网络出版时间:2026-01-09 DOI:10.13207/j.jnwafu.2026.07.008

秸秆还田对复合菌剂定殖能力及小麦促生效应的影响

晋婷,张文雅,李泫静,李星月,韦革宏,史鹏
(西北农林科技大学 生命科学学院,陕西 杨凌 712100)

[摘 要] 【目的】复合菌剂在农田中定殖能力不足,导致其活性功能维持时间短,显著影响其使用效果。本研究旨在从定殖能力的角度探讨秸秆还田对复合菌剂促生功能的影响。【方法】以复合菌剂(纤维素降解菌 *Bacillus* sp. CGMCC19895+促生菌 *Alcaligenes* sp. CGMCC21555)为试验对象,通过对两菌株互作关系,以及不同菌株组合促生和定殖能力的检测,解析秸秆还田与非还田条件下不同接菌处理对菌株土壤定殖能力的影响,并评估其与小麦促生效应的关联性。【结果】在平板培养时,两株菌之间无拮抗和互相促进关系。无论是否秸秆还田,单接菌(CGMCC19895或CGMCC21555)和共接菌处理的小麦生物量均高于对照组。无秸秆还田时,共接菌处理的小麦地下部和地上部生物量较对照分别显著增加 54.22% 和 46.90%,地上部生物量显著低于单接菌 CGMCC21555 处理($P<0.05$);秸秆还田时,共接菌处理的小麦地下部和地上部生物量较对照分别增加 237.52% 和 58.48%,且地下部生物量显著高于任一单菌接种处理组。无秸秆还田时,共接菌中 CGMCC19895 的土壤定殖数量较单接菌处理显著降低 59.07%($P<0.05$),而 CGMCC21555 的定殖数量则较单接菌处理显著提高 55.83%($P<0.05$)。秸秆还田时,共接菌处理中 CGMCC19895 在秸秆表面的定殖数量与单接菌处理无显著差异,但 CGMCC21555 在秸秆表面的定殖数量较单接菌处理显著增加 109.63%($P<0.05$)。【结论】添加秸秆改变了两株菌在土壤及秸秆表面的定殖能力,显著提升了 CGMCC21555 在秸秆表面的定殖效率,增强了复合菌剂的协同定殖效应与植物促生功能。

[关键词] 纤维素降解菌;促生菌;秸秆还田;定殖能力;小麦
[中图分类号] S154.3 [文献标志码] A [文章编号] 1671-9387(2026)07-0066-09

Effects of straw return on the colonization ability and wheat growth-promoting efficiency of composite bacterial inoculant

JIN Ting, ZHANG Wenya, LI Xuanjing, LI Xingyue, WEI Gehong, SHI Peng
(*College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi* 712100, *China*)

Abstract: 【Objective】 The insufficient colonization ability of microbial inoculants in farmland soil led to a short duration of functionality, which significantly impacted their application efficacy. This study aimed to explore the effect of straw return on the plant growth-promoting function of a certain composite microbial inoculant from the perspective of colonization ability. 【Method】 Using a composite inoculant (cellulose-degrading bacterium *Bacillus* sp. CGMCC19895+plant growth-promoting bacterium *Alcaligenes* sp. CGMCC21555) as the research subject, the interaction between the two strains, as well as the plant growth-promoting and colonization abilities of different strain combinations, were tested to clarify the effects of different inoculation treatments on the soil colonization ability of the strains under straw return and non-return conditions, and to assess its correla-

[收稿日期] 2025-04-30 [修回日期] 2025-06-29
[基金项目] 国家重点研发计划项目(2023YFD1900502);国家自然科学基金面上项目(42277318)
[作者简介] 晋婷(1999—),女(彝族),云南玉溪人,在读硕士,主要从事农业微生物资源与利用研究。E-mail:m15284435216@163.com
[通信作者] 史鹏(1980—),男,陕西渭南人,教授,博士,博士生导师,主要从事农业微生物资源与利用研究。E-mail:shipeng27@nwafu.edu.cn

tion with wheat growth promotion.【Result】Neither antagonistic nor mutually promotive relationships were observed between the two strains when they were cultured on the plates. Regardless of straw return, the biomass of wheat in single-inoculation (CGMCC19895 or CGMCC21555) and co-inoculation treatments was higher than that in the control treatment. Without straw return, the below- and above-ground biomass of wheat in the co-inoculation treatment significantly increased by 54.22% and 46.90%, respectively, compared with the control. But the above-ground biomass was significantly lower than that in the single inoculation CGMCC21555 treatment ($P<0.05$). With straw return, the below-ground biomass in the co-inoculation treatment increased by 237.52% and the above-ground biomass increased by 58.48% compared with the control. Moreover, the below-ground biomass was significantly higher than that in any single strain inoculation treatment. Without straw return, the soil colonization quantity of CGMCC19895 in the co-inoculation treatment was significantly decreased by 59.07% ($P<0.05$) compared with that in single inoculation treatment, while the colonization quantity of CGMCC21555 was significantly increased by 55.83% ($P<0.05$). With straw return, the colonization quantity of CGMCC19895 on the surface of straw in the co-inoculation treatment showed no significant difference from that in the single inoculation treatment, but the colonization quantity of CGMCC21555 on the surface of straw significantly increased by 109.63% ($P<0.05$) compared with that in single inoculation treatment.【Conclusion】The addition of straw altered the colonization abilities of the two strains in the soil and on the surface of straw, significantly enhanced the colonization efficiency of CGMCC21555 on the surface of straw, and strengthened the synergistic colonization effect and plant growth-promoting function of the composite microbial inoculant.

