马容,田娟,杨雅蓝,等.油茶根际微生物群落季节性特征及其对土壤因子的响应[J].江西农业大学学报,2026,48(3):761-771.
Ma R,Tian J,Yang Y L,et al.Seasonal characteristics and environmental drivers of the rhizosphere microbiome in *Camellia oleifera* [J].Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2026,48(3):761-771.

油茶根际微生物群落季节性特征及其对土壤因子的响应

马　容[1,2,3],田　娟[1,2,3],杨雅蓝[1,2,3],谭　澍[1,2,3],孙　坤[4],邹　锋[1,2,3],熊　欢[1,2*]

(1.中南林业科技大学,木本油料资源利用全国重点实验室,湖南 长沙 410004;2.中南林业科技大学,经济林培育与保护教育部重点实验室,湖南 长沙 410004;3.中南林业科技大学,油茶育种湖南省普通高等学校重点实验室,湖南 长沙 410004;4.浏阳市林业局,湖南 浏阳 410399.)

摘要:【目的】旨在揭示油茶根际细菌群落结构、多样性及土壤养分的季节变化特征,并挖掘根际细菌与土壤因子的关系,为油茶健康经营管理提供参考依据。【方法】利用Illumina HiSeq高通量测序技术,分析春季(spring)、夏季(summer)、秋季(autumn)、冬季(winter)的油茶根际土壤细菌的群落结构和多样性,测定土壤理化性质及酶活性,并利用FAPROTAX进行根际细菌功能预测。【结果】(1)油茶林土壤养分及酶活性受季节影响发生波动,其中有机碳、有机质、全氮含量在春季最高,有效磷、脲酶、蔗糖酶含量在秋季最高。(2)不同季节的油茶根际细菌的多样性指数无显著差异,冬季具有更高的物种丰富度。(3)根际细菌中各季节优势菌门及优势菌属相似,但丰度有所差异。优势菌门为酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)等;优势菌属为未分类细菌属(unclassified_Bacteria)、未鉴定酸杆菌属(uncultured_Acidobacteria_bacterium)、热酸菌属(*Acidothermus*)、unclassified_Subgroup_2属等。(4)相关性分析表明,根际细菌、多样性指数与土壤因子之间有显著相关性(P<0.05)。RDA分析表明,土壤全氮对油茶根际细菌群落结构变化有显著影响。(5)油茶林根际土壤细菌功能群主要包括化能异养(chemoheterotrophy)、好氧化能异养(aerobic chemoheterotrophy)、纤维素水解(cellulolysis)等。【结论】油茶根际细菌群落受季节影响发生波动,其中冬季的油茶根际细菌具有最高的丰富度。土壤TN对油茶根际细菌群落结构有显著影响。

关键词:油茶;季节;根际细菌群落;土壤养分;酶活性;功能预测
中图分类号:S714　　**文献标志码:**A　　**开放科学(资源服务)标识码(OSID):**
文章编号:1000-2286(2026)03-0761-11
CSTR:32399.14.aauj.2026063

Seasonal characteristics and environmental drivers of the rhizosphere microbiome in *Camellia oleifera*

Ma Rong[1,2,3], Tian Juan[1,2,3], Yang Yalan[1,2,3], Tan Shu[1,2,3], Sun Kun[4], Zou Feng[1,2,3], Xiong Huan[1,2*]

收稿日期:2025-11-06　　**修回日期:**2026-01-18　　**接受日期:**2026-01-27
基金项目:国家重点研发计划项目(2022YFD2200400)、湖南省科技创新计划项目(2024RC1059)和湖南省林业科技攻关与创新资金项目(2025YCCY003)
Project supported by the National Key R&D Program(2022YFD2200400), Hunan Science and Technology Innovation Program(2024RC1059) and Hunan Forestry Science and Technology Research and Innovation Funding Project(2025YCCY003)
作者简介:马容,硕士生,orcid.org/0009-0008-8341-1513,3071278500@qq.com;*通信作者:熊欢,副教授,博士,主要从事森林培育方面的研究,orcid.org/0000-0003-3164-0433,xionghuan18@126.com。
©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取CC BY-NC-ND协议

(1. State Key Laboratory of Utilization of Woody Oil Resource, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China; 2. Key Laboratory of Cultivation and Protection for Non-Wood Forest Trees, Ministry of Education, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China; 3. Hunan Key Laboratory of Colleges and Universities of Oil Tea Breeding, Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004, China; 4. Forestry Bureau of Liuyang City, Liuyang, Hunan 410399, China)

Abstract: [**Objective**] To reveal the seasonal variation characteristics of rhizosphere bacterial community structure, diversity and soil nutrients of *Camellia oleifera*, and explore the relationship between rhizosphere bacteria and soil factors, we provide reference for the healthy management of *C. oleifera*. [**Method**] Illumina HiSeq high-throughput sequencing technology was applied to analyze the structure and diversity of bacteria in the rhizosphere soil of *C. oleifera* in spring, summer, autumn and winter. The soil physical and chemical properties and enzyme activities were determined, and the function of rhizosphere bacteria was predicted by the FAPROTAX. [**Result**] (1) The soil nutrients and enzyme activities of *C. oleifera* forest were affected by the seasons. The contents of organic carbon, organic matter and total nitrogen were the highest in spring, and the contents of available phosphorus, urease and sucrose were the highest in autumn. (2) There was no significant difference in the diversity index of rhizosphere bacteria in different seasons. Rhizosphere bacteria had the highest abundance in winter. (3) The dominant phylum and genus of rhizosphere bacteria in each season were similar, but the abundance was different. The dominant phylum was acidobacteriota, proteobacteria, chloroflexi and so on. The dominant genera were unclassified Bacteria, uncultured acidobacteria bacterium, *Acidothermus*, unclassified subgroup 2 and so on. (4) Correlation analysis showed that there was a significant correlation between rhizosphere bacteria, diversity index and soil factors ($P<0.05$). RDA analysis revealed that soil total nitrogen had a significant effect on the change of rhizosphere bacterial community structure of *C. oleifera*. (5) The functional groups of rhizosphere soil bacteria in *C. oleifera* forest mainly included chemoheterotrophy, aerobic chemoheterotrophy, cellulolysis. [**Conclusion**] The bacterial community in the rhizosphere of C.oleifera fluctuates due to the influence of seasons, and the bacteria in the rhizosphere of *C. oleifera* have the highest richness in winter. Soil TN has a significant effect on the bacterial community structure in the rhizosphere of *C. oleifera*.

