

侯孟昕,莫正海,左继林,等. 薄壳山核桃间作不同作物对土壤养分、酶活性及微生物多样性的影响[J]. 江苏农业科学,2026,54(13):276-283.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2026.13.034

薄壳山核桃间作不同作物对土壤养分、酶活性及微生物多样性的影响

侯孟昕¹,莫正海¹,左继林²,胡龙娇¹,王国明¹,宣继萍¹,翟敏¹

(1. 江苏省中国科学院植物研究所,江苏南京 210014; 2. 江西省林业科学院,江西南昌 330013)

摘要:分析薄壳山核桃果园间种对土壤环境的影响,以期生产提供指导。设置 3 种间种处理,分别为薄壳山核桃/红薯(*Ipomoea batatas*, IB)、薄壳山核桃/芝麻(*Sesamum indicum*, SI)及薄壳山核桃/玉米(*Zea mays*, ZM),以薄壳山核桃单作为对照,探究不同间作处理下土壤养分含量、酶活性及微生物多样性的变化规律。结果表明,3 种间作处理下土壤 pH 值均存在一定程度的降低,土壤有机质含量仅在 ZM 处理下无显著变化,其余间作处理均发生显著降低。总体而言,间种后并未引起土壤全氮、硝态氮含量的降低,但引起全磷、速效磷、全钾、速效钾含量降低。纤维素酶的活性在 3 种间作处理下均没有显著变化,过氧化氢酶活性在 ZM 处理中下降,其他处理没有变化,脲酶活性在 3 种处理下均下降,而酸性磷酸酶、蔗糖酶的活性在不同处理下既有上升也有下降。高通量测序共鉴定出 19 904 个细菌和 1 417 个真菌扩增子序列变异。总体上,门分类水平下的优势细菌和真菌相对丰度有所提高。 α 、 β 多样性分析表明,间作能在一定程度上增加微生物的种类并引起群落结构的变化。组间差异分析分别鉴定出 93、17 个相对丰度与对照有显著差异的细菌、真菌。薄壳山核桃林下间种红薯、芝麻、玉米会导致一定程度的营养损失,但整体上提高了土壤微生物的多样性,建议在间作这 3 种农作物时增施磷肥和钾肥。

关键词:薄壳山核桃;间作;高通量测序;土壤养分;微生物多样性

中图分类号:S344.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2026)13-0276-07

薄壳山核桃(*Carya illinoensis*),别称美国山核桃、长山核桃、碧根果,为胡桃科山核桃属植物,是北美洲的特有树种^[1]。我国大约在 1900 年引种该树种,至今已有 120 多年的种植历史^[2]。薄壳山核桃兼具油用、果用、材用、园林绿化价值,其果仁富含油脂(约为 70%),油脂中 90% 以上是对人体健康有利的不饱和脂肪酸。基于该特性,安徽、江苏、云南、江西等省份已将其作为重要的木本油料树种而进行规模化推广^[3]。尽管薄壳山核桃具有较高的经济价值,但是较长的投资回报周期是制约该产业发展的关键因素^[4-5]。间种不仅可以提高薄壳山核桃果园的土地利用率,还可以弥补种植前期收益率低的缺陷,对产业的健康发展具有重要意义。

间作是一种基于生态位互补的集约化种植模

式,通过时空维度配置 2 种或多种不同作物协同生长^[6],以达到充分利用资源的目的^[7]。薄壳山核桃果园间种模式包括林下套种药用植物(如铁皮石斛、续随子、金银花)、经济林木(如茶叶、油用牡丹)和农作物(如玉米、小麦、油菜)等^[8-11]。相关报道多侧重于栽培技术的介绍以及综合效益的分析,鲜少有关于间种对土壤环境影响的探讨。

薄壳山核桃林下间种农作物具有风险小、销路好、收益稳等优势,已成为当前主要的间种模式。本研究进行薄壳山核桃与 3 种农作物(红薯、芝麻、玉米)的间种试验,以纯林为对照,探索不同间种模式对土壤养分、酶活性以及微生物多样性的影响,以期薄壳山核桃间作提供科学指导。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于江苏省南京市六合区雄州镇山北村,本研究团队的试验果园地理位置 118°52'36.138 0"E、32°18'10.616 4"N。该地区为亚热带季风气候,年均气温 15.3℃,年均降水量 1 013 mm,无霜期 237 d。供试果园的主栽薄壳山核桃品种为波尼,种植株行距

收稿日期:2025-06-27

基金项目:江西省科技厅重点研发计划“揭榜挂帅”项目(编号:20223BBF61014)。

作者简介:侯孟昕(2001—),男,江苏沛县人,硕士研究生,主要研究方向为薄壳山核桃抗性基因。E-mail:houlmengxin@163.com。

通信作者:翟敏,硕士,高级实验师,主要从事薄壳山核桃培育相关工作。E-mail:zhaimin@jib.ac.cn。

为 8 m × 8 m, 2023 年间种时的树龄为 10 年, 土壤为壤土。

1.2 试验设计

试验共 4 种处理, 分别为薄壳山核桃单种 (CK)、薄壳山核桃/红薯 (IB)、薄壳山核桃/芝麻 (SI)、薄壳山核桃/玉米 (ZM), 套种的作物距离树体主干约 1 m。每个处理包含 3 个重复, 共 12 个小区, 每个试验小区面积为 50 m², 随机区组排列。于 2023、2024 年 5 月连续 2 年进行间种, 常规田间管理, 每个小区管理条件一致。2024 年 9 月采用“S”形取样法采集 0 ~ 20 cm 土层的样品, 每个小区采集 10 个土样, 将其混合为 1 个样品, 4 种处理共 12 个样品。样品用冰盒带回实验室, 随后过 50 目筛, 将其分为 2 份, 一份置于超低温冰箱中用于微生物多样性分析, 另一份风干后测定养分和酶活性指标。

