

DOI:10.11686/cyxb2021177

http://cyxb.magtech.com.cn

程分生, 尤龙辉, 余锦林, 等. 冷季型绿肥对锥栗园土壤生化性质及微生物群落的影响. 草业学报, 2021, 30(11): 62—75.

CHENG Fen-sheng, YOU Long-hui, YU Jin-lin, *et al.* Effects of cold-season green manure on soil biochemical properties and the microbial community in a *Castanea henryi* orchard, China. Acta Prataculturae Sinica, 2021, 30(11): 62—75.

## 冷季型绿肥对锥栗园土壤生化性质 及微生物群落的影响

程分生<sup>1,3</sup>, 尤龙辉<sup>2,3\*</sup>, 余锦林<sup>1,3</sup>, 徐惠昌<sup>1,3</sup>, 游惠明<sup>3</sup>, 聂森<sup>3</sup>, 李建民<sup>3</sup>, 叶功富<sup>3</sup>

(1. 福建农林大学林学院, 福建 福州 350002; 2. 福州市林业局自然保护地规划发展中心, 福建 福州 350007; 3. 福建省林业科学研究院, 福建 福州 350012)

**摘要:**为评价锥栗园生草法相比传统清耕法和施用化学除草剂法, 果园土壤质量的绿肥恢复效益, 本研究以福建典型的红壤丘陵山区锥栗园为研究对象, 采用随机区组设计, 将供试样地均分为面积 0.3~0.5 hm<sup>2</sup> 的若干试验小区, 全园清除自然杂草后, 设置撒播鼠茅草(Mode<sub>1</sub>)、黑麦草(Mode<sub>2</sub>)、光叶紫花苕(Mode<sub>3</sub>) 3 种生草处理, 并以施用草甘膦(CK<sub>1</sub>)和清耕(CK<sub>2</sub>)处理为对照, 每种处理 3 个重复, 2 年后, 分析 3 种冷季型绿肥、清耕及施用草甘膦对锥栗园土壤理化性质、酶活性、微生物群落等指标的影响。结果表明: 1) 相较于清耕处理和喷施草甘膦处理, 3 种生草处理土壤碱解氮、有效磷、速效钾含量有明显提升, 其中鼠茅草处理最高, 分别为 74.14、156.87 和 234.76 mg·kg<sup>-1</sup>; 黑麦草处理土壤孔隙度最高, 为 56.03%; 鼠茅草和黑麦草处理土壤蔗糖酶活性提升明显, 分别为 32.29 和 26.87 U·g<sup>-1</sup>。2) 5 种处理土壤共有优势细菌类群主要为放线菌门、变形菌门、绿弯菌门和酸杆菌门, 相对丰度分别为 24.9%~28.9%、20.9%~28.8%、13.7%~18.6% 和 10.8%~12.9%, 共有优势真菌类群主要为子囊菌门和担子菌门, 相对丰度分别为 37.4%~73.7% 和 15.3%~54.4%。3) 相较于清耕处理, 3 种生草处理细菌群落 Chao1 指数和 Shannon 指数均有所提升, 真菌群落有所下降。4) 相较于清耕处理和喷施草甘膦处理, 3 种生草处理土壤变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门细菌相对丰度均有所下降, 绿弯菌门和浮霉菌门细菌则有所增加, 生草促使锥栗园土壤细菌群落由快速生长型向缓慢生长型转变。5) 5 种处理细菌群落和真菌群落非计量多维尺度转换排序(NMDS)表明, 土壤真菌群落分异程度高于细菌群落。6) 相关分析(CA)和冗余分析(RDA)表明, 生草处理通过改变土壤蔗糖酶、过氧化氢酶活性和碱解氮含量, 喷施草甘膦处理通过改变土壤碳氮比, 清耕处理通过限制土壤自然含水率改变真菌相关优势类群。综上, 锥栗园短期人工生草对土壤理化性质和酶活性有一定程度的改善作用, 生草处理与清耕处理和喷施草甘膦处理均会形成特异土壤真菌群落。

**关键词:** 锥栗园; 生草法; 清耕法; 草甘膦; 微生物群落; 土壤理化性质; 土壤酶活性

## Effects of cold-season green manure on soil biochemical properties and the microbial community in a *Castanea henryi* orchard, China

CHENG Fen-sheng<sup>1,3</sup>, YOU Long-hui<sup>2,3\*</sup>, YU Jin-lin<sup>1,3</sup>, XU Hui-chang<sup>1,3</sup>, YOU Hui-ming<sup>3</sup>, NIE Sen<sup>3</sup>, LI Jian-min<sup>3</sup>, YE Gong-fu<sup>3</sup>

1. Forestry College, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2. Planning and Development Center of Nature Reserves, Fuzhou 350007, China; 3. Fujian Academy of Forestry Sciences, Fuzhou 350012, China

收稿日期: 2021-05-07; 改回日期: 2021-06-16

基金项目: 福建省林业科研项目(闽林科便函[2019]16号), 中央财政林业科技推广示范项目(闽[2018]TG11号)和福建省科技特派员专项经费资助。

作者简介: 程分生(1996-), 男, 江西上饶人, 在读硕士。E-mail: 15770843331@163.com

\* 通信作者 Corresponding author. E-mail: m378384996@126.com

**Abstract:** This research evaluated the benefits of green manure for soil quality recovery, compared with traditional clear tillage and chemical herbicide application methods, in a *Castanea henryi* orchard in the typical red soil hill region of Fujian. A randomized block design was adopted, with each block having an area of 0.3—0.5 ha. The experiment site was cleared of natural weeds, then two grass species (*Vulpia myuros*, Mode<sub>1</sub>; *Lolium perenne*, Mode<sub>2</sub>) and a legume species (*Vicia villosa*, Mode<sub>3</sub>) were trialed as green manure crops, and compared with glyphosate (CK<sub>1</sub>) and clear tillage treatments (CK<sub>2</sub>), with three replicates of each. After 2 years, the physical and chemical properties of soils in the three green mature and the two CK treatments in the *C. henryi* orchard were analyzed. It was found that: 1) Compared with the clear tillage and glyphosate spraying treatments, the contents of alkali-hydrolyzable nitrogen, available phosphorus and available potassium in soils of Mode<sub>1</sub>, Mode<sub>2</sub> and Mode<sub>3</sub> green manure crops were significantly increased, and the Mode<sub>1</sub> observe values was the highest, which were 74.14, 156.87 and 234.76 mg·kg<sup>-1</sup>, respectively. The soil porosity of the Mode<sub>2</sub> treatment was the highest, at 56.03%. The sucrase activities in soil of the Mode<sub>1</sub> and Mode<sub>2</sub> were significantly increased, with values of 32.29 and 26.87 U·g<sup>-1</sup>, respectively. 2) The dominant bacterial groups shared by soils of all five treatments were Actinobacteria, Proteobacteria, Chloroflexi and Acidobacteria, with relative abundances of 24.9%—28.9%, 20.9%—28.8%, 13.7%—18.6% and 10.8%—12.9%, respectively. The dominant fungal groups shared by the five treated soils were mainly Ascomycetes and Basidiomycetes. 3) Compared with the clear tillage treatment, the Chao1 index and Shannon index of the bacterial community in the three green mature treatments were increased, while the fungal presence was decreased. 4) Compared with clear tillage and glyphosate spraying, the relative abundance of Proteobacteria, Bacteroides and Presence of Firmicutes in the soil of the three green manure treatments was decreased, while presence of bacteria of the phyla Chloroflexi and Planctomycetes was increased. The green manure crops promoted the transformation of the soil bacterial community from fast growth to slow growth. 5) Non-metric multidimensional scaling analysis of bacterial and fungal communities in the five treatments showed that the degree of differentiation of the soil fungal community was higher than that of the bacterial community. 6) Correlation analysis and redundancy analysis showed that the green manure crops increased soil invertase and catalase activities and alkali-hydrolyzable nitrogen content; the glyphosate treatment increased soil carbon:nitrogen ratio, and the clear tillage treatment changed fungi-related dominant groups by reducing soil water content. In summary, short-term green manure plantings in *C. henryi* orchards improved soil physical and chemical properties and enzyme activities to various degrees. Green manure, clear tillage and glyphosate treatments each resulted in a unique soil fungal community.

**Key words:** *Castanea henryi* orchard; artificial sod culture; clean tillage; glyphosate; microbial community; soil physicochemical properties; soil enzyme activity.

