

DOI: 10.11766/trxb202503120112

CSTR: 32215.14.trxb202503120112

俞子洲, 郭自春, 丁天宇, 王道中, 花可可, 郭志彬, 高磊, 彭新华. 长期施肥下砂姜黑土矿物结合态有机碳 (MAOC) 源解析[J]. 土壤学报, 2026, 63 (3): 812–822.

YU Zizhou, GUO Zichun, DING Tianyu, WANG Daozhong, HUA Keke, GUO Zhibin, GAO Lei, PENG Xinhua. Origins of Mineral-associated Organic Carbon (MAOC) Under Long-term Fertilization in a Vertisol[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026, 63 (3): 812–822.

长期施肥下砂姜黑土矿物结合态有机碳 (MAOC) 源解析*

俞子洲^{1, 2}, 郭自春^{1†}, 丁天宇^{1, 2}, 王道中³, 花可可³, 郭志彬³, 高磊¹, 彭新华⁴

(1. 土壤与农业可持续发展全国重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 211135; 2. 中国科学院大学南京学院, 南京 211135; 3. 安徽省农业科学院土壤肥料研究所, 合肥 230001; 4. 北方干旱半干旱耕地高效利用全国重点实验室(中国农业科学院农业资源与农业区划研究所), 北京 100081)

摘要: 土壤碳库中矿物结合态有机碳 (Mineral-associated Organic Carbon, MAOC) 的稳定性高, 其组分比例的增加对提升耕地质量具有至关重要的意义。尽管长期施肥显著提升了砂姜黑土 MAOC 在土壤有机碳 (Soil Organic Carbon, SOC) 中的占比, 但 MAOC 中植物与微生物源碳的积累特征及其对 SOC 的相对贡献尚不明确。本研究依托砂姜黑土长期施肥定位试验 (1982—), 采用生物标志物法和化学计量学法, 探究了不同施肥措施[对照 (CK)、单施化肥 (NPK)、秸秆半量还田与化肥配施 (NPKLS) 和秸秆全量还田与化肥配施 (NPKHS)]下耕层 (0~20 cm) 土壤 MAOC 中植物和微生物源碳的累积特征与相对贡献。结果表明, 与 CK 处理相比, NPKHS 和 NPKLS 处理使 MAOC 含量显著提高 29.6%~54.3% ($P < 0.05$), 且 MAOC 与 SOC ($R^2=0.95$, $P < 0.05$) 和碳投入量 ($R^2=0.98$, $P < 0.01$) 均呈显著线性正相关。植物源组分中, NPKHS 处理下香草基酚类 (Vanillyl phenols, V) 和丁香基酚类 (Syringyl phenols, S) 的含量相较于 CK 分别增加了 14.8% 和 13.3%, S/V 和肉桂基酚类 (Cinnamyl phenols, C) 与香草基酚类之比 C/V 降低了 1.27%~9.46%, 但酸醛比 (Ad/Al)_V 和 (Ad/Al)_S 差异不显著 ($P > 0.05$)。微生物源组分中, NPKHS 处理显著提高了氨基糖含量, 与 CK 处理相比增幅高达 91.4% ($P < 0.05$)。其中, 真菌残体碳 (fungal necromass carbon, FNC) 和细菌残体碳 (bacterial necromass carbon, BNC) 含量分别增加了 92.7% 和 48.5%, 并且真菌残体碳维持绝对优势 (FNC/BNC=4.39)。生物标志物法表明微生物源碳贡献率高达 72.6%~73.4%, 而化学计量学法显示植物源碳贡献为 74.0%~82.6%。与以往的草地/森林生态系统研究结果 (53%~65%) 相比, 化学计量学法可能高估了植物源碳的贡献。综上, 长期施肥主要通过增加微生物源碳积累促进了砂姜黑土 MAOC 的形成和稳定, 对砂姜黑土区秸秆资源高效利用和耕地质量提升具有重要意义。

关键词: 砂姜黑土; 矿物结合态有机碳; 施肥; 木质素酚; 氨基糖; 化学计量学

中图分类号: S154.2 **文献标志码:** A

* 国家重点研发计划项目 (2023YFD1900201, 2023YFD1900204) 和中国科学院南京土壤研究所自主部署项目 (ISSASIP2214) 资助
Supported by the National Key Research and Development Program of China (Nos.2023YFD1900201, 2023YFD1900204), and the Self-deployed Project of Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences (No.ISSASIP2214)

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

作者简介: 俞子洲, 男, 硕士研究生, 研究方向为耕地质量提升与固碳。E-mail: yuzizhou@issas.ac.cn

收稿日期: 2025-03-12; 收到修改稿日期: 2025-06-24; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2025-08-04

Origins of Mineral-associated Organic Carbon (MAOC) Under Long-term Fertilization in a Vertisol

YU Zizhou^{1,2}, GUO Zichun^{1†}, DING Tianyu^{1,2}, WANG Daozhong³, HUA Keke³, GUO Zhibin³, GAO Lei¹, PENG Xinhua⁴

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Nanjing, Nanjing 211135, China; 3. Soil and Fertilizer Institute, Anhui Academy of Agricultural Science, Hefei 230001, China; 4. State Key Laboratory of Efficient Utilization of Arable Land in China, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, PR China)

