

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2021.04.001

入侵地加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落结构及多样性

杨海君^{1,2}, 王巧¹, 万自学¹, 张正云¹, 陈丹丹¹, 谭菊^{3*}

¹湖南农业大学植物保护学院, 湖南长沙 410128; ²湖南农业大学资源环境学院, 湖南长沙 410128;

³湖南省长沙生态环境监测中心, 湖南长沙 410014

摘要:【目的】探明严重入侵地加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落结构。【方法】采集长沙县黄花镇郭公渡 5 处严重入侵地加拿大一枝黄花根际和非根际土壤, 应用 Illumina 高通量测序技术研究加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落结构及多样性。【结果】加拿大一枝黄花根际土壤有机质含量显著高于非根际土壤, 二者间含水量差异不显著。在微生物群落多样性和丰度上, 根际土壤细菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数均大于非根际土壤, Chao1 指数和 ACE 指数均小于非根际土壤, 而根际土壤真菌的 Shannon 指数和 Simpson 指数均小于非根际土壤, Chao1 指数和 ACE 指数均大于非根际土壤。在门水平上, 酸杆菌门 Acidobacteriota 和变形菌门 Proteobacteria 的细菌总相对丰度在根际和非根际土壤样品中占比分别为 42.92% 和 34.23%。子囊菌门 Ascomycota 的真菌相对丰度在根际土壤和非根际土壤样品中占比分别为 58.6% 和 57.3%。在属水平上, 根际土壤细菌中太阳念珠菌属 *Candidatus Solibacter*、*Ellin6067*、伯克氏菌属 *Burkholderia*-*Caballeronia*-*Paraburkholderia* 和慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium* 的相对丰度明显高于非根际土壤, 而不动杆菌属 *Acinetobacter* 的相对丰度显著低于非根际土壤。根际土壤真菌中的小画线壳属 *Monographella*、鬼笔属 *Phallus*、被孢霉属 *Mortierella*、镰刀菌属 *Fusarium*、斜盖伞属 *Clitopilus* 的相对丰度均明显高于非根际土壤, 而 *Sistotrema*、*unidentified Ascomycota_sp*、*unidentified Paraglomerales_sp*、茶渍属 *Lecanora* 的相对丰度明显低于非根际土壤。【结论】加拿大一枝黄花的入侵改变了根际微生物群落结构及组成, 使之与非根际存在一定的差异, 为加拿大一枝黄花成功入侵的机理研究提供理论支撑。

关键词: 加拿大一枝黄花; 根际土壤微生物; 非根际土壤微生物; 高通量测序; 土壤微生物群落结构



开放科学标识码
(OSID 码)

Structure and diversity of microbial communities in the rhizosphere and non-rhizosphere soil in areas with invasive *Solidago canadensis* L.

YANG Haijun^{1,2}, WANG Qiao¹, WAN Zixue¹, ZHANG Zhengyun¹, CHEN Dandan¹, TAN Ju^{3*}

¹School of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China;

²School of Resources and Environment, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China;

³Changsha Ecological Environment Monitoring Center of Hunan Province, Changsha, Hunan 410014, China

Abstract: 【Aim】 This study aimed to explore the microbial community structure in the rhizosphere and non-rhizosphere soils of *Solidago canadensis*. 【Method】 Five rhizosphere and non-rhizosphere soils of *S. canadensis* from Guogongdu, Huanghua Town, Changsha County were collected and the microbial community structure and diversity in the rhizosphere and non-rhizosphere soils of *S. canadensis* were studied using Illumina high-throughput sequencing technology. 【Result】 The organic matter content in the rhizosphere soil of *S. canadensis* was significantly higher than that of non-rhizosphere soil, and there was no significant difference in water content. Regarding diversity and abundance of the microbial community, the Shannon and Simpson indices of rhizosphere soil bacteria were higher than those of non-rhizosphere soil, and the Chao1 and ACE indices were lower than those of non-rhizosphere soil. The Shannon and Simpson indices of fungi in rhizosphere soil were lower than those in non-rhizosphere soil, and the Chao1 and ACE indices were higher than those of non-rhizosphere soil. At the phylum level, the relative abundances of Acidobacteria and Proteobacteria were relatively

收稿日期 (Received): 2021-05-16 接受日期 (Accepted): 2021-09-02

基金项目: 湖南省自然科学基金 (2020JJ6059)

作者简介: 杨海君, 男, 教授, 博士。研究方向: 环境污染与治理研究。E-mail: 1227677453@qq.com

* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: 12374811@qq.com

high, and the proportions of the two in the rhizosphere and non-rhizosphere soil samples were 42.92% and 34.23%, respectively. Ascomycota accounted for 58.6% and 57.3% of the fungi in the rhizosphere soil and non-rhizosphere soil samples, respectively. At the genus level, the relative abundances of *Candidatus Solibacter*, *Ellin6067*, *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*, and *Bradyrhizobium* in rhizosphere soil bacteria were significantly higher than those of non-rhizosphere soils, whereas that of *Acinetobacter* was significantly lower than in non-rhizosphere soils. The relative abundances of *Monographella*, *Phallus*, *Mortierella*, *Fusarium*, and *Clitopilus* in the rhizosphere soil were significantly higher than those in the non-rhizosphere soil. The relative abundances of *Sistotrema*, unidentified *Ascomycota*_sp, unidentified *Paraglomerales*_sp, and *Lecanora* were significantly lower than those in non-rhizosphere soils. 【Conclusions】 The invasion of *S. canadensis* changed the structure and composition of the inter-root microbiological community compared to the non-rhizosphere. These results provide insights on the effects of the invasion of *S. canadensis* on soil.

