

## 研究报告

## 林下三七种植对土壤微生物群落的影响

李京豪, 黎建强\*, 高朗, 周云

西南林业大学生态与环境学院, 云南 昆明 650224

李京豪, 黎建强, 高朗, 周云. 林下三七种植对土壤微生物群落的影响[J]. 微生物学通报, 2024, 51(6): 1995-2012.

LI Jinghao, LI Jianqiang, GAO Lang, ZHOU Yun. Cultivation of *Panax notoginseng* in forestland alters the soil microbial community[J]. Microbiology China, 2024, 51(6): 1995-2012.

**摘要:**【背景】目前, 林下三七种植对林地土壤的理化性质及其土著微生物群落结构和功能产生影响的研究比较匮乏。开展林下三七种植对土壤微生物群落影响的研究将对林下三七种植产业发展具有重要的科学指导意义。【目的】分析林下不同生长期的三七种植地在雨季、旱季的土壤微生物群落变化特征, 阐明林下土壤微生物群落对于三七种植过程的响应规律及其关键影响因子。【方法】选择未种植三七的人工自然林地土壤为对照, 以不同生长期的三七种植林地土壤为研究对象, 运用高通量测序技术和生物化学分析方法, 对林下三七种植过程中林地土壤微生物群落的动态变化进行研究, 并在此基础上采用冗余分析法分析土壤微生物群落变化的驱动因子。【结果】自然对照林地和三七种植林地土壤中优势细菌种群以变形菌门(*Proteobacteria*)为主, 优势真菌种群以担子菌门(*Basidiomycota*)为主, 并且有益微生物门和属的相对丰度都呈现增加趋势。自然对照林地中土壤真菌和细菌特有属的个数最少, 而两年生三七种植林地土壤真菌和细菌特有属的个数最多, 三年生三七种植林地土壤 Chao1 和 ACE 指数最高; 主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA)结果显示, 三七种植林地土壤微生物组成的分布区范围随着种植年份的增加出现偏移, 且分布圈范围呈逐年缩小趋势; 相较于雨季, 旱季土壤微生物组成的分布范围整体表现为更紧密的特征。冗余分析(redundancy analysis, RDA)表明, 土壤中全磷和酸性磷酸酶是影响三七种植林地土壤微生物群落变化的主要驱动因素。【结论】林下三七种植过程显著改变了种植地土壤微生物的组成, 随着种植年份增加微生物组成分布的范围表现出了逐步偏移和收缩的趋势, 雨旱季交替加速了三七种植林地土壤微生物群落组成与结构的分化过程。全磷和酸性磷酸酶是影响土壤微生物群落的主要环境因子。

**关键词:** 三七; 林下种植; 微生物群落; 高通量测序; 环境因子

资助项目: 昆明市科技“揭榜挂帅制”项目(2021JH002); 云南省科技重大专项计划(202102AE090042-03); 云南省兴滇英才支持计划青年人才专项(XDYC-QNRC-2022-0205); 国家自然科学基金(32060345)

This work was supported by the Kunming Science and Technology “List of Commander-in-chief” Project (2021JH002), the Science and Technology Major Special Program of Yunnan Province (202102AE090042-03), the Xingdian Talent Support Program for Young Talent Special Project of Yunnan Province (XDYC-QNRC-2022-0205), and the National Natural Science Foundation of China (32060345).

\*Corresponding author. E-mail: lijianqiang@swfu.edu.cn

Received: 2023-11-11; Accepted: 2024-01-07; Published online: 2024-03-04

# Cultivation of *Panax notoginseng* in forestland alters the soil microbial community

LI Jinghao, LI Jianqiang\*, GAO Lang, ZHOU Yun

School of Ecology & Environment, Southwest Forestry University, Kunming 650224, Yunnan, China

**Abstract:** [Background] The knowledge is limited about the effects of *Panax notoginseng* cultivation in forestland on the physicochemical properties of the soil and the structure and function of the soil microbial community. Studying such effects will be of great significance in guiding the cultivation of *P. notoginseng* in forestland. [Objective] To analyze the soil microbial communities in the forestland cultivated with *P. notoginseng* for different years during the rainy and dry seasons, and to elucidate the response patterns of soil microbial communities to the *P. notoginseng* cultivation process as well as the key influencing factors. [Methods] The natural forestland soil without *P. notoginseng* cultivation was taken as the control. High-throughput sequencing and biochemical tests were carried out to reveal the dynamics of soil microbial communities in the soil of the forestland with *P. notoginseng* cultivation. Based on the results, the redundancy analysis was then performed to clarify the drivers of the microbial community changes. [Results] The dominant bacteria and fungi in the soil of the forestland with and without *P. notoginseng* cultivation were *Proteobacteria* and *Basidiomycota*, respectively. The abundance of beneficial microbial phyla and genera showed an increasing trend. The number of unique genera of fungi and bacteria in soil was the lowest in the control, while it was the highest in the forestland with two-year *P. notoginseng* cultivation. The Chao1 and ACE indexes were the highest in the forestland with three-year *P. notoginseng* cultivation. The results of the principal coordinate analysis showed that the microbial distribution area in the forestland with *P. notoginseng* cultivation shifted and shrank with the increase in cultivation years. The soil microbial community composition was more similar among different groups in the dry season than in the rainy season. The redundancy analysis showed that total phosphorus and acid phosphatase were the main soil factors driving the changes of soil microbial communities in the forestland with *P. notoginseng* cultivation. [Conclusion] *P. notoginseng* cultivation in the forestland significantly changed the microbial community composition in the soil, and the microbial distribution presented a gradual shift and contraction with the increase in cultivation years. The alternation of rainy and dry seasons accelerated the composition and structure differentiation of the soil microbial communities in the forestland with *P. notoginseng* cultivation. Total phosphorus and acid phosphatase were the main environmental factors affecting the soil microbial communities.

**Keywords:** *Panax notoginseng*; forestland cultivation; microbial community; high-throughput sequencing; environmental factors

微生物是土壤中最活跃的部分之一,是土壤分解系统的主要成分,在推动土壤物质转换、能量流动和生物地化循环中起着重要作用<sup>[1]</sup>。土壤微生物通过各种生态功能和代谢过程紧密联系在一起,驱动土壤中关键生态过程和生物化学反应,维持着土壤生态系统的稳定。土壤微生物与植物之间的相互作用构成了土壤生态系统中重要的生态过程,其复杂性和多样性在维持土壤健康和促进植物生长方面具有关键作用<sup>[2]</sup>。

三七 [*Panax notoginseng* (Burkill) F. H. Chen] 是五加科人参属多年生草本植物,是我国西南地区特有的道地名贵药材,主要用于治疗心脑血管疾病<sup>[3]</sup>。云南省作为主产区,种植面积和产量约占全国的 98% 以上<sup>[4]</sup>,但三七种植连作障碍突出<sup>[5]</sup>,且种植需占用大量耕地资源,与粮食作物竞争土地,潜在导致耕地资源枯竭。林下三七是利用林下生物间“相生相克”和林下生态环境与三七生长环境的需求相耦合的原理,让三七回归山野林下,实现三七在林下标准化、规范化和规模化的生产,建立药效第一的药材种植模式。林下种植三七可以减缓三七种植与粮食用地之间的矛盾<sup>[6]</sup>,同时林地中拥有较高的生物多样性,能更好地优化三七种植环境进而实现三七生态种植<sup>[7]</sup>。

植物种植会导致土壤环境的变化,包括种植区域中的微环境<sup>[8]</sup>、土壤养分<sup>[9]</sup>和植物根系分泌物<sup>[10]</sup>等方面,植物的进入会显著影响当地土壤微生物群落的结构和功能<sup>[11]</sup>。植物生长过程中通过根系来释放根系分泌物和根系残留物等有机物质,作为周围土壤微生物的碳源和能量来源<sup>[12]</sup>。这些有机物质可以增加微生物的数量和活性,促进微生物的生长和繁殖<sup>[13]</sup>。植物种类的变化和引入,为微生物提供了多样化的生境,生境的变化有利于特定微生物的代谢,进

而形成独特而复杂的微生物群落<sup>[14-15]</sup>。微生物群落组成和结构的改变又会间接促使土壤酶活性的变化<sup>[12]</sup>,最终使土壤微生态环境发生变化而对植物生长产生影响<sup>[16]</sup>。林下三七种植改变了林下物种或植物群落组成,可能对土壤微生物产生影响。

林下三七种植尚处于起步阶段,现有研究集中于基因表达<sup>[17]</sup>、生长品质<sup>[18]</sup>和种植区分析<sup>[19]</sup>等,缺乏关于林下三七种植对林地土壤微生物群落组成、多样性的影响及机制的系统研究。因此,本研究以自然林地作为对照,以林下三七种植林地作为研究对象,基于高通量测序技术和生物化学分析方法,通过对自然对照林地和不同生长期林下三七种植林地雨季和旱季土壤微生物群落组成和结构特征的对比分析,对林下三七种植对土壤微生物特征的影响规律进行研究。并在此基础上,通过对土壤理化性质及土壤酶活性特征的测定,对微生物特征与土壤理化性质的关系进行研究,分析三七种植过程中土壤微生物特征变化的影响因素,为林下种植对土壤功能的影响评估提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验地位于云南省临沧市临翔区博尚镇小道河林场(23°43'16"N, 100°7'3"E)。研究区属于亚热带山地季风气候,存在明显的雨季和旱季,研究区海拔为 2 210 m,土壤为红壤酸性土。年平均降雨量为 1 254 mm,且多集中于 5-12 月,日照充足,温差较大,年平均气温为 14.68 °C,最高气温 37.06 °C,最低气温 2.53 °C。试验区主要乔木为云南松(*Pinus yunnanensis*)近熟林,郁闭度为 0.7,平均树高为 17.5 m,平均胸径为 27 cm。林下灌木主要有金丝桃(*Hypericum monogynum*)、西南木荷(*Schima wallichii*)、南烛

