

小麦秸秆对杂草种子萌发和土壤微生物代谢的影响

王慧敏¹, 魏守辉¹, 张朝贤¹, 朱文达²,
姜翠兰¹, 陈景超¹, 黄兆峰¹, 黄红娟^{1*}

(1. 中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100193; 2. 湖北省农业科学院植保土肥研究所, 武汉 430064)

摘要 通过室内模拟小麦秸秆还田, 研究小麦秸秆对农田杂草种子萌发和土壤微生物代谢功能的影响。结果表明, 小麦秸秆对杂草种子的萌发抑制活性随秸秆还田的时间呈动态变化, 0~10 d 抑草活性逐渐增强, 10 d 后抑草活性逐渐降低。对狗尾草种子的萌发抑制效果最好, 在 10 d 时对狗尾草种子萌发抑制率高达 83%。采用 Biolog 方法研究土壤微生物代谢功能, 10 d 处理土壤微生物结构多样性及代谢活性显著高于其他处理。研究明确了小麦秸秆还田能够抑制杂草种子萌发, 并改变土壤微生物环境。

关键词 小麦秸秆; 杂草种子; 萌发抑制率; 微生物代谢

中图分类号: S 451.1 文献标识码: A DOI: 10.16688/j.zwbh.2018158

Effects of wheat straws on germination of weeds and metabolism of soil microbial community

WANG Huimin¹, WEI Shouhui¹, ZHANG Chaoxian¹, ZHU Wenda², JIANG Cuilan¹,
CHEN Jingchao¹, HUANG Zhaofeng¹, HUANG Hongjuan¹

(1. Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China;

2. Institute of Plant Protection and Soil Science, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China)

Abstract The effects of simulated returning of wheat straws to field on germination of weeds and metabolism of soil microbial community were explored. The results showed that the germination inhibitory activity of wheat straw on weed seeds was changed dynamically with straw mulching time. The inhibitory activity gradually increased in 0—10 d and decreased after 10 d. The inhibition rate of *Setaria viridis* seed germination was the highest (83%) in 10 d. The Biolog method was used to study soil microbial metabolic function, and we found that soil microbial structure diversity and metabolic activity were significantly higher than under other treatments in 10 d. The study preliminarily confirmed that returning wheat straws to field could inhibit the germination of weeds and change soil microbial environment.

Key words wheat-straw; seed of weed; germination inhibition rate; microbial metabolism

秸秆还田是把小麦、玉米、水稻等农作物秸秆直接或堆积腐熟后施入土壤中的一种方法, 合理的秸秆还田具有改善土壤理化性质、提高土壤肥力、促进产量增加等生态学意义。近年来, 秸秆还田对农田杂草的抑制作用也时有报道。秸秆高留茬深松覆盖可减少麦家公 *Buglossoides arvensis* (L.) I. M. Johnst.、荠菜 *Capsella bursa-pastoris* (L.) Medic.、播娘蒿 *Descurainia sophia* (L.) Webb. ex Prantl 等杂草的综合优势度比, 降低牛筋草 *Eleusine indica* (L.)

Gaertn.、马唐 *Digitaria sanguinalis* (L.) Scop. 等杂草生物量及其密度^[1-2], 秸秆覆盖还田配合化学除草剂可有效减少大豆田主要杂草的发生^[3], 对小麦田杂草也有良好的控制效果^[4]。另外, 连续秸秆还田还可降低土壤杂草种子密度及其多样性^[5]。然而也有文献指出小麦秸秆还田可促进水稻田阔叶类杂草和莎草科杂草的发生^[6], 认为免耕(不翻动表层土壤, 并全年在土壤表面留下作物残茬的耕作方式)会增加农田杂草数量, 导致杂草发育参差不齐, 恶性杂

收稿日期: 2018-04-09 修订日期: 2018-05-21

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0300705)

* 通信作者 E-mail: hjhuang@ippcaas.cn

草发生严重^[7-9],而且目前对秸秆控草的研究主要集中在稻-麦连作体系中,东北、华北和西南地区是我国玉米的主产区,主要耕作模式是小麦-玉米轮作,其中马唐、牛筋草、狗尾草 *Setaria viridis* (L.) Beauv.、反枝苋 *Amaranthus retroflexus* L.、苘麻 *Abutilon theophrasti* Medicus 等为玉米田间主要常见杂草,目前仍是采用单一化学除草剂进行杂草的防除,利用小麦秸秆控制杂草的研究较少。

土壤微生物群落结构与功能受植被凋落物数量和质量、温度及湿度等多种因素影响^[10],秸秆覆盖还田后,土壤固氮微生物群落、细菌群落多样性发生了改变^[11-12],并且显著影响了土壤微生物的生物量^[13],长期小麦-玉米轮作田,免耕秸秆还田条件下的细菌群落具有更高的多样性和丰度^[14],以及更高的土壤微生物生理代谢活性^[15],而秸秆还田对土壤微生物群落动态及其相关代谢功能研究较少。

