山东农业大学学报(自然科学版),2026,57(4):721-730 VOL.57 NO.4 2026
Journal of Shandong Agricultural University (Natural Science Edition) doi:10.3969/j.issn.1000-2324.2026.04.013

海南岛三种园地土壤固碳微生物群落组成及多样性分析

邢蔓蓉,赖郑霞,庄小青,张英琪,赵志忠*
海南师范大学地理与环境科学学院,海南省地表过程与环境变化重点实验室,海南 海口 571158

摘 要: 热带园地土壤在陆地生态系统有机碳累积中作用关键,其固碳过程与土壤微生物紧密相关。本研究采用荧光定量PCR和高通量测序技术,分析海南岛三种园地(橡胶林、茶园、果园)土壤固碳微生物群落特征,明确不同园地间固碳微生物基因丰度、群落结构差异及其环境驱动因素,为区域园地土壤碳汇功能可持续管理提供依据。结果表明,研究区内三种园地土壤固碳功能基因丰度整体处于较高水平,具体表现为茶园>果园>橡胶林,且基因丰度与土壤有机碳含量呈正相关。固碳微生物群落多样性则呈现橡胶林>茶园>果园的规律。不同园地土壤固碳细菌的优势菌门为放线菌门(Actinomycetota)和假单胞菌门(Pseudomonadota),代表性菌属以甲基杆菌属(*Methylibium*)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)和诺卡氏菌属(*Nocardia*)等兼性自养菌为主,但优势固碳类群的丰度配比呈现显著差异,且各园地均形成了与自身生境条件相适配的核心标志微生物属。冗余分析结果表明,不同园地土壤固碳微生物的群落结构差异主要受到土壤易氧化有机碳(ROC)、全氮(TN)、全磷(TP)和pH这4个环境因子的影响,上述因子共同解释了固碳微生物群落结构变异的64.35 %,其中pH的影响最为显著。整体而言,三种园地土壤均具备相当的固碳潜力,相较于茶园与果园,橡胶林的固碳微生物群落更稳定,具有更强的长期固碳功能维持能力。

关键词: 橡胶林;茶园;果园;自养微生物;高通量测序;*cbbL*基因
中图法分类号: S154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-2324(2026)04-0721-10

Community Composition and Diversity Analysis of Carbon-Sequestering Microorganisms in Three Typical Orchard Soils on Hainan Island

XING Man-rong, LAI Zheng-xia, ZHUANG Xiao-qing, ZHANG Ying-qi, ZHAO Zhi-zhong*
College of Geography and Environmental Sciences/Hainan Normal University, Hainan Key Laboratory of Surface Processes and Environmental Changes , Haikou 571158 , China

Abstract: Tropical plantation soils play a crucial role in terrestrial ecosystem organic carbon accumulation, with their carbon sequestration processes closely linked to soil microorganisms. This study employs quantitative fluorescent PCR and high-throughput sequencing to analyze the carbon-fixing microbial community characteristics in three types of plantation soils (rubber plantations, tea gardens, and orchards) on Hainan Island. It aims to clarify differences in carbon-fixing microbial gene abundance and community structure among plantations, as well as identify driving factors, providing a basis for the sustainable management of regional plantation soil carbon-sink functions. The Results indicate that carbon sequestration functional gene abundance across all three orchard types remains relatively high, specifically in the order of tea gardens > orchards > rubber plantations. Gene abundance positively correlates with soil organic carbon content. Carbon sequestration microbial community diversity follows the pattern: rubber plantations > tea gardens > orchards. The dominant bacterial phyla for carbon sequestration across different orchards are Actinomycota and Pseudomonadota, with representative genera including *Methylibium*, *Mycobacterium*, and *Nocardia*. However, the abundance ratios of dominant carbon-fixing groups show significant differentiation, with each site developing core indicator microbial genera matching its specific habitat conditions. Redundancy analysis reveals that differences in soil carbon-fixing microbial community structure across different plantations are primarily influenced by four environmental factors: readily oxidizable organic carbon (ROC), total nitrogen (TN), total phosphorus (TP), and pH. These factors collectively explain 64.35 % of the variation in carbon-fixing microbial community structure, with pH exerting the most significant influence. Overall, all three types of plots possess considerable

收稿日期: 2025-11-19 **修回日期:** 2026-06-17
基金项目: 海南省院士创新平台科研专项(YSPTZX202024);中国工程科技发展战略海南研究院咨询项目(23HNZX-13)
第1作者简介: 邢蔓蓉(2002-),女,硕士研究生,研究方向:土壤微生物。E-mail:1223152431@qq.com
***通讯作者:** Author for correspondence.E-mail:zhizhong@hainnu.edu.cn

carbon sequestration potential. Compared to tea gardens and orchards, rubber plantations exhibit more stable carbon-sequestering microbial communities and stronger long-term maintenance capacity for carbon sequestration.

Keywords: Rubber plantation; tea plantation; orchard; autotrophic microorganisms; high-throughput sequencing; *cbbL*

二氧化碳（CO_2）作为最主要的温室气体，其大气浓度的持续升高已成为全球气候变化的重要驱动因素[1]。世界气象组织数据显示（https://www.wmo.int/），2024 年全球大气 CO_2 年均浓度已升至 423.9 μmol/mol，较工业化前水平增至 1.5 倍。提升生态系统碳固能力是减缓大气 CO_2 累积的关键途径，而土壤碳库作为陆地生态系统中储量最大、周转最慢的活性碳库，其固碳潜力直接关系全球碳循环平衡与气候变化应对效率[2]，已成为当前研究热点之一。

土壤固碳潜力的高效发挥主要依赖于土壤自养微生物的代谢调控，其能通过特定代谢途径将大气 CO_2 直接转化为有机碳，为土壤碳库的稳定积累提供关键碳源输入[3,4]。现有研究表明[5]，自养微生物中存在 7 种不同的固碳途径，其中卡尔文循环（Calvin-Benson cycle）占全球生物固碳的 90%~95%，是最核心的碳固定途径[6]。该循环的关键限速酶类为核酮糖 1，5-二磷酸羧化酶/加氧酶（RubisCO）[7]。在 RubisCO 的多种酶形式中，形式Ⅰ（Form Ⅰ）的大亚基编码基因 *cbbL* 对该循环固碳微生物类群的覆盖度占主导地位[8]，且序列保守性强，常作为微生物群落分子分析的特异性探针，反映主要固碳微生物的群落结构[9]。