壳斗科(Fagaceae)栗属(*Castanea*)中的锥栗(*Castanea henryi*)在我国分布广泛,其果实香甜,并以高维生素和高热量等营养价值优点,成为重要的木本粮食树种之一<sup>[1]</sup>,在丘陵山地欠发达地区,还是地方重要的财政收入和农民增收的重要经济来源<sup>[2]</sup>。长期以来,我国锥栗园的地面管理模式以高强度集约经营如清除林下灌草、翻耕、施用化肥和除草剂等为主<sup>[1-2]</sup>。高强度经营会导致林地生物多样性降低、水土流失、土壤质量下降等一系列问题<sup>[3]</sup>,使树体生长势衰退,锥栗产量和品质下降,严重制约着锥栗产业的可持续和高质量发展。

果园生草法源于欧美与日本,采用全园或带状人工覆植绿肥,或是除去园内部分不适宜的自然生长的杂草种类,逐渐达到免耕目的的新型低强度果园地面经营方式<sup>[4]</sup>。大量研究表明,果园绿肥可以改善土壤理化性质<sup>[5]</sup>,提高土壤有机质和养分含量<sup>[6]</sup>,调节果园微域环境和小气候,提升果实的产量和品质<sup>[7]</sup>。目前,已有少数研究者开展了锥栗园的生草栽培试验,探讨了生草对锥栗园坡面水土流失<sup>[8]</sup>、土壤理化性质及锥栗产量和品质的影响<sup>[9]</sup>,但有

关绿肥对土壤微生物群落的影响及其土壤恢复机制仍未深入研究。

土壤理化性质及养分含量动态可用来反映经营干扰对土壤质量演化规律的影响,但土壤长期大量施用化肥和除草剂会削弱这类指标的敏感度<sup>[10]</sup>,因而一些具有指示预警作用的生物指标逐渐被重视和应用。土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分之一,几乎所有的土壤生物化学过程都直接或间接与土壤微生物有关,被认为是表征土壤质量变化最敏感、最有潜力的生物指标之一<sup>[11]</sup>。有研究指出,森林土壤高强度集约经营会降低土壤微生物多样性<sup>[12]</sup>。生草栽培是否有利于提升锥栗园土壤微生物多样性,不同生草对土壤微生物群落结构和功能的影响是否有差异,这种差异与土壤质量有什么内在关联等问题尚未见报道。鉴于此,本试验利用高通量测序技术,分析红壤丘陵山地锥栗园分别种植鼠茅草(*Vulpia myuros*)、黑麦草(*Lolium perenne*)和光叶紫花苕(*Vicia villosa*)等冷季型绿肥后林地土壤微生物群落组成和多样性的差异,并以传统清耕和喷施草甘膦等经营模式为对照,探讨锥栗园土壤质量绿肥恢复机制,以期为锥栗果园生草制度的科学制定和高品质生态锥栗产业的可持续发展提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

研究区位于武夷山脉东南麓福建省建瓯市龙村乡(27°12.24′—27°20.03′ N, 118°23.44′—118°38.25′ E),属低山丘陵区,海拔670~750 m,平均坡度20~23°,年均气温18.7℃,年降水量1670 mm,年均蒸发量1250~1530 mm,无霜期274~291 d,昼夜温差较大,光照充足,雨量充沛,属亚热带季风气候。土壤类型以红壤为主,土壤平均厚度在1 m。当地锥栗栽植的品种以白露仔、长芒仔、油榛和圆蒂仔等为主,林下自然散生草本植物主要有杠板归(*Polygonum perfoliatum*)、悬钩子(*Rubus corchorifolius*)、狗尾草(*Setaria viridis*)、积雪草(*Centella asiatica*)、铁芒萁(*Dicranopteris linearis*)、芒草(*Miscanthus*)、星宿菜(*Lysimachia fortunei*)等。

### 1.2 样地设置与研究方法

2018年,在龙村乡锥栗生产示范区选取集中连片、面积较大、立地条件基本一致的样地(地理位置为27°13′55″ N, 118°32′5″ E,园区总面积>10.0 hm<sup>2</sup>),将其划分成若干面积大小为0.3~0.5 hm<sup>2</sup>的试验小区,进行生草栽培管理,每个小区随机选取一种绿肥草种,栽培方式具体为:撒播草种前,整平整细地面,树干基部周围(半径约30 cm)采用行间旋耕土起垄后不覆草。采用撒播方式进行全园播种,首次在冬末10—12月,翌年早春3—5月续播,每个小区播种量均为30 kg·hm<sup>-2</sup>,并覆盖薄膜;苗长至5 cm左右及时撤掉薄膜,每年追肥2次,早春及早秋,采用复合肥(NPK配比N—P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>—K<sub>2</sub>O=15:15:15)追肥,追肥量120 kg·hm<sup>-2</sup>,并采取人工除杂草、刈割、压青、防治病虫害等抚育措施。另外选取两块试验小区作为对照组,一组采用清耕法进行管理,每年4和6月各人工锄草一次;另一组则每年4和6月,用10%草甘膦水剂1.5 kg,均匀兑水30 kg,向杂草茎叶处喷雾除草。为了保证可比性,对照组的水肥管理与生草栽培处理保持一致。供试样地林分基本情况见表1。

2020年10月,对各生草栽培模式和对照组,分别设置3个垂直投影为20 m×20 m的调查样地,样地间隔20 m以上,共计15个样地,总面积6000 m<sup>2</sup>。在各样地选取3株砧木为毛榛(*Corylus mandshurica*),接穗为白露仔且树体生长健康、树高和胸径基本一致的锥栗,距树干基部1 m处,区分东、西、南、北4个方向,清除表层凋落物,手持土钻采集4个方向表层(0~10 cm)土壤,放入自封袋混合均匀后采用四分法得到土壤鲜样,去除根系、石砾等杂质后等分成2份,一份土壤鲜样用干冰保存,用于土壤微生物群落高通量分析,另一份土壤放入自封袋,风干后研磨过2.000和0.147 mm筛备用,测定其土壤养分含量和酶活性。钻取土壤的同时,利用环刀取邻近钻点的土壤,用于测定土壤容重、孔隙度和自然含水率。

### 1.3 土壤理化性质和酶活性测定

土壤容重、孔隙率、含水率采用环刀法测定,pH值采用电位法测定(水:土=2.5:1.0),土壤全碳、氮采用元素分析仪(Vario EL III, Elementar Analysensysteme GmbH, Hanau, Germany)测定,碱解氮采用碱解扩散法测定,采用碳酸氢钠浸提—钼锑抗分光光度法测定土壤有效磷含量,醋酸铵—火焰光度计法测定土壤速效钾含量,土壤酶活性参照杨露等<sup>[6]</sup>和井赵斌等<sup>[13]</sup>的方法:脲酶活性测定采用苯酚钠比色法,酸性磷酸酶活性测定采用磷酸苯二

钠比色法,过氧化氢酶活性测定采用高锰酸钾滴定法,用 3, 5-二硝基水杨酸比色法测定蔗糖酶和纤维素酶活性,采用邻苯三酚比色法测定多酚氧化酶活性, $\alpha$ -葡萄糖苷酶采用 S- $\alpha$ -GC 法测定、 $\beta$ -葡萄糖苷酶采用硝基酚比色法测定。

表 1 供试林分基本情况

Table 1 Basic information of tested stands

处理 Treat- ment	砧木树龄 Age of rootstock (a)	接穗时间 Scion time (a)	林分密度 Stand density (plant·hm <sup>-2</sup> )	平均树高 Average tree height (m)	平均胸径 Mean diame- ter at breast height (cm)	整地方式 Method of land preparation	措施 Measures	草被盖度 Coverage of grass cover ( % )
Mode <sub>1</sub>	42	35	198.5	7.4	28.4	带状 Stripline	覆膜撒播鼠茅草 Mulching with plastic film and sowing of <i>V. myuros</i> seed	85
Mode <sub>2</sub>	42	35	233.7	7.7	22.9	带状 Stripline	覆膜撒播黑麦草 Mulching with plastic film and sowing of <i>L. perenne</i> seed	85
Mode <sub>3</sub>	42	35	240.8	7.1	30.4	带状 Stripline	覆膜撒播光叶紫花苜蓿 Mulching with plastic film and sowing of <i>V. villosa</i> seed	80
CK <sub>1</sub>	42	35	215.0	7.3	26.8	带状 Stripline	喷施草甘膦 Spraying glyphosate	10
CK <sub>2</sub>	42	35	225.2	6.7	25.3	带状 Stripline	清耕 Clean tillage	10

1.4 土壤微生物多样性测定

1.4.1 土壤 DNA 的提取 采用南京集思慧远生物科技有限公司提供的总 DNA 提取试剂盒。称取 0.5 g 保存于 -20 ℃ 冰箱中的土壤样品,参照试剂盒所述方法提取土壤样品总 DNA,随后 DNA 总溶液分别通过 1% 琼脂糖凝胶电泳和 NanoDrop-2000(Thermo Scientific, USA)检测 DNA 溶液的纯度和浓度,提取 DNA 的土壤样品保存于 -20 ℃ 冰箱中备用。

1.4.2 PCR 扩增和基因测序 将提取后的土壤 DNA 样品送南京集思慧远生物科技有限公司进行 PCR 及高通量测序,分别以 16S rRNA V3~V4 区通用引物对 338F/806R (ACTCCTACGGGAGGCAGCA/GGACTA CHVGGGTWCTAAT)<sup>[14]</sup> 和 ITS1-F/ITS2 (CTTGGTCATTTAGAGAGAGTAA/GCTGCGTTCTTCAT CGATGC)<sup>[15]</sup> 进行 PCR 扩增。使用的 PCR 程序为 98 ℃ 2 min, 98 ℃ 15 s, 55 ℃ 30 s, 72 ℃ 30 s, 30 个循环,然后 72 ℃ 5 min。PCR 扩增产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测,并对目标片段进行切胶回收,纯化 PCR 产物,采用 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 进行文库构建。

