

高水练, 朱悦蕊, 何鹏, 等. 大豆不同部位处理对茶园土壤细菌和真菌群落的影响 [J]. 福建农业学报, 2022, 37 (10): 1354–1361.

GAO S L, ZHU Y R, HE P, et al. Soil Microbial Community Affected by Treatments on Soybean Plants Grown at Tea Plantations [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2022, 37 (10): 1354–1361.

大豆不同部位处理对茶园土壤细菌和真菌群落的影响

高水练¹, 朱悦蕊², 何 鹏¹, 佐明兴², 韦雅芳¹, 陈倩洁¹, 胡云飞^{1,2*}

(1. 福建农林大学安溪茶学院, 福建 福州 350002; 2. 福建农林大学园艺学院, 福建 福州 350002)

摘 要:【目的】探明大豆不同部位处理对茶树土壤细菌和真菌的群落结构及多样性的影响。【方法】采用 MiSeq 高通量测序方法, 分析 USB (种植大豆, 移除大豆地上部枝叶、只保留根系于土壤中)、ASB (未种植大豆, 将 USB 处理的大豆地上部割下覆盖到土壤表面)、WSB (种植大豆, 保留大豆根系并将大豆上部割下就地覆盖土壤表面) 3 种处理方式对茶树根际土壤细菌和真菌群落多样性、组间差异性和相关性。【结果】相对 CK 组, ASB、USB 和 WSB 三组茶园土壤细菌的 OTU 数量、ACE 指数和 Chao1 指数显著提高 ($P < 0.05$); ASB 和 WSB 组中真菌的 OTU 数量显著提高, 3 组真菌的 ACE 指数显著提高。Bray 聚类 and 三元相位图表明, 3 组处理组土壤细菌和真菌的群落结构相似性高; 优势细菌为鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*, 7.53%), 与 *Bryobacter* 菌属互为正相关性; 而相对于 CK, 真菌群落相对丰度产生明显的差异, 其中优势菌种阿尼菌属 (*Arnim*, 7.21%) 只存在于 3 个处理组, 并与青霉菌属 (*Penicillium*) 呈现出负相关性; *Condenascus* 的相对丰度也明显提高。【结论】大豆不同部位处理提高了茶园土壤微生物群落多样性、增加有益微生物种类, 其中 WSB 组中有益的微生物富集作用更为显著。

关键词: 大豆; 茶园土壤; 群落结构; 多样性; 组间差异性

中图分类号: S 571.1

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2022) 10-1354-08

Soil Microbial Community Affected by Treatments on Soybean Plants Grown at Tea Plantations

GAO Shuilian¹, ZHU Yuerui², HE Peng¹, ZUO Mingxing², WEI Yafang¹, CHEN Qianjie¹, HU Yunfei^{1,2*}

(1. Anxi College of Tea Science, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 2. College of Horticulture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China)

Abstract: 【Objective】Effects of different treatments of soybean plants on the microbial community in tea plantation soil were studied. 【Method】MiSeq high-throughput sequencing method was employed to analyze the differentiations on the microbial structure and diversity in rhizosphere soils at tea plantations with or without soybeans plants grown on the land and the use of cut plant parts. The treatments applied for the study were USB (removing aboveground parts of planted soybean plants), ASB (ground-mulching with cut plant parts from USB treatment), and WSB (covering soybean growing ground with cut aboveground plant parts). 【Result】The rhizosphere soil of the treatment fields had significantly higher OTU, ACE index, and Chao1 index than that of no-treatment CK ($P < 0.05$). ASB or WSB significantly increased the fungal OTU, while all 3 treatments significantly raised the fungal ACE index. The Bray clustering and ternary phase plots on the 3 treatments showed a similarity on soil bacterial and fungal structures that had *Sphingomonas* being the dominant bacteria at 7.53% and positively correlated with *Bryobacter*. The relative abundance of the fungal communities, on the other hand, significantly differed from that of CK as the dominant species *Arnim* at 7.21% found only in the treatment soils which was negatively correlated with *Penicillium*. In addition, the abundance of *Condenascus* increased significantly. 【Conclusion】The various treatments on the soybean plants at the tea plantations altered the soil microbial community. They increased the diversity and abundance of microbes, especially, WSB significantly enriched the microbial population in in the rhizosphere soil.

收稿日期: 2022-06-14 初稿; 2022-06-29 修改稿

作者简介: 高水练 (1979-), 男, 博士, 副教授, 研究方向: 茶树营养与生理生态 (E-mail: gaoshuilian@126.com)

* 通信作者: 胡云飞 (1987-), 男, 硕士, 助理研究员, 研究方向: 茶树栽培生理与生态研究 (E-mail: huyunfei@fafu.edu.cn)

基金项目: 福建省自然科学基金项目 (2019J01664); 安溪茶园区土壤配方施肥与生态改良项目 (KH210209A); 海南省五指山市生态科技特派员项目 (CZ2020068); 教育部产学研合作协同育人项目 (202102377005)

Key words: Soybean; tea plantation soil; community microbial structure; diversity; intergroup variability

