

土壤微生物与花生连作障碍机制的研究进展

陈明娜, 迟晓元, 潘丽娟, 陈娜, 王通, 王冕, 杨珍, 禹山林* (山东省花生研究所, 山东青岛 266100)

摘要 连作导致花生产量降低、品质下降, 连作障碍已成为我国花生产业发展面临的突出问题。从土壤营养元素失衡、化感物质的自毒作用和微生物区系失衡三个方面综述了花生连作障碍的发生机理, 认为花生连作障碍发生的主要原因是根系土壤微生物生态系统功能失调。从多因素相互作用角度出发, 提出关键因子的挖掘是花生连作障碍机制研究的有效途径。

关键词 花生; 连作障碍; 营养元素; 化感物质; 土壤; 微生物

中图分类号 S565.2 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2016)33-0033-03

Research Progress of Soil Microenvironment and Peanut Continuous Cropping Obstacle Mechanism

CHEN Ming-na, CHI Xiao-yuan, PAN Li-juan, YU Shan-lin* et al (Peanut Research Institute of Shandong Province, Qingdao, Shandong 266100)

Abstract Continuous cropping leads to the yield reduction of peanut and the decline of quality; continuous cropping obstacle has become a prominent problem for peanut industry development in China at present. In this research, the occurrence mechanism of peanut continuous cropping obstacle was reviewed from three aspects of soil nutrient imbalance, toxic effect of allelochemicals, and microflora imbalance. It was pointed out that the root soil microecosystem function disorder was the major cause of peanut continuous cropping obstacle occurrence. From the perspective of multifactor interaction, the mining of key factor was the effective way to research the mechanism of peanut continuous cropping obstacle.

Key words Peanut; Continuous cropping obstacle; Nutrient elements; Allelochemical; Soil; Microorganism

连作障碍(Continuous cropping obstacle)是指在同一块地上连续种植同种或同科作物两茬以上, 即使采用正常的栽培管理措施也会发生作物生长发育状况变差、产量降低、病虫害加剧、品质下降等现象, 常被称为“重茬问题”, 欧美常称之为“再植问题(Replant problem)”^[1-2]。许多大田作物(如小麦、玉米、大豆、花生、马铃薯等), 园艺植物(包括瓜果类、蔬菜和观赏花)和中草药等都存在不同程度的连作障碍现象, 连作障碍成为国内外农业生产中长期面临的难题之一。

花生是我国重要的油料作物和经济作物, 常年种植面积约 467 万 hm^2 , 70% 被种植于丘陵、旱薄地, 连作现象普遍^[3]。山东、河南等花生主产区常多年连片、大规模种植, 有的甚至已连作了 10~20 年。连作使花生病虫害加剧, 品质下降、产量降低, 产量较全国平均水平下降 30% 以上^[3-4]。目前, 连作障碍已成为我国花生产业发展面临的突出问题。

多年来, 研究者们一直致力于连作障碍机制的研究, 认为造成连作障碍的因素主要有 4 个: 土壤营养元素失衡, 作物根系分泌物、腐解物等化感物质的自毒作用, 土壤微生物区系失衡, 土壤酶活性改变。将这 4 个方面进行归纳和总结, 连作障碍的原因便是土壤微生物生态系统发生改变。通过对土壤微生物与花生连作障碍的关联分析, 可为花生连作障碍机制的研究以及花生连作障碍的缓解与根治提供依据。

