



农业资源与环境学报

中文核心期刊

中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

覆盖作物不同利用方式对猕猴桃园土壤微生物群落结构的影响

李青梅, 张玲玲, 赵建宁, 张艳军, 刘红梅, 王华玲, 王慧, 杨殿林, 张凡, 翁昌明

引用本文:

李青梅, 张玲玲, 赵建宁, 等. 覆盖作物不同利用方式对猕猴桃园土壤微生物群落结构的影响[J]. *农业资源与环境学报*, 2020, 37(3): 319–325.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2019.0627>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

[不同覆盖作物模式对茶园土壤微生物群落功能多样性的影响](#)

王明亮, 刘惠芬, 王丽丽, 杨殿林, 林艳艳, 修伟明, 王慧, 黄进, 张小福

农业资源与环境学报. 2020, 37(3): 332–339 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0028>

[施氮对间作条件下玉米、马铃薯根际微生物群落功能多样性的影响](#)

覃潇敏, 郑毅, 汤利, 龙光强

农业资源与环境学报. 2015(4): 354–362 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2014.0353>

[小麦蚕豆间作对根际土壤氮转化微生物的影响](#)

唐艳芬, 续勇波, 郑毅, 雷宝坤

农业资源与环境学报. 2016, 33(5): 482–490 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2016.0083>

[不同秸秆还田方式对玉米根际土壤微生物及酶活性的影响](#)

于寒, 梁烜赫, 张玉秋, 孙杨, 吴春胜, 谷岩

农业资源与环境学报. 2015(3): 305–311 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2014.0320>

[茶园多植物覆盖种植对土壤酶活性和有机碳矿化特征的影响](#)

汪洋, 杨殿林, 王丽丽, 沈晓琳, 赵建宁, 王慧, 黄进, 张小福

农业资源与环境学报. 2020, 37(3): 371–380 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2019.0605>



关注微信公众号，获得更多资讯信息

李青梅, 张玲玲, 赵建宁, 等. 覆盖作物不同利用方式对猕猴桃园土壤微生物群落结构的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2020, 37(3): 319–325.

LI Qing-mei, ZHANG Ling-ling, ZHAO Jian-ning, et al. Effects of different cover crop treatments on soil microbial community composition in kiwifruit orchard[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2020, 37(3): 319–325.



开放科学 OSID

覆盖作物不同利用方式对猕猴桃园土壤微生物群落结构的影响

李青梅^{1,2}, 张玲玲^{1,2}, 赵建宁^{1,2}, 张艳军^{1,2}, 刘红梅^{1,2}, 王华玲³, 王慧^{1,2*},
杨殿林^{1,2*}, 张凡⁴, 翁昌明⁵

(1. 农业农村部环境保护科研监测所, 天津 300191; 2. 农业农村部产地环境污染防治重点实验室/天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191; 3. 十堰市经济作物研究所, 湖北 十堰 442714; 4. 十堰市农业科学院作物栽培研究所, 湖北 十堰 442000; 5. 十堰市畜牧技术推广站, 湖北 十堰 442000)

摘要:为探讨覆盖作物不同利用方式对猕猴桃园土壤微生物群落结构的影响,通过磷脂脂肪酸(PLFA)方法,研究覆盖作物处理对猕猴桃园土壤微生物群落结构的影响。试验设置3个处理,分别为种植覆盖作物+覆盖作物刈割后留在土壤表面自然腐解(T1)、种植覆盖作物+覆盖作物刈割后从园中清除(T2)和清耕对照(CK)。结果表明,T1、T2处理土壤微生物PLFAs总量和微生物量碳、氮均显著高于CK($P<0.05$)；土壤pH和碳氮比是影响猕猴桃园土壤微生物群落的主要环境因子,pH与土壤微生物PLFAs总量呈极显著正相关($P<0.01$),与细菌PLFAs量、革兰氏阴性菌PLFAs量呈显著正相关($P<0.05$),碳氮比与革兰氏阳性菌PLFAs量/革兰氏阴性菌PLFAs量呈极显著正相关($P<0.01$)。研究表明,猕猴桃园种植覆盖作物改变了土壤环境因子,影响土壤微生物群落结构组成。研究可为丹江口水源涵养区果园生态管理模式的探索提供理论依据。

关键词:覆盖作物; 土壤; 磷脂脂肪酸; 理化因子; 生态果园

中图分类号: Q938.1; S663.4 文献标志码:A 文章编号: 2095-6819(2020)03-0319-07 doi: 10.13254/j.jare.2019.0627

Effects of different cover crop treatments on soil microbial community composition in kiwifruit orchard

LI Qing-mei^{1,2}, ZHANG Ling-ling^{1,2}, ZHAO Jian-ning^{1,2}, ZHANG Yan-jun^{1,2}, LIU Hong-mei^{1,2}, WANG Hua-ling³, WANG Hui^{1,2*}, YANG Dian-lin^{1,2*}, ZHANG Fan⁴, WENG Chang-ming⁵

(1. Agro-Environment Protection Institute, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin 300191, China; 2. Key Laboratory of Origin Environmental Pollution Prevention and Control, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Tianjin Key Laboratory of Agro-environment and Agro-product Safety, Tianjin 300191, China; 3. Shiyan Institute of Economic Crop Research, Shiyan 442714, China; 4. Crop Cultivation Institute, Shiyan Academy of Agricultural Sciences, Shiyan 442000, China; 5. Shiyan Animal Husbandry Technology Promotion Station, Shiyan 442000, China)