Abstract: 【Objective】Mineral-associated organic carbon (MAOC) constitutes the largest and most stable fraction of soil organic carbon (SOC), and increasing its proportion is essential for improving soil quality. Although long-term fertilization has significantly increased the MAOC proportion in SOC in Shajiang black soil, the accumulation patterns of plant- and microbial-derived carbon within MAOC, as well as their relative contributions to SOC, remain unclear. Therefore, this study aims to explore the accumulation characteristics of plant- and microbial-derived carbon and their contribution to MAOC in the 0-20 cm soil depth of Shajiang black soil under long-term fertilization. 【Method】Based on a 34-year field experiment, four treatments were established (no fertilizer and wheat straw return as CK, mineral fertilizer as NPK, mineral fertilizer with half amount of wheat straw return as NPKLS, and mineral fertilizer with full amount of wheat straw return as NPKHS). Biomarkers and chemometric methods were used to investigate the effects of long-term fertilization on plant and microbial-derived carbon in MAOC. 【Results】The results reveal that compared to CK treatment, NPKHS and NPKLS treatments significantly increased the content of MAOC by 29.6% to 54.3% ($P < 0.05$), with MAOC exhibiting a significant linear positive correlation with SOC ($R^2 = 0.95$, $P < 0.05$) and carbon input ($R^2 = 0.98$, $P < 0.01$). In terms of plant-derived components, the NPKHS treatment induced an increase of 14.8% and 13.3% in the contents of Vanillyl (V) and Syringyl (S) phenols, respectively, while the S/V and C/V ratios decreased by 1.27% to 9.46%. However, the differences in the acid-to-aldehyde ratios (Ad/Al)_V and (Ad/Al)_S were not significant ($P > 0.05$). For microbial-derived components, NPKHS treatment significantly elevated the amino sugar content, with an increase of up to 91.4% compared to the control ($P < 0.05$). Specifically, the contents of fungal residual carbon (FNC) and bacterial residual carbon (BNC) increased by 92.7% and 48.5%, respectively, with fungal necromass dominating (FNC/BNC=4.39). Biomarker analysis indicated that the microbial-derived carbon contribution rate was as high as 72.6% to 73.4%, whereas chemometric methods suggested that the plant-derived carbon contribution ranged from 74.0% to 82.6%. Compared to previous studies on grassland/forest ecosystems (53% to 65%), this proportion appears somewhat unreasonable, suggesting that the chemometric method may have overestimated the contribution from plant sources. 【Conclusion】Our findings indicate that long-term fertilization enhances the accumulation and stability of MAOC in Shajiang black soil primarily by increasing microbial-derived carbon content. This study provides an important reference for the efficient utilization of straw resources and for improving the quality of cultivated land in the Shajiang black soil region.

Key words: Shajiang black soil; Mineral-associated organic carbon; Fertilization; Lignin phenol; Amino sugar; Chemometrics

土壤矿物结合态有机碳 (mineral-associated organic carbon, MAOC) 因附着于矿物表面或被团聚体包埋而不易分解, 具有较长的留存时间, 是土壤有机碳 (soil organic carbon, SOC) 中最稳定的碳库^[1-2]。据估算, 全球土壤 MAOC 的总量约为 840~1540 Pg C, 占 SOC 的 65%以上^[3], 是土壤长期碳固存的关键组分^[4]。因此, MAOC 的研究得到了广泛

关注。提升 SOC, 尤其是 MAOC 的含量, 是实现耕地质量提升的重要途径。

基于木质素酚 (植物残体标志物) 和氨基糖 (微生物残体标志物) 的生物标志物研究表明, 微生物残体碳对 MAOC 累积起重要作用。例如, Ludwig 等^[5]通过计算半乳糖+甘露糖与阿拉伯糖+木糖的比例 (GM/AX, >2 为微生物优势值), 发现农田 MAOC

中的 GM/AX 比值为 2.3, 表明微生物残体贡献超过 50%。Angst 等^[6]的 Meta 分析指出农田 MAOC 中 44.1% 直接来源于微生物残体。Kang 等^[7]发现红壤和黑土微生物源碳占 MAOC 的比例分别为 78.1% 和 51.5%。然而, 在部分生态系统中植物源输入被证实为 MAOC 的主要来源。苏兴雷等^[8]分析表明, 水田和林地土壤中植物源的 MAOC 占比 (50.1% 和 49.3%) 显著高于微生物源 (40.4% 和 41.0%), 而旱地土壤中二者贡献相近 (44.5% VS. 44.2%)。Zou 等^[9]则发现长期施肥和不施肥潮土中植物源的 MAOC 占比 (17%~21%) 显著高于微生物源 (9%~11%)。上述研究表明, MAOC 碳源累积途径在不同生态系统和土壤类型中存在显著差异。

在农田生态系统中, 长期施肥可通过影响作物根系生长及根茬还田量, 进而改变木质素酚和氨基糖在全土中的累积特征^[10]。然而, 也有研究表明, 相较于不施肥, 长期施肥显著提高了全土中木质素酚的含量, 但对氨基糖的含量影响并不显著^[9, 11]。一些长期定位试验进一步发现, 作物秸秆还田可能会驱动微生物生活史策略改变, 从而在不同程度上促进木质素酚在土壤中的保留以及微生物残体的积累^[12], 导致其对 SOC 的来源贡献存在显著差异。值得注意的是, 植物和微生物残体对全土 SOC 的贡献, 并不能完全反映它们对 MAOC 的贡献^[9]。因此, 长期单施化肥与秸秆还田如何调控 MAOC 中木质素酚和氨基糖的累积特征及其对 SOC 的相对贡献, 仍需要进一步深入探讨。

生物标志物法是目前估算植物与微生物源碳对 MAOC 贡献的主要手段, 但其依赖的氨基糖转化系数在复杂土壤环境中的不确定性限制了结果的普适性^[13]。为了克服此局限, Chang 等^[14]基于化学计量学二元混合模型 (纳入 MAOC、颗粒态有机碳 (particulate organic carbon, POC) 及微生物生物量的 C/N 比数据), 提出了新的源解析方法, 结果表明植物源碳对 MAOC 的贡献 (53%~66%) 显著高于微生物源 (34%~47%), 挑战了微生物残体主导 MAOC 积累的假设。然而, 该模型因假设植物与微生物 C/N 比固定不变, 可能导致解析误差^[15]。因此, 亟需结合实测数据对生物标志物法与化学计量学法进行比较, 通过多角度验证提升 MAOC 来源解析的可靠性。

淮北平原砂姜黑土是我国典型的中低产田之

一。尽管其土体颜色黑、腐殖化程度高, 但 SOC 含量偏低 ($<15 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 且质量较差^[16], 其较高的黏粒含量 (以 2:1 型膨胀性黏土矿物蒙脱石为主), 为 MAOC 提供了大量吸附位点。前期研究发现, 与不施肥处理相比, 长期单施化肥和秸秆还田均显著增加了砂姜黑土 MAOC 的含量及其在 SOC 中的比例^[17], 但植物和微生物残体如何贡献于 MAOC 尚不清楚。基于此, 本研究采用生物标志物法 (木质素酚、氨基糖) 与化学计量学法 (C/N 比模型), 依托砂姜黑土 34 年的施肥定位试验, 探讨长期施肥下植物与微生物源碳对 MAOC 的相对贡献, 并评估两种方法在源解析中的一致性, 以期为准北平原砂姜黑土有机碳提升和秸秆还田管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本试验依托农业农村部蒙城砂姜黑土生态环境重点野外观测站 (33°13' N, 116°35' E)。该地区属暖温带半湿润季风气候, 年平均降水量 872 mm, 年平均气温 14.8 °C。试验地土壤类型为河湖相石灰性沉积物发育的砂姜黑土, 美国土壤系统分类名称为变性土^[18]。试验初始年 (1982 年) 耕层土壤基础理化性质为: 容重 $1.45 \text{ g}\cdot\text{cm}^{-3}$ 、SOC $5.86 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、全氮 $0.96 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、全磷 $0.28 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、pH 7.40。

