



农业资源与环境学报

中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响

刘高远, 和爱玲, 杜君, 杨占平, 潘秀燕, 许纪东, 郑念, 张玉亭

引用本文:

刘高远, 和爱玲, 杜君, 杨占平, 潘秀燕, 许纪东, 郑念, 张玉亭. 玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(5): 1033–1040.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0527>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

生物炭对青枯病烟株的根际土壤微生物群落结构调控机制分析

冯慧琳, 付兵, 任天宝, 杜君, 徐辰生, 曾强, 徐茜, 刘国顺

农业资源与环境学报. 2022, 39(1): 173–181 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2021.0018>

番茄秸秆固定化芽孢杆菌M1对3环PAHs污染老化土壤修复效果

李岩, 李成, 张小雪, 冯焯, 王伟, 冯圣东, 宁国辉, 王小敏, 杨志新

农业资源与环境学报. 2019, 36(6): 806–813 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2018.0225>

硒对油菜根际土壤微生物的影响

程勤, 胡承孝, 明佳佳, 蔡苗苗, 刘康, 汤艳妮, 赵小虎

农业资源与环境学报. 2021, 38(1): 104–110 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0061>

施氮对间作条件下玉米、马铃薯根际微生物群落功能多样性的影响

覃潇敏, 郑毅, 汤利, 龙光强

农业资源与环境学报. 2015(4): 354–362 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2014.0353>

不同秸秆还田方式对玉米根际土壤微生物及酶活性的影响

于寒, 梁烜赫, 张玉秋, 孙杨, 吴春胜, 谷岩

农业资源与环境学报. 2015(3): 305–311 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2014.0320>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

刘高远, 和爱玲, 杜君, 等. 玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2022, 39(5): 1033–1040.

LIU G Y, HE A L, DU J, et al. Effect of maize straw returning amount on soil enzyme activity, microbial biomass, and bacterial community in lime concretion black soil[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2022, 39(5): 1033–1040.



开放科学 OSID

玉米秸秆还田量对砂姜黑土酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响

刘高远¹, 和爱玲¹, 杜君¹, 杨占平¹, 潘秀燕², 许纪东², 郑念², 张玉亭^{1*}

(1. 河南省农业科学院植物营养与资源环境研究所, 郑州 450002; 2. 遂平县农业科学试验站, 河南 驻马店 463100)

摘要:为探讨砂姜黑土区秸秆还田量对土壤生物学特性的影响,以小麦-玉米轮作为研究对象,通过2年的大田试验,分析了0、1/3、2/3和100%玉米秸秆还田量处理(CK、S3、S6和S9)土壤酶活性、微生物生物量及细菌群落变化的特征。结果表明:与CK处理相比,S6和S9处理显著提高了土壤有机碳(12.9%和14.4%)、碱解氮(21.4%和25.6%)、有效磷(17.9%和20.5%)和速效钾含量(25.9%和29.8%)。秸秆还田处理下土壤脲酶、纤维素酶活性和微生物生物量碳含量显著增加,增幅分别为22.5%~44.6%、23.9%~52.1%和16.6%~46.7%,且S6和S9处理较CK处理显著提高了木聚糖酶活性(32.7%和21.2%)和微生物生物量氮含量(53.5%和54.4%)。与CK处理相比,S6和S9处理细菌群落多样性显著增加,而S3处理则无显著变化。放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和厚壁菌门为优势细菌门,其中酸杆菌门相对丰度在秸秆还田处理下显著降低了2.6~4.7个百分点,而变形菌门相对丰度在S6和S9处理下显著增加了3.8、4.9个百分点;热酸菌属、布氏杆菌属和芽孢杆菌属为优势细菌属,其中芽孢杆菌属相对丰度在秸秆还田处理下显著增加了1.2~2.9个百分点,而布氏杆菌属相对丰度在S6和S9处理下显著降低了1.4、1.8个百分点。冗余分析结果表明,有机碳、微生物生物量碳和脲酶是影响细菌群落组成的关键因子。综上,在砂姜黑土区,2/3(6 000 kg·hm⁻²)和100%玉米秸秆还田量(9 000 kg·hm⁻²)均能够改善土壤养分状况及生物学特性,可根据当地情况选择适宜用量。

关键词:玉米秸秆;秸秆还田;酶活性;细菌多样性;微生物群落;冗余分析

中图分类号:S141.4;S154 文献标志码:A 文章编号:2095-6819(2022)05-1033-08 doi: 10.13254/j.jare.2021.0527

Effects of maize straw returning amount on soil enzyme activity, microbial biomass, and bacterial community in lime concretion black soil

LIU Gaoyuan¹, HE Ailing¹, DU Jun¹, YANG Zhanping¹, PAN Xiuyan², XU Jidong², ZHENG Nian², ZHANG Yuting^{1*}

(1. Institute of Plant Nutrition and Environmental Resources, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China; 2. Suiping Experimental Station of Agricultural Sciences, Zhumadian 463100, China)

Abstract: To investigate the effect of the amount of straw returning on the biological characteristics of lime concretion black soil, we used the wheat-corn rotation system as a research object and analyzed the changes in the enzyme activity, microbial biomass, and bacterial community of the soil under the conditions of 0(CK), 1/3(S3), 2/3(S6), and 100%(S9) returning amounts of maize straw. The results showed that the S6 and S9 treatments significantly increased the contents of organic carbon (by 12.9% and 14.4%, respectively), alkali-hydrolyzable nitrogen (by 21.4% and 25.6%, respectively), available phosphorus (by 17.9% and 20.5%, respectively), and available potassium (by 25.9% and 29.8%, respectively) in the soils. All the straw returning treatments significantly increased the activities of urease and cellulase and the content of microbial biomass carbon by 22.5%~44.6%, 23.9%~52.1% and 16.6%~46.7%, respectively. Moreover, the

