

赖思彤,刘 铭,姜佳良,等. AMEP 蛋白对小麦根际土壤微生态的影响[J]. 江苏农业科学,2025,53(19):281-287.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.19.035

# AMEP 蛋白对小麦根际土壤微生态的影响

赖思彤,刘 铭,姜佳良,郭美君,刘 权  
(黑龙江八一农垦大学,黑龙江大庆 163000)

**摘要:**AMEP 蛋白是一种从枯草芽孢杆菌中分离并鉴定的新型激发子,它能够激活植物的免疫反应,增强植物的抗病能力,并在调节叶际微生物群落结构和促进植物生长等方面发挥重要作用。为了研究 AMEP 蛋白对小麦土壤根际微生态的潜在影响,以叶面喷施的方式向小麦施用浓度为 0.1 mg/mL 的 AMEP 蛋白,设置 7 个处理组,分别为 CK (对照组)、CK 7 d(喷施蒸馏水 7 d 后取样)、CK 14 d(喷施蒸馏水 14 d 后取样)、CK 21 d(喷施蒸馏水 21 d 后取样)、AMEP 7 d(喷施蛋白 7 d 后取样)、AMEP 14 d(喷施蛋白 14 d 后取样)和 AMEP 21 d(喷施蛋白 21 d 后取样),通过高通量测序分析方法研究小麦根际土壤微生物群落结构及多样性分布等特征。结果表明,在土壤养分及理化性质方面,AMEP 蛋白处理显著提高了小麦根际土壤中有机碳、有机质以及部分速效养分的含量。在根际微生物方面,AMEP 蛋白处理导致了根际微生物群落结构的改变,特别是一些具有固氮和溶磷作用的微生物的丰度显著提升,如变形菌门和厚壁菌门等,分别提升 0.98% 和 34.40%。这些变化有助于提升小麦植株的生物固氮、生物溶磷等生态功能,进而促进小麦的健康生长。综上所述,AMEP 蛋白通过叶面喷施的方式改善土壤肥力并优化了根际微生物群落结构,为小麦生长提供更为有利的环境。

**关键词:**AMEP 蛋白激发子;小麦;根际微生物;土壤理化性质

**中图分类号:**S512.106 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)19-0281-07

小麦是我国的主要粮食作物,对粮食安全和经济发展具有重要意义。土壤含有丰富的微生物资源,在营养元素循环和土壤肥力中发挥着重要的作用。根际微生物是植物根系周围存在的大量微生物,是植物健康的重要决定因素<sup>[1]</sup>。植物的生长发育很大程度上依赖于植物根系与根际微生物群落间的动态平衡关系。植物的生命活动可以调节根际微生物群落的种类及丰度,进而影响植物的生理性能<sup>[2]</sup>。环境因子也会直接或间接影响微生物的群落组成及多样性,包括温度、湿度、土壤板结程度及土壤 pH 值等。土壤微生物也与土壤功能联系紧密,微生物群落结构与组成变化会直接影响土壤功能的发挥,土壤微生物的多样性有利于恢复和维持土壤功能<sup>[3-7]</sup>。李国军研究表明,土壤中的营养元素和微生物都参与植物代谢活动,当土壤遭到破坏后,植物正常的生长发育以及多种生理过程均受到不同程度抑制,造成机体生长发育缓慢、代谢活

动紊乱、作物产量与品质下降<sup>[8-9]</sup>。

植物-微生物之间的互作从一定程度上决定着土壤的肥力。微生物有利于有机物的分解、矿化和植物中可用的养分,而植物通过根系分泌物和养分竞争反作用于微生物,影响微生物的多样性和相对丰度<sup>[10-11]</sup>。魏小成等的研究表明,叶片喷施无机盐溶液能够促进红苕根际土壤中无机盐的积累<sup>[12]</sup>。孙伟等研究发现,通过叶面喷施山梨醇螯合钾可以促进花生根系对钾素的吸收和积累<sup>[13]</sup>。张浩然等的研究表明,叶面喷施亚乙基二脲可以通过改变根际微生物群落结构来缓解臭氧对小麦的胁迫<sup>[14]</sup>。

蛋白激发子是激活植物防卫反应的生物源激发子,它能通过信号识别与转导,引发植物防卫反应并激活植物免疫系统,增强植物的抗逆和生长能力<sup>[15]</sup>。AMEP 蛋白是从传统生物防治菌株——枯草芽孢杆菌中分离鉴定的新型激发子,它能够有效地诱导植物产生过敏反应(HR)并促进活性氧(ROS)的积累,从而触发植物的防御机制<sup>[16-17]</sup>。前期研究表明,AMEP 蛋白在激发植物免疫、提高植物抗病性、调节叶际微生物群落结构和促进植物生长等方面发挥着重要作用<sup>[18]</sup>。随着研究的深入,人们发现 AMEP 蛋白在农业和生态领域的应用潜力日益扩大。然而,关于其对植物土壤和根际方面影响

