

工程碎石土环境中枯草芽孢杆菌对高羊茅生长的影响

白金鑫¹, 詹登海¹, 石立豪¹, 胡芸菲¹, 韩洪瑞¹, 罗正宇^{1,2*}

1. 成都理工大学生态环境学院, 四川 成都 610059

2. 国家环境保护水土污染协同控制与联合修复重点实验室, 四川 成都 610059

摘要: 高羊茅(*Festuca arundinacea*)作为抗逆性强、适应性广的禾本科植物,广泛应用于生态修复与护坡工程,但在工程碎石土(松散贫瘠、微生物匮乏的隧道钻爆产物)中生长受限。研究表明,高羊茅根系通过分泌有机物质为微生物提供碳源并调节土壤酶活性,但碎石土的低粘结性与养分匮乏等限制因素仍严重影响植物的生长。植物-微生物协同修复是改善此类逆境的有效策略,其中根际促生菌(PGPR)如枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)可通过分泌有机酸、解磷解钾及诱导抗逆性促进植物生长,而高羊茅根系分泌物作为碳源提高了微生物群落的稳定性,二者形成互惠关系。然而,现有研究多聚焦常规土壤环境,碎石土基质下两者的相关性尚不明确。本试验通过室内盆栽实验,选用高羊茅为植物材料,分别添加营养液和枯草芽孢杆菌进行处理,研究人工干预下碎石土养分、酶活力的变化对高羊茅生长状态的影响。结果表明:与对照组相比,营养液的引入提高了有机碳和铵态氮含量,但碎石土保水性差导致养分流失。枯草芽孢杆菌和高羊茅互作可改良碎石土,显著提升有机碳、速效磷、速效钾和硝态氮含量,促进养分积累。蔗糖酶和脲酶活性在两处理组中均不同程度提高,促进高羊茅生物量积累。蔗糖酶对根冠比与地下干重的贡献在枯草芽孢杆菌和养分处理组下均呈现不同程度的提高且显著优于对照组,而全磷、全钾对根冠比与地下干重的贡献仅在枯草芽孢杆菌处理组中显著增强。本研究可为改善高羊茅在碎石土中的不良长势提供可行性措施。

关键词: 碎石土; 高羊茅; 根际促生菌; 酶活力; 土壤养分

中图分类号: S154.34

文献标识码: A

文章编号: 1000-2324(2026)01-0013-10

Effect of *bacillus subtilis* on the Growth of *Festuca arundinacea* in Engineered Gravel Soil

BAI Jin-xin¹, ZHAN Deng-hai¹, SHI Li-hao¹, HU Yun-fei¹, HAN Hong-rui¹, LUO Zheng-yu^{1,2*}

1. School of Ecology and Environment/Chengdu University of Technology, Chengdu 610059, China

2. Key Laboratory of Synergistic Control and Joint Remediation of Soil and Water Pollution for National Environmental Protection, Chengdu 610059, China

Abstract: *Festuca arundinacea*, a resilient and widely adapted graminaceous plant, is widely used in ecological restoration and slope protection projects. However, its growth is limited in engineered gravel soil—a loose, infertile, and microbe-deficient product of tunnel drilling and blasting. Studies have shown that the root system of *F. arundinacea* provides a carbon source for microorganisms and regulates soil enzymes by secreting organic substances. Nevertheless, limitations such as the low cohesion and nutrient deficiency of engineered gravel soils still severely restrict the plant growth. Plant-microbe synergistic remediation is an effective strategy to alleviate such adverse conditions. Among them, plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR), such as *Bacillus subtilis* can promote plant growth by secreting organic acids, solubilizing phosphorus and potassium, and inducing stress resistance. Meanwhile, the root exudates of *F. arundinacea* act as carbon sources to enhance the stability of the microbial community, forming a reciprocal relationship between the *F. arundinacea* and *Bacillus subtilis*. However, most existing studies focus on conventional soil environments, and the correlation between the two in engineered gravel soil substrate remains unclear. This experiment conducts an indoor pot experiment, selecting *F. arundinacea* as the plant material. It treats the plants with nutrient solution and *B. subtilis* separately to investigate the effects of changes in nutrients and enzyme activities of engineered gravel soil on the growth status of *F. arundinacea* under artificial intervention. The results show that compared with the control group, the addition of nutrient solution increases the contents of organic carbon and ammonium nitrogen, but the poor water retention capacity of engineered gravel soil leads to nutrient

收稿日期: 2025-04-01

修回日期: 2025-12-29

基金项目: 西南诸河上游重大水电工程扰动区一体化边坡防护与生态修复技术(2024YFF1307800)

第1作者简介: 白金鑫(2002-),女,本科生,研究方向:环境生态学研究。E-mail:1817203226@qq.com

*通讯作者: Author for correspondence.E-mail:luozhengyu15@cdut.edu.c

loss. The interaction between *B. subtilis* and *F. arundinacea* improves engineered gravel soil, significantly increasing the contents of organic carbon, available phosphorus, available potassium, and nitrate nitrogen, thereby promoting nutrient accumulation. Sucrase and urease activities increase to varying degrees in both treatment groups, promoting the biomass accumulation of *F. arundinacea*. The contribution of sucrase to the root-shoot ratio and belowground dry weight increases to different degrees in both the *B. subtilis* and nutrient treatment groups, which is significantly superior to that in the control group. In contrast, the contribution of total phosphorus and total potassium to the root-shoot ratio and belowground dry weight is significantly enhanced only in the *B. subtilis* treatment group. This study provides feasible measures for improving the unfavorable growth performance of *F. arundinacea* in engineered gravel soil.

