

不同管理模式下茶园土壤真菌群落特征及其功能预测

侯 宁¹, 金 强¹, 刘旭阳¹, 李先德², 林少颖¹, 张永勋², 王维奇^{1,①}

(1. 福建师范大学 湿润亚热带生态-地理过程教育部重点实验室, 福建 福州 350117;

2. 中国农业科学院农业经济与发展研究所, 北京 100081)

摘要:以福建省安溪县常规管理(M1)、间作套种管理(M2)和配套现代技术管理(M3)3种模式茶园土壤真菌群落为研究对象,通过高通量测序技术对其多样性、组成及功能进行了研究,并对土壤理化指标与土壤真菌群落的关系进行了分析。结果显示:不同管理模式下茶园土壤理化指标有明显差异,pH值、电导率、含水量、全磷含量、C/P比和N/P比在不同管理模式下存在显著($P<0.05$)差异。不同管理模式对茶园土壤真菌群落多样性及组成的影响存在差异,M1模式下茶园土壤真菌群落的多样性总体较高,M3模式子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度明显高于M1和M2模式,M3模式下毛壳菌属(*Chaetomium* Kunze)、原隐球菌属(*Saitozyma* X. Z. Liu, F. Y. Bai, M. Groenew. et Boekhout)和青霉属(*Penicillium* Link)的相对丰度明显高于M1和M2模式。相关性分析结果显示:土壤容重与蕈孢壳属(*Diatrype* Fr.)和绿僵菌属(*Metarhizium* Sorokin)的相对丰度呈显著负相关;土壤全氮含量与木霉属(*Trichoderma* Pers.)的相对丰度呈显著负相关,与腐质霉属(*Humicola* Traaen)的相对丰度呈显著正相关。从门水平上看,土壤C/N比、全磷含量、含水量和容重是影响茶园土壤真菌群落的主要因子,其中,C/N比、全磷含量和容重均主要影响子囊菌门和担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度,含水量主要影响被孢霉门(Mortierellomycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)、子囊菌门和担子菌门的相对丰度;从属水平上看,土壤C/P比、N/P比和pH值是影响茶园土壤真菌群落的主要因子,其中,C/P比和N/P比主要影响未鉴定的Glomeromycota和原隐球菌属的相对丰度,pH值主要影响木霉属、原隐球菌属和镰刀菌属(*Fusarium* Link ex Fr.)的相对丰度。FUNGuild功能预测结果显示:未定义腐生真菌在3种模式下均较多;与M1和M2模式相比,M3模式下粪腐生-未定义腐生-木腐生和寄生真菌-未定义腐生真菌呈现明显富集现象。综合研究结果表明:子囊菌门、被孢霉门和担子菌门是茶园土壤优势菌门;未定义腐生真菌是茶园土壤中较多的功能类群;现代滴灌、声控驱虫以及释放捕食螨等系列技术协同下的M3模式有利于维持茶园土壤真菌多样性及其功能的发挥。

关键词: 茶园; 管理模式; 土壤真菌; 群落特征; 功能预测

中图分类号: Q938.1; S505.5; S36 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2024)01-0077-10

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2024.01.08

Community characteristics of soil fungi in tea plantations under different management modes and prediction on their functions

HOU Ning¹, JIN Qiang¹, LIU Xuyang¹, LI Xiande², LIN Shaoying¹, ZHANG Yongxun², WANG Weiqi^{1,①} (1. Key Laboratory of Humid Subtropical Eco-geographical Process of Ministry of Education, Fujian Normal University, Fuzhou 350117, China; 2. Institute of Agricultural Economics and Development, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2024, 33(1): 77-86

Abstract: Taking soil fungi communities in tea plantations under three modes namely conventional management (M1), intercropping management (M2), and modern technology supporting management (M3) in Anxi County of Fujian Province as research objects, their diversity, composition, and function

收稿日期: 2023-04-24

基金项目: 农业农村部全球重要农业文化遗产申报与国际交流项目(12190036)

作者简介: 侯 宁(1999—),女,山东德州人,硕士研究生,主要从事茶园生态环境与养分管理方面的研究。

①通信作者 E-mail: wangweiqi15@163.com

引用格式: 侯 宁, 金 强, 刘旭阳, 等. 不同管理模式下茶园土壤真菌群落特征及其功能预测[J]. 植物资源与环境学报, 2024, 33(1): 77-86.

were studied by using high-throughput sequencing technology, and the relationships between soil physicochemical indexes and soil fungi community were analyzed. The results show that there are evident differences in the soil physicochemical indexes of tea plantations under different management modes, and there are significant ($P < 0.05$) differences in pH value, electric conductivity, water content, total phosphorus content, C/P ratio, and N/P ratio under different management modes. There are differences in effects of different management modes on diversity and composition of soil fungi communities in tea plantations, the diversity of soil fungi community in tea plantation under M1 mode is generally high, the relative abundance of Ascomycota is obviously higher under M3 mode than under M1 and M2 modes, and those of *Chaetomium* Kunze, *Saitozyma* X. Z. Liu, F. Y. Bai, M. Groenew. et Boekhout, and *Penicillium* Link are evidently higher under M3 mode than under M1 and M2 modes. The correlation analysis result shows that soil bulk density shows significant negative correlations with the relative abundance of *Diatrype* Fr. and *Metarhizium* Sorokin; total nitrogen content in soil shows a significant negative correlation with the relative abundance of *Trichoderma* Pers., but shows a significant positive correlation with that of *Humicola* Traaen. In terms of phylum level, C/N ratio, total phosphorus content, water content, and bulk density of soil are the major factors affecting soil fungi communities in tea plantations, among which, C/N ratio, total phosphorus content, and bulk density all mainly affect the relative abundance of Ascomycota and Basidiomycota, and water content mainly affects those of Mortierellomycota, Rozellomycota, Ascomycota, and Basidiomycota; in terms of genus level, C/N ratio, N/P ratio, and pH value of soil are the major factors affecting soil fungi communities in tea plantations, among which, C/N ratio and N/P ratio mainly affect the relative abundances of unidentified Glomeromycota and *Saitozyma*, and pH value mainly affects those of *Trichoderma*, *Saitozyma*, and *Fusarium* Link ex Fr. The FUNGuild function prediction result shows that undefined saprotroph fungi are relatively abundant under all three modes; compared with M1 and M2 modes, dung saprotroph-undefined saprotroph-wood saprotroph and fungal parasite-undefined saprotroph fungi under M3 mode show an evident enrichment phenomenon. The comprehensive study result shows that Ascomycota, Mortierellomycota, and Basidiomycota are the dominant fungi phyla in soil of tea plantations; undefined saprotroph fungi are the relatively abundant functional group in soil of tea plantations; M3 mode which under synergy of multiple technologies including modern drip irrigation, voice-controlled deworming, and predator mite release is beneficial to maintenance of diversity of soil fungi in tea plantations and exerting of their functions.