收稿日期:2024-08-29

基金项目:黑龙江省自然科学基金(编号:UH2021C064)。

作者简介:赖思彤(1997—),女,黑龙江鸡西人,硕士研究生,研究方向为植物与微生物互作。E-mail:1030598248@qq.com。

通信作者:刘 权,博士,教授,研究方向为植物与微生物互作。E-mail:18765351@qq.com。

的研究还鲜有报道。基于此,本研究探究 AMEP 蛋白对土壤微生物生态系统中的作用,以期对土壤改良、生态环境保护及农业可持续发展提供科学依据。

### 1 材料与方法

#### 1.1 试验材料

小麦盆栽试验于 2024 年 4 月在黑龙江八一农垦大学植物培养温室中进行,采用营养土、蛭石按体积比 1 : 1 比例混合,温度设置为(25 ± 2) °C,相对湿度保持在 60% ~ 70%,光—暗周期为 16 h—8 h。供试小麦品种为石新 633。试验所用的 AMEP 蛋白提取于枯草芽孢杆菌 BU412,保藏于中国典型培养物保藏中心(CCTCCM2016142)。

#### 1.2 AMEP 蛋白处理方法

在小麦 1 叶 1 心期于叶片喷施浓度为 0.1 mg/mL 的 AMEP 蛋白溶液,以喷施蒸馏水作为对照,随后进行各项表型和指标的测定。

#### 1.3 土壤样品采集

分别在喷施蛋白后 0、7、14、21 d 采集小麦根际土壤样品。选取 3 盒代表性盆栽小麦,收集 0 ~ 3 cm 根系周围土壤,即为根际土壤样品。土壤样品经自然风干和过筛后用于土壤理化性质的测定,包括土壤 pH 值及有机质、有机碳、全氮、速效氮、全磷、速效磷、全钾、速效钾含量,具体操作步骤参考谢仕祺的方法<sup>[20]</sup>。

#### 1.4 小麦根系形态的测定

使用 LA - S 植物图像分析仪(万深 LA - S Phantom 9850 XLPLUS,中国)收集根系的形态学数据,包括根长、表面积、总体积及根尖数。

#### 1.5 小麦根际土壤酶活性测定

参照鲍士旦所述的方法<sup>[21]</sup>测定小麦根际土壤酶活性,包括蔗糖酶、纤维素酶、中性磷酸酶和过氧化氢酶活性。

#### 1.6 土壤微生物测定

通过高通量测序技术,用 FLASH 和 Illumina NovaSeq 测序平台优化原始数据,再用 Uparse 软件进行操作分类单元聚类,在 Silva 数据库中进行比对分析。

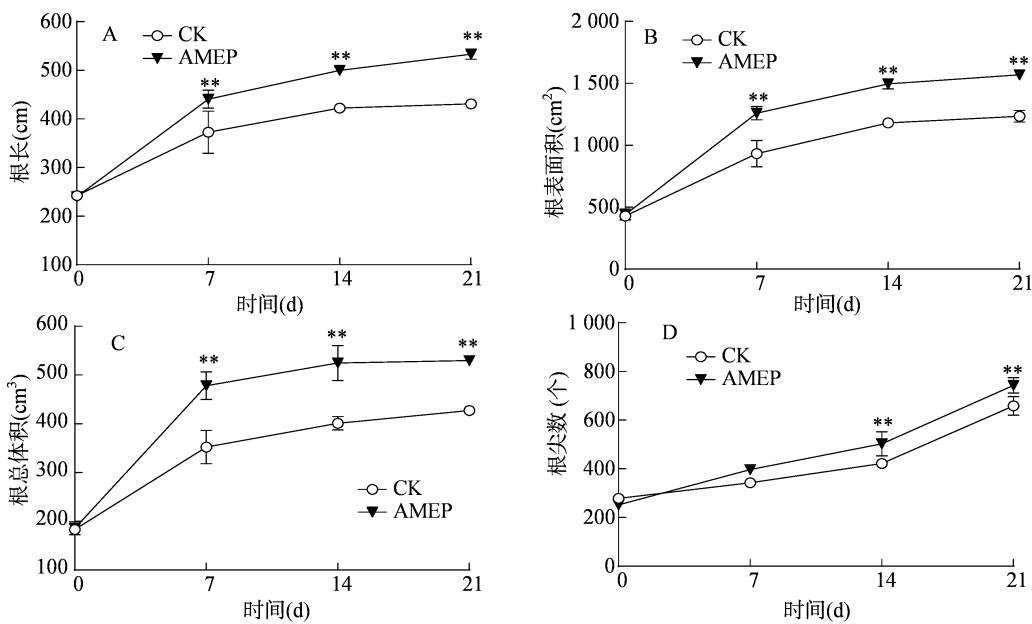
#### 1.7 数据分析

使用 WPS Office 2023 软件处理数据,并利用 SPSS 27.0 软件进行统计分析,使用 GraphPad Prism 8.3.0 和 Canoco 5 软件进行图形绘制。

