

# 沿黄灌区饲用油菜与苏丹草间作对土壤酶活性及细菌群落结构的影响

李磊磊<sup>1</sup>, 李立军<sup>1</sup>, 张艳丽<sup>1</sup>, 杨金虎<sup>1</sup>,  
王佩佩<sup>1</sup>, 朱利华<sup>2</sup>, 王石清<sup>2</sup>, 赵国庆<sup>2</sup>

(1. 内蒙古农业大学农学院, 内蒙古 呼和浩特 010019; 2. 鄂尔多斯市农牧业科学研究院, 内蒙古 鄂尔多斯 017000)

**摘要:**为探究沿黄灌区饲用油菜与苏丹草间作对土壤酶活性及细菌群落结构的影响,于2022年在内蒙古鄂尔多斯市达拉特旗,采用高通量测序技术结合土壤酶活性,比较分析饲用油菜单作、苏丹草单作、饲用油菜苏丹草间作3个种植模式下的土壤细菌群落结构及酶活性的差异。结果表明:饲用油菜苏丹草间作显著提高土壤脲酶、蔗糖酶活性,较饲用油菜单作和苏丹草单作分别提高了8.09%~13.93%和13.01%~58.02%。饲用油菜苏丹草间作使土壤细菌OTUs数目和细菌群落多样性指数提高。不同种植模式下土壤细菌群落组成和相对丰度表现不同,其中变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽单胞菌门为优势菌门, *Salinimicrobium*、海杆菌属、革兰菌属为优势菌属;间作种植模式提高了变形菌门、放线菌门、芽单胞菌门、革兰菌属的相对丰度。相关性分析表明:土壤脲酶、蔗糖酶与变形菌门相对丰度呈显著正相关关系,与酸杆菌门相对丰度呈显著负相关关系;土壤碱性磷酸酶与蛭弧菌门相对丰度呈显著正相关关系,与放线菌门相对丰度呈显著负相关关系;土壤过氧化氢酶与蛭弧菌门相对丰度呈显著正相关关系,与厚壁菌门相对丰度呈极显著负相关关系。综上可知,饲用油菜苏丹草间作改变了土壤细菌群落结构,提高土壤酶活性和有益菌物种丰度,可作为改善沿黄灌区盐碱土壤微生态环境的有效措施。

**关键词:** 间作; 饲用油菜; 苏丹草; 酶活性; 细菌群落

**中图分类号:** S344.2 **文献标志码:** A

## Effects of intercropping forage rape with Sudan grass on soil enzyme activity and bacterial community structure in the irrigation areas along the Yellow River

LI Leilei<sup>1</sup>, LI Lijun<sup>1</sup>, ZHANG Yanli<sup>1</sup>, YANG Jinhui<sup>1</sup>, WANG Peipei<sup>1</sup>,  
ZHU Lihua<sup>2</sup>, WANG Shiqing<sup>2</sup>, ZHAO Guoqing<sup>2</sup>

(1. College of Agronomy, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot, Inner Mongolia 010019, China;

2. Ordos Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Ordos, Inner Mongolia 017000, China)

**Abstract:** To explore the effects of intercropping of forage rape and Sudan grass on soil enzyme activity and bacterial community structure in the Yellow River irrigation area, high-throughput sequencing technology was used in Dalate Banner, Ordos City, Inner Mongolia in 2022, combining with soil enzyme activity. The differences of soil bacterial community structure and enzyme activity under three planting modes of monoculture of forage rape, monoculture of Sudan grass and intercropping of forage rape and Sudan grass were compared and analyzed. The results showed that the activities of soil urease and sucrase were significantly increased by 8.09%~13.93% and 13.01%~58.02%, respectively in the intercropping of forage rape and Sudan grass compared with the monoculture of forage rape and Sudan grass. The intercropping of forage rape and Sudan grass increased the number of soil bacterial OTUs and bacterial community diversity index. The composition and relative abundance of soil bacterial communities under different planting patterns were different. Proteobacteria, Bacteroidota, Actinobacteriota, and Gemmatimon-

dota were the dominant phyla, and *Salinimicrobium*, *Marinobacter*, and *Gramella* were the dominant genera. The intercropping planting pattern increased the relative abundance of Proteobacteria, Actinobacteriota, Gemmatimonadota, and *Gramella*. Correlation analysis showed that soil urease and sucrase were significantly positively correlated with Proteobacteria and significantly negatively correlated with Acidobacteria. Soil alkaline phosphatase was significantly positively correlated with Bdellovibrionota, and negatively correlated with Actinobacteria. There was a significant positive correlation between soil catalase and Bdellovibrionota, and a significant negative correlation with Firmicutes. In summary, the intercropping of forage rape and Sudan grass changed the soil bacterial community structure and increased the soil enzyme activity and the abundance of beneficial bacteria species, which could be used as an effective measure to improve the saline-alkali soil micro-ecological environment in the Yellow River irrigation area.

**Keywords:** intercropping; forage rape; Sudan grass; enzyme activity; bacterial community

沿黄灌区是内蒙古河套平原的重要组成部分,其位于阴山山地与鄂尔多斯高原之间,是我国的农业主产区<sup>[1]</sup>。但由于气候干旱和种植模式单一,该地区土壤盐碱程度日益加重,已成为限制当地农业发展的重要因素。土壤微生物特征是衡量土壤健康程度的关键指标<sup>[2]</sup>。细菌群落结构及多样性在保持土壤质量和恢复土壤功能等方面发挥主导作用<sup>[3]</sup>,可作为反映农田生态特征、评价土壤质量的生物指标<sup>[4]</sup>。土壤酶是土壤中最活跃的有机组分,直接参与土壤养分循环和营养元素转化,可以提供有关土壤微生物活动过程的综合表征信息<sup>[5]</sup>。有研究表明盐碱土中含有大量的  $\text{Na}^+$ 、 $\text{Cl}^-$ 、 $\text{CO}_3^{2-}$ 、 $\text{HCO}_3^-$ ,这些离子浓度过高会造成土壤恶化,破坏土壤系统的功能,使土壤养分含量、酶活性和微生物多样性降低,从而造成作物减产和土地资源浪费<sup>[6]</sup>。因此开展沿黄灌区盐碱地土壤微生态的研究对该区域农业可持续发展具有重要意义。

