



研究报告

间作不同作物对柘子根际土壤微生物生态的影响

李巧玲* 肖忠 任明波 韩凤 胡开治

重庆市药物种植研究所 特色生物资源研究与利用川渝共建重点实验室 重庆 408435

摘要:【背景】柘子为多年生常绿灌木,经过连续多年种植会导致土壤微生态环境恶化、病虫害加剧、品质降低等问题。研究发现间作可以改善土壤微生物区系、土壤养分及酶活性,是生产中常用的有效栽培措施。【目的】通过对不同间作模式下柘子根际土壤微生物区系、酶活性及养分的动态变化进行研究,为揭示栽培措施改良土壤生态环境及提升柘子产量的土壤微生物生态学机理提供理论依据。

【方法】为了解不同间作模式对柘子根际微生物生态的影响,本试验选择3年生柘子进行了大田试验,采用随机区组设计,设置柘子单作及柘子/白及、柘子/金钱草、柘子/射干3种间作处理,以柘子根际土壤为研究对象进行全生育期取样。采用Illumina高通量测序技术测定细菌16S rRNA基因V3-V4区序列及真菌rDNA ITS1-ITS2区序列,并测定各时期土壤的理化性质,以明确柘子间作不同作物对其根际微生物群落及土壤理化性质随柘子生育期的动态变化。【结果】在柘子整个生育过程中,根际细菌群落中变形菌门和酸杆菌门的相对丰度分别为39%和18%,为细菌优势菌门。真菌群落中子囊菌门、担子菌门和被孢霉门相对丰度所占比例依次为51%、22%和19%,为主要真菌类群。在果实膨大期,与单作柘子相比,柘子/射干和柘子/白及可以显著增加土壤细菌群落Shannon指数,增幅分别为6.55%和3.45% ($P<0.05$),其他时期差异不显著。盛花期,柘子/射干间作不会显著降低根际真菌的多样性,而与金钱草或白及间作则显著降低其多样性;果实膨大期,柘子/射干和柘子/白及间作均可以显著提高根际土壤真菌群落的Shannon指数,增幅分别为29.19%和9.12%。土壤养分方面,不同间作模式下根际土壤理化性质存在一定差异。单作柘子根际土壤仅有机质、全氮、速效磷的含量较高,而碱解氮、速效钾含量均低于3种间作处理。土壤酶方面,单作柘子除酸性蛋白酶外,其余几项土壤酶活性均处于偏下水平。土壤理化性质与根际微生物多样性的相关性分析显示,细菌多样性指数Shannon与根际土壤有机质、速效磷含量呈显著正相关,与pH值呈极显著正相关 ($P<0.01$);真菌多样性指数Shannon与根际土壤全钾、脲酶、过氧化氢酶呈极显著负相关,与速效钾、蔗糖酶、酸性磷酸酶、酸性蛋白酶活性呈极显著正相关。【结论】合理间作可以改善根际微生物群落结构,同时提高土壤综合肥力。

关键词: 柘子, 间作模式, 根际微生物, 土壤酶活性, 土壤养分

Foundation items: National Key Research and Development Program of China (2017YFC1700704); Chongqing Scientific Research Institute Performance Incentive Special Project (cstc2018jxjl-jbky80002)

*Corresponding author: E-mail: liq1907981840@163.com

Received: 16-12-2020; Accepted: 19-02-2021; Published online: 30-07-2021

基金项目: 国家重点研发计划(2017YFC1700704); 重庆市科研院所绩效激励专项(cstc2018jxjl-jbky80002)

*通信作者: E-mail: liq1907981840@163.com

收稿日期: 2020-12-16; 接受日期: 2021-02-19; 网络首发日期: 2021-07-30

Effect of *Gardenia jasminoides* Ellis with different intercropping crops on soil microecology

LI Qiaoling* XIAO Zhong REN Mingbo HAN Feng HU Kaizhi

Chongqing Institute of Medicinal Plant Cultivation, Bio-Resource Research and Utilization Joint Key Laboratory of Sichuan and Chongqing, Chongqing 408435, China

Abstract: [Background] *Gardenia jasminoides* Ellis is a perennial evergreen shrub. After years of continuous planting, it will lead to deterioration of the soil micro-ecological environment, aggravation of pests and diseases, and reduced quality. It was found that intercropping was an effective cultivation method in production to improve soil microflora, nutrient and enzyme activity. **[Objective]** In this study, the dynamic changes of the rhizosphere soil microflora, enzyme activity and nutrients of gardenia under different intercropping patterns were studied, in order to provide a theoretical basis for revealing the soil microecology mechanism of cultivation measures to improve the soil ecological environment and enhance the yield of gardenia. **[Methods]** To understand the effects of different intercropping patterns on the rhizosphere microecology, three-year-old gardenias were selected for field experiment. Random block design was adopted. Gardenia single cropping and *Gardenia/Bletilla striata*, *Gardenia/Lysimachia christinae*, *Gardenia/Belamcanda chinensis* three intercropping treatment were set, using *Gardenia* rhizosphere soil as the research material, sampling throughout the growth periods. Illumina high-throughput sequencing technology was used to determine the sequences of bacterial 16S rRNA gene V3–V4 and fungal rDNA ITS1–ITS2, and the physical and chemical properties of the soil in each period were determined, so as to clarify the intercropping of different crops on the gardenia rhizosphere microbial community and soil physical and chemical properties with the growth period. **[Results]** In the whole growth process of gardenia, the relative abundance of *Proteobacteria* and *Acidobacteria* in the rhizosphere bacterial community were 39% and 18%, respectively, which were the dominant bacteria. In the fungal community, the relative abundance of *Ascomycota*, *Basidiomycota* and *Mortierellomycota* accounted for 51%, 22% and 19%, respectively, which were the main fungal groups. In the fruit expansion stage, compared with single cropping, *Gardenia/Belamcanda* and *Gardenia/Bletilla striata* can significantly increase the Shannon index of soil bacterial communities by 6.55% and 3.45% ($P < 0.05$), respectively, but there was no significant difference at other stages. In terms of rhizosphere fungi, *Gardenia/Belamcanda* does not significantly reduce the diversity during the full blooming period, while intercropping with *Lysimachia* or *Bletilla* will significantly decrease; In the fruit expansion stage, *Gardenia/Belamcanda* and *Gardenia/Bletilla* intercropping can significantly increase the Shannon index of the rhizosphere soil fungal community by 29.19% and 9.12%, respectively. In terms of soil nutrients, The contents of organic matter, total N and available P in rhizosphere soil of gardenia monoculture were higher, while the contents of alkaloid N and available K were lower than the three intercropping treatments. In terms of soil enzymes, except for the acid protease, the activities of the other soil enzymes of the single-cropped gardenia are at a lower level. Correlation analysis between soil physical and chemical properties and rhizosphere microbial diversity showed that the bacterial diversity index Shannon was significantly positive correlated with rhizosphere soil organic matter, available P, and extremely significantly positive correlated with pH ($P < 0.01$); The fungal diversity index Shannon was significantly negative correlated with total K, urease and catalase in rhizosphere soil, and significantly positive correlated with available K, sucrase, acid phosphatase, and acid protease activities. The comprehensive scores of soil fertility in the blooming stage and fruit expansion stage showed that the soil fertility scores of *Gardenia/Belamcanda* was the highest, and that of *Gardenia/Lysimachia* was the lowest. **[Conclusion]** Reasonable intercropping can improve the microbial community structure in the rhizosphere, and improve the comprehensive soil

fertility. The soil fertility comprehensive score of *Gardenia/Belamcanda* is the highest, they may be the desirable intercropping patterns for *Gardenia* cultivation.

