

刘亚军,李 越,马 琨,等. 马铃薯与蚕豆、荞麦间作对土壤的影响[J]. 江苏农业科学,2018,46(21):79–83.

doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2018.21.019

# 马铃薯与蚕豆、荞麦间作对土壤的影响

刘亚军<sup>1,2,3</sup>, 李 越<sup>1,2</sup>, 马 琨<sup>1,2</sup>, 何文春<sup>1</sup>

(1. 宁夏大学西北土地退化与生态恢复省部级共建国家重点实验室培育基地,宁夏银川 750021; 2. 宁夏大学农学院,宁夏银川 750021;  
3. 商丘市农林科学院,河南商丘 476000)

**摘要:**为揭示间作作物种间关系、探究间作栽培方式对土壤的影响,采用田间试验的方法,利用磷脂脂肪酸(phospholipid fatty acids, PLFA)分析手段,研究马铃薯与蚕豆、荞麦间作模式下土壤理化性质、生物学和土壤微生物群落结构的变化规律及其相互关系。结果表明:马铃薯间作蚕豆后土壤碱解氮和有机质含量显著增加,而间作荞麦能显著提高土壤速效磷、全氮和有机质含量;与单作马铃薯相比,马铃薯+蚕豆土壤磷酸酶、脲酶活性显著增加 20.00%、22.05%;马铃薯+蚕豆、荞麦栽培增加了根际土壤细菌比例,降低了放线菌比例,间作荞麦土壤放线菌数量较单作相比显著下降 36.5%;间作栽培也降低了土壤微生物总生物量,改变了真菌生物量/细菌生物量以及革兰氏阳性菌生物量/革兰氏阴性菌生物量的值。多元分析表明,土壤中养分含量的变化与土壤酶活性、土壤微生物群落结构变化有着密切的联系,这说明马铃薯不同间作栽培模式提高了土壤中的养分含量和酶活性,改变了微生物群落结构。

**关键词:**马铃薯;合理间作;蚕豆;荞麦;磷脂脂肪酸;土壤养分;土壤酶活性;土壤微生物数量;微生物群落结构

**中图分类号:** S154 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002–1302(2018)21–0079–05

马铃薯是西部地区的重要农作物,栽培历史悠久,具有稳定的、较高的经济效益<sup>[1]</sup>。近年来,马铃薯主粮化促进了宁夏南部山区马铃薯产业化发展,使得其栽培面积不断扩大,致使马铃薯轮作倒茬困难。马铃薯多年连续不断地种植导致马铃薯产量下降、土壤质量下降、病虫害频繁不断地发生,而农作物间作是解决这一问题的关键。间作是一种集约化生产模式,在我国具有悠久的栽培历史<sup>[2]</sup>。合理的间作模式不仅能够利用作物对养分需求特性的不同而促进养分的有效吸收,也能够通过其时间、空间等方面的互补性高效利用水肥气热等资源<sup>[3]</sup>。已有研究指出,土壤酶活性和微生物群落结构组成影响着土壤养分的吸收和转化,土壤酶活性的降低与微生物结构的失衡是导致土壤质量下降、作物减产的主要原因<sup>[4]</sup>。而作物合理的间作不仅能够提高土壤中的养分含量、改善土壤的微环境,还能够增加作物的产量,改善作物的品质,提高作物的安全性<sup>[5]</sup>。傅佳等在重茬种植西洋参对土壤养分和微生物的研究中发现,土壤酶活性与根际微生物类群呈显著正相关,可改善土壤中养分的转化和吸收、根际微生物群落结构的组成和数量<sup>[6]</sup>。汪春明等在马铃薯间作蚕豆的研究中认为,间作模式有利于改善马铃薯连作栽培的根际微生态环境<sup>[7]</sup>。吴红英等在沙地梨园间作研究中指出,间作可以增加梨树各时期和各土层中土壤微生物群落数量,改变土壤微生物群落中细菌、放线菌和真菌的比例<sup>[8]</sup>。刘均霞等在对玉米间作大豆的体系研究认为,间作体系中玉米、大豆的

土壤酶活性和根际土壤微生物数量显著高于相应的单作对照组,间作大豆处理的脲酶活性和根际土壤细菌数量显著高于单作大豆对照组<sup>[9]</sup>。Li 等在间作玉米和蚕豆的研究中采用测定磷脂脂肪酸(PLFA)含量的方法,证实间作模式对玉米和豆科作物根际微生物群落的结构和功能有影响<sup>[10]</sup>。可见,合理的间作模式可以改善土壤酶活性和微生物结构组成,提升土壤质量,对作物的生长发育有着重要影响。本研究以单作马铃薯、蚕豆、荞麦,马铃薯间作蚕豆、荞麦为处理,通过研究马铃薯不同间作模式对土壤养分含量、土壤酶活性和土壤微生物群落的影响,揭示马铃薯不同间作模式下酶活性和微生物群落结构变化的特点,旨在为马铃薯合理间作提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地点概况

