

DOI: 10.20103/j.stxb.202207312184

吴蕊, 曹红雨, 于明含, 高广磊, 丁国栋, 张英, 王家源. 科尔沁沙地不同水盐处理对豆田土壤真菌群落结构和功能的影响. 生态学报, 2023, 43(21): 8716-8726.

Wu R, Cao H Y, Yu M H, Gao G L, Ding G D, Zhang Y, Wang J Y. Effects of irrigation and salinity treatments on the structure and function of soil fungal community in *Cyperus esculentus* field in Horqin Sandy Land. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(21): 8716-8726.

科尔沁沙地不同水盐处理对豆田土壤真菌群落结构和功能的影响

吴蕊¹, 曹红雨¹, 于明含^{1,2,3,*}, 高广磊^{1,2,3}, 丁国栋^{1,2,3}, 张英^{1,2,3}, 王家源¹

1 北京林业大学水土保持学院 林业生态工程教育部工程研究中心, 北京 100083

2 宁夏盐池毛乌素沙地生态系统国家定位观测研究站, 盐池 751500

3 水土保持国家林业和草原局重点实验室, 北京 100083

摘要:为揭示北方沙区典型盐碱地不同灌溉量对油莎豆(*Cyperus esculentus*)农田土壤真菌群落组成结构和功能群特征的影响。以吉林省松原市前郭尔罗斯灌区油莎豆农田为研究对象,开展水、盐双因素(水处理:50%、70%、100%标准灌溉定额;盐处理:非盐渍土、弱盐渍土、中盐渍土)随机区组野外控制实验,比较分析不同水盐处理下油莎豆土壤真菌群落特征。(1)油莎豆农田土壤样品共获得 2354 个真菌 OTU,隶属于 13 门 43 纲 114 目 224 科 434 属,其中,子囊菌门(Ascomycota)((67.83±6.33)%)、被孢霉门(Mortierellomycota)((16.96±6.02)%) 和担子菌门(Basidiomycota)((11.31±1.82)%) 占绝对优势。随灌溉量增加,优势属由被孢霉属(*Mortierella*)变为镰孢菌属(*Fusarium*)和毛壳菌属(*Chaetomium*)。不同水盐处理下真菌多样性无显著差异($P>0.05$)。(2)真菌功能群以腐生营养型为主,病理营养型次之,共生营养型占比最低。随灌溉量增加,腐生和共生营养型真菌均先减少后增加,病理营养型真菌先增加后减少;不同盐分处理下各营养型真菌无明显变化趋势。(3)不同灌水和盐分处理对油莎豆土壤真菌群落结构和功能并无显著交互作用。(4)影响研究区土壤真菌群落组成的主要影响因子包括土壤含水率和土壤全磷含量。土壤全磷含量与 Chao1 指数呈显著负相关($P<0.05$),土壤理化性质与真菌营养型无显著相关性($P>0.05$)。研究区不同灌溉处理使土壤优势菌属发生变化,也改变了腐生和病理营养型菌群的相对丰度。研究结果有助于深入理解油莎豆农田土壤真菌群落结构和功能机制,并为油莎豆在盐碱地的栽培种植提供理论依据。

关键词:非生物胁迫;真菌群落结构;多样性;功能预测;油莎豆

Effects of irrigation and salinity treatments on the structure and function of soil fungal community in *Cyperus esculentus* field in Horqin Sandy Land

WU Rui¹, CAO Hongyu¹, YU Minghan^{1,2,3,*}, GAO Guanglei^{1,2,3}, DING Guodong^{1,2,3}, ZHANG Ying^{1,2,3}, WANG Jiayuan¹

1 School of Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Engineering Research Centre of Forestry Ecological Engineering, Ministry of Education, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China

2 Yanchi Ecology Research Station of the Mu Us Desert, Yanchi 751500, China

3 Key Laboratory of State Forestry and Grassland Administration on Soil and Water Conservation, Beijing Forestry University, Beijing 100083, China

Abstract: *Cyperus esculentus* is an important species for agriculture developing in sandy area in China. The arid and saline habitat in the northern sandy region is a major obstacle for introduction of *C. esculentus*. This paper aims to reveal the effects of different irrigation and salinity conditions on the composition structure and functional group characteristics of soil fungal

基金项目:国家重点研发计划项目(2019YFC0507601)

收稿日期:2022-07-31; 网络出版日期:2023-04-06

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: yuminghan@bjfu.edu.cn

communities in *C. esculentus* field in Horqin sandy land. A random plot sampling experiment was conducted with two-factor, three-level (irrigation level: 50%, 70% and 100% of standard irrigation quota; salt level: non-saline, weakly saline and medium saline soils) to study the characteristics of soil fungal populations of *C. esculentus* under different irrigation and salinity treatments, in *C. esculentus* field in Songyuan City, Jilin Province. Results showed that: (1) a total of 2354 fungal operational taxonomic units (OTUs) were obtained in soil sample collected in *C. esculentus* field, which belonged to 13 phyla, 3 classes, 43 orders, 224 families and 434 genera. Ascomycota ((67.83±6.33)%), Mortierellomycota ((16.96±6.02)%) and Basidiomycota ((11.31±1.82)%) were absolutely dominant in the fungal community. With increasing irrigation, the dominant fungal genera changed from *Mortierella* ((22.8±7.41)%) to *Fusarium* ((11.52±3.91)%) and *Chaetomium* ((11.35±4.64)%). There was no significant difference in fungal diversity among different irrigation and salinity treatments ($P>0.05$). (2) The fungal functional groups were dominant by saprophytic trophic types, followed by pathotrophic trophic types, and the symbiotic trophic type was the lowest one. Both symbiotic and saprophytic trophic fungi reached the lowest value in 70% standard irrigation quota conditions, when pathotrophic fungi reached utmost. Both saprophytic and pathotrophic fungi didn't show significantly different in different salinity stress levels. (3) There was no significant interaction between different irrigation and salinity treatments on the structure and function of soil fungal communities in *C. esculentus* field. (4) The main effect factors on soil fungal communities in the study area included soil moisture and total phosphorus content. The total phosphorus content in soil was negatively correlated with Chao1 index ($P<0.05$). Soil physicochemical properties were not significantly correlated with fungal trophic type ($P>0.05$). The irrigation amount in the study area affected the composition of dominant genera of fungal communities and altered the relative abundance of saprophytic and pathotrophic fungal groups. This study contributes to understanding the formation mechanisms of soil fungal communities in *C. esculentus* field, further revealing the effects of water-salt interaction on soil fungal community composition and fungal eco-functional group characteristics in *C. esculentus* field, and also provides a theoretical basis for better introduction and irrigation strategies of *C. esculentus* in saline lands.