Keywords: *Camellia oleifera*; season; rhizosphere bacterial community; soil nutrients; enzyme activity; function prediction

【研究意义】油茶(*Camellia oleifera*)是山茶科(Theaceae)山茶属(*Camellia*)中种子含油率高、广泛栽培的一类植物[1],主要分布在中国、越南、老挝等国家。据中国林业年鉴统计,截至2023年底,油茶在我国种植面积达4.8×10^6 hm^2,茶油产量7.6×10^4 t。茶油富含生物活性成分,如脂肪酸、维生素E、角鲨烯和多酚[2]。油茶具有生态效益、社会效益和经济效益,对维护我国粮油安全和乡村振兴具有重要的意义。根际作为植物、土壤与微生物相互作用的动态界面,其微生物群落的结构与功能直接影响着植物的养分吸收、抗逆性和生长发育。因此,阐明油茶根际微生物群落的组成、结构与功能,有助于调控根际微环境,维持土壤健康,保障油茶产业的可持续发展。【前人研究进展】土壤pH值、有机质含量、氮磷钾等养分有效性,共同构成了微生物生存的"栖息地"环境。在根际微区域中,微生物的丰度、多样性及活性受到土壤因子的影响,如:吴微微等[3]发现枳壳(*Citrus aurantium* L.)根际优势菌属*Haliangium*属、*Bryobacter*属和溶杆菌属受到土壤pH、有机质含量的影响;贺屹成等[4]发现茶树根际细菌多样性及酸杆菌门、放线菌门、Patescibacteria的相对丰度受到土壤全氮含量、pH值、有机碳的影响。与此同时,土壤细菌是土壤酶的重要来源,土壤酶作为微生物代谢活动的重要产物和生态系统物质循环的"驱动者",其活性水平是反映土壤生物化学过程强度的敏感指标。例如,邢仕奇[5]发现脲酶是影响樟子松(*Pinus sylvestris* var. *mongholica* Litv.)人工林土壤细菌变化的主要因子,优势菌门中的浮霉菌门、Armatimonadota、Elusimicrobiota、酸杆菌门、Bdellovibrionota主要促进樟子松对氮元素的吸收。曹升等[6]发现杉木林根际土壤蔗糖酶与放线菌门呈极显著正相关。

【本研究切入点】目前,已有研究开展了不同栽培区域[7]、抚育措施[8]、良种[9-10]及间作模式[11]等对油茶根际细菌群落结构与功能的影响,然而影响油茶根际微生物群落季节波动的主要因子研究报道较少。【拟解决的关键问题】本研究以不同季节的油茶根际土壤为对象,运用高通量测序技术、生物信息学分析及土壤理化与酶活性测定等方法,阐明油茶根际细菌群落结构、土壤养分及酶活性随季节变化的动态特征,探明根际细菌群落结构与土壤因子之间的响应关系,进而揭示影响油茶根际微生物的关键土壤因子,研究结果可为油茶的周年健康栽培与管理提供重要参考。

1　材料和方法

1.1　材料

油茶试验基地位于湖南省浏阳市枨冲镇青草村(28°02′78″N,113°57′68″E),面积约6.67 hm^2。基地主要种植‘长林40号’等油茶国家主推良种,按照常规方式进行管理。分别于2024年春季、夏季、秋季、冬季对13年生‘长林40号’油茶树土壤进行取样,根际土采用抖根法[12]采集,收集根际土并过2 mm无菌筛,一份置于液氮中,带回实验室于-80 ℃冰箱保存,用于高通量测序;另一份用于土壤理化性质及酶活性分析。

1.2　土壤理化性质测定

将根际土壤带回实验室,自然风干,剔除根系、石块等,然后将其磨碎,过10目和100目筛子备用。土壤有机质、有机碳采用重铬酸钾容量法-稀释热法测定[13];全氮采用硫酸-高氯酸消化法测定[14];全磷采用钼锑抗比色法测定;有效磷采用碳酸氢钠浸提法测定;pH采用pH计测定;脲酶采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定;酸性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法测定;蔗糖酶采用3,5-二硝基水杨酸比色法[15]测定。

1.3　样品DNA提取、高通量测序

采用Soil Genomic DNA Kit试剂盒提取样品DNA;采用1%的琼脂糖凝胶检测其完整性,NanoDrop仪器测定细菌基因组DNA的浓度和纯度。以样品DNA为模板,采用通用引物338-F(5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3′)和806-R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)扩增细菌16S rRNA基因序列的V3-V4区[16]。纯化后的PCR产物在北京百迈克生物科技有限公司的Illumina NovaSeq 6000平台进行高通量测序。

1.4　数据分析

使用Excel软件对多样性数据进行预处理,油茶土壤理化性质用SPSS Statistics 27.0软件进行显著性差异分析。基于百迈克云平台(www.biocloud.net)进行细菌群落分析;使用Origin 2024绘制维恩图、物种丰富度百分比堆积图、主成分分析图、相关性分析图;Canoco 5绘制RDA分析图。

2　结果与分析

2.1　油茶根际土壤养分及酶活性

不同季节油茶林土壤养分及酶活性有一定差异。冬季的pH值最低为4.29,显著低于其他季节($P<0.05$)。春季的有机碳含量显著高于夏季及冬季,分别高21%和24%($P<0.05$);春季的有机质含量分别显著高于夏季21%、冬季24%($P<0.05$);春季全氮含量为1.47 g/kg,显著高于其他季节($P<0.05$)。土壤全磷、有效磷含量以及脲酶、磷酸酶、蔗糖酶活性随季节变化而增大,有效磷含量在秋季最高,为70.25 g/kg;秋季的脲酶含量最高,为1 798.37 mg/g;蔗糖酶含量在秋季最高,为1.05 mg/g;磷酸酶在冬季最高,为142.99 mg/g(表1)。

2.2　油茶根际土壤细菌群落组成

在不同季节的油茶根际土壤样品中随机抽取一定数量的序列,统计这些序列所代表的物种数目,并以序列数与物种数来构建曲线。图1A中每条曲线代表一个样本,用不同颜色标记;随测序深度增加,新物种的数量随之增加。当曲线趋于平缓时表示随着抽取的数据量的加大,检测到的物种数目不再增加,说明此次数据测序合理。油茶根际土壤样品共检测到17 611个OTUs,4个季节油茶根际细菌共有OTUs 517个,占总细菌OTUs的2.93%,夏季的OTUs数目最少,为3 357个,冬季的OTUs数目最多,为4 283个,春季、夏季、秋季、冬季特有的细菌OTUs数量分别占总数的19.69%、19.06%、21.84%和24.32%(图1B)。

