

海南红心火龙果根际微生物群落的季节性特征研究

杨雨鑫¹, 朱基¹, 黄圣南², 唐应志³, 从心黎^{1*}, 黄小龙^{1*}

1. 海南大学生命健康学院, 海南海口 570228; 2. 海口海关技术中心, 海南海口 570311; 3. 海南尚岭农业科技有限公司, 海南昌江 572700

摘要: 火龙果的生长发育与根际微生物密切相关, 但对火龙果生产周期中根际微生物的季节性特征缺乏了解。本研究以海南红心火龙果为研究对象, 采用高通量测序技术探讨火龙果根际微生物群落不同季节的动态变化, 以及微生物群落与土壤理化因子的相关性。结果表明: 火龙果根际微生物群落丰富度和多样性受季节驱动, 各季节微生物群落的 Ace 指数、Chao1 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数存在一定差异, 特别是在秋季呈上升趋势。从火龙果四季采集的 12 个根际样品中共获得 6132 个细菌 OTUs 和 1850 个真菌 OTUs。其中, 细菌分别隶属于 43 门、135 纲、319 目、502 科和 963 属; 真菌分别隶属于 15 门、42 纲、103 目、214 科和 423 属。厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria) 和变形菌门 (Proteobacteria) 的相对丰度在四季中稳定且占据前三, 为优势细菌门。芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 相对丰度在整个细菌群落中一直保持最高, 为优势细菌属, 但春、冬季的相对丰度明显高于夏、秋季。子囊菌门 (Ascomycota) 为火龙果根际的优势真菌门, 毛壳菌属 (*Chaetomium*) 为优势菌属, 且春季的相对丰度远高于其他季节。差异物种分析显示, 四季中细菌共产生了 15 个差异物种, 真菌产生了 3 个差异物种。火龙果根际土壤理化因子季节变化明显, 且与根际微生物群落密切相关。FAPROTAX 预测显示火龙果根际细菌主要表现为化能异养、好氧化能异养、尿素水解、硝酸盐还原、纤维素水解、固氮作用、芳香族有机物降解以及人畜致病性等功能; FUNGuild 预测显示火龙果根际真菌主要表现为腐生生存和某些未知功能等。本研究结果显示海南红心火龙果根际微生物群落结构在四季发生显著变化, 秋季具有最高的多样性和丰富度, 芽孢杆菌属和毛壳菌属分别是根际的优势细菌属和优势真菌属。研究结果可为基于根际微生物的火龙果栽培改良措施的设计提供理论依据。

关键词: 火龙果; 根际微生物; 多样性; 季节变化

中图分类号: S154.3; S667.9 文献标志码: A

Seasonal Characteristics of Rhizosphere Microbial Communities in Red Pitaya in Hainan

YANG Yuxin¹, ZHU Ji¹, HUANG Shengnan², TANG Yingzhi³, CONG Xinli^{1*}, HUANG Xiaolong^{1*}

1. College of Life and Health Sciences, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 2. Haikou Customs Technical Center, Haikou, Hainan 570311, China; 3. Hainan Shangling Agricultural Technology Co., Ltd., Changjiang, Hainan 572700, China

Abstract: The growth and development of pitaya are closely associated with the rhizosphere microbiome, yet there is a lack of understanding regarding the seasonal characteristics of the microorganisms during the fruit's production cycle. This study focused on the red-fleshed pitaya in Hainan, utilizing high-throughput sequencing technology to investigate the dynamics of the rhizosphere microbial community across different seasons and its correlation with soil physico-chemical factors. The results indicated that the richness and diversity of the pitaya rhizosphere microbial community were seasonally driven. There were significant differences in the Ace index, Chao1 index, Shannon index, and Simpson index among the microbial communities across seasons, particularly showing an increasing trend in autumn. A total of 6132 bacterial OTUs and 1850 fungal OTUs were obtained from 12 rhizosphere samples collected throughout the four seasons. Bacterial OTUs were classified into 43 phyla, 135 classes, 319 orders, 502 families, and 963 genera, while

收稿日期 2024-07-16; 修回日期 2024-08-08

基金项目 横向课题项目“全微生物发酵肥料对火龙果种植地土壤改良及果实品质影响的研究”(No. RH2100004390)。

作者简介 杨雨鑫 (1999—), 男, 硕士研究生, 研究方向: 微生物资源开发利用。*通信作者 (Corresponding author): 从心黎 (CONG Xinli), E-mail: cong0890@163.com; 黄小龙 (HUANG Xiaolong), E-mail: 527352709@qq.com。

fungal OTUs were classified into 15 phyla, 42 classes, 103 orders, 214 families, and 423 genera. The phyla Firmicutes, Actinobacteria, and Proteobacteria showed stable and dominant relative abundances across the four seasons, making them the predominant bacterial phyla. The genus *Bacillus* maintained the highest relative abundance within the bacterial community, making it the dominant bacterial genus; however, its relative abundance was significantly higher in spring and winter compared to summer and autumn. The phylum Ascomycota was the dominant fungal phylum in the pitaya rhizosphere. The genus *Chaetomium* was the dominant fungal genus, with a notably higher relative abundance in spring compared to other seasons. Differential species analysis revealed 15 bacterial differential species and 3 fungal differential species across the four seasons. The physicochemical properties of the pitaya rhizosphere soil showed significant seasonal variation and were closely related to the rhizosphere microbial community. FAPROTAX predictions indicated that the pitaya rhizosphere bacteria primarily exhibited functions such as chemoheterotrophy, aerobic chemoheterotrophy, ureolysis, nitrate reduction, cellulolysis, nitrogen fixation, aromatic compound degradation and animal parasites or symbionts. FUNguild predictions showed that the pitaya rhizosphere fungi mainly displayed saprotrophic lifestyles and some unknown functions. In summary, this study demonstrated that the structure of the rhizosphere microbial community associated with red-fleshed pitaya in Hainan undergoes significant changes across the four seasons, with the highest diversity and richness observed in the fall. *Bacillus* and *Chaetomium* were identified as the dominant bacterial and fungal genera in the rhizosphere, respectively. The findings could provide a theoretical basis for designing cultivation improvement measures based on rhizosphere microbiota for pitaya.

Keywords: pitaya; rhizospheric microorganism; diversity; seasonal change

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.12.018

火龙果 (*Hylocereus undulatus*) 属仙人掌科 (Cactaceae) 量天尺属 (*Hylocereus*) 的多年生常绿藤本浆果类果树, 是一种典型的热带水果^[1]。目前, 我国火龙果的种植面积已经超过百万亩, 已成为全球火龙果第一大生产国^[2]。海南属典型的热带海洋性季风气候, 具备周年生产火龙果的天然优势, 是火龙果生产的最佳种植区。当前海南火龙果种植面积超过 10^4 hm^2 , 年产量达 60 万 t, 是国内火龙果的主要生产地之一^[3]。

植物根际指根系周围并受根系生长影响的土壤微环境, 存在大量的微生物类群, 并与植物建立互惠共生的关系^[4]。一方面根系分泌物和分泌物影响根际微生物群落的组成, 另一方面根际微生物的生命活动也影响植物的生长和健康^[5]。根际微生物与宿主植物的相互影响因素已有广泛研究, 但根际微生物对气候季节变化的响应机制却报道甚少。在自然生态系统中, 植物根际微生物群落的结构和功能经常受季节变化的影响, 这种影响主要通过土壤温度、湿度和养分等环境因子的变化来实现, 进而影响微生物的生命活动和代谢过程^[6]。在不同季节间, 根际微生物的多样性和丰度存在显著差异, 冬季由于温度较低, 微生物的代谢活动减缓, 相对丰度降低; 而夏季由于温度升高和降水增加, 微生物的代谢活动增强, 微生物多样性有所提高, 尤其是那些与水分、温度密切相关的微生物类群^[7]。季节变化也会导致根际微生物群落结构的变化, 一些对特定环境条