该试验于 2015 年 4—10 月在宁夏农林科学院固原头营科研基地徐河村进行,地处东经 106°44′、北纬 36°10′,海拔 2 341 m。初霜期 9 月上、中旬,终霜期 5 月上、中旬,无霜期 140 d 左右,降水 291~415 mm,属半干旱半湿润地区。供试土壤为黄绵土,土壤基础理化性状为:有机质含量 10.63 g/kg,全氮含量 0.258 g/kg,全磷含量 0.645 g/kg,碱解氮含量 20.51 mg/kg,速效磷含量 45.5 mg/kg,速效钾含量 170.5 mg/kg,土壤 pH 值 9.00。

### 1.2 试验设计与样品采集

试验采用单因素区组设计,种植方式分为:处理 1,马铃薯单作(MP);处理 2,蚕豆单作(MF);处理 3,荞麦单作(MW);处理 4,马铃薯+蚕豆(P+F);处理 5,马铃薯+荞麦(P+W)。小区面积为 6 m×4 m,4 次重复。供试马铃薯为青薯 9 号,蚕豆(faba bean)为青蚕 11 号,荞麦(buckwheat)为宁荞 1 号。种植 2 行马铃薯,间种 2 行蚕豆或荞麦,马铃薯株

收稿日期:2016–08–22

基金项目:公益性行业(农业)科研专项(编号:201503120);宁夏回族自治区科技支撑计划园区专项。

作者简介:刘亚军(1990—),男,河南商丘人,硕士研究生,主要从事农田生态学研究。E-mail:liuyajun812@163.com。

通信作者:马 琨,博士,教授,主要从事农田生态学研究。E-mail:makun0411@163.com。

行距为 40 cm × 60 cm, 荞麦行距为 30 cm, 蚕豆株行距为 20 cm × 20 cm。马铃薯与蚕豆间距 30 cm, 马铃薯与荞麦间距 35 cm。

试验地前茬作物为玉米, 秋翻, 返春后耙耱整地, 播种前施用优质农家肥 30 000 kg/hm<sup>2</sup>、尿素 255 kg/hm<sup>2</sup>, 磷酸二铵 170 kg/hm<sup>2</sup>, 磷酸二氢钾 90 kg/hm<sup>2</sup>, 其中 70% 氮肥作基肥, 30% 氮肥作追肥。4 月 25 日播种蚕豆、马铃薯, 5 月 23 日播种荞麦, 8 月 12 日收获蚕豆, 9 月 20 日收获荞麦、马铃薯。

在马铃薯花期, 选择毗邻马铃薯的 1 行, 通过土钻利用五点取样法随机取五处土壤, 把取到的土样混合后放入冰盒中带回实验室。土壤样品一部分存于 4 ℃ 冰箱, 用于土壤微生物群落结构与生物量的测定; 一部分自然风干, 用于土壤理化性质和酶活性的分析。

1.3 测定指标及方法

1.3.1 土壤理化性状 土壤有机质含量采用重铬酸钾容量法 - 外加热法; 全氮含量采用半微量凯氏法; 碱解氮含量采用碱解扩散法; 全磷含量采用 HClO<sub>4</sub> - H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 法; 速效磷含量采用 0.5 mol/L NaHCO<sub>3</sub> 法; 速效钾含量采用 NH<sub>4</sub>OAc 浸提火焰光度法; 土壤 pH 值(1 : 5 土水比) 的测定参照文献[11]。

1.3.2 土壤酶活性测定方法 土壤脲酶活性采用苯酚钠 - 次氯酸钠比色法测定; 土壤碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定; 土壤过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法测定<sup>[12]</sup>。

1.3.3 土壤微生物群落的测定 土壤微生物群落结构组成采用稀释平板法测定。其中, 细菌培养采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基; 真菌培养采用马铃薯 - 蔗糖琼脂(PDA) 培养基; 放线菌培养采用改良高氏一号培养基<sup>[13]</sup>。