1 连作对花生生长发育特性与产量的影响

连作对花生的生长发育特性影响较大, 主要表现在连作会导致花生个体生长发育缓慢、植株矮小、结果数少、百果重低、饱果率低、产量下降, 花生植株和荚果干物质积累速率下降, 总生物产量、荚果产量、叶面积系数均下降, 且随连作年限的延长, 上述症状呈加重趋势^[5-6]。另外, 连作还会导致花生病虫害加剧, 如叶斑病、病毒病、根腐病、果腐病、白绢病、锈病、线虫病以及蛴螬、花生蚜虫和斜纹夜蛾等^[7-8]。研究表明, 花生连作较轮作叶斑病平均发病率高 13.25 百分点, 病毒病平均发病率高 3.60 百分点^[5]。近年来, 山东、河南等花生主产区的花生连作面积逐年加大, 如山东每年花生连作田有 23 万~27 万 hm^2 , 由连作造成的减产损失在 15 万 t 以上^[7,9]。

连作还影响花生的光合速率、叶绿素含量以及花生体内的营养水平。花生的单叶光合速率、群体光合速率、叶片中氨基酸含量、可溶性糖含量伴随连作均呈下降趋势, 连作还导致花生植株体内的硝态氮、速效磷、速效钾含量显著降低, 影响花生叶片有机物的积累^[10-11]。伴随花生连作, 叶片中过氧化氢酶(CAT)、超氧化物歧化酶(SOD)和过氧化物酶(POD)等的活性显著下降, 可溶性蛋白质含量降低, 单株根瘤数量和固氮酶活性也随之下降, 连作还会促进丙二醛(MDA)的积累, 且其变化随连作年限延长而加大^[10]。

2 花生连作障碍产生的因素

2.1 土壤营养元素失衡

由于作物对营养物的偏好, 长期单一种植会使土壤中营养元素失衡, 特别是微量元素的缺乏常常使作物生长不良。由于花生根部共生的根瘤菌具有固氮功能, 因此其从土壤中吸收的氮素较少, 长期连作使得氮肥的利用率和产投比降低, 而花生对磷、钾、铁、硼、钙等元素的吸收量较多^[12-14]。花生长期连作, 必然会使土壤中营养元素失衡, 需求较多的元素产生亏缺, 如不能及时补充, 下茬

基金项目 2014 年国家“万人计划”青年拔尖人才项目; 国家花生产业技术体系项目(CARS-14); 山东省自然科学基金项目(ZR2014YL011, ZR2014YL012); 青岛市科技计划应用基础研究项目[11-2-4-9-(3)-jch, 12-1-4-11-(2)-jch]; 青岛市民生计划项目(14-2-3-34-nsh); 山东省农业科学院青年科研基金项目(2016YQN14); 山东省农业科学院青年英才培养计划。

作者简介 陈明娜(1982-), 女, 山东青岛人, 助理研究员, 硕士, 从事花生遗传育种研究。* 通讯作者, 研究员, 博士, 从事花生遗传育种研究。

收稿日期 2016-09-14

花生的正常生长便会受到影响,抗逆能力降低,病虫害发生严重,从而使其产量和品质下降。研究表明,随着花生连作年限的增加,土壤中全氮含量、碱解氮含量总体呈先增后降再增的趋势;土壤中全磷、有效钾含量呈下降趋势,连作4年的全磷含量比连作2年下降了44.18%,连作2年的有效钾含量比连作4年高3.02倍;土壤中有铁、铜、锌的含量均呈现逐年降低的趋势^[13]。黄健安等^[15]发现贫瘠赤红壤栽培花生对营养要素的敏感程度依次为磷、钙,而钼的效果并不明显;花生生长发育的首要限制营养要素是磷,缺磷生长明显受抑制,其次是钙,缺钙时花生生长不良,病害严重,且随连作年限增加愈加严重。封海胜等^[16]对中等肥力砂壤土连作花生的研究表明,土壤中速效磷、速效钾和速效硼的含量随连作年限的增加而减少,其含量在连作3年的土壤中较轮作土壤中分别减少了52.9%、40.6%和53.8%,而水解氮含量变化不大。

