

DOI: 10.14188/j.ajsh.20240306001

不同海拔武夷岩茶茶园根际土壤真菌多样性特征分析

周艳^{1,2}

(1. 武夷山国家公园科研监测中心, 福建 南平 354300;

2. 武夷山一地好茶生态茶业研究所, 福建 南平 354300)

摘要: 采用高通量测序技术分析比较了一地好茶(YDHC)、程墩毛岭(CDM)和程墩圣旨凹(SZA)3个海拔从低到高武夷岩茶茶园的根际土壤真菌群落组成。结果表明:距离相近的低海拔CDM和YDHC茶园根际土壤真菌群落组成较相似,两者丰富度和多样性均高于高海拔的SZA茶园,且SZA的真菌群落组成与低海拔的差异明显;主要优势真菌门均为子囊菌(Ascomycota)和担子菌(Basidiomycota),且二者相对丰度分别随海拔的升高而增加和减少;主要优势菌属依次为镰孢菌(*Fusarium*)、银耳目分类不明属(norank_o_Tremellales)和伞菌纲分类不明属(norank_c_Agaricomycetes),并分别富集有17种、13种和14种真菌物种;不同海拔之间的茶树根际土壤pH值和速效钾差异显著,pH显著影响真菌群落组成,且低海拔土壤性质对真菌物种的影响强于高海拔;不同海拔根际土壤真菌群落的营养模式以腐生营养型、病理营养型和共生营养型为主,且大部分营养型菌群相对丰度随海拔降低而减少。海拔影响武夷岩茶茶园土壤真菌群落组成,可能影响其相关生态功能和茶叶品质形成。

关键词: 武夷岩茶;海拔;根际土壤;土壤性质

中图分类号: S154.3

文献标志码: A

文章编号: 2096-3491(2024)05-0467-11

Analysis of fungal diversity characteristics in rhizosphere soils of Wuyi rock tea gardens with different elevations

ZHOU Yan^{1,2}

(1. Research Monitoring Center, Wuyishan National Park, Nanping 354300, Fujian, China;

2. Institute of WuyishanYidi Ecological Tea, Nanping 354300, Fujian, China)

Abstract: Fungal diversity and species composition in the rhizosphere soils of Wuyi rock tea gardens were detected by high throughput sequencing and their relationships with soil properties were also investigated. The rhizosphere soils were collected in three tea gardens from low to high elevation, including Yidihaocha (YDHC), Chengdunmaoling (CDM) and Chengdunshengzhiao (SZA) in Wuyishan National Park. The results showed that, the fungal community compositions in CDM and YDHC tea gardens with lower elevations were similar, both richness and diversity of them were higher than those of SZA tea garden with higher elevation, and the fungal community composition of SZA was significantly different from that of the lower elevations. The main dominant fungal phyla were Ascomycota and Basidiomycota, while their relative abundances increased and decreased respectively with the increase of elevation. The main dominant fungal genera were *Fusarium*, norank_o_Tremellales and norank_c_Agaricomycetes, respectively, with 17, 13 and 14 fungal species enriched. pH and available potassium of SZA, CDM and YDHC were significantly different, and pH had significant impact on the fungal composition, and the effects of soil properties on fungal species at low elevation were stronger than at high elevation. The nutritional patterns of fungal communities dominated by saprotroph, pathotroph and

收稿日期: 2024-03-06 修回日期: 2024-05-21 接受日期: 2024-10-14

作者简介: 周艳(1970-),女,高级农艺师,主要从事环境监测和生态茶园研究。E-mail: 497051769@qq.com

基金项目: 福建省林业科技项目(2022FKJ08);福建省科技计划引导性项目(2020N0032;2022N0026);福建省自然科学基金(2021J011049)

引用格式: 周艳. 不同海拔武夷岩茶茶园根际土壤真菌多样性特征分析[J]. 生物资源, 2024, 46(5): 467-477.

Zhou Y. Analysis of fungal diversity characteristics in rhizosphere soils of Wuyi rock tea gardens with different elevations [J]. Biotic Resources, 2024, 46(5): 467-477.

symbiotroph, and most of their relative abundance declined with the decrease of elevation. Elevation affects the fungal community in the rhizosphere soils of Wuyi rock tea gardens, which may affect their ecological functions and tea quality formation.

Key words: Wuyi rock tea; elevation; rhizosphere soil; soil property

0 引言

武夷岩茶是中国十大名茶——乌龙茶的重要组成部分,独特的生长环境是形成优质岩茶的重要因素,其中,海拔是影响茶树生长和茶叶品质形成的重要因素。在武夷山,以乌龙茶工艺加工制作成武夷岩茶^[1]的茶树主要种植在海拔700 m以下的区域。真菌是岩茶生态系统的重要组成部分。真菌群落在作物营养获取、胁迫和抗病中起着重要的作用,也是作物生产力和营养品质的关键预测因子^[2,3]。因此,真菌群落与茶叶产量和品质密切相关,不同海拔的真菌群落多样性和潜在功能可能存在差异^[4-7]。

茶树一般生长于高温、多雨和强淋溶土壤的环境,独特的茶园土壤性质造就了与其他植被土壤截然不同的真菌群落组成^[8,9]。海拔对茶树生长状况和土壤性质产生了显著影响,直接导致真菌群落组成产生了海拔的分布差异^[9]。利用磷脂脂肪酸法(PLFAs)研究发现,不同海拔茶园土壤真菌群落多样性的波动较大,真菌物种分布差异明显^[10],其他研究则认为不同海拔茶园土壤养分是驱动真菌群落多样性和物种分布的重要因素^[11],不同海拔茶园土壤真菌群落组成与茶叶品质形成关系密切^[9-11]。植物通过根际与土壤连接,而根际是植物和微生物相互作用的一个特殊区域,根际微生物主导土壤生态系统分解,对改善土壤微生态环境至关重要^[12]。

本研究以不同海拔武夷岩茶主产区内的具代表性岩茶园根际土壤为研究对象,应用Illumina Miseq高通量测序技术,以18S rRNA基因为分子标记,分析3个不同海拔武夷岩茶茶园根际土壤真菌群落组成,比较不同海拔的茶园土壤真菌群落组成特征及其与土壤理化性质的关系,为武夷岩茶生态茶园建设、茶树种植分布地域和茶叶品质提高提供参考,对武夷山生态环境保护 and 茶产业发展影响具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 土壤样品采集

选取了位于武夷山国家公园内,海拔700 m以下,种植品种为肉桂具代表性的茶园。海拔从低到高依次为一地好茶(海拔360 m,北纬27.73°,东经

117.86°, YDHC)、程墩毛岭(海拔489 m,北纬27.73°,东经117.86°, CDM)和程墩圣旨凹(海拔673 m,北纬27.70°,东经117.85°, SZA)的茶园样地,每个样地坡度、坡向相近,茶树树龄相近。在每个样地选取3个代表性区域,采用“抖落法”采集茶树根际土壤^[13]。每个区域土壤样品去除杂物并充分混匀后分成两份,1份风干后用于测定土壤理化性质,另1份于-80 °C保存,用于土壤总DNA提取。

