

DOI: 10.5846/stxb201610072007

周泉, 张小短, 马淑敏, 邢毅, 陈娇, 石超, 王龙昌. 间作绿肥对油菜根际土壤碳氮及根际微生物的影响. 生态学报, 2017, 37(23): 7965-7971.

Zhou Q, Zhang X D, Ma S M, Xing Y, Chen J, Shi C, Wang L C. Effects of intercropping green manure on soil carbon, nitrogen and soil microbial in rapeseed rhizosphere. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(23): 7965-7971.

间作绿肥对油菜根际土壤碳氮及根际微生物的影响

周 泉^{1,2}, 张小短¹, 马淑敏¹, 邢 毅¹, 陈 娇¹, 石 超¹, 王龙昌^{1,*}

1 西南大学农学与生物科技学院, 三峡库区生态环境教育部重点实验室, 南方山地农业教育部工程研究中心, 重庆 400716

2 江西农业大学生态科学研究中心 / 作物生理生态与遗传育种教育部重点实验室, 南昌 330045

摘要:在我国西南紫色土地区, 农田生态环境极为脆弱, 绿肥应用也面临严峻问题。为改善农田土壤健康状况, 探索绿肥的应用途径, 通过紫云英与油菜间作, 重点探讨了绿肥紫云英对油菜根际土壤碳氮及其微生物特征的影响, 同时与秸秆覆盖的效应作了比较, 其创新性在于将绿肥紫云英应用于西南旱地, 并且为建立新的油菜种植模式作铺垫。结果表明: 与秸秆覆盖相比, 间作绿肥紫云英是影响油菜根际土壤环境的主要因素。间作紫云英减少了油菜根际土壤碳、氮含量, 改变了油菜根际土壤碳氮比。间作紫云英也减少了油菜根际土壤微生物量, 改变了油菜根际土壤微生物群落结构, 改善了油菜根际土壤通气状况, 抑制了厌氧细菌的生长。

关键词: 紫云英; 秸秆覆盖; 根系互作; 有机碳; 微生物

Effects of intercropping green manure on soil carbon, nitrogen and soil microbial in rapeseed rhizosphere

ZHOU Quan^{1,2}, ZHANG Xiaoduan¹, MA Shumin¹, XING Yi¹, CHEN Jiao¹, SHI Chao¹, WANG Longchang^{1,*}

1 College of Agronomy and Biotechnology, Southwest University / Key Laboratory of Eco-environments in Three Gorges Reservoir Region, Ministry of Education / Engineering Research Center of South Upland Agriculture, Ministry of Education, Chongqing 400716, China

2 Research Center on Ecological Sciences, Jiangxi Agricultural University / Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology and Genetic Breeding, Ministry of Education, Nanchang 330045, China

Abstract: In purple soil region of southwest China, the eco-environment is extremely fragile in farmlands, and the application of green manure is facing serious problems. In order to improve soil health and explore the application way of green manure, the effects of intercropping green manure (Chinese milk vetch) on soil carbon, nitrogen and soil microbial in rapeseed rhizosphere was examined and compared with those of straw mulching. Chinese milk vetch was innovatively applied in dry land so as to establish a new rapeseed planting pattern in southwest China. Results showed that, compared with straw mulching, intercropping Chinese milk vetch was the main factor to affect soil environment in rapeseed rhizosphere. Intercropping Chinese milk vetch substantially decreased the content of carbon and total nitrogen and changed the C/N ratio in rapeseed rhizosphere. It also decreased the total PLFA (phospholipid fatty acid), changed the structure of soil microbial community, improved the soil aeration condition and inhibited the growth of anaerobic bacteria in rapeseed rhizosphere.

Key Words: Chinese milk vetch; straw mulching; root interaction; organic carbon; microbial

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(201503127); 国家自然科学基金项目(31271673)

收稿日期: 2016-10-07; 修订日期: 2017-07-17

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: wanglec2003@163.com

中国是利用绿肥最早的国家,公元前 1000 多年就开始利用除掉的杂草来养地,公元前 300 多年就有关于利用栽培作物做绿肥的记载^[1]。绿肥具有提供养分、合理用地养地、部分替代化肥、提供饲草来源、保障粮食安全、改善生态环境、固氮、吸碳以及节能减耗等作用^[2],也可为抑制全球气候变暖做出贡献^[3]。然而,自 20 世纪 80 年代以来,随着化肥工业的迅猛发展,绿肥应用面临严峻考验。

