

DOI: 10.11686/cyxb2024497

http://cyxb.magtech.com.cn

李春艳, 王钱进, 周芯合, 等. *Burkholderia* sp. SX9 菌剂对白三叶生长和改良土壤的影响. 草业学报, 2025, 34(11): 53-65.

LI Chun-yan, WANG Qian-jin, ZHOU Xin-he, et al. Effects of *Burkholderia* sp. SX9 inoculants on *Trifolium repens* growth and soil improvement. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(11): 53-65.

Burkholderia sp. SX9 菌剂对白三叶生长和改良土壤的影响

李春艳^{1,2}, 王钱进^{1,2}, 周芯合¹, 曹文静¹, 赵梦丽^{1,2}, 虞方伯^{1,2*}

(1. 浙江农林大学环境与资源学院, 浙江 杭州 311300; 2. 浙江省土壤污染生物修复重点实验室, 浙江 杭州 311300)

摘要: 为了应对我国耕地质量下降现状, 丰富生物改良技术手段, 研发应用微生物菌剂具有重要意义。以伯克霍尔德氏菌属 SX9 为供试菌株, 研究其促生特性, 并通过盆栽试验对比不同浓度菌剂 (T₁~T₃ 处理)、培养液 (T₄~T₆ 处理), 以及纯水 (CK) 对白三叶生长、根际土壤理化性质以及微生物群落的影响。结果显示, *Burkholderia* sp. SX9 具备产纤维素分解酶、蛋白酶和氨等多种促生特性; *Burkholderia* sp. SX9 菌剂能够促进白三叶生长, 相较 CK 和 T₄ 处理, T₁ 处理 (菌剂原液) 白三叶可溶性糖含量显著增加 60.56% 和 31.26%, 可溶性蛋白含量显著增加 43.32% 和 15.52%, 根系增长 20.31% 和 5.48%; 种植白三叶能够改善根际土壤酸碱环境; T₁ 处理有利于电导率提升, 相较 T₄ 处理, 有效磷和速效钾含量分别增加 27.22% 和 9.27%; T₁ 和 T₂ 处理加速了土壤有机质分解, T₁ 与 T₄ 相比和 T₂ 与 T₅ 相比, 含量分别降低 5.23% 和 2.07%。Alpha 多样性分析显示, T₁ 处理显著降低了根际土壤中真菌和细菌的丰富度、多样性和均匀度。高通量测序分析显示, 真菌方面, T₁ 处理显著降低了子囊菌门、青霉属和曲霉属等的相对丰度, 增加了腐质霉属和未分类真菌属等的相对丰度; 细菌方面, T₁ 处理显著降低了放线菌门、酸杆菌门、67-14 属和热酸菌属等的相对丰度, 增加了变形菌门、*Burkholderia*-*Caballeronia*-*Paraburkholderia* 属和未分类菌属等的相对丰度。土壤理化因子关联性分析显示, pH 与酸杆菌门丰度正相关, 与担子菌门丰度负相关; 有效磷和速效钾含量与担子菌门、放线菌门和芽单胞菌门丰度正相关, 与子囊菌门、球囊菌门和绿弯菌门等负相关; 有机质含量与变形菌门和芽单胞菌门丰度负相关。研究结果表明 *Burkholderia* sp. SX9 能够促进白三叶生长, 改善土壤肥力状况, 揭示了根际土壤微生物群落结构的动态变化规律, 为丰富学科研究内容和土壤改良手段提供了支持。

关键词: 伯克霍尔德氏菌; 白三叶; 根际; 微生物群落

Effects of *Burkholderia* sp. SX9 inoculants on *Trifolium repens* growth and soil improvement

LI Chun-yan^{1,2}, WANG Qian-jin^{1,2}, ZHOU Xin-he¹, CAO Wen-jing¹, ZHAO Meng-li^{1,2}, YU Fang-bo^{1,2*}

1. College of Environment and Resources, Zhejiang Agricultural and Forestry University, Hangzhou 311300, China; 2. Key Laboratory of Soil Contamination Bioremediation of Zhejiang Province, Hangzhou 311300, China

Abstract: The development and application of microbial inoculants is of high importance to addressing the decline in cultivated land quality in China and implementation of biological remediation technologies. This study investigated the plant growth-promoting traits of *Burkholderia* sp. strain SX9 and evaluated its effects on white clover (*Trifolium repens*) growth, rhizosphere soil physicochemical properties, and microbial communities in pot experiments.

收稿日期: 2024-12-19; 改回日期: 2025-02-17

基金项目: 国家自然科学基金青年基金项目 (32102299) 和浙江省重点创新团队资助项目 (2013TD12) 资助。

作者简介: 李春艳 (1997-), 女, 河南项城人, 在读硕士。E-mail: lcy1366666@163.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: yufangbo@aliyun.com

Treatments included varying concentrations of bacterial inoculants (original solution, 500-fold dilution and 1000-fold dilution; T₁–T₃, respectively), culture solutions (original solution, 500-fold dilution and 1000-fold dilution, T₄–T₆, respectively), and purified water (CK). It was found that *Burkholderia* sp. strain SX9 exhibited multiple growth-promoting characteristics, including cellulase, protease and ammonia production. Compared with CK and T₄, T₁ (original inoculant) significantly increased soluble sugar content in white clover by 60.6% and 31.3%, soluble protein content by 43.3% and 15.5%, and root length by 20.3% and 5.48%, respectively. White clover cultivation improved the pH of rhizosphere soil. T₁ enhanced electrical conductivity, with available phosphorus and potassium increasing by 27.2% and 9.27% compared to T₄. Additionally, T₁ and T₂ accelerated organic matter decomposition; T₁ organic matter content decreased by 5.23% relative to T₄, and T₂ by 2.07% relative to T₅. Alpha diversity analysis revealed that T₁ significantly reduced fungal and bacterial richness, diversity, and evenness in rhizosphere soil. High-throughput sequencing indicated that T₁ decreased the relative abundance of Ascomycota, *Penicillium*, and *Aspergillus* while increasing *Humicola* and unclassified fungi. For bacteria, T₁ reduced Actinobacteriota, Acidobacteriota, Unnamed genus 67-14, and *Acidothermus*, but elevated Proteobacteria, *Burkholderia*–*Caballeronia*–*Paraburkholderia*, and unclassified bacteria. Correlation analysis revealed that pH positively correlated with Acidobacteriota but negatively with Basidiomycota. Available phosphorus and potassium showed positive associations with Basidiomycota, Actinobacteriota, and Gemmatimonadota, but negative correlations with Ascomycota, Glomeromycota, and Chloroflexi. Organic matter content was negatively correlated with Proteobacteria and Gemmatimonadota. The research results show that *Burkholderia* sp. SX9 enhances white clover growth, improves soil fertility, and dynamically reshapes rhizosphere microbial communities. These findings provide scientific data to inform further research and underpin development of soil improvement strategies.

Key words: *Burkholderia* sp.; *Trifolium repens*; rhizosphere; microbial community

耕地作为人类赖以生存和发展的物质基础,是维持农业可持续发展和保障国家粮食安全的关键。随着耕地资源的开发利用和土地使用方式的变更,我国面临耕地质量下降的现实。《2019年全国耕地质量等级情况公报》^[1]显示,我国中低产田占耕地总面积的68.76%,其中21.95%是处于四等至十等的低产田。低产田基础地力差,存有盐渍化、潜育化、障碍层次和瘠薄等多种障碍因素,短时间内难以改善。中国优质耕地多分布在城市化高度发展区,“占优补劣”现象常见,随着城市扩张,补充耕地难以匹配,耕地保护形势严峻^[2]。提升中低产田的质量,对提高粮食产量、促进社会经济发展、保护和改善生态环境、实现农业可持续发展,以及优化土地资源分配等具有重要意义,加强耕地质量管理,提升耕地基础地力,成为确保我国粮食安全和推进农业可持续发展的重要任务。

