

doi:10.11733/j.issn.1007-0435.2026.01.007

引用格式:陈文美,高卉,胡海娜,等.土壤微生物对荒漠草原一年生和多年生牧草生长发挥的效应[J].草地学报,2026,34(1):61-74

CHEN Wen-mei, GAO Hui, HU Hai-na, et al. The Effects of Soil Microorganisms on the Growth of Annual and Perennial Forages in the Desert Steppe[J]. Acta Agrestia Sinica, 2026, 34(1):61-74

土壤微生物对荒漠草原一年生和多年生牧草 生长发挥的效应

陈文美^{1,2}, 高卉^{1,2}, 胡海娜^{1,2}, 黄真真^{1,2}, 孙智^{1,2}, 李海港^{1,2*}

(1. 内蒙古农业大学资源与环境学院内蒙古自治区土壤质量与养分资源重点实验室, 内蒙古呼和浩特010018;
2. 农业生态安全与绿色发展自治区高等学校重点实验室, 内蒙古呼和浩特010018)

摘要:探究土壤微生物与荒漠草原不同类型牧草之间的相互关系,对于维持和恢复荒漠草原生态系统至关重要。本研究以荒漠草原多年生牧草[短花针茅(*Stipa breviflora* Griseb)、沙生针茅(*S. glareosa* P. Smirn)、克氏针茅(*S. krylovii*)、无芒隐子草(*Cleistogenes songorica* (Roshev) Ohwi)]和一年生牧草[栉叶蒿(*Neopallasia pectinata* (Pall.) Poljak)]为研究对象,解析土壤微生物浓度对不同种类牧草生长发挥的增益效应。结果发现:(1)土壤微生物浓度对多年生牧草的生长发挥中性效应。主要是由细菌 *Sphingomonas*、真菌 *Dominikia* 对其生长发挥的负效应与细菌 *norank_f_Longimicrobiaceae*、真菌 *Rhizophlyctis* 发挥的正效应之间相互抵消的结果。(2)土壤微生物浓度对一年生牧草栉叶蒿生长发挥抑制效应,且随数量升高而增强。土壤微生物 α 多样性、根际土壤中 Gemmatimonadaceae、*Coprinopsis*、*Fusarium* 及非根际土壤中 *Rubrobacter*、*Peziza* 对其生长均产生抑制作用($P<0.05$)。解析关键微生物类群,为后续相关微生物研究提供理论基础,以增强荒漠草原牧草生长的稳定性。

关键词:土壤微生物;荒漠草原;一年生牧草;多年生牧草;增益效应

中图分类号:S812

文献标识码:A

文章编号:1007-0435(2026)01-0061-14

The Effects of Soil Microorganisms on the Growth of Annual and Perennial Forages in the Desert Steppe

CHEN Wen-mei^{1,2}, GAO Hui^{1,2}, HU Hai-na^{1,2}, HUANG Zhen-zhen^{1,2}, SUN Zhi^{1,2}, LI Hai-gang^{1,2*}

(1. Key Laboratory of Soil Quality and Nutrient Resources of Inner Mongolia Autonomous Region, Resource and Environment College, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010018, China; 2. Key Laboratory of Agricultural Ecological Safety and Green Development of Autonomous Region in Higher Education, Hohhot, Inner Mongolia 010018, China)

Abstract: The exploration of the mutual relationships between soil microorganisms and different types of forages in desert steppes is crucial for maintaining and restoring desert steppe ecosystems. In this study, perennial forages [*Stipa breviflora* Griseb, *S. glareosa* P. Smirn, *S. krylovii*, *Cleistogenes songorica* (Roshev) Ohwi] and annual forage [*Neopallasia pectinata* (Pall.) Poljak] in desert steppes were taken as the research objects to analyze the enhancement effects of soil microbial concentration on different species of forages. The results showed that: (1) Soil microbial concentration exerted a neutral effect on the growth of perennial forages, mainly due to the mutual offset between the negative effects of bacteria *Sphingomonas* and fungi *Dominikia* and the positive effects of bacteria *norank_f_Longimicrobiaceae* and fungi *Rhizophlyctis* on their growth. (2) Soil

收稿日期:2025-02-13;修回日期:2025-03-30

基金项目:内蒙古自治区自然科学基金:用于补播修复退化荒漠草原的豆科牧草根际微生物多样性及功能解析(2023QN03001);国家自然科学基金:土壤氮磷养分调控荒漠草原豆科植物生存与生长的机制(32360072)和促进荒漠草原豆科植物补播建植根际功能微生物组构建及其促生机制解析(32460071);国家重点研发计划子课题:人工牧草驱动的典型“土壤-作物-动物”系统耦合机制(2022YFD1900301)资助

作者简介:陈文美(1999-),女,汉族,内蒙古赤峰人,硕士研究生,主要从事荒漠草原牧草生长研究, E-mail: 15847759542@163.com;

*通信作者 Author for correspondence, E-mail: haigangli@imau.edu.cn

microbial concentration exerted an inhibitory effect on the growth of annual forage *Neopallasia pectinata*, and this effect intensified with the increase in microbial quantity. Soil microbial α diversity, Gemmatimonadaceae, *Coprinopsis*, *Fusarium* in rhizospheric soil, and *Rubrobacter*, *Peziza* in non-rhizospheric soil all showed inhibitory effects on its growth ($P < 0.05$). The analysis of key microbial groups provides a theoretical basis for subsequent related microbial studies, so as to enhance the growth stability of forages in desert steppes.

Key words: Soil microorganism; Desert steppe; Annual forage; Perennial forage; Enhancement effect

内蒙古荒漠草原地处典型的荒漠草原地带,是中国北方草地主要组成部分之一,能够遏制风沙东扩,保卫草原畜牧业稳定发展^[1-2]。但随着近些年全球气候变化加剧及过度利用土地等因素,使荒漠草原生产力和地表植被覆盖率下降^[3],发生退化。其中,四子王旗荒漠草原是生态系统最脆弱的地区之一,草地退化日益严重^[4-5]。

在草原退化过程中,部分一年生牧草往往比多年生牧草的响应更加敏感^[6]。究其原因,主要是一年生牧草相比于多年生牧草对土壤深处的水资源竞争优势较弱^[7],且在面对环境变化时抵抗力相对较差^[8-9],尤其是应对全球气候变化的条件下。例如,前人研究发现,多年生植物在应对全球气候变化带来的有害影响时有更强的抵抗力,而一年生植物相对较弱^[10]。这样敏感而剧烈的变化,会使得一年生牧草在面临各种生物与非生物胁迫时生物量减少,导致荒漠草原发生一定程度的退化。但同样的,在针对草原进行退化修复时,一年生牧草也可依靠其对环境的敏感响应较多年生植物而言生物量实现较大提升^[6]。因此,探究不同类别的牧草生长,对恢复和维持荒漠草原生态系统尤为重要。

土壤微生物是重要的生物因子,对植物生长(株高、生物量、根长等)有重要作用,同一微生物对不同的物种也会发挥不同的作用^[11]。研究发现土壤微生物对植物生长产生促进、抑制、中性影响^[12-13],例如,前人研究发现,土壤微生物可显著增加自然生态系统中的党参等药用植物的株高和根长,促进植物的生长^[14]。而一些土壤中的病原菌(如镰刀菌、赤霉菌等)危害植物^[15],对其生长产生抑制作用。在湿地生态系统中,微生物的添加对苔草的生长(株高和生物量)无显著影响,此时微生物对植物生长表现为中性作用^[16]。此外,在草地退化的过程中,土壤微生物及其浓度也会发生相应变化^[17-18]。研究发现土壤灭菌下植物生物量显著高于不灭菌处理,说明土壤中微生物浓度的变化对植物生长产生显著作用^[19]。因此,本文通过控制土壤微生物浓度,探讨其对荒漠草原牧草生长的作用。

已有前人就土壤微生物对植物生长的影响进

行研究,例如,土壤微生物能够通过固氮、释放矿化物质中的营养元素、增强植物对营养元素的吸收能力等方式,帮助植物生长并提高其防御能力^[20]。在对德国南部温带草原的9种一年生植物和9种多年生植物的研究中发现,一年生植物比多年生植物更容易受到抑制,主要是因为一年生植物对病原体的抵抗力较弱,因此在一些真菌病原体相互作用下一年生植物更容易受到抑制^[21];一年生牧草的相对根重和寿命低于多年生牧草,而相对根重和寿命低的植物根部氮含量更高,更容易吸引病原微生物,因此导致一年生牧草更容易受到抑制,而多年生牧草不易受到影响^[21-23]。相较于温带草原,荒漠草原降水量少、蒸发量大、生产力低,土壤养分贫瘠,在这样特殊生境下微生物针对不同类别牧草可能发挥的效应尚不清楚。此外,在植物不同的生长期间,根际细菌和真菌群落组成发生变化,导致植物在不同的生长时期呈现出不同的响应,且一年生牧草显著受到微生物群落组成变化的影响,对多年生牧草影响不显著^[24]。然而,这种变化规律在荒漠草原中如何体现尚不清楚。

本文基于荒漠草原这一特殊生境条件,以荒漠草原典型牧草为对象。旨在探究土壤微生物对多年生和一年生牧草生长的增益效应。结合荒漠草原多年生植被高占比、生存稳定的现状,认为荒漠草原土壤微生物对多年生牧草的影响是中性的,对一年生牧草是抑制的。多年生牧草的增益效应可能不会受植被生长的影响变化,一年生牧草的抑制效应可因牧草生长时期不同而变化。希望通过本研究能够为维持、恢复荒漠草原生态系统功能提供一定的科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验地位于内蒙古乌兰察布市四子王旗阿德格,地理坐标42°02′17″N,112°30′57″E,海拔为1327 m,年平均气温3.8℃,年均降雨量275.8 mm,土壤类型为淡栗钙土,气候类型为中温带大陆性气

