

DOI:10.11686/cyxb2025235

http://cyxb.magtech.com.cn

李菲, 张琳, 德科加, 等. 三江源区燕麦与箭筈豌豆混播对根际土壤微生物多样性的影响. 草业学报, 2026, 35(5): 99-112.

LI Fei, ZHANG Lin, DE Ke-jia, et al. Effects of mixed sowing of oat and common vetch on the microbial diversity of inter-root soil in the Sanjiangyuan region. Acta Prataculturae Sinica, 2026, 35(5): 99-112.

## 三江源区燕麦与箭筈豌豆混播对根际土壤微生物多样性的影响

李菲<sup>1</sup>, 张琳<sup>1,2</sup>, 德科加<sup>1,2\*</sup>, 冯廷旭<sup>1</sup>, 林伟山<sup>1</sup>, 向雪梅<sup>1</sup>, 魏希杰<sup>1,2</sup>

(1. 青海大学畜牧兽医科学院, 青海 西宁 810016; 2. 青海省畜牧兽医科学院, 青海 西宁 810016)

**摘要:**三江源区作为我国重要生态屏障,其土壤微生物多样性对维系生态系统稳定意义重大。为探究混播对根际土壤微生物群落的影响,本研究以燕麦与箭筈豌豆分别按7:3(Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>)、5:5(Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>)、3:7(Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>)建植人工混播草地,以两种饲草单播作为对照,研究土壤养分、根际微生物群落结构及多样性的变化,并通过Mantel test解析二者关联。结果表明:混播显著提高土壤pH、有机质、全氮及有效磷含量( $P<0.05$ ),其中Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>处理的提升效果最为显著( $P<0.05$ )。混播降低了土壤微生物群落的丰富度及多样性,细菌群落中酸杆菌门、RB41和假单胞菌属及真菌群落中子囊菌门、被孢霉门、寡囊盘菌属、外瓶霉属的相对丰度显著增加( $P<0.05$ )。Mantel test分析表明,土壤pH、有机质、碱解氮及有效磷是调控土壤微生物群落的关键驱动因子( $P<0.05$ )。综上所述,燕麦与箭筈豌豆混播通过改变三江源区根际土壤养分,显著影响土壤微生物群落结构与多样性,其中燕麦与箭筈豌豆以7:3比例混播效果最优,土壤pH、有机质等关键因子在调控微生物群落过程中发挥核心作用。本研究结果为三江源区人工草地优化种植及改善土壤生态功能提供了重要的理论依据和实践指导。

**关键词:**燕麦;箭筈豌豆;混播比例;高通量测序;土壤养分;根际微生物

### Effects of mixed sowing of oat and common vetch on the microbial diversity of inter-root soil in the Sanjiangyuan region

LI Fei<sup>1</sup>, ZHANG Lin<sup>1,2</sup>, DE Ke-jia<sup>1,2\*</sup>, FENG Ting-xu<sup>1</sup>, LIN Wei-shan<sup>1</sup>, XIANG Xue-mei<sup>1</sup>, WEI Xi-jie<sup>1,2</sup>

1. Academy of Animal and Veterinary Sciences, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. Qinghai Academy of Animal and Veterinary Sciences, Xining 810016, China

**Abstract:** The Sanjiangyuan region is an important ecological barrier in China, and the diversity of soil microorganisms in this region is critical for sustaining ecosystem stability. This study created artificial mixed sowings of oat (*Avena sativa*) and common vetch (*Vicia sativa*) at ratios of 7:3 (Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>), 5:5 (Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>), and 3:7 (Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>), with oat monoculture and common vetch monoculture as controls, in order to examine the effects of mixed sowing on soil nutrients and rhizosphere microbial communities. The Mantel test was used to assess the connections between changes in soil nutrients, rhizosphere microbial community structure, and diversity. It was found that mixed sowing considerably raised the soil pH, organic matter, total nitrogen, and available phosphorus content ( $P<0.05$ ). The Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub> treatment showed the greatest improvement ( $P<0.05$ ). This sowing mix considerably enhanced the relative

收稿日期:2025-06-10;改回日期:2025-07-01

基金项目:青海省科技厅重点研发与转化计划项目(2024-NK-137),国家重点研发计划课题(2022YFD1602302)和青海大学三江源生态系统教育部野外科学观测研究站资助。

作者简介:李菲(1998-),女,甘肃白银人,在读博士。E-mail: lifei010820@163.com

\* 通信作者 Corresponding author. E-mail: 1162157948@qq.com

abundance of Acidobacteriota, *RB41* and *Pseudomonas* in the bacterial community and Ascomycota, Mortierellomycota, *Thelebolus* and *Exophiala* in the fungal community ( $P < 0.05$ ). Mantel test analysis revealed that the main elements influencing the control of soil microbial communities were soil pH, organic matter, available nitrogen, and available phosphorus ( $P < 0.05$ ). In conclusion, by altering the inter-root soil nutrients, the mixed sowing of oat and common vetch had a significant impact on the structure and diversity of the soil microbial community. The best results were obtained when the oat and common vetch were sown in 7:3, and soil pH and organic matter were highly important in the regulation of the microbial community. These results provide a scientific basis for useful recommendations for enhancing soil ecological function and optimizing artificial grassland planting in the Sanjiangyuan region.

**Key words:** oat; common vetch; mixed planting ratio; high-throughput sequencing; soil nutrients; rhizosphere microbiology

三江源地处青藏高原东南部,是长江、黄河、澜沧江的发源地,被誉为“中华水塔”<sup>[1]</sup>,是青藏高原生态安全屏障的重要单元,在水源涵养、调节气候、防止水土流失、维持生物物种多样性及保护生态环境等方面具有重要作用<sup>[2]</sup>。近年来由于全球气候变化及人类的不合理利用,三江源区高寒草地面临生态系统结构受损和功能退化的严峻挑战<sup>[3]</sup>,严重影响青藏高原生态安全屏障的稳定。在这一背景下,探寻既能提高饲草产量、又能改善土壤生态环境的种植模式,成为生态修复与农牧业协同发展的关键。

根际土壤微生物作为土壤生态系统的核心组成部分,其主要由细菌和真菌组成,在碳转化储存、调节土壤环境、土壤结构及功能的形成等方面发挥着至关重要的作用<sup>[4]</sup>。土壤微生物群落的组成及多样性会在一定程度上受到作物种类、种植模式及其根系活动等的影 响。同时,微生物群落极易受环境变化的影响,与温度、土壤和植物群落等环境因子密切相关<sup>[5]</sup>。例如,阚海明等<sup>[6]</sup>发现土壤真菌群落结构与土壤有机碳、总氮、速效氮、总磷等土壤养分水平显著相关。刘欢等<sup>[7]</sup>发现铵态氮、速效磷和 pH 是土壤真菌门水平的主要影响因子。但也有研究表明真菌群落组分与土壤因子均没有显著相关关系<sup>[8]</sup>。这提示土壤微生物与环境因子的互作机制仍需深入探究。

在农业生产实践中,科学合理的混播模式可以通过改变作物的生理特性和根系分泌物特性的途径间接调节土壤中微生物群落的组成,因此具有改善土壤环境的潜力<sup>[9]</sup>。然而目前针对禾豆混播对根际土壤微生物的影响研究较少,且已有的研究结果也不尽一致。如 Luo 等<sup>[10]</sup>的研究发现燕麦(*Avena sativa*)与蚕豆(*Vicia faba*)混播后土壤中细菌  $\alpha$  多样性显著高于燕麦单播,混播草地中微生物的群落组成得到改变,并且微生物的多样性也得到了提高。肖毅<sup>[11]</sup>的研究发现,紫花苜蓿(*Medicago sativa*)与鸭茅(*Dactylis glomerata*)2:2 混播时,土壤微生物群落结构组成改变,微生物群落 Alpha 多样性增加,土壤有害真菌丰度降低。而姜鑫等<sup>[12]</sup>的研究表明禾豆混播降低了土壤细菌群落的丰富度和多样性,对土壤真菌多样性没有显著影响。Zhao 等<sup>[13]</sup>的研究表明禾豆混播草地土壤细菌多样性低于单播草地。Yan 等<sup>[14]</sup>的研究结果表明禾豆混播与单播处理的土壤微生物群落差异不显著。因此,对于混播草地生态系统中土壤微生物区系变化及植物-微生物反馈调节机制仍需进一步明确。

