

福建典型茶园土壤养分及其计量比对细菌群落结构的影响

杨发峻^{1,2}, 王维奇^{1,2}, 吴梓炜^{1,2}, 许宏达^{1,2},
葛茂泉^{1,2}, 林少颖^{1,2}, 李先德³, 张永勋³, 吴传惠⁴

(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,福州 350117;2.福建师范大学地理研究所,福州 350117;3.中国农业科学院农业经济与发展研究所,北京 100081;4.福建顺茗道茶业有限公司,福建 宁德 355200)

摘要:为研究茶园土壤碳(C)、氮(N)、磷(P)、钾(K)含量及其生态化学计量比对土壤微生物群落结构的影响,以福建省福鼎市茶叶主产地茶园为研究对象,系统测定和分析土壤养分与计量比,分析其对细菌群落特征的影响。结果表明:(1)茶园土壤 C、N、P、K 含量均值分别为 18.39, 1.96, 0.91, 15.57 g/kg, 土壤 C : N、C : P、C : K、N : P、N : K、N : K 均值分别为 9.24, 30.96, 1.24, 3.32, 0.13, 22.39;(2)土壤中的优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Actinobacteria)、放线菌门(Acidobacteria);优势菌属为 *Paludibaculum*、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*),不同茶园土壤中细菌群落组成及结构相似,但细菌多样性指数差异显著($p < 0.05$);(3)属水平上茶园土壤细菌与养分及其计量比的相关性分析结果显示,K 与热脱硫弧菌属(*Thermodesulfobacterium*)、盖氏菌属(*Gaiella*)呈显著正相关($p < 0.01$), P 与梭菌属(*Clostridium*)、罗思河小杆菌属(*Rhodanobacter*)、地杆菌属(*Geobacter*)呈显著正相关($p < 0.01$),而 N 与假单胞菌属(*Pseudomonas*)呈显著负相关($p < 0.01$),K 与北孢里菌属(*Kitasatospora*)、苯基杆菌属(*Phenyllobacterium*)呈显著负相关($p < 0.01$);土壤 C : N、C : P、N : P、P : K 与西索恩氏菌属(*Chthoniobacter*)、网团菌属(*Dictyobacter*)、伯克霍尔德菌属(*Paraburkholderia*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)呈显著正相关($p < 0.05$),与慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Vicinamibacter*、盖氏菌属(*Gaiella*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)等呈显著负相关($p < 0.001$);(4)功能预测结果显示,茶园细菌的预测功能中以代谢活动为主的功能居多,对茶园土壤养分循环以及通过代谢活动提高土壤固碳效率有着积极作用。研究结果对基于养分管理的茶园土壤微生物多样性功能研究具有指导意义。

关键词:生态化学计量比;细菌群落结构;PICRUST 功能预测;茶园;福鼎市

中图分类号:S157.4

文献标识码:A

文章编号:1009-2242(2023)06-0209-10

DOI:10.13870/j.cnki.stbcbx.2023.06.027

Effects of Soil Nutrient and Measurement Ratio on Bacterial Community Structure in Fujian Tea Garden

YANG Fajun^{1,2}, WANG Weiqi^{1,2}, WU Ziwei^{1,2}, XU Hongda^{1,2}, GE Maoquan^{1,2},

LIN Shaoying^{1,2}, LI Xiande³, ZHANG Yongxun³, WU Chuanhui⁴

(1.Key Laboratory of Humid Subtropical Eco-geographical Process of Ministry of Education, Fujian Normal University, Fuzhou 350117; 2.Institute of Geographical Science, Fujian Normal University, Fuzhou 350117; 3.Institute of Agricultural Economics and Development, Beijing 100081; 4.Fujian Shun Mingdao Tea Industry Co., Ltd., Ningde, Fujian 355200)

Abstract: In order to study the effects of soil carbon(C), nitrogen (N), phosphorus (P), potassium (K) content and their eco stoichiometric ratio on soil microbial community structure, soil nutrient-to-metrological ratio and its influence on the characteristics of bacterial communities were systematically measured and analyzed by taking tea gardens in Fuding City, Fujian Province as the research object. The results showed that: (1) The mean contents of C, N, P and K in tea garden soil were 18.39, 1.96, 0.91, 15.57 g/kg, and the mean values of soil C : N, C : P, C : K, N : P, N : K, N : K, were 9.24, 61, 1.24, 3.32, 0.13 and 22.39, respectively. (2) The dominant bacteria in the soil were *Paludibaculum*, *Mycobacterium*, and *Acidobacteria*; the dominant bacteria genera were *Paludibaculum*, *Mycobacterium* and *Bradyrhizobium*,

收稿日期:2023-05-01

资助项目:国家自然科学基金面上项目(41571287);福建福鼎白茶文化系统全球重要农业文化遗产申报项目(DH-1815);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)

第一作者:杨发峻(1999—),男,在读硕士研究生,主要从事生态与环境研究。E-mail:yfj150315@163.com

通信作者:王维奇(1982—),男,博士,研究员,主要从事生态与环境研究。E-mail:wangweiqi15@163.com

and the composition and structure of bacterial communities in different tea plantations were similar, but the bacterial diversity index was significantly different ($p < 0.05$). (3) The correlation analysis results of soil bacteria and nutrient and their measurement ratio in tea gardens at the genus level showed that K was significantly positively correlated with *Thermodesulfovibrio* and *Gaiella* ($p < 0.01$), P was positively correlated with *Clostridium*, *Rhodanobacter*, and *Geobacter* ($p < 0.001$), while N was significantly negatively correlated with *Pseudomonas* ($p < 0.01$), K was significantly negatively correlated with *Kitasatospora* and *Phenylobacterium* ($p < 0.01$). Soil C : N, C : P, N : P, P : K were significantly positively correlated with *Chthoniobacter*, *Dictyobacter*, *Paraburkholderia*, and *Bacillus* ($p < 0.05$), and were negatively correlated with *Bradyrhizobium*, *Vicinamibacter*, *Gaiella*, and *Pseudomonas* ($p < 0.001$). (4) The functional prediction results showed that most of the predicted functions of tea garden bacteria were mainly metabolic activities, which had a positive effect on soil nutrient cycling in tea gardens and improving soil carbon sequestration efficiency through metabolic activities. Therefore, this study is of great significance for the study of soil microbial diversity in tea gardens based on nutrient management.

Keywords: eco-stoichiometric ratio; bacterial community structure; PICRUSt function prediction; tea garden; Fuding City

碳(C)、氮(N)、磷(P)、钾(K)是土壤中主要的组成元素,其含量和彼此之间的耦合关系影响着生态系统生产力与碳汇功能^[1]。生态化学计量学主要是探究生态系统多重养分元素间的平衡关系,已成为生物地球化学循环和生态研究的热点。近年来,国内外学者对湿地、森林、山地等生态系统 C、N、P 生态化学计量特征进行研究,王维奇等^[2]对闽江河口不同河段芦苇湿地土壤碳氮磷生态化学计量特征研究表明,不同河段土壤的 C : N、C : P、N : P 存在显著差异,且土壤水分含量和粉粒含量是最关键的影响因子;许宛孜等^[3]对北江中下游不同林分类型土壤 C、N、P 含量及其生态化学计量比研究发现,土壤 C : N 在不同林分类型中差异并不显著,但土壤 C : P、N : P 均以针阔混交林最高,且针阔混交林受 P 限制较强;王涛等^[4]通过采伐迹地营造阔叶林树种后土壤微生物生态化学计量特征研究表明,MBN(microbial biomass nitrogen)和 MBP(microbial biomass phosphorous)主要受土壤总氮和有效磷的影响,而 MBC(microbial biomass carbon)/MBP 和 MBN/MBP 主要受有机碳和有效磷的驱动。上述研究主要集中在土壤、植物或者微生物生物量等某一方面的元素生态化学计量学研究,但将生态化学计量学应用于土壤—微生物系统,了解土壤养分与微生物群落结构特征的演变及其相关性的研究尚鲜见报道。此外,土壤生态化学计量学研究主要围绕土壤 C、N、P 的 3 种元素展开,其他元素耦合的化学计量关系尚不清楚,尤其关于 K 元素的生态化学计量学研究报道较少。K 元素不仅是植物生长发育所必需的营养元素之一,还是茶树体内含量最丰富的阳离子,对茶树正常生长和优质高产具有重要作用。充足的 K 元素不仅可以提高茶叶的品

