

旱地燕麦间作对土壤酶活性、微生物
含量及产量的影响

王庆宇¹,李立军¹,阮 慧²,周红生³,李晓婷¹

(1.内蒙古农业大学农学院,内蒙古 呼和浩特 010010;2.南京农业大学农学院,江苏 南京 210095;
3.西北农林科技大学植物保护学院,陕西 杨凌 712100)

摘 要:本文通过研究内蒙古旱作区禾本科、豆科及茄科间作对土壤生物性状的影响,旨在揭示燕麦(*Avena sativa* Linn)与不同作物间作及其单作在土壤酶活性、微生物量及土地当量比(*LER*)等方面的优势机理。本试验设置燕麦、黑豆(*Glycinemax*(L.)merr)、苜蓿(*Medicago sativa*)、马铃薯(*Solanum tuberosum* L)单作和黑豆间作燕麦、苜蓿间作燕麦、马铃薯间作燕麦共 7 个处理,探讨各处理对上述各指标的影响。结果表明:燕麦间作黑豆土地当量比最高,2015 年和 2016 年分别为 1.62 和 1.65。燕麦间作黑豆土壤脲酶活性和蔗糖酶活性较苜蓿间作燕麦、马铃薯间作燕麦显著提高了 5.00%~51.61%和 5.73%~52.29%。2015 年和 2016 年播种后 75 d 苜蓿间作燕麦土壤过氧化氢酶活性显著高于黑豆间作燕麦,分别提高了 29.47%和 40.56%。黑豆间作燕麦对比其他两间作处理土壤微生物的生物量碳、氮含量分别显著提高了 2.70%~17.89%和 11.36%~26.47%,土壤脲酶活性提高了 1.51%~55.22%,蔗糖酶活性提高了 5.73%~52.29%,是该地区最优的间作模式。

关键词:燕麦;间作;土壤酶活性;土地当量比;产量;旱地

中图分类号:S512.6;S344.2 **文献标志码:**A

Effects of intercropping of oat on soil enzyme activity,
microbial content and yield in arid land

WANG Qing-yu¹, LI Li-jun¹, RUAN Hui², ZHOU Hong-sheng³, LI Xiao-ting¹

(1.College of Agricultural Sciences, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot, Inner Mongolia 010010, China;
2.College of Agriculture Sciences,Nanjing Agricultural University,Nanjing, Jiangsu 210095, China;
3.College of Plant Protection,Northwest A&F University,Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: In this paper, the effects of intercropping of gramineae, leguminous and solanaceae on soil biological characters were studied in arid farming area in Inner Mongolia, in order to reveal the dominant mechanism of oat (*Avena sativa* Linn) on soil enzyme activity, microbial biomass, and land equivalent ratio(*LER*) compared with intercropping of different crops. There were 7 treatments including sole crop of oat, black bean (*Glycinemax* (L.) merr), alfalfa (*Medicago sativa*), potato (*Solanum tuberosum* L) and intercropping of black bean with oats, alfalfa with oats and potato with oats. The advantages of this mechanism were analyzed for the nature of indicators such as soil enzyme activity and land equivalent ratio. The results showed that the highest equivalent ratio of black bean land was 1.62 and 1.65 in 2015 and 2016, respectively. The soil urease activity and invertase activity of black bean intercropped with oats were significantly increased by 5.00%~51.61% and 5.73%~52.29% compared with alfalfa with oats and potato with oats. The soil catalase activity of alfalfa with oats was significantly higher than that of black bean with oats, 29.47% and 40.56% in 2015 and 2016, respectively. The carbon and nitrogen contents in soil microbial biomass were significantly increased by 2.70%~17.89% and 11.36%~26.47% by the black bean with oat

intercropping in those two years. The soil urease activity was increased by 1.51%~55.22% and the sucrase activity was increased by 5.73%~52.29%. Thus, it is the best intercropping mode in the region and can provide theoretical basis.

