

轮作绿肥对黄土高原半干旱区土壤微生物数量及酶活性的影响

谭杰辉¹,付双军¹,南丽丽¹,康发云²,程燕明¹

(1. 甘肃农业大学 草业学院/草业生态系统教育部重点实验室/甘肃省草业工程实验室/中-美草地畜牧业可持续发展研究中心,甘肃 兰州 730070;2. 永靖县农业技术推广中心,甘肃 永靖 731600)

摘要:为明确种植和翻压绿肥改良和培肥土壤的效果,采用田间试验研究了种植和翻压箭筈豌豆、大豆、沙打旺、红豆草、蚕豆、玉米、毛苕子、紫花苜蓿、豌豆 9 种绿肥作物对黄土高原半干旱区土壤微生物数量及酶活性的影响。结果表明:除硝酸还原酶和放线菌外,2018 年土壤脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性及细菌、真菌数量均较 2017 年高;与对照(休闲)相比,种植箭筈豌豆显著升高脲酶活性,种植大豆显著提升碱性磷酸酶活性,种植红豆草显著提高细菌数量和过氧化氢酶活性,种植蚕豆显著提高真菌数量。经灰色关联度综合评价得出,轮作蚕豆、红豆草、毛苕子,其培肥地力的效果优于休闲,轮作箭筈豌豆、沙打旺、大豆、玉米、紫花苜蓿、豌豆,其培肥地力的效果不如休闲。在黄土高原半干旱区,蚕豆、红豆草、毛苕子是首选推广的优质绿肥作物。

关键词:绿肥作物;土壤微生物数量;土壤酶活性;灰色关联度分析

中图分类号:S551;S553 **文献标志码:**A **文章编号:**1009-5500(2020)05-0116-08

DOI: 10.13817/j.cnki.cyycp.2020.05.017

黄土高原是中国甚至世界上水土流失最严重、生态环境最敏感的地区,严重的水土流失不仅会破坏土壤资源、导致土壤荒漠化,还会导致地表植被大量退化,降低土地生产力^[1]。为了合理利用土地资源和恢复土地生产力,防止水土流失和土壤质量继续退化,耕地轮作休耕是保持土壤质量、减少病虫害和农业污染、恢复地力、增强农产品安全性的重要手段,是推进农业持续发展的一项重要措施^[2]。

微生物和酶是土壤重要的组成成分,土壤细菌、真菌和放线菌是土壤生态系统中最重要的大类可培养微生物,其组成和数量的变化是反映土壤环境质量最

为重要的生物学指标^[3];土壤酶主要来源于土壤中的动物、植物和微生物,参与土壤中各种有机质的分解、合成与转化,以及无机物质的氧化与还原等过程,其活性可以反映土壤中生物代谢的强弱和物质转化的速度,是土壤肥力的有效生物学指标^[4]。研究表明,绿肥翻压还田能提高土壤微生物数量和酶活性^[5-7],且不同种类绿肥的养分含量和碳氮比等因素存在差异,翻压后对土壤微生物数量和酶活性的影响亦存在差异^[8]。为评价不同绿肥作物的培肥效果,在甘肃省永靖县研究了种植不同绿肥作物对土壤微生物数量和酶活性的影响,以期为黄土高原半干旱区合理种植和利用绿肥、科学休耕养地提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 研究区概况

试验地位于甘肃省永靖县新寺乡大湾岷村,地理位置 N 36°00',E 103°12',地处陇西黄土高原丘陵沟壑区,境内山大沟深,土质疏松,水土流失严重,属温带半干旱偏旱气候类型,海拔 1 957 m,年均温 8.7℃,>10℃年积温 2 750℃,年均降水量 260 mm,且年际、季

收稿日期:2019-11-21;修回日期:2020-03-06

基金项目:农业部种植业管理司耕地质量保护专项“轮作休耕试点区域耕地质量监测”(10171352501917)

作者简介:谭杰辉(1995-),男,广东佛山人,在读硕士。

E-mail:164664843@qq.com

南丽丽为通讯作者。

E-mail:958032689@qq.com

节性分布不均,降水主要集中在7~9月,蒸发量高达1 500 mm。样地0~20 cm土层的pH值为8.24,速效氮、速效磷、速效钾含量分别为90.00、16.67、319.97 mg/kg,全氮、全磷、全钾、有机质含量分别为1.09、0.53、8.25、15.01 g/kg。

