



杜洋文,周国清,杜拾平,等.薄壳山核桃不同种植模式对土壤微生物群落多样性影响[J].江西农业大学学报,2026,48(2):419-431.

DU Yangwen,ZHOU Guoqing,DU Shiping,et al.Effects of different planting patterns on soil microbial community diversity of *Carya illinoensis*[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis,2026,48(2):419-431.

薄壳山核桃不同种植模式对土壤微生物群落多样性影响

杜洋文¹,周国清¹,杜拾平¹,周倩²,张荣洋³,唐明孝⁴

(1.湖北省林业科学研究院,湖北 武汉 430075;2.湖北省林木种苗管理总站,湖北 武汉 430079;3.京山市虎爪山林场,湖北 京山 431815;4.国营麻城市狮子峰林场,湖北 麻城 438300)

摘要:【目的】旨在探讨薄壳山核桃(*Carya illinoensis*)不同林药种植模式对土壤微生物群落多样性的影响。【方法】利用高通量测序技术,分析薄壳山核桃+丹参、薄壳山核桃+射干和单作种植模式下,3年后根际与非根际土壤微生物 Alpha 多样性、Beta 多样性、群落结构及其与土壤环境因子的相关性。【结果】薄壳山核桃套种丹参、射干及单作模式下,根际与非根际土壤细菌和真菌群落的 ACE、Chao1、Shannon 和 Simpson 指数均无显著差异,但套种模式下各指数均有一定提高。在细菌群落中,假单胞菌门和酸杆菌门为显著优势菌门;相比不套种,套种丹参和射干的土壤中,假单胞菌门的相对丰度降低,酸杆菌门的相对丰度提高。 α -变形菌纲、 β -变形菌纲、酸杆菌门 Gp6 组、Gp4 组和热嗜油菌纲为显著优势菌纲;相比不套种,套种丹参和射干的土壤中, α -变形菌纲和 β -变形菌纲的相对丰度降低,酸杆菌门 Gp6 组、Gp4 组和热嗜油菌纲的相对丰度提高。不同种植模式下,土壤细菌以 Unclassified、Gp6、Gp4、Gp3 为显著优势菌属,套种射干和丹参的土壤中 Gp6、Gp4 的相对丰度高于单作。在真菌群落中,担子菌门和子囊菌门为显著优势菌门;相比不套种,套种丹参和射干的土壤中子囊菌门的相对丰度显著升高,担子菌门显著降低。伞菌纲、粪壳菌纲、座囊菌纲、被孢霉纲和散囊菌纲为显著优势菌纲;相比不套种,伞菌纲相对丰度显著降低,粪壳菌纲、座囊菌纲和被孢霉纲显著升高。土壤真菌以 Unclassified、*Mortierella*、*Fusarium* 为显著优势菌属,套种射干和丹参的土壤中 *Mortierella*、*Fusarium* 的相对丰度高于单作。土壤 pH 和蔗糖酶是影响土壤细菌属群落的主要环境因子,土壤 pH 是真菌群落的主要环境因子。【结论】薄壳山核桃林地套种射干和丹参可显著改变土壤微生物群落结构,有利于提高土壤有机质含量、促进土壤难溶性磷转化为植物能够吸收的有效磷,但可能会产生连作障碍,建议 2~3 年轮作套种。

关键词:薄壳山核桃;套种;微生物多样性;微生物群落结构

中图分类号:S725 文献标志码:A

文章编号:1000-2286(2026)02-0419-13

CSTR:32399.14.aauj.2026035

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



Effects of different planting patterns on soil microbial community diversity of *Carya illinoensis*

DU Yangwen¹,ZHOU Guoqing¹,DU Shiping²,ZHOU Qian¹,
ZHANG Rongyang³,TANG Mingxiao⁴

收稿日期:2025-04-09 修回日期:2025-06-25 接受日期:2025-06-30

基金项目:湖北省重点研发计划项目(2022BBA153)

Project supported by Key-area Research and Development Program of Hubei Province(2022BBA153)

作者简介:杜洋文,副研究员,硕士,主要从事经济林育种与高效栽培技术研究,0009-0004-9809-0063,187264787@qq.com。

©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取 CC BY-NC-ND 协议

(1.Hubei Academy of Forestry, Wuhan 430075, China; 2.Hubei Provincial Administration of Forestry and Seedling Wuhan 430079, China; 3.Huzhao Mountain Forest Farm, Jingshan, Hubei 431815, China; 4.State-owned Shizi Peak Forest Farm of Macheng, Macheng, Hubei 438300, China)

Abstract: [Objective] The effects of soil microbial community diversity on different planting patterns of *Carya illinoensis* with medicinal plants were investigated to determine appropriate patterns. [Method] High-throughput sequencing was used to analyze, the changes of alpha diversity, beta diversity, community structure and correlations with soil environmental factors of rhizosphere and non-rhizosphere soil microorganisms under *Carya illinoensis*+*Salvia miltiorrhiza*, *Carya illinoensis* +*Belamcanda* and monoculture planting patterns for 3 years. [Result] There was no significant difference in the ACE, Chao1, Shannon, and Simpson indices of bacterial and fungal communities in the rhizosphere and non-rhizosphere soil among *Carya illinoensis*+*Salvia miltiorrhiza*, *Carya illinoensis* +*Belamcanda* and monoculture, but the interplanting was improved compared with diversity indices. In the bacterial community, Pseudomonadota and Acidobacteriota were significantly dominant fungal phyla, compared with monoculture, the relative abundance of pseudomonadota was decreased and Acidobacteriota was increased in interplanting *Salvia miltiorrhiza* and shoot soil. α -Proteobacteria, β -Proteobacteria, Gp 6 group, Gp 4 group and Thermoleophilia were the significantly dominant groups. Compared with single cropping, the relative abundance of α -proteobacteria and β -proteobacteria was reduced in interplanting *Salvia miltiorrhiza* and shoot soil, and the relative abundance of Gp 6 group, Gp 4 group and Thermoleophilia was increased. The soil bacteria in different cultivation patterns were dominated by Unclassified, Gp6, Gp4 and Gp3. The relative abundance of Gp6 and Gp4 was higher in intercropping *Belamcanda chinensis* and *Salvia miltiorrhiza* than in single cropping. In the fungal community, Basidiomycota and Ascomycota were significantly dominant bacteria. Compared with single cropping, the relative abundance of interplanting *Salvia miltiorrhiza* and shoot soil was significantly increased, and Basidiomycota decreased significantly. Agaricomycetes, Sordariomycetes, Dothideomycetes, Mortierellomycetes and Eurotiomycetes were the significantly dominant groups. Compared with non-intercropping, the relative abundance of Agaricomycetes significantly decreased, while the relative abundances of Sordariomycetes, Dothideomycetes, and Mortierellomycetes significantly increased. The soil fungi were dominated by Unclassified, *Mortierella* and *Fusarium*. The relative abundance of *Mortierella* and *Fusarium* was higher in intercropping *Belamcanda chinensis* and *Salvia miltiorrhiza* than in single cropping. pH and sucrase were important environmental factors affecting the soil bacterial communities. [Conclusion] The planting patterns of *Carya illinoensis*+*Salvia miltiorrhiza* and *Carya illinoensis* +*Belamcanda chinensis* significantly affect soil microbial community structure, can improve the soil organic matter content and promote the transformation of soil insoluble phosphorus into effective phosphorus. At the same time, there may be continuous cropping obstacles, so crop rotation pattern is recommended.

Keywords: *Carya illinoensis*; interplanting; microbial diversity; microbial community structure

【研究意义】复合经营可通过林药、林粮、林苗、林养、林草等间作模式的互补性提高植物产量和土地利用效率,在当前“非农化”、“非粮化”背景下,能够有效缓解林粮争地矛盾,提高林地经济、社会和生态等综合效益^[1],对于维护粮油安全、保障生态安全、促进农民增收具有重要意义^[2]。相关研究表明,科学的套种模式能够使土壤养分得到合理利用,提高土地利用效率,改善土壤理化性状,调整土壤微生物群落结构,增强土壤酶活性,并有效防治水土流失^[3-4]。薄壳山核桃(*Carya illinoensis*)为胡桃科(Juglandaceae)山核桃属(*Carya* Nutt.)高大乔木,以产坚果和油料为主,同时具备很好的木材特性。该树种适应性广,适宜在山区、丘陵和沿海滩涂地区种植,在江苏、安徽、浙江和云南等多省均有栽培,盛产期每666.7 m²经济效益可达1万~1.5万元,是集经济、生态、社会效益于一体的重要生态经济型树种。薄壳山核桃每666.7 m²栽植密度一般为8 m×10 m,林间空地较大,纯林土地利用效率极低;林地长期不耕作,易导致土壤有益菌丰