Keywords: *Gardenia jasminoides* Ellis, intercropping pattern, rhizosphere microorganisms, soil enzymatic activity, soil nutrient

栀子(*Gardenia jasminoides* Ellis)为茜草科栀子属多年生灌木,以干燥果实入药,具有泻火除烦、清热利湿、凉血解毒、散瘀的功效,常用于热病心烦、湿热黄疸、淋证涩痛等病症^[1]。成熟果实也可用于提取黄色素,常作为天然着色剂或食品色素,广泛应用于化妆品及食品等行业^[2-3]。重庆是栀子药材的主产区之一,大田生产中经过连续多年种植常会导致栀子病虫害增加、产量降低、畸形果增多等种质退化现象^[4-5]。究其原因,栀子自身种质退化是一方面的因素,此外,土壤环境恶化也占了重要的比例^[6-8]。如何采用绿色无公害的手段改善栀子土壤环境,同时提高其产量和品质是栀子产业可持续发展面临的关键问题。

间作是我国传统农业中广泛应用的耕作方式之一,合理的间作不但能提高土地利用率、高产稳产及防治病虫害和杂草,而且能改善土壤结构和提高土壤肥力,是栽培上常用的提高作物产量和经济效益的重要措施^[9-11]。何振华等^[12]将苦瓜和芋2种作物进行立体间作栽培,不仅满足了各自对生长环境的要求,而且降低了生产成本,减少化肥用量25%、农药用量15%,同时经济效益也显著提高,真正做到了减肥减药增效。另外,合理间作还可以用于修复土壤。如:卓胜等^[13]以大豆、黑麦草和南瓜为材料,通过3种植物的单作和间作对多氯联苯污染土壤的根际修复效应进行了研究,发现植物单作的多氯联苯降解率比无作物对照提高了10.4%–17.0%,植物间作的降解率提高了18.4%–23.9%,显著改善和修复了土壤。徐海强等^[14]认为木薯与花生间作后,有利于各自根际土壤向高肥力的细菌型转化,而且间作可以改变木薯和花生根际土壤细菌和真菌的群落结构。可见,研究间作栽培对合理利用土壤、营造最佳经济效益和改

善生态环境具有重大意义。

目前,栀子栽培技术方面及化学成分、药理作用等方面有较多的研究,但是有关间作模式及其土壤微生态环境的研究较少,尤其是土壤微生物区系的研究。本研究通过对不同间作组合下栀子根际土壤微生物区系、酶活性及养分的动态变化进行研究,分析栽培措施对栀子根际土壤微生态环境的影响,以期揭示栽培措施改良土壤生态环境和提升栀子产量、品质的土壤微生态学机理,以及构建合理的栀子间作模式提供技术指导和理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

栀子选用重庆本地主要栽培品种药用栀子,原植物经刘正宇教授鉴定为茜草科植物栀子 *Gardenia jasminoides* Ellis; 白及、射干及金钱草均由重庆市药物种植研究所药用植物园主任任明波提供。

1.2 田间试验设计

试验区位于重庆市南川区三泉镇沙子堡3年生栀子试验地(N29°07'41.10", E107°11'32.44")。设置栀子单作为空白对照(Z),栀子分别与白及(Z/B)、金钱草(Z/J)和射干(Z/S)间作,各间作物种按照各自生长习性进行栽种;每个处理重复3次,随机区组排列,小区长7 m宽3 m,面积21 m²;栀子的行距为1.4 m,株距0.8 m;薄荷、射干和白及种植为行距30 cm、株距25 cm;金钱草行距20 cm、窝距10 cm。小区间以宽50 cm、高30 cm的土埂进行区域分割,同时用以阻止小区间土壤养分和微生物等的交流。试验在大田条件下进行,南北种植,各间作系统的立地条件、土壤状况、管理措施与单作系统基本一致。分别于栀子蕾期(A1)(2019年5月7日)、盛花期(A2)(2019年5月23日)、果实膨大期(A3)(2019年8月9日)和盛果期(A4)

(2019年11月4日)按照五点随机取样法,选择5株生长较一致的栀子,将其连根拔起,抖落大块泥土、石砾或植被残根等杂物,取其须根上的土混匀后装入自封袋中带回实验室。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 土壤理化性质分析

将一部分土样风干后过60目筛,进行土壤pH、有机质、全氮、全磷、全钾、碱解氮、有效磷、速效钾共8项指标的测定,具体方法参照纳小凡等^[15]土壤环境化学指标测定。

1.3.2 土壤酶活性测定

土壤酶活性测定指标包括土壤蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶、酸性磷酸酶及酸性蛋白酶,均用试剂盒(重庆阿米达生物科技有限公司)测定。

1.3.3 根际微生物高通量测序

采取新鲜根际土壤0.1g,利用土壤DNA提取试剂盒提取每个处理的3个重复土样总DNA,经0.8%琼脂糖凝胶电泳和超微量核酸分光光度计检测其浓度和纯度。采用细菌通用引物338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')对16S rRNA基因序列的V3-V4高变区进行扩增;真菌通用引物ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和ITS2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')扩增真菌ITS1-ITS2区域。PCR扩增产物经电泳检测后,利用胶回收试剂盒对目标片段进行回收。回收产物送至北京百迈克生物科技有限公司进行后续的高通量测序及序列分析。

1.4 数据分析

高通量测序结果经过拼接、过滤,去除嵌合体后得到优化序列,在相似性97%的水平上对序列进行聚类,划分OTU。在细菌Silva(Release132, <http://www.arb-silva.de>)和真菌Unite(Release8.0, <http://unite.ut.ee/>)数据库中进行OTU序列比对,并在各个水平进行物种信息注释。利用QIIME(V1.7.0)软件计算香农指数(Shannon)进行物种多样性分析。采用Microsoft Excel 2007及SPSS 20.0

对土壤理化及土壤酶等数据进行方差、显著性及相关性分析。

2 结果与分析

2.1 不同间作处理对栀子根际土壤pH及养分的影响

栀子间作对土壤理化性质的影响见表1。栀子生长的根际土壤偏酸性,pH值为4.58–5.30,Z/J在盛果期达到最小值,但Z/S和Z/B对土壤pH无显著影响。在栀子整个生育期中土壤有机质变化不显著,Z花蕾期含量最高,而3种间作处理显著降低了土壤中的有机质。全氮方面大多随时间呈先降低后升高的趋势,Z和Z/B在果实膨大期含量最低,显著低于所有间作组合;全磷方面在栀子整个生育期变化不明显,Z/B显著高于除单作栀子外的其余间作组合;全钾方面,无论单作栀子还是各种间作组合均在盛花期迅速下降,后期维持平衡,Z/S在花蕾期的含量最高,显著高于其他处理;碱解氮方面,无论单作栀子还是各种间作组合均先降低后升高,在果实膨大期含量最低,Z/S盛花期含量最高,显著高于其他处理;速效磷方面呈逐渐降低的变化趋势,单作栀子在花蕾期含量最高,显著高于各间作组合;速效钾方面,Z/S在花蕾期含量最高,显著高于其他处理,比单作提高7.96%。综合来看,单作栀子有机质、全氮、速效磷的含量较高,全磷含量在花蕾期差异不显著,盛花期和果实膨大期显著高于各间作处理,果实膨大期,栀子与金钱草、射干的间作处理超越单作栀子,但是碱解氮、速效钾含量较低,全钾含量变化不明显,所以合理间作可以显著提高栀子各时期根际土壤中部分有效养分的含量。

2.2 不同间作处理对栀子根际土壤酶活性的影响

从不同间作处理对栀子根际土壤酶活性的影响(表2)可以看出,土壤蔗糖酶方面,Z/B在花蕾期和盛花期都显著高于栀子单作,在花蕾期的活性最高。然而无论单作还是间作处理,栀子根际土壤蔗糖酶活性在盛果期都达到最小值,并且各处理均

表 1 不同处理栀子根际土壤 pH 值及养分

Table 1 The pH and nutrition content of rhizosphere soil of *G. jasminoides* of different treatments