在陆地生态系统中，园地生态系统是土壤碳汇的重要组成部分。IPCC 报告指出[10]，园地单位面积年固碳量可达 1.2~2.5 t/hm²，远高于农田与草地，其碳汇贡献占农业生态系统总潜力的 18%~22%，在区域碳收支平衡与碳中和目标实现中占据重要地位[11]。已有研究进一步表明[12]，热带地区园地土壤年固碳速率集中在 0.6~0.8 t C·hm^{-2}·a^{-1}，显著高于温带地区，这一高固碳潜力与园地固碳微生物的高活性密切相关[13]。因此，全球气候变化背景下，深入探讨热带园地固碳微生物介导的碳汇潜力对提升园地生态系统碳封存能力具有重要意义[14]。

海南岛是中国面积最大的热带园地集中种植区，其独特的热带生境塑造了园地土壤微生物鲜明的区域特征[15]。近年来，许多学者围绕海南岛园地微生物展开研究，如 Zhang 等[16]研究发现槟榔与斑兰叶复合栽培模式能够显著提高槟榔园土壤细菌多样性；Li 等[17]在海南橡胶园的研究表明，相较于花岗岩、海相沉积物等其他母质土壤，玄武岩母质发育的土壤中细菌更易主导群落结构组成与残体积累过程，且对土壤有机碳的贡献更为突出；郭素霞等[18]在海南巴西蕉园的研究表明，酸性增强的雨季土壤中细菌多样性及碳转化酶活性显著提升。然而，现有研究多集中于海南岛单一园地类型的微生物群落响应，缺乏对不同利用方式下园地固碳微生物群落的系统性对比，难以明确差异化的园地利用方式对土壤固碳微生物群落结构与功能的调控效应，驱动群落分异的核心因子也亟待进一步探究。

综上，本研究选取海南岛橡胶林、茶园、果园三种园地类型为研究对象，采用 *cbbL* 基因作为固碳微生物的分子标记，借助荧光定量 PCR 和 Miseq PE300 高通量测序技术，分析不同园地土壤固碳微生物多样性和群落结构差异，试图阐明影响微生物群落变化的主要环境因子，从而为推动热带园地生态系统碳汇功能的可持续提升提供重要理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于海南五指山市、屯昌县、定安县、白沙县和琼中县（18°53′ N~19°27′ N，109°35′ E~110° 19′ E）内，五个地区土地总面积为 8 384.73 km^2，园地作为核心用地类型，面积为 2 155.74 km^2，占区域总土地面积 25.71 %。研究区属热带季风海洋性气候，年均温 23.4 ℃，年均日照时数 1 943 h，年均降雨量 2 068 mm，每年 5 月至 10 月为雨季，11 月至次年 4 月为旱季，旱雨两季交替变化显著，土壤类型多为砖红壤、红壤和黄壤[19]。

1.2 样品采集

2025 年 8 月在研究区对三种不同类型的园地土壤进行采样，包括橡胶林（RF）、茶园（TP）和果园（OC），其中，果园选取荔枝园和绿橙园作为代表性样地。所有园地均为纯林种植模式，林下

以自然杂草覆盖为主,无其他人工伴生植被。每种园地类型分别设置4个采样点,共计12个采样地。样地均选取远离近期(3个月内)施肥区域的地块。每个样点设一个采样区,采用梅花取样法确定5个采样点,各样点间距为15~20 m,去除地表覆盖的枯枝落叶后,利用土钻采集0~20 cm的非根际土壤柱状样,清除植物根系和石块等非土壤物质,再将5个柱状样均匀混合,碾碎后过2 mm筛。将取得的土壤样品分为两份,一份重复取6个,分别装入6个5 mL无菌离心管,密封后放入干冰桶内低温运回实验室,置于−80 ℃超低温冰箱中保存,用于微生物测序分析[20];另一份装入无菌自封袋,进行常规保存,用于土壤理化性质测定[21]。12个样地共取72个样品用于微生物测序分析。

1.3　分析方法

1.3.1　*土壤理化性质测定*　土壤含水量采用烘干法测定,pH采用酸度计测定[22],全磷(TP)采用碳酸钠/氢氧化钠碱熔—钼锑抗比色法测定[23],全氮(TN)采用凯氏蒸馏滴定法测定,有机碳(SOC)采用外加热重铬酸钾氧化法测定,易氧化有机碳(ROC)采用高锰酸钾氧化法测定[24]。

1.3.2　*土壤总DNA提取和浓度测定*　土壤总DNA采用PowerSoil DNA Isolation Kit试剂盒提取,DNA浓度通过超微量紫外可见分光光度计测定[25],DNA纯度使用1%琼脂糖凝胶电泳进行检验,剩余DNA样品于−80 ℃低温冰箱中保存备用。

1.3.3　*土壤固碳功能基因cbbL扩增与测序*　土样在上海派森诺公司进行高通量测序,采用K2f(ACCAYCAAGCCSAAGCTSGG)和V2r(GCCTTCSAGCTTGCCSACCRC)作为引物进行固碳基因*cbbL*扩增,扩增的反应条件参照基因扩增中变性、退火、延伸的三步法常规技术体系进行设置[26]。对回收的目标基因片段实施群落DNA片段双端测序,将高质量序列按97%相似度聚类为操作分类单元(OTU)[27],以NT数据库为参考,对OTU代表序列开展物种分类注释工作,得到分类鉴定结果。

1.3.4　*土壤固碳微生物cbbL基因数量测定*　土样中微生物固碳基因拷贝数通过实时荧光定量PCR(Real-time quantitative PCR)方法检测[28],以K2f/V2r为特异性引物。PCR反应条件设置为:①95 ℃预变性5 min。②进入40个扩增循环(95 ℃变性15 s,60 ℃退火30 s,即为1个循环)。

1.4　统计分析

用Excel 2010软件进行数据的统计与初步计算,数据用SPSS 21.0软件进行单因素方差(one-way ANOVA)分析[29],不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05);固碳基因定量丰度图在Origin 2024软件上进行绘制;通过QIIME2软件(2024.10版本)完成线性判别分析效应量(LEfSe)检测;利用R语言进行冗余分析(RDA)和主坐标分析(PCoA)[30],以ANOSIM相似性分析和PERMANOVA置换多元方差分析进行统计检验[31,32]。

