

doi: 10.11838/sfsc.1673-6257.22147

山药田土壤微生物群落分布特征及间作豆科植物的改良效果

杨雪贞^{1, 2}, 罗同阳³, 赵雪萍⁴, 章淑艳³, 许华森¹, 孙志梅^{1*}

(1. 河北农业大学资源与环境科学学院, 河北 保定 071001; 2. 河北省农田生态环境重点实验室, 河北 保定 071001; 3. 河北省微生物研究所, 河北 保定 071051; 4. 邢台现代职业学校, 河北 邢台 054000)

摘要:为解析山药田连作后的土壤微生态环境变化, 探寻连作障碍产生的微生物学机理, 采用田间小区试验和室内检测分析相结合的方法, 以粮田土壤为对照, 在分析山药田土壤微生物群落分布特征的基础上, 探究间作苜蓿、三叶草和大豆3种豆科植物对土壤微生态环境的改良效果。结果表明: 在0~100 cm土层中, 山药田和粮田土壤细菌、真菌和放线菌三大微生物种群的数量基本表现为随土层加深而降低的趋势。与粮田相比, 山药苗期0~100 cm土层土壤细菌和真菌数量均表现为山药田土壤高于粮田土壤, 特别是真菌数量, 高于粮田土壤1.86~4.48倍。而固氮菌和放线菌数量则表现为粮田土壤高于山药田土壤的趋势, 特别是0~20 cm土层, 分别比山药田土壤提高了1.51和0.75倍。山药收获期, 0~20和20~40 cm土层山药田土壤细菌、固氮菌和放线菌数量均呈现出低于粮田土壤, 而真菌数量高于粮田土壤的趋势, 且0~100 cm土层土壤细菌与真菌数量的比值均降低。间作苜蓿、三叶草和大豆后可显著提高0~40 cm土层土壤中的固氮菌、解磷细菌及放线菌的数量。说明山药连作会明显影响土壤三大微生物群落的组成结构, 而间作豆科植物对土壤微生物群落分布有一定的改良效果。
关键词: 山药田; 粮田; 微生物群落分布; 间作; 豆科植物; 改良效果

在我国长期集约化的种植模式下, 土壤性质恶化、微生态环境失衡、病虫害多发等连作障碍问题普遍存在^[1]。而连作障碍会造成20%~80%的当季作物损失, 严重制约农业的可持续发展^[2]。不少研究发现, 连作障碍中土传病害的发生与土壤微生物区系和群落结构的变化密切相关^[3]。大豆、花生和马铃薯等作物生产中, 土壤的细菌数量随连作年限的增加而降低, 但真菌数量逐年增加^[4-6]。而土壤微生物作为土壤的重要组成部分, 不仅参与土壤碳、氮等营养元素的循环, 影响元素的生物有效性, 而且其种群数量、分布和活性对作物种植体系、耕作栽培措施、气候变化等引起的土壤环境变化十分敏感, 既是土壤环境变化的指示指标, 同时其变化情况又直接影响着土壤生态系统的稳定性和

健康质量^[7-8]。因此, 探讨不同作物种植体系的土壤微生物群落分布特征, 揭示土壤微生态环境的变化, 对于探明连作障碍发生机理, 制定科学绿色的连作障碍解决措施具有重要的指导意义。

间作不仅可以充分利用耕地、水分、养分和光热资源, 提高复种指数, 借助于种间竞争和互补, 促进农业高产高效^[9-10], 同时可通过增加田间地上地下的种间互作, 增加和调控土壤的生物多样性, 并进而影响土壤的微生态环境质量, 缓解连作障碍^[11]。已有研究表明, 马铃薯间作蚕豆、荞麦可明显提高细菌、放线菌的数量, 且使优势度指数比单作提高2.07倍和3.4%^[12]。茶树与大豆间作可增加细菌、真菌和放线菌的数量, 微生物多样性明显改善^[13]。山药作为一种营养价值丰富的根茎类蔬菜, 市场需求大, 经济效益高, 但生产中由于多年连作和施肥不合理导致的糊头病、根腐病、水痘病、水疔病等土传病害问题突出, 造成山药减产甚至绝收, 危害严重^[14]。山药连作后的土壤微生物种群结构如何变化? 突出的连作障碍问题是否与山药连作导致的微生物种群结构失衡、微生态环境破坏有关? 当前的相关研究还非常有限, 特别是针对