1.3 土壤养分和酶活性测定

参照鲍士旦提到的方法进行土壤养分的测定, 其中 pH 值测定方法为玻璃电极法; 有机质含量量化方法为重铬酸钾容量法; 全氮含量测定方式为凯氏定氮法; 全磷、全钾、速效钾含量检测的方法为电感耦合等离子体发射光谱法; 硝态氮定量测定方法为双波长比色法; 速效磷含量测定方法为钼锑抗比色法^[12]。

采用关松荫提到的方法进行土壤酶活性的测定, 其中过氧化氢酶活性测定方法为高锰酸钾滴定法, 酸性磷酸酶测定方法为磷酸苯二钠比色法, 脲酶活性检测方法为苯酚钠 - 次氯酸钠比色法, 纤维素酶活性测定方式为羧甲基纤维素钠法, 蔗糖酶活性检测方法为 3, 5 - 二硝基水杨酸比色法^[13]。

1.4 土壤微生物多样性分析

采用 CTAB 法提取土壤总 DNA, 以此作为 PCR 模板扩增真菌的 ITS1 区域 (上游引物: 5' - CTTGGT CATTAGAGGAAGTAA - 3'; 下游引物: 5' - GCTGC GTTCTTCATCGATGC - 3') 以及细菌的 16S V3 - V4 区域 (上游引物: 5' - ACTCCTACGGGAGGCAGCA - 3'; 下游引物: 5' - GGACTACHVGGGTWTCTAAT - 3')。PCR 产物回收纯化后进行双末端高通量测序, 获得的原始测序数据使用 Trimmomatic v0.33^[14] 进行质控, 随后利用 Cutadapt v1.8.3 程序^[15] 去除引物序列, 并利用 Usearch v10 软件^[16] 对双端序列进行拼接和去除嵌合体, 最终得到高质量的序列用于后续分析。

使用 DADA2 程序^[17] 对序列进行聚类, 相似度

水平设置为 97%, 得到扩增子序列变异。得到的扩增子序列变异比对至细菌和真菌数据库, 获得物种注释信息。使用 Krona v2.6 软件^[18] 对物种丰度进行统计。使用 QIIME2 软件^[19] 对样品的 α 多样性指数, 包括 ACE 指数、Chao1 指数、Shannon 指数、Simpson 指数进行分析。 β 多样性指数, 包括主坐标分析、主成分分析、非度量多维标定分析, 采用 R 语言中的 vegan 包进行分析。采用方差分析的方法进行组间差异显著性分析, 获得的 P 值进行 Bonferroni 校正, 产生 q 值, 以 $q < 0.05$ 作为标准筛选组间具有差异的扩增子序列变异。

1.5 数据处理

采用 SPSS 25.0 软件进行方差分析, 多重比较方法基于邓肯氏检验。

2 结果与分析

2.1 不同间种处理的土壤理化性质

由表 1 可知, 3 种间种模式均会导致土壤 pH 值显著下降, 下降幅度在 9.99% ~ 15.64%。间种对土壤有机质含量的影响随着间作物种的不同而有所差异, 在 IB、SI 处理中含量均显著下降, 而 ZM 处理含量并未有显著性变化。与 CK 相比, 间作并未引起全氮、硝态氮含量的显著变化。全磷含量在 ZM、IB、SI 处理中均出现了显著下降, 分别降低 6.25%、9.38%、35.94%。速效磷含量在 IB、SI 处理中均显著下降, 而在 ZM 处理中为显著上升。间种模式下, 全钾含量变化并没有明显的规律, ZM 处理下含量显著降低, IB 处理下含量显著增加, SI 处理下含量无显著变化。但是, 间种模式下速效钾含量均显著下降。

2.2 不同间种处理的土壤酶活性变化

间种模式下土壤酶活性的分析结果如表 2 所示。总体而言, 除了纤维素酶活性之外, 间种可导致土壤酶活性的变化。过氧化氢酶活性在 ZM 处理中显著下降, 在 IB、SI 处理中无显著变化。酸性磷酸酶活性在 ZM、SI 处理中的活性均显著下降, 降幅分别为 7.42%、14.20%, 而在 IB 处理中的活性则显著升高, 增幅为 5.90%。3 种间种处理均导致脲酶活性下降, 下降幅度为 15.05% ~ 35.85%。蔗糖酶活性在 ZM、IB 处理中升高, 增幅分别为 5.83%、21.73%, 而在 SI 处理下则显著降低, 降幅为 11.85%。

2.3 不同间种处理下的微生物相对丰度

为了解不同间种处理下微生物的多样性, 对土

表 1 不同间作处理下土壤养分含量

处理	pH 值	有机质含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	硝态氮含量 (mg/kg)	全磷含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	全钾含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)
CK	7.61 ± 0.02a	16.21 ± 0.24a	1.08 ± 0.07a	11.85 ± 0.52a	0.64 ± 0.01a	19.19 ± 0.19b	18.49 ± 0.36b	97.03 ± 0.26a
IB	6.85 ± 0.03b	15.40 ± 0.36b	1.01 ± 0.04a	11.77 ± 0.83a	0.58 ± 0.02c	18.46 ± 0.27c	20.19 ± 0.28a	89.16 ± 1.55b
SI	6.81 ± 0.04b	11.34 ± 0.21c	1.00 ± 0.03a	11.55 ± 1.00a	0.41 ± 0.01d	8.51 ± 0.10d	18.62 ± 0.38b	55.19 ± 0.69d
ZM	6.42 ± 0.03c	16.33 ± 0.21a	1.01 ± 0.02a	10.88 ± 0.17a	0.60 ± 0.01b	23.63 ± 0.42a	17.55 ± 0.22c	63.44 ± 0.37c