2　结果与分析

2.1　不同园地土壤理化性质

三种园地土壤理化性质测定结果如表1所示,不同园地pH差异显著(P=0.001),呈现出果园>茶园>橡胶林的梯度特征。在有机碳相关指标(SOC、ROC)中,果园和茶园的含量较高且较为接近,均高于橡胶林。全氮含量以果园最高,全磷含量则是茶园略高于果园,这两类园地土壤含水量差异较小,而橡胶林各项指标整体处于三类园地中的较低区间,其全氮、全磷、土壤有机碳及含水量均明显低于果园与茶园。

2.2　不同园地土壤固碳微生物基因丰度

经PCR扩增分析,以实测基因拷贝数定量表征固碳基因*cbbL*的绝对丰度(图1),结果显示,橡胶林土壤中固碳微生物的基因丰度处在2.46×10^7至1.15×10^8 copies/g干土之间,茶园土壤固碳微生物的基因丰度处在3.83×10^7至7.51×10^7 copies/g干土之间,果园土壤固碳微生物的基因丰度处在1.16×10^7至7.74×10^7 copies/g干土之间。整体上,土壤固碳微生物固碳基因丰度表现为茶园>果园>橡胶林。不同园地类型的*cbbL*基因丰度整体存在显著差异(F=4.458,P=0.015),其中茶园与橡胶林存在显著差异(P=0.004),其余组间差异不显著。

2.3　不同园地土壤固碳微生物多样性

通过Miseq PE300高通量测序对三种园地类型土壤固碳微生物进行分析,得到测序结果如

表 1 土壤基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of soil

样点 Site	全磷/(g/kg) TP	全氮/(g/kg) TN	土壤有机碳/(g/kg) SOC	易氧化有机碳/(g/kg) ROC	土壤含水量/% SWC	pH
RF1	0.87±0.02 k	0.71±0.01 h	6.52±0.03 k	6.08±0.08 i	20.06±0.08 g	4.45±0.05 h
RF2	0.71±0.02 l	0.40±0.01 j	5.55±0.05 j	5.23±0.12 j	10.61±0.07 k	4.69±0.07 g
RF3	1.16±0.02 i	0.55±0.03 i	14.52±0.20 e	12.22±0.42 c	23.21±0.07 f	4.51±0.05 h
RF4	1.79±0.03 b	0.81±0.03 g	16.20±0.13 d	10.02±0.26 f	30.72±0.18 b	4.30±0.06 i
TP1	1.34±0.04 f	0.85±0.03 g	13.90±0.11 f	8.42±0.25 g	26.05±0.09 d	4.81±0.07 f
TP2	1.62±0.03 c	1.40±0.01 d	17.66±0.01 b	14.02±0.20 a	24.21±0.82 e	4.71±0.05 g
TP3	1.57±0.04 d	1.39±0.03 d	16.43±0.12 c	12.70±0.18 b	26.45±0.13 c	5.40±0.09 d
TP4	1.25±0.03 h	1.06±0.02 f	12.55±0.10 h	10.78±0.32 e	19.71±0.15 h	5.73±0.14 b
OC1	1.51±0.01 e	3.09±0.04 a	16.51±0.17 c	7.33±0.28 h	34.52±0.13 a	5.17±0.10 e
OC2	0.93±0.02 j	1.13±0.03 e	11.52±0.04 i	8.43±0.53 g	19.10±0.18 i	5.52±0.07 c
OC3	1.30±0.01 g	1.71±0.04 c	12.97±0.07 g	9.70±0.21 f	22.92±0.22 f	5.42±0.15 cd
OC4	1.90±0.01 a	2.21±0.02 b	18.08±0.19 a	11.27±0.19 d	15.32±0.06 j	6.29±0.10 a

注：同列不同小写字母表示不同样地间差异显著（P<0.05）。

Note：Different lowercase letters within the same column indicate significant differences among sampling sites（P<0.05）.

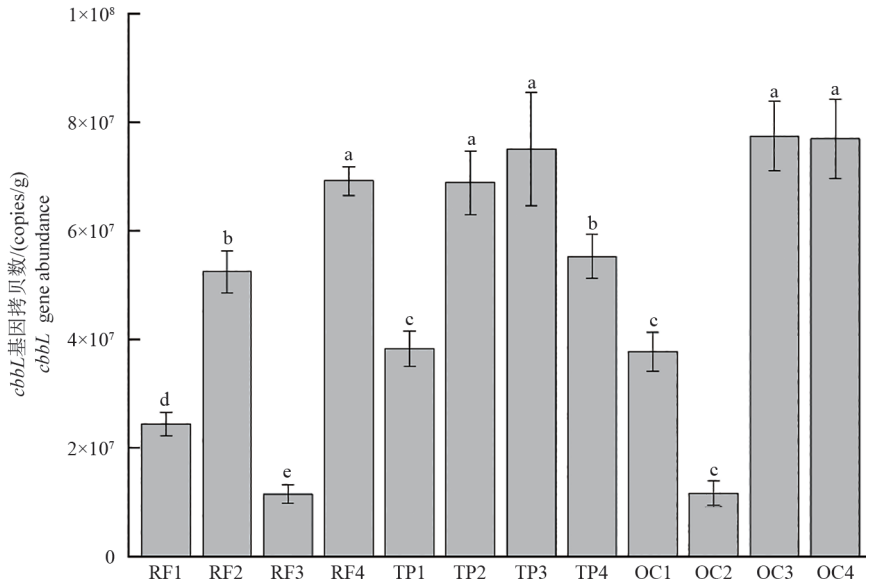


图 1 不同园地类型土壤 *cbbL* 基因丰度

Fig. 1 Soil *cbbL* gene abundance across different orchard types

下：橡胶林 4 块样地的有效序列分别为 66 677、35 212、67 993 和 54 995 条，茶园样地的有效序列分别为 61 512、72 103、49 120 和 53 606 条，果园样地的有效序列分别为 42 431、42 065、33 513 和 11 407 条。随着测序深度增加，各样本组的 Chao 1 和 Shannon 指数逐渐上升，之后逐渐趋于平稳（图 2），表明土壤样本文库的覆盖率较好，测序结果可有效反映当前样本物种丰富度与多样性的真实情况。

通过 alpha 多样性指数分析，可进一步明确不同园地类型土壤固碳微生物的多样性特征。其中，Chao 1 和 Observed species 指数用于衡量群落中物种的丰富度，Shannon 和 Simpson 指数用于综合反映群落的物种丰富度与均匀度，这些指数的数值大小均与群落的丰富度或多样性呈正相关。从表 2 可知，不同园地类型的土壤固碳微生物丰富度存在显著差异，整体呈现出橡胶林>茶园>果园的趋势。在土壤固碳微生物多样性中，橡胶林和茶园之间的差异较小，而与橡胶林和茶园相比，果园的多样性显著降低。