生物改良技术是指通过利用土壤中的生物资源,如微生物、动植物等,来提高土壤的肥力、改良土壤结构、促进有机物分解以及增加土壤中营养物质含量的技术统称,主要改良技术有土壤动物改良、植物改良、微生物改良、植物—微生物联合改良。例如,蚯蚓在土壤中的活动使得土壤更加疏松、透气,可改善土壤的水气环境,从而促进植物根系的生长发育^[3];紫花苜蓿(*Medicago sativa*)和甜高粱(*Sorghum bicolor*)间作显著提高了甜高粱根际土壤有机质和有效磷含量,以及脲酶和蔗糖酶活性,并显著降低了2种牧草的根际土壤pH^[4]。Wu等^[5]研究表明,施加由80%枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)和20%地衣芽孢杆菌(*Bacillus licheniticus*)组成的复合菌肥,使得土壤有机碳、速效磷和速效钾含量分别增加了21.50%、26.14%和36.30%,脲酶活性提高了38.64%,同时降低了土壤pH和电导率。近年来,伴随生物土壤改良技术应用与研究的日益增强,也暴露出若干问题,突出表现为单一方法效率低下、适用范围狭小,而联合改良技术则因兼具优势而日益受到青睐^[6]。Wei等^[7]研究表明,接种哈茨木霉(*Trichoderma harzianum*)ST02使得甜高粱根际土壤有机质、碱解氮、有效磷和速效钾含量得以提升,相较未接种对照分别增加了30.60%、101.60%、44.80%和62.00%。

植物根际促生菌(plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR)是指生活在土壤或附生于植物根际的一类有益微生物,能够通过多种途径促进植物生长、提高抗病等能力^[8]。伯克霍尔德氏菌作为重要的植物根际促生菌,

能够分泌铁载体(siderophore),并具备诱导植物产生抗性、固氮、解磷、合成植物激素等促生特性^[9]。Naveed等^[10]研究发现,接种 *Burkholderia phytofirmans* PsJN 和肠杆菌属(*Enterobacter*)FD17 减轻了干旱胁迫对玉米(*Zea mays*)的影响,显著增加了地上部生物量、根生物量、叶面积、叶绿素含量,以及光系统II的光化学效率,幼苗叶片相对含水量较对照高出约30%,而非接菌植株叶片相对膜透性损伤则高出43%。孙正祥等^[11]研究发现, *Burkholderia* sp. YZU-S230对西瓜(*Citrullus lanatus*)枯萎病病原菌的抑制率为82.80%,经 *Burkholderia* sp. YZU-S230处理后30 d,主蔓长增加8.70 cm,根长增加3.00 cm,地上部鲜重增加6.90 g,效果显著。

白三叶(*Trifolium repens*)又称白车轴草,多年生豆科草本植物,根系发达并结有根瘤,对于提高土壤肥力和改良土壤结构有着显著效果。Wang等^[12]研究表明,白三叶草覆盖能够有效提高表土(0~20 cm)中溶磷菌相对丰度,0~40 cm 土层磷酸酶活性也显著提升。当前,关于白三叶-PGPR联合改良土壤应用研究较少,加大研究力度有望为改善土壤环境、提高作物产量和质量等提供极具竞争力的应对方案。本研究以课题组前期所获 *Burkholderia* sp. SX9 为供试菌株,该菌株性状优异,铁载体活性单位(siderophore units, SU)为93.7%(属高产铁载体菌范畴);产吲哚乙酸(indole acetic acid, IAA)含量、1-氨基环丙烷-1-羧酸(1-aminocyclopropane-1-carboxylate, ACC)脱氨酶活性和无机磷溶磷量分别为9.50 mg·L⁻¹、19.13 μmol α-KA·h⁻¹·mg⁻¹和106.60 mg·L⁻¹;所产铁载体能与Fe³⁺、Zn²⁺、Cd²⁺等金属离子有效结合,Pb²⁺、Cu²⁺、Zn²⁺和Cd²⁺的最小抑菌浓度分别为4000、5000、22000和2000 μmol·L⁻¹;Cd²⁺胁迫情况下, *Burkholderia* sp. SX9 仍能够促进黑麦草(*Lolium perenne*)种子萌发^[13]。本研究旨在明确 *Burkholderia* sp. SX9 产纤维素分解酶、蛋白酶,解钾和产氨能力的基础上,系统研究其菌剂对白三叶生长(可溶性糖、可溶性蛋白、根长、株高、鲜重和干重),根际土壤理化性质(pH、电导率、有效磷、速效钾、碱解氮和有机质),以及微生物多样性的影响;在深化植物-微生物联合改良土壤认知、丰富相关学科研究内容与应用实践,以及开发农业微生物种质资源的同时,助力农业可持续发展。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试菌株: *Burkholderia* sp. SX9。

供试白三叶种子:购自鑫意绿化苗木场。

LB培养基、羧甲基纤维素钠固体培养基、牛奶固体培养基、钾长石固体培养基和蛋白胨水培养基配置参照海鹏等^[14]的研究进行。

培养液:葡萄糖5.00 g·L⁻¹,硫酸铵2.00 g·L⁻¹,柠檬酸钠1.00 g·L⁻¹,七水硫酸镁2.00 g·L⁻¹,磷酸氢二钾4.00 g·L⁻¹,磷酸二氢钾6.00 g·L⁻¹,pH 7.40,121 °C灭菌30 min。

Burkholderia sp. SX9 菌剂:将 *Burkholderia* sp. SX9 接入培养液,28 °C、150 r·min⁻¹培养24 h;施用前,调节OD₆₀₀为0.60。

供试土壤取自杭州市临安区浙江农林大学东湖校区(30°15'22" N,119°43'44" E),土壤理化性质分析参照《土壤农化分析》^[15]进行。

1.2 *Burkholderia* sp. SX9 促生特性分析

1.2.1 产纤维素分解酶、蛋白酶和溶钾能力测定 挑取单菌落至蛋白胨水培养基中,28 °C、150 r·min⁻¹培养24 h。调节菌液OD₆₀₀为0.60,取30 μL菌液点接至羧甲基纤维素钠固体培养基、牛奶固体培养基和钾长石固体培养基表面的无菌滤纸片(φ=10.00 mm)上,待菌液吸收后倒置于28 °C培养箱中培养72 h,观察有无透明圈。

1.2.2 产氨气能力测定 按0.50%(v/v)接种量添加菌液至10 mL蛋白胨水培养基中,28 °C、150 r·min⁻¹培养48 h。10000 r·min⁻¹离心5 min,取上清液与Nessler's试剂等体积混合,呈红棕色表明有氨产生。

1.3 盆栽试验

1.3.1 试验设计 采用单因素试验设计,在预试验基础上选取代表性梯度,设纯水对照(CK),不同浓度菌剂(T₁:原液;T₂:500倍稀释菌液;T₃:1000倍稀释菌液)和培养液(T₄:原液;T₅:500倍稀释液;T₆:1000倍稀释液)7个处理。每个处理3次重复,共21盆。2024年4月9日播种,每盆播种20粒,第7天间苗,每盆保留12株,第45天

采集土样后每盆保留9株,试验共计90 d。播种当天各处理每盆添加300 mL处理液(纯水、不同浓度菌剂或培养液),之后每10 d灌根1次,共4次。

1.3.2 白三叶生长指标测定 试验结束时(90 d),用直尺测定株高和根长;称取、记录植株地上部和根系鲜重后,105 °C杀青30 min,80 °C烘干至恒重,称量;参考崔国文^[16]和陈艳琦等^[17]的方法测定地上部可溶性糖和可溶性蛋白含量。

1.3.3 根际土壤理化性质测定 试验结束时(90 d),每盆3株,整株拔出后收集根系表面0~2 mm土壤,混匀,土壤理化性质分析方法同前。

1.3.4 根际土壤微生物多样性分析 分别采集供试土壤、第45和90天根际土壤样品,混匀后装入无菌离心管。土壤样品DNA提取、扩增和上机测序委托上海派森诺生物科技股份有限公司完成。真菌扩增ITS1可变区,引物为ITS5F:5'-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3';ITS1R:5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3';细菌扩增16S rRNA基因V3~V4可变区,引物为338F:5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3';806R:5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'。采用标准Illumina TruSeq DNA文库构建所需上机文库。

1.4 数据分析

使用Microsoft Excel 2016进行数据整理与统计分析,采用DPS 7.05的单因素方差分析和Duncan新复极差法对数据进行显著性分析和多重比较,显著性水平设为 $P=0.05$ 。在派森诺基因云(www.genescloud.cn)利用QIIME(2019.4)软件进行物种组成和Alpha多样性等分析。以各样本微生物在门水平上的相对丰度(排名前9菌门,不含未分类菌门,3个重复)为物种数据,土壤理化因子为变量绘制关联性分析热图。