处理 Treatments	时期 Periods	pH	有机质 Organic matter (g/kg)	全养分 Full nutrient (g/kg)			有效养分 Effective nutrients (mg/kg)		
				全氮	全磷	全钾	碱解氮	速效磷	速效钾
				Total nitrogen	Total phosphorus	Total potassium	Alkaline nitrogen	Available phosphorus	Available potassium
Z	A1	5.10ab	31.53a	1.80ab	0.77ab	26.79b	89.94bc	18.28a	396.79ab
	A2	4.86ab	28.86ab	1.83ab	1.04a	24.84c	92.31bc	16.19ab	364.84b
	A3	4.85ab	28.16ab	1.63b	0.89ab	23.33def	81.67ef	13.49ab	273.33c
	A4	4.96ab	28.17ab	1.99a	1.06a	24.52c	86.43cde	12.83ab	256.52c
Z/S	A1	5.09ab	26.54b	1.72ab	0.69b	29.41a	89.85bc	16.61ab	428.36a
	A2	4.88ab	28.93ab	1.75ab	0.89ab	24.64c	103.74a	15.42ab	394.26ab
	A3	4.80ab	28.03ab	1.73ab	0.94ab	24.84c	88.62bc	12.94ab	281.67c
	A4	5.11ab	26.91b	1.73ab	0.67b	24.17cd	91.53bc	11.77b	269.74c
Z/J	A1	4.79ab	28.88ab	1.71ab	0.71ab	27.23b	88.64bc	16.09ab	393.16ab
	A2	4.76ab	26.87b	1.74ab	0.68b	23.77cdef	93.29b	15.95ab	375.61b
	A3	4.92ab	26.69b	1.72ab	1.06a	23.92cdef	82.33def	12.92ab	279.92c
	A4	4.58b	27.18b	1.84ab	0.73ab	24.15cde	87.75bcd	11.88b	265.37c
Z/B	A1	5.30a	25.32b	1.70ab	0.78ab	27.13b	90.61bc	17.12ab	415.55ab
	A2	5.11ab	26.77b	1.81ab	0.76ab	22.99ef	93.38b	15.03ab	389.32ab
	A3	5.08ab	26.39b	1.54b	0.76ab	22.97f	79.96f	12.91ab	286.93c
	A4	4.73ab	25.63b	1.67ab	0.80ab	23.10def	87.56bcd	11.82bab	265.12c

注：同列不同小写字母表示不同样品之间差异显著($P<0.05$)。下同

Note: Different lowercase letters in the same column indicated that there was a significant difference among the samples ($P<0.05$). The same as below

表 2 不同处理栀子根际土壤酶活性

Table 2 Enzyme activity of rhizosphere soil of *G. jasminoides* of different treatments

处理 Treatments	时期 Periods	S-SC (mg/d/g)	S-UE ($\mu\text{g/d/g}$)	AcP (nmol/(h·g))	CAT ($\mu\text{mol/(h·g)}$)	AcPr ($\mu\text{g/(h·g)}$)
Z	A1	98.21b	560.49g	987.03c	106.38ghi	67.51a
	A2	90.34d	437.99j	554.71i	145.44ef	58.67c
	A3	70.31fg	1 344.63e	601.66hi	210.94d	51.84de
	A4	35.12h	1 328.08e	677.79fg	256.92c	55.01cd
Z/S	A1	93.31cd	474.58i	1 063.71b	89.17i	50.59e
	A2	85.63e	389.90k	882.52d	130.76fg	41.26fg
	A3	73.25f	1 160.23f	831.60de	95.54hi	70.38a
	A4	37.63h	1 581.08c	376.25j	311.00b	38.62g
Z/J	A1	94.54bc	390.07k	1 289.54a	58.80j	31.67h
	A2	83.34e	406.74jk	816.39e	102.16hi	25.10i
	A3	66.23g	1 125.81f	689.62fg	166.79e	57.04c
	A4	35.57h	1 633.31b	544.81i	291.96b	26.42i
Z/B	A1	105.79a	522.77h	869.14de	83.25ij	44.84f
	A2	98.45b	490.90hi	631.49gh	120.62fgh	39.20g
	A3	68.25g	1 522.95d	732.41f	145.30ef	62.74b
	A4	38.81h	1 744.13a	329.31j	356.42a	41.68fg

注：S-SC：蔗糖酶；S-UE：土壤脲酶；AcP：酸性磷酸酶；CAT：过氧化氢酶；AcPr：酸性蛋白酶。同列不同小写字母表示不同样品分组之间差异显著($P<0.05$)

Note: S-SC: Sucrase; S-UE: Urease; AcP: Acid phosphatase; CAT: Catalase; AcPr: Acid protease. Different lowercase letters in the same column indicated that there was a significant difference among the samples ($P<0.05$)

无显著差异($P<0.05$); 土壤脲酶直接反映土壤中氮素的情况^[16], Z/B 处理的土壤脲酶在盛果期活性最高, 显著高于其余各间作组合及单作柘子, 比单作柘子提高 31.33%, Z/S 和 Z/J 在花蕾期活性最低, 显著低于各间作组合, 其变化总体呈先降低后升高的趋势, 在盛果期达最高值; 土壤酸性磷酸酶方面, Z/J 在花蕾期活性最高, 显著高于其他处理, 比单作柘子提高了 30.65%。除盛果期以外, 单作柘子活性最低且显著低于 Z/S 及 Z/B。土壤酸性磷酸酶以花蕾期活性最高, 后期变化规律不明显; 土壤过氧化氢酶方面, Z/B 在盛果期活性最高, 比单作柘子提高 38.73%, Z/B 在花蕾期活性最低。土壤过氧化氢酶活性随着柘子生育期而逐渐升高, 于盛果期达最大值; 土壤酸性蛋白酶方面, 单作柘子在花蕾期活性最高, Z/J 在盛花期活性最低, 酶活性变化规律不明显。总体而言, 柘子与不同作物间作土壤各种酶活性变化不同, 单作柘子除酸性蛋白酶外的其余几项土壤酶活性均处偏下水平, 可见合理的间作可以有效提高柘子根际土壤中的脲酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶及过氧化氢酶活性。

2.3 不同间作处理对柘子根际土壤微生物区系的影响

2.3.1 不同间作处理对柘子根际土壤微生物多样性的影响

各样品中细菌及真菌的 Shannon 多样性指数见图 1。在供试的 4 组样品中, 细菌多样性指数在柘子不同生育期总体变化不大, 而真菌在各个时期的变化较为明显, 总体变化趋势为花蕾期多样性最高, 盛花期有所降低, 果实膨大期再次升高, 于盛果期达最小值。根际细菌方面, 花蕾期和盛花期所有处理的 Shannon 指数差异不显著; 在果实膨大期, 与单作柘子相比, Z/S 和 Z/B 可以显著增加土壤细菌群落 Shannon 指数, 增幅分别为 6.55%和 3.45%; 盛果期, Z/B 处理可以显著降低根际土壤细菌 Shannon 指数($P<0.05$), 其他处理差异不显著。根际真菌方面, 花蕾期和盛果期的柘子根际土壤真菌 Shannon 指数均无显著差异; 而在盛花期, 柘子

与射干间作不会显著降低根际土壤真菌的多样性, 而与金钱草或白及间作则会显著降低; 果实膨大期, Z/S 和 Z/B 间作均可以显著提高根际土壤真菌群落的 Shannon 指数, 增幅分别为 29.19%和 9.12%。综合柘子根际土壤细菌和真菌的 Shannon 多样性指数可以看出, 在果实膨大期 Z/S 处理可以显著提高柘子根际土壤细菌和真菌的多样性。说明合理的间作处理可以有效地增加作物根际微生物群落多样性, 改善根际土壤微生物生态结构, 进而起到改良土壤的目的。

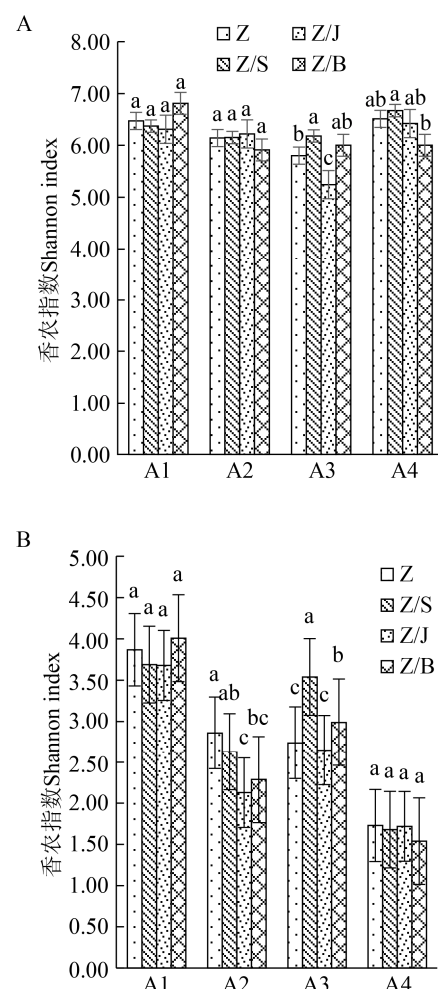


图 1 不同处理柘子根际土壤细菌(A)和真菌(B)群落的香农指数

Figure 1 Shannon index of bacteria (A) and fungi (B) in the rhizosphere soil of *G. jasminoides*

