

于寒, 吴春胜, 王振民, 等. 连作对大豆根际可培养微生物及土壤理化性状的影响[J]. 华南农业大学学报, 2014, 35(2): 28-34.

连作对大豆根际可培养微生物及土壤理化性状的影响

于寒, 吴春胜, 王振民, 陈喜凤, 谷岩
(吉林农业大学农学院, 吉林 长春 130118)

摘要:【目的】探讨大豆重迎茬对根际可培养微生物及土壤理化性状的影响.【方法】以正茬和重迎茬大豆根际土壤为研究对象,在不同生育时期取根际土进行土壤微生物区系、微生物生理类群和土壤理化性状等指标的测定.【结果和结论】大豆重迎茬对土壤可培养微生物及微生物生理类群有较大影响.重迎茬使大豆全生育期细菌、放线菌、氨化细菌、硝化细菌、好气性自生固氮菌和纤维素分解菌总量减少,真菌数量显著增加.各处理土壤平均碱解氮和速效钾含量顺序为:正茬>迎茬>重茬1年>重茬2年>重茬3年;而土壤速效磷含量为正茬>迎茬>重茬1年>重茬3年>重茬2年.轮作正茬大豆土壤团聚体的平均质量直径(MMD)和几何平均直径(GMD)均高于迎茬和重茬各处理,其中以GMD差异更显著.

关键词:大豆;连作;土壤微生物;土壤理化性状

中图分类号:S513

文献标志码:A

文章编号:1001-411X(2014)02-0028-07

Effects of soybean continuous cropping on rhisphere culturable microorganisms and physicochemical properties of soil

YU Han, WU Chunsheng, WANG Zhenmin, CHEN Xifeng, GU Yan
(College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract:【Objective】Effects of soybean continuous cropping on soil microorganisms and physicochemical properties were studied.【Method】With the rhisphere soils of cropping and rotation soybean as test materials, the following indexes including soil microorganisms, bacterial physiological groups, physicochemical properties were investigated during the different growth stages of soybean.【Result and conclusion】The results showed that there were significant influences of continuous and alternate cropping on soil microorganisms. The number of bacteria, actinomycetes decreased, especially the reduction of ammonifying bacteria, nitrifying bacteria, aerobic nitrogen-fixing bacteria, cellulose-decomposing bacteria, but fungi amount increased. The content order of soil available nitrogen and potassium was rotation cropping > alternate cropping > 1-year continuous cropping > 2-year continuous cropping > 3-year continuous cropping. The content order of soil available phosphorus was rotation cropping > alternate cropping > 1-year continuous cropping > 3-year continuous cropping > 2-year continuous cropping. The mean mass diameter and geometric mean diameter of rotation soil were significantly higher than alternate and continuous cropping.

Key words:soybean; continuous cropping; soil microorganism; physicochemical property of soil

收稿日期:2013-02-26 优先出版时间:2014-01-03

优先出版网址:<http://www.cnki.net/kcms/detail/44.1110.S.20140103.0822.006.html>

作者简介:于寒(1982—)女,博士研究生,E-mail:yuhan_0910@163.com;通信作者:谷岩(1981—),女,副研究员,博士,E-mail:guyan810831@163.com

基金项目:国家自然科学基金青年基金(31000687);吉林农业大学校内博士启动基金(201206)

<http://xuebao.scau.edu.cn>

大豆是我国乃至世界的主要作物之一,连作导致大豆产量降低甚至绝产^[1-3].因此,探讨连作导致大豆减产的因素,对于解决大豆的连作障碍有重要意义.关于大豆连作障碍的研究以大豆和土壤之间的微生物学研究较为热门.许多专家和学者分别从土壤养分^[4]、土壤酶活性^[5]、土壤微生物区系^[6-11]、根部病虫害^[12]、作物根系分泌及残根腐解的有害化感物质累积^[13]、土壤微生物群落功能多样性^[14]等方面对大豆根际土壤微环境做了详尽的研究,均说明大豆连作障碍是大豆和土壤微生态系统中多种因子综合作用的结果^[15].大豆连作使根区土壤微生物群落功能多样性发生改变、细菌和有益真菌数量减少、有害真菌数量(如镰刀菌和青霉菌)和病虫害增加等.谷岩等^[16]在前期试验中利用磷酸脂肪酸图谱 PLFA 方法也表明,大豆连作后土壤微生物群落结构及土壤酶活性均发生改变.但目前对于连作大豆根区土壤微生物生理类群及土壤理化性质的综合影响仍然缺乏系统研究.

