

李 丹, 李小霞, 李万星, 等. 谷子不同轮作模式对土壤理化性质及细菌群落的影响[J]. 江苏农业学报, 2022, 38(6): 1500-1509.  
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2022.06.007

## 谷子不同轮作模式对土壤理化性质及细菌群落的影响

李 丹<sup>1</sup>, 李小霞<sup>1</sup>, 李万星<sup>1</sup>, 曹晋军<sup>1</sup>, 靳鲲鹏<sup>1</sup>, 韩文清<sup>1</sup>, 胡丹珠<sup>1</sup>, 刘 鑫<sup>1</sup>,  
田 岗<sup>1</sup>, 黄学芳<sup>2</sup>, 刘永忠<sup>1</sup>

(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:** 为筛选出适宜晋东南山区谷子的最佳轮作模式, 本研究设置谷子-玉米-大豆-谷子(SZGm)、谷子-玉米-高粱-谷子(SZSb)、谷子-玉米-花生-谷子(SZAh)、谷子-玉米-甘薯-谷子(SZLb)、谷子-玉米-马铃薯-谷子(SZSt)、谷子-玉米-玉米(糯)-谷子(SZZm)、谷子连作(SSSi) 7个处理, 以谷子连作为对照, 用 Illumina Miseq 高通量测序技术对土壤细菌进行土壤微生物群落结构、多样性分析, 同时测定土壤的理化性质和肥力变化。结果表明, 轮作可以降低土壤容重, 改变土壤团聚体粒径组成和稳定性, 影响土壤肥力。细菌群落结构分析结果显示, Proteobacteria、Actinobacteria 为优势菌门, 且 7 个处理具有相似的群落组成, 但在比例上存在一定差异。细菌多样性分析结果表明, 不同轮作模式会改变土壤微生物群落结构。综合土壤物理、肥力指标的主成分分析(PCA)结果, 7 个轮作模式处理综合得分从高到低为 SZZm>SSSi>SZSb>SZGm>SZLb>SZAh>SZSt。因此, 认为谷子-玉米-玉米(糯)-谷子是使土壤保持健康生态的最佳轮作模式。

**关键词:** 谷子; 轮作模式; 土壤容重; 水稳性团聚体; 土壤肥力; 细菌群落结构

**中图分类号:** S515 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2022)06-1500-10

## Effects of crops-millet rotations on soil physicochemical properties and bacterial community

LI Dan<sup>1</sup>, LI Xiao-xia<sup>1</sup>, LI Wan-xing<sup>1</sup>, CAO Jin-jun<sup>1</sup>, JIN Kun-peng<sup>1</sup>, HAN Wen-qing<sup>1</sup>,  
HU Dan-zhu<sup>1</sup>, LIU Xin<sup>1</sup>, TIAN Gang<sup>1</sup>, HUANG Xue-fang<sup>2</sup>, LIU Yong-zhong<sup>1</sup>

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

**Abstract:** In order to screen out the best rotation mode suitable for millet in the mountainous area of southeastern Shanxi, seven treatments were set up, namely millet-maize-soybean-millet (SZGm), millet-maize-sorghum-millet (SZSb), millet-maize-peanut-millet (SZAh), millet-maize-sweet potato-millet (SZLb), millet-maize-potato-millet (SZSt), millet-maize-maize (waxy)-millet (SZZm) and millet continuous cropping (SSSi), with millet continuous cropping as control. The soil microbial community structure and diversity were analyzed by Illumina Miseq high-throughput sequencing technology. At the same time, the changes of soil physicochemical properties and fertility were measured. The results showed that

收稿日期: 2022-09-30

**基金项目:** 国家重点研发计划项目(2021YFD1901105-5); 山西省科技重大专项计划“揭榜挂帅”项目(202101140601026-5); 山西农业大学学术恢复科研专项项目(2020xshf48); 山西省重点研发计划重点项目子课题(201703D211002-4)

**作者简介:** 李 丹(1989-), 女, 山西长治人, 硕士, 助理研究员, 主要从事有机旱作技术以及大豆育种与栽培技术研究。(E-mail) 381934231@qq.com

**通讯作者:** 刘永忠, (E-mail) kblyz@163.com

rotation could reduce soil bulk density, change the particle size and stability of soil aggregates, and influence soil fertility. The results of bacterial community structure showed that Proteobacteria and Actinobacteria were the dominant phyla. The seven treatments had similar community composition, but there were some differences in proportion. The bacterial diversity results indicated that different rotation patterns could change the microbial community structure in soil. Based on the principal component analy-

sis (PCA) results of soil physical and fertility indicators, the comprehensive scores of the seven treatments from high to low were SZZm>SSSi>SZSb>SZGm>SZLb>SZAh>SZSt. Therefore, it is considered that millet-maize-maize (waxy)-millet is the best rotation mode to keep the soil healthy and ecological.

**Key words:** millet; rotation pattern; soil bulk density; water-stable aggregates; soil fertility; bacterial community structure

连作是指同一种植物或近缘植物在同一块地上连续种植两茬或以上的现象。连作可导致土壤中的某种养分过度消耗或产生自毒作用使得作物生长发育迟缓,病虫害发生概率增加,农产品产量降低。谷子是不宜重茬的作物之一,近年来谷子种植面积不断缩减,但是由于其丰富的营养价值和保健作用,较高的经济效益,农户种植经济性较高,导致连作现象频发<sup>[1]</sup>。

已有研究结果表明,避免连作障碍的最佳防治途径是与不同作物轮作<sup>[2]</sup>。轮作可以合理利用土壤养分,调节土壤酸碱度,改善土壤结构,减轻病虫害发病率。孙倩等<sup>[3]</sup>发现,轮作能够改善土壤酶活性,轮作模式下谷茬土壤中的过氧化氢酶、脲酶、碱性磷酸酶活性提高,土壤细菌群落丰富度指数降低。蔡晨等<sup>[4]</sup>研究发现,与水稻单作相比,稻虾长期轮作可使0~20.0 cm和20.1~40.0 cm土层容重降低,非毛管孔隙度、毛管孔隙度、总空隙度提高,同时增强土壤缓冲能力,提高耕层土壤pH。熊湖等<sup>[5]</sup>研究结果表明,连作可以改变马铃薯植株形态特征(株高、茎粗、总叶面积降低,根长增加),通过轮作使土壤中速效养分转化速率加快,可以缓解连作胁迫。

本研究拟以特色杂粮谷子为研究对象,探讨不同作物与谷子轮作后对土壤的影响,包括物理结构、土壤养分、细菌多样性,筛选适用于晋东南武乡地区的最佳谷子轮作模式,以期对谷子特色产业的可持续、绿色发展提供指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况及试验设计

