

花生连作障碍发生机理研究进展^①

滕 应¹, 任文杰¹, 李振高¹, 王小兵^{1,2}, 刘五星¹, 骆永明^{1*}

(1 中国科学院土壤环境与污染修复重点实验室(南京土壤研究所), 南京 210008; 2 扬州大学环境科学与工程学院, 江苏扬州 225127)

摘 要: 连作导致花生产量和品质下降, 严重影响了花生持续生产。本文结合 20 年花生长期定位试验研究, 从土壤理化性质恶化、化感自毒作用和微生物区系失衡 3 个方面系统地综述了花生连作障碍的发生机理, 认为花生根际微生态系统综合功能失调是造成花生连作障碍的主要原因, 并分别就化感作用、根际分泌物与根际微生物的关系、根际微生物与连作障碍的关系和多因子综合考虑等角度对该领域未来的研究方向进行了展望。

关键词: 花生; 连作障碍; 化感作用; 微生物区系变化; 养分失衡

中图分类号: S565.2

连作障碍(continuous cropping obstacle)是指在同一块地上连续两茬以上种植同种或同科作物, 即使采用正常的栽培管理措施也会发生作物产量降低、品质变劣和生育状况差等现象^[1]。在我国农业生产中通常称为“重茬问题”, 在欧美国家称之为再植病害(replant disease)或再植问题(replant problem)。许多大田经济作物、园艺植物(包括瓜果类蔬菜和观赏花卉)和中草药等都存在不同程度的连作障碍现象, 成为国内外农业生产中长期面临的难题之一。

花生是我国重要的经济作物和油料作物, 2013 年全国种植面积 471 万 hm^2 , 总产量 1 700 万 t, 主要集中在华北平原、环渤海、华南沿海及四川盆地等地区。随着全国范围内种植业结构调整的深入, 大宗谷类粮食作物的生产规模呈持续递减趋势, 花生的生产规模持续增长。但是我国花生产区相对集中, 尤其在花生主产区, 由于花生种植效益相对较高及种植土壤的限制, 常常多年连片、大规模种植, 有的甚至已经连作了 10~20 年。花生连作会抑制其生长发育^[2]、阻碍干物质的积累^[3]、减弱光合作用^[4-5]、降低植株体内营养水平^[6]以及增加病虫害的发生几率^[7-8], 从而造成花生产量下降、经济效益降低。花生连作障碍是花生植株-土壤两个系统内部诸多因素综合作用的外在表现, 多年来, 许多研究者分别从土壤物理、化学和生物学、化感自毒作用和土传病虫害等方面对花生连作障碍的产生原因进行了探讨, 归纳起来主要包

括 3 个方面, 即土壤理化性质恶化、化感自毒作用及土壤微生物区系失衡。

1 土壤理化性质恶化

花生对土壤中矿质营养元素的需求种类及吸收的比例具有特定规律。花生属于豆科植物, 根部共生的根瘤菌具有固氮功能, 因此从土壤中吸收的氮素较少, 而对磷、钾、硼、铁等元素的吸收量较多。花生长期连作后, 必然会造成需求较多的元素在土壤中发生亏缺, 在得不到及时补充的情况下, 便会影响下茬花生的正常生长, 其抗逆能力下降, 病虫害发生严重, 从而导致产量和品质下降。封海胜等^[9]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着连作年限的增加而减少, 连作 3 年后, 土壤中速效磷、速效钾和速效硼的含量较轮作土壤中分别减少了 52.9%、40.6% 和 53.8%, 则水解氮含量变化不大。黄健安等^[10]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、氮和钾, 钼的效果不明显。磷是花生生长发育的首要限制营养要素, 缺磷生长受抑制。其次是钙, 缺钙时花生生长不良, 病害严重, 并且随连作而愈演愈烈。我们的长期试验也发现配合施用硼、锌、钼有利于花生吸收的磷素从茎叶向果仁转移, 花生果仁中磷的积累量较对照处理高 46%, 对花生的增产具有一定的作用; 此外, 施用有机肥和有效微生物制剂比对照处理的土壤速