(*Vaccinium bracteatum*), 草本植物主要有香茶菜(*Isodon amethystoides*)、紫金泽兰(*Ageratina adenophora*)、竹叶草(*Oplismenus compositus*)等。

在三七的种植过程中, 首先对林地进行清理, 清除枯落物层, 去除杂草、杂木和树根等; 随后使用小型旋耕机对土壤进行翻耕, 翻耕 2–3 次, 深度通常在 20 cm; 三七对土壤水分的需求较为特殊, 过多的水分可能引发病害, 因此需要修建种植垄。种植垄通常沿等高线布置, 垄宽约为 135 cm, 垄间距为 115 cm。

将在苗圃培育的 1 年生三七苗, 在 12 月初至次年 1 月中下旬以 10–15 cm 的株行距移植至提前整理好的垄面, 移植后在垄面覆盖一层约 2.5 cm 厚的松针。三七在林下种植培育时间为 2 年。

## 1.2 试验设计和采样方法

本试验以自然林地(CK)作为对照, 以两年生三七种植林地(BP)和三年生三七种植林地(TP)为研究对象。分别于 2022 年雨季和旱季在自然对照林地(RCK, DCK)、两年生三七种植林地(RBP, DBP)、三年生三七种植林地(RTP, DTP)采集土壤样品, 所有样品均来自 0–20 cm 土层, 共采集 42 个土样。采样前对采样工具进行高温灭菌处理, 采集后土壤装入无菌密封袋, –20 °C 冰箱中保存并且迅速带回实验室。将采集的土样分为 2 份, 一份用于土壤微生物群落特征测定; 另一份风干后进行研磨、过筛, 用于土壤理化性质和酶活性的测定。

## 1.3 主要试剂和仪器

土壤微生物 DNA 抽提试剂盒(QJ 磁珠), Qiagen 公司。NanoDrop 2000 超微量分光光度计, Thermo Fisher Scientific 公司; MiSeq 高通量测序仪, Illumina 公司; 生化培养箱, 天津泰斯特公司; 火焰光度计, 上海仪电公司; 紫外分光光度计, 北京普析通用公司; 连续流动分

析仪, SEAL Analytical 公司。

## 1.4 土壤理化性质和酶活性的测定

土壤 pH 采用电位法测定(土:水质量比为 1:2.5); 有机质(soil organic matter, SOM)采用重铬酸钾外加热法测定; 速效磷(available phosphorus, AP)用氟化铵溶液浸提, 采用钼锑抗比色法测定; 速效钾(available potassium, AK)用乙酸铵溶液浸提, 采用火焰光度计进行测定; 土壤微生物量碳(microbiomass carbon, MBC)和微生物量氮(microbiomass nitrogen, MBN)使用氯仿熏蒸浸提后分别采用重铬酸钾氧化-外加热法和紫外分光光度计测定<sup>[20]</sup>; 全氮(total nitrogen, TN)、全磷(total phosphorus, TP)用浓硫酸-过氧化氢消煮后采用连续流动分析仪测定<sup>[21]</sup>。土壤脲酶(urease, URE)用苯酚钠比色法测定; 酸性磷酸酶(acid phosphatase, ACP)用磷酸苯二钠比色法测定; 过氧化氢酶(catalase, CAT)用高锰酸钾滴定法测定; 蔗糖酶(invertase, INV)用 3,5-二硝基水杨酸比色法<sup>[22]</sup>测定。

## 1.5 土壤微生物群落测定

根据 QJ 磁珠说明书进行微生物群落总 DNA 抽提, 使用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量, 使用 NanoDrop 2000 测定 DNA 浓度和纯度; 使用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAG GCAGCAG-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGT WTCTAAT-3')对细菌 16S rRNA 基因的 V3–V4 区进行扩增, 使用引物 ITS1F (5'-CTTGGTCAT TTAGAGGAAGTAA-3')和 ITS2R (5'-GCTGCG TTCTTCATCGATGC-3')对真菌 ITS 的 ITS1 区进行扩增。338F/806R 的 PCR 反应体系: 5×FastPfu Buffer 4 μL, dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μL, 上、下游引物(5 μmol/L)各 0.8 μL, FastPfu 聚合酶 0.4 μL, PCR 增强剂 BSA 0.2 μL, 基因组 DNA 10 ng, ddH<sub>2</sub>O 补足 20 μL。PCR 反应条件: 95 °C 3 min; 95 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 30 s, 27 个

循环; 72 °C 10 min; 10 °C 保存。ITS1F\_ITS2R 的 PCR 反应体系: 10×*rTaq* Buffer 2 μL, dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μL, 上、下游引物(5 μmol/L)各 0.8 μL, *rTaq* 聚合酶 0.2 μL, PCR 增强剂 BSA 0.2 μL, 基因组 DNA 10 ng, ddH<sub>2</sub>O 补足 20 μL。PCR 反应条件: 95 °C 3 min; 95 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 30 s, 35 个循环; 72 °C 10 min; 10 °C 保存。将 PCR 扩增片段纯化和定量分析后送上海美吉生物科技有限公司进行高通量测序。

## 1.6 数据处理与分析

使用 Fastp 0.19.6<sup>[23]</sup>进行原始质控, 使用 FLASH 1.2.11<sup>[24]</sup>进行拼接, 使用 USEARCH11 中的 UPARSE 算法<sup>[25]</sup>进行聚类 and 去除嵌合体, 根据 97% 的相似性获得 OTU。使用 RDP classifier 2.13<sup>[26]</sup>以细菌 16S rRNA 基因数据库 Silva138/16S\_bacteria (<https://www.arb-silva.de>) 和真菌 ITS 基因数据库 unite8.0/its\_fungi (<https://unite.ut.ee>) 为参照, 进行 OTU 分类学注释。采用 mothur1.30.2<sup>[27]</sup>进行 α 多样性指数计算, 使用 Bray-Curtis 算法进行主坐标分析(primary coordinate analysis, PCoA), 使用相似性分析(analysis of similarities, ANOSIM)检验样本间微生物群落结构的相似性, 并结合 PERMANOVA 非参数检验分析样本组间微生物群落结构差异显著性。冗余分析(redundancy analysis, RDA)用于分析土壤微生物和环境因子之间的关联性。

采用 Excel 2016 进行数据整理, 采用 SPSS Statistics 24.0 单因素方差分析(ANOVA, LSD,  $P < 0.05$ )对不同处理间的差异进行分析, 利用 GraphPad Prism 9.5 进行绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同样地土壤微生物群落组成

在门分类水平上, 变形菌门(*Proteobacteria*)、

酸杆菌门(*Acidobacteriota*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*) 和放线菌门(*Actinobacteriota*)是自然对照林地和三七种植林地土壤的优势细菌群。不管是雨季还是旱季, 自然对照林地土壤中变形菌门和酸杆菌门的相对丰度显著高于三七种植林地, 而自然对照林地中绿弯菌门、放线菌门的相对丰度则显著低于三七种植林地(图 1A, 表 1)。担子菌门(*Basidiomycota*)、子囊菌门(*Ascomycota*) 和被孢霉门(*Mortierellomycota*)为自然对照林地和三七种植林地土壤中优势真菌群(图 1B, 表 1)。与自然对照林地相比, 三七种植林地担子菌门相对丰度显著降低, 而子囊菌门相对丰度显著增加。在雨季, 被孢霉门相对丰度在自然对照林地和三七种植林地无显著差异, 而旱季, 三七种植林地被孢霉门相对丰度显著高于自然对照林地。不同优势细菌和真菌菌群在三年生三七种植林地和两年生三七种植林地也存在一定差异性, 但在雨季和旱季的变化趋势无明显规律性。

在属分类水平上, 通过组间差异检验找到丰度前 15 的属, 在此基础上选择  $P$  值为极显著 ( $P < 0.01$ ) 的属, 筛选出的细菌属有分枝杆菌属(*Mycobacterium*)、草酸杆菌属(*Massilia*), 主要真菌为红菇属(*Russula*)、鹅膏菌属(*Amanita*)、*Oidiodendron*、*Solicoccozyma*、*Sagenomella*、*Geminibasidium*、unclassified\_p\_Ascomycota、unclassified\_o\_Leucosporidiales 和 *Antennariella* (图 2)。在这 11 个特殊属中, 其中 4 个属(*Massilia*、*Amanita*、*Solicoccozyma* 和 *Antennariella*) 在自然对照林地土壤中相对丰度趋于 0 (图 2B、2D、2F、2K)。两年生三七种植林地出现的特有属为 *Amanita* (图 2D), 三年生三七种植林地出现的特有属为 *Solicoccozyma* 和 *Antennariella* (图 2F、2K)。

