

混作在黄土母质生土改良中的应用*

杨珍平¹ 郝教敏² 苗果园^{1**}

(¹山西农业大学农学院 太谷 030801)

(²山西农业大学食品学院 太谷 030801)

摘 要 以黄土母质生土为供试土壤,采用盆栽试验,研究小麦与3种豆科牧草及油菜混作对根际土壤生物活性及土壤营养的影响.结果表明,黄土母质生土混作较单作可显著促进根际土壤微生物的繁衍、酶活性及土壤营养的提高,且在混作根土系统中,三大微生物种群数量、多种土壤酶活性以及土壤N、P、有机质营养之间均存在显著或极显著的正向相关关系.4种混作处理以豌豆/麦根际土壤综合效应较好,可作为生土改良的首选混播作物.结果还显示,在小麦生长期,混作根际微生物数量与酶活性及根际土壤营养均随生育进程呈前低—中高—后低的抛物线变化.研究为混作复合群体应用于黄土母质生土地改良提供了理论参考.图3 表1 参23

关键词 混作;黄土母质生土;土壤改良;土壤微生物;土壤酶;土壤营养

CLC S344 : S156

Utilization of Mixture Cropping to Improve Immature Loess Soil*

YANG Zhenping¹, HAO Jiaomin² & MIAO Guoyuan^{1**}

(¹College of Agriculture, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, Shanxi, China)

(²College of Food Science and Engineering, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, Shanxi, China)

Abstract In order to investigate the effect of mixture cropping on the improvement of immature loess subsoil, four kinds of potted mixture cropping were applied as: Wheat (*Triticum aestivum*) + rape (*Brassica campestris*), wheat + pea (*Pisum sativum*), wheat + alfalfa (*Medicago sativa*) and wheat + trefoil (*Trifolium pratense*) to study the biological activity and nutrition in the immature loess subsoil. The results showed that mixture cropping promoted significantly multiplication of rhizospheric microbes, and increased enzyme activity and soil nutrition in the immature loess subsoil compared with monoculture. In the root-soil systems of mixture cropping, there were significant or extremely significant positive correlation among three types of main microbes, enzyme activities and N, P and organic matters in soil. The type of wheat + pea mixture cropping was the best choice to improve immature loess subsoil because of its comprehensive rhizospheric effects. The results also showed that the rhizospheric microbe quantity, enzyme activity and soil nutrition changed regularly with parabolic curve of lower—higher—lower at wheat growth stage. The study provided theoretical pattern for improving immature loess subsoil under mixture cropping. Fig 3, Tab 1, Ref 23

Keywords mixture cropping; immature loess subsoil; soil improvement; soil microbe; soil enzyme activity; soil nutrition

CLC S344 : S156

随着人口繁衍增长,北方半干旱地区人口压力越来越大,耕地越来越少,依靠传统的轮作养地、撂荒养地越来越受到限制^[1-3].为此,里切外垫、填沟平地、变坡地为梯田已成为该区进行小流域治理、实现农业可持续发展的根本途径.然而,在大规模人工造地过程中,不可避免地要对地形、耕层进行翻动,从而使生土露表,并直接种植作物.因此,加快生土地熟化,是当前生土改良研究的一项重要课题.

混作在中国大约有2 000多年的历史,以北方旱地粮食和油料作物生产应用较多,尤其禾豆混作、麦油混作、棉豆混作等是常见的混作类型.在山西晋南旱区至今仍保留有小麦(*Triticum aestivum*)与油菜(*Brassica campestris*)混间作既提高肥力又麦油兼收的种植方式,同时也保留有小麦与豌

豆(*Pisum sativum*)混播的种植方式^[4].林业上研究表明,混作后,根系发达,加上小气候改良,明显地促进微生物活动,提高土壤酶活性,加速了有机物分解和养分积累,从而改善土壤理化性状,提高土壤肥力^[5-7].农业生产上研究表明,石灰性土壤上,玉米(*Zea mays*)与花生(*Arachis hypogaea*)混作可改善花生铁营养,显著提高花生根瘤数和固氮酶活性^[8-10];在少免耕条件下,混作既增产增收又增加有机肥源提高土壤肥力^[11];紫云英(*Stragalus sinicus*)与小麦混作体系中氮素转移对小麦生长有促进作用^[12].本研究分析了北方黄土母质生土地上小麦与豌豆、苜蓿(*Medicago sativa*)、红三叶草(*Trifolium pratense*)及油菜混播对根际土壤生物活性及根际土壤营养的影响,探索生土地快速熟化与改良途径,为加快生土熟化提供理论依据.