表 1 不同季节油茶林土壤养分及酶活性

Tab.1 Soil nutrients and enzyme activities in *Camellia oleifera* forests across different seasons

处理 Treatment	春季 Spring	夏季 Summer	秋季 Autumn	冬季 Winter
pH	4.45±0.16^{ab}	4.39±0.07^{ab}	4.50±0.03^{a}	4.29±0.04^{b}
碳氮比 CNR	1.34±0.15^{a}	1.48±0.15^{a}	1.51±0.01^{a}	1.36±0.14^{a}
有机碳/(g·kg^{-1})SOC	1.98±0.17^{a}	1.63±0.02^{b}	1.88±0.19^{ab}	1.59±0.14^{b}
有机质/(g·kg^{-1})SOM	3.41±0.29^{a}	2.81±0.04^{b}	3.24±0.33^{ab}	2.75±0.24^{b}
全氮/(g·kg^{-1})TN	1.47±0.05^{a}	1.11±0.10^{b}	1.25±0.12^{b}	1.17±0.02^{b}
全磷/(g·kg^{-1})TP	0.45±0.12^{a}	1.34±0.19^{a}	0.71±0.15^{a}	1.12±1.01^{a}
有效磷/(mg·kg^{-1})AP	11.15±5.44^{c}	37.07±12.07^{b}	70.25±4.79^{a}	63.36±9.31^{a}
脲酶/(mg·g^{-1})SUE	285.35±139.27^{c}	949.02±309.23^{b}	1 798.37±122.71^{a}	1 622.03±238.44^{a}
酸性磷酸酶/(mg·g^{-1})ACP	122.02±23.15^{a}	106.92±19.35^{a}	141.27±14.31^{a}	142.99±32.95^{a}
蔗糖酶/(mg·g^{-1})SUC	0.29±0.22^{b}	0.43±0.10^{b}	1.05±0.17^{a}	0.75±0.55^{ab}

同列不同小写字母表示差异显著(P<0.05)。

Different lowercase letters in the same column indicate significant difference(P<0.05).

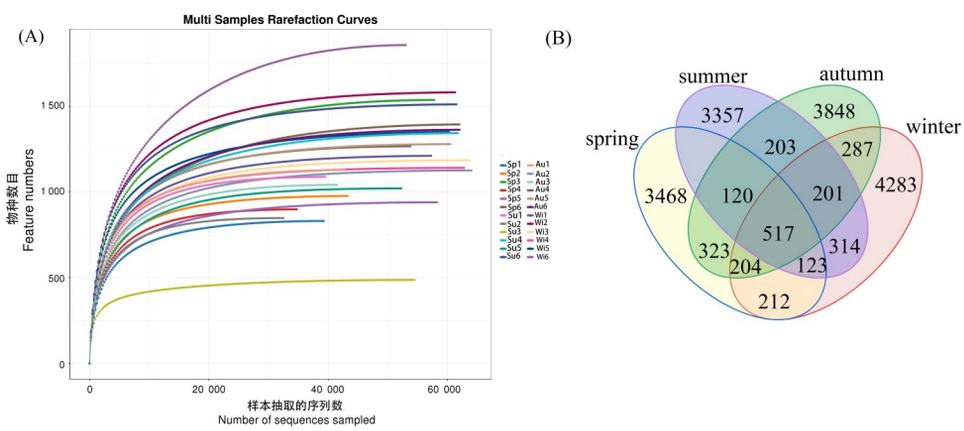


图 1 油茶不同季节土壤样品的稀释曲线和不同季节油茶根际细菌的 Venn 分析

Fig.1 Rarefaction curves of rhizosphere soil samples from *Camellia oleifera* across seasons and Venn diagram demonstrating compositional differences of rhizosphere bacterial communities among seasons

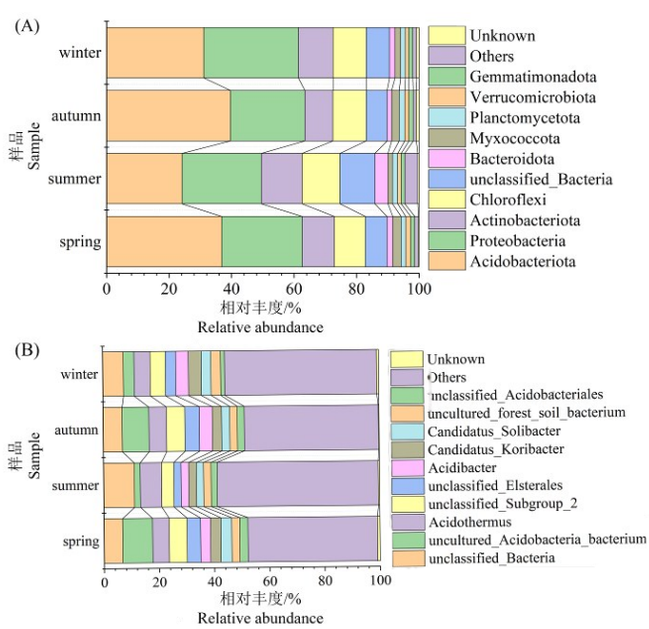


图 2 油茶根际细菌群落门水平丰度百分比堆积条形图和根际细菌群落属水平丰度百分比堆积条形分析

Fig.2 Phylum-level relative abundance bar plot of the *Camellia oleifera* rhizosphere bacterial community and genus-level relative abundance bar plot of the *Camellia oleifera* rhizosphere bacterial community

在本研究中,油茶根际土壤细菌群落隶属于36门93纲252目493科1 012属。随季节变化,油茶根际细菌在门和属上具有相似的分布情况。在门水平上,土壤优势菌门为酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidota)等(图2A),夏季的Acidobacteriota、黏菌门(Myxococcota)显著低于其他3个季节,而unclassified_Bacteria的丰度显著高于其他3个季节,冬季的Proteobacteria显著高于其他3个季节(P<0.05)(表2)。在属水平上,优势属依次为unclassified_Bacteria属、未鉴定酸杆菌属(uncultured_Acidobacteria_bacterium)、热酸菌属(*Acidothermus*)(图2B)。夏季的unclassified_Bacteria属显著高于其他3个季节,春秋季的uncultured_Acidobacteria_bacterium属、unclassified_Elsterales属的丰度显著高于冬季(P<0.05)(表3)。