Keywords: oat; intercropping; soil enzyme activity; land equivalent ratio; yield; arid land

土壤酶在土壤新陈代谢中起着重要作用,其多数来源于土壤微生物残体,一部分也来源于动、植物,与土壤理化性质、土壤类型、施肥、耕作以及其他农业措施等密切相关,在土壤物质循环和能量转化过程中尤为重要。土壤酶活性能反映土壤生物活性和土壤生化反应强度,且土壤酶对外界环境变化敏感,是评价土壤肥力、土壤质量及土壤健康的重要生化指标^[1-5]。因此可以将土壤酶的活性作为量化指标,用于研究其对不同作物间作的响应。不同栽培作物种类以及耕作方式对土壤酶活性的影响一直是近年来的研究热点^[6],研究表明禾豆间作可以提高禾本科作物地上部分生物产量,不同程度地提高作物产量^[7-8]。目前研究多集中于禾本科与豆科间作的养分利用效率,内蒙古地区除禾本科与豆科间作外,更缺少禾本科与马铃薯、禾本科与茄科及各种间作效应间的比较研究^[9-10]。张向前等^[11]研究表明,在不施肥条件下玉米间作和单作土壤转化酶活性差异显著,在施肥条件下间作和单作土壤转化酶和磷酸酶活性差异显著。Getachew Agegnehu 等人^[12]在埃塞俄比亚间作种植小麦和蚕豆研究结果表明,混合间作对比单作可以增加土地

当量比 3%~22%,同时可以增加蚕豆和小麦的籽粒产量,减少杂草和病害压力。

本研究采用小区条带间作,通过对比研究黑豆间作燕麦,苜蓿间作燕麦,马铃薯间作燕麦,以及以上 4 种作物单作对土壤脲酶活性、过氧化氢酶活性、蔗糖酶活性的影响。通过分析 2015 年和 2016 年 3 种间作模式下土壤酶活性的差异及其对产量的影响,揭示间作在提高土壤酶活性和微生物生物量方面的优势机理,为间作系统的增产稳产提供理论依据,有利于内蒙古地区间作栽培模式的推广和土地利用效率的提高。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验于 2015–2016 年在内蒙古自治区凉城县进行,该地区地处北纬 40°29′~40°32′,东经 112°28′~112°30′之间,为阴山南麓,属中温带半干旱大陆性季风气候区,年均日照时数 3 026 h,年均有效积温 2 600℃,无霜期平均 120 d。降水主要集中在 7、8 月份,蒸发量是降水量的 4.94 倍。试验地土壤类型为山地草原草甸土,土壤基础养分情况见表 1。

表 1 试验地土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of soil in the experimental area

土层/cm Soil layer	容重/(g·cm ⁻³) Bulk density	全氮/(g·kg ⁻¹) Total N	全磷/(g·kg ⁻¹) Total P	全钾/(g·kg ⁻¹) Total K	速效磷/(g·kg ⁻¹) Available P	速效钾/(g·kg ⁻¹) Available K	有机质/(g·kg ⁻¹) Organic matter
0~30	1.74	0.53	0.61	15.32	19.33	90.65	13.57

1.2 供试材料

燕麦:白燕 2 号;马铃薯:荷兰 14 号;苜蓿:草原 1 号;黑豆:大粒黑。

肥料:磷酸二铵(含氮量为 18%,含 P₂O₅量为 46%);马铃薯复合肥(N:P₂O₅:K₂O=17:6:22)。

1.3 试验设计

试验采用随机区组设计,共 7 个处理,分别为:苜蓿间作燕麦、马铃薯间作燕麦、黑豆间作燕麦、马铃薯单作、燕麦单作、苜蓿单作、黑豆单作。各处理重复 5 次。试验设计见表 2。

小区面积为 6 m×6 m=36 m²,小区间隔 0.5 m,过道 1 m,种植模式采用带状间作,燕麦条带宽 1 m,黑豆、马铃薯、苜蓿条带均宽 1.2 m。黑豆行距 0.3

m,株距 0.35 m;马铃薯行距 0.4 m,株距 0.55 m;苜蓿行距 0.3 m,燕麦行距 0.2 m。燕麦与苜蓿均为条播,黑豆、马铃薯为点播。燕麦与黑豆、马铃薯、苜蓿间作的条带间距均为 0.2 m。马铃薯种肥为复合肥,施用量为 450 kg·hm⁻²;其余各处理以磷酸二铵为种肥,施用量为 150 kg·hm⁻²。人工播种,燕麦、马铃薯、苜蓿、黑豆播种量分别是 150、2 700、45、120 kg·hm⁻²。试验期间不追肥、不灌水。田间管理与当地大田管理一致。