2.3.2 不同间作处理对栀子根际土壤微生物群落组成的影响

栀子根际土壤细菌和真菌在门水平的群落组成(相对丰度大于1%)如图2所示,所有样品(包括单作和间作)的细菌群落按照相对丰度从高到低依次为变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)及厚壁菌门(*Firmicutes*),其中变形菌门和酸杆菌门为栀子根际土壤的优势菌门,平均相对丰度分别占所有样品总量的39%和18%。所有样品中真菌门类组成基本一致,相对丰度从高到低依次为子囊菌门(*Ascomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)和被孢霉门(*Mortierellomycota*),平均相对丰度所占比例依次为51%、22%和19%,可见子囊菌门是所有土样中的主要真菌类群。

对门和属水平(相对丰度>1%)细菌所占比例分析发现,不同生育期栀子与不同作物间作,其根际土壤中细菌群落组成均发生明显变化(图3)。花蕾期,不同处理土壤细菌群落中拟杆菌门、芽单胞

菌门、厚壁菌门、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)及 *Bacterium_f_Gemmatimonadaceae* 相对丰度差异较大。与栀子单作相比,所有间作处理均显著降低了土壤鞘氨醇单胞菌属的相对丰度,降幅为37.76%–50.16%。Z/J 处理会显著降低根际土壤中拟杆菌门、芽单胞菌门、鞘氨醇单胞菌属及 *Bacterium_f_Gemmatimonadaceae* 的相对丰度,另外2种间作处理变化不显著;盛花期, Z/S 和 Z/J 可以显著提高根际土壤酸杆菌门、疣微菌门、浮霉菌门、*Bacterium_o_Acidobacteriales*、*Candidatus_Solibacter* 及 *Bacterium_f_Micropepsaceae* 的相对丰度,而 Z/B 与栀子单作相比差异不显著;果实膨大期,所有间作处理均可显著提高变形菌门的相对丰度, Z/S 和 Z/J 可以提高浮霉菌门的相对丰度,同时 Z/J 处理可以显著提高 *Chugaibacter* 细菌的相对丰度($P<0.05$);盛果期,变形菌门、酸杆菌门及 *Chugaibacter* 等细菌的相对丰度均变化较大,如 Z/J 处理可以显著降低变形菌门和拟杆菌门等的相对丰度,而 Z/S 和 Z/J 可以显著提高酸杆菌门、浮霉菌门及 *Bacterium_o_Acidobacteriales* 细菌的相对丰度。

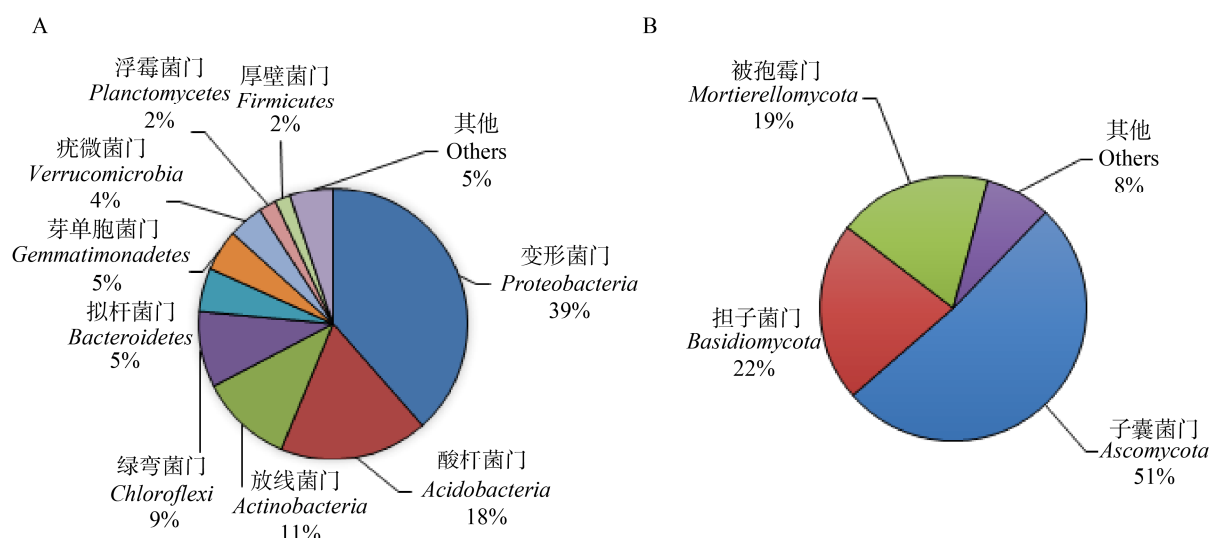


图2 栀子根际土壤细菌(A)和真菌(B)门水平的群落构成

Figure 2 Bacteria (A) and fungi (B) taxonomic group at phylum level of *G. jasminoides*

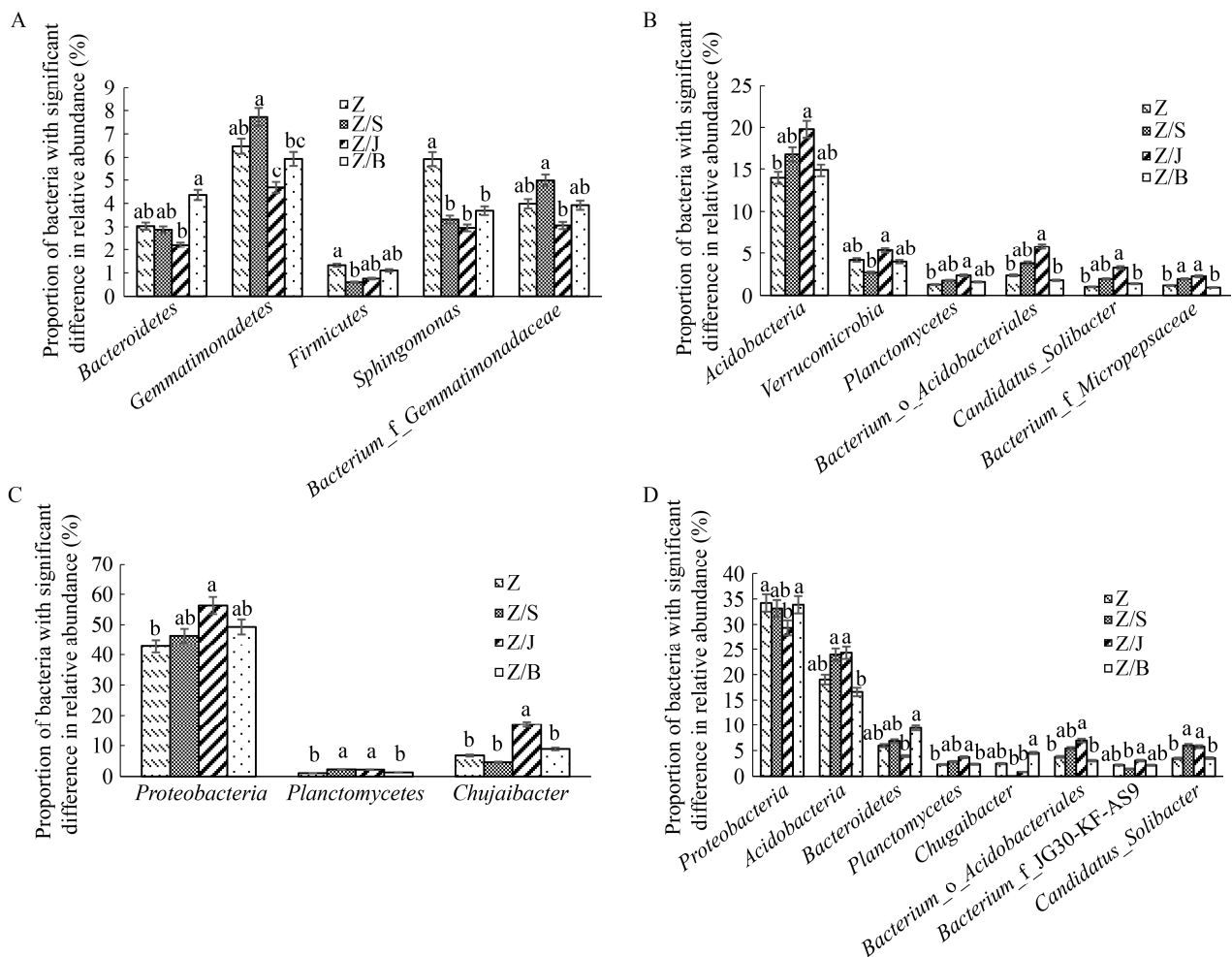


图3 不同处理茄子根际土壤细菌相对丰度差异

Figure 3 Differences between soil bacteria abundance of different treatments

注: A: 花蕾期; B: 盛花期; C: 果实膨大期; D: 盛果期。下同

Note: A: Flowering stage; B: Blooming stage; C: Fruit expansion stage; D: Fruit stage. The same below

