

麦茬处理方式对夏玉米(*Zea mays L.*)根际生物活性的影响

李潮海,赵霞,刘天学,李连芳,李伟东

(河南农业大学农学院/河南省作物生长发育调控重点实验室,河南郑州 450002)

摘要:通过两年3点的大田试验,研究了不同麦茬处理方式(平茬、立茬、除茬)对夏玉米(*Zea mays L.*)根际生物活性的影响。结果表明:不同麦茬处理的夏玉米根际微生物数量、土壤蛋白酶和脲酶活性均呈先升后降的变化趋势,且在吐丝期达到最大值,但在不同生育时期,不同处理间有所差异,趋势为平茬>立茬>除茬,且苗期差异较大,后期逐渐减小。麦茬处理方式对夏玉米田土壤碳通量的影响也表现出同样趋势。

关键词:麦茬处理方式;根际微生物;土壤酶;土壤碳通量;根际生物活性;夏玉米(*Zea mays L.*)

文章编号:1000-0933(2008)05-2169-07 中图分类号:Q142,Q948,S154,S513 文献标识码:A

The effect of wheat stubble treatment on the activities of microorganisms in the rhizosphere of summer maize(*Zea mays L.*)

LI Chao-Hai, ZHAO Xia, LIU Tian-Xue, LI Lian-Fang, LI Wei-Dong

College of Agronomy, Henan Agricultural University/Henan Key Laboratory for Regulating and Controlling Crop Growth and Development, Zhengzhou 450002, China

Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(5): 2169 ~ 2175.

Abstract: The effect of different winter wheat residue treatments (returning straw, RS; high stubble with mulched, HS and zero stubble, ZS) on activities of microorganisms in rhizosphere of summer maize(*Zea mays L.*) was studied in 2005 and 2006 at 3 places via field testing. The results indicated as follows: The content of rhizosphere microorganism and enzyme activities of protease and urease in soil of 3 treatments above increased first, and then descended and reached maximum at silking stage. Among the treatments, these indexes of RS were the highest and these of ZS were the lowest. Furthermore the differences between treatments during growth periods were different: It was highest in the seedling stage and then the differences reduced with the increase of growth period. The changes in soil CO₂ flux showed the similar trend to indexes mentioned above.

Key Words: treatments of winter wheat residue; rhizosphere microorganism; enzyme activity; soil CO₂ flux; rhizosphere organism activity; summer maize(*Zea mays L.*)

土壤微生物和酶是土壤生物化学特性的重要组成部分,在营养物质转化、有机质分解、污染物降解及修复等方面起着重要作用^[1,2]。土壤微生物数量和酶活性的高低可以代表土壤中物质代谢的旺盛程度^[3,4],提高

基金项目:国家科技部粮食丰产科技工程资助项目(2004BA520A-06-6-2)

收稿日期:2007-02-06; 修订日期:2007-12-12

作者简介:李潮海(1956~),男,河南巩义人,博士,教授,主要从事作物生理生态学研究。E-mail: lichaohai2005@yahoo.com.cn

Foundation item: The project was financially supported by of crop high yield technology from the national ministry of science and technology of China (No. 2004BA520A-06-6-2)

Received date: 2007-02-06; **Accepted date:** 2007-12-12

Biography: LI Chao-Hai, Ph. D., Professor, mainly engaged in crop ecophysiology. E-mail: lichaohai2005@yahoo.com.cn

土壤微生物和土壤酶活性能够促进作物生长,防治和减轻病虫危害,增加作物产量^[5,6]。土壤碳通量反应了土壤的生物活性和土壤物质代谢的强度,在一定程度上反映土壤养分转化和供应能力,是表征土壤质量和肥力的重要生物学指标^[7]。近年来,在黄淮海一年两熟区,随着农业机械化的普及,小麦机收后残留的高茬对夏玉米(*Zea mays L.*)生产的影响已引起人们的广泛关注。许多研究表明,秸秆和残茬覆盖可以蓄水保墒,改善土壤理化性状,提高土壤微生物数量和土壤酶活性^[1~3,8~11]。但关于不同麦茬处理方式对夏玉米土壤根际生物活性影响的研究还鲜见报道。本试验研究了不同麦茬处理方式对夏玉米土壤根际生物活性的动态变化及其差异,以期为筛选适于黄淮海地区夏玉米生产的麦茬处理方式提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验设计

