

# 间作甘蔗对玉米根际微生物功能多样性的影响

郑亚强<sup>1</sup> 杜广祖<sup>1</sup> 李亦菲<sup>1</sup> 陈斌<sup>1\*</sup> 李正跃<sup>1</sup> 肖关丽<sup>2\*</sup>

(<sup>1</sup>云南农业大学植物保护学院, 农业生物多样性与病虫害控制教育部重点实验室, 昆明 650201; <sup>2</sup>云南农业大学农学与生物技术学院, 昆明 650201)

**摘要** 在云南省玉溪市元江县和德宏州陇川县甘蔗种植区分别设置甘蔗间作玉米和单作玉米田小区试验, 采用 Biolog-ECO 板测定了不同气候条件下间作玉米与单作玉米根际微生物代谢功能多样性。结果表明: 在陇川和元江试验区, 间作玉米根际微生物的平均颜色变化率 (AWCD) 相对于单作玉米分别提高了 28.50% 和 42.32%, Shannon 指数和 Simpson 指数高于单作玉米田; 从土壤微生物对碳源的利用率来看, 两个试验区的间作玉米根际微生物对 22 种碳源的利用率高于单作玉米田, 对 2 种碳源的利用率低于单作玉米田, 两试验区间作与单作玉米根际微生物对碳源的利用率变化规律不尽一致的碳源有 7 种。由此表明, 间作提高了玉米根际微生物对大部分碳源的利用率, 并且在不同试验区有所差异。主成分分析表明, 元江和陇川试验区间作玉米和单作玉米根际微生物群落结构明显不同。综上所述, 在甘蔗玉米间作体系中, 间作玉米根际微生物相对于单作玉米根际微生物群落多样性较高、根际微生物活性较强。该研究结果可为玉米甘蔗间作对土壤微生物活性影响研究提供理论基础。

**关键词** 玉米; 甘蔗; 间作; 根际微生物; 代谢功能

**Effects of intercropping sugarcane on functional diversity of maize rhizosphere microorganisms.** ZHENG Ya-qiang<sup>1</sup>, DU Guang-zu, LI Yi-fei<sup>1</sup>, CHEN Bin<sup>1\*</sup>, LI Zheng-yue<sup>1</sup>, XIAO Guan-li<sup>2\*</sup> (<sup>1</sup>Key Laboratory of Agro-biodiversity and Pest Management of China's Ministry of Education/College of Plant Protection, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China; <sup>2</sup>College of Agronomy and Biotechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China).

**Abstract:** The metabolic function diversity of maize rhizosphere microorganisms in maize monoculture system and maize/sugarcane intercropping system was examined in Yuanjiang and Longchuan counties of Yunnan Province by Biolog-ECO techniques. The results showed that the average well color development (AWCD) of microbial communities in rhizosphere soils in intercropping maize increased by 28.50% and 42.32% than that in monoculture system at both sites, respectively. The Shannon index of rhizosphere microorganisms in intercropping maize system was higher than that in monoculture system at both sites. The utilization rate of 22 carbon sources by rhizosphere microorganisms increased, while the utilization rate of other two carbon sources decreased in intercropping system than in monoculture system. However, seven kinds of carbon sources had no consistent pattern in utilization rate between intercropping and monoculture systems in both sites. Intercropping increased the carbon source utilization rate than monocropping, but with geographic differences. The results of principal component analysis (PCA) showed that the rhizosphere microbial community composition and metabolic function were different between intercropping and monoculture systems. In conclusion, diversity, activities, and metabolic function of soil rhizosphere microbial community were higher in the maize/sugarcane intercropping system than that in maize monoculture. The results will provide a theoretical basis for examining the effects of maize/sugarcane intercropping on the activity of rhizosphere microbial community.

**Key words:** maize; sugarcane; intercropping; rhizosphere microbe; metabolic function.

玉米(*Zea mays*)是中国的三大主粮作物之一,多年的连续种植会造成连作障碍。研究表明,玉米连作多年土壤微生物多样性显著低于非连作地(时鹏等,2010)。合理的作物多样性种植不仅能有效的提高土地利用、作物的经济产量、作物品质(张向前等,2012),而且还能增加土壤微生物的多样性、促进土壤生态系统的营养循环,从而有效缓解连作障碍(Latz *et al.*, 2012)。据报道(谢凯等,2014),玉米能与多种作物间作均表现出较好的间作优势。Li等(1999)研究发现,玉米与蚕豆间作,种间的竞争较弱,玉米蚕豆的品质都能得到了明显的改善。玉米与大豆、花生等豆科作物间作时,无论在施肥还是不施肥条件下,玉米的单株经济产量和生物产量、大田经济产量都得了明显的提高,同时还显著改善了玉米籽粒的营养品质(张向前等,2012)。