表2　不同季节油茶根际土壤细菌优势菌门相对丰度比较

Tab.2　Relative abundance of dominant bacterial Phyla in *Camellia oleifera* rhizosphere soil across seasons

优势菌门 Domimant bacterial phylum	相对丰度百分比/% Relative abundance percentage			
	春季 Spring	夏季 Summer	秋季 Autumn	冬季 Winter
酸杆菌门 Acidobacteriota	39.50±7.24^{a}	23.76±6.79^{c}	36.59±4.76^{ab}	31.15±4.01^{b}
变形菌门 Proteobacteria	23.52±4.25^{b}	25.13±4.45^{b}	25.91±1.68^{b}	30.26±2.79^{a}
放线菌门 Actinobacteriota	9.34±3.33^{b}	13.57±3.64^{ab}	10.3±2.68^{ab}	11.12±2.14^{ab}
绿弯菌门 Chloroflexi	10.88±2.77^{a}	12.52±4.14^{a}	10.00±1.08^{a}	10.58±1.37^{a}
未分类细菌 unclassified_Bacteria	6.7±1.72^{b}	11.37±3.90^{a}	6.82±1.84^{b}	7.39±2.04^{b}
拟杆菌门 Bacteroidota	1.25±1.08^{b}	4.07±3.33^{a}	1.94±0.07^{ab}	1.79±0.05^{ab}
黏菌门 Myxococcota	2.39±1.31^{ab}	1.38±0.42^{b}	2.62±0.58^{a}	1.83±0.56^{ab}
浮霉菌门 Planctomycetota	1.78±0.84^{ab}	1.65±0.28^{b}	1.51±0.29^{a}	1.52±0.35^{ab}
疣微菌门 Verrucomicrobiota	1.36±0.50^{a}	1.10±0.40^{a}	1.57±0.40^{a}	1.09±0.40^{a}
芽单胞菌门 Gemmatimonadota	1.23±0.86^{a}	1.13±0.54^{a}	1.29±0.29^{a}	1.33±0.42^{a}

同列不同小写字母表示差异显著(P<0.05)。

Different lowercase letters in the same column indicate significant difference(P<0.05).

表3　不同季节油茶根际土壤细菌优势菌属相对丰度比较

Tab.3　Comparative analysis of dominant bacterial genera in *Camellia oleifera* rhizosphere soil across seasons

优势菌属 Dominant bacterial genus	相对丰度百分比/% Relative abundance percentage			
	春季Spring	夏季Summer	秋季Autumn	冬季Winter
未分类细菌 unclassified_Bacteria	6.69±1.71^{b}	11.36±3.90^{a}	6.81±1.83^{b}	7.39±2.04^{b}
热酸菌属 *Acidothermus*	6.33±2.84^{a}	8.25±4.30^{a}	6.38±1.20^{a}	5.84±0.12^{a}
未培养酸杆菌 uncultured_Acidobacteria_bacterium	11.01±6.16^{a}	2.01±1.31^{b}	9.29±4.19^{a}	3.90±1.76^{b}
unclassified_Subgroup_2	6.31±3.23^{a}	4.34±1.84^{a}	6.59±1.24^{a}	5.47±1.66^{a}
unclassified_Elsterales	5.02±1.25^{a}	2.54±1.23^{b}	5.12±1.86^{a}	3.75±0.65^{ab}
嗜酸杆菌属 *Acidibacter*	3.55±1.42^{ab}	2.73±1.39^{b}	4.72±1.73^{a}	4.65±0.78^{a}
Candidatus_Koribacter	3.62±1.62^{a}	2.80±1.18^{b}	3.41±0.93^{ab}	4.67±1.02^{ab}
Candidatus_Solibacter	3.78±1.35^{a}	2.46±0.78^{b}	2.91±0.65^{ab}	3.52±0.53^{ab}
uncultured_forest_soil_bacterium	2.98±0.10^{a}	2.80±0.76^{a}	2.82±0.67^{a}	2.82±0.67^{a}
HSB_OF53_F07	2.36±1.19^{a}	2.66±1.55^{a}	1.98±0.60^{a}	2.30±0.53^{a}
Others	47.36±5.85^{b}	57.59±12.34^{a}	49.64±4.57^{ab}	54.2±2.03^{ab}

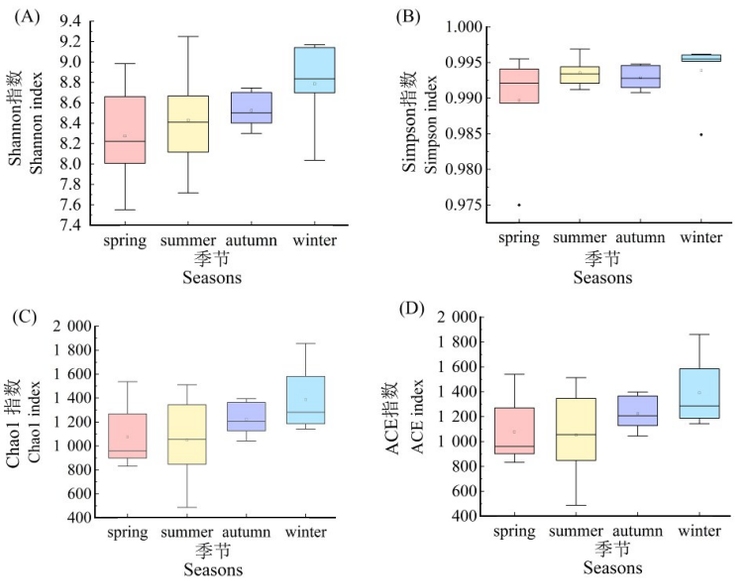
同列不同小写字母表示差异显著(P<0.05)。

Different lowercase letters in the same column indicate significant difference(P<0.05).

2.3　油茶根际细菌的多样性

不同生长季节的油茶根际细菌的α多样性指数如图3所示。4个季节的Shannon指数和Simpson指

数无显著差异(P<0.05),冬季的ACE指数、Chao1指数显著高于夏季(P<0.05),且冬季的Ace指数、Chao1指数、Shannon指数和Simpson指数最高,说明冬季的油茶根际细菌具有更高的物种丰富度及多样性。



*表示差异显著(P<0.05)。

* indicates significant difference(P<0.05).

