

刘志鑫,王荣健,刘红梅,等. 不同土壤管理制度对核桃园土壤性质及细菌群落的影响[J]. 江苏农业科学,2025,53(21):265-270.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2025.21.033

不同土壤管理制度对核桃园土壤性质 及细菌群落的影响

刘志鑫¹, 王荣健¹, 刘红梅¹, 陈利英², 齐国辉¹

(1. 河北农业大学,河北保定 071000; 2. 河北绿岭果业有限公司,河北临城 054300)

摘要:探究不同土壤管理制度对核桃园土壤理化性质以及细菌群落结构的影响,筛选适宜的土壤管理方法,为核桃园土壤科学管理提供参考。在种植 20 年的绿岭核桃园中,设置行间自然生草、间作油菜、间作王不留行和间作紫花苜蓿 4 种处理,以传统清耕为对照,研究不同土壤管理制度对核桃园土壤理化性质、土壤酶活性及细菌群落结构的影响。结果表明,与清耕相比,各处理土壤有机质含量提高 2.77~7.52 g/kg,间作苜蓿与间作油菜处理的土壤全磷含量分别显著提高 284.14、250.14 mg/kg。与对照相比,各处理的土壤细菌 Chao1 指数均有所增加;自然生草、间作油菜、间作苜蓿处理的 Shannon 指数也高于对照。所有土壤样品中,细菌群落的优势菌门是酸杆菌门、变形菌门、放线菌门,自然生草、间作油菜、间作苜蓿处理下土壤中酸杆菌门的相对丰度较清耕提高 5.4%~12.3%。相关性分析发现,土壤速效磷含量与芽单胞菌门的相对丰度呈显著正相关,酸杆菌门的相对丰度与全氮、硝态氮含量呈显著正相关。综上所述,在核桃园中间作苜蓿和油菜的土壤管理方式可有效提升表层土壤养分含量,增加土壤酶活性,并提高土壤中细菌丰富度,从而达到改善土壤质量的目的。

关键词:核桃;土壤管理制度;自然生草;间作;土壤性质;细菌群落

中图分类号:S664.106⁺.1 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2025)21-0265-06

土壤是经济林生长的基础,土壤管理是经济林栽培的重要内容之一,也是经济林栽培管理的基础。大量研究表明,适宜的土壤管理制度能改善土壤理化性质、提升果实品质^[1-3]。土壤理化性质、土壤酶活性及土壤细菌群落的丰富度与多样性,对不同土壤管理制度的响应存在差异。程滨等的研究表明,在核桃园中种植豆类植物可有效增加土壤总氮和碱解氮含量^[4];Wu 等的研究表明,间作油菜、黑麦草和紫云英的生草栽培可降低土壤酸化与土壤侵蚀,提高土壤肥力及土壤微生物群落多样性^[5];Wang 等的研究表明,在梨园连续多年种草可显著改善土壤质量与健康状况^[6]。因此,研究合理的土壤管理方式,对促进经济林树体生长发育具有重要意义。

核桃(*Juglans regia* L.)是胡桃科核桃属落叶乔

木,是我国重要的经济林树种^[7],在我国广泛种植。核桃集约经营过程虽大幅提高了核桃园生产效率,但过度施肥、大量使用除草剂及清除林下植被等措施,加剧了土壤养分流失,导致土壤出现有机质含量偏低、物理结构脆弱等退化问题^[8],在一定程度上影响了核桃产业的可持续发展。

为明确核桃园不同土壤管理制度对土壤理化性质、细菌群落结构及土壤酶活性的影响,本研究以核桃园清耕模式为对照,设置自然生草、间作油菜、间作王不留行、间作苜蓿 4 种土壤管理处理,分析不同处理下土壤理化性质、土壤酶活性与微生物群落功能多样性的相关性,以期为核桃园可持续发展提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验在河北绿岭果业有限公司核桃示范园基地进行。该基地位于河北省临城县城北 6 km 处(114°31'38.13"E,37°31'49.79"N),海拔 96 m;年均日照 2 653 h,年均气温 13.0 °C,年均降水量 521 mm。供试核桃树品种为绿岭,年龄 20 年。

