

DOI: 10.11766/trxb201811300537

赵文慧, 马垒, 徐基胜, 谭钧, 张佳宝, 赵炳梓. 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.

ZHAO Wenhui, MA Lei, XU Jisheng, TAN Jun, ZHANG Jiabao, ZHAO Bingzi. Effect of Application of Straw and Wood Peat for a Short Period on Soil Organic Matter and Microbial Community in Composition and Function in Fluvo-aquic Soil [J]. Acta Pedologica Sinica, 2020, 57 (1): 153–164.

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*

赵文慧^{1, 2}, 马垒^{1, 2}, 徐基胜¹, 谭钧³, 张佳宝¹, 赵炳梓^{1†}

(1. 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), 南京 210008; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 北京向利丰科技有限公司, 北京 100004)

摘要: 直接添加富含腐殖物质的木本泥炭可快速提升土壤有机碳含量, 但其与常规施用秸秆相比的效应如何尚不清楚。通过设置不添加物料(CK)、施用秸秆(R)、施用木本泥炭(MT)、秸秆还田和木本泥炭联合施用(RMT)四个田间试验处理, 经过一季玉米生长后比较不同处理对玉米产量、土壤肥力、细菌群落组成和功能的影响。结果表明, R和RMT处理的地上生物量与CK无显著差异, 而在玉米整个生育期的平均呼吸速率则分别较CK高40%和64%; MT处理的地上生物量较CK低10%, 但MT和CK的平均呼吸速率无显著差异。另一方面, R处理的土壤有机质(SOM)含量与CK无显著差异, 而MT和RMT处理的SOM含量则较CK分别高79%和56%。基于主成分分析和功能预测发现, 与CK处理比, R处理分解利用新鲜秸秆的绿弯菌门、芽单胞菌门、节细菌属、指孢囊菌属和 *Rubellimicrobiu* 显著增多, 而化能异养、需氧化能异养、尿素代谢功能显著降低; MT处理降解大分子有机物的土壤杆菌属、纤维菌属、德沃斯氏菌属、农研丝杆菌属、类诺卡氏菌属和 *Rubellimicrobium* 显著增多, 需氧化能异养功能显著降低, 纤维素代谢功能显著升高; 而RMT处理与CK群落组成和功能类似。因此, 在潮土区单独施用MT尽管能迅速提升SOM含量, 但可能导致短期内作物产量降低, 而R和MT联合施用在迅速提升SOM的同时可提高土壤呼吸, 维持稳定的微生物群落和功能。

关键词: 秸秆还田; 木本泥炭; 高通量测序; 微生物群落; 功能预测

中图分类号: S154.36 文献标志码: A

Effect of Application of Straw and Wood Peat for a Short Period on Soil Organic Matter and Microbial Community in Composition and Function in Fluvo-aquic Soil

ZHAO Wenhui^{1, 2}, MA Lei^{1, 2}, XU Jisheng¹, TAN Jun³, ZHANG Jiabao¹, ZHAO Bingzi^{1†}

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China;

* 国家重点研发计划项目(2016YFD0300802)和现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-03)共同资助 Supported by the National Key Research and Development Program of China (No. 2016YFD0300802) and the Earmarked Fund for China Agriculture Research System (No. CARS-03)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: bzhaob@issas.ac.cn

作者简介: 赵文慧(1993—), 女, 安徽亳州人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: whzhao@issas.ac.cn

收稿日期: 2018-11-30; 收到修改稿日期: 2019-02-15; 优先数字出版日期(www.cnki.net): 2019-03-15

2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. View Sino International Limited Company, Beijing 100004, China)

Abstract: 【Objective】 Fluvo-aquic soil is widely distributed in the North China Plain. The soil is very low in organic matter, which is hard accumulate therein. Maybe, this is the main cause preventing high crop yields. Application of extraneous organic materials (i.e. straw and woody peat) is a common agricultural strategy to improve soil organic matter (SOM) content in this agricultural region. However, so far only limited information is available in the literature about effects of applying crop straw and/or wood peat on crop yield and soil fertility, and it is not clear whether it is superior to direct straw returning to the field. 【Method】 In this study, a field experiment, designed to have four treatments, that is, CK(Do not apply any organic material, only chemical fertilizer), R (Chemical fertilizer and 7 500 kg·hm⁻² of straw), MT (Chemical fertilizer and 7 005 kg·hm⁻² of the wood peat), and RMT (Chemical fertilizer, 7 500 kg·hm⁻² of straw and 7 005 kg·hm⁻² of the wood peat) was conducted in a field of Fluvo-aquic soil in Fengqiu, Henan. Crop yield and soil fertility indices, such as SOM, total nitrogen (TN), available phosphorus (AP), nitrate (NO₃-N) and carbon nitrogen ratio (C: N) of the soil were measured. High-throughput sequencing was employed to characterize diversity and composition of the bacterial community in the soil, FAPROTAX database was used in prediction of bacterial functions. 【Result】 Results show that there was no significant difference between Treatments R and RMT and CK in aboveground biomass, but Treatment R and RMT was 40% and 64% respectively, higher than CK in average respiration rate in the whole growth period of maize. However, Treatment MT was 10% lower than CK in aboveground biomass, and did not differ much in average respiratory rate. On the other hand, the treatments varied in effect on soil fertility. Compared with CK, Treatment R was 23.56% lower in AP, while Treatment MT was 79.30%, 39.12%, 43.63% and 86.50% higher, respectively, in SOM, AP, NO₃-N and C: N. Through high-throughput sequencing and function prediction, it was found that the bacterial communities in Treatments R and MT differed significantly from that in CK in composition and function, while that in Treatment RMT was similar to that in CK, and the soil bacterial communities in Treatments R and MT were significantly higher than that in CK in diversity. Compared with CK, the relative abundances of Chloroflexi, Gemmatimonadetes, *Arthrobacter*, *Dactylosporangium* and *Rubellimicrobium* that could decompose and utilize fresh straws were significantly increased in Treatment R, but the functions of Chemoheterotrophy, Aerobic chemoheterotrophy and Ureolysis were decreased, while in Treatment MT, the relative abundances of *Agrobacterium*, *Cellulosimicrobium*, *Devosia*, *Niastella*, *Nocardioides* and *Rubellimicrobium* that could degrade macromolecular organics were significantly increased and the function of Cellulolysis was strengthened and that of Aerobic chemoheterotrophy was weakened. In addition, the predicted functions of the soil microbial communities in Treatments R and MT were significantly different from those in CK, but those in Treatment RMT were similar to those in CK. In addition, the predicted functions of the soil microbacterial communities in Treatments R and MT were significantly different from those in CK, while those in Treatment RMT were similar to those in CK. 【Conclusion】 In conclusion, in the Fluvo-aquic soil area, although applying woody peat alone can rapidly increase SOM, it may lead to decrease in crop yield temporarily or in a short term, which may be relative to changes in the soil microbial community in composition and function, thus affecting nutrient recycling and transformation. Combined application of straw and woody peat is beneficial to building up of soil fertility, and maintaining the soil microbial community in structure and function.