甘蔗间作玉米是云南省甘蔗种植农户普遍采用的一种种植模式(Li *et al.*, 2009),间作甘蔗相对于单作甘蔗明显提高了其经济效益、土地利用、甘蔗产量、其他农艺性状及甘蔗根际土壤微生物多样性(Suman *et al.*, 2006; 李志贤等, 2010; 郑亚强等, 2016)。此外,甘蔗间作玉米能有效提高天敌昆虫的数量,有效控制亚洲玉米螟的危害(陈斌等, 2015)。本试验利用 Biolog 技术对甘蔗间作玉米和单作玉米田玉米根际土壤微生物群落代谢功能多样性进行研究,以期为了保护农田生态系统,建立合理的甘蔗玉米多样性种植模式提供科学依据。

## 1 材料与方

### 1.1 试验地点

试验地点分别在玉溪市元江县红光农场(23°36'26.1" N, 101°57'23.4" E)和德宏州陇川县章风镇拉勐村(24°28'20"N, 98°01'45"E)。参考郑亚强等(2016)的方法设计试验小区,设置玉米单作、玉米间作甘蔗2个处理,每处理3次重复,每个小区200 m<sup>2</sup>。

### 1.2 种植与田间管理

甘蔗采用宽窄行种植,其中宽行为110 cm,窄行70 cm,玉米穴播种植于甘蔗行间,玉米-甘蔗间作田玉米株距×行距为20 cm×100 cm,玉米单作株距×行距为20 cm×100 cm。每个处理种植3小区。其中甘蔗品种为“粤糖93-159”、“宿根蔗”,玉米品种为“会单4号”。

### 1.3 土壤的采集

土壤样品于2014年9月16日和9月28日分别采集陇川和元江试验区间作田和单作田玉米根际,采用五点法取样并按照四分取样法保留土样(程丽娟等,2012),将采集的样品于无菌袋中密封。立即带回室内放置于4℃冰箱备用,第2天便进行 Biolog 测定。

### 1.4 不同处理土壤微生物代谢活性测定

本试验采用 Biolog-ECO((Biolog, USA)板测定了甘蔗间作玉米和单作玉米田玉米根际微生物的代谢功能。参照郑亚强等(2016)的方法进行测定。

### 1.5 数据分析

以31个孔中碳源的平均颜色变化率(AWCD)作为反映微生物群落整体代谢活性指标。以96 h的数据进行土壤微生物多样性分析,其公式如下:

$$AWCD = \sum (C_i - R) / 31$$

Shannon 指数:

$$H = - \sum P_i \ln P_i$$

Simpson 指数:

$$D = 1 - \sum P_i^2$$

式中: $C_i$ 为第*i*个碳源孔的OD值; $R$ 为对照孔的OD值,若 $C_i - R < 0$ ,计为0; $P_i$ 为第*i*孔的相对吸光度值与整个平板相对吸光值总和的比率。

数据采用 Microsoft Office Excel 2010 进行整理,运用 R 语言 Vegan 包 diversity 函数进行微生物多样性指数计算(Oksanen *et al.*, 2007)。以96 h的碳源利用率进行热力图和主成分分析,其碳源利用率采用 Pheatmap 包进行碳源利用率热力图的绘制(Kolde, 2010)。主成分分析采用 R 语言中的 gmodels 包中的 fast.pcomp 函数进行分析,排序图采用 ggplot2 软件进行作图。差异显著性分析采用 R 语言中的 T-test 函数进行分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 间作对玉米根际土壤微生物活性的影响

从图1可以看出,无论是元江还是陇川试验点,在培养0~24 h期间,间作和单作玉米根际微生物活性间无明显差异。培养24 h后,间作玉米根际微生物活性均高于单作玉米根际微生物活性。其中,培养96 h,元江间作玉米根际微生物的 AWCD 相对于单作玉米提高了42.32% ( $F = 7.117, P < 0.05$ ),陇川试验区间作玉米根际微生物 AWCD 相对于单作