收稿日期: 2022-03-16; 录用日期: 2022-04-03

基金项目: 河北省重点研发计划项目(20326909D); 河北省高等学校科学技术研究项目(QN2020147)。

作者简介: 杨雪贞(1996-), 硕士研究生, 研究方向为植物营养调控与高效施肥。E-mail: 1925649968@qq.com。

通讯作者: 孙志梅, E-mail: sunzhm2002@163.com。

河北的特色麻山药产区。因此,本研究首先以粮田土壤为对照,明确山药田土壤的微生物种群分布特征,在此基础上探究间作豆科植物、加强种间互作对山药田土壤微生态环境的改良效果,旨在为维护山药田土壤健康,缓解山药连作障碍,促进山药产业的良性发展提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验于河北省蠡县山药主产区进行,该区域为温带大陆性气候,年均气温 13.0℃,年均降水

量 522 mm。供试山药品种为棒药。供试土壤为连作 2 年的山药田土壤和邻近山药田常年种植小麦-玉米的粮田土壤。山药的生育期较长,每年一大茬。一般 4 月底左右开始种植,10 月底前后收获,收获后至第 2 年种植之前为休闲期。而小麦-玉米轮作粮田,当地一般为 6 月中旬左右播种夏玉米,10 月中旬前后收获,之后立即播种冬小麦,至第 2 年 6 月收获后又马上播种夏玉米,全年没有休闲期。供试山药田 2 年之前也是小麦-玉米轮作粮田,供试土壤类型为潮土,质地为砂质壤土,供试土壤 0~20 cm 的土壤理化性质见表 1。

表 1 供试土壤基本理化性质

试验内容	种植系统	有机质 (g/kg)	全氮 (g/kg)	硝态氮 (mg/kg)	有效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)	pH	EC ($\mu\text{S}/\text{cm}$)
微生物群落特征试验	粮田	9.05	0.42	26.53	9.51	75.85	8.22	152.6
	山药田	10.34	0.50	33.21	10.31	82.31	8.15	168.5
间作豆科植物试验	第 1 年山药田	10.85	0.54	32.83	9.86	76.21	8.03	179.1
	第 2 年山药田	11.72	0.81	35.02	12.87	88.57	8.00	201.2

1.2 试验设计及样品采集测定方法

1.2.1 山药田土壤微生物群落分布特征研究

于山药苗期追肥灌水前(6月10日)和收获期(10月14日),按五点采样法每 20 cm 1 个土层,分五层采集 0~100 cm 土层的山药田土壤样品,同时采集相邻小麦-玉米轮作粮田的土壤作为对照,每个处理 3 次重复。采集的土样迅速装入无菌袋,放入冰盒,带回实验室 4℃ 冰箱暂存,用于土壤细菌、固氮菌、真菌和放线菌数量的检测,检测方法采用微生物培养计数法^[15]。本季试验田 5 月 1 日播种,35 d 左右出苗,因此,山药苗期采样时,粮田对应的是冬小麦收获期,而山药收获期采样时,粮田对应的是夏玉米收获期。

1.2.2 间作豆科植物对山药田土壤的改良效果研究

第 1 年试验设置 3 个处理,分别为:(1)单作山药(对照);(2)间作苜蓿(于山药行间种植苜蓿);(3)间作三叶草(于山药行间种植三叶草)。山药于 5 月 1 日播种,5 月 17 日间作 2 种豆科植物,10 月份收获。第 2 年试验除设置了与第 1 年相同的 3 个处理外,又增加了间作大豆处理,总计 4 个处理。山药于 5 月 8 日播种,5 月 20 日间作 3 种豆科植物,10 月收获。2 年的试验小区面积分别为 $39 \text{ m} \times 2.3 \text{ m} = 89.7 \text{ m}^2$ 和 $34 \text{ m} \times$

$2.3 \text{ m} = 78.2 \text{ m}^2$ 。每个处理设置 3 次重复,随机排列。人工种植山药,苜蓿和三叶草于山药行间撒播,播种量均为 $10 \text{ kg}/\text{hm}^2$,大豆于山药行间采用单行穴播,每穴 1 粒种子。两年的基肥施用量均为 $\text{N } 90 \text{ kg}/\text{hm}^2$, P_2O_5 $180 \text{ kg}/\text{hm}^2$, K_2O $90 \text{ kg}/\text{hm}^2$,追肥施用量均为 $\text{N } 210 \text{ kg}/\text{hm}^2$, K_2O $240 \text{ kg}/\text{hm}^2$,追肥于苗期(6月15日)、根茎膨大初期(8月12日)和根茎膨大盛期(9月9日)分 3 次施入,每次追肥后的灌水量为 40 m^3 左右,其他田间管理按农民常规进行。

2 年试验均于山药收获期(10月16日),利用五点采样法分别采集 0~20 和 20~40 cm 土层的土壤样品,土样迅速装入无菌袋,放入冰盒,带回实验室 4℃ 冰箱暂存,用于土壤细菌、固氮菌、解磷细菌、解钾细菌、真菌和放线菌数量的检测,检测方法采用微生物培养计数法^[15]。

