

文章编号: 1674-7054(2018)01-0047-07

不同海拔下海南凤仙花可培养根际真菌和细菌群落的季节性变化

刘宇¹ 韩淑梅¹ 宋希强¹ 丁琼¹ 王鹏² 赵莹¹

(1. 海南大学 热带农林学院/环南海陆域生物多样性研究中心, 海口 570228;

2. 中国热带农业科学院 热带作物品种资源研究所, 海南 儋州 571737)

摘要: 为揭示不同海拔梯度下海南凤仙花可培养根际真菌与细菌群落的动态变化, 笔者在不同季节采集了高海拔(1 000 m)、中海拔(400 m)、低海拔(190 m) 3个梯度的海南凤仙花根际土壤, 采用形态结合分子检测技术检测分离培养到的真菌和细菌, 并进一步分析微生物群落组成和动态变化规律。结果表明, 在3种海拔梯度的生境中, 真菌 OTU 数量、多样性指数、丰富度指数在干季高于湿季; 而细菌的 OTU 数量、多样性指数、丰富度指数则表现为湿季高于干季。根际真菌群落中木霉属、篮状霉属、青霉属、曲霉属等优势种, 在高海拔旱季出现的频度最高; 而根际细菌群落中芽孢杆菌属、伯克霍尔德氏菌属、类芽孢杆菌属等优势种, 在低海拔的湿季出现频度最高。海南凤仙花根际微生物群落的主要驱动因子是干湿季, 其次是海拔。海南凤仙花生长的石灰岩地区, 根际真菌与细菌对季节与海拔梯度的响应呈相反趋势。

关键词: 海南凤仙花; 菌根真菌; 细菌; 植物群落; 石灰岩生境

中图分类号: Q 931

文献标志码: A

DOI: 10.15886/j.cnki.rdsxb.2018.01.006

根际(Rhizosphere)是土壤微生物最活跃的场所,也是各类营养物质、水和微量元素进入根系参与物质循环的门户,是一个特殊的微生态系统^[1]。根际微生物(Rhizospheric microbe)是生态系统的重要组成部分,是各种生命元素的地球化学循环的重要驱动力和主要参与者,在土壤有机质分解、各类养分的吸收和植被生长发育等方面起到重要的作用^[2]。气候变化可导致植物群落的根际土壤发物理、化学和生物等多方面的变化,进而影响植物和根际土壤微生物群落结构和类型^[3-4]。热带、亚热带地区土壤微生物群落组成呈季节性变化:旱季土壤微生物的磷脂脂肪酸总量和生物量均高于雨季^[5-6],土壤微生物群落多样性随着海拔上升而逐渐下降^[7]。随着土壤微生物多样性海拔格局同植物多样性分布明显不同现象的发现^[8],越来越多的研究表明,土壤微生物群落组成及多样性随环境变量的变化而变异,在空间上呈现规律性分布^[9-10]。近年来,国内外专家对植被较稀少的石灰岩地区根际微生物群落开展了各类研究,发现石灰岩地区植被的演替中生态功能与根际土壤微生物生物量和生物活性成正比关系^[11],且研究结果表明,石灰岩地区土壤细菌群落结构表现出比真菌更加敏感的季节依赖性,土壤真菌多样性对维持较高的细菌代谢功能具有积极意义^[12-13],但对石灰岩地区根际微生物群落结构的动态变化及其对植物生长的影响还需进一步探究。

海南凤仙花(*Impatiens hainanensis*)隶属凤仙花科(Balsaminaceae),多年生草本,是海南特有植物,同时也是石灰岩专性种^[14],主要分布在海南省昌江县、东方市等石灰岩地区,常见于热带山地雨林中裸露石灰岩缝隙,海拔190~1 300 m。不同海拔的生境差异极大,低海拔地区植被丰富,温度较低,相对湿度较

收稿日期: 2017-12-30

修回日期: 2018-01-16

基金项目: 海南大学科研启动基金(kygd1625, kyqd1642); 国家自然科学基金(31560229); 海南省研究生创新科研课题(Hys2017-90)