收稿日期: 2021-08-16 录用日期: 2021-09-26

作者简介: 刘高远(1987—),男,河南郑州人,博士,研究方向为农业废弃物资源化利用。E-mail: liugaoyuan678@163.com

*通信作者: 张玉亭 E-mail: zhytsj@sohu.com

基金项目: 河南省博士后科研项目(201903052);河南省农业科学院新兴学科发展专项(2020XK09);河南省农业科学院自主创新项目(2021ZC36)

Project supported: Postdoctoral Research Project in Henan Province (201903052); Special Project for the Development of Emerging Disciplines of Henan Academy of Agricultural Sciences (2020XK09); Independent Innovation Project of Henan Academy of Agricultural Science (2021ZC36)

S6 and S9 treatments significantly increased the xylanase activity (by 32.7% and 21.2%, respectively) and the content of microbial biomass nitrogen (by 53.5% and 54.4%, respectively). Compared with the CK treatment, the S6 and S9 treatments significantly increased the bacterial community diversity, whereas the S3 treatment did not. Actinobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi, and Firmicutes were the dominant bacterial phyla. The relative abundance of Acidobacteria significantly decreased by 2.6~4.7 percentage points under the straw returning treatments, whereas the relative abundance of Proteobacteria significantly increased 3.8 and 4.9 percentage points under the S6 and S9 treatments, respectively. *Acidothermus*, *Bryobacter*, and *Bacillus* were the dominant bacterial genera. The relative abundance of *Bacillus* significantly increased by 1.2~2.9 percentage points under straw returning treatments, whereas the relative abundance of *Bryobacter* significantly decreased by 1.4 and 1.8 percentage points under the S6 and S9 treatments, respectively. The RDA result showed that organic carbon, microbial biomass carbon, and urease were the key factors affecting the bacterial community. In conclusion, 2/3 (6 000 kg·hm⁻²) and 100% (9 000 kg·hm⁻²) returning amounts of maize straw in lime concretion black soil can improve soil nutrients and biological characteristics of soil. The returning amounts of maize straw can be selected according to local conditions.

Keywords: maize straw; straw returning; enzyme activity; bacterial diversity; microbial community; RDA

土壤生物学特性是评价土壤肥力的敏感性指标。其中,土壤酶和微生物是土壤生物学特性的重要组成部分,二者共同参与多种重要的生物化学过程,在养分转化循环、有机质分解、污染物降解等方面发挥着关键作用^[1]。秸秆中含有丰富的有机碳及营养元素,秸秆还田能够激发土壤酶及微生物活性,进而促进秸秆降解及养分释放^[2]。因此,明确秸秆还田条件下土壤酶及微生物变化特征对构建良好的土壤微生态环境具有重要意义。

秸秆还田量是影响土壤酶及微生物活性的重要因素。WU等^[2]和ZHAO等^[3]的研究已证实,适宜的秸秆还田量能够提高土壤酶活性、微生物生物量及微生物群落丰度。但受气候、土壤类型的制约,不同生态区适宜秸秆还田量存在明显的差异^[4-7]。秸秆还田量不合理不仅直接影响土壤理化性质,而且也影响土壤酶及微生物活性水平。ZHAO等^[8]发现,玉米秸秆还田量为4 500 kg·hm⁻²和9 000 kg·hm⁻²时,显著提高了土壤酶(β-葡萄糖苷酶、β-木糖苷酶等)活性、革兰氏阴性细菌丰度及真菌丰度,但两个还田量处理土壤酶活性及微生物群落丰度无显著差异。高日平等^[4]发现,玉米秸秆还田量3 000~12 000 kg·hm⁻²条件下,6 000 kg·hm⁻²处理显著提高了土壤微生物(细菌、真菌及放线菌)数量及土壤酶(蔗糖酶、脲酶及过氧化氢酶)活性。此外,秸秆还田量过高还会造成下茬作物出苗率降低、病虫害加重^[9]、温室气体排放量增加^[10]等生产及环境问题。

砂姜黑土是黄淮海平原重要的农耕土壤,具有肥力水平低、透水透气性差等特性,属于典型的中低产土壤类型。秸秆还田仍是该土壤类型区小麦-玉米轮作制度下最重要的土壤培肥措施之一。然而,在该

土壤类型区,关于秸秆还田的研究多集中在土壤理化性质方面^[7,11],缺乏土壤生物学特性方面的研究,尤其是土壤养分、酶活性等环境因子与微生物之间的互作关系仍需要进一步研究。因此,本研究以黄淮海平原砂姜黑土区小麦-玉米轮作为例,研究不同玉米秸秆还田量对土壤酶活性、微生物生物量及细菌群落的影响,结合土壤养分状况,分析土壤细菌群落组成与环境因子的关系,从生物学角度探讨土壤适宜的玉米秸秆承载力,为该土壤类型区秸秆资源合理利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于2019—2021年在河南省驻马店市遂平县农业科学试验站(113°97'E, 33°15'N)开展。该地区属暖温带大陆性季风气候,年均气温14.9℃,年均降雨量972 mm,年均蒸发量1 574 mm,无霜期220 d。土壤类型为石灰性砂姜黑土,0~50 cm土质为黏壤土及壤质黏土,耕层质地黏重,适耕期较短。试验前,0~20 cm土层基本性质:容重1.44 g·cm⁻³,有机碳7.8 g·kg⁻¹,全氮0.11 g·kg⁻¹,有效磷7.9 mg·kg⁻¹,速效钾134.2 mg·kg⁻¹,pH 6.7。

1.2 试验设计

试验设置0、1/3、2/3和100%玉米秸秆还田量(CK、S3、S6和S9),4个处理,3次重复,共12个小区,小区面积40 m²(8 m×5 m),完全随机排列。CK、S3、S6和S9处理还田量分别为0、3 000、6 000 kg·hm⁻²和9 000 kg·hm⁻²。秸秆自然风干,粉碎至5 cm左右,于小麦播种前按小区需求量旋耕翻入0~20 cm土层。秸秆氮、磷和钾含量分别为2.12%、0.24%和2.43%。

