

汪 龙,王思楚,盛 婧,等. 稻田周丛生物对小麦秸秆腐解和养分释放的影响[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(4): 736-744.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.04.010

稻田周丛生物对小麦秸秆腐解和养分释放的影响

汪 龙^{1,2}, 王思楚^{2,3}, 盛 婧^{2,3}, 杜道林¹

(1.江苏大学环境与安全工程学院,江苏 镇江 212013; 2.江苏省农业科学院农业资源与环境研究所,江苏 南京 210014;
3.江苏省农业生物多样性培育与利用研究中心,江苏 南京 210014)

摘要: 秸秆还田是培肥土壤地力的重要措施,但还田秸秆腐解周期长、碳损失率高。为明确周丛生物对长江中下游稻麦轮作系统中小麦秸秆腐解过程的影响,本研究通过设置秸秆还田处理(S)、周丛生物处理(PB)和秸秆还田+周丛生物处理(SPB),分析周丛生物对小麦秸秆腐解速率、养分释放速率和土壤碳、氮含量的影响。结果表明,SPB处理小麦秸秆快速腐解期比S处理延长5 d;腐解处理后40 d,SPB处理小麦秸秆累积腐解率比S处理提升7.84%,但处理后130 d,小麦秸秆腐解率无明显差异。秸秆腐解0~60 d,SPB处理小麦秸秆累积碳释放率总体高于S处理,腐解40 d,SPB处理秸秆碳累积释放率较S处理提高4.61个百分点;秸秆腐解30~60 d,SPB处理秸秆氮累积释放率低于S处理,腐解40 d,SPB处理秸秆氮累积释放率较S处理下降2.15个百分点。秸秆腐解130 d时,SPB处理土壤总有机碳含量比S处理增加9.54%。腐解20 d时,SPB处理土壤枯草芽孢杆菌相对丰度及纤维素酶活性显著高于S处理。本研究结果表明,周丛生物能促进秸秆快速腐解,加快腐解初期碳释放、减缓中期氮释放,并促进秸秆养分的固定和利用。

关键词: 周丛生物; 秸秆还田; 秸秆腐解; 土壤微生物

中图分类号: X71; S141.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)04-0736-09

Effects of periphyton on wheat straw decomposition and nutrient release in rice paddies

WANG Long^{1,2}, WANG Sichu^{2,3}, SHENG Jing^{2,3}, DU Daolin¹

(1.School of Environment and Safety Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang 212013, China; 2.Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agriculture Sciences, Nanjing 210014, China; 3.Jiangsu Agricultural Biodiversity Cultivation and Utilization Research Center, Nanjing 210014, China)

Abstract: Straw returning is an important measure to improve soil fertility, but the returned straw has long decomposition cycle and high carbon loss rate. To clarify the effect of periphyton on the decomposition process of wheat straw in rice-

wheat rotation system in the middle and lower reaches of the Yangtze River, this study analyzed the effects of periphyton on wheat straw decomposition rate, nutrient release rate and soil carbon content and nitrogen content by setting straw returning treatment (S), periphyton treatment (PB) and straw returning + periphyton treatment (SPB). The results showed that the rapid decomposition period of wheat straw treated with SPB was five days longer than that of S treatment. After 40 days of treatment, the cumulative decomposition rate of wheat straw treated with

收稿日期:2025-05-09

基金项目:江苏省自然科学基金项目(BK20230748);国家自然科学基金项目(42307399);江苏省农业科技自主创新基金项目[CX(23)3105]

作者简介:汪 龙(2000-),男,安徽黄山人,硕士研究生,主要研究方向为农田土壤固碳减排。(E-mail)2222209061@stmail.ujs.edu.cn

通讯作者:王思楚,(E-mail)sichuwang@jaas.ac.cn;盛 婧,(E-mail)nkysj@hotmail.com

SPB was 7.84% higher than that of S treatment, but there was no significant difference in the decomposition rate of wheat straw after 130 days of treatment. The cumulative carbon release rate of wheat straw (0–60 d) in SPB treatment was higher than that in S treatment. After 40 days of decomposition, the cumulative carbon release rate of wheat straw in SPB treatment was 4.61 percentage points higher than that in S treatment. The cumulative release rate of straw nitrogen (30–60 d) in SPB treatment was lower than that in S treatment. After 40 days of decomposition, the cumulative release rate of straw nitrogen in SPB treatment decreased by 2.15 percentage points compared with S treatment. After 130 days of straw decomposition, the soil total organic carbon content of SPB treatment was 9.54% higher than that of S treatment. After 20 days of straw decomposition, the relative abundance of *Bacillus subtilis* and cellulase activity in SPB treatment were significantly higher than those in S treatment. The results of this study showed that periphyton could promote the rapid decomposition of straw, accelerate the release of carbon in the early stage of decomposition, slow down the release of nitrogen in the middle stage, and increase the fixation and utilization of straw nutrients.

Key words: periphyton; straw returning; straw decomposition; soil microorganisms

中国是世界上农作物秸秆产量最高的国家。近年来,中国每年产生 $7 \times 10^8 \sim 9 \times 10^8$ t 作物秸秆^[1]。秸秆还田作为一项重要的秸秆资源化利用措施,对推动农业绿色发展和生态环境保护具有关键作用^[2]。一方面,还田秸秆中的氮、磷、钾等养分可供后茬农作物吸收利用;另一方面,秸秆中的碳进入土壤碳循环,有助于增加土壤有机碳储量^[3]。然而,作物秸秆中通常含有大量纤维素、木质素等大分子物质,这些物质在土壤中降解缓慢,这可能对后茬作物生长产生不利影响,进而制约农业生产^[4-5]。因此,加快秸秆腐解是优化秸秆还田技术的关键。

秸秆腐解过程受秸秆的化学组成、土壤性质和环境等多种因素的制约^[6-8]。一般来说,秸秆还田后的腐解过程主要包括快速腐解和缓慢腐解两个阶段:秸秆还田后前1~3个月为快速腐解阶段,以秸秆中可溶性有机化合物、小分子糖类和氨基酸等物质分解为主;缓慢腐解阶段可持续2~3年甚至更长时间,主要包括木质素、单宁和蜡质等难降解组分的缓慢分解^[9]。王兆荣等^[10]研究发现,秸秆在还田初期腐解速率较快,90 d 累积腐解率达50%,之后腐解速率逐渐下降;Li 等^[11]研究发现,稻麦轮作系统下的小麦秸秆在还田后0~30 d 快速腐解,之后腐解速率下降,还田90 d 时累积腐解率为48.9%~61.3%。