作者简介: 刘宇(1993-),女,海南大学热带农林学院2015级硕士研究生, E-mail: lyliuyu0712@163.com

通信作者: 赵莹(1984-),女,博士,副教授,研究方向:热带花卉遗传改良与分子生物学, E-mail: zhaoying3732@163.com

大;而高海拔地区植被较稀疏,光照强烈,温度较高,相对湿度低^[15]。生态敏感度高,环境容量低;植被稀疏,土层浅薄,山体陡峭、气候干燥,日照强温度高^[16]。海南凤仙花分布区属典型的热带季风气候,季节变化主要体现在降水量分布不均,每年的11月至翌年4月为干季,平均降水量为169.5mm,5~10月为湿季,平均降水量为1473mm^[17]。显著的海拔差异和季节变化使海南凤仙花种群呈现明显的断层分布。为揭示不同海拔梯度下海南凤仙花可培养根际微生物群落结构的季节变化,笔者采用稀释平板法分离培养根际微生物,并运用分子检测技术结合形态鉴定微生物的种类,拟探讨以下问题:(1)海南凤仙花可培养根际真菌与细菌群落的物种组成;(2)不同海拔梯度下海南凤仙花根际微生物多样性季节动态;(3)海南凤仙花可培养根际微生物群落的驱动因子。旨在了解石灰岩特殊生境下植物局部适应机制,为制定海南凤仙花种群的保育技术措施提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 研究地区自然概况 研究区域为海南岛西南部山区,俄贤岭省级自然保护区,属热带季风气候,平水年降雨量1657mm。一般每年的12月至翌年5月为干季,最冷月平均气温18.0℃(1月),每年6~11月为湿季,最热月均温22.8℃(5月),保护区地质以石灰岩为主,间有变质岩和沉积岩^[16]。

1.2 样品采集 分别于2016年4月、12月和2017年4月采集干季样品,于2016年6月、10月和2017年6月采集湿季样品,每次采样从不同海拔梯度的海南凤仙花分布点下(表1)设置2个样地(5m×5m),在各样方随机选5株海南凤仙花,连根采摘健康的海南凤仙花成年植株,根部挖取时注意最大程度保证根部连土拔起,轻轻抖动1min,取附着于根系2mm左右的土壤为根际土^[18],将海南凤仙花可培养根际土壤装入无菌袋中,冰箱低温保存(4℃),1周内进行分离实验。

表1 海南凤仙花种群采样点地理信息

Tab. 1 Habitats of populations of *Impatiens hainanensis* at three different altitudes

| 种群 Population | 经纬度 Longitude/Latitude | 海拔/m Altitude |
|------------------------|---|---------------|
| 低海拔 Low altitude | 109°08'3" ~ 109°08'16" E /18°57'39" ~ 18°57'45" N | 190 ~ 250 |
| 中海拔 Medium altitude | 109°07'08" ~ 109°07'10" E /19°01'23" ~ 19°01'25" N | 400 ~ 460 |
| 高海拔 High altitude | 109°06'33" ~ 109°06'34" E /19°00'48" ~ 19°00'50" N | 950 ~ 1 130 |

1.3 根际微生物的分离培养

1.3.1 微生物培养基 根际真菌分离采用孟加拉红培养基;真菌纯化培养基采用马铃薯葡萄糖琼脂培养基(PDA),同时加入3g·L⁻¹链霉素。根际细菌分离、培养和纯化采用牛肉膏蛋白胨培养基(NA)。

1.3.2 根际微生物的分离培养 采用稀释平板法对根际微生物进行分离培养^[19]。利用尖端菌丝挑取方法,对具有形态差异的真菌菌株进行挑选,每个处理重复3次,25℃培养3~5d。利用划线培养法对具有形态差异的细菌菌株进行纯化,将纯化的单菌落划线于斜面NA培养基中,32℃暗培养48h,并剔除污染后,4℃培养箱保存,重复纯化3次。

1.3.3 根际微生物的鉴定 (1)DNA的提取:采用真菌基因组DNA快速抽提试剂盒对纯化培养的真菌菌丝进行DNA提取。采用细菌基因组DNA提取试剂盒对纯化培养的细菌菌液进行DNA提取,活化细菌于平板培养基上连续划线,28℃下培养1~2d,刮取1~2接种环菌苔接入100mL牛肉膏蛋白胨液体培养基中,28℃,220r·min⁻¹培养24h,取1.0×10⁹cfu·mL⁻¹个(1mL菌液OD₆₀₀为1.0~1.5)。(2)PCR扩增与测序:采用真菌rDNA-ITS基因序列的通用引物ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTA-3')和ITS4(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'),采用细菌16S rDNA基因序列的通用引物27f(5'-AGAGTTT-GATCCTGGCTCAG-3')和1492r(5'-GGTACCTTGTACGACTT-3'),采用50μL的PCR反应体系:无菌水38.5μL,rTaq酶0.5μL;10×Buffer5μL,基因组DNA模板1μL;各1μL正反向引物;dNTP3μL。PCR反应程序为94℃预变性5min;94℃变性45s,58℃退火30s,72℃延伸60s,32个循环;最后72℃延伸