土壤微生物生理类群在土壤微生态中发挥着重要的作用,直接参与土壤中 C、N 等营养元素循环和能量流动,其数量和活性关系到土壤肥力的高低及土壤生态系统的维持和改善^[17-18].土壤中物质的分解、吸收和转化都是靠土壤微生物各专一性的生理类群完成的^[19],土壤微生物生理类群群落结构与作物种植模式、施肥制度等因素密切相关^[20-21].本文研究了连作大豆不同生育时期土壤微生物、微生物生理类群和土壤理化性状的动态变化,试图探明连作对大豆根区微生态环境的影响,评价连作大豆土壤质量演变规律,为大豆可持续发展提供科学的理论依据.

1 材料与方法

1.1 材料和试验设计

大豆品种为欧科豆 25 号,来自于吉林农业大学.试验地点位于吉林农业大学作物研究中心试验站.土壤为典型黑土.不同处理分别为:正茬(玉米-玉米-玉米-大豆)、大豆迎茬(大豆-玉米-大豆)、重茬 1 年、重茬 2 年和重茬 3 年处理.每处理小区行长 20 m,共 20 行,行距 0.65 m,小区面积为 260 m².2011 年 4 月 26 日播种,条播,种植密度为 20 万株·hm⁻².施肥量:磷酸二铵 400 kg·hm⁻²,氯化钾 50 kg·hm⁻².10 月 3 日统一收获.

分别于 4 月 26 日、6 月 1 日(苗期)、6 月 20 日(分枝期)、7 月 10 日(开花期)、7 月 30 日(结荚盛期)、8 月 20 日(鼓粒期)、9 月 10 日(初熟期)、9 月

30 日(完熟期)取土样.按照五点法选取长势均匀一致的植株,轻轻抖动根系,从根系上脱落的土壤颗粒为非根际土,紧密附着于根未脱落的土壤为根际土^[22],将土壤混匀后放于灭菌袋中,分别用于土壤微生物区系、微生物生理类群和土壤理化性状的测定;成熟期对土壤进行湿筛分离,分组测定土壤团聚体.

1.2 测定项目与方法

1.2.1 土壤微生物区系和生理类群的测定 采用稀释平板计数法,6 次重复.利用牛肉膏蛋白胨、马丁氏孟加拉红培养基和淀粉琼脂(改良高氏 1 号)培养基分别进行大豆根区土壤中细菌、真菌和放线菌的分离和计数,培养温度(28±2)℃,细菌在培养后的第 24 小时计数;真菌在培养后的第 3 天计数;放线菌则在第 7 天计数.微生物数量以 1 g 干土中的菌落数表示,菌落数=同一个稀释度 6 次重复的菌落平均数×10×稀释倍数.

微生物主要生理类群氨化细菌、硝化细菌、好气性固氮菌和好气性纤维素分解菌数量分析采用稀释平板法;氨化细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基;硝化细菌采用改良斯蒂芬逊(Stephenson)培养基;好气性纤维素分解菌采用赫奇逊氏(Hutchinson)培养基;好气性自生固氮菌采用改良阿须贝氏(Ashby)无氮琼脂培养基.接种后置于 28℃ 恒温箱内培养.以上所有指标测定方法均参照《土壤微生物研究法》^[22]和《土壤微生物生态学及其实验技术》^[23].

1.2.2 土壤理化性状的测定 土壤基本理化性状测定参照鲁如坤^[24]的《土壤农业化学分析方法》.土壤有机质采用 K₂Cr₂O₇-H₂SO₄ 消煮、FeSO₄ 容量法测定;土壤碱解氮采用碱解扩散法测定;速效磷用 Olsen 法测定;速效钾用中性 NH₄Ac 浸提、火焰光度法测定.

土壤团聚体分组参照 Six 等^[25]的方法略作修改,将土壤样品按粒径(*R*)分离成 $R > 2.000 \text{ mm}$ 、 $0.250 \text{ mm} < R \leq 2.000 \text{ mm}$ 、 $0.053 \text{ mm} < R \leq 0.250 \text{ mm}$ 和 $R \leq 0.053 \text{ mm}$ 4 个粒级的团聚体.土壤团聚体稳定性用平均质量直径(MWD)和几何平均直径(GMD)来衡量,计算公式如下:

$$\text{MWD} = \sum_{i=1}^n (\bar{X}_i W_i),$$

$$\text{GMD} = \exp \left[\frac{\sum_{i=1}^n (W_i \ln \bar{X}_i)}{\sum_{i=1}^n W_i} \right],$$

式中: \bar{X}_i 为团聚体第 *i* 个组分占土样总质量的比例; W_i 为团聚体第 *i* 个组分的平均直径; n 为每一级别团聚体数量.

