

# 小麦/蚕豆, 玉米/蚕豆和小麦/玉米间作对根际 细菌群落结构的影响

宋亚娜<sup>1,2</sup>, MARSCHNER Petra<sup>3</sup>, 张福锁<sup>1</sup>, 包兴国<sup>4</sup>, 李隆<sup>1,\*</sup>

(1. 中国农业大学资源环境学院, 北京 100094; 2. 福建农科院生物技术研究所, 福州 350003; 3. School of Earth and Environmental Sciences, University of Adelaide, SA 5005, Australia; 4. 甘肃农科院土壤肥料研究所, 兰州 73000)

**摘要:** 利用 PCR-DGGE 技术研究了小麦/蚕豆、玉米/蚕豆和小麦/玉米间作对作物根际细菌群落结构的影响。结果表明: 间作能够提高作物根际细菌群落多样性、改变根际细菌群落结构组成。其中, 小麦/蚕豆间作对根际细菌群落结构的影响最为突出, 作物花期时小麦/蚕豆间作显著提高和改变两种作物根际细菌多样性和群落结构组成。玉米/蚕豆间作主要表现出对苗期玉米根际细菌多样性的显著提高和群落结构组成的改变。小麦/玉米间作对作物根际细菌群落结构的影响程度较弱。同时, 3 种间作体系都具有不同程度的产量优势。结果证明了间作体系中地上部植物多样性与地下部微生物多样性存在紧密联系。

**关键词:** 间作; 细菌群落结构; 根际; PCR-DGGE

文章编号: 1000-0933(2006)07-2268-07 中图分类号: S154.37 文献标识码: A

## Effect of intercropping on bacterial community composition in rhizosphere of wheat (*Triticum aestivum* L.), maize (*Zea mays* L.) and faba bean (*Vicia faba* L.)

SONG Ya-Na<sup>1,2</sup>, MARSCHNER Petra<sup>3</sup>, ZHANG Fu-Suo<sup>1</sup>, BAO Xing-Guo<sup>4</sup>, LI Long<sup>1,\*</sup> (1. College of Resources and Environmental Sciences, China Agricultural University, Beijing 100094, China; 2. Institute of Biological Technologies, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350003, China; 3. Soil and Land Systems, School of Earth and Environmental Sciences, DP 636, University of Adelaide, SA 5005, Australia; 4. Institute of Soils and Fertilizers, Gansu Academy of Agriculture Sciences, Lanzhou 730000, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(7): 2268 - 2274.

**Abstract:** Cereal/cereal and cereal/legume intercropping systems are popular in the northwest of China and often result in yield increases compared to sole cropping. The aim of this study was to investigate crop yield and the effects of intercropping on bacterial community composition in rhizosphere of wheat, maize and faba bean at different growth stages. Rhizosphere bacterial community composition was studied by denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of 16S rDNA. The results showed that intercropping increased crop yield, enhanced bacterial diversity and changed bacterial community composition in rhizosphere compared to sole cropping, and the effect was most pronounced in the wheat/faba bean intercropping system when the two species at anthesis. In maize/faba bean intercropping system, the effect was only on maize in seedling. The effect was less pronounced in wheat/maize intercropping. The effects of intercropping on diversity of microbial community in the rhizosphere that may, in part, explain the yield increase compared to sole cropping. Furthermore the results provide evidence that aboveground plant diversity and belowground biodiversity are linked.

**Key words:** intercropping; bacterial community composition; rhizosphere; PCR-DGGE

间作套种是我国传统精耕细作农业的重要组成部分, 对促进农业可持续发展具有重要作用。在河西走廊

基金项目: 国家农业部 948 资助项目(2003-Z53)

收稿日期: 2006-02-27; 修订日期: 2006-04-10

作者简介: 宋亚娜(1973~), 女, 北京市人, 博士生, 主要从事微生物分子生态学研究. E-mail: syana1973@vip.sina.com

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lilong@cau.edu.cn

Foundation item: The project was supported by 948 Program of the Ministry of Agriculture, People's Republic of China (No. 2003-Z53)

Received date: 2006-02-27; Accepted date: 2006-04-10

Biography: SONG Ya-Na, Ph. D. candidate, mainly engaged in molecular ecology for environmental microbiology. E-mail: syana1973@vip.sina.com