Keywords: Gravel soil; *Festuca arundinacea*; plant growth-promoting rhizobacteria; enzyme activity; soil nutrients

工程碎石土通常被认为是大型工程项目过程中钻爆法产生的大颗粒贫瘠土壤,多以混杂岩为主,其结构松散,颗粒间缺乏粘结性,且微生物群落结构简单,植物在其上难以生长存活^[1,2]。罗正宇^[3]等研究表明,高羊茅在工程碎石土中可以生长,但仍需要与其它禾本科混种进而达到最佳的生长模式,且手段较复杂,仍需进一步探索高羊茅单种条件下最佳的生长方式。高羊茅(*Festuca arundinacea*),又名苇状羊茅,是禾本科羊茅属的多年生草本植物,具有抗性强,耐寒性强,抗旱能力强,适应性广,根系发达等特点,常用于园林绿化、高尔夫球场、运动场等各类草坪的水土保持,还适用于公路、铁路、河堤护坡等工程后的生态修复^[4]。高羊茅根系可以分泌有机物质,为土壤微生物提供碳源和能量,同时通过调节土壤中酶的活性,影响土壤中养分的循环^[5]。

生态修复技术是指利用自然过程或人工辅助手段,恢复受损生态系统结构和功能的技术方法,其中植物-微生物互作作为一种修复的方式,被广泛研究^[6]。其中微生物多以根际促生微生物为主(PGPM),又包含了根际促生菌(PGPR)和菌根真菌^[7]。PGPR可直接分泌植物激素或影响植物自身的激素合成来促进植物生长^[8]。因此,PGPR与植物互作可以共同增强修复效果^[9]。目前常见的PGPR主要包括芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和根瘤菌属(*Rhizobium*)等^[10]。其中枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)作为芽孢杆菌属中的一种,其可通过分泌有机酸和嗜铁素溶解矿物养分解磷解钾,增加植物根系分泌物的环境适应性及抗逆诱导特性^[11,12]。若碎石土条件下高羊茅-枯草芽孢杆菌联合应用,是否可以利用枯草芽孢杆菌分泌有机酸和酶类,促使形成以枯草芽孢杆菌为主控的根际微生物群落,进而增加土壤养分,优化

土壤结构,提高高羊茅生长长势,仍值得探讨。

因此,本研究以工程碎石土中高羊茅与枯草芽孢杆菌的供给策略为研究内容,通过室内盆栽实验,探究处理组高羊茅(CK)、处理组高羊茅+营养液(LB)、处理组高羊茅+枯草芽孢杆菌(Ba)作用过程中枯草芽孢杆菌或营养液对高羊茅生长生物量、碎石土养分、酶活力的影响^[13,14]。揭示以枯草芽孢杆菌为主控微生物群落生长环境下的土壤养分变化特征与高羊茅生长情况。为改善高羊茅在碎石土中的长势提供可行性措施,同时拓展功能菌与植物协同互作模式的应用领域,以期推动高羊茅种质资源的保护与可持续利用。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验所用的土壤样品为隧道工程钻爆法产生碎石土(图1),其基础养分含量及酶活力见表1-2。



图1 试验土样现场图

Fig. 1 On-site photograph of the test soil samples

表 1 原生碎石土养分含量
Table 1 Nutrient content of native gravel soil

指标 Indicator	含水率 Moisture content	pH 值 pH value	有机碳/ (g/kg) SOC	铵态氮/ (mg/kg) AN	速效磷/ (mg/kg) AP	速效钾/ (mg/kg) AK	硝态氮/ (mg/kg) NO ₃	全氮/ (g/kg) TN	全磷/ (g/kg) TP	全钾/ (g/kg) TK
结果	9.8±0.8	9.43±0.08	0.42±0.05	0.74±0.09	7.84±0.43	23.94±1.15	2.43±0.16	0.15±0.01	0.28±0.05	24.16±0.73

表 2 原生碎石土酶活力含量
Table 2 Enzyme activities content of native gravel soil

指标 Indicator	蔗糖酶/(U/ g)S-SC	脲酶/(U/ g)S-UE	过氧化氢酶/(U/ g)S-CAT	碱性磷酸酶/(U/ g)ALP	纤维素酶/(U/ g)S-CL
结果	82.86±2.11	32.65±2.50	1.69±0.21	618.56±46.18	6.08±0.22

供试植物:采用抗逆性强,速生禾本科植物高羊茅。

供试菌株:购买上海微生物保藏中心的枯草芽孢杆菌(ATCC6633)。

1.2 试验设计

盆栽试验于 2024 年 9 月于室内大棚种植,用浮选法选出饱满的高羊茅种子并用 10% 的 H₂O₂ 浸泡 20 min 后用无菌水冲洗干净,将消毒后的草种按 0.8 g/盆的播种量均匀播撒在装有 2.5 kg 土的塑料花盆,每种处理种植 10 盆,共计 30 盆植物。

本研究以原状碎石土种植高羊茅作为对照

组,分别设置添加 LB 养分和添加枯草芽孢杆菌菌液+LB 养分两种设计组,按照表 3 中的分组方式加入到装有碎石土的花盆中。完成播种后,每日浇水 30 mL。同时按照表 3 中的处理方式,每隔 30 d 追加一次营养液或微生物菌液;控制室内温度 20~25 °C,湿度在 20%~50%,光照时长 8~12 h,播种 120 d 后进行土壤和植物样品的采集。在每种处理中随机挑选 5 盆,采集根际附近的土壤样品,分装后立即密封保存:其中一份置于 4 °C 冰箱保存(供土壤酶活性测定),另一份则置于室内通风环境下自然风干(供后续理化指标分析)。并用 2 mm、1 mm、0.25 mm 筛子过筛,用于测定土壤基本化学性质。

表 3 试验处理
Table 3 Test treatments

编号 Number	处理 Treatment	重复数/盆 Number of replicates	菌悬液量/(1×10 ⁸ cfu/mL) Bacterial suspension concentration
1	高羊茅(CK)	10	0 mL
2	高羊茅+LB 营养液(LB)	10	0 mL
3	高羊茅+枯草芽孢杆菌(Ba)	10	100 mL

