

DOI:10.13275/j.cnki.lykxyj.2020.05.020

# 不同品种油茶根际丛枝菌根真菌群落结构特征

林宇岚, 李正昀, 吴 斐, 裴 蕴, 张 扬,  
张林平\*, 杨 滢, 谭明曦

(江西农业大学 鄱阳湖流域森林生态系统保护与修复国家林业和草原局重点实验室, 江西 南昌 330045)

**摘要:** [目的] 探究油茶品种对丛枝菌根 (arbuscular mycorrhiza, AM) 真菌的影响, 为进一步揭示 AM 真菌对植物基因型的响应和菌肥的研发提供依据。[方法] 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析江西省 5 种主栽品种油茶 (长林 3、长林 4、长林 53、赣无 84-8 和赣兴 48) 根际 AM 真菌群落结构特征。[结果] 在 5 个品种油茶中共获得 2 538 个 OTUs, 隶属于 1 门、1 纲、4 目、10 科、12 属, 球囊霉科 Glomeraceae 相对丰度最高, 占 AM 真菌 41.12%。辛普森指数、Chao 1 指数、ACE 指数和香农指数在 5 个品种油茶间无显著差异。菌根侵染率、*Glomus* 丰度、*Paraglomus* 丰度、*Gigaspora* 丰度和 *Claroideoglomus* 丰度在 5 个品种油茶间存在显著差异。NMDS 分析表明, 油茶品种改变了根际 AM 真菌的群落结构; RDA 分析表明, 硝态氮是土壤因子中影响油茶根际 AM 真菌群落组成的最主要因素。[结论] 油茶品种对 AM 真菌群落结构有显著影响, 对 AM 真菌多样性影响不大, 硝态氮含量变化是最主要影响因素。

**关键词:** 油茶; 品种; AM 真菌多样性; 群落结构

**中图分类号:** S718.81; S794.4

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1001-1498(2020)05-0163-07

油茶 (*Camellia oleifera* Abel.) 又称茶子树, 属于山茶科、山茶属植物, 是我国南方丘陵地区重要的木本油料树种<sup>[1]</sup>。油茶籽所榨茶油中含有大量不饱和脂肪酸, 具有降低血脂、降低胆固醇、保护心血管系统等功效<sup>[2]</sup>。此外, 油茶也是防风固沙和保持水土的重要树种<sup>[3]</sup>。截止 2017 年底, 我国油茶种植面积已扩大到 443 万多  $\text{hm}^2$ <sup>[4]</sup>。然而, 在油茶林经营过程中, 大量不合理施肥已造成生态环境质量下降, 引起的土壤重金属含量过高、土壤环境酸化板结等问题日益突出<sup>[5]</sup>。因此, 提高化肥利用效率, 降低施用量, 恢复退化土壤已成为我国油茶产业可持续发展突出问题。

丛枝菌根 (Arbuscular mycorrhizas, AM) 真菌, 作为一种广泛存在于陆地生态系统的共生菌,

能够改善植物对磷、氮等养分的吸收, 提高植物对生物和非生物逆境的抗性<sup>[6]</sup>。随着人们对作物生产中高产、资源高效意识的不断提高, AM 真菌在集约化作物生产体系中的作用日益受到关注<sup>[7]</sup>。AM 真菌的生理生态功能与其群落结构密切相关, 不同的 AM 真菌群落通常具有不同的功能<sup>[8-9]</sup>。植物种类是影响 AM 真菌群落结构特征的重要因素<sup>[10]</sup>。大量研究发现, 在物种水平上, 同一生境下共存的不同植物, 其共生的 AM 真菌种类明显不同<sup>[11]</sup>。少量有关同一植物不同品种 AM 真菌群落组成的研究表明, AM 真菌的群落组成受到寄主植物基因型的影响<sup>[11]</sup>。郭邵霞和刘润进<sup>[8]</sup>研究发现, 牡丹基因型能改变 AM 真菌的侵染率和种属组成。Mao 等人<sup>[12]</sup>发现, 不同品种小麦 AM 真菌侵

收稿日期: 2019-08-27 修回日期: 2019-11-15

基金项目: 国家自然科学基金 (31660189)、江西省青年科学基金 (20192BAB214020)

\* 通讯作者: 张林平 (1979—), 男, 博士, 副教授。主要研究方向: 森林资源微生物。Email: zlping619@163.com

染率相同但群落组成不同。近年来,人们不断地筛选和培育出具有优良性状的作物新品种,并应用于生产,因此,开展同一植物不同栽培品种 AM 真菌群落组成的研究具有一定的理论研究和实际应用意义。