注:表中数据为平均值 ± 标准差,同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)。表 2 同。

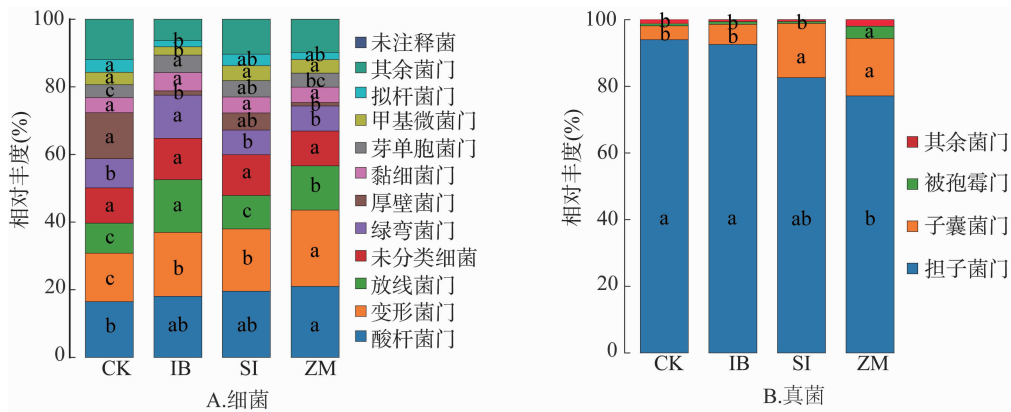
表 2 不同间作处理下土壤酶活性

处理	过氧化氢酶活性 [mmol/(g · d)]	酸性磷酸酶活性 [μmol/(g · d)]	脲酶活性 [μg/(g · d)]	纤维素酶活性 [μg/(g · d)]	蔗糖酶活性 [mg/(g · d)]
CK	49.63 ± 0.79a	12.39 ± 0.27b	384.32 ± 5.29a	152.42 ± 5.34a	6.86 ± 0.07c
IB	49.33 ± 0.21a	13.12 ± 0.08a	326.49 ± 4.08b	161.35 ± 9.62a	8.35 ± 0.12a
SI	48.42 ± 0.56ab	10.63 ± 0.33d	246.60 ± 3.45d	149.79 ± 2.64a	6.05 ± 0.26d
ZM	47.36 ± 0.92b	11.47 ± 0.39c	274.25 ± 4.25c	153.11 ± 7.07a	7.26 ± 0.08b

壤样品进行了高通量测序。16S 测序共鉴定到 19 904 个细菌 ASV,平均每个样本为 1 658.67 个。对不同菌在门水平上的相对丰度进行统计,结果如图 1 - A 所示。4 种处理下,细菌的优势种群均为酸杆菌门、变形菌门、放线菌门。整体而言,间种后会导致这 3 类优势菌的丰度增加。此外,研究结果还发现,存在以甲烷为碳源进行氧化代谢的一类细菌 Methyloirabilota,该类细菌在 IB 模式下的相对丰度

显著高于 CK。

ITS 测序共鉴定到 1 417 个真菌 ASV,平均每个样本为 118.08 个。不同真菌在门水平上的相对丰度统计结果如图 1 - B 所示,4 种处理下的优势真菌均为担子菌门、子囊菌门、被孢霉门,其中担子菌门相对丰度最高,占比均达 75% 以上。与 CK 相比,ZM 处理导致担子菌门的相对丰度降低,但提高了子囊菌门、被孢霉门的相对丰度。



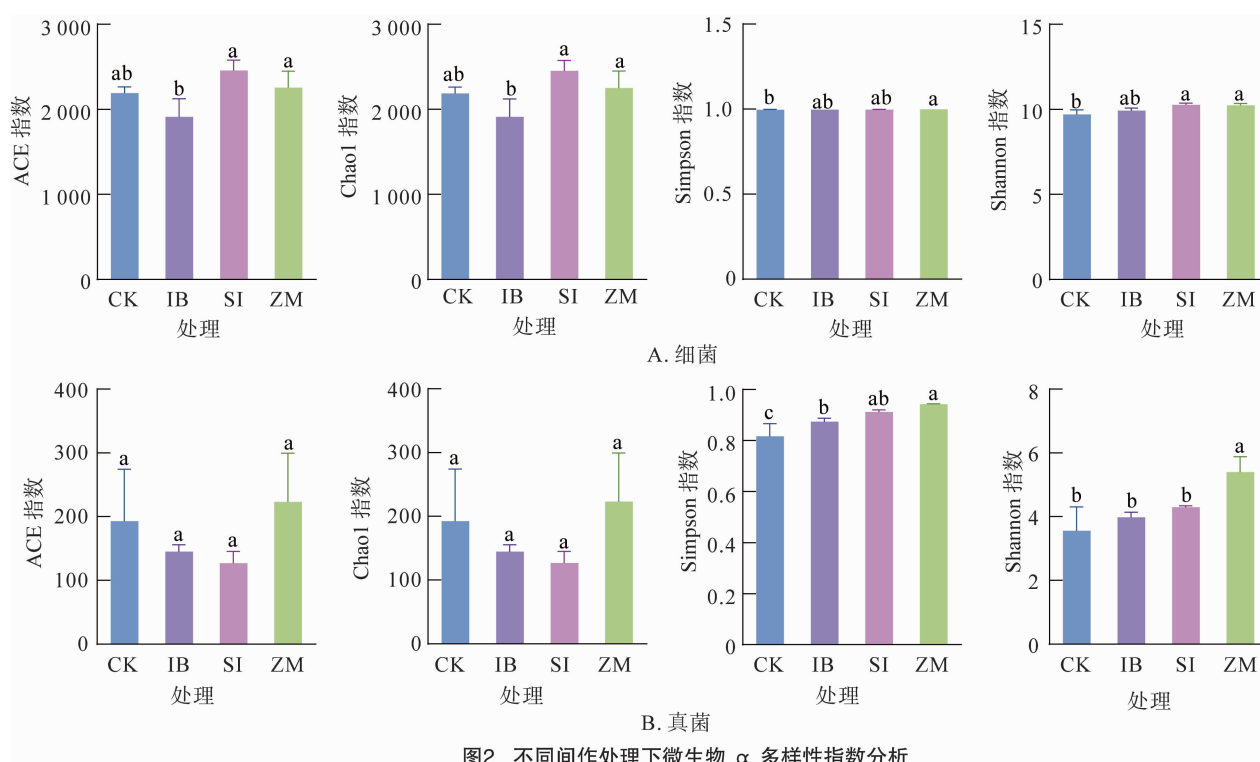
不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)。图 2 同