基金项目: 国家自然科学基金项目(41371309)资助。

* 通讯作者(ymluo@issas.ac.cn)

作者简介: 滕应(1975—), 男, 贵州江口人, 博士, 研究员, 主要研究方向为土壤生物修复。E-mail: yteng@issas.ac.cn

效磷含量高出 21 倍,而且能明显促进磷素在花生果仁中的积累,对消除红壤地区花生连作的障碍,提高花生产量均有良好的效果^[11]。

花生根系会向土壤中分泌大量的根系分泌物,而有机酸是分泌物的主要成分,长期连作后,根系分泌物会在土壤中不断积累,因此可能会引起土壤酸化^[12]。Malhi 等^[13]研究还表明,在一定条件下,长期施用尿素会导致土壤酸化。我们的长期试验中除施用尿素外,还施用了钙镁磷肥或有机肥,并没有显示出土壤酸化的现象,相反,施有机肥增加了土壤有机质的含量,促进土壤熟化,改良土壤结构,提高了盐基饱和度,从而改良了土壤酸性。添加微量元素对土壤 pH 影响不明显^[14]。土壤 pH 影响着土壤中矿质养分的活化和有效性,从而间接影响着植物根系对养分的吸收和利用。

2 植物化感自毒作用

化感作用最早是由奥地利植物学家 Hans Molisch 在 1937 年提出的,是指植物(包括微生物)在生命活动过程中向外界环境分泌释放化学物质,对植物和周围微生物的生长发育产生直接或间接的促进或抑制作用。其中产生的化学物质称为化感物质,化感作用主要通过化感物质来完成其功能。在化感作用中存在一种特殊形式即自毒作用,即植物产生的化感物质对自身或种内其他植物产生危害的一种现象。化感自毒作用是植物适应种内竞争的结果。

目前,花生化感物质的检测主要集中于根系分泌物的鉴定,具体包括酚酸类物质、脂肪酸类物质、醇类、醛类以及酮类等物质。袁云云等^[12]采用 GC-MS 鉴定花生根系分泌物中主要化感物质有邻苯二甲酸、硬脂酸、油酸、十二酸、十四酸、十六酸等。连续 7 年种植花生的土壤中根系分泌物的含量不同,含量最少的是丁二酸,约为 10.58 mg/kg,油酸含量最多约为 284.12 mg/kg。我们课题组采用自主研发的一套结合 XAD-4 树脂的根系分泌物循环收集装置,收集花生的根系分泌物并通过 GC-MS 鉴定出苯乙酮、丙三醇、苯甲酸、3、5-二甲基苯甲醛、硬脂酸、棕榈酸和乳酸等 7 种花生根系分泌物^[15]。花生在经过长期连作后,分泌的化感物质会在土壤中逐渐积累。李培栋等^[16]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。

化感物质在土壤中积累到一定浓度时,会影响植物细胞膜透性、酶活性、离子吸收、光合作用等途径,

从而抑制花生幼苗的生长。研究表明,对羟基苯甲酸、香草酸和香豆酸等酚酸类物质对花生幼苗的株高、根长和根系活力都表现出抑制作用,并且抑制程度随着酚酸处理浓度的增加而增强^[16]。此外,酚酸类物质还能使花生幼苗根系细胞膜受到损伤,细胞内活性氧自由基增加,破坏细胞膜的完整性,从而使连作土壤中的土传病原菌更加容易入侵,造成花生携带病原菌,发病率增加^[17]。除了酚酸类物质以外,豆蔻酸、软脂酸和硬脂酸等脂肪酸类化感物质在花生根系分泌物中的含量也相对较高,而且在连作花生土壤中脂肪酸类物质的含量也具有累积的趋势^[18]。当土壤中脂肪酸的初始含量较高时,花生植株的生长和产量会受到显著抑制^[19]。刘莘等^[19]的结果表明土壤中高含量的脂肪酸会显著降低叶片中叶绿素的含量、根系活力和土壤酶(蔗糖酶、脲酶和磷酸酶)的活性,叶绿素含量的降低表明植物光合作用的减弱,根系活力的降低表明植株对养分的吸收能力减弱,而土壤酶活性减弱会降低土壤中有效养分的含量,因此脂肪酸等降低了光合产物、根际有效养分和根系对养分的吸收能力,可能是导致花生植株生长异常和产量降低的原因之一。