研究发现,间作优势产生的主要生态机制是生态位分离,实现资源利用最大化^[4-5],而这种间作效益的产生与土壤环境的改变密不可分^[6]。土壤微生物作为评价土壤健康的重要指标之一^[7],作用于土壤物质转化和能量流动,并参与许多重要的生物化学反应^[8]。目前,我国北方普遍实施的间作模式是玉米和豆科作物间作,在南方各种间作模式潜力巨大,尤其在生态环境脆弱的西南紫色土地区。目前,西南紫色土地区以秸秆覆盖、垄作为主的保护性耕作在保土保水、改善土壤肥力、增加固碳潜力、提高作物产量方面的效益显著^[9-11],但对于农田绿肥(尤其是冬季绿肥)与主作物间作的研究尚属空白。基于此,本研究以紫云英为主要绿肥作物,通过紫云英与油菜间作,重点探讨了绿肥紫云英对油菜根际土壤碳氮及其微生物特征的影响,同时与秸秆覆盖的效应作了比较,一方面为油菜高产稳产提供理论支撑,另一方面为建立新的农田可持续利用模式奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

本试验在中国重庆市北碚区西南大学教学试验农场进行。当地多年平均降雨量 1156.8mm,其中春、夏、秋、冬降雨量分别为全年的 25.3%、46.8%、22.5%和 5.4%,年蒸发量 1181.1mm,年日照时数在 888.5—1539.6h 之间,日照百分率仅为 25%—35%,冬季日照更少,仅占全年的 10%左右。试验所用土壤为旱地紫色土,地力相对均匀。试验前土壤 pH 值 6.47,土壤有机质 28.00g/kg,全氮 1.68g/kg,全磷 1.46g/kg,全钾 34.54g/kg,碱解氮 38.23mg/kg,速效磷 18.13mg/kg,速效钾 170.13mg/kg。

1.2 试验设计

采取桶栽试验,绿肥作物为紫云英,主作物为油菜,于 2014 年 11 月 4 日播种,2015 年 4 月 19 日收获,随机区组排列,2×3 双因素试验设计,3 次重复。设 3 种隔根方式:Ⅰ.完全隔根(F):用塑料膜完全隔根,无根系互作;Ⅱ.尼龙网隔根(P):用 120 目尼龙网隔根,根系部分互作,养分互通;Ⅲ.不隔根(N):不隔根,根系完全互作。设 2 种覆盖方式:Ⅰ.无覆盖(T):作物生长期均不进行秸秆覆盖。Ⅱ.覆盖(S):于作物播种期将相当于 3750kg/hm²的水稻秸秆均匀覆盖(0.15kg/桶)。在 160L 钢化桶内进行,每桶装土 50kg,施氮肥(N)0.10g/kg,磷肥(P₂O₅)0.10g/kg,钾肥(K₂O)0.10g/kg,肥料为三洋牌 16-16-16 三元素复合肥,所有肥料与土混匀于播种前一次施入,分 3 行平行摆布,行间距 1m×1m。紫云英和油菜采取条播(间距 20cm),每桶各播种一行,出苗后每桶各留 2 株油菜(间距 20cm)。

1.3 测定指标与方法

土壤样品采集:于油菜收获时取根际土壤样品,将植株根系用铁铲从土壤中挖出(保证根系完整),慢慢抖掉与根系结合比较松散的土壤,然后用经火焰灭菌的镊子刮取附着在作物根系上的薄层(<10mm)土壤作为根际土壤,并将取得的土样弄碎混匀,按 4 分法取样,用无菌塑料袋包好,带回实验室后,一部分自然晾干用于根际土壤总有机碳、水溶性有机碳和全氮的测定;另一部分迅速过筛,除去杂物后,分别取 15—20g 根际土壤保存在 4℃ 冰箱内,用于土壤微生物的测定。

土壤有机碳测定:将自然晾干后的根际土壤过 0.25mm 土筛,用于测定总有机碳;另取 20g 过 2mm 土筛的风干土样,按水土比 2:1 添加蒸馏水,在室温下震荡 30min(200r/min),再离心 20min(4000r/min),然后用 0.45μm 微孔滤膜过滤,滤液用于测定水溶性有机碳。土壤总有机碳和水溶性有机碳采用岛津 TOC 分析仪(TOC-L SSM-5000A and ASI-L,日本 SHIMADZU 公司)测定。经测定试验土壤 pH 值低于 6.5,偏酸性,无机碳含量忽略不计,总碳即为土壤总有机碳含量。

