

秸秆还田对植烟土壤酶活性及细菌群落多样性的影响

薄国栋¹, 申国明¹, 陈旭², 张忠锋¹, 许家来³,
高林¹, 王毅⁴, 管恩森⁴, 王树键⁵, 张继光^{1*}

(1. 中国农业科学院烟草研究所, 青岛 266101; 2. 山东日照烟草有限公司, 山东 日照 276826; 3. 山东烟草研究院有限公司, 济南 250101; 4. 山东潍坊烟草有限公司诸城分公司, 山东 诸城 262200; 5. 山东中烟工业有限责任公司, 济南 250014)

摘要: 为明确秸秆还田的烟田土壤微生态效应, 通过3年定位试验研究了不同用量小麦及玉米秸秆还田对植烟土壤酶活性及细菌群落多样性的影响。结果表明, 秸秆还田可不同程度提高土壤蔗糖酶、碱性磷酸酶及脲酶活性。玉米秸秆还田的土壤蔗糖酶和碱性磷酸酶活性高于等量小麦秸秆还田处理。与对照相比, 玉米及小麦秸秆中低量(4500及1500 kg/hm²)还田后土壤的细菌群落多样性下降, 而高量(7500 kg/hm²)还田后则不变或稍有增加。此外, 高量玉米秸秆还田与其他处理间的土壤细菌群落相似系数仅为0.57, 表明其群落结构变化较大。而且低、中、高量玉米秸秆还田土壤 DGGE 图谱中的特异条带分别属于乳酸球菌(*Lactococcus*)、不可培养细菌(*Uncultured bacterium*)及硝化螺菌(*Nitrospira*)。可见, 两种秸秆还田均能提高植烟土壤的蔗糖酶、碱性磷酸酶和脲酶活性, 且玉米秸秆在高量还田后可增加土壤细菌群落的丰度及多样性。
关键词: 秸秆还田; 植烟土壤; 酶活性; 细菌群落多样性

中图分类号: S572.062

文章编号: 1007-5119(2017)01-0053-06

DOI: 10.13496/j.issn.1007-5119.2017.01.009

Effect of Straw Returning on Soil Enzyme Activities and Diversity of Bacterial Communities in Tobacco Planting Fields

BO Guodong¹, SHEN Guoming¹, CHEN Xu², ZHANG Zhongfeng¹, XU Jialai³,
GAO Lin¹, WANG Yi⁴, GUAN Ensen⁴, WANG Shujian⁵, ZHANG Jiguang^{1*}

(1. Tobacco Research Institute of Chinese Academy of Agriculture Sciences, Qingdao 266101, China; 2. Shandong Rizhao Tobacco Co., Ltd, Rizhao, Shandong 276826, China; 3. Shandong Academy of Tobacco Research, Jinan 250101, China; 4. Zhucheng Branch of Shandong Weifang Tobacco Co., Ltd., Zhucheng Shandong 262200, China; 5. China Tobacco Shandong Industrial Co., Ltd., Jinan 250014, China)

Abstract: In order to understand the soil micro-ecological effects of different straw returning in tobacco fields, a three-year field trial was conducted to study the effect of different amount of wheat straw and maize straw returning on soil enzyme activities and soil bacterial community diversity. The results indicated that the activities of soil invertase, alkaline phosphatase and urease were all promoted in a certain degree by straw returning. The activities of soil invertase and urease in maize straw returning were higher than those in wheat straw returning at the same amount. The soil bacterial communities were both decreased in low (1500 kg/ha) and middle (4500 kg/ha) amount of maize and wheat straw returning compared with CK, while they remained unchanged or increased slightly in high (7500 kg/ha) amount of straw returning. The similarity coefficient of soil bacterial communities between the 7500 kg/ha maize straw returning treatment and other treatments was only 0.57, which indicated that its soil bacterial community structure changed greatly. Furthermore, some specific bands were found in DGGE band spectrums with low, middle and high amount of maize straw returning. They were identified as *Lactococcus*, *Uncultured bacterium* and *Nitrospira* individually by band cloning and sequencing. In total, both of maize and wheat straw returning could improve soil invertase, alkaline phosphatase and urease activities. High amount of maize straw could increase the richness and diversity of soil bacterial communities in tobacco planting fields.