Key Words: abiotic stress; fungal community structure; diversity; function prediction; *Cyperus esculentus*

土壤真菌是土壤系统的重要组分,是生态系统物质循环和能量流动的重要参与者^[1],其包含有益真菌和病原真菌。病原真菌可入侵植物的根、茎、叶等组织器官,并造成危害,从而引起农作物减产或者品质下降^[2]。有益真菌则在促进寄主植物生长发育、增强寄主植物抗逆性方面具有重要意义。一方面,真菌菌丝的吸收和转运功能能够扩大寄主植物对水分和养分的吸收范围,帮助寄主植物抵御干旱、盐碱等逆境条件^[3-4]。另一方面,土壤真菌的代谢活动可以提高土壤中营养元素的有效性,如真菌菌丝能活化土壤磷元素,进而增加磷向根系的传输,促进宿主植物的磷元素利用^[5];植物还依赖于真菌吸收甘氨酸、谷氨酸和丙氨酸等难以被植物吸收的有机氮,增强土壤中氮元素的利用率^[6],促进植物-土壤系统氮元素生物小循环的速率。总体而言,土壤真菌通过提高土壤有机质转化效率、改善土壤排气和通水等条件,进而促进作物对氮磷养分的利用^[7]。

土壤真菌群落的组成、结构以及功能的实现受到土壤理化性质的限制^[8-9],如土壤含水量、土壤温度和土壤养分含量等。其中,土壤的盐碱化对土壤微生物群落结构和功能的影响已经受到普遍关注,研究表明,土壤盐分含量过高则通过真菌定殖、孢子产生和菌丝生长产生负面影响,降低真菌丰度^[10-11],改变真菌群落组成和多样性^[12-13],进而影响真菌对植物的有益功能。我国在 20 世纪 50—60 年代便开始了极端盐碱环境下微生物区系分布的研究,初步掌握了盐胁迫对盐碱地土壤微生物的影响,并探索了不同盐碱地改良措施对土壤微生物的影响效果等方面^[14]。以水压盐来改良盐碱地是我国农业中最常用的方法,而这种方法一方面降低了土壤含盐量,有助于真菌微生物的扩繁;另一方面,灌水也增加了土壤含水率,土壤孔隙通气性改变也制约着真菌菌丝的扩展,造成真菌群落稳定性改变^[15]。虽然目前国内外学者分别围绕水分和盐分对土壤真菌群

落的影响开展了大量研究,但在盐碱地改良中,土壤受水、盐两因素的共同作用,故对水盐交互效应对土壤真菌群落影响的研究亟待补充。

油莎豆(*Cyperus esculentus*)是近年来我国北方沙区新兴的引种作物,是我国开展沙区生态农业的重要物种^[16]。然而,北方沙区干旱、盐碱的生境是油莎豆引种栽培的一大障碍。研究表明,土壤真菌群落有助于油莎豆增强逆境适应性^[17]。故本研究以前郭尔罗斯盐碱地油莎豆农田为研究对象,通过模拟沙区盐碱地不同灌溉情境,探究水盐交互作用对油莎豆农田土壤真菌群落组成和真菌生态功能群特征的影响,以期从土壤真菌的角度为油莎豆栽培合理灌溉提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于吉林省松原市前郭尔罗斯县前郭尔罗斯灌区(44°17′—45°28′N,123°35′—125°18′E)。该地区是东北四大灌区之一,属科尔沁沙地区,是北方农牧业交错带,土地类型为半干旱半湿润沙地-盐渍化土地,生态环境较为脆弱。该区属于温带大陆性季风气候,四季分明。春季干旱多风,夏季湿热多雨,秋季凉爽、昼夜温差较大,冬季寒冷、冰冻期长。无霜期 130—140 d。年平均日照时数 2879 h,年平均气温 4.5℃,年平均降水量为 430 mm,全年蒸发量在 1200 mm 以上。土壤包括栗钙土、黑钙土、风沙土等,研究区以风沙土为主。目前,盐渍化土地面积为 536.4 km²,已占灌区总面积的 41.7%。县境内植物种类繁多,以禾本科植物羊草为主要植被群种。

1.2 实验设计

2021 年 7 月,在前郭尔罗斯灌区选取一片裸露的荒地(无耕作历史及施肥)采用随机区组实验设计开展小区控制试验,设置水、盐两因素处理(3 个灌水水平×3 个施盐水平),每个处理 3 个重复,共 27 个小区,每个小区面积为 8 m×8 m,小区间预留 1 m 间距便于采样和观测,总面积约为 2187 m²。

以当地滴灌灌溉定额(2700 m³/hm²)为标准,设置 3 个水分梯度分别为 W0(50%标准灌溉定额)、W1(70%标准灌溉定额)、W2(100%标准灌溉定额)。依据我国盐碱土等级划分标准,设置 3 个盐度梯度水平,分别为非盐渍土 S1、弱盐渍土 S2(盐分添加至氯离子含量达 0.02—0.04 范围)、中盐渍土 S3(盐分添加至氯离子含量达 0.04—0.1 范围),盐分处理通过添加氯化钠使得根系层土壤(50 cm 以内)达到设计含盐量。

完成整地及盐分处理后,进行油莎豆种子点播,每小区内按照行列间隔 30 cm 播种 1 颗种子,共播种 144 颗。采用滴灌方式进行灌溉处理,在油莎豆全生长季的四个主要时期进行灌水处理(播种期 3 次、展叶期 2 次、开花期 2 次、结实期 2 次)。

1.3 土壤样品采集

在油莎豆结实期(9 月)开展土壤取样。各小区按“S”形采样方法选取 5 个点作为土壤样品取样点,每点取 0—20 cm 表层土后,将 5 个点样品混合,取 20 g 作为 1 个样本。取样过程中去除植物根、动物残体以及其他杂质,取回鲜土后立即过 20 目筛,每个土样分为两份装入密封袋,每份样品 3—5 g。一份密封后立即储存于-80℃的干冰中,干冰运输送样,用于 ITS 测序及分析;另一份风干保存,用于全氮全磷含量测定。

1.4 土壤理化性质测定

采用全自动化学分析仪(Smartchem 200,意大利)测定土壤全氮(Total Nitrogen, TN)和全磷(Total Phosphorus, TP)含量。

1.5 土壤真菌高通量测序

采用 Soil DNA isolation kit 法选取 Power Soil® DNA Kit(QIAGEN 公司)试剂盒对 0.4 g 均质土壤样品进行 DNA 提取,完成基因组 DNA 抽提后,使用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和质量。以真菌引物 ITS1 区引物(ITS5-1737F: GGAAGTAAAGTCGTAACAAGG; ITS2-2043R: GCTGCGTTCTTCATCGATGG)使用 Trans Gen AP221-02; Trans Start Fastpfu DNA Polymerase 进行真菌 rDNA ITS 区段扩增。PCR 反应体系(25 μL):