土壤全氮测定:采用半微量开氏法,使用全自动凯氏定氮仪(Kjeltec™ 2300, FOSS)进行分析测定。

土壤微生物测定:采用修正的 Bligh-Dyer 方法,用 Agilent 6850 气相色谱仪(FID 检测器)分析 PLFA 的成分。色谱条件为:HP-5 柱(25.0m×200μm×0.33μm)。各成分脂肪酸通过 MIDI Sherlock 微生物鉴定系统(6.1, MIDI, Inc., Newark, DE)进行,标准品购于美国 MIDI 公司的 C9-C20 的脂肪酸甲酯,PLFA 用 C19:0 做内标,换算 PLFA 的绝对含量。在检测到的所有脂肪酸中,代表细菌的脂肪酸有 i15:0, a15:0, i16:0, 16:1w9c, i17:0, a17:0, 17:0, cy17:0, 18:1w7c, cy19:0w8c^[12];代表真菌的脂肪酸有 18:2w6, 9c^[12];代表放线菌的脂肪酸有 10Me17:0, 10Me18:0^[13];代表革兰氏阳性菌的脂肪酸用 iso 或 anteiso 进行标记^[14];代表革兰氏阳性菌的脂肪酸为 cy17:0^[14];代表丛枝菌根的脂肪酸用 16:1w5 进行标记^[15]。

1.4 统计分析

用 Excel 和 SPSS 软件进行数据整理、分析,采用 General Linear Model 进行单变量双因素方差分析,多重比较采用 Duncan's 新复极差法。

2 结果与分析

2.1 油菜根际土壤碳氮特征

与秸秆覆盖相比,隔根方式对油菜根际土壤碳、氮均有显著影响。其中,隔根方式对油菜根际土壤总有机碳和水溶性有机碳均有极显著影响($P<0.01$),对土壤全氮、碳氮比均有显著影响($P<0.05$),而覆盖方式和两因素的交互作用对土壤碳、氮的影响不显著。可见,两因素中隔根方式是主效应,即间作绿肥紫云英对油菜根际土壤碳、氮均有显著影响(表 1)。

对总有机碳,在相同的隔根条件下,秸秆覆盖与否对总有机碳的影响均不显著;而不论是否秸秆覆盖,无隔根条件下的油菜根际土壤总有机碳显著低于完全隔根。对水溶性有机碳,秸秆覆盖与否差异不显著,无隔根条件下的油菜根际土壤水溶性有机碳显著低于完全隔根。对土壤全氮,仅秸秆覆盖条件下的完全隔根处理与无秸秆覆盖条件下的无隔根处理有显著差异。对土壤 C/N 比,无秸秆覆盖完全隔根、秸秆覆盖半隔根处理分别与无秸秆覆盖无隔根处理有显著差异。说明间作绿肥紫云英显著影响了油菜根际的土壤碳氮含量,影响了油菜对根际土壤碳氮的吸收利用(表 1)。

表 1 不同处理对油菜根际土壤碳氮的影响

Table 1 Effects of different treatments on soil carbon and nitrogen in rapeseed rhizosphere

处理 Treatment	总有机碳/(g/kg) Total carbon	水溶性有机碳/(mg/L) Water-soluble organic carbon	全氮/(g/kg) Total nitrogen	碳氮比 C/N ratio
FT	9.29±0.23a	0.56±0.04a	1.05±0.06ab	8.85±0.40a
FS	9.21±0.85a	0.52±0.00ab	1.07±0.13a	8.64±0.34ab
PT	8.79±0.31ab	0.49±0.01abc	1.02±0.03ab	8.59±0.42ab
PS	8.69±0.39ab	0.45±0.02bcd	0.99±0.02ab	8.79±0.59a
NT	7.55±0.30c	0.43±0.02cd	0.93±0.04b	8.10±0.04b
NS	8.12±0.16bc	0.39±0.06d	0.97±0.03ab	8.38±0.08ab
隔根方式 Separation	0.001 **	0.003 **	0.035 *	0.030 *
覆盖方式 Mulching	0.530	0.148	0.810	0.563
隔根×覆盖 Separation × Mulching	0.339	0.944	0.602	0.358

