

陈海生,秦昌鲜,彭 崇,等. 甘蔗间作花生对根际土壤微生物种群及酶活性的影响[J]. 江苏农业科学,2019,47(3):223-226.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.03.053

# 甘蔗间作花生对根际土壤微生物种群及酶活性的影响

陈海生,秦昌鲜,彭 崇,郭 强,唐利球,陈远权,韦持章,覃潇敏

(广西南亚热带农业科学研究所,广西龙州 532415)

**摘要:**通过田间试验,设置甘蔗单作、花生单作和甘蔗/花生间作 3 种植处理,探讨甘蔗/花生间作种植下根际土壤微生物群落、土壤酶活性的变化及其内在联系。结果表明,与单作相比,甘蔗/花生间作增加了根际土壤细菌、真菌及放线菌数量,改变了土壤微生物群落的结构组成;提高了根际土壤脲酶、酸性磷酸酶与过氧化氢酶活性。相关分析结果显示,土壤微生物数量与酶活性之间存在显著或极显著的正相关性。说明甘蔗/花生间作具有明显的促进效应,能有效调节根际微生物群落结构组成以及土壤酶活性。

**关键词:**甘蔗/花生间作;根际土壤微生物;土壤酶活性;微生物群落

**中图分类号:** S344.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)03-0223-04

间套作作为我国传统农业的精髓,具有增产<sup>[1-2]</sup>、提高养分资源利用效率<sup>[3-4]</sup>、增加农田生物多样性和稳定性<sup>[5]</sup>以及持续控制病、虫、草害的优势<sup>[6-7]</sup>,可提高根际生物多样性<sup>[8-9]</sup>,并且改善农田生态环境,促进生态平衡。唐秀梅等研究发现,木薯与花生间作可以增加根际土壤细菌、真菌、放线菌、总微生物数量、微生物多样性以及根际土壤过氧化氢酶、酸性磷酸酶活性<sup>[10]</sup>;李伶俐等研究也发现,棉花与不同作物间作后土壤中细菌和放线菌数量显著增加,真菌数量显著降低,脱氢酶、中性磷酸酶、转化酶和脲酶活性显著提高<sup>[11]</sup>。

甘蔗(*Saccharum officinarum*)是我国乃至世界最重要的糖料及能源作物,也是广西壮族自治区的主要经济作物之一<sup>[12]</sup>。蔗糖业为广西重要经济支柱产业之一,是广西区党委、人民政府确定重点发展的“千亿元产业”<sup>[13]</sup>。土壤微生物是土壤中重要而又活跃的部分,推动着土壤的物质转化和能量流动,可以反映土壤中物质代谢的旺盛程度,是土壤养分的一个重要指标<sup>[14]</sup>。因此,研究土壤微生物和土壤酶活性能反映 2 种作物在生长期的相互作用。本研究以桂西南地区重

要的经济作物——甘蔗为研究对象,采用田间试验的方法,研究甘蔗/花生间作对土壤微生物数量及土壤酶活性的影响,为进一步探究桂西南地区甘蔗/花生间作栽培下作物的优质高产提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验于 2016 年 10 月在广西南亚热带农业科学研究所甘蔗示范基地进行,该区属典型的南亚热带季风气候,海拔约 125 m,年平均温度在 22 ℃左右,年降水量在 1 273.6 mm 左右。土壤为酸性红壤,土层深厚,地势平坦,排灌良好,是甘蔗较适宜生长的地区,其土壤理化性状为 pH 值 6.73,有机质含量为 12.44 g/kg,碱解氮含量为 100.5 mg/kg,速效磷含量为 15.6 mg/kg,速效钾含量为 125.5 mg/kg。

供试作物品种:甘蔗为桂糖 46 号;花生为当地农民主栽品种,是广西壮族自治区的主栽品种。

供试肥料为尿素、普通过磷酸钙、复合肥(N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 含量均为 15%)。

### 1.2 试验设计

田间试验采用随机区组排列,设甘蔗单作、花生单作和甘蔗/花生间作 3 种植模式,每个处理重复 3 次,共 9 个小区,小区面积为 6 m×5 m。甘蔗/花生间作规格采用 2 行甘蔗间作 2 行花生:甘蔗行距为 1 m,株距为 0.3 m;花生行距为 0.30 m,株距为 0.25 m,带状种植。

试验于 2016 年 1 月 10 日开始整地,1 月 14 日种植甘蔗,

收稿日期:2017-10-22

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(编号:nycytxgxcxt0301B1);广西壮族自治区直属公益性基本科研项目(编号:GXNYRKS201710);广西壮族自治区崇左市科技重大专项(编号:崇科 FC2017001)。

作者简介:陈海生(1974—),男,广西鹿寨人,硕士,高级农艺师,主要从事甘蔗栽培与选育等工作。E-mail:1042102940@qq.com。

通信作者:覃潇敏,博士研究生,助理研究员,主要从事作物营养与调控等工作。E-mail:qinxiaomin89@163.com。

碳氮密度变化特征[J]. 水土保持研究,2012,19(4):43-47.