1.2 试验设计

试验地前茬作物为玉米。试验采用完全随机设计,以休闲处理作为对照(CK),处理T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₇、T₈、T₉分别种植箭筈豌豆(*Vicia sativa*, VS)、沙打旺(*Astragalus adsurgens*, AD)、大豆(*Glycine max*, GM)、红豆草(*Onobrychis viciaefolia*, OV)、蚕豆(*Vicia faba*, VF)、玉米(*Zea mays*, ZM)、毛苕子(*Iicia villosa*, IV)、紫花苜蓿(*Medicago sativa*, MS)和豌豆(*Pisum sativum*, PS),于2017年4月下旬人工开沟条播上述绿肥作物,播种量分别为70.0, 7.5, 75.0, 60.0, 225.0, 60.0, 45.0, 20.0, 90.0 kg/hm²,行距30 cm,覆土深度小粒种子1~2 cm,中粒种子3~4 cm,每个处理重复3次,小区面积为56 m²(长8 m×宽7 m),各小区不灌溉、不施肥,田间管理一致。除多年生牧草(沙打旺、红豆草、紫花苜蓿)外,2018年4月底人工开沟条播一年生作物箭筈豌豆、大豆、蚕豆、玉米、毛苕子和豌豆,播种量及田间管理同2017年。于2017、2018年7月下旬刈割地上部分,留茬10 cm,连同根系用铁锨将其翻压还田(多年生牧草不翻压),翻压深度为30 cm。于2017年9月25日、2018年9月25日用土钻在各小区按S形路线采取0~20、20~40 cm土层土样,4次重复。样品除去动植物残体等杂质,用四分法去除多余的土样,用鲜土测定土壤酶活性和可培养微生物数量。

1.3 测定指标及方法

土壤脲酶采用靛酚蓝比色法测定^[9],以24 h后1 g土壤中NH₃-N质量(mg)表示;碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法测定^[9],以24 h后1 g土壤中释放出的酚质量(mg)表示;硝酸还原酶采用酚二磺酸比色法测定^[9],以24 h后1 g土壤中嫌气条件下被还原的硝酸根的质量分数表示(mg/g);过氧化氢酶采用紫外分光光度法测定^[10],以20 min内1 g土壤中分解的过氧化氢的质量(mg)表示。

真菌采用马丁孟加拉红培养基测定^[11],称取土壤样品10 g,在无菌条件下用无菌水配成不同浓度梯度悬浮液,取稀释度为10⁻¹的土壤悬浮液各50 μL,接种于盛有灭菌的马丁-孟加拉红培养基的培养皿中,用无菌刮刀涂抹均匀,每个浓度3次重复,恒温(25℃)培养7 d,选取每皿菌落数为15~150的1个稀释度统计菌落数。细菌采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基测定^[11],取稀释度为10⁻⁴,恒温(28℃)培养3 d,测定方法同上;放线菌数量采用改良高氏一号培养基测定^[12],取稀释度为10⁻⁴,恒温(28℃)培养10 d,测定方法同上。真菌、细菌和放线菌均以平板表面涂抹法计数,按以下公式计算真菌、细菌和放线菌数量:

$$\text{菌数} = (\text{菌落平均数} \times \text{稀释倍数}) / \text{干土质量}$$

1.4 数据分析

所有数据均采用SPSS 16.0软件进行处理分析,One-way ANOVA和Duncan氏新复极差法分析差异显著性。运用灰色关联度综合评价不同绿肥作物的改土效果^[13],关联度越大,其土壤肥力越好;关联度越小,土壤肥力越差,其计算公式如下:

2 结果与分析

2.1 轮作不同绿肥作物对土壤3大微生物数量的影响

2.1.1 细菌 2017、2018年不同处理对土壤细菌数量均有显著影响($P < 0.05$),各处理0~20 cm土层的细菌数量均显著高于20~40 cm土层($P < 0.05$);在0~40 cm土层,CK、T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₇、T₈、T₉的细菌数量2018年较2017年分别提高了201.90%、

$$\text{关联系数: } \zeta_k = \frac{\min_i \min_k |X_0(k) - X_i(k)| + \rho \max_i \max_k |X_0(k) - X_i(k)|}{\max_i \min_k |X_0(k) - X_i(k)| + \rho \max_i \max_k |X_0(k) - X_i(k)|} \quad (1)$$

式中: $|X_0(k) - X_i(k)|$ 为绝对差值,记作

$$\Delta_i(k), \Delta_i(k) = |X_0(k) - X_i(k)|, \rho = 0.5 \quad (2)$$

$$\text{关联度: } r_i = \frac{1}{n} \sum_{k=1}^n \zeta_i(k) \quad (\text{其中 } n \text{ 为样本数}) \quad (3)$$

$$\text{权重系数: } \omega_i = \frac{r_i}{\sum r_i} \quad (4)$$

$$\text{加权关联度: } r_i' = \sum_{k=1}^n \omega_i(k) \zeta_i(k) \quad (5)$$

62.14%、86.59%、77.03%、346.61%、53.24%、93.34%、219.23%、141.83%、198.67%，其中 T₄ 处理年度间升幅最大，且 2018 年 0~40 cm 土层 T₁、T₂、T₃、T₅、T₆、T₈ 处理土壤细菌数量均低于 CK，其余处理均高于 CK(表 1)。

2.1.2 放线菌 2017、2018 年不同处理 0~40 cm 土层放线菌数量分别在 $0.214 \times 10^4 \sim 1.893 \times 10^4$ cfu/g、 $0.120 \times 10^4 \sim 2.816 \times 10^4$ cfu/g；在 0~40 cm 土层，2018 年与 2017 年相比，CK、T₁、T₃、T₄、T₇、T₈ 处理的放线菌数量分别增加了 76.78%、157.61%、44.97%、