本文通过室内模拟试验,考察小麦秸秆覆盖还田和秸秆混合还田两种方式对玉米田主要杂草种子萌发的影响,并利用 Biolog-ECO 微平板鉴定方法,研究秸秆还田对土壤微生物群落代谢功能的影响,为小麦-玉米连作制下秸秆还田技术的完善及推广积累数据、提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

小麦品种为‘良星 99’,在小麦收割时进行秸秆采集,秸秆碎片长度 5~30 mm,自封袋分装,25℃,干燥通风条件下储存备用。杂草种子马唐、狗尾草、反枝苋和牛筋草均由本实验室提供。土壤采自北京市密云县玉米田表层 10 cm 土壤,过 5 mm 筛去除土壤较大的颗粒物后备用^[16]。

1.2 土壤处理

参照田间秸秆全量还田量^[17-18],本研究秸秆与土壤的质量比是 400:1,秸秆处理方式分为秸秆与土壤均匀混合处理(T1)、秸秆覆盖在土壤表层(T2)和无秸秆处理空白对照(CK),每处理 5 个重复。土壤墒情测定仪(WET-1, Delta-T Devices)监控土壤湿度并保持湿度在 10%~20%之间,分别于处理后 0、3、10、20、30、60 d 取土样进行种子萌发生物测定以及微生物代谢功能分析。

取样方法:五点取样法进行土壤取样。T1 组取样后过 2 mm 筛除秸秆;T2 组将土壤表层覆盖的秸

秆移除后取土样。完成取样后,剩余土壤则继续在原条件下存放,以便下次取样。土壤样品采集后进行后续试验或置于 4℃ 保存。

所取土样中称取相当于 10 g 干重土壤进行 Biolog 方法分析,剩余土样用于杂草种子萌发试验。

1.3 杂草种子萌发的测定

称取 20 g 土壤置于直径为 6 cm 培养皿中,土层厚度约 0.5 cm,每种种子每皿放置 100 粒,设置 5 个重复,播种后用 15 g 所取土样将种子完全覆盖,喷水保持湿度在 20%~30%之间。培养皿置于光照培养箱中进行杂草种子萌发生物测定试验,培养箱光周期为 L//D=16 h//8 h,温度 15℃/25℃。培养第 3 天开始统计,每天统计出苗数并将其剔除,连续统计 7 d。

萌发率=萌发种子数/种子总数×100%;

萌发抑制率=

$$\frac{\text{对照组种子萌发数}-\text{处理组种子萌发数}}{\text{对照组种子萌发数}} \times 100\%^{[19]}$$

1.4 土壤微生物代谢功能多样性分析

称取相当于 10 g 干重土壤样品,加入到装有 90 mL 0.85% 无菌 NaCl 溶液的三角瓶中,摇床 260 r/min 振荡 30 min 后静置 15 min,用移液枪吸取上清液 1 mL 置于 10 mL 离心管中,0.85% 无菌 NaCl 溶液梯度稀释 1 000 倍。在无菌操作台上将上述稀释液加入 Biolog 生态板(Biolog Inc., Hayward, CA, USA)中,每孔加 150 μL,(25±0.3)℃ 恒温培养箱(DRP-9052,上海森信)培养,每隔 24 h 使用 Tecan infinite 200 多功能酶标仪读取数据 OD_{590 nm},共记录 7 d^[20-21]。

1)微平板孔中溶液吸光值平均颜色变化率(average well color development, AWCD)用于描述土壤微生物代谢活性,数据处理与分析。计算公式如下^[22]: $AWCD = \sum(C_i - R_0) / n$ 。

其中 C_i 为每个有培养基孔的吸光值; R_0 为对照孔的吸光值; n 为培养基孔数(本试验中 $n=31$)。

2)Shannon-Wiener 多样性指数(H'),表示土壤微生物群体利用碳源能力的多样性,表达式为: $H' = -\sum P_i (\ln P_i)$;

其中: P_i 为第 i 孔的相对吸光值与所有整个微平板的相对吸光值总和的比值为

$$P_i = (C_i - R_0) / \sum(C_i - R_0)$$

3)丰富度指数(R)是指被利用的碳源总数目,

该研究中为每孔中 $C_i - R_0 > 0.25$ 的孔数^[23]。

4) Simpson 优势度指数用于评估某些最常见种的优势度,表达式为^[24]: $D = 1 - \sum P_i^2$ 。

5) McIntosh 指数^[25-26] (U) 是基于群落物种多维空间上的 Euclidian 距离的多样性指数, $U = \sqrt{\sum n_i^2}$ 。

其中 n_i 是第 i 孔的相对吸光值 ($C_i - R_0$)。

微生物对碳源的相对利用率,以所有处理中 6 类碳源 AWCD 值中最大的值为 100%,其余各处理中各类碳源 AWCD 值与最大值的比值即为相对利用率。同时将每一种碳源的利用率与 31 种碳源的总利用率的比率定为每一种碳源的相对利用率,并做出矩阵图进行对比分析^[27]。