1.2 土壤理化性质的测定

风干过2 mm筛后土样用于测定pH、铵氮(NH₄⁺)、有效磷(AP)和速效钾(AK);过0.149 mm筛后用于土壤总碳(TC)和总氮(TN)分析。土壤pH值采用复合电极法测定^[14],NH₄⁺、AP和AK分别采用靛酚蓝比色法^[15]、NaHCO₃分光光度法和火焰光度法^[16]测定。运用Vario MAX cube型元素分析仪(Elementar公司,德国)测定土壤总碳(TC)和总氮(TN)后计算土壤碳氮比(C/N)。

1.3 土壤微生物DNA提取和PCR扩增

使用FastDNA Spin Kit(MP Biomedicals公司,美国)试剂盒提取土壤样品总基因组DNA,提取过程按照说明书进行。Qubit™ 4Fluorometer(Thermo Fisher公司,美国)用于测定DNA的浓度和纯度。18S rRNA基因的扩增引物为带有Barcode序列的引物对817F(5'-TTAGCATGGAATA-ATRRAATAGGA-3')和1196R(5'-TCTGGACCT-GGTGAGTTTCC-3')^[17],扩增条件为95 °C预变性3 min;95 °C变性30 s;54 °C退火30 s;72 °C延伸45 s(35个循环);最后72 °C延伸10 min。PCR扩增产物经琼脂糖凝胶电泳后送至上海美吉生物医药科技有限公司,在Illumina Miseq平台上进行测序。

1.4 数据分析

在Majorbio I-Sanger云平台(www.i-sanger.com)进行DNA序列分析。原始序列使用Trimomatic去除嵌合序列,然后用UPARSE 7.1软件将相似性高于97%的优化序列聚类为操作分类单位(operational taxonomic unit, OTU),并用核糖体数据库项目(Ribosomal Database Project, RDP)Classifier软件和SILVA数据库对OTU序列进行分类注释分析^[16]。R语言的Mothur软件包分析了微生物的Ace、Chao、Shannon、Simpson和Coverage等 α -多

样性指数^[17];vegan软件包分析了微生物 OTU 水平韦恩(Venn)图^[17];vegan软件包分析的置换多因素方差(permutational MANOVA,PERMANOVA)结合 Qiime 1.7.0 软件包创建的主坐标分析(principal co-ordinates analysis,PCoA)用于分析 β -多样性^[17];微生物群落结构与土壤理化性质的关系通过 Canoco 4.5 软件包的冗余分析(redundancy analysis, RDA)获得^[17];线性判别分析(linear discriminant analysis, LDA)效应大小(linear effect size, LEfSe)方法用于确定土壤样品间存在显著差异的微生物类群,应用 2.5 的 LDA 阈值和小于 0.05 的显著性来检测独特的微生物类群并比较所有样品^[17];微生物物种与土壤理化性质的相关性网络图使用 vegan 和 igraph 软件包通过 Spearman 相关系数构建,网络图由 Gephi 软件进行可视化^[18]。根据 OTU 分类信息和 FUNGuild v1.0 软件预测真菌群落的功能特征^[19]。IBM SPSS Statistics 26 软件的单因素方差分析(One-way ANOVA)的 Duncan 检验用于分析土壤样品之间土壤理化性质和 α -多样性指数的统计差异。

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质

程墩圣旨凹(SZA)、程墩毛岭(CDM)和一地好茶(YDHC)3个不同海拔茶园根际土壤 pH 值和

速效钾(AK)存在显著差异,而 NH_4^+ 、碳氮比(C/N)、土壤有效磷(AP)差异不显著(图1)。土壤 pH 随着茶园海拔升高而降低,而其他理化性质并没有随海拔不同而产生明显变化,可能是因为大部分土壤理化性质除了受海拔变化影响外,还受茶树植株产生的土壤凋落物及土壤微生物等的影响。

2.2 DNA 序列及真菌 α -多样性

共获得 319 743 条 18S rRNA 基因序列,除真菌外未检测到其他真核生物,含真菌生物 33 门 84 纲 142 目 199 科 241 属和 1 165 个 OTUs。所有样品覆盖度均超过 99%,表明测序深度足以覆盖大部分的微生物。CDM、YDHC 和 SZA 真菌群落丰富度和多样性皆从高到低(图2)。除 Simpson 指数外,不同海拔真菌 α -多样性指数均存在显著性差异,CDM 的 Ace、Chao 和 Shannon 指数均为最高,Simpson 指数最低,且 YDHC 与 CDM 的 Shannon 指数相近,而 SZA 的 Shannon 指数则与 YDHC 的相反。由此可知,不同海拔岩茶根际土壤真菌 α -多样性不同。

2.3 真菌物种组成

2.3.1 真菌物种韦恩图

不同海拔茶园土壤真菌 OTU 水平韦恩图(见图3),共同含有 280 个 OTU,SZA、CDM 和 YDHC 各自特有的分别为 55、274 和 162 个。SZA 与 CDM 和 YDHC 分别共同含有的 OTU 仅为 40 个和 27 个,而 CDM 和 YDHC 共同含有的 OTU 高达 327 个。由此