Keywords: straw returning; tobacco planting field; soil enzyme activity; soil bacterial community diversity

黄淮烟区是我国传统的优质烟叶产区, 近年来 致了烟田土壤出现板结和酸化、有机质下降、养分
由于大量化学肥料的施用, 有机物料投入不足, 导 失调等一系列土壤退化问题, 这在一定程度上制约

基金项目: 国家自然科学基金“不同种植模式烟草根际土壤微生物群落结构及其生物功能稳定性研究”(41201291); 中国农业科学院科技创新工程(ASTIP-TRIC06); 中国烟草总公司面上项目“土地整理后土壤养分变化与修复及烤烟变量施肥技术研究”(2013-149)

作者简介: 薄国栋(1986-), 男, 硕士, 主要研究方向: 土壤生态。E-mail: boguodong123@163.com。*通信作者, E-mail: zhangjiguang@cass.cn

收稿日期: 2016-05-06

修回日期: 2016-11-22

了土壤质量及烟叶品质的提升^[1]。与此同时,黄淮烟区作为两年三熟制粮食作物的主产区,每年产生的大量小麦及玉米秸秆常被闲置或焚烧,极易造成资源的浪费及严重的环境污染问题。而秸秆本身作为一种重要的有机物料,合理还田后不仅能够增加土壤有机质,改良土壤结构,而且能促进土壤微生物的生长繁殖,改善土壤微环境^[2]。因此,开展秸秆在烟田的还田工作,不仅能够促进当地有机物料的资源化利用,有效减少大气污染,而且在改良烟田土壤、发展循环烟草农业方面具有重要意义。

土壤微生物作为维持土壤质量的重要组成部分,能够促进土壤中营养物质的转化、有机质的合成分解及土壤结构的稳定性^[3-4]。土壤微生物的分布及群落结构变化不仅敏感反映土壤环境的变化,也是土壤生物活性的具体反映^[5]。土壤酶作为土壤生态系统中生物化学反应的催化剂,是物质循环及能量流动过程中最活跃的物质之一^[6],土壤酶活性与土壤理化性质、肥力状况及农田管理措施等密切相关,可在一定程度上反映土壤微生物活性及土壤质量。作物秸秆还田在改善土壤理化性质的同时,能激发和调控土壤微生物组成及各种酶活性,而且土壤的微生物生态特征随秸秆物质组成、还田数量及还田方式的不同而变化^[7]。

目前,有关秸秆还田对农田土壤养分、微生物及作物产量方面的研究较多^[8-10],但不同秸秆定位还田对植烟土壤微生态效应的研究还少见报道。本文通过分析不同用量玉米及小麦秸秆还田对植烟土壤酶活性及细菌群落多样性的影响,探究适宜黄淮烟区烟叶生产条件的秸秆种类及用量,旨在为改善当地土壤微环境、提升土壤生产力、促进烟草农业的可持续发展提供理论依据及实践指导。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验地点位于山东省诸城市百尺河乡大顺河村(36°9'N, 119°32'E),地处温带季风性气候区,无霜期191d,年平均降水量799.7mm,日照时数为2578.6h。土壤类型为棕壤。试验前烟田

土壤的基本理化性质:pH 6.04,全氮0.7g/kg,全磷5.3g/kg,全钾18.7g/kg,碱解氮55.29mg/kg,有效磷32.45mg/kg,速效钾213.3mg/kg。

1.2 试验设计

秸秆还田定位试验于2009—2012年开展,品种为中烟100,连续3年种植。试验共设7个处理,分别为玉米秸秆还田1500kg/hm²(M1)、4500kg/hm²(M2)、7500kg/hm²(M3),小麦秸秆还田1500kg/hm²(W1)、4500kg/hm²(W2)、7500kg/hm²(W3)和对照处理(CK)。试验采取随机区组设计,每个处理3次重复。小麦和玉米秸秆均在每年3月份土地翻耕前,粉碎后撒施于土壤表面,然后翻耕耙匀。小麦秸秆的氮、磷、钾含量分别为0.61%、0.17%、0.97%,玉米秸秆的氮、磷、钾含量分别为0.87%、0.16%、1.2%。试验田的施肥情况为:施用烟草专用肥[m(N):m(P₂O₅):m(K₂O)=10:10:20]750kg/hm²,硫酸钾225kg/hm²,腐熟豆饼300kg/hm²。

