index	辛普森指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	覆盖度 Coverage /%
QS.CK	55943±367	711±18.15	6.38±0.05a	0.96±0.00a	774.12±30.14b	784.11±23.12b	0.997±0.00
QS.M	57971±124	785±22.06	6.47±0.44a	0.96±0.01a	820.33±19.58a	836.07±16.22a	0.997±0.00
QS.S	61580±153	701±13.08	6.29±0.18a	0.96±0.01a	764.97±20.10b	770.39±16.68b	0.997±0.00
LD.CK	63992±139	645±8.00	5.91±0.84a	0.92±0.07a	707.31±8.44c	712.62±16.19c	0.997±0.00
LD.M	64716±155	752±17.35	6.56±0.26a	0.96±0.01a	821.70±18.61a	834.59±21.67a	0.997±0.00
LD.S	61368±192	707±6.88	6.61±0.13a	0.97±0.00a	759.31±14.31b	771.75±15.93b	0.997±0.00
GN.CK	64070±165	662±17.21	5.99±0.48a	0.94±0.04a	751.61±19.04b	761.49±5.81b	0.997±0.00
GN.M	67703±340	658±6.88	5.77±0.56a	0.93±0.03a	818.14±26.71a	817.90±11.84a	0.997±0.00
GN.S	60992±436	762±17.21	6.37±0.45a	0.95±0.03a	737.56±5.46b	749.30±13.05b	0.997±0.00

数据为平均值±标准差($n=3$);同列不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著($P<0.05$)

2.3 根际土壤细菌群落分布

由图 3 可知,各处理细菌群落相对丰度前十的细菌门分别为:变形菌门(Proteobacteria)(54.44%—77.59%)、绿弯菌门(Chloroflexi)(1.60%—24.43%)、类杆菌门(Bacteroidota)(4.71%—13.08%)、放线菌门(Actinobacteria)(2.66%—3.38%)、厚壁菌门(Firmicutes)(1.97%—4.19%)、unidentified_Bacteria(1.47%—3.75%)、Kapabacteria(0.21%—3.53%)、疣微菌门(Verrucomicrobia)(0.34%—1.93%)、蛭弧菌门(Bdellovibrio)(0.38%—1.04%)、Candidatus_Kaiserbacteria(0.02%—0.58%),共占细菌总数的 92.97%—96.90%。其中变形菌门、绿弯菌门、类杆菌门、放线菌门和厚壁菌门占细菌总数的 85.09%—92.40%,说明这 5 个门的细菌为优势菌群。不同处理细菌在门分类水平上,相对丰度有一定的差异。随胁迫程度增加,与 CK 相比,变形菌门、厚壁菌门、unidentified_Bacteria 和 Kapabacteria 显著增加($P<0.05$),类杆菌门、放线菌门、疣微菌门、蛭弧菌门和 Candidatus_Kaiserbacteria 均先增加后降低($P<0.05$),而绿弯菌门显著降低($P<0.05$)。

由图 4 可知,各处理细菌群落相对丰度前十的细菌属分别为:爬管菌属(*Herpetosiphon*)、假单孢菌属

(*Pseudomonas*)、*Pseudoxanthomonas* 属、副球菌属 (*Paracoccus*)、纤维弧菌属 (*Cellvibrio*)、*Shinella* 属、偶氮螺菌属 (*Azospirillum*)、*Devosia* 属、SWB02 属、中慢生根瘤菌属 (*Mesorhizobium*), 共占细菌总属的 43.05%—61.86%, 其他类群的相对丰度占 38.14%—56.95%。细菌在属分类水平上, 各处理相对丰度有一定的差异。随胁迫程度增加, 与 CK 相比, 爬管菌属、假单孢菌属和副球菌属均显著降低 ($P < 0.05$), *Pseudoxanthomonas*、*Devosia*、SWB02 和中慢生根瘤菌属均显著增加 ($P < 0.05$), 纤维弧菌属、*Shinella* 和偶氮螺菌属先增加后降低 ($P < 0.05$)。