10 min。真菌和细菌电泳检测呈阳性的 PCR 产物委托广州天一辉远基因科技有限公司进行测序。

1.4 数据分析

1.4.1 序列处理 将测序得到的序列汇总成本地数据库,在 BioEdit 中进行比对,根据系列之间比对的覆盖度与一致性 (Coverage and identity),将序列划分为不同的分类单元 (OTU)。采用 blastn 在 GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST) 中搜索与目标 OTU 序列一致性最高的序列作为参考序列。

1.4.2 数据分析 单个样品测序结果中的 OTU 数量代表该群落的物种丰度,采用 Shannon-Wiener 多样性指数 (H)、Pielou 均匀度 (J) 指数和 Margalef 丰富度指数 (R) 分析海南凤仙花根际微生物多样性特征^[22]。 $H = -\sum P_i \ln P_i$, ($i = 1, 2, \dots, n$) $J = H / \ln(S)$, $R = (S - 1) / \ln N$ 。式中 P_i 为第 i 种的个体数占总个体数的比例,可以用 $P_i = N_i / N$ 求出, N_i 为第 i 种物体个数, N 为总个体数, S 为每个样品的物种总数。

采用 SPSS 18.1 进行差异显著性分析,单因素 (one-way ANOVA) 和 Duncan 法 ($\alpha = 0.05$); Canoco 5.0 进行冗余分析 (RDA) 根际微生物群落的冗余分析以海拔和季节作为限制因子。

2 结果与分析

2.1 根际真菌与细菌群落的组成与结构 分离获得的形态差异的根际真菌 84 株,根据 rDNA - ITS 序列比对,在 95% 相似度条件下比对后得到 14 个属 24 个 OTU,包括木霉属 (*Trichoderma*)、青霉属 (*Penicillium*)、篮状菌属 (*Talaromyces*)、*Albifimbria* 属、曲霉属 (*Aspergillus*)、暗梗单孢霉属 (*Chloridium*)、多年卧孔菌属 (*Perenniporia*)、*Purpureocillium* 属、节菱孢属 (*Arthrimum*) 和镰孢属 (*Fusarium*)、*Cordana* 属、顶孢霉菌属 (*Acremonium*)、链孢霉 (*Neurospora*) 和小帚梗柱孢属 (*Cylindrocladiella*)。研究结果显示,干季条件下根际真菌群落包含 10 个属 20 个种,湿季条件下根际真菌群落包含 13 个属 20 个种 (图 1)。在属水平上,海南凤仙花可培养根际真菌群落中木霉属、青霉属、曲霉属和篮状霉属为优势种群,且木霉属、青霉属和曲霉属的物种出现的频度在干季均高于湿季,只有篮状霉属的出现的频度在湿季高于干季。不同海拔梯度的根际真菌群落的优势种群不同,高海拔梯度下海南凤仙花可培养根际真菌群落的优势属出现的频度最高,而中、低海拔梯度下真菌群落不同属出现的频度较平均。

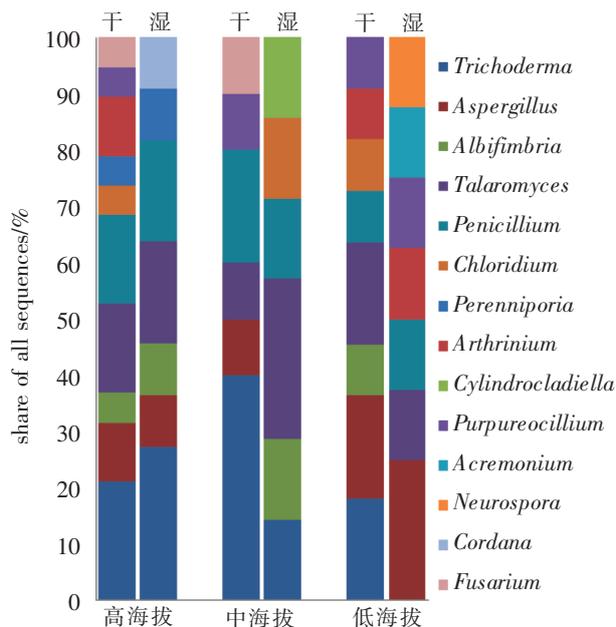


图 1 海南凤仙花可培养根际真菌
Fig. 1 Fungi community composition in rhizosphere soil of *Impatiens hainanensis*