目前,关于油茶根际 AM 真菌种类已有相关报道<sup>[5]</sup>,然而,对不同品种油茶根际 AM 真菌的多样性是否存在差异未见报道。为此,本研究以不同品种油茶根际土壤为研究对象,采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术研究油茶不同品种 AM 真菌多样性,并分析 AM 真菌群落特征与土壤理化性质间的关系,为油茶专用菌肥研发和集约化可持续经营提供科学理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样地和根际土壤采集

油茶根际土壤取自江西省宜春市袁州区江西星火农林公司油茶种植基地(27°43' N, 114°11' E),该基地属典型亚热带季风气候,年降水量 1 595.8 mm,年平均气温 16.4 °C,土壤类型为红壤。选取的长林 3 (CL3)、长林 4 (CL4)、长林 53 (CL53)、赣无 84-8 (GW84-8)、赣兴 48 (GX48) 5 个品种均为 5 年生油茶,每个品种生态环境条件一致,且经营管理措施相同,种植密度为 2 m×3 m。每个品种油茶林中随机划定 5 个样地,每个样地随机选取长势相似的油茶 5 株。去除土壤表面枯落叶层,在距植物主干 50 cm 的东南西北 4 个方位,采集 0~20 cm 的油茶根系,在无菌自封袋中轻轻抖动根系,收集根系上的土壤,作为根际土,将同一样地 5 株植物根际土壤混合均匀,5 个样地作为重复,共计 25 个土壤样品,将土样编号装入自封袋运回实验室并分为两份,1 份在 -80 °C 条件下冷冻保存,用于 DNA 提取及高通量测序;另一份土样避光风干保存,用于测定土壤理化性状。

### 1.2 土壤理化分析

AM 真菌侵染率测定采用台盼蓝 (Trypan blue) 染色法<sup>[13]</sup>和显微交叉交叉法<sup>[14]</sup>进行观察统计;土壤理化性质测定方法具体参照鲁如坤主编《土壤农业化学分析方法》<sup>[15]</sup>,土壤含水率测定采用烘干法;土壤 pH 采用电位法;土壤全氮、全磷采用 HClO<sub>4</sub>-H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 消化法;铵态氮采用靛酚蓝比

色法测定;硝态氮用镀铜镉还原-重氮化偶合比色法测定;有效磷测定采用氟化铵-盐酸浸提法;有机质采用重铬酸钾容量法(外加热法)测定。

### 1.3 高通量基因组测序方法

油茶根际土壤总 DNA 的提取使用土壤基因组 DNA 抽提专用试剂盒(购自 MP biomedical 公司),利用琼脂糖电泳检测 DNA 的完整性。采用 AMV4.5NF (5'-AAGCTCGTAGTTGAATTCG-3') / AMDGR (5'-CCCAACTATCCCTATTAATCAT-3') 引物对 AM 真菌 rDNA 进行 PCR 扩增,利用 illumina 高通量测序仪 (Illumina MiSeq) 测序平台进行测序,下机数据通过 QIIME (v1.8.0) 剔除问题序列。

### 1.4 数据分析

采用 SPSS 20.0 软件进行数据分析<sup>[16]</sup>,用邓肯检验 (Duncan's test) 进行分析和差异显著性检验。采用 R 软件,用非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 检验 AM 真菌属水平群落组成结构<sup>[17]</sup>;用 Mothur<sup>[18]</sup> 软件对属水平的各个分类单元在品种之间的序列量差异进行两两比较检验。使用 QIIME<sup>[19]</sup> 软件计算 Alpha 多样性指数[主要包括辛普森指数 (simpson)、Chao 1 指数、ACE 指数和香农指数 (shannon)],并进行多元方差分析和置换检验 (Adonis/ Permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA)。利用 R 软件的冗余分析 (Redundancy analysis, RDA) 描述根际 AM 真菌丰富度最高的 5 个属和土壤因子间的关系。采用 Origin Pro 8.5 软件进行绘图 (<http://www.originlab.com/>)。

