

基于主成分—聚类分析评价不同轮作模式对土壤肥力的影响

张成君^{1,2}, 康文娟^{1,2}, 张翠梅^{1,2}, 薛雨彤³,
周彤^{1,2}, 刘畅^{1,2}, 肖海龙^{1,2}, 师尚礼^{1,2}

(1.甘肃农业大学草业学院,兰州 730070;2.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研究中心,兰州 730070,3.甘肃农业大学人文学院,兰州 730070)

摘要:为探明我国西北半干旱区“粮经饲”不同轮作模式的土壤肥力效应,于2017年在宁夏回族自治区固原市原州区设置玉米—豌豆(C-Pe)、玉米—玉米(C-C)、2龄苜蓿(2A)、高粱—马铃薯(B-Po)、燕麦—玉米(O-C)、马铃薯—燕麦(Po-O)、豌豆—高粱(Pe-B)7种轮作处理模式,研究了不同粮草轮作模式土壤养分、酶活性及可培养微生物群落特征,并进行土壤肥力综合评价。结果表明:(1)不同轮作处理模式对土壤养分影响显著,与其他轮作模式相比,2A模式更有利于土壤养分的累积,而C-C模式增加了对养分的消耗,C-Pe和Po-O模式的有机质、全氮、速效氮、速效磷和速效钾含量高于B-Po和O-C模式,轮作处理对全钾含量影响较小。(2)不同轮作处理模式对土壤酶活性影响显著,2A模式较其他轮作模式显著增加了土壤脲酶和蔗糖酶活性($P<0.05$),C-C模式土壤酶活性最低。O-C和Pe-B模式的蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性高于B-Po模式。(3)不同轮作处理模式对土壤可培养微生物数量影响显著,且各轮作模式下土壤微生物数量以细菌占绝对优势,放线菌次之,真菌数量最少,并有明显的土层垂直分布规律,与其他轮作模式相比,2A、C-C和B-Po模式的细菌数量和微生物总数量显著下降($P<0.05$),真菌数量显著增加($P<0.05$),O-C模式的细菌数量和微生物总数量明显增加,真菌数量降低。(4)运用主成分分析—数值聚类方法对不同轮作模式下土壤养分、土壤酶活性、土壤微生物数量的15个指标进行土壤肥力综合评价,主成分分析提取的2个主成分累计贡献率达89.38%,第1主成分以土壤有机质、全氮、速效氮、全磷、速效磷、速效钾、蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶贡献最大,达63.56%,第2主成分以细菌数量、真菌数量和微生物总数贡献最大,达25.82%,且各轮作模式在2个主成分上的综合得分排名为2A>Pe-B>C-Pe>O-C>Po-O>B-Po>C-C。再以2个主成分得分进行聚类,将7个模式共分为3类,第1类(2A)土壤综合肥力最好;第2类(Pe-B、O-C、C-Pe、Po-O、B-Po)土壤综合肥力较好;第3类(C-C)土壤综合肥力较差。研究结果为当地耕作方式改良提供理论依据和实践指导。

关键词:轮作;土壤养分;土壤酶;土壤微生物;主成分分析;聚类分析

中图分类号:S345

文献标识码:A

文章编号:1009-2242(2020)01-0292-09

DOI:10.13870/j.cnki.stbcbxb.2020.01.042

Evaluation of the Effects of Different Rotation Patterns on Soil Fertility Based on Principal Component-Cluster Analysis

ZHANG Chengjun^{1,2}, KANG Wenjuan^{1,2}, ZHANG Cuimei^{1,2},

XUE Yutong³, ZHOU Tong^{1,2}, LIU Chang^{1,2}, XIAO Hailong^{1,2}, SHI Shangli^{1,2}

(1.College of Grassland Science, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070; 2.Key Laboratory of Grassland Ecosystem, Ministry of Education, Pratacultural Engineering Laboratory of Gansu Province, Sino-US Centers for Grazingland Ecosystem Sustainability, Lanzhou 730070; 3.Faculty of Humanities, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070)

Abstract: In order to understand the effect of soil fertility under different rotation patterns of “grain, cash, and forage crops” in the semi-arid area of northwest China, seven rotation patterns, including corn-pea (C-Pe), corn-corn (C-C), 2-year alfalfa (2A), broomcorn-potato (B-Po), oat-corn (O-C), potato-oat (Po-O), pea-broomcorn (Pe-B), were set up in Yuanzhou District, Guyuan City, Ningxia Autonomous Region in 2017. The Indicators including the soil nutrient, enzyme activity and characteristics of culturable

收稿日期:2019-06-26

资助项目:宁夏回族自治区重点研发计划项目(2017BY082);国家牧草产业技术体系项目(CARS-34)

第一作者:张成君(1995—),男,硕士研究生,主要从事草种质资源与育种研究。E-mail:474222586@qq.com

通信作者:师尚礼(1962—),男,教授,博士生导师,主要从事草种质资源与育种研究。E-mail:Shishl@gsau.edu.cn

microbial community under different grain rotation cropping patterns were measured. Meanwhile, the soil fertility was comprehensively evaluated, which provide theoretical basis and practical guidance for local farming improvement. The results showed: (1) Different rotation patterns had significant effects on soil chemical properties. Compared with other rotation models, 2A was more conducive to the accumulation of soil nutrients. However, C—C mode increased the consumption of nutrients. The organic matter, total nitrogen, available nitrogen, available phosphorus, and available potassium content of C—Pe and Pe—B modes were significant higher than those of B—Po and O—C modes, moreover, rotation treatment had less effect on total potassium content. (2) Different crop rotation patterns had significant effects on soil enzyme activities. The soil urease and sucrase activities of 2A mode were significantly higher than those of other rotation patterns ($P<0.05$). The soil enzyme activity in C—C mode was the lowest, and the sucrase, the urease, and the alkaline phosphatase activities of O—C and Pe—B modes were significant higher than those of B—Po mode. (3) Different crop rotation patterns had significant effects on the number of soil culturable microorganisms. In crop rotation patterns, the number of soil microorganisms was dominated by bacteria, followed by actinomycetes and fungi with obvious vertical distribution of soil layers. Compared with other rotation models, the number of bacteria and the total number of microorganisms in 2A, C—C, and B—Po models decreased significantly and the number of fungi increased significantly ($P<0.05$), which was opposite to O—C mode. 4) Principal component analysis-numerical clustering method was used to comprehensively evaluate the soil fertility of 15 indicators of soil nutrient, soil enzyme activity, and soil microbial population under different rotation patterns. The results showed that the cumulative contribution rate of the two principal components extracted by principal component analysis was up to 89.38%. The first main component was composed of soil organic matter, total nitrogen, available nitrogen, total phosphorus, available phosphorus, available potassium, pH, sucrase, urease, and alkaline phosphatase, and the cumulative contribution rate was up to 63.56%. The second main component was composed of bacteria, fungi and microorganisms and cumulative contribution rate reached 25.82%. The overall score of each rotation pattern on the two principal components was ranked as $2A > Pe-B > C-Pe > O-C > Po-O > B-Po > C-C$. The two principal component scores were further clustered, and seven models were divided into three categories: the first type (2A) had the best soil fertility; the second type (including Pe—B, O—C, C—Pe, Po—O, and B—Po modes) had better soil fertility; and the third type (C—C) had poor soil fertility. These research results may provide theoretical basis and practical guidance for the improvement of local farming methods.

