

许伟佳, 陈林, 李敬王, 等. 秸秆还田配施不同激发剂对潮土有机碳和微生物群落的影响[J]. 江苏农业学报, 2023, 39(2): 383-392.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2023.02.011

秸秆还田配施不同激发剂对潮土有机碳和微生物群落的影响

许伟佳^{1,2}, 陈林^{2,3}, 李敬王^{2,3}, 赵金花^{2,3}, 李含放^{2,4}, 宁琪², 段衍⁵, 王敬¹

(1.南京林业大学林学院, 江苏 南京 210037; 2.土壤与农业可持续发展国家重点实验室<中国科学院南京土壤研究所>, 江苏 南京 210008; 3.中国科学院大学, 北京 100049; 4.河南农业大学资源与环境学院, 河南 郑州 450002; 5.中国科学院合肥物质科学研究院离子束生物工程与绿色农业研究中心, 安徽 合肥 230031)

摘要: 选用黄淮海平原典型潮土, 设置只添加秸秆(CK)、秸秆还田配施纸浆(P)、秸秆还田配施樟木屑(CW)、秸秆还田配施鸡粪(CM)、秸秆还田配施木本泥炭(MT)5个试验处理, 将土柱原位放于田间。180 d后, 测定土壤有机碳及其组分含量、土壤养分含量、碳氮磷相关酶活性、微生物生物量碳含量, 利用16S rRNA基因高通量测序分析细菌群落结构, 研究秸秆还田配施不同激发剂对潮土有机碳含量提升的主控途径以及细菌群落的影响。结果显示, 与CK相比, 添加激发剂处理显著提高了土壤有机碳含量, 其中MT处理对颗粒态有机碳(POC)含量提升效果最为显著, CM处理对矿物结合态有机碳(MOC)含量提升效果最显著。与CK相比, MT处理土壤碳氮比提高最为显著(15.6%); CW处理在所有处理中单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性比值($EEA/MBC_{C/N}$)、单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与碱性磷酸酶活性的比值($EEA/MBC_{C/P}$)均最高($P < 0.05$)。基于微生物群落特性分析发现, 与CK相比, CM处理土壤中绿弯菌门(*Chloroflexi*)和芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)的相对丰度都有所增加。基于土壤养分、土壤酶活性和微生物群落分析发现, 秸秆降解后期, 细菌对提升有机碳含量的作用有限。表明秸秆配施不同激发剂还田条件下, 土壤有机碳含量提升主控途径有差异, 因此合理选择激发剂进行搭配施用, 更有助于提高土壤有机碳含量。

关键词: 秸秆还田; 激发剂; 有机碳; 微生物群落

中图分类号: S181 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2023)02-0383-10

Effects of straw returning combined with different activators on organic carbon and microbial community in fluvo-aquic soil

XU Wei-jia^{1,2}, CHEN Lin^{2,3}, LI Jing-wang^{2,3}, ZHAO Jin-hua^{2,3}, LI Han-fang^{2,4}, NING Qi², DUAN Yan⁵, WANG Jing¹

(1. College of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China; 2. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agricultural Development, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 4. College of Resources and Environment, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China; 5. Research Center for Ion Beam Bioengineering and

Green Agriculture, Hefei Institutes of Physical Science, Chinese Academy of Sciences, Hefei 230031, China)

收稿日期: 2022-04-20

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(42177332、41807093); 中国

科学院战略性先导科技专项子课题(XDA24020104、XDA28020203); 国家小麦产业技术体系项目(CARS-03)

作者简介: 许伟佳(1997-), 男, 江苏镇江人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物的研究。(E-mail) xuweijiagogo@163.com

通讯作者: 陈林, (E-mail) lchen@issas.ac.cn; 王敬, (E-mail) jwangcexx@126.com

Abstract: In this study, typical fluvo-aqua soil of Huang-Huai-Hai plain was selected and the soil columns were placed in the fields *in situ* through setting five experimental treatments, such as only adding straw (CK), straw returning combined with application of paper pulp (P),

straw returning combined with application of camphor wood chips (CW), straw returning combined with application of chicken manure (CM) and straw returning combined with application of woody peat (MT). After 180 days, contents of soil organic carbon and its components, contents of soil nutrients, activities of carbon, nitrogen and phosphorus-related enzymes, and contents of microbial biomass carbon were measured. Bacterial community structure was analyzed by 16S rRNA gene high-throughput sequencing, and the main control pathways of straw returning combined with application of different activators on enhancement of organic carbon content in fluvo-aqua soil and the effects on bacterial communities were studied. The results showed that, compared with CK, the treatment of adding activator increased soil organic carbon content significantly, among them, the MT treatment had the most significant increasing effect on particulate organic carbon (POC) content, the CM treatment had the most significant increasing effect on mineral-associated organic carbon (MOC) content. Compared with CK, the MT treatment had the most significantly increasing effect on soil carbon-nitrogen ratio (C/N) (15.6%). Among all the treatments, the CW treatment was the highest in consume ratio of β -1, 4-glucosidase activity to β -1, 4-acetylglucosaminidase activity per unit microbial biomass ($EEA/MBC_{C/N}$) and consume ratio of β -1, 4-glucosidase activity to alkaline phosphatase activity per unit microbial biomass ($EEA/MBC_{C/P}$) ($P < 0.05$). Based on analysis of microbial community characteristics, it was found that the relative abundance of Chloroflexi and Gemmatimonadota in soils of CM treatment increased compared with CK. Analysis based on soil nutrients, soil enzyme activities and microbial community revealed that, bacteria played a limited role in enhancing organic carbon content at the later stage of straw degradation. The results indicated that, main control pathways for soil organic carbon content improvement were different under the condition of straw returning combined with different activators, so it is more conducive for soil organic carbon content improvement through reasonable selection and matching application of activators.

