

刘泽琴, 刘宁, 李淑娟, 等. 紫云英与油菜间作模式下根系分泌物对土壤微生物的影响[J]. 华中农业大学学报, 2023, 42(4): 177-184.  
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2023.04.020

## 紫云英与油菜间作模式下根系分泌物 对土壤微生物的影响

刘泽琴, 刘宁, 李淑娟, 黄国勤, 周泉

江西农业大学生态科学研究中心/作物生理生态与遗传育种教育部重点实验室, 南昌 330045

**摘要** 为揭示间作体系中土壤微生物对根系分泌物的响应机制, 设计桶栽试验, 于2020—2021年在江西农业大学科技园种植冬季作物, 探索紫云英与油菜间作根系分泌物与土壤微生物群落变化的互作机制。结果显示, 紫云英和油菜不同种植模式下根系分泌物特征差异明显, 与单作紫云英相比, 间作显著增加了单糖类化合物含量, 降低神经递质类化合物含量。氨基酸、单糖、神经递质类等化合物与土壤微生物显著相关, 其中, 单糖类化合物与酸杆菌门、绿弯菌门等微生物呈显著正相关; 神经递质类化合物与绿弯菌门、厚壁菌门、芽单胞菌门、蓝藻细菌等微生物呈显著正相关。紫云英单作(A)、油菜单作(R)和紫云英与油菜间作(AR)3种模式的相关性结果显示, 油菜单作模式下分泌物与微生物的相关性和整体结果差异最大, 同时, 紫云英单作和油菜单作模式下单糖类化合物与酸杆菌、绿弯菌均没有显著相关性, 而紫云英与油菜间作模式下单糖类化合物与酸杆菌、绿弯菌呈极显著正相关。紫云英与油菜间作模式中酸杆菌群落相对丰度显著高于紫云英单作, 微生物覆盖度指数也显著大于紫云英单作。因此, 根系分泌物很可能是紫云英和油菜间作改变土壤微生物群落结构的重要因素, 单糖化合物在这个过程中发挥了主要作用。

**关键词** 种植模式; 间作; 土壤微生物; 根系分泌物; 根际微生物; 微生物群落

**中图分类号** S344.2; S154.3 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2023)04-0177-08

植物往往通过从根部分泌化合物到周围土壤中来适应和响应生物以及非生物环境, 这些化合物包括糖、酚醛、氨基酸、有机酸以及其他次生代谢物等小分子化合物和多糖、蛋白质等高分子化合物<sup>[1-2]</sup>。一般来说, 植物种类及其多样性的差异会导致分泌物不同<sup>[3-5]</sup>, 根系分泌物会刺激或抑制土壤中的不同微生物种类<sup>[6-10]</sup>, 进而引起相关根际微生物群落结构、功能和多样性的改变<sup>[11-12]</sup>, 对根际微生物进行选择塑造<sup>[13-14]</sup>。如豆科植物分泌的黄酮类化合物诱导了根瘤菌结瘤基因表达, 合成植物识别的结瘤因子<sup>[15-16]</sup>, 招募更多的固氮细菌<sup>[17]</sup>, 对根际微生物组产生选择塑造作用。在生态系统中, 土壤微生物担负着分解和能量转化过程的关键功能<sup>[18]</sup>, 其群落结构组成和功能多样性对植物的生长发育至关重要。因此, 探究作物根际土壤微生物对根系分泌物的响应机制可以为农田管理提供科学依据, 同时也有利于

农田生物多样性增加和生态环境改善。近年来, 关于根系分泌物调控下的“植物-土壤-微生物”互作机制研究逐渐增多, 但对于农田间作系统而言, 这些研究主要集中于夏季作物(如禾本科间作豆科<sup>[19-20]</sup>), 关于冬季十字花科-豆科间作的研究目前还少有报道。

紫云英(*Astragalus sinicus*)是一种具有固氮功能的豆科绿肥作物, 可为其周围生长的植物提供营养。因此, 紫云英间作其他作物(如禾本科、十字花科)的生产效益一直受到相关研究者的高度关注。油菜(*Brassica napus*)是十字花科油料作物, 经济价值大。对紫云英与油菜间作的研究发现, 油菜在间作系统中竞争能力较强, 占据着优势主导地位<sup>[21]</sup>。间作紫云英有利于促进油菜生长发育, 从而显著提高作物产量<sup>[22]</sup>, 同时还改变了油菜根际土壤微生物群落结构和功能<sup>[23-24]</sup>。还有研究发现紫云英和油菜的根系

收稿日期: 2022-11-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(32260548; 31901476); 江西省自然科学基金重点项目(20202ACBL215002)