Abstract: In order to provide a theoretical basis for ecological management model in an orchard, we investigated the characteristics of soil microbial community composition under cover crop treatments in a kiwifruit orchard in the water source conservation area of Danjiangkou. We used the phospholipid fatty acid(PLFA) method to analyze the effects of different treatments (T1: Cover crop left on soil after cutting; T2: Cover crop and removed after cutting; CK: Clean tillage) on soil microbial community structure. The results showed that the total PLFAs, microbial biomass carbon, and nitrogen of cover crop treatments (T1 and T2) were significantly higher than that of CK ($P<0.05$).

收稿日期: 2019-12-20 录用日期: 2020-04-08

作者简介: 李青梅(1989—), 女, 河北衡水人, 博士研究生, 从事生物多样性与生态农业研究。E-mail: liqm1989@163.com

*通信作者: 王慧 E-mail: wanghui03@caas.cn; 杨殿林 E-mail: yangdianlin@caas.cn

基金项目: 中国农业科学院科技创新工程协同创新任务(CAAS-XTCX2016015)

Project supported: Cooperative Innovation Project of Agricultural Science and Technology Innovation Program of CAAS(CAAS-XTCX2016015)

Soil microbial community was influenced mainly by soil pH and carbon/nitrogen ratio. Soil pH was positively correlated with total PLFAs, bacteria PLFAs, Gram-negative bacteria PLFAs. And there was a positive relationship between Gram-positive bacteria PLFAs/Gram-negative bacteria PLFAs ratio and carbon/nitrogen ratio. In summary, intercropping cover crop in kiwifruit orchard changed soil environmental factors and impacted soil microbial community composition.

Keywords: cover crops; soil; phospholipid fatty acids; physicochemical factors; ecological orchard

丹江口水源涵养区生态环境脆弱,80%以上土地属于土石山区和丘陵沟壑区^[1]。十堰市地处秦巴山区腹地,猕猴桃野生资源极其丰富,该地区土壤肥沃、雨量充沛、光照充足,是我国适宜猕猴桃生长的主要地区之一。截至2011年底,全市人工种植猕猴桃面积约70 hm²,年产猕猴桃近80万kg^[2]。因地制宜发展猕猴桃产业,既能保护库区生态环境,又能增加山区农民收入,提高农业综合生产能力。但是,目前在猕猴桃的生产过程中仍以传统的清耕制管理模式为主,导致土壤退化、养分流失、环境污染等一系列生态环境问题。

果园中种植覆盖作物是一种现代化果园土壤管理模式,在防止水土流失^[3-4]、增加土壤养分^[5-7]、提高土壤生物活性^[8-10]等方面具有重要的作用。黑麦草(*Lolium perenne* L.)作为世界上种植最广泛的冷季型牧草之一,具有适应性广、覆盖面积大、生长速度快、再生性强、产量高等优点^[11]。白三叶(*Trifolium repens* L.)为多年生豆科优质牧草,具有适应性广、产量高、竞争力强、持久性好等优点,其根瘤能够固定大气中的氮,为宿主植物提供氮素,从而减少氮肥的投入^[12]。在果园覆盖管理过程中,黑麦草和白三叶是2种常用的牧草,果园中种植黑麦草可以增加土壤微生物数量,提高土壤微生物活性,促进微生物对有机质的分解^[13];间作白三叶能够显著增加土壤微生物生物量碳、氮含量,提高土壤微生物对碳源的利用能力及多样性^[14-15]。然而二者混合种植对土壤微生物群落结构的影响研究较少。土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,影响土壤中物质循环、能量流动及有机物质分解^[16-17]。同时,土壤微生物对土壤环境变化非常敏感,可以用来评价土壤管理措施对土壤质量的影响^[18-19]。因此对土壤微生物群落结构的研究成为当前研究的热点。本研究在猕猴桃园间作系统下,研究黑麦草和白三叶混合种植对土壤微生物群落结构的影响,旨在探讨猕猴桃园土壤微生物群落结构对覆盖作物的响应,为丹江口水源涵养区果园生态管理模式的探索提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于湖北省十堰市农业科学院柳陂基地(32°50'N, 110°60'E),属北亚热带季风气候,年均温度16℃,年均降雨量950 mm,平均海拔220 m,无霜期248 d。猕猴桃园土壤本底基本理化性质:有机质6.67 g·kg⁻¹,全氮0.44 g·kg⁻¹,全磷0.49 g·kg⁻¹,pH为8.14^[20]。

1.2 试验设计

本试验于猕猴桃(*Actinidia chinensis* Planch)园进行,2015年春季开始种植猕猴桃树,株行距为3 m×5 m,于2016年9月开始种植覆盖作物。试验共设置3个处理,分别为:种植覆盖作物+覆盖作物刈割后留在土壤表面自然腐解(T1)、种植覆盖作物+覆盖作物刈割后从园中清除(T2)和清耕对照(CK),每处理重复3次,共9个小区,各小区随机排列,每小区面积20 m×2 m。播前深翻整地,同时施用化肥(N-K₂O-P₂O₅,15%-15%-15%)300 kg·hm⁻²。播种密度为黑麦草150 kg·hm⁻²、白三叶100 kg·hm⁻²。在2018年5月、7月对覆盖作物进行刈割,刈割后按照试验设计将T1处理中覆盖作物留在土壤表面自然腐解,T2处理中覆盖作物从园中移除,清耕区定期进行人工除草。各处理区的生态条件和田间管理措施保持一致。