以土壤微生物磷脂脂肪酸(PLFA) 含量反映土壤微生物生物量, 其测定步骤为: 称取相当于 4 g 干土质量的新鲜土样

于棕色培养瓶中, 加入磷酸缓冲液 30 mL 和甲醇: 三氯甲烷(2 : 1) 溶液 105 mL 后振荡 2 h, 取出分别加入三氯甲烷和无菌超纯水各 36 mL, 振荡混匀, 在黑暗中培养 18 ~ 24 h; 吸掉试剂瓶上层的水和甲醇, 用无水硫酸钠除去未吸净的水, 然后进行过滤、旋转蒸发浓缩。其中利用固相萃取技术, 通过 SPE 固相萃取小柱进行脂肪酸分离。最后加内标液(十九碳甲酯) 0.5 mL, 用 GC - MS 分析。经甲酯化后采用 Agilent 6850 型气相色谱仪测定, 在进样口为 300 ℃、H<sub>2</sub> 流量为 30 mL/min、色谱柱为 Agilent HP - 5MS, 30 μm × 250 μm × 0.25 μm, 二阶程序升高柱温(170 ℃ 时按照 5 ℃/min 升至 260 ℃, 而后 40 ℃/min 升至 300 ℃, 维持 2 min), 测定标准样品成功后再分析待检样品。

1.4 数据处理与分析

利用 Microsoft Excel 2007 进行数据处理, DPS 7.05 进行方差分析(LSD 法), Canoco 4.5 进行多元分析。

2 结果与分析

2.1 马铃薯不同间作模式对土壤化学性状的影响

由表 1 可知, 马铃薯收获期间作土壤养分含量与单作相比发生了较大变化。其中, 马铃薯间作蚕豆土壤养分含量与单作马铃薯相比均有不同程度的增加, 其全磷、碱解氮、有机质含量分别显著增加 9.10%、14.54%、17.87% (*P* < 0.05); 与单作蚕豆相比, 除全氮、全磷含量显著增加外, 其余养分含量显著下降。经分析, 在茄科与豆科的间作中, 由于豆科作物根瘤菌具有固定空气氮素作用和地下根系交互作用, 从而会促进氮素的转化与吸收, 蚕豆收获后由于间作系统的恢复作用促进马铃薯对其他养分的吸收和转化, 较单作马铃薯可以提高土壤中的养分含量。

表 1 马铃薯不同间作模式对土壤化学性状的影响

处理	全氮含量 (g/kg)	全磷含量 (g/kg)	有机质含量 (g/kg)	碱解氮含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	pH 值
单作马铃薯	0.426 ± 0.05b	0.736 ± 0.03b	9.12 ± 0.93c	28.88 ± 3.46c	41.76 ± 4.86b	139.2 ± 22.8a	8.63 ± 0.09a
单作蚕豆	0.311 ± 0.04c	0.680 ± 0.06c	12.10 ± 0.45a	38.68 ± 3.17a	52.48 ± 6.60a	161.2 ± 13.0a	8.59 ± 0.35a
单作荞麦	0.528 ± 0.10a	0.787 ± 0.04a	10.02 ± 0.83b	31.50 ± 2.99bc	43.85 ± 4.98b	166.3 ± 8.3a	8.59 ± 0.04a
马铃薯 + 蚕豆	0.488 ± 0.07ab	0.803 ± 0.05a	10.75 ± 0.95b	33.08 ± 2.17b	41.43 ± 4.33b	156.1 ± 27.7a	8.52 ± 0.06a
马铃薯 + 荞麦	0.514 ± 0.09a	0.780 ± 0.04a	10.81 ± 1.01b	30.45 ± 3.15bc	51.57 ± 9.59a	146.0 ± 29.2a	8.51 ± 0.13a

与单作马铃薯相比, 马铃薯间作荞麦土壤的全磷、有机质含量显著提高, 其余无显著变化; 与单作荞麦相比, 其土壤速效磷含量显著增加, 其余养分含量无显著性变化, 说明在茄科与蓼科的间作系统中由于根系之间的交互作用, 增加了磷肥的吸收与转化, 并提高了磷的利用效率。马铃薯是喜钾作物, 2 种作物间作时可促进对钾的吸收, 与单作荞麦相比减少土壤速效钾含量。而间作蚕豆、荞麦的土壤 pH 值与单作马铃薯相比分别下降 1.27%、1.39%。有研究认为, 间作栽培会改变土壤的 pH 值, 进而影响土壤中养分的转化和吸收<sup>[14]</sup>。而本研究中间作模式下马铃薯土壤各养分含量较单作马铃薯处理均有不同程度的增加, 可见间作系统中由于根系交互作用以及蚕豆收获后对马铃薯的恢复作用促进了土壤中的营养吸收以及养分的转化, 说明合理的间作可以影响土壤 pH 值以及改善土壤的养分质量。