0 引言

【研究意义】茶树 [*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze] 是世界上最主要的经济树种之一, 广泛种植在我国热带和亚热带的酸性土壤中^[1]。然而, 茶树长期单一栽培和管理不当, 产量大幅下降, 土壤退化, 对土壤微生物多样性和有益微生物产生负面影响^[2-4]。土壤微生物是茶园土壤生态系统的重要组成部分和最为活跃的生物因子, 直接参与凋落物分解、养分循环及吸收等土壤生态过程, 对茶树的生长、茶叶品质, 以及维持土壤生态系统功能稳定具有重要的影响^[5-6]。套种大豆已成为茶园管理的一种重要复合栽培技术, 明确大豆不同部位处理对茶园土壤微生物群落结构的影响, 对改善茶园土壤微生物环境具有指导意义。【前人研究进展】茶园套种大豆能增加茶叶产量、改善茶叶品质, 提高土壤 pH 值, 提高土壤肥力, 有效改善茶园小气候^[7-9]; 还可以丰富土壤有益微生物群落^[10]。研究表明在茶园间作大豆, 土壤中真菌、细菌及放线菌的数量显著高于单作茶园, 微生物种群多样性更加丰富; 根际土壤酸性磷酸酶、脲酶和过氧化氢酶的活性也显著提高, 主要因为间作作物根系之间相互作用, 使根系分泌物增加, 有机物分解和转化速度加快, 从而改善茶园土壤生态环境^[11]。【本研究切入点】套种大豆是因为地上部枝叶腐解增加土壤有机质含量而丰富土壤微生物, 还是因为大豆地下部根瘤固氮菌释放而改变土壤微生物群落结构, 目前尚不明确; 大豆不同部位处理对茶园土壤微生物群落结构的影响鲜有报道。课题组前期研究发现: 大豆地上部位和整株植物连续 3 次处理酸化茶园土壤后, 土壤 pH 值显著增加, 土壤细菌的 ACE 指数和 Chao1 指数、真菌的 ACE 指数显著增加^[12], 但是土壤中微生物的群落结构变化尚不明确。【拟解决的关键问题】本研究利用茶园土壤盆栽大豆, 分别将大豆不同部位处理茶园土壤, 分析茶树土壤细菌和真菌群落组成和结构差异, 剖析大豆不同部位处理对茶园土壤微生物群落结构的影响, 进一步为茶园间作和可持续高产提供微生物学依据。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

供试土样采自福建省安溪县参内乡岩前茶叶基地连续种植 15 年茶树的茶园土壤 (E25°04'28.7",

N118°15'27.4", 海拔 196 m), 去除表面前茬物质之后, 在茶行间取 0~30 cm 的茶树根际土壤, 充分混匀后, 每个大塑料盆 (27 cm×33 cm) 中放入 18 kg 土壤作为研究对象。参照《土壤农化分析》方法^[13]测定供试土壤性质: 质地为红壤土, pH 4.36, 有机碳 1.16%, 全氮 0.56 g·kg⁻¹, 全磷 0.27 g·kg⁻¹, 全钾 5.8 g·kg⁻¹, 水解氮 167.47 mg·kg⁻¹, 速效磷 11.89 mg·kg⁻¹, 速效钾 140.5 mg·kg⁻¹。供试大豆品种为华夏一号, 由福建农林大学根系生物研究中心提供。

1.2 试验设计

于 2017 年 4 月 1 日、2017 年 7 月 1 日、2018 年 5 月 7 日在盆栽土壤连续 3 次种植大豆, 在大豆灌浆初期, 设置 3 个处理: USB (种植大豆, 移除大豆地上部枝叶、只保留根系于土壤中)、ASB (未种植大豆, 将 USB 处理的大豆地上部割下覆盖到土壤表面)、WSB (种植大豆, 保留大豆根系并将大豆地上部割下就地覆盖土壤表面), 每个处理 6 盆重复; 设置无种植大豆的空白对照 (CK), 3 盆重复。前 2 次种植时, 所有试验样品均施用 42.5 g 钙镁磷复合肥作为基肥 (P₂O₅ 含量 15%, CaO 含量 45%, SiO₂ 含量 20%, MgO 含量 12%, 其他含量 8%), 置于福建省安溪县福建农林大学安溪茶学院 (E25°04'57", N118°13'40", 海拔 65 m) 室外培养, 每隔 5 d 用自来水浇灌 1 次, 于 2018 年 12 月 31 日采集土壤样品, 去除表面的前茬物质, 垂直采取 0~15 cm 深的土壤, 每盆随机取 5 个点混匀后, 装入无菌密封塑料袋中, 贴上标签, 立即带回实验室, 用于提取土壤微生物 DNA。

1.3 土壤基因组 MiSeq 测序和生物信息学分析

利用试剂盒提取基因组 DNA (Powersoil[®] DNA isolation kit)。对 16S rDNA 和真菌 ITS 区进行测序, 由北京百迈客科技有限公司完成, 使用 Illumina (MiSeq) 平台进行测序。在 0.97 相似度下利用 QIIME (v1.8.0) 软件将其聚类为用于物种分类的 OTU (Operational Taxonomic Units), 统计各样品 OTU 中的丰度信息。并计算香农指数 (Shannon index), Chao1 指数, 谱系多样性和观察种数等多样性分析和群落结构分析。

1.4 数据处理

丰富度指数 (Chao1、Ace) 和 α -多样性指数 (Shannon、Simpson) 的计算利用 Mothur 1.30.1 软件完成。通过 RDP Classifier 鉴定 OTU 代表性序列的微

生物分类地位。不同处理的分类比较柱形图和盒型图是根据 QIIME (v1.8.0) 软件计算的结果用 R (v3.1.1) 软件绘制。采用 SSPS 17.0 软件进行单因素方差分析。

2 结果与分析

2.1 不同处理后对茶园土壤微生物多样性分析

16S rDNA 和 ITS 序列测序分析不同的大豆处理组与对照细菌和真菌样品稀释曲线均趋于平缓, 表明测序趋于饱和, 测序数据量渐进合理, 能够相对真实地反映出土壤样品中细菌和真菌的群落组成, 取样基本合理。最终得到的序列长度集中细菌在 413~418 bp、真菌在 248~258 bp。在 97% 的相似度

水平下, 细菌聚类得到 986~1 248 个 OTU、真菌得到 171~241 个 OUT, ASB、USB 和 WSB 等 3 个处理组细菌的 OTU 数量显著高于 CK 组, 而 ASB 和 WSB 组中真菌的 OTU 数量显著高于 CK 组。对指示群落多样性 4 个指数: ACE、Chao1、Simpson 和 Shannon 指数进行组间差异性分析 (表 1)。结果显示, ASB、USB 和 WSB 等 3 个处理组细菌和真菌的 ACE 指数显著高于 CK 组 ($P<0.05$); 同时, 3 个处理组细菌的 Chao1 指数显著高于 CK 组, 而真菌的 Chao1 指数无显著性差异。处理组与对照组的细菌和真菌的 Simpson 指数和 Shannon 指数均无显著性差异。

表 1 不同处理后茶园土壤微生物 Alpha 多样性指数
Table 1 Indices of alpha microbial diversities of tea plantation soils with different treatments on soybean plants