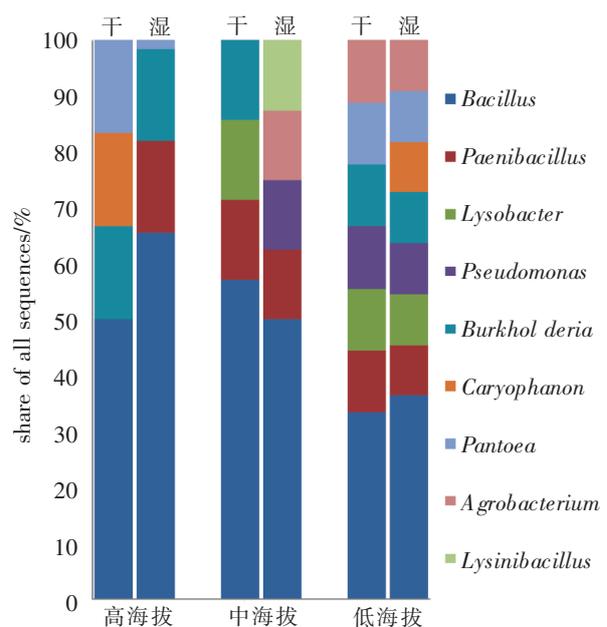


图 2 海南凤仙花可培养根际细菌
Fig. 2 Bacterial community composition in rhizosphere soil of *Impatiens hainanensis*

分离获得的形态差异的根际细菌 58 株,根据 16S rDNA 序列比对,在 95% 相似度条件下比对后得到 9 个属 15 个 OTU,包括芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、伯克霍尔德氏菌属 (*Burkholderia*)、类芽孢杆菌属 (*Paenibacillus*)、溶血杆菌属 (*Lysobacter*)、泛菌属 (*Pantoea*)、*Caryophanon* 属、土壤杆菌属 (*Agrobacterium*)、*Lysinibacillus*

lus 属和假单胞菌属 (*Pseudomonas*)。干季条件下根际细菌群落包含 8 个属 14 个种,湿季条件下根际细菌群落包含 9 个属 15 个种(图 2)。海南凤仙花可培养根际细菌群落中芽孢杆菌属、伯克霍尔氏菌属和类芽孢杆菌属为优势种群,且根际细菌优势种群出现的频度在湿季菌高于干季。不同海拔梯度下的根际细菌群落的优势种群不同,低海拔梯度下海南凤仙花可培养根际细菌群落的优势属出现的频度最高,而中海拔和高海拔梯度下细菌群落不同属出现的频度较平均。

2.2 根际微生物多样性的季节变化 在 3 种不同海拔梯度条件下干季海南凤仙花可培养根际真菌 OTU 数目、多样性和丰富度指数均高于湿季,而干季海南凤仙花可培养根际真菌均匀度指数均低于湿季,根际真菌。另外在两种不同季节环境下,海南凤仙花可培养根际真菌的 OTU 数目、多样性和丰富度指数大小均表现为:高海拔 > 低海拔 > 中海拔,而均匀度指数表现为:低海拔 > 中海拔 > 高海拔。

由图 3 可见,除低海拔下海南凤仙花可培养根际细菌干湿两季的多样性指数相同外,不同海拔梯度下的海南凤仙花可培养根际细菌湿季 OTU 数目、多样性和丰富度指数均高于干季,而干季海南凤仙花可培养根际细菌均匀度指数高于湿季,说明干季环境下根际细菌的物种多样性更丰富。另外在不同海拔梯度下,海南凤仙花可培养根际细菌的 OTU 数目、多样性、均匀度和丰富度指数大小均表现为:低海拔 > 中海拔 > 高海拔。

