

燕麦与箭筈豌豆不同混作模式对根际土壤微生物数量的影响

王旭^{1,2}, 曾昭海¹, 朱波¹, 胡跃高^{1*}, 林叶春¹, 陈恭¹, 芦金生², 袁喜兰²

(1. 中国农业大学农学与生物技术学院, 北京 100193; 2. 北京市大兴区农业科学研究所, 北京 102600)

摘要: 本试验以燕麦与箭筈豌豆不同种植模式的根际土壤为对象, 对其土壤微生物数量进行了初步研究。结果表明, 根际土壤细菌、真菌和放线菌数量在燕麦拔节孕穗期较低, 开花期较高, 随着生育进程的推进至成熟收获期数量呈逐渐减少的趋势。在不同生育期, 间混作处理比单作燕麦显著提高了根际土壤细菌数量 ($P < 0.05$)。收获期土壤微生物以细菌占绝大多数, 其中间作混播根际土壤细菌数量是单作燕麦的 1.1 倍左右, 单作箭筈豌豆是单作燕麦根际土壤细菌数量的 1.3 倍; 土壤微生物总数量以燕麦与箭筈豌豆间作 (1:2) 和燕麦与箭筈豌豆混播 (1:2) 处理较高, 单作燕麦最少。说明间作混播种植方式能起到提高根际土壤微生物数量的作用。

关键词: 混作; 燕麦; 箭筈豌豆; 根际微生物; 数量

中图分类号: S154.3; S344.16 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-5759(2009)06-0151-07

* 我国北方牧区主要以一年生草本植物燕麦 (*Avena sativa*) 和箭筈豌豆 (*Vicia sativa*) 混播为主要的栽培模式。以往国内外关于这方面的研究主要集中在不同混播比例对产草量、草群结构、群体养分吸收和土壤肥力的影响诸方面^[1~6], 而对其地下根际土壤微生物数量方面的深入研究尚缺乏。

农业生产中, 作物连作所造成的负面影响如产量下降, 品质降低, 出现病虫害等现象^[7,8], 在很大程度上与土壤微生物环境有关^[9~13]。土壤微生物对外界条件变化敏感, 其数量和种类受耕作制度、土壤层次、植被、土壤肥力、气候变化及土壤类型等诸多因素的影响, 它可以直接及时反映土壤养分状况。因此可以通过选择种植制度和种植模式来调控土壤微生物, 进而改善土壤肥力^[14,15]。本试验分析间作混播模式下根际土壤微生物数量的变化规律, 以期为实践中改善间作混播作物根系的养分竞争、提高产量和发展高效种植模式等提供理论依据, 为一年生牧草间套作农业模式的推广应用提供科学指导。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

试验于 2007 年在北京市延庆县康庄镇试验田进行, 该区海拔 480~520 m, 属冲积平原地带。大陆性季风气候, 春季干旱多风, 夏季多雨, 昼夜温差大, 无霜期 160 d 左右, 年平均温度 8.5℃, 年平均降水量 353.4 mm。土壤类型为褐土, 0~20 cm 土层含有机质 10.5 g/kg、碱解氮 30.4 mg/kg、全氮 0.5 g/kg、速效磷 8.5 mg/kg、速效钾 62.0 mg/kg, pH 值 6.6。

1.2 供试材料

燕麦品种为白燕 7 号, 由吉林省白城市农业科学院提供; 箭筈豌豆品种为春箭筈豌豆 333/A, 由中国农业科学院兰州畜牧与兽药研究所提供。播种量按千粒重和发芽率计算确定, 试验处理详见表 1。小区面积为 4.0 m × 4.0 m, 3 次重复。36 个小区随机排列, 小区周围以燕麦为保护区。试验地为连续 2 年的定位试验, 4 月初整地、灌水, 4 月 3 日人工条播。播前及作物生长期均未施肥, 苗期锄草 1 次, 5 月 1 日和 6 月 10 日各灌水 1 次。