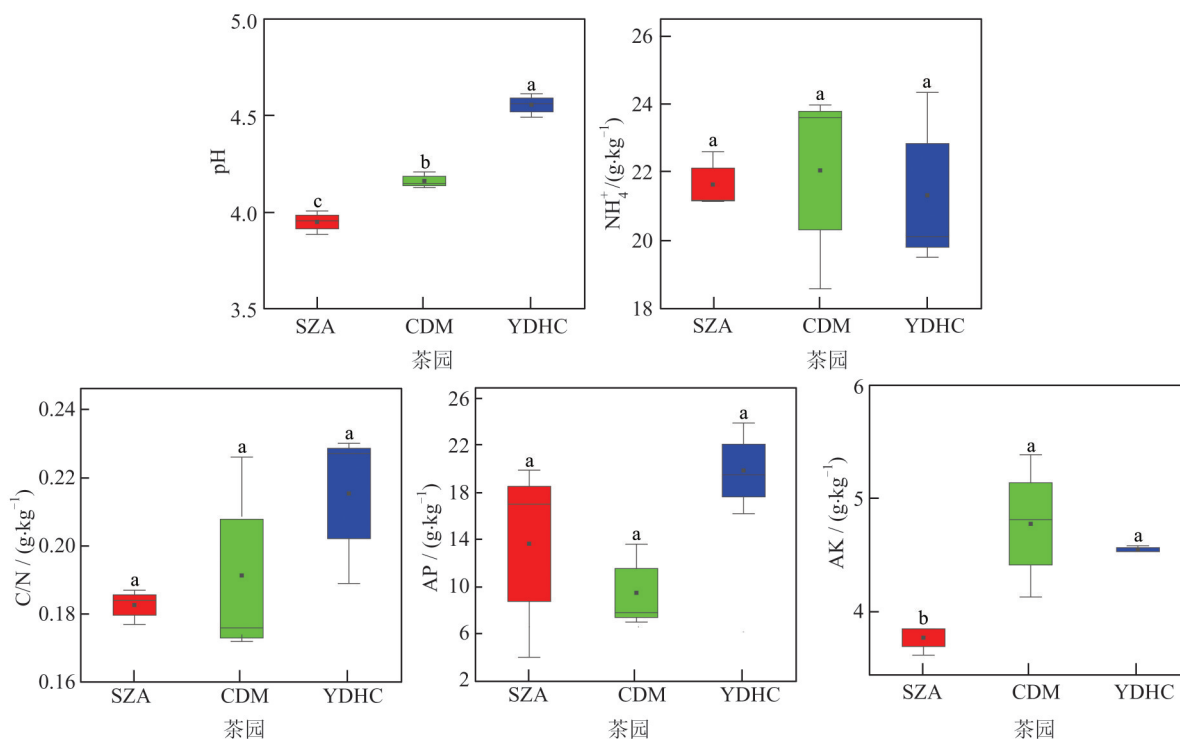


图1 不同海拔茶园根际土壤性质

Fig. 1 Rhizosphere soil properties of the tea gardens with different elevations

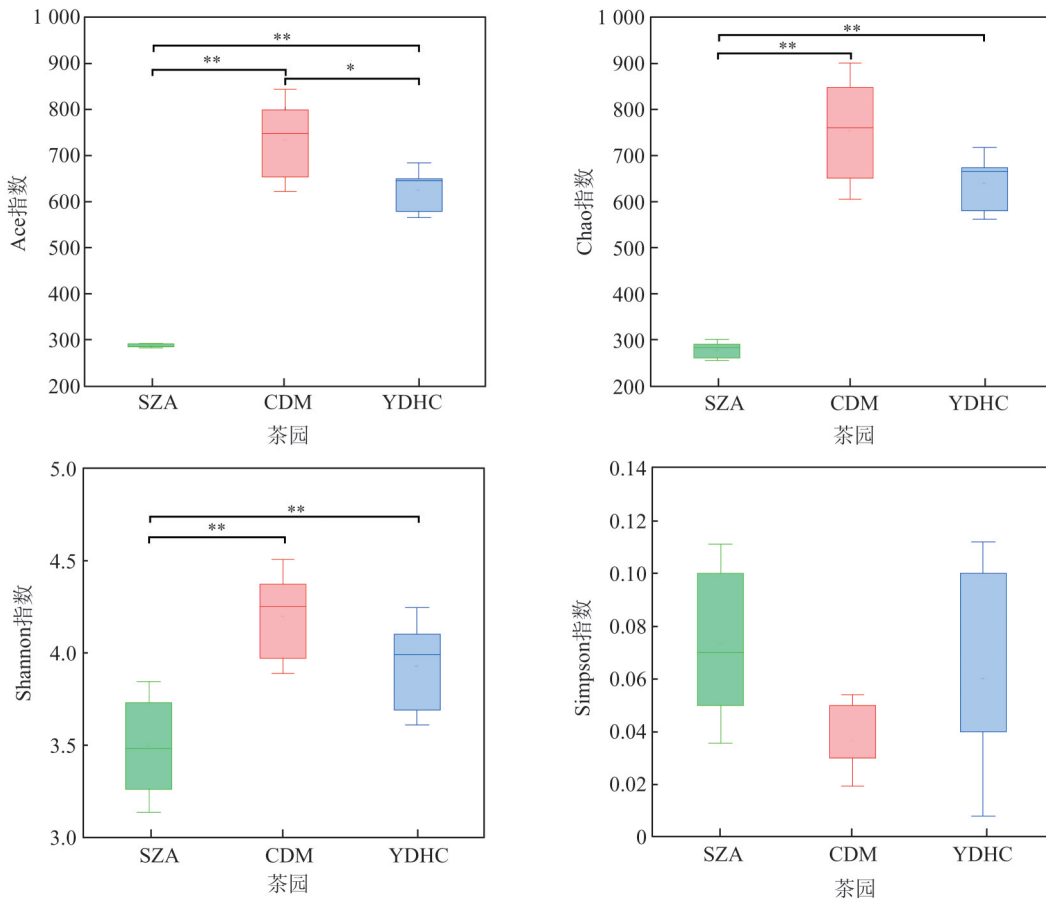


图2 不同海拔茶园根际土壤真菌 α -多样性指数

Fig. 2 Fungal α -diversity index in the rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations

可知,真菌 OTU 组成的独特性大小顺序为:CDM>YDHC>SZA,低海拔 CDM 和 YDHC 的真菌群落组成相似性最高。

2.3.2 真菌群落结构组成

门水平下,3个不同海拔茶园土壤中含有子囊菌(Ascomycota)、担子菌(Basidiomycota)、毛霉菌

(Mucoromycota)、SAR_k_norank、真菌界未分类属和真核域未分类属共6种优势真菌物种(相对丰度>1%)(图4a)。子囊菌是最主要优势门,在SZA、CDM和YDHC中,平均相对丰度分别为74.38%、61.38%和60.73%;子囊菌随着海拔降低而减少;其次是担子菌,在SZA、CDM和YDHC中,平均相对丰度分别为11.93%、23.29%和23.71%,随着海拔降低而增加;而毛霉菌在CDM中丰度最大(6.77%),在SZA中丰度最小(4.56%)。

属水平下,共有42种优势真菌物种(相对丰度>1%)(图4b)。其中,SZA的最优势属是镰孢菌属(*Fusarium*),相对丰度为14.11%;相对丰度>5%的还包括 unclassified_c_Sordariomycetes、*Meliniomyces* 和 缨霉菌属 (*Thysanophora*);CDM最优势属为 norank_o_Tremellales,相对丰度12.66%;相对丰度>5%的还包括 unclassified_o_Eurotiales、木霉菌属 (*Trichoderma*) 毛壳菌属 (*Chaetomium*)、norank_p_Mucoromycota、*Meliniomyces*、镰刀菌和 unclassified_f_Ophiocordycipitaceae;YDHC最优势属为 norank_c_Agaricomycetes,相对丰度12.36%;相对丰度>5%还包括镰孢菌、unclassified_o_Euro-

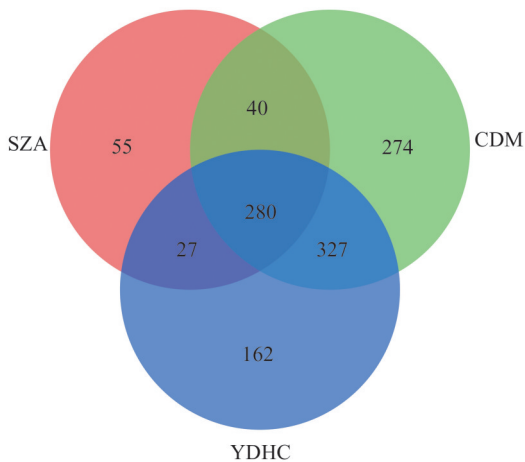


图3 OTU水平下不同海拔茶园根际土壤真菌韦恩图

Fig. 3 Fungal Venn diagram in the rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations at OTU level