根系分泌物中不仅含有酸性组分,还含有中性和碱性组分。研究表明中性和碱性组分也能显著抑制花生胚根的生长,并且抑制程度随着浓度的增加而增强,其中中性组分的抑制作用最强^[20]。除根系分泌物以外,花生的茎、叶、花、果实和种子都可以产生化感物质,而化感物质的释放方式不同,其化学成分也可能不同,进而对花生的毒害作用也不同。唐朝辉等^[21]分析了花生叶片淋溶液对花生种子发芽和幼苗生长发育的影响,发现花生叶片淋溶液在达到一定浓度时对种子胚根的生长及幼苗的根系活力具有显著的抑制作用,幼苗在经过淋溶液处理后,体内 SOD、POD 和 MDA 的含量都随着淋溶液浓度的增加而增加。花生植株不同部位的水浸液对花生种子萌发和幼苗生长均具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^[22]。而且花生受自毒物质的影响强度因自毒物质的来源部位不同而存在差异。茎的水浸液对种子萌发的毒害最重,而针对幼苗生长,植物各部分水浸液的影响也不一致,其中茎的水浸液对幼苗株高和叶面积的毒害最重,而根际土壤水浸液对幼苗主根长、单株鲜重和干重的毒害最重^[23]。

根系分泌物的化感作用不仅表现在对花生植株的自毒作用,还表现在对土壤微生物的影响。植物根系分泌物的成分和含量会影响土壤微生物群落结构

及土壤酶活性。我们前期的研究发现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^[15]，青枯病菌入侵花生后在导管中产生大量胞外多糖等胶状物质，造成导管堵塞，阻碍水分和养分的运输，从而导致花生植株凋萎，逐渐死亡^[24]。刘苹等^[17-18, 25]较系统地研究了花生根系分泌物对土壤微生物的效应，发现花生苗期和花期根系分泌物中的中性、酸性和碱性组分对根腐镰刀菌菌丝的生长均起化感促进作用，而对固氮菌的生长起化感抑制作用，并且化感作用随根系分泌物添加浓度的增加而增强。中性组分的化感作用相对更强。而且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。此外，他们还研究了根系分泌物中的两种或多种物质共同作用时，对土壤微生物的化感效应，发现 3 种酚酸类物质互作时对炭疽病菌生长的抑制作用较单一时有减弱的趋势，而对固氮菌生长的化感效应表现出低浓度时增强、高浓度时减弱的趋势。

3 土壤微生物区系失衡

花生连作后，花生的根系分泌物、脱落物以及花生植株残体都会进入土壤，而且栽培制度和管理措施相同，这些都为土壤及根际微生物营造了相对稳定的微生态环境，加之微生物具有选择适应性，从而定向影响着土壤及根际微生物的生长发育和繁殖，形成了特定的连作花生土壤微生物类群^[26]。

不少学者研究认为，随着连作年限增加，花生根际及非根际土壤中的细菌和放线菌数量明显减少，真菌数量明显增加，土壤微生物从细菌型向真菌型转化，尤其是病原性真菌类群^[27-30]。一般认为真菌型土壤是地力衰竭的标志，细菌型土壤是土壤肥力提高的标志，因此连作使花生生长不良，植株矮小，荚果变小，总生物产量和荚果产量显著降低。颜艳伟等^[31]采用分离培养的方法研究了不同连作年限根际土壤微生物的群落变化，发现种植花生后根际土壤中优势微生物的种类发生了明显变化。花生连作后，土壤中优势真菌和细菌的种类也会发生明显变化。Chen 等^[32]采用 18S rRNA 基因克隆库分析研究了花生连作土壤中真核微生物的演替，结果表明在相同的连作周期内土壤中真核微生物类群非常相似，与生长阶段无关，而随着连作年限的增加，真菌群落发生了明显的动态变化，总体上多样性呈增加的趋势。我们的研究^[33]发现硝化细菌随着连作年限的增加而减少，而反硝化细菌随之增加。通过对花生不同生育期土壤微