1 材料与方 法

1.1 供试作物

小麦(京核5号)、白菜型油菜(山西省太谷县种子公

收稿日期: 2010-07-24 接受日期: 2010-09-20

*山西省自然科学基金项目(No. 991102)和山西省青年科技研究基金项目(No. 20031047)资助 Supported by the Natural Science Foundation of Shanxi, China (No. 991102), and the Youth Sci-tech Research Foundation of Shanxi (No. 20031047)

**通讯作者 Corresponding author (E-mail: miaoguoyuan1934@yahoo.com.cn)

提供)、豌豆(山西省农业科学院棉花研究所提供)、紫花苜蓿(山西省农科院棉花研究所提供)、红三叶(山西农业大学动物科技学院提供)。

供试土壤:为黄土母质,取自山西农大建筑工地地表以下2~3 m的生土。其养分含量为:全氮含量 198 mg kg^{-1} ,碱解氮 17.19 mg kg^{-1} ,速效磷 4.75 mg kg^{-1} ,速效钾 35.22 mg kg^{-1} ,有机质为 4.03 g kg^{-1} ,pH值8.0。取回风干,过筛充分混匀备用。

1.2 试验地点及年限

试验于2007年12月~2009年6月在山西农业大学生态研究室及其实验农场进行。

1.3 试验处理及排列

采用盆栽法,盆置于温室内。鉴于前人研究有关多种作物根系干重的垂直分布,约有80%以上分布于耕层0~20 cm左右的土层中,因此本研究采用 $25 \text{ cm} \times 30 \text{ cm} (\Phi \times h)$ 的直筒型瓷花盆,每盆装土15 kg。试验设4个混作处理:油菜/小麦混作(简称油/麦)、豌豆/小麦混作(简称豌/麦)、苜蓿/小麦混作(简称苜/麦)、红三叶/小麦混作(简称三/麦),分别以油菜、豌豆、苜蓿和红三叶单作为对照。2007年12月13日播种。出苗后留小麦7株,豌豆5株,苜蓿5株,油菜5株,红三叶5株,分别在小麦苗期(2008年1月17日)、拔节期(2008年3月23日)和成熟期(2008年5月15日)对根际土壤进行采样分析。每个时期每个处理均重复6次。第二年试验方法及处理同第一年。

1.4 取样与样品处理

不同时期将地上部收割,进行单株性状调查。成熟期进行产量考种。然后依如下方法获取地下部根系。沿盆四周分隔盆与土,将带根土柱整体取出,用灭菌牙签轻轻去土,直到露出根系。再用牙签将根际周围的土样直接装入灭菌纸袋。

将上述纸袋中的新鲜土样摇匀,分作3份。1份新鲜,2份风干,分别留作土壤微生物种群数量、土壤营养及酶活性测定。

1.5 样品测定

1.5.1 土壤营养测定 将风干土样按各种营养测定的要求过筛。土壤有机质测定采用重铬酸钾容量法-外加加热法,土壤速效氮测定采用碱解扩散法,速效磷测定采用 $0.5 \text{ mol L}^{-1} \text{ NaHCO}_3$ 浸提-钼锑抗比色法,速效钾测定采用 NH_4OAc 浸提-火焰光度法^[13]。

1.5.2 土壤酶活性测定 将风干土样按各种酶测定的要求过筛。脲酶用靛酚比色法,碱性磷酸酶用磷酸苯二钠比色法,蔗糖酶用磷酸二氢钠比色法,多酚氧化酶用邻苯三酚比色法,蛋白酶用茚三酮比色法,过氧化氢酶用容量法(0.05 mol L^{-1} 高锰酸钾滴定)测定^[14]。

1.5.3 土壤微生物种群数量测定 采用稀释平板法^[15]。将上述1份新鲜土样过1 mm筛,称取10.50 g,烘干,测土壤水分含量。再称取10 g,放入90 mL无菌水中,振荡机振荡20 min混匀,即为 10^{-1} 土壤悬液。用1 mL无菌吸管取悬液依次稀释 10^{-2} 、 10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 、 10^{-6} 、 10^{-7} 。用 10^{-1} 、 10^{-2} 、 10^{-3} 用于真菌测定,采用马丁培养基+孟加拉红+硫酸链霉素; 10^{-3} 、 10^{-4} 、 10^{-5} 用于放线菌测定,采用改良高氏1号培养基+重铬酸钾; 10^{-5} 、 10^{-6} 、 10^{-7} 用于细菌测定,采用牛肉膏蛋白胨琼脂培养基。用0.1 mL无菌吸管取每个稀释度,无菌操作,接种于无菌培养皿,重复两次。每

