

轮作连作荞麦田主要微生物类群及土壤酶活性变化

高扬 高小丽* 马瑞瑞 崔雯雯 高金锋 王鹏科 杨璞 冯佰利

(西北农林科技大学 农学院/旱区作物逆境生物学国家重点实验室,陕西 杨凌 712100)

摘要 为探明荞麦不同连作和轮作模式对土壤环境的影响,在连续4年定位试验基础上,通过平板涂布计数法和比色法,研究隔年作、轮作和连作荞麦生育期间土壤微生物数量、酶活性与土壤肥力的变化。结果表明:土壤微生物总数随着荞麦生育进程的推进而增加,尤其是荞麦连作田土壤微生物——细菌,开花期至灌浆期增长显著,并于灌浆期达到轮作细菌数的4.3倍。土壤酶活性连作总体偏高,脲酶、碱性磷酸酶表现尤为明显,均高于隔年作和轮作,且达到1%极显著水平。连作土壤碱性磷酸酶、蔗糖酶活性与细菌呈显著正相关;脲酶、过氧化氢酶活性则与土壤微生物数量之间无显著相关关系。由此,荞麦短期连作下表现出的B/F[(细菌+放线菌)/真菌]比值更大,土壤脲酶、碱性磷酸酶活性更强,说明短期连作较利于荞麦田土壤理化性质的改善。

关键词 荞麦;连作;土壤酶;土壤微生物

中图分类号 S 326

文章编号 1007-4333(2014)04-0047-07

文献标志码 A

Changes of main microbial strains and enzymes activities in buckwheat rotation and continuous cropping soil

GAO Yang, GAO Xiao-li*, MA Rui-rui, CUI Wen-wen, GAO Jin-feng,
WANG Peng-ke, YANG Pu, FENG Bai-li

(College of Agronomy/State Key Laboratory of Arid Crop Stress Biology, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China)

Abstract To study the effect of buckwheat continuous cropping and rotation on soil environment, a series of experiments about the changes of soil microorganism, soil enzyme activities and soil fertility, were conducted on the basis of 4 years location test, with spread-plate method and colorimetric method. The results show that the total number of soil microorganisms increases with the advance of buckwheat's growing period. Taking the bacteria of the continuous cropping for example, the number increases significantly from blooming stage to milking stage, reaching 4.3 times of the rotation bacteria in milking stage. The soil enzyme activities of continuous cropping stay higher than other two cropping patterns, especially for the urease and alkaline phosphatase (ALP) with a significant level of 1%. The phosphatase and sucrase of continuous cropping have a significant positive correlation with bacteria. However, there is no significant correlation between urease, catalase and soil microorganism. Thus, the B/F [(bacteria + actinomyce)/fungi] of buckwheat has a larger ratio under short-term continuous cropping, the soil enzyme activities of urease and alkaline phosphatase are stronger, show that short-term continuous cropping is beneficial to the soil physical and chemical properties of buckwheat.

Key words buckwheat; continuous cropping; soil enzyme; soil biological character

相同作物连作之后,即便在正常生长环境条件下,仍然会出现长势变差,病虫害加重,产量下降的

现象,这就是连作障碍现象,部分地区也称之为忌地现象或再植问题。连作障碍现象产生的原因通常被

收稿日期:2013-11-23

基金项目:国家自然科学基金项目(31071472);西北农林科技大学唐仲英育种基金(05YZ017-1)

第一作者:高扬,硕士研究生,E-mail:gao.yang@nwsuaf.edu.cn

通讯作者:高小丽,副教授,博士,主要从事小宗粮豆作物高产栽培生理及产业开发研究,E-mail:gao2123@nwsuaf.edu.cn

归为以下几大因素:土壤理化性质变差、土壤养分亏损、前茬作物残留毒素以及土壤微生物种类和数量变化。目前由于我国耕地面积有限,农作物连作现象较为严重,不同种类农作物都不同程度地存在着连作障碍及茬口选择问题^[1],作物长期连作会造成同一病虫害肆虐、作物生育状况恶化、产量下降和品质变劣,更有甚者会致使作物死亡^[2]。因此,作物连作障碍问题目前已经成为农作物生产和农业发展中急待解决的问题。