1.3 数据分析

试验数据采用 Excel 2003 和 SPSS 13.0 进行处理,用 Duncan's 法进行多重比较。

2 结果与分析

2.1 连作对大豆根际微生物区系的影响

从图 1A 可以看出:轮作正茬大豆根际细菌数量整个生育时期呈现“S”型曲线,在大豆生育初期(苗

期至开花初期),土壤细菌数量缓慢增长且数量较低,与其他处理无显著差异.从 7 月 30 日开始,细菌数量显著增加,直至成熟期达到最高点;而其他 4 个处理大豆根际土壤细菌含量均呈现“升高-降低-再升高”的趋势,在 7 月 30 日达到第 1 个高峰点,此后略有下降,成熟期继续增加.在整个生育时期,各处理细菌总量顺序为:正茬 > 迎茬 > 重茬 3 年 > 重茬 2 年 > 重茬 1 年.

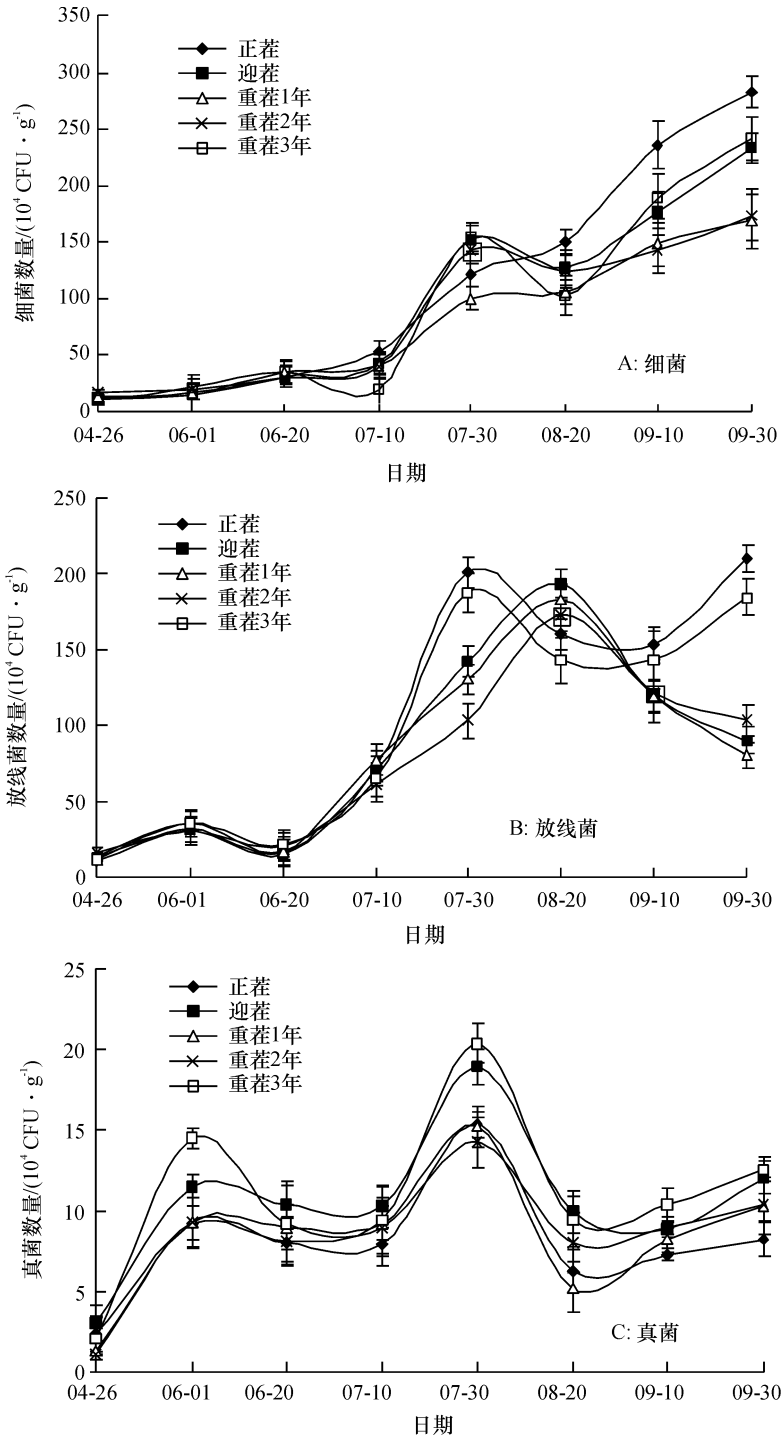


图 1 连作对大豆根际土壤微生物数量的影响

Fig. 1 Influences of continuous cropping on microorganisms in the rhizosphere soil of soybean

大豆根际放线菌数量在生育初期处理间无显著差异,7月30日轮作正茬和重茬3年放线菌数量达到最高点,显著高于其他处理,在8月20日有所降低,但成熟期数量又显著增加.而迎茬、重茬1年和重茬2年大豆根际放线菌数量在8月20日达到峰值,此后迅速降低.在成熟期,正茬大豆根际土壤放线菌数量比迎茬、重茬1年、重茬2年和重茬3年分别增加26.5%、30.2%、35.4%和8.24%(图1B).