候。主要牧草类型密度占比多年生牧草:一年生牧草约为5.6:1^[25]。多年生牧草主要有短花针茅(*Stipa breviflora* Griseb)、无芒隐子草[*Cleistogenes songorica* (Roshev) Ohwi]、银灰旋花(*Convolvulus ammannii* Desr)、冷蒿(*Artemisia frigida* Willd.)、克氏针茅(*S. krylovii*)、羊草(*Leymus chinensis* (Trin.) Tzvel)、沙生针茅(*Stipa glareosa* P. Smirn)、一年生牧草主要有栉叶蒿[*Neopallasia pectinata* (Pall) Poljakov]、刺沙蓬(*Salsola tragus* L.)等^[26]。经前期调查发现,四子王旗荒漠草原多年生牧草以短花针茅、无芒隐子草、沙生针茅、克氏针茅为主;一年生牧草密度占比较少,其中栉叶蒿占大部分比例^[25]。

1.2 试验材料

供试牧草及种子:采集阿德格基地建群种及优势种的多年生和一年生牧草种子,其中多年生牧草包括短花针茅、沙生针茅、克氏针茅、无芒隐子草4种,一年生牧草为栉叶蒿。5种牧草挑选籽粒饱满的种子用H₂O₂消毒5 min,蒸馏水冲洗,饱和CaSO₄浸泡30 min,无菌水反复冲洗后于28℃恒温无菌条件下催芽。

供试土壤:于2023年6月,在四子王旗阿德格试验基地研究区内采集0~30 cm土壤样品,去除土壤样品中的根系、石子等杂质,将土壤样品混合均匀带回试验室。将土壤样品平均分成4份,其中1份鲜土放入-80℃超低温冰箱保存,用于制备菌悬液(土壤菌悬液的制备方法为,将30 g鲜土中加入200 mL无菌水,震荡30 min后过滤);其余3份过2 mm筛,将其中2份放入烘箱中170℃干热灭菌2 h得到灭菌土(采用稀释涂布法进行灭菌效果检验,已无菌),1份不做灭菌处理。

1.3 试验设计

试验在内蒙古农业大学人工气候室内以盆栽试验方式进行。试验为2因素随机区组试验,共设置5种牧草,3个土壤微生物浓度:分别为不灭菌土壤(N)、土壤灭菌后加入土壤菌悬液(H)、土壤灭菌(M)。每个处理5次重复,共75(5×3×5)盆。

向相同大小的盆(上直径:17.5 cm,下直径:10.1 cm,高:11.0 cm)中加入1.50 kg的不同土壤微生物浓度处理的土壤,每个盆中播入6颗萌发相近的种子,待牧草生长至0.5 cm间苗留下长势相近的

4株。首次浇无菌水量(N、M处理)/菌悬液量(H处理)=土重1.50 kg×田间持水量22%=330 mL,之后以田间持水量的70%进行浇水^[27],共种植35 d,分别在第5 d,10 d,15 d,25 d,35 d测量株高,35 d取样时测定牧草株高、生物量、根长、茎粗,并将各处理每盆4株牧草的根际土(根表土壤用毛刷刷下)和非根际土分别混入2 mL离心管中,放入-80℃冰箱中保存,用于后续土壤微生物的测定。

微生物-植物增益效应计算方法:Enhancement effect= $\ln \frac{X_{\text{high}}}{X_{\text{low}}}$, X_{high} 为土壤微生物数量较多处理下的牧草株高/生物量, X_{low} 土壤微生物数量较低处理下的牧草株高/生物量。Enhancement effect显著大于0为正增益效应,显著小于0为负增益效应,无显著差异为中性效应。本研究涉及了3个增益效应,分别是“N~H”“N~M”“H~M”之间的增益效应。

1.4 试验指标测定方法

1.4.1 牧草株高、根长、茎粗、生物量测定 牧草株高(cm):用30 cm的直尺对牧草的地上部分进行测量,测量其自然高度^[28]。

茎粗(mm):使用游标卡尺测量牧草茎基部直径^[28]。

根长(mm):将每盆的4株牧草全部挖出后,将每盆的4株牧草全部挖出后,将牧草的根部刷完根际土后放在蒸馏水中刷洗干净,使用吸水纸吸干水分,然后用游标卡尺测量其主根长度。

生物量(g·pot⁻¹):将牧草地上地下部分放入烘箱105℃杀青半小时,后将烘箱调为70℃,直至牧草烘干至恒重,使用万分之一天平测量其一盆内牧草的全部(地上和地下部分)重量作为生物量^[29]。

1.4.3 土壤微生物测定 将-80℃冰箱中保存的4种多年生牧草以及1种一年生牧草3个不同菌液浓度的根际土、非根际土×3个重复(共90个),依托上海欧易生物技术有限公司(Shanghai, China)使用Illumina NovaSeq 6000测序平台进行细菌16S V3-V4(引物343F和798R)^[30], ITS(引物ITS1F和ITS2)^[31],扩增子测序分析。

1.5 数据分析

采用Excel 2019对数据进行整理,采用SPSS 25.0软件进行数据分析,在方差分析前,对方差分析的前提假设(正态性和方差齐性)进行验证,并进行Duncan多重比较(显著性水平为 $P<0.05$)^[32]。

使用 Origin 2021 绘制牧草生长指标(株高、生物量、根长、茎粗)及增益效应柱状图,并进行差异分析:(1)分析不同生长天数(5 d, 10 d, 15 d, 25 d, 35 d)和微生物浓度(N, H, M)处理对牧草株高和增益效应的影响;(2)比较不同微生物浓度(N, H, M)处理和牧草种类(多年生、一年生)对牧草生物量、根长、茎粗的影响。

绘制微生物 Chao1 指数和 Shannon 指数箱线图,使用包括 Chao1 指数^[33]和 Shannon 指数^[34]的 Alpha 多样性评估样品根际和非根际微生物的 α 多样性,并与牧草生长指标(生物量、茎粗、根长、株高)进行 Pearson 相关性分析。分别选取 4 种多年生牧草根际和非根际细菌、真菌绝对丰度中共有的物种;选取一年生牧草根际和非根际真菌绝对丰度前 10 的物种,使用 LEfSe 对细菌丰度谱进行差异分析。将所有选出的真菌和细菌绘制绝对丰度图,并与牧草生长指标进行 Pearson 相关性分析。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物对牧草生长性状的影响

2.1.1 土壤微生物对牧草株高的影响 5 种牧草在各处理下生长情况不同(见图 2C),就多年生牧草而言,不同的土壤微生物浓度对多年生牧草株高影响无显著差异(图 1A),且微生物增益效应无显著变化(图 1B)。

一年生牧草栉叶蒿 5 d 和 10 d 时,在 N 处理下株高显著高于 M、H 处理;25 d 及 35 d 时 M 处理株高显著高于 N 和 H 处理($P < 0.05$, 图 1Ae)。栉叶蒿在 5~35 d 期间内, N 处理下株高变化不显著,而 M 处理下显著增加($P < 0.05$, 图 1Ae)。在 5 d 和 10 d 时不同处理之间均有显著的正向增益效应,10 d 之后 N~H 之间的增益效应由中性效应转变为负效应, N~M, H~M 均表现为显著的负增益效应,且 N~M 之间的增益效应在 N~H, H~M 之间保持最高($P < 0.05$, 图 1Be)。

2.1.2 土壤微生物对牧草生物量的影响 在 N 和 H 处理下,多年生牧草生物量均高于一年生牧草栉叶蒿。在 35 d 时(图 2a)多年生牧草短花针茅、沙生针茅、克氏针茅的生物量在各处理间均无显著差异。一年生牧草栉叶蒿的生物量主要表现为 $M > H > N$ 处理($P < 0.05$)。栉叶蒿在 N~H, N~M, H~M 3 组之间的增益效应均显著低于 4 种多年生

牧草,且栉叶蒿在 N~M 之间的增益效应显著低于 N~H 和 H~M($P < 0.05$, 图 2b)。

2.1.3 土壤微生物对牧草根长、茎粗的影响 整体来看,多年生牧草的根长高于一年生牧草;在 N 和 H 处理下,多年生牧草茎粗高于一年生牧草。土壤微生物对 4 种多年生牧草的根长、茎粗均无显著影响,一年生牧草栉叶蒿的根长和茎粗在 M 处理下显著高于 N 处理($P < 0.05$, 图 3a-3b)。

2.2 不同牧草根际/非根际土壤微生物多样性

通过多年生牧草和一年生牧草根际/非根际(R/B)细菌和真菌的 α 多样性可以发现(图 4),在 N 处理下,5 种牧草细菌和真菌的 Chao1 指数和 Shannon 指数均无显著差异。在 H 处理下,多年生牧草短花针茅根际(R)细菌的 Chao1 指数显著低于一年生牧草;多年生牧草短花针茅和沙生针茅根际真菌的 Shannon 指数显著低于一年生牧草($P < 0.05$)。在 M 处理下,克氏针茅根际细菌的 Chao1 指数和 Shannon 指数显著低于一年生牧草,短花针茅根际真菌的 Shannon 指数显著低于一年生牧草($P < 0.05$)。

