

羽毛针禾根部土壤中可培养微生物的分离及其酶活性检测

刘玉凤, 马磊

(石河子大学生命科学学院, 新疆 石河子 832003)

摘要: 羽毛针禾(*Stipagrostis pennata*)是新疆古尔班通古特沙漠中优良的固沙植物, 特殊的根鞘结构是其沙生适应性的重要表现。根鞘中的微生物是羽毛针禾根鞘形成和稳定的重要影响因素。本研究从古尔班通古特沙漠南缘和中部两个地区的羽毛针禾的根部土壤中分离和筛选出 36 株细菌、15 株真菌和 13 株放线菌。结果显示: 羽毛针禾根部微生物中优势菌种占比依次为细菌、真菌和放线菌, 显微镜下观察, 细菌多为球状细菌。分离得到具有蛋白酶活性的菌株有 22 株, 具有淀粉酶活性的菌株有 12 株, 同时具有蛋白酶和淀粉酶活性的菌株有 16 株。羽毛针禾根鞘土壤中筛选出 2 株解磷菌。本研究对羽毛针禾根部土壤中的微生物资源进行了深入挖掘, 为固沙植物根系微生物群落的研究和应用提供了理论依据。

关键词: 羽毛针禾; 微生物; 酶活性; 根部土壤

中图分类号: S154.3

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2024)03-0046-07

Isolation of Cultivable Microorganisms and Detection of Their Enzyme Activities in Soil from the Roots of *Stipagrostis pennata*.

LIU Yufeng, MA Lei

(College of Life Sciences, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract: *Stipagrostis pennata* is an excellent sand-fixing plant in Xinjiang Gurbantunggut Desert, which special root sheath structure is an important embodiment of its sand-resistant adaptability. Microorganism in the root sheath is an important factor for the formation and stability of the root sheath of *Stipagrostis pennata*. In this study, 36 strains of bacteria, 15 strains of fungi and 13 strains of actinomycetes were isolated from the root soil samples of *Stipagrostis pennata* in the south and middle parts of Gurbantunggut Desert. The results showed that the predominant proportion of microorganisms in the root of *Stipagrostis pennata* was bacteria, fungi and actinomycetes in turn, and most of the bacteria were spherical bacteria. 22 strains were isolated which only had protease activity, only 12 strains have amylase activity, there were 16 strains with both protease activity and amylase activity. 2 phosphate-solubilizing bacteria were screened from root sheath soil. In this study, the microbial resources in the root soil of *Stipagrostis pennata* were deeply excavated, which provided theoretical basis for the research and application of the root microbial community of sand-fixing plants.

Key words: *Stipagrostis pennata*; Microorganism; Enzymatic activity; Root soil

新疆位于中国西北边陲, 远离海洋, 因此气候干旱, 这严重制约了当地农业和生态环境的发展^[1]。羽毛针禾(*Stipagrostis pennata*)是分布于新疆准噶尔盆地古尔班通古特沙漠的一种多年生禾本科植物, 因其具有独特的根鞘结构, 赋予其对风蚀、沙埋、干旱、高温等逆境的抗性^[2-3]。羽毛针禾具有极强的固沙特性, 对沙漠生态系统的恢复

和稳定具有重要的利用价值。

根鞘是由根表分泌物、土壤微生物和土壤颗粒缠绕而形成的中空腔室, 根鞘的直径约为细根的 4 倍左右^[4-7]。根鞘能对外界的不利因素起到缓冲作用。根鞘中具有丰富的微生物菌群, 能有效改善根际的土壤微环境; 能够通过降解土壤中的大分子物质为植物提供可直接吸收的营养物质^[8], 通过代谢产生黏液, 加强根系机械性能。同时, 根鞘也是重要的氮库, 其中速效氮的含量较高, 并且已从根鞘中分离出中华根瘤菌及贪铜菌

收稿日期: 2024-01-23

基金项目: 国家自然科学基金项目(31560310、31760302)