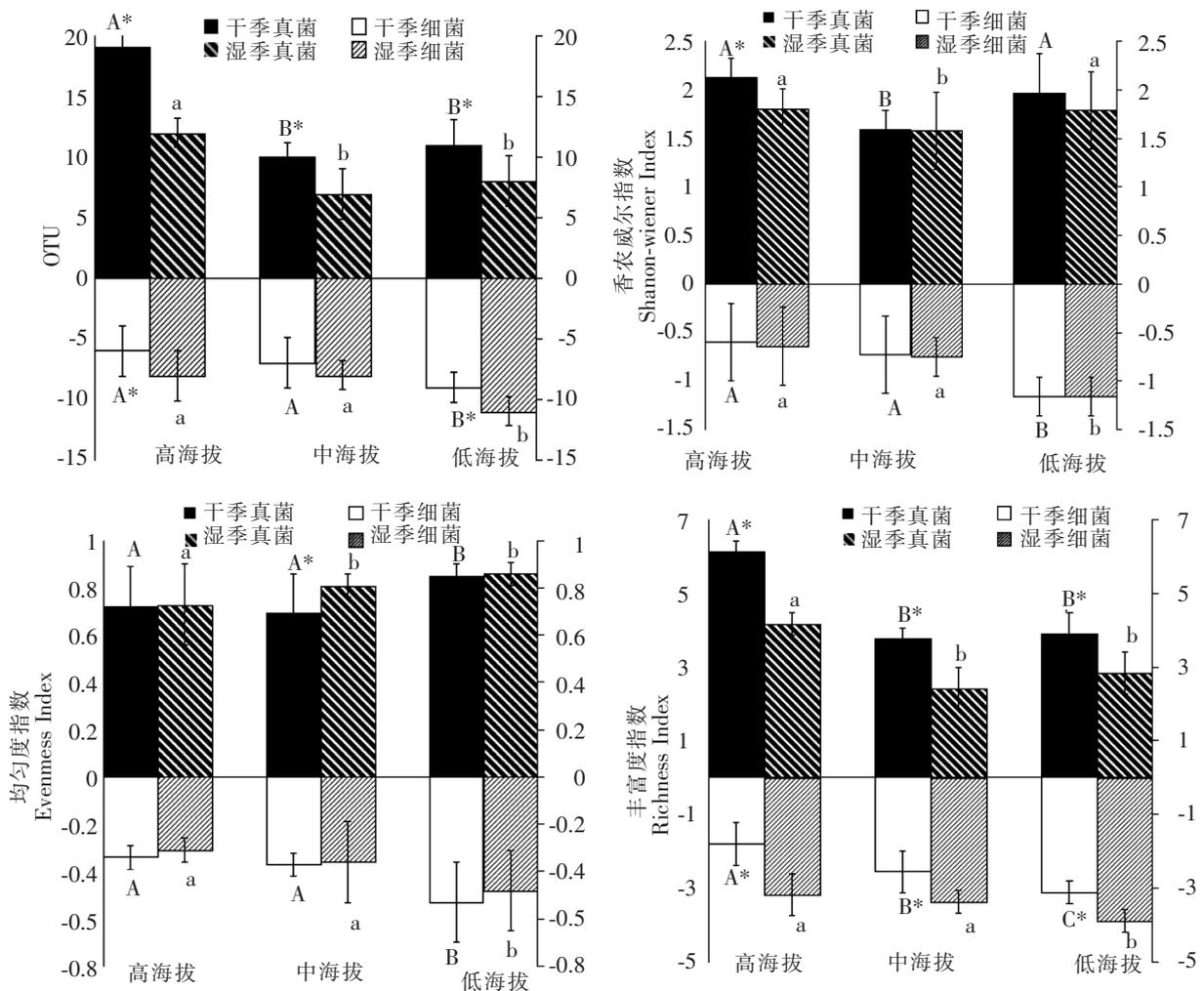


图 3 3 个海拔梯度下海南凤仙花可培养根际微生物群落多样性指标
Fig.3 Microorganism community diversities index in the rhizosphere soil of *Impatiens hainanensis* at three altitudes

2.3 根际微生物群落的驱动因子 海南凤仙花根际微生物分布受季节及海拔梯度的影响,干季的海南凤仙花可培养根际微生物与湿季微生物群落差异较大,海南凤仙花可培养根际微生物群落主要受季节影响。RDA 分析结果显示,干季条件和高海拔梯度下海南凤仙花可培养根际真菌分布呈正相关性,海南凤仙

花可培养根际真菌群落分布对干季高海拔环境具有趋向性(图 4)。湿季条件和低海拔梯度下海南凤仙花可培养根际细菌分布呈正相关性,海南凤仙花可培养根际细菌分布对湿季低海拔环境具有趋向性(图 5)。研究表明,季节为海南凤仙花可培养根际细菌群落的主要影响因子,同时也受到海拔梯度的影响。