大田试验于2017-2020年在山西省长治市武乡县上司镇铺上村(E112°93',N36°76')进行。2018年至2020年谷子生育期内平均降水量为379.7 mm,为典型的雨养农业区。土壤为典型的红壤土,前茬为谷子,基础肥力为:有机质含量10.24 g/kg,全氮含量0.089%,速效磷含量29.14 mg/kg,速效钾含量246.35 mg/kg,碱解氮含量46.96 mg/kg,pH值为8.28。试验设置3次重复,随机区组排列,小

区面积7.7 m×7.0 m,有机肥为羊粪,施入量为60 000 kg/hm<sup>2</sup>,不同小区管理方式一致。各处理设置见表1。

表1 试验设置

Table 1 Experimental treatments

处理	种植作物			
	2017年	2018年	2019年	2020年
SZGm	谷子	玉米	大豆	谷子
SSSi	谷子	谷子	谷子	谷子
SZSb	谷子	玉米	高粱	谷子
SZAh	谷子	玉米	花生	谷子
SZLb	谷子	玉米	甘薯	谷子
SZSt	谷子	玉米	马铃薯	谷子
SZZm	谷子	玉米	玉米(糯)	谷子

供试谷子为长生13,玉米为晋单73,大豆为长豆35号,高粱为晋杂22号,花生为长治县裕盛丰农业专业合作社提供的黑美人,马铃薯为晋薯16号,甘薯为山西省长治市长子县当地特有品种,玉米(糯)为晋糯10号。

### 1.2 土壤样品采集

用于测定土壤性质及土壤团聚体的土壤样品于谷子成熟期采集:清除地表杂物后用环刀分别采集0~10.0 cm、10.1~20.0 cm的土壤装入铝盒内带回实验室并置于室内风干,运输过程中尽量避免碰撞挤压。用于测定土壤肥力的根际土壤样品采集:于收获期采集每种作物的根际土壤,随机选取5株作物,将作物连根拔起,抖落外侧大型土块,去除石子、根系等杂物,充分混匀后过筛,随后带回实验室自然风干,备用。用于测定细菌多样性的根际土壤样品采集:于灌浆期分别采集不同种植模式的根际土壤,方法同上。每个处理样品分成2份,一份放入冻存管中,液氮保存寄送至上海派森诺生物科技有限公司用于土壤真菌多样性的检测,一份放入-80℃备用。

### 1.3 测定指标与方法

1.3.1 土壤容重及土壤水稳性团聚体测定 于谷

子收获期采用环刀法在田间测定土壤容重。

土壤水稳性团聚体采用湿筛法<sup>[6-8]</sup>测定:将处理好的土壤置于团聚体分析仪套筛上部筛网上,套筛孔径依次为 2.00 mm、1.00 mm、0.50 mm 和 0.25 mm,桶中加入蒸馏水使水没过土样,浸泡 10 min 后开始振荡(振荡 10 min,上下移动 30 次,振幅 3.00 cm)。振荡结束后将套筛取出,将每个筛子上的土壤冲洗到铝盒内,静置 15 min 后用塑料滴管去除上清液,烘箱烘干,称量,得到粒径 < 0.250 mm、0.251~0.500 mm、0.501~1.000 mm、1.001~2.000 mm、>2.000 mm 的水稳性团聚体质量。

1.3.2 土壤养分测定 土壤养分、酶活性的测定采用常规测定方法<sup>[9-11]</sup>。

1.3.3 土壤细菌多样性测定 根据 DNeasy Power-Soil Kit (QIAGEN) 试剂盒说明书对土壤总 DNA 进行提取,利用 NanoDrop2000 对提取的 DNA 质量浓度和纯度进行检测;对细菌 16S 区进行扩增。对构建好的文库进行检验、测序。对测序结果进行操作单位聚类与分析、Alpha 多样性分析、Beta 多样性分析及不同分类水平的群落结构分析。

#### 1.4 数据计算与统计分析

采用 Excel2000 软件进行数据整理与分析,用 IBM SPSS20.0 软件进行单因素方差分析和主成分分析。

计算各粒级团聚体含量、各粒级团聚体比例、平均质量直径(MWD),公式<sup>[12-14]</sup>如下:

各粒级团聚体含量 = 各级团聚体质量 / 土样样品干质量 × 100% (1)

各粒级团聚体比例 = 某级团聚体质量 / 团聚体总质量 × 100% (2)

$$MWD = \sum_{i=1}^n (R_i \times w_i) \quad (3)$$

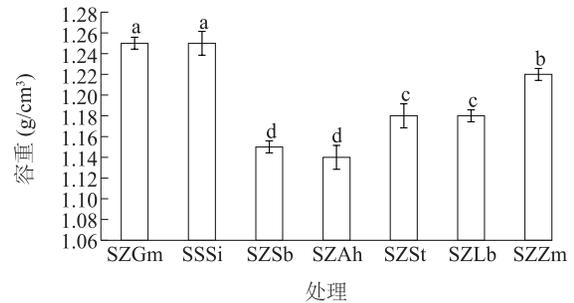
式中, MWD 为平均质量直径;  $w_i$  为第  $i$  级团聚体的质量占土壤样品干质量的质量百分数;  $R_i$  为第  $i$  级团聚体平均直径。本研究中各级团聚体平均直径分别为 2.00 mm、1.50 mm、0.75 mm、0.38 mm、0.25 mm。

## 2 结果与分析

### 2.1 谷子不同轮作模式对土壤容重和水稳性团聚体的影响

2.1.1 土壤容重 图 1 显示,不同处理下土壤容重由大到小为: SSSi、SZGm > SZZm > SZSt、SZLb > SZSb >

SZAh, SSSi 处理下土壤容重为 1.25 g/cm<sup>3</sup>, 其他 6 个处理的土壤平均容重为 1.19 g/cm<sup>3</sup>, 较 SSSi 处理下的土壤容重降低了 4.8%。其中 SZAh、SZSb、SZZm、SZSt、SZLb 处理下土壤容重较 SSSi 处理下的土壤容重降低了 2.4%~8.8%, SZAh 处理下土壤容重最低。



SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表 1。不同小写字母表示不同处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

