

干旱胁迫对丘北辣椒根际细菌群落结构的影响

王 灿^{1,2}, 许俊强¹, 孟凡来³, 张应华¹, 王绍祥², 赵强彪², 许 彬¹

(1. 云南农业大学园林园艺学院 昆明 650201; 2. 云南省文山州农业科学院 云南文山 663000;
3. 红河学院生物科学与农学学院 云南蒙自 661100)

摘要: 为探究干旱胁迫下丘北辣椒根系分泌物对根际微生物组的影响和塑造, 通过盆栽控水方法, 以正常种植为对照(CK), 干旱种植为处理(DS), 利用 Illumina-MiSeq 高通量测序技术分析不同处理下细菌群落的差异。结果表明, 干旱胁迫导致辣椒叶绿素含量和根系活力显著降低, 而可溶性糖、脯氨酸和丙二醛含量及超氧化物歧化酶活性显著提高。干旱处理显著降低细菌群落多样性指数(Chao1、Shannon 和 Simpson), 同时发现 CK 与干旱处理细菌群落结构相似度较小, 具有显著差异。差异分析表明, 干旱处理显著促进了放线菌门 Actinobacteria、中生根瘤菌属 *Mesorhizobium* 等有益微生物的富集。研究结果为丘北辣椒在干旱环境下适应机制研究及石漠化地区辣椒高效栽培提供了新的见解和思路。

关键词: 丘北辣椒; 干旱胁迫; 16s rRNA; 根际细菌

中图分类号: S641.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1673-2871(2024)08-057-10

Impact of drought stress on the rhizosphere bacterial community structure of *Capsicum annuum* in Qiubei

WANG Can^{1,2}, XU Junqiang¹, MENG Fanlai³, ZHANG Yinghua¹, WANG Shaoxiang², ZHAO Qiangbiao², XU Bin¹

(1. College of Landscape and Horticulture, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, Yunnan, China; 2. Agricultural Science Academy of Wenshan Prefecture, Yunnan Province, Wenshan 663000, Yunnan, China; 3. School of Biological Sciences and Agriculture, Honghe University, Mengzi 661100, Yunnan, China)

Abstract: In order to investigate the effects of root exudates from Qiubei pepper under drought stress on rhizosphere microbial communities and their shaping, a pot experiment was conducted using controlled watering methods. Normal cultivation was used as the control (CK), while drought cultivation served as the treatment (DS). The differences in bacterial community were analyzed using Illumina-MiSeq high-throughput sequencing technology. The results revealed that drought stress significantly reduced chlorophyll content and root vitality of pepper. Conversely, soluble sugar, proline, malondialdehyde content, and superoxide dismutase activity exhibited significant increases. Drought treatment notably decreased bacterial community diversity indices (Chao1, Shannon, and Simpson). Furthermore, it was observed that CK and drought treatments displayed limited similarity in bacterial community structure with notable differences. Differential analysis demonstrated that drought treatment effectively promoted enrichment of beneficial microorganisms such as *Actinobacteria* and *Mesorhizobium* genus in rhizosphere soil. These findings provide novel insights into the adaptation mechanisms of Qiubei pepper under drought conditions and offer efficient cultivation strategies for peppers in rocky desertification areas.

Key words: Qiubei pepper; Drought stress; 16s rRNA; Rhizosphere bacteria

干旱严重影响作物的生长和发育, 导致作物产量和品质下降, 是世界粮食安全和作物生产力的主要制约因素之一。云南省是我国辣椒种植区之一, 主要分布在文山、红河等地。辣椒作为我国普遍栽

培的蔬菜, 是广大农民增收的经济作物之一, 适应性强、产业链长、营养成分丰富、具有较大的商业开发潜力, 栽培面积逐年扩大^[1]。文山地处云南边境, 特殊的地理气候环境造就了丰富多样的辣椒种质

收稿日期: 2023-11-02; 修回日期: 2024-06-04

基金项目: 云南省重大科技专项计划项目(202102AE090005); 云南省科技人才与平台计划项目(202205AF150017)

作者简介: 王 灿, 男, 硕士, 主要从事园艺植物遗传育种研究。E-mail: 1561848631@qq.com

通信作者: 许 彬, 女, 高级实验师, 主要从事蔬菜生物学研究。E-mail: 1650379536@qq.com

资源,如丘北辣椒、富宁小米椒等。但同时文山地处喀斯特岩溶山原地区,石漠化现象较为严重,导致土壤生产力下降、植被退化、水土流失等环境生态问题及当地贫困面扩大等社会问题^[2]。丘北辣椒是茄科辣椒属一年或多年生草本植物,是云南省特有的地方品种,色泽红亮,味道香辣醇厚,具有独特的口感,深受广大农民和消费者的喜爱,其产品得到国内外市场认可^[3-4]。在如此恶劣的环境中,丘北辣椒经过长期的自然选择和进化,具备了耐盐害、耐贫瘠、耐干旱、稳产等特点,形成了一系列形态、生理、生化和分子策略应对干旱等逆境胁迫。

大量研究表明,植物通过根系向根际土壤环境中释放不同分泌物来对根际土壤微生物群落进行“招募”和“塑造”,以应对不同的逆境胁迫^[5]。关于根际促生菌(plant growth promoting rhizobacteria, PGPR)在干旱胁迫中所起作用的研究越来越多,其通过释放胞外多糖(exopolysaccharides, EPS)增强保水性,ACC脱氨酶抑制植物根部乙烯合成,降低其含量,及脱落酸(abscisic acid, ABA)、赤霉素(gibberellins, GAs)、吲哚-3-乙酸(indole-3-acetic acid, IAA)等植物生长调节因子协助植物抵御逆境^[6-7]。Mahmoudi等^[8]研究表明,小麦幼苗根际定殖假单胞菌,产生的吩嗪类化合物可提高小麦幼苗的抗旱性和抗逆性。Kim等^[9]研究表明,石竹根际土壤的菌株肠杆菌EJ01能诱导拟南芥产生脯氨酸,抵御盐胁迫。Shakir等^[10]研究表明,干旱条件下接种产ACC脱氨酶的根瘤菌(rhizobia)的小麦与对照相比,其植株的根冠长度和侧根数量都有显著增加,这有利于植物获得更多的水分和养分,缓解乙烯的伤害和干旱胁迫。由此可见,根际促生菌在植物抵御逆境中扮演着十分重要的角色,在农业生产中具有巨大的应用潜力,因此研究在干旱环境下植物对根际有益微生物的影响,并促进微生物在绿色农业生产中的高效利用是当前科研人员关注的重点。

