



丁俊男,王慧,于少鹏,等.玉米-大豆轮作对土壤酶和根系微生物群落多样性的影响[J].黑龙江农业科学,2021(4):11-16.

玉米-大豆轮作对土壤酶和根系微生物群落多样性的影响

丁俊男^{1,2},王 慧¹,于少鹏¹,王远航¹,毕影东³,刘 明³,王 玲³,刘 森³

(1. 哈尔滨学院 黑龙江省寒区湿地生态与环境重点研究实验室/哈尔滨湿地研究院,黑龙江 哈尔滨 150086;2. 黑龙江省农业科学院 博士后科研工作站,黑龙江 哈尔滨 150086;3. 黑龙江省农业科学院 耕作与栽培研究所,黑龙江 哈尔滨 150028)

摘要:为探寻玉米-大豆轮作模式对东北地区土壤微生物多样性的影响,本文以玉米与大豆轮作体系为研究对象,设置玉米连作(CK1)、大豆连作(CK2)、玉米-大豆-玉米(MSM)和玉米-大豆-大豆(MSS)轮作共4个种植模式,测定分析各处理收获期土壤 β -葡萄糖苷酶、纤维素酶、脲酶和硝酸还原酶活性,及根系微生物群落多样性关系。结果表明:轮作模式显著提高了土壤中 β -葡萄糖苷酶、纤维素酶和脲酶的活性,硝酸还原酶活性较玉米连作提高了42.11%;前茬种植作物类型不同导致土壤 β -葡萄糖苷酶活性差异显著;MSS轮作模式提高了土壤微生物群落的香农多样性指数、辛普森指数、均匀度指数和McIntoch指数,说明此模式改善了根系土壤微生物群落结构组成;利用Biolog技术和主成分分析结果表明,轮作和连作模式下土壤微生物的碳源利用模式出现分异,主要利用碳源为糖类和羧酸类物质。轮作种植体系增强了土壤酶活性,提高了土壤微生物群落的多样性,改变了根际土壤微生物群落功能利用能力和碳源的利用种类。

关键词:轮作;土壤酶活性;土壤微生物群落;多样性

作为玉米和大豆的全国主产区,玉米-大豆轮作体系已成为东北地区重要的耕作措施,持续稳定轮作体系生产力对保障我国粮食安全具有至关重要的作用^[1]。与传统农耕连作模式相比,轮作耕作措施具有提高作物产量、维持土壤养分、降低作物病虫害、保护土壤结构、增加土壤中微生物数量及多样性丰度的作用^[2-5]。土壤微生物群落对土壤呼吸、有机质合成分解和养分循环等过程起着重要作用,被认为是评价土壤质量的关键生物指标之一^[6]。而土壤类型、作物种类、生存环境和农田管理措施直接影响土壤微生物的数量和丰度^[7-11]。同时由于耕作种植模式的不同,会导致土壤属性变化以及土壤微生物利用碳源过程中呈现群落结构的差异^[12-13]。土壤微生物群落结构和多样性可以影响地上生态系统,因为不同的微生物可以为作物提供不同的限制资源,进而影响

作物的生产力^[14]。

近年来采用Biolog ECO微平板检测土壤微生物对不同碳源类型利用能力研究技术已被广泛应用,通过对单一碳源利用的测定来反映微生物群体水平的生理轮廓,以此产生不同的代谢图谱来表征微生物群落的功能多样性^[15-16]。本研究采用Biolog微平板检测技术,从土壤酶活性和作物根际土壤微生物群落碳源利用的角度,探寻玉米-大豆轮作模式对东北地区土壤微生物多样性的影响和耕作制度的优越性,以期农业生产实践提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于2017—2019年分别在黑龙江省农业科学院国家现代农业科技示范展示基地和哈尔滨学院黑龙江省寒区湿地生态与环境研究重点实验室进行。国家现代农业科技示范展示基地环境属于温带大陆性季风气候区,夏季高温多雨,冬季寒冷干燥,平均温度为22.7℃,相对湿度为60%。供试土壤为典型黑土类型,土壤基本理化性质:pH6.52,全氮含量1.6 g·kg⁻¹,碱解氮含量159 mg·kg⁻¹,有效磷含量29.3 g·kg⁻¹,速效钾含量219 g·kg⁻¹,有机质含量21.2 g·kg⁻¹。