荞麦是一种生育期短、抗逆性强、适合种植于贫瘠环境的蓼科植物,具有备荒救灾、填闲补缺的特点和用途^[3]。同时,荞麦有着很高的营养价值和药用价值,其含有的特殊蛋白质,可作为高蛋白质的食物来源,非常适合人类的健康需求,是一种极具开发利用价值和潜力的保健养生食品资源^[4]。在栽培模式上荞麦是忌连作植物,但作为杂粮类作物,荞麦不同于水稻和小麦等主粮食性作物,没有得到人们的足够重视,农民种植荞麦的积极性不高,再加上产地的种植传统、市场需求等缘故,导致荞麦连作成灾,荞麦产量下降、品质变劣和生育状况极度恶化。

目前为止,国内外专家对烤烟和棉花等大田作物及黄瓜和蔬菜等园艺作物进行过大量关于连作障碍问题的研究,其中根据研究方向不同主要分为以下:刘建国等^[5]和 Aparicio V 等^[6]对连作土壤理化性质的研究表明,作物连作会严重破坏土壤结构,致使土壤容重增大,含盐量上升,养分失调,土壤次生盐渍化加重;喻景权等^[7]和吴凤芝等^[8]则认为土传病害是导致作物连作障碍最主要的因素,其通过对连作土壤生物学环境进行研究,随着连作年限的增加,土壤中致病微生物种类和数量上升,土传病虫害加重。喻景权等^[7]还通过对作物残茬成分的分析,发现前茬作物残枝落叶在腐烂分解过程中产生的一些毒素会对后续作物的生长发育造成严重的毒害作用,显著遏制后续作物的生长。吴凤芝等^[8]对大棚蔬菜的研究表明,随着蔬菜连作年限的延长,其连作土壤中致病真菌数增多,有益细菌数减少。此外,阎飞等^[9]和韩丽梅等^[10]则认为作物根系分泌物才是造成作物连作障碍最根本的原因,其通过对连作大豆的残株及相应的根际土进行 GC-MS 测定,发现残株腐解物产生的毒素和根系分泌物中的某些成分以及土壤微生物代谢物都会抑制植株的生长。同时,也有些结论与以上不同,李春格等^[11]和马云华等^[12]研究发现,随着连作年限的增加,连作土壤

中主要微生物的种类、数量以及土壤酶活性呈上升后再下降的趋势。李春格等^[11]通过对连作大豆的研究发现,大豆连作6年后长势逐渐改善,连作8年的大豆生长状况明显好于连作4年。马云华等^[12]通过对连作黄瓜的研究表明,短期连作阶段多数土壤酶活性在整个生育时期内变化规律基本一致,均随连作年限的增加总体呈升高趋势,这可能是因为前期连作阶段由于黄瓜残茬腐解物的存在,种植土壤中进入并积累了足够的碳素,从而为土壤酶供应了足够的相应底物,推进了土壤的熟化程度,因而土壤的肥力得到提升。

然而,目前国内对大豆、棉花、黄瓜和烤烟等经济类作物的连作土壤状况进行的研究较多,而针对荞麦等杂粮类作物连作土壤状况系统性研究报道较少。本试验通过研究荞麦不同轮作、连作种植模式下在不同生育期田间土壤微生物数量和土壤酶活性的变化状况,以及其与连作土壤物理化学性质的相关程度大小,探讨荞麦连作对连作土壤理化性质和土壤生产力的影响,旨在为治理杂粮作物连作障碍现象提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料与试验地概况

试验以西农9920荞麦品种为供试材料,试验地设在西北农林科技大学北校农作一站,该地区海拔520 m左右,平均气温12.9℃,降水量550.8 mm,其中7—9月份降水占全年降水量的60%以上。