作者简介: 刘玉凤(1993-), 女, 在读硕士, 从事生物信息学研究。

属等固氮菌^[9-10]。根鞘的形成对羽毛针禾在沙漠中的定居具有重要的意义。土壤环境中的微生物群落对羽毛针禾的生长以及根鞘的形成至关重要。沙土灭菌后,羽毛针禾种子的萌发率仅有25%,其幼苗的存活率不足5%^[6]。研究表明,植物根际土壤及其物理和生物特性受植物根系影响^[11],土壤微生物受到根系分泌物的影响而在根际聚集^[12],因此通过研究植物根际微生物能够有效地监测植物的生长发育状况,进而了解植物与微生物之间的互作过程。

近年来,由于古尔班通古特沙漠南部的公路建设,对公路两侧的植物组成造成较大的影响,进而造成沙漠土壤微生物资源的流失。为此,本研究通过探究古尔班通古特沙漠南缘两个地区的羽毛针禾根鞘和根围土壤中可培养微生物的数量和差异,以期为新疆后期沙漠化防治以及羽毛针禾根鞘形成机制的研究奠定基础。

1 材料与方 法

1.1 材 料

1.1.1 样品来源

在古尔班通古特沙漠的南缘和中部地区,采用五点取样法选取发育良好的羽毛针禾植株,采集距植株约20 cm的土壤作为根围土壤样本,剥离植物根系上附着的土壤(控制在距根1~2.5 mm以内土壤)作为根鞘土壤样本,使用低温冰盒保存并迅速带回实验室。处理后的土壤样本分成2份,一份用于微生物分离,另一份用于土壤理化性质的检测,土壤理化性质的检测指标包括全氮、有效氮、全磷、有效磷、有效钾、pH和EC值。

1.1.2 主要的培养基

牛肉膏蛋白胨培养基、孟加拉红培养基、高氏一号培养基、淀粉培养基、酪素培养基、无机磷培养基^[13]。

1.2 方 法

1.2.1 菌株的分离与保存

准确称取10 g土样加入90 mL无菌水中,震荡约1 min,使其充分混合,静置15 min后取上清液从 10^{-1} ~ 10^{-5} 进行梯度稀释。取 10^{-3} 、 10^{-4} 和 10^{-5} 的土壤稀释液各10 μ L分别涂布于牛肉膏蛋白胨培养基、孟加拉红培养基和高氏一号培养基上,平板倒置于30 $^{\circ}$ C培养箱中培养4~7 d。将培养后长出的单个菌落分别挑取接种到上述3种培养基上进行划线纯化培养,待菌落长出后观察其特征是否一致,若发现有杂菌需再次分离和纯化,直

到获得纯培养单一菌株为止。挑取纯菌株至液体培养基中,置于摇床以30 $^{\circ}$ C、160 r/min过夜培养,次日将菌液和甘油按7:3的比例转入离心管中,-80 $^{\circ}$ C冰箱保存。

1.2.2 菌体形态学观察

通过筛选培养基获得单一菌落后,记录菌落的质地(含水状态)、外观形态、菌落透明度、菌落颜色、边缘是否光滑以及表面褶皱与否等特点,对菌落形态进行初步归类,同一形态特征的菌株选择一株作为代表菌株。挑选单一菌落进行涂片、简单染色,在显微镜下观察菌体的形态及染色结果,进而对菌株进行鉴定^[14]。

1.2.3 菌株酶活性分析

获得的微生物菌落涂布接种于淀粉培养基,于36 $^{\circ}$ C培养24 h,然后将碘试剂直接浸于培养基表面。检视结果,阳性反应(淀粉被分解)为淀粉培养基呈深蓝色,菌落周围出现无色透明圈。阴性反应则无透明圈^[15]。对获得的单一菌落接种至酪素培养基,观察平板中是否在菌落周围产生透明圈,若为单菌落且具有透明圈,则为纯种产蛋白酶的菌株^[15],观察试验结果并做记录。最后通过无机磷培养基筛选出解磷菌菌株。

2 结果与分析

2.1 两样地菌株筛选与分类

通过纯化培养,从样地1(新疆石河子147团莫索湾水库)根鞘土壤和根围土壤中分别分离出21株和15株微生物;样地2(古尔班通古特沙漠油田)根鞘土壤和根围土壤中分别分离出17株和11株微生物(图1)。根鞘土壤中分离出的微生物群落数量高于根围土壤。