1.3 样品采集

2018年8月采集土壤样品,采用“S”型取样法,每个小区随机选取10个点,用直径为3 cm土钻取土,取0~20 cm土壤样品,剔除石块、植物残根等杂物后,将同一小区土壤样品混合均匀后装入无菌袋内,置于冰盒中带回实验室,一部分-80℃冰箱中保存,用于土壤微生物群落结构分析;一部分于室内自然风干后研磨过筛,用于土壤理化性状分析。

1.4 测定方法

1.4.1 土壤微生物群落结构的测定

土壤微生物采用磷脂脂肪酸(Phospholipid fatty acid,PLFA)法测定^[21]。首先,用单相氯仿-甲醇-柠檬

酸缓冲液(体积比1:2:0.8)提取3 g冻干土壤样品的总脂,分别用氯仿、丙酮和无水甲醇洗脱,经水解和皂化得磷脂脂肪酸甲酯,加入十九烷酸甲酯(19:0)用气相色谱质谱法对样品进行磷脂脂肪酸的鉴定,并利用内部标准(19:0 nonadecanoic methyl ester)将峰值面积转化为每克土壤中磷脂脂肪酸含量,以每克干土中测定的磷脂脂肪酸的总和作为总PLFAs量(PLFAs),以12:0、15:0、16:0、17:0、18:0、a15:0、a17:0、i14:0、i16:0、i17:0、i19:0、18:1ω10、18:1ω11、cy17:0、cy19:0、16:1ω9c、16:1ω7c、17:1ω7c、18:1ω9t、20:1ω9c、i17:1ω5c表征细菌,其中a15:0、a17:0、i14:0、i16:0、i17:0、i19:0属于革兰氏阳性菌,cy17:0、cy19:0、16:1ω9c、16:1ω7c、17:1ω7c、18:1ω9t、20:1ω9c、i17:1ω5c属于革兰氏阴性菌;真菌用18:1ω9c、18:2ω6,9来表征;放线菌用10Me18:0、10Me19:0来表征^[22-23]。然后计算革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌和真菌/细菌。

1.4.2 土壤理化性质及微生物量碳、氮的测定

土壤有机碳用重铬酸钾外加热方法测定;土壤pH采用玻璃电极法(水土比2.5:1)测定;土壤含水量采用烘干法进行测定,105℃烘24 h后称质量得到质量含水量;土壤全氮采用全自动连续流动分析仪(AA3,Bran+Luebbe Corp.)测定^[24];微生物量碳、氮采用氯仿熏蒸,硫酸钾浸提,TOC自动分析仪测定^[25]。

1.5 数据处理

采用单因素方差分析(One-way ANOVA)对不同处理下土壤理化性质,微生物量碳、氮及微生物各类群PLFAs量进行分析,利用主成分分析(PCA)检验土

壤微生物群落结构的差异,冗余分析(RDA)及Pearson相关分析检验土壤环境因子与微生物类群之间的相关性。所有方差分析及Pearson相关分析均在统计分析软件SPSS 22.0中进行,主成分分析和冗余分析在多元统计分析软件Canoco for Windows 5.0中进行。

2 结果与分析

2.1 覆盖作物对土壤理化性质及微生物量碳、氮的影响

由表1可知,T2处理土壤含水量低于T1和CK处理($P<0.05$),T1处理土壤含水量与CK无显著差异。T1和T2处理土壤pH值高于CK处理($P<0.05$)。T1处理土壤总氮含量显著高于T2和CK($P<0.05$),C/N显著低于T2和CK($P<0.05$)。T1和T2处理土壤有机碳含量与CK无显著差异。T1和T2处理均显著增加了土壤微生物量碳、氮含量($P<0.05$),但是T1和T2处理间无显著差异。

2.2 覆盖作物对土壤微生物群落特征的影响

PLFAs分析结果(表2)显示,覆盖作物处理影响土壤PLFAs含量。覆盖作物处理显著增加土壤微生物PLFAs总量,T1和T2处理土壤微生物PLFAs总量分别高于CK 13.63%、13.02%($P<0.05$),但T1与T2处理间无显著差异。T2处理土壤真菌PLFAs量显著高于CK 85.71%($P<0.05$),T1处理与CK无显著差异。T1处理土壤革兰氏阴性菌PLFAs量显著高于CK 51.27%($P<0.05$),T2处理与CK无显著差异。T1处理降低了革兰氏阳性菌PLFAs量/革兰氏阴性菌PLFAs量($P<0.05$),T2处理与CK无显著差异。

表1 不同处理对土壤理化性质及微生物量碳、氮的影响

Table 1 Soil properties and microbial biomass of different cover crop treatments

处理 Treatments	含水量 Moisture content/%	pH	有机碳 SOC/g·kg ⁻¹	总氮 TN/g·kg ⁻¹	碳氮比 C/N	微生物量碳 MBC/mg·kg ⁻¹	微生物量氮 MBN/mg·kg ⁻¹
CK	14.85±0.36a	7.59±0.03c	4.96±0.09a	0.65±0.02b	7.62±0.29a	113.85±2.18b	13.05±1.09b
T1	14.90±0.55a	7.72±0.02a	5.14±0.15a	0.72±0.01a	7.09±0.19b	147.71±2.28a	15.57±0.69a
T2	13.76±0.40b	7.66±0.01b	5.04±0.13a	0.65±0.01b	7.71±0.26a	143.16±10.57a	17.09±1.30a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Values followed by the different lowercase letter in the same column indicate the significant difference ($P<0.05$). The same below.

