

黄土高原马铃薯不同连作年限土壤理化性质及微生物特性

孙小花¹, 胡新元², 陆立银¹, 谢奎忠¹, 张 武¹

(1. 甘肃省农业科学院马铃薯研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省农业科学院, 甘肃 兰州 730070)

摘 要:以黄土高原旱作区马铃薯不同连作年限土壤为研究对象,采用空间代替时间序列方法,对撂荒(CK₁)、小麦/豌豆/马铃薯轮作(CK₂)、连作 2 a、连作 4 a 和连作 6 a 等不同连作年限的土壤容重、结构分维、总有机碳、酶活性与微生物数量及变化规律进行研究。结果表明:(1)不同处理土壤容重差异显著,连作 6 a 土壤容重最小;(2)连作可以改变土壤中不同粒级团聚体的比例,各处理中>4 mm 粒径的土壤含量最高;(3)马铃薯长期连作显著降低土壤有机碳含量,连作 6 a 土壤总有机碳含量较撂荒降低 14.27%;(4)马铃薯主要生育期内土壤转化酶、过氧化氢酶变化动态呈“S”型曲线,脲酶呈“M”型变化趋势,3 种酶活性与土壤肥力因子均呈极显著正相关,与土壤容重呈极显著负相关;(5)细菌是连作土壤中优势菌,真菌和放线菌也占一定比重;细菌、真菌和放线菌数量在 0~10 cm 土层显著高于 10~20 cm 土层;马铃薯长期连作显著降低土壤微生物数量,群落结构随连作年限明显改变。

关键词:马铃薯;连作年限;土壤理化性质;土壤微生物;黄土高原

中图分类号:S532 **文献标志码:**A

Soil physical and chemical properties and microbial characteristics of potato in different continuous cropping years on the Loess Plateau

SUN Xiao-hua¹, HU Xin-yuan², LU Li-yin¹, XIE Kui-zhong¹, ZHANG Wu¹

(1. Potato Research Institute of Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, Gansu 730070, China;

2. Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: In this paper, the soil of different continuous potato cropping years in the dry farming area of the Loess Plateau was studied by using space replacing time series method with the treatments including CK₁, wheat/bean/horse rotation (CK₂), continuous cropping for 2 years, continuous cropping for 4 years, and continuous cropping for 6 years. Soil bulk density and structure of different continuous cropping years were carried out by field sampling and laboratory analysis. The fractal dimension, total organic carbon, enzyme activity, and microbial number were studied. The results were as follows: (1) There were significant differences in soil bulk density among different treatments, and the soil bulk density of 6 years continuous cropping was the least. (2) Continuous cropping could change the proportion of aggregates different grain sizes in soil, and the content of soil grains > 4 mm was the highest in each treatment. (3) The long-term continuous potato cropping significantly reduced the soil organic carbon content and the soil total organic carbon. The 6-yr cropping reduced total soil organic carbon by 14.27%. (4) The changes of soil invertase and catalase in the main growth period of potato showed “S” curve variation and the urease showed a “M” type trend. The activities of the 3 enzymes were significantly positively correlated with soil fertility factors, and negatively with the soil bulk density. (5) The bacteria in the soil were the dominant microorganism. Fungi and actinomycetes also accounted for a certain proportion; the number of bacteria, fungi, and actinomycetes in the 0~10 cm soil layer was significantly higher than that of 10~20 cm soil layer, and the long-term con-

tinuous cropping of potato significantly decreased the soil microbial population, and changed the community structure.

Keywords: potato; continuous cropping years; physicochemical properties; soil microorganisms; Loess Plateau

随着马铃薯产品价格的不断提升和消费逐步向高附加值产品的转变,一些企业及农民合作组织为满足旺盛的订单需求造成马铃薯多年连作,致使产量和效益下降,土壤质量退化,土壤病害连发等问题频发^[1-2],许多优质种薯生产基地马铃薯连作现象也极为普遍。因此,缓解和克服由于连作引起的土壤退化和营养失衡等问题已成为马铃薯生产过程中首要需解决的问题。目前,关于连作问题已经在设施蔬菜^[3-4]、瓜果^[5]、花生^[6]、豆类^[7-8]和中药材^[9-10]等作物上进行了大量研究。马铃薯连作土壤障碍的形成机制及其克服与消除技术国内外已有报道,主要从连作土壤致病菌的产生与病虫害作用机制^[11]、植物化感与自毒作用^[12]、连作对马铃薯光合作用的影响^[13-14]、干物质积累^[15]、内源激素代谢^[16],以及土壤基因组学^[17]等不同角度试图对上述问题进行理解和阐释。而关于马铃薯不同连作年限土壤理化性质及微生物特性的研究报道较为少见,且连作障碍产生的主要原因就是土壤理化性状的改变以及土壤微生物组成的失衡。

因此,本研究以马铃薯不同连作年限的土壤为

主要研究对象,依托田间定位试验,对马铃薯不同连作年限土壤容重、土壤结构分维的变化,土壤总有机碳的积累,马铃薯主要生育期土壤酶活性的动态,土壤微生物数量、菌群组成变化等方面进行了探讨,试图从时间尺度上来探讨土壤物理、化学和生物学性质对马铃薯连作的响应,评估可能的连作土壤障碍因子,明确马铃薯连作障碍机理,为解决连作土壤障碍因子的消减技术提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验布设在甘肃省定西市安定区宁远镇红土村,位于 N35°26.714',E104°50.886',海拔1 991 m,试验地为平坦川地,属中温带偏旱区,平均海拔2 000 m,日照时数 2 476.6 h,年均气温 6.4℃,≥10℃积温 2 239.1℃,无霜期 140 d。多年平均降水量 390.9 mm,年蒸发量 1 531 mm,干燥度 2.53,为典型的黄土高原半干旱雨养农业,属一年一熟区。土壤为典型的黄绵土,不同连作年限土壤基础养分见表 1。

