山东农业大学学报(自然科学版),2026,57(4):640-655 VOL.57 NO.4 2026
Journal of Shandong Agricultural University (Natural Science Edition) doi:10.3969/j.issn.1000-2324.2026.04.006

营养元素添加对栀子根际土壤微生物多样性的影响

高宇欣[1],叶泽霖[2*],覃兴化[1],徐易溱[1],高 波[1],卢 颐[1],张典铨[3],邹小兴[1**]

1. 福建农林大学林学院,自然生物资源保育利用福建省高校工程研究中心,福建 福州 350002
2. 福建省建瓯市林业局,福建 南平 353100
3. 福鼎市林业局,福建 福鼎,355200

摘 要: 根际微生物在植物生长发育、抵御环境胁迫以及代谢调控方面至关重要。明确不同浓度N、K、P、Mg处理对栀子幼苗根际土壤微生物的影响。选取N、P、K和Mg四种营养元素,采用正交试验方法。使用NH_4NO_3、KH_2PO_4、K_2SO_4、$MgSO_4$参照霍格兰德营养液进行不同营养元素配制,于施用营养元素后第120 d取样,对生理指标及活性成分进行测定。采用高通量测序技术,分别对其根际土壤中微生物多样性、微生物种群组成进行生物信息学分析。结果表明,经主成分分析综合得分排序,T8即NH_4NO_3 8 mmol/L,KH_2PO_4 5 mmol/L,K_2SO_4 3 mmol/L,$MgSO_4·7H_2O$ 8 mmol/L为促进栀子幼苗生长和生理的最佳元素浓度配比。不同营养元素的施用会降低栀子根际土壤细菌群落的丰度及多样性,提高根际土壤真菌群落丰度及多样性,其中T3处理能够显著提高栀子根际土壤真菌群落丰度及多样性。各处理中栀子根际土壤细菌群落优势菌门主要为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)。各处理中真菌子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、毛霉门(Mucoromycota)为优势真菌门。综上,营养元素的合理添加可以改善栀子根际土壤细菌和真菌群落的组成及其多样性,可为栀子施肥模式的选择提供新的见解与理论支持。

关键词: 营养元素; 栀子幼苗; 根际; 土壤微生物

中图法分类号: S71 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-2324(2026)04-0640-16

Microbial Diversity in the Rhizosphere Soil of *Gardenia jasminoides* under Different Nutrient Elements

GAO Yu-xin[1], YE Ze-lin[2*], QIN Xing-hua[1], XU Yi-zhen[1], GAO Bo[1], LU Yi[1], ZHANG Dian-quan[3], ZOU Xiao-xing[1**]

1. *College of Forestry/Fujian Agriculture and Forestry University, Fujian Colleges and Universities Engineering Research lnstitute of Conservation and Utilization of Natural Biological Resources, Fuzhou, 350002,China*
2. *Forestry Bureau of Jian'ou City/Fujian Province, Nanping 353100,China*
3. *Forestry Bureau of Fuding City, Fuding 355200,China*

Abstract: Rhizosphere microorganisms play a crucial role in plant growth and development, resistance to environmental stresses, and metabolic regulation. This study aims to clarify the effects of different concentrations of nitrogen (N), phosphorus (P), potassium (K), and magnesium (Mg) on rhizosphere soil microorganisms of *Gardenia jasminoides* seedlings. Four nutrient elements— N, P, K, and Mg — are selected, and the orthogonal experiment method is adopted. NH_4NO_3, KH_2PO_4, K_2SO_4 and $MgSO_4·7H_2O$ are used to prepare different nutrient solutions with reference to Hoagland nutrient solution. Sampling is conducted 120 days after nutrient application to measure physiological indicators and active components. High-throughput sequencing technology is adopted to perform bioinformatics analysis on the microbial diversity and microbial community composition in its rhizosphere soil, respectively. The results show that based on the comprehensive ranking of principal component analysis (PCA), the optimal nutrient concentration combination for promoting the growth and physiology of gardenia seedlings is T8, consisting of 8 mmol/L NH_4NO_3, 5 mmol/L KH_2PO_4, 3 mmol/L K_2SO_4, 8 mmol/L $MgSO_4·7H_2O$. The application of different nutrient elements reduces the abundance and diversity of the bacterial community in the rhizosphere soil of *G. jasminoides*, while increasing those of the fungal community. Among these treatments, T3 significantly enhances the abundance and diversity of the fungal community in the

收稿日期: 2025-08-25 **修回日期:** 2026-06-20

基金项目: 2024年中央财政林业科技推广示范项目(闽[2024]TG22);福建省科技厅高校产学合作项目(2022N5009);邵武市二都国有林场有限责任公司资助项目,药赏两用栀子良种‘分关1号’和‘灵地珍栀’丰产栽培示范(KH250309A)

第1作者简介: 高宇欣(1999-),女,硕士研究生,研究方向:药用植物资源栽培与利用。E-mail:littlegyx@163.com

***同等贡献作者:** 叶泽霖(1999-),男,硕士研究生,研究方向:药用植物资源栽培与利用。E-mail:421100461@qq.com

****通讯作者:** Author for correspondence. E-mail:fjzxxzxx@126.com

rhizosphere soil of *G. jasminoides*. Across all treatments, the dominant bacterial phyla in the rhizosphere soil of *G. jasminoides* are mainly Proteobacteria, Firmicutes, and Actinobacteria, and the dominant fungal phyla are scomycota, Basidiomycota, and Mucoromycota. Overall, the rational addition of nutrient elements can improve the composition and diversity of rhizosphere bacterial and fungal communities of *G. jasminoides*, providing new insights and theoretical support for the selection of fertilization strategies for *G. jasminoides*.

Keywords: Nutrient elements; *Gardenia jasminoides*; rhizosphere; soil microorganisms

在林业生产中，一般以施肥为苗木的生长、发育提供营养物质，增加苗木体内养分含量，改善苗木质量[1-3]。植物生长发育所需的营养元素具有同等重要性和不可替代性，多项研究表明元素配方施肥在生产经营和树体营养管理中具有重要作用[4,5]。进一步探究发现，植物-微生物-土壤之间存在紧密的相互作用，这被视作植物微生物群落结构与动态变化的主要驱动力。其中，植物根际微生物的多样性深刻影响着植物的生长发育进程。施肥作为一项关键的人为干预手段，能够改变土壤理化性质进而影响地下微生物群落，最终可能影响地上植物生长生理以及活性成分等[6]。

有研究表明，根际微生物多样性差异反映了植物的健康和受胁迫程度[7]。杨俊誉等[8]学者在研究中发现了患病植株根际微生物多样性和丰富度较健康植株降低的现象。刘鑫等[9]研究表明，增施适量的磷肥可以增加油橄榄根际土壤细菌、放线菌等数量，降低根际土壤pH值，提高土壤有机质及有效磷含量等，促进植物对养分的吸收。王天等[10]研究发现，每株施用20 g的钾肥显著提高了油橄榄根际土壤细菌和真菌的数量比值，促进土壤团粒结构的形成及稳定性，提高土壤肥力。因此，加强对土壤微生物多样性和功能的研究，能够帮助我们进一步了解栀子种植对土壤微生物的影响机制，对产业发展具有重要意义。

栀子（*Gasminoides jasminoides* Ellis），茜草科（Rubiaceae）栀子属（*Gradenia*）常绿灌木[11]，原产于中国且分布广泛，约二分之一的省份均有栽培。栀子的妙用，在古代便有记载，栀子是秦汉以前应用最广的黄色染料，《汉官仪》记有：“染园出栀、茜，供染御服。”而它的价值远不止于此，它是我国常见的大宗药材[12]之一、是重要的生态经济林树种和观赏树种，亦可作为食用原料，近几年市场对栀子的需求也与日俱增。栀子作为福建省福鼎市大多农户的主要经济树种，对当地脱贫致富有重要意义，而连年种植会导致其产量降低，凭借农户经验施肥通常会出现过量/不足的问题。有关栀子施肥的研究较多，但控制不同营养元素施肥配比对其根际微生物的影响的研究较少。

课题组前期已开展营养元素缺失与单因素浓度筛选试验，通过缺素试验发现，栀子幼苗在钙（Ca）、铁（Fe）、硼（B）元素缺少条件下，成活率仍能稳定维持在100%；然而，当氮（N）、磷（P）、钾（K）、镁（Mg）元素缺少时，幼苗成活率显著下降至73.33%，由此推测N、P、K、Mg为影响栀子幼苗存活的核心限制性营养元素。故在单因素浓度梯度试验基础上，进一步筛选并得到上述4种关键营养元素的适生浓度，具体为NH_4NO_3 4 mmol/L、KH_2PO_4 5 mmol/L、K_2SO_4 5 mmol/L、$MgSO_4 \cdot 7H_2O$ 4 mmol/L。基于前期研究基础，本研究采用高通量测序技术，探究不同营养元素处理对栀子根际土壤微生物群落结构特征与多样性的影响，比较各处理间微生物群落组成及结构的差异，旨在筛选适宜的肥料配比，并深入解析调控栀子根际微生物群落构建的关键因素，为栀子人工栽培中合理施肥策略的制定及促生功能微生物资源的开发利用提供科学依据与理论参考。

1　材料与方法

1.1　试验地概况与供试材料

试验地位于福建农林大学林学院下安实验教学基地（26° 4' 48" N，119° 16' 48" E），属海洋性亚热带季风气候，全年温暖湿润，年相对湿度为77%，年平均气温为18~26 ℃。

试验材料购自福鼎市依山云烟家庭农场，由福建农林大学邹小兴副教授鉴定为茜草科（Rubiaceae）栀子属（*Gradenia*）栀子（*Gasminoides jasminoides* Ellis），经福建省林木品种审定委员会审定为良种‘分关1号’（闽S-SC-GJ-003-2012）的2年生扦插苗。栽培基质为河砂（购自福建省鸿九景园林建设有限公司），基质经水冲洗并过16目筛，用77%硫酸铜钙可湿性粉剂（购