虽然目前关于微生物参与植物耐旱性的重要作用已被广泛认知,但在辣椒中,微生物对水分胁迫有何响应、微生物对异常环境有何指示作用、干旱下辣椒对根际微生物群落结构有何影响等相关方面的研究较少。因此笔者以丘北辣椒为试验材料,研究其在干旱条件下根际细菌群落结构的组成和特征,旨在从微生物角度阐述干旱胁迫对丘北辣椒根际细菌群落的塑造、菌群的响应及微生物的指示作用,挖掘可能在干旱胁迫下对辣椒生长具有正向作用的细菌类群,以期对辣椒抗旱与根际微生物

互作及增强抗旱性等研究提供新的参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料是文干椒1号,为丘北辣椒地方代表品种,由文山州农业科学院蔬菜研究所提供,具有性状稳定、抗旱能力较强、稳产等特性。种植土壤为丘北县设施大棚的种植红土与育苗基质体积比1:1进行混合,有效氮含量(w,后同)301.53 mg·kg⁻¹、有效磷含量89.34 mg·kg⁻¹、有效钾含量370.59 mg·kg⁻¹、pH 5.71,土壤最大持水量(灌满水饱和状态下,待土壤中重力水排除后的数值)经托普云农TZS-3X土壤水分检测仪检测为39%。

1.2 试验设计

试验于2022年12月在文山州农业科学院温室大棚内进行。种子经75%乙醇杀菌30 s,纯水冲洗后播于装有土壤的塑料花盆(40 cm×40 cm×40 cm)中,昼夜温度为(27±1)°C/(23±1)°C,常规管理。待辣椒长到7~10片叶时(移栽期),选取长势一致的辣椒进行干旱处理。试验设置对照(CK,正常种植土壤)和干旱处理(DS),每个处理10盆,3次重复,其中干旱处理含水量为土壤基质最大含水量的60%~70%;对照含水量为土壤基质最大含水量的90%。处理时长为7 d,其间动态监测土壤基质的水分变化,控制各处理的土壤基质含水量保持在既定范围内。

1.3 取样与测定方法

处理结束后,选取叶片萎蔫的辣椒植株,每个处理选择整齐一致的5株混合为1次重复,每个处理3次重复。抖落附着的土壤后,将根系表面的土壤装于50 mL无菌离心管中,-80 °C保存,用于微生物检测,并收集秧苗叶片和根系(刮取根系土壤后用无菌水冲洗干净),4 °C保存用于生理指标检测。

参照王灿等^[11]的方法测定植株叶片叶绿素、可溶性糖、丙二醛和脯氨酸含量,采用氮蓝四唑法测定根系超氧化物歧化酶(SOD)活性^[12],采用TTC法测定根系活力^[13]。

微生物DNA提取、illumina文库构建和高通量测序由北京诺禾致源科技股份有限公司完成。PCR体系共30 μL:Phusion Master Mix 15 μL,引物515F(序列:CTGCCAGCMGCCGCGGTAA)和806R(序列:GGACTACHVGGGTWTCTAAT)各3 μL,ddH₂O 2 μL,DNA(1 ng·μL⁻¹)7 μL;PCR反应条件:98 °C预变性1 min;98 °C变性10 s,50 °C退火30 s,

72 °C延伸 30 s, 30 个循环; 72 °C延伸 5 min。文库构建使用 NEBNext® Ultra™ IIDNA Library Prep Kit 文库试剂盒, 将构建好的文库进行 Qubit 和 Q-PCR 定量, 待文库合格后使用 NovaSeq6000 上机测序。

1.4 数据质控与分析

根据 barcode 序列和 PCR 扩增引物序列从下机数据中拆分出各样本数据, 截去 barcode 和引物序列后使用 FLASH (V1.2.11, <http://ccb.jhu.edu/software/FLASH/>) 软件对样本的 reads 进行拼接, 得到 Raw Tags。然后使用 fastp 软件对得到的 Raw Tags 进行质控, 得到高质量的 Clean Tags。最后使用 Usearch 软件将 Clean Tags 与数据库进行比对, 以检测嵌合体并进行去除, 从而得到最终的有效数据, 即 Effective Tags。使用 QIIME2 软件中的 DADA2 模块进行降噪, 并过滤掉丰度小于 5 的序列, 从而获得最终的扩增子序列变异 (ASVs) 以及特征表。使用 QIIME2 feature-table rarefy 工具以低样本序列量的 97% 进行抽平处理。使用 QIIME2 软件中的 classify-sklearn 模块将得到的 ASVs 与数据库比对, 从而得到每个 ASV 的物种信息。

使用 QIIME2 软件计算 Shannon、Simpson、Chao1 等 α 多样性指数, 并绘制稀释曲线。多样性

指数反映了物种的丰富度和均匀度, 数值越大表示物种多样性越高。使用 QIIME2 软件计算 Unifrac 距离, 并使用 R3.6.2 软件中 ggplot2 绘制 PCA, 使用 QIIME2 软件中的 adonis 函数分析组间群落结构的差异显著性。使用 LEfSe 软件完成 LEfSe 分析, 设置 LDA score 阈值为 4。使用软件 Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States 2 (PICRUSt 2) 进行同源蛋白簇 (Clusters of orthologous groups of proteins, COG) 功能预测。其中 PICRUSt 2 是一种根据 Marker 基因进行元基因组功能预测的生物信息软件包, 可进行 COG 数据库比对 (COG 数据库是对基因产物功能进行同源分类、注释的数据库, <http://eggnog.emble.de/>), 预测样本基因对应的 COG, 然后对 COG 进行功能注释、归类以及对应基因丰度计算, 从而进行菌群代谢功能预测。

2 结果与分析

2.1 不同处理辣椒秧苗生理代谢比较

由表 1 可以看出, 对照 CK 的叶绿素含量和根系活力显著高于干旱处理 DS, 而可溶性糖、脯氨酸和丙二醛含量及 SOD 活性与之相反, 显著低于干旱处理 DS。以上结果说明 DS 辣椒受到干旱胁迫,

表 1 不同处理对秧苗生理指标的影响

Table 1 Effects of different treatments on physiology indexes of seedlings

处理 Treatment	w(叶绿素) Chlorophyll content/(mg·g ⁻¹)	w(可溶性糖) Soluble sugar content/(mg·g ⁻¹)	w(脯氨酸) Proline content/(μg·g ⁻¹)	b(丙二醛) Malonyldialdehyde content/(nmol·g ⁻¹)	根系活力 Root activity/ (μg·g ⁻¹ ·h ⁻¹)	SOD 活性 SOD activity/ (U·g ⁻¹)
CK	2.46±0.02 a	12.380±1.802 b	12.62±1.328 b	9.01±0.93 b	22.70±2.153 a	314.83±12.12 b
DS	1.37±0.16 b	19.356±1.789 a	21.81±1.094 a	14.85±1.57 a	12.71±3.428 b	478.31±19.39 a

注: 同列数据后不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。下同。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences at 0.05 level. The same below.