Keywords: crop rotation; soil nutrient; soil enzyme; soil microorganism; principal component analysis; cluster analysis

我国以往长期存在种植业结构不合理的问题,重粮经轻饲草的二元种植结构导致许多农业问题,“粮改饲”政策的提出旨在解决我国农业结构现存不合理的问题,积极探索“粮经饲”三元种植结构模式,促进草食畜牧业发展,进而构建“粮经饲”协调发展的草地农业,解决饲料原料短缺的问题。

轮作可以充分调节作物对土壤肥力的利用率,使土壤肥力的有效性提高^[1],建立合理的轮作制度是改良土壤肥力的重要措施之一。作物连作或种植亲缘关系相近的作物会大量消耗土壤养分,破坏土壤结构,土地生产力降低,作物产量减少。蔡艳等^[2]在黄土高原干旱区小麦(*Triticum aestivum*)连作、粮豆长周期轮作和粮草短周期轮作下土壤养分变化的试

验中发现,粮草轮作明显增加了土壤有机质、速效钾和全氮含量,粮豆轮作对土壤磷素累积和有效化作用明显。轮作有利于土壤微生物的繁殖,有益微生物数量的增加,代谢能力的增强,使土壤维持较高的微生物活性与多样性,增加土壤肥力水平,提高土壤酶活性^[3-4]。柴继宽^[5]研究发现,燕麦(*Avena sativa*)连作条件下土壤蔗糖酶、过氧化氢酶、碱性磷酸酶和脲酶活性都低于轮作系统,且随连作年限的增长呈下降趋势,导致土壤肥力下降。董艳等^[6]研究发现,轮作比连作投入土壤微生物的种类多,进而能促进土壤的良性发展,使土壤酶活性提高。不同种植模式对土壤微生物有很大的影响,主要体现在轮作效应和连作障碍,在连作体系中,由于作物连续单一种植,土壤中致

病真菌类微生物数量和种类增加,导致土壤微生物群落物种多样性下降,进而使作物正常的生长发育受到影响,最终表现为连作障碍;在轮作体系中,由于微生物处在动态变化的环境中,可以协调土壤微生物与作物的关系,减少有害微生物在土壤中的累积,最终表现为轮作效应^[7]。

土壤肥力作为土壤质量的重要组成成分,是土地生产力的基础,直接关系着可持续性的农业生产。土壤肥力为植物生长供应养分和协调水分,综合反映了土壤的理化性质和生物性质。在农业生产上,土壤的肥力水平并不能由该土壤某一个肥力指标的高低决定,因此对土壤肥力高低的判断应进行综合评价。由于土壤肥力复杂的形成机制,导致研究者对土壤肥力内涵和外延的理解也各不相同,使土壤肥力评价指标和评价方法也不尽一致^[8]。近年来,越来越多的学者^[9-10]倾向于主成分分析与聚类分析方法相结合运用于土壤肥力综合评价,以各原始指标为变量,应用主成分分析方法,从中提取出主成分,再以各主成分得分作为评价新指标,进行聚类分析。这一方法不仅简化了原始变量,降低了主观随意性,而且消除了多指标间的相互影响,大大提高了综合评价结果的准确性。本试验研究了西北半干旱区不同轮作模式土壤养分、酶活性及可培养微生物群落特征,并利用主成分分析—数值聚类方法,综合分析不同轮作模式对土壤肥力的影响,旨在揭示轮作模式提升土壤肥力的机制,并通过不同轮作模式的综合得分科学合理筛选出适合西北半干旱地区饲草种植的优势轮作模式,以期作为当地的耕作方式改良提供理论依据和实践指导。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于宁夏回族自治区固原市原州区三营镇黄铨堡乡(36°17'N, 106°05'E),海拔 1 580 m,属于黄土高原暖温半干旱区,年平均气温 6.1℃,年降水量 340~540 mm,年蒸发量 1 753.2 mm,无霜期 140 d 左右,土壤多为湘黄土,偏碱性。本研究开展前,试验地为荒地,田间情况一致,土质均一,土壤有机质含量为 9.41 g/kg,全氮含量为 0.64 g/kg,全磷含量为 0.65 g/kg,全钾含量为 6.38 g/kg,速效氮含量为 38.01 mg/kg,速效磷含量为 17.65 mg/kg,速效钾含量为 175.05 mg/kg,pH 为 8.04。

1.2 供试材料

3 种农作物:玉米(*Zea mays*)品种为“先正大”,豌豆(*Pisum sativum*)品种为“中豌 4 号”,马铃薯(*Solanum tuberosum*)品种为“青薯 9 号”;3 种牧草饲料作物:紫花苜蓿(*Medicago sativa*)品种为“中苜 1 号”,燕麦品种为“牧乐思”,高粱(*Sorghum bicolor*)

品种为“大力士”,以上种子均由宁夏农科院提供。

1.3 试验设计

试验始于 2017 年,设置玉米—豌豆(corn—pea, C—Pe)、玉米—玉米(corn—corn, C—C)、2 龄苜蓿(2-year alfalfa, 2A)、高粱—马铃薯(broomcorn—potato, B—Po)、燕麦—玉米(oat—corn, O—C)、马铃薯—燕麦(potato—oat, Po—O)、豌豆—高粱(pea—broomcorn, Pe—B)7 种轮作处理模式,每个处理设 3 次重复,试验小区面积为 12.5 m×10.0 m,随机区组排列,供试农作物和牧草饲料作物在西北半干旱地区种植广泛、产量可观,各个品种种植时间和播种方式与当地大田种植标准一致。