小麦品种为遂麦 139(遂平县农业科学试验站选育),播种量 $180 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,当年 10 月下旬播种,翌年 6 月上旬收获。肥料品种与施肥量:肥料品种为尿素(含 N 46%)、过磷酸钙(含 P_2O_5 12%)和氯化钾(含 K_2O 60%),N、 P_2O_5 和 K_2O 用量分别为 180、100、60 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,其中磷、钾肥和 70% 氮肥于小麦播种前基施,30% 氮肥于拔节期追施。小麦收获后,秸秆全量($7\,500 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 左右)覆盖还田,接茬玉米轮作。玉米品种为郑单 1002(河南省农业科学院粮食作物研究所),播种与施肥方式为贴茬种肥同播,密度 $67\,500 \text{ 株} \cdot \text{hm}^{-2}$;肥料选用常规复合肥(N- P_2O_5 - K_2O 为 30-5-5),施用量 $750 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,基施、无追肥。整地、病虫害防治等田间管理措施同当地农户保持一致。

1.3 样品采集与分析

1.3.1 样品采集

于 2021 年小麦收获期,采用五点取样法,用 5 cm 直径的土钻分别采集各小区 0~20 cm 土样,混匀,每个土样为各小区 5 个采样点的混合样,剔除可见动、植物残体和石块等过 2.00 mm 筛备用。将采集的土样分成三部分:一部分自然风干过 0.25 mm 筛,用于测定土壤养分含量;另一部分 4℃ 保存,7 日内测定酶活性及微生物生物量;其余部分 -80℃ 保存,3 日内分析土壤细菌群落特征。

1.3.2 土壤养分、酶活性及微生物生物量分析

有机碳的测定采用 $\text{K}_2\text{Cr}_2\text{O}_7$ - H_2SO_4 氧化法;碱解氮的测定采用碱解扩散法;有效磷的测定采用钼蓝比色法;速效钾的测定采用火焰光度法。土壤养分指标的测定方法均参考《土壤农化分析》^[12]。微生物生物量碳、生物量氮的测定采用氯仿熏蒸- K_2SO_4 浸提法^[13]。脲酶、纤维素酶、木聚糖酶和漆酶活性的测定采用酶联免疫分析(ELISA)双抗体夹心法,步骤参考 ELISA 试剂盒(上海双赢生物科技有限公司)使用说明书。

1.3.3 微生物 DNA 提取及高通量测序

称取 0.5 g 冷冻土样,使用 FastDNA[®] SPIN Kit (MP Biomedicals, 法国)提取微生物 DNA,采用 Nano-Drop2000 分光光度计(Thermo Scientific, 美国)检测 DNA 浓度和纯度,采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量,检测合格后,用于构建文库。采用细菌通用引物对 16S rRNA 基因 V3~V4 区进行 PCR 扩增,使用 2% 琼脂糖凝胶回收扩增产物,利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, 美国)纯化,并用 QuantiFluor[™]-ST (Promega, 美国)检测定量。根据 Il-

lumina MiSeq 平台(Illumina, 美国)标准操作规程,利用纯化后扩增片段构建 PE 2×300 文库,采用 Illumina Miseq 技术测序。

1.4 测序数据处理

测序完成后,对有效序列进行质控、拼接和去杂等处理,12 个样品共得到 723 735(46 573~73 118)条高质量序列,平均长度 415 bp,用于分析细菌群落特征。基于 97% 的相似水平,利用 UPARSE 软件对操作分类单元(OTU)进行聚类,并使用 UCHIME 鉴定及去除嵌合序列。根据 Silva 数据库,对每个 OTU 物种注释与分类。利用 Mothur 软件计算 Shannon、Simpson 多样性指数及 Chao1、ACE 丰富度指数,用于评价细菌 α -多样性^[14];基于 Bray-Curtis 距离矩阵进行非度量多维尺度分析(NMDS),用于评价细菌群落结构特征。

1.5 统计分析

利用 SPSS 21.0 软件中单因素方差分析法(One-way ANOVA)比较处理间各指标的差异,采用最小显著性差异法(LSD, $P=0.05$)比较处理间各指标结果的平均值。采用 R 3.60 软件中 Vegan 包进行细菌群落结构的 NMDS 分析及细菌群落组成与环境因子的冗余分析(RDA),并采用 Ggplot2 包绘图。采用 Origin-Pro 2021b 绘制柱状图。