Key words: straw returning; activator; organic carbon; microbial community

土壤有机碳(SOC)是土壤肥力的核心,而粮食产量与土壤肥力有直接的关系,黄淮海平原是我国重要的粮食生产地,据统计其粮食播种面积占全国总播种面积的33%,粮食产量占全国总量的35%,故提升黄淮海平原区典型潮土有机碳含量对中国粮食产量及粮食安全至关重要^[1]。据前人调查,黄淮海平原区的土壤类型主要是潮土,由于该地特殊自然条件加大了土壤矿化强度,使得土壤结构差、砂粒含量高,加上近些年化肥过量投入、高强度种植等因素,导致该地土壤有机碳含量低且难以积累^[2]。因此,如何高效促进潮土中有机碳的积累是提升潮土生产力的关键所在^[3]。

据统计,黄淮海平原每年秸秆产量多达 2.1×10^8 t,约占全国总量的33.4%。秸秆还田为黄淮海平原潮土中有机碳含量的提升提供了一种可靠的途径^[4]。中国科学院封丘农业生态试验站长期定位试验结果显示:通过平衡施用氮(N)、磷(P)、钾(K)肥料能够一定程度增加有机碳含量,腐熟秸秆能明显增加有机碳含量,值得注意的是,有机碳含量在1989–2014年逐年增加,但到2019年呈现下降,且30年内的有机碳含量始终低于2%,难以进一步提升^[5-8]。因此,尽管每年有高量秸秆输入,潮土耕层土壤有机碳含量依然难以稳定、持续地提升。

目前,传统农艺措施仅将秸秆还田至0~20 cm表层,这会导致秸秆积压于表层,不利于秸秆降解及有机碳的形成,然而土层20 cm以下有机碳具备更大提升空间和潜力^[9-10]。有研究表明,当秸秆还田至0~35.0 cm土层时,表层(0~20.0 cm)和亚表层(20.1~35.0 cm)有机碳含量均显著增加,可形成0~35 cm的肥沃全耕层^[11-12]。另一方面,已有研究表明,通过添加外源无机肥及有机物料调控碳氮比(C/N),能激发微生物的生长活性,促进秸秆降解,改善土壤肥力和提升作物产量^[13]。例如, Bingeman等^[14]提出秸秆配施外源氮肥处理在一定程度上能促进秸秆腐解,杨滨娟等^[15]发现添加外源物料调节土壤碳氮比能提高土壤微生物生物量水平,马超等^[16]认为秸秆促腐有助于改善土壤养分状况,胡玮等^[17]指出秸秆、粪肥和化肥配施能显著提升作物产量。

本研究于黄淮海平原潮土区设置土柱原位培养试验,探究玉米秸秆配施不同激发剂还田对土壤有机碳及组分、土壤酶活性和土壤细菌群落的影响,以期明确秸秆配施不同类型激发剂对潮土有机碳积累的效果,揭示潮土有机碳提升主控途径及玉米秸秆养分高效利用的微生物机制,为黄淮海平原潮土有机碳含量提升与全耕层培肥提供科学依据与理论支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本研究选择黄淮海平原区典型潮土进行相关研究,试验地点位于中国科学院封丘农业生态系统国家试验站(35°1'N,114°32'E)。该地区属于温暖季风气候,常年半干旱半湿润,年平均气温为 13.8℃,年平均降水 615 mm。初试土壤的基本肥力指标为:pH 为 8.12(土壤:水=1.0:2.5,质量比),有机碳含量为 13.34 g/kg,全氮含量为 1.39 g/kg,全磷含量为 9.81 mg/kg,碱解氮含量为 47.80 mg/kg,有效磷含量为 11.10 mg/kg。

1.2 试验设计

培养试验共设 5 种处理:(1)玉米秸秆+化肥(CK);(2)玉米秸秆+化肥+纸浆(P);(3)玉米秸秆+化肥+樟木屑(CW);(4)玉米秸秆+化肥+鸡粪(CM);(5)玉米秸秆+化肥+木本泥炭(MT)。激发剂及原样土的理化性质见表 1。所有处理玉米秸秆

来自当地当季作物,秸秆还田量为 6 000 kg/hm²,秸秆含碳量为 433.9 g/kg。激发剂添加 C/N 为 23^[18](以施入足量的氮和相同的秸秆为先,再计算需要激发剂补充的碳),均为市场易购产品,其中一种是以鸡粪为主的商品有机肥。施氮总量为 210 kg/hm²(0.093 0 g/kg),施磷(P₂O₅)总量为 157.5 kg/hm²(0.058 5 g/kg)。各处理物料添加详情见表 2。

表 1 激发剂及原样土理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of activator and original soil

激发剂和原样土	C 含量 (%)	N 含量 (%)	C/N
纸浆	31.00	0.22	139
樟木屑	48.80	0.13	358
商品有机肥(主要为鸡粪)	8.02	0.86	9
木本泥炭	49.70	0.77	63
原样土	1.33	0.13	10

表 2 各处理物料添加详情

Table 2 Details of material addition of different treatments

处理	玉米秸秆添加量(g)	纸浆添加量(g)	樟木屑添加量(g)	鸡粪添加量(g)	木本泥炭添加量(g)
秸秆+化肥(CK)	4.45	0	0	0	0
秸秆+化肥+纸浆(P)	4.45	1.55	0	0	0
秸秆+化肥+樟木屑(CW)	4.45	0	0.98	0	0
秸秆+化肥+鸡粪(CM)	4.45	0	0	5.98	0
秸秆+化肥+木本泥炭(MT)	4.45	0	0	0	0.96

每个处理取过 2 mm 筛的 1 339.25 g 烘干土壤样品,将直径<20 mm 的秸秆加入土壤中混匀,再填入土柱(内径 70 mm,高 400 mm,底部 0~20 mm 为石英砂并用尼龙网进行封底,顶部 0~30 mm 闲置,填土高为 350 mm,整体土壤容重为 1.35 g/cm³)。随后加入既定的营养混合试剂,调节土壤含水率为田间最大持水量的 60%。调节水分后,将土壤保存于收纳箱内并放置在大田里,进行原位自然培养。每隔 1 周称质量,补充土壤丢失的水份,维持土壤含水率不变。若遇降雨降雪以及夜晚,均会将收纳箱的盖子盖上。

1.3 样品采集与分析

在田间自然条件下,培养 180 d 后用小土钻进行不破坏采样。去除土样中秸秆等杂物后过 2 mm

筛混匀,并将其分为 3 份:(1)风干土,测定 pH、基础养分指标及有机碳组分养分指标;(2)4℃冰箱保存,测定微生物生物量碳(MBC)含量、碱性磷酸酶(ALP)活性、 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶(NAG)活性和 β -1,4-葡萄糖苷酶(BG)活性;(3)-80℃冰箱保存,提取土壤 DAN,测定土壤细菌群落组成。

土壤养分指标采用常规农化分析方法测定^[19]。土壤 pH 使用 pH 计测定(土水质量比 1.0:2.5),土壤有机碳含量采用重铬酸钾容量法-外加热法测定,有机碳分级通过加入六偏磷酸钠溶液离心分离,按照半微量凯氏法测定土壤全氮含量,按照 NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定土壤全磷含量。土壤酶活性选用鲜土测定,其中对硝基苯- β -D-吡喃葡萄糖苷(p-nitrophenyl- β -D-glucopyranoside)、对硝基苯乙酰