可用于开展后续试验。

2.2 不同处理辣椒秧苗土壤细菌群落测序质量与物种组成

试验共 2 个处理 6 个样本。由表 2 可以看出, 通过高通量测序并优化后, 各样本有效序列平均长度在 67 286~79 252, 碱基数目在 17 028 677~20 060 687, 有效数据的 GC 含量为 54.98%~55.31%。

由图 1-A 可以看出, 试验中箱线图趋于平缓, 说明试验样本测序数据充分, 已经能够反映土壤样品的细菌群落情况, 可用于后续分析。由图 1-B 可知, 对照 CK 与干旱处理 DS 共有 2150 个 ASVs, 其中对照 CK 独有的 ASVs 为 2313 个, 处理 DS 独有

的 ASVs 为 2182 个, 表明干旱处理降低了细菌群落的 ASVs 数量。

根据物种注释结果, 选取每个分组在门、属分类水平上最大丰度排名前 10 的物种生成物种相对丰度柱形累加图。由图 2-A 可知, 在门水平上丰度排名第 1 的是变形菌门 Proteobacteria (51.20%~55.48%), 第 2 是拟杆菌门 Bacteroidetes (9.12%~11.56%), 排名第 3 的是放线菌门 Actinobacteria (7.42%~10.91%), 排名第 4 的是酸杆菌门 Acidobacteria (5.67%~6.65%), 排名第 5 的是芽单胞菌门 Gemmatimonadetes (4.04%~5.36%), 剩下微生物类群相对丰度均未超过 5%。由图 2-B 可知, 在属水平上相对丰度排名前 10 的分别是鞘脂单胞菌属

表2 测序数据质量
Table 2 Sequencing data quality

样品编号 Sample number	样品名称 Sample name	Raw PE	Nochime	Base	AvgLen/nt	GC/%	Effective/%
1	CK1	86 988	78 561	19 886 787	253	55.06	90.31
2	CK2	76 239	69 421	17 572 105	253	55.15	91.06
3	CK3	87 195	79 252	20 060 687	253	55.31	90.89
4	DS1	87 453	79 217	20 050 324	253	55.20	90.58
5	DS2	80 185	72 379	18 319 161	253	54.98	90.27
6	DS3	74 054	67 286	17 028 677	253	55.00	90.86

注:Raw PE 表示原始下机的 PE reads 数目;Nochime 是过滤嵌合体后,最终用于后续分析的 Tags 序列,即 Effective Tags;Base 是最终 Effective Tags 的碱基数目;AvgLen 为 Effective Tags 的平均长度;GC 表示 Effective Tags 中 GC 碱基的含量;Effective 表示 Effective Tags 的数目与 Raw PE 数目的百分比。

Note:Raw PE indicates the number of PE reads originally disembarked; Nochime is the tag sequence that is finally used for subsequent analysis after filtering chimera, that is effective Tags; Base is the number of bases in the final Effective Tags; AvgLen is the average length of Effective Tags; GC indicates the content of GC base in Effective Tags; Effective indicates the percentage of the number of Effective Tags to the number of Raw PE.

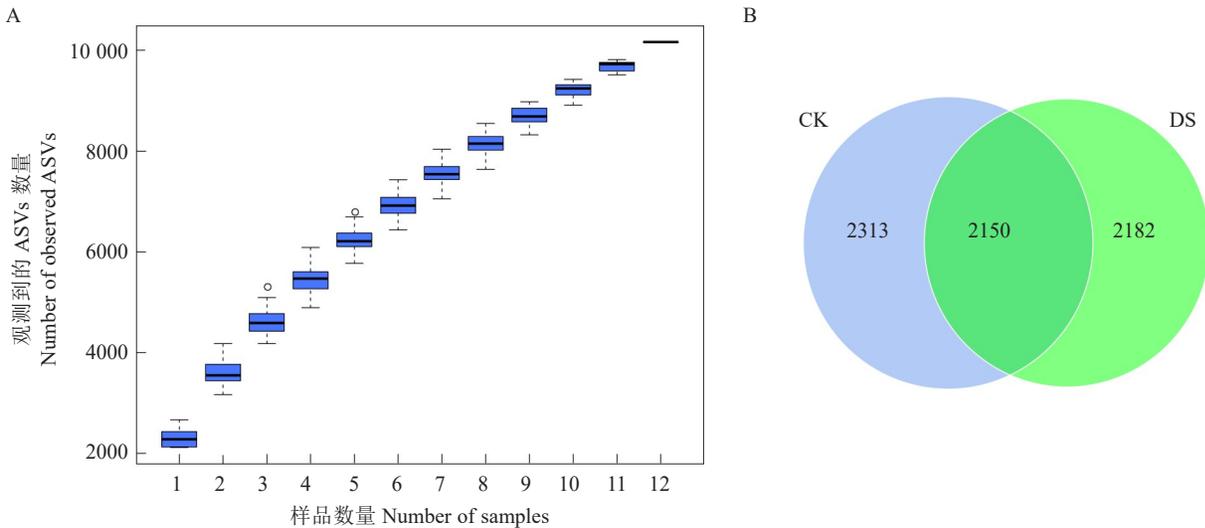


图1 Observde_ASVs 物种累积箱形图和 Venn 图
Fig. 1 Observde_ASVs species accumulation boxplot and vennplot