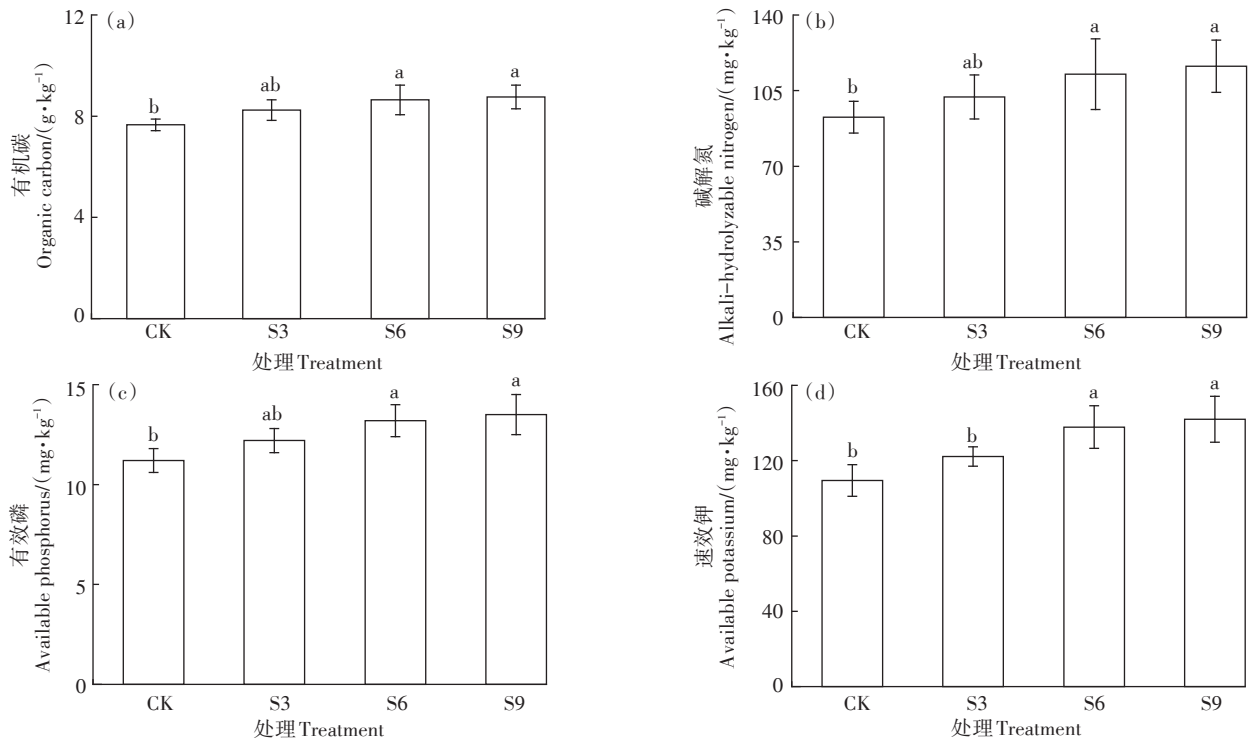
2 结果与分析

2.1 玉米秸秆还田量对土壤基础养分含量的影响

图 1 为不同玉米秸秆还田量处理下土壤有机碳、碱解氮、有效磷和速效钾含量。结果表明,与 CK 处理相比,S6 和 S9 处理显著提高了土壤有机碳(12.9% 和 14.4%)、碱解氮(21.4% 和 25.6%)、有效磷(17.9% 和 20.5%)和速效钾(25.9% 和 29.8%)含量,而 S3 处理土壤养分含量与 CK 处理无显著差异。在秸秆还田处理中,S6 和 S9 处理较 S3 处理土壤速效钾含量分别显著提高了 12.8% 和 16.2%,而 S6 和 S9 处理各土壤养分含量均无显著差异。

2.2 玉米秸秆还田量对土壤酶活性的影响

表 1 为不同玉米秸秆还田量处理下土壤酶活性。结果表明,与 CK 处理相比,秸秆还田处理显著提高了土壤脲酶和纤维素酶活性,增幅分别为 22.5%~44.6% 和 23.9%~52.1%;同时,S6 和 S9 处理较 CK 处理显著提高了土壤木聚糖酶活性,增幅分别为 32.7% 和 21.2%;不同处理土壤漆酶活性之间差异不显著。在秸秆还田处理中,S6 和 S9 处理较 S3 处理土壤纤维素酶活性分别显著提高了 22.8% 和 14.5%,木聚糖酶活



不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同
Different lowercase letters in the column indicate significant differences between treatments ($P<0.05$). The same below

图1 不同处理下土壤养分含量
Figure 1 Soil nutrient contents under different treatments

性分别显著提高了23.2%和12.5%,而S6和S9处理之间土壤酶活性无显著差异。

2.3 玉米秸秆还田量对土壤微生物生物量碳、生物量氮的影响

图2为不同玉米秸秆还田量处理下土壤微生物生物量碳、生物量氮含量。结果表明,与CK处理相比,秸秆还田处理显著提高了土壤微生物生物量碳,增幅为16.6%~46.7%,S6处理增幅最高;同时,S6和S9处理较CK处理显著提高了土壤微生物生物量氮,增幅分别为53.5%和54.4%。在秸秆还田处理中,S6和S9处理较S3处理土壤微生物生物量碳分别显著提高了25.9%和23.6%,而S6和S9处理土壤微生物生物

量碳、生物量氮之间均无显著差异。

2.4 玉米秸秆还田量对土壤细菌 α -多样性的影响

不同玉米秸秆还田量处理下土壤细菌 α -多样性特征(表2)表明,与CK处理相比,秸秆还田处理土壤细菌群落丰富度指数(Chao1指数和ACE指数)无显著变化,即秸秆还田对土壤细菌群落丰富度的影响较小。然而,对于土壤细菌群落多样性指数(Shannon指

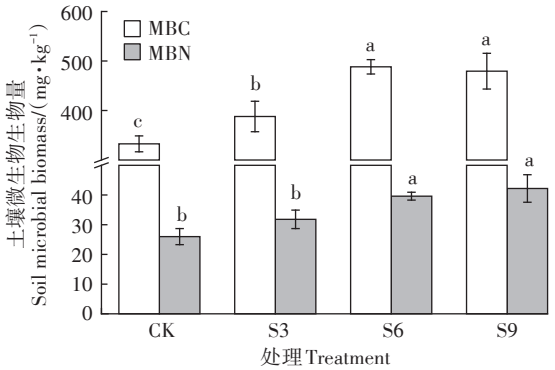
表1 不同处理下土壤酶活性($U\cdot g^{-1}$)

Table 1 Soil enzyme activities under different treatments ($U\cdot g^{-1}$)

处理 Treatment	脲酶 Urease	纤维素酶 Cellulase	木聚糖酶 Xylanase	漆酶 Laccase
CK	166.2±12.4b	11.7±0.9c	5.2±0.19b	12.7±1.8a
S3	203.6±14.7a	14.5±1.4b	5.6±0.08b	15.9±2.6a
S6	240.4±23.3a	17.8±1.2a	6.9±0.47a	17.1±4.2a
S9	235.1±16.8a	16.6±1.6a	6.3±0.16a	16.7±3.7a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences among treatments ($P<0.05$). The same below.