2.2 土壤化感物质积累 土壤中的化感物质主要来源于作物的根系分泌物,茎、叶的淋溶物及残体分解产物。目前,对花生化感物质的检测主要集中在根系分泌物的鉴定,包括酚酸类物质、脂肪酸类物质、醇类、醛类以及酮类等物质,关于腐解物的研究不多。袁云云等^[17]从砂培花生营养液中收集到花生根系分泌物,经GC-MS检测鉴定出丁二酸、柠檬酸、十二酸、十四烷酸、十六烷酸、硬脂酸、油酸、邻苯二甲酸、苯甲酸、2,4-二甲基苯甲醛、2,6-二异丙基对苯酚共11种根系分泌物。王小兵等^[18]采用改进的根系分泌物循环收集系统,利用GC-MS鉴定结构,发现花生根系分泌物中主要含有丙三醇、苯甲酸、3,5-二甲基苯甲醛、苯乙酮、硬脂酸、棕榈酸和乳酸这7种物质。刘莘等^[19]对2个连作障碍抗性不同的花生品种在不同生育时期的根系分泌物进行了收集与鉴定,结果表明其根系分泌物主要包括脂肪酸类物质、乳酸、丙三醇、醛类物质、2,4-二叔丁基苯酚、2,6-二叔丁基苯酚、肉桂酸、对羟基苯辛酸和2,6-二叔丁基-4-丙酰基苯酚等物质。

花生经过长期连作后,分泌的化感物质和腐解物会在土壤中逐渐积累。李培栋等^[20]发现连作花生土壤中对羟基苯甲酸、香草酸和香豆酸随着连作年限的增加而增加,连作10年后3种酚酸总量达11.09 mg/kg干土,显著高于连作3年和6年的土壤。黄玉茜等^[21]在根际土壤水浸液中鉴定到4种酚酸物质,分别为对羟基苯甲酸、香草酸、香豆酸和香豆素,其中香草酸和香豆素含量较高且在土壤中的含量随连作年限的增加而上升,在连作6年后土壤中的含量分别达0.289 $\mu\text{g/g}$ 干土和0.025 $\mu\text{g/g}$ 干土,远高于连作2年和4年土壤中的含量。

自毒作用是化感物质作用的一种特殊形式,它是指作物自身产生的化感物质积累到一定程度,会抑制自身或其近缘作物根系生长,降低根系活性,改变土壤微生物区系,促进病原菌的繁殖,致使作物生长发育不良、发病,甚至死亡^[22-25]。研究表明,花生根系分泌物对其种子发芽、幼苗生长、细胞膜的过氧化、抗氧化酶系统均会产生影响,且随着浓度增大,对

种子发芽、幼苗生长的抑制作用也增强,叶片中SOD和POD活性显著提高,MDA含量也显著增加^[26]。花生植株不同部位及根际土壤水浸液对花生种子萌发和幼苗生长均有不同程度的抑制作用,且抑制作用具有浓度梯度效应,浓度越高,抑制作用越强,分析表明16 g/10 mL的水浸液抑制作用最大^[27]。

土壤中化感物质的积累不仅对植株产生自毒作用,还对土壤微生物的生长代谢有显著影响。研究表明,花生根系分泌物中低浓度的苯乙酮对花生青枯病菌生长有促进作用^[18];花生苗期和花期根系分泌物中的中性、酸性和碱性组分均对根腐镰刀菌菌丝的生长起化感促进作用,而对固氮菌的生长起化感抑制作用,且化感作用随根系分泌物添加浓度的增加而增强,结荚期根系分泌物也与花生连作土壤中有害菌的积累和有益菌的减少有关,在同样添加浓度下,根系分泌物对固氮菌的化感作用强度要大于根腐镰刀菌^[28]。连作花生的根系分泌物能促进病原菌尖镰孢菌分生孢子的萌发及菌丝体的生长^[29]。不同作物的根系分泌物作用效果不同,与小扁豆轮作的禾谷科植物的根系分泌物能够抑制其根腐病病原菌腐皮镰孢菌的生长,但与之轮作的大豆、花生根系分泌物并无抑菌效果^[30]。