19.14%、10.79%、260.85%，而 T₂、T₅、T₆、T₉ 处理分别降低了 40.35%、65.11%、69.30%、31.04%，可见 T₈ 处理年度间增幅最大，且 2018 年 0~40 cm 土层除 T₇ 处理放线菌数量高于 CK 外，T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₈ 处理分别较 CK 低 30.45%、55.32%、41.82%、5.94%、67.64%、74.10%、6.02% 和 28.61%。不同土层间，2017 年各处理 0~20 cm 土层均显著高于 20~40 cm 土层 ($P < 0.05$)；2018 年除 T₅、T₆、T₈ 处理上下土层间差异不显著外，其余处理均为 0~20 cm 土层显著低于 20~40 cm 土层 ($P < 0.05$) (表 2)。

表 1 不同绿肥作物的土壤细菌数量

Table 1 Soil bacteria quantity of different green manure crops

10^4 cfu/g

处理	2017 年			2018 年			2018 较 2017 年 提高/%
	0~20 cm	20~40 cm	平均	0~20 cm	20~40 cm	平均	
CK	3.028 ^{aCD}	2.013 ^{bAB}	2.521	8.250 ^{aE}	6.972 ^{bB}	7.611	201.90
T ₁	4.514 ^{aB}	1.375 ^{bB}	2.945	6.600 ^{aF}	2.950 ^{bC}	4.775	62.14
T ₂	4.681 ^{aB}	2.076 ^{bAB}	3.379	7.359 ^{aEF}	5.250 ^{bB}	6.305	86.59
T ₃	3.455 ^{aC}	1.884 ^{bB}	2.669	6.360 ^{aF}	3.090 ^{bC}	4.725	77.03
T ₄	5.287 ^{aA}	2.299 ^{bAB}	3.793	24.339 ^{aA}	9.540 ^{bA}	16.940	346.61
T ₅	4.947 ^{aAB}	1.780 ^{bB}	3.364	7.440 ^{aEF}	2.870 ^{bC}	5.155	53.24
T ₆	2.818 ^{aD}	2.318 ^{bAB}	2.568	6.310 ^{aF}	3.620 ^{bBC}	4.965	93.34
T ₇	3.754 ^{aC}	2.652 ^{bA}	3.203	14.170 ^{aB}	6.280 ^{bB}	10.225	219.23
T ₈	3.359 ^{aC}	2.899 ^{bA}	3.129	9.606 ^{aD}	5.528 ^{bB}	7.567	141.83
T ₉	4.232 ^{aB}	2.676 ^{bA}	3.454	11.300 ^{aC}	9.331 ^{bA}	10.316	198.67

注：同行不同小写字母表示不同土层间差异显著 ($P < 0.05$)，同列不同大写字母表示不同绿肥作物间差异显著 ($P < 0.05$)，下同

表 2 不同绿肥作物的土壤放线菌数量

Table 2 Soil actinomycetes quantity of different green manure crops

10^4 cfu/g

处理	2017 年			2018 年			2018 较 2017 年 增加/%
	0~20 cm	20~40 cm	平均	0~20 cm	20~40 cm	平均	
CK	1.327 ^{aA}	0.214 ^{bC}	0.771	0.960 ^{bA}	1.765 ^{aBC}	1.363	76.78
T ₁	0.504 ^{aB}	0.233 ^{bC}	0.368	0.835 ^{bAB}	1.061 ^{aCD}	0.948	157.61
T ₂	1.539 ^{aA}	0.503 ^{bBC}	1.021	0.178 ^{bC}	1.039 ^{aCD}	0.609	-40.35
T ₃	0.691 ^{aB}	0.403 ^{bBC}	0.547	0.266 ^{bBC}	1.321 ^{aBC}	0.793	44.97
T ₄	1.516 ^{aA}	0.636 ^{bB}	1.076	0.456 ^{bBC}	2.108 ^{aAB}	1.282	19.14
T ₅	1.532 ^{aA}	0.996 ^{bB}	1.264	0.444 ^{aBC}	0.438 ^{aD}	0.441	-65.11
T ₆	1.893 ^{aA}	0.408 ^{bBC}	1.150	0.266 ^{aBC}	0.440 ^{aD}	0.353	-69.30
T ₇	1.951 ^{aA}	0.700 ^{bB}	1.325	0.120 ^{bC}	2.816 ^{aA}	1.468	10.79
T ₈	0.517 ^{aB}	0.193 ^{bC}	0.355	1.245 ^{aA}	1.316 ^{aBC}	1.281	260.85
T ₉	1.654 ^{aA}	1.168 ^{bA}	1.411	0.444 ^{bBC}	1.502 ^{aBC}	0.973	-31.04

2.1.3 真菌 2017、2018 年不同处理 0~40 cm 土层真菌数量分别在 $1.465 \times 10 \sim 6.583 \times 10$ cfu/g、 $2.700 \times 10 \sim 30.185 \times 10$ cfu/g；在 0~40 cm 土层，2018 年与 2017 年相比，CK、T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₇、T₈、T₉ 的真菌数量分别提高了 426.98%、8.96%、344.77%、248.58%、210.79%、798.84%、193.09%、295.56%、