KAPA 2G Robust HotStart ReadyMix12.5 μL ,引物 ITS1(5 $\mu\text{mol/L}$)1 μL ,引物 ITS2(5 $\mu\text{mol/L}$)1 μL ,模板 DNA 5 μL (30 ng),ddH₂O 补足至 25 μL 。PCR 反应条件:95℃ 5 min;95℃ 45 s,55℃ 50 s,72℃ 45 s,28 个循环;72℃ 10 min。扩增过程中每个样本需重复 3 次,将同一样本的 PCR 产物混台后用 1%琼脂糖凝胶电泳检测后,采用磁珠法进行纯化,然后使用 Axy Prep DNA 凝胶回收试剂盒 (AXYGEN 公司,美国)切胶回收 PCR 产物,最后使用 MISEQ8 Reagent Nt Vo (ouo oyale)N Lowo 试剂,合格的 PCR 产物用于 Illumina Miseq 平台上机测序。Miseq 测序得到的是 Pair-End (PE) 双端序列数据,对测得的 Fastq 数据进行质控处理,最终得到优质的 Fasta 数据。由北京奥维森生物科技有限公司完成 PCR 产物测序工作。结果用相似性大于 97%的 OTU 单元展示。在美国国立生物技术信息中心 (NCBI) 网站,利用 BLAST 分析,对 OTU 代表序列进行比对,并在真菌界、门、纲、目、科、属、种各个水平上注释其群落的物种信息。若对比相似率 $\geq 97\%$,则可以鉴定到种水平,若相似率介于 90%—97%之间,则可以鉴定到属水平^[18]。

1.6 数据处理

采用 SPSS 25 对 α 多样性指数进行单因素方差分析和 Spearman 相关性分析,并进行 Chao1、Shannon 和 Simpson 多样性指数及物种相关性矩阵计算;利用 FUNGuild 平台 (<http://www.stbates.org/guilds/app.php>) 过滤部分 OTU,将土壤真菌划分为不同营养型和功能群,结果数据仅保留置信度为“很可能”(Probable)和“极可能”(Highly probable)的 OTU 及其类别;采用 Unweighted UniFrac 距离来分析不同土壤样品间真菌群落结构的差异,并通过非度量多维尺度 (NMDS) 进行可视化。为进一步揭示影响土壤真菌群落的环境因子,以土壤真菌属水平群落丰度为响应变量,土壤环境因子为解释变量进行 RDA 冗余分析;采用 Origin 2018、Lingbo MicroClass 和 Chiplot 绘图和输出结果。

2 结果与分析

2.1 土壤真菌群落组成与多样性

从供试油莎豆土壤样品中共获得 2354 个真菌 OTU,经注释分析隶属于 13 门 43 纲 114 目 224 科 434 属 679 种。不同水盐处理下土壤真菌群落 α 多样性指数间无显著差异 ($P>0.05$) (表 1)。双因素方差分析发现,不同灌水和盐分处理对油莎豆土壤真菌群落组成及多样性并无显著交互作用。在门水平下,各分组优势菌门均为子囊菌门 (Ascomycota)、被孢霉门 (Mortierellomycota)、担子菌门 (Basidiomycota),相对丰度分别为 (67.83 $\pm$ 6.33)%、(16.96 $\pm$ 6.02)%、(11.31 $\pm$ 1.82)%。随灌水量增加,非盐渍土中,子囊菌门相对丰度逐渐升高,其他盐分处理组均无明显变化趋势;被孢霉门相对丰度逐渐降低,W2 水平较 W0 水平显著降低了 68.11%;而担子菌门则无明显变化趋势。随盐分胁迫程度加深,子囊菌门在 W2 水平的非盐渍土中相对丰度达到最高 60.99%;被孢霉门在 W0 水平的非盐渍土中相对丰度达到最高 21.74%;担子菌门无明显变化趋势,在不添加盐分处理组相对丰度达到最高点 (图 1)。

表 1 不同水盐处理下油莎豆土壤真菌群落 α 多样性指数

Table 1 Alpha diversity index of soil fungal community in *Cyperus esculentus* field under different irrigation and salinity treatments

处理 Treatments	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	处理 Treatments	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
BW0S1	702.79 $\pm$ 160.46a	5.81 $\pm$ 0.52a	0.96 $\pm$ 0.01a	BW1S3	732.23 $\pm$ 73.30a	6.03 $\pm$ 0.45a	0.96 $\pm$ 0.01a
BW0S2	682.57 $\pm$ 81.32a	5.92 $\pm$ 0.24a	0.96 $\pm$ 0.01a	BW2S1	765.21 $\pm$ 123.01a	5.88 $\pm$ 0.44a	0.95 $\pm$ 0.02a
BW0S3	761.97 $\pm$ 111.30a	6.31 $\pm$ 0.29a	0.97 $\pm$ 0.01a	BW2S2	753.77 $\pm$ 107.23a	5.82 $\pm$ 0.20a	0.95 $\pm$ 0.01a
BW1S1	656.67 $\pm$ 79.87a	5.95 $\pm$ 0.48a	0.95 $\pm$ 0.01a	BW2S3	797.00 $\pm$ 57.45a	5.90 $\pm$ 0.28a	0.96 $\pm$ 0.02a
BW1S2	831.44 $\pm$ 93.47a	5.96 $\pm$ 0.41a	0.96 $\pm$ 0.02a				

B 表示表土 Surface soil;W0:50%标准灌溉定额 50% standard irrigation quota;W1:70%标准灌溉定额 70% standard irrigation quota;W2:标准灌溉定额 standard irrigation quota;S1:非盐渍土 non-saline soil;S2:弱盐渍土 weakly saline soil;S3:中盐渍土 medium saline soil;表中小写字母代表不同水盐处理不存在显著差异 ($P>0.05$, $n=3$)