件敏感的微生物类群可能在某些季节中占据优势, 而其他类群则可能减少, 这与不同季节土壤环境因子的变化有关^[8]。根际微生物的功能也随季节变化而变化, 冬季可能更有利于发酵过程的发生, 而夏季则可能更有利于固氮过程, 此外, 根际微生物参与的生化过程, 如化能异养、硝化和氨氧化作用, 在不同季节间可能存在差异^[9]。在农业生态系统中, 作物生产周期内的根际微生物的群落结构和组成以及功能除受季节变化的影响外, 还受生产管理措施, 如施肥、施药、灌溉和除草等多种综合因素的影响^[10]。因此, 了解作物生产周期内不同时期的根际微生物群落结构和功能的动态变化规律, 将为不同生产时期管理措施的设计提供一定的参考依据。

火龙果的生长和发育与根际微生物息息相关, 火龙果根际微生物的群落结构和组成受火龙果栽培品种的影响^[11]。但火龙果根际微生物群落生产周期内的季节性动态变化却很少报道。为此, 本研究采用高通量测序技术和生物信息学探讨海南红心火龙果根际微生物群落在周年内的季节变化规律, 为火龙果栽培管理措施的设计提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试火龙果品种为大红, 采样地点为海南省昌江黎族自治县海南尚岭农业科技有限公司火龙

果种植基地（108°52'8.2416"E, 19°23'18.762"N），属于热带季风气候，日照充足。采样地为生长 1 年以上的火龙果栽培大田，按照常规方式进行田间生产管理，每年的 9—10 月施用有机肥（2 t/666.67 m²），并在其催花期增施高磷肥（每 666.67 m² 施加 5 kg 高磷水溶肥和 50 kg 有机水溶肥，均分 2 次灌根），幼果期增施高氮加钾肥（每 666.67 m² 施加 6 kg 高氮水溶肥和 70 kg 有机水溶肥，均分 2 次灌根），中果后期增施高钾肥（每 666.67 m² 施加 5 kg 硫酸钾）。分别于 2022 年春季、夏季、秋季、冬季以五点取样法随机采集土壤样本（表 1），均选取健康火龙果植株的根际土壤，采集深度为 15~30 cm，每次取样 3 个重复，于 -20 ℃ 储存。

表 1 样品采集信息
Tab. 1 Sample collection information

季节 Season	采样时间 Sampling time	温度 Temperature/℃	湿度 Humidity/%
春季	2022-03	29	75
夏季	2022-06	38	90
秋季	2022-09	34	68
冬季	2022-12	22	79

1.2 方法

1.2.1 土壤理化指标测定 参照常规测定方法^[12-13]共测定 10 个土壤理化性质：土壤 pH、有机质、全氮、全磷、碱解氮、有效磷、速效钾、有效硫、交换性钙、交换性镁。

1.2.2 根际微生物测序鉴定 采用 E.Z.N.A.[®] Soil

DNA Kit (Omega Bio-tek) DNA 抽提试剂盒，抽提土壤样本 DNA。采用 NEXTflex[™] Rapid DNA-Seq Kit (Bioo Scientific)构建 DNA 测序库。使用引物 338 F 和 806 R 扩增细菌 16S *rRNA* 基因，利用引物 ITS1 F 和 ITS2 R 扩增真菌 *ITS* 基因,并通过 MiSeq PE300 测序平台获得原始数据。

1.3 数据处理

通过对原始数据进行质控等操作，获得有效序列以供测序分析，使用 UPARSE 软件将原始数据拼接并聚类，以大于 97%的有效序列划分为一个操作性分类单元(OTU),并进行后续统计分析。使用 WPS Excel 软件对多样性数据进行预处理，并用 SPSS 26 软件进行显著性差异分析。使用 Kruskal-Wallis 秩和检验检测组间多样性差异。使用 R 语言（3.3.1）绘制维恩图、物种群落组成 Bar 图、RDA 分析图以及相关性 Heatmap 图。分别使用 FAPROTAX（1.2.1）和 FUNGuild 1.0 软件对细菌和真菌群落进行功能预测。

2 结果与分析

2.1 不同季节火龙果根际土壤理化特征

火龙果的生长发育与其根际土壤理化性质密切相关，不同季节火龙果根际土壤的各项理化指标见表 2。不同季节土壤 pH 变化明显，夏、秋季高于春、冬季；有机质、全氮、速效磷含量同样在夏、秋季更高；有效磷、全磷、交换性钙和交换性镁含量在夏季显著高于其他季节；秋季的碱解氮含量明显较低。

表 2 不同季节土壤理化性质比较
Tab. 2 Comparison of soil physical and chemical properties in different seasons

季节 Season	pH	有机质 SOM/(g·kg ⁻¹)	速效钾 AK/(mg·kg ⁻¹)	有效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	碱解氮 AN/(mg·kg ⁻¹)
春季	5.44±0.39 ^{bc}	13.28±2.45 ^c	191.24±19.55 ^a	140.71±6.78 ^c	99.08±17.30 ^a
夏季	6.12±0.46 ^{ab}	34.67±4.41 ^a	199.34±48.03 ^a	323.19±32.76 ^a	89.39±11.96 ^{ab}
秋季	6.30±0.18 ^a	32.57±5.88 ^a	124.74±19.93 ^b	228.39±32.99 ^b	63.99±3.28 ^b
冬季	5.08±0.40 ^c	21.86±3.77 ^{bc}	173.91±19.10 ^{ab}	178.87±21.22 ^{bc}	108.57±13.35 ^a

季节 Season	全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	全磷 TP/(g·kg ⁻¹)	有效硫 AS/(mg·kg ⁻¹)	交换性钙 Exchangeable Ca/(mg·kg ⁻¹)	交换性镁 Exchangeable Mg/(mg·kg ⁻¹)
春季	0.81±0.17 ^c	0.47±0.06 ^b	31.51±2.16 ^{ab}	882.05±53.74 ^c	111.22±14.32 ^d
夏季	1.69±0.08 ^a	1.01±0.29 ^a	32.93±2.60 ^a	2730.35±165.77 ^a	437.02±13.17 ^a
秋季	1.67±0.13 ^a	0.67±0.13 ^b	22.69±2.18 ^c	1043.65±127.35 ^{bc}	315.70±27.36 ^b
冬季	1.13±0.18 ^b	0.57±0.06 ^b	27.96±1.62 ^b	1208.04±152.04 ^b	194.10±21.67 ^c

注：同列不同小写字母表示差异显著（*P*<0.05）。
Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference (*P*<0.05).