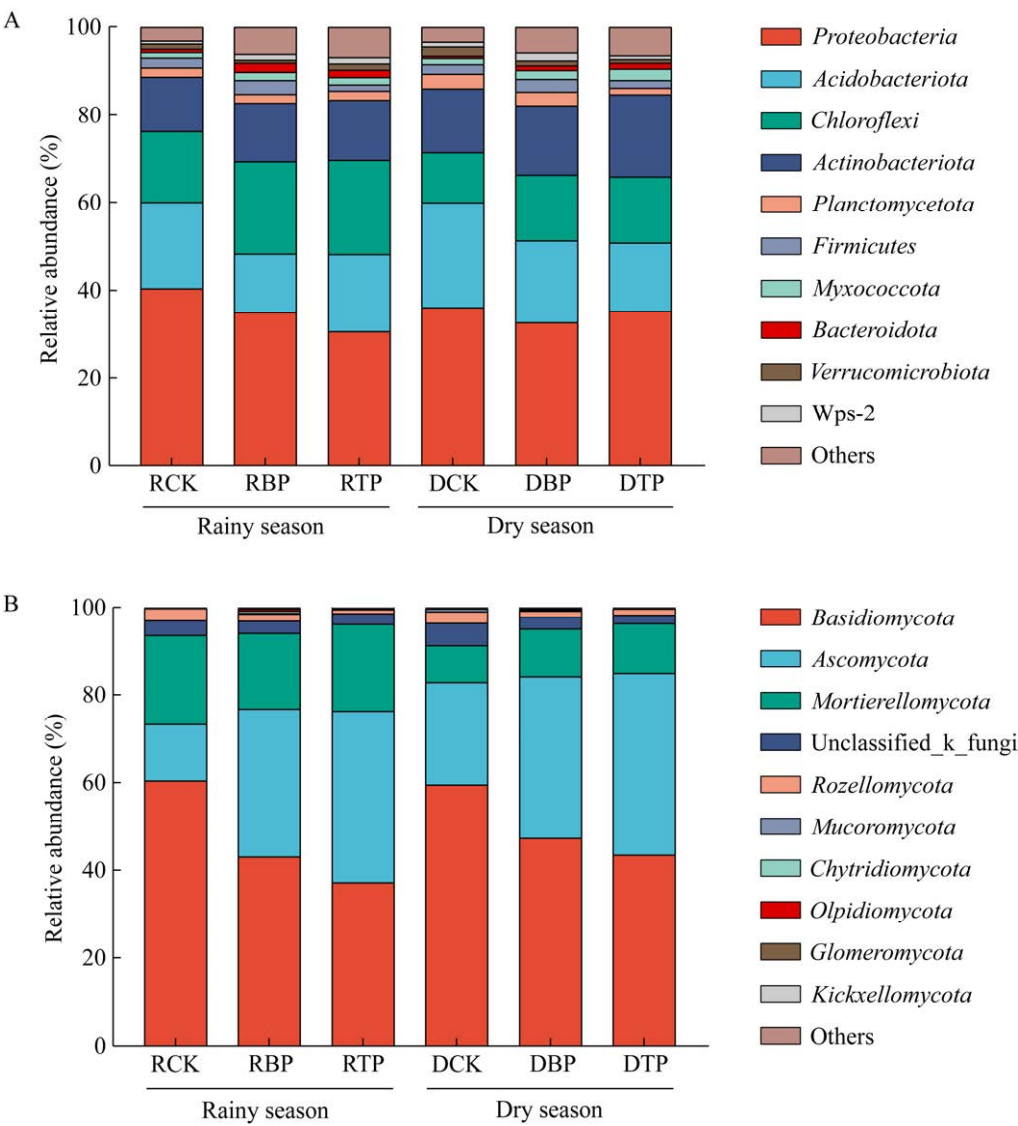


图 1 不同样地土壤中细菌(A)和真菌(B)在门水平上的相对丰度  
Figure 1 Relative abundance of bacteria (A) and fungi (B) at the phylum level in different soils.

表 1 不同样地土壤中细菌和真菌主要菌门占比  
Table 1 Percentage of major phyla of bacteria and fungi in different soils (%)

处理	细菌 Bacteria				真菌 Fungi		
Treatment	Proteobacteria	Acidobacteriota	Chloroflexi	Actinobacteriota	Basidiomycota	Ascomycota	Mortierellomycota
RCK	40.5	19.5	16.2	12.4	60.5	12.9	20.3
RBP	35.1	13.3	21.1	13.4	43.1	33.7	17.3
RTP	30.7	17.6	21.5	13.8	37.2	39.1	20.0
DCK	36.2	23.8	11.4	14.6	59.6	23.3	8.4
DBP	32.7	18.6	15.0	15.9	47.4	36.9	11.0
DTP	35.3	15.4	15.1	18.8	43.5	41.4	11.4

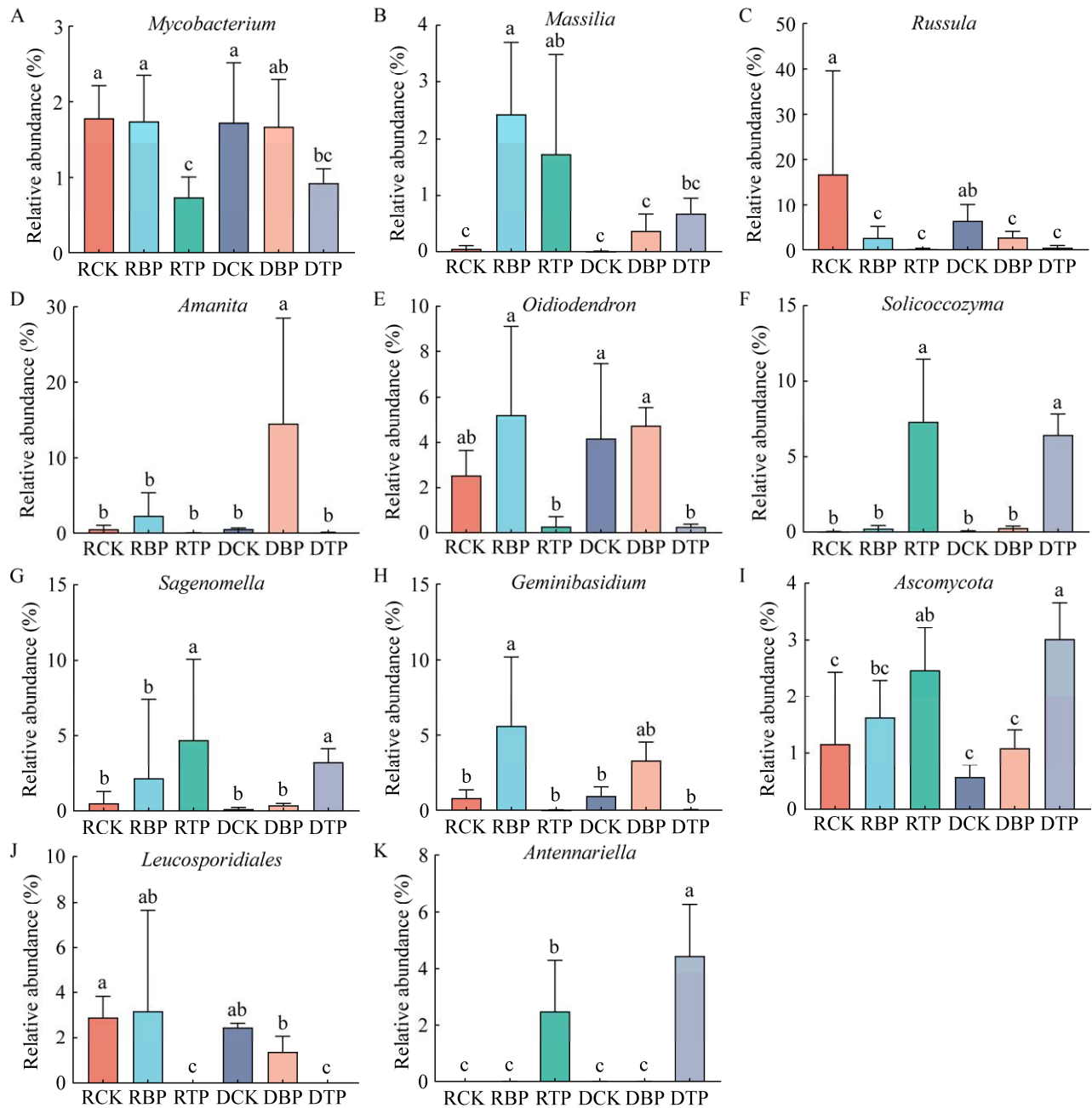


图2 不同样地土壤细菌与真菌代表性属的相对丰度 A: 分枝杆菌属. B: 草酸杆菌属. C: 红菇属. D: 鹅膏菌属. E: *Oidiodendron*. F: *Solicoccozyma*. G: *Sagenomella*. H: *Geminibasidium*. I: *Unclassified\_p\_Ascomycota*. J: *Unclassified\_o\_Leucosporidiales*. K: *Antennariella*. 不同小写字母表示具有显著差异(Duncan 多重比较,  $P < 0.05$ ), 下同

Figure 2 Relative abundance of representative genera of bacteria and fungi in different soils. A: *Mycobacterium*. B: *Massilia*. C: *Russula*. D: *Amanita*. E: *Oidiodendron*. F: *Solicoccozyma*. G: *Sagenomella*. H: *Geminibasidium*. I: *Unclassified\_p\_Ascomycota*. J: *Unclassified\_o\_Leucosporidiales*. K: *Antennariella*. Different lowercase letters indicate significant differences (Duncan multiple comparisons,  $P < 0.05$ ), the same below.



## 2.2 不同样地土壤微生物多样性

### 2.2.1 不同样地土壤微生物 $\alpha$ 多样性

将原始测序数据经过拼接、过滤和去除嵌合体后,基于 97%的序列相似性划分 OTU,共得到细菌 OTU 28 756 个,隶属于 36 门 111 纲 255 目 412 科 738 属 1 553 种;共得到真菌 OTU 33 920 个,隶属于 14 门 63 纲 157 目 361 科 810 属 1 340 种。不同处理林地土壤微生物存在特有属,其中雨季自然对照林地中细菌和真菌特有属的数量分别为 3 个和 5 个,两年生三七种植林地中细菌和真菌的特有属的数量分别为 11 个和 59 个,三年生三七种植林地中细菌和真菌的特有属的数量分别为 12 个和 29 个。旱季自然对照林地中细菌和真菌的特有属的数量分别为 7 个和 11 个,两年生三七种植林地中细菌和真菌的特有属的数量分别为 5 个和 30 个,三年生三七种植林地中细菌和真菌的特有属的数量分别为 8 个和 25 个(图 3)。

从特有微生物属的数量上来说,与自然对

照林地相比,三七种植林地细菌特有属的数量在雨季期间增加 2.67 倍,在旱季期间降低 0.29%,而真菌中的特有属的数量在雨季增加 10.8 倍,在旱季增加 1.73 倍。相较于两年生三七种植林地,三年生三七种植林地细菌特有属的数量在雨季期间减少 9%,在旱季期间增加 0.6 倍,真菌特有属的数量在雨季期间减少 50.8%,在旱季期间减少 16.7%。与雨季相比,旱季自然对照林地中细菌特有属的数量增加 1.33 倍、真菌特有属的数量增加 1.2 倍,旱季两年生三七种植林地土壤中细菌特有属的数量减少 54.5%、真菌特有属的数量减少 49.2%,旱季三年生三七种植林地土壤中细菌特有属的数量减少 33%、真菌属特有属的数量减少 13.8% (图 3)。