Key words: tea plantation; management mode; soil fungi; community characteristics; functional prediction

茶树[*Camellia sinensis* (Linn.) O. Ktze]为热带及亚热带重要的叶用经济作物^[1],与其他经济作物相比,其代谢旺盛,对土壤养分需求存在差异^[2]。茶树品种‘铁观音’(‘Tieguanyin’)主产于福建省,大多分布于闽南一带,其中以福建安溪的‘铁观音’最负盛名^[3]。2022年安溪铁观音茶文化系统被联合国粮农组织(FAO)认定为全球重要农业文化遗产(GIAHS),因此,探究符合茶树特别是‘铁观音’生长的养分资源利用的管理模式十分必要。

真菌群落作为指示土壤质量和健康状况的重要指标,其组成及多样性对环境变化高度敏感^[4-7],不同的管理模式和轮作方式均可能对其产生影响^[8-10],充分认识真菌群落特征并预测其功能对土壤的健康和稳定具有重要意义^[11-12]。已有研究主要集中于农田管理模式(施肥方式、种植制度和耕作模式等)对经济作物产量的影响,土壤生态方面的研究也有所涉

及。刘蕾等^[13]研究发现不同轮作模式下土壤丛枝菌根真菌群落组成主要受土壤pH值的驱动;Culumber等^[8]研究发现秸秆覆盖管理模式促进了有机果园土壤养分含量、微生物生物量和酶活性的提高。不同施肥模式对土壤真菌群落特征影响的相关研究亦有报道。例如:丁建莉等^[14]研究发现长期配施有机肥和无机肥能够有效改善真菌群落结构,降低真菌丰度并增加其多样性。综合已有研究发现,关于不同管理模式对土壤微生物群落影响的研究存在不同的结论,有学者认为保护性耕作措施对微生物活性及群落结构均有积极影响^[15],也有学者认为常用农业生态系统管理方法会导致土壤养分迅速矿化和流失,并对土壤微生物生物量、酶活性和生物过程产生不利影响^[16-17]。因此,管理模式优化的相关研究亟待展开,特别是在茶园这一独特的生态系统下,研究不同管理模式对茶园土壤真菌群落特征将有助于维持其土壤

质量和真菌群落功能多样性。

本研究在福建安溪铁观音茶文化系统全球重要农业文化遗产地,通过安溪茶园田间试验,借助新一代高通量测序技术对不同管理模式下茶园土壤真菌群落特征及其功能类群进行了研究,并对土壤理化指标与土壤真菌群落的关系进行了分析,以期生态茶园管理模式的选择提供科学依据,同时为其他经济林木的种植管理提供一定参考。

1 研究区概况和研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于福建省安溪县城厢镇古山村茶叶种植区(东经 118°11′、北纬 25°13′),该区域属亚热带海洋性季风气候,年均温 19 °C ~ 21 °C,年降水量 1 600~1 900 mm,无霜期 260 d^[18]。供试菜园中种植茶树品种‘铁观音’。采样点海拔 271 m,土壤类型为红壤。研究区为有机肥茶树种植示范点,施用的有机肥为南安市鸿盈天然有机肥公司生产的宝大牌水溶性有机肥 [$m(N) : m(P_2O_5) : m(K_2O) = 1.0 : 0.3 : 0.3$],施肥量 $3.75 t \cdot hm^{-2}$,在春茶期和夏茶期以沟施的方式进行施肥。

该区域茶园管理模式主要有常规管理(M1)、间作套种管理(M2)和配套现代技术管理(M3)3种。M1模式的茶树栽于2004年,行距1.5 m,株距0.5 m,采用人工开沟覆土施肥,自然降水和人工浇水相结合的灌溉模式,以及人工除草、修剪和土壤翻整等常规管理方式;M2模式茶园在M1模式茶园的基础上于2012年套种龙眼(*Dimocarpus longan* Lour.),龙眼行距5 m、株距3 m,每公顷套种约750株,施肥模式、灌溉模式等管理方式同M1模式;M3模式茶园在M1模式茶园的基础上于2016年配套了现代滴灌、声控驱虫以及释放捕食螨等技术,采用自然降水和滴灌相结合的灌溉模式。3种管理模式样地中茶树株龄均为17 a。

1.2 方法

1.2.1 土壤样品采集和前处理 根据代表性、典型性和一致性原则,每个管理模式设置3个重复样方(面积5 m×5 m),共计9个样方。于2019年5月春茶采收期后进行土壤样品采集,使用取土器采集茶树树冠边缘垂直下方0~20 cm土层的茶树根际土壤,采用四分法混合取样,每个样方的采样量约1 kg。将

杂质和植物残体从土壤中剔除,取部分鲜土样装入无菌自封袋,置于便携式保温箱带回实验室,于-20 °C冰箱保存,用于土壤真菌群落组成及相对丰度的测定;剩余鲜土样带回实验室,自然风干后研磨,过孔径2 mm筛,常温保存,用于土壤理化指标测定。

1.2.2 土壤理化指标测定 将超纯水和土样以质量比2.5 : 1.0混合,振荡30 min后静置,使用Starter 300 pH计(美国Ohaus公司)测定土壤pH值;使用2265FS电导计(美国Spectrum公司)测定土壤电导率;分别采用环刀法和烘干法测定土壤容重和含水量^[19];采用Elementar Vario MAX土壤碳氮元素分析仪(德国Elementar公司)测定土壤全碳(TC)和全氮(TN)含量;采用HClO₄-H₂SO₄法^[20]消煮,并使用Skalar Analytical SAN++连续流动分析仪(荷兰Skalar公司)测定土壤全磷(TP)含量。据此计算C/N比(即全碳和全氮含量的比值)、C/P比(即全碳和全磷含量的比值)和N/P比(即全氮和全磷含量的比值)。

1.2.3 DNA提取以及PCR扩增和测序 采用Illumina HiSeq高通量测序技术对土样中真菌群落的α多样性及结构进行测定分析^[21]。

采用CTAB法^[22]提取土样的基因组DNA,使用质量体积分数2%琼脂糖凝胶电泳检测DNA样品的纯度和浓度,取适量DNA样品于离心管中,使用无菌水稀释至1 ng·μL⁻¹。以稀释后的基因组DNA为模板,根据选择的测序区域,使用husion[®] High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer(美国New England Biolabs公司)和高效高保真酶(美国New England Biolabs公司)进行PCR,扩增引物为ITS5-1737F(5′-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3′)以及ITS2-2043R(5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′)。扩增体系总体积30 μL,包括2×Phusion Master Mix 15 μL,2 μmol·L⁻¹Prime 3 μL,1 ng·μL⁻¹gDNA 10 μL,超纯水2 μL。扩增程序:98 °C变性10 s,50 °C退火30 s,72 °C延伸30 s,30个循环;72 °C延伸5 min。