刘泽琴, E-mail: 1363795221@qq.com

通信作者: 周泉, E-mail: zhouquanyilang@163.com

分泌物含量和组成差异明显,而且两者间作时油菜对根系分泌物的影响大于紫云英<sup>[25]</sup>。但是紫云英与油菜间作系统中根系分泌物差异与土壤微生物群落结构组成之间的关系还不清楚。因此,本研究通过盆栽试验,分别设置了3种植模式:紫云英单作、油菜单作和紫云英与油菜间作,探究间作系统中根系分泌物含量特征和土壤微生物变化特征,并分析两者间的关联性,以期进一步揭示间作系统中根系分泌物对土壤微生物的调控机制。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验在160 L塑料桶内进行,桶高70 cm,上下口径分别为56 cm和44 cm,每桶装土150 kg,土壤类型为南方红壤。试验时间:2020年10月—2021年5月,试验地点:江西省南昌市江西农业大学科技园(28°46'N,115°55'E)。试验前测定的土壤基本理化性状:土壤有机质(soil organic matter)为23.17 g/kg,土壤全氮(total N)、全磷(total P)、全钾(total K)、碱解氮(alkali-hydrolyzed nitrogen)、有效磷(available phosphorus)和速效钾(available potassium)含量分别为1.29 g/kg、0.92 g/kg、11.14 g/kg、99.98 mg/kg、5.01 mg/kg和118.44 mg/kg,土壤pH 4.75。

### 1.2 试验设计

设计桶栽种植试验,共设3个处理(种植模式)。A:紫云英单作,采用条播方式种植紫云英,行距30 cm,每桶播2条,播种量0.9 g(45 kg/hm<sup>2</sup>);R:油菜单作,采用穴直播方式种植油菜,每桶种植2穴,行距30 cm,出苗后每桶留2株(每穴1株);AR:紫云英与油菜间作,2种植物播种方式与A处理和R处理相同,分别播于桶两侧,每桶播紫云英0.45 g,两者行距30 cm。供试作紫云英品种为余江大叶,油菜品种为阳光131。每个处理共设3次重复,随机区组排列。紫云英与油菜均于2020年10月22日播种,2021年4月23日收割。2020年10月21日施基肥(肥料为史丹利17-17-17三元素复合肥):氮(N)、磷(P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>)、钾(K<sub>2</sub>O)肥施用量均为0.10 g/kg。

### 1.3 测定项目与方法

1)根系分泌物。于油菜成熟期收集作物根际处土壤溶液,使用仪器为土壤溶液采样器(Rhizon SMS)。将取样器轻轻插入根际土壤5~8 cm处,取样器外端接上注射器,再将注射器内抽真空,利用压强将土壤溶液吸入注射器,每桶收集50 mL。收集过

程中及时将收集到的溶液保存在-80℃冰箱,待全部收集充足后将各个桶的溶液混匀保存。

根系分泌物的测定过程主要包括样品前处理和GC-MS检测<sup>[26]</sup>。

2)土壤微生物。收集完土壤溶液之后,立即采集作物根际土壤样品(采集位置与插土壤溶液取样器位置相同),快速将土壤轻轻弄碎,并去除杂质,充分混匀,然后保存在-80℃冰箱中待测。

土壤微生物测定:使用CTAB法提取土壤样品中的DNA,利用1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组DNA。然后进行PCR扩增,PCR采用Trans-Gen AP221-02 (TransStart Fastpfu DNA Polymerase); PCR仪:ABI GeneAmp<sup>®</sup> 9700型;每个样本3个重复,将同一样本的PCR产物混合后用2%琼脂糖凝胶电泳检测,使用AxyPrepDNA凝胶回收试剂盒(AXYGEN公司)切胶回收PCR产物,Tris\_HCl洗脱;2%琼脂糖电泳检测。再参照电泳初步定量结果,将PCR产物用QuantiFluor™-ST蓝色荧光定量系统(Promega公司)进行检测定量,最后进行Miseq文库构建和Miseq测序。

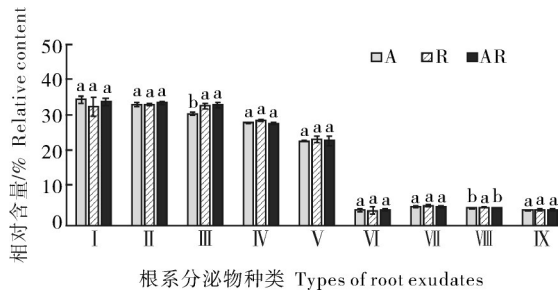
### 1.4 数据处理

代谢物进行GC-MS检测之后,根系分泌物含量组间差异采用单因素方差分析(one-way ANOVA),使用Excel 2016软件作图,分泌物和微生物主成分分析(PCA)的组间差异采用ANOSIM检验,并使用ropls(R packages)(Version1.6.2)作图。土壤微生物多样性分析采用student's *t*-test,群落丰度组间差异用Kruskal-wallis 秩和检验,相关性热图(Heatmap)使用R语言(version 3.3.1)软件作图,相关系数类型为斯皮尔曼相关(Spearman)。

## 2 结果与分析

### 2.1 根系分泌物的含量特征

从3种植模式的根系分泌物中共提取179种代谢物,经过预处理后保留了170种,其中符合KEGG化合物二级分类的有33种,主要分为8大类(图2),分别是氨基酸类、脂肪酸类、单糖类、羧酸类、胺类、碱基、其他激素、神经递质类;另外,还有其他化合物。其中含量最高的是氨基酸类、脂肪酸类和单糖类,其次是羧酸类和胺类,含量最少的是碱基、其他激素、胺类或神经递质类以及其他化合物。间作处理和油菜单作处理中的单糖类化合物含量显著高于紫云英单作处理,油菜单作处理中的胺类或神经递质类化合物含量显著高于紫云英单作和间作处理。



A: 紫云英单作 Monoculture milk vetch; R: 油菜单作 Monoculture rapeseed; AR: 紫云英||油菜模式 Milk vetch intercropping with rapeseed; I :氨基酸 Amino acids; II :脂肪酸 Fatty acids; III :单糖 Monosaccharides; IV :羧酸 Carboxylic acids; V :胺类 Amines; VI :碱基 Bases; VII :其他激素 Other hormones; VIII :神经递质类 Neurotransmitters; IX :其他 Others。不同小写字母表示差异显著( $P<0.05$ )。下同。Different small letters meant significant difference at 0.05 level. The same as follows.