Key words: Straw returning; Woody peat; High-throughput sequencing; Microbial community; Function prediction

土壤有机质是土壤肥力的重要指标,是影响黄淮海平原潮土区作物产量高低的决定性因子之一^[1]。黄淮海平原典型潮土是由河流冲积物受地下水运动和耕作活动影响而形成,砂粒含量高、土壤结构差、土壤微生物活动强烈,使得土壤有机质含量低且难以积累^[2]。因此,如何促进潮土土壤有机质积累是

提升潮土生产力的关键所在^[3]。

秸秆作为农业生产的主要副产品,含有丰富的有机碳,是一类重要的能直接利用的可再生生物资源,因此,秸秆还田是提高作物产量和土壤有机质的重要途径^[4]。但利用秸秆还田提升土壤有机质通常需要冗长过程,在黄淮海平原潮土区,即使连续

18 a 配施化肥和秸秆, 土壤有机质含量也仅有 $12.10 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ^[5], 不能达到当地高产区土壤有机质水平^[6]。研究表明, 小麦秸秆在黄潮土中一年后腐殖化系数为 25.80% ^[7], 因此, 较低的秸秆腐殖化程度不利于土壤有机质快速累积。

木本泥炭是由木本植物残体在水分过多、通气不良、气温较低的沼泽环境中, 经过长期累积而形成的一种不易分解、稳定的有机物堆积层。其具有有机质和腐殖酸含量高、纤维素丰富、疏松多孔、比表面积大、保水保肥能力强等优点^[8]。腐殖物质是土壤有机质的重要组成部分^[9], 由于其表面含有羧基、酚羟基和醇羟基等含氧官能团, 能够与土壤中养离子发生相互作用, 影响土壤养分吸附、释放^[10]。腐殖物质也能与黏土矿物结合形成有机无机复合体, 促进土壤团聚体的形成和稳定, 对土壤物理化学及生物性状有重要影响^[11]。木本泥炭施用还能够提高土壤碳库管理指数, 提高土壤团聚体的稳定性^[12]。有研究表明, 土壤有机质含量与作物产量存在显著正相关关系^[3], 因而预测在土壤中直接施用木本泥炭可能会在短期内快速提升土壤有机质含量, 从而有可能快速提高瘠薄潮土上作物的产量, 但其效应如何、与直接秸秆还田相比是否具有优越性等问题尚不清楚。

本研究通过田间试验, 在河南封丘典型潮土区设置不添加物料 (CK)、秸秆还田 (R)、木本泥炭 (MT) 以及秸秆还田+木本泥炭 (RMT) 四个处理, 其中, R 和 MT 为等碳量施用。主要研究目的包括: (1) 明确秸秆和木本泥炭等碳量单独施用条件下对作物产量和土壤肥力的影响; (2) 明确秸秆和木本泥炭联合施用的叠加效应; (3) 基于高通量分析明确不同处理对土壤细菌群落结构和组成的影响。旨在为潮土区土壤地力提升、作物增产提供理论依据和科学支持。

1 材料与方法

1.1 试验概况

试验地位于河南省封丘农田生态系统国家野外科学观测研究站内 ($35^{\circ}00'N$, $114^{\circ}24'E$)。该地位于黄河北岸, 属半干旱、半湿润的暖温带季风气候, 年均气温 $13.9^{\circ}C$, 年均降水量为 605 mm , 土壤类型

为潮土, 种植模式为冬小麦—夏玉米轮作。试验开始前耕层土壤基础化学性质为: pH 8.66, 有机质 $5.76 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮 $0.55 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 有效磷 $6.51 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 速效钾 $96.92 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

试验于 2016 年玉米季开始, 共设 4 个处理: (1) 不施用有机物料 (CK); (2) 秸秆还田 (R); (3) 木本泥炭 (MT); (4) 秸秆还田+木本泥炭 (RMT)。每个处理 3 个重复, 共 12 个小区, 每个小区面积为 $6 \text{ m}\times 8 \text{ m}$ 。玉米播种期为 2016 年 6 月 10 日, 种植密度为每公顷 67 000 株, 行距为 60 cm, 株距为 25 cm。有机物料在玉米播种前施用, R 和 MT 处理为等碳量施用, 秸秆施用量为 $7 500 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, 木本泥炭施用量为 $7 005 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$; RMT 处理秸秆施用量为 $7 500 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, 木本泥炭施用量为 $7 005 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。4 个处理化肥施用量相同, 即 N $225.0 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, P_2O_5 $134.4 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, K_2O $120.0 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。氮肥用尿素 ($CO(NH_2)_2$), 磷肥用磷酸二铵 ($(NH_4)_2HPO_4$), 钾肥用硫酸钾 (K_2SO_4), 其中, 40% 氮肥作为基肥施入, 60% 作为追肥在玉米拔节期施入, 磷钾肥均作为基肥施入。

供试玉米品种为登海 605, 购自山东登海种业股份有限公司。供试木本泥炭购自北京利丰公司, 木本泥炭有机碳含量为 $482.8 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮、全磷和全钾含量分别为 $10.77 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $0.77 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $2.72 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。秸秆为上季小麦秸秆, 有机碳含量为 $450.9 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮、全磷和全钾含量分别为 $6.51 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $0.51 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $15.04 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

1.2 样品采集与分析

玉米籽粒和地上部生物量于玉米收获期测定, 每个小区选择 4 m^2 的面积, 将果穗与茎秆分开晒干, 测定籽粒产量和茎秆产量, 地上部生物量为籽粒产量与茎秆产量之和。土壤样品于 2016 年 9 月玉米收获期采集。按照 S 采样法, 每个小区使用直径 5 cm 的土钻采集 5 份 0~20 cm 土样, 混合成一个样品。所有样品置于冰袋中运回实验室。去除植物根系和石块后过 2 mm 筛混匀, 样品分为三部分, 一部分风干后用于土壤理化性质的测定, 一部分置于 $-20^{\circ}C$ 用于测定硝态氮含量, 一部分置于 $-80^{\circ}C$ 用于土壤 DNA 提取。

在玉米全生育期采用 Li-6400 土壤呼吸测定系统 (LI-COR, 美国) 检测土壤呼吸, 检测时间为晴朗无风天气的上午 9:00-11:00。

土壤理化指标测定均采用常规方法^[13]。其中,土壤有机碳(SOC)采用重铬酸钾容量法(外加热)测定;土壤全氮(TN)采用凯氏定氮法测定;土壤硝态氮(NO_3^- -N)用 $2\text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 氯化钾浸提液提取后(土壤与浸提液质量体积比为1:10),用双波长比色法测定;有效磷(AP)采用 NaHCO_3 浸提—钼锑抗比色法测定。

1.3 土壤DNA提取及16S rRNA基因高通量测序

土壤DNA采用Fast DNA Spin Kit for Soil(MP Biomedicals, Santa Ana, CA, 美国)试剂盒提取。每个样品称取0.50 g鲜土,按照说明书操作提取DNA。

选取细菌16S rRNA基因的V4~V5区进行高通量测序测定。PCR扩增采用特异性引物515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGTAA-3')/907R(5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3')。PCR扩增条件包括94℃ 5 min, 90℃ 60 s, 55℃ 60 s, 72℃ 75 s, 30个循环,之后72℃ 10 min。反应产物采用QIA quick PCR Purification kit(Qiagen)进行纯化。将不同样品的PCR扩增产物等摩尔混合后,采用Illumina公司MiSeq测序仪完成序列分析(委托上海派森诺生物科技股份有限公司测定)。