氨基葡萄糖苷 (*p*-nitrophenyl-*N*-acetyl- β -*D*-glucosaminide) 和对硝基苯磷酸二钠盐 (*p*-nitrophenyl phosphate) 分别为 β -1,4-葡萄糖苷酶、 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶和磷酸酶的底物^[20]。

1.4 DNA 提取及 16S rRNA 测序

取出 0.5 g 保存于 -80 ℃ 冰箱的鲜土样,用提取试剂盒 (MP Biomedicals, Santa Ana, CA, USA) 按照 FastDNA Spin Kit 的步骤,提取土壤样品的 DNA。用 1% 琼脂糖凝胶电泳测定 DNA 完整性,再用 Mini Dorp 测定 DNA 纯度和浓度。将获取的 DNA 置于 -20 ℃ 保存、备用。由诺禾致源生物信息公司负责对提取的 DNA 样品进行 16S rRNA 基因测序。

1.5 数据分析

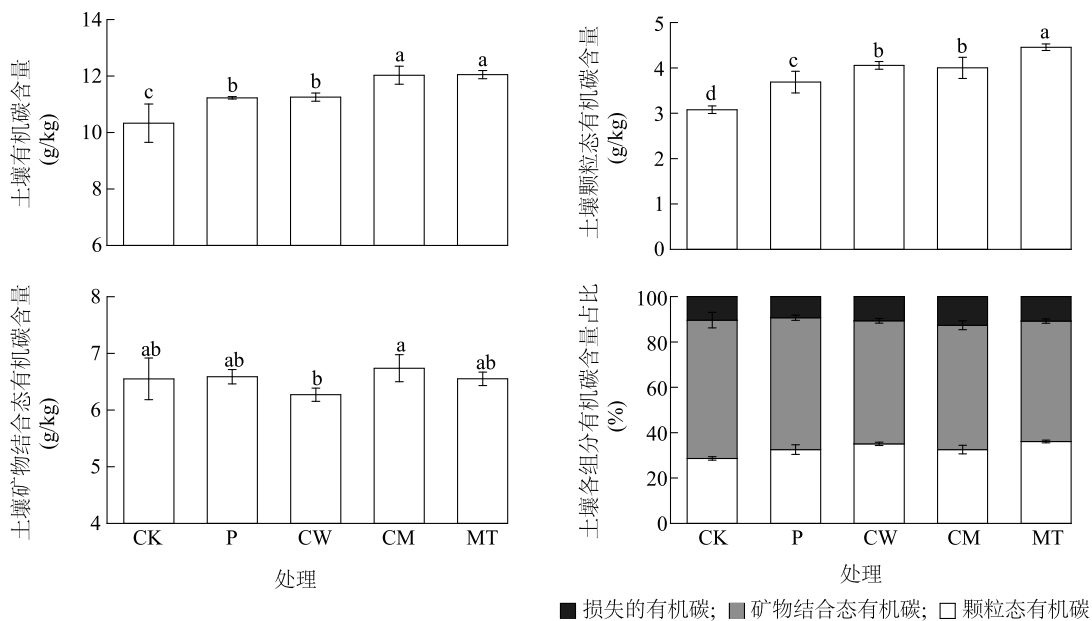
用 Microsoft Excel 2010 处理数据,用 Origin 8.0 分析绘图,用 SPSS 25.0 软件进行单因素方差分析,用最小显著性差异法 (LSD) 多重比较检验各处理间差异的显著性 ($\alpha=0.05$)。在土壤细菌高通量测序

后,基于 α 多样性数据进行 Shannon 分析,基于基因分类单元 (OTU) 聚类进行群落组成分析,基于 β 多样性进行非度量多维标度 (NMDS) 统计分析和作图。

2 结果与分析

2.1 添加激发剂处理下土壤及其组分碳含量

由图 1 可见,与 CK 相比,添加激发剂处理土壤有机碳 (SOC) 含量均显著提高,尤其是鸡粪 (CM) 和木本泥炭 (MT) 处理效果最为明显。鸡粪处理主要提升的是矿物结合态有机碳 (MOC) 含量,与 CK 相比,没有统计学上的差异,但有上升趋势。木本泥炭处理主要提升的是颗粒态有机碳 (POC) 含量,并伴随着矿物结合态有机碳含量提升。从土壤各组分有机碳含量占比来看,颗粒态有机碳含量占比明显低于矿物结合态有机碳含量。综上所述,在培养 180 d 后,激发剂处理效果较好的是鸡粪和木本泥炭处理。



各处理见表 2。不同小写字母表示处理间显著差异 ($P<0.05$)。

图 1 不同处理土壤有机碳及其组分含量和各组分有机碳占比

Fig.1 Soil organic carbon content, each component content of soil organic carbon and proportion of each component of soil organic carbon under different treatments

2.2 添加激发剂处理下土壤和各组分养分含量及其化学计量比

由表 3 可知,添加激发剂后,土壤、土壤颗粒有机质 (POM) 中的氮和磷含量提升明显,尤其是 CM 和 MT 处理。从养分化学计量比来看,添加激发剂处理的土壤 C/N 均显著提高,其中 MT 处理最为显著,提

高了 15.6%;MAOM 中 C/N 没有明显变化,从而导致 POM 中 C/N 与土壤 C/N 变化趋势类似。另外,CM 和 MT 处理土壤中 C/P 较 CK 分别提高 12.2%、10.2%,POM 中 CM 和 MT 处理 C/P 较 CK 分别显著提高 20.6% 和 21.4%,MAOM 中各处理 C/P 均显著高于 CK。综上所述,添加激发剂有效地提高了 C/N,

主要体现在 POM,同时也提升了部分处理各组分的 C/P。

2.3 添加激发剂处理下土壤相关酶活性及其计量关系

由表 4 可知,添加激发剂对土壤酶活性及其化学计量比有不同程度的影响(以下酶活性均为单位微生物生物量的酶活性)。与 CK 相比,P 处理单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性(BG/MBC)、 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性(NAG/MBC)、碱性磷酸酶活性(ALP/MBC)显著降低($P<0.05$)。与 P 和 CM 处理相比,MT 处理 BG/MBC 和