Key words: cellulose-degrading bacteria; plant growth-promoting bacteria; straw return; colonization ability; wheat

在农业生产中,使用微生物菌剂替代化肥被认为是农业绿色发展和保护土壤健康的重要途径。秸秆降解菌和根际促生菌是农业生产中两类重要的有益微生物。秸秆降解菌主要是配合秸秆还田,加快秸秆降解速度。秸秆的主要成分是木质纤维素,通常由30%~50%纤维素、25%~30%半纤维素和15%~20%木质素组成[1]。秸秆还田配施纤维素降解菌可提高土壤脲酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶等酶活性[2],同时增加土壤中有机质、有机磷和有机钾含量[3]。这类菌产生的纤维素酶可催化纤维素向可溶性糖和葡萄糖的生物转化,从而有效增加土壤养分[4]。根际促生菌通过多种机制促进植物生长,其促生机制分为直接和间接两种。直接作用机制包括促进植物对养分的吸收和分泌植物生长调节物质等,如溶解磷酸盐、产生铁载体与吲哚-3-乙酸(IAA)[5],进行生物固氮[6],产生淀粉酶和硫化氢(H_2S)[7]等;间接作用机制涉及有益微生物招募、抵抗病虫害及非生物胁迫等功能[8]。这两类菌作用对象不同,功能上存在互补性,理论上具备作为复合接种剂使用的潜力。然而在实际应用中,复合接种剂的效果与菌种之间的互作有关,尤其是这种菌种互作可能影响功能菌株的土壤定殖能力,进而直接影响其功能活性的发挥。目前关于秸秆降解菌与促生菌共接种的互作模式及其对菌剂功能效果影响的研究较少。

多项研究表明,相对于单菌菌剂,多菌复合菌剂在功能活性和植物促生效果方面更具优势[9-10]。复合菌剂可通过多种机制协同促进植物生长:一方面,不同的菌株可分别发挥固氮、溶磷、解钾等功能,如*Erwinia* sp. EU-B2SNL1(氮固定剂)、*Chryseobacterium arthrosphaerae* EU-LWNA-37(磷增溶剂)和*Pseudomonas gessardii* EU-MRK-19(钾增溶剂)的组合可提升氮磷钾的利用效率,以促进大麦生长[11];另一方面,菌株间代谢产物(如IAA、HCN等)可显著改善土壤微环境,提高促生作用[12]。此外复合菌剂还可显著提高土壤可利用养分含量和土壤酶活性,增强植物促生作用[13-14]。meta分析也证实,在提升作物产量、养分吸收及污染物去除等方面,复合菌剂的效果比单菌菌剂更优[15]。然而复合菌剂中各菌株之间的互作关系并非总是协同促进,其整体功能活性可能受环境因素和菌株组合特性的制约。例如,在RIBEIRO等[16]的研究中,单接种B2084显著促进玉米幼苗根长,但与其他菌株组合后促生效果反而减弱;两菌组合,如B116×A1626、B116×A2142甚至比单接种B116表现出更低的促生效应,表明多菌组合也可能产生负面影

响。因此不同功能菌株能否在实际生产中实现协同增效,仍需进一步研究验证。

本研究以好氧型纤维素降解菌 *Bacillus* sp. CGMCC19895 和促生菌 *Alcaligenes* sp. CGMCC-21555为研究对象,通过温室盆栽试验,探究复合接种对植物生长的调控作用,并初步揭示复合接种时菌株互作模式及其对菌株促生能力的影响,为优化复合功能菌剂在农业生产中的应用提供理论依据,推动秸秆合理化应用与绿色农业发展。

1 材料与方法

1.1 试验材料

纤维素降解菌:芽孢杆菌 *Bacillus* sp. CGMCC-19895,为1株从土壤中分离的好氧型纤维素降解菌,已获得专利授权,目前在中国普通微生物菌种保藏中心保藏[17]。

促生菌:产碱杆菌 *Alcaligenes* sp. CGMCC-21555,该菌株具有产铁载体能力,能促进小麦和大豆等作物生长,已获得专利授权,目前在中国普通微生物菌种保藏中心保藏[18]。

LB培养基:胰蛋白胨10 g/L,酵母粉5 g/L,NaCl 10 g/L。

小麦种子:小堰22号,该品种中熟、分蘖力强、抗旱耐寒,在陕西关中地区广泛种植。

试验土壤采集地点:陕西省咸阳市杨陵区曹新庄试验农场(108°4′12" E,34°18′25" N),该地区为暖温带季风气候,平均气温12.9 ℃,无霜期220 d,年降水量637.6 mm。土壤为长期秸秆还田后进行小麦-玉米轮作的农田10~15 cm土层土壤。土壤总氮含量为0.96 g/kg,总碳含量为20.48 g/kg,有机碳含量为8.64 g/kg,硝态氮含量为3.38 mg/kg,铵态氮含量为1.00 mg/kg,pH值为8.54。

1.2 菌株CGMCC19895与CGMCC21555的互作关系分析

为探究两株菌的互作关系,参照YUAN等[19]的方法,通过梯度距离模拟土壤中菌株扩散的空间活动性,分析营养竞争对菌落生长的影响。将保藏的纤维素降解菌CGMCC19895和促生菌CGMCC-21555在LB固体培养基上活化后接种于LB液体培养基(经121 ℃、30 min灭菌)中,置于28 ℃、180 r/min的恒温振荡器中培养;离心收获过夜培养目标细菌细胞,用无菌去离子水洗涤3次;每次洗涤后在6 000 r/min、4 ℃离心10 min;待最后一次离心后弃去上清液,保留菌体,以1.0 mL无菌去离子水作为储备液,调节细胞密度OD_{600}值为0.5(2.8×10^8 CFU/mL)。