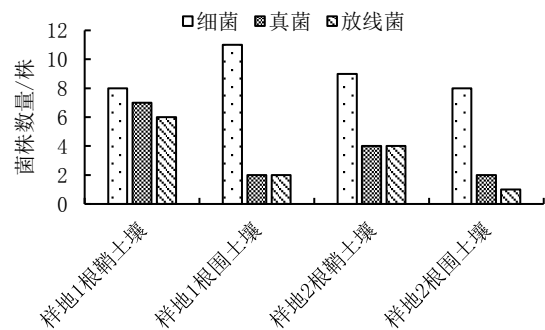


图1 两个样地的羽毛针禾根鞘和根围土壤中微生物数量的比较

2.2 菌落形态鉴定结果

利用体视镜观察从羽毛针禾根鞘土壤和根围土壤中分离得到的微生物菌落形态特征(表1、图2)。

表1 两样地羽毛针禾根鞘和根围土壤中微生物菌落的形态特征

编号	菌落质地	外观形态	透明度	颜色(正面)	颜色(反面)	边缘	表面
Y1GQ1	干燥	不规则	不透明	前期白色,后期墨绿	淡黄色	不平整	扁平
Y1GQ2	干燥	不规则	不透明	粉紫色	土黄色	不平整	凸起
Y1GQ3	湿润	不规则	不透明	白色	白色	不平整	扁平
Y1GQ4	湿润	圆形	不透明	淡黄色	淡黄色	不平整	扁平
Y1GQ5	干燥	圆形	不透明	黑色	黑色	绒毛状	扁平
Y1GQ6	干燥	不规则	不透明	白色	白色	不平整	扁平
Y1GQ7	干燥	不规则	不透明	灰白	褐色	不平整	扁平
Y1GQ8	干燥	不规则	不透明	中间黑,两边白	白色	绒毛状	中间凸起
Y1GQ9	干燥	不规则	不透明	白色	褐色	不平整	中间凸起
Y1GQ10	湿润	不规则	不透明	白色	白色	平整	扁平
Y1GQ11	干燥	不规则	不透明	白色	白色	不平整	扁平
Y1GQ12	干燥	圆形	不透明	橘黄色	橘黄色	平整	扁平
Y1GQ13	干燥	不规则	不透明	黑色	黑色	绒毛状	扁平
Y1GQ14	干燥	圆形	不透明	浅灰	浅黄色	不平整	扁平
Y1GQ15	湿润	圆形	不透明	白色	白色	平整	扁平
Y1GQ16	干燥	不规则	不透明	淡粉色	浅黄色	绒毛状	凸起
Y1GQ17	湿润	圆形	不透明	橘黄色	橘黄色	平整	扁平
Y1GQ18	干燥	不规则	不透明	白色	白色	波浪状	扁平
Y1GQ19	干燥	不规则	不透明	淡黄色	淡黄色	不平整	扁平
Y1GQ20	干燥	不规则	不透明	前期白色,后期粉红色	浅绿色	不平整	中间有孔洞
Y1GQ21	干燥	不规则	不透明	灰色	灰色	绒毛状	中间凸起
Y1GW1	湿润	不规则	半透明	淡黄色	淡黄色	不平整	扁平
Y1GW2	湿润	不规则	不透明	白色	白色	平整	凸起
Y1GW3	干燥	不规则	不透明	粉色	土黄色	绒毛状	中间凸起
Y1GW4	干燥	圆形	不透明	褐色	褐色	绒毛状	扁平
Y1GW5	湿润	不规则	不透明	黄色	黄色	不平整	扁平
Y1GW6	干燥	圆形	不透明	淡橘色	淡橘色	绒毛状	扁平
Y1GW7	湿润	不规则	不透明	橘粉色	橘粉色	不平整	扁平
Y1GW8	湿润	不规则	透明	褐色	褐色	不平整	扁平
Y1GW9	干燥	不规则	不透明	土黄色	土黄色	绒毛状	中间凸起
Y1GW10	干燥	圆形	不透明	灰色	白色	绒毛状	扁平
Y1GW11	湿润	圆形	不透明	淡黄色	淡黄色	波浪状	褶皱
Y1GW12	干燥	圆形	不透明	白色	白色	平整	扁平
Y1GW13	干燥	不规则	不透明	灰白	土黄色	绒毛状	中间凸起
Y1GW14	干燥	不规则	不透明	白色	白色	波浪状	扁平
Y1GW15	湿润	圆形	半透明	白色	白色	不平整	扁平
Y2GQ1	湿润	圆形	不透明	浅黄色	浅黄色	平整	扁平
Y2GQ2	湿润	圆形	不透明	白色	白色	平整	扁平
Y2GQ3	湿润	不规则	不透明	黄色	黄色	不平整	扁平
Y2GQ4	湿润	圆形	透明	无	无	平整	扁平
Y2GQ5	湿润	不规则	不透明	暗红色	暗红色	不平整	凸起
Y2GQ6	干燥	圆形	不透明	黑色	黑色	不平整	凸起
Y2GQ7	湿润	圆形	不透明	橘色	橘色	平整	凸起
Y2GQ8	湿润	圆形	不透明	白色	白色	平整	扁平
Y2GQ9	干燥	圆形	不透明	灰白色	灰白色	绒毛状	凸起
Y2GQ10	干燥	不规则	不透明	前期白色,后期粉红色	浅绿色	不平整	中间有孔洞
Y2GQ11	干燥	不规则	不透明	白色	褐色	不平整	中间凸起