图3 不同季节油茶根际细菌多样性指数

Fig.3 Diversity index in rhizosphere of *C. oleifera* in different seasons

由图4可知,PCA第一轴贡献率为9.2%,第二轴贡献率为6.8%,总贡献率为16%,春、秋、冬时期微生物群落相似,夏季微生物与其他季节根际微生物群落却有差异。

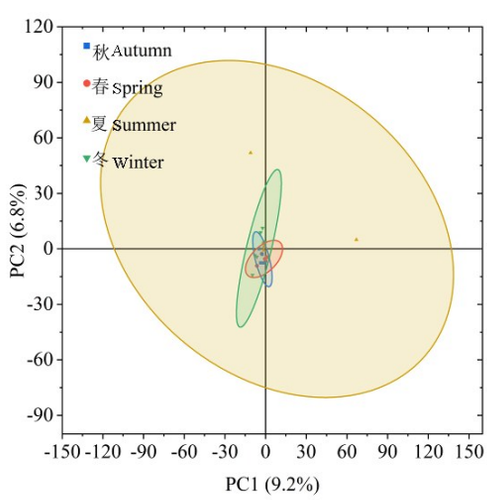
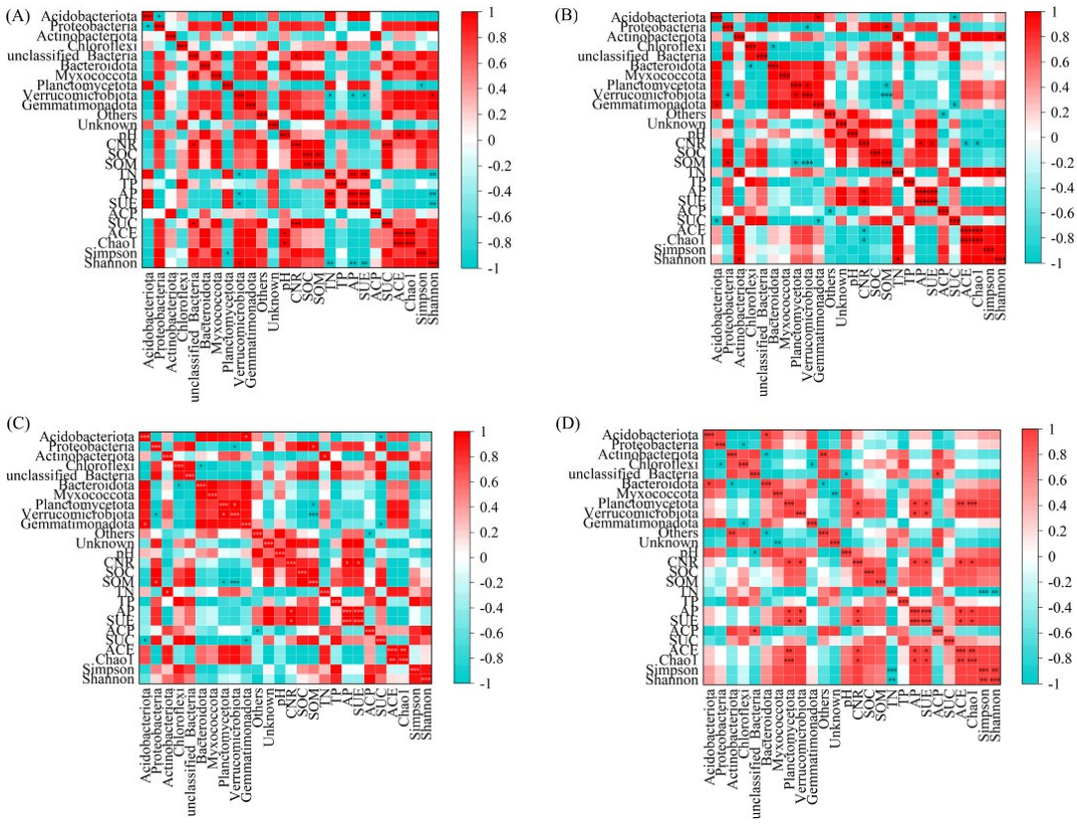


图4 不同季节油茶根际土壤细菌群落结构变化特征

Fig.4 Characteristics of changes in the structure of soil bacteria communities in the rhizosphere of *C. oleifera* in different seasons

2.4 根际细菌群落与土壤养分的关系

土壤因子与根际细菌相关性Pearson分析表明,α多样性指数、细菌群落及各理化因子之间大部分都存在显著相关性(P<0.05)。在春季,土壤pH与根际细菌α多样性指数之间呈显著正相关(P<0.05),土壤TN、AP、SUE与根际细菌α多样性指数之间呈显著负相关(P<0.01);在夏季,土壤TN与根际细菌α多样性指数之间呈显著正相关(P<0.05),土壤CNR与根际细菌α多样性指数之间呈显著负相关(P<0.05);在秋季,TN与根际细菌α多样性指数之间呈正相关,但无显著差异(P>0.05);在冬季,CNR、AP、SUE与根际细菌α多样性指数之间呈显著正相关(P<0.05),TN与根际细菌α多样性指数之间呈显著负相关(P<0.001)。



* P≤0.05,** P≤0.01,*** P≤0.001。

*Significant at P≤0.05,**Highly significant at P≤0.01,***Extremely significant at P≤0.001.

图5　各生长季节油茶根际微生物多样性指数、细菌群落与土壤因子的相关性分析

Fig.5　Analysis of the correlation between rhizosphere microbial diversity indices, bacterial communities, and soil factors of *C. oleifera* in each growing season

用Canoco 5.0对根际细菌的优势类群与环境因子进行RDA分析,结果如图6所示。RDA1解释率为51.96%,RDA2解释率为16.33%,两轴累积解释根际土壤细菌群落总变异的68.29%,能较好地解释环境因子对油茶根际群落结构的影响。土壤TN的解释率为42.5%(P=0.004,F=7.4),对油茶根际土壤细菌群落结构的影响最大。