收稿日期:2021-01-25

基金项目:黑龙江省大学生创新创业训练计划项目(202010234053);哈尔滨市博士后创新创业基金项目;黑龙江省农业科学院博士后科研基金项目;国家自然科学基金项目(41701289)。

第一作者:丁俊男(1982—),男,博士,讲师,从事植物生理研究。E-mail:ding.junnan@163.com。

通信作者:于少鹏(1972—),男,博士,教授,从事湿地生态研究。E-mail:wetlands1972@126.com。

1.2 材料

供试大豆品种为绥农 35,玉米品种为嫩单 23,分别由黑龙江省农业科学院耕作与栽培研究所和作物资源研究所提供。

1.3 方法

1.3.1 试验设计 试验采用大田小区设置,每小区 12 行,小区面积共 40 m²,行长约 5 m,实行玉米连作(CK1)、大豆连作(CK2)、玉米-大豆-玉米(MSM)和玉米-大豆-大豆(MSS)轮作共 4 个设置,随机区组设计,3 次重复。玉米和大豆每年在 5 月种植,采用人工点播,出苗后人工间苗,定期浇水,病虫害管理按常规进行,玉米施肥量为尿素 160 kg·hm⁻²、磷酸二铵 575 kg·hm⁻²、氯化钾 75 kg·hm⁻²,大豆施肥量为尿素 300 kg·hm⁻²、磷酸二铵 225 kg·hm⁻²、氯化钾 150 kg·hm⁻²;10 月收获。试验执行 3 年,自设置试验后,作物种类、种植密度、化肥施用量、田间和作物秸秆管理均保持一致。

于 2019 年的玉米成熟期和大豆收获期对试验各小区土壤采样,采用“S”形取样法选取植株,先去掉 0~5 cm 表土,抖落植株根系周围土壤后,用毛刷轻轻刷下粘附在根表面的土壤为根际土,每个土壤样品重量约 2.0 kg。采集的土样分为两份,一份风干过筛用于测定土壤酶活性;另一份用无菌封口袋包扎密封,置于冰盒中带回实验室,研磨过 2 mm 筛后,进行 Biolog-ECO 试验测定。

1.3.2 测定项目及方法 土壤酶活性测定:采用苯酚-次氯酸钠比色法^[17]测定土样的脲酶活性。参考改进的格力斯氏比色法^[18]测定土样中的硝酸还原酶。采用羧甲基纤维素钠盐酶活性测定方法^[19]测定土样的纤维素酶活性。采用对硝基苯-β-D-葡萄糖苷(PNPG)培养比色法^[20]测定土样的 β-葡萄糖苷酶活性,活性以 1 g 土壤对硝基酚的毫克数表示。

Biolog-ECO 试验测定:参考 Classen 等^[21]和李鑫等^[22]的方法。土壤样品于 25 ℃下活化 24 h,称取 10 g 烘干质量的新鲜土壤置于 250 mL 三角

瓶中,加入 90 mL 的 0.85 mol·L⁻¹ NaCl 溶液,将三角瓶在旋涡振荡器上震荡 1 min,然后冰水浴 1 min,反复 3 次。静置 2 min 后用灭菌的 0.85 mol·L⁻¹ NaCl 溶液配置成 1.0×10⁻³ 土壤悬浮液。用八通道移液器向 ECO 板每孔中加入 150 μL 土壤悬浮液,将接种好的微孔板在 25 ℃恒温培养,分别于培养 0,24,48,72,96,120,144,168 和 192 h 时用酶标仪(Sunrise Remote,TECAN)测定 590 nm 处光密度值。

采用 Biolog 微平板培养根系土壤微生物 96 h 的吸光值数据进行统计分析,以采用平均颜色变化率(Average Well Color Development, AWCD)描述微生物代谢强度,采用香农多样性指数(H')、辛普森优势度指数(D)、均匀度(E)和 McIntosh 指数(U)表征根系土壤微生物群落多样性,计算公式如下:

$$\text{香农多样性指数公式: } H' = - \sum_{i=1}^S p_i \ln p_i ;$$

$$\text{辛普森优势度指数: } C = \sum_{i=1}^S (p_i) ;$$

均匀度指数: $E = H/\ln S$, 群落丰富度指数(S)用碳源代谢孔的数目表示;

