

DOI: 10.11686/cyxb2025246

http://cyxb.magtech.com.cn

张辉, 李慧玲, 王庆森, 等. 茶园间作杂草野艾蒿对茶园土壤微生物结构及多样性的影响. 草业学报, 2026, 35(6): 166-180.

ZHANG Hui, LI Hui-ling, WANG Qing-sen, et al. Effects of intercropping the weed *Artemisia lavandulaefolia* on soil microbial structure and diversity in tea gardens. Acta Prataculturae Sinica, 2026, 35(6): 166-180.

茶园间作杂草野艾蒿对茶园土壤微生物结构及多样性的影响

张辉, 李慧玲, 王庆森, 刘丰静, 李金玉, 李良德, 钟秋生*, 王定锋*

(福建省农业科学院茶叶研究所, 福建 福州 350012)

摘要: 茶园杂草管理是影响茶叶产量与品质的关键问题, 长期使用化学除草剂已导致土壤生态系统恶化。本研究以茶园优势杂草野艾蒿为对象, 通过 Illumina Miseq 高通量测序分析土壤细菌(16S rDNA)和真菌(ITS)群落结构, 结合土壤理化性质测定, 探究其与茶树间作对土壤微生物群落及肥力的影响, 为野艾蒿的茶园利用提供理论依据。结果表明: 间作野艾蒿显著提高茶树根际土壤有机质(18.66%)、全氮(23.08%)和速效钾(30.63%)含量。间作未显著改变细菌和真菌的 α 多样性(Shannon和Chao 1指数), 但显著改变了群落组成。真菌优势属中, 绿僵菌属在根际土壤的相对丰度增加8.22倍, 间作茶行土壤增加93.92%; 细菌中芽单胞菌属、纤维堆囊菌属和玫瑰弯菌属相对丰度在间作区显著增加, 同时野艾蒿间作更易影响土壤中相对丰度较低的真菌和细菌类群。总之, 茶树野艾蒿间作模式可提高茶树根际土壤有机质、全氮和速效钾含量, 改变土壤微生物群落结构, 增加有益菌绿僵菌属、芽单胞菌属、纤维堆囊菌属和玫瑰弯菌属的丰度。该研究结果为茶园生态控草和可持续管理提供了理论依据。

关键词: 茶园间作; 野艾蒿; 土壤微生物; 土壤肥力; 高通量测序

Effects of intercropping the weed *Artemisia lavandulaefolia* on soil microbial structure and diversity in tea gardens

ZHANG Hui, LI Hui-ling, WANG Qing-sen, LIU Feng-jing, LI Jin-yu, LI Liang-de, ZHONG Qiu-sheng*, WANG Ding-feng*

Tea Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350012, China

Abstract: Weed management in tea (*Camellia sinensis*) plantations is a critical issue affecting tea yield and quality, with long-term chemical weed control leading to soil ecological degradation. In this study, we determined how intercropping with *Artemisia lavandulaefolia*, a dominant weed in tea plantations, affects soil physicochemical properties, soil microbial communities, and soil fertility in tea gardens. We used Illumina Miseq high-throughput sequencing to analyze the bacterial (16S rDNA) and fungal (ITS) community structures in soils of tea gardens with and without *A. lavandulaefolia* intercropping. It was found that intercropping with *A. lavandulaefolia* significantly increased the contents of organic matter (18.66%), total nitrogen (23.08%), and available potassium (30.63%) in the rhizosphere soil of tea plants. Intercropping with *A. lavandulaefolia* did not significantly alter the α -diversity (Shannon and Chao 1 indices) of bacterial and fungal communities, but it significantly affected their composition.

收稿日期: 2025-06-23; 改回日期: 2025-08-18

基金项目: 福建省科技重大专项(2024NZ029030), 福建省农业科学院青年英才项目(YC2021008), 福建省公益类科研院所基本科研专项(2023R1088)和国家现代农业(茶叶)产业技术体系(CARS-19)资助。

作者简介: 张辉(1985-), 女, 山东菏泽人, 助理研究员, 硕士。E-mail: zh5428580@163.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: 270387272@qq.com; 109259162@qq.com

Among the dominant fungal genera, the relative abundance of *Metarhizium* was increased by 8.22-fold in the rhizosphere soil and by 93.92% in the inter-row soil of tea plants intercropped with *A. lavandulaefolia*. Among the soil bacteria, *Gemmatimonas*, *Sorangium*, and *Roseiarcus* were significantly enriched in the soil of tea plants intercropped with *A. lavandulaefolia*. Additionally, intercropping with *A. lavandulaefolia* had a more pronounced impact on rare fungal and bacterial taxa with low relative abundances. In conclusion, the presence of the weed *A. lavandulaefolia* increased the contents of organic matter, total nitrogen, and available potassium in the rhizosphere soil of tea plants, changed the structure of the soil microbial community, and increased the abundance of beneficial bacteria, specifically *Metarhizium*, *Gemmatimonas*, *Sorangium*, and *Roseiarcus*. The results of this study provide a theoretical basis for ecological grass control and sustainable management of tea gardens.

Key words: tea garden intercropping; *Artemisia lavandulaefolia*; soil microorganisms; soil fertility; high-throughput sequencing

茶 (*Camellia sinensis*) 园杂草是制约茶叶增产的一个重要因素, 研究表明, 茶园未控杂草可导致茶叶减产 14.98%~19.84%^[1], 而传统化学除草方法 (如草甘膦和草铵膦) 虽能短期见效, 但长期使用会引发土壤残留, 抑制土壤酶活性, 导致土壤微生物群落失衡、土壤肥力降低等问题^[2-4], 同时 2021 年国家食品农药最大残留限量标准暗示茶园除草剂禁止使用^[5]。传统的人工除草投入大、工作效率低; 机械除草效率有所提高, 但因茶园山地地形复杂影响, 在应用上受到一定程度的限制; 而生态控草技术因其可持续性成为研究热点, 其中茶树间作绿肥^[6-7]和芳香植物^[8]已显示出显著的控草效果, 其中间作鼠茅草 (*Vulpia myuros*) 对茶园杂草鲜重防效达 89%^[9]。然而, 外来植物引入可能改变原有生态平衡, 如茶园间作香樟 (*Cinnamomum hupehanum*) 会促进茶小绿叶蝉 (*Empoasca onukii*) 的种群增长^[10], 而茶园生境杂草资源丰富, 中国已记录 412 种杂草^[11], 因此, 开发利用茶园本土杂草资源进行生态调控具有重要价值。

野艾蒿 (*Artemisia lavandulaefolia*) 为茶园优势杂草^[12], 研究表明野艾蒿具有病虫害防控和化感抑草的生态功能, 例如野艾蒿精油对小贯小绿叶蝉^[13]、茶橙瘿螨 (*Acaphylla theae*) 成若螨^[14]、茶丽纹象 (*Mylocerinus aurolineatus*)^[15] 具有触杀、拒食、胃毒、驱避和抑制产卵等作用。其提取液可以抑制三叶鬼针草 (*Bidens pilosa*)、稗草 (*Echinochloa crus-galli*)、披碱草 (*Elymus dahuricus*) 等多种草的生长发育^[16]。

本课题组前期研究发现茶园间作野艾蒿对小贯小绿叶蝉具有生态调控作用, 在有效降低小贯小绿叶蝉发生的同时, 增加天敌的种群数量, 显著降低茶鲜叶茶多酚含量, 具有调控茶叶品质的作用^[17]。而间作野艾蒿对茶园地下土壤生态系统的影响未见报道, 茶园土壤生态系统是茶树生长发育的载体, 其稳定性直接取决于土壤微生物群落的结构与功能。现有研究表明, 土壤微生物作为生态功能的关键驱动者, 通过参与养分循环、有机质分解和病原菌抑制等过程, 成为维持茶园土壤健康的核心生物因子^[18]。其群落特征显著受植物类型 (如单一栽培与间作系统)、物种多样性水平以及植物生育期等多重因素调控^[19]。当前针对茶树根际微生物的间作效应研究已拓展至多种模式, 包括茶豆间作系统^[20]、药用植物间作系统 [茶树—灵芝 (*Ganoderma lucidum*), 茶树—麦冬 (*Ophiopogon japonicus*)]^[21-22] 和木本复合系统间作 [茶—桂花 (*Osmanthus fragrans*), 茶—含笑花 (*Michelia figo*)]^[23], 这些间作模式通过改变根系分泌物组成、凋落物输入量和微环境参数, 显著重塑了土壤微生物的群落结构, 提高微生物群落的丰富度和多样性, 增加有益微生物的丰度。以上研究均是茶园生态外来植物对茶树根际微生物的影响, 而关于与茶树生长在同一生态系统的杂草野艾蒿对茶园土壤微生物的影响未见研究报道, 本研究采用高通量 (Illumina Miseq) 测序技术, 测定间作和非间作野艾蒿的茶树根际土和茶行土的理化性质、真菌种群和细菌种群多样性变化、功能微生物丰度动态, 揭示野艾蒿—茶树—土壤微生物的互作机制, 为茶园杂草资源化利用提供理论依据, 为生态控草技术奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验茶园位于福建省农业科学院茶叶研究所试验基地 (119°57' E, 27°22' N, 海拔 89 m), 该地区属于亚热带

海洋性季风气候,年平均气温 17.9℃,年平均降水量 1813.4 mm,无霜期 272.2 d,供试土壤为黄壤土,土壤肥沃。试验茶树品种为福云 6 号,单行条栽 5 年,茶行间 1.5 m,株距 0.4 m,野艾蒿种子于茶园收集,营养钵育苗。