质,而且还可以增加茶树的抗性,对茶树的生长具有重要的调节作用。因此,综合研究茶园土壤 C、N、P、K 元素之间的平衡关系,不仅有利于丰富生态化学计量学特征在茶园的应用,而且对于分析茶园土壤养分循环、限制性元素判断、养分利用效率都具有十分重要的意义。

土壤微生物作为土壤生态系统的核心,参与土壤养分循环、有机质转换、土壤肥力的形成。其中,细菌是土壤中数量最多、分布最广的微生物,占土壤微生物总数的 70%~90%^[4],土壤细菌在维持土壤肥力方面有着重要作用,其代谢活动影响土壤结构、物质循环和能量流动,还能通过与植物根系相互作用,促进茶树对养分的吸收^[5]。许越等^[6]研究发现,土壤细菌数量较高的季节基本在夏秋季;何柳等^[7]通过对不同海拔林地土壤微生物研究发现,山地海拔变化是土壤微生物群落改变的主要影响因素,说明土壤细菌对外界环境变化的响应十分敏感。土壤为微生物生存提供必要的生境,因此,土壤理化性质变化对微生物也有着重要影响。已有研究^[8]表明,土壤含水量和 pH 作为土壤环境的重要组成因子,在很大程度上决定植被类型,并解释近 90% 的土壤微生物群落差异。关于土壤养分及其生态化学计量比对微生物影响的研究主要集中于森林、草地、农田生态系统,对于茶园生态系统的研究较少,因此,值得深入开展相关研究,以期为茶园土壤生物多样性和生态功能维持提供理论参考。

福鼎市位于福建省东北部,茶树品种资源十分丰富,种植历史悠久,是中国白茶发源地,也是中国十大产茶县(市)之一。目前,关于福鼎市茶园研究多集中于茶叶主产地的自然条件、产业发展现状等,关于茶园土壤养分及其微生物多样性的研究鲜见报道。基

于此,针对当前国内外相关领域研究的不足,拟解决以下科学问题:(1)福鼎市茶叶主产地土壤养分含量及其生态化学计量比特征如何?(2)福鼎市茶叶主产地土壤细菌群落分异特征及其功能怎样?(3)福鼎市茶叶主产地土壤 C、N、P、K 含量及其计量比对微生物群落的调节作用如何? 研究结果对茶园可持续生产、土壤养分管理、生物多样性维持以及生态系统多功能性提升具有重要的理论与实践价值。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

福鼎市位于福建省东北部(26°52′45″—27°26′05″N, 119°55′34″—120°43′14″E),属于中亚热带季风气候,海洋性气候特征显著,温暖湿润,雨量充沛,年均温 19.2℃,无霜期约 270 天,降水量约 1 720.0 mm。年平均日照时间为 1 727.3 h^[9]。优越的地理环境、气候条件为白茶的生长提供有利条件。采样点分别位于福鼎市白琳镇(27°10′45″N, 120°10′22″E)、磻溪镇(27°06′45″N, 120°08′11″E)、管阳镇(27°15′11″N, 120°01′59″E)、太姥山镇(27°06′59″N, 120°11′32″E)、点头镇(27°13′02″N, 120°03′10″E)茶树种植和生产的主产区。

1.2 土壤样品采集与测定

1.2.1 土壤样品采集 遵循典型性和代表性原则,于 2022 年 4 月在福鼎市茶叶主产地(白琳镇、磻溪镇、管阳镇、太姥山镇、点头镇茶园)进行土样采集,为避免采样过程对于茶树生长的影响,在距离茶树 10 cm 处,去除表面凋落物后利用采土器采集 0—15, 15—30 cm 土壤,5 个样区,3 个重复,共 30 个土样,装入自封袋带回,挑去植物残体、根系和杂质后,分为 2 份,其中 1 份待自然风干后装入自封袋保存,另 1 份放入 -20℃ 冰箱冷冻备用。鉴于 0—15 cm 土层土壤受外界环境和人为活动影响更为敏感,细菌群落测定主要选择该层土壤,以反映不同茶园土壤微生物群落特征的差异。

1.2.2 土壤样品测定

(1)土壤样品理化性质与碳、氮、磷、钾元素的测定。土壤含水量采用烘干法^[10]测定;土壤 pH 按水土质量比 2.5:1,振荡 30 min,静置后用 pH 计(Starter 300,美国)测定;土壤容重用环刀法^[10]测定。土壤 C、N 采用土壤碳氮元素分析仪(Elementar Vario MAX CN,德国)测定,全磷(TP)采用硫酸—高氯酸消解后在连续流动分析仪(Skalar SAN++,荷兰)测定^[11],土壤全钾(TK)用碳酸钠碱熔法^[12]测定。

(2)土壤细菌群落多样性及群落结构分析。根据 E.Z.N.A.® soil DNA kit (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.)说明书进行微生物群落总 DNA 抽提,使用 1%的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的提取质量,使

用 NanoDrop 2000 测定 DNA 浓度和纯度;对 16S rRNA 基因 V3—V4 可变区进行 PCR 扩增,引物为 338F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3′)806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′),其扩增参数为 95℃预变性 3 min,95℃变性 30 s,55℃退火 30 s,72℃延伸 30 s,循环 27 次,72℃延伸 10 min,10℃保存直至反应结束^[13]。对 PCR 产物进行鉴定,每个样本获得 3 个 PCR 重复,将 3 个重复的 PCR 产物混合;产物使用 2%浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测 40 min,根据 PCR 产物浓度饱和持水量进行等量混样,充分混匀后使用 1×TAE 浓度 2%的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物,剪切回收目标条带。产物纯化采用试剂盒(Thermo Scientific 公司 GeneJET 胶回收试剂盒)回收产物。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, 美国)进行纯化,Tris-HCl 洗脱,2%琼脂糖电泳检测。利用 QuantiFluor™-ST(Promega,美国)进行检测定量。使用 NEXTflex™ Rapid DNA-Seq Kit(Bioo Scientific,美国)进行建库,构建文库的步骤为:①连接“Y”字形接头;②使用磁珠筛选去除接头自连片段;③利用 PCR 扩增进行文库模板的富集;④氢氧化钠变性,产生单链 DNA 片段。最后利用 Illumina 公司的 Miseq PE300 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。