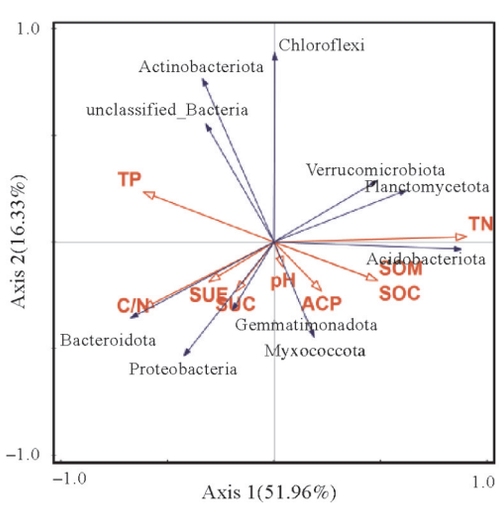


图6　油茶根际细菌与环境因子的冗余分析

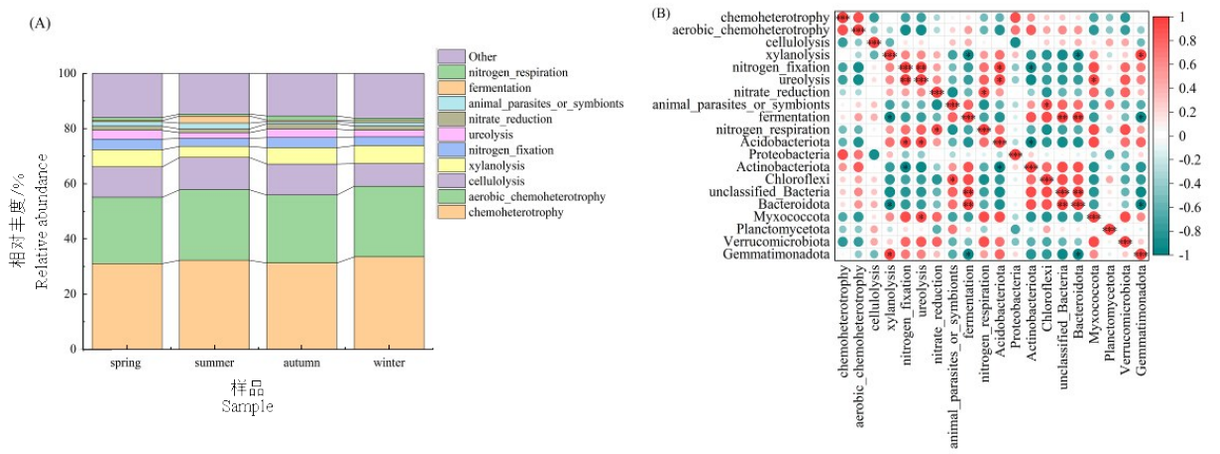
Fig.6　Redundancy analysis of rhizosphere bacteria and environmental factors in *C. oleifera*

2.5　不同季节油茶根际微生物功能预测分析

基于FAPROTAX数据库对土壤细菌群落进行生态功能注释(图7A)。结果显示,油茶林根际土壤细

菌功能群主要包括化能异养(chemoheterotrophy)、好氧化能异养(aerobic chemoheterotrophy)、纤维素水解(cellulolysis)、木聚糖分解(xylanolysis)、固氮(nitrogen_fixation)、脲水解(ureolysis)、硝酸盐还原(nitrate_reduction)、动物寄生虫或共生体(animal_parasites_or_symbionts)、发酵(fermentation)、氮呼吸(nitrogen_respiration)等。不同季节下,化能异养功能(31.0%~33.4%)和好氧化能异养(23.9%~25.6%)的细菌类群相对丰度最高,合计占总功能群相对丰度的54.9%~59.0%。

木聚糖分解(xylanolysis)与Gemmatimonadota呈显著正相关关系,固氮(nitrogen_fixation)与Acidobacteriota呈显著正相关关系,脲水解(ureolysis)与Acidobacteriota、Myxococcota呈显著正相关关系;动物寄生虫或共生体(animal_parasites_or_symbionts)与Chloroflexi呈显著正相关关系,发酵(fermentation)与unclassified_Bacteria、Bacteroidota呈显著正相关关系(图7B)。



* P≤0.05,** P≤0.01,*** P≤0.001。

*Significant at P≤0.05,**Highly significant at P≤0.01,***Extremely significant at P≤0.001.

图7 FAPROTAX预测细菌群落的功能丰度图和细菌群落与功能的相关性分析

Fig.7 FAPROTAX predicted the functional abundance map of bacterial communities, correlation analysis of bacterial communities and functions

3 讨 论

3.1 不同季节油茶根际细菌的多样性和群落组成特征

在本研究中,4个季节的Shannon指数和Simpson指数无显著差异(P>0.05),冬季的ACE指数、Chao1指数显著高于夏季(P<0.05),且冬季的Ace指数、Chao1指数、Shannon指数和Simpson指数最高。张鹏等[8]在对广东省河源市龙川县丰稔镇的普通油茶林(40年生)的根际土壤研究中发现,根际细菌α多样性指数在夏季达到峰值;而宋婷[16]对长沙市望城区7年生攸县油茶(*C. yuhsienensis*)和株洲市10年生攸县油茶根际细菌的研究中发现,根际土壤细菌α多样性在秋季最高。本研究发现季节变化对根际微生物α多样性的影响不显著,这一结果与黄文等[9]报道的油茶微生物多样性季节变化趋势(夏季>秋季>春季>冬季)存在差异,可能受到油茶品种或种植地域的影响。

本研究发现,油茶四季根际细菌群落具有稳定的组成结构,主要优势菌门为酸杆菌门(Acidobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi),这一结果与苗婷婷等[17]的研究结果相似。这三大类群作为植物根际生态系统的核心成员[18],在酸性土壤环境中表现出较强的适应性,酸杆菌门为重要的有机质分解者,在掉落物降解和氮素转化过程中发挥着关键生态功能[19],变形菌门与其他生物可构成共生关系,为宿主提供养分,参与碳循环、氮循环等多种地球化学循环[20-23]。绿弯菌门同样维持土壤生态系统的物质循环、能量流动和系统稳定性[22]。然而董文统等[10]发现油茶良种与普通油茶之间存在显著性差异的微生物为Microscillaceae、那提普斯菌科Natipusillaceae、Leotiomycetes;唐炜等[7]发现不同栽培区域'湘林1号'根际土壤中细菌群落物种丰富度及均匀度均最高,无抚育手段的油茶林根际细菌菌种丰富度指数较高,其中Verrucomicrobia占比显著高于抚育油茶林。因此根际微生物的优势物种及差异物种不仅受到油茶品种、栽培区域的影响,而且受到季节变化的影响。