取每种菌液原液1 μL依次点在LB平板上,第一层两种菌液横向距离为1 cm,往下每层两种菌液横向距离依次增加0.6 cm,每层层间竖向距离1 cm,设置6个重复。将菌株平板置于28 ℃培养箱中,分别在接种后1,2,3 d时对最远端和最近端的4个菌落直径进行测量(测量3次,取均值)。接种后3 d,在无菌条件下取出最远端和最近端的4个菌落,并用1.0 mL无菌去离子水分散菌落制成菌悬液,通过测量菌悬液OD_{600}值来分析两个菌株最近端菌落和最远端菌落的大小。

1.3 菌株CGMCC19895与CGMCC21555的复合促生能力

将纤维素降解菌CGMCC19895和促生菌CGMCC21555分别接入LB液体培养基(经121 ℃、30 min灭菌)中,在恒温振荡器中培养1 d后,6 000 r/min、4 ℃离心10 min收集菌体,再用无菌水稀释至OD_{600}值为0.8(7.5×10^8 CFU/mL)。

以未添加秸秆的土壤种植小麦为秸秆不还田体系,设置4种处理,分别为对照组(TK)、单接种CGMCC19895(TC1)、单接种CGMCC21555(TC2)、共接种CGMCC19895+CGMCC21555(TD)。以添加小麦秸秆的土壤种植小麦为秸秆还田体系,设置4种处理,分别为对照组(JK)、单接种CGMCC19895(JC1)、单接种CGMCC21555(JC2)、共接种CGMCC19895+CGMCC21555(JD)。秸秆不还田处理每袋装入土样2.5 kg;秸秆还田处理每袋装入5 g长1 cm的小麦秸秆,并与2.5 kg土样混合均匀。每个处理10袋,所有处理灭菌(121 ℃、120 min)后每个袋中种植6株小麦作为1个重复,即每个处理包含60个小麦植株,10次重复。

将小麦种子用无菌水冲洗后,完全浸没于1% NaClO溶液10 min后取出,用无菌水冲洗干净;在一次性无菌培养皿内铺上合适大小的灭菌滤纸,用无菌水浸湿,将消毒后的小麦种子置于培养皿中,放入25 ℃培养箱,待80%的小麦种子芽长大于2 mm时选择芽长均匀一致的小麦种子种植于植物生长袋中。然后向TK和JK处理加入50 mL灭菌水,在TC1和JC1处理中接入CGMCC19895菌液50 mL,在TC2和JC2处理中接入CGMCC21555菌液50 mL,在TD和JD处理中接入两种菌液各25 mL

混合液。接菌 30 d 后，取出小麦，沿根部剪切，分离地下部和地上部，将两部分样品放入烘箱中 105 ℃维持 30 min，再调至 65 ℃烘干至恒质量，称干质量，计算单株小麦的地上部生物量和地下部生物量的平均值。

1.4　菌株 CGMCC19895 与 CGMCC21555 的定殖能力

设置 8 种处理，处理组设置同 1.3 节，但不种植小麦。

将土壤装入组培瓶，每瓶装入 200 g 土壤，每种处理设置 10 瓶（10 个重复），共 80 个组培瓶。秸秆还田处理每瓶加入长 1 cm 秸秆 3 g 并与土样混匀，灭菌（121 ℃、120 min）备用。向 TK 和 JK 处理中加入 80 mL 灭菌水；TC1、TC2、JC1 和 JC2 处理中加入相对应菌液 80 mL；TD 和 JD 处理中加入两种菌液各 40 mL 混合液。所有组培瓶置于室内 28 ℃孵育 30 d 后，秸秆不还田处理取出 1 g 土壤样品，秸秆还田处理取出 1 g 土壤和 1 g 秸秆。将所采集的土样和秸秆分别放入 100 mL 0.85% NaCl 溶液中振荡 30 min，再取溶液 100 μL 稀释至 10^{-4}，并涂布于 LB 固体平板培养基上，28 ℃培养箱培养 2 d 后，根据菌落形态区分菌株并计数。CGMCC19895 菌落为白色、边缘不规则，而 CGMCC21555 菌落颜色偏红、边缘较为规则。

