

李万星, 李小霞, 李 丹, 等. 不同轮作模式下旱地番茄土壤理化性质及细菌群落组成特征[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(4): 949-957.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2022.04.011

不同轮作模式下旱地番茄土壤理化性质及细菌群落组成特征

李万星¹, 李小霞¹, 李 丹¹, 靳鲲鹏¹, 韩文清¹, 刘永忠¹, 黄学芳², 苏秀敏¹,
王 佼¹, 曹晋军¹

(1. 山西农业大学谷子研究所, 山西 长治 046000; 2. 山西农业大学山西有机旱作农业研究院, 山西 太原 030000)

摘要: 为研究不同轮作模式对旱地番茄土壤肥力及细菌群落组成特征的影响, 以旱地番茄-豆角-糯玉米-旱地番茄(LVZm)、旱地番茄-豆角-西葫芦-旱地番茄(LVCp)、旱地番茄-豆角-花生-旱地番茄(LVAh)、旱地番茄-豆角-葱-旱地番茄(LVaf)、旱地番茄-豆角-秋葵-旱地番茄(LVAe)、旱地番茄-豆角-黄瓜-旱地番茄(LVCs)、旱地番茄连作(CK)为研究对象, 测定土壤容重、土壤团聚体结构、土壤养分、土壤酶活性、细菌丰富度和多样性, 并通过主成分分析选出最优轮作模式。结果表明不同轮作处理对土壤容重、土壤团聚体结构和土壤养分的影响存在差异。与对照相比, LVZm、LVAh、LVaf 和 LVCs 处理显著降低了土壤容重; 除 LVAe 处理外, 各轮作处理均显著降低 0~10 cm 土层的 <0.25 mm 土壤团聚体含量; 除了 LVaf 处理和 LVAe 处理有机质含量与对照差异不显著, 其余轮作处理有机质含量都显著增加; 全氮、全钾差异不显著; 除了 LVCs 处理全磷和碱解氮显著低于对照, 其余各轮作处理均显著高于对照; 除 LVAe 处理外, 各轮作处理有效磷和速效钾含量均显著高于对照; 与对照相比, 各轮作处理 pH 和电导率降低或显著降低, 碱性磷酸酶、脲酶、蔗糖酶和纤维素酶活性均增加或显著增加, 过氧化氢酶、脲酶和蛋白酶变化不明显。细菌群落组成测定结果表明变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门为各处理的优势菌门, 除绝大多数的未知菌属外, 溶杆菌属、Subgroup_6、假单胞菌属、藤黄单胞菌属为优势菌属。聚类分析结果表明, LVZm 处理和 LVaf 处理细菌群落结构最相似, LVCp 处理与各处理细菌群落结构相差最大。主成分分析(PCA)结果表明, LVAh 处理优于其他处理。综上所述, 轮作改善了土壤肥力, 改变了土壤细菌群落结构, 其中以旱地番茄-豆角-花生-旱地番茄轮作模式效果最好。

关键词: 轮作; 土壤养分; 土壤酶; 土壤微生物; 土壤细菌群落组成

中图分类号: S641.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2022)04-0949-09

Soil physical and chemical properties and bacterial community composition in dryland tomato under different rotation patterns

LI Wan-xing¹, LI Xiao-xia¹, LI Dan¹, JIN Kun-peng¹, HAN Wen-qing¹, LIU Yong-zhong¹,
HUANG Xue-fang², SU Xiu-min¹, WANG Jiao¹, CAO Jin-jun¹

(1. Institute of Millet, Shanxi Agricultural University, Changzhi 046000, China; 2. Shanxi Institute of Organic Dryland Farming, Shanxi Agricultural University, Taiyuan 030000, China)

收稿日期: 2022-03-23

基金项目: 山西省科技重大专项计划“揭榜挂帅”项目(2021011406-01026); 国家重点研发计划项目(2021YFD1901105-5); 山西省重点研发计划重点项目(201703D211002-4-3)

作者简介: 李万星(1978-), 男, 山西长治人, 本科, 副研究员, 主要从事有机旱作技术研究和大豆育种与栽培。(E-mail) gzs-lwx@163.com

通讯作者: 曹晋军, (E-mail) 53764135@qq.com

Abstract: In order to study the effects of different rotation patterns on soil fertility and bacterial community composition of dryland tomato, dryland tomato-*Phaseolus vulgaris*-waxy corn-dryland tomato (LVZm), dryland tomato-*Phaseolus vulgaris*-zucchini-dryland tomato (LVCp), dryland tomato-*Phaseolus vulgaris*-peanut-dryland tomato

(LVAh), dryland tomato-*Phaseolus vulgaris*-*Allium fistulosum*-dryland tomato (LVAF), dryland tomato-*Phaseolus vulgaris*-okra-dryland tomato (LVAe), dryland tomato-*Phaseolus vulgaris*-cucumber-dryland tomato (LVCs), and continuous cropping of dryland tomato (CK) were used as research objects. The soil bulk density, soil aggregates, soil nutrient content, soil enzyme activity, bacterial richness and diversity were determined, and the optimal rotation mode was studied by principal component analysis. The results showed that the effects of different crop rotation treatments on soil bulk density, soil aggregates and soil nutrients were different. Compared with the control, the LVZm, LVAh, LVAF and LVCs reduced soil bulk density significantly. Except LVAe treatment, every crop rotation treatment significantly reduced the content of aggregates less than 0.25 mm in 0–10 cm soil layer. Compared with the control, the organic matter contents of all crop rotation treatments increased significantly except LVAF and LVAe treatments. There was no significant difference in total nitrogen and total potassium. Compared with the control, total phosphorus and alkali-hydrolyzed nitrogen of all crop rotation treatments increased significantly except LVCs treatments. Compared with the control, the contents of usable phosphorus and available potassium in all crop rotation treatments increased significantly except LVAe treatments. The pH and electrical conductivity of each rotation treatments decreased or significantly decreased, compared with the control, decreased the alkaline phosphatase, urease invertase and cellulase significantly increased, and the variation of catalase, urease and protease was not obvious. The results of the bacterial community composition showed that Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi and Gemmatimonadetes were the dominant phyla. *Lysobacter*, *Subgroup_6*, *Sphingomonas* and *Luteimonas* were the dominant genera. The results of cluster analysis indicated that the bacterial community structures of LVZm and LVAF were the most similar, and the difference of bacterial community structures between LVCp treatment and the other treatments was the largest. By principal component analysis, the LVAh treatment was better than other treatments. In summary, crop rotation can improve the soil fertility and change the soil bacterial community structure, and LVAh its the best rotation mode.