MBC和MBN分别代表微生物生物量碳、生物量氮。下同
MBC and MBN represent microbial biomass carbon and nitrogen, respectively. The same below

图2 不同处理下土壤微生物生物量碳、生物量氮含量
Figure 2 Contents of soil microbial biomass C and N under different treatments

数和Simpson指数)来说,与CK处理相比,S6和S9处理Shannon指数显著升高、Simpson指数显著下降,即2/3和100%玉米秸秆还田量均显著提高了土壤细菌群落多样性。由此可见,秸秆还田对土壤细菌群落丰富度影响较小,而增加秸秆还田量一定程度上能够提高土壤细菌群落多样性。

2.5 玉米秸秆还田量对土壤细菌群落结构的影响

对土壤细菌群落在门水平上进行分类,4个处理共含有30个门,相对丰度≥1%的门有9个(图3),其中放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和厚壁菌门为优势门,相对丰度占87.2%~89.4%。与CK处理相比,秸秆还田处理下酸杆菌门相对丰度显著降低了2.6~4.7个百分点,S6和S9处理下变形菌门相对丰度分别显著增加了3.8、4.9个百分点,不同处理下其他细菌门之间相对丰度差异均不显著。进一步对比分析,4个处理共含有637个属,其中热酸菌属、布氏杆菌属和芽孢杆菌属为优势属(图4)。与CK处理相比,秸秆还田处理下芽孢杆菌属相对丰度显著提高了1.2~2.9个百分点,S6和S9处理下布氏杆菌属相对丰度分别显著降低了1.4和1.8个百分点,不同处理下热酸菌属相对丰度差异不显著。

不同玉米秸秆还田量处理下土壤细菌群落结构在OTU水平上的非度量多维尺度分析(NMDS)结果(图5)表明,与CK处理相比,秸秆还田处理明显影响了土壤细菌群落组成,并形成了不同的群落空间结构。其中,S6和S9处理土壤细菌群落空间结构变化趋势较为一致,且与CK处理差异较大。

2.6 土壤细菌群落组成与环境因子之间的关系

图6为不同玉米秸秆还田量处理下土壤细菌群落组成与环境因子的RDA结果,两个排序轴共解释了81.8%土壤细菌群落组成的差异。其中,第一排序轴贡献率为69.2%且显著($F=13.93, P<0.05$)影响了土壤细菌群落组成,主要反映了土壤细菌群落组成受有机碳($F=6.42, P<0.05$)、微生物生物量碳($F=5.51, P<0.05$)和脲酶($F=4.85, P<0.05$)的影响,其解释率依

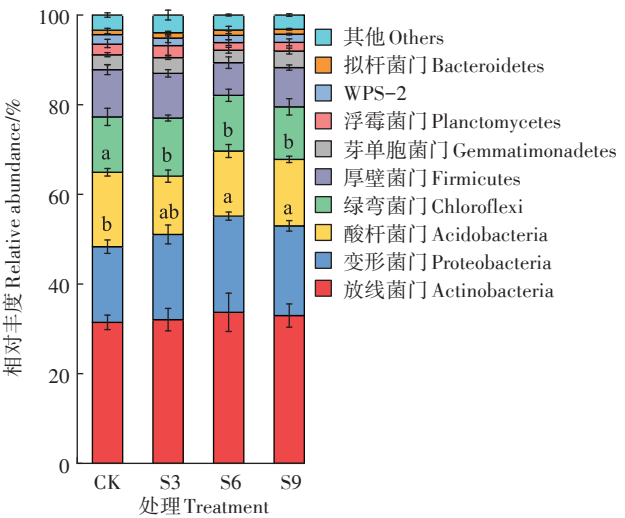


图3 不同处理下土壤细菌群落在门水平上的相对丰度
Figure 3 Soil bacterial community abundance at phylum level under different treatments

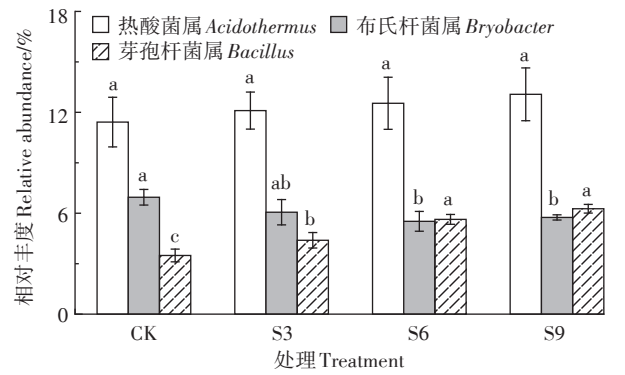


图4 不同处理下土壤优势细菌属的相对丰度
Figure 4 The abundance of soil predominant bacterial genera under different treatments

次为59.8%、50.1%和43.4%;第二排序轴贡献率仅为12.6%,主要反映了碱解氮和有效磷对土壤细菌群落组成的影响。由此可见,土壤有机碳、微生物生物量碳和脲酶是影响土壤细菌群落组成的关键因子。

3 讨论

3.1 土壤基础养分变化特征

秸秆还田是改善土壤养分状况的有效措施^[15]。

表2 不同处理下土壤细菌α-多样性
Table 2 Soil bacterial α-diversity under different treatments

处理 Treatment	丰富度指数 Richness index		多样性指数 Diversity index	
	Chao1	ACE	Shannon	Simpson
CK	2 080.9±324.5a	2 050.5±154.3a	5.72±0.02b	0.007 8±0.000 3a
S3	2 101.7±217.4a	2 081.7±162.9a	5.73±0.03b	0.007 6±0.000 2a
S6	2 106.9±396.7a	2 121.1±241.8a	5.78±0.02a	0.007 1±0.000 1b
S9	2 108.8±417.2a	2 118.5±187.4a	5.81±0.02a	0.007 0±0.000 2b

