

## 研究报告

## 芒萁根际复合微生物菌剂对绿豆幼苗生长及根际微生物群落的影响

何芬<sup>#1,2,3</sup>, 赵蕊<sup>#1,2,3</sup>, 黄弯凤<sup>1,2,3</sup>, 张起影<sup>1</sup>, 史明涛<sup>1</sup>, 吴雅婷<sup>1</sup>, 汪涯<sup>\*1,2,3</sup>

1 江西科技师范大学 生命科学学院, 江西 南昌 330013

2 天然微生物药物研究江西省重点实验室, 江西 南昌 330013

3 南昌市微生物资源与代谢重点实验室, 江西 南昌 330013

何芬, 赵蕊, 黄弯凤, 张起影, 史明涛, 吴雅婷, 汪涯. 芒萁根际复合微生物菌剂对绿豆幼苗生长及根际微生物群落的影响[J]. 微生物学通报, 2025, 52(3): 1073-1088.

HE Fen, ZHAO Rui, HUANG Wanfeng, ZHANG Qiyang, SHI Mingtao, WU Yating, WANG Ya. Rhizosphere complex microbial agent of *Dicranopteris dichotoma* regulates the growth and rhizosphere microbial community of mung bean seedlings[J]. Microbiology China, 2025, 52(3): 1073-1088.

**摘要:**【背景】在农业可持续发展背景下, 复合微生物菌剂因其多种微生物间的互补作用成为促进植物生长的有效策略。【目的】研究芒萁(*Dicranopteris dichotoma*)根际复合微生物菌剂对绿豆幼苗的促生效果, 以及对根际微生物群落结构变化的影响。【方法】以前期分离自芒萁根际土壤的4株根际促生菌为供试菌株, 组合配制成2种复合微生物菌剂 BFF 和 BBF 接种至绿豆幼苗根际, 测定绿豆幼苗培养 36 d 后的生理指标及土壤理化性质, 并利用 16S rRNA 基因和 ITS 扩增子测序技术分析根际微生物结构组成和多样性。【结果】BFF 组显著提高了绿豆幼苗的株高、地上部分鲜重和干重以及地下部分干重, 分别比对照组提高了 29.38%、81.47%、175.73%和 936.49%; BBF 组则显著增加了绿豆幼苗的地上部分鲜重和干重, 分别提高了 92.64%和 179.67%。高通量测序结果显示, 接种复合微生物菌剂 BFF 和 BBF 均显著提高了细菌群落的多样性和丰富度, 同时降低了真菌群落的多样性。在门水平上, 显著增加了黏球菌门(*Myxococcota*)的相对丰度, 降低了接合菌门(*Zygomycota*)的相对丰度。在细菌属水平上, 显著减少了罗河杆菌属(*Rhodanobacter*)的相对丰度, 增加了黏液杆菌属(*Mucilaginibacter*)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)的相对丰度; 在真菌属水平上, 显著增加了隐球菌属(*Cryptococcus*)的相对丰度, 同时降低了被孢霉属(*Mortierella*)和 *Gliocladiopsis* 的相对丰度。功能预测结果表明, 接种复合微生物菌剂显著提高了根际细菌中的固氮作用, 同时增加了致

资助项目: 江西省教育厅科技项目(GJJ2201328); 江西科技师范大学博士科研启动基金(2020BSQD025)

This work was supported by the Jiangxi Provincial Education Department Science and Technology Project (GJJ2201328), and the Doctoral Research Initiation Fund of Jiangxi Science and Technology Normal University (2020BSQD025).

\*These authors contributed equally to this work.

\*Corresponding author. E-mail: wangya@jxstnu.edu.cn

Received: 2024-07-11; Accepted: 2024-08-19; Published online: 2024-10-08

病-腐生-共生型真菌的相对丰度,降低了腐生型和腐生-共生型真菌的相对丰度。【结论】接种复合微生物菌剂可以提升土壤养分,调节根际微生物群落的结构和多样性,增加有益菌的数量,减少病原菌的存在,从而为绿豆幼苗创造更有利的根系生长环境,促进它们的生长发育。研究结果不仅为绿豆幼苗的生长提供了新的理论支持,也为复合微生物菌剂在农业生产中的应用提供了理论基础。

关键词: 根际; 复合微生物菌剂; 绿豆; 根际微生物组; 促生

## Rhizosphere complex microbial agent of *Dicranopteris dichotoma* regulates the growth and rhizosphere microbial community of mung bean seedlings

HE Fen<sup>#1,2,3</sup>, ZHAO Rui<sup>#1,2,3</sup>, HUANG Wanfeng<sup>1,2,3</sup>, ZHANG Qiyang<sup>1</sup>, SHI Mingtao<sup>1</sup>, WU Yating<sup>1</sup>, WANG Ya<sup>\*1,2,3</sup>

1 College of Life Sciences, Jiangxi Science and Technology Normal University, Nanchang 330013, Jiangxi, China  
2 Key Laboratory of Natural Microbial Medicine Research of Jiangxi Province, Nanchang 330013, Jiangxi, China  
3 Key Laboratory of Microbial Resources and Metabolism of Nanchang City, Nanchang 330013, Jiangxi, China

**Abstract: [Background]** In the context of sustainable agricultural development, complex microbial agents have emerged as a potent means for enhancing plant growth, attributed to the synergistic effects of diverse microorganisms. **[Objective]** To investigate the rhizosphere complex microbial agent of *Dicranopteris dichotoma* regarding the effects on the growth and rhizosphere microbial community structure of mung bean seedlings. **[Methods]** Four plant growth-promoting strains isolated from the rhizosphere soil of *D. dichotoma* were used to formulate two complex microbial agents: BBF and BFF. The agents were inoculated into the rhizosphere of mung bean seedlings, and the physiological parameters and soil physicochemical characteristics of the mung bean seedlings were evaluated after 36 days of cultivation. The community structure and diversity of rhizosphere microorganisms were assessed by 16S rRNA gene and ITS amplicon sequencing. **[Results]** BFF increased the plant height, aboveground fresh and dry weights, and underground dry weight of mung bean seedlings by 29.38%, 81.47%, 175.73%, and 936.49%, respectively. BBF increased the aboveground fresh weight and dry weight of mung bean seedlings by 92.64% and 179.67%, respectively. High-throughput sequencing results revealed that both BFF and BBF significantly boosted the bacterial diversity and richness, while reducing the fungal diversity. At the phylum level, the two agents increased the relative abundance of *Myxococcota* while decreasing that of *Zygomycota*. At the bacterial genus level, the two agents decreased the relative abundance of *Rhodanobacter* while increasing that of *Mucilaginibacter* and *Bradyrhizobium*; at the fungal genus level, the two agents increased the relative abundance of *Cryptococcus* while decreasing that of *Mortierella* and *Gliocladiopsis*. Functional prediction indicated that the application of complex microbial agents notably enhanced bacterial nitrogen fixation in the rhizosphere, increased the relative abundance of pathogenic-saprophytic-symbiotic fungi, and decreased the relative abundance of saprophytic and saprophytic-symbiotic fungi. **[Conclusion]** Inoculating complex microbial agents increases

soil nutrients, regulates rhizosphere microbial community structure and diversity, boosts beneficial bacterial count, and suppresses pathogen presence, thus creating a favorable environment for the root growth and promoting the growth and development of mung bean seedlings. These findings offer new theoretical support for the growth of mung bean seedlings and establish a basis for applying complex microbial agents in agricultural production.

**Keywords:** rhizosphere; complex microbial agent; mung bean; rhizosphere microbiome; growth promotion

人口持续增长推动全球粮食需求的上升。据预测,到2050年全球人口将达到90亿,而目前的作物产量已无法满足这一需求<sup>[1-2]</sup>。在应对不断增长的全球人口的同时,如何保持高质量的粮食生产成为农业部门面临的一个关键挑战<sup>[3]</sup>。

绿豆 [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] 是豆科豇豆属的一年生草本植物,生长周期短,营养丰富,是主要的药食同源杂粮作物,在亚洲地区广泛种植<sup>[4]</sup>。中国是绿豆的主要生产和出口国家,年产量约为100万t,出口量为15万-25万t,位居全球第一<sup>[5]</sup>。作为中国第二大食用豆类,绿豆富含高质量蛋白质,在农业中占据重要地位。因此,提高绿豆的产量和质量对中国及进口国家至关重要<sup>[6]</sup>。

可持续农业的目标是提高粮食产量和产量稳定性,同时改善土壤结构<sup>[7]</sup>。化肥在提高作物产量和土壤肥力方面起着至关重要的作用,然而,过度使用化肥可能导致土壤有机质减少、质量下降及环境污染等问题<sup>[8]</sup>。因此,生物肥料,即利用微生物提高土壤肥力的有机物,被认为是保护土壤健康和作物产品质量的可持续替代品,引起了广泛关注<sup>[9-10]</sup>。土壤中的微生物是土壤生态系统的重要组成部分。尤其是植物根际微生物与植物生长和土壤肥力密切相关<sup>[11-12]</sup>。土壤微生物的丰富度和多样性是影响植物生长和生态稳定性的关键因素<sup>[13]</sup>。