Key words: crop rotation; soil nutrient; soil enzyme; soil microorganism; soil bacterial community composition

番茄广泛种植于世界各地,既可作为蔬菜也可作为水果,喜食之人甚多,以温室栽培为主。相对于温室番茄,旱地番茄种植于旱季,靠自然降雨生长,多种植于山西省东南部,尤以长治市壶关县生产的旱地番茄闻名。旱地番茄具有含糖量高、酸度低、番茄红素含量高等特点,且沙瓤细腻、果形圆润鲜亮、口感佳,因而深受各地人们喜爱^[1]。但为追求经济价值,当地百姓采用多年连作不换茬的种植方式,连作障碍现象严重,导致旱地番茄病害加重,土壤质量下降,严重影响旱地番茄品质。

在同一土地连续种植同种或同科作物,会使土壤酶活性下降和土壤微生物结构恶化,引起土传病害和产量降低,产生连作障碍。轮作不同作物可以改善土壤物理性质^[2],均衡土壤养分^[3],改变土壤酶活性^[4],改善作物根际土壤微生物结构^[5],减少土传病害的发生。杨尚东等^[6]研究发现番茄连作降低了土壤细菌的丰富度和多样性,土壤菌群失衡,而轮作黄瓜、白菜和菜豆等可以提高土壤微生物数量和土壤酶活性。细菌是土壤中最活跃的生物成分,在土壤中比例最大^[7],其在土壤中的丰富度和群落结构会因前茬作物的不同而不同。本研究以旱地番茄为研究对象,通过轮作不同作物,研究土壤容

重、团聚体结构、土壤养分及土壤酶活性,并应用高通量测序技术研究土壤细菌多样性及群落结构组成,探索旱地番茄连作障碍的形成机制,以期通过轮作方式缓解旱地番茄连作障碍提供理论基础和实践依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于山西省长治市壶关县东关壁村(113°22'E, 36°19'N)。2018年至2020年旱地番茄生育期内平均降水量为367.1 mm,降水主要集中在6、7、8月份,冬季、春季降雨量少,为典型的雨养农业区。年蒸发量2 063 mm,年平均气温9.4℃,一月最低气温-13.6℃,七月最高气温35.3℃,无霜期151 d,年日照时数2 619 h。

1.2 供试材料

供试番茄为日润1号,糯玉米为晋糯10号,西葫芦为东葫1号,秋葵为绿盐,黄瓜为中农18号,花生为长治县裕盛丰农业专业合作社提供,豆角和葱为当地种植品种。

1.3 试验设计

试验期为2018年3月–2020年11月,共7个

处理。试验地前茬为旱地番茄,2018 年轮作豆角,2019 年轮作 6 种作物,2020 年所有处理种植旱地番茄,试验设计见表 1。每处理设置 3 个重复,随机区组排列,小区面积 52 m²(长 8.0 m,宽 6.5 m),起垄铺膜,每垄 1.3 m,每小区 5 垄。播前统一撒施发酵过的鸡粪,施肥量为 54 000 kg/hm²,整个生长过程中不追肥,各小区管理方式一致。

表 1 试验的处理设置

Table 1 Treatment settings for the experiment

处理	2018 年	2019 年	2020 年
旱地番茄连作(CK)	旱地番茄	旱地番茄	旱地番茄
旱地番茄-豆角-糯玉米-旱地番茄(LVZm)	豆角	糯玉米	旱地番茄
旱地番茄-豆角-西葫芦-旱地番茄(LVCp)	豆角	西葫芦	旱地番茄
旱地番茄-豆角-花生-旱地番茄(LVAh)	豆角	花生	旱地番茄
旱地番茄-豆角-葱-旱地番茄(LVAf)	豆角	葱	旱地番茄
旱地番茄-豆角-秋葵-旱地番茄(LVAe)	豆角	秋葵	旱地番茄
旱地番茄-豆角-黄瓜-旱地番茄(LVCs)	豆角	黄瓜	旱地番茄

1.4 土样采集

2020 年旱地番茄拉秧前于每个小区采集土壤,采用五点法取样,土钻钻取 0~20.0 cm 表层土层(内径为 7 cm),将土样混合,自然风干,捡去石块、根等杂物,按照鲍士旦方法^[8]过不同孔径的筛子得到较细腻的土样用于测定土壤养分。拉秧前挖取旱地番茄的完整根部,将大块土壤抖落至铁盒,并将附着于根毛的土壤刷下,用筛子(1 mm)筛至自封袋内用于测定土壤酶活性。用铁锹挖取旱地番茄(三穗果时期)完整根部,将土壤抖落至无菌袋中,并将附着在根毛上的土壤轻轻刷下,置于冰盒带回实验室,保存于-80 ℃冰箱用于测定土壤细菌组成。

1.5 项目测定

1.5.1 土壤容重和团聚体结构测定 于 2020 年拉秧前取 0~20.0 cm 土层测土壤容重(采用环刀法)。分别取 0~10.0 cm 和 10.1~20.0 cm 土层的土壤,采用筛分法测定土壤水稳性团聚体。

1.5.2 土壤养分测定 土壤各养分的测定参考鲍士旦的方法^[8],pH 采用 pH 计测定,电导率采用 P4 多功能测定仪测定。

1.5.3 酶活性测定 土壤过氧化氢酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶、脲酶和纤维素酶活性的测定参考关松荫的方法^[9],蛋白酶活性用从南京卡文思检测技术有限公司购买的试剂盒测定。