根际/非根际细菌的 α 多样性表现为,多年生牧草短花针茅在 H 处理中,根际(R)细菌的 Chao1 指数显著低于非根际(B)($P < 0.05$);一年生牧草栉叶蒿在 M 处理中,非根际细菌的 Chao1 指数极显著低于根际($P < 0.01$)。真菌的 α 多样性表现为,多年生牧草无芒隐子草在 H 处理中,非根际细菌的 Chao1 指数极显著低于根际;一年生牧草栉叶蒿在 N 处理中,根际细菌的 Chao1 指数显著低于非根际($P < 0.05$)。

2.3 不同牧草主要微生物类群及其与生长的关系

2.3.1 不同牧草主要细菌类群及其与生长的关系 在多年生牧草根际和非根际微生物群落绝对丰度前 15 的属水平中,共有细菌 7 个(图 5a)[根际:鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、长微菌科的不确定属(*norank_f_Longimicrobiaceae*)、沙壤土杆菌属(*Ramlibacter*)、Ellin6055、NMD1、马赛菌属(*Masilia*)、湖沉积物杆菌属(*Limnobacter*);非根际:*Sphingomonas*、*norank_f_Longimicrobiaceae*、*Ramlibacter*、Ellin6055、NMD1、新草小螺菌属(*Noviherbaspirillum*)、出芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)] ,将共有的根际、非根际微生物和 α 多样性与其生长指标进行相关性分析发现(图 5b),根际细菌 *Sphin-*

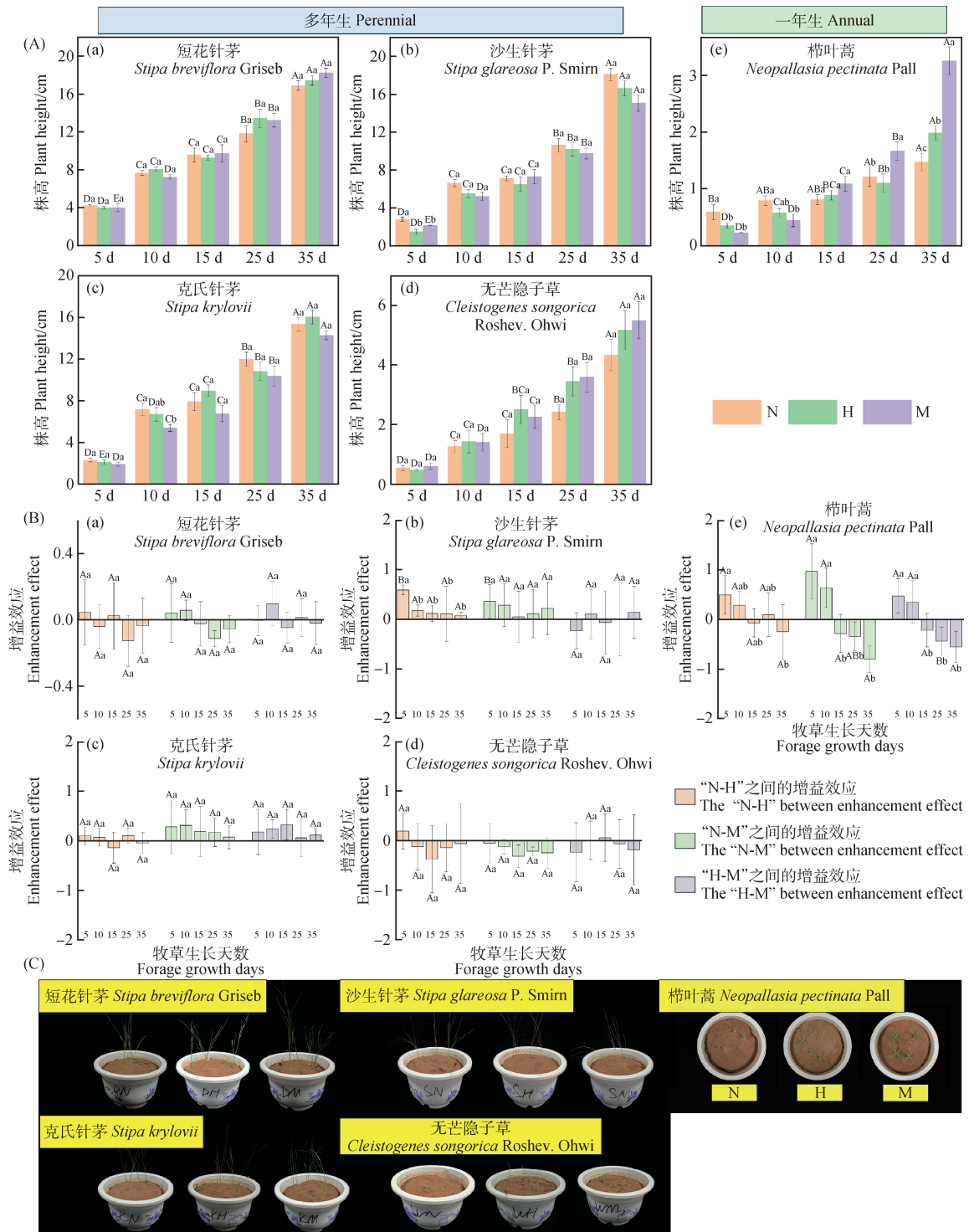


图 1 5 种牧草不同时期的株高(A)、增益效应(B)及 35 d 的盆栽图片(C)

Fig. 1 Plant length (A) and enhancement effect (B) of at different growth days and potted pictures at 35 d (C)

注: N, 土壤不灭菌; H, 土壤灭菌后添加土壤菌悬液; M, 土壤灭菌; (A) 图中不同小写字母表示相同生长天数不同处理之间差异显著, 不同大写字母表示不同生长天数相同处理之间差异显著 ($P < 0.05$); (B) 图中不同小写字母表示不同生长天数相同组 (共 3 组“N~H”“N~M”“H~M”) 差异显著, 不同大写字母表示在相同生长天数不同组间差异显著 ($P < 0.05$)

Note: N, Soil was not sterilized. H, Added soil bacterial suspension after soil sterilization. M, Soil sterilization. In figure A, different lowercase letters indicated that there was a significant difference between different treatments with the same growth days, different capital letters indicated that there was a significant difference between the same treatments with different growth days ($P < 0.05$). In figure B, different lowercase letters indicated that there was a significant difference in the same group (a total of 3 groups of “N~H” “N~M” “H~M”) of different growth days, different capital letters indicated that there was a significant difference between different groups of the same growth days ($P < 0.05$)

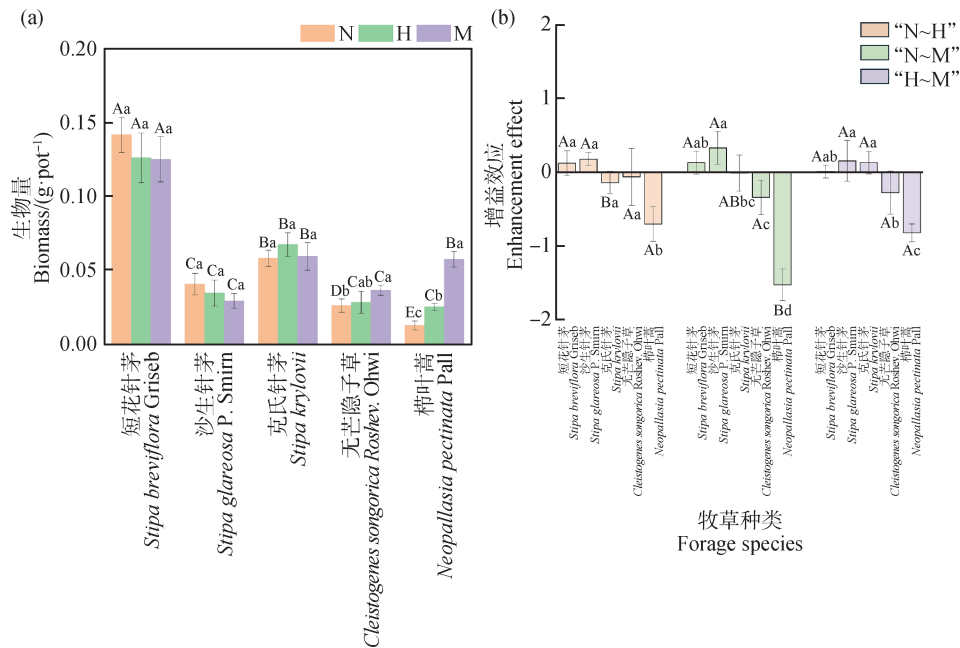


图 2 35 d 时 5 种牧草的生物量(a)和增益效应(b)

Fig. 2 Biomass (a) and enhancement effect (b) of 5 forages in 35 d

注:(a)图中不同小写字母表示相同牧草不同处理之间差异显著,不同大写字母表示不同牧草相同处理之间差异显著($P<0.05$);(b)图中不同小写字母表示不同牧草相同组差异显著,不同大写字母表示在相同牧草不同组间差异显著($P<0.05$),下同

Note: In figure (a), different lowercase letters indicated that there was a significant difference between different treatments with the same forage, different capital letters indicated that there was a significant difference between the same treatment with different forages ($P<0.05$) the same as below. In figure (b), different lowercase letters indicated that there was a significant difference in the same group in different forages, different capital letters indicated that there was a significant difference between different groups of the same forage ($P<0.05$), the same as below