微生物菌剂是一种含有活性微生物的肥

料,其作用包括有效促进植物对养分的吸收、增强作物的生长能力,并改善土壤结构。具体而言,微生物菌剂能够活化土壤、调节酸碱平衡、提升土壤透气性,并释放固定的营养元素,从而显著提高养分利用效率,减少对化学肥料的依赖。当前,微生物菌剂已广泛应用于改善土壤微生物环境,有效提升作物的抗病能力<sup>[3,12,14-15]</sup>。作为新型肥料,微生物菌剂具备多种功能和显著优势,对于提升农作物的产量和品质,推动农业的可持续发展具有重要意义<sup>[16]</sup>。复合微生物菌剂由多种微生物组成,研究表明,这些微生物能起到互补或增效作用<sup>[17-24]</sup>。因此,将具有互补或增效作用的微生物菌株组合制成多功能复合菌剂,有助于弥补单一微生物菌剂的不足。在促进作物生长方面,这种多功能复合微生物菌剂可能具有更大的潜力和应用价值。

芒萁 (*Dicranopteris dichotoma*) 是一种多年生蕨类植物,隶属于里白科芒萁属。它以对酸性土壤的强适应力及其卓越的环境胁迫耐受性而闻名,特别是在贫瘠土壤条件下表现尤为良好。该植物广泛分布于中国南方,被视为红壤侵蚀地区生态修复的重要先锋植物<sup>[25]</sup>。实验室前期从芒萁根际土壤分离出一批根际促生菌,并通过盆栽试验验证了这些菌株对绿豆幼苗具有促生效果<sup>[26]</sup>。基于这些根际促生菌,本研究制备了2种复合微生物菌剂,探究其对绿豆幼苗的促生效果及对根际微生物群落结构变化的影响。

## 1 材料与方 法

### 1.1 样 品

供试菌株包括菌株 MQB7、MQB12、MQF9 和 MQF11, 筛选自芒萁(*Dicranopteris dichotoma*) 植株的根际土壤, 保存于天然微生物药物研究江西省重点实验室。其中, 菌株 MQB7 为成团泛菌(*Pantoea agglomerans*); 菌株 MQB12 为阿氏芽孢杆菌(*Bacillus aryabhattai*); 菌株 MQF9 和 MQF11 为青霉属(*Penicillium*)<sup>[26-27]</sup>。

植物种子: 绿豆种子(绿宝绿豆王); 复合化肥: N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O, 含量 45%; 盆栽试验土壤: 红壤, 采集自江西科技师范大学校内, 自然风干, 去除杂质后通过 2 mm 土壤筛均匀混合。

### 1.2 培 养 基

细菌培养基: LB 培养基参考文献[28]配制。

真菌培养基: 马铃薯葡萄糖琼脂(potato dextrose agar, PDA)培养基参考文献[29]配制。

1/2 Murashige and Skoog (1/2 MS)培养基(g/L): 硝酸钾 0.950, 磷酸二氢钾 0.085, 硝酸铵 0.825, 硫酸镁 0.185, 氯化钙 0.220, 硼酸 0.006 2, 碘化钾 0.000 83, 硫酸锰 0.022 3, 硫酸锌 0.008 6, 钼酸钠 0.000 25, 氯化钴 0.000 025, 硫酸铜 0.000 025, 硫酸亚铁 0.027 8, 肌醇 0.100, 甘氨酸 0.002, 盐酸硫胺素 0.000 1, 烟酸 0.000 5, 盐酸吡哆醇 0.000 5, 乙二胺四乙酸二钠 0.037 3。

### 1.3 主要试剂和仪器

胰蛋白胨、酵母浸粉、葡萄糖和氯化钠等, 西陇科学股份有限公司; 1/2 MS 培养基, 北京索莱宝科技有限公司; 振荡培养箱, 上海知楚仪器有限公司; 恒温培养箱, 宁波莱福科技有限公司; 超净工作台, 苏州苏洁净化设备有限公司; 紫外可见分光光度计, 上海佑科仪器仪表有限公司。

### 1.4 菌株活化

将菌株 MQB7 和 MQB12 分别接种到 LB 液体培养基中, 28 °C、160 r/min 培养 12–18 h, 吸取 200 μL 菌液( $OD_{600}=0.8$ )于 LB 液体培养基中相同条件培养至  $OD_{600}=0.6$  备用; 将菌株 MQF9 和 MQF11 分别接种至 PDA 培养基中央, 30 °C 倒置培养 2–3 d 至菌落覆盖培养基, 用 5 mm 打孔器在菌落边缘打取菌饼备用。

### 1.5 复合微生物菌剂的制备

以菌株 MQB12 为基础菌株, 制备 2 种复合菌剂。BBF 组: 在 50 mL LB 液体培养基中加入 200 μL MQB12 菌液、200 μL MQB7 菌液、MQF9 真菌 5 mm 菌饼 2 个; BFF 组: 在 50 mL LB 液体培养基中加入 200 μL MQB12 菌液、MQF9 和 MQF11 真菌 5 mm 菌饼各 2 个, 28 °C、160 r/min 培养 12 h。

### 1.6 盆栽试验

挑取新鲜、饱满、种皮完整、含水量高、未经过干燥处理的绿豆种子, 在 75%乙醇溶液中浸泡 1 min, 随后在 5% NaClO 溶液中浸泡 5 min, 用无菌水冲洗 4 次后接种于固体 1/2 MS 培养基上, 在 25 °C 室温培养 6 d。选取 8 株生长状态相似的幼苗, 用镊子从培养基中取出, 移栽至每盆含有 1.5 kg 红壤的盆栽中。BBF 组和 BFF 组的每株幼苗浇灌 1.5 mL 复合菌剂; 对照组(CK 组)浇灌 1.5 mL 无菌 LB 液体培养基, 使用无菌注射器注射到绿豆幼苗根际; 化肥组(CF 组)用量按照商家建议施用, 每 kg 土壤中施加基肥 10 g, 后续追加量为 5 g。不同处理组每周接种 1 次复合菌剂或化肥, 共 5 次。根据豆苗生长情况每日浇水保持适宜的土壤湿度, 在最后一次接种处理后第 2 天测量绿豆幼苗的生理指标, 如株高、根长、一级侧根数、叶片数、地上地下部分鲜重及干重, 绿豆幼苗共生长 36 d。

### 1.7 根际土壤采集及理化指标的测定

采用抖根法收集培养 36 d 后绿豆幼苗的根

际土壤,一份保存于 $-80^{\circ}\text{C}$ 用于高通量测序分析,另一份自然风干后用于测定土壤的理化性质。全氮含量测定采用森林土壤氮的测定标准<sup>[30]</sup>;全磷、有效磷含量的测定采用森林土壤磷的测定标准<sup>[31]</sup>;全钾、速效钾含量的测定采用森林土壤钾的测定标准<sup>[32]</sup>。

### 1.8 根际土壤微生物 16S rRNA 基因和 ITS 扩增子分析

委托武汉迈特维尔生物科技有限公司(<http://www.metware.cn>)对根际土壤样品进行微生物多样性分析,采用 Illumina NovaSeq 平台对细菌的 16S rRNA 基因的 V3-V4 区和真菌 rDNA 内转录间隔区(internal transcribed spacer, ITS)序列进行扩增及测序。使用 Deblur 对 97.0% 相似度水平下的测序序列进行聚类并获取扩增子序列变体(amplicon sequence variant, ASV),并对其代表性序列进行物种注释,获得对应物种的信息及其丰度分布情况。对根际土壤微生物群落  $\beta$  多样性采用主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA)。

### 1.9 根际土壤微生物功能预测

使用 FAPROTAX 数据库和 FUNGuild 数据库分别对根际土壤细菌和真菌进行功能预测。

### 1.10 统计分析

本文采用 SPSS Statistics 26.0 (IBM)软件中的单因素方差分析(ANOVA)对绿豆幼苗生理指标、微生物多样性和丰度相关的数据进行显著性差异分析( $P<0.05$ )。所有图形均使用 Origin 2022 软件绘制。

## 2 结果与分析

### 2.1 复合微生物菌剂对绿豆幼苗生长的影响

在盆栽试验中,经过 36 d 的培育,不同处理组的绿豆幼苗表现出显著的生长差异(图 1),

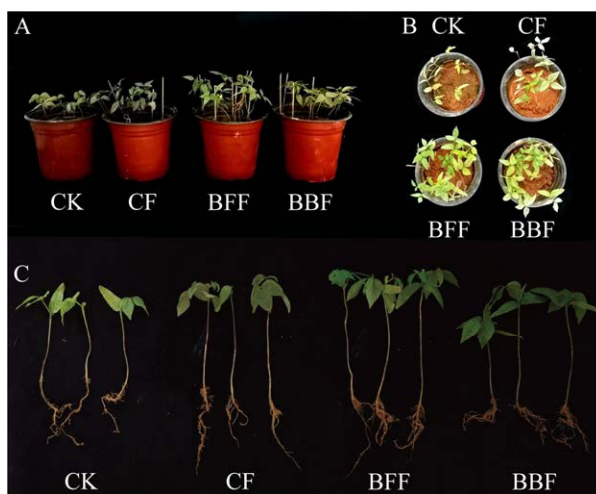


图 1 不同处理组绿豆幼苗生长 36 d 的盆栽侧面图(A)、俯视图(B)和幼苗形态图(C) CK: 对照(无微生物应用); CF: 化肥; BFF: MQB12+MQF9+MQF11; BBF: MQB12+MQB7+MQF9。下同。

Figure 1 Side view (A), top view (B), seedling morphology (C) of mung bean seedlings grown in pots for 36 days in different treatment groups. CK: Control (no microbial application); CF: Chemical fertilizer; BFF: MQB12+MQF9+MQF11; BBF: MQB12+MQB7+MQF9. The same below.