2 结果与分析

2.1 *Burkholderia* sp. SX9 促生特性分析

Burkholderia sp. SX9分离自浙江上虞铅锌矿区土壤,菌体呈短杆状,具有数根极生鞭毛,无特异突出物或附属物(图1a),菌落呈圆形,边缘规则,表面光滑,略微突起,呈半透明黄色(图1b)。在产纤维素分解酶和蛋白酶测试平板上,接菌滤纸片周围均显现透明圈(图2a,b),而解钾能力测试平板上无透明圈出现(图2c),表明*Burkholderia* sp. SX9具备产纤维素分解酶和蛋白酶能力。相较对照,接菌试管上清液与Nessler's试剂混合后溶液呈红棕色(图2d),证实*Burkholderia* sp. SX9具备产氨能力。

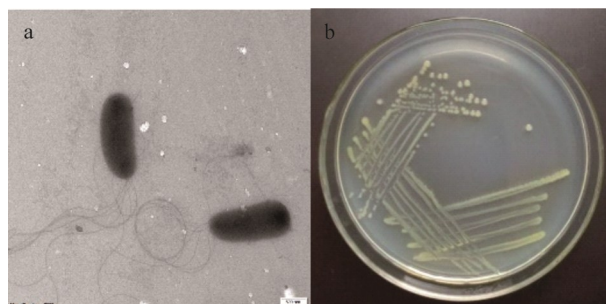


图1 透射电子显微镜下的菌体形态(a)和LB培养基上的菌落形态(b)

Fig. 1 Micrograph of *Burkholderia* sp. SX9 under transmission electron microscope (a) and photograph of the strain on LB plate (b)

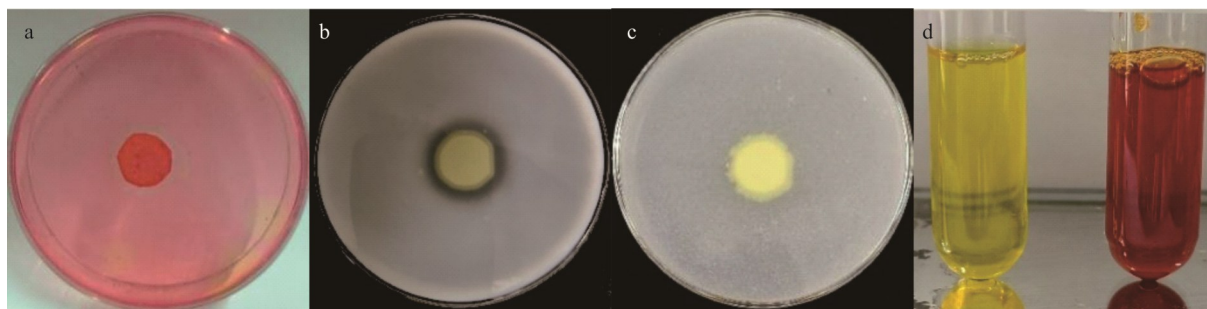


图2 *Burkholderia* sp. SX9 促生特性分析

Fig. 2 Analysis of growth-promoting characteristics of *Burkholderia* sp. SX9

a: 产纤维素分解酶测试平板 Cellulolytic enzyme test dish; b: 产蛋白酶测试平板 Protease-producing test dish; c: 解钾测试平板 Potassium solution test dish; d: 产氨测试试管 Ammonia production test tube.

2.2 *Burkholderia* sp. SX9 对白三叶生长的影响

施用菌剂的 3 个处理(T_1 、 T_2 、 T_3)显著提高了白三叶的可溶性糖含量, T_4 ~ T_6 处理效果同 CK 相当(图 3), T_1 处理(菌剂原液)可溶性糖含量较 CK(纯水)和 T_4 处理(培养液原液)显著增加了 60.56% 和 31.26%。可溶性蛋白含量方面,各处理效果均显著优于 CK,其中又以 T_1 ~ T_3 处理较为优异, T_1 处理可溶性蛋白含量较 CK 和 T_4 显著增加了 43.32% 和 15.52%。

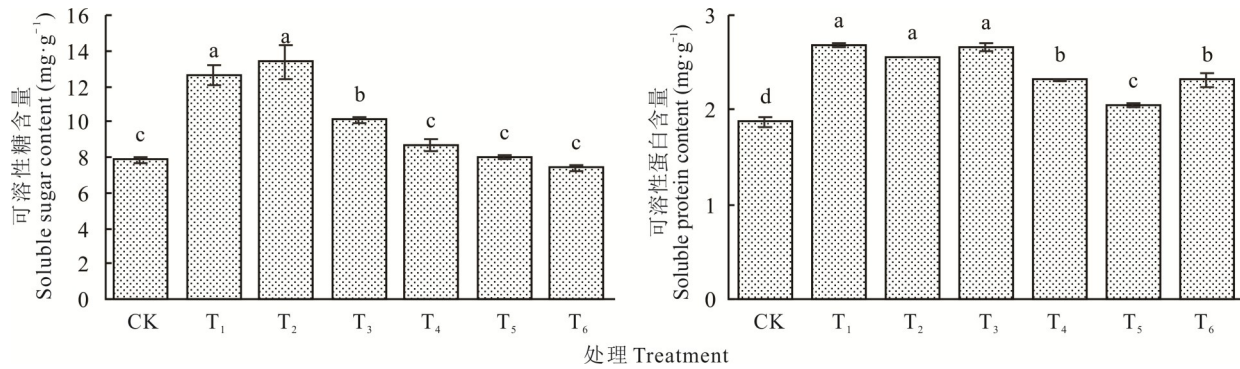


图 3 不同处理对白三叶地上部可溶性糖和可溶性蛋白含量的影响

Fig. 3 Effects of different treatments on soluble sugar and soluble protein content in aboveground parts of *T. repens*

不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。Different lowercase letters meant significant difference at 0.05 level.

如表 1 所示,与 CK 相比, T_1 、 T_2 和 T_4 处理对白三叶根系具有明显促生作用,根长分别增长 20.31%、8.33% 和 14.06%;除各自 1000 倍稀释处理外(T_3 和 T_6),施用菌剂和培养液明显有利于株高的提升;地上部生物量方面, T_4 和 T_1 处理显著增加了鲜重(相较 CK 分别增加 148.79% 和 102.70%),干重提升表现为 $T_4 > T_1 > T_2 > T_3 > T_5$ 。

表 1 不同处理对白三叶不同生长指标的影响

Table 1 Effects of different treatments on various growth indicators of *T. repens*

处理 Treatment	根长 Root length (cm)	株高 Plant height (cm)	地上部生物量 Aboveground biomass (g·plant ⁻¹)	
			鲜重 Fresh weight	干重 Dry weight
CK	19.20±0.59c	22.43±0.42b	3.71±0.13cd	0.52±0.07d
T ₁	23.10±0.87a	26.17±1.34a	7.52±0.19b	1.36±0.03b
T ₂	20.80±0.89abc	23.77±0.23ab	4.34±0.37c	0.92±0.11c
T ₃	20.27±0.09bc	23.13±1.19b	3.79±0.42cd	0.63±0.02d
T ₄	21.90±0.75ab	24.97±0.38ab	9.23±0.27a	1.99±0.12a
T ₅	20.23±0.52bc	23.67±0.22ab	3.72±0.36cd	0.62±0.13d
T ₆	19.77±0.98bc	22.40±0.96b	2.86±0.32d	0.45±0.07d

同列不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$),下同。Different lowercase letters in the same column meant significant difference at 0.05 level, the same below.

2.3 *Burkholderia* sp. SX9 对白三叶根际土壤理化性质的影响

如表 2 所示,种植白三叶能够改善土壤酸碱环境。与供试土壤相比,多数处理(T_4 除外)使得土壤 pH 有所升高,又以 T_2 和 T_3 处理较为显著。 T_1 处理对于土壤电导率、有效磷和速效钾含量提升作用显著,相较供试土壤分别提升 1.94、32.08 和 6.75 倍,相较 CK 分别提升 3.15、16.92 和 5.52 倍。 T_1 与 T_4 处理相比,土壤有效磷和速效钾含量分别增加 27.22% 和 9.27%。相较 CK, T_1 和 T_2 处理根际土壤有机质含量分别降低 2.00% 和 1.50%; T_1 与 T_4 处理及 T_2 与 T_5 处理相比,有机质含量分别显著降低 5.23% 和 2.07%。

表2 不同处理白三叶根际土壤理化性质分析

Table 2 Analysis of physicochemical properties of *T. repens* rhizosphere soil under different treatments

处理 Treatment	pH	电导率 EC ($\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$)	有效磷 Available P ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	速效钾 Available K ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	碱解氮 Available N ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	有机质 Organic matter ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)
S	4.79±0.01e	44.87±0.24bc	0.13±0.03c	37.37±0.89e	79.06±1.55a	36.57±0.13b
CK	4.97±0.02c	31.83±9.37c	0.24±0.05c	44.38±0.13d	66.14±3.20b	36.05±0.22bc
T ₁	5.01±0.03bc	132.07±0.52a	4.30±0.17a	289.44±4.84a	68.01±5.15ab	35.33±0.08d
T ₂	5.06±0.01a	48.63±2.52b	0.24±0.06c	56.09±0.36c	78.91±1.37a	35.51±0.03d
T ₃	5.04±0.00ab	44.00±1.01bc	0.35±0.03c	54.97±0.85c	60.89±3.15b	35.84±0.06cd
T ₄	4.77±0.00e	126.53±8.43a	3.38±0.09b	264.89±2.63b	71.42±2.37ab	37.28±0.23a
T ₅	4.93±0.01d	45.27±0.27bc	0.32±0.05c	50.01±0.86cd	77.77±1.30a	36.26±0.29bc
T ₆	5.02±0.02bc	39.10±0.17bc	0.28±0.08c	47.30±0.26d	66.69±5.94b	35.81±0.10cd

S: 供试土壤 Test soil; EC: 电导率 Electrical conductivity. 下同 The same below.