周丛生物是由微藻、真菌和细菌等组成的微生物聚集体^[12],广泛存在于稻田土水界面。周丛生物在水稻泡田期开始生长,至搁田后逐渐消亡,其生命周期与小麦秸秆快速腐解阶段高度重叠。周丛生物中的微生物在生长过程中能够吸收碳、氮、磷等元素并转化为自身生物量。Liu 等^[13]研究发现,每1 hm²

稻田中周丛生物的生物量可达数百千克,其死亡后释放的养分将参与稻田养分循环,并影响土壤有机碳组成。Bichoff 等^[14]研究发现,周丛生物分泌的胞外聚合物中含多种胞外酶,可能直接或间接参与秸秆腐解过程。周丛生物残体富含蛋白质,具有较强的生物活性,易被土壤微生物降解利用,进而影响土壤微生物群落结构与碳组分动态^[15]。因此,充分认识周丛生物对秸秆腐解速率的影响,阐明其在秸秆碳、氮释放和转化中的作用,对于优化秸秆还田技术具有重要意义。

基于此,本研究拟以长江中下游地区典型的稻麦轮作种植模式为基础,设置小麦秸秆还田、小麦秸秆还田+周丛生物、周丛生物等处理,分析周丛生物对小麦秸秆腐解速率、碳与氮释放过程、土壤碳含量与氮含量及土壤微生物群落结构的影响,以期对稻麦轮作区秸秆还田后周丛生物利用和管理提供参考。

1 材料与方 法

1.1 土壤与秸秆样品准备

试验用土取自江苏省常州市新北区一处典型的稻麦轮作田耕作层。土质类型为沙壤土,土壤pH值6.7,有机质含量22.74 g/kg,全氮(TN)含量1.09 g/kg,铵态氮(NH₄⁺-N)含量0.07 g/kg,硝态氮(NO₃⁻-N)含量0.02 g/kg,全磷含量0.67 g/kg,有效磷含量5.11 mg/kg,速效钾含量122.90 mg/kg。将取得的土壤风干后研磨,过2 mm 筛后备用。

试验用秸秆取自同一田块。于小麦收获季采集约50 kg 秸秆,于65 ℃ 烘干24 h,然后将秸秆剪成3~5 cm 小段。秸秆总碳含量333.50 g/kg,全氮含量为4.74 g/kg,全磷含量为1.47 g/kg,全钾含量为

17.37 g/kg,碳氮比为 70.36。依据试验地小麦秸秆实际生产量(约7 200 kg/hm²)全部还田的标准确定秸秆投入量。

1.2 周丛生物准备

于江苏省农业科学院本部试验水稻田采集灌溉渠的水 5 L 置于烧杯中,加入 5 L Woods hole culture medium(WC 培养液)进行周丛生物的富集培养。WC 培养液的养分含量为 NaNO₃ 1.00 mol/L、CaCl₂ 0.25 mol/L、MgSO₄ 0.15 mol/L、NaHCO₃ 0.15 mol/L、Na₂SiO₃ 0.10 mol/L、K₂HPO₄ 0.05 mol/L、H₃BO₃ 0.39 mol/L、Na₂EDTA 11.70 nmol/L、FeCl₃ 11.70 nmol/L、CuSO₄ 10.00 nmol/L、ZnSO₄ 76.50 nmol/L、CoCl₂ 42.00 nmol/L、MnCl₂ 910.00 nmol/L、Na₂MoO₄ 26.00 nmol/L、Na₃VO₄ 98.00 nmol/L、维生素 B₁₂ 0.10 nmol/L、维生素 B₁ 1.00 nmol/L 和维生素 B₇ 0.10 nmol/L。然后将烧杯置于恒温培养箱中,光照度 10 000 lx、温度 25 ℃、光周期 12 h/d 培养 20 d,将附着在烧杯内壁上墨绿色黏稠质地的生物膜(即周丛生物)用刮刀刮下,搅碎后形成悬液,用于接种。

1.3 试验设计、样品采集与测定

采用微宇宙培养试验模拟秸秆还田。试验设置 3 个处理:秸秆还田处理(S)、周丛生物处理(PB)、秸秆还田+周丛生物处理(SPB)。将过筛的风干土分别装入直径 10 cm、高 20 cm 的有机玻璃圆桶中,土层深度 15 cm。每个桶中施入 200 mg 尿素(约合 120 kg/hm² N)以模拟稻田基肥用量。对于 S 处理、SPB 处理,将 5.6 g 烘干的小麦秸秆装入 10 cm×10 cm 尼龙网袋中,竖直埋入土中。各处理圆桶外围均用锡箔纸包裹到土层高度以模拟土壤无光环境。各处理加入去离子水,使土层完全淹没且土层上留有 3 cm 深的水层,在黑暗条件下预培养 3 d,以恢复土壤微生物的活性。然后,在 PB 处理和 SPB 处理的桶中分别加入 5 mL 周丛生物悬液于土壤表面,置于温度 25 ℃、光照度 2 000 lx、光周期 12 h/d 的培养箱中培养 40 d 使周丛生物正常生长;而 S 处理桶中加入 5 mL WC 培养液,置于温度 25 ℃ 的遮光环境下培养 40 d 以抑制周丛生物的生长。为模拟稻田周丛生物生长死亡规律,40~130 d 全部处理统一进行暗培养,其间淹水深度维持在 3~5 cm,培养温度设置为 15 ℃,周丛生物逐渐死亡。各处理设置 21 个平行,分别于培养 10 d、20 d、30 d、40 d、60 d、90 d

和 130 d 时进行破坏性采样,测定桶中土壤总有有机碳(SOC)含量、TN 含量及 S 处理和 SPB 处理中剩余秸秆重量及其碳含量和氮含量,以探究秸秆腐解和碳、氮释放情况。为了分析土壤中活性碳、氮组分的变化,分别选取培养 20 d、30 d、40 d 及 60 d 时的土壤测定可溶性有机碳(DOC)含量、NH₄⁺-N 含量和 NO₃⁻-N 含量,并于培养 130 d 时测定土壤微生物量碳(MBC)含量。此外,于秸秆快速腐解期(培养 20 d 时)和缓慢腐解期(培养 60 d 时),分别测定土壤微生物群落结构和 S 处理、SPB 处理的土壤纤维素酶活性。