类别 Category	处理 Treatment	OTU数量 OTU counts	ACE指数 ACE index	Chao1指数 Chao1 index	辛普森多样性指数 Simpson index	香农多样性指数 Shannon index
细菌 Bacterium	CK	985.67±132.90 b	1 042.00±97.63 b	1 055.43±95.03 b	0.01±0.00 a	5.71±0.18 a
	ASB	1 247.50±21.36 a	1 296.88±11.65 a	1 305.34±14.97 a	0.02±0.01 a	5.58±0.23 a
	USB	1 178.50±47.18 a	1 231.65±39.31 a	1 242.85±39.17 a	0.11±0.10 a	5.02±0.66 a
	WSB	1 233.67±22.00 a	1 322.35±14.42 a	1 326.90±14.39 a	0.02±0.00 a	5.50±0.12 a
真菌 Fungus	CK	170.67±32.52 c	185.41±40.11 b	176.25±35.13 a	0.07±0.04 a	3.61±0.43 a
	ASB	221.33±14.94 ab	279.63±13.94 a	251.77±13.57 a	0.06±0.01 a	3.77±0.12 a
	USB	180.83±10.70 bc	281.73±29.52 a	256.58±37.65 a	0.09±0.02 a	3.41±0.18 a
	WSB	241.33±10.56 a	263.26±9.65 a	262.41±11.21 a	0.10±0.03 a	3.40±0.18 a

数据表示重复组的平均值±标准误差。不同字母表示组间差异显著 ($P<0.05$)。

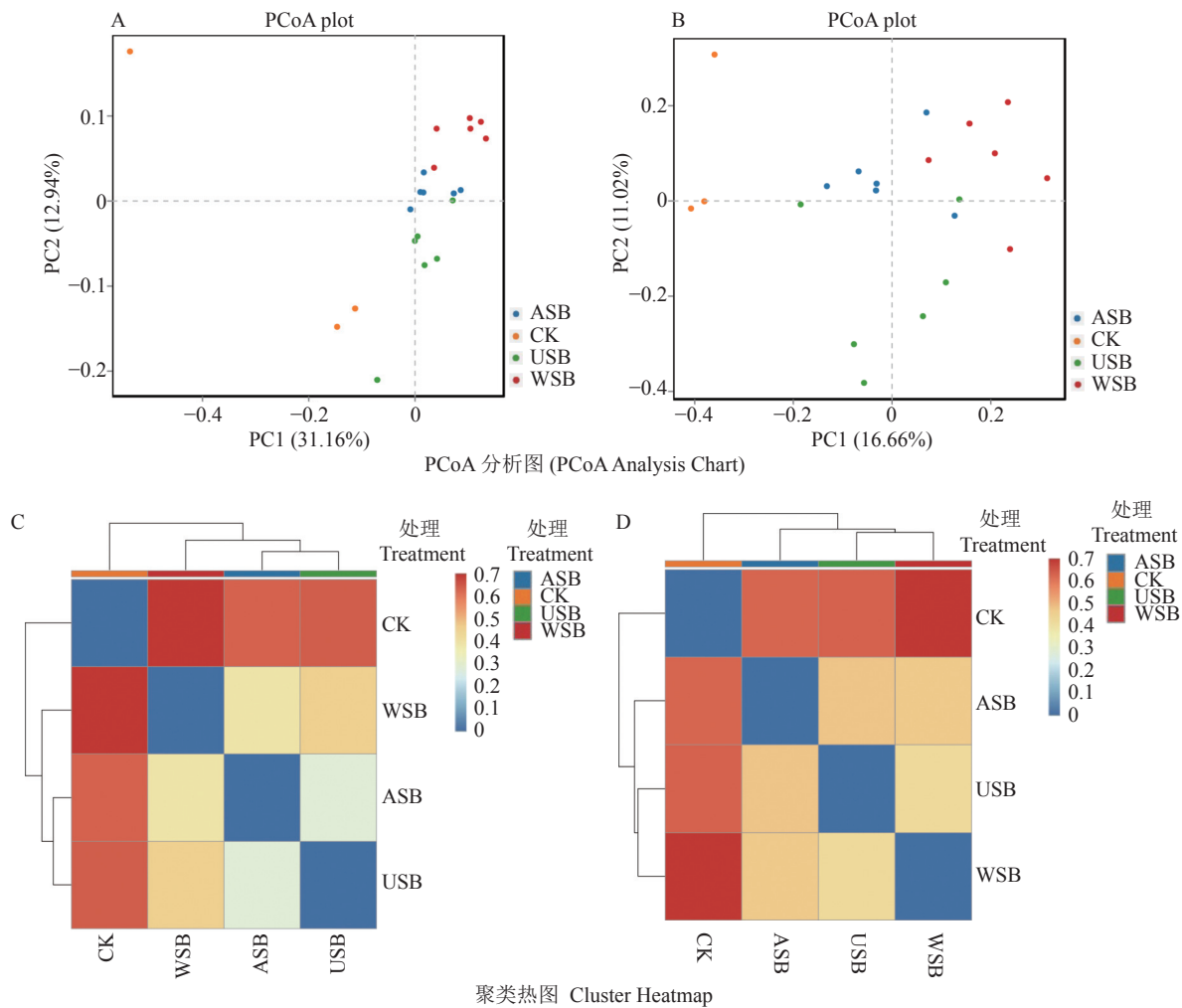
Data represent mean ± standard error of replicates. Different letters indicate significant difference between the treatments ($P<0.05$).