表 1 不同连作年限土壤基础养分

Table 1 Soil basic nutrients for different continuous cropping years

处理 Treatment	pH 值 pH value	有机质/(g·kg ⁻¹) Organic matter	碱解氮/(mg·kg ⁻¹) Alkali hydrolysable nitrogen	有效磷/(mg·kg ⁻¹) Avail phosphorus	速效钾/(mg·kg ⁻¹) Avail potassium	全氮/(g·kg ⁻¹) Total nitrogen
撂荒 Abandoned(CK ₁)	8.53	17.1	52.8	11.3	584	0.93
轮作 Rotation(CK ₂)	8.49	12.4	33.0	20.4	348	1.00
连作 2 a Continuous cropping for 2 years	8.44	14.7	26.4	13.6	343	0.91
连作 4 a Continuous cropping for 4 years	8.28	15.3	40.4	11.3	308	0.86
连作 6 a Continuous cropping for 6 years	8.45	17.4	58.6	11.8	309	0.95

注:pH 值根据水:土=2.5 得到。
Note: the pH value in the table was measured with water:soil ratio of 2.5.

1.2 试验设计

试验地 2009 年种植小麦,2010 年开始进行定位试验,2018 年为定位试验第 9 年。试验设 5 个处理,处理 1:撂荒(CK₁),2005 年豌豆,2006 年起撂荒;处理 2:轮作(CK₂),小麦/豌豆/马铃薯轮作;处理 3:连作 2 a 马铃薯(2015-2017 年连续种 3 a 马铃薯);处理 4:连作 4 a 马铃薯(2013-2017 年连续种 5 a 马铃薯);处理 5:连作 6 a 马铃薯(2011-2017 年

连续种 7 a 马铃薯)。每个处理 3 次重复,每小区面积 23.814 m²(宽 4.2 m×长 5.67 m)。马铃薯每个小区种植 7 行,株距 37 cm,行距 60 cm。每年 3 月下旬播种小麦,4 月下旬播种马铃薯。小麦每 hm²播种量为 187.50 kg,施纯 N 及 P₂O₅各 105.00 kg、农家肥 3 万 kg。马铃薯在 4 月下旬播种,播种密度为 67 500株·hm⁻²,施肥参照当地标准,每 hm²施 P₂O₅ 108.00 kg、纯 N 135.00 kg、农家肥 3 万 kg,其中 1/4

的氮肥在现蕾期结合培土追施,其余作为基肥施入。播种和施肥均为机械化一次性完成,田间管理同当地大田。

1.3 取样

在马铃薯主要生育期选择地势、肥力等生态因子基本一致的有代表性的样地,在每个样方内按五点取样,根据试验要求分别取(1)播前 0~20、20~40 cm 土层,测土壤容重;(2)播前、收后 0~40 cm 土层原状土,测土壤结构分维;(3)播前 0~20、20~40、40~60、60~80、80~100 cm 土层土样,自然风干后研磨过 0.15 mm 筛,测土壤总有机碳(TOC);(4)播前、苗期、盛花期、块茎膨大期、成熟期分别在垄上马铃薯行间靠近植株根系处取样,保鲜冷藏,测土壤酶活性和土壤微生物数量。所有土样均去掉可见的植物根系和残体。

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤化学因子^[18] 土壤 pH 值用电位法;全 N 用凯氏法;全 P 用碱熔-钼锑抗比色法;全 K 用 NaOH 熔融-火焰光度法;碱解 N 用扩散法;速效 P 用 Olsen 法;速效 K 用 1 mol·L⁻¹ NH₄Ac 浸提-火焰光度法。

1.4.2 土壤容重 采用环刀法^[18]。

1.4.3 土壤结构分维 土壤粒径分级采用中国科学院南京土壤研究所提出的我国土粒分级标准^[19],即砂粒粒径为 0.05~1 mm,粉粒粒径为 0.005~0.05 mm,粘粒粒径<0.005 mm。取 0~40 cm 土层混合样,过>4、4、2、1、0.5、0.25、0.15、0.125、0.055 mm 筛。

1.4.4 土壤总有机碳 重铬酸钾氧化法^[18]。采用“S”型取样法,在马铃薯播前取 0~20、20~40、40~60、60~80、80~100 cm 土层混合样。自然风干后研磨过 0.15 mm 筛。称取通过 0.15 mm 筛孔的风干土样 0.1~1 g,滴加 0.800 mol·L⁻¹ K₂Cr₂O₇ 标准溶液 5 mL,再加入 5 mL 浓 H₂SO₄。将试管放于 170℃~180℃的油浴锅中加热 5 min,后将试管中溶液倒入

250 mL 三角瓶中,定容至 100 mL,加入邻菲罗啉指示剂 3 滴,用标准的 0.2 mol·L⁻¹ FeSO₄ 滴定,记下 FeSO₄ 滴定体积(V),计算土壤有机碳含量。

1.4.5 土壤酶活性 土壤脲酶采用比色法,过氧化氢酶采用 KMnO₄ 滴定法,(转化酶)蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定^[20]。

1.4.6 土壤微生物数量 采用平板计数法^[21]。细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基,真菌采用马丁氏培养基,放线菌采用高氏 1 号培养基。