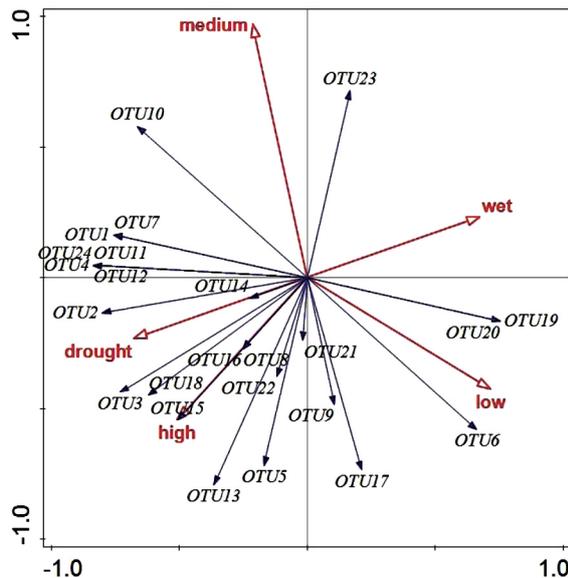


图 4 海南凤仙花根际真菌群落冗余分析

Fig. 4 Redundancy analysis (RDA) of fungi community in the rhizosphere soil of *Impatiens hainanensis* at the OTU level

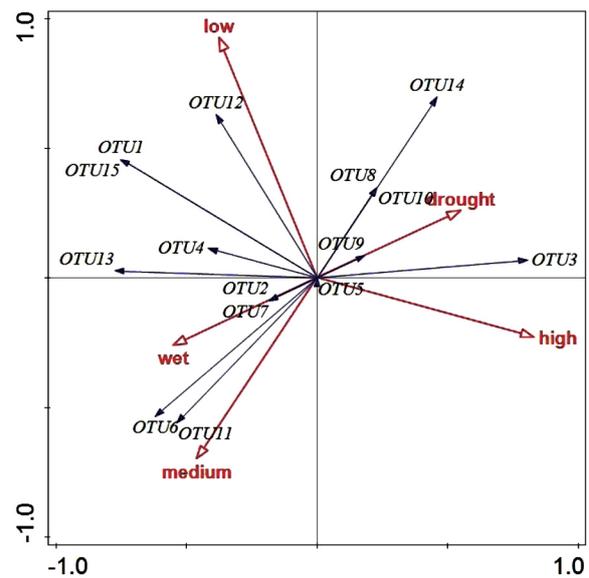


图 5 海南凤仙花根际细菌群落冗余分析

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of bacterial community in the rhizosphere soil of *Impatiens hainanensis* at the OTU level

3 讨论

3.1 海南凤仙花根际微生物群落的物种组成 海南凤仙花根际土壤的微生物资源丰富,不同环境条件下海南凤仙花根际土壤的真菌优势菌种不尽相同,且干季高海拔环境下的根际真菌物种最丰富。对不同环境条件下海南凤仙花可培养根际细菌群落研究表明,海南凤仙花根际细菌群落构成相对稳定,湿季低海拔环境下的根际细菌物种最丰富。海南凤仙花可培养根际真菌群落主要为木霉属、青霉属、曲霉属和篮状霉属等,海南凤仙花可培养根际细菌群落主要为芽孢杆菌属、伯克霍尔德氏菌属和类芽孢杆菌属等。这与前人对石灰岩地区的根际微生物的研究结果一致^[20-26],与非石灰岩根际土壤微生物相同或相近^[21-23]。石灰岩地区的根际微生物与非石灰岩地区的根际微生物群落优势属趋于一致,不同石灰岩根际土壤微生物种类之间存在一定的相似性,但海南凤仙花因其独特的生境形成了特有的菌群结构,这可能是由石灰岩地貌的特殊性或不同植物的根系分泌物造成的差异。

3.2 海拔梯度下海南凤仙花根际微生物多样性的季节动态变化 研究表明,海南凤仙花根际微生物多样性随季节呈现动态变化。海南凤仙花可培养根际真菌的多样性指标在干季要明显高于湿季环境,这表明根际土壤真菌群落组成呈季节性变化^[26]。这一现象与谭秋锦等在对喀斯特不同生态系统的土壤微生物的研究一致^[22]。海南凤仙花可培养根际真菌能更好地适应光照充足、气候干燥的环境。秋冬季节落叶物的凋落、分解及根系分泌物死亡为根际真菌的生长提供了丰富的能源物质,从而提高了海南凤仙花根际真菌的丰富度。而湿季海南凤仙花可培养根际细菌多样性指标要明显高于干季,这表明海南凤仙花可培养根际细菌在湿季条件下水热充足的环境具有较高的多样性。海拔上升引起土壤养分含量下降,气温下降、紫外线强度加大、土壤质量下降等因素直接或间接的影响根际细菌群落多样性,使根际细菌多样性在雨季较高,干季相对较低^[24]。海南凤仙花根际真菌随海拔梯度的上升,多样性指标逐渐增加,在高海拔地区多样性指数最高。海拔上升、光照增强、植被减少,海南凤仙花长期受到石灰岩生境的选择,其根际微生物可能已逐渐适应了这种特殊生境,为了更好地适应和生存,随海拔梯度不断上升根际真菌的多样性逐渐增加。而海南凤仙花根际细菌的各多样性指标随海拔不断下降而明显升高,在低海拔地区多样性指数最高,这可能与海南凤仙花根际细菌受生境选择作用弱有关,且低海拔阴湿、植被丰富、土壤养

