

李欣霓,戴菀芝,林心如,等.不同辣椒素含量辣椒根际微生物群落结构差异分析及功能类群筛选[J].华中农业大学学报,2026,45(2):87-98.  
DOI:10.13300/j.cnki.hnlkxb.2026.02.010

## 不同辣椒素含量辣椒根际微生物群落结构差异分析及功能类群筛选

李欣霓<sup>1</sup>,戴菀芝<sup>1</sup>,林心如<sup>1</sup>,廖黎媛<sup>1</sup>,卢文<sup>2</sup>,杨尚东<sup>1</sup>

1. 广西大学农学院/广西农产品安全重点实验室/植物科学国家级实验教学示范中心,南宁 530004;

2. 广西扶绥县农业科学研究所,崇左 532199

**摘要** 为探究不同辣椒素含量辣椒品种根际微生物群落差异,筛选潜在调控辣椒素合成的功能微生物,采用高通量测序技术分析高、低辣椒素含量辣椒品种根际土壤微生物群落,结合 LEfSe (LDA>3.0, P<0.05) 和 Spearman 相关性分析筛选关键类群。结果显示:不同辣椒素含量辣椒品种根际土壤细菌和真菌群落多样性与丰富度均不存在显著差异。在细菌与真菌群落结构方面,高、低辣椒素含量品种根际土壤及背景土壤间呈现显著差异。与低辣椒素含量品种相比,高辣椒素含量品种根际变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)和拟杆菌门(Bacteroidota)细菌丰度占比增加;芽孢杆菌属(*Bacillus*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)为主要差异细菌属;卡斯特兰尼氏菌属(*Castellaniella*)细菌亦是高辣椒素含量品种根际土壤中显著富集的优势细菌属。同时,高辣椒素含量品种被孢霉属(*Mortierella*)、腐质霉属(*Humicola*)真菌显著富集。此外,不同辣椒素含量品种根际土壤细菌中,德沃斯氏菌属(*Devosia*)与辣椒素和二氢辣椒素含量均呈显著正相关。

**关键词** 辣椒; 品种; 辣椒素; 根际; 微生物群落

**中图分类号** S154.3;S641.3 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2026)02-0087-12

辣椒(*Capsicum annuum* L.)作为重要蔬菜品类之一,同时具备调味品应用价值<sup>[1]</sup>。目前,我国辣椒的种植面积和消费量高居蔬菜和调味品之首,其在保障蔬菜周年均衡供应和丰富饮食口味方面亦发挥着重要作用<sup>[2]</sup>。辣椒素(capsaicinoid)是存在于辣椒胎座中的重要次生代谢产物<sup>[3]</sup>。辣椒素类物质中,天然辣椒素和二氢辣椒素成分占辣椒素类物质总含量的90%以上,因此辣椒素和二氢辣椒素是研究辣椒辣味水平的主要对象<sup>[4]</sup>。辣椒素类物质不仅能够提供独特的辛辣风味,增加食欲、开胃消食,还具有如镇痛、抗癌、抗炎、抗氧化和抗肥胖等一系列生理和药理作用<sup>[5]</sup>。辣椒素含量不仅是衡量辣椒果实品质的重要指标,也是影响其市场价值和消费者接受度的关键因素。

辣椒果实中辣椒素类物质的含量不仅受品种、基因型、生育期的影响,还受光照、温度、水分和矿物质营养等环境条件的影响,这些因素共同控制着辣

椒素类物质的生物合成<sup>[6-7]</sup>。如:一定的遮光处理有利于辣椒果实中辣椒素的合成与积累<sup>[8]</sup>;适当的水分胁迫可以促进辣椒果实中辣椒素类物质的合成<sup>[9]</sup>;碱胁迫对辣椒素含量有显著的促进作用<sup>[10]</sup>;辣椒素的生物合成途径有苯丙烷和支链脂肪酸2个分支,涉及苯丙氨酸、缬氨酸和亮氨酸3种氨基酸以及形成香草基胺所需的仍未确定的氨基供体<sup>[11]</sup>。此外,辣椒果实中的辣椒素类物质含量还与土壤中的速效氮呈正相关,氮水平的提高能增加氮素的代谢,对辣椒素的合成有利<sup>[12-13]</sup>。

根际是植物与土壤生态系统之间进行交互作用的关键微区域,是植物次生物质代谢与能量转化的主要场所之一<sup>[14]</sup>。作为根际微生态的重要组成部分,根际土壤微生物在植物的生长发育、植物病虫害的生物防治以及次生代谢物的积累中发挥了至关重要的作用<sup>[15-16]</sup>。研究表明,植物次生代谢物在植物-微生物相互作用中扮演着重要角色。植物可以通过

收稿日期:2025-04-23

基金项目:广西大学巴马产教融合研究院专项(20220005);广西重点研发计划项目(AB23026076)

李欣霓, E-mail:1321040237@qq.com

通信作者:杨尚东, E-mail:ysd706@gxu.edu.cn

分泌各种代谢物来影响其微生物群落,反之,微生物群落也可能影响宿主植物的代谢组<sup>[17]</sup>。例如,苯并恶唑啉酮(benzoxazinoids, BXs)是禾本科植物中常见的色氨酸衍生次生代谢物,可通过根次生代谢中的全局调节功能来塑造根际微生物群落<sup>[18]</sup>;根际微生物可通过与宿主免疫系统的相互作用激活萜烯合成并促进柑橘皮中单萜的积累<sup>[19]</sup>。Li等<sup>[20]</sup>研究发现辣椒品种显著影响根际微生物群落组成,不同辣椒品种间微生物群落的变化与辣椒素类物质含量密切相关。

现阶段,有关辣椒素生物合成途径及其调控机制已有诸多研究,但根际微生物是否参与辣椒素生物合成的调控仍鲜有报道。本研究分析了不同辣椒素含量辣椒品种根际微生物群落结构特征,探究了根际微生物是否涉及参与调控辣椒素的生物合成,旨在明确根际微生物与辣椒素含量之间的关联性,进而挖掘涉及辣椒素生物合成的功能微生物。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验于广西大学农学院蔬菜基地(22°51'02"N, 108°17'25"E)进行。采用盆栽方式进行种植。盆(高35 cm、直径50 cm)中装入20 kg土壤,土壤类型为赤红壤,土壤理化性状如下:pH 5.71,有机质含量8.42 g/kg,全氮含量0.51 g/kg,全磷含量0.67 g/kg,全钾含量7.21 g/kg,速效磷含量0.59 mg/kg,速效钾含量51.01 mg/kg,碱解氮含量13.17 mg/kg。

### 1.2 试验材料

供试高辣椒素含量辣椒品种为:布朗(种都高科种业有限公司)、薄皮褶皱麻辣长椒(京研益农种业科技有限公司)、螺丝椒(田立方种业有限公司)。

低辣椒素含量辣椒品种为:大果早优F<sub>1</sub>(山东威尔种子有限公司)、金凤彩椒(哈尔滨市农信种子有限责任公司)、特大牛角椒(北京派得伟业科技发展有限公司)。

以不种植辣椒的盆栽土壤为背景土壤(BG)。每个品种种植20株,所有品种均同期育苗、定植及进行常规栽培管理。

### 1.3 样品采集与处理

辣椒果实进入果实成熟期时进行样品采集。随机采集上述6种不同辣椒素含量辣椒品种的果实样品,用于后续辣椒素含量的测定。每个品种随机选

取3株长势一致的辣椒植株,以植株为中心,用消毒铁铲铲松半径约25 cm的圆圈土层,然后手握植株茎基部,拔取整个辣椒植株,采用抖根法<sup>[21]</sup>抖掉非根际土壤,采集附着在辣椒植株根系上的土壤装入无菌自封袋中,同时采集背景土壤样品(BG),带回实验室。将土壤样品过孔径2 mm筛后,保存在-80℃的冰箱中,用于后续根际土壤微生物群落结构分析。