Key words: *Solidago canadensis*; rhizosphere soil microorganism; non-rhizosphere soil microorganism; high-throughput sequencing; microbial community structure of soil

随着全球贸易的快速发展、气温变暖以及旅游和交通的不断发展,外来植物入侵的趋势不断加剧,入侵植物对入侵地的生态环境、社会经济、生态安全和人类健康产生了严重影响,遏制外来植物入侵已成为亟待解决的难题(许光耀等,2018)。外来植物成功入侵新生境主要是由于自身具有较强的入侵力和新栖息地具有较高的可侵入性(何锦峰,2008)。解释外来植物成功入侵主要有天敌逃避假说(Wolfe,2002)、资源可获得性假说(Davis *et al.*,2000)、生态位机会假说(Shea & Chesson,2002)、多样性抵抗假说(Kennedy *et al.*,2002)等。随着对外来植物入侵的机理及生态学过程的深入研究,部分研究者发现,土壤微生物对外来植物的成功入侵发挥着十分重要的作用,外来植物引起的“入侵灾难”是由土壤微生物介导的(Zhang *et al.*,2020)。外来入侵植物与土壤微生物关系的研究日益得到国内外学者的重视(管铭等,2015;彭鑫怡等,2019)。近年来,土壤微生物在外来植物入侵过程中的作用越来越受到重视。入侵植物与根际微生物之间有着显著的关联性,一方面,植物入侵到新的栖息地后能够促进其根际土壤微生物群落结构的演替、改变土壤理化性质、强化微生物群落功能的发挥、创造适合自身生长发育的土壤微环境,进而加快入侵进程(王桔红等,2016)。如恶性入侵植物互花米草 *Spartina alterniflora* Loisel.、紫茎泽兰 *Eupatorium adenophora* Spreng.、空心莲子草 *Alternanthera philoxeroides* (Mart.) Griseb.、豚草 *Ambrosia artemisiifolia* L. 等入侵新生境后,土壤微生物群落结构和多样性均发生了改变,进而影响了植物对养分的吸收以及土壤的营养循环和能量流动(柳旭等,2019;孙建茹等,2019;王志勇等,2013;郑洁等,2017)。另一方

面,根际微生物可以协助植物吸收和利用土壤养分,促进植物生长,提高抗逆性,使植物免受致病菌的侵害(黄芳芳等,2020)。研究发现,丛枝菌根真菌可以显著提高入侵植物的生长和对养分的吸收、增强对本地植物的竞争能力、加速入侵植物的扩张进程(李立青等,2016;祁珊珊等,2020;张玉曼等,2015)。如小蓬草 *Erigeron canadensis* L.、紫茎泽兰和黃顶菊 *Flaveria bidentis* (L.) Kuntze 等植物入侵新生境后,根际益生菌群落明显占据优势地位,在一定程度上能够帮助宿主适应各种环境(程丹丹等,2019;柳旭等,2019;赵晓红等,2014)。

加拿大一枝黄花 *Solidago canadensis* L. 属菊科一枝黄花属,多年生草本植物,原产于加拿大和美国,1935 年作为观赏植物引种到我国,后逸生成为恶性杂草,并于 2010 年被列入中国重要外来有害植物名录(上海科学院,1999)。研究人员通过对加拿大一枝黄花的快速入侵、定殖与机理的研究发现,其成功入侵定殖与根际微生物关系密切,但尚未全面、深入探究其根际和非根际土壤微生物的群落特征。陈晨等(2009)对加拿大一枝黄花根际部分可培养细菌进行了多样性分析,但未揭示根际和非根际土壤微生物群落之间的差异。基于此,本研究应用高通量测序技术研究加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落结构及其微生物区系结构上的差异,分析加拿大一枝黄花成功入侵与根际土壤微生物群落结构的关联性,揭示加拿大一枝黄花对入侵地土壤微生物多样性的影响,以期对加拿大一枝黄花的入侵机制和生态防治研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

土壤样品采自湖南省长沙市黄花镇郭公渡

(28°16'N, 113°12'E)。试验地属亚热带季风性气候,年平均温度 16.8~17.2℃,最高温度 40.6℃,最低温度 -12℃。样地为加拿大一枝黄花严重危害地块,为害时间 9~10 年。样地上加拿大一枝黄花为单一种群,样方中加拿大一枝黄花密度 62 株·m⁻²,零星伴生有狗尾草 *Setaria viridis* (L.) Beauv. 和空心莲子草。

1.2 样品采集

2021 年 1 月 17 日,在研究区采集根际和非根际土壤。随机选取与入侵地块相距 20 m 的 3 m×3 m 样方 5 个,采用 5 点采样法在每个样方内采集 5 个子样本,将 5 个子样本混合在一起作为该样方内的土壤样本,以降低土壤异质性的干扰(侯乾, 2020)。在采集加拿大一枝黄花根际土壤样品时,先清除伴生植物,再挖取整株加拿大一枝黄花,揉捏加拿大一枝黄花茎秆,拍打掉大块土壤,轻摇根部,抖落土壤后,用灭菌的刷子轻刷黏附在加拿大一枝黄花根表面的土壤,即为每个子样本的根际土壤,每个样方采集的 5 个子样本的根际土壤充分混匀则为 1 个样方的根际土壤样品,5 个样方采集的根际土壤充分混匀则为 1 个根际土壤样品。以加拿大一枝黄花根系周围 20 cm 左右的混合土壤作为非根际土壤,采集根际土壤时一并采集非根际土壤,将 5 个样方非根际土壤充分混匀则为 1 个非根际土壤样品。根际土壤样品和非根际土壤样品各分 2 份,用无菌自封袋封装,一份用于土壤理化性质测定,一份置于冷却箱中(温度 4℃),并立即转移到实验室-80℃超低温冰箱,备用。

1.3 土壤理化性质测定

土壤 pH 值采用电位法测定(中国科学院南京土壤研究所, 1978);土壤含水量采用烘干法测定(鲁如坤, 2000);土壤有机质含量采用直接电位滴定法测定(周天阳等, 2018)。

1.4 土壤微生物高通量测序

将-80℃下保存的根际和非根际土壤样品于超净工作台中用 1.5 mL 离心管进行分装,根际和非根际土壤分别设土壤细菌和真菌样品 2 个处理,每个处理 3 个重复,共 12 个土壤样品。加拿大一枝黄花根际土壤细菌样品编号为 R1(RB1、RB2、RB3),非根际土壤细菌样品编号为 N1(NRB1、NRB2、NRB3);根际土壤真菌样品编号为 R2(RF1、RF2、RF3),非根际土壤真菌样品为 N2(NRF1、