通过对 Bray 结果的聚类分析, 可以观察样品的聚集、离散程度, 样品分布点越近, 说明这些样品中所含的物质组成和浓度越接近。结果显示 (图 1), 观察样品的聚集、离散程度, 其分布点越近, 他们所含的物质组成和浓度越接近。2 个主成分 (PC1、PC2) 表明 4 组的生物学重复之间具备较好的一致性 (图 1-A、B); 经过大豆不同部位处理后, 茶园土壤细菌和真菌的聚类具有相似之处, ASB、USB 和 WSB 都聚类在一起 (图 1-C、D), 反映茶园土壤细菌和真菌菌群的相似性高。但是细菌和真菌具有差异, 其中细菌 ASB 和 USB 聚类在同一树簇上, 而真菌是以 USB 和 WSB 聚类在一起, 表明细菌和真菌对于大豆处理后, 茶园土壤细菌和真菌结构变化具有一定差异。

2.2 不同处理后对茶园土壤微生物物种组成分析

物种组成分析反映样品在不同分类学水平上的群落结构, 图 2 分别展示目 (order) 水平和属 (genus)

水平的微生物群落结构和分类比较结果。已鉴定出细菌平均相对丰度大于 2.5% 的有 9 个目, 分别为鞘氨醇单胞菌目 (Sphingomonadales, 8.32%)、根瘤菌目 (Rhizobiales, 7.06%)、拟杆菌目 (Bacteroidales, 5.49%)、酸杆菌目 (Acidobacteriales, 5.32%)、蓝藻目 (Cyanobacteriales, 4.62%)、伯克氏菌目 (Burkholderiales, 3.98%)、纤维杆菌目 (Ktedonobacterales, 3.77%)、噬几丁质菌目 (Chitinophagales, 3.77%) 和弗兰克氏菌目 (Frankiales, 2.59%) 等 (图 2-A)。在属水平上相对丰度大于 1.5% 的有 5 个属, 其中鞘鞍醇单胞菌属 (*Sphingomonas*, 7.53%) 相对含量最多、其次是拟杆菌属 (*Bacteroides*, 4.30%)、热酸菌属 (*Acidothermus*, 1.94%)、*Bryobacter* (1.76%) 和 *Acidibacter* (1.60%) (图 2-B)。大豆不同部位处理后的茶园土样中细菌菌群群落结构较为相似; 但是其细菌的相对丰度有明显的差异, 其中 USB 组中蓝藻目 (Cyanobacteriales) 相对



A、C：组间的细菌聚类；B、D：组间的真菌聚类
A、C: bacterial clustering between groups; B、D: fungal clustering between groups.

图 1 基于 Bray Curtis 算法的处理组聚类分析

Fig. 1 Cluster analysis by Bray Curtis distance of 4 soil samples

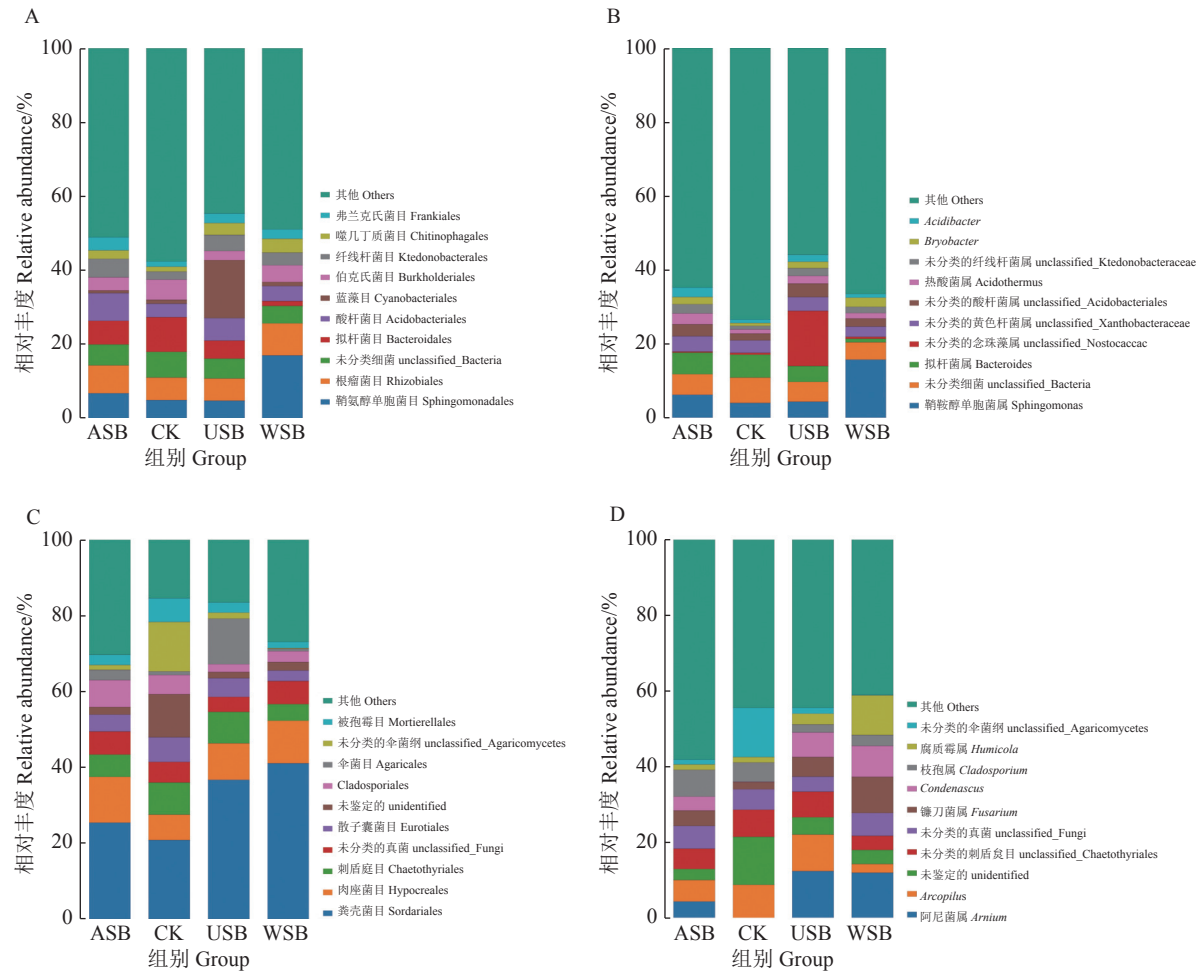
丰度为 15.65%、而 WSB 组中鞘氨醇单胞菌目（*Sphingomonadales*）相对丰度为 15.69%，明显高于其他三组。