* 收稿日期: 2008-11-08; 改回日期: 2009-03-04

基金项目: 国家自然科学基金项目 (30871491), 国家“十一五”科技支撑计划 (2007BAD89B01) 和国家“十一五”科技支撑计划 (2006BAD15B02) 资助。

作者简介: 王旭 (1977-), 女, 福建龙海人, 博士。E-mail: wangxuhello@126.com

* 通讯作者。E-mail: huyuegao@cau.edu.cn

1.3 取样与分析方法

分别于燕麦拔节期、抽穗开花期、灌浆期和收获期,将地上部植株割掉,挖出整个根系,轻轻抖落根系上的大块土壤,收集黏附于根表的根际土。每个处理取 200 g 土样,混匀样品,置于冰箱内低温保存,用以测定土壤细菌、真菌和放线菌的数量。每次样品在同一时间内作土样分析。

微生物数量采用平板混菌法,细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基培养法,真菌采用马铃薯培养基培养法,放线菌采用淀粉铵盐培养基培养法^[16]测定。试验数据用 SAS 8.0 统计软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同生育时期细菌、真菌和放线菌数量的变化

本试验中不同种植方式下根际土壤细菌、真菌和放线菌数量在燕麦拔节孕穗期较低,开花期达到峰值,进而随着生育进程的推进逐渐减少,成熟收获时数量较少。在燕麦生长过程中,不同间作混播处理的根际土壤细菌数量均显著高于单作燕麦($P < 0.05$),但与单作箭筈豌豆比较差异各有不同(表 2)。间作处理 H3 燕麦和箭筈豌豆根际土壤细菌数量最大,H5 和 H7 数量较小。混播 H9 处理根际土壤细菌数量较大,H8 处理数量较小。

土壤真菌在生长发育过程中累积大量的菌丝体,使土壤的物理结构得到改善,也是参与土壤有机质分解的主要成员之一,因此其数量也较大。燕麦拔节期,单作箭筈豌豆根际土壤真菌数量最高为 1.34×10^4 CFU/g,其次是间作处理 H7,箭筈豌豆根际土壤真菌数量为 1.33×10^4 CFU/g,混作处理 H12 为 0.78×10^4 CFU/g(表 3)。燕麦开花期、灌浆期和收获期各处理间根际土壤真菌数量无显著差异($P > 0.05$),混播根际土壤真菌数量低于单作箭筈豌豆。开花期间作处理 H3、H4、H5、H6 和 H7 箭筈豌豆根际土壤真菌数量高于单作箭筈豌豆,灌浆期和收获期间作处理 H3 和 H6 箭筈豌豆根际土壤真菌数量高于单作箭筈豌豆。

放线菌能分解多数真菌和细菌不能分解的化合物,因此土壤中放线菌数量的多少,关系着土壤代谢强度的高低。拔节期间作混播各处理燕麦根际土壤放线菌的数量均显著高于单作燕麦($P < 0.05$)。燕麦开花期、灌浆期和收获期各处理间根际土壤放线菌数量无显著差异($P > 0.05$)。开花期除间作 H4 燕麦根际土壤放线菌数量之外,其他各处理都高于单作燕麦。灌浆期除间作 H5 豌豆根际土壤放线菌数量之外,其他各处理都高于单作燕麦。收获期各处理根际土壤放线菌数量都高于单作燕麦。

2.2 收获期不同处理根际土壤微生物数量的分布特征

对收获期 12 种不同种植方式下土壤微生物总数量进行统计,结果表明,微生物总数平均值以间作处理 H3 最高,为 $(7.64 \pm 0.85$ 或 $7.57 \pm 0.50) \times 10^4$ CFU/g,混播处理 H9 次之,为 $(6.18 \pm 0.84) \times 10^4$ CFU/g,单作燕麦数量最少,为 $(2.73 \pm 0.16) \times 10^4$ CFU/g(图 1)。