NRF2、NRF3)。将土壤样品送至北京诺禾致源科技股份有限公司进行土壤微生物高通量测序。使用 515F 5'-GTGCCAGCCGGTAA-3' 和 907R 5'-CCGTCAATTCTTACTTT-3' 对 16S rRNA 基因 V4 区进行 PCR 扩增。将同一样本的 PCR 产物混合后使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行回收产物纯化,2% 琼脂糖凝胶电泳检测,并用 Quantus™ Fluorometer (Promega, USA) 对回收产物进行检测、定量。使用 NEXT-FLEX Rapid DNA-Seq Kit 进行建库。利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台进行测序。

1.5 数据分析

使用 Qiime 软件 (Version 1.9.1) 计算 Alpha 多样性指数,用 R 软件 (Version 2.15.3) 绘制稀释曲线和 PCA 图,并进行 Alpha 多样性指数组间差异和 Beta 多样性指数组间差异分析。采用 Excel 2010 与 SPSS 21.0 进行数据处理,利用 Origin 8.0 进行数据分析和制图。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

经测定,加拿大一枝黄花根际土壤的含水量、有机质含量、pH 值分别为 26.44%、6.63%、5.47;非根际土壤的含水量、有机质含量、pH 值分别为 23.74%、5.36%、5.62。二者间的土壤含水量差异显著($P<0.05$),非根际土壤的有机质含量显著低于根际土壤($P<0.05$),这主要是由于加拿大一枝黄花的入侵增加了生境中土壤有机质含量(陆建忠等, 2005),加拿大一枝黄花根际土壤和非根际土壤微生物群落之间的差异,造成了土壤有机质累积和消耗的速率不同。二者的土壤 pH 值无显著性差异($P>0.05$),但根际土壤的 pH 值低于非根际土壤,这可能是加拿大一枝黄花根系分泌物对土壤性质的调节所致,表明加拿大一枝黄花的入侵改变了土壤 pH 值,以创造有利于其入侵的土壤环境(梁雷等, 2016)。陆建忠等(2005)研究发现,野外加拿大一枝黄花入侵地 pH 值低于裸地,有机质含量则高于裸地,这表明,加拿大一枝黄花能够调节土壤的 pH 值和有机质含量,本研究结果与其研究结果趋于一致。

2.2 土壤微生物样品测序结果

入侵地加拿大一枝黄花根际土壤和非根际土

壤采用 Illumina MiSeq 测序后,共得到 12 个样本序列数据。根际土壤细菌共得到原始序列 299812 条,经拼接、质控后得到有效序列 189753 条,平均序列长度为 415 bp;根际土壤真菌共得到原始序列 314892 条,经拼接、质控后得到有效序列 201418 条,平均序列长度为 339 bp。非根际土壤细菌共得到原始序列 291587 条,经拼接、质控后得到有效序

列 182610 条,平均序列长度为 414 bp;非根际土壤真菌共得到原始序列 303830 条,经拼接、质控后得到有效序列 187380 条,平均序列长度为 336 bp。从样品稀释曲线(图 1)看,随根际土壤和非根际土壤测序数量的增加,细菌和真菌的稀释曲线斜率均逐渐降低,曲线逐渐趋向平坦,说明测序数据量较为合理,更多的数据量仅产生少量新的物种。

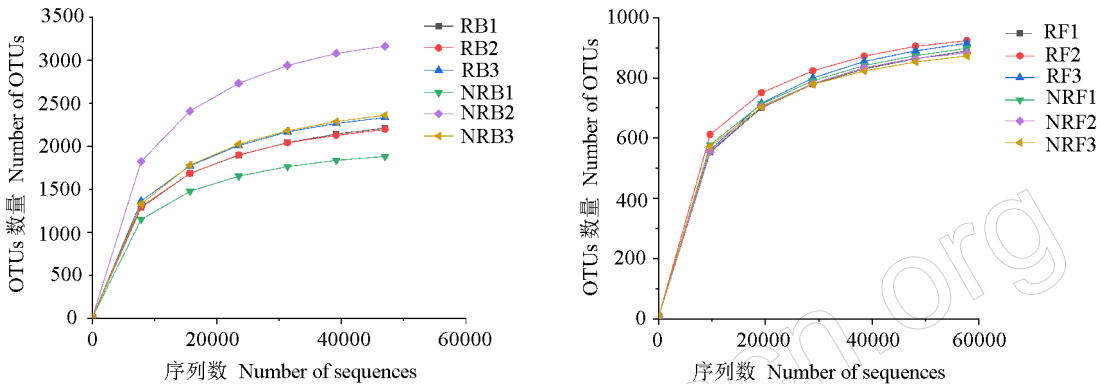


图 1 土壤样品稀释曲线

Fig.1 Dilution curves of the soil samples

RB1、RB2、RB3 和 NRB1、NRB2、NRB3 分别为根际和非根际土壤细菌样品;

RF1、RF2、RF3 和 NRF1、NRF2、NRF3 分别为根际和非根际土壤真菌样品。

RB1, RB2, RB3 and NRB1, NRB2, NRB3 were rhizosphere and non-rhizosphere soil bacteria samples, respectively.

RF1, RF2, RF3 and NRF1, NRF2, NRF3 were rhizosphere and non-rhizosphere soil fungi samples, respectively.