1.4 测定指标及方法

1.4.1 土壤取样方法 在各处理每种作物的各条带采集土样,每带取样深度为 0~30 cm,每带均在垄上和垄间各取 2 个点充分混合^[13]。鲜土取回后立

表 2 试验设计
Table 2 Experiment design

处理 Treatment	代码 Code	间作模式 Intercropping mode
燕麦间作黑豆 Intercropping oat with black bean	Y H	燕麦条带宽 1 m, 黑豆条带宽 1.2 m, 条带间距 0.2 m Bandwidth of oat bars is 1m, black bean strip bandwidth is 1.2 m, strip spacing is 0.2 m
燕麦间作马铃薯 Intercropping oat with potato	Y M	燕麦条带宽 1 m, 马铃薯条带宽 1.2 m, 条带间距 0.2 m Bandwidth of oat bars is 1 m, potato band- width is 1.2 m, strip spacing is 0.2 m
燕麦间作苜蓿 Intercropping oat with alfalfa	Y X	燕麦条带宽 1 m, 苜蓿条带宽 1.2 m, 条带间距 0.2 m Bandwidth of oat bars is 1 m, bandwidth of alfalfa strip is 1.2 m, strip spacing is 0.2 m
黑豆 Sole black bean	H	行距 0.3 m, 株距 0.35 m Row spacing is 0.3 m, plant spacing is 0.35 m
燕麦 Sole oat	Y	行距 0.2 m, 条播 Row spacing is 0.2 m, drilling
马铃薯 Sole potato	M	行距 0.4 m, 株距 0.55 m Row spacing is 0.4 m, plant spacing is 0.55 m
苜蓿 Sole alfalfa	X	行距 0.3 m, 条播 Row spacing is 0.3 m, drilling

即将样品分为 2 份,1 份置于-5℃冰箱内保存,用于测试微生物生物量碳、氮;另 1 份自然风干,用于测试土壤酶活性。

1.4.2 土壤取样时间 分别于生长旺盛期、收获期取土样,第 1 次取样为播种后 75 d,此时燕麦处于灌浆期,黑豆、马铃薯处于开花期,苜蓿处于现蕾期;收获期于各作物籽粒、块茎成熟待收获或牧草刈割之前 3~5 d 取样。

1.4.3 土壤酶活性测定 土壤脲酶采用靛酚比色法测定;蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定;过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法测定^[14]。

1.4.4 土壤微生物生物量测定 土壤微生物生物量碳(SMB-C)、土壤微生物生物量氮(SMB-N)采用氯仿熏蒸法^[15]测定。

1.4.5 土地当量比测定 在间作系统的研究中,经常用土地当量比(land equiva ratio,LER)作为评定间作优势的指标,它可用于表示间作系统内物种对资源利用的竞争性大小,公式定义如下: $LER = Y_{im}/Y_{sm} + Y_{ia}/Y_{sa}$ 。式中,Y 表示产量,i 表示间作,s 表示单作,m 和 a 分别表示间作的两种作物。例如黑豆与燕麦间作, Y_{im} 表示间作黑豆产量, Y_{sm} 表示单作黑豆产量, Y_{ia} 表示间作燕麦产量, Y_{sa} 表示单作燕麦产

量。当 LER 值等于 1 时,表示两个品种间作和该两个品种单作产量相当,对同一有限资源有相等的利用能力;当 LER>1,间作互补作用大于竞争作用,具有间作的产量优势,LER>1 的幅度愈高,增产效益愈大;当 LER<1 时,表明间作的拮抗,在间作系统中,种间竞争大于种间促进作用,没有间作优势^[16]。