高通量测序数据分析均是基于上海美吉生物医药科技有限公司所提供的交互式微生物多样性云分析平台(<https://www.majorbio.com>)进行,使用 Fastp(version 0.20.0)软件对原始测序序列进行质控,使用 Flash(version 1.2.7)软件进行拼接。使用 Uparse(version 7.1)中 97%的相似性阈值将序列聚类为 OTUs 并去除嵌合体,筛选 OTUs 中出现频数最高的序列作为 OTUs 的代表序列。利用 RDP classifier(version 2.2)对 OTUs 序列进行物种注释,比对 16S rRNA 数据库 Silva(version 138),设置比对阈值为 70%^[14]。

1.3 数据处理与分析

运用 Microsoft Excel 2016、Origin 2023、SPSS 26.0 和 Canoco 5 软件对数据进行处理和绘图。其中,原始数据的平均值、标准误差、标准偏差的计算采用 SPSS 26.0 软件,C、N、P、K 及其计量比图的绘制采用 Origin 2023 软件,养分含量及计量比均采用质量比,运用 SPSS 26.0 软件中的单因素方差分析对每组土壤样品的细菌相对丰度与多样性等进行差异性检验。微生物数据分析在交互式微生物多样性云分析平台完成(www.majorbio.com,上海美吉生物科技有限公司)。利用 PICRUST2 软件进行 16S rRNA 基

因数据功能预测,将 QIME 获得的 OTU 信息与 KEGG 数据库进行比对,获得预测功能的基因信息。使用 Origin 2023 软件绘制菌群组成图、功能预测图以及属水平上细菌与预测功能相关性热图、属水平上土壤细菌与土壤理化因子的相关性热图。

2 结果与分析

2.1 茶园土壤理化特征

福鼎市各茶叶主产地土壤容重、pH、含水量特征见表 1。0—15 cm 土层土壤容重变化幅度较大,管阳镇茶园与白琳镇、点头镇茶园采样点间存在显著差异 ($p < 0.05$),土壤 pH 为 4.80~5.22,变化幅度较小,属于适宜茶树生长范围;点头镇茶园土壤含水量与其他采样点茶园之间存在显著差异 ($p < 0.05$);各茶园 15—30 cm 土层土壤容重变化幅度较小。管阳镇茶园土壤 pH 与白琳镇、碛溪镇茶园间存在显著差异 ($p < 0.05$);点头镇茶园土壤含水量与管阳镇、太姥山镇、碛溪镇茶园间存在显著差异 ($p < 0.05$)。

2.2 茶园土壤 C、N、P、K 含量特征

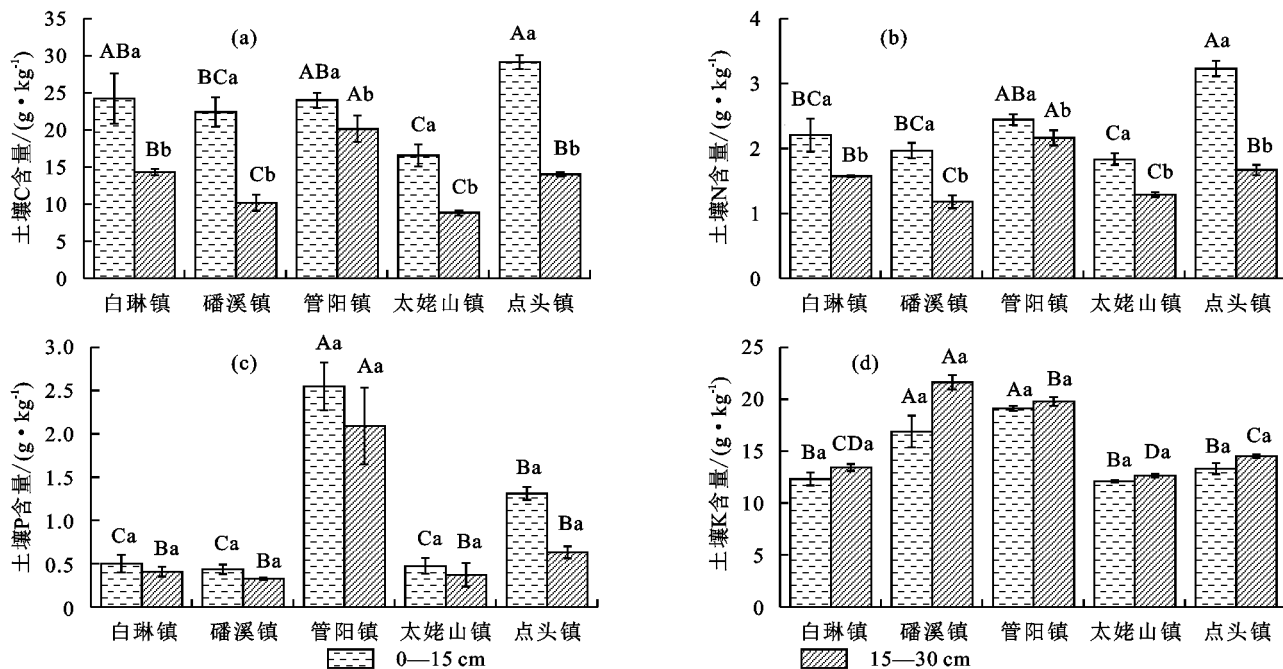
由图 1 可知,白琳镇、碛溪镇、管阳镇、太姥山镇、点头镇茶园 0—15 cm 土层土壤 C、N、P、K 含量分别为 23.28 ± 2.02 , 2.33 ± 0.55 , 1.05 ± 0.91 , 14.75 ± 3.11 g/kg; 15—30 cm 土层土壤 C、N、P、K 含量分别

为 13.51 ± 4.41 , 1.58 ± 0.38 , 0.77 ± 0.75 , 16.39 ± 4.04 g/kg。其中,0—15, 15—30 cm 土层土壤 C、N 含量间差异显著 ($p < 0.05$)。相对于 15—30 cm 土层,0—15 cm 土层土壤 C、N 含量分别增高 72%, 48%。管阳镇茶园土壤 P 元素含量显著高于其他茶园 ($p < 0.05$)。总体而言,土壤 C、N、P 含量表现为 0—15 cm 土层高于 15—30 cm 土层,但土壤 K 含量则表现为 0—15 cm 低于 15—30 cm 土层。

表 1 不同茶园土壤基本理化性质

土层深度/cm	样地	容重/(g·cm ⁻³)	pH	含水量/%
0—15	白琳镇	1.07±0.05c	4.80±0.03ab	31.16±1.97b
	碛溪镇	1.14±0.05bc	5.22±0.23a	22.46±1.59c
	管阳镇	1.30±0.05a	4.81±0.16ab	29.55±1.23b
	太姥山镇	1.23±0.02ab	4.54±0.12b	20.73±0.24c
	点头镇	0.93±0.01d	5.12±0.02a	48.21±0.37a
15—30	白琳镇	0.96±0.05b	4.89±0.10c	31.62±0.65a
	碛溪镇	1.25±0.04a	4.88±0.03c	23.94±1.94b
	管阳镇	1.26±0.03a	5.27±0.05a	27.09±0.94b
	太姥山镇	1.32±0.03a	5.14±0.10ab	25.65±0.94b
	点头镇	1.33±0.05a	4.95±0.07bc	34.25±0.16a

注:表中数据均为平均值±标准差;同列不同字母表示同一土层不同茶园间差异显著 ($p < 0.05$)。下同。



注:图柱上方不同大写字母表示不同茶园土壤养分间差异显著 ($p < 0.05$);不同小写字母表示同一茶园不同深度土壤养分间差异显著 ($p < 0.05$)。下同。