燕麦与箭筈豌豆(*Vicia sativa*)混播作为一种高效种植模式,近年来已成为三江源区人工草地建设的主要模式之一,燕麦的快速生长特性与箭筈豌豆强大的生物固氮能力形成优势互补,不仅可显著提升饲草产量<sup>[15]</sup>,还能通过根系分泌物与凋落物输入改变根际土壤养分状况<sup>[16]</sup>。然而,目前关于二者混播对三江源区根际土壤微生物群落组成与多样性的研究较少,该区域特殊的气候与土壤条件下,混播模式如何通过影响根际微生物群落结构与功能,进而驱动土壤养分转化与生态系统服务,尚缺乏系统认知。因此本研究基于高通量测序技术,系统分析燕麦与箭筈豌豆混播下根际土壤养分和微生物群落特征,并运用 Mantel test 分析揭示二者的相关性,旨在阐明植物混播模式对根际土壤生态系统的调控机制,以期优化三江源地区饲草种植结构与模式、改善土壤生态功能及合理调控根际微环境提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验点位于青海大学三江源生态系统教育部野外科学观测研究站,地处青海省玉树州称多县珍秦镇(97°18'E, 33°24' N, 海拔4207 m),该地区属于典型高原大陆性气候,冷季长,气候寒冷,太阳辐射极强,年平均气温-5.6~3.8℃,年均降水量562.2 mm,全年75%以上的降水主要集中在6—9月。试验小区土壤类型为高山草甸土,土壤pH 6.92,土壤有机质含量24.1 g·kg<sup>-1</sup>,土壤全氮含量9.3 g·kg<sup>-1</sup>,土壤全磷含量8.1 g·kg<sup>-1</sup>,土壤碱解氮含量138 mg·kg<sup>-1</sup>,土壤有效磷含量7.1 mg·kg<sup>-1</sup>。

### 1.2 试验材料

本研究选用‘青甜1号’燕麦(Qingtian No. 1)和‘西牧333A’箭筈豌豆(Ximu 333A)为试验材料,种子均由青海省畜牧兽医科学院草原所提供。

### 1.3 试验设计

试验采用随机区组设计,共设5个处理:燕麦单播(DY)、箭筈豌豆单播(DJ)、燕麦与箭筈豌豆以3种比例(7:3、5:5、3:7)同行混播。混播处理根据两种饲草的单播播种量设置3种比例:燕麦:箭筈豌豆=70%:30%(Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>)、燕麦:箭筈豌豆=50%:50%(Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>)和燕麦:箭筈豌豆=30%:70%(Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>)。每个处理设3次重复,共计15个小区。燕麦单播播种量为225.01 kg·hm<sup>-2</sup>、箭筈豌豆的单播播种量为76.67 kg·hm<sup>-2</sup>,混播播种量按单播量及3种混播比例为标准计算确定(表1)。试验小区面积为15 m<sup>2</sup>(3 m×5 m),小区间设置0.5 m过道,每小区播种10行,行距0.3 m,于2024年5月11日开始播种,播种采用人工开沟同行条播的方式,播种深度为3~4 cm。底肥施用尿素和过磷酸钙分别为75和100 kg·hm<sup>-2</sup>。设置围栏封育,保护作物免受外界环境影响,作物生长期间不进行追肥及灌溉,于7月15日进行田间除草一次。

### 1.4 土壤样品采集与测定

于2024年9月,在各小区内随机选取5点采集土样,每点选取5株整齐一致且健康的燕麦与箭筈豌豆植株,挖出植物完整根系,去除根部松散的土壤后,仍粘在根上的土作为根际土,使用无菌刷子收集于无菌密封袋中<sup>[17]</sup>。同一小区内多点取样土壤充分混合作为1个待检测样品,做好标记带回实验室。一部分经自然风干后磨细过0.25和1.00 mm孔径的筛子用于测定土壤养分,另一份鲜土用干冰保存,带回实验室后立即储存于-80℃冰箱,用于DNA提取和高通量测序分析。

**1.4.1 土壤养分测定** 土壤pH采用电位测定法测定<sup>[18]</sup>;土壤有机质(organic matter, OM)含量采用重铬酸钾外加热法测定<sup>[18]</sup>;土壤全氮(total nitrogen, TN)含量采用硫酸—催化剂消解法测定<sup>[18]</sup>;土壤碱解氮(available nitrogen, AN)含量采用碱解扩散法测定<sup>[18]</sup>;土壤全磷(total phosphorus, TP)含量采用NaOH熔融法—钼锑抗比色测定<sup>[18]</sup>;土壤有效磷(available phosphorus, AP)含量采用碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法测定<sup>[19]</sup>。

**1.4.2 土壤微生物分析** 1)土壤微生物总DNA提取。从-80℃冰箱中取出保存的土壤样品,分别称取不同处理土样各0.5 g,采用FAST土壤DNA提取试剂盒(MP Biomedicals, 美国)提取根际土壤DNA。提取完成后,使用Nanodrop 2000核酸定量仪(Thermo Fisher Scientific, 美国)检测DNA的纯度和浓度(浓度均在20 ng·μL<sup>-1</sup>以上,A260/A280为1.8~2.0)。随后,用无菌水稀释至1 ng·μL<sup>-1</sup>。

2)PCR扩增。使用稀释后的DNA样品作为模板,对16S rRNA和ITS rRNA基因进行PCR扩增。利用细菌扩增的引物序列301F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')对16S rRNA的V3~V4区域进行扩增,反应体系为4 μL 5×FastPfuBuffer,0.8 μL上下游引物,10 μg基因组

表1 燕麦与箭筈豌豆混播比例及播种量

播种草种 Growing forage	处理代码 Treatment codes	播种量 Sowing amount (kg·hm <sup>-2</sup> )	
		燕麦 Oat	箭筈豌豆 Common vetch
燕麦 Oat	DY	225.010	0
燕麦+箭筈豌豆 Oat+common vetch	Y <sub>7</sub> J <sub>3</sub>	157.507	23.001
	Y <sub>5</sub> J <sub>5</sub>	112.505	38.335
	Y <sub>3</sub> J <sub>7</sub>	67.501	53.669
箭筈豌豆 Common vetch	DJ	0	76.670

DNA, 2  $\mu\text{L}$  dNTPs, 0.4  $\mu\text{L}$  FastPfu 聚合酶, 0.2  $\mu\text{L}$  PCR 增强剂 BSA, 灭菌的 ddH<sub>2</sub>O 补足 20  $\mu\text{L}$ , PCR 循环条件为: 95  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min, 随后进行 30 个循环(95  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s, 52  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 40 s); 利用真菌扩增的引物序列 ITS7F (5'-GTGARTCATCGAATCTTTG-3') 和 ITS4R (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') 对真菌 ITS 区进行扩增, PCR 扩增反应体系为 2  $\mu\text{L}$  10 $\times$ rTaqBuffer, 0.8  $\mu\text{L}$  上下游引物, 10  $\mu\text{g}$  基因组 DNA, 2  $\mu\text{L}$  dNTPs, 0.4  $\mu\text{L}$  rTaq 聚合酶, 0.2  $\mu\text{L}$  PCR 增强剂 BSA, 灭菌的 ddH<sub>2</sub>O 补足 20  $\mu\text{L}$ , PCR 循环条件为: 95  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min, 随后进行 35 个循环(95  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s, 52  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 40 s)。将扩增产物经纯化及定量分析后采用 Illumina NovaSeq 6000 进行高通量测序。本试验测序部分委托上海伟寰生物科技有限公司完成。

### 1.5 数据处理

为了保证后续信息分析结果的准确可靠, 首先要对原始数据进行过滤处理, 得到有效数据。基于 Qiime 2 平台, 通过 DADA2 对测序序列进行拼接过滤并降噪细菌扩增子序列变异体 (amplicon sequence variant, ASV), 再使用 naive Bayes 分类器和 q2-feature-classifier 对 ASV 序列进行物种分类注释, 获得 ASV 表。具体参照吕晶花等<sup>[20]</sup>所述方法。基于 ASV 表, 使用 APEX-BIO 云平台分析土壤微生物数据。参考宋珂辰等<sup>[21]</sup>的方法计算细菌、真菌群落 Chao1 指数、Ace 指数、Shannon 指数和 Simpson 指数。

利用 Excel 2021 对数据进行录入和整理, 采用 SPSS 26.0 统计软件进行方差分析和多重比较 (Duncan 法), 结果以“平均值  $\pm$  标准误 (standard error of mean, SEM)”表示, 使用 Origin 2024 作图,  $P < 0.05$  为差异显著。采用 Mantel test 分析土壤养分对微生物群落组成及多样性的影响并通过 R 绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同混播比例对土壤养分的影响

随箭筈豌豆混播比例的增加, 土壤 pH 增加, 在 Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub> 处理下达最大值, 显著高于除 Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub> 外的其他处理 ( $P < 0.05$ ), 较 DY、DJ 分别提高了 3.2% 和 2.3% (图 1)。混播处理土壤有机质含量显著高于单播 ( $P < 0.05$ ), 且在 Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub> 处理下达最大, 为 81.52  $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ , 显著高于其他处理 ( $P < 0.05$ )。Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub> 和 Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub> 处理提高土壤有机质含量效果接近且均显著优于单播 ( $P < 0.05$ ); Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub> 处理土壤全氮含量显著高于 DY 但与 DJ 无显著差异, Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub> 处理与单播无显