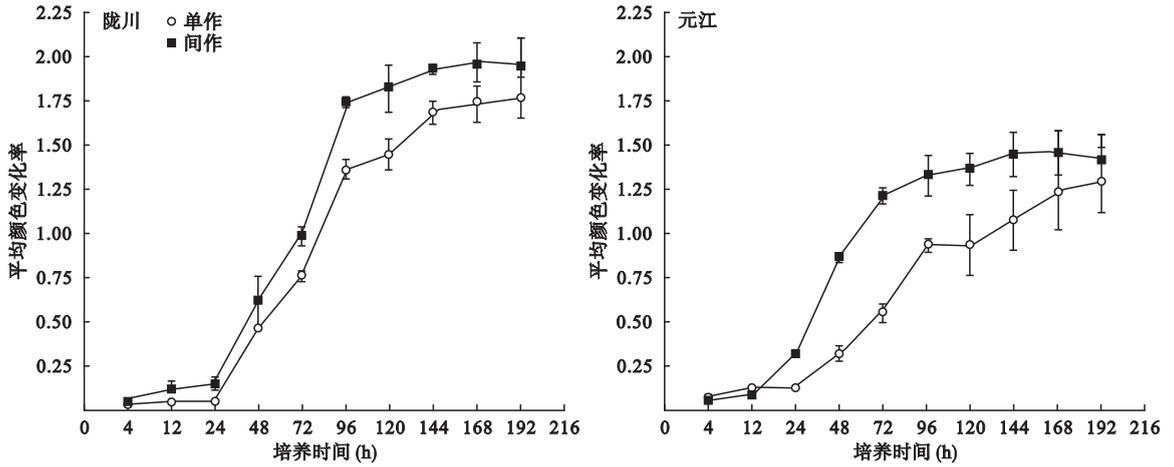


图1 元江和陇川试验区间作和单作玉米根际土壤微生物平均颜色变化率的动态

Fig.1 Dynamics of average well color development (AWCD) of microorganisms in rhizosphere soils of intercropped and monocropped maize in Yuanjiang and Longchuan of Yunnan Province

玉米提高了 28.50% ( $F=0.869, P<0.05$ )。

### 2.2 不同处理对微生物多样性指数的影响

运用 R 语言对反应 96 h 时的微生物多样性进行计算,结果显示(图 2),两个实验区间作玉米根际微生物香农指数和辛普森指数均约高于单作玉米,但差异不显著(陇川香农指数: $F=2.395, P>0.05$ ;陇川辛普森指数: $F=6.504, P>0.05$ ;元江试验区香农指数: $F=0.826, P>0.05$ ;元江辛普森指数: $F=1.776, P>0.05$ )。陇川试验区的间作玉米和单作玉米根际香农指数分别为  $3.360 \pm 0.022$  和  $3.334 \pm 0.012$ 。元江试验区间作和单作玉米根际微生物群落的香农指数分别  $3.190 \pm 0.023$  和  $3.160 \pm 0.032$ 。陇川试验区间作和单作玉米根际微生物群落的辛普森指数分别  $27.718 \pm 0.868$  和  $26.585 \pm 0.261$ ,元江试

验区间作和单作玉米根际微生物群落的辛普森指数分别  $21.599 \pm 0.685$  和  $20.043 \pm 1.155$ 。

### 2.3 间作和单作玉米根际微生物对碳源的利用

从间作和单作玉米根际微生物对碳源利用的热力图可以看出(图 3),元江试验区间作和单作玉米根际微生物对碳源的利用率聚为一大支,陇川试验区间作和单作玉米根际微生物对碳源的利用率聚为一大支,而两个试验区间作玉米和单作玉米根际微生物对碳源的利用率又分别聚为一小支。

在元江和陇川试验区,间作玉米根际微生物相对于单作玉米根际微生物对碳源的利用率均提高的碳源有 22 种:丙酮酸甲脂(陇川试验区提高 5.09%,  $F=5.066, P>0.05$ ;元江试验区提高 14.30%,  $F=2.399, P>0.05$ )、吐温 80(陇川试验区提高 62.61%,

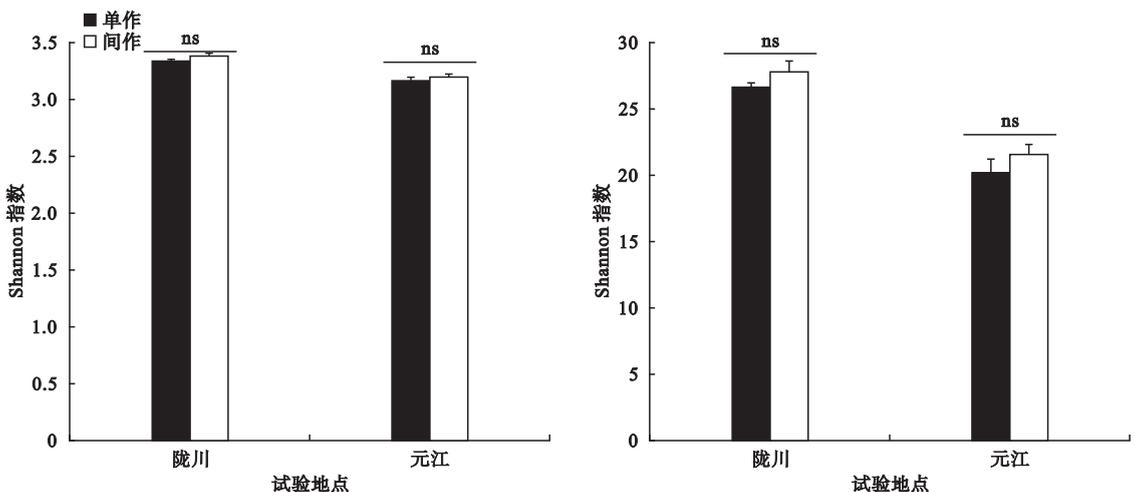


图2 间作甘蔗对玉米根际土壤微生物多样性指数

Fig.2 Diversity index of microbial communities in rhizosphere soils of intercropped and monocropped maize

