

荔枝园分别间作距瓣豆与广东金钱草对土壤养分、微生物群落结构及多样性的影响

袁秉琛^{1,3}, 王燕茹^{2,3}, 孙郁婷^{1,3}, 李承臻^{1,3}, 虞道耿^{3*}

1. 海南大学热带作物学院, 海南海口 570228; 2. 海南大学林学院, 海南海口 570228; 3. 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所, 海南海口 571101

摘要: 为了探究荔枝园间作距瓣豆 (*Centrosema pubescens* Benth.)、广东金钱草 (*Grona styracifolia*) 对土壤理化性质、微生物群落结构及多样性的影响, 采集间作距瓣豆和广东金钱草不同模式下荔枝树行间 0~40 cm 深的土壤样本, 测定土壤有机质、全氮、全磷、全钾、硝态氮、铵态氮、有效磷、速效钾和 pH 等理化因子, 同时利用 Illumina NovaSeq 测序平台对荔枝园间作距瓣豆与广东金钱草模式下的土壤微生物进行 16S 扩增子检测。结果显示: 0~20 cm 土层的养分含量普遍高于 20~40 cm 土层; 0~20 cm 土层中, 与 CK 相比, 间作距瓣豆处理的土壤有机质含量提高 7.06%, 土壤全氮含量提高 8.70%, 土壤铵态氮含量提高 103.29%; 间作广东金钱草处理的土壤铵态氮含量提高 69.41%, 土壤硝态氮含量显著提高 32.48%, 土壤有效磷含量提高 112.78%, 土壤速效钾含量提高 9.44%。20~40 cm 土层中, 与 CK 相比, 间作距瓣豆处理的土壤铵态氮含量提高 114.58%, 土壤速效钾含量下降 48.07%; 间作广东金钱草处理的土壤硝态氮含量下降 15.07%, 土壤有效磷含量提高 105.43%, 土壤速效钾含量提高 32.60%。在微生物多样性方面, 0~20 cm 土层的各项指数普遍高于 20~40 cm 土层; 0~20 cm 土层中, 与 CK 相比, 间作距瓣豆处理的 ACE 指数和 Chao1 指数分别降低 7.65% 和 7.68%; 20~40 cm 土层, 间作广东金钱草处理中的 ACE 指数和 Chao1 指数分别提升 6.93% 和 6.74%。在土壤微生物群落结构方面, 所有土层样品中主要的优势菌门均为酸杆菌门 (Acidobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteriota); 主要的优势菌属为酸杆菌门亚群 Gp2、Gp13 和 *Bryobacter*、*Candidatus Solibacter*、*Bathyrarchaea* 等菌属; 间作后明显增加泉古菌门 (Crenarchaeota)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、Gp2、Gp13、*Bryobacter* 的相对丰度。冗余分析结果表明, pH、全钾、全磷和速效钾是影响土壤微生物菌门结构的主要理化因子。综上所述, 研究结果为荔枝园间作距瓣豆与广东金钱草模式提供了理论依据。

关键词: 荔枝; 间作; 距瓣豆; 广东金钱草; 土壤养分; 土壤微生物群落结构

中图分类号: S667.1; S551 文献标志码: A

Effect of Intercropping *Centrosema pubescens* or *Grona styracifolia* of Litchi Orchard on the Soil Nutrients, Microbial Community Structure and Diversity

YUAN Bingchen^{1,3}, WANG Yanru^{2,3}, SUN Yuting^{1,3}, LI Chengzhen^{1,3}, YU Daogeng^{3*}

1. College of Tropical Crops, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 2. College of Forestry, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China; 3. Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou, Hainan 571101, China

收稿日期 2023-02-13; 修回日期 2023-05-05

基金项目 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所成果转移转化项目 (No. PZS2022001); 国家荔枝龙眼产业技术体系项目 (No. CARS-32-20)。

作者简介 袁秉琛 (1996—), 男, 硕士研究生, 研究方向: 土壤生态。*通信作者 (Corresponding author): 虞道耿 (YU Daogeng), E-mail: geng0209@126.com。

Abstract: In order to investigate the effects of intercropping *Centrosema pubescens* or *Grona styracifolia* on soil physicochemical properties, microbial community structure and diversity in the litchi orchard, soil samples from 0 to 40 cm depth between litchi tree rows were collected under intercropping with either *C. pubescens* or *G. styracifolia*. Physicochemical factors such as soil organic matter, total nitrogen, total phosphorus, total potassium, nitrate nitrogen, ammonium nitrogen, available phosphorus, available potassium and pH were measured. In addition, Illumina NovaSeq sequencing platform was used for 16S amplicon sequencing to analyze the microbial communities in the soil under intercropping with *C. pubescens* or *G. styracifolia* in the litchi orchard. The results showed that the nutrient content in the 0–20 cm soil layer was generally higher than that in the 20–40 cm soil layer. In the 0–20 cm soil layer, the *C. pubescens* intercropping treatment increased soil organic matter by 7.06%, total nitrogen by 8.70%, and ammonium nitrogen by 103.29%, compared to the control. In the intercropping treatment with *G. styracifolia*, soil ammonium nitrogen increased by 69.41%, nitrate nitrogen increased by 32.48%, available phosphorus increased by 112.78%, and available potassium increased by 9.44%, compared to the control. In the 20–40 cm soil layer, the *C. pubescens* intercropping treatment increased soil ammonium nitrogen by 114.58%, but decreased available potassium by 48.07%, compared to the control. In the intercropping treatment with *G. styracifolia*, soil nitrate nitrogen decreased by 15.07%, while available phosphorus increased by 105.43% and available potassium increased by 32.60%, compared to the control. In terms of microbial diversity, the indices in the 0–20 cm soil layer were generally higher than those in the 20–40 cm soil layer. In the 0–20 cm soil layer, the ACE index and Chao1 index in the *C. pubescens* intercropping treatment were decreased by 7.65% and 7.68%, respectively, compared to the control. In the 20–40 cm soil layer, the ACE index and Chao1 index in the intercropping treatment with *G. styracifolia* were increased by 6.93% and 6.74%, respectively, compared to the control. In terms of soil microbial community structure, the dominant phyla in all soil samples were Acidobacteria, Chloroflexi, Proteobacteria, Firmicutes, and Actinobacteria, while the dominant genera were *Gp2*, *Gp13*, *Bryobacter*, *Candidatus Solibacter* and *Bathyarchaeia* within the Acidobacteria phylum. After intercropping, the relative abundance of Thaumarchaeota, Nitrospirae, Verrucomicrobia, *Gp2*, *Gp13* and *Bryobacter* increased. Redundancy analysis indicated that pH, total potassium, total phosphorus, and available potassium were the main physicochemical factors affecting soil microbial community structure. In summary, the results of this study would provide a theoretical basis for intercropping with *C. pubescens* or *G. styracifolia* in litchi orchards.