相较于对照组(CK 组)和化肥组(CF 组),施用复合微生物菌剂 BFF 组和 BBF 组的绿豆幼苗生长更为旺盛。CK 组和 CF 组中观察到了不同程度的黄叶现象,而在 BFF 组和 BBF 组中未出现此现象。对各处理组绿豆幼苗进行生理指标测定,结果(图 2)显示,根长、一级侧根数、叶片数、黄叶数和地下部分鲜重在各处理组之间无显著差异。然而, BFF 组和 BBF 组的株高分别达到 17.00 cm 和 14.17 cm,其中 BFF 组较 CK 组存在显著差异,株高提高了 29.38%。BFF 组和 BBF 组地上部分鲜重分别为 741.10 mg 和 786.74 mg,较 CK 组分别提高了 81.47%和 92.64%;地上部分干重分别为 125.30 mg 和 127.10 mg,较 CK 组分别提高了 175.73%和 179.67%;地下部分干重方面, BFF 组为 55.43 mg, BBF 组为 31.43 mg,

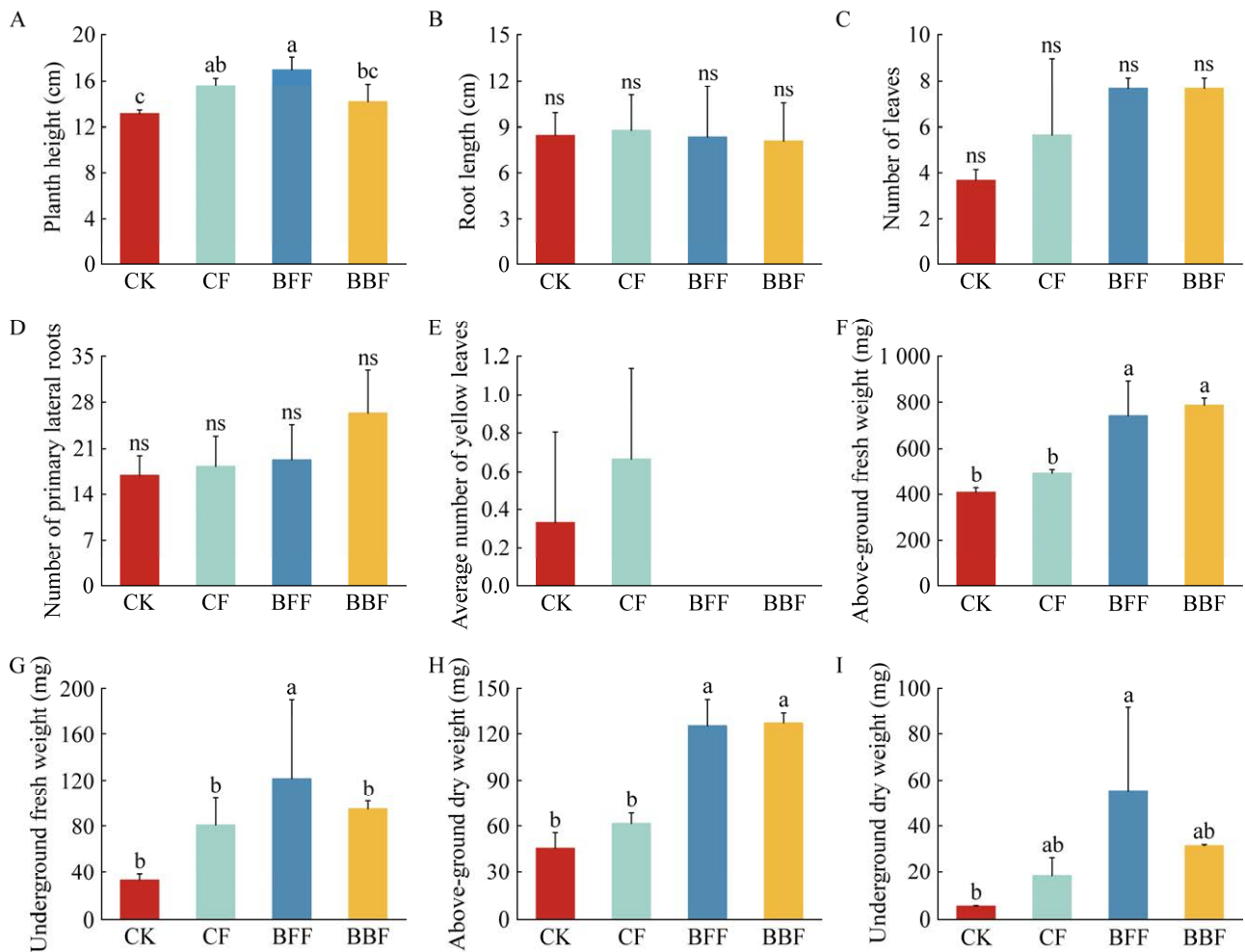


图2 不同处理组绿豆幼苗生长36 d的生长指标 A: 株高; B: 根长; C: 叶片数; D: 一级侧根数; E: 平均黄叶数; F: 地上部分鲜重; G: 地下部分鲜重; H: 地上部分干重; I: 地下部分干重。

Figure 2 Growth indexes of mung bean seedlings grown for 36 days in different treatment groups. A: Plant height; B: Root length; C: Number of leaves; D: Number of primary lateral roots; E: Average number of yellow leaves; F: Above-ground fresh weight; G: Underground fresh weight; H: Above-ground dry weight; I: Underground dry weight.

其中 BFF 组较 CK 组具有显著差异, 提高了 936.49% ( $P < 0.05$ )。综上所述, 接种复合微生物菌剂 BBF 组和 BFF 组均能有效促进绿豆幼苗的生长, 其中 BFF 组的促生效果优于 BBF 组。

## 2.2 复合微生物菌剂对根际土壤理化性质的影响

对不同处理组的绿豆幼苗根际土壤进行了土壤理化性质测定(表 1)。结果表明, CK 组土

壤的营养元素含量较低。相较于 CK 组, BFF 组土壤中的全氮含量提高了 5.2%, 速效钾含量增加了 30.3%; BBF 组则提高了全氮、全磷、有效磷和速效钾的含量, 分别增加了 11.7%、14.5%、5.5%和 41.6%。CF 组增加了土壤中有效磷的含量, 同时降低了全磷的含量, 对全氮和速效钾含量变化影响不显著。总体来看, 复合菌剂对绿豆幼苗根际土壤中的营养元素有显著的提升作用。

表 1 不同处理组对根际土壤理化性质的影响

Table 1 Effect of different treatment groups on soil physicochemical properties

组别 Group	全氮 Total nitrogen (g/kg)	全磷 Total phosphorus (g/kg)	全钾 Total potassium (g/kg)	有效磷 Available phosphorus (mg/kg)	速效钾 Available potassium (mg/kg)
CK	0.77±0.11	1.45±0.07	24.45±0.15	2.90±0.07	57.17±2.14
CF	0.74±0.09	0.61±0.03	13.90±0.11	3.51±0.09	38.96±2.69
BFF	0.81±0.02	0.55±0.02	22.50±0.11	2.34±0.05	74.48±4.87
BBF	0.86±0.05	1.66±0.02	23.48±0.09	3.06±0.10	80.95±4.23

## 2.3 复合微生物菌剂对根际土壤微生物群落的影响

### 2.3.1 复合微生物菌剂对根际土壤微生物群落 $\alpha$ 多样性的影响

$\alpha$  多样性指数是评估物种多样性的重要参数。细菌群落中 Shannon、Simpson、ACE 和 Chao1 指数(图 3A–3D)表明, 接种化肥和复合菌剂显著提高了根际土壤细菌群落的多样性和丰富度, 其中, BFF 组的各项指数最高, 较 CK 组差异显著( $P<0.05$ )。真菌群落中 Shannon、Simpson、ACE 和 Chao1 指数(图 3E–3H)显示, 相较于 CK 组, 接种化肥和复合菌剂降低了根际土壤真菌群落的多样性, 而接种复合菌剂提高了根际土壤真菌群落的丰富度, 但不同处理对真菌群落的多样性和丰富度的影响并不显著。总体而言, 复合微生物菌剂的接种均提高了细菌群落的多样性和丰富度, 降低了真菌群落的多样性, 其中 BFF 组对根际土壤微生物群落的影响最为显著。

### 2.3.2 复合微生物菌剂对根际土壤微生物群落 $\beta$ 多样性的影响

基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 分析结果显示, 细菌群落的 PCoA1 和 PCoA2 分别解释了 32.63% 和 18.27% 的变异(图 4A), 真菌群落的 PCoA1 和 PCoA2 则分别解释了 41.76% 和 20.96% 的变异(图 4B)。BFF 和 BBF 组在 PCoA1 和 PCoA2 上的群落结构表现出相似性, 与 CK 组

显著不同。这表明复合菌剂的接种显著地改变了根际土壤中细菌和真菌群落的结构。

### 2.3.3 复合微生物菌剂在 ASV 水平下对土壤微生物群落组成的影响

Venn 图显示, 不同处理组中共有 1 780 个细菌 ASV 和 163 个真菌 ASV (图 5)。其中, BFF 组具有最多的独特 ASV, BBF 组和 BFF 组之间共享的 ASV 较多, 与 CK 组共享的 ASV 较少。这与上述多样性分析结果一致, 进一步表明 BBF 和 BFF 处理组在微生物群落结构上存在相似性。