FT:完全隔根+无覆盖 Full root separation with plastic film + no straw mulching; FS:完全隔根+覆盖 Full root separation with plastic film + straw mulching; PT:尼龙网隔根+无覆盖 Partial root separation with nylon nets + no straw mulching; PS:尼龙网隔根+覆盖 Partial root separation with nylon nets + straw mulching; NT:不隔根+无覆盖 No root separation + no straw mulching; NS:不隔根+覆盖 No root separation + straw mulching;表中不同字母表示在 0.05 水平上差异显著($P<0.05$), * 表示在 0.05 水平上差异显著($P<0.05$), ** 表示在 0.01 水平上差异显著($P<0.01$)

2.2 油菜根际土壤微生物量

由图 1 可知,在相同的隔根条件下,是否秸秆覆盖对油菜根际土壤微生物量的影响均不显著,仅在完全隔

根条件下的微生物量显著高于无隔根处理,可见隔根方式是主效应,对油菜根际土壤微生物量有显著影响 ($P<0.05$),而覆盖方式和两因素的交互作用对土壤微生物量的影响不显著。说明间作紫云英显著影响了油菜根际土壤微生物量,使之明显减少。

不同处理间油菜根际土壤细菌、真菌、放线菌含量均不同,其中完全隔根处理的根际土壤细菌含量显著高于无隔根处理,秸秆覆盖条件下完全隔根处理的真菌含量显著高于无秸秆覆盖条件下的半隔根和无隔根处理,无秸秆覆盖条件下完全隔根处理的放线菌含量则显著高于秸秆覆盖条件下的无隔根处理。对于 AM 菌根,也是完全隔根处理显著高于无隔根处理。此外,不同处理也改变了油菜根际土壤的真菌细菌比,其中秸秆覆盖条件下半隔根处理的真菌细菌比与无秸秆覆盖条件下的完全隔根和半隔根处理显著不同(表 2)。

另外,对于革兰氏阳性菌和革兰氏阴性菌(表 2),无秸秆覆盖条件下完全隔根处理的革兰氏阳性菌含量显著高于秸秆覆盖条件下的无隔根处理,完全隔根处理的革兰氏阴性菌含量则显著高于无隔根处理。同时,不同处理间革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌也发生变化,同样是完全隔根处理与无隔根处理显著不同。

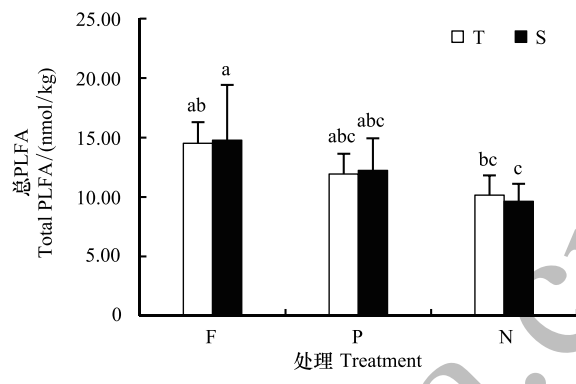


图 1 不同处理对油菜根际土壤总微生物量的影响

Fig.1 Effects of different treatments on total PLFA

F: 完全隔根, full root separation with plastic film; P: 尼龙网隔根, partial root separation with nylon nets; N: 不隔根, no root separation; T: 无覆盖, no straw mulching; S: 覆盖, straw mulching; 图中不同字母表示在 0.05 水平上差异显著 ($P<0.05$)

表 2 不同处理对各类微生物含量的影响

Table 2 Concentration of various soil microbial under different treatments

处理 Treatment	细菌 Bacteria/ (nmol/g)	真菌 Fungi/ (nmol/g)	放线菌 Actinomycete/ (nmol/g)	AM 菌根 AM-fungi/ (nmol/g)	真菌/细菌 Fungi/bacteria	革兰氏阳性菌 G+/ (nmol/g)	革兰氏阴性菌 G-/ (nmol/g)	革兰氏阳性菌/ 革兰氏阴性菌 G+/G-
FT	5.64±0.53a	0.20±0.02ab	0.60±0.03a	0.70±0.17a	0.034±0.007b	5.51±0.88a	0.57±0.08a	9.73±0.19c
FS	5.58±1.60a	0.31±0.16a	0.47±0.10ab	0.71±0.29a	0.053±0.014ab	5.27±1.18ab	0.54±0.30ab	10.78±3.71bc
PT	4.79±0.73ab	0.18±0.03b	0.58±0.07ab	0.40±0.09ab	0.038±0.001b	4.88±0.35ab	0.37±0.13abc	13.79±3.11ab
PS	4.79±1.04ab	0.29±0.01ab	0.54±0.11ab	0.42±0.14ab	0.063±0.017a	4.77±0.98ab	0.39±0.18abc	13.32±3.66ab
NT	4.08±0.68b	0.18±0.01b	0.49±0.07ab	0.31±0.05b	0.045±0.003ab	4.30±0.81ab	0.28±0.06c	15.80±0.81a
NS	3.88±0.47b	0.19±0.04ab	0.44±0.06b	0.30±0.09b	0.050±0.012ab	3.84±0.62b	0.30±0.08bc	13.10±2.32ab