收稿日期:2024-12-04

基金项目:河北省现代农业产业技术体系干果产业创新团队核桃新品种选育与栽培岗项目(编号:HBCT2024190205)。

作者简介:刘志鑫(2000—),男,山西清徐人,硕士研究生,从事经济林栽培生理研究。E-mail:1790859124@qq.com。

通信作者:齐国辉,博士,教授,从事经济林栽培生理研究。E-mail:bdqgh@sina.com。

1.2 试验设计

试验设置自然生草、间作油菜、间作王不留行和间作苜蓿 4 个处理,以清耕为对照。试验采用随机区组设计,每个处理重复 3 次,共设 15 个小区,各小区水肥管理保持一致。2022 年 9 月下旬播种,播种量分别为油菜 30 kg/hm²、苜蓿 25 kg/hm²、王不留行 2.5 kg/hm²,于 6 月中下旬刈割;清耕处理定期人工除草,清除地表植被;自然生草自 2022 年起不再进行地表除草,保留田间常见草本植物,当草长至 30 cm 左右时刈割。

1.3 土壤取样

2024 年 6 月,在每个小区采用五点采样法采集 0~10 cm 土层土壤样品。将每个小区的土壤样品充分混匀后过 2 mm 筛,去除土壤中的动植物残体及砾石,随后将所有土壤样品装入密封袋保存并带回实验室。将土壤样品分为 2 份:1 份样品自然风干后过 0.15 mm 网筛,用于测定土壤碳、氮、磷含量等基本化学性质;另一份立即放入 -80 °C 冰箱中保存,用于土壤微生物 DNA 的提取。

1.4 土壤理化性质测定

土壤有机质含量采用重铬酸钾氧化法测定;全氮含量采用凯氏定氮法测定;有效磷含量采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定;全磷含量采用钼锑抗比色法测定;全钾含量采用火焰光度法测定;速效钾含量采用醋酸铵浸提-火焰光度法^[9]测定。土壤硝态氮、铵态氮含量采用流动分析仪测定:称取 2.5 g 新鲜土样,加入 50 mL 1 mol/L KCl 溶液,振荡 30 min 后过滤提取液,使用流动分析仪 (Smartchem 600) 测定硝态氮与铵态氮浓度。

1.5 土壤酶活性测定

土壤蔗糖酶、淀粉酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定^[10];土壤碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠法测定^[11];土壤脲酶活性采用靛酚蓝比色法测定^[11]。

1.6 土壤细菌 DNA 的提取及测序

土壤细菌 DNA 的提取与测序委托北京诺禾致源科技股份有限公司完成。具体步骤如下:采用磁珠法土壤基因组 DNA 提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]提取土样 DNA;通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 纯度与浓度,取适量样本 DNA 置于离心管中,用无菌水稀释样本至 1 ng/μL;以引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGTTA-3')和 907R(5'-CCGTCAATTCCTTTGAGTTT-3')对细菌

16S rRNA 基因 V4~V5 区进行 PCR 扩增;使用 NEB Next® Ultra™ II FS DNA PCR-free Library Prep Kit 文库试剂盒[纽英伦生物技术(北京)有限公司]构建文库,文库经 Qubit 与 Q-PCR 定量合格后,使用 NovaSeq 6000 平台进行 PE250 上机测序。

1.7 数据分析

采用 Excel 进行数据整理,通过 SPSS 软件对数据进行方差分析,其中土壤性状采用单因素方差分析法分析,以明确不同处理间的差异(显著差异设定在 95% 置信水平)。当分析结果显著时($P < 0.05$),使用邓肯法进行多重比较。使用 QIIME 软件计算土壤细菌群落 α 多样性, β 多样性采用 QIIME 2 软件分析。利用 Origin 2022 进行 Spearman 等级相关性分析及作图。