图 1 茶园土壤 C、N、P、K 含量特征

2.3 土壤 C、N、P、K 计量比特征

白琳镇、碛溪镇、管阳镇、太姥山镇、点头镇茶园土壤 C、N、P、K 生态化学计量特征见图 2。方差检验结果表明,0—15 cm 土层土壤 C : N、C : K、N : K 显著高于 15—30 cm ($p < 0.05$),分别高出 12%,

92%, 64%, 土壤 C : N 各茶园间差异较小,各茶园土壤 C : P、C : K 存在显著差异,管阳镇茶园土壤 N : P 显著低于其他茶园 ($p < 0.05$),点头镇土壤 N : K 显著高于其他茶园 ($p < 0.05$),管阳镇茶园土壤 P : K 显著高于其他茶园 ($p < 0.05$)。

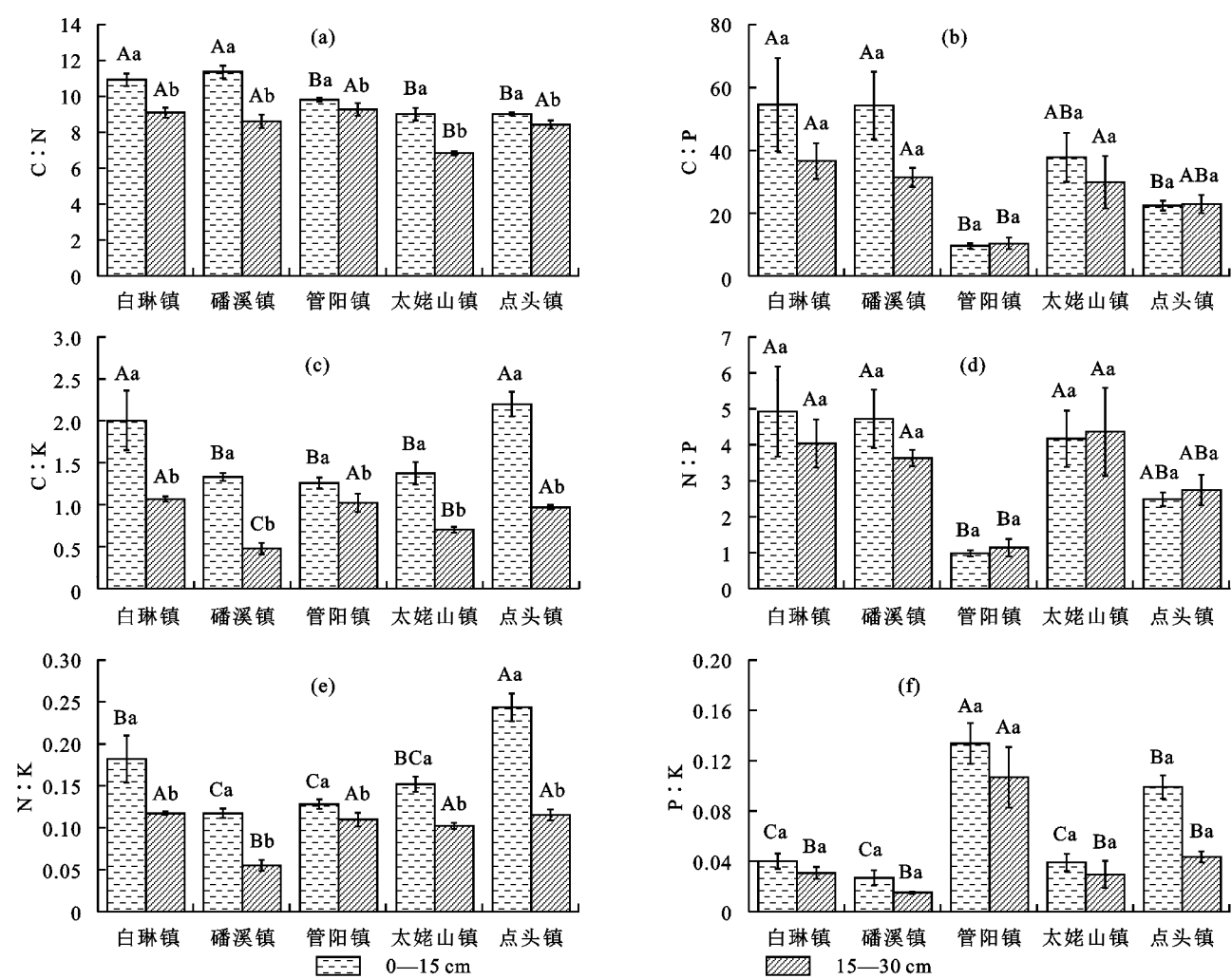


图 2 茶园土壤 C、N、P、K 化学计量比特征

2.4 茶园土壤细菌群落特征

2.4.1 土壤细菌多样性指数 不同茶园土壤细菌 α 多样性指数特征见表 2,各样品的覆盖度为 98%~99%,说明土壤样品中基因序列被检出的概率较高,本次测序可反映土壤细菌群落的真实情况。结果显示,茶园主产

地 0—15 cm 土层土壤细菌丰度以碯溪镇最低,管阳镇茶园最高,且形成显著差异($p<0.05$)。管阳镇茶园土壤样品的 Ace 指数和 Chao1 指数以及 OTUs 数目与其他乡镇差异显著($p<0.05$)。细菌 α 多样性指数结果表明,各茶园土壤中细菌丰度存在较大差异。

表 2 茶园土壤细菌多样性指数

采样点	OTUs	97%相似度水平			
		Shannon 指数	Ace 指数	Chao1 指数	覆盖度
白琳镇	1371.33±27.49c	5.25±0.09c	1770.85±34.11c	1756.99±15.67c	98.84±0.02b
碯溪镇	1204.00±66.84d	5.29±0.10c	1474.79±87.45d	1453.93±83.44d	99.44±0.06a
管阳镇	2799.00±12.77a	6.65±0.04a	3297.74±20.17a	3282.90±35.90a	98.00±0.06c
太姥山镇	1653.33±7.36b	5.76±0.06b	2038.11±35.39b	2028.09±33.57b	98.69±0.04b
点头镇	1726.00±89.15b	5.85±0.11b	2140.63±60.86b	2144.98±78.29b	98.76±0.05b

2.4.2 土壤细菌群落组成 不同茶园土壤细菌门水平上的群落组成(图 3a)显示,土壤样品中共检测到 21 个菌门,茶园土壤细菌优势菌门为变形菌门、酸杆菌门、放线菌门,三者占到总丰度和的 45.9%~71.4%,其中,碯溪镇茶园土壤细菌群落组成中变形菌门占比 33.6%,酸杆菌门占比高达 20.9%。不同茶园土壤细菌属水平上的群落组成(图 3b)显示,土壤样品中共检测 429 个菌属,茶园土壤优势菌群属为 *Paludibaculum*、分枝杆菌属、慢生根瘤菌属。

2.4.3 茶园土壤细菌功能预测 为预测不同茶叶主产地土壤细菌功能变化,基于 PICRUST 工具及 KEGG 数据库对茶园土壤细菌进行功能分类和预测。二级功能预测层中共有 46 个子功能,对相对丰度较高的前 20 个子功能进行分析表明,子功能基因的相对丰度在不同茶园主产区差异显著(图 4)。其中,点头镇茶园土壤细菌子功能基因的相对丰度与碯溪镇、管阳镇、太姥山镇茶园存在显著差异($p<0.05$),点头镇子功能基因的相对丰度在总体水平上比管阳镇高