3.2　季节驱动下油茶根际细菌与土壤因子的响应关系

土壤因子(包括土壤养分含量、pH 值等)是调控土壤微生物群落组成与多样性的关键环境因子,这些因素通过改变微生态条件直接影响根际微生物的群落组成。任彦波等[24]在芦芽山亚高山鬼箭锦鸡儿(*Caragana jubata*)灌丛的研究中发现,TN 是决定其根际微生物群落结构的关键因子。张红霞等[25]则指出,全氮(TN)、有机质(SOM)对山药(*Dioscorea opposita*)根际细菌群落的组成具有显著调控作用。本研究发现 TN 是影响油茶根际细菌多样性的主要因子。这一结论与韩小美等[26]对望天树(*Parashorea chinensis*)、黄小龙等[27]对米槁(*Cinnamomum migao*)的根际细菌群落结构影响因子的研究结果相吻合。土壤全氮含量是微生物生长繁殖的重要物质基础,适量氮能通过提供营养而促进某些微生物类群的生长,过量氮会加剧土壤碳磷比(C∶P)和氮磷比(N∶P)的化学计量失衡,降低细菌的 α 多样性。细菌群落从富营养型(如变形菌门 Proteobacteria)向寡营养型(如放线菌门 Actinobacteria)转变[28]。本研究中的相关性分析表明:与氮相关的功能如固氮(nitrogen_fixation)与 Acidobacteriota 呈显著正相关关系,脲水解(ureolysis)与 Acidobacteriota、Myxococcota 呈显著正相关关系;Acidobacteriota 与 Myxococcota 在夏季相对丰度显著低于其他 3 个季节,相关性结果表明这一时期微生物多样性指数与 TN 呈显著正相关;春、冬季微生物多样性指数与 TN 呈显著负相关,这可能与氮相关的功能类群丰度减少有关。

基于对油茶根际细菌及土壤养分的季节变化特点,建议春季施用有机肥,缓慢释放碳源;夏季覆盖秸秆,避免土壤干旱,维持根际湿度;秋季补充易降解碳源;冬季深施缓释氮肥,促进好氧 Proteobacteria(如硝化菌)活动,增强土壤肥力。后续需进行田间试验验证。

4　结　论

油茶根际细菌群落组成受季节影响,土壤 TN 对油茶根际细菌群落结构有显著影响,油茶林根际土壤细菌功能主要包括化能异养、好氧化能异养等。建议在春季施有机肥,夏季覆盖秸秆,秋季补充易降解碳源,冬季深施缓释氮肥,以利于油茶园的健康经营管理。

参考文献 References:

[1] Gao L, Jin L H, Liu Q N, et al.Recent advances in the extraction, composition analysis and bioactivity of *Camellia*(*Camellia oleifera* Abel.)oil[J].Trends in Food Science & Technology, 2024, 143: 104211.

[2] Cao Y, Xie Y, Ren H.Fatty acid composition and tocopherol, sitosterol, squalene components of *Camellia reticulata* oil[J].Journal of Consumer Protection and Food Safety, 2018, 13(4): 403-406.

[3] 吴微微,韩雪,王继朋,等.枳壳不同生育期根际土壤细菌群落变化研究[J].西南农业学报,2023,36(8):1694-1701.
Wu W W, Han X, Wang J P, et al.Variation of bacterial community structure in rhizosphere soil of *Fructus aurantii* at different growth stages[J].Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2023, 36(8): 1694-1701.

[4] 贺屹成,王梦娇,秦公伟,等.茶树根际土壤细菌多样性及其主要环境影响因子研究[J].茶叶通讯,2021,48(1):40-49.
He Y C, Wang M J, Qin G W, et al.Study on bacterial diversity and its main environmental impact factors in rhizosphere soil of tea plant[J].Journal of Tea Communication, 2021, 48(1): 40-49.

[5] 邢仕奇.不同年龄樟子松人工林土壤微生物群落结构变化规律[D].阜新:辽宁工程技术大学,2024:26-39.
Xing S Q.Changes of soil microbial community structure in *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantations at different ages[D].Fuxin: Liaoning University of Engineering and Technology, 2024: 26-39.

[6] 曹升,潘菲,林根根,张燕林,等.不同林龄杉木林土壤细菌群落结构与土壤酶活性变化研究[J].生态学报,2021,41(5):1846-1856.
Cao S, Pan F, Lin G G, et al.Changes of soil bacterial structure and soil enzyme activity in Chinese fir forest of different ages[J].Acta Ecologica Sinica, 2021, 41(5): 1846-1856.

[7] 唐炜,陈隆升,陈永忠,等.湖南油茶根际微生物的群落结构特征[J].经济林研究,2021,39(4):51-59.
Tang W, Chen L S, Chen Y Z, et al.Analysis of microbial community structure in rhizosphere of *Camellia oleifera*[J].Non-wood Forest Research, 2021, 39(4): 51-59.

[8] 张鹏.油茶林地土壤微生物群落特征[D].广州:华南农业大学,2019:15-32.
Zhang P.Characteristics of soil microbial community in the forestland of *Camellia oleifera*[D].Guangzhou: South China Agri-

cultural University,2019:15-32.

[9] 黄文,陈颍卓,庄远红.油茶根际与非根际土壤养分含量和微生物数量的季节变化[J].江苏农业科学,2017,45(19):265-270.
Huang W,Chen Y Z,Zhuang Y H.Seasonal changes of nutrient content and microbial quantity in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Camellia oleifera*[J].Jiangsu Agricultural Sciences,2017,45(19):265-270.

[10] 董文统,田诗义,叶佳伟,等.湖南省油茶良种根际微生物区系分析[J].土壤通报,2024,55(4):1050-1059.
Dong W T,Tian S Y,Ye J W,et al.Analysis of rhizosphere microflora of *Camellia oleifera* in Hunan Province[J].Chinese Journal of Soil Science,2024,55(4):1050-1059.

[11] 张志丽,曹小青,张爱婷,等.间作白及对油茶根际土壤微生物群落结构和功能的影响[J/OL].应用与环境生物学报,2026-04-07.https://doi.org/10.19675/j.cnki.1006-687x.2025.02010.
Zhang Z L,Cao X Q,Zhang A T,et al.Effects of intercropping *Bletilla striata* on microbial community structure and function in rhizosphere soil of *Camellia oleifera*[J].Journal of Applied and Environmental Biology,2026-04-07.https://doi.org/10.19675/j.cnki.1006-687x.2025.02010.

[12] 赵祥,刘红玲,杨盼,等.滴灌对苜蓿根际土壤细菌多样性和群落结构的影响[J].微生物学通报,2019,46(10):2579-2590.
Zhao X,Liu H L,Yang P,et al.Effects of drip irrigation on bacterial diversity and community structure in rhizosphere soil of alfalfa[J].Microbiology China,2019,46(10):2579-2590.