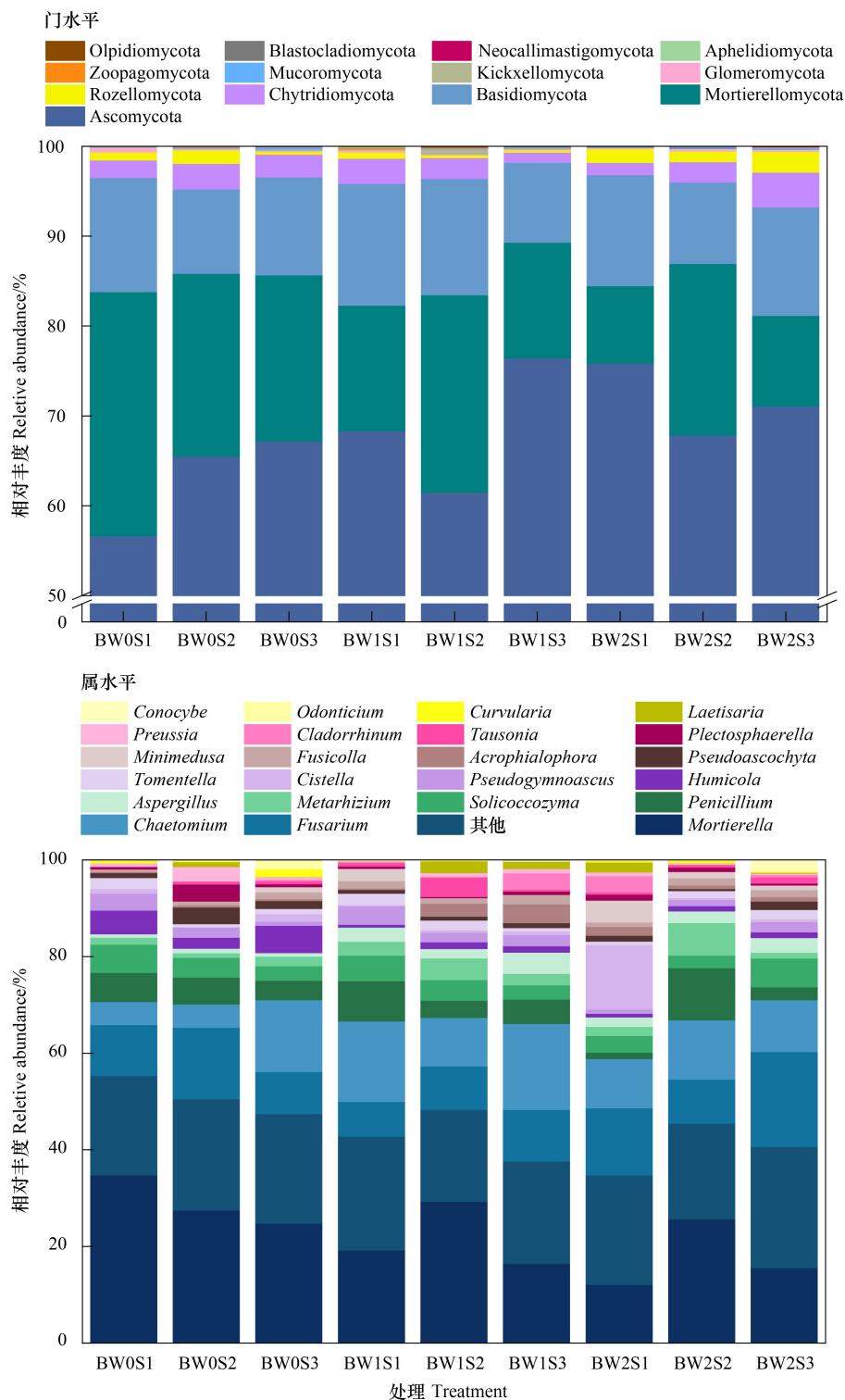


图 1 不同水盐处理下油莎豆土壤真菌相对丰度

Fig.1 Relative abundance of soil fungi in *Cyperus esculentus* field under different irrigation and salinity treatments

Chytridiomycota: 壶菌门; Rozellomycota: 罗兹菌门; Glomeromycota: 球囊菌门; Kickxellomycota: 梳霉门; Mucoromycota: 毛霉门; Zoopagomycota: 捕虫霉门; Neocallimastigomycota: 新丽鞭毛菌门; Blastocladiomycota: 芽枝霉门; Olpidiomyces: 油壶菌门; *Penicillium*: 青霉菌属; *Humicola*: 腐质霉属; *Pseudogymnoascus*: 假裸囊菌属; *Tomentella*: 棉草菌属; *Metarhizium*: 绿僵菌属; *Cistella*: 小毛盘菌属; *Aspergillus*: 曲霉属; *Preussia*: 光黑壳属; *Curvularia*: 弯孢属; *Plectosphaerella*: 癣囊腔菌; *Acrophialophora*: 端梗霉属; *Cladorrhinum*: 枝鼻菌属; *Conocybe*: 锥盖伞属

在属水平上,研究区 W0 水平处理组其优势菌属为被孢霉属 (*Mortierella*) ($(22.85 \pm 7.41)\%$),随灌溉量增加,优势属变为镰孢菌属 (*Fusarium*) ($(11.52 \pm 3.91)\%$) 和毛壳菌属 (*Chaetomium*) ($(11.35 \pm 4.64)\%$),被孢霉属相对丰度呈降低趋势,非盐渍土处理组 W2 水平较 W0 水平显著降低了 65.15%;镰孢菌属在 W2 水平的中盐渍土中相对丰度达到最高,较 W0 水平处理组显著升高了 125%;毛壳菌属在弱盐渍土处理组相对丰度达到最高,较 W0 水平处理组显著升高了 152.99%。随盐分胁迫程度增加,镰孢菌属呈降低趋势;被孢霉属和毛壳菌属均无明显变化趋势,毛壳菌属在 W0 水平的 S3 水平较 S1 水平处理组显著升高了 209.95%(图 1)。

基于 Unifrac 距离矩阵进行 UPGMA 聚类分析,对不同处理组土壤真菌丰度相似性进行聚类(图 2)。在 9 种处理下,分支长度较短的组别其进化程度更为接近,相似度更高,即 W0 水平的非盐渍土和弱盐渍土、W1 水平的非盐渍土和中盐渍土、W1 水平和 W2 水平的中盐渍土土壤真菌群落结构两两更为相似。