[9]王艳杰,付 桦. 雾灵山地区土壤有机质全氮及碱解氮的关系[J]. 农业环境科学学报,2005,24(增刊):85-90.

[10]白永飞,李陵浩,王其兵,等. 镉林河流域草原群落植物多样性和初级生产力沿水热梯度变化的研究[J]. 植物生态学报,2000,24(6):667-673.

[11]李新荣,张景光,刘立超,等. 我国干旱沙漠地区人工植被与环境演变过程中植物多样性的研究[J]. 植物生态学报,2000,14

(3):257-261.

[12]肖德荣,田 坤,张利权. 滨西北高原纳帕海湿地植物多样性与土壤肥力的关系[J]. 生态学报,2008,28(7):3116-3124.

[13]Rosenzweig M L. Species diversity in space and time[M]. England: Cambridge University Press,1995:35.

[14]杨丽霞,陈少峰,安娟娟,等. 陕北黄土丘陵区不同植被类型群落多样性与土壤有机质、全氮关系研究[J]. 草地学报,2014,22(2):291-298.

2 月 20 日播种花生。播前施基肥复合肥 750 kg/hm<sup>2</sup>, 磷肥 450 kg/hm<sup>2</sup>; 5 月 15 日培土施肥施复合肥 750 kg/hm<sup>2</sup>、尿素 450 kg/hm<sup>2</sup>。田间采用常规管理。花生于 7 月 10 日收获, 甘蔗于 11 月 20 日收获。

### 1.3 土壤样品的采集

分别于甘蔗苗期、拔节期和成熟期进行采样, 先将植株根系从土壤中整体挖出, 采用抖土法抖掉与根系松散结合的土, 然后将与根系紧密结合的土壤刷下来作为根际土样品。单作处理每个小区随机取作物 4 株, 间作处理每个小区 2 种作物分别随机取 4 株, 然后将 4 株作物的根际土壤混合为 1 个样品, 将每种作物的根际土壤各自混合为 1 个样品。将土样均分为 2 份, 1 份自然风干过 1 mm 筛备用, 用于土壤酶分析, 另一份于 4 ℃ 冰箱保存, 用于土壤微生物数量测定。

### 1.4 测定方法

采用稀释平板计数法统计微生物数量: 细菌用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基, 真菌用马丁-孟加拉红培养基, 放线菌用改良高氏一号培养基<sup>[15]</sup>。

土壤酶活性测定<sup>[16]</sup>: 过氧化氢酶活性测定采用 KMnO<sub>4</sub> 滴定法; 脲酶活性测定采用苯酚钠次氯酸钠比色法; 酸性磷酸酶活性测定采用磷酸苯二钠比色法。

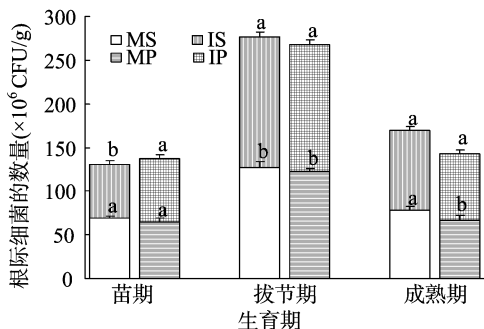
### 1.5 数据分析

采用 Excel 2010 软件进行数据整理、作图及主成分分析; 用 SPSS 19.0 软件分析对数据进行方差分析 (LSD 法) 及相关性分析, 显著性水平设定为  $\alpha = 0.05$ 。