1.3 试验处理

1.3.1 微生物菌液制备 枯草芽孢杆菌经 Luria-Bertani(LB)液体培养基活化培养。具体操作如下:取冻存菌粉按说明书要求接种至 LB 液体培养基中,于 37 °C、180 r/min 恒温振荡培养 24 h。培养结束后取 1 mL 上清液进行 10 倍梯度稀释,分别取 100 μL 各梯度稀释液涂布于 LB 固体培养基表面,置于 30 °C 恒温培养箱中培养 4 d。待菌落形成后,根据形态特征选取典型单菌落进行划线分离纯化,直至获得纯培养物。将纯化后的单菌落转接至 LB 液体培养基中,于 37 °C、180 r/min 条件下振荡培养 12 h。采用血

细胞计数板法测定菌液浓度:取 50 μL 菌悬液滴加于血细胞计数板载样室,于光学显微镜下观察细胞个数,最终使用无菌水调节菌悬液浓度至 1×10⁸ cfu/mL。

1.3.2 样品采集 第 120 d 时从 10 个重复组中随机选取 5 盆植株进行指标测量。进行根际土采集工作:轻柔去除松散附着于根表的根际土,使用无菌毛刷采集紧密粘附的根际土壤样本,立即置于冰盒内转运至实验室,于 4 °C 环境中保存。

1.4 指标测定

1.4.1 土壤养分、酶活力测量 土壤 pH 采用电位法(GB/T 13778-2018);铵态氮采用氯化钾溶

液-流动分析仪法(GB/T 42485-2023);硝态氮采用紫外分光光度法(GB/T 32737-2016);速效磷测定采用钼锑抗比色法(GB/T 19535-2008);速效钾采用氯化钾-火焰光度法(GB/T 19536-2008);有机碳采用重铬酸钾氧化-分光光度法(HJ 615-2011);全氮采用浓硫酸-盐酸标准溶液滴定法(LY/T 1228-2008);全磷采用碳酸钠熔融-钼锑抗比色法(LY/T 1253-2011);全钾采用氢氧化钠-火焰光度法(LY/T 1236-2008);蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法(T/NAIA 010-2020);脲酶活性采用苯酚钠-次氯酸钠比色法(T/NAIA 011-2020);过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法(T/NAIA 013-2020);碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法(T/NAIA 012-2020);纤维素酶活性采用滤纸法(GB/T 23881-2009)。

1.4.2 植物生物量测量 将每个花盆中的植物地上部分全部剪下,地下部分全部清洗干净后装入信封袋,65 °C烘干至恒重后称重,分别获得地上生物量和地下生物量。根冠比计算如下:根冠比=地上生物量/地下生物量^[15]。

1.5 数据分析

采用 Microsoft Excel 2016 收集整理数据,采用 Canoco 5 进行冗余分析(redundancy analysis, RDA),采用 SPSS 26 软件对试验所得数据进行标准单因素方差分析(Ordinary One-way ANOVA)和 Person 相关性分析。采用 Origin 2021、GraphPad Prism 软件绘制可视化分析。

2 结果与分析

2.1 枯草芽孢杆菌/营养处理下对土壤养分的影响

土壤养分是植物生长发育的必需条件之一,其含量与土壤肥力密切相关^[16]。如图 2(a)所示, LB 处理组的 pH 值较 CK 处理组显著下降($P<0.05$),为弱碱性, Ba 处理组的 pH 值较 CK 处理组无显著性变化,也降低且为弱碱性;如图 2(b, i)所示,与 CK 处理组相比, LB 处理组和 Ba 处理组的有机碳、速效钾含量均显著提高($P<0.05$);通过对图 2(c)的观察, LB 处理组和 Ba 处理组的铵态氮含量较 CK 处理组均升高且无显著性变化;从图 2(d)中可以看出, LB 处理组和 Ba 处理组的硝态氮含量较 CK 处理组均降低,且

Ba 处理组有显著性变化($P<0.05$), LB 处理组无显著性变化;图 2(g)中可以看出, LB 处理组和 Ba 处理组的速效磷含量较 CK 处理组均升高,且 LB 处理组较 CK 处理组无显著性变化, Ba 处理组较 CK 处理组有显著性变化($P<0.05$);而图 2(e, f, h)中可以看出, LB 处理组和 Ba 处理组的全氮、全磷、全钾含量较 CK 处理组均无显著性变化。

2.2 枯草芽孢杆菌/营养处理下对土壤酶活力的影响

研究发现(表 4), LB 处理组和 Ba 处理组的蔗糖酶、脲酶活性较 CK 处理组均显著升高($P<0.05$); LB 处理组和 Ba 处理组的过氧化氢酶、纤维素酶活性较 CK 处理组均无显著性变化; LB 处理组与 Ba 处理组的碱性磷酸酶活性较 CK 处理组均有显著性变化($P<0.05$), LB 处理组较 CK 处理组显著升高($P<0.05$), Ba 处理组较 CK 处理组显著降低($P<0.05$)。

2.3 枯草芽孢杆菌/营养处理下对高羊茅生物量的影响

地上干重、地下干重两种指标是反映植物干物质积累的主要指标^[17],如图 3(a, b)所示, LB 处理组和 Ba 处理组的地上干重和地下干重较 CK 处理组均显著升高($P<0.05$),且枯草芽孢杆菌对地上干重、地下干重的促进作用强于营养液。根冠比能反映植物根系与地上部分的生长情况,根冠比高,表征根系活性强,根冠比低,则活性弱。如图 3(c)所示, LB 处理组和 Ba 处理组的根冠比较 CK 处理组均有所降低但无显著性变化。