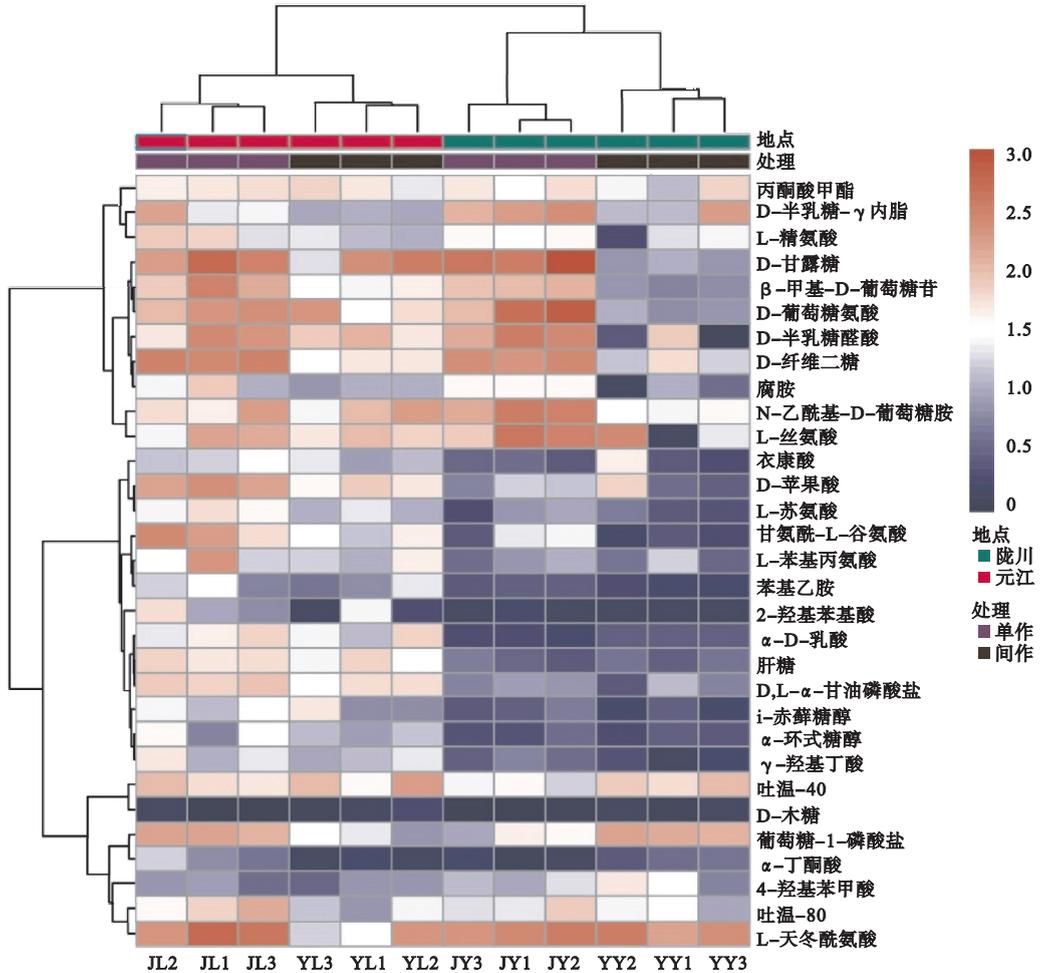


图3 间作甘蔗对玉米根际土壤微生物对各类碳源利用的影响

Fig.3 Effect of maize intercropped with sugarcane on the utilization of carbon sources by microorganisms in rhizosphere soils

JL1~3 分别代表陇川试验点间作处理的3个重复试验小区, YL1~3 分别代表陇川试验点玉米单作处理的3个重复试验小区, JY1~3 分别代表元江试验点间作处理的3个重复试验小区, YY1~3 分别代表元江试验点玉米单作处理的3个重复试验小区。