369.65%、152.92%，其中 T₅ 处理年度间增幅最大，T₁ 处理增幅最小，且 2018 年仅 T₅ 处理真菌数量高于 CK，T₁、T₂、T₃、T₄、T₆、T₇、T₈ 处理较 CK 低 73.76%、24.53%、62.24%、37.51%、40.69%、36.90%、31.92% 和 21.50%。两年各处理的真菌数量均 0~20 cm 土层显著高于 20~40 cm 土层 ($P < 0.05$) (表 3)。

表 3 不同绿肥作物的土壤真菌数量

Table 3 Soil fungi quantity of different green manure crops

10 cfu/g

处理	2017 年			2018 年			2018 较 2017 年 提高/%
	0~20 cm	20~40 cm	平均	0~20 cm	20~40 cm	平均	
CK	4.081 ^{aC}	2.570 ^{bb}	3.325	23.570 ^{ab}	11.473 ^{ba}	17.522	426.98
T ₁	5.475 ^{ab}	2.965 ^{bb}	4.220	6.495 ^{ad}	2.700 ^{bc}	4.598	8.96
T ₂	3.848 ^{aCD}	2.098 ^{bbc}	2.973	16.056 ^{aC}	10.390 ^{ba}	13.223	344.77
T ₃	2.332 ^{aE}	1.465 ^{bc}	1.898	9.687 ^{ad}	3.546 ^{bc}	6.616	248.58
T ₄	5.200 ^{ab}	1.847 ^{bbc}	3.523	12.299 ^{aC}	9.600 ^{baB}	10.949	210.79
T ₅	2.407 ^{aE}	2.119 ^{bb}	2.263	30.185 ^{aA}	10.500 ^{ba}	20.343	798.94
T ₆	4.295 ^{aC}	2.797 ^{bb}	3.546	14.187 ^{aC}	6.600 ^{bb}	10.393	193.09
T ₇	4.029 ^{aC}	1.561 ^{bc}	2.795	11.551 ^{aC}	10.562 ^{ba}	11.056	295.56
T ₈	3.221 ^{ad}	1.859 ^{bbc}	2.540	12.452 ^{aC}	11.407 ^{ba}	11.929	369.65
T ₉	6.583 ^{aA}	4.294 ^{ba}	5.438	20.440 ^{ab}	7.067 ^{bb}	13.754	152.92

2.2 轮作不同绿肥作物对土壤酶活性的影响

2017 年脲酶活性在不同处理及土层间差异均不显著,2018 年脲酶活性除 T₇ 和 T₈ 与 T₃ 处理间差异不显著、土层间差异显著外,其余处理间及不同土层间差异均不显著,2017、2018 年 0~40 cm 土层各处理的脲酶活性分别在 0.037~0.045、0.104~0.217 mg/g,且

2018 年各处理脲酶活性较 2017 年高,2018 年 CK、T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₇、T₈、T₉ 处理较 2017 年分别增加了 361.27%、440.15%、404.32%、355.74%、393.60%、422.50%、378.20%、312.63%、259.25% 和 296.18%,T₁ 处理增幅最大(图 1)。

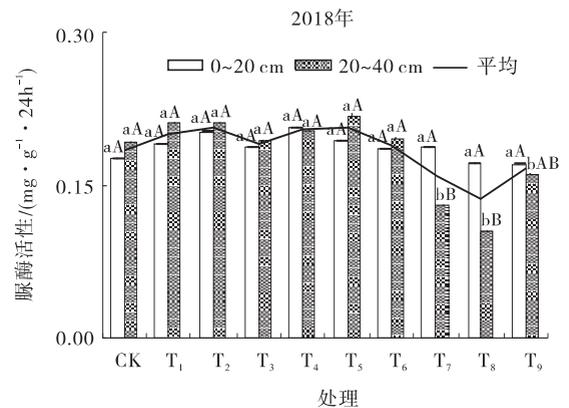
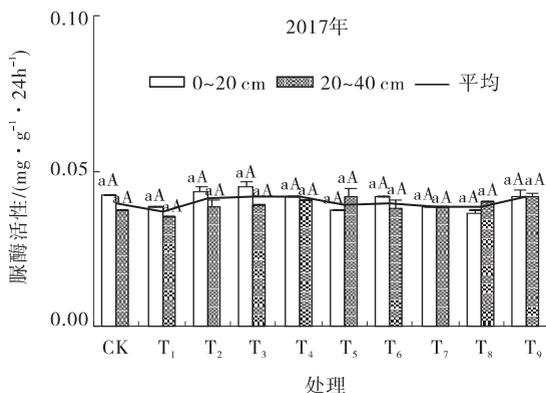


图 1 不同绿肥作物的土壤脲酶活性

Fig. 1 Soil urease activity of different green manure crops

注:不同小写字母表示不同土层间差异显著($P < 0.05$),不同大写字母表示不同绿肥作物间差异显著($P < 0.05$),下同

2017 年 0~20 cm 土层 T₃、T₆、T₈、T₉ 处理间碱性磷酸酶活性差异不显著,但均显著低于 CK;20~40 cm 土层各处理均显著高于 CK。2018 年 0~20 cm 土层 T₃、T₄、T₅、T₇ 处理均显著大于 CK,其余处理均与 CK 差异不显著;20~40 cm 土层,除 T₂、T₇ 处理与 CK 差异不显著,其他处理均显著低于 CK,且各处理间差异不显著。在 0~40 cm 土层,2018 年与 2017 年相比,CK、T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₇、T₈、T₉ 处理的碱性磷酸酶活性分别是 2017 年的 3.17、2.60、2.85、3.26、2.66、3.06、3.10、2.86、3.08、3.02 倍,其中 T₃ 处理上