1.3 相关指标计算与统计分析

试验数据用 Excel 2019 进行处理和绘图,SPSS 24.0 进行统计分析,两组比较采用 *t* 检验,3 组及以上多重比较采用 Duncan 法。每克干土中微生物数量计算方法如下:

每克干土菌落数 = 菌落平均数 \times 稀释倍数,单位为 cfu/g。

2 结果与分析

2.1 山药田土壤微生物群落分布特征研究

2.1.1 细菌数量和固氮菌数量

2.1.1.1 细菌数量 图 1SB 表明, 随土层深度的增加, 土壤细菌数量均呈逐渐减少的趋势。山药田土壤细菌数量在收获期低于苗期, 而粮田土壤细菌数量两个时期差异不大。山药苗期, 0 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60、60 ~ 80 和 80 ~ 100 cm 土层的山药田土壤细菌数量均高于粮田土壤, 分别为粮田土壤的 4.53、2.20、2.04、1.24 和 1.5 倍, 在 60 cm 以上 3 个土层差异显著。山药收获期, 0 ~ 20、20 ~ 40 和 40 ~ 60 cm 土层的粮田土壤细菌数量分别为山药田土壤的 1.26、1.21 和 1.65 倍。60 ~ 80

和 80 ~ 100 cm 则表现为山药田土壤细菌数量高于粮田土壤, 但差异不显著。

2.1.1.2 固氮菌数量 山药苗期和收获期, 山药田土壤和粮田土壤中固氮菌的数量均随着土层深度的增加而减少 (图 1SN)。山药苗期, 在 0 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60、60 ~ 80 和 80 ~ 100 cm 土层均表现为粮田土壤固氮菌数量高于山药田土壤, 粮田土壤固氮菌数量分别为山药田土壤的 1.51、1.04、1.01、1.34 和 1.58 倍, 除 20 ~ 40 和 40 ~ 60 cm 土层外, 其余土层二者均差异显著。山药收获期, 0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 土层, 粮田土壤分别为山药田土壤的 1.39 和 1.05 倍。但 20 cm 以下土层山药田土壤固氮菌数量与粮田土壤差异不显著。

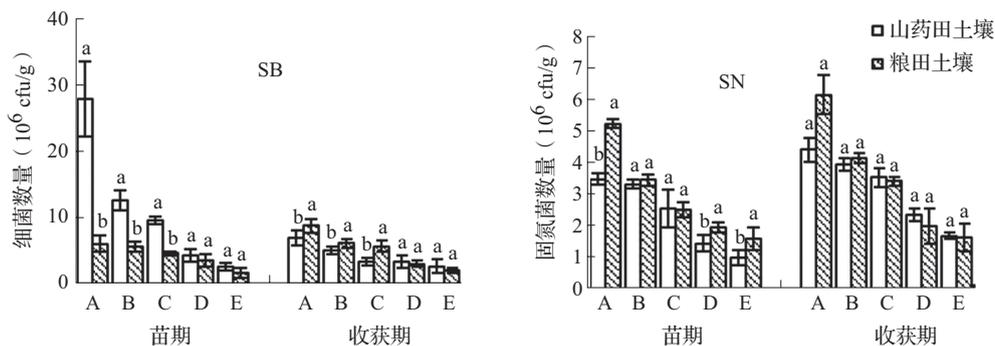


图 1 山药田和粮田不同土层土壤细菌 (SB) 和固氮菌 (SN) 数量的比较

注: A、B、C、D、E 分别表示 0 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60、60 ~ 80 和 80 ~ 100 cm 土层, 不同小写字母表示同一土层不同处理间差异显著 ($P < 0.05$), 下同。

2.1.2 真菌数量

由图 2 可以看出, 随着土层深度的增加, 土壤中真菌数量基本呈现减少的趋势。山药苗期, 0 ~ 20、20 ~ 40、40 ~ 60、60 ~ 80 和 80 ~ 100 cm 土层均表现出山药田土壤真菌数量显著高于

粮田土壤的结果, 分别为粮田土壤的 2.74、4.48、4.02、3.39 和 1.86 倍。山药收获期, 20 ~ 40 cm 土层山药田土壤真菌数量为粮田土壤的 1.26 倍, 差异显著。而 0 ~ 20 和 40 cm 以下土层山药田和粮田土壤真菌数量基本相当。