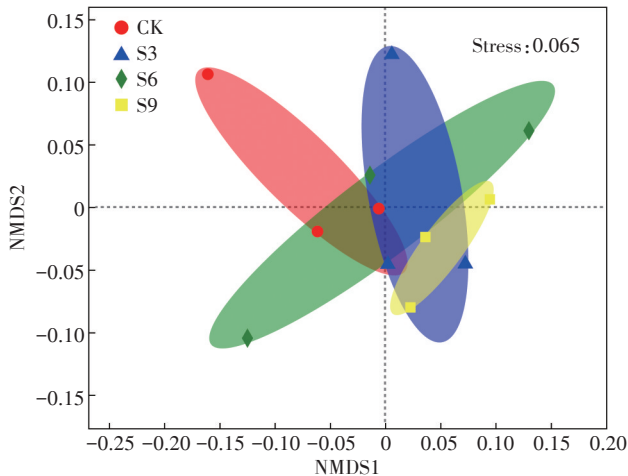


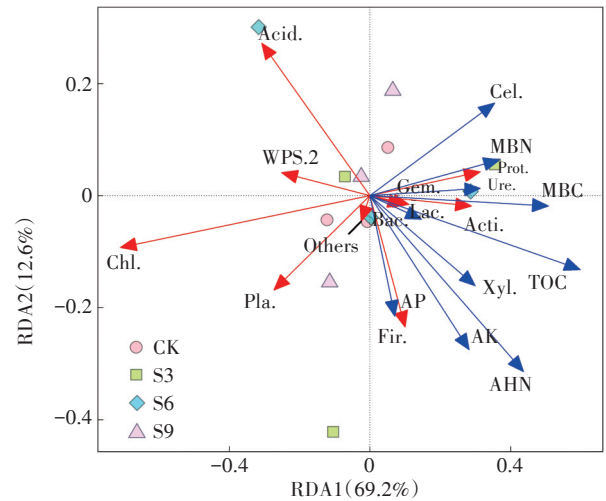
图5 不同处理下土壤细菌群落结构在OTU水平上的非度量多维尺度分析(NMDS)

Figure 5 The NMDS of soil bacterial community structure at OTU level under different treatments

本研究发现,与CK处理相比,S6和S9处理显著提高了土壤有机碳、碱解氮、有效磷及速效钾含量,而S3处理土壤养分含量无显著变化,这与ZHANG等^[16]的研究结果一致,其原因归结于高量或中量秸秆还田条件下大量秸秆发生腐解,使养分释放量增加。然而,当秸秆还田量超出一定范围后,秸秆腐解率会随着投入量的增加而降低,土壤养分含量呈现下降趋势^[17]。在本研究中,S6与S9处理之间土壤养分含量均无显著差异,说明100%秸秆还田量($9\,000\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)未对土壤养分造成不良影响。

3.2 土壤酶活性变化特征

土壤酶活性是表征土壤养分循环及微生物代谢活性的关键指标^[18]。其中,脲酶和纤维素酶是参与土壤碳、氮循环的主要酶系,其活性与纤维素降解密切相关^[19]。程曼等^[20]研究发现,长期秸秆还田显著提高了土壤脲酶和纤维素酶活性。WEI等^[21]也发现,秸秆还田条件下土壤脲酶、转化酶等活性显著增加,并指出土壤酶活性与有机质含量呈显著正相关。在本研究中,秸秆还田处理显著提高了土壤脲酶和纤维素酶活性,这可能与大量碳源投入引起的土壤有机质增加、微生物生长与活性增强及微生物群落变化有关^[22-23]。木聚糖酶是降解半纤维素的主要酶系,其活性与微生物降解半纤维素能力相关。贺美等^[24]研究发现,与不还田和1/3秸秆还田量($3\,000\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)相比,1/2($4\,500\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)和100%秸秆还田量($9\,000\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)均显著提高了土壤木聚糖酶活性,本研究也得到了相似的结论(表1)。漆酶是降解木质素的关键



Acti., Prot., Acid., Chl., Fir., Gem., Pla., WPS.2 and Bac. 分别表示放线菌门、变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、厚壁菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门、WPS-2和拟杆菌门;Ure., Cel., Xyl. 和 Lac. 分别表示脲酶、纤维素酶、木聚糖酶和漆酶;TOC, AHN, AP 和 AK 分别表示有机碳、碱解氮、有效磷和速效钾。蓝色箭头和红色箭头分别表示土壤环境因子和细菌群落分布

Acti., Prot., Acid., Chl., Fir., Gem., Pla., WPS.2, and Bac. represent Actinobacteria, Proteobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Gemmatimonadetes, Planctomycetes, WPS-2 and Bacteroidetes, respectively; Ure., Cel., Xyl. and Lac. represent urease, cellulase, xylanase, and laccase; TOC, AHN, AP, and AK represent organic carbon, alkali-hydrolyzable nitrogen, available phosphorus, and available potassium, respectively. The blue and red arrows indicate the distribution of soil environmental factors and bacterial communities, respectively

图6 不同处理下土壤细菌群落组成与环境因子的冗余分析

Figure 6 The RDA of soil bacterial community composition and environmental factors under different treatments

酶系,其活性与微生物降解木质素能力相关。在本研究中,秸秆还田处理土壤漆酶活性无显著变化,这一方面可能与秸秆木质素结构复杂、降解慢等特性有关;另一方面可能与该土壤类型下产漆酶微生物(白腐菌、褐腐菌等)较少有关^[25]。此外,有研究表明,适宜秸秆还田量能够显著提高土壤酶(脲酶、转化酶等)活性,而秸秆还田量过高造成了土壤酶活性大幅下降^[4]。本研究发现,S6和S9处理4种土壤酶活性之间均无显著差异,说明100%秸秆还田量($9\,000\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)未对土壤酶活性造成不良影响。

3.3 土壤微生物生物量碳、生物量氮变化特征

土壤微生物生物量是土壤活性养分的储存库,反映了参与调控土壤养分循环的微生物数量^[26]。有报道指出,有机物料的投入为土壤微生物提供了大量碳源,刺激了土壤微生物生长繁殖及作物生长,提高了土壤微生物生物量^[27],这与本研究中S6和S9处理土壤微生物生物量碳、生物量氮含量均显著高于CK处理的结果基本一致,可能是由于S6和S9处理下土壤