1.2 试验设计与样品采集

2010—2013年进行了连续4年的定位试验,设荞麦隔年作(T1)、轮作(T2)和连作(T3)3种植方式,隔年作顺序为糜子-荞麦-糜子-荞麦,轮作顺序为荞麦-谷子-芸豆-荞麦,连作顺序为荞麦-荞麦-荞麦-荞麦。小区面积10 m²(2 m×5 m),4次重复,完全随机设计,生育期间不施肥,进行常规的田间管理。于2013年分别在荞麦播种期、出苗期、开花期、灌浆期和成熟期收集0~20 cm耕层土壤,每块小区随机取3个点,混合均匀后去除石块和植物残根等杂物,一部分保存于4℃冰箱内,用于土壤微生物的测定;一部分样品自然风干后研磨先过0.8 mm筛,混匀后取100 g样品,再研磨后全部过0.16 mm筛,分别贮存(关松荫^[13]指出土样经过风干之后,就算长时间存放,土壤酶活性也基本上不会减少),用于测定土壤养分和酶活性大小。

1.3 测定方法

土壤微生物测定: 稀释平板测数法统计每克干土中的微生物菌落数, 用以表征土壤微生物数量^[14], 普通的琼脂糖培养基培养细菌, 改良高氏一号培养基培养真菌, 孟加拉红马丁氏培养基培养放线菌。培养一定时间后, 计数培养皿上生长的菌落, 结果以每克干土所含菌落数量表示, 菌落数(个/g) = 菌落平均数 × 稀释倍数^[15]。

各土壤酶活性测定方法如下: 脲酶用苯酚钠比色法; 蔗糖酶用 3, 5-二硝基水杨酸比色法; 碱性磷酸酶用磷酸苯二钠比色法; 过氧化氢酶用紫外分光光度法^[16]。

1.4 数据处理与分析

试验数据采用 Excel 2003 进行统计, DPS 7.05 进行方差分析, SigmaPlot 10.0 制图。Duncan's 新复极差法进行多重比较。对土壤微生物三大类群菌落数和各土壤酶活性大小进行相关性分析。