ALP/MBC 显著增加($P<0.05$)。另外,CW 处理在所有处理中单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性比值($EEA/MBC_{C/N}$)、 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与碱性磷酸酶活性比值($EEA/MBC_{C/P}$)最大($P<0.05$)。与 CK 和 P 处理相比,MT 处理单位微生物生物量的 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性与碱性磷酸酶活性比值($EEA/MBC_{N/P}$)显著降低($P<0.05$)。综上所述,添加激发剂能够影响土壤酶活性及其化学剂量比并且与添加激发剂的种类有关。

表 3 不同处理下土壤和各组分养分含量及其化学计量比

Table 3 Nutrient contents and related stoichiometric ratios of soil and soil components under different treatments

处理	土壤					土壤颗粒态有机质(POM)					土壤矿物结合态有机质(MAOM)				
	C 含量 (g/kg)	N 含量 (g/kg)	P 含量 (g/kg)	C/N	C/P	C 含量 (g/kg)	N 含量 (g/kg)	P 含量 (g/kg)	C/N	C/P	C 含量 (g/kg)	N 含量 (g/kg)	P 含量 (g/kg)	C/N	C/P
CK	10.33± 0.68c	1.09± 0.06a	0.26± 0.01a	9.21± 0.15c	39.35± 1.06c	3.08± 0.08d	0.22± 0.01c	0.15± 0.01b	14.08± 0.87a	21.30± 0.93b	6.55± 0.37ab	1.06± 0.05a	0.44± 0.02a	5.93± 0.43c	14.18± 0.25c
P	11.23± 0.04b	1.12± 0.04a	0.27± 0.01a	10.04± 0.32ab	41.83± 0.54bc	3.69± 0.24c	0.29± 0.02b	0.17± 0.01a	12.87± 1.53a	22.50± 1.21b	6.59± 0.13ab	1.01± 0.04a	0.43± 0.01a	6.51± 0.17ab	14.74± 0.33a
CW	11.25± 0.14b	1.10± 0.04a	0.26± 0.01a	10.24± 0.24ab	43.42± 1.55ab	4.06± 0.08b	0.31± 0.01ab	0.18± 0.01a	12.83± 0.57a	22.63± 0.53b	6.27± 0.12b	0.95± 0.03a	0.44± 0.01a	6.75± 0.47b	14.41± 0.12b
CM	12.03± 0.32a	1.16± 0.03a	0.27± 0.01a	10.13± 0.19b	44.15± 1.29a	4.00± 0.23b	0.33± 0.03a	0.17± 0.01a	12.43± 1.71a	25.68± 1.60a	6.74± 0.24a	0.96± 0.04a	0.47± 0.01a	6.31± 0.09bc	14.67± 0.63ab
MT	12.05± 0.14a	1.17± 0.04a	0.20± 0.01a	10.65± 0.43a	43.38± 1.92a	4.45± 0.07a	0.34± 0.01a	0.16± 0.01ab	13.38± 0.07a	25.85± 1.80a	6.55± 0.12ab	1.00± 0.15a	0.46± 0.01a	7.54± 0.56a	14.32± 0.23b

各处理见表 2。C、N、P 分别表示全碳、全氮、全磷。同列数据后标有不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

表 4 不同激发剂处理下土壤酶活性及其化学计量比

Table 4 Soil enzyme activities and related stoichiometric ratios under different activator treatments

处理	BG/MBC [mmol/(g·h)]	NAG/MBC [mmol/(g·h)]	ALP/MBC [mmol/(g·h)]	EEA/MBC _{C/N}	EEA/MBC _{C/P}	EEA/MBC _{N/P}
CK	4.87±0.08a	3.79±0.17a	8.02±0.26a	1.33±0.02b	0.63±0.03b	0.48±0.01a
P	4.23±0.15b	3.21±0.25b	6.34±0.23d	1.36±0.08b	0.58±0.02bc	0.47±0.02a
CW	4.99±0.36a	3.19±0.17b	7.28±0.37bc	1.51±0.02a	0.68±0.01a	0.45±0.01ab
CM	3.98±0.21b	3.32±0.52ab	6.67±0.45cd	1.35±0.01b	0.59±0.01bc	0.45±0.02ab
MT	4.63±0.11a	3.41±0.06ab	7.78±0.44ab	1.35±0.03b	0.57±0.02c	0.43±0.01b

各处理见表 2。BG/MBC、NAG/MBC、ALP/MBC 依次表示单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性、单位微生物生物量的 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性、单位微生物生物量的碱性磷酸酶活性,EEA/MBC_{C/N}、EEA/MBC_{C/P}、EEA/MBC_{N/P} 依次表示单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性的比值、单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与碱性磷酸酶活性的比值、单位微生物生物量 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性与碱性磷酸酶活性的比值。同列数据后标有不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

2.4 添加激发剂处理下土壤细菌群落组成

培养结束后,相对于对照组(CK),添加激发剂处理的土壤细菌 OTU 及其多样性呈不同程度的降低(图 2A、图 2B),且各处理土壤细菌群落组成存在显著差异(图 2C, $P<0.05$)。其中,P 和 CM 处理土壤细菌群落差异较小,CW 处理组内土壤细菌群落