图1 不同处理下根系分泌物的相对含量  
Fig. 1 Relative content for root exudates under different treatments

## 2.2 根系分泌物的主成分分析和最小二乘法-判别分析

对不同处理下的根系分泌物进行主成分分析 (principal component analysis, PCA) (图 2a), 使用 ANOSIM 进行组间差异检验, 结果表明, R 处理和 A 处理、R 处理和 AR 处理之间的样本分离明显, 而 A 处理与 AR 处理样本重合度较大。说明单作油菜的

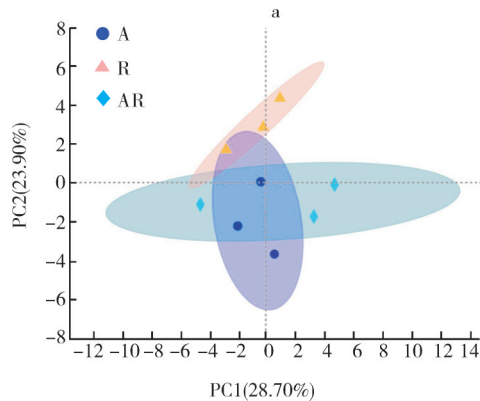


图2 不同处理下根系分泌物的主成分分析(a)和最小二乘法-判别分析(b)

Fig. 2 PCA(a) and PLS-DA(b) for root exudates under different treatments

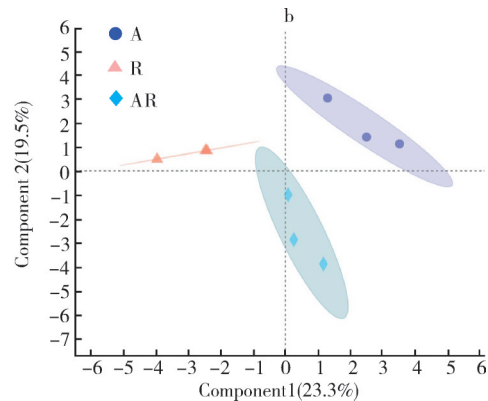
## 2.4 土壤微生物的主成分分析

在门水平上对土壤微生物进行 PCA 分析 (图 4), 使用 ANOSIM 进行组间差异检验, 结果发现土壤微生物在 3 个处理间分离明显, 紫云英单作处理土壤微生物在 3 个处理间分离最远, 说明单作处理 (包括紫云英单作和油菜单作) 与间作处理之间的土壤微生物差异较大, 且紫云英单作处理与间作处理差异最为显著。

根系分泌物与单作紫云英、间作的差异较大, 单作紫云英处理的根系分泌物与间作处理差异不大。进一步采用最小二乘法-判别分析 (partial least squares discrimination analysis, PLS-DA) 对根系分泌物检测结果进行分析 (图 2b)。结果发现, A 处理、R 处理、AR 处理之间的样本均分离明显。说明 2 个单作处理与间作处理之间的根系分泌物特征差异较大。