### 1.4 辣椒素含量的测定

具体操作步骤可参照文献<sup>[22]</sup>。将辣椒样品进行干燥处理并研磨成粉末状,采用甲醇对辣椒素进行提取操作,运用液-液萃取等技术手段对提取物进行净化处理,以去除辣椒素之外的其他化合物。最后,使用孔径为0.45 μm的滤膜对样品进行过滤,以去除其中的颗粒物。随后,采用高效液相色谱法(HPLC)对样品进行分析,利用校准曲线计算样品中辣椒素的浓度。

### 1.5 样品总DNA提取、PCR扩增和序列测定

样品总DNA提取、PCR扩增和序列测定均由上海美吉生物医药科技有限公司完成。根据FastDNA<sup>®</sup> Spin Kit for Soil试剂盒(MP Biomedicals, U.S.)说明书进行总DNA抽提,使用NanoDrop2000分光光度计(Thermo Fisher Scientific, U.S.)检测所提DNA的浓度和纯度。在ABI GeneAmp<sup>®</sup>9700上进行PCR扩增,具体引物<sup>[23-24]</sup>和测序类型见表1。

同一样本的PCR产物利用AxyPrepDNA Gel Extraction Kit(Axygen Biosciences, USA)进行纯化,混合后使用2%琼脂糖凝胶进行回收检测,并利用Quantus<sup>™</sup> Fluorometer(Promega, USA)对回收产物进行定量检测。使用NEXTFLEX<sup>®</sup> Rapid DNA-Seq Kit进行建库,利用Illumina公司Miseq PE300平台进行测序。辣椒根际细菌和真菌测序得到的原始数据分别以PRJNA1277448和PRJNA1277462的登录号上传至NCBI数据库。

### 1.6 统计分析

数据采用Excel 2019和IBM SPSS Statistics 27统计软件对试验数据进行统计分析,数据采用“平均数±标准差(SD)”表示。利用上海美吉生物医药科技有限公司的I-sanger云数据分析平台进行在线数据分析。采用Shannon指数和Simpson指数表征细菌及真菌多样性,以Ace指数和Chao1指数表征细菌及真菌丰富度。

表1 测序类型与引物序列名称

Table 1 Sequencing types and primer sequences

引物名称 Primer name	引物类型 Primer type	引物序列 Primer sequence (5'-3')	测序平台 Sequencing platform	序列长度/bp Sequencing length
338F 806R	土壤细菌 16S rRNA Soil bacteria	ACTCCTACGGGAGGCAGCAG GGACTACHVGGGTWTCTAAT	MiSeq PE300	468
ITS1F ITS2R	土壤真菌 ITS Soil fungi	CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA GCTGCGTTCATCGATGC	MiSeq PE300	300

## 2 结果与分析

### 2.1 不同辣椒品种的辣椒素含量和辣度分级

根据湖南省地方标准 DB43/T 275—2006《辣椒

素测定及辣椒度表示方法》进行辣度分级,结果显示,布朗、薄皮褶皱麻辣长椒、螺丝椒辣度较高,分别为9级、9级和8级,大果早优F<sub>1</sub>、金凤彩椒、特大牛角椒辣度较低,分别为5级、4级、3级(表2)。

表2 不同辣椒品种的辣椒素和二氢辣椒素含量及辣度分级结果

Table 2 The capsaicin and dihydrocapsaicin contents and classification of spicy degree in different pepper varieties

类型 Types	品种 Variety	辣椒素/(g/kg) Capsaicin	二氢辣椒素/ (g/kg) Dihydrocapsaicin	辣椒素总含 量/(g/kg) Total capsaicin content	斯科维尔 指数 Scoville heat unit	辣度分级 Classification of spicy degree
高辣椒素含量辣 椒品种 Pepper with high capsaicin content	布朗 Bu Lang	3.995±0.032a	1.394±0.009a	5.988±0.043a	92 331.5	9
	薄皮褶皱麻辣长椒	2.401±0.058b	0.824±0.030b	3.583±0.032b	55 249.3	9
	螺丝椒 Screw Pepper	1.992±0.032c	0.476±0.018c	2.741±0.030c	42 273.6	8
低辣椒素含量辣 椒品种 Pepper with low capsaicin content	大果早优 F <sub>1</sub> Da Guo Zao You F <sub>1</sub>	0.111±0.003d	0.048±0.003d	0.177±0.002d	2 729.9	5
	金凤彩椒 Jin Feng Sweet Pepper	0.071±0.002e	0.021±0.002e	0.101±0.003e	1 564.8	4
	特大牛角椒 Extra-large Cayenne Pepper	0.052±0.001f	0.009±0.002f	0.069±0.003f	1 056.7	3

注:表中数据为平均值±标准差。同列不同小写字母表示品种间差异显著( $P<0.05$ )。下同。The data in the table were mean ± standard deviation. Different lowercase letters in the same column indicate significant differences between varieties ( $P<0.05$ ). The same as below.

### 2.2 不同辣椒素含量品种根际土壤微生物的 OTU 聚类分析

基于97%相似度水平对样品序列进行聚类分析,结果显示,高辣椒素含量品种根际土壤细菌包括:38个门、127个纲、321个目、531个科、1 051个属、2 303个种、9 046个OTU;与之相比,低辣椒素含量品种根际土壤细菌不同分类水平数量分别为:38个门、126个纲、316个目、528个科、1 055个属、2 311个种、9 314个OTU;而背景土壤(BG)中,细菌不同分类水平数量分别为:40个门、126个纲、316个目、506个科、949个属、1 995个种、6 308个OTUs。高辣椒素含量品种根际土壤真菌包括:13个门、41个纲、93个目、198个科、406个属、646个种、1 561个OTU;低辣椒素含量品种根际土壤真菌不同分类水平数量分别为:14个门、45个纲、101个目、213个科、432个属、702个种、1 714个OTU;背景土壤(BG)细菌不同分类水平数量分别为:12个门、35个纲、79个目、160个科、313个属、488个种、1 097个OTUs。

### 2.3 不同辣椒素含量品种根际土壤微生物群落多样性分析

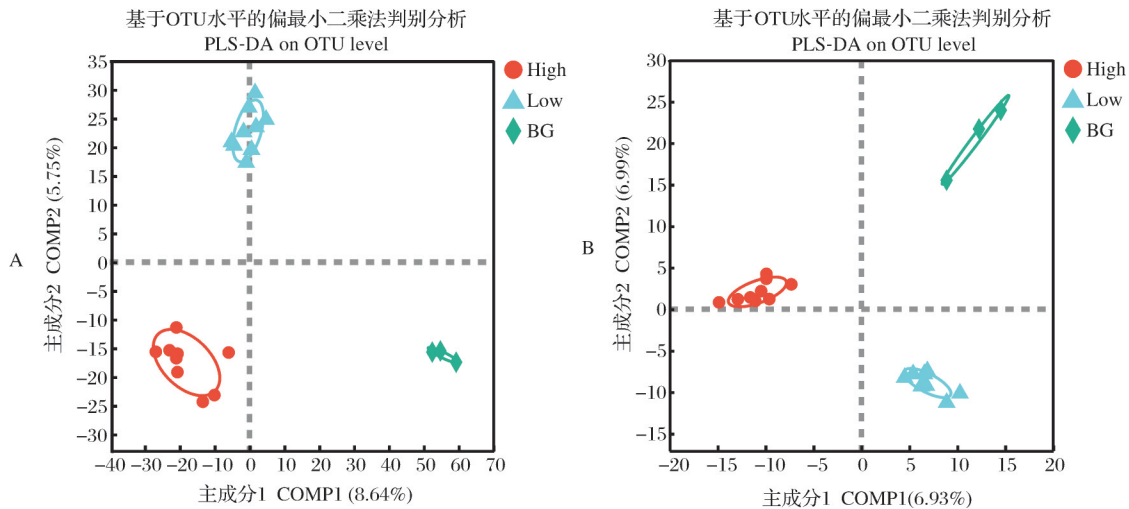
由表3可知,样本覆盖率均达到97%以上,说明测序结果能够代表样本中细菌及真菌的多样性。其中,表征细菌多样性的 Shannon、Simpson 指数在高低辣椒素含量品种以及背景土壤之间均无显著差异;表征细菌丰富度的 Ace 和 Chao1 指数在高低辣椒素含量品种之间亦不存在显著差异,仅背景土壤(BG)细菌的丰富度显著高于相应的高辣椒素含量品种根际土壤。不同辣椒素含量品种根际土壤真菌的 Shannon、Simpson、ACE 和 Chao1 指数均不存在显著差异,说明不同辣椒素含量品种根际土壤真菌群落多样性与丰富度均不存在显著差异。