2.4 枯草芽孢杆菌/营养处理下土壤养分、酶活力、植物生物量之间相关性分析

如图 4(b)所示, LB 处理组铵态氮与蔗糖酶呈显著负相关($P<0.05$);硝态氮与纤维素酶呈显著正相关($P<0.05$);速效钾与脲酶呈极显著负相关($P<0.01$)。如图 4(c)所示, Ba 处理组硝态氮与速效磷呈显著负相关($P<0.05$),与速效钾呈显著正相关($P<0.05$);速效磷与纤维素酶呈显著正相关($P<0.05$);全钾与有机碳呈显著负相关($P<0.05$);过氧化氢酶与脲酶呈显著正相关($P<0.05$)。从相关系数看, Ba 处理组酶活性与养分之间的调控较 LB 处理组更协同。

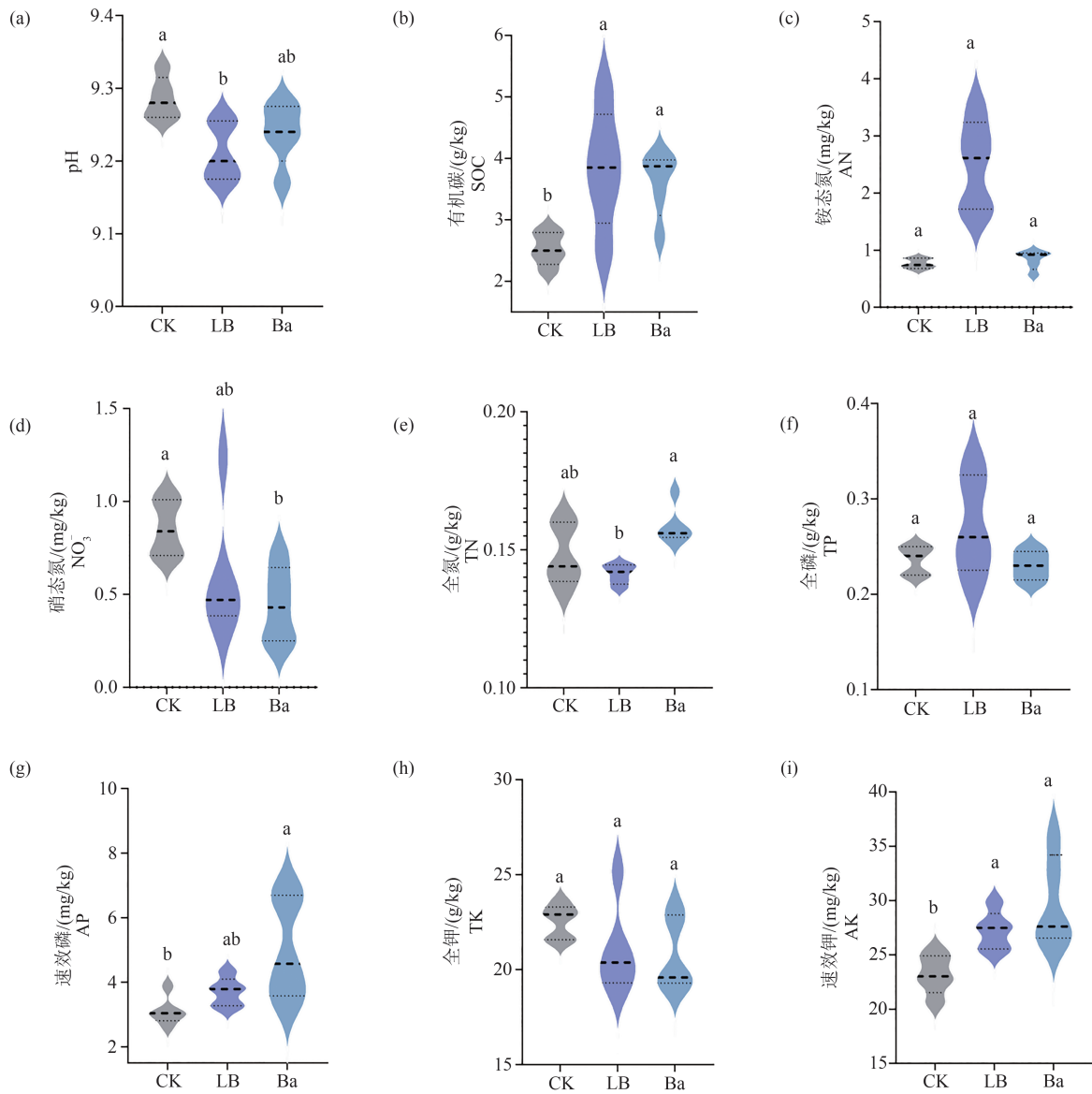


图 2 不同处理下的养分变化

Fig. 2 Nutrient changes under different treatments

注:不同小写字母表示处理组间存在显著性差异($P < 0.05$)。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences among treatment groups ($P < 0.05$).

表 4 不同处理下的酶活力变化

Table 4 Changes in enzyme activities under different treatments

酶 Enzyme	CK 处理组 CK treatment group	LB 处理组 LB treatment group	Ba 处理组 Ba treatment group
蔗糖酶	21.35±0.24c	46.99±0.99b	132.64±0.23a
脲酶	19.25±1.74c	42.81±3.42b	60.77±5.87a
过氧化氢酶	3.93±0.41a	3.65±0.34a	4.07±0.26a
碱性磷酸酶	1 059.10±37.67c	1 332.58±98.94b	344.84±33.24a
纤维素酶	6.45±0.37a	6.51±0.19a	6.26±0.24a

注:表中数据为平均值±标准偏差。酶活力单位均为 U/g,不同小写字母表示处理组间存在显著性差异($P < 0.05$)。

Note: The data in the table represents the mean ± standard deviation. Enzyme activities are expressed in U/g, and different lowercase letters indicate significant differences among treatment groups ($P < 0.05$).