如图4所示,不同处理茄子根际真菌群落中子囊菌门、担子菌门、镰刀菌属(*Fusarium*)及被孢霉属(*Mortierella*)等真菌在茄子不同生育期的相对丰度差异显著。花蕾期,与茄子单作相比,Z/S和Z/B间作处理可以显著提高球囊菌门(*Glomeromycota*)的相对丰度;Z/J处理显著提高了被孢霉门和被孢霉属(*Mortierella*)的相对丰度,而降低了大孢圆孢霉属(*Staphylotrichum*)的相对丰度。盛花期,Z/S和Z/J处理可以显著提高茄子根际被孢霉门和被孢霉属的相对丰度,而降低子囊

菌门和镰刀菌属的相对丰度;Z/B间作可以显著降低镰刀菌属的相对丰度。果实膨大期,与单作相比,Z/S可以显著提高大孢圆孢霉属的相对丰度,Z/J处理提高了子囊菌门和青霉属(*Penicillium*)的相对丰度;Z/B可以显著提高子囊菌门、大丽轮枝菌属(*Verticillium*)的相对丰度。盛果期,门水平上各处理均差异不显著,而属水平上,Z/S处理可以显著降低枝孢菌属(*Cladosporium*)的相对丰度,而Z/B和Z/J则显著提高了大丽轮枝菌属的相对丰度。

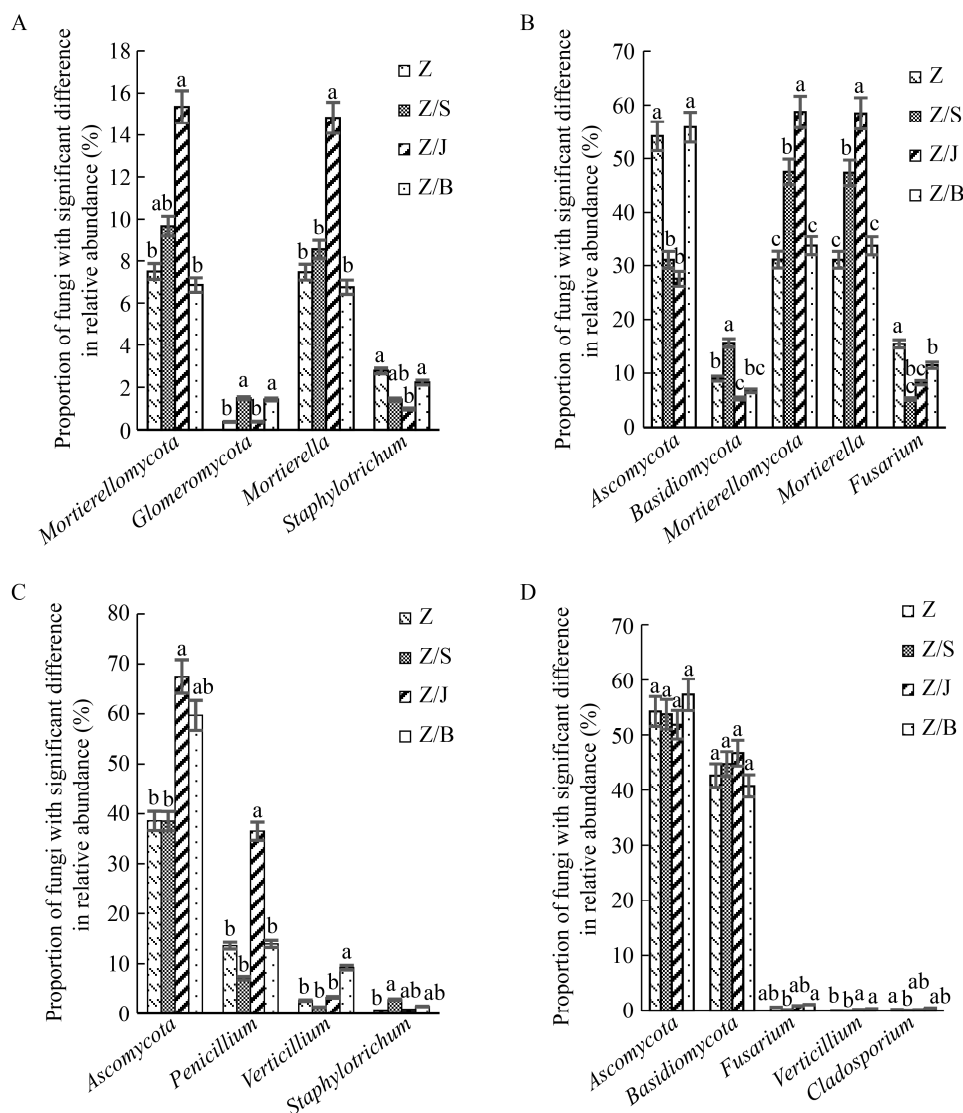


图4 不同处理茄子根际土壤真菌相对丰度差异

Figure 4 Differences between soil fungi abundance of different treatments

2.4 茄子根际土壤微生物群落组成与土壤理化性质的相关性分析

通过对茄子根际细菌和真菌 Shannon 多样性指数与土壤环境因子之间的相关性分析(图 5), 细菌多样性指数 Shannon 与根际土壤有机质(Organic Matter, OM)、速效磷(Available Phosphorus, AP)呈显著正相关,与 pH 呈极显著正相关,与全磷(Total Phosphorus, TP)呈显著负相关;真菌多样性指数 Shannon 与根际土壤全钾(Total Potassium, TK)、S-UE、CAT 呈极显著负相关,与速效钾(Available

Potassium, AK)、S-SC、AcP、AcPr 呈极显著正相关。说明茄子根际微生物多样性主要受速效钾、有效磷、有机质、全磷、全钾、蔗糖酶、过氧化氢酶及酸性蛋白酶的影响。

对不同间作组合门水平的茄子根际微生物、土壤酶活性及土壤养分进行相关性分析表明(表 3), 细菌变形菌门与土壤酸性蛋白酶呈显著正相关;酸杆菌门与全钾含量呈显著正相关,与全磷含量呈显著负相关;放线菌门与碱解氮和速效钾含量呈显著正相关,而与脲酶活性呈显著负相关;绿弯菌门与

壤养分等共 15 个指标进行主成分分析。分析得知, 第一主成分的方差贡献率最大, 百分比为 36.83%, 特征值为 5.252, 对土壤肥力综合评价起主要作用; 第二主成分的方差贡献率为 15.29%, 特征值为 2.294; 第三主成分的方差贡献率为 14.25%, 特征值为 2.137; 第四主成分的方差贡献率为 10.98%, 特征值为 1.648。4 个主成分的累积方差贡献率达到了 77.36%, 基本包含了主要土壤肥力信息。根际土壤速效钾、脲酶、蔗糖酶及过氧化氢酶对第一主成分影响较大; 有机质、全氮及细菌 Shannon 指数对第二主成分影响较大; 全磷、碱解氮及酸性蛋白酶对第三主成分影响较大;pH 对第四主成分影响较大。

盛花期和果实膨大期的土壤肥力变化较为显著, 因此将其 15 个指标用于主成分分析计算各得分。结果表明(表 4), 与栀子单作相比, 在试验中的 3 种间作组合中, 栀子/射干的土壤肥力综合得分最高, 而栀子/金钱草最低。由此说明, 栀子与射干间作可以大幅提高土壤肥力水平, 而与金钱草间作则会大幅度降低土壤的肥力水平, 所以在栀子进行间作时, 应选择合适的间作作物才能较大地提高其土壤肥力水平。