基于 OTU 水平的偏最小二乘法判别分析(partial least squares discriminant analysis, PLS-DA)结果显示,高和低辣椒素含量品种根际土壤以及背景土壤的细菌群落和真菌群落均分布于不同象限,不存在任何交集,表明不同辣椒素含量品种根际土壤以及背景土壤中细菌和真菌的群落结构均存在显著差异(图1)。

表3 不同辣椒素含量品种根际土壤微生物群落的Alpha多样性指数

Table 3 Alpha diversity indices of soil microbial communities in rhizospheres of peppers with varying capsaicin contents

类型 Types	品种 Varieties	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Ace指数 Ace index	Chao1指数 Chao1 index	覆盖率/% Coverage
细菌 Bacteria	高辣椒素含量 High capsaicin content	6.44±0.17a	0.010 6±0.004 7a	4 533.70±262.69b	4 328.10±237.11b	98
	低辣椒素含量 Low capsaicin content	6.56±0.11a	0.008 8±0.003 7a	4 711.10±113.02ab	4 517.70±104.67ab	98
	背景土壤 Background soil	6.64±0.14a	0.010 8±0.005 5a	4 958.40±47.61a	4 740.50±33.88a	97
真菌 Fungi	高辣椒素含量 High capsaicin content	2.61±0.20a	0.288 0±0.036 7a	591.67±69.84a	593.80±73.57a	99
	低辣椒素含量 Low capsaicin content	2.72±0.19a	0.275 7±0.041 6a	676.90±85.15a	673.35±86.16a	99
	背景土壤 Background soil	2.68±0.29a	0.293 5±0.053 2a	694.51±24.18a	692.68±23.25a	99



High: 高辣椒素含量品种 Pepper plants with high capsaicin content; Low: 低辣椒素含量品种 Pepper plants with low capsaicin content; BG: 背景土壤 Background soil. 下同 The same as below.

图1 不同辣椒素含量品种根际土壤细菌(A)和真菌(B)的群落结构

Fig. 1 Community structure of soil bacteria (A) and fungi (B) in rhizospheres of peppers with varying capsaicin contents

### 2.4 不同辣椒素含量品种根际土壤微生物群落结构组成

1) 根际土壤细菌群落组成。由图2可知,不同辣椒素含量品种根际土壤中,相对丰度占比大于1%的优势细菌门类数量均为9个,分别为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)、髌骨细菌门(Patescibacteria)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和黏菌门(Myxococcota)。虽然不同辣椒素含量品种根际土壤中优势细菌群落组成相同,但它们的丰度占比表现各异。低辣椒素含量品种根际土壤中,绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteriota)细菌的相对丰度占比显著高于相应的高含量品种,其余细菌门类在两者之间均无显著差异。

属分类水平上,不同辣椒素含量品种根际土壤中,不同辣椒素含量植株根际土壤中,优势细菌属(相对丰度占比大于1%)数量分别为19个和20个(图3)。其中,共有的优势细菌属分类数量为19个,分别为芽孢杆菌属(*Bacillus*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、norank\_f\_LWQ8、norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_Gitt-GS-136、norank\_f\_Gemmatimonadaceae、norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_KD4-96、norank\_f\_JG30-KF-CM45、链霉菌属(*Streptomyces*)、norank\_f\_67-14、norank\_f\_norank\_o\_Vicinamibacterales、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、norank\_f\_norank\_o\_Gaiellales、类诺卡氏菌属(*Nocardioideis*)、大理石杆菌属(*Marmoricola*)、norank\_f\_Roseiflexaceae、norank\_f\_norank\_o\_Saccharimonadales、交替赤杆菌属(*Altererythrobacter*)、norank\_f\_

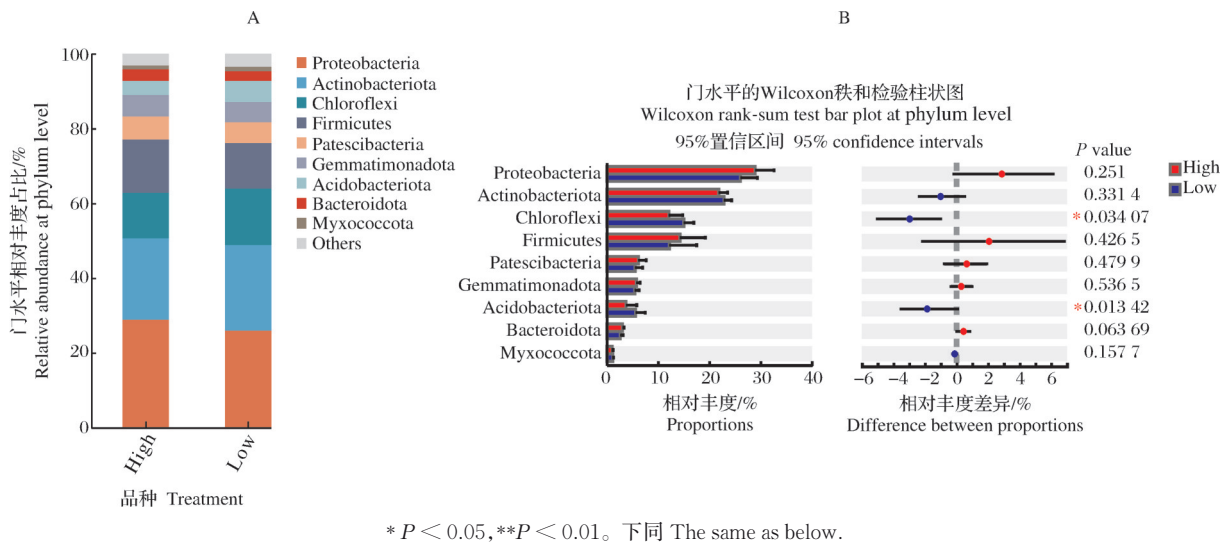


图2 不同辣椒素含量品种根际土壤细菌门分类组成(A)和Wilcoxon秩和检验(B)

Fig. 2 Proportions (A) and Wilcoxon rank-sum test (B) of soil bacteria in rhizospheres of peppers with different capsaicin contents at phylum level

JG30-KF-AS9。此外, norank\_f\_Vicinamibacteraceae 是低辣椒素含量品种根际土壤中特有的优势细菌属。同时, Wilcoxon 秩和检验发现, 低含量品种根际土壤中, norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_Gitt-GS-136、norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_KD4-96 和 norank\_f\_norank\_o\_Vicinamibacterales 属细菌的丰度占比显著高于相应的高含量品种, 但其余优势细菌属在两者之间均不存在显著差异。

2) 根际土壤真菌群落组成。由图4可知, 门分类水平上, 不同辣椒素含量品种根际土壤中, 相对丰度占比大于1%的优势真菌门类数量均为3个, 分别为子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)。Wilcoxon 秩和检验发现, 高辣椒素含量品种根际土壤中, 被孢霉门(Mortierellomycota)真菌相对丰度占比显著高于相应的低含量品种。