自上海多宁生物科技股份有限公司）800倍液消毒，暴晒一周，备用。

N、P、K、Mg元素分别由NH_4NO_3、KH_2PO_4、K_2SO_4、$MgSO_4·7H_2O$（均为分析纯）提供，参照霍格兰德营养液进行缺素营养液、不同元素的浓度梯度营养液及全营养液的配制。

1.2 试验设计

以4种关键适生元素（NH_4NO_3 4 mmol/L、KH_2PO_4 5 mmol/L、K_2SO_4 5 mmol/L、$MgSO_4·7H_2O$ 4 mmol/L）为基准，进一步设置不同浓度梯度。鉴于试验涉及4个因素且各设3个水平，同时需平衡试验规模并便于分析影响显著性，故选择L9（3^4）正交表开展4因素3水平正交试验（不考虑交互作用），各处理水平如表1所示。

表1 正交试验因素与水平

Table 1 Factors and levels of orthogonal test

处理 Treatment	N/（mmol/L）	P/（mmol/L）	K/（mmol/L）	Mg/（mmol/L）
T1	2	3	3	2
T2	2	5	5	4
T3	2	7	7	8
T4	4	3	5	8
T5	4	5	7	2
T6	4	7	3	4
T7	8	3	7	4
T8	8	5	3	8
T9	8	7	5	2

2023年4月下旬进行栀子幼苗移栽缓苗，试验共设置9个处理与一个空白对照（CK）组，每盆1株，每处理6盆，设置3个生物学重复，共180盆。每盆装基质3.0 kg，每处理营养元素称取相应量并用水溶解至1 L，每盆每次灌根100 mL，每7 d浇灌1次，共浇灌4个月，浇灌营养液后3 d浇水，试验共进行120 d，处理期间正常栽培管理。

1.3 生理及活性成分测定

于处理后120 d，选取栀子幼苗同一节位的完全展开成熟叶片，用于超氧化物歧化酶（SOD）、过氧化物酶（POD）、过氧化氢酶（CAT）、丙二醛（MDA）、可溶性糖（SS）、可溶性蛋白（SP）、多酚氧化酶（PPO）、吲哚乙酸（IAA）、赤霉素（GA）及脱落酸（ABA）等生理指标的测定。叶片和根际活性成分（叶/根总黄酮、叶/根总多酚）测定，每处理随机选取2株，3个生物学重复，统计数据并进行相关性分析。生理指标参照王学奎[13]试验方法进行测定，内源激素测定步骤按照试剂盒（购自上海科兴商贸有限公司）说明进行，叶片和根际活性成分参照黄潇[14]试验方法进行测定。

1.4 根际土壤微生物样品采集与总DNA的提取及建库测序

试验结束后采集，每处理随机选取6株，将整株幼苗拔起，轻轻抖落外围土壤，用已消毒的毛刷刷取每株栀子幼苗根际土壤，将采集的根际土壤充分混匀后采用四分法收集根际土，装入10 mL的冻存管中做好标记，于液氮中冻存，转运至实验室−80 ℃冰箱中保存，用于提取栀子幼苗根际土壤微生物的总DNA。

土壤样品按照E.Z.N.A.® Soil DNA Kit（Omega Bio-tek，Inc.，USA）试剂盒说明书提取DNA。DNA质量和浓度使用Nanodrop 2000（Thermo Fisher Scientific，Inc.，USA）进行检测，样本储存于−20 ℃备用。使用1.00%的琼脂糖凝胶电泳检测扩增目的条带大小，170 V30 min，PCR扩增：土壤细菌使用引物338F（5’-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3’）和806R（5’-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3’）扩增细菌16Sr RNA基因的V3-V4区；土壤真菌使用引物ITF1F（5’-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3’）和ITS2R（5’-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3’）扩增真菌ITS1区。文库构建后粗检文库浓度，最后文库于Illumina Miseq平台测序，测序服务委托北京奥维森基因科技有限公司完成。

1.5 数据统计与分析

生理及活性成分数据统计与分析使用SPSS26.0，绘图使用Origin2023软件。主成分分析时，先对原始数据进行标准化处理，计算特征值与特征向量，经旋转，确定主成分个数，最后参考刘军涛所用方法[15]，计算主成分得分。

根际土壤微生物数据分析采用UNITE数据库（Release 8.0，https：//unite.ut.ee/），对细菌16S区序列进行物种分类学注释，对真菌ITS区序列进行物种分类学注释。土壤微生物OTU聚类使用Vsearch软件进行计算，LEfSe分析使用Python（v2.7）软件进行。通过QIIME（v1.8.0）软件分析Alpha多样性、Beta多样性等以表示样本

真菌群落物种多样性和结构组成，根据数据结果使用R语言绘制真菌ITS序列各分类水平下的韦恩（Venn）图、分类组成图等。

2　结果

2.1　不同营养元素配施下栀子幼苗各指标主成分分析

对120 d时栀子幼苗各项指标（SOD、POD、CAT、MDA、可溶性糖、可溶性蛋白、叶总黄酮、叶总多酚等36项指标，见附录1）进行主成分分析如表2所示。筛选出8个主成分（特征值>1），累计方差贡献率97.99%。各主成分中，Y1主导指标主要有株高增长量、地径增长量、叶片形态性状、叶绿素含量和根系活力等；Y2主导指标有萌芽数、叶绿素a/b含量、Gs、WUE及叶绿素荧光参数等；Y3主导指标为可溶性糖、IAA等；Y4主导指标主要为叶片总黄酮含量及总多酚含量等；Y5主导指标有SOD、POD、F_V/F_O等；Y6主导指标为Gs、根总黄酮、可溶性蛋白等；Y7主导指标主要为MDA和POD等抗性指标；Y8主导指标为Pn、ABA含量等，这些指标具有较高的载荷矩阵值。

表2 主成分特征值和贡献率

Table 2 Eigenvalues and contribution rates of principal components

主成分 Principal component	初始特征值 Initial eigenvalue	贡献率/% Contribution rate	累计贡献率/% Cumulative contribution rate
Y1	13.372	37.144	37.144
Y2	6.635	18.431	55.575
Y3	4.369	12.136	67.711
Y4	3.235	8.985	76.696
Y5	2.860	7.944	84.640
Y6	2.003	5.563	90.203
Y7	1.615	4.485	94.688
Y8	1.192	3.310	97.998

对8个主成分进行综合得分排序，如表3所示，各处理综合得分排序为T8>T6>T7>T5>T1>T9>T3>T4>T2>CK。不同营养元素配施处理下得分均高于CK（对照组），说明不同营养元素对栀子幼苗生长及生理有一定的促进作用，其中T8处理的综合得分最高，说明综合各指标来看，T8处理为最佳元素浓度配比（NH_4NO_3 8 mmol/L，KH_2PO_4 5 mmol/L，K_2SO_4 3 mmol/L，$MgSO_4 \cdot 7H_20$ 8 mmol/L）。不同处理下，以CK处理的综合得分最低，说明在未添加营养元素的营养液下栀子幼苗生长受限，其受到的胁迫更高，不利于栀子幼苗生长。

表3 主成分综合得分

Table 3 Comprehensive scores of principal components

处理 Treatment	成分得分 Component score								综合得分 Comprehensive score	排序 Ordering
	Y1	Y2	Y3	Y4	Y5	Y6	Y7	Y8		
T1	−0.356	2.997	−2.011	0.014	1.321	−2.243	−1.218	0.981	0.129	5
T2	−2.116	3.551	−1.365	0.934	−1.820	−0.594	0.836	−1.497	−0.400	9
T3	−2.485	1.886	0.239	0.236	1.300	2.802	−1.227	0.872	−0.295	7
T4	−1.829	0.538	2.286	0.361	−1.270	0.992	−0.908	−0.956	−0.391	8
T5	−0.161	0.570	1.753	−0.423	−0.562	−0.227	2.419	1.921	0.343	4
T6	2.901	−1.664	3.293	2.647	0.079	−1.315	−0.934	−0.037	1.294	2
T7	4.681	−1.269	−1.734	−1.718	−3.026	0.565	−0.619	0.542	0.919	3
T8	4.624	−1.005	−2.313	1.674	2.085	1.076	1.430	−0.694	1.674	1
T9	0.627	−0.263	1.640	−3.884	1.879	−0.568	0.152	−1.171	0.120	6
CK	−5.885	−5.339	−1.788	0.158	0.014	−0.489	0.069	0.040	−3.395	10

2.2 不同营养元素对栀子幼苗根际土壤微生物 Alpha 多样性指数分析

不同营养液对栀子幼苗根际土壤细菌群落丰度及多样性均有影响(图 1),PD whole tree 指数和 Shannon 指数能够反映细菌群落多样性。PD whole tree 和 Shannon 指数显示各处理间呈显著性差异(P<0.05),与 CK 处理相比,施用不同营养元素对细菌群落丰度和多样性均有降低的作用。PD whole tree 指数中,T9 处理显著低于 CK 处理;Shannon 指数中,T9 处理指数值显著低于其他处理组。

对于土壤真菌群落丰度及多样性而言,不同营养元素的添加对栀子土壤真菌群落具有一定影响,PD whole tree 指数显示各处理间存在显著性差异(P<0.05)。CK 处理组的真菌多样性较低,与其相比,不同营养元素的施用均能够提高栀子土壤真菌群落的多样性(图 1)。T3 处理组的 PD whole tree 指数和 Shannon 指数均为最高,其值分别为 364.26 和 7.02。从 PD whole tree 来看,T3 处理的 PD whole tree 指数显著高于 T7 处理,表明 T3 处理能够提高栀子土壤真菌群落丰度及多样性。T7 处理的栀子根际土壤真菌群落丰度及多样性指数最低,说明该处理使根际土壤微生物丰富度与均匀度降低。