1.4 指标测定及计算方法

1.4.1 秸秆腐解率 将秸秆上黏附的土壤冲洗干净,于 65 ℃ 烘干至恒重并记录烘干重(W_t),秸秆累积腐解率(SDR)按下式计算:

$$SDR = \frac{W_0 - W_t}{W_0} \times 100\% \quad (1)$$

式中:W₀为秸秆初始干重(g);W_t为培养时间为 t(d)时的剩余秸秆干重(g)。

1.4.2 秸秆碳、氮释放率及碳氮比 采用 vario MACRO cube 元素分析仪(德国 Elementar 公司产品)测定秸秆样品中的总碳(TC)含量和全氮(TN)含量。秸秆碳累积释放率(SCR)、氮累积释放率(STNR)及剩余秸秆碳氮比(C/N)按下列公式计算:

$$SCR = \frac{W_0 C_0 - W_t C_t}{W_0 C_0} \times 100\% \quad (2)$$

$$STNR = \frac{W_0 N_0 - W_t N_t}{W_0 N_0} \times 100\% \quad (3)$$

$$C/N = \frac{C_t}{N_t} \quad (4)$$

式中:W₀为秸秆初始干重(g);C₀、N₀分别为秸秆初始碳含量和初始氮含量(mg/g);W_t为培养时间为 t(d)时的剩余秸秆干重(g);C_t、N_t分别为培养时间为 t(d)时的剩余秸秆碳含量和氮含量(mg/g)。

1.4.3 土壤化学指标测定方法 分别采用重铬酸钾-硫酸氧化法和凯氏定氮法^[16]测定土壤 SOC 含量和 TN 含量。利用总有有机碳(SOC)分析仪测定土壤 DOC 含量。利用三氯甲烷熏蒸法测定土壤 MBC 含量。采用连续流动分析仪(荷兰 Skalar Analytical 公司产品)测定土壤 NH₄⁺-N 含量和 NO₃⁻-N 含量。利用 BC0155 土壤纤维素酶活性检测试剂盒(北京索莱宝科技有限公司产品),测定土壤纤维素酶活性,具

体参照试剂盒说明书。

1.4.4 土壤细菌群落组成分析 利用 16S rRNA 基因序列技术分析土壤细菌群落组成。将 S 处理、PB 处理和 SPB 处理培养 20 d 和 60 d 的土壤样品(保存于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱中)取出,利用土壤基因组 DNA 提取试剂盒(美国 Thermo Fisher Scientific 公司产品),参照试剂盒说明书提取土壤总 DNA,以 341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')和 805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')^[17]为引物进行细菌 DNA 的 PCR 扩增,PCR 产物由 AM Pure XT 磁珠(美国 Beckman Coulter Genomics 公司产品)纯化,利用 Qubit 荧光计(美国 Invitrogen 公司产品)进行 DNA 定量,对纯化后的 PCR 产物使用 Agilent 2100 生物分析仪(美国 Agilent Technologies 公司产品)和 Illumina 文库定量试剂盒(美国 Kapa Biosciences 公司产品)进行评估,检测合格的样品在测序平台进行测序。使用 QIIME 2 平台,对测序得到的原始序列进行质量控制,包括去除引物序列、过滤低质量碱基[通常质量值(Q)<20]、去除含模糊碱基(N)的序列,并根据重叠序列进行拼接。采用 DADA2 软件对质控后的序列进行去噪(包括测序错误校正和嵌合体去除),生成扩增序列变体(ASV)。然后对照参考数据库 Silva 138,进一步过滤嵌合体序列。将 ASV 的代表性序列通过分类器(QIIME 2 中的 feature-classifier)进行注释。根据注释结果,统计每个样本中归属于各个门的序列条数,计算门水平上的细菌相对丰度。

使用 Shannon 指数和 Chao1 指数表征土壤细菌的 α 多样性。利用上述预处理后得到的 ASV 丰度表计算 Chao1 指数。为避免测序深度的影响,计算 Shannon 指数前对样本进行抽平,使所有样本的序列数一致。利用均一化的 ASV 丰度表计算 Shannon 指数。进一步分析了不同处理土壤细菌群落中参与秸秆腐解的纤维素链霉菌(*Streptomyces cellulosa*)、枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)和土源芽孢杆菌(Soil-derived *Bacillus*)的相对丰度。

1.5 数据处理与统计分析

利用 Excel 软件和 SPSS 软件进行数据统计与分析;采用 Mann-Kendall 法分析秸秆腐解率的时序变化趋势;运用单因素方差分析(ANOVA)检验不同处理土壤和秸秆降解指标的差异显著性;基于培养 20 d 和 60 d 时的数据,对土壤理化性质指标及秸秆

