



春小麦-青贮玉米前茬不同施氮量对土壤微生物多样性及脲酶活性的影响

赵孟阳¹, 阴法庭¹, 王江丽^{1,2}

(1. 石河子大学 农学院, 新疆 石河子 832003; 2. 新疆生产建设兵团绿洲生态农业重点实验室, 新疆 石河子 832003)

摘要:为探究适宜北疆地区滴灌小麦-青贮玉米种植模式下的合理施氮方式, 实现作物高产高效。本文通过在滴灌小麦-青贮玉米模式中前茬小麦设置 W0(0 kg·hm⁻²)、W1(300 kg·hm⁻²)以及 W2(30 kg·hm⁻²)3 个不同施氮量处理, 研究不同施氮量对后茬根系土壤微生物多样性及脲酶活性的影响。结果表明: 前茬施氮处理的微生物多样性均低于未施肥处理, 在 Phylum、Order、Family 与 Genus 四个分类水平上, 各处理的微生物类群 OTU 数差异性均不显著($P>0.05$), 具体表现为 W0>W2>W1, 与 Simpson、Shannon 多样性指数表现一致; Chao1 与 ACE 指数均表现为 W2>W0>W1; 施肥处理的微生物多样性随施氮量增加而上升, 即 W2>W1, 没有显著性差异($P>0.05$); 脲酶活性随前茬施氮量的增加而上升, 差异性不显著($P>0.05$), 施氮处理的脲酶活性与微生物多样性表现相一致。

关键词:春小麦-青贮玉米; 不同施氮量; 土壤微生物; 脲酶

土壤微生物是构成土壤生态系统的重要因子, 与土壤中的生化反应密切相关, 在维持土壤微生物生态良性循环中起到作用^[1-2]。土壤酶活性可以在一定程度上反映土壤生物学活性的高低, 同时也是衡量土壤肥力水平的重要指标^[3], 脲酶的活性可以用来表征土壤氮素状况, 也就是说, 在一定水平上可以体现土壤的供氮水平与能力^[4]。同时土壤微生物多样性以及脲酶活性都与施肥密切相关, 适宜的施肥水平可以显著提高土壤微生物多

性及酶活性^[5-6]。大量研究表明, 种植方式、水肥管理都会对土壤微生物及酶活性产生影响^[7-9], 但目前关于后茬作物根系土壤微生物多样性及酶活性对前茬不同施氮量响应的研究报道较少, 据统计, 2016 年全国青贮玉米的种植面积为 90.67 万 hm², 同比增幅 40.97%, 青贮玉米总产量为 5 977 万 t, 同比增幅 47.83%^[10]; 北疆地区属于典型的绿洲滴灌农业, 通过滴灌的方式以水带肥可以有效改善作物生育后期农田封闭、追肥困难的问题^[11]。近年来, 春小麦复种青贮玉米面积呈现逐年上升的趋势, 而合理的氮肥施用可以显著提高作物产量水平、提高作物的氮肥利用率, 基于此, 本试验以北疆地区滴灌春小麦复种青贮玉米种植模式为基础, 研究前茬不同施氮量对后茬根系土壤微生物多样性及脲酶活性的影响,