度降低并增加致病菌数量,破坏土壤微生态环境,进而影响植物生长发育^[5]。土壤微生物活动贯穿了林地植物生长、土壤理化性状改善、矿物质养分循环及病虫害繁殖等一系列过程,通过林间套种药材、草、农作物等措施可以对土壤微生物群落结构和多样性产生显著影响。【前人研究进展】徐筋燕等^[6]研究表明,采取连作-翻耕-栽植新苗模式能显著提高栝楼根际土壤细菌群落多样性和丰度,栝楼—水稻轮作模式可以显著降低有害真菌相对丰度;李京豪等^[7]研究表明,林下套种三七显著改变了土壤微生物的群落结构,有益微生物门、属的相对丰度都呈现增加趋势;李媛媛等^[8]研究表明,套种黄芪可改变当归根际土壤细菌群落组成,提高群落丰富度及功能,增强土壤氮循环能力,促进土壤微生物间的交互作用。

【本研究切入点】目前,徐永杰等^[9]研究了薄壳山核桃套种油茶、张嘉恬等^[10]研究了薄壳山核桃套种小麦对林地土壤微生物多样性及群落结构的影响,而套种中药材对薄壳山核桃林地土壤微生物影响的研究鲜有报道。【拟解决的关键问题】本研究通过在薄壳山核桃林地套种丹参(*Salvia miltiorrhiza*)和射干(*Belamcanda chinensis*)3年后,采用高通量测序技术,分析薄壳山核桃根际土壤细菌和真菌的多样性及群落结构变化,探讨土壤微生物属和土壤理化性状的相关性,旨在阐明不同套种模式对薄壳山核桃根际土壤微生物多样性及群落结构的影响,为薄壳山核桃林间科学合理套种提供理论依据。

1 试验地概况

试验地位于京山市虎爪山林场,地处鄂中丘陵至江汉平原的过渡地带(30°42′~31°27′N,112°43′~113°29′E)。属北亚热带季风气候,年平均气温 16.3 ℃,极端最高气温 40.3 ℃,极端最低气温-6.2 ℃;无霜期 223~243 d,年均太阳辐射总量 452~460 kJ/cm²,年日照总时数 1 970.5 h,日照百分率 46%;年平均降水量 1 170 mm,夏季降水量约占全年的 41%~45%,冬季占 7%~8%,春季占 28%~32%,秋季占 18%~20%,年降水日数 104~130 d。

2 材料与方法

2.1 试验材料与设计

2022 年 3 月,在造林 5 年生薄壳山核桃林地开展射干和丹参套种试验。薄壳山核桃林栽植密度为 8 m×8 m,平均树高 3.5 m,冠幅 3.1 m×2.8 m。试验设计 3 种模式,分别为薄壳山核桃+射干、薄壳山核桃+丹参及单作(不套种)。射干和丹参均采用 2~3 年生幼苗栽植,栽植密度 20 cm×20 cm,每种模式面积为 640 m²,设 3 次重复,具体试验设计见图 1。

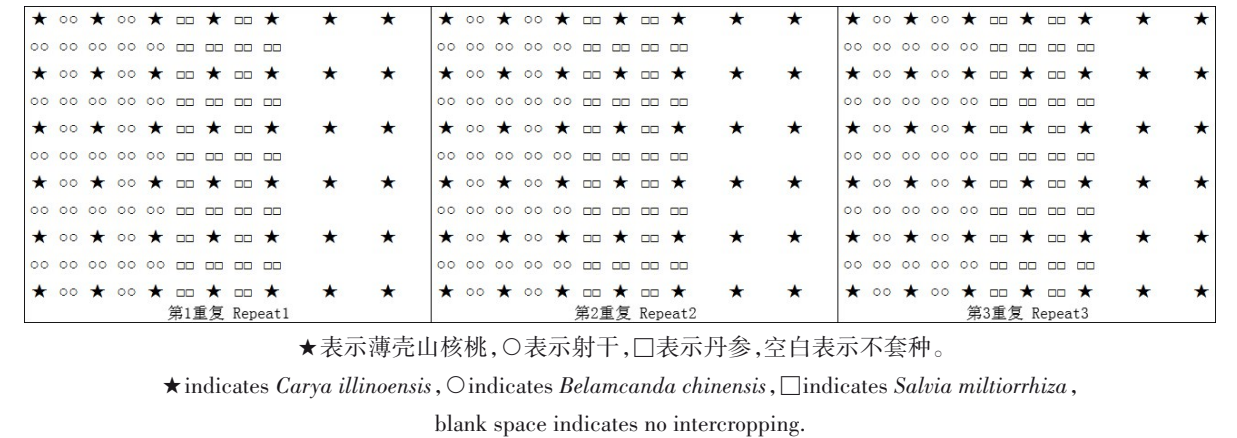


图 1 试验设计
Fig.1 Experimental design

2.2 土壤样品采集

土壤样品于 2024 年 8 月 28 日采集,每种模式每次重复均选取 3 株薄壳山核桃,分别在根际区(距薄壳山核桃树干 50 cm 范围内)和非根际区(距薄壳山核桃树干 4 m 处、50 cm 范围内)采集 0~20 cm 深度土壤,混匀后清除石砾、根系及杂物,采用四分法取 1/4 土壤作为 1 份样品,套种丹参和射干模式分别采集根际和非根际土样各 3 份,不套种采集根际土样 3 份。获得套种丹参薄壳山核桃根际土样(YDCG)、套种丹参薄壳山

核桃非根际土样(YDG)、套种射干薄壳山核桃根际土样(YSCG)、套种射干薄壳山核桃非根际土样(YSG)、不套种薄壳山核桃根际土样(YCG)共 15 份。将每份土壤样品分成 2 份,过筛去除杂物后放入冰盒带回实验室,1 份用于土壤微生物高通量测序,另 1 份自然风干,粉碎过 60 目筛后用于土壤理化性状测定。

2.3 土壤细菌 16S rRNA 和真菌 ITS 高通量测序及数据分析

将 0.5 g 新鲜土壤加入到含提取裂解液的离心管中进行研磨处理,采用 OMEGA Soil DNA Kit 试剂盒提取微生物总 DNA,以 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测提取的土壤微生物总 DNA 质量,利用 Nanodrop 2 000 对 DNA 进行浓度定量。细菌使用引物 341F/806R 对 16S rRNA 基因的 V3~V4 区域进行扩增,引物序列为 341F (CCTAYGGGRBGCASCAG) 和 806R (GGACTACNNGGCTATCTAAT),真菌采用通用引物 ITS1F (CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA) 和 ITS2R (GCTGCGTTCTTCATCGATGC) 扩增 ITS1 区域。16S rRNA 扩增采用 TransStart Fastpfu DNA 聚合酶,ITS 扩增采用 TaKaRa rTaq DNA 聚合酶,反应体系均为 20 μ L。PCR 反应条件及扩增程序:94 $^{\circ}$ C 预变性 2 min,细菌 30 个循环(94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,55 $^{\circ}$ C 退火 30 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s),真菌 30 个循环(94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,55 $^{\circ}$ C 退火 30 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s),最后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 2 min,于 4 $^{\circ}$ C 保存。扩增结束后,回收 PCR 产物,经过定量后,利用 Illumina Miseq PE300 平台进行测序。原始序列由测序公司完成初步质控,获得高质量序列。测序及预处理由武汉爱基百客生物科技有限公司完成。

2.4 数据生信分析

首先采用 FLASH 软件对序列进行拼接,使用 UPARSE 对序列进行 OTU 聚类,相似度设为 97%,聚类过程中去除嵌合体,获得 OTU 代表序列。获得 11 970 个 OTUs,并生成 OTU 表格。群落结构分析使用重抽后的 OTU 表,重抽序列阈值为 75 825。使用 RDP classifier 对 OTU 代表序列进行分类学注释,数据库为 SILVA 16S rRNA 数据库(v138),比对阈值为 75%。计算土壤微生物 Alpha 多样性,绘制 OTUs 数量 Venn 图,并进行微生物群落 Beta 多样性和群落结构特征分析。

3 结果与分析

3.1 土壤微生物样品测序结果

由稀释曲线可知,随着测序序列数的增加,土壤细菌和真菌的 Richness 曲线逐渐趋于平缓(图 2),表明随着测序深度的增加,OTU 数量增幅不断减小,说明测序数量已达到饱和,能够反映土壤样品的绝大部分信息,测序数据合理。