降解指标与门水平细菌相对丰度进行 Pearson 相关性分析。利用 Origin 软件进行图形绘制。

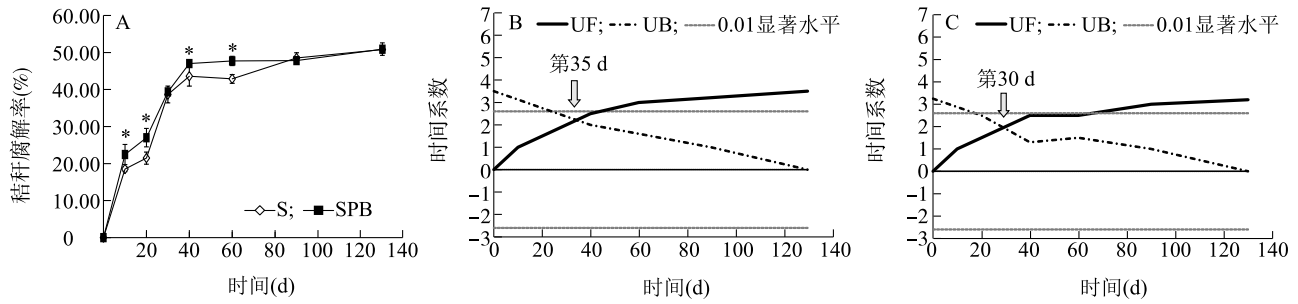
2 结果与分析

2.1 周丛生物对秸秆腐解速率的影响

S 处理和 SPB 处理小麦秸秆累积腐解率变化如图 1 所示。从图中可以看出,在培养 0~40 d,2 个处理小麦秸秆腐解速度均较快,培养 10 d 时,SPB 和 S 处理秸秆腐解率分别达 22.44%和 18.49%;培养 40 d 时,2 个处理秸秆腐解率均超过 40.00%。培养 40 d 后,2 个处理秸秆腐解速度明显减缓,至 130 d 时,2 个处理秸秆腐解率均约为 50.00%。培养 10 d、20 d、40 d 和 60 d 时,SPB 处理秸秆腐解率分别比 S 处理增加 21.36%、25.77%、7.84%、11.23%。培养 90 d 开始,2 个处理秸秆腐解率无显著差异。上述结果说明,周丛生物能促进培养初期秸秆的腐解。Mann-Kendall 突变检验结果表明,S 处理和 SPB 处理的秸秆腐解速率转折点分别出现在培养后 30 d 和 35 d。这说明周丛生物能延长秸秆的快速腐解期。

2.2 周丛生物对秸秆养分释放速率的影响

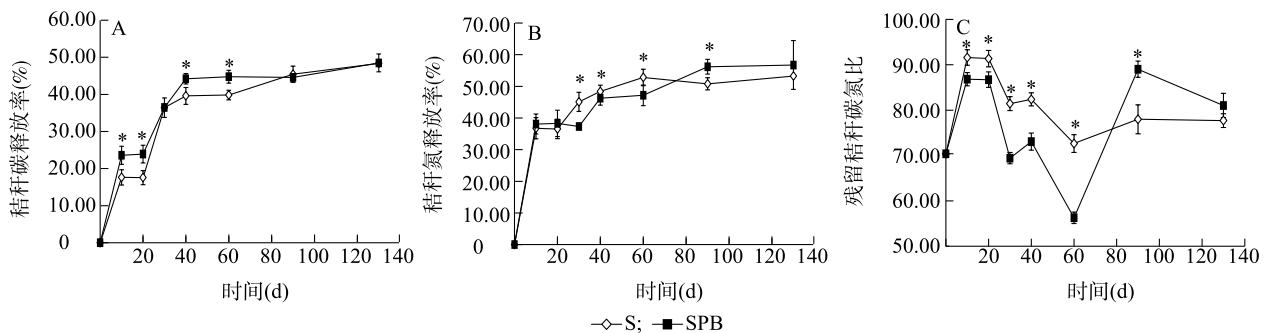
秸秆碳释放规律与秸秆腐解规律基本一致。培养后 0~40 d,秸秆碳释放较快,培养 40 d 时,SPB 处理和 S 处理秸秆碳累积释放率分别达 44.19%和 39.58%;培养后 40~130 d,随着秸秆腐解速率减缓,碳累积释放率增加趋势明显下降,培养 130 d 时,2 个处理碳累积释放率均约为 48.50%。培养 10 d、20 d、40 d、60 d 时,SPB 处理秸秆碳累积释放率分别比 S 处理增加 5.95 个百分点、6.34 个百分点、4.61 个百分点、4.96 个百分点,培养后 90~130 d,2 个处理秸秆碳累积释放率无显著差异。上述结果说明,周丛生物能通过提高秸秆腐解效率,加速秸秆碳的释放。秸秆氮累积释放率变化趋势与碳累积释放率相似,但处理间存在较大差异。培养 10 d 时,S 与 SPB 处理氮累积释放率分别达到 36.76%和 38.10%;而培养 30 d、40 d、60 d 时,S 处理氮累积释放率分别比 SPB 处理增加 7.75 个百分点、2.15 个百分点、5.66 个百分点,说明周丛生物能延缓秸秆氮释放。与碳、氮释放动态相对应,培养后 10~60 d 内,SPB 处理残留秸秆碳氮比(C/N)普遍低于 S 处理。即周丛生物通过促进秸秆碳释放、减缓秸秆氮释放,进而提高培养初期残留秸秆的碳氮比(图 2)。



A: 秸秆腐解率随培养时间的变化; B、C 分别为 SPB 处理和 S 处理秸秆腐解率突变点分析。* 表示同一时期处理间存在显著差异 ($P < 0.05$); B 和 C 中, 实线为正向统计量 (UF) 曲线, 点划线为反向统计量 (UB) 曲线。UF 与 UB 曲线的交点为腐解率突变点 (箭头所指), 水平线之间为突变点的 99% 置信区间 ($P = 0.01$)。S: 秸秆还田处理; SPB: 秸秆还田+周丛生物处理。

图 1 秸秆腐解率随培养时间的变化特征及其突变点分析

Fig.1 The variation characteristics of straw decomposition rate with culture time and its mutation point analysis



A: 碳释放率; B: 氮释放率; C: 碳氮比。* 表示同一时期处理间存在显著差异 ($P < 0.05$)。S、SPB 见图 1 注。

图 2 秸秆腐解过程中碳氮释放规律及碳氮比变化

Fig.2 Carbon and nitrogen release patterns and carbon-to-nitrogen ratio change during straw decomposition