2.3 土壤微生物群落多样性和丰富度分析

2.3.1 Alpha 多样性指数组间差异分析 从表 1 可知,R1 的 Shannon 指数(9.0650)和 Simpson 指数(0.9950)均大于 N1 的 Shannon 指数(9.0020)和 Simpson 指数(0.9940),表明根际土壤细菌的群落多样性高于非根际土壤细菌的群落多样性。R1 的 Chao1 指数(2423.5000)和 ACE 指数(2445.3670)均小于 N1 的 Chao1 指数(2599.9600)和 ACE 指数(2642.4850),这表明根际土壤细菌的丰度低于非根际土壤细菌的丰度。但二者间的群落多样性和丰度无显著差异($P>0.05$)。R2 的 Shannon 指数(6.0130)和 Simpson 指数(0.9320)均小于 N2 的 Shannon 指数

(6.3960)和 Simpson 指数(0.9580),表明根际土壤真菌的群落多样性低于非根际土壤真菌的群落多样性,R2 的 Chao1 指数(963.3600)和 ACE 指数(972.5100)均大于 N2 的 Chao1 指数(924.7300)和 ACE 指数(937.3210),这表明根际土壤真菌的丰度高于非根际土壤真菌的丰度。但二者间的群落多样性和丰度无显著差异($P>0.05$)。根际土壤和非根际土壤中,土壤细菌的 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数、ACE 指数均高于真菌,说明土壤样品中细菌的群落多样性和丰度均高于真菌。所有样品的覆盖率均大于0.95,说明样品的序列基本上都被检出,表明测序结果可反映检测样品的真实情况。

表 1 加拿大一枝黄花根际和非根际土壤 Alpha 指数

Table 1 Alpha index of rhizosphere and non-rhizosphere soil of *S. canadensis*

样品 Sample	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	覆盖率 Coverage/%
R1	9.0650±0.0890	0.9950±0.0005	2423.5000±57.7400	2445.3670±60.7410	0.9930±0.0000
N1	9.0020±0.5170	0.9940±0.0020	2599.9600±519.6000	2642.4850±558.6470	0.9930±0.0010
P 值 P value	0.8753	0.2524	0.6581	0.6459	1.000
R2	6.0130±0.4760	0.9320±0.0300	963.3600±12.5870	972.5100±14.1500	0.9980±0.0000
N2	6.3960±0.1360	0.9580±0.0080	924.7300±25.9450	937.3210±20.5370	0.9980±0.0004
P 值 P value	0.3355	0.3053	0.1311	0.1167	0.3739

R1、N1 分别为根际和非根际细菌样品,R2、N2 分别为根际和非根际真菌样品。

R1 and N1 were rhizosphere and non-rhizosphere bacteria samples, R2 and N2 were rhizosphere and non-rhizosphere fungi samples, respectively.

2.3.2 OTU 丰度分析 由图 2 可知,加拿大一枝黄花根际和非根际土壤样品共获得的细菌 OTUs 数为 5313 个,它们共有的 OTUs 数量为 1851,非根际土壤细菌特有的 OTUs 数量比根际土壤细菌特有的 OTUs 数量多,说明非根际土壤的细菌种类较多。两个样品共获得的真菌 OTUs 数为 1444 个,它们共有的 OTUs 数量(1029)明显高于其特有的 OTUs 数,说明根际和非根际真菌组成相似性较高。

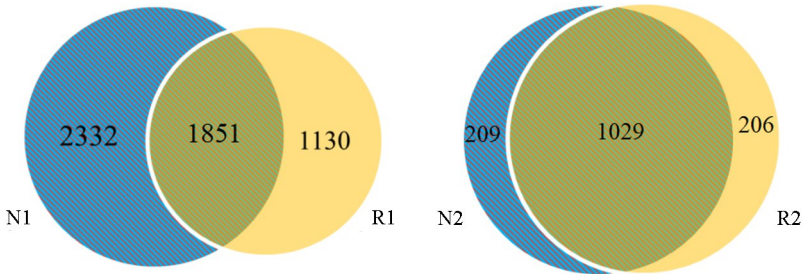


图 2 加拿大一枝黄花根际和非根际土壤韦恩图

Fig.2 The OTUs Venn map of rhizosphere and non-rhizosphere soil of *S. canadensis*

R1、N1 分别为根际和非根际细菌样品,R2、N2 分别为根际和非根际真菌样品。

R1 and N1 were rhizosphere and non-rhizosphere bacteria samples, R2 and N2 were rhizosphere and non-rhizosphere fungi samples, respectively.

2.4 土壤微生物群落结构分析

2.4.1 根际和非根际微生物群落组成分析 根据物种注释结果,选取加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物在门水平上最大丰度排名前 10 的物种,生成物种相对丰度柱形累加图(图 3)。由图 3 可知,在门水平上根际和非根际土壤样品的优势细菌均为酸杆菌门 Acidobacteriota 和变形菌门 Proteobacteria,两者的细菌总相对丰度在根际和非根际土中分别为 42.92%和 34.23%。根际土壤样品优势真菌为子囊菌门 Ascomycota、被孢霉门 Mortierello-

mycota 和担子菌门 Basidiomycota,非根际土壤样品优势真菌为子囊菌门 Ascomycota、担子菌门 Basidiomycota 和球囊菌门 Glomeromycota。其中,子囊菌门 Ascomycota 为根际土壤和非根际土壤中相对丰度最高的优势真菌,占比分别为 58.6%和 57.3%。整体来说,加拿大一枝黄花根际土壤样品中的优势微生物相对丰度大于非根际土壤。加拿大一枝黄花根际和非根际微生物优势菌物种丰度在门的水平上有着明显的差异,说明加拿大一枝黄花入侵对根际微生物群落结构有一定的影响和调节作用。