1.4.6 产量测定 收获期,燕麦、苜蓿每小区随机取 1 m²样方,黑豆和马铃薯每小区取 6 m²样方测定籽粒、块茎、鲜草产量,马铃薯按干物质含量为 16.67%计算块茎产量与其他作物进行比较。苜蓿取花后苜蓿含水量 77.5%折算为干草产量。

1.5 数据分析

试验数据采用 Microsoft Excel 2003 进行处理,SAS 9.0 进行方差分析。

2 结果与分析

2.1 不同间作模式对土壤酶活性的影响

土壤脲酶活性通常可以表征土壤氮素利用情况^[17],脲酶是土壤中最活跃的水解酶类之一,它能水解施入土壤中的尿素,释放出供作物利用的铵^[18]。由图 1 可知,2015 年的土壤脲酶活性均较 2016 年高,但同时期各处理土壤脲酶活性变化趋势一致,均表现为 Y || H>Y || M>Y || X>Y>M>H>X,即 2015 年和 2016 年播种后 75 d Y || H 的土壤脲酶活性均显著高于其他处理。2015 年播种后 75 d 和收获期 Y || H、Y || M、Y || X 的土壤脲酶活性分别较最低的 X 高出 86.08%、77.22%、67.09% 和 83.56%、80.82%、46.58%;2016 年 Y || H、Y || M、Y || X 的土壤脲酶活性较最低的 X 分别高出 88.00%、49.33%、24.00% 和 235.48%、193.55%、116.13%。

蔗糖酶广泛存在于土壤中,属于水解酶类,常被用来表征土壤的熟化程度和肥力水平^[19]。由图 2 可知,2015 年土壤蔗糖酶活性均较 2016 年高,但同时期各处理土壤蔗糖酶活性变化趋势一致,均表现为 Y || H>Y || M>H>M>Y || X>Y>X,即 2015 年和 2016 年播种后 75 d Y || H 的土壤蔗糖酶活性显著高于其他处理。2015 年播种后 75 d 和收获期 Y || H、Y || M、Y || X 土壤蔗糖酶活性较最低的 X 处理分别高出 95.05%、75.95%、28.07% 和 105.23%、86.08%、38.01%;而 2016 年三种间作处理在播种后 75 d 的土壤蔗糖酶活性较最低的 X 分别高出 37.68%、30.22%、6.47%,在收获期 Y || H 和 Y || M 比 X 分别高出 41.62%、20.91%,而 Y || X 比 X 低 4.14%。

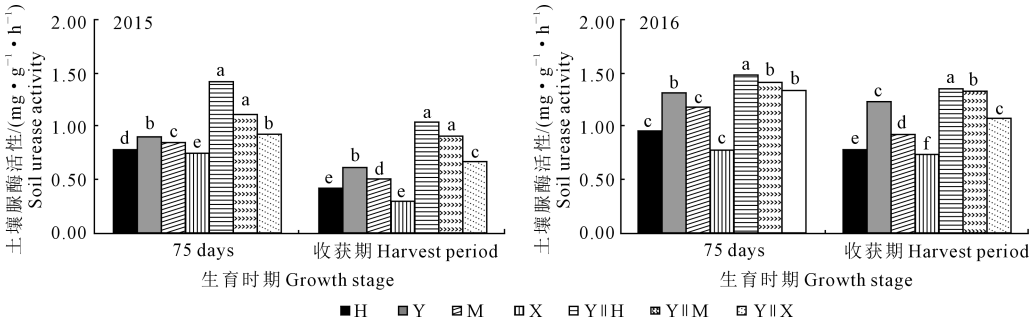
土壤过氧化氢酶是分解土壤生化反应中生成的 H₂O₂,减轻土壤一些理化反应对植物伤害的一种

保护酶^[20-21]。土壤过氧化氢酶活性与土壤呼吸强度和土壤微生物活动相关,在一定程度上也反映了土壤微生物学过程的强度^[22]。由图 3 可知,2016 年的土壤过氧化氢酶活性均较 2015 年高,但同时期各处理土壤过氧化氢酶活性变化趋势一致,均表现为 X>Y||X>Y>Y||M>H>Y||H>M。其中 2015 年、2016 年播种后 75 d、收获期苜蓿土壤过氧化氢酶活性均显著高于其他处理,2015 年和 2016 年播种后 75 d Y||H 较 Y||X、Y||M 土壤过氧化氢酶活性分别降低 12.35%、22.76%和 9.38%、28.67%。