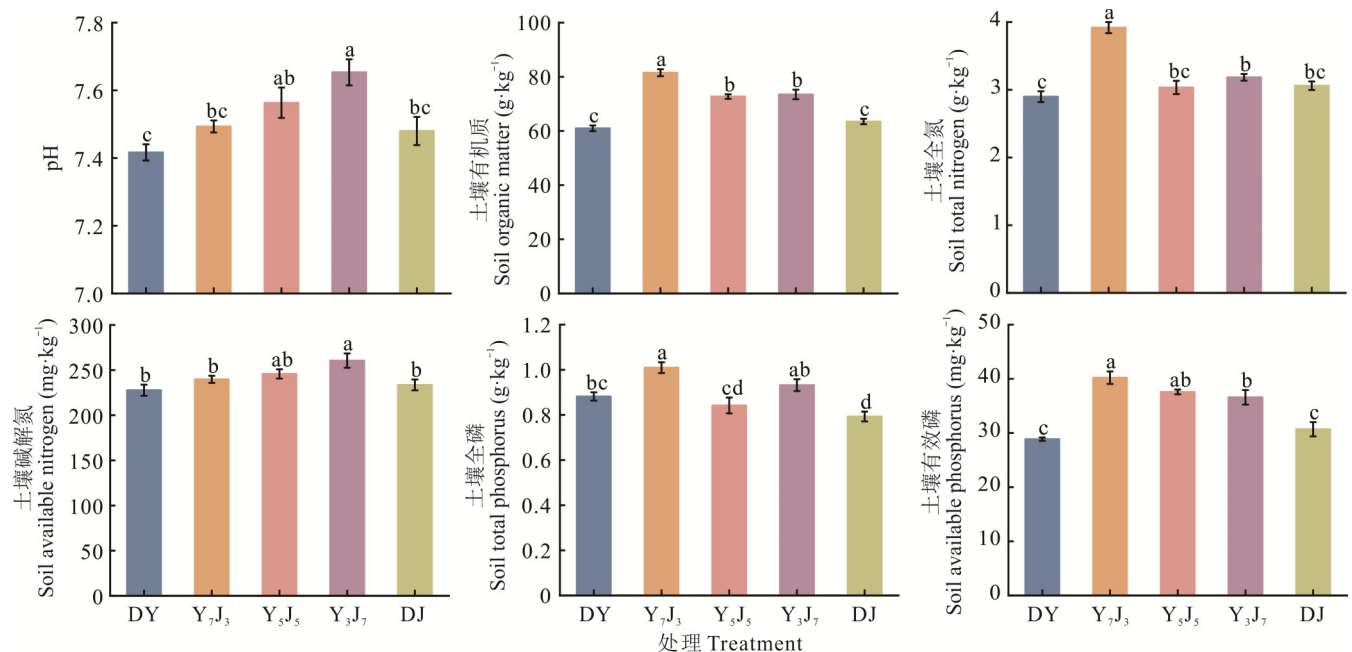


图 1 不同混播比例对土壤养分含量的影响

Fig. 1 Effect of different mixed-planting ratios on soil nutrient content

不同小写字母表示不同处理间差异显著 ( $P < 0.05$ ), 下同。Different lowercase letters indicate significant differences among different treatments at 0.05 level. The same below.

著差异 ( $P > 0.05$ )。混播处理土壤碱解氮含量高于单播处理。随着混播处理组中箭筈豌豆比例的逐渐增加(从  $Y_7J_3$  到  $Y_3J_7$ )，土壤碱解氮含量呈逐渐升高的趋势，在  $Y_3J_7$  处理下达最大值，为  $260.52 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ，显著高于除  $Y_5J_5$  外的其他处理 ( $P < 0.05$ )，较其他处理增加了  $6.00\% \sim 14.39\%$ 。除  $Y_3J_7$  外的其他处理间差异均不显著 ( $P > 0.05$ )。

土壤磷素含量在不同处理间具有显著差异 ( $P < 0.05$ )。全磷含量随箭筈豌豆比例增加呈“增—减—增”的变化趋势， $Y_7J_3$  处理最高，为  $1.01 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ ，显著高于除  $Y_3J_7$  外的其他处理 ( $P < 0.05$ )。有效磷含量作为土壤供磷能力的关键指标，混播处理均显著高于单播 ( $P < 0.05$ )， $Y_7J_3$  处理达峰值  $40.21 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ，较 DY 和 DJ 处理分别提高  $39.30\%$  和  $30.98\%$ 。 $Y_5J_5$  处理在提高有效磷方面亦表现突出，显著高于单播处理 ( $P < 0.05$ )，但其全磷含量与单播无显著差异 ( $P > 0.05$ )，表明不同混播比例对土壤磷素形态转化的影响存在差异。

## 2.2 不同混播比例对土壤微生物群落多样性的影响

### 2.2.1 土壤微生物测序结果

采用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台，测序策略为 PE250 双端测序进行 16S、ITS 扩增子测序。16S 测序共获得 1629403 条原始序列 (raw reads)，双端序列质控、拼接后共获得 1618741 条高质量序列 (clean reads)，占原始序列的  $99.34\%$ ，根据相似性聚类形成 22816 个细菌 ASV；ITS 测序共获得 1282805 条原始序列，双端序列质控、拼接后共获得 1276536 条高质量序列，占原始序列的  $99.51\%$ ，根据相似性聚类形成 2313 个真菌 ASV。

### 2.2.2 ASV 数目

DY、 $Y_7J_3$ 、 $Y_5J_5$ 、 $Y_3J_7$  和 DJ 处理下特有的细菌 ASV 数量分别为 4227、3166、2325、1785 和 3774 个，共有的 ASV 数量为 1357 个 (图 2a)。单播较混播处理有更多的特有细菌 ASV，各混播处理中， $Y_7J_3$  处理特有的细菌 ASV 数目最多。DY、 $Y_7J_3$ 、 $Y_5J_5$ 、 $Y_3J_7$  和 DJ 处理下特有的真菌 ASV 数量分别为 360、221、227、462 和 246 个，共有的 ASV 数量为 212 个。 $Y_3J_7$  处理特有的真菌 ASV 数目最多 (图 2b)。

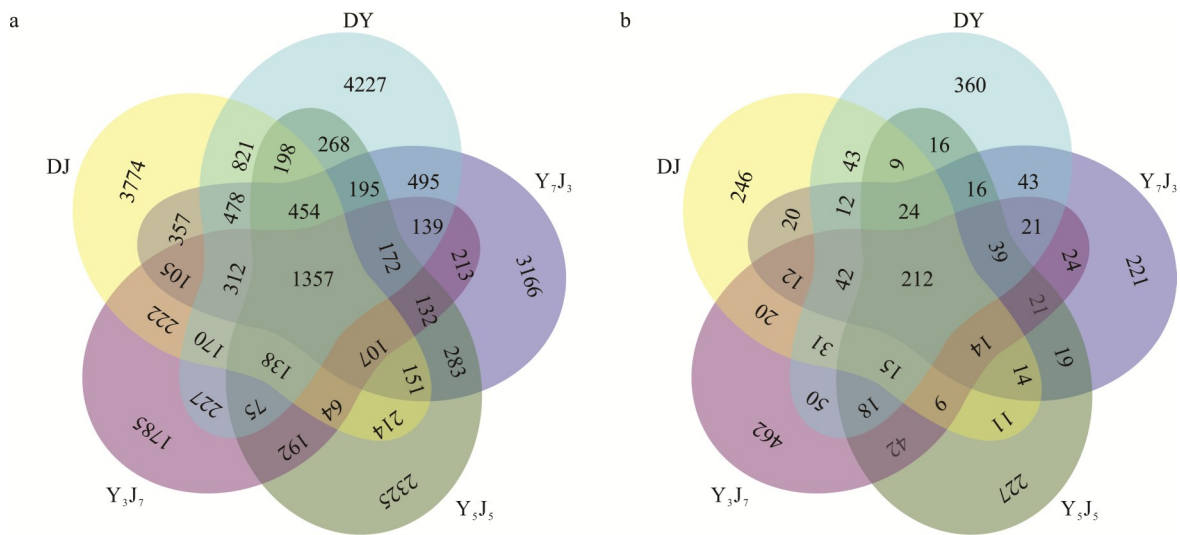


图 2 不同混播比例下土壤细菌 (a) 和真菌 (b) ASV 水平的 Venn 图

Fig. 2 Venn diagram of soil bacteria (a) and fungi (b) ASV levels under different mixed-planting ratios

### 2.2.3 Alpha 多样性

不同混播处理土壤微生物群落 Alpha 多样性分析结果 (表 2) 表明，土壤细菌 Chao1 指数和 Ace 指数均以 DY 处理最高，DJ 处理次之，混播草地 Chao1 指数和 Ace 指数均小于单播处理，在混播处理中，随着箭筈豌豆比例的增加，土壤细菌 Chao1 指数和 Ace 指数逐渐降低；不同处理间土壤细菌 Shannon 指数和 Simpson 指数无显著差异 ( $P > 0.05$ )。土壤真菌 Chao1 指数和 Ace 指数均以 DY 处理最高， $Y_3J_7$  处理次之。混播草地土壤真菌丰富度低于 DY 而高于 DJ 处理；DY 处理土壤真菌 Shannon 指数显著高于其他处理 ( $P < 0.05$ )， $Y_3J_7$  处理土壤真菌 Simpson 指数显著低于单播处理 ( $P < 0.05$ )。

### 2.2.4 Beta 多样性

对于细菌群落 (图 3a)，PCoA 的前两个主要坐标 (PCoA1=23.34% 和 PCoA2=14.83%) 共同解释了 38.17% 的 Beta 多样性变化。对于真菌群落 (图 3b)，PCoA 的前两个主要坐标 (PCoA1=