图 1 不同间作处理下微生物相对丰度分布

2.4 不同间种处理下的微生物多样性

对 4 种处理的 α 多样性指标包括 ACE、Chao1、Shannon、Simpson 进行分析,结果如图 2 所示。在 SI、ZM 处理中,细菌 α 多样性指标均为最高,IB 处理下的指标与 CK 差异不显著(图 2 - A)。真菌 Alpha 多样性的 ACE 指数、Chao1 指数在不同模式中的差异均不显著(图 2 - B)。3 种间种模式下真

菌的 Simpson 指数均高于对照(图 2 - B)。真菌 Shannon 指数在 ZM 处理下显著高于 CK,而在 IB、SI 处理下与 CK 无显著差异(图 2 - B)。综合而言,间种可在一定程度上提高土壤中细菌和真菌物种的多样性,而 IB 处理引起的微生物多样性的变化程度不如其他 2 种处理。

图2 不同间作处理下微生物 α 多样性指数分析

为揭示不同处理下微生物的群落结构,进行 β 多样性分析。图 3 - A 展示了细菌群落结构的相似程度,其中 PCoA、NMDS 分析结果均显示,组间样品的距离均大于组内,表明群落结构存在明显差异;PCA 结果显示,CK 样品与 IB 样品距离较近,但与 SI、ZM 样品距离均较远,表明薄壳山核桃林下间种红薯后土壤中细菌的构成变化较小。图 3 - B 为真菌 β 多样性的分析结果,其中 PCA、NMDS 分析均显示间种的样品与 CK 样品距离较远,而 PCoA 显示 CK 样品与 IB 样品距离较近,与其他 2 种模式的样品距离较远。整体而言,间种均引起了土壤中细菌和真菌群落结构的变化,相较于其他 2 种处理,IB 处理引起的微生物群落结构变化幅度较小。

2.5 不同处理组间显著差异的微生物

使用 ANOVA 方法检测属水平有显著差异的微生物,结果显示,组间丰度有显著差异的细菌、真菌分别有 93、17 个(图 4)。在 93 个差异的细菌中, *Ellin6067* 的相对丰度在间种处理下均高于 CK。17 个差异的真菌均属担子菌门和子囊菌门,其中 14 个真菌属担子菌门,包括丝盖伞属、红菇属、硬皮马勃属等。其余 3 个真菌属子囊菌门,包括块菌属、盘菌属、刺盾负属。在 17 个差异真菌中,红菇属相对丰度在 3 种间种处理下均高于 CK,而丝盖伞属、硬皮

马勃属、蜡蘑属、块菌属的相对丰度在特定处理下高于 CK,表现为丝盖伞属在 IB 处理下较高,硬皮马勃属在 SI、ZM 处理下较高,蜡蘑属在 ZM 处理下较高,块菌属在 SI 处理下较高。

3 讨论

间作作为一种能有效提升资源利用率的复合经营方式,有助于弥补林业生长周期长、效益慢的缺陷。本研究旨在研究薄壳山核桃林下 3 种不同农作物间种对土壤生态环境的影响。pH 值是土壤环境的重要指标,会导致微生物群落发生变化,影响微生物活力^[20]。本研究中薄壳山核桃间作红薯、玉米、芝麻处理下 pH 值均发生显著降低,与在薄壳山核桃 || 油茶间作、甘蔗 || 花生间作的报道研究结果^[21]相同。也有报道表明,间作引起土壤 pH 值升高^[22],因此间种对土壤 pH 值的影响因不同处理而异。此外,间种后并未引起全氮、硝态氮含量的降低,而土壤有机质、全磷、速效磷、全钾、速效钾含量总体表现出一定程度的降低,与核桃 || 玉米间作研究^[23]中类似,说明 3 种农作物会与薄壳山核桃竞争营养。