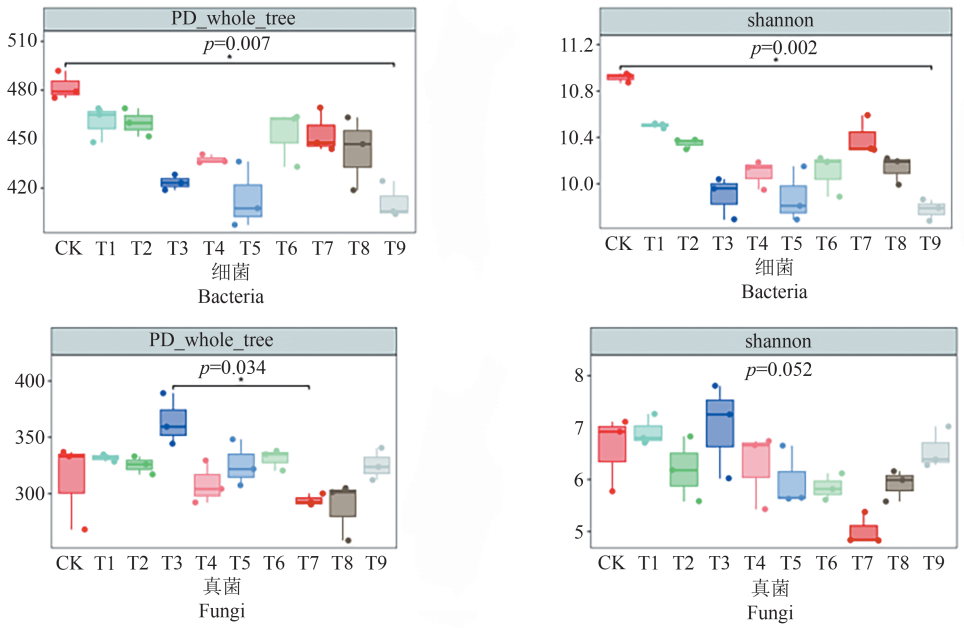


图 1 不同处理土壤细菌、真菌 α 多样性指数

Fig. 1 α-diversity indices of soil bacteria and fungi under different treatments

注:图中"*"表示处理间的差异显著(P<0.05)。

Note: In the figure, the symbol "*" indicates that there are significant differences among treatments (P< 0.05).

2.3 不同营养元素对栀子幼苗根际土壤微生物 β 多样性指数分析

土壤细菌群落受多种因素协同影响,除试验中研究的 4 种营养元素外,还涉及土壤原始微生物背景、栀子幼苗的生长阶段、根系分泌物组成及环境因子(温度、湿度)等。基于 Bray-Curtis 的距离矩阵对各处理组样品进行主坐标 PCoA 分析,根据散点的分布了解不同营养元素对栀子幼苗根际土壤细菌群落结构的影响,结果如图 2 所示,解释的总差异为 48.76%,主坐标分析(PCoA)聚焦营养元素这一干预因素,难以涵盖所有驱动群落变异的复杂因子,因此解释的总差异存在一定局限。不同土壤样品分布在各个区域,同组样品相对比较集中。经 Permanova 检验,各样品间无显著差异(P>0.05),说明空白土壤与栀子根际土细菌群落之间差异较小。各处理组与 CK 处理组的距离较远,不同营养元素能够改变土壤细菌群落的结构。其中 T2、T3、T4 和 T5 处理样本点主要分布于第四象限,其细菌群落结构较相似,其余处理组间的距离较远,表明细菌群落结构不同,而 CK 的细菌群落结构分散于第 3 象限角落,表明与其他处理组的细菌群落结构相差较大。

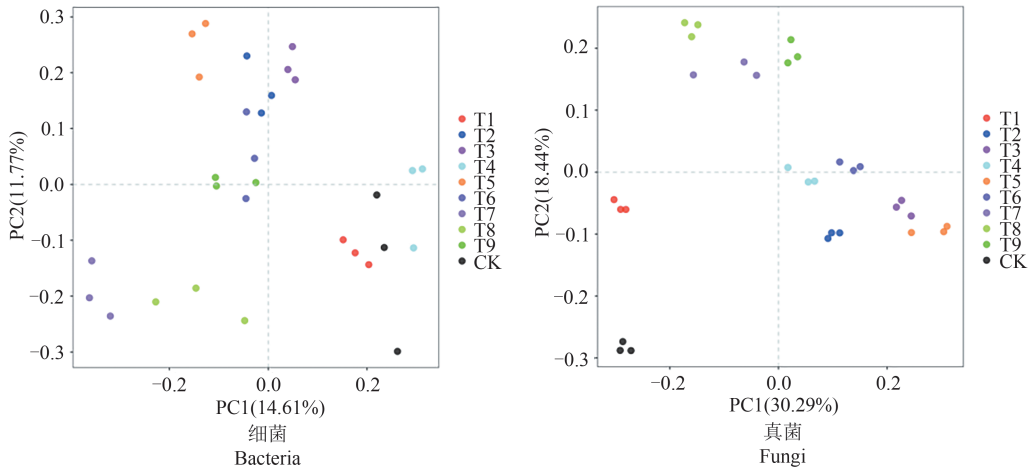


图 2 不同处理的细菌、真菌群落 PcoA 分析

Fig. 2 PCoA analysis of bacterial and fungal communities under different treatments

对不同营养元素对栀子土壤真菌群落结构的影响进行PCoA分析，不同处理下栀子土壤真菌群落结构不同。T7和T8处理分布于第一象限，T1、T4和CK处理散点分布于第二象限，分布于同一象限的处理表明其真菌群落结构较为相似，T6与T9处理散点有重合，表明这两个处理的真菌群落结构相似度高。T7与T8处理自身距离远，与其他处理距离也相对远，表明这两个处理的真菌群落结构变化较明显。经Permanova检验，各样品间显著差异（P<0.05），说明不同处理下栀子根际土真菌群落之间具有较高的相异性。

2.4　不同营养元素对栀子幼苗根际土壤微生物群落组成

2.4.1 *土壤细菌群落组成分析*　各处理组中，从门的分类水平上看（图3（a）），土壤细菌优势菌门（相对丰度＞4%的菌门）除相对丰度值外未出现明显差异。在不同营养元素的添加下，各处理组土壤优势菌门的相对丰度值不同。其中，变形菌门（Proteobacteria）、厚壁菌门（Firmicutes）、放线菌门（Actinobacteria）为优势菌门，变形菌门（Proteobacteria）在各处理中的相对丰度最高，相对丰度范围为32.81%~40.24%。T8处理的变形菌门（Proteobacteria）相对丰度最高，达40.24%，其次是T1处理，再次是T2处理。CK处理组的厚壁菌门（Firmicutes）相对丰度最高，为37.39%，T5处理的放线菌门（Actinobacteria）相对丰富度最高，为23.17%。

从属的分类水平上看（图3（b）），优势菌属（相对丰度大于1.00%）分别为固氮螺菌属（*Azospirillum*）、乳酸杆菌属（*Lactobacillus*）、链霉菌属（*Streptomyces*）、丙酸杆菌属（*Cutibacterium*）、糖球菌属（*Virgibacillus*）、李斯特氏菌属（*Paenibacillus*）、螺旋狸藻属（*Genlisea*）、德克斯氏菌属（*Taylorella*）、樟属（*Cinnamomum*）、未识别菌属、弧菌属（*Vibrio*）。固氮螺菌属（*Azospirillum*）相对丰度最大，占总量的26.94%~32.30%，其次是乳酸杆菌属（*Lactobacillus*），占总量的21.27%~31.10%。各处理中，CK组的固氮螺菌属（*Azospirillum*）相对丰度最低而乳酸杆菌属（*Lactobacillus*）最高；固氮螺菌属以T8相对丰度最高，CK处理较T8相对丰度降低16.59%。结果表明不同营养元素能够提高栀子根际固氮螺菌属的相对丰度，降低乳酸杆菌属（*Lactobacillus*）的丰度。

2.4.2 *土壤真菌群落组成分析*　各处理组中，从门的分类水平上看（图3（c）），除T5处理组外，不同处理下土壤真菌优势菌门（相对丰度大于1.00%）分别为子囊菌门（Ascomycota）、担子菌门（Basidiomycota）、毛霉门（Mucoromycota），以子囊菌门（Ascomycota）在各处理中的相对丰度最高，占总量的36.76%~63.26%。在T5处理中，子囊菌门（Ascomycota）相对丰度最高，与其他处理组不同的是，相对丰度大于1.00%的优势菌门还有绿藻门（Streptophyta）（3.81%）。子囊菌门（Ascomycota）在其他处理中相对丰度极低，其中以T1、T3、T7和T8较低，均低于40.00%，表明T5处理能够提高这种真菌门的相对丰度。

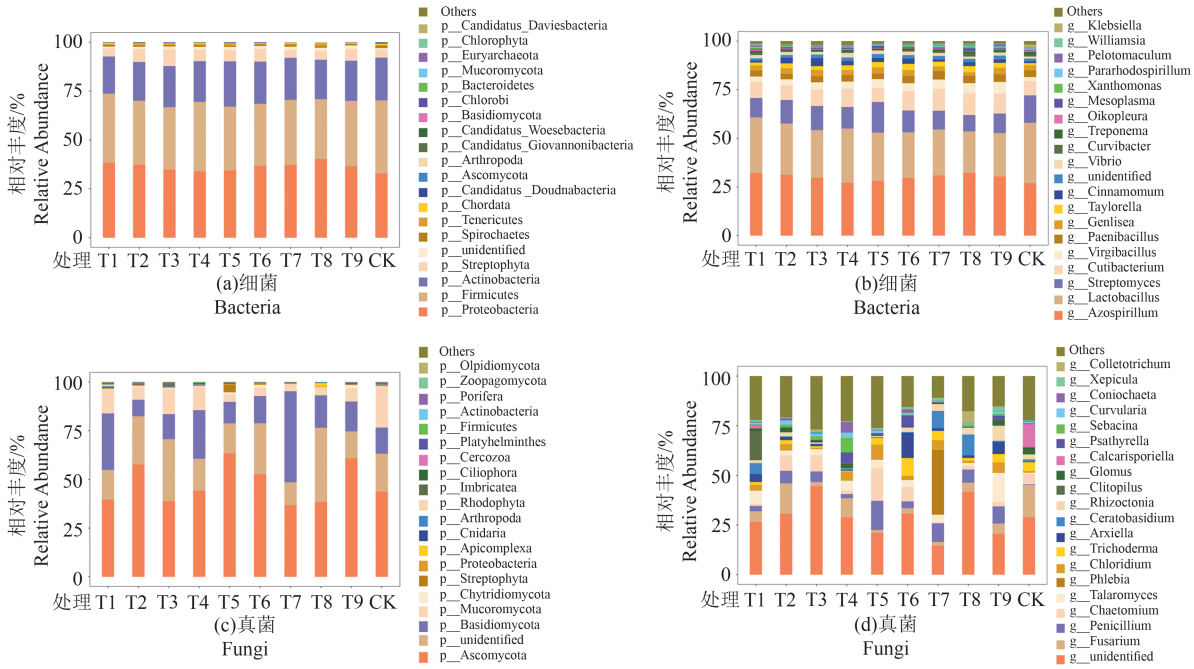


图 3 不同处理下细菌(a)、真菌(c)门水平的相对丰度与细菌(b)、真菌(d)属水平相对丰度

Fig. 3 Relative abundances of bacteria (a) and fungi (c) at the phylum level, and relative abundances of bacteria (b) and fungi (d) at the genus level under different treatments in *Gasminoides jasminoides* soil