55.63%和PCoA2=18.39%)共同解释了74.02%的Beta多样性变化。在PCoA1坐标轴上,混播和单播处理的ASV呈明显分离(Adonis分析, $P=0.001$ ),表明混播处理对土壤细菌和真菌群落组成有显著影响( $P<0.05$ )。

表2 不同混播比例对土壤微生物Alpha多样性的影响

Table 2 Effects of different mixed-planting ratios on the Alpha diversity of soil microorganisms

微生物 Microorganism	处理 Treatment	Chao1 指数 Chao1 index	Ace 指数 Ace index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Simpson index
细菌 Bacteria	DY	4402.69±184.73a	4478.26±163.64a	10.02±0.63a	0.99±0.00a
	Y <sub>7</sub> J <sub>3</sub>	3630.30±42.62abc	3652.88±62.06abc	10.64±0.02a	1.00±0.00a
	Y <sub>5</sub> J <sub>5</sub>	2843.75±459.88bc	2842.03±471.52bc	10.28±0.16a	1.00±0.00a
	Y <sub>3</sub> J <sub>7</sub>	2247.50±864.51c	2239.86±860.26c	9.78±0.69a	1.00±0.00a
	DJ	4076.34±311.59ab	4108.09±323.47ab	10.09±0.44a	0.99±0.00a
真菌 Fungi	DY	595.05±10.11a	596.15±10.09a	6.73±0.06a	0.97±0.00a
	Y <sub>7</sub> J <sub>3</sub>	485.11±11.92b	485.58±11.95b	5.77±0.13b	0.92±0.01bc
	Y <sub>5</sub> J <sub>5</sub>	453.02±12.22c	453.60±12.48c	5.68±0.18b	0.92±0.02bc
	Y <sub>3</sub> J <sub>7</sub>	584.23±5.95a	584.75±6.00a	5.54±0.20b	0.90±0.02c
	DJ	451.26±6.79c	452.15±6.97c	5.82±0.04b	0.94±0.00b

不同小写字母表示细菌或真菌的不同处理间差异显著( $P<0.05$ )。Different lowercase letters indicate significant differences among different treatments of bacteria or fungi at 0.05 level.

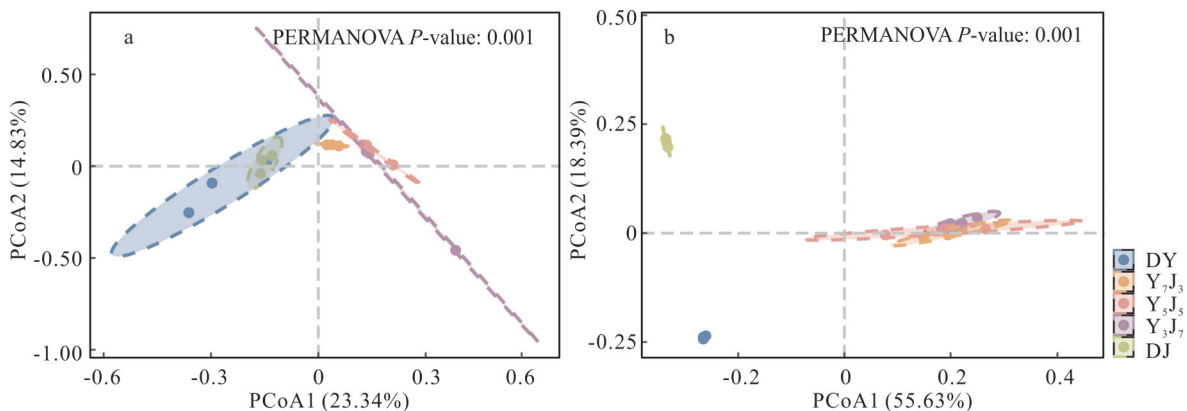


图3 不同混播比例下土壤微生物群落的PCoA分析

Fig. 3 PCoA analysis of soil microbial communities under different mixed-planting ratios

a: 细菌 Bacteria; b: 真菌 Fungi. 下同 The same below.

为了进一步研究燕麦与箭筈豌豆混播对土壤微生物群落Beta多样性的影响,利用ANOSIM方法<sup>[20]</sup>对不同混播比例下的土壤微生物群落Beta多样性进行分析(图4a,b)。结果表明,细菌和真菌的Between组高于各处理组,说明组间差异大于组内差异,且不同混播处理下土壤微生物群落存在显著差异(细菌: $R=0.476$ , $P=0.001$ ;真菌: $R=0.993$ , $P=0.012$ )。

### 2.3 不同混播比例对土壤微生物群落组成的影响

**2.3.1 燕麦与箭筈豌豆混播根际土壤细菌群落组成分析** 在门水平下,土壤细菌优势菌群依次为变形菌门(Proteobacteria,27.25%~31.38%)、酸杆菌门(Acidobacteriota,20.91%~30.72%)、放线菌门(Actinobacteriota,6.78%~18.20%)、疣微菌门(Verrucomicrobiota,5.14%~8.57%)和浮霉菌门(Planctomycetota,5.79%~6.88%)(图5a)。与DY和DJ处理相比,混播处理的酸杆菌门和疣微菌门相对丰度增加,放线菌门相对丰度降

低。各混播处理中, Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>处理的酸杆菌门、放线菌门和浮霉菌门相对丰度高于 Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>及 Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>处理, 变形菌门、疣微菌门相对丰度低于其他处理。

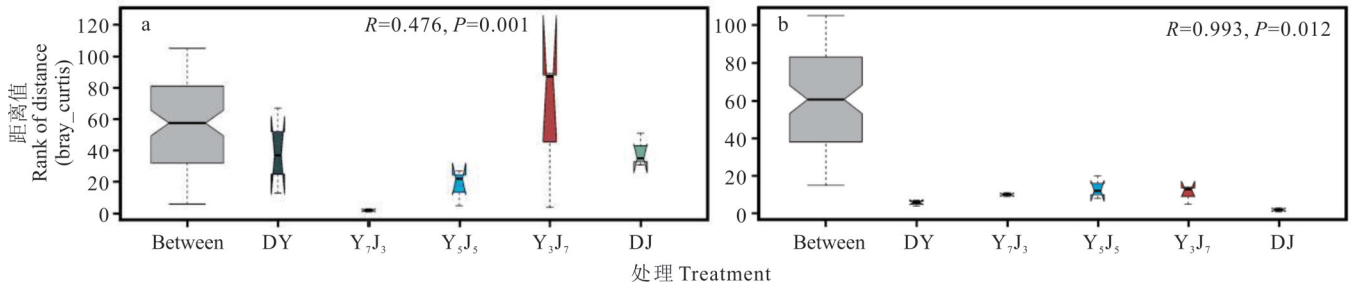


图 4 不同混播比例下土壤微生物群落的 ANOSIM 分析

Fig. 4 ANOSIM analysis of soil microbial communities under different mixed-planting ratios

Between表示不同处理的组间差异,其余表示对应分组合内差异。 $R$ 表示组内和组间的差异程度, $R>0$ 表示组间差异大于组内差异。The Between group indicates the differences between different groups, the remaining represent the within-group variance for the corresponding groups. The  $R$  indicates the degree of variation within and between groups,  $R>0$  indicates that the differences between groups are greater than the differences within groups.

在属水平下,土壤细菌优势菌群依次为 RB41(5.62%~10.65%)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*, 3.53%~4.66%)、*Candidatus\_Udaeobacter*(2.88%~5.64%)、*Vicinamibacteraceae*(2.91%~4.10%)和假单胞菌属(*Pseudomonas*, 0.65%~3.85%)(图 5b)。混播较单播处理 RB41、*Candidatus\_Udaeobacter*、*Vicinamibacteraceae*及假单胞菌属相对丰度增加。燕麦与箭筈豌豆混播影响了土壤的细菌结构。Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>处理下假单胞菌属的相对丰度高于其他处理, Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>处理下 RB41及 *Candidatus\_Udaeobacter*的相对丰度高于其他处理, Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>处理下鞘脂单胞菌属及 *Vicinamibacteraceae*的相对丰度高于其他处理。

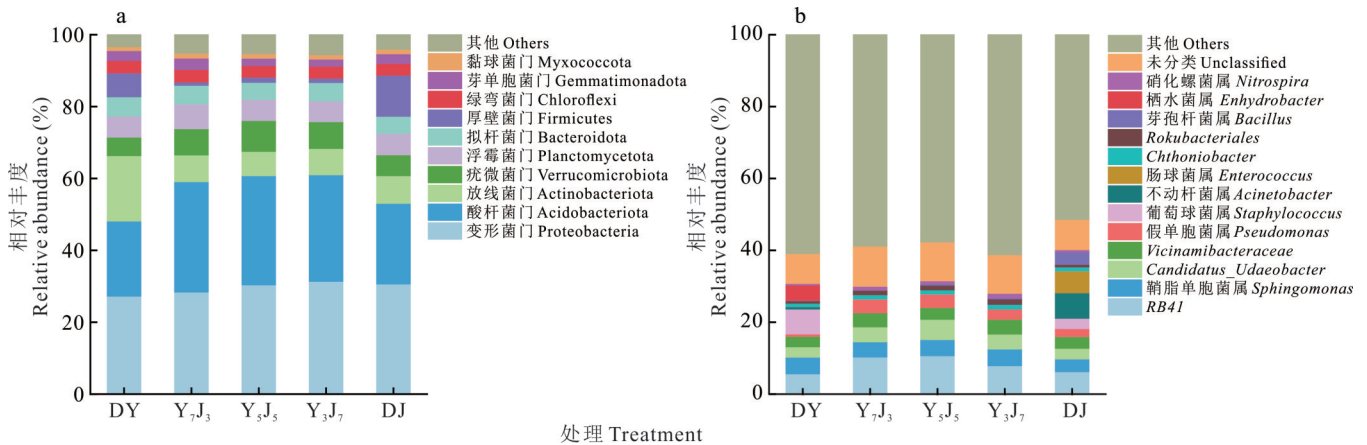


图 5 混播比例对土壤细菌群落组成的影响

Fig. 5 Effects of mixed-planting ratios on soil bacterial community composition

a: 门水平 Phylum level; b: 属水平 Genus level. 下同 The same below.