属分类水平上, 不同辣椒素含量品种根际土壤中, 高和低辣椒素含量品种根际土壤中优势真菌属(占比大于1%)数量分别为6个和9个。其中, 二者之间共有的优势真菌属数量为6个, 分别为毛壳菌属(*Chaetomium*)、青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、被孢霉属(*Mortierella*)、腐质霉属(*Humicola*)、木霉属(*Trichoderma*); 另一方面, 茎点霉属(*Phoma*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、*Plectosphaerella* 属真菌是低含量品种根际土壤中特有的优势真菌属。Wilcoxon 秩和检验发现, 低含量品种根际土壤中, 曲

霉属、镰刀菌属真菌丰度占比显著高于高含量品种, 但孢霉属、腐质霉属真菌的丰度占比则显著低于高含量品种(图5)。

## 2.5 不同辣椒素含量品种根际土壤微生物群落结构组成差异

基于LEfSe分析( $P < 0.05$ , LDA score  $> 3.0$ )对不同辣椒素含量品种根际土壤微生物群落结构进行比较, 结果显示, 卡斯特兰尼氏菌属(*Castellaniella*)细菌是高辣椒素含量品种根际土壤中显著富集的优势细菌属; 与之相比, norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_Gitt-GS-136、norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_KD4-96、norank\_f\_norank\_o\_Vicinamibacterales、norank\_f\_Vicinamibacteraceae、海草球菌属(*Phycoccus*)细菌则是低含量品种根际土壤中显著富集的优势细菌属(图6)。

不同辣椒素含量品种根际土壤真菌群落结构亦存在显著差异。其中, 被孢霉属(*Mortierella*)和腐质霉属(*Humicola*)真菌是高辣椒素含量品种根际土壤中显著富集的优势真菌属; 与之相比, 曲霉属(*Aspergillus*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、*Albifimbria* 属真菌则是低含量品种根际土壤中显著富集的优势真菌属(图7)。

## 2.6 辣椒素含量与根际土壤微生物群落相关性分析

基于Spearman分析辣椒素和二氢辣椒素含量与属分类水平总丰度前30的细菌和真菌群落组成之间的相关性。结果显示, 不同辣椒素含量品种根际土

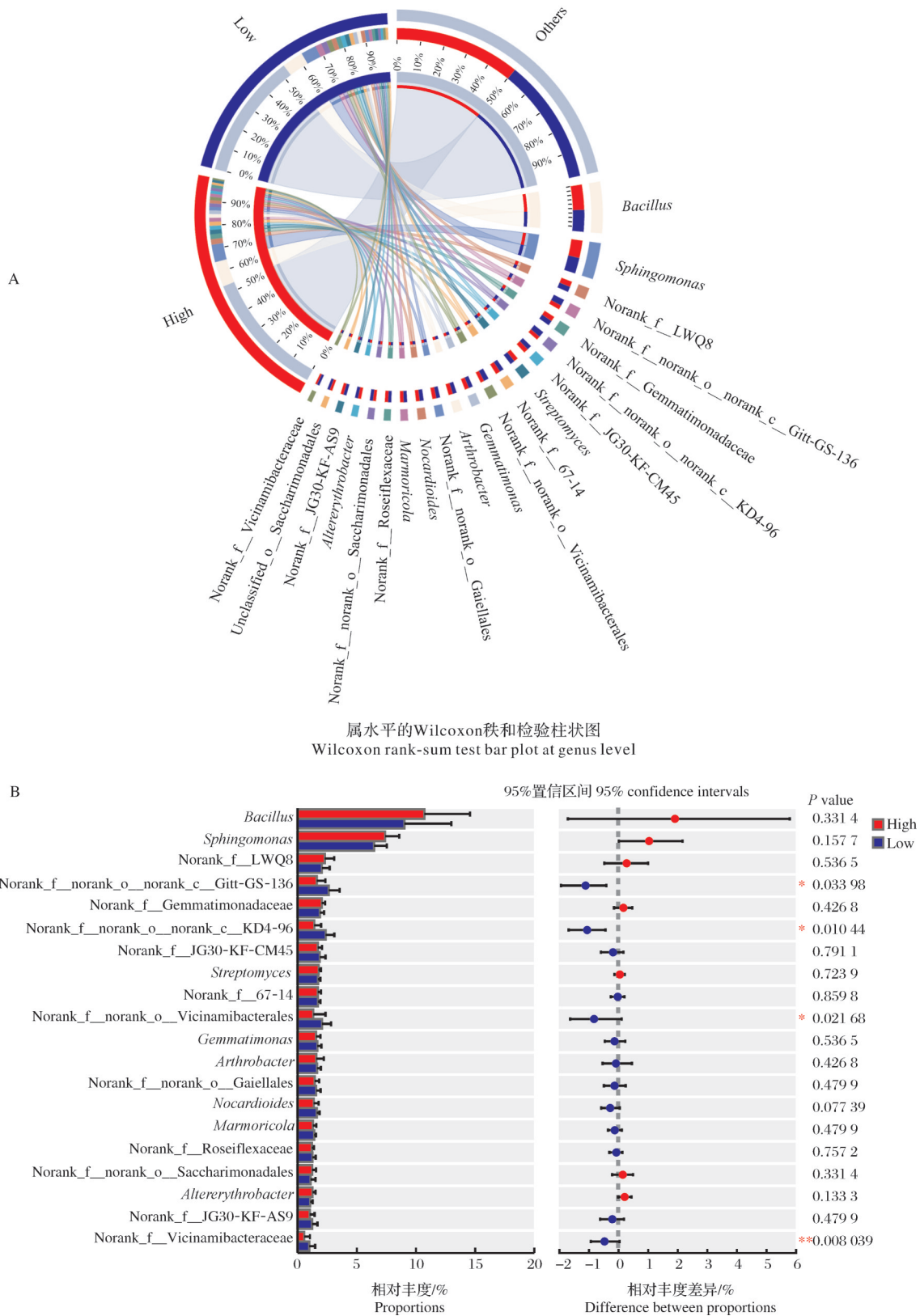


图3 不同辣椒素含量品种根际土壤细菌属分类组成(A)和Wilcoxon秩和检验(B)

Fig. 3 Proportions (A) and Wilcoxon rank-sum test (B) of soil bacteria in rhizospheres of peppers with different capsaicin contents at genus level

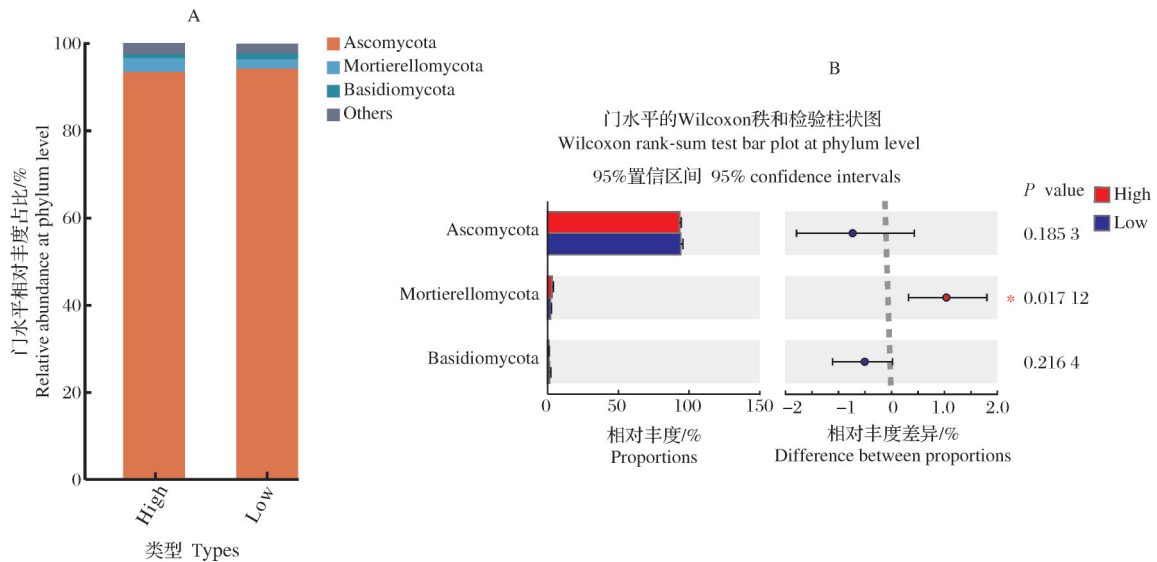


图4 不同辣椒素含量品种根际土壤真菌门分类组成(A)和Wilcoxon秩和检验(B)