2.4 *Burkholderia* sp. SX9对白三叶根际土壤微生物多样性的影响

2.4.1 *Burkholderia* sp. SX9对白三叶根际土壤微生物 Alpha多样性的影响 Alpha多样性用于衡量某一样品(或生态系统)中生物种类的丰富度和均匀度,常用指标包括Chao1指数、Shannon指数以及Simpson指数等^[18]。如表3所示,45 d时,真菌方面,T₁和T₂处理Chao1指数显著低于CK,其他处理与CK差异并不显著;细菌方面,T₂和T₃处理Chao1指数较高,其次为T₆和CK,T₁处理Chao1指数最低。随着试验的进行,真菌和细菌的Chao1指数均呈下降趋势。90 d时,各处理真菌Chao1指数与CK相比均降低,T₁~T₄处理细菌Chao1指数亦显著低于

表3 白三叶根际土壤中真菌与细菌Alpha多样性

Table 3 Alpha diversity of fungi and bacteria in rhizosphere soil of *T. repens*

处理 Treatment	真菌 Fungus			细菌 Bacterium		
	Chao1指数 Chao1 index	Shannon指数 Shannon index	Simpson指数 Simpson index	Chao1指数 Chao1 index	Shannon指数 Shannon index	Simpson指数 Simpson index
S	483.31±36.73a	6.14±0.007a	0.9659±0.0019a	4115.56±87.27de	10.92±0.03a	0.9989±0.0000a
45 d						
CK	453.67±5.95ab	5.38±0.006cd	0.9329±0.0046cde	4725.57±45.97bc	10.54±0.04b	0.9965±0.0001b
T ₁	371.52±15.59de	4.38±0.115g	0.8338±0.0195g	3815.45±133.84ef	9.46±0.10f	0.9761±0.0030f
T ₂	391.15±6.62cd	5.19±0.001de	0.9255±0.0010e	5235.02±207.02a	10.64±0.09b	0.9962±0.0005b
T ₃	415.22±16.26bc	5.00±0.110ef	0.9022±0.0066f	5028.46±91.21ab	10.72±0.10b	0.9971±0.0005b
T ₄	438.26±19.20b	4.86±0.112f	0.8928±0.0075f	4165.87±91.16d	10.01±0.03d	0.9925±0.0003d
T ₅	438.04±3.23b	5.26±0.007cd	0.9284±0.0041de	4517.85±81.49c	10.63±0.10b	0.9973±0.0006b
T ₆	432.84±12.54bc	5.44±0.005c	0.9455±0.0025bcd	4802.64±146.65bc	10.66±0.06b	0.9974±0.0003b
90 d						
CK	422.79±1.87bc	5.82±0.003b	0.9497±0.0010abc	3682.22±92.50f	10.16±0.09cd	0.9958±0.0005cd
T ₁	331.68±0.85ef	5.43±0.002c	0.9367±0.0009cde	3335.01±122.81g	9.73±0.09e	0.9932±0.0006e
T ₂	270.76±6.71g	5.74±0.005b	0.9593±0.0019ab	3127.09±107.29gh	10.20±0.06cd	0.9972±0.0002cd
T ₃	310.53±2.31fg	5.70±0.003b	0.9479±0.0014abc	2995.65±34.85h	10.16±0.02cd	0.9972±0.0001cd
T ₄	303.74±3.61fg	5.18±0.003de	0.9235±0.0019e	3134.88±47.67gh	9.50±0.05f	0.9900±0.0005f
T ₅	268.95±18.25g	5.66±0.005b	0.9494±0.0008abc	3794.99±88.12f	10.32±0.03c	0.9972±0.0001c
T ₆	364.52±4.47de	6.03±0.001a	0.9635±0.0003ab	3670.78±34.53f	10.30±0.03c	0.9969±0.0001c

CK。Shannon 和 Simpson 指数用于衡量种群的多样性和均匀度,45 d 时,真菌方面, T_1 、 T_3 和 T_4 处理 Shannon 和 Simpson 指数均显著低于 CK,又以 T_1 处理最低;细菌方面, T_1 和 T_4 处理 Shannon 和 Simpson 指数均显著低于 CK。随着试验的进行,90 d 时,真菌 Shannon 和 Simpson 指数有所恢复,但仍以 T_4 和 T_1 处理较低;细菌方面,Shannon 和 Simpson 指数(T_1 除外)仍呈下降趋势。

2.4.2 土壤真菌群落组成分析 如图 4 所示,各取样时间点土壤真菌群落均以子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为主;子囊菌门随着菌剂的连续施用,各处理相对丰度呈显著下降趋势,又以 T_1 和 T_4 处理较低(45 d);与之相对,未分类真菌门(Others)相对丰度显著增加。试验结束时(90 d), T_4 处理子囊菌门相对丰度最低,其次为 T_1 处理,与 CK 相比差异显著;其他处理子囊菌门和未分类菌门相对丰度又恢复至初始水平,相较 CK 差异并不显著。

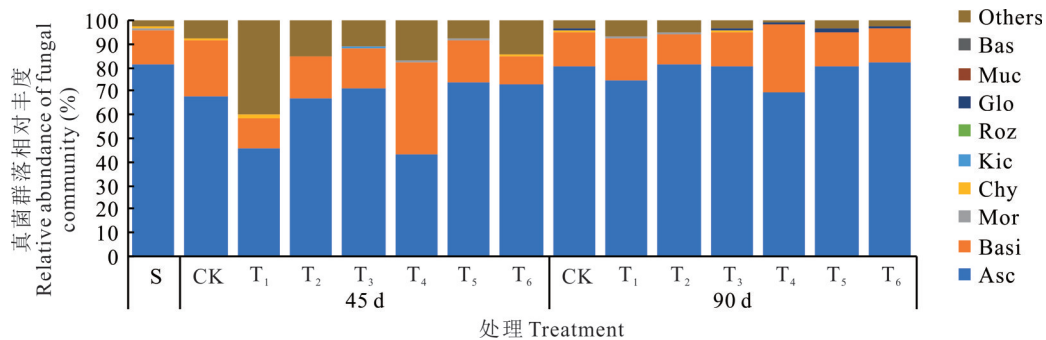


图 4 真菌群落门类水平相对丰度分析

Fig. 4 Relative abundance analysis of fungal community at phylum level

Asc: 子囊菌门 Ascomycota; Basi: 担子菌门 Basidiomycota; Mor: 被孢霉门 Mortierellomycota; Chy: 壶菌门 Chytridiomycota; Kic: 梳霉门 Kickxellomycota; Roz: 罗兹菌门 Rozellomycota; Glo: 球囊菌门 Glomeromycota; Muc: 毛霉门 Mucoromycota; Bas: 蛙粪菌门 Basidiobolomycota; Others: 未分类菌门 Unclassified fungal phyla.