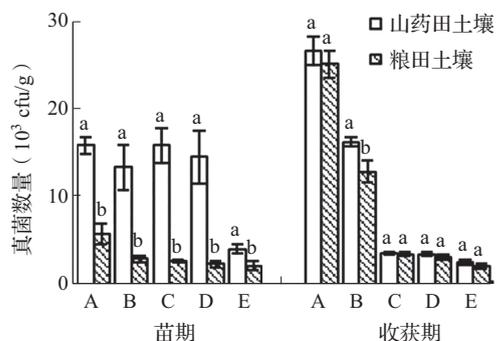


图 2 山药田和粮田不同土层土壤真菌数量的比较

2.1.3 放线菌数量

从图 3 可以看出, 山药收获期土壤放线菌数量低于山药苗期。山药苗期, 0 ~ 20 cm 土层的粮田土壤放线菌数量较山药田土壤提高了 75.31% ($P < 0.05$), 20 ~ 40 cm 土层差异不大, 但 40 ~ 60、60 ~ 80 以及 80 ~ 100 cm 土层山药田土壤的放线菌数量分别为粮田土壤 2.18、2.20 和 1.24 倍, 且在 40 ~ 80 cm 间的两个土层差异显著。山药收获期, 0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 土层的粮田土壤放线菌数量为山药田土壤的 1.28 和 1.57 倍, 而

40 ~ 60、60 ~ 80 和 80 ~ 100 cm 土层的山药田土壤放线菌数量分别为粮田土壤的 1.49、1.16 和 1.10 倍，且 0 ~ 60 cm 的 3 个土层差异达显著水平。

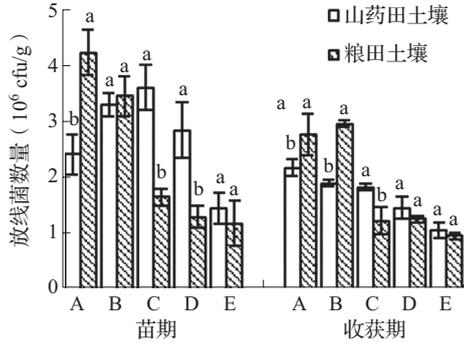


图 3 山药田和粮田不同土层土壤放线菌数量的比较

2.1.4 细菌数量和真菌数量的比值分析

表 2 可知，山药苗期，除粮田土壤 0 ~ 20 cm 土层细菌数量和真菌数量的比值较低，山药田 80 ~ 100 cm 土层较高外，两种土壤细菌数量和真菌数量的比值均表现为随土层深度的增加逐渐减小。0 ~ 20 cm 土层，山药田土壤细菌数量和真菌数量的比值显著高于粮田土壤，而 20 ~ 100 cm 各土层则均表现为粮田土壤高于山药田土壤，且 20 ~ 80 cm 的 3 个土层均差异显著。山药收获期，两种土壤随土层深度增加，细菌数量和真菌数量的比值均增大，且粮田土壤的细菌数量和真菌数量的比值高于山药田土壤，但只有 40 ~ 60 cm 土层差异显著。

表 2 山药田和粮田不同土层土壤细菌数量和真菌数量的比值

生育期	土层 (cm)	细菌 / 真菌	
		山药田土壤	粮田土壤
苗期	0 ~ 20	1750.00 ± 145.85a	1060.03 ± 37.62b
	20 ~ 40	948.15 ± 29.36b	1930.23 ± 112.24a
	40 ~ 60	603.75 ± 19.56b	1713.77 ± 98.53a
	60 ~ 80	302.18 ± 16.44b	1481.48 ± 107.82a
	80 ~ 100	649.00 ± 17.37a	807.12 ± 15.26a
收获期	0 ~ 20	260.97 ± 12.18a	350.03 ± 11.27a
	20 ~ 40	314.02 ± 9.87a	480.22 ± 13.45a
	40 ~ 60	556.28 ± 29.26b	638.31 ± 52.31a
	60 ~ 80	966.29 ± 31.22a	987.53 ± 28.46a
	80 ~ 100	958.92 ± 36.89a	986.00 ± 34.40a

注：同行不同小写字母表示同一土层不同处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

2.2 间作豆科植物对山药田土壤的改良效果研究

2.2.1 对土壤细菌及固氮菌、解磷细菌和解钾细菌数量的影响

2.2.1.1 对土壤细菌数量的影响 图 4SB 可知，第 1 年，和对照相比，间作苜蓿和间作三叶草的 0 ~ 20 cm 土层土壤细菌数量均显著降低，分别仅为对照的 85.36% 和 70.73%。第 2 年，0 ~ 20 cm 土层，间作苜蓿、三叶草、大豆的土壤细菌数量分别仅为对照的 39.14%、20.66% 和 62.76%，各处理间差异显著。20 ~ 40 cm 土层，间作苜蓿、三叶草和大豆的土壤细菌数量与对照相比分别显著降低了 88.15%、85.92%、89.25%，但不同间作模式间差异不大。