种菌均以不加悬液的无菌水作空白对照。结果计算:每克干土中菌数=菌落平均数 $\times$ 稀释倍数 $\times 10/\text{干土百分比}$ 。

1.6 数据处理与统计分析方法

采用EXCEL软件进行数据整理、作图。用SAS 8.0数据分析软件进行多重比较及相关分析,结果用平均值 $\pm$ 标准偏差来表示。

2 结果与分析

2.1 混作对根际土壤微生物种群数量的影响

从图1可见,在黄土母质生土上混播小麦与3种豆科牧草或油菜,在小麦生长期中都可促进根际细菌数量、真菌数量、放线菌数量的增加,且以细菌数量最多,其次为放线菌,真菌最少。其中特别指出的是小麦与豌豆苜蓿混作对微生物的促进作用更为明显,这与传统农业是一致的。3种菌群数量随生育进程呈前低—中高一后低的变化,各处理均以拔节期数量较多,苗期和成熟期数量较少,方差分析差异达0.05显著水平(方差分析表略)。

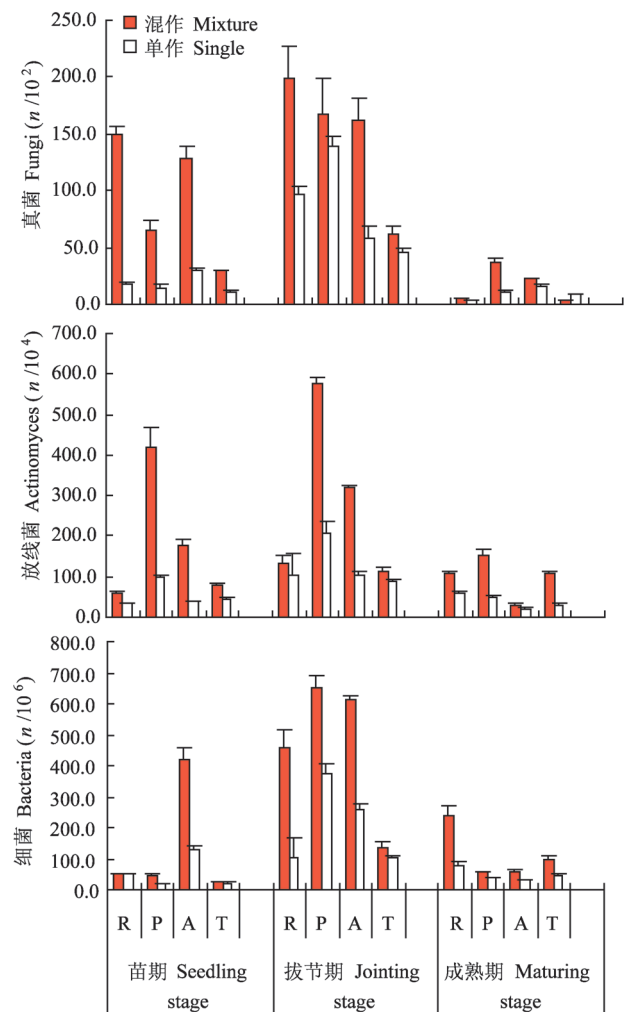


图1 混作对根际土壤微生物种群数量的影响

Fig. 1 Effect of mixture cropping on rhizospheric microorganism quantity R, P, A and T represent rape, pea, alfalfa and trefoil, respectively. The same below