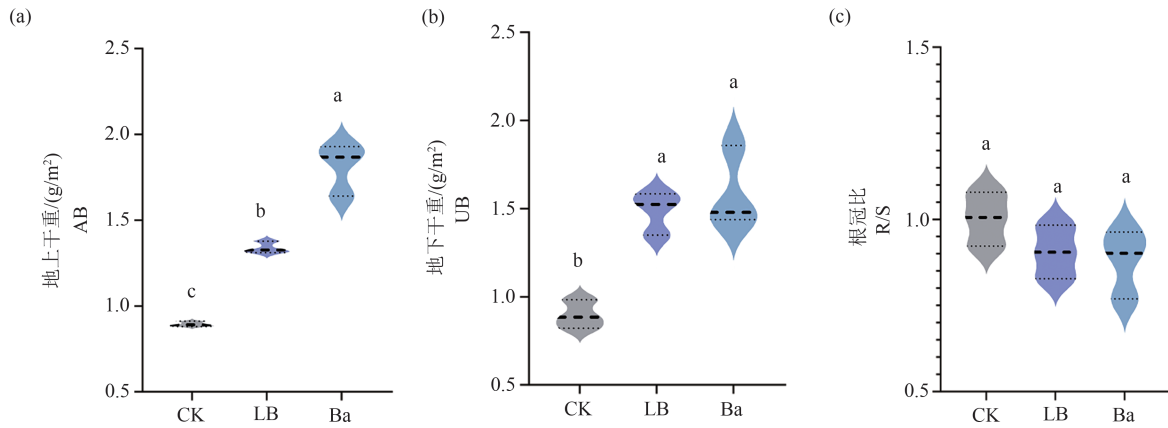


图 3 不同处理下的生物量变化

Fig. 3 Changes in biomass under different treatments

注:不同小写字母表示处理组间存在显著性差异($P<0.05$)。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences among treatment groups ($P<0.05$).

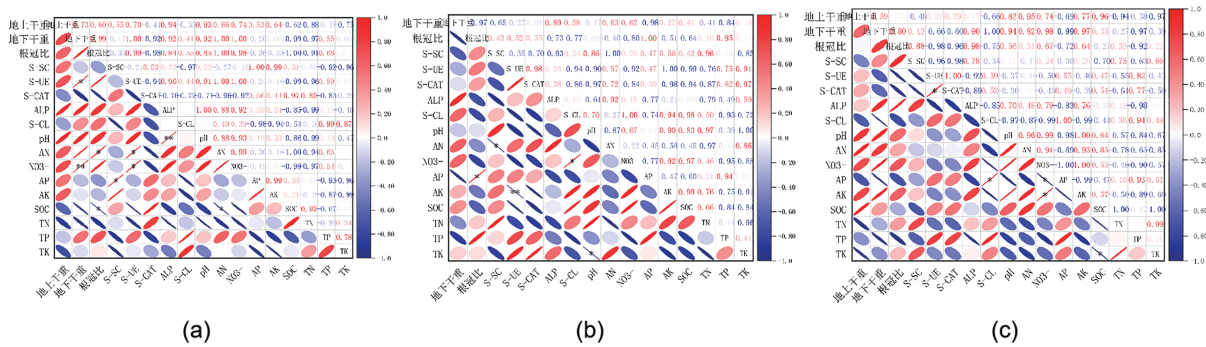


图 4 不同处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力相关系数热图

Fig. 4 Heatmap of correlation coefficients among plant biomass, soil nutrients, and soil enzyme activities under different treatments

注:(a)对照处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力相关系数热图(b)营养液处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力相关系数热图(c)枯草芽孢杆菌处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力相关系数热图 *和**分别表示在 0.05 和 0.01 水平上的差异显著,蓝色代表正相关,红色代表负相关,颜色越深相关性越高。S-SC:土壤蔗糖酶;S-UE:土壤脲酶;S-CAT:土壤过氧化氢酶;ALP:土壤碱性磷酸酶;S-CL:土壤纤维素酶;AN:铵态氮;NO₃⁻:硝态氮;AP:速效磷;AK:速效钾;SOC:有机碳;TN:全氮;TP:全磷;TK:全钾。

Note: (a) Heat map of correlation coefficients of plant biomass-soil nutrients-soil enzyme activity under control treatment (b) Heat map of correlation coefficients of plant biomass-soil nutrients-soil enzyme activity under nutrient solution treatment (c) Heat map of correlation coefficients of plant biomass-soil nutrients-soil enzyme activity under Bacillus subtilis treatment * and ** indicate significant differences at the 0.05 and 0.01 levels, respectively; blue represents positive correlation, red represents negative correlation, and the darker the color the higher the correlation. S-SC: soil sucrase; S-UE: soil urease; S-CAT: soil catalase; ALP: soil alkaline phosphatase; S-CL: soil cellulase; AN: ammonium nitrogen; NO₃⁻: nitrate nitrogen; AP: quick-acting phosphorus; AK: water-soluble potassium; SOC: organic carbon; TN: total nitrogen; TP: total phosphorus; TK: total potassium.