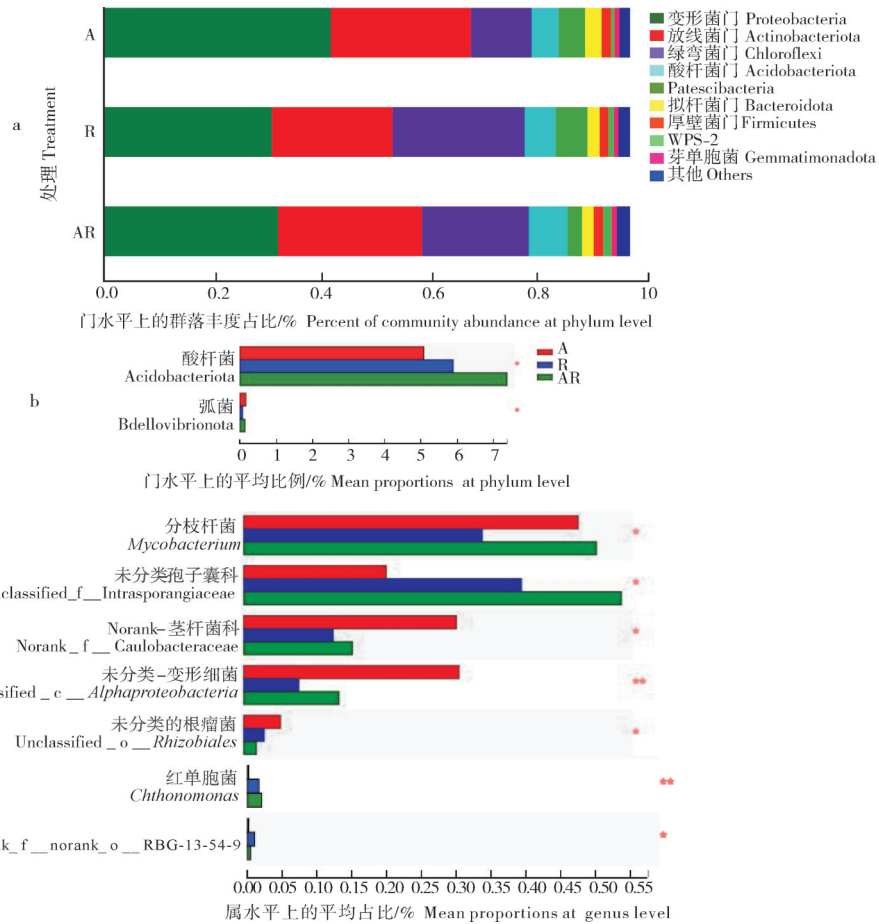
## 2.3 土壤微生物群落相对丰度及其组间差异

对不同处理下的土壤微生物群落丰度及其组间差异进行单因素方差分析 (one-way ANOVA) (图 3), 发现在紫云英和油菜的 3 种植植模式中, 群落相对丰度较高的微生物均是变形菌门、放线菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、Patescibacteria, 其中相对丰度最高的是变形菌门 ( $>30\%$ ) (图 3a)。但是在门水平上只有酸杆菌门和弧菌门在不同处理之间存在显著差异, 酸杆菌门在不同处理中的群落相对丰度呈现出间作  $>$  油菜单作  $>$  紫云英单作的规律 (图 3b)。进一步对属水平的微生物进行组间单因素方差分析, 结果显示, 间作和紫云英单作处理下的分枝杆菌平均占比显著高于油菜单作处理, 间作和油菜单作处理下的红单胞菌平均占比显著高于紫云英单作处理 (图 3c)。



## 2.5 土壤微生物的多样性分析

为了进一步揭示紫云英和油菜不同种植模式下土壤微生物群落结构的变化情况, 对 3 个处理中的土壤微生物进行香农多样性 (Shannon diversity)、辛普森多样性 (Simpson diversity) 和覆盖度多样性 (coverage diversity) 分析 (图 5), 结果显示, 不同种植模式之间土壤微生物的香农多样性指数和辛普森多样性指数没有显著差异 (图 5a、b), 但油菜单作处理和间作



\*, \*\*分别表示差异显著 ( $P < 0.05$ ) 和极显著 ( $P < 0.01$ )。\*, \*\* indicate significant difference ( $P < 0.05$ ) and extremely significant difference. 下同。The same as follows.

图 3 不同处理下的土壤微生物群落丰度占比及其组间差异

Fig. 3 Abundance percentage of soil microbial community and its difference among groups under different treatments

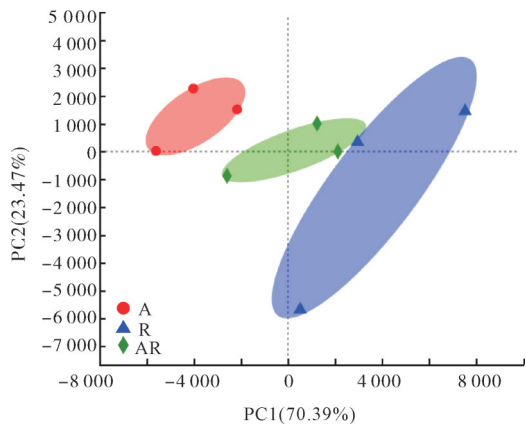


图 4 不同处理下土壤微生物的主成分分析

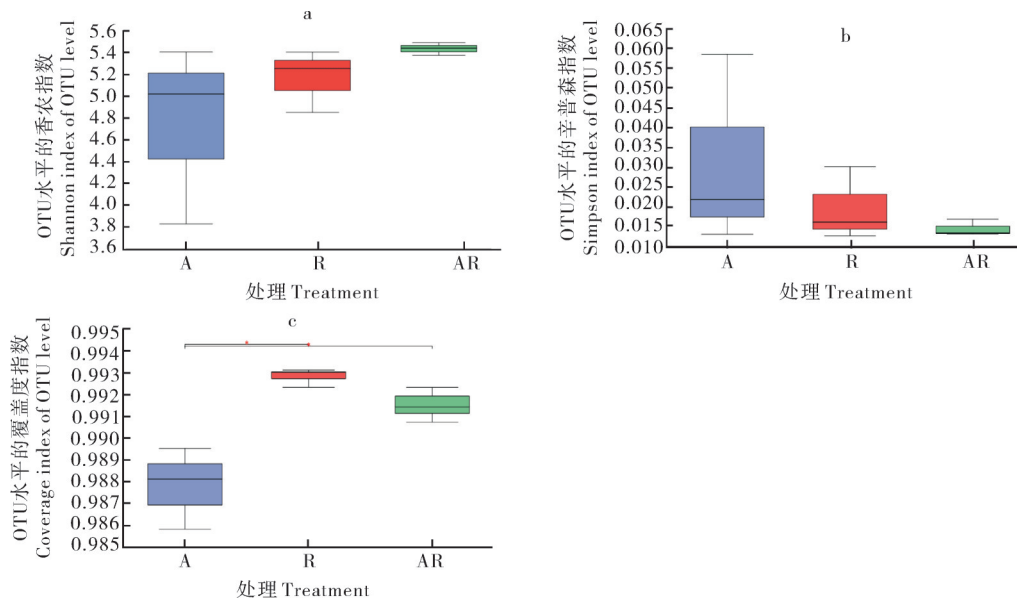
Fig. 4 Principal component analysis for soil microorganism under different treatments