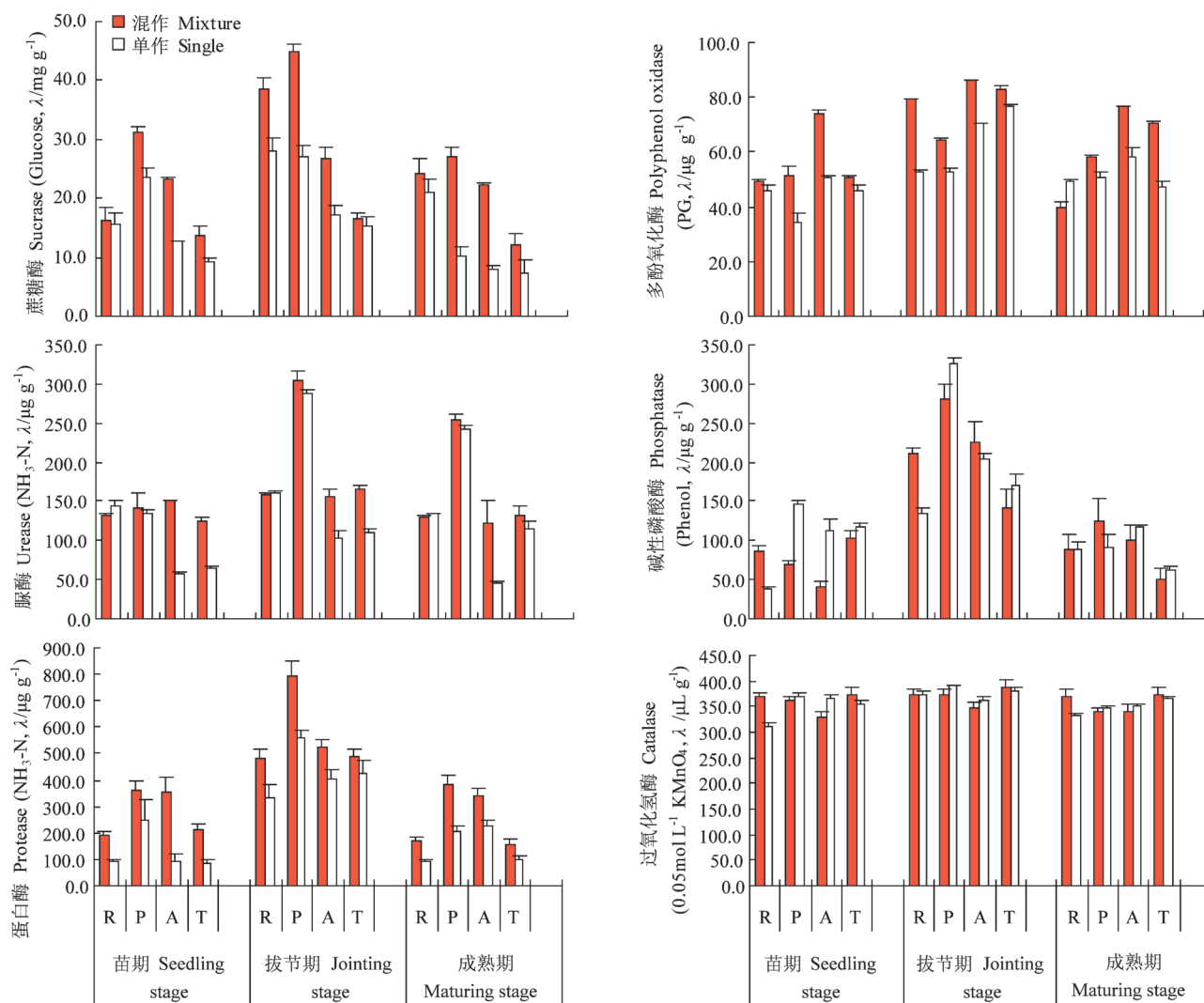


图2 混作对根际土壤酶活性的影响
Fig. 2 Effect of mixture cropping on rhizospheric enzyme activity

2.2 混作对根际土壤酶活性的影响

由图2可以看出, 黄土母质生土上混播小麦与3种豆科牧草及油菜, 在小麦生长期均可促进除碱性磷酸酶外的其余5种酶活性的提高。且随生育时期推进, 根际土壤酶活性同样呈先上升后下降的变化趋势, 以拔节期的酶活性较高, 苗期和成熟期的酶活性较低。表明根际土壤酶活性与作物的生育进程表现一致, 但混作小麦与3种豆科牧草及油菜在活化根际土壤碱性磷酸酶活性方面并不存在优势。比较4种混作处理, 小麦与豌豆混作对酶活性的提高作用更为明显, 其次为小麦与苜蓿或油菜混作。