1.4 数据统计分析

高通量测序所得序列按照以下步骤进行分析^[14]:

(1) 双端序列采用FLASH进行拼接;(2) 使用Cutadapt软件切除引物;(3) 采用QIIME(1.91)去除质量分数低于20、序列短于300 bp的低质量序列;(4) 采用RDP数据库去除嵌合体;(5) 得到的高质量序列采用Uparse软件,以97%相似度进行操作分类单元(Operation taxonomic unit, OTU)划分,采用Blast方法以Greengenes13.8数据库为比对进行注释。将未注释到门水平及注释为古菌的序列删除后,所有样品随机抽取11 000条序列进行后续分析。细菌香农指数(Shannon)和ACE指数在QIIME中计算。采用STAMP 2.1.3软件Welch's *t*-test进行属水平上的差异物种分析。采用FAPROTAX数据库进行细菌功能预测。

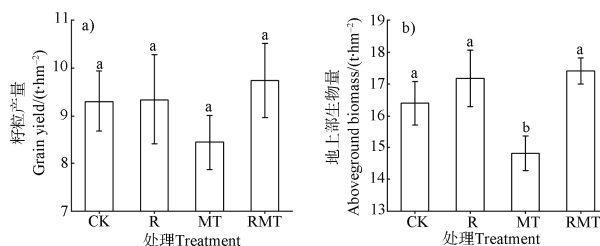
使用SPSS 22.0软件中皮尔森(Pearson)双尾检验进行细菌功能与土壤性质相关性分析;平均值多重比较采用邓肯新复检验法(Duncan's New

Multiple Range Test)进行显著性检验($P < 0.05$)。采用单因素方差分析对不同处理全生育期内土壤呼吸速率平均值进行差异显著性检验。采用Microsoft Excel 2007和Origin 8.0软件进行数据处理和绘图。

2 结果

2.1 不同物料处理下玉米籽粒产量和地上部生物量

图1a)表示玉米籽粒产量在四个处理间无显著差异,变动范围为 $8\ 840\sim 9\ 742\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$;从地上部生物量角度来看,CK、R、RMT处理间生物量类似,但MT处理的生物量较CK显著降低,降低了10%(图1b))。



注: CK、R、MT和RMT分别表示不添加有机物料、施用秸秆、施用木本泥炭、秸秆和木本泥炭联合施用;误差线表示标准差;不同字母表示处理间的显著差异(邓肯法, $P < 0.05$)。下同 Note: CK, R, MT, RMT stands for treatment of no organic material, straw, wood peat and straw coupled with wood peat, respectively; The error bars represent the standard deviation of the mean, different letters indicate significant differences between treatments (Duncan method, $P < 0.05$). The same below

图1 不同处理玉米籽粒产量和地上部生物量

Fig. 1 Grain yield and aboveground biomass of maize relative to treatment

2.2 不同物料处理下土壤有机质和有效养分

由表1可见,与CK处理相比,玉米收获后R处理土壤有机质(SOM)无显著变化,而MT和RMT处理的SOM含量分别较CK增加79%和56%。土壤全氮在处理间无显著性差异,从而导致土壤碳氮比在不同处理间的变化趋势与SOM的变化趋势类似。有效磷含量为MT处理最高,较其他处理高39%~82%;硝态氮含量为MT与RMT处理间无显著差异,并较其他两个处理高44%~58%。

表 1 不同处理下土壤理化性质

Table 1 Soil physico-chemical properties relative to treatment

处理 Treatment	SOM/ (g·kg ⁻¹)	TN/ (g·kg ⁻¹)	AP/ (mg·kg ⁻¹)	NO ₃ ⁻ -N/ (mg·kg ⁻¹)	C : N
CK	6.04±0.84b	0.64±0.04a	13.24±0.07b	16.73±0.48b	5.48±0.67c
R	6.94±0.40b	0.58±0.14a	10.12±0.95c	15.61±2.17b	7.20±1.82bc
MT	10.83±3.02a	0.61±0.14a	18.42±2.85a	24.03±3.28a	10.22±1.23a
RMT	9.45±1.70a	0.61±0.12a	11.44±0.84bc	24.63±2.84a	9.13±1.81ab

注：SOM 表示土壤有机质，TN 表示全氮，AP 表示有效磷，NO₃⁻-N 表示硝态氮，C : N 表示碳氮比。表中数据为平均值 ± 标准差，同列不同字母表示不同处理间差异显著（邓肯法， $P < 0.05$ ）。下同 Note: SOM stands for soil organic matter, TN for total nitrogen, AP for available phosphorus, NO₃⁻-N for nitrate, and C : N for carbon nitrogen ratio. The data in the table is means ± standard deviation ($n=3$). Different letters indicate significant difference between treatments (Duncan method, $P < 0.05$). The same below

2.3 不同物料处理下玉米生育期土壤呼吸动态变化

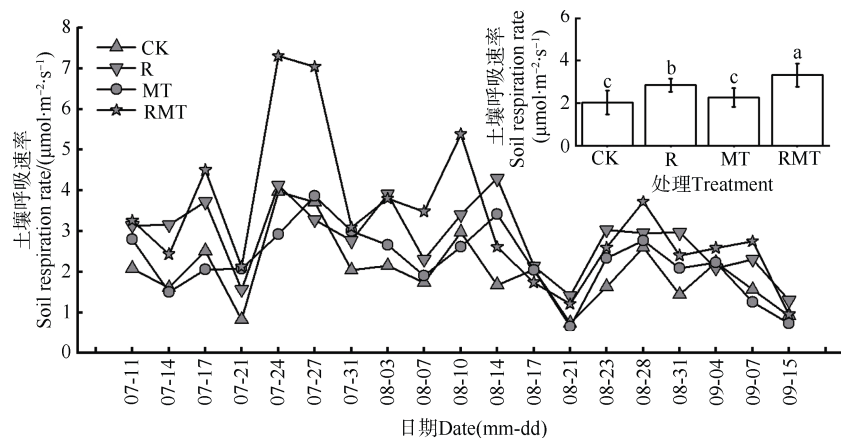
图 2 表示，在玉米生育期，施用秸秆的 RMT 和 R 处理土壤呼吸速率在整个玉米生育期通常较不施用秸秆的 MT 和 CK 处理高。对全生育期的土壤呼吸速率平均值进行方差分析的结果表示，RMT 和 R 处理分别较 CK 处理高 64% 和 40%，而 MT 处理则与 CK 处理差异未达显著水平。

2.4 不同物料处理下土壤细菌群落组成

经过质量控制，总共得到 173 793 条高质量序列（每个样品序列数在 11 544~20 507 之间）。将所有样品序列均一化为 11 000 条后，以 97% 相似度与 Greengenes 数据库进行比对，总共得到 841 条基本分

类单元 (OTU)。图 3a) 表示，土壤细菌丰富度 (ACE 指数) 在各处理间无显著性差异，说明各处理间细菌群落丰富度变化不显著。与 CK 处理相比，R 和 MT 处理香农指数显著升高，说明细菌群落多样性较高，而 RMT 处理则对细菌多样性无显著影响 (图 3b))。

基于均一化后的 OTU 丰度进行主成分分析，前三轴总共解释了 71% 的总方差 (图 4a))。CK 处理与 RMT 处理距离相对较近，而与 R 和 MT 距离较远，处理间呈现一定的群落分异，说明与 CK 处理相比，R 和 MT 处理对细菌群落组成的影响大于 RMT 处理，但多元方差分析 (Adonis) 发现并未达到显著水平。



注：折线图表示整个玉米生育期土壤呼吸速率的动态变化，柱状图表示整个玉米生育期土壤呼吸速率的平均值。Note: The dashed line represents dynamic change in soil respiration rate during the whole maize growth period, and the column mean of soil respiration rates during the whole maize growth period.