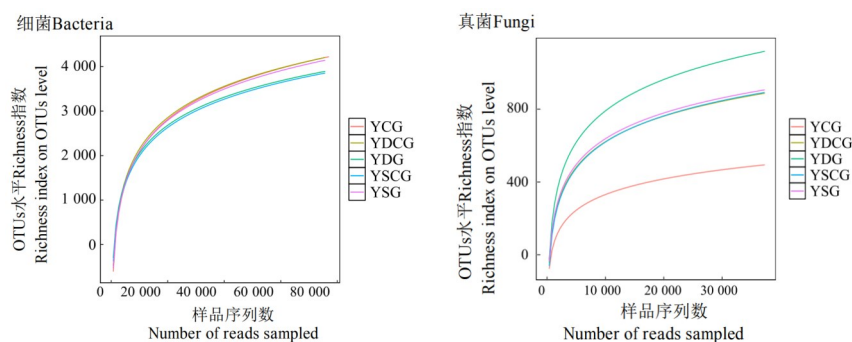


图 2 土壤细菌和真菌 Richness 指数稀释曲线

Fig.2 Rarefaction curves of Richness index for soil bacteria and fungi

3.2 不同药材种植模式的土壤微生物 Alpha 多样性

ACE 和 Chao1 指数反映土壤微生物群落丰度,Shannon 和 Simpson 指数反映土壤微生物群落多样性。5 个处理间土壤细菌和真菌群落的 ACE、Chao1、Shannon 和 Simpson 指数均无显著差异(图 3、图 4),表明薄壳山核桃套种丹参和射干后,其根际、非根际与不套种根际土壤细菌和真菌群落的丰度及多样性无明显变化。但细菌群落各 Alpha 多样性指数均以 YDCG 处理更高,而 YDCG 处理真菌群落 Alpha 多样性指数最低,YDG 处理真菌群落 Alpha 多样性指数最高,一定程度上说明套种丹参后真菌群落结构发生了变化。

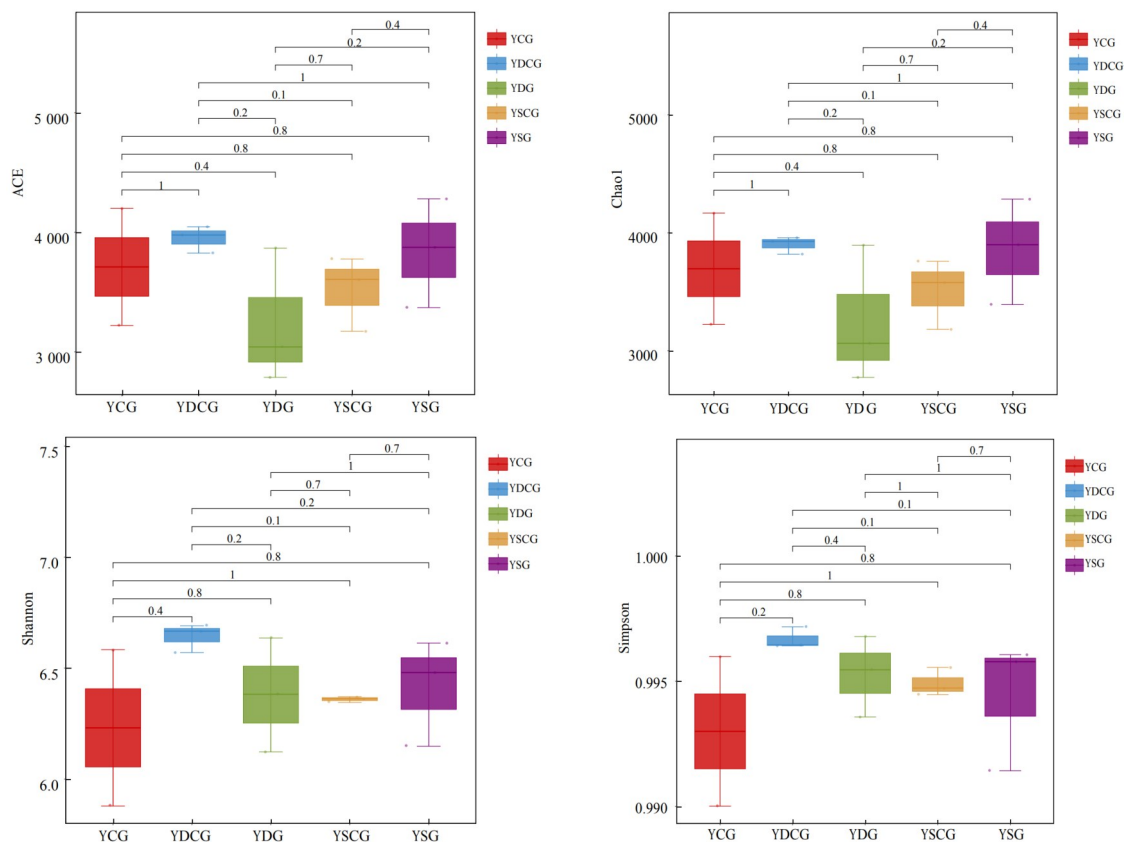


图 3 不同种植模式土壤细菌 Alpha 多样性
Fig.3 Alpha diversity of soil bacteria in different planting patterns

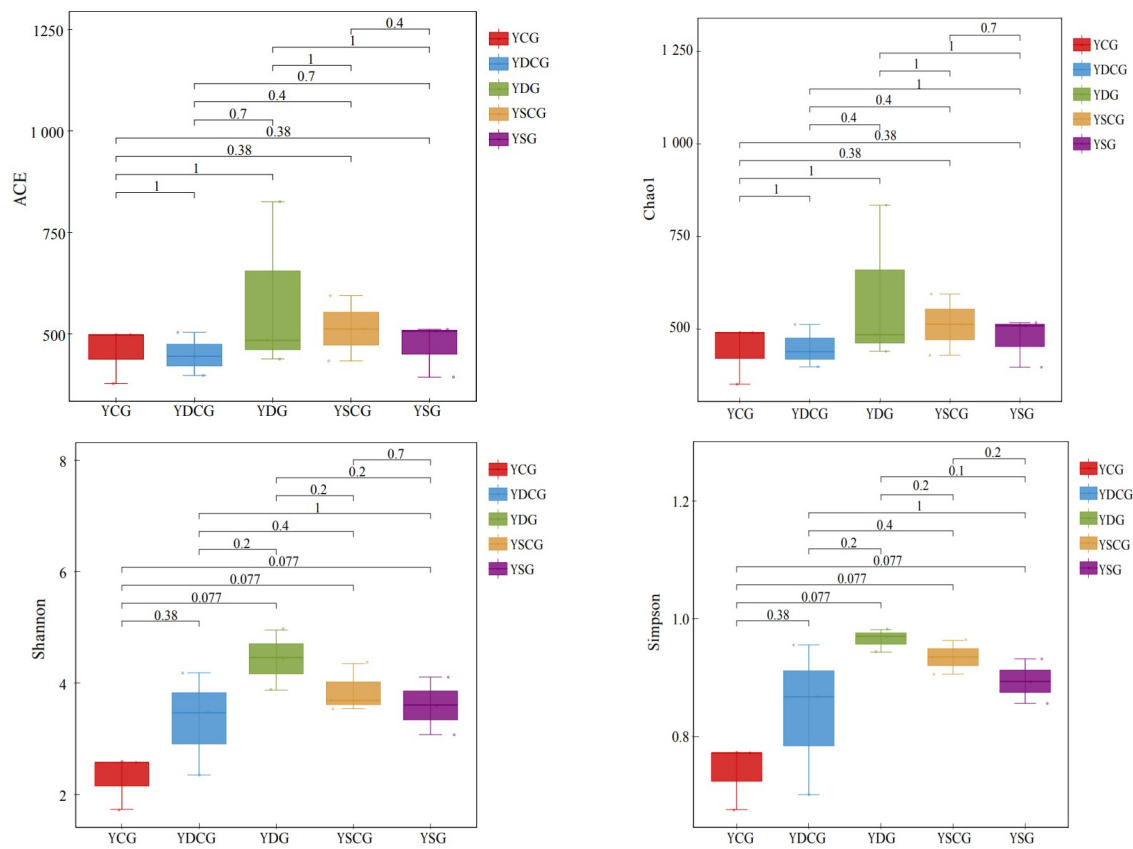


图 4 不同种植模式土壤真菌 Alpha 多样性
Fig.4 Alpha diversity of soil fungi in different planting patterns

3.3 不同药材种植模式的土壤样本 OTUs 数量 Venn 分析

5 个处理的土壤细菌 OTUs 数量为 411~438 个, 共有 OTUs 为 181 个, 各处理特有 OTUs 为 77~94 个; YDG 处理特有 OTUs 数量高于 YCG, 其余处理均低于 YCG, 表明 YDG 处理增加了土壤细菌的多样性和丰富度, 其余处理则相反。5 个处理的土壤真菌 OTUs 数量为 84~142 个, 共有 OTUs 为 38 个, 各处理特有 OTUs 为 22~42 个; YDG、YDCG、YSG 和 YSCG 处理的特有 OTUs 数量均高于 YCG 处理, 表明套种丹参和射干均增加了土壤真菌多样性和丰富度。YCG 处理的土壤细菌和真菌 OTUs 数量均最少, YDG 处理土壤细菌和真菌 OTUs 均高于 YDCG 处理, YSG 处理土壤细菌和真菌 OTUs 均低于 YSCG 处理(图 5)。综上表明, 套种丹参和射干可改变根际与非根际土壤微生物群落结构。