2 结果与分析

2.1 不同土壤管理制度对核桃园土壤养分含量的影响

由表 1 可知,与清耕(对照)相比,各处理核桃园土壤有机质含量显著提高 30.11%~81.74%;间作苜蓿与间作油菜处理的土壤全磷含量较清耕处理分别显著提高 284.14、250.21 mg/kg,而间作王不留行处理则较清耕处理降低 30.61 mg/kg。间作油菜处理的速效磷含量(55.68 mg/kg)显著高于其他处理,增幅为 93.80%~287.74%。不同土壤管理制度对土壤全钾含量的影响不明显,其含量在 12.13~14.35 g/kg 之间,由大到小依次为间作苜蓿>间作王不留行>清耕>自然生草>间作油菜。间作苜蓿处理的速效钾含量较清耕处理显著提高 18.22 mg/kg,而间作王不留行处理则比清耕处理显著下降 40.08 mg/kg。与清耕处理相比,间作苜蓿、间作油菜处理的土壤铵态氮含量分别显著提高 96.05%、32.24%。间作苜蓿处理土壤硝态氮含量较清耕处理显著提高 51.87%,而间作油菜和间作王不留行处理则分别显著降低 59.85%、19.98%。各处理间的土壤全氮含量差异不显著。

2.2 不同土壤管理制度对核桃园土壤酶活性的影响

由表 2 可知,不同土壤管理制度对核桃园土壤碳、氮、磷循环酶活性具有显著影响。各处理土壤淀粉酶活性大小依次为自然生草>间作王不留行>清耕>间作苜蓿>间作油菜。其中,自然生草处理的土壤淀粉酶活性最高,较清耕处理提高 7.80%;

表 1 不同土壤管理制度对核桃园土壤养分含量的影响

处理	有机质含量 (g/kg)	全磷含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	全钾含量 (g/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	全氮含量 (g/kg)	铵态氮含量 (mg/kg)	硝态氮含量 (mg/kg)
清耕(对照)	9.20 ± 0.46c	471.32 ± 21.13bc	14.36 ± 1.33d	12.95 ± 1.59ab	82.47 ± 1.65b	1.65 ± 0.22a	1.52 ± 0.01c	30.98 ± 1.15c
自然生草	12.28 ± 0.73b	497.94 ± 16.74b	19.31 ± 4.26cd	12.71 ± 0.95ab	79.75 ± 8.19b	1.81 ± 0.08a	1.73 ± 0.06c	33.14 ± 0.66b
间作油菜	16.72 ± 1.18a	721.53 ± 23.93a	55.68 ± 0.91a	12.13 ± 0.51b	81.08 ± 2.72b	1.77 ± 0.13a	2.01 ± 0.29b	12.44 ± 0.35e
间作王不留行	11.97 ± 2.71b	440.71 ± 44.92c	21.47 ± 4.63c	12.99 ± 0.97ab	42.39 ± 4.11c	1.59 ± 0.06a	1.52 ± 0.02c	24.79 ± 0.84d
间作苜蓿	13.11 ± 0.27b	755.46 ± 34.13a	28.73 ± 0.74b	14.35 ± 0.98a	100.69 ± 1.68a	1.73 ± 0.11a	2.98 ± 0.05a	47.05 ± 1.06a

注:同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)。下同。

间作苜蓿处理的土壤蔗糖酶活性显著高于清耕处理 51.27%,其余处理与对照间无显著差异。与清耕相比,各处理的土壤脲酶活性显著提高 18.41% ~ 30.72%。间作油菜、间作王不留行、间作苜蓿处理