3 讨论与结论

合理的间作已成为改善土壤环境、提高土地利用率和作物产量的有效手段之一, 广泛应用于农业及中药材种植行业^[20]。其中间作物种与土壤的反

馈调节已成为目前研究的热点, 通过种植不同种类的植物调节土壤微生物群落, 从而达到改善土壤环境、提高土地利用率和增加农业生态系统经济效益的目的。栀子为多年生常绿灌木, 常年单一种植不仅会造成药材质量及产量的下降, 还会造成土地资源的浪费。在栀子行间布置不同的间作物种, 既可以有效利用土地资源, 还可以有效防控田间杂草、改善土壤环境, 从而达到减肥增效的目的。

土壤理化性质和酶活性的变化可引起植物根际微生态的变化, 对植物的生长发育也有重要影响^[21]。栀子不同间作模式下根际土壤理化性质及酶活性的研究发现, 栀子不同间作模式对土壤理化性质及土壤酶活性有显著差异。与单作栀子相比, 3 种间作处理均可显著提高栀子各时期根际土壤中碱解氮和速效钾含量及部分土壤酶活性, 这一结果与李娟等^[22]对橡胶树和姜科作物间作的研究结果类似。土壤有机质的含量与土壤肥力水平息息相关, 全氮量通常用来衡量土壤氮素的基础肥力, 间作的栀子根际土壤这 2 项指标显著降低, 说明间作可以显著降低栀子根际土壤有机质及土壤氮素的基础肥力, 这可能是由于试验过程中未及时施肥对土壤营养进行补充, 主、间作物的生长需要不断地从土壤中吸收各种养分, 期间间作物消耗了土壤中的大量养分, 该结果与王鹏等^[23]研究结果一致。与单作栀子相比, 间作普遍降低了栀子根际土壤中

表 4 主成分因子得分及土壤肥力水平综合得分

Table 4 Principal component factor score and comprehensive score of soil fertility level

时期 Periods	处理 Treatments	第一主成分 First principal component	第二主成分 Second principal component	第三主成分 Third principal component	第四主成分 Fourth principal component	综合得分 Overall ratings	综合排名 Total ranking
A ₂	Z	0.76	0.12	1.47	-0.95	0.48	2
	Z/S	1.76	1.31	0.11	-1.71	0.89	1
	Z/J	1.25	1.03	-1.46	-1.32	0.36	4
	Z/B	1.31	0.33	-0.63	-0.96	0.45	3
A ₃	Z	-1.34	-1.72	0.15	0.32	-0.92	3
	Z/S	0.15	-1.45	1.21	0.45	0.07	1
	Z/J	-1.12	-2.43	0.69	-0.41	-0.94	4
	Z/B	-0.65	-2.25	-0.50	1.70	-0.60	2

的全磷及有效磷的含量。磷元素在土壤中的可移动性差, 作物间作后消耗掉的磷得不到及时补充, 导致土壤中的全磷和有效磷都降低^[24]。土壤酸性磷酸酶是一种诱导酶, 当土壤中的有效磷缺乏时其活性增强, 促进土壤有机磷转化为植物可以利用的有效磷。间作后该酶活性普遍升高, 尤其柘子与金钱草间作后, 在花蕾期活性提高了 30.65%, 因土壤中有效磷的缺乏, 酸性磷酸酶活性增强促进了土壤有机磷转化为植物可以利用的有效磷供作物利用, 与土壤中有效磷的降低结果一致。然而在果实膨大期, 柘子与金钱草或射干间作后的全磷含量高于单作柘子, 可能是由于柘子处于快速物质积累时期, 需要从土壤中吸收大量的营养物质, 从而造成根际有效磷含量降低。柘子根际土壤碱解氮、速效钾在间作后含量普遍升高, 说明间作可以有效改善柘子根际土壤养分, 但不同间作物改善程度不同。土壤脲酶能促进土壤中含氮有机化合物的分解, 是植物氮素的来源之一。蔗糖酶主要参与土壤中碳水化合物的转化, 其活性强弱反映了土壤的熟化程度。相关研究发现, 这 2 种酶活性的高低与土壤中可吸收利用的有效营养物质含量正相关。间作柘子根际土样中的速效养分较单作土样显著升高, 尤其在盛花期, 柘子与射干间作碱解氮含量增加了 12.38%, 说明间作土壤肥力水平显著高于柘子单作, 与间作后柘子根际土壤脲酶、蔗糖酶活性的显著升高结果一致。单作柘子根际土壤酸性蛋白酶活性普遍高于间作处理(果实膨大期除外), 造成该结果的原因可能是 2 种作物在竞争土壤养分的过程中, 柘子处于优势一方, 需要消耗更多的碱解氮, 从而造成柘子根际土壤酸性蛋白酶活性高; 但果实膨大期柘子又处于劣势, 从而导致酶活性的降低^[25]。

大量研究表明, 作物间作不仅能增加土壤地上生物多样性和群落组成, 还能对地下土壤微生物多样性和组成起到调节作用^[26]。土壤微生物作为土壤的重要组成部分, 承担着分解土壤有机质、固定碳素氮素、分泌有机酸和醇类、促进土壤物质循环

的功能, 其生物活性、种类特征能反映土壤的肥力和植物的营养状况, 是对植物、土壤和气候等环境因素综合影响的响应^[27], 是影响土壤微生态的关键因素。董宇飞等^[28]研究结果表明, 辣椒与大蒜或玉米间作能够显著降低潜在病原菌的相对丰度并提高潜在有益菌丰度, 进而改善土壤微生物结构, 同时显著提高了土壤酶及土壤细菌群落多样性。汪茜等^[29]研究发现, 与单作生姜相比, 玉米/生姜间作可以维持生姜产量, 并提高其根际 AM 真菌多样性, 有效改善生姜根际微生态环境。间作栽培改变了土壤中微生物群落的结构组成及功能的多样性^[30]。本研究中, 与单作柘子相比, 果实膨大期柘子与射干或白及间作可以显著增加根际土壤细菌群落 Shannon 指数, 增幅分别为 6.55% 和 3.45%。盛果期, 柘子/白及处理可以显著降低根际土壤细菌 Shannon 指数($P < 0.05$), 其他时期所有处理无显著差异。根际真菌多样性方面, 在盛花期柘子与射干间作不会显著降低根际土壤真菌 Shannon 指数, 而与金钱草或白及间作则会显著降低; 果实膨大期, 柘子/射干和柘子/白及间作均可以显著提高根际土壤真菌群落的 Shannon 指数, 增幅分别为 29.19% 和 9.12%。由此可见, 柘子与不同作物间作可以影响其根际土壤微生物群落的多样性, 该结果也与大多数的作物间作能提高根际微生物的多样性的研究结果相同^[31-32]。同时, 在本研究中, 柘子与不同作物间作, 其根际微生物群落结构组成也发生了显著变化, 如盛花期, 柘子与射干或金钱草间作可以显著提高根际土壤酸杆菌门、浮霉菌门及被孢霉门等益生菌^[33]的相对丰度, 而降低子囊菌门^[34]和镰刀菌属在内的有害菌^[35]的相对丰度。果实膨大期, 3 种间作模式均可显著提高变形菌门的相对丰度, 柘子/射干和柘子/金钱草可以提高浮霉菌门的相对丰度。导致这一结果的原因可能是间作栽培后 2 种作物地下种间关系的相互作用, 使不同作物产生不同的特异根系分泌物, 并产生与之相适应的微生物群落区系, 进而促进土壤微

生物群落结构与功能多样化^[36]。

关于间作系统中作物-土壤-微生物之间的反馈调节,前人已有一些报道。刘亚军等^[37]研究表明,马铃薯在间作栽培条件下土壤微生物群落组成及功能多样性与土壤全氮、速效磷、速效钾有相关关系。唐秀梅等^[38]研究发现,甘蔗与花生间作后土壤有效养分与脲酶、酸性磷酸酶、微生物量氮及微生物数量呈显著或极显著正相关。通过栀子与3种中药材间作条件下微生物多样性与土壤环境因子的相关分析,研究发现细菌多样性与根际土壤有机质、速效磷呈显著正相关,与pH呈极显著正相关;真菌多样性与根际土壤全钾、脲酶、过氧化氢酶呈极显著负相关,与速效钾、蔗糖酶、酸性磷酸酶、酸性蛋白酶活性呈极显著正相关。由此表明,栀子间作条件下根际土壤微生物的代谢活动与土壤养分变化、酶活性存在着密切关系,三者相互作用,共同维持土壤的微生态环境。