试验于2005~2006年分别在安阳县农场、浚县农科所和浚县姜庄村进行。三点试验地均为潮土,地势平坦,排灌方便,地力均匀一致,质地中壤(表1)。两年前茬小麦6月5日机械收获,产量9000 kg·hm⁻²左右。试验设平茬(Returning straw, RS),立茬(High stubble with mulched, HS)、除茬(Zero stubble, ZS)3种麦茬处理,平茬、立茬处理麦收后秸秆全部还田,除茬处理将秸秆及残茬清除田外,具体处理方式见表2。玉米品种为浚单20号,宽窄行种植,宽行80 cm,窄行50cm,小区面积56m²,种植密度75000株·hm⁻²,重复3次。两年均于6月11日采用河北省农哈哈农具厂研制的2BYF-3玉米免耕播种机进行播种,播后及时浇水。安阳县农场试验田定苗后施国产复合肥(N:P:K=23:9:8)750 kg·hm⁻²,大口期追施尿素122.5kg·hm⁻²;浚县农科所和姜庄村试验田定苗后施挪威产复合肥(N:P:K=15:15:15)450kg·hm⁻²和国产复合肥1200 kg·hm⁻²(N:P:K=23:9:8),大口期追施尿素225kg·hm⁻²,其他按高产田进行管理。2005年试验于9月28号收获,2006年因生育后期遭遇大风,于9月20号收获。

表1 试验点基础肥力

Table 1 Basic fertility of the experiment land

试验点 Experiment land	有机质 Organic matter(%)	水解氮 Hydrolyze N (mg·kg ⁻¹)	速效磷 Available P (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available K (mg·kg ⁻¹)
2005年安阳县农场 2005 An-yang Conty Farm	1.43	70.23	23.3	90.6
2006年浚县姜庄村 2006 Xun Conty Jiang-zhuang Village	1.63	76.1	24.2	140.3
2006年浚县农科所 Xun conty Institute of Agricultural Sciences	1.78	89.7	29.6	92.1

表2 试验处理

Table 2 Experimental treatment

处理 Treatments	麦茬处理方式 Treatments of winter wheat residues
平茬 RS	小麦机械收割后(茬高20cm)秸秆粉碎机灭茬后机播
立茬 HS	小麦机械收割后(茬高20cm)机播后麦秸覆盖于宽行
除茬 ZS	小麦机械收割后清除秸秆后机播

1.2 测试项目与方法

1.2.1 土样采集

分别在夏玉米播前、苗期(3展叶)、拔节期(6展叶)、吐丝期、成熟期4个时期,在玉米行间距植株10cm处用土钻取0~20cm土层土样,每小区5点取样,混合均匀后装入无菌纸袋,立即带回实验室。选一部分即玉米根上所附着的土(即根际土)测定土壤微生物数量,另一部分土样经自然风干,测定土壤酶活性。每样品测定时重复3次。

1.2.2 土壤蛋白酶活性测定

茚三酮比色法^[13]。

1.2.3 土壤脲酶活性测定

苯酚钠比色法^[13]。

1.2.4 土壤微生物数量测定

采用稀释平板法^[14]。称10g根际土,置于90ml灭菌水中,震荡10min后静置,样品经一系列的10倍稀释,然后选择适宜稀释度的菌液,分别吸取1ml放入无菌平皿,在倒入适量的已熔化并冷却至55℃的培养基(细菌:牛肉膏蛋白胨培养基;放线菌:高氏一号培养基;真菌:马丁-孟加拉红培养基),与菌液混匀,冷却,待凝固后放入适宜温度培养箱倒置培养,长出菌落后,数菌,记数。

1.2.5 土壤碳通量测定

用直径10cm的硬质PVC管制作高度为5cm的土壤圈(又叫土壤collar)。在夏玉米的苗期(3展叶)、拔节期(6展叶)和吐丝期,用美国LI-COR公司的LI-8100土壤碳通量测量系统(简称LI-8100)测定土壤CO₂通量日变化。测定时,提前一天将土壤圈埋在玉米行中间,每小区埋10个,每隔3h测定1次,3次重复。