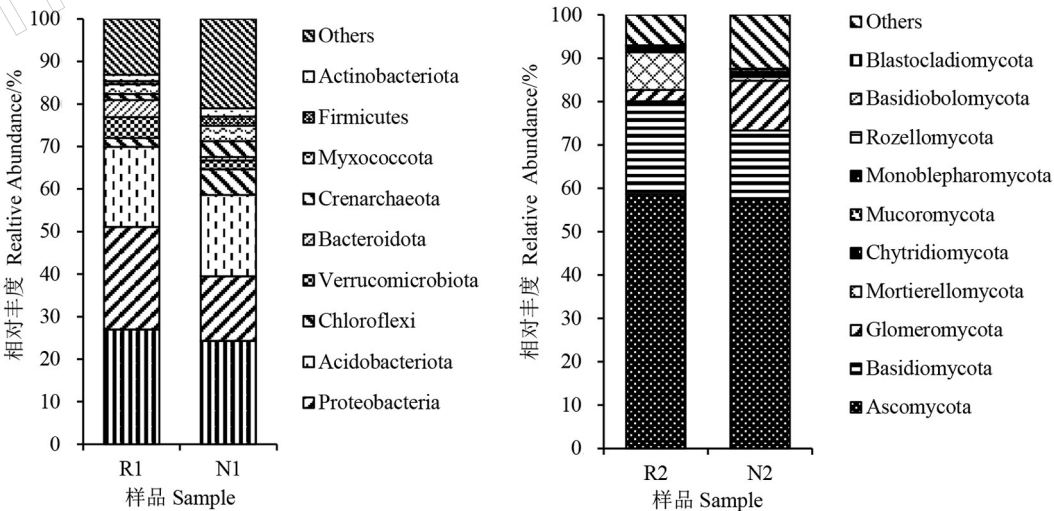


图 3 加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落在门分类水平的组成和相对丰度

Fig.3 Composition and relative abundance of soil microbial communities in rhizosphere and non-rhizosphere of *S. canadensis* at phylum level

R1、N1 分别为根际和非根际细菌样品,R2、N2 分别为根际和非根际真菌样品。

R1 and N1 were rhizosphere and non-rhizosphere bacteria samples, R2 and N2 were rhizosphere and non-rhizosphere fungi samples, respectively.

由图 4 可知,在加拿大一枝黄花根际土壤和非根际土壤细菌中,太阳念珠菌属 *Candidatus Solibacter* 的相对丰度均为最高,分别为 3.9%、2.1%。各菌属的相对丰度都存在着明显的差异,根际土壤中太阳念珠菌属、*Ellin6067*、伯克氏菌属 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* 和慢生根瘤菌属 *Bradyrhizobium* 的相对丰度明显高于非根际土壤,而不动杆菌属 *Acinetobacter* 的相对丰度显著低于非根际土壤。根际土壤真菌中的小画线壳属 *Monographella*、鬼笔属 *Phallus*、被孢霉属 *Mortierella*

la、镰刀菌属 *Fusarium*、斜盖伞属 *Clitopilus* 的相对丰度分别为 20.2%、10.0%、8.6%、5.8%、4.8%,均明显高于非根际土壤,而 *Sistotrema*、*unidentified_Ascomycota_sp*、*unidentified_Paraglomerales_sp*、茶渍属 *Lecanora* 的相对丰度明显低于非根际土壤,占根际土壤真菌的比例分别为 0.6%、2.0%、0.4%、1.2%。这说明加拿大一枝黄花根际和非根际土壤真菌物种种类和丰度在属的水平上都有较大的差距,优势菌群也互不相同。

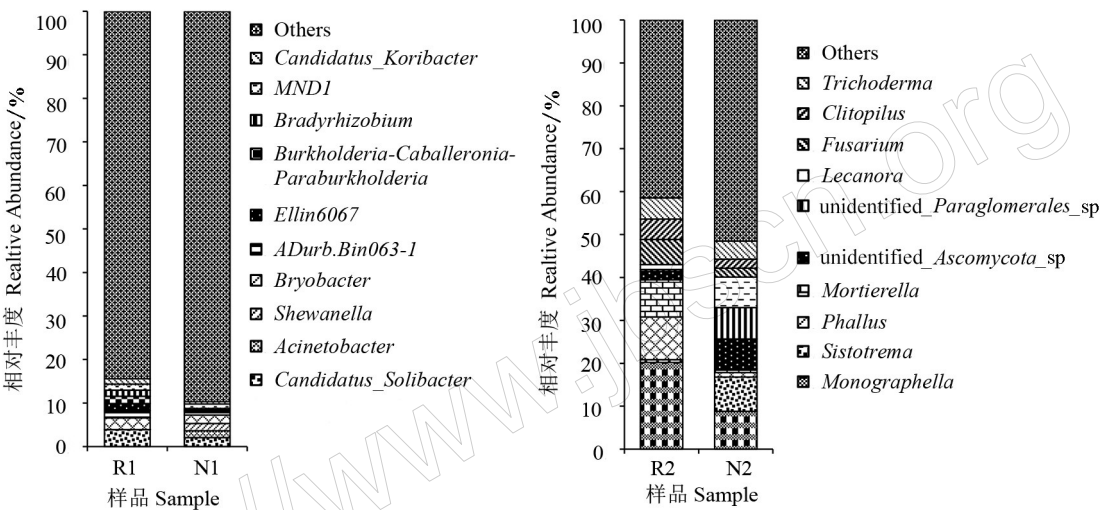


图 4 加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落在属分类水平的组成和相对丰度

Fig.4 Composition and relative abundance of soil microbial communities in rhizosphere and non-rhizosphere of *S. canadensis* at genus level

R1、N1 分别为根际和非根际细菌样品,R2、N2 分别为根际和非根际真菌样品。

R1 and N1 were rhizosphere and non-rhizosphere bacteria samples, R2 and N2 were rhizosphere and non-rhizosphere fungi samples, respectively.