玉米播种量为 30 kg/hm²,穴播,株距 30 cm,行距 40 cm;紫花苜蓿播种量 22.5 kg/hm²,条播,行距 20 cm,收获留茬;豌豆播种量为 225 kg/hm²,采用撒播,高粱播种量为 22.5 kg/hm²,条播,行距 20 cm;燕麦播种量 150 kg/hm²,条播,行距 20 cm;马铃薯播种量为 3 000 kg/hm²,全膜垄播,株距 30 cm,每垄行距 40 cm,垄宽 20 cm。各处理播种前统一施底肥尿素(N 46%)和磷酸二铵(N 18%, P₂O₅ 46%),底肥施用量,尿素 90 kg/hm²,磷酸二铵 90 kg/hm²,第 2 年追肥与第 1 年相同。

1.4 取样方法

试验指标测定于轮作第 2 年(2018 年)进行,在作物生长季末(10 月 1 日)于各轮作处理小区取 0—20, 20—40 cm 土层的土壤,采用随机取样方法,每个样地选取 5 个点,均匀混合后剔除其中的植物残体,将采集的土壤样品分为 2 部分:一部分土样过 2 mm 筛,于 4℃冰箱保存,用于微生物数量的测定;另一部分自然风干过 0.25, 1 mm 筛,用于土壤养分和土壤酶活性的测定。

1.5 测定指标及方法

采用重铬酸钾外加热法^[11]测定有机质含量;采用凯氏定氮法^[11]测定全氮含量;采用钼锑抗比色法^[11]测定全磷含量;采用 NaOH 熔融—火焰光度计法^[11]测定全钾含量;采用碱解扩散法^[11]测定速效氮含量;采用 NH₄OAc 浸提—火焰光度法^[11]测定速效钾含量;采用碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法^[11]测定速效磷含量。

采用高锰酸钾滴定法^[12]测定土壤过氧化氢酶活性;采用苯酚钠次氯酸钠比色法^[12]测定土壤脲酶活性;采用磷酸苯二钠比色法^[12]测定土壤碱性磷酸酶活性;采用 3,5—二硝基水杨酸比色法^[12]测定土壤蔗糖酶活性。

采用平板涂布计数法测定土壤微生物数量^[13]。细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基^[13];放线菌采用改良高氏一号培养基^[13];真菌采用虎红琼脂培养基^[13]。

1.6 数据处理

采用 SPSS 24.0 软件对数据进行单因素方差分析、主成分分析,采用 Past 2.03 进行聚类分析,采用 Duncan 法进行显著性检验,并用 Microsoft Excel 2010 作图。主成分分析—数值聚类方法基本步骤包括:(1)选取评价指标;(2)评价指标数据的标准化处理;(3)指标间进行相关性分析;(4)对标准化后的评价指标进行主成分分析,并计算主成分综合得分;(5)以主成分得分作为新指标,进行聚类分析^[14]。

2 结果与分析

2.1 不同轮作模式下土壤养分特征

由表 1 可知,相同轮作模式下土壤养分含量均随土层的加深逐渐降低,呈表聚现象。不同轮作处理模式对土壤养分影响显著,与其他轮作模式相比,2A 模式有利于土壤养分的累积,而 C—C 模式增加了对养分的消耗。在 0—20 cm 土层,2A 的有机质含量与

C—Pe 差异不显著($P>0.05$),与其他模式差异显著($P<0.05$),2A 的全氮含量与 C—C、O—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$),2A 的速效氮含量与其他模式差异均显著($P<0.05$),2A 的全磷含量与 C—C 差异显著($P<0.05$),2A 的速效磷含量与 C—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$),2A 的速效钾含量与 C—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$)。在 20—40 cm 土层,2A 的有机质含量与 C—C 差异显著($P<0.05$),2A 的全氮含量与 C—Pe 差异不显著($P>0.05$),与其他轮作模式差异显著($P<0.05$),2A 的速效氮含量与其他模式差异均显著($P<0.05$),2A 的全磷含量与 C—C 差异显著($P<0.05$),2A 的速效磷含量与 C—C 差异显著($P<0.05$),C—Pe 的速效钾含量与 2A 差异不显著($P>0.05$),与其他模式差异显著($P<0.05$)。在 0—20,20—40 cm 土层,各轮作模式间土壤全钾含量均无显著差异($P>0.05$)。

表 1 不同轮作模式下土壤养分特征

轮作模式	土层 深度/cm	有机质/ (g·kg ⁻¹)	全氮/ (g·kg ⁻¹)	速效氮/ (mg·kg ⁻¹)	全磷/ (g·kg ⁻¹)	速效磷/ (mg·kg ⁻¹)	全钾/ (g·kg ⁻¹)	速效钾/ (mg·kg ⁻¹)
C—Pe	0—20	12.54±1.27ab	0.85±0.04b	50.60±1.80b	0.76±0.04a	22.43±1.71a	6.93±0.22a	200.19±11.38a
	20—40	9.38±0.38ab	0.78±0.03ab	36.31±0.38b	0.65±0.03a	12.33±0.5a	6.62±0.14a	151.36±10.65a
C—C	0—20	9.98±0.41c	0.68±0.03d	35.64±2.23d	0.64±0.02b	15.85±0.82c	6.65±0.11a	178.19±2.42ab
	20—40	8.11±0.59b	0.65±0.02d	28.44±0.59b	0.54±0.04b	8.28±0.7b	6.52±0.17a	120.76±1.8b
2A	0—20	14.52±0.45a	0.96±0.04a	61.36±2.34a	0.79±0.01a	23.52±0.88a	6.80±0.15a	206.52±7.95a
	20—40	10.87±0.79a	0.82±0.03a	49.54±0.79a	0.68±0.03a	12.09±1.18a	6.54±0.12a	148.88±1.13ab
B—Po	0—20	10.66±0.4bc	0.73±0.03cd	42.00±1.49c	0.71±0.04ab	19.16±0.54ab	6.79±0.11a	172.4±1.88b
	20—40	9.18±0.29ab	0.70±0.02cd	34.20±0.29b	0.61±0.03a	10.07±0.96ab	6.53±0.08a	123.19±4.62b
O—C	0—20	10.86±0.73bc	0.76±0.02c	42.72±2.16c	0.73±0.02a	19.99±1.09b	6.86±0.02a	190.28±1.63ab
	20—40	9.27±0.52ab	0.73±0.02c	34.23±0.52b	0.63±0.04a	10.98±0.51ab	6.60±0.16a	127.09±8.36b
Po—O	0—20	11.67±0.60bc	0.83±0.04b	45.91±1.46bc	0.73±0.03a	22.06±1.21a	6.76±0.06a	199.28±7.19ab
	20—40	9.42±0.53ab	0.74±0.04bc	35.72±0.53b	0.65±0.04a	11.63±0.72a	6.75±0.11a	131.39±4.68b
Pe—B	0—20	12.03±0.51bc	0.84±0.04b	43.17±1.21c	0.74±0.04a	22.83±0.93a	6.85±0.11a	189.91±5.43ab
	20—40	10.17±0.65ab	0.75±0.04bc	35.98±0.65b	0.64±0.03a	10.95±1.23ab	6.82±0.09a	131.45±8.71b