地区由于受到光照、温度等气候条件的限制,粮食作物只能一熟制。这种情况下,间作种植制度能够提高复种指数、减少肥料投入、有效利用有限资源,具有相对稳产、高产的优势<sup>[1]</sup>。

农田生态系统中土壤生物多样性是物质和能量转化、循环、利用的基础,是生态系统稳定性和可持续性的保障。但据估计土壤中只有0.1%~5%的微生物是可培养的<sup>[2]</sup>,因此传统的培养方法使微生物群落结构的研究受到很大限制。DGGE(denaturing gradient gel electrophoresis,变性梯度凝胶电泳)最早是一项用于DNA突变检测的电泳技术<sup>[3]</sup>,近些年来已经被广泛应用于各种环境微生物的生态研究中,如高热温泉、湖泊、海洋、土壤和根际等<sup>[4]</sup>。近年来许多研究成功利用DGGE技术研究了环境因素对作物根际细菌群落结构组成的影响,如:土壤类型和作物种类<sup>[5]</sup>、根分泌物<sup>[4]</sup>、养分供应状况<sup>[6]</sup>、接种菌根<sup>[7]</sup>以及种植制度<sup>[8]</sup>等。说明DGGE是一种能够评价微生物群落结构的有效方法。

目前对间作的研究多集中在资源利用方面,如间作体系中光<sup>[9]</sup>、水<sup>[10]</sup>和养分<sup>[11,12]</sup>的利用情况。对于间作体系中地下部微生物多样性的研究还未见报道。自然生态系统中地上部生物多样性与地下部生物多样性存在紧密联系<sup>[13]</sup>。由此推测间作体系中的地上部植物多样性势必对地下部微生物多样性产生影响。而根际微生物群落结构组成和功能的变化又将影响间作体系的养分利用,对产量优势应具有一定贡献。因此,本研究利用PCR-DGGE方法首先研究了小麦/蚕豆、玉米/蚕豆和小麦/玉米3种间作体系中作物根际细菌群落结构组成的变化,为深入研究根际微生物群落结构和功能对间作体系的产量优势和可持续发展的贡献提供理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设计

本文研究对象是自2003年开始建立的一个田间定位试验。试验点位于甘肃省武威市白云乡(38°37'N, 102°40'E),年降水200~250 mm,大于0℃和10℃的积温分别为3208℃和2622℃,供试土壤为灌漠土,耕层土壤有机质含量19.14 g kg<sup>-1</sup>,全氮1.18 g kg<sup>-1</sup>,碱解氮68.8 g kg<sup>-1</sup>,速效磷17.3 mg kg<sup>-1</sup>,速效钾233 mg kg<sup>-1</sup>,缓效钾1150 mg kg<sup>-1</sup>。试验地原为东西排列的小麦/玉米间作田,为消除原间作带对土壤养分等因素的影响,试验的间作带采用南北排列。试验处理包括:单作小麦(W),单作玉米(M),单作蚕豆(F),小麦/蚕豆间作(W/F),玉米/蚕豆间作(M/F),小麦/玉米间作(W/M),小区面积8(5.6 m<sup>2</sup>),随机区组排列,重复3次,间作种5个组合带。小麦品种为2014(*Triticum aestivum* L. 2014),玉米品种为沈单16(*Zea mays* L. Shengdan 6),蚕豆品种为临蚕5号(*Vicia faba* L. Lincan 5)。不施农家肥,氮肥用量225 kg N hm<sup>-2</sup>,磷肥用量40 kg P hm<sup>-2</sup>,氮肥为尿素,磷肥为三料磷肥,全部磷肥和2/3氮肥用做基施,1/3氮肥在小麦拔节期均匀撒施追肥。小麦、玉米和蚕豆行距分别为0.133 m、0.40 m和0.20 m。间作处理中,每个间作带包括小麦6行与蚕豆4行,小麦6行与玉米2行或玉米2行与蚕豆4行。小麦、玉米和蚕豆的种植密度分别为75万株 hm<sup>-2</sup>、12.6万株 hm<sup>-2</sup>和22.9万株 hm<sup>-2</sup>。根据土壤田间持水状况和作物生长需要,共浇7次水。小麦、蚕豆和玉米的播种时间分别为每年的3月20日、3月27日和4月15日,3种作物的收获时间分别为:小麦每年的7月中旬,蚕豆7月底和玉米10月中旬。作物收获后残茬翻入地中,休闲至下一年在同一小区内进行同一处理的重复。