如图 5 所示,青霉属(*Penicillium*)、曲霉属(*Aspergillus*)、*Saitozyma* 属、枝孢属(*Cladosporium*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、腐质霉属(*Humicola*)、蓝状菌属(*Talaromyces*)、*Staphylotrichum* 属、木霉属(*Trichoderma*)以及淡紫拟青霉属(*Purpureocillium*)为供试土壤主要真菌属。青霉属相对丰度最高(23.94%),其次为曲霉属(18.53%)。45 d 时,各处理土壤细菌主要门类为腐质霉属、*Saitozyma* 属、木霉属、曲霉属、镰刀菌属、青霉属、交链孢属(*Alternaria*)、蓝状菌属、枝孢属和隐球酵母属(*Solicoccozyma*);90 d 时,腐质霉属、*Saitozyma* 属、*Melanconiella* 属、曲霉属、*Cladosporium* 属、木霉属、青霉属、镰刀菌属、*Knufia* 属、蓝状菌属成为优势属;而随着菌剂的连续施用,腐质霉属相对丰度呈升高趋势,青霉和曲霉属相对丰度则明显下降,试验结束时,差异仍呈显著水平;未分类真菌属(Others)相对丰度呈上升趋势,试验结束时各处理同供试土壤相比差异仍呈显著水平(不同于门类水平分析)。

2.4.3 土壤细菌群落组成分析 如图 6 所示,细菌门类主要是放线菌门(Actinobacteriota)、变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)和厚壁菌门(Firmicutes)。与供试土壤相比,白三叶根际土壤中放线菌门和绿弯菌门相对丰度显著降低,而变形菌门和芽单胞菌门相对丰度则显著增加。45 和 90 d 时, T_4 处理放线菌门相对丰度显著高于 CK 和 T_1 处理, T_1 处理的变形菌门相对丰度显著高于 CK 和 T_4 处理; T_1 和 T_4 处理土样中的酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度显著下降,二者间无显著差异;与 CK 相比, T_1 和 T_4 处理芽单胞菌门相对丰度先降后升, T_1 处理显著高于 T_4 处理,其他处理差异不显著。

由图 7 可知,67-14 属、热酸菌属(*Acidothermus*)、*Candidatus-Udaeobacter* 属、KD4-96 属、盖亚菌属(*Gaiella*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、诺卡氏菌属(*Nocardioides*)、束缚菌属(*Conexibacter*)和链霉菌属

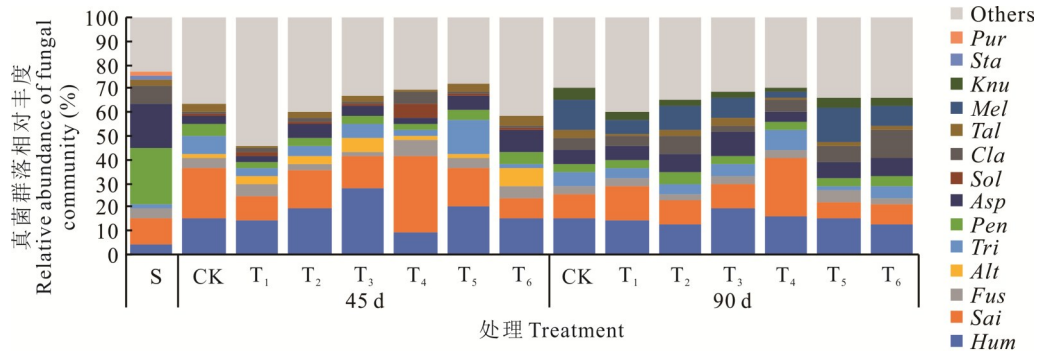


图5 真菌群落属分类水平相对丰度分析

Fig. 5 Relative abundance analysis of fungal community at genus level

Hum: 腐质霉属 *Humicola*; Sai: *Saitozyma*; Fus: 镰刀菌属 *Fusarium*; Alt: 交链孢属 *Alternaria*; Tri: 木霉属 *Trichoderma*; Pen: 青霉属 *Penicillium*; Asp: 曲霉属 *Aspergillus*; Sol: 隐球酵母属 *Solicocozyma*; Cla: 枝孢属 *Cladosporium*; Tal: 蓝状菌属 *Talaromyces*; Mel: *Melanconiella*; Knu: *Knufia*; Sta: *Staphylotrichum*; Pur: 淡紫拟青霉属 *Purpureocillium*; Others: 未分类真菌属 *Unclassified fungal genera*.

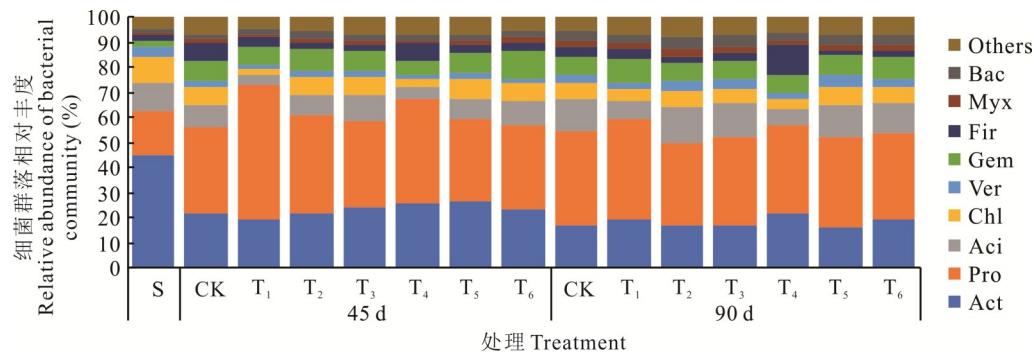


图6 细菌群落门分类水平相对丰度分析

Fig. 6 Relative abundance analysis of bacterial community at phylum level

Act: 放线菌门 *Actinobacteriota*; Pro: 变形菌门 *Proteobacteria*; Aci: 酸杆菌门 *Acidobacteriota*; Chl: 绿弯菌门 *Chloroflexi*; Ver: 疣微菌门 *Verrucomicrobiota*; Gem: 芽单胞菌门 *Gemmatimonadota*; Fir: 厚壁菌门 *Firmicutes*; Myx: 粘球菌门 *Myxococcota*; Bac: 拟杆菌门 *Bacteroidota*; Others: 未分类细菌门 *Unclassified bacterial phylum*.

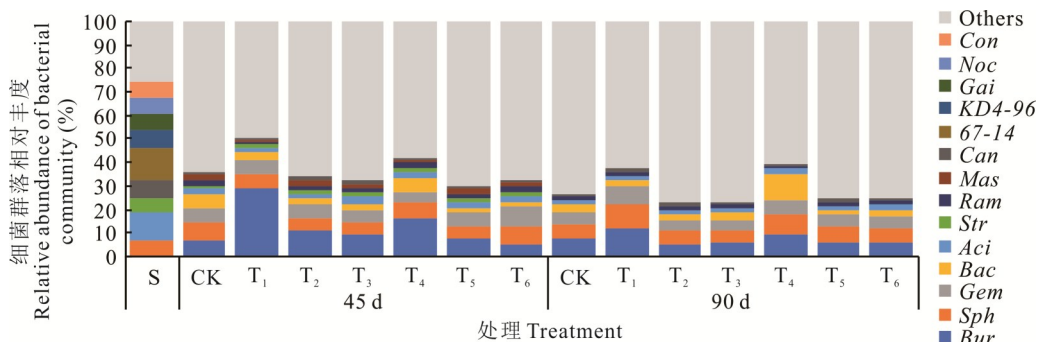


图7 细菌群落属分类水平相对丰度分析

Fig. 7 Relative abundance analysis of bacterial community at genus classification level

Bur: *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*; Sph: 鞘氨醇单胞菌属 *Sphingomonas*; Gem: 芽单胞菌属 *Gemmatimonas*; Bac: 芽孢杆菌属 *Bacillus*; Aci: 热酸菌属 *Acidothermus*; Str: 链霉菌属 *Streptomyces*; Ram: 拉姆利杆菌属 *Ramlibacter*; Mas: 马赛菌属 *Massilia*; Can: *Candidatus-Udaeobacter*; Gai: 盖亚菌属 *Gaiella*; Noc: 诺卡氏菌属 *Nocardioideis*; Con: 束缚菌属 *Conexibacter*; Others: 未分类细菌属 *Unclassified bacterial genus*.