3 讨论

根系形态是描述植物根系随环境变化的重要指标。丁红等^[21]研究表明, 干旱胁迫下根长、根系表面积和根体积较大有利于植物大范围吸收土壤水分和养分; 厉广辉等^[22]和 Pirnajmedin 等^[23]研究认为, 根干重、根体积、根总面积与品种抗旱能力呈显著正相关; 李文尧等^[24]研究表明, 干旱胁迫显著增加了紫花苜蓿根系表面积; 张翠梅等^[25]研究显示, 干旱胁迫下强抗旱苜蓿的根系总长度和根系干重显著增加, 根系总表面积变化不显著; 弱抗旱苜蓿的根系总表面积显著下降。本研究显示, 与 CK 相比, 随胁迫程度加剧, 各根型苜蓿的幼苗株高、地上干重、根系干重、根系活力、根系平均直径、根体积、根系总表面积、根系总长等指标均有一定程度的减少, 表明干旱胁迫限制了苜蓿根系和地上部的生长, 降低了苜蓿的干物质积累, 这与前人研究结论一致^[26]; 中重度水分胁迫使各根型苜蓿的根冠比增加, 这与其他学者对小麦^[27]、豌豆^[28]、玉米^[29]的研究结果一致, 对朱槿^[30]的研究结果相反。整个胁迫期间, 根茎型清水紫花苜蓿的株高、根系活力及根尖数相对较高, 直根型陇东紫花苜蓿的根长、根系平均直径、根体积、根系总表面积相对较高, 根蘖型公农 4 号杂花苜蓿的地上干重、根系干重、根冠比相对较高。这可能是由不同根型苜蓿根系适应或响应干旱胁迫的形态差异造成, 根系生长发育受到自身遗传因素和外部环境的共同影响。

研究表明, 根际细菌菌群参与调控植物的环境胁迫应答^[31-33]。因而, 研究细菌群落的结构, 进一步筛选和接种有益菌以减轻植物适应环境胁迫的压力是一种成本效益较高的选择。土壤中绝大多数微生物是不可培养的, 高通量测序能较真实地反映环境中微生物组成^[34]。本研究表明, 苜蓿根际土壤细菌群落主要有变形菌门、绿弯菌门、类杆菌门、放线菌门和厚壁菌门 5 个优势菌门。这与相关学者对水稻^[35]、玉米^[36]、冰川棘豆^[37]等植物根部土壤细菌群落结构的研究结果类似。随胁迫程度加剧, 变形菌门和厚壁菌门的相对丰度显