2.2 不同季节火龙果根际微生物多样性分析

2.2.1 α 多样性分析 不同季节火龙果根际微生物的 α 多样性指数见表 3。Ace 指数和 Chao1 指数反映微生物群落的丰富度, 火龙果根际细菌和真菌的 Ace 指数和 Chao1 指数均在秋季最高, 春、夏、冬季 3 组样品无显著性差异。Shannon 指数

和 Simpson 指数反映微生物群落的多样性, 秋季火龙果根际细菌和真菌的 Shannon 指数以及真菌的 Simpson 指数均高于其他季节, 细菌的 Simpson 指数无显著差异。Coverage 指数反映群落测序覆盖度, 所有样品的 Coverage 值均大于 98%, 说明所有序列基本被检测出, 数据可靠。

表 3 不同季节火龙果根际微生物 α 多样性
Tab. 3 Microbial α diversity in rhizosphere of pitaya in different seasons

项目 Item	季节 Season	Ace	Chao1	Shannon	Simpson	Coverage
细菌	春季	3048±329 ^b	3041±309 ^b	5.554±0.341 ^{ab}	0.032±0.014 ^a	0.9815±0.0031 ^a
	夏季	3215±82 ^b	3236±65 ^{ab}	6.361±0.171 ^{ab}	0.035±0.001 ^a	0.9810±0.0049 ^a
	秋季	3711±169 ^a	3690±176 ^a	6.472±0.118 ^a	0.047±0.003 ^a	0.9800±0.0032 ^a
	冬季	3299±180 ^b	3332±187 ^{ab}	5.400±1.016 ^b	0.045±0.008 ^a	0.9786±0.0019 ^a
真菌	春季	470±21 ^b	468±19 ^b	3.479±0.859 ^b	0.118±0.021 ^{ab}	0.9987±0.0001 ^a
	夏季	554±44 ^{ab}	541±30 ^{ab}	3.669±0.749 ^{ab}	0.108±0.015 ^b	0.9982±0.0009 ^a
	秋季	655±71 ^a	650±75 ^a	4.002±0.520 ^a	0.151±0.022 ^a	0.9985±0.0007 ^a
	冬季	562±116 ^{ab}	551±123 ^{ab}	3.222±0.339 ^b	0.133±0.020 ^{ab}	0.9978±0.0005 ^a

注: 同列不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)。
Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference ($P<0.05$).

2.2.2 β 多样性分析 不同季节火龙果根际微生物的 β 多样性如图 1 所示, 对不同季节根际微生物进行 PCoA 分析, 结果表明, 根际细菌的夏季和秋季样品距离相近, 而与冬季和春季的样品距离较远

且在不同象限, 说明在夏、秋季细菌群落组成相似, 而与春、冬季的细菌群落存在一定差异 (图 1A)。不同季节样品内真菌 PCoA 分析表明, 所有样品相距较近, 真菌群落无太大差异 (图 1B)。

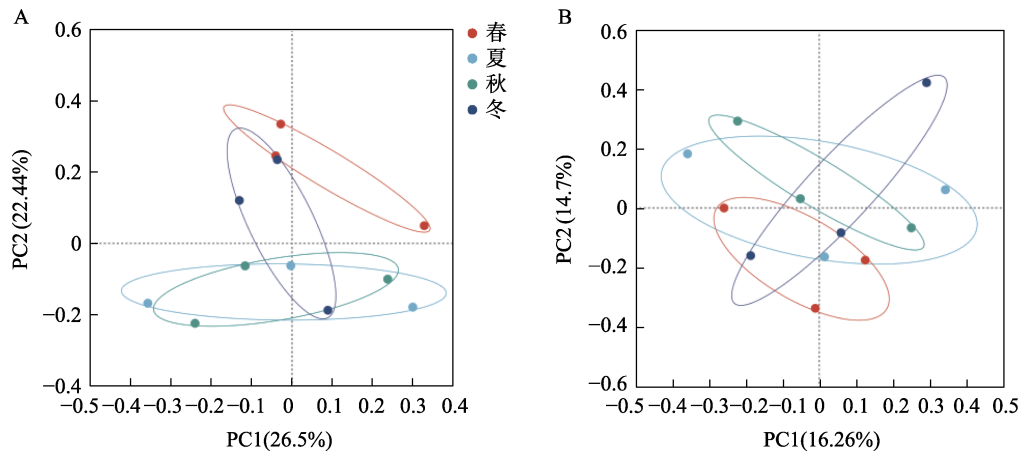


图 1 不同季节火龙果根际细菌 (A) 和真菌 (B) 的 PCoA 分析

Fig. 1 PCoA analysis of rhizosphere bacteria (A) and fungi (B) in pitaya in different seasons

2.3 不同季节火龙果根际微生物群落结构分析

2.3.1 微生物群落 Venn 分析 根据根际样品的所有 OTUs, 对不同季节火龙果根际微生物群落进行 Venn 分析 (图 2)。4 个季节样品中共有的细菌 OTUs 为 2469 个, 春、夏、秋、冬各季所独有的 OTUs 分别为 198、269、401 和 191 个; 共有

的真菌 OTUs 数为 346 个, 春、夏、秋、冬各季所独有的 OTUs 分别为 138、250、274 和 159 个。其中, 秋季火龙果根际细菌和真菌独有的 OTUs 数量均最多, 表明秋季具有丰富的微生物群落组成。
2.3.2 细菌群落结构分析 从 4 个季节 12 个根际样品中共获得 6132 个细菌 OTUs, 分别隶属于

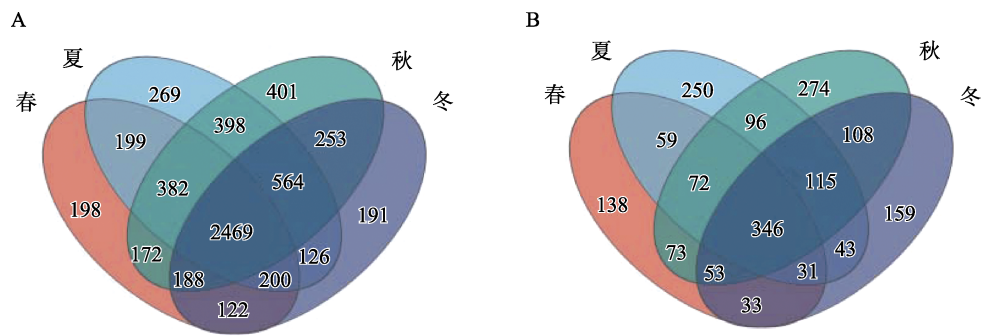


图 2 不同季节火龙果根际细菌 (A) 和真菌 (B) 群落 Venn 分析
Fig. 2 Venn analysis of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities of pitaya in different seasons

43 门、135 纲、319 目、502 科和 963 属。细菌群落在门水平主要有厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、绿湾菌门 (Chloroflexi)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadota)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、黏球菌门 (Myxococcota)、Patescibacteria、WPS-2 等 (图 3A)。不同季节门水平的群落结构总体上差异不大, 主要以厚壁菌门、放线菌门、变形菌门为主, 其相对丰度稳居前三, 均为优势门类。在属水平主要有芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、盖亚女神菌目未定义属 (*norank_f_norank_o_Gaiellales*)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、嗜邻聚杆菌目未定义属 (*norank_f_norank_o_Vicinamibacterales*)、马

赛菌属 (*Massilia*)、链霉菌属 (*Streptomyces*)、酸杆菌目未定义属 (*norank_f_norank_o_Acidobacteriales*)、北里孢菌属 (*Kitasatospora*)、黄色杆菌科未定义属 (*norank_f_Xanthobacteraceae*) 等 (图 3B)。不同季节属水平的细菌群落结构组成存在一定差异, 特别是芽孢杆菌属的相对丰度在春、冬季明显高于夏、秋季, 但总体而言, 不同季节所有细菌群落中芽孢杆菌属的相对丰度均最大, 在火龙果根际内占据核心地位, 为优势属类。在各季节中盖亚女神菌目未定义属的相对丰度以夏季最高, 马赛菌属的相对丰度在春季时显著增高。此外, 还存在部分未知细菌属, 具有着较高的相对丰度, 值得进一步发掘。