Fig. 4 Proportions (A) and Wilcoxon rank-sum test (B) of soil fungi in rhizospheres of peppers with different capsaicin contents at phylum level

壤细菌中,德沃斯氏菌属(*Devosia*)与辣椒素和二氢辣椒素含量均呈显著正相关;而norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_KD4-96与辣椒素含量呈极显著负相关,且与二氢辣椒素含量呈显著负相关;同时,norank\_f\_Vicinamibacteraceae、norank\_f\_norank\_o\_Gaiellales、类诺卡氏菌属(*Nocardioideis*)、海草球菌属(*Phycococcus*)细菌均与辣椒素和二氢辣椒素含量呈显著负相关,norank\_f\_norank\_o\_norank\_c\_Gitt-GS-136、norank\_f\_norank\_o\_Vicinamibacterales属细菌则与辣椒素含量呈显著负相关(图8A)。

另一方面,不同辣椒素含量品种根际土壤真菌中,毛壳菌属(*Chaetomium*)真菌与辣椒素含量呈显著正相关,腐质霉属(*Humicola*)真菌亦与二氢辣椒素含量呈显著正相关;而新赤壳属(*Neocosmospora*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、沙门氏菌属(*Sagenomella*)和紫孢霉属(*Purpureocillium*)真菌均与辣椒素和二氢辣椒素含量呈显著负相关,且篮状菌属(*Talaromyces*)真菌与辣椒素含量呈显著负相关(图8B)。

### 3 讨论

迄今为止的研究已证实,根际微生物是土壤生态系统中极其重要的组成部分,参与土壤生态系统中生物化学循环和能量流动,包括碳、氮、磷和硫等养分的循环和土壤有机质的分解,对植物的生长发育有着不可替代的作用<sup>[25]</sup>。同时,根际土壤微生物

可产生植物外源激素,直接或间接影响植物生长<sup>[14]</sup>。

本研究发现,门分类水平上,虽然不同辣椒素含量品种根际土壤中拥有相同的优势细菌门类,但它们的相对丰度占比存在差异。与低含量品种相比,高含量品种根际土壤中,变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门细菌丰度占比增加;由于变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门细菌不仅具有固氮功能<sup>[26]</sup>,且变形菌门和厚壁菌门细菌具有解磷作用<sup>[27]</sup>。由此推断:变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门细菌大量富集于高含量品种根际土壤中,有助于促进高含量品种对土壤氮、磷等养分的吸收,间接影响了辣椒素含量。

属分类水平上,与低辣椒素含量品种相比,高含量品种根际土壤中,芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属细菌的丰度占比更高。其中,芽孢杆菌属细菌具有固氮、解磷、促生和抗病能力<sup>[28]</sup>;而鞘氨醇单胞菌属细菌亦已证实不仅具有固氮、溶解磷酸盐功能,而且具有产生赤霉素、水杨酸、脱落酸等植物激素的功能<sup>[29]</sup>。基于LEfSe分析发现,卡斯特兰尼氏菌属细菌亦是高含量品种根际土壤中显著富集的优势细菌属。至今的研究已证实,卡斯特兰尼氏菌属细菌是重要的反硝化细菌,能够将硝酸盐还原为氮气,从而在氮循环中发挥关键作用<sup>[30]</sup>。由此推测,芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属和卡斯特兰尼氏菌属细菌大量富集于高含量品种根际土壤中,提高了土壤氮的供给,间接促进了辣椒果实中辣椒素的合成与积累。

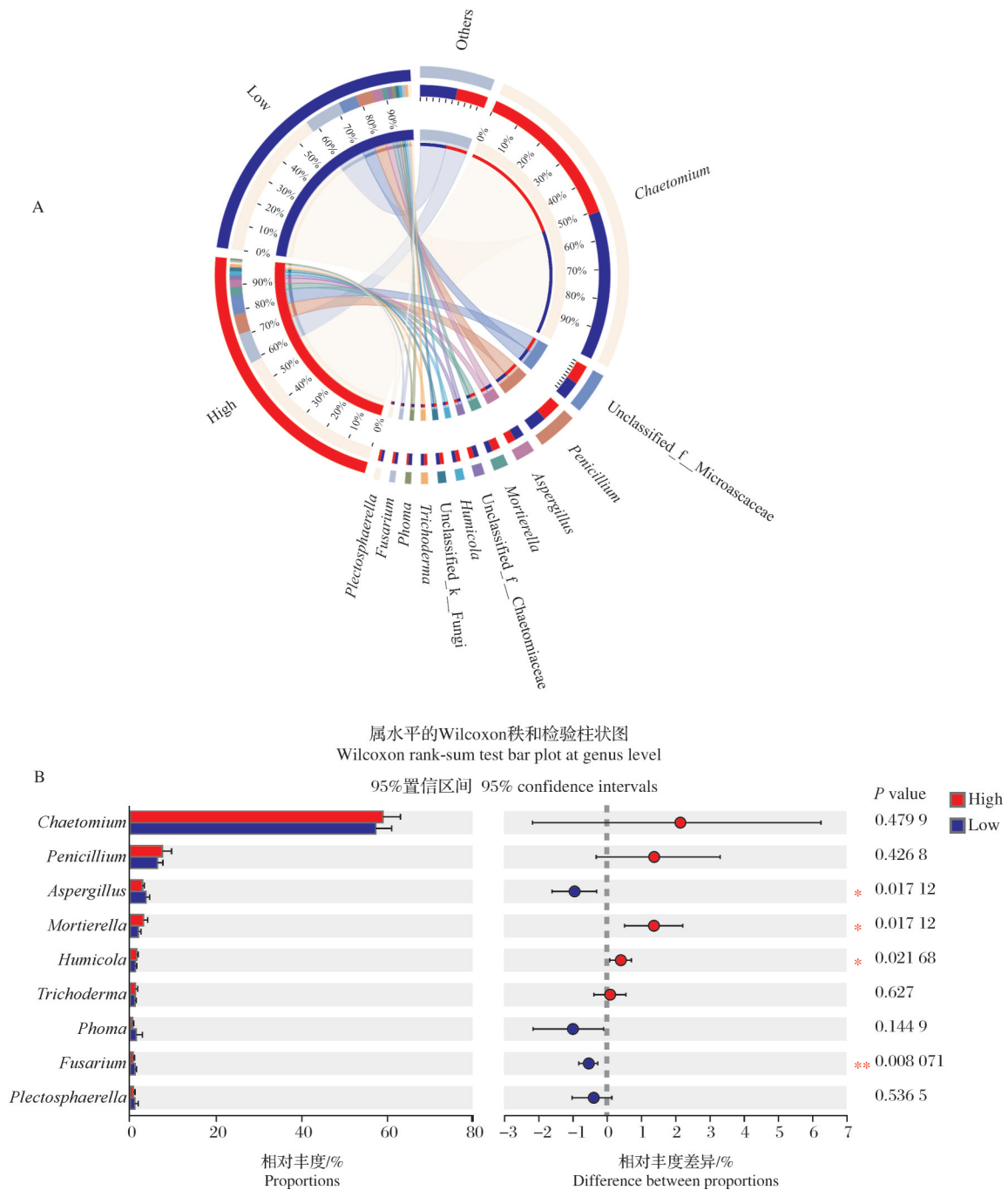


图5 不同辣椒素含量品种根际土壤真菌属分类组成(A)和Wilcoxon秩和检验(B)  
Fig. 5 Proportions (A) and Wilcoxon rank-sum test (B) of soil fungi in rhizospheres of peppers with different capsaicin contents at genus level