**2.3.2 燕麦与箭筈豌豆混播根际土壤真菌群落组成分析** 在门水平下,土壤真菌优势菌群主要为子囊菌门(Ascomycota, 72.10%~89.66%)、担子菌门(Basidiomycota, 5.68%~13.27%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 2.92%~9.16%)和毛霉菌门(Mucoromycota, 0.23%~3.50%)(图 6a)。对比优势菌门在不同处理中的丰度差异发现,与单播处理相比, Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>和 Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>处理的被孢霉门相对丰度增加了 63.35%~124.45%;与 DY 处理相比, Y<sub>5</sub>J<sub>5</sub>和 Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>处理的担子菌门和毛霉菌门相对丰度降低, Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>处理的担子菌门和毛霉菌门相对丰度较 DY 处理降低了

38.78%和36.04%;与DJ处理相比,混播处理的担子菌门相对丰度均降低,Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>处理的毛霉菌门相对丰度降低了203.17%。

在属水平上,土壤真菌优势菌群依次为寡囊盘菌属(*Thelebolus*,6.21%~16.58%)、镰刀菌属(*Fusarium*,3.84%~13.02%)、被孢霉属(*Mortierella*,3.10%~9.91%)和外瓶霉属(*Exophiala*,2.32%~8.31%)(图6b)。混播较单播处理寡囊盘菌属、外瓶霉属及裂壳菌属相对丰度增加,被孢霉属、光黑壳属、根霉属、截盘多毛孢属相对丰度减少。各混播处理中,Y<sub>7</sub>J<sub>3</sub>处理的镰刀菌属相对丰度低于其他处理,外瓶霉属高于其他处理;Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub>处理的镰刀菌属相对丰度较高且高于单播处理,其外瓶霉属的相对丰度较低。

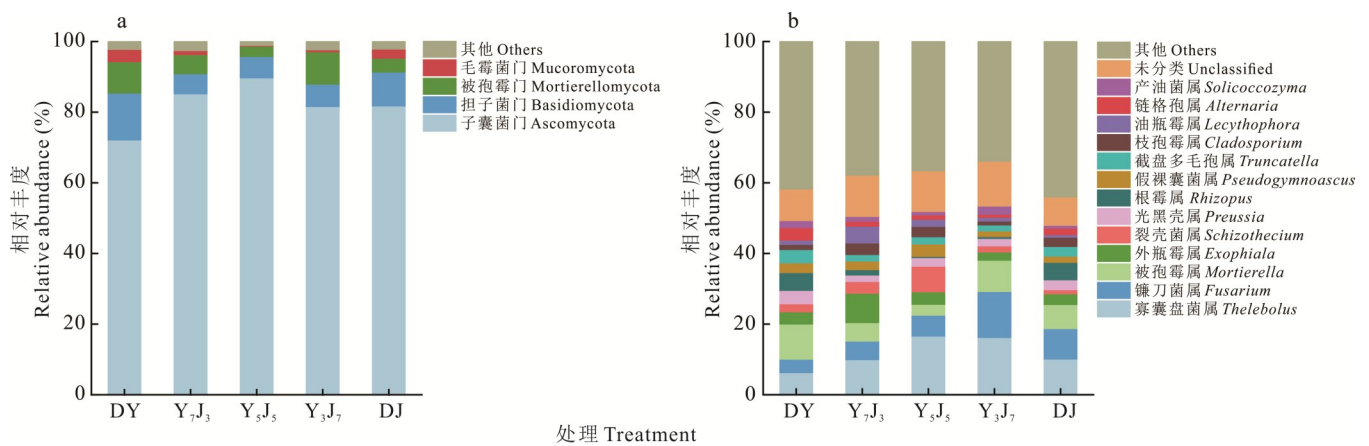


图6 混播比例对土壤真菌群落组成的影响  
Fig. 6 Effects of mixed-planting ratios on soil fungi community composition

2.4 土壤养分与微生物多样性指数的Mantel test分析

Mantel test分析结果表明,细菌群落和pH、土壤碱解氮、土壤有效磷含量显著有关( $P < 0.05$ 或 $P < 0.01$ ),真菌群落和pH、土壤有机质、土壤碱解氮、土壤有效磷含量显著有关( $P < 0.05$ 或 $P < 0.01$ ,图7)。

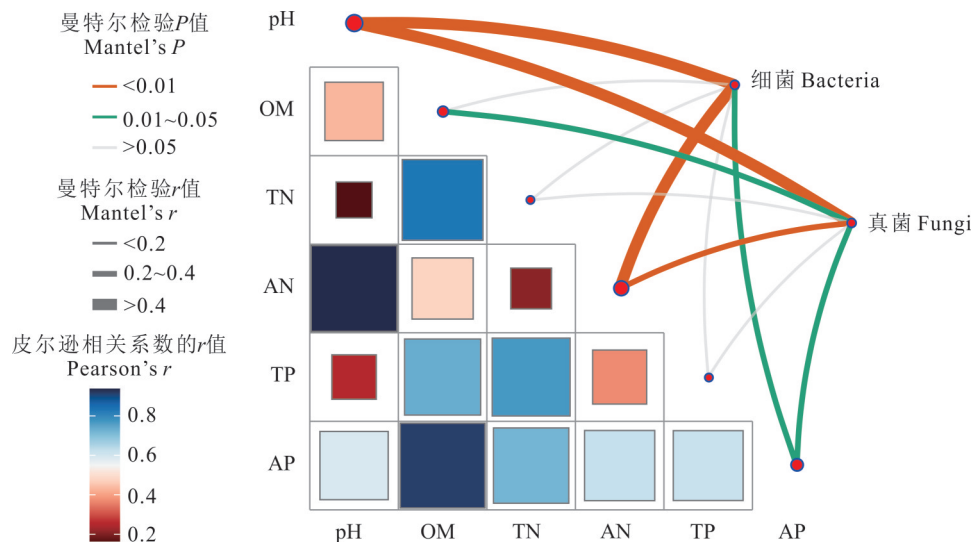


图7 土壤养分和微生物多样性之间的Mantel检验  
Fig. 7 Mantel test for the relationship between soil nutrient and microbial diversity

OM: 土壤有机质 Soil organic matter; TN: 土壤全氮 Soil total nitrogen; AN: 土壤碱解氮 Soil available nitrogen; TP: 土壤全磷 Soil total phosphorus; AP: 土壤有效磷 Soil available phosphorus.

### 3 讨论

#### 3.1 禾豆混播对土壤养分的影响

土壤养分含量可反映土壤质量和土壤肥力,为饲草生长提供所需的资源,充足的土壤肥力是保证草地生产力的物质基础<sup>[22]</sup>。禾豆混播体系中由于存在时间及空间上的根系分布差异,以及饲草间对养分的吸收区域、敏感程度不同,有效地降低了饲草对氮的竞争作用<sup>[23]</sup>,提高了混播饲草地土壤养分含量。本研究中,混播与单播相比,对土壤养分含量有较好的改善作用,这与前人的研究结果相似<sup>[24]</sup>。土壤 pH 不仅影响土壤微生物的活动,更重要的是其能直接影响土壤养分存在形式及养分有效性,影响植物的生长发育。本研究中,饲草混播较单播土壤 pH 升高,各混播处理间,随豆科饲草比例的增加 pH 随之升高,这与徐强等<sup>[25]</sup>的混播处理中豆科饲草比例的增加导致土壤 pH 值显著下降的研究结果不一致,其原因可能与不同研究区域的土壤类型、气候等条件不同有关。蔺芳等<sup>[26]</sup>认为天然有机质的积累主要与饲草种植后地表枯落物及地下部根系的增多有关。本研究中,混播较单播草地土壤有机质含量增加了 19.23%~33.66%,在混播比例为 7:3 时土壤有机质含量达到最高,随着豆科饲草比例的增加,有机质含量呈降低趋势,这与郭常英等<sup>[27]</sup>的研究结果基本一致,这可能主要与混播草地的地表枯落物及地下根系多于单播草地有关,能提供更多的有机质供饲草生长使用<sup>[28]</sup>。