1.5 数据统计与分析

应用 SPSS 16.0 和 Excel 2010 等软件对试验所得数据进行统计、相关分析、显著性检验,并绘制图表。

2 结果与分析

2.1 马铃薯不同连作年限土壤物理性状

2.1.1 土壤容重 土壤容重是考量土壤综合性质的一个重要参考标准。通过对不同处理土壤 0~40cm 土层容重的研究表明(见表 2):5 种不同处理土壤容重在 1.19~1.35 g·cm⁻³ 范围内,其中 0~20 cm 土层:土壤容重从小到大依次排序为连作 6 a<撂荒(CK₁)<连作 2 a<轮作(CK₂)<连作 4 a;而 20~40 cm 土层土壤容重从小到大依次为连作 6 a<轮作(CK₂)<连作 4 a<连作 2 a<撂荒(CK₁)。综上所述,0~20 cm 土层连作 4 a 土壤容重最大,为 1.33 g·cm⁻³,20~40 cm 土层撂荒(CK₁) 处理土壤容重最大,为 1.35 g·cm⁻³;不论哪个层次连作 6 a 处理土壤容重均最小,仅为 1.19~1.22 g·cm⁻³。连作 6 a 土壤容重最小,说明土壤疏松多孔,结构性良好;反之,撂荒(CK₁) 容重大,土壤紧实板硬,缺乏团粒结构,妨碍根系伸展,不利于马铃薯生长发育。

综上分析,对马铃薯播前土壤而言,不同土地利用方式对土壤容重影响较大,撂荒处理土壤板结严重;随着连作年限的增加,人为扰动频繁,土壤容重反而减小。

表 2 不同处理土壤容重分析

Table 2 Analysis of soil bulk density with different treatments

项目 Item	撂荒 Abandonment (CK ₁)		轮作 Rotation (CK ₂)		连作 2 a 2 years of continuous cropping		连作 4 a 4 years of continuous cropping		连作 6 a 6 years of continuous cropping	
	0~20 cm	20~40 cm	0~20 cm	20~40 cm	0~20 cm	20~40 cm	0~20 cm	20~40 cm	0~20 cm	20~40 cm
土壤容重/(g·cm ⁻³) Soil bulk density	1.23ef	1.35a	1.29c	1.21g	1.26d	1.28c	1.33b	1.24e	1.22fg	1.19h

注:同行数据后标以不同字母者表示在 P<0.05 水平上差异显著。
Note: Different letters in the same row indicate significant difference at P<0.05 level.

2.1.2 土壤结构分维 任何一种土壤都是由粒径不同的各种土粒组成的,从图 1 可以看出,各处理>4 mm 粒径的土壤最多,占总样的 16.14%~32.49%,从小到大依次排序为轮作(CK₂)<连作 4 a<连作 6 a<连作 2 a<撂荒(CK₁);0.15 mm 粒径的土壤占百分比最小,为 2.23%~3.61%,从小到大依次排序为撂荒(CK₁)<连作 2 a<连作 6 a<连作 4 a<轮作(CK₂)。

土壤中各粒级的含量并非平均分配,而是以某一级或两级颗粒的含量和影响为主,从而显示出不同的颗粒性质。由图 2 可以看出,同一种处理下土壤各粒径含量差异很大。撂荒(CK₁)处理>4 mm~0.055 mm 粒径的土壤占 15.8%~32.49%、轮作(CK₂)处理>4 mm~0.055 mm 粒径的土壤占 3.61%~19.88%、连作 2 a>4 mm~0.055 mm 粒径的土壤占 2.37%~31.40%、连作 4 a>4 mm~0.055 mm 粒径的土壤占 3.41%~20.99%、连作 6 a>4 mm~0.055 mm 粒径的土壤占 3.03%~21.88%。

2.2 马铃薯不同连作年限土壤化学性质

2.2.1 土壤总有机碳 耕层土壤总有机碳含量变化直接影响作物的生长状况,是土壤生产潜力和土壤质量的一个重要体现。由图 3 可知,马铃薯连作农田土壤总有机碳的动态变化趋势呈明显下降趋势,撂荒处理土壤总有机碳含量最大,为 9.53 g·kg⁻¹,连作 6 a 土壤总有机碳含量最低,为 8.17 g·kg⁻¹,连作 6 a 土壤总有机碳含量比撂荒降低了 14.27%,可见连作年限对土壤总有机碳的影响很大,撂荒更有利于土壤 TOC(总有机碳)的积累。

为了研究不同处理土壤垂直剖面中总有机碳的变化特征,本研究在马铃薯播前分别取 0~20、20~40、40~60、60~80、80~100 cm 土层混合样,结果如图 4、图 5 所示,由于前茬作物残体的凋落、根茬的残留及土壤微生物的分解,使得农田土壤碳库表现出动态变化。各处理土壤总有机碳积累量为 5.79~8.52 g·kg⁻¹;0~20 cm 土壤 TOC 积累量显著高于其它处理,说明撂荒有利于土壤 TOC 的积累。

