

连作对新疆绿洲棉田土壤微生物数量及酶活性的影响

顾美英¹, 徐万里², 茆 军¹, 梁 智², 张志东¹, 房世杰¹

(1. 新疆农科院微生物应用研究所, 新疆 乌鲁木齐 830091; 2. 新疆农科院土壤肥料研究所, 新疆 乌鲁木齐 830091)

摘 要: 对新疆绿洲棉田不同连作年限棉花根际土壤微生物数量、酶活性及土壤理化性质进行研究, 结果表明: (1) 随着连作年限的延长, 细菌数量呈现先增加后减少的趋势, 真菌数量则一直在增加, 放线菌趋势不明显, 说明新疆绿洲棉田土壤在连作一定年限后, 棉田土壤由细菌型向真菌型转变; (2) 脲酶和蛋白酶活性随连作年限增加表现出先增加后减少趋势; 蔗糖酶、多酚氧化酶和过氧化氢酶活性与连作年限关系不明显; (3) 对微生物数量、土壤酶和土壤理化性质的相关性分析表明, 脲酶和蛋白酶与细菌数量呈现良好的正相关性, 其中脲酶的相关性最好, 呈极显著水平 ($P < 0.01$), 蛋白酶呈显著水平 ($P < 0.05$); 土壤酶与放线菌和真菌之间没有明显的相关性; 细菌数量与有机质、全氮和速效氮之间呈显著正相关, 与总盐含量呈显著负相关。

关键词: 新疆; 连作; 棉花; 微生物数量; 酶活性

中图分类号: S154.3; S154.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7601(2009)01-0001-05

新疆是我国最大的优质商品棉生产基地, 棉花面积占新疆总耕地面积 40%; 在棉花主产区, 这一比例可达 80% 以上, 连作现象非常普遍。随着连作年限延长, 许多棉田发生棉花死苗、生长不良、病虫害发生频繁、“早衰”、产量下降等连作障碍现象。众多研究表明连作障碍的发生与根际微生态失衡有关^[1,2], 其本质是根系分泌物中的自毒物质, 主要是酚酸类物质的化感效应导致土壤根际微生态系统失调或恶化^[3], 使病原微生物富集, 土传病害加重^[4,5]、作物减产、土壤质量下降^[6]。连作将使生物多样性水平降低, 造成细菌型土壤向真菌型土壤转化, 最终表现为连作障碍^[6~10]。连作对于土壤生态功能影响也是人们关注的重点, 其中研究较多的是土壤酶。吴凤芝等^[11]报道随着黄瓜连作年限的增加, 过氧化氢酶、脲酶、转化酶的活性显著降低, 而多酚氧化酶的活性显著升高。孙秀山^[10]通过连续 5 年盆栽试验, 发现随着连作年限的增加, 花生土壤和根际的真菌数量显著增加, 细菌和放线菌数量显著减少, 土壤中碱性磷酸酶、蔗糖酶和脲酶活性逐年降低。傅慧兰等^[12]通过大豆田间试验和盆栽试验研究表明, 土壤中脲酶、酸性磷酸酶、过氧化氢酶和转化酶活性, 随着利用年限增加呈下降趋势。目前关于连作对根际微生物、土壤酶及其理化性质之间相互效应的研究主要集中在容易发生连作的作物上, 如大豆、花生等大田作物和黄瓜、辣椒等设施栽

培蔬菜, 而对棉花连作障碍和根际微生态系统关系的研究还比较少^[13]。新疆地处干旱荒漠区域, 绿洲生态环境脆弱, 棉田土壤是绿洲生态系统稳定的重要基础。根据国家和自治区的长远规划, 新疆棉花作为区域支柱产业地位不会改变, 而且会进一步加强^[14]。研究连作对棉田土壤微生物群落结构和生态功能的影响, 对于新疆棉花产业可持续发展和绿洲生态系统稳定具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

