

旱坡地间作群体对作物根际微生物数量的影响

安瞳昕¹, 湛方栋², 李 旺¹, 周 锋¹, 龚爱民³,
李 元², 吴伯志¹, 张连根¹

(1. 云南农业大学农学与生物技术学院, 云南 昆明 650201; 2. 云南农业大学资源与环境学院, 云南 昆明 650201;
3. 云南农业大学水利水电与建筑学院, 云南 昆明 650201)

摘 要: 研究了由玉米、草带、辣椒构成的不同间作群体对云南山区旱坡地土壤微生物数量的影响, 结果表明: 间作玉米和间作辣椒的草带根际微生物数量均高于其它间作和单作处理, 其草带的根际细菌、真菌、放线菌和自生固氮菌数量平均值分别是玉米顺坡单作和辣椒单作的 4.49 倍和 22.00 倍, 3.91 倍和 6.10 倍, 6.15 倍和 26.29 倍, 4.75 倍和 5.72 倍; 间作草带的玉米和辣椒其各类根际微生物数量均高于玉米和辣椒单作; 玉米间作辣椒行比为 4:4 和 6:6 模式的根际土壤微生物数量多于 2:2 模式。总的来说, 玉米间作辣椒、玉米间作草带和辣椒间作草带的根际土壤微生物数量均多于各作物单作, 为进一步改善旱坡地土壤根际微生物环境和明确间作群体根际土壤微生物效应提供了依据。

关键词: 玉米; 草带; 辣椒; 间作; 根际微生物
中图分类号: S182 **文献标志码:** A

Effects of intercropping system on rhizosphere microorganisms
in dry slopping land

AN Tong-xin¹, ZHAN Fang-dong², LI Wang¹, ZHOU Feng¹, GONG Ai-min³,
LI Yuan², WU Bo-zhi¹, ZHANG Lian-gen¹

(1. Faculty of Agronomy and Biolechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming, Yunnan 650201, China;
2. College of Resource and Environment, Yunnan Agricultural University, Kunming, Yunnan 650201, China;
3. College of Water Conservancy and Hydropower and Architecture, Yunnan Agricultural University, Kunming, Yunnan 650201, China)

Abstract: The effects of different intercropping groups composed of maize, grass strips and pepper on the number of soil microbes in dry slopes land of Yunnan mountain area were studied. The results showed that: The number of rhizosphere microbes of intercropping grass strips with pepper and maize was higher than that of other intercropping and monoculture treatments. The average number of rhizosphere bacteria, fungi, actinomycetes and azotobacter in the two kinds of intercropping grass strip patterns was 4.49 and 22.00 times, 3.91 and 6.1 times, 6.15 and 26.29 times, 4.75 and 5.72 times of that of downslope maize monoculture and pepper monoculture respectively. The number of rhizosphere microbes of maize and pepper intercropped with grass strips was higher than maize monoculture and pepper monoculture. The number of rhizosphere microbes of intercropping maize with pepper 4:4 and 6:6 was higher than that of 2:2. In a word, the amount of rhizosphere microbes of intercropping maize with pepper, maize with grass strips, and pepper with grass strips is higher than monoculture and it can provide the basis for further defining the effects of rhizosphere microbes on intercropping systems to improve soil microbial growth environment.

Keywords: maize; grass strip; pepper; intercropping; rhizospheric microorganism

1904 年德国生物学家 Lorenz Hiltner 首次提出根际概念, 他将根际定义为根系周围、受根系生长影响的土体。根际作为根系、土壤界面的一个微环境, 是土壤 - 根系 - 微生物三者紧密结合、相互影响的场

收稿日期:2016-07-06 修回日期:2016-09-19
基金项目:农村领域国家科技计划课题(2012BAD20B06 - 03); 国家自然科学基金项目(31660378); 云南省自然科学基金项目(2014FB144); 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2012ZX07102); 农业部公益性行业专项(201503119 - 03 - 03)
作者简介:安瞳昕(1974—), 男, 陕西西安人, 博士, 副教授, 主要从事山地农业水土保持与可持续发展研究。E-mail: tongxinan2012@163.com.
通信作者:张连根(1971—), 男, 云南普洱人, 讲师, 主要从事农业气象及农业灾害研究。E-mail: 842304905@qq.com.