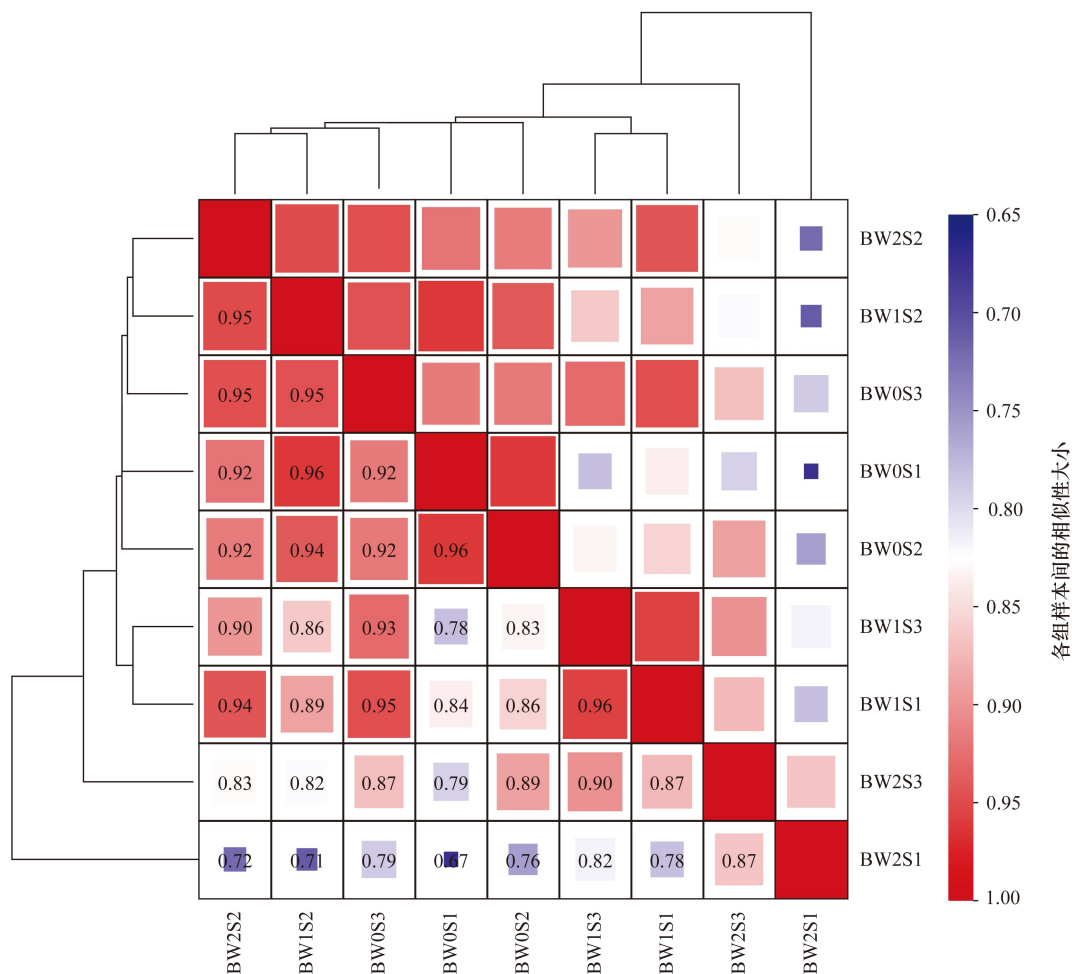


图 2 9 组处理油莎豆土壤真菌群落相对丰度热图

Fig.2 Heatmap of soil fungal community relative abundance in *Cyperus esculentus* field treated by nine groups

B 表示表土 Surface soil; W0:50%标准灌溉定额 50% standard irrigation quota; W1:70%标准灌溉定额 70% standard irrigation quota; W2:标准灌溉定额 standard irrigation quota; S1:非盐渍土 non-saline soil; S2:弱盐渍土 weakly saline soil; S3:中盐渍土 medium saline soil; 色键所代表的颜色表示各组样本间的相似性大小

2.2 土壤真菌群落功能群结构特征

通过功能群结构分析表明,研究区油莎豆土壤真菌包括共生、腐生、病理和复合 4 种营养型(图 3)。土壤真菌主要以腐生营养型为主($(16.66 \pm 1.66)\%$),病理营养型次之($(3.44 \pm 0.77)\%$)。腐生营养型真菌主要由木质腐生真菌、粪腐生真菌和土壤腐生真菌组成,其中,木质腐生真菌群是最具代表性的功能群,在 W0 水平

的中盐渍土处理下其占比最高达到 3.78%。病理营养型真菌主要由植物病原菌和动物病原菌组成,并包含少量的真菌寄生菌,其中,植物病原菌群是最具代表性的功能群,在 W1 水平的中盐渍土处理下其占比最高。随灌溉量增加,共生营养型和腐生营养型真菌占比均呈先降低后升高趋势,病理营养型真菌占比呈先升高后降低趋势;随盐胁迫程度增加,共生营养型真菌较为稳定,腐生营养型和病理营养型真菌均呈先降低后升高趋势。另外,双因素方差分析发现,不同灌水和盐分处理对油莎豆土壤真菌营养型组成并无显著交互作用。

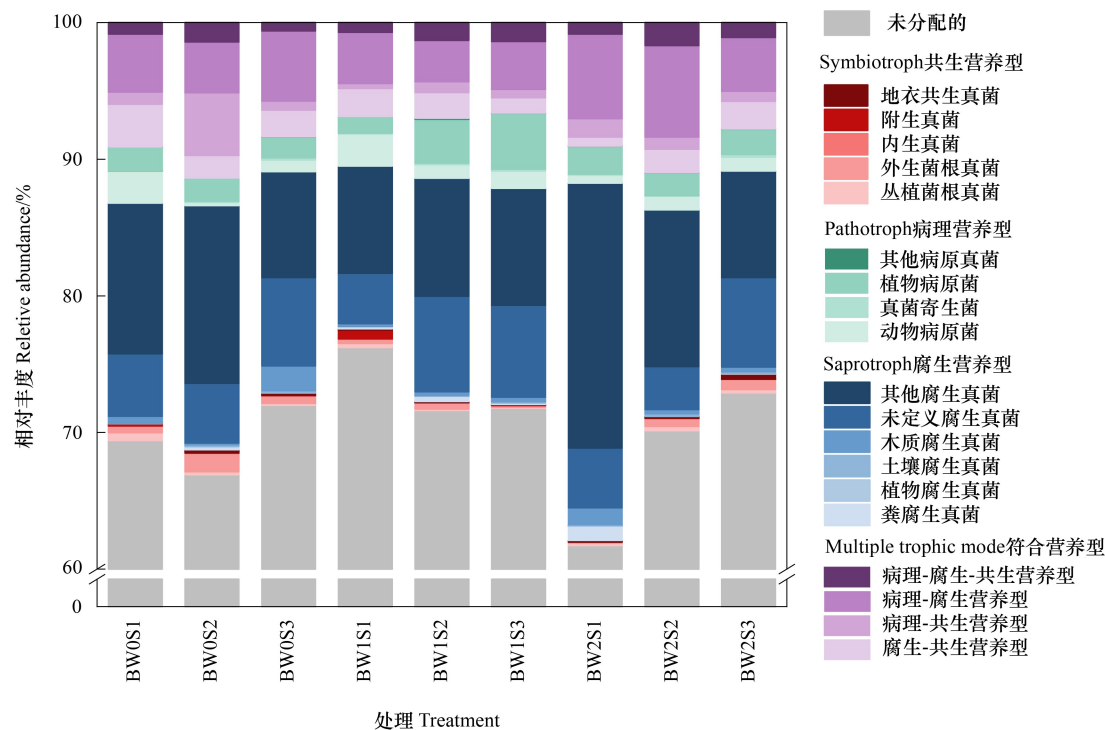


图 3 不同水盐处理下油莎豆土壤真菌功能群的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of functional groups of soil fungi in *Cyperus esculentus* field under different irrigation and salinity treatments

使用非度量多维尺度法 (NMDS), 基于 Bray-curtis 距离对样本进行功能群水平聚类, 压力值 (Stress) 为 0.079, 表明拟合度良好 (图 4)。可以发现随灌溉量增加, 各组处理样本沿着横轴方向依次排列, 说明灌溉量变化对真菌群落结构有影响。弱、中盐渍土处理样本点较近, 而非盐渍土相距较远, 说明盐分对真菌群落结构有影响。

2.3 土壤真菌群落与土壤氮磷含量的关系

不同水盐处理下土壤的理化性质如图 5 所示。样地土壤全氮、全磷含量均随灌溉量增加呈显著降低趋势 ($P<0.05$), 表明土壤养分含量减少。而盐胁迫对全氮全磷含量无显著影响 ($P>0.05$)。通过土壤理化性质与真菌多样性和真菌营养型相对丰度的 Spearman 相关性分析发现 (表 2), 不同多样性指数中仅 Chao1 指数与土壤全磷含量显著负相关 ($P<0.05$), 真菌营养型与土壤理化性质均无显著相关关系 ($P>0.05$)。