1.5 统计分析

采用 SPSS 20.0 软件进行数据分析,采用 EXCEL 2013 软件作图。参照土壤微生物 AWCD 值在 7 d 内的变化趋势,选取 96 h 的数据分析微生物群落利用碳源差异,统计分析概率为 $P < 0.05$ ^[28]。(注: T1、T2 处理组中 20 d 和 30 d 对杂草种子的抑

制率无显著差异,在分析微生物群落代谢功能时,只分析处理 30 d,处理 20 d 土样不再重复分析)。

2 结果与分析

2.1 小麦秸秆还田对杂草种子萌发的影响

小麦秸秆覆盖或均匀混合处理后对受试杂草反枝苋、狗尾草、马唐和牛筋草种子萌发的影响随秸秆处理时间而不同,秸秆处理后 0、3 d 对种子萌发影响不显著,而处理后 10~20 d 对萌发抑制率达到最大,其中 T1 组处理后 10 d 对反枝苋、狗尾草萌发抑制率分别为 54.07%、79.71%,在 20 d 时对马唐、牛筋草的抑制率最高,分别为 48.43%、44.47%; T2 组处理后 10 d 对反枝苋、狗尾草、马唐和牛筋草抑制率显著,分别为 43.64%、83.75%、47.73%、50.29%。之后随秸秆处理时间增加杂草萌发受抑制程度下降,至 60 d 时最低。两种处理方式在同一还田时间对不同的杂草种子萌发抑制活性差异不显著。同一组处理 20 d 和 30 d 对种子的萌发抑制活性无显著差异。

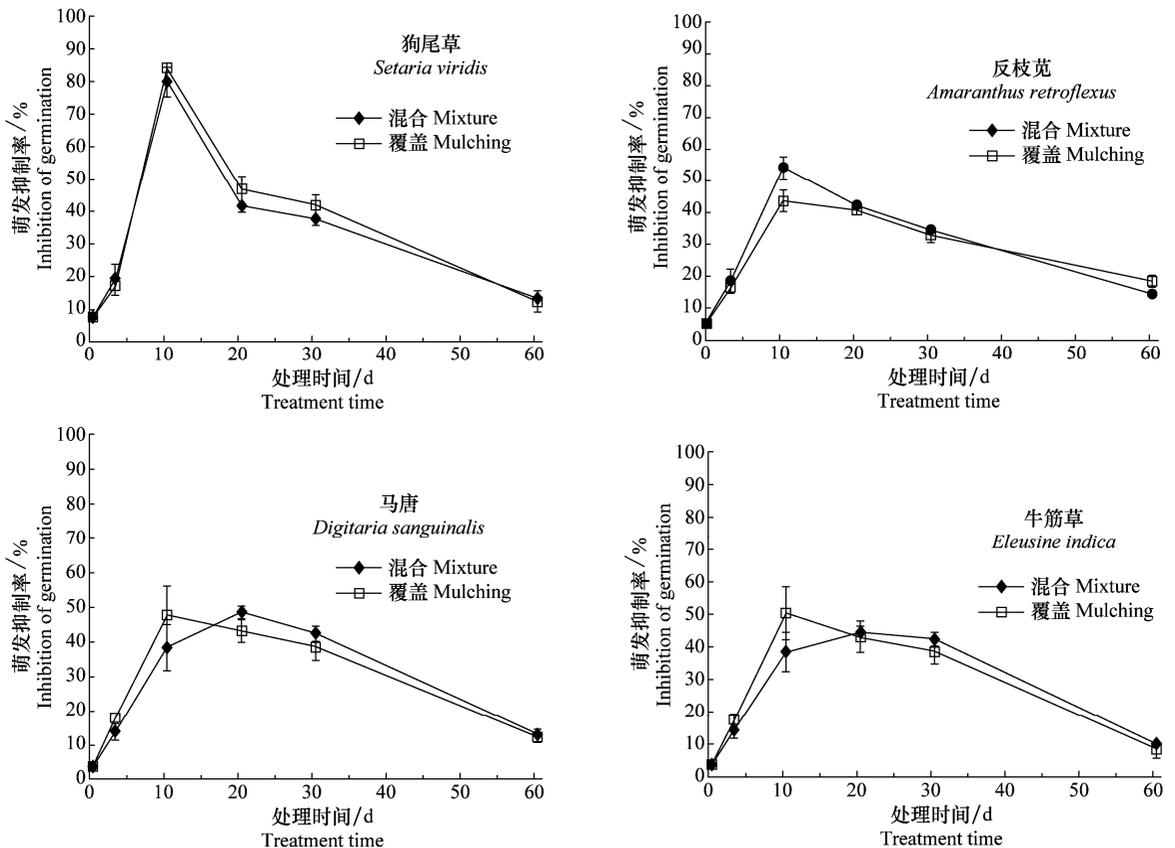


图 1 秸秆还田对狗尾草、反枝苋、马唐和牛筋草 4 种杂草种子的萌发抑制率

Fig. 1 The germination inhibition rate of *Setaria viridis*, *Amaranthus retroflexus*, *Digitaria sanguinalis* and *Eleusine indica* after returning straws to field