2.2.1.2 对土壤固氮菌数量的影响 图 5SN 表明，第 2 年山药间作 3 种豆科植物后，土壤中固氮菌数量均增加，但两个土层之间差异不大。0 ~ 20 cm 土层，山药间作苜蓿、三叶草和大豆后，土壤中固氮菌数量和对照相比分别增加 1.57、1.18 和 0.52 倍，以间作苜蓿和三叶草效果最为明显。20 ~ 40 cm 土层，与对照相比，间作苜蓿、三叶草和大豆的土壤固氮菌数量分别显著增加 4.33、1.83 和 1.08 倍。

2.2.1.3 对土壤解磷细菌数量的影响 图 5SP 可知，与对照相比，第 2 年 0 ~ 20 cm 土层，间作苜蓿、三叶草和大豆的土壤解磷细菌数量分别显著增加 2.01、2.32 和 2.36 倍，但 3 种间作处理间差异不显著。20 ~ 40 cm 土层的土壤解磷细菌数量分别较对照增加 57.14%、96.42% 和 28.57%，且间作三叶草的效果最优。

2.2.1.4 对土壤解钾细菌数量的影响 与对照相比，第 2 年 0 ~ 20 cm 土层，与对照相比，间作苜蓿、三叶草和大豆的土壤解钾细菌数量分别显著降低 32.50%、61.41% 和 63.15%。20 ~ 40 cm 土层，山药间作苜蓿、三叶草和大豆后土壤解钾细菌数量分别较对照显著降低了 40.00%、85.71% 和 78.57% (图 5SK)。

2.2.2 对土壤真菌数量的影响

与对照相比，第 1 年 0 ~ 20 cm 土层间作苜蓿和三叶草土壤真菌数量无显著变化，第 2 年随土层加深，土壤真菌数量呈减少趋势。0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 土层均表现为间作苜蓿显著降低土壤真菌数量分别达 68.36% 和 40.63%，0 ~ 20 cm 土层间作三叶草和大豆对土壤真菌数量的影响不大，但

20 ~ 40 cm 土层间作三叶草和大豆的土壤真菌数量反而显著提高, 分别为对照的 2 和 2.22 倍 (图 4SF)。

2.2.3 对土壤放线菌数量的影响

第 1 年山药间作苜蓿和三叶草后, 0 ~ 20 cm 土层土壤放线菌数量均显著提高, 分别达对照的 2.33 和 2.83 倍。第 2 年, 20 ~ 40 cm 土层的

土壤放线菌数量低于 0 ~ 20 cm 土层。和对照相比, 山药间作苜蓿、三叶草和大豆后, 0 ~ 20 cm 土层放线菌数量分别显著增加 5.97、12.46 和 8.01 倍, 且山药间作苜蓿、大豆显著低于间作三叶草。20 ~ 40 cm 土层, 山药间作苜蓿、三叶草和大豆后土壤放线菌数量较对照分别增加 1.11、1.00 和 0.42 倍 (图 4SA)。