Keywords: litchi; intercropping; *Centrosema pubescens*; *Grona styracifolia*; soil nutrients; soil microbial community structure

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2024.07.014

荔枝 (*Litchi chinensis* Sonn.) 是一种原产于我国的无患子科常绿乔木, 其果实色泽鲜艳, 味道清爽, 营养价值丰富, 具有很高的市场价值^[1]。荔枝在成花时花量大, 消耗土壤养分过多, 保果难度大, 严重影响花、叶正常生长^[2]。距瓣豆 (*Centrosema pubescens* Benth.), 又名蝴蝶豆, 为豆科、距瓣豆属缠绕性藤本植物, 其茎叶柔软, 生长 18 个月仍未木质化, 叶量大, 产量高, 因其较耐荫蔽, 是一种优质的绿肥^[3]。广东金钱草 (*Grona styracifolia*) 是豆科、假地豆属植物, 其地上部分具清热祛湿、利尿通淋、排石的功效^[4]。胡福初等^[5]和颜彩缤等^[6]的研究表明, 荔科技园间作豆科植物具有增加土壤肥力、提高保水性能、改善园内小气候和控制杂草生长等作用。

土壤微生物是土壤生态的关键组成部分, 在改善土壤肥力以及生态系统结构方面有其特定的作用。研究特定功能的土壤微生物种群丰度是了解间作对土壤生态变化的有效手段, 林下间作豆

科, 根瘤可以通过固氮作用, 以 NH_4^{4+} 、 NO_2^{-} 、 NO_3^{-} 等多种形态向土壤提供有效的氮源, 这可以通过分析相关微生物的丰度进行评估^[7]。土壤中有多种菌群与有机质的增加呈正相关, 可以用作土壤健康的评价指标^[8]。目前, 我国关于荔科技园间作距瓣豆和广东金钱草对土壤微生物群落结构及多样性的影响尚无报道。为探讨荔科技园间作距瓣豆与广东金钱草对土壤养分和微生物群落结构的影响, 本研究以荔枝单作自然生草为对照, 间作距瓣豆与广东金钱草为不同处理, 采用高通量测序技术对土壤微生物群落进行测序和生物信息学分析, 以期对荔科技园间作距瓣豆或广东金钱草对土壤养分及微生物多样性的影响提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验地位于海南省儋州市中国农业科学院荔

枝示范果园 (109°57'E, 19°53'N)。该地区属热带季风气候, 年日照时数为 1781 h, 年平均降雨量为 1823 mm, 年平均气温为 23.7 °C, 最高和最低温度分别为 38 °C 和 7 °C。土壤为红壤土, 全年无霜。

供试荔枝品种为妃子笑, 于 2018 年定植, 种植规格为 4 m × 5 m; 间作物距瓣豆与广东金钱草均由中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所提供, 于 2020 年定植于距荔枝树茎基部 1.5 m 处的荔枝行间。

1.2 方法

1.2.1 试验设计 试验设 3 个处理, 荔枝分别间作距瓣豆 (CP) 与广东金钱草 (GS), 荔枝单作但不去除杂草为对照 (CK), 每个处理设置 3 次重复。

1.2.2 土样采集 2021 年 12 月采集土壤样品, 分别在距瓣豆或广东金钱草的 3 个处理区进行采集, 采取五点取样法, 在距离荔枝树基部 40 cm 处的间作物生长区随机取 5 个点, 用土钻分别采集 0~20、20~40 cm 土层的间作区土壤, 混匀后装入无菌袋, 放入装有冰袋的保温箱带回实验室, 去除土壤中的杂根后, 分为 2 部分, 一部分风干后过 1 mm 筛, 用于土壤养分分析; 另一部分装入 15 mL 离心管, -80 °C 下保存, 用于微生物多样性分析。

1.2.3 土壤养分测定和土壤总 DNA 提取 土壤基础养分测定方法参考《土壤农化分析方法》^[9], 采用重铬酸钾氧化法测定土壤有机质 (SOM) 含量; 采用半微量凯氏定氮法测定全氮 (TN); 用 2 mol/L KCl (1:10, w/V) 浸提土壤, 采用连续流动分析仪测定铵态氮 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$) 和硝态氮 ($\text{NO}_3^-\text{-N}$) 含量; 采用 NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定全磷 (TP); 采用盐酸-氟化铵比色法测定有效磷 (AP); 采用 NaOH 熔融-火焰光度法测定全钾 (TK); 采用醋酸铵浸提-火焰光度法测定速效钾 (AK), 使用 ZD-18 pH 计 (ZD 仪器, 中国台州) 测土壤 pH。土壤样品置于干冰中保存、运输, 由深圳微科盟科技有限公司进行 16S 扩增子测序。

1.3 数据处理

使用 Qiime2 对原始数据进行去噪、去嵌合处理, 得到 OTUs。利用 QIIME2 core-diversity 插件计算特征序列水平 Alpha 多样性指数; 采用 SPSS 26.0 软件的独立 *t* 检验分析土壤理化因子的差异性, 用 R 语言 vegan 软件包构建微生物菌门与土