2.2 土壤微生物群落代谢功能

2.2.1 土壤微生物代谢功能的平均吸光值变化特征

从图 2 可看出,随着培养时间增加,土壤微生物活性不断提高,96 h 后趋于稳定。对比 96 h 时 AWCD 值,T1 组表现为 10 d>CK>3 d>60 d>30 d 的趋势;T2 组表现为 10 d>3 d>CK>60 d>30 d,表明土壤微生物在秸秆还田后 10 d 时 AWCD 值显著高于其他还田时间;另外 T1 组中 CK 和 3 d 的 AWCD 值无显著性差异,30 d 和 60 d 的 AWCD 值无显著性差异。T2 组中各秸秆还田时间的 AWCD 值之间有显著性差异,且 60 d 的 AWCD 值显著低于 30 d 的 AWCD 值。

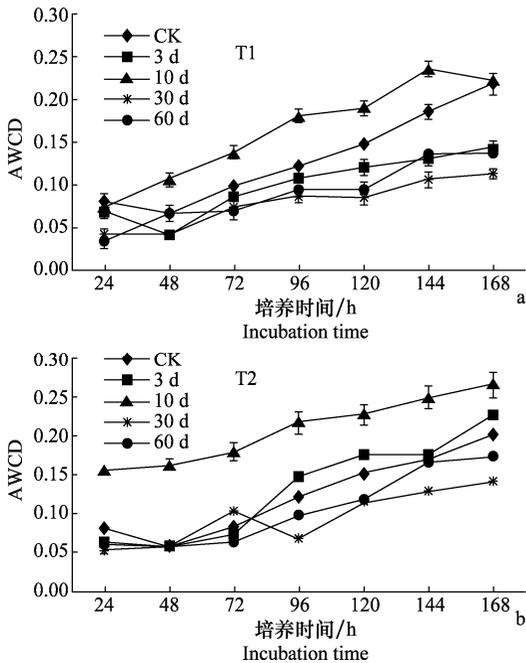


图 2 秸秆混合还田(a)、秸秆覆盖还田(b)土壤微生物群落 AWCD 随培养时间的变化

Fig. 2 Changes of average well color development (AWCD) with incubation time of soil microorganism communities under the conditions of SM (a) and RI (b)

2.2.2 土壤微生物不同碳源代谢变化特征

由图 3 可得,小麦秆还田后,土壤微生物对羧酸类碳源的利用率水平较高,其中秸秆混合处理(T1) 10 d、覆盖处理(T2)3 d 利用率高达 95.3%、100%,但两种秸秆还田方式下,不同处理时间土壤微生物羧酸类碳源的利用率有显著性差异,其强弱顺序为覆盖 3 d>混合 10 d>覆盖 10 d>CK>混合 3 d>混合 60 d>混合 30 d>覆盖 60 d>覆盖 30 d;对糖

类的利用率,覆盖处理 10 d 高达 89.73%,其他处理对糖类的碳源利用率强弱顺序表现为混合 10 d>覆盖 60 d>混合 60 d>覆盖 3 d>混合 30 d>混合 3 d>CK>覆盖 30 d;对胺类碳源的利用率强弱顺序为覆盖 3 d>混合 3 d>混合 30 d>CK>覆盖 10 d>混合 60 d>混合 10 d>覆盖 60 d>覆盖 30 d。不同处理间的比较表明 T1、T2、CK 处理中土壤微生物对胺类、聚合物类、酚酸类三种碳源的利用率依次降低。且其对碳源相对利用率强弱顺序相似,对氨基酸类碳源的利用率最低,利用率均低于 20%,T1、T2 处理均低于 CK 组。

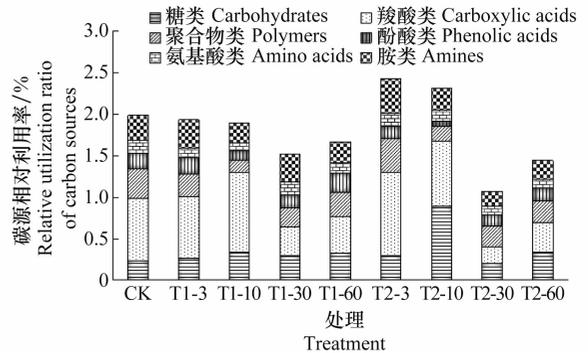


图 3 不同处理土壤微生物对 6 类碳源的相对利用率
Fig. 3 Relative utilization ratios of six groups of carbon sources under different treatments