另一方面,高辣椒素含量品种根际土壤中,被孢霉门真菌的相对丰度占比显著高于相应的低含量品种。被孢霉门真菌不仅具有产植物激素(例如赤霉素、吲哚乙酸等)的作用,而且可为植物提供磷等营养物质<sup>[31]</sup>。属分类水平上,高辣椒素含量品种根际土壤中,被孢霉属、腐质霉属真菌丰度占比亦显著高于相应的低含量品种。至今的研究已证实,被孢霉

属真菌具有分解有机物释放养分,提高土壤中速效氮、有效磷含量的作用<sup>[32]</sup>。由此推测,被孢霉门、被孢霉属真菌大量富集于高辣椒素含量辣椒品种根际土壤中,间接提高了土壤中氮的供给,进而促进了辣椒素的合成与积累。

此外,基于Spearman分析发现,德沃斯氏菌属细菌与辣椒素和二氢辣椒素含量均呈显著正相关;研

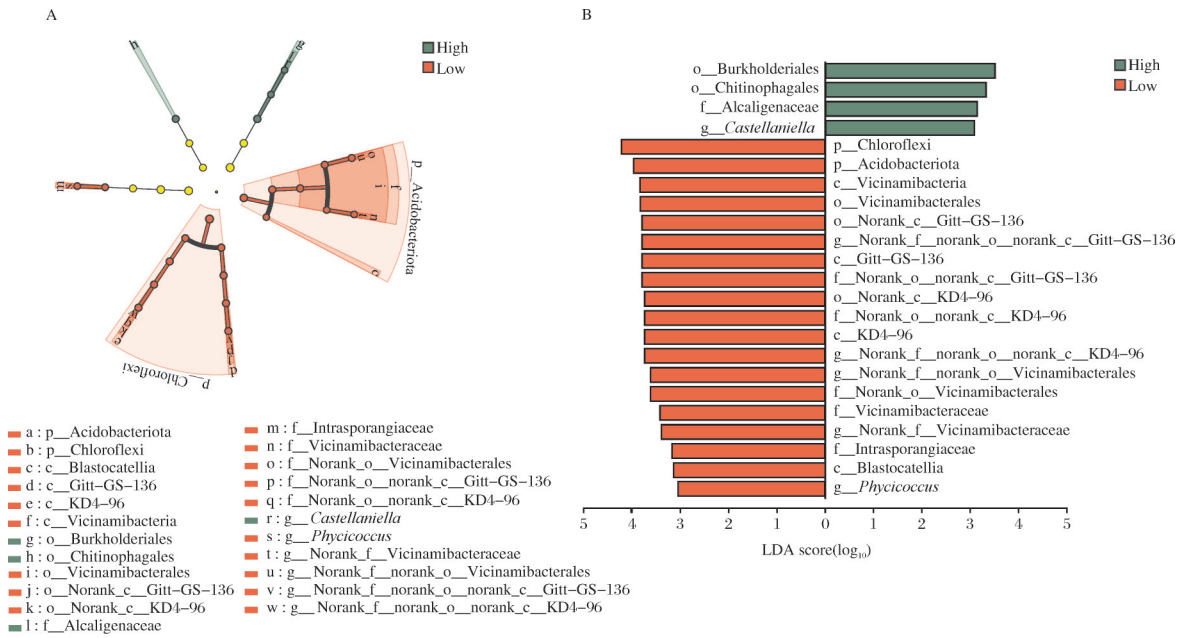


图 6 不同辣椒素含量品种根际土壤细菌 LEfSe 多级物种层级树图(A)和 LDA 判别柱图(B)

Fig. 6 Multi-level species hierarchical tree diagram (A) and LDA discriminant histogram (B) for LEfSe analysis of soil bacteria in rhizospheres of peppers different capsaicin contents

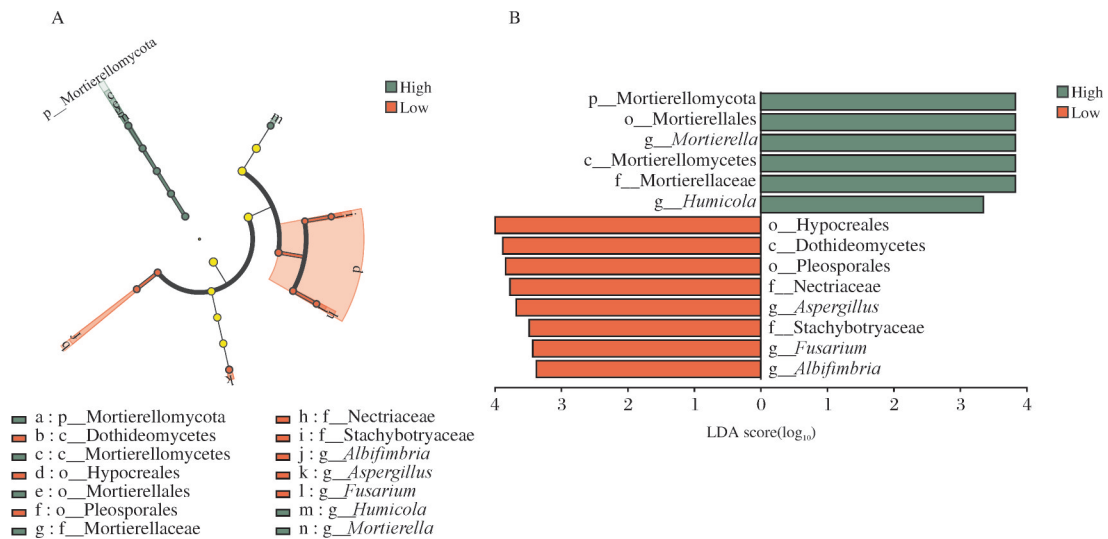


图 7 不同辣椒素含量品种根际土壤真菌 LEfSe 多级物种层级树图(A)和 LDA 判别柱图(B)

Fig. 7 Multi-level species hierarchical tree diagram (A) and LDA discriminant histogram (B) for LEfSe analysis of soil fungi in rhizospheres of peppers with different capsaicin contents

究已证实,德沃斯氏菌属细菌具有固氮作用<sup>[33]</sup>,表明德沃斯氏菌属细菌可能通过改善植物的氮供应,间接促进了辣椒素和二氢辣椒素的生物合成。

综上所述,与低辣椒素含量品种相比,高含量品种根际土壤中,不仅富集了具有固氮、解磷功能的变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门等优势细菌门类,而且富集了具有产赤霉素、水杨酸功能的芽孢杆菌属、鞘氨醇单胞菌属和卡斯特兰尼氏菌属等优势细菌属,以及被孢霉门、被孢霉属和腐质霉属真菌等优势真

菌门类;富集的优势微生物门类可能直接或间接地影响了高含量品种根际土壤微环境中氮、磷的供给水平,从而参与调控辣椒素的生物合成。这些微生物可被视为潜在的功能微生物资源。由于本研究主要基于高通量测序与统计关联分析来揭示微生物与辣椒素含量的相关性,未能直接验证这些微生物在氮、磷代谢及辣椒素生物合成途径中的功能机制。未来可通过分离纯化菌株、稳定同位素探针、基因敲除/突变等分子生物学方法,进一步验