壤理化因子的相关性; 采用 SPSS 26.0 软件的 Spearman's rho test 分析微生物菌属和土壤理化因子的相关性。

2 结果与分析

2.1 间作对土壤理化因子的影响

由表 1 可知, 荔枝园林下种植 2 种豆科植物后, 不同处理间的土壤养分含量差异显著 ($P < 0.05$)。在不同土层中, 除有效磷外, 0~20 cm 土层的养分含量普遍高于 20~40 cm 土层。

0~20 cm 土层中, 与 CK₁ 相比, 间作距瓣豆的土壤有机质含量显著提高 7.06%, 土壤全氮含量显著提高 8.70%, 土壤铵态氮含量显著提高 103.29%, 速效钾含量显著下降 29.78%, 而土壤硝态氮和有效磷含量无显著差异; 间作广东金钱草的土壤铵态氮含量显著提高 69.41%, 土壤硝态氮含量显著提高 32.48%, 土壤有效磷含量显著提高 112.78%, 土壤全钾含量显著提高 66.8%, 土壤速效钾含量显著提高 9.44%, 而土壤有机质、全氮、全磷、速效钾含量和 pH 无显著差异 (表 1)。

20~40 cm 土层中, 与 CK₂ 相比, 间作距瓣豆的土壤铵态氮含量显著提高 114.58%, 土壤硝态氮含量显著下降 19.63%, 土壤有效磷含量显著下降 24.57%, 土壤有速效钾含量显著下降 48.07%, 而土壤有机质和全氮含量无显著差异; 间作广东金钱草的土壤硝态氮含量显著下降 15.07%, 土壤有效磷含量显著提高 105.43%, 土壤速效钾含量显著提高 32.60%, 而土壤有机质、全氮、全磷、铵态氮含量和 pH 无显著差异 (表 1)。

2.2 间作对土壤微生物群落多样性的影响

为了探究间作 2 种豆科植物对土壤微生物丰富度和多样性的影响, 对土壤样品进行 Alpha 多样性分析。结果显示, 0~20 cm 土层的各项指数普遍高于 20~40 cm 土层。0~20 cm 土层中, 与 CK₁ 相比, 间作距瓣豆的 ACE 指数和 Chao1 指数分别显著降低 7.65% 和 7.68%, 间作广东金钱草的各指数均无显著差异; 20~40 cm 土层中, 与 CK₂ 相比, 间作距瓣豆的 Simpson 指数显著下降 0.25%, 间作广东金钱草的 ACE 指数和 Chao1 指数分别显著提升 6.93% 和 6.74% (表 2)。

2.3 间作后土壤微生物组成分析

2.3.1 门水平 不同间作处理下土壤微生物群落结构相对丰度前十的门类群分别是酸杆菌门 (Acidobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、变

表 1 间作对土壤养分含量的影响
Tab. 1 Effect of intercropping on soil nutrients content

土层深度 Soil depth /cm	处理 Treatment	有机质 SOM/ (g·kg ⁻¹)	全氮 TN/ (g·kg ⁻¹)	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N /(mg·kg ⁻¹)	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N/ (mg·kg ⁻¹)	全磷 TP/ (g·kg ⁻¹)	有效磷 AP/ (mg·kg ⁻¹)	全钾 TK (g·kg ⁻¹)	速效钾 AP/ (mg·kg ⁻¹)	pH
0~20	CK ₁	13.46±0.18 ^b	0.69±0.02 ^b	4.25±0.03 ^c	7.08±0.56 ^b	0.28±0.00	4.46±0.08 ^b	7.32±0.86 ^b	86.91±4.50 ^a	5.72±0.01
	CP ₁	14.41±0.55 ^a	0.75±0.05 ^a	8.64±0.33 ^a	7.75±0.09 ^b	0.37±0.02	5.71±0.02 ^b	9.30±1.09 ^b	61.03±2.66 ^b	5.69±0.01
	GS ₁	12.93±0.09 ^b	0.64±0.08 ^b	7.20±0.07 ^b	9.38±0.20 ^a	0.35±0.02	9.49±2.39 ^a	12.21±1.01 ^a	95.11±2.12 ^a	5.60±0.02
20~40	CK ₂	10.80±0.23 ^c	0.57±0.05 ^c	2.88±0.68 ^c	6.57±0.59 ^c	0.21±0.10	4.60±0.07 ^b	7.32±1.53 ^b	45.06±2.50 ^c	5.88±0.01
	CP ₂	9.85±0.63 ^c	0.58±0.06 ^c	6.18±0.22 ^b	5.28±0.67 ^d	0.22±0.03	3.47±0.03 ^c	9.95±1.91 ^b	23.40±0.68 ^d	5.76±0.02
	GS ₂	10.05±0.12 ^c	0.55±0.04 ^c	3.58±0.48 ^c	5.58±0.56 ^d	0.26±0.02	9.45±0.99 ^a	10.86±1.45 ^b	59.75±1.18 ^b	5.83±0.03

注：同列不同小写字母表示处理间差异显著（*P*<0.05）。
Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference (*P*<0.05).

表 2 间作对 α 多样性指数的影响
Tab. 2 Effect of intercropping on α diversity index

土层深度 Soil depth/cm	处理 Treatment	ACE 指数 ACE index	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
0~20	CK ₁	1803.11±44.19 ^a	1800.96±42.79 ^a	9.65±0.12 ^a	0.9969±0.00 ^a
	CP ₁	1665.22±69.09 ^b	1662.65±69.02 ^b	9.52±0.07 ^a	0.9962±0.00 ^a
	GS ₁	1809.49±37.37 ^a	1800.22±76.62 ^a	9.54±0.02 ^a	0.9962±0.00 ^a
20~40	CK ₂	1542.46±40.65 ^c	1543.00±31.23 ^c	9.04±0.15 ^b	0.9930±0.00 ^b
	CP ₂	1534.61±46.97 ^c	1529.81±46.78 ^c	8.86±0.19 ^b	0.9905±0.00 ^c
	GS ₂	1649.37±13.78 ^b	1646.93±12.5 ^b	9.01±0.02 ^b	0.9925±0.00 ^b

注：同列不同小写字母表示处理间差异显著（*P*<0.05）。
Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant difference (*P*<0.05).