2.3 混作对根际土壤营养的影响

从图3看出, 黄土母质生土上混播小麦与3种豆科牧草及油菜, 在小麦生长期均可促进根际土壤速效氮、速效磷、有机质及全氮含量的增加。同样所有根际营养均随生育进程呈抛物线的变化, 且以拔节期的含量较多, 苗期和成熟期的含量较少。土壤营养来源于微生物的分解与酶促反应的矿化, 混作促进了根际土壤微生物数量的增加与酶活性的提

高, 进而提高了土壤营养; 而土壤营养又促进了微生物的大量繁衍与酶活性提高, 三者具有因果互促的效应。试验中, 以豌豆与小麦混作根际土壤营养较高, 其次为小麦与苜蓿或油菜混作。

2.4 根际微生物数量、根际酶活性及根际营养的相关性分析

将不同生育时期混作与单作根际土壤微生物种群数量 (真菌 x_1 、放线菌 x_2 、细菌 x_3)、根际土壤酶活性 (蔗糖酶 x_4 、多酚氧化酶 x_5 、脲酶 x_6 、碱性磷酸酶 x_7 、蛋白酶 x_8 、过氧化氢酶 x_9) 及根际土壤营养 (速效氮 x_{10} 、速效磷 x_{11} 、有机质 x_{12} 、全氮 x_{13}) 进行相关分析。从结果 (表1) 可以看出, 小麦与3种豆科牧草及油菜混作下所形成的根际系统, 在三大微生物种群数量、多种土壤酶活性以及土壤N、P、有机质营养之间均存在显著或极显著的正向相关关系。其中, 根际土壤三大微生物种群数量之间存在着极显著的正相关, 而根际微生物数量又显著促进了根际营养的矿化提高, 同时还通过影响根际土壤多种酶活性来影响根际土壤N、P水平。多种酶活性之间也

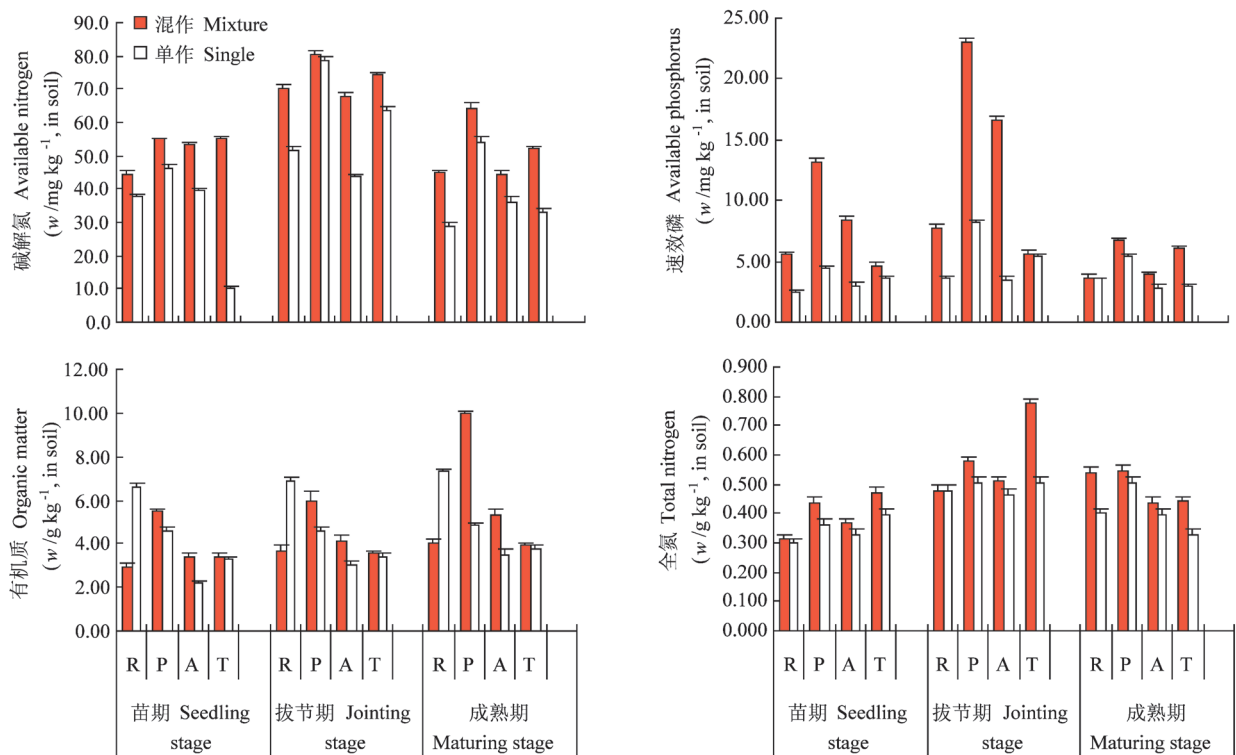


图3 混作对根际土壤营养含量的影响
Fig. 3 Effect of mixture cropping on rhizospheric nutrition content