表2 不同处理对土壤微生物磷脂脂肪酸(PLFAs)含量的影响(nmol·g⁻¹)

Table 2 PLFAs abundance of soil microbial of different cover crop treatments (nmol·g⁻¹)

处理 Treatments	PLFAs总量 Total PLFAs	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	放线菌 Actinomycete	革兰氏阳性菌 Gram-positive bacteria	革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌 Gram-positive bacteria/Gram-negative bacteria	真菌/细菌 Fungi/Bacteria
CK	47.38±1.85b	38.71±0.63a	4.76±0.65b	1.12±0.09a	12.29±0.85a	12.19±0.10b	1.01±0.06a	0.12±0.01a
T1	53.84±1.26a	42.11±2.83a	6.14±0.70b	1.17±0.22a	14.42±1.68a	18.44±1.49a	0.78±0.07b	0.15±0.02a
T2	53.55±1.79a	40.18±0.48a	8.84±1.87a	1.12±0.18a	12.70±0.65a	12.76±1.41b	1.01±0.17a	0.22±0.05a

2.3 覆盖作物对土壤微生物群落结构的影响

对不同处理土壤微生物群落进行主成分分析,结果(图1)表明,主成分1和主成分2的方差贡献率为67.53%。主成分分析中T1处理与CK的主成分分析图更为接近,说明T1处理与CK处理的微生物群落结构相似度更高,而T2处理的土壤微生物群落有明显的分区。CK与T1处理下土壤微生物的优势类群为12:0、18:1ω10、16:0、14:1ω1、16:1ω9c、i17:1ω5c、18:1ω9t、18:2ω6,9;T2处理下土壤微生物的优势类群为18:2ω10、18:1ω9c、cy17:0、15:0、17:0、i16:0。

2.4 土壤环境因子与土壤微生物群落特征的相关性

土壤环境因子与土壤微生物群落Pearson相关性分析结果(表3)表明,pH与土壤微生物PLFAs总量呈极显著正相关($P<0.01$),与细菌PLFAs量、革兰氏阴

性菌PLFAs量呈显著正相关($P<0.05$);碳氮比与革兰氏阴性菌PLFAs量呈显著负相关($P<0.05$),与革兰氏阳性菌PLFAs量/革兰氏阴性菌PLFAs量呈极显著正相关($P<0.01$);总氮与革兰氏阴性菌PLFAs量呈极显著正相关($P<0.01$),与革兰氏阳性菌PLFAs量/革兰氏阴性菌PLFAs量呈显著负相关($P<0.05$);土壤含水量与真菌PLFAs量/细菌PLFAs量呈显著负相关($P<0.05$)。同时对土壤环境因子(含水量、总氮、有机碳、碳氮比、pH)与不同处理土壤微生物群落进行冗余分析,结果(图2)表明,第1和第2排序轴分别解释了土壤微生物群落结构总体变异的44.71%和32.39%,其中土壤pH($F=4, P=0.018$)、碳氮比($F=4, P=0.028$)是影响土壤微生物群落的主要环境因子。

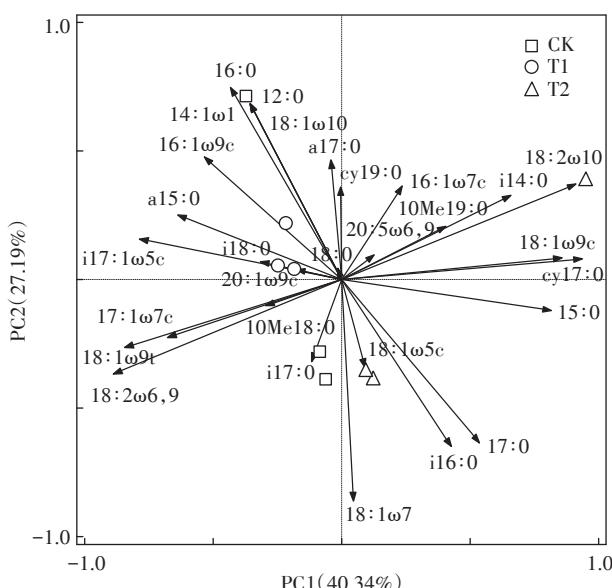


图1 不同处理土壤微生物群落结构主成分分析

Figure 1 Principal component analysis for soil microbial community structure of different cover crop treatments