形菌门（Proteobacteria）、厚壁菌门（Firmicutes）、放线菌门（Actinobacteriota）、泉古菌门（Crenarchaeota）、拟杆菌门（Bacteroidota）、疣微菌门（Verrucomicrobia）、粘菌门（Myxococcota）、芽单胞菌门（Gemmatimonadota），共 8 个微生物门、1 个古菌门和 1 个真菌门（图 1）。结果表明，荔枝园间作 2 种豆科后并未改变门水平下微生物的主要种类组成，但泉古菌门、拟杆菌门、疣微菌门在 2 种间作模式下不同土层中的相对丰度均明显提高 47%。0~20 cm 土层中，与 CK₁ 相比，泉古菌门的相对丰度在间作距瓣豆和广东金钱草中分别增加 145.6%和 193.4%，拟杆菌门的相对丰度则分别增加 55.1%和 103.1%，疣微菌门的相对丰度则分别增加 4.2%和 31.3%；20~40 cm 土层中，与 CK₂ 相比，泉古菌门的相对丰度在间作距瓣豆与广东金钱草中分别增加 154.2%和 187.2%，拟杆菌门的相对丰度则分别增加 51.8%和 326.6%，疣微菌门的相对丰度则分别增加 9.8%和 27.0%。而放线菌门、芽单胞菌门在 2 种间作模式下不同土层中的相对丰度均有所下降，0~20 cm 土层中，与 CK₁ 相比，放线菌门的相对丰度在间

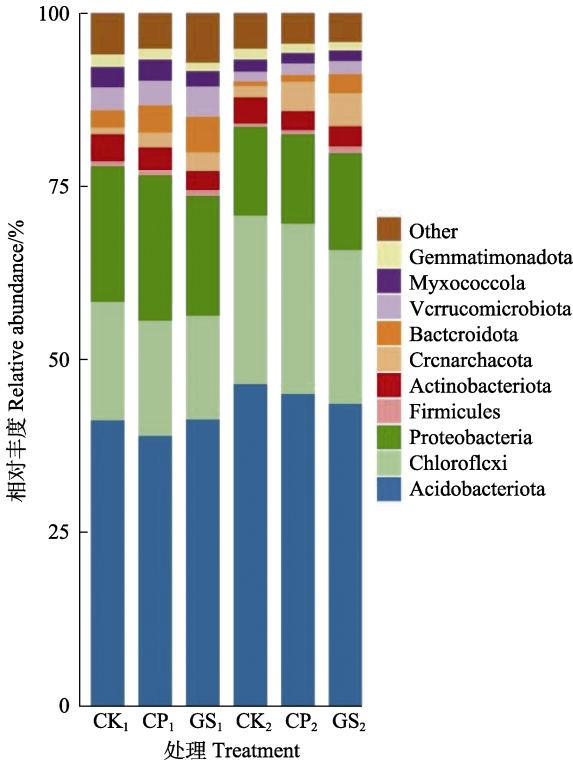


图 1 门水平上的土壤微生物群落组成
Fig. 1 Soil microbial community composition at the phylum level

作距瓣豆和广东金钱草中分别降低 15.0% 和 28.5%，芽单胞菌门的相对丰度则分别降低 11.7% 和 30.8%；20~40 cm 土层中，与 CK₂ 相比，放线菌门的相对丰度在间作距瓣豆和广东金钱草中分别降低 24.5% 和 22.9%，芽单胞菌门的相对丰度则分别降低 20.1% 和 23.1%。

2.3.2 属水平 在 0~20 cm 土层中，不同处理土壤微生物群落结构相对丰度大于 1% 的属有 10 个（图 2）。酸杆菌门的亚群 *Gp2*（17.6%~20.2%）、*Gp13*（3.1%~3.9%）和 *Bryobacter*（3.7%~4.5%）、*Candidatus Solibacter*（2.9%~3.2%）均为优势菌属，其中，与 CK₁ 相比，间作距瓣豆和广东金钱草均提高了 *Gp2*、*Gp13* 和 *Bryobacter* 菌属的相对丰度，但降低了 *Candidatus Solibacter* 菌属的相对丰度，*Gp2* 菌属的相对丰度分别增加 4.7% 和 15.0%，*Gp13* 菌属分别增加 2.1% 和 22.1%，*Bryobacter* 菌属分别增加 5.9% 和 21.9%，*Candidatus Solibacter* 菌属分别降低 9.9% 和 4.4%；相对丰度较高的还有 *Bathyarchaeia*、硝化螺旋菌属（*Nitrospira*）、热酸菌属（*Acidothermus*）、*Acidibacter*、*Occallatibacter*、鞘氨醇单胞菌属（*Sphingomonas*）等，间作距瓣豆提高了 *Acidibacter*、鞘氨醇单胞菌属的相对丰度；2 种间

作模式下 *Bathyarchaeia*、硝化螺旋菌属、热酸菌属、*Occallatibacter* 等菌属的相对丰度均降低。在 20~40 cm 土层中，不同处理下土壤微生物群落结构相对丰度大于 1% 的属有 8 个。与 0~20 cm 土层的结果相似，酸杆菌门的亚群 *Gp2*（29.1%~31.9%）、*Gp13*（5.8%~6.8%）和 *Bryobacter*（3.1%~3.6%）、*Candidatus Solibacter*（2.5%~3.0%）等均为优势菌，其中，与 CK₂ 相比，间作距瓣豆的 *Gp2*、*Gp13*、*Bryobacter*、*Bathyarchaeia*、*Acidibacter* 等菌属的相对丰度分别提高了 31.9%、6.7%、3.2%、3.5%、1.0%，而 *Candidatus Solibacter* 和热酸菌属的相对丰度分别下降了 2.6% 和 1.5%；间作广东金钱草的 *Gp13*、*Bryobacter*、*Bathyarchaeia*、*Acidibacter* 等菌属的相对丰度分别提高了 6.2%、3.6%、3.3%、1.2%，而 *Gp2*、*Candidatus Solibacter* 和热酸菌属的相对丰度则分别降低了 29.1%、2.5% 和 1.4%。