2.3 土壤微生物区系失衡 土壤中微生物的丰度与多样性都非常高,它们是土壤微生态的关键因素,对保持土壤肥力、维持土壤生态平衡具有十分重要的作用^[31]。由于土壤微生物生长周期短、代谢速度快,其能够快速、灵敏地对土壤环境的变化做出响应。随着花生连作年限的增加,土壤及根际的真菌数量显著增加,而细菌和放线菌数量明显减少^[32-33]。采用克隆文库的方法对花生连作过程中土壤微生物群落演替规律进行分析,结果表明花生连作确实导致土壤微生物群落结构失衡,病原微生物丰度和多样性增加,尤其是真菌性病原菌增加趋势明显,而有益微生物呈减少的趋势^[34-35]。Li等^[36]采用高通量测序技术对花生连作过程中土壤真菌群落结构的变化进行了分析,结果表明土壤病原菌的丰度随着花生长期连作显著增加,如尖镰孢菌、茎点霉、小光壳属中的*Leptosphaerulina australis*,而这些增加是以牺牲土壤中一些有益真菌为代价,如木霉菌、聚合真菌和长被孢霉。另外,研究还发现硝化细菌随着连作年限的增加而减少,芽孢杆菌数量也变少,而反硝化细菌、立枯丝核菌、黑曲霉、镰刀菌等随连作年限增加而增加^[37-39];花生长期连作对土壤线虫丰度和群体组成也有明显不利影响,随着连作年限的增加,土壤中植物寄生线虫显著增加,而食细菌和食真菌线虫的数量逐渐降低,同时土壤线虫的功能指数也发生显著变化,筛选出对花生连作响应敏感的指示性线虫,如植物寄生线虫——麦线虫(*Tylenchus*)、食细菌线虫——中杆线虫(*Mesorhabditis*)和食真菌线虫——矮矛线虫(*Doryllium*)^[40]。

3 土壤微生态与花生连作障碍机制分析

土壤微生物是土壤微生态系统的关键因子,在土壤物质循环中起重要作用,植物-土壤之间的相互作用一般会通过土壤微生物进行调节^[41]。在花生根际生态系统中,花生

作为第一生产者将部分光合产物转运至根系,通过根系分泌物供给根际微生物碳源和能源;微生物通过将有机养分转化为无机养分获得能量,而转化后的无机养分可以被植物吸收利用,微生物的生长、代谢不仅直接影响花生的生长、发育,而且能快速反映土壤微环境的变化情况^[42-43]。花生、土壤、微生物的相互关系维持着根际微生物生态系统的生态功能。花生连作,由于其对营养物质吸收的偏好,导致土壤中营养元素失衡,连作还会造成花生根系分泌物、腐解物等化感物质的积累。土壤中营养元素的失衡和化感物质的积累直接影响下茬花生的生长发育,且造成土壤微环境的改变,从而使土壤中某些微生物得到富集,而另外一些微生物受到抑制,最终导致土壤微生物群落结构失衡,进而改变土壤中的酶活性,并影响花生的生长发育^[13,22-25]。但是,很多化感物质很容易被土壤微生物降解,如肉桂酸以及一些苯甲酸类被添加到土壤中几天后就会被完全分解^[44-45]。很多研究表明,土壤中检测到的所谓自毒物质的残留水平远低于报道的对植物造成毒性的浓度^[46-48]。而添加酚酸的土壤虽然没有酚酸物质的积累,却仍对花生生长发育和生理代谢产生抑制作用^[31,49],结合化感物质对土壤微生物的影响以及微生物与植物之间的相互作用,可以说酚酸类物质在土壤中的化感作用是间接通过改变土壤微生物群落组成引起的,而非自身的直接毒害作用。进而推测土壤中营养元素失衡与化感物质积累是花生连作障碍的前提因子,而土壤微生物区系失衡可能是花生连作障碍的关键因子。