$F = 0.009, P < 0.05$ ; 元江试验区提高 15.39%,  $F = 0.264, P > 0.05$ )、 $\alpha$ -环式糊精(陇川试验区提高 22.62%,  $F = 8.122, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 15.68%,  $F = 1.059, P > 0.05$ )、D-纤维二糖(陇川试验区提高 50.09%,  $F = 2.765, P < 0.05$ ; 元江试验区提高 69.14%,  $F = 8.015, P < 0.05$ )、 $\beta$ -甲基-D-葡萄糖苷(陇川试验区提高 42.34%,  $F = 1.501, P < 0.05$ ; 元江试验区提高 154.37%,  $F = 0.021, P < 0.05$ )、I-赤藻糖醇(陇川试验区提高 18.48%,  $F = 6.279, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 73.93%,  $F = 0.437, P > 0.05$ )、D-甘露醇(陇川试验区提高 20.28%,  $F = 4.411, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 188.29%,  $F = 3.402, P < 0.05$ )、D-葡萄糖胺(陇川试验区提高 20.60%,  $F = 1.616, P > 0.05$ ; 元江提高 173.62%,  $F = 5.875, P < 0.05$ )、D, L- $\alpha$ -甘油(陇川试验区提高 13.50%,  $F = 5.176, P < 0.05$ ; 元江

试验区提高 15.39%,  $F = 2.410, P > 0.05$ )、D-半乳糖内酯(陇川试验区提高 62.95%,  $F = 13.954, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 49.95%,  $F = 10.057, P > 0.05$ )、D-半乳糖醛酸(陇川试验区提高 13.83%,  $F = 2.799, P > 0.05$ ; 元江试验区提高, 202.08%,  $F = 7.765, P > 0.05$ )、2-羟苯甲酸(陇川试验点提高 94.22%,  $F = 0.721, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 10.25%,  $F = 2.856, P > 0.05$ )、 $\gamma$ -羟基丁酸(陇川试验区提高了 17.59%,  $F = 0.634, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 171.86%,  $F = 0.290, P < 0.05$ )、D-苹果酸(陇川试验区提高了 30.23%,  $F = 0.236, P < 0.05$ ; 元江试验区提高 12.79%,  $F = 6.335, P > 0.05$ )、L-精氨酸(陇川试验区提高 42.32%,  $F = 3.088, P > 0.05$ ; 元江试验区提高 57.26%,  $F = 13.015, P > 0.05$ )、L-天冬酰胺酸(陇川试验区提高 53.64%,  $F = 3.893, P > 0.05$ ; 元江试验区提

高 2.92%,  $F=0.214, P>0.05$ )、L-苯基丙氨酸(陇川试验区提高 28.06%,  $F=1.362, P>0.05$ ;元江试验区提高 3.33%,  $F=1.056, P>0.05$ )、L-丝氨酸(陇川试验区提高 28.06%,  $F=4.51, P>0.05$ ;元江试验区提高 78.19%,  $F=1.553, P>0.05$ )、L-苏氨酸(陇川试验区提高 39.44%,  $F=0.001, P<0.05$ ;元江试验区提高 78.19%,  $F=3.008, P>0.05$ )、甘氨酸-L-谷氨酸(陇川试验区提高 51.46%,  $F=0.66, P<0.05$ ;元江试验区提高 391.52%,  $F=7.046, P>0.05$ )、苯乙基胺(陇川试验区提高 27.69%,  $F=0.03, P>0.05$ ;元江试验区提高 75.32%,  $F=1.183, P<0.05$ )和腐胺(陇川试验区提高 46.58%,  $F=2.658, P>0.05$ ;元江试验区提高 164.94%,  $F=3.822, P<0.05$ )。

在元江和陇川试验区,间作玉米根际微生物对碳源的利用率低于单作玉米根际微生物对碳源的利用率的碳源有 2 种,分别是吐温 40 和 D-木糖。陇川试验区间作玉米根际微生物相对单作玉米根际微生物对碳源的利用率分别降低了 5.25% 和 57.62%, 但二者差异均未达显著水平(吐温 40:  $F=2.087, P>0.05$ ;D-木糖:  $F=0.243, P>0.05$ );元江试验点间作玉米根际微生物相对单作玉米根际微生物对碳源的利用率分别降低了 25.21% 和 72.60%, 且差异均达显著水平(吐温 40:  $F=0.443, P<0.05$ ;D-木糖:  $F=0.903, P<0.05$ )。

在元江和陇川试验区,间作玉米根际微生物相对于单作玉米根际微生物对碳源的利用率变化规律不一致的碳源共有 7 种,分别是肝糖、 $\alpha$ -D-乳糖、N-乙酰基-D-葡萄糖胺、葡萄糖-1-磷酸盐、4-羟基苯甲