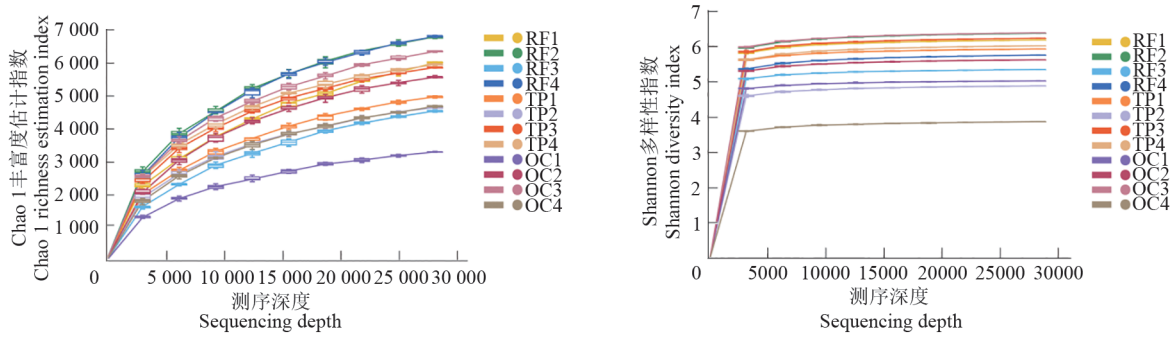


图 2 不同园地类型土壤固碳微生物稀释曲线

Fig. 2 Dilution curves of soil carbon-sequestering microorganisms in different orchard types

表 2 不同园地类型固碳微生物多样性指数

Table 2 Soil microbial diversity indices for carbon sequestration in different orchard types

样点 Site	Chao1 指数 Chao1 index	Observed species 指数 Observed species index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
RF1	6 154.62±749.16 bc	3 423.00±370.24 bc	8.93±0.14 ab	0.99±0.00 a
RF2	6 855.19±330.98 a	3 984.67±282.85 a	9.20±0.13 a	0.99±0.00 a
RF3	4 615.04±232.79 d	2 481.00±195.13 e	7.72±0.04 e	0.98±0.02 ab
RF4	6 902.03±517.24 a	3 787.17±324.02 ab	8.31±0.11 cd	0.97±0.05 ab
TP1	5 048.29±794.27 d	2 982.67±440.88 cd	8.56±0.22 bcd	0.99±0.02 a
TP2	4 726.88±434.41 d	2 769.33±254.96 de	7.06±0.74 f	0.94±0.05 c
TP3	5 951.52±556.36 bc	3 622.17±316.10 ab	9.00±0.13 ab	0.99±0.04 ab
TP4	6 030.33±230.45 bc	3 731.17±138.70 ab	8.69±0.12 bc	0.97±0.01 ab
OC1	3 358.44±334.47 e	2 032.50±200.81 e	7.26±0.29 f	0.98±0.03 b
OC2	5 665.43±265.48 c	3 099.67±208.56 cd	8.12±0.19 de	0.98±0.04 ab
OC3	6 433.41±395.32 ab	3 860.50±236.44 ab	9.22±0.18 a	0.99±0.02 a
OC4	4 754.03±319.97 d	2 636.83±109.47 de	5.60±0.35 g	0.75±0.04 d

注:同列不同小写字母表示不同样地间差异显著(P<0.05)。

Note: Different lowercase letters within the same column indicate significant differences among sampling sites (P<0.05).

2.4　不同园地土壤固碳微生物群落组成

测序结果显示,三种园地类型的测序序列可划分为9门、13纲、19目、38科、60属。

门水平上(图3(A)),假单胞菌门(Pseudomonadota)和放线菌门(Actinomycetota)是各园地土壤的优势类群,其在橡胶林、茶园、果园4块样地中的平均相对丰度分别为49.38%与48.45%、80.38%与27.55%、64.33%与33.39%。

属水平上(图3(B)),主要分析相对丰度最高的前20个属。将各园地相对丰度均大于2%的菌属归为优势菌属,得到诺卡氏菌属(*Nocardia*,15.38%~23.22%)、分枝杆菌属(*Mycobacterium*,13.56%~20.29%)、甲基杆菌属(*Methylibium*,7.59%~28.62%)、中慢生根瘤菌属(*Mesorhizobium*,4.48%~7.66%)、盐红螺菌属(*Halorhodospira*,3.36%~7.09%)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*,4.81%~5.58%)和红育菌属(*Rubrivivax*,4.07%~14.25%)共7个属。其中,橡胶林的主要优势菌属为诺卡氏菌属(23.22%)和分枝杆菌属(20.29%),茶园的主要优势菌属为甲基杆菌属(28.62%)和分枝杆菌属(15.46%),果园的主要优势菌属为诺卡氏菌属(17.39%)和甲基杆菌属(15.26%)。

除优势菌属外,芽绿菌属(*Blastochloris*)、假诺卡氏菌属(*Pseudonocardia*)、红杆菌属(*Rhodoblastus*)和固氮螺菌属(*Azospirillum*)在橡胶林和茶园中分布较广,果园中贪铜菌属(*Cupriavidus*)、红大孢菌属(*Rhodovastum*)和多克氏菌属(*Dokdonella*)的相对丰度较高,分别为3.94%、2.41%和2.50%。