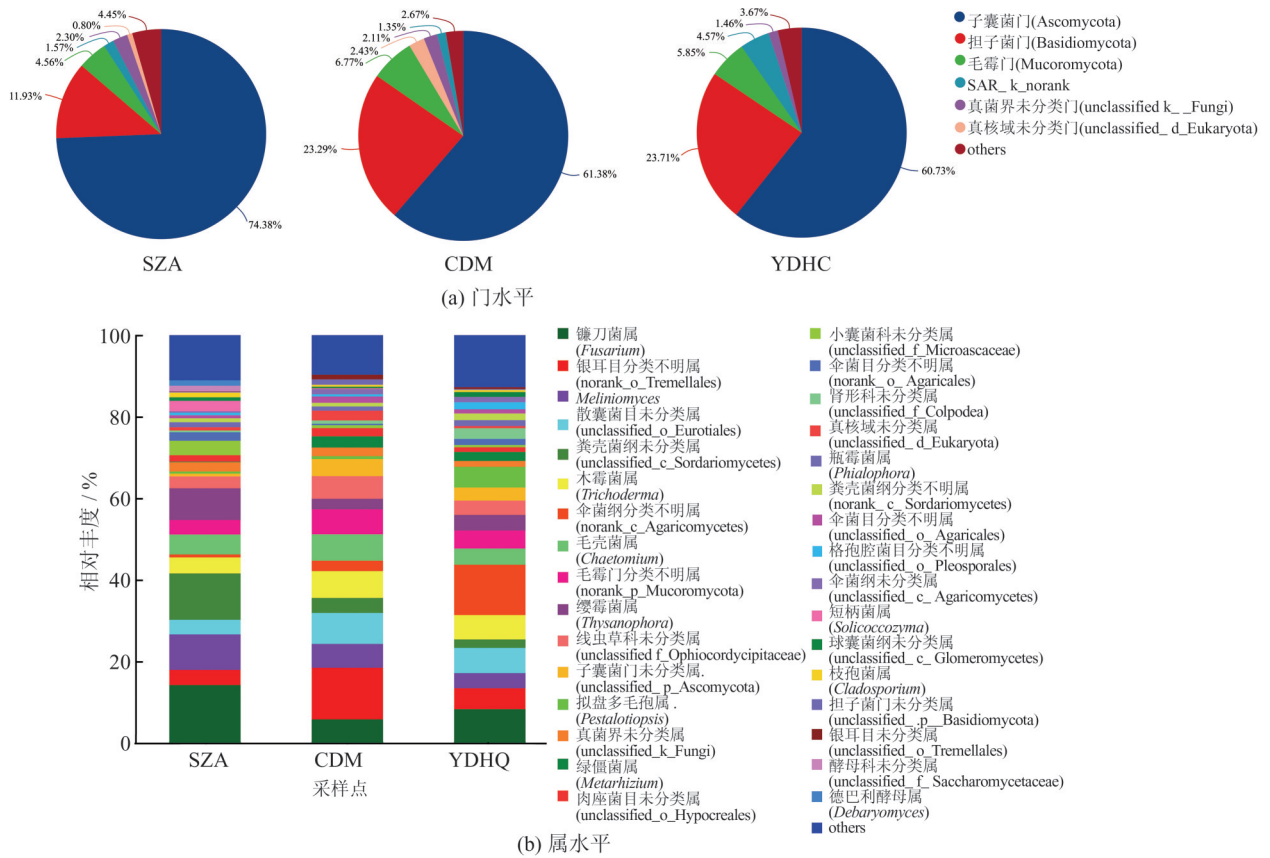


图4 不同海拔茶园根际土壤在门和属水平下真菌群落结构

Fig. 4 Fungal community structure in the rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations at phylum and genus levels

tiales、norank_o_Tremellales 和拟盘多毛孢菌属 (*Pestalotiopsis*)。此结果表明不同海拔茶园的根际土壤真菌优势物种的组成可能受海拔的影响。

2.4 真菌β-多样性

主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA) 能够直观反映出不同土壤样品中真菌群落组成的相似性和差异性。PCoA 第1轴贡献度为 31.54%，第2轴贡献度为 22.91%，前两轴累计贡献度为 54.45% (图5)。海拔最高的 SZA 采样点单独聚类，且远离 CDM 和 YDHC，且群落组成差异明显。CDM 和 YDHC 相距较近，聚类为一起，表明两者真菌群落组成相似度较高。此外，置换多因素方差分析 (permutational MANOVA, PERMANOVA) 表明，不同茶园真菌群落组成之间差异达显著水平 ($R^2=0.495$; $P=0.005$)，说明海拔对茶园土壤真菌群落组成产生了显著影响。

2.5 真菌物种差异性比较

线性判别分析效应大小 (linear effect size, LEfSe) 用于检测不同海拔茶园土壤真菌在不同分类水平上相对含量具有显著差异的物种。如图6所示，从门水平到属水平，SZA 共检测到 13 种真菌，物

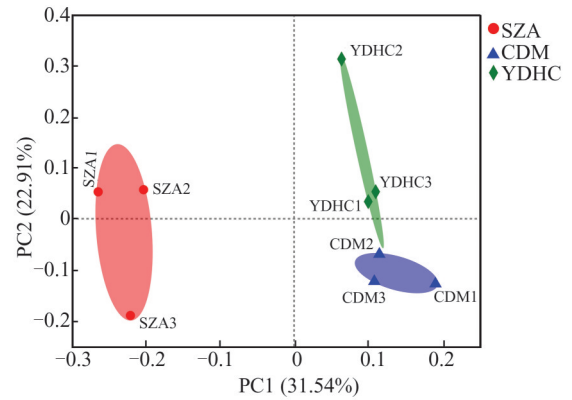


图5 OTU水平不同海拔茶园根际土壤真菌群落的主坐标分析

Fig. 5 PCoA analysis of fungal communities in rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations at OTU level

种含量显著高于其他两个茶园，其中属水平物种包括了粪壳菌纲未分类属、*Solicoccozyma*、norank_c_Arachnida 和马拉色氏霉菌 (*Malassezia*)；程墩毛岭 (CDM) 共检测到 14 种真菌，物种含量显著高于其他两个茶园，属水平包括 *Heterocephalacria*、unclassified_c_Tremellomycetes、unclassified_f_Chaetomia-