1.3 样品采集与分析

1.3.1 土壤样品采集与处理 在2012年烟叶采收结束后,进行耕层土壤取样。每个小区采用5点法混合取样,用冰盒带回实验室,过2mm筛处理后,一部分土样自然风干后进行土壤酶活性测定。另一部分放入-20℃冰箱中,分析土壤细菌群落多样性。

1.3.2 土壤酶活性测定 土壤的蔗糖酶、脲酶及碱性磷酸酶活性均采用比色法,过氧化氢酶采用滴定法,所有酶活性均参照文献^[11]的方法进行测定。

1.3.3 土壤细菌群落多样性测定 (1)土壤细菌总DNA提取:采用Fast DNAR SPIN Kit For Soil(MP bio公司)试剂盒提取并纯化,具体方法参照操作说明进行。

(2)PCR-DGGE:土壤细菌的PCR扩增采用细菌通用引物对341F-GC和907R进行。PCR和DGGE的条件采用文献^[12]的方法。

(3)特异条带测序分析:对DGGE图谱中的特异性条带进行切胶回收,对切胶回收的DNA再次进行PCR扩增、确认并纯化后,送上海英俊生物技术公司进行测序分析。用BLAST软件进行细菌

同源性比对后, 利用 MEGA4.0 软件进行分析, 并通过邻接法构建系统进化树^[13]。

(4) 细菌群落多样性分析: 利用 Quantity One (4.2.3) 软件对得到的 DGGE 指纹图谱进行数字化处理, 并利用处理结果计算土壤细菌群落的丰富度 (S) 均匀度 (Eh) 及香农-威纳 (H') 指数, 以此来表征土壤细菌群落结构多样性的变化^[14]。

1.4 数据处理

试验数据采用 SAS 9.3 和 Excel 2007 软件进行统计分析和作图, 用 LSD 法进行多重比较, 所有统计学显著差异水平设为 $\alpha=0.05$ 。

2 结果

2.1 秸秆还田对植烟土壤酶活性的影响

秸秆还田对 4 种土壤酶活性的影响如表 1 所示, 土壤的蔗糖酶、碱性磷酸酶及脲酶活性均随着秸秆还田量的增加呈增加趋势。蔗糖酶活性中除 W1 处

理外, 其他处理均与 CK 差异显著, 脲酶活性中除 M1 和 W1 处理外, 其他处理均与 CK 差异显著。碱性磷酸酶活性中各秸秆还田处理均与 CK 差异显著。而且玉米秸秆还田的蔗糖酶、脲酶及碱性磷酸酶活性均高于等量的小麦秸秆还田处理。

与其他 3 种土壤酶活性不同, 过氧化氢酶活性没有随秸秆还田量增加呈现一致的规律性, 而且低中量小麦秸秆还田的过氧化氢酶活性要高于等量玉米秸秆还田处理。总之, 秸秆种类及还田量均对烟田土壤的酶活性产生重要影响。

2.2 秸秆还田对土壤细菌多样性的影响

2.2.1 土壤细菌的 DGGE 图谱分析 各处理土壤细菌的 DGGE 图谱如图 1 所示, 图谱中各处理的条带数目不同, 且条带的迁移率和强度亦存在明显差异。不同秸秆还田处理中存在许多相同或相异的条带, 而且部分条带间的亮度存在差异, 表明这些处理土壤中存在共有及特异的土壤细菌, 而且细菌群

表 1 不同用量玉米及小麦秸秆还田对土壤酶活性的影响

Table 1 Effects of different amount of straw returning on soil enzyme activities

处理	蔗糖酶/ (Glu, mg·g ⁻¹ ·24h ⁻¹)	脲酶/ (NH ₃ -N, mg·kg ⁻¹ ·24h ⁻¹)	碱性磷酸酶/ (Phenol, mg·g ⁻¹ ·h ⁻¹)	过氧化氢酶/ (KMnO ₄ , mL·g ⁻¹ ·20min ⁻¹)
CK	49.27d	17.70cd	0.34g	7.50a
M1	71.67bc	18.88bc	0.69c	6.70ab
M2	78.53b	20.14b	0.78b	4.80c
M3	87.80a	21.53a	0.86a	6.23b
W1	49.67d	16.61d	0.41f	7.50a
W2	68.93c	19.26b	0.54e	7.30ab
W3	75.80bc	20.16b	0.65d	6.17b