续表 1

编号	菌落质地	外观形态	透明度	颜色(正面)	颜色(反面)	边缘	表面
Y2GQ12	干燥	不规则	不透明	前期白色,后期墨绿	淡黄色	不平整	扁平
Y2GQ13	湿润	圆形	不透明	黄色	浅黄色	平整	凸起
Y2GQ14	湿润	圆形	透明	无	无	平整	扁平
Y2GQ15	干燥	圆形	不透明	白色	黄色	平整	中间凸起
Y2GQ16	干燥	不规则	不透明	墨绿色	白色	绒毛状	中间凸起
Y2GQ17	干燥	圆形	不透明	白色	淡黄色	绒毛状	中间凸起
Y2GW1	湿润	圆形	不透明	白色	白色	平整	扁平
Y2GW2	干燥	不规则	半透明	白色	白色	不平整	扁平
Y2GW3	湿润	不规则	不透明	黄色	黄色	不平整	扁平
Y2GW4	湿润	不规则	不透明	白色	白色	不平整	中间凸起
Y2GW5	干燥	不规则	不透明	黑色	黑色	绒毛状	扁平
Y2GW6	湿润	圆形	不透明	浅黄色	浅黄色	平整	扁平
Y2GW7	湿润	不规则	不透明	白色	白色	不平整	扁平
Y2GW8	干燥	圆形	不透明	粉色	白色	不平整	中间凸起
Y2GW9	湿润	圆形	不透明	浅褐色	浅褐色	平整	扁平
Y2GW10	湿润	圆形	不透明	黄色	黄色	不平整	扁平
Y2GW11	干燥	不规则	不透明	褐色	褐色	绒毛状	扁平