$$\text{McIntosh 指数: } U = (\sqrt{\sum_2^1})$$

1.3.3 数据分析 采用 Excel 2003 软件对数据进行统计分析,采用 SPSS 16.0 软件进行单因素方差分析、相关性分析和主成分分析。

2 结果与分析

2.1 轮作模式对根际土壤酶活性的影响

由表 1 可知,各处理组间 β-葡萄糖苷酶活性变化为 MSS > CK2 > MSM > CK1,其中处理组 MSS 和 CK2 的 β-葡萄糖苷酶活性显著高于 MSM 和 CK1 处理组;纤维素酶活性各处理间差异不显著,以轮作处理组 MSS 的酶活性最高;硝酸还原酶活性处理组 MSS、MSM 和 CK₂ 显著高于 CK1,其中轮作处理组 MSS 酶活性较处理组 CK1 提高了 42.11%;轮作条件下脲酶活性显著高于 CK1 和 CK2 处理组。

表 1 根际土壤酶活性

| 处理 | β-葡萄糖苷酶/(mg·g ⁻¹) | 纤维素酶/(mg·g ⁻¹) | 硝酸还原酶/(mg·g ⁻¹) | 脲酶/(mg·mL ⁻¹) |
|-----|-------------------------------|----------------------------|-----------------------------|---------------------------|
| CK1 | 11.36±2.46 c | 0.09±0.00 ab | 0.19±0.01 b | 0.03±0.00 b |
| CK2 | 34.23±1.95 a | 0.11±0.01 a | 0.25±0.01 a | 0.04±0.00 b |
| MSM | 21.06±3.50 b | 0.13±0.01 a | 0.25±0.02 a | 0.11±0.01 a |
| MSS | 38.01±2.92 a | 0.17±0.01 a | 0.27±0.01 a | 0.13±0.01 a |

注:同列不同小写字母表示处理间在 0.05 水平差异显著。下同。

2.2 土壤微生物对总碳源利用的动力学特征

碳源平均颜色变化率(AWCD)是反映土壤微生物群落活性的重要指标,通过孔的颜色变化来反映微生物对单一碳源的利用程度。AWCD值增加得越快,表明微生物群落的代谢活性越强^[23]。由图1可知,各处理间AWCD值随培养时间的变化总体呈现先快速增长后平缓的趋势,0~24 h培养初期,由于土壤微生物对碳源的利用的较少致使AWCD值无明显变化;24 h后 Biology^{MT}板孔中土壤微生物代谢活性旺盛,AWCD值呈现快速增长的趋势,144~192 h各处理AWCD值变化趋于平缓。土壤微生物培养192 h时

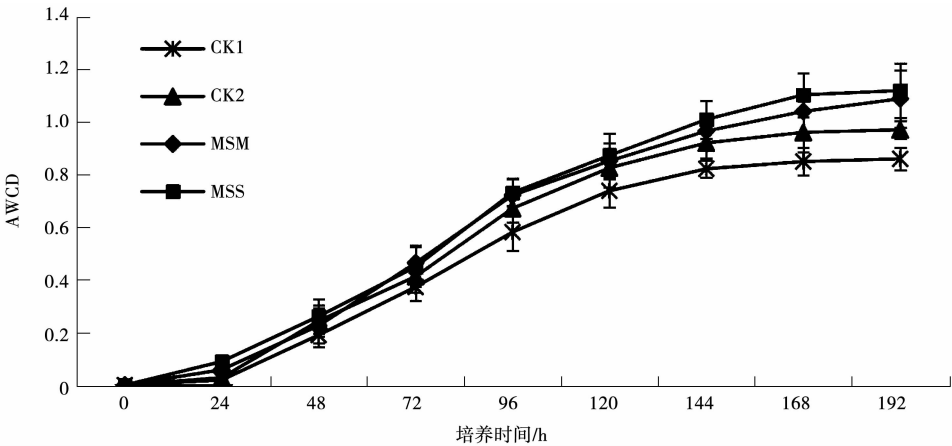


图1 土壤微生物群落AWCD随培养时间的变化

表2 根际土壤微生物群落底物代谢多样性指数

| 处理 | 香农指数(H') | 辛普森指数(S) | 均匀度指数(E) | McIntosh指数(U) |
|-----|--------------|--------------|--------------|-------------------|
| CK1 | 1.31±0.07 a | 0.95±0.01 a | 1.00±0.00 a | 4.21±0.27 b |
| CK2 | 1.36±0.02 a | 0.95±0.01 a | 1.04±0.00 a | 5.03±0.36 a |
| MSM | 1.33±0.03 a | 0.95±0.01 a | 1.01±0.00 a | 4.86±0.31 ab |
| MSS | 1.36±0.03 a | 0.96±0.01 a | 1.06±0.01 a | 5.32±0.35 a |