图 2 不同处理土壤呼吸速率动态变化

Fig. 2 Change in soil respiration rate relative to treatment

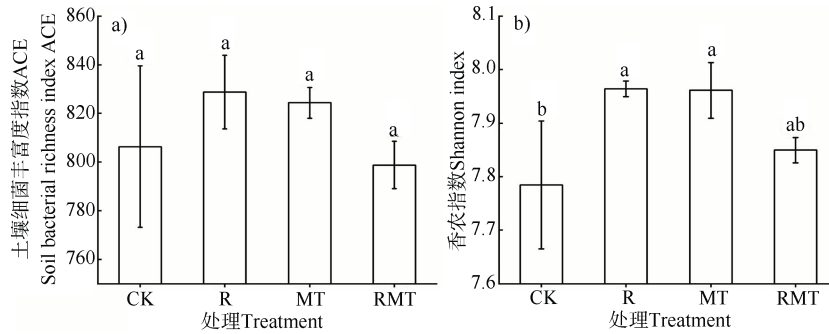


图3 不同处理土壤细菌丰富度与多样性

Fig. 3 Richness and diversity index of soil bacteria relative to treatment

细菌 16S rRNA 高通量测序序列经物种注释后属于 20 个门、66 个纲、128 个目、195 个科和 262 个属 (图 4b)。优势菌门为放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria) 和绿弯菌门 (Chloroflexi), 相对丰度分别为 34.07%、27.77% 和 11.75%。其余相对丰度大于 1% 的门分别为酸杆菌门 (Acidobacteria, 11.22%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, 5.85%)、

浮霉菌门 (Planctomycetes, 5.43%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes, 2.86%)、厚壁菌门 (Firmicutes, 1.60%) 和硝化螺旋菌门 (Nitrospirae, 1.26%)。单因素方差分析发现, 与 CK 处理相比, 绿弯菌门和芽单胞菌门相对丰度在 R 处理中升高 20.61% 和 20.05% ($P < 0.05$), 而浮霉菌门相对丰度在 R 和 MT 处理分别降低了 13.80% 和 8.73% ($P < 0.05$)。

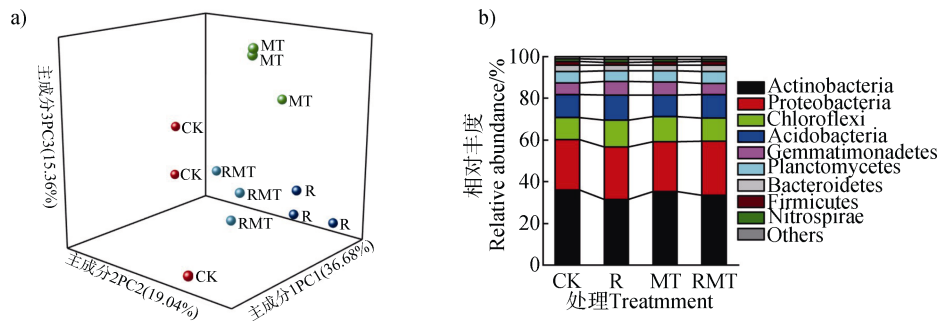


图4 不同处理土壤细菌主成分分析 (a) 和门水平下微生物组成 (b)

Fig. 4 Principal component analysis (a) and relative abundance of the dominant bacterial phyla (b) relative to treatment

以 CK 处理为对照, 在属水平上对 R、MT 和 RMT 处理进行差异物种分析, 结果如图 5。其中 R 处理中放线孢菌属 (*Actinomycetospora*)、厌氧粘细菌属 (*Anaeromyxobacter*)、节细菌属 (*Arthrobacter*)、固氮弧菌属 (*Azoarcus*)、指孢囊菌属 (*Dactylosporangium*)、褐螺菌属 (*Phaeospirillum*)、*Rubellimicrobium* 和杆状孢囊菌属 (*Virgisporangium*) 等 8 个属相对丰度显著升高, 而壤霉菌属 (*Agromyces*)、微杆菌属 (*Microbacterium*)、硝化杆菌属 (*Nitratireductor*) 和诺卡氏菌属 (*Nocardia*) 等四个属相对丰度显著降低; MT 处理中土壤杆菌属 (*Agrobacterium*)、

节螺藻属 (*Arthrospira*)、固氮弧菌属 (*Azoarcus*)、纤维菌属 (*Cellulosimicrobium*)、德沃斯氏菌属 (*Devosia*)、藤黄色单胞菌属 (*Luteimonas*)、农研丝杆菌属 (*Niastella*)、类诺卡氏菌属 (*Nocardioides*) 和 *Rubellimicrobium* 等 9 个属相对丰度显著升高, 而出芽菌属 (*Gemmata*) 和硝化杆菌属 (*Nitratireductor*) 等 2 个属相对丰度显著降低; RMT 处理物种组成与 CK 相似, 仅有节细菌属 (*Arthrobacter*) 和农研丝杆菌属 (*Niastella*) 2 个属相对丰度显著升高, 微杆菌属 (*Microbacterium*) 和苍白杆菌属 (*Ochrobactrum*) 2 个属相对丰度显著降低。