### 1.2 田间取样

本研究分别于2005年即定位试验第3年的5月13日、6月20日和7月24日进行了3次取样。其中,5月13日取样处理为单作小麦,单作蚕豆和小麦/蚕豆间作,此时小麦、蚕豆都处于苗期,而玉米刚出苗,不予采样;6月20日小麦、蚕豆进入开花期,玉米为苗期,所有处理都采样;7月24日即小麦收获后,蚕豆处于收获期,玉米进入花期,对单作玉米、蚕豆和玉米/蚕豆间作处理进行采样。采用抖土法先将植株根系从土壤中整体挖出,抖掉与根系松散结合的土体土,然后将与根系紧密结合的土壤刷下来作为根际土土样。单作处理中,每个处理的每次重复随机取作物5株,然后将5株作物的根际土壤混合为1个样品。间作处理中,在每个处理的每次重复中随机选两个间作带,每个间作带内两种作物分别取样,各取2株;然后将两个间作带中两种作物各4株的根际土分别混合成2个样品。小麦和蚕豆选间作带的中间行即不与另一种作物相邻的行取样,因间作



## 2 结果与分析

### 2.1 产量

间作对小麦、玉米和蚕豆3种作物都具有一定的增产作用。与蚕豆和玉米间作的小麦产量分别高于单作小麦,且与玉米间作的产量增加达到显著性水平( $p < 0.05$ ) (表1)。与蚕豆和小麦间作都能够显著( $p < 0.05$ )增加玉米的产量。对蚕豆而言,与小麦间作产量几乎没有变化,与玉米间作产量有所提高,但与单作蚕豆比较没有达到显著性水平(表1)。

### 2.2 第1次取样根际细菌群落结构

第1次取样于2005年5月13日,此时玉米刚刚出苗,只对小麦和蚕豆的单、间作处理进行取样,小麦、蚕豆都处于生长苗期。根据细菌16S rDNA的PCR-DGGE图谱中条带的位置和亮度的数字化结果计算了细菌群落结构多样性指标 Shannon-Weaver index 和均匀度 Evenness。由表2结果可见不同处理间的多样性和均匀度都没有显著差异,且不同种类作物间也没有差异。

通过对PCR-DGGE图谱中条带的位置和亮度的数字化结果进行主成分分析(PCA)研究了作物根际细菌群落结构组成的变化(图1)。在主成分分析中横坐标的变异大于纵坐标即表明不同处理分布在横坐标方向上的差异程度较大,而分布在纵坐标方向上的差异程度较小。由图1可见,无论单作还是间作的小麦和蚕豆根际细菌群落结构组成的差异都分布在纵坐标方向上,说明细菌群落结构组成在小麦和蚕豆两种作物根际是相近的。而两种作物的单作和间作处理间根际细菌群落结构组成的差异都主要分布在横坐标方向,说明小麦和蚕豆的单、间作处理的根际细菌群落结构都存在一定的差异。但图1显示单作小麦和单作蚕豆都仍有一次重复的细菌群落结构的分布分别与间作小麦、间作蚕豆相近。

表2 第1次取样根际细菌群落结构多样性和均匀度(5月13日)  
Table 2 Shannon-Weaver index and evenness of bacterial community in rhizosphere on 13 May

处理 Treatments	多样性 Shannon-Weaver index	均匀度 Evenness
小麦 单作 W	2.8 ± 0.2 a	0.94 ± 0.03 a
Wheat 间作 W/F	2.8 ± 0.1 a	0.92 ± 0.02 a
蚕豆 单作 F	2.8 ± 0.5 a	0.93 ± 0.04 a
Faba bean 间作 W/F	2.7 ± 0.4 a	0.89 ± 0.06 a

3次重复平均值 ± 标准误差,同一列字母相同不显著,显著性水平  $p < 0.05$  Means of three replicates ± standard error; Values in the same column followed by different letters are significantly different ( $p < 0.05$ );下同 the same below