根据PCR产物浓度进行等量混样,充分混匀后使用质量体积分数2%琼脂糖凝胶电泳纯化PCR产物,切割目的条带,使用SanPrep柱式DNA胶回收试剂盒[生工生物工程(上海)股份有限公司]回收^[23]。使用TruSeq[®] DNA PCR-Free Sample paration Kit建库试剂盒[生工生物工程(上海)股份有限公司]构建DNA文库,进而通过Qubit和Q-PCR法^[24]定量,检测合格后使用Miseq PE300/NovaSeq PE250平台(美

国 Illumina 公司)测序。

1.3 数据处理和统计分析

使用 Microsoft EXCEL 2010 软件计算原始数据的平均值及标准差。使用 IBM SPSS Statistics 22 软件进行 LSD 多重比较和 Pearson 相关性分析,其中 Pearson 相关性分析选取真菌群落中相对丰度前 30 的属^[25]进行分析。使用 Origin 2021 软件进行多尺度的相对丰度分析以及 α 多样性(包括 Richness 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数和 ACE 指数)分析,并使用软件中的主成分分析(principal component analysis, PCA)插件进行 β 多样性分析。使用 Canoco 5.0 软件对真菌门和属水平的相对丰度^[25]与土壤理化指标进行典范对应分析(canonical correlation analysis, CCA)。使用 FUNGuild 微生物工具对土壤真菌的功能类群进行环境功能预测。

2 结果和分析

2.1 不同管理模式下茶园土壤理化指标的比较

结果(表 1)显示:常规管理(M1)、间作套种管理(M2)和配套现代技术管理(M3)模式下茶园多数土壤理化指标存在显著($P < 0.05$)差异。M1 模式下土壤 pH 值、容重、C/N 比、C/P 比和 N/P 比总体高于 M2 和 M3 模式,其中,土壤 pH 值与 M2 和 M3 模式差

异显著,且 M2 模式显著高于 M3 模式,而 C/P 比和 N/P 比仅与 M2 模式差异显著。M2 模式下土壤电导率、含水量以及全碳、全氮和全磷含量高于 M1 和 M3 模式,其中,土壤电导率与 M1 模式差异显著,含水量与 M3 模式差异显著,全磷含量与 M1 和 M3 模式差异显著。说明不同管理模式下茶园土壤理化指标有明显差异。

2.2 不同管理模式下茶园土壤真菌群落多样性分析

2.2.1 土壤真菌群落 α 多样性分析 结果(表 2)显示:常规管理(M1)、间作套种管理(M2)和配套现代技术管理(M3)模式下茶园土壤真菌群落的 Richness 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数和 ACE 指数均无显著差异。M1 模式下的 Richness 指数、Chao1 指数和 ACE 指数高于 M2 和 M3 模式;Shannon 指数和 Simpson 指数与 M3 模式接近,但高于 M2 模式。总体上看,M1 模式下茶园土壤真菌群落的多样性较高。

2.2.2 土壤真菌群落 β 多样性分析 主成分分析结果(图 1)显示:M1 模式的重复样本在图中分布在不同象限,且距离较远;M2 和 M3 模式的重复样本在图中各自分布同一象限,且距离均较近。说明 M1 模式的重复样本间土壤真菌群落组成相似性较低,而 M2 和 M3 模式的重复样本间土壤真菌群落组成相似性较高。

表 1 不同管理模式下茶园土壤理化特征($\bar{X} \pm SD$)¹⁾

Table 1 Soil physicochemical characteristics of tea plantations under different management modes ($\bar{X} \pm SD$)¹⁾

M ²⁾	pH	EC	BD	WC	TC	TN	TP	C/N	C/P	N/P
M1	5.06±0.03a	0.02±0.01b	1.40±0.02a	22.65±1.37ab	10.92±1.18a	1.08±0.10a	0.28±0.18c	10.08±0.21a	23.54±17.47a	2.32±1.74a
M2	4.82±0.07b	0.07±0.01a	1.38±0.04a	27.47±1.40a	13.22±1.60a	1.42±0.17a	3.27±0.49a	9.31±0.25a	4.56±0.96b	0.50±0.11b
M3	4.63±0.06c	0.04±0.00ab	1.40±0.03a	21.46±1.00b	11.15±0.63a	1.15±0.06a	1.58±0.49b	9.69±0.26a	11.32±3.14ab	1.14±0.30ab

¹⁾ pH: pH 值 pH value; EC: 电导率 Electric conductivity ($\text{mS} \cdot \text{cm}^{-1}$); BD: 容重 Bulk density ($\text{g} \cdot \text{cm}^{-3}$); WC: 含水量 Water Content (%); TC: 全碳含量 Total carbon content ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$); TN: 全氮含量 Total nitrogen content ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$); TP: 全磷含量 Total phosphorus content ($\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$); C/N: C/N 比 C/N ratio; C/P: C/P 比 C/P ratio; N/P: N/P 比 N/P ratio. 同列中不同小写字母表示不同管理模式间差异显著($P < 0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant ($P < 0.05$) differences between different management modes.

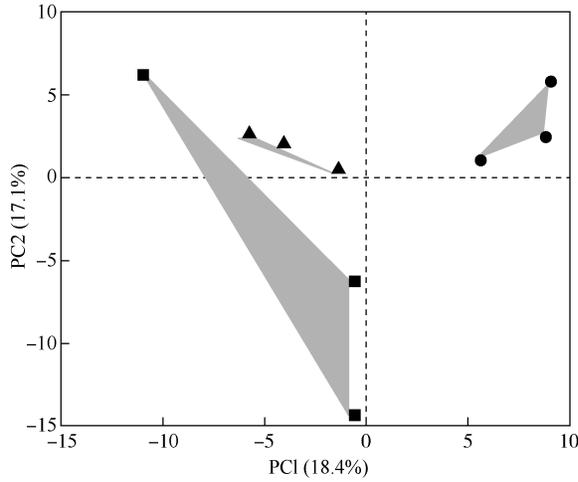
²⁾ M: 模式 Mode. M1: 常规管理 Conventional management; M2: 间作套种管理 Intercropping management; M3: 配套现代技术管理 Modern technology supporting management.

表 2 不同管理模式下茶园土壤真菌群落 α 多样性分析¹⁾

Table 2 Analysis on α -diversity of soil fungi communities in tea plantations under different management modes¹⁾

模式 Mode	Richness 指数 Richness index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index
常规管理 Conventional management	589.50±30.50a	5.83±0.12a	0.96±0.01a	634.50±28.54a	639.91±29.70a
间作套种管理 Intercropping management	561.00±8.00a	4.09±0.74a	0.79±0.09a	601.90±19.66a	614.49±23.60a
配套现代技术管理 Modern technology supporting management	515.50±9.50a	5.96±0.26a	0.96±0.01a	551.23±12.72a	557.78±12.77a

¹⁾ 同列中不同小写字母表示不同管理模式间差异显著($P < 0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant ($P < 0.05$) differences between different management modes.