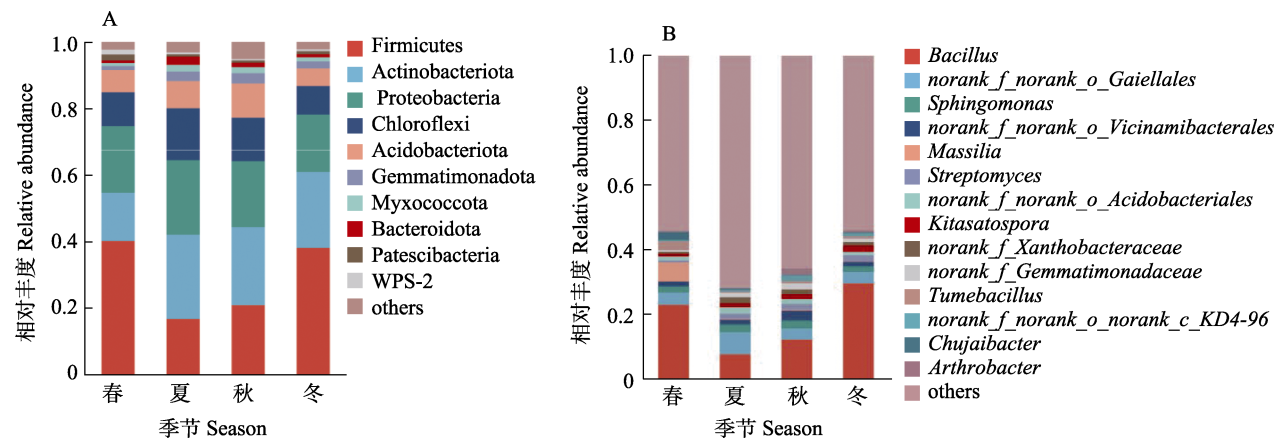


图 3 细菌门水平 (A) 和属水平 (B) 群落组成
Fig. 3 Bacterial community composition at phyla level (A) and genus level (B)

2.3.3 真菌群落结构分析 从4个季节12个根际样品中总共获得真菌 1850 个 OTUs, 分别隶属于 15 门、42 纲、103 目、214 科和 423 属。真菌群落结构组成如图 4 所示, 在门水平下主要为子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、

真菌界未定义门 (unclassified_k_Fungi)、壶菌门 (Chytridiomycota)、罗兹菌门 (Rozellomycota)、被孢菌门 (Mortierellomycota) 等。4 个季节中, 子囊菌门的相对丰度在火龙果根际内占据绝对数量优势, 夏季时虽有所降低, 但仍处于核心地位,

为优势门类；担子菌门在夏季的相对丰度有明显上升趋势（图 4A）。在属水平主要有毛壳菌属（*Chaetomium*）、毛壳菌科未定义属（*unclassified_f_Chayetomiaceae*）、曲霉属（*Aspergillus*）、梭孢壳属（*Thielavia*）、青霉属（*Penicillium*）、小裸囊壳菌属（*Gymnascella*）、小囊菌属（*Microascus*）、粪壳菌科未定义属（*unclassified_f_Sordariaceae*）、*unclassified_k_Fungi*、*Dichotomopilus*、小鬼伞属（*Coprinellus*）、瓶毛壳属（*Lophotrichus*）等。属水平下火龙果根际真菌群落组成结构差异较大，说明季节变化对真菌群落的影响程度较大，尤其

是毛壳菌属在春季的相对丰度显著高于其他季节，占据核心地位，而在其他季节相对丰度明显降低；毛壳菌科未定义属在冬季时的相对丰度明显增加（图 4B）。

2.4 不同季节火龙果根际微生物物种差异分析

不同季节火龙果根际微生物群落的物种差异如图 5 所示。4 个季节中，细菌共产生 15 个显著差异物种，其中主要包括：黄色杆菌科未定义的属（*norank_f_Xanthobacteraceae*）、KD4-96 纲未定义属（*norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96*）、*Candidatus_Solibacter*、JG30-KF-CM66 纲未

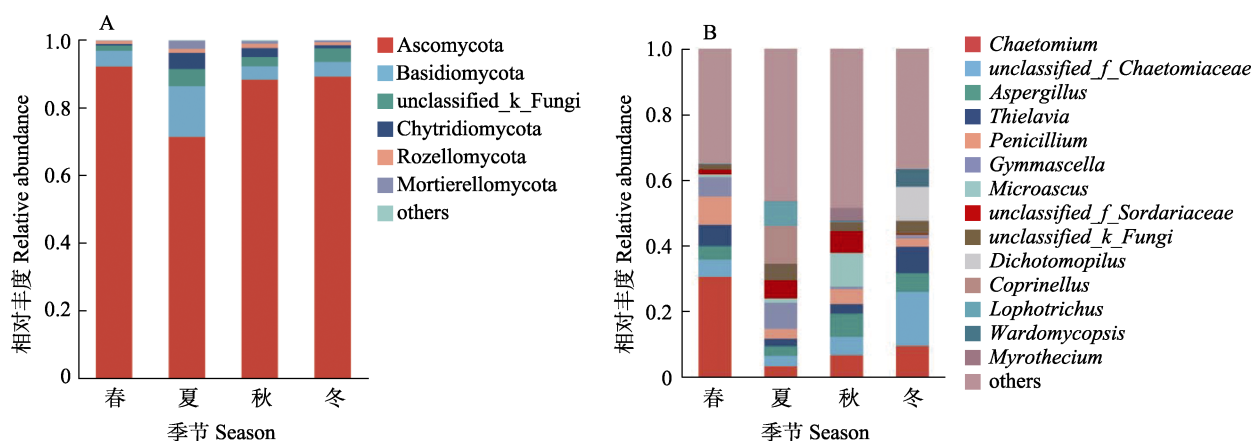
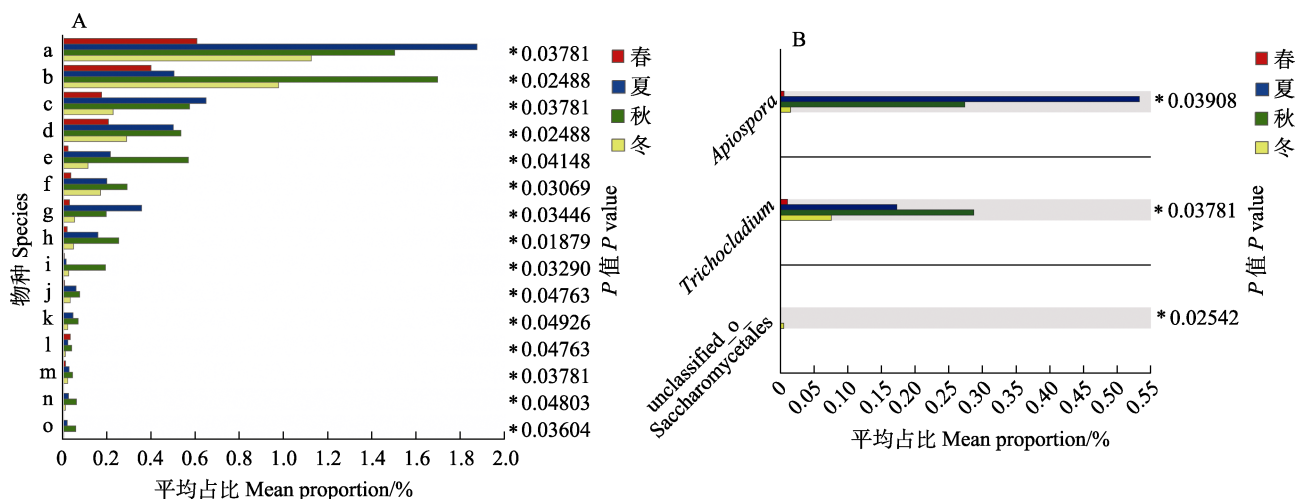