1.5.4 土壤微生物的测定 DNA 提取和 PCR 扩增:将样品充分混匀,去除杂质,称取 1.00 g 鲜样。土壤细菌总 DNA 提取按照 DNeasy PowerSoil Kit (QIAGEN)试剂盒说明书进行,DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop2000 进行检测,对细菌 DNA 的 16S rRNA V3-V4 区段扩增,建库,并进行质检与定量。利用 QIIME2 软件对操作分类单元(Operational Taxonomic Units,OTU)在门和属水平上(97%相似度)进行聚类分析。根据样品 OTU 数量进行 Alpha 多样性(Chao1、Shannon、Shimpson 指数^[10-12])分析。

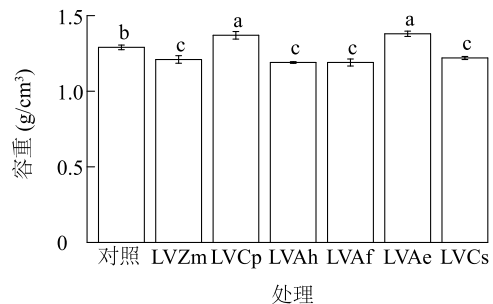
1.6 数据分析

采用 Excel2007 软件进行数据处理,使用 SPSS17.0 软件进行方差分析与多重比较(Duncan's 新复极差法)、Person 相关分析检验和主成分分析(Principal component analysis,PCA)。

2 结果与分析

2.1 轮作对土壤容重和团聚体结构的影响

轮作不同作物对土壤容重影响不同。由图 1 可知,与对照比较,LVZm、LVAh、LVAf、LVCs 处理显著降低了土壤容重,降幅为 5.43%~7.75%,而 LVCp、LVAe 处理土壤容重显著增加。根据土壤容重分级标准,容重在 1.00~1.25 g/cm³ 范围内属容重适宜,LVZm 处理、LVAh 处理、LVAf 处理和 LVCs 处理土壤容重适宜,而对照、LVCp 处理和 LVAe 处理容重均大于 1.25 g/cm³,土壤属于偏紧和紧实程度。



各处理见表 1。不同字母表示处理间在 0.05 水平上差异显著。

图 1 轮作对旱地番茄土壤容重的影响

Fig.1 Effects of rotation on soil bulk density of dryland tomato

由表 2 可知,各处理 ≥ 0.25 mm 的土壤团聚体含量在 0~10.0 cm 土层和 10.1~20.0 cm 土层有差异。与对照比较,LVAh、LVCs 处理显著提高了 0~10.0 cm 土层 ≥ 0.25 mm 的土壤团聚体含量,其他处理差异不显著;LVZm、LVAh 处理显著提高了 10.1~20.0 cm 土层 ≥ 0.25 mm 的土壤团聚体含量。与对照比较,LVAe 处理 0~10.0 cm 土层 < 0.25 mm 的土壤团聚体差异不显著,其余各轮作处理显著降低了 < 0.25 mm 的土壤团聚体含量,降幅为 9.01%~18.90%;10.1~20.0 cm 土层,LVZm、LVAe、LVCs 处理显著降低了 < 0.25 mm 的土壤团聚体含量,其余轮作处理与对照差异不显著。

表 2 轮作对旱地番茄土壤团聚体结构的影响

Table 2 Effects of rotation on soil aggregates of dryland tomato

处理	≥ 0.25 mm 土壤 团聚体含量 (%)		< 0.25 mm 土壤 团聚体含量 (%)	
	0~10.0 cm	10.1~20.0 cm	0~10.0 cm	10.1~20.0 cm
对照	21.50 \pm 0.59cd	17.00 \pm 0.22cd	26.19 \pm 0.26a	23.22 \pm 0.24ab
LVZm	23.97 \pm 0.57bc	20.18 \pm 0.54a	21.24 \pm 0.17d	19.10 \pm 0.24d
LVCp	24.05 \pm 0.28bc	18.24 \pm 0.17bc	23.83 \pm 0.09b	21.73 \pm 0.24bc
LVAh	30.14 \pm 0.21a	19.13 \pm 0.22ab	23.16 \pm 0.19bc	24.09 \pm 0.29a
LVAf	21.18 \pm 0.31d	17.01 \pm 0.13cd	22.21 \pm 0.24cd	23.72 \pm 0.08a
LVAe	23.66 \pm 0.32bcd	13.54 \pm 0.32e	25.39 \pm 0.23a	21.54 \pm 0.23c
LVCs	24.75 \pm 1.00b	16.15 \pm 0.46d	22.49 \pm 0.31c	20.83 \pm 0.60c

各处理见表 1。同一列不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

2.2 轮作对旱地番茄土壤养分的影响

由表 3 可知,各处理土壤养分差异显著。与对照比较,LVAf、LVAe 处理土壤有机质含量与对照差异不显著,其余各轮作处理有机质含量均显著增加。

表 3 轮作对旱地番茄土壤养分的影响

Table 3 Effects of rotation on soil nutrients of dryland tomato

处理	有机质 (g/kg)	全氮 (g/kg)	全磷 (mg/kg)	全钾 (g/kg)	碱解氮 (mg/kg)	有效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)	pH	电导率 (μ S/cm)
对照	11.13 \pm 0.12bc	0.93 \pm 0.02bc	1 122.74 \pm 0.94d	18.04 \pm 0.11b	79.45 \pm 0.15f	74.80 \pm 0.12e	357.45 \pm 0.14d	8.63 \pm 0.01a	112.50 \pm 0.23a
LVZm	13.44 \pm 0.09a	1.10 \pm 0.06ab	1 531.53 \pm 1.25a	18.91 \pm 0.01a	127.05 \pm 0.49d	85.80 \pm 0.10b	385.14 \pm 0.26b	8.50 \pm 0.01b	92.00 \pm 0.58c
LVCp	13.24 \pm 0.16a	1.10 \pm 0.06ab	1 449.45 \pm 28.77b	17.89 \pm 0.02b	147.70 \pm 0.18b	99.00 \pm 0.01a	381.47 \pm 0.21c	8.50 \pm 0.01b	92.10 \pm 0.20c
LVAh	13.36 \pm 0.18a	1.20 \pm 0.01a	1 286.30 \pm 0.85c	18.02 \pm 0.16b	161.00 \pm 0.14a	81.10 \pm 0.06c	389.21 \pm 0.32a	8.49 \pm 0.01b	84.50 \pm 0.23e
LVAf	11.99 \pm 0.22b	1.00 \pm 0.10abc	1 534.00 \pm 0.00a	18.26 \pm 0.05ab	133.00 \pm 0.37c	79.00 \pm 0.18d	388.80 \pm 0.42a	8.51 \pm 0.01b	94.00 \pm 0.25b
LVAe	11.73 \pm 0.08b	0.86 \pm 0.02c	1 276.81 \pm 0.75c	17.83 \pm 0.32b	99.40 \pm 0.03e	68.70 \pm 0.12f	357.04 \pm 0.55d	8.48 \pm 0.02b	87.80 \pm 0.27d
LVCs	13.40 \pm 0.10a	1.07 \pm 0.01abc	779.84 \pm 0.32e	16.25 \pm 0.06c	77.35 \pm 0.06g	98.60 \pm 0.17a	389.61 \pm 0.27a	8.49 \pm 0.01b	78.80 \pm 0.15f