2.5　不同园地土壤固碳微生物群落结构差异

通过PCR扩增和高通量测序,结合生物信

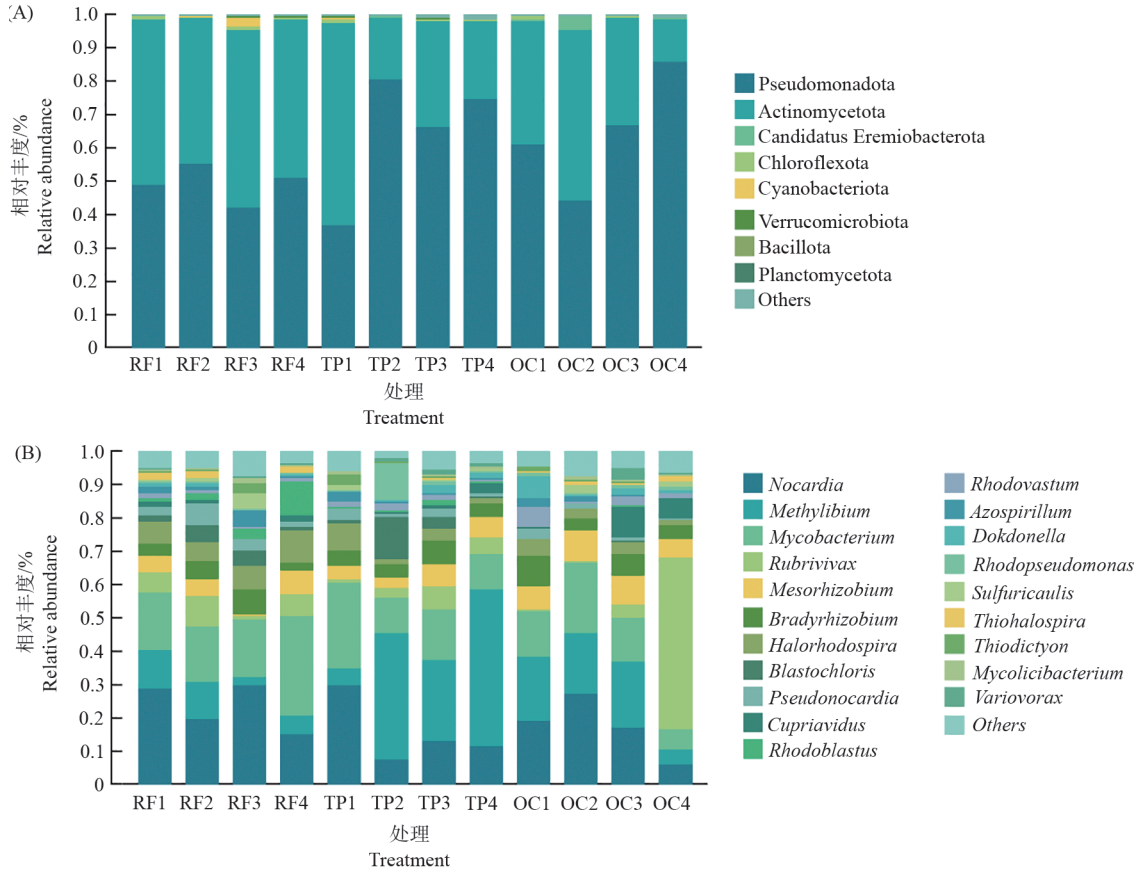


图3 不同园地类型土壤固碳微生物群落组成

Fig. 3 Soil carbon-fixing microbial community composition in different garden orchard types

息学聚类分析，共获得三种不同园地类型的OTU序列124 913条。其中，橡胶林园特有的OTU序列分别为3 056、3 930、2 875、5 819条，茶园特有的OTU序列分别为2 734、2 918、3 086、4 311条，果园特有的OTU序列分别为2 926、3 454、2 984、4 363条，而三种园型所共有的OTU序列有159条（图4）。

为探究不同园地类型土壤微生物群落的结构差异，对其进行PCoA分析（图5）。结果显示，不同园地类型的微生物群落呈现出一定的聚类趋势，果园群落的空间分布相对集中且与其他两类园地区分度较高，橡胶林园与茶园虽存在部分重叠，但整体仍能体现出园地类型对应的类群分异特征。通过Anosim分析（R=0.41，P=0.001）和permanova分析（F=8.03，P=0.001），表明样品组间差异大于组内差异，进一步验证了不同园地土壤的微生物群落结构存在显著差异。

基于物种相对丰度数据，采用LEfSe分析方法（LDA>4）筛选不同园地类型土壤微生物的差异

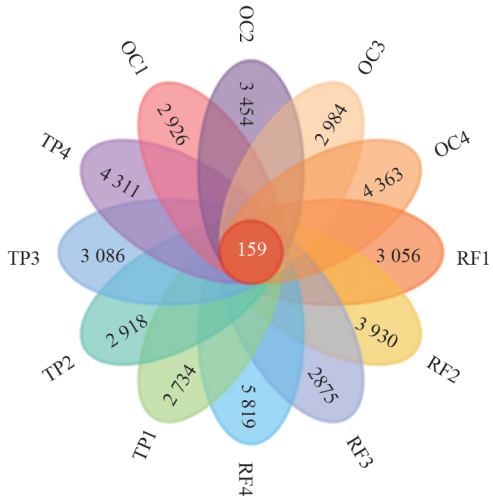


图4 不同园地类型土壤固碳微生物OTU

Fig. 4 Soil carbon-fixing microbial OTUs in different orchard types

类群，结果显示差异标志物共计76个（图6（A））。在属水平上（图6（B）），橡胶林特有的标志物种主要由诺卡氏菌属（*Nocardia*）、链霉菌属（*Streptomyces*）、分枝杆菌属（*Mycobacterium*）、游

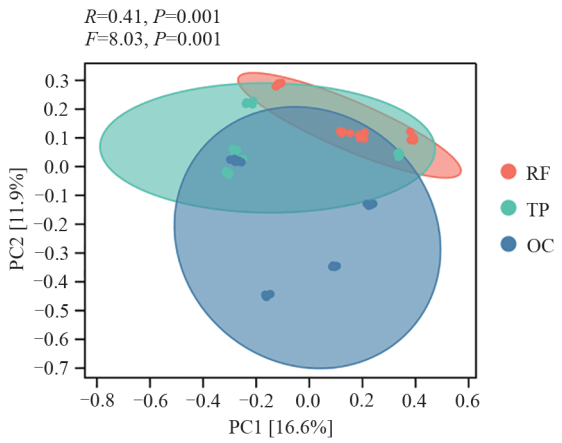


图5 不同园地土壤微生物群落PCoA分析

Fig. 5 PCoA analysis of soil microbial communities in different orchard types

动放线菌属(*Actinoplanes*)和微球菌属(*Micrococcus*)等组成;茶园的标志物种由伯克霍尔德菌属(*Burkholderia*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、根瘤菌属(*Rhizobium*)和酸杆菌属(*Acidobacterium*)等组成;果园的标志物种由芽孢杆菌属(*Bacillus*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、肠杆菌属(*Enterobacter*)和乳杆菌属(*Lactobacillus*)等组成。