## 2 结果与分析

### 2.1 甘蔗/花生间作对根际土壤微生物数量的影响

**2.1.1 细菌** 土壤细菌是土壤微生物的主要组成成分, 能分解各种有机物质。从图 1 可以看出, 随着生育进程的推进, 不同种植方式下根际土壤细菌数量呈先增加后降低的趋势。此外, 与单作相比, 间作甘蔗根际土壤细菌数量在拔节期显著增加 18.08%, 成熟期增加 16.15%, 而苗期显著降低 9.83%; 间作花生根际土壤细菌数量在苗期、拔节期及成熟期分别增加 11.43%、19.21%、14.41%, 且在拔节期和成熟期差异显著。



MS—单作甘蔗; IS—间作甘蔗; MP—单作花生; IP—间作花生。不同小写字母表示单作、间作间差异显著 ( $P \leq 0.05$ )。下图同

图1 甘蔗/花生间作对根际细菌数量的影响

**2.1.2 真菌** 随着生育进程的推进, 单作作物根际真菌数量均呈递增的趋势; 间作作物根际真菌数量则是先增加后降低 (图 2)。此外, 间作甘蔗的根际真菌数量在苗期、拔节期分别显著高于单作处理 53.18%、88.87%, 在成熟期高 21.30%, 但没有达到差异显著水平; 花生的根际真菌数量在苗期、拔节

期也分别显著高于单作处理 68.87%、84.20%, 而在成熟期显著低于单作处理。

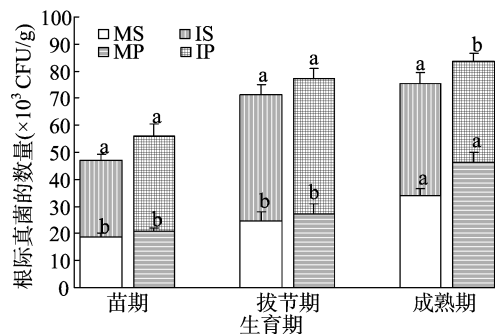


图2 甘蔗/花生间作对根际真菌数量的影响

**2.1.3 放线菌** 放线菌能分解多数真菌和细菌不能分解的化合物, 因此土壤中放线菌数量的多少, 关系着土壤代谢强度的高低。从图 3 可以看出, 随着生育进程的推进, 单作、间作物根际土壤放线菌数量均呈先增加后降低的趋势。此外, 甘蔗/花生间作可以增加作物根际土壤放线菌数量。与单作相比, 间作使甘蔗拔节期根际放线菌数量增加 22.28%, 成熟期增加 24.49%; 间作花生根际放线菌数量在苗期、拔节期及成熟期分别增加 39.93%、37.96%、8.35%, 且单作、间作处理间差异显著性不一致。

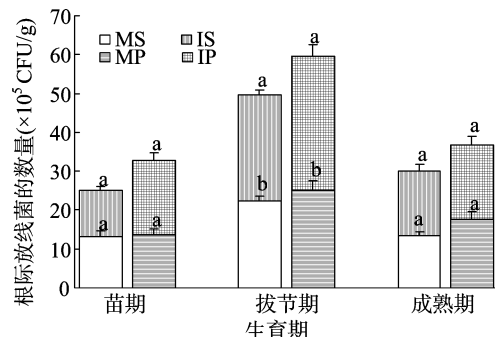


图3 甘蔗/花生间作对根际放线菌数量的影响

### 2.2 甘蔗/花生间作对根际土壤酶活性的影响

**2.2.1 对脲酶活性的影响** 脲酶是一种专性酶, 能够水解有机物, 促其水解生成氨和 CO<sub>2</sub>, 其中氨是氮素营养的直接来源。由图 4 可以看出, 不同种植方式下根际土壤脲酶活性随着生育进程的推进先增加后降低, 在拔节期活性最高。甘蔗/花生间作的根际土壤脲酶活性均显著高于甘蔗单作和花生单作处理 ( $P \leq 0.05$ )。与单作相比, 间作使甘蔗、花生根际土壤脲酶活性在苗期分别显著提高 92.17%、87.18%, 在拔节期分别显著提高 87.31%、85.29%; 在成熟期分别显著提高 86.07%、91.53%。

**2.2.2 对酸性磷酸酶活性的影响** 土壤磷酸酶来源于土壤微生物和植物根系, 能够水解催化有机磷化合物为无机磷, 为植物提供可靠的磷素营养。由图 5 可知, 除苗期外, 甘蔗/花生间作根际土壤酸性磷酸酶活性均高于甘蔗单作和花生单作处理, 其中在拔节期的差异最为显著。与单作相比, 甘蔗与花生间作之后使拔节期作物根际土壤酸性磷酸酶活性分别显著提高 26.17%、20.87%, 成熟期分别提高 12.50%、10.88%。此外, 随着生育进程的推进, 根际土壤酸性磷酸酶活性均呈递