表1 根际土壤微生物数量、多种酶活性及根际土壤营养的相关性分析

Table 1 Correlation analysis of rhizospheric microorganism quantity, enzyme activity and soil nutrition

	x_1	x_2	x_3	x_4	x_5	x_6	x_7	x_8	x_9	x_{10}	x_{11}	x_{12}	x_{13}
x_1	1.000												
x_2	0.576**	1.000											
x_3	0.781**	0.677**	1.000										
x_4	0.689**	0.764**	0.677**	1.000									
x_5	0.459*	0.234	0.511*	0.227	1.000								
x_6	0.443*	0.578**	0.455*	0.605**	0.078	1.000							
x_7	0.604**	0.488*	0.655**	0.540**	0.305	0.498*	1.000						
x_8	0.724**	0.747**	0.739**	0.738**	0.589**	0.639**	0.786**	1.000					
x_9	0.229	0.179	0.114	0.124	0.066	0.102	0.490*	0.350	1.000				
x_{10}	0.636**	0.605**	0.600**	0.627**	0.523**	0.720**	0.612**	0.852**	0.421*	1.000			
x_{11}	0.649**	0.955**	0.747**	0.708**	0.358	0.586**	0.511*	0.758**	0.122	0.630**	1.000		
x_{12}	-0.090	0.215	-0.093	0.405*	-0.167	0.531**	-0.025	0.119	-0.411*	0.131	0.147	1.000	
x_{13}	0.200	0.366	0.322	0.340	0.476*	0.480*	0.453*	0.636**	0.442*	0.668**	0.353	0.142	1.000

x_1 : 真菌; x_2 : 放线菌; x_3 : 细菌; x_4 : 蔗糖酶; x_5 : 多酚氧化酶; x_6 : 脲酶; x_7 : 碱性磷酸酶; x_8 : 蛋白酶; x_9 : 过氧化氢酶; x_{10} : 速效氮; x_{11} : 速效磷; x_{12} : 有机质; x_{13} : 全氮
 x_1 : Fungi; x_2 : Actinomyces; x_3 : Bacteria; x_4 : Sucrase; x_5 : Polyphenol oxidase; x_6 : Urease; x_7 : Phosphatase; x_8 : Protease; x_9 : Catalase; x_{10} : Available nitrogen; x_{11} : Available phosphorus; x_{12} : Organic matter; x_{13} : Total nitrogen

相互关联,蔗糖酶与脲酶、碱性磷酸酶及蛋白酶极显著正相关,多酚氧化酶与蛋白酶极显著正相关,脲酶与碱性磷酸酶及蛋白酶显著或极显著正相关,碱性磷酸酶又与蛋白酶及过氧化氢酶显著或极显著正相关.多种酶活性提高,进而促进了根际N、P营养及有机质水平的提高.

3 讨论与结论

3.1 根际土壤微生物数量

土壤微生物数量是全面反映土壤质量动态变化和判别胁迫环境或人为干扰下土壤质量变化的灵敏指标之一^[16].本课题组曾对荞麦、向日葵等多种作物不同生育期根际微生物

数量进行研究,结果表明,作物不同生育时期微生物种群数量不同,这与当时的气温及作物根系生长的繁茂程度有关,苗期苗小,气温低,土壤微生物数量低,进入花期,随着气温升高,生育旺盛,作物根系生物量增强,土壤微生物数量亦随之明显增加^[17-18].本研究结果表明,在小麦生长期,所有混作复合群体对提高黄土母质生土微生物种群数量较单作有明显的促进作用.无论混作还是单作,苗期微生物数量较低,拔节期微生物数量较高,到成熟期微生物数量又降低,且低于苗期.这种根际微生物数量随着生育时期的抛物线变化可能的原因是植株由营养生长为主转为生殖生长为主,植株对养分需求增多,从而造成根际养分相对亏缺,微生物总