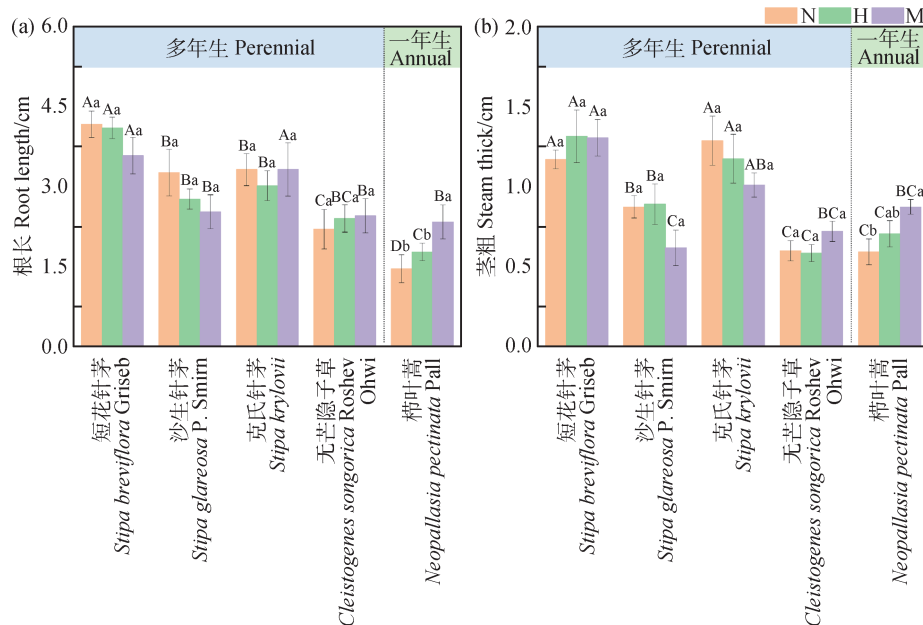


图 3 35 d 时 5 种牧草的根长和茎粗

Fig. 3 Root length and steam thick of five forages in 35 d

gomonas 与其生物量、茎粗、根长、株高呈显著负相关($P<0.05$), *norank_f_Longimicrobiaceae* 与其生物量显著正相关($P<0.05$)。非根际细菌 *Ellin6055*

与其根长和株高呈显著正相关($P<0.05$)。根际和非根际细菌的 α 多样性与多年生牧草生物量、茎粗、根长、株高均无显著相关性。

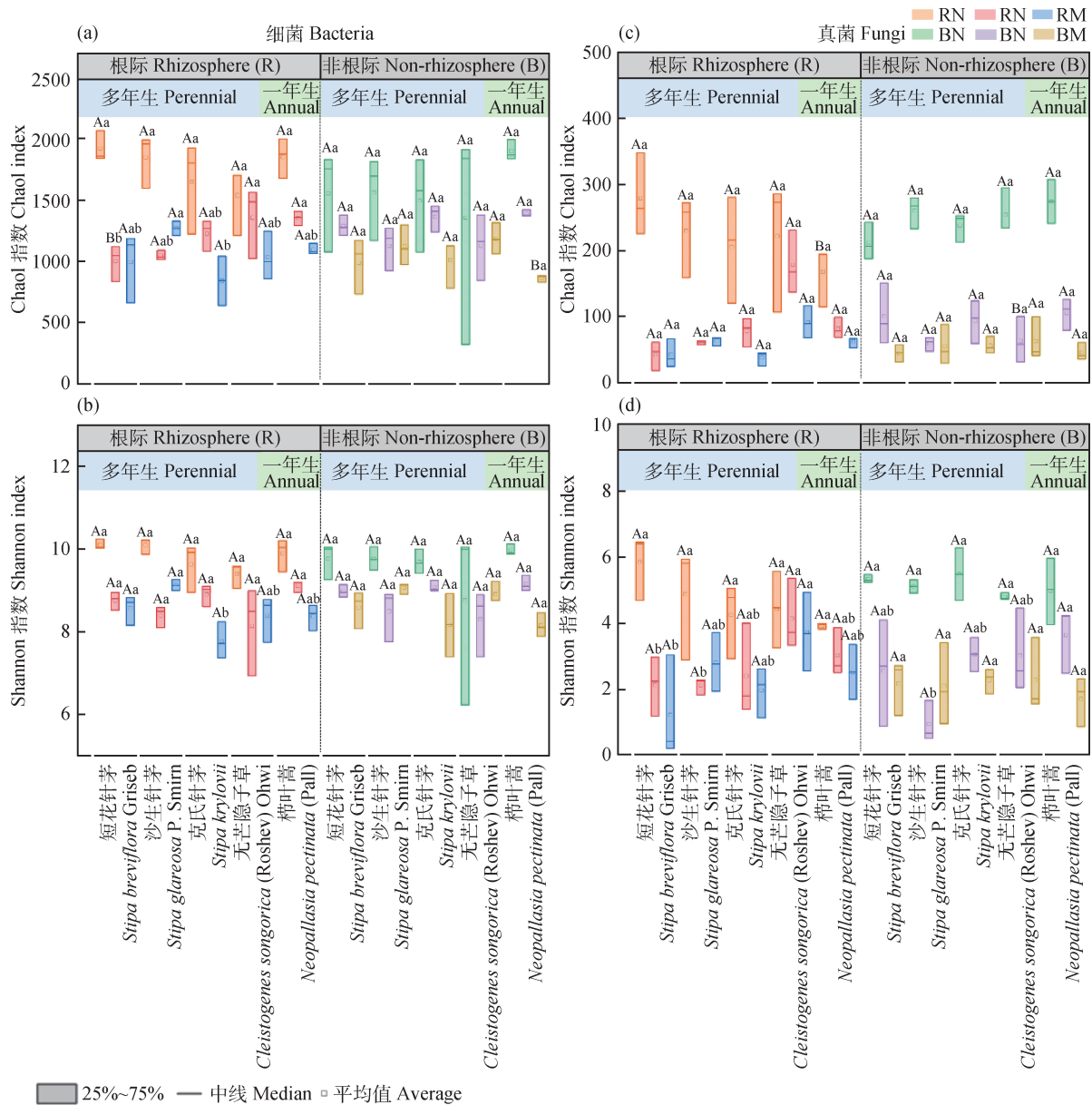


图 4 5 种牧草的 Alpha 微生物多样性

Fig. 4 Alpha microbial diversity of five forages

注:R,根际;B,非根际;图中不同小写字母表示不同牧草相同处理之间(相同颜色)差异显著($P<0.05$);不同大写字母表示不同微生物(根际/非根际)相同牧草和处理之间差异显著($P<0.05$)

Note: R, rhizosphere; B, non-rhizosphere. In figure, different lowercase letters indicated that there are significant differences in different forages (the same color) between the same treatment ($P<0.05$), different capital letters indicated that there was a significant difference between different microorganisms (rhizosphere/non-rhizosphere) in the same forage and treatment ($P<0.05$)

一年生牧草柽叶蒿的根际细菌在 3 个处理科水平下的差异性物种为:柄杆菌科(Caulobacteraceae)、鞘氨醇杆菌科(Sphingobacteriaceae)、草酸杆菌科(Oxalobacteraceae)、鞘氨醇单胞菌科(Sphingomonadaceae)、芽单胞菌科(Gemmatimonadaceae),非根际微生物属水平下的差异性物种分别为:norank_f_Longimicrobiaceae、橙色鞘氨醇菌属(Sphingoaurantiacus)、纤维弧菌属(Cellvibrio)、

Noviherbaspirillum、Polycylovorans、假单胞菌属(Pseudomonas)、红色杆形菌属(Rubrobacter)。将其根际/非根际细菌的 α 多样性和共有微生物与其生长指标进行相关性分析,发现根际/非根际细菌 α 多样性与柽叶蒿生物量、茎粗、根长、株高呈显著负相关($P<0.05$)。根际细菌表现为,在 M 处理中 Caulobacteraceae, Sphingobacteriaceae 与其生物量呈极显著正相关性($P<0.01$);在 N 处理中 Gemma-