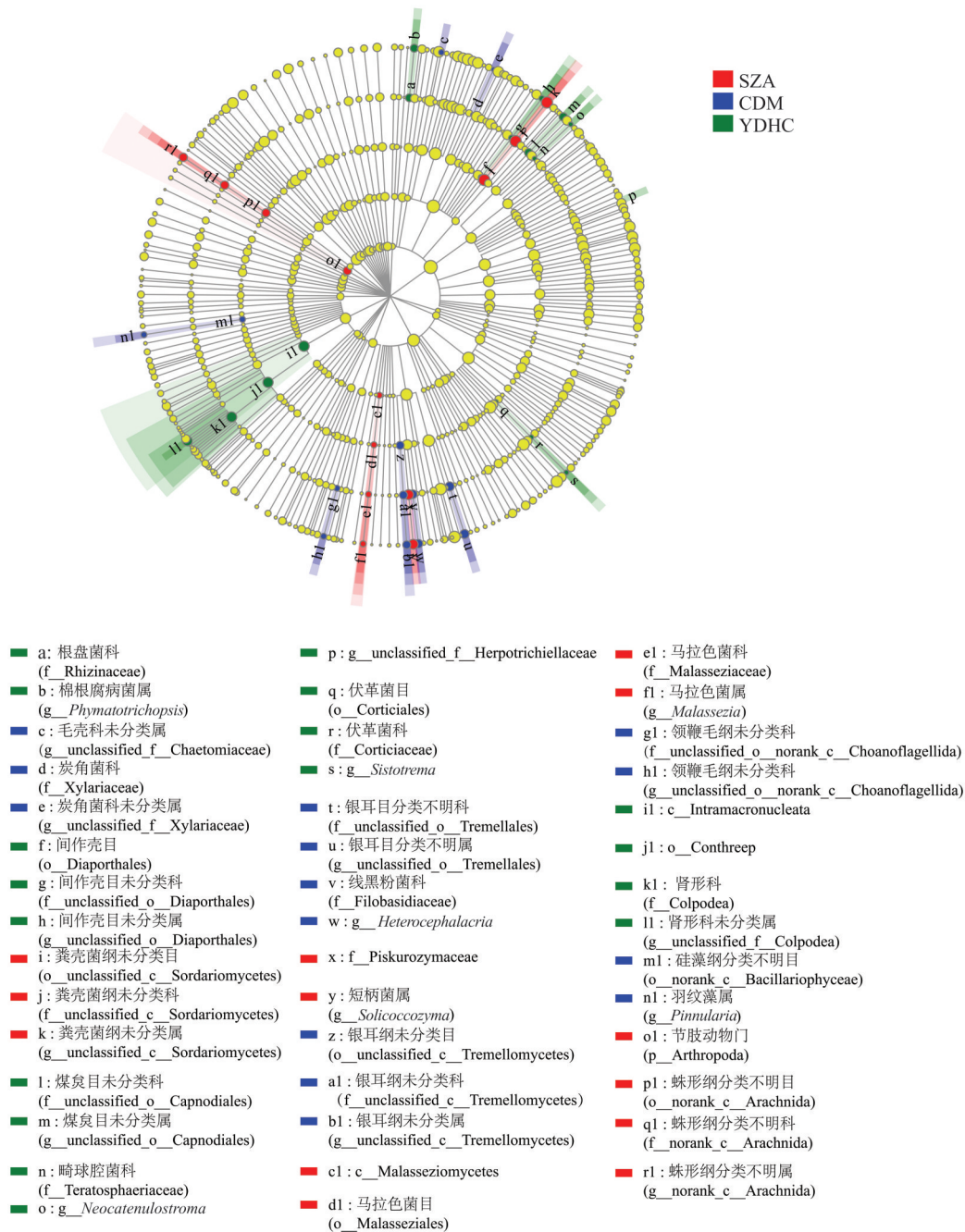


图6 不同海拔茶园根际土壤真菌物种谱系系统发育分支图(LDA>3.5)

Fig. 6 Phylogenetic cladogram of fungal lineages in rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations (only the taxa with LDA value higher than 2.5 are presented)

ceae、unclassified_o_norank_c_ Choanoflagellida、unclassified_f_Xylariaceae 和羽纹藻菌 (*Pinnularia*) ; YDHC 共检测到 17 种, 物种含量显著高于其他两个茶园, 属水平包括 unclassified_f_Colpode、unclassified_o_Capnodiales、*Phymatotrichopsis*、unclassified_f_Herpotrichiellaceae、*Neocatenulostroma*、*Sistotrema* 和 unclassified_o_Diaporthales。以上可知, 不同海拔茶园根际土壤富集的真菌物种种类随着海拔升高减少, 低海拔富集的真菌物种比高海拔的更

复杂。

2.6 土壤理化性质对真菌群落组成的影响

属水平上, 真菌群落组成与土壤理化性质的冗余分析结果见图 7, RDA 第一轴和第二轴贡献度分别为 31.03% 和 22.98%, 总贡献度为 54.01%。pH 值对土壤真菌群落组成产生显著影响。优势真菌物种与土壤性质的相关性网络分析结果表明: 海拔最高的 SZA 的 pH 值对数量最多的真菌物种产生显著影响; 而中等海拔 CDM 的土壤有效磷对数量最多

真菌物种产生显著影响;最低海拔的YDHC受到包括速效钾在内的6种土壤理化性质具显著影响的真菌物种的数量均相等(见图8)。SZA和YDHC真菌物种与土壤性质分别呈显著正和负相关的数量相近,而CDM与土壤理化性质呈显著负相关的真菌物种数量多于正相关的。此外,真菌物种与土壤理化性质相关关系由高到低分别为YDHC、CDM和SZA,表明随着海拔升高,真菌物种与土壤理化性质相关关系逐渐变弱。

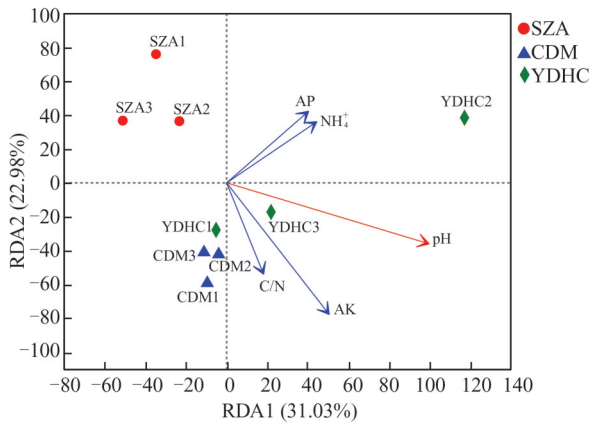


图7 不同海拔茶园根际土壤真菌群落组成与土壤性质的RDA分析

Fig. 7 RDA analysis of fungal community composition and soil properties in the rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations

注:R值以不同颜色的箭头显示(红色箭头表示 $P < 0.05$,蓝色箭头表示 $P > 0.05$)

Note: R value is displayed in different colors of arrow (red arrow means $P < 0.05$, blue arrows mean $P > 0.05$)

2.7 真菌群落的 FUNGuild 功能预测

功能预测结果表明,在不同海拔茶园土壤中未知营养型菌群和未定义腐生营养型占明显优势,而大部分营养型菌群则随海拔的变化而差异明显(图9)。SZA具有更高丰度的动物病原-植物内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木质腐生营养型菌群、外生菌根-植物内生-杜鹃花类菌根-凋落物腐生-兰花菌根营养型菌群、动物病原-植物内生-植物病原-未定义腐生营养型菌群和动物病原-植物内生-地衣寄生-植物病原-木质腐生营养型菌群。CDM具有更高丰度的动物病原-排泄物腐生菌-植物内生-体表附生-植物腐生-木质腐生营养型菌群、真菌寄生-未定义腐生营养型菌群和动物病原营养型菌群。YDHC具有更高丰度的植物病原营养型菌群。

3 讨论和结论

真菌对维持茶园土壤生态系统功能起重要作用,土壤真菌具有的独特菌丝结构能够帮助真菌优先分解大分子化合物,随海拔的变化,茶园凋落物和土壤理化性质影响土壤真菌群落的分布格局,进而影响茶树生长。基于茶园土壤真菌与海拔梯度的关系,本研究应用了高通量测序分析技术对分布在不同海拔的武夷岩茶茶园根际土壤真菌群落组成进行分析,发现以下规律:

1) 低海拔茶园根际土壤真菌群落丰富度和多样性高于高海拔土壤。最高和最低的 α -多样性指数、Chao和Ace的分别是CDM和SZA茶园土壤,且高海拔SZA真菌总量和独特数量均为最少,而低海拔YDHC和CDM土壤真菌组成相似。这可能是由于海拔升高气温降低而产生的生理胁迫抑制了微生物生长,最终降低微生物丰富度和多样性^[20],且不同海拔植被能够通过提供不同凋落物和根际分泌物而对根际土壤环境产生较大作用,进而对真菌丰富度和多样性产生影响^[21]。

2) 土壤中占优势的子囊菌含量随海拔升高而增多,而担子菌则相反,且独特真菌物种也随海拔增加而减少。子囊菌和担子菌分布差异可能与所处不同海拔茶园覆盖的植被物种组成相关,随着海拔升高,植被类型通常由木本植物向灌木或草本植物过渡^[22],富含纤维素分解酶的子囊菌门成员往往在草本植物土壤中优先富集,其含量将随着草本植物分布的减少而降低,而担子菌门成员则是木质素的主要降解者,且随着木本植物的增加而增多^[23]。海拔最低的YDHC茶园含数量最多的独特真菌物种,而海拔最高的SZA则最少,揭示了从低到高海拔土壤中真菌群落结构的复杂性由高向低转变。不同海拔的茶园中,独特真菌物种可能在土壤环境中具有各自独特功能。例如,SZA的短柄菌属(*Solicoccozyma*)通常在高海拔土壤中富集,其快速合成脂质的能力对在高海拔、低温和高湿环境具有更强耐受力^[24];CDM的*Heterocephalacria*具寄生特性,可寄生在其他真菌中^[25];YDHC的*Phymatotrichopsis*是一类广谱、丝状和可传播的坏死性病原体,是根腐病的致病菌^[26]。

3) 低海拔YDHC茶园土壤具高pH值、碳氮比和有效磷,而最高海拔茶园大部分土壤理化性质均为最低,表明大部分土壤理化性质在受到海拔梯度变化的气候条件调控的同时还受茶园土壤凋落物组成和根际土壤微生物组成的影响^[27, 28]。其中土壤

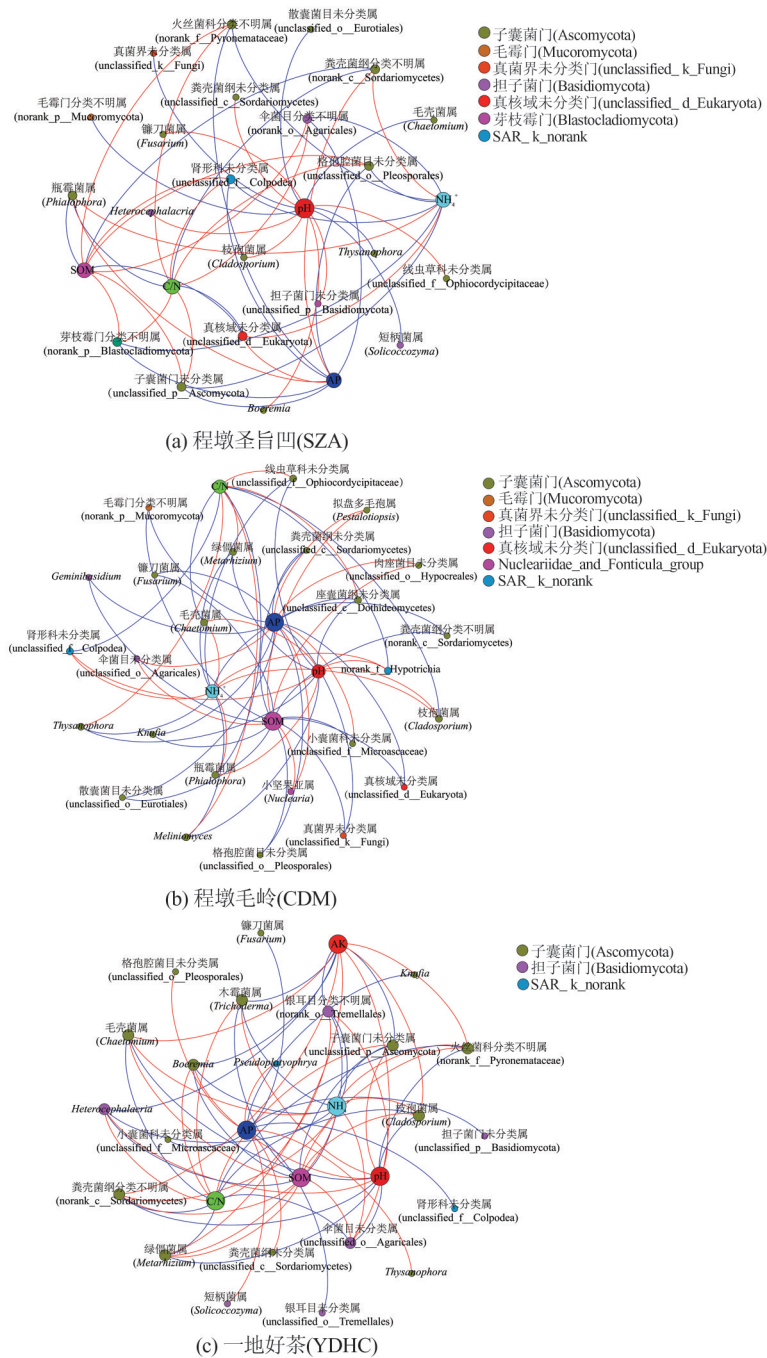


图8 不同海拔茶园根际土壤真菌种类与土壤性质相关性网络分析

Fig. 8 Correlation network analysis of fungal species and soil properties in the rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations

注: Spearman 相关系数大于 0.6 为统计学显著 ($P < 0.05$); 节点颜色相同的属来自同一个门, 每个节点的大小与边的数量 (度) 成正比; 红色边表示两个单独节点之间的正相关, 蓝色边表示负相关

Note: Spearman correlation coefficient > 0.6 is statistically significant ($P < 0.05$); genera with nodes of the same color come from the same phyla, and the size of each node is proportional to the number of edges (i. e., degree); red edges indicate positive correlation between two individual nodes, while blue edges indicate negative correlation

pH 和碳氮比随海拔升高而明显降低, 与不同海拔茶园土壤酸碱度和苹果园土壤氮素循环的研究结果相似^[27, 29]。pH 是影响不同海拔茶园土壤真菌群落组成的最重要因子, 与长白山土壤真菌群落的研究结果相似^[30], 而土壤铵态氮、碳氮比、有效磷和速效钾

等也是影响真菌群落的重要因素^[17, 31]。研究还表明, 海拔越低土壤理化性质对真菌群落组成的影响越明显, 且更多的是有利影响。此外, 不同海拔土壤理化性质对真菌物种影响不同, 大部分低海拔的土壤理化性质对真菌物种均有显著影响, 随着海拔升