### 2 结果与分析

#### 2.1 AMEP 蛋白对小麦根系形态的影响

由图 1 可知,AMEP 蛋白会促进小麦根系的生长。随着时间的推移,小麦的根长、根表面积、根总体积以及根尖数量均呈现出增长的趋势。在 AMEP 蛋白激发子处理后,小麦的 4 个指标都表现出不同程度的增加。小麦根长、根表面积和根总体积在 AMEP 蛋白处理后 7 d 呈现显著提升,根尖数在处理 14 d 时出现显著提高。



\*、\*\* 分别表示 CK 与 AMEP 在 0.05、0.01 水平差异显著。图 2~图 4 同

图 1 AMEP 蛋白激发子处理后小麦根系形态的影响

## 2.2 AMEP 蛋白对小麦根际土壤理化性质的影响

由图 2、图 3 可知,在喷施 AMEP 蛋白后,土壤 pH 值相比于对照组有所升高,土壤 pH 值更偏中性。小麦根际土壤中的有机碳含量呈上升趋势,全氮含量降低,导致碳氮比增高。土壤中的有机质含量在 AMEP 蛋白处理后也有所提高。

土壤中有机质含量的提升,为微生物提供了更加丰富的营养和能量来源,从而促进了各种含磷有机化合物的分解过程,形成更多的磷酸,从而提高磷元素含量。全磷含量会受到溶磷微生物的影响,

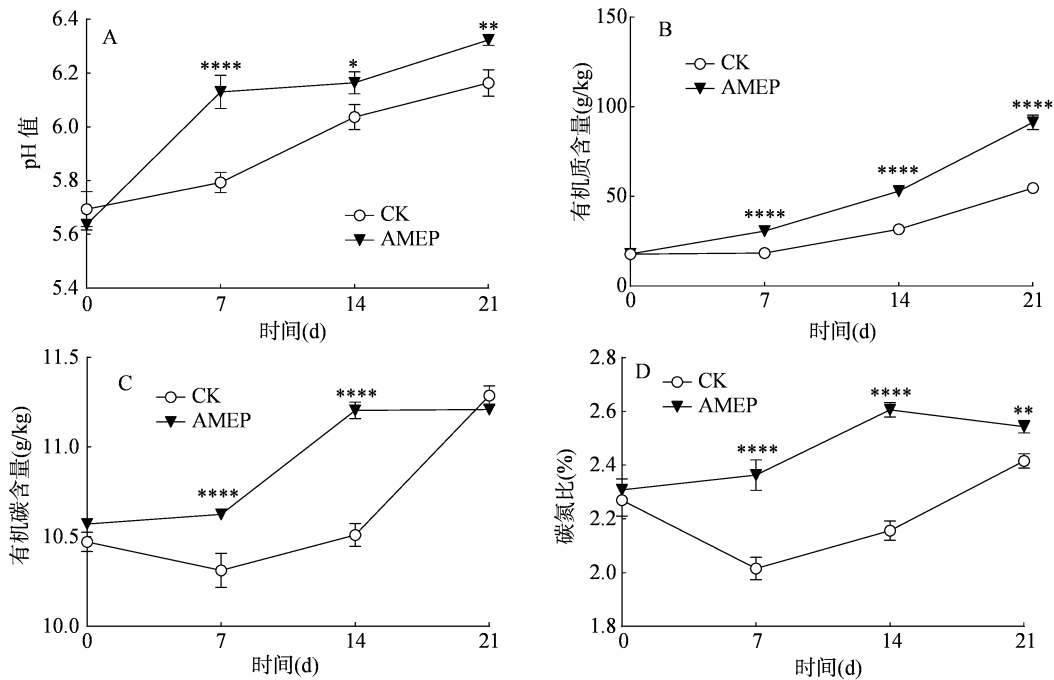


图2 AMEP 蛋白对土壤 pH 值、有机质含量、有机碳含量和碳氮比的影响

## 2.3 AMEP 蛋白对小麦根际土壤酶活性的影响

土壤中的蔗糖酶能够催化蔗糖水解,生成葡萄糖和果糖,这一过程促进了土壤有机碳的转化以及植物养分的供应,进而对土壤质量和肥力产生影响。此外,土壤中的过氧化氢酶负责分解过氧化氢,释放氧气,这有助于促进土壤中的氧化还原反应,从而提高土壤中氮、磷、钾等元素的有效性,有利于作物对这些养分的吸收。土壤纤维素酶的主要作用是将纤维素降解为葡萄糖。土壤中性磷酸酶的主要作用是催化土壤中的有机磷化合物发生水解反应,生成无机的磷酸盐。由图 4 可知,土壤蔗糖酶和过氧化氢酶在蛋白处理前后都随着时间的变化呈上升趋势,AMEP 蛋白处理后,蔗糖酶、纤维素酶和中性磷酸酶活性显著提升,处理后 7 d 3 种酶活性分别提升 31.13%、103.96% 和 32.14%。过