升最大;上下土层间碱性磷酸酶活性大多表现为差异不显著(图 2)。

2017、2018 年各处理 0~40 cm 土层硝酸还原酶活性分别在 0.011~0.047、0.011~0.024 mg/g,且 2018 年各处理硝酸还原酶活性均较 2017 年低,2018 年 CK、T₁、T₂、T₃、T₄、T₅、T₆、T₇、T₈、T₉ 处理较 2017 年分别降低了 43.48%、50.16%、19.78%、47.77%、40.27%、18.69%、45.59%、21.60%、37.77% 和 57.88%,T₉ 处理降幅最大;各处理在不同土层其硝酸还原酶活性差异不显著(图 3)。

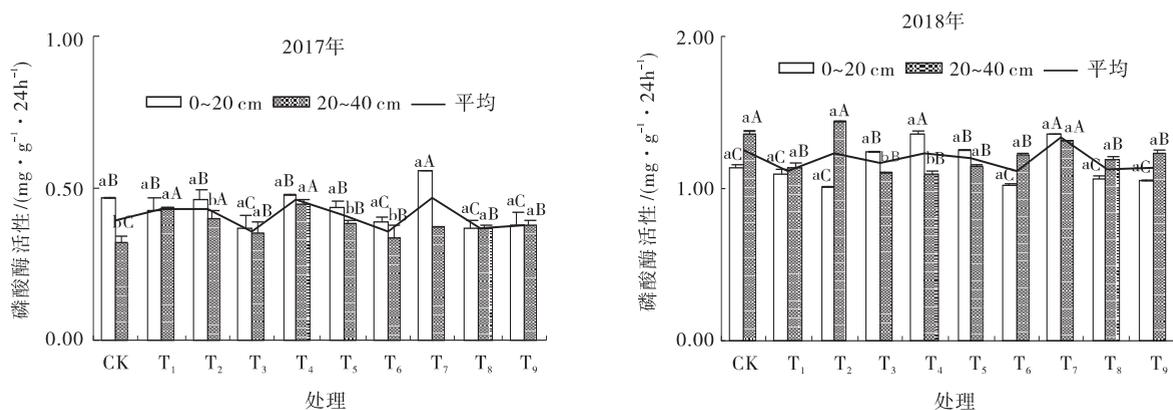


图 2 不同绿肥作物的土壤碱性磷酸酶活性

Fig. 2 Activity of soil alkaline phosphatase of different green manure crops

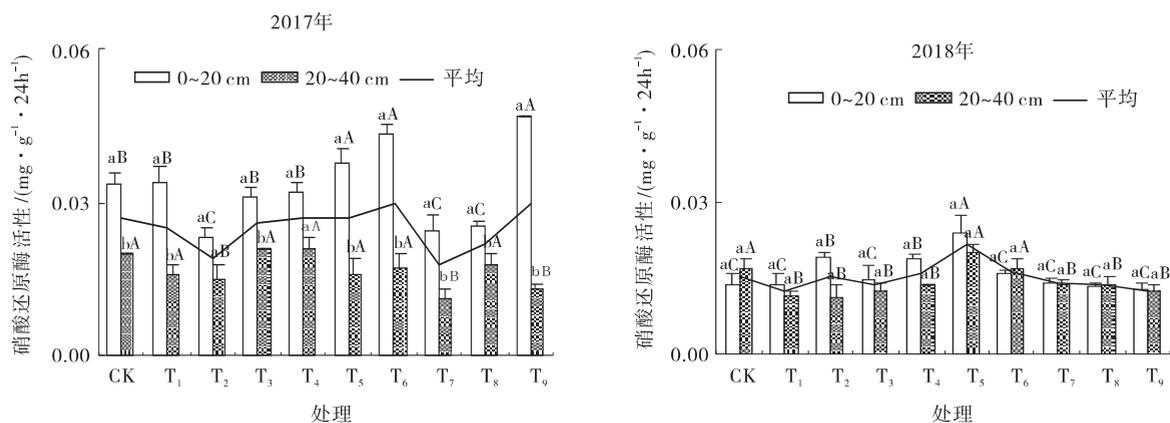


图 3 不同绿肥作物的土壤硝酸还原酶活性

Fig. 3 Activity of soil nitrate reductase of different green manure crops

2017、2018 年各处理 0~40 cm 土层过氧化氢酶活性分别在 0.737~1.047、2.134~3.373 mg/g, 且 2018 年各处理的过氧化氢酶活性均较 2017 年高, 其中 T₄ 处理年度间增幅最大, 达 293.29%; 2018 年除 T₁ 处理过氧化氢酶活性高于 CK 外, 其余处理均小于

CK; 不同土层间, 2017 年除 T₂、T₇、T₈ 处理外, 其余处理过氧化氢酶活性均 20~40 cm 土层显著 ($P < 0.05$) 高于 0~20 cm 土层, 2018 年除 T₂ 处理外, 其余处理不同土层间差异均不显著 (图 4)。