所^[1-2]。在陆地生态系统中,植物是第一生产者,土壤微生物是有机质的分解者。植物将光合产物以根系分泌物和植物残体形式释放到土壤,供给土壤微生物碳源和能源;而微生物则将有机养分转化成无机养分,以利于植物吸收作用^[3-5]。大部分土壤微生物对作物生长发育是有益的,它们对土壤的形成发育、物质循环和肥力演变等均有重大影响,其主要作用有:形成土壤结构,分解有机质,固氮作用,调节植物生长等。受根际环境复杂性和研究方法的制约,前人对作物间作群体根际微生态系统的研究还十分的薄弱,主要侧重于作物间作群体土壤微生物数量与土壤养分及根系分泌物的关系的研究^[6-9],目前在山区旱坡地农业生产中,尚未见多样性间作群体土壤微生物的比较研究。本研究选择不同作物、品种进行搭配间作,研究坡耕地不同作物间作群体对土壤微生物的影响,为合理开发利用山地土壤环境资源,提高旱坡地作物系统生产力提供理论依据及技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2009 年 5 月至 10 月在云南省昆明市北郊云南农业大学教学科研试验农场进行,试验地地

理位置为:N25°18',E102°45',海拔 1 930 m。土壤质地为山地砂质红壤,试验地坡度为 10°。

1.2 供试作物及品种

玉米(*Zea mays* L.): 云端 8 号;辣椒(*Capsicum annuum* L.): 云南省通海县曲陀关长辣椒;非洲狗尾草(*Stapf Setaria viridis* L.)。

1.3 试验设计

试验设 8 个处理(A、B、C、D、E、F、G、H),三次重复,按随机区组设计,共 24 个试验小区,小区面积为 3×10 m²。处理:A,玉米∥辣椒等高种植(2:2);B,玉米∥辣椒等高种植(4:4);C,玉米∥辣椒等高种植(6:6);D,玉米∥草带等高种植;E,辣椒∥草带等高种植;F,玉米等高等行距单作;G,辣椒等高等行距单作;H,玉米顺坡等行距单作。

1.4 作物种植与管理

1.4.1 种植规格 各作物种植规格见表 1。试验地经 20~30 cm 深翻碎土后,等高处理均沿等高线开沟种植,顺坡处理采取打塘种植。5 月 30 日同时移栽玉米和辣椒,每穴移栽 2~3 株苗,玉米双株留苗,辣椒单株留苗。草带种植:在玉米和辣椒缓苗后,于 6 月 5 日在玉米和辣椒宽行种植草带,草种为非洲狗尾草,播种量为 50 g·m⁻²,每小区间作 7 带,每带宽 40 cm。

表 1 作物种植规格
Table 1 The crop planting specification

处理 Treatment	作物 Crop	密度 Density /(No. ·666.7m ⁻²)	行距 Line spacing/cm		穴距/cm Inter-plant distance	间距/cm Separation distance
			宽行 Wide line	窄行 Narrow line		
A	玉米 Maize	4356	110	40	45	30
	辣椒 Pepper	2133	107	45	40	
B	玉米 Maize	3111	190	40	45	35
	辣椒 Pepper	2844	100	45	40	
C	玉米 Maize	2489	260	40	45	30
	辣椒 Pepper	3200	100	40	40	
D	玉米 Maize	4356	110	40	45	30
	辣椒 Pepper	—		40	—	
E	玉米 Maize	2133	110	40	40	30
	辣椒 Pepper	—		40	—	
F	玉米-Maize	4356		75	45	—
G	辣椒-Pepper	3733		40	45	—
H	玉米-Maize	4356		80	40	—

注:玉米:育苗移栽;辣椒:育苗移栽;草带:直播;间距:两个不同作物相邻种植行之间的距离。
Note: Maize: seedling transplanting; Pepper: seedling transplanting; Grass strip: direct seeding. Distance: the distance between two different crops.