土壤酶活性能反映土壤生化反应的强弱,并与土壤肥力密切相关^[24]。过氧化氢酶能促进土壤有

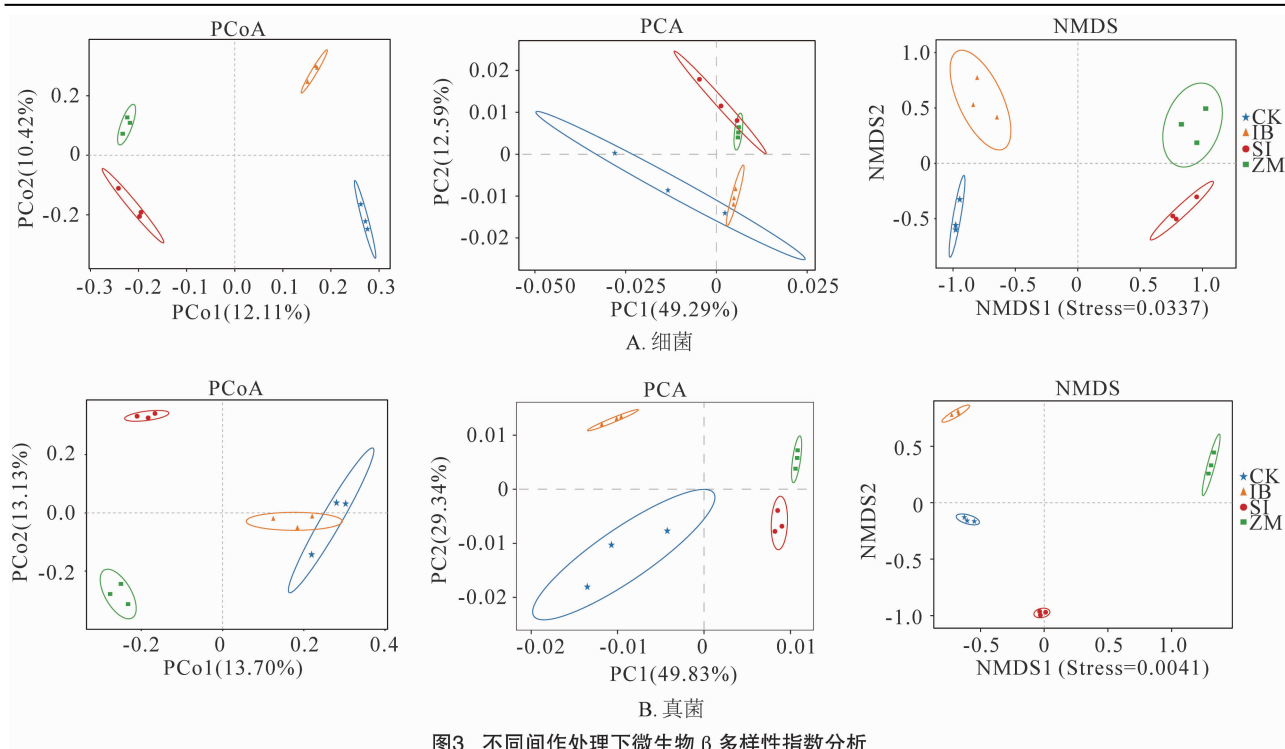
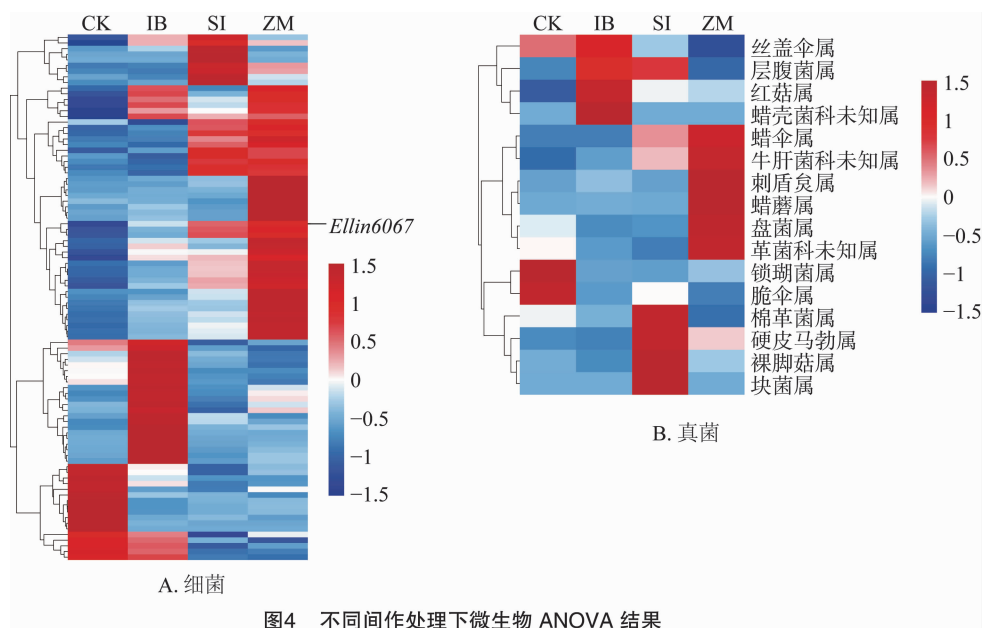
图3 不同间作处理下微生物 β 多样性指数分析

图4 不同间作处理下微生物 ANOVA 结果

机质分解与养分循环,可作为土壤重金属污染指示剂^[25];纤维素酶、蔗糖酶能分解纤维素生成葡萄糖,为土壤微生物提供碳源^[26-27];脲酶会促进尿素分解,导致氨气挥发,降低氮素利用率^[28];酸性磷酸酶能分解土壤中的有机磷酸,释放植物可利用的无机磷酸盐^[29]。许多研究表明,间作会使土壤酶活性上升,如大豆||玉米间作、杏||花生间作等^[30-31]。而本研究结果显示,纤维素酶活性在3种间作处理下

均未发生显著变化,过氧化氢酶活性仅在玉米间作处理下下降,脲酶活性在3种处理下均下降,而酸性磷酸酶、蔗糖酶活性在不同处理下既有上升也有下降,与番茄||豆科间作、紫苏||猕猴桃间作、桑树||苜蓿间作研究结果^[32-34]类似。