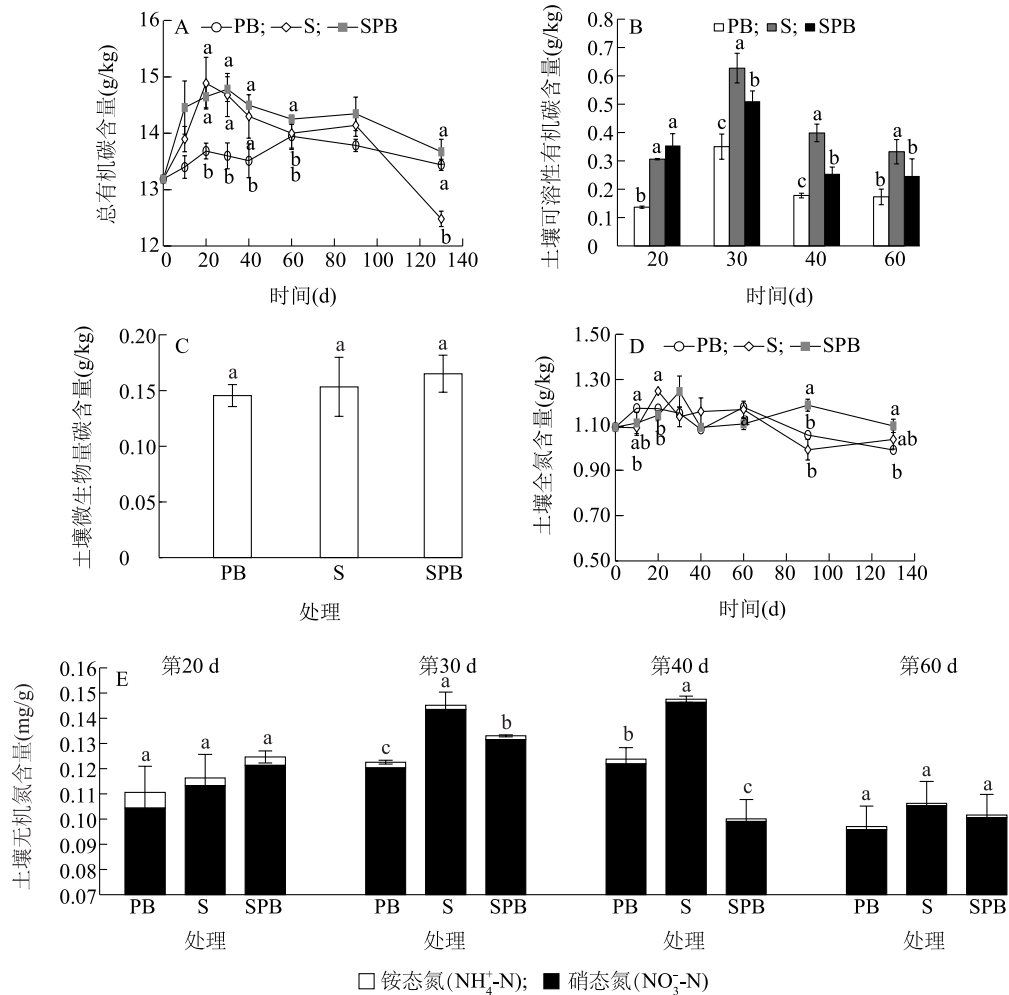
2.3 土壤养分变化特征

随着培养时间的增加,不同处理土壤 SOC 含量总体呈现先上升后下降趋势。其中, S 处理土壤 SOC 含量峰值出现于培养后 20 d, SOC 含量比培养始期增加 12.88%, SPB 处理土壤 SOC 含量峰值出现于培养后 30 d, SOC 含量比培养始期增加 12.12%, PB 处理土壤 SOC 含量峰值出现于培养后 60 d, SOC 含量比培养始期增加 6.06%。培养 20~40 d, S 处理和 SPB 处理土壤 SOC 含量显著高于 PB 处理, 培养 130 d 时, SPB 处理和 PB 处理土壤 SOC 含量分别比 S 处理增加 9.54% 和 7.69% (图 3A)。在培养 20~60 d 内, 各处理土壤 DOC 含量均呈现先上升后下降的趋势, 并于培养 30 d 时达到峰值。培养 20 d 时, SPB 和 S 处理的 DOC 含量无显著差异; 培养 30~60 d, S 处理 DOC 含量显著高于 SPB 处理; 培养 20~60 d, PB 处理 DOC 含量总体显著低于 S 处理和 SPB 处理 (图 3B)。培养后 130 d 时, 3 个处理土壤 MBC 含量总体无显著差异 (图 3C)。

不同处理土壤 TN 含量均出现短期的显著增加, 然后波动减少。S 处理土壤 TN 含量峰值 (1.25 g/kg) 出现于培养后 20 d, SPB 处理土壤 TN 含量峰值出现时间为培养后 30 d (图 3D)。培养 30 d 和 40 d 时, S 处理和 PB 处理土壤无机氮含量 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量 + $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量) 处于较高水平, 培养 20 d 和 60 d 时, S 处理和 SPB 处理无机氮含量无显著差异, 培养 30 d 和 40 d 时, S 处理无机氮含量显著高于 SPB 处理 (图 3E)。

2.4 不同处理土壤微生物群落多样性、群落结构及关键酶活性

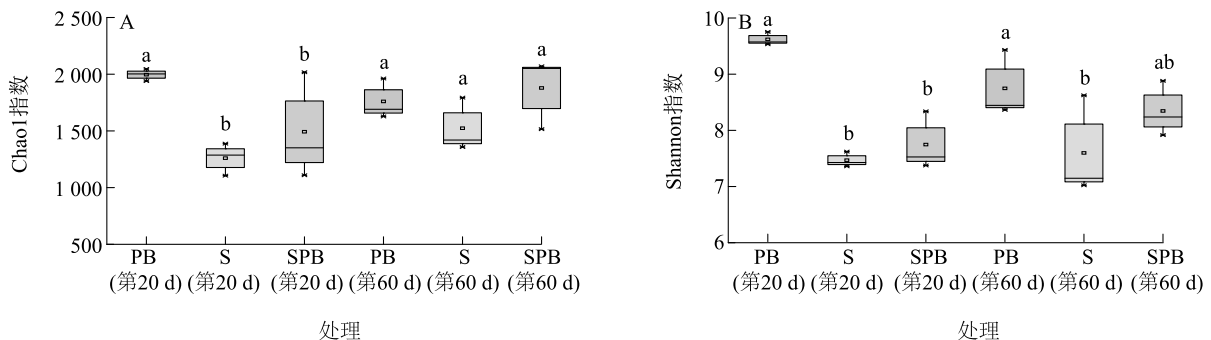
2.4.1 土壤微生物群落多样性 秸秆快速腐解期 (培养 20 d) 和慢速腐解期 (培养 60 d), 土壤微生物群落多样性指数如图 4 所示。从图中可以看出, 培养 20 d 时, PB 处理的 Chao1 指数和 Shannon 指数均显著高于 S 处理和 SPB 处理, S 处理与 SPB 处理 Chao1 指数和 Shannon 指数均无显著差异; 培养 60 d 时, 3 个处理 Chao1 指数无显著差异, PB 处理 Shannon 指数显著高于 S 处理。