的土壤磷酸酶活性显著高于自然生草处理,增幅为 10.24% ~ 15.47%;显著高于清耕处理,增幅为 26.41% ~ 32.41%。

表 2 不同土壤管理制度对土壤酶活性的影响

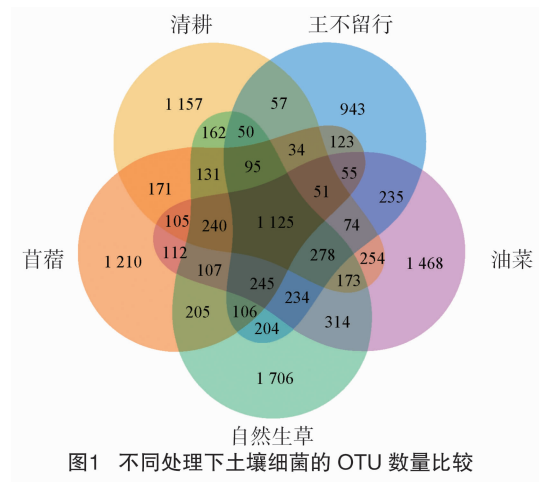
处理	土壤淀粉酶活性 [mg/(g·d)]	土壤蔗糖酶活性 [mg/(g·d)]	土壤脲酶活性 [mg/(g·d)]	土壤碱性磷酸酶活性 [mg/(g·d)]
清耕(对照)	1.783 ± 0.122ab	26.133 ± 2.134b	0.918 ± 0.052c	2.018 ± 0.079c
自然生草	1.922 ± 0.162a	22.576 ± 1.896b	1.107 ± 0.067b	2.314 ± 0.123b
间作油菜	1.562 ± 0.240b	26.508 ± 6.159b	1.200 ± 0.020a	2.562 ± 0.071a
间作王不留行	1.808 ± 0.114ab	27.096 ± 3.069b	1.108 ± 0.045b	2.551 ± 0.117a
间作苜蓿	1.736 ± 0.070ab	39.532 ± 2.369a	1.087 ± 0.015b	2.672 ± 0.176a

2.3 土壤细菌群落测序分析

通过对不同土壤管理制度下核桃园土壤细菌进行测序,15 个土壤样品共获得 355 556 507 条有效序列,总碱基数为 355 556 507 bp,平均碱基长度为 253.2 bp。如图 1 所示,使用 QIIME 2 流程进行 100% 相似度聚类,共得到 9 730 个操作分类单元(OTU),其中 5 种处理下土壤细菌群落共有的 OTU 数量为 1 125 个,占全部 OTU 总数的 11.56%;清耕、自然生草、间作油菜、间作王不留行和间作苜蓿处理所特有的 OTU 数量分别为 1 157、1 706、1 468、943、1 210 个。

2.4 不同土壤管理制度土壤细菌群落的 α 多样性

由表 3 可知,各处理的覆盖度指数均大于 0.993,表明该测序结果可以真实反映细菌群落的多样性。Chao1 指数由大到小依次为自然生草 > 间作油菜 > 间作王不留行 > 清耕 > 间作苜蓿。与其他处理相比,间作王不留行处理的 Shannon 指数与 Simpson 显著降低 13.71% ~ 17.19% 和 2.11% ~ 2.20%,自然生草、间作油菜、间作苜蓿的 Shannon 指数高于清耕处理但不显著。



2.5 土壤细菌群落结构

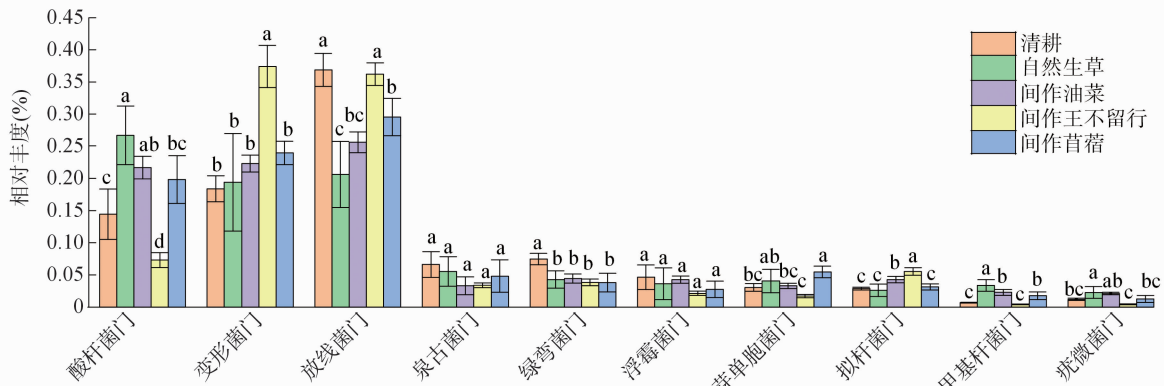
图 2 展示了不同土壤管理制度下核桃园土壤细菌相对丰度排名前 10 位的菌门,分别为酸杆菌门(Acidobacteriota)、泉古菌门(Crenarchaeota)、变形菌门(Proteobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、甲基杆菌门(Methylomirabilota)、疣微菌门