2.2 不同间作模式对土壤微生物生物量碳、氮的影响

土壤微生物是土壤有机质和养分转化循环的动力,同时又是土壤养分的储存库和植物生长可

利用养分的一个重要来源,其变化可以作为土壤质量变化的指示指标^[23]。由表 3 和表 4 得知,间作处理中 Y||H 的 SMB-C 和 SMB-N 值都高于其他 2 种间作。2015 年和 2016 年播种后 75 d 间作处理中 Y||H SMB-C 较 Y||M、Y||X 高出 17.89%、7.90%和 2.70%、4.47%。2015 年和 2016 年播种后 75 d Y||H 处理 SMB-N 较 Y||M、Y||X 分别高出 23.26%、18.65%和 26.47%、11.80%,其中除 2016 年 Y||M 播种后 75 d SMB-C 外差异均显著,且 2015 年、2016 年 Y||H 收获期 SMB-C 与 SMB-N 较播种后 75 d 的下降率均低于 10%。综上所述,Y||H 较其他处理可以显著提高土壤微生物生物量碳、氮含量,有利于土壤养分的积累与转化。



注:图中小写字母表示不同处理间 0.05 水平下差异显著,下同。
Note: The lowercase letters in each figure indicate significant differences at the 0.05 level, the same below.

图 1 不同生育时期土壤脲酶活性的变化

Fig.1 Changes of soil urease activity in different growth stages

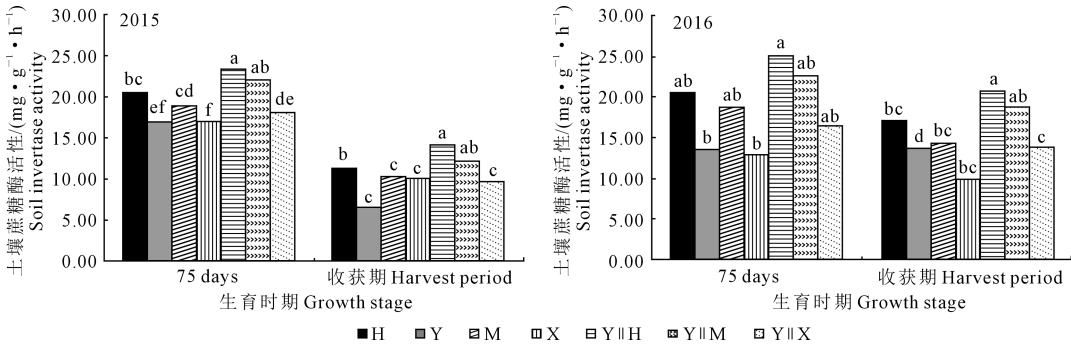


图 2 不同生育时期土壤蔗糖酶活性的变化

Fig.2 Changes of soil invertase activity in different growth stages

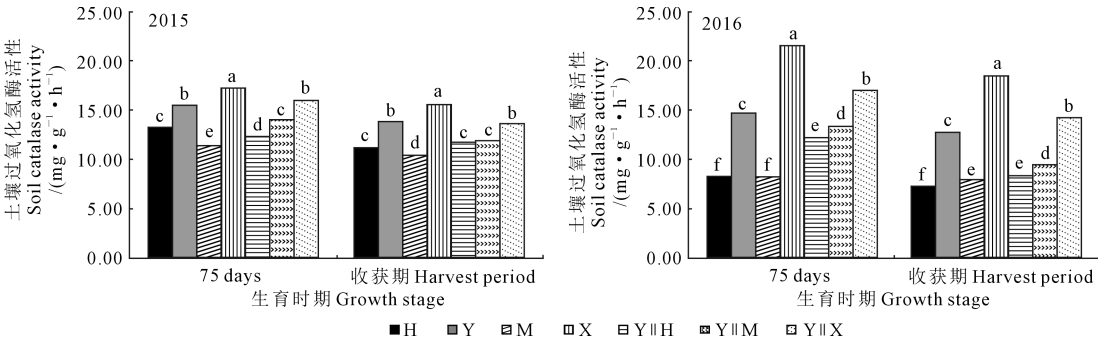


图 3 不同生育时期土壤过氧化氢酶活性

Fig.3 Changes of soil catalase activity in different growth stages

表 3 2015 年不同间作模式对土壤微生物生物量碳、氮的影响

Table 3 Microbial biomass carbon and nitrogen contents of soil in different intercropping modes

间作模式 Intercropping mode	土壤微生物生物量碳/(mg·kg ⁻¹) SMB-C			土壤微生物生物量氮/(mg·kg ⁻¹) SMB-N		
	播种后 75 d	收获期	下降率/%	播种后 75 d	收获期	下降率/%
	75 d after sowing	Harvest period	Drop rate	75 d after sowing	Harvest period	Drop rate
Y ∥ H	88.77 a	80.04 ed	9.83	46.21 b	42.64 c	7.72
Y ∥ X	82.27 bc	76.69 gh	6.78	39.31 d	37.07 ef	5.70
Y ∥ M	75.30 hi	70.51 j	6.36	37.84 de	36.35efg	3.93