处理的覆盖度指数均显著高于紫云英单作处理 (图 5c)。

## 2.6 根系分泌物与土壤微生物的关联分析

为了探究根系分泌物对土壤微生物的影响,对

根系分泌物和根际土壤微生物进行关联分析 (图 6), 所有模式的结果整体上显示单糖类和神经递质类化合物与土壤微生物的相关性最显著, 且主要呈正相关。单糖类化合物与 Armatimonadota、酸杆菌、绿弯菌等微生物呈显著正相关; 神经递质类化合物与绿弯菌门、厚壁菌门、芽单胞菌门、蓝藻细菌等微生物呈显著正相关。氨基酸与土壤微生物主要呈负相关, 但只与 Methylomirabilota 具有显著性。紫云英单作 (A)、油菜单作 (R) 和间作 (AR) 3 种模式的结果显示, 油菜单作模式下分泌物与微生物的相关性与整体结果差异最大; 同时, 紫云英单作和油菜单作模式下单糖化合物与酸杆菌、绿弯菌均没有显著相关性; 而间作模式下单糖与酸杆菌、绿弯菌呈极显著正相关。



图中箱子的最上和最下2条横线分别是样本数据的最大值和最小值,箱体的上下限分别是数据的上四分位数和下四分位数,箱子中的横线是中位数。The top and bottom horizontal lines of the box in the figure are the maximum and minimum values of the sample data respectively, the upper and lower limits of the box are the upper and lower quartiles of the data respectively, and the horizontal line in the box is the median.