收稿日期: 2018-06-14

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31460334)。

第一作者简介: 赵孟阳(1992-), 女, 在读硕士, 从事绿洲农业制度与资源高效利用研究。E-mail: 876345504@qq.com。

通讯作者: 王江丽(1978-), 女, 博士, 副教授, 从事绿洲农业持续高效发展理论与实践研究。E-mail: wjl200207@163.com。

12.7% and 10.1%, significantly lower than that of the control. The soluble sugar content of R1, R2 and R4 increased by 14.8%, 38.6% and 8.52% when the salt concentration increased to 0.6%. The soluble sugar content of R3 decreased by 18.1% compared with the control. There were significant differences between R1 and R3 ($P<0.01$), R2 and R4 ($P<0.05$). The content of vitamin C decreased with the increase of stress in the four cultivars. The salt concentration of 0.6% decreased to 6.93, 6.99, 6.94 and 6.28 mg 100 g⁻¹, respectively, which was significantly different from the control ($P<0.01$). The total acid content of R1, R2 and R3 increased by 1.74%, 6.19% and 14.3% when the salt concentration was 0.6%, while the total acid content of R4 decreased by 5.3% compared with the control. By comprehensive analysis of physiological indexes, four varieties of *Lonicera edulis* could tolerate salt stress to a certain extent, but the fruit quality would be affected if they exceeded the tolerance range.

Keywords: *Lonicera edulis*; salt stress; nutrient content; fruit; pigment

从而进一步揭示氮素施用对后茬作物生长发育的土壤生态效应,为合理的氮素优化利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地点位于新疆天业农业高新技术有限公司试验场;土壤质地为中壤土,有机质含量为 $18.1\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,全氮为 $1.23\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效磷为 $38.4\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效钾为 $242.6\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,碱解氮为 $29.4\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

1.2 材料

供试尿素由新疆大黄山鸿基焦化有限责任公司生产,含氮量为46%。紫外可见分光光度计由上海仪电分析仪器有限公司制造,石河子大学绿洲生态农业重点试验室提供。

1.3 方法

1.3.1 试验设计 试验采用单因素(N素施用量)设计,根据前茬春小麦和后茬青贮玉米施肥要求,共设3个不同施氮处理,每个处理3次重复,共9个小区。小区面积 $4\text{ m}\times 4\text{ m}=16\text{ m}^2$,行距 0.15 m ,每个处理氮素均采用滴灌施肥(表1)。

1.3.2 土壤样品采集 供试土壤样品采集于2017年10月2日(青贮玉米收获前)。土壤样品取作物根际土,每处理小区按S形取样法5点取样,每点取代表性植株3株,分别采集其根际土壤,均匀混合。一部分用装有冰袋的泡沫盒带回,置于 $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存,用于测定土壤微生物多样性。另一部分风干后过 2 mm 筛,置于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冷冻保存,用于测定土壤脲酶活性。

表1 前茬滴灌小麦不同施氮量水平设计

Table 1 Nitrogen fertilization level design of wheat under drip irrigation with prior stubble

尿素施用量/($\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$) The amount of urea							
处理 Treatment	N素	总量	出苗至分蘖期	分蘖期至拔节期	拔节期至孕穗期	孕穗期至开花期	开花期至乳熟期
	N content	Total	From seedling	From tillering	From jointing	From booting	From flowering
			stage to tillering stage	stage to jointing stage	stage to booting stage	stage to flowering stage	stage to milk-ripe stage
W0	0	0	0	0	0	0	0
W1	300	652.50	97.88	130.50	130.50	130.50	32.63
W2	450	978.00	146.70	195.60	195.60	195.60	48.90

1.3.3 测试项目及方法 土壤微生物多样性测定委托上海派森诺生物科技有限公司采用 Illumina MiSeq 平台进行高通量测序。土壤脲酶活性测定采用苯酚钠-一次氯酸钠比色法^[12]。

1.3.4 数据分析 土壤微生物数据系统分析由上海派森诺生物科技有限公司进行。数据处理采用 SPSS 17.0 软件进行统计分析,用平均值和标准差表示测定结果,同时对处理进行单因素方差分析,并用 Duncan 法对各测定数据进行多重比较($P<0.05$);采用 Excel 2017 制图。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物多样性分析