2.2 马铃薯不同间作模式对土壤酶活性的影响

土壤酶活性反映了土壤中各种生物化学过程的强度和方向, 它与土壤肥力状况、理化特性和农业措施有着较为显著的相关性, 是土壤肥力评价的关键指标之一<sup>[15]</sup>。由表 2 可知, 与单作马铃薯相比, 马铃薯间作蚕豆的土壤脲酶和碱性磷酸酶活性分别显著增加 22.05%、20.00%, 过氧化氢酶无显著变化; 而与单作蚕豆相比, 土壤脲酶活性显著增加, 碱性磷酸酶显著下降, 过氧化氢酶活性显著性下降。经分析发现, 脲酶对尿素的转化和作用具有重要的影响, 碱性磷酸酶可加速有机磷的脱磷速度, 磷酸酶的积累对有效磷具有重要的作用, 豆科作物根瘤菌的固氮作用促进了其对氮素的吸收和利用, 蚕豆根系可分泌磷酸酶, 从而提高了土壤中磷酸酶的活性。在马铃薯间作蚕豆的模式中蚕豆收获后, 由于恢复作用后期马铃薯增加了对有效磷的吸收, 从而提高了土壤中碱性磷酸酶

表 2 马铃薯不同间作模式对土壤酶活性的影响

处理	脲酶活性	碱性磷酸酶活性	过氧化氢酶活性
	[mg/(g·d)]	[mg/(g·d)]	(mL/g)
单作马铃薯	0.68±0.12b	0.35±0.02c	0.51±0.03ab
单作蚕豆	0.36±0.05c	1.00±0.06a	0.60±0.07a
单作荞麦	0.87±0.07a	0.40±0.07bc	0.46±0.05b
马铃薯+蚕豆	0.83±0.04a	0.42±0.05b	0.54±0.10ab
马铃薯+荞麦	0.70±0.11b	0.34±0.07c	0.52±0.08ab

的活性。

马铃薯间作荞麦与单作马铃薯相比土壤酶活性无显著性变化;与单作荞麦相比,土壤脲酶活性显著下降 19.54%,碱性磷酸酶和过氧化氢酶无显著性变化。在茄科与蓼科的兼间作系统中增加了对土壤氮素的吸收,降低了脲酶的活性。过氧化氢酶是一种氧化还原酶,其作用在于破坏对生物体有毒的过氧化氢,该间作模式并没有表现出显著的差异。因此,合

表 3 马铃薯不同间作模式对土壤微生物群落结构组成的影响

处理	微生物数量(万 CFU/g)				所占比例(%)		
	真菌	细菌	放线菌	总菌落数	真菌	细菌	放线菌
单作马铃薯	0.043 3±0.001 0ab	390±17a	61.3±1.9a	45.13	0.010	86.409	13.582
单作蚕豆	0.029 7±0.001 4b	177±5b	55.7±3.3ab	23.35	0.013	76.134	23.854
单作荞麦	0.045 0±0.006 5ab	430±36a	49.8±3.4ab	47.99	0.009	89.612	10.378
马铃薯+蚕豆	0.052 8±0.003 0a	440±44a	46.0±2.7ab	48.61	0.011	90.525	9.464
马铃薯+荞麦	0.058 8±0.002 6a	435±24a	38.9±1.9b	47.49	0.012	91.606	8.381

磷脂脂肪酸(PLFA)是土壤经甲基化提取磷脂成分后得到的脂肪酸产物,其中磷脂是活细胞膜的基本成分,具有多样性和生物学特异性,且脂肪酸只存在于活细胞中,因此 PLFA 适用于微生物群落的动态监测,常被用于土壤微生物群落结构的测定<sup>[17-18]</sup>。由表 4 可知,单作马铃薯土壤微生物主要类群的 PLFA 含量最高,单作荞麦主要类群的 PLFA 含量最低,

表 4 马铃薯不同间作模式对土壤微生物群落生物量的影响

处理	磷酸脂肪酸含量(nmol/g)								真菌生物量/G <sup>+</sup> 生物量/细菌生物量	
	细菌	G <sup>+</sup>	G <sup>-</sup>	放线菌	真菌	菌根真菌	原生动物	总生物量	细菌生物量	G <sup>-</sup> 生物量
单作马铃薯	11.53±1.75a	4.33±0.74a	7.18±1.60a	2.95±0.50a	4.33±1.08a	1.80±0.81a	0.13±0.02a	20.74±1.77a	0.37±0.06a	0.63±0.19a
单作蚕豆	11.40±3.03a	4.13±1.65ab	7.25±3.41a	2.58±1.22a	3.85±1.88a	1.48±0.28ab	0.08±0.01a	19.39±3.23a	0.34±0.04a	0.59±0.09a
单作荞麦	7.25±2.58a	2.60±0.84b	4.65±1.75a	2.05±1.12a	2.38±0.41a	1.23±0.18ab	0.03±0.01a	12.94±3.01a	0.35±0.08a	0.58±0.06a
马铃薯+蚕豆	9.73±1.37a	3.88±0.55ab	5.83±0.97a	2.20±0.47a	3.15±0.95a	1.32±0.41ab	0.13±0.01a	16.53±1.89a	0.32±0.06a	0.68±0.09a
马铃薯+荞麦	9.10±2.81a	3.10±0.81ab	6.00±2.02a	1.85±0.64a	2.85±0.63a	0.80±0.16b	0.00±0.00a	14.6±2.99a	0.32±0.04a	0.53±0.05a