氮素是植物生长发育的关键营养元素之一。豆科饲草能够利用根瘤进行生物固氮,这些固定的氮不仅满足自身生长需求,还可通过根系分泌物或残体分解等方式向相邻作物传递养分。本研究中混播比例为 7:3 时土壤全氮含量最高,而土壤碱解氮含量在混播比例为 3:7 时最高,这可能与混播比例为 7:3 时植物对氮素的吸收利用效率较高有关,植物吸收了大量氮素,使得土壤中可供碱解的氮素减少,也可能是因为混播比例为 7:3 时土壤微生物活动较弱,氮的转化效率较低,导致碱解氮含量较低。本研究中,随豆科饲草比例的增加,饲草地土壤全磷、有效磷含量减少,杜青峰等<sup>[29]</sup>的研究也得出类似的结果,这可能是因为具有固氮作用的豆科饲草会影响混播系统中的土壤氮磷平衡,高氮环境促使饲草吸收更多的磷养分以保持平衡<sup>[30]</sup>。与单播相比,混播后土壤有效磷含量提高了 26.79%~39.30%,可能原因是禾豆混播系统中豆科饲草产生的根系分泌物对根际微生物的群落分布存在影响,提高了土壤难溶性磷的有效性,同时豆科饲草根系可释放出酸性物质,提高磷保持能力,在植物根际产生铵态氮,活化微生物,矿化有机磷,增加土壤中有效磷含量<sup>[31]</sup>。

#### 3.2 不同混播比例对土壤微生物群落组成及多样性的影响

土壤微生物群落和多样性调控土壤生态系统的多功能性,进而影响土壤本身的抵抗力和恢复力,对维持土壤肥力和可持续性生产至关重要<sup>[32]</sup>。本研究检测出的细菌 ASV 数以及种类均高于真菌,表明高寒人工草地土壤微生物类群以细菌为主,这与向前胜等<sup>[33]</sup>关于高寒地区土壤微生物的研究结果一致。肖毅<sup>[11]</sup>的研究发现,紫花苜蓿与鸭茅 2:2 混播时,土壤微生物群落结构组成改变,微生物群落 Alpha 多样性增加,土壤有害真菌丰度降低。刘欢等<sup>[7]</sup>研究发现,不同比例藏沙蒿 (*Artemisia wellbyi*)、垂穗披碱草 (*Elymus nutans*) 和细茎冰草 (*Agropyron trachycaulthum*) 混播后,土壤真菌群落 Alpha 多样性增加,土壤微生物群落结构组成改变。本研究发现,相对于单播处理,燕麦与箭筈豌豆混播后土壤细菌和真菌群落的 Alpha 多样性降低,与其结果不同,其原因可能是因为混播改变了饲草根际的土壤有机质含量,反过来也会影响土壤微生物多样性,其次可能与豆科植物特殊的根际调控机制有关,箭筈豌豆的固氮能力可能会抑制依赖有机碳的异养微生物生长,此外,燕麦与箭筈豌豆的根系空间竞争可能导致根际分泌物总量减少,削弱了微生物群落的碳源供给基础。各混播处理中,随着箭筈豌豆比例的增加,土壤细菌的 Alpha 多样性逐渐降低,可能与豆科植物比例升高导致的根系分泌物竞争性抑制有关。相比之下,真菌群落的响应更为复杂:Chao1 指数和 Ace 指数在 Y<sub>3</sub>J<sub>7</sub> 处理时达到峰值,而 Shannon 指数和 Simpson 指数随箭筈豌豆比例增加呈下降趋势。这一现象表明,豆科比例越高虽然增加了真菌物种丰富度(如寡囊盘菌属和镰刀菌属的富集),但可能导致优势菌群如镰刀菌属等的生态位扩张,从而降低群落均匀性<sup>[34]</sup>。

**3.2.1 不同混播比例对细菌群落组成及多样性的影响** 本研究发现,燕麦与箭筈豌豆混播改变了土壤微生物的群落结构,土壤细菌的变形菌门、酸杆菌门、放线菌门的相对丰度较大,这与前人研究结果类似<sup>[35]</sup>,与单播相比,混播处理下酸杆菌门和疣微菌门相对丰度增加,可能与燕麦和箭筈豌豆混播种植条件下根系分泌的低分子量有

机酸(如柠檬酸、苹果酸)浓度升高有关,为酸杆菌门提供了特异性碳源,同时改变了根际土壤的酸碱度,形成了更适宜其生长的微环境。虽然混播较单播微生物 Alpha 多样性指数降低,但特定功能菌群的丰度提升揭示了混播系统中微生物群落功能冗余的补偿机制。混播较单播相比放线菌门的相对丰度降低,可能原因是燕麦与箭筈豌豆混播后产生了更多的根系分泌物,对革兰氏阳性菌产生了选择性抑制作用。这一现象与姜鑫等<sup>[12]</sup>的研究结果相左,导致结果不同的主要原因可能是箭筈豌豆特异性分泌的异黄酮类物质对放线菌群体感应的干扰作用。不同处理中的土壤细菌优势菌属依次为 *RB41*(属酸杆菌门)、鞘脂单胞菌属、*Candidatus\_Udaeobacter*(属疣微菌门)、*Vicinamibacteraceae*(属酸杆菌门)等。混播与单播相比 *RB41* 和 *Candidatus\_Udaeobacter* 的丰度显著提升,揭示了混播系统对碳氮循环功能菌群的定向选择。混播草地中土壤 pH 及有效磷含量的显著增加,可能是导致 *RB41* 相对丰度增加的主要原因<sup>[36]</sup>。而 *Candidatus\_Udaeobacter* 作为一种核心微生物菌群,能参与有机质的分解,释放出植物可利用的营养物质,促进饲草生长及健康<sup>[37]</sup>,还有研究发现 *Candidatus\_Udaeobacter* 在氮循环中起作用,特别是参与硝化或反硝化过程<sup>[38]</sup>,可能与豆科植物生物固氮作用增强导致的碱解氮积累形成正向反馈。假单胞菌属作为溶磷菌的代表,不仅能通过 1-氨基环丙烷疣微菌门 1-羧酸酯(1-aminocyclopropane-1-carboxylate ester, ACC)脱氨酶缓解植物胁迫,其分泌的嗜铁素更可活化土壤磷素<sup>[39]</sup>,本研究观测到的有效磷含量提升形成机理与之相呼应。此外,*Vicinamibacteraceae* 相对丰度的增加可能与其对复杂有机物的分解能力有关<sup>[40]</sup>。

**3.2.2 不同混播比例对真菌群落组成及多样性的影响** 本研究发现,与单播相比,混播显著提高了土壤真菌群落中子囊菌门的相对丰度,而被孢霉门和毛霉菌门的丰度降低。这可能与混播显著增强了土壤中的全氮和有机质含量有关,子囊菌门中的许多真菌能够高效分解有机物,为其生长提供了丰富的碳源和氮源<sup>[41]</sup>。混播后土壤养分含量的增加可能不利于被孢霉门和毛霉菌门的生长,此类微生物可能更适应在养分贫瘠的土壤中生存<sup>[42]</sup>。在属水平上,混播增加了寡囊盘菌属、外瓶霉属及枝孢霉属的丰度,同时减少了光黑壳属和根霉属的相对丰度,说明燕麦与箭筈豌豆混播能改变土壤真菌群落结构,混播较单播较高的土壤 pH 环境,抑制了根霉属的孢子萌发和菌丝生长。土壤真菌群落对混播比例的响应更为复杂。 $Y_7J_3$  处理中子囊菌门和担子菌门丰度较低,而毛囊菌门增加。子囊菌门相对丰度的减少可能与其对低 pH 环境的敏感性有关<sup>[43]</sup>,而毛囊菌门的富集可能是因为燕麦根系分泌的有机酸对微环境的调节<sup>[44]</sup>。随箭筈豌豆比例的增加,寡囊盘菌属和镰刀菌属的逐渐富集,可能与豆科植物通过根系分泌物筛选出具有特定代谢功能的真菌类群有关,而  $Y_7J_3$  处理中外瓶霉属、根霉属及枝孢霉属的丰度相对较高,可能与其对燕麦根系分泌物的偏好性及在碳循环中的分解功能相关<sup>[34]</sup>。镰刀菌属是重要的植物病原菌之一<sup>[45]</sup>,各混播处理中, $Y_3J_7$  处理镰刀菌属相对丰度最高,而  $Y_7J_3$  处理镰刀菌属丰度低于其余处理,说明合理的混播比例一定程度上能改善土壤生态环境,提高土壤健康状况。