2.1.1 OTU 划分 通过序列归并和 OTU 划分,不仅可以简化数据结构,而且更有利于将不同来源的微生物群落样本在一定分类水平上进行比较^[13]。试验将丰度值低于全体样本测序总量 0.001% (十万分之一)的 OTU(Operational Tax-

onomic Unit,可操作分类单元)去除后,在 97% 相似度下将其聚类为用于物种分类的 OTU^[14]。由表2可知,不同施氮处理之间各分类水平的 OTU 数目差异性不显著($P>0.05$),其中在门、纲两个分类水平上,OTU 数目表现为 $W0>W2>W1$,W0 在4个水平上的 OTU 数目分别为1955和1910;在目、科分类水平上其 OTU 数目表现为 $W2>W0>W1$;在属分类水平上其 OTU 数目则呈随施氮量增加而增加, $W0<W1<W2$,W2 的 OTU 数目为886,分别比 W0 与 W1 处理增加了123.25 和 79.50。

如图1所示,3个不同处理的共有 OTU 数量为1843,独有的 OTU 数量表现为 $W0>W2>W1$,其数量分别997、995 与 859,这与在门、纲、目、科4个分类水平上的表现相一致;而 W1 与 W2 的共有 OTU 数量大于 W0 与 W1、W0 与 W2 的共有 OTU 数量。

表 2 OTU 划分和分类地位鉴定结果

Table 2 OTU classification and classification status appraisal results

处理 Treatments	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus
W0	1955.00±153.13 a	1910.25±150.81 a	1574.50±150.80 a	1381.00±143.65 a	763.50±96.74 a
W1	1767.50±348.46 a	1731.25±334.51 a	1468.00±286.84 a	1294.00±263.73 a	807.25±151.73 a
W2	1915.50±271.39 a	1881.00±258.93 a	1631.00±228.30 a	1438.75±206.00 a	886.75±103.10 a

不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著。下同。
Different lowercase letters indicate significant difference at 0.05 level. The same below.

稀疏曲线是生态学领域常用的分析方法,可以在相同的测序深度比较不同样品中 OTU 的数量,从而在一定程度上测量每个样品的多样性水平^[15-16]。从图 2 中可以看出,3 个处理的稀释曲线在 0.97 相似性水平下逐渐趋于平坦,表明测序结果已足够反映当前样本所包含的多样性,说明 3 个处理获取了绝大多数样本信息,基本上反映了土壤的微生物群落组成。在同一测序深度下,3 个处理的 OTU 数量均表现为 W0>W2>W1。

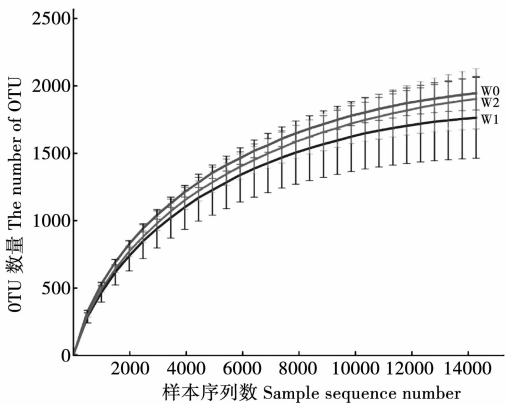


图 2 OTU 稀释曲线

Fig.2 The dilution curve of OTU

2.1.2 土壤微生物多样性 土壤微生物多样性指数在一定程度上可反映生物种群的丰富度及多样性^[17]。一般而言,Chao1^[18]指数或 ACE^[19]指数越高,说明群落的丰富度越高。由表 3 可知,3 个不同施氮处理间的 Alpha 多样性指数差异性不显著($P>0.05$),其中 Chao1 与 ACE 指数均表现为 W2>W0>W1,W2 与 W0 的 Chao1 与 ACE 指数均达到 2000 以上,W1 的 Chao1 与 ACE 指数较 W2 与 W0 处理均低了 300 左右。3 个处理间的 Simpson^[20]指数差异性不显著,而 Shannon^[21]指数则表现为 W0>W2>W1;这表明,W0 的群落多样性要大于其它 2 个施氮处理。