1.4.2 田间管理 不同处理各作物田间管理措施均保持一致。

玉米:第一次在苗期(拔节期)追施苗肥(尿素:

150 kg·hm⁻²),第二次在大喇叭口期追施穗肥(尿素:300 kg·hm⁻²)。追肥时在距根部 5 cm 左右处破膜施入尿素。

辣椒:第一次在辣椒现蕾期施用复合肥 150 kg·hm⁻²,壅施;第二次在门椒长到 3 cm 左右时施复合肥(氮磷钾含量分别为 25%、10% 和 5%)450 kg·hm⁻²。

草带:于 7 月 20 日和 8 月 20 日刈割两次,每次刈割后追施尿素 150 kg·hm⁻²。

1.5 根际土壤微生物测定

在作物生长中期(玉米开花授粉时),分处理采取间作和单作玉米、辣椒、草带根系鲜样,轻轻抖动,除去粘附在根表面的土壤后,将根置于盛有 100 mL 无菌水的三角瓶中,振荡 15 min,获得作物根际土壤悬浊液,用于根际微生物的测定。

分别采用牛肉膏蛋白胨培养基、改良高氏一号、马丁氏培养基和阿须贝无氮培养基,分离土壤中的细菌、放线菌、真菌和自生固氮菌,采用稀释平板法,细菌、放线菌、真菌和自生固氮菌分别培养 2、7、3 和 5 天后计数^[10]。

将滤纸放在 105℃ 的烘箱中,烘 6~8 h 至恒重,用以滤根际土悬浊液。根际土采取与滤纸相同的处理方式,烘干至恒重,得到根际土的干重,从而获得微生物计数的基本单位 cfu·g⁻¹干土 (cfu, colony forming unit)。

计算公式为:根际微生物数量 = Cf_u (colony - forming units)指菌落形成单位。

1.6 试验数据处理

对所得的数据用 Excel 2007 和 SPSS 18.0 等应用软件进行数据计算、整理、统计分析,利用 Duncan 法对数据进行差异性检验。

2 结果与分析

2.1 间作群体对作物根际土壤细菌数量的影响

由表 2 可知:间作处理 A、B、C、D 的玉米根际土壤细菌数量均显著高于处理 H,分别为 H 处理的 1.55 倍、2.59 倍、2.47 倍和 4.56 倍,平均为 H 处理的 2.79 倍;等高单作 F 处理也显著 ($P < 0.05$) 高于 H 处理,为其 1.53 倍;在所有间作群体中,间作草带处理 D 的玉米根际土壤细菌数量最多,三个不同行比间作的玉米根际土壤细菌数量处理 B、C 多于 A。间作群体辣椒根际土壤细菌数量与 G 处理差异均达到极显著 ($P < 0.01$) 水平,处理 A、B、C、E 分别为处理 G 的 4.88 倍、7.55 倍、7.63 倍和 11.60 倍,平均是 G 处理的 7.80 倍,间作草带处理 E 的辣椒根际土壤细菌数量最多,在不同行比的玉米辣椒间作群体

中,行比为 4:4 处理 B 和 6:6 处理 C 的玉米根际土壤细菌数量多于 2:2 处理 A。在所有间作群体中,间作辣椒处理 E 的草带根际土壤细菌数量最多,分别为玉米顺坡单作和辣椒单作的 6.11 倍和 29.95 倍,E、D 两个处理的草带细菌数量平均为玉米顺坡单作和辣椒单作的 4.49 倍和 22.00 倍。说明与单作相比,间作群体有利于改善作物根际土壤细菌环境。玉米间作草带和辣椒间作草带的效果更明显。