4 结论与展望

我国花生连作现象普遍,连作障碍是制约我国花生产业可持续发展的突出问题。截至目前,已有诸多学者就花生连作障碍展开研究和探索,为花生连作障碍机制的研究以及连作障碍的缓解提供了理论依据和参考。关于连作障碍的成因,学界普遍认为主要有土壤营养元素失衡、化感物质积累、土壤微生物群落结构失衡以及酶活性改变这四大因素。但由于连作障碍成因的复杂性,花生连作障碍的机制尚未被完全揭开。已有研究大多关注于单因素水平,缺乏对不同因素之间相互关系和作用本质的研究,另外营养元素、化感物质、微生物、酶各个因素内部也存在复杂的成分,哪些因子是关键因子仍有待于进一步挖掘。花生连作障碍的产生是土壤微生物生态系统各因素复杂关系的表现和综合作用的结果。阐明各因素之间的相互关系,挖掘关键因子并阐明其作用机理,是研究花生连作障碍机制的重点所在,也是将来缓解甚至彻底解除花生连作障碍的有效途径。

参考文献

[1] 吴凤芝,赵凤艳,刘元英.设施蔬菜连作障碍原因综合分析及防治措施[J].东北农业大学学报,2000,31(3):241-247.
 [2] MAZZOLA M,MANICI L M. Apple replant disease:Role of microbial ecology in cause and control[J]. Annual review of phytopathology,2012,50:45-65.
 [3] 万书波.中国花生栽培学[M].上海:上海科学技术出版社,2000.
 [4] 滕应,任文杰,李振高,等.花生连作障碍发生机理研究进展[J].土壤,2015,47(2):259-265.
 [5] 刘美昌,郑亚萍,王才斌,等.连作对花生生育的影响及其缓解措施研究[J].中国农学通报,2006,22(9):144-148.
 [6] 焦坤,陈明娜,潘丽娟,等.长期连作对不同花生品种生长发育、产量与