图 4 真菌门水平 (A) 和属水平 (B) 群落组成

Fig. 4 Fungal community composition at phyla level (A) and genus level (B)



a: 黄色杆菌科未定义属; b: KD4-96 纲未定义属; c: *Candidatus_Solibacter*; d: JG30-KF-CM66 未定义属; e: RB41; f: 甲基寡源菌科未定义属; g: bacteriap25 纲未定义属; h: 脱硫杆菌门未定义属; i: 迟杆菌门未定义属; j: *mle1-7*; k: 嗜邻聚杆菌属; l: *Sumerlaea*; m: 军团杆菌属; n: 类固醇杆菌科未定义属; o: NB1-j 门未定义属。*表示显著差异 ($P < 0.05$)。

a: *norank_f_Xanthobacteraceae*; b: *norank_f_norank_o_norank_c_KD4-96*; c: *Candidatus_Solibacter*; d: *norank_f_norank_o_norank_c_JG30-KF-CM66*; e: RB41; f: *norank_f_Methyloligellaceae*; g: *norank_f_norank_o_norank_c_bacteriap25*; h: *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Desulfobacterota*; i: *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_Latescibacterota*; j: *mle1-7*; k: *Vicinamibacter*; l: *Sumerlaea*; m: *Legionella*; n: *norank_f_Steroidobacteraceae*; o: *norank_f_norank_o_norank_c_norank_p_NB1-j*. * indicates significant difference ($P < 0.05$).

图 5 不同季节火龙果根际细菌 (A) 和真菌 (B) 的物种差异

Fig. 5 Species differences of rhizosphere bacteria (A) and fungi (B) of pitaya in different seasons

定义属 (*norank_f_norank_o_norank_c_JG30-KF-CM66*)、*RB41* 等属类成员, 大部分存在显著差异的物种属于未分类的细菌。火龙果根际土壤内相对丰度占比大的物种在不同季节几乎无显著差异, 在根际内稳定存在。真菌共产生 3 个显著差异物种, 其中, 梨孢假壳属 (*Apiospora*) 和短梗蠕孢属 (*Trichocladium*) 在夏、秋季的群落丰度显著高于春、冬季, 而酵母菌目未定义科 (*unclassified_o_Saccharomycetales*) 只在冬季存在。

2.5 不同季节土壤理化因子与微生物相关性

土壤微生物群落的冗余分析 (RDA) 如图 6

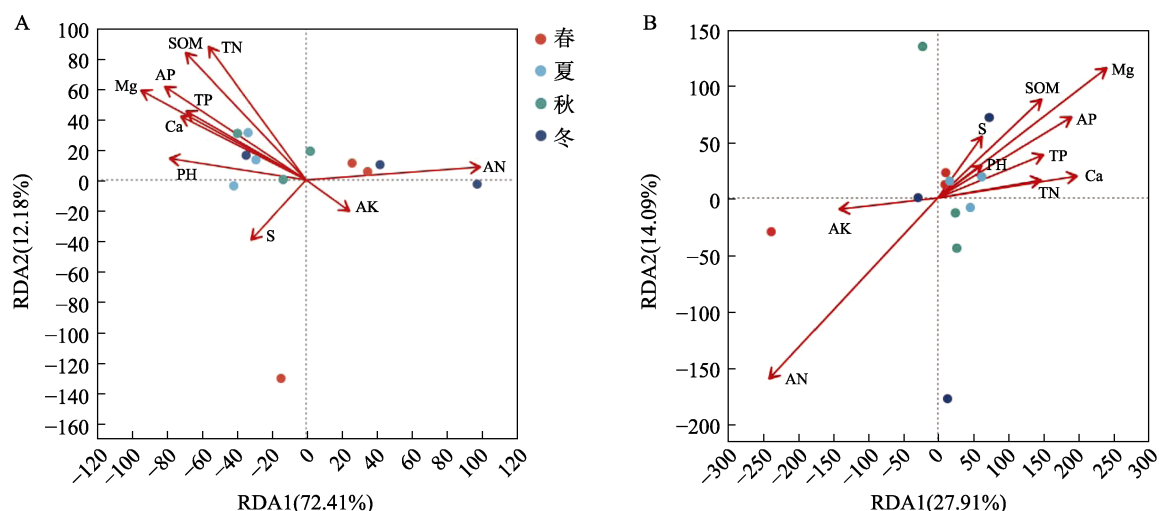


图 6 土壤理化因子与根际细菌 (A) 和真菌 (B) 群落的冗余分析

Fig. 6 Redundancy analysis of soil physicochemical factors and rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities

土壤细菌和真菌群落的门水平与土壤性质之间的相关性热图为冗余分析的结果提供了进一步的证据。相关性分析表明, 在细菌群落中, 拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 与 SOM、AP、Mg 呈显著正相关; 粘菌门 (*Myxococcota*) 与 PH、SOM、TN、AP、Mg 呈显著正相关; 芽单胞菌门 (*Gemmatimonadota*) 与 SOM、TN、AP 呈显著正相关; 放线菌门 (*Actinobacteriota*) 与 TN、AP、Mg 呈显著正相关; 厚壁菌门 (*Firmicutes*) 与 AN 呈显著正相关, 与 AP、Mg 呈显著负相关; WPS-2 与 SOM、TN 呈显著负相关; 酸杆菌门 (*Acidobacteriota*) 和绿湾菌门 (*Chlorolexi*) 均与 AN 呈显著负相关 (图 7A)。对于真菌群落, 被孢菌门 (*Mortierellomycota*) 与土壤 pH、有机质、全氮、全磷、有效磷、交换性钙以及交换性镁都呈显著正相关; *Calcarisporiellomycota* 与 AN 呈显著负相关 (图 7B)。

所示。细菌群落 RDA 的第 1 轴 (RDA1) 的特征值为 72.41%, 第 2 轴 (RDA2) 的特征值为 12.18%, 二者共解释了土壤细菌群落总变异的 84.59%。土壤 pH、有机质、碱解氮、有效磷、全氮、全磷、交换性钙以及交换性镁是影响细菌群落结构的 8 个显著因素 ($P < 0.05$)。对于土壤真菌群落, RDA1 的特征值为 27.91%, RDA2 的特征值为 14.09%, 二者共解释了约 42.00% 的真菌群落变异。土壤中的有机质、碱解氮、有效磷、交换性钙以及交换性镁是影响真菌群落结构的 5 个主要因素 ($P < 0.05$)。

2.6 不同季节火龙果根际微生物功能预测分析

对不同季节火龙果根际细菌功能预测分类结果如图 8 所示 (仅展示前 20 个功能)。根际细菌功能主要有: 化能异养 (chemoheterotrophy)、需氧化能异养 (aerobic chemoheterotrophy)、尿素水解 (ureolysis)、硝酸盐还原 (nitrate reduction)、纤维素水解 (cellulolysis)、固氮作用 (nitrogen fixation)、芳香族化合物降解 (aromatic compound degradation) 以及人畜致病性 (animal parasites or symbionts)。其中化能异养和需氧化能异养功能在不同季节的土壤生态功能中均占主导地位, 这表明火龙果根际细菌具有良好的碳水化合物转化能力; 在春季, 尿素水解能力、人畜致病性菌明显高于其他季节; 在夏季, 纤维素水解作用菌更为显著, 有助于纤维素分解为单糖, 便于吸收利用; 在冬季, 硝酸盐还原作用、固氮作用和芳香族化合物降解作用菌较强于其他季节。而不同季节火