注: 同列中小写字母不同表示处理间差异显著 ($P<0.05$)。

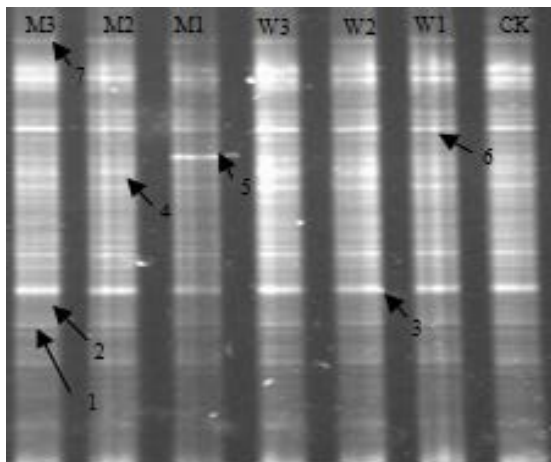


图 1 不同处理土壤细菌的 DGGE 分离图谱

Fig. 1 DGGE band profile of soil bacteria in different treatments

落的丰富度及多样性存在一定差异。其中 M1 处理的 DGGE 指纹图谱的亮度及条带数目明显少于其他处理, 而 W3 处理图谱的亮度及条带数要明显多于其他处理, 均直观表现了不同秸秆还田处理后土壤细菌群落的差异。

2.2.2 秸秆还田的土壤细菌多样性分析 土壤细菌群落多样性分析如表 2 所示, M3 处理的丰富度 (S) 和香农-威纳指数 (H') 最高, 分别是 33 和 3.40; 而 M1 处理相对最低, 分别为 25 和 3.17。均匀度 (Eh) 以 M2 处理最高, 为 0.996, M3 处理最低, 为 0.860。总体上, 土壤细菌群落的丰富度及香农-威纳指数均随秸秆还田量的增加而增大。但与 CK 相比, 小麦秸

秆 M1 及 M2 处理的土壤细菌丰富度及多样性指数有所下降,而玉米秸秆 W2 及 W3 处理则变化不大。此外,在低中量秸秆还田条件下,等量秸秆还田处理的细菌丰富度及多样性指数表现为 $M1 < W1$, $M2 < W2$,而在高量秸秆还田时,则表现为 $M3 > W3$ 。可见,在中低量秸秆还田时,小麦秸秆还田的效果相对较好,而在高量秸秆还田时,则玉米秸秆还田的效果稍好。

表 2 不同处理土壤样品中的细菌群落多样性
Table 2 Diversity indexes of soil bacteria in different treatments

处理	丰富度 S	均匀度 Eh	香农-威纳指数 H'
CK	30	0.987	3.39
M1	25	0.985	3.17
M2	27	0.996	3.28
M3	33	0.860	3.40
W1	28	0.948	3.16
W2	31	0.971	3.34
W3	31	0.986	3.39

2.2.3 土壤细菌群落的相似性分析 土壤细菌的 UPGMA 聚类分析结果表明(图 2),秸秆还田各处理的土壤细菌群落可分为 3 个族群, M3 为第 1 个族群; M1 为第 2 个族群; M2、CK、W3、W1、W2 为第 3 个族群。其中 W3 与 CK、W2 与 W1 间的土壤细菌群落的相似性最高,相似系数均大于 0.85。M3 与其他处理组成的一大类细菌群落间的相似系数最低,仅为 0.57。一般认为相似系数大于 0.60 的两个群体才具有较好的相似性。因此,除 M3 处理外, M2、CK、W3、W1、W2 及 M1 处理的土壤细