品质的影响[J].中国农学通报,2015,31(15):44-51.
 [7] 刘娟,张俊,臧秀旺,等.花生连作障碍与根系分泌物自毒作用的研究进展[J].中国农学通报,2015,31(30):101-105.
 [8] 李孝刚,张桃林,王兴祥.花生连作土壤障碍机制研究进展[J].土壤,2015,47(2):266-271.
 [9] 刘苹,赵海军,万书波,等.连作对花生根系分泌物化感作用的影响[J].中国生态农业学报,2011,19(3):639-644.
 [10] 王才斌,吴正锋,成波,等.连作对花生光合特性和活性氧代谢的影响[J].作物学报,2007,33(8):1304-1309.
 [11] 甄志高,段莹,王晓林,等.花生连作对植株营养水平和光合生理指标的影响[J].山西农业科学,2004(1):12-13.
 [12] 王兴祥,张桃林,戴传超.连作花生土壤障碍原因及消除技术研究进展[J].土壤,2010,42(4):505-512.
 [13] 黄玉茜.花生连作障碍的效应及其作用机理研究[D].沈阳:沈阳农业大学,2011:86-96.
 [14] ZHARARE G E,ASHER C J,BLAMEY F P C. Calcium nutrition of peanut grown in solution culture. I. genetic variation in Ca requirements for vegetative growth[J]. Journal of plant nutrition,2009,32(11):1831-1842.
 [15] 黄健安,李金培.瘦瘠赤红壤上花生对营养要素的敏感性[J].花生科技,1998(2):7-10.
 [16] 封海胜,张思苏,万书波,等.连作花生土壤养分变化及对施肥反应[J].中国油料,1993(2):53-57.
 [17] 袁云云,咸洪泉,洪永聪,等.花生根系分泌物的鉴定及其化感效应分析[J].花生学报,2011,40(3):24-29.
 [18] 王小兵,骆永明,刘五星,等.花生根分泌物的鉴定及其化感作用[J].生态学杂志,2011,30(12):2803-2808.
 [19] 刘苹,赵海军,唐朝辉,等.连作对不同抗性花生品种根系分泌物和土壤中化感物质含量的影响[J].中国油料作物学报,2015,37(4):467-474.
 [20] 李培栋,王兴祥,李奕林,等.连作花生土壤中酚酸类物质的检测及其对花生的化感作用[J].生态学报,2010,30(8):2128-2134.
 [21] HUANG Y Q,HAN X R,YANG J F, et al. Autotoxicity of peanut and identification of phytotoxic substances in rhizosphere soil[J]. Allelopathy journal,2013,31(2):297-305.
 [22] GUO X W,WANG B,LI K, et al. Effect of 4-hydroxybenzoic acid on grape (*Vitis vinifera* L.) soil microbial community structure and functional diversity[J]. Biotechnology and biotechnological equipment,2015,29(4):637-645.
 [23] YEASMIN R,KALEMELAWA F,MOTOKI S, et al. Root residue amendment on varietal allelopathy and autotoxicity of replanted asparagus (*Asparagus officinalis* L.) [J]. Experimental agriculture and horticulture,2013,2:31-44.
 [24] BAERSON S R,DAYAN F E,RIMANDO A M, et al. A functional genomics investigation of allelochemical biosynthesis in *Sorghum bicolor* root hairs[J]. The journal of biological chemistry,2008,283(6):3231-3247.
 [25] JILANI G,MAHMOOD S,CHAUDHRY A N, et al. Allelochemicals: Sources,toxicity and microbial transformation in soil:A review[J]. Annals of microbiology,2008,58(3):351-357.
 [26] 刘苹,赵海军,万书波,等.花生根系分泌物自毒作用研究[J].中国油料作物学报,2010,32(3):431-435.
 [27] 黄玉茜,韩立思,杨劲峰,等.花生植株和土壤水浸液自毒作用研究及土壤中自毒物质检测[J].生态学报,2012,32(19):6023-6032.
 [28] 刘苹,江丽华,万书波,等.花生根系分泌物对根腐镰刀菌和固氮菌的化感作用研究[J].中国农业科技导报,2009,11(4):107-111.
 [29] 刘苹,赵海军,万书波,等.连作对花生根系分泌物化感作用的影响[J].中国生态农业学报,2011,19(3):639-644.
 [30] ABDEL-MONAIM M F,ABO-ELYOUSR K A M. Effect of preceding and intercropping crops on suppression of lentil damping-off and root rot disease in New Valley-Egypt[J]. Crop protection,2012,32:41-46.
 [31] FABRA A,CASTRO S,TAURIAN T, et al. Interaction among *Arachis hypogaea* L. (peanut) and beneficial soil microorganisms:How much is it known? [J]. Critical reviews in microbiology,2010,36(3):179-194.
 [32] LI C G,LI X M,KONG W D, et al. Effect of monoculture soybean on soil microbial community in the Northeast China[J]. Plant and soil,2010,330(1):423-433.
 [33] LI P D,DAI C C,WANG X X, et al. Variation of soil enzyme activities and microbial community structure in peanut monocropping system in subtropical China[J]. African Journal of agricultural research,2012,7(12):1870-1879.