已鉴定出真菌平均相对丰度大于 2.5% 的有 8 个目，分别为粪壳菌目（*Sordariales*，31.06%）、肉座菌目（*Hypocreales*，9.87%）、刺盾负目（*Chaetothyriales*，6.74%）、散子囊菌目（*Eurotiales*，4.67%）、Cladosporiales（4.27%）、伞菌目（*Agaricales*，4.09%）、被孢霉目（*Mortierellales*，3.33%）和假球壳目（*Pleosporales*，3.22%）（图 2-C）。在属水平上相对丰度大于 4.0% 的有 6 个属，其中阿尼菌属（*Arnium*，7.21%）相对含量最多、其次是 *Arcopilus*（6.58%）、镰刀菌属（*Fusarium*，5.15%）、*Condenascus*（4.61%）、枝孢属（*Cladosporium*，4.27%）、和腐质霉属（*Humicola*，4.04%）（图 2-D）。大豆不同部位处理后的茶园土样中真菌群落相对丰度产生明显的差异，其中阿尼菌属（*Arnium*）只存在于 ASB、

USB 和 WSB 组，CK 处理组未发现该真菌；同时，*Condenascus* 的相对丰度在 ASB、USB 和 WSB 组明显提高。

2.3 不同处理后组间菌种差异分析

在 ASB、USB 和 WSB 三组茶园土壤中鉴定出细菌 5 个门、真菌 4 个门，在不同处理组织间微生物具备差异性。其中细菌主要集中在变形菌门（*Proteobacteria*）、放线菌门（*Actinobacteriota*）、酸杆菌门（*Acidobacteriota*）、拟杆菌门（*Bacteroidota*）和绿弯菌门（*Chloroflexi*）；根据三元相位图显示各个门水平下的细菌分布比较集中，主要分布在三元相位图的中间区域（图 3-A），表明经 3 个大豆处理组处理后，对茶园土壤中细菌结构和相对丰度影响不大。同时，真菌主要集中在被孢霉门（*Mortierellomycota*）、壶菌门（*Chytridiomycota*）、担子菌门（*Basidiomycota*）和子囊菌门（*Ascomycota*），且子

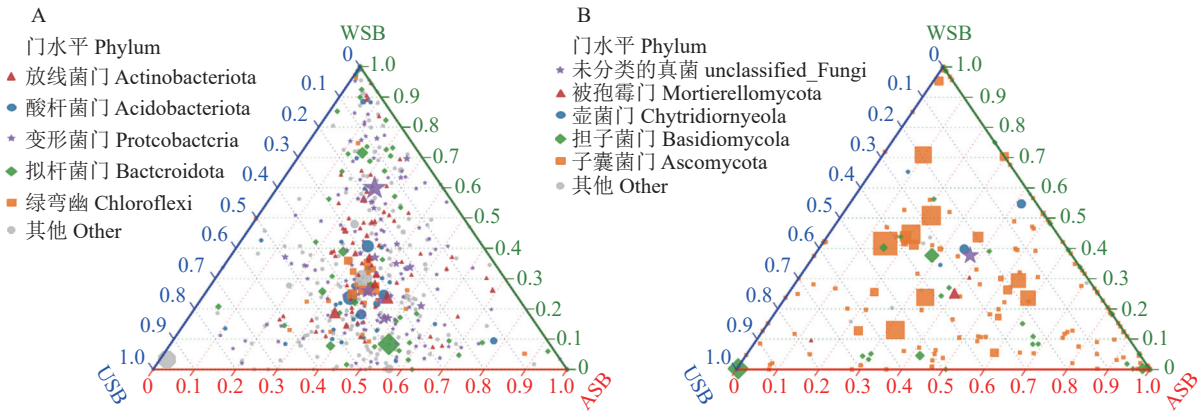


A、B: 组间的细菌群落结构; C、D: 组间的真菌群落结构

A、B :community bacterial structures of groups; C、D:community fungal structures of groups.

图 2 不同处理后对茶园土壤微生物的群落分布

Fig. 2 Community microbial distribution in tea plantation soil with different treatments on soybean plants



①A: 组间的细菌菌种差异; B: 组间的真菌菌种差异; ②三角形的 3 个角分别代表 3 个样品, 3 个样品分别用 3 个颜色表示, 三条边用于度量相应颜色的样品的物种丰度, 三角图中的圆圈代表某一门水平下包含的所有种水平的物种分类, 圆圈大小代表物种的平均相对丰度。
①A: different bacterial strains among groups; B: different fungal strains among groups; ②3 corners in a triangle represent 3 different samples in different colors, and 3 sides signify species abundance in samples of corresponding color. Circle inside a triangle represents species classification of all species at a specified level, and size of circle signifies average relative abundance of species.