上述每个指标分别于2005年在安阳县农场和2006年在浚县农科所都作了试验,趋势相同,本文采用2006年在浚县农科所做试验所测的数据进行分析。

2 结果与分析

2.1 不同麦茬处理条件下玉米根际微生物数量动态变化

2.1.1 细菌数量动态变化

由图1可以看出,玉米根际细菌的数量随玉米的生长而变化,从播前至吐丝期不断上升,吐丝期达到最大值,之后数量下降,成熟时的根际细菌数量下降到与苗期几乎相同,说明根际土壤细菌的数量与玉米的生长发育有关。不同麦茬处理的根际细菌数量不同,总体表现为平茬>立茬>除茬。播前各处理间的根际细菌数量差异不显著,播种后差异逐渐增大,平茬处理根际细菌数量较多,苗期为 2.64×10^7 个·(g干土)⁻¹,比立茬和除茬分别增加38.7%和205.51%;拔节期为 4.53×10^7 个·(g干土)⁻¹,比立茬和除茬分别增加30.9%和68.5%;吐丝期为 7.32×10^7 个·(g干土)⁻¹,比立茬和除茬分别增加15.6%和24.9%;成熟期为 1.91×10^7 个·(g干土)⁻¹,比立茬和除茬处理分别高5.3%和8.1%。

2.1.2 放线菌数量的动态变化

由图2可以看出,3种麦茬处理的玉米根际放线菌数量动态变化与细菌一致,也表现为吐丝之前逐渐增加,吐丝期之后逐渐减少。出苗到吐丝,玉米根际放线菌数量在3个处理间的差异逐渐增大,平茬处理根际放线菌数量较多,苗期为 1.35×10^5 个·(g干土)⁻¹,比立茬和除茬分别增加25.2%和98.4%;拔节期为 2.53×10^5 个·(g干土)⁻¹,比立茬和除茬分别增加14.4%和60.5%;吐丝期为 3.32×10^5 个·(g干土)⁻¹,比同期立茬和除茬分别增加9.55%和18.57%。吐丝到成熟,不同处理土壤根际放线菌数量及其差异均逐渐减小。

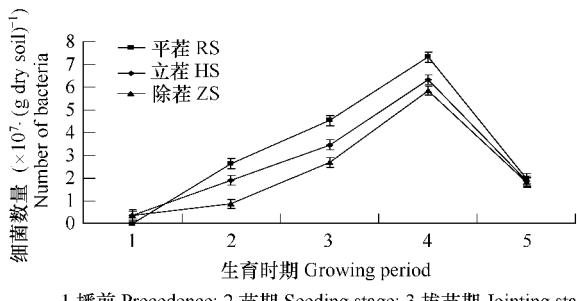


图1 不同麦茬处理玉米根际细菌数量变化

Fig. 1 Changes of soil rhizosphere bacteria of maize on different treatments of winter wheat residues

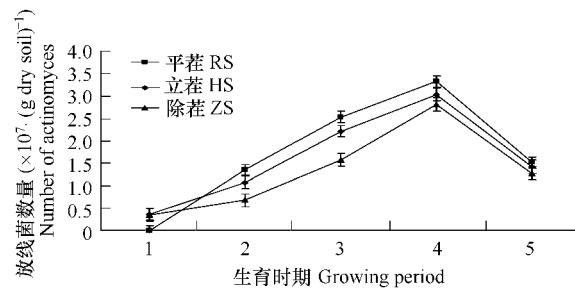


图2 不同麦茬处理玉米根际放线菌数量变化

Fig. 2 Changes of soil rhizosphere actinomycetes of maize on different treatments of winter wheat residues

2.1.3 真菌数量的动态变化

由图3可以看出,在玉米不同生育时期,3种麦茬处理的根际土壤真菌数量的变化趋势与细菌和放线菌相同。处理间的差异以苗期最大,平茬为 2.93×10^4 个·(g干土) $^{-1}$,比立茬和除茬分别增加26.9%和49.6%;其次是拔节期,平茬比立茬和除茬分别增加22.0%和36.50%;再次为吐丝期,平茬为 7.78×10^4 个·(g干土) $^{-1}$,比立茬和除茬增加10.67%和23.10%。吐丝到成熟,根际真菌显著下降,以除茬和立茬下降幅度较大,分别为47.3%和42.90%,而平茬仅下降24.52%。