1.2 试验设计

自 1982 年起, 试验地实行冬小麦-夏大豆一年两熟轮作制度, 仅于 1994—1997 年夏季改种玉米。试验采用随机完全区组设计, 设置对照 (CK)、单施化肥 (NPK)、小麦秸秆半量还田与化肥配施 (NPKLS) 和小麦秸秆全量还田与化肥配施 (NPKHS) 4 种处理。每种处理设置 4 个重复, 共 16 个小区, 小区面积为 75 m^2 ($15 \text{ m}\times 5 \text{ m}$)。试验期间施用的氮、磷、钾肥分别为尿素、过磷酸钙和氯化钾, NPK、NPKLS 和 NPKHS 处理 NPK 肥施用量相等, 分别为 $\text{N } 180 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 、 $\text{P}_2\text{O}_5 \text{ } 206 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 和 $\text{K}_2\text{O } 163 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。NPKLS 和 NPKHS 处理下小麦秸秆还田量分别为 $3 \text{ } 750$ 和 $7 \text{ } 500 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。化肥和秸秆均于秋季小麦种植前一次性施入各处理小区, 人工或机械耕翻, 使其与土壤充分混匀。大豆生长季不施用任何肥料。

1.3 样品采集与分析

于 2016 年 6 月小麦收获后, 按照五点法使用土钻在每个小区内采集 0~20 cm 土层原状土壤, 混匀后形成混合样品。去除石块和根系后, 将样品分为两份: 一份室内自然阴干, 用于 SOC 物理分组、MAOC 和 POC 全碳 (total carbon, TC) 和全氮 (total nitrogen, TN) 以及 MAOC 木质素和氨基糖的测定; 另一份于 4 °C 保存, 过筛后用于测定全土微生物生物量碳 (microbial biomass carbon, MBC) 和微生物生物量氮 (microbial biomass nitrogen, MBN)。

SOC 物理分组: 采用 Cambardella 等^[19]提出的物理分组法, 将 SOC 分为 POC 和 MAOC。具体步骤如下: 称取过 2 mm 筛的风干土样 10 g 于 250 mL 锥形瓶中, 加入 0.5% 的六偏磷酸钠溶液 150 mL, 使用往复式振荡机以 200 r·min⁻¹ 的转速振荡 18 h。将土壤悬液过 53 μm 筛, 并用蒸馏水反复冲洗。其中, 留在筛中的部分为 POC, 过滤到筛网下的部分为 MAOC。将两部分收集后使用鼓风式烘箱以 50 °C 烘干至恒重。

POC 和 MAOC 中全碳和全氮的含量采用自动分析仪干烧法进行测定。全土 MBC 和 MBN 含量采用氯仿熏蒸法测定^[20]。

木质素酚含量采用 Otto 和 Simpson^[21]提出的方法测定。具体步骤如下: 称取适量样品于四氟乙烯反应釜中, 依次加入 1 g 氧化铜、100 mg 硫酸亚铁铵固体和 15 mL 2 mol·L⁻¹ 氢氧化钠溶液, 在 170 °C 下加热 2.5 h 水解。水解液冷却至室温后加入 400 μL 乙基香草醛溶液, 离心取上清液, 调 pH<1 并放置于暗处 1 h。用 10 mL 乙酸乙酯萃取 3 次, 合并萃取液并用氮气吹干。加入 100 μL 吡啶和 400 μL BSTFA, 在 70 °C 下反应 3 h。冷却后采用气相色谱-质谱联用仪定量, 测定香草基酚类 (Vanillyl phenols, V)、丁香基酚类 (Syringyl phenols, S) 和肉桂基酚类 (Cinnamyl phenols, C) 单体的含量, 木质素酚含量即 3 种酚类单体含量之和。植物源碳对 MAOC 的相对贡献 (P) 参考 Chen 等^[22]的方法, 计算公式如下:

$$P = \frac{\left(\frac{V}{33\%} + \frac{S}{90\%} + C \right)}{N \times \text{MAOC}} \times 100\% \quad (1)$$

式中, V、S、C 分别代表 V、S、C 型酚类的碳含量 (mg·kg⁻¹); 33.3% 和 90% 分别代表该方法所能提取的 V 型和 S 型酚类的比例; N 代表主要植物残体中木质素的最低含量 (取 22.9%)。S 型与 V 型酚类和 C 型与 V 型酚类之比 (S/V、C/V) 用以评估木质素的生物转化程度, 转化程度随比值的降低而增大; V 型和 S 型酚类中酸类和醛类单体之比 ((Ad/Al)_v 和 (Ad/Al)_s) 则被用于评估木质素的降解程度, 降解程度随比值的升高而增大。

氨基糖含量的测定采用 Zhang 和 Amelung^[23]提出的糖脲乙酰酯衍生气相色谱法测定: 称取适量样品, 采用 6 mol·L⁻¹ 盐酸溶液, 在 105 °C 下水解 8 h。向水解液加入 200 μg N-甲基氨基葡萄糖溶液, 离心取上清液, 调节 pH 至 6.6~6.8。加入 0.3 mL 衍生试剂 (含 320 mg 盐酸羟胺和 400 mg 4-二甲基氨基吡啶, 用 4:1 (V:V) 吡啶-甲醇溶液溶解并稀释至 10 mL), 在 80 °C 下水浴 25 min, 冷却后加入 1.5 mL 二氯甲烷。加入 1 mL 1 mol·L⁻¹ HCl, 涡旋, 取下层有机相, 氮气吹干后溶解于 300 μL 乙酸乙酯-正己烷混合溶剂 (V/V=1:1), 采用气相色谱质谱联用仪测定氨基葡萄糖 (Glucosamine, GluN)、氨基半乳糖 (Galactosamine, GalN) 和胞壁酸 (Muramic acid, MurN) 含量。氨基糖含量为这 3 种单体含量之和。真菌残体碳 (fungal necromass carbon, FNC, mg·kg⁻¹) 和细菌残体碳 (bacterial necromass carbon, BNC, mg·kg⁻¹) 的含量采用 Appuhn 和 Joergensen^[24]的方法, 计算公式如下:

$$\text{FNC} = \frac{(\text{GluN}/179.17 - 2 \times \text{MurN}/251.23) \times 179.17 \times 9}{179.17 \times 9} \quad (2)$$

$$\text{BNC} = \text{MurN} \times 45 \quad (3)$$

式中, 假设细菌细胞中 GluN 物质的量为 MurN 的 2 倍; GluN 和 MurN 分别为氨基葡萄糖和胞壁酸的含量 (mg·kg⁻¹); 179.17 和 251.23 分别为 GluN 和 MurN 的分子量; 将 GluN 含量转化至真菌残体碳含量的转化系数为 9; 将 MurN 含量转化至细菌残体碳含量的转化系数为 45。