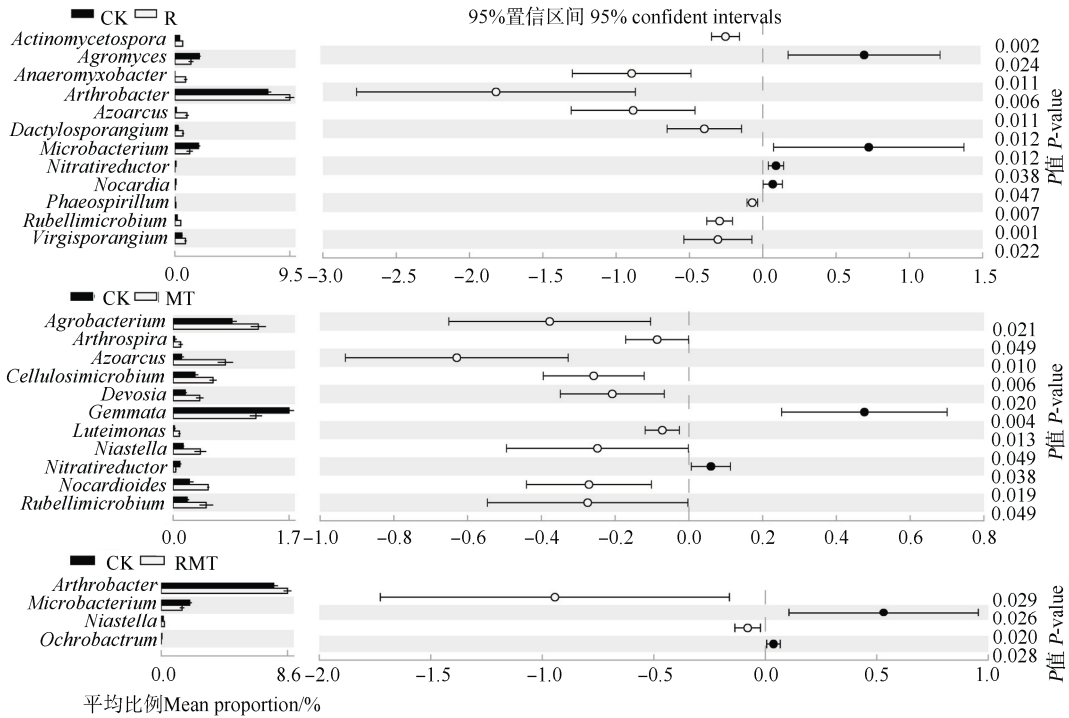


图 5 不同处理细菌属水平菌种差异

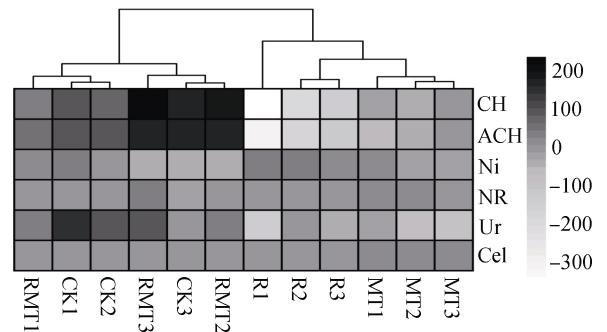
Fig. 5 Difference between treatments in composition of soil bacterial community at the genus level

2.5 不同物料处理下土壤细菌功能预测

使用 FAPROTAX 1.1 对微生物群落进行功能预测，在一定程度上反映微生物群落功能。经分析，共获得 37 项功能分组，将该 37 项预测功能进行单因素方差分析，筛选出在处理间有显著差异的 6 项功能，包括化能异养（Chemoheterotrophy）、需氧化能异养（Aerobic chemoheterotrophy）、硝化功能（Nitrification）、硝酸盐还原功能（Nitrate reduction）、尿素代谢功能（Ureolysis）和纤维素代谢功能（Cellulolysis）。对上述 6 种功能中心化后进行聚类分析（图 6），发现所有样品可以分为三组。其中，第一组包含 R 处理 3 个重复，第二组包含 MT 处理 3 个重复，第三组包括 CK 处理的 3 个重复和 RMT 处理的 3 个重复。与 CK 相比，R 处理中化能异养、需氧化能异养、尿素代谢功能均显著降低；此外，R 处理中硝化功能最高，较其他处理高 22.06%~41.44%。MT 处理中需氧化能异养、尿素代谢功能显著降低，而纤维素代谢功能则显著升高；CK 与 RMT 处理间功能无显著性差异。

2.6 细菌功能与土壤性质之间的关系

将上述处理间有差异的 6 项功能与土壤理化指标、细菌丰富度和多样性指数、差异细菌门及产



注：CH 表示化能异养功能、ACH 表示需氧化能异养功能、Ni 表示硝化功能、NR 表示硝酸盐还原功能、Ur 表示尿素代谢功能、Cel 表示纤维素代谢功能。下同 Note: CH stands for chemoheterotrophy, ACH for aerobic chemoheterotrophy, Ni for nitrification, NR for nitrate reduction, Ur for ureolysis, and Cel for cellulolysis. The same below

图 6 不同处理微生物菌群功能预测

Fig. 6 Functional prediction of the microbial flora in the soil relative to treatment

量指标进行相关性分析，结果如表 2 所示。化能异养与需氧化能异养功能分别与香农指数呈显著负相关 ($r=-0.67, P<0.05$; $r=-0.72, P<0.01$)，与绿弯菌门 ($r=-0.86, P<0.01$; $r=-0.86, P<0.01$) 和芽单胞菌门 ($r=-0.94, P<0.05$; $r=-0.93, P<0.01$) 成极显著负相关，

与浮霉菌门成显著正相关 ($r=0.71$, $P<0.05$; $r=0.75$, $P<0.01$); 硝化功能与芽单胞菌门成极显著正相关 ($r=0.78$, $P<0.01$); 硝酸盐还原功能与 SOC 和 NO_3^- -N 均成极显著正相关 ($r=0.84$, $P<0.01$; $r=0.83$, $P<0.01$); 尿素代谢功能分别与绿弯菌门和芽单胞菌门 ($r=-0.79$,

$P<0.01$; $r=-0.62$, $P<0.05$) 成显著负相关, 而与浮霉菌门 ($r=0.73$, $P<0.01$) 成极显著正相关; 纤维素代谢功能与 SOM、AP 和 NO_3^- -N 均成显著正相关 ($r=0.60$, $P<0.05$; $r=0.63$, $P<0.05$; $r=0.68$, $P<0.05$)。值得注意的是, 玉米产量与差异功能并无显著相关关系 ($P>0.05$)。

表 2 差异功能与土壤理化指标、细菌多样性及差异门之间的关系

Table 2 Relationships of the difference in function with soil physico-chemical indexes, bacterial diversity and difference in phyla

功能 Function	SOM	TN	AP	NO_3^- -N	C:N	Shannon	ACE	Chl	Gem	Pla	Y
CH	ns	ns	ns	ns	ns	-0.67*	ns	-0.86**	-0.94**	0.71*	ns
ACH	ns	ns	ns	ns	ns	-0.72**	ns	-0.86**	-0.93**	0.75**	ns
Ni	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	0.78**	ns	ns
NR	0.85*	ns	ns	0.83**	0.59*	ns	ns	ns	ns	ns	ns
Ur	ns	ns	ns	ns	ns	ns	ns	-0.79**	-0.62*	0.73**	ns
Cel	0.74*	ns	0.63*	0.68*	0.79**	ns	ns	ns	ns	ns	ns

注: Chl 表示绿弯菌门、Gem 表示芽单胞菌门、Pla 表示浮霉菌门、Y 表示玉米产量; ns 表示相关关系不显著 ($P>0.05$), *和 ** 分别表示显著相关 ($P<0.05$) 和极显著相关 ($P<0.01$)。Note: Chl stands for Chloroflexi, Gem for Gemmatimonadetes, and Pla for Planctomycetes, Y for maize yield; ns indicates no significant correlation, * and ** indicates significant correlation at 0.05 and 0.01 levels, respectively.