氧化氢酶活性在处理 7 d 相比于对照组有显著提升但在 21 d 时显著低于对照组。

AMEP 蛋白处理后全磷含量也呈上升趋势。全氮含量相比于对照组降低,说明 AMEP 蛋白处理后的小麦在土壤中生长和发育时提高了对氮元素的吸收,此外,土壤中的厚壁菌门、变形菌门中的假单胞菌属等微生物能够进行脱氮作用,即将土壤中的氮元素转化为氮气或其他形式的固氮,供植物吸收和利用。全钾含量未见显著变化,表明 AMEP 蛋白对土壤全钾含量的影响并不显著。速效钾在 7 d 时低于对照组,说明在 7 d 时作物吸钾量提升,随后趋于一致。

2.4 AMEP 蛋白对小麦根际土壤微生物的影响

2.4.1 AMEP 蛋白对小麦根际土壤微生物群落  $\alpha$  多样性的影响 根据表 1 中的各项指数对比,所有样本的覆盖度 (Coverage) 均超过 99.9%,这表明测序数据量是适宜的,能够充分反映样本中微生物的真实状况。其中,Shannon 指数代表了样本的不确定性,相较于对照组,平均提升了 3.29%;ACE 和 Chao 1 指数是估算物种总数的指数,用于估算操作分类单元数目,喷施蛋白后分别平均提升了 9.40% 和 9.13%;Simpson 指数反映了生态优势度,优势度指数越高,微生物多样性就越低,在蛋白处理后 Simpson 指数平均提升 0.18%,尽管蛋白在影响土壤根际微生物群落多样性方面表现不突出,但其对