### 2.3 第2次取样根际细菌群落结构组成

第2次取样时,小麦和蚕豆生长进入花期,玉米生长处于苗期。对小麦、玉米和蚕豆3种作物都进行了根

表1 不同种植体系中小麦、玉米和蚕豆的产量

Table 1 Grain yield of wheat, maize and faba bean in different cropping systems

处理 Treatments	产量 Yield (kg hm <sup>-2</sup> )	增产 Yield increase (%)
小麦 单作 W	5262 ± 229 b	—
Wheat 间作 W/F	5603 ± 751 b	7
间作 W/M	6503 ± 195 a	24
玉米 单作 M	15226 ± 2191 b	—
Maize 间作 M/F	22233 ± 1594 a	46
间作 W/M	20406 ± 3050 a	34
蚕豆 单作 F	5737 ± 282 a	—
Faba bean 间作 W/F	5781 ± 358 a	1
间作 M/F	6745 ± 1456 a	18

W:单作小麦 sole wheat; M:单作玉米 sole maize; F:单作蚕豆 sole faba bean; W/M:小麦/玉米间作 intercropping of wheat and maize; W/F:小麦/蚕豆间作 intercropping of wheat and faba bean; M/F:玉米/蚕豆间作 intercropping of maize and faba bean;下同 the same below; 3次重复平均值 ± 标准误差,同一作物字母相同不显著,显著性水平  $p < 0.05$  Means of three replicates ± standard error. Values in a given species followed by different letters are significantly different ( $p < 0.05$ )

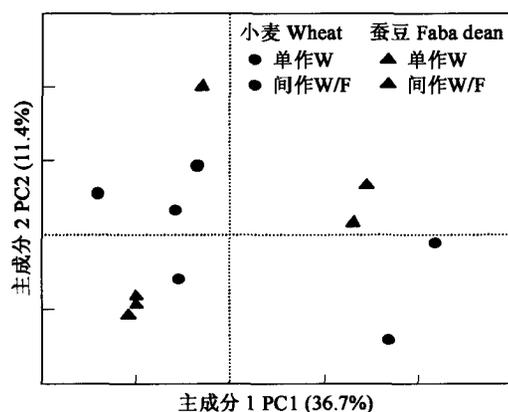


图1 第1次取样根际细菌群落结构16S rDNA的PCR-DGGE图谱的主成分分析(5月13日)

Fig. 1 Principle components analysis ordination diagrams of bacteria community in rhizosphere based on 16S rDNA DGGE profiles on 13 May

际细菌群落结构的分析。单作小麦和单作蚕豆根际细菌群落的多样性指标相近且都高于单作玉米。间作提高了不同作物根际细菌群落的多样性。其中,小麦/蚕豆间作显著( $p < 0.05$ )提高了小麦和蚕豆根际细菌群落多样性;与单作玉米比较,与小麦和蚕豆间作的玉米根际细菌群落多样性都显著增加( $p < 0.05$ )(表 3)。根际细菌群落结构的均匀度在不同处理间都没有差异。

根据 16 S rDNA 的 PCR-DGGE 图谱的数字化结果进行了根际细菌群落结构组成的主成分分析(图 2)。结果显示单作小麦、玉米和蚕豆间没有明显差异,但间作对不同作物根际细菌群落结构组成都产生了影响(图 2)。单作小麦根际细菌群落结构组成和与玉米间作的小麦接近,且两者同与蚕豆间作的小麦存在明显差异。单作蚕豆根际细菌群落结构组成和与小麦间作的蚕豆差异明显,但同与玉米间作的蚕豆的多数重复相近。对玉米而言,与蚕豆间作的玉米根际细菌群落结构组成明显不同于单作玉米;但与小麦间作的玉米仍有一次重复的根际细菌群落结构组成与单作玉米分布一致。

表 3 第 2 次取样根际细菌群落结构多样性和均匀度(6月 20 日)

Table 3 Shannon-Weaver index and evenness of bacterial community in rhizosphere on 20 June