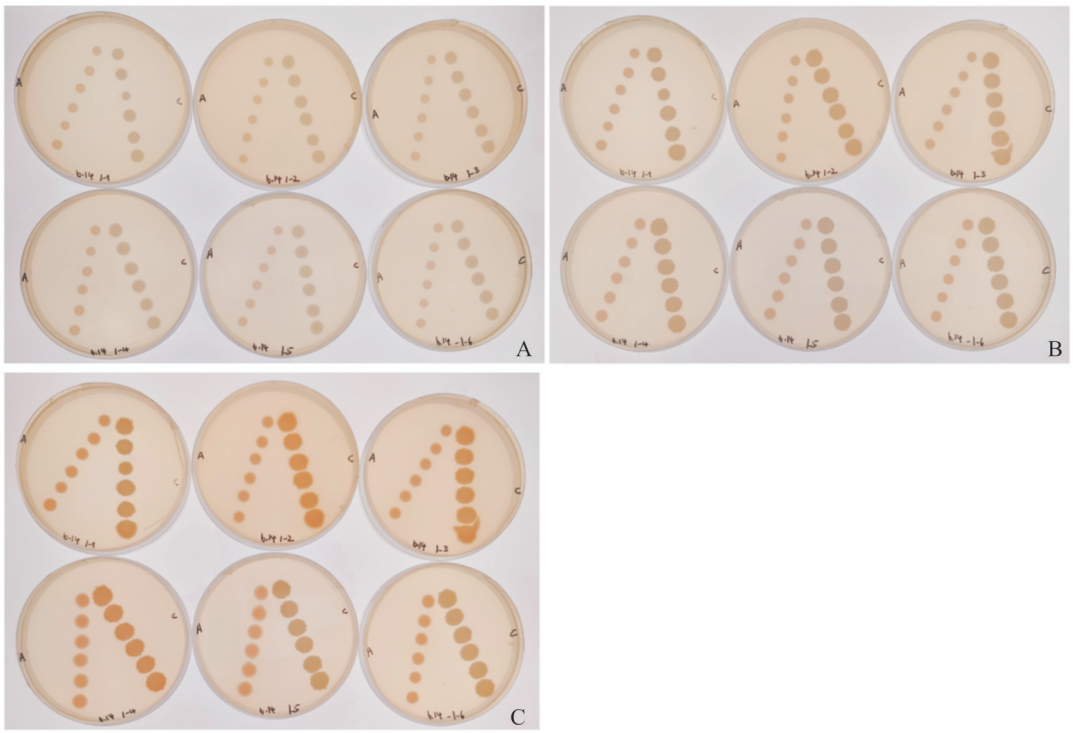
1.5　数据处理

采用 Excel 进行统计，采用 Graphpad prism 进行作图，采用 SPSS 进行方差分析，采用 t 检验进行两两比较（$P<0.05$），采用 Duncan 检验进行多重比较（$P<0.05$），各指标结果用“平均值±标准误”表示。

2　结果与分析

2.1　纤维素降解菌 CGMCC19895 与促生菌 CGMCC-21555 的互作关系

平板菌落成对间互作结果（图 1 和图 2）显示，同一时期菌株 CGMCC19895 和 CGMCC21555 的最近端菌落直径与最远端菌落直径无显著差异，并且培养至 3 d 时两种菌的最近端菌落和最远端菌落的菌悬液 OD_{600} 值之间也无显著差异，说明在平板培养基上菌株 CGMCC19895 和 CGMCC21555 之间无拮抗作用，也无互相促进作用。

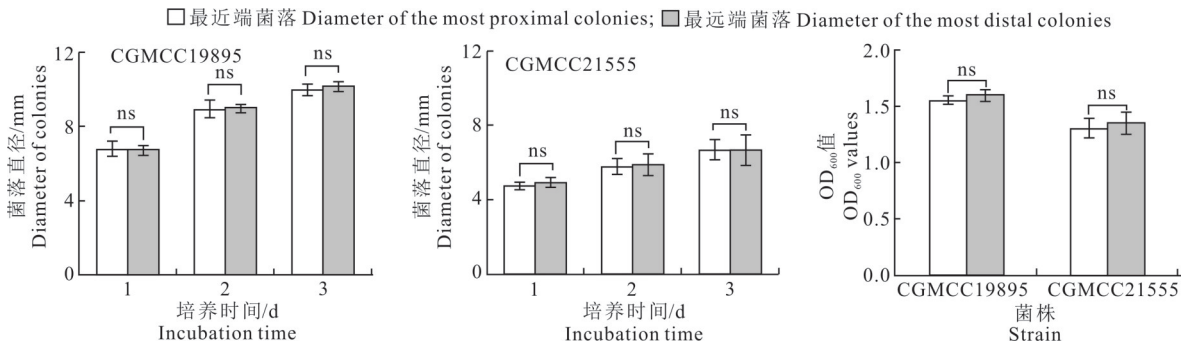


A. 培养 1 d；B. 培养 2 d；C. 培养 3 d。图中每个培养皿的左侧为 CGMCC21555 菌落，右侧为 CGMCC19895 菌落。

A. 1 d of incubation; B. 2 d of incubation; C. 3 d of incubation. CGMCC21555 colonies are shown on the left side and CGMCC19895 colonies on the right side of each petri dish in the figure.

图 1　菌株 CGMCC19895 和 CGMCC21555 的互作关系

Fig. 1　Intercropping relationship between CGMCC19895 and CGMCC21555



ns表示无显著差异。

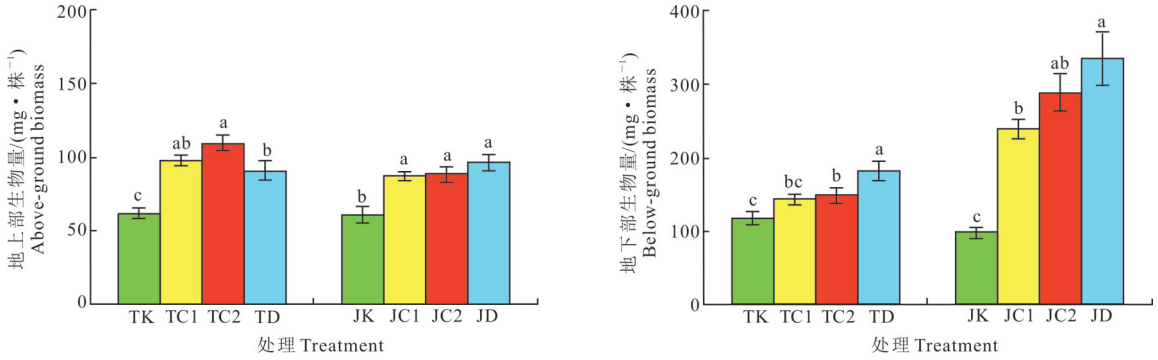
ns represents no significant differences.