图 3 3 个不同处理的 OTU 和门水平微生物分布的三元图

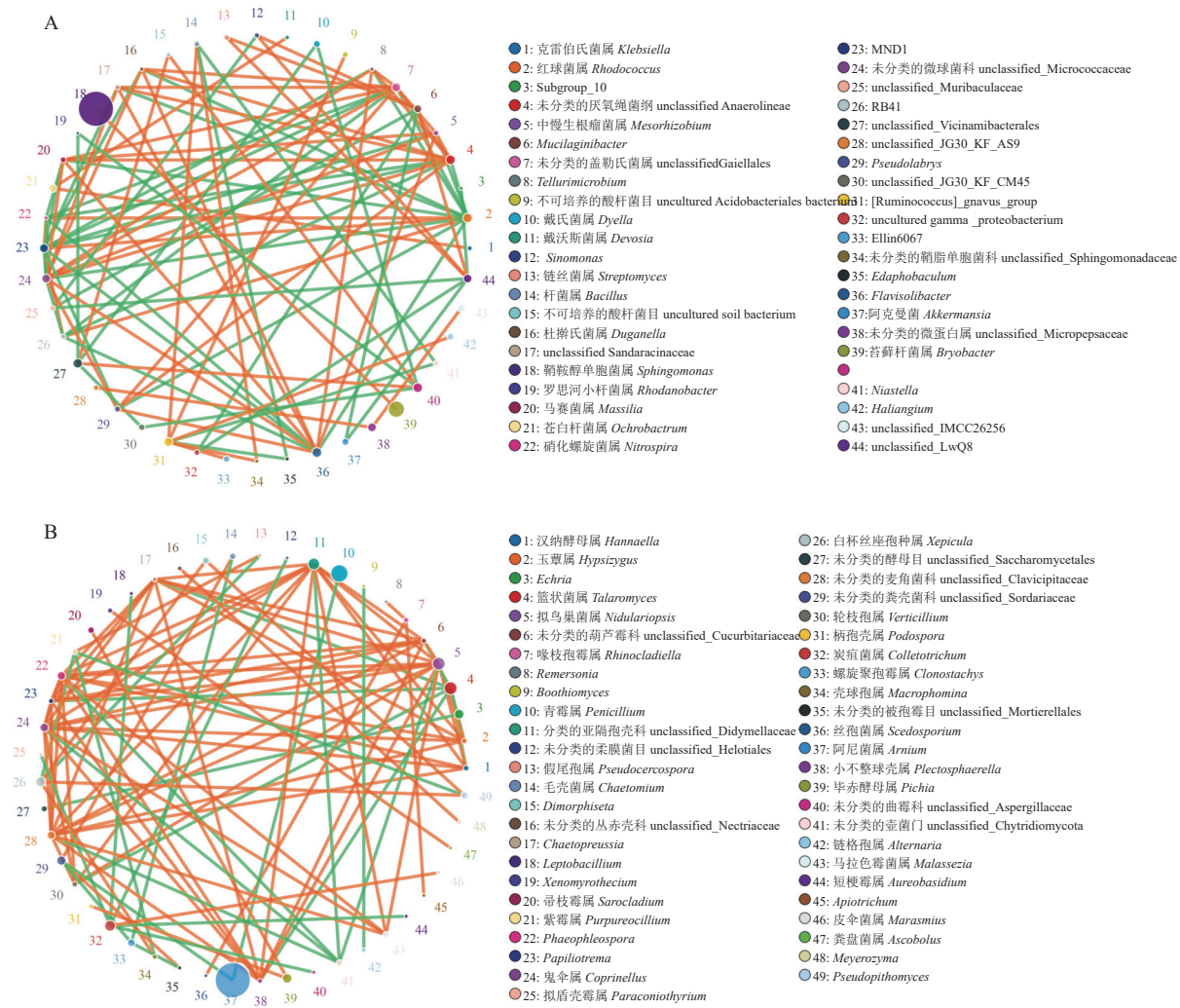
Fig. 3 Ternary plot of OTU and phylum-level microbial distribution in soils under treatments

囊菌门（Ascomycota）相对丰度明显高于其他菌种；同时，根据三元相位图显示各个门水平下的真菌分布比较分散，各组之间的各类门水平下的真菌群落结构差异性较大（图 3-B）。

2.4 不同处理后土壤微生物菌种相关性分析

为展示不同微生物菌种之间的相关性，利用 python 分别构建了细菌和真菌的相关性最高的前

50 个属。细菌筛选出 44 个菌属具有一定的相关性，其中优势菌种的鞘鞍醇单胞菌属（*Sphingomonas*）作为相对丰度最高的菌种，其与 *Bryobacter* 菌属互为唯一的正相关性（图 4-A）。同时，真菌筛选出 49 个菌属具有一定的相关性，其中优势菌种阿尼菌属（*Arnim*）与青霉菌属（*Penicillium*）和 *unclassified_Saccharomycetales* 呈现出负相关性（图 4-B）。



A: 细菌属水平相关性; B: 真菌属水平相关性; 圆圈代表物种, 圆圈大小代表物种平均丰度大小; 线条代表两物种间相关, 线的粗细代表相关性的强弱; 线的颜色: 橙色代表正相关, 绿色代表负相关。
A: among bacteria; B: among fungi; Circle represents species and its size average abundance; line, correlation between two species and its thickness strength of correlation; orange-colored line, positive correlation; and green-colored line, negative correlation.

图 4 不同处理后对微生物的属水平相关性分析

Fig. 4 Correlation among microbes in soil at genus level after treatments.

3 讨论与结论

土壤微生物在农业生态系统中发挥着至关重要的作用，在土壤营养元素循环、有机物质的形成和分解、土壤肥力的保持和提高、植物的生长发育和作物病虫害防治等方面扮演着非常重要的角色 [14-15]。

利用 Illumina MiSeq 检测微生物核酸碱基序列，分析土壤微生物 OTU 数量、多样性指数、均匀度指数、丰富度指数和优势度等常用来反映微生物群落的多样性，可以揭示土壤微生物种类和功能的差异 [16]。在本研究中，不同大豆处理组显著提高了茶园土壤细菌的 OTU 数量、ACE 指数和 Chao1 指数，分别提

高了 20%~26%、18%~27%、18%~26%；而 ASB 和 WSB 组中真菌的 OTU 数量和 ACE 指数显著提高，分别提高了 30%~41%、42%~51%。同时，不同大豆部位处理组中土壤细菌和真菌的群落结构相似性高；但对真菌的群落相对丰度影响较大，其中子囊菌门、担子菌门、被孢霉门和壶菌门相对丰度差异明显。研究表明大豆间作可以增加土壤中的腐殖质，提高土壤有机质含量^[17-18]，改善土壤质量和结构，为土壤提供丰富的碳源^[19]，促进土壤微生物的大量繁殖，从而增加土壤微生物群落多样性、优势度及其丰富度^[20]。