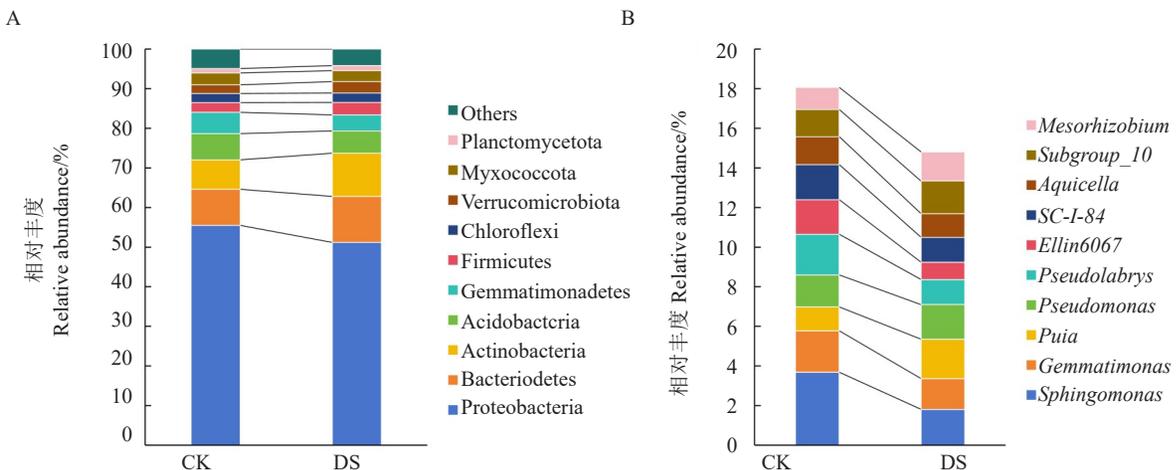


图2 门(A)、属(B)水平上细菌种类相对丰度柱形图(Top10)
Fig. 2 Bar diagram of relative abundance of bacterial species at the level of phylum(A)and genus(B)

Sphingomonas、芽单胞菌属 *Gemmatimonas*、*Puia*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、*Pseudolabrys*、*Ellin6067*、*SC-I-84*、*Aquicella*、*Subgroup_10*、中生根瘤菌属 *Mesorhizobium*。其中第1是优势菌鞘脂单胞菌属 *Sphingomonas* (1.81%~3.68%),第2是芽单胞菌属 *Gemmatimonas* (1.55%~2.09%),第3是 *Puia* 属 (1.21%~2.00%)。

2.3 不同处理辣椒秧苗土壤细菌群落多样性与差异分析

α 多样性指数统计表明(图 3-A~C),对照 CK 的 Simpson、Chao1 和 Shannon 指数(0.998、

2 441.84、10.67)均显著高于干旱处理 DS(0.997、2 132.15、9.81),表明干旱处理降低了辣椒土壤细菌群落的丰度和多样性。基于 Weighted unifracc 距离 PCA 分析(图 4-D)表明,PCoA1 和 PCoA2 可分别解释所有变量的 25.40%和 22.00%,样本点间距离的远近表明样本间差异的大小,可以看出,不同处理间细菌群落结构有一定差异($R^2=0.620144$, $p=0.001$),PC1 将对照 CK 和干旱处理 DS 显著分开,说明对照和干旱处理之间有较明显的分离趋势。