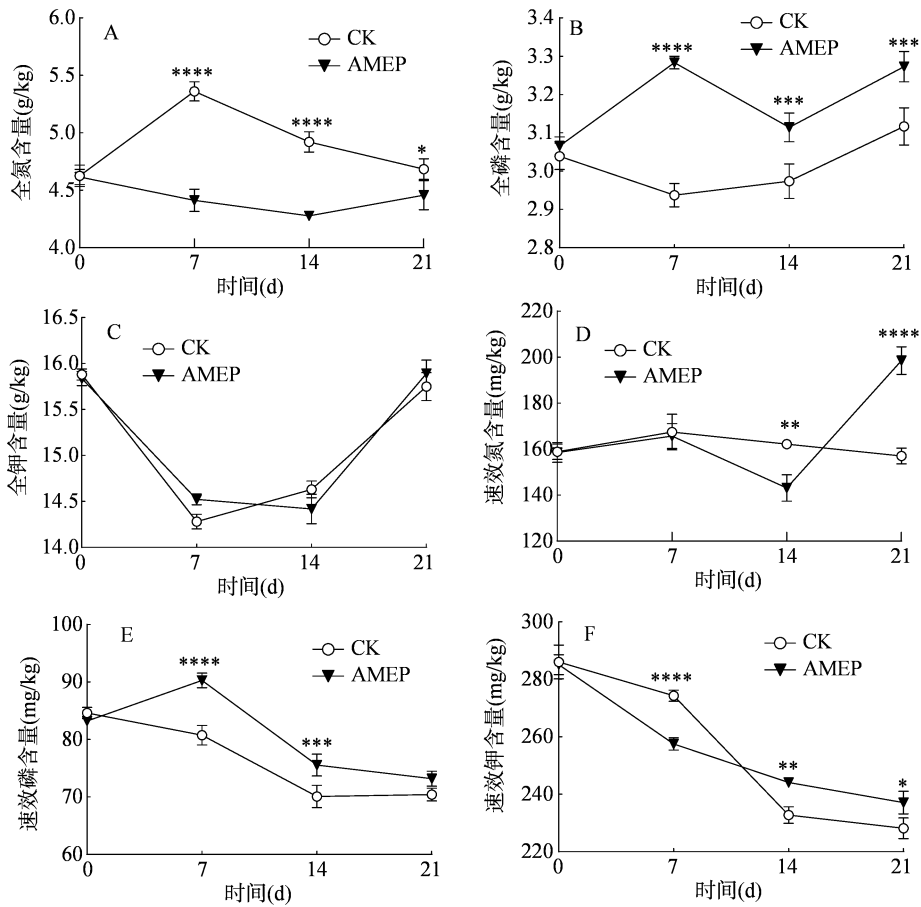


图3 AMEP 蛋白对土壤氮、磷、钾含量的影响

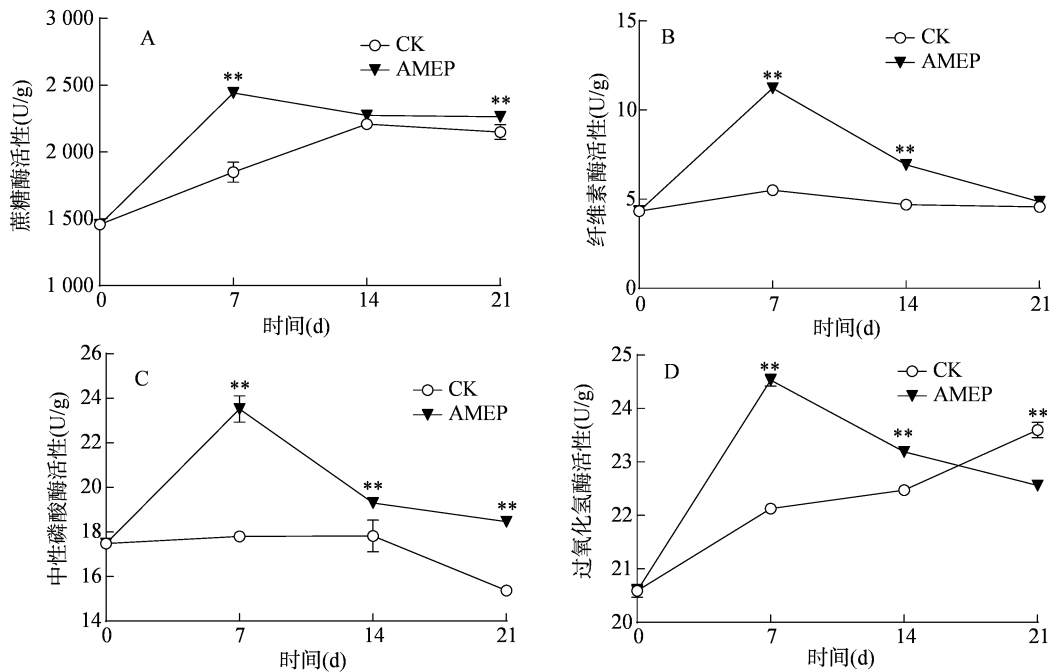


图4 AMEP 蛋白对小麦根际土壤酶活性的影响

微生物群落数量的影响却是显著的。

2.4.2 AMEP 蛋白对根际土壤微生物 β 多样性的影响 对蛋白处理前后土壤中高通量测序所获得

的操作分类单元数目抽平后,基于主坐标分析(PCoA)的细菌群落进行 β 多样性分析,反映了微生物菌群差异。主坐标分析的数据(图 5)显示,第

表 1 AMEP 蛋白对小麦根际微生物 α 多样性指数的影响

处理	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Chao1 指数	Coverage (%)
对照组	1 209.308 4	8.927 0	0.994 6	1 207.055 2	99.97
CK 7 d	1 174.442 8	9.050 5	0.995 9	1 172.302 9	99.97
AMEP 7 d	1 391.407 6	9.143 4	0.995 8	1 380.756 8	99.92
CK 14 d	1 428.850 0	9.426 6	0.997 1	1 424.877 5	99.95
AMEP 14 d	1 278.755 1	9.160 3	0.996 3	1 269.966 3	99.92
CK 21 d	1 239.218 9	9.248 7	0.996 7	1 237.552 0	99.96
AMEP 21 d	1 425.338 0	9.296 4	0.996 6	1 418.149 2	99.94

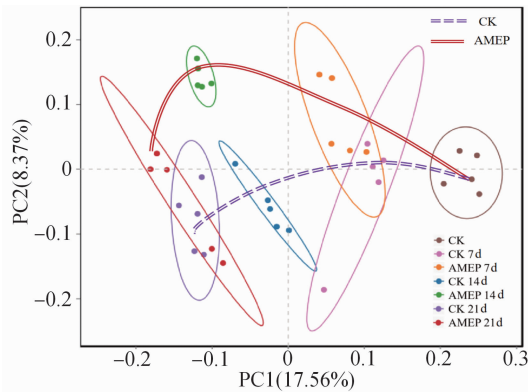


图 5 根际微生物群落组成 PCoA 分析

表 2 品各等级物种统计

处理	门 (个)	纲 (个)	目 (个)	科 (个)	属 (个)
对照组	26	56	143	245	387
CK 7 d	25	51	136	232	366
AMEP 7 d	26	55	141	243	393
CK 14 d	26	55	142	247	409
AMEP 14 d	24	49	131	225	368
CK 21 d	25	51	136	237	383
AMEP 21 d	25	54	139	242	393