15.69%。通过对不同茶园土壤细菌群落结构与预测功能的相关性分析(图 5)发现,茶园土壤细菌二级代谢通路预测功能基因相对丰度的变化与分枝杆菌属、

北里孢菌属、嗜酸硫杆菌属、玫瑰弯菌属、伯克霍尔德菌属呈显著正相关($p<0.05$),表明茶园土壤细菌群落对于代谢功能的发挥具有重要作用。

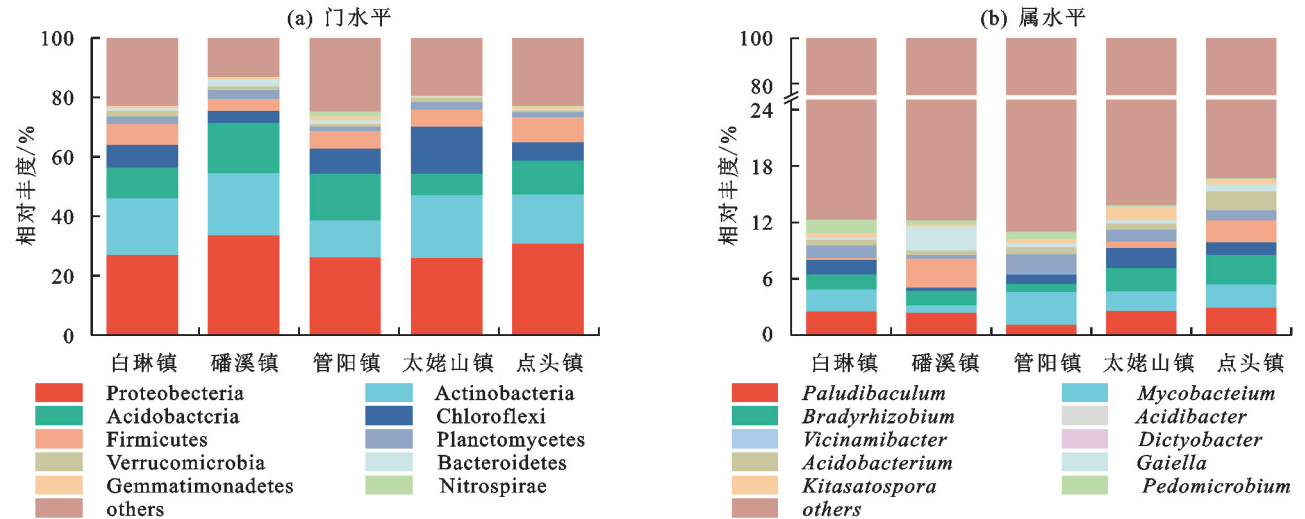


图 3 茶园土壤细菌群落组成

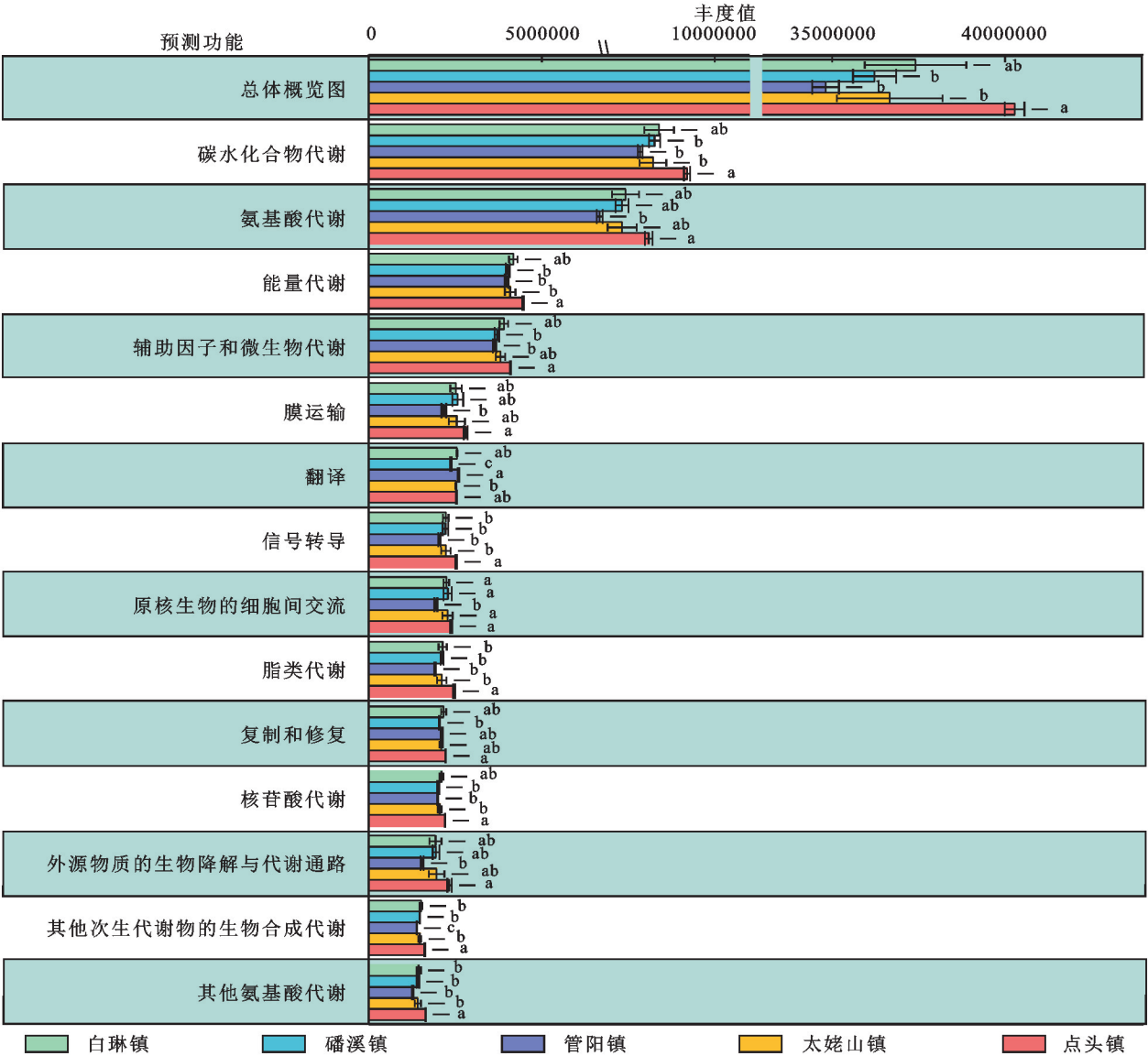
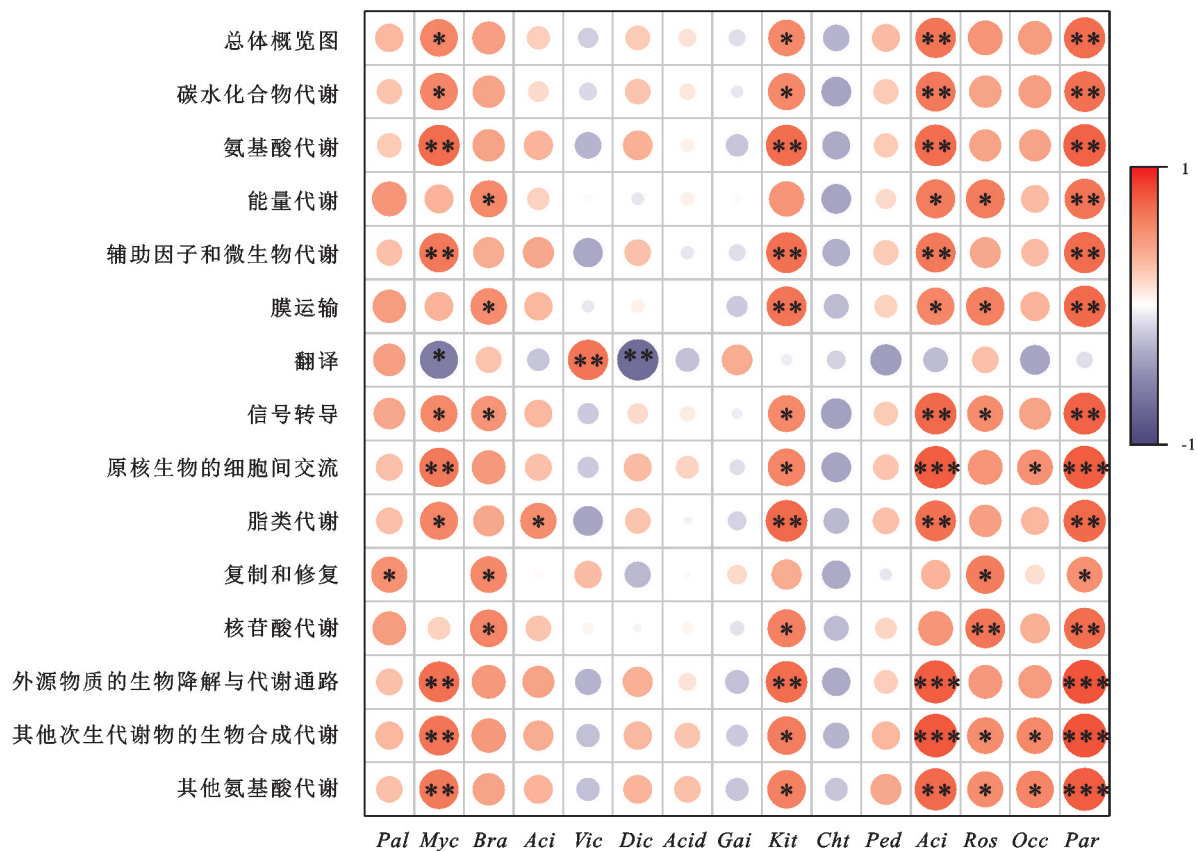