不同处理土壤真菌群落属水平的相对丰度如图 3(d)所示，栀子根际土壤真菌优势菌属相对丰度大于 1.00%)主要有镰刀菌属(*Fusarium*)、青霉菌属(*Penicillium*)、毛壳菌属(*Chaetomium*)、蓝腐菌属(*Talaromyces*)、槭射脉革菌属(*Phlebia*)、木霉属(*Trichoderma*)、角担菌属(*Ceratobasidium*)等。青霉菌属(*Penicillium*)在 CK 处理中相对丰度最低，为 0.33%，在 T5 处理中相对丰度最高，达到 14.61%，所有处理组中青霉菌属的相对丰度比 CK 处理组的高，表明不同营养元素处理能够提高青霉菌属在土壤中的相对丰度。角担菌属(*Ceratobasidium*)仅在 T1、T7、T8 与 CK 处理中存在，其中以 T8 处理相对丰度最高，排序依次为 T8(10.54%)>T7(8.71%)>T1(5.57)>CK(1.16)。

不同元素浓度处理对土壤真菌菌属的影响不同，与 CK 处理组相比，施用不同营养元素的土壤真菌菌属丰度及多样性较高，表明不同营养元素的施用能够改变土壤中真菌菌属的丰度和多样性。

2.5　土壤微生物群落线性判别分析

2.5.1 *土壤细菌群落分析*　如图4(a)所示，CK 处理组在门至种的水平上显著差异物种占比较多，共有 37 个显著差异物种；T8 处理共有 25 个显著差异物种；T5 处理有 13 个显著差异物种。在门水平上，CK 处理组有 4 个显著差异物种；T8 处理有 2 个显著差异物种；T5 处理有 1 个显著差异物种。在属水平上，CK 有 7 个显著差异物种，分别为克雷伯氏菌属(*Klebsiella*)、乳杆菌属(*Lactobacillus*)、密螺旋体属(*Treponema*)、尾海鞘属(*Oikopleura*)、副红螺菌属(*Pararhodospirillum*)、链球菌属(*Streptococcus*)、莴苣属(*Lactuca*)；T1 处理有 1 个显著差异物种为斯科曼氏菌属(*Williamsia*)；T3 处理有 1 个显著差异物种为 *Cinnamomum*；T4 处理有 2 个显著差异物种，分别为 Artemisia 和弧菌属(*Vibrio*)；T5 处理有 2 个显著差异物种，分别为异湾藻属(*Heterosigma*)和 *Streptomyces*；T6 处理有 1 个显著差异物种为德克斯氏菌属(*Taylorella*)；T7 处理有 1 个显著差异物种为李斯特氏菌属(*Paenibacillus*)；T8 处理有 5 个显著差异物种，分别为黄单胞菌属(*Xanthomonas*)、丛毛单胞菌属(*Curvibacter*)、中间原体属(*Mesoplasma*)、丙酸杆菌属(*Cutibacterium*)和固氮螺菌属(*Azospirillum*)；T9 处理有 3 个显著差异物种，分别为消化球菌科(Pelotomaculum)、*Genlisea* 和糖球菌属

（*Virgibacillus*）。各处理门菌种的细菌群落占比量受不同营养元素的施用而不同，总体上看 CK 空白 W 处理的细菌群落丰度及多样性较高。

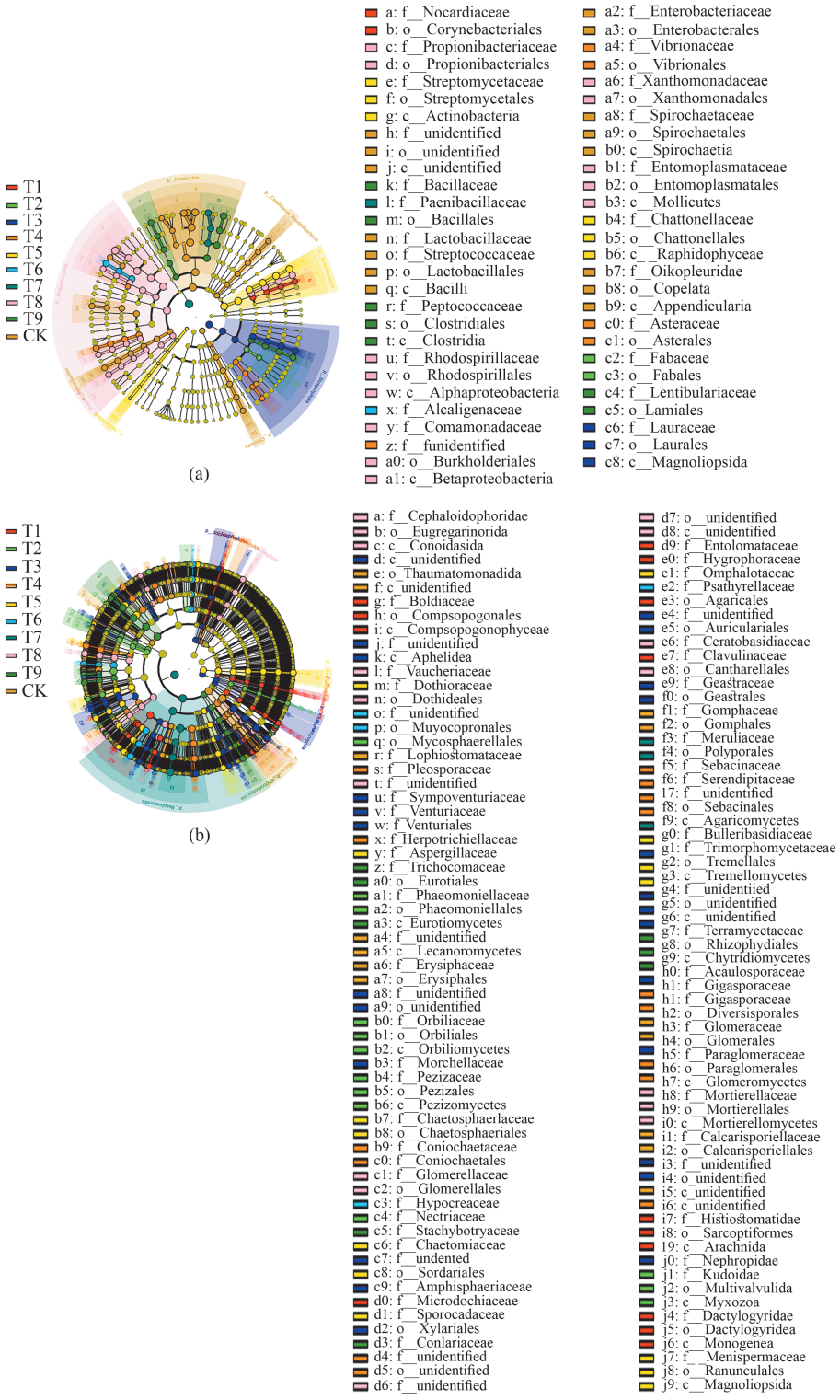


图 4 基于分类信息学的 LEfSe 分析的不同处理土壤细菌进化分支图(a)，不同处理土壤真菌进化分支图(b)

Fig. 4 Evolutionary branching diagrams of soil bacteria under different treatments based on taxonomic informatics and LEfSe analysis (a), and evolutionary branching diagrams of soil fungi under different treatments (b) in *Gasminoides jasminoides* soil

2.5.2 土壤真菌群落分析 由图4(b)可知，各处理在门至种水平上具较多的显著差异物种，通过LEfSe分析可以了解组间在丰度上的显著差异物种。CK处理组共有41个显著差异物种，T1-T9处理分别有37、35、64、37、34、16、12、39、26个显著差异物种。在门水平上，T1处理有2个显著差异物种，为红藻门(Rhodophyta)和Platyhelminthes；T3处理有两个显著差异物种，分别为刺胞动物门(Cnidaria)和节肢动物门(Arthropoda)；T4处理有1个显著差异物种，为Ciliophora；T5处理有1个显著差异物种，为Streptophyta；T7处理有一个显著差异物种，为担子菌门(Basidiomycota)；T8处理有一个显著差异物种，为Apicomplexa；T9处理有一个显著差异物种，为壶菌门(Chytridiomycota)；CK处理有2个显著差异物种，分别为Imbricatea和Mucoromycota。

在属水平上，CK处理有11个显著差异物种，分别为镰刀菌属(*Fusarium*)和*Calcarisporiella*等；T1处理有6个显著差异物种，分别为*Clitopilus*和*Idriella*等；T2处理有9个显著差异物种，分别为*Mariannaea*和*Humicola*等；T3处理有16个显著差异物种，分别为*Actinomortierella*和*Geastrum*等；T4处理有9个显著差异物种，分别为*Sebacina*和*Phialophora*；T5处理有9个显著差异物种，分别为毛壳菌属(*Chaetomium*)和青霉菌属(*Penicillium*)；T6处理有5个显著差异物种，分别为*Arxiella*和*Trichoderma*等；T7处理有2个显著差异物种，分别为*Phlebia*和*Volutella*等，T8处理处理有10个显著差异物种，分别为角担菌属(*Ceratobasidium*)和*Colletotrichum*等；T9处理有5个显著差异物种，分别为*Talaromyces*和*Rhizoctonia*等。