G+: Gram-positive bacteria; G-: Gram-negative bacteria; 表中不同字母表示在 0.05 水平上差异显著 ($P<0.05$)

2.3 油菜根际土壤微生物群落结构特征

不同处理间微生物群落结构组成有很大差异。通过主成分分析发现(图 2),前 3 个主成分的解釋度达到了 87.71%,其中第一主成分和第二主成分的贡献值分别为 41.95% 和 30.47%,第三主成分的贡献值为 15.28%。从图上看,无秸秆覆盖条件下完全隔根处理、秸秆覆盖条件下无隔根处理与其他处理之间的差异最大,前者主要受第一主成分影响,后者主要受第二主成分影响。另外,秸秆覆盖条件下无隔根处理和无秸秆覆盖条件下的半隔根处理与第二主成分的相关性较大,其他处理与第一主成分的相关性较大。结果表明,6 个处理的土壤微生物结构可以分为 4 种类型,第一种类型为秸秆覆盖条件下无隔根处理,与其他处理的差异主要是由于 18:3w6c(6,9,12)和 16:1w9c 引起的;第二种类型为无秸秆覆盖条件下完全隔根处理,与此相关性较大的微生物类群主要是 i12:0 3OH、13:0、17:0 和 10Me17:0;第三种类型为无秸秆覆盖条件下的半隔根处理,16:1w11c 和 18:1w7c 等与这一类型有较强的相关性;其余 3 种处理为第四种类型,主要与 12:1at11-12、18:2w9c、20:0 相关。

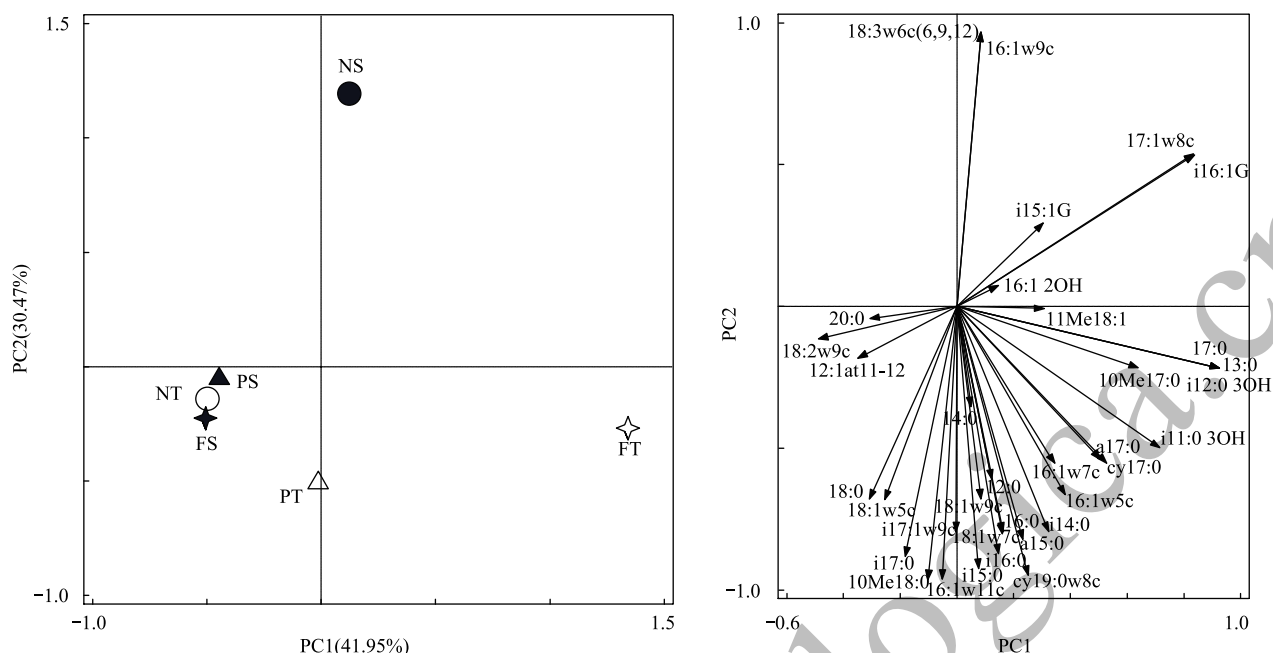


图2 不同处理的油菜根际土壤微生物群落结构特征的相关分析

Fig.2 PCA scores and corresponding loading values for PLFA profiles under different treatments