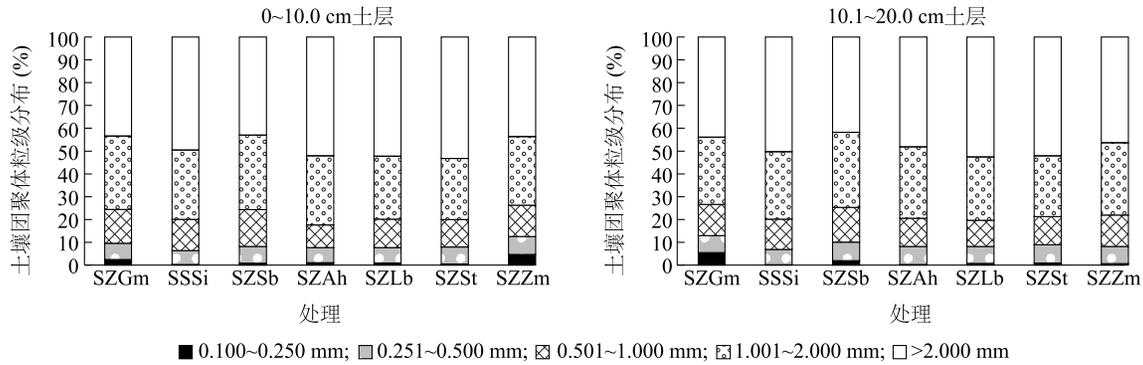
图 1 不同处理下的土壤容重

Fig.1 Soil bulk density under different treatments

2.1.2 土壤水稳性团聚体的粒径分布 图 2 显示, 0~10.0 cm 和 10.1~20.0 cm 土层中各粒级团聚体占比变化趋势一致: 占比随团聚体粒径减小而降低。在 0~10.0 cm 土层, 各处理下粒径 > 2.000 mm 土壤水稳性团聚体占比为 42.98%~53.26%, 在 SZSb 处理下的占比最低, 在 SZSt 处理下的占比最高; 粒径为 1.001~2.000 mm 的土壤水稳性团聚体占比 26.72%~32.72%, 在 SZSt 处理下的占比最低, 在 SZSb 处理下的占比最高; 粒径为 0.501~1.000 mm 的土壤水稳性团聚体占比 9.90%~16.09%, 在 SZAh 处理下的占比最低, 在 SZSb 处理下的占比最高; 粒径为 0.251~0.500 mm 的土壤水稳性团聚体占比 6.16%~7.86%, 在 SSSi 处理下的占比最低, 在 SZZm 处理下的占比最高; 粒径为 0.100~0.250 mm 的土壤水稳性团聚体占比 0.22%~4.67%, 在 SSSi 处理下的占比最低, 在 SZZm 处理下的占比最高。在 10.1~20.0 cm 土层, 各处理中粒径 > 2.000 mm 的土壤水稳性团聚体占比为 41.78%~52.55%, 在 SZSb 处理下的占比最低, 在 SZLb 处理下的占比最高; SZSb 处理中粒径为 1.001~2.000 mm、0.501~1.000 mm、0.251~0.500 mm 的土壤水稳性团聚体占比均最高, 分别为 32.94%、15.17%、8.13%; 粒径为 1.001~2.000 mm 的土壤水稳性团聚体在 SZSt 处理中占比最低, 为 26.61%; 粒径为 0.501~1.000 mm 的土壤水稳性团聚体在 SZLb 处理中占比最低, 为

11.45%; 粒径为0.251~0.500 mm、0.100~0.250 mm 的土壤水稳性团聚体在 SSSi 处理中占比最低,

为6.70%、0.17%; 粒径为0.100~0.250 mm 的土壤水稳性团聚体在 SZGm 处理中占比最高,为5.51%。



SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表1。

图2 不同处理土壤团聚体粒级分布

Fig.2 Particle size distribution of soil aggregates under different treatments

2.1.3 土壤水稳性团聚体组成及稳定性 可用平均质量直径(*MWD*)反映土壤水稳性团聚体稳定性,*MWD*越大,代表土壤团聚体的团聚度越高,该土壤越稳定<sup>[15-16]</sup>。表2显示,同一处理10.1~20.0 cm 土层的 *MWD* 均大于0~10.0 cm 土层。0~10.0 cm 土层中,*MWD* 由大到小为:SZGm>SZZm>SSSi、SZSb>SZAh>SZLb、SZSt; 10.1~20.0 cm 土层中,*MWD* 由大到小为:SZGm>SZZm>SZSb>SSSi>SZAh、SZSt>SZLb。在0~10.0 cm、10.1~20.0 cm 分层土壤中,SZGm 处理下的 *MWD* 值最大,且与其他处理差异显著,说明 SZGm 处理下土壤稳定性最优,SZSt、SZLb 处理下土壤稳定性差,猜测块茎、块根类作物可降低土壤团聚体稳定性。

## 2.2 谷子不同轮作模式对土壤基础肥力的影响

2.2.1 土壤养分 表3显示,不同处理下土壤全氮含量、碱解氮含量、速效磷含量、速效钾含量、有机质含量、pH 与初始土样相比均发生改变。土壤全氮、有机质含量均提高,增幅达30.3%~59.6%、96.4%~139.0%,SSSi 处理下全氮、有机质含量最高,SZGm 处理下全氮含量最低,SZAh、SZLb 处理下有机质含量最低;不同处理下土壤均为碱性状态,SSSi、SZZm 处理下土壤 pH 与初始土壤相比呈降低趋势;SZGm、SZLb、SZZm、SSSi 处理下碱解氮含量升高,SZAh、SZSt 处理下降低,SZZm 处理下碱解氮含量最高,SZAh 处理下碱解氮含量最低;SZGm、SSSi、SZSb、SZAh 处理下速效磷含量升高,增幅为0.9%~56.5%,SZLb、SZSt、SZZm 处理下速效磷含量降低,

降幅为13.9%~26.2%;SSSi 处理下的速效钾含量变化不明显,其他处理下的速效钾含量均明显降低,降幅为16.9%~26.8%,SZLb 处理下的速效钾含量最低。

表2 不同处理土壤水稳性团聚体组成特征

Table 2 Composition characteristics of soil water-stable aggregates under different treatments

处理	土层 (cm)	土壤团聚体质量分数(%)		平均质量直径 (mm)
		粒径<0.25 mm	粒径≥0.25 mm	
SZGm	0~10.0	28.93±0.94a	37.09±1.89a	0.26±0.02a
	10.1~20.0	25.97±0.61A	36.28±1.56A	0.33±0.01A
SSSi	0~10.0	25.75±0.36bc	26.89±0.61b	0.18±0.01bc
	10.1~20.0	26.48±0.78A	27.05±1.49BC	0.24±0.01CD
SZSb	0~10.0	26.02±0.74bc	27.42±3.83b	0.18±0.02bc
	10.1~20.0	25.66±0.97A	29.26±2.22BC	0.27±0.02BC
SZAh	0~10.0	27.41±0.41ab	24.61±1.37b	0.17±0.01bc
	10.1~20.0	24.68±0.84A	25.80±1.17BCD	0.23±0.0DE
SZLb	0~10.0	24.20±0.60c	24.02±0.41b	0.16±0c
	10.1~20.0	23.87±0.96A	21.12±2.13D	0.20±0.01E
SZSt	0~10.0	26.08±0.31bc	23.52±0.91b	0.16±0c
	10.1~20.0	25.55±0.97A	23.96±1.89CD	0.23±0.01CDE
SZZm	0~10.0	24.39±1.08c	36.22±1.49a	0.20±0b
	10.1~20.0	24.50±0.65A	31.31±1.82AB	0.28±0.01B

SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表1。同列数据后不同小写字母表示0~10.0 cm 土层不同处理间土壤水稳性团聚体差异显著( $P<0.05$ ); 同列数据后不同大写字母表示10.1~20.0 cm 土层不同处理间土壤水稳性团聚体差异显著( $P<0.05$ )。

表 3 不同处理土壤养分含量

Table 3 Soil nutrient content under different treatments

处理	全氮含量 (%)	碱解氮含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	有机质含量 (g/kg)	pH
SZGm	0.116±0e	57.05±0.04c	31.00±0.58c	190.09±0.55f	21.76±0.11bc	8.30±0.05abc
SSSi	0.142±0a	47.95±0.39d	45.60±0.31a	245.47±0.07a	24.47±0.59a	8.00±0.03d
SZSb	0.131±0b	45.50±0.62e	32.80±0.25b	198.64±0.01d	22.29±0.20b	8.34±0.01a
SZAh	0.120±0cd	31.15±0.84g	29.40±0.15d	204.75±0.23b	20.11±0.49d	8.25±0abc
SZLb	0.123±0c	70.00±0.88b	21.50±0.10g	180.31±0.21g	20.11±0.14d	8.24±0.05bc
SZSt	0.117±0de	38.68±0.21f	25.10±0.32e	203.52±0.11c	20.36±0.13d	8.32±0.01ab
SZZm	0.122±0c	75.25±0.78a	22.70±0.69f	196.60±0.35e	21.56±0.17c	8.22±0.03c

SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表 1。同列数据后不同小写字母表示不同处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

2.2.2 土壤酶活性 不同种植模式会影响土壤酶活性。过氧化氢酶可催化土壤中的过氧化氢分解为水和氧气,是一种与土壤呼吸作用相关的酶;同时可以分解土壤中的有害自由基,与自净能力有关。表 4 显示,不同处理下过氧化氢酶活性从大到小为: SZZm>SZGm>SZAh>SZSb>SSSi>SZLb>SZSt,说明 SZZm 处理下土壤呼吸强度高,自净能力强, SZSt 处理下最差。碱性磷酸酶在磷转化方面发挥着重要作用,可以加速有机磷的脱磷速度,该酶主要由土壤细菌分泌,可将土壤中的有机磷水解为可供植物利用的无机磷<sup>[17]</sup>,不同处理下碱性磷酸酶活性由大到小为: SZSb>SZGm>SZLb、SZZm>SZSt>SSSi、SZAh。

脲酶可以分解土壤中的含氮化合物,是速效氮的主要来源,脲酶活性是评价土壤酶活性和肥力的重要指标,不同处理下土壤中脲酶活性大小顺序依次为: SZZm>SSSi>SZAh>SZLb>SZGm>SZSb>SZSt, SZZm 处理下脲酶活性最高,比脲酶活性最低的 SZSt 处理高 31.0%,其他 5 个处理间差异不显著。

纤维素酶可由土壤真菌、细菌和放线菌分泌产生,能够降解秸秆中的纤维素,将养分释放到土壤中<sup>[18]</sup>。不同处理下土壤中纤维素酶活性由大到小为: SZSt>SZLb>SZAh>SSSi>SZZm>SZGm>SZSb, SZSt 处理下纤维素酶活性最大,比酶活性最低的 SZSb 处理高 47.8%。

转化酶又称蔗糖酶,能够促进蔗糖生成葡萄糖和果糖,可以促进土壤熟化,增加土壤中的速效养分<sup>[19]</sup>。不同处理下土壤中蔗糖酶活性由大到小为: SZLb>SZZm、SZAh>SZSb>SSSi>SZSt、SZGm, SZLb 处理下蔗糖酶活性最高,比活性最低的 SZGm、SZSt 处理高 35.3%。

蛋白酶可将土壤中蛋白质和含氮化合物分解为植物可以直接吸收利用的氨基酸或活性氮<sup>[20]</sup>。不同处理下土壤中蛋白酶活性由大到小为: SZLb>SZSt>SZZm>SSSi>SZGm>SZSb>SZAh, SZLb 处理下蛋白酶活性最高,且与其他处理差异显著,比酶活性最低的 SZAh 处理高 174.2%。

表 4 不同处理土壤酶活性

Table 4 Soil enzyme activity under different treatments

处理	过氧化氢酶活性 [mg/(g·h)]	碱性磷酸酶活性 [mg/(g·h)]	脲酶活性 [mg/(g·h)]	纤维素酶活性 [mg/(g·h)]	转化酶活性 [μg/(g·h)]	蛋白酶活性 [μmol/(g·d)]
SZGm	5.61±0.03ab	6.18±0.12b	0.91±0.04b	53.00±2.02de	0.68±0.01d	0.46±0.02d
SSSi	5.49±0.03bc	5.70±0.15c	0.94±0.01b	58.49±1.80c	0.72±0.01c	0.62±0.04c
SZSb	5.52±0.03bc	6.51±0.12a	0.90±0.01b	50.88±1.87e	0.73±0.01c	0.32±0.04e
SZAh	5.58±0.03ab	5.70±0.03c	0.93±0.01b	59.11±1.00c	0.80±0.01b	0.31±0.02e
SZLb	5.40±0.03cd	5.85±0c	0.92±0b	66.94±1.10b	0.92±0.01a	0.85±0.03a
SZSt	5.31±0.06d	5.79±0.03c	0.84±0.01c	75.19±1.77a	0.68±0.01d	0.73±0.02b
SZZm	5.70±0.06a	5.85±0.12c	1.10±0.02a	56.38±1.57cd	0.80±0.01b	0.63±0.01c

SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表 1。同列数据后不同小写字母表示不同处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。

## 2.3 谷子不同轮作模式对细菌群落结构的影响

**2.3.1 土壤细菌组成** 图3显示,不同处理的土壤具有相似的细菌组成,但是比例上存在一定差异。其中相对丰度大于1.00%的有6个门类,分别是Proteobacteria、Actinobacteria、Chloroflexi、Acidobacteria、Bacteroidetes和Gemmatimonadetes,6个门的丰度占总丰度的94.50%~96.70%。其中,Proteobacteria、Actinobacteria为优势菌门,在各处理中占比达64.20%~74.10%。与SSSi处理相比,SZLb、SZSt处理中Proteobacteria的相对丰度增加,分别增加了2.30%、1.60%,其他处理中Proteobacteria的相对丰度降低,降低了3.60%~17.20%。与SSSi处理相比,SZSt、SZSb、SZAh、SZGm处理中Actinobacteria的相对丰度增加了3.98%~30.70%,SZLb、SZZm处理中Actinobacteria的相对丰度降低了7.50%、6.30%。另外,Nitrospirae、Verrucomicrobia、Patescibacteria、Rokubacteria是另外4个主要的门(至少在一个处理中的相对丰度大于0.50%)。