Metastats 分析表明(图 4),门水平上显著差异排名前 5 的物种分别是放线菌门 Actinobacteria、弯

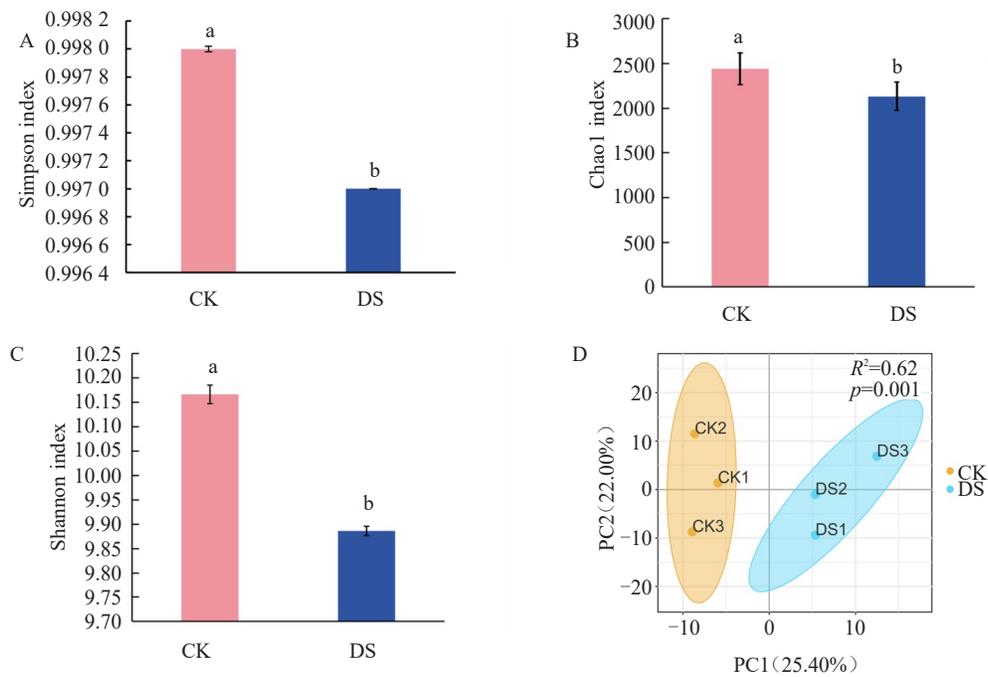


图 3 细菌群落多样性分析

Fig. 3 Bacterial community diversity analysis

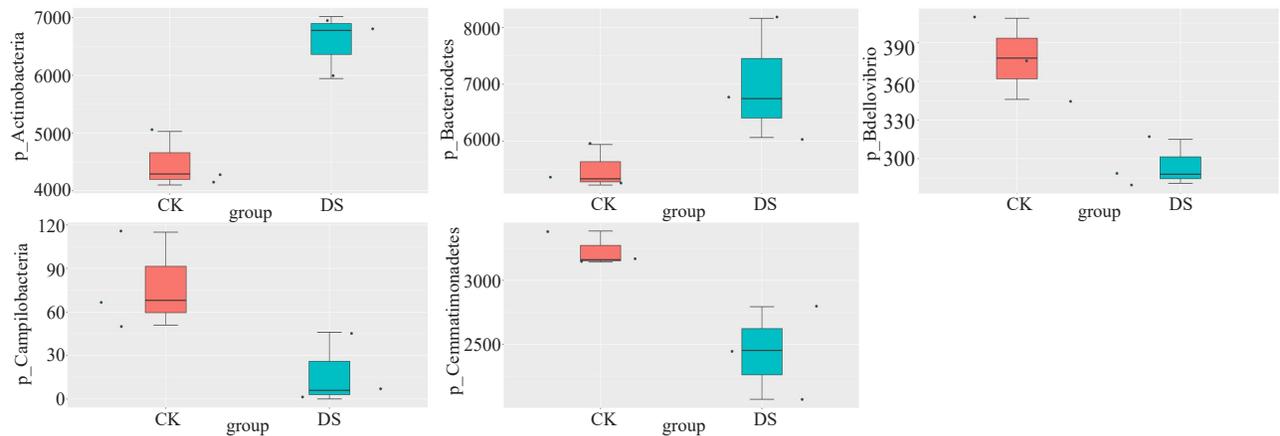
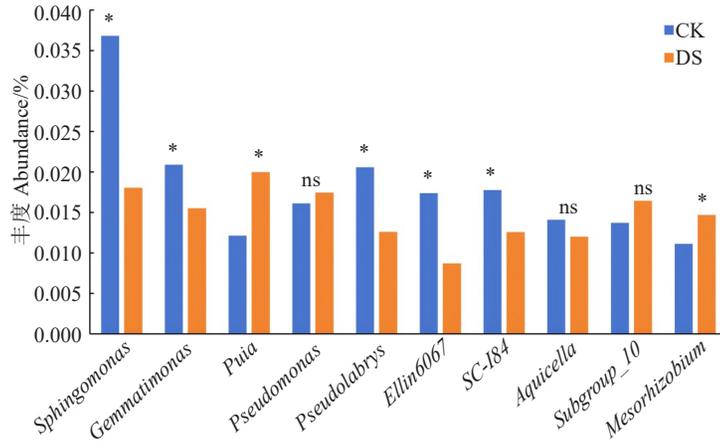


图 4 细菌群落差异分析(门水平)

Fig. 4 Bacterial community different analyse(phylum)

曲杆菌门 *Campilobacteria*、蛭弧菌门 *Bdellovibrio*、芽单孢菌门 *Gemmatimonadetes*、拟杆菌门 *Bacteroidetes*。其中干旱处理 DS 的放线菌门 *Actinobacte-*

ria 和拟杆菌门 *Bacteroidetes* 相对丰度分别为 0.11% 和 0.12%，显著高于对照 CK。在属水平上（图 5），丰度排名前 10 的细菌群落中，对照 CK 显



注：*代表 0.05 水平差异，ns 代表无显著差异。

Note: * indicate 0.05 level difference, ns indicate no difference.

图 5 细菌群落差异分析(属水平)

Fig. 5 Bacterial community different analyse(genus)

著高于处理 DS 的细菌种类有鞘氨醇单胞菌 *Sphingomonas*、芽单胞菌属 *Gemmatimonas*、假单胞菌属 *Pseudomonas*、*Ellin6067*、*SC-I-84*，而显著低于干旱处理 DS 的细菌种类有 *Puia* 属、中生根瘤菌属 *Mesorhizobium*。以上结果说明干旱处理减少了正常土壤中优势细菌群落的数量。

2.4 不同处理辣椒秧苗土壤细菌群落功能分析

基于同源蛋白簇 (COGs, Cluster of Orthologous Groups of proteins) 数据库, 使用 PICRUSt 2 对不同处理细菌群落功能进行注释(图 6), 发现在相对丰度排名前 25 的 COGs 中, 干旱处理 DS 有 16 个 COGs 相对丰度高于对照 CK, 如 COG1132 (ABC 型多药转运系统、ATP 酶和通透酶组分)、COG0531 (氨基酸转运蛋白)、COG2217 (阳离子转运 ATP 酶) 等, 主要表现在氨基酸、无机离子、辅酶转运等方面; 有 9 个 COGs 相对丰度低于对照 CK, 如 COG1192 (纤维素生物合成蛋白 BcsQ)、COG0776 (细菌类核 DNA 结合蛋白) 等, 主要表现在加工、修饰、翻译、核糖体结构和生物合成等方面 (表 3)。

3 讨论与结论

水分亏缺不仅影响作物的生长发育, 而且还会对产量和品质的形成造成严重危害, 植物会通过产生脱落酸来调节气孔开闭, 脯氨酸参与渗透压调节, 保护酶清除体内活性氧和自由基等策略应对干

旱胁迫^[14]。在本试验中, 干旱下丘北辣椒叶片叶绿素含量和根系活力显著低于正常处理 (CK), 而可溶性糖、脯氨酸和丙二醛含量及超氧化物歧化酶活性均显著高于正常处理, 与申林等^[15]的研究结果一致, 植物通过积累的可溶性糖、脯氨酸等降低渗透势, 通过提高超氧化物歧化酶活性来消除超氧阴离子自由基等有害物质。

微生物群落对土壤环境变化能够做出快速的响应, 因此能敏感预警土壤生态系统发生的微小变化, 对作物根际土壤生态变化起到指示作用^[16]。大量研究表明, 干旱胁迫显著改变植物根际土壤微生物群落结构, 导致微生物群落多样性下降, 但同时部分根际有益微生物也会与植物互作以增强植物适应非生物和生物胁迫的能力。Xu 等^[17]研究表明, 干旱显著改变了高粱的根际微生物群落组成, 其中放线菌丰度显著提高, 放线菌适度富集能够显著促进根系生长。Sukweenadhi 等^[18]研究表明, 在干旱胁迫下, 向拟南芥接种芽孢杆菌属 *Bacillus*、类芽孢杆菌属 *Paenibacillus*、短芽孢杆菌属 *Brevibacillus*、微球菌属 *Micrococccu* 等微生物, 发现其代谢物诱导了拟南芥 *AtRAB18* 和 *AtLT178* 基因的表达, 通过 ABA 信号通路参与植物对干旱胁迫的响应。本试验通过对正常和干旱处理下辣椒幼苗根际土壤细菌群落进行测序, 发现干旱处理显著降低了细菌群落 α 多样性指数 (Chao1、Shannon 和 Simpson), 同时主成分分析表明, 不同处理间细菌群落结构差异