土样采自新疆玛纳斯县兰州湾镇大湾子村相邻的不同连作时间(6 a, 8 a, 15 a, 20 a)的棉田土壤, 同时选取附近同一母质的荒地作为对照, 土类属灌耕灰漠土。该地区地理位置为 N44°30', E86°06', 属于大陆性中温带干旱半干旱气候区, 冬季长而严寒, 夏季短而酷热, 昼夜温差大, 年平均气温 7.2°C, 年降水量为 181.1 mm, 年蒸发量为 1 803.5 mm, 年均无霜期为 168 d。采样地的耕作方式为秋翻冬灌, 秸秆还田, 灌溉方式为覆膜沟灌。在 2007 年 7 月份采集 0~30 cm 棉花植株根际土壤(样点 > 6), 将土样混匀后, 一部分风干保存, 用以测定土壤理化性质和土壤酶活性; 一部分在 4°C 保存, 48 h 内测定微生物类群和数量, 3 次重复。

1.2 研究方法

1.2.1 土壤理化性质 采用常规方法测定^[15]。

收稿日期: 2008-04-15

基金项目: 十一五国家科技支撑项目(2006BAD05B07); 国家重点基础研究发展计划前期专项(2006CB708402); 新疆农业科学院青年创新基金(2007Q11)

作者简介: 顾美英(1974-), 女, 助理研究员, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: gmyxj2008@163.com。

1.2.2 土壤微生物数量 采用稀释平板涂抹培养计数法分析^[16]。细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基,放线菌采用改良的高氏一号培养基(每 300 mL 培养基中加 3% 重铬酸钾 1 mL),真菌采用 PDA 培养基(每 100 mL 培养基加 1% 链霉素溶液 0.3 mL)。结果以每克干土所含数量表示。微生物生理菌群的数,采用稀释液体培养法(MPN 法)计数。好氧性自生固氮菌采用阿须贝无氮培养基,纤维素分解菌采用赫奇逊氏培养基,氨化细菌用蛋白胨液体培养基;亚硝化细菌用铵盐培养液(由于土壤中很少有亚硝酸盐的积累,所以测定亚硝化细菌的数量就可以反映硝化细菌的数量)。

1.2.3 土壤酶活性 参照关松荫的方法^[17];过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法,活性以 1 g 干土重的 0.1 mol/L KMnO_4 毫升数(对照与试验测定之差)表示;转化酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色滴定法,活性以 100 g 干土中葡萄糖的质量表示;脲酶采用苯酚一次氯酸钠比色法,活性以单位干土中的 NH_3 -N 的质量(mg)表示;多酚氧化酶采用邻苯二酚滴定法,活性以用于滴定相当于 1 g 干土的滤液的 0.01N I_2 的毫升数表示;蛋白酶采用茚三酮比色法,活性以 24 h 后 1 g 土壤中氨基氮的毫克数表示。

1.2.4 统计分析 采用 DPS v9.50 软件进行相关的统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同连作年限棉田土壤微生物总数及三大微生物和生理菌群数量的变化

土壤微生物参与有机物质及各种养分的分解和

转化,在土壤肥力形成中起着重要作用。从图 1 可看出,在连作 8 年时细菌数量达到最大,为 1.39×10^6 cfu/g 干土,分别是未开垦荒地的 4.25 倍。但随着连作年限的延长细菌数量开始趋向减少,连作 20 年以后细菌数量仅为连作 8 年的 61.22%。然而真菌数量总体上呈现增加趋势,连作 20 年时真菌数量最多,达到 3.846×10^3 cfu/g 干土,分别是未开垦荒地和连作 6、8、15 年的 113、24、2 和 2.6 倍。放线菌数量变化规律不明显。以上分析可看出,棉花连作在一定年限内,由于采取耕作、施肥等土地管理措施,对微生物生长起促进作用;但是随着连作年限的延长,土壤微生态发生变化,真菌数量大幅度增加,细菌型土壤向真菌型土壤转化。