表 2 各处理下作物根际土壤细菌数量/(× 10⁸ cfu·g⁻¹)

Table 2 Soil bacteria quantity of different treatments			
处理 Treatments	玉米 Maize	辣椒 Pepper	草带 Grass strip
A	3.03bA	1.95bB	—
B	5.08cB	3.02bBC	—
C	4.84cB	3.05bBC	—
D	8.94dC	—	5.62
E	—	4.46cC	11.98
F	3.00bA	—	—
G	—	0.40aA	—
H	1.96aA	—	—
F 值 F value	62.59* *	14.69* *	—

注:同列(或同行)中不同小写字母和 * 表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著,不同大写字母和 * * 表示在 $P < 0.01$ 水平上差异极显著。下同。

Note: Different small letters and * indicate significant differences among treatments at $P < 0.05$, capitals and * * indicate significant differences among treatments at $P < 0.01$.

2.2 间作群体对作物根际土壤真菌数量的影响

由表 3 可知:间作处理 B、D 玉米根际土壤真菌数量与 H 处理差异均达到极显著 ($P < 0.01$) 水平,处理 A、C、F 与 H 处理差异均未达到显著 ($P < 0.05$) 水平;间作群体、玉米等高种植 F 的根际土壤真菌数量均高于处理 H,分别为 H 处理的 1.64 倍、2.53 倍、1.58 倍、3.84 倍和 1.09 倍,间作处理平均是 H 处理的 2.40 倍;在所有间作群体中,间作草带处理 D 的玉米根际土壤真菌数量最多;在不同行比的玉米辣椒间作群体中,行比为 4:4 的玉米根际土壤真菌数量最多。间作群体辣椒根际土壤真菌数量与辣椒单作 G 处理差异均达到显著 ($P < 0.05$) 水平,处理 A、B、C、E 分别为处理 G 的 3.77 倍、5.27 倍、4.94 倍和 5.67 倍,平均是 G 处理的 4.91 倍,间作草带处理 E 的辣椒根际土壤真菌数量最多;在不同行比的玉米辣椒间作群体中,行比为 4:4、6:6 处理的玉米根际土壤真菌数量多于 2:2 处理。间作辣

椒 E 处理、间作玉米 D 处理的草带根际土壤真菌数量平均为玉米顺坡单作 H 和辣椒单作 G 的 3.91 倍和 6.10 倍。说明与单作相比,间作群体有利于改善作物根际土壤真菌环境。玉米间作草带和辣椒间作草带的效果更好。

表 3 各处理下作物根际土壤真菌数量/(× 10⁸ cfu·g⁻¹)

Table 3 Soil fungus quantity of different treatments

处理 Treatments	玉米 Maize	辣椒 Pepper	草带 Grass strip
A	14.86abcA	21.89b	—
B	22.93cB	30.61b	—
C	14.29abcA	28.71b	—
D	34.74dC	—	43.48
E	—	32.96b	27.37
F	9.82abA	—	—
G	—	5.81a	—
H	9.05aA	—	—
F 值 F value	31.06* * *	5.92*	—