2 种间作模式中革兰氏阳性菌(G<sup>+</sup>)和革兰氏阴性菌(G<sup>-</sup>)的生物量以及细菌的生物量与单作马铃薯相比出现不同程度的下降趋势,马铃薯间作荞麦的细菌生物量较单作荞麦有所增加,但差异不显著。马铃薯间作荞麦的总生物量较单作荞麦升高,其余间作模式中的土壤微生物总生物量均低于各自单作对应的总微生物量,但均无显著性差异。马铃薯间作荞麦中的 G<sup>+</sup>生物量/G<sup>-</sup>生物量以及马铃薯间作蚕豆、间作荞麦中的真菌生物量/细菌生物量较单作马铃薯有所降低,间作蚕豆的 G<sup>+</sup>生物量/G<sup>-</sup>生物量的值升高,但均无显著性差异。

由以上结果可知,茄科与豆科、蓼科间作会减少土壤中细菌、放线菌、真菌等微生物主要类群的生物量,说明茄科与豆科、蓼科间作改变了土壤微生态的环境,在一定程度上削弱了马铃薯根际土壤微生物主要类群 PLFA 的生物量;而真菌生

理的间作模式可显著提高土壤中的酶活性,对土壤中养分的吸收转化起较大的影响。

2.3 马铃薯不同间作模式对土壤微生物的影响

由表 3 可知,单作蚕豆的微生物总群落数最低,马铃薯间作蚕豆的微生物总群落数最高。马铃薯间作蚕豆、荞麦较单作马铃薯的真菌、细菌数量上升,放线菌数量下降,其中马铃薯间作荞麦处理中的放线菌数量显著下降 36.5%(P<0.05)。而从微生物各结构所占的比例可以看出,马铃薯间作蚕豆、荞麦处理中的细菌所占比例上升,放线菌所占比例下降。不同作物根际土壤都有其特定的微生物区系,而不同间作模式对探究根际土壤中微生物结构、研究马铃薯根际土壤养分的转化过程具有重要的意义<sup>[16]</sup>。由以上结果可以推测,马铃薯与豆科、蓼科作物间作时细菌数量的累计增长会抑制放线菌的转化,从而导致放线菌数量下降,对土壤中养分的转化和吸收产生影响。

其中单作荞麦革兰氏阳性菌(G<sup>+</sup>)中的含量与单作马铃薯相比差异达到显著性水平(P<0.05)。间作模式中土壤微生物群落的 PLFA 含量与单作马铃薯相比发生了较大的变化,其中间作荞麦的菌根真菌(AMF)中的含量显著下降 55.6%(P<0.05)。

物量/细菌生物量的值降低和间作蚕豆中 G<sup>+</sup>生物量/G<sup>-</sup>生物量的值升高,均表明间作有利于促进土壤向高肥效的“细菌型”土壤类型转变。

2.4 土壤微生物群落结构组成与土壤因子之间的相互关系

多元分析结果(图 1-A、图 1-B)显示,各排序轴都能在超过 56% 的累计贡献率上解释土壤微生物结构及微生物生物量变化与环境因子间的关系。排序图(图 1-A、图 1-B)反映了各根际土壤微生物群落结构最适宜生活的土壤环境,各处理点分散较为明显,说明马铃薯不同间作模式下形成了不同的土壤微生态环境,各处理间有差异。由图 1-A 可知,排序轴累积解释的信息量达 70.1%。因此,基于特征向量载荷因子相联系的排序轴 1 和轴 2 最大程度地解释了不同处理之间土壤环境因子对土壤微生物群落结构的影响。土壤细菌、真菌数量除与全氮含量成锐角外,与其他环境因子都成钝

角;而放线菌数量与全磷含量、速效氮含量、pH 值成锐角,与其他环境因子呈钝角。由于图 1-A 中 2 条射线代表其相关性,锐角代表呈正相关,其夹角越小,相关性越强,钝角与之相反,钝角越大负相关性越大。说明细菌、真菌数量与全氮含量呈正相关性,受全氮含量环境因子影响较大,与其他环境因子呈负相关性。放线菌数量与土壤全磷含量、速效氮含量、pH 值呈正相关性,与其他环境因子呈负相关性。