分充足的环境影响了根际土壤细菌的群落多样性,这与 Shen 等在对长白山苔原沿海拔梯度土壤细菌多样性研究发现单调递减的规律相类似^[10]。

3.3 石灰岩生境下海南凤仙花根际微生物对环境的响应 根际微生物种群分布和群落结构受环境气候条件、土壤质地等不同环境因子综合影响。目前关于环境因子对土壤微生物作用的研究主要集中在季节和海拔对土壤营养成分,如 N、P、K 等的影响^[25]。冗余分析表明,环境因子对海南凤仙花可培养根际真菌与细菌的影响程度不同。海南凤仙花根际真菌的多样性与干季呈显著正相关,而与海拔梯度相关不显著;海南凤仙花根际细菌的多样性与湿季呈显著正相关,而与海拔梯度相关不显著,这表明海南凤仙花根际微生物群落的主要驱动因子是季节,其次是海拔。对比海南凤仙花根际微生物对环境因子的响应结果表明,根际真菌与细菌群落对季节与海拔梯度的响应呈相反的趋势。

海南凤仙花作为典型的石灰岩专性种,长期以来根际真菌受到特殊生境的选择作用,可能已经逐步适应了石灰岩生境的高温、干燥环境,在高海拔地区以及干季季节真菌种类和数量较多;而细菌则可能受到的选择作用较小,在温湿度更适宜的低海拔地区以及湿季具有较高的种类和数量。研究通过对海南凤仙花可培养根际微生物多样性进行研究,说明季节可能是海南凤仙花可培养根际微生物种群变化的主要驱动因子。本研究结果对海南凤仙花根际微生物的生态作用研究以及保护、开发和利用有重要意义。

致谢:海南大学胡翔宇、宁瑶和刘明同学在样品采集和实验过程中给予了支持和帮助,一并致谢!

参考文献:

- [1] Hartmann A, Rothballer M, Schmid M, et al. A pioneer in rhizosphere microbial ecology and soil bacteriology research [J]. *Plant & Soil*, 2008, 312(1/2): 7-14.
- [2] Certini G. Effects of fire on properties of forest soils: a review [J]. *Oecologia*, 2005, 143(1): 1-10.
- [3] Teri C, Balsler M, Firestone M K. Linking microbial community composition and soil processes in a California annual grassland and mixed-conifer forest [J]. *Biogeochemistry*, 2005, 73(2): 395-415.
- [4] Waldrop M P, Firestone M K. Seasonal dynamics of microbial community composition and function in oak canopy and open grassland soils [J]. *Microbial Ecology*, 2006, 52(3): 470-479.
- [5] 罗达, 史作民, 唐敬超, 等. 南亚热带乡土树种人工纯林及混交林土壤微生物群落结构 [J]. *应用生态学报*, 2014, 25(9): 2543-2550.
- [6] Unger I M, Kennedy A C, Muzika R M. Flooding effects on soil microbial communities [J]. *Applied Soil Ecology*, 2009, 42(1): 1-8.
- [7] 吴则焰, 林文雄, 陈志芳, 等. 中亚热带森林土壤微生物群落多样性随海拔梯度的变化 [J]. *植物生态学报*, 2013, 37(5): 397-406.
- [8] Bryant J A, Lamanna C, Morlon H, et al. Microbes on mountainsides: Contrasting elevational patterns of bacterial and plant diversity [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(Suppl 1): 11505-11511.
- [9] Shen C, Liang W, Shi Y, et al. Contrasting elevational diversity patterns between eukaryotic soil microbes and plants [J]. *Ecology*, 2016, 95(11): 3190-3202.
- [10] Shen C, Ni Y, Liang W, et al. Distinct soil bacterial communities along a small-scale elevational gradient in alpine tundra [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6(582): 582.
- [11] 龙健, 李娟, 江新荣, 等. 贵州茂兰喀斯特森林土壤微生物活性的研究 [J]. *土壤学报*, 2004, 41(4): 597-602.
- [12] 何寻阳, 苏以荣, 梁月明, 等. 喀斯特峰丛洼地不同退耕模式土壤微生物多样性 [J]. *应用生态学报*, 2010, 21(2): 317-324.
- [13] He X Y, Wang K L, Zhang W, et al. Positive correlation between soil bacterial metabolic and plant species diversity and bacterial and fungal diversity in a vegetation succession on Karst [J]. *Plant & Soil*, 2008, 307(1/2): 123-134.
- [14] 钟云芳, 胡翔宇, 宋希强, 等. 基于 ISSR 分子标记的海南凤仙花种群遗传多样性 [J]. *热带作物学报*, 2014, 35(6): 1041-1046.
- [15] 钟云芳, 张哲, 宋希强, 等. 海南凤仙花不同海拔种群的传粉生物学 [J]. *生物多样性*, 2014, 22(4): 467-475.
- [16] 钟云芳, 武华周, 宋希强, 等. 海南凤仙花生境地物种多样性及与环境关系研究 [J]. *热带作物学报*, 2014, 35(2): 355-361.
- [17] 钟云芳. 海南凤仙花保育学研究 [D]. 海口: 海南大学, 2015.
- [18] Courchesne F, Gobran G R. Mineralogical variations of bulk and rhizosphere soils from a Norway spruce stand [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1997, 61(4): 1245-1249.
- [19] 中国科学院南京土壤研究所微生物室. 土壤微生物研究法 [M]. 北京: 科学出版社, 1985.