土壤微生物参与土壤物质循环及生化反应^[35],是土壤肥力的重要构成因子。在门分类水平上,本研究鉴定到的优势细菌为酸杆菌门、放线菌门、变

形菌门,优势真菌为担子菌门、被孢霉门、子囊菌门,这与鲍佳书等的报道^[36]一致。这些优势菌在改善土壤结构及养分方面具有重要的作用,如酸杆菌门能参与土壤生态系统的物质转换^[37];放线菌门对有机物分解和生物降解具有显著影响,具备复杂的次级代谢产物^[38];变形菌门展现出丰富的代谢多样性,参与多种有机物的碳氮循环^[39]。担子菌门、被孢霉门、子囊菌门通过参与有机质的矿化过程,促进土壤养分循环^[40-41]。还存在利用碳源进行氧化代谢的一类细菌 *Methyloirabiolota*,在 IB 处理下相对丰度显著增加,可能对 IB 处理下土壤养分存在一定程度的影响。本研究中,间作处理下的优势菌总体上呈增加的趋势,说明间种可以改善土壤微生态。

本研究 α 多样性分析结果表明,间种可在一定程度上提高土壤中细菌和真菌物种的多样性,与咖啡 || 夏威夷果间作、核桃 || 花生间作研究结果^[42-43]相似,且 SI、ZM 间作处理下总体展示出了更高的多样性,IB 间作处理下多样性较低。 β 多样性分析结果与多数研究报道^[44-46]相同的是,3 种间作处理均引起了土壤中微生物群落结构的变化。整体而言,IB 处理引起的微生物多样性和群落结构变化程度不如其他 2 种处理,这可能是由于红薯属于匍匐生长的作物,造就的土壤微生态环境不如茎秆类作物更利于微生物生长。有研究表明,间种能够引起一些促生菌相对丰度的增加^[47-48]。在本研究中,*Ellin6067* 在 3 种间种处理下的相对丰度均高于对照,该类细菌已被证实有利于花生、人参的生长^[49-50]。丝盖伞属在 IB 处理下的相对丰度高于对照,红菇属在 3 种间作处理下的相对丰度高于对照,硬皮马勃属在 SI、ZM 处理下的相对丰度高于对照,蜡蘑属在 ZM 处理下的相对丰度高于对照,块菌属在 SI 处理下的相对丰度高于对照,这些真菌有助于植物吸收养分,能够与植物形成互惠共生关系^[51-54]。本研究中,间作处理下的微生物多样性增加,微生物群落结构发生改变,且优势微生物能够促进植物生长发育,说明间作在一定程度上可能有助于富集部分有益微生物。

4 结论

薄壳山核桃与 3 种农作物间种后,土壤 pH 值均存在一定程度降低,土壤养分含量总体上有所下降,过氧化氢酶、纤维素酶活性总体未显著提高,脲酶活性均显著下降,而酸性磷酸酶、蔗糖酶的活性

在不同处理下既有上升也有下降。同时,间作处理下优势微生物多样性及其相对丰度总体升高,微生物种类及群落结构的发生改变,鉴定到相对丰度较对照有显著升高的微生物 *Ellin6067*、丝盖伞属、红菇属、硬皮马勃属、蜡蘑属、块菌属,说明间作可能有助于富集部分有益微生物。

综上,薄壳山核桃林下间作 3 种农作物增加了土壤养分的消耗,但整体上提高了微生物多样性,可通过人工施磷肥、钾肥的方式提高土壤肥力。

参考文献:

- [1]殷国兰,朱曼,陈宇,等.薄壳山核桃在川南地区的生长特性[J].四川林业科技,2021,42(6):102-105.
- [2]张日清,吕芳德,张勤,等.美国山核桃在我国扩大引种的可行性分析[J].经济林研究,2005,23(4):1-10.
- [3]张日清,吕芳德,何方.美国山核桃引种栽培区划研究 I 原生境与新生境自然条件比较[J].中南林学院学报,2001,21(2):1-5.
- [4]杜雅琦,赵荣,赵铁蕊.我国木本油料产业发展潜力与对策分析[J].林产工业,2023,60(1):64-68.
- [5]陈雷.阜阳薄壳山核桃产业化发展存在的问题及建议[J].山西果树,2019(3):28-29.
- [6]Vandermeer J H. The ecology of intercropping[M]. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1989:162-175.
- [7]Lithourgidis A, Dordas C, Damalas C A, et al. Annual intercrops: an alternative pathway for sustainable agriculture[J]. Australian Journal of Crop Science, 2011, 5:396-410.
- [8]王晶晶,唐非,高俊兰,等.江淮丘陵地区薄壳山核桃林农复合模式综合效益分析[J].安徽农业科学,2025,53(2):124-126.
- [9]Wang R Y, Liu C Y, Bie X S, et al. Pecan - medicinal crops intercropping improved soil fertility and promoted interactions between soil microorganisms and metabolites[J]. Chemical and Biological Technologies in Agriculture, 2024, 11(1):162.
- [10]马骧,朱灿灿.苏南丘陵地区薄壳山核桃幼林与白茶复合栽培技术[J].现代农业科技,2016(17):62-63.
- [11]翟敏,张楠,李晓储,等.薄壳山核桃林农间种幼龄效益[J].林业科技通讯,2022(3):77-80.
- [12]鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000:30-354.
- [13]关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986:274-339.
- [14]Bolger A M, Lohse M, Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data[J]. Bioinformatics, 2014, 30(15):2114-2120.
- [15]Martin M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads[J]. EMBnet Journal, 2011, 17(1):10.
- [16]Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10(10):