各处理见表 1。同一列不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

LVAh 处理全氮含量显著增加,其余处理与对照差异不显著。LVCs 处理全磷含量显著低于对照,其余各轮作处理均显著高于对照,其中 LVAf 处理全磷含量最高,比对照高 36.63%。LVZm 处理全钾含量显著高于对照,LVCs 处理全钾含量显著低于对照,其余各处理与对照差异不显著。各轮作处理碱解氮含量显著高于对照,增幅为 25.11%~102.64%。除 LVAe 处理有效磷含量显著低于对照外,其余各轮作处理有效磷含量均显著高于对照。LVAe 处理速效钾含量与对照含量差异不显著,其余各轮作处理均显著高于对照。pH 值各处理土壤均呈碱性,且对照最大为 8.63,各轮作处理间差异不显著。对照土壤电导率为 112.50 μ S/cm,各轮作处理均显著降低了土壤电导率,降幅为 18.13%~29.96%,说明各轮作处理可以降低旱地番茄土壤盐渍化程度。

2.3 轮作对土壤酶活性的影响

由表 4 可知,与对照相比,LVAh、LVCs 处理分别显著提高了过氧化氢酶活性 4.87%和 3.68%,而 LVAf 处理降低了过氧化氢酶活性,其余轮作处理与对照差异不显著。与对照相比,各轮作处理碱性磷酸酶活性均增加,增幅为 1.85%~18.38%。与对照相比,LVCp、LVAf、LVAe 与对照脲酶活性差异不显著,其余各轮作处理脲酶活性均高于对照,其中 LVAh 脲酶活性比对照高 34.78%。各轮作处理与对照相比均可提高纤维素酶和蔗糖酶活性,增幅分别为 22.14%~102.86%和 21.43%~122.86%。与对照比较,LVCs、LVAh、LVCp 处理显著增加了蛋白酶活性,增幅为 39.13%~47.83%。

表4 轮作对旱地番茄土壤酶活性的影响

Table 4 Effects of rotation on soil enzyme activities of dryland tomato

处理	过氧化氢酶 [$\mu\text{g}/(\text{g} \cdot \text{min})$]	碱性磷酸酶 [$\mu\text{g}/(\text{g} \cdot \text{h})$]	脲酶 [$\text{mg}/(\text{g} \cdot \text{h})$]	纤维素酶 [$\text{mg}/(\text{g} \cdot \text{h})$]	蔗糖酶 [$\mu\text{g}/(\text{g} \cdot \text{h})$]	蛋白酶 [$\mu\text{mol}/(\text{g} \cdot \text{d})$]
对照	88.38±0.74b	93.74±0.46c	0.23±0.01c	1.40±0.08e	0.70±0.03e	0.23±0c
LVZm	89.63±0.25b	107.28±3.29a	0.29±0.02ab	2.84±0.07a	1.07±0.02c	0.17±0d
LVCp	88.36±0.62b	95.47±1.52c	0.25±0.01bc	1.71±0.07d	1.55±0.02a	0.32±0.01b
LVAh	92.66±0.29a	110.97±2.76a	0.31±0.02a	2.32±0.10c	1.56±0.02a	0.33±0.01a
LVAf	86.69±0.51c	97.90±1.55bc	0.24±0.02bc	2.60±0.08b	0.85±0.01d	0.06±0e
LVAe	89.69±0.12b	104.93±2.25ab	0.25±0.01bc	2.62±0.05ab	1.04±0.02c	0.07±0e
LVCs	91.62±0.28a	108.38±4.50a	0.29±0.01ab	2.50±0.07bc	1.46±0.02b	0.34±0.01a

各处理见表1。同一列不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

2.4 轮作对土壤细菌 Alpha 多样性的影响

各处理样品的覆盖度均大于90%,达到分析要求。由表5可知,与对照比较,LVCp处理显著降低了Chao1指数和Shannon指数,其余轮作处理Chao1指数和Shannon指数与对照差异不显著,说明轮作并没有显著增加土壤细菌丰富度和多样性。各轮作处理与对照Simpson指数差异不显著,均大于0.998,说明各处理细菌群落优势度高而多样性低。

表5 轮作对土壤细菌 Alpha 多样性的影响

Table 5 Effects of rotation on alpha diversity of soil bacteria

处理	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
对照	6 024.96±298.79a	10.88±0.05a	0.998 748 8±0a
LVZm	5 747.75±164.44ab	10.822±0.03ab	0.998 793 0±0a
LVCp	5 150.65±141.83b	10.66±0.02b	0.998 618 3±0a
LVAh	5 800.30±140.38ab	10.78±0.08ab	0.998 285 5±0a
LVAf	6 105.01±179.79a	10.87±0.04a	0.998 794 5±0a
LVAe	5 825.13±153.82a	10.85±0.02ab	0.998 850 5±0a
LVCs	6 090.44±49.86a	10.91±0.01a	0.998 838 0±0a