上机测序前,需质检文库。对合格的测序文库梯度稀释后,按所需测序量一定比例混合,并经 NaOH 变性为单链进行上机测序。本实验采用 Illumina MiSeq PE300 测序仪进行 2×300 bp 的双端测序。通过 QIIME 软件分析原始细菌和真菌的读数,并调用 USEARCH 检查并剔除低质量和嵌合体序列。通过 Barcode 序列找回每个样品对应的序列。将前述高质量序列以 97% 的相似性聚类为可操作的分类单位 (operational taxonomic units, OTU)。最后,依据细菌的 Greengenes 数据库和真菌的 UNITE Fungal ITS 数据库对每个 OTU 的代表性序列进行了分类。再对 OTUs 进行丰度、Chao1、Shannon、Goods\_coverage 多样性指数等分析,同时对物种注释在各个分类水平上进行群落结构的统计分析。

1.5 数据处理

采用 Microsoft Excel 2016 和 SPSS 22.0 进行数据统计分析,表中数据均为平均值±标准差,并采用 Duncan 多重比较进行显著性检验 ( $\alpha=0.05$ );基于 OTUs 操作分类单元,使用 R 软件 vegan 包进行非计量多维尺度转换排序 (non-metric multidimensional scaling, NMDS),采用 Origin 9.4 对排序结果作图;使用 R 软件 pheatmap 包对优势门和土壤环境因子进行热图分析;采用 Canoco 5.0 对土壤理化性质和酶活性与微生物群落结构进行冗余分析 (redundancy analysis, RDA)。



## 2 结果与分析

### 2.1 5种土壤管理模式对锥栗土壤环境因子的影响

由表2可知,5种模式中生草处理占有较高的土壤养分含量,其中Mode<sub>1</sub>土壤养分含量最高,其碱解氮、有效磷和速效钾含量分别为74.14、156.87和234.76 mg·kg<sup>-1</sup>。多重比较显示,CK<sub>1</sub>和CK<sub>2</sub>碱解氮、有效磷、速效钾显著低于Mode<sub>1</sub>、Mode<sub>2</sub>和Mode<sub>3</sub>( $P<0.05$ ,下同),但CK<sub>1</sub>土壤全碳/氮则显著高于其他处理。在土壤物理性质方面,Mode<sub>2</sub>土壤容重显著低于其他模式,但其土壤孔隙度最高;CK<sub>2</sub>土壤自然含水率最低。另外,Mode<sub>1</sub>、Mode<sub>2</sub>、Mode<sub>3</sub>和CK<sub>1</sub>土壤pH值均高于CK<sub>2</sub>。

表2 5种土壤管理模式对锥栗园土壤理化性质的影响

Table 2 Effects of five soil management modes on soil physicochemical properties of *C. henryi* orchard

处理 Treat- ment	pH	容重 Bulk density (g·cm <sup>-3</sup> )	土壤自然含水率 Natural water content (%)	孔隙度 Porosity (%)	全碳/氮 Total carbon/ nitrogen	碱解氮 Hydrolyzed nitro- gen (mg·kg <sup>-1</sup> )	有效磷 Available phospho- rus (mg·kg <sup>-1</sup> )	速效钾 Available potassi- um (mg·kg <sup>-1</sup> )
Mode <sub>1</sub>	5.98±0.12bc	1.29±0.08a	26.40±2.12ab	49.07±1.18bc	18.85±1.28b	74.14±2.16a	156.87±28.22a	234.76±6.95a
Mode <sub>2</sub>	6.07±0.04b	1.10±0.07b	27.31±1.24a	56.03±1.66a	16.12±1.71b	61.36±5.66b	151.31±28.02a	209.82±18.19ab
Mode <sub>3</sub>	6.02±0.20bc	1.24±0.06a	24.49±2.21ab	40.17±1.54d	17.49±2.83b	62.96±1.92b	152.26±6.77a	221.12±8.04a
CK <sub>1</sub>	6.35±0.01a	1.25±0.02a	22.12±2.75b	46.87±1.36c	31.60±4.56a	47.10±2.73d	108.34±7.26b	176.37±11.24c
CK <sub>2</sub>	5.75±0.25c	1.21±0.01a	19.60±2.03c	51.30±2.84b	16.45±0.53b	54.39±3.38c	121.44±12.46b	190.88±11.85b

注:不同小写字母表示不同处理之间显著差异( $P<0.05$ )。下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences among different measures ( $P<0.05$ ). The same below.

土壤酶来源于植物根系分泌、动植物残体分解和土壤微生物进行的代谢活动,是土壤营养转化的重要催化剂,其活性的大小是指示土壤生物活性和生化反应强度的重要指标<sup>[16]</sup>。由表3可知,土壤过氧化氢酶、蔗糖酶活性均表现为Mode<sub>1</sub>最高,分别为42.64、32.29 U·g<sup>-1</sup>,而Mode<sub>3</sub>最低,分别为15.40、14.37 U·g<sup>-1</sup>,脲酶活性则表现为Mode<sub>1</sub>和CK<sub>2</sub>较高,分别为2.23、2.35 U·g<sup>-1</sup>;α-葡萄糖苷酶则表现为3种生草处理均显著高于两组对照,纤维素酶活性则表现为CK<sub>2</sub>最小,β-葡萄糖苷酶则表现为Mode<sub>3</sub>最低。5种模式土壤酸性磷酸酶、多酚氧化酶活性均无显著差异。

表3 5种土壤管理模式对锥栗园土壤酶活性的影响

Table 3 Effects of five soil management modes on soil enzyme activities of *C. henryi* orchard (U·g<sup>-1</sup>)

处理 Treatment	过氧化氢酶 Catalase	蔗糖酶 Sucrase	脲酶 Urease	酸性磷酸酶 Acid phosphatase	多酚氧化酶 Polyphenol oxidase	纤维素酶 Cellulase	α-葡萄糖苷酶 α-glucosidase	β-葡萄糖苷酶 β-glucosidase
Mode <sub>1</sub>	42.64±1.52a	32.29±8.06a	2.23±0.66a	1.49±0.05a	5.52±2.20a	0.32±0.06a	6.44±0.67a	5.26±2.32ab
Mode <sub>2</sub>	26.80±2.84bc	26.87±5.31a	0.86±0.22b	1.51±0.06a	6.21±1.69a	0.36±0.25a	6.48±1.84a	7.67±2.42a
Mode <sub>3</sub>	15.40±6.66d	14.37±0.72c	1.26±0.22b	1.47±0.04a	6.22±0.40a	0.19±0.09a	7.54±0.98a	4.80±0.53b
CK <sub>1</sub>	33.42±6.57ab	15.49±3.95bc	0.62±0.18b	1.47±0.04a	3.87±0.72a	0.53±0.13a	4.22±0.16b	5.04±2.11ab
CK <sub>2</sub>	21.37±7.82cd	24.55±5.80ab	2.35±0.74a	1.45±0.12a	5.91±0.63a	0.17±0.03b	5.76±0.48ab	7.71±0.87a

### 2.2 5种土壤管理模式对锥栗土壤微生物多样性的影响

2.2.1 5种土壤管理模式对锥栗土壤细菌门水平主要丰度的影响 在门水平上(图1),5种模式土壤共有优势细菌群落从高到低分别为放线菌门(Actinobacteria,24.9%~28.9%)、变形菌门(Proteobacteria,20.9%~28.8%)、绿弯菌门(Chloroflexi,13.7%~18.6%)、酸杆菌门(Acidobacteria,10.8%~12.9%)、拟杆菌门(Bacteroidetes,

4.6%~6.9%)、浮霉菌门(Planctomycetes, 3.2%~4.2%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 1.8%~2.3%)、厚壁菌门(Firmicutes, 1.4%~1.9%)。其中,放线菌门细菌相对丰度较高为 Mode<sub>1</sub>(28.9%)、Mode<sub>2</sub>(28.4%)和 CK<sub>1</sub>(28.9%),变形菌门细菌相对丰度较高为 CK<sub>2</sub>(28.8%),绿弯菌门细菌相对丰度较高为 3 种生草处理(16.8%~18.6%),拟杆菌门细菌相对丰度较高为 CK<sub>1</sub>(6.9%),Mode<sub>2</sub>酸杆菌门细菌相对丰度(10.8%)显著降低;5 种模式土壤浮霉菌门、芽单胞菌门、厚壁菌门细菌无显著差异。总体来讲,与 CK<sub>1</sub>和 CK<sub>2</sub>相比,3 种人工生草处理土壤变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门细菌相对丰度均有所下降,绿弯菌门和浮霉菌门细菌则有所增加。