菌群落的相似程度均较高,表明土壤细菌群落结构间的差异性较小。

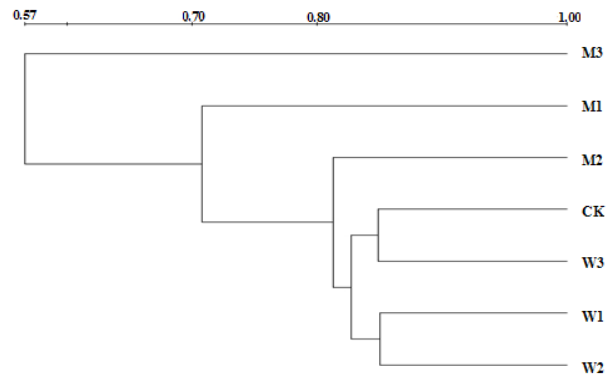


图 2 不同处理土壤细菌的 UPGMA 聚类分析

Fig. 2 Clustering analysis of UPGMA of soil bacteria in different treatments

2.2.4 土壤细菌 DGGE 条带的系统发育分析 对 DGGE 指纹图谱中回收的 7 条特异性条带进行克隆测序并构建了系统发育树(图 3),其中条带 1、3、6、7 为秸秆还田各处理土壤共有的条带,条带 2 为 M3 处理特有带,测序结果显示为硝化螺菌 (*Nitrospira*),是一种可利用无机氮源进行硝化作用的化能自养型细菌。M1 处理中出现的特异性条带 5 为乳酸球菌 (*Lactococcus*),是一种兼性厌氧的革兰氏阳性球菌。M2 处理出现的特异性条带 4 为不可培养细菌 (*Uncultured bacterium HE647148.1*)。所测序的 7 个条带中不可培养细菌比例约占 71.42%,而可培养细菌较少。

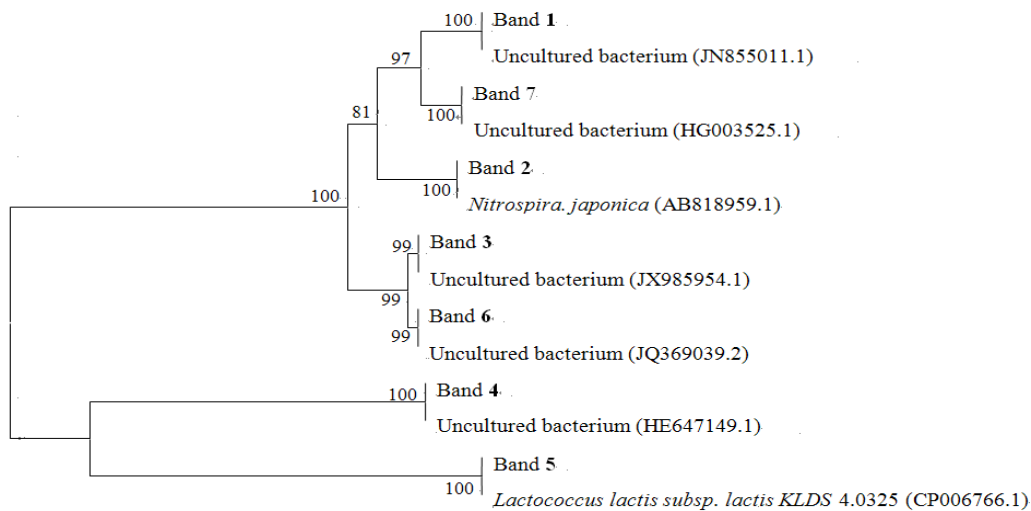


图 3 部分土壤细菌 DGGE 条带的系统发育分析

Fig. 3 Phylogenetic analysis of some gene sequences of bacteria from DGGE bands

3 讨 论

本研究发现, 小麦及玉米秸秆还田各处理均不同程度地提高了土壤脲酶、转化酶、磷酸酶活性, 这与王灿等^[15]研究结果一致。秸秆还田可为土壤微生物活动提供丰富的碳源, 从而增加土壤微生物种类、数量及活性, 而这又在某种程度上决定着土壤酶的来源^[16]。但过氧化氢酶的活性与其他酶活性不同, 一方面, 这可能与过氧化氢酶的辅基受到化肥中阴离子的封阻有关^[11], 氮肥有抑制过氧化氢酶活性的作用^[17]。另一方面, 也可能与本试验连续 3 年的烟草连作种植有关, 张伟等^[18]发现短期连作产生的某些自毒物质对土壤生物化学过程有抑制作用, 能够降低土壤中的过氧化氢酶活性。可见, 不同秸秆还田后土壤过氧化氢酶活性差异的原因及机制还需要进一步研究。