2.2 不同麦茬处理条件下玉米根际土壤酶活性变化

2.2.1 麦茬处理方式对玉米根际蛋白酶活性的影响

在夏玉米不同生育时期,根际土壤蛋白酶活性的变化趋势与根际微生物数量的动态变化趋势基本一致。不同麦茬处理蛋白酶活性大小表现为平茬>立茬>除茬,播前差异较小,苗期差异较大(图4)。平茬处理苗期、拔节期、吐丝期和成熟期的蛋白酶活分别为 $63.51 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$ 、 $64.2 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$ 、 $68.93 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$ 和 $65.21 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$,比除茬处理分别高23.76%、16.87%、13.03%和5.90%,差异均达显著水平,比立茬处理分别高9.38%、4.99%、4.18%和3.82%,前期差异显著,后期差异不显著。拔节期至成熟期差异逐渐减小。

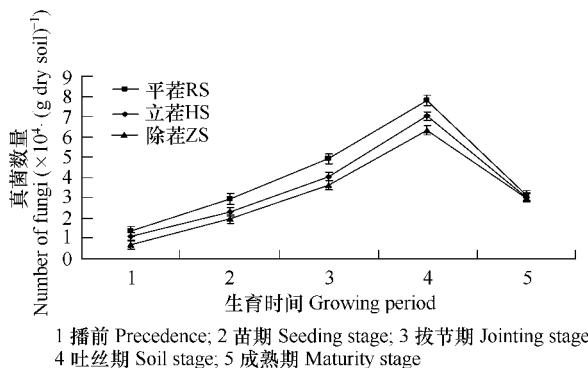


图3 不同麦茬处理玉米根际真菌数量变化

Fig. 3 Changes of soil rhizosphere fungi of maize under on different treatments of winter wheat residues

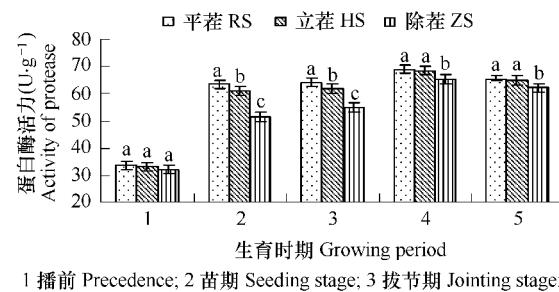


图4 不同麦茬处理土壤玉米根际蛋白酶活性

Fig. 4 The activities of the soil rhizosphere protease of maize on different treatments of winter wheat residues

2.2.2 麦茬处理方式对玉米根际脲酶活性的影响

由图5可见,根际土壤脲酶活性随着玉米生育进程的推进也呈先上升后下降的变化趋势,各处理均以播前脲酶活性最低,吐丝期脲酶活性最高。在玉米不同生育时期,各处理间均以平茬处理效果最好,平茬玉米耕层根际脲酶活性在苗期、拔节期、吐丝期和成熟期分别为 28.5 、 35.1 、 $39.6 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$ 和 $29.3 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$,比除茬处理分别高53.76%、46.87%、23.03%和15.90%,差异均达显著水平,比立茬处理分别高29.38%、14.99%、9.18%和4.82%,前期差异显著,后期差异不显著。

2.3 不同麦茬处理条件下玉米田土壤碳通量变化

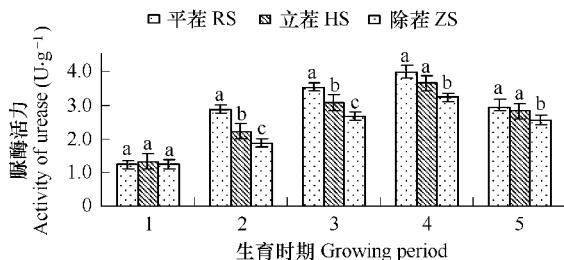
2.3.1 不同麦茬处理条件下玉米田土壤碳通量生育阶段变化

从图6可以看出,土壤碳通量在夏玉米不同生育时期表现不同,吐丝期土壤碳通量达最高值,平均是苗期的5~10倍。不同处理比较,总体趋势为平茬的最高,立茬的次之,除茬的最低。但不同处理在不同生育时期的差异不同。苗期,平茬处理土壤的CO₂通量为 $2.52 \mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$,分别是立茬和除茬的2.79倍和3.21倍;随着生育进程推进,虽然土壤碳通量值增大,但处理间差异减小,到吐丝期,平茬的土壤碳通量为 $8.86 \mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$,是立茬和除茬的1.16倍和1.26倍。