- 996 – 998.
- [17] Callahan B J, McMurdie P J, Rosen M J, et al. DADA2: high – resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. *Nature Methods*, 2016, 13(7): 581 – 583.
- [18] Ondov B D, Bergman N H, Phillippy A M. Interactive metagenomic visualization in a Web browser[J]. *BMC Bioinformatics*, 2011, 12(1): 385.
- [19] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, et al. QIIME allows analysis of high – throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5): 335 – 336.
- [20] Zhang X P, Gao G B, Wu Z Z, et al. Responses of soil nutrients and microbial communities to intercropping medicinal plants in moso bamboo plantations in subtropical China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2020, 27(2): 2301 – 2310.
- [21] 徐永杰, 吴强盛, 汪芳玲, 等. 油茶和薄壳山核桃间作对土壤养分和真菌多样性的影响[J]. *中南林业科技大学学报*, 2024, 44(1): 28 – 36.
- [22] 李华健, 邓国军, 罗媛媛, 等. 间作模式对红壤理化性质和大豆品质的影响[J]. *中国农学通报*, 2024, 40(26): 8 – 14.
- [23] 叶春秀, 苏康妮, 马雨荷, 等. 核桃 || 玉米间作对核桃果实品质及产量的影响[J]. *西北农业学报*, 2022, 31(10): 1365 – 1373.
- [24] 刘传和, 贺 涵, 邵雪花, 等. 不同覆盖处理对菠萝园土壤代谢物和细菌群落结构的影响[J]. *生物技术通报*, 2024, 40(7): 247 – 258.
- [25] Tang B, Xu H P, Song F M, et al. Effects of heavy metals on microorganisms and enzymes in soils of lead – zinc tailing ponds[J]. *Environmental Research*, 2022, 207: 112174.
- [26] Datta R. Enzymatic degradation of cellulose in soil: a review[J]. *Heliyon*, 2024, 10(1): e24022.
- [27] Yang Z, Yuan Y, Guo J J, et al. Responses of soil C, N, P and enzyme activities to biological soil crusts in China: a meta – analysis[J]. *Plants*, 2024, 13(11): 1525.
- [28] Cantarella H, Otto R, Soares J R, et al. Agronomic efficiency of NBPT as a urease inhibitor: a review[J]. *Journal of Advanced Research*, 2018, 13: 19 – 27.
- [29] Reichert T, Rammig A, Fuchslueger L, et al. Plant phosphorus – use and – acquisition strategies in Amazonia[J]. *New Phytologist*, 2022, 234(4): 1126 – 1143.
- [30] Schoebitz M, Castillo D, Jorquera M, et al. Responses of microbiological soil properties to intercropping at different planting densities in an acidic Andisol[J]. *Agronomy*, 2020, 10(6): 781.
- [31] 张向前, 黄国勤, 卞新民, 等. 施氮肥与隔根对间作大豆农艺性状和根际微生物数量及酶活性的影响[J]. *土壤学报*, 2012, 49(4): 731 – 739.
- [32] Gao N, Wen H, Shang Z W, et al. Macrogenomics reveal the effects of inter – cropping *Perilla* on kiwifruit: impact on inter – root soil microbiota and gene expression of carbon, nitrogen, and phosphorus cycles in kiwifruit[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1349305.
- [33] 张萌萌, 敖 红, 李 鑫, 等. 桑树 || 苜蓿间作对根际土壤酶活性和微生物群落多样性的影响[J]. *草地学报*, 2015, 23(2): 302 – 309.
- [34] 代会会, 胡雪峰, 曹明阳, 等. 豆科间作对番茄产量、土壤养分及酶活性的影响[J]. *土壤学报*, 2015, 52(4): 911 – 918.
- [35] Tu L H, Peng Y, Chen G, et al. Direct and indirect effects of nitrogen additions on fine root decomposition in a subtropical bamboo forest[J]. *Plant and Soil*, 2015, 389(1): 273 – 288.
- [36] 鲍佳书, 汤玉洁, 刘俊萍, 等. 不同品种薄壳山核桃林地土壤微生物多样性及群落组成[J]. *中南林业科技大学学报*, 2022, 42(9): 24 – 36.
- [37] 刘彩霞, 董玉红, 焦如珍. 森林土壤中酸杆菌门多样性研究进展[J]. *世界林业研究*, 2016, 29(6): 17 – 22.
- [38] Ventura M, Canchaya C, Tauch A, et al. Genomics of *Actinobacteria*: tracing the evolutionary history of an ancient phylum[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2007, 71(3): 495 – 548.
- [39] Panda A, Islam S T, Sharma G. Harmonizing prokaryotic nomenclature: fixing the fuss over phylum name flipping[J]. *mBio*, 2022, 13(3): e00970 – e00922.
- [40] Beinfurde C, Feldberg K, Nylander S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2014, 78: 386 – 398.
- [41] Elisashvili V, Kachlishvili E, Penninckx M. Effect of growth substrate, method of fermentation, and nitrogen source on lignocellulose – degrading enzymes production by white – rot basidiomycetes[J]. *Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology*, 2008, 35(11): 1531 – 1538.
- [42] 曾成城, 秦 芳, 苏利荣, 等. 核桃不同套种模式对土壤养分、微生物数量及酶活性的影响[J]. *西南农业学报*, 2021, 34(2): 258 – 263.
- [43] Perdoná M J, Soratto R P. Arabica coffee – macadamia intercropping: yield and profitability with mechanized coffee harvesting[J]. *Agronomy Journal*, 2020, 112(1): 429 – 440.
- [44] 郝海平, 白红彤, 夏 菲, 等. 茶 || 山苍子间作对茶园土壤微生物群落结构的影响[J]. *中国农业科学*, 2021, 54(18): 3959 – 3969.
- [45] Diakhaté S, Gueye M, Chevallier T, et al. Soil microbial functional capacity and diversity in a millet – shrub intercropping system of semi – arid Senegal[J]. *Journal of Arid Environments*, 2016, 129: 71 – 79.
- [46] Tian X L, Wang C B, Bao X G, et al. Crop diversity facilitates soil aggregation in relation to soil microbial community composition driven by intercropping[J]. *Plant and Soil*, 2019, 436(1/2): 173 – 192.
- [47] 常小箭, 张 星, 段志龙, 等. 鼠茅草间作对猕猴桃园土壤理化性质及微生物含量的影响[J]. *果树资源学报*, 2025, 6(2): 29 – 34.
- [48] Wang Q C, Peng X J, Yuan Y X, et al. The effect of *Torreya grandis* inter – cropping with *Polygonatum sibiricum* on soil microbial community[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1487619.
- [49] 常亚锋, 于文豪, 陈厚朴, 等. 种植年限对健康三七根际土壤微