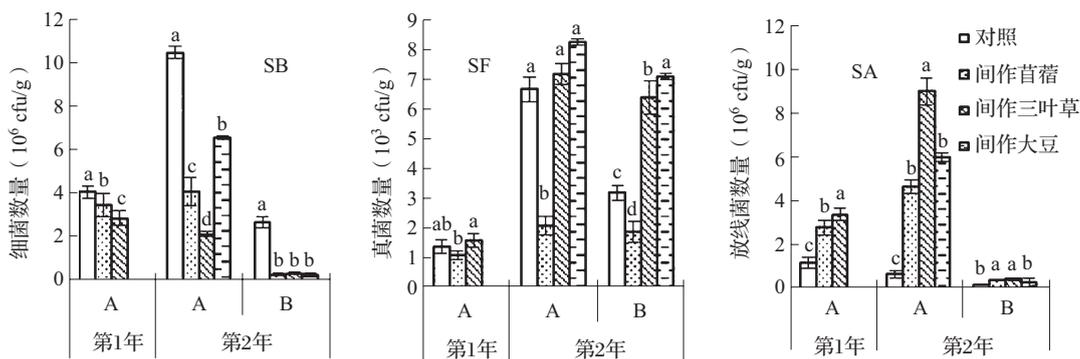


图 4 山药间作豆科植物对土壤细菌 (SB)、真菌 (SF) 和放线菌 (SA) 数量的影响

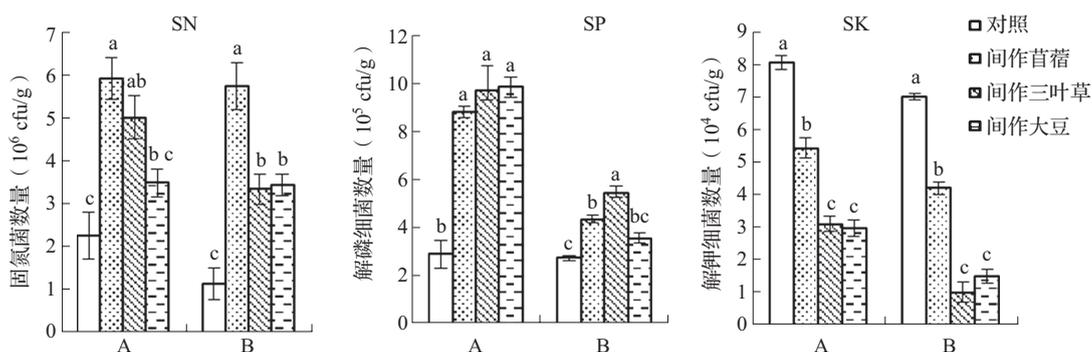


图 5 山药间作豆科植物对土壤固氮菌 (SN)、解磷细菌 (SP) 和解钾细菌 (SK) 数量的影响 (第 2 年)

3 讨论

细菌、真菌和放线菌是土壤中的三大微生物群落, 其中细菌所占比例最大, 参与土壤有机质分解和氨化反应等多种生物学过程^[16]。氮是植物必需的大量营养元素, 土壤中固氮菌的数量直接影响着土壤的固氮能力和供氮潜力^[17]。真菌是指示土壤质量变化的重要指标, 同时也是土传病害的主要病原菌来源^[18]。放线菌可以分解多数细菌和真菌不能分解的化合物, 有些放线菌还可以分泌抗生素, 抑制土壤中有害病原微生物的生长^[19]。连作年限对土壤中的微生物群落组成及数量影响显著, 甄文超等^[20]研究表明, 连作草莓根际的土壤细菌总量减少 88%, 根际和根表土壤细菌数量和真菌数量的比值分别下降 93.2% 和 63.1%。刘来等^[21]研究发

现, 随辣椒连作年限的增加, 土壤细菌数量和放线菌数量急剧减少, 而真菌数量增加。山药连作后, 收获期 40 cm 以上土层的山药田土壤细菌数量和放线菌数量均显著低于粮田土壤, 0 ~ 20 cm 土层山药田土壤固氮菌数量也显著降低, 而 20 ~ 40 cm 土层的土壤真菌数量则较粮田表现出明显的增加趋势, 土壤细菌数量和真菌数量的比值在 0 ~ 100 cm 各土层均低于粮田土壤, 说明山药连作后的土壤亦呈现出了由细菌型向真菌型转变的趋势。而真菌中的镰刀菌属、被孢霉属、接合菌属、翅孢壳属和球囊霉属的增加可能正是导致山药田土传病害增加的直接原因^[22]。

豆科植物不仅可以通过自身的固氮作用为非固氮植物提供氮素营养, 还能利用根系的化感作用影响另一种植物的生长^[23]。在间作种植模式下, 由

于豆科植物和非豆科植物地下根系的相互作用, 改变了土壤理化性质^[24], 必然会影响微生物群落的变化和土壤的微生态环境质量。稻草和三叶草间作, 桑树与苜蓿、大豆间作均能提高土壤中的微生物数量和种类^[25-27]。本研究中, 和单作相比, 山药间作豆科植物后, 0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 土层的土壤细菌和解钾细菌数量均有降低趋势, 是否与间作豆科植物后根系分泌的化感物质影响了土壤细菌和解钾细菌的增殖有关^[28]? 还有待于今后进一步深入研究。因此, 采用山药与豆科植物间作种植模式时要注意钾养分的补充。但间作豆科植物显著提高了土壤固氮菌、解磷细菌和放线菌数量, 与张月萌等^[29]研究中山药-苜蓿、山药-三叶草间作模式下, 0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 土层的土壤硝态氮、有效磷含量均显著提高的结果正好吻合。且间作苜蓿对土壤固氮菌数量的增加效果明显优于间作三叶草和大豆, 这可能是由于苜蓿的结瘤固氮与根系互作正相关, 而苜蓿的根系较深, 与山药的根系互作更为紧密, 导致山药竞争吸氮越多, 苜蓿则通过促进根瘤的生长和增加固氮菌数量来吸收更多的氮素来满足自身的生长发育需求^[30]。对土壤真菌的影响, 第2年间作三叶草、大豆对0 ~ 20 cm 土层影响不大, 20 ~ 40 cm 土层反而显著提高, 而间作苜蓿有降低土壤真菌数量的趋势, 尤其是第2年, 与单作相比, 0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 分别降低了68.36% 和 40.63%。间作种植模式可通过影响土壤中根系分泌物的种类间接影响土壤真菌数量的变化^[31], 但不同的豆科植物表现出了不同的影响趋势, 其原因还有待于今后进一步研究探讨。近年来, 微生物肥料因具有根际促生菌和多种有益微生物^[32]而应用广泛, 而本研究结果表明, 山药田间作豆科植物通过增加地上地下生物多样性, 也在一定程度上改善了山药田土壤微生态环境。但对于门水平的微生物丰度和微生物群落多样性的变化还有待于今后用高通量测序等方法进一步研究, 对于间作豆科植物后对山药地上部生长发育及产量品质的影响也有待于进一步探讨。