2 结果与分析

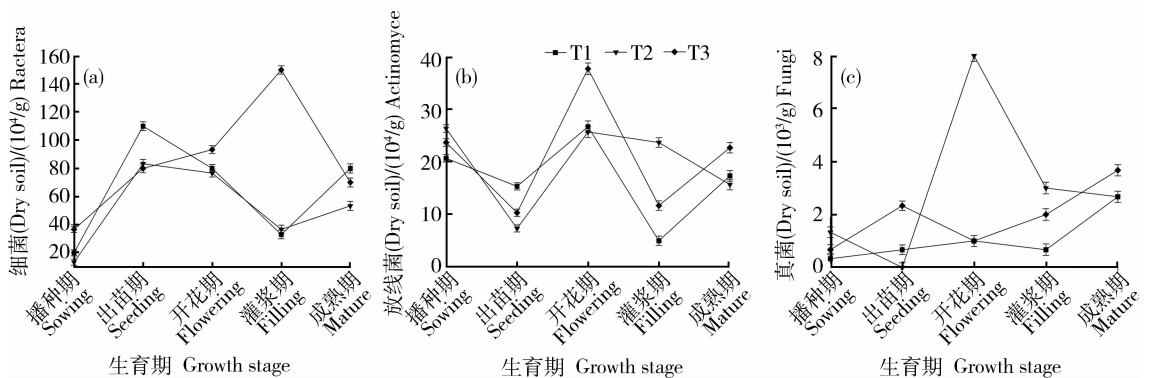
2.1 轮作连作对土壤微生物区系数量变化的影响

土样的采集于 7 和 8 月份进行, 由于偏高温度较适宜细菌个体的生长繁殖^[17], 故土壤微生物中细菌数占绝大多数, 约九成以上, 决定了土壤微生物总

数量, 其次为放线菌和真菌。隔年作与轮作随着生育进程的推进土壤细菌菌落数表现的变化情况基本一致, 均呈现先增大, 再减小, 最后再增大的趋势, 并于开花期和成熟期出现双峰, 且隔年作菌落数高于轮作; 而连作菌落数则表现出与前两者截然不同的变化, 其从播种期一直增加到灌浆期并在此达到一个高峰值($(150 \times 10^3$ 个)/g), 且此点上与隔年作、轮作达到 1% 极显著水平差异, 此后菌落数下降直至成熟期, 是一个先增高后降低的单峰过程(图 1(a))。开花期后连作土壤微生物细菌数便处于最高水平, 并表现出与轮作截然相反的增多趋势。

放线菌菌落数变化趋势连作与隔年作相似, 均为连续 2 次的减小再增大过程, 形成“W”型, 且连作在总量上高于隔年作, 并于开花期达到高峰($(38 \times 10^3$ 个)/g), 且此时期连作与隔年作、轮作保持 1% 极显著水平差异, 隔年作与轮作间则无显著性差异(图 1(b))。

连作与隔年作真菌菌落数变化趋势相近, 随生育进程的推进, 菌落数缓慢增加, 且连作菌落数始终高于隔年作; 轮作真菌菌落数变化幅度稍大, 菌落数于出苗期开始迅猛增加, 并于开花期达到一个高峰值($(8 \times 10^3$ 个)/g), 随后下降直至成熟期(图 1(c))。



T1 为隔年作; T2 为轮作; T3 为连作。

T1 is rotation with an interval of one year; T2 is rotation; T3 is continuous cropping.

图 1 荞麦连作轮作下不同生育期土壤微生物区系菌落数变化

Fig. 1 Changes of the number of soil main microbial strains during different growing period in buckwheat rotation and continuous cropping soil

2.2 轮作连作对土壤酶活性动态变化的影响

3 种不同种植模式下土壤脲酶活性表现出相似的变化过程, 总体上均呈现酶活性增高的趋势, 且连作脲酶活性高于隔年作与轮作, 并在开花期达到高峰值($12.015 \text{ mg}/(\text{g} \cdot \text{h})$)(图 2(a)), 此时连作在

1% 水平与隔年作、轮作达极显著水平差异, 且比隔年作高出 14.18%, 比轮作高出 8.44%。

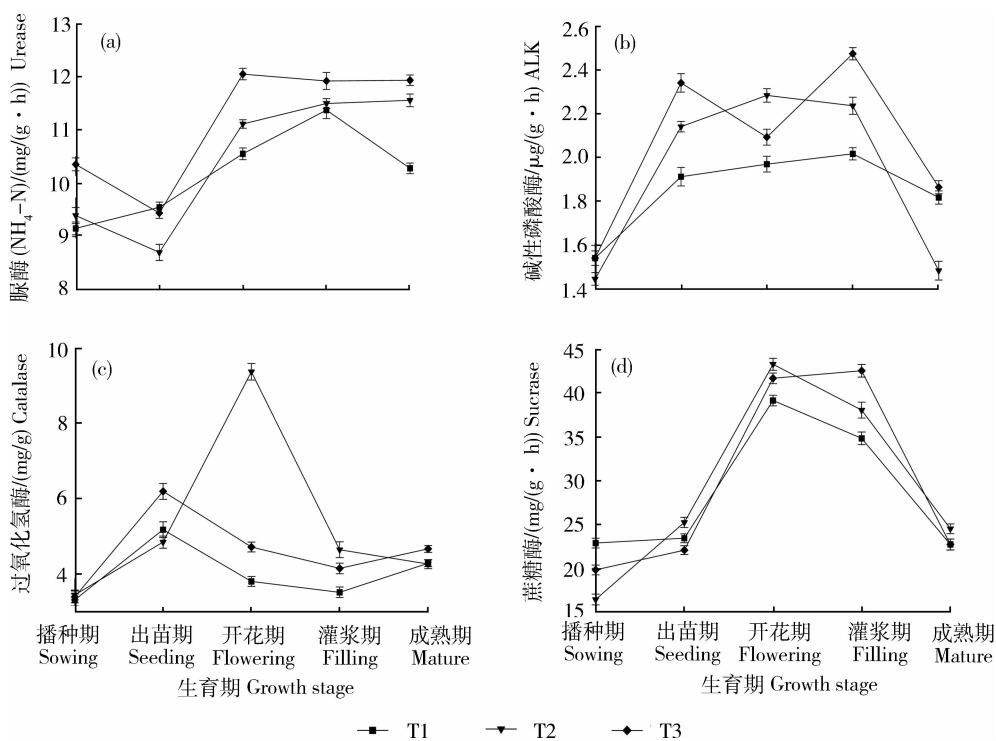
隔年作与轮作的土壤碱性磷酸酶活性变化情况相似, 均为先增加后减小过程, 出现单峰, 且轮作碱性磷酸酶活性始终高于隔年作; 而连作土壤碱性磷