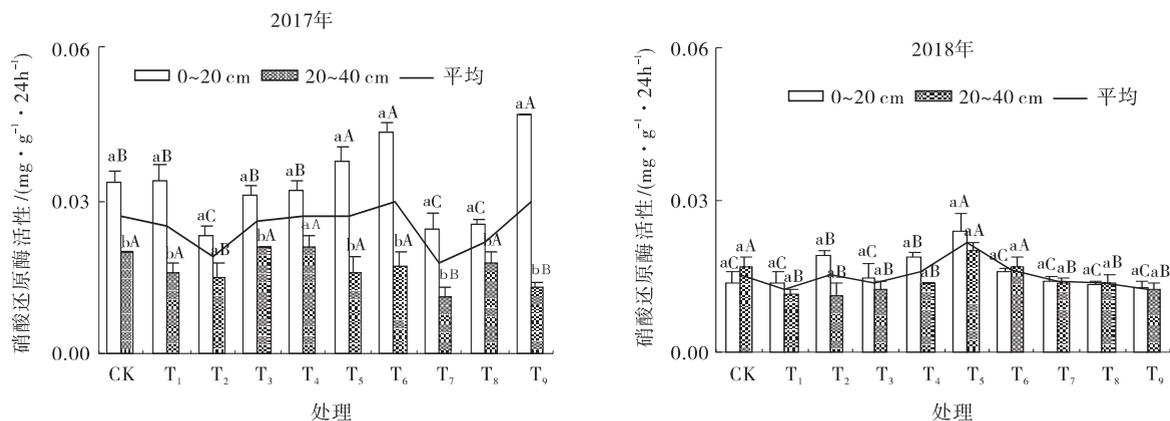


图 4 不同绿肥作物的土壤过氧化氢酶活性

Fig. 4 Activity of soil catalase of different green manure crops

2.3 灰色关联度分析

采用灰色系统关联度理论,选取 2017、2018 年 0~20 cm、20~40 cm 土层的细菌、真菌、放线菌数量及脲酶、过氧化氢酶、碱性磷酸酶和硝酸还原酶活性共 7 项指标的均值,对其进行灰色关联度综合分析。种

植一年生豆科绿肥蚕豆,其改良并活化土壤的生物效果最好,种植豆科绿肥蚕豆、红豆草、毛苕子,其改土培肥效果优于休闲处理,种植玉米、豌豆、箭筈豌豆、沙打旺和大豆的改土培肥效果不如休闲(表 4)。

表 4 不同绿肥作物培肥地力的关联度及排名

Table 4 The rank and relational grade of soil fertility enhanced by different green manure crops

土层/cm	处理	关联系数							得分	平均	排序
		细菌	真菌	放线菌	脲酶	磷酸酶	硝酸还原酶	过氧化氢酶			
0~20	CK	0.410	0.453	0.739	0.752	0.728	0.656	0.911	0.704	0.691	4
	T ₁	0.408	0.374	0.405	0.810	0.682	0.661	0.879	0.656	0.660	8
	T ₂	0.420	0.402	0.525	0.918	0.653	0.583	0.928	0.688	0.659	9
	T ₃	0.391	0.333	0.405	0.833	0.725	0.629	0.973	0.678	0.662	7
	T ₄	1.000	0.423	0.481	0.937	0.915	0.719	0.847	0.791	0.733	2
	T ₅	0.425	0.423	1.000	0.844	0.782	1.000	0.849	0.790	0.736	1
	T ₆	0.383	0.440	0.498	0.796	0.615	0.921	0.884	0.693	0.673	5
	T ₇	0.521	0.342	0.452	0.790	1.000	0.539	0.964	0.720	0.697	3
	T ₈	0.433	0.405	0.453	0.715	0.630	0.538	0.946	0.639	0.617	10
20~40	CK	0.382	0.424	0.430	0.808	0.775	0.521	0.976	0.678		
	T ₁	0.335	0.371	0.342	0.929	0.703	0.440	0.998	0.663		
	T ₂	0.364	0.389	0.411	0.956	0.924	0.431	0.594	0.630		
	T ₃	0.341	0.426	0.337	0.834	0.639	0.486	0.994	0.645		
	T ₄	0.417	0.503	0.399	0.903	0.683	0.497	0.930	0.675		
	T ₅	0.338	0.381	0.412	1.000	0.662	0.517	0.968	0.682		
	T ₆	0.350	0.343	0.377	0.831	0.695	0.494	1.000	0.653		
	T ₇	0.381	1.000	0.406	0.559	0.785	0.419	0.975	0.675		
	T ₈	0.375	0.386	0.420	0.490	0.699	0.477	0.976	0.596		
	T ₉	0.420	0.494	0.425	0.678	0.725	0.426	0.930	0.634		
	关联度	0.428	0.437	0.478	0.805	0.732	0.595	0.921			
	权重	0.097	0.099	0.109	0.183	0.167	0.135	0.210			