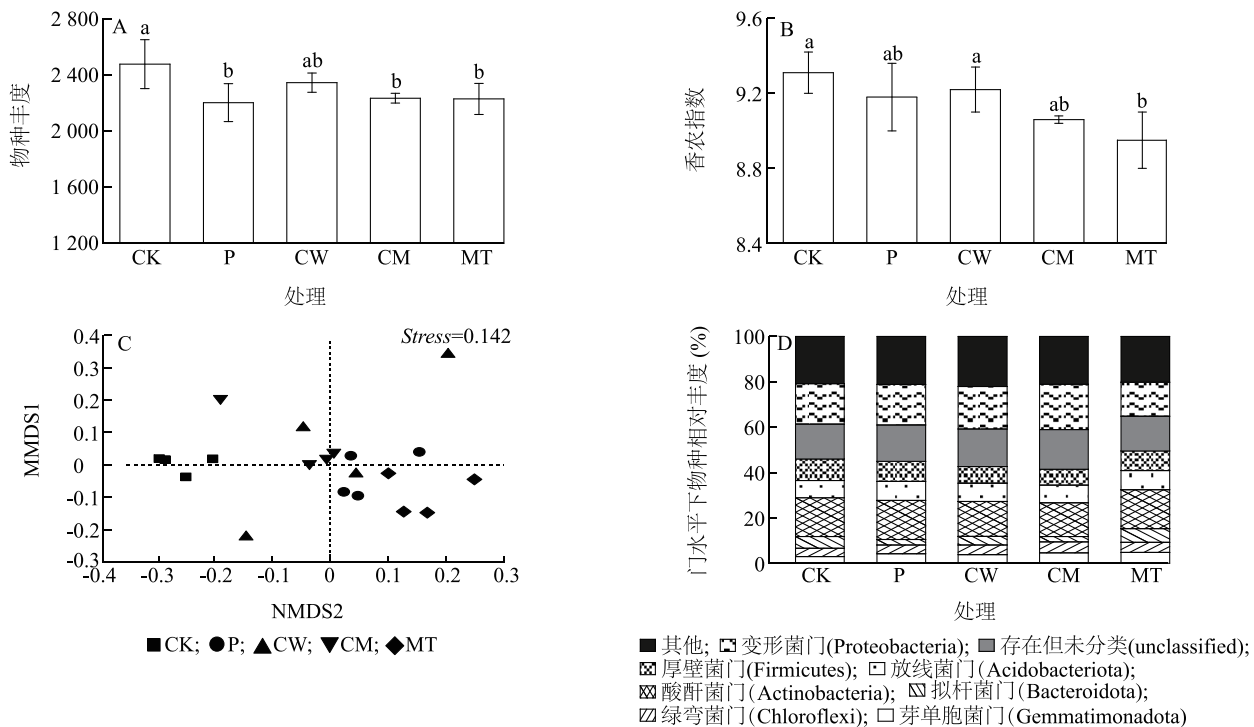
差异较大,MT 处理土壤群落较其他处理存在显著差异且组内差异较小(图 2C, $P<0.05$)。由图 2D 可知,门水平下优势菌门主要为变形菌门(Proteobacteria,19.5%)、存在但未分类(unclassified,17.6%)、厚壁菌门(Firmicutes,9.0%)、放线菌门(Acidobacteriota,8.8%)、酸酐菌门(Actinobacteria,8.3%)、拟杆

菌门 (Bacteroidota, 4.3%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 4.6%) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadota, 4.4%)。培养 180 d 后,与 CK 相比,CM 处理土壤中绿弯菌门 (Chloroflexi)、酸酐菌门 (Actinobacteria) 和芽单胞菌门 (Gemmatimonadota) 的相对丰度都有所增加,厚壁菌门 (Firmicutes) 的相对丰度在所有添加物料处理中均减少,放线菌门 (Acidobacteriota) 的相对丰度除 CM 处理减少外其余添加激发剂的处理均增加,添加物料对拟杆菌门 (Bacteroidota) 的相对丰度产生一定影响。在秸秆配施不同激发剂还田过程中,细菌群落发生了明显改变。

2.5 土壤及各组分碳含量、酶活性及其化学计量比与细菌优势菌门相对丰度的相关性

将所有处理有差异的土壤及各组分碳含量、酶

活性及其化学计量比与科水平上优势菌门相对丰度进行相关性分析 (图 3)。结果显示,颗粒有机碳含量与土壤碳氮比呈极显著负相关关系 ($P < 0.001$),与土壤碳磷比呈显著负相关关系 ($P < 0.05$),与 Steroidobacteraceae 丰度呈极显著负相关关系 ($P < 0.01$);矿物结合态有机碳含量与芽孢杆菌科丰度呈极显著负相关关系 ($P < 0.01$)。芽孢杆菌科丰度与矿物结合态有机碳含量呈极显著负相关关系 ($r = -0.720, P < 0.01$),与单位微生物量上消耗碳氮相关酶活性的比值呈显著正相关关系 ($r = 0.632, P < 0.05$),与单位微生物量上消耗碳磷酶活性的比值呈显著正相关关系 ($r = 0.559, P < 0.05$)。



A: 土壤细菌 OTU 数量; B: 土壤细菌群落香农指数; C: 不同处理土壤细菌群落变化; D: 土壤细菌组成群落。各处理见表 2。不同小写字母表示处理间显著差异 ($P < 0.05$)。

图 2 激发剂处理的土壤细菌群落结构、多样性和组成成分的变化

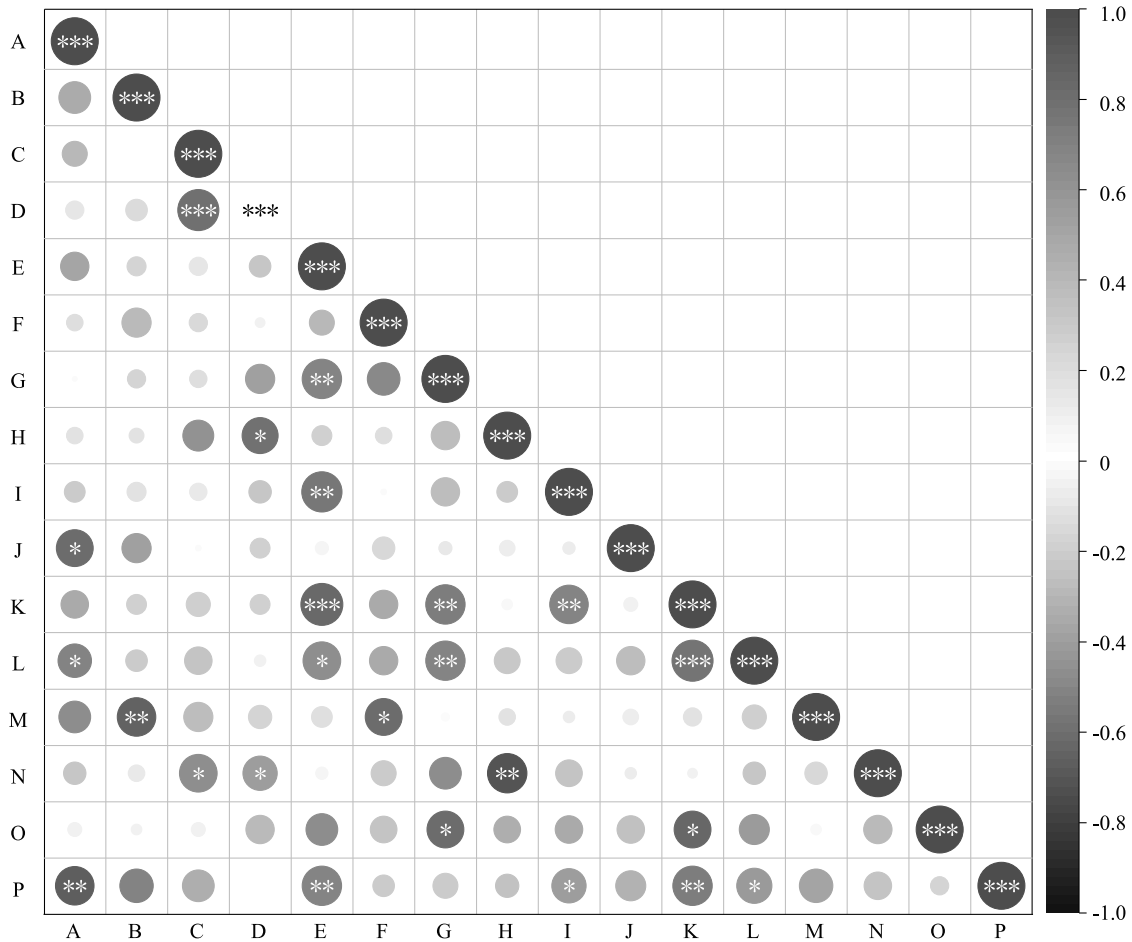
Fig.2 Changes of bacterial community structure, diversity and composition of soils under different activator treatments

