

灵武长枣根蘖与嫁接繁殖土壤微生物的差异研究

马圆 刘佳嘉*

宁夏大学林业与草业学院

摘要:【目的】灵武长枣因其较高的药用价值和营养价值而备受人们青睐，同时种植面积也不断扩大，但是不同繁殖方式下灵武长枣的土壤微生物群落结构和多样性的差异尚不清楚，【方法】本文以根蘖和嫁接繁殖方式下的灵武长枣为对象，运用高通量测序技术探究这两种繁殖方式的土壤微生物群落结构和多样性以及微生物生物量的差异。

【结果】结果表明：根蘖和嫁接两种繁殖方式下土壤微生物群落结构组成相似，均以 Ascomycota（子囊菌门）为优势菌门，以 Fusarium（镰刀菌属）和 Chaetomium（毛壳菌属）等为优势菌属。虽然 Fusarium（镰刀菌属）均为两者的优势菌属，但其在嫁接繁殖方式下所占的比例远高于根蘖繁殖，而镰刀菌能产生植物激素（赤霉素），可使枣树增产。由 alpha 多样性分析可知嫁接繁殖下的土壤微生物群落丰富度高于根蘖繁殖，但多样性和均匀度均低于根蘖繁殖，说明嫁接土壤中微生物物种种类相对较丰富，但是物种分布不均匀。此外，土壤微生物量碳、磷含量为根蘖繁殖 > 嫁接繁殖，微生物量氮含量为嫁接繁殖 > 根蘖繁殖。【结论】与根蘖繁殖相比，嫁接繁殖可以提高土壤中微生物数量以及丰富度，并有效促进枣树根际微环境中碳和磷的循环，从而促进枣树植株吸收利用土壤碳、磷的能力，可有助于提高灵武长枣产量，研究结果可为科学选择灵武长枣繁殖方式提供理论依据。

关键词: 嫁接繁殖；根蘖繁殖；土壤微生物；高通量测序；多样性

Study on the difference of soil microorganism between Lingwu Ziziphus jujuba cv. Changzao root tiller and grafting propagation

Ma Yuan Liu Jiajia*

College of Forestry and Prataculture, Ningxia University

Abstract:[Objective] Lingwu long jujube is favored by people because of its high medicinal value and nutritional value, and the planting area is also expanding. However, the differences in soil microbial community structure and diversity of Lingwu long jujube under different breeding methods are still unclear. [Method] In this paper, Lingwu long jujube under root tillering and grafting breeding methods was used as the object, and high-throughput sequencing technology was used to explore the differences in soil microbial community structure and diversity and microbial biomass between these two breeding methods. [Result] The results showed that the composition of soil microbial community structure was similar under the two breeding methods of root tiller and grafting. Ascomycota was the dominant phylum, and Fusarium and Chaetomium were the dominant genera. Although Fusarium is the dominant genus of both, its proportion in grafting reproduction is much higher than that in root tiller reproduction, and Fusarium can produce plant hormones (gibberellin), which can increase the yield of jujube trees. The alpha diversity analysis showed that the richness of soil microbial community under grafting reproduction was higher than that under root tiller reproduction, but the diversity and evenness were lower than those under root tiller reproduction, indicating that the microbial species in the grafted soil were relatively abundant, but the species distribution was uneven. In addition, the content of soil microbial biomass carbon and phosphorus was root tiller reproduction > grafting reproduction, and the content of microbial biomass nitrogen was grafting reproduction > root tiller reproduction. [Conclusion] Compared with root tiller reproduction, grafting reproduction can increase the number and richness of microorganisms in the soil, and effectively promote the circulation of carbon and phosphorus in the rhizosphere microenvironment of jujube trees, thus

promoting the ability of jujube trees to absorb and utilize soil carbon and phosphorus, which can help to improve the yield of Lingwu long jujube. The research results can provide a theoretical basis for the scientific selection of breeding methods of Lingwu long jujube.