■: 常规管理 Conventional management; ●: 间作套种管理 Intercropping management; ▲: 配套现代技术管理模式 Modern technology supporting management. 图中相同图标代表同一模式的重复样本, 括号内百分数为该主成分的贡献率 The same icons represent replicate samples of the same mode, and the percentages in brackets represent contribution rate of the principal component.

图 1 不同管理模式下茶园土壤真菌群落的主成分 (PC) 分析
Fig. 1 Principal component (PC) analysis on soil fungi communities in tea plantation under different management modes

2.3 不同管理模式下茶园土壤真菌群落组成分析

2.3.1 门水平相对丰度及差异分析 结果(表 3)显示:常规管理(M1)、间作套种管理(M2)和配套现代技术管理(M3)模式下茶园土壤真菌门存在差异。M1 和 M3 模式下子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度均最高,分别为 36.68%和 61.49%;其次是担子菌门(Basidiomycota),相对丰度分别为 18.42%和 16.46%。M2 模式下被孢霉门(Mortierellomycota)的相对丰度

表 3 不同管理模式下茶园土壤真菌门的相对丰度
Table 3 Relative abundance of phyla of soil fungi in tea plantations under different management modes

门 Phylum	相对丰度/% ¹⁾ Relative abundance ¹⁾		
	M1	M2	M3
子囊菌门 Ascomycota	36.68	11.28	61.49
被孢霉门 Mortierellomycota	12.82	59.30	7.35
担子菌门 Basidiomycota	18.42	3.96	16.46
球囊菌门 Glomeromycota	0.58	0.10	0.02
毛霉门 Mucoromycota	2.08	0.46	3.24
壶菌门 Chytridiomycota	0.35	0.15	0.04
虫霉门 Entomophthoromycota	0.00	0.02	0.11
罗兹菌门 Rozellomycota	0.06	0.14	0.01
其他 Other	29.00	24.59	11.28

¹⁾ M1: 常规管理 Conventional management; M2: 间作套种管理 Intercropping management; M3: 配套现代技术管理 Modern technology supporting management.

最高(59.30%),其次是子囊菌门(11.28%)。总体上看,不同管理模式下子囊菌门、被孢霉门和担子菌门较为丰富,且 M3 模式下子囊菌门的相对丰度明显高于 M1 和 M2 模式。

2.3.2 属水平相对丰度及差异分析 结果(表 4)显示:M1、M2 和 M3 模式下茶园土壤真菌属存在差异。M1 模式下被孢霉属(*Mortierella* Coem.)的相对丰度最高(10.56%);其次是原隐球菌属(*Saitozyma* X. Z. Liu, F. Y. Bai, M. Groenew. et Boekhout)和黄丝曲霉属(*Talaromyces* C. R. Benj.),相对丰度分别为 8.74%和 8.28%。M2 模式下被孢霉属的相对丰度也最高(11.34%);其次是原隐球菌属和镰刀菌属(*Fusarium* Link ex Fr.),相对丰度分别为 1.76%和 1.06%。M3 模式下毛壳菌属(*Chaetomium* Kunze)的相对丰度最高(20.86%);其次是原隐球菌属和青霉属(*Penicillium* Link),相对丰度分别为 15.06%和 10.59%。总体上看,M3 模式下毛壳菌属、原隐球菌属和青霉属的相对丰度明显高于 M1 和 M2 模式。

2.4 茶园土壤真菌群落相对丰度与理化指标的关系

2.4.1 Pearson 相关性分析 茶园土壤真菌主要属的相对丰度与土壤理化指标的相关性分析见表 5。结果显示:土壤容重与蕉孢壳属(*Diatrype* Fr.)和绿僵菌属(*Metarhizium* Sorokin)的相对丰度呈显著($P<0.05$)负相关;土壤全氮含量与木霉菌属(*Trichoderma* Pers.)的相对丰度呈显著负相关,与腐质霉属(*Humicola* Traaen)的相对丰度呈显著正相关。

表 4 不同管理模式下茶园土壤真菌属的相对丰度
Table 4 Relative abundance of genera of soil fungi in tea plantations under different management modes

属 Genus	相对丰度/% ¹⁾ Relative abundance ¹⁾		
	M1	M2	M3
被孢霉属 <i>Mortierella</i>	10.56	11.34	5.35
毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	2.91	0.52	20.86
原隐球菌属 <i>Saitozyma</i>	8.74	1.76	15.06
黄丝曲霉属 <i>Talaromyces</i>	8.28	0.18	1.01
青霉属 <i>Penicillium</i>	4.03	0.26	10.59
双子担子菌属 <i>Geminibasidium</i>	5.88	0.15	0.47
Unidentified Glomeromycota	0.39	0.01	0.02
木霉菌属 <i>Trichoderma</i>	3.59	0.41	2.73
Unidentified Mucoromycota	0.18	0.23	2.90
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	0.15	1.06	2.35
其他 Other	55.28	84.09	38.66

¹⁾ M1: 常规管理 Conventional management; M2: 间作套种管理 Intercropping management; M3: 配套现代技术管理 Modern technology supporting management.

表5 茶园土壤真菌主要属的相对丰度与土壤理化指标的相关性分析
Table 5 Correlation analysis on relative abundance of major genera of soil fungi and soil physicochemical indexes in tea plantations