方差分析结果表明,收获期 12 种不同种植方式下土壤微生物总数量存在显著差异($P < 0.05$),组间两两比较分析结果进一步揭示了不同处理间的土壤微生物数量间的差异特征。其中单作燕麦明显的低于间作和混播处理($P < 0.05$),而单作箭筈豌豆根际土壤微生物数量较高,除了与混播 H9、间作 H3 和 H6 箭筈豌豆根际土壤差异不显著($P > 0.05$),均显著高于其他处理($P < 0.05$)。间作 H3 根际土壤微生物数量较高,除了与单作箭筈豌豆根际土壤差异不显著($P > 0.05$),与其他各处理差异显著($P < 0.05$)。混播 H9 根际土壤微生物数量较高,与单作燕麦、混播 H10 和间作 H7、H3、H5 燕麦和 H6 燕麦根际土壤差异显著($P < 0.05$)。

表 1 试验处理的不同组合及其播量

Table 1 Different modes and plant density of *A. sativa* and *V. sativa*

处理 Treatment (<i>A. sativa</i> : <i>V. sativa</i>)	播种量	
	Plant density (kg/hm ²)	
	燕麦 <i>A. sativa</i>	豌豆 <i>V. sativa</i>
H1 燕麦单作 <i>A. sativa</i> monoculture	174	
H2 豌豆单作 <i>V. sativa</i> monoculture		118
H3 燕麦与豌豆间作 1 : 2 Intercropping	57	79
H4 燕麦与豌豆间作 2 : 1 Intercropping	116	39
H5 燕麦与豌豆间作 1 : 1 Intercropping	87	59
H6 燕麦与豌豆间作 1 : 3 Intercropping	44	89
H7 燕麦与豌豆间作 3 : 1 Intercropping	131	30
H8 燕麦与豌豆与同行混播 1 : 1 Mixture	85	57
H9 燕麦与豌豆与同行混播 1 : 2 Mixture	57	73
H10 燕麦与豌豆同行混播 2 : 1 Mixture	114	41
H11 燕麦与豌豆同行混播 1 : 3 Mixture	41	89
H12 燕麦与豌豆同行混播 3 : 1 Mixture	130	32

表 2 不同种植方式下对土壤细菌数量的影响

Table 2 Effects on soil bacteria populations in different planting modes

×10⁴ CFU/g

处理 Treatment	拔节 Shooting	开花 Flowering	灌浆 Milking	收获 Harvesting
H1	1.43±0.33 i	4.29±0.72 f	3.35±0.76 g	1.70±0.14 i
H2	2.93±0.21 acde	7.66±0.62 abc	6.52±0.58 ab	5.64±1.25 ab
H3A	2.92±0.30 acde	8.06±1.14 ab	7.32±0.33 a	6.07±0.44 a
H3V	3.68±0.61 a	8.46±0.87 a	6.68±0.56 ab	5.92±0.48 a
H4A	2.23±0.73 defgh	6.52±0.69 de	5.57±0.35 cd	4.08±0.23 cdefg
H4V	3.31±0.70 ab	7.67±0.87 abc	5.83±0.47 bc	4.47±0.76 cde
H5A	2.65±0.24 bcdefg	5.51±0.55 e	4.02±0.68 ef	3.20±0.17 gh
H5V	3.43±0.90 ab	6.50±0.51 de	5.87±0.74 bc	3.78±0.17 defgh
H6A	2.05±0.70 fhg	7.03±0.91 bcd	6.01±0.30 bc	3.60±0.50 efgh
H6V	3.71±1.02 a	6.73±0.55 cd	5.85±0.42 bc	4.26±0.48 cdef
H7A	1.93±0.53 h	6.88±0.31 cd	5.95±0.54 bc	3.56±0.88 fgh
H7V	3.13±0.50 abc	5.63±0.31 e	4.69±0.77 de	4.04±0.30 cdefgh
H8	2.12±0.27 efgh	6.83±0.46 cd	4.20±0.36 ef	3.91±0.47 cdefgh
H9	3.00±0.25 abcd	7.71±0.68 abc	6.22±0.41 bc	4.74±0.47 bc
H10	3.23±0.55 ab	6.53±0.30 de	4.84±0.57 de	3.14±0.53 h
H11	2.39±0.24 cdefg	8.66±0.74 a	6.18±0.54 bc	4.59±0.42 cd
H12	2.76±0.24 bcdef	7.79±0.74 abc	5.96±0.49 bc	4.57±0.40 cd
<i>LSD</i> _{0.05}	0.83	1.07	0.91	0.91