2.4 碳源对根系土壤微生物代谢的影响

由图2可知,MSM和MSS轮作模式下根际土壤微生物对糖类和羧酸类碳源具有较高代谢强度,且与CK1和CK2差异显著。轮作与连作模式处理下根际土壤微生物对聚合物和其他化合利用强度差异不显著;轮作MSS处理根际土壤微生物对糖类碳源代谢强度分别较连作CK1和CK2处理显著增加了62.46%和66.63%;连作CK1处理根际土壤微生物的氨/胺类和氨基酸类代谢强度显著低于其他处理组。

AWCD值为MSS>MSM>CK2>CK1,在培养期内轮作模式MSS和MSM处理AWCD值均高于各CK处理,且CK2的AWCD值高于CK1。

2.3 根际土壤微生物群落多样性指数分析

Biology^{MT}板培养96 h时根际土壤生物群落多样性指数变化如表2所示,MSS处理组各生物多样性指数均高于其他组,CK2处理组生物多样性指数除辛普森指数外,其他各项生物多样性指数均高于MSM和CK1处理组。各处理间香农指数(H')、辛普森指数(S)和均匀度指数(E)差异不显著,McIntosh指数(U)中MSS和CK2处理组与CK1之间差异显著。

2.5 根系土壤微生物群落碳源利用的主成分分析

采用主成分分析作图可直观辨析不同处理组的微生物代谢特征,由图3可知,主元向量的主成分1和主成分2分别解释变量方差的56.4%和33.8%,累积方差贡献率达90.2%,说明主成分PC1和PC2是变异的主要来源,可以解释变量的绝大部分信息。单一碳源的AWCD值与主成分PC1和PC2的因子得分的相关性分析表明,与主成分1显著正相关的碳源有糖类(D-木糖/戊醛糖、D-甘露醇和 β -甲基-D-葡萄糖苷),与主成分2