3 讨论

植物在受到胁迫时，SOD、POD、CAT酶活性会升高以保护植物免受胁迫影响[16]。测定植物的可溶性糖含量、可溶性蛋白及游离脯氨酸等渗透调节物质有助于了解植物生理代谢情况[17]。本研究结果显示不同元素配施下栀子幼苗的抗氧化酶活性上升，MDA含量下降(附录1)，合理施肥可以促进栀子幼苗可溶性糖的主动积累，提高其抗胁迫能力。植物内源激素在植物生长发育进程中具有重要意义[18]，多酚和黄酮类化合物是广泛存在于植物体内的次生代谢物，是植物应对胁迫的主要物质之一[19]。本研究发现，栀子叶片中总黄酮及总多酚含量显著高于根部，且各处理组含量均显著高于对照组，表明不同元素施用下均能提高栀子叶片中两种活性成分的含量(附录1)。

外源培肥是影响根际土壤微生物代谢和多样性的主要因子之一[20]，施肥时间及次数的不同也会导致土壤中微生物多样性存在差异[21,22]，故研究根际微生物的功能和与植物的相互作用对植物的生长和发育十分重要。本研究发现不同营养元素的施用能够影响栀子土壤细菌群落丰度及多样性(图1)，各处理组间存在显著性差异($P<0.05$)。施用不同营养元素会导致栀子土壤细菌丰度及多样性减少，与张梦阳[23]的研究结果相似，可能是因为外源肥料的施用导致土壤有机质含量升高继而导致细菌多样性及丰度降低有关[24]。此外，由于细菌群落的抗逆性较强，在特定的营养环境下，其繁殖增长能力不会因为外源营养环境的变化而发生显著的变化[25]。从PCoA分析结果可知(图2)，未施用营养元素处理的CK组细菌群落分散于坐标轴底部，与处理组距离远，表明不同营养元素的施用会导致土壤中细菌群落的结构发生变化，这与段见阳等[26]的研究结果相同。外源肥料的长期施用会影响土壤中微生物的群落构成和数量变化[27]。本研究结果表明，变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)、绿藻门(Streptophyta)为主要优势菌门(附录2)，这与张曼等[28]的研究一致。在各处理中变形菌门(Proteobacteria)的相对丰度均较高，CK中相对丰度最小，T8处理相对丰度最高。变形菌门是土壤细菌中最大门类，具有固氮作用，能够适应不同环境的变化，适应能力较强[29]。不同营养元素能够影响其丰度，而CK未施用营养元素，所以其相对丰度较低。经主成分分析综合得分来看，T8是施肥最优处理，推测其根际土壤中变形菌门相对丰度较高，固氮能力较好，植株内部生理特性指标及活性成分较优。本研究中厚壁菌门在CK处理组中相对丰度最高，厚壁菌门能够促进短链有机酸等化合物的积累，具有抑制病原菌的作用，而厚壁菌门中的芽孢杆菌在不利环境下能够维持自身对外界的抵抗能力[30]。放线菌

门（Actinobacteria）能够产生如抗生素等代谢物，且能分解土壤中难降解的物质并将其转化为有机物[31]。T5 处理的放线菌门相对丰度最高，可能是因为在此处理下土壤中的难降解物质较多导致其相对丰度增高。通过 LEfSe 分析发现，对照组的显著差异细菌门和属较处理组多，表明不同营养元素的施用会降低土壤中的细菌门和属的多样性，可能是因为不同营养元素的施用导致了土壤中有机质含量的增加，从而使细菌群落丰度及多样性下降。施肥可以改变土壤理化性质、调控根系分泌物，其中根际微生物互作的协同作用可能导致细菌多样性下降而真菌多样性上升。黑土细菌对有机肥的响应较强，而真菌对化肥更为敏感。长期施用化肥会刺激土壤中嗜酸微生物和真菌的生长，而有机无机肥配施可提高土壤微生物群落多样性，刺激有益菌的生长[32]。

土壤真菌群落是物质循环和能量流动的重要驱动环节，在有机质分解及固碳方面有重要的意义[33]。多项研究表明施肥会导致真菌群落丰度的降低[31,34]，可能是由于施肥会导致土壤微环境的变化，引起某些对营养元素的敏感性较强的真菌种间发生竞争，促使其迅速繁殖，而对营养元素不敏感的真菌生长则受到抑制。施肥使土壤有机质等养分增加，真菌对养分波动耐受性强且能分解复杂有机质，得以在充足碳源下提升多样性，本研究发现合理的配比能够显著（$P<0.05$）提高栀子土壤真菌群落多样性[35]。除 T3 处理的 PD whole tree 指数和 Shannon 指数有所提高外，其余处理均比对照组低（附录 2），表明不同营养元素的施用会导致栀子根际土壤微环境发生变化，其理化性质改变而导致真菌群落丰度降低。各处理组真菌优势菌门相对丰度较 CK 高，可能是因为不同营养元素的施用为其提供充足的养分，从而促进其丰度的增加。本研究中各处理的优势菌门大多为子囊菌门（Ascomycota）、担子菌门（Basidiomycota）、毛霉门（Mucoromycota）。子囊菌门（Ascomycota）与担子菌门（Basidiomycota）为土壤真菌中的主要分解者，其降解能力与耐受能力强，能够迅速地适应土壤与根际微环境的变化[36]。本研究中不同营养元素的施用会降低毛霉门（Mucoromycota）的相对丰度，这可能是因为本研究所用基质为河沙，保水肥能力差，与大多研究中的基质为农田土壤[37]的研究结果不同。毛霉门（Mucoromycota）主要参与土壤有机物的矿化，将土壤中作物残留物分解为无机物[38]。对照组未施肥，可能主要通过提高毛霉门（Mucoromycota）的丰度来促进土壤作物残留物的分解，为栀子幼苗提供有机养分，维持栀子的正常生长。值得一提的是，部分角担菌属（*Ceratobasidium*）与植物存在共生关系，具有一定的促生作用[39,40]，一些共生真菌还能借菌丝拓展生态位与细菌争夺资源，菌丝创造的异质微环境（如土壤微孔隙）也更利于真菌类群分化，进一步削弱了细菌多样性的维持能力[41]。角担菌属（*Ceratobasidium*）在 T1、T7、T8 与 CK 处理的根际土壤中均有分布，以 T8 根际土壤中相对丰度最高，可能在这种营养元素配比下，对栀子幼苗生长发育产生了一定积极作用。

4　结论

主成分分析结果显示，各处理综合评分均高于 CK，可见添加不同营养元素能够提高各处理土壤微生物群落多样性。T8 处理即 NH_4NO_3：8 mmol/L，KH_2PO_4 5 mmol/L，K_2SO_4 3 mmol/L，$MgSO_4 \cdot 7H_20$ 8 mmol/L 为最佳元素浓度配比，T6、T7 次之。

添加不同营养元素可以改变栀子根际土壤微生物的群落结构，降低栀子根际土壤细菌群落的丰度及多样性，提高栀子幼苗根际土壤真菌群落多样性。根际土壤细菌群落优势菌门主要为变形菌门（Proteobacteria）、厚壁菌门（Firmicutes）、放线菌门（Actinobacteria），总体而言各处理组变形菌门（Proteobacteria）的相对丰度较其他菌门高。T8 处理可以大幅提高变形菌门（Proteobacteria）与角担菌属（*Ceratobasidium*）的相对丰度，从而促进栀子生长。在后续栀子栽培过程中，可通过施加含有优势菌的菌肥以促进栀子生长，维持良好健康的土壤生态环境，促进种植的可持续发展，以期为栀子建立合理的施肥制度。

参考文献

[1] 尹梦雅, 杨 艳, 汤玉喜,等. 配方施肥对黄栀子幼苗生长和生理特性的影响[J]. 中南林业科技大学学报, 2022, 42(05):83-90.

[2] 覃盈盈, 邓荫伟, 潘 磊, 等. 不同配方肥料及用量

对金桔产量和品质的影响[J]. 山东农业大学学报(自然科学版), 2022, 53(01):10-15.

[3] 王 琦,史高川,田 鑫,等.不同施肥模式对土壤微生物多样性及群落结构的影响[J].中国农学通报, 2025, 41(17):54-61.

[4] 杨 艳,陈韵竹,李培旺,等.氮磷钾配施对栀子幼苗生长的影响[J]. 湖南林业科技, 2024, 51(03):78-85.

[5] Van Der Heijden M G A, Bardgett R D, Van Straalen N M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. Ecology Letters, 2008, 11(3):296-310.

[6] Li P F, Liu M, Ma X Y,et al. Responses of microbial communities to a gradient of pig manure amendment in red paddy soils[J]. Science of the Total Environment, 2020, 705:135884.

[7] Gao Z Y, Han M K, Hu Y Y, et al. Effects of continuous cropping obstacle : three field cases[J]. Environmental Research, 2021, 200:111319.

[8] 杨俊誉, 魏世杰, 苏代发, 等. 温室中患白粉病与健康草莓植株根际原核生物群落的比较研究[J]. 西南农业学报, 2020, 33(01):85-91.

[9] 刘 鑫, 王 天, 宋佳承, 等. 不同磷肥施用量对油橄榄根际土壤微环境及生长发育的影响[J].中国土壤与肥料, 2021(06):78-87.

[10] 王 天. 不同氮磷钾肥施用量对油橄榄根系发育及根际微环境的影响[D]. 兰州:甘肃农业大学, 2020.

[11] 文 彬. 栀子[J]. 生命世界, 2023(02):36-37.

[12] 戴惠明, 郑洁敏, 黄宗贵, 等. 菌根共生在栀子种子萌发以及枝条扦插中的作用[J]. 浙江农业科学, 2023, 64(10):2390-2393.

[13] 王学奎, 黄见良. 植物生理生化实验原理与技术(第3版)[M]. 北京:高等教育出版社,2015.

[14] 黄 潇, 刘 婧, 彭水梅, 等. 响应面优化栀子中总多酚、总黄酮的提取工艺[J]. 中国药房, 2017, 28(28): 3964-3968.