图 4 显示,秸秆还田各处理中微生物对 31 种碳源的利用情况随着秸秆还田时间的增加存在显著差异。T2-30 处理微生物高利用碳源的数量最多,为 17 种。各处理对于糖类和羧酸类物质均有较高的利用率,对羧酸类物质的利用表现为秸秆还田 10 d 前对 D-半乳糖醛酸、丙酮酸甲酯、衣康酸和 D-苹果酸的利用率较高,秸秆还田 30、60 d 对 D-甘露醇、N-乙酰-D 葡萄糖氨和 D-纤维二糖利用率较高。另外,各处理土壤微生物对 β -甲基-D-葡萄糖苷、L-精氨酸、L-天门冬酰胺、L-苯丙氨酸 2-羟基苯甲酸和吐温 40 无代谢活性。

2.2.3 土壤微生物群落多样性指数变化特征

以培养 96 h 的 AWCD 值为依据计算秸秆还田后土壤微生物多样性指数,由表 1,秸秆不同还田方式下不同处理时间香农指数和优势度指数无规律变化,且各处理间无显著性差异。McIntosh 指数在秸秆还田后 30 d 显著降低,且 T1-30 处理的 McIntosh 指数显著低于其他处理。T1-10、T2-10 的丰富度指数显著高于其他处理,T1-30、T2-30 两处理的 R 值显著低于其他处理,T1、T2 两处理组间无显著性差异。

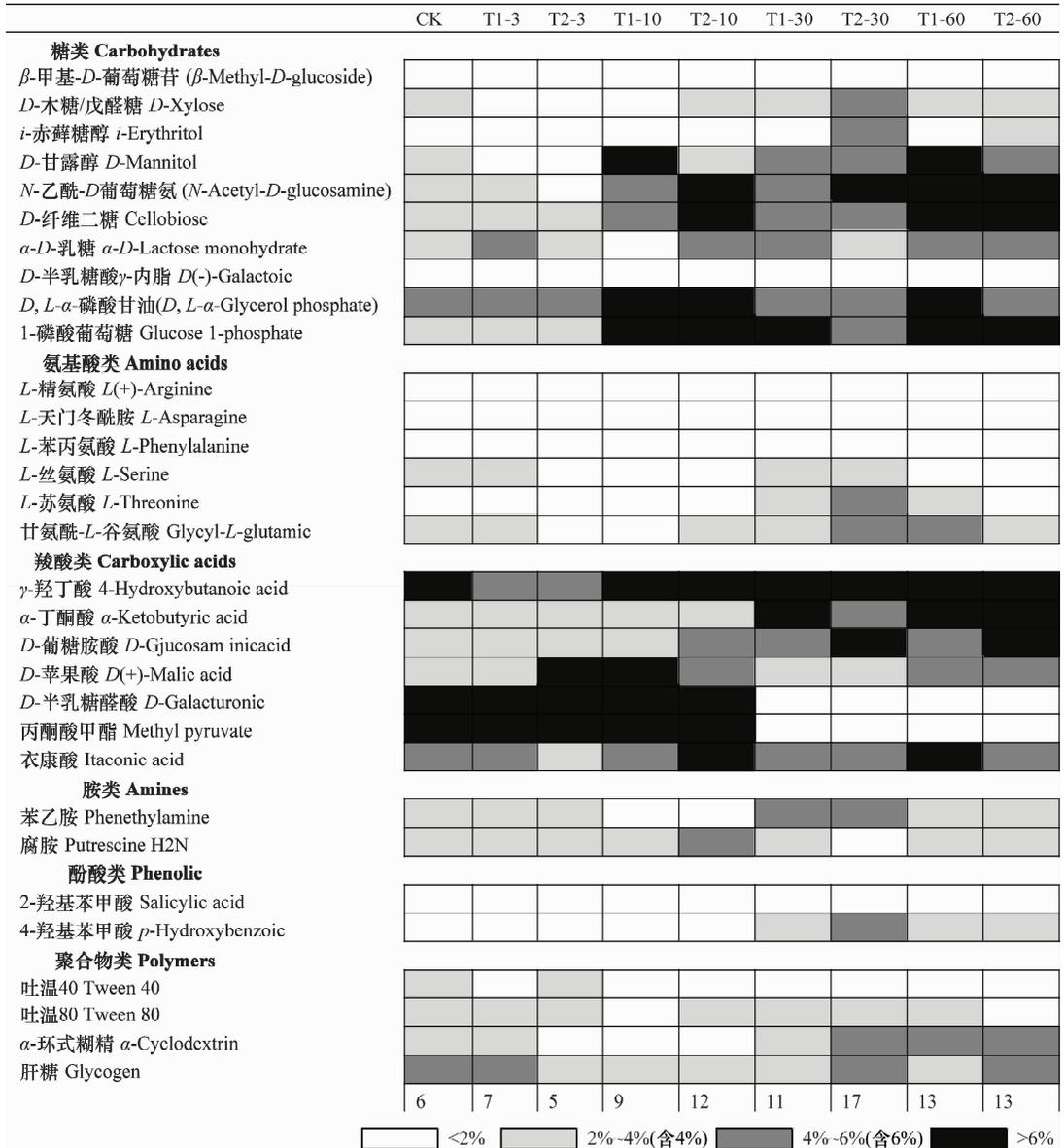


图 4 各处理中土壤微生物对 31 种碳源的利用率矩阵图

Fig. 4 Utilization pattern of 31 carbon substrates by soil microbial community under different treatments