根际土壤真菌数量在全生育时期内呈现“M”型曲线,高峰分别在苗期和鼓粒期,在这2个时期,土壤真菌数量以重茬3年和迎茬处理最高,显著高于其他处理.此期重茬3年比迎茬处理土壤真菌数量增加7.5%,比其他3个处理平均数量增加36.5%.整个生育时期内,重茬1年、重茬2年和轮作正茬3个处理大

豆根际土壤真菌数量无显著差异(图1C).

2.2 连作对大豆根际土壤微生物主要生理类群的影响

土壤中物质的分解、吸收和转化均由土壤微生物各专一性的生理类群完成,其数量和活性直接关系到土壤肥力的高低.从表1可以看出,在分析的几类有益细菌生理类群中,氨化细菌数量最多,好气性自生固氮菌次之,好气性纤维素分解菌含量最少.在整个大豆生长过程中,好气性纤维素分解菌数量在7月10日初花期达最大值,其他各生理菌群数量均在结荚期出现高峰,氨化细菌和硝化细菌数量处理间顺序均为:正茬>迎茬>重茬1年>重茬3年>重茬2年;好气性自生固氮菌和好气性纤维素分解菌:正茬>迎茬>重茬1年>重茬2年>重茬3年.

表1 连作对大豆根际土壤微生物主要生理类群的影响¹⁾

Tab.1 Influences of continuous cropping soybean on the soil microbial physiological groups

$10^3 \cdot g^{-1}$

| 微生物生理类群 | 处理 | 06-01 | 06-20 | 07-10 | 07-30 | 08-20 | 09-10 | 09-30 |
|-----------|------|----------|---------|---------|---------|---------|---------|----------|
| 氨化细菌 | 正茬 | 564.00a | 628.00a | 738.00a | 795.00a | 702.00a | 688.00a | 745.00a |
| | 迎茬 | 486.00b | 597.00a | 628.00b | 725.00a | 715.00a | 664.00a | 711.00a |
| | 重茬1年 | 324.00c | 502.00b | 531.00c | 641.00b | 623.00c | 538.00b | 704.00a |
| | 重茬2年 | 204.00d | 256.00c | 298.00d | 486.00c | 429.00d | 411.00c | 638.00ab |
| | 重茬3年 | 265.00cd | 455.00b | 514.00c | 610.00b | 591.00b | 546.0b | 576.00b |
| 好气性自生固氮菌 | 正茬 | 504.00a | 526.00a | 668.00a | 784.00a | 643.00a | 591.00a | 534.00a |
| | 迎茬 | 514.00a | 534.00a | 642.00a | 775.00a | 631.00a | 584.00a | 556.00a |
| | 重茬1年 | 434.00b | 503.00a | 613.00a | 664.00b | 613.00a | 551.00a | 508.00a |
| | 重茬2年 | 235.00c | 288.00b | 305.00b | 439.00c | 325.00b | 334.00b | 338.00b |
| | 重茬3年 | 218.00c | 266.00b | 201.00c | 296.00d | 176.00c | 165.00c | 189.00c |
| 好气性纤维素分解菌 | 正茬 | 1.15a | 1.56a | 2.49a | 1.75a | 1.64a | 1.43a | 1.21a |
| | 迎茬 | 0.99b | 1.21b | 1.88b | 1.76a | 1.52ab | 1.52a | 1.04a |
| | 重茬1年 | 0.91b | 1.18b | 1.92b | 1.69a | 1.68a | 1.43a | 1.15a |
| | 重茬2年 | 0.81b | 0.89c | 1.52c | 1.57a | 1.38b | 1.29a | 1.04a |
| | 重茬3年 | 0.57c | 0.68d | 1.08d | 0.75b | 0.64c | 0.58b | 0.61b |
| 硝化细菌 | 正茬 | 58.60a | 61.50a | 64.80a | 78.60a | 71.50a | 64.20a | 54.00a |
| | 迎茬 | 44.80b | 45.80b | 60.60a | 63.10b | 54.20c | 51.00b | 49.20a |
| | 重茬1年 | 45.10b | 43.90b | 52.40b | 61.80b | 62.90b | 57.40ab | 51.60a |
| | 重茬2年 | 27.40c | 29.60c | 31.80c | 47.60c | 44.30d | 41.60c | 40.70b |
| | 重茬3年 | 30.30c | 35.80c | 50.10b | 52.80c | 46.40d | 42.80c | 41.00b |

1) 相同微生物生理类群同列数据后凡是有有一个相同小写字母者,表示处理间差异不显著($P>0.05$, Duncan's 法).