[15] 刘俊涛,王瑞辉,沈 燕,等.千年桐盛果期优良单株综合评价选择[J].中南林业科技大学学报,2020, 40(06): 53-62.

[16] 聂胜委,张巧萍,王建超,等.旋耕方式下氮肥不同减施量对冬小麦根际土壤微生物及酶活的影响[J].中国农学通报, 2025, 41(25): 54-59.

[17] Sharma S S, Dietz K. The significance of amino acids and amino acid-derived molecules in plant responses and adaptation to heavy metal stress[J]. Journal of Experimental Botany, 2006, 57(4): 711-726.

[18] Piotrowska-Niczyporuk A, Andrzej B, Zambrzycka E, et al. Phytohormones as regulators of heavy metal biosorption and toxicity in green alga *Chlorella vulgaris* (Chlorophyceae) [J]. Plant Physiology and Biochemistry, 2012, 52: 52-65.

[19] Zhang F, Yan Y, Zhang J, et al. Phytochemistry, synthesis, analytical methods, pharmacological activity, and pharmacokinetics of loganin: A comprehensive review[J]. Phytotherapy Research, 2022, 36(6): 2272-2299.

[20] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, et al. Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems[J]. Nature Communications, 2016, 7(1): 10541.

[21] 曹彦强, 张中峰, 徐广平, 等. 水稻土细菌群落对长期施肥和短期氮添加的响应[J]. 广西科学, 2021, 28(04):389-395.

[22] 张玉洁, 吴 婷, 赵 娟, 等. 生物炭添加对秸秆还田土壤细菌群落结构和多样性影响[J]. 环境科学学报, 2017, 37(02):712-720.

[23] 张梦阳. 生物炭对酸性土壤微生物群落及钾素的作用机制[D]. 武汉:华中农业大学, 2021.

[24] Nguyen T T N, Wallace H M, Cheng Y X, et al. The effects of short term, long term and reapplication of biochar on soil bacteria[J]. Science of the Total Environment. 2018, 636: 142-151.

[25] 冯清秀, 黄苇苇, 朱向明, 等. 黑土农田长期施氮对土壤细菌群落结构的影响及驱动因子分析[J]. 土壤与作物, 2025, 14(03):315-325.

[26] 段见阳, 胡 青, 杜春花, 等. 基于宏基因组学研究施肥对花椒园土壤微生物的影响[J]. 分子植物育种,2024,[2024-01-31].

[27] Wu M N, Qin H L, Chen Z, et al. Effect of long-term fertilization on bacterial composition in rice paddy soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 2011, 47: 397-405.

[28] 张 曼, 侯天钰, 张应榕, 等. 磷添加对棉田土壤理化性质及其细菌多样性的影响[J]. 西南农业学报, 2024,37(02):373-381.

[29] 李 艺, 高 莉, 覃潇潇, 等. 生物炭对鬼针草根际土壤养分循环的影响[J]. 中国环境科学,1-12[2025-10-01].:2026,46(01):279-288.

[30] 郑 艳. 化肥减量配施低聚木糖对生菜生长及土壤环境的影响[D]. 雅安:四川农业大学,2023.

[31] Ventura M, Canchaya C, Tauch A, et al. Genomics of actinobacteria: tracing the evolutionary history of an ancient phylum[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews: MMBR, 2007, 71(3): 495-548.

[32] 梁文卫, 毕影东, 樊 超, 等. 大豆抗根腐病生物

与生态防治策略研究进展[J]. 黑龙江农业科学, 2025(08):115-123.

[33] Hewavitharana S S, Klarer E, Reed A J, et al. Temporal dynamics of the soil metabolome and microbiome during simulated anaerobic soil disinfestation[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 478355.

[34] 尚秋彤, 黄瑞林, 倪浩为, 等. 黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系[J]. 环境科学, 2020, 41(09):4305 - 4313.

[35] Nie S A, Lei X M, Brookes P C, et al. Fungal communities and functions response to long-term fertilization in paddy soils[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 130: 251-258.

[36] 陈祖静, 高尚坤, 陈 园, 等. 短期施肥对桉树人工林土壤真菌群落结构及功能类群的影响[J]. 生态学报, 2020, 40(11):3813-3821.

[37] 谢 欢, 张秋芳, 曾泉鑫, 等. 氮添加对杉木苗期磷转化和分解类真菌的影响[J]. 植物生态学报, 2022, 46(2):220-231.

[38] 丁嘉宁. 化肥减量配施有机肥对采煤塌陷区复垦土壤熟化的影响[D]. 晋中:山西农业大学, 2022.

[39] 王婧如. 核桃林下不同作物的间套作效应[D]. 重庆:西南大学, 2022.

[40] Fan X, Ge AH, Qi S, et al. Root exudates and microbial metabolites: signals and nutrients in plant-microbe interactions[J]. Science China Life Sciences, 2025, 68: 2290-2302.

[41] Zhang C, van der Heijden M G A , Dodds B K, et al. A tripartite bacterial-fungal-plant symbiosis in the mycorrhiza-shaped microbiome drives plant growth and mycorrhization[J]. Microbiome, 2024, 12: 30.

附录 1

附表 1 主成分分析各因子载荷矩阵

App.Table 1: Factor Load Matrix from Principal Component Analysis

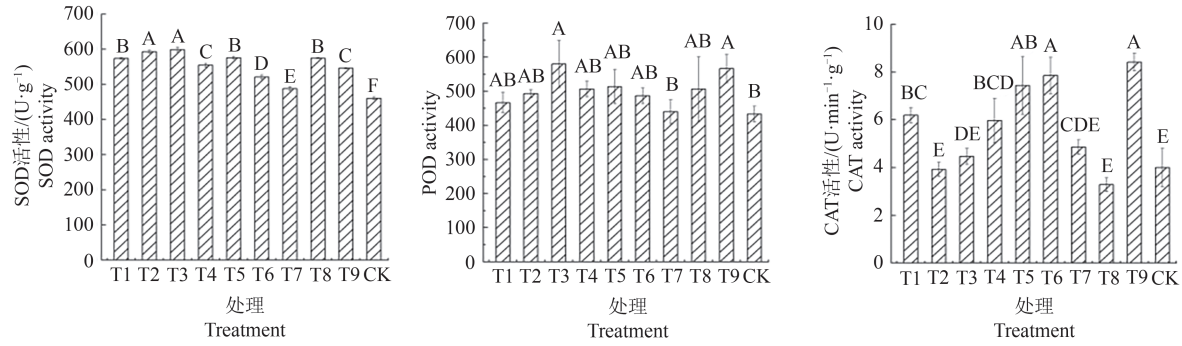
指标 Index	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	CK
X1	0.108	−1.076	−0.569	−0.281	0.650	2.308	−0.095	0.159	0.074	−1.279
X2	0.537	−0.408	−1.010	−0.494	0.107	−0.150	0.580	2.341	−0.365	−1.138
X3	0.683	0.754	0.264	−0.294	−0.013	−0.432	0.335	−1.061	1.665	−1.900
X4	−0.552	−0.355	−0.944	−1.100	0.292	1.078	0.763	1.685	0.410	−1.277
X5	−0.617	−0.394	−0.428	−0.931	0.551	1.085	0.896	1.497	0.041	−1.699
X6	−0.572	−0.752	−1.052	−0.800	0.468	1.028	0.891	1.744	0.151	−1.107
X7	−0.581	−0.449	−0.863	−1.029	0.437	1.027	0.819	1.788	0.089	−1.239
X8	−1.715	−1.382	−0.375	−0.221	−0.026	1.070	0.774	0.415	0.032	1.429
X9	−1.593	−1.690	−0.194	0.034	−0.113	0.716	0.524	0.564	0.197	1.554
X10	−1.070	−1.021	−0.526	0.294	0.394	0.334	1.050	1.160	1.024	−1.639
X11	0.279	−0.443	−0.224	0.066	−0.339	1.186	1.197	0.945	−0.535	−2.131
X12	0.368	−0.526	−0.150	−0.021	−0.137	1.507	1.054	0.627	−0.629	−2.092
X13	0.158	0.110	−0.129	0.397	−0.465	0.158	0.972	1.212	0.062	−2.476
X14	−0.243	0.227	−0.478	−0.125	−0.988	0.894	1.521	1.364	−0.674	−1.497
X15	1.703	−1.096	1.082	−0.845	0.594	−0.515	−0.805	0.990	−0.832	−0.277
X16	0.911	−1.273	−0.618	−1.208	−0.596	−0.116	1.806	0.976	−0.181	0.299
X17	−0.474	−0.474	0.712	0.712	0.119	−0.474	0.119	0.712	1.304	−2.253
X18	−0.360	1.099	1.192	1.155	0.793	−0.378	−1.763	−0.610	−0.462	−0.666
X19	0.131	0.070	0.314	0.718	−0.530	−0.627	−1.178	−0.493	−0.750	2.345
X20	1.232	0.285	0.979	0.198	−0.493	−0.631	−2.094	−0.751	0.601	0.673
X21	1.265	1.265	1.265	−0.316	−0.316	−0.316	−0.316	−0.316	−0.316	−1.897
X22	1.158	0.181	0.321	−0.726	0.042	0.042	−0.935	0.112	1.647	−1.842
X23	0.385	0.938	1.107	−0.168	0.433	−1.155	−2.117	0.409	−0.433	0.601

续表

指标 Index	T1	T2	T3	T4	T5	T6	T7	T8	T9	CK
X24	−0.934	−0.449	1.128	−0.206	−0.085	−0.570	−1.419	−0.206	0.885	1.855
X25	0.220	−1.103	−0.782	0.091	0.948	1.192	−0.555	−1.476	1.519	−0.054
X26	0.268	1.304	0.131	0.427	0.769	−1.133	−1.463	−0.416	−1.133	1.247
X27	−1.122	−0.296	−0.034	1.604	1.129	0.554	−0.071	−1.509	0.641	−0.897
X28	−0.142	−1.879	0.629	−0.109	−0.938	0.178	1.484	0.962	0.609	−0.795
X29	−0.447	0.106	−0.447	−1.511	−0.544	−0.147	1.122	2.125	0.172	−0.429
X30	1.092	1.652	−0.956	0.435	0.368	0.570	−0.455	−0.225	−0.945	−1.537
X31	0.859	−0.261	−0.043	−0.617	−0.207	−1.208	0.558	1.250	1.314	−1.646
X32	0.170	0.964	1.312	−0.129	−0.740	0.970	−0.210	0.537	−1.857	−1.017
X33	−0.099	1.167	1.081	0.534	0.237	−1.694	1.034	−1.233	−0.771	−0.256
X34	−1.046	−0.405	1.011	0.858	1.475	1.141	−1.125	−0.661	−0.507	−0.740
X35	0.348	0.768	−1.418	−0.830	0.684	−1.054	1.973	−0.101	−0.045	−0.325
X36	0.089	0.398	0.935	−0.610	1.415	−1.765	1.139	−0.854	−0.089	−0.659