秸秆还田能够改变土壤 pH 及 C、N 养分等土壤化学性质, 从而间接影响土壤微生物的群落结构。我们前期研究发现, 随秸秆还田量的增加, 烟田土壤 pH 有降低趋势^[19], 这主要与秸秆物质在分解过程中产生的有机酸有关^[20]。而随着秸秆还田年限的增加, 土壤 pH 呈下降趋势, 同时土壤微生物群落的多样性也呈下降趋势^[21]。此外土壤微生物的多样性与秸秆分解后土壤中的碳源养分具有较好相关性, 一般土壤中碳源多, 其微生物活性及多样性就高。在本研究中, 与 CK 相比, 低中量秸秆还田 (M1、M2、W1) 的土壤细菌群落多样性有所降低, 一方面可能与秸秆还田导致土壤 pH 的下降有关; 另一方面低量的秸秆还田虽然能增加碳源, 但不足以造成土壤有机质的显著增加^[19]。而随着秸秆还田量的继续增加, 土壤细菌群落的多样性增加且稍高于对照。因为高量秸秆还田 (W3、M3) 会显著增加土壤有机质含量, 调节土壤 C/N 比, 创造出更适宜微生物生长繁殖的微环境。此外, 玉米及小麦秸秆由于自身的腐解特点及碳氮含量差异, 也会影响到土壤的碳氮养分及微生物的生存条件^[22], 从而导致土壤细菌群落多样性的差异。

DGGE 指纹图谱中存在的许多共有条带, 说明土壤细菌中的优势菌群在植烟土壤中较稳定, 受秸

秆种类及其还田量的影响较小。在玉米秸秆还田中, M3 处理中土壤细菌 DGGE 条带 2 的亮度最大, 说明 7500 kg/km² 的玉米秸秆还田后, 促进了植烟土壤中的优势菌群-硝化螺菌 (*Nitrospira*) 的生长与繁殖, 而硝化螺菌能够将土壤中的亚硝酸盐转化成硝酸盐, 供植物生长需要。这可能是高量秸秆还田改善土壤微环境后的反馈反映。而在玉米秸秆还田 M1 及 M2 处理中, 分别出现未知的不可培养细菌群落及乳酸球菌 (*Lactococcus*)。而且除 M3 处理外, 其他各处理土壤细菌群落的相似性均较高。可见, 中低量的秸秆还田虽然一定程度上影响土壤细菌群落的多样性, 但与 CK 相比其多样性变化较小。后期应继续跟踪分析, 以探究土壤细菌群落多样性及特异性菌群对秸秆还田的响应机制, 并结合烟田生态环境及烟叶产质量数据, 为黄淮烟区制定科学合理的秸秆还田策略。

参考文献

- [1] 刘国顺, 刘韶松, 贾新成, 等. 烟田施用有机肥对土壤理化性状和烟叶香气成分含量的影响[J]. 中国烟草科学, 2005, 11 (3): 29-33.
- [2] 时鹏, 高强, 王淑平, 等. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2010, 30 (22): 6173-6182.
- [3] 唐玉姝, 魏朝富, 颜廷梅, 等. 土壤质量生物学指标研究进展[J]. 土壤, 2007, 39 (2): 157-163.
- [4] GUPA V V S R, GERMIDA J J. Distribution of microbial biomass and its activity in different soil aggregate size classes as affected by cultivation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1988, 20: 777-786.
- [5] 蔡琼, 丁桂杰. 森林土壤生态环境质量评价指标研究概述[J]. 山地农业生物学报, 2006, 25 (3): 256-261.
- [6] 王理德, 姚拓, 王方琳, 等. 石羊河下游退耕地土壤微生物变化及土壤酶活性[J]. 生态学报, 2016, 36 (15): 1-10.
- [7] 赵亚丽, 郭海斌, 薛志伟等. 耕作方式与秸秆还田对土壤微生物数量、酶活性及作物产量的影响[J]. 应用生态学报, 2015, 26 (6): 1785-1792.
- [8] 杨滨娟, 黄国勤, 钱海燕. 秸秆还田配施化肥对土壤温度、根际微生物及酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2014, 51 (1): 150-155.
- [9] 潘剑玲, 代万安, 尚占环. 秸秆还田对土壤有机质和氮素有效性影响及机制研究进展[J]. 中国生态农业学报,