合理的间套作可以增加土壤细菌、放线菌等微生物数量，提高土壤微生物群落多样性和功能多样性，改善微生物群落结构茶园间作植物，如大豆、花生和板栗等，其有利于改善茶园土壤养分、茶叶品质和土壤微生态环境^[21-22]；特别是土壤细菌和真菌参与土壤有机质分解、营养元素形态转换以及病害防治等重要环节^[23]。本研究表明，茶园土壤中有鞘氨醇单胞菌目（Sphingomonadales）、根瘤菌目（Rhizobiales）、拟杆菌目（Bacteroidales）等 9 个优势的细菌菌目类；粪壳菌目（Sordariales）、肉座菌目（Hypocreales）等 8 个真菌菌目类，大豆不同部位处理后没有显著改变茶园土壤微生物优势菌目类，这与前人研究结果相似^[24-25]。茶园土壤种的优势细菌菌种为鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonas*），有促进植物生长、降解有机质以及修复植物重金属污染的作用^[26-27]；其在大豆处理后相对含量均提高，且在 WSB 组中相对丰度为 15.69%，是对照组 CK 相对丰度的 3.63 倍。同时，粪壳菌目、肉座菌目为各组土壤真菌优势菌目，其中在 WSB 处理组种粪壳菌目总菌群 41.14%，显著高于 CK 组的 20.90%；已有研究表明粪壳菌目、肉座菌目同时也具有降解腐烂有机质，降解纤维素的作用^[28]。

本研究发现优势真菌阿尼菌属（*Arnim*）只存在于大豆不同部位处理组中，在未经大豆处理的土壤中没有发现该真菌属。已有研究表明，阿尼菌属参与了水稻根系同化土壤中外源碳源作用^[29]，因此，通过大豆不同部位处理后，可以显著提高茶园土壤中促进土壤碳代谢有关的微生物富集，从而提高茶树土壤有机质含量。同时，对茶园土壤具有耐酸、提高茶树抗病性的镰刀菌属和青霉菌属在大豆处理后也具有较高的相对丰度^[30-32]。然而发现阿尼菌属与青霉菌属呈现负相关性，这可能是由于施用大豆处理后，促进了以阿尼菌属为主的碳同化真菌的活性，从而抑制了青霉菌属真菌活性，已有研究利用¹³C 稳定同位素标记试验证实了施用生物碳促进

了关键物真菌菌种（如青霉属）与其他微生物之间的竞争作用，导致负激发效应研究具有相似之处^[33]。由此可见，大豆不同部位处理改变了茶园土壤微生物优势群落结构，同时微生物群落结构的改变进一步提高了土壤的外源碳同化效应。

综上所述，种植大豆，移除大豆地上部枝叶、只保留根系于土壤中（USB）；未种植大豆，将 USB 处理的大豆地上部割下覆盖到土壤表面（ASB）；种植大豆，保留大豆根系并将大豆上部割下就地覆盖土壤表面（WSB）处理方式对茶园土壤微生物群落结构影响不显著；3 种大豆处理方式均可以显著提高土壤微生物群落多样性、丰富度，并提高茶园土壤中具有加速降解有机质、促进土壤碳代谢的微生物富集，特别是种植大豆，保留大豆根系并将大豆上部割下就地覆盖土壤表面（WSB）处理微生物富集作用更为显著，从而进一步提高茶树土壤有机质含量。

参考文献：

- [1] SILVA L S, SEABRA A R, LEITÃO J N, et al. Possible role of glutamine synthetase of the prokaryotic type (GSI-like) in nitrogen signaling in *Medicago truncatula* [J]. *Plant Science*, 2015, 240: 98-108.
- [2] GUI H, FAN L C, WANG D H, et al. Organic management practices shape the structure and associations of soil bacterial communities in tea plantations [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 163: 103975.
- [3] ZHANG J C, ZHANG Z M, HUANG X F. Spatial heterogeneity of pH and heavy metal Cd in the soils of tea gardens in the plateau mountain regions, PR China [J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2021, 193: 646.
- [4] YU J L, LIN S, SHAABAN M, et al. Nitrous oxide emissions from tea garden soil following the addition of urea and rapeseed cake [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2020, 20: 3330-3339.
- [5] LI Y C, LI Z W, ARAFAT Y, et al. Characterizing rhizosphere microbial communities in long-term monoculture tea orchards by fatty acid profiles and substrate utilization [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2017, 81: 48-54.
- [6] BHATTACHARYYA P N, SARMAH S R. The role of microbes in tea cultivation[M]. India: Burleigh Dodds Science Publishing, 2018, 41: 135-167.
- [7] DUAN Y, SHEN J Z, ZHANG X L, et al. E-effects of soybean-tea intercropping on soil-available nutrients and tea quality [J]. *Acta Physiologiae Plantarum*, 2019, 41 (8): 140.
- [8] 黎健龙, 涂攀峰, 陈娜, 等. 茶树与大豆间作效应分析 [J]. *中国农业科学*, 2008, 41 (7): 2040-2047.
LI J L, TU P F, CHEN N, et al. Effects of tea intercropping with soybean [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41 (7): 2040-2047. (in Chinese)
- [9] LIU L T, KNIGHT J D, LEMKE R L, et al. A side-by-side comparison of biological nitrogen fixation and yield of four legume crops [J]. *Plant Soil*, 2019, 442 (1-2): 169-182.
- [10] PROCHÁZKA P, ŠTRANC P, VOSTŘEL J, et al. The influence of effective soybean seed treatment on root biomass formation and seed