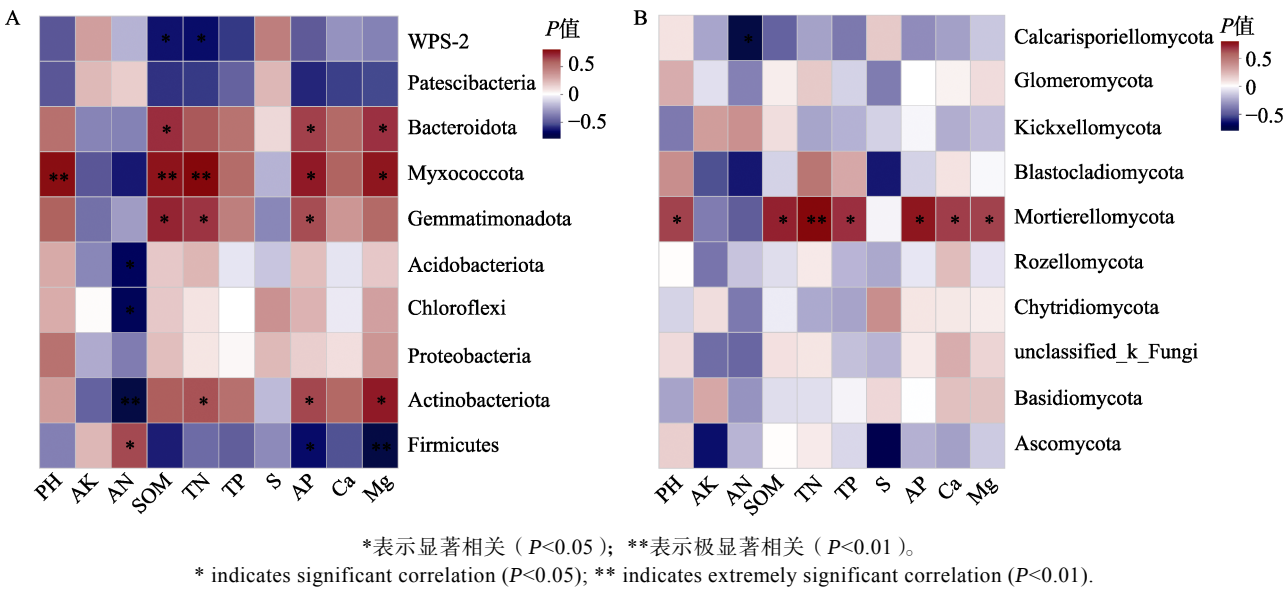


图 7 土壤理化因子与优势细菌门 (A) 和真菌门 (B) 的相关性分析
Fig. 7 Correlation analysis of soil physicochemical factors with dominant bacterial phyla (A) and fungal phyla (B)

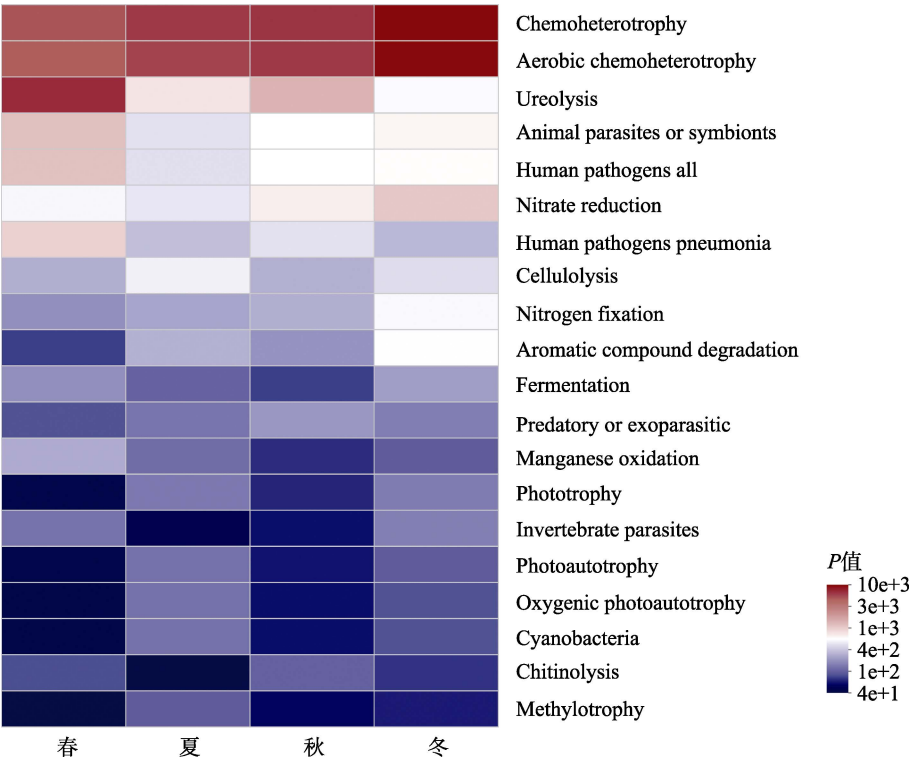


图 8 不同季节火龙果根际细菌功能预测
Fig. 8 Prediction of rhizosphere bacterial function in different seasons

龙果根际真菌的预测功能存在一定差异,但是其根际真菌基本均以腐生菌为主,如植物腐生、动物腐生、木材腐生和粪腐生等,同时还存在某些未知的功能菌(图9)。

3 讨论

土壤理化因子体现了土壤的肥力水平和植物

生长条件,不同季节的火龙果根际土壤理化因子表现出一定的差异。本研究中,夏、秋季的土壤pH普遍高于春、冬季,这与孟彤彤等^[14]的研究结果一致,可能与微生物代谢旺盛有关,并且夏、秋季降雨量大,雨水冲刷带走土壤中酸性物质。土壤中的一系列养分(有机质、全氮、速效钾、速效磷、全磷、有效硫、交换钙、交换钾)在夏

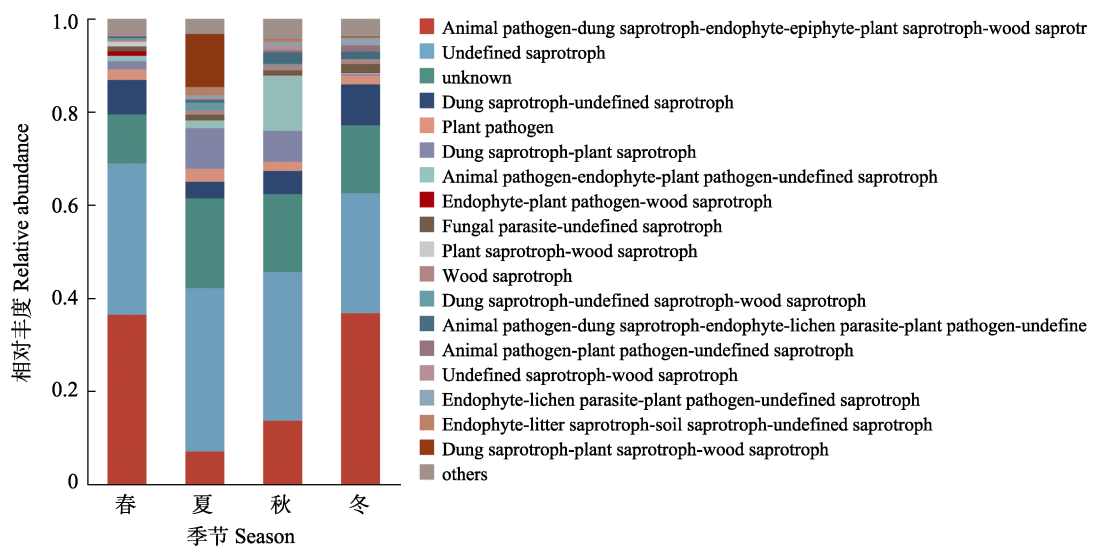


图 9 不同季节火龙果根际真菌功能预测
Fig. 9 Prediction of rhizosphere fungal function in different seasons

