

不同林龄下刺梨根内生微生物群落结构特征

何万琴, 柳文浩, 任 军*, 张 进

贵州师范学院地理与资源学院, 贵州 贵阳

收稿日期: 2025年3月28日; 录用日期: 2025年5月4日; 发布日期: 2025年7月10日

摘 要

内生菌是植物微生态系统的重要组成部分, 不同植物器官内生细菌分布数量存在差异, 为了解刺梨根内生微生物群落结构特征, 以贵州省龙里县人工种植不同林龄5年、10年、15年、20年的刺梨根系为研究对象, 采用高通量测序法分析了刺梨根内生细菌、真菌的群落结构特征。结果表明: 刺梨随着种植年限的增加, 根际土壤理化性质不断改善, 20年林龄速效磷、速效钾含量达最高, 分别高达 $187.32 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $578.02 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 10年林龄刺梨的Vc含量最高, 高达 $13.99 \text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}$ 。根内生细菌和真菌群落多样性丰富度随着种植年限增加呈上升趋势, 20年树龄根内生微生物群落结构多样性最丰富, OTUs值均最大。刺梨根内生微生物群落结构与土壤因子有显著相关性, 与果实Vc含量无显著相关性。

关键词

林龄, 刺梨, Vc含量, 根内生微生物

Characteristics of the Endophytic Microbial Community Structure in *Rosa roxburghii* under Different Forest Age

Wanqin He, Wenhao Liu, Jun Ren*, Jin Zhang

School of Geography and Resources, Guizhou Education University, Guiyang Guizhou

Received: Mar. 28th, 2025; accepted: May 4th, 2025; published: Jul. 10th, 2025

Abstract

Endophytes are an important component of the plant microecosystem, and the distribution and abundance of endophytic bacteria vary among different plant organs. To understand the structural characteristics of the endophytic microbial community in the roots of *Rosa roxburghii*, we studied the

*通讯作者。

文章引用: 何万琴, 柳文浩, 任军, 张进. 不同林龄下刺梨根内生微生物群落结构特征[J]. 土壤科学, 2025, 13(3): 118-124. DOI: 10.12677/hjss.2025.133014

root systems of *R. roxburghii* planted in Longli County, Guizhou Province, with different stand ages of 5, 10, 15, and 20 years. High-throughput sequencing was used to analyze the community structure characteristics of endophytic bacteria and fungi in the roots. The results showed that as the planting years increased, the physicochemical properties of the rhizosphere soil of *R. roxburghii* continuously improved. The contents of available phosphorus and available potassium reached their highest levels in the 20-year-old stand, at 187.32 mg·kg⁻¹ and 578.02 mg·kg⁻¹, respectively. The Vitamin C (Vc) content was highest in the 10-year-old stand, reaching 13.99 mg·g⁻¹. The diversity of endophytic bacterial and fungal communities in the roots continuously increased with the planting years, with the 20-year-old stand exhibiting the richest diversity in the root microbial community structure and the highest OTU (Operational Taxonomic Unit) values. The structure of the endophytic microbial community in the roots of *R. roxburghii* was significantly correlated with soil factors but not significantly correlated with the Vc content of the fruit.

Keywords

Forest Age, *Rosa roxburghii*, Vc Content, Endophytic Microorganisms

Copyright © 2025 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

刺梨属蔷薇科蔷薇属为多年生落叶散生灌木植物，其果实又名茨梨、山王果、佛朗果和刺石榴等，作为我国西部山区独有的野生植物[1]，具有极高的营养价值与药用价值，在贵州省分布最为广泛。刺梨中 Vc 含量丰富[2]。刺梨根系较为发达，对喀斯特地区的石漠化治理具有极其重要的作用[3]。