3 讨论

3.1 添加不同激发剂对土壤有机碳及其组分碳含量的影响

本研究结果表明,秸秆配施激发剂还田对土壤

及其组分碳含量提升有促进作用,其中鸡粪处理对 MOC 含量提升效果最佳,木本泥炭处理对 POC 含量提升效果最佳。本试验得出的鸡粪对 MOC 含量有较好的提升效果,与前人研究结果一致^[17,21]。原因可能是鸡粪、牛粪这类粪肥的分子量小且易分解,



A: NAG/MBC ; B: ALP/MBC ; C: $EEA/MBC_{C/N}$; D: $EEA/MBC_{C/P}$; E: POC ; F: $POM_{C/N}$; G: $POM_{C/P}$; H: MOC ; I: $MAOM_{C/N}$; J: $MAOM_{C/P}$; K: C/N ; L: C/P ; M: Sph; N: Bac; O: Ent; P: Ste。 NAG/MBC : 单位微生物生物量的 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性; ALP/MBC : 单位微生物生物量的碱性磷酸酶活性; $EEA/MBC_{C/N}$: 单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与 β -1,4-乙酰氨基葡萄糖苷酶活性的比值; $EEA/MBC_{C/P}$: 单位微生物生物量的 β -1,4-葡萄糖苷酶活性与碱性磷酸酶活性的比值; POC : 土壤颗粒有机碳; $POM_{C/N}$: 土壤颗粒有机质中有机碳与全氮比值; $POM_{C/P}$: 土壤颗粒有机质中有机碳与全磷比值; MOC : 土壤矿物结合有机碳; $MAOM_{C/N}$: 土壤矿物结合有机质中有机碳与全氮比值; $MAOM_{C/P}$: 土壤矿物结合有机质中有机碳与全磷比值; C/N : 土壤有机碳与全氮比值; C/P : 土壤有机碳与全磷比值; Sph: 鞘脂单胞菌科; Bac 表示芽孢杆菌科; Ent: Entothionellaceae; Ste: Steroidobacteraceae。*、**、*** 分别表示在 0.050、0.010、0.001 水平显著相关。

图3 各激发剂处理土壤及各组分碳含量、酶活性及其化学计量比与科水平上优势菌门相对丰度之间的关系

Fig.3 Relationships between carbon content, enzyme activity, stoichiometric ratio and the relative abundance of dominant phyla at family level in soils and soil components of different activator treatments

C/N 低, C 活性高, 这类物质能加速秸秆降解, 同时土壤中更多的碳被利用, 这样既增加了土壤有机碳含量又提高了土壤微生物碳库^[22]。木本泥炭对 POC 含量提升效果最佳^[23-24], 这可能是由于木本泥炭是木本植物残体碎片, 富含腐殖酸、有机碳, 而功能多样、结构复杂的腐殖酸施入土壤后可以促进土壤团粒结构的形成^[25], 另外微生物在富养环境下不需要分泌过多的酶去分解木本泥炭, 这使得其只有

部分被分解, 而另有一部分则直接进入土壤中, 促进土壤有机碳含量的提升, 主要是提升 POC 含量。 POM 主要来源于胞外酶分解的植物残体碎片以及土壤颗粒的团聚产物^[26]。此外, 本研究发现, 土壤有机碳含量显著变化的组分主要是 POC 。这可能由于 MOC 在培养一段时间后与矿物结合形成稳定态, 不与微生物和酶直接接触, 因此也比 POM 在土壤中存留的时间更长。

3.2 添加不同激发剂对土壤和各组分养分含量及其化学计量比的影响

土壤养分含量及其化学计量关系是指示土壤有机碳组成和质量的重要因子^[27]。其中, C/N 就是非常重要的因素, 低 C/N 有利于提高土壤微生物活性, 有助于加快土壤有机碳矿化速率, 这会导致有机碳含量下降; 高 C/N 适合土壤有机碳含量积累^[28]。本研究发现, MT 处理土壤 C/N 显著高于其他处理, 较 CK 增加 15.6%。其原因可能是, 木本泥炭属于惰性有机物料, 在等碳量添加有机物料的前提下, 由于木本泥炭氮磷养分相对充足, 土壤及 MAOM 中 C/N 提升相对明显。本研究发现, CM 处理 MAOM 中 C/N 显著低于其他添加激发剂的处理。其原因可能是, 具有低 C/N 、高活性的鸡粪在施入土壤后, 会迅速激发土壤微生物活性, 促进微生物碳的周转^[29-30]。

3.3 添加不同激发剂对土壤酶活性及其化学计量比的影响

土壤酶活性及其化学计量比是研究土壤微生物养分限制方面的重要指标^[31]。本研究结果表明, MT 处理土壤微生物对 C、N、P 相关酶消耗相对于 CK 减少。木本泥炭对酶和底物具有较强的吸附能力, 使得酶活性位点发生变化或阻隔了底物与酶的结合, 故而酶催化反应及土壤酶活性也都降低, 最终材料也无法完全降解而直接进入 POM, 这与 Bailey 等^[32] 研究结果一致。添加木本泥炭先影响土壤碳、氮有效性, 进而影响土壤酶的生态化学计量特征, 这与 Guo 等^[33] 研究结果一致。CM 处理酶活性相较于 MT 处理显著降低, 原因可能是添加鸡粪导致微生物被迅速激活, 进而更快作用于秸秆及土壤养分的分解, 而秸秆中易被分解的碳源能够为微生物活动提供初始能量, 因此微生物在富足的土壤环境中不需要消耗自身产生额外的胞外酶。另外, 酶活性的降低可能受到土壤微生物数量和活性变化的影响^[34]。本研究中, 添加不同激发剂对土壤酶活性及其化学计量比产生重要影响, 且激发剂的种类能影响微生物的代谢功能, 也影响着土壤酶活性及其化学计量比。