量降低,同时也可能是不同生育时期根系生理代谢、脱落物和分泌物的差异造成的。

3.2 根际土壤酶活性

越来越多的证据表明土壤酶活性有作为全面反映土壤生物学肥力质量变化和判别胁迫环境下以及人为扰动下土壤生态系统的早期预警指标的潜力^[19]。有关研究指出,不同土壤酶活性对温度的敏感程度是不一样的,有一些土壤酶的活性(如多酚氧化酶)明显受凋落物动态的影响^[20]。间作对根际土壤酶活性没有明显的优势^[21]。本研究中,在小麦生长期,混作复合群体对提高黄土母质生土多种酶活性较单作有明显的促进作用。研究结果还表明,与单作相比,混作根际碱性磷酸酶活性较单作低。因此,在土壤微生物生态系统的调节中,在生产实践中如何采取科学合理的种植制度及栽培管理措施,使土壤微生物及酶活性有利于作物的生长发育和产量的提高将是进一步的研究课题。

3.3 根际土壤营养

前人研究表明,苜蓿/谷子轮作可以改善土壤理化性状,提高土壤碱解氮含量,增加土壤腐殖质和有机质,改善土壤团粒结构,但速效磷含量有所下降^[22]。玉米/紫花苜蓿间作,可以提高土壤有机质、有机氮、速效氮含量,而且随着间作时间的延长提高越多^[23]。本研究表明,混作复合群体对改良黄土母质生土根际土壤营养较单作有明显的促进作用,一方面可能由于混作根系生物量大,根系生理代谢、脱落物和分泌物多造成,另一方面则由于混作根际微生物量大、酶活性高,促进了土壤有机物的矿化、矿质营养含量的提高。

3.4 小结

综上所述,供试黄土母质生土上混作小麦与3种豆科牧草及油菜均可促进根际微生物的繁衍、多种酶活性的提高,而微生物的繁衍与酶活性的提高又可促进土壤有机物的矿化、矿质营养含量的提高,从而形成作物与微生物、酶活性、矿质营养在土壤载体中的相互依存相互促进的关系。尤以豌豆/麦混作群体根际微生物量大,酶活性高,营养含量高,这与我国黄土高原传统农业中素有小麦豌豆混播的习惯是一致的,是利改善土壤微生物的有效措施,可作为黄土母质生土改良的首选混播作物。