戴 昕,何 颖,刘一健. 中国农业全产业链数字化发展:统计测度、地区差异与收敛分析[J]. 江苏农业科学,2026,54(13):283-292.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2026.13.035

中国农业全产业链数字化发展:统计测度、地区差异与收敛分析

戴 昕¹,何 颖¹,刘一健²

(1. 徐州工程学院金融学院,江苏徐州 221000; 2. 英国纽卡斯尔大学,英格兰纽卡斯尔 NE1 7RU UK)

摘要:科学评价农业全产业链数字化发展水平,探究其时空演变特征、地区差异及收敛特征,能够为推动乡村产业高质量发展与加速农业强国建设提供科学建议。基于 2012—2023 年中国 30 个省份(不包含香港特别行政区、澳门特别行政区、台湾省、西藏自治区)的平衡面板数据,统计测度中国农业全产业链数字化发展成果,并使用 Dagum 基尼系数法与收敛模型揭示其地区差异与收敛特征。结果表明,2012—2023 年我国农业全产业链数字化发展水平整体呈向好趋势,从 2012 年的 0.333 增长至 2023 年的 0.414;分地区来看,八大经济区农业全产业链数字化发展水平存在空间非均衡特征,北部沿海、东部沿海经济区处于领先地位,大西北、大西南经济区发展水平相对落后。考察期内,农业全产业链数字化发展总体差异呈下降态势,区域间差异是总体差异的主要来源,其差异贡献率均值达 73.28%。全国农业全产业链数字化发展存在显著绝对 β 收敛与条件 β 收敛特征,且条件 β 收敛速度(6.327%)明显快于绝对 β 收敛速度(6.082%),这与农村金融发展水平、农业技术进步、农业产业集聚、农村人力资本、财政支农水平存在关联性。八大经济区农业全产业链数字化发展均存在绝对 β 收敛与条件 β 收敛特征,呈现“大西南>大西北>东北>黄河中游>长江中游>南部沿海>北部沿海>东部沿海”的递减格局。综上,建议以全链式改造为牵引,推进农业全产业链数字化转型;因地制宜、差异化制定农业全产业链数字化发展规划;多措并举加快农业全产业链数字化发展收敛。

关键词:农业全产业链数字化;统计测度;地区差异;收敛特征; β 收敛速度

中图分类号:F323.3 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2026)13-0283-10

2025 年 4 月中共中央、国务院印发的《加快建设农业强国规划(2024—2035 年)》,明确强调要“全链条推进农业产业体系升级”,并提出“促进数字技术与现代农业全面融合”“培育链条完整、协同联动的智慧农业集群”,引导农业全产业链数字化发展。农业全产业链数字化指农业主体通过现代

信息技术对农业生产、加工、流通、销售等环节进行全面升级和改造的过程^[1],覆盖种苗、种植、加工、仓储、物流、销售等全链条环节,是推进乡村振兴、加快建设农业强国的关键路径。随着数据要素、数字技术等现代生产要素在农业产业领域的深度嵌入,农业全产业链发展范式由传统生产要素的“技术-经济”二元结构转向以新动能为核心的“科技-要素-产业”范式,促使农业全产业链数字化展现出巨大潜力和广阔前景^[2]。进入数字经济时代,超前布局农业全产业链数字化发展的重点方向,深刻把握其发展的重要着力点,关乎数字乡村

收稿日期:2025-03-12

基金项目:国家社会科学基金(编号:22BTJ043);江苏省哲学社会科学基金(编号:23EYD006);国家统计局基金项目(编号:2023LY020)。

作者简介:戴 昕(1978—),女,江苏徐州人,硕士,副教授,主要从事农村产业融合及会计应用研究。E-mail:sdhsfj562@163.com。

生物活性和功能的影响[J]. 土壤,2023,55(1):132-139.

[50]于天一,杨吉顺,吴正锋,等. 不同类型地膜对花生生长及根际细菌群落影响的比较分析[J]. 中国农业科学,2023,56(24):4842-4853.

[51]Husbands D R, Henkel T W, Bonito G, et al. New species of *Xerocomus* (Boletales) from the Guiana Shield, with notes on their mycorrhizal status and fruiting occurrence[J]. Mycologia, 2013, 105(2):422-435.

[52]Eduardo P P, Margarita V R, Roberto G O, et al. Two new species of

Clavulina and the first record of *Clavulina reae* from temperate *Abies religiosa* forests in central Mexico[J]. Mycological Progress, 2019, 18(9):1187-1200.

[53]曾维军,王 晶,杨彝华,等. 印度块菌成熟期菌塘土壤营养与微生物多样性变化的研究[J]. 西部林业科学,2022,51(4):26-33.

[54]周晓莹,梁 玉,李红丽,等. 双色蜡蘑对黑松幼苗生长量及其根系形态的影响[J]. 西北植物学报,2018,38(6):1153-1159.