图 4 茶园土壤细菌功能预测



注: *、**、*** 分别表示在 0.05、0.01、0.001 水平上显著相关。Pal、Myc、Bra、Aci、Dic、Acid、Gai、Kit、Ped、Acidi、Ros、Occ、Par 分别为 *Paludibaculum*、分枝杆菌属、慢生根瘤菌属、不动杆菌属、网团菌属、酸杆菌属、盖氏菌属、北里孢菌属、西索恩氏菌属、土微菌属、酸土单孢菌属、玫瑰弯菌属、链球菌属、伯克霍尔德菌属。下同。

图 5 茶园土壤细菌二级代谢通路功能基因丰度与优势菌属的相关性

2.5 土壤细菌群落变化影响因素的 Spearman 分析

选取相对丰度前 30 的菌属与环境因子之间进行 Spearman 相关性分析,以探究环境因子对细菌群落结构的影响(图 6)。土壤基本理化性质对菌属的影响表现为土壤容重(BD)与类诺卡氏菌属、鞘氨醇单胞菌属呈显著负相关($p<0.01$);含水量与芽孢杆菌属、罗思河小杆菌属呈显著正相关($p<0.01$);土壤碳氮磷钾对菌属的影响表现为 N 含量与芽孢杆菌属、罗思河小杆菌属、地杆菌属、*Limisphaera* 呈显著正相关($p<0.01$);P 含量与梭菌属、罗思河小杆菌属、地杆菌属呈显著正相关($p<0.001$),与网团菌属、假单胞菌属呈显著负相关($p<0.01$);K 含量与盖氏菌属、热脱硫弧菌属呈显著正相关($p<0.01$),与北孢里菌属、苯基杆菌属呈显著负相关($p<0.01$)。土壤生态化学计量比对菌属的影响表现为 C : N 与西索恩氏菌属呈显著正相关($p<0.001$),与慢生根瘤菌属呈显著负相关($p<0.001$);C : P 与网团菌属呈显著正相关($p<0.001$),与 *Vicinamibacter*、地杆菌属呈显著负相关($p<0.001$);N : P 与网团菌属呈显著正相关($p<0.01$),与盖氏菌属、地杆菌属呈显著负相关($p<0.001$);N : K 与伯克霍尔德菌属呈显著正相关

($p<0.001$);P : K 与芽孢杆菌属、梭菌属、罗思河小杆菌属、地杆菌属呈显著正相关($p<0.001$),与假单胞菌属呈显著负相关($p<0.001$)。综上,茶园土壤的理化性质、养分含量及养分分解速度的不同影响着土壤菌属的变化。