图5 不同处理下土壤微生物的多样性分析

Fig. 5 Analysis of soil microbial diversity under different treatments

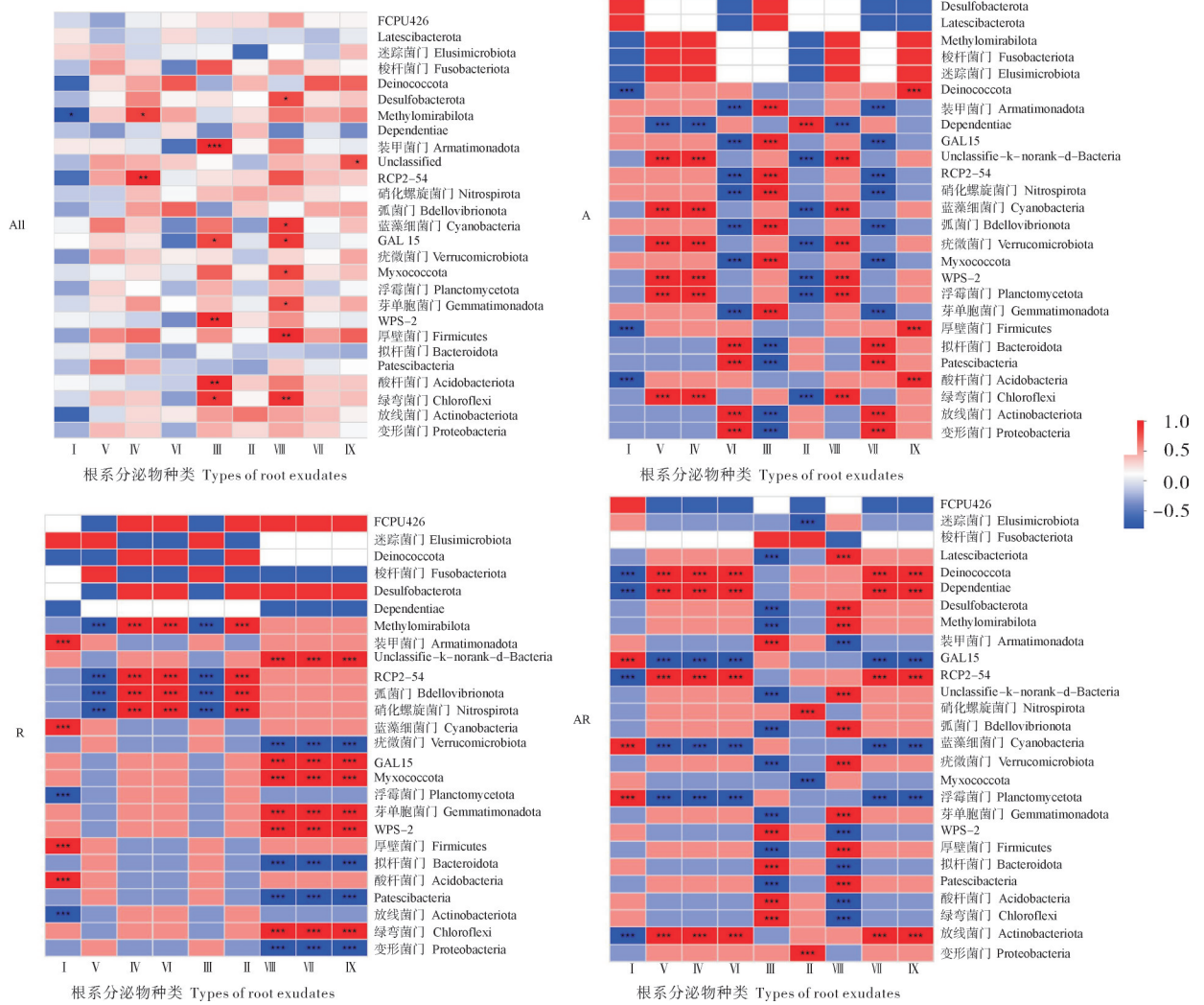
### 3 讨论

本研究中,紫云英和油菜的根系分泌物主要包括氨基酸、脂肪酸、单糖、羧酸、胺类、碱基、其他激素和胺类或神经递质类化合物,其中含量最多的是氨基酸、脂肪酸和单糖。通过PCA和PLS-DA分析发现,紫云英和油菜的根系分泌物特征差异显著。单作油菜中的单糖、神经递质类化合物含量均显著高于单作紫云英。有研究表明,在根系分泌的化合物中,释放量最大的是糖类、氨基酸和有机酸<sup>[27]</sup>,并且根分泌物的量和组成会受到土壤结构、营养状况、植物种类及其发育阶段等多种因素的影响<sup>[3-5]</sup>。另外,紫云英和油菜释放的脂类和类脂分子可以用来表征分泌物基本特征<sup>[26]</sup>。本研究中氨基酸、单糖和脂肪酸的相对含量均较高,与前人的研究结果相似,也进一步说明脂肪酸具有表征紫云英和油菜分泌物的重要作用。而紫云英和油菜的根系分泌物特征差异较大,主要有2个原因:一是因为2种作物种类不同,油菜是十字花科油料作物,紫云英是豆科绿肥作物<sup>[21]</sup>;其次,紫云英通过生物固氮增加了作物的氮源,改变了土壤中的营养状况<sup>[21]</sup>。因此,植物种类不同和土壤养分变化极有可能是导致了紫云英和油菜根系分泌物差异显著的主要因素。

通过PCA分析发现,紫云英和油菜不同种植模

式下的土壤微生物群落结构差异较大,紫云英与油菜间作的土壤微生物覆盖度指数显著高于紫云英单作。研究表明,在生态系统中,植物多样性增加会直接影响根系间的接触状况,间接提高根际土壤微生物多样性<sup>[28]</sup>。本研究通过间作来增加作物多样性,改变油菜和紫云英根系间的接触状况,从而提高了土壤微生物覆盖度。另外,本研究中紫云英与油菜间作模式下酸杆菌相对丰度显著高于紫云英单作,间作模式的单糖化合物相对含量也显著高于紫云英单作,并且单糖化合物与酸杆菌、绿弯菌等呈正相关。酸杆菌是一种嗜酸有机营养细菌,含有许多与固氮和碳循环相关的基因序列<sup>[29]</sup>,而单糖化合物作为酸杆菌的基本碳源物质,会对酸杆菌的生命活动产生重要影响。土壤微生物形体微小,结构较简单,容易受到外界环境的影响。有研究指出,紫云英与油菜间作会通过影响土壤环境因子(如土壤水分、氮)来改变土壤微生物群落结构特征<sup>[30]</sup>。由于根系分泌物是土壤微生物重要的碳源和能量物质来源<sup>[31-32]</sup>,也是“植物-土壤-微生物”互作过程中的关键枢纽<sup>[4]</sup>,会对根际土壤微生物产生选择塑造作用<sup>[13-14]</sup>。因此,根系分泌物很可能是紫云英与油菜间作改变土壤微生物群落结构的重要因素,单糖化合物在这个过程中发挥了主要作用。

在本研究中,紫云英与油菜间作和紫云英单作



图中颜色代表相关性,红色代表正相关,蓝色代表负相关,\*表示显著相关( $P < 0.05$ ),\*\*表示极显著相关( $P < 0.01$ ),\*\*\*表示极显著相关( $P < 0.001$ )。The color in the figure represent the correlation, red = positive correlation, blue = negative correlation, \* meant significant correlation ( $P < 0.05$ ), \*\* meant extremely significant correlation ( $P < 0.01$ ), \*\*\* meant extremely significant correlation ( $P < 0.001$ ).

图6 根系分泌物与门水平上的土壤微生物的相关性热图

Fig. 6 Heat map of correlation analysis between root exudates and soil microorganism at phylum level

的根系分泌物特征存在明显差异,间作同时也改变了土壤的微生物群落结构组成,如间作下的单糖化合物相对含量显著高于紫云英单作,间作中的土壤微生物覆盖度和酸杆菌丰度均大于紫云英单作,并且单糖与酸杆菌具有显著正相关关系。这些研究结果部分补充了紫云英||油菜系统中关于根际微生物变化机制研究的不足。在间作系统中,影响根际土壤微生物群落的因素除了根系分泌物外,还有土壤微环境。根系分泌物在“植物-土壤-微生物”互作过程中扮演着重要角色,它既可以充当底物,也可以充当信号分子。我们将进一步探究紫云英与油菜间作模式下根系分泌物如何介导“作物-土壤-微生物”互作,揭示间作系统中土壤微生物的变化机制。同时,了