- [20] 刘济明,熊雪,李鹏,等.小蓬竹根际土壤真菌多样性研究[J].菌物学报,2017,36(2):260-266.
- [21] 邵璐,姜华.辽宁碱蓬根际土壤真菌多样性的季节变化及其耐盐性[J].生态学报,2016,36(4):1050-1057.
- [22] 谭秋锦,宋同清,彭晚霞,等.峡谷型喀斯特不同生态系统的土壤微生物数量及生物量特征[J].生态学报,2014,34(12):3302-3310.
- [23] 湛方栋,陆引罡,关国经,等.烤烟根际微生物群落结构及其动态变化的研究[J].土壤学报,2005,42(3):488-494.
- [24] 聂园园,周贵尧,邵钧炯,等.模拟干旱对亚热带森林土壤微生物生物量及群落结构的影响[J].复旦学报(自然科学版),2017,56(1):97-105.
- [25] Nielsen P L, Andresen L C, Michelsen A, et al. Seasonal variations and effects of nutrient applications on N and P and microbial biomass under two temperate heathland plants[J]. Applied Soil Ecology, 2009, 42(3), 279-287.
- [26] 王海华.秦岭火地塘油松、华山松根际和根内微生物群落的季节动态[D].咸阳:西北农林科技大学,2016.

Seasonal Variation of Microbial Communities in the Rhizosphere of *Impatiens hainanensis* (Balsaminaceae) at Different Altitudes

LIU Yu¹, HAN Sumei¹, SONG Xiqiang¹, DING Qiong¹, WANG Peng², ZHAO Ying¹

(1. Institute of Tropical Agriculture and Forestry / Research Center for Terrestrial Biodiversity of the South China Sea, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 2. Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences Danzhou, Hainan 571737, China)

Abstract: The rhizosphere soils of *Impatiens hainanensis* in different seasons were collected at different altitudes, high (1 000 m), medium (400 m) and low (190 m), and the fungi and bacteria of the collected samples were isolated by using the morphological method and molecular detection technology and cultured for analysis of the microbial community composition and dynamic changes to reveal the dynamic changes of fungi and bacterial communities in the rhizosphere of *I. hainanensis* at the different altitudes. The results show the operational taxonomic unit (OUT) number, diversity index and richness index of the fungi in the rhizosphere in the habitats of the different altitudes were higher in the dry season than in the wet season, while the OTU number, diversity index and abundance index of the bacteria was higher in the wet season than the dry season. Dominant species of *Trichoderma*, *Talaromyces*, *Penicillium*, and *Aspergillus* in the rhizosphere fungal community were observed most frequently in the high altitude in the dry season and the dominant bacterial species of *Bacillus* and *Burkholderia* in the rhizosphere bacterial community were most found at the low altitude in the wet season. The redundancy analysis of fungi and bacterial communities in the rhizosphere indicated the dry and wet season were the main driving force of the rhizosphere microbial community, followed by altitudes. In the limestone area where *I. hainanensis* grows, rhizosphere fungi and bacteria showed an opposite trend in response to the seasons and altitudinal gradients.

Keywords: *Impatiens hainanensis*; mycorrhizal fungi; bacterium; vegetation community; limestone habitat

(责任编辑:钟云芳)