4 结论

山药连作后, 与粮田种植体系相比, 山药苗期0 ~ 100 cm 土壤细菌和真菌数量均表现为山药田土壤高于粮田土壤, 而0 ~ 20 cm 土层土壤固氮菌和放线菌数量则表现为粮田土壤高于山药田土壤的

趋势。山药收获期, 0 ~ 20 和 20 ~ 40 cm 土层山药田土壤细菌、固氮菌和放线菌数量较粮田土壤降低, 而真菌数量增加, 且0 ~ 100 cm 土层土壤细菌与真菌数量的比值均降低。山药间作豆科植物后显著提高了40 cm 以上土层的土壤固氮菌、解磷细菌和放线菌数量。说明间作豆科植物会通过影响土壤微生物群落的组成结构影响山药田土壤的微生态环境, 缓解连作障碍。

参考文献:

- [1] 刘彤彤, 卢巧芳, 王男麒, 等. 根系分泌物抑制连作障碍线虫病的根际调控机制及其应用[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(6): 1038-1046.
- [2] 李天来, 杨丽娟. 作物连作障碍的克服——难解的问题[J]. 中国农业科学, 2016, 49(5): 916-918.
- [3] Perez C, Dill-Macky R, Kinkel L L. Management of soil microbial communities to enhance populations of *Fusarium graminearum*-antagonists in soil [J]. Plant and Soil, 2008, 302(S1-2): 53-69.
- [4] 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.
- [5] 姚小东, 李孝刚, 丁昌峰, 等. 连作和轮作模式下花生土壤微生物群落不同微域分布特征[J]. 土壤学报, 2019, 56(4): 975-985.
- [6] 谭雪莲, 郭天文, 刘高远. 马铃薯连作土壤微生物特性与土传病原菌的相互关系[J]. 灌溉排水学报, 2016, 35(8): 30-35.
- [7] 刘玮琦, 茆振川, 杨宇红, 等. 应用16S rRNA基因文库技术分析土壤细菌群落的多样性[J]. 微生物学报, 2008(10): 1344-1350.
- [8] Bahram M, Hildebrand F, Forslund S K, et al. Structure and function of the global topsoil microbiome [J]. Nature, 2018, 7717: 233-237.
- [9] 赵秉强, 张福锁, 李增嘉, 等. 黄淮海农区集约种植制度的超高产特性研究[J]. 中国农业科学, 2001, 34(6): 649-655.
- [10] Dapaah H K, Asafu-Agyei J N, Ennin S A, et al. Yield stability of cassava, maize, soya bean and cowpea intercrops [J]. Journal of Agricultural Science, 2003, 140(1): 73-82.
- [11] 张海春, 张浩, 胡晓辉. 不同间作模式对温室连作番茄产量、土壤微生物和酶的影响[J]. 西北农业学报, 2016, 25(8): 1218-1223.
- [12] 刘亚军, 马琨, 李越, 等. 马铃薯间作栽培对土壤微生物群落结构与功能的影响[J]. 核农学报, 2018, 32(6): 1186-1194.
- [13] 韦持章, 农玉琴, 陈远权, 等. 茶树/大豆间作对根际土壤微生物群落及酶活性的影响[J]. 西北农业学报, 2018, 27(4): 537-544.
- [14] 康捷, 章淑艳, 韩韬, 等. 两种麻山药典型病害根际土壤