Keywords: Propagation by grafting; Tillering propagation; Soil microorganisms; High-throughput sequencing; Diversity

灵武长枣是国家地理标志产品，是宁夏灵武市的特产。果实呈长卵形，色泽鲜艳、味甜，具有较好的抗逆性和较高的营养价值。因其较高的药用价值和营养价值而备受人们青睐（Chen J,2013;Gao Q H,2012）经过多年的自然筛选，主要采用根蘖与嫁接的方式进行繁殖（肖海云，2014），“根蘖繁殖”是各地枣园生产中普遍采用的方法之一，在枣园中，特别是一些衰老的枣树四周每年都有一些根蘖苗萌发。该方法具有简便，成本低廉的优点，但其存在的问题有：出苗量少、苗木参差不齐、苗木自生根数量不多（白琳云，2019）。因此，有些枣树采用“嫁接繁殖”的方法进行繁殖。这种方法是把优质枣树上的嫩枝或芽与其他植株的枝、干或根相结合。通常采用具有较高抗逆性的酸枣实木苗作为砧木，能有效地预防根蘖苗结果迟、易裂果的缺点（张峰，2009）。微生物群落结构及组成与所处的环境密切相关，繁殖方式的改变会引起枣树土壤理化性质、水气热条件等变化，进而影响土壤微生物群落结构。

土壤微生物是土壤的重要组成部分，是影响土壤肥力的重要因素，是衡量土壤质量、维持土壤肥力和作物生产的一个重要指标，对其所生存的微环境十分敏感，能对土壤环境胁迫迅速做出反应，进而导致群落结构发生改变（夏昕等，2015）。枣树周围土壤中微生物的代谢活动可调节土壤营养物质的循环，参与有机质分解和腐殖质合成，维持其土壤肥力，促进枣树的养分吸收，对保持土壤健康和农业可持续生产具有重要作用。植物的生长和发育过程其实就是植物与土壤之间的相互影响和相互作用，植物通过光合作用向土壤输送有机质，从土壤中汲取营养物质，从而对有机碳的积累和循环产生重要的影响（林小兵等，2020）。有机质在土壤中的累积作用会对土壤中的微生物造成一定的影响，使有机营养向无机营养转化，从而促进根系的吸收与利用（孟令波等，2017）。因此，土壤微生物与植被的生长发育过程有着密不可分的关系。

目前关于土壤微生物群落结构的研究较多地集中在土地利用方式、施肥方式和耕作方式等方面，而枣树不同繁殖方式对土壤微生物多样性影响的研究很少，本文基于研究现状，以灵武长枣为载体，采用不同繁殖方式对灵武长枣根区土壤微生物的数量、多样性、群落结构和土壤微生物量碳、氮、磷进行研究分析，为灵武长枣繁殖提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

本试验于2021年4月至11月在宁夏灵武市大泉林场千亩设施果业基地（东经106°15'3.95"，北纬38°4'22.22"，海拔高度1115 m）进行，其主要气候特点是：春迟秋早、日照充足、蒸发量大、干旱少雨，属于典型的大陆性季风气候，年日照总时长达为3000多小时，2021年灵武市全年降雨量为143.2 mm，全年平均气温9.8℃。试验区占地面积0.1 hm²（1.5亩）枣树行距为2 m×3 m。试验区土壤类型为沙壤土，土层深厚，土壤质地较轻，地下水位适宜，土壤养分含量较高，土壤无盐碱或轻度盐碱。本试验地基础土壤理化性质见表1。

表1 土壤基本化学性质

Tab.1 Basic physical and chemical properties of soil

| 土壤厚度 (cm) | pH | 有机质 (g/kg) | 全氮 (g/kg) | 有效磷 (mg/kg) | 速效钾 (mg/kg) |
|--------------|------|---------------|--------------|----------------|----------------|
| 0-20 | 8.09 | 12.32 | 0.611 | 16.58 | 219.5 |
| 20-40 | 8.17 | 9.40 | 0.467 | 13.86 | 120.7 |

1.2 试验设计

试验所用苗木于 2021 年 4 月移栽至灵武市大泉林场千亩设施果业基地的大田试验地。选取能稳定结果、生长一致且无病虫害的 8 年生灵武长枣根蘖苗和以酸枣为砧木的灵武长枣嫁接苗（同一批嫁接苗，嫁接时间一致）作为试验材料。根蘖繁殖和嫁接繁殖灵武长枣植株分别为两个处理，共设置 5 个区组，每个区组每个处理各栽植 15 株，共 150 株，并在四周设置保护行。