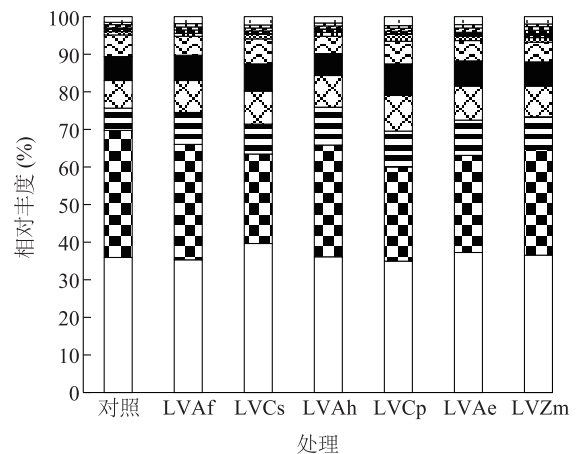
各处理见表1。同一列不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

2.5 轮作对土壤细菌群落组成的影响

由图2可知,7个处理细菌群落组成主要集中在10个细菌门类,分别是变形菌门(Proteobacteria)(34.97%~39.62%)、放线菌门(Actinobacteria)(23.80%~33.79%)、绿弯菌门(Chloroflexi)(7.35%~10.03%)、酸杆菌门(Acidobacteria)(5.90%~9.60%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)(5.80%~8.43%)、拟杆菌门(Bacteroidetes)(4.59%~6.69%)、酸骨细菌门(Patescibacteria)(0.83%~1.82%)、厚壁菌门(Firmicutes)(0.79%~

2.02%)、疣微菌门(Verrucomicrobia)(0.80%~1.19%)及硝化螺旋菌门(Nitrospirae)(0.60%~0.86%),这10种菌占有所有菌的97.67%~98.51%。由上可知,连作和轮作对土壤细菌门水平群落结构组成无影响,但细菌群落相对丰度有影响。

对丰富度排在前6的细菌门进行差异性分析,如表6所示,LVCs处理变形菌门丰富度显著高于对照,其余轮作处理与对照差异不显著;各轮作处理放线菌门丰富度显著降低(LVAf处理除外),绿弯菌门各轮作处理与对照差异不显著;各轮作处理酸杆菌门丰富度显著增加,LVCp处理芽单胞菌门丰富度显著高于对照,拟杆菌门丰富度变化规律不明显。



□ Others; ▨ 硝化螺旋菌门(Nitrospirae); ▩ 疣微菌门(Verrucomicrobia); ■ 厚壁菌门(Firmicutes); ▨ 酸骨细菌门(Patescibacteria); ▤ 拟杆菌门(Bacteroidetes); ▧ 芽单胞菌门(Gemmatimonadetes); ▦ 绿弯菌门(Chloroflexi); ▩ 酸杆菌门(Acidobacteria); ▨ 放线菌门(Actinobacteria); □ 变形菌门(Proteobacteria)

各处理见表1。

图2 不同轮作模式土壤在门水平的细菌类群比较

Fig.2 Comparison of bacteria groups at phylum level in soils under different rotation patterns

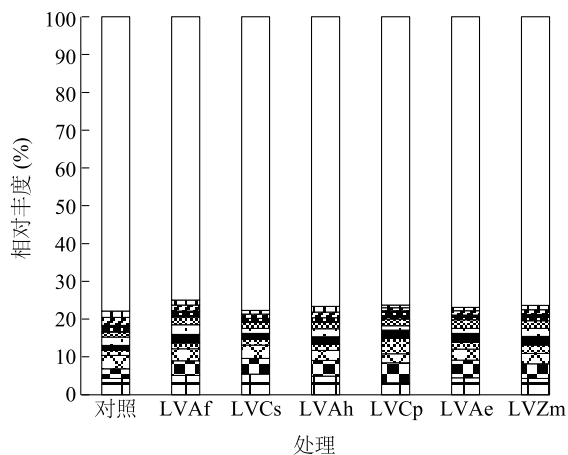
表 6 轮作对土壤细菌门水平相对丰富度的影响

Table 6 Effects of rotation on relative abundance of soil bacteria at phylum level

处理	变形菌门 (%)	放线菌门 (%)	绿弯菌门 (%)	酸杆菌门 (%)	芽单胞菌门 (%)	拟杆菌门 (%)
对照	35.98±1.75b	33.79±2.66a	7.35±0.47a	5.90±0.57c	6.40±0.72bc	5.71±0.41bc
LVZm	36.56±0.36b	28.17±0.44bc	8.16±0.42a	8.66±0.43ab	6.44±0.44bc	5.26±0.26cd
LVCp	34.97±0.91b	25.02±1.15cd	9.43±0.09a	9.60±0.61a	8.43±0.36a	6.03±0.12b
LVAh	36.15±2.78b	29.76±1.76b	10.03±4.06a	8.46±0.81ab	5.80±0.62c	4.59±0.45e
LVAf	35.37±1.40b	30.68±2.14ab	8.46±0.43a	8.52±0.49ab	6.72±0.51bc	5.06±0.27de
LVAe	37.24±0.32ab	25.89±1.30cd	8.98±0.39a	9.39±0.70a	6.74±0.53bc	5.38±0.42cd
LVCs	39.62±0.73a	23.80±2.55d	8.70±0.60a	8.04±0.60b	7.25±0.63b	6.69±0.28a

各处理见表 1。同一列不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。

由于现代分子生物学检测技术的局限性,绝大多数的细菌分类受到限制,因此绝大多数的细菌被归为未知菌属。由图 3 可知,未知菌属占比约 74.93%~77.85%,在已知菌属中丰富度较高的 10 个属分别为溶杆菌属 (*Lysobacter*)、*Subgroup_6*、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、藤黄单胞菌属 (*Luteimonas*)、*MND1*、气微菌属 (*Aeromicrobium*)、*KD4-96*、*Gitt-GS-136*、类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*)、节杆菌属 (*Arthrobacter*)。不同处理对细菌丰富度有影响,各轮作处理与对照相比,*Subgroup_6*、藤黄单胞菌属 (*Luteimonas*)、*MND1* 和 *KD4-96* 丰富度增加,鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*) 和节杆菌属 (*Arthrobacter*) 丰富度降低。



□ Others; ■ 节杆菌属 (*Arthrobacter*); ▨ 类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*); ▤ *Gitt-GS-136*; ▩ *KD4-96*; ▧ 气微菌属 (*Aeromicrobium*); ▦ *MND1*; ▨ 藤黄单胞菌属 (*Luteimonas*); ▤ 鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*); ▩ *Subgroup_6*; ▧ 溶杆菌属 (*Lysobacter*)