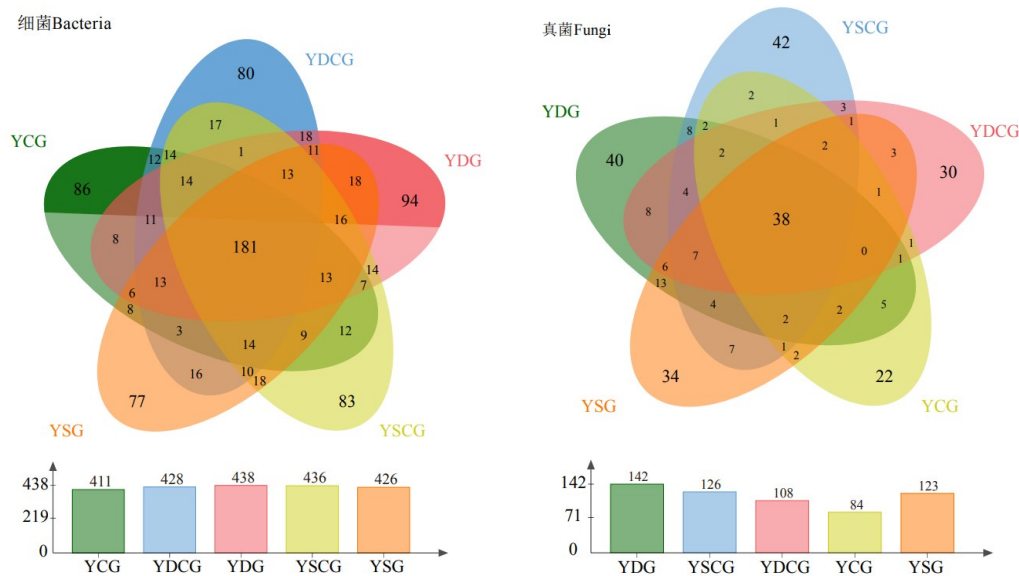


图 5 不同处理土壤细菌和真菌 OTUs 数量 Venn 分析

Fig.5 Venn analysis of soil bacterial and fungal OTUs for different treatments

3.4 不同药材种植模式的土壤微生物群落 Beta 多样性

PCA 分析是将样本间差异反映在二维坐标轴上, 两样本在坐标轴上距离越小, 群落组成越相似。细菌群落 PCA 分析(图 6)中, 第一主成分(PCA1)和第二主成分(PCA2)的贡献率分别为 23.71% 和 17.23%, YDG 处理与 YCG 处理距离最大, 其余处理均较小, 表明 YDG 处理细菌群落结构与 YCG 处理差异最大, YDCG 和 YSCG 处理与 YCG 处理相似。

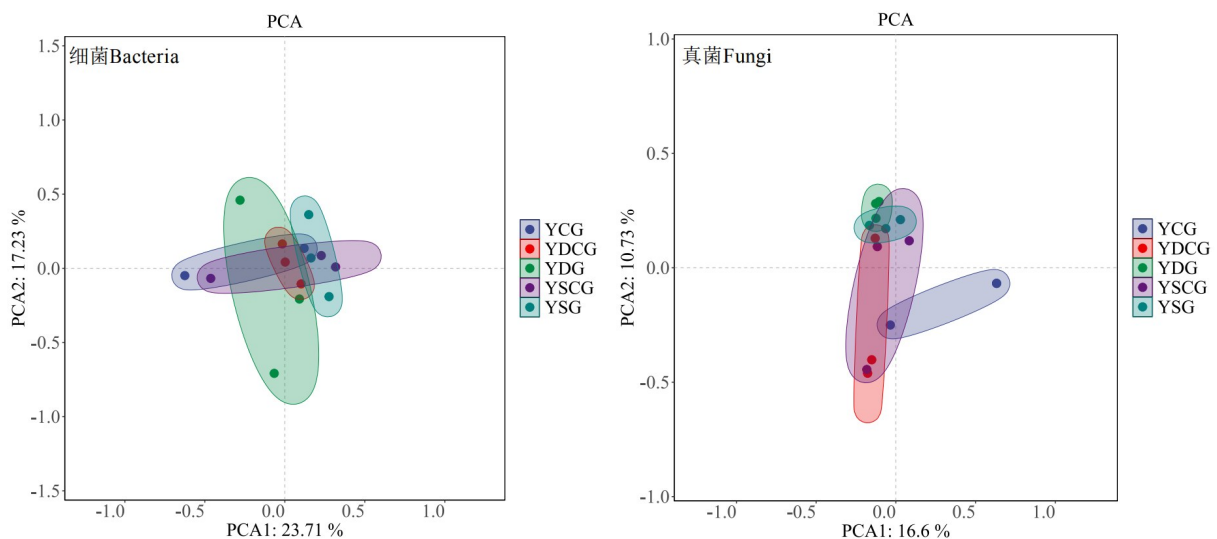


图 6 不同处理土壤细菌和真菌群落 PCA 分析

Fig.6 PCA analysis of bacterial and fungal communities in soil with different treatments

真菌群落 PCA 分析(图 6)中,第一主成分(PCA1)和第二主成分(PCA2)的贡献率分别为 16.60% 和 10.73%,YCG 处理与 YDCG、YSCG 处理差异最小,YDG 处理与 YCG 处理差异最大,表明 YDG 处理真菌群落结构与 YCG 处理差异最大,YDCG 和 YSCG 处理与 YCG 处理相似。YSG 处理与 YDG 处理差异较小,表明二者真菌群落结构相似。

3.5 不同药材种植模式的土壤微生物群落结构影响

3.5.1 不同药材种植模式的土壤细菌群落结构分析

5 个处理的土壤细菌共鉴定出 26 个门、74 个纲、514 个属,优势菌门主要为酸杆菌门(Acidobacteriota)、假单胞菌门(Pseudomonadota)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、绿弯菌门(Chloroflexota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota),其中假单胞菌门和酸杆菌门相对丰度最高。YCG 处理分别为 37.43% 和 26.84%,YDCG 处理分别为 27.92% 和 30.49%,YDG 处理分别为 27.89% 和 27.27%,YSCG 处理分别为 26.14% 和 34.24%,YSG 处理分别为 25.47% 和 35.64%(图 7)。结果表明,YCG 处理假单胞菌门相对丰度最高、酸杆菌门最低,套种丹参和射干的根际与非根际处理间差异较小,表明套种丹参和射干抑制了土壤中假单胞菌门的生长繁殖,促进了酸杆菌门的生长繁殖。

5 个处理的土壤细菌优势菌纲主要有 α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)、酸杆菌门 Gp6 组(Acidobacteria Gp6)、 β -变形菌纲(Betaproteobacteria)、酸杆菌门 Gp4 组(Acidobacteria Gp4)、嗜嗜油菌纲(Thermoleophilia)、放线菌纲(Actinobacteria)、 δ -变形菌纲(Deltaproteobacteria)、酸杆菌门 Gp3 组(Acidobacteria Gp3)、噬几丁质菌纲(Chitinophagia)、宝石藻纲(Gemmatimonadia)、斯巴达杆菌纲(Spartobacteria)。YDCG、YDG、YSCG 和 YSG 处理的土壤中 α -变形菌纲、 β -变形菌纲、 δ -变形菌纲相对丰度均低于 YCG 处理,而嗜嗜油菌纲、酸杆菌门 Gp6 组和酸杆菌门 Gp4 组均高于 YCG 处理。

5 个处理的土壤细菌优势菌属主要有 Unclassified、Gp6、Gp4、Gp3、盖亚女神菌属(*Gaiella*)、*Spartobacteria_genera_incertae_sedis*、Gp1、Gp7、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Usitatibacter*、*Subdivision3_genera_incertae_sedis*。YDCG、YDG、YSCG 和 YSG 处理的土壤中 Gp6、Gp4、Gp7 和盖亚女神菌属相对丰度均高于 YCG 处理,Gp3 和慢生根瘤菌属均低于 YCG 处理;套种射干的土壤中 Gp6、Gp4 相对丰度高于套种丹参处理。