25.49 × 10⁴ hm², 增幅为 34.89%; 建设用地内部结构变化中居民点及工矿用地面积增加最多, 为 21.85 × 10⁴ hm², 交通运输用地变化幅度显著, 增加 3.64 × 10⁴ hm², 增幅为 91.69%; 农用地减少 248.12 × 10⁴ hm², 变化幅度为 10.18%。

(2) 甘肃省土地利用碳排放量总体呈上升趋势, 由 1995 年的 1 882.07 × 10⁴ t 增加到 2012 年的 7 503.23 × 10⁴ t, 年均增加 330.66 × 10⁴ t。其中, 1995—2002 年增长缓慢, 2002—2012 年增长较快, 且增长幅度越来越大, 由于碳减排能力较弱, 因此短期内仍将持续上升。

(3) 甘肃省土地利用平均碳排放强度逐年增加, 其中以居民点及工矿用地最大。其中, 1995—2002 年增长缓慢, 2002—2011 年增长速度越来越快, 2012 年又有所减缓; 交通运输用地碳排放强度一直呈缓慢上升, 但是到 2012 年有所下降。

(4) 从碳排放因素分解结果来看, 土地利用变化、经济发展水平提高、人口规模增加对甘肃省土地利用碳排放存在促进作用, 能源效率提高和能源结构优化存在抑制作用。1995—2012 年能源效率提高和能源结构优化累计贡献了 8 195.15 × 10⁴ t 碳减排。因此, 能源效率提高和能源结构优化是今后甘肃省碳减排的重要途径之一。

参考文献

[1] 雷军, 张利, 张小雷. 中国干旱区特大城市低碳经济发展研究: 以乌鲁木齐市为例[J]. 干旱区地理, 2011, 34(5): 820-829.
[2] 赵荣钦, 刘英, 郝仕龙, 等. 低碳土地利用模式研究[J]. 水土保持研究, 2010, 17(5): 190-194.

(上接第 35 页)

[34] CHEN M N, LI X, YANG Q L, et al. Soil Eukaryotic microorganism succession as affected by continuous cropping of peanut - pathogenic and beneficial fungi were selected[J]. PLoS One, 2012, 7(7): 40659.
[35] CHEN M N, LI X, YANG Q L, et al. Dynamic succession of soil bacterial community during continuous cropping of peanut (*Arachis hypogaea* L.) [J]. PLoS One, 2014, 9(7): 101355.
[36] LI X G, DING C F, ZHANG T L, et al. Fungal pathogen accumulation at the expense of plant - beneficial fungi as a consequence of consecutive peanut monoculturing[J]. Soil biology and biochemistry, 2014, 72: 11-18.
[37] 颜艳伟, 张红, 刘露, 等. 连作花生田根际土壤优势微生物的分离和鉴定[J]. 微生物学报, 2011, 51(6): 835-842.
[38] 王小兵, 骆永明, 刘五星, 等. 红壤连作花生不同生育期根际微生物区系变化研究[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2011, 32(4): 23-27.
[39] ZHOU X G, WU F Z. Dynamics of the diversity of fungal and *Fusarium* communities during continuous cropping of cucumber in the greenhouse [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2012, 80(2): 469-478.
[40] LI X G, DING C F, LIU J G, et al. Evident response of the soil nematode community to consecutive peanut monoculturing[J]. Agronomy journal, 2015, 107(1): 195-203.
[41] HUANG L F, SONG L X, XIA X J, et al. Plant - soil feedbacks and soil sickness: From mechanisms to application in agriculture[J]. Journal of chemical ecology, 2013, 39(2): 232-242.