酸酶活性则呈现出了不同的变化趋势,出现了反复2次的增加、减小过程,并在出苗期和灌浆期达到2个高峰值,分别为出苗期的 $2.34 \mu\text{g}/(\text{g}\cdot\text{h})$ 和灌浆期的 $2.47 \mu\text{g}/(\text{g}\cdot\text{h})$ (图2(b)),此时期连作与隔年作、轮作均达到1%极显著水平差异,且分别较隔年作高出22.35%和22.6%,较轮作高出9.32%和10.62%。整个生育期连作土壤碱性磷酸酶活性除中间开花期略有降低外,均处于3种模式中的最高水平。

同一年内随着生育进程的推进连作与隔年作的过氧化氢酶活性有着一致的变化趋势,都是先增大后缓慢减小,最后又有所增大的过程,且连作酶活性始终高于隔年作,并于出苗期达到高峰值(6.215

$\text{mg}(\text{H}_2\text{O}_2)/\text{g}$),此时期连作与隔年作、轮作达到1%极显著水平差异,隔年作与轮作之间则无显著性差异(图2(c));而轮作过氧化氢酶活性在出苗期后急剧上升并在开花期达到一个高峰值($9.370 \text{mg}(\text{H}_2\text{O}_2)/\text{g}$),并与隔年作、连作之间达1%极显著水平差异,且在此时期轮作过氧化氢酶活性总量分别是隔年作、连作的2.46和1.98倍。

隔年作、轮作和连作蔗糖酶活性变化曲线较为一致,均为先增加后减小的过程,出现单峰。连作于灌浆期达到高峰值($42.557 \text{mg}/(\text{g}\cdot\text{h})$),且与隔年作达到5%显著性差异,但在1%水平上无显著性差异,此时期连作蔗糖酶活性比隔年作高出22.17%,比轮作高出11.81%(图2(d))。



T1 为隔年作;T2 为轮作;T3 为连作。

T1 is rotation with an interval of one year;T2 is rotation;T3 is continuous cropping.

图2 荞麦轮作连作下不同生育时期土壤酶活性大小变化

Fig. 2 Changes of soil enzymes activities during different growing period in buckwheat rotation and continuous cropping soil

2.3 相关分析

连作荞麦田土壤微生物数与土壤酶活性相关性分析如下(表1),碱性磷酸酶活性与细菌相关系数为0.868,达5%显著水平,但与放线菌呈负相关;蔗

糖酶活性与细菌在0.05水平上呈现显著正相关关系,相关系数0.828,与真菌则呈现负相关性;脲酶、过氧化氢酶活性与土壤微生物数量之间无显著相关关系。

表1 土壤微生物三大类群与土壤酶活性大小相关性分析

Table 1 Relationship between soil microbe populations and enzyme activities of soils in buckwheat field of continuous cropping