(*Streptomyces*)为供试土壤主要细菌属。45 d时,*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、热酸菌属、拉姆利杆菌属(*Ramlibacter*)、马赛菌属(*Massilia*)、链霉菌属和 *Candidatus-Udaeobacter*属成为主要菌属。90 d时,主要菌属为 *Burkholderia-*

Caballeronia—*Paraburkholderia* 属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属、芽孢杆菌属、热酸菌属、拉姆利杆菌属和 *Candidatus*—*Udaeobacter* 属。67-14 属、盖亚菌属、诺卡氏菌属、束缚菌属、链霉菌属和热酸菌属均隶属于放线菌门,过程中均呈下降或消失趋势,同门水平变化趋势相一致(图 6)。*Burkholderia*—*Caballeronia*—*Paraburkholderia* 作为优势菌属, T_1 处理显著提高了其相对丰度,其次为 T_4 处理。同真菌分析相类似,未分类细菌属(Others)相对丰度呈上升趋势,试验结束时与供试土壤相比差异仍呈显著水平。

2.4.4 土壤理化因子关联性分析 试验结束时(90 d),在门水平上对根际土壤微生物群落组成与土壤理化因子进行关联性分析,结果如图 8 所示。子囊菌门和球囊菌门(Glomeromycota)与速效钾、电导率和有效磷呈显著负相关,担子菌门则与其呈显著正相关(但同 pH 呈显著负相关),毛霉门(Mucormycota)和被孢菌门(Mortierellomycota)与土壤理化因子无显著关联(图 8a)。变形菌门与有机质呈显著负相关,放线菌门与有效磷呈显著正相关,酸杆菌门与有机质和 pH 呈显著正相关(与有效磷呈显著负相关),绿弯菌门与速效钾、电导率和有效磷呈显著负相关,芽单胞菌门与有效磷呈显著正相关(与有机质呈极显著负相关),疣微菌门与土壤理化因子无显著关联(图 8b)。

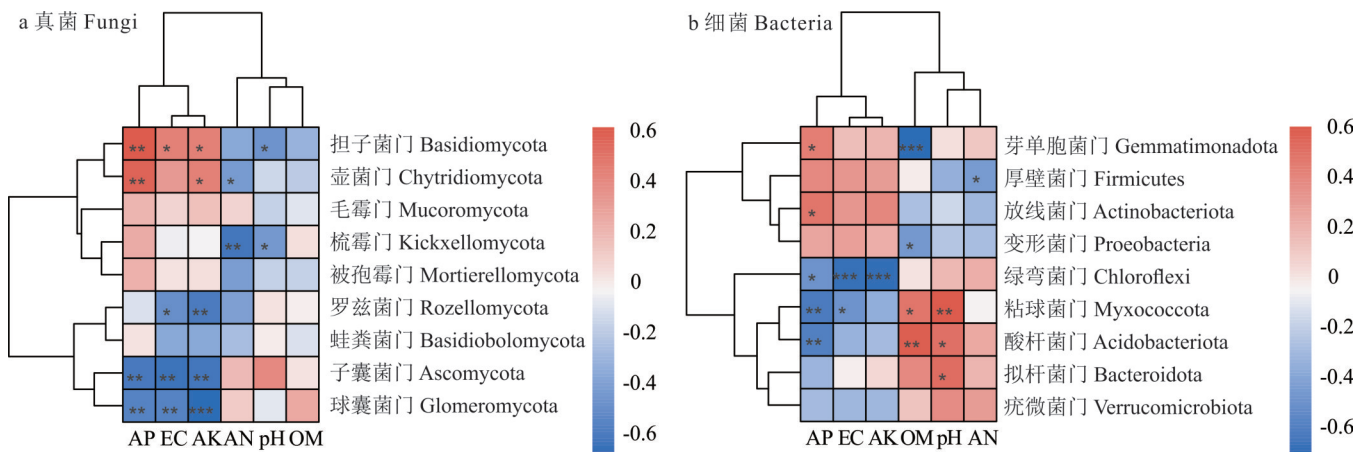


图 8 90 d 时根际土壤微生物群落相对丰度与土壤理化因子关联性分析

Fig. 8 Correlation analysis of relative abundance of rhizosphere soil microbial communities and soil physicochemical factors at 90 d

AP: 有效磷 Available phosphorus; AK: 速效钾 Available potassium; OM: 有机质 Organic matter; AN: 碱解氮 Available nitrogen; 图中所示为相对丰度排名前 9 菌门(不含未分类菌门)数据(每个处理 3 个重复)The figure shows the data of the top nine phyla (excluding unclassified phyla) in relative abundance (three replicates per treatment); *, $P < 0.05$, **, $P < 0.01$, ***, $P < 0.001$.

3 讨论

3.1 *Burkholderia* sp. SX9 菌剂对白三叶生长的影响

已有多项研究证实施用菌剂对植物具有显著促生作用,菌剂中的有益微生物可以同根系形成共生关系,提高根系对养分的吸收,促进植物生长,并提高作物的产量和品质。如刘希港等^[19]通过微生物菌剂和玉米蛋白脲素配施,与 CK 相比,80 d 后番茄(*Solanum lycopersicum*)叶片中叶绿素含量、净光合速率、超氧化物歧化酶、过氧化物酶和过氧化氢酶活性分别提升 16.40%、30.90%、23.40%、33.00% 和 40.30%;210 d 后,株高和茎粗分别增加 8.20% 和 7.00%,产量显著增加 9.90%。李正青等^[20]的研究结果显示,在苗期、开花期和结果期施用微生物菌剂对番茄具有显著促生效果,株高和茎粗分别增加了 7.70% 和 78.20%,单果增重 58.80%,可溶性糖、可溶性蛋白和维生素 C 含量分别增加 58.80%、320.00% 和 14.00%。然而,与之相对,也有研究显示施用菌剂并无效果,如高照亮等^[21]发现单施解淀粉芽孢杆菌对飞寒樱(*Cerasus campanulata*)苗木叶片大小、叶绿素含量和新稍生长量等无显著影响。吕亮雨等^[22]对枸杞(*Lycium barbarum*)施用木霉菌剂后发现,低剂量时,不能很好地促进枸杞生长发育,而剂量过高时,还会抑制生长。本研究结果表明,施用 *Burkholderia* sp. SX9 菌剂对白三叶生长具有明显

促进作用。施用菌剂的3个处理(T_1 、 T_2 、 T_3)相较CK和 T_4 ~ T_6 处理显著提高了白三叶可溶性糖和可溶性蛋白含量;相较CK, T_1 和 T_2 处理对白三叶根长和株高具有明显促生作用, T_1 处理对地上部增重效果显著。

3.2 *Burkholderia* sp. SX9 菌剂对白三叶根际土壤理化性质的影响

施用微生物菌剂能够改善土壤理化性质和生物活性,提高土壤酶活力,加速根际土壤养分转化^[23]。相较CK, T_1 和 T_2 处理显著提高了根际土壤电导率,加速了有机质分解; T_1 处理显著提高了根际土壤有效磷含量; T_1 ~ T_3 处理显著提高了根际土壤速效钾含量。然而,需要明确的是,菌剂效果是功能微生物和营养成分共同作用的结果。综合信息可知,*Burkholderia* sp. SX9同白三叶可溶性糖和可溶性蛋白含量(T_1 ~ T_3),以及根际土壤有效磷和速效钾含量(T_1)增加显著相关,亦同根际土壤有机质含量下降(T_1 、 T_2)显著相关。其中,前三者的增加可归因于*Burkholderia* sp. SX9具备产IAA、ACC脱氨酶和溶磷等能力,也存在协同作用的可能性;而尽管*Burkholderia* sp. SX9解钾能力测试结果为阴性(图2c),但其进入根际微生态系统后可能间接促进了解钾作用的发生,相关机理有待进一步研究。此外,本研究设置了3个菌剂浓度,除白三叶可溶性糖(T_1 ~ T_3)、可溶性蛋白(T_1 ~ T_3)和根际土壤有机质(T_1 、 T_2)含量,以及根际土壤pH(T_1 ~ T_3)外,500和1000倍稀释菌液作用效果并不显著,后续需要结合成本和植物类型等因子进一步明确菌剂的适用浓度范围。