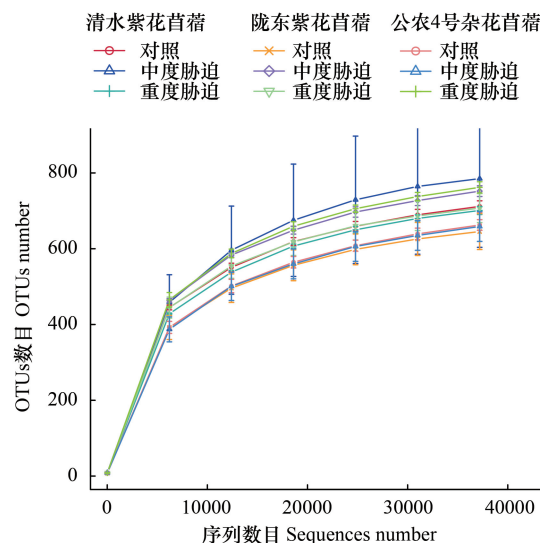


图1 样品稀释曲线

Fig.1 Rarefaction curves for samples

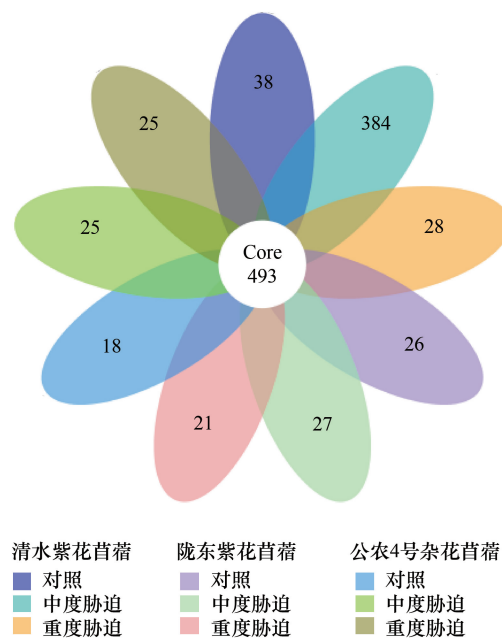


图2 样品花瓣图

Fig.2 Flower diagrams of samples

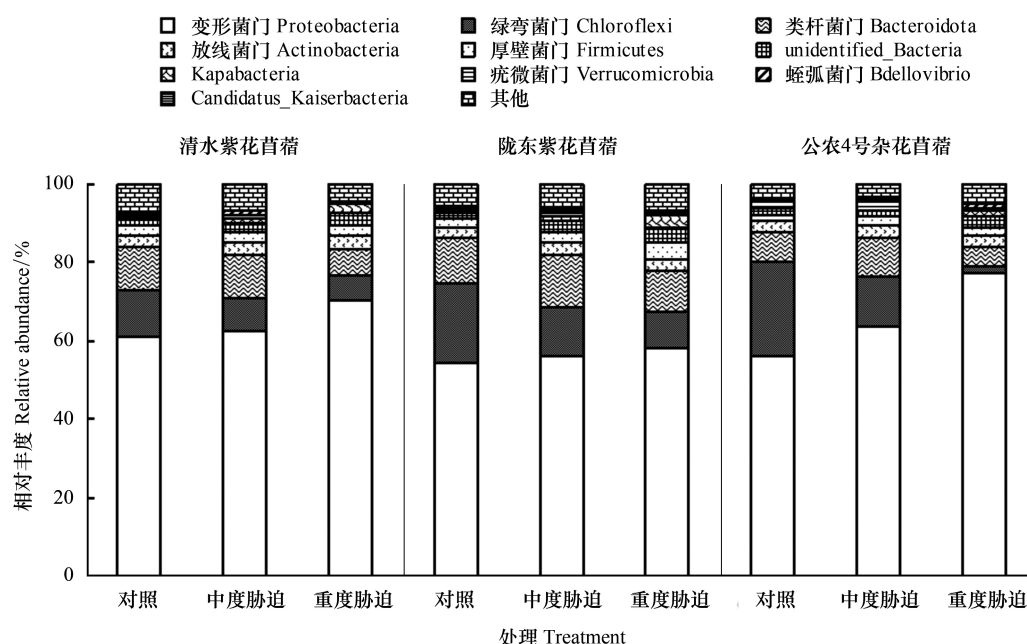


图3 门分类水平下的细菌群落相对丰度

Fig.3 Relative abundance of bacterial community at phylum level

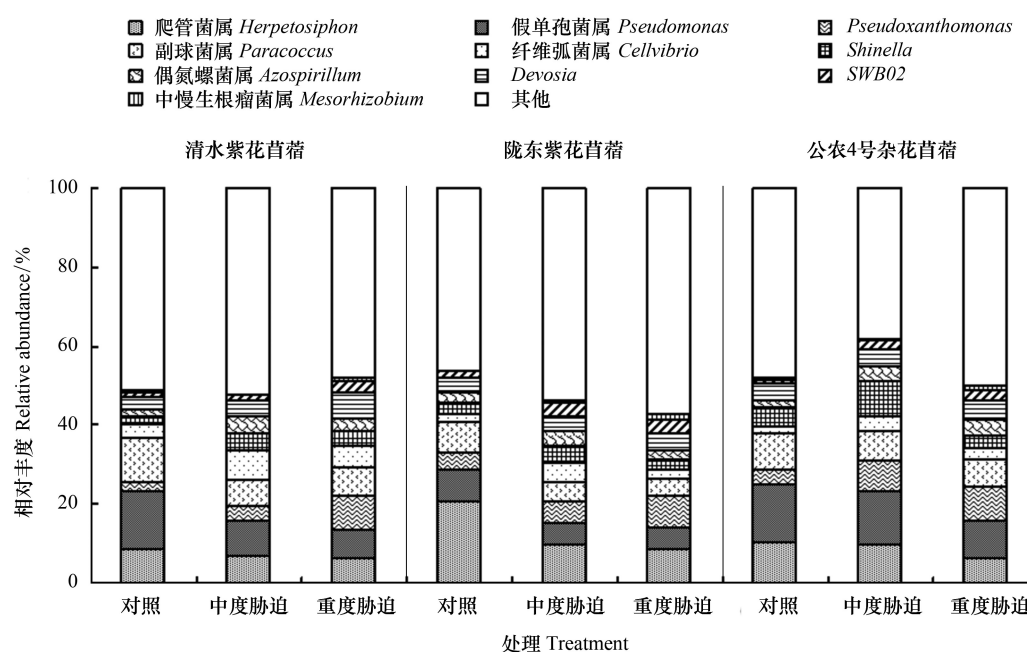


图4 属分类水平下的细菌群落相对丰度

Fig.4 Relative abundance of bacterial community at genus level

著升高,类杆菌门和放线菌门的相对丰度先升高后下降,绿弯菌门的相对丰度显著降低。包含多种病原菌和固氮菌的变形菌门在各种植物根际增长速度很快,是各种植物根际细菌中的优势菌群^[38]。