生物的 DGGE 图谱进行分析，发现细菌种群出现单一性趋势，主要以鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas* sp.) 为主。鞘氨醇单胞菌能够耐受高度贫瘠营养环境和恶劣环境，它们有着特殊的代谢调控机制以适应多变的环境(尤其是营养物缺乏的环境)，能够高效调整自身的生长来抵抗许多不利的环境变化^[34]。而土壤中硝化细菌、促进磷酸盐水解的细菌、固氮菌、根瘤菌和一些假单胞菌等，对促进植物生长和增强植物对土壤中微量元素的吸收有着积极的作用，所以土壤中有益细菌数量减少及种类变化会影响土壤中有机质的分解和花生对微量元素的吸收利用，从而引起或加重花生的连作障碍。我们从红壤中分离筛选获得的有益微生物及引进的 EM 菌液混合应用于花生种植，发现其可以促进土壤养分的转化、增加土壤中氮磷钾含量和有益微生物在土壤中的增殖，对花生生产有明显的增产效应，这也为利用微生物手段消除花生连作障碍提供了一个很好的思路^[35]。

此外，连作土壤有害微生物数量增加也是产生连作障碍的一个重要原因。随着花生连作年限的增加，根际土壤中放线菌的数量明显减少^[29]，放线菌属中很多种群能分泌抗生素，进而抑制有害微生物的活动。放线菌数量的减少有可能导致分泌抗生素的种群减少，从而减弱了有益微生物对有害微生物的拮抗作用，增加了植株的感病机会。我们的研究也发现土壤中芽孢杆菌的数量随着连作年限的增加而减少，而花生青枯病原菌青枯雷尔氏菌(*Ralstonia solanacearum* C₃)数量增加。芽孢杆菌生长过程中产生的枯草菌素、多粘菌素、制霉菌素、短杆菌肽等活性物质对致病菌或内源性感染的条件致病菌有明显的抑制作用。花生连作后，芽孢杆菌数量减少，导致其对土壤中致病菌的抑制作用减弱^[36]，花生生长中后期还伴有白绢病和根腐病的发生，土壤土传病害越来越严重。颜艳伟等^[31]从连作花生土样中分离到立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)、茄腐镰刀菌(*Fusarium solani*)、雪霉镰刀菌(*Micodochium nivale*)、黑曲霉(*Aspergillus niger*)和露湿漆班菌(*Myrothecium roridum*)，立枯丝核菌能引起花生立枯病，镰刀菌能引起花生果腐病和根腐病，黑曲霉能引起花生冠腐病，露湿漆班菌对花生也具有致病性，因此在连作后花生根际土壤中分布着多种对花生具有致病性的菌株，这些病原菌导致植物根部病害的发生，使花生产量降低，引发连作障碍。

4 根际微生态与连作障碍

根际作为植物、土壤和微生物相互作用的重要界面，是物质和能量交换的节点，是土壤中活性最强的

小生境。根际微生态系统是一个以植物为主体,以根际为核心,以植物-土壤-微生物及其环境条件相互作用过程为主要内容的生态系统。花生连作障碍的形成过程涉及花生根系、土壤、微生物等多个因素,并受环境因子的调控,因此我们认为花生根际微生态系统综合功能失调是造成花生连作障碍的主要原因。

在花生根际微生态系统中,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;根际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为植物吸收利用^[37],花生、土壤、微生物的相互关系维持着根际微生态系统的生态功能。当其中任何组分感受外界干扰时,就会在系统内部引起相应的物质和能量流动,通过一系列的生理生化反应和系统内部的调控,产生对外界干扰的适应性反应。当花生连作后,