3.3 *Burkholderia* sp. SX9 菌剂对白三叶根际微生物群落的影响

根际微生物是指紧密附着于植物根系周围土壤中的微生物群体。由于植物根系分泌物提供的丰富营养和根际环境的相对优越,根际微生物数量通常是非根际的几倍到几十倍^[24]。根际微生物具有参与养分循环,改善土壤结构、分泌植物激素、提高植物胁迫耐受性等作用,在维持土壤健康、促进植物生长及提高作物产量等方面发挥着重要作用^[25]。微生物菌剂的施用使得功能微生物大量进入土壤生态系统,改变根际微生态系统中微生物的丰富度和多样性。然而,不同菌剂对根际土壤中微生物丰富度和多样性的影响存在差异。王子凡等^[26]研究显示,菌剂提高了番茄根际土壤细菌群落的丰富度和多样性,降低了真菌群落的多样性和丰富度。洗康华等^[27]发现,枯草芽孢杆菌施用引发华重楼(*Paris polyphylla* var. *chinensis*)根际土壤细菌丰富度和多样性显著降低,而真菌在丰富度降低的同时,多样性却有所提高。温绍福等^[28]研究表明,巴氏克雷伯氏菌(*Klebsiella pasteurii*)上清液、无菌水重悬菌液、发酵液和LB培养基对玉米根际细菌多样性无显著影响,但重悬菌液和LB培养基却显著增加了真菌的丰富度和多样性。本研究中,Chao1指数分析显示, T_1 处理使得根际土壤中真菌和细菌的丰富度下降十分明显(45 d时),而随着试验的进行,相较CK,真菌(各处理)和细菌(T_1 ~ T_4 处理)丰富度均显著下降。与之相对,Shannon和Simpson指数分析显示,45 d时 T_1 和 T_4 处理的真菌和细菌多样性和均匀度均显著低于CK,但之后真菌多样性和均匀度有所恢复,细菌多样性和均匀度则继续呈下降趋势(T_1 除外)。综上,根际土壤真菌和细菌Alpha多样性的趋势变化应归因于*Burkholderia* sp. SX9、营养物质和白三叶生长代谢三者的共同作用。相较白三叶生长代谢,前两者作用更为直接、剧烈。*Burkholderia* sp. SX9大量进入根际微生态系统后,在同土著微生物竞争的同时,改变土壤理化性质,而营养物质的投入则直接改变了根际土壤的养分状况,致使原有微生物群落受到冲击,丰富度、多样性和均匀度发生变化。王丹等^[29]研究表明,可通过提高土壤总有机碳和速效钾等的含量,提升富营养及钾敏感微生物的丰富度,进而提高微生物群落的Alpha多样性,本研究结果与之相似。

子囊菌门和担子菌门作为土壤真菌群落中最为常见的门类,同接合菌门(Zygomycota)等在土壤生态系统中发挥着重要作用^[30]。高通量测序结果显示,根际土壤真菌群落始终以子囊菌门和担子菌门为主。伴随菌剂的连续施用,各处理子囊菌门相对丰度显著降低,又以 T_1 和 T_4 处理较低。试验结束时(90 d), T_1 和 T_4 外其他处理子囊菌门和未分类真菌门相对丰度恢复至初始水平,表明高浓度菌剂和培养液对土著子囊菌门和未分类真菌冲击较大。属分类水平上,45和90 d时,各处理*Saitozyma*属和腐质霉属相对丰度显著增加,青霉属和曲霉属相对丰度则显著降低。不同于门分类水平分析,各处理未分类真菌(Others)相对丰度呈上升趋势,且试验结束时各处理同供试土壤相比差异仍呈显著水平,表明属分类水平更为灵敏。

不同土壤,微生物组成各异,具体由pH、湿度、温度和有机质含量等因素决定,常见细菌菌门为变形菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门等^[31]。本研究中,优势细菌菌门为放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和芽单

胞菌门。相较供试土壤,放线菌门和绿弯菌门相对丰度显著降低,而变形菌门和芽单胞菌门则显著增加。45 d时,各处理变形菌门取代放线菌门,成为相对丰度排名第一的菌群并保持至试验结束。45和90 d时, T_1 处理变形菌门相对丰度均显著高于 T_4 处理。由此可知,根际土壤优势菌群发生变更应主要归因于白三叶和 *Burkholderia* sp. SX9的生长代谢。属分类水平上,相较供试土壤,各处理优势菌群变更显著,*Burkholderia*—*Caballeronia*—*Paraburkholderia*属、鞘氨醇单胞菌属、芽单胞菌属和芽孢杆菌属成为主要菌群。同真菌分析相类似,相较门分类水平分析,细菌属分类水平亦更为灵敏。

根际生态系统中,植物、微生物和土壤理化因子间存在相互作用。Li等^[32]研究认为土壤pH与酸杆菌门丰度呈正相关,但也有研究认为pH与酸杆菌门丰度呈负相关^[33]。本试验结束时(90 d),门水平根际土壤微生物群落组成与土壤理化因子关联性分析显示,pH与酸杆菌门丰度呈正相关,与担子菌门丰度呈负相关;*Burkholderia* sp. SX9菌剂原液施用(T_1)使得根际土壤有效磷和速效钾含量显著增加,子囊菌门、球囊菌门、绿弯菌门和酸杆菌门丰度下降,担子菌门、放线菌门和芽单胞菌门丰度上升,同高风等^[34]的研究结果相一致;此外,*Burkholderia* sp. SX9菌剂施用(T_1 、 T_2)显著降低了根际土壤有机质含量,而有机质含量与变形菌门和芽单胞菌门丰度呈负相关,变形菌门和芽单胞菌门细菌参与土壤养分循环,促进了有机质分解,Zheng等^[35]持相同观点。

4 结论

Burkholderia sp. SX9能够促进白三叶生长,施用菌剂能够显著提高白三叶地上部可溶性糖和可溶性蛋白含量,即便是在高稀释倍数(1000倍)下,效果依然明显;种植白三叶能够改善土壤酸碱环境;*Burkholderia* sp. SX9菌剂(T_1)对于根际土壤电导率、有效磷和速效钾含量提升作用显著,并促进了土壤有机质分解(T_1 、 T_2);改变了根际土壤微生物群落结构。综上,本研究为土壤改良提供了新方案,在丰富学科研究的同时,助力农业可持续发展。

参考文献 References:

- [1] Ministry of Agriculture and Rural Affairs. Announcement of national arable land quality grading in 2019. Gazette of the Ministry of Agriculture and Affairs of the People's Republic of China, 2020(4): 113–121.
农业农村部. 2019年全国耕地质量等级情况公报. 中华人民共和国农业农村部公报, 2020(4): 113–121.
- [2] Kong X B, Chen W G, Dang Y X. Current situation, challenges and transformation of cultivated land protection in China. Journal of Social Science of Hunan Normal University, 2023, 52(5): 31–41.
孔祥斌, 陈文广, 党昱霏. 中国耕地保护现状、挑战与转型. 湖南师范大学社会科学学报, 2023, 52(5): 31–41.
- [3] Tang Z G. The application and research progress of earthworms in ecological agriculture in China. Modern Rural Science and Technology, 2023(6): 95–96.
汤宗光. 蚯蚓在我国生态农业中的应用及研究进展. 现代农村科技, 2023(6): 95–96.
- [4] He S R, Liu X J, Zhao Y J, et al. Effects of alfalfa/sweet sorghum intercropping on rhizosphere soil characteristics and microbial community characteristics. Acta Prataculturae Sinica, 2024, 33(5): 92–105.
何升然, 刘晓静, 赵雅姣, 等. 紫花苜蓿/甜高粱间作对根际土壤特性及微生物群落特征的影响. 草业学报, 2024, 33(5): 92–105.
- [5] Wu Q C, Chen Y, Dou X H, et al. Microbial fertilizers improve soil quality and crop yield in coastal saline soils by regulating soil bacterial and fungal community structure. The Science of the Total Environment, 2024, 949: 175127.
- [6] Xiang C Y, Luo D Y, Guo L, et al. Advances in plant-microbial combined remediation of chemically-degraded soils. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(1): 288–300.
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. 土壤通报, 2024, 55(1): 288–300.
- [7] Wei Y L, Yang H, Hu J D, et al. *Trichoderma harzianum* inoculation promotes sweet sorghum growth in the saline soil by modulating rhizosphere available nutrients and bacterial community. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1258131.
- [8] El-Amriti F A, Ouf S A, Abu-Elghait M, et al. Alleviation of salt stress on *Zea mays* L. plant by PGPR isolates as an effective sustainable strategy. Biocatalysis and Agricultural Biotechnology, 2024, 61: 103346.
- [9] Ma B G, Wei X H, Meng X J, et al. Advancements in study on *Burkholderia* for plant disease biocontrol. Agricultural Research and Application, 2023, 36(3): 1–8.
马白鸽, 魏喜红, 孟祥佳, 等. 伯克霍尔德氏菌在植物病害生物防治中的研究进展. 农业研究与应用, 2023, 36(3): 1–8.