三七种植林地土壤中 Chao1 指数和 ACE 指数细菌丰度高于自然对照林地,且随着种植年份的增加出现增长,真菌丰度则在旱季三年生三七种植林地表现较高。多样性指数变化较小,在不同处理下均无显著差异(图 4)。

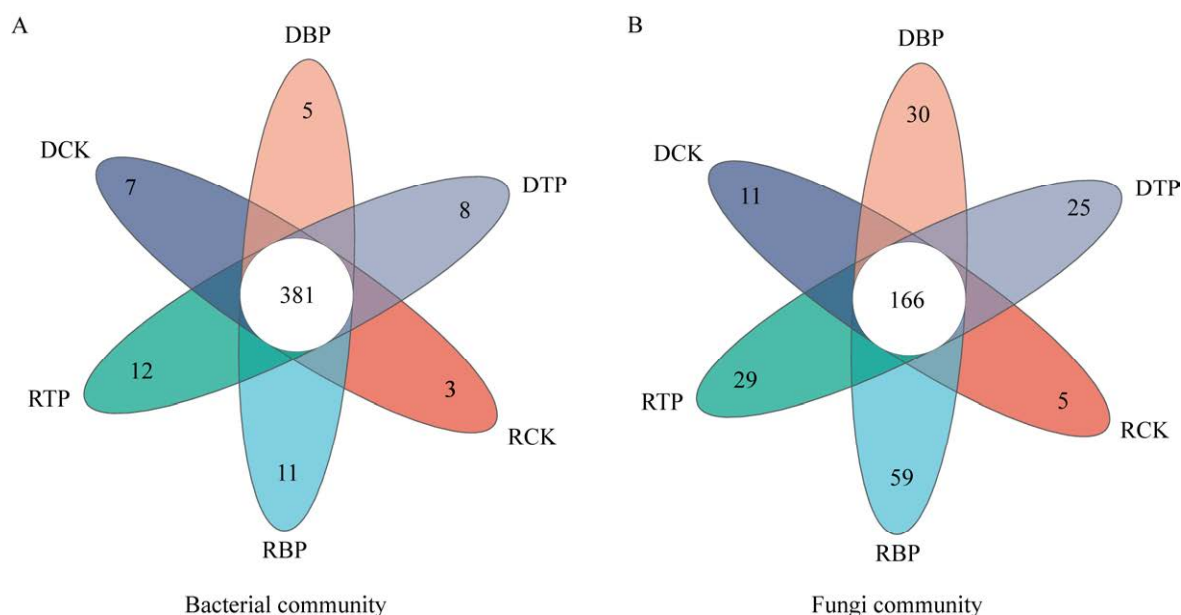


图 3 不同样地土壤中细菌(A)和真菌(B)特有属的数量

Figure 3 Number of endemic genera of bacteria (A) and fungi (B) in different soils.



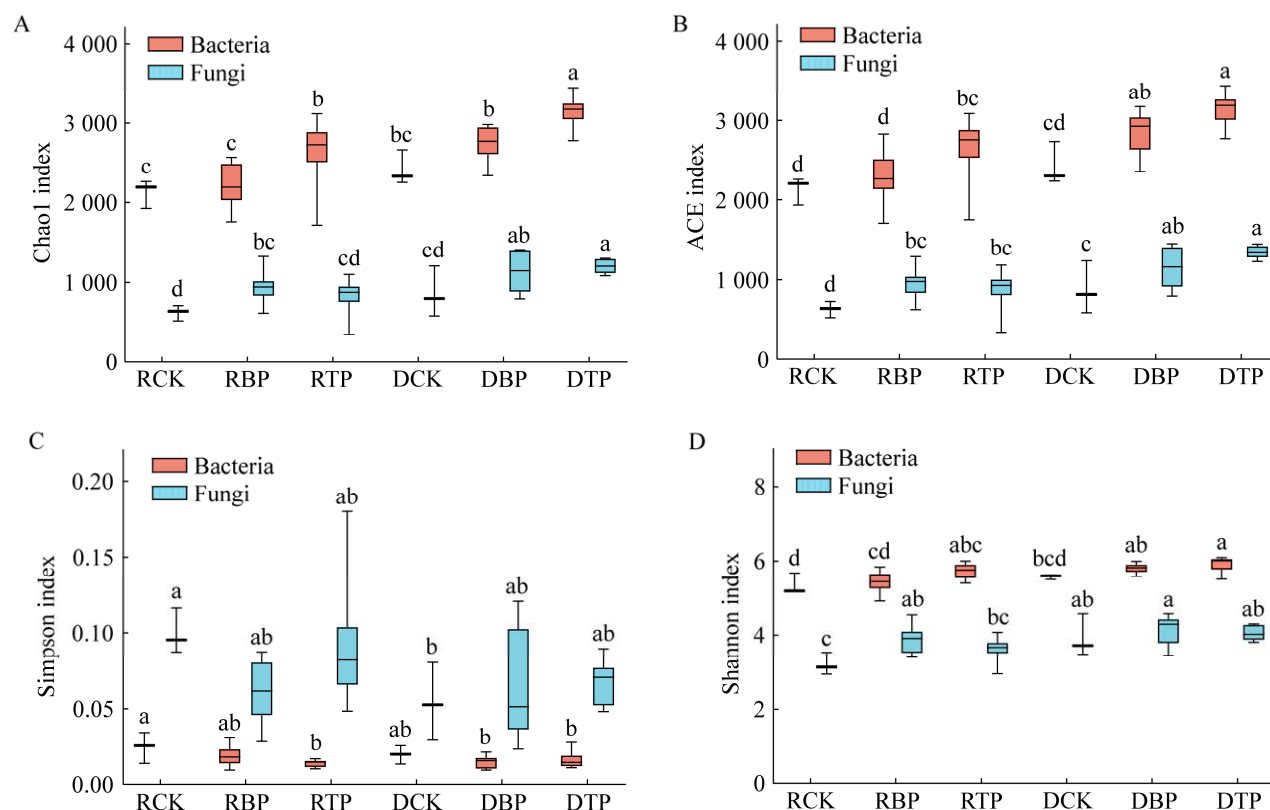


图 4 不同样地土壤在 OTU 级别上的丰度和多样性指数 A: Chao1 指数. B: ACE 指数. C: Simpson 指数. D: Shannon 指数

Figure 4 Abundance and diversity indices at the OTU level in different soils. A: Chao1 index. B: ACE index. C: Simpson index. D: Shannon index.

### 2.2.2 不同样地土壤微生物 $\beta$ 多样性

为了对林地中的  $\beta$  多样性进行分析, 在 OTU 水平使用 Bray-Curtis 算法进行 PCoA 分析, PCoA 反映了各个林地中细菌和真菌的差异, PC1 和 PC2 是最主要的特征值, 分别可以解释细菌分析结果的 24.38% 和 13.01% (图 5A), 解释真菌分析结果的 26.35% 和 7.24% (图 5B)。从细菌的 PCoA 结果来看 RBP 和 DBP、RTP 和 DTP 之间结构重叠, RCK 和 DCK 未重叠, 并且分区明显, 而旱季的 DCK、DBP、DTP 比雨季表现得更为聚拢。由 ANOSIM 分析(细菌:  $R=0.224$ ,  $P=0.001$ ; 真菌:  $R=0.616$ ,  $P=0.001$ ) (图 5C、5D)可知, 细菌与真菌群落的组间距离

显著大于组内距离。

### 2.3 土壤理化性质与酶活性和优势微生物群的相关性

三年生种植林地土壤全磷含量较两年生三七种植林地含量有所上升且差异显著( $P<0.05$ ), 对比雨季和旱季的养分指标, 3 个林地中的酸性磷酸酶含量显著增加, 且 pH 随着三七种植、三七年份增长和雨季到旱季的过程中均显著增加(表 2)。

利用冗余分析对丰度前 5 的微生物和土壤环境因子(包括酸碱度、有机质、过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶、微生物量碳、微生物量氮、速效磷、速效钾、全氮、全磷)与丰