显著正相关的碳源有 γ -羟丁酸和衣康酸,在主成分分离中起主要作用的碳源是糖类和羧酸。主成

分分析结果表明,轮作和连作模式下根系土壤微生物群落对不同碳源类型的利用强度有所差异。

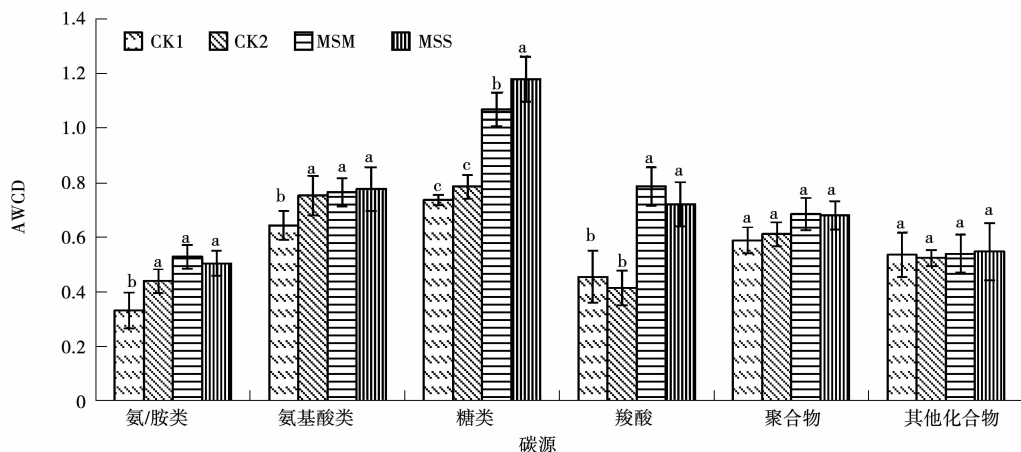


图2 根系土壤微生物对碳源的利用强度

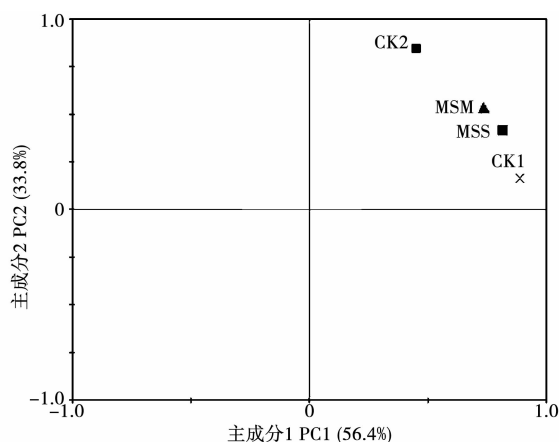


图3 根系土壤微生物碳源利用类型主成分分析

3 结论与讨论

轮作被普遍认为是有效保持土壤肥力和防止土壤退化的重要农耕措施,可改善土壤养分循环和肥力,提高土壤有机碳含量。我国东北部地区农耕普遍采取禾本科和豆科作物轮作的种植制度,合理的轮作制度能降低传统连作障碍,提高作物的生产力和品质^[24-25];丰富土壤微生物的多样性,改善土壤生态环境^[26]。相关研究表明,玉米-大豆轮作等合理的耕作制度能有效提高土壤酶活性^[27]。土壤酶是土壤代谢活动重要的生物催化剂,以稳定蛋白质形态存在于土壤中,既能够直接影响土壤的生产力,又是作物营养元素的活性库,其活性是植物营养元素供应的主要驱动因素,因此研究土壤酶活性有助于了解采样地土壤微生物活性、肥力状况和演替特征^[28-29]。本研究

表明,脲酶是催化土壤中尿素水解的酶,且专一性较强,是土壤氮循环过程中一种重要的水解酶,并且在一定程度上能反映土壤的供氮能力^[30]。轮作模式总体上土壤酶活性均高于连作,且脲酶活性与连作呈显著差异;处理组玉米-大豆-大豆(MSS)轮作措施对提高土壤酶活性有积极作用;王树起等^[31]研究表明大豆-小麦-大豆轮作模式下土壤脲酶活性高于连作大豆,土壤脲酶活性变化与有机质转化有密切关系,且由于连作大豆改变了土壤生物化学和微生态环境,从而导致连作障碍大豆产量降低。玉米轮作可有效增加土壤有机质和全氮含量,起到蓄水保墒、降低土壤容重和增加总孔隙度的作用,使土壤养分得到了充分利用,减少了养分流失^[5]。

Biolog-ECO 微平板包括 2 种胺类、4 种多聚物、5 种羧酸类、6 种氨基酸和 12 种糖类,共 31 种类型碳源^[32]。Biolog 微平板检测法目前已被广泛应用于微生物群落多样性的研究,是基于微生物对不同碳源类型利用强度的差异,产生不同吸光值(AWCD)代谢图谱来表征微生物群落的多样性,吸光值 AWCD 变化幅度越大,微生物群落代谢碳源能力越强^[33]。本研究结果表明轮作模式可提高根系土壤微生物群落对碳源的利用强度,且根际土壤微生物群落对糖类、氨/胺类、羧酸、聚合物和其他化合物利用较高。刘航^[34]研究结果显示,玉米-大豆-小麦轮作模式下较大豆和玉米连作可显著提高作物土壤微生物的代谢强

度,有效改善土壤微生态环境,轮作模式可提高土壤微生物群落对糖类、多聚体和胺类物质的利用率;其结论与本文相差异原因可能为轮作模式采用的前茬作物不同所致,且根际土与非根际土的土壤微生物群落对碳源利用存在较大差异。由于种植作物种类不同导致凋落物和根系分泌物的差异,致使土壤中微生物群落功能利用能力和碳源的利用种类对碳源利用的强度、土壤微生物的数量和多样性有所差异^[35]。本文分别采用香农、辛普森、均匀度和 McIntosh 指数来表征根系土壤微生物多样性群落种类和功能的差异性,结果表明轮作各生物多样性指数变化趋势与 AWCD 相一致,均为轮作种植模式高于连作,说明轮作种植模式能增强根系土壤微生物的多样性和稳定性。另以前茬豆科种植方式(MSS 和 CK2)生物多样性指数较禾本科植物有所提高,原因可能是大豆的固氮作用维持了氮素水平,从而改善土壤养分及调节微生物的营养代谢平衡,促进土壤微生物群落的稳定^[36]。通过 PCA 主成分分析结果表明了不同耕作模式下根系土壤微生物群落对碳源的代谢特征产生明显变异,促进土壤微生物群落代谢功能特征变化的主要碳源类型是糖类和羧酸类物质,此与前人的研究结果相一致^[37]。