1.2 试验设计

试验于 2020 年 3 月 10 日开始,对照组和试验组各设置 3 块试验小区,每块小区面积为 1.5 m×20.0 m,茶园间作区域按双行条播方式种植野艾蒿,行间距设置为 40 cm,株距保持 20 cm。野艾蒿幼苗在 2 叶期选择健壮且规格一致的植株进行移栽。为控制变量,单作茶园采用人工除草方式防治杂草,试验区其他如施肥、灌溉等田间管理措施均与常规茶园管理模式保持一致,野艾蒿未翻压,但在 3—5 月和 9—10 月的采茶季,有采茶工人非目的踩压。

1.3 土壤样品的采集

本研究于 2022 年 3 月 15 日进行田间采样,采用 5 点取样法,在每个小区选取 5 个点,分别采集茶树根际土壤和茶行土壤,用土钻取 0~20 cm 土层土样,茶树根际采集样品标准为主根 20 cm 内土壤,单作茶行采集茶行中间土壤(离茶树 50~70 cm),间作茶行采集 2 行野艾蒿中间的土壤。取样后,土壤混匀。设置间作茶树根际土壤为 TC,间作茶行土壤为 TA,单作茶树根际土壤为 CC,单作茶行土壤为 CK,后把样品平均分为 2 份,1 份立即冷冻干燥保存于 -80℃ 冰箱,用于提取土壤微生物总 DNA,1 份置于室内自然风干,研磨过 2 mm 筛后用于土壤理化性质分析。

1.4 土壤理化性质测定

土壤 pH 用 pH 计(梅特勒 S210-k,瑞士)测定;全氮含量用凯氏定氮仪(海能 K1160,中国)测定;有机质含量采用重铬酸钾容量法测定^[24];碱解氮采用碱解扩散法测定^[24];速效钾和有效磷分别采用火焰分光光度计(Sherwood M420 型号,英国)和钼锑抗比色法测定^[24]。

1.5 土壤微生物 DNA 的提取及 Miseq 测序

DNA 提取方法参照 DNA Kit(Omega Bio-tek, Norcross, GA, 美国)试剂盒说明书。提取得到的 DNA 样品用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测进行质量检测。检测后,将样品于 -20℃ 保存以备后续试验使用。选取细菌 16S rDNA V3-V4 区和真菌 ITS1(ITS1-ITS2),DNA 样本送至北京奥维森基因科技有限公司,利用 Illumina Miseq PE 300 高通量测序平台测序。细菌 16S rDNA V3-V4 引物为 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACNNGGTTATCTAAT-3');真菌引物为扩增。PCR 反应体系(总体积为 25 μL):12.5 μL KAPA 2 G Robust Hot Start Ready Mix、1 μL Forward Primer(5 μmol·L⁻¹)、1 μL Reverse Primer(5 μmol·L⁻¹)、5 μL DNA(加入的 DNA 总量为 30 ng),最后加入 5.5 μL dd H₂O 补足至 25 μL。反应参数:95℃ 预变性 5 min;95℃ 变性 45 s,55℃ 退火 50 s,72℃ 延伸 45 s,28 个循环;72℃ 延伸 10 min。测序原始序列上传至 NCBI 的 SRA 数据库。

1.6 数据分析

通过 Illumina Miseq 平台进行 Paired-end 测序,下机数据经过 QIIME(v 1.8.0)软件过滤、拼接、去除嵌合体,去除打分低于 20、碱基模糊、引物错配或测序长度小于 150 bp 的序列。根据 barcodes 归类,各处理组序列信息聚类为可用于物种分类的运算分类单元(operational taxonomic units, OTU),OTU 相似性设置为 97%。对比 Silva 数据库,得到每个 OTU 对应的物种分类信息;再利用 Mothur 软件(version 1.31.2)进行 α 多样性分析(包括 Shannon 和 Chao 1 指数);经过 UniFrac 算法利用系统进化的信息来比较样品间物种群落差异,并进行 Beta 多样性(Beta diversity)分析,采用 Canoco 5 进行冗余分析作图;采用 SPSS 17 软件对土壤理化性质和微生物群落丰度与多样性进行分析。

2 结果与分析

2.1 间作野艾蒿对土壤肥力的影响

间作野艾蒿显著影响了土壤有机质、全氮、速效钾和有效磷含量,在茶行土壤中,与 CK 相比,TA 中有机质、全氮和速效钾含量分别显著下降了 11.80%、10.00%、33.00%。在茶树根际土壤中,与 CC 相比,TC 中的有机

质、全氮、速效钾含量分别显著增加了 18.66%、23.08%、30.63%。TC 中的有效磷含量与 CC 相比显著降低了 14.54%。茶树根际土壤的 pH 显著高于茶行土壤,而茶行土壤的有机质、全氮和有效磷含量显著高于茶树根际土壤(表 1)。

表 1 茶园间作野艾蒿对土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of intercropping *A. lavandulaefolia* in tea garden on soil physicochemical properties

处理 Treatment	pH	土壤有机质 Soil organic matter (g·kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen (g·kg ⁻¹)	有效磷 Available phosphorus (mg·kg ⁻¹)	碱解氮 Available nitrogen (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available potassium (mg·kg ⁻¹)
CK	3.56±0.045bB	47.90±1.50aA	2.40±0.07aA	20.85±0.87aA	167.50±10.50aA	251.50±5.48aA
TA	3.67±0.040bB	42.25±1.15bA	2.16±0.02bB	21.60±0.69aA	156.00±0.00aA	168.50±0.87bB
TC	4.05±0.050aA	31.80±0.70cB	1.76±0.01cC	12.05±0.38cB	148.00±7.00abA	217.50±7.79aA
CC	4.15±0.040aA	26.80±0.40dB	1.43±0.01dD	14.10±0.29bB	126.50±7.50bA	166.50±10.68bB

注:表中数据为平均值±标准误。同列不同大、小写字母分别表示经 Duncan 氏新复极差法检验在 $P<0.01$ 和 $P<0.05$ 水平差异显著,下同。

Note: Data in the Table are mean±standard error. Different uppercase or lowercase letters in the same column indicate significant difference at $P<0.01$ or $P<0.05$ level by Duncan's new multiple range, the same below.

2.2 间作野艾蒿对土壤微生物群落 α 多样性的影响

间作野艾蒿提高了茶行间土壤(TA)真菌 OTU 物种数目、Chao 1 指数和 Shannon 指数,降低了茶树根际土壤(TC)中真菌的 OTU 数目,Chao 1 指数和 Shannon 指数,但与单作比较差异不显著。茶树根际土壤(TC 和 CC)真菌 OTU 数目和 Chao 1 指数比茶行土壤(TA 和 CK)中高,但差异不显著(表 2)。

细菌物种数目表现为 $TC(1381.67)>CC(1367.33)>TA(972.67)>CK(792.33)$,茶树根际土壤(TC 和 CC)的细菌物种数目显著高于茶行土壤(TA 和 CK),TA 中的 OTU 物种数目较 CK 显著增加了 22.76%。茶树根际土壤(TC 和 CC)中 Chao 1 指数和 Shannon 指数显著高于茶行土壤(TA 和 CK),与单作区相比,野艾蒿间作土壤的细菌丰富度和多样性均有增加,但差异不显著(表 2)。

表 2 茶园间作野艾蒿对土壤微生物 α 多样性指数的影响

Table 2 Effect of intercropping *A. lavandulaefolia* in tea garden on soil microbial community α diversity index

处理 Treatment	细菌 Bacteria			真菌 Fungi		
	OTU 数目 OTU number	Chao 1 指数 Chao 1 index	Shannon 指数 Shannon index	OTU 数目 OTU number	Chao 1 指数 Chao 1 index	Shannon 指数 Shannon index
CK	792.33±29.79Cc	1113.89±84.45Bb	6.73±0.12Bb	455.67±13.53Aa	558.22±8.40Aa	5.28±0.17Aa
TA	972.67±12.33Bb	1340.70±62.13Bb	7.10±0.22Bb	476.00±43.59Aa	567.90±69.89Aa	5.76±0.22Aa
TC	1381.67±22.30Aa	1857.90±79.61Aa	8.43±0.02Aa	505.00±50.48Aa	670.31±44.89Aa	4.82±0.79Aa
CC	1367.33±22.24Aa	1818.12±23.41Aa	8.40±0.04Aa	546.00±13.89Aa	714.16±34.03Aa	5.60±0.17Aa

2.3 间作野艾蒿对微生物群落结构 β 多样性的影响

为探究不同处理之间真菌群落的结构差异,采用主成分分析法进行主成分提取,经方差最大化正交旋转后($P=0.05$),提取了 2 个主成分,贡献率分别为 36.62% 和 19.41%,如图 1A 所示 TA、TC、CC 和 CK 明显分散分布,各处理内部聚集分布,组间无交叉点,说明各处理真菌种群差异明显。对细菌群落结构进行主成分分析,共提取了 2 个主成分,贡献率分别为 58.75% 和 12.84%,TA 和 CK 聚集在一起,CC 和 TC 聚集在一起,说明各处理细菌种群差异不明显(图 1B)。