### 3.3 土壤养分和微生物群落间的关系

土壤微生物群落作为生态系统功能的关键调节者,对其生存环境的土壤养分变化表现出高度响应性。已有研究表明,土壤类型及养分含量的变化都会引起微生物群落多样性及结构发生变化<sup>[46]</sup>。然而,由于土壤理化因子间复杂的互作网络及其时空异质性,关于影响微生物群落构建的关键因子尚未形成统一的理论框架<sup>[47]</sup>。例如,于方明等<sup>[48]</sup>的研究发现,土壤中酸杆菌门和疣微菌门的丰度与土壤中有机质含量呈正相关,与土壤中全氮和全磷含量呈负相关。何升然等<sup>[49]</sup>在紫花苜蓿/甜高粱(*Sorghum bicolor*)间作体系中发现,部分细菌门的相对丰度与土壤 pH 及碱解氮含量呈正相关。Liu 等<sup>[50]</sup>的研究表明 pH 是影响土壤微生物群落结构和多样性的重要因素,与土壤中大多微生物之间呈显著正相关,但也有研究显示,土壤微生物群落组成与土壤 pH 呈显著负相关,与有机质和全氮含量呈显著正相关<sup>[51]</sup>。本研究发现,土壤 pH 和碱解氮含量与细菌群落有极显著相关性,土壤有效磷含量与细菌群落显著相关;土壤 pH 和碱解氮含量与真菌群落极显著相关,土壤有机质和有效磷含量与真菌群落显著相关,这与张婷等<sup>[52]</sup>的研究结果一致。各因子中,土壤 pH 值是影响微生物多样性和群落组成的决定性因素(Mantel's  $r > 0.4, P < 0.01$ ),这与 Lauber 等<sup>[53]</sup>基于全球土壤微生物组数据提出的“pH 主导假说”一致。然而,有研究指出,在氮沉降强烈的生态系统中,AN 可能取代 pH 成为微生物群落的主导因子<sup>[54]</sup>,这种差异可能主要与研究区的地理位置及海拔不同有关。

## 4 结论

本研究结果表明,燕麦与箭筈豌豆混播对土壤养分及微生物群落具有显著调控作用。混播能显著改善土壤理化性质并驱动养分活化,显著提高土壤 pH、有机质、全氮及有效磷含量。其中以燕麦与箭筈豌豆以 7:3 比例混播时具有较高的土壤养分。PCoA 分析显示混播较单播处理可以改变土壤微生物群落结构,但各混播处理间差异不明显。细菌群落中,酸杆菌门、疣微菌门等有益菌群丰度增加,且与 pH、碱解氮、有效磷呈正相关;真菌群落中,子囊菌门丰度增加,担子菌门及被孢霉门丰度降低,其多样性与 pH、有机质、碱解氮等密切相关。综上,燕麦与箭筈豌豆混播可通过调节养分循环和微生物群落结构改善土壤生态,其中燕麦与箭筈豌豆以 7:3 比例混播在提升养分含量和优化微生物结构中表现最优,为三江源区优质饲草生产及合理调控根际微环境提供了理论依据和科学支撑。

## 参考文献 References:

- [1] Wang N Y, Wan J Y, Ding M J, *et al.* More management is needed to improve the effectiveness of artificial grassland in vegetation and soil restoration on the three-river Headwaters region of China. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1152405.
- [2] Lin H L, Zhang F. Fragmentation and percolation thresholds in the degradation process of alpine meadow in the Three-River Headwaters region of Qinghai-Tibetan Plateau, China. *The Rangeland Journal*, 2020, 42(3): 171–177.
- [3] Jiang C, Zhang L B. Ecosystem change assessment in the Three-river Headwater Region, China: Patterns, causes, and implications. *Ecological Engineering*, 2016, 93: 24–36.
- [4] Sun Z K, Sun C Z, Zhang T R, *et al.* Soil microbial community variation among different land use types in the agro-pastoral ecotone of northern China is likely to be caused by anthropogenic activities. *Frontiers in Microbiology*, 2024, 15: 1390286.
- [5] Zhao P Y, Bao J B, Wang X, *et al.* Deterministic processes dominate soil microbial community assembly in subalpine coniferous forests on the Loess Plateau. *PeerJ*, 2019, 7: e6746.
- [6] Kan H M, Chen C, Ma X D, *et al.* Effects of artificial grassland establishment via legume and grass plants on the structure and function of soil fungal community in a degraded wasteland of Northern China. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(24): 10092–10103.  
阚海明, 陈超, 马晓东, 等. 华北退化荒地建植豆类和禾本植物人工草地对土壤真菌群落结构和功能的影响. *生态学报*, 2023, 43(24): 10092–10103.
- [7] Liu H, Dong K, Ren Z W D, *et al.* Effects of co-sowing of *Artemisia wellbyi* and perennial grasses on the characteristics of vegetation and soil fungal communities in desertified grasslands in Tibet. *Acta Prataculturae Sinica*, 2023, 32(6): 45–57.  
刘欢, 董凯, 仁增旺堆, 等. 藏沙蒿与多年生禾草混播对西藏沙化草地植被及土壤真菌群落特征的影响. *草业学报*, 2023, 32(6): 45–57.
- [8] Wang X D, Li Y, Yan Z Q, *et al.* The divergent vertical pattern and assembly of soil bacterial and fungal communities in response to short-term warming in an alpine peatland. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 986034.
- [9] Zhao Y J, Liu X J, Wu Y, *et al.* Rhizosphere soil nutrients, enzyme activities and microbial community characteristics in legume-cereal intercropping system in Northwest China. *Journal of Desert Research*, 2020, 40(3): 219–228.  
赵雅姣, 刘晓静, 吴勇, 等. 豆禾牧草间作根际土壤养分、酶活性及微生物群落特征. *中国沙漠*, 2020, 40(3): 219–228.
- [10] Luo F, Liu W H, Mi W B, *et al.* Legume-grass mixtures increase forage yield by improving soil quality in different ecological regions of the Qinghai-Tibet Plateau. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1280771.
- [11] Xiao Y. Study on yield and efficiency increasing mechanism of the mixed planting mode of alfalfa and orchard grass in different row ratios. Taiyuan: Shanxi Agricultural University, 2021.  
肖毅. 苜蓿/鸭茅不同行比混播模式增产增效机制研究. 太原: 山西农业大学, 2021.
- [12] Jiang X, Niu K C. Effects of grass mixed-sowing on soil microbial diversity on the Qingzang (Tibetan) Plateau. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2021, 45(5): 539–551.  
姜鑫, 牛克昌. 青藏高原禾草混播对土壤微生物多样性的影响. *植物生态学报*, 2021, 45(5): 539–551.
- [13] Zhao W, Yin Y, Song J Q, *et al.* Mixed sowing improves plant and soil bacterial community restoration in the degraded alpine meadow. *Plant and Soil*, 2024, 499(1): 379–392.
- [14] Yan H L, Gu S S, Li S Z, *et al.* Grass-legume mixtures enhance forage production via the bacterial community. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, 338: 108087.

- [15] Feng Q, He X L, Wang B, *et al.* A study of mixed sowing effects for oat and common vetch in the Ningxia Yellow River irrigation area. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(3): 107–119.  
冯琴, 何小莉, 王斌, 等. 宁夏引黄灌区燕麦与箭筈豌豆的混播效果研究. *草业学报*, 2024, 33(3): 107–119.
- [16] Feng T X, De K J, Xiang X M, *et al.* Effects of different mixtures and proportions of *Avena sativa* and pea on forage yield and quality in alpine cold region. *Acta Agrestia Sinica*, 2022, 30(2): 487–494.  
冯廷旭, 德科加, 向雪梅, 等. 高寒地区燕麦与豌豆不同混播组合和比例对饲草产量及品质的影响. *草地学报*, 2022, 30(2): 487–494.
- [17] Chaudhary D R, Gautam R K, Yousuf B, *et al.* Nutrients, microbial community structure and functional gene abundance of rhizosphere and bulk soils of halophytes. *Applied Soil Ecology*, 2015, 91: 16–26.
- [18] Bao S D. Soil agrochemical analysis. Beijing: China Agriculture Press, 2000.  
鲍士旦. 土壤农化分析. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [19] Chen L, Kou X Y, Dang Y A, *et al.* Effects of phosphorus application rates in wheat season on wheat-maize rotation yield and available phosphorus in soil. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(2): 185–194.  
陈丽, 寇心悦, 党亚爱, 等. 麦季施磷量对小麦-玉米轮作产量及土壤有效磷的影响. *麦类作物学报*, 2024, 44(2): 185–194.
- [20] Lv J H, Li C, Yang Z D, *et al.* Responses of soil microbial communities to land use changes in the Napahai Plateau Wetlands. *Chinese Journal of Soil Science*, 2023, 54(3): 682–694.  
吕晶花, 李聪, 杨志东, 等. 纳帕海高原湿地土壤微生物群落对土地利用方式改变的响应. *土壤通报*, 2023, 54(3): 682–694.
- [21] Song K C, Wang X, Xu D M, *et al.* Effects of short-term nitrogen addition on soil biological properties in Desert Steppe. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2022, 36(3): 303–310, 318.  
宋珂辰, 王星, 许冬梅, 等. 短期氮添加对荒漠草原土壤微生物特征的影响. *水土保持学报*, 2022, 36(3): 303–310, 318.
- [22] Lu Y X, Mu L, Yang H M. Advances in improved soil fertility with legume-grass mixtures. *Chinese Journal of Grassland*, 2019, 41(1): 94–100.  
芦奕晓, 牟乐, 杨惠敏. 豆科与禾本科牧草混播改良土壤的研究进展. *中国草地学报*, 2019, 41(1): 94–100.
- [23] Ma Y, Zheng C Y, Bo Y K, *et al.* Improving crop salt tolerance through soil legacy effects. *Frontiers in Plant Science*, 2024, 15: 1396754.
- [24] Bao X G, Yang W Y, Cao W D, *et al.* Soil fertility improvement by mixed planting of leguminous and gramineous green manure crops. *Chinese Journal of Grassland*, 2012, 34(1): 43–47.  
包兴国, 杨文玉, 曹卫东, 等. 豆科与禾本科绿肥饲草作物混播增肥及改土效果研究. *中国草地学报*, 2012, 34(1): 43–47.
- [25] Xu Q, Tian X H, Du W H. Effects of mix-sowing of triticale and legume forage on surface soil fertility in alpine pastoral areas. *Grassland and Turf*, 2023, 43(2): 107–115.  
徐强, 田新会, 杜文华. 高寒牧区小黑麦与3种豆科牧草混播草地的土壤肥力特征. *草原与草坪*, 2023, 43(2): 107–115.
- [26] Lin F, Liu X J, Zhang J Y. Study on the contents of carbon, nitrogen and enzymes activities of sandy soil grown alfalfa and perennial ryegrass with different planting patterns. *Grassland and Turf*, 2019, 39(3): 43–49.  
蔺芳, 刘晓静, 张家洋. 紫花苜蓿与多年生黑麦草不同种植模式下沙化土壤碳、氮含量和酶活性研究. *草原与草坪*, 2019, 39(3): 43–49.
- [27] Guo C Y, Wang W, Peng D, *et al.* Effect of sowing method and row spacing on soil physicochemical properties of oat/forage pea grassland in alpine regions. *Pratacultral Sciense*, 2023, 40(3): 654–664.  
郭常英, 王伟, 彭丹, 等. 播种方式和行距对高寒地区燕麦/饲用豌豆草地土壤理化特性的影响. *草业科学*, 2023, 40(3): 654–664.
- [28] Benbi D K, Brar K, Toor A S, *et al.* Total and labile pools of soil organic carbon in cultivated and undisturbed soils in Northern India. *Geoderma*, 2015, 237/238: 149–158.
- [29] Du Q F, Wang D J, Yu X Y, *et al.* The effects of corn and green manure intercropping on soil nutrient availability and plant nutrient uptake. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(3): 225–233.  
杜青峰, 王党军, 于翔宇, 等. 玉米间作夏季绿肥对当季植物养分吸收和土壤养分有效性的影响. *草业学报*, 2016, 25(3): 225–233.
- [30] Qu J H, Li L J, Li X T. Effects of intercropping oats and common vetch on forage yield and soil physical and chemical