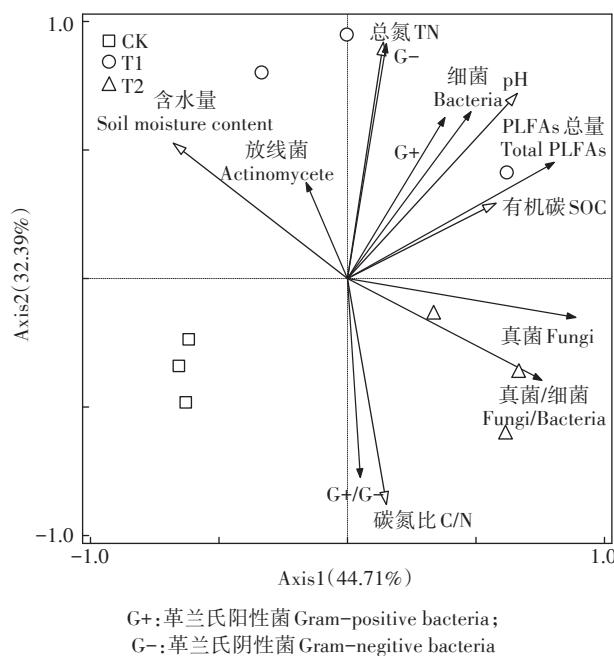


图2 土壤微生物群落特征与土壤环境因子的冗余分析

Figure 2 Redundancy analysis between soil community characters and soil environmental factors

表3 土壤环境因子与微生物群落特征(PLFAs量)相关性分析

Table 3 Correlation analysis of soil environmental factors and soil community characters (PLFAs)

微生物群落特征 Microbial community characters	含水量 Moisture content	pH	有机碳 SOC	总氮 TN	碳氮比 C/N
PLFAs 总量 Total PLFAs	-0.338	0.863**	0.555	0.506	-0.296
细菌 Bacteria	0.195	0.726*	0.566	0.599	-0.385
革兰氏阴性菌 Gram-negative bacteria	0.380	0.769*	0.368	0.891**	-0.797*
革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌 Gram-positive bacteria/Gram-negative bacteria	-0.245	-0.574	-0.068	-0.775*	0.849**
真菌/细菌 Fungi/Bacteria	-0.708*	0.291	0.335	-0.235	0.413

注: *表示显著相关($P<0.05$); **表示极显著相关($P<0.01$)。

Note: *indicating the significant correlation ($P<0.05$); **indicating the highly significant correlation ($P<0.01$).

3 讨论

猕猴桃园种植覆盖作物可增加园中土壤的覆盖度,减少地表土壤水分的蒸散,提高土壤水分含量^[26-27];同时覆盖作物刈割物还田、根系分泌物等可以将养分返还到土壤中,从而增加土壤中养分含量,调节土壤酸碱度,有利于土壤有机质的形成^[26,28]。本研究结果表明,猕猴桃园种植覆盖作物无论是将覆盖作物刈割后留在土壤表面(T1)还是从园中清除(T2),均显著提高土壤pH值。此外,覆盖作物刈割后留在土壤表面还可以显著提高土壤总氮含量,这与李惠等^[29]、王耀锋等^[26]、郭磊等^[30]的研究结果相似。说明猕猴桃园间作覆盖作物对土壤质量的改善和肥力的提升有一定的促进作用。

土壤微生物量促进植物养分转化和循环,是评价生态系统稳定及土壤质量的重要指标^[31-32]。研究土壤微生物量碳氮对了解土壤肥力、土壤养分的转化和循环具有重要意义^[33-34]。本研究结果表明,覆盖作物处理可以显著提高土壤微生物量碳、氮含量,这与张道勇等^[33]、惠竹梅等^[35]的研究结果一致。土壤微生物总量增加表明了土壤肥力的提高^[36],土壤微生物类群及种类比例的变化对土壤肥力的形成和养分的供应具有明显的调节作用^[36]。本研究结果表明,猕猴桃园覆盖作物处理显著提高土壤微生物PLFAs总量,果园中种植覆盖作物后土壤理化性状发生改变,为土壤微生物提供了适宜的生存环境,覆盖作物残体和根系分泌物为土壤微生物提供了物质和能量,促进土壤微生物的生长繁殖,增加土壤微生物量,促进土壤碳氮的累积。T1处理土壤革兰氏阴性菌PLFAs量显著提高,覆盖作物残体的输入有利于革兰氏阴性菌的生长,说明土壤革兰氏阴性菌对覆盖作物有机残体的输入反应更敏感,较革兰氏阳性菌更具有竞争优势,在整个土壤细菌群落组成中占据主导地位^[37];T2处理土壤真菌PLFAs量显著增加,这与罗达等^[38]的研究结果相似,在森林生态系统中,去除枯落物可显著增加土壤真菌PLFAs量。主成分分析表明不同处理下土壤微生物群落结构差异显著,T1处理土壤微生物PLFAs优势类群为12:0、18:1ω10、16:0、14:1ω1、16:1ω9c、i17:1ω5c、18:1ω9t、18:2ω6、9, T2处理土壤微生物PLFAs优势类群为18:2ω10、18:1ω9c、cy17:0、15:0、17:0、i16:0。