3 讨论

3.1 枯草芽孢杆菌/营养处理下对土壤养分、酶活力、植物生物量的影响

土壤养分是植物生长过程中从土壤获取的必需营养元素,也是评价土壤肥力的重要因素之一[16,18]。本研究中,Ba 处理组和 LB 处理组均对土壤养分与酶活力造成了显著差异。相较于

CK 处理组, LB 处理组通过铵态氮输入驱动土壤酸化进程使 pH 降低 0.80%, Ba 处理组通过自身代谢过程中产生的多种有机酸,介导土壤酸化,使 pH 降低 0.52%^[19]。同时,由于 LB 处理组直接补充有机碳使该处理组有机碳含量提升 5.06%,而 Ba 处理组的有机碳含量提升 28.60%,可能是枯草芽孢杆菌对矿物质进行分解,同时自身产生的胞外荚膜具有吸附性,集聚土壤中有机碳含

量^[20]。相比之下,本研究中全氮含量在处理组间差异不显著;同时,LB处理组和Ba处理组中硝态氮含量分别下降29.05%、48.35%,这与杨璐^[21]的结论不符,推测是由于工程碎石土保水保肥性能差,在持续降水条件下养分快速流失,使固氮或硝化作用减弱,这与赵冰琴^[22]提出的碎石含量增加导致产流产沙量增加,进而促进氮磷流失的观点相吻合。本研究碎石土中磷元素和钾元素多为难溶性化合物,难以被植物直接吸收利用。本研究发现,尽管全磷和全钾含量在处理组间差异不显著,但枯草芽孢杆菌通过分泌的有机酸和其他代谢产物使速效磷和速效钾的含量分别显著增加60.89%、28.60%^[23]。LB处理组也通过直接补充可溶性磷、钾化合物使速效磷、速效钾含量分别提升18.59%、5.06%。

蔗糖酶活性可以指示土壤中碳循环的潜力和土壤微生物活性的水平,脲酶活性是评价土壤氮循环状态和尿素类肥料利用效率的重要指标^[24]。相较于CK组,LB处理和Ba处理均显著提高了土壤蔗糖酶和脲酶活性,且Ba组的提高作用优于LB组,这与杨自超^[25]的结果相一致。值得一提的是,本研究中LB处理组的碱性磷酸酶活性显著增高25.82%,Ba处理组的碱性磷酸酶活性却显著降低67.44%,这与闫海霞^[26]的结论相悖。推测Ba处理组募集了土壤中某些具有抑制碱性磷酸酶作用的微生物的活性,减少了碱性磷酸酶产生。而LB处理组通过为土壤微生物提供养分刺激其生长和繁殖进而提高土壤中碱性磷酸酶的活性。

生物量反映植物的物质积累状况,是衡量植物生长的重要指标,根冠比是植物对不同环境适应性的指标^[27]。LB处理组直接为高羊茅提供大量可溶性养分,使高羊茅优先将资源分配给地上部分生长,使地上干重显著增加49.69%,然而,这种直接的养分输入方式未能有效改善土壤的保水保肥性能,也未提升养分的长期有效性,使地下生物量仅增加65.72%,进而导致根冠比降低9.70%。而Ba处理组通过改善高羊茅根系环境和养分吸收能力,对高羊茅的生长有明显的促进作用,分别显著增加地上生物量与地下生物量102.75%、77.52%,这与张美存^[28]关于微生物-植物互动促进根系扩展的研究结论一致。此外,本研究中Ba处理组的根冠比较CK处理组降低

12.39%,这与刘晓霞^[29]关于生物质炭降低植物根冠比的结论类似,推测枯草芽孢杆菌也可促进高羊茅根系生长发育的同时,有效协调地上、地下的生物量比例,促使更多养分转移到地上部分,从而使高羊茅生长更佳。

3.2 枯草芽孢杆菌/营养处理下对植物生物量-土壤酶活力-土壤养分间相关性分析及冗余分析

土壤养分和酶活力是植物生长所必需的营养物质,其含量和有效性直接影响着土壤肥力以及植物的生长发育^[30,31]。本研究通过Person相关性热图分析和选取生物量贡献度排名前两位的关键指标进行的冗余分析,揭示植物生物量、土壤酶活力和土壤养分之间的相关性。Person相关性热图结果表明(图4),LB处理组硝态氮与纤维素酶呈显著正相关,这与董丽丽^[32]的研究结果一致,表明硝态氮的添加能促进土壤纤维素酶活性。Ba处理组中纤维素酶与速效磷较对照组由负相关变为显著正相关,这与李开钰^[33]对黄壤施加生物炭的研究结果一致,推测在枯草芽孢杆菌条件下,纤维素酶在磷素循环中起重要作用。然而,本研究发现有有机碳与蔗糖酶由正相关变为负相关,这与曾婷^[34]的研究有所差异。推测初期枯草芽孢杆菌大量分解有机碳,增加蔗糖酶活性,后期易分解有机碳减少,微生物代谢对酶活性的促进减弱^[35]。值得一提的是,在本研究中脲酶与过氧化氢酶活性呈显著正相关,可能是枯草芽孢杆菌通过分泌植物激素和酶类,促进高羊茅根系的生长和发育,增加根系对氮的吸收能力,从而提高土壤中脲酶和过氧化氢酶的活性。表明这些酶不仅具有自身专一性,还在养分循环过程中相互影响,促进土壤养分的利用。

李明^[36]研究表明,全钾是影响根冠比的关键因子,而本研究中,冗余结果分析表明(图5),在LB处理组中,根冠比与地下干重主要受蔗糖酶影响,蔗糖酶活性增强可提高植物对养分的利用效率,使地上生物量增加进而降低根冠比。在Ba处理组中,根冠比与地下干重主要受蔗糖酶、速效磷、速效钾的影响,高羊茅根系分泌物为枯草芽孢杆菌提供了碳源,促使枯草芽孢杆菌通过分泌磷酸酶、有机酸等物质增加土壤中速效钾、速效磷的含量。而速效磷、速效钾的增加,可能导致植物对磷、钾的吸收能力增强,进而影响植