饲用油菜(*Brassica campestris* L.)是优质的青贮饲料来源,具有良好的适口性和较好的耐盐碱能力,近年来在内蒙古地区大面积推广种植<sup>[7]</sup>,但由于其含水量过高,单独青贮效果不好<sup>[8]</sup>。苏丹草(*Sorghum sudanense* (Piper) Stapf.)是一种优质的禾本科牧草,既可青贮也可调制干草,是我国干旱和半干旱地区畜牧业发展的重要饲料作物<sup>[9]</sup>。研究表明饲用油菜与禾本科作物间混作可以降低饲用油菜收获时含水量<sup>[10]</sup>,有效提高混贮饲料品质<sup>[11]</sup>。因此开展饲用油菜苏丹草间作种植,对促进该地区饲草产业发展和实现大田机械化作业有重要作用。

间作是作物多样化种植的重要方式,能够利用适宜种间相互作用提高作物产量,同时通过作物根系分泌物改善根际微生物群落结构,促进土壤微生物代谢,使土壤质量趋于健康<sup>[12]</sup>。常青等<sup>[13]</sup>研究表明,玉米与饲用油菜间作能够提高饲草产量,改善饲草品质。渠佳慧<sup>[14]</sup>研究表明,箭筈豌豆与饲用

油菜间作能调控土壤微生物群落结构,提高富营养型细菌的相对丰度。相关研究多集中于豆科与其他作物的间作系统,鲜有关于芸薹属与禾本科类间作对土壤微生态影响方面的研究。因此,本试验以饲用油菜、苏丹草为研究对象,研究不同种植模式对土壤细菌群落结构及酶活性的影响,从而进一步明确饲用油菜苏丹草间作对提升土壤生态质量和维持土壤微生态平衡的效果,以期为内蒙古沿黄灌区盐碱地微生态环境调控和饲用作物间作生产技术提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验于 2022 年在内蒙古鄂尔多斯市达拉特旗王爱召镇白庙子村(40°26'39"N, 110°17'32"E)进行,地处阴山山地与鄂尔多斯高原之间的黄河冲积平原,属温带大陆性气候,年均日照时数 3 159 h,无霜期 135~150 d,年均气温 6.6℃,年均降水量 300 mm,且主要集中在 7~9 月,年均蒸发量 2350 mm,蒸降比约 7.8。2022 年试验前耕层(0~20 cm)土壤养分基本情况为:土壤全盐量 9.10 g·kg<sup>-1</sup>、pH 值 8.41、有机质 9.86 g·kg<sup>-1</sup>、全氮 0.56 g·kg<sup>-1</sup>、全磷 0.65 g·kg<sup>-1</sup>、全钾 25.91 g·kg<sup>-1</sup>;土壤类型为盐土。

### 1.2 试验材料

供试饲用油菜品种为‘饲油 2 号’,由华中农业大学选育;供试苏丹草品种为‘内蒙一号’,由内蒙古农业大学选育。供试肥料为生物有机肥(福归生物有机肥,有机质含量≥60%)。

### 1.3 试验设计

试验设 3 种植模式,分别为饲用油菜苏丹草间作(IRS)、饲用油菜单作(R)、苏丹草单作(S),重复 3 次,共 9 个小区,小区面积 31.5 m<sup>2</sup>(长 7 m,宽 4.5 m),过道 0.5 m。所有处理均于 5 月 25 日播种,采用人工播种,间作种植 3 带,基于前期试验,设间

作行比为 2:4(饲用油菜 2 行,苏丹草 4 行),种植 3 带,行距 25 cm,播深 2~3 cm;饲用油菜播量为  $15 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ ,苏丹草播量为  $45 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ ,于同年的 8 月 10 日(苏丹草抽穗期或饲用油菜的盛花期)收获。生物有机肥按  $1500 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$  于播种前一次性施入,田间管理与当地大田管理一致。

#### 1.4 测定项目与方法

**1.4.1 土壤样品的采集** 于饲用油菜盛花期(苏丹草抽穗期)采集 0~20 cm 土层的土样。间作处理分别在油菜和苏丹草行上取一点,两作物行间取一点,三点等量混合;单作处理在行上和行间取三点,等量混合。土样去除石砾、植物根系等可见杂物后分成两份,一份自然风干后过筛,用于土壤酶活性的测定;另一份存放在  $-80^\circ\text{C}$  冰箱,用于测定土壤微生物群落结构。

**1.4.2 土壤酶活性测定** 土壤脲酶活性测定采用靛酚蓝比色法,以每克土 24 h 产生的  $\text{NH}_4^+-\text{N}$  毫克数表示;土壤碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法,以每克土 24 h 产生的酚毫克数表示;土壤蔗糖酶活性采用 3,5-二硝基水杨酸比色法,以每克土 24 h 产生的葡萄糖毫克数表示;土壤过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法,以每克土 1 h 消耗的  $0.1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{KMnO}_4$  毫升数表示。

**1.4.3 土壤细菌多样性测定** DNA 抽提和 PCR 扩增采用 MagPure Soil DNA LQ Kit(Magan)试剂盒依照说明书对样本的基因组 DNA 进行提取。利用 NanoDrop 2000(Thermo Fisher Scientific, USA)和琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度和纯度,将提取的 DNA 保存于  $-20^\circ\text{C}$ 。以提取的基因组 DNA 为模板,使用带 Barcode 的特异引物和 Takara Ex Taq 高保真酶进行细菌 16S rRNA 基因的 PCR 扩增。然后使用 AMPure XP beads 磁珠纯化,纯化后作为二轮 PCR 模板,并进行二轮 PCR 扩增。并再次使用磁珠纯化,取纯化过的二轮产物进行 Qubit 定量,然后调整浓度进行测序。使用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行测序,并生成 250 bp 双端 reads。测序由上海欧易生物技术有限公司进行。