2.3 连作对大豆根际土壤养分的影响

大豆连作对土壤理化性状的影响见表2.正茬和迎茬处理土壤碱解氮在6月20日大豆分枝期呈现低谷后逐渐升高,在7月30日结荚期达到最大值,

而后下降.重茬处理只有1个高峰,出现时间不同.重茬3年最大值出现在8月20日鼓粒期,而重茬1年和2年处理土壤碱解氮在结荚期达最大.处理间碱解氮为:正茬>迎茬>重茬1年>重茬2年>重

茬3年.在7月30日结荚期,正茬处理土壤碱解氮比迎茬、重茬1年、重茬2年和重茬3年处理分别增加10.7%、17.9%、31.5%和48.1%.

整个生长过程中,土壤速效磷含量为:正茬、迎茬(二者无显著差异) > 重茬1年 > 重茬3年 > 重茬2年.在7月30日鼓粒期,正茬处理土壤速效磷含

量比迎茬、重茬1年、重茬2年、重茬3年处理分别增加7.06%、25.62%、76.18%和47.16%.而各处理大豆根际土壤速效钾含量在大豆生育期内,呈现“升高-降低-升高”的变化趋势,分别在7月10日初花期和9月30日达到两个极点,土壤速效钾含量以正茬最高,重茬3年最低.

表2 连作对大豆根际土壤养分的影响

Tab.2 Influences of continuous cropping soybean on the soil nutrients

$w/(mg \cdot kg^{-1})$

| 土壤养分 | 处理 | 06-01 | 06-20 | 07-10 | 07-30 | 08-20 | 09-10 | 09-30 |
|------|------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|
| 碱解氮 | 正茬 | 158.28a | 149.42a | 186.19a | 210.69a | 180.42a | 173.45a | 149.68a |
| | 迎茬 | 145.69b | 142.36a | 167.09b | 190.29b | 171.48b | 168.34a | 130.17b |
| | 重茬1年 | 130.81c | 139.65a | 172.54b | 178.62c | 172.22b | 154.68b | 136.80b |
| | 重茬2年 | 121.43c | 125.97b | 139.43c | 160.27d | 160.66c | 152.36bc | 118.78c |
| | 重茬3年 | 105.77d | 112.68c | 138.45c | 142.28e | 154.57c | 143.59c | 128.64b |
| 速效磷 | 正茬 | 18.45b | 18.34a | 18.02a | 17.61a | 15.27a | 16.35a | 17.74a |
| | 迎茬 | 21.54a | 19.67a | 18.10a | 16.44a | 15.01a | 15.28a | 16.52a |
| | 重茬1年 | 17.85bc | 16.22b | 15.34b | 14.01b | 14.35a | 15.42a | 16.61a |
| | 重茬2年 | 14.66d | 13.03c | 11.69c | 10.09c | 11.83b | 10.94b | 10.27c |
| | 重茬3年 | 16.43cd | 14.26bc | 13.49bc | 11.96c | 12.51ab | 12.38b | 13.88b |
| 速效钾 | 正茬 | 129.99a | 133.58a | 146.32a | 143.23a | 133.92a | 139.48a | 143.35a |
| | 迎茬 | 130.56a | 132.58a | 132.22ab | 124.56b | 124.24bc | 125.64ab | 127.74ab |
| | 重茬1年 | 116.83ab | 121.09ab | 124.31bc | 116.08bc | 110.75c | 116.57b | 119.68bc |
| | 重茬2年 | 111.62bc | 113.46b | 121.34bc | 120.79bc | 109.64c | 110.56bc | 109.72cd |
| | 重茬3年 | 100.94bc | 108.17b | 110.36c | 106.27c | 90.65d | 93.54c | 96.25d |

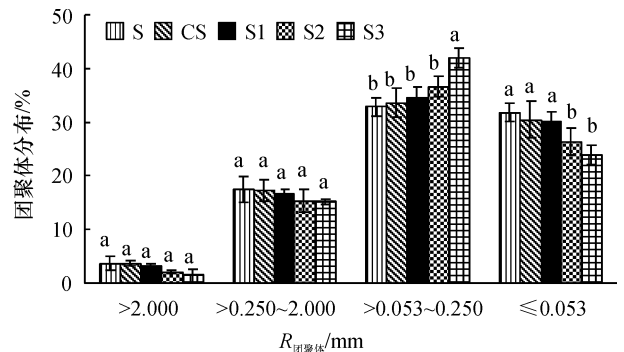
1) 相同土壤养分同列数据后凡是有一个相同小写字母者,表示处理间差异不显著($P > 0.05$, Duncan's 法).