1 主成分(PC1)和第 2 主成分(PC2)对土壤微生物群落差异的贡献率分别为 17.56%、8.37%。在 AMEP 蛋白处理后 7、14 d 时,2 组出现明显分离趋势,说明 2 个组间的微生物群落存在显著差异。处理后 21 d 时 2 组微生物交织在一起但不完全重合,说明微生物群落间存在差异但较小。结果表明,AMEP 蛋白通过叶片喷施的方式处理小麦会影响其根际微生物群落的多样性。

2.4.3 AMEP 蛋白对小麦根际微生物分类学组成的分析 在分析供试土壤样品时,以 97% 的相似度水平对 2 组样本序列进行了操作分类单元(OTU)聚类分析(表 2),研究共识别出 34 个门、79 个纲、218 个目、414 个科和 716 个属。结果显示,经过 AMEP 蛋白处理的小麦根际微生物,在门、纲、目、科、属各个分类水平上的数量大都高于未处理的对照组。

2.4.4 AMEP 蛋白对小麦根际微生物门水平群落影响 如图 6 - A 所示,通过对 2 组土壤样本进行高通量测序,分析出门水平上的优势细菌群落。其中变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、绿弯菌门、黏球菌门、未分类细菌、厚壁菌门和蛭弧菌门分别提升 0.98%、0.50%、47.81%、10.42%、18.57%、27.77%、34.40% 和 65.06%。芽单胞菌门和放线

菌门相对丰度分别下降 27.51% 和 26.27%。

2.4.5 AMEP 蛋白对小麦根际微生物属水平群落影响 在属水平上(图 6 - B),选取了相对丰度最高的前 10 名优势菌属,在蛋白处理后 7 d 时,相对丰度有所上升的包括鞘氨醇单胞菌属、溶杆菌属、假单胞菌属和未分类的鞘氨醇单胞菌科分别提高了 21.79%、3.08%、9.04% 和 3.90%。芽单胞菌属、未分类的芽单胞菌科、藤黄单胞菌属、假乳杆菌属、未分类邻微杆菌目和未分类的邻微杆菌科分别降低 23.02%、27.67%、0.93%、4.38%、0.13% 和 11.24%。

2.4.5 细菌群落结构与环境因子关联分析 通过冗余分析的方法研究了细菌群落结构组成与环境因子之间的关系,环境因子包括 pH 值、碱解氮、有效磷、速效钾和有机质。由图 7 可见,相对于速效磷和速效氮来说,AMEP 蛋白激发子、pH 值、速效钾和有机质等影响因子对细菌群落的分布影响较大。从环境因子与样本之间的关系来看,AMEP 处理组与速效磷、速效钾和速效氮呈正相关,与有机质和 pH 值呈负相关。从图 7 还可分析这些环境因子与相对丰度前 10 的细菌属之间的关系,大多数菌属与土壤肥力因子呈正相关。RDA1 和 RDA2 分别解释了总变异的 10.12% 和 5.65%。