**1.4.4 测序数据处理分析** 首先使用 Cutadapt 软件,将 raw data 序列剪切掉引物序列。然后使用 DADA2,将上一步合格的双端 raw data 按照 QIIME 2 (2020.11)默认参数进行质量过滤,降噪,拼接及去嵌合体等质控分析,得到代表序列及 ASV 丰度表格。采用 QIIME 2 软件进行  $\alpha$  和  $\beta$  多样性分析。使用包括 Chao1 指数和 Shanno 指数的 Alpha 多样性评估样品的  $\alpha$  多样性。利用 R 语言计算的 unweighted Unif-

rac 距离矩阵,进行 unweighted Unifrac 主坐标分析(PCoA)来评估样本的  $\beta$  多样性。对获得的序列按 97% 的序列一致性(Identity)进行归并和 OTU 划分,获取每个 OTU 所对应的分类学信息,通过 R 语言绘制韦恩图,计算 Shannon 指数、Simpson 指数、Chao1 指数等细菌多样性指数,完成数据可视化和分析。

#### 1.5 数据处理

采用 Microsoft Excel 2019、SPSS 26.0、Origin 2023b 等软件进行数据处理和统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 饲用油菜苏丹草间作对土壤酶活性的影响

如图 1 可知,IRS 处理土壤脲酶和蔗糖酶活性均显著高于 R 和 S 处理( $P<0.05$ ),较 R 处理分别提高 13.83%、58.00%,较 S 处理分别提高 8.09%、13.01%。IRS 处理与 S 处理土壤碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性达到显著水平( $P<0.05$ ),与 R 处理差异不显著( $P>0.05$ ),IRS 处理较 R 处理分别提高 3.96%、30.68%,较 S 处理分别降低 15.93%、46.13%。

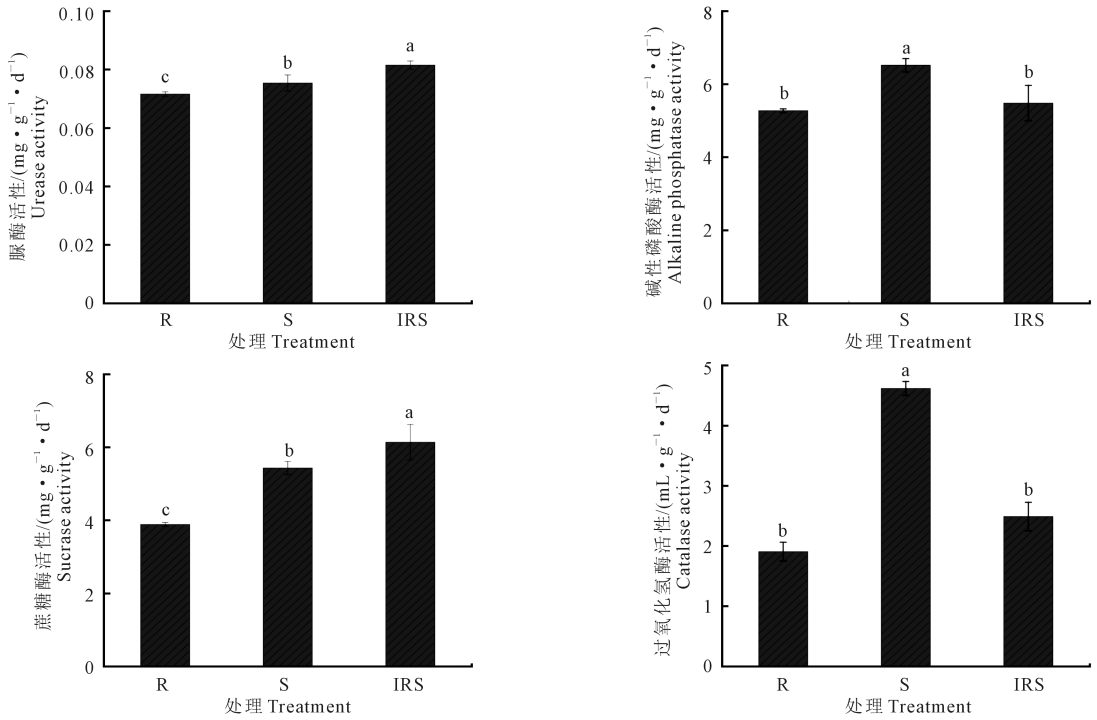
### 2.2 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌群落组成的影响

由图 2 可知,细菌群落中 R、S、IRS 处理的土壤 OTUs 数分别为 1 936、2 350、2 355。其中共享 OTUs 数为 529,R 处理特有 OTUs 数为 1 025,S 处理特有 OTUs 数为 1 154,IRS 处理特有 OTUs 数为 1 317,不同种植模式 OTUs 数目表现为  $\text{IRS}>\text{S}>\text{R}$ 。

### 2.3 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌群落多样性的影响

**2.3.1 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌 Alpha 多样性的影响** 由表 1 可知,3 个处理之间各 Alpha 多样性指数差异均未达显著水平( $P>0.05$ ),其中土壤细菌群落多样性指数(Shannon 指数、Simpson 指数)表现为  $\text{IRS}>\text{S}>\text{R}$ ,IRS 处理最高;土壤细菌群落丰富度指数(ACE 指数、Chao1 指数)表现为  $\text{S}>\text{IRS}>\text{R}$ 。

**2.3.2 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌 Beta 多样性的影响** NMDS 分析是一种将多维空间的研究对象简化到低维空间进行定位、分析和归类,同时又保留对象间原始关系的数据分析方法。NMDS 分析结果的优劣性用 Stress 进行检验,通常认为  $\text{Stress}<0.2$ ,NMDS 图形有一定的解释意义; $\text{Stress}<0.1$ ,可认为是一个好的排序; $\text{Stress}<0.05$ ,具有很好的代表性。由图 3 可知,R、S 和 IRS 处理的细菌群落明显分离,Stress 值为 0.001,说明饲用油菜苏丹草间作土壤的细菌群落差异较大。



注:不同小写字母表示各处理间差异显著 ( $P<0.05$ )。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences between treatments ( $P<0.05$ ).