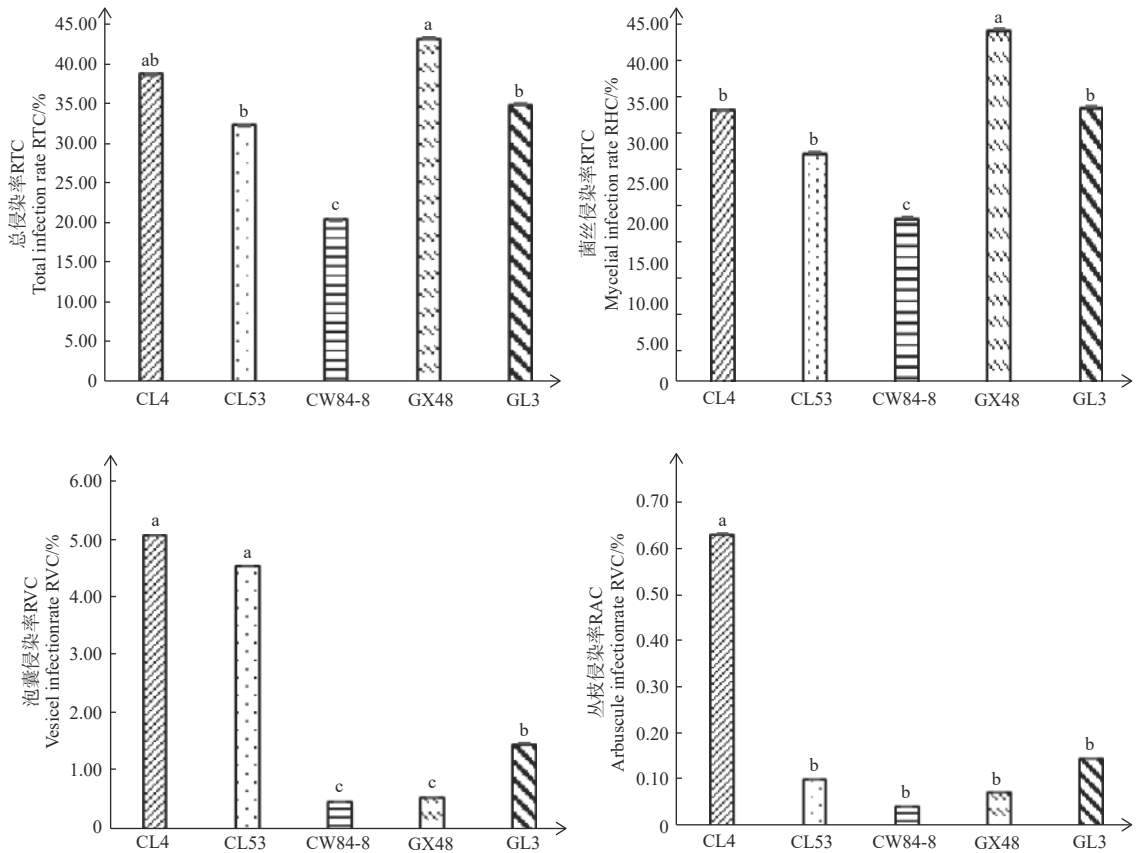
## 2 结果与分析

### 2.1 AM 真菌侵染率

AM 真菌对 5 个品种油茶的主要侵染类型均为菌丝侵染,不同品种油茶 AM 真菌的侵染率存在差异(图 1)。GX48 的总侵染率最高, GW84-8 的总侵染率最低。5 个品种的菌丝侵染率变化规律与总侵染率基本一致。CL4 和 CL53 的泡囊侵染率高于其他品种。CL4 的丛枝侵染率高于其他品种。

### 2.2 AM 真菌群落组成

对 5 个不同品种油茶根际土壤进行高通量测序,共获得 1 376 048 条高质量序列,所有序列共归为 2 538 个 OTUs,其中 CL4、GW84-8、GW48、CL3、CL53 中包含的 OTU 数目分别是 830、931、



CL3-长林 3(Cultivar Changlin 3); CL4-长林 4(Cultivar Changlin 4); CL53-长林 53(Cultivar Changlin 53);

GW84-8-赣无 84-8(Cultivar Ganwu 84-8); GX48-赣兴 48(Cultivar Ganxing 48)

不同字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ ), 下同

Different letters indicating the differences between treatments at 0.05 level. The same as below.

图 1 油茶不同品种根系 AM 真菌侵染率

Fig. 1 Infection rate of AM fungi in roots of different cultivars of *Camellia oleifera*

1 163、1 103、1 012 个。5 个品种共有 OTUs 为 176 个, 其中不同品种特有 OTU 数目分别是 237、196、259、306、201 个。总体来看, 不同品种油茶根际土壤共有的微生物数量较少。

对 OTUs 从门到属依次进行分类, 总共获得 AM 真菌群落 1 门、1 纲、4 目、10 科、12 属 (表 1), 即为球囊菌门 Glomeromycota 和球囊菌纲 Glomeromycetes, 4 个目分别为球囊霉目 Glomerales (占总数的 62.40%)、类球囊霉目 Paraglomerales (25.32%)、原囊霉目 Archaeosporales (4.28%)、多样孢囊霉目 Diversisporales (0.98%); 在科水平, 5 个油茶品种根际中共鉴定出 10 个科, 其中球囊霉科 Glomeraceae (占总数的 41.12%)、类球囊霉科 Paraglomeraceae (25.32%)、近明球囊霉科 Claroideoglomeraceae (21.28%) 等相对丰度较高,