图2 菌株CGMCC19895和CGMCC21555的菌落直径及菌悬液OD_{600}值

Fig. 2 Colony diameter ratio and OD_{600} of colony suspensions of CGMCC19895 and CGMCC21555

2.2 接种CGMCC19895与CGMCC21555对植物生长的影响

由图3可以看出,秸秆不还田时,单接种CGMCC21555处理小麦的地上部生物量最多,为109.83 mg/株,较TK对照显著提高77.63%($P<0.05$);单接种CGMCC19895处理小麦的地上部生物量为97.83 mg/株,较TK对照显著提高58.22%($P<0.05$);共接种CGMCC21555+CGMCC19895处理小麦的地上部生物量提高至90.83 mg/株,较TK对照显著提高46.90%,也显著低于单接种CGMCC21555处理。秸秆不还田时,菌剂对小麦地下部生物量的作用趋势与地上部不同。共接种CGMCC19895+CGMCC21555处理小麦的地下部生物量增加最多,为182.50 mg/株,较TK对照显著提高54.22%($P<0.05$),同时也显著高于两个单接种处理;单接种CGMCC21555处理小麦的地下部生物量次之,为150.00 mg/株;单接种CGMCC19895处理小麦的地下部生物量为144.67 mg/株,也高于不接菌处理。



图柱上标不同小写字母表示不同处理间差异显著($P<0.05$)。

Different lowercase letters on the column indicate significant differences among different treatments ($P<0.05$).

图3 接种菌剂后秸秆不还田与秸秆还田处理小麦地上部和地下部生物量的变化

Fig. 3 Changes of above-ground biomass and average below-ground biomass of wheat after microbial agents inoculation in straw non-return and straw return

由图3还可以看出,添加秸秆后,共接种CGMCC19895+CGMCC21555处理小麦的地上部生物量最多,为96.67 mg/株,较JK对照显著提高58.48%($P<0.05$),相对于单接种处理有所提高但差异不显著;单接种CGMCC21555处理小麦的地上部生物量为88.83 mg/株,较JK对照显著提高45.62%($P<0.05$);单接种CGMCC19895处理小麦的地上部生物量提高最少,为87.33 mg/株,较JK对照显著提高43.16%($P<0.05$)。同时,接种菌剂均显著促进小麦地下部生物量的增加。共接种CGMCC19895+CGMCC21555处理小麦的地下部生物量为335.83 mg/株,较JK对照显著提高237.52%($P<0.05$),也显著高于单接种CGMCC19895处理($P<0.05$);单接种CGMCC21555处理小麦的地下部生物量为288.33 mg/株,较JK对照显著提高189.78%($P<0.05$);单接种CGMCC19895处理小麦的地下部生物量提高最少,为240.17 mg/株,较JK对照显著提高141.38%($P<0.05$)。

2.3　菌株 CGMCC19895 与 CGMCC21555 在土壤和秸秆表面的定殖情况

由表 1 可以看出,秸秆不还田时,单接种 CGMCC19895 在土壤中的细胞数量高于单接种 CGMCC21555,说明 CGMCC19895 在土壤中的定殖能力强于 CGMCC21555。共接种处理中 CGMCC-21555 在土壤中的定殖数量为 11.50×10^6 CFU/g,较单接种 CMGCC21555 显著提高 55.83%($P<0.05$);而共接种处理中 CGMCC19895 在土壤中的定殖数量为 6.50×10^6 CFU/g,较单接种 CGMCC19895 的定殖数量(15.88×10^6 CFU/g)显著降低 59.07%($P<0.05$)。

表 1　不同处理下 CGMCC19895 与 CGMCC21555 在土壤和秸秆表面的定殖数量

Table 1　Colonization quantities of CGMCC19895 and CGMCC21555 on soil and the surface of straw under different treatments

$\times10^6$ CFU/g

处理 Treatment	土壤 Soil		秸秆表面 Surface of straw	
	CGMCC19895 定殖数量 Colonization quantities of CGMCC19895	CGMCC21555 定殖数量 Colonization quantities of CGMCC21555	CGMCC19895 定殖数量 Colonization quantities of CGMCC19895	CGMC21555 定殖数量 Colonization quantities of CGMCC21555
TK	0	0	/	/
TC1	15.88±0.44 a	0	/	/
TC2	0	7.38±0.91 b	/	/
TD	6.50±0.68 c	11.50±0.82 a	/	/
JK	0	0	0	0
JC1	12.25±1.40 b	0	21.38±1.08 a	0
JC2	0	13.88±1.38 a	0	11.63±1.02 b
JD	7.88±0.99 c	7.00±0.78 b	22.75±1.00 a	24.38±1.31 a

注:表中数据为均值±标准误,$n=10$。同列数据后标不同小写字母表示不同处理之间差异显著($P<0.05$)。

Note: The experimental data were shown as mean±standard deviation, $n=10$. Different lowercase letters after the data in the same column indicate significant differences between different treatments ($P<0.05$).