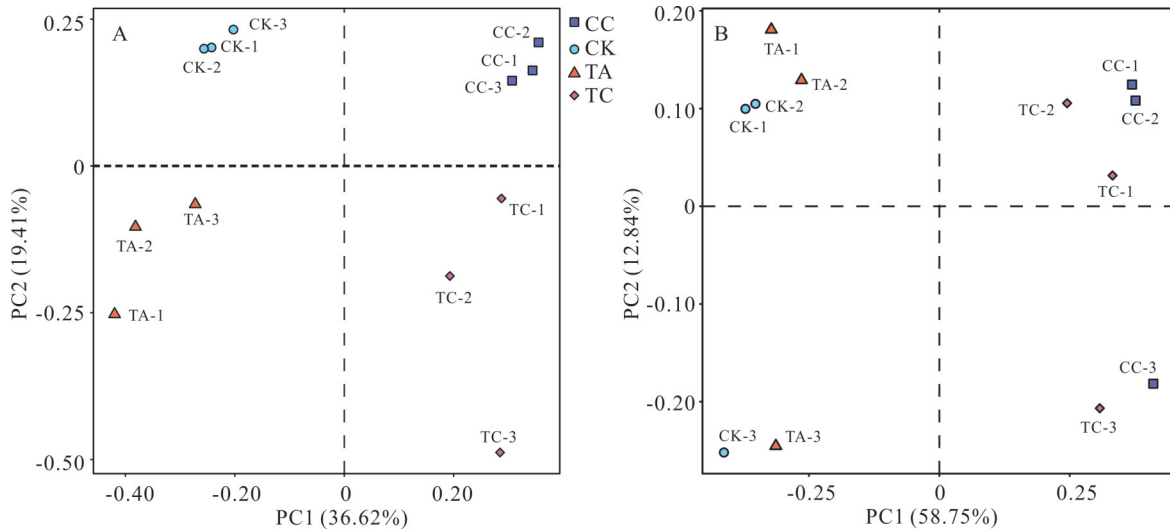


图1 野艾蒿间作下的茶园土壤真菌和细菌群落主成分分析

Fig. 1 Principal component analysis of soil fungal and bacterial communities in tea garden under *A. lavandulaefolia* intercropping

A代表土壤真菌群落主成分分析,B代表土壤细菌群落主成分分析。A represents the principal component analysis of soil fungal community, B represents the principal component analysis of soil bacterial community.

2.4 间作野艾蒿对茶园土壤真菌群落组成的影响

12份土壤样本共检测出17个门,29个纲,107个目,223个科,386个属的真菌微生物。图2分别展示门和属水平的群落结构和分类比较结果,在门水平上,4个处理的茶园土壤真菌主要包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota),其相对丰度分别占48.10%~61.74%、18.95%~31.07%和6.14%~10.09%,共占到所有真菌种数的85.27%~91.19%。与单作茶树根际土壤相比,间作野艾蒿茶树根际土壤中,罗兹菌门(Rozellomycota)种群丰度增加了203.25%(图2A)。

在属水平上,相对丰度≥1%的属为 *Saitozyma*、绿僵菌属(*Metarhizium*)、被孢霉属(*Mortierella*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、大孢圆孢霉属(*Staphylotrichum*)、毛壳菌属(*Chaetomium*)、青霉菌属(*Penicillium*)、粗糙孔菌属

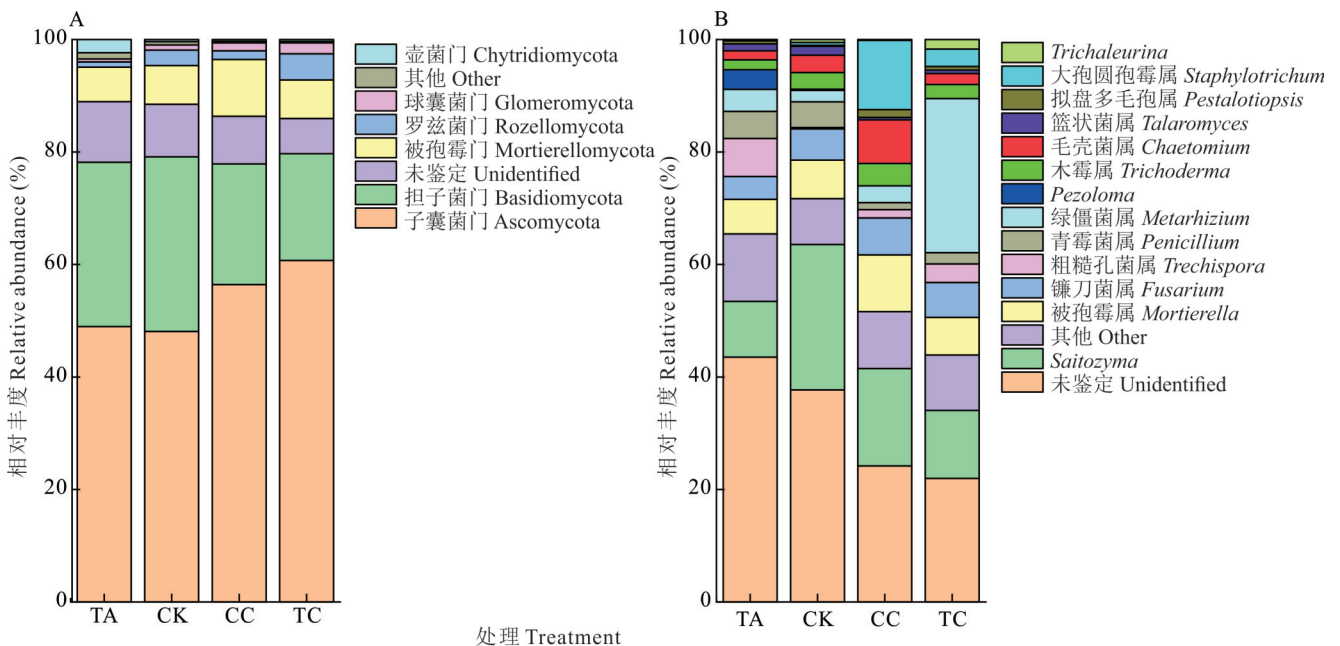


图2 茶园间作野艾蒿土壤的真菌群落门和属水平上的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of soil fungal community at phylum and genus levels of intercropping *A. lavandulaefolia* in tea garden

(*Trechispora*)、木霉属(*Trichoderma*)和拟盘多毛孢属(*Pestalotiopsis*)等共 13 个属,其余鉴定出的物种相对丰度 $\leq 1\%$ 归类其他。在茶树根际土壤中,相对丰度前 3 的优势属分布如下:TC 为绿僵菌属(25.85%)、*Saitozyma*(12.09%)和被孢霉属(6.74%),CC 为 *Saitozyma*(17.31%)、大孢圆孢霉属(12.33%)和被孢霉属(10.09%)。在茶行土壤中,相对丰度前 3 的优势属分布如下:TA 为 *Saitozyma*(9.90%)、粗糙孔菌属(6.76%)和被孢霉属(6.14%),CK 为 *Saitozyma*(25.85%)、被孢霉属(6.87%)和镰刀菌属(5.56%)(图 2B)。由此可见,间作野艾蒿明显改变了茶行土壤和茶树根际土壤前 3 的优势属分布及占比。其中 *Saitozyma* 和被孢霉属是茶园土壤中的优势属。

通过 *metastats* 组间显著性差异分析发现,间作后茶树根际土壤中 24 个真菌属具有显著差异,相对丰度 $\geq 1\%$ 的有 3 个,分别是毛壳菌属、绿僵菌属和大孢圆孢霉属,与 CC 相比,毛壳菌属和大孢圆孢霉属相对丰度在 TC 中显著减少了 61.29%($P=0.015$)和 74.92%($P=0.029$),绿僵菌属相对丰度增加了 8.22 倍($P=0.009$)(表 3)。而相对丰度 $\leq 1\%$ 的属包括节丛孢属(*Arthrobotrys*)、毛色二孢属(*Lasiodiplodia*)、土赤壳属(*Ilyonectria*)、近明球囊霉属(*Claroideoglomus*)、山野壳菌(*Paraphaeosphaeria*)、枝顶孢霉属(*Acremonium*)等 21 个属,且在茶树根际土壤中存在显著($P<0.05$)或极显著差异($P<0.01$)。间作茶树行土壤中,相对丰度 $\geq 1\%$ 的 4 个属的群落发生显著变化,与单作茶行土壤相比(CK),间作茶行土壤(TA)的 *Saitozyma*、木霉属分别显著减少了 61.69%($P=0.001$)和 40.14%($P=0.046$),而粗糙孔菌属和绿僵菌属的相对丰度显著增加了 28.39 倍($P=0.007$)和 93.92%($P=0.036$)。相对丰度 $\leq 1\%$ 的属包括根孢囊霉属(*Rhizophagus*)、格孢腔菌属(*Pleospora*)、*Hebeloma* 和拿逊酵母属(*Nadsoniomyces*)等 32 个属,且在茶行土壤中存在显著($P<0.05$)或极显著差异($P<0.01$,表 3)。

2.5 间作野艾蒿对茶园土壤细菌群落组成的影响

12 个土样中共检测出细菌 30 个门,84 个纲,124 目,206 个科,280 属。在门的水平,已命名的相对丰度 $\geq 1\%$ 的门有 10 个,其中变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)为优势门,相对丰度分别为 33.10%~38.41%、28.84%~35.10%、9.43%~12.65%。间作未改变茶园土壤优势门群落。与 CK 相比,拟杆菌门(Bacteroidetes)和芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)相对丰度在 TA 中提高了 1.49 和 6.17 倍(图 3A)。