- 微生物多样性的研究 [J]. 生物技术通报, 2017, 33 (7): 107-113.
- [15] 林先贵. 土壤微生物研究原理与方法 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2010.
- [16] 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.
- [17] Wang Y, Sheng H F, He Y, et al. Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of illumina tags [J]. Applied & Environmental Microbiology, 2012, 78 (23): 8264.
- [18] 冯翠娥, 岳思君, 简阿妮, 等. 硒砂瓜连作对土壤真菌群落结构的影响 [J]. 中国生态农业学报 (中英文), 2019, 27 (4): 537-544.
- [19] 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.
- [20] 甄文超, 代丽, 胡同乐, 等. 连作草莓土壤微生物区系动态的研究 [J]. 河北农业大学学报, 2005, 28 (3): 70-72, 87.
- [21] 刘来, 黄保健, 孙锦, 等. 大棚辣椒连作土壤微生物数量、酶活性与土壤肥力的关系 [J]. 中国土壤与肥料, 2013 (2): 5-10.
- [22] 康捷, 章淑艳, 韩韬, 等. 麻山药不同生长时期根际土壤微生物多样性及群落结构特征 [J]. 生物技术通报, 2019, 35 (9): 99-106.
- [23] 杨文亭, 王晓维, 王建武. 豆科-禾本科间作系统中作物和土壤氮素相关研究进展 [J]. 生态学杂志, 2013, 32 (9): 2480-2484.
- [24] 张月萌. 山药养分需求特征及优化管理技术研究 [D]. 保定: 河北农业大学, 2018.
- [25] 徐华勤, 肖润林, 宋同清, 等. 稻草覆盖与间作三叶草对丘陵茶园土壤微生物群落功能的影响 [J]. 生物多样性, 2008 (2): 166-174.
- [26] 张萌萌, 敖红, 李鑫, 等. 桑树/苜蓿间作对根际土壤酶活性和微生物群落多样性的影响 [J]. 草地学报, 2015, 23 (2): 302-309.
- [27] 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.
- [28] 田楠, 刘增文, 时腾飞. 12种林(果)粮间作树种枯落叶分解对玉米的化感效应 [J]. 农业环境科学学报, 2013, 32 (5): 1000-1008.
- [29] 张月萌, 王倩姿, 孙志梅, 等. 间作豆科作物对山药田土壤化学和生物学性质的影响 [J]. 应用生态学报, 2018, 29 (12): 4071-4079.
- [30] Fan F, Zhang F, Song Y, et al. Nitrogen fixation of faba bean (*Vicia faba* L.) interacting with a nonlegume in two contrasting intercropping systems [J]. Plant & Soil, 2006, 283 (1-2): 275-286.
- [31] 王鹏, 祝丽香, 陈香香, 等. 桔梗与大葱间作对土壤养分、微生物区系和酶活性的影响 [J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24 (3): 668-675.
- [32] 撤冬荣, 姚拓, 李海云, 等. 微生物肥料与化肥减量配施对多年生黑麦草生长的影响 [J]. 草业学报, 2022, 31 (3): 136-143.

Distribution characteristics of soil microbial community in yam field and improvement effect of intercropping legumes

YANG Xue-zhen^{1, 2}, LUO Tong-yang³, ZHAO Xue-ping⁴, ZHANG Shu-yan³, XU Hua-sen¹, SUN Zhi-mei^{1*} (1. College of Resources and Environmental Science, Hebei Agricultural University, Baoding Hebei 071001; 2. Key Laboratory for Farmland Eco-Environment of Hebei, Baoding Hebei 071001; 3. Hebei Research Institute of Microbiology, Baoding Hebei 071051; 4. Xingtai Modern Occupation School, Xingtai Hebei 054000)

Abstract: In this paper, a field experiment combined with laboratory analysis were used to study the characteristics of soil microbial community distribution in yam field compared with that in grain field, and the improvement effects of alfalfa, clover and soybean intercropping with yam on soil microecological environment. The results showed that the numbers of soil bacteria, fungi and actinomycetes in yam field and grain field both decreased with the deepening of soil layer in 0 ~ 100 cm. The numbers of soil bacteria and fungi in yam seedling stage were higher than those in grain field, especially the number of fungi, which was enhanced by 1.86 ~ 4.48 times. Nevertheless, the numbers of nitrogen-fixing bacteria and actinomycetes in grain field were higher than those in yam soil, with magnitudes being 1.51 and 0.75 times higher in 0 ~ 20 soil layer, respectively. At harvest, the numbers of bacteria, nitrogen-fixing bacteria and actinomycetes in 0 ~ 20 and 20 ~ 40 cm soil layers of yam field were lower than those in grain field, while the number of fungi was higher, and the ratio of bacteria to fungi in 0 ~ 100 cm soil layer was also decreased. Intercropping yam with alfalfa, clover and soybean could significantly increase the numbers of soil nitrogen-fixing bacteria, phosphate-solubilizing bacteria and actinomycetes in 0 ~ 40 cm soil layer. The results indicated that continuous cropping of yam could significantly affect the composition and structure of soil microbial communities, and intercropping legumes had been helpful for the remediation of soil microecological environment.

Key words: yam field; grain field; microbial community distribution; intercropping; legumes; improvement effects