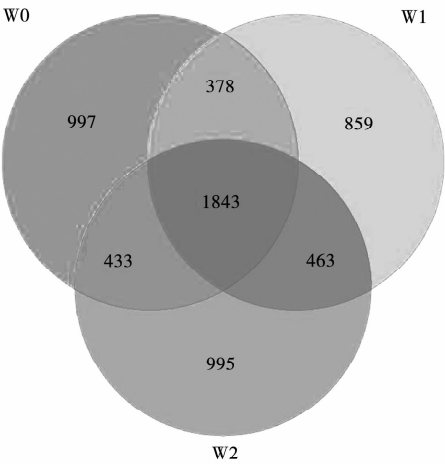


图 1 OTU Venn

Fig.1 The Venn diagram of OTU

表 3 不同施氮处理对土壤菌群 Alpha 多样性指数的影响

Table 3 Effects of different nitrogen fertilization treatments on Alpha diversity index of soil flora

处理 Treatments	多样性指数 Diversity index			
	Simpson	Chao1	ACE	Shannon
W0	1.00±0.00 a	2124.13±423.04 a	2159.92±395.50 a	9.50±0.12 a
W1	0.97±0.05 a	1828.24±399.98 a	1888.06±447.79 a	8.64±1.30 a
W2	0.99±0.00 a	2128.20±484.20 a	2214.68±570.63 a	9.07±0.32 a

由图 3 可知,3 个不同施氮量处理下的 4 个生物学重复之间的微生物类群数量,为更好地比较各处理的组间差异,对微生物群落数在门、纲、目、科、属分类水平上进行了统计分析,得到表 3。

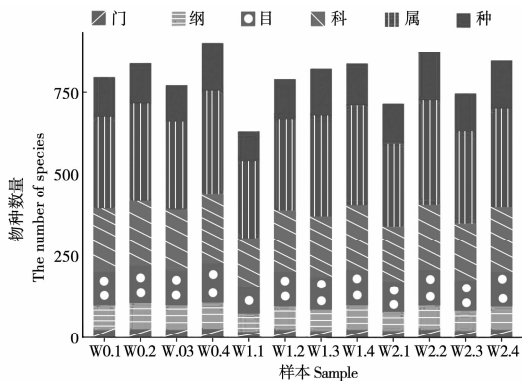


图 3 各分类水平的微生物类群数

Fig. 3 The number of microbial groups at each classification level

通过比较不同施氮处理在各分类水平所含有的微生物类群数量可知,除纲水平外,在门、目、科和属四个分类水平上,各处理的微生物类群数差

异性均不显著($P>0.05$),具体表现为 $W0>W2>W1$,其中在门和属水平上, $W0$ 、 $W2$ 以及 $W1$ 的微生物类群数量分别为 24.25、21.50、20.75和 292.75、284.50、292.25;而纲水平的微生物类群数 $W0$ 处理要显著高于 $W2$ 和 $W1$ 处理, $W2$ 与 $W1$ 之间则差异性不显著。

2.2 不同施氮量处理对土壤脲酶活性的影响

由图 4 可知,土壤脲酶活性随施氮量的增加而增加, $W0$ 、 $W1$ 与 $W2$ 处理土壤脲酶活性分别为 1.37 、 1.41 与 $1.47\text{ mg}\cdot\text{g}^{-1}\cdot24\text{ h}^{-1}$,处理间差异不显著,以 $W2$ 处理的脲酶活性最高。 $W1$ 和 $W2$ 较 $W0$ 相比分别提升了 2.92% 和 7.30% ,而施纯氮量分别增加了 300 与 $450\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$; $W2$ 与 $W1$ 相比脲酶活性提升了 4.26% ,施纯氮量增加了 $150\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。