在属水平上,茶树根际土壤优势属相对丰度未发生变化,分别是嗜酸栖热菌属(*Acidothermus*)、*Candidatus_solibacter*、酸杆菌属(*Acidibacter*)和苔藓杆菌属(*Bryobacter*);茶行间土壤的优势属发生改变,共有优势属是嗜酸栖热菌属和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*),而间作茶行土壤的优势属由 *Acidicaldus* 和酸杆菌属变为苔藓杆菌属和 *Candidatus_solibacter*(图 3B)。

通过 *metastats* 组间显著性差异分析发现,在已知命名的相对丰度 $\geq 1\%$ 的 14 个属中,仅有 4 个属的菌落发生显著改变,与单作相比,玫瑰弯菌属(*Roseiarcus*)相对丰度在 TA 中显著降低了 48.41%($P=0.016$),在 TC 中提高了 37.69%($P=0.013$),*Burkholderia-paraburkholderia* 菌属的相对丰度变化呈现相反趋势,在 TA 中显著提高了 4.45 倍($P=0.005$),在 TC 中显著降低了 48.41%($P=0.019$)。芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)和纤维堆囊菌属(*Sorangium*)的相对丰度在间作区均增加,其中 TA 处理分别显著提高了 3.38 倍($P=0.032$)和 2.10 倍($P=0.025$),TC 中分别提高了 43.40% 和 39.46%(表 4)。

相对丰度 $\leq 1\%$ 的属归为其他,相对丰度更低的硝化螺旋菌属(*Nitrospira*)、贪噬菌属(*Variovorax*)、芽孢八叠球菌属(*Sporosarcina*)等 17 种菌属在茶树根际土壤间存在显著($P<0.05$)或极显著差异($P<0.01$);产黄杆菌属(*Rhodanobacter*)、戴氏菌属(*Dyella*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)等 15 个属在单作与间作茶行土壤中存在显著($P<0.05$)或极显著差异($P<0.01$)。由此可见间作野艾蒿,更容易引起相对丰度较低或极低的土壤细菌类群发生显著性变化(表 4)。

2.6 土壤理化性质与真菌和细菌多样性及群落结构之间的关系

土壤理化性质与真菌和细菌的 α 多样性相关分析发现,真菌 Chao 1 指数与 pH 呈显著正相关关系,与有机质、

表3 通过metastats分析差异显著的真菌属

Table 3 Metastats was used to analyze the significantly different fungal genera

属 Genus	TC中的丰度 The abundance in TC (%)	CC中的丰度 The abundance in CC (%)	P值 P-value	属 Genus	TA中的丰度 The abundance in TA (%)	CK中的相对 丰度 The abun- dance in CK (%)	P值 P-value
绿僵菌属 <i>Metarhizium</i>	25.850	2.800	0.009	<i>Saitozyma</i>	9.900	25.850	0.001
大孢圆孢霉属 <i>Staphylotrichum</i>	3.090	12.330	0.029	粗糙孔菌属 <i>Trechispora</i>	6.760	0.230	0.007
毛壳菌属 <i>Chaetomium</i>	3.000	7.740	0.015	绿僵菌属 <i>Metarhizium</i>	3.940	2.030	0.036
白环蘑属 <i>Leucoagaricus</i>	0.650	0.024	0.004	木霉属 <i>Trichoderma</i>	1.760	2.940	0.046
<i>Castanediella</i>	0.180	0.051	0.001	<i>Ramicandelaber</i>	0.960	0.370	0.020
<i>Cladophialophora</i>	0.170	0.340	0.003	<i>Xepicula</i>	0.450	0.170	0.034
瓶头霉属 <i>Phialocephala</i>	0.064	0.026	0.038	曲霉属 <i>Aspergillus</i>	0.360	0.630	0.048
粪壳菌属 <i>Sordaria</i>	0.037	0.096	0.044	<i>Phaeomoniella</i>	0.340	0.160	0.018
土赤壳属 <i>Ilyonectria</i>	0.032	0.170	0.003	螺旋聚孢霉属 <i>Clonostachys</i>	0.260	0.160	0.048
枝顶孢霉属 <i>Acremonium</i>	0.030	0.120	0.034	梨孢霉属 <i>Coniosporium</i>	0.230	0.019	0.026
山野壳菌 <i>Paraphaeosphaeria</i>	0.019	0.150	0.027	斜盖伞属 <i>Clitopilus</i>	0.120	0.014	0.001
节丛孢属 <i>Arthrotrichy</i>	0.016	0.070	0.032	<i>Hebeloma</i>	0.097	0.003	0.028
星裂盘菌属 <i>Phacidium</i>	0.010	0.000	0.023	<i>Octaviania</i>	0.070	0.003	0.035
<i>Crustoderma</i>	0.008	0.048	0.028	<i>Thozetella</i>	0.062	0.000	0.024
<i>Phaeomoniella</i>	0.006	0.075	0.011	马德里齿梗孢属 <i>Scolecobasidium</i>	0.060	0.003	0.021
毛球壳属 <i>Lasiosphaeria</i>	0.006	0.000	0.013	<i>Pseudoproboscispora</i>	0.048	0.000	0.001
毛色二孢属 <i>Lasiodiplodia</i>	0.003	0.037	0.001	<i>Thermoascus</i>	0.048	0.005	0.030
<i>Chaetosphaeria</i>	0.003	0.070	0.030	根孢囊霉属 <i>Rhizophagus</i>	0.022	0.045	0.041
<i>Scleroderma</i>	0.002	0.034	0.036	<i>Pseudophialophora</i>	0.021	0.057	0.025
近明球囊霉属 <i>Claroideoglossum</i>	0.000	0.005	0.000	赤壳属 <i>Cosmospora</i>	0.019	0.005	0.006
<i>Requienella</i>	0.000	0.006	0.013	<i>Polyscytalum</i>	0.019	0.005	0.049
<i>Saccharomycopsis</i>	0.000	0.010	0.023	横断孢属 <i>Strelitziana</i>	0.013	0.000	0.003
<i>Nephroma</i>	0.000	0.094	0.043	灵芝属 <i>Ganoderma</i>	0.011	0.000	0.045
伞菌属 <i>Agaricus</i>	0.000	0.120	0.048	<i>Umbelopsis</i>	0.010	0.061	0.044
				柄孢壳菌属 <i>Podospora</i>	0.006	0.034	0.004
				<i>Arthrographis</i>	0.006	0.032	0.023
				<i>Coprinopsis</i>	0.005	0.026	0.030
				<i>Trichophaea</i>	0.003	0.035	0.017
				三毛孢属 <i>Robillarda</i>	0.003	0.029	0.022
				<i>Roussoella</i>	0.003	0.021	0.043
				山野壳菌 <i>Paraphaeosphaeria</i>	0.002	0.081	0.000
				球毛壳菌属 <i>Chaetomidium</i>	0.000	0.024	0.002
				格孢腔菌属 <i>Pleospora</i>	0.000	0.011	0.004
				圆酵母属 <i>Torula</i>	0.000	0.014	0.006
				拟锁瑚菌属 <i>Clavulinopsis</i>	0.000	0.059	0.016
				拿逊酵母属 <i>Nadsoniomyces</i>	0.000	0.029	0.019

全氮和碱解氮呈显著负相关关系,而Shannon指数仅与速效钾呈显著负相关关系。而在土壤细菌中,OTU数目、Chao 1指数和Shannon指数与pH呈极显著正相关关系,与有机质、全氮、有效磷和碱解氮呈显著负相关关系。对比真菌的 α 多样性,细菌的 α 多样性与土壤理化性质之间相关性更显著(表5)。

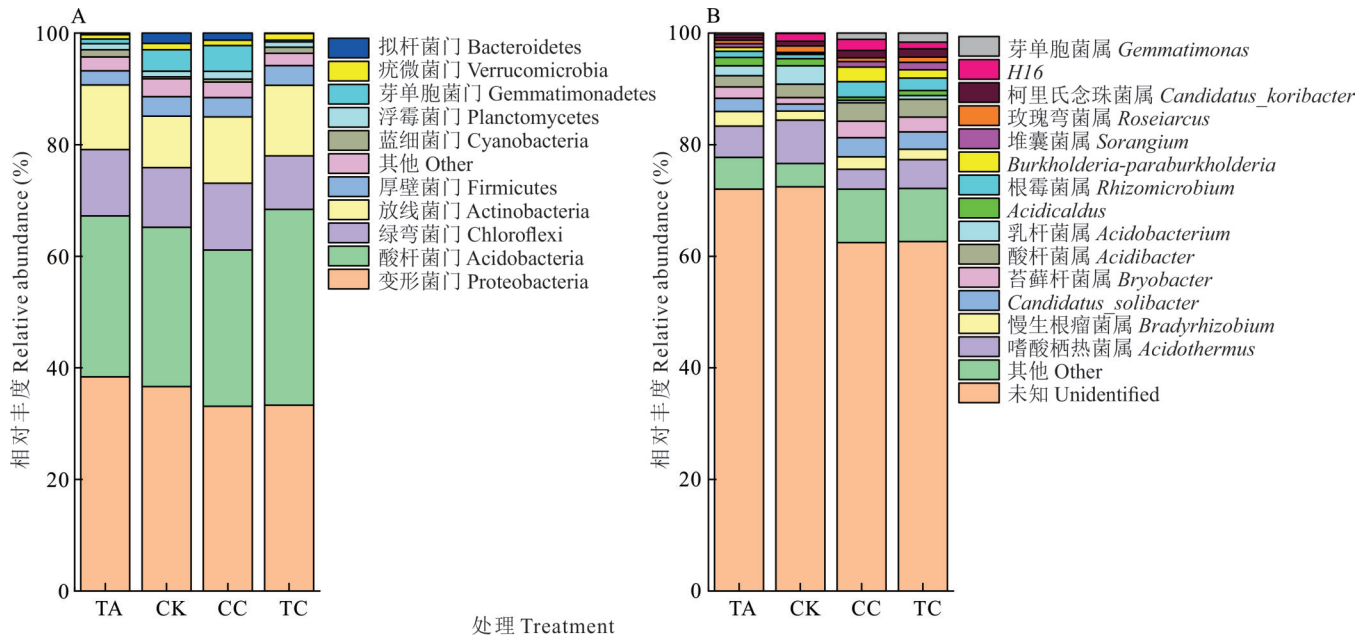


图 3 茶园间作野艾蒿处理土壤的细菌群落门和属水平上的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of soil bacterial community at phylum and genus levels of intercropping *A. lavandulaefolia* in tea garden