图 1-B 显示了不同处理下微生物生物量与环境因子的制约关系,土壤微生物生物量与环境因子也表现出一定的相

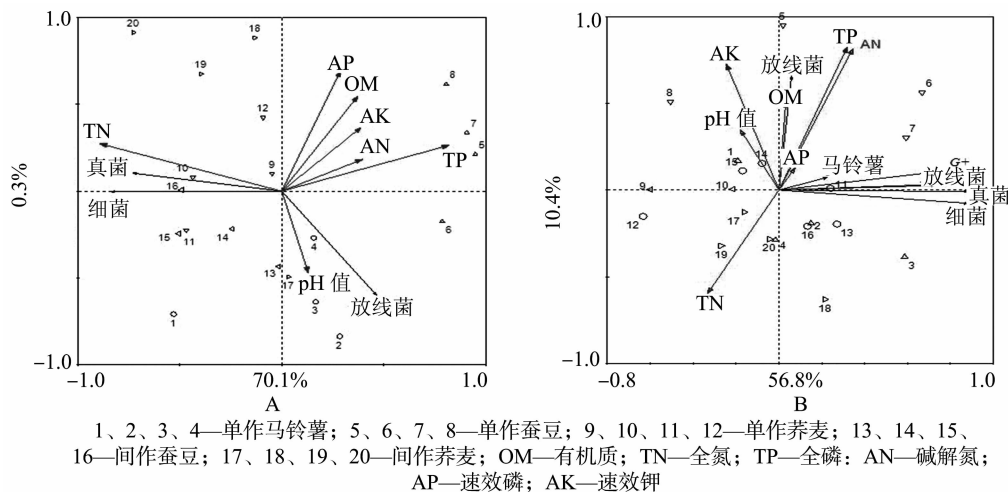


图1 马铃薯不同间作模式下土壤微生物群落结构与环境因子的多元分析

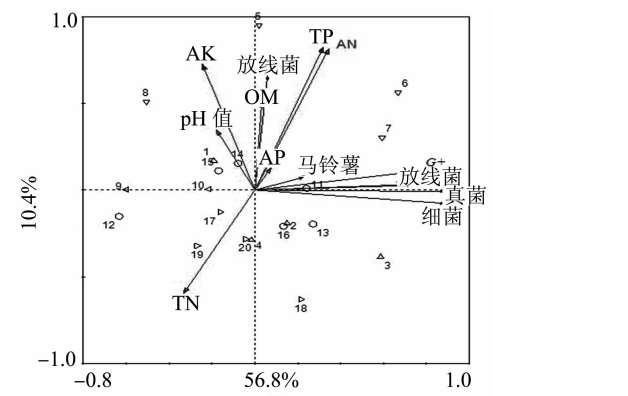
### 3 讨论

#### 3.1 不同间作模式对土壤理化与生物学性状的影响

土壤养分是作物摄取养分的主要来源之一,在作物养分吸收总量中占有很高的比例,土壤养分含量的高低关系着植株能否健康生长或生存。已有大量的研究表明,合理的间作可以提升土壤中的养分含量。郝艳如等在玉米、小麦间作的研究中表明,间作模式提高了土壤中的有效养分含量,改善了土壤根部供肥能力和养分吸收环境<sup>[19]</sup>;代会会等在豆科间作试验中发现,间作可以增加土壤中全氮、速效氮、速效钾和速效磷含量,并且提高作物产量<sup>[20]</sup>。本研究结果表明,在茄科与蓼科、豆科的间作中,不同的间作模式与单作马铃薯相比不同程度地提高了土壤中的养分含量,降低了 pH 值,其中间作蚕豆的碱解氮、有机质含量,间作荞麦的速效磷、全氮、有机质含量增加较多,且差异达到显著水平( $P < 0.05$ ),这与代会会等的研究结果<sup>[20]</sup>较为一致。经分析发现,茄科在与豆科、蓼科的间作系统中由于空间、根系和生理等方面的需求差异以及互补性,使得土壤中的养分和自然资源得到最大的利用,从而提高土壤中的养分含量。

土壤酶是生态系统的能量流动和物质交换等生态过程中活跃的生物活性物质,且土壤碱性磷酸酶、过氧化氢酶、脲酶的活性能够分别反映出土壤磷素供应状况、有机质的转化速度和土壤氮素水平状况,对农作物的生长起着至关重要的作用<sup>[12]</sup>。柴强等在研究间甲酚对间作模式中土壤微生物和酶活性的影响中指出,通过玉米+蚕豆发现间作模式对土壤磷酸酶和过氧化氢酶活性具有极显著影响<sup>[21]</sup>;Zhou 等在黄瓜间作洋葱、大蒜的研究中表明,间作模式下土壤脲酶和过氧化

氢酶活性高于黄瓜单作<sup>[22]</sup>。本研究结果表明,间作模式下磷酸酶、脲酶、过氧化氢酶活性升高,其中间作蚕豆的磷酸酶和脲酶活性与单作对照相比差异显著,这与姜莉等的研究结果<sup>[23]</sup>较为一致。由于豆科作物根瘤菌的固氮作用以及收获后马铃薯的恢复作用对间作马铃薯养分的吸收有较大影响,并且间作模式下作物之间对土壤养分的相互作用和利用促进了土壤酶活性的变化,使得酶活性与土壤环境因子联系变化更为敏感。