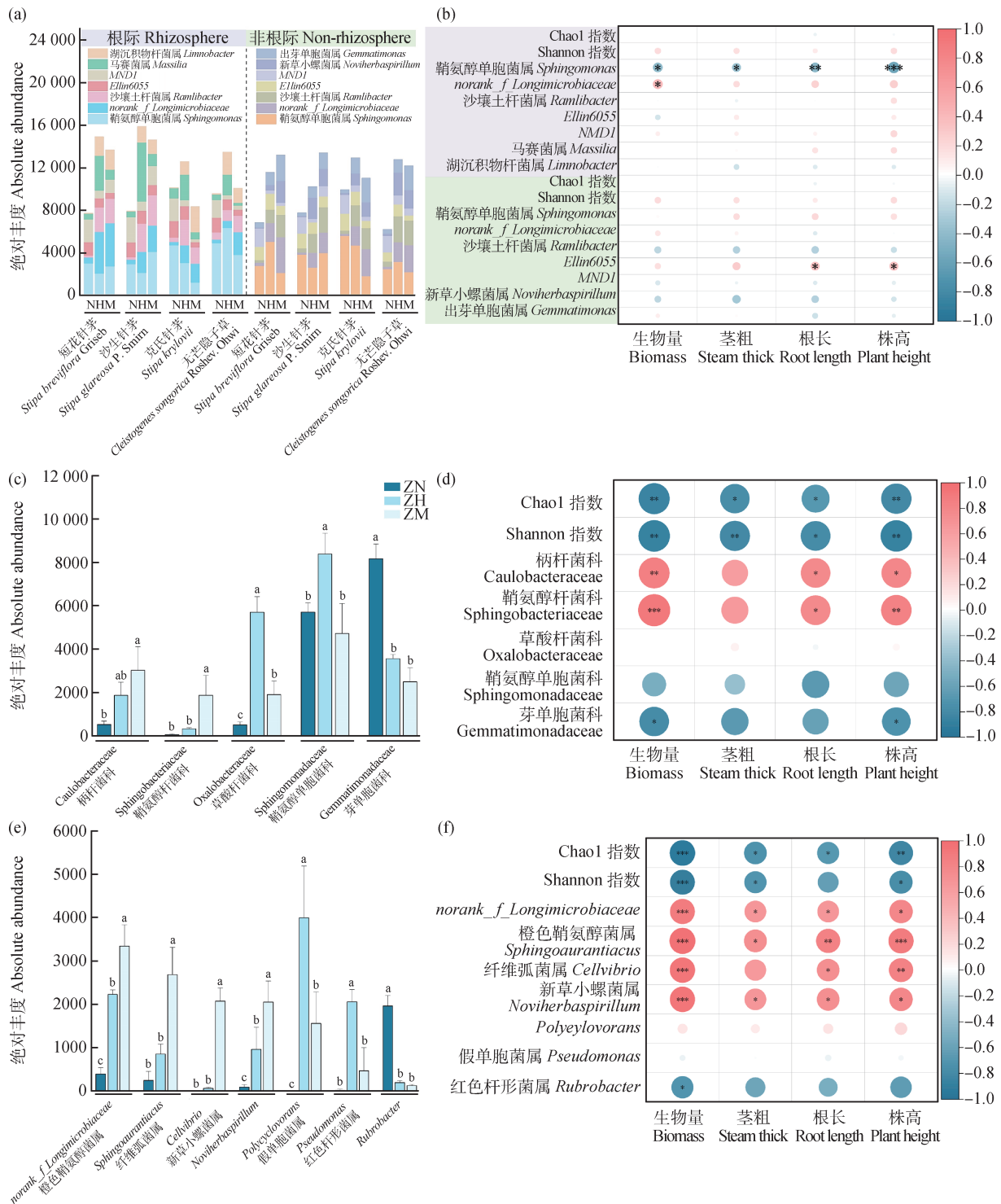


图 5 土壤细菌对 5 种牧草生长的影响

Fig. 5 Effects of soil bacteria on the growth of five forages

注: a, 4 种多年生牧草根际/非根际土壤细菌绝对丰度; b, 4 种多年生牧草根际/非根际土壤细菌与其生长指标相关性分析; c, e, 桉叶蒿根际(c)/非根际(e)土壤细菌差异物种绝对丰度; d, f, 桉叶蒿根际(d)/非根际(f)土壤细菌与其生长指标相关性分析; 图 c, e 不同小写字母表示相同细菌不同处理之间差异显著 ($P < 0.05$)。*/ **/ ***: $P < 0.05/0.01/0.001$

Note: a, The absolute abundance of bacteria in rhizosphere/ non-rhizosphere soil of four perennial forages; b, Correlation analysis between rhizosphere/ non-rhizosphere soil bacteria and growth indexes of four perennial forages; c, e, Absolute abundance of bacterial differential species in rhizosphere (c)/ non-rhizosphere (e) soil of *N. pectinata*; d, f, Correlation analysis between rhizosphere (d)/ non-rhizosphere (f) soil bacteria and growth indexes of *N. pectinata*. In picture c, e: the lowercase letters indicated that there was a significant difference between different treatments of the same bacteria ($P < 0.05$). */ **/ ***: $P < 0.05/0.01/0.001$

timonadaceae与生物量呈显著负相关性($P < 0.05$, 图5c-5d)。非根际细菌在M处理中 *norank_f_Longimicrobiaceae*、*Sphingaurantiacus*、*Cellvibrio*、*Novtherbaspirillum* 与其生物量等指标均呈极显著正相关($P < 0.01$), N处理中 *Rubrobacter* 与其生物量呈显著负相关性($P < 0.05$, 图5e-5f)。

2.3.2 不同牧草主要真菌类群及其与生长的关系 4种多年生牧草根际和非根际微生物群落绝对丰度前15的属水平中,共有的真菌6个(图6a)[根际:囊根壶菌(*Rhizophlyctis*)、裂壳菌属(*Schizothecium*)、*Knufia*、镰刀菌属(*Fusarium*)、*Cladophialophora*、多氏囊霉属(*Dominikia*);非根际:*Rhizophlyctis*、*Schizothecium*、*Knufia*、*Fusarium*、赤霉菌属(*Gibberella*)、被孢霉属(*Mortierella*)]。根际真菌 *Dominikia* 与其茎粗有显著负相关, *Rhizophlyctis* 与其生物量有显著的正相关($P < 0.05$)。根际和非根际真菌的 α 多样性与多年生牧草生物量、茎粗、根长、株高均无显著相关性(图6b)。

就一年生牧草栉叶蒿而言,3个处理中的根际微生物群落绝对丰度前10的属水平物种分别为:*Schizothecium*、盘菌属(*Peziza*)、*Rhizophlyctis*、*Fusarium*、毛葡孢属(*Botryotrichum*)、光黑壳属(*Preussia*)、*Gibberella*、枝孢菌属(*Cladorrhinum*)、*Dominikia*、墨汁鬼伞属(*Coprinopsis*)。非根际微生物群落绝对丰度前10的属水平物种,分别为 *Schizothecium*、*Peziza*、*Rhizophlyctis*、*Fusarium*、*Cladophialophora*、*Knufia*、扎氏孢菌属(*Zopfiella*)、头梗霉属(*Cephalophora*)、*Gibberella*、双子囊菌属(*Geminibasidium*)。将这些真菌类群和土壤微生物 α 多样性与其生长指标进行相关性分析(图6c-6d)。发现根际土壤真菌 α 多样性与其生物量、茎粗、根长、株高呈显著负相关($P < 0.05$), *Fusarium* 和 *Coprinopsis* 分别与其生物量和茎粗呈显著负相关($P < 0.05$), *Peziza* 与其根长呈显著正相关($P < 0.05$)。非根际土壤真菌 α 多样性与其生物量、茎粗、根长、株高呈显著负相关($P < 0.05$), *Fusarium*、*Gibberella*、*Geminibasidium* 与其生物量、茎粗呈显著负相关, *Peziza* 与生物量呈显著正相关($P < 0.05$, 图6e-6f)。

3 讨论

3.1 土壤微生物对多年生牧草的增益效应

荒漠草原作为集合了多年生牧草和一年生牧

草的自然生态系统,其植物-土壤之间的双向过程^[35]必然影响着草原的植被和生态环境。研究发现3种土壤微生物浓度下多年生牧草的生物量、株高、根长、茎粗几乎无显著差异,表明土壤中微生物的浓度差异并不能影响多年生牧草的生长。通过对比微生物浓度较高与较低土壤中牧草的增益效应,进一步证实了土壤微生物浓度变化对多年生牧草生长无显著影响,以往的研究表明时间对多年生牧草的生长也无显著影响^[36]。形成这一结果可能是多年生牧草根际和非根际的微生物存在正、负两种效应,综合表现出中性结果。

对4种多年生牧草根际土壤微生物群落丰度的研究发现,个别细菌和真菌对多年生牧草的生长呈现不同的相关性,其中细菌 *Sphingomonas* 和真菌 *Dominikia* 与多年生牧草的生长呈负相关性。已有研究报道,在农田生态系统中细菌 *Sphingomonas* 的增加能够降低污染物邻苯二甲酸酯,提高土壤肥力和酶活性^[37],而在本研究中该细菌与多年生牧草的生长呈负相关,推测其机制可能与研究对象的生态类型差异有关,因此可能使 *Sphingomonas* 发挥了不同的功能,但具体的功能仍需进一步地研究。*Dominikia* 被发现在受病害的柑橘中丰度较高^[38],并发现其与致病性具有一定的正相关性,本研究中发现在多年生牧草中该菌丰度较高,其致病能力可能是导致对多年生牧草的生长产生抑制作用的原因。

除此之外,本研究还发现细菌 *norank_f_Longimicrobiaceae* 和真菌 *Rhizophlyctis* 与多年生牧草的生长有显著的正相关性。细菌 *norank_f_Longimicrobiaceae* 是 *Longimicrobiaceae* 下未分类的属,目前对 *Longimicrobiaceae* 的研究相对较少,研究发现该菌能够在营养浓度低的情况下生存^[39],并且该菌在玉米生长过程中可以通过降低直链淀粉含量,减轻矿物肥的危害^[40],说明 *Longimicrobiaceae* 具有低营养适应性与植物促生的功能。因此推测 *norank_f_Longimicrobiaceae* 能够适应养分含量低的荒漠草原土壤,使该菌能够发挥原本促进植物生长的功能,但其发挥的具体功能仍需进一步地研究。对于真菌 *Rhizophlyctis*,早在1969年^[41]就首次报道了关于该菌的研究,真菌 *Rhizophlyctis* 是土壤中的有益微生物,能够优化土壤微生物群,促进植物的生长^[42]。在本研究中,真菌 *Rhizophlyctis* 可能同样作为有益微生物优化了多年生的牧草的微生物群落结构,对