而原囊霉科 Archaeosporaceae (2.22%)、双型囊霉科 Ambisporaceae (2.05%)、无梗囊霉科 Acaulosporaceae (0.57%)、巨孢囊霉科 Gigasporaceae (0.33%)、多样孢囊霉科 Diversisporaceae (0.07%)、和平囊霉科 Pacisporaceae (0.02%)、地管囊霉科 Geosiphonaceae (0.01%) 等相对丰度较低。

### 2.3 油茶不同品种 AM 真菌属水平分类学组成及丰度

不同品种油茶根际 AM 真菌群落组成不同, 其中从 CL4、CL53 根际土壤中均检测到 12 个属, 而 GW84-8、CL3、GX48 中分别检测到 11、10、9 个属 (图 2)。球囊霉属 *Glomus*、类球囊霉属 *Paraglomus*、巨孢囊霉属 *Gigaspora* 和近明球囊霉属 *Claroideoglomus* 的相对丰度在 5 个油茶品种间具有显著差异 (图 2)。与其他品种相比, GW84-8 中球囊霉属 *Glomus* 相对丰度 (71.49%) 最高,

表 1 油茶根际土壤 AM 真菌群落系统分类

Table 1 Taxonomy of AM fungal communities in rhizosphere soil of *Camellia oleifera*

目 Order	比例 Ratio	科 Family	比例 Ratio
球囊霉目 Glomerales	62.40%	球囊霉科 Glomeraceae	41.12%
		近明球囊霉科 Claroideoglomeraceae	21.28%
类球囊霉目 Paraglomerales	25.32%	类球囊霉科 Paraglomeraceae	25.32%
原囊霉目 Archaeosporales	4.28%	地管囊霉科 Geosiphonaceae	0.01%
		双型囊霉科 Ambisporaceae	2.05%
		原囊霉科 Archaeosporaceae	2.22%
		巨孢囊霉科 Gigasporaceae	0.33%
多样孢囊霉目 Diversisporales	0.98%	无梗囊霉科 Acaulosporaceae	0.57%
		和平囊霉科 Pacisporaceae	0.02%
		多样孢囊霉科 Diversisporaceae	0.07%

注: 百分数为各目、科在所有样品中所占比例。

Notes: The percentages indicating the proportion of each order and family in all samples.

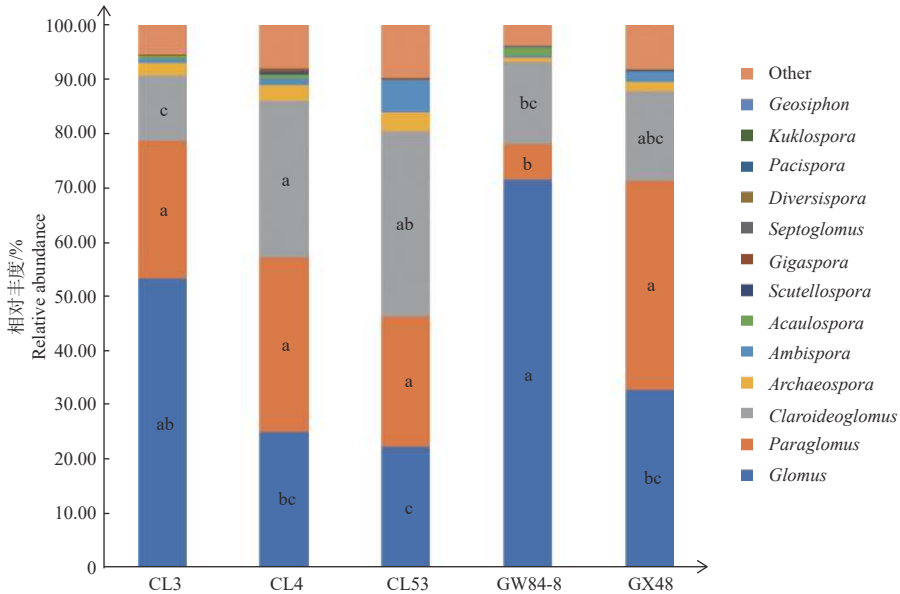


图 2 油茶不同品种根际土壤 AM 真菌属水平分类单位组成及丰度

Fig. 2 Taxonomic composition and distribution abundance of the AM fungal genera in rhizosphere soil of different cultivars of *Camellia oleifera*