2.6　环境因子对固碳微生物的影响

通过RDA分析,得到属水平上不同园地类型的土壤固碳微生物群落与不同理化性质因子间的相互关系。结果表明(图7),RDA1和RDA2对土壤固碳微生物群落结构变异的解释度分别为25.17%和8.01%,二者累计解释33.18 %的群落结构变异。其中,pH(*P*=0.001)、ROC(*P*=0.046)、TP(*P*=0.012)和TN(*P*=0.012)对固碳微生物群落结构的影响均达到显著水平。TN、TP和pH的贡献率在所有环境因子中处于较高水平,分别为13.03%、13.70%和29.01%。

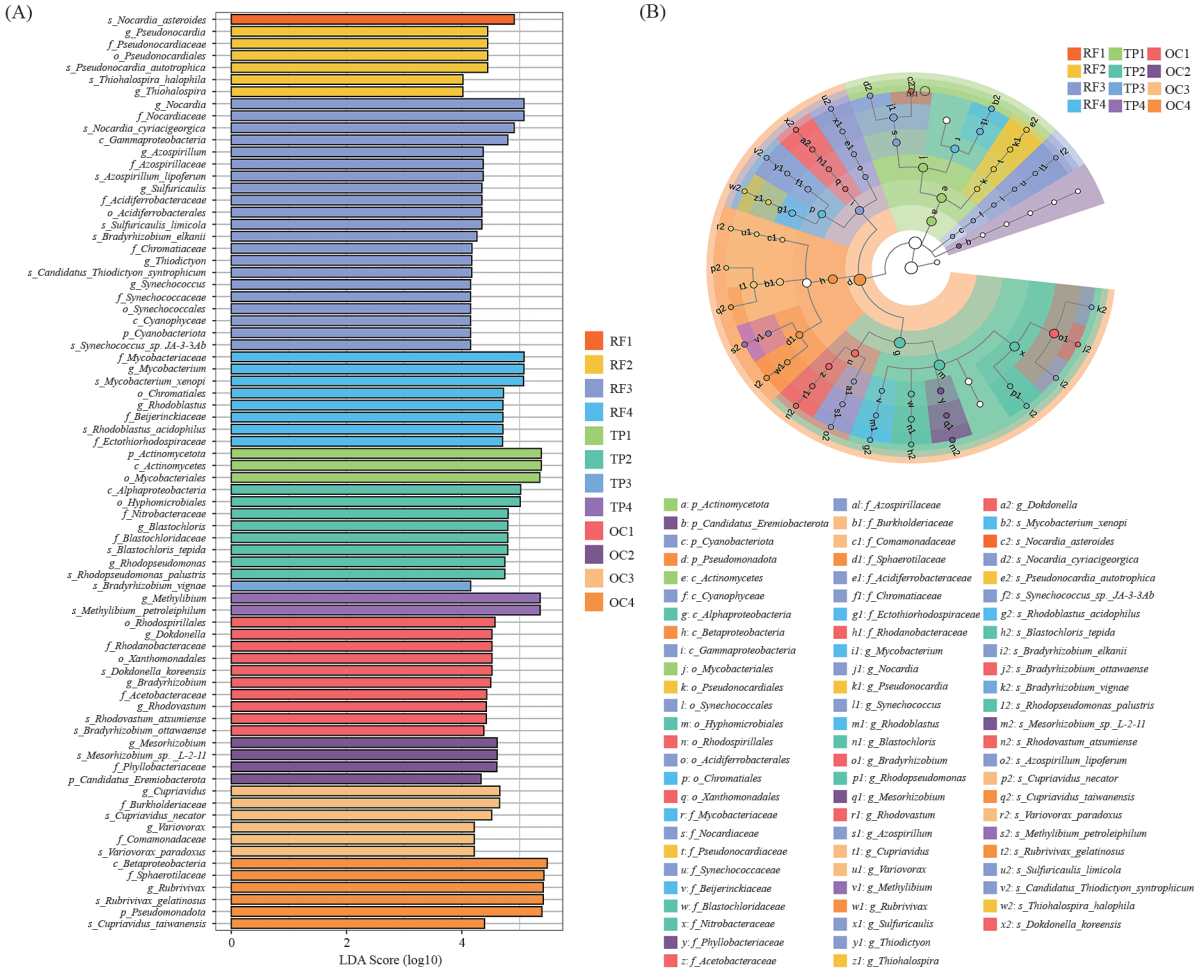


图6 不同园地类型土壤固碳微生物LEfSe分析

Fig. 6 Comparative LEfSe analysis of soil carbon-fixing microbes in different orchard types

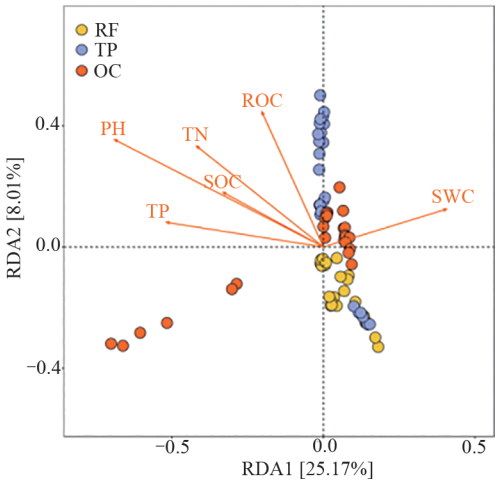


图 7 园地土壤固碳微生物 RDA 分析

Fig. 7 RDA analysis of soil carbon-fixing microorganisms in different orchard types

3　讨论

现有研究表明[33]，不同土地利用方式可通过改变微生境特征，对固碳微生物群落的多样性分异及优势类群的活性增强产生显著驱动作用。根据 Chao1 和 Shannon 指数分析结果，不同园地固碳微生物群落结构丰富度与多样性均表现为橡胶林＞茶园＞果园。这一趋势与特有 OTU 数量的分布特征高度吻合，说明橡胶林土壤不仅能维持较高的微生物多样性，且更易孕育独特的固碳微生物类群，而茶园与果园的土壤环境对固碳微生物的筛选效应更为显著。然而，本研究中这种筛选效应并未使固碳功能基因的丰度与群落多样性呈现协同变化趋势。PCR 检测结果显示，橡胶林、茶园、果园三类园地土壤中均具备较高丰度的 *cbbL* 基因，且基因丰度呈现茶园>果园>橡胶林的显著分异特征，与群落多样性的分异规律恰好相反，这与喻江等[34]研究的鄱阳湖湿地细菌结果相同。究其原因，可能与微生物群落普遍存在功能冗余现象有关。高多样性群落中不同类群常具备相似的固碳功能，其 *cbbL* 基因丰度不一定随多样性同步提升。茶园土壤的定向环境筛选会淘汰冗余类群，专一性富集高效固碳菌群，使得即便群落多样性较低也能维持较高的 *cbbL* 基因丰度。而橡胶林土壤的低扰动环境则容纳了更多具备固碳功能的冗余类群，群落多样性虽高，但 *cbbL* 基因未形成定向富集，最终呈现与多样性相反的分布趋势。此外，本研究发现土壤有机质含量与固碳微生物数量呈正相关关系，说明充足的有机质输入能够为固碳微生物提供稳定的能量来源[35]，进而促进其群落增殖。