处理	多样性	均匀度
Treatments	Shannon-Weaver index	Evenness
小麦 单作 W	2.5 ± 0.1 bc	0.93 ± 0.02 a
Wheat 间作 W/F	2.7 ± 0.1 a	0.93 ± 0.02 a
间作 W/M	2.6 ± 0.2 abc	0.91 ± 0.02 a
玉米 单作 M	2.2 ± 0.1 d	0.92 ± 0.03 a
Maize 间作 M/F	2.7 ± 0.2 ab	0.95 ± 0.02 a
间作 W/M	2.6 ± 0.2 abc	0.94 ± 0.02 a
蚕豆 单作 F	2.4 ± 0.1 c	0.93 ± 0.03 a
Faba bean 间作 W/F	2.6 ± 0.1 ab	0.92 ± 0.06 a
间作 M/F	2.5 ± 0.1 bc	0.90 ± 0.03 a

3 次重复平均值 ± 标准误差,同一列字母相同不显著,显著性水平  $p < 0.05$  Means of three replicates ± standard error. Values in the same column followed by different letters are significantly different ( $p < 0.05$ )

小麦 Wheat  
● 单作 W  
● 间作 W/F  
○ 间作 W/M

玉米 Maize  
■ 单作 M  
■ 间作 M/F  
□ 间作 W/M

蚕豆 Faba bean  
▲ 单作 F  
▲ 间作 W/F  
△ 间作 M/F

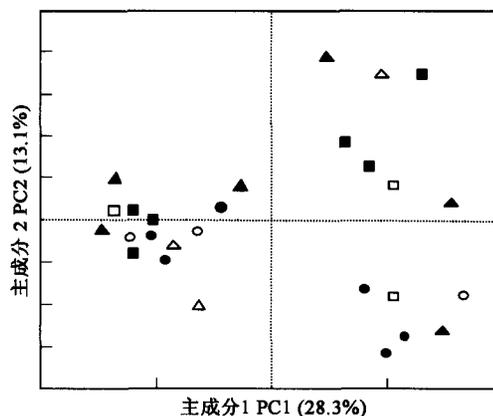


图 2 第二次取样根际细菌群落结构 16S rDNA 的 PCR-DGGE 图谱的主成分分析(6月 20 日)

Fig. 2 Principle components analysis ordination diagrams of bacteria community in rhizosphere based on 16S rDNA DGGE profiles on 20 June

### 2.4 第 3 次取样根际细菌群落结构组成

第 3 次取样在小麦收获后,对蚕豆和玉米的根际细菌群落结构进行了分析。此时蚕豆进入收获期,玉米进入生长旺期。单作玉米和单作蚕豆的根际细菌群落多样性间没有差异,玉米/蚕豆间作对玉米和蚕豆的根际细菌群落多样性也没有显著影响。不同处理的均匀度没有显著差异。图 3 结果表明第 3 次取样时,间作对玉米和蚕豆根际细菌群落结构组成都没有显著影响。不同处理的大多数重复的细菌群落结构组成都分布较为接近,在横坐标方向都没有明显差异。

### 3 讨论

本研究结果再次验证了间作的产量优势<sup>[1]</sup>。禾本科/禾本科间作和禾本科/豆科间作都具有促进作物增产的作用。其中,小麦/玉米间作和玉米/蚕豆间作对各自体系中的两种作物都具有促进产量提高的作用,而在小麦/蚕豆间作体系中增产作用主要表现在小麦上。在证明间作的产量优势同时本研究首次证明间作对作物根际细菌群落结构的多样性和组成具有影响。

就小麦/蚕豆间作体系而言,当两种作物都处于生长初期时(第 1 次取样,5 月 13 日)间作对小麦和蚕豆根际细菌群落结构的多样性和组成都没有显著影响;而当两种作物进入花期后(第 2 次取样,6 月 20 日)表现出间作显著提高小麦和蚕豆根际细菌群落多样性并改变了根际细菌群落结构组成。由于生殖生长期的作物生