而类球囊霉属 *Paragloimus* (6.70%) 和巨孢囊霉属 *Gigaspora* (0.02%) 相对丰度最低; CL53 中近明球囊霉属 *Claroideogloimus* 相对丰度 (34.12%) 最高, 而巨孢囊霉属 *Gigaspora* 相对丰度 (0.18%) 最低。

#### 2.4 AM 真菌群落多样性分析

不同品种油茶 AM 真菌  $\alpha$  多样性分析结果如表 2 所示, 5 个品种油茶根际土壤 AM 真菌的辛普森指数、Chao 1 指数、ACE 指数和香农指数均无显著差异, 说明品种对油茶根际 AM 真菌多样性

影响不大。

#### 2.5 AM 真菌群落结构的相似性分析

不同品种油茶根际土壤 AM 真菌  $\beta$  多样性分析结果如图 3 所示, 第一轴从左至右的梯度基本代表品种从 CL53 到 CL3 排列, 代表梯度比较短, 第二轴从上至下的梯度代表品种从 CL53 到 CL4 排列, 代表梯度较短。从品种分布来看, GW84-8 和 GX48 分布较集中, 而 CL3、CL4 和 CL53 分布较发散, 表明 CL3、CL4 和 CL53 群落结构差异较大, 而 GW84-8 和 GX48 差异较小。Adonis 分析结

表 2 油茶不同品种根际土壤 AM 真菌  $\alpha$  多样性指数

Table 2 Alpha diversity index of AM fungi in the rhizosphere soil of different cultivars of *Camellia oleifera*

品种 Cultivar	辛普森指数( $\times 100$ )Simpson index( $\times 100$ )	Chao 1 指数 Chao 1 index	ACE 指数 ACE index	香依指数 Shannon index
CL3	81.61 $\pm$ 7.67	364.01 $\pm$ 42.41	370.50 $\pm$ 43.17	4.70 $\pm$ 0.56
CL4	87.59 $\pm$ 2.76	218.74 $\pm$ 39.49	220.51 $\pm$ 39.62	4.57 $\pm$ 0.31
CL53	91.26 $\pm$ 1.81	337.09 $\pm$ 53.75	344.70 $\pm$ 55.72	5.25 $\pm$ 0.36
GW84-8	92.54 $\pm$ 1.28	318.25 $\pm$ 39.05	320.74 $\pm$ 37.03	5.38 $\pm$ 0.35
GX48	93.08 $\pm$ 1.69	358.64 $\pm$ 52.17	364.36 $\pm$ 54.04	5.43 $\pm$ 0.36
	0.23 <sup>NS</sup>	0.20 <sup>NS</sup>	0.18 <sup>NS</sup>	0.43 <sup>NS</sup>

注: 表中 NS 表示无显著差异。

Notes: NS indicating no significant difference.

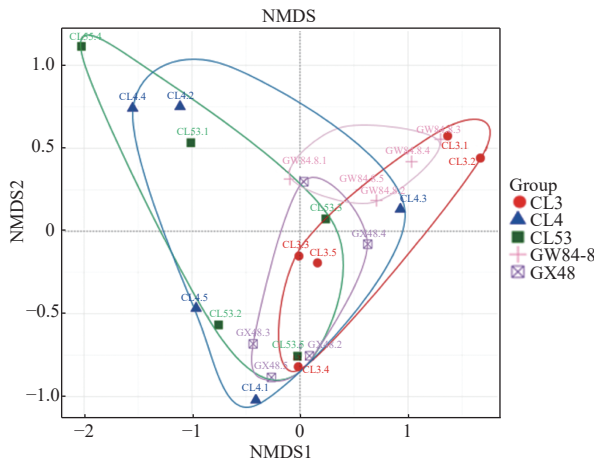


图 3 油茶不同品种根际土壤 AM 真菌属水平群落结构 NMDS 分析

Fig. 3 NMDS analysis of community structure of AM fungi in rhizosphere soil of different cultivars of *Camellia oleifera*

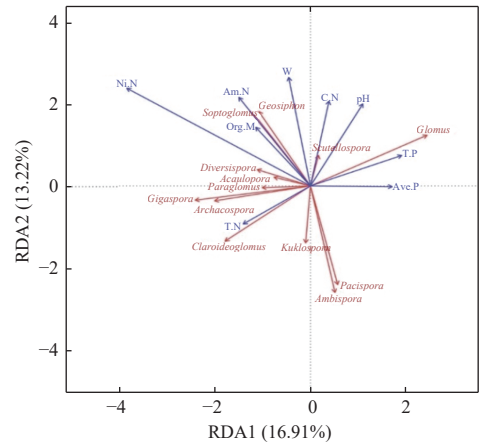
果表明, 油茶 5 个品种的 AM 真菌属水平上的群落结构存在显著差异 ( $P < 0.05$ )。