3.4 添加不同激发剂对土壤微生物群落特性的影响

土壤微生物参与有机碳分解和腐殖质形成分解过程, 是土壤中物质转换和养分循环中不可或缺的一部分^[35-43]。本研究中, CK 土壤细菌 OTUs 及其多样性呈不同程度的降低, 而且 CK 土壤细菌群落结

构也与添加激发剂处理产生显著差异, 这可能是由于降解时间以及土壤性质改变增加了某些优势种群数量, 同时减少了其余细菌种类和数量, 从而使细菌多样性降低^[44]。研究结果显示, 与 CK 相比, CM 处理绿弯菌门、酸杆菌门和芽单胞菌门相对丰度增加明显。Wegner 等^[45] 的研究结果表明, 绿弯菌门对还田秸秆半纤维素的降解具有重要作用。Navarro-Noya 等^[46] 的研究结果表明, 芽单胞菌门可根据代谢需求调节对 C 和 N 的摄入量^[47], 表明其对不同土壤环境的广泛适应性。王光华等^[48] 的研究结果表明, 酸杆菌门可降解植物残体多聚物, 具有单碳化合物代谢功能, 也具有光合作用能力。以上结果表明, 鸡粪配施秸秆能更有效促进土壤中秸秆降解细菌的生长, 这种微生物群落的变化在一定程度上解释了在所有处理中 CM 处理 MOC 变化最具上升趋势。

对所有处理进行土壤及各组分碳含量、酶活性及其化学计量比和科水平上优势菌门相对丰度的相关性分析发现, 土壤颗粒有机碳含量与土壤碳氮比、碳磷比、Steroidobacteraceae 丰度呈显著正相关关系, 而矿物结合有机碳含量仅与芽孢杆菌科丰度呈显著负相关关系。在秸秆降解后期, 土壤中细菌作用效果显著降低, 各组分有机碳含量也比初期稳定, 土壤团聚化程度提高, 更加利于 POM 含量提升, 这与人研究结果一致^[49-50]。

4 结 论

秸秆配施不同激发剂还田显著提高了土壤有机碳含量, 其中 MT 处理对 POC 含量提升效果最显著, CM 处理对 MOC 含量提升效果最显著。在土壤各组分碳中, POC 含量变化较大, MOC 含量占比较大。木本泥炭作为具有较高碳氮比、腐殖质结构复杂、物理结构稳定等特点的惰性碳源, 主要是通过改变土壤养分、酶活性及其化学计量比, 抑制微生物完全降解本身, 促进非生物方式的转化, 进而提升 POC 含量。与之相反的是, 鸡粪这类粪肥作为具有低碳氮比、富含易分解小分子等特点的活性碳源, 主要是通过激发微生物群落、加速有机物质的降解来提升 MOC 含量。综上所述, 不同激发剂对土壤有机碳含量的提升途径有差异, 因此合理选择激发剂搭配施用, 更有助于土壤有机碳含量的提升, 可为黄淮海平原潮土有机碳含量的提升与全耕层培肥提供科学依据与理论支撑。

参考文献:

- [1] 南雄雄,游东海,田霄鸿,等. 关中平原农田作物秸秆还田对土壤有机碳和作物产量的影响[J]. 华北农学报, 2011, 26(5): 222-229.
- [2] 李 芳,信秀丽,张从志,等. 长期不同施肥处理对华北潮土酶活性的影响[J]. 生态环境学报, 2015, 24(6): 984-991.
- [3] MIN X, BINGZI Z, HAO X, et al. Soil quality in relation to agricultural production in the North China Plain [J]. *Pedosphere*, 2015, 25(4): 592-604.
- [4] 方 放,李 想,石祖梁,等. 黄淮海地区农作物秸秆资源分布及利用结构分析[J]. 农业工程学报, 2015, 31(2): 228-234.
- [5] HUANG P, ZHANG J, ZHU A, et al. Coupled water and nitrogen (N) management as a key strategy for the mitigation of gaseous N losses in the Huang-Huai-Hai Plain [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2015, 51(3): 333-342.
- [6] PING H, ZHANG J, ZHU A, et al. Nitrate accumulation and leaching potential reduced by coupled water and nitrogen management in the Huang-Huai-Hai Plain. [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 610-611: 1020.
- [7] 陈 林,张佳宝,赵炳梓,等. 不同施氮水平下土壤的生化性质对干湿交替的响应[J]. 土壤学报, 2013, 50(4): 675-683.
- [8] 陈 林,张佳宝,赵炳梓,等. 不同水氮耦合管理下耕层土壤的氮动态[J]. 土壤学报, 2013, 50(3): 459-468.
- [9] 丛 萍,李玉义,王 婧,等. 秸秆一次性深埋还田量对亚表层土壤肥力质量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(1): 74-85.
- [10] 韩晓增,邹文秀. 我国东北黑土地保护与肥力提升的成效与建议[J]. 中国科学院院刊, 2018, 33(2): 206-212.
- [11] 邹文秀,韩晓增,陆欣春,等. 施入不同土层的秸秆腐殖化特征及对玉米产量的影响[J]. 应用生态学报, 2017, 28(2): 563-570.
- [12] 邹文秀,韩晓增,陆欣春,等. 玉米秸秆混合还田深度对土壤有机质及养分含量的影响[J]. 土壤与作物, 2018, 7(2): 139-147.
- [13] 魏圆云,崔丽娟,张曼胤,等. 土壤有机碳矿化激发效应的微生物机制研究进展[J]. 生态学杂志, 2019, 38(4): 1202-1211.
- [14] BINGEMAN C W, VARNER J E, MARTIN W P. The effect of the addition of organic materials on the decomposition of an organic soil [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1953, 17(1): 48-52.
- [15] 杨滨娟,黄国勤,钱海燕. 秸秆还田配施化肥对土壤温度、根际微生物及酶活性的影响[J]. 土壤学报, 2014, 51(1): 150-157.
- [16] 马 超,周 静,刘满强,等. 秸秆促腐还田对土壤养分及活性有机碳的影响[J]. 土壤学报, 2013, 50(5): 915-921.
- [17] 胡 玮,李桂花,任 意,等. 不同碳氮比有机肥组合对低肥力土壤小麦生物量和部分土壤肥力因素的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2011(2): 22-27.
- [18] KIRKBY C A, KIRKEGAARD J A, RICHARDSON A E, et al. Stable soil organic matter: a comparison of C : N : P : S ratios in Australian and other world soils [J]. *Geoderma*, 2011, 163(3/4): 197-208.
- [19] 宁 琪,陈 林,李 芳,等. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J]. 土壤学报, 2022, 59(1): 206-217.
- [20] CHEN L, REDMILE-GORDON M, LI J, et al. Linking cropland ecosystem services to microbiome taxonomic composition and functional composition in a sandy loam soil with 28-year organic and inorganic fertilizer regimes [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 139: 1-9.
- [21] 梁 尧,韩晓增,宋 春,等. 不同有机物料还田对东北黑土活性有机碳的影响[J]. 中国农业科学, 2011, 44(17): 3565-3574.
- [22] 李燕青,温延臣,林治安,等. 不同有机肥与化肥配施对氮素利用率和土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(10): 1669-1678.
- [23] 赵文慧,马 垒,徐基胜,等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响[J]. 土壤学报, 2020, 57(1): 153-164.
- [24] 陈美淇,马 垒,赵炳梓,等. 木本泥炭对红黄壤性水田土壤有机质提升和细菌群落组成的影响[J]. 土壤, 2020, 52(2): 279-286.
- [25] 李慧敏,田胜营,李丹丹,等. 有机物料施用对潮土活性有机碳及微生物群落组成的影响[J]. 土壤学报, 2021, 58(3): 777-787.
- [26] LAVALLEE J M, SOONG J L, COTRUFO M F. Conceptualizing soil organic matter into particulate and mineral - associated forms to address global change in the 21st century [J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(1): 261-273.
- [27] FAN H B, LIU J P, YUAN W F, et al. Linkages of plant and soil C : N : P stoichiometry and their relationships to forest growth in subtropical plantations [J]. *Plant and Soil*, 2015, 392(1/2): 127-138.
- [28] 安婉丽,谢海云,王维奇,等. 秸秆还田对稻田土壤水稳性团聚体养分及其生态化学计量比的影响[J]. 生态学杂志, 2017, 36(1): 150-156.
- [29] 唐 璐. 不同堆肥条件对堆肥过程中碳素损失及腐殖质形成的影响研究[D]. 杭州:杭州师范大学, 2016.
- [30] 张雪辰. 禽畜粪便堆肥化过程碳氮转化规律及其受调控措施的影响[D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2014.
- [31] 谈嫣蓉,杜国祯,陈懂懂,等. 放牧对青藏高原东缘高寒草甸土壤酶活性及土壤养分的影响[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2012, 48(1): 86-91.
- [32] BAILEY V L, FANSLER S J, SMITH J L, et al. Reconciling apparent variability in effects of biochar amendment on soil enzyme activities by assay optimization [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43(2): 296-301.
- [33] GUO K, ZHAO Y, LIU Y, et al. Pyrolysis temperature of biochar affects ecoenzymatic stoichiometry and microbial nutrient-use efficiency in a bamboo forest soil [J]. *Geoderma*, 2020, 363(C):