表 4 各分类水平的微生物类群数统计

Table 4 Statistics of microbial groups at each classification level

处理 Treatment	门 Phylum	纲 Class	目 Order	科 Family	属 Genus
W0	$24.25\pm1.71\text{ a}$	$78.00\pm2.94\text{ a}$	$110.25\pm8.26\text{ a}$	$195.25\pm9.64\text{ a}$	$292.75\pm22.31\text{ a}$
W1	$20.75\pm3.30\text{ a}$	$67.50\pm7.94\text{ b}$	$98.00\pm12.52\text{ a}$	$177.75\pm20.50\text{ a}$	$284.50\pm33.27\text{ a}$
W2	$21.50\pm2.89\text{ a}$	$67.00\pm6.58\text{ b}$	$98.75\pm9.00\text{ a}$	$183.50\pm15.20\text{ a}$	$292.25\pm26.04\text{ a}$

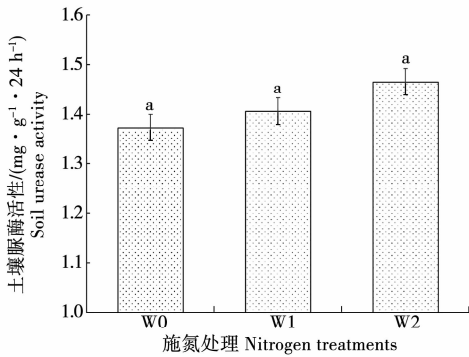


图 4 前茬小麦不同施氮量对土壤脲酶活性的影响

Fig. 4 Effects of nitrogen fertilization on soil urease activity of wheat in the former stubble

3 讨论与结论

3.1 讨论

土壤微生物参与土壤物质养分循环与利用,对土壤健康状态及作物生长发育都有重要影响^[22]。本试验中分别对前茬不同施氮处理的 OTU 数目、微生物类群多样性指数以及各分类

水平的微生物类群数量进行了比较分析,除在纲水平的微生物类群数 $W0$ 处理要显著高于 $W2$ 和 $W1$ 处理, $W2$ 与 $W1$ 之间则差异性不显著外,其余均表现为 $W0>W2>W1$,即微生物多样性表现为 $W0>W2>W1$ 。土壤自身状态与植物生长等外界环境对土壤微生物多样性具有重要影响^[23],鉴于土壤生态系统的复杂性以及影响因子的多样性,目前关于不同施肥对土壤微生物影响变化的观点不一^[24]。张彦东等^[25]研究表明施用氮肥会减少土壤微生物数,本研究中,前茬施氮处理的微生物多样性均低于未施氮处理,而随着施氮量的增加, $W2$ 处理的微生物多样性要大于 $W1$ 处理,但是二者差异性并不显著,这可能是由于施氮的增加促进了小麦与玉米的生长发育,从而改善了根系土壤微生物环境,促进了根系微生物多样性的增加,这与严君等^[26]的研究相一致;符鲜与郭天财等人研究指出微生物活性的影响因素除与植物自身根系分泌物有关外,土壤中的碳源含

量也是重要影响因素,当有机碳源充足时,氮肥施用水平越高,微生物的数量也就越多;但当碳源匮乏时,氮肥施用率高的根际微生物的活性则会降低^[27-28],这可能也是导致 W0 处理的微生物多样性大于 W2 与 W1 施氮处理,而 W1 的微生物多样性低于 W2 处理的原因,对此尚待于进一步研究。

相关研究表明土壤脲酶活性与施氮水平呈显著正相关^[29],本研究随前茬施氮量的增加,脲酶活性逐渐增加,即 $W2 > W1 > W0$,其主要原因是尿素随水滴施后,为脲酶的生化反应提供了基质,从而增强了脲酶活性,这与肖新等^[30]的研究相一致。微生物参与土壤中氮素的转化^[31],本试验中较不施肥处理的 W0 相比,虽然 W2 与 W1 的微生物多样性都有所降低;但是 W2 与 W1 相比较而言,随着施肥的增加脲酶活性与微生物多样性都有所上升,这可能是因为土壤微生物参与了氮素转化,脲酶活性增强,从而促进作物生长,而作物的生长发育又改善了土壤根系环境,从而提高了微生物多样性^[32]。