注:表内数据为平均值±标准误;同列不同小写字母表示不同轮作模式同一土层之间差异显著($P<0.05$)。下同。

2.2 不同轮作模式下土壤酶活性特征

由图 1 可知,相同轮作模式下土壤酶活性均随土层的加深逐渐降低,呈表聚现象。不同轮作处理模式对土壤酶活性影响显著,2A 模式较其他轮作模式显著增加了土壤脲酶和蔗糖酶活性($P<0.05$),C—C 模式土壤酶活性最低。在 0—20 cm 土层中,2A 的蔗糖酶活性与 C—C、B—Po、Pe—B、C—Pe 和 Po—O 差异显著($P<0.05$),2A 的脲酶活性与其他模式差异均显著($P<0.05$),2A 的碱性磷酸酶活性与 C—Pe、C—C、B—Po 和 Po—O 差异显著($P<0.05$),2A 的过氧化氢酶活性与 C—C 差异显著($P<0.05$),与其他模式差异不显著($P>0.05$)。在 20—40 cm 土

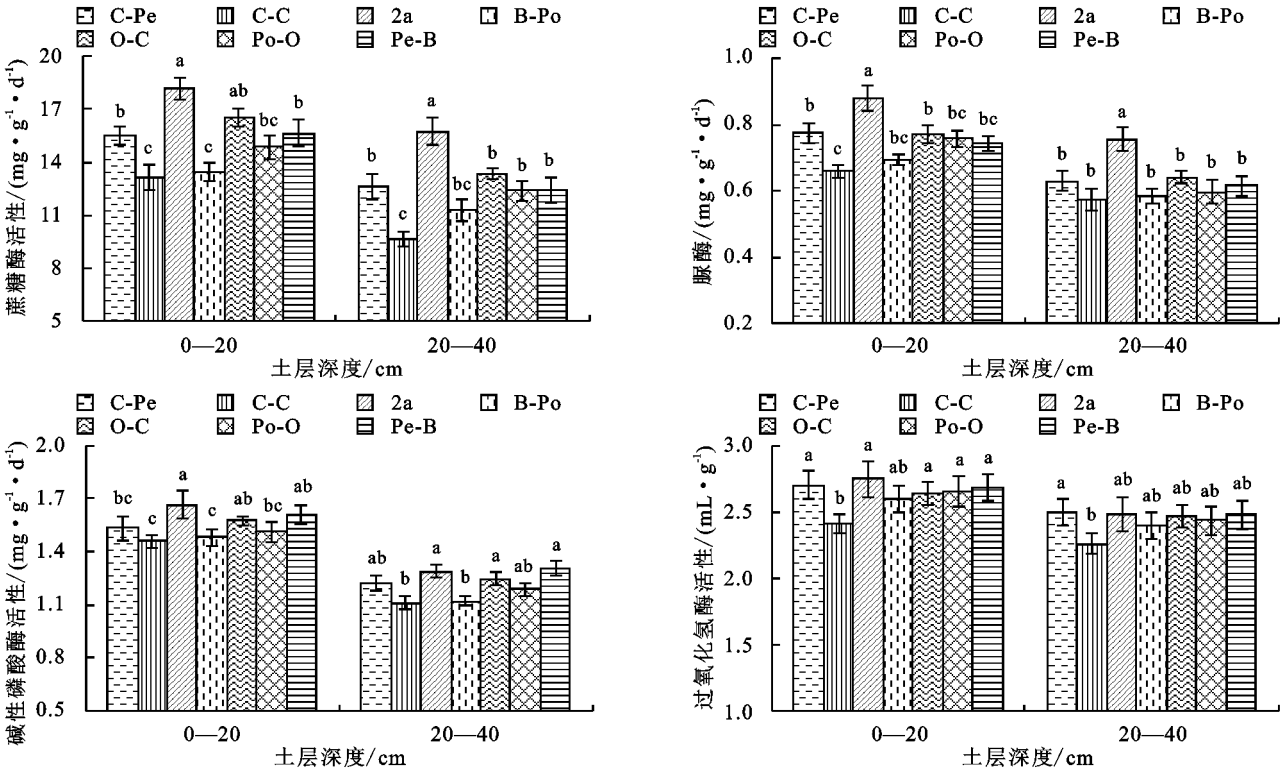
层,2A 的蔗糖酶和脲酶活性与其他模式差异均显著($P<0.05$),2A 的碱性磷酸酶活性与 C—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$),C—Pe 的过氧化氢酶活性与 C—C 差异显著($P<0.05$)。

2.3 不同轮作模式下可培养土壤微生物数量及群落结构特征

由表 2 可知,不同轮作模式土壤细菌、真菌、放线菌比例差异较大,以细菌数量最多,占微生物总数的 75.29%~85.93%,放线菌数量次之,占微生物总数的 14.02%~24.54%,真菌数量最少,占微生物总数的 0.041%~0.126%,细菌和放线菌总数占到微生物总数的 99.9%以上,在 0—20,20—40 cm 土层,O—C

模式细菌数量、微生物总数最高,2A 模式真菌、放线菌数量及比例均最高,这一分布特点表明不同轮作模式对土壤三大类微生物数量及其组成产生较大的影响。随着土层深度的加深,土壤微生物数量急剧下降,具有明显的垂直分布规律。在 0—20 cm 土层,O—C 的细菌数量与 Pe—B 差异不显著($P>0.05$),与其他模式差异显著($P<0.05$),2A 的真菌数量与其他模式差异均显著($P<0.05$),2A 的放线菌数量

与 C—Pe、C—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$),O—C 的微生物总数与其他模式差异均显著($P<0.05$)。在 20—40 cm 土层,O—C 的细菌数量与 2A、C—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$),2A 的真菌数量与其他模式差异均显著($P<0.05$),2A 的放线菌数量与 C—Pe、C—C 和 B—Po 差异显著($P<0.05$),O—C 的微生物总数与 C—Pe、C—C、2A 和 B—Po 差异显著($P<0.05$)。