图 1 饲用油菜苏丹草间作对土壤酶活性的影响

Fig.1 Effect of intercropping of forage rape and Sudan grass on soil enzyme activities

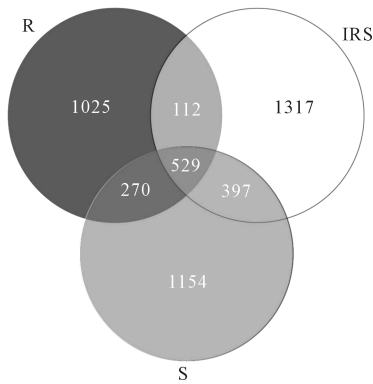


图 2 饲用油菜苏丹草间作土壤细菌 Venn 图

Fig.2 Venn diagram of soil bacteria in forage rape intercropping Sudan grass

表 1 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌 Alpha 多样性的影响

Table 1 Effects of intercropping of forage rape and Sudan grass on Alpha diversity of soil bacteria

| 处理<br>Treatment | Chao1 指数<br>Chao1 index | Shannon 指数<br>Shannon index | Simpson 指数<br>Simpson index | ACE 指数<br>ACE index |
|-----------------|-------------------------|-----------------------------|-----------------------------|---------------------|
| IRS             | 1153.58±35.01a          | 8.61±0.46a                  | 0.9916±0.00a                | 1137.90±208.79a     |
| R               | 964.31±167.16a          | 8.15±0.68a                  | 0.9838±0.01a                | 966.72±161.57a      |
| S               | 1157.65±292.84a         | 8.49±10.63a                 | 0.9879±0.01a                | 1144.90±284.79a     |

注:表中数据均为平均值±标准误,同一列数据后不同小写字母之间表示各处理间差异显著 ( $P<0.05$ )。

Note: All data in the table are mean ± standard error, and different lowercase letters after data in the same column indicate significant differences among treatments ( $P<0.05$ ).

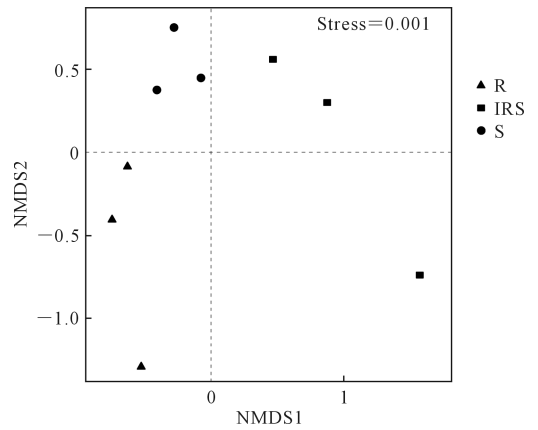


图 3 饲用油菜苏丹草间作下土壤细菌群落 NMDS 分析

Fig.3 NMDS analysis of soil bacterial community under intercropping of forage rape and Sudan grass

### 2.4 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌门水平群落结构的影响

由图 4 可知,各处理门水平超过 1% 丰度的细菌菌门有 6 类,分别为 Proteobacteria(变形菌门)、Bacteroidota(拟杆菌门)、Actinobacteriota(放线菌门)、Gemmatimonadota(芽单胞菌门)、Acidobacteriota(酸杆菌门)和 Myxococcota(粘菌门),其中 Proteobacteria(变形菌门)、Bacteroidota(拟杆菌门)、Actinobacteriota(放线菌门)、Gemmatimonadota(芽单胞菌门)为细菌门



水平的优势菌门。各处理中 Proteobacteria(变形菌门)丰度最高,为 34.60%~39.93%;IRS 处理使 Verrucomicrobiota(微菌门)和 Proteobacteria(变形菌门)丰度提高,较 R 处理分别提高 26.04%、5.4%,较 S 处理分别提高 48.59%、6.11%;IRS 处理使 Bacteroidota(拟杆菌门)、Myxococcota(粘菌门)和 Acidobacteriota(酸杆菌门)的丰度降低,较 R 处理和 S 处理分别降低 11.55%、40.56%、4.5%和 2.8%、30.92%、33.22%;与 R 处理相比,IRS 处理使 Gemmatimonadota(芽单胞菌门)、Desulfobacterota(脱硫杆菌门)和 Bdellovibrionota(蛭弧菌门)丰度分别提高了 24.47%、7.49%和 36.11%;与 S 处理相比,IRS 处理使 Actinobacteriota(放线菌门)和 Firmicutes(厚壁菌门)丰度分别提高 26.61%和 120.21%。

### 2.5 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌属水平群落结构的影响

由图 5 可知,各处理属水平超过 1% 丰度细菌菌属为 *Salinimicrobium*、*Marinobacter*(海杆菌属)、*Gramella*(革兰菌属)、*BD2-11\_terrestrial\_group*、*Marinobacterium*(海细菌属)。其中 *Salinimicrobium*、*Marinobacter*(海杆菌属)、*Gramella*(革兰菌属)为细菌属水平优势菌属。各处理 *Salinimicrobium* 所占比例最高,为 2.68%~9.33%;IRS 处理使 *Gramella*(革兰菌属)、*Kangiella*(康氏菌属)丰度提高,较 R 处理分别提高 116.63%、31.01%,较 S 处理分别提高 14.79%、4.35%;IRS 处理使 *Salinimicrobium*、*Marinobacter*(海杆菌属)、*BD2-11\_terrestrial\_group*、*Marinobacterium*(海细菌属)丰度降低,较 R 处理和 S 处理分别降低 71.22%、67.41%、34.45%、17.97%和 69.65%、77.72%、36.34%、57.43%;与 S 处理相比,IRS 处理使 *Marivirga*、*Flavobacterium*(黄杆菌属)、*Erythrobacter*(赤杆菌属)、*Pseudomonas*(假单胞菌属)丰度提高。