3 讨论

3.1 轮作不同绿肥作物对土壤微生物数量的影响

绿肥是纯天然、最清洁的有机肥源。翻压还田可提高土壤有机质含量,改善土壤理化性质,为微生物的生长繁殖提供良好的环境^[14]。研究表明施用有机肥料(如绿肥、秸秆等)可增加土壤中微生物的数量^[15-16]。本试验表明,种植并翻压绿肥还田后,2018 年土壤细菌、真菌数量较 2017 年明显增加,这与万水霞等^[16]、杨曾平等^[17]的研究结果一致。因绿肥还田后在微生物的作用下腐解,释放营养元素,并逐渐转化为腐殖质,增加土壤有机质的含量^[18]。同时,释放的营养物质又能促进更多的微生物生长和繁殖,从而使土壤微生物数量增加。与休闲相比,轮作不同绿肥作物

后 0~20 cm 土层土壤细菌、真菌、放线菌数量大多高于休闲,但有些低于休闲,这是由于休闲减少了对土壤的扰动次数,使土壤中的矿物质、有机质、水分、微生物未遭到破坏和丧失,未破坏土壤的团粒结构,能使地力提升^[19]。

土壤微生物数量随土层深度变化比较明显。吕丽霞等^[20]利用网袋法研究绿肥在不同翻压深度的腐解情况,根据当地的水热条件,以 10 cm 和 25 cm 绿肥轮翻模式为最佳。本试验表明,种植并翻压绿肥还田后,0~20 cm 土层的细菌、真菌数量高于 20~40 cm 土层。土壤温度和水分是影响绿肥分解的主要因素,黄土高原半干旱区表层土壤拥有更为适宜的温湿度环境,能够加速绿肥腐解,更快速地分解绿肥中的有机质以及 N、P 等有机态养分,故 0~20 cm 土层的微生物

有更为适宜的营养和生长环境,其数量较 20~40 cm 土层多。

3.2 轮作不同绿肥作物对土壤酶活性的影响

土壤中的酶活性大小可以代表土壤中生物化学反应的强弱^[21]。本研究表明,与 2017 年相比,种植并翻压绿肥后土壤脲酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性明显增加,但硝酸还原酶活性呈下降趋势,这可能与绿肥翻压量增加超过了硝酸还原酶对土壤中铵离子的适应阈值有关^[22]。与休闲相比,种植并翻压绿肥后土壤脲酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性大多高于休闲,这与叶协锋等人的研究结论^[23]一致,这是由于绿肥根系生物量大,其腐熟分解后给土壤留下的腐殖质可增加土壤有机质,而土壤有机质是许多土壤酶的底物,其土壤有机质含量增加,酶活性也增强^[24]。

3.3 不同绿肥培肥改土效果综合评价

土壤肥力的评价不能只看单项指标。灰色关联分析法能够克服依靠单一性状评价土壤肥力的弊端,尽可能避免因某个特定性状的优劣而片面评价土壤肥力,近年来此方法在土壤肥力综合评价上得到广泛应用^[24-26]。本研究运用灰色关联分析法对 9 种绿肥培肥土壤的效果进行了综合评价,从整体来看,灰色关联分析法能较全面地反映各处理的综合性能,采用该方法对不同绿肥作物土壤的肥力进行综合评价切实可行。

4 结论

利用灰色关联度法对黄土高原半干旱区休耕地土壤及轮作不同绿肥作物后土壤的脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶、硝酸还原酶活性和细菌、真菌、放线菌数量等指标进行综合评价,种植豆科绿肥蚕豆、红豆草、毛苕子,其培肥地力的效果优于休闲,种植绿肥作物箭筈豌豆、沙打旺、大豆、玉米、紫花苜蓿、豌豆,其培肥地力的效果不如休闲,表明蚕豆、红豆草、毛苕子是黄土高原半干旱区首选推广的优质绿肥作物。

参考文献:

[1] 张文强,孙从建,李新功.晋西南黄土高原区植被覆盖度变化及其生态效应评估[J].自然资源学报,2019,34(8):1748-1758.

[2] 付双军.种植绿肥植物对黄土高原干旱区休耕地土壤肥力的影响[D].兰州:甘肃农业大学,2018.

[3] 付为国,王凡坤,李萍萍,等.铅对小白菜根际微生物群落

与其生理功能的影响[J].农业机械学报,2014,45(12):203-208.