长旺盛根系活力强,不同作物间的相互作用势必加强,从而对根际微生物群落结构的组成产生影响。本研究中玉米的生长期落后于小麦和蚕豆。当苗期玉米与花期蚕豆间作时(第2次取样,6月20日),间作显著改变了玉米根际细菌群落结构组成,而对蚕豆的影响不明显。因为根际微生物群落结构组成在作物生长旺期时的稳定性和优势更强<sup>[17]</sup>,所以苗期玉米与根际微生物群落结构组成的稳定性和优势较强的花期蚕豆间作时,更容易受到蚕豆的影响。而苗期玉米与花期小麦间作时,玉米根际细菌群落结构组成的变化程度比与花期蚕豆间作的弱,说明禾本科/豆科间作比禾本科/禾本科间作对根际细菌群落结构具有更强的影响作用。当生长旺期的玉米与收获期的蚕豆间作时(第3次取样,7月24日),玉米根际细菌群落结构的稳定性和优势增强,收获期蚕豆根系活力减弱,玉米/蚕豆间作对玉米根际细菌群落结构的影响程度降低。

此外,由不同生长期作物根际细菌群落多样性指标可见,生长阶段对作物根际细菌多样性也有一定影响。从苗期到花期,单作小麦和蚕豆根际细菌多样性都有所减少,但在小麦/蚕豆间作体系中二者根际细菌多样性几乎没有变化(表1,表2),说明小麦/蚕豆间作有利于维持作物根际较高的细菌多样性。单作和与蚕豆间作的玉米从苗期到花期根际细菌多样性都略有增加(表2,表3),对应的与玉米间作的蚕豆根际细菌多样性有所减少,但单作蚕豆从花期到收获期根际细菌多样性变化不大(表2,表3)。总体而言生长期对单作作物根际细菌多样性的影响程度大于对间作物的影响。

有报道作物种类对根际微生物群落结构具有显著影响<sup>[5]</sup>,但在本研究中单作的小麦、玉米或蚕豆间根际细菌群落结构组成不存在显著差异。这可能是由以下因素造成的:(1)土壤类型的影响作用强于作物种类的影响,也有研究表明在同一地点相同土壤类型上禾本科与豆科作物根际细菌群落结构组成没有显著差异<sup>[5]</sup>;(2)另有研究表明作物种类对根际微生物群落结构组成的影响作用在幼根上的表现更为显著<sup>[6, 15]</sup>,但在本研究中根际土是取自作物整个根系,可能在一定程度上掩盖了作物种间差异。尽管如此,在本研究中,间作体系中作物根际细菌群落结构组成的变化,还是能够说明不同作物间作对根际细菌群落结构组成具有明显影响。这很有可能是由于作物根际某些特性如,养分供应状况、pH等<sup>[7, 15]</sup>的变化引起的,还值得进一步研究。此外,本文只说明了间作对作物根际总细菌群落结构组成具有影响作用,而对于一些与根际养分活化利用更为直接关联的功能微生物,如氨氧化细菌和固氮菌群落结构和功能的研究更值得进一步深入进行。

综上所述,小麦/蚕豆、玉米/蚕豆和小麦/玉米间作体系都具有产量优势,且能够改变作物根际细菌群落结构组成。间作对作物根际细菌群落结构组成的影响作用在小麦/蚕豆间作体系中更为突出。证明了间作体系地上部植物多样性与地下部微生物多样性存在紧密联系。而间作体系中作物根际微生物群落结构的变化对体系的产量优势可能具有一定贡献。

表4 第3次取样根际细菌群落结构多样性和均匀度(7月24日)

Table 4 Shannon-Weaver index and evenness of bacterial community in rhizosphere on 24 July

处理	多样性	均匀度
Treatments	Shannon-Weaver index	Evenness
玉米 单作 M	2.5 ± 0.2 ab	0.86 ± 0.06 a
Maize 间作 M/F	2.8 ± 0.3 a	1.01 ± 0.08 a
蚕豆 单作 F	2.5 ± 0.4 ab	0.92 ± 0.05 a
Faba bean 间作 M/F	2.3 ± 0.1 b	0.94 ± 0.03 a

3次重复平均值 ± 标准误差,同一列字母相同不显著,显著性水平  $p < 0.05$  Means of three replicates ± standard error. Values in the same column followed by different letters are significantly different ( $p < 0.05$ )