注:图内数据为平均值±标准误;相同土层不同小写字母表示不同轮作模式同一土层之间差异显著($P<0.05$)。

图 1 不同轮作模式下土壤酶活性特征
表 2 不同轮作模式下土壤微生物特征

轮作模式	土层深度/cm	微生物总数/ ($\times 10^6$ cfu $\cdot$ g $^{-1}$)	细菌		真菌		放线菌	
			数量/ ($\times 10^6$ cfu $\cdot$ g $^{-1}$)	比例/ %	数量/ ($\times 10^6$ cfu $\cdot$ g $^{-1}$)	比例/ %	数量/ ($\times 10^6$ cfu $\cdot$ g $^{-1}$)	比例/ %
C—Pe	0—20	13.72±0.81bc	11.24±0.67bc	81.92	9.43±0.68c	0.069	2.47±0.23b	18.00
	20—40	2.21±0.17bc	1.90±0.13ab	85.93	1.12±0.13bc	0.051	0.31±0.04b	14.02
C—C	0—20	12.58±0.68cd	10.14±0.68c	80.60	11.55±0.98b	0.092	2.42±0.28c	19.24
	20—40	2.10±0.11c	1.78±0.10b	84.71	1.34±0.24bc	0.064	0.32±0.03b	15.23
2A	0—20	12.02±0.95d	9.05±0.68d	75.29	15.12±0.64a	0.126	2.95±0.24a	24.54
	20—40	1.77±0.17d	1.35±0.11c	76.19	1.90±0.21a	0.107	0.42±0.03a	23.70
B—Po	0—20	12.28±0.51cd	9.93±0.32c	80.86	12.18±1.23b	0.099	2.33±0.22c	18.97
	20—40	2.09±0.20c	1.78±0.20b	85.11	1.47±0.21b	0.070	0.31±0.05b	14.82
O—C	0—20	16.00±1.36a	13.10±0.93a	81.88	8.17±0.85c	0.051	2.89±0.23a	18.06
	20—40	2.56±0.26a	2.17±0.20a	84.73	1.04±0.27bc	0.041	0.39±0.03ab	15.22
Po—O	0—20	14.15±0.62b	11.36±0.57bc	80.28	9.10±0.64c	0.064	2.77±0.25a	19.58
	20—40	2.44±0.22ab	2.08±0.13a	85.21	1.05±0.26bc	0.043	0.36±0.04ab	14.75
Pe—B	0—20	14.64±0.96ab	11.91±0.61ab	81.35	8.65±0.97c	0.059	2.73±0.21ab	18.65
	20—40	2.43±0.12ab	2.05±0.13ab	84.32	1.02±0.23c	0.042	0.38±0.05ab	15.64

2.4 原始评价指标数据的标准化及评价指标间的相关性

由于各项评价指标的量纲(单位)都不相同,缺乏相应的可比性,为保证其准确性和客观性,需对原始数据标准化处理^[14]。对土壤肥力各指标进行相关性分析(表 3)可知,有机质含量与全氮、速效氮、全磷、速效磷含量和蔗糖酶、脲酶活性呈极显著正相关($P<0.01$),与速效钾含量和碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),全氮含量与速效氮、全磷、速效磷、速效钾含量和脲酶活性呈极显著正相关($P<0.01$),与碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),速效氮含量与蔗糖酶、脲酶活性呈极显著正相关($P<0.01$),与全磷、速效磷、速效钾含量呈显著正相关($P<0.05$),全磷含量与速效磷含量呈极显著正相关($P<0.01$),与速效钾含量和蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性呈显著正相关

($P<0.05$),速效磷含量与蔗糖酶活性呈极显著正相关($P<0.01$),与速效钾含量和脲酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),速效钾含量与蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),蔗糖酶活性与脲酶和碱性磷酸酶活性呈极显著正相关($P<0.01$),与过氧化氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),脲酶活性与碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),细菌数量与真菌数量呈极显著负相关($P<0.01$),与微生物总数呈极显著正相关($P<0.01$),放线菌数量与脲酶、蔗糖酶和碱性磷酸酶活性呈显著正相关($P<0.05$)。可见,大部分指标间均达显著或极显著相关水平,如果直接用这些指标对不同轮作模式的土壤肥力进行综合评价,会出现信息的重叠,影响评价结果的准确性。因此,为客观反映各指标对土壤肥力的贡献,采用主成分分析—数值聚类方法对不同轮作模式的土壤肥力进行综合评价。

表 3 土壤肥力指标间的相关系数矩阵

指标	SOM	T-N	A-N	T-P	A-P	T-K	A-K	S-A	U-A	P-A	C-A	B-N	F-N	A-N	M-N
SOM	1.000	0.965 **	0.960 **	0.884 **	0.889 **	0.357	0.816 *	0.895 **	0.922 **	0.850 *	0.782 *	-0.382	0.442	0.653	-0.260
T-N		1.000	0.940 **	0.903 **	0.937 **	0.464	0.824 **	0.886 **	0.905 **	0.817 *	0.841 *	-0.260	0.289	0.625	-0.146
A-N			1.000	0.852 *	0.838 *	0.168	0.839 *	0.889 **	0.951 **	0.723	0.710	-0.495	0.564	0.600	-0.378
T-P				1.000	0.975 **	0.579	0.776 *	0.852 *	0.806 *	0.771 *	0.864 *	-0.070	0.144	0.561	0.027
A-P					1.000	0.653	0.847 *	0.888 **	0.832 *	0.839 *	0.867 *	0.026	0.042	0.662	0.137
T-K						1.000	0.416	0.337	0.179	0.557	0.761 *	0.611	-0.643	0.298	0.064
A-K							1.000	0.821 *	0.848 *	0.704	0.756 *	-0.150	0.158	0.526	-0.057
S-A								1.000	0.973 **	0.897 **	0.779 *	-0.124	-0.275	0.835 *	0.021
U-A									1.000	0.828 *	0.690	-0.333	0.458	0.764 *	-0.193
P-A										1.000	0.767 *	0.043	0.077	0.818 *	0.180
C-A											1.000	0.168	-0.114	0.515	0.250
B-N												1.000	-0.961 **	0.829	0.986 **
F-N													1.000	0.078	-0.917 **
A-N														1.000	0.268
M-N															1.000

注:SOM 为有机质含量;T-N 为全氮含量;A-N 为速效氮含量;T-P 为全磷含量;A-P 为速效磷含量;T-K 为全钾含量;A-K 为速效钾含量;S-A 为蔗糖酶活性;U-A 为脲酶活性;P-A 为碱性磷酸酶活性;C-A 为过氧化氢酶活性;B-Q 为细菌数量;F-Q 为真菌数量;A-Q 为放线菌数量;M-Q 为微生物总数量;** 表示 $P<0.01$ 水平显著相关;* 表示 $P<0.05$ 水平显著相关。下同。