由表 1 还可以看出,秸秆还田时,单接种 CGMCC19895 在秸秆表面的定殖数量显著高于在土壤中的定殖数量,而单接种 CGMCC21555 在秸秆表面的定殖数量低于在土壤中的定殖数量,但无显著差异。共接种处理中,CGMCC19895 在秸秆表面的定殖数量(22.75×10^6 CFU/g)略高于单接种 CGMCC19895 在秸秆表面的定殖数量(21.38×10^6 CFU/g),但两者无显著差异;共接种中 CGMCC21555 在秸秆表面的定殖数量为 24.38×10^6 CFU/g,较单接种 CGMCC21555 处理(11.63×10^6 CFU/g)显著增加 109.63%($P<0.05$);共接种处理中,两种菌株在土壤中的定殖数量均显著低于单接种处理($P<0.05$)。

3　讨　论

3.1　纤维素降解菌 CGMCC19895 与促生菌 CGMCC-21555 的定殖情况

土壤中有多种类型的营养物质,包括大量元素、微量元素以及有机物质(如多肽、氨基酸和多糖等)和腐殖质等[20],其含量不高,但能支持多种微生物在土壤中的定殖。本研究中,秸秆不还田时,单接种 CGMCC19895 在土壤中的定殖数量比单接种 CGMCC21555 高,这可能是因为 CGMCC19895 具有纤维素降解能力,能更好地利用土壤中少量纤维素等结构较为复杂的有机营养物质,使难降解的纤维素分解为糖类以增加土壤中的营养成分。微生物在土壤中的定殖能力及活性与其碳源利用效率密切相关:一方面,微生物通过高效利用土壤有机碳(如根系分泌物、秸秆降解产物和腐殖质等)维持自身生长与繁殖,从而直接决定其定殖竞争力[21];另一方面,碳源利用效率高的菌株能迅速适应环境变化,在资源竞争中占据生态位优势[22]。此外,微生物的多种碳源(如纤维素、木质素、单宁类物质等)利用能力显著影响其定殖稳定性[23],具备广谱碳源利用能力的微生物对环境波动(如养分动态变化)表现出更强的适应性,从而在复杂土壤环境中维持持久定殖[23-24]。本研究中,无秸秆还田时,共接种中 CGMCC21555 在土壤中的定殖数量较单接种时显著增加,而 CGMCC19895 的定殖数量却较单接种时显著下降。考虑到两个菌株在 LB 培养基上生长时并未表现出明显的互作关系,这一结果说明在土壤环境中两个菌株的互作关系发生改变,产生了种间竞争。土壤微生物的种间竞争是驱动微生物群落结构、功能及生态位分化的核心过程,其作

用机制主要包括资源竞争与直接拮抗。在资源竞争中,竞争优势菌株通过快速摄取可利用碳源(如葡萄糖、有机酸等),对代谢速率较低的竞争者实施碳代谢抑制[25-26];而在直接拮抗中,微生物则通过分泌抗生素等抑菌物质或物理接触直接抑制竞争者生长[27-28]。结合加入秸秆后菌株的定殖数量,养分不足可能是导致竞争的主要原因。无秸秆等外源养分输入时,两个菌株只依靠土壤中有限的碳源供给,从而造成两菌营养争夺现象,CGMCC21555在竞争中占优势,致使CGMCC19895营养摄取不足而数量减少。

秸秆还田时,单接种CGMCC19895在秸秆表面的定殖数量显著高于土壤,说明该菌株可充分利用秸秆为其提供更多的糖类营养,促进生长。土壤中纤维素等糖类的主要来源有一部分是植物地上部和地下部凋落物的输入[20],秸秆的添加增加了CGMCC19895可利用的碳源含量;而单接种CGMCC21555在秸秆表面和土壤中的定殖数量无显著差异,说明该菌株无利用秸秆中养分的能力,秸秆的存在对其数量无影响。本研究中,与CGMCC19895共接种时,CGMCC21555在秸秆表面的数量却较单接种时显著增加,且显著高于其在土壤中的数量,说明CGMCC19895分解秸秆为CGMCC21555生长与定殖提供充足的养分,这可能是因为微生物之间的交互喂养。交互喂养作为微生物间普遍存在的互作模式,不仅维系着群落的稳定性与功能表达,同时驱动着碳源流与能量流的定向传递[29];部分微生物因缺乏独立降解复杂底物(如纤维素、木质素等)的能力,必须依赖其他微生物产生的中间产物(如有机酸、可溶性糖类等)维持生存[30]。WRIGHTON等[31]的研究发现,在纤维素降解菌(如*Cellulomonas*)与发酵菌的交叉喂养过程中,纤维素降解菌分泌的葡萄糖被非纤维素降解菌(如*Pseudomonas*)作为碳源利用。本研究中,CGMCC19895可能通过交互喂养促进了CGMCC21555的定殖和生长,同时由于有大量秸秆的存在,两个菌株竞争有限养分的情况不会出现在秸秆不还田体系中,CGMCC19895菌株生长未受到抑制。

3.2 纤维素降解菌CGMCC19895与促生菌CGMCC21555对小麦生长的促进作用

本研究所用菌株CGMCC19895和CGMCC-21555分别属于芽孢杆菌属和产碱杆菌属。芽孢杆菌是农业中常用的益生菌,可产生IAA和强生物膜,具有固氮和产铁载体能力,可促进燕麦生长[32],提高其产量[33]。产碱杆菌属被认为是根际区域的一类重要促生菌类群。单接种粪产碱杆菌(*Alcaligenes faecalis*)可使盐胁迫油菜植株的芽长、根长、芽鲜干质量和根鲜质量显著增加[34];粪产碱杆菌菌株SBN01和SBN02可显著提高小麦的叶面积、株高、小穗数和穗长[35]。