根是植物为适应陆地生活在长期进化过程中形成的营养器官，其主要功能为吸收土壤中的水分与矿物质，提供营养物质给植物地上部分[4]。植物根内生微生物是植物生态系统的主要组成部分，包括真菌、细菌和放线菌[5]。植物内生菌与植物之间的相互作用，影响植物的生长、发育、抗逆等生命活动[6]，植物生理状态、地理条件及气候环境等因子对植物内生菌的种群组成及丰度产生较大的影响[7]。根内生微生物能够加强根系和根际土壤之间的物质交换，从而诱导植物抵抗干旱、高温以及病原微生物等不良环境对植物造成的胁迫[8][9]。目前，关于植物根内生菌的研究主要集中在药用植物[10]-[12]，对刺梨根内生菌的研究报道较少，李园园等(2013)对从刺梨植株分离得到 72 株内生真菌进行了抗菌活性实验，结果显示刺梨内生真菌的抗菌活性最强、菌谱最广[13]，张洪等对刺梨内生真菌的物种多样性研究表明刺梨根部的内生真菌多样性最高[14]。刺梨作为喀斯特石漠化地区典型的植物，其根内生微生物群落具有哪些特征？根内生微生物群落结构同刺梨 Vc 含量、根际土壤理化性质存在哪些关系？为明确以上问题，本研究以贵州省龙里县不同林龄的刺梨为研究对象，对不同林龄刺梨根内生真菌、细菌、土壤理化因子、刺梨果实 Vc 含量进行了分析，揭示了根内生微生物群落结构与刺梨果实 Vc 含量、根际土壤理化性质之间的关系，以期为提高人工种植刺梨品质提供了理论依据。

2. 材料与方法

2.1. 研究区

研究区位于贵州省黔南布依族苗族自治州龙里县谷脚镇(26°10'19"至 26°49'33"N，106°45'19"至 107°15'1"E)，属中丘陵地貌，多岩溶丘陵，坡度平缓，洼地宽广，耕地集中。属典型的喀斯特地貌。平均

海拔 1300 米，谷脚镇属亚热带季风气候，其特点是气候温和、雨量充沛、冬无严寒、夏无酷暑。多云雾照，湿度较大。多年平均气温 13.9℃，最高达 33.2℃，最低温度则在-2℃。年平均降水量 1100 毫米。无霜期年平均 280 天，年日照时数一般在 1060 至 1265 小时之间。

2.2. 样品采集

刺梨土壤样本及刺梨果实均采自贵州省黔南布依族苗族自治州龙里县谷脚镇。根据刺梨林龄进行采样，刺梨林龄分别为：5 年、10 年、15 年、20 年，对每个林龄的刺梨根际土壤进行采样，根际土壤样本取深 0~10 cm、黏附于刺梨根系表面的土壤，为减少样本误差，在每种林龄下选取 3 株刺梨根际土壤混合为一个样本，同一林龄根际土壤样本进行三次重复，根际土壤样本按照树龄逐渐增大分别编码 Ga、Gb、Gc、GG；用无菌刀选取根系长约 5 cm 的刺梨根，方法同根际土壤样品，每种林龄下进行三次重复取样，对应土壤样品，编号为 GaG、GbG、GcG、GGG，装于自封袋于无菌条件下带回实验室，用无菌水洗净，送样。

2.3. 样品处理

对采集的土壤样品自然风干，去掉大块杂质，过 20 目筛，用于土壤理化性质的测定。土壤速效 N 采用碱解扩散法，速效 P 采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗分光光度法测定，速效 K 采用醋酸铵浸提-原子吸收分光光度法[15]，有机质采用重铬酸钾外加热法测定土壤有机质[16]，使用酸度计测定 pH 值；刺梨 Vc 含量的测定方法参照胡敏[17]方法进行。

2.4. 根内生微生物群落结构测定

根内生微生物群落结构采用高通量测序法，所用引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成，12 个植物根系样品由生工生物工程(上海)股份有限公司完成测序。

2.5. 数据处理

实验使用 Excel 软件对土壤理化性质和真菌多样性进行数据整理，运用 SPSS 对土壤因子进行相关性分析。Mantel tests 相关性热图利用 R 软件进行统计分析。

3. 结果与分析

3.1. 不同林龄下刺梨根际土壤和刺梨根系理化性质

4 种林龄刺梨根际土壤理化性质如表 1 所示，根际土壤样本 pH 值表现为随林龄的增加而上升；AN 含量随刺梨林龄的增加而增加，且 AN 最高值达 98.12 mg·kg⁻¹；根际土壤 AP 含量最高为 20 年林龄，高达 187.32 mg·kg⁻¹；根际土壤 AK 含量高达 578.02 mg·kg⁻¹；TOC 含量均随刺梨林龄的增加而减少。10 年林龄刺梨的 Vc 含量最高，高达 13.99 mg·g⁻¹。