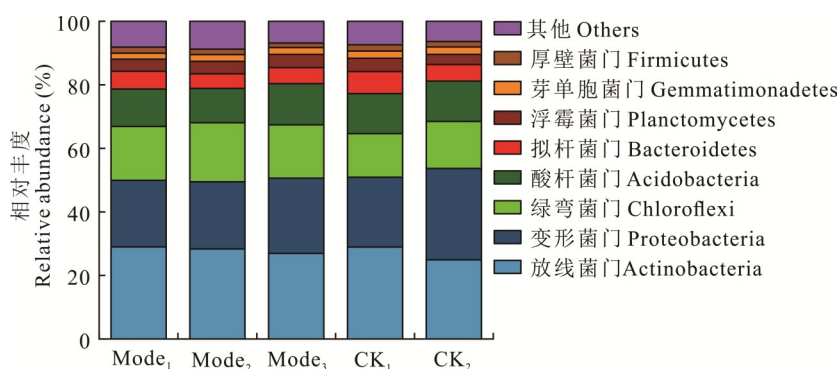


图1 5种土壤管理模式下载栗园土壤细菌门水平的相对丰度

Fig. 1 Effects of five soil management models on relative abundance of soil bacteria in *C. henryi* orchard

**2.2.2 5种土壤管理模式对锥栗土壤真菌门水平主要丰度的影响** 在门水平上(图2),5种模式土壤共有优势真菌群落从高到低分别为子囊菌门(Ascomycota, 37.4%~73.7%)、担子菌门(Basidiomycota, 15.3%~54.4%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 2.1%~4.3%)、壶菌门(Chytridiomycota, 0.2%~0.5%)、罗兹菌门(Rozellomycota, 0.16%~0.36%)、球囊菌门(Glomeromycota, 0.01%~0.23%)、丝足虫门(Cercozoa, 0.04%~0.10%)、毛霉门(Mucoromycota, 0.01%~0.08%)。其中,子囊菌门真菌相对丰度最高为 Mode<sub>3</sub>(73.7%);担子菌门真菌相对丰度较高为 Mode<sub>1</sub>(49.7%)、Mode<sub>2</sub>(54.4%)和对照处理 CK<sub>2</sub>(54.9%),CK<sub>1</sub>(36.9%)次之,Mode<sub>3</sub>(15.3%)最低;被孢霉门真菌则表现为 Mode<sub>3</sub>(4.3%)>CK<sub>2</sub>(3.3%)>Mode<sub>2</sub>(2.7%)>Mode<sub>1</sub>(2.5%)>CK<sub>1</sub>(2.1%);毛霉门真菌表现为 3 种生草处理大于两组对照。

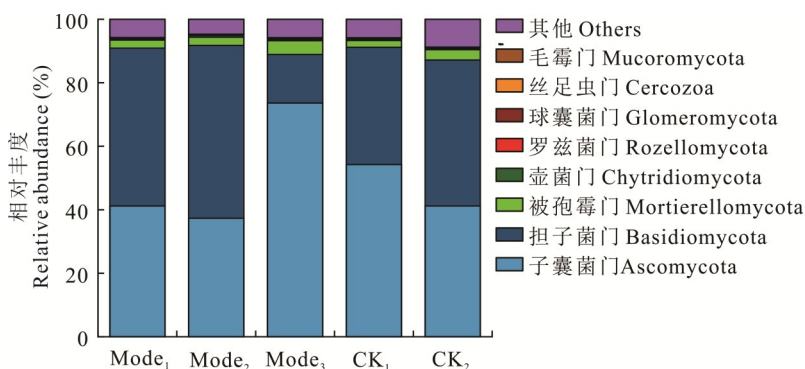


图2 5种土壤管理模式下载栗园土壤真菌门水平的相对丰度

Fig. 2 Effects of five soil management models on relative abundance of soil fungi in *C. henryi* orchard

基于 OTU 分类操作单元对 5 种模式的土壤细菌、真菌群落组分进行 NMDS 分析,结果表明(图3),5 种模式土壤细菌群落分布较为集中,且各模式间未明显分开,表明 5 种模式细菌群落结构无显著差异。而 5 种模式土壤真菌群落均较分散,且各模式间均能独立分开,表明 5 种模式真菌群落结构有显著差异。

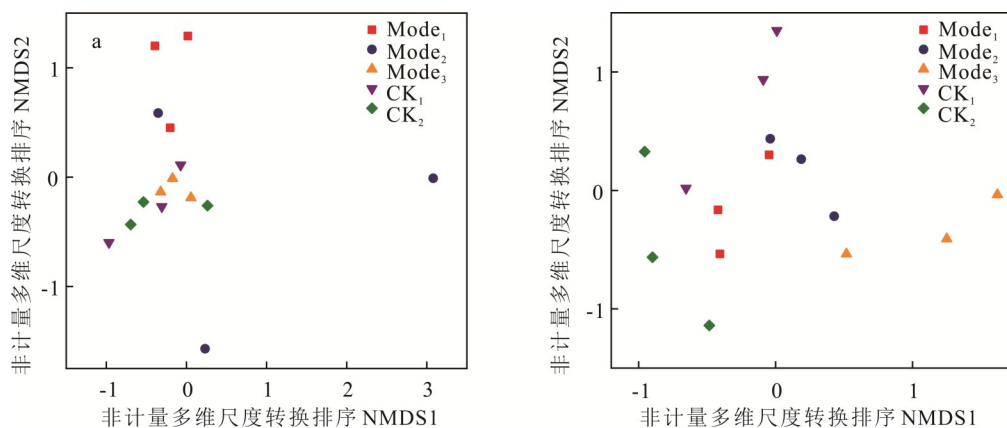


图3 土壤细菌、真菌群落结构的非计量多维尺度转换排序(NMDS)分析

Fig. 3 Non quantitative multidimensional scaling ordination (NMDS) analysis of soil bacterial and fungal community structure

a表示细菌群落,b表示真菌群落。下同。“a” is bacterial community, “b” is fungal community. The same below.

### 2.3 5种土壤管理模式土壤微生物多样性指数

由表4可知,5种模式的 Goods\_coverage 指数均接近于1,表明土壤微生物测序深度基本达到全覆盖水平,能够较为全面地揭示土壤样品的微生物组成。Chao1 指数用以反映微生物群落的丰富度,即指群落中物种的数量,而不考虑群落中每个物种的丰度情况。Shannon 指数用以反映微生物群落的多样性,受样品中微生物群落物种丰富度和均匀度的协同影响。3种生草处理土壤细菌群落多样性指数与两组对照模式相比均有所提升,土壤真菌群落多样性指数则相反;与其他处理相比,CK<sub>2</sub>真菌群落的 OTUs、Chao1 和 Shannon 指数最大,分别为 1876, 1982 和 7.31。

表4 锥栗园5种土壤管理模式土壤微生物多样性指数

Table 4 Soil microbial diversity index of five soil management models in *C. henryi* orchard

类别 Type	处理 Treatment	操作分类单元 Operational taxonomic units (OTUs)	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index	Goods_coverage 指数 Goods_coverage index
细菌 Bacteria	Mode <sub>1</sub>	7887±201a	8627±158a	9.19±0.98a	0.996±0.0002a
	Mode <sub>2</sub>	7400±957a	8314±834a	9.27±1.05a	0.996±0.0004a
	Mode <sub>3</sub>	7845±385a	8747±365a	9.19±0.62a	0.996±0.0001a
	CK <sub>1</sub>	7679±39a	8478±95a	9.03±0.22a	0.996±0.0003a
	CK <sub>2</sub>	7465±122a	8337±70a	8.83±0.69a	0.996±0.0001a
真菌 Fungus	Mode <sub>1</sub>	1653±463a	1765±439a	6.39±1.27a	0.997±0.0003a
	Mode <sub>2</sub>	1436±82a	1572±112a	6.73±0.94a	0.998±0.0004a
	Mode <sub>3</sub>	1453±157a	1532±181a	6.46±1.40a	0.997±0.0002a
	CK <sub>1</sub>	1516±510a	1661±492a	7.12±1.99a	0.998±0.0003a
	CK <sub>2</sub>	1876±517a	1982±557a	7.31±1.55a	0.997±0.0005a

### 2.4 微生物群落结构与土壤环境因子的响应关系

**2.4.1 细菌群落结构与土壤环境因子的响应关系** 相关系数热力图(correlation coefficient heatmap)能够直观展现出不同土壤环境因子与细菌、真菌群落的相关性。由图4可知,细菌群落结构门分类水平中拟杆菌门与自然含水率(WC)、多酚氧化酶(PPo)呈显著负相关关系,多酚氧化酶与厚壁菌门显著负相关,浮霉菌门与纤维素酶(Cel)显著正相关,芽单胞菌门与α-葡萄糖苷酶显著负相关。