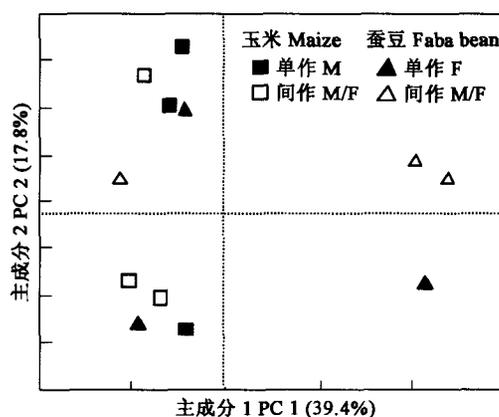


图3 第3次取样根际细菌群落结构 16S rDNA 的 PCR-DGGE 图谱的主成分分析(7月24日)

Fig. 3 Principle components analysis ordination diagrams of bacteria community in rhizosphere based on 16S rDNA DGGE profiles on 24 July

## References:

- [ 1 ] Li L, Sun J H, Zhang F S, *et al.* Wheat/maize or wheat/faba bean strip intercropping I. Yield advantage and interspecific interaction on nutrients. *Field Crops Res.*, 2001, 71:123 ~ 137.
- [ 2 ] Torsvik V, Gosoyr J, Daae F L. High diversity in DNA of soil bacteria. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1990, 56: 782 ~ 787.
- [ 3 ] Ferris M J, Muyzer G, Ward D M. Denaturing gradient gel electrophoresis profiles of 16S rRNA-defined populations inhabiting a hot spring microbial mat community. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1996, 62:340 ~ 346.
- [ 4 ] Baudoin E, Benizri E, Guckert A. Impact of artificial root exudates on the bacterial community structure in bulk soil and maize rhizosphere. *Soil Biol. Biochem.*, 2003, 35:1183 ~ 1192.
- [ 5 ] Marschner P, Yang C H, Lieberei R, *et al.* Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere. *Soil Biol. Biochem.*, 2001, 33:1437 ~ 1445.
- [ 6 ] Yang C H, Crowley D E. Rhizosphere microbial community structure in relation to root location and plant iron nutritional status. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2000, 66:345 ~ 351.
- [ 7 ] Marschner P, Baumann K. Changes in bacterial community structure induced by mycorrhizal colonization in split-root maize. *Plant Soil*, 2003, 251:279 ~ 289.
- [ 8 ] Alvey S, Yang C H, Buerkert A, *et al.* Cereal/legume rotation effects on rhizosphere bacterial community structure in West African soils. *Biol. Fertil. Soils*, 2003, 37:73 ~ 82.
- [ 9 ] Donald C M. The intercropping of competition for light and for nutrients. *Aust. J. Agri. Res.*, 1985, 9:421 ~ 435.
- [ 10 ] Shackle K A, Hall A E. Effect of intercropping on the water relations of sorghum and cowpea. *Field Crops Res.*, 1984, 8:381 ~ 387.
- [ 11 ] Chowdhury M K, Rosario E L. Comparison of nitrogen, phosphorus and potassium utilization efficiency in maize/mungbean intercropping. *J. Agri. Sci. Camb.*, 1994, 122:193 ~ 199.
- [ 12 ] Li L, Zhang F S, Li X L, *et al.* Interspecific facilitation of nutrient uptake by intercropped maize and faba bean. *Nutr. Cycl. Agro.*, 2003, 68:61 ~ 71.
- [ 13 ] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, *et al.* Ecological linkages between aboveground and belowground biota. *Science*, 2003, 304:1634 ~ 1637.
- [ 14 ] Muyzer G, De Waal E C, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial population by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Appl. Environ. Microbiol.*, 1993, 59:695 ~ 700.
- [ 15 ] Marschner P, Neumann G, Kania A, *et al.* Spatial and temporal dynamics of the microbial community structure in the rhizosphere of cluster roots of white lupin (*Lupinus albus* L.). *Plant Soil*, 2002, 246:167 ~ 174.
- [ 16 ] Zak J C, Willig M R, Moorhead D L, *et al.* Functional diversity of microbial communities: a quantitative approach. *Soil Biol. Biochem.*, 1994, 26:1101-1108.
- [ 17 ] Smalla K, Wieland G, Buchner A, *et al.* Bulk and rhizosphere soil bacterial communities studied by denaturing gradient gel electrophoresis: plant-dependent enrichment and seasonal shifts revealed. *Appl. Environ. Microbiol.*, 2001, 67:4742 ~ 4751.