真菌群落在两个排序轴上的解释度分别为 91.13%

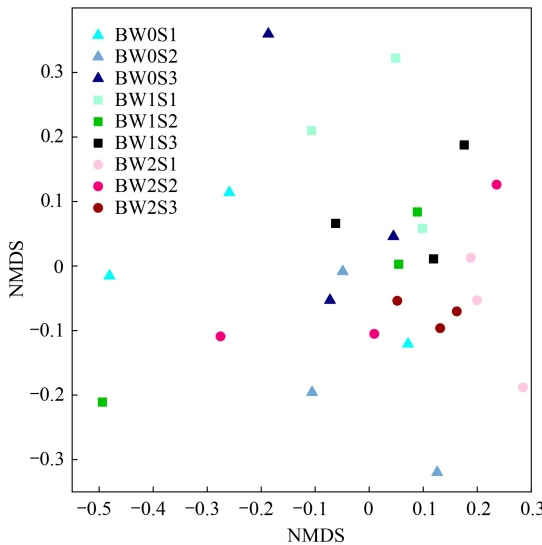


图 4 油莎豆土壤真菌群落的非度量多维尺度排序

Fig.4 Nonmetric multidimensional scale ordination of soil fungal communities in *Cyperus esculentus* field

和 8.87%,说明 RDA 的结果可靠(图 6)。蒙特卡洛检验的结果表明,土壤全氮($P=0.015$)和全磷($P=0.022$)是影响土壤真菌群落最主要的因素,与第一排序轴负相关,相关系数分别为 -0.6257 和 -0.1380 。土壤真菌优势属分布受环境因子影响,其中腐质霉属(*Humicola*)与土壤全磷相关性最大,假裸囊菌属(*Pseudogymnoascus*)和 *Solicoccozyma* 与土壤全氮相关性最大。

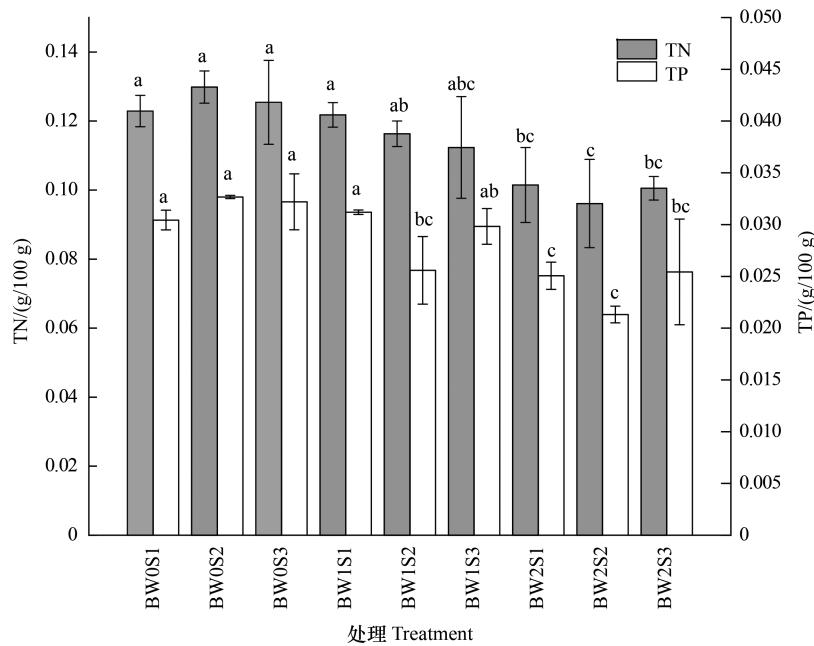


图 5 不同水盐处理下油莎豆土壤氮磷含量

Fig.5 Soil nitrogen and phosphorus content under different soil moisture and salty treatments in *Cyperus esculentus* field

不同小写字母表示各处理间存在显著差异, $P<0.05$;TN:土壤全氮 Soil total nitrogen;TP:土壤全磷 Soil total phosphorus

表 2 油莎豆土壤真菌多样性和营养型相对丰度与土壤理化性质的相关性

Table 2 Correlation between soil fungal diversity in *Cyperus esculentus* field and relative abundance of trophic modes together with soil physicochemical properties

项目 Item	Chao1	Shannon	Simpson	共生营养型 Symbiotroph	腐生营养型 Saprotroph	病理营养型 Pathotroph
TN	-0.237	0.111	0.356	-0.336	-0.150	-0.143
TP	-0.400 *	0.037	0.226	-0.204	-0.079	-0.270

* 表示 $P<0.05$; TN:土壤全氮 Soil total nitrogen;TP:土壤全磷 Soil total phosphorus

3 讨论

3.1 不同水盐处理对土壤真菌结构和多样性的影响

从真菌门水平上看,前郭尔罗斯灌区油莎豆土壤真菌主要由子囊菌门、被孢霉门及担子菌门组成,约占总数的 96%。这与晋西北丘陵区、宁夏中部干旱带、新疆北疆地区风沙土真菌群落结构的研究结论相似^[19–21],其中,子囊菌门和被孢霉门真菌相对丰度最高。子囊菌门是木质素、纤维素等膳食纤维的最主要分解者,由于油莎豆根系发达,土壤中根系残存木质化残屑、纤维素等较多^[22],因此促进了子囊菌门丰度的增加。本研究中,随着灌水量的减少被孢霉门真菌丰度呈下降趋势,这与被孢霉门真菌丰度受限于土壤养分有关,通常在养分丰度的土壤中丰度较高^[23],因此随着灌水量的减少呈下降趋势。

从真菌属水平上看,本研究中随灌水量增加,有益真菌如被孢霉属真菌数量呈降低趋势,而镰孢菌等导致作物病害的病原真菌数量呈升高趋势,该结果表明低灌溉处理更有利于改善农田土壤真菌群落结构,使得有