[13] Barrios E,Buresh R,Sprent J.Organic matter in soil particle size and density fractions from maize and legume cropping systems[J].Soil Biology and Biochemistry,1996,28(2):185-193.

[14] Shaw W.Sulfur determination,nitric-perchloric acid oxidation for sulfur in plant and animal tissues[J].Journal of Agricultural and Food Chemistry,1959,7(12):843-847.

[15] Wang J,Fu B J,Qiu Y,et al.Analysis on soil nutrient characteristics for sustainable land use in Danangou catchment of the Loess Plateau,China[J].Catena,2003,54(1/2):17-29.

[16] 宋婷.攸县油茶根际微生物多样性分析[D].长沙:中南林业科技大学,2020:34-46.
Song T.Analysis of rhizosphere microbial diversity of *Camellia oleifera* in Youxian County[D].Changsha:Central South University of Forestry and Technology,2020:34-46.

[17] 苗婷婷,吴中能,刘俊龙,等.季节性淹水对长江滩地杨树林土壤理化性质和酶活性及微生物群落的影响[J].东北林业大学学报,2025,53(1):134-146.
Miao T T,Wu Z N,Liu J L,et al.The impact of seasonal flooding on the physicochemical properties,enzyme activity,and microbial communities of populus forest soil inthe Yangtze River floodplain[J].Journal of Northeast Forestry University,2025,53(1):134-146.

[18] 冯璐,李振凯,王红,等.不同种植年限银柴胡根际土壤微生物群落结构变化[J].微生物学通报,2024,51(10):4132-4148.
Feng L,Li Z K,Wang H,et al.Changes of rhizosphere soil microbial community structure of *Stellaria dichotoma* L. var. *lanceolata* Bge.planted for different years[J].Microbiology Bulletin,2024,51(10):4132-4148.

[19] 连进禄,罗立津,傅志森,等.基于微生物矿化的生态修复措施下边坡土壤理化特性与微生物群落的协同演变研究[J].中国生态农业学报(中英文),2025,33(7):1275-1288.
Lian J L,Luo L J,Fu Z S,et al.The synergistic evolution of soil physicochemical properties and microbial communities in slope soils with the ecological restoration measures based on microbially induced carbonate precipitation[J].Chinese Journal of Eco-Agriculture,2025,33(7):1275-1288.

[20] 郭翠莲,刘坤,贾重阳,等.2种微生物菌肥对油橄榄生长及根际土壤微生物多样性的影响[J].江西农业大学学报,2024,46(5):1138-1150.
Guo C L,Liu K,Jia C Y,et al.Effects of two types of microbial fertilizers on growth of olive and diversity of rhizosphere soil microorganisms[J].Acta Agriculturae Universiatis Jiangxiensis,2024,46(5):1138-1150.

[21] 宋浩然,张艺琼,宋天骄,等.秦岭火地塘三种人工林土壤微生物群落特征比较[J].微生物学通报,2025,52(11):5034-5052.
Song H R,Zhang Y Q,Song T J,et al.Comparison of soil microbial community characteristics among three plantations in Huoditang in Qinling Mountains[J].Microbiology Bulletin,2025,52(11):5034-5052.

[22] 乔沙沙,周永娜,刘晋仙,等.关帝山针叶林土壤细菌群落结构特征[J].林业科学,2017,53(2):89-99.
Qiao S S,Zhou Y N,Liu J X,et al.Characteristics of soil bacterial community structure in coniferous forests of Guandi Mountains,Shanxi Province[J].Forestry Science,2017,53(2):89-99.

[23] 符卓良,程建华,唐翔宇.磷化工区农田土壤中丰富和稀有细菌群落构建过程及功能差异[J].土壤,2025,57(1):141-148.
Fu Z L,Cheng J H,Tang X Y.Assembly Process and functional differentiation between abundant and rare bacterial community in farmland soil near phosphorus chemical industrial area[J].Soil,2025,57(1):141-148.
[24] 任彦波,李媛,梁雪丽,等.芦芽山亚高山鬼箭锦鸡儿灌丛根际和非根际土壤微生物群落结构与功能[J].应用与环境生物学报,2025,31(10):1604-1618.
Ren Y B,Li Y,Liang X L,et al.Microbial community structure and function in rhizosphere and non rhizosphere soils of *Caragana jubata* shrubs on Luya Mountain[J].Journal of Applied and Environmental Biology,2025,31(10):1604-1618.
[25] 张红霞,张舒雅,张玉涛,等.山药根际土壤微生物 16S rRNA 多样性及影响因素[J].土壤学报,2019,56(5):1235-1246.
Zhang H X,Zhang S Y,Zhang Y T,et al.Diversity and influencing factors of microbial 16S rRNA in rhizosphere soil of yam[J].Acta Pedologica Sinica,2019,56(5):1235-1246.
[26] 韩小美,黄则月,程飞,等.望天树人工林根际土壤理化性质及微生物群落特征[J].应用生态学报,2020,31(10):3365-3375.
Han X M,Huang Z Y,Cheng F,et al.Physiochemical properties and microbial community characteristics of rhizosphere soil in *Parashorea chinensis* plantation[J].Chinese Journal of Applied Ecology,2020,31(10):3365-3375.
[27] 黄小龙,唐子燕,刘济明,等.米槁根际微生物群落结构及其与土壤养分相关性[J].东北林业大学学报,2023,51(10):92-97.
Huang X L,Tang Z Y,Liu J M,et al.Rhizosphere microbial community structure and its relationship with soil nutrients in *Cinnamomum migao*[J].Journal of Northeast Forestry University,2023,51(10):92-97.
[28] Fierer N,Bradford M A,Jackson R B.Toward an ecological classification of soil bacteria[J].Ecology,2007,88(6):1354-1364.

(责任编辑:刘玉香)



第一作者简介:马容,硕士生,研究方向是经济林栽培与利用,连续3年获得学业奖学金,获得大学生创新创业大赛校级二等奖,获得湖南省研究生乡村振兴科技作品创新大赛二等奖。



通信作者简介:熊欢,副教授(博士),硕士生导师,主持多项国家基金,揭示了生长素前体IBA调控锥栗外生菌根发育的机理、锥栗共生受体激酶NORK响应有机磷调控外生菌根共生的机理。以通信作者在《Plant Physiology and Biochemistry》等期刊发表多篇论文,发明多个专利。