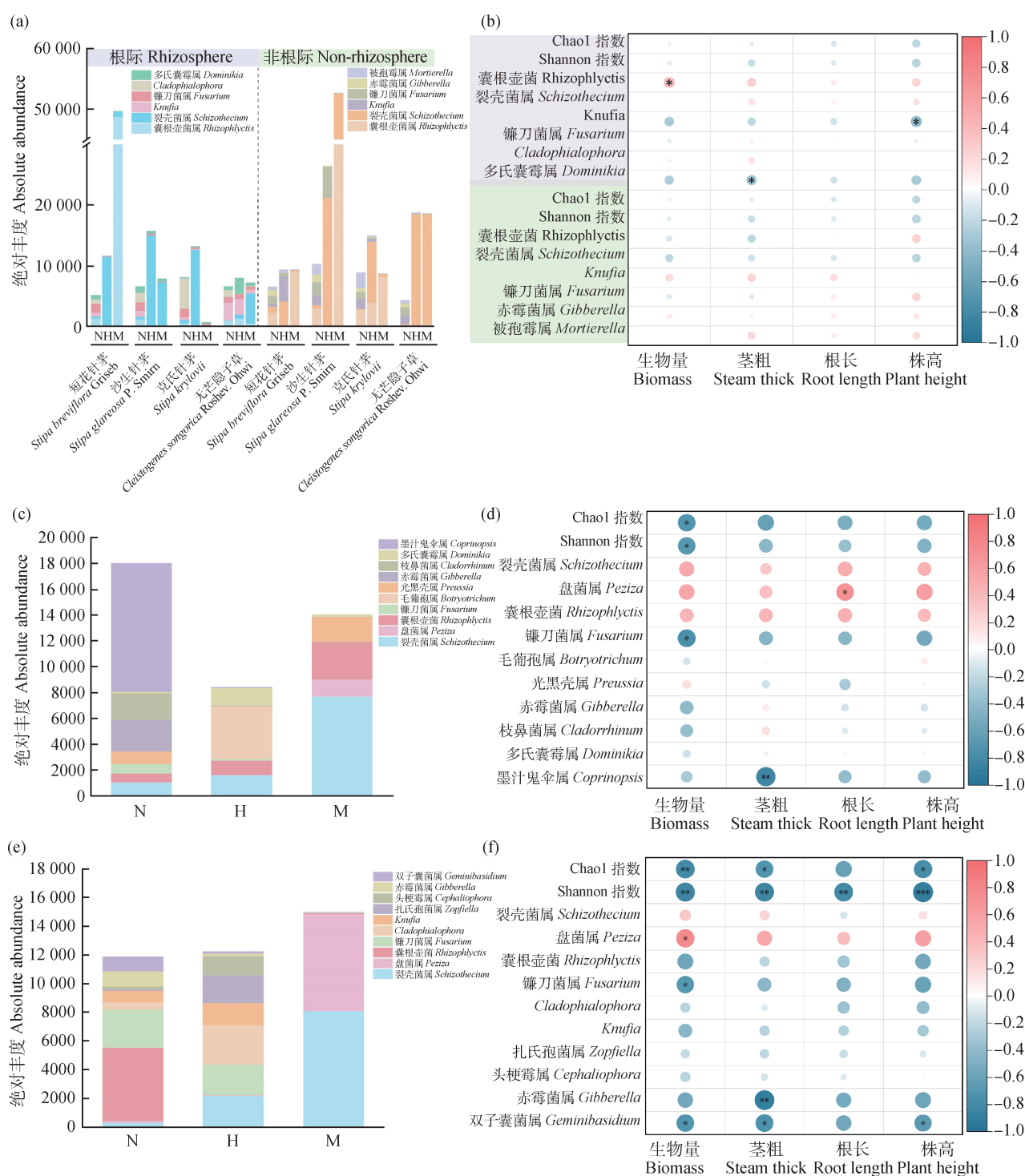


图 6 土壤真菌对 5 种牧草生长的影响

Fig. 6 Effects of soil fungi on the growth of five forages

注: a, 4 种多年生牧草根际/非根际土壤真菌的绝对丰度; b, 4 种多年生牧草根际/非根际土壤真菌与其生长指标相关性分析; c, e, 芨叶蒿根际(c)/非根际(e)土壤真菌绝对丰度; d, f, 芨叶蒿根际(d)/非根际(f)土壤真菌与其生长指标相关性分析。*, **, ***: $P < 0.05$, $P < 0.01$, $P < 0.001$

Note: a, The absolute abundance of fungi in rhizosphere / non-rhizosphere soil of 4 perennial forages; b, Correlation analysis between rhizosphere / non-rhizosphere soil fungi and growth indexes of four perennial forages; c, e, The absolute abundance of fungi in rhizosphere(c) / non-rhizosphere (e) soil of *N. pectinata*; d, f, Correlation analysis between rhizosphere(d) / non-rhizosphere(f) soil fungi and growth indexes of *N. pectinata*. *, **, ***: $P < 0.05$, $P < 0.01$, $P < 0.001$

其生长产生了正增益效应。在非根际土壤微生物群落中,发现细菌 *Ellin6055* 与多年生牧草的生长呈现正相关关系,在以往的研究中该菌作为有益菌存在于土壤中,诱导植物根部形成生物膜,促进植物生长^[43],减少植物所受的迫害。

综合来看,土壤微生物对多年生牧草的生长发挥的增益效应可能是多种微生物共同作用产生的结果。根据以往的研究发现,土壤中的微生物多种多样,彼此之间相互影响相互制约。尽管土壤中的病原菌对植物的生长能够产生毒素,危害植物的生长,但土壤微生物也能够促进植物吸收养分,对病原体产生抗性作用,提高植物的耐受性等^[20,44]。但目前对多年生牧草生长没有类似的研究,土壤微生物对其生长发挥效应的机制还需进一步研究。本研究通过了解土壤微生物对多年生牧草的影响,探明了多年生牧草在荒漠草原稳定生长的原因,以及为维持多年生牧草生长提供一定理论依据。

3.2 土壤微生物对一年生牧草的增益效应

研究发现一年生牧草栉叶蒿出现了阶段性的动态响应^[24],其增益效应表现为由正转为负的差异过程。本试验10 d及之前,未灭菌土壤(N处理)中的栉叶蒿株高显著优于其他处理,由于本研究只控制了土壤微生物浓度的差异,并且在N处理中土壤微生物浓度相对最高,因此推测可能是在初期土壤中原有的有益微生物发挥遗留效应促进栉叶蒿的生长^[45],但具体的原因,还需后续进一步地研究。随着栉叶蒿生长时期的延长,土壤微生物类群随着牧草根发育发生变化,通过其35 d根际微生物与栉叶蒿生长指标(株高、生物量、根长、茎粗)的相关性分析发现,根际真菌 *Fusarium*、*Coprinopsis* 与栉叶蒿的生长呈显著负相关性。*Fusarium* 是常见的致病真菌,能够引起谷物疾病,对小麦等作物产生危害^[46-47],在本文中,该菌同样对栉叶蒿的生长发挥了抑制作用;真菌 *Coprinopsis* 目前对该菌在土壤中发挥的功能研究也较少,在本研究中 *Coprinopsis* 表现出的抑制作用的原因仍未可知,可能还需后续进一步的研究。细菌 *Gemmatimonadaceae* 与栉叶蒿株高呈现负相关性,有研究表明 *Gemmatimonadaceae* 能够促进土壤中 N_2O 的还原成 N_2 ^[48],而在本研究中该菌与栉叶蒿有负相关性,推测可能与氮素的周转相关。

在H和M处理中,栉叶蒿根际中富集的细菌 *Caulobacteraceae*、*Sphingobacteriaceae*、真菌 *Peziza*

与其生长呈显著正相关。已有研究发现,*Caulobacteraceae* 能够在土壤微生物多样性较低的情况下生存,并且研究发现 *Caulobacteraceae* 能在植物根际中减缓其他有害微生物的毒素,*Sphingobacteriaceae* 能够降解土壤中环境污染物^[49-51],说明这2种细菌具有较强的生存和适应能力,能够在不同的环境条件下发挥重要作用。对于一年生牧草而言,这2种细菌可能通过减轻有害微生物的毒素,改善土壤质量对栉叶蒿产生积极作用。目前还未有对真菌 *Peziza* 功能的研究,在本研究中发现 *Peziza* 对栉叶蒿的生长能够发挥促进效应,但对其在土壤中发挥的作用研究较少,后续仍需进一步探明其功能。除此之外,微生物再定殖过程中还可能受到一系列随机过程的影响^[52],由于H和M处理的土壤微生物 α 多样性显著低于N处理($P<0.05$),使得微生物在获取土壤中资源的随机性增加。少量的微生物在同样的资源范围内,可能会获得相对较多的资源并加以利用^[53],促进栉叶蒿生长。

非根际微生物也同样对栉叶蒿的生长有不同的影响,其中细菌 *Rubrobacter* 和真菌 *Fusarium*、*Gibberella*、*Geminibasidium* 对栉叶蒿的生长发挥负增益效应,其中 *Gibberella* 也是较为常见的致病真菌,对马铃薯、人参等植物均能造成危害^[54-55]。非根际微生物细菌 *norank_f_Longimicrobiaceae*、*Sphingogaurantiacus*、*Cellvibrio*、*Noviherbaspirillum* 和真菌 *Peziza* 对栉叶蒿的生长发挥促进作用,前人研究发现 *Sphingogaurantiacus* 在土壤中对金属具有一定的耐受性;*Cellvibrio* 能够作为有益微生物与其他微生物共同作用缓解植物受到的淹水胁迫;*Noviherbaspirillum* 可以改善Cd、Mn对土壤的污染,提高植物的抗性^[56-58],3种菌均能够提高植物的抗性,促进植物的生长。在本研究中,这3种菌与栉叶蒿的生长呈正相关,推测这几种菌能够提高栉叶蒿的抗性,进而对其的生长产生一定的促进作用。这些非根际微生物与根际微生物共同对栉叶蒿的生长发挥作用,抑制栉叶蒿生长的微生物在未灭菌处理中丰度最高,说明土壤本源微生物中存在抑制栉叶蒿生长的关键微生物。

在本研究中,对于多年生和一年生牧草来说,在不同的时间里3种处理的牧草生长趋势有所不同,土壤微生物对多年生牧草的生长由根际/非根际微生物正、负效应共同作用,最终呈现中性的影响。对一年生牧草栉叶蒿来说,土壤微生物对其发