A: 燕麦 *A. sativa*; V: 豌豆 *V. sativa*; LSD 法, 同列不同字母表示差异显著 ($P < 0.05$), 下同。Means soil bacteria populations of different treatments are significantly different at the 0.05 level with different letters in the same column within a same stage, the same below.

表 3 不同种植方式下对土壤真菌数量的影响

Table 3 Effects on soil fungi populations in different planting modes

×10⁴ CFU/g

处理 Treatment	拔节 Shooting	开花 Flowering	灌浆 Milking	收获 Harvesting
H1	0.00±0.00 d	0.94±0.32	0.71±0.31	0.56±0.00
H2	1.34±0.66 a	1.72±1.15	1.33±0.33	0.87±0.30
H3A	0.00±0.00 d	1.74±0.00	1.27±0.31	0.99±0.34
H3V	0.00±0.00 d	1.83±0.61	1.74±0.80	1.16±1.01
H4A	0.56±0.00 c	1.50±0.86	0.91±0.83	0.57±0.00
H4V	0.00±0.00 d	1.94±0.89	1.27±1.26	0.75±0.32
H5A	0.39±0.34 cd	1.96±1.22	1.12±0.56	0.53±0.00
H5V	0.37±0.32 cd	2.06±0.32	1.48±0.32	0.87±0.30
H6A	0.41±0.35 cd	1.89±0.87	1.63±0.93	0.74±0.32
H6V	1.20±0.00 ab	2.61±0.92	2.01±0.92	1.33±0.87
H7A	0.38±0.33 cd	1.59±0.69	1.14±0.00	0.75±0.56
H7V	1.33±0.00 a	1.78±0.77	1.12±0.56	0.54±0.24
H8	0.57±0.00 c	1.60±0.53	1.02±0.51	0.80±0.35
H9	0.37±0.32 cd	1.70±0.00	0.99±0.34	0.72±0.31
H10	0.63±0.00 c	1.25±0.63	0.80±0.35	0.72±0.31
H11	0.56±0.00 c	1.67±1.11	1.18±0.59	0.85±0.59
H12	0.78±0.34 bc	1.57±0.34	1.15±0.57	0.71±0.31
<i>LSD</i> _{0.05}	0.44	NS	NS	NS

表 4 不同种植方式下对土壤放线菌数量的影响

Table 4 The effects on soil actinomycetes populations in different planting modes