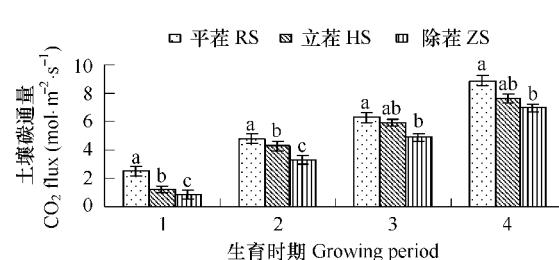
2.3.2 不同麦茬处理条件下玉米田土壤碳通量日变化

图7显示了不同麦茬处理方式下土壤碳通量的日变化。总体上是由6:00开始土壤呼吸强度逐渐增强,在12:00时左右达到最大值,之后逐渐下降。处理之间表现为平茬>立茬>除茬。一天当中不同时间差别不

同,综合3个生育时期看,苗期6:00的差异最大,平茬为 $1.52\mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$,分别是立茬和除茬的2.1倍和3倍,差异达显著水平,这可能和此时土壤的水温状况有关;而在吐丝期的9:00和18:00,差异很小。说明土壤呼吸反应了土壤的生物活性和土壤物质代谢的强度,在一定程度上反映了土壤养分转化和供应能力。



1 播前 Precedence; 2 苗期 Seeding stage; 3 拔节期 Jointing stage;
4 吐丝期 Soil stage; 5 成熟期 Maturity stage



1 苗期 Seeding stage; 2 拔节期 Jointing stage;
3 吐丝期 Silk stage; 4 成熟期 Maturity stage

图5 不同麦茬处理玉米根际脲酶活性

Fig. 5 The activities of the soil rhizosphere urease of maize on different treatments of winter wheat residues

图6 不同麦茬处理条件下玉米田土壤碳通量变化

Fig. 6 Changes of soil CO₂ flux on different treatments of winter wheat residues

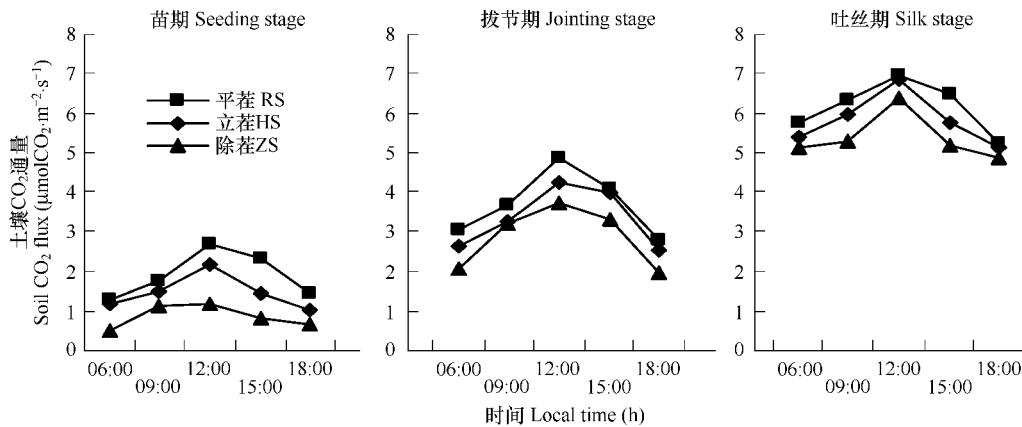


图7 不同麦茬处理条件下玉米田土壤碳通量日变化

Fig. 7 Diurnal changes of soil CO₂ flux on different treatments of winter wheat residues