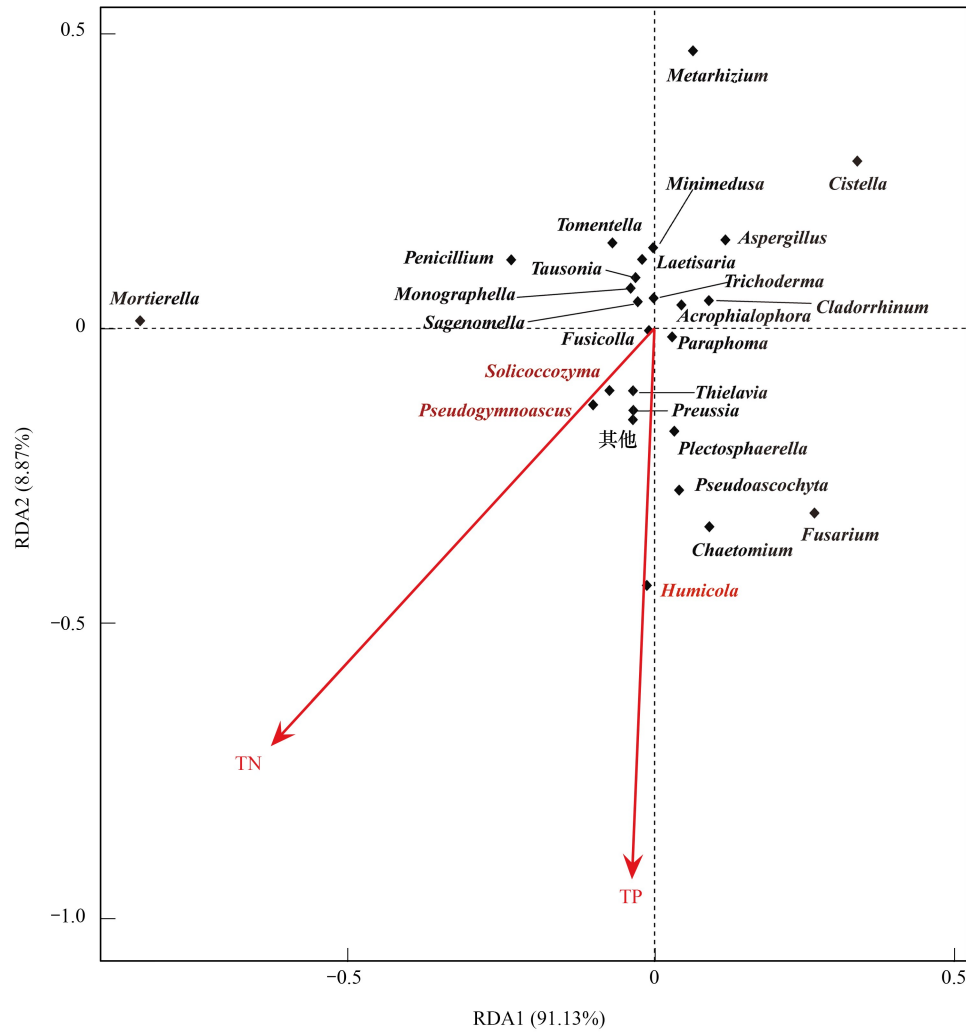


图 6 油莎豆土壤性质与真菌关系 RDA 分析的二维排序

Fig.6 Two dimensional sequencing of redundancy analysis on the relationship between soil properties and fungi in *Cyperus esculentus* field
Trichoderma: 木霉属; *Paraphoma*: 异茎点霉属; *Thielavia*: 梭孢壳属; 图中仅展示属水平占比大于等于 10% 的真菌与土壤性质的关系; TN: 土壤全氮 Soil total nitrogen; TP: 土壤全磷 Soil total phosphorus

益真菌比例增加^[24]。盐处理并未造成土壤真菌属水平上的显著改变($P>0.05$)。由此可知,油莎豆农田土壤真菌群落主要受到灌溉量影响^[25]。土壤真菌群落多样性指数在各水盐处理下不存在显著差异($P>0.05$),且不受水盐处理交互影响,表明土壤真菌群落多样性未受到水盐环境的显著影响。Gao 等认为真菌可以在土壤含水量较低的情况下产生更多菌丝,以实现在逆境下从土壤微孔中获取水分和养分^[26],这也解释了本研究中真菌群落多样性对不同土壤环境高度耐受性的表现。

3.2 不同水盐处理对土壤真菌群落营养型的影响

土壤真菌群落主要划分为共生、腐生、病理和复合 4 种营养型。随灌溉量的增加,油莎豆农田中腐生和共生营养型真菌均呈先降低后升高趋势,病理营养型真菌呈先升高后降低趋势,即病理营养型与腐生和共生营养型真菌丰富呈负相关。这种负相关关系在以往研究中也已被证明,如赵珮杉等研究表明^[27],共生营养型和腐生营养型真菌可对植物致病菌产生拮抗作用,减少病理营养型的定殖以保护植物免受病害^[28]。本研究中,高灌溉量条件下,病理营养型真菌丰度最低、腐生和共生营养型丰度最高,这与 Lin^[29]等研究结果相一致,即土壤水分条件较好的生境更有利于腐生和共生营养型真菌的扩繁,抑制病理性真菌的危害。在本研究中,土壤盐碱程度对真菌营养型并无显著影响($P>0.05$),且水、盐两因素对真菌营养型并无显著交互效应,据此可

知,油莎豆农田中土壤营养型更多的受制于土壤含水率的变化。

3.3 土壤氮磷含量对真菌群落结构的影响

在干旱半干旱生态系统中,土壤真菌一方面受到土壤水分的直接影响,另一方面也受到因土壤水分引发的土壤养分的限制^[30-31]。在本研究中,由于灌溉量的改变,油莎豆农田土壤养分状况受到显著影响($P<0.05$)(图 5),随灌水量增加土壤全氮全磷含量呈显著降低趋势($P<0.05$),作者认为该结果是由于高土壤含水量下土壤养分淋溶作用加强导致的结果^[32]。土壤养分含量的减少阻碍了油莎豆农田土壤真菌群落的生存,降低了优势属的相对丰度,该结果与徐飞等^[34]、李佳文等^[33]的研究相一致。本研究冗余分析结果表明,土壤全磷含量是影响土壤环境中真菌群落丰富度的关键环境要素(表 2),该结果在孙鹏洲等^[34]和 Dang 等^[35]探讨土壤理化因子与土壤真菌群落关系的研究中得到佐证。由此可以推断,灌溉处理可以通过改变土壤养分组成影响真菌的代谢过程和功能特征。土壤盐碱程度对油莎豆农田土壤全氮全磷含量无显著影响($P>0.05$),水、盐两因素也并无显著交互作用,故可造成盐碱地区油莎豆农田土壤养分环境的主要因素是灌溉,而非土壤含盐量。

4 结论

研究区油莎豆土壤表层土真菌群落包括 13 门 43 纲 114 目 224 科 434 属 679 种。各水盐处理下土壤的优势菌门均为子囊菌门、被孢霉门及担子菌门,研究区土壤真菌以腐生营养型为主,病理营养型次之。随灌水量增加,优势属由被孢霉属变为镰孢菌属和毛壳菌属,高灌溉量情境下,腐生和共生营养型真菌丰度升高,而病理营养型真菌丰度降低。土壤真菌群落结构和功能均受灌溉量的制约,灌溉一方面通过改变土壤含水率,另一方面通过改变土壤养分含量对油莎豆农田土壤真菌群落结构和功能产生影响。油莎豆农田土壤真菌不受土壤含盐量的显著影响,水、盐双因素对油莎豆农田土壤表层真菌无交互效应。

参考文献(References):