2.4 连作对大豆土壤团聚体分布和分形特征的影响

土壤经过湿筛分组后,稳定性高的团聚体在水的保护下,不容易分解,而稳定性较低的团聚体则很容易解体为粒径更小的团聚体.水稳性团聚体对保持土壤结构的稳定性有重要的贡献^[26].各处理以 $0.053 \text{ mm} < R \leq 0.250 \text{ mm}$ 的土壤微团聚体占土壤总干质量的比重最高,以 $R > 2.000 \text{ mm}$ 的土壤大团聚体最低.在 $0.053 \text{ mm} < R \leq 0.250 \text{ mm}$ 的土壤微团聚体中,重茬3年处理最高,正茬处理最低;而在 $R \leq 0.053 \text{ mm}$ 的土样中,则呈现相反变化(图2).

土壤团聚体是具有分形特征的系统^[26].土壤团聚体的平均质量直径和几何平均直径是各粒径土壤团聚体含量的综合反映.从图3可以看出,土壤团聚体的几何平均直径各处理间差异更大,正茬 > 重茬1年、迎茬(二者无显著差异) > 重茬2年 > 重茬3年;

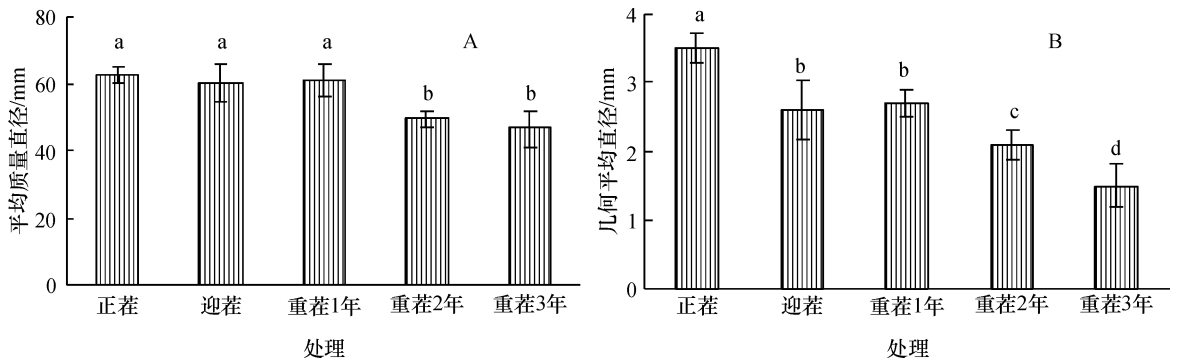
正茬、迎茬和重茬1年的土壤团聚体平均质量直径无显著差异,均显著高于重茬2年和3年.



相同团聚体粒径范围不同柱子上凡是有一个相同小写字母者,表示差异不显著($P > 0.05$, Duncan's 法).

图2 连作对大豆土壤团聚体分布的影响

Fig.2 Influences of continuous cropping soybean on the soil aggregates size



每图中,柱子上凡是有一个相同小写字母者,表示差异不显著($P > 0.05$, Duncan's 法).

图3 连作对大豆土壤团聚体平均质量直径和几何平均直径的影响.

Fig. 3 Influences of continuous cropping soybean on mean mass diameter and geometric mean diameter of the soil

3 讨论与结论

土壤微生物是土壤活的有机体.大豆重、迎茬使其全生育时期细菌和放线菌总量减少,真菌总量增加,连作年限及迎茬处理之间变化无规律.微生物生理类群在土壤微生态中发挥着重要的作用,在物质转化中具有特定的功能^[17]. 氨化细菌、硝化细菌、好气性自生固氮菌和纤维素分解菌都是参与土壤氮素循环的有益微生物生理群.有研究表明,连作土壤中根际微生物比较单一,多样性较差,连作区内细菌生理菌群数量相对较少^[27].随着连作年限的增加,各有益细菌生理类群的数量逐渐减少^[28].在本试验中,重迎茬使4种微生物生理类群总量均减少,但处理间变化并不一致.其中,好气性自生固氮菌和纤维素分解菌顺序为:正茬>迎茬>重茬1年>重茬2年>重茬3年;而硝化细菌和氨化细菌则为轮作正茬>迎茬、重茬1年>重茬3年>重茬2年.刘亚锋等^[29]对连作黄瓜和孙艳艳等^[30]对连作番茄的研究中发现,连作2年的土壤中自生固氮菌和纤维素分解菌数量上升,第3年有所下降.而刘素慧等^[17]对连作大蒜的研究表明,短期连作(5~10年)对土壤中氨化细菌和硝化细菌等具有促进作用,长期连作(15~20年)有一定的抑制作用.因此,根际微生物主要生理类群数量变化规律并不一致,与作物种类、不同连作年限、作物根际分泌物、腐解物的种类和数量均密切相关.