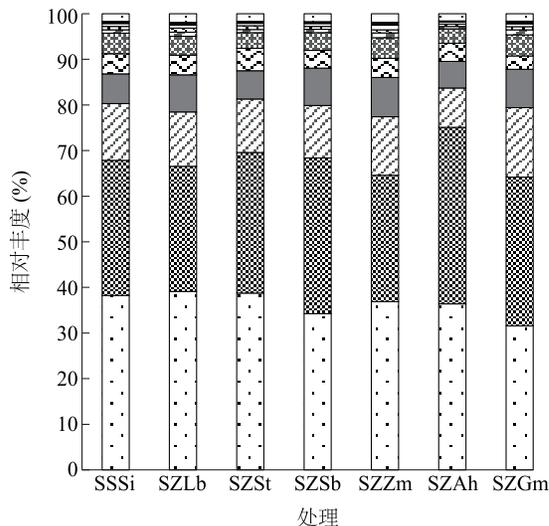


图3 不同处理土壤细菌门水平的相对丰度

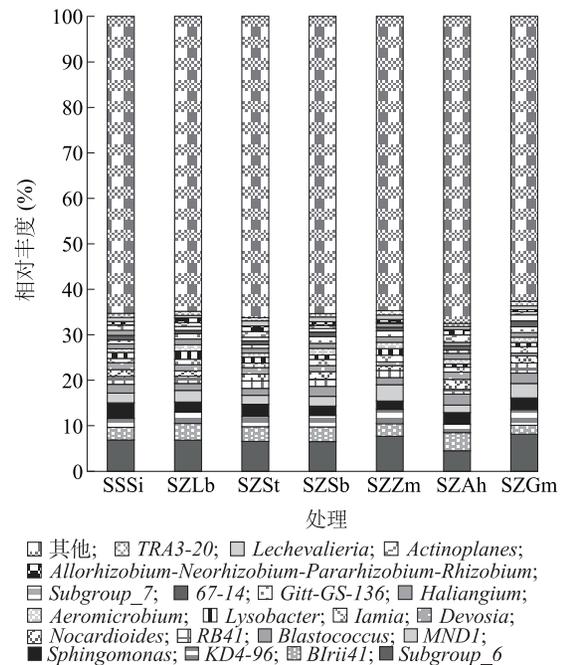
SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表1。

图3 不同处理土壤细菌门水平的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of soil bacteria at phyla level in different treatments

不同处理土壤细菌属水平群落结构分析结果(图4、图5)表明,7种轮作模式聚类图没有明显分支,说明土壤微生物结构相似,但是比例上存在差异。相对丰度大于1.00%或至少在1个处理中的相对丰度大于1.00%的优势属有27个,7个处理共有

的优势属有9种,分别为Subgroup\_6占比4.5%~8.1%,Blrii41占比约1.9%~3.9%,KD4-96占比1.8%~3.4%,Sphingomonas占比1.8%~3.4%,MND1占比1.3%~3.6%,Blastococcus占比1.5%~2.4%,RB41占比1.0%~2.2%,Nocardioides占比1.0%~2.1%,Haliangium占比1.0%~1.3%。TRA3-20、IMCC26256为SZGm处理特有的属,Acidibacter、CCD24为SZZm处理特有的属,Micromonospora为SZAh处理特有的属,剩余13属为2个或多个处理的共有属。聚类分析结果(图5)表明,SZLb、SZSb处理与SSSi处理距离最远,说明这2个处理对于细菌群落的影响大于其他处理,SZAh处理与SSSi处理距离最近,说明这2个处理的细菌组成最相似。

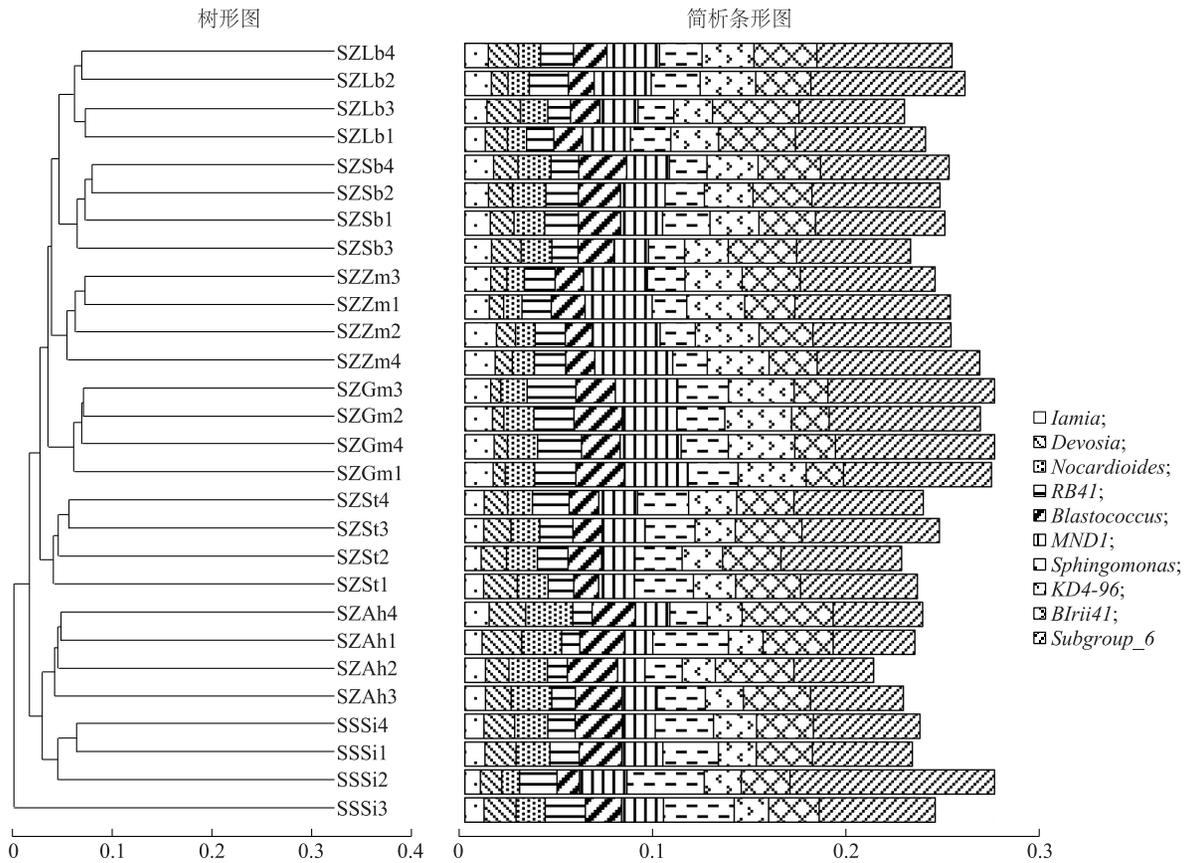


SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表1。

图4 不同处理土壤细菌属水平相对丰度的比较(前20)