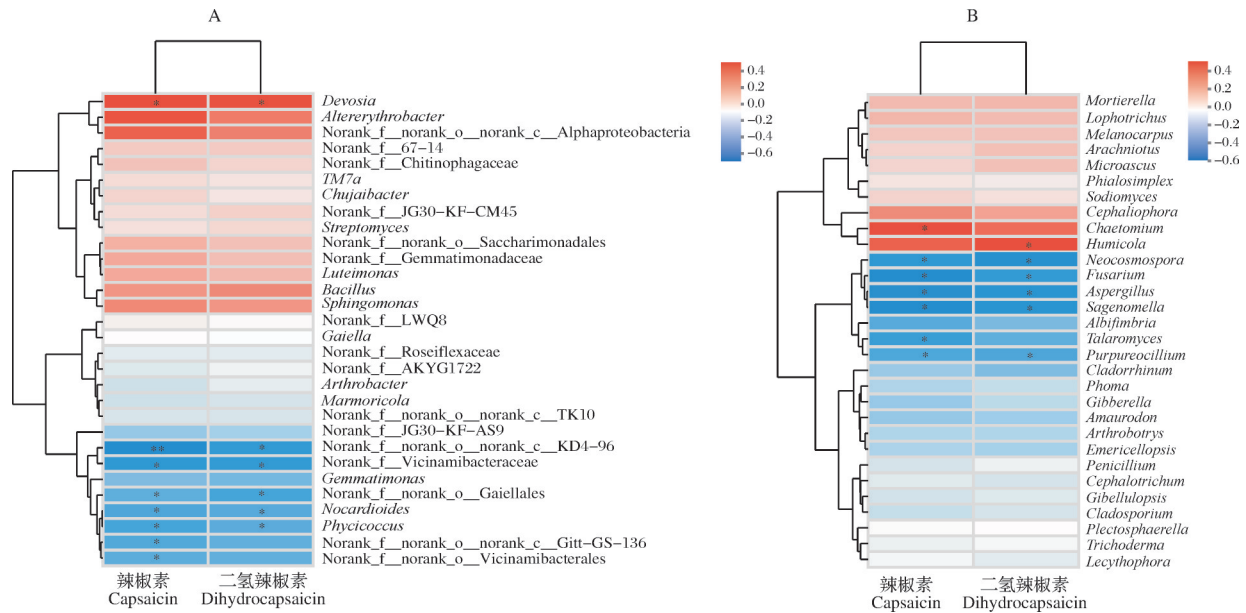


图8 辣椒素、二氢辣椒素含量与丰度占比前30细菌属(A)和真菌属(B)的相关性热图

Fig. 8 Heatmap of the correlation between capsaicin, dihydrocapsaicin contents and the top 30 abundant bacterial (A) and fungal genera (B)

证关键微生物对根际氮磷供应和辣椒素合成的作用。

### 参考文献 References

- [1] 邹学校. 辣椒遗传育种学[M]. 北京: 科学出版社, 2009. ZOU X X. Pepper genetics and breeding[M]. Beijing: Science Press, 2009 (in Chinese).
- [2] 邹学校, 朱凡. 辣椒的起源、进化与栽培历史[J]. 园艺学报, 2022, 49(6): 1371-1381. ZOU X X, ZHU F. Origin, evolution and cultivation history of the pepper[J]. Acta horticulturae sinica, 2022, 49(6): 1371-1381 (in Chinese with English abstract).
- [3] 赵梓淇. 基于转录组测序辣椒MYB转录因子对辣椒素调控作用研究[D]. 长春: 吉林大学, 2021. ZHAO Z Q. Regulation of capsaicin by pepper MYB transcription factor based on transcriptome sequence[D]. Changchun: Jilin University, 2021 (in Chinese with English abstract).
- [4] 杨笋. 辣椒中辣椒素类物质和营养品质及相关酶活性变化规律的研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2020. YANG S. Study on the changes of capsaicinoids and nutritional quality and related enzymes in pepper[D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2020 (in Chinese with English abstract).
- [5] AZA-GONZÁLEZ C, NÚÑEZ-PALENIUS H G, OCHOA-ALEJO N. Molecular biology of capsaicinoid biosynthesis in chili pepper (*Capsicum* spp.) [J]. Plant cell reports, 2011, 30(5): 695-706.
- [6] 常晓轲. 干辣椒品种资源评价和栽培条件对辣椒素、辣椒红色素含量的影响[D]. 泰安: 山东农业大学, 2014. CHANG X K. Evaluations of capsicum variety and effect of cultivation conditions on capsaicin and capsicum red pigment contents [D]. Tai'an: Shandong Agricultural University, 2014 (in Chinese with English abstract).
- [7] NAVES E R, DE ÁVILA SILVA L, SULPICE R, et al. Capsaicinoids: pungency beyond Capsicum [J]. Trends in plant science, 2019, 24(2): 109-120.
- [8] 杨淑艳, 李井会, 朱丽丽. 光照强度对干辣椒果实品质的影响 [J]. 北方园艺, 2009(2): 65-67. YANG S Y, LI J H, ZHU L L. Effects of light intensity on quality of pepper fruits [J]. Northern horticulture, 2009(2): 65-67 (in Chinese with English abstract).
- [9] 王龙飞, 成善汉, 夏枫, 等. 干旱胁迫对海南黄灯笼辣椒辣味及相关生理生化指标的影响 [J]. 热带生物学报, 2018, 9(2): 207-213. WANG L F, CHENG S H, XIA F, et al. Effects of water stress on pungency of hot pepper (*Capsicum chinense* Jacquin) and related physiological and biochemical indexes [J]. Journal of tropical biology, 2018, 9(2): 207-213 (in Chinese with English abstract).
- [10] 张海英. 盐胁迫和碱胁迫对制干辣椒生长发育及果实品质的影响 [D]. 石河子: 石河子大学, 2019. ZHANG H Y. Effects of salt stress and alkali salt stress on the growth and fruit quality of the industry pepper [D]. Shihezi: Shihezi University, 2019 (in Chinese with English abstract).
- [11] IWAI K, SUZUKI T, FUJIWAKE H. Formation and accumulation of pungent principle of hot pepper fruits, capsaicin and its analogues, in *Capsicum annuum* var. *annuum* cv. karayatsubusa at different growth stages after flowering [J]. Agricultural and biological chemistry, 1979, 43(12): 2493-2498.
- [12] JOHNSON C D, DECOTEAU D R. Nitrogen and potassium fertility affects jalapeño pepper plant growth, pod yield, and pungency [J]. HortScience, 1996, 31(7): 1119-1123.