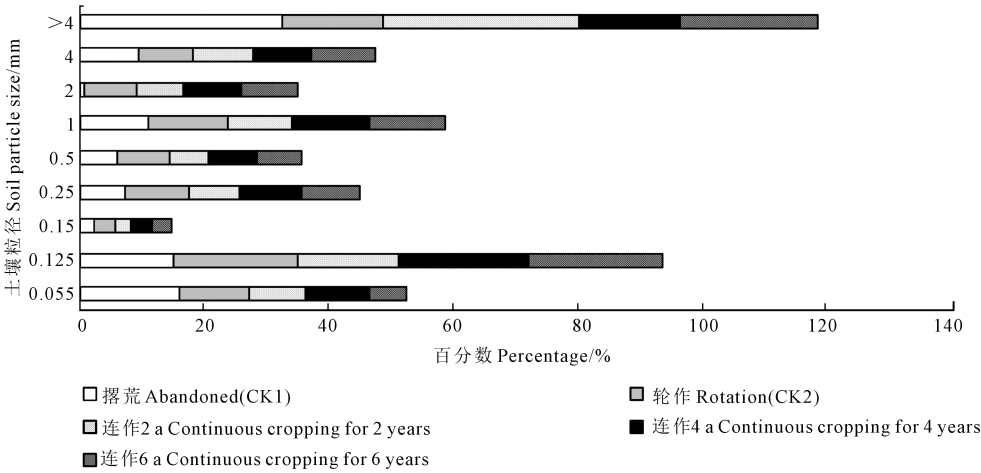


图 1 不同粒径土壤所占百分数

Fig.1 Percentage of soil with different particle sizes

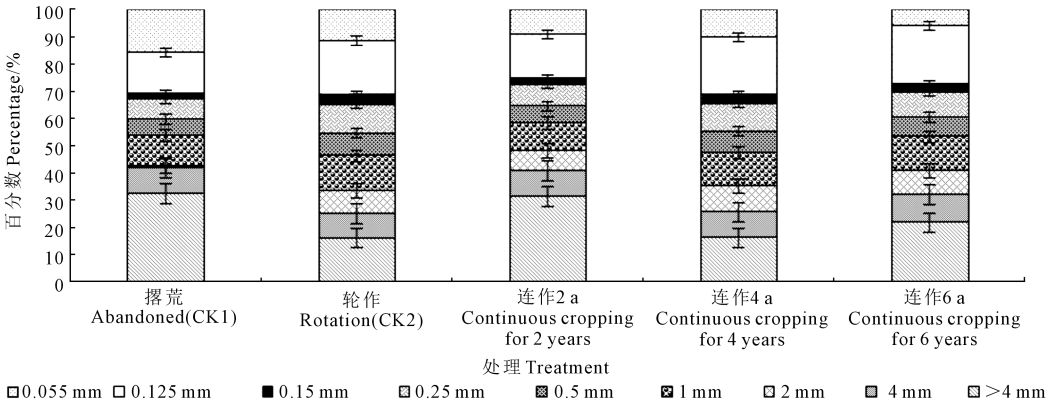


图 2 同一处理不同粒径土壤所占比例

Fig.2 Proportion of soil with different size in the same treatment

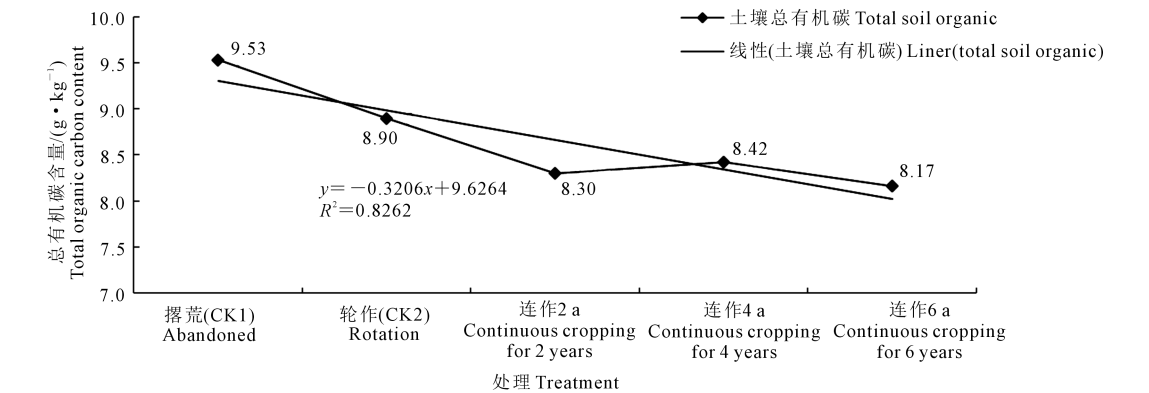
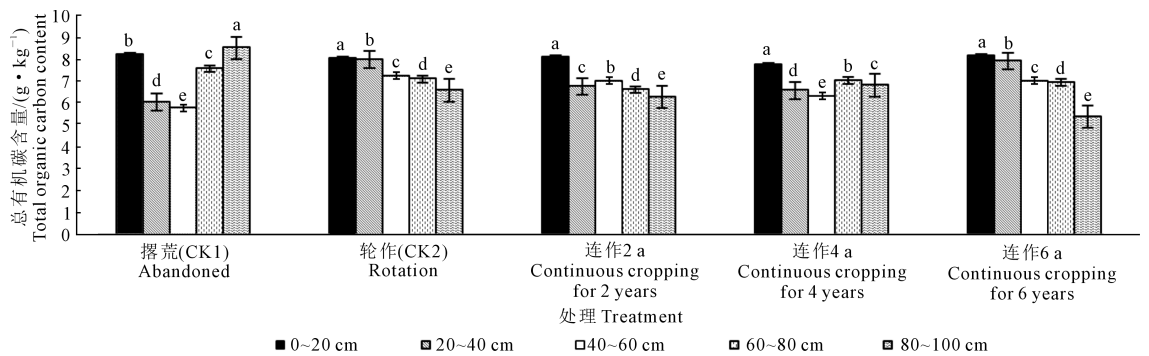


图 3 播前不同处理耕层土壤总有机碳含量
Fig.3 Total soil organic carbon contents before sowing



注:不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上差异显著,下同。
Note; Different letters are significant differences at $P<0.05$ level, the same below.