3 结语与讨论

3.1 细菌、真菌和放线菌是土壤微生物的三大主要类群,在改善土壤理化性状、提高土壤肥力等方面具有重要作用。土壤微生物数量和土壤酶活性是反映土壤生物活性的重要指标,根际土壤生物活性与作物根系分泌物密切相关,根系分泌物不仅为根际微生物提供所需的能源,同时直接影响着根际微生物的数量和种群结构。土壤微生物与根系分泌物也是土壤酶的重要来源^[17]。植物根系分泌物还可为根际微生物提供氨基酸、糖类和维生素等养料,改善根际微生态环境,间接提高土壤酶活性^[15]。不同生长发育阶段的玉米根系的数量和活力存在差异,分泌物的数量和种类也不同^[16,17],同时土壤生物活性又经常受土壤养分状况、土壤容重^[18]等因素的影响。本试验结果表明,在玉米吐丝期土壤微生物数量及蛋白酶和脲酶活性均达到最大,而后下降,这种变化规律与玉米生长发育状况是一致的,说明根际土壤生物活性与作物生长状况存在一定的联系,土壤根际微生物数量和酶活性既可作为评价土壤理化性状的优良指标,也可反映作物的生长发育状况。

3.2 土壤碳通量值受到多种因素的影响^[19~22]。不同麦茬处理方式,对夏玉米田土壤水分、温度的影响不同,并对土壤的水、气、热和营养状况以及土壤微生物数量、酶活性和土壤碳通量产生直接或间接的影响,从而影响作物根系和地上部分的生长发育。3种麦茬处理方式的研究结果表明,平茬处理的蓄水保墒、调整地温的

效果最好,根际微生物数量和酶活性、土壤碳通量也最高。

3.3 麦茬处理方式影响机播夏玉米田土壤的水分、温度等,不同麦茬处理方式对玉米的生态生理效应不同,从而影响土壤根际生物活性和产量。目前黄淮海地区小麦机收率已达90%以上,夏玉米机播率在85%左右,本试验结果表明,小麦机收后实施秸秆平茬处理,对改善土壤根际生物活性具有积极意义。

Reference:

- [1] Henriksen T M, Breland T A. Carbon mineralization, fungal and bacterial growth and enzyme activities as affected by contact between crop residues and soil. *Biology and Fertility of Soils*, 2002, 35:41–48.
- [2] He W X, Lai H X, Wu Y J, et al. Study on soil enzyme activities effected by fertilizing cultivation. *Journal of Zhejiang University*, 2001, 27(3):265–268.
- [3] Yang Q H, Han J F. Effects of mulching on soil microorganisms and enzyme activities in cotton fields. *Acta Pedologica Sinica*, 2005, 42(2):107–110.
- [4] Fu G Z, Li C H, W J Z, et al. Effects of stubble mulch and tillage managements on soil physical properties and water use efficiency of summer maize. *Transactions of the CSAE*, 2005, 21(1):52–56.
- [5] Guo Z H, Zhang Y Z, Huang Z W. The advance of nutrition in the rhizosphere. *Chinese Journal of Soil Science* 1999, 30(1):46–50.
- [6] Wu J G, Wang M H, Jiang Y M, et al. Effect of corn plant residue on soil building. *Acta Pedologica Sinica*, 2006, 43(3):107–113.
- [7] Luizao F J, Proctor J, Thompson J, et al. Rain forest on Maraca Island, Roraima, Brazil: soil and litter process response to artificial gaps. *Forest Ecology and Management*, 1998, 102: 291–303.
- [8] Wang Q X, Wang P, Wang X L, et al. Influences of different managements of wheat residues on seeding growth and yield of summer corn. *CJEA*, 2003, 11(2):89–92.
- [9] Karlen D L. Tillage and planting system effects on corn emergence from Norfolk loaming sand. *Appl. Agric. Res.*, 1989, 4:190–195.
- [10] Hooker B A, Morris T F, Peters R, et al. Long-term effects of tillage and corn stalk return on soil carbon dynamics. *Soil Science Society of America Journal*, 2005, 69:188–196.
- [11] Wilhelm W W, Johnson J M F, Hatfield J L, et al. Crop and soil productivity response to corn residue removal: a literature review. *Agronomy Journal*, 2004, 96:1–17.
- [12] Chen S Y, Zhang X Y, Pei D, et al. Effects of corn straw mulching on soil temperature and soil evaporation of winter wheat field. *Transactions of the CSAE*, 2005, 21(10):171–173.
- [13] Xu G H, Zheng H Y. Analytical handbook of soil microbes. Beijing: Chinese Agricultural Press, 1986.
- [14] Shen P. Microbiology. Beijing: Higher Education Press, 2000.
- [15] Liu H S, Song Q H, Li F M. The roles of root exudation on rhizosphere nutrient and rhizosphere microorganisms. *Acta Botanica Boreali-occidentalis Sinica*, 2002, 22(3): 693–702.
- [16] Shen H, Cao Z H, Xu B S. Dynamics of soil microbial biomass and soil enzyme activity and their relationships during maize growth. *Chinese Journal of Applied Ecology* 1999, 10(4):471–474.
- [17] Nidal H, Abu-Hamdeh. Compaction and subsoiling effects on corn growth and soil bulk density. *Soil Science Society of American Journal*, 2003, 67:1213–1219.
- [18] Li C H, Ma B L, Zhang T Q. Soil bulk density effects on microbial populations and enzyme activities during the growth of maize (*Zea mays* L) planted in large pots under field exposure. *Canadian Journal of Soil Science*, 2002, 82:147–157.
- [19] Qiang X C, Yuan H L, Gao W S. Effect of crop residue incorporation on soil CO₂ emission and soil microbial biomass. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(3):469–472.
- [20] Chen Q S, Li L J, Han X G, et al. Acclimatization of soil respiration to warming. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, 24(11):2649–2655.
- [21] Chen Q S, Li L J, Han X G, et al. Effects of water content on soil respiration and the mechanisms. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, 23(5):972–978.
- [22] Zhang Q Z, Wu W L, Wang M X, et al. The effects of crop residue amendment and N rate on soil respiration. *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25