- [4] 南丽丽,郭全恩,曹诗瑜,等.疏勒河流域不同植被类型土壤酶活性动态变化[J].干旱地区农业研究,2014,32(1):134-139.
- [5] 张明发,田峰,王兴祥,等.翻压不同绿肥品种对植烟土壤肥力及酶活性的影响[J].土壤,2017,49(5):903-908.
- [6] 刘国顺,李正,敬海霞,等.连年翻压绿肥对植烟土壤微生物量及酶活性的影响[J].植物营养与肥料学报,2010,16(6):1472-1478.
- [7] 叶协锋,杨超,李正,等.绿肥对植烟土壤酶活性及土壤肥力的影响[J].植物营养与肥料学报,2013,19(2):445-454.
- [8] 张黎明,邓小华,周米良,等.不同种类绿肥翻压还田对植烟土壤微生物量及酶活性的影响[J].中国烟草科学,2016,37(4):13-18.
- [9] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1987,274-340.
- [10] 杨兰芳,曾巧,李海波,等.紫外分光光度法测定土壤过氧化氢酶活性[J].土壤通报,2011,42(1):207-210.
- [11] 许光辉,郑洪元.土壤微生物分析方法手册[M].北京:农业出版社,1986:91-110.
- [12] 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,1985:40-273.
- [13] Marchetti A, Piccini C, Francaviglia R, et al. Spatial Distribution of Soil Organic Matter Using Geostatistics: A Key Indicator to Assess Soil Degradation Status in Central Italy[J]. Pedosphere, 2012, 22(2): 230-242.
- [14] 杜威,王紫泉,和文祥,等.豆科绿肥对渭北旱塬土壤养分及生态化学计量学特征影响[J].土壤学报,2017,54(4):999-1008.
- [15] Lee C H, Park K D, Jung K Y, et al. Effect of Chinese milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) as a green manure on rice productivity and methane emission in paddy soil[J]. Agriculture Ecosystems & Environment, 2010, 138(3): 343-347.
- [16] 万水霞,唐杉,蒋光月,等.紫云英与化肥配施对土壤微生物特征和作物产量的影响[J].草业学报,2016,25(6):109-117.
- [17] 杨曾平,徐明岗,聂军,等.长期冬种绿肥对双季稻种植下红壤性水稻土质量的影响及其评价[J].水土保持学报,2011,25(3):92-102.
- [18] 王飞,林诚,李清华,等.亚热带单季稻区紫云英不同翻压量下有机碳和养分释放特征[J].草业学报,2012,21

- (4):319-324.
- [19] 彭映平, 和文祥, 王紫泉, 等. 黄土高原旱区绿肥定位试验土壤化学性质及酶活性特征研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2015, 43(9):131-138, 149.
- [20] 吕丽霞, 王维, 王秀荣, 等. 渭北苹果园绿肥不同深度翻压腐解及养分释放规律[J]. 果树学报, 2018, 35(5):586-595.
- [21] 李红燕, 胡铁成, 曹群虎, 等. 旱地不同绿肥品种和种植方式提高土壤肥力的效果[J]. 植物营养与肥料学报, 2016, 22(5):1310-1318.
- [22] Piotrowska A, Wilczewski E. Effects of catch crops cultivated for green manure and mineral nitrogen fertilization on soil enzyme activities and chemical properties [J]. Geoderma, 2012, 189-190:72-80.
- [23] 叶协锋, 杨超, 李正, 等. 绿肥对植烟土壤酶活性及土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2013, 19(2):445-454.
- [24] 南丽丽, 郁继华, 郭全恩. 荒漠灌区不同生长年限苜蓿土壤酶活性的季节变化[J]. 干旱地区农业研究, 2015, 33(16):71-76.
- [25] Nan L L, Guo Q E. Soil properties under major halophytic vegetation communities in arid regions[J]. Wuhan University Journal of Natural Sciences, 2018, 23(5):376-386.
- [26] 魏凡, 郝明明, 南丽丽. 轮作绿肥作物对陇中旱作区土壤主要理化性质的影响[J]. 草原与草坪, 2019, 39(6):33-37.

Effects of green manure crop rotation on soil microbial quantity and enzyme activity in semi-arid region of the Loess Plateau

TAN Jie-hui¹, FU Shuang-jun¹, NAN Li-li¹, KANG Fa-yun², CHEN Yan-ming¹

(1. College of Pratacultural Science, Gansu Agricultural University/Key Laboratory for Grassland Ecosystem of Ministry of Education/Pratacultural Engineering Laboratory of Gansu Province/Sino-U. S. Centers for Grazingland Ecosystem Sustainability, Lanzhou 730070, China;
2. Agricultural Technique Extension Center of Yongjing City, Yongjing 731600, China)

Abstract: A field experiment with 10 treatments including and different green manure crops (*Vicia sativa*, *Glycine max*, *Astragalus adsurgens*, *Onobrychis viciaefolia*, *Vicia faba*, *Zea mays*, *Icicia villosa*, *Medicago sativa* and *Pisum sativum*) with fallow as control were conducted in semi-arid region of the Loess Plateau. The effects of different treatments on soil microbial quantity and soil enzyme activity were analyzed. Results showed that the activities of soil urease, alkaline phosphatase and catalase, and the quantities of bacteria and fungi were higher in 2018 than 2017 except nitrate reductase and actinomycetes. Compared with control, the activities of urease and alkaline phosphate increased significantly after growing *V. sativa* and *G. max*. The bacteria quantity and catalase activity were highest after growing *O. viciaefolia*. The fungi quantity was highest after growing *V. faba*. Grey correlation degree analysis showed that the soil fertility improvement after growing *V. faba*, *O. viciaefolia* and *I. villosa* was higher than control, whereas the soil fertility after growing *V. sativa*, *A. adsurgens*, *G. max*, *Z. mays*, *M. sativa* and *P. sativum* was lower than control. *V. faba*, *O. viciaefolia* and *I. villosa* were good green manure crops in semi-arid region of the Loess Plateau.

Key words: green manure; soil microbial quantity; soil enzyme activity; grey relational analysis