注: Y1 和 Y2 分别表示样地 1 和样地 2, GQ 和 GW 分别表示根鞘和根围区域土壤

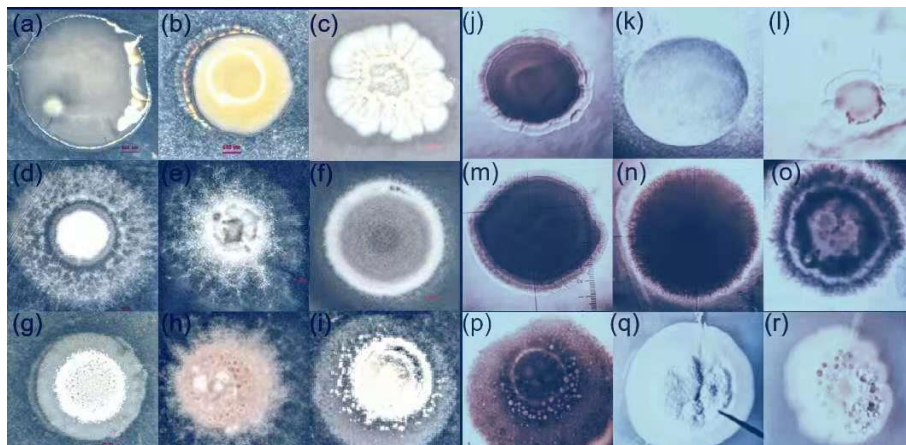


图 2 两个样地的部分土壤微生物菌落形态特征

2.3 菌体形态鉴定结果

将分离纯化得到的菌株进行简单染色,在显微镜下观察其菌体形态(图 3)。细菌有球状和杆状两种菌体形态(表 2)。

2.4 微生物酶活性的测定

2.4.1 细菌的酶活性

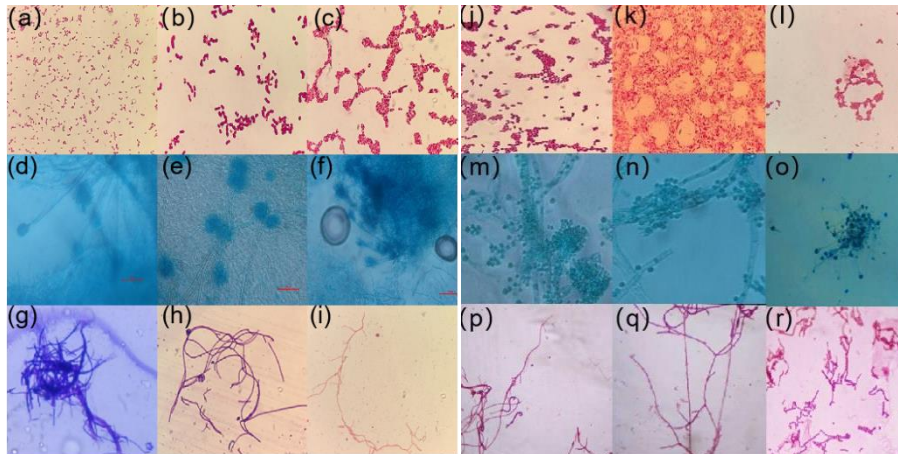
分别对 36 株土壤细菌进行蛋白酶试验和淀粉水解试验,测定结果显示(表 3),样地 1 和样地 2 的羽毛针禾根鞘土壤各筛出 5 株具有蛋白酶活性的细菌菌株,分别占两样地根鞘细菌总菌株数的 62.5% 和 55.6%;根围土壤中各筛出 4 株具有蛋

表 2 细菌菌体形态分类

样地	样地 1 根鞘土壤	样地 1 根围土壤	样地 2 根鞘土壤	样地 2 根围土壤
球状细菌	3,4,18	1,5,7,8,9,15	1,3,4,8,14	1,3,6,9,10
杆状细菌	10,11,12,15,17	2,6,11,12,14	2,5,7,13	2,4,7

注:表中数字为两样地分离出的菌株顺序号

白酶活性的细菌菌株,分别占两样地根围细菌总菌株数的 36.4% 和 50.0%。样地 1 和样地 2 的根鞘



注: a~i 为样地 1 部分微生物菌体, j~r 为样地 2 部分微生物菌体。a~c, j~l 为细菌菌体; d~f, m~o 为真菌菌体; g~i, p~r 为放线菌菌体

图 3 两个样地的部分土壤微生物菌体形态特征

表 3 土壤中细菌的酶活性

样地 1	蛋白酶	淀粉水解	样地 2	蛋白酶	淀粉水解
GQ3	+	-	GQ1	+	-
GQ4	+	-	GQ2	+	+
GQ10	-	-	GQ3	-	-
GQ11	+	-	GQ4	-	-
GQ12	-	+	GQ5	+	+
GQ15	-	+	GQ7	+	-
GQ17	+	-	GQ8	-	-
GQ18	+	+	GQ13	-	+
GW1	+	-	GQ14	+	+
GW2	+	-	GW1	+	-
GW5	-	+	GW2	-	+
GW6	+	+	GW3	-	-
GW7	-	-	GW4	+	+
GW8	-	+	GW6	-	+
GW9	-	-	GW7	+	-
GW11	-	-	GW9	-	-
GW12	-	+	GW10	+	+
GW14	-	+			
GW15	+	-			