- 2013, 21 (5) : 526-530.
- [10] 赵士诚, 曹彩云, 李科江, 等. 长期秸秆还田对华北潮土肥力、氮库组分及作物产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20 (6) : 1441-1449.
- [11] 周礼恺. 土壤酶学[M]. 北京: 科学出版社, 1987 : 97-228.
- [12] 张晶, 林先贵, 刘魏魏, 等. 土壤微生物群落对多环芳烃污染土壤生物修复过程的响应[J]. 环境科学, 2012, 33 (8) : 2825-2831.
- [13] 贾志红, 易建华, 苏以荣, 等. 云南玉溪烟区轮作与连作土壤细菌群落多样性比较研究[J]. 应用生态学报, 2011, 17 (2) : 162-168.
- [14] 刘绍雄, 王明月, 王娟, 等. 基于 PCR-DGGE 技术的剑湖湿地湖滨带土壤微生物群落结构多样性分析[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32 (7) : 1405-1412.
- [15] 王灿, 王德建, 孙瑞娟, 等. 长期不同施肥方式下土壤酶活性与肥力因素的相关性[J]. 生态环境, 2008, 17 (2) : 688-692.
- [16] 万忠梅, 宋长春. 土壤酶活性对生态环境的响应研究进展[J]. 土壤通报, 2009, 40 (4) : 951-954.
- [17] 王冬梅, 王春枝, 韩晓日, 等. 长期施肥对棕壤主要酶活性的影响[J]. 土壤通报, 2006, 37 (2) : 263-267.
- [18] 张伟, 龚久平, 刘建国. 秸秆还田对连作棉田土壤酶活性的影响[J]. 生态环境学报, 2011, 20 (5) : 881-885.
- [19] 薄国栋, 申国明, 张继光, 等. 秸秆还田对植烟土壤养分及真菌群落多样性的影响[J]. 土壤通报, 2016, 47 (1) : 3640.
- [20] RUKSHANA F, BUTTERLY C R, BALDOCK J A, et al. Model organic compounds differ in priming effects on alkalinity release in soils through carbon and nitrogen mineralization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2012, 51: 35-43.
- [21] 张明艳, 张继光, 申国明, 等. 烟田土壤微生物群落结构及功能微生物的研究现状[J]. 中国农业科技导报, 2014, 16 (5) : 115-122.
- [22] 南雄雄, 田霄鸿, 张琳, 等. 小麦和玉米秸秆腐解特点及对土壤中碳、氮含量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, 16 (3) : 626-633.

《中国烟草学报》2017年第1期目次

- 1 卷烟主流烟气中挥发性羰基化合物在醋纤滤嘴中的轴向截留效应.....刘金莉, 徐建, 李霞, 等
- 8 胶体金免疫层析法快速检测烟叶中三唑酮残留量.....楼小华, 高川川, 朱文静, 等
- 15 电子烟灵敏度与抽吸轻松度性能测定方法.....何庆, 徐迎波, 宁勇, 等
- 20 加热不燃烧制品与传统卷烟再造烟叶物理特性及化学成分差异分析.....戴路, 史春云, 卢昕博, 等
- 27 免试剂离子色谱(RFIC)法测定卷烟主流烟气总粒相物中的烟碱.....李力, 李东亮, 张威, 等
- 35 基于烟丝挥发/半挥发性组分构建卷烟果香风格特征预测模型.....李超, 王明锋, 张志敏, 等
- 43 基于层次分析和灰色关联分析的评价模型在卷烟多点加工质量评价中的应用.....陶永峰, 张胜华, 李文璟, 等
- 50 碳酸钙改性方式对造纸法再造烟叶的影响.....俞海军, 马扩彦, 周学政, 等
- 57 不同规格育苗盘对膜下小苗烟苗素质及烟叶产量产值的影响.....喻路, 刘剑金, 王娜, 等
- 62 烤烟部位间叶面微观形态特征的差异及其与部分外观、物理指标的关系.....过伟民, 尹启生, 张艳玲, 等
- 69 四川万源市烟区生态条件与雪茄烟叶质量分析.....杨兴有, 靳冬梅, 李爱军, 等
- 77 鲜烟成熟度颜色值指标及其判别函数研究.....高宪辉, 王松峰, 孙帅帅, 等
- 86 氨基丁酸诱导烟草抗碱初步研究.....尤本武, 董建江, 刘紫薇, 等
- 95 具翼烟草(*Nicotiana alata*)核型、C带与rDNA染色体定位研究.....王霖娇, 任学良, 盛茂银, 等
- 102 烤烟烟碱含量的全基因组关联分析.....孙鑫, 文柳瓔, 尹鹏嘉, 等
- 111 基于BSC和ANP的烟草市场专卖监管效能评价研究.....刘京, 周祥, 李文哲, 等
- 119 基于卡诺模型面向消费者的客户分类评价体系建设研究.....祖强