Fig.4 Comparison of relative abundance of soil bacteria at genus level in different treatments (top 20)

**2.3.2 土壤细菌多样性** 各处理的Chao1指数(丰富度)间没有显著差异,与SSSi处理相比,其他6个处理的Chao1指数均有所提高;与SSSi处理相比,其他6个处理的香浓指数均降低;各处理的辛普森指数间没有显著差异(表5)。综合3个指数可推断,与连作相比,轮作会改变土壤微生物群落结构:物种种类(丰富度)增多,而物种多样性降低,更利于无优势种群的生存。



SSSi, SZGm, SZZm, SZSt, SZLb, SZSb, SZAh 见表 1。

图 5 不同轮作模式聚类分析

Fig.5 Hierarchical clustering analysis of different crop rotation patterns

表 5 不同处理土壤细菌多样性指数

Table 5 Diversity index of bacteria in soil under different treatments

处理	Chao1 指数	香浓指数	辛普森指数	覆盖度 (%)
SZGm	9 143.26±230.79a	11.24±0.21ab	0.998 940±0a	88.6±0.003a
SSSi	8 679.25±557.53a	11.35±0.12a	0.999 035±0a	89.4±0.018a
SZSb	9 482.17±275.43a	11.27±0.02ab	0.998 990±0a	88.4±0.004a
SZAh	9 255.48±132.62a	11.25±0.03ab	0.998 971±0a	88.5±0.002a
SZLb	9 269.61±349.96a	11.25±0.05ab	0.998 983±0a	88.7±0.005a
SZSt	9 034.97±514.38a	11.16±0.09ab	0.998 933±0a	89.0±0.007a
SZZm	8 852.82±181.00a	11.15±0.04b	0.998 868±0a	89.2±0.003a

SSSi, SZGm, SZZm, SZSt, SZLb, SZSb, SZAh 见表 1。

### 2.4 土壤养分与细菌优势属的相关性分析

表 6 显示,蛋白酶活性是影响土壤细菌群落最主要的因子。过氧化氢酶活性与 *Devosia* 呈显著负相关 ( $P < 0.05$ );碱性磷酸酶活性与 *Gitt-GS-136* 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ );纤维素酶活性与 *Altererythrobacter* 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ );转化酶活性与 *Haliangium* 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ );蛋白酶活性与

*Blastococcus* 呈极显著负相关 ( $P < 0.01$ ),与 *Lysobacter* 呈极显著正相关 ( $P < 0.01$ );碱解氮含量与 *MND1*、*Nitrospira*、*TRA3-20*、*CCD24* 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ),与 *Actinoplanes* 呈显著负相关 ( $P < 0.05$ );速效磷、速效钾含量与 *Sphingomonas* 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ )。

### 2.5 谷子不同轮作模式对土壤物理、肥力指标影响的综合分析

2.5.1 土壤相关指标选取与主成分分析结果 选取具有代表性的土壤相关因子,包括:物理结构(土壤容重、10.1~20.0 cm 的 *MWD*)、土壤养分(全氮、碱解氮、速效磷、速效钾、有机质)含量及土壤酶(过氧化氢酶、碱性磷酸酶、脲酶、纤维素酶、转化酶、蛋白酶)活性,共 13 个指标作为主成分分析的评价指标。为使选取因子在数量级和量纲上达到一致,需对原始数据进行标准化处理,然后对土壤物理、养分指标进行相关性分析。