(Verrucomicrobiota), 其平均相对丰度分别为 29.78%、24.29%、18.25%、4.75%、4.72%、3.67%、3.51%、3.47%、1.70%、1.44%。对相对丰度较高的前 10 的菌门进行单因素方差分析,结果表明,自然生草处理、间作油菜、间作苜蓿处理下土壤中酸杆菌门的相对丰度较清耕处理提高 5.4% ~

12.3%;与清耕相比,各处理土壤中的变形菌门相对丰度显著提高 1.1% ~ 19.1%;不同土壤管理制度显著影响核桃园土壤放线菌门的相对丰度,其中间作苜蓿处理的相对丰度显著低于清耕处理 20.01%,且显著高于自然生草处理 43.3%。

表 3 不同土壤管理制度对核桃园土壤细菌群落结构多样性指数分析

处理	丰富度		多样性		均匀度	覆盖度
	Chao1 指数	Observed species 指数	Shannon 指数	Simpson 指数		
清耕	2 317 ± 592a	2 259.667 ± 544.895a	9.862 ± 0.358a	0.997 ± 0.001a	0.887 ± 0.003ab	0.997 ± 0.002a
自然生草	3 179 ± 371a	3 060.000 ± 313.254a	10.151 ± 0.036a	0.997 ± 0.000a	0.877 ± 0.009b	0.993 ± 0.003a
间作油菜	3 032 ± 1 036a	2 913.000 ± 935.372a	10.276 ± 0.371a	0.998 ± 0.000a	0.898 ± 0.015a	0.994 ± 0.005a
间作王不留行	2 318 ± 400a	2 228.333 ± 327.326a	8.510 ± 0.116b	0.976 ± 0.003b	0.766 ± 0.011c	0.995 ± 0.003a
间作苜蓿	2 237 ± 156a	2 228.000 ± 156.502a	9.936 ± 0.124a	0.997 ± 0.001a	0.894 ± 0.009ab	0.999 ± 0.001a



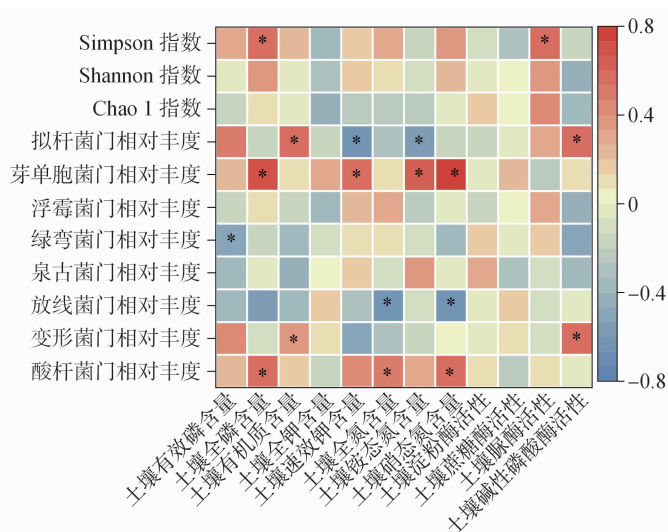
柱上不同小写字母表示各处理在门水平存在显著差异(P<0.05)
图2 不同土壤管理制度对土壤细菌群落主要菌门丰度的影响