### 2.6 AM 真菌群落组成与土壤因子的 RDA 分析

RDA 分析表明, 土壤因子对 AM 真菌群落变异的解释量超过 30.13%, 第一排序轴解释群落变化的 16.91%, 而第二排序轴解释群落变化的 13.22% (图 4)。硝态氮对 AM 真菌群落结构有显著影响 ( $P < 0.05$ )。其中, 类球囊霉属 *Paraglomus*、巨孢囊霉属 *Gigaspora*、原囊霉属 *Archaeospora*、多样孢囊霉属 *Diversispora*、无梗囊霉属 *Acaulospora*、隔球囊霉属 *Septoglomus* 和地管囊霉属 *Geosiphon* 丰度与硝态氮正相关, 而双型囊霉属 *Ambispora* 丰度与硝态氮负相关。

## 3 讨论

地球陆地上绝大多数植物都能与 AM 真菌形



TN: 全氮 (Total nitrogen); TP: 全磷 (Total phosphorus); Ni.N: 硝态氮 (Nitrate nitrogen); Am.N: 铵态氮 (Ammonium nitrogen); Org.C: 有机碳 (Organic carbon); W: 含水率 (Rate of water content)

图 4 油茶不同品种根际土壤 AM 真菌属水平群落及土壤理化因子的 RDA 分析

Fig. 4 RDA analysis of genus-level communities and soil properties of AM fungi in rhizosphere soil of different cultivars of *Camellia oleifera*

成菌根, AM 真菌的生长发育和完成生活史离不开寄主植物<sup>[20]</sup>。本研究结果表明 5 个不同品种油茶均能与 AM 真菌形成共生体, AM 真菌总侵染率介于 20.61%~43.07% 之间, 平均侵染率为 34.10%, 属于中度侵染。各油茶品种间的 AM 总侵染率、菌丝侵染率、孢囊侵染率及丛枝侵染率均有显著差异, 表明在本试验系统中, 油茶品种是影响 AM 真菌侵染率的重要因素, 这与前人的一些研究结论一致, 如 Steinkellner 等人<sup>[21]</sup> 对 10 个品种番茄的 AM 侵染率进行研究, 发现番茄品种显著影响 AM 真菌的侵染率; 郭绍霞等<sup>[8]</sup> 研究表明牡丹品种会影响到 AM 真菌侵染率和种属构成。同一植物不同品种的生理生化特性不同, 根系生理代谢和分泌物组成含量的差异可能影响 AM 真菌对植物根

系的识别和侵染强度<sup>[12]</sup>。

运用高通量测序技术对 5 个不同品种油茶根际土壤 AM 真菌进行检测, 结果表明油茶根际土壤共有 AM 真菌 12 个属, 相对丰度前 3 的属分别为球囊霉属 *Glomus* (41.053%)、类球囊霉属 *Paraglomus* (25.323%)、近明球囊霉属 *Claroideoglomus* (21.276%), 其中 *Glomus* 属是油茶林 AM 真菌中分布范围最广的属, 这与邓小军等<sup>[5]</sup>、苏琍英等<sup>[22]</sup> 研究结论一致; 而刘辉等<sup>[23]</sup> 在茶树中共分离鉴定出 8 属 36 种 AM 真菌, 其中 *Acaulospora*、*Glomus*、*Funneliformis* 为丰度较高的前三个属, 上述结果表明 AM 真菌对寄主植物有一定的偏好性。本研究中, 5 个品种油茶根际分别鉴定出 9~12 个属 AM 真菌, 且 AM 真菌的辛普森指数、Chao 1 指数、ACE 指数和香农指数均无显著差异, 表明品种对油茶根际土壤 AM 真菌丰富度和多样性的影响不明显; 由于 *Glomus*、*Paraglomus*、*Gigaspora* 和 *Claroideoglomus* 等属在不同品种中的相对丰度存在差异, 因此造成了不同品种油茶的 AM 真菌群落结构的变化, 与郭邵霞等<sup>[8]</sup>、Mao 等人<sup>[12]</sup> 研究结果一致。植物种类是影响 AM 真菌群落结构的重要的因子<sup>[24]</sup>, 不同植物和同一植物不同品种遗传物质并不相同, 可能由于根系形态结构、分泌物等差异, 能促进或抑制某些 AM 真菌的生长发育, 进而影响到植物 AM 真菌群落结构特征。