×10³ CFU/g

处理 Treatment	拔节 Shooting	开花 Flowering	灌浆 Milking	收获 Harvesting
H1	1.27±0.18 g	7.12±0.88 i	6.01±0.92 f	4.64±1.26 d
H2	1.92±0.67 ef	7.48±0.78 hig	7.17±1.21 cde	6.74±0.69 abc
H3A	3.45±1.00 abcde	7.72±0.98 fghi	6.92±0.55 cdef	5.80±1.41 abcd
H3V	2.95±0.89 cde	7.96±0.64 efghi	6.63±0.39 def	4.90±1.03 d
H4A	2.39±0.45 def	7.04±0.34 i	6.95±0.44 cdef	5.65±0.89 bcd
H4V	2.47±1.11 def	7.79±0.35 efghi	6.67±0.92 def	5.91±1.15 abcd
H5A	3.03±1.59 bcde	8.94±0.39 defgh	7.21±0.62 bcde	6.77±0.77 abc
H5V	2.41±0.78 def	7.42±1.32 hi	5.52±1.25 e	5.21±1.25 cd
H6A	3.61±1.17 abcd	9.37±0.84 cde	8.29±1.16 abc	6.25±1.54 abcd
H6V	2.97±1.35 cde	8.07±0.30 efghi	6.41±0.61 def	5.50±1.57 cd
H7A	4.01±0.66 abcd	9.36±1.03 cde	8.76±0.85 ab	5.60±0.97 bcd
H7V	4.67±0.76 ab	9.14±1.35 defg	7.60±1.51 bcd	4.67±0.76 d
H8	4.24±0.37 abc	12.65±1.62 a	9.36±1.55 a	7.35±1.28 a
H9	3.90±0.62 abcd	10.71±0.68 bc	9.37±0.61 a	7.15±0.61 ab
H10	4.86±0.97 a	9.04±1.57d efg	6.78±0.77 cdef	4.86±0.97 d
H11	3.81±0.58 abcd	10.08±0.89 cd	8.74±0.28 ab	5.93±0.68 abcd
H12	4.75±2.12 a	11.88±0.65 ab	7.52±0.58 bcde	5.39±1.28 cd
LSD _{0.05}	1.67	1.60	1.56	1.61

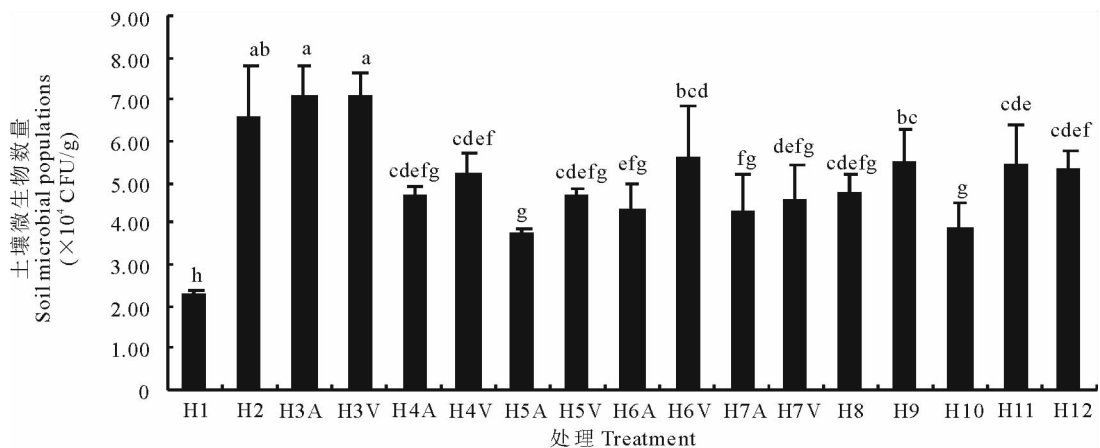


图 1 收获期不同种植方式对土壤微生物数量的影响

Fig. 1 Effects of soil microbial populations under different planting modes in harvest time

LSD 法, 在收获期, 不同处理土壤微生物数量标有不同字母间差异显著 ($P < 0.05$) Means soil microbial populations of different treatments are significantly different at the 0.05 level with different letters in the same column within harvesting time

2.3 收获期与土壤 3 类微生物种群数量比例间的关系

不同种植方式下除了根际土壤微生物总数量明显不同外, 其 3 类微生物组成比例也不尽相同。但从其总体来看, 各处理中 3 类微生物数量均以细菌占绝大多数 (平均为 74.7%), 其次是真菌 (平均为 14.45%), 放线菌相对较少 (平均为 10.85%) (表 5)。