2.4 土壤理化性质与菌群的相关性分析

2.4.1 门水平上土壤理化因子与微生物的相关性分析 对土壤总微生物中相对丰度前十的门分类水平微生物进行冗余分析，以探究特定微生物与土壤理化因子的关系。结果表明，微生物群落主要是受土壤 pH、全钾、全磷和速效钾的影响，其中绿弯菌门与土壤 pH 呈正相关；厚壁菌门、拟杆菌门、疣微菌门、变形菌门、泉古菌门、粘菌门与土壤 pH 呈负相关；绿弯菌门与土壤全氮、全磷、硝态氮、铵态氮、速效钾含量呈负相关；酸杆菌门、厚壁菌门与土壤全磷、硝态氮含量呈正相关；放线菌门、芽单胞菌门与土壤全磷、全钾、有效磷含量呈负相关；拟杆菌门、疣微菌门、变形菌门、粘菌门、泉古菌门与土壤全氮、全磷、硝态氮、铵态氮、速效钾含量呈正相关（图 3）

2.4.2 属水平上土壤理化因子与微生物的相关性分析 对土壤属分类水平总相对丰度前十的优势微生物进行相关性分析，以探究土壤理化因子与优势菌属之间的相关性。结果表明，*Gp2*、*Gp13*、硝化螺旋菌属、热酸菌属与土壤有机质、全氮、硝态氮、全磷、速效钾呈极显著负相关；*Gp2*、*Gp13*、硝化螺旋菌属、热酸菌属与土壤 pH 呈显著正相关；*Bryobacter*、*Acidibacter*、*Occallatibacter*、鞘氨醇单胞菌属与土壤有机质、全氮、硝态氮、铵态氮、全磷、速效钾含量呈显著正相关；*Candidatus Solibacter* 与土壤有机质、全氮、硝态氮、全钾、速效钾含量呈显著正相关；

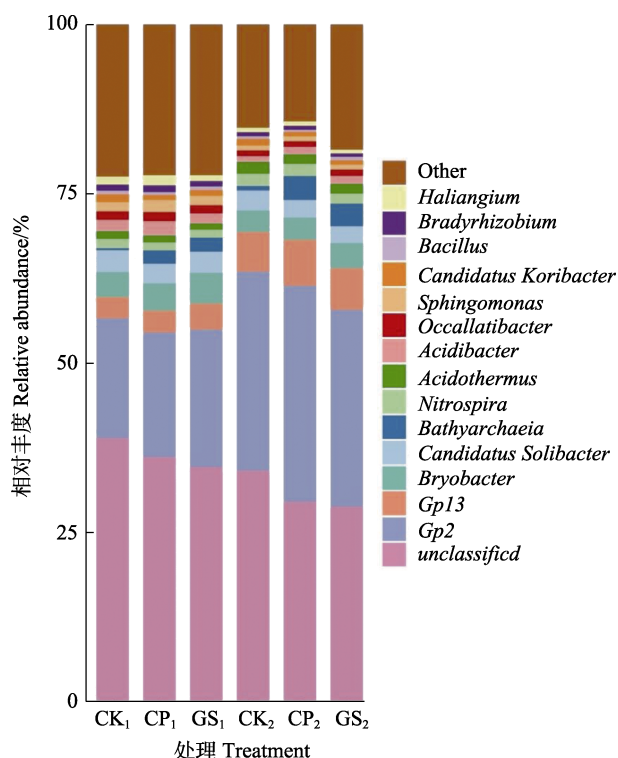


图 2 属水平上的土壤微生物群落组成

Fig. 2 Soil microbial community composition at the genus level

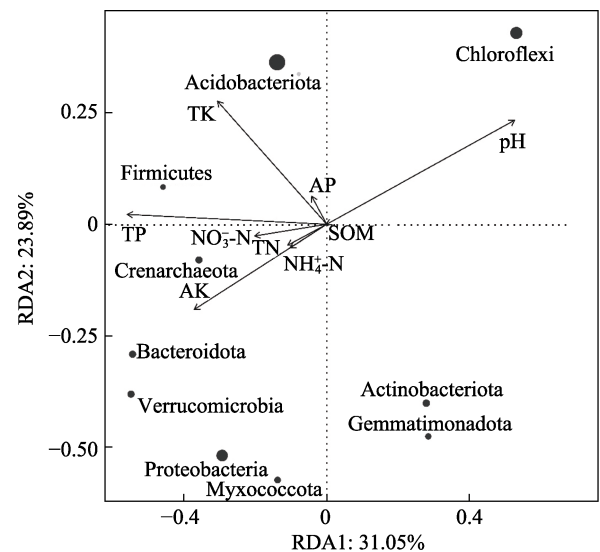


图 3 门水平上土壤微生物类群与土壤理化因子之间的关系

Fig. 3 Relationship between total soil microbial groups and soil physical and chemical factors at phylum level

Bathyarchaeia 菌属与土壤全钾含量呈极显著正相关; *Acidibacter*、*Occallatibacter*、鞘氨醇单胞菌属与土壤 pH 呈极显著负相关(表 3)。

3 讨论

3.1 间作对土壤理化性质的影响

土壤有机质、氮素和磷素是衡量土壤养分的重要指标,对作物产量、品质提升起到重要作用,土壤中的有机质主要通过影响土壤 pH、水分保持能力、土壤营养元素含量等土壤学特征来影响土壤质量^[10],而氮素和磷素是植物体生长发育必须的基本元素。前人的大量研究表明,果园间作豆