图 4 马铃薯苗期不同处理各层次土壤总有机碳含量

Fig.4 Total soil organic carbon content of potato at seedling stage with different treatments

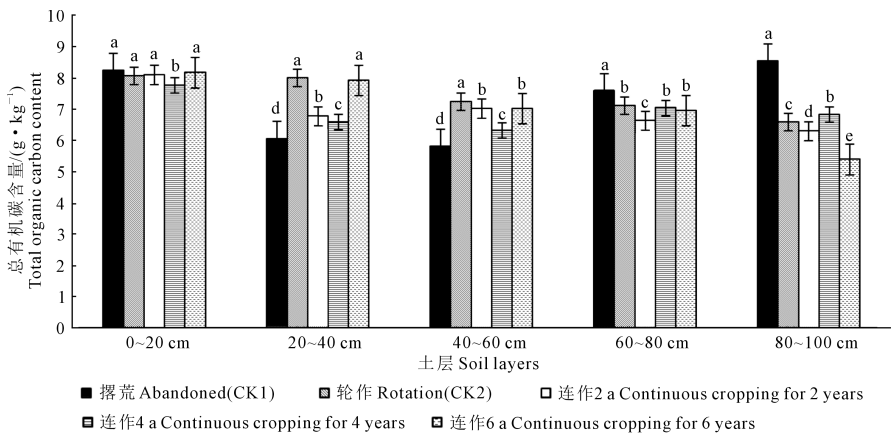


图 5 马铃薯苗期不同土层各处理土壤总有机碳含量

Fig.5 Total soil organic carbon content in different soil layers at seedling stage

2.2.2 土壤酶活性

转化酶:马铃薯主要生育期内土壤转化酶呈“S”型动态变化趋势,出现先高后低又升高的变化过程(图 6)。峰值出现在苗期,为 23.24~29.50 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$;块茎膨大期最低,为 23.48~26.45 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 。酶活性的提高可加快有机质的分解,从而提高土壤养分含量。随着马铃薯生育期的推进,酶活性较理化性质的变化更加敏感,对土壤肥力的演化具有重要影响。

脲酶:马铃薯主要生育期内土壤脲酶的动态变化呈“M”型趋势,出现双峰变化过程(图 7)。第一个峰值出现在苗期,为 1.55~1.91 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$;第二个峰值块茎膨大期最低,为 1.31~1.79 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 。

过氧化氢酶:马铃薯主要生育期内土壤过氧化氢酶的动态变化呈“S”型趋势,出现先高后低的变化过程(图 8)。峰值出现在播前,为 3.87~4.17 $\text{mL} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$,苗期最低,为 3.57~4.22 $\text{mL} \cdot \text{g}^{-1} \cdot \text{d}^{-1}$ 。