1.3 土壤采样

2022 年在枣树成熟期进行土壤采样，每个处理每个区组采取 3 份土样，共 30 份土壤样品，采用 5 点法在根部周围用土钻采耕层土。将土样掰碎，剔除大中型土壤动物及根茬等，混合均匀后经冷冻干燥，于 -70℃ 保存，用于微生物群落结构（高通量测序）的分析。

1.4 测定方法

本研究采用 Nanodrop 对 DNA 进行定量，并通过 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量。为了在一个 Cell 中区分不同的样本，采用两步 PCR 的方法，为每个样本加上不同的 Barcode。考虑到三代的测序原理，分别在 F、R 引物的 5' 端加上相同的 Barcode。第一轮引物的组成：PacBio Universal 序列+16S/ITS/古菌引物，主要是特异性的扩增；第二轮引物的组成：Barcode 序列+PacBio Universal，主要是给每个样本加上 barcode。PCR 扩增采用 NEB 公司的 Q5 高保真 DNA 聚合酶。PCR 扩增产物通过 2% 琼脂糖凝胶电泳进行检测，并对目标片段进行切胶回收，回收采用 AXYGEM 公司的凝胶回收试剂盒。将 PCR 扩增回收产物进行荧光定量(Anderson et al,2003)。根据荧光定量结果，按照每个样本的测序量需求，对各样本按相应比例进行混合。检查扩增效果，将样品的 PCR 产物在 PacBio Sequel 测序仪上进行高通量测序。其中微生物生物量用氯仿熏蒸培养方法进行测定，由科学指南针科研服务平台完成。

1.5 数据分析

首先使用软件 QIIME 对有效序列进行去杂和修剪，得到优化数据。再通过归类操作，将序列按照彼此的相似性分归为许多小组，1 个小组就是 1 个 OTU (operational taxonomic units)。可根据不同的相似度水平，对所有序列进行 OTU 划分，通常对 97% 相似水平下的 OTU 进行生物信息统计分析，并选取每个 OTU 中丰度最高的序列作为该 OTU 的代表系列。对于细菌或古菌的 16S rRNA 基因，默认选用 Greengenes 数据库，也可选用 Silva 数据库；对于真核微生物 18S rRNA 基因，默认选用 Silva 数据库；对于真菌 ITS 序列的，默认选用 UNITE 数据库；对于功能基因或其他需求，使用本地化的 nt 数据库或限定比对范围的 nr 数据库进行注释(Asnicar et al,2015)。

前三类数据库，采用 QIIME2 的 classify-sklearn 算法，对于 nt 数据库，则采用 BROCC 算法。最终得到 OTU 分类表格，并采用 QIIME 软件计算微生物群落 α -多样性指数（Shannon 指数和 Simpson 指数）、OTU 的多度和丰富度。微生物生物量测定使用分光光度计以及 TOC 设备，所有制图通过 R 语言软件的 ggplot 2 程序包完成。

2 结果与分析

2.1 不同繁殖方式微生物群落结构组成

不同繁殖方式在分类水平上的物种组成比例可以反映群落结构的变化。由表 2 可知，对土壤样品进行高通量测序后，根蘖繁殖方式下共获得 3 门、9 纲、22 目、36 科、34 属、22 种；嫁接繁殖方式下共获得 3 门、11 纲、24 目、39 科、40 属、22 种。由此可知，嫁接繁殖有助于提升枣树根际的土壤细菌不同分类水平的数量。

表 2 土壤微生物分类统计表

Tab.2 statistical table of soil microbial classification

| 处理 | 门 | 纲 | 目 | 科 | 属 | 种 |
|----|---|----|----|----|----|----|
| 根蘖 | 3 | 9 | 22 | 36 | 34 | 22 |
| 嫁接 | 3 | 11 | 24 | 39 | 40 | 22 |