氢酶活性高于黄瓜单作<sup>[22]</sup>。本研究结果表明,间作模式下磷酸酶、脲酶、过氧化氢酶活性升高,其中间作蚕豆的磷酸酶和脲酶活性与单作对照相比差异显著,这与姜莉等的研究结果<sup>[23]</sup>较为一致。由于豆科作物根瘤菌的固氮作用以及收获后马铃薯的恢复作用对间作马铃薯养分的吸收有较大影响,并且间作模式下作物之间对土壤养分的相互作用和利用促进了土壤酶活性的变化,使得酶活性与土壤环境因子联系变化更为敏感。

#### 3.2 不同间作模式下土壤理化性状对土壤微生物群落结构的影响

土壤微生物参与土壤的物质交换和能量转化,土壤酶参与土壤中许多重要的生物化学过程,二者共同成为评价土壤肥力的重要指标<sup>[24]</sup>。而合理的间作可以改变土壤的微环境,由于根系分泌物、作物残体和根系残体在土壤中的累积,供给土壤微生物的营养物质增加,因此增强了土壤微生物的活性,增加了土壤微生物的群落结构多样性,进而形成与之相适应的微生物区系<sup>[25]</sup>。很多研究结果表明,合理的间作可以提高作物根际土壤微生物的数量<sup>[26]</sup>。其中宋亚娜等对小麦+蚕豆、玉米+蚕豆和小麦+玉米间作体系进行研究时发现,间作能改变根际细菌群落结构的组成,且证明了间作体系地上部多样性与地下部多样性存在着紧密联系<sup>[27]</sup>;马琨等在间作栽培对土壤微生物群落的影响中表明,间作栽培显著地改变了根际土壤微生物主要功能群落的结构<sup>[28]</sup>;吴娜等在马铃薯间作燕麦的研究中指出,马铃薯+燕麦(4:2)的种植比例能改善根际土壤微生态环境,优化根际土壤微生物群落结构<sup>[29]</sup>。Artursson 等研究认为,根系分泌物中某种物质促进了根际土壤中革兰氏阳性细菌、AMF 真菌的累积,从而相应地增加了

微生物的生物量<sup>[30]</sup>。

本试验结果表明,不同间作模式下间作处理增加了真菌、细菌的数量,减少了放线菌的数量,但差异均不显著。真菌比例变化较小、细菌比例增加,使土壤向着更高效的细菌型土壤转化,而微生物群落总数的增加增大了微生物环境的多样性。间作处理中土壤微生物群落细菌、放线菌、真菌的生物量较对照组减少,但细菌中革兰氏阳性菌生物量比例增加、真菌生物量/细菌生物量的值降低,表明间作模式能改变马铃薯根际土壤微生物群落的组成及环境的对应关系。

由以上结果说明间作条件下,茄科与豆科或蓼科作物之间的根系横向交叉,其根系分泌物改变了间作模式下土壤微生物的区系结构,进而影响了马铃薯根际土壤微生物的数量和活性,改变了土壤微生物群落的结构组成。由 Canoco 多元分析表明,土壤养分的转化和吸收与微生物群落结构和微生物生物量的变化呈紧密的相关关系,说明间作模式不仅能提高土壤养分含量、酶活性,还能改变土壤中的微生态环境,产生与环境因子相适应的微生物区系。

#### 4 结论

马铃薯间作蚕豆提高了土壤碱解氮、有机质的含量,间作荞麦提高了土壤速效磷、全氮、有机质的含量,且差异达到显著性水平( $P < 0.05$ );马铃薯间作蚕豆显著地提高了土壤磷酸酶和脲酶活性,而马铃薯间作荞麦土壤酶活性与对照相比无显著差异;间作模式降低了土壤中放线菌的比例,提升了土壤中细菌的比例,并且改变了土壤中微生物主要类群的 PLFA 含量;马铃薯不同间作模式下土壤养分与微生物群落结构的变化较为紧密。