表 1 不同处理土壤微生物群落多样性指数变化¹⁾

Table 1 Changes of soil microbial community diversity indexes under different treatments

处理 Treatment	香农指数(H') Shannon-Wiener index	优势度指数(D) Simpson index	McIntosh 指数(U) McIntosh index	丰富度指数(R) Richness index
CK	(3.09±0.04)d	(0.92±0.01)bc	(1.17±0.06)c	(1.56±0.29)f
T1-3	(2.88±0.04)f	(0.91±0.01)cd	(1.28±0.05)a	(2.56±0.24)d
T2-3	(3.01±0.05)e	(0.91±0.01)cd	(1.26±0.08)a	(1.56±0.24)f
T1-10	(3.07±0.09)d	(0.91±0.00)cd	(1.21±0.07)b	(8.78±1.21)a
T2-10	(2.70±0.06)g	(0.90±0.01)d	(1.28±0.07)a	(7.22±0.55)b
T1-30	(3.23±0.07)b	(0.93±0.01)ab	(0.51±0.06)f	(0.44±0.18)h
T2-30	(3.22±0.02)b	(0.94±0.01)a	(0.82±0.07)e	(0.67±0.17)g
T1-60	(3.27±0.06)a	(0.92±0.01)bc	(0.93±0.02)d	(1.67±0.47)e
T2-60	(3.13±0.04)c	(0.94±0.01)a	(0.94±0.08)d	(2.78±0.52)c

1) 表中同列数据后具有不同小写字母表示在 0.05 水平差异显著。

Different small letters in the same column indicate significant difference at 0.05 level.

3 讨论

秸秆还田是目前作物秸秆利用较为普遍的措施之一。许多研究表明秸秆还田具有改善土壤的理化性质、增加土壤肥力、促进作物生长等作用^[29-30],且适当的秸秆还田可有效控制田间杂草的发生,促进除草剂减量使用^[31]。本研究结果表明小麦秸秆还田可有效控制后茬作物玉米田狗尾草、反枝苋、牛筋草和马唐等杂草种子萌发,但秸秆覆盖还田、混合还田两种方式对杂草萌发的影响无显著差异。

土壤中微生物是土壤生态系统养分循环和能量流动的主导者,对于维持耕地稳定性和可持续利用具有重要作用^[32]。Biolog 方法检测微生物代谢功能,其中 AWCD 值反映了土壤微生物利用碳源的能力^[33]和代谢活性的大小,其值越高,土壤中微生物群落代谢活性也就越高^[34],从功能方面可反映微生物群落结构多样性^[27]。碳源低利用率预示着微生物对其利用能力的衰退,碳源高利用率表明微生物对其利用需求较强^[23]。Shannon-Wiener 指数(H')可以表征土壤中微生物群落的丰富度,Simpson 指数较多反映了微生物群落中最常见的物种优势度,MicIntosh 指数则是群落物种均一性的度量。本试验结果表明,秸秆还田 10 d,其微生物数量显著增加,分析认为小麦秸秆可能为土壤微生物提供物质能量,促进土壤微生物活性,增加土壤微生物数量^[35]。秸秆还田后 10 d 对土壤微生物群落代谢功能有显著影响,碳源利用显著提高,且对各类碳源利用率存在显著差异。而在秸秆还田 30 d 后,土壤微生物对单一碳源如 *D*-半乳糖醛酸、丙酮酸甲酯、衣康酸、*D*-苹果酸、*D*-纤维二糖等的利用发生显著变化。另外,秸秆处理 10 d 时土壤微生物的丰富度指数较高,但各处理微生物功能多样性指数无明显变化规律,小麦秸秆还田后,逐步释放出一些次生代谢产物,它们与土壤微生物相互作用,影响微生物的群落代谢功能及其结构多样性,同时次生代谢产物或直接作用于土壤中杂草种子,或与微生物一起作用于杂草种子,影响种子萌发与生长。秸秆还田短期内有效增加土壤微生物数量,提高微生物的代谢活性,并且可对土壤微生物群落结构产生影响,该研究结果与郭梨锦等^[13]、罗希茜等^[36]的研究结果一致。