研究表明,将两个或多个菌株复合接种能提升其促进作物生长的作用[33-34]。譬如,与单接种和双接种相比,3个菌株联合接种对扁豆的生长、结瘤、固氮和产量均有显著影响[11]。有研究认为多菌株协同作用的结果不一定与菌株的功能互补有关,将绿针假单胞菌(*Pseudomonas chlororaphis*)和节杆菌(*Arthrobacter pascens*)与磷酸岩共同接种,可显著提高核桃幼苗的株高、芽和根干质量等,而双接种巨型芽孢杆菌(*Bacillus megaterium*)和节杆菌却未能提高这些参数,绿针假单胞菌和巨型芽孢杆菌虽均为磷酸盐增溶细菌,但在双菌接种时对植物的作用效果有显著差异[36]。本研究中,秸秆还田接菌处理小麦的地上部生物量低于秸秆不还田接菌处理,这一现象可能与添加秸秆后引起的土壤氮素竞争有关。有研究认为,高C/N值秸秆在分解过程中降低了土壤有效氮浓度,使有效氮含量始终低于不还田处理,土壤微生物对氮素的净固定作用更为显著[37];当高C/N值秸秆进入土壤后,微生物为分解有机质会大量固定有效氮,导致作物在生长关键期面临氮素胁迫[38],这种氮竞争效应可能抑制了小麦早期的营养生长,进而影响了地上生物量的积累。本研究中,秸秆不还田时,共接种处理对小麦地上部生物量的促进效果不如单接种,这可能与共接种处理中菌株的互作方式有关。如上所述,由于养分总量不足,在秸秆不还田处理中,尽管CGMCC-21555在土壤中数量增加,但CGMCC19895和CGMCC21555处于对营养的竞争中,这可能对其本身所具有的促生能力产生负面影响,之前也有类似情况的报道[16]。秸秆还田时,共接种处理保持了对小麦地下部生物量的促进作用,且其促进作用显著强于单接种CGMCC19898。结合定殖试验结果,可以推测秸秆还田输入的养分解除了两个菌株的竞争关系,使得菌株能够正常发挥其促生功能。

4 结 论

本研究分析了秸秆还田对纤维素降解菌

CGMCC19895和促生菌CGMCC21555复合接种促生功能的影响。结果表明,在秸秆缺失条件下,双菌复合接种的促生功能受限,而添加秸秆可解除此限制,显著增强复合菌剂的促生效果。秸秆添加提供了额外的碳源和能源,而CGMCC19895通过分解纤维素为两菌株提供了更丰富的营养底物,从而缓解了菌株间的营养竞争,强化了协同作用,提升了其在土壤中的定殖能力与生理活性。这一结果揭示,菌剂功效的发挥需结合配套农艺措施(如秸秆还田),也为农用菌剂施用技术的优化提供了理论依据。

[参考文献]

[1] MENON V, RAO M L. Trends in bioconversion of lignocellulose: biofuels, platform chemicals & biorefinery concept[J]. Progress in Energy and Combustion Science, 2012, 38(4): 522-550.

[2] MI Y Z, ZHAO X L, LIU F F, et al. Changes in soil quality, bacterial community and anti-pepper *Phytophthora* disease ability after combined application of straw and multifunctional composite bacterial strains[J]. European Journal of Soil Biology, 2021, 105: 103329.

[3] CHENG Y, HUANG M Y, SHEN X H, et al. Enhanced cornstalk decomposition by a psychrotrophic bacterial consortium comprising cellulose, hemicellulose, and lignin degraders with biochar as a carrier for carbon neutrality[J]. Bioresource Technology, 2022, 344(Pt B): 126259.

[4] BHAT M K, BHAT S. Cellulose degrading enzymes and their potential industrial applications[J]. Biotechnology Advances, 1997, 15(3/4): 583-620.

[5] AMBARDAR S, VAKHLU J. Plant growth promoting bacteria from *Crocus sativus* rhizosphere[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2013, 29(12): 2271-2279.

[6] BACH E, DOS SANTOS SEGER G D, DE CARVALHO FERNANDES G, et al. Evaluation of biological control and rhizosphere competence of plant growth promoting bacteria[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 99: 141-149.

[7] PATHANIA P, GULATI D, SETIA H, et al. Characterization and performance evaluation of plant growth promoting bacteria in tomato rhizosphere[J]. South African Journal of Botany, 2023, 161: 388-394.

[8] TIMOFEEVA A M, GALYAMOVA M R, SEDYKH S E. Plant growth-promoting soil bacteria: nitrogen fixation, phosphate solubilization, siderophore production, and other biological activities[J]. Plants, 2023, 12(24): 4074.

[9] WANG Y X, DALL'AGNOL R F, BERTANI I, et al. Identification of synthetic consortia from a set of plant-beneficial bacteria[J]. Microbial Biotechnology, 2024, 17(2): e14330.

[10] PACHECO I, FERREIRA R, CORREIA P, et al. Microbial consortium increases maize productivity and reduces grain phosphorus concentration under field conditions[J]. Saudi Journal of Biological Sciences, 2021, 28(1): 232-237.

[11] KAUR T, DEVI R, KUMAR S, et al. Microbial consortium with nitrogen fixing and mineral solubilizing attributes for growth of barley (*Hordeum vulgare* L.)[J]. Heliyon, 2022, 8(4): e09326.

[12] KUMAR A, JHA M N, SINGH D, et al. Prospecting catabolic diversity of microbial strains for developing microbial consortia and their synergistic effect on Lentil (*Lens esculenta*) growth, yield and iron biofortification[J]. Archives of Microbiology, 2021, 203(8): 4913-4928.

[13] MUKHERJEE A, SINGH S, GAURAV A K, et al. Harnessing of phytomicrobiome for developing potential biostimulant consortium for enhancing the productivity of chickpea and soil health under sustainable agriculture[J]. Science of the Total Environment, 2022, 836: 155550.

[14] CHAI J L, WANG X, LIU X T, et al. Inoculation of cold-adapted microbial consortium screened from alpine meadows promotes the growth of mixed grasses by changing soil properties and enzyme activity[J]. Rhizosphere, 2023, 28: 100782.

[15] LIU X P, MEI S Y, SALLES J F. Inoculated microbial consortia perform better than single strains in living soil: a meta-analysis[J]. Applied Soil Ecology, 2023, 190: 105011.