注: “+”表示阳性, “-”表示阴性, 下同

土壤中分别筛出 3 株和 4 株具有淀粉酶活性的细菌菌株, 占两样地根鞘细菌总菌株数的 37.5% 和 44.4%; 根围土壤中分别筛出 5 株和 4 株具有淀粉酶活性的细菌菌株, 占两地根围土壤细菌总菌株数的 45.5% 和 50.0%。

2.4.2 真菌的酶活性

分别对 15 株土壤真菌进行蛋白酶试验和淀粉水解试验, 测定结果显示(表 4), 从样地 1 和样地 2 的羽毛针禾根鞘土壤中分别筛出 5 株和 1 株具有蛋白酶活性的真菌菌株, 分别占两样地真菌

表 4 土壤中真菌的酶活性

样地 1	蛋白酶	淀粉水解	样地 2	蛋白酶	淀粉水解
GQ2	+	-	GQ6	-	-
GQ5	+	+	GQ9	+	-
GQ6	+	+	GQ16	-	+
GQ8	-	-	GQ17	-	-
GQ13	+	+	GW5	+	+
GQ16	+	-	GW11	+	-
GQ21	-	-			
GW3	+	+			
GW13	+	-			

总菌株数的 71.4% 和 25.0%; 两样地根围土壤中各有 2 株真菌具有蛋白酶活性(100%)。从样地 1 和样地 2 羽毛针禾根鞘土壤中分别筛出 3 株和 1 株具有淀粉酶活性的真菌菌株, 分别占两样地真菌总菌株数的 42.9% 和 25.0%; 根围土壤中各筛出 1 株具有淀粉酶活性的真菌菌株(50%)。

2.4.3 放线菌的酶活性

分别对 13 株土壤放线菌进行蛋白酶试验和淀粉水解试验, 测定结果显示(表 5), 从样地 1 和样地 2 羽毛针禾根鞘土壤中分别筛出 4 株和 3 株具有蛋白酶活性的放线菌菌株, 分别占两样地放线菌总菌株数的 66.7% 和 75.0%; 两样地根围土壤中筛选的放线菌菌株均具有蛋白酶活性(100%)。从样地 1 和样地 2 的羽毛针禾根鞘土壤中各筛出 2 株具有淀粉酶活性的放线菌菌株, 分别占两样地放线菌总菌株数的 33.3% 和 50.0%; 两样地根围土壤中各筛出 1 株具有淀粉酶活性的放线菌菌株, 各占两样地放线菌总菌株数的 50.0% 和 100.0%。

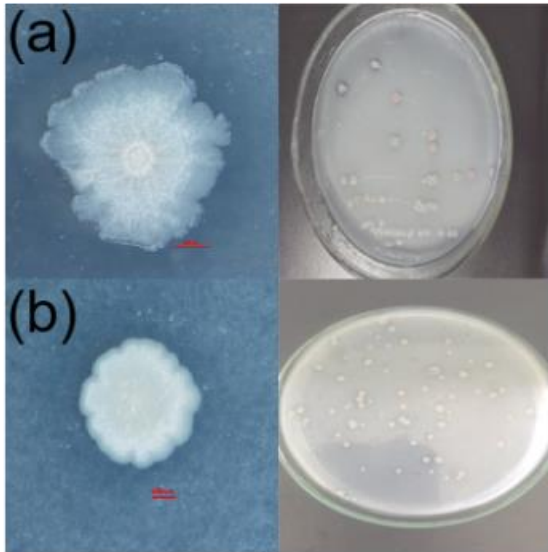
2.5 解磷菌的筛选

将纯化所得的单一菌株用无菌水稀释, 然后

表5 土壤中放线菌的酶活性

样地1	蛋白酶	淀粉水解	样地2	蛋白酶	淀粉水解
GQ1	+	+	GQ10	+	-
GQ7	-	-	GQ11	+	-
GQ9	-	+	GQ12	+	+
GQ14	+	-	GQ15	-	+
GQ19	+	-	GW8	+	+
GQ20	+	-			
GW4	+	-			
GW10	+	+			

点接于无机磷固体培养基上,3个重复,30℃下恒温静置培养3d后观察,能产生透明圈的菌株即为解磷菌株。通过解磷培养基的筛选,从样地1的根鞘土壤中分离得到两株解磷菌GQ11和GQ18(图4)。