表 4 通过 metastats 分析差异显著的细菌属

Table 4 Metastats was used to analyze the significantly different bacteria genera

属 Genus	TC 中的 丰度 The abundance in TC (%)	CC 中的 丰度 The abundance in CC (%)	P 值 P-val- ue	属 Genus	TA 中的 丰度 The abundance in TA (%)	CK 中的 丰度 The abundance in CK (%)	P 值 P-val- ue
芽单胞菌属 <i>Gemmatimonas</i>	1.630	1.140	0.049	<i>Burkholderia-paraburkholderia</i>	0.730	0.130	0.005
<i>Burkholderia-paraburkholderia</i>	1.380	2.630	0.019	纤维堆囊菌 <i>Sorangium</i>	0.640	0.210	0.025
玫瑰弯菌属 <i>Roseiarcus</i>	0.910	0.660	0.013	玫瑰弯菌属 <i>Roseiarcus</i>	0.610	1.180	0.016
纤维堆囊菌属 <i>Sorangium</i>	0.920	0.660	0.049	戴氏菌属 <i>Dyella</i>	0.340	0.040	0.024
<i>Varioibacter</i>	0.600	0.400	0.048	芽单胞菌属 <i>Gemmatimonas</i>	0.310	0.070	0.032
硝化螺旋菌属 <i>Nitrospira</i>	0.160	0.280	0.019	鞘氨醇单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	0.290	0.050	0.030
厌氧菌属 <i>Anaeromyxobacter</i>	0.090	0.070	0.046	产黄杆菌属 <i>Rhodanobacter</i>	0.250	0.090	0.004
<i>Pseudolabrys</i>	0.090	0.040	0.049	<i>Conexibacter</i>	0.140	0.070	0.041
<i>Conexibacter</i>	0.080	0.030	0.027	<i>Haliangium</i>	0.060	0.010	0.027
吐鲁番长丝菌属 <i>Longimycelium</i>	0.060	0.000	0.034	吐鲁番长丝菌属 <i>Longimycelium</i>	0.060	0.010	0.006
贪噬菌属 <i>Variovorax</i>	0.050	0.090	0.002	<i>Jatrophihabitans</i>	0.060	0.010	0.006
盖氏菌属 <i>Gaiella</i>	0.040	0.130	0.040	中华单胞菌属 <i>Sinomonas</i>	0.050	0.000	0.025
全噬菌属 <i>Holophaga</i>	0.030	0.100	0.026	黏液杆菌属 <i>Mucilagibacter</i>	0.040	0.010	0.003
<i>Candidatus_nitrosoarchaeum_limnia_SFB1</i>	0.030	0.100	0.047	芽孢八叠球菌属 <i>Sporosarcina</i>	0.040	0.100	0.034
不粘柄菌属 <i>Asticcacaulis</i>	0.020	0.000	0.012	<i>Bauldia</i>	0.010	0.000	0.040
<i>Bacterium_enrichment_culture_clone_auto112_4W</i>	0.020	0.000	0.023	红游动菌属 <i>Rhodoplanes</i>	0.010	0.000	0.000
雷夫松氏菌属 <i>Leifsonia</i>	0.010	0.010	0.000	<i>Groundwater_metagenome</i>	0.010	0.000	0.000
八叠球菌属 <i>Sporosarcina</i>	0.010	0.050	0.039	马赛菌属 <i>Massilia</i>	0.010	0.000	0.000
<i>Perlucidibaca</i>	0.010	0.000	0.013				
木洞菌属 <i>Woodsholea</i>	0.000	0.010	0.013				
土生单胞菌属 <i>Terrimonas</i>	0.000	0.020	0.017				

表5 土壤真菌和细菌的 α 多样性指数与土壤理化性质之间的Spearman相关性分析Table 5 Spearman correlations analysis between soil fungal and bacterial α diversity and soil physical and chemical properties

指标 Index	pH	有机质 Soil organic matter	全氮 Total nitrogen	有效磷 Available phosphorus	碱解氮 Available nitrogen	速效钾 Available potassium
真菌 Fungi						
OTU数目 OTU number	0.54	-0.49	-0.57	-0.16	-0.50	-0.40
Chao 1指数 Chao 1 index	0.68*	-0.64*	-0.73**	-0.41	-0.81**	-0.28
Shannon指数 Shannon index	0.35	-0.23	-0.29	0.27	-0.10	-0.59*
细菌 Bacterial						
OTU数目 OTU number	0.82**	-0.82**	-0.83**	-0.77**	-0.83**	-0.46
Chao 1指数 Chao 1 index	0.81**	-0.81**	-0.78**	-0.83**	-0.80**	-0.41
Shannon指数 Shannon index	0.79**	-0.73**	-0.79**	-0.69*	-0.80**	-0.30

注: *表示在 $P<0.05$ 水平差异显著,**在 $P<0.01$ 水平差异显著。下同。

Note: * means significant difference at $P<0.05$ level, and ** means significant difference at $P<0.01$ level. The same below.

真菌属中大孢圆孢霉属与pH呈显著正相关关系,与有机质、全氮、有效磷和碱解氮呈显著负相关关系。粗糙孔菌属与速效钾呈显著负相关关系。绿僵菌属与有效磷呈显著负相关关系。细菌中 *Candidatus_solibacter*、酸杆菌属、根霉菌属和苔藓杆菌属菌属与有机质、全氮、有效磷和碱解氮呈显著负相关关系,与pH呈显著正相关关系(表6)。

表6 土壤优势真菌属、细菌属与土壤理化性质之间的Spearman相关性分析

Table 6 Spearman correlation analysis between dominant fungal genera, bacterial genera, and soil physical-chemical properties

指标 Index	pH	有机质 Soil organic matter	全氮 Total nitrogen	有效磷 Available phosphorus	碱解氮 Available nitrogen	速效钾 Available potassium
真菌种类 Fungi species						
<i>Saitozyma</i>	-0.32	0.39	0.34	0.34	0.32	0.50
被孢霉属 <i>Mortierella</i>	0.32	-0.40	-0.20	-0.19	-0.15	-0.29
大孢圆孢霉属 <i>Staphylotrichum</i>	0.79**	-0.78**	-0.78**	-0.64*	-0.77**	-0.22
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	0.34	-0.38	-0.45	-0.21	-0.44	-0.20
粗糙孔菌属 <i>Trechispora</i>	0.26	-0.26	-0.22	0.00	-0.24	-0.62*
绿僵菌属 <i>Metarhizium</i>	0.48	-0.56	-0.50	-0.66*	-0.50	-0.36
细菌种类 Bacterial species						
<i>Candidatus_solibacter</i>	0.62*	-0.60*	-0.63*	-0.62*	-0.66*	-0.26
酸杆菌属 <i>Acidibacter</i>	0.70*	-0.66*	-0.66*	-0.77**	-0.59*	-0.15
嗜酸栖热菌属 <i>Acidothermus</i>	-0.41	0.43	0.35	0.55	0.35	0.22
根霉菌属 <i>Rhizomicrobium</i>	0.76**	-0.74**	-0.79**	-0.73**	-0.79**	-0.23
慢生根瘤菌属 <i>Bradyrhizobium</i>	0.04	-0.08	0.04	-0.11	-0.07	-0.09
苔藓杆菌属 <i>Bryobacter</i>	0.73**	-0.68*	-0.70*	-0.61*	-0.65*	-0.38

为探究导致土壤真菌和细菌群落结构发生变化的关键性因素,选取细菌和真菌属水平物种的相对丰度数据作为物种数据,土壤理化性质作为土壤环境变量因子,进行冗余分析,结果表明,在真菌属水平上,前两轴分别占比25.47%和10.47%,二者解释率为35.94%,其中有效磷是解释土壤真菌群落结构变化的主要因素,其次为全氮和速效钾,影响程度由大到小为有效磷>全氮>速效钾(图4A)。而在细菌属水平上,前两轴分别占比39.21%和8.53%,二者解释率为47.74%,有机质是解释土壤细菌群落结构变化的关键因素,其次为pH和速效钾(图4B)。