- production [J]. *Plant, Soil and Environment*, 2019, 65 (12) : 588–593.
- [11] 韦持章, 农玉琴, 陈远权, 等. 茶树/大豆间作对根际土壤微生物群落及酶活性的影响 [J]. *西北农业学报*, 2018, 27 (4) : 537–544.
- WEI C Z, NONG Y Q, CHEN Y Q, et al. Effects of tea and soybean intercropping on soil microbial community and enzyme activity [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2018, 27 (4) : 537–544. (in Chinese)
- [12] GAO S L, HE P, LIN T X, et al. Consecutive soybean (*Glycine max*) planting and covering improve acidified tea garden soil [J]. *PLoS ONE*, 2021, 16 (7) : e0254502.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [14] TEDERSOO L, BAHRAM M, PÖLME S, et al. Global diversity and geography of soil fungi [J]. *Science*, 2014, 346 (6213) : 1078.
- [15] BAHRAM M, HILDEBRAND F, FORSLUND S K, et al. Structure and function of the global topsoil microbiome [J]. *Nature*, 2018, 560 (7717) : 233–237.
- [16] 田春杰, 陈家宽, 钟扬. 微生物系统发育多样性及其保护生物学意义 [J]. *应用生态学报*, 2003, 14 (4) : 609–612.
- TIAN C J, CHEN J K, ZHONG Y. Phylogenetic diversity of microbes and its perspectives in conservation biology [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2003, 14 (4) : 609–612. (in Chinese)
- [17] 韦锦望, 覃潇敏, 农玉琴, 等. 茶与大豆间作对土壤微生物群落代谢功能多样性的影响 [J]. *华北农学报*, 2021, 36 (S1) : 289–296.
- WEI J J, QIN X M, NONG Y Q, et al. Effects of tea and soybean intercropping on metabolic functional diversity of soil microbial community [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2021, 36 (S1) : 289–296. (in Chinese)
- [18] 李鑫, 张会慧, 岳冰冰, 等. 桑树-大豆间作对盐碱土碳代谢微生物多样性的影响 [J]. *应用生态学报*, 2012, 23 (7) : 1825–1831.
- LI X, ZHANG H H, YUE B B, et al. Effects of mulberry-soybean intercropping on carbon-metabolic microbial diversity in saline-alkaline soil [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2012, 23 (7) : 1825–1831. (in Chinese)
- [19] 魏兰芳, 张荣琴, 姚博, 等. 大豆轮作及秸秆还田模式对白菜根肿病的影响 [J]. *江西农业大学学报*, 2021, 43 (1) : 52–62.
- WEI L F, ZHANG R Q, YAO B, et al. Effect of rotating soybean and its straw returning on Chinese cabbage clubroot disease [J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2021, 43 (1) : 52–62. (in Chinese)
- [20] 马玲, 马琨, 汤梦洁, 等. 间作与接种AMF对连作土壤微生物群落结构与功能的影响 [J]. *生态环境学报*, 2013, 22 (8) : 1341–1347.
- MA L, MA K, TANG M J, et al. Effects of intercropping and inoculation of AMF on the microbial community structure and function of continuous cropping soil [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2013, 22 (8) : 1341–1347. (in Chinese)
- [21] 马立锋, 陈红金, 单英杰, 等. 浙江省绿茶主产区茶园施肥现状及建议 [J]. *茶叶科学*, 2013, 33 (1) : 74–84.
- MA L F, CHEN H J, SHAN Y J, et al. Status and suggestions of tea garden fertilization on main green tea-producing counties in Zhejiang Province [J]. *Journal of Tea Science*, 2013, 33 (1) : 74–84. (in Chinese)
- [22] WEN B, ZHANG X L, REN S, et al. Characteristics of soil nutrients, heavy metals and tea quality in different intercropping patterns [J]. *Agroforestry systems*, 2020, 94 (3) : 963–974.
- [23] 吕宁, 石磊, 刘海燕, 等. 生物药剂滴施对棉花黄萎病及根际土壤微生物数量和多样性的影响 [J]. *应用生态学报*, 2019, 30 (2) : 602–614.
- LYU N, SHI L, LIU H Y, et al. Effects of biological agent dripping on cotton *Verticillium* wilt and rhizosphere soil microorganism [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30 (2) : 602–614. (in Chinese)
- [24] 郝海平, 白红彤, 夏菲, 等. 茶-山苍子间作对茶园土壤微生物群落结构的影响 [J]. *中国农业科学*, 2021, 54 (18) : 3959–3969.
- HAO H P, BAI H T, XIA F, et al. Effects of tea-*Litsea cubeba* intrcropping on soil microbial community structure in tea plantation [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54 (18) : 3959–3969. (in Chinese)
- [25] 张玥, 胡云飞, 王树茂, 等. 茶园年限对根际土壤真菌群落结构及多样性的影响 [J]. *应用与环境生物学报*, 2018, 24 (5) : 972–977.
- ZHANG Y, HU Y F, WANG S M, et al. The structure and diversity of the fungal community in rhizosphere soil from tea gardens of different ages [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2018, 24 (5) : 972–977. (in Chinese)
- [26] CHEN B, SHEN J G, ZHANG X C, et al. The endophytic bacterium, *Sphingomonas SaMR12*, improves the potential for Zinc phytoremediation by its host, *Sedum alfredii* [J]. *PLoS ONE*, 2014, 9 (9) : e106826.
- [27] MYRESIOTIS C K, VRYZAS Z, PAPADOPOULOU-MOURKIDOU E. Biodegradation of soil-applied pesticides by selected strains of plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) and their effects on bacterial growth [J]. *Biodegradation*, 2012, 23 (2) : 297–310.
- [28] SHANTHIYAA V, SARAVANAKUMAR D, RAJENDRAN L, et al. Use of *Chaetomium globosum* for biocontrol of potato late blight disease [J]. *Crop Protection*, 2013, 52: 33–38.
- [29] ZHANG Q, GUO T F, LI H, et al. Identification of fungal populations assimilating rice root residue-derived carbon by DNA stable-isotope probing [J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 147: 103374.
- [30] DAYNES C M, MCGEE P A, MIDGLEY D J. Utilisation of plant cell-wall polysaccharides and organic phosphorus substrates by isolates of *Aspergillus* and *Penicillium* isolated from soil [J]. *Fungal Ecology*, 2008, 1 (2–3) : 94–98.
- [31] ZHU X J, HU Y F, CHEN X, et al. Endophytic fungi from *camellia sinensis* show an antimicrobial activity against the rice blast pathogen *Magnaporthe grisea* [J]. *Phyton-International Journal of Experimental Botany*, 2014, 83: 57–63.
- [32] 葛德永, 姚槐应, 黄昌勇. 茶园土壤耐酸铝微生物的分离鉴定及其耐铝特性研究 [J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2007, 33 (6) : 626–632.
- GE D Y, YAO H Y, HUANG C Y. Isolation and characterization of acid- and Al-tolerant microorganisms [J]. *Journal of Zhejiang University (Agric. & Life Sci.)*, 2007, 33 (6) : 626–632. (in Chinese)
- [33] CHEN L J, JIANG Y J, LIANG C, et al. Competitive interaction with keystone taxa induced negative priming under biochar amendments [J]. *Microbiome*, 2019, 7: 77.

(责任编辑：林海清)