注:(a)为GQ11菌株,(b)为GQ18菌株

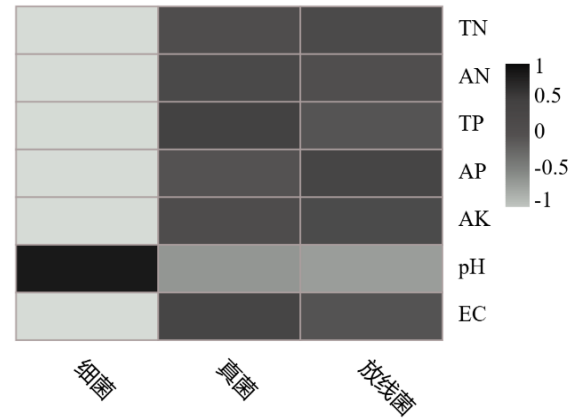
图4 解磷菌

2.6 微生物群落及其与环境因子的相关性

微生物数量与环境因子相关联,评估两者之间的关系,结果表明细菌、真菌和放线菌分别受到不同环境因子的影响。细菌群落主要受到pH的强驱动;真菌和放线菌主要受到土壤中磷含量的影响(图5)。

3 讨论

微生物通过对物质进行降解,从而参与植物与土壤的营养物质循环和能量流动过程^[16-18]。本研究从固沙植物羽毛针禾根鞘及根围土壤中分离筛选可培养微生物,结果发现根鞘土壤中微生物比根围土壤中更丰富,且具有较高的产酶活性和



注:横坐标表示微生物类型(细菌、真菌和放线菌),纵坐标表示土壤理化因子(全氮、有效氮、全磷、有效磷、有效钾、pH和EC值)。颜色的深浅代表微生物数量与环境因子两者之间相关性的强弱

图5 微生物数量与环境因子相关性

解磷活性。荒漠土壤呈碱性,土壤中磷素移动性较差^[19-20],根鞘土壤中筛选出具有解磷活性的细菌,解磷细菌可通过有机酸的酸解作用和直接氧化作用加快磷素的释放^[21],这可有效促进根区对磷素的利用^[22],有助于根鞘结构的形成。在微生物分离过程中发现根鞘土壤微生物中细菌占绝对优势,其次为真菌和放线菌,从细菌的形态观察多为球状细菌。土壤中丰富的微生物菌群可通过代谢产生多种胞外代谢物^[6,23-24],以此提高对土壤颗粒的黏附作用,进而达到稳定土壤团聚体的目的。

根际微生物群落是土壤中的重要组成部分,其对外界环境调节很敏感,可以作为土壤环境变化的预测指标^[25]。研究发现,不同微生物群落对土壤环境因子的反应存在差异,表明微生物数量与土壤环境条件的依赖性强^[26]。

固沙植物羽毛针禾的根部是一个丰富的微生物资源库。对于分离得到的可培养微生物进行分泌物测定,以期探究微生物对根鞘形成机制的影响;对微生物固沙能力的测定,也应作为今后研究的主要方向。

本研究以探索羽毛针禾根鞘和根围土壤中可培养微生物的多样性为目的,共获得36株细菌、15株真菌和13株放线菌,2株解磷菌。羽毛针禾根鞘的形成受到根际微生物的影响,根际微生物的种类、数量与根部微环境相关。通过对比根鞘与根围土壤环境中微生物的数量发现,羽毛针禾的根鞘的存在为微生物的生长提供了稳定的环境,使得根鞘土壤中微生物数量高于根围土壤。

这些数量众多、分布广泛的微生物类群与自身分泌物及土壤颗粒相互作用,促进了根鞘结构的形成。基于植物-土壤-微生物间的依存关系,对于羽毛针禾根部土壤微生物的分离鉴定,可进一步掌握羽毛针禾根部微生物对其环境适应性的影响程度。

参考文献:

- [1] 邹明英,苑蓉,张宇.我国沙漠污染现状与治理措施[J].中国环保产业,2015(6):67-69.
- [2] 韩彩霞,张浩,李邦,等.新疆针禾属(*Stipagrostis* Nees)植物叶片解剖结构的比较[J].干旱区研究,2011,28(1):133-138.
- [3] 买买提·依提.羽毛三芒草的生态生物学特性及其评价[J].干旱区研究,1990,7(2):52-56.
- [4] 邱东,吴楠,张元明,等.根鞘微生境对羽毛针禾沙生适应性的生态调节[J].中国沙漠,2012,32(6):1647-1654.
- [5] 王瑾,王堃.植物根系沙套的生态功能及其形成影响因素研究进展[J].草原与草坪,2009(2):88-92.
- [6] 安晶,吴楠,张元明.沙土灭菌对羽毛针禾(*Stipagrostis pennata*)种子萌发、幼苗生长及根鞘形成的影响[J].中国沙漠,2016,36(2):399-405.
- [7] Zhang X, Wang W L, Ge H, et al. Spatial Distribution Patterns of Seedling Emergence of *Stipagrostis pennata* in Gurbantonggut Desert[J]. Advanced Materials Research, 2012(24): 1789-1792.
- [8] 陈明蓉,林永慧,何兴兵.微生物群落构建对杉木凋落叶分解及其酶活性的影响[J].安徽农业大学学报,2020,47(5):749-755.
- [9] Amal A O, Wafaa M A, Fayed M, et al. Rhizosheath of sinai desert plants is a potential repository for associative diazotrophs[J]. Microbiological Research, 2004(3): 285-293.
- [10] Basirat M, Mousavi S M, Abbaszadeh S, et al. The rhizosheath: a potential root trait helping plants to tolerate drought stress[J]. Plant and Soil, 2019, 445(1-2): 565-575.
- [11] 陈智裕,马静,赖华燕,等.植物根系对根际微环境扰动机制研究进展[J].生态学杂志,2017,36(2):524-529.
- [12] 苑亚茹,韩晓增,李禄军,等.低分子量根系分泌物对土壤微生物活性及团聚体稳定性的影响[J].水土保持学报,2011,25(6):96-99.
- [13] 车振明.微生物学实验[M].北京:科学出版社,2011:70-98.
- [14] R E 布坎南, N E 吉本斯.伯杰细菌鉴定手册(第八版)[M].北京:科学出版社,1984:19-21.
- [15] 仇存网,刘忠权,吴生才.普通生物学实验指导[M].南京:东南大学出版社,2018:123-156.
- [16] 张成娥,刘国彬,陈小利.坡地不同利用方式下土壤微生物和酶活性以及生物量特征[J].土壤通报,1999(3):7-9.
- [17] 杨玉盛,俞新妥,邱仁辉,等.不同栽杉代数根际土壤肥力及生物学特性变化[J].应用与环境生物学报,1999(3):3-5.
- [18] 周智彬,李培军.塔克拉玛干沙漠腹地人工绿地土壤中微生物的生态分布及其与土壤因子间的关系[J].应用生态学报,2003(8):1246-1250.
- [19] 万芳,蒙仲举,党晓宏,等.封育措施下荒漠草原针茅植物-土壤C、N、P化学计量特征[J].草业学报,2020,29(9):49-55.
- [20] 杨国江,彭懿,尹飞虎,等.滴灌磷肥在灰漠土中运移的研究[J].中国土壤与肥料,2020(6):138-146.
- [21] 孙合美,王春红,卢冬雪,等.土壤溶磷微生物及其对植物促生作用研究进展[J].河南农业科学,2016,45(5):1-6.
- [22] 朱利霞,陈居田,陈如冰,等.秸秆菌肥替代化肥对玉米生长及土壤特性的影响[J].东北农业科学,2021,46(2):26-29.
- [23] 陆玉芳,施卫明.根际化学信号物质与土壤养分转化[J].生物技术通报,2020,36(9):14-24.
- [24] 吴林坤,林向民,林文雄.根系分泌物介导下植物-土壤-微生物互作关系研究进展与展望[J].植物生态学报,2014,38(3):298-310.
- [25] 程琳.不同荒漠草原和主要植物根际土壤细菌多样性研究[D].兰州:兰州理工大学,2017.
- [26] 季鑫,金爱武,朱强根.竹炭基有机肥对茶园土壤酶活性及微生物群落的影响[J].东北农业科学,2022,47(2):64-68.

(责任编辑:王 昱)