各处理见表 1。

图 3 不同轮作模式土壤在属水平的细菌类群比较

Fig.3 Comparison of bacteria groups at genus level in soils under different rotation patterns

2.6 基于土壤细菌属组成的聚类分析

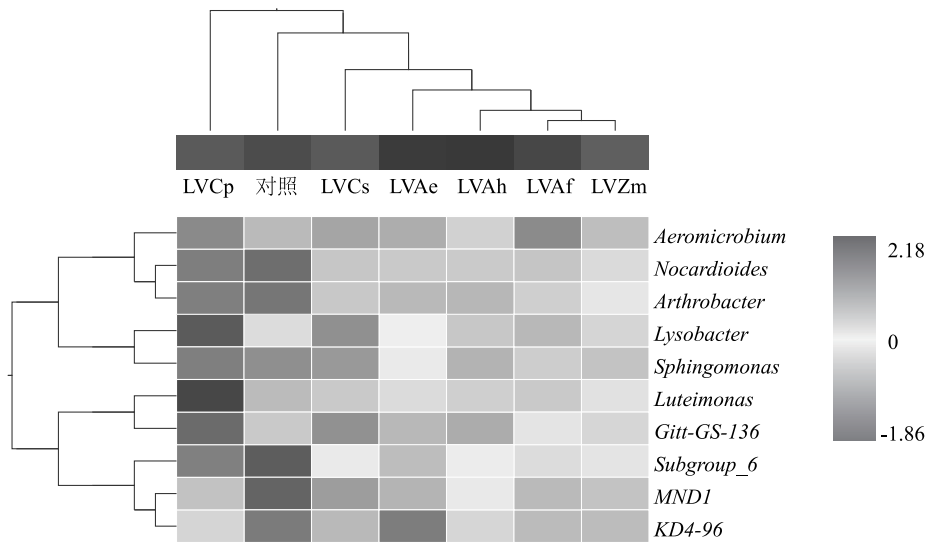
对相对丰度较高的 10 个细菌属构建分层聚类,分析 7 个处理细菌组成的相似性和多样性。由图 4 可知,7 个处理的土壤样品较为明显地聚为 6 类。LVCp 独成一支,说明其细菌属群落结构显著不同于其余处理。LVAf 处理和 LVZm 处理聚为一支,说明二者土壤细菌群落结构相似,其余各轮作处理各为一支,连作(对照)为一支。因此,轮作可对属水平上的细菌群落结构产生显著影响。

2.7 土壤酶活性与土壤细菌优势属间的相关关系

由表 7 可知,土壤碱性磷酸酶、纤维素酶是影响土壤细菌群落最主要的因子。碱性磷酸酶活性与 *Gitt-GS-136* 呈显著负相关关系 ($P < 0.05$),纤维素酶活性与 *KD4-96* 呈显著正相关关系 ($P < 0.05$)。

2.8 不同轮作模式土壤理化性质的主成分分析

对各处理土壤容重、土壤养分、土壤酶活性和细菌多样性进行主成分分析,由表 8 可知共提取到 5 个主成分,各主成分方差贡献率分别为 42.269%、21.363%、17.872%、9.477% 和 6.923%,累计贡献率达到 97.904%,说明这 5 个主成分能够反映土壤容重、土壤养分、土壤酶活性和细菌多样性的变异信息。根据综合主成分函数模型^[13] $F = \sum_{j=1}^m b_j Z_j$ (b 为贡献率, m 为主成分数量, Z 为主成分),得出综合主成分分值并排序,对不同轮作模式土壤各因子作出综合评分。结果(表 9)显示,排名第 1 的为 LVAh 处理,其余依次为 LVCs 处理、LVCp 处理、LVZm 处理、LVAf 处理、对照和 LVAe 处理。分值越高,说明轮作模式越优,本研究中 LVAh 为最优轮作模式。



各处理见表 1。

图 4 不同轮作模式土壤属水平的细菌类群比较

Fig.4 Comparison of bacteria groups at genus level in the soil under different rotation patterns

表 7 土壤酶活性与优势细菌属之间的相关性分析

Table 7 Correlation analysis between soil enzyme activities and dominant bacteria genera

土壤酶	溶杆菌属	Subgroup_6	假平胞菌属	藤黄单孢菌属	MND1	气微菌属	KD4-96	Gitt-GS-136	类诺卡氏属	节杆菌属
过氧化氢酶	0.37	0.13	-0.10	-0.22	-0.19	-0.31	-0.16	-0.68	-0.13	-0.02
碱性磷酸酶	0.53	0.22	-0.15	-0.33	0.18	-0.10	0.30	-0.77 *	-0.21	-0.12
脲酶	0.36	0.25	-0.34	-0.10	0.16	-0.05	0.05	-0.53	-0.21	-0.08
纤维素酶	0.50	0.27	-0.09	-0.29	0.57	0.13	0.77 *	-0.55	-0.29	-0.26
蔗糖酶	-0.10	0.71	-0.57	0.48	0.20	-0.62	-0.12	-0.13	-0.66	-0.56
碱性蛋白酶	-0.08	0.13	-0.14	0.28	-0.46	-0.41	-0.74	-0.02	-0.19	-0.09

* 表示在 0.05 水平上显著相关。

表 8 土壤理化因子主成分分析的特征值与方差分析贡献率

Table 8 Eigen values of principal component analysis and contribution rate of variance analysis of soil physical and chemical factors

主成分	特征值	贡献率 (%)	累计贡献率 (%)
1	7.608	42.269	42.269
2	3.845	21.363	63.632
3	3.217	17.872	81.504
4	1.706	9.477	90.981
5	1.246	6.923	97.904

表 9 土壤理化因子主成分得分与综合得分

Table 9 Principal component score and comprehensive score of soil physical and chemical factors