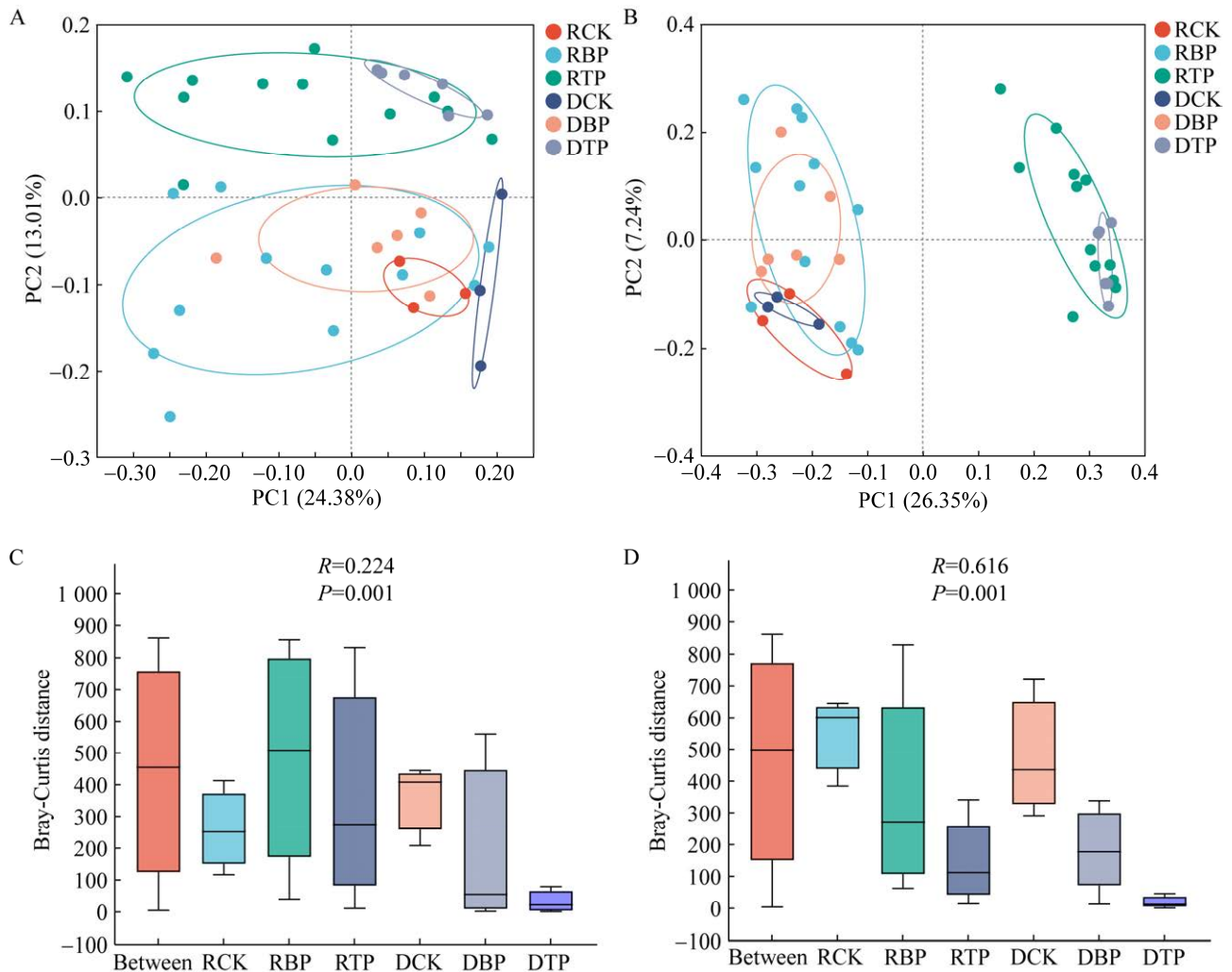


图5 不同样地土壤细菌和真菌在 OTU 级别上的 PCoA 分析和 ANOSIM 分析结果 A: 细菌的 PCoA 分析结果. B: 真菌的 PCoA 分析结果. C: 细菌的 ANOSIM 分析结果. D: 真菌的 ANOSIM 分析结果

Figure 5 Results of PCoA and ANOSIM analyses of bacteria and fungi at the OTU level in different soils. A: The results of the PCoA analyses of bacteria community. B: The results of the PCoA analyses of fungi community. C: The results of the ANOSIM analyses of bacteria community. D: The results of the ANOSIM analyses of fungi community.

度前 5 的微生物之间的关系进行了分析。RDA 分析表明, 不同处理林地土壤中细菌和真菌均存在明显的分化, 并且影响其变化的环境因子也存在差异。

针对细菌的 RDA 分析(图 6A)表明, 前 2 个约束轴(RDA1 和 RDA2)的解释率分别为 24.56%、9.54%, 细菌中 *Acidobacteriales*、

Subgroup\_2 和全磷、酸性磷酸酶相关性最高, AD3 和速效钾相关性最高, *Bradyrhizobium*、*Xanthobacteraceae* 和有机质、过氧化氢酶、全氮、蔗糖酶的相关性最高。

针对真菌的 RDA 分析(图 6B)表明, 前 2 个约束轴(RDA1 和 RDA2)的解释率分别为 19.65%和 10.29%。真菌 *Saitozyma*、*Solicocozyma*、*Mortierella*

表 2 不同样地土壤理化性质与酶活性

Table 2 Physicochemical properties and enzyme activities in different soils

Item	雨季			旱季		
	Rainy season			Dry season		
	RCK	RBP	RTP	DCK	DBP	DTP
pH	4.58±0.16c	4.91±0.21bc	5.21±0.28ab	4.72±0.43c	5.27±0.17ab	5.32±0.15a
有机质 SOM (%)	20.78±0.56a	14.36±2.72bc	13.81±1.50c	21.26±0.87a	16.63±1.54b	14.36±1.28bc
过氧化氢酶 CAT (mg/g)	11.61±0.47a	10.13±0.71b	10.51±0.50b	11.97±0.42a	10.54±0.88b	10.40±0.25b
脲酶 URE (mg/kg)	1.75±0.06a	0.85±0.36bc	0.96±0.11b	0.56±0.03c	0.16±0.02d	0.97±0.12b
蔗糖酶 INV (mg/kg)	4.64±0.62a	2.56±1.13b	2.36±0.98b	2.55±0.34b	0.96±0.12c	1.56±0.68bc
酸性磷酸酶 ACP (mg/kg)	0.74±0.05d	0.64±0.08d	0.89±0.06c	1.63±0.07a	1.50±0.05b	1.46±0.09b
微生物量碳 MBC (mg/g)	0.50±0.01cd	1.20±0.26b	0.31±0.19d	1.56±0.36a	0.58±0.27cd	0.76±0.13c
微生物量氮 MBN (mg/g)	0.12±0.01a	0.10±0.03bc	0.06±0.01d	0.10±0.01ab	0.07±0.01d	0.07±0.01cd
速效磷 AP (mg/kg)	9.57±0.26c	21.88±3.89ab	19.26±6.64ab	14.49±0.28bc	25.34±5.67a	22.68±4.92a
速效钾 AK (mg/kg)	67.80±1.10b	300.59±58.89a	254.79±20.77a	51.18±0.34b	240.96±97.43a	295.47±94.19a
全氮 TN (g/kg)	5.31±0.10ab	4.19±1.19b	4.00±1.26b	5.87±0.54a	4.46±0.70b	4.13±0.57b
全磷 TP (g/kg)	0.87±0.01c	0.81±0.13c	1.02±0.10ab	0.94±0.08bc	0.81±0.15c	1.15±0.11a

同一行不同字母标记表示具有显著差异(Duncan 多重比较,  $P<0.05$ )

Different letters marked in the same row indicate the significant difference under Duncan's multiple comparisons at  $P<0.05$ .

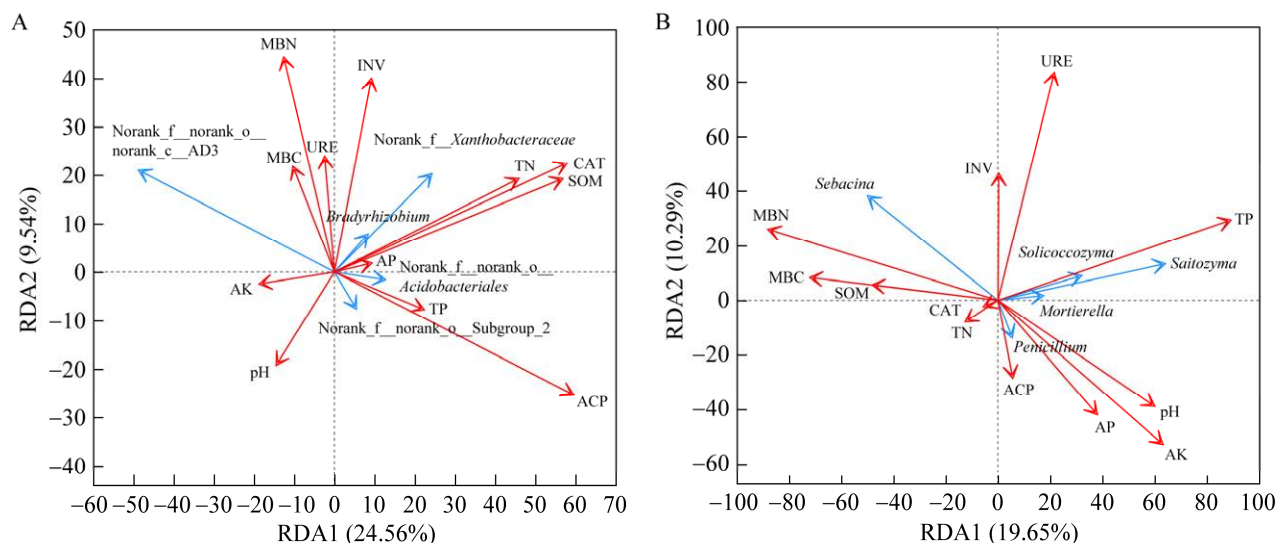


图 6 不同样地土壤细菌(A)和真菌(B)在属级别上的 RDA 分析

Figure 6 RDA analyses of bacteria (A) and fungi (B) at the genus level in different soils.