3 讨论

3.1 间作绿肥对油菜根际土壤碳氮的影响

本研究发现间作紫云英显著影响了油菜根际的土壤碳氮含量,影响了油菜对根际土壤碳氮的吸收利用,基本特征是间作紫云英降低了油菜根系土壤碳氮含量及碳氮比,说明间作绿肥促进了油菜对根际碳氮的吸收利用。已有的研究表明,间作紫云英可明显改善油菜的生长状况,促进油菜增产^[16-17]。间作优势的生态基础之一就是养分资源的充分利用^[18]。对油菜和紫云英间作来讲,油菜是优势作物,紫云英处于劣势,两者生态位互补拓宽了油菜对养分利用的空间^[19],进而促进了油菜对根际碳源和氮源的吸收利用。

需要说明的是,土壤有机碳含量一般比较稳定,但对于桶栽试验,有机碳受根际分泌物以及根际微环境(例如微生物)等的影响较大,在一个生长季内产生差异是正常的。另外,土壤有机碳与土壤微生物量一般呈正相关的关系^[20],因此,油菜根际土壤有机碳的降低同时反映了土壤微生物的状况。

3.2 间作绿肥对油菜根际土壤微生物的影响

本试验研究结果发现,隔根方式对油菜根际土壤微生物影响显著,也就是说紫云英与油菜间作产生的根系互作效应使得油菜根际土壤微生物量和群落结构都发生了变化,这与目前很多学者对间作的研究结果一致^[21-24]。

间作紫云英使油菜根际土壤微生物量(包括 PLFA 总量、细菌、放线菌和 AM 菌根等)显著减少。目前有研究显示土壤微生物量与土壤碳含量有强烈的相关性^[25-26],因此油菜根际土壤有机碳含量验证了上述结果的正确性。这个现象说明间作紫云英不仅改变了油菜根际土壤有机碳含量,而且有机碳含量也可能同时决定了根际土壤微生物量。另外,研究发现不同处理间的真菌细菌比具有不确定性,这主要是由于真菌含量的不确定性引起的,因为在间作系统中土壤细菌的变化比真菌的变化更敏感^[27],而且双子叶植物,尤其是豆科作物,会向根际产生和分泌很多有机酸^[28],固氮菌接种也会增强有机酸的释放^[29],这也可能是影响细菌群落的重要因素。而由于间作降低了根际土壤碳氮比,不利于真菌对底物的降解^[30],这也是真菌含量不确定性的主要原因。同时,革兰氏阳性菌与革兰氏阴性菌的比在间作条件下显著提高。在间作条件下,虽然革兰氏阳性

菌和革兰氏阴性菌含量均有所下降,但对革兰氏阴性菌的抑制作用更加明显,说明间作紫云英改善了油菜根际土壤的通气状况,强烈抑制了厌氧细菌(*cy17:0*)的生长。

此外,在间作紫云英和秸秆覆盖的共同作用下,油菜根际土壤微生物群落结构也发生了很大变化。一般来讲,导致土壤微生物群落变化的因素有很多,例如土壤 pH 值、土壤养分、土壤类型、土地管理方式以及物种类型等^[31-32],尤其在不同的种植制度下,会影响土壤微生物群落,土壤细菌和真菌的丰度和群落结构也会随着管理实践的改变而改变^[33-34],例如间作与单作相比,微生物群落结构差异很大^[35]。本研究发现在油菜角果期,不同处理间土壤微生物群落结构显著不同,可能是因为间作和覆盖改变了油菜根际微环境(例如土壤温度、土壤水分),同时使根系分泌物或根际凋落物的质量和数量发生了变化^[36]。通过主成分分析发现,在间作紫云英和秸秆覆盖条件下,微生物群落与 16:1w9c、18:3w6c (6, 9, 12) 密切相关,目前的研究也发现间作与 16:1w9 表现为强烈的正相关^[35],这与本研究结果一致,而对于 18:3w6c (6, 9, 12) 的表现则可能是因为秸秆覆盖提供的木质素促进了其生长。