[3] 赖力. 中国土地利用的碳排放效应研究[D]. 南京: 南京大学, 2000.
[4] 李颖, 黄贤金, 甄峰. 江苏省区域不同土地利用方式的碳排放效应分析[J]. 农业工程学报, 2008, 24(S2): 102-107.
[5] 苏雅丽, 张艳芳. 陕西省土地利用变化的碳排放效益研究[J]. 水土保持学报, 2011, 25(1): 152-156.
[6] 孙贤斌. 安徽省会经济圈土地利用变化的碳排放效益[J]. 自然资源学报, 2012, 27(3): 394-401.
[7] 张俊峰, 张安录, 董捷. 武汉城市圈土地利用碳排放效应分析及因素分解研究[J]. 长江流域资源与环境, 2014, 23(5): 595-602.
[8] HOUGHTON R A, LEFKOWITZ D S, SKOLE D L. Changes in the landscape of Latin America between 1850 and 1985 (II): Net release of CO₂ to the atmosphere[J]. Forest ecology and management, 1991, 38(3/4): 173-199.
[9] 甘肃年鉴编委会. 甘肃发展年鉴[M]. 北京: 中国统计出版社, 2012.
[10] 张小平, 王龙飞. 甘肃省农业碳排放变化及影响因素分析[J]. 干旱区地理, 2014, 37(5): 1029-1035.
[11] WEST T O, MARLAND G. A synthesis of carbon sequestration, carbon emissions, and net carbon flux in agriculture: Comparing tillage practices in the United States[J]. Agriculture ecosystems and environment, 2002, 91(1/2/3): 217-232.
[12] 方精云, 郭兆迪, 朴世龙, 等. 1981~2000 年中国陆地植被碳汇的估算[J]. 中国科学(D 辑: 地球科学), 2007, 37(6): 804-812.
[13] 高振宇, 王益. 我国生产用能源消费变动的分解分析[J]. 统计研究, 2007, 24(3): 52-57.
[14] 徐国泉, 刘则渊, 姜照华. 中国碳排放的因素分解模型及实证分析: 1995-2004[J]. 中国人口·资源与环境, 2006, 16(6): 158-161.
[15] CHUNBO. China changing energy intensity trend: A decomposition analysis[J]. Energy Economics, 2008, 30: 1037-1053.
[16] 田云, 李波, 张俊峰. 武汉市碳排放的测算及影响因素分解研究[J]. 地域研究与开发, 2011, 30(5): 88-92.
[17] 中华人民共和国国家质量监督检验检疫总局, 中国国家标准化管理委员会. 综合能耗计算通则: GB/T 2589—2008[S]. 北京: 中国标准出版社, 2008.
[18] IPCC. 2006 IPCC guidelines for national greenhouse gas inventories: II [M]. Japan: the Institute for Global Environmental Strategies, 2008.

[42] BRUSSAARD L, DE RUITER P C, BROWN G G. Soil biodiversity for agricultural sustainability [J]. Agriculture ecosystems and environment, 2007, 121(3): 233-244.
[43] EISENHAEUER N, SCHEU S, JOUSSET A. Bacterial diversity stabilizes community productivity[J]. PLoS One, 2012, 7(3): 1-5.
[44] CIPOLLINI D, RIGSBY C M, BARTO E K. Microbes as targets and mediators of allelopathy in plants[J]. Journal of chemical ecology, 2012, 38(6): 714-727.
[45] BLUM U, STAMAN K L, FLINT L J, et al. Induction and/or selection of phenolic acid - utilizing bulk - soil and rhizosphere bacteria and their influence on phenolic acid phytotoxicity[J]. Journal of chemical ecology, 2000, 26(9): 2059-2078.
[46] YU J Q, YE S F, ZHANG M F, et al. Effects of root exudates and aqueous root extracts of cucumber (*Cucumis sativus*) and allelochemicals, on photosynthesis and antioxidant enzymes in cucumber[J]. Biochemical systematics and ecology, 2003, 31(2): 129-139.
[47] PERRY L G, THELEN G C, RIDENOUR W M, et al. Concentrations of the allelochemical (±) - catechin IN *Centaurea maculosa* soils[J]. Journal of chemical ecology, 2007, 133(12): 2337-2344.
[48] WEIDENHAMER J D, LI M, ALLMAN J, et al. Evidence does not support a role for gallic acid in *Phragmites australis* invasion success[J]. Journal of chemical ecology, 2013, 39(2): 323-332.
[49] LI X G, DING C F, HUA K, et al. Soil sickness of peanuts is attributable to modifications in soil microbes induced by peanut root exudates rather than to direct allelopathy[J]. Soil biology and biochemistry, 2014, 78: 149-159.