和全磷的相关性最高, *Sebacina* 和微生物量氮的相关性最高, *Penicillium* 和酸性磷酸酶的相关性最高。

### 3 讨论

#### 3.1 林下三七种植对林地土壤微生物组成的影响

微生物核心菌群丰度的变化有助于平衡土壤内部激素, 促进植株生长, 提升植物的抗病性和养分利用率<sup>[28]</sup>。本研究中优势真菌种群的担子菌门为最大真菌门, 子囊菌门的相对丰度次之, 与相关研究结果类似<sup>[7]</sup>。有研究中出现最大真菌占比的为子囊菌门, 相对丰度达到 56.42%<sup>[7]</sup>、59.3%<sup>[29]</sup>, 担子菌门仅占 23.01%<sup>[7]</sup>、17.3%<sup>[29]</sup>, 而在大田种植中, 出现与葱轮作后子囊菌门达到 80%的情况<sup>[30]</sup>。这可能是因为不同种植方式导致土壤养分含量和环境条件发生改变, 从而影响了微生物群落的组成。担子菌门是土壤中重要的分解者, 其主要作用是分解植株残体中的木质纤维素<sup>[31]</sup>进而为土壤中一系列活动提供养分, 相关研究中出现担子菌门的相对丰度随土壤含水量的增加而升高<sup>[32]</sup>。三七种植地的子囊菌门中出现较多病原微生物, 有研究推测三七根腐病的发生和子囊菌门丰度增加有关<sup>[33-34]</sup>。本研究中发现担子菌门相对丰度高于子囊菌门, 可能是因为林下三七种植抑制了病原微生物门的增加。

本研究发现, 在丰度处于前五的属中, 有 2 个细菌属和 9 个真菌属的特异性为极显著。*Massilia* 为有益细菌, 可以抑制三七枯萎病原菌 *Fusarium* 的生长<sup>[31]</sup>。相关研究指出三七在雨季根腐病最为严重<sup>[32]</sup>, 在本研究中发现雨季 *Massilia* 丰度较高, 到旱季则降低较为明显, *Massilia* 的高丰度期和根腐病发病期重合, 在一定程度上可能降低根腐病发病概率。相关研

究发现 *Geminibasidium* 在三年生三七根际土壤中丰度最高<sup>[35]</sup>, 而在本研究中表现为在两年生三七种植林地中最高, 这可能是因为三七种植林地特定年份的土壤条件或营养物质更适合这种真菌的生长和繁殖。本研究表明真菌特异性属的数量变化远大于细菌, 说明土壤中微生物组成整体转向了真菌变化主导型, 这与相关研究<sup>[35-36]</sup>的结果相符, 出现这种情况是由于真菌在生态适应性的方面通常比细菌更为特化, 真菌的菌丝网络可以延伸到更远的距离, 从而使得其在土壤中的分布更广泛, 这可以为真菌提供更合适的繁殖条件, 同时为变异提供了更大可能<sup>[37]</sup>。

#### 3.2 林下三七种植对林地土壤微生物多样性的影响

由 Venn 图(图 3B)可以发现, 两年生三七林地相对于自然对照林地土壤真菌特有属数量增加 10.8 倍, 雨季中三年生三七林地土壤真菌的特有属数量相对于两年生三七林地减少 50.8%, 整体趋势为先增加后减少。在群落组成的演变中, 以确定性过程为主导, 同质性为演变核心, 主要受当地特殊环境操控<sup>[38]</sup>。这种变化可以解释为种植年份的不同阶段存在不同的微生物相互作用机制。初始阶段存在合作效应, 新的植物引入可能为微生物提供更多的生存环境和资源, 从而增加细菌的多样性和丰度。随着时间的推移, 会出现拮抗竞争效应, 微生物之间的竞争和抑制关系逐渐加强, 导致真菌的变化趋于平稳。

丰度指数(图 4A、4B)表明, 在旱季期间, 随着种植年份的增长, 细菌 Chao1 和 ACE 指数都出现了增加。在旱季期间, 相较于自然对照林地, 三七种植林地真菌的 Chao1 和 ACE 指数都出现了增加。在相关研究<sup>[35]</sup>中, 三七种植地中的丰度指数在种植后 1-2 年降低、2-3 年增加。

也有研究发现丰度指数随年份增加而增加<sup>[34]</sup>。但是在本研究中并未发现种植时间段和微生物多样性之间有着明显线性关系。丰度指数的增加反映了种植三七后土壤微生物群落组成的改变和适应过程,微生物可能与三七建立了更密切的共生关系。

PCoA 分析(图 5)表明,随着年份的变化各组微生物群落可以明显区分,微生物整体分布圈在逐年缩小且出现了偏移的趋势,表明三七种植改变了林地土壤的微生物群落结构。旱季相对于雨季发生了整体性收缩,这表示样本在降维空间中的分布趋于集中,结合图 5 中年份之间出现的收缩变化,证明雨旱季交替加速了这种收缩趋势。随着种植三七年份的增长,三七的植物根系会逐渐扩展释放出更多的有机物和化合物,这些根系分泌物可能影响土壤的理化性质,从而改变林地土壤中养分构成<sup>[12]</sup>。当微生物开始适应与三七相互作用的土壤环境,这个过程会导致微生物群落分布的偏移。连续种植会让微生物逐渐稳定它们的组成和功能<sup>[39]</sup>,这种稳定进一步加强某些微生物种类在特定环境中的竞争力<sup>[40]</sup>。部分微生物可能适应新的林地环境并逐渐占据了更适合自身生存的生态位,引发微生物群落的结构发生变化,这导致微生物群落在 PCoA 图上的偏移距离增大。不同年份微生物之间的生态位重叠程度减少,意味着它们在资源利用和生态角色上变得更加分化<sup>[41]</sup>。雨旱季的环境变化加快了三七种植中细菌和真菌的演化速度,在这期间发生了微生物群落的重新调整,导致样本间的相似性增加,趋向于形成三七特有微生物群落<sup>[7]</sup>。

### 3.3 林下三七种植林地土壤性质与微生物群落的相关性

三七在种植过程中不断与土壤环境发生互动,造就特异的养分和微生物环境<sup>[42]</sup>。在本研

究中,旱季自然对照林地土壤中的 pH、速效磷、速效钾的含量显著低于旱季三七种植林地,有机质、过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶、微生物量碳、微生物量氮、全氮的含量则高于旱季三七种植林地(表 2),可以发现三七种植林地土壤中多种养分相对于自然对照林地都降低。本研究发现,自然对照林地土壤中的有机质含量达到 21.26%,在三七种植林地土壤中达到 16.63%,这与相关研究中的 15%–17%<sup>[7]</sup>的结果近似,远高于大田种植的 3.0%–4.5%<sup>[43–44]</sup>。有机质含量高是因为有机物质从植物、树木的凋落物、落叶和腐殖质进入土壤之后在土壤中分解,可以为不同种类微生物的生长和繁殖提供养分<sup>[45]</sup>。相关研究表明,土壤养分作为微生物的主要能源物质,能够显著影响微生物群落结构和组成<sup>[46–48]</sup>。

在不同种植年限的三七种植林地中,土壤微生物群落之间有着较大的差异性<sup>[35]</sup>。本研究中三年生三七种植林地相对于两年生三七种植林地在雨季的 pH 值升高 6.1%、在旱季 pH 值升高了 1%。相关研究中<sup>[44,49]</sup>中发现随着年份的增加 pH 值呈现降低的趋势,pH 值降低会使得土壤酸化,这有利于三七根腐病原菌的生长,是三七连作障碍的诱因之一<sup>[50]</sup>。本研究出现这种不同的原因是较为丰富的林下环境构成会延缓养分环境的变化<sup>[51]</sup>,这些土壤性质和养分状况的变化反映了土壤生态系统在不同年份的种植过程中发生的演化。这一演化与植物生长、土壤养分循环、微生物活动以及其他环境因素相互作用,共同塑造了三七种植林地的土壤生态特征。

降雨能够直接刺激微生物活性和微生物呼吸,促进微生物量积累,但其影响在不同植被类型间存在差异<sup>[52]</sup>。雨季的降水会导致养分淋失和冲刷到较浅的土层,从而改变土壤中养分的可获得性<sup>[53]</sup>,降水也会介导土壤中的溶解性

物质,使得养分的浓度相对升高<sup>[54]</sup>。而在旱季条件下,水分稀缺,微生物竞争可能会更加激烈以获取生存所需的磷资源。这种竞争可能促使微生物更加积极地分泌酸性磷酸酶,将土壤有机态磷转化为生物可利用的有效磷<sup>[55]</sup>来维持其生物活性,这种行为提高了土壤中酸性磷酸酶的活性表达,有助于土壤微生物适应不同季节的生态环境条件。同时 RDA 分析的结果表明,土壤微生物群落与土壤养分以及土壤酶活性之间存在关联,全磷、酸性磷酸酶是对雨旱季微生物群落影响最大的 2 个指标。

## 4 结论

(1) 林下种植三七改变了土壤微生物组成,其中真菌组成的变化远大于细菌,并且增加了有益微生物门和属的丰度,有利于三七生长。

(2) 随着种植年份的增加,微生物分布区间出现偏移,旱季相对于雨季来说微生物分布收缩明显,雨旱季交替加速了微生物群落分化过程。

(3) 林下种植三七可以调节三七植株种植过程中造成的土壤营养不足和土壤酸化问题,环境因子中全磷和酸性磷酸酶是影响土壤微生物丰度的主要因素。

本研究有助于了解林下三七种植对土壤微生物群落和环境因子的影响,为优化土壤管理策略和促进林下三七种植的可持续发展提供了科学依据。

## REFERENCES

- [1] 张薇,魏海雷,高洪文,胡跃高. 土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J]. 生态学杂志, 2005, 24(1): 48-52.
- ZHANG W, WEI HL, GAO HW, HU YG. Advances of studies on soil microbial diversity and environmental impact factors[J]. Chinese Journal of Ecology, 2005, 24(1): 48-52 (in Chinese).
- [2] 蒋婧,宋明华. 植物与土壤微生物在调控生态系统养分循环中的作用[J]. 植物生态学报, 2010, 34(8): 979-988.
- JIANG J, SONG MH. Review of the roles of plants and soil microorganisms in regulating ecosystem nutrient cycling[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2010, 34(8): 979-988 (in Chinese).
- [3] 缪作清,李世东,刘杏忠,陈昱君,李云华,王勇,郭荣君,夏振远,张克勤. 三七根腐病原研究[J]. 中国农业科学, 2006, 39(7): 1371-1378.
- MIAO ZQ, LI SD, LIU XZ, CHEN YJ, LI YH, WANG Y, GUO RJ, XIA ZY, ZHANG KQ. The causal microorganisms of *Panax notoginseng* root rot disease[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2006, 39(7): 1371-1378 (in Chinese).
- [4] 李佳洲,施本义,杨宽,罗成,朱有勇,郭力维,何霞红. 2 种植物源有机肥对林下有机三七生长及品质的影响[J]. 中国农业大学学报, 2022, 27(9): 136-148.
- LI JZ, SHI BY, YANG K, LUO C, ZHU YY, GUO LW, HE XH. Effects of two kinds of plant-derived organic fertilizers on the growth and quality of organic *Panax notoginseng* under forest[J]. Journal of China Agricultural University, 2022, 27(9): 136-148 (in Chinese).
- [5] 孙雪婷,李磊,龙光强,张广辉,孟珍贵,杨生超,陈军文. 三七连作障碍研究进展[J]. 生态学杂志, 2015, 34(3): 885-893.
- SUN XT, LI L, LONG GQ, ZHANG GH, MENG ZG, YANG SC, CHEN JW. The progress and prospect on consecutive monoculture problems of *Panax notoginseng*[J]. Chinese Journal of Ecology, 2015, 34(3): 885-893 (in Chinese).
- [6] 吴灿,叶辰,张俊星,龚加寿,李天尧,杨敏,王海宁,朱书生. 思茅松林下生境差异对三七生长和品质的影响[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2021, 36(4): 691-699.
- WU C, YE C, ZHANG JX, GONG JS, LI TY, YANG M, WANG HN, ZHU SS. Effect of habitat differences under the forest of *Pinus kesiya* var. *langbianensis* on the growth and quality of *Panax notoginseng*[J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2021, 36(4): 691-699 (in Chinese).
- [7] 王豪吉,官会林,王勇,魏富刚,杨绍周,向萍,陈鹏崑,赵林艳,徐武美. 自然林下与田间根腐三七根际微生物群落特征及比较分析[J]. 微生物学通报, 2023, 50(5): 1988-2001.
- WANG HJ, GUAN HL, WANG Y, WEI FG, YANG SZ, XIANG P, CHEN PY, ZHAO LY, XU WM. Comparison of rhizosphere microbial community of