为了与微生物标志物方法定量植物和微生物残体对 MAOC 的贡献比较, 本研究采用了 Chang 等^[14]提出的化学计量学方法:

$$f = \frac{[N/(C+N)]_{\text{MANOM}} - [N/(C+N)]_{\text{POM}}}{[N/(C+N)]_{\text{Microbe}} - [N/(C+N)]_{\text{POM}}} \quad (4)$$

式中, $[N/(C+N)]_{\text{MAOM}}$ 为矿物结合态有机质 (mineral-associated organic matter, MAOM) 中 N 的相对丰度; $[N/(C+N)]_{\text{POM}}$ 为颗粒态有机质 (particulate organic matter, POM) 中 N 的相对丰度; $[N/(C+N)]_{\text{Microbe}}$ 为微生物生物量中 N 的相对丰度; 微生物源碳对 MAOC 的贡献为 f ; 植物源碳对 MAOC 的贡献为 $1-f$ 。

1.4 碳投入

试验地外源有机碳输入主要包括作物根茬碳 (根系+秸秆残茬, $C_{\text{root+stubble}}$) 和秸秆碳 (C_{straw}), 每年的碳投入量 (C_{input}) 参考 Guo 等^[17]的方法进行计算, 计算公式如下:

$$C_{\text{input}} = C_{\text{root+stubble}} + C_{\text{straw}} \quad (5)$$

$$C_{\text{root+stubble}} = \left((Y_{\text{grain}} + Y_{\text{straw}}) \times R \times R_{\text{root}} + R_{\text{stubble}} \times Y_{\text{straw}} \right) \times (1-W) \times \text{OC}_{\text{crop}} \div 1000 \quad (6)$$

$$C_{\text{straw}} = B_{\text{straw}} \times \text{OC}_{\text{straw}} \quad (7)$$

式中, Y_{grain} 和 Y_{straw} 分别为作物籽粒和秸秆的产量 ($\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$), 小麦和大豆的秸秆与籽粒之比分别为 1.1 和 1.6; R 为根系生物量与地上总生物量之比 (小麦和大豆分别为 0.429 和 0.235); R_{root} 为 0~20 cm 土层内根系的比例 (小麦和大豆分别为 0.753 和 0.984); R_{stubble} 为残茬系数 (小麦和大豆分别为 0.13 和 0.15); W 为作物风干后的含水量 (14%); OC_{crop} 为作物风干后的含碳量 (小麦和大豆分别为 $399 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $453 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$); B_{straw} 为秸秆生物量 ($\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$); OC_{straw} 为小麦秸秆的含碳量 ($482 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$)。

1.5 数据处理与统计分析

所有试验数据采用 SPSS 26.0 软件进行单因素方差分析, 并基于 Duncan 法进行处理间的多重比较, 显著性水平为 $P < 0.05$ 。图形的绘制采用 Origin 2024b。

2 结 果

2.1 长期施肥对砂姜黑土 MAOC 含量的影响及其与碳投入量和 SOC 的关系

长期施肥显著增加了外源碳投入量 (图 1a),

各处理年均碳输入量依次为: NPKHS ($4.39 \text{ Mg}\cdot\text{hm}^{-2}\cdot\text{a}^{-1}$) > NPKLS ($3.24 \text{ Mg}\cdot\text{hm}^{-2}\cdot\text{a}^{-1}$) > NPK ($2.16 \text{ Mg}\cdot\text{hm}^{-2}\cdot\text{a}^{-1}$) > CK ($0.23 \text{ Mg}\cdot\text{hm}^{-2}\cdot\text{a}^{-1}$), 且处理间差异达显著水平 ($P < 0.001$)。秸秆还田处理下 MAOC 含量较 CK 显著提升 54.3% (NPKHS) 及 29.6% (NPKLS) (图 1b, $P < 0.05$)。MAOC 含量与 SOC 呈显著线性正相关 (图 1c, $P < 0.05$), 其直线斜率为 0.694, 即 SOC 每增加 $1.00 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, MAOC 提高 $0.694 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。此外, MAOC 与年均碳投入量也呈显著线性正相关 (图 1d, $P < 0.01$), 表明砂姜黑土矿物结合态碳库仍处于不饱和状态。

