

# 高寒沙地不同林龄柠条锦鸡儿根际和非根际土壤微生物的多样性研究

王丽<sup>1</sup> 张登山<sup>1,2\*</sup> 王乐<sup>1</sup> 路海玲<sup>1</sup>

(1.青海大学 青海西宁, 80016; 2.青海师范大学高原科学与可持续发展研究院 青海西宁, 810016)

**摘要:**【目的】根际土壤中受植物根系影响的区域,是植物-土壤互作最为重要的界面,对植物生长发育、逆境适应均具有深远影响。锦鸡儿是我国西北地区生态修复应用最广泛的先锋物种,在西北五省区防风固沙和水土流失治理中发挥了重要作用。【方法】本研究以建植 3、10、20 年的柠条锦鸡儿植株为研究对象,研究栽植年限对锦鸡儿土壤根际微生物及根际代谢物多样性的影响。【结果】结果表明建植 20 年后,土壤全氮含量显著增加,其余各处理间差异不显著。柠条锦鸡儿种植显著影响表层土壤速效磷和速效钾含量,特别是对土壤速效钾的影响显著,建植 10 年和 20 年后表层土壤速效钾含量均显著提升。对土壤速效磷的分析发现,建植 3 年后表层土壤速效磷含量略有升高,但较无植被建植的流沙处理无显著差异;随着建植年限的增加,土壤速效磷含量整体呈现下降趋势,建植 20 年后土壤速效磷含量显著低于建植 3 年处理,说明磷是高寒沙地柠条锦鸡儿林地生态恢复的限制性因素。对建植不同年限柠条锦鸡儿根际和非根际土壤细菌 16S rRNA 扩增子数据进行过滤后,36 个样本共计产生 clean tags 4,534,725 条,去除嵌合体(Chimera)后,保留有效 tags 4,015,088 条(各样本有效率保持在 85.03%-89.58%)。基于有效 tags 进行 OUT 丰度统计,共计得到 21,306 个 OUT(样本平均 2970±669 个)。不同建植年限的根际和非根际土壤细菌相对丰度在门水平上存在显著差异,相对丰度较高的物种(排名前 10)主要包括:变形菌(Proteobacteria)、放线菌(Actinobacteria)、芽孢杆菌门(Bacteroidetes)、筒杆菌门(Patescibacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、原球菌门(Planctomycetes)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)、芽孢菌门(Gemmatimonadetes)、粘球菌门(Verrucomicrobia)。真菌 ITS 扩增子基于有效 tags 进行丰度统计共计得到 1370 个 OUT,子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、蜜环菌门(Mortierellomycota)壶菌门(Chytridiomycota)、球菌门(Glomeromycota)、毛霉菌门(Mucoromycota)、玫瑰霉菌门(Rozellomycota)的相对丰度较高,其中子囊菌门占相对丰度的 86.14-98.81%,具有显著优势。【结论】对比根际和非根际土壤微生物多样性发现,非根际土壤的细菌和真菌多样性较根际土壤显著高,说明柠条锦鸡儿通过根系分泌物对其影响范围内的微生物表现出了较强的选择效应。