3 讨论

3.1 不同物料添加对作物产量和土壤化学性质的影响

本研究结果表明, MT 处理玉米地上部生物量在所有处理中最低 (图 1), 一个可能的解释是木本泥炭富含大分子惰性有机质, 微生物很难分解利用, 养分难以释放, 这与 MT 处理玉米生育期的土壤呼吸速率处于最低水平相一致 (图 2)。此外, 由于木本泥炭具有较强的吸附能力, 导致土壤中养分离子难以被作物吸收利用, 从而导致产量降低^[15]。同时, R 和 RMT 处理玉米籽粒产量和地上生物量均与 CK 无显著差异。与前人的研究结果一致, 长期秸秆还田可提高作物产量^[16], 而短期秸秆还田对作物产量无显著影响^[17]。上述结果说明, 在潮土中单独施用秸秆或秸秆和木本泥炭联合施用可在短期内维持玉米产量不变, 甚至有增加的趋势, 而单独施用木本泥炭则显著降低玉米产量。

MT 和 RMT 处理的 SOM 含量显著增加, 而 R

处理则与 CK 类似 (表 1)。前人研究结果表明, 短期秸秆还田土壤有机质无显著变化, 连续 18 a 配施化肥和秸秆, 土壤有机质含量才显著提高^[6], 与本结果一致。施用木本泥炭土壤 SOM 可在短期内迅速提升, 这可能与 MT 材料结构稳定有关^[10]。R 和 RMT 处理的土壤呼吸速率均显著高于 MT 和 CK 处理 (图 1), 较强的呼吸速率意味着较高的土壤微生物活性, 施入土壤中的有机养分通过微生物碳代谢作用, 将有机质矿化为无机物供植物吸收利用, 有机质分解得更快。由此可以推测, RMT 中显著增加的 SOM 可能主要来自 MT 施用的直接贡献。与 CK 处理相比, AP 在 R 处理中显著降低, 而 AP 和 NO_3^- -N 在 MT 处理中显著升高 (表 1)。这主要是因为秸秆中有较高的 C:P 和 C:N, 在秸秆分解过程需要吸收土壤中的磷素和氮素, 木本泥炭本身含有的氮磷大于秸秆, 等碳量施用的情况下, 木本泥炭施入过程中带入土壤中的氮磷营养元素较多, 导致 AP 和 NO_3^- -N 含量显著升高, 这与前人^[18]的研究结果一致, 施入物料的性质不同会影响土壤养分含量; 此外, 木本泥炭属于泥炭的一种, 有研究表明泥炭具

有 95% 的孔隙率和 $200 \text{ m}^2 \cdot \text{g}^{-1}$ 比表面积, 具有优良的吸附能力, 能够吸附 N、P 等营养物质^[15, 19], 使得土壤中的 AP 和 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 被固定, 进而能够使土壤的 AP 和 $\text{NO}_3^- \text{-N}$ 含量升高。另一方面, MT 处理中最低的地上部生物量表示其吸收带走的土壤养分最低, 从而残留最高。

3.2 不同物料添加对细菌丰富度和多样性的影响

不同处理土壤细菌丰富度间无显著性差异。R 处理细菌多样性显著高于 CK 处理, 与前人^[20]的研究结果一致, 这可能是由于秸秆的加入为土壤带来大量易利用有机质, 促进土壤中丰富营养型微生物生长, 从而导致多样性升高。关于施用木本泥炭对细菌多样性的研究鲜有报道, 本研究结果表明, 土壤加入微生物难以利用的木本泥炭后, 细菌多样性同样显著高于 CK 处理。一个可能的解释是木本泥炭的加入有利于那些分解大分子有机物的贫瘠营养型微生物生长^[20], 导致多样性升高。有意思的是, RMT 处理中细菌多样性与 CK 差异未达显著水平。物料的性质会影响微生物群落组成和多样性^[18], 当微生物易利用的秸秆和难利用的木本泥炭加入后, 丰富营养型和贫瘠营养型细菌获取碳源能力和微生物群落功能与 CK 处理差异不显著(图 6), 导致细菌多样性维持在相似水平。与本结果类似, 有研究^[21]表明生物炭添加对土壤微生物多样性无显著影响。

3.3 不同物料添加对微生物群落组成的影响

与前人的研究结果相同, 放线菌门、变形菌门和绿弯菌门是该地区潮土的优势细菌^[22]。主成分分析的结果表明, RMT 处理与 CK 处理细菌群落组成相似, 而 R 和 MT 处理与 CK 处理细菌群落组成差异较大。在门水平上, 绿弯菌门和芽单胞菌门相对丰度在 R 处理中显著升高(图 4b))。与本研究结果类似, Yu 等^[23]采用高通量测序方法发现, 经过 6 a 连续秸秆还田后, 土壤中绿弯菌门相对丰度显著高于秸秆移除处理。Wegner 和 Liesack^[24]研究表明, 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^[22]研究表明, 芽单胞菌门在秸秆还田处理中显著升高, 此外, 芽单胞菌门可根据代谢需求调节对 C 和 N 的摄入量^[25], 表明其对不同土壤环境的广泛适应性。浮霉菌门相对丰度在 R 和 MT 处理中显著降低。研究表明浮霉菌门是一种贫瘠营养型细菌, 参与土壤碳氮循环, 在土壤有机质

分解中具有重要作用, 但生长速率慢^[26]。R 和 MT 处理中浮霉菌门相对丰度显著降低, 可能与两处理中土壤细菌多样性显著提高, 从而与生长较慢的浮霉菌门产生较强的竞争作用有关。

在属水平上, 与 CK 处理相比, R 处理中 *Actinomycetospora*、*Anaeromyxobacter*、*Arthrobacter*、*Azoarcus*、*Dactylosporangium*、*Phaeosporillum*、*Rubellimicrobium* 和 *Virgisporangium* 等 8 个属相对丰度显著升高(图 5)。其中 *Arthrobacter*、*Dactylosporangium* 和 *Rubellimicrobium* 在秸秆分解中具有重要作用, 能够分解纤维素、淀粉等^[27-28]。而 *Agromyces*、*Nocardia*、*Microbacterium* 和 *Nitrateductor* 等四个属相对丰度在 R 中显著降低。其中 *Agromyces*、*Nocardia* 和 *Microbacterium* 均属于放线菌门, 其在土壤有机质转化和溶磷方面具有重要作用^[29-30], 这与 R 处理土壤有效磷显著降低结果一致(表 1)。MT 处理中 *Agrobacterium*、*Arthrospira*、*Azoarcus*、*Cellulosimicrobium*、*Devosia*、*Luteimonas*、*Niastella*、*Nocardioides* 和 *Rubellimicrobium* 等 9 个属相对丰度显著升高(图 5)。其中 *Agrobacterium*、*Cellulosimicrobium*、*Devosia*、*Niastella*、*Nocardioides* 和 *Rubellimicrobium* 等 6 个属均具有分解纤维素、木质素、多环芳烃等大分子有机物的能力^[31-32]。RMT 处理与 CK 处理细菌属相对丰度变化不明显, 其中, 偏好高浓度碳环境的 *Arthrobacter* 和 *Niastella* 相对丰度显著升高, 而具有溶磷作用的 *Microbacterium* 和 *Ochrobactrum*^[33] 相对丰度显著降低, 这与 RMT 处理土壤有机质显著升高和有效磷较低结果一致(表 1)。