科绿肥,土壤养分能得到明显改善^[11-14]。本研究表明间作对 0~40 cm 土层的土壤养分均有影响,随着土壤深度增加而土壤养分减弱,其中,间作距瓣豆后土壤有机质、全氮、铵态氮含量显著提高,有机质含量的提升主要分布在表层,这与王依等^[15]、霍颖等^[16]的研究结果相似。豆科以其与根瘤菌建立共生关系的能力而闻名,并通过固定空气中的氮来提高土壤养分,间作距瓣豆显著提高了土壤表层中的全氮和铵态氮含量,改善了土壤氮素的缺乏,说明其固氮能力较强,适宜种植在缺乏氮素的土壤中。间作广东金钱草对土壤中全钾、硝态氮、铵态氮和有效磷等养分含量均有提高,土壤中的可利用氮素和磷素明显提升,对于我国南方红壤土中磷肥的利用有一定的改善。间作距瓣豆和广东金钱草均提高了土壤养分,这与赵财等^[17]、陈国栋等^[18]、陈利云等^[19]的研究结果一致,表明距瓣豆和广东金钱草是良好的间作绿肥植物,有待进一步开发利用。

3.2 间作对土壤微生物群落多样性的影响

前人的一些研究表明,果园间作可显著增加微生物群落多样性^[20-22]。此外还有一些研究表明,长期的豆科间作减少了土壤微生物的数量,但不影响微生物的丰富度^[23]。这些研究表明,间作对土壤微生物群落多样性的变化可能由于间作植物的种类和时间的差异而表现不同。本研究中,表层土层的各项指数均普遍高于深层土层,说明随着土壤深度的增加,微生物的数量和种类均下降。与 CK 相比,间作距瓣豆使表层土壤微生物物种丰富度显著降低,这说明间作距瓣豆在短期

表 3 属水平上土壤微生物与土壤养分之间的相关性分析
Tab. 3 Correlation analysis between soil microorganisms and soil nutrients at genus level

属 Genus	有机质 SOM	全氮 TN	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N	硝态氮 NO ₃ ⁻ -N	全磷 TP	有效磷 AP	全钾 TK	速效钾 AK	pH
Gp2	-0.886**	-0.714**	-0.371	-0.714**	-0.771**	-0.257	0.261	-0.829**	0.600**
Gp13	-0.943**	-0.771**	-0.314	-0.771**	-0.657**	-0.143	0.522*	-0.771**	0.543*
<i>Bryobacter</i>	0.657**	0.657**	0.771**	0.829**	0.943**	0.600**	0.290	0.886**	-0.943**
<i>Candidatus Solibacter</i>	0.600**	0.543*	0.086	0.657**	0.257	-0.029	-0.609**	0.657**	-0.429
<i>Bathyarchaeia</i>	-0.714**	-0.429	0.200	-0.486*	-0.143	0.086	0.812**	-0.429	0.029
<i>Nitrospira</i>	-0.771**	-0.771**	-0.829**	-0.771**	-1.000**	-0.486*	-0.174	-0.771**	0.886**
<i>Acidothermus</i>	-0.657**	-0.657**	-0.771**	-0.829**	-0.943**	-0.600**	-0.290	-0.886**	0.943**
<i>Acidibacter</i>	0.829**	0.829**	0.714**	0.657**	0.943**	0.257	-0.029	0.714**	-0.771**
<i>Occallatibacter</i>	0.886**	0.714**	0.657**	0.886**	0.943**	0.600**	0.029	0.829**	-0.771**
<i>Sphingomonas</i>	0.714**	0.886**	0.943**	0.714**	0.943**	0.257	0.058	0.657**	-0.943**

注: *表示显著相关 (P<0.05), **表示极显著相关 (P<0.01)。
Note: * indicates significant correlation (P<0.05), ** indicates extremely significant correlation (P<0.01).

内会引起微生物丰富度的下降,这还需要进一步的观测。间作广东金钱草显著提升深层土壤的ACE指数和Chao1指数,说明广东金钱草可以有效提高土壤深层的微生物群落多样性,在提高土壤生态环境和微生物多样性方面起着重要作用。

3.3 间作对土壤微生物群落组成的影响

微生物菌群相对丰度的不同是反映土壤环境变化的重要指标因子,有助于较早期地反映土壤环境的变化过程^[24]。泉古菌门是土壤中占主导地位的氨氧化微生物^[25-27],拟杆菌门可以厌氧分解植物体,有促进有机质分解等作用^[28],疣微菌门可能是植物根相关根际微生物群落的重要成员,是土壤抵御环境变化的重要微生物门类^[29-30]。在本研究中,荔枝园分别间作距瓣豆与广东金钱草均显著提升了泉古菌门、拟杆菌门、疣微菌门的相对丰度,同时显著降低了放线菌门、芽单胞菌门的相对丰度。造成这些差异的原因可能与土壤养分中氮含量的增加和植物残骸分解有关。

在属水平上,Gp2、Gp13的相对丰度较高,这可能与土壤偏酸有关^[31]。*Bryobacter*菌属是一类可以降解咪唑啉酮类和氟草净除草剂的厌氧微生物^[32],鞘氨醇单胞菌属被证实是一种可以抗旱、促进植物生长的根际微生物^[33],本研究结果表明,间作距瓣豆显著增加了*Bryobacter*和鞘氨醇单胞菌属的相对丰度,说明间作距瓣豆可以有效提升土壤部分细菌的相对丰度。

3.4 土壤微生物与理化因子的相关性分析

相关性分析结果表明,土壤pH、全钾、全磷和速效钾是影响土壤微生物门结构的主要环境因子。绿弯菌门、Gp2、Gp13、硝化螺旋菌属、热酸菌属与土壤pH呈正相关,厚壁菌门、拟杆菌门、疣微菌门、变形菌门、粘菌门与土壤pH呈负相关,因此,土壤pH为影响土壤微生物群落结构变化的主要理化因子之一。拟杆菌门、疣微菌门、变形菌门、粘菌门、泉古菌门,以及*Bryobacter*、*Acidibacter*、*Occallatibacter*、鞘氨醇单胞菌属与土壤全氮、硝态氮、铵态氮、全磷、速效钾含量呈正相关,绿弯菌门与土壤全氮、硝态氮、铵态氮、全磷、速效钾含量呈负相关。间作距瓣豆和广东金钱草提高了泉古菌门、拟杆菌门、疣微菌门,以及*Bryobacter*、鞘氨醇单胞菌属的相对丰度,说明间作可以改变土壤微生物群落结构,这些相对丰度的变化可能与间作距瓣豆