挥抑制作用(图7),这样的结果单就柃叶蒿来说可能是“坏消息”,但对于整个自然生态系统来说,作

为生长年际波动较大的一年生牧草,适度的抑制才是维持草原生态系统稳定的必然结果。

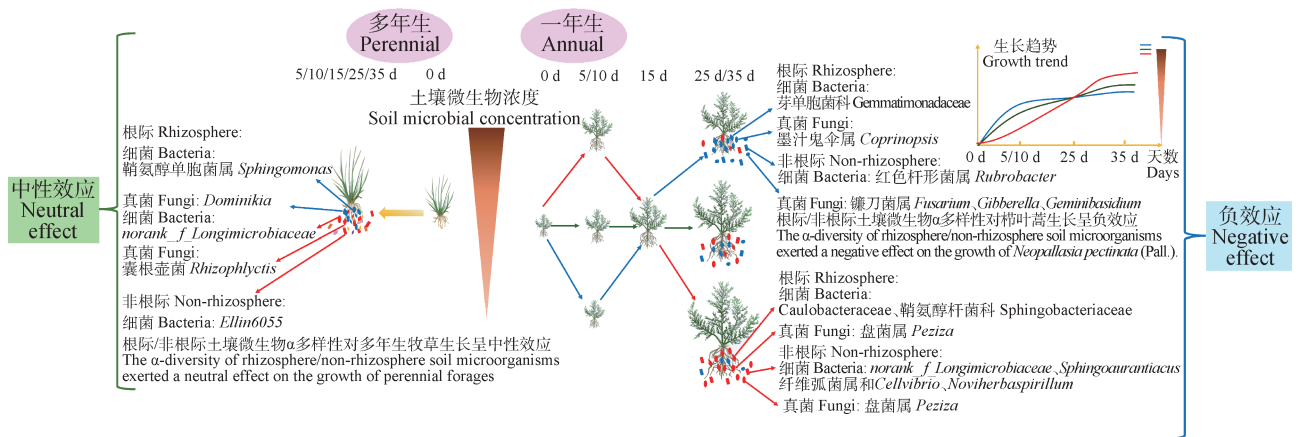


图7 土壤微生物分别对多年生牧草和一年生牧草增益效应

Fig. 7 Enhancement effect of soil microorganisms on perennial forage and annual forage

注:土壤微生物浓度由高到低的处理依次为,土壤未灭菌、土壤灭菌后菌悬液、土壤灭菌;绿色线,土壤微生物发挥中性效应;蓝色线,土壤微生物对牧草发挥负效应;红色线,土壤微生物对牧草发挥正效应;蓝色微生物,对牧草生长发挥负效应的微生物;红色微生物,对牧草生长发挥正效应的微生物

Note: The treatment of soil microbial concentration from high to low is, Soil was not sterilized, Added soil bacterial suspension after soil sterilization, Soil sterilization. Green line, soil microorganisms exerted a neutral effect; blue line, soil microorganisms exerted a negative effect on forage; red line, soil microorganisms exerted a positive effect on forage. Blue microorganisms, Microorganisms that exerted a negative effect on the growth of forage; Red microorganisms, Microorganisms that exerted a positive effect on the growth of forage

4 结论

土壤微生物对荒漠草原多年生牧草和一年生牧草的生长发挥着重要作用。在本研究中,土壤微生物与多年生牧草的生长无显著相关性,这可能是由于根际和非根际微生物的正、负效应相互抵消,最终表现出中性效应。相比之下,一年生牧草柃叶蒿则表现出阶段性的动态效应:在生长前期,土壤微生物对其生长的影响尚不明确;而在生长后期,土壤微生物对柃叶蒿的生长发挥了抑制效应。

本研究揭示了关键土壤微生物与多年生、一年生牧草生长间的相关性,为荒漠草原生态系统的保护和恢复提供一定科学依据。通过了解土壤微生物与牧草生长的相互作用,可以更精准地制定生态修复策略,提高生态系统稳定性和恢复效率。但目前对于这些关键土壤微生物的具体功能,及土壤微生物对多年生和一年生牧草不同生长时期生长的增益效应尚未进行深入解析。因此在未来的研究中,应进一步聚焦于关键土壤微生物的功能解析,深入挖掘与牧草生长密切相关的关键菌群及其功能基因,并探究土壤微生物对牧草不同时期生长的增益效应及机制。

参考文献

- [1] 杨新国,刘春虹,王磊,等. 荒漠草原生态恢复与重建:人工植被推动下水分介导的系统响应、生态阈值与互馈作用[J]. 生态学报,2023,43(1):95-104
YANG X G, LIU C H, WANG L, et al. Study on ecological restoration and reconstruction of desert steppe: a review [J]. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(1): 95-104
- [2] 张峰,李邵宇,杨立山,等. 内蒙古不同草地类型植物群落地上净初级生产力的影响因素[J]. 草地学报,2025,33(3):902-909
ZAHNG F, LI S Y, YANG L Set al. Influencing factors of above-ground net primary productivity of plant communities under different grassland types in Inner Mongolia [J]. Acta Agrestia Sinica, 2025, 33(3): 902-909
- [3] 陈晨. 2001-2017年中国植被覆盖的时空特征及其对水分因子的响应[D]. 成都: 电子科技大学, 2021: 18-19
CHEN C. Spatio-temporal characteristics of vegetation cover in China from 2001 to 2017 and its response to moisture factors [D]. Chengdu: University of Electronic Science and Technology of China, 2021: 18-19
- [4] 朱小华,杨倩,丁子筱,等. 荒漠草原生态系统景观格局变化及其对气候的响应[J]. 生态学报,2023, 42(3): 748-758
ZHU X H, YANG Q, DING Z X, et al. Ecosystem landscape pattern change and its response to climate in desert steppe of inner Mongolia [D]. Chinese Journal of Ecology, 2023, 42(3): 748-758
- [5] 木兰,张璞进,刘亚红,等. 内蒙古荒漠草原农牧交错带植被恢复措施对弃耕地草本群落的影响[J]. 中国农学通报, 2016, 32(16): 110-116

- MU L, ZHANG P J, LIU Y H, et al. Effect of restoration measures on herbaceous community characteristics of abandoned land in desert steppe of Inner Mongolia [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2016, 32(16): 110-116
- [6] NING Z Y, LI Y L, ZHAO X Y, et al. Comparison of leaf and fine root traits between annuals and perennials, implicating the mechanism of species changes in desertified grasslands [J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 12: 778547-778547
- [7] PETERS D P C, SAVOY H M. A sequence of multiyear wet and dry periods provides opportunities for grass recovery and state change reversals [J]. Ecological Monographs, 2023, 93(4): e1590
- [8] RUPPERT J C, HARMONEY K, HENKIN Z, et al. Quantifying drylands drought resistance and recovery: the importance of drought intensity, dominant life history and grazing regime [J]. Global Change Biology, 2014, 21(3): 1258-1270
- [9] CUI Y, HOU D, WANG Z, et al. Increase in precipitation will facilitate the ecological stability of desert steppe in the future [J]. Global Ecology and Conservation, 2024, 52: e02958
- [10] ZAKHARY A, NAGARAJAN A, NGO C, et al. Perennials have evolved a greater resistance to exogenous H_2O_2 than annuals, consistent with the oxidative stress theory of aging [J]. Biology, 2022, 77(8): 2063-2080
- [11] CLARK K M, EARL A G, LOPEZ I M, et al. Soil pooling often, but not always, alters the impacts of plant-microbe interactions on plant growth [J]. Plant and Soil, 2024, (prepublsh): 1-9
- [12] CHAPMAN S K, LANGLEY J A, HART S C, et al. Plants actively control nitrogen cycling: uncorking the microbial bottleneck [J]. New Phytologist, 2006, 169(1): 27-34
- [13] VAN DER PUTTEN WIM H. Plant defense belowground and spatiotemporal processes in natural vegetation [J]. Ecology, 2003, 84(9): 2269-2280
- [14] 孟彤彤. 党参根际/内生微生物群落及促生微生物对宿主生长代谢的影响 [D]. 兰州: 兰州理工大学, 2023: 6-7
- MENG T T. Effects of rhizosphere/endophytic microbial communities and growth-promoting microorganisms on host growth and metabolism of *Codonopsis pilosula* [D]. Lanzhou: Lanzhou University of Technology, 2023: 6-7
- [15] NGUYEN T B H, HENRI-SANVOISIN A, LE FLOCH G, et al. Delving into the soil and phytomicrobiome for disease suppression: a case study for the control of Fusarium Head Blight of cereals [J]. Science of the Total Environment, 2025, 965: 178655
- [16] 董琦, 王一媚, 管平婷, 等. 土壤微生物网生物和土壤微生物对小穗薹草生长和土壤养分的影响差异 [J]. 生态学报, 2023, 43(23): 9784-9793
- DONG Q, WANG Y M, GUAN P T, et al. Effects of soil micro-food web organisms and soil microorganisms on the growth of *Carex angustior* and soil nutrients [J]. Acta Ecologica Sinica, 2023, 43(23): 9784-9793
- [17] BREIDENBACH A, SCHLEUSS P M, LIU S B, et al. Microbial functional changes mark irreversible course of Tibetan grassland degradation [J]. Nature Communications, 2022, 13(1): 2681-2681
- [18] BIRNBAUM C, WOOD J, LILLESKOV E, et al. Degradation reduces microbial richness and alters microbial functions in an Australian peatland [J]. Microbial Ecology, 2023, 85(3): 875-891
- [19] LI Y, LU X, SU J, et al. Phosphorus availability and planting patterns regulate soil microbial effects on plant performance in a semiarid steppe [J]. Annals of Botany, 2023, 131(7): 1081-1095
- [20] TRIVEDI P, LEACH J E, TRINGE S G, et al. Plant-microbiome interactions: from community assembly to plant health [J]. Nature Reviews Microbiology, 2020, 18(11): 607-621
- [21] WILSCHUT R A, HUME B C C, MAMONOVA E, et al. Plant-soil feedback effects on conspecific and heterospecific successors of annual and perennial Central European grassland plants are correlated [J]. Nature Plants, 2023, 9(7): 1057-1066
- [22] SPITZER C M, WARDLE D A, LINDAHL B D, et al. Root traits and soil micro-organisms as drivers of plant-soil feedbacks within the sub-Arctic tundra meadow [J]. Journal of Ecology, 2022, 110(2): 466-478
- [23] ZHANG C Z, WANG J J, REN Z H, et al. Root traits mediate functional guilds of soil nematodes in an ex-arable field [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, 151: 108038-108038
- [24] STEINAUER K, THAKUR M P, EMILIA HANNULA S, et al. Root exudates and rhizosphere microbiomes jointly determine temporal shifts in plant-soil feedbacks [J]. Plant, Cell & Environment, 2023, 46(6): 1885-1899
- [25] 赵玉璐. 高效功能菌剂制备及退化荒漠草原应用效果研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2024: 28-29
- ZHAO Y L. The preparation of high-efficiency functional microbial agents and their application effect on degraded desert steppe [D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2024: 28-29
- [26] 高雪峰, 贾渊. 荒漠草原植物根分泌物中有机酸组分分析及其生态效应研究 [J]. 生态环境学报, 2020, 29(10): 1927-1934
- GAO X F, JIA Y. Analysis of organic acid components in root exudates and their ecological effects of the plants in desert steppe of Inner Mongolia [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, 29(10): 1927-1934
- [27] 蒋廷惠. 盆栽土壤额定浇水量的简易测定方法 [J]. 土壤通报, 1993, 24(1): 48-49
- JIANG T H. A simple method for measuring the rated watering amount of potted soil [J]. Chinese Journal of Soil Science, 1993, 24(1): 48-49
- [28] 李浩铭, 李青丰, 曲艳, 等. 不同植物生长调剂对八宝景天株型和生理特性的影响 [J]. 草地学报, 2022, 30(12): 3294-3301
- LI H M, LI Q F, QU Y, et al. Effects of different plant growth regulator on plant type and physiological characteristics of *Hylothelephium erythrostictum* [J]. Acta Agrestia Sinica, 2022, 30(12): 3294-3301
- [29] 阚海明, 徐恒康, 鲁佳男, 等. 不同丛枝菌根真菌接种对3种草地植物生长特性的影响 [J]. 草地学报, 2023, 31(7): 1922-1930
- KAN H M, XU H K, LU J N, et al. The influence of different arbuscular mycorrhizal fungi inoculation on the growth characteristics of three forage species [J]. Acta Agrestia Sinica, 2023, 31(7): 1922-1930
- [30] NOSSA C W, OBERDORF W E, YANG L Y, et al. Design of 16S rRNA gene primers for 454 pyrosequencing of the human foregut microbiome [J]. World Journal of Gastroenterology, 2010, 16(33): 4135-4144
- [31] MUKHERJEE P K, CHANDRA J, RETUERTO M, et al. Oral mycobiome analysis of HIV-infected patients: identifica-