不同繁殖方式土壤微生物群落组成类似，但不同处理中各种土壤微生物所占的比例有所差异。由图 1 可知，在门分类水平上，两种繁殖方式均检测到 Ascomycota（子囊菌门）、Mucoromycota（毛霉菌门）、Basidiomycota（担子菌亚门），Ascomycota（子囊菌门）的相对丰度在根蘖和嫁接繁殖方式内均大于 75%，为优势菌门，Mucoromycota（毛霉菌门）在根蘖繁殖中的相对丰度高于嫁接繁殖。在属分类水平上，嫁接繁殖方式下，Fusarium（镰刀菌属）的相对丰度大于 20%，为优势菌属，其次为 Chaetomium（毛壳菌属）、Aspergillus（曲霉属）、Talaromyces（篮状菌属）。根蘖繁殖方式下，Chaetomium（毛壳菌属）和 Fusarium（镰刀菌属）的相对丰度较大，为优势菌属，其次为 Lophotrichus（小囊菌属）、Mortierella（被孢霉属）。虽然 Fusarium（镰刀菌属）均为两者的优势菌属，但其在嫁接繁殖方式下所占的比例远高于根蘖繁殖，而镰刀菌能产生植物激素（赤霉素），可使枣树增产。

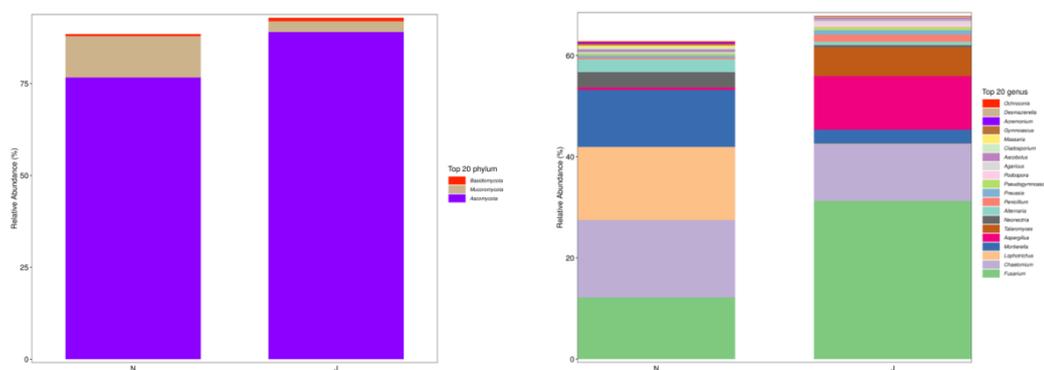


图 1 不同繁殖方式土壤微生物在门、属水平上的物种组成变化

Fig. 1 changes of species composition of soil microorganisms at phylum and genus levels under different cultivation methods

注：N—根蘖繁殖 J—嫁接繁殖

2.2 不同繁殖方式土壤微生物量碳、氮、磷含量的差异

土壤微生物量是土壤有机质的活性部分,也是土壤中最活跃的因子,它是指土壤中体积小于 $5 \times 103 \mu\text{m}^3$ 的生物总量,但活的植物体如植物根系等不包括在内,是活的土壤有机质部分。土壤微生物生物量及其变化情况是表征土壤肥力及其变化情况的重要依据之一。由表 3 可知，嫁接枣树土壤微生物量碳和磷显著低于根蘖繁殖，但土壤微生物生物量氮显著高于根蘖繁殖。这一结果表明，嫁接处理促进了枣树根际微环境中碳和磷的循环，一方面提升了枣树植株吸收利用土壤碳、磷的能力，有助于提高枣产量和品质；另一方面，嫁接也导致了土壤中磷库容显著降低。由此推测，嫁接枣树管理上，

要求高于根蘖繁殖枣树的磷施肥量可能是提升枣产量和品质的关键之处。

表 3 土壤微生物量碳、氮、磷含量比较

Tab.3 comparison of soil microbial biomass C, N and P contents (mg kg⁻¹)

| 繁殖方式 | 微生物量碳 (C) | 微生物量磷 (N) | 微生物量氮 (N) |
|------|----------------|----------------|---------------|
| 嫁接 | 60.46±3.667 b | 14.168±0.913 b | 9.013±1.186 a |
| 根蘖 | 95.604±5.359 a | 23.106±0.474 a | 5.212±0.986 b |

注：表中数据为平均值±标准差；数据后不同小写字母表示嫁接和根蘖繁殖之间差异显著 (P<0.05)