H	89.12 a	82.33 bc	7.61	50.42 a	47.94 b	4.93
M	79.22 ef	73.77 i	6.88	35.37 fg	33.53 h	5.21
X	84.09 b	81.21 cd	3.43	43.52 c	42.46 c	2.44
Y	77.42 fg	71.20 j	8.04	37.31 e	35.18 gh	5.71

注:不同小写字母表示同一年份不同时期各处理间差异显著($P<0.05$),下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$) in different periods in the same year. The same below.

表 4 2016 年不同间作模式对土壤微生物生物量碳、氮的影响

Table 4 Microbial biomass carbon and nitrogen content of soil in different intercropping modes

间作模式 Intercropping mode	土壤微生物生物量碳/(mg·kg ⁻¹) SMB-C			土壤微生物生物量氮/(mg·kg ⁻¹) SMB-N		
	播种后 75 d	收获期	下降率/%	播种后 75 d	收获期	下降率/%
	75 d after sowing	Harvest period	Drop rate	75 d after sowing	Harvest period	Drop rate
Y ∥ H	90.39 bc	88.18 cd	3.05	41.23 c	38.30 d	7.11
Y ∥ X	86.52 de	85.48 ef	0.62	36.88 de	36.04 e	2.30
Y ∥ M	88.01 cd	84.26 ef	3.83	32.60 fg	31.36 h	3.80
H	96.57 a	94.67 a	2.13	47.72 a	46.88a	1.75
M	84.84 ef	79.98 g	5.09	35.84 e	33.63 f	6.16
X	91.82 b	89.17 c	2.21	44.26 b	41.78 c	5.62
Y	84.51 ef	83.49 f	1.21	32.14 fg	28.65h	10.85

2.3 不同间作模式对作物产量及土地当量比的影响

从表 5 可知,2 a 的间作试验中各间作处理土地当量比均大于 1,具有间作优势。Y ∥ H 土地当量比最高,2015 年和 2016 年 Y ∥ H 较 Y ∥ M、Y ∥ X 处理分别提高 5.9%、10.2%和 5.8%、3.8%。2016 年燕麦收获期发生强降雨、大风,燕麦受气候影响产生倒伏现象,产量较 2015 年降低,但间作处理土地当量比仍较高。

3 讨 论

土壤酶活性反映了土壤的肥力状况和理化性质,它对土壤中复杂有机物转化为植物和微生物能够利用的营养物质有着重要的作用^[24]。前人研究表明^[25],合理的间作模式能不同程度地提高土壤酶活性,有利于土壤养分的积累和转化。本研究结果表明,Y ∥ H 较各单作处理均能显著提高土壤脲酶和蔗糖酶活性,Y ∥ M、Y ∥ X 两处理也有明显的提高,但差异不显著。Y ∥ M、Y ∥ X 土壤过氧化氢酶活性较 Y ∥ H 高,且在 2015 年和 2016 年播种后 75 d 差异显著。土壤过氧化氢酶在一定程度上较灵敏地反映了土壤微生物学过程和作物代谢过程的强