- [13] MEDINA-LARA F, ECHEVARRÍA-MACHADO I, PACHECO-ARJONA R, et al. Influence of nitrogen and potassium fertilization on fruiting and capsaicin content in Habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) [J]. HortScience, 2008, 43(5):1549-1554.
- [14] 魏宇飞,覃仁柳,丁点草,等.不同生育期番茄植株根际土壤微生物群落结构特征[J].华中农业大学学报,2024,43(1):9-21.WEI Y F, QIN R L, DING D C, et al. Structural characteristics of soil microbial community in rhizospheres of tomatoes during different growth periods [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2024, 43(1):9-21 (in Chinese with English abstract).
- [15] 刘京伟,李香真,姚敏杰.植物根际微生物群落构建的研究进展[J].微生物学报,2021,61(2):231-248.LIU J W, LI X Z, YAO M J. Research progress on assembly of plant rhizosphere microbial community [J]. Acta microbiologica sinica, 2021, 61(2):231-248 (in Chinese with English abstract).
- [16] WANG B, CHEN C, XIAO Y M, et al. Trophic relationships between protists and bacteria and fungi drive the biogeography of rhizosphere soil microbial community and impact plant physiological and ecological functions [J/OL]. Microbiological research, 2024, 280: 127603 [2025-04-23]. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2024.127603>.
- [17] PANG Z Q, CHEN J, WANG T H, et al. Linking plant secondary metabolites and plant microbiomes: a review [J/OL]. Frontiers in plant science, 2021, 12: 621276 [2025-04-23]. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.621276>.
- [18] COTTON T E A, PÉTRIACQ P, CAMERON D D, et al. Metabolic regulation of the maize rhizobiome by benzoxazinoids [J]. The ISME journal, 2019, 13(7):1647-1658.
- [19] SU J M, WANG Y Y, BAI M, et al. Soil conditions and the plant microbiome boost the accumulation of monoterpenes in the fruit of *Citrus reticulata* 'Chachi' [J/OL]. Microbiome, 2023, 11(1):61 [2025-04-23]. <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01504-2>.
- [20] LI X, ZHANG Y, ZHOU C, et al. The changes of rhizosphere microbial communities in pepper varieties with different capsaicinoids [J/OL]. Frontiers in microbiology, 2024, 15: 1430682 [2025-04-23]. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1430682>.
- [21] 庞师婵,郭霜,任奎瑜,等.番茄/茄子嫁接对其根际土壤生物学性状及细菌群落结构的影响[J].园艺学报,2020,47(2):253-263.PANG S C, GUO S, REN K Y, et al. Impact of grafting on soil microbial properties and bacterial community structure in tomato rhizosphere [J]. Acta horticulturae sinica, 2020, 47(2):253-263 (in Chinese with English abstract).
- [22] 张敏,靳泽荣,伏华,等.辣椒及其制品中辣椒素含量检测及辣度分级[J].食品安全导刊,2021(16):49-51.ZHANG M, JIN Z R, FU H, et al. Determination of capsaicin content and classification of spicy degree in pepper and its products [J]. China food safety magazine, 2021(16):49-51 (in Chinese with English abstract).
- [23] XU N, TAN G C, WANG H Y, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure [J]. European journal of soil biology, 2016, 74:1-8.
- [24] ADAMS R I, MILETTO M, TAYLOR J W, et al. Dispersal in microbes: fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances [J]. The ISME journal, 2013, 7(7):1262-1273.
- [25] 邓增卓玛,马文明,周青平,等.基于文献计量分析的国内外根际土壤微生物研究进展[J].中国土壤与肥料,2022(6):236-246.DENGZENG Z M, MA W M, ZHOU Q P, et al. Research progress of rhizosphere soil microorganism at home and abroad based on bibliometric analysis [J]. Soil and fertilizer sciences in China, 2022(6):236-246 (in Chinese with English abstract).
- [26] 艾超,赵远征,张俐予,等.禾本科作物联合固氮研究进展[J].植物营养与肥料学报,2024,30(7):1307-1321.AI C, ZHAO Y Z, ZHANG L Y, et al. Research progress on associative nitrogen fixation of gramineous crops [J]. Journal of plant nutrition and fertilizers, 2024, 30(7):1307-1321 (in Chinese with English abstract).
- [27] 夏围围,张泽霖,邹萌萌,等.培养基和代次影响土壤可培养解磷菌多样性评估[J].土壤学报,2024,61(6):1680-1693.XIA W W, ZHANG Z L, ZOU M M, et al. Culture media and generations influence diversity assessment of soil culturable phosphate-solubilizing bacteria [J]. Acta pedologica sinica, 2024, 61(6):1680-1693 (in Chinese with English abstract).
- [28] 杨荣,高婷,李滢璟,等.辣椒根际促生菌的分离筛选及抗病促生特性研究[J].生物技术通报,2020,36(5):104-109.YANG M, GAO T, LI Y J, et al. Isolation and screening of plant growth-promoting rhizobacteria in pepper and their disease-resistant growth-promoting characteristics [J]. Biotechnology bulletin, 2020, 36(5):104-109 (in Chinese with English abstract).
- [29] 刘辉,韦璐璐,朱龙发,等.鞘氨醇单胞菌的研究进展[J].微生物学通报,2023,50(6):2738-2752.LIU H, WEI L L, ZHU L F, et al. Research progress of *Sphingomonas* [J]. Microbiology China, 2023, 50(6):2738-2752 (in Chinese with English abstract).
- [30] GOFF J L, SZINK E G, DURRENCE K L, et al. Genomic and environmental controls on *Castellaniella* biogeography in an anthropogenically disturbed subsurface [J/OL]. Environmental microbiome, 2024, 19(1):26 [2025-04-23]. <https://doi.org/10.1186/s40793-024-00570-9>.
- [31] ZHU J J, NIU W Q, ZHANG Z H, et al. Distinct roles for soil bacterial and fungal communities associated with the availability of carbon and phosphorus under aerated drip irrigation [J/OL]. Agricultural water management, 2022, 274: 107925 [2025-04-23]. <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2022.107925>.

- [32] 宁琪,陈林,李芳,等.被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J].土壤学报,2022,59(1):206-217. NING Q, CHEN L, LI F, et al. Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil[J]. *Acta pedologica sinica*, 2022, 59(1):206-217 (in Chinese with English abstract).
- [33] RIVAS R, VELÁZQUEZ E, WILLEMS A, et al. A new species of *Devosia* that forms a unique nitrogen-fixing root-nodule symbiosis with the aquatic legume *Neptunia natans* (L. f.) druce [J]. *Applied and environmental microbiology*, 2002, 68(11):5217-5222.

## Analysis of rhizosphere microbial communities structure differences and screening of functional taxa in pepper with different capsaicinoid content

LI Xinni<sup>1</sup>, DAI Wanzhi<sup>1</sup>, LIN Xinru<sup>1</sup>, LIAO Liyuan<sup>1</sup>, LU Wen<sup>2</sup>, YANG Shangdong<sup>1</sup>

1. College of Agriculture/Guangxi Zhuang Autonomous Region Key Laboratory of Agricultural Products Safety/National Experimental Teaching Demonstration Center of Plant Science, Guangxi University, Nanning 530004, China;

2. Institute of Agricultural Sciences, Fusui County, Guangxi Zhuang Autonomous Region, Chongzuo 532199, China

**Abstract** The potentially functional microorganisms involved in the synthesis of capsaicin were identified to study the differences in the structure of rhizosphere microbial communities between pepper varieties associated with the content of capsaicin. High-throughput sequencing technology was used to analyze the rhizosphere microbial communities in soil of pepper varieties with the high and low content of capsaicin. LEfSe ( $LDA > 3.0$ ,  $P < 0.05$ ) and Spearman correlation analysis were combined to screen key taxa. The results showed that there were no significant differences in the diversity and abundance of bacterial and fungal communities in the rhizosphere soil of pepper plants from varieties with different content of capsaicin. There were significant differences in the community structure of bacteria and fungi between pepper varieties with high and low content of capsaicin in the rhizosphere soil and background soil. Compared with varieties with low content of capsaicin, varieties with high content of capsaicin had an increase in the abundance of *Proteobacteria*, *Firmicutes*, and *Bacteroidota* in the rhizosphere. *Bacillus* and *Sphingomonas* were the major differential bacterial genera. *Castellaniella* bacteria were also a dominant bacterial genus significantly enriched in the rhizosphere soil of varieties with high content of capsaicin. Varieties with high content of capsaicin were significantly enriched by *Mortierella* and *Humicola* fungi. The genus *Devosia* was significantly positively correlated with the content of capsaicin and dihydrocapsaicin among bacterial taxa in rhizospheres of varieties with high and low content of capsaicin.

**Keywords** pepper; varieties; capsaicins; rhizosphere; microbial community

(责任编辑:葛晓霞)