**2.4.2 真菌群落结构与土壤环境因子的相关关系** 由图5可知,土壤养分含量和酶活性与真菌群落结构均呈现较强的相关关系,其中子囊菌门与土壤孔隙度(PO)、蔗糖酶(Suc)呈显著负相关关系,与土壤容重(BD)呈显著

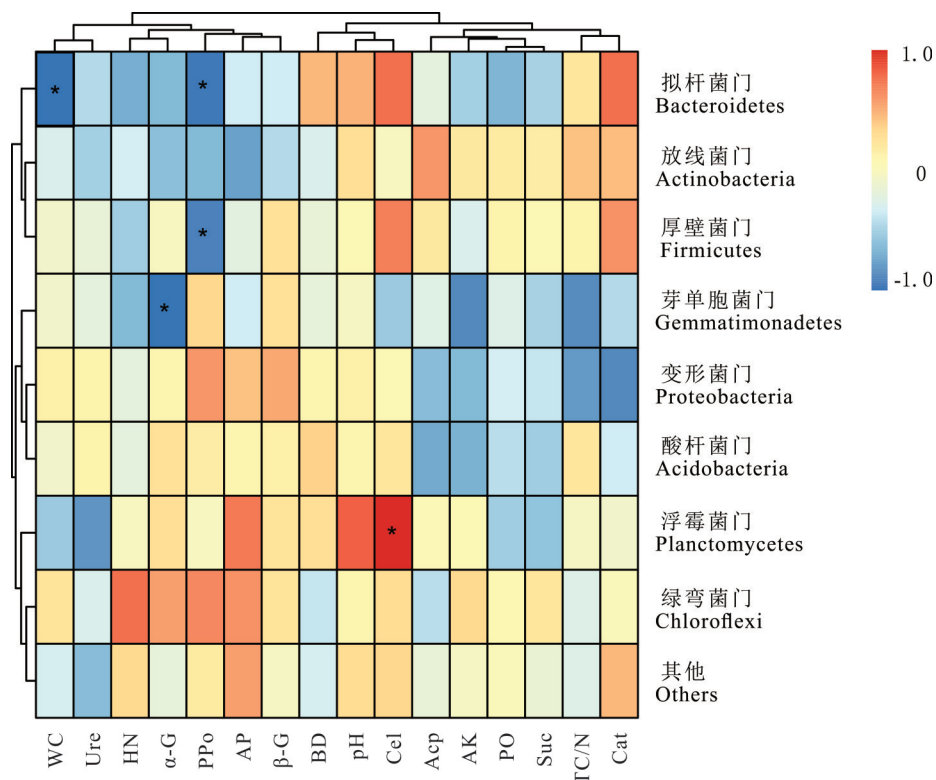


图 4 土壤环境因子与细菌门水平相对丰度相关系数热力图

Fig. 4 Thermodynamic diagram of correlation coefficient between soil environmental factors and relative abundance of bacteria at phylum level

BD、WC、PO、TC/N、HN、AP 和 AK 分别代表土壤容重、自然含水率、孔隙度、全碳/氮、碱解氮、有效磷和速效钾；Cat、Suc、Ure、Acp、PPo、Cel、 $\alpha$ -G 和  $\beta$ -G 分别代表土壤过氧化氢酶、蔗糖酶、脲酶、酸性磷酸酶、多酚氧化酶、纤维素酶、 $\alpha$ -葡萄糖苷酶和  $\beta$ -葡萄糖苷酶；“\*”代表显著相关 ( $P < 0.05$ )。下同。BD、WC、PO、TC/N、HN、AP 和 AK represent bulk density, natural water content, porosity, total carbon/nitrogen, hydrolyzed nitrogen, available phosphorus and available potassium; Cat, Suc, Ure, Acp, PPo, Cel,  $\alpha$ -G and  $\beta$ -G represent catalase, sucrase, urease, acid phosphatase, polyphenol oxidase, cellulase,  $\alpha$ -glucosidase and  $\beta$ -glucosidase; “\*” represents significant correlation ( $P < 0.05$ ). The same below.

正相关关系；担子菌门与土壤孔隙度、蔗糖酶显著正相关，与土壤容重呈显著负相关关系；被孢霉门与蔗糖酶显著负相关，壶菌门与纤维素酶 (Cel) 显著负相关；球囊菌门与多酚氧化酶 (PPo)、 $\alpha$ -葡萄糖苷酶显著负相关，与过氧化氢酶 (Cat) 显著正相关；毛霉门和碱解氮 (HN)、有效磷 (AP)、速效钾 (AK) 和  $\alpha$ -葡萄糖苷酶均呈显著正相关关系。

## 2.5 微生物群落影响因子分析

为进一步探究人工生草法和喷施草甘膦相较于传统清耕法的锥栗林土壤微生物群落变化的影响机制，以及确定能够引起这种变化所要改变的首要土壤环境因子，揭示人工生草—土壤—微生物间的相互作用关系，以土壤理化性质和酶活性为解释变量，微生物群落为响应变量，对供试样地中影响细菌群落和真菌群落的土壤环境因子分别进行冗余分析 (RDA)，结果显示如下：细菌群落的 RDA 分析结果表明 (图 6a)，第一排序轴解释贡献度为 38.25%，第二排序轴为 29.47%，前两轴总方差解释度为 67.72%，降维后信息保留相对较高，但无显著变量因子影响细菌群落组成；真菌群落的 RDA 分析结果表明 (图 6b)，第一排序轴解释贡献度 69.72%，第二排序轴为 20.12%，前两轴总方差解释度为 89.84%，降维后信息保留完整，且土壤蔗糖酶活性 (贡献度为 32.4%， $F=6.2$ ， $P=0.012$ )、土壤自然含水率 (贡献度为 12.5%， $F=3.2$ ， $P=0.036$ )、土壤过氧化氢酶活性 (贡献度为 9.9%， $F=3.0$ ， $P=0.050$ )、土壤全碳/氮 (贡献度为 12.1%， $F=5.3$ ， $P=0.016$ )、土壤碱解氮含量 (贡献度为 7.4%， $F=4.5$ ， $P=0.012$ ) 等土壤显著性变量因子对于样方沿着第一轴、第二轴的分布起到关键作用，是影响土壤真菌群落的主要因子。



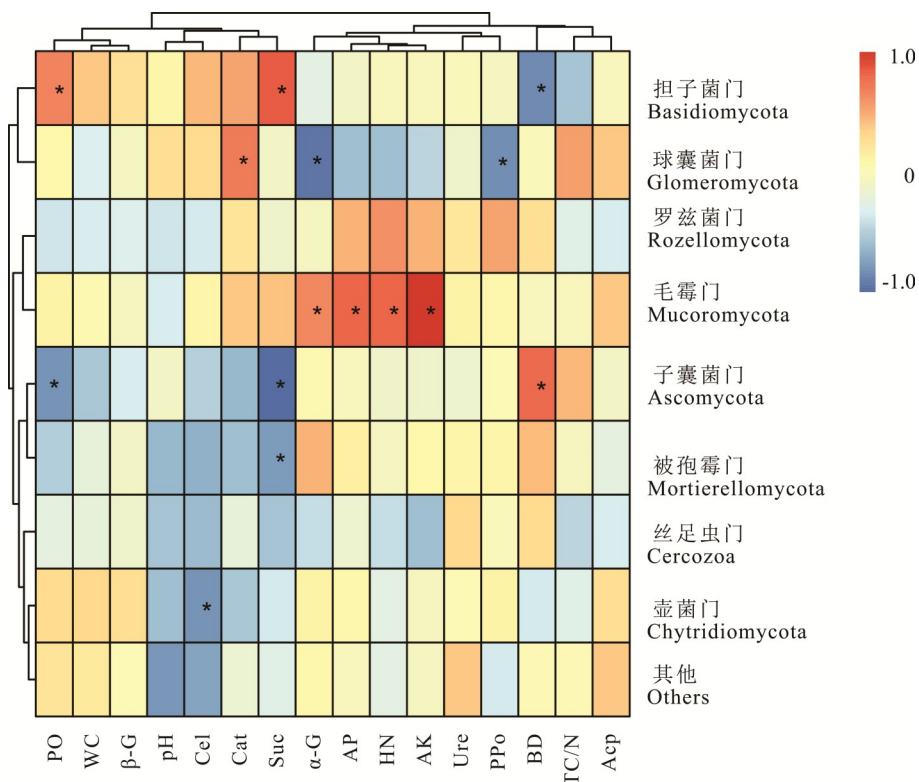


图5 土壤环境因子与真菌门水平相对丰度相关系数热力图

Fig. 5 Thermodynamic diagram of correlation coefficient between soil environmental factors and relative abundance of fungi at phylum level