- [1] 张树萌,黄懿梅,倪银霞,钟祺琪. 宁南山区人工林草对土壤真菌群落的影响. 中国环境科学, 2018, 38(4): 1449-1458.
- [2] 王根全,郝晓芬,郭二虎,杨慧卿,张艾英,程乔林,秦玉忠,王军. 连作与轮作谷子根际土壤真菌群落分布特征. 中国生态农业学报:中英文, 2022, DOI: 10.12357/cjea.20220577
- [3] Cordovez V, Dini-Andreote F, Carrion V, Raaijmakers J. Ecology and evolution of plant microbiomes. Annual Review of Microbiology, 2019, 73(1): 69-88.
- [4] Vaishnav A, Shukla A K, Sharma A, Kumar R, Choudhary D K. Endophytic bacteria in plant salt stress tolerance: current and future prospects. Journal of Plant Growth Regulation, 2019, 38(2): 650-668.
- [5] 唐浩琪,张娜,孙波,梁玉婷. 典型农田土壤中丛枝菌根真菌-根际细菌互作及与氮磷利用的关系. 微生物学报, 2020, 60(6): 1117-1129.
- [6] 陈永亮,陈保冬,刘蕾,胡亚军,徐天乐,张莘. 丛枝菌根真菌在土壤氮素循环中的作用. 生态学报, 2014, 34(17): 4807-4815.
- [7] Singh P K, Singh M, Tripathi B N. Glomalin: an arbuscular mycorrhizal fungal soil protein. Protoplasma, 2013, 250(3): 663-669.
- [8] 邹锋,李金前,韩丽丽,马燕天,王滨花,葛刚,吴兰. 鄱阳湖湿地土壤微生物活性对年际水文变化的响应. 湖泊科学, 2019, 31(2): 551-559.
- [9] 周慧,史海滨,郭珈玮,徐昭,付小军,李正中. 盐分与有机无机肥配施对土壤氮素矿化的影响. 农业机械学报, 2020, 51(5): 295-304.
- [10] Krishnamoorthy R, Kim K, Kim C, Sa T M. Changes of arbuscular mycorrhizal traits and community structure with respect to soil salinity in a coastal reclamation land. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 72: 1-10.
- [11] Wu N, Li Z, Tang M. Impact of salt and exogenous AM inoculation on indigenous microbial community structure in the rhizosphere of dioecious plant, *Populus cathayana*. Scientific Reports, 2021, 11: 18403.
- [12] Thiem D, Piernik A, Hryniewicz K. Ectomycorrhizal and endophytic fungi associated with *Alnus glutinosa* growing in a saline area of central Poland. Symbiosis, 2018, 75(1): 17-28.
- [13] Yang R, Qin Z F, Wang J J, Xu S, Zhao W, Zhang X X, Huang Z Y. Salinity changes root occupancy by arbuscular mycorrhizal fungal species. Pedobiologia, 2020, 81/82: 150665.
- [14] 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.
- [15] de Vries F T, Liiri M E, Bjørnlund L, Bowker M A, Christensen S, Setälä H M, Bardgett R D. Land use alters the resistance and resilience of soil food webs to drought. *Nature Climate Change*, 2012, 2(4): 276-280.
- [16] 高永生, 徐晓丽, 吴俊清, 黄伟峰. 外源钨对油莎豆幼苗耐盐性的生理调控作用. *中国稀土学报*, 2012, 30(5): 605-611.
- [17] 刘娜, 赵泽宇, 姜喜铃, 邢晓科. 菌根真菌提高植物抗旱性机制的研究回顾与展望. *菌物学报*, 2021, 40(4): 851-872.
- [18] Nguyen N H, Song Z W, Bates S T, Branco S, Tedersoo L, Menke J, Schilling J S, Kennedy P G. FUNGuild: An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 2016, 20: 241-248.
- [19] 刘爽, 王雅, 刘兵兵, 刘海龙, 刘勇. 晋西北不同土地管理方式对土壤碳氮、酶活性及微生物的影响. *生态学报*, 2019, 39(12): 4376-4389.
- [20] 孙倩, 吴宏亮, 陈阜, 康建宏. 宁夏中部干旱带不同作物根际土壤真菌群落多样性及群落结构. *微生物学通报*, 2019, 46(11): 2963-2972.
- [21] 唐琦勇, 朱静, 楚敏, 顾美英, 孙建, 艾尼江·吾斯满, 张志东. 北疆盐角草内生真菌群落组成和分布. *干旱区资源与环境*, 2021, 35(5): 137-143.
- [22] 李明源, 王继莲, 周茜, 张甜, 美合热阿依·木台力甫. 南疆四种盐生植物根际土壤真菌群落结构特征. *生态学报*, 2021, 41(21): 8484-8495.
- [23] 阳祥, 李先德, 刘吉龙, 林少颖, 尹晓雷, 王维奇, 张永勋. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析. *环境科学学报*, 2022, 42(4): 432-442.
- [24] 陈祖静, 高岗坤, 陈园, 何平会, 何茜, 邱权, 李吉跃. 短期施肥对桉树人工林土壤真菌群落结构及功能类群的影响. *生态学报*, 2020, 40(11): 3813-3821.
- [25] 郑勇, 贺纪正. 森林土壤微生物对干旱和氮沉降的响应. *应用生态学报*, 2020, 31(7): 2464-2472.
- [26] Gao Y, Xu X T, Ding J J, Bao F, De Costa Y G, Zhuang W Q, Wu B. The responses to long-term water addition of soil bacterial, archaeal, and fungal communities in a desert ecosystem. *Microorganisms*, 2021, 9(5): 981.
- [27] 赵珮杉, 郭米山, 高广磊, 丁国栋, 张英, 任悦. 半干旱-亚湿润干旱沙区樟子松根内真菌群落结构和功能时空动态特征. *环境科学*, 2023, 44(1): 502-511.
- [28] 赵珮杉, 郭米山, 高广磊, 丁国栋, 张英. 科尔沁沙地樟子松根内真菌群落结构和功能群特征. *林业科学*, 2020, 56(9): 87-96.
- [29] Lin Y B, Kong J J, Yang L, He Q, Su Y, Li J Y, Wang G Y, Qiu Q. Soil bacterial and fungal community responses to throughfall reduction in a *Eucalyptus* plantation in Southern China. *Forests*, 2021, 13(1): 37.
- [30] 赵维军, 马欢, 朱清科, 张岩, 刘蕾蕾, 王瑜. 陕北黄土区微地形土壤水分对降水特征的响应. *农业机械学报*, 2014, 45(5): 118-124.
- [31] 季凌飞, 倪康, 马立锋, 陈兆杰, 赵远艳, 阮建云, 郭世伟. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响. *生态学报*, 2018, 38(22): 8158-8166.
- [32] 徐飞, 张拓, 怀宝东, 隋文志, 杨雪. 土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响. *环境科学*, 2021, 42(5): 2531-2540.
- [33] 李佳文, 赵珮杉, 高广磊, 任悦, 丁国栋, 张英, 郭米山, 魏晓帅. 陕西榆林沙区樟子松根内真菌群落结构和功能群特征. *菌物学报*, 2020, 39(10): 1854-1865.
- [34] 孙鹏洲, 罗珠珠, 李玲玲, 牛伊宁, 蔡立群, 刘家鹤, 王晓菲. 黄土高原干旱区长期种植紫花苜蓿和一年生作物轮作对土壤真菌群落的影响. *中国生态农业学报: 中英文*, 2022, 30(6): 965-975.
- [35] Dang P, Vu N H, Shen Z, Liu J L, Zhao F, Zhu H L, Yu X, Zhao Z. Changes in soil fungal communities and vegetation following afforestation with *Pinus tabulaeformis* on the Loess Plateau. *Ecosphere*, 2018, 9(8): e02401.