2.3 不同繁殖方式土壤微生物群落多样性分析

alpha 多样性是指局部均匀生境下的物种在丰富度(richness)、多样性(diversity)和均匀度(evenness)等方面的指标, 也被称为生境内多样性。从表 4 中可知, 在 97%分类水平下, 在不同繁殖方式下 Chao1 指数、Observed species 指数、Simpson 指数、Shannon 指数、OTU 数量均有所差异。两种处理的样品覆盖度指数均在 90%以上, 表明样品中序列大多数被测出, 序列未被测出的概率较低。

嫁接繁殖下的土壤微生物群落丰富度指数 (Chao1 指数、Observed species 指数) 比根蘖繁殖的高, 说明嫁接样品中物种种类相对较丰富。多样性指数 Simpson 值与 Shannon 指数越大, 说明群落多样性越高, Pielou_e 值越大, 表示个体分配越均匀。而根蘖繁殖的 Simpson 指数与 Shannon 指数均高于嫁接方式, 说明根蘖繁殖方式下的土壤微生物群落的多样性高于嫁接繁殖方式。根蘖繁殖方式的 Pielou_e 值也较大, 表明此种繁殖方式下的土壤微生物群落物种分布较均匀。

表 4 不同繁殖方式下土壤微生物的 α -多样性

Tab.4 α -diversity of soil microorganisms under different cultivation methods

| 处理 | 97%分类水平 | | | | | |
|----|---------|----------|---------|----------|------------------|-----------------|
| | Chao1 | Simpson | Shannon | Pielou_e | Observed_species | Good's coverage |
| 嫁接 | 375.072 | 0.963294 | 6.02095 | 0.714129 | 345.2 | 0.99381 |
| 根蘖 | 301.134 | 0.971035 | 6.39397 | 0.776659 | 300.8 | 0.999493 |

Rank 丰度曲线可直观的反应样品中包含的分类丰富度和均匀度, 由图 2 可知, 在水平方向上, 嫁接繁殖方式下的土壤微生物 Rank 丰度曲线在横轴上的跨度最大, 表明其分类的丰富度越高; 在垂直方向上, 根蘖繁殖方式下的 Rank 丰度曲线更平缓, 表明其土壤微生物群落组成均匀度越高。

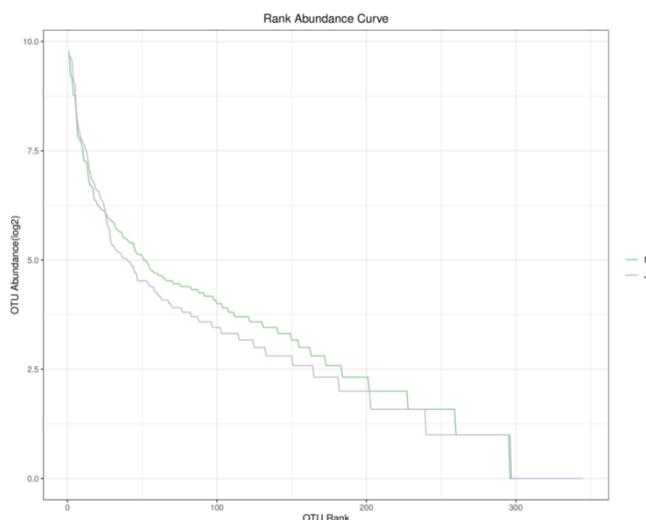


图 2 丰度等级曲线图

Fig. 2 the abundance grade curve

维恩图能直观反映出不同样本中微生物群落丰富程度和样本间的物种组成差异。根据样品 OTUs 的交叠情况绘制韦恩图，用于分析不同样品之间共有和特有的 OTUs。如图 3 所示，嫁接繁殖方式土壤中特有的 OTUs 数目为 277，占比为 48.01%，根蘖繁殖方式土壤中特有的 OTUs 数目为 232，占比为 40.21%，两者共有 OTUs 数目为 68，占比为 11.79%。