解影响土壤微生物群落结构的主要因素,也便于今后紫云英和油菜的种植管理,提高农业生产效益。

参考文献 References

[1] BAIS H P, WEIR T L, PERRY L G, et al. The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms[J]. Annual review of plant biology, 2006, 57: 233-266.  
 [2] JONES D L, HODGE A, KUZYAKOV Y. Plant and mycorrhizal regulation of rhizodeposition [J]. The new phytologist, 2004, 163(3): 459-480.  
 [3] HINSINGER P. Bioavailability of soil inorganic P in the rhizosphere as affected by root-induced chemical changes: a review [J]. Plant and soil, 2001, 237(2): 173-195.  
 [4] ZHAO M L, ZHAO J, YUAN J, et al. Root exudates drive

- soil-microbe-nutrient feedbacks in response to plant growth [J]. *Plant, cell & environment*, 2021, 44(2): 613-628.
- [5] BADRI D V, VIVANCO J M. Regulation and function of root exudates [J]. *Plant, cell & environment*, 2009, 32(6): 666-681.
- [6] SOMERS E, VANDERLEYDEN J, SRINIVASAN M. Rhizosphere bacterial signalling: a love parade beneath our feet [J]. *Critical reviews in microbiology*, 2004, 30(4): 205-240.
- [7] DOORNBOS R F, VAN LOON L C, BAKKER P A H M. Impact of root exudates and plant defense signaling on bacterial communities in the rhizosphere: a review [J]. *Agronomy for sustainable development*, 2012, 32(1): 227-243.
- [8] ABDEL-LATEIF K, BOGUSZ D, HOCHER V. The role of flavonoids in the establishment of plant roots endosymbioses with arbuscular mycorrhiza fungi, rhizobia and *Frankia* bacteria [J]. *Plant signaling & behavior*, 2012, 7(6): 636-641.
- [9] RUDRAPPA T, CZYMMEK K J, PARÉ P W, et al. Root-secreted malic acid recruits beneficial soil bacteria [J]. *Plant physiology*, 2008, 148(3): 1547-1556.
- [10] CHAPARRO J M, BADRID V, BAKKER M G, et al. Root exudation of phytochemicals in *Arabidopsis* follows specific patterns that are developmentally programmed and correlate with soil microbial functions [J/OL]. *PLoS One*, 2013, 8(2): e55731 [2022-11-11]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0055731>.
- [11] BROECKLING C D, BROZ A K, BERGELSON J, et al. Root exudates regulate soil fungal community composition and diversity [J]. *Applied and environmental microbiology*, 2008, 74(3): 738-744.
- [12] DENNIS P G, MILLER A J, HIRSCH P R. Are root exudates more important than other sources of rhizodeposits in structuring rhizosphere bacterial communities? [J]. *FEMS microbiology ecology*, 2010, 72(3): 313-327.
- [13] BAKKER M G, MANTER D K, SHEFLIN A M, et al. Harnessing the rhizosphere microbiome through plant breeding and agricultural management [J]. *Plant and soil*, 2012, 360(1): 1-13.
- [14] GUO Z Y, KONG C H, WANG J G, et al. Rhizosphere isoflavones (daidzein and genistein) levels and their relation to the microbial community structure of mono-cropped soybean soil in field and controlled conditions [J]. *Soil biology and biochemistry*, 2011, 43(11): 2257-2264.
- [15] LI B, LI Y Y, WU H M, et al. Root exudates drive interspecific facilitation by enhancing nodulation and N<sub>2</sub> fixation [J]. *PNAS*, 2016, 113(23): 6496-6501.
- [16] MOREAU D, BARDGETT R D, FINLAY R D, et al. A plant perspective on nitrogen cycling in the rhizosphere [J]. *Functional ecology*, 2019, 33(4): 540-552.
- [17] BERENDSEN R L, PIETERSE C M J, BAKKER P A H M. The rhizosphere microbiome and plant health [J]. *Trends in plant science*, 2012, 17(8): 478-486.
- [18] 王新宇, 高英志. 禾本科/豆科间作促进豆科共生固氮机理研究进展 [J]. *科学通报*, 2020, 65(S1): 142-149. WANG X Y, GAO Y Z. Advances in the mechanism of cereal/legume intercropping promotion of symbiotic nitrogen fixation [J]. *Chinese science bulletin*, 2020, 65(S1): 142-149 (in Chinese with English abstract).
- [19] 肖靖秀, 郑毅, 汤利, 等. 小麦-蚕豆间作对根系分泌糖和氨基酸的影响 [J]. *生态环境学报*, 2015, 24(11): 1825-1830. XIAO J X, ZHENG Y, TANG L, et al. Effect of wheat and faba bean intercropping on sugar and amino acid exuded by roots [J]. *Ecology and environmental sciences*, 2015, 24(11): 1825-1830 (in Chinese with English abstract).
- [20] CHEN C P, CHENG C H, HUANG Y H, et al. Converting leguminous green manure into biochar: changes in chemical composition and C and N mineralization [J]. *Geoderma*, 2014, 232/233/234: 581-588.
- [21] 宋莉, 韩上, 席莹莹, 等. 间作对油菜和紫云英生长及产量的影响 [J]. *中国油料作物学报*, 2014, 36(2): 231-237. SONG L, HAN S, XI Y Y, et al. Effects of intercropping on growth and yield of rape and Chinese milk vetch [J]. *Chinese journal of oil crop sciences*, 2014, 36(2): 231-237 (in Chinese with English abstract).
- [22] 周泉, 王龙昌, 马淑敏, 等. 西南旱地油菜间作紫云英和秸秆覆盖的生产效应 [J]. *作物学报*, 2018, 44(3): 431-441. ZHOU Q, WANG L C, MA S M, et al. Influences of rape intercropping with Chinese milk vetch and straw mulching on productive benefits in dryland of southwest China [J]. *Acta agronomica sinica*, 2018, 44(3): 431-441 (in Chinese with English abstract).
- [23] 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(1/2): 85-96.
- [24] 周泉, 王龙昌, 邢毅, 等. 间作紫云英下油菜根际土壤微生物群落功能特征 [J]. *应用生态学报*, 2018, 29(3): 909-914. ZHOU Q, WANG L C, XING Y, et al. Effects of intercropping Chinese milk vetch on functional characteristics of soil microbial community in rape rhizosphere [J]. *Chinese journal of applied ecology*, 2018, 29(3): 909-914 (in Chinese with English abstract).
- [25] 王亚君, 王腾琦, 侯志洁, 等. 根系分泌物对紫云英油菜间作的响应 [J]. *应用生态学报*, 2021, 32(5): 1783-1790. WANG Y J, WANG T Q, HOU Z J, et al. Responses of root exudates to intercropping of Chinese milk vetch with rape [J]. *Chinese journal of applied ecology*, 2021, 32(5): 1783-1790 (in Chinese with English abstract).
- [26] FARRAR J, HAWES M, JONES D, et al. How roots control the flux of carbon to the rhizosphere [J]. *Ecology*, 2003, 84(4): 827-837.
- [27] XIAO H L, ZHENG X J. Effects of plant diversity on soil microbes [J]. *Soil and environmental sciences*, 2001, 10(3): 238-241.
- [28] JIMÉNEZ D J, ANDREOTE F D, CHAVES D, et al. Structural and functional insights from the metagenome of an acidic