季时均处于较高水平，这可能是由于大量的植物残骸和微生物的代谢提供了丰富的养分^[15]。土壤中碱解氮含量在夏、秋季偏低，这与赵满兴等^[16]的研究结果一致，由于植物在夏、秋季时生长旺盛并对氮吸收量大，碱解氮的消耗量急剧增加，导致其含量偏低。

根际微生物是植物土壤根际生态系统中极其重要的组成部分^[17]。根际土壤中富含丰富的微生物，微生物群落的数量和种类与根际土壤的健康程度密切相关，维持土壤内部环境的动态平衡^[18-19]。

季节是影响根际微生物类群丰度的重要因素^[20]。与其他季节相比，秋季火龙果根际细菌的 Ace 指数和 Chao1 指数最高，具有最高的相对丰度，与谭雪等^[21]在三峡草本植物根际细菌的研究结论一致；火龙果根际真菌的 Ace 指数和 Chao1 指数同样为秋季最高，与黄雨轩等^[22]在江西油茶根际真菌的研究结论相符。这可能是由于秋季的气候条件更适合某些微生物的生长和繁殖，导致微生物丰富度增加。

在本研究中，四季的火龙果根际细菌主要由厚壁菌门、放线菌门、变形菌门组成，形成了稳定的根际细菌群落结构，这与陈第等^[23]的研究结果一致。已有研究认为，这 3 种门类微生物同样广泛分布于植物根际土壤中，是最常见的土壤微生物，在植物的生命活动中起着举足轻重的作用^[24]。在属水平，火龙果根际细菌群落受季节更替的影响，不同季节的结构组成存在差异。这种季节性差异，可能是因为不同细菌对生存环境具有不同

的适应性，同时也受温度、湿度等的影响，导致不同季节可能出现不同的优势菌属，从而改变了根际群落结构^[25]。本研究中，芽孢杆菌属在每个季节的相对丰度均占最大比例，说明其在火龙果根际细菌群落中占据核心地位并发挥关键作用。芽孢杆菌属成员作为有益微生物，对火龙果致病菌具有拮抗作用，保护植株根际健康^[26]。另外，还存在许多未分类鉴定的细菌，这些细菌很可能是火龙果根际微生物中的关键菌群，表现出某些未知的功能。本研究中，子囊菌门是火龙果根际土壤中绝对的优势真菌门类，不同季节中其相对丰度占比均远高于其他门类真菌。子囊菌门真菌通常具有很强的适应性，能够在不同的环境条件下生存和繁衍，这可能是它们在火龙果根际土壤中成为优势门类的原因之一。在属水平，毛壳菌属作为优势菌属，春季的相对丰度占比远高于其他季节，可能与环境相关。有研究发现，毛壳菌属具有抗菌和促生能力，在植物的整个生长阶段起到关键作用^[27]。因此，推测毛壳菌属在维持火龙果根际健康、促进植株生长中扮演着至关重要的角色。此外，本研究还发现，在不同季节中火龙果根际微生物均具有共同的 OTUs，也存在独有的 OTUs，表明各季节的火龙果根际土壤不仅存在普遍共有的根际微生物群落，也存在各季节独有的微生物种类，共有的微生物很有可能是火龙果根际生态系统中的核心微生物群，而独有的微生物种类可能是各季节的标志性微生物。

植物根际微生物是根际功能的关键驱动因

素^[28]。本研究发现火龙果根际细菌的功能预测主要表现为化能异养、需氧化能异养、尿素水解等功能,这与火龙果的生长有密切关系,有助于火龙果根际的能量转化,从而汲取更多难以吸收的营养。火龙果根际真菌功能预测主要为腐生微生物组成和某些未知功能,说明在火龙果根际存在大量可以利用动植物残骸的腐生真菌,有助于促进火龙果根际土壤物质和能量的生态循环。

4 结论

利用高通量测序技术探讨了海南红心火龙果根际微生物群落生产周期内的季节性特征和变化规律。结果显示,火龙果根际土壤理化因子季节变化明显,反映了土壤理化因子与根际微生物群落的密切联系。不同季节火龙果根际微生物群落均有较高的丰富度和多样性,其中,秋季明显高于其他季节;群落结构组成也随季节波动,优势菌群的比例有一定变化,但均在火龙果根际占据核心地位。这些季节性变化反映了根际微生物的相关功能和土壤肥力,进而影响火龙果的生长和发育。研究结果可为火龙果栽培管理措施的设计提供科学依据。

参考文献

- [1] SHAH K, CHEN J Y, CHEN J X, QIN Y H. Pitaya nutrition, biology, and biotechnology: a review[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2023, 24(18): 13986.
- [2] 徐杨玉, 伍兆诚, 黄贞, 尤小婷, 庞生, 吴如慧, 张正贺, 李栋宇, 雷炳富, 陈士伟. 广东火龙果产期调节和增产综合调控技术[J]. 中国热带农业, 2024(3): 84-88, 62.
XU Y Y, WU Z C, HUANG Z, YOU X T, PANG S, WU R H, ZHANG Z H, LI D Y, LEI B F, CHEN S W. Comprehensive regulation techniques for the production period and the yield of *Hylocereus undulatus* Britt. in Guangdong[J]. China Tropical Agriculture, 2024(3): 84-88, 62. (in Chinese)
- [3] 钟昌宏, 赵鹏飞, 周义良, 段耀威, 阮云泽, 高伟. 不同覆盖基质对火龙果果园土壤性质和作物生长的影响[J/OL]. 中国土壤与肥料, (2024-06-05)[2024-07-13]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5498.S.20240604.1226.002.html>.
ZHONG C H, ZHAO P F, ZHOU Y L, DUAN Y W, RUAN Y Z, GAO W. Effects of different covering substrates on soil properties and crop growth in dragon fruit orchards[J/OL]. Soil and Fertilizer Sciences in China, (2024-06-05) [2024-07-13]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5498.S.20240604.1226.002.html>. (in Chinese)
- [4] VAN DER HEIJDEN M, DE BRUIN S, LUCKERHOFF L, VAN LOGTESTIJN R, SCHLAEPI K. A widespread plant-fungal-bacterial symbiosis promotes plant biodiversity, plant nutrition and seedling recruitment[J]. The ISME Journal, 2016, 10(2): 389-399.
- [5] PANAHI A, AMINPANA H, SHARIFI P. Effect of nitrogen, bio-fertilizer, and silicon application on yield and yield components of rice (*Oryza Sativa* L.)[J]. Philippine Journal of Crop Science, 2015, 40(1): 76-81.
- [6] BEI Q, MOSER G, MÜLLER C, LIESACK W. Seasonality affects function and complexity but not diversity of the rhizosphere microbiome in European temperate grassland[J]. Science of the Total Environment, 2021, 784: 147036.
- [7] GUO X, YUAN M T, LEI J S, SHI Z, ZHOU X S, LI J B, DENG Y, YANG Y F, WU L Y, LUO Y Q, TIEDJE J M, ZHOU J Z. Climate warming restructures seasonal dynamics of grassland soil microbial communities[J]. mLife, 2021, 1(3): 245-256.
- [8] WAN X, ZHOU R Y, LIU S A, XING W, YUAN Y D. Seasonal changes in the soil microbial community structure in urban forests[J]. Biology, 2024, 13(1): 31.
- [9] LI L S, XIA T Z, YANG H Q. Seasonal patterns of rhizosphere microorganisms suggest carbohydrate-degrading and nitrogen-fixing microbes contribute to the attribute of full-year shooting in woody bamboo *Cephalostachyum pingbianense*[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 1033293.
- [10] CHEN Y P, TSAI C F, HAMEED A, CHANG Y J, YOUNG C C. Agricultural management and cultivation period alter soil enzymatic activity and bacterial diversity in litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) orchards[J]. Botanical Studies, 2021, 62: 1-14.
- [11] ZHOU X Y, CHEN S Y, QIU L L, LIAO L Y, LU G F, YANG S D. How rhizosphere microbial assemblage is influenced by dragon fruits with white and red flesh[J]. Plants, 2024, 13(10): 1346.
- [12] 傅泳维, 张振华, 涂敏, 蔡海滨, 张红骥, 于德才. 胶园间作不同马铃薯品种对土壤性质及微生物多样性的影响[J]. 热带作物学报, 2024, 45(9): 1857-1867.
FU Y W, ZHANG Z H, TU M, CAI H B, ZHANG H J, YU D C. Effect analysis of intercropping different potato varieties in rubber plantation on soil properties and microbial diversity[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2024, 45(9): 1857-1867. (in Chinese)
- [13] 王妍, 郭磊, 李建兵, 王军, 曲潇琳, 崔萌, 郭玉明, 张文菊. 我国主要粮食产区土壤有效态钙镁硫的变化特征及其对作物产量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2024(3): 209-217.
WANG Y, WU L, LI J B, WANG J, QU X L, CUI M, GUO Y M, ZHANG W J. Soil available calcium, magnesium and