Table 1. Soil physicochemical properties of rhizosphere and vitamin C content in the fruit of *R. roxburghii* at different forest ages

表 1. 不同林龄刺梨根际土壤理化性质及刺梨果 Vc 含量

样品	pH	AN (mg·kg ⁻¹)	AP (mg·kg ⁻¹)	AK (mg·kg ⁻¹)	TOC (mg·kg ⁻¹)	Vc (mg·g ⁻¹)
Ga	5.18 ± 0.03	67.54 ± 22.85	79.53 ± 20.13	272.27 ± 9.72	28.07 ± 1.03	12.85 ± 0.65
Gb	5.44 ± 0.02	80.21 ± 5.53	171.19 ± 3.61	417.74 ± 101.64	27.03 ± 0.29	13.99 ± 1.30
Gc	5.73 ± 0.03	91.32 ± 1.27	164.33 ± 66.16	506.02 ± 11.77	21.03 ± 0.61	12.65 ± 0.52
GG	5.78 ± 0.03	98.12 ± 0.02	187.32 ± 34.21	578.02 ± 10.11	19.78 ± 0.04	11.22 ± 0.23

3.2. 不同林龄下刺梨根内生微生物高通量测序数据分析

本研究包含 4 种样本，分别为 GaG、GbG、GcG、GGG，采用引物 ITS1F 和 ITS2R 分别得到 120798、92088、92519、101574 条平均原始读数，36058389、30019124、26306093、34899952 bp 平均序列；经序列优化后，有效序列平均条数分别为 118411、87476、88061、95697，测序序列平均长度分别为 444、428、443、426 bp。采用引物 341F 和 805R 分别得到 161960、120048、148493、106470 条平均原始读数，71923062、53242577、64601387、47458588 bp 平均序列；经序列优化后，有效序列平均条数分别为 152156、112477、136437、98730，测序序列平均长度分别为 448、461、440、474 bp。

3.2.1. 不同林龄刺梨根内生微生物多样性分析

Alpha 多样性如表 2 所示，样本 GaG、GbG、GcG、GGG 的 Coverage 值 99.00% 以上，该指数是评价测序样本对低丰度物种的覆盖情况，研究测序覆盖度均高于 99.00%，说明测序结果可代表土壤中物种的实际状况，测序结果有效。对不同林龄下根内生真菌测定发现，样本 GGG 的 Shannon 指数最大，为 0.75，Simpson 指数较小，为 0.09，表明 Gc 真菌群落丰富度较高，根内生真菌多样性整体为 GGG>GbG>GcG>GaG。根内细菌结果表明，样本 GGG 的 Shannon 指数最大，为 0.43，Simpson 指数最小，为 0.44，样本 GGG 的菌群落丰富度较高，根内生细菌群落丰富度整体表现为 GGG>GcG>GbG>GaG。

Table 2. Analysis of alpha diversity of endophytic microorganisms in *R. roxburghii* roots of different forest ages
表 2. 不同林龄刺梨根内生微生物 α 多样性分析

物种	编号	Coverage/%	Shannon 指数	Simpson 指数	Ace 指数	Chao 指数
真菌	GaG	100.00	0.50	0.19	108.00	108.00
	GbG	100.00	0.67	0.10	110.14	105.00
	GcG	100.00	0.53	0.15	163.80	164.00
	GGG	100.00	0.75	0.09	284.04	263.00
细菌	GaG	100.00	0.13	0.71	221.05	250.33
	GbG	100.00	0.16	0.62	467.28	406.06
	GcG	100.00	0.20	0.64	579.31	581.00
	GGG	99.00	0.43	0.44	619.12	634.82