根据土壤样品在属水平的物种注释及丰度信息,选取丰度排名前 35 的属,进行物种和样品的聚类分析,结果如图 5 所示。组内样品 3 个重复均聚类在一起,说明重复性较好。由组间样品聚类分析可知,根际土壤细菌群落中优势菌属主要集中于鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonas*、*Haliangium*、*MND1* 等 23 个属,而非根际土壤的优势菌属主要集中于 *Erysipelatoclostridium*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、不动细菌属 *Acinetobacter* 等 12 个属,其中根际土壤中 *Masilia*、苯丙叶杆菌属 *Phenylobacterium*、*Candidatus Nitrosotalea*、科巴菌属 *Candidatus Koribacter* 等属的相对丰度显著高于非根际土壤,*Erysipelatoclostridium*、*Dongia*、*RB41*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、不动细菌属等属的相对丰度显著低于非根际土壤,说明根际和非根际土壤细菌群落差异较大。根际土壤优势

菌属主要集中于 *Paraglomus*、*Mortierella*、*肱骨菌属 Humicla* 等 14 属,而非根际土壤真菌优势菌属主要集中于 *Crassiparies*、树粉孢属 *Oidiodendron*、*Lecanora* 等 21 个属,说明根际和非根际土壤真菌群落也有着较大的差异。

2.4.2 PCA 分析 PCA 分析可以直观地反映土壤样品间的差异性或相似性。由图 6 可知,细菌群落组成 PCA 分析结果中主成分 1 和主成分 2 的贡献率分别为 43.36% 和 25.43%。加拿大一枝黄花根际土壤细菌群落之间的距离比较近,说明它们的群落组成比较相似,而非根际土壤细菌群落较为分散,说明它们的群落组成差异较大,群落相似性低。从组间对比可知,R1 和 N1 群落分布距离相差较大,说明加拿大一枝黄花根际和非根际土壤细菌群落组成存在较大的差异。真菌群落组成 PCA 分析结果中主成分

1 和主成分 2 的贡献率分别为 31.18% 和 19.16%。加拿大一枝黄花根际和非根际土壤真菌群落组内分布都较为分散,组间的差异性较大,说明根际和非根际土壤真菌群落组成有很大的不同。所以,无论是细菌群落结构还是真菌群落结构,加拿大一枝黄花根

际和非根际土壤都存在较大的差异。这可能是由于加拿大一枝黄花通过根系活动改变了根际土壤的理化性质等,从而改变根际微生物群落的组成,使得根际和非根际土壤微生物组成和多样性存在差异。

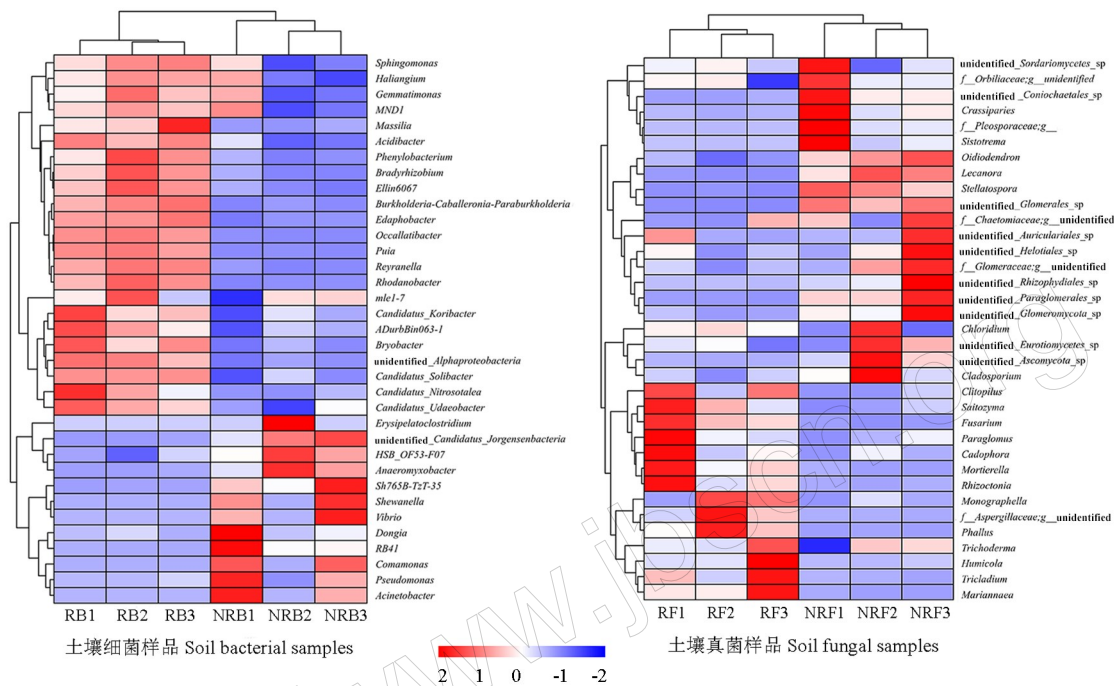


图 5 加拿大一枝黄花根际和非根际土壤微生物群落聚类热图

Fig.5 Cluster heat map of rhizosphere and non-rhizosphere soil microbial communities of *S. canadensis*

RB1、RB2、RB3 和 NRB1、NRB2、NRB3 分别为根际和非根际土壤细菌样品；
RF1、RF2、RF3 和 NRF1、NRF2、NRF3 分别为根际和非根际土壤真菌样品。
RB1, RB2, RB3 and NRB1, NRB2, NRB3 were rhizosphere and non-rhizosphere soil bacteria samples, respectively.
RF1, RF2, RF3 and NRF1, NRF2, NRF3 were rhizosphere and non-rhizosphere soil fungi samples, respectively.

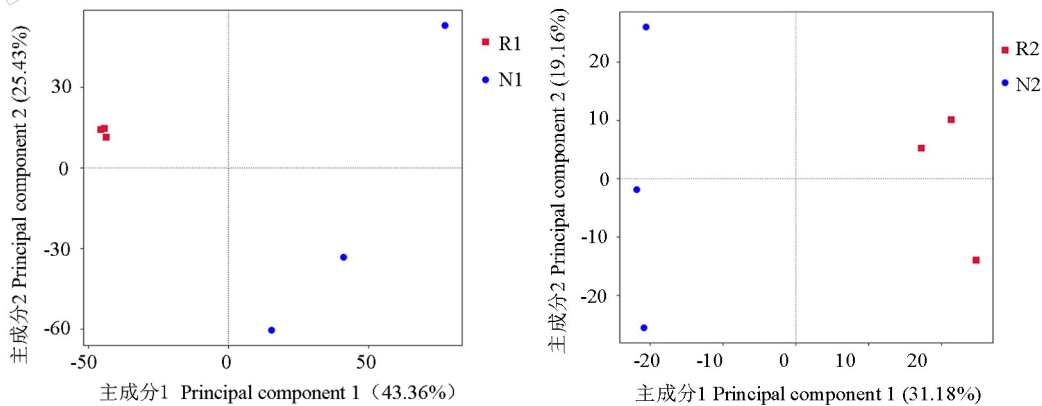


图 6 加拿大一枝黄花根际土壤和非根际土壤细菌和真菌群落结构组成的 PCA 分析

Fig.6 Principal component analysis of microbial community structure in rhizosphere soil and non-rhizosphere soil of *S. canadensis*