- sulfur and their effects on crop yields across major grain production areas of China[J]. *Soils and Fertilizers Sciences in China*, 2024, (3): 209-217. (in Chinese)
- [14] 孟彤彤, 赵涛涛, 王永刚, 陈吉祥. 季节驱动下的土壤微生态环境与党参生长的动态关系[J]. *基因组学与应用生物学*, 2023, 42(7): 744-756.
- MENG T T, ZHAO T T, WANG Y G, CHEN J X. Dynamic relationship between soil micro-ecological environment and *Codonopsis pilosula* growth driven by seasons[J]. *Genomics and Applied Biology*, 2023, 42(7): 744-756. (in Chinese)
- [15] 吕丽茹, 扎西尼玛, 陈识澳, 陈科, 彭涛, 王永轶, 李英杰, 龚利娟. 季节性因素对土壤微生物的影响研究进展[J]. *湖北农业科学*, 2022, 61(11): 62-66, 71.
- LYU L R, ZHA X N M, CHEN S A, CHEN K, PENG T, WANG Y Y, LI Y J, GONG L J. Research progress of seasonal factors on soil microorganism[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2022, 61(11): 62-66, 71. (in Chinese)
- [16] 赵满兴, 杨帆, 马文全, 王俊, 白二磊. 黄土丘陵区沙棘人工林土壤养分及酶活性季节变化[J]. *水土保持研究*, 2023, 30(2): 58-66.
- ZHAO M X, YANG F, MA W Q, WANG J, BAI E L. Seasonal change of soil nutrient and enzyme activities in *Hippophae rhamnoides* plantation with different stand ages in loess hilly region[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2023, 30(2): 58-66. (in Chinese)
- [17] YANG K L, ZHENG Y P, SUN K M, WU X Y, ZHANG Z, HE C N, XIAO P G. Rhizosphere microbial markers (micro-markers): a new physical examination indicator for traditional Chinese medicines[J]. *Chinese Herbal Medicines*, 2024, 16: 180-189.
- [18] JIA M M, SUN X, CHEN M, LIU S, ZHOU J X, PENG X W. Deciphering the microbial diversity associated with healthy and wilted *Paeonia suffruticosa* rhizosphere soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 967601.
- [19] KINKEL L L, BAKKER M G, SCHLATTER D C. A co-evolutionary framework for managing disease-suppressive soils[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2011, 49: 47-67.
- [20] LI J, LUO Z Q, ZHANG C H, QU X J, CHEN M, SONG T, YUAN J. Seasonal variation in the rhizosphere and non-rhizosphere microbial community structures and functions of *Camellia yuhsienensis* Hu[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(9): 1385.
- [21] 谭雪, 董智, 张丽苗, 袁中勋, 李昌晓. 三峡库区消落带草本植物根际细菌群落季节变化特征及功能预测[J]. *生态学报*, 2023, 43(23): 9699-9709.
- TAN X, DONG Z, ZHANG L M, YUAN Z X, LI C X. Seasonal dynamics and functional prediction of bacterial community in the rhizosphere of two suitable herbaceous species in the riparian zone of the Three Gorges Reservoir Area[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(23): 9699-9709. (in Chinese)
- [22] 黄雨轩, 李晓跃, 张林平, 林宇岚, 吴斐, 张扬, 胡冬南. 油茶根际 AM 真菌群落对不同季节、土层和品种响应[J]. *中南林业科技大学学报*, 2023, 43(1): 84-95.
- HUANG Y X, LI X Y, ZHANG L P, LIN Y L, WU F, ZHANG Y, HU D N. Responses of AM fungi diversity in *Camellia oleifera* rhizosphere to season, soil depth and cultivar types[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2023, 43(1): 84-95. (in Chinese)
- [23] 陈弟, 李可增, 吴琼, 何应对, 殷晓敏. 火龙果根际土壤微生物 2 种 DNA 提取方法的比较[J]. *热带生物学报*, 2019, 10(2): 184-189.
- CHEN D, LI K Z, WU Q, HE Y D, YIN X M. Comparison of two extraction methods in extraction of total DNA from soil microbes in the rhizosphere of pitaya[J]. *Journal of Tropical Biology*, 2019, 10(2): 184-189. (in Chinese)
- [24] 巩文峰, 魏丽萍, 杜娟, 王泽莹, 马占鸿. 西藏青稞根际细菌群落结构及多样性[J]. *微生物学报*, 2023, 63(10): 4034-4050.
- GONG W F, WEI L P, DU J, WANG Z Y, MA Z H. Structure and diversity of the bacterial community in the rhizosphere of highland barley in Xizang[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2023, 63(10): 4034-4050. (in Chinese)
- [25] HE R J, ZENG J, ZHAO D Y, HUANG R, YU Z B, WU Q L. Contrasting patterns in diversity and community assembly of *Phragmites australis* root-associated bacterial communities from different seasons[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, 86(14): e00379-20.
- [26] LIN S Y, CHEN X H, XIE L, ZHANG Y, ZENG F H, LONG Y Y, REN L Y, QI X L, WEI J G. Biocontrol potential of lipopeptides produced by *Paenibacillus polymyxa* AF01 against *Neoscytalidium dimidiatum* in pitaya[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1188722.
- [27] 冯超红, 李丽娟, 张姣姣, 王俊美, 宋玉立, 李好海, 徐飞. 球毛壳菌促生防病机制及应用研究进展[J]. *中国生物防治学报*, 2023, 39(4): 961-969.
- FENG C H, LI L J, ZHANG J J, WANG J M, SONG Y L, LI H H, XU F. Mechanism of *Chaetomium globosum* in promoting growth and preventing disease and advance of its application and research[J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2023, 39(4): 961-969. (in Chinese)
- [28] LING N, WANG T T, KUZUYAKOV Y. Rhizosphere bacteriome structure and functions[J]. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 836.