- 114162.
- [34] PAOLO N, CARMEN T C, DICK R P. Soil enzyme activity: a brief history and biochemistry as a basis for appropriate interpretations and meta-analysis[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, 54(1): 11-19.
- [35] 刘亚军,蔡润发,李赟璟,等. 湿地土壤微生物碳源代谢活性对不同水分条件的动态响应——以鄱阳湖为例[J]. *土壤*, 2018, 50(4): 705-711.
- [36] 黄雄俊,刘君成,温鑫鸿,等. 福建天宝岩不同长苞铁杉林土壤微生物生物量碳含量的比较及其与土壤含水量的关系[J]. *植物资源与环境学报*, 2022, 31(5): 1-8.
- [37] 杨 铭. 秸秆还田与耕作方式对土壤微生物碳源代谢功能多样性的影响[J]. *江苏农业科学*, 2022, 50(6): 175-180.
- [38] 赵春梅,王文斌,张永发,等. 不同母质橡胶林土壤真菌群落结构特征及其与土壤环境因子的相关性[J]. *南方农业学报*, 2021, 52(7): 1869-1876.
- [39] 张伟彬. 秸秆还田配施生物菌肥对土壤微生物群落的影响[J]. *江苏农业科学*, 2022, 50(1): 201-206.
- [40] 王娟娟,胡珈玮,狄 霖,等. 秸秆还田与氮肥运筹对水稻不同生育期土壤细菌群落结构的影响[J]. *江苏农业学报*, 2021, 37(6): 1460-1470.
- [41] 丁姣龙,孟祥杰,王 忍,等. 长期应用稻鳖共生系统对土壤细菌群落结构及其多样性的影响[J]. *南方农业学报*, 2021, 52(7): 1860-1868.
- [42] 陈嘉慧,钱 叶,侯怡铃,等. 不同年龄段银杏树根系土壤微生物群落功能多样性分析[J]. *生物加工过程*, 2021, 19(1): 85-90.
- [43] 肖 健,孙 妍,陈思宇,等. 南方果园蚁巢土壤微生物群落结构特征分析[J]. *南方农业学报*, 2021, 52(6): 1604-1614.
- [44] 陈美淇,马 垒,赵炳梓,等. 木本泥炭对红黄壤性水田土壤有机质提升和细菌群落组成的影响[J]. *土壤*, 2020, 52(2): 279-286.
- [45] WEGNER C E, LIESACK W. Microbial community dynamics during the early stages of plant polymer breakdown in paddy soil[J]. *Environmental Microbiology*, 2015, 18(9): 2825-2842.
- [46] NAVARRO-NOYA Y E, GÓMEZ-ACATA S, MONTOYA-CIRIACO N, et al. Relative impacts of tillage, residue management and crop-rotation on soil bacterial communities in a semi-arid agroecosystem[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 65: 86-95.
- [47] CEDERLUND H, WESSÉN E, ENWALL K, et al. Soil carbon quality and nitrogen fertilization structure bacterial communities with predictable responses of major bacterial phyla[J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, 84: 62-68.
- [48] 王光华,刘俊杰,于镇华,等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2): 14-20.
- [49] ANIKA L, MATTHIAS C R. Understanding mechanisms of soil biota involvement in soil aggregation: a way forward with saprobic fungi? [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 88: 298-302.
- [50] 张丽丽. 整合宏组学方法揭示天然木质纤维素堆肥中的关键功能微生物群落[D]. 济南:山东大学, 2016.

(责任编辑:张震林)