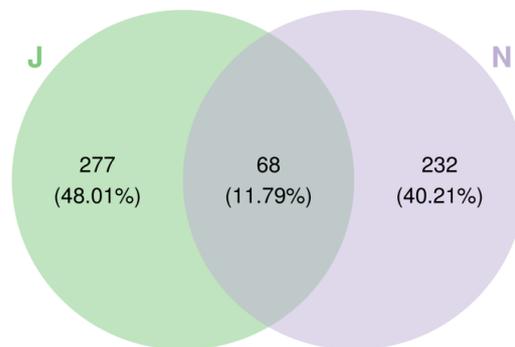


图 3 样本 ASV/OTU 的韦恩图

Figure 3. Sample ASV/OTU by Venn diagram

2.4 不同繁殖方式土壤微生物功能预测分析

大量研究表明，在相似的环境条件下，虽然微生物群落的功能相似，但是行使功能的微生物组成差异反而较大。因此，在揭示土壤环境中的微生物群落组成的基础上，最终要揭示微生物群落的功能。本研究运用 PICRUST2 软件通过将现有的群落组成数据与 KEGG 数据库中微生物代谢功能的类别对比进行群落样本功能预测。由图 4 可知，在行使生物合成功能类别中脂肪酸和脂质生物合成的功能基因的相对丰度最高，在行使同化功能类别中碳水化合物降解、脂肪酸和脂质降解功能基因的相对丰度最高，在行使代谢物和能量产生功能类别中编码呼吸的功能基因的相对丰度最高，在行使聚糖通路功能类别中聚糖生物合成和代谢的功能基因的相对丰度最高，在行使代谢集群功能类别中 tRNA 合成的功能基因的相对丰度最高。

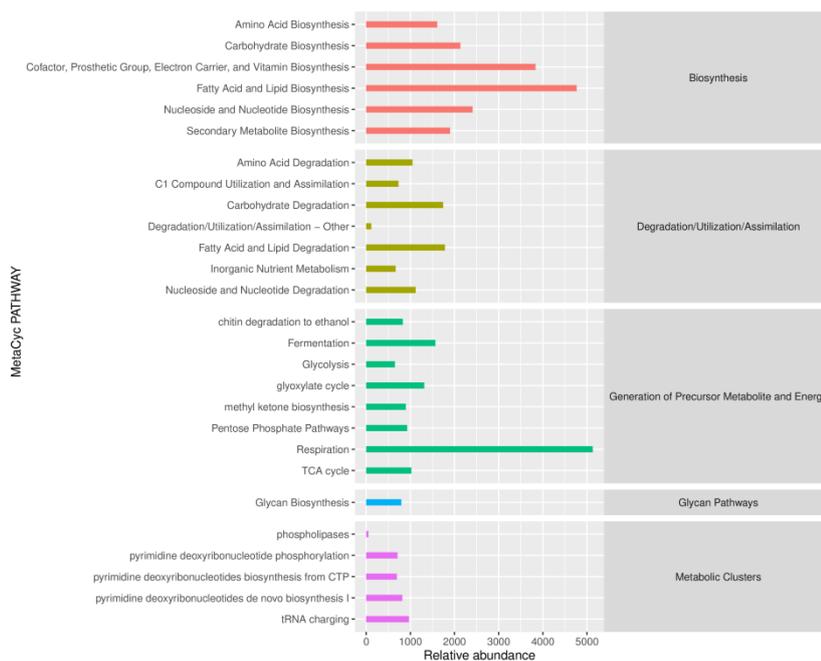


图 4 群落样本的功能预测图

Fig. 4 functional prediction map of community samples

3 讨论

微生物群落结构及组成与所处的环境密切相关，繁殖方式的改变会引起土壤理化性质、水气热条件等变化，进而影响土壤微生物群落结构。本研究中，嫁接和根蘖两种繁殖方式下土壤微生物群落门水平上均以 Ascomycota（子囊菌门）为优势类群，子囊菌门的真菌多为腐生菌，对降解土壤有机质起着重要作用，是土壤真菌群落中有机质的主要分解者，对植物的生长发育具有重要作用（李娜，2022），牟建平（牟建平等，2022）的研究结果也表明，黄芪不同种植地区优势真菌均为子囊菌门（Ascomycota），且相对丰度均在 75%以上。