3 讨论

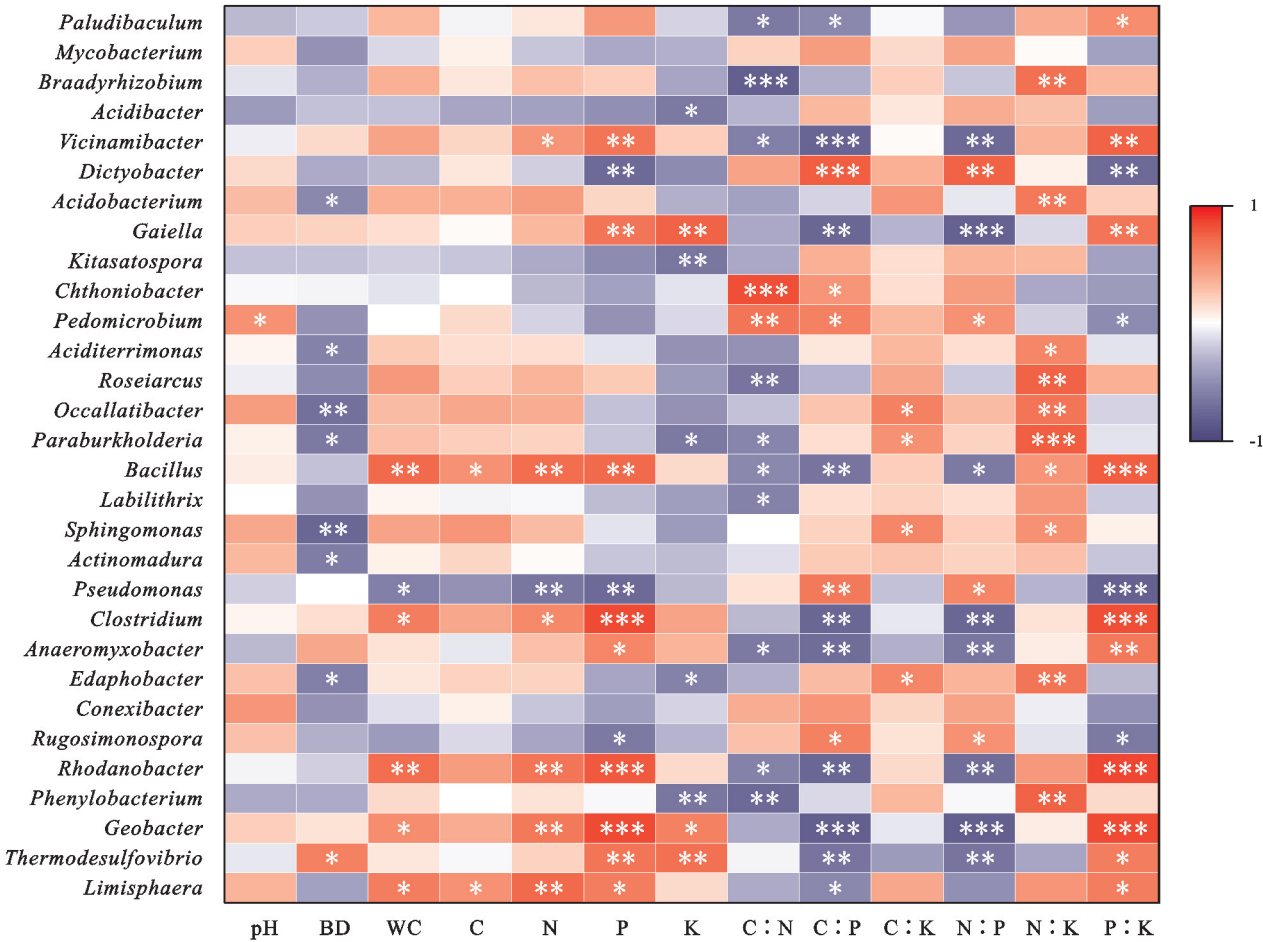
3.1 不同茶园土壤 C、N、P、K 含量及其计量学特征

土壤 N、P、K 元素是植物正常生长发育必需的养分,在植物生长过程中起着非常重要的作用,茶树是多年生长作物,其产量和品质与土壤有机质、N、P、K 等含量具有明显相关性。参照行业标准《茶叶产地环境技术条件》(NY/T 853—2004)^[15] 中茶园土壤的肥力分级标准,茶园土壤 C、N、P、K 含量均值达到 I 级茶园肥力指标,适宜茶树种植。从土壤层次来看,表层土壤具有较高的养分含量,与植物凋落物和根系分泌物对土壤表层碳及养分的输入量有关,同时,也与茶园有机肥施加管理的影响有关。

土壤生态化学计量比是评价土壤质量的重要指标,是确定土壤 C、N、P、K 平衡特征的重要参数,对茶树生长有重要影响。土壤的 C : N 可反映有机质的分解情况,是土壤 N 素矿化能力和土壤 C、N 平衡

状况的重要指标。本研究中,各茶园土壤 C : N 均值低于全国土壤均值,表明土壤有机碳具有较高的分解潜力,同时,较低的 C : N 也有利于提高微生物的分解能力。土壤 C : P 可作为土壤微生物分解有机质释放磷的指标,C : P 越低越利于土壤微生物分解土壤有机质,释放更多的 P 元素,进而补充土壤有效 P 库。因此,在 C : P 较低的管阳镇茶园 P 含量显著高于其他茶园 ($p < 0.05$)。本研究中,茶园土壤 C : P

均值低于全国土壤^[16],表明该区域茶叶主产地茶园土壤环境有利于微生物在分解土壤有机质,提高土壤 P 的有效性。N : P 作为衡量土壤中 N 元素是否饱和的标志^[16],可直接反映土壤肥力,间接表明植物营养状况,本研究中,茶园土壤的 N : P 均值低于全国土壤平均水平,说明茶园土壤中磷的供应能力较氮来说更强,也说明福鼎白茶种植区土壤有利于茶树的优质生长和高产。



注:图中 BD 代表容重,WC 代表含水量。*Bacillus*、*Sphingomonas*、*Actinomadura*、*Pseudomonas*、*Clostridium*、*Anaeromyxobacter*、*Edaphobacter*、*Conexibacter*、*Rugosimonospora*、*Rugosimonospora*、*Rhodanobacter*、*Phenyllobacterium*、*Geobacter*、*Thermodesulfovibrio* 分别为芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、马杜拉放线菌属、假单胞菌属、梭菌属、厌氧性黏菌属、土壤杆菌属、康奈斯氏杆菌属、皱纹单胞菌属、罗思河小杆菌属、苯基杆菌属、地杆菌属、热脱硫弧菌属。

图 6 属水平上土壤细菌与理化因子相关性

3.2 不同茶园土壤细菌群落组成分析

茶园土壤微生物群落结构、生物量及其功能受到诸多因子的影响。作为本研究中茶园土壤优势菌群的变形菌门,其丰富度与土壤营养程度有关,营养丰富的环境变形菌门生长速度偏好^[17],说明本研究茶园土壤养分供应较为充足。放线菌门主要参与土壤腐殖质的分解和纤维素的形成^[18],因此,较高丰度的放线菌对于土壤养分的富集起着至关重要的作用。酸杆菌门属于嗜酸性细菌,多存在于偏酸性土壤中^[19],太姥山镇的茶园土壤 pH 较低,酸杆菌门在太

姥山镇的茶园土壤细菌群落中所占的比重也相对较高,与过去研究中茶园土壤 pH 与细菌丰度密切相关的结论相似。在细菌属水平上,茶叶主产地中优势菌属为 *Paludibaculum*、分枝杆菌属、慢生根瘤菌属,其中,分枝杆菌属和慢生根瘤菌属具有固氮作用^[20],而慢生根瘤菌属还具有溶解有机和无机磷的能力^[21],在土壤有机质分解、土壤养分循环等方面发挥着重要作用。进一步通过土壤细菌功能预测分析表明,以碳水化合物和氨基酸代谢功能为主的土壤细菌占比较高。微生物代谢活动可以促进植物对养分的吸收以

提高作物产量,链霉菌、芽孢杆菌等通过代谢活动产生抗生素、抑菌蛋白及植物生长激素等,从而达到控制土壤病原菌以及促进植物生长的作用^[22]。此外,土壤固氮和溶磷等功能主要是通过代谢作用进行的^[23]。相关性分析发现,分枝杆菌属、北里孢菌属、酸杆菌属、伯克霍尔德菌属与代谢活动的相关性较高,说明茶园土壤细菌通过较高的代谢活动维持土壤养分循环,提高养分利用效率,促进茶园可持续生产。同时,有研究^[24]发现,微生物代谢活动的产物对土壤具有较好的胶结作用,从而提高土壤团聚作用,进而提高土壤有机碳库的稳定性。除稳定碳库之外,微生物代谢活动能够使其直接参与有机碳的分解及固碳等过程,进而影响茶园生态系统的碳循环过程。

3.3 不同茶园土壤元素含量及其计量比与细菌群落结构的关系

土壤 C、N、P 及其计量比对于微生物的生长、群落结构及其代谢活动产生显著影响,本研究中,属水平上细菌与环境因子的相关性分析显示,土壤 N、P、K 元素对茶园土壤细菌存在显著影响。其中,K 含量对茶园盖氏菌属、热脱硫弧菌属等存在显著影响($p < 0.05$),K 与其他元素间的生态化学计量比也是影响茶园土壤细菌的重要因素,土壤细菌与环境因子的相关性分析结果表明,K 含量对盖氏菌属有显著影响($p < 0.01$),充足的 K 能更好地发挥盖氏菌属对养分利用率的增强作用。由于茶园土壤从母质发育到成熟土壤后,钾的贫化率高达 14.88%~23.80%^[25],因此,在未来茶园肥力管理时,要更好地维持 K 供应,同时在缺 K 的土壤中适当施加 K 肥以防止土壤 K 元素的贫化。P 元素影响茶园土壤细菌变化,本研究中,土壤 P 含量较高的茶园,土壤细菌多样性指数也较高。同时,P 元素对盖压菌属、网团菌属和罗思河小杆菌属都有显著影响($p < 0.01$),该结果在前人^[26]研究中也证实。土壤 N 含量与细菌丰富度呈正相关^[27],较高氮含量的茶园细菌丰富度也较高。N 元素对芽孢杆菌属、罗思河小杆菌属、地杆菌属等细菌有显著影响($p < 0.01$)。土壤 C:N 与慢生根瘤菌属、玫瑰菌属、苯基杆菌属等呈负相关关系($p < 0.01$),慢生根瘤菌、苯基杆菌等都属于好氧细菌,说明在土壤 C:N 较低的环境条件下,不利于好氧细菌生长和繁殖。土壤 P:K 与芽孢杆菌属呈显著正相关,说明 P 在此过程中发挥着正向效应,与芽孢杆菌具有较强的溶磷能力有关^[28],二者相互作用,基于芽孢杆菌属溶磷、解磷的机制,维系茶园土壤 P 元素高效利用。