[16] RIBEIRO V P, GOMES E A, DE SOUSA S M, et al. Co-inoculation with tropical strains of *Azospirillum* and *Bacillus* is more efficient than single inoculation for improving plant growth and nutrient uptake in maize[J]. Archives of Microbiology, 2022, 204(2): 143.

[17] 史鹏,罗慧,张晶晶,等. 一株降解纤维素生防芽孢杆菌及其应用和制剂:112226380[P]. 2021-01-15.
SHI P, LOU H, ZHANG J J, et al. A strain of cellulose-degrading bioprophilic *Bacillus* sp. and its applications and preparations: 112226380[P]. 2021-01-15.

[18] 韦革宏,李欣乐,史鹏. 一株产碱杆菌及其应用和促进大豆生长的方法:113005064[P]. 2021-06-22.
WEI G H, LI X L SHI P. A strain of *Alcaligenes faecalis* and its application and method for promoting the growth of soybeans: 113005064[P]. 2021-06-22.

[19] YUAN Y, LI J, LIN J F, et al. Extracellular products-mediated interspecific interaction between *Pseudomonas aeruginosa* and *Escherichia coli*[J]. Journal of Microbiology, 2021, 59(1): 29-40.

[20] LOU X L, ZHAO J M, LOU X Y, et al. The biodegradation of soil organic matter in soil-dwelling humivorous fauna[J]. Frontiers in Bioengineering and Biotechnology, 2022, 9: 808075.

[21] DE BOER W, FOLMAN L B, SUMMERBELL R C, et al. Living in a fungal world: impact of fungi on soil bacterial niche development[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2005, 29(4): 795-811.

[22] HO A, KERCKHOF F M, LUKE C, et al. Conceptualizing

functional traits and ecological characteristics of methane-oxidizing bacteria as life strategies[J]. Environmental Microbiology Reports,2013,5(3):335-345.

[23] GOLDFARB K C,KARAOZ U,A HANSON C A,et al. Differential growth responses of soil bacterial taxa to carbon substrates of varying chemical recalcitrance[J]. Frontiers in Microbiology, Terrestrial Microbiology,2011,2:94.

[24] EL ZAHAR HAICHAR F, MAROL C, BERGE O, et al. Plant host habitat and root exudates shape soil bacterial community structure[J]. The International Society for Microbial Ecology Journal,2008,2(12):1221-1230.

[25] GÖRKE B,STÜLKE J. Carbon catabolite repression in bacteria:many ways to make the most out of nutrients[J]. Nature Reviews,Microbiology,2008,6(8):613-624.

[26] FRANZINO T,BOUBAKRI H,CERNAVA T,et al. Implications of carbon catabolite repression for plant-microbe interactions[J]. Plant Communications,2022,3(2):100272.

[27] BARKA E A,VATSA P,SANCHEZ L,et al. Taxonomy, physiology,and natural products of *Actinobacteria*[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews,2016,80(1):1-43.

[28] GRANATO E T,MEILLER-LEGRAND T A,FOSTER K R. The evolution and ecology of bacterial warfare[J]. Current Biology,2019,29(11):R521-R537.

[29] GE Z B,ZHAI Z Q,XIE W Y,et al. Two-tiered mutualism improves survival and competitiveness of cross-feeding soil bacteria[J]. The International Society for Microbial Ecology Journal,2023,17(11):2090-2102.

[30] ZELEZNIAK A,ANDREJEV S,PONOMAROVA O,et al. Metabolic dependencies drive species co-occurrence in diverse microbial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,2015,112(20):6449-6454.

[31] WRIGHTON K C,CASTELLE C J,WILKINS M J,et al. Metabolic interdependencies between phylogenetically novel fermenters and respiratory organisms in an unconfined aquifer[J]. The International Society for Microbial Ecology Journal,2014,8:1452-1463.

[32] CHENG C, SU S F, BO S L, et al. A *Bacillus velezensis* strain isolated from oats with disease-preventing and growth-promoting properties[J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 12950.

[33] WANG X, WANG Y Z, FU Y F, et al. Multiple omics revealed the growth-promoting mechanism of *Bacillus velezensis* strains on ramie[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1367862.

[34] ABDEL HAMED ABDEL LATEF A, OMER A M, BADAWY A A, et al. Strategy of salt tolerance and interactive impact of *Azotobacter chroococcum* and/or *Alcaligenes faecalis* inoculation on canola (*Brassica napus* L.) plants grown in saline soil[J]. Plants (Basel),2021,10(1):110.

[35] BABAR M,RASUL S,ASLAM K,et al. Mining of halo-tolerant plant growth promoting rhizobacteria and their impact on wheat (*Triticum aestivum* L.) under saline conditions[J]. Journal of King Saud University-Science, 2021, 33(3): 101372.

[36] YU X, LIU X, ZHU T H, et al. Co-inoculation with phosphate-solubilzing and nitrogen-fixing bacteria on solubilization of rock phosphate and their effect on growth promotion and nutrient uptake by walnut[J]. European Journal of Soil Biology, 2012,50:112-117.

[37] SAID-PULLICINO D, ALEXANDRA CUCU M A, SODANO M,et al. Nitrogen immobilization in paddy soils as affected by redox conditions and rice straw incorporation[J]. Geoderma,2014,228-229:44-53.

[38] KUMAR K,GOH K M. Crop Residues and management practices:effects on soil quality,soil nitrogen dynamics,crop yield, and nitrogen recovery[M]//Advances in Agronomy. Amsterdam:Elsevier,1999:197-319.

(责任编辑:屈李纯)