土壤微生物中生理菌群的数及特征通常与土壤氮、碳循环密切相关。从表 1 可以看出,连作棉田土壤生理菌群中除氨化细菌数量一直在增加外,自生固氮菌、亚硝化细菌和纤维素分解菌的数量均呈现先增加后减少的趋势,且最大值都出现在连作 8 年的土壤中,这与连作年限对棉田细菌数量的影响是一致的。连作 15 年和 20 年的土壤中好气性自生固氮菌、亚硝化细菌、纤维素分解菌的数量是连作 8 年的 21.4%、16.5%、10.16%、10.48%、10.16%、10.48%,可看出连作直接影响了棉田土壤的微生物活性和土壤碳氮的循环。特别是随着连作年限的延长,自生固氮菌和纤维素分解菌等生理菌群数量减少,影响土壤养分供给;同时,与土壤矿化作用相关的氨化细菌的数量在一直增加,这点还需要得到重视。

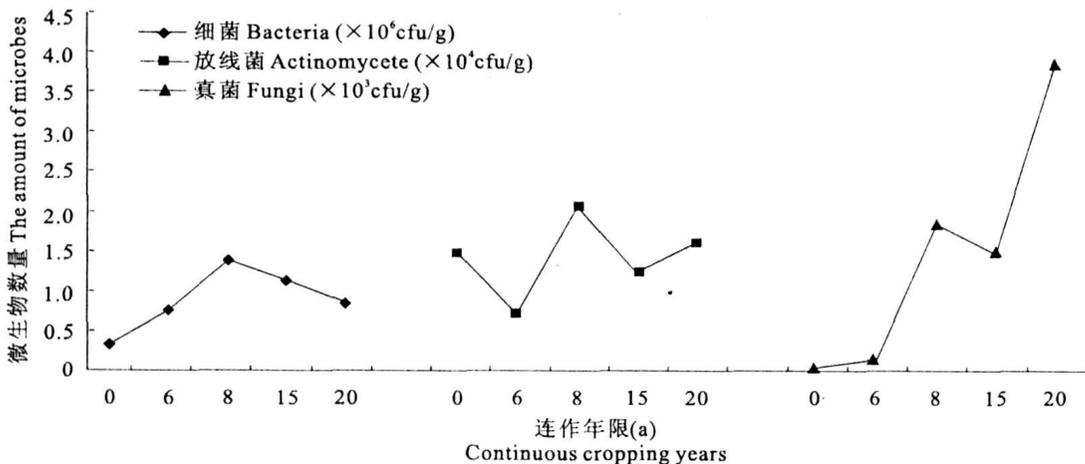


图 1 不同连作年限棉田土壤微生物数量

Fig.1 The amount of cotton soil microbes during continuous cropping years

表 1 不同连作年限对土壤生理菌群的影响

Table 1 Effects of continuous cropping years on bacterial physiological groups

连作年限(a) Continuous cropping years	好气性自生固氮菌 Azotobacter ($\times 10^5$ cfu/g 干土)	氨化细菌 Ammoniation ($\times 10^5$ cfu/g 干土)	亚硝化细菌 Nitrifier ($\times 10^2$ cfu/g 干土)	纤维素分解菌 Cytophaga ($\times 10^3$ cfu/g 干土)
0	0.266	0.44	0.044	0.266
6	2.62	4.36	0.078	0.786
8	16.534	7.84	4.352	16.538
15	3.542	7.96	0.442	2.656
20	2.73	17.3	0.456	0.546

2.2 不同连作年限棉田土壤酶活性变化

土壤酶系统是土壤微生态环境中生理活性最强的部分。土壤中物质的转化、累积和分解,是一个复杂的生物化学过程,而这些过程几乎都是通过酶的作用来完成的。近年来,很多学者认为土壤酶活性是生物活性的一个重要指标,可以用来衡量土壤肥力^[18,19]。

从图 2 可看到,脲酶和蛋白酶随着连作年限延长变化的趋势和细菌数量是大致相同的,均呈现出

先增加后减少的趋势。脲酶和蛋白酶的活性与土壤氮素状况密切相关,在连作 8 年时这两个酶活性最高,连作 20 年较连作 8 年分别下降了 19% 和 26.7%。蔗糖酶活性是表征土壤生物学活性的重要酶,可以反映土壤的熟化程度和肥力水平,其活性并不始终与土壤中的微生物数目一致,具有相对的稳定性^[20]。本研究结果表明,蔗糖酶随连作年限增加而升高,与微生物的变化趋势不一致。