### 2.6 饲用油菜苏丹草间作土壤酶活性与细菌门水平群落结构相关性

饲用油菜苏丹草间作土壤细菌门水平群落结构与土壤酶活性 Spearman 相关分析结果如图 6 所示,Proteobacteria(变形菌门)相对丰度与土壤蔗糖酶、脲酶呈显著正相关关系;Actinobacteriota(放线菌门)相对丰度与土壤碱性磷酸酶呈显著负相关关系;Acidobacteriota(酸杆菌门)相对丰度与土壤蔗糖酶、脲酶呈显著负相关关系;Firmicutes(厚壁菌门)相对丰度与土壤过氧化氢酶呈极显著负相关关系,Bdellovibrionota(蛭弧菌门)相对丰度与土壤过氧化氢酶、碱性磷酸酶呈显著正相关关系。

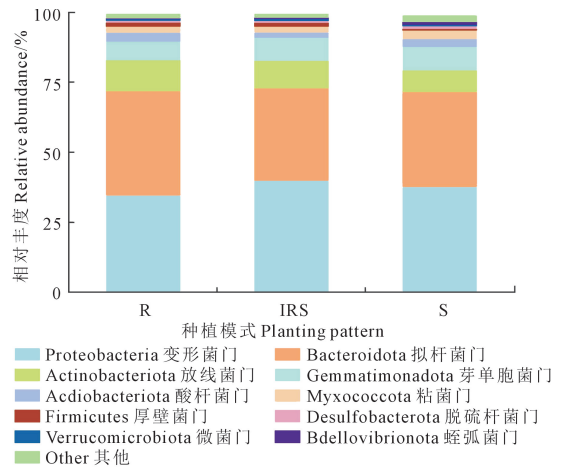


图 4 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌门水平群落结构的影响  
Fig.4 Effects of intercropping of forage rape and Sudan grass on soil bacterial community structure at phylum level

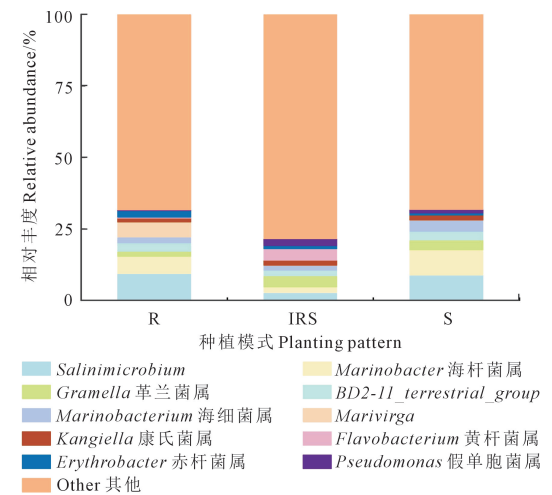
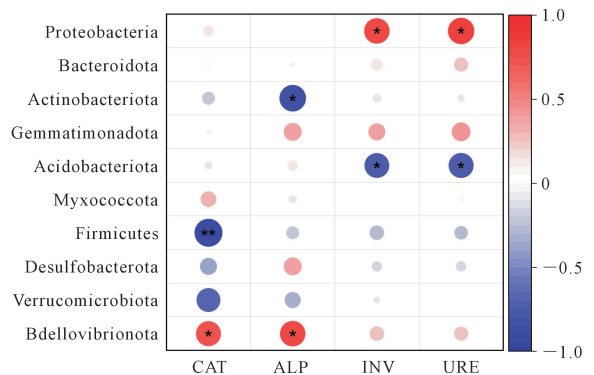


图 5 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌属水平群落结构的影响  
Fig.5 Effects of intercropping of forage rape and Sudan grass on soil bacterial community structure at genus level



注:CAT:过氧化氢酶;ALP:碱性磷酸酶;INV:蔗糖酶;URE:脲酶。\*\*, $P < 0.01$ ;\*, $P < 0.05$ 。  
Note: CAT: Catalase; ALP: Alkaline phosphatase; INV: Invertase; URE: Urease. \*\*,  $P < 0.01$ ; \*,  $P < 0.05$ .

图 6 饲用油菜苏丹草间作土壤酶活性与细菌门水平群落结构相关性

Fig.6 Correlation between soil enzyme activities and bacterial community structure at phylum level in intercropping of forage rape and Sudan grass