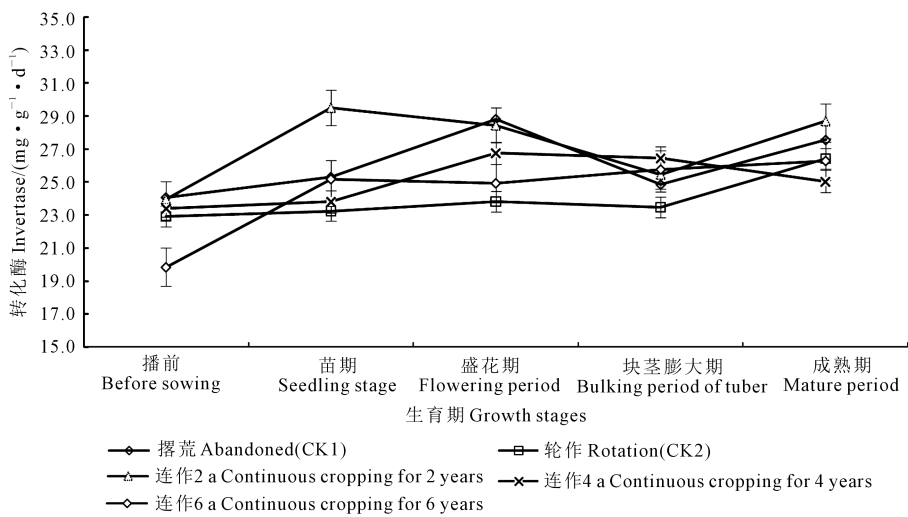


图 6 马铃薯主要生育期土壤转化酶动态变化

Fig.6 Dynamic changes of soil invertase in potato field at main growth stages

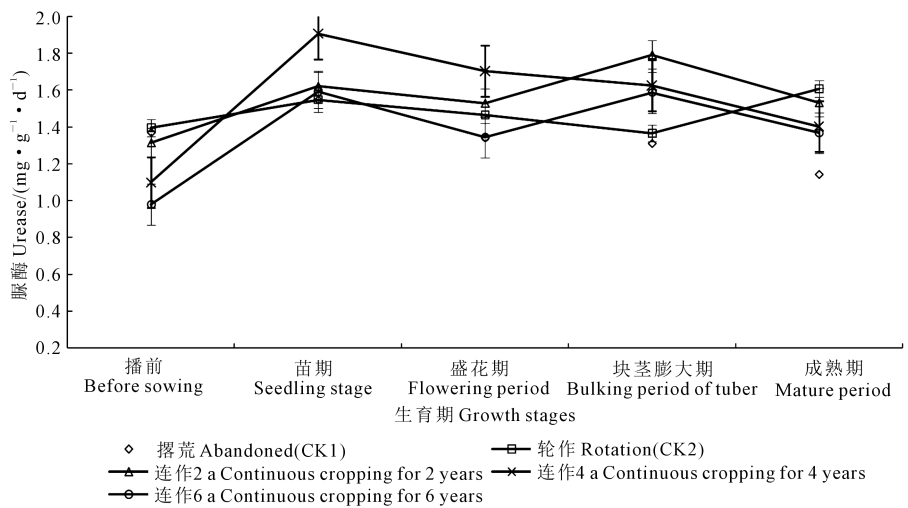


图 7 马铃薯主要生育期土壤脲酶动态变化

Fig.7 Dynamic changes of soil urease in the main growth period of potato

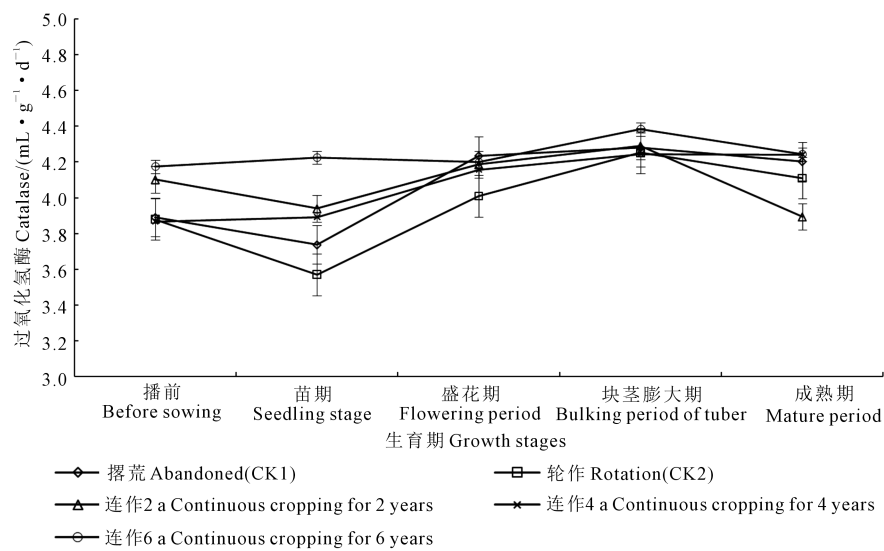


图 8 马铃薯主要生育期土壤过氧化氢酶动态变化

Fig.8 Dynamic changes of soil catalase in potato field at main growth stages

在土壤养分(氮、磷、钾、有机质等)和土壤酶的共同作用下,土壤中进行着复杂的生化反应和物质循环。由表 3 可知,转化酶、脲酶、过氧化氢酶 3 种土壤酶之间均呈极显著正相关;3 种酶与容重呈极显著负相关,与其他肥力因子均呈极显著正相关,表明 3 种酶在促进土壤养分转化,改良土壤理化性

状方面发挥着重要作用。同一种酶不仅对特定的土壤肥力因子有显著相关性,而且对多种土壤养分因子均有极显著的相关性,说明 3 种土壤酶不仅在促进单一土壤养分因子转化中发挥着作用,而且均参与了其他土壤养分因子的转化过程,共同影响着土壤的理化性状。

表 3 土壤酶活性与主要养分含量的相关性分析

Table 3 Correlation analysis between soil enzyme activity and major nutrient content					
项目 Item	转化酶 Invertase	脲酶 Urease	过氧化氢酶 Catalase	有机质 Org. matter	碱解氮 Akal. N
转化酶 Invertase	—	0.87 **	0.81 **	0.86 **	0.88 **
脲酶 Urease	0.87 **	—	0.91 **	0.83 **	0.75 **
过氧化氢酶 Catalase	0.81 **	0.91 **	—	0.72 **	0.70 **
项目 Item	有效磷 Avail. P	速效钾 Avail. K	全氮 Total N	pH	容重 Bulk density
转化酶 Invertase	0.87 **	0.87 **	0.62 **	0.76 **	-0.92 **
脲酶 Urease	0.92 **	0.83 **	0.72 **	0.89 **	-0.79 **
过氧化氢酶 Catalase	0.91 **	0.73 **	0.72 **	0.80 **	-0.66 **

注: *、** 分别表示在 5% 和 1% 水平相关性显著。
Note: *, ** mean significant correlation at 5% and 1% levels respectively.

为进一步探讨土壤酶活性与土壤肥力的关系,对不同连作年限的土壤酶活性与土壤肥力因子进行主成分分析,以筛选出产生影响的主要因子群。由表 4 可知,前两个主成分的累计方差贡献率为 89.29%(>85%),能反映土壤肥力系统的变异信息。通过对供试土壤主成分的规格化特征向量分析,第一主成分土壤酶(转化酶、脲酶、过氧化氢酶)与土壤主要养分(有机质、碱解氮、有效磷、速效钾、全氮、pH)在全部因子中占主导地位,是土壤肥力的重要组成部分,方差贡献率达到 81.15%,在全部因子中占主导地位,是土壤肥力的最重要方面,故第一主成分代表了土壤各项指标的大小,是反映“土壤肥力水平”的综合指标。因此,第一主成分可以近似地表示土壤的综合肥力。

2.2.3 土壤微生物数量 土壤微生物是土壤养分的活性部分,用于评价土壤质量的生物学性状。土壤微生物群落(主要有细菌、放线菌和真菌三大类)主要参与土壤生物化学过程、有机物的分解转化。本研究对不同连作年限的土壤分为两个层次,即 0~10、10~20 cm。由表 5 可知,细菌:0~10 cm 土层连作 2 a 的细菌数量显著高于撂荒、连作 4 a 和连作 6 a;真菌:0~10 cm 土层轮作显著高于撂荒、连作 2 a、连作 4 a 和连作 6 a;放线菌:0~10 cm 土层撂荒处理显著高于轮作、连作 2 a、连作 4 a 和连作 6 a。微生物数量随着土壤深度的增加而减少。

各处理中的土壤中微生物数量,细菌>放线菌>真菌,且细菌数量占 95%以上,占绝对优势,说明土

表 4 供试土壤主成分特征值

Table 4 Principal component eigenvalues of the soils tested

项目 Item	第一主成分 1st principal component	第二主成分 2nd principal component	第三主成分 3rd principal component
特征值 Eigenvalue	9.74	0.98	0.54
方差贡献率/% Proportion of variance	81.15	8.14	4.50
累计方差贡献率/% Proportion of cumulative variance	81.15	89.29	93.78