通过对不同土壤管理制度下核桃园土壤细菌群落 α 多样性、群落组成与土壤理化性质指标进行 Spearman 相关分析,结果(图 3)表明,细菌 α 多样性方面,Simpson 指数与土壤全磷含量、土壤脲酶活性均呈显著正相关;酸杆菌门的相对丰度与土壤全磷、全氮、硝态氮含量呈显著正相关;变形菌门的相对丰度与土壤碱性磷酸酶活性呈显著正相关;放线菌门的相对丰度与土壤全磷、全氮、硝态氮含量呈显著负相关;绿弯菌门的相对丰度与土壤有效磷含量呈显著负相关;芽单胞菌门的相对丰度与土壤全磷、速效钾、铵态氮和硝态氮含量呈显著正相关;拟杆菌门的相对丰度与土壤铵态氮、速效钾含量呈显著负相关,与土壤有机质含量、土壤碱性磷酸酶活性呈显著正相关。

3 讨论

土壤有机质含量是土壤理化性质的关键指标

之一,在营养供应与保持方面发挥关键作用^[12]。本研究发现,与清耕相比,其余各处理的土壤有机质含量均有不同程度的提高。其原因可能是生草处理后,地表天然覆盖物数量较清耕增加,这主要归因于生草栽培过程中根系分泌物的释放及植物残体的分解,向土壤输入了大量活性有机碳^[13]。Vicente - Vicente 等的研究表明,橄榄园有植物覆盖的土壤稳定有机碳组分是无植物覆盖的 2.1 倍^[14]。核桃园间作油菜显著提高了土壤全磷与速效磷含量,这与张建伟等的研究结果^[15]相同,原因在于油菜生长期,根系分泌物可促进土壤中难溶性磷的溶解与转化,同时刺激土壤微生物活性,从而改善土壤中磷的有效性^[16]。尽管各处理的全氮含量差异不显著,但间作苜蓿处理的硝态氮、铵态氮含量较对照显著提高,这是由于根瘤菌能与豆科植物形成共生关系,将大气中的氮气转化为植物可直接利用的氨态氮^[17]。间作油菜处理的硝态氮含量较对照有所降



* 表示在 0.05 水平上存在显著相关

图3 土壤细菌群落 α 多样性指数、主要菌门和菌属与土壤化学特性的相关性热图

低,可能是油菜释放的硫苷抑制了硝化菌活性;吴玉森的研究也表明,自然生草处理的土壤硝态氮含量显著低于清耕处理,间作植物生长前期长势旺盛,会消耗土壤养分,与果树发生养分竞争而消耗氮肥^[18]。

土壤酶在土壤养分循环、微生物群落调控等方面发挥关键作用,是土壤生态系统生物化学过程的催化剂^[19]。其中,土壤脲酶可将尿素转化为植物可利用的氮源^[20];碱性磷酸酶能够参与磷代谢,促进土壤中有机磷分解和无机磷转化,从而提高土壤磷的有效性^[21]。本研究中,与对照相比,核桃园间作油菜处理显著提高了土壤脲酶与磷酸酶活性,这与李红燕等的研究结果^[22]相同。其原因是油菜在生长过程中为土壤提供大量易降解的有机物质,这些物质可被土壤微生物快速分解利用,从而增加土壤酶的产生^[23]。土壤蔗糖酶能水解蔗糖分子,将其分解为葡萄糖和果糖,这些单糖可被土壤中的微生物利用,作为碳源参与土壤中的碳循环过程,是反映土壤肥力的重要指标^[24]。核桃园间作苜蓿处理显著提高了土壤蔗糖酶活性,极大程度改善了核桃园土壤肥力状况。

土壤微生物在促进土壤养分的循环和供应、提升土壤质量、维持土壤生态系统功能等方面都有极其重要的意义^[25]。本研究采用高通量测序技术分析土壤细菌群落的丰富度与多样性,结果显示,OTU 数量可直观反映物种的数量^[26],各处理的 OTU 数量较清耕均有所增加,表明不同生草处理可通过增加土壤有机质含量、改善土壤结构,为土壤微生物