2.5 主成分提取、特征向量及主成分得分计算

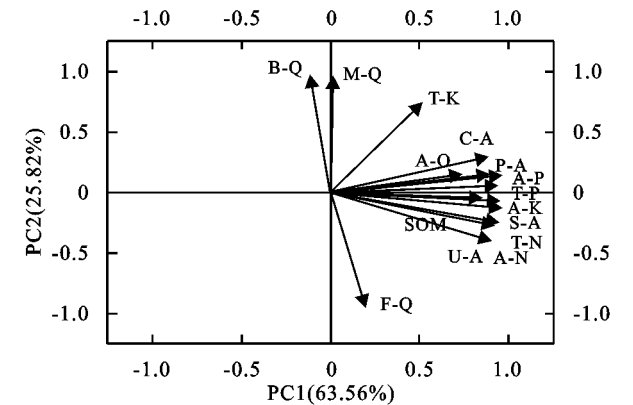
对综合评价涉及的土壤肥力指标进行主成分分析,以基本特征值大于 1 取得 2 个主成分,第 1 主成分对总方差贡献率为 63.56%,以土壤有机质、全氮、速效氮、全磷、速效磷、速效钾、蔗糖酶、脲酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶贡献最大;第 2 主成分对总方差贡献率为 25.82%,以细菌数量、真菌数量和微生物总数贡献最大;前 2 个主成分累计贡献率达 89.38%,说明前 2 个主成分可代表所有土壤肥力指标 89.38%的信息(表 4 和图 2)。

用每个指标对应主成分的载荷值除以相应主成分特征值的算数平方根,可得各指标在主成分上的特

征向量^[15-16](表 5),然后根据主成分计算公式,得到 2 个主成分与原 15 项指标的线性组合,即各主成分(F_i)的函数表达式:

表 4 主成分分析的特征值与方差贡献率

成分	初始特征值			初始载荷因子平方和		
	特征值	方差	累计	特征值	方差	累计
		贡献率/%	贡献率/%		贡献率/%	贡献率/%
1	9.534	63.558	63.558	9.534	63.558	63.558
2	3.873	25.821	89.379	3.873	25.821	89.379
3	0.931	6.210	95.589			
4	0.331	2.204	97.793			
5	0.234	1.558	99.350			
6	0.097	0.650	100.000			



注:SOM 为有机质含量;T-N 为全氮含量;A-N 为速效氮含量;T-P 为全磷含量;A-P 为速效磷含量;T-K 为全钾含量;A-K 为速效钾含量;S-A 为蔗糖酶活性;U-A 为脲酶活性;P-A 为碱性磷酸酶活性;C-A 为过氧化氢酶活性;B-Q 为细菌数量;F-Q 为真菌数量;A-Q 为放线菌数量;M-Q 为微生物总数量。

图 2 不同轮作模式土壤肥力因子间主成分分析

$$F_1=0.098\times\text{SOM}+0.101\times\text{T-N}+0.093\times\text{A-N}+0.103\times\text{T-P}+0.060\times\text{A-P}+0.060\times\text{T-K}+0.092\times\text{A-K}+0.100\times\text{S-A}+0.096\times\text{U-A}+0.096\times\text{P-A}+0.096\times\text{C-A}-0.005\times\text{B-Q}+0.014\times\text{F-Q}+0.079\times\text{A-Q}+0.009\times\text{M-Q}$$
$$F_2=-0.058\times\text{SOM}-0.025\times\text{T-N}-0.096\times\text{A-N}+0.22\times\text{T-P}+0.48\times\text{A-P}+0.199\times\text{T-K}-0.006\times\text{A-K}-0.008\times\text{S-A}$$

表 5 主成分分析下土壤肥力指标的特征向量

成分	SOM	T-N	A-N	T-P	A-P	T-K	A-K	S-A	U-A	P-A	C-A	B-N	F-N	A-N	M-N
1	0.098	0.101	0.093	0.099	0.103	0.060	0.092	0.100	0.096	0.096	0.096	-0.005	0.014	0.079	0.009
2	-0.058	-0.025	-0.096	0.022	0.048	0.199	-0.006	-0.008	-0.063	0.044	0.086	0.252	-0.248	0.039	0.251

表 6 不同轮作模式各主成分综合得分及排名

轮作模式	第 1 主成分		第 2 主成分		综合	
	得分	排名	得分	排名	得分	排名
C-Pe	0.394	2	0.296	4	0.327	3
C-C	-1.641	7	-0.766	6	-1.241	7
2A	1.540	1	-1.545	7	0.580	1
B-Po	-0.800	6	-0.641	5	-0.674	6
O-C	0.107	4	1.130	1	0.360	4
Po-O	0.043	5	0.553	3	0.170	5
Pe-B	0.357	3	0.973	2	0.478	2

3 讨论

已有研究^[17]表明,在轮作系统中引入豆科作物(如苜蓿、豌豆等)可以有效地改善土壤性状,提高土壤肥力。本研究发现,与其他轮作模式相比,2A 模式显著提高了土壤有机质、全氮、速效氮含量,由于苜蓿可以与土壤中的根瘤菌共生固氮,将大气中游离地氮素固定,并且根系发达,腐烂后可以作为有机肥补充土壤中营养元素,进而提高土壤肥力^[18]。李兆丽^[19]

$$A-0.063\times\text{U-A}+0.044\times\text{P-A}+0.086\times\text{C-A}+0.252\times\text{B-Q}-0.248\times\text{F-Q}+0.039\times\text{A-Q}+0.251\times\text{M-Q}$$

将标准化后的数据带入上面函数表达式,可以得到各主成分得分(表 6)。

主成分综合得分是由每个主成分得分与其对应贡献率乘积的总和,即

$$F_{\text{综合}}=0.6356F_1+0.2582F_2$$

由表 7 可知,各轮作模式在 2 个主成分上的综合得分排名为 2A>Pe-B>C-Pe>O-C>Po-O>B-Po>C-C,2A 综合评价得分最高,为 0.580,Pe-B 综合得分次之,为 0.478,C-C 综合评价得分最低,为-1.241。

2.6 聚类分析

以不同轮作模式的 2 个主成分得分代替土壤肥力指标,采用组平均距离方法,以欧氏距离作为衡量轮作模式土壤肥力的相似程度进行系统聚类^[16]。由图 3 可知,对聚类树形图按类间距离为 1.8 进行截取,可将 7 个轮作模式分为 3 类,第 1 类为 2A 模式,在主成分综合得分中最高,表明 2A 模式土壤肥力最好;第 2 类为 C-Pe、Pe-B、O-C、Po-O、B-Po 和 B-Po 模式,其主成分综合得分较高,表明这 5 种模式土壤肥力相似;第 3 类为 C-C 模式,主成分综合得分最低甚至为负值,表明 C-C 模式土壤肥力较差。