3 讨论

本研究表明,加拿大一枝黄花根际土壤含水量和有机质含量显著高于非根际土壤,而 pH 值低于

非根际土壤,这与梁雷等(2016)研究发现的加拿大一枝黄花入侵能够显著降低土壤 pH 值结果一致。在加拿大一枝黄花入侵对土壤有机质含量影响方面,本研究结果发现,加拿大一枝黄花入侵增加了

土壤有机质,与陆建忠等(2005)研究的加拿大一枝黄花入侵增加了有机质库相一致。加拿大一枝黄花根际土壤和非根际土壤微生物多样性和丰富度都存在着一些差距,其中根际土壤细菌的多样性高于非根际土壤,丰富度则低于非根际土壤,而两者真菌的多样性和丰富度差异情况与细菌刚好相反。陈晨等(2009)研究表明,加拿大一枝黄花根际微生物多样性随着入侵时间的延长而增加。周振荣(2010)研究也发现,加拿大一枝黄花根部土壤微生物的生物量显著高于周围土壤,对细菌和放线菌有促进作用,他们的研究结果均与本研究结果有类似之处。

此外,本研究结果还表明,加拿大一枝黄花长期生长对土壤中微生物群落结构也产生了一定影响,具体表现在根际土壤和非根际土壤中细菌和真菌的物种组成及其相对丰度的不同。加拿大一枝黄花根际土壤优势细菌主要属于变形菌门,优势真菌主要属于子囊菌门、担子菌门和被孢霉门,而非根际优势细菌主要属于酸杆菌门,优势真菌主要属于子囊菌门、担子菌门和球囊菌门。付伟(2017)在不同入侵程度下加拿大一枝黄花根际细菌群落结构和功能差异的研究中也证实了加拿大一枝黄花根际细菌群落中,变形菌门的丰度是最高的,与本研究的结果类似。

外来植物在入侵过程中能够使入侵地的土壤微生物多样性和群落结构及功能发生变化,从而增强对环境的适应能力,有利于自身的入侵和生长(Tebeest *et al.*, 2009)。而土壤微生物的改变同样也反作用于土壤环境,通过改变土壤的理化性质和物理特性,更适合入侵植物的定殖和扩张(彭鑫怡等, 2019)。加拿大一枝黄花的入侵极大程度上依赖于根际有益微生物,这与其竞争能力也息息相关(Dela *et al.*, 2006)。Dong *et al.* (2015)研究发现,培育加拿大一枝黄花的土壤中,真菌、需氧细菌和真菌/细菌比率随着土壤培养时间的增加显著降低,而厌氧菌和革兰氏阴性/阳性细菌比率随土壤培养时间增加而显著增加。沈荔花(2007)研究发现,加拿大一枝黄花对根际土壤真菌的数量有抑制效应,对根际土壤反硝化细菌、反硫化细菌和嫌气性纤维素分解菌的数量有抑制作用,但对亚硝酸细菌、硫化细菌和好气性自生固氮菌的数量均有促进作用。由此可知,加拿大一枝黄花的根系活动对根

际微生物多样性、丰富度和群落结构有一定的调节作用,但具体的调节机制尚不明确。加拿大一枝黄花通过根系分泌次生代谢物调节土壤的理化性质,改变土壤内部营养循环,进而影响着土壤微生物的种类和数量及其分布,说明根系分泌物是加拿大一枝黄花与土壤微生物之间的重要枢纽之一(郭水良, 2005; 李国庆, 2009; 袁仁文等, 2020)。本研究测定了加拿大一枝黄花根际和非根际土壤细菌和真菌的多样性、丰富度和群落组成结构及相对丰度,分析了加拿大一枝黄花根际和非根际微生物群落之间的差异,但尚未明晰该入侵植物调整根际微生物群落的方式和后果,优势细菌和真菌的区别在两者错综复杂的关系中具体起到了怎样的作用。因此,关于加拿大一枝黄花入侵后,产生变化的微生物物种在这个过程中的功能和作用还需要进一步研究。

参考文献

- 陈晨, 傅盈盈, 黄璐, 王云菁, 何小丽, 肖明, 2009. 上海崇明东滩加拿大一枝黄花根际部分可培养细菌的多样性分析. 上海师范大学学报(自然科学版), 38(5): 516-521.
- 程丹丹, 赵菁, 田忠赛, 2019. 入侵植物小蓬草的细菌群落组成和多样性研究. 安全与环境工程, 26(2): 16-24.
- 付伟, 2017. 不同入侵程度下加拿大一枝黄花根际细菌群落结构和功能差异. 硕士学位论文. 镇江: 江苏大学.
- 管铭, 潘小翠, 张崇邦, 王江, 2015. 外来植物入侵的微生物生态学研究进展. 浙江大学学报(理学版), 42(4): 445-452.
- 郭水良, 2005. 加拿大一枝黄花的生态位及其入侵对植物群落的影响. 生物数学学报, 20(1): 91-96.
- 何锦峰, 2008. 外来植物入侵机制研究进展与展望. 应用与环境生物学报, 14(6): 863-870.
- 侯乾, 2020. 连作马铃薯全生育期根际微生物多样性研究及施肥对其的影响. 硕士学位论文. 北京: 中国农业科学院.
- 黄芳芳, 李勤, 黄建安, 2020. 茶树根际微生物研究进展. 茶叶科学, 40(6): 715-723.
- 李国庆, 2009. 入侵植物加拿大一枝黄花对根际土壤微生物群落多样性的影响研究. 硕士学位论文. 福州: 福建农林大学.
- 李立青, 张明生, 梁作盼, 肖博, 万方浩, 刘万学, 2016. 丛枝菌根真菌促进入侵植物紫茎泽兰的生长和对本地植物竞争效应. 生态学杂志, 35(1): 79-86.
- 梁雷, 叶小齐, 吴明, 邵学新, 李长明, 2016. 加拿大一枝黄花入侵对杭州湾湿地围垦区土壤养分及活性有机碳组分的影响. 土壤, 48(4): 680-685.