3.2 结论

通过本试验研究得出,滴灌条件下前茬小麦不同施氮处理对后茬青贮玉米土壤微生物多样性的影响表现为:前茬施肥处理微生物多样性均低于未施肥处理;施肥处理的微生物多样性随施氮量增加而上升,差异性均不显著;脲酶活性未施肥处理低于施肥处理,随前茬施氮量的增加而上升,差异均不显著。施氮处理的脲酶活性与微生物多样性表现相一致。

参考文献:

- [1] Yang Q, Lei A P, Li F L, et al. Structure and function of soil microbial community in artificially planted *Sonneratia apetala* and *S. caseolaris* forests at different stand ages in Shenzhen Bay, China[J]. Marine Pollution Bulletin, 2014, 85(2):754-763.
- [2] Wang M C, Liu Y H, Wang Q, et al. Impacts of methamidophos on the biochemical, catabolic, and genetic characteristics of soil microbial communities[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2008, 40(3):778-788.
- [3] 杨万勤. 土壤生态退化与生物修复的生态适应性研究[D]. 重庆:西南农业大学, 2001.
- [4] 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.

- [5] 侯彦林, 王曙光, 郭伟. 尿素施肥量对土壤微生物和酶活性的影响[J]. 土壤通报, 2004, 35(3):303-306.
- [6] 冯伟, 管涛, 王晓宇, 等. 沼液与化肥配施对冬小麦根际土壤微生物数量和酶活性的影响[J]. 应用生态学报, 2011, 22(4):1007-1012.
- [7] 王鑫, 徐秋明, 曹兵, 等. 包膜控释尿素对保护地菜地土壤肥力及酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2005, 19(5):77-80.
- [8] 侯晓杰, 汪景宽, 李世朋. 不同施肥处理与地膜覆盖对土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(2):655-661.
- [9] 王鑫, 徐秋明, 曹兵, 等. 包膜控释尿素对保护地菜地土壤肥力及酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2005, 19(5):77-80.
- [10] 新华社. 中共中央国务院关于深入推进农业供给侧结构性改革加快培育农业农村发展新动能的若干意见[J]. 农村实用技术, 2017(7):7-13.
- [11] 吕双庆. 滴灌施肥条件下玉米(*Zea mays* L.)氮素运筹效应研究[D]. 北京:中国农业科学院, 2012:4-6.
- [12] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社, 1986.
- [13] Blaxter M, Mann J, Chapman T, et al. Defining operational taxonomic units using DNA barcode data[J]. Philosophical Transactions Biological Sciences, 2005, 360 (1462):1935-1943.
- [14] Bokulich N A, Sathish S, Faith J J, et al. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing[J]. Nature Methods, 2013, 10(1):57-59.
- [15] Heck K L, Belle G V, Simberloff D. Explicit calculation of the rarefaction diversity measurement and the determination of sufficient sample size[J]. Ecology, 1975, 56(6):1459-1461.
- [16] Kemp P F, Aller J Y. Bacterial diversity in aquatic and other environments: What 16S rDNA libraries can tell us[J]. Fems Microbiology Ecology, 2010, 47(2):161-177.
- [17] 曹宏杰, 倪红伟. 土壤微生物多样性及其影响因素研究进展[J]. 国土与自然资源研究, 2015(3):85-88.
- [18] Chao A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population[J]. Scandinavian Journal of Statistics, 1984, 11(4):265-270.
- [19] Dawid A P. Stopping rules and estimation for recapture debugging with unequal failure rates[J]. Biometrika, 1993, 80(1):193-201.
- [20] Simpson E H. Measurement of diversity[J]. Journal of Cardiothoracic and Vascular Anesthesia, 1972, 27(2):261.
- [21] Shannon C E. A mathematical theory of communication[J]. Bell System Technical Journal, 1997, 14(4):306.
- [22] Bending G D, Turner M K, Rayns F, et al. Microbial and