或广东金钱草导致的土壤氮、磷、钾等养分含量变化有关。

4 结论

间作豆科植物对土壤养分和微生物影响主要表现在0~20 cm土层,对20~40 cm土层的影响较小。距瓣豆和广东金钱草均具有良好的固氮效果,间作均提高了土壤氮含量,说明间作距瓣豆或广东金钱草可以减少氮肥的施用。此外,间作距瓣豆显著提高了有机质含量,间作广东金钱草显著提高了土壤中的全钾和有效磷等养分含量,二者均显著提升了泉古菌门、拟杆菌门、疣微菌门的相对丰度。本研究探讨了荔枝园间作距瓣豆或广东金钱草模式对土壤养分和微生物多样性的影响,为今后的生产实践及研究提供理论依据。

参考文献

- [1] 邓秀新,束怀瑞,郝玉金,徐强,韩明玉,张绍铃,段常青,姜全,易干军,陈厚彬.果树学科百年发展回顾[J].农学报,2018,8(1):24-34.
DENG X X, SHU H R, HAO Y J, XU Q, HAN M Y, ZHANG S L, DUAN C Q, JIANG Q, YI G J, CHEN H B. Review on the centennial development of pomology in China[J]. Journal of Agriculture, 2018, 8(1): 24-34. (in Chinese)
- [2] 吴定尧,张海岚.妃子笑荔枝的特性[J].中国南方果树,1997,26(5):26-27.
WU D Y, ZHANG H L. Characteristics of Feizhixiao荔枝[J]. South China Fruits, 1997, 26(5): 26-27. (in Chinese)
- [3] 王燕茹,袁秉琛,孙郁婷,王志勇,虞道耿.蝴蝶豆种质资源芽期耐盐性筛选及评价[J].热带作物学报,2023,44(5):955-967.
WANG Y R, YUAN B C, SUN Y T, WANG Z Y, YU D G. Screening and evaluation of salt tolerance in the bud stage of *Centrosema pubescens* resources[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2023, 44(5): 955-967. (in Chinese)
- [4] 刘苗.广金钱草的生物活性成分研究[D].沈阳:沈阳药科大学,2005.
LIU Z. Studies on the bioactivity constituents *Desmodium styracifolium* (OSB.) Merr[D]. Shenyang: Shenyang Pharmaceutical University, 2005. (in Chinese)
- [5] 胡福初,范鸿雁,韩剑,吴凤芝,王祥和.荔枝果园套种平托花生栽培管理技术[J].中国热带农业,2017,75(2):80-81.
HU F C, FAN H Y, HAN J, WU F Z, WANG X H. Cultivation and management techniques of interplanted Pinto peanut

- in litchi orchard[J]. *China Tropical Agriculture*, 2017, 75(2): 80-81. (in Chinese)
- [6] 颜彩缤, 胡福初, 赵亚, 王祥和, 陈哲, 张世青, 吴凤芝, 范鸿雁. 荔枝园间作平托花生对土壤理化性质、酶活性和微生物群落结构及多样性的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2022(5): 203-210.
- YAN C B, HU F C, ZHAO Y, WANG X H, CHEN Z, ZHANG S Q, WU F Z, FAN H Y. Effects of intercropping Pinto peanut in litchi orchard on soil physicochemical properties, enzyme activities, bacterial community structure and diversity[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2022(5): 203-210. (in Chinese)
- [7] BUNEMANN E K, BONGIORNO G, BAI Z, CREAMER R E, DE DEYN G. Soil quality: a critical review[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 120: 105-125.
- [8] ZHAO X H, DONG Q Q, HAN Y, ZHANG K Z, SHI X L, YANG X, YUAN Y, ZHOU D Y, WANG K, WANG X G, JIANG C J, LIU C J, LIU X B, ZHANG H, ZHANG Z M, YU H Q. Maize/peanut intercropping improves nutrient uptake of side-row maize and system microbial community diversity[J]. *BMC Microbiology*, 2022, 22: 14.
- [9] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. *Agriculture soil chemical analysis*[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000. (in Chinese).
- [10] ABDALLA M, HASTINGS A, CHENG K, YUE Q, CHADWICK D, ESPENBERG M. A critical review of the impacts of cover crops on nitrogen leaching, net greenhouse gas balance and crop productivity[J]. *Global Change Biology*, 2019, 25(8): 2530-2543.
- [11] 李忠佩, 张桃林, 林心雄. 红壤区土壤有机碳的循环和平衡及有机资源利用[J]. *长江流域资源与环境*, 1998, 7(2): 45-52.
- LI Z P, ZHANG T L, LIN X X. The cycling and balance of soil organic carbon and utilization of organic resources in red soil region of china[J]. *Resources and Environment in the Yangtze Basin*, 1998, 7(2): 45-52. (in Chinese)
- [12] 韩文斌, 谢树果, 杜春梅, 曹卫东, 任胜茂, 梁宏. 四川丘陵区桔园间作豆科绿肥的效应[J]. *中国南方果树*, 2014, 43(5): 62-63.
- HAN W B, XIE S G, DU C M, CAO W D, REN S M, LIANG H. Effect of green manure on leguminous intercropping in orange orchard in hilly area of Sichuan[J]. *South China Fruits*, 2014, 43(5): 62-63. (in Chinese)
- [13] 梁琴, 蒋进, 周泽弘, 漆燕, 韩文斌, 任胜茂, 曾召琼, 杨贵川. 四川丘陵柑橘园种植豆科绿肥的环境和增产提质效应[J]. *中国土壤与肥料*, 2021(6): 143-148.
- LIANG Q, JIANG J, ZHOU Z H, QI Y, HAN W B, REN S M, ZENG Z Q, YANG G C. Environment, yield and quality improvement of legume green manure planted in hilly citrus orchard of Sichuan province[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2021(6): 143-148. (in Chinese).
- [14] 于淑慧, 朱国梁, 董浩, 牟小翎, 史桂芳, 毕军, 夏光利, 曹卫东. 桃园种植不同绿肥对土壤肥力的影响[J]. *山东农业科学*, 2019, 51(2): 72-75.
- YU S H, ZHU G L, DONG H, MU X L, SHI G F, BI J, XIA G L, CAO W D. Effects of planting different green manure crops on soil fertility in peach orchards[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2019, 51(2): 72-75. (in Chinese)
- [15] 王依, 陈成, 马拦妮, 雷靖, 徐明, 雷玉山. 行间生草对秦岭北麓猕猴桃园土壤养分、pH 值的影响[J]. *中国农学通报*, 2019, 35(15): 59-65.
- WANG Y, CHEN C, MA L N, LEI J, XU M, LEI Y S. Inter-row grass: effects on soil nutrients and pH Value of kiwifruit orchards in northern Qinling Mountains[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(15): 59-65. (in Chinese)
- [16] 霍颖, 张杰, 王美超, 姚允聪. 梨园行间种草对土壤有机质和矿质元素变化及相互关系的影响[J]. *中国农业科学*, 2011, 44(7): 1415-1424.
- HUO Y, ZHANG J, WANG M C, YAO Y C. Effects of inter-row planting grasses on variations and relationships of soil organic matter and soil nutrients in pear orchard[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(7): 1415-1424. (in Chinese)
- [17] 赵财, 柴强, 乔寅英, 王建康. 禾豆间距对间作豌豆“氮阻遏”减缓效应的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2016, 24(9): 1169-1176.
- ZHAO C, CAI Q, QIAO Y Y, WANG J K. Effect of cereal-legume spacing in intercropping system on alleviating “N inhibition” in pea plants[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2016, 24(9): 1169-1176. (in Chinese)
- [18] 陈国栋, 黄高宝, 柴强. 不同带型及施氮条件下玉米间作豌豆的产量表现和氮肥利用率[J]. *中国土壤与肥料*, 2013(3): 78-82.
- CHEN G D, HUANG G B, CAI Q. Effects of different nitrogen applications and intercropping stripe compounds on yield and nitrogen use efficiency under maize/pea intercropping[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2013(3): 78-82. (in Chinese)
- [19] 陈利云, 汪之波, 呼丽萍. 6种豆科绿肥植物与苹果树套种对果园土壤碳氮特征的影响[J]. *草地学报*, 2021, 29(4): 671-676.
- CHEN L Y, WANG Z B, HU L P. Effects of interplanting six Leguminous green manure plants in apple orchard on soil carbon and nitrogen characteristics[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2021, 29(4): 671-676. (in Chinese)
- [20] CASTELLANO-HINOJOSA A, STRAUSS S L. Impact of