大豆连作障碍很大程度上是由于连作改变了土壤微生物环境,进而改变土壤理化性状.连作大豆秸秆腐解物和根系分泌物等在土壤中的残留和积累,产生了自身的毒害作用^[31],不仅影响土壤微生物种群的变化,也对土壤养分产生一定的影响.本研究各处理土壤平均碱解氮和速效钾含量顺序为:正茬>迎茬>重茬1年>重茬2年>重茬3年;而土壤速效磷含量为正茬>迎茬>重茬1年>重茬3年>重茬

2年.而孙磊^[32]在对大豆根际土壤养分的研究中表明,正茬速效氮含量显著高于重茬处理,但连作8年和12年之间无显著差异,甚至比连作4年有所提高;速效磷不同连作年限间变化不明显;而速效钾则在连作4年后含量有所提高.王树起等^[5]研究结果表明,与正茬相比,迎茬和不同连作年限土壤有效养分含量均降低,其中连作2年各种养分降低幅度最大,碱解氮、速效磷和速效钾含量分别降低了40.4%、53.6%和41.3%.随着连作时间的延长,各种有效养分含量又有所增加.受作物自身特性和自然生态环境的影响,不同作物或同一作物不同地点连作效应的结果均不尽相同.刘建国等^[33]对连作棉田的研究结果表明,随着连作年限的增加土壤有机质和碱解氮含量呈现增长趋势,有效磷含量连作10年后较稳定,有效钾含量显著下降.

通过比较湿筛后土壤各级粒径(R)团聚体的变化发现,以 $0.053\text{ mm} < R \leq 0.250\text{ mm}$ 和 $R \leq 0.053\text{ mm}$ 的土壤微团聚体差异最显著,且二者在不同处理间呈现相反变化.在对连作棉花的研究中,连作10年以后 $0.053\text{ mm} < R \leq 0.250\text{ mm}$ 土壤团聚体所占比例开始下降,而 $R \leq 0.053\text{ mm}$ 的则开始升高^[34].土壤团聚体的平均质量直径和几何平均直径是反映土壤团粒结构粒径几何形状的重要参数,某一粒径团聚体的变化对土壤团聚体的特征都可能产生重要影响.平均质量直径和几何平均直径数值越高,表明土壤抗侵蚀能力越强,越具有良好的结构^[35].本试验中,以几何平均直径差异更显著,轮作处理显著高于迎茬和连作.连作大豆由于其秸秆腐解物在土壤中的不断积累,其C、N比例失调,而轮作处理土壤不同作物的种植可对土壤有机质进行适当补充,尤其玉米-大豆根系分泌物及秸秆腐解物之间的相互作用,可促进大豆根系分泌物及根茬腐解物的分解.无论是连作大豆还是迎茬大豆,复杂的耕作措施都对土壤进行强烈的扰

动,进而降低耕层土壤团聚体的团聚度和稳定性.

参考文献:

- [1] SUSSER J N, UZZELL G JR. Control of the soybean cyst nematode by crop rotation in combination with a nematicide [J]. *J Nematol*, 1991, 23(3):344-347.
- [2] 王金龙,徐冉,陈存来,等.大豆连作下土壤环境条件变化的概述[J]. *大豆科学*, 2000, 19(4):367-371.
- [3] LIU Xiaobing, HERBERT S J. Fifteen years of research examining cultivation of continuous soybean in northeast China: A review[J]. *Field Crop Res*, 2002, 79(1):1-7.
- [4] 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.
- [5] 王树起,韩晓增,乔云发,等.寒地黑土大豆轮作与连作不同年限土壤酶活性及相关肥力因子的变化[J]. *大豆科学*, 2009, 28(4):611-615.
- [6] 季尚宁,肖玉珍.土壤灭菌对连作大豆生长发育的影响[J]. *东北农业大学学报*, 1996, 27(4):326-329.
- [7] 台莲梅,张红梅,闫风云,等.重迎茬对大豆根际土壤微生物数量的影响[J]. *土壤肥料*, 2003(6):41-43.
- [8] 马春梅,唐远征,季尚宁.作物定位轮作体系长期试验研究:II:不同轮作方式对大豆田土壤微生物数量的影响[J]. *东北农业大学学报*, 2004, 35(6):645-650.
- [9] 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.
- [10] 刘金波,许艳丽,李春杰,等.长期连作对大豆根际真菌主要类群的影响[J]. *农业系统科学与综合研究*, 2009, 25(1):105-113.
- [11] 陈中宽,黄复民,郭桂清,等.大豆连作土壤肥力变化与有害生物发生的关系[J]. *中国农学通报*, 2006, 22(7):373-376.
- [12] GARBEVA P, VAN VEEN J A, VAN ELSAS J D. Microbial diversity in soil: Selection of microbial populations by plant and soil type and implications for disease suppressiveness[J]. *Annu Rev Phytopathol*, 2004, 42:243-270.
- [13] 战秀梅,韩晓日,杨劲峰,等.大豆连作及其根茬腐解物对大豆根系分泌物中酚酸类物质的影响[J]. *土壤通报*, 2004, 35(4):632-635.
- [14] 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.
- [15] 刘金波,许艳丽.我国连作大豆土壤微生物研究现状[J]. *中国油料作物学报*, 2008, 30(1):132-136.
- [16] 谷岩,邱强,王振民,等.连作大豆根际微生物群落结构及土壤酶活性[J]. *中国农业科学*, 2012, 45(19):3955-3964.
- [17] 刘素慧,刘世琦,张自坤,等.大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(5):1000-1006.
- [18] JORDAN D, KREMER R J, BERGFELD W A, et al. Evaluation of microbial methods as potential indicators of soil quality in historical agricultural fields[J]. *Biol Fert Soil*, 1995, 19(4):297-302.
- [19] 魏媛,张金池,俞元春,等.贵州花江退化喀斯特植被不同恢复阶段土壤微生物生理类群数量变化[J]. *农业现代化研究*, 2010, 31(3):356-360.
- [20] 李东坡,武志杰,陈利军.有机农业施肥方式对土壤微生物活性的影响研究[J]. *中国农业生态研究*, 2005, 13(12):178-181.
- [21] 宋日,吴春胜,牟金明,等.玉米根茬留田对土壤微生物量碳和酶活性动态变化特征的影响[J]. *应用生态学报*, 2002, 13(3):303-306.
- [22] 中国科学院南京土壤研究所微生物室.土壤微生物研究法[M].北京:科学出版社,1985:65-83.
- [23] 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.
- [24] 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.
- [25] SIX J, CALLEWAERT P, LENDERS S, et al. Measuring and understanding carbon storage in afforested soils by physical fractionation[J]. *Soil Sci Soc Am J*, 2002, 66(6):1981-1987.
- [26] RIEU M, SPOSITO G. Soil fractal fragmentation, soil porosity and soil water properties[J]. *Appl Soil Sci*, 1991, 55:1230-1238.
- [27] 刘新品,许艳丽,李春杰,等.大豆轮作系统对土壤细菌生理菌群的影响[J]. *大豆科学*, 2007, 26(5):723-727.
- [28] 李琼芳.不同连作年限麦冬根际微生物区系动态研究[J]. *土壤通报*, 2006, 37(3):563-565.
- [29] 刘亚锋,孙富林,周毅,等.黄瓜连作对土壤微生物区系的影响:I:基于可培养微生物种群的数量分析[J]. *中国蔬菜*, 2006(7):4-7.
- [30] 孙艳艳,刘建国,富成璞,等.连作条件下加工番茄根区微生物区系动态变化[J]. *新疆农业科学*, 2010, 47(8):1596-1599.
- [31] LIU J G, LI Y B, JIANG G Y, et al. Allelopathic effects of cotton in continuous cropping[J]. *Allelopathy J*, 2008, 21(2):299-306.
- [32] 孙磊.不同连作年限对大豆根际土壤养分的影响[J]. *土壤肥料科学*, 2008, 24(12):266-269.
- [33] 刘建国,张伟,李彦斌,等.新疆绿洲棉花长期连作对土壤理化性状与土壤酶活性的影响[J]. *中国农业科学*, 2009, 42(20):725-733.
- [34] 柴仲平,梁智,王雪梅,等.连作对棉田土壤物理性质的影响[J]. *中国农学通报*, 2008, 24(8):192-195.
- [35] NIMMO J R, PERKINS K S. Aggregates stability and size distribution[M] // [Anon]. *Methods of soil analysis: Part 4: Physical methods*[M]. Wisconsin, USA: Inc Madison, 2001:317-328.

【责任编辑 周志红】