间作混播的土壤微生物数量和细菌所占比例比单作燕麦高, 其复合群体根际土壤细菌数量是单作燕麦的 1.1 倍左右, 单作箭筈豌豆根际土壤细菌数量是单作燕麦的 1.3 倍。单作燕麦根际土壤真菌和放线菌数量高于

单作箭筈豌豆和间作混播群体,这与在花期前后大豆 (*Glycine max*) 重茬根际土壤真菌数量明显多于小麦 (*Triticum aestivum*) 的结果不一致^[17~19]。

3 讨论与结论

3.1 不同生育期根际土壤微生物数量的变化

研究表明,在燕麦和箭筈豌豆生长过程中,不同种植方式下根际土壤细菌、真菌和放线菌数量在燕麦拔节孕穗期较低,开花期较高,随着生育进程的推进至收获成熟时数量较少。这表明农业土壤中微生物的数量受作物种类、作物生育期及耕作制度等因素的影响^[20~22]。拔节期苗小,气温低,土壤微生物数量低,开花期随着气温升高以及作物根系生物量的增加,土壤微生物数量亦随之明显增加。成熟期开始降低,这可能与养分消耗,氧化还原环境急剧变化等因素的综合作用有关,从而导致土壤微生物数量减少。

3.2 收获期土壤微生物数量分布与结构特征

收获期各处理中 3 类微生物数量均以细菌占绝大多数(平均为 74.7%),其次是真菌(平均为 14.45%),放线菌相对较少(平均 10.85 为%)。本研究中土壤细菌和真菌数量占土壤微生物总数的 89% 以上,对植物营养的转化起着重要作用^[23,24],也是该种植模式土壤肥力提高的一个生物标志^[23]。

在间作混播模式下,两作物共生调节了根系的生理活动,促进了根系分泌物和腐解物的作用,继而促进了土壤微生物活动,使土壤微生物数量和多种酶活性处于较高水平^[25~27]。本试验中间作混播土壤微生物数量以及细菌所占比例比单作燕麦高,是其根际土壤细菌的 1.1 倍左右,单作箭筈豌豆是单作燕麦根际土壤细菌的 1.3 倍。这说明箭筈豌豆根系分泌物和脱落物有可能直接或间接地转移营养元素^[28,29],一方面供同一系统中燕麦对养分的需求,另一方面为根际微生物的生长提供了主要碳源和能源,在一定程度上能促进土壤微生物的繁殖。至于箭筈豌豆根系分泌物等物质对燕麦土壤养分影响的机制还有待于进一步研究。

土壤微生物的数量直接影响土壤的生物化学特性及土壤养分的组成与转化^[30],因此土壤微生物又可以作为衡量土壤肥力高低的重要指标^[31~34]。本研究结果表明,不同种植方式下土壤微生物总数量统计结果表明,间作 H3 和混播 H9 数量较高,单作燕麦 H1 的数量最少。这说明间作混播种植方式下,牧草根系发达,空间分布格局合理,明显地促进了微生物活动,提高了土壤酶活性,加速了有机物分解和养分积累,从而改善土壤理化性状,比单作燕麦更有利于微生物的生存。

参考文献:

- [1] 戴国荣. 一年生青刈禾、豆草混播试验[J]. 青海畜牧兽医杂志, 1991, 21(4): 3-4.
- [2] 常根柱, 李世航. 燕麦与箭筈豌豆在甘肃卓尼的混播试验[J]. 草业科学, 1991, (6): 37-41.
- [3] 杜灵敏, 张显耻, 聂青平. 高寒牧区豌豆与燕麦混播组合的研究[J]. 青海畜牧兽医杂志, 1991, 21(6): 18-19.
- [4] 徐长林, 张普金. 高寒牧区燕麦与豌豆混播组合的研究[J]. 草业科学, 1989, 6(5): 31-33.
- [5] 安成孝. 燕麦与箭筈豌豆混播对产草量的影响[J]. 草与畜杂志, 1986, (4): 9.
- [6] 韩志林, 阿得成, 褚作瑾, 等. 良种燕麦在互助九峡地区的表现及推广效果[J]. 青海畜牧兽医杂志, 1991, (4): 31-34.
- [7] 于贵瑞. 大豆、向日葵等作物连作障碍与轮作效应机理的研究初报[J]. 生态学杂志, 1988, 7(2): 1-8.