A: 总有机碳含量; B: 土壤可溶性有机碳含量; C: 土壤微生物量碳含量; D: 土壤全氮含量; E: 土壤无机氮含量。同一时期图柱上不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。A 和 D 中, 未标注字母的时期代表 3 个处理间均无显著差异 ($P \geq 0.05$)。图 E 中误差棒表示无机氮含量 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量 + $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量)。S: 秸秆还田处理; PB: 周丛生物处理; SPB: 秸秆还田+周丛生物处理。

图 3 土壤碳氮含量随培养时间的变化

Fig.3 Changes in the contents of soil carbon and nitrogen during incubation



A: Chao1 指数; B: Shannon 指数。同一时期不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。S、PB、SPB 见图 3 注。

图 4 不同时期土壤细菌群落多样性

Fig.4 The Chao1 and Shannon indices of soil bacteria at different incubation periods

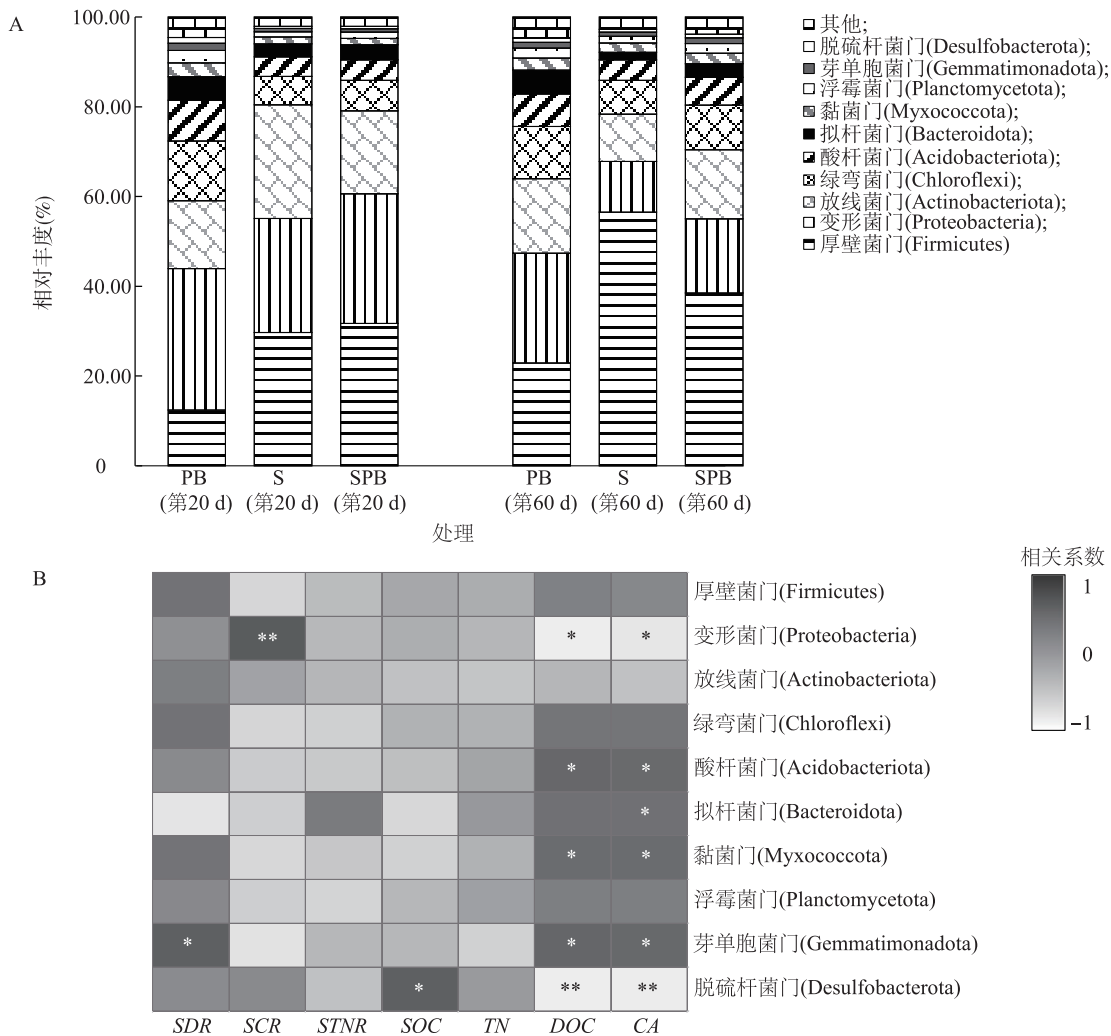
2.4.2 土壤微生物群落结构 秸秆快速腐解期(培养 20 d)和慢速腐解期(培养 60 d)不同处理水平上土

壤细菌群落结构如图 5A 所示。从图中可以看出,在门水平上,3 个处理土壤优势细菌类群均为厚壁菌门

(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteriota),其累积相对丰度均超过 59.00%。与培养 20 d 时相比,培养 60 d 时 3 个处理厚壁菌门细菌的相对丰度均有所增加,而变形菌门细菌的相对丰度则有所下降。PB 处理土壤细菌群落的优势菌门为变形菌门,其在培养 20 d 和 60 d 时的相对丰度分别为 31.50%和 24.45%;S 处理和 SPB 处理土壤细菌群落的优势菌门为厚壁菌门。培养 20 d 时,SPB 处理土壤变形菌门和厚壁菌门细菌的相对丰度分别比 S 处理增加 3.5 个百分点和 2.0 个百分点;培养 60 d 时,SPB 处理土壤变形菌门细菌的相对丰度比 S 处理

增加 5.3 个百分点,而厚壁菌门细菌相对丰度则减少 18.0 个百分点。

门水平上土壤细菌主要种群相对丰度与秸秆累积腐解率、碳累积释放率、氮累积释放率及土壤理化性质的相关性如图 5B 所示。从图中可以看出,秸秆碳释放率与变形菌门细菌相对丰度呈极显著正相关。土壤 DOC 含量和纤维素酶活性则与酸杆菌门(Acidobacteriota)、黏菌门(Myxococcota)和芽单胞菌门(Gemmatimonadota)细菌相对丰度呈显著正相关,与变形菌门细菌相对丰度呈显著负相关,与脱硫杆菌门(Desulfobacterota)细菌相对丰度呈极显著负相关。