属的相对丰度 Relative abundance of genus	与土壤理化指标的相关系数 ¹⁾ Correlation coefficient with soil physicochemical indexes ¹⁾									
	pH	EC	BD	WC	TC	TN	TP	C/N	C/P	N/P
被孢霉属 <i>Mortierella</i>	0.761	0.220	-0.577	0.739	0.527	0.432	0.294	-0.125	0.185	0.190
毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	-0.769	-0.208	0.567	-0.731	-0.516	-0.421	-0.282	0.113	-0.197	-0.202
原隐球菌属 <i>Saitozyma</i>	-0.419	-0.609	0.866	-0.953	-0.835	-0.770	-0.667	0.530	0.244	0.239
篮状菌属 <i>Talaromyces</i>	0.851	-0.862	0.601	-0.416	-0.648	-0.727	-0.820	0.906	0.992	0.993
青霉属 <i>Penicillium</i>	-0.578	-0.453	0.760	-0.882	-0.720	-0.640	-0.520	0.365	0.062	0.057
双担子菌属 <i>Geminibasidium</i>	0.872	-0.839	0.566	-0.376	-0.615	-0.697	-0.795	0.887	0.986	0.987
Unidentified Glomeromycota	0.885	-0.824	0.544	-0.352	-0.594	-0.677	-0.779	0.875	0.981	0.982
木霉菌属 <i>Trichoderma</i>	0.319	-0.987	0.973	-0.901	-0.985	-0.998 *	-0.996	0.967	0.843	0.840
Unidentified Mucoromycota	-0.842	-0.085	0.461	-0.641	-0.407	-0.305	-0.161	-0.011	-0.317	-0.321
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	-0.987	0.317	0.071	-0.284	-0.011	0.097	0.243	-0.406	-0.667	-0.671
<i>Cyberlindnera</i>	0.972	-0.662	0.324	-0.113	-0.380	-0.478	-0.603	0.731	0.905	0.907
曲霉属 <i>Aspergillus</i>	0.894	-0.813	0.528	-0.334	-0.578	-0.663	-0.767	0.866	0.977	0.978
圆盘菌属 <i>Orbilia</i>	-0.506	-0.528	0.813	-0.919	-0.777	-0.704	-0.591	0.444	0.147	0.143
<i>Bifiguratus</i>	0.861	-0.851	0.584	-0.397	-0.632	-0.713	-0.808	0.897	0.990	0.990
<i>Gliocladiopsis</i>	0.917	-0.781	0.482	-0.282	-0.534	-0.622	-0.731	0.837	0.965	0.966
<i>Pseudophialophora</i>	-0.831	-0.105	0.478	-0.656	-0.425	-0.324	-0.181	0.009	-0.298	-0.303
赛多孢子菌属 <i>Scedosporium</i>	0.968	-0.230	-0.161	0.369	0.101	-0.007	-0.155	0.322	0.597	0.601
Unidentified Mortierellomycota	0.893	-0.019	-0.366	0.557	0.309	0.204	0.058	0.115	0.414	0.418
锐孔菌属 <i>Oxyporus</i>	0.883	-0.826	0.547	-0.355	-0.597	-0.680	-0.781	0.877	0.982	0.983
<i>Cladophialophora</i>	-0.827	-0.113	0.485	-0.661	-0.431	-0.331	-0.188	0.017	-0.291	-0.296
圆孢霉属 <i>Staphylotrichum</i>	0.909	-0.793	0.499	-0.301	-0.550	-0.637	-0.744	0.848	0.970	0.971
腐质霉属 <i>Humicola</i>	-0.311	0.986	-0.975	0.904	0.986	0.998 *	0.996	-0.965	-0.839	-0.836
<i>Sagenomella</i>	0.947	-0.725	0.405	-0.200	-0.460	-0.553	-0.670	0.788	0.939	0.940
粉褶菌属 <i>Entoloma</i>	0.911	-0.789	0.493	-0.295	-0.544	-0.632	-0.739	0.844	0.968	0.969
蕉孢壳属 <i>Diatrype</i>	-0.063	0.912	-1.000 *	0.982	0.996	0.981	0.941	-0.869	-0.675	-0.671
瘦脐菇属 <i>Rickenella</i>	-0.834	-0.099	0.473	-0.651	-0.419	-0.319	-0.175	0.003	-0.304	-0.308
拟盘多毛孢属 <i>Pestalotiopsis</i>	-0.823	-0.120	0.492	-0.667	-0.438	-0.338	-0.196	0.024	-0.284	-0.288
绿僵菌属 <i>Metarhizium</i>	-0.035	0.900	-0.998 *	0.987	0.993	0.975	0.931	-0.854	-0.654	-0.650
丽赤壳属 <i>Calonectria</i>	-0.834	-0.099	0.473	-0.651	-0.419	-0.318	-0.175	0.003	-0.304	-0.309
<i>Conlarium</i>	-0.850	-0.069	0.447	-0.628	-0.392	-0.290	-0.145	-0.027	-0.332	-0.337

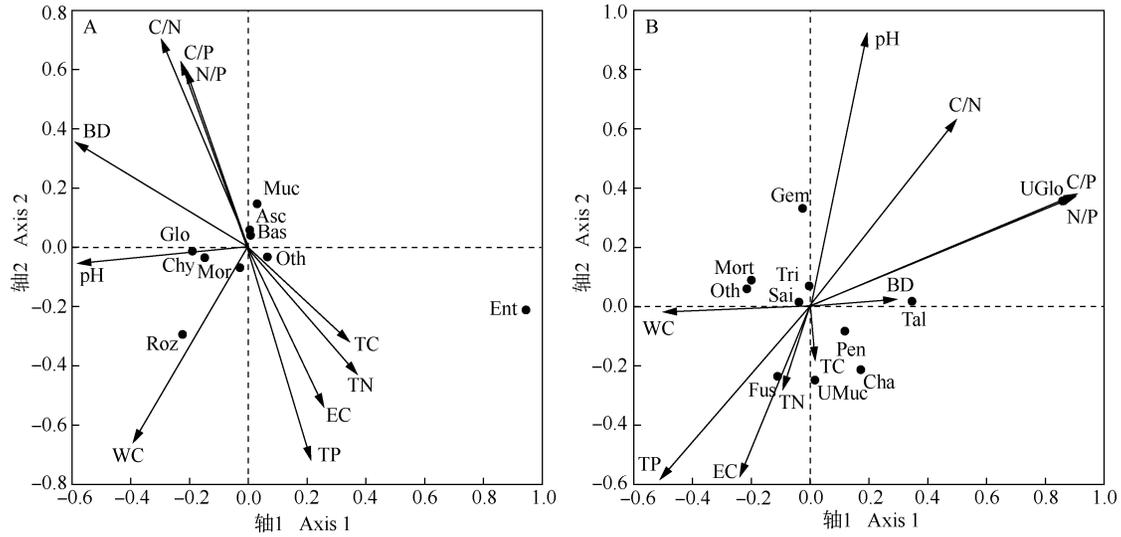
¹⁾ pH: pH值 pH value; EC: 电导率 Electric conductivity; BD: 容重 Bulk density; WC: 含水量 Water content; TC: 全碳含量 Total carbon content; TN: 全氮含量 Total nitrogen content; TP: 全磷含量 Total phosphorus content; C/N: C/N比 C/N ratio; C/P: C/P比 C/P ratio; N/P: N/P比 N/P ratio. *: $P < 0.05$.