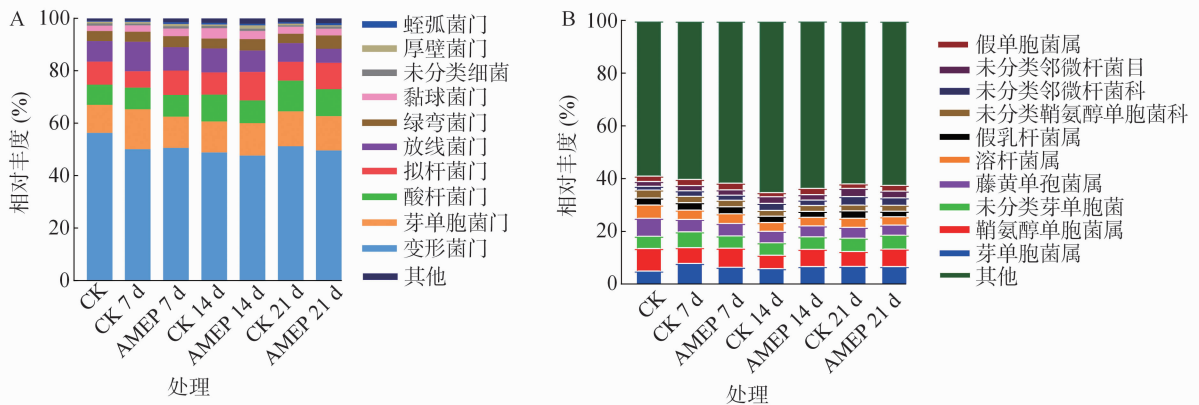


图6 小麦根际土壤门、属水平上的微生物物种组成

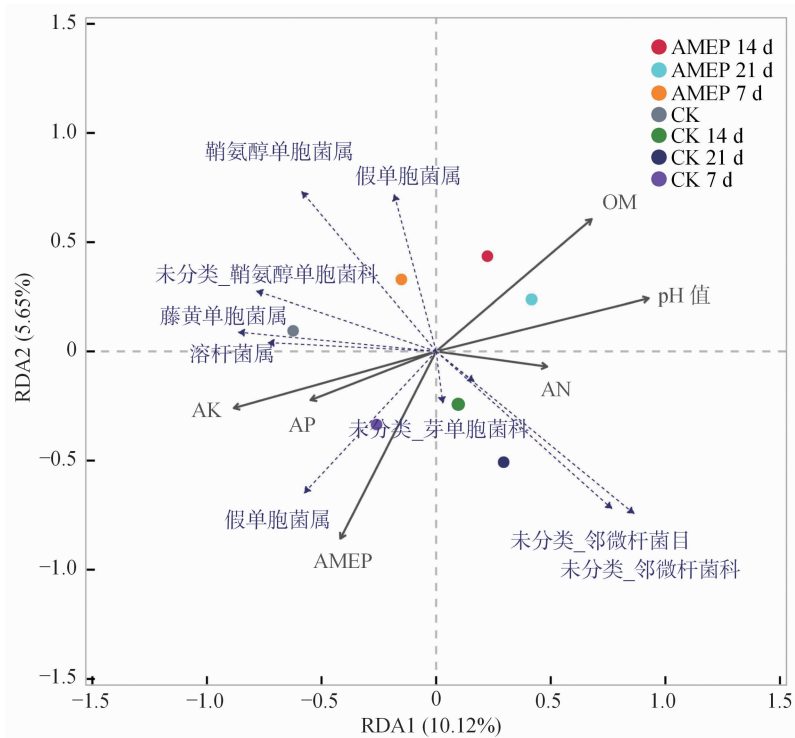


图7 土壤理化性质对菌群结构的影响

### 3 讨论与结论

土壤中全氮含量的增减主要受到氮素积累与消耗相对量的影响,这实际上是氮素积累与消耗相互作用的结果,尤其依赖于土壤有机质的生物积累过程。土壤中众多的微生物会引发多种生物化学反应,其中包括硝化作用和脱氮作用。硝化作用是指将土壤中的有机氮转化为硝酸盐型氮,而脱氮作用则是指将土壤中的氮元素转化为氮气或其他形式的固氮,这些反应将导致土壤中的氮含量下降。蛋白处理后土壤中全氮含量相比于对照组下降,说明在处理后提高了小麦在土壤中生长和发育时对

氮元素的吸收和利用。

在评估土壤肥力时,土壤中的碳、氮、磷含量被视为三大核心指标,它们与植物的生长发育紧密相连,共同影响着作物的产量和品质。AMEP 蛋白处理后,小麦根际土壤中的速效养分和有机碳含量均有所增加。这一变化不仅促进了土壤肥力的提升,还为小麦的健康成长提供了更加丰富的营养来源。此外,土壤 pH 值的提高有效地缓解了土壤酸化问题,为作物的生长营造了更为适宜的环境。

土壤酶活性构成了土壤组成的关键部分,其水平是衡量土壤酶催化物质转化能力的关键指标<sup>[22-24]</sup>。在 AMEP 蛋白激发子处理后 7 d,土壤蔗

糖酶活性有显著提升,后期无显著变化。土壤纤维素酶能够将纤维素分解成葡萄糖,从而促进有机质的分解与循环,这对于保持土壤的健康和提高其生产力是至关重要的。蛋白处理后7 d和14 d,与对照组相比,土壤纤维素酶活性有显著的提升。土壤中中性磷酸酶作为一种水解酶,能够催化土壤中的有机磷化合物进行水解反应,进而生成可供植物吸收利用的无机磷酸盐。在蛋白处理后7 d,小麦根际土壤中的中性磷酸酶活性显著增强。

在植物与微生物相互作用的过程中,根际微生物对植物的生长及抗逆性发挥着至关重要的作用,它们能够揭示土壤环境的变迁,并反映出土壤的健康状况<sup>[25]</sup>。研究发现,AMEP蛋白有助于优化根际细菌群落结构,并增强小麦根际优势菌群的相对丰度。在经过AMEP蛋白处理的土壤中,变形菌门、厚壁菌门、假单胞菌属等具有固氮能力的菌株会进行脱氮作用,即将土壤中的氮元素转化为氮气或其他可供植物吸收利用的固态氮形式。假单胞菌还具有溶磷作用,在蛋白处理后,其相对丰度高于对照组。