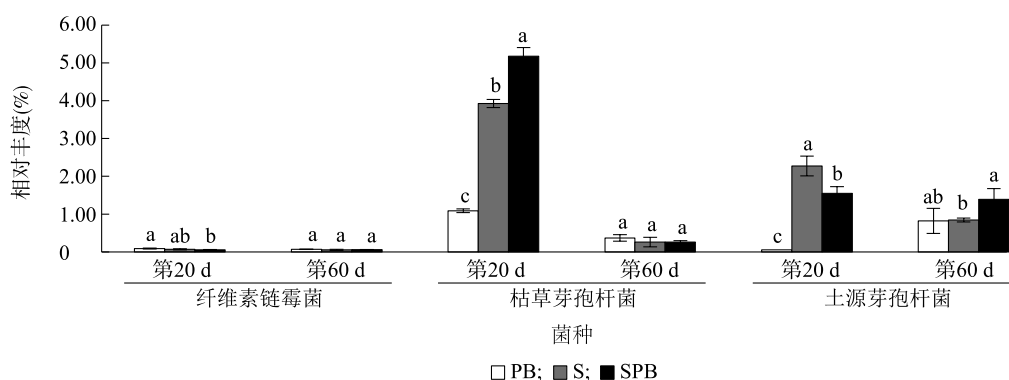
A: 相对丰度; B: 相关性。SDR: 秸秆累积腐解率, SCR: 秸秆碳累积释放率, STNR: 秸秆氮累积释放率, SOC: 土壤有机碳含量, TN: 土壤总氮含量, DOC: 土壤溶解性有机碳含量, CA: 土壤纤维素酶活性。* 和 ** 分别表示因子间显著相关 ($P < 0.05$) 和极显著相关 ($P < 0.01$)。S、PB、SPB 见图 3 注。

图 5 门水平上土壤细菌群落结构及其优势种群与秸秆腐解性质和土壤理化性质的相关性

Fig.5 Correlations of soil bacterial community structure and dominant populations at the phylum level with straw decomposition characteristics and soil physicochemical properties

种水平上,土壤中参与秸秆腐解的优势物种为纤维素链霉菌(*Streptomyces cellulosae*)、枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*)和土源芽孢杆菌(Soil-derived *Bacillus*)。培养 20 d 时,3 个处理枯草芽孢杆菌的相对丰度高于纤维素链霉菌和土源芽孢杆菌,其中 SPB 处理土壤枯草芽孢杆菌相对丰度高达 5.18%,

显著高于 PB 处理和 S 处理;培养 60 d 时,土源芽孢杆菌的相对丰度高于枯草芽孢杆菌,其中 SPB 处理土源芽孢杆菌的相对丰度高达 1.38%,显著高于 S 处理(图 6)。培养 20 d 和 60 d 时,SPB 处理 3 个秸秆腐解优势物种的累积丰度比 S 处理分别提高 8.25% 和 47.83%。

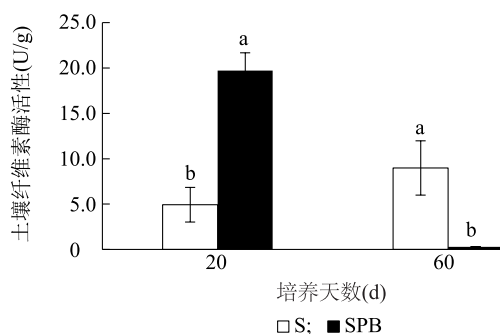


同一时期同一菌种图柱上不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。S、PB、SPB 见图 3 注。

图 6 种水平上秸秆腐解相关微生物的相对丰度

Fig.6 The relative abundance of straw decomposition related microorganisms at the species level

2.4.3 纤维素酶活性 培养 20 d 时,SPB 处理和 S 处理土壤纤维素酶活性分别为 19.7 U/g 和 4.9 U/g;培养 60 d 时,SPB 处理和 S 处理土壤纤维素酶活性分别为 0.3 U/g 和 9.0 U/g(图 7)。说明添加周丛生物有利于增强秸秆快速腐解期土壤纤维素酶活性,降低秸秆慢速腐解期土壤纤维素酶活性。



同一时期不同处理间标有不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。S、SPB 见图 1 注。

图 7 不同处理土壤纤维素酶活性

Fig.7 Soil cellulase activity under different treatments

3 讨论

3.1 微生物群落与秸秆降解机制

Huang 等^[18]的研究结果表明,变形菌门和厚壁菌门细菌在秸秆分解过程中起主导作用,其中厚壁

菌门主要负责纤维素与半纤维素等较难降解组分的分解。周丛生物代谢产物(如胞外多糖、有机酸)可提高土壤碳源有效性,促进微生物繁殖与功能菌群增殖^[19]。本研究结果表明,秸秆快速腐解期(培养 20 d)添加周丛生物的 SPB 处理变形菌门和厚壁菌门细菌的相对丰度比未添加周丛生物的 S 处理分别上升 3.5 个百分点和 2.0 个百分点,纤维素降解菌相对丰度和纤维素酶活性亦有显著提高。这说明周丛生物能调控微生物群落结构、增强功能菌活性,从而提升秸秆降解能力。同时,添加周丛生物能加速秸秆中有机碳的释放,这可为土壤微生物代谢提供碳源和能量,进而形成协同降解效应。

3.2 土壤碳氮转化与稳定性

秸秆腐解释放的活性碳和活性氮(如 DOC、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$)易通过矿化损失;进入缓慢腐解期后,土壤养分相对匮乏,土壤微生物为挖掘养分会加速土壤原有有机物的分解,加剧土壤碳库消耗^[20]。孙朋飞等^[21]研究发现,周丛生物可通过物理覆盖和生物吸收减少氮肥损失。本研究结果表明,周丛生物对土壤微生物的激发作用能增强土壤微生物的代谢活性,降低土壤 DOC 含量、无机氮含量($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量 + $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 含量)。在缓慢腐解期,周丛生物残体作为低碳氮比的稳定碳源能有效缓解土壤原有有机碳的矿化,进而维持土壤碳