表 5 2015–2016 年不同间作模式下的作物产量及土地当量比

Table 5 Yield and land equivalent ratio of different intercropping modes in 2015–2016						
间作 模式 Intercropping mode	产量 Crop yield/(kg · hm ⁻²)				土地当量比 <i>LER</i>	
	2015		2016		2015	2016
	燕麦 Oat	其他作物 Others				
H	–	1851h	–	1477ij	1	1
X	–	2722e	–	2124g	1	1
M	–	5733a	–	4432b	1	1
Y	4065c	–	2284d	–	1	1
Y ∥ H	2937e	1661hi	2403f	1398j	1.62	1.65
Y ∥ M	2724e	5867a	2284f	4118c	1.47	1.59
Y ∥ X	2859e	2250fg	2466f	1789h	1.53	1.56

度^[26]。有研究表明土壤过氧化氢酶活性与根系呼吸强度密切相关^[27],根系呼吸强度高是导致过氧化氢酶活性增加的重要原因。本研究中Y ∥ X过氧化氢酶活性显著提高,这是由于苜蓿根系发达,与燕麦间作提高了其根系密度和根系呼吸强度,导致产生了大量的过氧化氢。过氧化氢酶活性与底物过氧化氢浓度在一定范围内呈正相关关系^[28],土壤过氧化氢酶可促进过氧化物分解,从而避免了过氧化物对机体造成的伤害。Y ∥ H 较 Y ∥ M、Y ∥ X 可以

提高土壤微生物生物量碳、氮含量。微生物是土壤酶的来源之一,土壤微生物量提高,土壤酶活性随之增大^[29]。同时微生物通过吸收土壤中的养分形成根际养分供应库^[30],作物根系生长发育受到促进,进一步增加土壤酶的来源。土壤酶活性处于较高水平,有利于提高土壤养分供给能力,促进作物产量形成^[31]。本研究中 Y || H 土地当量比最高,2015 年和 2016 年分别为 1.62 和 1.65,且土壤蔗糖酶、脲酶及微生物量显著高于其它间作处理,在试验地区表现出明显优势。

4 结 论

间作较单作可提高土壤酶活性,土壤脲酶活性差异最显著;不同间作模式较单作对土壤微生物量影响不同,黑豆间作燕麦微生物生物量碳、氮含量在各间作模式中最高,但微生物量氮低于黑豆单作;间作可提高土地当量比,其中黑豆间作燕麦最高,同时该模式下土壤酶活性及土壤微生物含量均处于较高水平,是试验地区最适合的间作模式。

参 考 文 献:

[1] 曹慧,孙辉,杨浩,等.土壤酶活性及其对土壤质量的指示研究进展[J].应用与环境生物学报,2003,9(1):105-109.

[2] Badiane N N Y, Chotte J L, Pate E, et al. Use of soil enzyme activities to monitor soil quality in natural and improved fallows in semi-arid tropical regions[J].Applied Soil Ecology,2001,18(3):229-238.

[3] Paz Jimenez M D, Horra A M, Peuzzo L. Soil quality: a new index based on microbiological and biochemical parameters[J].Biology and Fertility of Soils,2002,35(4):302-306.

[4] 邱莉萍,刘军,王益权,等.土壤酶活性与土壤肥力的关系研究[J].植物营养与肥料学报,2004,10(3):277-280.

[5] 孙波,赵其国,张桃林.土壤质量评价的生物学指标[J].土壤,1997,29(5):225-234.

[6] 王理德,王芳琳,郭春秀,等.土壤酶学研究进展[J].土壤,2016,48(1):12-21.

[7] 柴强,黄鹏,黄高宝.间作对根际土壤微生物和酶活性的影响研究[J].草业学报,2005,14(5):105-110.