土壤微生物群落结构主要指土壤中各主要微生物类群在土壤中的数量及各类群在微生物总量中所

占的比率^[39]。作为影响土壤微生物群落组成的的因素,土壤pH对土壤微生物群落结构的影响较为复杂,微生物的类群不同,适合其生长的pH也不同,细菌在微碱性土壤中生长较为旺盛,而真菌在酸性条件下生长比较旺盛^[39-42]。覆盖作物有机残体的输入为土壤微生物提供了大量的碳源,促进土壤微生物对氮素的固持^[43],调节土壤碳氮比,进而影响土壤微生物群落组成^[44]。本研究中,土壤微生物PLFAs总量、细菌PLFAs量与土壤pH呈显著正相关;革兰氏阴性菌PLFAs量与pH、总氮呈显著正相关,与碳氮比呈显著负相关;革兰氏阳性菌PLFAs量/革兰氏阴性菌PLFAs量与碳氮比呈显著正相关,与总氮呈显著负相关。土壤微生物参与土壤中养分循环,覆盖作物的加入影响土壤养分和环境因子,为土壤微生物提供物质和适宜的生存空间,促进土壤微生物的繁殖生长^[45]。

4 结论

(1)在猕猴桃园间作系统下,覆盖作物处理(黑麦草和白三叶混合种植)能够提高土壤微生物PLFAs总量及微生物量碳、氮,改变土壤微生物群落结构。

(2)覆盖作物能够通过改变土壤环境因子(主要为pH、碳氮比)来影响土壤微生物的群落结构特征。

参考文献:

- [1] 周广帆,杨殿林,秦洁,等.丹江口水源涵养区退耕还草对土壤微生物和线虫群落的影响[J].草业科学,2019,36(11):1-10.
ZHOU Guang-fan, YANG Dian-lin, QIN Jie, et al. Effects of returning farmland to grassland on soil microbes and nematode communities in the Danjiangkou water source conservation area[J]. Pratacultural Science, 2019, 36(11):1-10.
- [2] 彭家清,吴伟,肖涛,等.十堰山区猕猴桃栽培技术及发展前景[J].北方园艺,2013(12):40-42.
PENG Jia-qing, WU Wei, XIAO Tao, et al. Kiwi fruit cultivation technology and development prospects in Shiyan mountain[J]. Northern Horticulture, 2013(12):40-42.
- [3] Atucha A, Merwin I A, Brown M G, et al. Soil erosion, runoff and nutrient losses in an avocado (*Persea americana* Mill) hillside orchard under different groundcover management systems[J]. Plant and Soil, 2013, 368(1/2):393-406.
- [4] López-Vicente M, García-Ruiz R, Guzmán G, et al. Temporal stability and patterns of runoff and runon with different cover crops in an olive orchard(SW Andalusia, Spain)[J]. Catena, 2016, 147:125-137.
- [5] 李尚玮,杨文权,赵冉,等.果树行间生草对苹果园土壤肥力的影响[J].草地学报,2016,24(4):895-900.
LI Shang-wei, YANG Wen-quan, ZHAO Ran, et al. Effects of growing grass on soil fertility of the apple orchard[J]. Acta Agrestia Sinica, 2016,