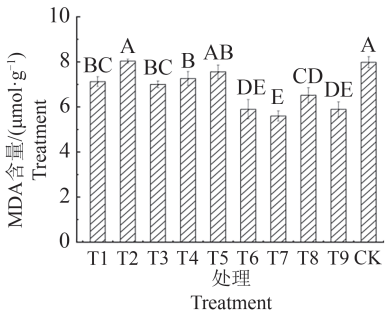
注：X1—株高增长量，X2—地径增长量，X3—萌芽数，X4—叶长，X5—叶宽，X6—叶周长，X7—叶面积，X8—总鲜重，X9—总干重，X10—根系活力，X11—叶绿素a，X12—叶绿素b，X13—叶绿素a/b，X14—类胡萝卜素，X15—叶片净光合速率，X16—蒸腾速率，X17—气孔导度，X18—水分利用率，X19—叶绿素荧光参数F0，X20—Fm，X21—Fv/Fm，X22—Fv/F0，X23—超氧化物歧化酶，X24—过氧化物酶，X25—过氧化氢酶，X26—丙二醛，X27—可溶性糖，X28—可溶性蛋白，X29—游离脯氨酸，X30—叶总黄酮，X31—根总黄酮，X32—叶总多酚，X33—根总多酚，X34—生长素，X35—赤霉素，X36—脱落酸。

Note: X1, Plant height increment; X2, Stem base diameter increment; X3, Number of germinating buds; X4, Leaf length; X5, Leaf width; X6, Leaf perimeter; X7, Leaf area; X8, Total fresh weight; X9, Total dry weight; X10, Root activity; X11, Chlorophyll a; X12, Chlorophyll b; X13, Chlorophyll a/b ratio; X14, Carotenoid; X15, Net photosynthetic rate of leaf; X16, Transpiration rate; X17, Stomatal conductance; X18, Water use efficiency; X19, Minimal fluorescence (F_0); X20, Maximal fluorescence (F_m); X21, Maximum photochemical efficiency of PSII (F_v/F_m); X22, F_v/F_0 ratio; X23, Superoxide dismutase (SOD); X24, Peroxidase (POD); X25, Catalase (CAT); X26, Malondialdehyde (MDA); X27, Soluble sugar; X28, Soluble protein; X29, Free proline; X30, Total flavonoids in leaves; X31, Total flavonoids in roots; X32, Total polyphenols in leaves; X33, Total polyphenols in roots; X34, Auxin; X35, Gibberellin; X36, Abscisic acid



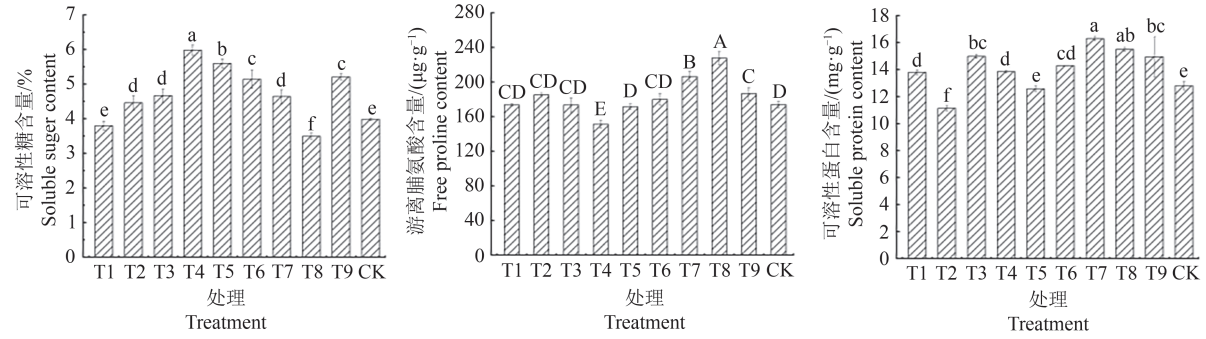
附图1 120 d时抗氧化

Suppl. Fig. 1 Antioxidant enzyme activity at 120 d



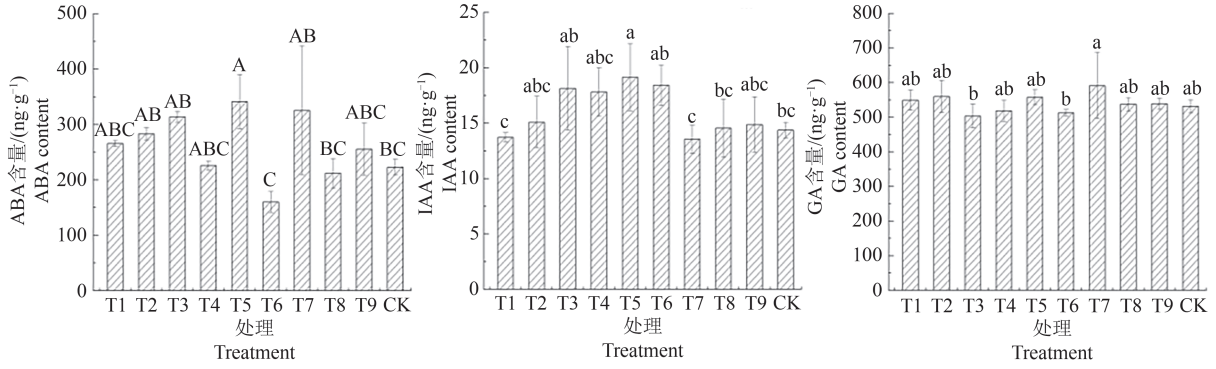
附图2 120 d时MDA活性

Suppl. Fig. 2 MDA content at 120 d



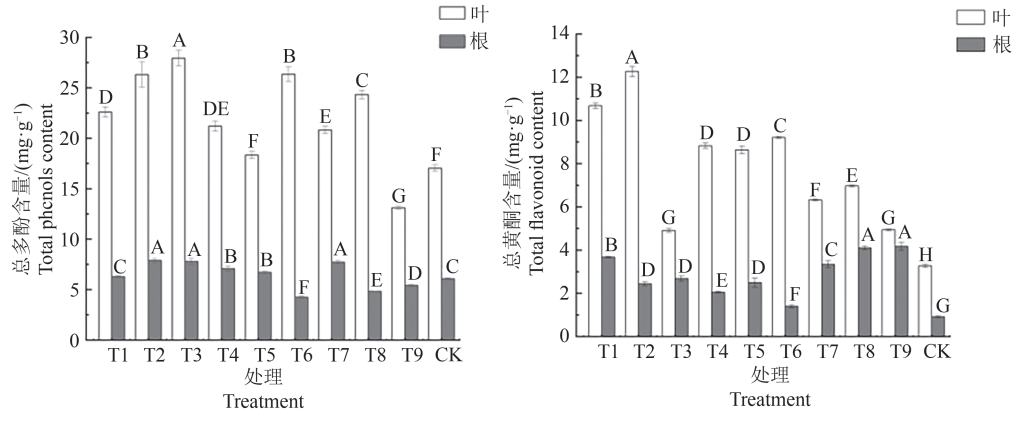
附图3 120 d时渗透调节物质

Suppl. Fig. 3 Osmotic regulatory substances at 120 d



附图4 激素含量

Suppl. Fig. 4 Hormone contents



附图5 活性成分

Suppl. Fig. 5 Bioactive components

附录2

附表2 不同处理土壤细菌优势菌门及丰度

Suppl. Table 2: Dominant bacterial phyla and relative abundances in soil under different treatments

处理 Treatment	优势菌门（相对丰度＞5%） Dominant bacterial phyla (relative abundances > 5%)
T1	*Proteobacteria*（38.29%）、*Firmicutes*（35.41%）、*Actinobacteria*（18.99%）、*Streptophyta*（4.12%）
T2	*Proteobacteria*（37.28%）、*Firmicutes*（32.81%）、*Actinobacteria*（19.81%）、*Streptophyta*（6.71%）

续表

处理 Treatment	优势菌门（相对丰度＞5%） Dominant phyla（relative abundances > 5%）
T3	*Proteobacteria*（34.78%）、*Firmicutes*（31.99%）、*Actinobacteria*（21.03%）、*Streptophyta*（8.51%）
T4	*Proteobacteria*（33.87%）、*Firmicutes*（35.64%）、*Actinobacteria*（20.81%）、*Streptophyta*（5.79%）
T5	*Proteobacteria*（34.34%）、*Firmicutes*（32.73%）、*Actinobacteria*（23.17%）、*Streptophyta*（5.83%）
T6	*Proteobacteria*（36.80%）、*Firmicutes*（31.74%）、*Actinobacteria*（21.57%）、*Streptophyta*（6.48%）
T7	*Proteobacteria*（37.14%）、*Firmicutes*（33.38%）、*Actinobacteria*（21.51%）、*Streptophyta*（4.03%）
T8	*Proteobacteria*（40.24%）、*Firmicutes*（30.65%）、*Actinobacteria*（20.18%）、*Streptophyta*（4.43%）
T9	*Proteobacteria*（36.58%）、*Firmicutes*（33.42%）、*Actinobacteria*（20.55%）、*Streptophyta*（5.93%）
CK	*Proteobacteria*（32.81%）、*Firmicutes*（37.39%）、*Actinobacteria*（21.91%）、*Streptophyta*（4.22%）

附表3 不同处理土壤细菌优势菌属及相对丰度

Suppl. Table 3: Dominant bacterial genera and their relative abundances in soil under different treatments