由于秸秆还田对后茬作物田杂草及土壤微生物的效应受到诸多因素的影响,本试验结论需进行田

间验证,进一步验证和探索秸秆还田在田间的生态学意义。

参考文献

- [1] 高宗军,李美,高兴祥,等.不同耕作方式对冬小麦田杂草群落的影响[J].草业学报,2011,20(1):15-21.
- [2] 韩惠芳,宁堂原,田慎重,等.土壤耕作及秸秆还田对夏玉米田杂草生物多样性的影响[J].生态学报,2010,30(5):1140-1147.
- [3] 李秉华,王贵启,樊翠芹,等.夏播大豆田秸秆覆盖对杂草发生的影响与减量用药研究[J].杂草科学,2010(2):10-14.
- [4] 王晓琳,张卓亚,伏进,等.秸秆还田条件下不同播种量结合除草剂对杂草和小麦生长的影响[J].江苏农业学报,2017,33(2):307-313.
- [5] 赵灿,戴伟民,李淑顺,等.连续 13 年稻鸭共作兼秸秆还田的稻麦连作麦田杂草种子库物种多样性变化[J].生物多样性,2014,22(3):366-374.
- [6] 高婷,王红春,石旭旭,等.小麦秸秆还田及水层深度对水稻机械化插秧田主要杂草种群发生规律的影响[J].江苏农业学报,2014,30(1):53-57.
- [7] 马旭明,路战远,张德健,等.保护性耕作条件下小麦、玉米、大豆田间杂草防治存在的问题及对策研究[J].农村牧区机械化,2004(4):6-7.
- [8] 方日尧,赵慧清,方娟.不同保护性耕作下冬小麦田杂草滋生情况调查研究[J].干旱地区农业研究,2008,26(5):90-103.
- [9] 陈庆华,周小刚,郑仕军,等.不同耕作方式对小麦田杂草的发生及小麦产量的影响[J].杂草科学,2013,31(2):50-52.
- [10] CASTRO H F, CLASSEN A T, AUSTIN E E, et al. Soil microbial community responses to multiple experimental climate change drivers [J]. Applied and environmental microbiology, 2010, 76(4): 999-1007.
- [11] 刘晓婧,涂仕华,孙锡发,等.秸秆还田与施肥对稻田土壤微生物生物量及固氮菌群落结构的影响[J].生态学报,2013,33(17):5210-5218.
- [12] 何莉莉,杨慧敏,钟哲科,等.生物炭对农田土壤细菌群落多样性影响的 PCR-DGGE 分析[J].生态学报,2014,34(15):4288-4294.
- [13] 郭梨锦,曹涛贵,张枝盛,等.耕作方式和秸秆还田对稻田表层土壤微生物群落的短期影响[J].农业环境科学学报,2013,32(8):1577-1584.
- [14] CEJANAVARRO J A, RIVERAORDUNA F N, PATINO-ZUNIGA L, et al. Phylogenetic and multivariate analyses to determine the effects of different tillage and residue management practices on soil bacterial communities [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, 76(11): 3685-3691.
- [15] 李涛,葛晓颖,何春娥,等.豆科秸秆、氮肥配施玉米秸秆还田对秸秆矿化和微生物功能多样性的影响[J].农业环境科学学报,2016,35(12):2377-2384.
- [16] 张蕾,张春辉,吕俊平,等.青藏高原东缘 31 种常见杂草种子萌发特性及其与种子大小的关系[J].生态学报,2011,30(10):2115-2121.