库稳定。培养结束后,SPB处理土壤SOC含量比S处理增加9.54%;培养90d时,SPB处理土壤TN含量显著高于S处理,说明添加周丛生物可有效缓解土壤氮限制,提升土壤碳、氮库存的稳定性。

3.3 周丛生物对水稻生长与农田环境的影响

还田秸秆大量富集于表层土壤,可能妨碍水稻根系下扎并增加倒伏风险^[22]。周丛生物能通过延长快速腐解期和提升腐解效率,消减这方面的负面影响,同时还田秸秆的高效转化还可显著降低CH₄等温室气体的排放强度^[23]。但顾偲铨等^[24]的研究结果表明,快速腐解期微生物活动耗氧量剧增,可能导致作物根际缺氧,抑制幼苗呼吸作用,引发叶片黄化。因此,周丛生物耦合秸秆还田技术对水稻生长的综合影响仍需进行进一步试验与分析。

因此,周丛生物通过调控土壤微生物群落,增强碳氮稳定性与延长快速腐解期,为提升秸秆还田效率、改善土壤肥力及减排固碳提供了可行路径,但其对水稻生长的综合效应仍需要深入研究。

4 结论

添加周丛生物能提升土壤微生物多样性和丰富度,提高土壤微生物中与纤维素腐解相关细菌的丰度,增强纤维素酶活性,延长还田秸秆的快速腐解期,调节土壤碳氮比,促进秸秆碳释放,减缓秸秆氮释放,提高秸秆碳、氮固定效率,增加土壤SOC含量及其稳定性。

参考文献:

- [1] 宋大利,侯胜鹏,王秀斌,等. 中国秸秆养分资源数量及替代化肥潜力[J]. 植物营养与肥料学报,2018,24(1):1-21.
- [2] 王晓航. 秸秆还田与地膜覆盖对吉林省水稻生长发育及产量的影响[D]. 长春:吉林农业大学,2018.
- [3] 刘芳,张长生,陈爱武,等. 秸秆还田技术研究及应用进展[J]. 作物杂志,2012(2):18-23.
- [4] 张经廷,张丽华,吕丽华,等. 还田作物秸秆腐解及其养分释放特征概述[J]. 核农学报,2018,32(11):2274-2280.
- [5] 姜珊珊,李光艳,吴斌,等. 有机物料腐熟剂对玉米秸秆降解及小麦生长的影响[J]. 山东农业科学,2019,51(12):63-66.
- [6] WANG W J, BALDOCK J A, DALAL R C, et al. Decomposition dynamics of plant materials in relation to nitrogen availability and biochemistry determined by NMR and wet-chemical analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry,2004,36(12):2045-2058.
- [7] 张红,吕家珑,曹莹菲,等. 不同植物秸秆腐解特性与土壤微生物功能多样性研究[J]. 土壤学报,2014,51(4):743-752.
- [8] 魏静茹. 实现秸秆还田采取合理措施[J]. 河南农业,2020(4):27.
- [9] 李忠佩,林心雄. 田间条件下红壤水稻土有机碳的矿化量研究[J]. 土壤,2002,34(6):310-314.
- [10] 王兆荣,王宏燕,种传立. 有机物料的腐解及土壤有机质的调控[J]. 东北农学院学报,1991,22(4):307-313.
- [11] LI M H, TANG C G, CHEN X, et al. High performance bacteria anchored by nanoclay to boost straw degradation[J]. Materials,2019,12(7):1148.
- [12] LI Z M, HE J, SHEN J L, et al. Origin and assembly characteristics of periphyton microbes in subtropical paddy fields;a case study in Tuojia catchment in Southern China[J]. Applied Soil Ecology,2025,206:105839.
- [13] LIU J Z, ZHOU Y M, SUN P F, et al. Soil organic carbon enrichment triggers *in situ* nitrogen interception by phototrophic biofilms at the soil-water interface:from regional scale to microscale[J]. Environmental Science & Technology,2021,55(18):12704-12713.
- [14] BICHOFF A, OSÓRIO N C, DUNCK B, et al. Periphytic algae in a floodplain lake and river under low water conditions[J]. Biota Neotropica,2016,16(3):1-13.
- [15] XIA Y Q, SHE D L, ZHANG W J, et al. Improving denitrification models by including bacterial and periphytic biofilm in a shallow water-sediment system[J]. Water Resources Research,2018,54(10):8146-8159.
- [16] SAFARI SINEGANI A A, SAFARI SINEGANI M. The effects of carbonates removal on adsorption, immobilization and activity of cellulase in a calcareous soil[J]. Geoderma,2012,173:145-151.
- [17] LOGUE J B, STEDMON C A, KELLERMAN A M, et al. Experimental insights into the importance of aquatic bacterial community composition to the degradation of dissolved organic matter[J]. The ISME Journal,2016,10(3):533-545.
- [18] HUANG J J, GAO K L, YANG L, et al. Successional action of Bacteroidota and Firmicutes in decomposing straw polymers in a paddy soil[J]. Environmental Microbiome,2023,18(1):76.
- [19] WANG S C, SUN P F, ZHANG G B, et al. Contribution of periphytic biofilm of paddy soils to carbon dioxide fixation and methane emissions[J]. The Innovation,2022,3(1):100192.
- [20] MIAO Y Z, WANG W, XU H H, et al. A novel decomposer-exploiter interaction framework of plant residue microbial decomposition[J]. Genome Biology,2025,26(1):20.
- [21] 孙朋飞,吴永红. 基于稻田周丛生物的氮素拦截与回用方法:CN112875871A[P]. 2021-06-01.
- [22] 赵颖,张秀双,赵英博,等. 水稻高产耕层构建及地力保育技术模式[J]. 辽宁农业科学,2023(2):69-72.
- [23] 刘少文,殷敏,褚光,等. 长江中下游稻区不同水旱轮作模式和氮肥水平对稻田CH₄排放的影响[J]. 中国农业科学,2019,52(14):2484-2499.
- [24] 顾偲铨,郝志华,黄洁兰,等. 植物黄化的发生原因和防治措施[J]. 广东蚕业,2017,51(2):37-40.

(责任编辑:石春林)