以上结果说明, 易利用的秸秆加入促进了土壤中秸秆降解细菌的生长, 但分解土壤有机质的细菌相对丰度则显著降低, 这种微生物群落变化也在一定程度上解释了 R 处理中较高的土壤呼吸速率以及较低的土壤有机质增加量; 难利用木本泥炭的加入导致土壤中降解大分子有机物的贫瘠营养型细菌相对丰度显著升高, 这与其较低的土壤呼吸速率及较高的土壤有机质增加量结果一致; 而秸秆和木本泥炭混合施用则对细菌群落组成影响较小。

3.4 不同物料添加对微生物功能的影响

细菌在土壤养分循环中起着重要作用, 其功能在一定程度上决定土壤肥力高低, 但同时易受外界环境条件如施肥的影响。在功能层面上对微生物群

落进行描述可以更深入地探讨环境变化产生的影响。本研究发现与 CK 处理相比, R 和 MT 处理中化能异养、需氧化能异养均有所降低。土壤中异养微生物比例的降低意味着自养微生物比例的升高, 本研究中绿弯菌门和芽单胞菌门在 R 处理中显著升高(图 4b)), 有研究表明^[34], 绿弯菌门和芽单胞菌门是可进行光合作用自养营养微生物, 微生物的竞争作用使得一类微生物增加会导致另一类微生物减少。相关性分析表明, 化能异养和需氧化能异养均与可光合作用的绿弯菌门和芽单胞菌门相对丰度成极显著负相关, 而与异养生长的浮霉菌门成显著正相关关系(表 2)。MT 处理中纤维素代谢功能显著高于 CK 和 R 处理, 而纤维素代谢功能与 SOC、AP 和 NO_3^- -N 均成显著正相关关系。这表明在木本泥炭施入后, MT 处理土壤中较高的土壤养分导致其仍具有较强的分解大分子有机质的能力。

与土壤氮循环相关的硝化功能、硝酸盐还原功能、尿素水解功能在不同处理间差异均达到显著水平, 其中硝化功能在 R 处理中最高。前人研究结果表明, 秸秆还田可刺激土壤中氨氧化细菌、氨氧化古菌等硝化细菌的生长^[35]。本研究硝化螺旋菌门在 R 处理中相对丰度最高(图 4b)), 硝化螺旋菌可将亚硝酸铵盐氧化成硝酸盐, 是典型的硝化细菌。硝酸盐还原功能在 MT 处理中最高, 且与 SOC 和 NO_3^- -N 含量成显著正相关。因此, MT 处理中较高的 NO_3^- -N 含量可能有利于硝酸盐还原细菌的生长。差异物种分析中, 在 MT 中显著升高的 *Azoarcus* 和 *Luteimonas* 均具有反硝化功能^[36-37]。尿素水解功能在 R 和 MT 处理中显著低于 CK 处理。与本研究结果不同, Wang 等^[38]发现连续 5 a 秸秆还田后, 土壤中尿酶活性随秸秆施入量的增加而升高。与之相似, Li 等^[39]在潮土区连续 9 a 秸秆还田后发现, 土壤中尿酶活性显著高于秸秆移除处理, 这些结果均是长期实验的结果, 而本研究是在短期内的变化。本研究结果表明, 秸秆和木本泥炭施入后, 短期内(当季)土壤尿素水解功能显著降低, 可能是因为 R 和 MT 处理的 C:N 高于 CK, 能够被微生物水解的氮素较少。

4 结 论

由于木本泥炭和秸秆两种有机物料本身性质的

差异, 造成了秸秆施用能够显著提高土壤呼吸, R 和 RMT 处理在玉米整个生育期的平均呼吸速率分别提高 40%和 64%; 而木本泥炭施用能够快速提高土壤有机质, MT 和 RMT 处理土壤有机质分别升高 79%和 56%, 但 MT 处理地上生物量降低 10%。此外, 在微生物群落结构和功能方面, 主要表现为施用秸秆的 R 处理提高了土壤中降解秸秆的菌群, 降低尿素代谢功能, 而施用木本泥炭的 MT 处理提高了土壤中降解大分子有机物的菌群和尿素代谢功能, 而二者配合施用对微生物群落和功能的影响不大。综合而言, 在潮土区秸秆和木本泥炭施用对作物产量、土壤养分、微生物群落结构和功能影响不同, 但二者配合施用有利于土壤肥力提升、维持稳定的微生物群落结构和功能, 同时消除了单独施用木本泥炭产量降低的消极影响。

参考文献 (References)

- [1] Nan X X, You D H, Tian X H, et al. Effect of returning of cropland straw to field on soil organic carbon and grain yield in Guanzhong Plain. *Acta Agriculturae Boreali Sinica*, 2011, 26 (5): 222—229. [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. *华北农学报*, 2011, 26 (5): 222—229.]
- [2] Li F, Xin X L, Zhang C Z, et al. Soil enzyme levels in fluvo-aueic soil with different long-term fertilization in North China Plain. *Ecology and Environment Science*, 2015, 24 (6): 984—991. [李芳, 信秀丽, 张丛志, 等. 长期不同施肥处理对华北潮土酶活性的影响. *生态环境学报*, 2015, 24 (6): 984—991.]
- [3] Xia M, Zhao B Z, Hao X Y, et al. Soil quality in relation to agricultural production in the North China Plain. *Pedosphere*, 2015, 25 (4): 592—604.
- [4] 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. *Acta Ecologica Sinica*, 2014, 34 (17): 5052—5061. [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. *生态学报*, 2014, 34 (17): 5052—5061.]
- [5] Zhao B Z, Chen J, Zhang J B, et al. Soil microbial biomass and activity response to repeated drying–rewetting cycles along a soil fertility gradient modified by long-term fertilization management practices. *Geoderma*, 2010, 160 (2): 218—224.
- [6] Sun Y L, Liu Q. Soil fertilities and its relationship to maize productivity in the North China Plain. *Soils*, 2009, 41 (2): 274—277. [孙叶林, 刘勤. 黄淮海平原封丘县