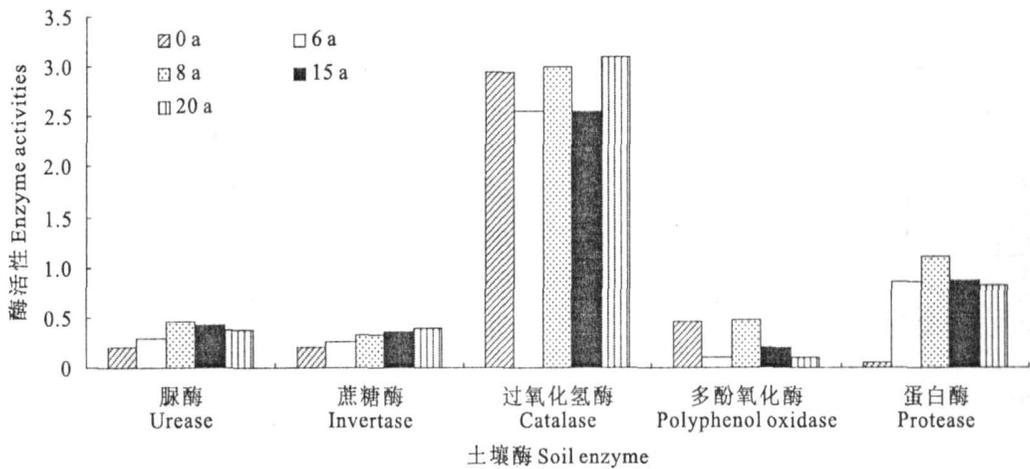


图 2 不同连作年限棉田土壤酶的变化

Fig. 2 Viations of cotton soil enzyme during continuous cropping years

注:脲酶活性: $\text{NH}_3\text{-N}$ mg/g;蔗糖酶:葡萄糖 mg/100g;过氧化氢酶: 0.1N KMnO_4 ml/g;多酚氧化酶: I_2 ml/g;蛋白酶: $\text{NH}_2\text{-N}$ mg/g。

Note: Urease activity: $\text{NH}_3\text{-N}$ mg/g; Invertase activity: glucose mg/100g; Catalase activity: 0.1N KMnO_4 ml/g; Polyphenol oxidase activity: I_2 ml/g; Protease activity: $\text{NH}_2\text{-N}$ mg/g.

过氧化氢酶能促进氧化氢分解为水和氧,解除过氧化氢的毒害作用,在一定程度上可以表征土壤生物氧化过程的强度,研究发现棉田连作对过氧化氢酶的影响不明显。多酚氧化酶专一性很强,它的活性高会阻碍有机质矿化过程中产生的酚类中间产物进一步合成腐殖质,导致酚类化合物的积累,从而引起中毒。张淑香^[21]、吴凤芝^[11]认为随着连作年限的增加,酚酸类物质的积累导致多酚氧化酶的活性升高。本研究结果表明棉田连作一定年限之后多

酚氧化酶表现出下降的趋势,这与马云华^[6]的研究结果一致。由于根际分泌物和连作障碍关系比较复杂,涉及自毒作用机制等问题,棉花连作对多酚氧化酶活性的影响需进一步的研究。

2.3 不同连作年限棉田土壤微生物与土壤酶及土壤理化性质的相关性分析

对土壤酶和微生物数量之间的相关性分析(见表 2)可看出,由于土壤中细菌占绝大多数,所以脲酶、蔗糖酶和蛋白酶与细菌数量呈现良好的正相关

性,其中脲酶的相关性最好,与细菌数量的相关系数达到了 0.967,达极显著水平($\rho < 0.01$)。蛋白酶也达到 0.906,达显著水平($\rho < 0.05$)。土壤酶与放线菌和真菌之间没有明显的相关性。由此可以认为脲酶和蛋白酶与细菌数量之间呈显著相关,在一定程度上能够反映微生物的活性。脲酶可以作为一项比较敏感的生物学指标来评价连作对生态功能的影响。