- Panax notoginseng* with root rot under natural forest and in the field[J]. Microbiology China, 2023, 50(5): 1988-2001 (in Chinese).
- [8] 陈智裕, 马静, 赖华燕, 马祥庆, 吴鹏飞. 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.  
CHEN ZY, MA J, LAI HY, MA XQ, WU PF. Research advances in the mechanisms of plant root systems disturbance in rhizosphere micro-environment[J]. Chinese Journal of Ecology, 2017, 36(2): 524-529 (in Chinese).
- [9] 左玉环, 刘高远, 杨莉莉, 梁连友, 同延安. 陕西渭北柿子园种植白三叶草对土壤养分和生物学性质的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(2): 518-524.  
ZUO YH, LIU GY, YANG LL, LIANG LY, TONG YA. Effect of planting white clover on nutrients and biological properties of soils in persimmon orchard of Weibei, Shaanxi Province, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2019, 30(2): 518-524 (in Chinese).
- [10] 王延平, 王华田. 植物根分泌的化感物质及其在土壤中的环境行为[J]. 土壤通报, 2010, 41(2): 501-507.  
WANG YP, WANG HT. Allelochemicals from roots exudation and its environment behavior in soil[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2010, 41(2): 501-507 (in Chinese).
- [11] 牛红榜, 刘万学, 万方浩. 紫茎泽兰 (*Ageratina adenophora*) 入侵对土壤微生物群落和理化性质的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(7): 3051-3060.  
NIU HB, LIU WX, WAN FH. Invasive effects of *Ageratina adenophora* Sprengel (*Asteraceae*) on soil microbial community and physical and chemical properties[J]. Acta Ecologica Sinica, 2007, 27(7): 3051-3060 (in Chinese).
- [12] 李浩成, 左应梅, 杨绍兵, 杨天梅, 李纪潮, 杨维泽, 张金渝. 三七根系分泌物在连作障碍中的生态效应及缓解方法[J]. 中国农业科技导报, 2020, 22(8): 159-167.  
LI HC, ZUO YM, YANG SB, YANG TM, LI JC, YANG WZ, ZHANG JY. Ecological effect of root exudates of *Panax notoginseng* on continuous cropping obstacles and its alleviating methods[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2020, 22(8): 159-167 (in Chinese).
- [13] MA WM, TANG SH, DENGZENG ZM, ZHANG D, ZHANG T, MA XL. Root exudates contribute to belowground ecosystem hotspots: a review[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 937940.
- [14] MARRONE F, FONTANETO D, NASELLI-FLORES L. Cryptic diversity, niche displacement and our poor understanding of taxonomy and ecology of aquatic microorganisms[J]. Hydrobiologia, 2023, 850(6): 1221-1236.
- [15] YATES CF, TREXLER RV, BONET I, KING WL, HOCKETT KL, BELL TH. Rapid niche shifts in bacteria following conditioning in novel soil environments[J]. Functional Ecology, 2022, 36(12): 3085-3095.
- [16] 寻路路, 赵宏光, 梁宗锁, 韦美胜, 刘峰华, 韩蕊莲. 三七根腐病病株和健株根域土壤微生态研究[J]. 西北农业学报, 2013, 22(11): 146-151.  
XUN LL, ZHAO HG, LIANG ZS, WEI MT, LIU FH, HAN RL. Study of microecology in root rot and healthy *Panax notoginseng* soil[J]. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 2013, 22(11): 146-151 (in Chinese).
- [17] 黑晶莹, 何霞红, 王澍. 林下三七 PnKAT3 基因的克隆及表达分析[J/OL]. 分子植物育种, 2023. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230316.1615.018.html>.  
HEI JY, HE XH, WANG S. Cloning and expression analysis of KAT3 in *Panax notoginseng* from the forest understorey[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2023. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230316.1615.018.html> (in Chinese).
- [18] 刘红斌, 向艳平, 曾丽月, 莫艳芳, 张志强, 杨敏, 朱书生. 叶面喷施天然矿物质纳米碳酸钙对林下三七生长和花品质的影响[J]. 中药材, 2022, 45(2): 267-272.  
LIU HB, XIANG YP, ZENG LY, MO YF, ZHANG ZQ, YANG M, ZHU SS. Effects of foliar spraying of natural mineral nano-calcium carbonate on the growth and flower quality of *Panax notoginseng* cultivated under forestry[J]. Journal of Chinese Medicinal Materials, 2022, 45(2): 267-272 (in Chinese).
- [19] 刘葵, 黄万斌, 何梦铃, 帕太姆·亚森, 欧光龙. 基于 GIS 和 MaxEnt 的弥勒市林下三七仿野生种植适生区分析[J]. 西部林业科学, 2022, 51(1): 56-61.  
LIU K, HUANG WB, HE ML, PATAIMU YS, OU GL. Adaptive area of *Panax pseudoginseng* var. *notoginseng* planting with imitative wild under forests in Mile city based on GIS and MaxEnt[J]. Journal of West China Forestry Science, 2022, 51(1): 56-61 (in Chinese).
- [20] 陈国潮. 土壤微生物量测定方法现状及其在红壤上的应用[J]. 土壤通报, 1999, 30(6): 284-287.  
CHEN GC. Present situation of soil microbial biomass



- determination methods and its application in red soil[J]. Chinese Journal of Soil Science, 1999, 30(6): 284-287 (in Chinese).
- [21] 欧阳林梅, 曾冬萍, 闵庆文, 王维奇, 仝川. 鼓山茶园土壤碳氮磷生态化学计量学特征[J]. 水土保持学报, 2014, 28(2): 297-301, 312.
- OUYANG LM, ZENG DP, MIN QW, WANG WQ, TONG C. Ecological stoichiometry characteristics of soil carbon, nitrogen and phosphorus in the tea garden of drum mountain[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2014, 28(2): 297-301, 312 (in Chinese).
- [22] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- GUAN SY. Soil Enzyme and Its Research Method[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986 (in Chinese).
- [23] CHEN SF, ZHOU YQ, CHEN YR, GU J. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34(17): i884-i890.
- [24] MAGOČ T, SALZBERG SL. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. Bioinformatics, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [25] EDGAR RC. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10: 996-998.
- [26] WANG Q, GARRITY GM, TIEDJE JM, COLE JR. Naive Bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(16): 5261-5267.
- [27] SCHLOSS PD, WESTCOTT SL, RYABIN T, HALL JR, HARTMANN M, HOLLISTER EB, LESNIEWSKI RA, OAKLEY BB, PARKS DH, ROBINSON CJ, SAHL JW, STRES B, THALLINGER GG, van HORN DJ, WEBER CF. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(23): 7537-7541.
- [28] 熊冰杰, 何舒, 张澳, 黄佑国, 王美玲, 严星茹, 何霞红, 施蕊. 基于高通量测序技术的林下三七土壤微生物多样性研究[J]. 山东农业科学, 2023, 55(8): 80-87.
- XIONG BJ, HE S, ZHANG A, HUANG YG, WANG ML, YAN XR, HE XH, SHI R. Study on microbial diversity of *Panax notoginseng* rhizosphere soil in forest based on high-throughput sequencing[J]. Shandong Agricultural Sciences, 2023, 55(8): 80-87 (in Chinese).
- [29] 赵林艳, 徐武美, 王豪吉, 王昆艳, 魏富刚, 杨绍周, 官会林. 施用生物炭对连作三七根际真菌群落与存活率的影响[J]. 生物技术通报, 2023, 39(7): 219-227.
- ZHAO LY, XU WM, WANG HJ, WANG KY, WEI FG, YANG SZ, GUAN HL. Effects of biochar on the rhizosphere fungal community and survival rate of *Panax notoginseng* under continuous cropping[J]. Biotechnology Bulletin, 2023, 39(7): 219-227 (in Chinese).
- [30] 刘海娇, 左登鸿, 徐杰, 苏应威, 朱书生, 杨敏. 葱轮作改善土壤微生物群落缓解三七连作障碍的潜力分析[J]. 中国生物防治学报, 2022, 38(6): 1473-1483.
- LIU HJ, ZUO DH, XU J, SU YW, ZHU SS, YANG M. Potential of scallion rotation to improve soil microbial community and alleviate continuous cropping obstacle of *Panax notoginseng*[J]. Chinese Journal of Biological Control, 2022, 38(6): 1473-1483 (in Chinese).
- [31] 张义杰. 土壤酸化对三七根腐病的影响及缓解因素研究[D]. 昆明: 云南农业大学博士学位论文, 2022.
- ZHANG YJ. Effects and mitigation factors of soil aggravates root rot of *Panax notoginseng*[D]. Kunming: Doctoral Dissertation of Yunnan Agricultural University, 2022 (in Chinese).
- [32] 赵林艳, 官会林, 王克书, 卢燕磊, 向萍, 魏富刚, 杨绍周, 徐武美. 土壤含水量对三七连作土壤微生物群落的影响[J]. 生物技术通报, 2022, 38(7): 215-223.
- ZHAO LY, GUAN HL, WANG KS, LU YL, XIANG P, WEI FG, YANG SZ, XU WM. Effects of soil moisture on the microbial community under continuous cropping of *Panax notoginseng*[J]. Biotechnology Bulletin, 2022, 38(7): 215-223 (in Chinese).
- [33] 苗翠苹. 三七根际土壤微生物的群落特征[D]. 昆明: 云南大学博士学位论文, 2015.
- MIAO CP. Microbial community characteristics in rhizosphere soil of *Panax notoginseng*[D]. Kunming: Doctoral Dissertation of Yunnan University, 2015 (in Chinese).
- [34] TAN Y, CUI YS, LI HY, KUANG AX, LI XR, WEI YL, JI XL. Rhizospheric soil and root endogenous fungal diversity and composition in response to continuous *Panax notoginseng* cropping practices[J]. Microbiological Research, 2017, 194: 10-19.
- [35] 唐彬彬, 董姚君, 贺密密, 刘健峰, 吴凯, 官会林, 赵立兴, 尹芳, 张无敌, 龚明. 云南文山健康三七种植年限对根际微生物群落的影响[J]. 微生物学通报, 2020, 47(9): 2857-2866.
- TANG BB, DONG YJ, HE MM, LIU JF, WU K, GUAN HL, ZHAO LX, YIN F, ZHANG WD, GONG