物体内碳水化合物的分配,使得更多的碳水化合物被运往地上部分,从而降低根冠比^[37]。

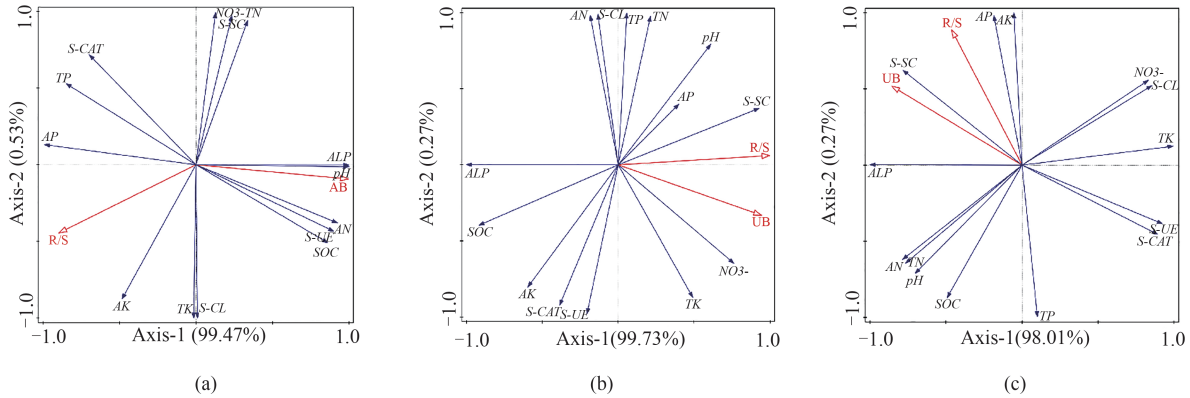


图 5 不同处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力冗余分析(RDA)

Fig. 5 Redundancy analysis (RDA) of plant biomass, soil nutrients, and soil enzyme activities under different treatments

注:(a)对照处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力冗余分析(b)营养液处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力冗余分析(c)枯草芽孢杆菌处理下植物生物量-土壤养分-土壤酶活力冗余分析 S-SC:土壤蔗糖酶;S-UE:土壤脲酶;S-CAT:土壤过氧化氢酶;ALP:土壤碱性磷酸酶;S-CL:土壤纤维素酶;AN:铵态氮;NO₃⁻:硝态氮;AP:速效磷;AK:速效钾;SOC:有机碳;TN:全氮;TP:全磷;TK:全钾;AB:地上干重;UB:地下干重;R/S:根冠比。

Note: (a) Redundancy analysis of plant biomass-soil nutrient-soil enzyme activity under control treatment (b) Redundancy analysis of plant biomass-soil nutrient-soil enzyme activity under nutrient solution treatment (c) Redundancy analysis of plant biomass-soil nutrient-soil enzyme activity under *Bacillus subtilis* treatment S-SC: soil sucrose; S-UE: soil urease; S-CAT: soil catalase; ALP: soil alkaline phosphatase; S-CL: soil cellulase; AN: ammonium nitrogen; NO₃⁻: nitrate nitrogen; AP: quick-acting phosphorus; AK: water-soluble potassium; SOC: organic carbon; TN: total nitrogen; TP: total phosphorus; TK: total potassium; AB: aboveground biomass; UB: underground biomass; R/S: root shoot ratio.

总体来说,与营养液处理相比,枯草芽孢杆菌不仅提供了可利用的养分,还通过分泌有机酸等物质释放可溶性磷和碳源,促使形成以枯草芽孢杆菌为主控的根际微生物群落环境,从而为根系提供更有利的生长环境,其综合效益优于单一营养液处理。营养液处理虽然能够直接提供可溶性的养分,但由于缺乏枯草芽孢杆菌的额外作用机制,在解释土壤养分-酶活力-生物量间的相关性方面效果较弱。

4 结论

本试验选用高羊茅为植物材料,分别添加营养液和枯草芽孢杆菌进行处理,研究枯草芽孢杆菌或营养液对高羊茅生物量、碎石土养分、酶活力的影响。得到以下结论:

(1)与对照组相比,营养液的引入提高了有机碳、铵态氮含量,但由于工程碎石土保水保肥性能差,在持续降水条件下养分快速流失,使其利用率降低进而对速效钾与速效磷的提高不显著。

(2)枯草芽孢杆菌和高羊茅互动同样对碎石土有改善作用,提高了有机碳、速效磷、速效钾、硝态氮含量,进而使养分利用率提高。同时,枯

草芽孢杆菌分解碎石土中矿化元素,使养分有效性得到持续的积累。

(3)蔗糖酶和脲酶活性在枯草芽孢杆菌和养分处理组下均呈现不同程度提高且显著优于对照组,进而促进高羊茅生物量的积累。但是,相较于原状碎石土,碱性磷酸酶活性在养分处理组显著提高,在枯草芽孢杆菌处理组显著降低。

(4)菌液的施加提高了碎石土中蔗糖酶的活性,进而促进高羊茅地下生物量的生长。

因此,微生物与植物互作是一种可缓解碎石土基质中高羊茅生长受限问题的方法,但本试验只聚焦于枯草芽孢杆菌与高羊茅互作的植物生物量-土壤养分-土壤酶活力相关分析,其背后的分子机制和微生物群体动态尚未完全揭示。在未来的研究中,应在分子水平上解析外源功能微生物与高羊茅互作的具体机制;探讨不同功能菌株或菌株组合的协同效应,以实现更高的改良效率,为改善高羊茅在碎石土中的不良长势提供可行性措施,同时拓展功能菌与植物协同互作模式的应用领域,以期推动高羊茅种质资源的保护与可持续利用。