提供更多生存空间与营养物质,从而增加核桃园土壤微生物数量^[27]。本研究表明,除间作王不留行处理外,其他各处理的 Shannon 指数、Simpson 指数较清耕处理均有所提高。傅海平等的研究表明,茶园种植绿肥会降低微生物群落的多样性,且不同绿肥种类的影响存在差异^[28],这可能与土壤性质、作物类型、施肥措施等多种因素相关。谭华等的研究表明,不同生草措施不仅能显著提升细菌群落的多样性,还能改变细菌群落组成^[29]。本研究中,各土壤管理制度下土壤细菌优势菌群组成相似,主要包括酸杆菌门、变形菌门、放线菌门等,这与季琳琳等的研究结果^[30]一致。本研究还发现,间作绿肥可显著提高酸杆菌门、放线菌门等有益菌门的相对丰度。土壤中的酸杆菌门参与有机物分解、养分循环等过程;放线菌门具有改善土壤结构、抑制病原菌、分解有机物等功能;变形菌门在促进植物生长、改善土壤生态环境方面发挥重要作用,三者均具有广泛的生态功能^[31-34]。相关性分析结果表明,酸杆菌门的相对丰度与土壤全磷、硝态氮含量呈显著正相关。综上,核桃园自然生草及间作油菜、王不留行、苜蓿处理可通过改善土壤理化性质,提高细菌群落的丰富度与有益菌群的相对丰度,改善核桃园土壤细菌群落结构,促进土壤养分循环。

4 结论

与清耕相比,核桃园行间自然生草及间作油菜、苜蓿、王不留行处理均有利于改善土壤理化性

质,增加细菌群落的丰富度与多样性,改变土壤细菌组成。合适的土壤管理制度对改善核桃园土壤质量与微生态环境具有重要作用,其中间作油菜处理在提高土壤养分含量与酶活性方面的效果较佳;间作苜蓿处理能有效提高土壤细菌丰富度。总体来看,在该地区核桃园种植油菜或苜蓿具有明显的优势。

参考文献:

- [1] 颜晓捷,黄坚钦,邱智敏,等. 生草栽培对杨梅果园土壤理化性质和果实品质的影响[J]. 浙江农林大学学报,2011,28(6):850-854.
- [2] Zhang G L, Chu X B, Zhu H Y, et al. The response of soil nutrients and microbial community structures in long-term tea plantations and diverse agroforestry intercropping systems[J]. Sustainability, 2021, 13(14):7799.
- [3] 付学琴,杨星鹏,陈登云,等. 南丰蜜橘果园生草栽培对土壤团聚体和有机碳特征及果实品质的影响[J]. 园艺学报,2020,47(10):1905-1916.
- [4] 程 滨,赵瑞芬,滑小赞,等. 行间生草对核桃园土壤养分、有机碳组分及酶活性影响[J]. 中国土壤与肥料,2021(6):57-64.
- [5] Wu J S, Lin H P, Meng C F, et al. Effects of intercropping grasses on soil organic carbon and microbial community functional diversity under Chinese hickory (*Carya cathayensis* Sarg.) stands[J]. Soil Research, 2014, 52(6):575.
- [6] Wang Z H, Liu R, Fu L, et al. Effects of orchard grass on soil fertility and nutritional status of fruit trees in Korla fragrant pear orchard[J]. Horticulturae, 2023, 9(8):903.
- [7] 孙 蕾,梁秋艳. 新疆红仁核桃营养成分测定及营养价值评价[J]. 食品工业,2023,44(7):343-346.
- [8] 孙 颖. 宁国山核桃增产措施[J]. 安徽林业,2009,35(1):49.
- [9] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2000.
- [10] Ghose T K. Measurement of cellulase activities[J]. Pure and Applied Chemistry, 1987, 59(2):257-268.
- [11] 李 琦,裴怀弟,马忠明,等. 钾肥与有机肥配施对食用百合根际土壤酶活性、养分含量及鳞茎产量的影响[J]. 中国土壤与肥料,2020(1):91-99.
- [12] 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.
- [13] Chen G, Liu S B, Xiang Y Z, et al. Impact of living mulch on soil C:N:P stoichiometry in orchards across China: a meta-analysis examining climatic, edaphic, and biotic dependency[J]. Pedosphere, 2020, 30(2):181-189.
- [14] Vicente-Vicente J L, Gómez-Muñoz B, Hinojosa-Centeno M B, et al. Carbon saturation and assessment of soil organic carbon fractions in Mediterranean rainfed olive orchards under plant cover management[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2017, 245:135-146.
- [15] 张建伟,石孝均,徐文静,等. 果园绿肥对土壤磷组分及磷素有效性的影响[J]. 水土保持学报,2021,35(6):336-342.
- [16] 李 纯. 春油菜作绿肥的研究[J]. 作物研究,1989,3(1):21-22.
- [17] Dong W T, Zhu Y Y, Chang H Z, et al. An SHR-SCR module specifies legume cortical cell fate to enable nodulation[J]. Nature, 2021, 589:586-590.
- [18] 吴玉森. 自然生草对黄河三角洲梨园土壤理化特性及果实品质的影响[D]. 泰安:山东农业大学,2013:1-46.
- [19] 李 欣,陈小华,顾海蓉,等. 典型农田土壤酶活性分布特征及影响因素分析[J]. 生态环境学报,2021,30(8):1634-1641.
- [20] Cordero I, Snell H, Bardgett R D. High throughput method for measuring urease activity in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, 134:72-77.
- [21] Paz-Ares J, Puga M I, Rojas-Triana M, et al. Plant adaptation to low phosphorus availability: core signaling, crosstalks, and applied implications[J]. Molecular Plant, 2022, 15(1):104-124.
- [22] 李红燕,胡铁成,曹群虎,等. 旱地不同绿肥品种和种植方式提高土壤肥力的效果[J]. 植物营养与肥料学报,2016,22(5):1310-1318.
- [23] Asghar W, Kataoka R. Green manure incorporation accelerates enzyme activity, plant growth, and changes in the fungal community of soil[J]. Archives of Microbiology, 2021, 204(1):7.
- [24] 刘会芳,韩宏伟,王 强,等. 不同蔬菜与番茄轮作对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响[J]. 微生物学报,2021,61(1):167-182.
- [25] Hofman J, Švihálek J, Holoubek I. Evaluation of functional diversity of soil microbial communities - a case study[J]. Plant, Soil and Environment, 2004, 50(4):141-148.
- [26] 黄志强,邱景璇,李 杰,等. 基于16S rRNA基因测序分析微生物群落多样性[J]. 微生物学报,2021,61(5):1044-1063.
- [27] 魏倩倩,寇建村,李尚玮,等. 苹果园覆盖白三叶对土壤微生物和营养特性的影响[J]. 草地学报,2016,24(3):544-552.
- [28] 傅海平,周品谦,王沅江,等. 绿肥间作对茶树根际土壤真菌群落的影响[J]. 茶叶通讯,2020,47(3):406-415.
- [29] 谭 华,靳旭妹,蔡明明,等. 生草对关中地区有机猕猴桃园土壤理化性质及细菌群落的影响[J]. 草地学报,2024,32(3):667-676.
- [30] 季琳琳,陈素传,吴志辉,等. 生草对山核桃林地土壤微生物群落结构和多样性的影响[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版),2024,45(1):41-49.
- [31] 王光华,刘俊杰,于镇华,等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. 生物技术通报,2016,32(2):14-20.
- [32] 秦培钢,冯华玺,魏圆圆,等. 新疆达坂城盐湖土壤中可培养放线菌多样性及其活性筛选[J]. 微生物学通报,2024,51(7):2353-2367.
- [33] Li W H, Liu Q Z, Chen P. Effect of long-term continuous cropping of strawberry on soil bacterial community structure and diversity[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2018, 17(11):2570-2582.
- [34] 崔熙雯,林小锐,李家兵,等. 抗逆放线菌的多样性、功能特性及其在环境修复中的应用[J]. 微生物学报,2023,63(5):1930-1943.