3.2.2. 不同林龄刺梨根内生微生物组成分析

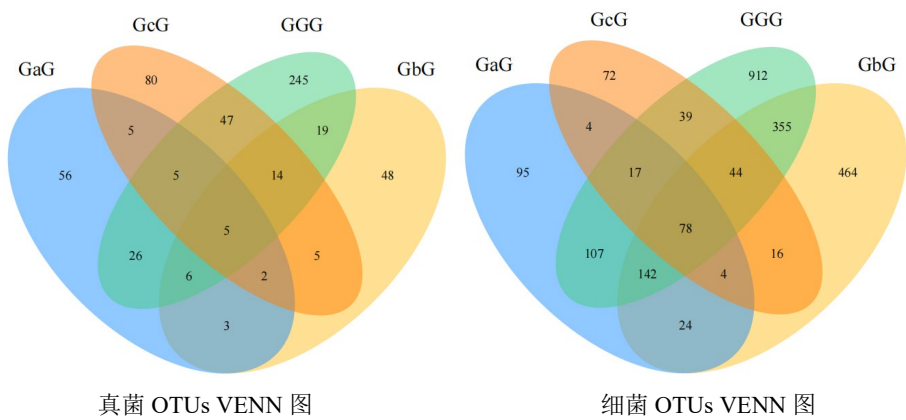


Figure 1. VENN diagram of the number of endophytic fungi and bacteria OTUs within *R. roxburghii* roots of different forest ages
图 1. 不同林龄刺梨根内生真菌和细菌 OTUs 数量 VENN 图

根内生真菌和细菌 OTUs 数量 VENN 图所示(图 1), 不同林龄刺梨内生真菌 OTUs 数目有较大差异, GaG、GbG、GcG、GGG 数量分别为 108、102、163、367, 各自持有的 OTUs 数量分别为 56、48、80、245。刺梨内生细菌, GaG、GbG、GcG、GGG 数量分别为 471、1127、274、1694, 各自持有的 OTUs 数量分别为 95、464、72、912。结果显示, 种植 20 年的刺梨根内生微生物群落最丰富, 真菌和细菌 OTUs 数量均为最高值。

3.3. 不同林龄下刺梨根内生微生物与土壤因子相关性分析

Mantel 图 2 是不同林龄刺梨根内生真菌和细菌群落多样性与土壤因子、刺梨果实 Vc 的网络热图, 图 2(a)表明, 根内生真菌群落结构与 AP、AK、TOC 呈极显著相关性($P < 0.01$), OTUs 与 AK、ACE 指数与 TOC、Simpson 指数与 AP 呈现极显著相关性($P < 0.01$), Shannon 指数、ACE 指数、Simpson 指数与 pH 值、AN 呈现显著相关性($P < 0.05$), Shannon 指数与 AP 呈现显著相关性($P < 0.05$), Chao 指数与 AK、TOC 呈现显著相关性($P < 0.05$)。图 2(b)显示根内生细菌群落结构与 TOC 呈现极显著相关性($P < 0.01$), Chao 指数、ACE 指数与 TOC 呈现极显著相关性($P < 0.01$), OTUs、Chao 指数、ACE 指数、Simpson 指数与 pH 值呈现显著相关性($P < 0.05$), OTUs 与 TOC、Shannon 指数与 AK、Simpson 指数与 AP、呈现显著相关性($P < 0.05$), Vc 含量与根内生微生物 α 多样性无明显相关性。结果表明, 不同林龄刺梨根内生微生物群落结构与土壤因子有显著相关性, 与果实 Vc 含量相关性不显著, 但土壤各因子之间存在明显的关联性。