- biochemical soil quality indicators and their potential for differentiating areas under contrasting agricultural management regimes[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2004, 36(11):1785-1792.
- [23] 黄进勇,李春霞.土壤微生物多样性的主要影响因素及其效应[J]. 河南科技大学学报(农学版), 2004, 24(4): 10-13.
- [24] Denef K, Roobroeck D, Wadu M C W M, et al. Microbial community composition and rhizodeposit-carbon assimilation in differently managed temperate grassland soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2009, 41(1):144-153.
- [25] 张彦东,孙志虎,沈有信.施肥对金沙江干热河谷退化草地土壤微生物的影响[J]. 水土保持学报, 2005, 19(2): 88-91.
- [26] 严君,韩晓增,王树起,等.不同施氮量下一次与分次施氮对大豆土壤微生物数量及酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2010, 24(3):150-154.
- [27] 符鲜,杨树青,刘德平,等.套作小麦/玉米不同施氮水平对土壤养分与微生物数量的影响[J]. 干旱区研究, 2017, 34(1):43-50.
- [28] 郭天财,宋晓,马冬云,等.氮素营养水平对小麦根际微生物及土壤酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2006, 20(3): 129-131.
- [29] 马冬云,郭天财,宋晓,等.尿素施用量对小麦根际土壤微生物数量及土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2007, 27(12):5222-5228.
- [30] 肖新,朱伟,肖靛,等.适宜的水氮处理提高稻基农田土壤酶活性和土壤微生物量碳氮[J]. 农业工程学报, 2013, 29(21):91-98.
- [31] 李晓婷,李立军,李杨,等.不同轮作方式对土壤微生物量及酶活性的影响[J]. 中国农学通报, 2017, 34(9):68-73.
- [32] 肖新,李英峰,韩贻涛,等.尿素施用量对道地药材滁菊土壤微生物活性的影响[J]. 水土保持学报, 2011, 25(5): 99-102.

Effects of Nitrogen Application Rates of Previous Crop on Soil Microbial Diversity and Urease Activity in Spring Wheat-Silage Maize Mode

ZHAO Meng-yang¹, YIN Fa-ting¹, WANG Jiang-li^{1,2}

(1. College of Agronomy, Shihezi University, Shihezi 832003, China; 2. Key Laboratory of Oasis Ecology Agriculture of Xinjiang Production and Construction Corps, Shihezi 832003, China)

Abstract: In order to explore the mechanism of yield-increasing effect of the optimal allocation of nitrogen in the drip irrigation wheat-silage corn planting mode, we assessed the effects of different nitrogen application rates on soil microbial diversity and urease activity in the planting mode by setting three nitrogen levels, i. e. W0(0 kg·hm⁻²), W1(300 kg·hm⁻²), W2(450 kg·hm⁻²), in the previous crop. The results showed that microbial diversity in the nitrogen treatments was higher than that in treatment without nitrogen of the preceding crop of wheat-silage corn mode. At the Phylum, Order, Family and Genus levels, the differences in the number of OTUs among microbial groups were not significant($P>0.05$), the specific performance for W0>W2>W1. Similar trends were observed in Simpson and Shannon indices. Chao1 and ACE indices were shown as W2>W0>W1. Although the microbial diversity of fertilization treatment increase with the increase of nitrogen fertilization(i. e., W2>W1), no significant difference($P>0.05$) was found. In wheat-silage corn preceding treatments, the urease activity increased with the application of nitrogen fertilizer. Urease activity in nitrogen fertilizer application treatments was consistent with microbial diversity.

Keywords: spring wheat-silage maize; nitrogen application rates; soil microorganisms; urease

欢迎投稿

欢迎订阅