- hot spring microbial planktonic community in the Colombian Andes[J/OL].PLoS One, 2012, 7(12):e52069[2022-11-11]. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0052069>.
- [29] LIU Z Q, LI S J, LIU N, et al. Soil microbial community driven by soil moisture and nitrogen in milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) - rapeseed (*Brassica napus* L.) intercropping[J]. Agriculture, 2022, 12(10):1-16.
- [30] CHENG W X, ZHANG Q L, COLEMAN D C, et al. Is available carbon limiting microbial respiration in the rhizosphere? [J]. Soil biology and biochemistry, 1996, 28(10/11):1283-1288.
- [31] QIAN J H, DORAN J W, WALTERS D T. Maize plant contributions to root zone available carbon and microbial transformations of nitrogen[J]. Soil biology and biochemistry, 1997, 29(9/10):1451-1462.
- [32] BERTIN C, YANG X H, WESTON L A. The role of root exudates and allelochemicals in the rhizosphere [J]. Plant and soil, 2003, 256(1):67-83.

## Effects of root exudates on soil microorganisms under intercropping pattern of Chinese milkvetch and rapeseed

LIU Zeqin, LIU Ning, LI Shujuan, HUANG Guoqin, ZHOU Quan

Research Center of Ecological Sciences, Jiangxi Agricultural University/Ministry of Education Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology and Genetic Breeding, Nanchang 330045, China

**Abstract** A pot experiment was designed to plant winter crops in the Science and Technology Park of Jiangxi Agricultural University from 2020 to 2021 to study the interaction mechanism between root exudates and the changes of soil microbial community under the intercropping pattern of Chinese milkvetch (*Leguminous cruciferous*) and rapeseed. The results showed that there were significant differences in the characteristics of root exudates under different planting patterns of Chinese milkvetch and rapeseed compared with the single cropping of Chinese milkvetch, intercropping significantly increased the content of monosaccharides and decreased the content of neurotransmitter compounds. Amino acids, monosaccharides, neurotransmitters, and other compounds were significantly correlated with soil microorganisms. Among them, monosaccharide compounds were significantly positively correlated with Acidobacteriota, Chloroflexi and other microorganisms. Neurotransmitter compounds were significantly positively correlated with Chloroflexota, Firmicutes, Gemmatimonadota, Myxococota, Cyanobacteria and other microorganisms. The individual correlation results of the three models including the single cropping of Chinese milkvetch (A), the single cropping of rapeseed (R), and the intercropping of Chinese milkvetch and rapeseed oil (AR) showed that the difference in the correlation between root exudates and microorganisms and the overall result was the maximum under the single cropping of rapeseed. There was no significant correlation between monosaccharides and Acidobacterium and Chlorobacterium under A and R. Under AR, there was a significantly positive correlation between monosaccharides and Acidobacterium and Chlorobacterium. The relative abundance of Acidobacteriota communities under AR was significantly higher than that under A, and the index of microbial coverage was also significantly higher than that under A. It is indicated that root exudates are likely to be an important factor in changing the structure of soil microbial community in the intercropping of Chinese milkvetch and rapeseed, and monosaccharide compounds play a major role in this process.

**Keywords** planting patterns; intercropping; soil microorganisms; root exudates; rhizosphere microorganisms; microbial community

(责任编辑:张志钰)