项目 Items	细菌 Bacteria	放线菌 Actinomyce	真菌 Fungi	碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase	脲酶 Urease	蔗糖酶 Sucrase	过氧化氢酶 Catalase
放线菌 Actinomyce	-0.311	1					
真菌 Fungi	0.150	-0.398	1				
碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase	0.868*	-0.485	0.239	1			
脲酶 Urease	0.587	0.400	0.288	0.272	1		
蔗糖酶 Sucrase	0.828*	0.246	-0.242	0.595	0.723	1	
过氧化氢酶 Catalase	0.123	-0.308	0.437	0.572	-0.166	-0.110	1

注: * $P < 0.05$, ** $P < 0.1$ 。

Note: * and ** mean Significance at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

3 讨论

3.1 轮作连作对土壤微生物区系三大类群动态变化的影响

细菌、放线菌和真菌是构成土壤微生物最重要的三大类群,他们的组成与数量变化反映了土壤的代谢程度和土壤的理化性质,同时也代表着土壤的肥力^[18]。以往的研究认为,作物连作后土壤中细菌与真菌的比值显著变小,B/F值显著降低,即连作种植模式下土壤从细菌型转向真菌型^[19-20]。但也有不同的结论,李春格等^[11]和马云华等^[12]研究就发现,随着连作年限的增加,土壤主要微生物种类与数量呈先升高后降低的变化趋势。

而在本研究中,不同轮作连作种植模式下土壤细菌、放线菌、真菌三大微生物类群的组成相似,均为细菌最多、放线菌次之、真菌最少。不同种植模式间微生物总量具体表现为:连作>隔年作>轮作。连作土壤微生物B/F值[(细菌+放线菌)/真菌]显著大于隔年作及轮作,且达到显著水平差异,并未出现以往研究中的连作导致B/F比值降低,细菌型土壤向真菌型土壤转化的现象,这与陈慧等^[19]和胡元森等^[20]的研究并不相符,而与李春格等^[11]的研究达

到一定的契合,这可能与荞麦的根系分泌物有关。连作荞麦前期阶段,荞麦根系分泌物中的一些氨基酸及多种化合物迅速分泌并积累,为土壤微生物提供了充足的能量来源,促进了微生物的生长繁殖,致使短期连作荞麦根际土壤微生物总量上升的现象^[21]。本试验通过对连作4年荞麦根际土壤根系分泌物进行GC-MS色谱质谱联用仪测定,检测出分泌物中含量排序靠前的2,3-二羟基丙基酯、2,4-二叔丁基苯酚、邻苯二甲酸二辛酯等酚、酯类物质,很可能是由于这些酚、酯类物质的存在,促进根际微生物数量的增长,致使此处出现了连作4年荞麦根际土壤微生物总量高于轮作的现象。连作4年荞麦目前可能还处于短期连作阶段,随着连作年限的增加,荞麦根系分泌物中的物质成分可能会逐年变化,进而影响土壤微生物的组成和数量,使其先上升后下降。总之,根系分泌物对相应连作土壤微生物数量动态变化影响的关系还需要更深入的探索研究。

3.2 轮作连作对土壤酶活性大小动态变化的影响

作为土壤中最活跃的有机成分之一,土壤酶参与土壤有机质的分解,在驱动土壤代谢、生物循环以及形成土壤肥力方面起着重要作用,可作为衡量土壤生物活性的指标^[22]。然而,部分学者对于土壤酶

活性与土壤肥力之间的关系却持有不同的看法,土壤酶活性能否作为土壤肥力的评价指标目前还存在争议。本试验研究荞麦轮作和连作条件下根际土壤酶活性的动态变化,旨在探索土壤生物学活性变化规律,初步衡量土壤肥力。

脲酶能水解有机质分子中的肽键,土壤中的氮素转化状况通常可以用土壤脲酶的活性来表示^[23]。在本研究中,隔年作、轮作与连作土壤脲酶活性随着生育进程的推进呈总体上升趋势,且连作土壤脲酶活性高于隔年作与轮作,脲酶活性的上升说明土壤转化氮能力的增强,而连作土壤脲酶活性的偏高则表明较于隔年作、轮作相比,荞麦4年短期连作土壤具有更强的土壤转化氮的能力。