酸、衣康酸和  $\alpha$ -丁酮酸。在陇川试验区,间作玉米根际微生物对肝糖 ( $F=5.178, P>0.05$ )、 $\alpha$ -D-乳糖 ( $F=0.498, P>0.05$ )、葡萄糖-1-磷酸盐 ( $F=6.688, P<0.05$ )、4-羟基苯甲酸 ( $F=0.054, P>0.05$ )、衣康酸 ( $F=0.005, P>0.05$ )、 $\alpha$ -丁酮酸 ( $F=8.073, P<0.05$ ) 的利用率高于单作玉米,提高率分别为 11.56%、11.69%、70.80%、3.16%、18.97% 和 480.33%, 而 N-乙酰基-D-葡萄糖胺 ( $F=0.439, P>0.05$ ) 间作玉米比单作玉米根际微生物对碳源的利用率低,降低了 1.70%, 其中葡萄糖-1-磷酸盐和  $\alpha$ -丁酮酸的利用率差异达显著水平,其他碳源的利用率差异未达显著水平;在元江试验区,间作玉米根际微生物对肝糖 ( $F=0.473, P>0.05$ )、 $\alpha$ -D-乳糖 ( $F=0.646, P<0.05$ )、葡萄糖-1-磷酸盐 ( $F=5.875, P<0.05$ )、4-羟基苯甲酸 ( $F=4.888, P>0.05$ )、衣康酸 ( $F=11.875, P>0.05$ )、 $\alpha$ -丁酮酸 ( $F=11.875, P<0.05$ ) 的利用率低于单作玉米,分别降低了 6.78%、45.45%、34.51%、15.30%、35.00% 和 75.64%, 而间作玉米根际微生物对 N-乙酰基-D-葡萄糖胺 ( $F=3.881, P<0.05$ ) 的利用率高于单作玉米,提高率达 59.66%, 其中对  $\alpha$ -D-乳糖、葡萄糖-1-磷酸盐、 $\alpha$ -丁酮酸和 N-乙酰基-D-葡萄糖胺的利用率差异达到显著水平,其余碳源的利用率差异未达到显著水平。

### 2.4 间作与单作玉米根际微生物群落结构的主成分分析

从图 4 可知,在陇川试验区,主成分 1 贡献率为 41.2%,主成分 2 贡献率为 20%,两主成分能解释的总变异为 61.2%。在元江试验区,主成分 1 贡献率

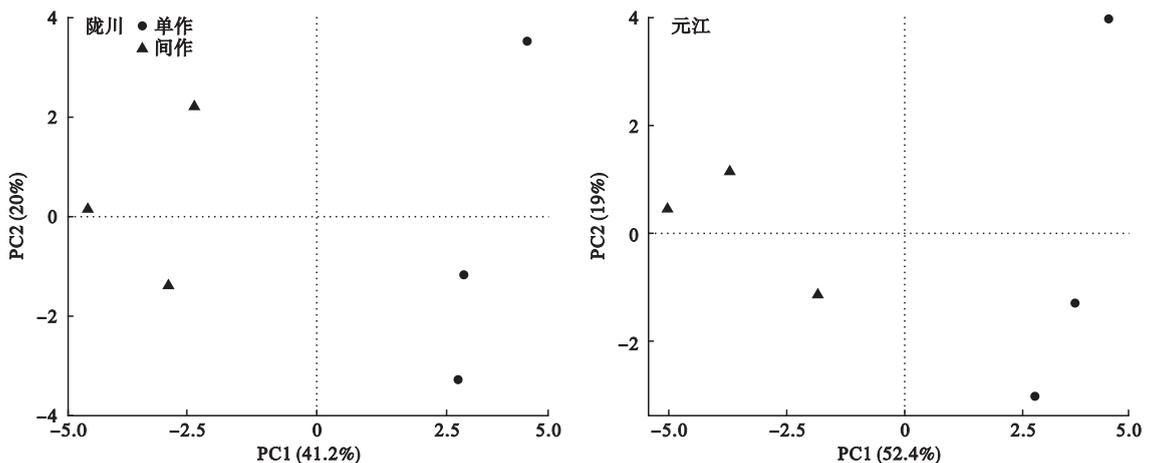


图 4 间作和单作玉米根际土壤微生物群落结构的主成分分析  
 Fig.4 Principal component analysis for carbon utilization of microorganisms in rhizosphere soils of intercropped and mono-cropped maize

为52.4%,主成分2贡献率为19%,两成分能解释的总变异为71.4%。由此可以看出,两试验区的两主成分均能代表大量的变异信息,而且两试验区间作玉米和单作玉米根际微生物群落结构能很好的被主成分1区分,表明两试验区间作玉米和单作玉米根际微生物群落结构间差异明显。