## 3 讨 论

### 3.1 饲用油菜苏丹草间作对土壤酶活性的影响

土壤酶是生物活性物质,其主要来源于植物根系、土壤微生物和动植物残体的分解<sup>[15]</sup>。酶活性是评价土壤质量和生态功能的重要指标,在土壤养分与微生物相互作用中起着重要的调节作用<sup>[16]</sup>。渠佳慧<sup>[14]</sup>研究表明,饲用油菜箭筈豌豆间作能够增强土壤蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性。本研究表明,与单作相比,饲用油菜苏丹草间作显著提升了土壤脲酶、蔗糖酶活性,这与燕麦豆科作物间作系统研究结果一致<sup>[17]</sup>。其原因是在间作体系中,两种作物根系相关交叉,使得根系的分泌物相互作用,通过影响根际的养分状况和微环境,间接促进土壤酶活性的增强<sup>[18]</sup>。土壤过氧化氢酶活性一定程度上可以表征土壤生物氧化过程的强弱,其作用是降解土壤过氧化氢等有毒物质<sup>[19]</sup>。本研究发现,与苏丹草单作相比,饲用油菜苏丹草间作显著降低了土壤过氧化氢酶活性,这与 Bai 等<sup>[20]</sup>结果一致。与饲用油菜单作相比,饲用油菜苏丹草间作提高了土壤过氧化氢酶活性,这可能是因为间作使作物代谢加强<sup>[21]</sup>,从而增强土壤过氧化氢酶活性。土壤磷酸酶活性可以表征土壤的肥力状况,为植物提供可靠的磷素营养<sup>[22]</sup>。本研究中,饲用油菜苏丹草间作土壤碱性磷酸酶活性显著低于苏丹草单作,这可能是因为间作体系中,饲用油菜的根系分泌物抑制了苏丹草磷素转化水平,导致饲用油菜苏丹草间作土壤碱性磷酸酶活性降低<sup>[23]</sup>。

### 3.2 饲用油菜苏丹草间作对土壤细菌多样性及群落特征的影响

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,是地上和地下生态系统联系的纽带,主导土壤生态系统养分循环和能量流动,对于维持系统的稳定性和可持续性具有重要的作用<sup>[24]</sup>。Qiao 等<sup>[25]</sup>研究发现,燕麦箭筈豌豆间作能够提高土壤细菌群落的丰度和多样性指数。王香生等<sup>[26]</sup>研究表明,小麦红花间作提高了两作物根际细菌多样性指数,但细菌丰富度指数均有不同程度下降。本研究表明,饲用油菜苏丹草间作提高了土壤细菌群落多样性指数,降低了土壤细菌群落丰富度指数,这与上述研究结果一致。间作影响作物根际土壤微生物群落的多样性,其原因可能是作物间作的根系发达,相互交错,使土壤结构得到改善,土壤养分互补,从而有利于维持土壤微生物的多样性<sup>[27]</sup>。由此可见地上部作物多样性种植可以促进地下部土壤微生物多样性的

形成。

间作体系中作物配置不同会改变微生物菌门的相对丰度,但却不改变其优势菌门的类型,其原因可能是处于相同生长环境中的土壤微生物类群具有相似性<sup>[28]</sup>。本研究基于门水平细菌分类,各处理中变形菌门、拟杆菌门、放线菌门、芽单胞菌门为土壤细菌的优势菌门,饲用油菜苏丹草间作提高了变形菌门、放线菌门、芽单胞菌门的相对丰度,降低了拟杆菌门、粘菌门、酸杆菌门相对丰度,这与 Zheng 等<sup>[29]</sup>的研究结果一致。有研究表明变形菌门在土壤细菌群落中具有较高的相对丰度,且是碱性土壤的优势种群,间作能改变土壤变形菌门的相对丰度<sup>[30-31]</sup>,这与本研究结果类似。本研究基于属水平细菌分类,各处理中 *Salinimicrobium*、海杆菌属、革兰菌属为土壤细菌的优势菌属。饲用油菜苏丹草间作使土壤细菌革兰菌属相对丰度提高,使 *Salinimicrobium*、海杆菌属相对丰度降低,这可能是间作改变了土壤根区的微环境<sup>[32]</sup>,从而影响细菌菌属的多样性,使相对丰度发生了变化。

### 3.3 土壤酶活性与细菌门水平群落结构相关性分析

在间作系统中,土壤微生物、酶以不同的方式相互作用,从而影响微生物群落特征和酶促作用,对土壤微生态环境产生影响<sup>[33]</sup>。土壤酶是土壤组分中最为活跃的有机成分之一,其活性不仅受作物根际分泌物质的影响,还受到土壤微生物活动的影响<sup>[34]</sup>。土壤脲酶是一类重要的催化酶,能将亚硝酸盐降解为 NO 或 NH<sub>3</sub>,在本研究中,饲用油菜苏丹草间作使土壤脲酶活性提高,这说明间作使土壤中的亚硝酸盐代谢加快,从而降低了亚硝酸盐对生物体的毒性作用<sup>[35]</sup>。土壤蔗糖酶活性能为植物及其根系周围的动物、微生物提供充足的碳源,是作物根系生长的能量保障,为作物地上部分生长奠定良好的基础<sup>[36]</sup>。本研究表明,间作显著提高了土壤脲酶和蔗糖酶活性,还使变形菌门相对丰度增加。有研究认为变形菌门是共营养型菌门,适宜生存在有效碳含量高的环境中<sup>[37]</sup>,这解释了为何变形菌门与土壤脲酶、蔗糖酶呈显著正相关关系。厚壁菌门有极强的环境适应性,能在营养丰富的环境下快速增长,是一类极其重要的土壤益生菌<sup>[38]</sup>。本研究中,厚壁菌门与土壤过氧化氢酶呈极显著负相关关系,可能是间作降低了过氧化氢等有毒物质<sup>[39]</sup>,从而降低土壤过氧化氢酶活性,提高了厚壁菌门的相对丰度。

## 4 结 论

饲用油菜苏丹草间作提高了土壤脲酶和蔗糖酶活性,较单作处理分别提高 8.09%~13.83% 和 13.01%~58.00%;增加了土壤细菌 OTUs 数,使土壤细菌多样性指数提高;通过土壤酶与细菌群落的相互作用增加了变形菌门、放线菌门、芽单胞菌门等有益菌的相对丰度,其中变形菌门较单作处理提高了 6.11%~48.59%;同时提高了土壤革兰菌属、假单胞菌属等的相对丰度。