2.3 间作群体对作物根际土壤放线菌数量的影响

由表 4 可知:间作处理 D 玉米根际土壤放线菌数量与 H 处理差异达到显著($P < 0.05$)水平,处理 A、B、C、F 与 H 处理差异均未达到显著($P > 0.05$)水平;除处理 A 外,间作群体、玉米等高种植 F 处理根际土壤放线菌数量均高于玉米顺坡种植处理 H,处理 B、C、D、F 分别为 H 处理的 1.11 倍、1.06 倍、1.94 倍和 1.35 倍,间作处理平均是 H 处理的 1.37 倍;在所有间作群体中,间作草带 D 处理的玉米根际土壤放线菌数量最多;在不同行比的玉米辣椒间作群体中,行比为 4:4 处理 B 和 6:6 处理 C 的玉米放线菌数量多于 2:2 处理 A。间作群体辣椒根际土壤放线菌数量处理 C 和 E 与处理 G 差异均达到极显著($P < 0.01$)水平;处理 A、B、C、E 根际土壤放线菌数量均高于处理 G,分别为处理 G 的 4.41 倍、4.01 倍、6.05 倍和 20.34 倍,平均是 G 处理的 8.70 倍,间作草带的辣椒放线菌数量极显著高于其它处理;在不同行比的玉米辣椒间作群体中,行比为 6:6 处理 C 的玉米根际土壤放线菌数量最多。间作玉米 D 处理草带根际土壤放线菌数量高于间作辣椒 E 处理,D 处理和 E 处理草带根际土壤放线菌数量平均为玉米顺坡单作和辣椒单作的 6.15 倍和 26.29 倍。说明与单作相比,间作群体有利于改善作物根际土壤放线菌环境。玉米间作草带和辣椒间作草带的效果更好,草带间作群体环境更有利于根际土壤放线菌

的形成。

表 4 各处理下作物根际土壤放线菌数量/(× 10⁷ cfu·g⁻¹)

Table 4 Soil actinomycetes quantity of different treatments

处理 Treatments	玉米 Maize	辣椒 Pepper	草带 Grass strip
A	6.84a	8.11abAB	—
B	8.73a	7.37abAB	—
C	8.35a	11.14bB	—
D	15.25b	—	79.71
E	—	37.42cC	17.03
F	10.62a	—	—
G	—	1.84aA	—
H	7.86a	—	—
F 值 F value	4.69*	52.86* *	—

2.4 间作群体对作物根际土壤自生固氮菌数量的影响

由表 5 可知:所有间作处理、玉米等高种植处理 F 玉米根际土壤自生固氮菌数量与 H 处理差异均达到极显著($P < 0.01$)水平,处理 D 与处理 A、C、F 差异均达到显著($P < 0.05$)水平;各间作处理、玉米等高种植 F 根际土壤自生固氮菌数量均高于玉米顺坡种植 H,处理 A、B、C、D、F 分别为 H 处理的 1.66 倍、1.94 倍、1.85 倍、2.19 倍和 1.51 倍,间作处理平均是 H 处理的 1.87 倍;在所有间作群体中,间作草带 D 的玉米根际土壤自生固氮菌数量最多;在不同行比的玉米辣椒间作群体中,行比为 4:4 的 B 处理和 6:6 的 C 处理玉米根际土壤自生固氮菌数量多于 2:2 处理 A。除 A 处理外,间作群体辣椒根际土壤自生固氮菌数量与 G 处理差异均达到极显著($P < 0.01$)水平,处理 E 与其它处理差异也均达到极显著($P < 0.01$)水平;间作处理 A、B、C、E 根际土壤自生

表 5 各处理下作物根际土壤自生固氮菌数量/(× 10⁸ cfu·g⁻¹)

Table 5 Soil free-living nitrogen-fixer quantity of different treatments

处理 Treatments	玉米 Maize	辣椒 Pepper	草带 Grass strip
A	6.17bB	5.74aAB	—
B	8.11cdC	9.15bBC	—
C	7.70cBC	10.16bC	—
D	9.15dC	—	28.08
E	—	18.45cD	11.52
F	6.29bB	—	—
G	—	3.46aA	—
H	4.17aA	—	—
F 值 F value	23.38* *	40.26* *	—

固氮菌数量均高于处理 G, 分别为处理 G 的 1.66 倍、2.64 倍、2.94 倍和 5.33 倍, 平均是 G 处理的 3.14 倍; 在不同行比的玉米辣椒间作群体中, 行比为 4:4 处理 B、6:6 处理 C 的玉米根际土壤自生固氮菌数量高于 2:2 处理 A。玉米间作 D 处理草带根际土壤自生固氮菌数量高于辣椒间作 E 处理, 二者自生固氮菌数量平均为玉米顺坡单作 H 和辣椒单作 G 的 4.75 倍和 5.72 倍。说明与单作相比, 间作群体有利于改善作物根际土壤自生固氮菌环境, 玉米间作草带和辣椒间作草带的效果更好。