磷酸酶可以催化降解土壤中多种磷酸化合物,在作物生育阶段为作物供应磷素,故土壤磷酸酶活性可以用来表征土壤中磷的状况^[24]。本研究中,碱性磷酸酶在隔年作、轮作和连作3种植植模式下呈现一致的变化曲线,大体上均为先增大后降低,呈倒“马鞍”型,连作碱性磷酸酶活性在1%极显著水平上高于隔年作和轮作,并在出苗期和灌浆期达到两个高峰值,分别较隔年作高出22.35%和22.6%,较轮作高出9.32%和10.62%。说明短期连作下土壤碱性磷酸酶活性更高,土壤可以更有效地转化磷。

植物或微生物在其生长发育代谢过程及体内有机物氧化分解过程中可能会产生并积累一些过氧化氢,而这种过氧化氢的累积势必会对植株及种植土壤造成迫害及损坏效果,过氧化氢酶则能够催化分解这种过氧化氢,将其分解为氧气和水,从而达到解除这种毒害作用的效果^[25]。本研究中,隔年作与连作随生育进程的推进土壤过氧化氢酶活性动态变化保持一致,轮作则在开花期有一个突增过程,达到一个高峰值,此时期轮作过氧化氢酶活性总量分别是隔年作、连作的2.46和1.98倍,差异达1%极显著水平。同时,单独比较连作2~4年荞麦土壤过氧化氢酶活性发现,随着连作年限的增加,过氧化氢酶活性降低,可见轮作、连作模式很大程度上影响了土壤过氧化氢酶活性,本研究结果表明连作会显著降低过氧化氢酶活性,轮作模式下土壤过氧化氢酶活性更高,土壤氧化能力更强,过氧化氢的分解得到提升,说明轮作能在很大程度上加强土壤呼吸强度,增加土壤肥力。

蔗糖酶可催化蔗糖水解成为葡萄糖和果糖,从而提高土壤的生物活性,增加土壤中的营养物质,故

蔗糖酶的活性强弱可用来反映土壤的肥力水平^[26]。本研究中,隔年作、轮作和连作的蔗糖酶活性呈现一致变化曲线,连作蔗糖酶活性总量于灌浆期达到高峰值,且在同期比隔年作高出22.17%,比轮作高出11.81%。

本研究结果表明,连作土壤脲酶、碱性磷酸酶和蔗糖酶活性随生育进程的推进均呈倒“马鞍”型,且不同生育期活性变化趋势表明短期连作较隔年作、轮作具有更好的土壤转化氮、土壤转化磷和催化蔗糖水解的能力,即在土壤转氮和转氨能力方面短期连作要高于隔年作与轮作。然而按照目前主流的作物连作障碍理论,即随着连作年限的增加,作物的长势及各项生理指标逐年变差,并不能圆满地解释本试验得到的结果。这可能是由于作物不同,耐连作能力的差异不一,总之,荞麦的连作障碍问题是土壤-植株-气候等多种因素综合作用的结果,且各土壤酶底物与产物之间也存在着相互利用的关系,因此,单一因素的研究很难对田间试验状况作出较为合理的解释^[10]。关于荞麦长期连作对土壤微生物总数和土壤酶活性变化的影响还需要继续研究。