综上所述,茶园土壤 C、N、P、K 及其计量比对土壤微生物群落结构和各菌种的丰富度有着显著影响,而土壤微生物在土壤养分循环和改善土壤结构等方面发挥着积极作用,同时,微生物自身的代谢活动还使其参与到土壤固碳过程中。因此,合理的肥力管理不仅能够提高土壤对茶树的养分供应能力,还能够提高微生物活性和丰富度,使微生物能够不断改善土壤结构和养分状况,同时也能增加微生物在固碳方面的作用,最终使茶园成为拥有良性养分循环,具备一定固碳潜力的多功能生态系统。

4 结论

(1)不同茶园采样点土壤碳与养分含量存在一定差异,但总体来看,均维持在较高水平。较低的养分计量比说明茶园土壤能够提供足够的有机质以维持茶树的生长。

(2)茶园土壤细菌相对丰度较高,群落结构相似,门水平上优势细菌为变形菌门、酸杆菌门、放线菌门,属水平上优势细菌为 *Paludibaculum*、分枝杆菌属、慢生根瘤菌属,丰度较高的细菌在茶园中发挥着重要的环境调节功能。同时,多种微生物代谢活动在土壤养分循环、土壤结构改善和固碳作用等方面发挥重要作用。

(3)相关性分析表明,土壤养分及其计量比影响茶园土壤细菌群落特征,土壤 N、P、K 与土壤中多个菌属呈显著正相关($p < 0.05$),但土壤 C:N、C:P、N:P 与土壤中多个菌属呈显著负相关($p < 0.05$)。

参考文献:

- [1] 陈晓旋,陈淑云,曾从盛,等.螃蟹对闽江河口湿地土壤碳氮磷含量及其生态化学计量学特征影响[J].环境科学学报,2018,38(3):1179-1188.
- [2] 王维奇,王纯,曾从盛,等.闽江河口不同河段芦苇湿地土壤碳氮磷生态化学计量学特征[J].生态学报,2012,32(13):4087-4093.
- [3] 许窈孜,叶彩红,张耕,等.北江中下游不同林分类型土壤 C、N、P 生态化学计量特征[J].应用生态学报,2023,34(4):962-968.
- [4] 王涛,万晓华,程蕾,等.杉木采伐迹地营造阔叶树种对土壤微生物生态化学计量特征的影响[J].应用生态学报,2020,31(11):3851-3858.
- [5] 王珍,金轲,丁勇,等.植物-土壤微生物反馈在草地演替过程中的作用机制[J].中国草地学报,2022,44(1):95-103.
- [6] 许越,杨杰,陈闻,等.南古红壤坡地人工林生态系统土壤细菌群落结构与丰度季节变化特征[J].南方农业学报,2018,49(7):1289-1296.
- [7] 何柳,曹敏敏,鲁建兵,等.浙江凤阳山不同海拔常绿阔

- 叶林土壤微生物特征[J].浙江农林大学学报,2022,39(6):1267-1277.
- [8] 刘银秀,池永清,董越勇,等.不同沼液施用年限土壤养分含量和微生物群落结构差异[J].植物营养与肥料学报,2023,29(3):483-495.
- [9] 郑宗贤,刘洋,唐志勇.福鼎市雷暴气候特征及气象防雷减灾对策[J].农业灾害研究,2022,12(7):78-80.
- [10] 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.
- [11] 李朝英,郑路.流动分析仪同时快速测定植物全氮、全磷含量的方法改进[J].中国土壤与肥料,2021(2):336-342.
- [12] 杜雄雁,杨明芳,余浪,等.微波碱熔消解快速测定土壤中全钾[J].云南化工,2022,49(8):85-87.
- [13] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al. Introducing mothur: Open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J].Applied and Environmental Microbiology,2009,75(23):7537-7541.
- [14] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J].Applied and Environmental Microbiology,2007,73(16):5261-5267.
- [15] 中华人民共和国农业行业标准, NY/T 853—2004, 茶叶产地环境技术条件[S].北京:中华人民共和国农业部,2004.
- [16] 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(1):139-151.
- [17] Yergeau E, Bokhorst S, Kang S, et al. Shifts in soil microorganisms in response to warming are consistent across a range of Antarctic environments[J].The ISME Journal,2012,6(3):692-702.
- [18] Ventura M, Canchaya C, Tauch A, et al. Genomics of *Actinobacteria*: Tracing the evolutionary history of an ancient Phylum[J].Microbiology and Molecular Biology Reviews,2007,71(3):495-548.
- [19] 苏梦迪,马啸,胡丽涛,等.高碳基肥减氮施用对土壤肥力和细菌多样性的影响[J].农业生物技术学报,2022,30(6):1174-1185.
- [20] Rilling J I, Acuña J J, Sadowsky M J, et al. Putative nitrogen-fixing bacteria associated with the rhizosphere and root endosphere of wheat plants grown in an Andisol from southern Chile[J].Frontiers in Microbiology,2018,9:e2710.
- [21] 杨顺,杨婷,林斌,等.两株溶磷真菌的筛选、鉴定及溶磷效果的评价[J].微生物学报,2018,58(2):264-273.
- [22] Song M, Yun H Y, Kim Y H. Antagonistic *Bacillus* species as a biological control of ginseng root rot caused by *Fusarium* of *incarnatum* [J]. Journal of Ginseng Research,2014,38(2):136-145.
- [23] 康慎敏,武瑞赞,穆文强,等.优良植物根际促生菌的筛选及其生物学特性[J].中国农业大学学报,2023,28(1):137-152.
- [24] 马胜兰,况福虹,林洪羽,等.秸秆还田量对川中丘陵冬小麦—夏玉米轮作体系土壤物理特性的影响[J].中国农业科学,2023,56(7):1344-1358.
- [25] 吴志丹,江福英,尤志明,等.福建省安溪县铁观音茶园土壤钾素状况[J].茶叶学报,2018,59(1):26-32.
- [26] 吴桐桐,徐基胜,周云鹏,等.黄河三角洲不同生境土壤理化特性及细菌群落结构特征[J].农业环境科学学报,2022,41(10):2250-2261.
- [27] Yao M J, Rui J P, Li J B, et al. Rate-specific responses of prokaryotic diversity and structure to nitrogen deposition in the *Leymus chinensis* steppe[J].Soil Biology and Biochemistry,2014,79:81-90.
- [28] 韦双,韩小美,黄伟,等.望天树人工林根际溶磷细菌的筛选及溶磷特性[J].北京林业大学学报,2023,45(3):79-92.