- [17] 金鑫,蔡林运,李刚华,等. 小麦秸秆全量还田对水稻生长及稻田氧化还原物质的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2013(5): 80 - 84.
- [18] ZHANG Fan, SUI Ning, YU Chaorun, et al. Effects of wheat straw returning and potassium fertilizer application on yield and nutrients uptake of cotton [J]. Acta Agronomica Sinica, 2014, 40(12): 2169.
- [19] 侯颖,徐建强,宋宇州,等. 三种杀菌剂对牡丹黑斑病菌菌丝生长及分生孢子萌发的影响[J]. 植物保护学报, 2014, 41(6): 367 - 372.
- [20] CLASSEN A T, BOYLE S I, HASKINS K E, et al. Community-level physiological profiles of bacteria and fungi: plate type and incubation temperature influences on contrasting soils [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2003, 44(3): 319 - 328.
- [21] 靳百慧,杨羚钰,徐玉龙,等. 三七收获后不同年限土壤微生物代谢多样性分析[J]. 中国生态农业学报, 2016, 24(3): 284 - 292.
- [22] GRIZZLE H W, ZAK J C. A microtiter plate procedure for evaluating fungal functional diversity on nitrogen substrates [J]. Mycologia, 2017, 98(2): 353 - 363.
- [23] ROGERS B F, TATE R L. Temporal analysis of the soil microbial community along a toposequence in Pineland soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001, 33(10): 1389 - 1401.
- [24] 王光飞,马艳,郭德杰,等. 不同用量秸秆生物炭对辣椒疫病防控效果及土壤性状的影响[J]. 土壤学报, 2017, 54(1): 204 - 214.
- [25] 李志裴,王广军,谢俊,等. 草鱼养殖池塘生物膜固着微生物群落碳代谢 Biolog 分析[J]. 水产学报, 2014, 38(12): 1985 - 1994.
- [26] 杜滢鑫,鞋宝明,蔡洪生,等. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, 36(3): 740 - 747.
- [27] 邹春娇,齐明芳,马建,等. Biolog_ECO 解析黄瓜连作营养基质中微生物群落结构多样性特征[J]. 中国农业科学, 2016, 49(5): 942 - 951.
- [28] GROVE J A, KAUTOLA H, JAVADPOUR S, et al. Assessment of changes in the microorganism community in a biofilter [J]. Biochemical Engineering Journal, 2004, 18(2): 111 - 114.
- [29] 张锋,李新华,张风云,等. 玉米秸秆还田与氮肥互作对不同类型小麦产量和品质的影响[J]. 西北农业学报, 2009, 18(6): 103 - 106.
- [30] 陈尚洪,朱钟麟,吴婕,等. 紫色土丘陵区秸秆还田的腐解特征及对土壤肥力的影响[J]. 水土保持学报, 2006, 20(6): 141 - 144.
- [31] 李贵,冒宇翔,沈俊明,等. 小麦秸秆还田方式对水稻田杂草化学防治效果及水稻产量的影响[J]. 西南农业学报, 2016, 29(5): 1102 - 1109.
- [32] DEGENSA B P, SCHIPPER L A, SPARLING G P, et al. Decreases in organic c reserves in soils can reduce the catabolic diversity of soil microbial communities [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2000, 32(2): 189 - 196.
- [33] ZHENG Liping, LONG Tao, LIN Yusuo, et al. Biolog-ECO analysis of microbial community functional diversity in organochlorine contaminated soil [J]. Chinese Journal of Applied Environmental Biology, 2013, 19(5): 759 - 765.
- [34] WEBER K P, GROVE J A, GEHDER M, et al. Data transformations in the analysis of community-level substrate utilization data from microplates [J]. Journal of Microbiological Methods, 2007, 69(3): 461 - 469.
- [35] 董立国,袁汉民,李生宝,等. 玉米免耕秸秆覆盖对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态环境学报, 2010, 19(2): 444 - 446.
- [36] 罗希茜,郝晓晖,陈涛,等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2009, 29(2): 740 - 748.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 107 页)

- [16] 贺明霞,何康来,王振营,等. Cry1Ie 毒素胁迫下亚洲玉米螟的抗性发展及汰选种群对其他 Bt 毒素的交互抗性[J]. 昆虫学报, 2013, 56(10): 1135 - 1142.
- [17] NEI M. Genetic distance between populations [J]. American Naturalist, 1972, 106(949): 283 - 292.
- [18] BOTSTEIN D, WHITE R L, SKOLNICK M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. American Journal of Human Genetics, 1980, 32(3): 314 - 331.
- [19] 李伟丰,杨朗,唐侃,等. 中国桔小实蝇种群的微卫星多态性分析[J]. 昆虫学报, 2007, 50(12): 1255 - 1262.
- [20] BALLOUX F, LUGON-MOULIN N. The estimation of population differentiation with microsatellite markers [J]. Molecular Ecology, 2002, 11(2): 155 - 165.
- [21] CHAMBERS J A, JELEN A, GILBERT M P, et al. Isolation and characterization of a novel insecticidal crystal protein gene from *Bacillus thuringiensis* subsp. *aizawai* [J]. Journal of Bacteriology, 1991, 173(13): 3966 - 3976.
- [22] HÖFTE H, WHITELEY H R. Insecticidal crystal proteins of *Bacillus thuringiensis* [J]. Microbiological Reviews, 1989, 53(2): 242 - 255.
- [23] DENOLF P, JANSENS S, PEFEROEN M, et al. Two different *Bacillus thuringiensis* delta-endotoxin receptors in the midgut brush border membrane of the European corn borer, *Ostrinia nubilalis* (Hübner) (Lepidoptera: Pyralidae) [J]. Applied & Environmental Microbiology, 1993, 59(6): 1828 - 1837.
- [24] WOLFERSBERGER M G. The toxicity of two *Bacillus thuringiensis* δ -endotoxins to gypsy moth larvae is inversely related to the affinity of binding sites on midgut brush border membranes for the toxins [J]. Experientia, 1990, 46(5): 475 - 477.
- [25] XU Lina, WANG Zhenying, ZHANG Jie, et al. Cross-resistance of Cry1Ab-selected Asian corn borer to other cry toxins [J]. Journal of Applied Entomology, 2010, 134(5): 429 - 438.
- [26] JIANG Fan, ZHANG Tiantao, BAI Shuxiong, et al. Evaluation of Bt corn with pyramided genes on efficacy and insect resistance management for the Asian corn borer in China [J/OL]. PLoS ONE, 2016, 11(12): e0168442.

(责任编辑: 田 喆)