3 讨 论

有研究表明, 小麦与蚕豆间作对小麦根际微生物数量表现为增加作用, 但对蚕豆根际微生物的影响相反^[11-13], 而本研究中, 玉米间作辣椒各作物的土壤根际微生物数量均有所增加, 与草带间作的玉米其各种根际微生物数量均较多。也有研究表明间作体系中的玉米、大豆根际土壤微生物数量、根际土壤酶活性均显著高于相应单作^[14]。间作体系中玉米获得间作优势, 养分利用率提高主要是因为根际土壤养分有效性的提高, 而根际土壤养分有效性的提高受根际土壤中微生物数量和酶活性的影响, 这与本研究间作群体作物根际微生物数量多于作物单作结果一致。不过以上研究均是在盆栽条件下进行的, 而本试验研究结果是在大田环境中获得的, 对其进行了补充和验证。有人研究^[15]小麦间作蚕豆、玉米间作蚕豆和小麦间作玉米对作物根际细菌群落结构的影响表明: 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, 小麦与蚕豆间作对根际细菌群落结构的影响最为突出, 作物花期时小麦与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为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^[15]。而本研究也发现, 玉米间作辣椒、玉米间作草带、辣椒间作草带不同间作群体各作物土壤根际微生物数量比单作的增加量各不相同, 其中与草带间作的玉米、辣椒以及草带本身的微生物数量更多, 这可能是因为草带地表覆盖度最大, 为根际土壤微生物创造了更为适宜的土壤水气热等环境条件。有大田试验研究表明: 与单作相比, 间作能显著增加玉米和花生根际的土壤细菌数量; 间作花生根际土壤的真菌和放线菌数量与单作无显著差异; 间作玉米根际土壤真菌和放线菌数量比单作明显提高^[16-18]。本研究玉米间作草带、辣

椒间作草带和玉米间作辣椒不同行比模式中, 间作草带的玉米和辣椒土壤根际微生物数量高于其它模式, 4:4 和 6:6 玉米辣椒间作群体作物根际微生物数量总体高于 2:2 间作, 这可能是因为不同作物和不同行比间作形成不同的作物田间结构、植被覆盖度、坡地降水径流量^[19]、土层蒸发量和土壤湿度不同, 土层结构发生变化, 微生物活动环境有所差异。

本研究采用不同作物搭配成间作群体, 初步研究了作物在间作和单作条件下各类土壤微生物数量变化情况, 对旱坡地土壤根际微生物环境改善进行了有益的探索, 同时, 对坡耕地土壤微生物种类、数量与外在环境的变化以及与土壤养分的关系有待进一步研究。

4 结 论

总体研究表明, 在旱坡地上, 玉米间作辣椒(不同行比)、玉米间作草带和辣椒间作草带的作物根际细菌、真菌、放线菌和自身固氮菌数量比玉米、辣椒单作均有所增加, 而且玉米间作草带和辣椒间作草带的微生物数量增加效果更明显, 玉米间作辣椒行比为 4:4 和 6:6 模式的根际土壤微生物数量多于 2:2 模式, 几种间作模式均有利于土壤根际微生物环境的改善。

参 考 文 献:

[1] Hiltner L. Über neue erfahrungen und probleme auf dem gebiete der bodenbakteriologie [J]. Arbeiten Der Deutschen Landwirtschaft Geseuschaft, 1904,9(8):59-78.

[2] Butler J L, Williams M A, Bottomley P J, et al. Microbial community dynamics associated with rhizosphere carbon flow[J]. Applied Environment Microbiology, 2003,6(9):6793-6800.

[3] 陆雅海, 张福锁. 根际微生物研究进展[J]. 土壤, 2006, 38(2): 113-121.