- 柳旭, 孔令杰, 杨康, 韩月龙, 张风娟, 2019. 紫茎泽兰不同入侵区域土壤细菌群落多样性比较研究. 生物安全学报, 28(1): 49-58.
- 鲁如坤, 2000. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社.
- 陆建忠, 裘伟, 陈家宽, 李博, 2005. 入侵种加拿大一枝黄花对土壤特性的影响. 生物多样性, 13(4): 347-356.
- 彭鑫怡, 李永春, 王秀玲, 李永夫, 陈志豪, 徐秋芳, 2019. 植物入侵对土壤微生物的影响. 浙江农林大学学报, 36(5): 1019-1027.
- 祁珊珊, 贺芙蓉, 汪晶晶, 李琴, 戴志聪, 杜道林, 2020. 丛枝菌根真菌对入侵植物南美蟛蜞菊生长及竞争力的影响. 微生物学通报, 47(11): 3801-3810.
- 上海科学院, 1999. 上海植物志. 上海: 上海科学技术文献出版社.
- 沈荔花, 2007. 外来植物加拿大一枝黄花(*Solidago canadensis* L.)入侵的化感作用机制研究. 博士学位论文. 福州: 福建农林大学.
- 孙建茹, 陈雪, 桑晓玲, 蒙彦良, 贾月月, 张风娟, 2019. 入侵豚草与本地植物竞争对丛枝菌根真菌多样性的影响. 菌物学报, 38(11): 1918-1929.
- 王桔红, 张丽娜, 陈学林, 陈文, 2016. 入侵植物对根际土壤微生物群落影响的研究进展. 生态科学, 35(6): 204-210.
- 王志勇, 方治伟, 江雪飞, 郑慧, 袁继红, 2013. 空心莲子草入侵对土壤 AM 真菌生物量和群落结构的影响: 以湖北省典型区域为例. 应用与环境生物学报, 19(1): 105-112.
- 许光耀, 李洪远, 莫训强, 杨军中, 2018. 入侵植物生态效应及其影响因素研究进展. 安全与环境学报, 18(1): 375-380.
- 袁仁文, 刘琳, 张蕊, 范淑英, 2020. 土壤根际分泌物与土壤微生物互作关系的机制研究进展. 中国农学通报, 36(2): 26-35.
- 张玉曼, 王月, 李乔, 张风娟, 万方浩, 2015. AM 真菌影响入侵植物黄顶菊与本土物种狗尾草竞争生长的机理研究. 西北植物学报, 35(6): 1215-1221.
- 赵晓红, 杨殿林, 曲波, 王慧, 刘红梅, 赖欣, 皇甫超河, 2014. 黄顶菊入侵对土壤氨氧化细菌群落结构及多样性的影响. 生态学杂志, 33(6): 1492-1500.
- 郑洁, 刘金福, 吴则焰, 洪伟, 何中声, 蓝亦琦, 刘思迪, 2017. 闽江河口红树林土壤微生物群落对互花米草入侵的响应. 生态学报, 37(21): 7293-7303.
- 中国科学院南京土壤研究所, 1978. 土壤理化分析. 上海: 上海科学技术出版社.
- 周天阳, 高景, 王金牛, 孙建, 徐波, 薛晶月, 贺俊东, 谢雨, 吴彦, 2018. 基于群落结构及土壤理化性质对围封7年青藏高原东南缘高山草地的综合评价. 草业学报, 27(12): 1-11.
- 周振荣, 2010. 外来入侵植物加拿大一枝黄花对根际土壤微环境的影响研究. 硕士学位论文. 南京: 南京农业大学.
- DAVIS M A, GRIME J P, THOMPSON K, 2000. Fluctuating resources in plant communities: a general theory of invasibility. *Journal of Ecology*, 88(3): 528-534.
- DELA P E, RODRIGUEZ E S, VAN DER PUTTEN W H, FREITAS H, MOENS M, 2006. Mechanism of control of root-feeding nematodes by mycorrhizal fungi in the dune grass *Ammophila arenaria*. *New Phytologist*, 169(4): 829-840.
- DONG L J, SUN Z K, GAO Y, WEI M H, 2015. Two-year interactions between invasive *Solidago canadensis* and soil decrease its subsequent growth and competitive ability. *Journal of Plant Ecology*, 8(6): 617-622.
- KENNEDY T A, NAEEM S, HOWE K M, KNOPS J M H, TILMAN D, REICH P, 2002. Biodiversity as a barrier to ecological invasion. *Nature*, 417: 636-638.
- SHEA K, CHESSON P, 2002. Community ecology theory as a framework for biological invasions. *Trends in Ecology & Evolution*, 17(4): 170-176.
- TEBEEST M, STEVENS N, OLFF H, VAN DER PUTTEN W H, 2009. Plant-soil feedback induces shifts in biomass allocation in the invasive plant *Chromolaena odorata*. *Journal of Ecology*, 97(6): 1281-1290.
- WOLFE L M, 2002. Why alien invaders succeed: support for the escape-from-enemy hypothesis. *The American Naturalist*, 160(6): 705-711.
- ZHANG Z J, LIU Y J, BRUNEL C, KLEUNEN M V, 2020. Soil-microorganism-mediated invasional meltdown in plants. *Nature Ecology & Evolution*, 4(12): 1612-1621.

(责任编辑: 郑珊珊)