处理 Treatment	优势菌属（相对丰度＞1.00%） Dominant bacterial genera（relative abundances > 1.00%）
T1	*Azospirillum*（32.20%）、*Lactobacillus*（28.60%）、*Streptomyces*（9.97%）、*Cutibacterium*（8.32%）、*Virgibacillus*（2.70%）、*Paenibacillus*（2.98%）、*Genlisea*（2.62%）、*Taylorella*（1.64%）*Cinnamomum*（0.93%）、*Vibrio*（1.72%）
T2	*Azospirillum*（31.27%）、*Lactobacillus*（26.37%）、*Streptomyces*（12.06%）、*Cutibacterium*（7.55%）、*Virgibacillus*（3.11%）、Paenibacillus（2.81%）、Genlisea（2.85%）、Taylorella（2.54%）、*Cinnamomum*（2.78%）、*Vibrio*（1.57%）
T3	*Azospirillum*（29.76%）、*Lactobacillus*（24.48%）、*Streptomyces*（12.42%）、*Cutibacterium*（8.45%）、*Virgibacillus*（3.71%）、*Paenibacillus*（3.09%）、*Genlisea*（3.32%）、*Taylorella*（1.95%）、*Cinnamomum*（4.01%）、*Vibrio*（1.40%）
T4	*Azospirillum*（27.16%）、*Lactobacillus*（27.91%）、*Streptomyces*（11.05%）、*Cutibacterium*（9.42%）、*Virgibacillus*（3.66%）、*Paenibacillus*（3.33%）、*Genlisea*（2.52%）、*Taylorella*（2.58%）、*Cinnamomum*（2.08%）、*Vibrio*（2.41%）
T5	*Azospirillum*（28.06%）、*Lactobacillus*（24.92%）、*Streptomyces*（15.69%）、*Cutibacterium*（7.34%）、*Virgibacillus*（4.49%）、*Paenibacillus*（2.87%）、*Genlisea*（3.13%）、*Taylorella*（2.77%）、*Cinnamomum*（1.98%）、*Vibrio*（1.86%）
T6	*Azospirillum*（29.69%）、*Lactobacillus*（23.44%）、*Streptomyces*（11.20%）、*Cutibacterium*（9.95%）、*Virgibacillus*（4.06%）、*Paenibacillus*（3.75%）、*Genlisea*（2.98%）、*Taylorella*（3.26%）、*Cinnamomum*（2.63%）、*Vibrio*（1.85%）
T7	*Azospirillum*（30.92%）、*Lactobacillus*（23.65%）、*Streptomyces*（9.64%）、*Cutibacterium*（11.23%）、*Virgibacillus*（4.85%）、*Paenibacillus*（4.29）、*Genlisea*（2.39%）、*Taylorella*（2.49%）、*Cinnamomum*（1.08%）、*Vibrio*（1.56%）
T8	*Azospirillum*（32.30%）、*Lactobacillus*（21.27%）、*Streptomyces*（8.43%）、*Cutibacterium*（11.30%）、*Virgibacillus*（5.11%）、*Paenibacillus*（3.72%）、*Genlisea*（1.85%）、*Taylorella*（3.22%）、*Cinnamomum*（1.94%）、*Vibrio*（1.21%）
T9	*Azospirillum*（30.42%）、*Lactobacillus*（22.32%）、*Streptomyces*（9.99%）、*Cutibacterium*（10.27%）、Virgibacillus（6.04%）、*Paenibacillus*（3.84%）、*Genlisea*（3.48%）、*Taylorella*（2.51%）、*Cinnamomum*（1.67%）、*Vibrio*（1.59%）
CK	*Azospirillum*（26.94%）、*Lactobacillus*（31.10%）、*Streptomyces*（14.06%）、*Cutibacterium*（7.37%）、*Virgibacillus*（2.02%）、*Paenibacillus*（3.44%）、*Genlisea*（2.59%）、*Taylorella*（1.18%）、*Cinnamomum*（0.85%）、*Vibrio*（1.12%）

附表4 不同处理土壤真菌优势菌门及相对丰度

Suppl. Table 4:Dominant fungal phyla and their relative abundances in soil under different treatments

处理 Treatment	优势菌门（相对丰度＞1.00%） Dominant fungal phyla（relative abundances > 1.00%）
T1	*Ascomycota*（39.66%）、*Basidiomycota*（28.99%）、*Mucoromycota*（12.53%）
T2	*Ascomycota*（57.61%）、*Basidiomycota*（8.43%）、*Mucoromycota*（6.92%）
T3	*Ascomycota*（38.82%）、*Basidiomycota*（12.85%）、*Mucoromycota*（12.94%）
T4	*Ascomycota*（44.20%）、*Basidiomycota*（24.92%）、*Mucoromycota*（11.99%）
T5	*Ascomycota*（63.26%）、*Basidiomycota*（11.00%）、*Mucoromycota*（3.77%）、*Streptophyta*（3.81%）
T6	*Ascomycota*（52.60%）、*Basidiomycota*（13.97%）、*Mucoromycota*（4.31%）
T7	*Ascomycota*（36.76%）、*Basidiomycota*（46.76%）、*Mucoromycota*（3.65%）
T8	*Ascomycota*（38.47%）、*Basidiomycota*（16.62%）、*Mucoromycota*（4.01%）
T9	*Ascomycota*（60.81%）、*Basidiomycota*（15.33%）、*Mucoromycota*（6.83%）
CK	*Ascomycota*（43.73%）、*Basidiomycota*（13.35%）、*Mucoromycota*（21.27%）

附表5 不同处理土壤真菌优势菌属及相对丰度

Suppl. Table 5: Dominant fungal genera and their relative abundances in soil under different treatments

处理 Treatment	优势菌属（>1.00%） Dominant fungal genera (relative abundances > 1.00%)
T1	*Fusarium*（5.39%）、*Penicillium*（2.72%）、*Talaromyces*（6.77%）、*Arxiella*（3.93%）、*Ceratobasidium*（5.57%）、*Rhizoctonia*（1.49%）、*Clitopilus*（14.69%）、*Glomus*（1.21%）、*Calcarisporiella*（1.55%）、*Trichoderma*（1.44%）、*Paraglomus*（1.21%）、*Chloridium*（2.78%）、*Idriella*（2.56%）、*Neopyrenochaeta*（1.06%）
T2	*Fusarium*（15.30%）、*Penicillium*（6.35%）、*Chaetomium*（7.81%）、*Talaromyces*（2.39%）、*Arxiella*（1.72%）、*Rhizoctonia*（2.12%）、G*lomus*（2.31%）、*Trichoderma*（2.04%）、*Coniochaeta*（1.16%）、*Chloridium*（3.21%）、*Curvularia*（2.15%）、*Sebacina*（1.34%）、*Humicola*（1.07%）
T3	*Fusarium*（2.18%）、*Penicillium*（5.28%）、*Chaetomium*（8.22%）、*Talaromyces*（3.03%）、*Arxiella*（1.02%）、*Oliveonia*（1.43%）、*Paraglomus*（1.19%）、*Actinomortierella*（2.63%）、*Curvularia*（1.37%）、*Sebacina*（1.77%）、*Idriella*（1.28%）
T4	*Fusarium*（9.69%）、*Penicillium*（2.09%）、*Chaetomium*（1.71%）、*Talaromyces*（5.05%）、*Glomus*（2.30%）、*Coniochaeta*（5.26%）、*Psathyrella*（5.22%）、*Phialophora*（4.61%）、*Gymnopus*（4.19%）、*Paraglomus*（1.24%）、*Chloridium*（4.48%）、*Curvularia*（2.77%）、*Sebacina*（7.34%）
T5	*Fusarium*（1.46%）、*Penicillium*（14.61%）、*Chaetomium*（16.69%）、*Talaromyces*（4.11%）*Trichoderma*（3.41%）、*Cocculus*（3.51%）、*Xepicula*（1.02%）、*Chloridium*（7.39%）、*Curvularia*（1.34%）、*Derxomyces*（2.06%）
T6	*Fusarium*（2.70%）、*Penicillium*（3.41%）、*Chaetomium*（7.36%）、*Talaromyces*（3.45%）、*Arxiella*（12.73%）、*Rhizoctonia*（2.34%）、*Trichoderma*（8.95%）、*Coniochaeta*（1.73%）、*Psathyrella*（5.56%）、*Mortierella*（1.22%）、*Chloridium*（1.94%）
T7	*Fusarium*（1.90%）、*Penicillium*（9.39%）、*Talaromyces*（3.89%）、*Arxiella*（1.32%）、*Ceratobasidium*（8.71%）、*Rhizoctonia*（3.51%）、*Trichoderma*（4.72%）、*Xepicula*（1.25%）、*Mortierella*（1.27）*Chloridium*（4.94%）、*Phlebia*（35.56%）、*Neopyrenochaeta*（1.03%）
T8	*Fusarium*（4.59%）、*Penicillium*（6.58%）*Chaetomium*（2.02%）、*Talaromyces*（1.35%）、*Arxiella*（1.22%）、*Ceratobasidium*（10.54%）、*Rhizoctonia*（3.41%）、*Trichoderma*（1.41%）、*Colletotrichum*（5.86%）、*Cephaloidophora*（1.76%）、*Mortierella*（2.88%）、*Chloridium*（1.07%）、*Cladosporium*（1.46%）
T9	*Fusarium*（5.15%）、*Penicillium*（8.62%）、*Chaetomium*（2.25%）、*Talaromyces*（14.67%）、*Arxiella*（6.00%）、*Rhizoctonia*（7.60%）、*Glomus*（2.90%）、*Trichoderma*（4.25%）、*Psathyrella*（1.88%）、*Xepicula*（1.98%）、*Isthmolongispora*（1.11%）、*Chloridium*（5.14）、*Curvularia*（1.43%）、*Boothiomyces*（1.49%）
CK	*Fusarium*（16.31%）、*Chaetomium*（5.30%）、*Ceratobasidium*（1.16%）、*Rhizoctonia*（2.53%）、*Glomus*（3.37%）、*Calcarisporiella*（11.85%）、*Trichoderma*（4.48%）