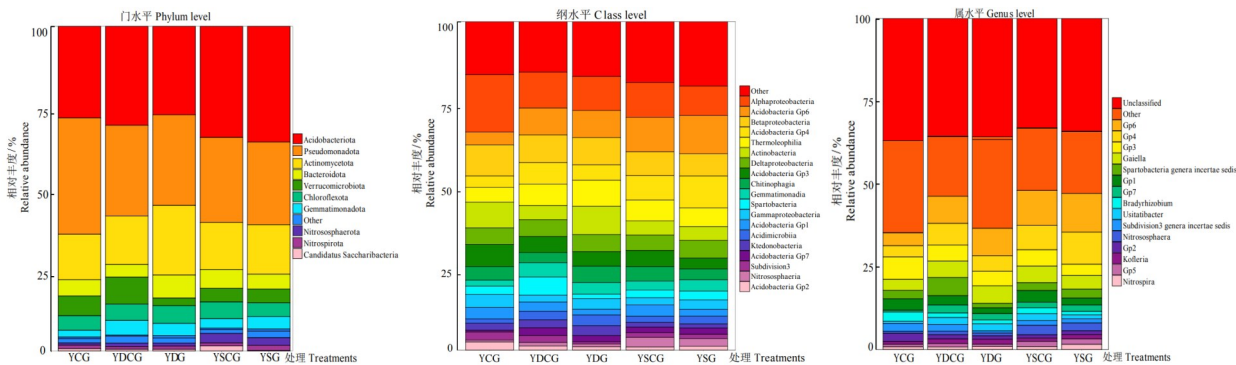


图 7 不同处理土壤细菌的门、纲、属分类水平群落结构

Fig.7 Soil bacterial community structure at phylum level, class level and genus level in different treatments

3.5.2 不同药材种植模式的土壤真菌群落结构分析

5 个处理的土壤真菌共鉴定出 13 门 55 纲 415 属,优势菌门主要为子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)。其中,担子菌门和子囊菌门优势更为明显,YCG 处理相对丰度分别为 73.86% 和 23.30%,YDCG 处理分别为 50.61% 和 41.22%,YDG 处理分别为 23.52% 和 66.45%,YSCG 处理分别为 28.06% 和 62.55%,YSG 处理分别为 37.79% 和 46.88%(图 8)。结果表明,YDCG、YDG、YSCG 和 YSG 处理相比 YCG 处理的担子菌门相对丰度显著降低,子囊菌门显著增加;YCG 处理担子菌门显著高于子囊菌门,YSCG 和 YSG 处理子囊菌门显著高于担子菌门;套种丹参根际担子菌门相对丰度高于非根际,子囊菌门低于非根际,套种射干则呈相反趋势。

5 个处理的土壤真菌优势菌纲主要为伞菌纲(Agaricomycetes)、粪壳菌纲(Sordariomycetes)、座囊菌纲(Dothideomycetes)、被孢霉纲(Mortierellomycetes)、散囊菌纲(Eurotiomycetes)、盘菌纲(Pezizomycetes)、锤舌菌纲(Leotiomycetes)、银耳纲(Tremellomycetes),其中伞菌纲、粪壳菌纲占优势。YCG 处理相对丰度分别为 73.64% 和 9.52%,YDCG 处理分别为 47.93% 和 21.75%,YDG 处理分别为 29.97% 和 17.38%,YSCG 处理分别为 25.64% 和 22.46%,YSG 处理分别为 35.94% 和 26.72%。结果表明,YDCG、YDG、YSCG 和 YSG 处理的伞菌纲相比 YCG 处理显著降低,粪壳菌纲显著增加;套种丹参根际伞菌纲和粪壳菌纲相对丰度均高于非根际,套种射干则呈相反趋势。此外,OTU 注释结果显示,YDG、YDCG、YSCG 和 YSG 处理均检测到类球囊霉纲(Paraglomeromycetes),相对丰度为 0.31%~0.67%,而 YCG 处理未检出。

5 个处理的土壤优势菌属主要包括 Unclassified、硬皮马勃属(*Scleroderma*)、被孢霉属(*Mortierella*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、小脆柄菇属(*Psathyrella*)。除 Unclassified 和 Other 外,各处理明显优势菌属分别为:YCG 处理以被孢霉属和镰刀菌属为主,相对丰度分别为 2.36% 和 2.43%;YDCG 处理以硬皮马勃属、小脆柄菇属、被孢霉属和镰刀菌属为主,相对丰度分别为 27.21%、11.76%、5.92% 和 3.17%;YDG 处理以被孢霉属、镰刀菌属、腐殖霉属和曲霉属为主,相对丰度分别为 6.13%、5.59%、3.83% 和 3.25%;YSCG 处理以被孢霉属、镰刀菌属、硬皮马勃属、篮状菌属和块菌属为主,相对丰度分别为 5.33%、6.93%、8.09%、6.58% 和 4.64%;YSG 处理以被孢霉属和镰刀菌属为主,相对丰度分别为 12.21% 和 2.78%。总体可知,被孢霉属和镰刀菌属为各处理共有优势菌属,YDG、YDCG、YSCG 和 YSG 处理的相对丰度均高于 YCG 处理。YDCG 处理硬皮马勃属和小脆柄菇属相对丰度显著高于 YDG 和 YCG 处理,YSCG 处理硬皮马勃属、篮状菌属和块菌属相对丰度显著高于 YSG 和 YCG 处理。

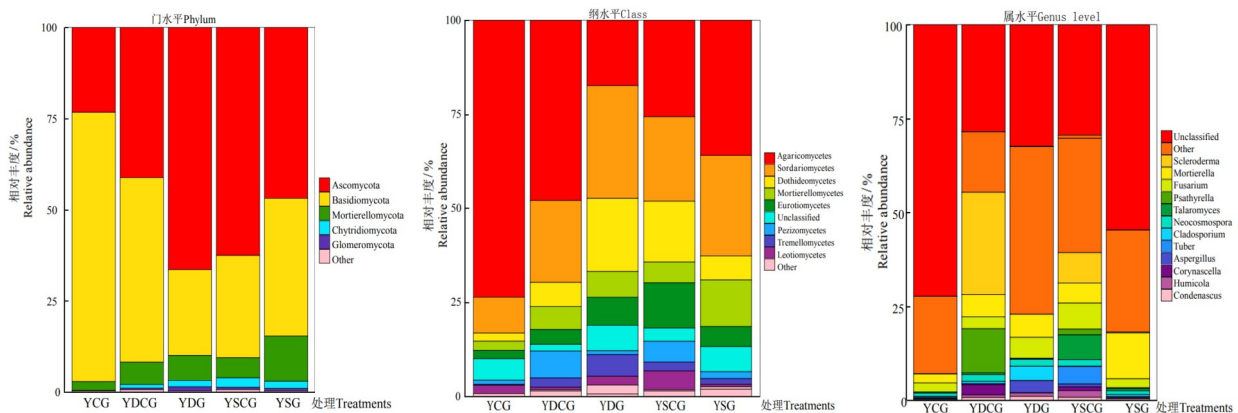


图 8 不同处理土壤真菌的门、纲、属分类水平群落结构

Fig.8 Soil fungal community structure at phylum level, class level and genus level in different treatments

3.6 土壤理化性质与微生物群落的相关性分析

利用基于单峰模型的多元直接梯度相关分析(CCA),探讨不同药材种植模式下细菌属、真菌与土壤理化性状的相关性。细菌 CCA1 和 CCA2 的累积解释变量为 71.91%(图 9A),可较好解释总体变异。3 种植模式基本分布于不同区域,表明这 3 种植模式土壤细菌属群落间存在较明显差异。土壤 pH($R^2=0.69$, $P<0.05$)显著影响土壤细菌属群落分布,其他土壤理化性状与土壤细菌属群落分布相关性不大。Pearson 相关分析(图 9B)表明,土壤 pH 与 *Ustibatibacter* 和 Gp6 间呈显著正相关,与 Gp2、*Bradyrhizobium*、*Subdivision3_genera_incertaine_sedis*、Gp1 间呈显著或极显著负相关;蔗糖(SUC)与 *Gaiella* 呈显著正相关,说明土壤 pH 与 SUC 是影响土壤细菌属群落的重要环境因子。

土壤真菌 CCA1 和 CCA2 累积解释变量为 82.07%(图 9C),能够较好解释总体变异。3 种植模式混合分布于不同区域,表明这 3 种植模式土壤真菌群落结构差异较小。Pearson 相关分析(图 9D)表明,土壤有效氮(AN)与 *Delicatula* 呈显著负相关,有效磷(AP)与 *Neocosmospora*、*Condenascus* 呈显著正相关,pH 与 *Tuber*、Unclassified 呈显著或极显著负相关,SUC 与 *Tuber* 呈极显著负相关,说明土壤 AN、AP、pH、SUC 是影响土壤真菌属群落的重要环境因子。