变形菌还具有较好抗旱能力,特别是具有较厚的细胞壁更能抵抗水分胁迫^[39],可以解释其在干旱胁迫后明显富集的现象;厚壁菌门可耐受干旱、低温等极端条件^[40],干旱胁迫使其在苜蓿根系土壤中丰度显著升高;放线菌门产生的孢子能够抵抗外界不利的环境条件^[41],在中度胁迫下达到了最大;绿弯菌参与C、N、S等一系列重要生源元素

的生物地球化学循环过程^[42],干旱胁迫降低了 C、N、S 等生物地球化学循环过程。可见,干旱胁迫明显影响土壤微域结构,对苜蓿根际细菌菌群的结构具有显著的调控作用,推测这些丰富度提高的优势菌群可能在干旱胁迫下,对苜蓿存活和增加胁迫耐受能力方面发挥重要作用。

4 结论

干旱胁迫对直根型、根茎型、根蘖型苜蓿的根系生长及根际土壤细菌菌群组成均有显著影响。与 CK 相比,随胁迫程度增加各根型苜蓿的株高、地上生物量、地下生物量、根系活力、根体积、根系总长均显著降低,根冠比先增加后下降且在中度胁迫时达到最大值。干旱胁迫均显著增加了变形菌门、厚壁菌门、unidentified_Bacteria 和 Kapabacteria 的相对丰度,显著降低了绿弯菌门的相对丰度,但类杆菌门、放线菌门、疣微菌门、蛭弧菌门和 Candidatus_Kaiserbacteria 均先增加后降低。

参考文献(References):