2.4.2 典范对应分析(CCA) 茶园土壤真菌群落门、属的相对丰度与土壤理化指标的 CCA 排序图见图 2。结果显示:从门水平上看,土壤 C/N 比、全磷含量、含水量和容重是影响茶园土壤真菌群落的主要因子,其中,C/N 比主要影响子囊菌门和担子菌门的相对丰度,且均呈正相关;全磷含量主要影响子囊菌门和担子菌门的相对丰度,且均呈负相关;含水量主要影响被孢霉门和罗兹菌门(Rozellomycota)以及子囊菌门和担子菌门的相对丰度,且与前二者均呈正相关,与后二者均呈负相关;容重主要影响子囊菌门和担子菌门的相对丰度,且均呈正相关。从属水平上看,土壤 C/P 比、N/P 比和 pH 值是影响茶园土壤真菌群落的主要因子,其中,C/P 比和 N/P 比主要影响

unidentified Glomeromycota 和原隐球菌属的相对丰度,且与前者均呈正相关,与后者均呈负相关;pH 值主要影响木霉菌属、原隐球菌属和镰刀菌属的相对丰度,且与前二者均呈正相关,与后者呈负相关。

2.5 不同管理模式下茶园土壤真菌群落 FUNGuild 功能预测

不同管理模式下茶园土壤真菌群落 FUNGuild 功能预测见表 6。结果显示:除未指定功能真菌外,常规管理(M1)模式下未定义腐生真菌较多,相对丰度为 41.07%;其次是寄生真菌-未定义腐生真菌,相对丰度为 8.75%;其余功能类群真菌均较少,相对丰度均低于 1%。除未指定功能真菌外,间作套种管理(M2)模式下未定义腐生真菌较多,相对丰度为



pH: pH 值 pH value; BD: 容重 Bulk density; EC: 电导率 Electric conductivity; WC: 含水量 Water content; TC: 全碳含量 Total carbon content; TN: 全氮含量 Total nitrogen content; TP: 全磷含量 Total phosphorus content; C/N: C/N 比 C/N ratio; C/P: C/P 比 C/P ratio; N/P: N/P 比 N/P ratio. Asc: 子囊菌门的相对丰度 Relative abundance of Ascomycota. Mor: 被孢霉门的相对丰度 Relative abundance of Mortierellomycota; Bas: 担子菌门的相对丰度 Relative abundance of Basidiomycota; Glo: 球囊菌门的相对丰度 Relative abundance of Glomeromycota; Muc: 毛霉门的相对丰度 Relative abundance of Mucoromycota; Chy: 壶菌门的相对丰度 Relative abundance of Chytridiomycota; Ent: 虫霉门的相对丰度 Relative abundance of Entomophthoromycota; Roz: 罗兹菌门的相对丰度 Relative abundance of Rozellomycota. Mort: 被孢霉属的相对丰度 Relative abundance of *Mortierella* Coem.; Cha: 毛壳菌属的相对丰度 Relative abundance of *Chaetomium* Kunze; Sai: 原隐球菌属的相对丰度 Relative abundance of *Saitozyma* X. Z. Liu, F. Y. Bai, M. Groenew. et Boekhout; Tal: 黄丝曲霉属的相对丰度 Relative abundance of *Talaromyces* C. R. Benj.; Pen: 青霉菌属的相对丰度 Relative abundance of *Penicillium* Link; Gem: 双子担子菌属的相对丰度 Relative abundance of *Geminibasidium* H. D. T. Nguyen, N. L. Nick. et Seifert; UGlo: Unidentified Glomeromycota 的相对丰度 Relative abundance of unidentified Glomeromycota; Tri: 木霉菌属的相对丰度 Relative abundance of *Trichoderma* Pers.; Fus: 镰刀菌属的相对丰度 Relative abundance of *Fusarium* Link ex Fr.; UMuc: Unidentified Mucoromycota 的相对丰度 Relative abundance of unidentified Mucoromycota. Oth: 其他门(属)的相对丰度 Relative abundance of other phyla (genera).

图 2 茶园土壤真菌门(A)、属(B)的相对丰度与土壤理化指标的典范对应分析(CCA)排序图

Fig. 2 Ranking map of canonical correlation analysis (CCA) on phyla (A) and genera (B) with soil physicochemical indexes in tea plantation

表 6 不同管理模式下茶园土壤真菌群落 FUNGuild 功能预测
Table 6 FUNGuild function prediction on soil fungi communities in tea plantations under different management modes

功能类群 Functional group	相对丰度/% ¹⁾ Relative abundance ¹⁾		
	M1	M2	M3
动物病原 Animal pathogen	0.13	0.43	0.07
丛枝菌根 Arbuscular mycorrhizal	0.58	0.10	0.02
粪腐生-未定义腐生-木腐生 Dung saprotroph-undefined saprotroph-wood saprotroph	0.29	0.52	20.86
外生菌根 Ectomycorrhizal	0.11	0.11	0.03
杜鹃花类菌根 Ericoid mycorrhizal	0.10	0.00	0.33
寄生真菌-未定义腐生 Fungal parasite-undefined saprotroph	8.75	1.77	15.08
植物病原 Plant pathogen	0.13	0.97	1.18
植物病原-土壤腐生-木腐生 Plant pathogen-soil saprotroph-wood saprotroph	0.15	1.06	2.35
土壤腐生 Soil saprotroph	0.12	0.16	0.01
未指定功能 Unassigned	45.26	79.75	27.11
未定义腐生 Undefined saprotroph	41.07	14.11	32.40
未定义腐生-木腐生 Undefined saprotroph-wood saprotroph	0.14	0.50	0.24
木腐生 Wood saprotroph	0.35	0.12	0.04

¹⁾ M1: 常规管理 Conventional management; M2: 间作套种管理 Intercropping management; M3: 配套现代技术管理 Modern technology supporting management.

14.11%;其次是寄生真菌-未定义腐生真菌和植物病原-土壤腐生-木腐生真菌,相对丰度分别为 1.77% 和 1.06%;其余功能类群真菌均较少,相对丰度均低于 1%。配套现代技术管理(M3)模式下未定义腐生真菌最多,相对丰度为 32.40%;其次是粪腐生-未定义腐生-木腐生、寄生真菌-未定义腐生、植物病原-土壤腐生-木腐生和植物病原真菌(未指定功能真菌除外),相对丰度分别为 20.86%、15.08%、2.35% 和 1.18%;其余类群真菌均较少,相对丰度均低于 1%。总体上看,未定义腐生真菌在 3 种模式下均较多;与 M1 和 M2 模式相比,M3 模式下粪腐生-未定义腐生-木腐生和寄生真菌-未定义腐生真菌呈现明显富集现象。