4 结论

与秸秆覆盖相比,间作绿肥紫云英是影响油菜根际土壤环境的主要因素。间作紫云英减少了油菜根际土壤碳、氮含量,改变了油菜根际土壤碳氮比。间作紫云英也减少了油菜根际土壤微生物量,改善了油菜根际土壤通气状况,抑制了厌氧细菌的生长。间作紫云英和秸秆覆盖改变了油菜根际土壤微生物群落结构,主要与 16:1w9c、18:3w6c (6, 9, 12) 密切相关。

参考文献 (References):

- [1] 李子双, 廉晓娟, 王薇, 赵同凯, 李洪杰. 我国绿肥的研究进展. 草业科学, 2013, 30(7): 1135-1140.
- [2] 曹卫东, 黄鸿翔. 关于我国恢复和发展绿肥若干问题的思考. 中国土壤与肥料, 2009, (4): 1-3.
- [3] Kim S Y, Lee C H, Gutierrez J, Kim P J. Contribution of winter cover crop amendments on global warming potential in rice paddy soil during cultivation. Plant and Soil, 2013, 366(1/2): 273-286.
- [4] 肖焱波, 李隆, 张福锁. 小麦/蚕豆间作体系中的种间相互作用及氮转移研究. 中国农业科学, 2005, 38(5): 965-973.
- [5] 李隆. 间作作物种间促进与竞争使用研究[D]. 北京: 中国农业大学, 1999.
- [6] Lesoing G W, Francis C A. Strip intercropping effects on yield and yield components of corn, grain sorghum, and soybean. Agronomy Journal, 1999, 91(5): 807-813.
- [7] 姜莉, 陈源泉, 隋鹏, 栾琛, 张敏, 汪洪焦, 李媛媛, 高旺盛. 不同间作形式对玉米根际土壤酶活性的影响. 中国农学通报, 2010, 26(9): 326-330.
- [8] 孙建, 刘苗, 李立军, 刘景辉, 张星杰. 免耕与留茬对土壤微生物量 C、N 及酶活性的影响. 生态学报, 2009, 29(10): 5509-5515.
- [9] 王龙昌, 邹聪明, 张云兰, 张赛, 张晓雨, 周航飞, 罗海秀. 西南“早三熟”地区不同保护性耕作措施对农田土壤生态效应及生产效益的影响. 作物学报, 2013, 39(10): 1880-1890.
- [10] 张赛, 王龙昌, 周航飞, 罗海秀, 张晓雨, 马仲炼. 西南丘陵区不同耕作模式下玉米田土壤呼吸及影响因素. 生态学报, 2014, 34(21): 6244-6255.
- [11] 张赛, 王龙昌, 黄召存, 赵琳璐, 杜娟, 贾会娟. 土壤活性有机碳不同组分对保护性耕作的响应. 水土保持学报, 2015, 29(2): 226-231, 252-252.
- [12] Frostegård A, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil. Biology and Fertility of Soils, 1996, 22(1/2): 59-65.
- [13] Klose S, Acosta-Martínez V, Ajwa HA. Microbial community composition and enzyme activities in a sandy loam soil after fumigation with methyl bromide or alternative biocides. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(6): 1243-1254.
- [14] Frostegård A, Tunlid A, Bååth E. Phospholipid fatty acid composition, biomass, and activity of microbial communities from two soil types experimentally exposed to different heavy metals. Applied and Environmental Microbiology, 1993, 59(11): 3605-3617.
- [15] Hedlund K. Soil microbial community structure in relation to vegetation management on former agricultural land. Soil Biology & Biochemistry, 2002, 34(9): 1299-1307.
- [16] 周可金, 邢君, 博毓红, 桑亚松, 吴社兰, 宋国良. 油菜与紫云英间混作系统的生理生态效应. 应用生态学报, 2005, 16(8): 1477-1481.