表 5 不同处理土壤微生物数量方差分析

Table 5 Variance analysis of soil microbial quantity in different treatments

处理 Treatments	土层/cm Layer	细菌 Bacteria (10 ⁶ cfu · g ⁻¹)	真菌 Fungus (10 ⁴ cfu · g ⁻¹)	放线菌 Actinomycetes (10 ⁵ cfu · g ⁻¹)
撂荒(CK ₁)	0~10	21.37e	7.93b	15.84a
Abandoned	10~20	11.11i	5.25d	9.46c
轮作(CK ₂)	0~10	37.48b	9.41a	8.73c
Rotation	10~20	17.14g	6.48c	5.96d
连作 2 a	0~10	44.95a	7.63b	12.18b
2 years of continuous cropping	10~20	19.18f	5.64d	5.23de
连作 4 a	0~10	32.51c	7.65b	4.60e
4 years of continuous cropping	10~20	14.95h	2.39e	2.69f
连作 6 a	0~10	23.33d	0.50f	0.81g
6 years of continuous cropping	10~20	10.84i	0.43f	0.50g

注:同列数据后标以不同字母者表示在 P<0.05 水平上差异显著。

Note: Different letters in the same column indicate that the difference is significant at P<0.05 level.

壤中细菌是优势菌,真菌和放线菌也占有一定比重。在0~10 cm土层中,细菌数量的大小顺序为:连作2 a>轮作>连作4 a>连作6 a>撂荒;真菌数量以轮作0~10 cm最高,连作6 a 10~20 cm最低;放线菌数量为撂荒>连作2 a>轮作>连作4 a>连作6 a。由于微生物的数量直接影响土壤有机质的含量,因此预示着微生物群落结构也随之改变,进而影响作物的生长状况。

3 讨论

1)长期连作通过改变土壤中不同粒级团聚体比例而降低有机碳的稳定性^[22]。本研究以粒径重量分布取代粒径数量分布来描述土壤分形特征,探究黄土高原旱作区马铃薯连作区土壤团粒结构分维特征。结果表明,连作6 a土壤容重最小,且连作可以改变土壤中不同粒级团聚体的比例,各处理中>4 mm粒径的土壤含量最高。徐雪凤^[23]等对盆栽马铃薯不同连作年限土壤生物和非生物环境因子的研究发现:土壤容重随着连作年限的增加而逐年上升,在连作7 a时比对照高5.39%。本研究所得结论有所不同,究其原因,本研究是在田间自然条件下进行的,土壤容重受人为扰动频率不大,只有在耕种、采样时有翻动,而盆栽试验土壤人为翻动更多,这也为马铃薯连作土壤物理性状的研究提供了新思路、新方法。

2)有机碳是维持土壤可持续生产力的关键因素,且有机碳库与土壤质量和作物生产力有密切关系。本研究表明,马铃薯长期连作显著降低土壤有机碳含量,连作6 a土壤总有机碳含量比撂荒降低了14.27%,即随着连作年限延长,土壤有机碳含量呈逐渐降低趋势,相似结果也被早前学者报道^[24]。然而,黄金花等^[25]对秸秆还田下长期连作棉田土壤有机碳活性组分的变化特征研究表明,棉花长期连作导致0~40 cm深度内土壤有机碳的活性指数显著增加,但降解指数则显著降低,与本研究结果相反。本研究定位试验虽有农家肥的投入,但对土壤总有机碳的影响不大,可能是由于农家肥对土壤活性有机碳(易氧化有机碳、颗粒有机碳等)的变化影响较大。农家肥的投入对土壤活性有机碳的动态影响还需要进一步研究。

3)土壤酶参与土壤有机质的分解、合成以及氮、磷、钾等物质的循环,其活性强度随土壤理化性质、有机物含量等因素的变化而变化^[26-27]。本研究

中,马铃薯主要生育期内土壤转化酶、过氧化氢酶变化动态呈“S”型曲线,脲酶呈“M”型变化趋势;3种酶活性与土壤肥力因子均呈极显著正相关,与土壤容重呈极显著负相关。农作物由于其自身营养特性的原因对于土壤养分并非均衡性吸收,有学者据此认为长此以往所带来的土壤养分亏缺、比例失调或不平衡会导致连作障碍发生^[28],土壤酶在促进土壤中碳源、有机物质等的转化中并不是孤立的,而是紧密联系且互相影响的。这些研究结论的不一致体现了土壤酶活性、土壤养分含量与微生物之间关系的复杂性。

4)本研究表明,马铃薯长期连作显著降低土壤微生物数量,土壤微生物群落结构随连作年限明显改变。秦越^[29]等对不同连作年限马铃薯播种前和成熟期根际土壤微生物多样性的研究表明,连作导致马铃薯根际土壤细菌多样性水平降低,这与吴凤芝等^[3]对黄瓜连作、李春格等^[30]对大豆连作的研究结果相一致。马铃薯连作显著影响土壤微生物群落结构,相似的结果也在其他作物上得到证明^[31-32]。而导致连作土壤微生物群落结构出现这种定向性变化的深层次机理尚不明确,可能与根系分泌物有关。

4 结论

本研究不同处理土壤容重差异显著,连作6 a土壤容重最小,连作改变了土壤中不同粒级的分配比例,>4 mm粒径的土壤含量最高。马铃薯长期连作显著降低土壤总有机碳含量,连作6 a土壤总有机碳含量较撂荒降低14.27%。马铃薯主要生育期内土壤转化酶、过氧化氢酶、脲酶活性与土壤肥力因子均呈极显著正相关,与土壤容重呈极显著负相关。马铃薯长期连作显著降低土壤微生物数量,群落结构随连作年限明显改变。因此,连作马铃薯农田土壤理化性质和土壤微生物群落结构之间的关系将是未来解决连作土壤障碍因子消减技术的关键点。

参考文献:

- [1] 沈宝云,刘星,王蒂,等.甘肃省中部沿黄灌区连作对马铃薯植株生理生态特性的影响[J].中国生态农业学报,2013,21(6):689-699.
- [2] 牛秀群,李金花,张俊莲,等.甘肃省干旱灌区连作马铃薯根际土壤中镰刀菌的变化[J].草业学报,2011,20(4):236-243.
- [3] 吴凤芝,王学征.设施黄瓜连作和轮作中土壤微生物群落多样性的变化及其与产量品质的关系[J].中国农业科学,2007,40(10):

2274-2280.