花生对养分的特异性吸收导致土壤中某些养分的缺乏,进而影响花生生长发育,而且花生会不断向土壤中分泌根系分泌物,一部分分泌物对花生植株本身具有自毒作用,导致花生生长发育受阻。土壤中养分的缺乏以及根系分泌物的成分和含量共同导致根际土壤微环境的改变,从而造成根际土壤微生物的选择性适应,可以使某些特定微生物类群得到富集,从而改变土壤中微生物种群的平衡^[38]。微生物群落的改变反过来又会影响根系分泌物的组分和数量。而且有害微生物的富集也会致使花生植株产生病害,从而使花生生长发育受到不同程度的影响。因此对花生连作障碍机理的研究必须建立在系统功能的水平上,若仅从花生植株、土壤微生物和根系分泌物等某一个侧面进行探讨,很难真正反映连作障碍的成因,各因子与连作障碍之间的关系见图 1。

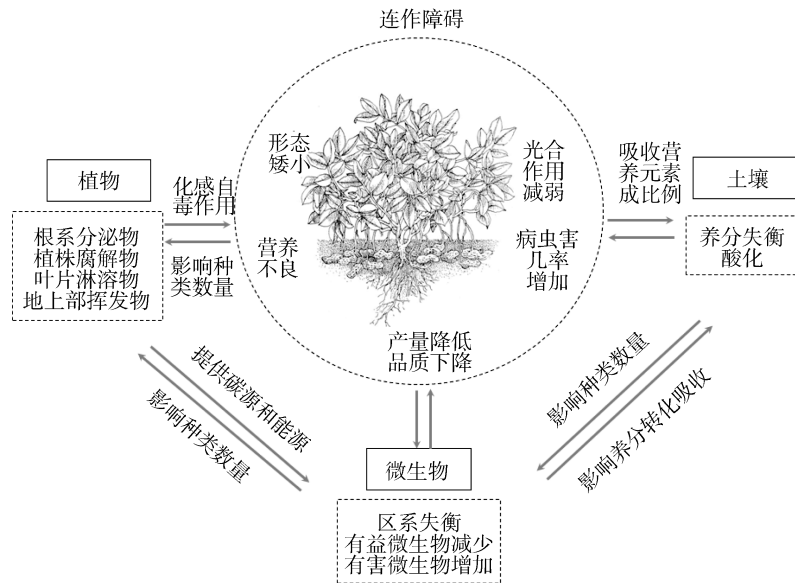


图 1 花生连作障碍发生机理示意图

Fig. 1 Mechanisms of peanut continuous cropping obstacle

5 展望

近年来,对花生连作障碍的研究不论是在研究方法与技术上,还是在研究成果转化和生产实践指导上都取得了长足的进步。但是,关于花生连作障碍产生机理的研究重点还需从以下几方面进行突破。

5.1 化感自毒作用与花生连作障碍

花生植株产生的化感物质(尤其是根系分泌物)的收集与鉴定是探索化感自毒作用与连作障碍的基础。目前对根系分泌物的分析通常采用有机溶剂萃取并结合高效液相色谱法、气相质谱法等进行定性定量测定,这些方法不但耗时,而且无法实现田间实时原

位动态检测。因此对根系分泌物的原位收集和原位检测方法还需要进一步改进。

植物的化感作用是释放的所有化感物质综合作用的结果,而目前的研究主要集中于已经鉴定出的十多种花生根系分泌物中的某几种酚酸类物质或脂肪酸类物质单一情况下对花生的自毒作用,多种化感物质对花生的复合互作效应还不清楚。此外,田间土壤中除了植物释放的化感物质外还包括多种物质,如施肥引入的重金属和农药等,这些物质可能也会与化感物质发生相互作用,因此在研究各种化感物质对花生的自毒作用时,有必要考虑种植花生土壤中常用的农药及重金属种类的影响。另外,进入土壤中的化感物