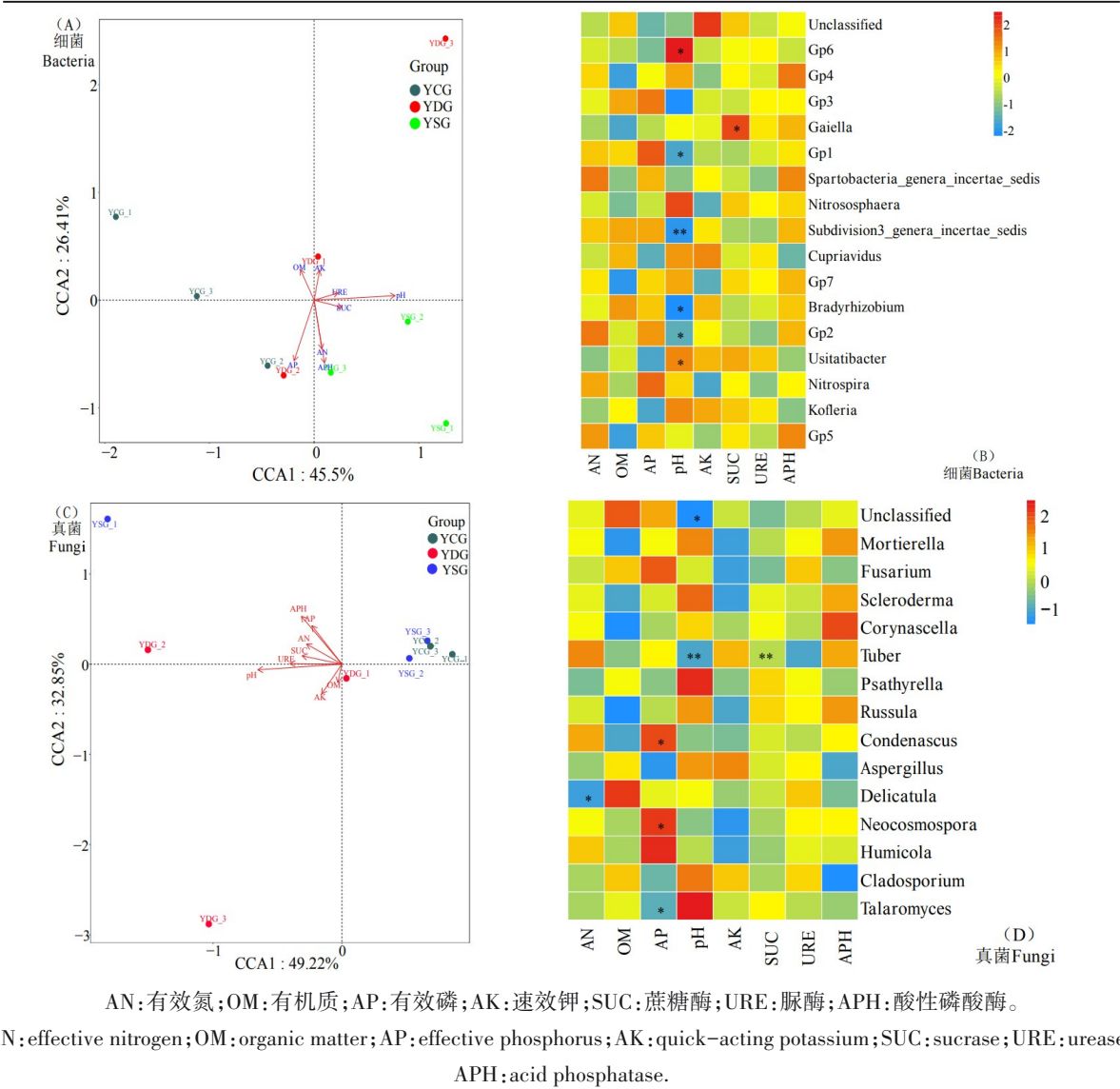


图9 不同种植模式薄壳山核桃根际土壤养分、酶活性与土壤细菌属(A、B)和真菌属(C、D)的典型相关分析和Pearson相关性分析

Fig.9 Typical correlation analysis and Pearson correlation analysis of soil nutrients, enzyme activity and correlation of soil bacteria(A and B) and fungi(C and D) of the rhizosphere with different planting patterns

4 讨 论

4.1 不同种植模式对土壤微生物多样性的影响

土壤微生物是土壤生态系统物质和能量循环的重要媒介,是土壤生态系统的重要组成部分,也是表征土壤质量的指标之一。土壤微生物参与土壤中枯枝落叶等物质的分解和转化,对土壤肥力形成及植物养分吸收利用具有重要促进作用^[2]。不同种植方式不仅能够改变土壤微生物群落组成、提高土壤微生物代谢活性,还能够加速土壤有机质分解,为植物生长提供更多的养分,进而提高土壤微生物群落的功能多样性^[12-14]。本研究中,套种丹参、射干的根际、非根际及不套种处理的细菌和真菌群落多样性无显著差异,推测可能是土壤样品为套种第3年采集,存在连作障碍,连续多年种植导致土壤细菌和真菌群落多样性和丰富度逐年降低^[15],丹参连作障碍尤为明显^[16]。连作通常会导致土壤中有益微生物退化或减少、病原微生物富集,如大豆连作引发镰刀菌属(*Fusarium*)相对丰度显著增加^[17],烟草连作引发青霉菌属增加^[18],进而诱发连作障碍。本试验中,镰刀菌属在各处理中均为优势菌属,与上述研究结果吻合。此外,已有研究表明,微生物多样性无显著差异也可能与林下植物的种类、品种等因素有关^[19]。

4.2 不同种植模式对土壤微生物群落结构的影响

细菌群落中,套种丹参和射干的土壤假单胞菌门相对丰度均降低,酸杆菌门相对丰度均提高,Gp6和Gp4为明显优势菌属,不套种处理则以Gp3为明显优势菌属,表明套种丹参和射干显著改变了土壤细菌群落结构。酸杆菌门在土壤物质循环和生态环境构建中具有重要作用^[20],参与植物残体多聚物降解和铁循环等过程,具有寡营养、难培养的特点,主要存在于养分贫瘠的土壤环境中^[10],说明本研究试验地土壤养分缺乏、肥力不足,需增加养分供给。土壤酸杆菌是否存在根际效应,目前尚存在争议。大豆^[21]和橡树^[22]根际与非根际酸杆菌门差异不显著,而野生羊茅根际与非根际差异显著^[23],可能与不同种类植物的根际与非根际微环境差异相关。本研究中,套种丹参和射干的根际与非根际酸杆菌门相对丰度为25.47%~27.92%,差异较小,不存在根际效应。Gp3可促进土壤中硝酸盐和亚硝酸盐的转化,与土壤氮含量呈正相关^[24],表明不套种林地土壤氮含量高于套种丹参和射干的土壤,这可能是由于试验过程中未施肥,丹参和射干生长对氮的消耗量大于不套种杂草的消耗量。套种射干土壤中Gp6、Gp4的相对丰度高于套种丹参,可能是射干地上部分年生长量远大于丹参,对氮的需求更大,导致土壤中氮含量更为缺乏。变形菌门为嗜营养型细菌, β -变形菌纲多存在于营养较好的环境中^[25],这与酸杆菌门特性相反,也印证了套种丹参和射干后林地土壤养分缺乏,导致变形菌门细菌相对丰度低于不套种处理。热嗜油菌纲是放线菌门中进化较早、研究较少的类群,具有耐热特性及显著的解磷能力,可释放植物所需磷元素供其生长吸收,提高土壤供磷能力^[26]。套种后热嗜油菌纲相对丰度提高,有利于增加土壤有效磷供应能力,特别是在缺磷土壤环境中,可在一定程度上缓解土壤缺磷对植物生长、开花及结实带来的胁迫。