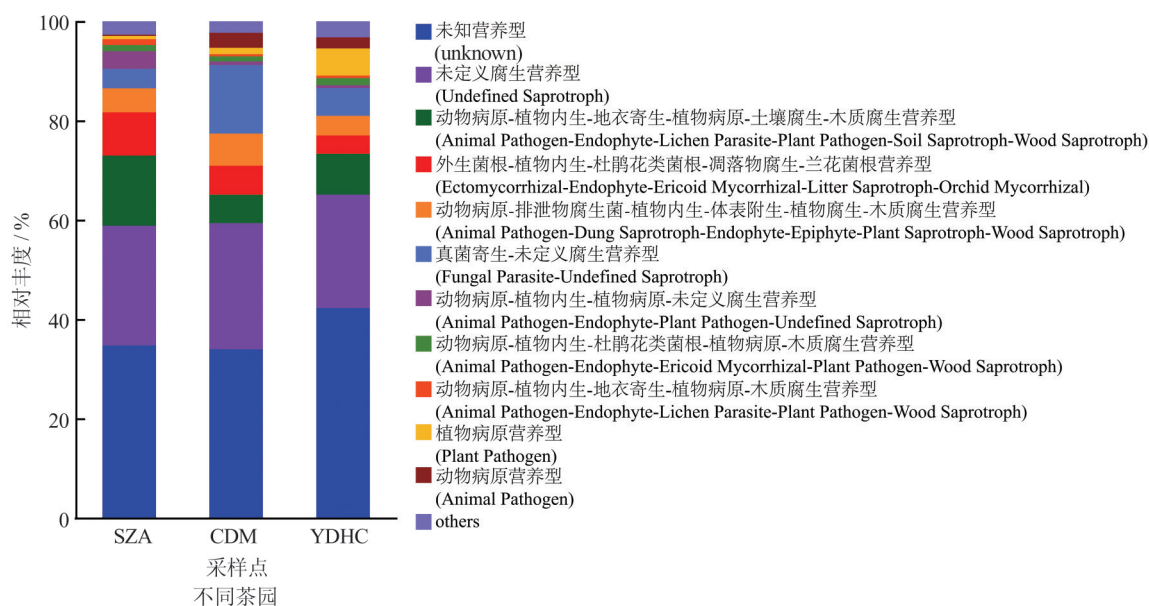


图9 不同海拔茶园根际土壤真菌群落的 FUNGuild 功能预测分析

Fig. 9 FUNGuild function predictive analysis of fungal communities in rhizosphere soils of the tea gardens with different elevations

高对真菌物种有显著影响的理化因子数量减少,且受理化因子影响显著的真菌物种数量降低。

4) 不同海拔茶园根际土壤真菌群落以腐生营养型、病理营养型和共生营养型为主要营养类型,且这些营养类型的分布随海拔不同而不同。表明茶园土壤真菌群落具有较高的功能多样性,其生态功能受到海拔梯度的明显调控。真菌群落作为土壤物质主要分解者,其生态功能受到海拔分布的植被凋落物影响^[32, 33]。茶树养分含量通常随海拔变化而变化,形成的土壤凋落物也具有明显差异,真菌群落往往形成与之相适应的功能特征^[10, 34]。高海拔 SZA 茶园土壤中营养型菌群分布相对均匀,随着海拔降低,CDM 和 YDHC 茶园土壤中除了少数营养型菌群相对丰度增加以外,多种营养型菌群的相对丰度呈下降趋势。这可能是由于高海拔茶园土壤中长期积累的凋落物促进了大部分营养型菌群丰度,而低海拔茶园土壤中相对匮乏的凋落物可能限制了这些营养型菌群^[32, 35]。

综上所述,武夷山国家公园内岩茶主产区不同海拔茶园根际土壤真菌多样性和物种组成差异影响其功能多样性,揭示了不同海拔岩茶茶园土壤理化性质对真菌物种组成的影响不同,且土壤性质特别是土壤酸碱度对真菌群落组成产生了显著影响。

致谢:泉州师范学院海洋与食品学院的张秋芳教授和黄卫红老师在本研究完成过程中提供了重要的建议和帮助。

参考文献

- [1] 黄贤庚. 乌龙茶发源于武夷山的考证及其对茶文化的影响[J]. 福建茶叶, 2002, 24(3): 45-46.
Huang X G. Textual research on Oolong tea originated in Wuyishan and its influence on tea culture [J]. Tea Fujian, 2002, 24(3): 45-46.
- [2] Trivedi P, Leach J E, Tringe S G, *et al.* Plant - microbiome interactions: from community assembly to plant health [J]. Nat Rev Microbiol, 2020, 18(11): 607-621.
- [3] Xiong C, Singh B K, He J Z, *et al.* Plant developmental stage drives the differentiation in ecological role of the maize microbiome [J]. Microbiome, 2021, 9 (1): 171.
- [4] Tang S, Zhou J J, Pan W K, *et al.* Impact of N application rate on tea (*Camellia sinensis*) growth and soil bacterial and fungi communities [J]. Plant Soil, 2022, 475 (1): 343-359.
- [5] Li T Q, Li D B, Chen X G, *et al.* Compartments of roots and mature leaves are key hubs in the connectivity of tea-plant mycobiomes and are influenced by environmental factors and host age [J]. Science of the Total Environment, 2023, 893: 164827.
- [6] Yang Y R, Kim J, Chung J O, *et al.* Variations in the composition of tea leaves and soil microbial community [J]. Biology & Fertility of Soils, 2022, 58(2): 167-179.
- [7] Kfoury N, Morimoto J, Kern A, *et al.* Striking changes in tea metabolites due to elevational effects [J]. Food Chemistry, 264: 334-341.