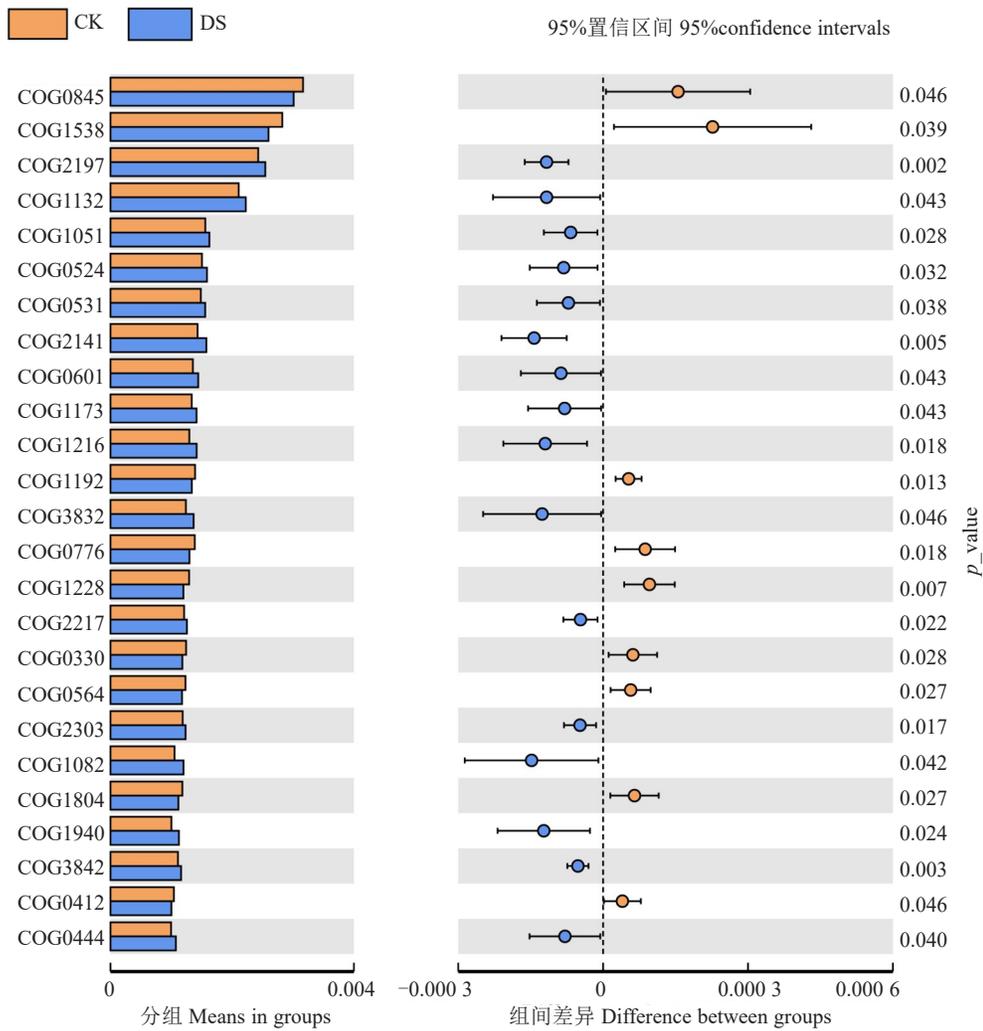


图 6 细菌群落 COG 功能差异分析(TOP 25)
Fig. 6 Bacterial community COG function difference analyse(TOP 25)

明显,干旱处理对辣椒幼苗根际土壤细菌群落结构造成了显著影响。这与张江伟等^[19]、梁新波等^[20]的研究结果一致,干旱胁迫显著改变了植物原本的根际土壤细菌群落结构,这可能是由于植物在干旱条件下生理代谢途径改变,进而引起根系分泌的化合物在组分及丰度上与正常条件下的作物根系分泌物产生差异,如初级代谢产物(有机酸、碳水化合物、氨基酸等)和次级代谢产物(生物碱、萜类、酚类物质等),间接导致根际细菌群落结构组分的差异,同时也可促进相关有益微生物的富集,形成动态稳定的微生物群落来协助植物抵御逆境^[21-22]。

差异分析表明,干旱处理中放线菌门 Actinobacteria (0.11%)和拟杆菌门 Bacteroidetes (0.12%)相对丰度显著高于正常处理(0.09%和 0.07%),这与 Santos-Medellín 等^[23]的研究结果一致,水稻在受到干旱胁迫时,根际土壤微生物群落中放线菌群占细

菌群落的 80%以上,同时发现从放线菌中分离出来的链霉菌属(*Streptomyces* sp.) SLBN-177 能够在干旱条件下促进其根系生长。而在属水平上,干旱处理则显著降低鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonas* 和芽单胞菌属 *Gemmatimonas* 等的相对丰度,促进 *Puia* 属、中生根瘤菌属 *Mesorhizobium* 的富集。说明干旱处理降低了原本正常土壤中优势细菌群落的数量,同时也表明一些微生物受干旱影响而富集。中生根瘤菌属 *Mesorhizobium* 属于 α -根瘤菌,根瘤菌固氮为植物生长提供所需氮素,提高植物抗性,同时植物也为根瘤菌提供了碳源^[24]。孔钰凤等^[25]研究表明,在干旱条件下,野生型和栽培型大豆根际细菌群落中,慢生根瘤菌(*Bradyrhizobium* sp.)比例较正常处理下显著升高。何亚婷等^[26]从云南文山峰丛洼地型石漠化地区白刺花、木蓝、三叶草的根瘤中分离到 3 株细菌,将其接种到受干旱胁迫的蚕豆植

表3 不同处理辣椒秧苗土壤细菌群落功能描述

Table 3 Description of soil bacterial community function of pepper seedlings under different treatments ($p < 0.05$, TOP25)