参 考 文 献

- [1] 李萍萍. 设施园艺中的土壤生态问题分析及清洁生产对策[J]. 农业工程学报, 2011, 27(S2): 346-351
- [2] 孙光闻, 陈日远, 刘厚诚. 设施蔬菜连作障碍原因及防治措施[J]. 农业工程学报, 2005, 21(14): 184-188
- [3] 林汝法, 周小理, 任贵兴, 等. 中国荞麦的生产与贸易、营养与食品[J]. 食品科学, 2005, 26(1): 259-263
- [4] 文平, 陈进红. 荞麦芦丁的研究进展[J]. 中国粮油学报, 2006, 21(3): 107-111
- [5] 刘建国, 张伟, 李彦斌, 等. 新疆绿洲棉花长期连作对土壤理化性状与土壤酶活性的影响[J]. 中国农业科学, 2009, 42(2): 725-733
- [6] Aparicio V, Costa J L. Soil quality indicators under continuous cropping systems in the Argentinean Pampas [J]. Soil and Tillage Research, 2007, 96: 155-165
- [7] 喻景权, 杜尧舜. 蔬菜设施栽培可持续发展中的连作障碍问题[J]. 沈阳农业大学学报, 2000, 31(1): 124-126
- [8] 吴凤芝, 刘德, 栾非时. 大棚土壤连作年限对黄瓜产量及品质的影响[J]. 东北农业大学学报, 1999, 30(3): 245-248
- [9] 阎飞, 韩丽梅, 杨振明. 论大豆连作障碍中有关化感作用(Allelopathy)研究的若干问题[J]. 大豆科学, 2000, 19(3): 269-274
- [10] 韩丽梅, 王树起, 鞠会艳, 等. 大豆根茬腐解产物的鉴定及化感作用的初步研究[J]. 生态学报, 2000, 20(5): 771-778
- [11] 李春格, 李晓鸣, 王敬国. 大豆连作对土体和根际微生物群落功

- 能的影响[J]. 生态学报, 2006, 26(4): 1144-1150
- [12] 马云华, 魏珉, 王秀峰. 日光温室连作黄瓜根区微生物区系及酶活性的变化[J]. 应用生态学报, 2004, 15(6): 1005-1008
- [13] 关松荫. 土壤酶及其研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1986
- [14] 张重义, 陈慧, 杨艳会, 等. 连作对地黄根际土壤细菌群落多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2010, 21(11): 2843-2848
- [15] 钱存柔, 黄仪秀. 微生物学实验教程[M]. 北京: 北京大学出版社, 2008
- [16] 杨兰芳, 曾巧, 李海波, 等. 紫外分光光度计法测定过氧化氢酶活性[J]. 土壤通报, 2011, 42(1): 207-210
- [17] 徐文修, 罗明, 李银平, 等. 作物茬口对连作棉田土壤环境及棉花产量的影响[J]. 农业工程学报, 2011, 27(3): 271-275
- [18] 王轶, 邹莉, 王义. 凉水自然保护区原始阔叶红松林土壤微生物的主要生理类群及分布[J]. 东北林业大学学报, 2008, 36(3): 16-17
- [19] 陈慧, 郝慧荣, 熊君, 等. 地黄连作对根际微生物区系及土壤酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2007, 18(12): 2755-2759
- [20] 胡元森, 刘亚峰, 吴坤, 等. 黄瓜连作土壤微生物区系变化研究[J]. 土壤通报, 2006, 7(1): 126-129
- [21] 吴凤芝, 赵凤艳. 根系分泌物与连作障碍[J]. 东北农业大学学报, 2003, 34(1): 114-118
- [22] 马海燕, 徐瑾, 郑成淑, 等. 非洲菊连作对土壤理化性状与生物性状的影响[J]. 中国农业科学, 2011, 44(18): 3733-3740
- [23] Stella A E, Max D C. Effect of soybean plant populations in a soybean and maize rotation[J]. Agronomy Journal, 2001, 93: 396-403
- [24] Martin-Rueda L, Munoz-Guerra L M. Tillage and crop rotation effects on barley yield and soil nutrients on a Calcicortidic Haploxeralf[J]. Soil Till Res, 2007, 92: 1-9
- [25] Abu-Hamdeh N H. Compaction and subsoiling effects on corn growth and soil bulk density[J]. Soil Sci Soc Am J, 2003, 67(4): 1212-1218
- [26] Lynd L R, Laser M S. How biotech can transform biofuels[J]. Nat Biotech, 2008, 26: 169-172

责任编辑: 王燕华