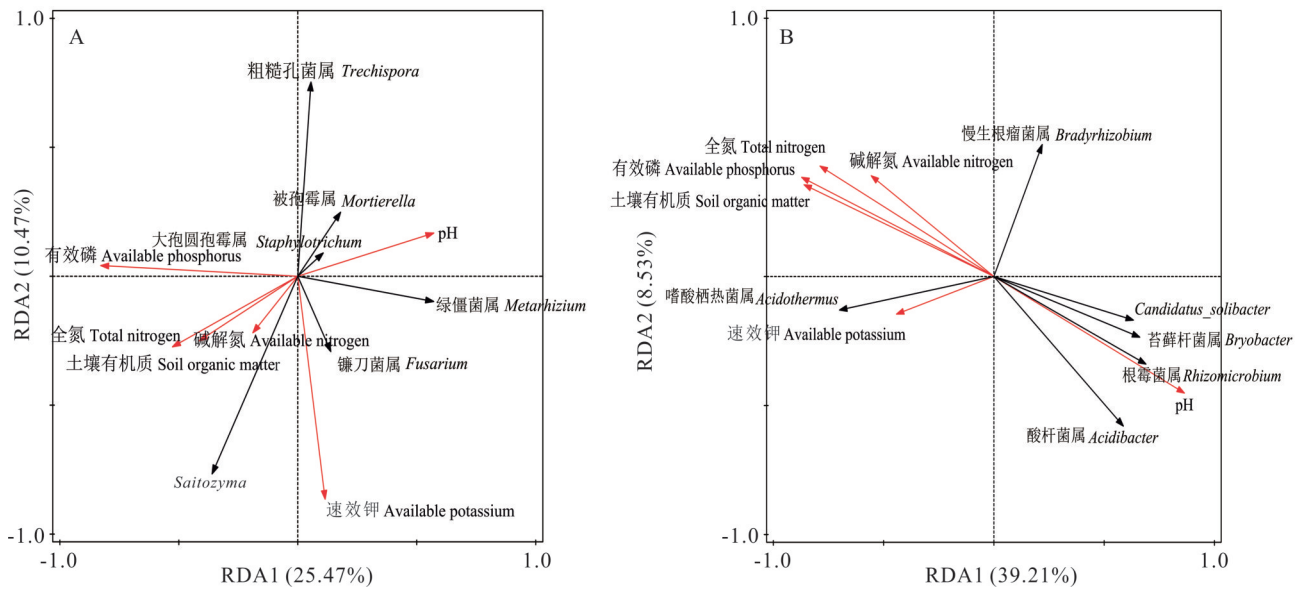


图 4 真菌属和细菌属水平的土壤微生物相对丰度与环境因子的冗余分析

Fig. 4 Redundancy analysis (RDA) between the relative abundance of soil fungal and bacterial at genus levels and environmental factors

3 讨论

3.1 间作野艾蒿对茶园土壤理化性质的影响

合理的间作种植具有增加根际土壤养分,改善土壤肥力的作用^[25]。本研究结果表明茶园间作野艾蒿显著增加茶树根际土壤有机质、全氮和速效钾含量,但降低了有效磷的含量,这与茶园间作菊科植物南泽兰(*Eupatorium innulifolium*)和肿柄菊(*Tithonia diversifolia*)^[26]的结果一致。原因可能是采茶农事操作使野艾蒿匍匐于地面,增加茶行土壤中的植物凋落物,从而增加了有机质、全氮和速效钾含量,但有效磷含量降低可能是其在土壤中移动性差,而在短期内难以迁移转化,但也有研究表明间作促进植物磷的吸收利用^[27],间作时间也影响土壤有效磷含量^[28]。需进一步探索艾蒿间作时间对土壤有效磷的影响及茶树对有效磷的吸收情况。

3.2 间作野艾蒿对茶园土壤真菌群落的影响

间作是茶园重要的栽培模式之一,大量研究表明,与单作茶园相比,间作能够有效改善茶园生态环境并显著提高土壤微生物多样性^[25],然而,本研究结果显示,间作艾蒿虽然降低茶树根际土壤中真菌的物种数、Chao 1 指数和 Shannon 指数,但与单作相比未达到差异水平,这一发现与茶树间作其他植物的研究结果存在一定差异^[29-31]。造成这种差异的原因可能与间作植物种类、间作时间和作物生育期相关^[31-33]。

茶园间作重塑茶树根际微生物群落结构,驱动植物根际土壤微生物功能菌群定向富集,例如:茶园间作平菇(*Pleurotus ostreatus*)致茶树根际土壤显著富集了与有机物分解和养分循环相关的青霉菌(*Penicillium*)、*Trechispora*和木霉菌(*Trichoderma*)^[34];茶园间作山苍子(*Litsea cubeba*)致茶树根际土壤显著富集了具有生物防治和纤维素降解作用的拟康宁木霉(*Trichoderma koningiopsis*)和毛壳菌属^[35],茶园间作络石(*Trachelospermum jasminoides*)致茶树根际土壤显著富集青霉菌与木霉菌^[36],相较于以上植物,本研究中,茶园间作野艾蒿展现出独特的微生物调控特征,首先是绿僵菌属特异性富集,根际土壤相对丰度提升 8.22 倍,与其他间作系统富集的功能菌不同,可能与野艾蒿分泌物相关,因为间作植物通过改变宿主根系分泌物组成来促进有益微生物的招募^[37]。同时,绿僵菌属真菌不仅可以防治害虫,还促进植物对环境磷、锌和铁的吸收,提高植物对草食动物、微生物病原体和生物胁迫的抗性^[38]。这表明茶园间作野艾蒿可能具有促进茶树生长,提高茶树抵抗生物和非生物胁迫的能力。其次可能是拮抗性菌群重构,绿僵菌属和毛壳菌属均具有促进植物生长,增强植物对生物和非生物胁迫抗性^[38-39],二者生态位相同,使得其与绿僵菌属可能存在生态位竞争,导致茶树根际土壤中毛壳菌属丰度下降。最

后是低丰度菌群响应敏感,研究发现相对丰度 $\leq 1\%$ 的菌属在野艾蒿间作区的茶树根际土壤和茶行土壤中分别有21和32个属相对丰度发生显著改变,而相对丰度 $\geq 1\%$ 的菌属在茶树根际和土壤中分别有3和4个属相对丰度发生显著改变,这一结果表明,间作区土壤中低丰度真菌类群更易受到间作影响,该发现与玉米(*Zea mays*)—小麦(*Triticum aestivum*)/大麦(*Hordeum vulgare*)轮作系统中对土壤真菌的影响规律相似^[40],这些低丰度菌属的生态功能及其变化机制值得深入研究。

3.3 间作野艾蒿对茶园土壤细菌群落的影响

研究表明,植物多样性的增加会促进土壤微生物多样性的提升^[41]。然而本研究发现,野艾蒿间作虽提高茶树根际土壤中的细菌数目、多样性及丰富度,但与对照相比未达到显著水平,这一结果与茶树间作灵芝^[21]和茶树间作麦冬^[22]的研究结论一致,但与茶树间作大豆(*Glycine max*)^[20,42]和茶园间作板栗(*Castanea mollissima*)研究结果存在差异^[43],差异原因可能为细菌群落的丰富度和多样性受多重因素影响,包括间作物种类^[44]、土壤养分^[45]、茶树栽培年限^[46]等。

间作野艾蒿对茶园土壤的细菌多样性影响不显著,但显著改变了茶树根际土壤细菌群落结构组成,在属水平上,茶树根际土壤的优势菌属(如嗜酸栖热菌属、柯里氏念珠菌属、酸杆菌属和苔藓杆菌属)的相对丰度未发生显著变化,而非优势菌属(如玫瑰弯菌属、芽单胞菌属、纤维堆囊菌属和*Burkholderia-paraburkholderia*)的相对丰度则出现显著改变,这与玉米/马铃薯(*Solanum tuberosum*)间作对根际土壤细菌组成的影响一致^[47],分析原因发现,高丰度菌种对间作环境变化的适应能力较强,能够维持群落的稳定性,而低丰度菌种对环境变化的响应更为敏感。不同细菌种类在土壤生态系统中发挥着各自独特的功能。例如:芽单胞菌属通常存在于抗病性较强的植株根际^[48],纤维堆囊菌属具有纤维素降解能力^[49],玫瑰弯菌属则具有固氮功能^[50],本研究发现,茶树根际土壤中芽单胞菌属、纤维堆囊菌属和玫瑰弯菌属的相对丰度显著升高,表明间作野艾蒿显著富集具有抗病、固氮和纤维素降解功能的菌群,但是与茶园间作其他植物使茶树根际富集的菌属具有差异性,豆茶间作富集慢生根瘤菌属、分枝杆菌属(*Mycobacterium*)^[51],茶、大豆、油菜(*Brassica napus*)间作富集氮循环细菌伯克霍尔德菌属(*Burkholderia* spp)和罗丹杆菌属(*Rhodanobacter* spp)^[20],茶—灵芝间作富集伯克霍尔德菌属、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、戴氏菌属^[21],茶—麦冬间作显著富集了参与有机质分解过程的华单胞菌属(*Sinomonas*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)和铁锈杆菌属(*Ferruginibacte*)^[52],茶树—板栗间作显著富集地杆菌属(*Geobacter*)、盐单胞菌属(*Halomonas*)、苍黄杆菌属(*Luteolibacter*)、*Adhaeribacter*、*Paludibaculum*^[43]。上述对比结果表明,茶树根际土壤细菌对不同类型的植物间作具有高度特异性。而茶树野艾蒿间作富集的特异性细菌(芽单胞菌属、纤维堆囊菌属和玫瑰弯菌属)对茶树生长发育的影响需进行进一步功能解析及分离培养。