综上所述,栀子与白及、射干及金钱草间作模式会形成不同的种间效应。其中,栀子与射干间作可以显著增加盛花期和果实膨大期以Shannon表征的根际土壤细菌、真菌的物种多样性,同时,该间作模式可以提高栀子根际土壤中部分养分含量及酶的活性。因此,合理间作可以改善根际微生物群落结构,同时提高土壤综合肥力。

REFERENCES

- [1] Chinese Pharmacopoeia Commission. Pharmacopoeia of the People's Republic of China[S]. Beijing: The Medicine Science and Technology Press of China, 2015: 248 (in Chinese)
国家药典委员会. 中华人民共和国药典[S]. 北京: 中国医药科技出版社, 2015: 248
- [2] Cen B. The characteristics and application of natural gardenia yellow pigment[J]. China Food Additives, 1994(2): 46-47 (in Chinese)
岑彬. 天然栀子黄色素的特性及应用概况[J]. 中国食品添加剂, 1994(2): 46-47
- [3] Lu W, Qian H, Zhang WM, Zhao BT. Study on extraction and purification of *Gardenia* yellow[J]. China Food Additives, 2010(1): 77-80 (in Chinese)
陆伟, 钱骅, 张卫明, 赵伯涛. 栀子黄色素的提取及精制研究[J]. 中国食品添加剂, 2010(1): 77-80
- [4] Fei Y, Wang G, Zhu DP. Investigation and analysis on resources of *gardeniae fructus* in Chongqing[J]. Resource Development & Market, 2013, 29(10): 1056-1059 (in Chinese)
费曜, 王刚, 朱丹平. 渝产栀子资源现状调查及分析[J]. 资源开发与市场, 2013, 29(10): 1056-1059
- [5] Zhang QH. The study of tissue culture and protoplast preparation of *Gardenia jasminoides* Ellis[D]. Guangzhou: Master's Thesis of Guangzhou University of Chinese Medicine, 2015 (in Chinese)
张庆红. 栀子组织培养及原生质体分离的研究[D]. 广州: 广州中医药大学硕士学位论文, 2015
- [6] Lu XX, Xing MY, Yao LM, Wang B, Wu TL, Zhao DY. Comparative analysis of the lentil-rice crop rotation on soil environment[J]. Acta Agriculturae Shanghai, 2016, 32(5): 92-96 (in Chinese)
卢欣欣, 邢茂玉, 姚陆铭, 王彪, 武天龙, 赵大云. 扁豆-水稻轮作对土壤环境影响的比较分析[J]. 上海农业学报, 2016, 32(5): 92-96
- [7] Sun XH. Mitigation effects of planting green manure and intercropping with peanut on continuous obstacle in potato field[D]. Tai'an: Master's Thesis of Shandong Agricultural University, 2018 (in Chinese)
孙晓涵. 种植绿肥和套作花生对双季马铃薯连作障碍的缓解效应[D]. 泰安: 山东农业大学硕士学位论文, 2018
- [8] He DM, Wang H, Chen JL, Lai CJS, Yan ZY, Huang LQ. Microecology and geoherbalism of traditional Chinese medicine[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2020, 45(2): 290-302 (in Chinese)
何冬梅, 王海, 陈金龙, 赖长江生, 严铸云, 黄璐琦. 中药微生态与中药道地性[J]. 中国中药杂志, 2020, 45(2): 290-302
- [9] Wei HM, He B, Liang Y, Wei ZW, Wei YL, Huang CB, Liu HY. Effects of different Chinese chestnut-crop intercropping patterns on soil physical and chemical properties[J]. Nonwood Forest Research, 2014, 32(3): 150-153 (in Chinese)
韦宏民, 何斌, 梁运, 韦智卫, 韦雅玲, 黄承标, 刘红英. 不同板栗-农间作模式对土壤理化性质的影响[J]. 经济林研究, 2014, 32(3): 150-153
- [10] Lv HF, Bie ZL, Cao HS, Nawaz MA, Sohail H, Huang Y, Cheng F, Kong QS. Wheat intercropping enhances the resistance of watermelon to *Fusarium* wilt[J]. China Cucurbits and Vegetables, 2019, 32(8): 239-240 (in Chinese)
吕慧芳, 别之龙, 曹海顺, Nawaz MA, Sohail H, 黄远, 程菲, 孔秋生. 小麦间作提高西瓜对枯萎病的抗性研究[J]. 中国瓜菜, 2019, 32(8): 239-240
- [11] Zhang WJ, Wang P, Chen XX, Feng H, Zhu LX. Effects of

- Platycodon grandiflorum*/pepper intercropping on root growth, yield and quality of *Platycodon grandiflorum*[J]. China Journal of Chinese Materia Medica, 2018, 43(6): 1111-1117 (in Chinese)
- 张文静, 王鹏, 陈香香, 冯惠, 祝丽香. 桔梗辣椒间作对桔梗根系生长及产量品质的影响[J]. 中国中药杂志, 2018, 43(6): 1111-1117
- [12] He ZH, Tang KL, Li JS, Liu JM. A high-efficiency cultivation model of bitter melon/taro intercropping for weight loss and medicine reduction[J]. China Vegetables, 2020(8): 103-105 (in Chinese)
- 何振华, 唐可兰, 李健生, 刘剑眉. 苦瓜/芋立体间作减肥减药高效栽培模式[J]. 中国蔬菜, 2020(8): 103-105
- [13] Zhuo S, He HZ, Li HS, Qin ZX, Wen XY, Li YJ. Effects of rhizo-remediation polychlorinated biphenyl contaminated soil under intercropping system[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2010, 29(1): 73-77 (in Chinese)
- 卓胜, 贺鸿志, 黎华寿, 秦之璇, 温贤有, 李拥军. 植物间作体系根际修复土壤多氯联苯的效应[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(1): 73-77
- [14] Xu HQ, Huang J, Liu ZF, Wei YX, Su BM, Li T. Effects of cassava-peanut intercropping on microbial amount, community structure and diversity in rhizosphere soils[J]. Journal of Southern Agriculture, 2016, 47(2): 185-190 (in Chinese)
- 徐海强, 黄洁, 刘子凡, 魏云霞, 苏必孟, 李天. 木薯/花生间作对其根际土壤微生物数量、群落结构及多样性的影响[J]. 南方农业学报, 2016, 47(2): 185-190
- [15] Na XF, Zheng GQ, Peng L, Lei CY, Yang HY, Ma Y, Zhao Q, Shi SF. Microbial biodiversity in rhizosphere of *Lycium barbarum* L. relative to cultivation history[J]. Acta Pedologica Sinica, 2016, 53(1): 241-252 (in Chinese)
- 纳小凡, 郑国琦, 彭励, 雷川怡, 杨红艳, 马玉, 赵强, 石硕硕. 不同种植年限宁夏枸杞根际微生物多样性变化[J]. 土壤学报, 2016, 53(1): 241-252
- [16] Wu P, Wang YF, Yang KJ, Zhang YF, Xue YW, Zhang PF, Chen TY, Pang C, Wang HP, Yin XW, et al. Effects of different nitrogen form and ratios on yield of maize and soil nutrient and enzymatic activity[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2018(5): 24-32 (in Chinese)
- 武鹏, 王玉凤, 杨克军, 张翼飞, 薛盈文, 张鹏飞, 陈天宇, 庞晨, 王怀鹏, 尹雪巍, 等. 不同氮素形态及配比对土壤养分和酶活性及玉米产量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2018(5): 24-32
- [17] Yang YF, Wu FQ, Duan HT, Xu N. Effects of different tillage measures on physical and chemical properties of gray brown desert soil and comprehensive evaluation of fertility in major wolfberry production areas of Qinghai[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2020, 27(2): 1-8 (in Chinese)
- 杨一凡, 吴发启, 段红腾, 徐宁. 青海主要枸杞产区不同耕作措施对灰棕漠土理化性质影响及肥力综合评价[J]. 水土保持研究, 2020, 27(2): 1-8
- [18] Zhang WW, Wang C, Xue R, Wang LJ. Effects of salinity on the soil microbial community and soil fertility[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2019, 18(6): 1360-1368
- [19] Liu YY, Bu RY, Tang S, Han S, Wang H, Li M, Cheng WL, Li XW, Wu J, Zhu L. Effect of continuous straw-Chinese milk vetch synergistic return to the field on yield, nutrient accumulation and soil fertility of double cropping rice[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2020, 26(6): 1008-1016 (in Chinese)
- 刘颖颖, 卜容燕, 唐杉, 韩上, 王慧, 李敏, 程文龙, 李晓韦, 武际, 朱林. 连续秸秆-紫云英协同还田对双季稻产量、养分积累及土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(6): 1008-1016
- [20] Taschen E, Amenc L, Tournier E, Deleporte P, Malagoli P, Fustec J, Bru D, Philippot L, Bernard L. Cereal-legume intercropping modifies the dynamics of the active rhizospheric bacterial community[J]. Rhizosphere, 2017, 3: 191-195
- [21] Van Wyk DAB, Adeleke R, Rhode OHJ, Bezuidenhout CC, Mienie C. Ecological guild and enzyme activities of rhizosphere soil microbial communities associated with Bt-maize cultivation under field conditions in North West Province of South Africa[J]. Journal of Basic Microbiology, 2017, 57(9): 781-792
- [22] Li J, Lin WF, Zhou LJ. Effects of intercropping different *Zingiberaceae* crops in mature rubber plantation on soil nutrients and soil enzymes[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2014, 30(31): 192-198 (in Chinese)
- 李娟, 林位夫, 周立军. 成龄胶园间作不同姜科作物对土壤养分与土壤酶的影响[J]. 中国农学通报, 2014, 30(31): 192-198
- [23] Wang P, Zhu LX, Chen XX, Feng H, Sun WS, Qin N. Effects of *Platycodon grandiflorum* and *Allium fistulosum* intercropping on soil nutrients, microorganism and enzyme activity[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2018, 24(3): 668-675 (in Chinese)
- 王鹏, 祝丽香, 陈香香, 冯惠, 孙文帅, 秦宁. 桔梗与大葱间作对土壤养分、微生物区系和酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24(3): 668-675
- [24] Yan DR, Liu YJ, Feng LL, Ren TZ. Variation of soil nutrient in the combination of forestry and agricultural crops[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2001, 29(1): 53-56 (in Chinese)
- 闫德仁, 刘永军, 冯立岭, 任天忠. 农林复合经营土壤养分的变化[J]. 东北林业大学学报, 2001, 29(1): 53-56