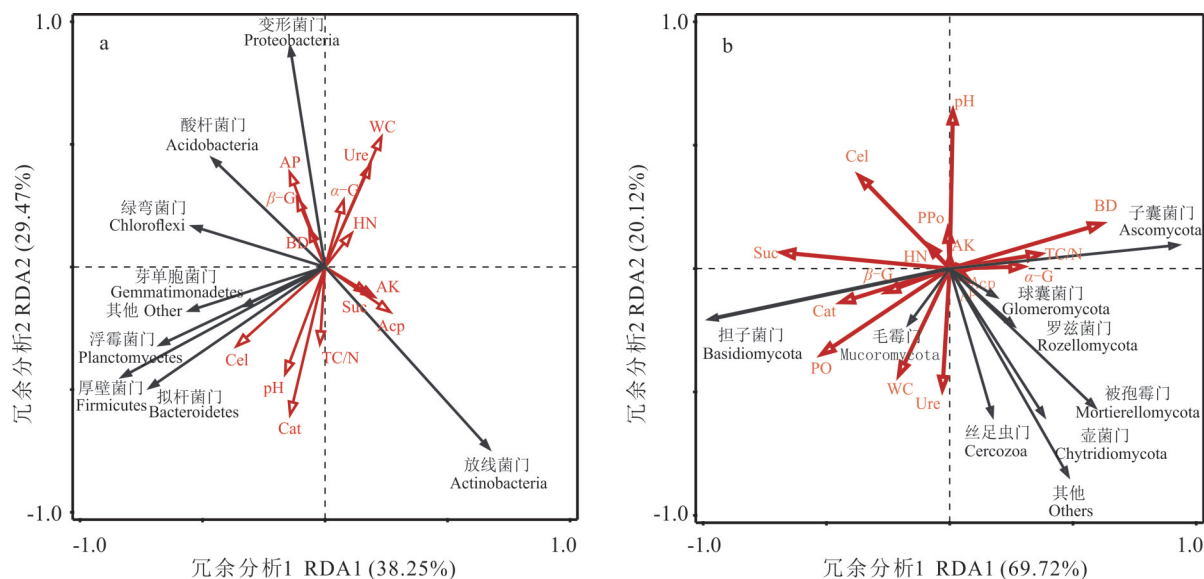


图6 土壤环境因子和土壤微生物群落结构冗余分析

Fig. 6 Redundancy analysis of soil environmental factors and soil microbial community structure

### 3 讨论

#### 3.1 5种土壤管理模式对锥栗土壤理化性质和酶活性的影响

本研究中,3种生草处理土壤总孔隙度、自然含水率相比清耕模式均有所升高,一方面是由于绿肥生长迅速、茎叶茂盛、对地表遮蔽度高,可以明显地抑制根际表土水分的蒸发<sup>[6,10]</sup>,另一方面绿肥根系的穿插作用,增大了土壤空隙,再者绿肥根茎周转及茎叶周期性干枯腐解产生的CO<sub>2</sub>和腐殖质降低了土壤的紧实度,有利于土壤团粒结

构的形成和土壤通透度的改善<sup>[6]</sup>。Abdulaki等<sup>[17]</sup>研究表明,绿肥通过根系的吸收富集作用可以将土壤深层的营养物质转移到土壤表层,增加表层土壤养分含量。王亚麒等<sup>[18]</sup>和杨叶华等<sup>[19]</sup>则指出,生草有利于活化土壤中的元素,提高土壤中有机质含量,增加土壤中有效态养分的含量。本研究也发现,3种生草模式土壤有效态氮磷钾养分含量均高于清耕模式和喷施草甘膦模式。另外,丘陵山地锥栗园采用清耕或喷施草甘膦除草的方式管理地面,形成的裸露表土在雨季易发生水土流失,也会导致土壤养分含量下降<sup>[8-9]</sup>。

绿肥根系的胞外分泌物不仅直接增加了土壤有关酶种类,且根系分泌物和植被有机残体还提供了多种容易为微生物利用的营养和能源物质,从而增加了土壤微生物和相关酶类的活性<sup>[20]</sup>。井赵斌等<sup>[13]</sup>研究发现,猕猴桃(*Actinidia Chinensis*)园生草处理后,土壤过氧化氢酶、脲酶、蔗糖酶和磷酸酶活性分别较清耕处理高出35.5%、24.7%、47.9%和19.2%。与前人研究结果相似,本研究鼠茅草和黑麦草处理土壤过氧化氢酶、蔗糖酶、酸性磷酸酶、纤维素酶和 $\alpha$ -葡萄糖苷酶活性也高于清耕处理。但光叶紫花苜蓿处理土壤过氧化氢酶、蔗糖酶、脲酶和 $\beta$ -葡萄糖苷酶活性则低于清耕处理,这可能与光叶紫花苜蓿根茎生长和死亡分解过程释放的化感物质影响锥栗细根的正常生长,抑制相关酶类活性有关<sup>[21]</sup>。喷施草甘膦模式土壤蔗糖酶、脲酶、多酚氧化酶、 $\alpha$ -葡萄糖苷酶和 $\beta$ -葡萄糖苷酶活性均较低,可能是由于枯死杂草腐解的茎叶中残存的草甘膦随雨水进入土壤,被锥栗根系吸收富集,络合对根尖分生组织有丝分裂有关键作用的营养元素而阻碍根系的生长,甚至阻断根系蛋白质的合成而致其死亡,导致根系分泌物急剧减少<sup>[9,22]</sup>,土壤微生物由于底物减少,生长繁殖受到影响,胞外酶分泌减少,活性降低。

### 3.2 5种土壤管理模式对锥栗土壤细菌群落结构的影响

细菌作为土壤微生物的主要类群,约占其总体数量的70%~90%,对土壤生态功能的作用至关重要,是土壤质量优劣的敏感指标<sup>[23]</sup>。本研究利用高通量测序技术,对供试锥栗园不同生草模式、清耕和喷施草甘膦处理的土壤细菌群落进行分析,结果表明放线菌门、变形菌门、绿弯菌门和酸杆菌门细菌为优势类群。放线菌门和变形菌门细菌是陆地生态系统的主要优势类群,生态幅宽广,环境适应能力较强<sup>[24]</sup>,因此,锥栗园土壤管理方式的改变对其优势种群地位的影响较小;绿弯菌门细菌是一类兼性厌氧型菌群,虽在养分匮乏的条件下,能表现出一定的光能自养型特征,但仍以无光或有光且缺氧的条件下的化能或光能异养生长为主<sup>[25]</sup>。3种人工生草处理由于生草覆盖使锥栗园表层土壤光照降低,对绿弯菌门细菌的生长更有利,因此其相对丰度均高于清耕和喷施草甘膦处理。酸杆菌门是新近被分出的一门细菌,主要为嗜酸菌,大多数研究表明其相对丰度与土壤pH呈负相关关系<sup>[26]</sup>,但本研究中,供试锥栗园的酸杆菌门细菌与pH无显著相关关系,可能与研究区酸杆菌门亚群及土壤环境因子不同有关<sup>[27]</sup>,这有待进一步研究验证。另外,有研究指出,变形菌门、拟杆菌门、硝化螺旋菌门以及厚壁菌门细菌为快速生长型菌群,而酸杆菌门、绿弯菌门、浮霉菌门和疣微菌门细菌为缓慢生长型菌群<sup>[28]</sup>。本研究中,与清耕和喷施草甘膦相比,3种人工生草处理土壤变形菌门、拟杆菌门和厚壁菌门细菌相对丰度均有所下降,绿弯菌门和浮霉菌门细菌则有所增加,细菌类群有从快速生长型向缓慢生长型转变的趋势,这与张胜男等<sup>[29]</sup>对榆树(*Ulmus pumila*)疏林封育自然生草后,土壤微生物从缓慢生长型向快速生长型转变的结论相反,这是由于清耕和喷施草甘膦处理虽去除了园内杂草,但锥栗园裸露的坡面在雨季易造成水土养分流失,而快速生长型细菌类群由于其嗜营养特性,能快速吸收锥栗园每年为增加锥栗产量而追施的肥料,进而保障其生存繁殖<sup>[30]</sup>;锥栗园人工生草后,土壤蓄水保肥能力变强,土壤环境相对稳定,土壤微生物种类趋于多元,缓慢生长型细菌类群也能逐渐生存定殖。

本研究发现,3种锥栗园人工生草处理与喷施草甘膦和清耕相比,细菌类群的丰富度和多样性均有所增加,这是因为生草根分泌物、细根周转及枯死茎叶腐解为土壤细菌分解输入大量有机底物<sup>[10]</sup>,激发其快速增殖,又因为生草种类的不同,输入底物的碳氮比有所不同,使各模式间细菌优势种群表现出一定的差异性,但未达到显著性水平,这可能与人工生草年限较短有关<sup>[7]</sup>。本研究NMDS和RDA分析也表明,锥栗园5种土壤管理模式细菌群落组分未发生统计学意义上的显著变化,说明供试锥栗园土壤细菌群落较为稳定,生草措施短时间内的影响作用有限。

### 3.3 5种土壤管理模式对锥栗土壤真菌群落结构的影响

真菌作为一种种类繁多、分布广泛的真核微生物,在维持各类生态系统的生态平衡中均扮演重要角色<sup>[31]</sup>。本研究中,5种锥栗园土壤管理模式土壤真菌的优势类群均为子囊菌门和担子菌门,约占总真菌数量的90%以上,这与前人的研究结果一致<sup>[32]</sup>。子囊菌门大多为腐生菌,承担着分解木质素、角质素等难降解有机质的任务,在土壤养分循环中起关键作用<sup>[33]</sup>。子囊菌门和担子菌门能够快速代谢植物根际沉积的有机底物,加快土壤碳循环<sup>[29]</sup>。而毛霉门真菌大多腐生于土壤动物粪便、动植物残体等基物中,或寄生于动植物甚至其他真菌中<sup>[34]</sup>。本研究中,3种锥栗园人工生草处理毛霉门相对丰度均显著高于两种对照,这可能与人工生草增加土壤腐殖质和土壤小动物,促进毛霉门真菌的生长有关。另外,被孢霉门某些特定被孢霉菌对土壤养分转化和有效性具有重要贡献,有可以在土壤中释放多种有机酸来溶解土壤磷的潜力,也可影响矿质土壤养分的转化和促进植物生长<sup>[35]</sup>。本研究中,锥栗园种植光叶紫花苕处理被孢霉门真菌含量最高,可能与被孢霉菌易与光叶紫花苕根系共生,形成根系共生真菌有关,但还需进一步研究验证。