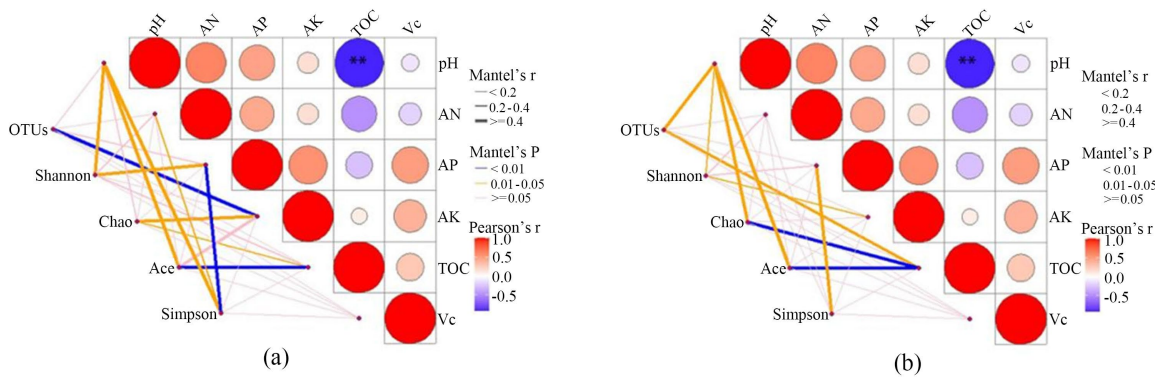


Figure 2. Network heatmap of Alpha diversity of rhizosphere soil and endophytic fungi of *R. roxburghii*, soil factors, and Vitamin C content in *R. roxburghii* fruit

图 2. 刺梨根际土壤及根内生真菌 Alpha 多样性与土壤因子、刺梨果实 Vc 含量的网络热图

4. 讨论

根内生微生物群落多样性随着林龄增长逐渐丰富, 刺梨根系更倾向于招募具有直接促生功能的菌群。根内生菌与植物抗逆性等生命活动密切相关, 崔博飞[18]等通过对不同品种桃树根部内生细菌群落结构、多样性及功能分析研究, 结果表明根内生细菌群落具有促进植物生长和抗逆性的潜力。其中子囊菌门中部分属(如镰刀菌属)已被证实可与植物形成互利共生关系, 可通过增强根系酶活性促进氮磷吸收[19]; 红菇属真菌可以与植物根系形成共生关系, 从而产生菌根, 其对植物吸收水分和营养物质起促进作用, 进而促进植物生长, 并且可以提高植物的抗逆抗病能力[20]。土壤 pH 值、土壤有机物含量、速效磷含量、土壤氮含量和水分含量等都是影响真菌群落变化的主要驱动因子[21], 本研究中, 根内生真菌群落结构与 AP、AK、TOC 呈极显著相关性($P < 0.01$), OTUs 与 AK、ACE 指数与 TOC、Simpson 指数与 AP 呈现极

显著相关性($P < 0.01$), 根内生细菌群落结构与 TOC 呈现极显著相关性($P < 0.01$), Chao 指数、ACE 指数与 TOC 呈现极显著相关性($P < 0.01$), Vc 含量与根际土壤真菌 α 多样性无明显相关性。不同林龄刺梨根内生微生物群落结构与土壤因子有显著相关性, 与果实 Vc 含量相关性不显著。速效磷、速效钾与刺梨 Vc 含量呈正相关($P < 0.05$), 植物根内生菌可促进宿主植物吸收 N、P 等营养元素, 因此根内生菌可促进 Vc 的合成[22]。

5. 结论

(1) 随着刺梨林龄的增加, 其生境土壤条件、根际土壤及根内生真菌群落多样性发生改变, 根内生微生物群落多样性丰富度随着种植年限增加呈上升趋势。

(2) 刺梨根内生微生物群落结构与土壤因子有显著相关性, 与果实 Vc 含量无显著相关性, 因此在种植刺梨时应进一步关注土壤各理化因子, 调整其在土壤中的范围, 寻求提高刺梨品质的土壤环境。

基金项目

贵州省科技计划项目(黔科合基础-ZK [2024]一般 651); 贵州省高校人文社会科学研究项目资助[2025RW079]贵州矿山生态修复与生态经济协同发展研究; 贵州师范学院大学生创新创业训练计划项目(S2023142234065)、(S2023142234106)、(2023142234206); 贵州省教育厅 2023 年度普通本科高校科学研究项目(青年项目)(黔教技〔2022〕252 号); 贵州师范学院科学研究基金项目(2021BS010)。