研究表明,种植豆科牧草土壤有机质和氮素随种植年限增长含量增加越明显,但连续种植会减少土壤磷素含量。本试验中,2A 模式的速效磷含量较高,但与其他轮作模式差异均不显著。王俊等^[20]试验发现,玉米连作后土壤有机质、全氮和速效磷含量迅速下降,本试验发现,C-C 模式的土壤有机质、全氮、全磷、碱解氮和速效磷含量显著低于其他轮作模式,这与马琳等^[21]的研究结果一致。Zuber 等^[22]研究表明,玉米-豌豆-小麦轮作与豌豆连作相比,显著提高了土壤有机质、全氮含量。本试验中,C-Pe 模式的有机质、全氮、速效氮含量均显著高于 C-C 模式。B-Po 和 O-C 模式下有机质、全氮、速效氮、速效磷、速效钾含量低于 C-Pe 和 Pe-B 模式,表明有玉米、马铃薯参与的轮作模式,增加了土壤有机质、全氮、速效氮、速效磷和速效钾含量的消耗,刘沛松^[23]研究也得出过相似的结果。在土壤全钾含量测定中,各轮作模式间均无显著差异,表明轮作处理对土壤全钾影响较小。

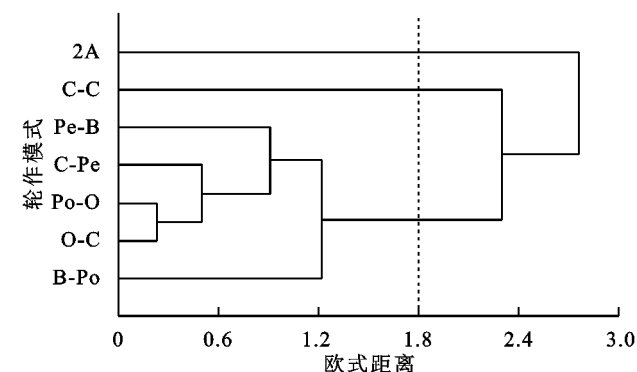


图 3 不同轮作模式土壤肥力的系统聚类图

轮作有利于土壤微生物的繁殖,增加微生物数量,增强代谢能力,使土壤维持较高的微生物活性与多样性,增加土壤肥力水平,提高土壤酶活性。曾玲玲等^[24]通过长期的田间试验发现,连作条件下,土壤磷酸酶和脲酶活性均显著低于轮作条件。本试验中,C—C模式的土壤酶活性最低,由于连续种植单一经济作物,会使土壤退化严重,土壤微生物的生长和繁殖受到了土壤恶劣环境的抑制,使土壤酶活性大大降低,为保持土壤肥力应避免经济作物连作。臧逸飞^[25]研究发现,种植苜蓿可以提高土壤蔗糖酶、碱性磷酸酶和脲酶活性。本试验发现,与其他轮作模式相比,2A模式显著提高了脲酶和蔗糖酶活性,因为苜蓿具有发达的根系,有较好的固氮作用,使土壤有机质含量提高,微生物的生长和繁殖加快,从而引起酶活性的增加。刘沛松^[23]研究发现,有马铃薯参与的轮作方式蔗糖酶和碱性磷酸酶活性较低。本试验中,B—Po模式下土壤蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性低于Pe—B模式。与其他模式相比,O—C模式的蔗糖酶、脲酶和碱性磷酸酶活性较高,可能是因为燕麦和玉米是亲缘关系较远的作物,提高了土壤微生物种类和功能多样性,进而增加土壤酶的活性^[26]。不同的轮作模式下土壤酶活性随土层加深均呈下降趋势,可能是表层土壤腐殖质积累较多,水热条件、通透性都较好,为土壤微生物提供了良好的生长条件,使土壤表层的酶活性较高。

连作会增加有害微生物数量与活性,导致土壤微生物群落物种多样性下降。已有研究^[27]表明,大豆(*Glycine max*)连作会促使土壤真菌数量明显增加,细菌数量下降。本研究发现,与其他轮作模式相比,2A和C—C模式的细菌数量下降明显,真菌数量显著增加,臧逸飞^[25]的研究也得出过相似的结果。轮作会使有益微生物数量明显增加,有害微生物数量及种类显著降低,进而增加土壤微生物的活性,提高微生物的群落结构多样性^[27-29]。吴宏亮等^[30]通过对砂田的研究表明,与作物连作相比,轮作处理模式均使

土壤微生物区系结构均得到改善,降低真菌数量,增加细菌和微生物总数量。本试验中,与C—C模式相比,O—C、Po—O和Pe—B模式的细菌数量及微生物总数也明显增加,真菌数量显著降低。王震宇等^[31]研究发现,玉米茬会使土壤真菌数量下降。本试验中,O—C模式的细菌数量和微生物总数显著高于其他轮作模式,真菌数量最低。本试验发现,各轮作模式下土壤微生物数量呈细菌>放线菌>真菌的规律,且随着土层深度的加深,土壤微生物数量急剧下降,具有明显的土层垂直分布规律,这与大多数学者^[32-33]的研究结果一致。

土壤肥力中的养分、微生物、酶活性等条件间能相互影响,彼此促进或制约,所以土壤肥力的改善是多方面因素作用的结果。本研究运用主成分综合分析法,将15个土壤肥力的原始指标降维、提取出2个主成分,累计贡献率达89.38%,且没有原变量的丢失。可见,利用土壤养分、土壤酶活性、土壤可培养微生物数量的指标对不同轮作模式土壤肥力状况进行综合评价是可靠的,涵盖了土壤化学和生物指标。第1主成分可归为土壤养分和土壤酶因子,能够影响土壤生产力、能量代谢以及物质转化的水平;第2主成分可归为土壤微生物数量因子,能够反映土壤中物质代谢的旺盛程度。通过主成分分析方法对各轮作模式的综合得分顺序为2A>Pe—B>C—Pe>O—C>Po—O>B—Po>C—C,2A综合评分最高,可见将苜蓿引入农田生态系统,可以有效地改善土壤性状,提高土壤肥力。Pe—B和C—Pe综合评分也都较高,表明豆科作物与禾本科作物轮作可以将土壤肥力保持在较高的水平;C—C综合评分最低甚至为负值,说明玉米连作会显著降低土壤肥力。对2个主成分得分进行聚类分析,将7个轮作模式共分为3类:第1类为2A模式,土壤肥力最好;第2类为Pe—B、O—C、C—Pe、Po—O和B—Po模式,土壤肥力较好;第3类为C—C模式,土壤肥力较差,这一结果与主成份分析的大致相同。可见,土壤肥力的特异性受不同轮作模式的影响。