表 5 不同处理下 3 类微生物数量占各处理土壤微生物总数的比例

Table 5 Percentage composition of microbes under different planting modes in harvest time

处理 Treatment	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	放线菌 Actinomycetes	%
H1	62.42	20.58	16.99	
H2	78.54	12.08	9.38	
H3A	79.43	12.98	7.59	
H3V	78.18	15.36	6.47	
H4A	78.27	10.89	10.84	
H4V	76.94	12.89	10.17	
H5A	72.59	12.06	15.35	
H5V	73.13	16.80	10.08	
H6A	72.48	14.92	12.59	
H6V	69.41	21.62	8.97	
H7A	73.11	15.39	11.50	
H7V	80.01	10.75	9.24	
H8	71.78	14.74	13.48	
H9	76.71	11.73	11.57	
H10	72.17	16.66	11.17	
H11	76.09	14.09	9.82	
H12	78.56	12.18	9.26	

- [8] 郑军辉, 叶素芬, 喻景权. 蔬菜作物连作障碍产生原因及生物防治[J]. 中国蔬菜, 2004, (3): 56-58.
- [9] 娄隆厚. 微生物在土壤养分转化中的作用[M]. 北京: 北京科学出版社, 1962.
- [10] Singh J S, Raghubanshi A S, Singh R S, *et al.* Microbial biomass acts as a source of plant nutrients in dry tropical forest and savanna[J]. Nature, 1989, 338: 499-500.
- [11] 李阜棣. 当代土壤微生物学的活跃研究领域[J]. 土壤学报, 1993, 3: 229-236.
- [12] Roy S, Singh J S. Consequences of habitat heterogeneity for availability of nutrients in a dry tropical forest[J]. Journal of Ecology, 1994, 82: 503-509.
- [13] 任天志. 持续农业中的土壤微生物指标研究[J]. 中国农业科学, 2000, 33(1): 68-75.
- [14] Bucher A E, Lanyon L E. Evaluating soil management with microbial community level physiological profiles[J]. Applied Soil Ecology, 2005, 29: 59-71.
- [15] 田慧, 谭周进, 屠乃美, 等. 少免耕的土壤生态学效应研究进展[J]. 耕作与栽培, 2006, (5): 10-12.
- [16] 王贺祥. 农业微生物学[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2003.
- [17] 王震宇. 重茬大豆生长发育障碍机制初探[J]. 大豆科学, 1991, 10(1): 30-35.
- [18] 陈宗泽, 殷勤燕. 大豆连作对土壤微生物生物量的影响[J]. 大豆通报, 1997, (6): 15.
- [19] 马汇泉, 勤学慧, 孙伟萍, 等. 大豆连作障碍及其产生机理初探[A]. 中国农学会编. 全国第二届青年农学学术年会论文集[C]. 北京: 农业出版社, 1995. 528-530.
- [20] 罗安程, Subedi T B, 章永松, 等. 有机肥对水稻根际土壤中微生物和酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 1995, 5(4): 321-327.
- [21] 徐阳春, 沈其荣, 冉炜, 等. 长期免耕与施用有机肥对土壤微生物碳、氮、磷含量的影响[J]. 土壤学报, 2002, 39(1): 89-95.
- [22] 李德军, 莫江明, 方运霆, 等. 模拟氮沉降对三种亚热带树苗生长和光合作用的影响[J]. 生态学报, 2004, 24(5): 876-882.
- [23] 李琼芳. 不同连作年限麦冬根际微生物区系动态研究[J]. 土壤通报, 2006, 37(3): 563-565.
- [24] Workneh F, van Bruggen A H C. Microbial density, composition, and diversity in organically and conventionally managed rhizosphere soil in relation to suppression of corky root of tomatoes[J]. Applied Soil Ecology, 1994, 1: 219-230.
- [25] Niemi R M, Vepsalainen M, Wallenius K, *et al.* Temporal and soil depth-related variation in soil enzyme activities and in root growth of red clover (*Trifolium pratense*) and timothy (*Phleum pratense*) in the field[J]. Applied Soil Ecology, 2005, 30: 113-125.
- [26] Vepsalainen M, Erkomaal K, Kukkonen S, *et al.* The impact of crop plant cultivation and peat amendment on soil microbial activity and structure[J]. Plant and Soil, 2004, 264: 273-286.
- [27] 王树和, 王晓娟, 王茜, 等. 丛枝菌根及其宿主植物对根际微生物作用的响应[J]. 草业学报, 2007, 16(3): 108-113.
- [28] 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[J]. 中国农业科学, 2005, 38(5): 965-973.
- [29] 褚贵新, 沈其荣, 李弈林, 等. 用 ^{15}N 叶片标记法研究旱作水稻与花生间作系统中氮素的双向转移[J]. 生态学报, 2004, 24(2): 278-284.
- [30] 何振立. 土壤微生物量及其在养分循环和环境质量评价中的意义[J]. 土壤, 1997, (2): 61-69.
- [31] 张淑香, 高于勤. 连作障碍与根际微生态研究[J]. 应用生态学报, 2000, 11(1): 152-154.
- [32] 张咏梅, 周国逸, 吴宁. 土壤酶学的研究进展[J]. 热带亚热带植物学报, 2004, 12(1): 83-90.
- [33] 李新旺, 门明新, 王树涛, 等. 长期施肥对华北平原潮土作物产量及农田养分平衡的影响[J]. 草业学报, 2009, 18(1): 6-9.
- [34] 张永峰, 殷波. 混合盐碱胁迫对苗期紫花苜蓿抗氧化酶活性及丙二醛含量的影响[J]. 草业学报, 2009, 18(1): 46-50.