群落组成结构分析显示，假单胞菌门和放线菌门共同构成海南岛橡胶林、茶园和果园三种园地土壤固碳微生物的主要类群，分枝杆菌属（*Mycobacterium*）、甲基杆菌属（*Methylibium*）和诺卡氏菌属（*Nocardia*）等兼性自养型固碳菌为共有高丰度菌属，这与前人关于土壤固碳微生物群落组成的研究结论相一致[36-38]。本研究发现不同园地的群落组成整体相似度较高，但优势类群的丰度配比在不同园地间仍存在明显分异，这一现象可能源于土壤养分有效性的园地特异性筛选。Mou 等[39]研究表明，土壤养分有效性的差异显著影响微生物的碳源利用效率、代谢活性与协同功能。果园土壤有机碳含量维持在 18.6~22.3 g/kg，全氮、全磷含量也显著高于其他两类园地，这种高养分环境更适配变形菌门快速增殖的营养需求[40]，使其在群落中占据竞争优势。橡胶林土壤养分含量为三种园地最低，较低的养分环境仅能维持固碳微生物的基础代谢需求[41]，假单胞菌门与放线菌门主要通过功能互补维持碳循环[42]。茶园土壤碳氮养分处于中等水平，且碳源以木质素类难降解底物为主[43]，这种养分条件更适配假单胞菌门下属嗜氮且耐难降解碳源的菌株增殖，其分泌的漆酶、过氧化物酶可高效分解木质素类底物[44]。而放线菌门偏好易利用碳源，因此在茶园土壤中碳源利用效率受限，丰度占比相对较低。

土壤微生物群落结构的分异受多重因素影响，而环境因子是调控群落结构演变的核心要素[45]。RDA 分析结果表明，ROC、TN、TP 和 pH 是驱动园地微生物群落结构分异的关键环境因子，其中 pH 的影响最为显著。pH 可通过调控土壤养分有效性与微生境稳定性，直接作用于微生物的生存与代谢过程，这与土壤 pH 主导微生物群落地理分布的普遍研究结论相吻合[46,47]。标志性物种分析结果显示，果园中性偏酸环境（pH 5.17~6.29）易富集孢杆菌属（*Bacillus*）、鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonas*）等耐中性菌属，而茶园（pH 4.71~5.73）与橡胶林（pH 4.30~4.69）的酸性环境中则以耐酸性较强的嗜酸类群为主，各类菌属的耐酸特性与所在园地 pH 特征高度适配，这一现象本质上

是微生物长期适应生境条件的结果。

4　结论

本研究针对海南岛橡胶林、茶园、果园三种园地土壤的分析结果表明,不同园地固碳功能基因丰度存在显著差异,且其丰度与土壤有机碳含量呈正相关关系。固碳微生物群落多样性也呈现明显分化特征,其中橡胶林的群落多样性高于茶园和果园,对应的群落结构也更为稳定,为维持长期稳定的固碳功能提供了群落结构基础。然而,固碳微生物群落多样性与*cbbL*基因丰度并非呈协同变化趋势,这一现象可由土壤微生物群落的功能冗余特性解释。在微生物组成方面,不同园地优势菌门为放线菌门和假单胞菌门,优势菌属均以兼性自养菌为主。但受到不同园地土壤养分有效性差异的驱动,优势固碳类群的丰度配比呈现显著分异,且各园地均形成了与自身生境条件相适配的核心标志微生物属,进一步强化了不同园地土壤固碳潜力的差异化特征。此外,研究发现ROC、TN、TP和pH是影响园地土壤微生物群落结构变化的主要环境因子。基于上述研究结果,在园地种植实践中可针对不同园地类型实施精准施肥管理,通过定向调控关键土壤环境因子富集高效固碳菌群,从而提升园地土壤碳汇潜力。

参考文献

[1] 陈福军, 郭 英, 李 倩, 等. 气候变化背景下我国陆地生态系统固碳增汇分区研究[J]. 安徽农业科学, 2016, 44(31): 64-66.

[2] Rounsevell M D A, Evans S P, Bullock P. Climate change and agricultural soils: impacts and adaptation [J]. Climatic Change, 1999, 43(4): 683-709.

[3] Nanba K, King G M, Dunfield K. Analysis of facultative lithotroph distribution and diversity on volcanic deposits by use of the large subunit of ribulose 1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70 (4): 2245-2253.

[4] Elsaied H, Naganuma T. Phylogenetic diversity of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large-subunit genes from deep-sea microorganisms [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, 67(4): 1751-1765.

[5] 张亚茹, 申振涛, 廖清颖. 土壤自养固碳微生物研究进展与热点分析[J]. 广西林业科学, 2024, 53 (01): 124-134.

[6] 肖 璐, 李 寅. 生物固碳:从自然生物到人工合成[J]. 合成生物学, 2022, 3(05): 833-846.

[7] Chen K, Qu F, Sun Z, et al. Carbon sequestration, performance optimization and environmental impact assessment of functional materials in cementitious composites[J]. Journal of CO_2 Utilization, 2024, 90: 102986.

[8] 季凤云, 明红霞, 李洪波, 等. 南海表层海水参与卡尔文循环的固碳基因多样性研究[J]. 环境科学学报, 2016, 36(11): 4037-4043.

[9] 吴小红, 简 燕, 陈晓娟, 等. 自养微生物同化CO_2的分子生态研究及同化碳在土壤中的转化[J]. 生态学报, 2014, 34 (03): 701-709.

[10] 沈永平, 王国亚. IPCC第一工作组第五次评估报告对全球气候变化认知的最新科学要点[J]. 冰川冻土, 2013, 35 (04): 1068-1076.

[11] Ioannidou S, Litskas V D, Stavrinides M, et al. The role of mixed orchards in carbon sequestration and climate change mitigation in a Mediterranean island environment[J]. Frontiers in Sustainable Food Systems, 2025, 8: 1457462.