参考文献

- [1] 李呷, 任廷远. 刺梨功能活性成分及生理作用的研究进展[J]. 贵州农业科学, 2022, 50(11): 84-92.
- [2] 李玉婷, 成倩, 刘英, 等. 生物炭与氮肥配施对刺梨维生素 C 含量的影响[J]. 南方农业, 2023, 17(6): 97-99.
- [3] 何志伟, 于伯华, 王涛, 等. 喀斯特高原山区刺梨种植空间格局变化与地形土壤影响因素——以贵州省盘州市为例[J]. 科学技术与工程, 2021, 21(19): 7956-7964.
- [4] Yokohama Japan. RIKEN Center for Sustainable Resource Science (2019) A Gene Regulatory Network for Root Hair Development. *Journal of Plant Research*, **132**, 301-309.
- [5] 乔红雍, 袁涛, 赵信勇, 等. 不同株龄鲁荪红根内生微生物群落变化特征[J]. 浙江农业学报, 2024, 36(1): 115-126.
- [6] 李银凤, 刘晓柱. 海拔高度对刺梨根际土壤真菌与细菌多样性的影响[J]. 河南农业科学, 2023, 52(10): 82-91.
- [7] Feng, J., Shentu, J., Zhu, Y., Tang, C., He, Y. and Xu, J. (2020) Crop-Dependent Root-Microbe-Soil Interactions Induce Contrasting Natural Attenuation of Organochlorine Lindane in Soils. *Environmental Pollution*, **257**, Article ID: 113580. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2019.113580>
- [8] Adeleke, B.S. and Babalola, O.O. (2021) Biotechnological Overview of Agriculturally Important Endophytic Fungi. *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, **62**, 507-520. <https://doi.org/10.1007/s13580-021-00334-1>
- [9] Zhang, L., Zhang, W., Li, Q., Cui, R., Wang, Z., Wang, Y., et al. (2020) Deciphering the Root Endosphere Microbiome of the Desert Plant *Alhagi sparsifolia* for Drought Resistance-Promoting Bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, **86**, e02863-19. <https://doi.org/10.1128/aem.02863-19>
- [10] 刘王锁, 李振凯, 高敏, 等. 不同生境银柴胡根内生菌群落特征及其与药材主要有效成分、产量的相关性分析[J]. 微生物学通报, 2024, 51(1): 262-278.
- [11] 马召, 李晓帆, 孙莉琼, 等. 三株丹参根内生细菌对宿主生长及药用品质的影响[J]. 草业学报, 2025, 34(4): 175-188.
- [12] 周昌庆, 王鹏, 丁海燕, 等. 拟境栽培下两种附生方式金钗石斛化学组成和根内生菌比较及相关性研究[J]. 天然产物研究与开发, 2024, 36(3): 444-452.
- [13] 李园园, 彭廷文, 吕玉红, 等. 贵州 5 种药用植物内生菌的分离及次级代谢产物研究[J]. 遵义医学院学报, 2013, 36(5): 432-436.
- [14] 张洪. 刺梨内生真菌分子系统学及抗菌代谢产物研究[D]: [博士学位论文]. 贵阳: 贵州大学, 2024.

- [15] 王国庆, 何明, 封克. 温室土壤盐分在浸水淹灌作用下的垂直再分布[J]. 扬州大学学报, 2004(3): 51-54.
- [16] 张婧旻, 李彩兰, 薛欣欣, 等. 豆科绿肥对幼龄胶园土壤养分及叶片氮含量的影响及作用路径分析[J]. 热带作物学报, 2025, 46(6): 1354-1362.
- [17] 胡敏. 金刺梨中维 C 含量的测定[J]. 山东化工, 2015, 44(23): 71-72.
- [18] 崔博飞, 刘辰宇, 刘悦萍, 等. 不同品种桃树根部内生细菌群落结构、多样性及功能分析[J]. 微生物学通报, 2024, 51(12): 5141-5158.
- [19] Zhang, R., Vivanco, J.M. and Shen, Q. (2017) The Unseen Rhizosphere Root-Soil-Microbe Interactions for Crop Production. *Current Opinion in Microbiology*, **37**, 8-14. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2017.03.008>
- [20] 丁绍武, 张鹏, 刘梦铭. 植物内生菌对植物生长的影响研究进展[J]. 现代农业科技, 2020(11): 132-134.
- [21] 梁月明, 苏以荣, 何寻阳, 等. 岩性对喀斯特灌丛土壤固氮菌与丛枝菌根真菌群落结构及丰度的影响[J]. 环境科学, 2017, 38(3): 1253-1261.
- [22] 马荣琴. 番茄根内生菌分离鉴定、功能特性及基因组学[D]: [博士学位论文]. 福州: 福建师范大学, 2017.