嫁接有利于根际土壤微生物生物量和酶活性的提高，土壤微生物在参与调节有机质的分解矿化和养分的固定过程中发挥着重要调节作用（刘恩科等，2009）。根系分泌物通过植物根的不同部位释放到根际环境中，是植物与土壤进行物质交换和信息传递的重要载体物质。而不同植物品种以及不同基因型植物，其根系分泌物的组成及数量有很大差异。根系分泌物为微生物提供充足的碳源和氮源，使得不同植物根际微生物群落结构具有独特性（张青等，2022）。由于嫁接措施改变了原有植物品种的遗传特征。因此，嫁接在改变植物生长状况的同时，也可通过根系分泌物进一步影响根际微生物的特性。本试验结果表明嫁接繁殖枣树土壤微生物量碳和磷显著低于根蘖繁殖，但土壤微生物生物量氮显著高于根蘖繁殖，说明嫁接处理促进了枣树根际微环境中碳和磷的循环。这与肖健（肖健，2022）研究嫁接和人工除草对八角树根际（区）土壤健康的影响一文结果相似。

虽然缺乏有关嫁接灵武长枣所导致的根际土壤生物学变化方面的研究，但有研究表明嫁接番茄（*Lycopersicon esculentum*）可增加根际土壤中微生物的数量（郝晶等，2009）。还有对嫁接黄瓜（*Cucumis sativus*）的研究表明，嫁接后可增加根际土壤细菌和放线菌数量、促进土壤脲酶、中性磷酸酶、蔗糖酶和过氧化氢酶活性提高（谢远峰等，2012）。本试验中嫁接繁殖的土壤微生物群落丰富度指数（Chao1 指数、Observed species 指数）和特有 OTUs 数目高于根蘖繁殖，说明嫁接繁殖能增

加土壤中微生物数量,而土壤中微生物数量的增加有利于土壤养分的转化,能为植物的生长提供良好的环境。此外,嫁接改变了枣树根际土壤细菌不同分类水平组成。不同分类水平下,富集了比根蘖繁殖枣树根际微环境更为丰富的特异优势细菌。表明嫁接亦改变了枣树根际土壤细菌群落组成,具有提升枣树抵御外界胁迫的潜力。

4 结论

(1)根蘖繁殖和嫁接繁殖方式的土壤微生物群落相似,但不同处理中各种土壤微生物所占的比例有所差异,在门分类水平上均以 Ascomycota (子囊菌门)为优势菌门,属水平上均以 Fusarium (镰刀菌属)和 Chaetomium (毛壳菌属)等为优势菌属。

(2)嫁接繁殖下的土壤微生物群落丰富度指数高于根蘖繁殖,且特有 OTUs 数目也高于根蘖繁殖,但多样性指数与均匀度指数低于根蘖繁殖,说明嫁接土壤中物种种类相对较丰富,但是物种分布不均匀。

(3)嫁接繁殖枣树土壤微生物量碳和磷显著低于根蘖繁殖,说明嫁接处繁殖促进了枣树根际微环境中碳和磷的循环,提升了枣树植株吸收利用土壤碳、磷的能力,有助于提高灵武长枣的产量。

参考文献

- Chen J, Li Z, Maiwulanjiang M. Chemical and Biological Assessment of Ziziphus jujuba Fruits from China: Different Geographical Sources and Developmental Stages[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2013,61(30):7315-7324.
- Gao Q H, Wu C S, Yu J G, et al.. Textural Characteristic, Antioxidant Activity, Sugar, Organic Acid, and Phenolic Profiles of 10 Promising Jujube (Ziziphus jujuba Mill.) Selections[J]. Journal of Food Science, 2012,77(11):C1218-C1225.
- 肖海云. 枣树育苗技术[J]. 现代园艺,2014,(01):35-37.
- Xiao Haiyun. Jujube seedling technology [J].Modern Horticulture, 2014, (01) : 35-37.
- 白琳云. 灵武长枣嫁接与根蘖繁殖植株生长、果实特性的比较[D].宁夏大学,2019.
- Bai Linyun. Comparison of plant growth and fruit characteristics between grafting and root tiller propagation of Bailinyun Lingwu long jujube [D].Ningxia University, 2019.
- 张峰. 环塔里木盆地几种特色果树繁殖技术研究[D].新疆农业大学,2009.
- Zhang Feng. Study on propagation technology of several characteristic fruit trees around Tarim Basin [D]. Xinjiang Agricultural University, 2009.
- 夏昕,石坤,黄欠如等.长期不同施肥条件下红壤性水稻土微生物群落结构的变化[J].土壤学报,2015,52(03):697-705.
- Xia Xin, Shi Kun, Huang Qianru et al... Changes of microbial community structure in red paddy soil under long-term different fertilization conditions [J].Soil journal, 2015,52 (03) : 697-705.
- 林小兵,时红,武琳等. 繁殖方式对红壤性稻田土壤微生物群落结构和多样性的影响[J]. 生态环境学报,2020,29(11):2206-2214.
- Lin Xiaobing, Shi Hong, Wu Lin, et al. Effects of cultivation methods on soil microbial community structure and diversity in red paddy soil [J]. Journal of Ecological Environment, 2020,29 (11) : 2206-2214.
- 孟令波,刘彤彤,张春怡等. 棚室茄子不同繁殖方式对土壤微生物多样性的影响[J]. 东北农业大学学报,2017,48(11):18-25.
- Meng Lingbo, Liu Tongtong, Zhang Chunyi, etc. Effects of different cultivation methods of greenhouse eggplant on soil microbial diversity [J].Journal of Northeast Agricultural University, 2017,48 (11) : 18-25.
- Anderson, M.J., and Willis, T.J. (2003). Canonical analysis of principal coordinates: a useful method of constrained ordination for ecology. Ecology 84, 511-525.