3.4 土壤理化性质与土壤微生物结构的关系

有研究表明,土壤理化性质是驱动茶园土壤微生物群落结构演替的关键生态因子^[40, 47],本研究发现,茶树根际土壤中真菌与细菌类群对土壤理化因子的响应呈现显著差异特征。在真菌群落层面,大孢圆孢霉属与pH呈显著正相关关系,与有机质、全氮和碱解氮呈显著负相关关系;粗糙孔菌属和绿僵菌属分别与速效钾和有效磷呈显著负相关关系。细菌群落分析显示,*Candidatus_solibacter*、酸杆菌属、根霉菌属和苔藓杆菌属与pH呈显著正相关关系,与有机质、全氮、有效磷和碱解氮呈显著负相关关系,值得注意的是,这种微生物—环境因子的互作关系与间作系统中土壤养分动态变化特征相吻合,具体表现为间作处理显著提升了土壤有机质和全氮含量,但导致有效磷含量降低,冗余分析进一步验证了上述结果,土壤真菌群落结构变异主要由有效磷、全氮和速效钾驱动;而细菌群落结构则主要受有机质、pH和速效钾调控。与茶—大豆—紫云英(*Astragalus sinicus*)间作系统影响土壤微生物群落的关键驱动因子高度一致^[53]。表明不同农业管理措施下土壤微生物的响应机制具有普适性规律。本研究通过揭示微生物类群与特定环境因子的响应关系,为茶园土壤健康管理和微生物定向调控提供了理论依据。

4 结论

本研究中,茶园间作野艾蒿显著提高茶树根际土壤中有机质、全氮和速效钾含量,间作茶行和茶树根际土壤

显著富集玫瑰弯菌属、芽单胞菌属、纤维堆囊菌属和绿僵菌属等有益菌,其相对丰度显著增加,结合以前研究结果间作野艾蒿具有驱避害虫,增加天敌,调控茶叶品质的作用^[17,42]。综上表明,茶树与野艾蒿间作模式具有良好的生态效益,有望为茶园的生态控草和可持续发展提供一种潜在的解决方案,减轻传统种植模式所带来的问题。

参考文献 References:

- [1] Zhou Z Y, Li C C, Hu B J, *et al.* Investigation on main weed species in tea plantations of Anhui Province. *China Tea*, 2012, 34(1): 18–20.
周子燕, 李昌春, 胡本进, 等. 安徽省茶园杂草主要种类调查. *中国茶叶*, 2012, 34(1): 18–20.
- [2] Li J L, Zhou Y, Zhou B, *et al.* Habitat management as a safe and effective approach for improving yield and quality of tea (*Camellia sinensis*) leaves. *Scientific Reports*, 2019, 9(1): 433.
- [3] Pertile M, Antunes J E L, Araujo F F, *et al.* Responses of soil microbial biomass and enzyme activity to herbicides imazethapyr and flumioxazin. *Scientific Reports*, 2020, 10(1): 7694.
- [4] Tao B, Jiang L X, Shen X F, *et al.* Effects of glyphosate on soil microorganisms. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2011, 33(2): 162–168.
陶波, 蒋凌雪, 沈晓峰, 等. 草甘膦对土壤微生物的影响. *中国油料作物学报*, 2011, 33(2): 162–168.
- [5] National Health Commission of the People's Republic of China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China, State Administration of Market Supervision. National food safety standard-maximum residue limits for pesticides in food: GB 2763–2021. Beijing: Standards Press of China, 2021.
中华人民共和国国家卫生健康委员会, 中华人民共和国农业农村部, 国家市场监督管理总局. 食品安全国家标准食品中农药最大残留限量: GB 2763–2021. 北京: 中国标准出版社, 2021.
- [6] Xiao R L, Xiang Z X, Xu H Q, *et al.* Effects of intercropping white clover and straw mulching on weed control in hilly tea plantations. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2008, 24(11): 183–187.
肖润林, 向佐湘, 徐华勤, 等. 间种白三叶草和稻草覆盖控制丘陵茶园杂草效果. *农业工程学报*, 2008, 24(11): 183–187.
- [7] Luo X H, Liu M X, Luo S H, *et al.* Effects of intercropping *Chamaecrista rotundifolia* in tea plantation on weed diversity. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2013, 34(12): 2503–2507.
罗旭辉, 刘明香, 罗石海, 等. 茶园套种圆叶决明对杂草物种多样性的影响. *热带作物学报*, 2013, 34(12): 2503–2507.
- [8] Wang H M, Cai H Y, He R R, *et al.* Effects of intercropping of aromatic plants with tea on physicochemical properties and soil nutrients in tea plantations. *Journal of Southwest Forestry University*, 2016, 36(5): 71–77.
王慧敏, 蔡洪月, 何蓉蓉, 等. 间作芳香地被植物对茶园土壤理化性状及养分的影响. *西南林业大学学报*, 2016, 36(5): 71–77.
- [9] Zhang Y Z, Wang M, Gao J J, *et al.* Effects of intercropping *Vulpia myuros* on weed control and indexes of tea quality and production. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2020, 47(3): 340–344.
张永志, 王森, 高健健, 等. 间作鼠茅对茶园杂草抑制效果和茶叶品质与产量指标的影响. *安徽农业大学学报*, 2020, 47(3): 340–344.
- [10] Sun Y N, Ran L X, Cai L, *et al.* Investigation of major diseases, pests and predators in different intercropping tea plantations. *Shandong Agricultural Sciences*, 2014(11): 110–113.
孙云南, 冉隆珣, 蔡丽, 等. 不同间作模式茶园主要病虫害及天敌的调查研究. *山东农业科学*, 2014(11): 110–113.
- [11] Wu H P, Qi M, Li Y Y, *et al.* Proposal to replace the illegitimate name of tea garden weeds in China. *Journal of Tea Science*, 2019, 39(3): 247–256.
吴慧平, 齐蒙, 李叶云, 等. 中国茶园杂草无效名录修订. *茶叶科学*, 2019, 39(3): 247–256.
- [12] Li X Y, Wu J, Jin L H, *et al.* Pest populations survey of the main tea-producing areas of Guizhou Province. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2016, 44(3): 73–75.
李向阳, 吴剑, 金林红, 等. 贵州主要产茶区有害生物的种群调查. *贵州农业科学*, 2016, 44(3): 73–75.
- [13] Zhang H, Li H L, Wang D F, *et al.* Toxicity activity of *Artemisia lavandulaefolia* essential oil against *Empoasca onukii*. *Acta Tea Sinica*, 2020, 61(4): 183–186.
张辉, 李慧玲, 王定锋, 等. 野艾蒿精油对小贯小绿叶蝉的毒杀活性. *茶叶学报*, 2020, 61(4): 183–186.
- [14] Li H L, Cui H C, Huang H T, *et al.* Contact toxicity and repellent effects of 11 kinds of plant essential oils against *Phyllocoptruta oleivora*. *Plant Protection*, 2019, 45(5): 247–251.

- 李红莉, 崔宏春, 黄海涛, 等. 11种植物精油对茶橙瘿螨的触杀和驱避作用研究. 植物保护, 2019, 45(5): 247—251.
- [15] Bian W B, Wang G C, Gong Y F, *et al.* Repellent and anti-feedant activity of 19 plant essential oils against *Mylokerinus aurolineatus*. Chinese Journal of Applied Entomology, 2012, 49(2): 496—502.
- 边文波, 王国昌, 龚一飞, 等. 十九种植物精油对茶网纹象甲成虫的驱避和拒食活性. 应用昆虫学报, 2012, 49(2): 496—502.
- [16] Jiang G B, Zeng R S. Allelopathic potentials from *Artemisia lavandulaefolia* DC. Prodr. Ecological Science, 2006, 25(2): 106—108.
- 江贵波, 曾任森. 艾的挥发性物质化感作用研究. 生态科学, 2006, 25(2): 106—108.
- [17] Zhang H, Li H L, Wang D F, *et al.* Ecology of tea plantation intercropped with *Artemisia argyi*. Acta Tea Sinica, 2023, 64(1): 63—69.
- 张辉, 李慧玲, 王定锋, 等. 茶园间作艾蒿对其生态系统的影响. 茶叶学报, 2023, 64(1): 63—69.
- [18] Kong Y L, Qin H, Zhu C Q, *et al.* Research progress on mechanisms by which soil microorganisms affect soil health. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61(2): 331—347.
- 孔亚丽, 秦华, 朱春权, 等. 土壤微生物影响土壤健康的作用机制研究进展. 土壤学报, 2024, 61(2): 331—347.
- [19] Bi J T, He D H. Research advances in effects of plant on soil microbial diversity. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2009, 25(9): 244—250.
- 毕江涛, 贺达汉. 植物对土壤微生物多样性的影响研究进展. 中国农学通报, 2009, 25(9): 244—250.
- [20] Zhang Y J, Liang L N, Xu R N, *et al.* Intercropping tea plantations with soybean and rapeseed enhances nitrogen fixation through shifts in soil microbial communities. Frontiers of Agricultural Science and Engineering, 2022, 9(3): 344—355.
- [21] Li Y C, Lin Z N, Lu Z, *et al.* Microbial diversity and community structure in soil under tea bushes-*Ganoderma lucidum* intercropping. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2019, 34(6): 690—696.
- 李艳春, 林忠宁, 陆丞, 等. 茶园间作灵芝对土壤细菌多样性和群落结构的影响. 福建农业学报, 2019, 34(6): 690—696.
- [22] Li Q S, Lei W X, Liu J X, *et al.* Effects of intercropping *Ophiopogon japonicus* into tea plantation on its soil physicochemical properties and microbial community structure. Journal of Southern Agriculture, 2021, 52(12): 3366—3374.
- 李奇松, 雷卫星, 刘江西, 等. 间作麦冬对茶园土壤理化性质及微生物群落结构的影响. 南方农业学报, 2021, 52(12): 3366—3374.
- [23] 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. Sustainability, 2021, 13(14): 7799.
- [24] Lu R K. Analytical methods for soil and agro-chemistry. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 228—264.
- 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 228—264.
- [25] Hu K Y, Duan Y, Yang Y, *et al.* Research progress on intercropping planting patterns in tea gardens. Journal of Nanjing Agricultural University, 2025, 48(2): 263—273.
- 胡凯玥, 段玉, 杨焱, 等. 茶园间作种植模式的研究进展. 南京农业大学学报, 2025, 48(2): 263—273.
- [26] De Costa W A J M, Surentheran P, Attanayake K B. Tree-crop interactions in hedgerow intercropping with different tree species and tea in Sri Lanka: 2. Soil and plant nutrients. Agroforestry Systems, 2005, 63(3): 211—218.
- [27] Wu X, Bi J Y, Ge Y T, *et al.* Research progress of intercropping promoting phosphorus absorption and utilization. Henan Agricultural Sciences, 2024, 53(12): 1—9.
- 吴薪, 毕嘉榆, 戈应同, 等. 间作促进磷吸收利用的研究进展. 河南农业科学, 2024, 53(12): 1—9.
- [28] Xiang Z X, Xiao R L, Wang J R, *et al.* Effects of interplanting *Trifolium repens* in tea plantation on soil ecology in subtropical hilly region. Acta Prataculturae Sinica, 2008, 17(1): 29—35.
- 向佐湘, 肖润林, 王久荣, 等. 间种白三叶草对亚热带茶园土壤生态系统的影响. 草业学报, 2008, 17(1): 29—35.
- [29] Mortimer P E, Gui H, Xu J, *et al.* Effects of intercropping different green manures on fungal community characteristics in rhizosphere soil of tea plant. Applied Soil Ecology, 2015, 96(2015): 25—32.
- [30] Fu H P, Zhou P Q, Wang Y J, *et al.* Effects of green manure intercropping on fungal community in rhizosphere soil of tea plants. Journal of Tea Communication, 2020, 47(3): 406—415.
- 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. 茶叶通讯, 2020, 47(3): 406—415.
- [31] Ma Z X, Tanalgo K C, Xu Q L, *et al.* Influence of tea-*Pleurotus ostreatus* intercropping on soil fungal diversity and community structure. Canadian Journal of Soil Science, 2022, 102(2): 359—369.