参考文献

- [1] 杜祥运,梁永哲,夏振尧,等. 碎石土地不同植被配置下的养分流失途径[J]. 水土保持学报,2017,31(01):61-67.
- [2] 裴向军. 青藏高原重大工程地质环境扰损机制及生态修复技术体系[J]. 工程地质学,2024,32(05):1737-1758.
- [3] 罗正宇,韩洪瑞,王思睿,等. 基于层次分析法弃渣场修复的禾本科植物配置[J]. 沈阳农业大学学报,2023,54(06):683-692.
- [4] 陈本菊,刘容,李振华,等. 外源赤霉素浸种对盐胁迫下高羊茅种子萌发和幼苗生长的影响[J]. 草原与草坪,2024,44(04):103-112.
- [5] Liu W, Hou J, Wang Q, et al. Collection and analysis of root exudates of *Festuca arundinacea* L. and their role in facilitating the phytoremediation of petroleum-contaminated soil[J]. Plant and Soil, 2015, 389(1-2): 109-119.
- [6] 李子. 基于生态理念的河道综合治理与修复研究——以新丰江为例[J]. 南方金属,2025(02):35-37.
- [7] 荀东. 吉林省苜蓿内生真菌和根际真菌多样性研究[D]. 长春:吉林农业大学,2023.
- [8] 褚德朋. 浒苔多糖促进解淀粉芽孢杆菌的烟草根际定殖及防病机制[D]. 北京:中国农业科学院,2023.
- [9] 向春雨,罗栋源,郭莉,等. 植物-微生物联合修复化学退化土壤研究进展[J]. 土壤通报,2024,55(01):288-300.
- [10] 李笑淳,宋凯,陈博,等. 植物根际促生菌:作用机制与未来[J]. 激光生物学报,2024,33(03):193-200.
- [11] 程洪,江辉,张路,等. 高羊茅根土复合体水力分离研究[J]. 草业科学,2022,39(11):2350-2360.
- [12] 李辉,李高亮,鲁叶江,等. 植物废弃物发酵基质对露天矿区排土场土壤改良研究[J]. 中国矿业,2024,33(11):130-138.
- [13] 郭娜,李若楠,白苇,等. 不同用量有机肥对胡麻生长及根际细菌群落的影响[J]. 华北农学报,2025,40(01):146-156.
- [14] 马雪晴,冀傲冉,郑娇莉,等. 植物根际促生菌促生机制及其应用研究进展[J]. 中国农业科技导报(中英文),2025,27(02):13-23.
- [15] Mirjana L, Tijana N. Roots before branches: Evidence of the prunus root cambial responses to the environmental stimuli[J]. Journal of Plant Growth Regulation,2022,42(7):4240-4252.
- [16] 刘娇娴,崔骏,刘洪宝,等. 土壤改良剂改良酸化土壤的研究进展[J]. 环境工程技术学报,2022,12(01):173-184.
- [17] 马玉涛,朱登岩,林天晓,等. 壮苗稀植对黄连早期生长及主要生物碱含量的影响[J]. 时珍国医国药,2021,32(02):450-453.
- [18] 李艳宁,刘环环,李天怡,等. 藁城区土壤养分状况及变化特征分析[J]. 现代农村科技,2025(02):98-100.
- [19] 赵光绪. 日照茶园生防与促生微生物的筛选及其生物特性研究[D]. 济南:齐鲁工业大学,2023.
- [20] 李钊. 不同改良剂对旱地果园温室气体排放动态影响[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2021.
- [21] 杨璐,周蓓蓓,侯亚玲,等. 枯草芽孢杆菌菌剂对盐胁迫下冬小麦生长与土壤水氮分布的影响[J]. 排灌机械工程学报,2021,39(05):517-524.
- [22] 赵冰琴,胡鑫凯,高儒章,等. 碎石含量对三峡库区坡耕地土壤氮磷流失特征的影响[J]. 农业工程学报,2024,40(03):127-137.
- [23] 李俊,姜昕. 微生物肥料生产应用技术百问百答[M]. 北京:中国农业出版社,2019.
- [24] 田新月. 聚乙烯微塑料与纳米氧化镓、纳米氧化镍对蚯蚓和土壤酶活性的影响[D]. 上海:东华大学,2024.
- [25] 杨自超. 钾肥和枯草芽孢杆菌防控马铃薯黄萎病及对养分吸收影响[D]. 哈尔滨:东北农业大学,2018.
- [26] 闫海霞,郭世荣,刘伟. 枯草芽孢杆菌对盐胁迫条件下黄瓜根际酶活性的影响[J]. 华北农学报,2010,25(04):209-212.
- [27] 冷天凤. 不同种源香椿苗期生长特性及营养成分变异研究[D]. 贵阳:贵州大学,2023.
- [28] 张美存,程田,多立安,等. 微生物菌剂对草坪植物高羊茅生长与土壤酶活性的影响[J]. 生态学报,2017,37(14):4763-4769.
- [29] 刘晓霞,金秉洁,张敏,等. 生物质炭用量对新垦耕地土壤肥力、细菌群落结构和功能以及作物生物量的影响[J]. 土壤,2025,57(01):76-85.
- [30] 张焱华,吴敏,何鹏,等. 土壤酶活性与土壤肥力关系的研究进展[J]. 安徽农业科学,2007(34):11139-11142.
- [31] 杨婧玲. 添加功能菌型复合肥在结球甘蓝上的应用效果研究[D]. 长沙:湖南农业大学,2020.
- [32] 董丽丽,余青华,周晶,等. 朴树根际土壤理化性质和主要酶活性分析[J]. 现代农业科技,2023,11:181-185.
- [33] 李开钰,宋理洪,张龔,等. 生物质炭施用量与频率对黄壤养分和关键酶活性的影响[J]. 环境科学,2025,46(02):1065-1075.
- [34] 曾婷,侯萌,王耀,等. 不同土地利用类型对土壤纤维素酶活性及肥力因子的影响[J]. 中国农业科技

- 导报,2024,26(01): 193-200.
- [35] 张迎珂,卢树昌,夏渝静. 磷素优化与菌剂结合对设施番茄产量、磷素吸收及品质的影响[J]. 天津农学院学报,2024,31(03):10-16.
- [36] 李明. 地表二元覆盖对温室黄瓜根际环境因子和生长发育影响的研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2014.
- [37] Chevalier F, Pata M, Nacry P, et al. Effects of phosphate availability on the root system architecture: large-scale analysis of the natural variation between Arabidopsis accessions[J]. *Plant, Cell & Environment*,2003,26(11):1839-1850.