综上所述,AMEP蛋白激发子展现出了其独特的生态调控功能,它通过间接作用机制,对未直接接触的根际微生物施加影响。这一机制有效调节了根际微生物群落的结构,显著促进了有益微生物种群的繁衍与定植。在此过程中,AMEP蛋白激发子不仅优化了土壤环境,还为小麦植株提供了更加肥沃的生长土壤,因此,提升了小麦植株对土壤养分的吸收和利用效率。经过AMEP蛋白的处理,小麦根际土壤的肥力得到了显著提升,微生物群落也变得更加丰富多样。这一系列积极的变化,间接地促进了小麦植株的茁壮成长,为小麦的高产和优质奠定了坚实基础。

#### 参考文献:

- [1]孟缘,付心雨,鞠吉东,等. 根际微生物介导药用植物-土壤负反馈形成连作障碍的作用机制[J]. 科技导报,2023,41(16): 82-88.
- [2]刘京伟,李香真,姚敏杰. 植物根际微生物群落构建的研究进展[J]. 微生物学报,2021,61(2):231-248.
- [3]樊振华. 小陇山国家级自然保护区油松、华山松土壤微生物群落特征研究[D]. 兰州:西北师范大学,2010:2-9.
- [4]陆海飞. 秸秆生物质炭对稻田的持续性影响:不同土壤对比及团聚体水平微生物区系及功能的研究[D]. 南京:南京农业大学,2019:2-9.
- [5]刘亚军,马琨,李越,等. 马铃薯间作栽培对土壤微生物群落结构与功能的影响[J]. 核农学报,2018,32(6):1186-1194.
- [6]王超群,焦如珍,董玉红,等. 不同林龄杉木人工林土壤微生物群落代谢功能差异[J]. 林业科学,2019,55(5):36-45.
- [7]朱婧,李倩磊,郭等等,等. 不同施肥处理对纽荷尔脐橙根系生长及土壤生物学性质的影响[J]. 江苏农业科学,2021,49(10): 96-102.
- [8]李国军. 大量营养元素对玉米苗期铬吸收及生理特性的影响研究[D]. 太原:山西大学,2010:5-7.
- [9]陈美榕,王宗松,汪诗平,等. 基于文献计量分析植物和微生物驱动的土壤有机碳累积的研究进展[J]. 中国草地学报,2024,46(10):112-123.
- [10]张英英,魏玉杰,杨宪忠,等. 药用植物连作障碍形成机理研究进展[J]. 现代农业科技,2023(3):87-91.
- [11]陈冬梅. 作物多样性栽培对烟草连作障碍的生态调控机制[D]. 福州:福建农林大学,2010:16-19.
- [12]魏小成,李成义,周瑞娟,等. 叶面施肥对红芪及其根际土壤无机元素累积的影响[J]. 中成药,2023,45(5):1722-1729.
- [13]孙伟,张欢洋,魏倩倩,等. 叶面喷施山梨醇螯合钾对花生产量及根际土壤微生物群落的影响[J]. 土壤学报,2024,61(4): 1099-1110.
- [14]张浩然,施羽,刘园园,等. 臭氧污染和亚乙基二脲喷施对小麦根际细菌群落的影响[J]. 土壤学报,2024,61(6):1694-1702.
- [15]姚桢. Harpin促进植物生长和诱导抗旱的信号传导解析以及作用定位的初步研究[D]. 南京:南京农业大学,2004:12-17.
- [16]王思文,刘权,殷奎德. 干旱胁迫下蛋白激发子AMEP对绿豆和红小豆生理代谢的影响[J]. 山东农业科学,2023,55(1): 69-74.
- [17]万恒东,岳文涛,赵锋,等. 尿素对蛋白激发子AMEP功能活性的影响[J]. 现代农业科技,2022(2):97-99,107.
- [18]郭世伦,张斌斌,李惠洋,等. AMEP蛋白在不同芽孢杆菌中的表达量及活性差异分析[J]. 安徽农学通报,2020,26(20): 23-25.
- [19]万恒东,岳文涛,赵锋,等. 无机盐种类与用量对AMEP蛋白表达水平的影响[J]. 安徽农学通报,2021,27(18):24-26.
- [20]谢仕祺. 土壤调理剂对凉山州植烟土壤微生物区系的影响及其相关性分析[D]. 郑州:郑州大学,2021:8-10.
- [21]鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2000:48-50.
- [22]姚佳禾. 若尔盖高原湿地典型植被土壤水解酶特征及其对生态因子的响应[D]. 兰州:兰州大学,2020:1-6.
- [23]陈平. 苏北地区林粮间作系统的土壤性状及林木对小麦他感作用研究[D]. 南京:南京林业大学,2004:14-27.
- [24]黄相玲. 施肥对罗汉松土壤酶活性及微生物群落功能多样性的影响[D]. 南宁:广西大学,2019:7-22.