综上所述,以玉米-大豆-大豆为典型代表的轮作种植体系可有效增强土壤中 β -葡萄糖苷酶、纤维素酶、硝酸还原酶和脲酶活性,提高了土壤微生物群落的多样性。不同耕作模式改变了根际土壤微生物群落功能利用能力和碳源的利用种类。

参考文献:

- [1] 刘沂阳,华伟,张诗雨,等.东北棕壤长期不同施肥处理轮作大豆氮素吸收和土壤硝态氮特征[J].植物营养与肥学报,2020,26(1):10-18.
- [2] 王震宇,王英祥,陈祖仁,等.重茬大豆生长发育障碍机制初探[J].大豆科学,1991,10(1):31-36.
- [3] 戴继光.轮作对耕地质量的影响研究[J].农业科技与装备,2019(6):8-9.
- [4] Wang S Q, Han X Z, Qiao Y F. Allelopathy of root exudates and their effects on rhizosphere microorganism[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2007, 38(6): 1219-1225.
- [5] 郝宇佳,张含思,张磊,等.高光效休耕玉米轮作技术对土壤的影响[J].湖北农业科学,2015,54(8):1829-1831.
- [6] Lecomte C, Alabouvette C, Edel-hermann V, et al. Biological control of ornamental plant diseases caused by *Fusarium oxysporum*: A review [J]. Biological Control, 2016, 101: 17-30.
- [7] 张晶,张惠文,李新宇,等.土壤微生物生态过程与微生物功能基因多样性[J].应用生态学报,2006,17(6):1129-1132.
- [8] 袁仁文,刘琳,张蕊,等.植物根际分泌物与土壤微生物互作关系的机制研究进展[J].中国农学通,2020,36(2):26-35.
- [9] 胡燕梅,杨龙.利用微生物防治植物病害的研究进展[J].中国生物防治,2006(S1):190-193.
- [10] 王树起,韩晓增,乔云发.根系分泌物的化感作用及其对土壤微生物的影响[J].土壤通报,2007(6):1219-1226.
- [11] Grayston S J, Wang S, Campell C D, et al. Selective influence of plant species on microbial diversity in the rhizosphere[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 30(3): 369-378.
- [12] 贺纪正,张丽梅.土壤氮素转化的关键微生物过程及机制[J].微生物学通报,2013,40(1):98-108.
- [13] 丁建莉,姜昕,关大伟,等.东北黑土微生物群落对长期施肥及作物的响应[J].中国农业科学,2016,49(22):4408-4418.
- [14] Heijden M, Wagg C. Soil microbial diversity and agro-ecosystem functioning[J]. Plant and Soil, 2013, 363(1-2): 1-5.
- [15] Rutgers M, Wouterse M, Drost S M, et al. Monitoring soil bacteria with community-level physiological profiles using Biolog ECO-plates in the Netherlands and Europe[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 97: 23-35.
- [16] Garland J L. Analytical approaches to the characterization of samples of microbial communities using patterns of potential C source utilization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1996, 28: 213-221.
- [17] 严昶升.土壤肥力研究法[M].北京:农业出版社,1988.
- [18] 关松荫.土壤酶及研究法[M].北京:农业出版社,1986.
- [19] 康纪婷,吴翔,甘炳成,等.纤维素酶活力测定方法[J].河北农业科学,2010,14(4):151-143.
- [20] Tabataba M A. Soil enzymes[J]. Encyclopedia of Environmental Microbiology, 1994: 775-833.
- [21] Classen A T, Boyle S I, Haskins K E, et al. Community-level physiological profiles of bacteria and fungi: Plate type and incubation temperature influences on contrasting soils[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, 44: 319-328.
- [22] 李鑫,张会慧,岳冰冰,等.桑树-大豆间作对盐碱土碳代谢微生物多样性的影响[J].应用生态学报,2012,23(7):1825-1831.
- [23] Choi K, Dobbs F C. Comparison of two kinds of Biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities[J]. Journal of Microbiological Methods, 1999, 36: 203-213.