### 参 考 文 献:

- [1] 魏韬书,牛洁,景宇鹏,等. 内蒙古达拉特旗黄河沿岸土壤盐渍化特征研究[J]. 内蒙古农业大学学报(自然科学版), 2016, 37(2): 55-61.  
WEI T S, NIU J, JING Y P, et al. The principal of component analysis of salinized in Dalate of Inner Mongolia[J]. Journal of Inner Mongolia Agricultural University(Natural Science Edition), 2016, 37(2): 55-61.
- [2] 姜霓雯,梁辰飞,张勇,等. 土地利用变化后不同种植年限香榧土壤微生物群落的组成及多样性[J]. 环境科学, 2022, 43(1): 530-539.  
JIANG N W, LIANG C F, ZHANG Y, et al. Microbial composition and diversity in soil of *Torreya grandis* cv. *merrillii* relative to different cultivation years after land use conversion[J]. Environmental Science, 2022, 43(1): 530-539.
- [3] FRANCHINI J C, CRISPINO C C, SOUZA R A, et al. Microbiological parameters as indicators of soil quality under various soil management and crop rotation systems in southern Brazil[J]. Soil & Tillage Research, 2007, 92(1/2): 18-29.
- [4] 胡志娥,肖谋良,丁济娜,等. 长期覆膜条件下农田土壤微生物群落的响应特征[J]. 环境科学, 2022, 43(10): 4745-4754.  
HU Z E, XIAO M L, DING J N, et al. Response characteristics of soil microbial community under long-term film mulching[J]. Environmental Science, 2022, 43(10): 4745-4754.
- [5] JING C L, XU Z C, ZOU P, et al. Coastal halophytes alter properties and microbial community structure of the saline soils in the Yellow River Delta, China[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 134: 1-7.
- [6] YANG D H, TANG L, CUI Y, et al. Saline-alkali stress reduces soil bacterial community diversity and soil enzyme activities[J]. Ecotoxicology (London, England), 2022, 31(9): 1356-1368.
- [7] 毕影东,樊超,周广生,等. 北方寒区饲肥兼用型油菜综合利用研究进展[J]. 中国油料作物学报, 2023, 45(3): 437-443.  
BI Y D, FAN C, ZHOU G S, et al. Research progress on comprehensive utilization of fertilizer and forage dual-purpose rape in cold area of North China[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2023, 45(3): 437-443.
- [8] 刘雯雯,胡连清,黄菊,等. 浓香型酒糟与饲用油菜混合青贮品质的研究[J]. 饲料研究, 2023, 46(10): 106-110.  
LIU W W, HU L Q, HUANG J, et al. Study on quality of mixed silage of strong aroma distiller's grains and forage rape[J]. Feed Research, 2023, 46(10): 106-110.

- [9] 李文西,鲁剑巍,陈防,等. 苏丹草-黑麦草轮作制中氮、磷、钾肥施用效果研究[J]. 中国农业科学, 2010, 43(7): 1414-1422.  
LI W X, LU J W, CHEN F, et al. Effect of N, P, K application on yield, nutrient and water utilization under sudangrass and ryegrass rotation regime [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43(7): 1414-1422.
- [10] 李学博,李立军,马乃娇. 油菜燕麦混播对饲草产量品质及土壤酶活性的影响[J]. 土壤通报, 2020, 51(4): 897-904.  
LI X B, LI L J, MA N J. Effects of mixed planting of oat and rape on forage yield and quality and soil enzyme activities [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2020, 51(4): 897-904.
- [11] 范玲. 宁夏引黄灌区麦后复种饲料油菜青贮及培肥土壤研究[D]. 银川: 宁夏大学, 2018.  
FAN L. Study on silage and soil fertility of multiple feed rape after wheat in Ningxia Yellow River irrigation area[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2018.
- [12] 汪春明,马琨,代晓华,等. 间作栽培对连作马铃薯根际土壤微生物区系的影响[J]. 生态与农村环境学报, 2013, 29(6): 711-716.  
WANG C M, MA K, DAI X H, et al. Effect of intercropping on soil microflora in rhizosphere soil of potato under continuous cropping[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2013, 29(6): 711-716.
- [13] 常青,李立军,渠佳慧,等. 土默川平原麦后复种饲用玉米||油菜模式的增产优势及氮素利用效率[J]. 作物杂志, 2023, (3): 167-174.  
CHANG Q, LI L J, QU J H, et al. Yield-increasing advantage and nitrogen use efficiency of multiple cropping forage maize || rape mode after wheat in Tumochuan Plain [J]. Crops, 2023, (3): 167-174.
- [14] 渠佳慧. 油菜/箭筈豌豆间作体系的土壤磷素转化特性及根际微生态效应研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2022.  
QU J H. Studies on soil phosphorus transformation characteristics and rhizosphere microecological effects of rape/common vetch intercropping system[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2022.
- [15] JING C L, XU Z C, ZOU P, et al. Coastal halophytes alter properties and microbial community structure of the saline soils in the Yellow River Delta, China[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 134: 1-7.
- [16] GE Y, ZHANG C B, JIANG Y P, et al. Soil microbial abundances and enzyme activities in different rhizospheres in an integrated vertical flow constructed wetland[J]. Clean: Soil Air Water, 2011, 39(3): 206-211.
- [17] 乔月静,郭来春,葛军勇,等. 燕麦与豆科作物间作对土壤酶活和微生物量的影响[J]. 甘肃农业大学学报, 2020, 55(3): 54-61.  
QIAO Y J, GUO L C, GE J Y, et al. Effects of oat-legume intercropping on soil enzyme activities and abundance of soil microbe [J]. Journal of Gansu Agricultural University, 2020, 55(3): 54-61.
- [18] LI Q S, WU L K, CHEN J, et al. Biochemical and microbial properties of rhizospheres under maize/peanut intercropping[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2016, 15(1): 101-110.
- [19] 李来祥,刘广才,李隆. 小麦/玉米间作优势及地上部与地下部因素的相对贡献研究[J]. 干旱地区农业研究, 2008, 26(1): 74-80.  
LI L X, LIU G C, LI L. Intercropping advantage and contribution of above-ground and under-ground interactions in wheat-maize intercrop-