- [1] 南丽丽,师尚礼,郭全恩,白小明. 甘肃荒漠灌区播量和行距对紫花苜蓿营养价值的影响. 草业学报, 2019, 28(1): 108-119.
- [2] 刘志鹏,杨青川,呼天明. 侧根型紫花苜蓿遗传基础及其育种研究进展. 中国草地, 2003, 25(3): 66-71.
- [3] 岳凯,魏小红,刘文瑜,韩厅,辛夏青,赵颖. PEG 胁迫下不同品系藜麦抗旱性评价. 干旱地区农业研究, 2019, 37(3): 52-59.
- [4] 李新乐,张景波,董雪,辛智鸣,段瑞兵,罗凤敏,李永华. 模拟增雨对荒漠植物幼苗生长和根系形态的影响. 生态学报, 2020, 40(10): 3452-3461.
- [5] 牛素贞,宋勤飞,樊卫国,陈正武. 干旱胁迫对喀斯特地区野生茶树幼苗生理特性及根系生长的影响. 生态学报, 2017, 37(21): 7333-7341.
- [6] 南丽丽,汪堃,李小彦,赵克明. 播量和行距对苜蓿根际土壤生物性质的影响. 草地学报, 2018, 26(6): 1330-1336.
- [7] Geng L L, Shao G X, Raymond B, Wang M L, Sun X X, Shu C L, Zhang J. Subterranean infestation by *Holotrichia parallela* larvae is associated with changes in the peanut (*Arachis hypogaea* L.) rhizosphere microbiome. Microbiological Research, 2018, 211: 13-20.
- [8] Dai L X, Zhang G C, Yu Z P, Ding H, Xu Y, Zhang Z M. Effect of drought stress and developmental stages on microbial community structure and diversity in peanut rhizosphere soil. International Journal of Molecular Sciences, 2019, 20(9): 2265.
- [9] Mendes R, Garbeva P, Raaijmakers J M. The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic and human pathogenic microorganisms. FEMS Microbiology Reviews, 2013, 37(5): 634-663.
- [10] 南丽丽,师尚礼,郭全恩,田丰,范俊俊. 不同根型苜蓿根颈变化特征分析. 中国生态农业学报, 2012, 20(7): 914-920.
- [11] 南丽丽,师尚礼,张建华. 不同根型苜蓿根系发育能力研究. 草业学报, 2014, 23(2): 117-124.
- [12] 南丽丽,师尚礼,郭全恩,朱新强. 根茎型清水苜蓿鲜草产量及营养价值评价. 中国草地学报, 2012, 34(5): 63-68.
- [13] 南丽丽,师尚礼,朱新强,赵文翰,韩露,田晨霞. 不同根型苜蓿苗期对干旱胁迫的生理耐受性分析. 干旱地区农业研究, 2011, 29(5): 106-110.
- [14] 南丽丽,师尚礼,陈建纲,朱新强,郭全恩,赵文翰. 不同根型苜蓿根系对低温胁迫的响应及其抗寒性评价. 中国生态农业学报, 2011, 19(3): 619-625.
- [15] 邹琦. 植物生理学实验指导. 北京:中国农业出版社, 2003: 110-174.
- [16] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads. Nature Methods, 2013, 10(10): 996-998.
- [17] 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.
- [18] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, Cole J R. Naive bayesian classifier for rapid assignment of Rna sequences into the new bacterial taxonomy. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(16): 5261-5267.
- [19] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, Gerken J, Schweer T, Yarza P, Peplies J, Glöckner F O. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. Nucleic Acids Research, 2013, 41(D1): D590-D596.
- [20] Edgar R C. Muscle: Multiple sequence alignment with high accuracy and high throughput. Nucleic Acids Research, 2004, 32(5): 1792-1797.
- [21] 丁红,张智猛,戴良香,宋文武,康涛,慈敦伟. 不同抗旱性花生品种的根系形态发育及其对干旱胁迫的响应. 生态学报, 2013, 33(17): 5169-5176.
- [22] 厉广辉,万勇善,刘凤珍,张昆. 不同抗旱性花生品种根系形态及生理特性. 作物学报, 2014, 40(3): 531-541.