### 2.3.4 复合微生物菌剂对根际土壤门水平微生物群落的影响

图 6A 显示了细菌在门水平上的群落结构。所有处理都包含相同的常见菌门, 但各处理组中这些菌门的比例有所不同。主要的优势菌门包括假单胞菌门(*Pseudomonadota*, 37%–49%)、放线菌门(*Actinomycetota*, 10%–14%)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*, 6%–9%) 和拟杆菌门(*Bacteroidota*, 3%–5%)等。图 6B 显示, 不同处理组中黏球菌门(*Myxococcota*)的相对丰度存在显著差异, 相较于 CK 组, BFF 组和 BBF 组黏球菌门的相对丰度显著增加( $P<0.05$ ), 分别提高了 0.69% 和 0.58%。

图 6C 显示了真菌在门水平上的群落结构, 其中子囊菌门(*Ascomycota*, 38%–66%)、担子菌门(*Basidiomycota*, 14%–48%)和接合菌门

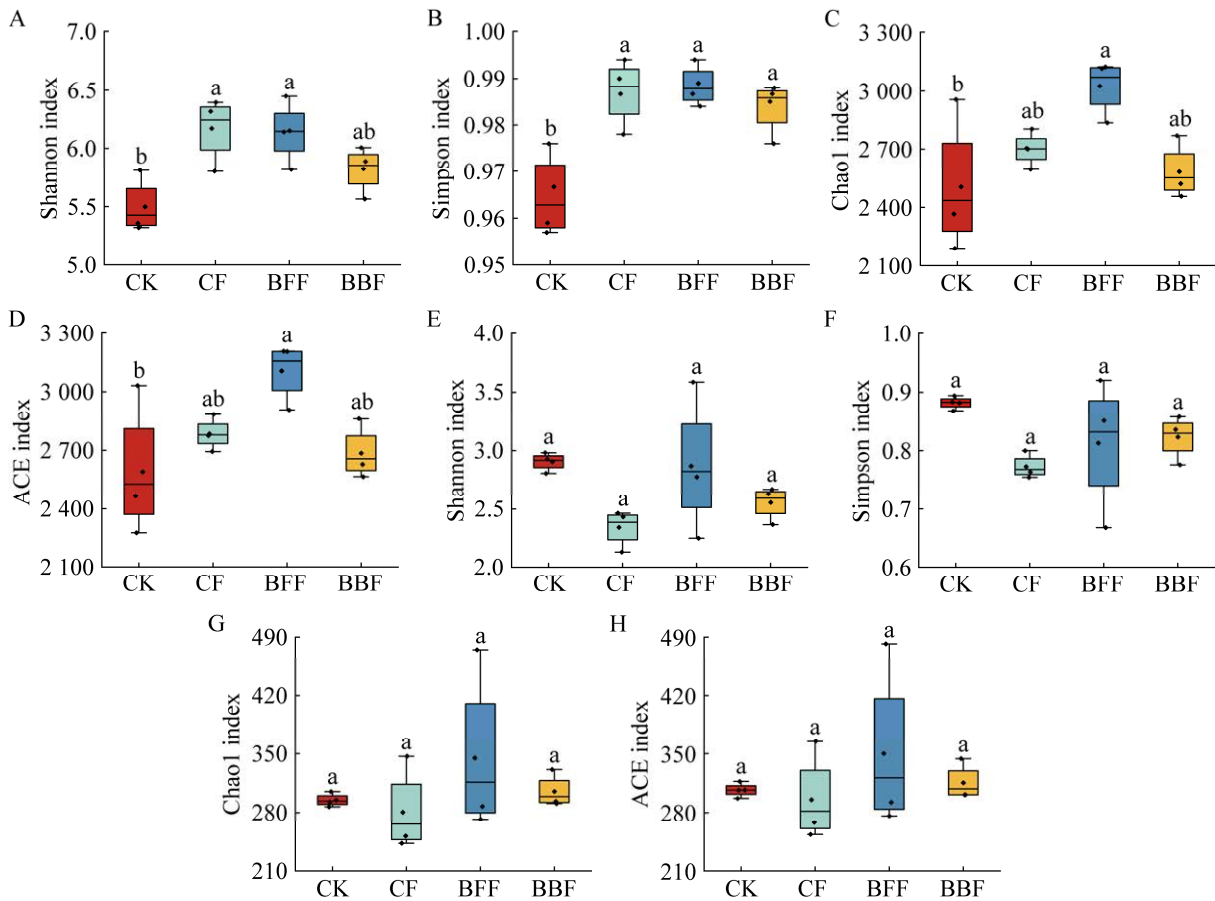


图3 不同处理组根际细菌(A-D)和真菌(E-H)群落 $\alpha$ 多样性 A, E: 香农指数; B, F: 辛普森指数; C, G: Chao1 指数; D, H: ACE 指数。

Figure 3 Alpha diversity of rhizosphere bacteria (A-D) and fungi (E-H) in different treatment groups. A, E: Shannon index; B, F: Simpson index; C, G: Chao1 index; D, H: ACE index.

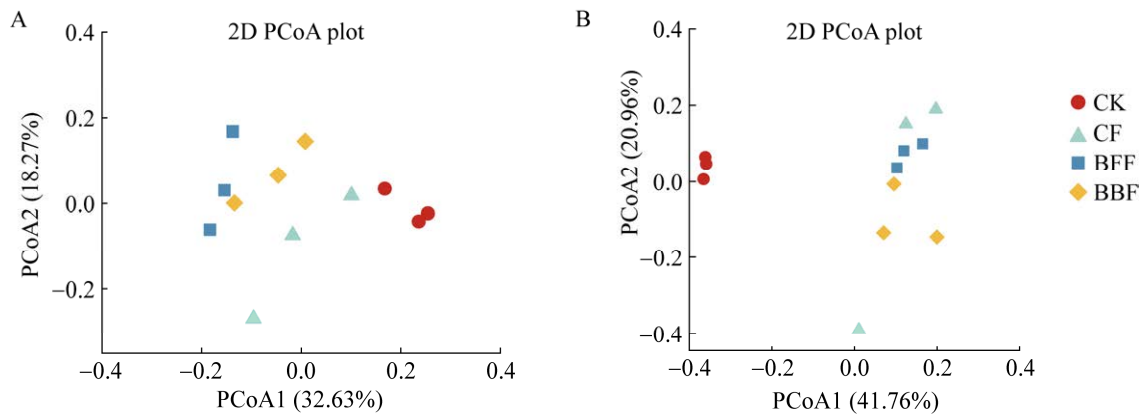


图4 不同处理组根际细菌(A)和真菌(B)的主坐标分析

Figure 4 Principal coordinate analysis (PCoA) of rhizosphere bacteria (A) and fungi (B) in different treatment groups.



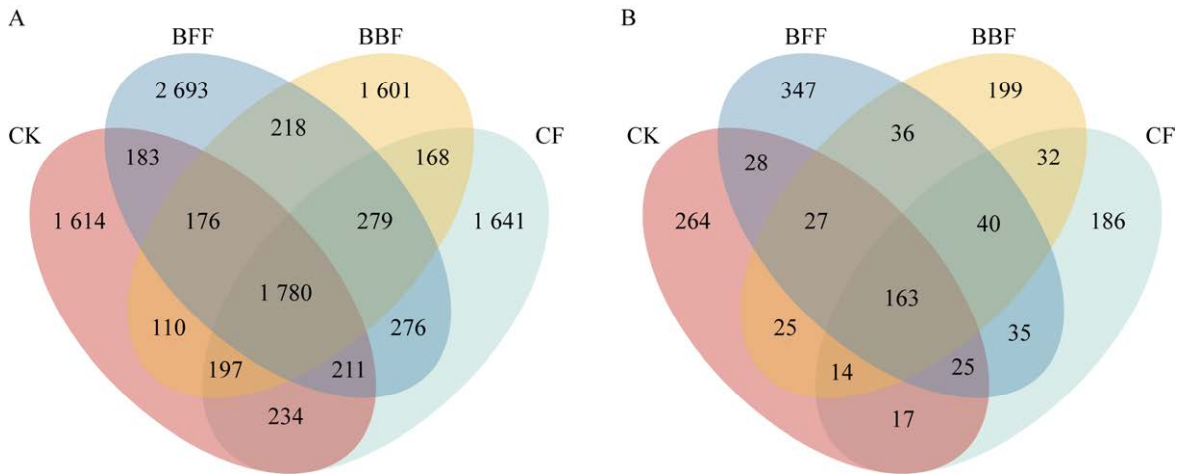


图 5 不同处理组根际细菌(A)和真菌(B)群落的韦恩图

Figure 5 Venn diagram of rhizosphere bacterial (A) and fungal (B) communities in different treatment groups.