- M. Effects of different planting years of healthy *Panax notoginseng* on the rhizosphere microbial community in Wenshan of Yunnan Province[J]. Microbiology China, 2020, 47(9): 2857-2866 (in Chinese).
- [36] XU WM, WU FY, WANG HJ, ZHAO LY, LIU X, XIANG P, GUAN HL, MA LQ. Key soil parameters affecting the survival of *Panax notoginseng* under continuous cropping[J]. Scientific Reports, 2021, 11: 5656.
- [37] LI JY, BENTI G, WANG D, YANG ZL, XIAO R. Effect of alteration in precipitation amount on soil microbial community in a semi-arid grassland[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 842446.
- [38] 马静, 董文雪, 朱燕峰, 肖栋, 陈浮. 东部平原矿区复垦土壤微生物群落特征及其组装过程[J]. 环境科学, 2022, 43(7): 3844-3853.
- MA J, DONG WX, ZHU YF, XIAO D, CHEN F. Characteristics and assembly process of reclaimed soil microbial communities in eastern plain mining areas[J]. Environmental Science, 2022, 43(7): 3844-3853 (in Chinese).
- [39] HAWKES CV, KIVLIN SN, ROCCA JD, HUGUET V, THOMSEN MA, SUTTLE KB. Fungal community responses to precipitation[J]. Global Change Biology, 2011, 17(4): 1637-1645.
- [40] 沈芳芳, 刘影, 罗昌泰, 刘文飞, 段洪浪, 廖迎春, 吴春生, 樊后保. 陆地生态系统植物和土壤微生物群落多样性对全球变化的响应与适应研究进展[J]. 生态环境学报, 2019, 28(10): 2129-2140.
- SHEN FF, LIU Y, LUO CT, LIU WF, DUAN HL, LIAO YC, WU CS, FAN HB. Research progress on response and adaptation of plant and soil microbial community diversity to global change in terrestrial ecosystem[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019, 28(10): 2129-2140 (in Chinese).
- [41] 贺纪正, 王军涛. 土壤微生物群落构建理论与时空演变特征[J]. 生态学报, 2015, 35(20): 6575-6583.
- HE JZ, WANG JT. Mechanisms of community organization and spatiotemporal patterns of soil microbial communities[J]. Acta Ecologica Sinica, 2015, 35(20): 6575-6583 (in Chinese).
- [42] 吴洪钦, 李云峥, 杨敏, 朱书生, 刘屹湘, 何霞红, 朱有勇, 黄惠川, 李迎宾. 直播模式下三七根际土壤微生物群落特征及其与病害发生的关系[J/OL]. 分子植物育种, 2023. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230705.1233.010.html>.
- WU HQ, LI YZ, YANG M, ZHU SS, LIU YX, HE XH, ZHU YY, HUANG HC, LI YB. Characteristics of rhizosphere soil microbial community and its relationship with disease occurrence under direct-seeding mode of *Panax notoginseng*[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2023. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230705.1233.010.html> (in Chinese).
- [43] 杜彩艳, 张乃明, 姜蓉, 汪泰, 刘源. 云南三七种植区土壤主要养分含量特征研究与评价[J]. 西南农业学报, 2016, 29(3): 599-605.
- DU CY, ZHANG NM, JIANG R, WANG T, LIU Y. Evaluation of main soil nutrients characteristics for *Panax notoginseng* planting area of Yunnan[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2016, 29(3): 599-605 (in Chinese).
- [44] 郑冬梅, 李佳, 欧小宏, 王家金, 张智慧, 郭兰萍, 刘大会. 三七种植地土壤养分动态变化研究[J]. 西南农业学报, 2015, 28(1): 279-285.
- ZHENG DM, LI J, OU XH, WANG JJ, ZHANG ZH, GUO LP, LIU DH. Nutrients dynamic changes in cultivation soil of *Panax notoginseng*[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2015, 28(1): 279-285 (in Chinese).
- [45] VELMURUGAN A, SWARNAM TP, JAISANKAR I, SWAIN S, SUBRAMANI T. Vegetation-soil-microbial diversity influences ecosystem multifunctionality across different tropical coastal ecosystem types[J]. Tropical Ecology, 2022, 63(2): 273-285.
- [46] 商丽荣, 万里强, 李向林. 有机肥对羊草草原土壤细菌群落多样性的影响[J]. 中国农业科学, 2020, 53(13): 2614-2624.
- SHANG LR, WAN LQ, LI XL. Effects of organic fertilizer on soil bacterial community diversity in *Leymus chinensis* steppe[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, 53(13): 2614-2624 (in Chinese).
- [47] 米扬, 郭蓉, 王媛, 王占军, 蒋齐, 俞鸿千, 马琨. 宁夏荒漠草原土壤细菌与真菌群落对降水变化的响应[J]. 草业学报, 2023, 32(11): 81-92.
- MI Y, GUO R, WANG Y, WANG ZJ, JIANG Q, YU HQ, MA K. Responses of soil bacterial and fungal communities to precipitation in the desert steppe ecosystem of Ningxia[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2023, 32(11): 81-92 (in Chinese).
- [48] WEI M, HU GQ, WANG H, BAI E, LOU YH, ZHANG AJ, ZHUGE YP. 35 years of manure and chemical fertilizer application alters soil microbial community composition in a Fluvo-aquic soil in Northern China[J]. European Journal of Soil Biology, 2017, 82: 27-34.
- [49] 孙雪婷, 龙光强, 张广辉, 孟珍贵, 陈中坚, 杨生超,

- 陈军文. 基于三七连作障碍的土壤理化性状及酶活性研究[J]. 生态环境学报, 2015, 24(3): 409-417.
- SUN XT, LONG GQ, ZHANG GH, MENG ZG, CHEN ZJ, YANG SC, CHEN JW. Properties of soil physical-chemistry and activities of soil enzymes in context of continuous cropping obstacles for *Panax notoginseng*[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2015, 24(3): 409-417 (in Chinese).
- [50] ZHANG Y, ZHENG YJ, XIA PG, XUN LL, LIANG ZS. Impact of continuous *Panax notoginseng* plantation on soil microbial and biochemical properties[J]. Scientific Reports, 2019, 9: 13205.
- [51] 兰艺鸣, 李佳思, 韩梅, 杨利民. 不同林型对林下参产量质量及土壤微生态的影响[J]. 中国实验方剂学杂志, 2022, 28(13): 181-188.
- LAN YM, LI JS, HAN M, YANG LM. Yield, quality, and soil microecology of *Panax ginseng* under different forests[J]. Chinese Journal of Experimental Traditional Medical Formulae, 2022, 28(13): 181-188 (in Chinese).
- [52] 黄菊莹, 余海龙, 刘吉利, 马飞, 韩磊. 控雨对荒漠草原植物、微生物和土壤 C、N、P 化学计量特征的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(15): 5362-5373.
- HUANG JY, YU HL, LIU JL, MA F, HAN L. Effects of precipitation levels on the C, N, and P stoichiometry in plants, microbes, and soils in a desert steppe in China[J]. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(15): 5362-5373 (in Chinese).
- [53] MARTÍNEZ-GARCÍA LB, de DEYN GB, PUGNAIRE FI, KOTHAMASI D, van der HEIJDEN MGA. Symbiotic soil fungi enhance ecosystem resilience to climate change[J]. Global Change Biology, 2017, 23(12): 5228-5236.
- [54] 郭蓉, 吴旭东, 王占军, 蒋齐, 俞鸿千, 贺婧, 刘文娟, 马琨. 荒漠草原土壤细菌和真菌群落对降水变化的响应[J]. 应用生态学报, 2023, 34(6): 1500-1508.
- GUO R, WU XD, WANG ZJ, JIANG Q, YU HQ, HE J, LIU WJ, MA K. Responses of soil bacterial and fungal communities to altered precipitation in a desert steppe[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2023, 34(6): 1500-1508 (in Chinese).
- [55] 于星辰, 刘倩, 李春杰, 朱平, 李海港, 张福锁. 根际过程和高底物浓度促进黑土有机磷矿化[J]. 土壤学报, 2019, 56(4): 953-963.
- YU XC, LIU Q, LI CJ, ZHU P, LI HG, ZHANG FS. Rhizospheric processes and high substrate concentration stimulating mineralization of soil organic P in black earth[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(4): 953-963 (in Chinese).