质很容易被土壤吸附或在微生物作用下转化为其他物质,这可能会改变化感强度。土壤结构、理化性质与化感物质在土壤中的滞留吸收有很大的相关性,土壤 pH 也可间接影响化感物质的产生和降解,因此研究土壤理化性质对化感物质自毒作用的影响也尤为重要。

不同作物根系分泌物的种类不同,即使是同种作物在不同生育期和不同环境条件下根系分泌物的种类和数量也都有差异,但目前多集中在整个生长过程收集到的根系分泌物进行研究。不同生育期间,根系分泌物可能会从不同方面导致花生连作障碍的发生,如苗期影响种子发芽和幼苗的生长发育、花期植株侵染致病菌、结荚期影响花生的坐果率和品质等等,因此对不同连作年限的土壤中不同生育期花生的根系分泌物有必要进行收集并研究其对花生的自毒作用。花生根系分泌物的化感作用与连作障碍相互影响,而不同连作年限的花生根系分泌物的化感作用是否不同尚不清楚。

植物根系通过分泌各种次生代谢物质对根际微生物的种类、数量和分布产生影响,对根际微生物群落结构有选择塑造作用^[39]。不仅根系分泌物对根际微生物具有选择作用,根际微生物对花生根系分泌物也具有降解作用,使得进入土壤的根系分泌物的种类和浓度都发生变化^[40]。根系分泌物的降解产物是否对花生的生长发育及微生物具有毒性作用还有待进一步深入研究。

5.2 根际微生物与花生连作障碍

目前针对微生物的研究方法多采用传统的平板培养方法,其不足之处显而易见,因为土壤中依然存在着大量的不可培养微生物,这极大地限制了对整个土壤生态系统功能的研究。采用 PCR-DGGE、高通量测序、环境宏基因组学、宏转录组学、宏蛋白组学、宏代谢组学等现代分子生物学技术可以弥补传统可培养法的不足,更好地确定与连作障碍相关的微生物群落^[41]。土壤微生物与土壤中营养物质的循环有着密不可分的联系,会直接影响到花生在生长发育过程中所需要的物质和能量的吸收^[42],但是究竟是哪些有益微生物的减少与花生连作障碍具有直接的关系目前还没有定论,需要进一步深入研究花生病原菌对花生植株根际的定殖过程及其对花生的致病性机理,确定与连作障碍直接相关的病原菌以及所产生的病害对连作障碍的贡献,可以为从病原微生物角度控制连作障碍提供有效的帮助。

5.3 多因子协同作用共同导致连作障碍

已有研究大多数只关注了单因子水平,且不同作

物及不同土壤的连作障碍可能有不同原因与主次,缺乏对不同因子内在相互关系和本质的了解。花生连作障碍的产生是土壤微生态系统内部诸多因素错综复杂关系的表现和综合作用的结果,这些因素可能是相互制约也可能是相互协同的,而且各因子在连作障碍产生机理的相对贡献也都不清楚。因此,阐明各因子之间的关系,是研究花生连作障碍机理的重要内容,同时也将为寻找控制连作障碍的有效途径提供有力证据。