土壤微生物数量与土壤理化性质之间存在着紧密的联系,一方面高肥力水平的土壤微生物数量也比较多,同时微生物的大量繁殖也有利于改善土壤结构,提高肥力。由表 3 可以看出,连作土壤中细菌总数与土壤有机质和全氮含量的变化趋势大致相同,其中土壤有机质的含量是影响土壤微生物数量的主要因素之一。

表 2 不同连作年限棉田微生物与土壤酶之间的相关系数

Table 2 Correlation coefficients between microbes and soil enzyme activity

项目 Items	脲酶 Urease	蔗糖酶 Invertase	过氧化氢酶 Catalase	多酚氧化酶 Polyphenol oxidase	蛋白酶 Protease
细菌 Bacteria	0.967 * *	0.721	-0.054	0.024	0.906 *
放线菌 Actinomycete	0.478	0.287	0.801	0.657	0.130
真菌 Fungi	0.593	0.871	0.557	-0.332	0.462

注: * 表示 0.05 的显著水平; * * 表示 0.01 的显著水平。

Note: * Correlation is significant at the 0.05 level; * * Correlation is significant at the 0.01 level.

表 3 不同连作年限棉田土壤理化性质

Table 3 Basic physical and chemical properties of the cotton soil

连作年限 Continuous cropping years	pH	总盐 Total salt (%)	有机质 OM (%)	全氮 Total N (g/kg)	全磷 Total P (g/kg)	速效氮 Avail. N (mg/kg)	速效磷 Avail. P (mg/kg)	速效钾 Avail. K (mg/kg)
0	8.540	2.750	0.644	0.381	0.993	16.2	11.97	632.0
6	7.880	0.397	1.136	0.481	1.112	38.3	20.93	332.7
8	8.040	0.163	1.255	0.896	1.007	69.0	13.53	351.3
15	8.083	0.177	1.247	0.680	0.745	70.7	21.10	302.0
20	8.017	0.127	1.032	0.747	1.048	72.4	10.80	282.0

相关性分析(表 4)表明,细菌数量与有机质、全氮和速效氮之间呈显著正相关,相关系数分别为 0.911、0.906 和 0.849($\rho < 0.05$),说明微生物与土壤中碳氮循环有密切的关系。此外细菌数量与总盐

呈显著负相关,相关系数分别为 -0.813($\rho < 0.05$),说明盐分的增高不利于微生物,特别是细菌的存活。真菌、放线菌与土壤理化性质之间相关性不显著。

表 4 不同连作年限棉田微生物与土壤理化性质之间的相关系数

Table 4 Correlation coefficients between soil microbes and basic physical and chemical properties

项目 Items	pH	总盐 Total salt	有机质 OM	全氮 Total N	全磷 Total P	速效氮 Avail. N	速效磷 Avail. P	速效钾 Avail. K
细菌 Bacteria	-0.618	-0.813 *	0.911 *	0.906 *	-0.314	0.849 *	0.225	-0.716
放线菌 Actinomycete	0.262	-0.007	0.015	0.667	-0.065	0.374	-0.729	0.095
真菌 Fungi	-0.363	-0.583	0.324	0.726	-0.023	0.800	-0.453	-0.613

注: * 表示 0.05 的显著水平; * * 表示 0.01 的显著水平。

Note: * Correlation is significant at the 0.05 level; * * Correlation is significant at the 0.01 level.

3 讨论

当前人们已经认识到连作障碍对新疆棉花生产的影响,但是随着近年来抗病品种选用、覆膜滴灌的日益成熟、种子精选、精量播种等技术的应用使棉花

产量有较大幅度提高,从而使棉花连作障碍现象有所掩盖和缓解。但是连作年限越长棉花枯萎病和黄萎病发生的概率越高,抗病品种引种 3~5 年后又要更换新的抗病品种等现象说明,连作障碍不但没有随棉花产量的提高而消失,而且据此可推测,连作对

于微生态的影响还在持续积累。本研究结果表明,随着连作年限的延长,细菌数量和生理菌群有先增加后减少的趋势,真菌数量总体上呈现增加趋势,也说明连作对于微生态的影响在持续积累。连作最直接的负面影响是导致微生物多样性趋向单一,使病原微生物数量增多,尤其是土传病害加重,作物的抗性下降^[25]。本研究也发现连作一定年限后棉田土壤有细菌数量减少、真菌数量增多的趋势,这与马云华^[6]、张新慧^[22]和杨建霞^[23]等的研究结果大致相同。