- [25] Wang JH, Wang PC, Zhao LL, Chen C, Huang JX. Effect of maize row spacing on soil enzyme activities in the rhizosphere of intercropping crops[J]. Heilongjiang Animal Science and Veterinary Medicine, 2019(19): 103-110 (in Chinese)
王家豪, 王普昶, 赵丽丽, 陈超, 黄佳熊. 玉米行距对草田间作物根围土壤酶活性的影响[J]. 黑龙江畜牧兽医, 2019(19): 103-110
- [26] Hao WY, Ren LX, Ran W, Shen QR. Allelopathic effects of root exudates from watermelon and rice plants on *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*[J]. Plant and Soil, 2010, 336(1/2): 485-497
- [27] Li XG, Ban MG, Zhou ZY, Yao T, Lu H. A brief introduction of application research in agriculture on soil microbial ecology[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2015(2): 5-11 (in Chinese)
李显刚, 班镁光, 周泽英, 姚拓, 卢虎. 土壤微生物生态学在农业中的应用研究综述[J]. 中国土壤与肥料, 2015(2): 5-11
- [28] Dong YF, Lv XZ, Zhang ZK, He HJ, Yu JQ, Zhou YH. Effects of different cultivation patterns on soil microbial community and enzyme activity in continuous cropped pepper field[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2019, 31(9): 1485-1492 (in Chinese)
董宇飞, 吕相漳, 张自坤, 贺洪军, 喻景权, 周艳虹. 不同栽培模式对辣椒根际连作土壤微生物区系和酶活性的影响[J]. 浙江农业学报, 2019, 31(9): 1485-1492
- [29] Wang Q, Liu ZL, Zhang JL, Long YY, Li DP, Che JL, Chen TS. Effect of ginger and corn intercropping on ginger yield and arbuscular mycorrhiza (AM) in its rhizosphere soil[J]. Molecular Plant Breeding, 2018, 16(12): 4124-4128 (in Chinese)
汪茜, 刘增亮, 张金莲, 龙艳艳, 李冬萍, 车江旅, 陈廷速. 间作栽培对生姜产量及其根际土壤丛枝菌根真菌的影响[J]. 分子植物育种, 2018, 16(12): 4124-4128
- [30] Zhou LJ, Wang YJ, Xie ZK, Zhang YB, Malhi SS, Guo ZH, Qiu Y, Wang L. Effects of lily/maize intercropping on rhizosphere microbial community and yield of *Lilium davidii* var. *unicolor*[J]. Journal of Basic Microbiology, 2018, 58(10): 892-901
- [31] Shen XF, Fang Y, Dong ZX, Chen Y. Effects of sugarcane/peanut intercropping on soil microbes and soil enzyme activities[J]. Crops, 2014(5): 55-58 (in Chinese)
沈雪峰, 方越, 董朝霞, 陈勇. 甘蔗/花生间作对土壤微生物和土壤酶活性的影响[J]. 作物杂志, 2014(5): 55-58
- [32] Yang ZX, Tang L, Zheng Y, Dong K, Dong Y. Effects of different wheat cultivars intercropped with faba bean on faba bean *Fusarium* wilt, root exudates and rhizosphere microbial community functional diversity[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2014, 20(3): 570-579 (in Chinese)
杨智仙, 汤利, 郑毅, 董坤, 董艳. 不同品种小麦与蚕豆间作对蚕豆枯萎病发生、根系分泌物和根际微生物群落功能多样性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(3): 570-579
- [33] Li D. Effect on soil properties and soil bacterial community structure by different land use in maoer mountain region[D]. Harbin: Master's Thesis of Northeast Forestry University, 2011 (in Chinese)
李丹. 不同土地利用方式对土壤性质及细菌群落结构的影响[D]. 哈尔滨: 东北林业大学硕士学位论文, 2011
- [34] Zhang N, Guan WQ, Yan RX, Zhang P. Isolation and qualitative analysis of pathogenic bacteria for sweet cherry[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(13): 190-194 (in Chinese)
张娜, 关文强, 阎瑞香, 张平. 甜樱桃果实采后致病菌的分离及定性分析[J]. 中国农学通报, 2012, 28(13): 190-194
- [35] Cong LL, Kang JM, Zhang TJ, Long RC, Yang QC. Identification and pathogenicity test of pathogenic *Fusarium* of alfalfa root rot[J]. Acta Agrestia Sinica, 2017, 25(4): 857-865 (in Chinese)
丛丽丽, 康俊梅, 张铁军, 龙瑞才, 杨青川. 苜蓿镰刀菌根腐病原菌的分离鉴定与致病性分析[J]. 草地学报, 2017, 25(4): 857-865
- [36] Li QS, Wu LK, Chen J, Khan MA, Luo XM, Lin WX. Biochemical and microbial properties of rhizospheres under maize/peanut intercropping[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2016, 15(1): 101-110
- [37] Liu YJ, Ma K, Li Y, Du CF, Li Q, Li H, Ma L, Wang CM. Effect of different intercropping cultivation patterns of potato on the structure and function of soil microorganism community[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2018, 32(6): 1186-1194 (in Chinese)
刘亚军, 马琨, 李越, 杜春风, 李倩, 李贺, 马玲, 汪春明. 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
- [38] Tang XM, Meng XZ, Jiang J, Huang ZP, Wu HN, Liu J, He LQ, Xiong FQ, Zhong RC, Han ZQ, et al. Effects of sugarcane/peanut intercropping on soil microenvironment in different plough layer[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2020, 42(5): 713-722 (in Chinese)
唐秀梅, 蒙秀珍, 蒋菁, 黄志鹏, 吴海宁, 刘菁, 贺梁琼, 熊发前, 钟瑞春, 韩柱强, 等. 甘蔗间作花生对不同耕层土壤微生态的影响[J]. 中国油料作物学报, 2020, 42(5): 713-722