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] 刘美昌, 郑亚萍, 王才斌, 吕伟, 张娟, 成波, 陈殿绪, 吴正峰. 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
- [3] 吴正锋, 成波, 王才斌, 郑亚萍, 刘俊华, 陈殿绪, 高新华. 连作对花生幼苗生理特性及荚果产量的影响[J]. 花生学报, 2006, 35(1): 29-33
- [4] 李艳红, 杨晓康, 张佳蕾, 高芳, 张凤, 杨传婷, 王媛媛, 李向东. 连作对花生农艺性状及生理特性的影响及其覆膜调控[J]. 花生学报, 2012, 41(3): 16-20
- [5] 王才斌, 吴正锋, 成波, 郑亚萍, 万书波, 郭峰, 陈殿绪. 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
- [6] 甄志高, 段莹, 王晓林, 崔向华, 潘正茂. 花生连作对植株营养水平和光合生理指标的影响[J]. 陕西农业科学, 2004(1): 12-13
- [7] 黄玉茜, 韩晓日, 杨劲峰, 刘小虎, 白洪志. 连作胁迫对花生叶片防御酶活性及丙二醛含量的影响[J]. 吉林农业大学学报, 2013, 35(6): 638-645
- [8] 王小兵, 骆永明, 李振高, 刘五星, 何园球. 长期定位施肥对红壤地区连作花生生物学性状和土传病害发生率的影响[J]. 土壤学报, 2011, 48(4): 725-730
- [9] 封海胜, 张思芬, 万书波, 隋清卫, 左学青. 连作花生土壤养分变化及对施肥反应[J]. 中国油料, 1993(2): 55-59
- [10] 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
- [11] 车玉萍, 李振高, 潘映华, 王俊华, 俞慎. 施肥对消除花生连作障碍的效果[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1998: 239-244
- [12] 袁云云, 咸洪泉, 洪永聪, 辛伟, 崔德杰. 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
- [13] Malhi SS, Nyborg M, Harapiak JT. Effects of long-term N fertilizer-induced acidification and liming on micronutrients in soil and in bromegrass hay[J]. Soil & Tillage Research, 1998, 48(1-2): 91-101
- [14] 王小兵, 骆永明, 李振高, 刘五星, 何园球. 长期定位施肥对亚热带丘陵地区红壤旱地质量的影响——酸度[J]. 土壤学报, 2011, 48(1): 98-102