有机碳及其他养分含量较高(图1)。相比之下,S3处理秸秆还田量相对较低,导致土壤微生物生物量的变化相对较小。

3.4 土壤细菌群落结构多样性特征

土壤微生物是评价土壤生物学特性的关键指标^[28]。张鑫等^[29]研究发现,秸秆还田能够维持和提高土壤细菌群落多样性水平,本研究也得到了相似的结果(表2)。在本研究中,酸杆菌门相对丰度在秸秆还田处理下显著降低,变形菌门相对丰度在S6和S9处理下均显著增加,这可能是由于酸杆菌门属于贫营养型菌,生长速率缓慢,易富集在养分含量较低环境中,能够降解复杂的有机物质^[30];然而,变形菌门属于富营养型菌,能够在土壤有机质及营养元素较高环境条件下迅速生长^[31]。进一步分析发现,芽孢杆菌属相对丰度在秸秆还田处理中显著提高,布氏杆菌属相对丰度在S6和S9处理下均显著降低,这主要是由于芽孢杆菌属是厚壁菌门下主要化能异养细菌类群,参与木质纤维素降解、难溶性养分转化等过程,其丰度与土壤有机碳及速效养分含量呈极显著正相关^[32];然而,布氏杆菌属是酸杆菌门下主要异养细菌类群,其生长特性及规律与酸杆菌门细菌相似^[33]。本研究NMDS结果表明,与CK处理相比,S6和S9处理下土壤细菌群落结构均发生了明显的变化,其根本原因在于处理间土壤养分含量、酶活性及微生物生物量的差异影响了土壤细菌群落结构分布。由此可见,与不还田相比,2/3(6 000 kg·hm⁻²)和100%秸秆还田量(9 000 kg·hm⁻²)在改善土壤细菌群落结构与多样性方面均具有积极作用。

3.5 影响土壤细菌群落组成的关键因子

有研究表明,土壤有机质、微生物生物量碳、脲酶活性与微生物碳利用率呈显著正相关^[34]。本研究RDA结果表明,土壤有机碳、微生物生物量碳及脲酶是影响土壤细菌群落组成的关键因子。该结果说明土壤有机碳含量、微生物生物量碳含量及脲酶活性越高越有利于细菌生长,进而提高土壤有机碳并改善土壤生物学特性。

4 结论

与玉米秸秆不还田相比,2/3(6 000 kg·hm⁻²)和100%玉米秸秆还田量(9 000 kg·hm⁻²)均能够提高砂姜黑土土壤养分含量,增强土壤脲酶、纤维素酶和木聚糖酶活性,提高土壤微生物生物量碳、生物量氮含量,改善土壤细菌群落结构;相比之下,1/3玉米秸秆

还田量(3 000 kg·hm⁻²)的作用效果相对较弱。

因此,在砂姜黑土区,2/3(6 000 kg·hm⁻²)和100%玉米秸秆还田量(9 000 kg·hm⁻²)均能够改善土壤养分状况及生物学特性,可根据当地情况选择适宜用量。

参考文献:

- [1] XIAO L, LIU G B, LI P, et al. Ecological stoichiometry of plant-soil-enzyme interactions drives secondary plant succession in the abandoned grasslands of Loess Plateau, China[J]. *Catena*, 2021, 202: 105302.
- [2] WU L P, MA H, ZHAO Q L, et al. Changes in soil bacterial community and enzyme activity under five years straw returning in paddy soil[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2020, 100: 103215.
- [3] ZHAO S C, QIU S J, XU X P, et al. Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 138: 123-133.
- [4] 高日平, 赵思华, 刁生鹏, 等. 秸秆还田对黄土风沙区土壤微生物、酶活性及作物产量的影响[J]. 土壤通报, 2019, 50(6): 116-123. GAO R P, ZHAO S H, DIAO S P, et al. Effects of straw mulching on soil microorganism, enzyme activity and crop yield in loess desert[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2019, 50(6): 116-123.
- [5] 张静, 温晓霞, 廖允成, 等. 不同玉米秸秆还田量对土壤肥力及冬小麦产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2010, 16(3): 612-619. ZHANG J, WEN X X, LIAO Y C, et al. Effects of different amount of maize straw returning on soil fertility and yield of winter wheat[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2010, 16(3): 612-619.
- [6] 王宁, 闫洪奎, 王君, 等. 不同量秸秆还田对玉米生长发育及产量影响的研究[J]. 玉米科学, 2007(5): 100-103. WANG N, YAN H K, WANG J, et al. Research on effects of different amount straws return to field on growth development and yield of maize[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2007(5): 100-103.
- [7] 李录久, 吴萍萍, 蒋友坤, 等. 玉米秸秆还田对小麦生长和土壤水分含量的影响[J]. 安徽农业科学, 2017, 45(24): 112-113, 117. LI L J, WU P P, JIANG Y K, et al. Response of wheat growth and soil moisture content to corn straw returned to field[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2017, 45(24): 112-113, 117.
- [8] ZHAO S C, LI K J, ZHOU W, et al. Changes in soil microbial community, enzyme activities and organic matter fractions under long-term straw return in north-central China[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2016, 216: 82-88.
- [9] 陆宁海, 杨蕊, 郎剑锋, 等. 秸秆还田对土壤微生物种群数量及小麦茎基腐病的影响[J]. 中国农学通报, 2019, 35(34): 108-114. LU N H, YANG R, LANG J F, et al. Straw returning affects soil microbial population and wheat crown rot[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(34): 108-114.
- [10] JIANG C M, YU W T. Maize production and field CO₂ emission under different straw return rates in northeast China[J]. *Plant, Soil and Environment*, 2019, 65(4): 198-204.
- [11] 李玮, 乔玉强, 陈欢, 等. 秸秆还田和施肥对砂姜黑土理化性质及小麦-玉米产量的影响[J]. 生态学报, 2014, 34(17): 5052-5061.