- tion of *Pichia* as an antagonist of opportunistic fungi[J]. *PLoS Pathogens*, 2014, 10(3):e1003996
- [32] 赵宇,叶贺,武振丹,等. 氮沉降和降水变化对荒漠草原土壤氨氧化细菌群落的影响[J]. *中国环境科学*, 2024, 44(10):5757-5765
ZHAO Y, YE H, WU Z D, et al. Effects of nitrogen deposition and precipitation changes on the soil ammonia-oxidizing bacteria community in desert steppe[J]. *China Environmental Science*, 2024, 44(10):5757-5765
- [33] CHAO A, BUNGE J. Estimating the number of species in a stochastic abundance model[J]. *Biometrics*, 2002, 58(3): 531-539
- [34] HILL T C J, WALSH K A, HARRIS J A, et al. Using ecological diversity measures with bacterial communities[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 43(1):1-11
- [35] BEVER J D, WESTOVER K M, ANTONOVICS J. Incorporating the soil community into plant population dynamics: the utility of the feedback approach[J]. *The Journal of Ecology*, 1997, 85(5):561
- [36] PAINA C, FOIS M, ASP T, et al. The soil microbiome of *Lolium perenne* L. depends on host genotype, is modified by nitrogen level and varies across season[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14(1):5767
- [37] HUANG B W, WANG P, WANG Y, et al. Functional endophytic organic fertilizer alleviates phthalates burden and promotes vegetable growth with the assistance of indigenous *Sphingomonas* [J]. *Case Studies in Chemical and Environmental Engineering*, 2024, 9:100671
- [38] BLASZKOWSKI J, NIEZGODA P, ZUBEK S, et al. *Dominikia bonfanteae* and *Glomus atlanticum*, two new species in the Glomeraceae (Phylum *Glomeromycota*) with molecular phylogenies reconstructed from two unlinked loci[J]. *Mycological Progress*, 2021, 20(2):131-148
- [39] PASCUAL J, GARCÍA-LÓPEZ M, BILLS G F, et al. *Longimicrobium terrae* gen. nov., sp. nov., an oligotrophic bacterium of the under-represented Phylum Gemmatimonadetes isolated through a system of miniaturized diffusion chambers[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2016, 66(5):1976-1985
- [40] WANG X J, LIU E K, TIAN L. Impact of soil bacteria on amylose synthesis in maize kernels under the substitution of manure nitrogen for mineral fertilizer nitrogen[J]. *International Journal of Biological Macromolecules*, 2024, 282:136705-136705
- [41] John S Karling. Zoospore fungi of oecania. III. fusions in rhizophytids[J]. *American journal of botany*, 1969, 56(2):211
- [42] WU J J, ZHU J H, ZHANG D Q, et al. Beneficial effect on the soil microenvironment of *Trichoderma* applied after fumigation for cucumber production[J]. *PLoS One*, 2022, 17(8):e0266347
- [43] AN Q R, ZHENG N, PAN J M, et al. Association between plant microbiota and cadmium uptake under the influence of microplastics with different particle sizes[J]. *Environment International*, 2024, 190:108938-108938
- [44] PHILIPPOT L, CHENU C, KAPPLER A, et al. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2023, 22(4):226-239
- [45] JIANG F, BENNETT J A, CRAWFORD K M, et al. Global patterns and drivers of plant-soil microbe interactions[J]. *Ecology Letters*, 2024, 27(1):e14364
- [46] GÓRAL T, WIŚNIEWSKA H, OCHODZKI P, et al. Higher *Fusarium* toxin accumulation in grain of winter *Triticale* lines inoculated with *Fusarium culmorum* as compared with wheat[J]. *Toxins*, 2016, 8(10):301-301
- [47] DONG F, CHEN X X, LEI X Y, et al. Effect of crop rotation on *Fusarium* mycotoxins and *Fusarium* species in cereals in Sichuan Province (China) [J]. *Plant Disease*, 2023, 107(4): 1060-1066
- [48] OSHIKI M, TOYAMA Y, SUENAGA T, et al. *N₂O* reduction by *Gemmatimonas aurantiaca* and potential involvement of gemmatimonadetes bacteria in *N₂O* reduction in agricultural soils[J]. *Microbes and environments*, 2022, 37(2):ME21090
- [49] CHIBA A, UCHIDA Y, KUBLIK S, et al. Soil bacterial diversity is positively correlated with decomposition rates during early phases of maize litter decomposition[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(2):357
- [50] VIEIRA S, PASCUAL J, BOEDEKER C, et al. *Terricaulis silvestris* gen. a novel prosthecate, budding member of the family Caulobacteraceae isolated from forest soil[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2020, 70(9):4966-4977
- [51] FIGUEIREDO G, GOMES M, COVAS C, et al. The unexplored wealth of microbial secondary metabolites: the Sphingobacteriaceae case study[J]. *Microbial Ecology*, 2022, 83(2): 470-481
- [52] NEMERGUT D R, SCHMIDT S K, FUKAMI T, et al. Patterns and processes of microbial community assembly[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2013, 77(3):342-356
- [53] LEKBERG Y, SCHNOOR T, KJØLLER R, et al. 454-sequencing reveals stochastic local reassembly and high disturbance tolerance within arbuscular mycorrhizal fungal communities[J]. *Journal of Ecology*, 2012, 100(1):151-160
- [54] LI Q M, ZHANG D, ZHANG J Z, et al. Crop rotations increased soil ecosystem multifunctionality by improving keystone taxa and soil properties in potatoes [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14:1034761
- [55] MIAO X Y, WANG E G, ZHOU Y, et al. Effect of ginsenosides on microbial community and enzyme activity in continuous cropping soil of ginseng [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14:1060282
- [56] CAO Y, DU P H, SHANG Y W, et al. Melatonin and dopamine alleviate waterlogging stress in apples by recruiting beneficial endophytes to enhance physiological resilience[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 23(7):2270-2291
- [57] LEITE M R L, DE ALCANTARA NETO F, DUTRA A F, et al. Silicon application influences the prokaryotic communities in the rhizosphere of sugarcane genotypes [J]. *Applied Soil Ecology*, 2023, 187:104818
- [58] YU G, ULLAH H, LIN H, et al. Long-term phytoextraction potential and mechanism of *Celosia argentea* on soils with different levels of Cd and Mn co-contamination[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2024, 12(2):112125