- [23] Pirnajmedin F, Majidi M M, Gheysari M. Root and physiological characteristics associated with drought tolerance in Iranian tall fescue. *Euphytica*, 2015, 202(1): 141-155.
- [24] 李文尧, 张岁岐, 丁圣彦, 山仑. 干旱胁迫下紫花苜蓿根系形态变化及与水分利用的关系. *生态学报*, 2010, 30(19): 5140-5150.
- [25] 张翠梅, 师尚礼, 吴芳. 干旱胁迫对不同抗旱性苜蓿品种根系生长及生理特性影响. *中国农业科学*, 2018, 51(5): 868-882.
- [26] Wassmann R, Jagadish S V K, Heuer S, Ismail A, Redona E, Serraj R, Singh R K, Howell G, Pathak H, Sumfleth K. Chapter 2 Climate change affecting rice production: The physiological and agronomic basis for possible adaptation strategies. *Advances in Agronomy*, 2009, 101: 59-122.
- [27] Wang T, Zhang X, Li C. Growth, abscisic acid content, and carbon isotope composition in wheat cultivars grown under different soil moisture. *Biologia Plantarum*, 2007, 51(1): 181-184.
- [28] 李明达, 张红萍. 水分胁迫及复水对豌豆干物质积累、根冠比及产量的影响. *中国沙漠*, 2016, 36(4): 1034-1040.
- [29] 王密侠, 康绍忠, 蔡焕杰, 熊运章. 调亏对玉米生态特性及产量的影响. *西北农业大学学报*, 2000, 28(1): 31-36.
- [30] 黄旭光, 秦玲, 黄丽丹, 陆炎松, 罗恩波, 黄玲璞, 刘岳飞. 干旱胁迫及复水下朱槿生长及根际土壤微生物多样性的变化特征. *热带作物学报*, 2020, 41(2): 401-408.
- [31] Ullah A, Akbar A, Luo Q Q, Khan A H, Manghwar H, Shaban M, Yang X Y. Microbiome diversity in cotton rhizosphere under normal and drought conditions. *Microbial Ecology*, 2019, 77(2): 429-439.
- [32] 杨潇湘, 张蕾, 黄小琴, 伍文宪, 周西全, 杜磊, 黎怀忠, 刘勇. 基于高通量测序分析大豆和油菜根际微生物群落结构的差异. *应用生态学报*, 2019, 30(7): 2345-2351.
- [33] 徐扬, 张冠初, 丁红, 慈敦伟, 秦斐斐, 张智猛, 戴良香. 干旱与盐胁迫对花生根际土壤细菌群落结构和花生产量的影响. *应用生态学报*, 2020, 31(4): 1305-1313.
- [34] Van Dijk E L, Auger H, Jaszczyszyn Y, Thermes C. Ten years of next-generation sequencing technology. *Trends in Genetics*, 2014, 30(9): 418-426.
- [35] Edwards J, Johnson C, Santos-Medellin C, Lurie E, Podishetty N K, Bhatnagar S, Eisen J A, Sundaresan V. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(8): E911E920.
- [36] Niu B, Paulson J N, Zheng X Q, Kolter R. Simplified and representative bacterial community of maize roots. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2017, 114(12): E2450-E2459.
- [37] 曹鹏熙, 刘怡萱, 许国琪, 姬亚丽, 李敬科, 李小燕, 刘星. 冰川棘豆(*Oxytropis glacialis*)根系土壤细菌多样性特征. *生态学报*, 2020, 40(14): 4954-4965.
- [38] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria. *Ecology*, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [39] Zheng W, Xue D M, Li X Z, Deng Y, Rui J P, Feng K, Wang Z L. The responses and adaptations of microbial communities to salinity in farmland soils: A molecular ecological network analysis. *Applied Soil Ecology*, 2017, 120: 239-246.
- [40] Yang J, Ma L A, Jiang H C, Wu G, Dong H L. Salinity shapes microbial diversity and community structure in surface sediments of the Qinghai-Tibetan Lakes. *Scientific Reports*, 2016, 6: 25078.
- [41] De Boer W, Folman L B, Summerbell R C, Boddy L. Living in a fungal world: impact of fungi on soil bacterial niche development. *FEMS Microbiology Reviews*, 2005, 29(4): 795-811.
- [42] 鲜文东, 张潇潼, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望. *微生物学报*, 2020, 60(9): 1801-1820.