Asnicar, F., Weingart, G., Tickle, T.L., Huttenhower, C., and Segata, N. (2015). Compact graphical representation of phylogenetic data and metadata with GraPhlAn. PeerJ 3.

李娜. 气温升高与干旱互作对灵武长枣根区土壤微生物的影响[D].宁夏大学,2022.

Li Na. Effects of interaction between temperature increase and drought on soil microorganisms in the root zone of Lingwu long jujube [D].Ningxia University, 2022.

牟建平,滕宝霞,史中飞,贺晓文,赖晶,朱玲,肖静,曾小梅. 基于高通量测序考察甘肃黄芪种植区根际土壤微生物群落结构及多样性[J]. 中国野生植物资源,2022,41(03):15-24.

Mou Jianping, Teng Baoxia, Shi Zhongfei, He Xiaowen, Lai Jing, Zhu Ling, Xiao Jing, Zeng Xiaomei. Based on high-throughput sequencing, the microbial community structure and diversity of rhizosphere soil in Gansu Astragalus planting area were investigated [J].China Wild Plant Resources, 2022,41 (03) : 15-24.

刘恩科,梅旭荣,赵秉强等. 长期不同施肥制度对土壤微生物生物量碳、氮、磷的影响[J]. 中国农业大学学报,2009,14(03):63-68.

Liu Enke, Mei Xurong, Zhao Bingqiang et al. Effects of long-term different fertilization systems on soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus [J].Journal of China Agricultural University, 2009,14 (03) : 63-68.

张青,王辰,孙宗湜等. 土壤微生物生物量及多样性影响因素研究进展[J]. 北方园艺,2022,No.503(08):116-121.

Zhang Qing, Wang Chen, Sun Zongshi et al. Research progress on influencing factors of soil microbial biomass and diversity [J].Northern Horticulture, 2022, No.503 (08) : 116-121.

肖健. 嫁接和人工除草对八角树根际(区)土壤健康的影响[D].广西大学,2022.

Xiao Jian. Effects of grafting and artificial weeding on soil health in the rhizosphere of *Illicium verum* [D]. Guangxi University, 2022.

郝晶,周宝利,刘娜等. 嫁接对茄子根际土壤微生物生物量和酶活性的影响[J]. 湖北农业科学,2009,48(06):1398-1402.

Hao Jing, Zhou Baoli, Liu Na, et al. Effects of grafting on microbial biomass and enzyme activity in rhizosphere soil of eggplant [J]. Hubei Agricultural Sciences, 2009,48 (06) : 1398-1402.

谢远峰,田永强,李硕等. 黄瓜单砧与双砧嫁接对根际土壤微生物和酶活性的影响[J]. 中国蔬菜,2012,No.274(24):62-68.

Xie Yuanfeng, Tian Yongqiang, Li Shuo, et al. Effects of cucumber single and double rootstock grafting on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities [J]. China Vegetables, 2012, No.274 (24) : 62-68.