- [32] Xie H T, Chen Z M, Feng X X, *et al.* L-theanine exuded from *Camellia sinensis* roots regulates element cycling in soil by shaping the rhizosphere microbiome assembly. *Science of the Total Environment*, 2022 (837): 155801.
- [33] Deng H F. Effects of intercropping on mineral nutrient absorption and characteristics and rhizosphere soil characteristics of oriental melon. Shenyang: Shenyang Agricultural University, 2017.
邓海峰. 间作栽培对薄皮甜瓜矿质营养吸收及其根际土壤特性的影响. 沈阳: 沈阳农业大学, 2017.
- [34] Yang Z K, Qu J J, Qiao L, *et al.* Tea and *Pleurotus ostreatus* intercropping modulates structure of soil and root microbial communities. *Scientific Reports*, 2024, 14(1): 11295.
- [35] Hao H P, Bai H T, Xia F, *et al.* Effects of tea-*Litsea cubeba* intrcropping on soil microbial community structure in tea plantation. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54(18): 3959–3969.
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. *中国农业科学*, 2021, 54(18): 3959–3969.
- [36] Xiong Y L, Shao S B, Li D L, *et al.* Exploring the impact of tea [*Camellia sinensis* (L.) O. Ktze.]/*Trachelospermum jasminoides* (Lindl.) Lem. intercropping on soil health and microbial communities. *Agronomy*, 2024, 14(6): 1261.
- [37] Zhou X G, Zhang J Y, Rahman M K, *et al.* Interspecific plant interaction via root exudates structures the disease suppressiveness of rhizosphere microbiomes. *Molecular Plant*, 2023, 16(5): 849–864.
- [38] Tang X Y, Wang X M, Cheng X X, *et al.* Metarhizium fungi as plant symbionts. *New Plant Protection*, 2025, 2(1): e23.
- [39] Liao H J, Zhang Z B, Jiang Y M, *et al.* Biocontrol potential of *Chaetomium globosum* against plant pathogenic fungi and root-knot nematodes: a review. *Natural Product Research and Development*, 2022, 34(6): 1076–1089.
廖宏娟, 张志斌, 江玉梅, 等. 球毛壳菌对植物病原真菌和根结线虫的生物防治潜力. *天然产物研究与开发*, 2022, 34(6): 1076–1089.
- [40] Xiong C, He J Z, Singh B K, *et al.* Rare taxa maintain the stability of crop mycobiomes and ecosystem functions. *Environmental Microbiology*, 2021, 23(4): 1907–1924.
- [41] Zhou T, Liang G P, Reich P B, *et al.* Promoting effect of plant diversity on soil microbial functionality is amplified over time. *One Earth*, 2024, 7(12): 2139–2148.
- [42] Zhong Y J, Liang L N, Xu R N, *et al.* Intercropping tea plantations with soybean and rapeseed enhances nitrogen fixation through shifts in soil microbial communities. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2022, 9(3): 344–355.
- [43] Wu T, Qin Y, Li M. Intercropping of tea (*Camellia sinensis* L.) and Chinese chestnut: Variation in the structure of rhizosphere bacterial communities. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 2021, 21(3): 2178–2190.
- [44] Xu H Q, Xiao R L, Song T Q, *et al.* Effects of mulching and intercropping on the functional diversity of soil microbial communities in tea plantations. *Biodiversity Science*, 2008, 16(2): 166–174.
徐华勤, 肖润林, 宋同清, 等. 稻草覆盖与间作三叶草对丘陵茶园土壤微生物群落功能的影响. *生物多样性*, 2008, 16(2): 166–174.
- [45] Han W Y, Wang W M, Guo Y, *et al.* Bacterial abundance of tea garden soils and its influencing factors. *Journal of Tea Science*, 2013, 33(2): 147–154.
韩文炎, 王皖蒙, 郭赞, 等. 茶园土壤细菌丰度及其影响因子研究. *茶叶科学*, 2013, 33(2): 147–154.
- [46] Xu G, Wang M J, Deng B W, *et al.* Bacterial diversity and community structure of rhizosphere soil of tea plants in different years of planting. *Biotechnology Bulletin*, 2020, 36(3): 124–132.
许广, 王梦姣, 邓百万, 等. 不同植茶年限茶树根际土壤细菌多样性及群落结构研究. *生物技术通报*, 2020, 36(3): 124–132.
- [47] Fu Y Z, Ma K, Li Q, *et al.* Effects of potato intercropped with maize on soil bacterial diversity. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2020, 28(11): 1715–1725.
伏云珍, 马琨, 李倩, 等. 马铃薯||玉米间作对土壤细菌多样性的影响. *中国生态农业学报*, 2020, 28(11): 1715–1725.
- [48] Zhao W S, Guo Q G, Li S Z, *et al.* Effects of wilt-resistant and wilt-susceptible cotton on soil bacterial community structure at flowering and boll stage. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(5): 942–954.
赵卫松, 郭庆港, 李社增, 等. 花铃期棉花黄萎病抗病与感病品种对土壤细菌群落结构的影响. *中国农业科学*, 2020, 53(5): 942–954.
- [49] Li Y Z, Hu W, Wu B H, *et al.* Diversity of metabolites and their bio-activities in myxobacterium *Sorangium cellulosum*. *Acta Microbiologica Sinica*, 2001, 41(6): 716–722.

- 李越中, 胡玮, 吴斌辉, 等. 纤维堆囊菌的代谢产物及其生物学活性分析. 微生物学报, 2001, 41(6): 716—722.
- [50] Kulichevskaya I S, Danilova O V, Tereshina V M, *et al.* Descriptions of *Roseiarcus fermentans* gen. nov. sp nov. a bacteriochlorophyll a-containing fermentative bacterium related phylogenetically to alphaproteobacterial methanotrophs, and of the family Roseiarcaceae fam. nov. International Journal of Systematic & Evolutionary Microbiology, 2014, 64 (Pt 8) : 2558-2014.
- [51] Sun L T, Dong X, Wang Y, *et al.* Tea-soybean intercropping improves tea quality and nutrition uptake by inducing changes of rhizosphere bacterial communities. Microorganisms, 2022, 10(11): 2149.
- [52] Li Y X, Sun L, Zhang J L, *et al.* Tea plant/*Ophiopogon japonicus* intercropping drives the reshaping of soil microbial communities in terraced tea plantation's micro-topographical units. Agriculture, 2025, 15(11): 1150.
- [53] Duan Y, Wang T Q, Lei X Q, *et al.* Leguminous green manure intercropping changes the soil microbial community and increases soil nutrients and key quality components of tea leaves. Horticulture Research, 2024, 11(3): 181—192.
- [54] Zhang H, Li H L, Wang D F, *et al.* Effects of *Artemisia argyi* volatiles on the behavior of the tea green leafhopper (*Empoasca onukii*) in tea plantations. Chinese Journal of Applied Entomology, 2022, 59(4): 773—784.
- 张辉, 李慧玲, 王定锋, 等. 茶园杂草艾蒿挥发物对茶小绿叶蝉行为的影响. 应用昆虫学报, 2022, 59(4): 773—784.