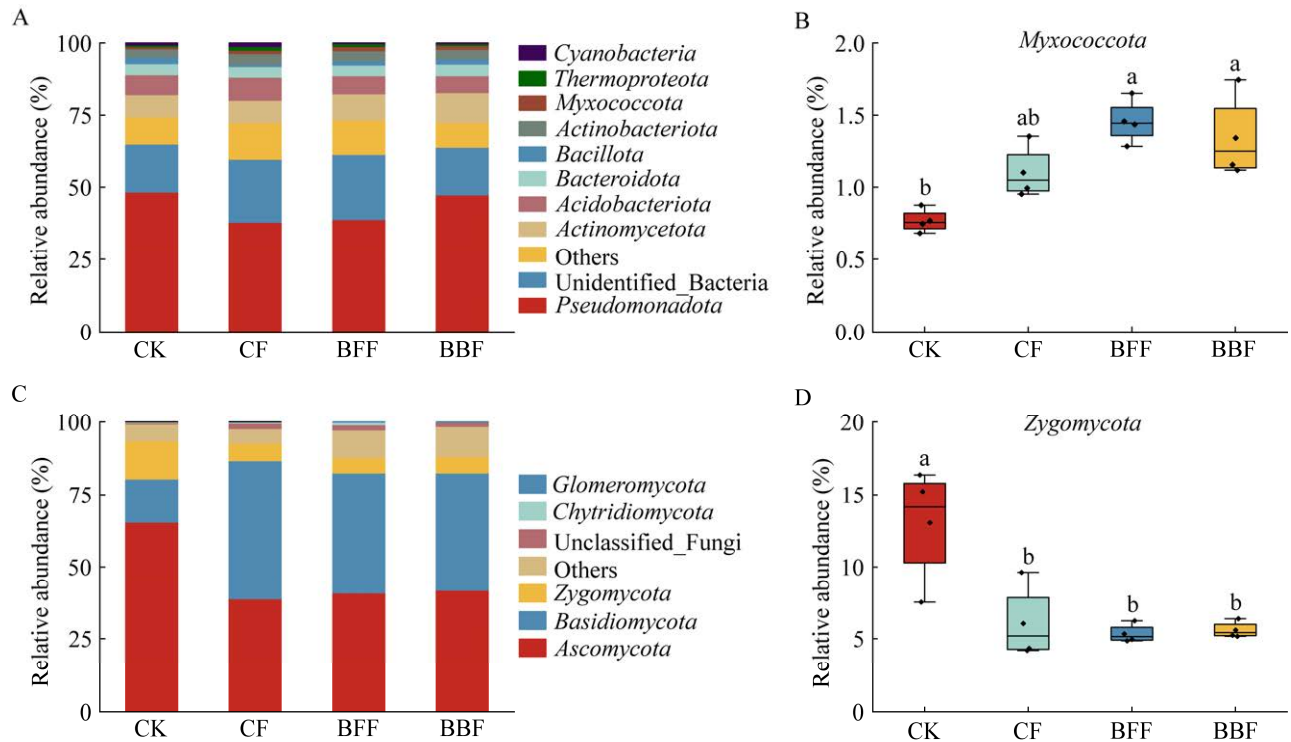


图 6 不同处理组对根际土壤门水平微生物群落的影响 A: 细菌; B: 显著性变化的细菌菌门的相对丰度; C: 真菌; D: 显著性变化的真菌菌门的相对丰度。

Figure 6 Effects of different treatment groups on rhizosphere soil phyla level microbial community. A: Bacteria; B: Significant changes in the relative abundance of bacterial phyla; C: Fungi; D: Significant changes in the relative abundance of fungal phyla.

(Zygomycota, 5%–13%)为各处理组中优势的真菌菌门。图 6D 表明,不同处理组中接合菌门的相对丰度存在显著差异,相较于 CK 组,CF 组、BFF 组和 BBF 组接合菌门的相对丰度显著降低( $P<0.05$ ),分别降低了 7.00%、7.70%和 7.44%。

### 2.3.5 复合微生物菌剂对根际土壤属水平微生物群落的影响

图 7A 显示了细菌在属水平上的群落结构,主要优势细菌菌属包括罗河杆菌属(*Rhodanobacter*, 1%–10%)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 1%–3%)、酸栖热菌属(*Acidothermus*, 1%–3%)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*, 1%–4%)等。图 7B–7D 显示,在不同处理组中,罗河杆菌属、黏液杆菌属(*Mucilaginibacter*)和慢生根瘤菌属的相对丰度存在显著差异( $P<0.05$ )。相较于 CK 组,CF 组、BFF 组和 BBF 组处理显著降低了罗河杆菌属的相对丰度,分别降低了 8.88%、13.79%和 8.54%;同时,BFF 组和 BBF 组显著提高了黏液杆菌属和慢生根瘤菌属的相对丰度( $P<0.05$ ),分别提高了 0.82%、0.63%和 0.51%、0.93%。

图 7E 显示了真菌在属水平上的群落结构,主要优势真菌属包括隐球菌属(*Cryptococcus*, 10%–39%)、被孢霉属(*Mortierella*, 1%–6%)、毛孢子菌属(*Trichosporon*, 1%–5%)和镰刀菌属(*Fusarium*, 1%–5%)等。图 7F–7H 表明,在不同处理组中,隐球菌属、被孢霉属和 *Gliocladiopsis* 的相对丰度存在显著差异( $P<0.05$ )。相较于 CK 组,BFF 组和 BBF 组显著提高了隐球菌属的相对丰度,分别提高了 28.59%和 24.98%;CF 组、BFF 组和 BBF 组显著降低了被孢霉属和 *Gliocladiopsis* 的相对丰度( $P<0.05$ ),分别降低了 6.97%、7.59%、7.46%和 12.30%、9.78%、12.37%。

### 2.4 根际微生物的功能预测

使用 FAPROTAX 平台对细菌功能进行分类注释,并选取了总丰度前 10 的功能类别。结

果表明,土壤中细菌群落的主要生态功能包括:化能异养(chemoheterotrophy)、有氧化能异养(aerobic chemoheterotrophy)、动物寄生生物或共生体(animal parasites or symbionts)、发酵(fermentation)、纤维素分解(cellulolysis)、固氮作用(nitrogen fixation)、尿素分解(ureolysis)、硝酸还原(nitrate reduction)、捕食性的或外寄生的(predatory or exoparasitic)、细胞内寄生(intracellular parasites)等(图 8A)。在各处理组中,根际细菌的功能主要集中于化能异养(39%–43%)、有氧化能异养(38%–43%)、动物寄生生物或共生体(2%–5%)及固氮作用(1%–7%)等方面。相较于 CK 组,接种复合微生物菌剂 BFF 和 BBF 显著提高了固氮作用,分别提高了 4.46%和 3.44%。

使用 FUNGuild 平台对真菌功能类群进行分析,并根据营养型将其分为致病-腐生-共生型(pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、腐生型(saprotroph)、腐生-共生型(saprotroph-symbiotroph)、致病-腐生型(pathotroph-saprotroph)、致病型(pathotroph)、致病-共生型(pathotroph-symbiotroph)和共生型(symbiotroph)七大类(图 8B)。除未分类的类群外,在 CK 组中,真菌主要以腐生型(17.26%)为主;而在 CF 组、BFF 组和 BBF 组中,真菌类群则主要以致病-腐生-共生型为主,分别占比 34.14%、45.00%和 37.30%。相较于 CK 组,接种复合微生物菌剂 BFF 和 BBF 显著提高了致病-腐生-共生型真菌的相对丰度,分别提高了 33.56%和 22.87%;同时显著降低了腐生型真菌和腐生-共生型真菌的相对丰度,分别降低了 8.83%、14.80%及 7.54%、7.43%。