- 24(4):895–900.
- [6] Sánchez E E, Giayetto A, Cichón L, et al. Cover crops influence soil properties and tree performance in an organic apple (*Malus domestica* Borkh) orchard in northern Patagonia[J]. *Plant and Soil*, 2007, 292(1/2):193–203.
- [7] 陈学森, 张瑞洁, 王艳廷, 等. 苹果园种植长柔毛野豌豆结合自然生草对土壤综合肥力的影响[J]. 园艺学报, 2016, 43(12):2325–2334. CHEN Xue-sen, ZHANG Rui-jie, WANG Yan-ting, et al. Effects of growing hairy vetch(*Vicia villosa*)on the soil nutrient, enzyme activities and microorganisms in apple orchard[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2016, 43(12):2325–2334.
- [8] 李旭锐, 张 燕, 张 杰, 等. 苹果园不同间作模式对土壤理化性质及微生物群落的PLFA分析[J]. 北京农学院学报, 2019, 34(3):30–36. LI Xu-rui, ZHANG Yan, ZHANG Jie, et al. PLFA analysis of different intercropping system on soil physicochemical properties and soil microbial community in the apple orchard[J]. *Journal of Beijing University of Agriculture*, 2019, 34(3):30–36.
- [9] 井赵斌, 杨 勇, 阮小凤. 行间生草对甜柿果园土壤微生物和酶活性的影响[J]. 北方园艺, 2019, 43(9):105–110. JING Zhao-bin, YANG Yong, RUAN Xiao-feng. Effects of inter-planting grasses in persimmon orchard on soil microbes and enzyme activities [J]. *Northern Horticulture*, 2019, 43(9):105–110.
- [10] 姜莉莉, 宫庆涛, 武海斌, 等. 不同生草处理对苹果园土壤微生物群落的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(10):3482–3490. JIANG Li-li, GONG Qing-tao, WU Hai-bin, et al. Effects of different grasses cultivation on apple orchard soil microbial community[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(10):3482–3490.
- [11] Yu X, Cheng J, Wong M H. Earthworm–mycorrhiza interaction on Cd uptake and growth of ryegrass[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2005, 37(2):195–201.
- [12] 张俊杰, 杨 旭, 刘苏萌, 等. 郑州草坪白三叶草根瘤菌的分离与分子鉴定[J]. 内蒙古农业大学学报(自然科学版), 2016, 37(6):70–77. ZHANG Jun-jie, YANG Xu, LIU Su-meng, et al. The isolation and molecular identification of rhizobia associated with white clover from Zhengzhou[J]. *Journal of Inner Mongolia Agricultural University(Natural Science Edition)*, 2016, 37(6):70–77.
- [13] 向仰州, 刘 英, 何 季, 等. 生草栽培对刺梨园土壤养分、微生物和酶活性的影响[J]. 北方园艺, 2018, 42(6):96–101. XIANG Yang-zhou, LIU Ying, HE Ji, et al. Effects of sod-culture on soil nutrients, microorganisms and enzyme activities in *Rosarburghii* Tratt orchard[J]. *Northern Horticulture*, 2018, 42(6):96–101.
- [14] 左玉环, 刘高远, 杨莉莉, 等. 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 Yu-huan, LIU Gao-yuan, YANG Li-li, et al. 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.
- [15] 杜毅飞, 方凯凯, 王志康, 等. 生草果园土壤微生物群落的碳源利用特征[J]. 环境科学, 2015, 36(11):4260–4267. DU Yi-fei, FANG Kai-kai, WANG Zhi-kang, et al. Carbon source utilization characteristics of soil microbial community for apple orchard with interplanting herbage[J]. *Environmental Science*, 2015, 36(11):4260–4267.
- [16] 王艳廷, 冀晓昊, 吴玉森, 等. 我国果园生草的研究进展[J]. 应用生态学报, 2015, 26(6):1892–1900. WANG Yan-ting, JI Xiao-hao, WU Yu-sen, et al. Research progress of cover crop in Chinese orchard[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(6):1892–1900.
- [17] Guan P, Zhang X, Yu J, et al. Soil microbial food web channels associated with biological soil crusts in desertification restoration: The carbon flow from microbes to nematodes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 116:82–90.
- [18] 于 树, 汪景宽, 李双异. 地膜覆盖对土壤微生物群落结构的影响[J]. 土壤通报, 2008, 39(4):904–907. YU Shu, WANG Jing-kuan, LI Shuang-yi. Soil microbial community structure responses to mulching with plastic film on brown earth[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2008, 39(4):904–907.
- [19] Mbuthia L W, Acosta-Martínez V, Debruyne J, et al. Long term tillage, cover crop, and fertilization effects on microbial community structure, activity: Implications for soil quality[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 89:24–34.
- [20] 李青梅, 张玲玲, 刘红梅, 等. 覆盖作物多样性对猕猴桃园土壤微生物群落功能的影响[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(2):351–359. LI Qing-mei, ZHANG Ling-ling, LIU Hong-mei, et al. Effects of cover crop diversity on soil microbial community functions in a kiwifruit orchard[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, 39(2):351–359.
- [21] Frostegård A, Baath E, Tunlid A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1993, 25:723–730.
- [22] Willers C, Van Rensburg P J J, Claassens S. Phospholipid fatty acid profiling of microbial communities: A review of interpretations and recent applications[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2015, 119(5):1207–1218.
- [23] 姚晓东, 王 娓, 曾 辉. 磷脂脂肪酸法在土壤微生物群落分析中的应用[J]. 微生物学通报, 2016, 43(9):2086–2095. YAO Xiao-dong, WANG Wei, ZENG Hui. Application of phospholipid fatty acid method in analyzing soil microbial community composition[J]. *Microbiology China*, 2016, 43(9):2086–2095.
- [24] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 三版. 北京:中国农业出版社, 2000. BAO Shi-dan. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. Third Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [25] 吴金水, 林启美, 黄巧云, 等. 土壤微生物生物量测定方法及其应用[M]. 北京:气象出版社, 2006. WU Jin-shui, LIN Qi-mei, HUANG Qiao-yun, et al. Method for measuring soil microbial biomass and its application[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2006.
- [26] 王耀锋, 邵玲玲, 刘玉学, 等. 桃园生草对土壤有机碳及活性碳库