2.2 长期施肥对 MAOC 中木质素酚及其单体含量的影响

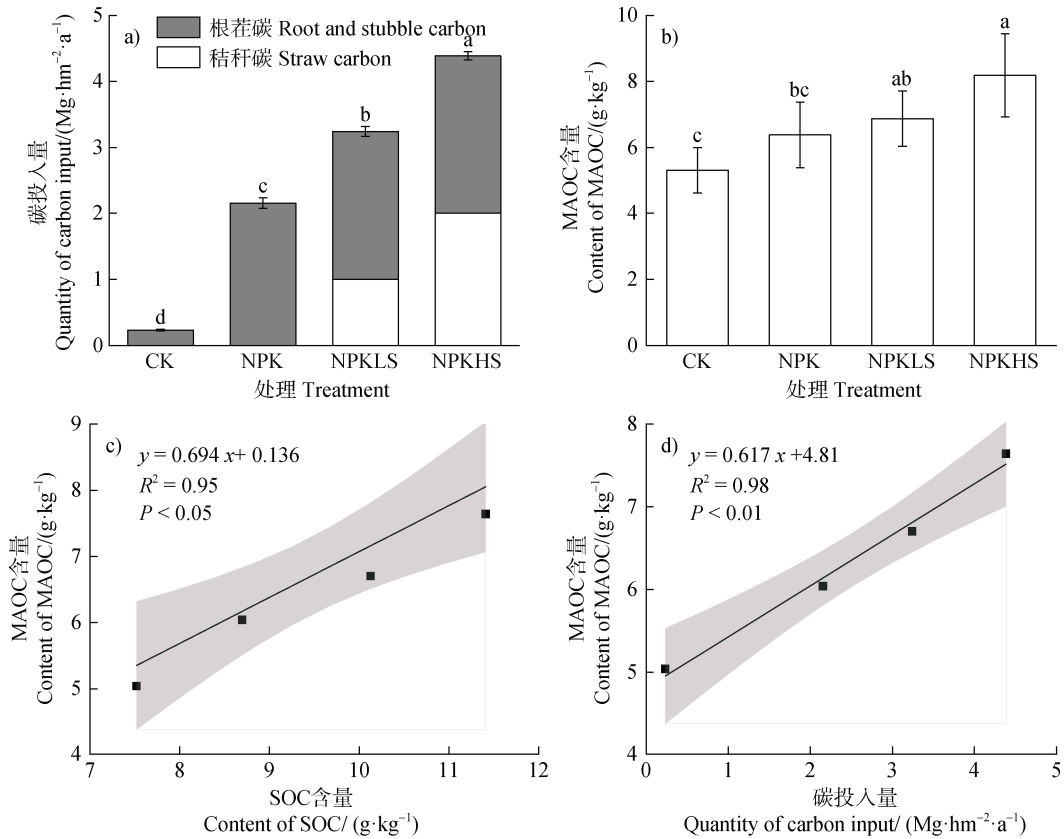
长期施肥显著改变了植物源碳的化学组成 (图 2a)。与 CK 相比, NPKHS 处理使 MAOC 中木质素酚含量增加了 11.7% ($P < 0.05$), 其中香草基酚类 (V) 与丁香基酚类 (S) 分别提升 14.8% 和 13.3% ($P < 0.05$), 而肉桂基酚类 (C) 无显著变化。木质素分解程度参数显示, NPKHS 处理下 S/V 与 C/V 比值较 CK 分别降低了 1.27% 和 9.46% ($P < 0.05$), 但氧化度指标 (Ad/Al)_v (0.89~0.91) 和 (Ad/Al)_s (1.23~1.25) 各处理间差异不显著 ($P > 0.05$)。

2.3 长期施肥对 MAOC 中氨基糖及微生物残体碳含量的影响

长期施肥显著促进微生物残体向 MAOC 的转化 (图 3)。与 CK 相比, NPKHS 和 NPKLS 处理使氨基糖含量分别提升 91.4% 和 77.0% ($P < 0.05$) (图 3a)。其中, 秸秆还田 (NPKLS 和 NPKHS) 下氨基葡萄糖 (GluN) 含量与 CK 和 NPK 处理相比分别提升 89.9%~107% 和 26.3%~38.0% ($P < 0.05$)。同时, NPKHS 处理下氨基半乳糖 (GalN) 和胞壁酸 (MurN) 含量相较于 NPK 处理分别增加 23.4% 和 37.7% ($P < 0.05$), 但 NPKLS 处理与 NPK 处理间无显著差异 ($P > 0.05$)。NPKLS 处理下真菌残体碳 (FNC) 和细菌残体碳 (BNC) 相较于 CK 分别提升 92.7% 和 48.5% ($P < 0.05$) (图 3b)。NPKHS 处理下 BNC 含量较 NPKLS 进一步增加了 34.6%, 而 FNC 无显著差异 ($P > 0.05$)。

2.4 长期施肥对微生物生物量碳氮及 POM 和 MAOM 中全碳和全氮的影响

长期施肥显著提高了微生物生物量、POM 和



注：CK、NPK、NPKLS 和 NPKHS 分别代表不施肥、单施化肥、小麦秸秆半量还田与化肥配施和小麦秸秆全量还田与化肥配施；不同小写字母表示不同肥料处理间差异显著 ($P < 0.05$)。下同。Note: CK, NPK, NPKLS and NPKHS refer to no fertilizer, chemical fertilizer, half the amount of wheat straw returned with chemical fertilizer, and the full amount of wheat straw returned with chemical fertilizer, respectively. Different lowercase letters indicate significant differences ($P < 0.05$) among various fertilization treatments. The same below.

图 1 长期施肥下 MAOC 含量及其与碳投入、SOC 的关系

Fig. 1 The content of MAOC under long-term fertilization and its relationship with carbon input and SOC content

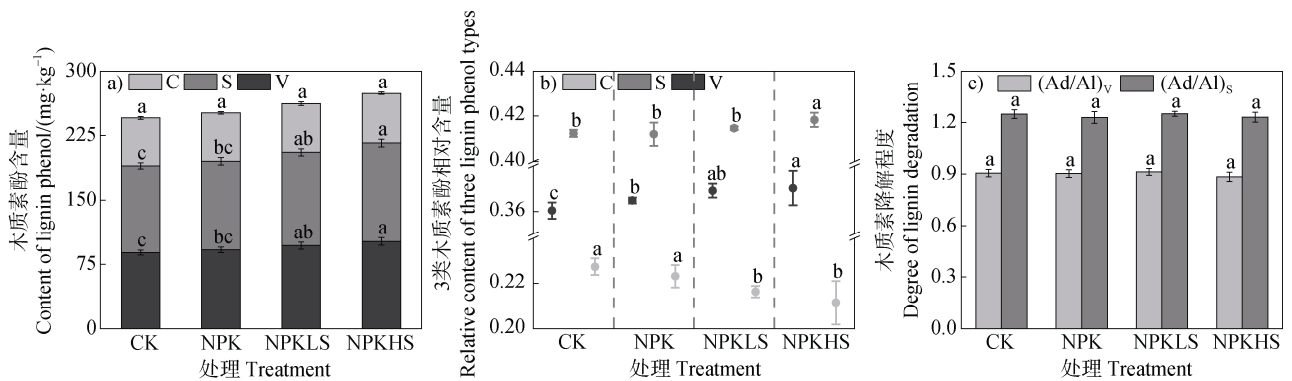


图 2 长期施肥下 MAOC 中 3 类木质素酚的含量及占比和木质素降解程度

Fig. 2 The content and proportion of three lignin phenol types and the degree of lignin degradation in MAOC under long-term fertilization

MAOM 中碳氮含量 (表 1)。与 CK 相比, NPKHS 处理下全土中 MBC 和 MBN 含量分别提高 140% 和 90.5% ($P < 0.05$)。NPKHS 处理下 TC_{MAOM} 和 TN_{MAOM}

较 CK 分别增加 57.7% 和 58.8%。 TC_{POM} 和 TN_{POM} 均以 NPKHS 最高、CK 处理最低, 而 NPK 和 NPKLS 间无显著差异 ($P > 0.05$)。