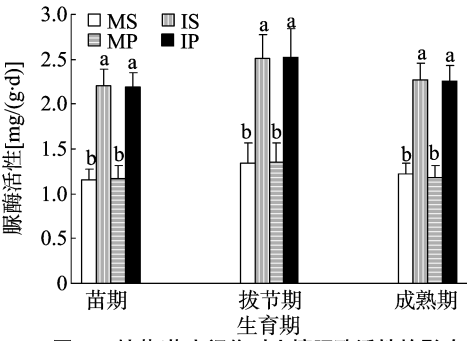


图4 甘蔗/花生间作对土壤脲酶活性的影响

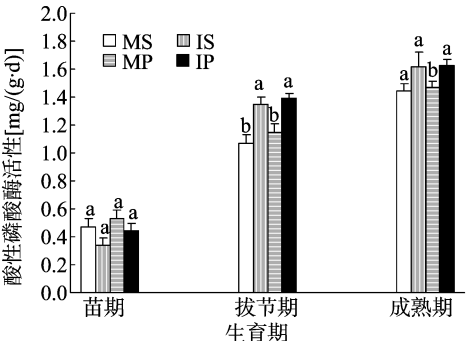


图5 甘蔗/花生间作对土壤酸性磷酸酶活性的影响

增的趋势。

2.2.3 对过氧化氢酶活性的影响 过氧化氢酶是直接参与土壤中物质和能量转化的一种重要的氧化还原酶,其活性在一定程度上可以表征土壤生物氧化过程的强弱。随着生育进程的推进,单作条件下甘蔗、花生根际土壤过氧化氢酶活性均呈递增的趋势;间作条件下,甘蔗根际土壤过氧化氢酶活性先增加后降低,而花生则是呈递增的趋势(图6)。此外,甘蔗/花生间作显著提高了甘蔗苗期和拔节期根际土壤过氧化氢酶活性以及花生苗期和成熟期根际土壤过氧化氢酶活性。与单作相比,间作甘蔗根际土壤过氧化氢酶活性在苗期、拔节期分别显著提高 37.50%、30.39%;间作花生根际土壤过氧化氢酶活性在苗期、拔节期及成熟期分别提高 15.25%、11.06%、6.55%,并且在苗期和成熟期时单作、间作处理间差异显著。

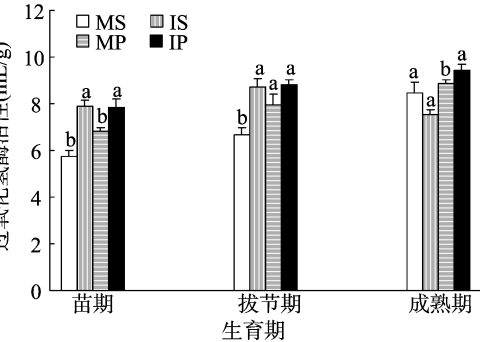


图6 甘蔗/花生间作对土壤过氧化氢酶活性的影响

2.3 主成分分析

进一步对不同种植模式下不同生育期甘蔗花生根际土壤微生物、酶活性进行主成分分析,结果(图7)表明,甘蔗/花生间作种植后均明显改变了作物根际土壤微生物群落组成及酶活性的大小。在3个生育期,单作、间作在 PC1 上出现明显

的分离,间作甘蔗、间作花生均分布在 PC1 的负方向,而单作甘蔗、单作花生则分布在 PC1 的正方向;而在 PC2 上没有明显的影响(除了苗期单、间作甘蔗在 PC2 上有明显分离外)。