4 结论

(1)轮作可以显著影响土壤养分、酶活性和可培养微生物数量。与玉米连作相比,2龄苜蓿有利于土壤养分的累积和酶活性的提高,玉米—豌豆和马铃薯—燕麦轮作有利于土壤养分的积累,燕麦—玉米和豌豆—高粱轮作有利于土壤酶活性的提高,燕麦—玉米轮作有利于细菌的生长,但对真菌生长有所抑制。

(2)运用主成分分析—数值聚类方法对各轮作模

式土壤肥力进行综合评价,将 7 个模式分为 3 类:第 1 类(2A)土壤肥力最好;第 2 类(Pe-B、O-C、C-Pe、Po-O 和 B-Po)土壤肥力较好;第 3 类(C-C)土壤肥力较差。短时间内种植苜蓿和农作物—饲料作物轮作有利于土壤肥力的提升,玉米连作对土壤消耗比较大。

参考文献:

[1] 张婧,张仁陟,左小安.保护性耕作对黄土高原农田土壤理化性质的影响[J].中国沙漠,2016,36(1):137-143.

[2] 蔡艳,郝明德.轮作模式与周期对黄土高原旱地小麦产量、养分吸收和土壤肥力的影响[J].植物营养与肥料学报,2015,21(4):864-872.

[3] Alvey S, Yang C H, Andreas B, et al. Cereal legume rotation effects on rhizosphere bacterial community structure in West African soils [J]. Biology and Fertility of Soils,2003,37(2):73-82.

[4] Ennin S A, Clegg M D. Effect of soybean plant Populations in a soybean and maize rotation [J]. Agronocoy Journal,2001,93(2):396-403.

[5] 柴继宽.轮作和连作对燕麦产量、品质、主要病虫害及土壤肥力的影响[D].兰州:甘肃农业大学,2012.

[6] 董艳,鲁耀,董坤,等.轮作模式对设施土壤微生物区系和酶活性的影响[J].土壤通报,2010,41(1):53-55.

[7] 邱立友,戚元成,王明道.植物次生代谢物的自毒作用及其与连作障碍的关系[J].土壤,2010,42(1):1-7.

[8] 刘创民,李昌哲,史敏华,等.多元统计分析在森林土壤肥力类型分辨中的应用[J].生态学报,1994,16(4):444-447.

[9] Sadeghi M, Morris G A, Carranza E J M, et al. Rare earth element distribution and mineralization in Sweden: An application of principal component analysis to FOREGS soil geochemistry [J]. Journal of Geochemical Exploration,2013,133(5):160-175.

[10] 温延臣,李燕青,袁亮,等.长期不同施肥制度土壤肥力特征综合评价方法[J].农业工程学报,2015,31(7):91-99.

[11] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3 版.北京:中国农业出版社,1999:42-50.

[12] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986.

[13] 李卓棣.土壤微生物学[M].北京:中国农业出版社,1996.

[14] 朱建平,殷瑞飞.SPSS 在统计分析中的应用[M].北京:清华大学出版社,2007:103-125.

[15] 方开泰.实用多元统计分析[M].上海:华东师范大学出版社,1989:215-223.

[16] 郝鲜俊,韩阳,张又丹,等.基于主成分—聚类分析评价

接种丛枝菌根真菌对采煤塌陷区土壤质量的影响[J].应用与环境生物学报,2018,24(4):789-796.

[17] 蔡艳,郝明德,臧逸飞,等.不同轮作制下长期施肥旱地土壤微生物多样性特征[J].核农学报,2014,29(2):344-350.

[18] 王大勇,刘涛,郭慕萍,等.豆科植物对不同深度土壤水分及养分含量的影响[J].土壤通报,2013,44(3):551-555.

[19] 李兆丽.红豆草与紫花苜蓿的培肥效果研究[J].草业科学,2008,25(7):65-68.

[20] 王俊,李凤民,贾宇,等.半干旱黄土区苜蓿草地轮作农田土壤氮、磷和有机质变化[J].应用生态学报,2005,16(3):439-444.

[21] 马琳,刘文利.保护地连作对土壤养分状况的影响[J].吉林农业科学,2007,32(1):33-34,39.

[22] Zuber S, Behnke G, Nafziger E, et al. Carbon and nitrogen content of soil organic matter and microbial biomass under long-term crop rotation and tillage in illinois [J]. USA, Agriculture,2018,8(37):1-12.

[23] 刘沛松.宁南苜蓿草田轮作土壤环境效应研究[D].陕西 杨凌:西北农林科技大学,2008.

[24] 曾玲玲,张兴梅,洪音,等.长期施肥与耕作方式对土壤酶活性的影响[J].中国土壤与肥料,2008(2):27-30.

[25] 臧逸飞.长期不同轮作施肥土壤微生物学特性研究及生物肥力评价[D].陕西 杨凌:西北农林科技大学,2016.

[26] 王理德,王方琳,郭春秀,等.土壤酶学研究进展[J].土壤,2016,48(1):12-21.

[27] 沈宗专,孙莉,王东升,等.石灰碳铵熏蒸与施用生物有机肥对连作黄瓜和西瓜枯萎病及生物量的影响[J].应用生态学报,2017,28(10):3351-3359.

[28] 肖元松,彭福田,张亚飞,等.增氧栽培对桃幼树根系构型及氮素代谢的影响[J].中国农业科学,2014,47(10):1995-2002.

[29] 庄岩,吴凤芝,杨阳,等.轮套作对黄瓜土壤微生物多样性及产量的影响[J].中国农业科学,2009,42(1):204-209.

[30] 吴宏亮,康建宏,陈阜,等.不同轮作模式对砂田土壤微生物区系及理化性状的影响[J].中国生态农业学报,2013,21(6):674-680.

[31] 王震宇,王英祥,陈祖仁.重茬大豆生长发育障碍机制初探[J].大豆科学,1991,37(1):31-36

[32] 李海云,姚拓,张建贵,等.不同扰动高寒草地土壤微生物数量时空变化特征[J].水土保持学报,2018,32(4):177-183.

[33] 尹国丽,蔡卓山,陶茸,等.不同草田轮作方式对土壤肥力、微生物数量及自毒物质含量的影响[J].草业学报,2019,28(3):42-50.