在陆地生态系统中, 土壤类型、土壤肥力、土壤 pH 值等土壤因子都会对 AM 真菌群落组成和分布有重要影响<sup>[25-28]</sup>。Matevž 等人<sup>[29]</sup> 认为有效磷是影响葡萄园 AM 真菌群落变化的主要原因之一; Guo 等人<sup>[30]</sup> 认为土壤 pH 是影响 AM 真菌多样性的最主要土壤因子, 可能是由于其能够直接影响 AM 真菌生理状态, 改变其生态位, 并通过调节土壤养分的生物有效性等间接影响 AM 真菌群落; 而邓小军等<sup>[5]</sup> 在研究中发现油茶 AM 真菌丰度与全氮、有机质显著正相关。在本研究中, 我们发现硝态氮是影响油茶根际 AM 真菌群落组成与分布的最主要因素, 这可能是因为硝态氮在土壤中移动性较强, 能够通过质流被植物吸收, 并改变土壤养分平衡和时空特性, 从而间接地影响 AM 真菌群落<sup>[31]</sup>。AM 真菌的群落组成是其生理生态功能的基础<sup>[9]</sup>, 这些 AM 真菌群落结构的差异是否影响其功能还

有待进一步研究。

## 4 结 论

AM 真菌是陆地生态系统中重要的微生物之一, 本研究研究了 5 个不同品种油茶根际 AM 真菌群落的多样性及其群落结构特征, 结果表明, 油茶根际土壤中 AM 真菌资源较为丰富, 5 个不同品种油茶根际土壤 AM 真菌多样性无显著差异, 而油茶品种对 AM 真菌群落结构有显著影响, 且硝态氮是影响油茶根际 AM 真菌群落组成和分布的主要土壤因子。

## 参考文献:

- [1] 杨 抑. 中国油茶起源初探[J]. 中国农史, 1992, (3): 74-77.
- [2] 李 宁, 贺均林, 王 敏. 山茶油的药理活性及专利应用[J]. 广州化工, 2013, 41(10): 30-33.
- [3] 罗跃中, 李忠英, 陈杰山, 等. 茶籽鞣酸水解活性炭脱毒发酵生产木糖醇工艺研究[J]. 广东化工, 2015, 42(23): 100-102.
- [4] 秦声远, 戎 俊, 张文驹, 等. 油茶栽培历史与长江流域油茶遗传资源[J]. 生物多样性, 2018, 26(4): 384-395.
- [5] 邓小军, 周国英, 刘君昂, 等. 湖南油茶林丛枝菌根真菌多样性及其群落结构特征[J]. 中南林业科技大学学报, 2011, 31(10): 38-42.
- [6] 刘永俊. 丛枝菌根的生理生态功能[J]. 西北民族大学学报: 自然科学版, 2008, 29(1): 54-59.
- [7] 冯 固, 张福锁, 李晓林, 等. 盖京苹. 丛枝菌根真菌在农业生产中的作用与调控[J]. 土壤学报, 2010, 47(5): 995-1004
- [8] 郭绍霞, 刘润进. 不同品种牡丹对丛枝菌根真菌群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2010, 21(8): 1993-1997.
- [9] Jiang S J, Liu Y J, Luo J J, et al. Dynamics of arbuscular mycorrhizal fungal community structure and functioning along a nitrogen enrichment gradient in an alpine meadow ecosystem[J]. New Phytologist, 2018, 220(4): 1222-1235.
- [10] Helgason T, Merryweather J W, Denison J, et al. Selectivity and functional diversity in arbuscular mycorrhizas of co-occurring fungi and plants from a temperate deciduous woodland[J]. Journal of Ecology, 2002, 90(2): 371-384.
- [11] 杨海水, 熊艳琴, 王 琪, 等. AM 真菌物种多样性: 生态功能、影响因素及维持机制[J]. 生态学报, 2016, 36(10): 2826-2832.
- [12] Mao L, Liu Y, Shi G, et al. Wheat cultivars form distinctive communities of root-associated arbuscular mycorrhiza in a conventional agroecosystem[J]. Plant and Soil, 2014, 374(1-2): 949-961.
- [13] 吴强盛. 园艺植物丛枝菌根研究与应用[M]. 北京: 科学出版社, 2010
- [14] McGonigle T P, Miller M H, Evans D G, et al. A new method which gives an objective measure of colonization of roots by vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi[J]. New Phytologist, 1990, 115(3): 495-501.
- [15] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000
- [16] 方洛云, 周先林. SPSS 20.0 在生物统计中的应用[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2014