## 3 讨论

阿氏芽孢杆菌(*Bacillus aryabhatai*)被广泛认为是一种有效的根际促生菌,已有大量研究证

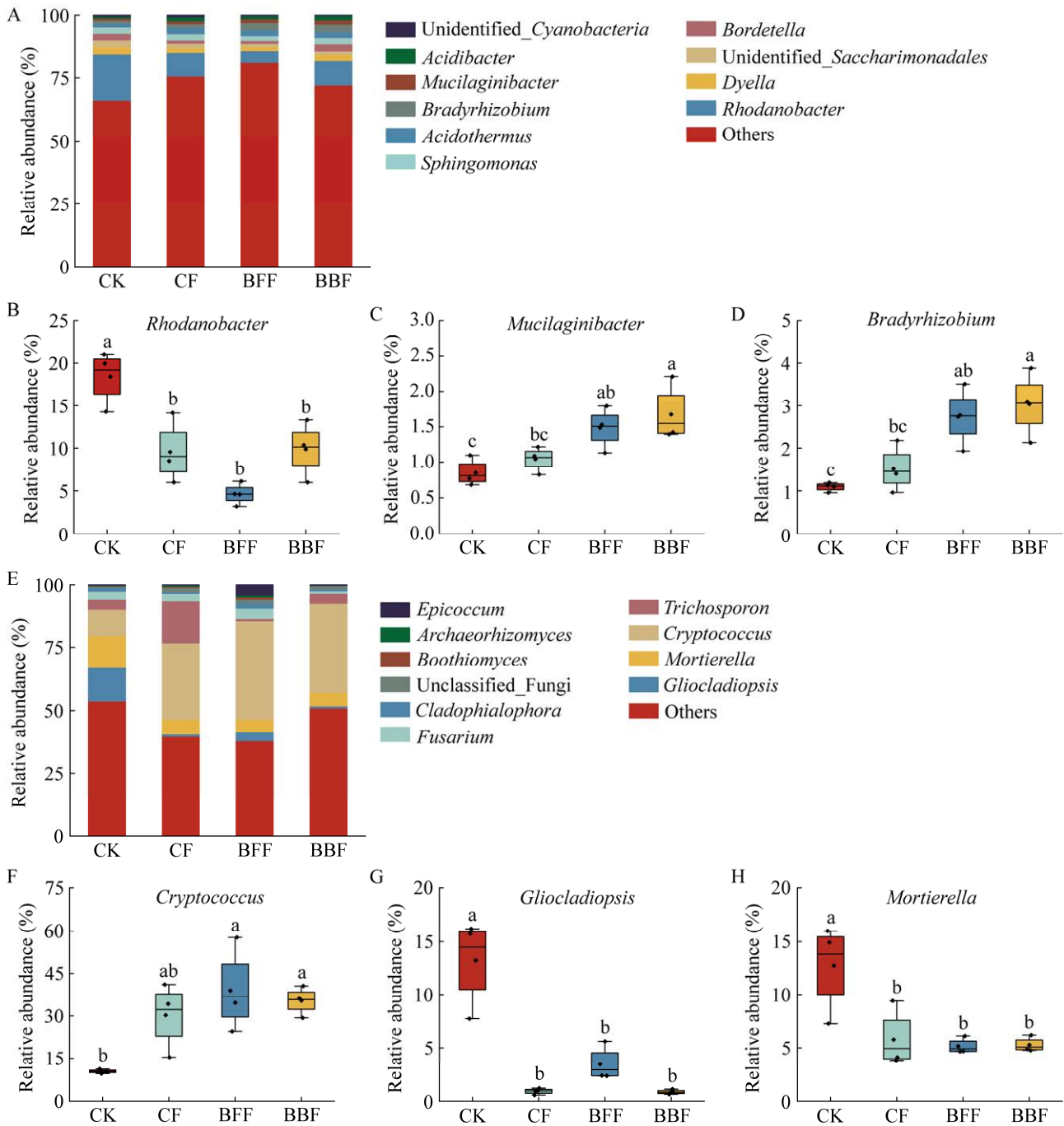


图 7 不同处理组对根际土壤属水平微生物群落的影响 A: 细菌前 10 种菌属的相对丰度; B–D: 显著性变化的细菌菌属的相对丰度; E: 真菌前 10 种菌属的相对丰度; F–H: 显著性变化的真菌菌属的相对丰度。

Figure 7 Effects of different treatment groups on rhizosphere soil genus level microbial community. A: The relative abundances of the top ten genus of bacteria; B–D: Significant changes in the relative abundance of bacterial genus; E: The relative abundances of the top ten genus of fungi; F–H: Significant changes in the relative abundance of fungal genus.

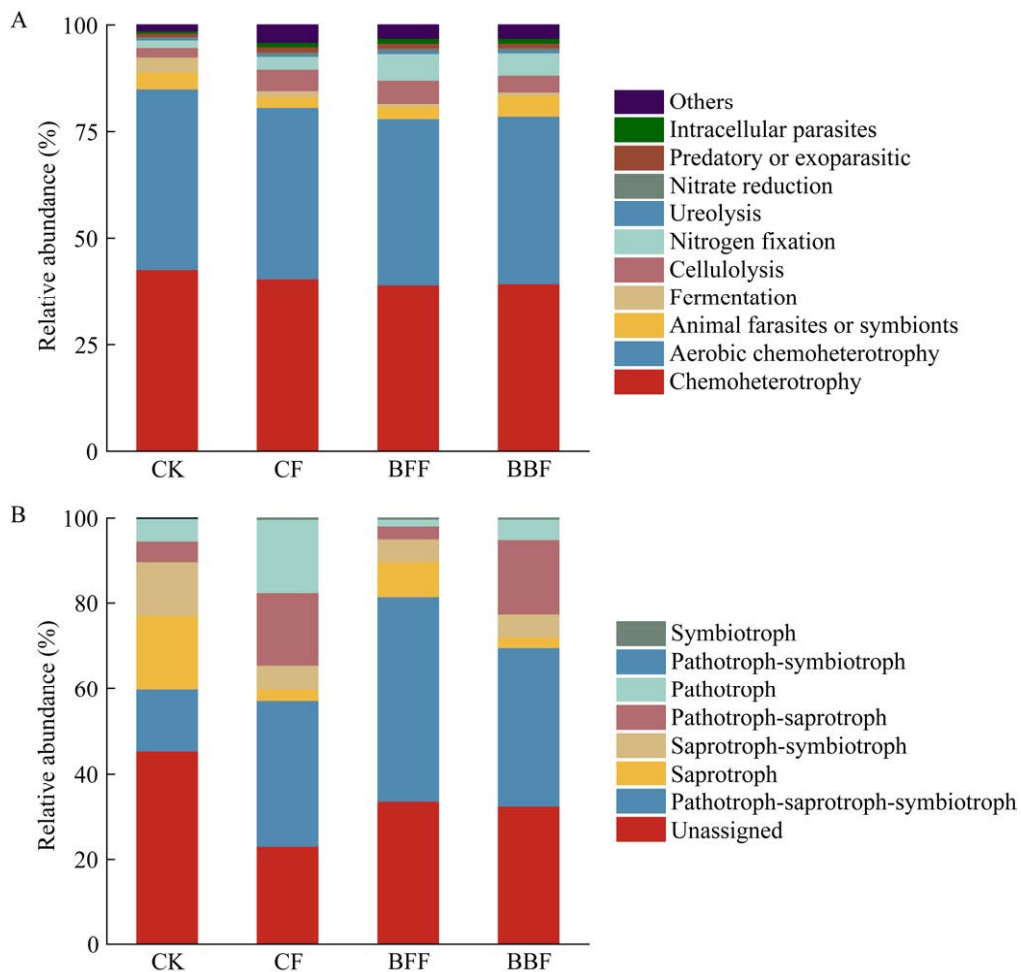


图 8 不同处理组根际细菌(A)和真菌(B)功能预测

Figure 8 Prediction of function of rhizosphere bacteria (A) and fungi (B) in different treatment groups.

实其显著的促生效果。如 *B. aryabhatai* SRB02 菌株在成功定殖于大豆根系后, 能够显著促进大豆的生长, 并提高大豆体内过氧化氢酶和超氧化物歧化酶的活性, 从而增强大豆对高温胁迫的耐受性<sup>[33]</sup>。Chen 等<sup>[34]</sup>研究发现, *B. aryabhatai* SK1-7 在杨树根际施用后能够分泌酸性物质, 降低根际土壤的 pH 值, 并将不溶性钾转化为可溶性钾被植物吸收和利用。还有研究表明, 阿氏芽孢杆菌对无机磷和有机磷均具有优良的溶解和矿化能力<sup>[35]</sup>。此外, 阿氏芽孢杆菌与其他菌株混合应用于植物的生长方面也有研究。Roy 等<sup>[36]</sup>研究发现, *B. aryabhatai* MDRS14 和

*Bacillus endphyticus* MDSR34 共培养后可以用于提高硬粒小麦的产量。此外, Huang 等<sup>[37]</sup>的研究表明阿氏芽孢杆菌与幼套近明球囊霉 (*Claroideogolmus etuicatum*)联合接种促进了土壤有机磷的矿化, 对磷吸收和植物生长有积极影响。

本研究中的 *Bacillus aryabhatai* MQB12 菌株是从芒萁根际土壤中筛选出的多功能促生菌株, 盆栽试验结果表明, 该菌株对绿豆幼苗具有显著的促生效果<sup>[26]</sup>。已有研究表明, 单一微生物菌剂的促生效果通常有限, 而复合微生物菌剂的应用则有助于改善植物生长。例如, Wu

等<sup>[22]</sup>研究发现,复合木霉菌剂(CAT)可促进黄连的生长、改善土壤条件、降低根腐病发病率和严重程度,显示出CAT作为生物肥料替代合成肥料的潜力。Wang等<sup>[20]</sup>的研究则表明,贝莱斯芽孢杆菌(*Bacillus velezensis*) FH-1与缺陷短波单胞菌(*Brevundimonas diminuta*) NYM3的共接种,能有效促进水稻的生长。本研究以菌株MQB12为基础,选取具有较高促生活性的芒萁根际菌株,制备了复合微生物菌剂BBF和BFF,并与化肥分别接种绿豆幼苗。结果表明,接种复合微生物菌剂能够促进绿豆幼苗的生长,其中,BFF组的促生效果要优于BBF组。

此外,许多研究显示复合微生物菌剂对土壤养分具有改善作用。例如,Li等<sup>[38]</sup>的研究表明,植物根际促生菌(plant growth-promoting rhizobacteria, PGPR)复合菌剂作为一种有效的生物肥料,能够提高土壤中有效磷的含量,促进毛竹生长。本研究发现,复合菌剂BFF组提高了土壤中全氮及速效钾含量;BBF组提高了根际土壤全氮、全磷、有效磷及速效钾的含量。

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,其多样性研究对土壤的可持续性具有重要意义<sup>[39]</sup>。叶静等<sup>[40]</sup>的研究结果显示,施用复合菌剂T1能够显著增加玉米根际土壤细菌多样性,与本研究结果相一致。魏红青等<sup>[41]</sup>的研究也证实了EM复合菌液的使用改变了根际细菌群落结构,并显著影响了细菌群落的 $\beta$ 多样性。本研究结果显示,接种复合微生物菌剂后,根际土壤中细菌和真菌的 $\beta$ 多样性分析显示群落结构发生了较大的变化,与其研究结果一致。