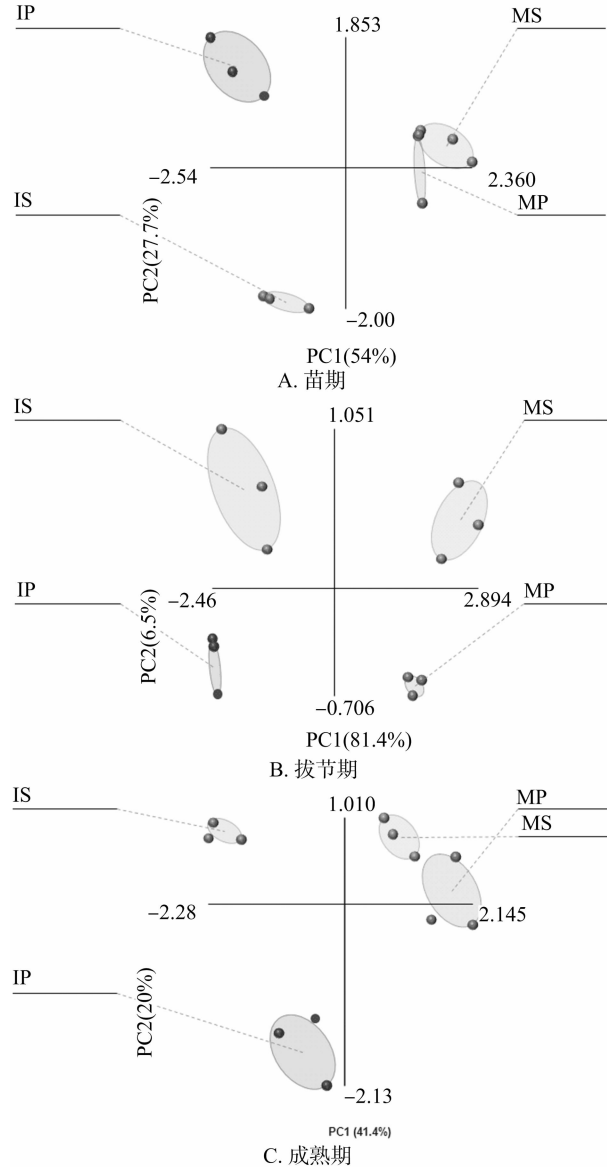


图7 不同种植模式土壤微生物参数的主成分分析

2.4 土壤根际微生物数量与土壤酶活性的相关性

土壤根际微生物与土壤酶活性关系密切,一切使土壤根际微生物数量变化的因素都间接影响土壤酶活性的变化。由表1可知,土壤细菌、放线菌、真菌数量与土壤脲酶、过氧化氢酶、酸性磷酸酶活性之间多呈显著或极显著的正相关关系,其中以真菌数量与土壤脲酶、过氧化氢酶、酸性磷酸酶活性之间的相关性最显著。

表1 土壤根际微生物数量与土壤酶活性的相关性			
相关因子	细菌数量	放线菌数量	真菌数量
脲酶活性	0.359 *	0.420 *	0.580 **
过氧化氢酶活性	0.196	0.376 *	0.764 **
酸性磷酸酶活性	0.409 *	0.396 *	0.658 **

注: \*、\*\* 分别表示在 0.05、0.01 水平上显著、极显著相关。

### 3 讨论与结论

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,土壤微生物数量与作物地下部及地上部生长有密切联系,如在作物间作体系中,地上部的生物多样性与地下部的土壤生物多样性之间密切相关<sup>[17]</sup>。张向前等研究发现,间作处理土壤中的细菌、真菌、放线菌和固氮菌的数量以及土壤脲酶、磷酸酶、转化酶和蛋白酶的活性均高于单作处理<sup>[18]</sup>。胡举伟等研究亦表明,与单作处理相比,桑树和大豆间作提高了根际微生物数量、微生物多样性和土壤酶活性<sup>[19]</sup>。相似地,在甘蔗的3个生育期,甘蔗/花生间作可以增加根际土壤细菌、放线菌和真菌数量,且部分达到显著水平,说明甘蔗/花生间作可以促进根际土壤微生物的生长,这可能是由于间作作物根系间存在交错叠加作用,根系分泌物十分丰富,为根际微生物生长繁殖提供了所需的能源,增加了根际微生物的数量,改善了根际生物多样性。

土壤酶是生态系统物质循环和能量流动等生态过程中最活跃的生物活性物质,是土壤新陈代谢的重要促进因子,其与微生物一起共同推动土壤的代谢过程,二者的活性密切相关<sup>[20]</sup>。本试验亦发现,土壤微生物与土壤酶活性之间存在显著或极显著的正相关关系。此外,间作作物根际土壤脲酶、酸性磷酸酶和过氧化氢酶活性均高于单作处理,且部分达到显著水平,其中以脲酶的间作效应最为明显,说明甘蔗/花生间作可以提高根际土壤酶活性,这与玉米/姜<sup>[21]</sup>、玉米/大豆<sup>[22]</sup>间作能显著提高土壤酶活性的研究结果一致。这可能是由于在间作系统中,由于2种作物根系的互作不仅使有机物转化速度加快、生物氧化代谢活动加强,而且改变了根际土壤的生境,增加了微生物数量,使作物根系和微生物向土壤中释放酶的数量增加。