- [10] Naveed M, Mitter B, Reichenauer G T, *et al.* Increased drought stress resilience of maize through endophytic colonization by *Burkholderia phytofirmans* PsJN and *Enterobacter* sp. FD17. *Environmental and Experimental Botany*, 2014, 97: 30–39.
- [11] Sun Z X, Meng X J, Long X Y, *et al.* Control effect and growth-promoting effect of *Burkholderia* YZU-S230 on watermelon fusarium wilt. *Journal of Yangtze University (Natural Science Edition)*, 2021, 18(2): 82–88.
孙正祥, 孟祥佳, 龙欣钰, 等. 伯克霍尔德氏菌 YZU-S230 对西瓜枯萎病的防效及其促生作用. *长江大学学报(自然科学版)*, 2021, 18(2): 82–88.
- [12] Wang Y J, Liu L, Hu Y, *et al.* The spatio-temporal change in soil P and P-solubilizing bacteria under clover mulching in apple orchards of Loess Plateau. *Chemosphere*, 2022, 304: 135334.
- [13] Wang Y J, Huang W, Li Y Q, *et al.* Isolation, characterization, and evaluation of a high-siderophore-yielding bacterium from heavy metal contaminated soil. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2021, 29(3): 3888–3899.
- [14] Xie H P, Lin Y T, Wu X Y, *et al.* Screening and identification of biocontrol bacteria of cowpea *Fusarium* wilt and preliminary exploration of disease resistance mechanism. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2023, 44(6): 1224–1236.
谢海鹏, 林樱桃, 吴小燕, 等. 豇豆枯萎病生防细菌的筛选鉴定及抗病机理初探. *热带作物学报*, 2023, 44(6): 1224–1236.
- [15] Bao S D. *Soil agricultural analysis*. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
鲍士旦. *土壤农化分析*. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [16] Cui G W. Effect of low temperature stress on soluble sugar and starch of alfalfa at germination period. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2009, 40(1): 72–76.
崔国文. 低温胁迫对紫花苜蓿种子萌发期可溶性糖和淀粉的影响. *东北农业大学学报*, 2009, 40(1): 72–76.
- [17] Chen Y Q, Liu J Y, Liu W K, *et al.* Effects of LED red and blue light intensity on the growth, yield and quality of *Medicago sativa*. *Chinese Journal of Grassland*, 2023, 45(8): 23–30.
陈艳琦, 刘家源, 刘文科, 等. LED 红蓝光光强对紫花苜蓿生长产量与品质的影响. *中国草地学报*, 2023, 45(8): 23–30.
- [18] Ge J Z, Fu W H, Zhang L, *et al.* Degradation of carbendazim in orchard white clover silage and its effect on the microbial fermentative community. *Acta Prataculturae Sinica*, 2022, 31(7): 64–75.
戈建珍, 傅文慧, 张露, 等. 多菌灵在果园白三叶青贮中的降解及其对微生物群落的影响. *草业学报*, 2022, 31(7): 64–75.
- [19] Liu X G, Li N, Ji T, *et al.* Effects of microbial agents and corn protein ferment on physiological characteristics in leaves and yield of tomato. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2023, 34(11): 3039–3044.
刘希港, 李楠, 季托, 等. 微生物菌剂和玉米蛋白酵素对番茄叶片生理特性和产量的影响. *应用生态学报*, 2023, 34(11): 3039–3044.
- [20] Li Z Q, Liu P Y, Zhang Y, *et al.* Effects of inoculant application at different stages on tomato growth, quality and expression of related enzyme gene. *Northern Horticulture*, 2023(4): 1–8.
李正青, 刘朋宇, 张颖, 等. 不同时期施用菌剂对番茄生长、品质及相关酶基因表达. *北方园艺*, 2023(4): 1–8.
- [21] Gao Z L, Zhu J J, Juan J X, *et al.* Effects of compound fertilizer combined with microbial agent on growth of *Cerasus campanulata* 'Feihan' seedlings. *Acta Agriculturae Shanghai*, 2021, 37(5): 116–120.
高照亮, 朱建军, 隗加香, 等. 复合肥配施微生物菌剂对‘飞寒樱’苗木生长影响效果研究. *上海农业学报*, 2021, 37(5): 116–120.
- [22] Lyu L Y, Duan G Z, Su C F, *et al.* Effects of microbial agents on growth and soil properties of *Lycium barbarum* L. *Journal of Shenyang Agricultural University*, 2022, 53(4): 476–482.
吕亮雨, 段国珍, 苏彩凤, 等. 木霉菌微生物菌剂对枸杞生长及土壤性状的影响. *沈阳农业大学学报*, 2022, 53(4): 476–482.
- [23] Li J H, Gao K X, Wan L, *et al.* Effects of microbial agent on the growth of *Catalpa bungei* seedlings and the diversity of bacterial community in rhizosphere soil. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(21): 7588–7601.
李金花, 高克祥, 万利, 等. 微生物菌剂对楸树幼苗生长及根际土细菌群落结构的影响. *生态学报*, 2020, 40(21): 7588–7601.
- [24] Ling N, Wang T T, Yakov K. Rhizosphere bacteriome structure and functions. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 836.
- [25] Wang Y Q, Yuan C X, Yue K, *et al.* Meta-analysis of plant restoration impacts on soil microbial community structure in mining areas. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2024, 35(4): 1141–1149.
王译庆, 袁朝祥, 岳楷, 等. 植被恢复对矿区土壤微生物群落结构影响的整合分析. *应用生态学报*, 2024, 35(4): 1141–

- 1149.
- [26] Wang Z F, Li Y, Zhang Q Y, *et al.* Effect of microbicides on main diseases and soil microbial communities of tomatoes in facilities. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2024, 26(6): 102–112.
王子凡, 李燕, 张庆银, 等. 微生物菌剂对设施番茄主要病害及土壤微生物群落的影响. *中国农业科技导报*, 2024, 26(6): 102–112.
- [27] Xian K H, Su J, Fu C M, *et al.* Effects of different bacterial fertilizers on microbial diversity, physical and chemical properties of rhizosphere soil of *Paris polyphylla* var. *chinensis*. *Guangxi Sciences*, 2021, 28(6): 616–625.
洗康华, 苏江, 付传明, 等. 不同菌肥对华重楼根际土壤微生物多样性及理化性质的影响. *广西科学*, 2021, 28(6): 616–625.
- [28] Wen S F, Jiang R H, Zhu C Q, *et al.* Effects of phosphate-solubilizing bacteria on the rhizosphere soil properties and microbial community structure of maize in lead-contaminated soil. *Biotechnology Bulletin*, 2024, 40(9): 225–237.
温绍福, 江润海, 朱城强, 等. 铅污染土壤中解磷菌对玉米根际土壤性质和微生物群落结构的影响. *生物技术通报*, 2024, 40(9): 225–237.
- [29] Wang D, Li X Y, Lu H, *et al.* Effects of facility vegetable cultivation on soil microbial community structure and microbial interactions. *South-Central Agricultural Science and Technology*, 2024, 45(11): 13–22.
王丹, 李心怡, 卢涵, 等. 设施蔬菜栽培对土壤微生物群落结构及微生物互作的影响. *中南农业科技*, 2024, 45(11): 13–22.
- [30] Egidi E, Delgado-Baquerizo M, Plett J M, *et al.* A few *Ascomycota* taxa dominate soil fungal communities worldwide. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 1–9.
- [31] Wan W J, Tan J D, Wang Y, *et al.* Responses of the rhizosphere bacterial community in acidic crop soil to pH: Changes in diversity, composition, interaction, and function. *Science of the Total Environment*, 2020, 700: 134418.
- [32] Li X F, Deng S P, Raun W R, *et al.* Bacterial community in soils following century-long application of organic or inorganic fertilizers under continuous winter wheat cultivation. *Agronomy*, 2020, 10(10): 1497.
- [33] Justin F, Khalil W, Maxime H, *et al.* Native bacterial communities and *Listeria monocytogenes* survival in soils collected from the lower mainland of British Columbia, Canada. *Canadian Journal of Microbiology*, 2018, 64(10): 695–705.
- [34] Gao F, Wen S Z, Wei S X, *et al.* Effect of vegetation restoration models on soil physiochemical properties, enzymes activities and fungal diversity in rocky desertification area of northwest Guangxi, China. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2023, 35(10): 2425–2435.
高风, 文仕知, 韦铄星, 等. 桂西北石漠化区不同植被恢复类型对土壤理化性质、酶活与真菌群落多样性的影响. *浙江农业报*, 2023, 35(10): 2425–2435.
- [35] Zheng X W, Dai X, Zhu Y X, *et al.* (Meta) Genomic analysis reveals diverse energy conservation strategies employed by globally distributed Gemmatimonadota. *mSystems*, 2022, 7(4): e0022822.