真菌群落中,真镰刀菌属主要以寄生或腐生方式在不同生态环境中生存繁殖,是人类发现的最重要的植物病原菌之一,可造成植物萎蔫、根腐、穗腐等多种类型的腐烂病,导致严重减产^[27]。植株连作会导致以真菌为主的病原菌群落结构发生变化,引发连作障碍。李延茂等^[28]、罗扬等^[29]均发现,杉木连作会使根际土壤中镰刀菌属丰度增加,真菌生物多样性降低,且连作障碍与杉木根际土壤中镰刀菌属的尖孢镰刀菌密切相关。本试验中,被孢霉属和镰刀菌属为显著优势菌属,套种丹参和射干的土壤中,二者相对丰度均显著高于不套种处理。丹参和射干连作3年后,土壤中镰刀菌属比不套种明显增加,表明镰刀菌属引发的连作障碍逐年加剧。被孢霉属主要腐生于土壤中,在森林土壤中最为丰富,也寄居于植物根系、枯枝、落叶、动物残体、粪便、腐烂蘑菇以及其他毛霉等物体上,其部分物种可与植物形成共生关系^[30],进而改良土壤结构、促进植物生长。被孢霉属为溶磷微生物(PSMs),主要通过矿化作用和溶解作用直接活化无机磷和有机磷^[31],也能与植物根系互作间接活化磷元素^[32],根际PSMs能够协同植物吸收利用土壤中的植酸盐,对土壤磷元素循环起着十分重要的作用^[33]。本试验中,套种丹参和射干的土壤被孢霉属群落数量比不套种增加,有利于薄壳山核桃根际土壤中磷元素的矿化和溶解,提升土壤供磷能力,促进薄壳山核桃开花结实。担子菌门和子囊菌门可参与有机物质降解以促进土壤营养循环^[34],套种后担子菌门丰度增加,这可能与丹参和射干根系分泌物和枝叶枯死物为其提供营养物质有关。硬皮马勃属具有耐盐胁迫能力,本研究中套种丹参和射干根际硬皮马勃属相对丰度显著高于非根际,表明该菌属富集在根际范围,这可能是由于植物根系分泌大量的有机酸,硬皮马勃属真菌可对土壤酸碱度发挥调节作用^[35]。

4.3 土壤微生物菌属与土壤环境关系分析

土壤pH对土壤细菌属群落分布具有显著影响,pH与SUC是影响土壤细菌属、真菌属群落数量的重要环境因子;此外,土壤AN和AP对*Delicatula*、*Neocosmospora*、*Condenascus*也存在显著影响。土壤微生物群落代谢功能与土壤养分密切相关,pH对土壤微生物的繁殖、生长及多样性均具有重要作用,本试验结果与水稻^[36]、望天树^[37]、胶园^[17]等相关研究结果一致。通过调节土壤pH值可有效改善微生物群落结构,提高微生物多样性及功能代谢,在一定程度上增加有益细菌、抑制病原菌活动和繁殖。

5 结 论

薄壳山核桃林地套种射干、丹参3年后,根际与非根际土壤细菌和真菌群落Alpha多样性差异不显著,但套种丹参、射干的细菌和真菌丰富度略高于单作。

不同种植模式下土壤微生物群落的细菌、真菌Beta多样性差异显著,PCA1和PCA2贡献率分别为40.94%和27.33%。

不同种植模式土壤细菌以 Unclassified、Gp6、Gp4、Gp3 为显著优势菌属,套种射干和丹参处理的 Gp6、Gp4 相对丰度较单作分别高 4.29%~7.78% 和 1.28%~6.32%,单作以 Unclassified 为显著优势菌属;土壤真菌以 Unclassified、*Mortierella*、*Fusarium* 为显著优势菌属,套种射干和丹参处理的 *Mortierella*、*Fusarium* 相对丰度较单作分别高 2.97%~9.85% 和 0.74%~4.50%。

薄壳山核桃土壤 pH 和蔗糖酶是影响细菌群落的主要环境因子,土壤 pH 是影响真菌群落的主要重要环境因子。

综上可知,套种丹参和射干土壤微生物丰富度有一定程度增加,并显著改变群落结构,土壤 pH 和蔗糖是微生物群落的关键驱动因子。实际生产中,可适当增施磷肥和有机肥,提高土壤微生物多样性;同时,长期套种可能会产生连作障碍,建议 2~3 年轮作套种。后期可对微生物群落、薄壳山核桃生长、套作植物及经济效益等进行系统分析研究,进一步完善薄壳山核桃套种系技术体系。

致谢:中央财政林业科技推广示范资金项目(鄂[2024]TG11 号),中央财政林业科技推广示范资金项目(鄂[2025]TG12 号)对本研究给予了资助,谨致谢意!

参考文献 References:

- [1] HONG Y, HEERINK N, JIN S Q, et al. Intercropping and agroforestry in China-Current state and trends[J]. Agriculture ecosystems & environment, 2017, 244: 52-61.
- [2] 杜雅琦, 赵荣, 赵铁蕊. 我国木本油料产业发展潜力与对策分析[J]. 林产工业, 2023, 60(1): 64-68.
DU Y Q, ZHAO R, ZHAO T R. Analysis on the development potential and countermeasures of woody oil industry in China [J]. China forest products industry, 2023, 60(1): 64-68.
- [3] 周楷玲, 陈绪文, 龚伟, 等. 核桃林下复合种植对土壤培肥效果的影响[J]. 四川农业大学学报, 2019, 37(6): 807-813.
ZHOU K L, CHEN X W, GONG W, et al. Effects of compound planting under walnut plantation on soil fertility [J]. Journal of Sichuan agricultural university, 2019, 37(6): 807-813.
- [4] 曾成城, 秦芳, 苏利荣, 等. 核桃不同套种模式对土壤养分、微生物数量及酶活性的影响[J]. 西南农业学报, 2021, 34(2): 258-263.
ZENG C C, QIN F, SU L R, et al. Effects of different walnut intercropping patterns on soils nutrients, microorganisms and enzymatic activity [J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2021, 34(2): 258-263.
- [5] 崔爱花, 孙亮庆, 刘帅, 等. 棉花产量和土壤微生物数量及酶活性对棉田间作系统的响应[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(2): 53-58.
CUI A H, SUN L Q, LIU S, et al. Response of cotton yield and soil microbial quantity and enzyme activity to intercropping system in cotton field [J]. Jiangsu agricultural sciences, 2022, 50(2): 53-58.
- [6] 徐筋燕, 何晓兰, 邵明灿, 等. 不同种植模式对栝楼根际土壤微生物群落多样性的影响[J]. 南方农业学报, 2024, 55(4): 920-931.
XU J Y, HE X L, SHAO M C, et al. Effects of different planting patterns on microbial community diversity in rhizosphere soil of *Trichosanthes kirilowii* Maxim [J]. Journal of southern agriculture, 2024, 55(4): 920-931.
- [7] 李京豪, 黎建强, 高朗, 等. 林下三七种植对土壤微生物群落的影响[J]. 微生物学通报, 2024, 51(6): 1995-2012.
LI J H, LI J Q, GAO L, et al. Cultivation of *Panax notoginseng* in forestland alters the soil microbial community [J]. Microbiology China, 2024, 51(6): 1995-2012.
- [8] 李媛媛, 谢丰璞, 王楠, 等. 间作黄芪对当归根际土壤微生物的影响[J]. 中国野生植物资源, 2024, 43(1): 79-87.
LI Y Y, XIE F P, WANG N, et al. Effect of *Astragalus membranaceus* intercropping on soil microorganisms in the rhizosphere of *Angelica sinensis* [J]. Chinese wild plant resources, 2024, 43(1): 79-87.
- [9] 徐永杰, 吴强盛, 汪芳玲, 等. 油茶和薄壳山核桃间作对土壤养分和真菌多样性的影响[J]. 中南林业科技大学学报, 2024, 44(1): 28-36.
XU Y J, WU Q S, WANG F L, et al. Effects of intercropping *Camellia oleifera* and *Carya illinoensis* on soil nutrients and fungal diversity [J]. Journal of central south university of forestry & technology, 2024, 44(1): 28-36.
- [10] 张嘉恬, 常君, 杨水平, 等. 薄壳山核桃-小麦套作系统土壤微生物群落研究[J]. 中国农业大学学报, 2023, 28(12): 84-97.
ZHANG J T, CHANG J, YANG S P, et al. Study on soil microbial community of pecan-wheat intercropping system [J]. Journal of China agricultural university, 2023, 28(12): 84-97.