(11):2883~2887.

[23] Yang L F, Cai Z C, Soil respiration during maize growth period affected by N application rates. *Acta Pedologica Sinica*, 2005, 42(1):9~16.

参考文献:

- [2] 和文祥,来航线,武永军,等. 培肥对土壤酶活性影响的研究. *浙江大学学报*, 2001, 27(3):265~268.
- [3] 杨青华,韩锦峰. 棉田不同覆盖方式对土壤微生物和酶活性的影响. *土壤学报*, 2005, 42(2):107~110.
- [4] 付国占,李潮海,王俊忠,等. 残茬覆盖与耕作方式对土壤性状及夏玉米水分利用效率的影响. *农业工程学报*, 2005, 21(1):52~56.
- [5] 郭朝晖,张扬珠,黄子尉. 根际微域营养研究进展(一). *土壤通报*, 1999, 30(1):46~50.
- [6] 吴景贵,王明辉,姜亦梅,等. 玉米植株残体培肥土壤的研究. *土壤学报*, 2006, 43(3):107~113.
- [8] 王启现,王璞,王秀玲,等. 麦茬管理对夏玉米幼苗生长及产量的影响. *中国生态农业学报*, 2003, 11(2):89~92.
- [12] 陈素英,张喜英,裴冬,等. 玉米秸秆覆盖对麦田土壤温度和土壤蒸发的影响. *农业工程学报*, 2005, 21(10):171~173.
- [13] 许光辉,郑洪元编. *土壤微生物分析方法手册*. 北京:中国农业出版社, 1986.
- [14] 沈萍. *微生物学*. 北京:高等教育出版社, 2000.
- [15] 刘洪升,宋秋华,李凤民. 根分泌物对根际矿物营养及根际微生物的效应. *西北植物学报* 2002, 22(3):693~702.
- [16] 沈宏,曹志洪,徐本生. 玉米生长期土壤微生物量与土壤酶变化及其相关性研究. *应用生态学报*, 1999, 10(4):471~474.
- [19] 强学彩,袁红莉,高旺盛. 秸秆还田量对土壤CO₂释放和土壤微生物量的影响. *应用生态学报*, 2004, 15(3):469~472.
- [20] 陈全胜,李凌浩,韩兴国,等. 土壤呼吸对温度升高的适应. *生态学报*, 2004, 24(11):2649~2655.
- [21] 陈全胜,李凌浩,韩兴国,等. 水分对土壤呼吸的影响及机理. *生态学报*, 2003, 23(5):972~978.
- [22] 张庆忠,吴文良,王明新,等. 稼秆还田和施氮对农田土壤呼吸的影响. *生态学报*, 2005, 25(11):2883~2887.
- [23] 杨兰芳,蔡祖聪. 玉米生长中的土壤呼吸及其受氮肥施用的影响. *土壤学报*, 2005, 42(1):9~16.