[4] 夏海勇, 薛艳芳, 孟维伟, 等. 间套作体系作物 - 土壤铁和锌营养研究进展[J]. 应用生态学报, 2015, 26(4): 1263-1270.

[5] 张萌萌, 敖红, 李鑫, 等. 桑树/苜蓿间作对根际土壤酶活性和微生物群落多样性的影响[J]. 草地学报, 2015, 23(2): 302-309.

[6] P Marschner. Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 11(33): 1437-1445.

[7] Minghua Song, Xingliang Xu, Qiwu Hu, et al. Interactions of plant species mediated plant competition for inorganic nitrogen with soil microorganisms in an alpine meadow[J]. Plant and Soil, 2007, 290(1-2): 127-137.

[8] Kardol P, Comips N J, van Kempen M M L, et al. Microbe-mediated plant-soil feedback causes historical contingency effects in plant community assembly[J]. Ecological monographs, 2007, 77(2): 147-162.

用水措施才能满足新疆可持续发展的要求。

4) 生态赤字预测结果为:新疆从 2015—2025 年十年间水资源仍然处于赤字状态,生态赤字 2015 年为 $-3.492\text{ hm}^2\cdot\text{人}^{-1}$,逐年减少至 $-7.7679\text{ hm}^2\cdot\text{人}^{-1}$ 。说明今后的形势仍较严峻。

综上所述,新疆水资源利用情况一直处于不可持续状态,所以做好水资源合理利用与开发工作是未来新疆发展的重中之重。一方面优化水资源配置,防止水质污染,实行全面节水;另一方面增加水资源的重复利用率,完善相关的法律体系,建立合理的水资源管理制度。

参 考 文 献:

[1] 马 静,汪献猷,来海亮,等.中国区域水足迹的估算[J].资源科学,2005,27(5):96-100.

[2] Rees W E. Ecological footprints and appropriated carrying capacity: what urban economics leaves out[J]. Environment and urbanization, 1992,4(2):121-130.

[3] Wackernagel M, Rees W E. Perceptual and structural barriers to investing in natural capital: Economics from an ecological footprint perspective[J]. Ecological economics, 1997,20(1):3-24.

[4] Rees W E. Revisiting carrying capacity: area-based indicators of sustainability[J]. Population and environment, 1996,17(3):195-215.

[5] 马 晶,彭 建.水足迹研究进展[J].生态学报,2013,33(18):5458-5466.

[6] 黄林楠,张伟新,姜翠玲,等.水资源生态足迹计算方法[J].生态学报,2008,28(3):1279-1286.

[7] 王文国,何明雄,潘 科,等.四川省水资源生态足迹与生态承载力的时空分析[J].自然资源学报,2011,26(9):1555-1565.

[8] 徐中民,张志强,等.甘肃省 1998 年生态足迹计算与分析[J].地理学报,2000,55(5):608-616.

[9] 韩照祥,吴丹丹,吴 珏,等.江苏沿海地区淡水资源水生态足迹的动态变化[J].淮海工学院学报,2012,21(2):34-38.

[10] 李玉平,朱 琛,朱金亮,等.资源型城市邢台市生态足迹核算

与预测研究[J].水土保持研究,2013,20(4):48.

[11] 邱 微,樊庆铎,赵庆良,等.黑龙江省水资源生态承载力计算[J].哈尔滨工业大学学报,2010,42(6):1000-1003.

[12] 王新华,徐中民,龙爱华.中国 2000 年水足迹的初步计算分析[J].冰川冻土,2005,27(5):774-780.

[13] 卞 羽,洪 伟,陈 燕,等.福建水资源生态足迹分析[J].福建林学院学报,2010,30(1):1-5.

[14] 黄 晶,宋振伟,陈 阜.北京市水足迹及农业用水结构变化特征[J].生态学报,2010,30(23):6546-6554.