- characteristics. *Chinese Journal of Soil Science*, 2018, 49(5): 1176–1183.
- 渠佳慧, 李立军, 李晓婷. 燕麦与箭筈豌豆不同行比例间作对饲草产量及土壤理化性状的影响. *土壤通报*, 2018, 49(5): 1176–1183.
- [31] Gao C X. Effects of mixed sowing of oat and common vetch on yield and rhizosphere soil nutrients. Harbin: Northeast Agricultural University, 2020.
- 高晨曦. 燕麦和箭筈豌豆混播对牧草产量和根际土壤养分的影响. 哈尔滨: 东北农业大学, 2020.
- [32] Bai R, Wang J T, Deng Y, *et al.* Microbial community and functional structure significantly varied among distinct types of paddy soils but responded differently along gradients of soil depth layers. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 945.
- [33] Xiang Q S, Zhang D S, Sun K, *et al.* Analysis of soil microbial community structure and diversity in *Berberis vernae* habitat at different altitudes in alpine region. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2021, 41(6): 1036–1050.
- 向前胜, 张登山, 孙奎, 等. 高寒地区不同海拔梯度西北小檗生境土壤微生物群落结构及多样性分析. *西北植物学报*, 2021, 41(6): 1036–1050.
- [34] Tedersoo L, Bahram M, Polme S, *et al.* Global diversity and geography of soil fungi. *Science*, 2014, 346(6213): 1256688.
- [35] Mao X N, Liu M L, Li R R, *et al.* Effects of fertilization on bacterial community structure in rhizosphere soil of spring maize in Northeast China. *Chinese Wild Plant Resources*, 2024, 43(3): 34–38.
- 毛晓宁, 刘美玲, 李然然, 等. 施肥对东北春玉米根际土壤细菌群落结构的影响. *中国野生植物资源*, 2024, 43(3): 34–38.
- [36] Liu Q W, Wang S X, Li K, *et al.* Responses of soil bacterial and fungal communities to the long-term monoculture of grapevine. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2021, 105: 7035–7050.
- [37] Kong T L, Lin H Z, Xiao E Z, *et al.* Investigation of the antimony fractions and indigenous microbiota in aerobic and anaerobic rice paddies. *Science of the Total Environment*, 2021, 771: 145408.
- [38] Zhou W L, Chen J, Qi Z Y, *et al.* Effects of applying ramie fiber nonwoven films on root-zone soil nutrient and bacterial community of rice seedlings for mechanical transplanting. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 3440.
- [39] Li L L, Yang J, Sun Y J, *et al.* Isolation, identification of *Pseudomonas taiwanesis* and its solubilization of insoluble phosphates. *Journal of Wuhan University of Science and Technology*, 2019, 42(5): 354–364.
- 李凌凌, 杨进, 孙好婕, 等. 台湾假单胞菌的分离、鉴定及其对难溶性磷酸盐的溶解特性. *武汉科技大学学报*, 2019, 42(5): 354–364.
- [40] Kielak A M, Barreto C C, Kowalchuk G A, *et al.* The ecology of Acidobacteria: moving beyond genes and genomes. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 744.
- [41] Sa X M, Li M. Different fertilization treatments affect rhizosphere soil nutrients and fungal communities of “Cabernet Sauvignon” grapes. *Microbiology China*, 2023, 50(11): 4876–4893.
- 撒晓梅, 李明. 不同施肥处理对‘赤霞珠’葡萄根际土壤养分和真菌群落的影响. *微生物学通报*, 2023, 50(11): 4876–4893.
- [42] Dejene T, Merga B, Martín-Pinto P. Green trees preservation: A sustainable source of valuable mushrooms for Ethiopian local communities. *PLoS One*, 2023, 18(11): e0294633.
- [43] Zhalnina K, Dias R, De Quadros P D, *et al.* Soil pH determines microbial diversity and composition in the park grass experiment. *Microbial Ecology*, 2015, 69: 395–406.
- [44] Bulgarelli D, Garrido-Oter R, Münch P C, *et al.* Structure and function of the bacterial root microbiota in wild and domesticated barley. *Cell Host & Microbe*, 2015, 17(3): 392–403.
- [45] Bian R L, Ren H, Jiang M G, *et al.* Cryphonectria hypovirus 1 infection suppresses the pathogenicity but increases the mycotoxin deoxynivalenol production of *Fusarium graminearum*. *Phytopathology Research*, 2024, 6(1): 54.
- [46] Zhou X G, Zhang J Y, Rahman M K U, *et al.* Interspecific plant interaction via root exudates structures the disease suppressiveness of rhizosphere microbiomes. *Molecular Plant*, 2023, 16(5): 849–864.
- [47] Delgado-Baquerizo M, Reich P B, Trivedi C, *et al.* Multiple elements of soil biodiversity drive ecosystem functions across biomes. *Nature Ecology & Evolution*, 2020, 4(2): 210–220.
- [48] Yu F M, Yao Y W, Xie D Y, *et al.* Study on the soil microbial community structure associated with six land use in Siding mining area. *China Environmental Science*, 2020, 40(5): 2262–2269.
- 于方明, 姚亚威, 谢冬煜, 等. 泗顶矿区 6 种土地利用类型土壤微生物群落结构特征. *中国环境科学*, 2020, 40(5): 2262–2269.

- [49] He S R, Liu X J, Zhao Y J, *et al.* Effects of alfalfa/sweet sorghum intercropping on rhizosphere soil characteristics and microbial community characteristics. *Acta Prataculturae Sinica*, 2024, 33(5): 92–105.  
何升然, 刘晓静, 赵雅姣, 等. 紫花苜蓿/甜高粱间作对根际土壤特性及微生物群落特征的影响. *草业学报*, 2024, 33(5): 92–105.
- [50] Liu J J, Sui Y Y, Yu Z H, *et al.* High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of Northeast China. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 113–122.
- [51] Li C, Lv J H, Lu M, *et al.* Distribution of soil microbial biomass carbon and nitrogen across different altitudinal vegetation zones in Wenshan National Nature Reserve. *Scientia Silvae Sinicae*, 2022, 58(3): 20–30.  
李聪, 吕晶花, 陆梅, 等. 文山国家级自然保护区不同海拔地带性植被的土壤微生物生物量碳氮分布特征. *林业科学*, 2022, 58(3): 20–30.
- [52] Zhang T, Kong Y, Xiu W M, *et al.* Effects of fertilization treatments on soil microbial community characteristics under the wheat-maize rotation system in fluvo-aquic soil region in North China. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, 28(6): 1159–1167.  
张婷, 孔云, 修伟明, 等. 施肥措施对华北潮土区小麦-玉米轮作体系土壤微生物群落特征的影响. *生态环境学报*, 2019, 28(6): 1159–1167.
- [53] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al.* Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(15): 5111–5120.
- [54] Zhou J Z, Xue K, Xie J P, *et al.* Microbial mediation of carbon-cycle feedbacks to climate warming. *Nature Climate Change*, 2012, 2(2): 106–110.