序号 No.	功能 Function	COG 功能描述 COG description	相对丰度 Relative abundance/%	
			CK	DS
1	COG2197	结合反应调节因子 NarL/FixJ 家族包含 REC 和 HTH 结构域 DNA-binding response regulator, NarL/FixJ family, contains REC and HTH domains DNA	0.243	0.254
2	COG1132	ABC 型多药转运系统、ATP 酶和通透酶组分 ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component	0.211	0.222
3	COG1051	ADP-核糖焦磷酸酶 YjhB, 裸鳃金龟家族 ADP-ribose pyrophosphatase YjhB, NUDIX family	0.156	0.163
4	COG0524	糖或核苷激酶, 核糖激酶家族 Sugar or nucleoside kinase, ribokinase family	0.150	0.159
5	COG0531	氨基酸转运蛋白 Amino acid transporter	0.148	0.156
6	COG2141	黄素依赖性氧化还原酶, 荧光素酶家族(包括烷磺酸单加氧酶 SsuD 和亚甲基四氢甲蝶呤还原酶) Flavin-dependent oxidoreductase, luciferase family (includes alkanesulfonate monooxygenase SsuD and methylene tetrahydromethanopterin reductase)	0.143	0.157
7	COG0601	ABC 型二肽/寡肽/镍转运系统, 通透酶组分 ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport system, permease component	0.135	0.144
8	COG1173	ABC 型二肽/寡肽/镍转运系统, 通透酶组分 ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport system, permease component	0.133	0.141
9	COG1216	糖基转移酶, GT2 家族 Glycosyltransferase, GT2 family	0.130	0.142
10	COG3832	非特征性保守蛋白 YndB, ahsa 1/起始结构域 Uncharacterized conserved protein YndB, AHSA1/START domain	0.124	0.137
11	COG2217	阳离子转运 ATP 酶 Cation transport ATPase	0.121	0.126
12	COG2303	胆碱脱氢酶或相关黄素蛋白 Choline dehydrogenase or related flavoprotein	0.119	0.123
13	COG1082	糖磷酸异构酶/差向异构酶 Sugar phosphate isomerase/epimerase	0.105	0.120
14	COG1940	NBD/HSP70 家族的糖激酶可能包含一个 N 末端 HTH 结构域 Sugar kinase of the NBD/HSP70 family, may contain an N-terminal HTH domain	0.100	0.112
15	COG3842	ABC 型 Fe ³⁺ /亚精胺/腐胺转运系统, ATP 酶成分 ABC-type Fe ³⁺ /spermidine/putrescine transport systems, ATPase components	0.111	0.116
16	COG0444	ABC 型二肽/寡肽/镍转运系统, ATP 酶组分 ABC-type dipeptide/oligopeptide/nickel transport system, ATPase component	0.100	0.108
17	COG0845	多药物外排泵亚单位 AcrA(膜融合蛋白) Multidrug efflux pump subunit AcrA (membrane-fusion protein)	0.316	0.301
18	COG1538	外膜蛋白 TolC Outer membrane protein TolC	0.282	0.260
19	COG1192	纤维素生物合成蛋白 BcsQ Cellulose biosynthesis protein BcsQ	0.139	0.134
20	COG0776	细菌类核 DNA 结合蛋白 Bacterial nucleoid DNA-binding protein	0.138	0.130
21	COG1228	咪唑啉酮丙酸酶或相关的酰胺水解酶 Imidazolonepropionase or related amidohydrolase	0.129	0.120
22	COG0330	蛋白酶活性调节因子 HflC, 气孔蛋白/抑制蛋白超家族 Regulator of protease activity HflC, stomatin/prohibitin superfamily	0.124	0.118
23	COG0564	假尿苷酸合酶, 23S rRNA 或 tRNA 特异性 Pseudouridylate synthase, 23S rRNA- or tRNA-specific	0.123	0.117
24	COG1804	巴豆甜菜碱 CoA:肉碱 CoA 转移酶 CaiB 和相关酰基 CoA 转移酶 Crotonobetainyl-CoA:carnitine CoA-transferase CaiB and related acyl-CoA transferases	0.118	0.112
25	COG0412	双烯内酯水解酶 Dienelactone hydrolase	0.104	0.100

株上,与未接种相比,接种菌株的蚕豆生长较好,显著提高蚕豆的抗旱能力。Liu 等^[27]发现紫云英(*Astragalus sinicus* L.)接种根瘤菌后,固氮和铵同化能力提高,进而促进游离氨基酸和多胺合成,从而增强耐旱能力。根瘤内生细菌在石漠化地区生态恢复与重建中具有重要作用,根瘤菌通过与植物(如豆科类)建立共生固氮体系达到固定土壤氮素,增强肥力的效果^[28-29]。在自然界中,根瘤菌与豆科植物的共生固氮在农业生产中起到了重要作用,然而根瘤菌只可以与豆科植物及少数榆科植物共生^[30]。笔者在本试验中发现,干旱条件下的丘北辣椒可能存在驱动放线菌门 Actinobacteria、中生根瘤菌属 *Mesorhizobium* 等有益微生物的显著富集现象,研究结果将为后续丘北辣椒环境适应机制研究、与辣椒相关益生菌筛选应用、石漠化地区作物高效栽培和环境修复等工作提供可行性依据。

基于 COG 数据库, PICRUSt 2 的功能注释结果表明,与对照相比,干旱处理下辣椒秧苗根际微生物群落功能具有显著不同,干旱处理中有 16 个 COGs 相对丰度高于正常处理,主要表现在氨基酸、无机离子、辅酶转运等方面;有 9 个 COGs 相对丰度低于正常处理,主要表现在加工、修饰、翻译、核糖体结构和生物合成等方面,这表明干旱处理对辣椒幼苗根际细菌群落转运功能具有较强的诱导和促进作用。Xu 等^[17]研究表明,干旱引起了高粱根际微生物转录活性发生变化,主要与放线菌活性和功能的变化有关,主要表现为与碳水化合物转运和代谢、氨基酸转运和代谢以及次级代谢物生物合成相关的放线菌转录本表达的显著升高,结果引起根系微生物代谢的改变,从而改善作物对干旱的适应性,提高作物产量。干旱胁迫下相关化合物转运与代谢功能相关基因的表达量显著提高,这可能是土壤中一些有益的微生物协助植物参与抗旱引起的。王灿等^[31]研究表明,干旱处理显著提高黄瓜根际细菌质膜上转运蛋白的表达,同时细菌群落功能中与硫胺素合成途径相关基因的表达显著上调,而硫胺素在植物应对生物胁迫(炭疽病和白粉病)和非生物胁迫(干旱、高盐)过程中起重要作用。