- [11] 席劲瑛,胡洪营,钱易. Biolog方法在环境微生物群落研究中的应用[J]. 微生物学报, 2003, 43(1): 138-141.
XI J Y, HU H Y, QIAN Y. Application of Biolog system in the study of microbial community[J]. Acta microbiologica Sinica, 2003, 43(1): 138-141.
- [12] 韦锦坚,覃潇敏,农玉琴,等. 茶与大豆间作对土壤微生物群落代谢功能多样性的影响[J]. 华北农学报, 2021, 36(增刊1): 289-296.
WEI J J, QIN X M, NONG Y Q, et al. Effects of tea and soybean intercropping on metabolic functional diversity of soil microbial community[J]. Acta agriculturae boreali-Sinica, 2021, 36(Sup1): 289-296.
- [13] 李燕培,林佳琦,肖世祥,等. 蕉园间作红薯对土壤微生物功能多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2022, 30(6): 990-1001.
LI Y P, LIN J Q, XIAO S X, et al. Effects of intercropping sweet potato in banana plantation on functional diversity of soil microorganisms[J]. Chinese journal of eco-agriculture, 2022, 30(6): 990-1001.
- [14] 王顶,伊文博,李欢,等. 玉米间作和施氮对土壤微生物代谢功能多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2022, 33(3): 793-800.
WANG D, YI W B, LI H, et al. Effects of intercropping and nitrogen application on soil microbial metabolic functional diversity in maize cropping soil[J]. Chinese journal of applied ecology, 2022, 33(3): 793-800.
- [15] 杨悦,顾广军,胡颖慧,等. 不同种植年限寒地苹果根际土壤微生物多样性及养分关联分析[J]. 江苏农业科学, 2025, 53(3): 229-239.
YANG Y, GU G J, HU Y H, et al. Microbial diversity and nutrient correlation analysis of rhizosphere soil of apples in cold regions with different planting years[J]. Jiangsu agricultural sciences, 2025, 53(3): 229-239.
- [16] 王悦,杨贝贝,王浩,等. 不同种植模式下丹参根际土壤微生物群落结构变化[J]. 生态学报, 2019, 39(13): 4832-4843.
WANG Y, YANG B B, WANG H, et al. Variation in microbial community structure in the rhizosphere soil of *Salvia miltiorrhiza* Bunge under three cropping modes[J]. Acta ecologica Sinica, 2019, 39(13): 4832-4843.
- [17] 赵春梅,王文斌,薛欣欣,等. 不同间作模式对胶园土壤微生物功能多样性的影响[J]. 西南农业学报, 2024, 37(2): 286-293.
ZHAO C M, WANG W B, XUE X X, et al. Effects of different intercropping patterns on soil microbial functional diversity in rubber plantations[J]. Southwest China journal of agricultural sciences, 2024, 37(2): 286-293.
- [18] 赵春夺,李玉娥,刘友杰,等. 轮作与连作对烟草根际土壤养分、酶活性及微生物群落结构的影响[J]. 生物技术通报, 2025, 41(4): 312-322.
ZHAO C D, LI Y E, LIU Y J, et al. Effects of rotating cropping and continuous cropping on soil nutrients, enzyme activities and microbial community structure of rhizosphere soil in tobacco[J]. Biotechnology bulletin, 2025, 41(4): 312-322.
- [19] 杨洪炳,肖文发,曾立雄,等. 2种马尾松混交林土壤微生物特性及其与团聚体稳定性耦合关系[J]. 江西农业大学学报, 2024, 46(3): 543-557.
YANG H B, XIAO W F, ZENG L X, et al. Microbial characteristics in soil aggregates and their coupling with aggregates stability in two species of mixed *Pinus massoniana* forests[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2024, 46(3): 543-557.
- [20] 刘彩霞,董玉红,焦如珍. 森林土壤中酸杆菌门多样性研究进展[J]. 世界林业研究, 2016, 29(6): 17-22.
LIU C X, DONG Y H, JIAO R Z. Research progress in Acidobacteria diversity in forest soil[J]. World forestry research, 2016, 29(6): 17-22.
- [21] BAL J, YUN S H, CHOI M S, et al. Pyrosequencing reveals bacterial diversity in Korean traditional wheat-based nuruk[J]. Journal of microbiology, 2015, 53(12): 812-819.
- [22] TATSUMI C, AZUMA W A, OGAWA Y, et al. Nitrogen availability and microbial communities of canopy soils in a large *Cercidiphyllum japonicum* tree of a cool-temperate old growth forest[J]. Microbial ecology, 2021, 82(4): 919-931.
- [23] KIELAK A, PIJL A S, VEEN J A, et al. Phylogenetic diversity of Acidobacteria in a former agricultural soil[J]. The ISME journal, 2009, 3: 378-382.
- [24] WARD N L, CHALLACOMBE J F, JANSSEN P H, et al. Three genomes from the phylum Acidobacteria provide insight into the lifestyles of these microorganisms in soils.[J]. Applied and environmental microbiology, 2009, 75(7): 2046-2056.
- [25] ZHOU X, LI X W, LU C, et al. Responses of soil bacterial communities and PAH-degrading genes to PAHs during soil self-purification: evidence from a microcosm experiment[J]. Applied soil ecology, 2025, 211: 106147.
- [26] 胡丹玉. 放线菌酸微菌纲和嗜热油菌纲基因组系统发育分析及分子标记研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2018.
HU D Y. Phylogenetic analysis and molecular markers of Actinomycetales and Thermophiles[D]. Beijing: University of Chi-

- nese Academy of Sciences, 2018.
- [27] 刘琪芸, 李笃花, 张兆学, 等. 中国镰刀菌属真菌系统分类研究[C]//中国菌物学会2024年学术年会, 福州, 2024.
LIU Q Y, LI D H, ZHANG Z X, et al. Phytonomic classification of *Fusarium* in China[C]//2024 Annual meeting of Chinese fungi society, Fuzhou, 2024.
- [28] 李延茂, 胡江春, 张晶, 等. 杉木连栽土壤微生物多样性的比较研究[J]. 应用生态学报, 2005, 16(7): 1275-1278.
LI Y M, HU J C, ZHANG J, et al. Microbial diversity in continuously planted Chinese fir soil[J]. Chinese journal of applied ecology, 2005, 16(7): 1275-1278.
- [29] 罗扬, 刘书影, 周柳婷, 等. 连栽杉木根际土壤镰刀菌属真菌群落变化规律[J]. 生态学杂志, 2020, 39(9): 2921-2929.
LUO Y, LIU S Y, ZHOU L T, et al. *Fusarium* community variation in rhizosphere soil of continuous planting Chinese fir plantation[J]. Chinese journal of ecology, 2020, 39(9): 2921-2929.
- [30] WANI Z A, KUMAR A, SULTAN P, et al. *Mortierella alpina* CS10E4, an oleaginous fungal endophyte of *Crocus sativus* L. enhances apocarotenoid biosynthesis and stress tolerance in the host plant[J]. Scientific reports, 2017, 7(1): 85-98.
- [31] ALORI E T, GLICK B R, BABALOLA O O. Microbial phosphorus solubilization and its potential for use in sustainable agriculture[J]. Frontiers in microbiology, 2017, 8: 971-981.
- [32] 陶冬雪, 高英志. 土壤解磷微生物促进植物磷素吸收策略研究进展[J]. 生态学报, 2023, 43(11): 4390-4399.
TAO D X, GAO Y Z. Advances on the strategies of soil phosphate solubilizing microorganisms to promote plant phosphorus uptake[J]. Acta ecologica Sinica, 2023, 43(11): 4390-4399.
- [33] 司亚坤. 被孢霉属真菌介导潮土团聚体形成与磷周转的机制及应用[D]. 郑州: 河南农业大学, 2024.
SI Y K. Mechanism and application of *Mortierella* fungi mediating the formation of fluvo-aquic soil aggregates and phosphorus turnover[D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2024.
- [34] BEIMFORDE C, FELDBERG K, NYLINDER S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the *Ascomycota* lineages: combining fossil and molecular data[J]. Molecular phylogenetics and evolution, 2014, 77C: 307-319.
- [35] 高海燕, 张胜男, 杨制国, 等. 科尔沁沙地油松固沙林土壤真菌群落结构及功能[J]. 干旱区研究, 2025, 42(1): 118-126.
GAO H Y, ZHANG S N, YANG Z G, et al. Structure and function of soil fungal community in *Pinus tabulaeformis* sand-fixing forests in Horqin sandy land[J]. Arid zone research, 2025, 42(1): 118-126.
- [36] 王晓航, 耿艳秋, 金峰, 等. 秸秆还田和地膜覆盖对土壤环境和水稻生长的影响[J]. 华南农业大学学报, 2018, 39(5): 1-7.
WANG X H, GENG Y Q, JIN F, et al. Effects of straw returning and plastic film mulching on soil environment and rice growth[J]. Journal of south China agricultural university, 2018, 39(5): 1-7.
- [37] 李万年, 罗益敏, 黄则月, 等. 望天树人工幼林混交对土壤微生物功能多样性与碳源利用的影响[J]. 植物生态学报, 2022, 46(9): 1109-1124.
LI W N, LUO Y M, HUANG Z Y, et al. Effects of mixed young plantations of *Parashorea chinensis* on soil microbial functional diversity and carbon source utilization[J]. Chinese journal of plant ecology, 2022, 46(9): 1109-1124.

(责任编辑:熊淑琪)



第一作者及通信作者简介:杜洋文, 副研究员, 硕士。主要从事油茶、薄壳山核桃等经济林树种的良好选育和高效丰产栽培及低产林改造等技术研究。先后荣获湖北省科技进步奖3项, 其中“薄壳山核桃种质资源创新、规模化繁育与早实丰产栽培技术(二等奖排名第1)”, “油茶新品种培育与集约化栽培技术研究(三等奖排名第6)”, “油茶长林系列品种引进及丰产栽培技术(三等奖排名第4)”, 鉴定验收油茶成果20余项, 制定标准3项, 授权计算机软件著作权5项、专利3项, 发表论文90余篇。