[12] Mayer S, Wiesmeier M, Sakamoto E, et al. Soil organic carbon sequestration in temperate agroforestry systems-A meta-analysis[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2022, 323: 107689.

[13] Yang S, Wu Z, Yang C, et al. Responses of carbon exchange characteristics to meteorological factors, phenology, and extreme events in a rubber plantation of Danzhou, Hainan: evidence based on multi-year data[J]. Frontiers in Ecology and Evolution, 2023, 11: 1194147.

[14] 王敬宽, 吕鹏超, 张楷悦, 等. 不同土地利用方式对盐碱地土壤团聚体及碳氮含量的影响[J]. 山东农业科学, 2023, 55(10): 86-94.

[15] Wei Y, Zhang X, Peng W, et al. Temperature and rainfall mediate soil-plant microbiome assembly in tropical rubber plantations[J]. Applied Soil Ecology, 2025, 216: 106532.

[16] Zhang A, Su F, Qin X, et al. The effect of intercrop with Pandanus amaryllifolius Roxb. on rhizospheric microorganism of Areca catechu L[J]. Iscience, 2024, 27(12).

[17] Li Y Z, Bao X L, Tang S X, et al. Toward soil carbon storage: The influence of parent material and vegetation on profile-scale microbial community structure and necromass accumulation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 193: 109399.

[18] 郭素霞, 程志号, 孙佩光, 等. 海南 17a 宿根巴西蕉园土壤微生物特征及土壤 pH 周年变化特征分析[J]. 热带作物学报, 2021, 42(08): 2413-2421.
[19] 吴胜安, 邢彩盈, 朱晶晶. 海南岛气候特征分析[J]. 热带生物学报, 2022, 13(04): 315-323.
[20] 程丽娟, 薛泉宏. 微生物学实验技术[M]. 西安:世界图书出版公司, 2000.
[21] 张 鹏, 贾志宽, 路文涛, 等. 不同有机肥施用量对宁南旱区土壤养分、酶活性及作物生产力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2011, 17 (05): 1122-1130.
[22] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业科技出版社, 2000.
[23] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社, 2000.
[24] Blair G J, Lefroy R D B, Lisle L. Soil carbon fractions based on their degree of oxidation, and the development of a carbon management index for agricultural systems [J]. Australian Journal of Agricultural Research, 1995, 46 (7): 1459-1466.
[25] 杨 阳, 章 妮, 蒋莉莉, 等. 青海湖高寒草地土壤理化性质及微生物群落特征对模拟降水的响应[J]. 草地学报, 2021, 29(05): 1043-1052.
[26] 王 蕊, 吴 宪, 李 刚, 等. 林地转型耕地对东北丘陵区白浆土 *cbbL* 细菌群落丰度和结构的影响[J]. 环境科学, 2019, 40(12): 5561-5569.
[27] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. Nature Methods, 2010, 7(5): 335-336.
[28] 潘雨佳, 黄紫薇, 吕福军, 等. 酶解豆粕对克氏原螯虾生长及肠道微生物菌群的影响[J]. 饲料研究, 2022, 45(20): 44-48.
[29] Montgomery D C. Design and analysis of experiments[M]. Hoboken, New Jersey: Wiley and Sons, 2017.
[30] Anderson M J, Willis T J. Canonical analysis of principal coordinates: A useful method of constrained ordination for ecology[J]. Ecology, 2003, 84(2): 511-525.
[31] Clarke K R. Non-parametric multivariate analyses of changes in community structure[J]. Australian Journal of Ecology, 1993, 18(1): 117-143.
[32] Anderson M J. A new method for non-parametric multivariate analysis of variance[J]. Austral Ecology, 2001, 26(1): 32-46.
[33] 沈冰洁, 祝贞科, 袁红朝, 等. 不同种植方式对亚热带红壤微生物多样性的影响[J]. 环境科学, 2015, 36 (10): 3839-3844.
[34] 喻 江, 王 淳, 龙 永, 等. 鄱阳湖湿地细菌群落多样性和可培养细菌功能基因丰度[J]. 环境科学, 2024, 45(04): 2223-2232.
[35] Sun X, Zhang C, Liu K, et al. Long-term manure application enhances carbon use efficiency in soil aggregates by regulating microbial communities in cropland[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2025: 109945.
[36] 孙 君, 朱留刚, 林志坤, 等. 基于 16S rRNA 测序的植茶温室土壤细菌多样性及群落结构研究[J]. 江苏农业科学, 2024, 52 (13): 235-240.
[37] 钱 琛, 李雅琪, 杨越超, 等. 山东高优苹果园土壤细菌多样性特征分析[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2024, 55 (01): 54-62.
[38] 张 毅, 杨文浩, 周碧青, 等. 炭基肥对酸化茶园土壤细菌和真菌数量及群落结构的影响[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2023, 52 (02): 247-257.
[39] Mou Z, Kuang L, Zhang J, et al. Nutrient availability and stoichiometry mediate microbial effects on soil carbon sequestration in tropical forests[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2023, 186: 109186.
[40] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354-1364.
[41] 柏 菁, 李奕霏, 刘守龙, 等. 添加磷素对低磷稻田根际土壤固碳自养微生物数量的影响[J]. 环境科学, 2018, 39(12): 5672-5679.
[42] Zhou S Y D, Lie Z, Lei C, et al. Multi-scale evidence for declining microbial carbon fixation along forest succession gradients[J]. The ISME Journal, 2025, 19 (1): wraf191.
[43] 刘莎茜. 黔中久安生态茶园凋落物分解特征及其与土壤养分元素互作动态分析[D]. 贵阳:贵州大学, 2023.
[44] 宫达非, 廖静云, 曾慧帆, 等. 假单胞菌增殖培养基中碳源氮源的优化[J]. 安徽农业科学, 2020, 48 (07): 83-84+88.
[45] 邓娇娇, 周永斌, 殷 有, 等. 辽东山区典型人工针叶林土壤细菌群落多样性特征[J]. 生态学报, 2019, 39(03): 997-1008.
[46] 魏亚情, 吴志祥, 杨 川, 等. 海南岛橡胶林土壤细菌群落多样性的季节变化及其影响因子[J]. 林业科学, 2022, 42 (07): 28-34.
[47] 张 帆, 杨 阳, 王 鸿. 连作对果园土壤细菌群落结构和土壤性质的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2025 (03): 17-29.