综上所述,干旱胁迫导致丘北辣椒幼苗根际细菌群落结构发生剧烈变化,改变了土壤中原有的群落结构,降低了土壤中细菌群落的丰度和多样性。干旱处理促进了放线菌门 Actinobacteria、中生根瘤菌属 *Mesorhizobium* 等有益微生物的显著富集。研究结果为丘北辣椒干旱环境适应机制研究、石漠化

地区辣椒高效栽培提供了新的见解和研究思路。

参考文献

- [1] 张祥,刘雨婷,李平平,等.6 个地方名优辣椒品种干椒品质测定及分析[J].长江蔬菜,2020(22):60-64.
- [2] 赵芝,赵水灵,王绍祥,等.纳米抗旱剂对丘北辣椒产量的影响[J].农家参谋,2018(14):58.
- [3] 李思思,张双艳,陈树培,等.‘丘北辣椒’采后“白化病”病原鉴定及药剂毒力测定[J].植物病理学报,2022,52(4):702-707.
- [4] 娄喜艳,刘冬梅,裴冬丽,等.干旱胁迫对辣椒幼苗生理指标的影响[J].北方园艺,2017(6):43-46.
- [5] 韦海波,毛心怡,毛立晖,等.干旱胁迫对长雄野生稻根际微生物群落结构的影响[J].南昌大学学报(理科版),2018,42(6):596-602.
- [6] 高艳.不同干旱条件下的根系分泌物及其与根际微生物的关系[D].重庆:西南大学,2008.
- [7] 曹亚静,赵美丞,郑春燕,等.根际微生物介导的植物响应于干旱胁迫机制研究进展[J].中国生态农业学报(中英文),2023,31(8):1330-1342.
- [8] MAHMOUDI T R, YU J M, LIU S Y, et al. Drought-stress tolerance in wheat seedlings conferred by phenazine-producing rhizobacteria[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 1590.
- [9] KIM K, JANG Y J, LEE S M, et al. Alleviation of salt stress by *Enterobacter* sp. EJ01 in tomato and *Arabidopsis* is accompanied by up-regulation of conserved salinity responsive factors in plants[J]. Molecules and Cells, 2014, 37(2): 109-117.
- [10] SHAKIR M, BANO A, ARSHAD M. Rhizosphere bacteria containing ACC-deaminase conferred drought tolerance in wheat grown under semi-arid climate[J]. Soil and Environment, 2012, 31(1): 108-112.
- [11] 王灿,袁恩平,李罡,等.一种有机矿质复合剂对小米辣育苗效果及基质酶活性的影响[J].中国瓜菜,2022,35(2):28-33.
- [12] 孟祥红,刘成圣,于乐军,等.水溶性壳聚糖浸种对小麦幼苗抗性相关酶活性的影响[J].武汉大学学报(理学版),2005,51(2):253-257.
- [13] 周欢,刘昌森,周辰炎,等.作物根系活力检测方法改进与优化[J].江苏农业科学,2022,50(9):191-194.
- [14] 陈丽飞,刘越,李雪萌,等.植物抗旱性研究进展[J].吉林农业,2019(2):78-79.
- [15] 申林,胡海军,吴亚男,等.不同辣椒品种对干旱胁迫的生理响应[J].福建农业科技,2022,53(4):34-39.
- [16] 樊利华,周星梅,吴淑兰,等.干旱胁迫对植物根际环境影响的研究进展[J].应用与环境生物学报,2019,25(5):1244-1251.
- [17] XU L, NAYLOR D, DONG Z B, et al. Drought delays development of the sorghum root microbiome and enriches for monoderm bacteria[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2018, 115(21):4952.
- [18] SUKWEENADHI J, KIM Y J, CHOI E S, et al. *Paenibacillus yonginensis* DCY84^T induces changes in *Arabidopsis thaliana* gene expression against aluminum, drought, and salt stress[J]. Microbiological Research, 2015, 172: 7-15.
- [19] 张江伟,薛佳欣,李慧,等.小麦根际微生物群落结构和多样性对水分胁迫的响应[J].灌溉排水学报,2022,41(10):41-50.

- [20] 梁新波,张晨,张冠初,等.花生根际微生物群落结构对干旱和盐胁迫的响应[J].花生学报,2021,50(1):33-40.
- [21] PÉREZ-JARAMILLO J E, MENDES R, RAAIJMAKERS J M. Impact of plant domestication on rhizosphere microbiome assembly and functions[J]. Plant Molecular Biology, 2016, 90(6): 635-644.
- [22] 丁娜,林华,张学洪,等.植物根系分泌物与根际微生物交互作用机制研究进展[J].土壤通报,2022,53(5):1212-1219.
- [23] SANTOS-MEPELLÍN C, LIECHTY Z, EDWARDS J, et al. Prolonged drought imparts lasting compositional changes to the rice root microbiome[J]. Nature Plants, 2021, 7(8): 1065-1077.
- [24] 耿业业,王桂荣,张远帆,等.氮、磷对根瘤菌液处理下甘草根瘤生长及固氮活力的影响[J].中南药学,2022,20(5):1089-1094.
- [25] 孔钰凤.野生和栽培大豆根际微生物对干旱胁迫的响应及反馈[D].北京:中国科学院大学(中国科学院东北地理与农业生态研究所),2018.
- [26] 何亚婷,姚丽,刘子畅,等.石漠化地区根瘤菌的分离鉴定及盆栽抗旱效应[J].生态学杂志,2023,42(5):1099-1106.
- [27] LIU Y J, GUO Z F, SHI H F. Rhizobium symbiosis leads to increased drought tolerance in chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.)[J]. Agronomy-Basel, 2022, 12(3): 725.
- [28] 丁雅迪,熊智,王明月,等.文山石漠化地区豆科植物根瘤内生细菌多样性分析[J].南方农业学报,2015,46(4):602-608.
- [29] 张敬宜,王金华,熊智,等.文山石漠化地区豆科植物根瘤菌的16S rDNA 序列分析[J].江苏农业科学,2014,42(12):44-46.
- [30] ZHAO Y, GAO L X, GAO Z X, et al. Exploring a rhizobium to fix nitrogen in non-leguminous plants by using a tumor-formation root pathogen[J]. Phytopathology Research, 2022, 4(1): 48.
- [31] 王灿,赵文麟,张新梅,等.根际细菌群落结构对黄瓜幼苗干旱胁迫的响应[J].西南农业学报,2024,37(1):92-100.