- 土壤肥力变异与农田生产力相关研究. *土壤*, 2009, 41 (2): 274—277.]
- [7] Xia H Y, Wang K R, Zhao Q L, et al. Effects of straw addition on decomposition, transformation and composition of soil organic carbon pool. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2014, 22 (4): 386—393. [夏海勇, 王凯荣, 赵庆雷, 等. 秸秆添加对土壤有机碳库分解转化和组成的影响. *中国生态农业学报*, 2014, 22 (4): 386—393.]
- [8] Meng X M, Ma X H, Cui B S. Current situation and prospect of peat utilization in agriculture. *Research of Agricultural Modernization*, 2000, 21(3): 187—191. [孟宪民, 马学慧, 崔保山. 泥炭资源农业利用现状与前景. *农业现代化研究*, 2000, 21 (3): 187—191.]
- [9] Xu J S, Zhao B Z, Zhang J B. Effects of long-term application of organic manure and chemical fertilizer on structure of humic acid in fluvo-aquic soil. *Acta Pedologica Sinica*, 2017, 54 (3): 647—656. [徐基胜, 赵炳梓, 张佳宝. 长期施有机肥和化肥对潮土胡敏酸结构特征的影响. *土壤学报*, 2017, 54 (3): 647—656.]
- [10] Zheng Y Y, Zhang J J, Tan J, et al. Chemical composition and structure of humus relative to sources. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56 (2): 386—397. [郑延云, 张佳宝, 谭军, 等. 不同来源腐殖质的化学组成与结构特征研究. *土壤学报*, 2019, 56 (2): 386—397.]
- [11] Six J, Conant R T, Paul E A, et al. Stabilization mechanisms of soil organic matter: Implications for C-saturation of soils. *Plant and Soil*, 2002, 241 (2): 155—176.
- [12] Shu H, Shi G R, Tan J. Effects of exogenous organic carbon on the stability of water stable aggregates in tobacco growing soil. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2017, 23 (6): 20—23. [舒灏, 石国荣, 谭军. 外源有机碳对植烟土壤水稳性团聚体稳定性的影响. *天津农业学报*, 2017, 23 (6): 20—23.]
- [13] Lu R K. Analytical methods for soil and agro-chemistry. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000. [鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000.]
- [14] Ma L, Guo Z B, Wang D Z, et al. Effect of long-term application of phosphorus fertilizer on soil bacterial community structure and enzymatic activity in lime concretion black soil relative to P application rate. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56 (6): 1459—1470. [马垒, 郭志彬, 王道中, 等. 长期三水平磷肥施用梯度对砂姜黑土细菌群落结构和酶活性的影响. *土壤学报*, 2019, 56 (6): 1459—1470.]
- [15] Chen S, Nie H B, Tan J, et al. Effect of wood peat on greenhouse tomato growth and soil improvement. *China Vegetables*, 2015 (10): 42—46. [陈硕, 聂海斌, 谭钧, 等. 木本泥炭促进设施番茄生长和改良土壤的效果. *中国蔬菜*, 2015 (10): 42—46.]
- [16] E S Z, Ding N P, Li L L, et al. Relationship of crop yield with long-term fertilization and soil organic carbon and total nitrogen in black loessial soil region on the Loess Plateau in China. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29 (12): 4047—4055. [俄胜哲, 丁宁平, 李利利, 等. 长期施肥条件下黄土高原黑垆土作物产量与土壤碳氮的关系. *应用生态学报*, 2018, 29 (12): 4047—4055.]
- [17] Li L J, Yang Z F, Li W G, et al. Effect of direct straw return on crop yield in season. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2000, 28 (4): 450—457. [李录久, 杨哲峰, 李文高, 等. 秸秆直接还田对当季作物产量效应. *安徽农业科学*, 2000, 28 (4): 450—457.]
- [18] Wang Y H, Yu Z H, Li Y S, et al. Microbial association with the dynamics of particulate organic carbon in response to the amendment of elevated CO₂-derived wheat residue into a mollisol. *Science of the Total Environment*, 2017, 607: 972—981.
- [19] Shen Y L. Several cheap adsorbents in waste water treatment. *Chongqing Environmental Science*, 1995, 17 (3): 49—53. [沈耀良. 废水处理中的几种廉价吸附剂. *重庆环境科学*, 1995, 17 (3): 49—53.]
- [20] Li F, Chen L, Zhang J B, et al. Bacterial community structure after long-term organic and inorganic fertilization reveals important associations between soil nutrients and specific taxa involved in nutrient transformations. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8, DOI: 10.3389/fmicb.2017.00187.
- [21] Nguyen T T N, Wallace H M, Xu C Y, et al. The effects of short term, long term and reapplication of biochar on soil bacteria. *Science of the Total Environment*, 2018, 636: 142—151.
- [22] Navarro-Noya Y E, Gomez-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. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 65: 86—95.
- [23] Yu D, Wen Z G, Li X M, et al. Effects of straw return on bacterial communities in a wheat-maize rotation system in the north china plain. *PLoS One*, 2018, 13 (6): e0198087.
- [24] Wegner C E, Liesack W. Microbial community dynamics during the early stages of plant polymer breakdown in paddy soil. *Environmental Microbiology*, 2016, 18 (9): 2825—2842.
- [25] Cederlund H, Wessen E, Enwall K, et al. Soil carbon quality and nitrogen fertilization structure bacterial communities with predictable responses of major bacterial phyla. *Applied Soil Ecology*, 2014, 84: 62—68.
- [26] Bei S K, Zhang Y L, Li T T, et al. Response of the soil microbial community to different fertilizer inputs in a

- wheat-maize rotation on a calcareous soil. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 2018, 260: 58—69.
- [27] Fan F L, Yin C, Tang Y J, et al. Probing potential microbial coupling of carbon and nitrogen cycling during decomposition of maize residue by ^{13}C -DNA-SIP. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 70: 12—21.
- [28] Wang J, Bao J T, Su J Q, et al. Impact of inorganic nitrogen additions on microbes in biological soil crusts. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 88: 303—313.
- [29] Chang Y C, Choi D, Takamizawa K, et al. Isolation of bacillus sp strains capable of decomposing alkali lignin and their application in combination with lactic acid bacteria for enhancing cellulase performance. *Bioresource Technology*, 2014, 152: 429—436.
- [30] Pathma J, Sakthivel N. Molecular and functional characterization of bacteria isolated from straw and goat manure based vermicompost. *Applied Soil Ecology*, 2013, 70: 33—47.
- [31] Lian T X, Jin J, Wang G H, et al. The fate of soybean residue-carbon links to changes of bacterial community composition in mollisols differing in soil organic carbon. *Soil Biology & Biochemistry*, 2017, 109: 50—58.
- [32] Sundman V. Ability of alpha-conidendrin-decomposing agrobacterium strains to utilize other lignans and lignin-related compounds. *Journal of General Microbiology*, 1964, 36 (2): 185—201.
- [33] Meena V S, Meena S K, Verma J P, et al. Plant beneficial rhizospheric microorganism (PBRM) strategies to improve nutrients use efficiency: A review. *Ecological Engineering*, 2017, 107: 8—32.
- [34] Buttrfield N J. Proterozoic Photosynthesis a Critical Review. *Palaeontology*, 2015, 58 (6): 953—972.
- [35] Sun R B, Guo X S, Wang D Z, et al. Effects of long-term application of chemical and organic fertilizers on the abundance of microbial communities involved in the nitrogen cycle. *Applied Soil Ecology*, 2015, 95: 171—178.
- [36] Yu Z H, Liu J J, Li Y S, et al. Impact of land use, fertilization and seasonal variation on the abundance and diversity of nirs-type denitrifying bacterial communities in a mollisol in northeast China. *European Journal of Soil Biology*, 2018, 85: 4—11.
- [37] Zhang X M, Zhang Q, Liang B, et al. Changes in the abundance and structure of bacterial communities in the greenhouse tomato cultivation system under long-term fertilization treatments. *Applied Soil Ecology*, 2017, 121: 82—89.
- [38] Wang X J, Jia Z K, Liang L Y, et al. Changes in soil characteristics and maize yield under straw returning system in dryland farming. *Field Crops Research*, 2018, 218: 11—17.
- [39] Li C X, Ma S C, Shao Y, et al. Effects of long-term organic fertilization on soil microbiologic characteristics, yield and sustainable production of winter wheat. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 17 (1): 210—219.

(责任编辑: 陈荣府)