[15] 新疆维吾尔自治区统计局.2005—2014 年新疆维吾尔自治区水资源公报 [DB/OL]. http://www.xjtj.gov.cn/sjcx/tjgb_3414/.html,2010-09-13/2010-11-13.

[16] 新疆维吾尔自治区统计局.2005—2014 年新疆维吾尔自治区统计年鉴 [DB/OL]. http://www.xjtj.gov.cn/sjcx/tjnj_3415/.html,2010-09-13/2010-11-13.

[17] 徐建华.现代地理学中的数学方法[M].北京:高等教育出版社,2002:37-69.

[18] 邓聚龙.灰色系统理论教程[M].武汉:华中理工大学出版社,1990.

[19] 王文欣,徐华君,王丹彤.阿克苏地区水资源生态足迹核算与预测研究[J].安徽农业科学,2015,43(1):227-229.

[20] 赵国华,翟国静,何 平,等.廊坊市区域现状水资源承载力分析[J].水土保持研究,2009,16(1):245-249.

[21] 王重玲,朱志玲,王梅梅,等.基于生态服务价值的宁夏隆德县生态补偿研究[J].水土保持研究,2014,21(1):208-212.

[22] 杨 越,哈 斯,杜会石,等.基于 RS 和 GIS 的宁夏盐池县土地利用变化对生态系统服务价值的影响[J].水土保持研究,2014,21(5):100-105.

[23] 杨艳昭,张伟科,刘登伟.内蒙古水土资源平衡及其水资源承载能力[J].干旱区地理,2008,31(3):436-441.

[24] 孟丽红,叶志平,袁素芬,等.江西省 2007—2011 年水资源生态足迹和生态承载力动态特征[J].水土保持通报,2015,35(1):256-261.

[25] 谭秀娟,郑钦玉.我国水资源生态足迹分析与预测[J].生态学报,2009,29(7):3559-3568.

[26] 李文华,张 彪,谢高地.中国生态系统服务研究的回顾与展望[J].自然资源学报,2009,24(1):1-10.

(上接第 106 页)

[9] 吴 娜,刘吉利,鲁 文.马铃薯/燕麦间作对根际土壤微生物数量的影响[J].西北农业学报,2015,24(5):163-167.

[10] 中国科学院南京土壤研究所微生物室.土壤微生物研究法[M].北京:科学出版社,1985:4.

[11] 魏兰芳,董 艳,汤 利,等.小麦蚕豆间作条件下不同施氮量对作物根际微生物数量的影响[J].云南农业大学学报,2008,23(3):368-374.

[12] 董 艳,董 坤,汤 利,等.小麦蚕豆间作对蚕豆根际微生物群落功能多样性的影响及其与蚕豆枯萎病发生的关系[J].生态学报,2013,33(23):7445-7454.

[13] 董 艳,汤 利,郑 毅,等.小麦-蚕豆间作条件下氮肥施用量对根际微生物区系的影响[J].应用生态学报,2008,19(7):1559-1566.

[14] 刘均霞,陆引罡,远红伟,等.玉米、大豆间作对根际土壤微生

物数量和酶活性的影响[J].贵州农业科学,2007,35(2):60-61,64.

[15] 宋亚娜,MARSCHNER Petr,张福锁,等.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[J].生态学报,2006,26(7):2268-2274.

[16] 章家恩,高爱霞,徐华勤,等.玉米/花生间作对土壤微生物和土壤养分状况的影响[J].应用生态学报,2009,20(7):1597-1602.

[17] 蔡秋华,左进香,李忠环,等.抗性烤烟品种根际微生物数量及功能多样性差异[J].应用生态学报,2015,26(12):3766-3772.

[18] 覃潇敏,郑 毅,汤 利,等.玉米与马铃薯间作对根际微生物群落结构和多样性的影响[J].作物学报,2015,41(6):919-928.

[19] 安瞳昕,李彩虹,吴伯志,等.玉米不同间作方式对坡耕地水土流失的影响[J].水土保持学报,2007,21(5):18-20.