- [17] 汤银才. R语言与统计分析[M]. 北京: 高等教育出版社, 2008
- [18] 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.
- [19] Caporaso, J. G, Kuczynski, J., Stombaugh, J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5): 335-336.
- [20] Zhang K, Wang M Y, Liu R J. Arbuscular mycorrhizal fungal life cycle, genetic characteristics and the biological basis of their pure culture[J]. *Mycosystema*, 2009, 28(2): 310-314.
- [21] Steinkellner S, Hage-Ahmed K, Jose M, *et al.* A comparison of wild-type, old and modern tomato cultivars in the interaction with the arbuscular mycorrhizal fungus *Glomus mosseae* and the tomato pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*[J]. *Mycorrhiza*, 2012, 22(3): 189-194.
- [22] 苏珺英, 梁秀棠. 广西栽培树种菌根调查初报[J]. *广西植物*, 1985, 5(2): 127-138.
- [23] 刘辉, 陈梦, 黄引娣, 等. 安徽茶区茶树丛枝菌根真菌多样性[J]. *应用生态学报*, 2017, 28(9): 2897-2906.
- [24] Vanden koornhuyse P, Ridgway K P, Watson I J, *et al.* Co-existing grass species have distinctive arbuscular mycorrhizal communities[J]. *Molecular Ecology*, 2003, 12(11): 3085-3095.
- [25] Lekberg Y, Koide R T, Rohr J R, *et al.* Role of niche restrictions and dispersal in the composition of arbuscular mycorrhizal fungal communities[J]. *Journal of Ecology*, 2007, 95(1): 95-105.
- [26] Wang M Y, Hu L B, Wang W H, *et al.* Influence of long-term fixed fertilization on diversity of arbuscular mycorrhizal fungi[J]. *Pedosphere*, 2009, 19(5): 663-672.
- [27] Dumbrell A J, Ashton P D, Aziz N, *et al.* Distinct seasonal assemblages of arbuscular mycorrhizal fungi revealed by massively parallel pyrosequencing[J]. *New Phytologist*, 2011, 190(3): 794-804.
- [28] 王庆峰, 姜昕, 马鸣超, 等. 长期施用氮肥和磷肥对东北黑土丛枝菌根真菌群落组成的影响[J]. *中国农业科学*, 2018, 51(17): 3315-3324.
- [29] Likar M, Hančević K, Radić T, *et al.* Distribution and diversity of arbuscular mycorrhizal fungi in grapevines; from production vineyards along the eastern Adriatic coast[J]. *Mycorrhiza*, 2013, 23(3): 209-219.
- [30] Guo X, Gong J. Differential effects of abiotic factors and host plant traits on diversity and community composition of root-colonizing arbuscular mycorrhizal fungi in a salt-stressed ecosystem[J]. *Mycorrhiza*, 2014, 24(2): 79-94.
- [31] 李晓林, 冯固. 丛枝菌根生态生理[M]. 北京: 华文出版社, 2001

## Community Structure Characteristics of Arbuscular Mycorrhizal Fungi among *Camellia oleifera* Cultivars

LIN Yu-lan, LI Zheng-yun, WU Fei, PEI Yun, ZHANG Yang, ZHANG Lin-ping, YANG Ying, TAN Ming-xi

(Key Laboratory of National Forestry and Grassland Administration on Forest Ecosystem Protection and Restoration of Poyang Lake Watershed, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, Jiangxi, China)

**Abstract:** [Objective] The effects of *Camellia oleifera* cultivar on the community structure of arbuscular mycorrhiza (AM) fungi were investigated to provide references for further revealing the response of AM fungi to plant genotypes and the development of microbial fertilizers. [Method] The Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was used to analyze the structural characteristics of AM fungi in the rhizosphere soil of five main *C. oleifera* cultivars (Changlin 3, Changlin 4, Changlin 53, Ganwu 84-8 and Ganxing 48) in Jiangxi Province. [Result] A total of 2 538 OTUs were obtained from the 5 *C. oleifera* cultivars, belonging to 1 phylum, 1 class, 4 orders, 10 families and 12 genera. The relative abundance of Glomeraceae was the highest, accounting for 41.12% of AM fungi families. No significant differences were observed in the Simpson, Chao 1, ACE and Shannon indexes among the five *C. oleifera* cultivars. Mycorrhizal infection rate, *Glomus* abundance, *Paraglomus* abundance, *Gigaspora* abundance and *Claroideoglomus* abundance were significantly different among the five *C. oleifera* cultivars. NMDS analysis showed that *C. oleifera* cultivar changed the community structure of AM fungi in the rhizosphere soil of *C. oleifera*. RDA analysis showed that nitrate was the most important soil factor affecting the distribution of AM fungi community in *C. oleifera* rhizosphere. [Conclusion] The *C.oleifera* cultivar has significant influence on rhizosphere AM fungal community, whilst the impact of cultivar on AM fungal diversity is not significant. Furthermore, the content of nitrate is the most important factor affecting AM fungal community structure among many soil factors.

**Keywords:** *Camellia oleifera*; cultivar; AM fungal diversity; community structure