- [15] 王小兵, 骆永明, 刘五星, 李振高. 花生根分泌物的鉴定及其化感作用[J]. 生态学报, 2011, 30(12): 2 803-2 808
- [16] 李培栋, 王兴祥, 李奕林, 王宏伟, 梁飞燕, 戴传超. 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): 2 128-2 134
- [17] 刘苹, 赵海军, 万书波, 任海霞, 李瑾, 杨力, 于淑芳. 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
- [18] 刘苹, 江丽华, 万书波, 魏建林, 于淑芳, 杨力, 王梅. 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
- [19] 刘苹, 赵海军, 仲子文, 孙明, 庞亚群, 马征, 万书波. 三种根系分泌脂肪酸对花生生长和土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2013, 33(11): 3 332-3 339
- [20] 刘苹, 赵海军, 万书波, 江丽华, 于淑芳, 杨力, 王艳芹, 李瑾. 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
- [21] 唐朝辉, 刘苹, 孙明, 仲子文, 高新昊, 张英鹏, 李彦, 万书波. 花生叶片淋溶液对花生种子发芽和幼苗生长发育的影响[J]. 江西农业学报, 2013, 25(11): 36-38, 42
- [22] Huang YQ, Han XR, Yang JF, Liang CH, Zhan XM. Autotoxicity of peanut and identification of phytotoxic substances in rhizosphere soil[J]. Allelopathy Journal, 2013, 31(2): 297-308
- [23] 黄玉茜, 韩立思, 杨劲峰, 王月, 韩晓日. 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): 6 023-6 032
- [24] 王小兵, 骆永明, 刘五星, 李振高. 红壤连作花生青枯病发病规律及病原菌分离[J]. 花生学报, 2010, 39(2): 6-10
- [25] 刘苹, 高新昊, 孙明, 张英鹏, 仲子文, 万书波, 李彦. 3 种酚酸类物质对花生发芽和土壤微生物的互作效应研究[J]. 江西农业学报, 2012, 24(8): 85-87, 93
- [26] Paterson E, Gebbing T, Abel C, Sim A, Telfer G. Rhizodeposition shapes rhizosphere microbial community structure in organic soil[J]. New Phytologist, 2007, 173(3): 600-610
- [27] 封海胜, 万书波, 左学青, 成波. 花生连作土壤及根际主要微生物类群的变化及与产量的相关[J]. 花生科技, 1999(S1): 277-283
- [28] 封海胜, 张思苏, 万书波, 隋清卫, 左学青. 花生连作对土壤及根际微生物区系的影响[J]. 山东农业科学, 1993(1): 13-15
- [29] 黄玉茜, 韩晓日, 杨劲峰, 刘宁, 刘小虎. 花生连作土壤微生物区系变化研究[J]. 土壤通报, 2011, 42(3): 552-556
- [30] 孙秀山, 封海胜, 万书波, 左学青. 连作花生田主要微生物类群与土壤酶活性变化及其交互作用[J]. 作物学报, 2001, 27(5): 617-621
- [31] 颜艳伟, 张红, 刘露, 咸洪泉, 崔德杰. 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
- [32] Chen M, Li X, Yang Q, Chi X, Pan L, Chen N, Yang Z, Wang T, Wang M, Yu S. Soil eukaryotic microorganism succession as affected by continuous cropping of peanut - pathogenic and beneficial fungi were selected[J]. PLoS ONE, 2012, 7(7): 1-9
- [33] 王小兵, 骆永明, 刘五星, 李振高. 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, 38
- [34] 胡杰, 何晓红, 李大平, 刘强. 鞘氨醇单胞菌研究进展[J]. 应用与环境生物学报, 2007, 13(3): 431-437
- [35] 吴胜春, 李振高, 潘映华, 俞慎, 王俊华. 有效微生物菌剂对新垦红壤种植花生的影响[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1995: 319-322
- [36] 王小兵, 骆永明, 刘五星, 李振高. 花生青枯病内生拮抗细菌的鉴定、抗菌活性及其田间防效[J]. 中国生物防治学报, 2011, 27(1): 88-92
- [37] Eisenhauer N, Scheu S, Jousset A. Bacterial diversity stabilizes community productivity[J]. Plos One, 2012, 7(3): 1-5
- [38] Sudini H, Liles MR, Arias CR, Bowen KL, Huettel RN. Exploring soil bacterial communities in different peanut-cropping sequences using multiple molecular approaches[J]. Phytopathology, 2011, 101(7): 819-827
- [39] Singh G, Mukerji KG. Root exudates as determinant of rhizospheric microbial biodiversity[J]. Microbial Activity in the Rhizosphere, 2006, 7: 39-53
- [40] Walker TS, Bais HP, Grotewold E, Vivanco JM. Root exudation and rhizosphere biology[J]. Plant Physiology, 2003, 132(1): 44-51
- [41] Sudini H, Arias CR, Liles MR, Bowen KL, Huettel RN. Comparison of soil fungal community structure in different peanut rotation sequences using ribosomal intergenic spacer analysis in relation to aflatoxin-producing fungi[J]. Phytopathology, 2011, 101(1): 52-57
- [42] Acosta-Martinez V, Rowland D, Sorensen RB, Yeater KM. Microbial community structure and functionality under peanut-based cropping systems in a sandy soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 2008, 44(5): 681-692

Advance in Mechanism of Peanut Continuous Cropping Obstacle

TENG Ying¹, REN Wen-jie¹, LI Zhen-gao¹, WANG Xiao-bing^{1,2}, LIU Wu-xing¹, LUO Yong-ming^{1*}

(1 *Key Laboratory of Soil Environment and Pollution Remediation, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China*; 2 *College of Environmental Science and Engineering, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225127, China*)

Abstract: Continuous cropping results in decrease of peanut production and quality which seriously affecting peanut sustainable production. Based on a long-term located experimental research of peanut for twenty years, the paper reviewed systematically the mechanisms of peanut continuous cropping from the deterioration of soil physiochemical properties, allelopathic autotoxicity and imbalance of microflora, suggested that comprehensive dysfunction of peanut rhizosphere microecosystem is the major reason of continuous cropping obstacle. The further studies are also suggested included allelopathic effect, relation between root exudates and rhizosphere microorganisms, relation between rhizosphere microorganisms and continuous cropping obstacle as well as consideration of multifactor.

Key words: Peanut; Continuous cropping obstacle; Allelopathy; Change of microflora; Imbalance of nutrients