黏球菌门属于掠食性细菌,这些细菌不仅通过捕食作用去除病原体,还能促进其他功能细菌对污染物的降解能力<sup>[42]</sup>。本研究显示,在接种复合微生物菌剂后,黏球菌门在细菌门水平上显著增加,这可能为绿豆幼苗的生长提供

了更有利的生长环境。此外,接合菌门中的部分成员属于致病性真菌,本研究中,接种复合微生物菌剂后,这些真菌在真菌门水平上显著减少,推测减少了根际土壤中的致病菌。

本研究确定了不同处理组中优势的细菌属,包括罗河杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、酸栖热菌属和慢生根瘤菌属等。Zhong等<sup>[43]</sup>的研究表明,罗河杆菌属与养分循环密切相关,是一种潜在的根际有益菌属。此外,罗河杆菌还具有优良的反硝化能力与重金属耐受性<sup>[44]</sup>。在本研究中,罗河杆菌属在各处理组中均显示出优势地位,这可能与土壤营养循环密切相关。此外,研究还发现,鞘氨醇单胞菌能够在健康植物种子中跨代传递,从而提高水稻的抗病性,显示出其抗病潜力<sup>[45]</sup>。慢生根瘤菌和豆科植物之间的共生关系对农业至关重要,因为它们能够通过固氮作用减少植物对化学氮肥的依赖,并使植物能够在低氮的土壤中生长<sup>[46]</sup>。本研究中,接种复合微生物菌剂显著增加了根际土壤中慢生根瘤菌属的相对丰度,促进了绿豆幼苗进行共生固氮和营养摄取。黏液杆菌属具有强烈分泌胞外多糖的能力,对多种重金属具有高度抗性,对于土壤修复具有重要意义<sup>[47]</sup>。本研究中,接种复合微生物菌剂显著提高了根际土壤中黏液杆菌属的相对丰度。在真菌属水平上,接种复合微生物菌剂显著降低了被孢霉属和*Gliocladiopsis*的相对丰度。Vélez等<sup>[48]</sup>的研究结果表明,被孢霉属的致病性菌株可导致韧皮部坏死、萎黄和叶片干枯,提示被孢霉属可能在树木衰退中起重要作用。*Gliocladiopsis*常自患病的植物根际分离出来,但其生态学作用及在植物感病中的潜在影响尚未明确。在本研究中,复合微生物菌剂的接种使绿豆根际土壤中被孢霉属和*Gliocladiopsis*的相对丰度显著降低,推测复合微生物菌剂对土壤中病原菌具有较强的抑制作

用。本研究结果表明,复合微生物菌剂的接种招募了对绿豆幼苗有益的细菌群落,同时显著减少了病原真菌的相对丰度,为绿豆幼苗的健康生长提供了良好的根际环境。

土壤中高丰度的细菌种类决定土壤代谢的基础功能,而低丰度种类则在某些特殊的功能方面发挥积极的作用<sup>[49]</sup>。功能预测分析表明,能量代谢、氮代谢是根际土壤细菌的主要生态功能。接种复合微生物菌剂显著提高了根际细菌的固氮作用。研究表明,复合微生物菌剂通过提高根际土壤中慢生根瘤菌属的相对丰度来增强固氮作用,从而促进绿豆幼苗的生长。对根际土壤真菌进行功能预测结果显示,接种复合微生物菌剂显著提高了致病-腐生-共生型真菌的相对丰度,同时显著降低了腐生型和腐生-共生型真菌的丰度,这可能与真菌群落的演替过程相关。

## 4 结论

研究表明,接种复合微生物菌剂显著促进了绿豆幼苗的生长,减少了黄叶现象,并改善了土壤养分。高通量测序分析揭示,复合微生物菌剂调节了根际微生物群落结构,提高了细菌群落多样性和丰富度,同时降低了真菌群落多样性。黏液杆菌属、慢生根瘤菌属等有益菌的相对丰度显著升高,而被孢霉属和 *Gliocladiopsis* 等病原菌的相对丰度则显著降低。功能预测结果表明,复合微生物菌剂提高了根际细菌的固氮作用,为绿豆幼苗提供了良好的根系环境,从而促进了其生长。研究结果为复合微生物菌剂的开发及微生物与作物之间的互作研究提供了重要参考。

## REFERENCES

[1] BAILEY-SERRES J, PARKER JE, AINSWORTH EA, OLDROYD GED, SCHROEDER JI. Genetic strategies

- for improving crop yields[J]. *Nature*, 2019, 575(7781): 109-118.
- [2] LIU X, XU YY, SUN SK, ZHAO XN, WU PT, WANG YB. What is the potential to improve food security by restructuring crops in Northwest China?[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, 378: 134620.
- [3] NONTHAKAEW N, PANBANGRED W, SONGNUAN W, INTRA B. Plant growth-promoting properties of *Streptomyces* spp. isolates and their impact on mung bean plantlets' rhizosphere microbiome[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 967415.
- [4] SINGH DP. Breeding for resistance to diseases in greengram and blackgram[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1981, 59(1): 1-10.
- [5] YIN ZC, GUO WY, XIAO HY, LIANG J, HAO XY, DONG NY, LENG TR, WANG YJ, WANG QY, YIN FX. Nitrogen, phosphorus, and potassium fertilization to achieve expected yield and improve yield components of mung bean[J]. *PLoS One*, 2018, 13(10): e0206285.
- [6] ZHU YS, SUN S, FITZGERALD R. Mung bean proteins and peptides: nutritional, functional and bioactive properties[J]. *Food & Nutrition Research*, 2018, 62: 62.
- [7] LI Y, ABALOS D, ARTHUR E, FENG H, SIDDIQUE KHM, CHEN J. Different straw return methods have divergent effects on winter wheat yield, yield stability, and soil structural properties[J]. *Soil and Tillage Research*, 2024, 238: 105992.
- [8] PAHALVI HN, RAFIYA L, RASHID S, NISAR B, KAMILI AN. Chemical fertilizers and their impact on soil health[M]//*Microbiota and Biofertilizers*, Vol 2. Cham: Springer International Publishing, 2021: 1-20.
- [9] AJMAL M, ALI HI, SAEED R, AKHTAR A, TAHIR M, MEHBOOB M, AYUB A. Biofertilizer as an alternative for chemical fertilizers[J]. *Research and Reviews*, 2018, 7(1): 1-7.
- [10] SONG Q, DENG X, SONG RQ, SONG XS. Plant growth-promoting rhizobacteria promote growth of seedlings, regulate soil microbial community, and alleviate Damping-off disease caused by *Rhizoctonia solani* on *Pinus sylvestris* var. *mongolica*[J]. *Plant Disease*, 2022, 106(10): 2730-2740.
- [11] AHSAN T, TIAN PC, GAO J, WANG C, LIU C, HUANG YQ. Effects of microbial agent and microbial fertilizer input on soil microbial community structure and diversity in a peanut continuous cropping system[J]. *Journal of Advanced Research*, 2024, 64: 1-13.
- [12] DAS PP, SINGH KR, NAGPURE G, MANSOORI A, SINGH RP, AHMAD GHAZI I, KUMAR A, SINGH J. Plant-soil-microbes: a tripartite interaction for nutrient acquisition and better plant growth for sustainable agricultural practices[J]. *Environmental Research*, 2022, 214: 113821.
- [13] REN TB, FENG HL, XU CS, XU Q, FU B, AZWAR E, WEI YW, LAM SS, LIU GS. Exogenous application and interaction of biochar with environmental factors for improving functional diversity of rhizosphere's microbial community and health[J]. *Chemosphere*, 2022, 294: 133710.
- [14] SHI HM, LU LX, YE JR, SHI LN. Effects of two *Bacillus velezensis* microbial inoculants on the growth and rhizosphere soil environment of *Prunus davidiana*[J]. *International Journal of Molecular*