处理	F1	F2	F3	F4	F5	F	得分排序
对照	-0.831	0.194	0.050	0.045	0.030	-0.513	6
LVZm	0.207	-0.218	-0.026	0.043	-0.003	0.003	4
LVCp	0.101	-0.024	0.345	-0.101	-0.044	0.279	3
LVAh	0.496	0.112	0.073	0.107	0.093	0.882	1
LVAf	-0.161	-0.224	-0.080	0.095	-0.085	-0.455	5
LVAe	-0.112	-0.170	-0.172	-0.139	0.079	-0.514	7
LVCs	0.299	0.329	-0.190	-0.049	-0.071	0.318	2

各处理见表 1。F1~F5 为 5 个主成分分值;F 为 5 个主成分分值之和,即综合主成分分值。

3 讨论

容重是土壤的重要物理性质,是反映土壤结构、

评价土壤质量的一项重要指标。土壤容重与土壤紧实度呈正相关关系,适宜的土壤容重能够为作物提

供良好的生长环境。张晓霞等^[14]发现土壤有机质增加可以降低土壤容重。本研究中, LVZm 处理、LVAh 处理、LVAf 处理和 LVCs 处理土壤有机质含量高于对照, 同时这 4 个处理土壤容重低于对照。土壤团聚体结构大小可以反映土壤稳定性, 相较于非稳定性团聚体, 水稳定性团聚体更能体现土壤结构的稳定性^[15], ≥ 0.25 mm 水稳性团聚体的数量越多, 土壤结构越稳定。各轮作处理(除 LVAf 处理外) 0~10 cm 土层 ≥ 0.25 mm 水稳性团聚体含量均高于对照, 但差异不显著, < 0.25 mm 的土壤团聚体含量均显著低于对照(除 LVAe 处理外), 说明轮作在 0~10 cm 土壤层可以改善土壤结构, 增加土壤稳定性, 而 10~20 cm 土壤层变化不明显, 可能是因为轮作年限短, 各轮作处理在 10~20 cm 土壤层对团聚体结构的影响还没有显现, 有待于进一步研究。

微生物的生命活动是土壤活力和功能形成的关键因子, 细菌作为土壤中最活跃的成分, 其多样性的变化可以反映土壤微环境的变化^[16-19]。本研究中, 轮作不同作物对旱地番茄土壤细菌多样性的影响不同。杜思瑶等^[17]、张立成等^[18]研究发现, 轮作比连作土壤细菌群落多样性高, 说明轮作可引起土壤细菌多样性的变化。本研究中, LVCp 处理显著降低了土壤细菌丰富度和多样性, 且其细菌属聚类独成一支, 细菌群落多样性不同于连作和其他轮作模式, 可能是因为西葫芦在生长周期内相较于其他作物需要施用较多农药, 部分农药入土引起了土壤微环境的变化, 导致土壤细菌丰富度、多样性降低和细菌群落结构发生变化。其余各轮作处理与对照土壤细菌丰富度和多样性差异不显著, 可能是因为种植前统一撒施了生物有机肥(鸡粪), 而生物有机肥作为一种生物调节剂, 可以将大量活的有益功能菌带入土壤, 起到调控土壤微生物区系、改善土壤生物活性的作用^[20], 在本研究中轮作处理和对照因为撒施有机肥削弱了各土壤区系微生物的差异, 降低了处理间微生物多样性的差异性。

土壤养分是影响土壤微生物群落结构的重要因子^[21-23], 许多研究结果表明土壤 pH 是影响微生物的重要因素^[24-25]。刘佳等^[26]发现, 细菌群落结构改变受土壤 pH 的驱动, pH 是决定优势菌相对丰富度及多样性指数的首要因素。本研究中轮作处理的 pH 值相较于对照 pH 值降低, 酸杆菌门丰富度在轮作处理中高于对照, 这是因为酸杆菌门丰富度可以

反映土壤营养状况, 其丰富度大小在一定程度上反映土壤酸性条件。有研究报道, 酸杆菌门细菌能够降解复杂的化合物如纤维素^[27], 这与本研究中轮作处理纤维素酶含量增加的结果一致。Subgroup_6 可以将复杂的有机物发酵成酸^[28], 这与本研究中轮作处理与对照比较 Subgroup_6 丰富度增加, 同时轮作处理 pH 降低的结果相一致。本研究中发现轮作处理的土壤有机质含量比连作(对照)有机质含量高, 可能是因为轮作土壤中绿弯菌门细菌含量高于连作(对照), 绿弯菌门细菌在良好的土壤状况下选择了光能自养营养方式, 消耗土壤中的有机质较少。

轮作不同作物, 植物根系与土壤微生物共同作用形成不同的土壤生态环境^[29], 植物根系、微生物分泌物和动植物残体分解的物质会引起土壤结构的变化。本研究中 LVAh 处理显著降低了土壤容重, 有机质、全氮、碱解氮、速效钾含量显著高于对照, 过氧化氢酶、碱性磷酸酶、脲酶、蔗糖酶和蛋白酶活性也显著高于对照和其他轮作处理, 与范业庚等^[30]的研究结果一致, 说明旱地番茄-豆角-花生-旱地番茄轮作模式通过作物根系和残体以及土壤微生物相互作用形成了独特的土壤微环境。轮作豆科作物可显著提高土壤的碳矿化率和酶活性, 进而提高土壤有机碳和全氮含量^[31], 这是因为豆科作物根部的根瘤菌可有效固定空气中的氮。本研究中, 在旱地番茄-豆角-花生-旱地番茄轮作模式中, 2 年连续种植豆科作物, 其根部的固氮菌通过强大的固氮作用, 为后茬作物生长提供了足够的氮肥, 这与该轮作模式中土壤全氮和碱解氮含量最高的结果一致。综上所述, LVAh 轮作模式能够较好地改善土壤结构, 平衡土壤各养分, 调节酶活性, 且通过主成分分析也得出了同样的结果。但 LVAh 轮作模式对土壤细菌影响小, 这与吕毅等^[32]的研究结果不一致, 这可能与不同轮作模式有关, 其原因有待进一步研究。