References

- Liang B (梁斌), Zhou JB (周建斌), Yang XY (杨学云), Ai N (艾娜). Effect of different crop rotation systems and continuous fallow on soil microbial biomass carbon and nitrogen under different fertilizer treatments. *Chin J Eco-Agric* (中国生态农业学报), 2009, **17** (2): 209-214
- Zhang YQ (张永清), Miao GY (苗果园). Effects of fertilizing in immature soil to broomcorn millet root growing and its physiological ecology. *J Soil & Water Conserv* (水土保持学报), 2006, **20** (3): 158-161, 169
- Yang ZP (杨珍平), Bai ZM (白志明), Zhang XY (张翔宇), Miao GY (苗果园). Effect of fertilization in immature loess subsoil on productivity and rhizospheric soil nutrient and biological activity of cereal crops. *Chin J Eco-Agric* (中国生态农业学报), 2010, **18** (4): 698-705
- Jia ZH (贾志红), Yang ZP (杨珍平), Zhang YQ (张永清), Miao GY (苗果园). Study on the quantity of three main colony of soil microbe in wheat farmland. *J Trit Crops* (麦类作物学报), 2004, **24** (3): 53-56
- Xu JW (许景伟), Wang WD (王卫东), Li C (李成). The correlation among soil microorganism, enzyme and soil nutrient in different types of mixed stands of *Pinus thunbergii*. *J Beijing For Univ* (北京林业大学学报), 2000, **22** (1): 51-55
- Qian GQ (钱国钦). Productivity and ecological characteristics of mixed forest of Chinese sweet gum and Chinese fir. *J Zhejiang For Col* (浙江林学院学报), 2000, **17** (3): 289-293
- Cai LP (蔡丽平), Chen GS (陈光水), Xie JS (谢锦升), Yang YS (杨玉盛). Rhizospheric soil fertility under compound pattern of *Cunninghamia lanceolata* - *Aleurites fordii* - *Mesora chinensis*. *J Northeast For Univ* (东北林业大学学报), 2001, **29** (2): 51-54
- Fang ZG (房增国), Zuo YM (左元梅), Li L (李隆), Zhang FS (张福锁). Effects of different nitrogen levels on iron nutrition and nitrogen fixation of peanut in maize - peanut mixed cropping system. *Plant Nutr & Fert Sci* (植物营养与肥料学报), 2004, **10** (4): 386-390
- Fang ZG (房增国), Zuo YM (左元梅), Zhao XF (赵秀芬), Li L (李隆), Zhang FS (张福锁). Effects of maize-peanut mixed cropping on N and Fe nutrition. *Ecol & Environ* (生态环境), 2006, **15** (1): 134-139
- Zuo YM (左元梅), Liu YX (刘永秀), Zhang FS (张福锁). Effects of improved iron nutrition of peanut intercropped with maize on carbon and nitrogen metabolism and nitrogen-fixing of peanut nodule. *Acta Ecol Sin* (生态学报), 2004, **24** (11): 2584-2590
- Zhou KJ (周可金), Xing J (邢君), Bo YH (博毓红), Sang YS (桑亚松), Wu SL (吴社兰), Song GL (宋国良). Physiological and ecological effects of inter-and mixed cropping rape with milk vetch. *Chin J Appl Ecol* (应用生态学报), 2005, **16** (8): 1477-1481
- Du HC (杜寒春), Zheng HM (郑合明), Zhou J (周晶), Cao H (曹慧), Shen B (沈标), Lou WJ (娄无忌), Zhong ZT (钟增涛). Effect of nitrogen transfer on growth of wheat in milk vetch-wheat mixed cropping after inoculation of rhizobium. *Acta Ped Sin* (土壤学报), 2006, **43** (6): 1043-1046
- Lü YH (吕英华), Qin SY (秦双月). Soil Measure and Fertilization. Beijing, China: Chinese Agricultural Press (北京: 中国农业出版社), 2002. 48-84
- Guan SY (关松荫). Soil Enzymes and Research Methods. Beijing, China: Chinese Agricultural Press (北京: 中国农业出版社), 1983. 260-339
- Xu GH (许光辉), Zheng HY (郑洪元). Handbook of Methods for Edaphon Analysis. Beijing, China: Chinese Agricultural Press (北京: 中国农业出版社), 1986. 102-135
- Tian YH (田耀华), Feng YL (冯玉龙). Application of microbial research in evaluation of soil quality. *Chin J Appl Environ Biol* (应用与环境生物学报), 2008, **14** (1): 132-137
- Jia ZH (贾志红), Yang ZP (杨珍平), Sun M (孙敏), Miao GY (苗果园). Influence of different fertilizers to crop rhizosphere microorganisms. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2004, **30** (5): 491-495
- Miao GY (苗果园), Jia ZH (贾志红), Yang ZP (杨珍平), Zhang YQ (张永清). Quantity difference of rhizosphere microbe of different crops. *J Shanxi Agric Univ* (山西农业大学学报), 2004, **24** (2): 93-96
- Xiong HZ (熊浩仲), Wang KY (王开运), Yang WQ (杨万勤). Seasonal variations of soil enzyme activities in fir and birch forests in subalpine area of western Sichuan. *Chin J Appl Environ Biol* (应用与环境生物学报), 2004, **10** (4): 416-420
- Cao H (曹慧), Sun H (孙辉), Yang H (杨浩), Sun B (孙波), Zhao QG (赵其国). A review: Soil enzyme activity and its indication for soil quality. *Chin J Appl Environ Biol* (应用与环境生物学报), 2003, **9** (1): 105-109
- Chai Q (柴强), Huang P (黄鹏), Huang GB (黄高宝). Effect of intercropping on soil microbial and enzyme activity in the rhizosphere. *Acta Prat Sin* (草业学报), 2005, **14** (5): 105-110
- Liu PS (刘沛松), Jia ZK (贾志宽), Li J (李军), Li YP (李永平), Liu SX (刘世新). A study on optimal duration of *Medicago sativa* growth in *M. sativa*-grain crop rotation system in arid region of Southern Ningxia. *Acta Prat Sin* (草业学报), 2008, **17** (3): 31-39
- Liu ZK (刘忠宽), Cao WD (曹卫东), Qin WL (秦文利), Zhi JF (智健飞), Liu ZY (刘振宇). A study on the pattern and effect of *Zea mays* intercropping with *Medicago sativa*. *Acta Prat Sin* (草业学报), 2009, **18** (6): 158-163