- LI W, QIAO Y Q, CHEN H, et al. Effects of combined straw and N application on the physicochemical properties of lime concretion black soil and crop yields[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, 34(17): 5052–5061.
- [12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil agrochemical analysis[M]. 3rd Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000
- [13] 吴金水, 林美启, 黄巧云, 等. 土壤微生物生物量测定方法及其应用[M]. 北京: 中国气象出版社, 2011. WU J S, LIN M Q, HUANG Q Y, et al. Soil microbial biomass measurement method and its application[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2011.
- [14] SCHLOSS P D, WESTCOTT S L, RYABIN T, et al. Introducing mothur: Open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(23): 7537–7541.
- [15] HUANG T T, YANG N, LU C, et al. Soil organic carbon, total nitrogen, available nutrients, and yield under different straw returning methods[J]. *Soil and Tillage Research*, 2021, 214: 105171.
- [16] ZHANG P, CHEN X L, WEI T, et al. Effects of straw incorporation on the soil nutrient contents, enzyme activities, and crop yield in a semi-arid region of China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2016, 160: 65–72.
- [17] 张彬, 何红波, 赵晓霞, 等. 秸秆还田量对免耕黑土速效养分和玉米产量的影响[J]. 玉米科学, 2010, 18(2): 81–84. ZHANG B, HE H B, ZHAO X X, et al. Effects of crop-residue incorporation on no-tillage soil available nutrients and corn yield[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2010, 18(2): 81–84.
- [18] GERMAN D P, WEINTRAUB M N, STUART GRANDY A, et al. Optimization of hydrolytic and oxidative enzyme methods for ecosystem studies[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(7): 1387–1397.
- [19] 刘龙, 李志洪, 赵小军, 等. 种还分离玉米秸秆还田对土壤微生物量碳及酶活性的影响[J]. 水土保持学报, 2017, 31(4): 259–263. LIU L, LI Z H, ZHAO X J, et al. Effects of maize straw returning on soil microbial biomass carbon and enzyme activities under the mode of planting and returning[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2017, 31(4): 259–263.
- [20] 程曼, 解文艳, 杨振兴, 等. 黄土旱塬长期秸秆还田对土壤养分、酶活性及玉米产量的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2019, 27(10): 1528–1536. CHENG M, XIE W Y, YANG Z X, et al. Effects of long-term straw return on corn yield, soil nutrient contents and enzyme activities in dryland of the Loess Plateau, China[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2019, 27(10): 1528–1536.
- [21] WEI T, ZHANG P, WANG K, et al. Effects of wheat straw incorporation on the availability of soil nutrients and enzyme activities in semi-arid areas[J]. *PLoS ONE*, 2015, 10(4): e0120994.
- [22] MARTENS D, JOHANSON J, FRANKENBERGER J W. Production and persistence of soil enzymes with repeated addition of organic residues[J]. *Soil Science*, 1992, 153(1): 53–61.
- [23] ZHAO Y C, WANG P, LI J L, et al. The effects of two organic manures on soil properties and crop yields on a temperate calcareous soil under a wheat-maize cropping system[J]. *European Journal of Agronomy*, 2009, 31(1): 36–42.
- [24] 贺美, 王立刚, 王迎春, 等. 黑土活性有机碳库与土壤酶活性对玉米秸秆还田的响应[J]. 农业环境科学学报, 2018, 37(9): 1942–1951. HE M, WANG L G, WANG Y C, et al. Response of the active carbon pool and enzymatic activity of soils to maize straw returning[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, 37(9): 1942–1951.
- [25] 孙瑞波. 长期不同施肥管理对砂姜黑土微生物群落与功能的影响[D]. 北京: 中国科学院大学, 2015. SUN R B. Effects of long-term different fertilization management on microbial community and function in Shajiang black soil[D]. Beijing: University of Chinese Academy of Sciences, 2015
- [26] XIE W J, ZHANG Y P, LI J Y, et al. Straw application coupled with N and P supply enhanced microbial biomass, enzymatic activity, and carbon use efficiency in saline soil[J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 168: 104128.
- [27] GE G F, LI Z J, FAN F L, et al. Soil biological activity and their seasonal variations in response to long-term application of organic and inorganic fertilizers[J]. *Plant and Soil*, 2010, 326(1): 31–44.
- [28] LI Y L, TREMBLAY J, BAINARD L D, et al. Long-term effects of nitrogen and phosphorus fertilization on soil microbial community structure and function under continuous wheat production[J]. *Environmental Microbiology*, 2020, 22(3): 1066–1088.
- [29] 张鑫, 周卫, 艾超, 等. 秸秆还田下氮肥运筹对夏玉米不同时期土壤酶活性及细菌群落结构的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(2): 295–306. ZHANG X, ZHOU W, AI C, et al. Effects of nitrogen management on soil enzyme activities and bacterial community structure in summer maize growing stages under straw incorporation [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, 26(2): 295–306.
- [30] LIU J J, SUI Y Y, YU Z H, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 113–122.
- [31] FIERER N, LAUBER C L, RAMIREZ K S, et al. Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients[J]. *The ISME Journal*, 2012, 6(5): 1007–1017.
- [32] 王锐, 林先, 陈瑞蕊, 等. 潮土芽孢杆菌数量的季节动态及对土壤肥力的指示作用[C]//中国土壤学会第十二次全国会员代表大会暨第九届海峡两岸土壤肥科学术交流研讨会论文集. 成都: 中国土壤学会, 2012. WANG R, LIN X, CHEN R R, et al. Seasonal trend of *Bacillus* amount in fluvo-aquic soil and its function of indicating soil fertility[C]//Proceedings of the 12th national member congress of Soil Science Society of China and the 9th cross-strait soil and fertilizer academic exchange seminar[C]. Chengdu: Soil Science Society of China, 2012.
- [33] WARD N L, CHALLACOMBE J F, JANSSEN P H, et al. Three genomes from the phylum Acidobacteria provide insight into the lifestyles of these microorganisms in soils[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(7): 2046–2056.
- [34] 路怡青. 保护性耕作对潮土酶活性、微生物群落及肥力的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2013. LU Y Q. Effects of conservation tillage on fluvo-aquic soil enzyme activity and soil microbial community and soil fertility[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2013.