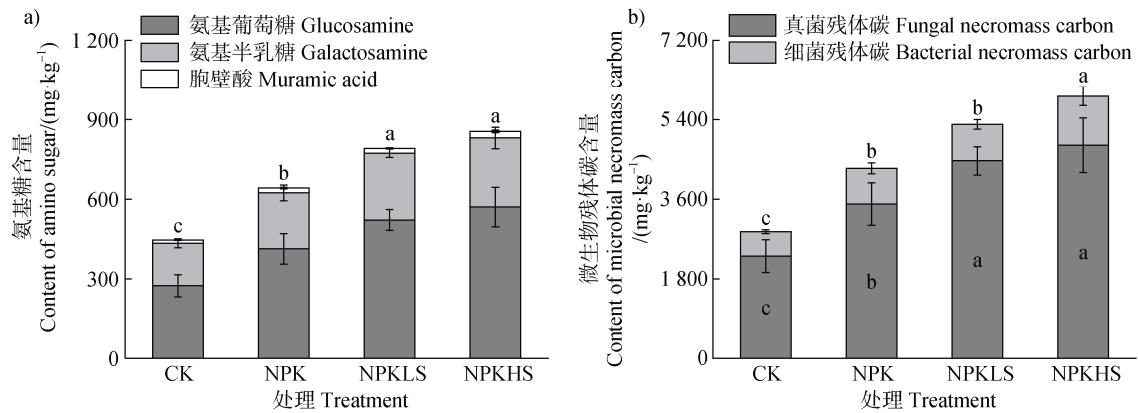


图3 长期施肥下 MAOC 中氨基糖和微生物残体碳含量

Fig. 3 The content of amino sugar and microbial necromass carbon in MAOC under long-term fertilization

表1 不同施肥处理下微生物生物量、POM 和 MAOM 中的碳氮含量

Table 1 The carbon and nitrogen content in microbial biomass, POM, and MAOM under different fertilization treatments

处理 Treatment	微生物生物量 碳 MBC/ (mg·kg ⁻¹)	微生物生物量 氮 MBN/ (mg·kg ⁻¹)	矿物结合态有机质全 碳 TC _{MAOM} / (g·kg ⁻¹)	矿物结合态有机质全 氮 TN _{MAOM} / (g·kg ⁻¹)	颗粒态有机质全 碳 TC _{POM} / (g·kg ⁻¹)	颗粒态有机质全 氮 TN _{POM} / (g·kg ⁻¹)
CK	124.64±3.04 d	49.26±5.03 d	5.740±0.626 c	0.737±0.088 c	19.20±1.95 c	1.333±0.134 c
NPK	162.53±18.4 c	68.24±9.54 c	7.266±1.01 b	0.943±0.149 b	33.10±5.18 b	2.349±0.293 b
NPKLS	220.50±20.9 b	107.37±5.83 a	7.584±0.957 b	0.979±0.139 ab	30.58±6.98 b	2.293±0.598 b
NPKHS	300.48±22.7 a	93.85±11.6 b	9.048±0.987 a	1.166±0.132 a	43.40±3.99 a	3.350±0.358 a

2.5 长期施肥下植物和微生物源碳对 MAOC 的相对贡献

两种方法揭示了碳源贡献的显著差异 (图 4)。生物标志物法显示, 植物源碳贡献为 26.5%~36.2%, 微生物源碳以真菌残体碳为主 (43.7%~65.3%), 其中

NPKLS 处理最高 (62.0%); 细菌残体碳贡献较低 (10.5%~13.5%), 峰值见于 NPKHS。相反, 化学计量学模型 (C/N 模型) 表明, 植物源碳贡献高达 74.0%~82.6%, 其中 NPKLS 处理最大 (82.6%)、NPKHS 最小 (74.0%)。微生物源碳仅占 17.4%~26.0%。

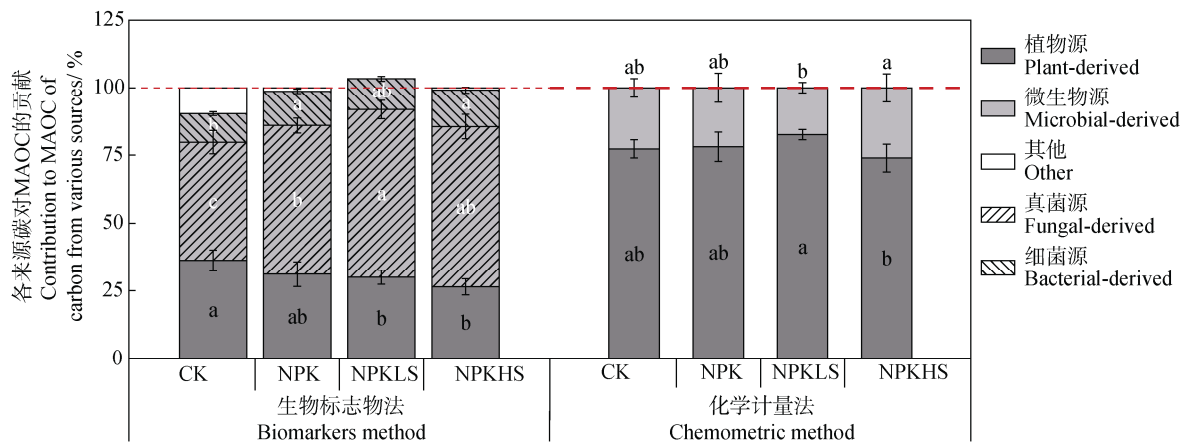


图4 长期施肥下各来源碳对 MAOC 的贡献

Fig. 4 The contribution to MAOC of carbon from various sources under long-term fertilization

3 讨 论

本研究发现秸秆还田 (NPKHS 与 NPKLS) 处理下 MAOC 含量较单施化肥 (NPK) 与不施肥对照 (CK) 分别提高 7.72%~29.6% 和 29.6%~54.3% (图 1b 和图 5), 且与 SOC 呈显著线性正相关 ($R^2=0.95$, $P < 0.05$) (图 1c), 这表明砂姜黑土中 MAOC 库尚未接近理论饱和阈值。尽管 Cotrufo 等^[25]提出的

“MAOC 饱和模型”预测有机碳在矿物表面的吸附存在容量限制, 但本研究与 Begill 等^[26]在高黏粒土壤中的观测结果一致: 黏粒含量较高 ($430 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 且以 2:1 型黏土矿物为主的土壤能够通过持续提供 Fe/Al 氧化物及层间吸附位点, 延缓 MAOC 的饱和和进程。碳投入与 MAOC 间的线性响应斜率 ($0.617 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 进一步表明 (图 1d), 当前施肥制度下砂姜黑土矿物界面仍具备持续固碳潜力, 其动力学机制可能源于外源有机物输入对“矿物-有机复合