### 3 讨论

#### 3.1 间作甘蔗对玉米根际土壤微生物活性的影响

合理的间作有利于维持土壤微生物的平衡,能显著提高有益微生物的数量和活性,从而抑制单作栽培模式中易发生的有害微生物,并抑制一般厌氧性细菌和反硝化细菌的生长(Roscher *et al.*, 2004; Li *et al.*, 2007; 彭东海等, 2014)。土壤微生物群落的AWCD表征了土壤微生物利用碳源的能力及其代谢活性的大小,其值越高,土壤微生物群落代谢活性越高(Garland, 1997; Choi, 1999; Anderson, 2003; Weber *et al.*, 2007)。本试验结果表明,无论是元江试验区还是陇川试验区,与甘蔗间作的玉米根际微生物AWCD值均高于单作根际微生物的AWCD值,由此说明,玉米和甘蔗间作能提高玉米根际微生物的活性,该结果也与大多数的作物间作能提高根际微生物的多样性的研究结果相同(白学慧等, 2008; 李鑫等, 2012; 董艳等, 2013; 张爱加等, 2013; 沈雪峰等, 2014; 杨智仙等, 2014; 覃潇敏等, 2015)。但该研究对玉米根际微生物活性的提高后,对玉米生长发育及产量和品质的影响是否相关尚未作研究。此外,本课程组研究还发现,在甘蔗间作玉米体系中,间作甘蔗的根际微生物活性比单作甘蔗根际微生物活性高(郑亚强等, 2016),这说明在甘蔗玉米间作系统中,玉米和甘蔗的根系相互作用既提高了甘蔗根际微生物活性也提高了玉米根际微生物活性,但是微生物活性的提高是否会影响玉米的生长发育及产量和品质也未做相关研究。因此,对于甘蔗与玉米间作是否会影响作物的农艺性状,还有待进一步探讨。

#### 3.2 间作甘蔗对玉米根际土壤微生物多样性的影响

本研究发现,陇川和元江试验区与甘蔗间作的玉米其根际土壤微生物Shannon指数和Simpson多样性指数均高于单作玉米,但差异未到达显著水平,而甘蔗与玉米间作能显著提高甘蔗根际土壤微生物Shannon指数和Simpson多样性指数(郑亚强等, 2016),虽然甘蔗和玉米均为喜温作物,但是两者生

理及生物学特性明显不同,玉米为一年生高大的草本植物,其根系由胚根和节根组成,而甘蔗多年生高大实心草本植物,其的根系由种苗根和株根组成,两者根的呼吸强度存在着明显差异(Mollier, 1999; Smith *et al.*, 2005; 高玉红等, 2012)。这些差异是否是引起这一差异的原因,还有待进一步的探究。

#### 3.3 间作甘蔗对玉米根际土壤微生物对碳源利用的影响

合理的作物间作可能既有正反馈调整作用也有负反馈调节(马玲等, 2013; 覃潇敏等, 2015)。碳源利用率分析结果表明,在陇川和元江试验区间作玉米相对于单作玉米根际土壤微生物对碳源的利用率较高的碳源达22种,相对于单作玉米较低的碳源仅有2种。由此表明,间作甘蔗提高了玉米根际土壤微生物对多数碳源的利用率。然而,间作对玉米根际土壤微生物碳源利用率的提高对玉米生长发育及产量和品质有何影响,甚至是对应哪一类微生物的改变是值得深入研究的问题。此外,在两试验区,间作玉米根际土壤微生物对7种碳源的利用率变化规律不尽一致,究其原因可能是与两个实验地的温湿度等气候条件及或土壤因子的差异有关,也还有待进一步的研究。此外,甘蔗间作玉米能有效控制玉米主要害虫的发生危害(陈斌等, 2015),这种对玉米害虫的控制作用是否与间作引起玉米根际土壤微生物的改变有关,也将是值得进一步探讨的内容。