土壤酶活性与土壤质量以及土壤生物数量和生物多样性相互联系,可在一定程度上反映土壤生物学肥力质量变化^[24]。通过研究表明新疆棉田土壤酶随着连作年限延长变化的趋势和细菌数量是大致相同的,均呈现出先增加后减少的趋势。与微生物数量相关性分析可以看出,脲酶和蛋白酶与细菌数量呈现良好的正相关性,与放线菌和真菌之间没有明显的相关性;蔗糖酶、多酚氧化酶和过氧化氢酶与微生物之间相关性不显著。

棉花作为新疆区域支柱产业地位不会改变,而且会进一步的加强^[14],因此棉花连作现象还会持续,连作对于棉田土壤微生态的影响也在持续积累。新疆荒漠绿洲生态系统脆弱,棉花大面积长时间连作以及抗病品种连作或更替等对于新疆绿洲土壤微生物、棉田的生态稳定会产生怎样的影响,还需要进一步研究。

参考文献:

[1] Funck J D, Hockenull J. Root exudation, rhizosphere microorganisms and disease control [J]. *Vaxtskyddsnotiser*, 1984, 48: 49-54.

[2] 阮维斌,王敬国,张福锁,等.根际微生态系统理论在连作障碍中的应用[J].*中国农业科技导报*,1999,(4):53-58.

[3] Blum U, Shafer S R, Lehmen M E. Evidence for inhibitory allelopathic interactions involving phenolic acids in field soils: Concepts vs. an experimental model [J]. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 1999, 18(5): 673-693.

[4] 喻景权,杜尧舜.蔬菜设施栽培可持续发展中的连作障碍问题[J].*沈阳农业大学学报*,2000,31(1):124-126.

[5] Nishio M, Kusano S. Fungi associated with roots of continuously cropped upland rice [J]. *Soil Science and Plant Nutrition*, 1973, 19: 205-217.

[6] 马云华,魏珉,王秀峰.日光温室连作黄瓜根区微生物区系及酶活性的变化[J].*应用生态学报*,2004,15(6):1005-1008.

[7] 甄文超,代丽,胡同乐,等.连作草莓土壤微生物区系动态的研究[J].*河北农业大学学报*,2005,28(3):70-72.

[8] 邹莉,袁晓颖,李玲,等.连作对大豆根部土壤微生物的影响研究[J].*微生物学杂志*,2005,25(2):27-30.

[9] 袁龙刚,张军林,张朝阳,等.连作对辣椒根际土壤微生物区系影响的初步研究[J].*陕西农业科学*,2006,(2):49-50.

[10] 孙秀山,封海胜,万书波,等.连作花生田主要微生物类群与土壤酶活性变化及其交互作用[J].*作物学报*,2001,27(5):617-621.

[11] 吴凤芝,孟立君,王学征.设施蔬菜轮作和连作土壤酶活性的研究[J].*植物营养与肥料学报*,2006,12(4):554-558.

[12] 傅兰慧,杨振明,邹永久,等.大豆连作对土壤酶活性的影响[J].*植物营养与肥料学报*,1996,2(4):374-377.

[13] 王汝贤,杨之为,李有志,等.棉花抗枯萎病品种连作田微生物数量变化:II棉花枯萎病病原土成因[J].*西北农业学报*,1998,7(3):54-58.

[14] 刘晏良.棉花发展战略研究[M].北京:中国统计出版社,2006.

[15] 鲁如坤.土壤农业化学分析方法[M].北京:中国农业科技出版社,2000.

[16] 姚槐应,黄昌勇.土壤微生物生态学及其实验技术[M].北京:科学出版社,2006.

[17] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986.

[18] Monreal C M, Bergstrom D W. Soil enzymatic factors expressing the influence of land use, tillage system and texture on soil biochemical quality [J]. *Canadian Journal of Soil Science*, 2000, 80: 419-428.