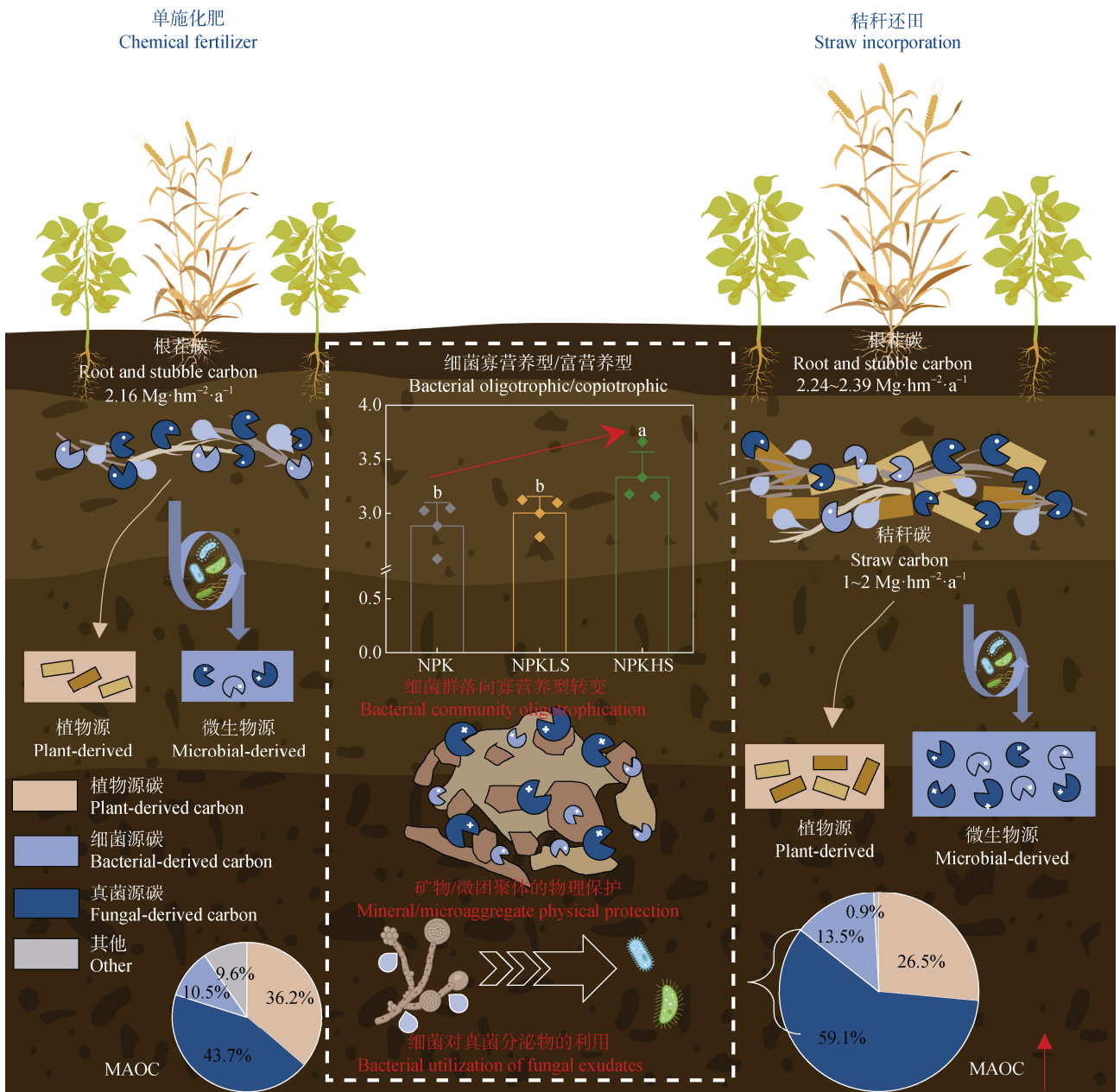


图 5 长期施肥促进 MAOC 积累的概念图

Fig. 5 Conceptual diagram of long-term fertilization promoting MAOC accumulation

体”形成速率的正向调控^[27],以及根系沉积碳对微生物-矿物互作过程的协同促进^[28]。

长期施肥显著提升了 MAOC 中香草基与丁香基酚类的含量(图 2a),这与 Meng 等^[29]在褐土中的发现一致,因为二者参与细胞壁早期合成,化学结构稳定且难降解^[30],从而优先保留于矿物结合态库中。而施肥处理虽降低 S/V 与 C/V 比,但对氧化度指标 (Ad/AI)_v 和 (Ad/AI)_s 无显著影响,进一步佐证了这一选择性保留机制——被矿物吸附的木质素可能尚未经深度氧化分解^[9],其残留的酚羟基通过氢键或电荷作用与黏粒表面结合^[6]。这一发现挑战了传统认知中木质素的化学氧化稳定化主导理论,暗示物理保护对植物源 MAOC 的长期固存具有更关键的作用。

长期施肥促进以真菌残体碳为主的微生物源碳的积累(图 3b),这可能是由于真菌作为典型的 K-策略者,在利用高 C/N 比 (>30) 的秸秆类有机物料时较细菌更具有竞争优势^[12, 29, 31],其菌丝网络扩展能力与胞外氧化酶分泌特性促进难降解碳的利用。同时,真菌残体富含黑色素等高化学稳定性的物质,且菌丝体可通过缠绕包裹作用增强与矿物颗粒的接触概率,从而提升其在 MAOC 中的留存效率^[32]。值得注意的是,高量秸秆还田 (NPKHS) 处理下真菌残体未显著增加,而细菌残体增加了 34.6%(图 3b)。这一现象可归因于(图 5):(1)长期秸秆还田导致细菌群落向寡营养型方向转变,削弱真菌竞争力^[12];(2)通过与土壤矿物结合或被微团聚体包埋,细菌残体碳也能够避免被微生物分解利用,从而稳定保存于土壤中^[33];(3)秸秆还田下活跃的真菌活动导致了真菌残体更高的分解率,与之共生的细菌通过利用真菌分泌的代谢产物获得了额外的养分^[34]。