### 4 结论

甘蔗与玉米间作种植能有效提高玉米根际土壤微生物的活性及其多样性,改变了微生物群落的结构及代谢功能,该研究结果将为合理种植以及间作增产机理研究提供理论依据。

玉米与甘蔗间作有效提高了玉米根际土壤微生物对多数碳源的利用率,促进作物对营养的吸收,增加了作物的产量。

#### 参考文献

- 白学慧, 姬广海, 李成云, 等. 2008. 魔芋与玉米间栽对魔芋根际微生物群落代谢功能多样性的影响. 云南农业大学学报: 自然科学版, **23**(6): 736-740.
- 陈斌, 和淑琪, 张立敏, 等. 2015. 甘蔗间作玉米对亚洲玉米螟发生为害的控制作用. 植物保护学报, **42**(4): 591-597.
- 程丽娟, 薛泉宏. 2012. 微生物学实验技术. 北京: 科学出版社.
- 董艳, 董坤, 汤利, 等. 2013. 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. *生态学报*, **33**(23): 7445-7454.
- 高玉红, 郭丽琢, 牛俊义, 等. 2012. 栽培方式对玉米根系生长及水分利用效率的影响. *中国生态农业学报*, **20**(2): 210-216.
- 李鑫, 张会慧, 岳冰冰, 等. 2012. 桑树-大豆间作对盐碱土碳代谢微生物多样性的影响. *应用生态学报*, **23**(7): 1825-1831.
- 李志贤, 冯远娇, 杨文亨, 等. 2010. 甘蔗间作种植研究进展. *中国生态农业学报*, **18**(4): 884-888.
- 马玲, 马琨, 汤梦洁, 等. 2013. 间作与接种 AMF 对连作土壤微生物群落结构与功能的影响. *生态环境学报*, **22**(8): 1341-1347.
- 彭东海, 杨建波, 李健, 等. 2014. 间作大豆对甘蔗根际土壤细菌及固氮菌多样性的影响. *植物生态学报*, **38**(9): 959-969.
- 沈雪峰, 方越, 董朝霞, 等. 2014. 甘蔗/花生间作对土壤微生物和土壤酶活性的影响. *作物杂志*, **162**(5): 55-58.
- 时鹏, 高强, 王淑平, 等. 2010. 玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响. *生态学报*, **30**(22): 6173-6182.
- 覃潇敏, 郑毅, 汤利, 等. 2015. 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. *作物学报*, **41**(6): 919-928.
- 谢凯, 翁伯琦. 2014. 玉米与旱地作物间作套种研究进展. *中国农学通报*, **30**(6): 26-32.
- 杨智仙, 汤利, 郑毅, 等. 2014. 不同品种小麦与蚕豆间作对蚕豆枯萎病发生、根系分泌物和根际微生物群落功能多样性的影响. *植物营养与肥料学报*, **20**(3): 570-579.
- 张爱加, 周明明, 林文雄. 2013. 不同种植模式对甘蔗根际土壤生物学特性的影响. *植物营养与肥料学报*, **19**(6): 1525-1532.
- 张向前, 黄国勤, 卞新民, 等. 2012. 间作对玉米品质、产量及土壤微生物数量和酶活性的影响. *生态学报*, **32**(22): 7082-7090.
- 郑亚强, 张立敏, 杨进成, 等. 2016. 甘蔗间作玉米对甘蔗根际微生物代谢功能多样性的影响. *中国生态农业学报*, **5**(24): 618-627.
- Anderson TH. 2003. Microbial eco-physiological indicators to assess soil quality. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, **98**: 285-293.
- Choi KH, Dobbs FC. 1999. Comparison of two kinds of Biolog microplates (GN and ECO) in their ability to distinguish among aquatic microbial communities. *Journal of Microbiological Methods*, **36**: 203-213.
- Garland JL. 1997. Analysis and interpretation of community-level physiological profiles in microbial ecology. *FEMS Microbiology Ecology*, **24**: 289-300.
- Kolde R. 2015. Pheatmap: Pretty Heatmaps. R package version 1.0.7.
- Latz E, Eisenhauer N, Rall BC, et al. 2012. Plant diversity improves protection against soil-borne pathogens by fostering antagonistic bacterial communities. *Journal of Ecology*, **100**: 597-604.
- Li C, He X, Zhu S, et al. 2009. Crop diversity for yield increase. *PLoS One*, **4**: e8049.
- Li L, Li SM, Sun JH, et al. 2007. Diversity enhances agricultural productivity via rhizosphere phosphorus facilitation on phosphorus-deficient soils. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, **104**: 11192-11196.
- Li L, Yang S, Li X, et al. 1999. Interspecific complementary and competitive interactions between intercropped maize and faba bean. *Plant and Soil*, **212**: 105-114.
- Mollier A, Pellerin S. 1999. Maize root system growth and development as influenced by phosphorus deficiency. *Journal of Experimental Botany*, **50**: 487-497.
- Oksanen J, Blanchet FG, Kindt R, et al. 2013. vegan: community ecology package. R package version 2.0-10.
- Roscher C, Schumacher J, Baade J, et al. 2004. The role of biodiversity for element cycling and trophic interactions: An experimental approach in a grassland community. *Basic and Applied Ecology*, **5**: 107-121.
- Smith DM, Inmanbamber NG, Thorburn PJ. 2005. Growth and function of the sugarcane root system. *Field Crops Research*, **92**: 169-183.
- Suman A, Lal M, Singh AK, et al. 2006. Microbial biomass turnover in Indian subtropical soils under different sugarcane intercropping systems. *Agronomy Journal*, **98**: 698-704.
- Weber KP, Grove JA, Gehder M, et al. 2007. Data transformations in the analysis of community-level substrate utilization data from microplates. *Journal of Microbiological Methods*, **69**: 461-469.
- 
- 作者简介 郑亚强,男,1987年生,博士研究生,主要从事昆虫农业生物多样性与害虫综合防治研究。E-mail: 736364746@qq.com
- 责任编辑 李凤芹
-