本试验中,与单作相比,甘蔗/花生间作增加了根际土壤细菌、真菌、放线菌数量,改善了土壤微生物群体的多样性;提高了根际土壤脲酶、酸性磷酸酶与过氧化氢酶的活性。相关分析结果显示,土壤微生物数量与土壤酶活性之间存在着密切的关系。

### 参考文献:

- [1] Mao L L, Zhang L Z, Zhao X H, et al. Crop growth, light utilization and yield of relay intercropped cotton as affected by plant density and a plant growth regulator[J]. Field Crops Research, 2014, 155: 67 – 76.
- [2] Egesa A O, Njagi S N, Muui C W. Effect of facilitative interaction of sorghum – cowpea intercrop on sorghum growth rate and yields[J]. Journal of Environment and Agricultural Science, 2016, 9: 50 – 58.
- [3] He Y, Ding N, Shi J C, et al. Profiling of microbial PLFAs: implications for interspecific interactions due to intercropping which increase phosphorus uptake in phosphorus limited acidic soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 57: 625 – 634.
- [4] Crème A, Rumpel C, Gastal F, et al. Effects of grasses and a legume

- grown in monoculture or mixture on soil organic matter and phosphorus forms[J]. Plant and Soil, 2016, 402(1/2): 117 – 128.
- [5] Kihara J, Martius C, Bationo A, et al. Soil aggregation and total diversity of bacteria and fungi in various tillage systems of sub – humid and semi – arid Kenya[J]. Applied Soil Ecology, 2012, 58: 12 – 20.
- [6] Lopes T C M, Hatt S, Xu Q X, et al. Wheat (*Triticum aestivum* L.) – based intercropping systems for biological pest control[J]. Pest Management Science, 2016, 72(12): 2193 – 2202.
- [7] Brooker R W, Karley A J, Newton A C, et al. Facilitation and sustainable agriculture: a mechanistic approach to reconciling crop production and conservation[J]. Functional Ecology, 2016, 30(1): 98 – 107.
- [8] 覃潇敏, 郑毅, 汤利, 等. 玉米与马铃薯间作对根际微生物群落结构和多样性的影响[J]. 作物学报, 2015, 41(6): 919 – 928.
- [9] Wahbi S, Prin Y, Thioulouse J, et al. Impact of wheat/faba bean mixed cropping or rotation systems on soil microbial functionalities[J]. Frontiers in Plant Science, 2016, 7: 1364.
- [10] 唐秀梅, 钟瑞春, 蒋菁, 等. 木薯/花生间作对根际土壤微生态的影响[J]. 基因组学与应用生物学, 2015, 34(1): 117 – 124.
- [11] 李伶俐, 黄耿华, 李彦鹏, 等. 棉花与不同作物同穴互作育苗对土壤微生物、酶活性和根系分泌物的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2012, 18(6): 1475 – 1482.
- [12] 李杨瑞. 现代甘蔗学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2010: 18 – 20.
- [13] 李杨瑞, 杨丽涛, 谭宏伟, 等. 广西甘蔗栽培技术的发展进步[J]. 南方农业学报, 2014, 45(10): 1770 – 1775.
- [14] 贾志红, 杨珍平, 张永清, 等. 麦田土壤微生物三大种群数量的研究[J]. 麦类作物学报, 2004, 24(3): 53 – 56.
- [15] 李振高, 骆永明, 滕应. 土壤与环境微生物研究法[M]. 北京: 科学出版社, 2008: 92 – 93.
- [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: 135 – 137.
- [17] 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.
- [18] 张向前, 黄国勤, 卞新民, 等. 施氮肥与隔根对间作大豆农艺性状和根际微生物数量及酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2012, 49(4): 731 – 739.
- [19] 胡举伟, 朱文旭, 张会慧, 等. 桑树/大豆间作对植物生长及根际土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2013, 24(5): 1423 – 1427.
- [20] 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.
- [21] 耿广东, 王忠平, 冯道友, 等. 玉米与姜间作对土壤微生物和酶活性的影响[J]. 土壤通报, 2009, 40(5): 1104 – 1106.
- [22] 姜丹丹, 周连仁, 依洪涛, 等. 大豆·玉米不同种植方式对土壤酶活性·土壤无机氮含量的影响[J]. 安徽农业科学, 2012, 40(12): 7115 – 7118.