谷子土壤相关指标主成分分析结果(表 7)表

明,从 13 个因子中提取出 5 个主成分且 5 个主成分累积贡献率高达 98.076%,即 5 个主成分可包含原

有信息的 98.076%,符合分析要求,所以这 5 个主成分可以代表谷子土壤相关指标进行分析。

表 6 土壤肥力指标与优势属之间的相关性分析

Table 6 Correlation analysis between soil fertility indices and dominant genera

优势属	相关系数											
	过氧化氢酶活性	碱性磷酸酶活性	脲酶活性	纤维素酶活性	转化酶活性	蛋白酶活性	全氮含量	碱解氮含量	速效磷含量	速效钾含量	有机质含量	pH
<i>Subgroup_6</i>	0.200	0.318	0.285	-0.192	-0.218	0.388	-0.035	0.725	-0.051	-0.168	0.351	-0.031
<i>Bfrii41</i>	-0.375	0.319	-0.189	0.407	0.589	0.005	-0.008	-0.363	-0.286	-0.107	-0.539	0.105
<i>KD496</i>	0.495	0.469	0.372	-0.389	-0.120	0.058	-0.422	0.687	-0.345	-0.547	-0.006	0.348
<i>Sphingomonas</i>	-0.343	-0.441	-0.423	0.195	-0.427	0.035	0.468	-0.525	0.779*	0.815*	0.513	-0.652
<i>MND1</i>	0.581	0.177	0.685	-0.327	0.088	0.253	-0.246	0.869*	-0.339	-0.378	0.090	0.040
<i>Blastococcus</i>	0.405	0.356	-0.214	-0.655	-0.327	-0.904**	0.061	-0.554	0.480	0.142	0.178	0.095
<i>RB41</i>	0.045	0.365	-0.113	-0.193	-0.472	0.202	-0.050	0.377	0.195	-0.055	0.396	-0.004
<i>Nocardioiodes</i>	-0.022	0.020	-0.478	-0.142	-0.277	0.745	-0.030	-0.900	0.341	0.225	-0.119	0.149
<i>Devosia</i>	-0.803*	-0.551	-0.392	0.419	0.211	-0.014	0.397	-0.633	0.245	0.435	-0.071	-0.258
<i>Iamia</i>	0.697	0.638	0.515	-0.664	0.084	-0.252	-0.289	0.625	-0.343	-0.596	-0.027	0.413
<i>Lysobacter</i>	-0.409	-0.282	0.181	0.509	0.529	0.935**	0.142	0.677	-0.335	-0.140	-0.047	-0.256
<i>Aeromicrobium</i>	0.404	0.570	0.431	-0.428	0.526	-0.081	-0.189	0.622	-0.543	-0.724	-0.266	0.459
<i>Haliangium</i>	0.135	-0.359	0.312	0.154	0.780*	-0.026	-0.259	0.036	-0.545	-0.364	-0.651	0.133
<i>Gitt-GS-136</i>	0.422	0.810*	0.342	-0.628	0.085	-0.145	0.057	0.609	-0.163	-0.453	0.194	0.328
<i>67-14</i>	0.352	0.394	-0.220	-0.582	-0.656	-0.557	0.013	-0.243	0.555	0.188	0.437	-0.009
<i>Subgroup_7</i>	0.212	0.178	-0.113	-0.339	-0.479	-0.046	0.011	0.149	0.432	0.142	0.458	-0.208
<i>Actinoplanes</i>	-0.480	-0.506	-0.572	0.456	-0.017	-0.148	0.009	-0.818*	0.217	0.339	-0.258	-0.125
<i>Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium</i>	-0.688	-0.456	-0.486	0.719	0.248	0.165	-0.067	-0.576	-0.184	0.074	-0.499	0.087
<i>Lechevalieria</i>	-0.072	0.251	-0.034	0.028	-0.744	-0.082	0.117	-0.189	0.185	0.326	0.358	0.125
<i>TRA3-20</i>	0.494	0.114	0.492	-0.388	0.003	0.255	-0.021	0.771*	0.024	-0.132	0.348	-0.246
<i>Streptomyces</i>	0.076	0.236	-0.211	-0.214	-0.230	-0.772*	0.038	-0.751	0.141	0.133	-0.122	0.329
<i>Nitrospira</i>	0.407	0.276	0.461	-0.280	0.007	0.323	-0.224	0.846*	-0.260	-0.391	0.140	0.063
<i>Altererythrobacter</i>	-0.735	-0.423	-0.161	0.800*	0.506	0.794*	0.100	0.164	-0.351	-0.050	-0.298	-0.116
<i>Acidibacter</i>	-0.030	-0.392	0.523	0.463	0.519	0.765*	-0.299	0.723	-0.700	-0.375	-0.371	-0.003
<i>Micromonospora</i>	-0.045	-0.712	0.194	0.355	0.357	-0.020	0.053	-0.366	-0.091	0.288	-0.294	-0.267
<i>CCD24</i>	0.167	0.035	0.628	0.079	0.330	0.587	-0.073	0.866*	-0.509	-0.334	-0.028	0.023
<i>IMCC26256</i>	0.399	0.417	-0.027	-0.481	-0.328	-0.209	-0.303	0.261	0.092	-0.283	0.147	0.176

\*\*表示极显著相关( $P<0.01$ );\*表示显著相关( $P<0.05$ )。

2.5.2 不同处理谷子土壤物理、肥力综合排名 综合分析土壤理化性质等相关指标,得分最高的为 SZZm 处理(表 8),其次为 SSSi 处理,得分最低的为 SZSt 处理。认为谷子-玉米-玉米(糯)-谷子轮作模式可以使土壤环境保持最优。

### 3 讨论

土壤肥力对农作物生长发育至关重要<sup>[21-26]</sup>,合

理轮作可以提高土壤养分含量,改善土壤结构<sup>[271]</sup>。本研究结果表明,合理的轮作可降低土壤容重,增强土壤团聚体稳定性(块根、块茎类作物除外);谷子连作降低了土壤 pH,使土壤趋于酸化,这与牛倩云等<sup>[28]</sup>、徐宁等<sup>[29]</sup>的研究结果一致;谷子连作模式下,土壤中速效磷、速效钾、有机质含量均居于首位,袁洪超等<sup>[30]</sup>在当归连作研究中得到类似结论。这可能与不同种植模式作物对养分的需求不同有关。

表7 主成分特征值与贡献率

Table 7 Eigenvalues and contribution rate in principal component analysis

成分	初始特征值			提取平方和载入		
	合计	贡献率(%)	累积贡献率(%)	合计	贡献率(%)	累积贡献率(%)
1	4.455	34.269	34.269	4.455	34.269	34.269
2	3.258	25.058	59.327	3.258	25.058	59.327
3	2.548	19.599	78.926	2.548	19.599	78.926
4	1.461	11.241	90.167	1.461	11.241	90.167
5	1.028	7.909	98.076	1.028	7.909	98.076
6	0.250	1.924	100.000			
7	$2.747 \times 10^{-16}$	$2.113 \times 10^{-16}$	100.000			
8	$1.510 \times 10^{-16}$	$1.162 \times 10^{-16}$	100.000			
9	$7.315 \times 10^{-16}$	$5.627 \times 10^{-16}$	100.000			
10	$-3.453 \times 10^{-16}$	$-2.656 \times 10^{-16}$	100.000			
11	$-5.919 \times 10^{-16}$	$-4.553 \times 10^{-16}$	100.000			
12	$-1.309 \times 10^{-16}$	$-1.007 \times 10^{-16}$	100.000			
13	$-2.833 \times 10^{-16}$	$-2.179 \times 10^{-16}$	100.000			

表8 不同轮作模式因子得分与综合排名

Table 8 Factor score and comprehensive ranking in different treatments

处理	得分						排名
	F1	F2	F3	F4	F5	F	
SZGm	0.661	0.961	-0.563	-1.416	-0.119	0.191	4
SSSi	1.368	-1.407	1.101	0.083	-0.005	0.347	2
SZSb	0.667	0.201	-1.195	0.712	1.431	0.243	3
SZAh	-0.321	-0.134	-0.824	1.372	-1.422	-0.269	6
SZLb	-1.451	0.067	0.862	0.316	1.158	-0.186	5
SZSt	-1.016	-1.066	-0.535	-1.214	-0.406	-0.907	7
SZZm	0.092	1.378	1.155	0.147	-0.639	0.581	1

SSSi、SZGm、SZZm、SZSt、SZLb、SZSb、SZAh 见表1。

土壤酶是作物根系和微生物产生的一类蛋白质代谢产物,参与土壤的各种生化反应。有研究认为,合理轮作有利于提高土壤酶活性<sup>[31-32]</sup>。本研究中,马铃薯轮作模式的过氧化氢酶、脲酶活性最低;谷子连作模式、花生轮作模式碱性磷酸酶活性最低;高粱轮作模式纤维素酶活性最低。总体来讲,合理的轮作有利于提高土壤酶活性,不合理的轮作会降低土壤酶活性。本试验中7种轮作模式的土壤酶活性没有明显规律,可能与试验地常年施用有机肥以及试验周期较短(4年)、连作障碍不明显有关。