本研究发现,3种锥栗园人工生草处理和喷施草甘膦土壤真菌群落的Chao1和Shannon指数与清耕相比,均有所下降,这可能与生草内生真菌代谢物有关<sup>[36]</sup>,有研究指出,果园生草后,不同草种的内生真菌会分泌多种毒素和生物碱,通过根系沉积物、凋落物和根组织分泌物等形式,抑制病原菌的侵染和群落组成<sup>[37]</sup>。而喷施草甘膦则会降低部分外生菌根真菌如牛肝菌属的丰度,破坏根际外生菌根真菌的微生态平衡,进而降低土壤真菌多样性和丰富度<sup>[38]</sup>。

NMDS分析表明,供试锥栗园5种土壤管理模式间的真菌群落结构存在显著差异,是因为相较于土壤细菌,真菌在土壤微生物中的数量较少,个体较大,生长速度相对缓慢,对环境变化的响应较敏感<sup>[38]</sup>。RDA分析表明,驱动锥栗园土壤真菌群落结构变化的主要土壤因子为蔗糖酶、土壤含水率、过氧化氢酶、土壤全碳/氮和碱解氮含量。鼠茅草和黑麦草处理与其他处理的真菌群落结构差异,主要由土壤蔗糖酶、过氧化氢酶和土壤碱解氮含量等因素主导。其中,鼠茅草属冷季型牧草,夏季高温倒伏枯死,不仅抑制了果园杂草生长,而且腐解的茎叶向土壤输入大量有机物<sup>[39]</sup>,增加了土壤担子菌门、毛霉门、壶菌门和球囊菌门真菌的数量,提高了土壤蔗糖酶和过氧化氢酶活性,使土壤碱解氮含量升高,有利于满足处于坐果期锥栗的氮素需求。黑麦草根发达,细根周转快,根系分泌物丰富<sup>[5,13]</sup>,同样有利于前述真菌类群的生长繁殖,提高土壤蔗糖酶和过氧化氢酶活性,但由于调查期间,处于生长盛期的黑麦草与锥栗存在一定的水肥竞争,因此土壤碱解氮含量较鼠茅草处理低。光叶紫花苕系豆科野豌豆属草本,具固氮根瘤,调查期间由于完成生命周期开始干枯腐解,会显著提升分解有机含氮化合物能力强的毛霉门真菌的相对丰度<sup>[40]</sup>,增加土壤氮素含量,但是腐解的茎叶和根系同时也会释放萜类、生物碱类化感物质,抑制土壤过氧化氢酶、蔗糖酶的活性<sup>[21]</sup>,改变相关真菌优势门相对丰度。草甘膦则通过抑制丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)孢子活力和定殖能力,降低AMF和植物根系对土壤氮素的有效吸附和保留能力<sup>[41]</sup>,使土壤全碳/氮上升。清耕模式由于地表草被覆盖低,夏季蒸发散强烈,土壤含水率显著低于其他模式,有研究指出,亚热带地区土壤微生物活性对土壤湿度的敏感度高于土壤温度<sup>[42]</sup>,因此土壤含水率成为该模式土壤真菌群落结构的主要限制因子。相应地,3种生草处理较低的全碳/氮和较高的土壤含水率,两组对照较低的土壤蔗糖酶、过氧化氢酶活性、碱解氮含量也是驱动锥栗园不同模式土壤真菌群落分异的重要因素。

## 4 结论

与传统清耕法和喷施草甘膦相比,生草法管理锥栗园,一定程度上改变了林地的土壤环境,进一步影响了土壤微生物群落。其中,土壤细菌类群多样性和丰富度指数均有所提升,呈现由快速生长型向缓慢生长型转变的趋势;而土壤真菌类群由于不同的生草草种产生明显分异,显著相关的土壤环境因子主要为土壤蔗糖酶活性、自然含水率、过氧化氢酶活性、全碳/氮和碱解氮含量。丘陵山区锥栗园传统的地面管理措施,导致的水土流失、化肥面源污染,以及锥栗树势衰退、产量降低等问题,已无法满足锥栗木本粮食产业健康、快速发展的需求。本研究通过实践证明,生草法对于改善锥栗园土壤质量,增加土壤微生物群落多样性和丰富度,提升土壤有效养分利用率,促进锥栗健康生长,均有重要作用,可为今后南方丘陵山区锥栗园生草制度的科学制定和高品质生态锥栗产业的可持续发展提供参考。



## 参考文献 References:

- [1] Ma H Q, Jiang X B, Gong B C, *et al.* Dvance of researches on *Castanea henryi* and of further development in China. Journal of Zhejiang Forestry Science and Technology, 2013, 33(1): 62—67.  
马海泉, 江锡兵, 龚榜初, 等. 我国锥栗研究进展及发展对策. 浙江林业科技, 2013, 33(1): 62—67.
- [2] Li C Z. Current situation and sustainable development countermeasures of *Castanea henryi* industry in Jianou. Modern Horticulture, 2012, 2: 6—8.  
李陈枝. 建瓯锥栗产业现状与可持续发展对策. 现代园艺, 2012, 2: 6—8.
- [3] Gao Q G. Preliminary study on soil loss control measures and benefits of *Castanea henryi* landscape in Jianou City, Fujian Province. Subtropical Soil And Water Conservation, 2016, 28(1): 37—39.  
高清贵. 福建省建瓯市锥栗山水土流失防治措施及其效益初探. 亚热带水土保持, 2016, 28(1): 37—39.
- [4] Drinkwater L E, Wagoner P, Sarrantonio M. Legumebased cropping systems have reduced carbon and nitrogen losses. Nature, 2006, 396: 262—265.
- [5] Luan H A, Wang X Y, Han S, *et al.* Effects of green manure planting on loss of soil nutrient in citrus orchard in Three Gorges Reservoir. Journal of Soil and Water Conservation, 2016, 30(2): 68—72.  
栾好安, 王晓雨, 韩上, 等. 三峡库区橘园种植绿肥对土壤养分流失的影响. 水土保持学报, 2016, 30(2): 68—72.
- [6] Yang L, Mao Y F, Hu Y L, *et al.* Effects of orchard grass on soil fertility and apple tree nutrition. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2020, 26(2): 325—337.  
杨露, 毛云飞, 胡艳丽, 等. 生草改善果园土壤肥力和苹果树体营养的效果. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(2): 325—337.
- [7] Fu X Q, Liu J R, Huang W X. Effects of natural grass on soil microbiology, nutrient and fruit quality of Nanfeng tangerine yard. Acta Horticulturae Sinica, 2015, 42(8): 1551—1558.  
付学琴, 刘琚珥, 黄文新. 南丰蜜橘园自然生草对土壤微生物和养分及果实品质的影响. 园艺学报, 2015, 42(8): 1551—1558.
- [8] Zou X H, Huang B B, Gao Q G, *et al.* The control effect of soil erosion in *Castanea henryi* plantation in the North of Fujian Province. Journal of Soil and Water Conservation, 2016, 30(6): 47—55.  
邹显花, 黄彬彬, 高清贵, 等. 闽北锥栗林经营过程中的水土流失防治效果研究. 水土保持学报, 2016, 30(6): 47—55.
- [9] You L H. Effects of grass cultivation on physiological and biochemical characteristics of *Castanea henryi* leaves and physical and chemical properties of soil. Forestry Prospect and Design, 2020, 40(4): 13—19.  
尤龙辉. 生草栽培对锥栗叶片生理生化及土壤理化性质的影响. 林业勘察设计, 2020, 40(4): 13—19.
- [10] Qian J F, Wu J S, Huang J Q. Effects of sod-cultural practices on soil nutrients and microbial diversity in the *Carya cathayensis* forest. Acta Ecologica Sinica, 2014, 34(15): 4324—4332.  
钱进芳, 吴家森, 黄坚钦. 生草栽培对山核桃林地土壤养分及微生物多样性的影响. 生态学报, 2014, 34(15): 4324—4332.
- [11] Sun B, Zhao Q G, Zhang T L, *et al.* Soil quality and sustainable environment——Ⅲ. Biological indicators for soil quality assessment. Soils, 1997(5): 225—234.  
孙波, 赵其国, 张桃林, 等. 土壤质量与持续环境——Ⅲ. 土壤质量评价的生物学指标. 土壤, 1997(5): 225—234.
- [12] Xu Q F, Jiang P K, Wu Q F, *et al.* Effects of intensive management on soil microbial biomass and functional diversity in *Castanea mollissima* stands. Scientia Silvae Sinicae, 2007(3): 15—19.  
徐秋芳, 姜培坤, 邬奇峰, 等. 集约经营板栗林土壤微生物量碳与微生物多样性研究. 林业科学, 2007(3): 15—19.
- [13] Jing Z B, Li T F, Long M X, *et al.* Effects of planted grasses on soil enzyme activities and microbial communities in a kiwifruit orchard. Pratacultural Science, 2020, 37(9): 1710—1718.  
井赵斌, 李腾飞, 龙明秀, 等. 生草对猕猴桃果园土壤酶活性和土壤微生物的影响. 草业科学, 2020, 37(9): 1710—1718.
- [14] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, *et al.* Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2011, 108: 4516—4522.
- [15] Zhao S, Liu D Y, Ling N, *et al.* Bio-organic fertilizer application significantly reduces the *Fusarium oxysporum* population and alters the composition of fungi communities of watermelon fusarium wilt rhizosphere soil. Biology and Fertility of Soils, 2014, 50: 765—774.
- [16] Nannipieri P, Giagnoni L, Landi L, *et al.* Role of phosphatase enzymes in soil. Phosphorus in Action, 2011: 215—243.
- [17] Abdulaki A A, Teasdale J R. A no-tillage tomato production system using hairy vetch and subterranean clover mulches. HortScience, 1993(28): 106—108.
- [18] Wang Y Q, Yuan L. Activation of insoluble phosphorus and its absorption by *Sorghum dochna*, *Sorghum* hybrid Sudan grass,