[4] Zhou X G,Wu F Z.Dynamics of the diversity of fungal and fusarium communities during continuous cropping of cucumber in the greenhouse [J].Fems Microbiology Ecology,2012,80(2):469-478.

[5] 赵萌,李敏,王森焱.西瓜连作对土壤主要微生物类群和土壤酶活性的影响[J].微生物学通报,2008,35(8):1251-1254.

[6] Chen M N,Li X,Yang Q L,et al.Dynamic succession of soil bacterial community during continuous cropping of peanut(*Arachis hypogaea* L.) [J].PLoS One.2014,9(7):e101355. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101355>.

[7] Dosdall L M,Harker K N,O'Donovan J T,et al.Crop sequence effects on root maggot (Diptera: Anthomyiidae; *Delia* spp.) infestations in canola [J].Journal of Economic Entomology,2012,105(4):1261-1267.

[8] 阮维斌,王敬国,张福锁.连作障碍因素对大豆养分吸收和固氮作用的影响[J].生态学报,2003,23(1):22-29.

[9] Ling N,Deng K,Song Y,et al.Variation of rhizosphere bacterial community in watermelon continuous mono-cropping soil by long-term application of a novel bioorganic fertilizer[J].Microbiological Research. 2014, 169(7/8):570-578.

[10] 张重义,陈慧,杨艳会,等.连作对地黄根际土壤细菌群落多样性的影响[J].应用生态学报,2010,21(11):2843-2848.

[11] 孟品品,刘星,邱慧珍,等.连作马铃薯根际土壤真菌种群结构及其生物效应[J].应用生态学报,2012,23(11):3079-3086.

[12] Chen L,Yang X,Raza W,et al.Trichoderma harzianum SQR-T037 rapidly degrades allelochemicals in rhizospheres of continuously cropped cucumbers [J].Applied Microbiology and Biotechnology. 2011,89(5):1653-1663.

[13] Wang M Y,Wu C N,Cheng Z H,et al.Soil chemical property changes in eggplant/garlic relay intercropping systems under continuous cropping [J].PLoS One,2014,9(10):e111040.

[14] Urashima Y,Sonoda T,Fujita Y,et al.Application of PCR-denaturing-gradient gel electrophoresis (DGGE) method to examine microbial community structure in asparagus fields with growth inhibition due to continuous cropping [J].Microbes and Environments,2012,27(1): 43-48.

[15] Jemai I,Ben A N,Ben G S,et al.On-farm assessment of tillage impact on the vertical distribution of soil organic carbon and structural soil properties in a semiarid region in Tunisia [J]. Journal of

Environmental Management,2012, 113(1):488-494.

[16] 沈宝云,刘星,王蒂,等.甘肃省中部沿黄灌区连作对马铃薯植株生理生态特性的影响[J].中国生态农业学报,2013, 21(6):689-699.

[17] Ontl TA,Hofmockel KS,Cambardella CA,et al.Topographic and soil influences on root productivity of three bioenergy cropping systems [J].New Phytologist,2013,199(3):727-737.

[18] 鲍士旦.土壤农化分析[M].第三版.北京:中国农业出版社,2000.

[19] 中国科学院南京土壤研究所.中国土壤[M].北京:科学出版社, 1978;241-243.

[20] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986.

[21] 姚占芳.微生物学实验技术 [M].北京:气象出版社,1998;186-188.

[22] 张家春,刘盈盈,贺红早,等.土壤团聚体与有机碳固定关系研究进展[J].福建农业学报,2016,31(3):319-325.

[23] 徐雪风,回振龙,李自龙,等.马铃薯连作障碍与土壤环境因子变化相关研究[J].干旱地区农业研究,2015,33(4):16-23.

[24] Savario C F,Hoy J W.Microbial communities in sugarcane field soils with and without a sugarcane cropping history [J].Plant and Soil, 2011, 341(1/2):63-73.

[25] 黄金花,刘军,杨志兰,等.秸秆还田下长期连作棉田土壤有机碳活性组分的变化特征[J].生态环境学报,2015,24(3):387-395.

[26] 符裕红,黄宗胜,喻理飞.岩溶区典型根系地下生境类型中土壤酶活性研究[J].土壤学报,2012,49(6):1202-1209.

[27] 李晨华,贾仲君,唐立松,等.不同施肥模式对绿洲农田土壤微生物群落丰度与酶活性的影响[J].土壤学报,2012,49(3):567-574.

[28] Nie L X,Peng S B,Bouman B A M,et al.Alleviating soil sickness caused by aerobic monocropping:responses of aero-bic rice to nutrient supply [J].Field Crops Research,2008, 107(2):129-136.

[29] 秦越,马琨,刘萍.马铃薯连作栽培对土壤微生物多样性的影响 [J].中国生态农业学报,2015, 23(2): 225-232.

[30] 李春格,李晓鸣,王敬国.大豆连作对土体和根际微生物群落功能的影响[J].生态学报,2006,26(4):1144-1150.

[31] Zhou X G,Gao D M,Liu J,et al.Changes in rhizosphere soil microbial communities in a continuously monocropped cu-cumber(*Cucumis sativus* L.) system[J].European Journal of Soil Biology,2014, 60(1):1-8.

[32] Zhang W,Long X Q,Huo X D,et al.16S r RNA-based PCR-DGGE analysis of actinomycete communities in fields with continuous cotton cropping in Xinjiang, China [J]. Microbial Ecology, 2013, 66(2): 385-393.