- [8] Han W Y, Xu J M, Yi X Y, *et al.* Net and gross nitrification in tea soils of varying productivity and their adjacent forest and vegetable soils [J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2012, 58(2): 173-182.
- [9] 万人源, 马会杰, 蒋宾, 等. 茶园土壤真菌群落组成及影响因素研究[J]. *中国农学通报*, 2021, 37(33): 88-97. Wan R Y, Ma H J, Jiang B, *et al.* The fungi community structure and influencing factors in tea gardens soil [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2021, 37(33): 88-97.
- [10] 郑雪芳, 苏远科, 刘波, 等. 不同海拔茶树根系土壤微生物群落多样性分析[J]. *中国生态农业学报*, 2010, 18(4): 866-871. Zheng X F, Su Y K, Liu B, *et al.* Microbial community diversity in tea root zone soils at different elevations [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2010, 18(4): 866-871.
- [11] 林生, 庄家强, 陈婷, 等. 福建安溪不同年限茶树土壤养分与微生物 Biolog 功能多样性的差异分析[J]. *中国生态农业学报*, 2012, 20(11): 1471-1477. Lin S, Zhuang J Q, Chen T, *et al.* Analysis of nutrient and microbial Biolog function diversity in tea soils with different planting years in Fujian Anxi [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2012, 20(11): 1471-1477.
- [12] 张旭龙, 马森, 吴振振, 等. 不同油葵品种对盐碱地根际土壤酶活性及微生物群落功能多样性的影响[J]. *生态学报*, 2017, 37(5): 1659-1666. Zhang X L, Ma M, Wu Z Z, *et al.* Effects of *Helianthus annuus* varieties on rhizosphere soil enzyme activities and microbial community functional diversity of saline-alkali land in Xinjiang [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(5): 1659-1666.
- [13] 王纳纳, 陈颖, 应娇妍, 等. 内蒙古草原典型植物对土壤微生物群落的影响[J]. *植物生态学报*, 2014, 38(2): 201-208. Wang N N, Chen Y, Ying J Y, *et al.* Effects of typical plant on soil microbial communities in an Inner Mongolia grassland [J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2014, 38(2): 201-208.
- [14] 奎玲, 王子君, 李国荣, 等. 临沧市古茶园土壤细菌和真菌群落组成与多样性研究[J]. *生态环境学报*, 2020, 29(12): 2307-2321. Kui L, Wang Z J, Li G R, *et al.* Composition and diversity of soil bacterial and fungal communities in ancient tea plantations of Lincang city [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2020, 29(12): 2307-2321.
- [15] 陈玉真, 王峰, 吴志丹, 等. 林地转变为茶园对土壤固氮菌群落结构及多样性的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2020, 26(5): 1096-1106. Chen Y Z, Wang F, Wu Z D, *et al.* Effects of soil nitrogen-fixing bacteria community and diversity after converting forestland into tea garden [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2020, 26(5): 1096-1106.
- [16] 李敏, 闫伟. 海拔对乌拉山油松根围真菌群落结构的影响[J]. *菌物学报*, 2019, 38(11): 1992-2006. Li M, Yan W. Effects of altitude on rhizosphere fungal community structure of *Pinus tabulaeformis* in Wula Mountain, China [J]. *Mycosystema*, 2019, 38(11): 1992-2006.
- [17] Zhang Q F, Laanbroek H J. Tannins from senescent *Rhizophora mangle* mangrove leaves have a distinctive effect on prokaryotic and eukaryotic communities in a *Distichlis spicata* salt marsh soil [J]. *FEMS Microbiol Ecol*, 2020, 96(9): fiae148.
- [18] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, *et al.* Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities [J]. *ISME J*, 2012, 6(2): 343-351.
- [19] Zhao H X, Brearley F Q, Huang L L, *et al.* Abundant and rare taxa of planktonic fungal community exhibit distinct assembly patterns along coastal eutrophication gradient [J]. *Microbial Ecology*, 2023, 85(2): 495-507.
- [20] Ren C J, Zhou Z H, Guo Y X, *et al.* Contrasting patterns of microbial community and enzyme activity between rhizosphere and bulk soil along an elevation gradient [J]. *CATENA*, 2021, 196: 104921.
- [21] Yang T, Adams J M, Shi Y, *et al.* Soil fungal diversity in natural grasslands of the Tibetan Plateau: associations with plant diversity and productivity [J]. *New Phytol*, 2017, 215(2): 756-765.
- [22] Almendros G, Dorado J, González-Vila F J, *et al.* ¹³C NMR assessment of decomposition patterns during composting of forest and shrub biomass [J]. *Soil Biol Biochem*, 2000, 32(6): 793-804.
- [23] 韩丽, 李立军, 赵举, 等. 内蒙古农牧交错带农田与草地土壤真菌群落特征差异性分析[J]. *北方农业学报*, 2022, 50(2): 38-46. Han L, Li L J, Zhao J, *et al.* Characteristics of soil fungal community in farmland-grassland of Inner Mongolia agro-pastoral ecotone [J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2022, 50(2): 38-46.
- [24] 郝兆, 德吉, 王艳红, 等. 围栏封育对亏组山不同海拔土壤酵母菌多样性的影响[J]. *中国草地学报*, 2021, 43(12): 55-65. Hao Z, De J, Wang Y H, *et al.* Effects of enclosure on the diversity of soil yeast at different altitudes in Kuizu Mountain [J]. *Chinese Journal of Grassland*, 2021, 43

- (12): 55-65.
- [25] Pino-Bodas R, Laakso I, Stenroos S. Genetic variation and factors affecting the genetic structure of the lichenicolous fungus *Heterocephalacria bachmannii* (Filobasidiales, Basidiomycota) [J]. PLoS One, 2017, 12(12): e0189603.
- [26] Kankanala P, Jones P, Nandety R S, *et al.* Plasticity of *Phymatotrichopsis omnivora* infection strategies is dependent on host and nonhost plant responses [J]. Plant, Cell & Environment, 2020, 43(4): 1084-1101.
- [27] 张宝林. 庐山云雾茶茶园土壤酸度和肥力改良措施研究[D]. 南昌: 南昌航空大学, 2017.
Zhang B L. Improvement measures study on acidity and fertility of Lu Shan mist tea garden soil [D]. Nanchang: Nanchang Hangkong University, 2017.
- [28] 刘红梅, 武爱兵, 崔立明, 等. 植物凋落物分解对土壤化学性质的影响[J]. 河北林果研究, 2015, 30(3): 232-235.
Liu H M, Wu A B, Cui L M, *et al.* Impact of plant litter decomposition on soil chemical property [J]. Hebei J For Orchard Res, 2015, 30(3): 232-235.
- [29] 葛顺峰. 苹果园土壤碳氮比对植株-土壤系统氮素平衡影响的研究[D]. 泰安: 山东农业大学, 2017.
Ge S F. Effects of soil C/N ratio on nitrogen balance of plant-soil system in apple orchard [D]. Tai'an: Shandong Agricultural University, 2017.
- [30] Shen C C, Liang W J, Shi Y, *et al.* Contrasting elevational diversity patterns between eukaryotic soil microbes and plants [J]. Ecology, 2014, 95(11): 3190-3202.
- [31] 李益, 冯秀秀, 赵发珠, 等. 秦岭太白山不同海拔锐齿栎林土壤微生物群落的变化特征[J]. 林业科学, 2021, 57(12): 22-31.
- Li Y, Feng X X, Zhao F Z, *et al.* Structure characteristics of soil microbial community in *Quercus aliena* var. *acuteserrata* forests at different altitudes in Qinling Mountains [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2021, 57(12): 22-31.
- [32] Yu J L, Bing H J, Chang R Y, *et al.* Microbial metabolic limitation response to experimental warming along an altitudinal gradient in alpine grasslands, eastern Tibetan Plateau [J]. CATENA, 2022, 214: 106243.
- [33] Griffiths R P, Madritch M D, Swanson A K. The effects of topography on forest soil characteristics in the Oregon Cascade Mountains (USA): implications for the effects of climate change on soil properties [J]. Forest Ecology and Management, 2009, 257(1): 1-7.
- [34] 方洪生, 周迎春, 苏有健. 海拔高度对茶园环境及茶叶品质的影响[J]. 安徽农业科学, 2014, 42(20): 6573-6575.
Fang H S, Zhou Y C, Su Y J, *et al.* Effects of different elevations of tea gardens on environment and tea quality [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2014, 42(20): 6573-6575.
- [35] Siles J A, Margesin R. Abundance and diversity of bacterial, archaeal, and fungal communities along an altitudinal gradient in alpine forest soils: what are the driving factors? [J]. Microbial Ecology, 2016, 72(1): 207-220.

□

(编辑: 杨晓翠)