4 结论

LVZm、LVAh、LVAf 和 LVCs 轮作模式显著降低了土壤容重。轮作降低了 0~10 cm 土层 < 0.25 mm 的土壤团聚体含量, 增加了 0~10 cm 土层土壤稳定性。各轮作土壤有机质、全氮、全磷、全钾、碱解氮、速效钾、有效磷含量均有变化, 轮作显著降低了土壤 pH 值和土壤盐渍化程度。各轮作处理碱性磷酸酶、脲酶、纤维素酶和蔗糖酶活性高于或显著高于对照。

除 LVCp 轮作模式显著降低土壤细菌丰富度和多样性外,其余轮作模式与对照差异不显著。主成分分析结果表明,LVAh 轮作模式优于其他轮作模式,可以作为改善旱地番茄连作障碍的主要模式在当地进行推广应用。

参考文献:

- [1] 李小霞,靳鲲鹏,李万星,等.旱地番茄连作障碍机理研究进展[J].北方农业学报,2020,48(1):35-40.
- [2] 宋丽萍,罗珠珠,李玲玲,等.陇中黄土高原半干旱区苜蓿-作物轮作对土壤物理性质的影响[J].草业学报,2015,24(7):12-20.
- [3] 孙倩,吴宏亮,陈阜,等.不同作物轮作对谷田土壤酶活性和土壤细菌群落的影响[J].生态环境学报,2020,29(12):2385-2393.
- [4] 王丽红,郭晓冬,谭雪莲,等.不同轮作方式对马铃薯土壤酶活性及微生物数量的影响[J].干旱地区农业研究,2016,34(5):109-113.
- [5] 刘海娇,苏应威,方岚,等.茴香轮作调控土壤细菌群落缓解三七连作障碍的效应及机制[J].中国生物防治学报,2020,36(6):139-149.
- [6] 杨尚东,李荣坦,吴俊,等.番茄连作与轮作土壤生物学特性及细菌群落结构的比较[J].生态环境学报,2016,25(1):76-83.
- [7] 张立军,张宏喜,杜冬梅.东北高寒地区温室冬春茬菜豆栽培技术[J].特种经济动植物,2021,24(2):39-40,44.
- [8] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版社,2000.
- [9] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986.
- [10] CHAO A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population[J]. Scandinavian Journal of Statistics, 1984, 11(4):265-270.
- [11] CHAO A, LEE S M. Estimating the number of classes via sample coverage[J]. Publications of the American Statistical Association, 1992, 87(417):210-217.
- [12] SOETAERT K, HEIP C. Sample-size dependence of diversity indices and the determination of sufficient sample size in a high-diversity deep-sea environment[J]. Marine Ecology Progress, 1990, 59:305-307.
- [13] 陈吉,赵炳梓,张佳宝,等.主成分分析方法在长期施肥土壤质量评价中的应用[J].土壤,2012,42(3):415-420.
- [14] 张晓霞,杨宗儒,查同刚,等.晋西黄土区退耕还林22年后林地土壤物理性质的变化[J].生态学报,2017,37(2):416-424.
- [15] 张宇,蒋代华,黄金兰,等.粉垄耕作对赤红壤团聚体粒级分布和稳定性的影响[J].生态学杂志,2021,40(12):3922-3932.
- [16] 王伏伟,王晓波,李金才,等.施肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响[J].中国生态农业学报,2015,23(10):1302-1311.
- [17] 杜思瑶,于森,刘芳华,等.设施种植模式对土壤细菌多样性及群落结构的影响[J].中国生态农业学报,2017,25(11):1615-1625.
- [18] 张立成,肖卫华,彭沛宇,等.稻-稻-油菜轮作土壤细菌群落的特征[J].应用与环境生物学报,2018,24(2):276-280.
- [19] 杨兴明,徐阳春,黄启为,等.有机(类)肥料与农业可持续发展和生态环境保护[J].土壤学报,2008,45(5):925-932.
- [20] 宋以玲,于建,陈士更,等.化肥减量配施生物有机肥对油菜生长及土壤微生物和酶活性影响[J].水土保持学报,2018,32(1):352-360.
- [21] 杨波,于志会.华北落叶松根际土壤氮素细菌类群和氮素代谢研究[J].江苏农业科学,2021,49(23):225-231.
- [22] 韦江璐,覃英,谢显秋,等.促生菌对土壤养分、酶活性及细菌群落功能多样性的影响[J].南方农业学报,2020,51(10):2348-2357.
- [23] 彭日民,彭勇,向国红,等.不同入侵植物根际土壤养分、酶活性和微生物学特征[J].江苏农业科学,2021,49(21):217-223.
- [24] 宋蒙亚,李忠佩,吴萌,等.不同种植年限设施菜地土壤微生物量和群落结构的差异[J].中国农业科学,2015,48(18):3635-3644.
- [25] 黄健,朱旭炎,陆金,等.狮子山矿区不同土地利用类型对土壤微生物群落多样性的影响[J].环境科学,2019,40(12):5550-5560.
- [26] 刘佳,陈晓芬,刘明,等.长期施肥对旱地红壤细菌群落的影响[J].土壤学报,2020,57(2):468-478.
- [27] EICHORST S A, KUSKE C R, SCHMIDT T M. Influence of plant polymers on the distribution and cultivation of bacteria in the phylum Acidobacteria[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, 77(2):586-596.
- [28] NAVARRETE A A, VENTURINI A M, MEYER K M, et al. Differential response of Acidobacteria subgroups to forest-to-pasture conversion and their biogeographic patterns in the western Brazilian Amazon[J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6:1443.
- [29] 王悦,杨贝贝,王浩,等.不同种植模式下丹参根际土壤微生物群落结构变化[J].生态学报,2019,39(13):4832-4843.
- [30] 范业庚,陈荣发,闫海峰,等.甘蔗轮作青饲玉米和花生对甘蔗生长和土壤性状的影响[J].作物杂志,2021(1):104-111.
- [31] ASCHI A, AUBERT M, RIAH-ANGLET W, et al. Introduction of faba bean in crop rotation: Impacts on soil chemical and biological characteristics[J]. Applied Soil Ecology, 2017, 120:219-228.
- [32] 吕毅,宋富海,李园园,等.轮作不同作物对苹果园连作土壤环境及平邑甜茶幼苗生理指标的影响[J].中国农业科学,2014,47(14):2830-2839.

(责任编辑:张震林)