- [17] 宋莉, 韩上, 席莹莹, 鲁剑巍, 吴礼树, 曹卫东, 耿明建. 间作对油菜和紫云英生长及产量的影响. 中国油料作物学报, 2014, 36(2): 231-237.
- [18] 廖桂平, 官春云. 不同播期对不同基因型油菜产量特性的影响. 应用生态学报, 2001, 12(6): 853-858.
- [19] 赵秉强, 张福锁, 李增嘉, 李凤超, 张新春, 申加祥, 潘海军, 赵甲美, 尹玉波, 武传杰. 间套作条件下作物根系数量与活性的空间分布及变化规律研究. II. 间作早春玉米根系数量与活性的空间分布及变化规律. 作物学报, 2001, 27(6): 974-979.
- [20] 沈程文, 肖润林, 徐华勤, 夏艳君, 任全, 黄瑶. 覆盖与间作对亚热带丘陵区茶园土壤微生物量的影响. 水土保持学报, 2006, 20(3): 141-144.
- [21] Song Y N, Zhang F S, Marschner P, Fan F L, Gao H M, Bao X G, Sun J H, Li L. Effect of intercropping on crop yield and chemical and microbiological properties in rhizosphere of wheat (*Triticum aestivum* L.), maize (*Zea mays* L.), and faba bean (*Vicia faba* L.). *Biology and Fertility of Soils*, 2007, 43(5): 565-574.
- [22] Bainard L D, Koch A M, Gordon A M, Klironomos J N. Growth response of crops to soil microbial communities from conventional monocropping and tree-based intercropping systems. *Plant and Soil*, 2013, 363(1/2): 345-356.
- [23] Zhang X H, Lang D Y, Zhang E H, Zhang Y J. Effect of intercropping of *Angelica sinensis* with garlic on its growth and rhizosphere microflora. *International Journal of Agriculture and Biology*, 2015, 17(3): 554-560.
- [24] Zhang N N, Sun Y M, Wang E T, Yang J S, Yuan H L, Scow K M. Effects of intercropping and Rhizobial inoculation on the ammonia-oxidizing microorganisms in rhizospheres of maize and faba bean plants. *Applied Soil Ecology*, 2015, 85: 76-85.
- [25] Goyal S, Mishra M M, Dhankar S S, Kapoor K K, Batra R. Microbial biomass turnover and enzyme activities following the application of farmyard manure to field soils with and without previous long-term applications. *Biology and Fertility of Soils*, 1993, 15(1): 60-64.
- [26] Elfstrand S, Hedlund K, Mårtensson A. Soil enzyme activities, microbial community composition and function after 47 years of continuous green manuring. *Applied Soil Ecology*, 2007, 35(3): 610-621.
- [27] Zhou X G, Yu G B, Wu F Z. Effects of intercropping cucumber with onion or garlic on soil enzyme activities, microbial communities and cucumber yield. *European Journal of Soil Biology*, 2011, 47(5): 279-287.
- [28] Raghothama K G. Phosphate acquisition. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 1999, 50: 665-693.
- [29] Atemkeng M F, Remans R, Michiels J, Tagne A, Ngonkeu E L M. Inoculation with *Rhizobium etli* enhances organic acid exudation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) subjected to phosphorus deficiency. *African Journal of Agricultural Research*, 2011, 6(10): 2235-2242.
- [30] Cheshire M V, Bedrock C N, Williams B L, Chapman S J, Soltseva I, Thomsen I. The immobilization of nitrogen by straw decomposing in soil. *European Journal of Soil Science*, 1999, 50(2): 329-341.
- [31] Marschner P, Neumann G, Kania A, Weiskopf L, Lieberei R. Spatial and temporal dynamics of the microbial community structure in the rhizosphere of cluster roots of white lupin (*Lupinus albus* L.). *Plant and Soil*, 2002, 246(2): 167-174.
- [32] Marschner P, Crowley D, Yang C H. Development of specific rhizosphere bacterial communities in relation to plant species, nutrition and soil type. *Plant and Soil*, 2004, 261(1/2): 199-208.
- [33] Larkin R P, Honeycutt C W. Effects of different 3-year cropping systems on soil microbial communities and Rhizoctonia diseases of potato. *Phytopathology*, 2006, 96(1): 68-79.
- [34] Acosta-Martínez V, Burow G, Zobeck T M, Allen V G. Soil microbial communities and function in alternative systems to continuous cotton. *Soil Science Society of America Journal*, 2010, 74(4): 1181-1192.
- [35] Dai C C, Chen Y, Wang X X, Li P D. Effects of intercropping of peanut with the medicinal plant *Atractylodes lancea* on soil microecology and peanut yield in subtropical China. *Agroforestry Systems*, 2013, 87(2): 417-426.
- [36] Xu Y X, Wang G H, Jin J, Liu J J, Zhang Q Y, Liu X B. Bacterial communities in soybean rhizosphere in response to soil type, soybean genotype, and their growth stage. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(5): 919-925.