#### 参考文献:

- [1] 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.
- [2] 肖焱波. 豆科/禾本科间作体系中养分竞争和氮素转移研究[D]. 北京:中国农业大学,2003.
- [3] 曹云,马艳. 间套作防治作物土传枯萎病的研究进展[J]. 土壤,2015,03(3):466-473.
- [4] 曹莉,秦舒浩,张俊莲,等. 轮作豆科牧草对连作马铃薯田土壤微生物菌群及酶活性的影响[J]. 草业学报,2013,22(3):139-145.
- [5] 肖靖秀,郑毅. 间套作系统中作物的养分吸收利用与病虫害控制[J]. 中国农学通报,2005,21(3):150-154.
- [6] 傅佳,李先恩,傅俊范. 重茬种植西洋参对其根区土壤微生物与土壤理化性质影响[J]. 微生物学杂志,2009,29(2):63-66.
- [7] 汪春明,马琨,代晓华,等. 间作栽培对连作马铃薯根际土壤微生物区系的影响[J]. 生态与农村环境学报,2013,29(6):711-716.
- [8] 吴红英,孔云,姚允聪,等. 间作芳香植物对沙地梨园土壤微生物数量与土壤养分的影响[J]. 中国农业科学,2010,43(1):140-150.
- [9] 刘均霞,陆引翌,远红伟,等. 玉米、大豆间作对根际土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 贵州农业科学,2007(2):60-61,64.
- [10] Li H G, Shen J B, Zhang F S, et al. Phosphorus uptake and rhizosphere properties of intercropped and monocropped maize, faba

- bean, and white lupin in acidic soil[J]. Biology and Fertility of Soils,2010,46(2):79-91.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社,2000:25-114.
- [12] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社,1986:274-339.
- [13] 李振高,骆永明,腾应,等. 土壤与环境微生物研究法[M]. 北京:科学出版社,2008:52-55.
- [14] 柴强,黄高宝. 间套种植对根系土壤酶及养分复合系统的影响研究[J]. 农业系统科学与综合研究,2004,20(3):208-211.
- [15] 杨远平,曾世文. 毕节地区烟地土壤中磷酸酶活性研究[J]. 土壤肥料,2001,5(5):41-42.
- [16] 郭秀珍. 在不同前作栽培条件下油松白皮松地段上土壤微生物区系特性的分析及其对松苗生长的影响的初步观察[J]. 林业科学,1959,5(5):51-66.
- [17] 吴愉萍. 基于磷脂脂肪酸(PLFA)分析技术的土壤微生物群落结构多样性的研究[D]. 杭州:浙江大学,2009.
- [18] Balkwill D L, Leach F R, Wilson J T, et al. Equivalence of microbial biomass measures based on membrane lipid and cell wall components, adenosine triphosphate, and direct counts in subsurface aquifer sediments[J]. Microbial Ecology,1988,16(1):73-84.
- [19] 郝艳如,劳秀荣,孟庆强,等. 玉米/小麦间作对根际土壤和养分吸收的影响[J]. 中国农学通报,2002,18(4):20-23.
- [20] 代会会,胡雪峰,曹明阳,等. 豆科间作对番茄产量、土壤养分及酶活性的影响[J]. 土壤学报,2015,4(4):911-918.
- [21] 柴强,黄高宝,黄鹏. 供水及间甲酚对小麦间作蚕豆土壤微生物多样性和酶活性的影响[J]. 应用生态学报,2006,17(9):1624-1628.
- [22] Zhou X A, Yu G B, Wu F Z. Effects of intercropping cucumber with onion or garlic on soil enzyme activities, microbial communities and cucumber yield[J]. European Journal of Soil Biology,2011,47(5):279-287.
- [23] 姜莉,陈源泉,隋鹏,等. 不同间作形式对玉米根际土壤酶活性的影响[J]. 中国农学通报,2010,26(9):326-330.
- [24] 薛立,陈红跃,邝立刚. 湿地松混交林地土壤养分、微生物和酶活性的研究[J]. 应用生态学报,2003,14(1):157-159.
- [25] 朱丽霞,章家恩,刘文高. 根系分泌物与根际微生物相互作用研究综述[J]. 生态环境,2003,1:102-105.
- [26] Song Y N, Zhang F S, Marschner P, et al. Effect of intercropping on crop yield and chemical and microbiological properties in rhizosphere of wheat (*Triticum aestivum* L.), maize (*Zea mays* L.), and faba bean (*Vicia faba* L.)[J]. Biology and Fertility of Soils,2007,43(5):565-574.
- [27] 宋亚娜, Marschner P, 张福锁, 等. 小麦/蚕豆、玉米/蚕豆和小麦/玉米间作对根际细菌群落结构的影响[J]. 生态学报,2006,26(7):2268-2274.
- [28] 马琨,杨桂丽,马玲,等. 间作栽培对连作马铃薯根际土壤微生物群落的影响[J]. 生态学报,2016,36(10):2987-2995.
- [29] 吴娜,刘吉利,鲁文. 马铃薯/燕麦间作对根际土壤微生物数量的影响[J]. 西北农业学报,2015,24(5):163-167.
- [30] Artursson V, Jansson J K. Use of bromodeoxyuridine immunocapture to identify active bacteria associated with arbuscular mycorrhizal hyphae[J]. Applied and Environmental Microbiology,2003,69(10):6208-6215.