- 组分的影响[J]. 生态学报, 2014, 34(20):6002–6010.
- WANG Yao-feng, SHAO Ling-ling, LIU Yu-xue, et al. Effects of interplanting grass on soil organic carbon and active components of carbon pool in peach orchard[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, 34(20): 6002–6010.
- [27] 李会科, 张广军, 赵政阳, 等. 渭北黄土高原旱地果园生草对土壤物理性质的影响[J]. 中国农业科学, 2008, 41(7):2070–2076.
- LI Hui-ke, ZHANG Guang-jun, ZHAO Zheng-yang, et al. Effects of different herbage on soil quality characteristics of non-irrigated apple orchard in Weiwei Loess Plateau[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41(7):2070–2076.
- [28] Couëdel A, Alletto L, Tribouillois H, et al. Cover crop crucifer-legume mixtures provide effective nitrate catch crop and nitrogen green manure ecosystem services[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2018, 254:50–59.
- [29] 李惠, 赵丹, 苏彦萍, 等. 种植苜蓿及苜蓿覆盖对核桃园土壤性质的影响[J]. 北方园艺, 2016, 40(7):166–170.
- LI Hui, ZHAO Dan, SU Yan-ping, et al. Effect of growing alfalfa and mulching alfalfa on soil properties in walnut orchard[J]. *Northern Horticulture*, 2016, 40(7):166–170.
- [30] 郭磊, 宋宏峰, 俞明亮, 等. 桃园生草对土壤养分及酶活性的影响[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(19):205–208.
- GUO Lei, SONG Hong-feng, YU Ming-liang, et al. Effects of interplanting grass on soil nutrient and enzyme activities in peach orchard [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2017, 45(19):205–208.
- [31] 林先贵, 胡君利. 土壤微生物多样性的科学内涵及其生态服务功能[J]. 土壤学报, 2008, 45(5):892–900.
- LIN Xian-gui, HU Jun-li. Scientific connotation and ecological service function soil microbial diversity[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2008, 45(5):892–900.
- [32] Van der Heijden M G A, Wagg C. Soil microbial diversity and agro-ecosystem functioning[J]. *Plant and Soil*, 2013, 363(1/2):1–5.
- [33] 张道勇, 李会科, 郭宏, 等. 间作白三叶对苹果/白三叶复合系统土壤微生物量碳、氮及酶活性的影响[J]. 水土保持研究, 2015, 22(5):39–45.
- ZHANG Dao-yong, LI Hui-ke, GUO Hong, et al. Effects of growing white clover on soil microbial biomass carbon and nitrogen and soil enzyme activity in apple-white clover intercropping system[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2015, 22(5):39–45.
- [34] Kandeler E, Tscherko D, Spiegel H. Long-term monitoring of microbial biomass, N mineralisation and enzyme activities of a Chernozem under different tillage management[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 28(4):343–351.
- [35] 惠竹梅, 岳泰新, 张振文. 行间生草葡萄园土壤微生物量与土壤养分的通径分析[J]. 草地学报, 2011, 19(6):969–974.
- HUI Zhu-mei, YUE Tai-xin, ZHANG Zhen-wen. Path analysis between soil microbial biomass and soil nutrient contents in cover cropping system of vineyard[J]. *Acta Agrestia Sinica*, 2011, 19(6):969–974.
- [36] 焦润安, 焦健, 李朝周. 生草对油橄榄园土壤性质和油橄榄成花生理的影响[J]. 草业学报, 2018, 27(7):133–144.
- JIAO Run-an, JIAO Jian, LI Chao-zhou. The effect of sod-culture on orchard soil properties and the floral physiology of olives[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2018, 27(7):133–144.
- [37] 李倩, 马琨, 冶秀香, 等. 不同施肥方式对土壤有机碳与微生物群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报, 2018, 26(12):1866–1875.
- LI Qian, MA Kun, YE Xiu-xiang, et al. Effect of fertilization managements on soil organic carbon and microbial community structure[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2018, 26(12):1866–1875.
- [38] 罗达, 史作民, 李东胜. 枯落物处理对格木林土壤碳氮转化和微生物群落结构的短期影响[J]. 应用生态学报, 2018, 29(7):2259–2268.
- LUO Da, SHI Zuo-min, LI Dong-sheng. Short-term effects of litter treatment on soil C and N transformation and microbial community structure in *Erythrophleum fordii* plantation[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29(7):2259–2268.
- [39] 杜雅仙, 康扬眉, 牛玉斌, 等. 宁夏荒漠草原不同植物群落微斑块内土壤微生物区系特征[J]. 应用生态学报, 2019, 30(9):3057–3065.
- DU Ya-xian, KANG Yang-mei, NIU Yu-bin, et al. Soil microflora characteristics under different vegetation patches in a desert steppe of Ningxia, northwest China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(9):3057–3065.
- [40] Höglberg M N, Höglberg P, Myrild D D. Is microbial community composition in boreal forest soils determined by pH, C-to-N ratio, the trees, or all three?[J]. *Oecologia*, 2007, 150:590–601.
- [41] 薛立, 邝立刚, 陈红跃, 等. 不同林分土壤养分、微生物与酶活性的研究[J]. 土壤学报, 2003, 40(2):280–285.
- XUE Li, KUANG Li-gang, CHEN Hong-yue, et al. Soil nutrients, microorganisms and enzyme activities of different stands[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2003, 40(2):280–285.
- [42] Cao Y, Fu S, Zou X, et al. Soil microbial community composition under Eucalyptus plantations of different age in subtropical China[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2010, 46:128–135.
- [43] Liang B, Yang X Y, He X H, et al. Long-term combined application of manure and NPK fertilizers influenced nitrogen retention and stabilization of organic C in Loess soil[J]. *Plant and Soil*, 2012, 353(1/2): 249–260.
- [44] 邬奇峰, 陆扣萍, 毛霞丽, 等. 长期不同施肥对农田土壤养分与微生物群落结构的影响[J]. 中国农学通报, 2015, 31(5):150–156.
- WU Qi-feng, LU Kou-ping, MAO Xia-li, et al. Responses of soil nutrients and microbial biomass and community composition to long-term fertilization in cultivated land[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2015, 31(5):150–156.
- [45] Grandy A S, Strickland M S, Lauber C L, et al. The influence of microbial communities, management, and soil texture on soil organic matter chemistry[J]. *Geoderma*, 2009, 150:278–286.