Effects of oat mixed with common vetch on the microorganism populations in rhizosphere soil

WANG Xu^{1,2}, ZENG Zhao-hai¹, ZHU Bo¹, HU Yue-gao¹, LIN Ye-chun¹,
CHEN Gong¹, LU Jin-sheng², YUAN Xi-lan²

(1. College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100193, China;

2. Agricultural Science Institute in Daxing District, Beijing 102600, China)

Abstract: The population of rhizosphere microorganisms under oat(*Avena sativa*) and common vetch(*Vicia sativa*) was studied in different planting modes. The populations of rhizosphere bacteria, fungi and actinomycetes increased under oat through the jointing stage to the flowering stage then gradually decreased with oat growth. The population of rhizosphere bacteria under oat mixed with common vetch was significantly greater than that under oat monoculture ($P < 0.05$) at different growth stages of oat. At harvest, the populations of rhizosphere bacteria under different treatments were dominant. The population of rhizosphere bacteria under the mixture of oat and common vetch was 1.1 times more than that under oat monoculture. Compared with that under oat monoculture, the population of rhizosphere bacteria under common vetch monoculture was 1.3 times higher. In mixtures, an intercropping ratio of oat and common vetch of 1 : 2 had the greatest populations of rhizosphere microorganisms, whereas oat monoculture had the least. The mixture of oat and common vetch was beneficial for increasing the populations of rhizosphere microorganisms.

Key words: mixture; oat(*Avena sativa*); common vetch(*Vicia sativa*); rhizosphere microorganism; population