3 讨 论

3.1 不同管理模式对茶园土壤真菌群落多样性及组成的影响

本研究中,常规管理(M1)模式下茶园土壤真菌

群落 Richness 指数、Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数和 ACE 指数总体高于间作套种管理(M2)和配套现代技术管理(M3)模式,土壤真菌群落组成相似性低于 M2 和 M3 模式,但 3 种模式间的 α 多样性指数均无显著差异,多样性较为相似,主要是由于 3 种模式所处自然环境和试验期气候条件较为相似。在门水平上,总体来看不同管理模式下茶园土壤中子囊菌门、被孢霉门及担子菌门的相对丰度均较高,与喀斯特地貌^[26]和云南普洱茶园^[27]土壤真菌的研究结果相似,可能是由于以上菌门具有较强的环境适应性。从这 3 种主要菌门的相对丰度来看,3 种茶园管理模式存在一定差异,子囊菌门这类腐殖真菌的相对丰度在 M3 (61.49%) 模式下要明显高于 M1 (36.68%) 和 M2 (11.28%) 模式,这可能是由于子囊菌门作为土壤有机质的主要分解者^[28],对环境条件的变化具备较强的适应性和菌群竞争能力^[29],同时 M3 模式下土壤中养分(碳、氮、磷)含量居中,也为子囊菌门提供了适宜的生长环境,从而增加了其相对丰度。担子菌门在 3 种管理模式下均有分布,这与其能够实现远距离传播并优化原有的土壤微生物生存环境有关^[30]。此外,在属水平上,M3 模式下毛壳菌属的相对丰度明显高于 M1 和 M2 模式,且 M3 模式下动物病原真菌的相对丰度较低,这主要是因为毛壳菌属作为土壤有益菌,能够抵抗土壤及土壤动物中的病原体,并产生木聚糖酶和纤维素分解酶等多种生物活性物质^[31]。

3.2 不同管理模式下土壤理化特征对土壤真菌群落的影响

不同真菌群落对土壤理化指标响应程度存在差异^[32],且不同土壤理化指标对土壤真菌群落的影响不同,如 pH 值影响真菌群落的生物量、活性和组成^[33];容重影响茶园土壤通气性和孔隙度、根系穿透阻力以及根系的生长和发育状况^[32],并间接通过上述因子影响真菌活性。典范对应分析(CCA)结果显示:从门水平上看,土壤 C/N 比、全磷含量、含水量和容重是影响茶园土壤真菌群落门水平的主要因子,其中,C/N 比与子囊菌门和担子菌门的相对丰度均呈正相关,说明这 2 种菌门更适应较高碳富集和较低氮养分供应的环境^[34]。从属水平上看,土壤 C/P 比、N/P 比和 pH 值是影响茶园土壤真菌群落属水平的主要因子,其中,pH 值与木霉属和原隐球菌属的相对丰度均呈正相关,与镰刀菌属的相对丰度呈负相

关,这可能与镰刀菌属真菌更适应茶园偏酸性的土壤环境有关^[35]。本文中,间作套种管理(M2)模式下土壤全氮含量最高,配套现代技术管理(M3)模式下居中、常规管理(M1)模式下最低,而 M2 模式下木霉属的相对丰度最低、M3 模式下居中、M1 模式下最高,这可能与土壤全氮含量与木霉属的相对丰度呈显著负相关有关,也可能是由于木霉属与相对丰度较高的毛壳菌属相互拮抗有关^[36]。

3.3 不同茶园管理模式下土壤真菌功能比较

通常情况下,土壤真菌的丰度越高,其功能型物种越多,从而有利于维系生态系统结构和功能的稳定性^[12]。本研究中,与常规管理(M1)和间作套种管理(M2)模式相比,配套现代技术管理(M3)模式下粪腐生-未定义腐生-木腐生和寄生真菌-未定义腐生真菌呈现明显富集现象,这有利于茶园土壤中有有机质分解^[32]。Hannula 等^[37]认为,真菌在保持作物产量的同时能够增加土壤固碳潜力,可通过提升真菌功能多样性改善茶园土壤食物网结构及生态系统平衡。van der Heijden 等^[38]在对树根外生菌根系统的研究中也印证了这一观点。外生菌根真菌在好氧环境中相对丰度更高,外生菌根真菌的生长也会进一步提高茶树固碳释氧功能^[39]。本文中,外生菌根真菌在 3 种不同模式下均有分布,但相对丰度较低,这可能是 3 种管理模式土壤全碳含量低于南方地区土壤碳含量^[40]的原因之一。此外,与 M1 和 M2 模式相比,M3 模式下杜鹃花类菌根的相对丰度较高,该类真菌功能类群有助于茶树抵御极端气候^[41]。基于此,相对于 M1 和 M2 模式,在现代滴灌、声控驱虫以及释放捕食螨等系列技术协同下的 M3 模式能够更好地协调保护茶园植被,维持茶园土壤微生物多样性及有益真菌功能类群的平衡,保障茶园土壤健康和可持续生产。

4 结 论

不同管理模式对茶园土壤真菌群落多样性及功能类群的影响存在差异,子囊菌门、被孢霉门和担子菌门是不同管理模式茶园土壤真菌的优势菌门。M3 模式下,子囊菌门的相对丰度明显高于 M1 和 M2 模式,毛壳菌属、原隐球菌属和青霉属的相对丰度明显高于 M1 和 M2 模式,粪腐生-未定义腐生-木腐生和寄生真菌-未定义腐生真菌呈现明显富集现象。C/N 比、全磷含量、含水量和容重是茶园土壤真菌群落门

水平的主要影响因子, C/P 比、N/P 比和 pH 值是茶园土壤真菌群落属水平的主要影响因子。综合分析结果认为, 现代滴灌、声控驱虫以及释放捕食螨等系列技术协同下的 M3 模式有利于维持茶园土壤真菌多样性及其功能的发挥。

参考文献:

- [1] 吴志丹, 江福英, 张 磊, 等. 福建省安溪铁观音茶园土壤氮素状况[J]. 土壤, 2020, 52(1): 16-24.
- [2] ASSENG S, TURNER N C, KEATING B A. Analysis of water- and nitrogen-use efficiency of wheat in a Mediterranean climate [J]. *Plant and Soil*, 2001, 233: 127-143.
- [3] 郭雅玲, 王 果, 罗 丹, 等. 福建铁观音茶园土壤中铅、镉、砷、铬、汞、铜、氟的环境质量现状分析[J]. 中国生态农业学报, 2011, 19(3): 676-681.
- [4] EDWARDS I P, ZAK D R, KELLNER H, et al. Simulated atmospheric N deposition alters fungal community composition and suppresses ligninolytic gene expression in a northern hardwood forest [J]. *PLoS ONE*, 2011, 6(6): e20421.
- [5] FIERER N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, 15: 579-590.
- [6] BARDGETT R D, VAN DER PUTTEN W H. Belowground biodiversity and ecosystem functioning [J]. *Nature*, 2014, 515: 505-511.
- [7] 裴广廷, 孙建飞, 贺同鑫, 等. 长期人为干扰对桂西北喀斯特草地土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. 植物生态学报, 2021, 45(1): 74-84.
- [8] CULUMBER C M, REEVE J R, BLACK B L, et al. Organic orchard floor management impact on soil quality indicators: nutrient fluxes, microbial biomass and activity [J]. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2019, 115: 101-115.
- [9] ALVEAR M, ROSAS A, ROUANET J L, et al. Effects of three soil tillage systems on some biological activities in an Ultisol from southern Chile[J]. *Soil and Tillage Research*, 2005, 82: 195-202.
- [10] ROS M, HERNANDEZ M T, GARCIA C. Soil microbial activity after restoration of a semiarid soil by organic amendments[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35: 463-469.
- [11] 聂三安, 王 伟, 雷秀美, 等. 黄泥田土壤真菌群落结构和功能类群组成对施肥的响应[J]. 应用生态学报, 2018, 29(8): 2721-2729.
- [12] WAGG C, SCHLAEPI K, BANERJEE S, et al. Fungal-bacterial diversity and microbiome complexity predict ecosystem functioning [J]. *Nature Communications*, 2019, 10: 4841.
- [13] 刘 蕾, 徐 梦, 张国印, 等. 不同轮作模式下设施土壤丛枝菌根真菌群落结构的季相变化[J]. 应用生态学报, 2021, 32(11): 4095-4106.
- [14] 丁建莉, 姜 昕, 马鸣超, 等. 长期有机无机肥配施对东北黑土真菌群落结构的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(4): 914-923.
- [15] LI S Y, WU X, XUE H, et al. Quantifying carbon storage for tea gardens in China[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2011, 141: 390-398.
- [16] 汪 洋, 杨殿林, 王丽丽, 等. 农田管理措施对土壤有机碳周转及微生物的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2020, 37(3): 340-352.
- [17] TERAVEST D, SMITH J L, CARPENTER-BOGGS L, et al. Soil carbon pools, nitrogen supply, and tree performance under several groundcovers and compost rates in a newly planted apple orchard [J]. *HortScience*, 2011, 46(12): 1687-1694.
- [18] 税 伟, 陈毅萍, 苏正安, 等. 专业化茶叶种植影响下的农业生态系统服务功能价值评价: 以福建安溪为例[J]. 生态学报, 2017, 37(10): 3311-3326.
- [19] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 269-270.
- [20] WAAJEN G W A M, FAASSEN E J, LÜRLING M. Eutrophic urban ponds suffer from cyanobacterial blooms: Dutch examples [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2014, 21: 9983-9994.
- [21] HUBER J A, WELCH D B M, MORRISON H G, et al. Microbial population structures in the deep marine biosphere [J]. *Science*, 2007, 318(5847): 97-100.
- [22] JIA X, HAN S J, ZHAO Y H, et al. Comparisons of extraction and purification methods of soil microorganism DNA from rhizosphere soil[J]. *Journal of Forestry Research*, 2006, 17: 31-34.
- [23] QUAST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools[J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41: D590-D596.
- [24] HUBER J, WELCH D, MORRISON H, et al. Microbial population structures in the deep marine biosphere [J]. *Science*, 2007, 318(5847): 97-100.
- [25] 阳 祥, 李先德, 刘吉龙, 等. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析[J]. 环境科学学报, 2022, 42(4): 432-442.
- [26] YAN T T, XUE J H, ZHOU Z D, et al. Biochar-based fertilizer amendments improve the soil microbial community structure in a karst mountainous area [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 794: 148757.
- [27] 季凌飞, 倪 康, 马立锋, 等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(22): 8158-8166.
- [28] LI H Y, LI C H, SONG X, et al. Impacts of continuous and rotational cropping practices on soil chemical properties and microbial communities during peanut cultivation [J]. *Scientific Reports*, 2022, 12: 2758.
- [29] 闫 茹, 冯 薇, 王玺婧. 呼伦贝尔沙地不同固沙植物土壤真菌群落组成及多样性[J]. 中国水土保持科学, 2021, 19(1): 60-68.
- [30] EGIDI E, DELGADO-BAQUERIZO M, PLETT J M, et al. A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide [J].

- Nature Communications, 2019, 10: 2369.
- [31] 周红敏, 彭辉, 徐肇友, 等. 林地植被类型变化对土壤真菌群落结构的影响[J]. 中南林业科技大学学报, 2022, 42(7): 20-27.
- [32] LI C H, MA B L, ZHANG T Q, et al. Soil bulk density effects on soil microbial populations and enzyme activities during the growth of maize (*Zea mays* L.) planted in large pots under field exposure [J]. Canadian Journal of Soil Science, 2002, 82: 147-154.
- [33] XUE J, ZHANG Y, WANG C, et al. Effect of nutrition and environmental factors on the endoparasitic fungus *Esteya vermicola*, a biocontrol agent against pine wilt disease [J]. Current Microbiology, 2013, 67: 306-312.
- [34] TIAN H Q, CHEN G S, ZHANG C, et al. Pattern and variation of C : N : P ratios in China's soils; a synthesis of observational data [J]. Biogeochemistry, 2010, 98: 139-151.
- [35] 卓梦霞, 刘思文, 李春雨, 等. 镰刀菌属真菌毒素在植物和病原菌互作中的研究进展[J/OL]. 广东农业科学. <https://link.cnki.net/urlid/44.1267.S.20231124.1418.002>.
- [36] 柳婷婷. 木霉菌与毛壳菌组合防治两种蔬菜病害[J]. 中国农业信息, 2015(6): 70-72.
- [37] HANNULA S E, MORRIEN E. Will fungi solve the carbon dilemma? [J]. Geoderma, 2022, 413: 115767.
- [38] VAN DER HEIJDEN M G A, MARTIN F M, SELOSSE M-A, et al. Mycorrhizal ecology and evolution: the past, the present, and the future [J]. New Phytologist, 2015, 205: 1406-1423.
- [39] ODRIOZOLA I, NAVRÁTILOVÁ D, TLÁSKALOVÁ P, et al. Predictors of soil fungal biomass and community composition in temperate mountainous forests in Central Europe [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, 161: 108366.
- [40] 肖广敏, 刘蕾, 赵诣, 等. 有机物料投入对中国农田土壤有机碳含量影响的整合分析[J]. 中国土壤与肥料, 2023(8): 23-32.
- [41] 陈荣建, 熊丹, 欧静, 等. 持续干旱下杜鹃花类菌根真菌对桃叶杜鹃内源激素的影响[J]. 西南大学学报(自然科学版), 2018, 40(3): 26-33.

(责任编辑: 郭严冬)

《植物资源与环境学报》启事

为了扩大科技期刊的信息交流、充分实现信息资源共享,《植物资源与环境学报》已先后加入“中国学术期刊(光盘版)”、“万方数据——数字化期刊群”和“中文科技期刊数据库”等网络文献资源数据库,凡在本刊发表的论文将编入数据库供上网交流、查阅及检索,作者的著作权使用费与本刊稿酬一次性给付,不再另付。如作者不同意将文章收编入数据库,请在来稿时声明,本刊将做适当处理。

《植物资源与环境学报》的投稿网址为 <http://zwzy.cnbg.net>; 联系电话: 025-84347014; E-mail: zwzybjb@163.com; QQ: 2219161478。

《植物资源与环境学报》编辑部

2024-01