- and *Dolichos lablab*. Acta Prataculturae Sinica, 2019, 28(10): 33–43.
- 王亚麒, 袁玲. 甜高粱、高丹草和拉巴豆对难溶性磷的活化与吸收. 草业学报, 2019, 28(10): 33–43.
- [19] Yang Y H, Zhang S, Wang S, *et al.* Yield and nutrient concentration in common green manure crops and assessment of potential for nitrogen replacement in different regions of China. Acta Prataculturae Sinica, 2020, 29(6): 39–55.
- 杨叶华, 张松, 王帅, 等. 中国不同区域常见绿肥产量和养分含量特征及替代氮肥潜力评估. 草业学报, 2020, 29(6): 39–55.
- [20] Compant S, Reiter B, Sessitsch A, *et al.* Endophytic colonization of *Vitis vinifera* L. by plant growth-promoting bacterium Burkholderia sp. strain PsJN. Applied and Environmental Microbiology, 2005, 71(3): 1685–1693.
- [21] Niu H H, Wang S S, Jia H D, *et al.* Allelopathic effects of extracts of *Vicia villosa* on the germination of four forage seeds. Acta Prataculturae Sinica, 2020, 29(9): 161–168.
- 牛欢欢, 王森森, 贾宏定, 等. 光叶紫花苕子浸提液对4种牧草种子萌发过程的化感作用. 草业学报, 2020, 29(9): 161–168.
- [22] Guo L, Zhang B B, Shen J H, *et al.* Effect of glyphosate and paraquat on root morphology and aboveground growth of *Prunus persica* seedlings. Chinese Journal of Applied Ecology, 2020, 31(2): 524–532.
- 郭磊, 张斌斌, 沈江海, 等. 草甘膦和百草枯对毛桃幼苗根系形态及地上部生长的影响. 应用生态学报, 2020, 31(2): 524–532.
- [23] Bardgett R D, Freeman C, Ostle N J. Microbial contributions to climate change through carbon cycle feedbacks. The ISME Journal, 2008, 2: 805–814.
- [24] Lipson D A, Schmidt S K. Seasonal changes in an alpine soil bacterial community in the Colorado Rocky Mountains. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70: 2867–2879.
- [25] Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi*. Acta Microbiologica Sinica, 2020, 60(9): 1801–1820.
- 鲜文东, 张潇憧, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望. 微生物学报, 2020, 60(9): 1801–1820.
- [26] Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of Acidobacteria ecology in soils. Biotechnology Bulletin, 2016, 32(2): 14–20.
- 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. 生物技术通报, 2016, 32(2): 14–20.
- [27] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, *et al.* A comprehensive survey of soil *Acidobacterial* diversity using pyrosequencing and clone library analyses. The ISME Journal, 2009, 3: 442–453.
- [28] Leff J W, Jones S E, Prober S M, *et al.* Consistent responses of soil microbial communities to elevated nutrient inputs in grasslands across the globe. Proceeding of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112: 10967–10972.
- [29] Zhang S N, Yan D R, Huang H G, *et al.* Effects of short term fencing on soil microbial community structure in *Ulmus pumila* scattered woodla. Chinese Journal of Ecology, 2020, 39(9): 2860–2867.
- 张胜男, 闫德仁, 黄海广, 等. 短期封育对科尔沁沙地榆树疏林土壤微生物群落结构的影响. 生态学杂志, 2020, 39(9): 2860–2867.
- [30] Fei Y C, Huang Y, Zhang X, *et al.* Effects of different organic fertilizer treatments on the soil microbial community structure of a *Camellia oleifera* plantation in a purple soil area. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2020, 26(4): 919–927.
- 费裕翀, 黄樱, 张筱, 等. 不同有机肥处理对紫色土油茶林土壤微生物群落结构的影响. 应用与环境生物学报, 2020, 26(4): 919–927.
- [31] Zhang J, Zhang H W, Li X Y, *et al.* Research advances in soil fungal diversity and molecular ecology. Chinese Journal of Applied Ecology, 2004, 10: 1958–1962.
- 张晶, 张惠文, 李新宇, 等. 土壤真菌多样性及分子生态学研究进展. 应用生态学报, 2004, 10: 1958–1962.
- [32] Hibbett D S, Binder M, Bischoff J F, *et al.* A higher level phylogenetic classification of the fungi. Mycological Research, 2007, 111: 509–547.
- [33] Egidi E, Delgadobaquerizo M, Plett J M, *et al.* A few Ascomycota taxa dominate soil fungal communities worldwide. Nature Communications, 2019, 10: 2369.
- [34] Gu P W, Zhang G D, Wang H R, *et al.* Determination and control of the main pathogens of post harvest fruit and vegetables rot disease in Ningxia. Journal of Agricultural Sciences, 2012, 33(1): 1–6.
- 顾沛雯, 张光弟, 王华荣, 等. 果蔬采后致腐病菌检测及防治. 农业科学研究, 2012, 33(1): 1–6.

- [35] Osorio N W, Habte M. Soil phosphate desorption induced by a phosphate-solubilizing fungus. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2014, 45(4): 451–460.
- [36] Siegel M R, Latch G C M. Expression of antifungal activity in agar culture by isolates of grass endophytes. *Mycologia*, 1991, 83: 529–537.
- [37] Li X Z, Fang A G, Li C J, *et al.* Advances in the researches on the effects of grass endophytes on other microbes. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(6): 1660–1671.  
李秀璋, 方爱国, 李春杰, 等. 禾草内生真菌对其他微生物的影响研究进展. *生态学报*, 2015, 35(6): 1660–1671.
- [38] Wu J, Chen Y Y, Ye X Y, *et al.* Effects of herbicide glyphosate on microbial diversity in *Castanea mollissima* rhizosphere soil. *Nonwood Forest Research*, 2019, 37(3): 161–167, 187.  
吴静, 陈岩岩, 叶项宇, 等. 除草剂草甘膦对板栗根际土壤微生物多样性的影响. *经济林研究*, 2019, 37(3): 161–167, 187.
- [39] Liang B, Dong J, Sui F G, *et al.* Decomposition characteristics of a *Vulpia myuros* cover crop in an orchard soil and its effect on N supply. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(3): 245–250.  
梁斌, 董静, 隋方功, 等. 果园土壤中鼠茅草的降解特性及其对氮素供应的影响. *草业学报*, 2016, 25(3): 245–250.
- [40] Zhao C Y, Wang Y Y, Dong Q J, *et al.* Influence of different irrigation and fertilization treatments on the growth of *Vicia villosa* Rothvar and later cropping maize and soil fertility. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2019, 33(4): 161–166, 269.  
赵彩衣, 王媛媛, 董青君, 等. 不同水肥处理对苕子和后茬玉米生长及土壤肥力的影响. *水土保持学报*, 2019, 33(4): 161–166, 269.
- [41] Druille M, Cabello M N, Omacini M, *et al.* Glyphosate reduces spore viability and root colonization of arbuscular mycorrhizal fungi. *Applied Soil Ecology*, 2013, 64: 99–103.
- [42] Cheng F S, You L H, Ye G F, *et al.* Carbon balance in an interplanting *Pinus massoniana* stand in subtropical eroded red soil region. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, 32(4): 1163–1174.  
程分生, 尤龙辉, 叶功富, 等. 亚热带红壤侵蚀区马尾松不同套种模式生态系统碳平衡. *应用生态学报*, 2021, 32(4): 1163–1174.