- cover crops on the soil microbiome of tree crops[J]. Microorganisms, 2020, 8: 328.
- [21] DING T T, YAN Z C, ZHANG W Z, DUAN T Y. Green manure crops affected soil chemical properties and fungal diversity and community of apple orchard in the Loess Plateau of China[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2021, 21: 1089-1102.
- [22] ZHU L Z, HE J, TIAN Y, LI X Y, LI Y H, WANG F, QIN K, WANG J. Intercropping wolfberry with Gramineae plants improves productivity and soil quality[J]. Scientia Horticulturae, 2022, 292: 110632.
- [23] ZHONG Z M, HUANG X S, FENG D Q, XING S H, WENG B Q. Long-term effects of legume mulching on soil chemical properties and bacterial community composition and structure[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2018, 268: 24-33.
- [24] 曹鹏, 沈菊培, 贺纪正. 古菌细胞膜脂在古菌群落组成及其对环境响应研究中的应用[J]. 应用生态学报, 2012, 23(9): 2609-2616.
- CAO P, SHEN J P, HE J Z. Applications of archaeal membrane lipids in investigating archaeal community composition and its responses to environmental factors[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2012, 23(9): 2609-2616. (in Chinese)
- [25] SHEN J P, ZHANG L M, DI H J, HE J Z. A review of ammonia-oxidizing bacteria and archaea in Chinese soils[J]. Frontiers in Microbiology, 2012, 3: 296.
- [26] 刘晶静, 马文丹, 和松, 吴增学, 李春. 酸性土壤氨氧化微生物及其影响因素研究进展[J]. 微生物学通报, 2023, 50(1): 413-426.
- LIU J J, MA W D, HE S, WU Z X, LI C. Ammonia-oxidizing microorganisms in acidic soil and their influencing factors: a review[J]. Microbiology China, 2023, 50(1): 413-426. (in Chinese)
- [27] STEMPFHUBER B, ENGEL M, FISCHER D. pH as a driver for ammonia-oxidizing archaea in forest soils[J]. Microbial Ecology, 2015, 69: 879-883.
- [28] HUANG J J, MA K, XIA X X, GAO K L, LU Y H. Biochar and magnetite promote methanogenesis during anaerobic decomposition of rice straw[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, 143: 107740.
- [29] YANG L, BARNARD R, KUZYAKOV Y, TIAN J. Bacterial communities drive the resistance of soil multifunctionality to land-use change in karst soils[J]. European Journal of Soil Biology, 2021, 104: 103313.
- [30] FUERST J A. Phylum Verrucomicrobia[M]//Reference Module in Life Sciences, Elsevier, 2019: 551-563.
- [31] CHU H, FIERER N, LAUBER C L. Soil bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biome[J]. Environmental Microbiology, 2010, 12(11): 2998-3006.
- [32] PERTILE M, SOUSA R M S, MENDES L W, ANTUNES J E L, OLIVEIRA L M S. Response of soil bacterial communities to the application of the herbicides imazethapyr and flumyazin[J]. European Journal of Soil Biology, 2021, 102: 103252.
- [33] LUO Y, ZHOU M, ZHAO Q, WANG F, GAO J, SHENG H, AN L. Complete genome sequence of *Sphingomonas* sp. Cra20, a drought resistant and plant growth promoting rhizobacteria[J]. Genomics, 2020, 112: 3648-3657.