- Sciences, 2022, 23(21): 13639.
- [15] GOHIL RB, RAVAL VH, PANCHAL RR, RAJPUT KN. Plant growth promoting activities and effect of fermented panchagavya isolate *Klebsiella* sp. PG-64 on *Vigna radiata*[J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2022, 39(2): 41.
- [16] SUMAN A, GOVINDASAMY V, RAMAKRISHNAN B, ASWINI K, SaiPRASAD J, SHARMA P, PATHAK D, ANNAPURNA K. Microbial community and function-based synthetic bioinoculants: a perspective for sustainable agriculture[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 12: 805498.
- [17] ZHAO SC, WANG HR, WANG JH. Synthesis and application of a compound microbial inoculant for effective soil remediation[J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2023, 30(57): 120915-120929.
- [18] PENG XY, JIA TJ, BAI QX, LANG DY, ZHANG XH. Development of a composite microbial agent beneficial to improve drought and salt tolerance of *Glycyrrhiza uralensis* Fisch[J]. Industrial Crops and Products, 2024, 211: 118280.
- [19] YU WW, WU TY, CHANG R, YUAN YJ, WANG YH. The effect of *Bacillus velezensis* LJ02 compounded with different fungi on the growth of watermelon seedlings and microbial community structure[J]. Horticulturae, 2024, 10(3): 236.
- [20] WANG JJ, ZHAO SQ, XU S, ZHAO W, ZHANG XX, LEI Y, ZHAI HH, HUANG ZY. Co-inoculation of antagonistic *Bacillus velezensis* FH-1 and *Brevundimonas diminuta* NYM3 promotes rice growth by regulating the structure and nitrification function of rhizosphere microbiome[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1101773.
- [21] ZHANG WT, MAO GH, ZHUANG JY, YANG H. The co-inoculation of *Pseudomonas chlororaphis* H1 and *Bacillus altitudinis* Y1 promoted soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] growth and increased the relative abundance of beneficial microorganisms in rhizosphere and root[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 13: 1079348.
- [22] WU LX, WANG Y, LYU H, CHEN XD. Effects of a compound *Trichoderma* agent on *Coptis chinensis* growth, nutrients, enzyme activity, and microbial community of rhizosphere soil[J]. PeerJ, 2023, 11: e15652.
- [23] XING PF, ZHAO YB, GUAN DW, LI L, ZHAO BS, MA MC, JIANG X, TIAN CF, CAO FM, LI J. Effects of *Bradyrhizobium* co-inoculated with *Bacillus* and *Paenibacillus* on the structure and functional genes of soybean rhizobacteria community[J]. Genes, 2022, 13(11): 1922.
- [24] SHEN YY, YANG H, LIN Z, CHU LL, PAN X, WANG Y, LIU WB, JIN PF, MIAO WG. Screening of compound-formulated *Bacillus* and its effect on plant growth promotion[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1174583.
- [25] LI QY, ZHU CL, YU JB, WU XY, HUANG SQ, YANG F, TIGABU M, HOU XL. Response of soil bacteria of *Dicranopteris dichotoma* populations to vegetation restoration in red soil region of China[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2023, 23(1): 456-468.
- [26] ZHAO R, HE F, ZHOU YF, HE ZQ, XU HN, WANG JC, HOU J, XIA LF, HUANG WF, WANG Y. The rhizosphere of the pioneer plant *Dicranopteris dichotoma* (Thunb.) Bernh. contains powerful and robust rhizosphere growth-promoting bacteria[J]. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 2024, 38(1): 2374506.
- [27] ZHAO R, HE F, HUANG WF, ZHOU YF, ZHOU JL, CHEN QY, WANG FQ, CONG X, HE B, WANG Y. *Dicranopteris dichotoma* rhizosphere-derived *Bacillus* sp. MQB12 acts as an enhancer of plant growth via increasing phosphorus utilization, hormone synthesis, and rhizosphere microbial abundance[J]. Chemical and Biological Technologies in Agriculture, 2024, 11(1): 116.
- [28] LIU Y, TENG K, WANG T, DONG E, ZHANG M, TAO Y, ZHONG J. Antimicrobial *Bacillus velezensis* HC6: production of three kinds of lipopeptides and biocontrol potential in maize[J]. Journal of Applied Microbiology, 2020, 128(1): 242-254.
- [29] AFSHARMANESH H, AHMADZADEH M, JAVAN-NIKKHAH M, BEHBOUDI K. Improvement in biocontrol activity of *Bacillus subtilis* UTB1 against *Aspergillus flavus* using gamma-irradiation[J]. Crop Protection, 2014, 60: 83-92.
- [30] 国家林业局. 森林土壤氮的测定: LY/T 1228—2015[S]. 北京: 中国标准出版社, 2015.
- State Forestry Administration of the People's Republic of China. Nitrogen determination methods of forest soils: LY/T 1228—2015[S]. Beijing: Standards Press of China, 2015 (in Chinese).
- [31] 国家林业局. 森林土壤磷的测定: LY/T 1232—2015[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
- State Forestry Administration of the People's Republic of China. Determination of total phosphorus in forest soil: LY/T 1232—2015[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016 (in Chinese).
- [32] 国家林业局. 森林土壤钾的测定: LY/T 1234—2015[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016.
- State Forestry Administration of the People's Republic of China. Potassium determination methods of forest soils: LY/T 1234—2015[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016 (in Chinese).
- [33] PARK YG, MUN BG, KANG SM, HUSSAIN A, SHAHZAD R, SEO CW, KIM AY, LEE SU, OH KY, LEE DY, LEE IJ, YUN BW. *Bacillus aryabhatai* SRB02 tolerates oxidative and nitrosative stress and promotes the growth of soybean by modulating the production of phytohormones[J]. PLoS One, 2017, 12(3): e0173203.
- [34] CHEN YF, YE JR, KONG QQ. Potassium-solubilizing activity of *Bacillus aryabhatai* SK1-7 and its growth-promoting effect on *Populus alba* L.[J]. Forests, 2020, 11(12): 1348.
- [35] 王珍, 曹翠玲, 库永丽, 徐国益, 林雁冰, 柳晓东. 巨大芽胞杆菌 WY4 的 GFP 标记及其在小白菜上的定殖[J]. 农业生物技术学报, 2016, 24(12): 1925-1934.
- WANG Z, CAO CL, KU YL, XU GY, LIN YB, LIU XD. *Bacillus megatherium* WY4 labeled by GFP and its colonization in Chinese cabbage (*Brassica chinensis*)[J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2016, 24(12): 1925-1934 (in Chinese).
- [36] ROY B, RAGHAVENDRA N, GUPTA N, NIGHOJKAR

- A. Isolation of plant growth-promoting microorganisms and their impact on growth and yield of durum wheat[J]. *Applied Biochemistry and Microbiology*, 2024, 60(2): 315-330.
- [37] HUANG YX, LIN YL, ZHANG LP, WU F, ZHANG Y, HUANG SH. Effects of interaction between *Claroideogolmus etuicatum* and *Bacillus aryabhatai* on the utilization of organic phosphorus in *Camellia oleifera* Abel[J]. *Journal of Fungi*, 2023, 9(10): 977.
- [38] LI N, WEN J, WU RH, HU DN, ZHANG L, ZHANG WY, ZHANG MY. Dual effects of plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) on the Moso bamboo-soil system: Plant growth promotion and microbial community stability[J]. *Industrial Crops and Products*, 2023, 203: 117151.
- [39] LI Q, YOU P, HU Q, LENG BF, WANG JW, CHEN JL, WAN S, WANG B, YUAN CY, ZHOU R, OUYANG K. Effects of co-contamination of heavy metals and total petroleum hydrocarbons on soil bacterial community and function network reconstitution[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, 204: 111083.
- [40] 叶静, 陈影, 屈爽, 赵文超. 不同微生物菌肥对滨海盐渍土土壤质量及玉米产量的影响[J]. *环境科学*, 2024, 45(7): 4279-4292.  
YE J, CHEN Y, QU S, ZHAO WC. Effects of different microbial fertilizers on soil quality and maize yield in coastal saline soil[J]. *Environmental Science*, 2024, 45(7): 4279-4292 (in Chinese).
- [41] 魏红青, 宋旭, 徐海娟, 夏光富, 张登录, 傲耐, 李吉鲁, 万翠翠, 刘聪, 王军. EM复合菌对新疆色素辣椒生长及根际细菌群落的影响[J]. *微生物学通报*, 2024, 51(1): 225-240.  
WEI HQ, SONG X, XU HJ, XIA GF, ZHANG DL, AO N, LI JL, WAN CC, LIU C, WANG J. EM biofertilizer affects growth and rhizosphere bacterial community of pigment pepper in Xinjiang of China[J]. *Microbiology China*, 2024, 51(1): 225-240 (in Chinese).
- [42] LI N, WANG YL, ZHOU L, FU DJ, CHEN T, CHEN XM, WANG Q, ZHU WK. The joint action of biochar and plant roots on U-stressed soil remediation: Insights from bacteriomics and metabolomics[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 461: 132635.
- [43] ZHONG Z, LIANG L, XU RN, XU HY, SUN S, LIAO L. Intercropping tea plantations with soybean and rapeseed enhances nitrogen fixation through shifts in soil microbial communities[J]. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2022, 9(3): 344-355.
- [44] CARLSON HK, PRICE MN, CALLAGHAN M, AARING A, CHAKRABORTY R, LIU HL, KUEHL JV, ARKIN AP, DEUTSCHBAUER AM. The selective pressures on the microbial community in a metal-contaminated aquifer[J]. *The ISME Journal*, 2019, 13(4): 937-949.
- [45] MATSUMOTO H, FAN XY, WANG Y, KUSSTATSCHER P, DUAN J, WU SL, CHEN SL, QIAO K, WANG YL, MA B, ZHU GN, HASHIDOKO Y, BERG G, CERNAVA T, WANG MC. Bacterial seed endophyte shapes disease resistance in rice[J]. *Nature Plants*, 2021, 7(1): 60-72.
- [46] ONG A, O'BRIAN MR. *Bradyrhizobium japonicum* (diazoefficiens)[J]. *Trends in Microbiology*, 2024, 32(6): 614-615.
- [47] LI YP, YOU LX, YANG XJ, YU YS, ZHANG HT, YANG B, CHOROVER J, FENG RW, RENSING C. Extrapolymeric substances (EPS) in *Mucilaginibacter rubeus* P2 displayed efficient metal(loid) bio-adsorption and production was induced by copper and zinc[J]. *Chemosphere*, 2022, 291: 132712.
- [48] VÉLEZ ML, MARFETÁN JA, SALGADO SALOMÓN ME, TACCARI LE. *Mortierella* species from declining *Araucaria araucana* trees in Patagonia, Argentina[J]. *Forest Pathology*, 2020, 50(3): e12591.
- [49] RIVETT DW, BELL T. Abundance determines the functional role of bacterial phylotypes in complex communities[J]. *Nature Microbiology*, 2018, 3(7): 767-772.