- ping[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2008, 26(1): 74-80.
- [20] BAI Y C, LI B X, XU C Y, et al. Intercropping walnut and tea: effects on soil nutrients, enzyme activity, and microbial communities [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 852342.
- [21] 靳孟贵, 赵俊英, 罗泽娇. 采用土壤水利用技术的冬小麦田土壤过氧化氢酶活性分析[J]. *水文地质工程地质*, 2003, 30(2): 11-14.
- JIN M G, ZHAO J Y, LUO Z J. Analysis of soil catalase activity in winter wheat fields used different techniques of soil water utilization [J]. *Hydrogeology and Engineering Geology*, 2003, 30(2): 11-14.
- [22] 姜莉, 陈源泉, 隋鹏, 等. 不同间作形式对玉米根际土壤酶活性的影响[J]. *中国农学通报*, 2010, 26(9): 326-330.
- JIANG L, CHEN Y Q, SUI P, et al. The rhizosphere soil enzyme activities of different corn intercropping system[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2010, 26(9): 326-330.
- [23] 吴鹏博. 碱性盐胁迫对油菜苗期生长及根际土壤环境的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2021.
- WU P B. Effects of alkaline salt stress on rape seedling growth and rhizosphere soil environment [D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2021.
- [24] SCHLOTER M, DILLY O, MUNCH J C. Indicators for evaluating soil quality[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2003, 98(1/3): 255-262.
- [25] QIAO Y J, LI ZZ, WANG X, et al. Effect of legume-cereal mixtures on the diversity of bacterial communities in the rhizosphere [J]. *Plant, Soil and Environment*, 2012, 58(4): 174-180.
- [26] 王香生, 连延浩, 郭辉, 等. 小麦红花间作系统根际微生物群落结构及功能分析[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2023, 31(4): 516-529.
- WANG X S, LIAN Y H, GUO H, et al. Effects of wheat/safflower intercropping on rhizosphere microbial community function and structure[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2023, 31(4): 516-529.
- [27] 王佳旭, 朱凯, 张志鹏, 等. 高粱花生间作对不同单行作物根系性状及土壤微生物的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2022, 40(4): 51-59.
- WANG J X, ZHU K, ZHANG Z P, et al. Effects of sorghum-peanut intercropping on root traits and soil microorganisms of single-row crops[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2022, 40(4): 51-59.
- [28] ZHANG M M, WANG N, HU Y B, et al. Changes in soil physico-chemical properties and soil bacterial community in mulberry (*Morus alba* L.) / alfalfa (*Medicago sativa* L.) intercropping system[J]. *Microbiologopen*, 2018, 7(2): e00555.
- [29] ZHENG W, GONG Q L, ZHAO Z Y, et al. Changes in the soil bacterial community structure and enzyme activities after intercrop mulch with cover crop for eight years in an orchard[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2018, 86: 34-41.
- [30] GU Y Y, LIANG X Y, ZHANG H Y, et al. Effect of biochar and bioorganic fertilizer on the microbial diversity in the rhizosphere soil of *Sesbania cannabina* in saline-alkaline soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1190716.
- [31] 赵雅姣, 刘晓静, 吴勇, 等. 西北半干旱区紫花苜蓿-小黑麦间作对根际土壤养分和细菌群落的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(5): 1645-1652.
- ZHAO Y J, LIU X J, WU Y, et al. Effects of *Medicago sativa*-*Triticale wittmack* intercropping system on rhizosphere soil nutrients and bacterial community in semi-arid region of northwest China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, 31(5): 1645-1652.
- [32] LIGI T, OOPKAUP K, TRUU M, et al. Characterization of bacterial communities in soil and sediment of a created riverine wetland complex using high-throughput 16S rRNA amplicon sequencing [J]. *Ecological Engineering*, 2014, 72: 56-66.
- [33] ZHOU Q, CHEN J, XING Y, et al. Influence of intercropping Chinese milk vetch on the soil microbial community in rhizosphere of rape[J]. *Plant and Soil*, 2019, 440(1): 85-96.
- [34] MOUSAVI R, SADAGHIANI R M, SEPEHR E, et al. Improving phosphorus availability and wheat yield in saline soil of the lake urmia basin through enriched biochar and microbial inoculation [J]. *Agriculture*, 2023, 13(4): 805.
- [35] COSTA-BROSETA Á, CASTILLO M C, LEÓN J. Nitrite reductase 1 is a target of nitricoxide-mediated post-translational modifications and controls nitrogen flux and growth in *Arabidopsis* [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2020, 21(19): 7270.
- [36] WANG B, LIU G B, XUE S, et al. Changes in soil physico-chemical and microbiological properties during natural succession on abandoned farmland in the Loess Plateau [J]. *Environmental Earth Sciences*, 2011, 62(5): 915-925.
- [37] SPAIN A M, KRUMHOLZ L R, ELSHAHED M S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria [J]. *The ISME Journal*, 2009, 3(8): 992-1000.
- [38] 吕睿, 常帆, 张兴昌, 等. 黄土高原土壤细菌和真菌群落结构及其多样性对菌糠有机肥响应机制研究[J]. *环境生态学*, 2022, 4(2): 40-49.
- LV R, CHANG F, ZHANG X C, et al. Responses of soil bacterial and fungal community structure and diversity to microbial bran organic manure in the Loess Plateau [J]. *Environmental Ecology*, 2022, 4(2): 40-49.
- [39] 王庆宇, 李立军, 阮慧, 等. 旱地燕麦间作对土壤酶活性、微生物含量及产量的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2019, 37(2): 179-184.
- WANG Q Y, LI L J, RUAN H, et al. Effects of dryland oat intercropping on soil enzyme activity, microbial content and yield[J]. *Agricultural Research in the Arid Area*, 2019, 37(2): 179-184.