- [24] 刘新晶,许艳丽,李春杰,等.大豆轮作系统对土壤细菌生理菌群的影响[J].大豆科学,2007,26(5):723-727.
- [25] 刘金波,许艳丽,吕国忠,等.黑土区不同轮作系统大豆根际镰孢菌种群结构和数量[J].大豆科学,2009,28(1):97-102.
- [26] 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.
- [27] 张广娜,陈利军,陈振华,等.大豆轮作与连作对黑钙土酶活性和动力学特性的影响[J].大豆科学,2008,27(5):795-800.
- [28] Salam A K, Katayama A, Kimura M, et al. Activities of some soil enzymes in different land use esytens after deforestation in hilly areas of west lampung, South Sumatra, Indonesia[J]. Soil Science and Plant Nutrition, 1998, 44(1): 93-103.
- [29] Badiane N N Y, Chotte J, Pate E, et al. Use of soil enzyme activities to monitor soil quality in natural and improved fallows in semi-arid tropical regions[J]. Appiled Soil Ecology, 2001, 18(3): 229-238.
- [30] Wessén E, Nyberg K, Jansson J K, et al. Responses of bacterial and archaeal ammonia oxidizersto soil organic and fertilizer amendments under long-term management [J]. Applied Soil Ecology, 2010, 45(3): 193-200.
- [31] 王树起,韩晓增,乔云发,等.寒地黑土大豆轮作与连作不同年限土壤酶活性及相关肥力因子的变化[J].大豆科学,2008,28(4):611-615.
- [32] 张志明,韩晓增.黑土母质熟化过程微生物群落碳源代谢特征[J].生态学报,2015,35(21):6957-6964.
- [33] Garland J L. Analysis and interpretation of community level physiological profiles in microbial ecology[J]. Microbial Ecology, 1997, 24: 289-300.
- [34] 刘航.黑土区典型作物轮作和连作对土壤微生物群落结构的影响[D].北京:中国科学院大学,2019.
- [35] 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.
- [36] 董艳,汤利,郑毅,等.施氮对间作蚕豆根际微生物区系和枯萎病发生的影响[J].生态学报,2010,30(7):1797-1805.
- [37] Benizri E, Dedourge O, Didattista-leboeuf C, et al. Effect of maize rhizodeposits on soilmicrobial community structure[J]. Applied Soil Ecology, 2002, 21(3): 261-265.

Effects of Maize Soybean Rotation on Soil Enzyme and Root Microbial Community Diversity

DING Jun-nan^{1,2}, WANG Hui¹, YU Shao-peng¹, WANG Yuan-hang¹, BI Ying-dong³, LIU Ming³, WANG Ling³, LIU Miao³

(1. Key Research Laboratory of Wetland Ecology and Environment in Cold Regions of Heilongjiang Province, Harbin Wetland Research Institute, Harbin University, Harbin 150086, China; 2. Postdoctoral Research Workstation of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 3. Institute of Farming and Cultivation, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150028, China)

Abstract: In order to explore the effect of maize soybean rotation mode on soil microbial diversity in Northeast China, the maize soybean rotation system was taken as the research object, four cropping modes were set up, including maize continuous cropping (CK1), soybean continuous cropping (CK2), maize soybean maize (MSM) and maize soybean soybean (MSS) rotation. The activities of soil β -glucosidase, cellulase, urease and nitrate reductase, and the relationship between the diversity of root microbial community were analyzed. The results showed that the activities of β -glucosidase, cellulase and urease in soil were significantly increased by rotation mode, and the activity of nitrate reductase was 42.11% higher than that of maize continuous cropping; the difference of soil β -glucosidase activity was significant due to different types of previous crops; MSS rotation model improved the Shannon diversity index, Simpson index, evenness index and McIntoch index of soil microbial community, indicating that the model improved the structure of soil microbial community structure. The results of Biolog and principal component analysis showed that the carbon source utilization patterns of soil microorganisms under rotation and continuous cropping were different, and the main carbon sources were sugars and carboxylic acids. Rotation system enhanced soil enzyme activity, improved the diversity of soil microbial community, and changed the function utilization ability and carbon source utilization types of rhizosphere soil microbial community.

Keywords: rotation patterns; soil enztlme activities; soil microbial community; diversity