[8] 夏志敏,梅沛沛,王平,等.新垦灰钙土蚕豆/玉米间作系统土壤活性有机碳、氮的时空变异研究[J].土壤通报.2012,43(2):336-340.

[9] 姜圆圆,郑毅,汤利,等.豆科禾本科作物间作的根际生物过程研究进展[J].农业资源与环境学报,2016,33(5):407-415.

[10] 李萍,张永成,田丰.马铃薯蚕豆间套作系统的生理生态研究进展与效益评价[J].安徽农业科学,2012,40(27):13313-13314.

[11] 张向前,黄国勤,卞新民,等.间作对玉米品质、产量及土壤微生物

数量和酶活性的影响[J].生态学报,2012,32(22):7082-7090.

[12] Getachew A, Amare G, Woldeyesus S. Yield potential and land-use efficiency of wheat and faba bean mixed intercropping[J]. Agronomy for Sustainable Development,2008,28(2):257-263.

[13] 叶优良,张福锁,李隆,等.长期施用不同肥料对小麦/玉米间作产量、氮吸收利用和土壤硝态氮累积的影响[J].植物营养与肥料学报 2004,10(2):113-119.

[14] 关松荫.土壤酶及研究方法[M].北京:农业出版社,1986:274-332.

[15] 吴金水,林启美,黄巧云,等.土壤微生物量测定方法及其应用[M].北京:气象出版社,2006:54-61.

[16] 高瑞,吕家珑.长期定位施肥土壤酶活性及其肥力变化研究[J].中国生态农业学报,2005,13(1):143-145.

[17] 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.

[18] 李东坡,武志杰,陈利军,等.长期培肥黑土脲酶活性动态变化及其影响因素[J].应用生态学报,2003,14(12):2208-2212.

[19] 张国,赵松义,相智华,等.湖南烤烟烟叶中镁与土壤交换性镁含量的特征及关系分析[J].中国烟草科学,2009,30(4):52-55.

[20] 谷岩,邱强,王振民,等.连作大豆根际微生物群落结构及土壤酶活性[J].中国农业科学,2012,45(19):3955-3964.

[21] 张为政,祝廷成,张镇媛,等.作物茬口对土壤酶活性和微生物的影响[J].土壤肥料,1993,(5):12-14.

[22] 马忠明,杜少平,王平,等.长期定位施肥对小麦玉米间作土壤酶活性的影响[J].核农学报,2011,25(4):0796-0801.

[23] 陈晓芬,李忠佩,刘明,等.不同施肥处理对红壤水稻土团聚体有机碳、氮分布和微生物生物量的影响[J].中国农业科学,2013,46(5):950-960.

[24] Hiradate S, Morita S, Furubayashi A, et al. Plant growth inhibition by Cis-cinnamoyl glucosides and Cis-cinnamic acid[J]. Journal of Chemical Ecology,2005,31(3):591-601.

[25] 杨文亭,王晓维,王建武.豆科-禾本科间作系统中作物和土壤氮素相关研究进展[J].生态学杂志,2013,32(9):2480-2484.

[26] 靳孟贵,赵俊英,罗泽娇.采用土壤水利用技术的冬小麦田土壤过氧化氢酶活性分析[J].水文地质工程地质,2003,30(2):11-14.

[27] 李扬,孙洪仁,丁宁,等.紫花苜蓿根系生物量[J].草地学报,2011,19(5):872-879.

[28] 张言周.Bacillus altitudinis SYBC hb4 的分离鉴定及其过氧化氢酶性质与应用研究[D].无锡:江南大学,2016.

[29] 薛冬,姚槐应,何振立,等.红壤酶活性与肥力的关系[J].应用生态学报,2005,16(8):1455-1458.

[30] Carreirom, Sinsabaugh R, Reper T D, et al. Microbial enzyme shifts explain litter decay responses to simulated nitrogen deposition[J].Ecology,2000,81(9):2359-2365.

[31] 禹朴家,范国华,韩可欣,等.基于土壤微生物生物量碳和酶活性指标的土壤肥力质量评价初探[J].农业现代化研究,2018,39(1):163-169.