谷子连作模式的土壤细菌丰富度指数最低,但是其多样性指数最高,推测与土壤酸化有关,该条件下更利于优势菌的生存。聚类分析结果表明,不同

轮作模式细菌群落结构组成基本相同,但在比例上有所差异,推测土壤细菌对于环境变化较不敏感,前人在番茄上得到类似结论<sup>[33]</sup>。

## 4 结论

为了筛选出适宜晋东南地区谷子最佳的轮作作物,使土壤保持健康生态环境,本研究通过主成分分析法可知,不同作物与谷子轮作的综合得分顺序为SZZm>SSSi>SZSb>SZGm>SZLb>SZAh>SZSt。其中,轮作玉米(糯)得分最高,其次依次为谷子连作、轮作高粱、轮作大豆,且四者得分均为正值,说明轮作玉米(糯)、高粱、大豆以及连作谷子可使谷子土壤保持较健康的水平。轮作马铃薯、花生、甘薯三者得

分为负值,说明这3种轮作方式降低了土壤质量。由此可知,不同轮作模式会影响土壤的质量,且长时间连作会产生连作障碍,玉米(糯)是较为适宜晋东南武乡地区避免谷子连作障碍的理想作物。

### 参考文献:

- [1] 孙倩,吴宏亮,陈阜,等.不同轮作模式下作物根际土壤养分及真菌群落组成特征[J].环境科学,2020,41(10):4682-4689.
- [2] 高群,孟宪志,于洪飞.连作障碍原因分析及防治途径研究[J].山东农业科学,2006(3):60-63.
- [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] 蔡晨,李谷,朱建强,等.稻虾轮作模式下江汉平原土壤理化性状特征研究[J].土壤学报,2019,56(1):217-226.
- [5] 熊湖,郑顺林,张德银,等.轮作与连作对马铃薯生长及土壤酶活性的影响[J].福建农业学报,2022,37(1):25-32.
- [6] PUGET P, CHENU C, BALESDENT J. Dynamics of soil organic matter associated with particle-size fractions of water-stable aggregates[J]. European Journal of Soil Science, 2010, 51(4):595-605.
- [7] POITIER V, ROUMET C, ANGERS D A, et al. Species and root traits impact macroaggregation in the rhizospheric soil of a Mediterranean common garden experiment [J]. Plant and Soil, 2018, 424:289-302.
- [8] 洪宗文,温娅檬,刘一霖,等.川西亚高山不同彩叶林土壤水稳性团聚体特征[J].应用与环境生物学报,2021,27(3):601-607.
- [9] 鲍士旦.土壤农业分析化学[M].北京:中国农业出版社,2000:22-100.
- [10] 肖安水.土壤肥力的测定及其评价[J].现代农业科学,2008,15(5):23-24.
- [11] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986:274-338.
- [12] BISSONNAIS Y L, PRIETO I, ROUMET C, et al. Soil aggregate stability in Mediterranean and tropical agro-ecosystems: effect of plant roots and soil characteristics [J]. Plant and Soil, 2018, 424:303-317.
- [13] 季波,时龙,徐金鹏,等.宁夏典型天然草地土壤团聚体稳定性及其有机碳分布特征[J].生态学报,2021,41(19):7669-7678.
- [14] 张玉铭,胡春胜,陈素英,等.耕作与秸秆还田方式对碳氮在土壤团聚体中分布的影响[J].中国生态农业学报(中英文),2021,29(9):1558-1570
- [15] 崔蕊蕊,张嘉良,王云琦,等.甘肃小陇山林区不同林分对土壤团聚体稳定性的影响[J].水土保持学报,2021,35(4):275-281.
- [16] SHRESTHA B M, SITAULA B K, SINGH B R, et al. Soil organic carbon stocks in soil aggregates under different land use systems in Nepal[J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2004, 70(2):201-213.
- [17] 王蕊,吴宪,李刚,等.东北丘陵区林地转型耕地对土壤编码碱性磷酸酶基因的细菌群落的影响[J].微生物学报,2020,60(10):2211-2225.
- [18] 冯欣欣,李凤兰,徐永清,等.新疆寒冷地区腐木中产纤维素酶菌株的筛选与低温产酶特性[J].浙江农业学报,2021,33(8):1468-1476.
- [19] 杜琳倩.水淹胁迫下新型氧肥对土壤酶活性的影响[D].长沙:中南林业科技大学,2013.
- [20] 马书琴,汪子微,陈有超,等.藏北高寒草地土壤有机质化学组成对土壤蛋白酶和脲酶活性的影响[J].植物生态学报,2021,45(5):516-527.
- [21] 张霞,李健,潘孝青,等.不同熟化垫料替代比例对稻麦轮作下作物产量、土壤肥力及重金属的影响[J].江苏农业学报,2021,37(5):1175-1182.
- [22] 王中军,林晶晶,王凯.滨海地区中低肥力沙质土氮磷配施对啤酒大麦产量及品质的影响[J].江苏农业科学,2021,49(20):120-123.
- [23] 黄雁飞,陈桂芬,熊柳梅,等.不同秸秆生物炭对水稻生长及土壤养分的影响[J].南方农业学报,2020,51(9):2113-2119.
- [24] 袁国印,宋航,郇威威,等.稻麦轮作下长期秸秆还田和钾肥施用后效对水稻产量和土壤肥力的影响[J].江苏农业科学,2021,49(19):117-122.
- [25] 杨浩瑜,刘惠见,张乃明,等.化肥减施处理对茶园土壤养分及茶叶品质的影响[J].南方农业学报,2020,51(4):887-896.
- [26] 陈鑫,刘勤,张刚.太湖地区不同轮作模式对土壤肥力和水稻产量的影响[J].江苏农业学报,2021,37(4):874-883.
- [27] 孙倩.轮作模式对谷茬地作物根际土壤特性及微生物群落多样性的影响[D].银川:宁夏大学,2019
- [28] 牛倩云,韩彦莎,徐丽霞,等.作物轮作对谷田土壤理化性质及谷子根际土壤细菌群落的影响[J].农业环境科学学报,2018,37(12):2802-2809.
- [29] 徐宁,张方圆,王闯,等.不同蔬菜轮作对设施连作黄瓜根际土壤微生态的影响[J].北方园艺,2017(1):48-52.
- [30] 袁洪超,郭凤霞,陈垣,等.高寒区轮作模式对当归田土壤特性及药材产量的影响[J].草业学报,2018,27(10):183-193.
- [31] 施梦馨,王豪吉,土馨雨,等.施用有机肥对碱性土壤理化特性与作物生长的影响[J].云南师范大学学报(自然科学版),2022,42(1):50-57.
- [32] 王明文,张洋,胥婷婷,等.有机肥替代氮肥对黄瓜产量、品质及土壤质量的影响[J].青海大学学报,2022,40(1):49-54.
- [33] 刘会芳,韩宏伟,王强,等.不同蔬菜与番茄轮作对设施土壤微生物多样性、酶活性及土壤理化性质的影响[J].微生物学报,2021,61(1):167-182.

(责任编辑:王妮)