[19] Insam H, Mitchell C C, Dormaar J F. Relationship of soil microbial biomass and activity with fertilization practice and crop yield of three ultisols [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1991, 23: 459-464.

[20] 李勇.试论土壤酶活性与土壤肥力[J].*土壤通报*,1989,20(4):190-192.

[21] 张淑香,高子勤,刘海玲.连作障碍与根际微生态研究III.土壤酚酸类物质及其生物学效应[J].*应用生态学报*,2000,11(5):741-744.

[22] 张新慧,张恩和.不同植龄啤酒花根际微生物区系的变化及与产量和品质的关系[J].*草业学报*,2007,16(5):56-60.

[23] 杨建霞,范小峰,刘建新.温室黄瓜连作对根际微生物区系的影响[J].*浙江农业科学*,2005,6:441-443.

[24] 唐玉姝,魏朝富,颜廷梅,等.土壤质量生物学指标研究进展[J].*土壤*,2007,39(2):157-163.

[24] 陈宏宇,李晓鸣,王敬国.抗病性不同大豆品种根面及根际微生物区系的变化II.连作大豆(重茬)根面及根际微生物区系的变化[J].*植物营养与肥料学报*,2006,12(1):104-108.

(英文摘要下转第11页)

Effects of conservation tillage on soil enzymatic activities in rainfed wheat field

MIAO Lin¹, WANG Li¹, HUANG Gao-bao², LUO Zhu-zhu², LI Deng-hang¹

(1. College of Forestry, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu 730070, China;

2. College of Agronomy, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: Based on conservation tillage experiment in Dingxi of Gansu, effects of conventional tillage and five conservation tillage patterns, namely, conventional tillage (T), conventional tillage with stubble incorporating (TS), no till with no stubble (NT), no till with stubble retention (NTS), conventional tillage with plastic film mulching (TP) and no till with plastic film mulching (NTP) on soil enzymatic activities and grain yield in the rainfed farming system were studied. The results showed that soil Catalase activity was reduced with the incensement of soil depth. The activities of Urease, Alkaline phosphates and Invertase in T, TS and TP treatments decreased from the soil profile of 0~5 cm to 5~10 cm and increased from 5~10 cm to 10~30 cm, while decreased in NT, NTS and NTP treatments from soil surface to deep soil layers. Compared with T treatment, NTS treatment can improve Catalase, Alkaline phosphatase and Invertase by 11.7%, 17.60% and 43.99%, respectively. For grain yield, it is the highest in NTS treatment, being 1.68 times higher than that in T treatment. Therefore, no till with stubble retention would not only improve grain yield, but also can improve soil enzymatic activities.

Key words: conservation tillage; soil enzymatic activities; no-tillage; straw covering

(上接第 5 页)

Effects of cotton continuous cropping on the amount of soil microbes and enzyme activities in Xinjiang

GU Mei-ying¹, XU Wan-li², MAO Jun¹, LIANG Zhi², ZHANG Zhi-dong¹, FANG Shi-jie¹

(1. Institute of Microbiology, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi, Xinjiang 830091, China;

2. Institute of Soil and Fertilizer, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi, Xinjiang 830091, China)

Abstract: The amount of rhizosphere soil microbes and enzyme activity and soil physical and chemical properties in cotton continuous cropping in Xinjiang were studied. The results showed: (1) With increasing continuous cropping years, bacteria were first increased and then decreased, while the amount of Fungi was decreased. The number of actinomycete was not obviously affected, and cotton soils converted from bacteria type to fungi type after continuous cropping. (2) Activities of urease and protease were also first increased and then decreased. (3) The correlation analysis among the amount of soil microbes, enzyme activities and soil physical and chemical properties showed; Urease and protease were positively correlated with bacteria. The correlation between urease and bacteria reached extremely significant level ($\rho < 0.01$). Protease had also reached significant level ($\rho < 0.05$). Enzyme activity had no significant correlation with the amount of actinomycete and fungi. Bacteria had significantly positive correlation with OM, total N and avail. N and had negative correlation with total salt.

Key words: continuous cropping; cotton; amount of soil microbes; enzyme activities