生物标志物法显示 MAOC 以真菌残体碳为主导(图 4),符合微生物驱动 SOC 积累的假说^[35]。然而,化学计量学法则表明植物源碳贡献>74.0%(CK 处理达 77.4%),微生物源碳占比仅为 17.4%~26.0%。根据 Wang 等^[36]对全球范围内不同生态系统土壤中微生物源碳贡献进行的 Meta 分析,即使在因丰富的凋落物导致微生物源碳贡献被稀释的草原/森林生态系统中,微生物源碳的占比仍高达 35%~47%。这种矛盾可能源于方法的局限性:化学计量学假定植物和微生物源碳比例固定,且忽略其他贡献源(如腐殖化碳)^[6, 37],而 CK 处理的高值也难

以反映秸秆移除后的实际碳源。因此,未来的研究首先应整合生物标志物、同位素示踪与纳米尺度矿物表征技术,量化不同碳源对 MAOC 形成的交互贡献;其次,通过跨学科开发动态 C/N 比较正算法,克服传统化学计量模型的静态参数限制;此外,结合宏基因组学与代谢组学解析微生物功能群落的残体生成效率差异,完善土壤碳库构建理论。

4 结 论

长期施肥显著提高砂姜黑土 MAOC 含量,且 MAOC 与 SOC 持续呈线性正相关,未达饱和阈值。生物标志物(木质素酚、氨基糖)分析表明,尽管秸秆直接输入使木质素酚(香草基+丁香基)含量提高 8.28%~14.0%,但 MAOC 仍以微生物源残体碳为主导,其中真菌残体碳占 62.3%~69.1%。有趣的是,在高量秸秆还田(NPKHS)处理下,细菌残体碳较 NPKLS 显著增加 34.6% ($P < 0.05$),其积累与土壤微生物群落的寡营养型演替、矿物保护效应及真菌代谢产物利用有关。化学计量学方法表明,植物源碳显著主导对 MAOC 的贡献(74.0%~82.6%),但未施肥处理下高达 77.4%的植物源贡献似乎不太合理。生物标志物法基于氨基糖-木质素的降解保留特性,而 C/N 模型预设固定 C/N 比值(植物 C/N=14.4,微生物 C/N=2.55),未考虑微生物代谢对底物 C/N 的调控作用。未来需整合多种方法(如同位素示踪-生物标志物联用)验证碳源贡献,并通过跨学科技术改进定量模型,减少方法间差异导致的认知偏差。

参考文献 (References)

- [1] von Lütow M, Kögel-Knabner I, Ekschmitt K, et al. SOM fractionation methods: Relevance to functional pools and to stabilization mechanisms[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2007, 39 (9): 2183—2207.
- [2] Kögel-Knabner I, Guggenberger G, Kleber M, et al. Organo-mineral associations in temperate soils: Integrating biology, mineralogy, and organic matter chemistry[J]. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 2008, 171 (1): 61—82.
- [3] Sokol N W, Whalen E D, Jilling A, et al. Global distribution, formation and fate of mineral-associated soil organic matter under a changing climate: A trait-based perspective[J]. *Functional Ecology*, 2022, 36 (6):

- 1411—1429.
- [4] Lugato E, Lavallee J M, Haddix M L, et al. Different climate sensitivity of particulate and mineral-associated soil organic matter[J]. *Nature Geoscience*, 2021, 14(5): 295—300.
- [5] Ludwig M, Achtenhagen J, Miltner A, et al. Microbial contribution to SOM quantity and quality in density fractions of temperate arable soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 81: 311—322.
- [6] Angst G, Mueller K E, Nierop K G J, et al. Plant- or microbial- derived? A review on the molecular composition of stabilized soil organic matter[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2021, 156: 108189.
- [7] Kang J, Qu C C, Chen W L, et al. Organo-organic interactions dominantly drive soil organic carbon accrual[J]. *Global Change Biology*, 2024, 30(1): e17147.
- [8] Su X L, Qu C C, Kang J, et al. Microorganisms drive the formation of mineral-associated organic carbon in soils[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2024, 69(22): 3327—3338. [苏兴雷, 渠晨晨, 康杰, 等. 微生物驱动土壤矿物结合态有机碳的形成[J]. *科学通报*, 2024, 69(22): 3327—3338.]
- [9] Zou Z C, Ma L X, Wang X, et al. Decadal application of mineral fertilizers alters the molecular composition and origins of organic matter in particulate and mineral-associated fractions[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2023, 182: 109042.
- [10] Ling J, Dungait J A J, Delgado-Baquerizo M, et al. Soil organic carbon thresholds control fertilizer effects on carbon accrual in croplands worldwide[J]. *Nature Communications*, 2025, 16: 3009.
- [11] Bian Q, Zhao L X, Cheng K, et al. Divergent accumulation of microbe- and plant-derived carbon in different soil organic matter fractions in paddy soils under long-term organic amendments[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2024, 366: 108934.
- [12] Li J N, Zhao J, Liao X H, et al. Pathways of soil organic carbon accumulation are related to microbial life history strategies in fertilized agroecosystems[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 927: 172191.
- [13] Hu H, Qian C, Xue K, et al. Reducing the uncertainty in estimating soil microbial-derived carbon storage[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2024, 121(35): e2401916121.
- [14] Chang Y, Sokol N W, van Groenigen K J, et al. A stoichiometric approach to estimate sources of mineral-associated soil organic matter[J]. *Global Change Biology*, 2024, 30(1): e17092.
- [15] Liu J, Chen J. Developing an ecological stoichiometry-based framework for tracing the sources of soil organic matter[J]. *Global Change Biology*, 2024, 30(6): e17384.
- [16] Guo C S, Ma D H, Zhang C Z, et al. Extraction method and composition of black matter in typical Shajiang Calci-Aquic Vertisols in China[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, 58(2): 421—432. [郭成士, 马东豪, 张丛志, 等. 典型砂姜黑土黑色物质提取方法及成分研究[J]. *土壤学报*, 2021, 28(2): 421—432.]
- [17] Guo Z C, Zhang Z B, Zhou H, et al. The effect of 34-year continuous fertilization on the SOC physical fractions and its chemical composition in a Vertisol[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9: 2505.
- [18] Ding T Y, Guo Z C, Qian Y Q, et al. Effects of straw return methods on the soil organic carbon fractions and pore structure characteristics of Shajiang black soil (Vertisol) [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2023, 39(16): 71—78. [丁天宇, 郭自春, 钱泳其, 等. 秸秆还田方式对砂姜黑土有机碳组分和孔隙结构的影响[J]. *农业工程学报*, 2023, 39(16): 71—78.]
- [19] Cambardella C A, Elliott E T. Particulate soil organic-matter changes across a grassland cultivation sequence[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1992, 56(3): 777—783.
- [20] Li Y H, Xiao M L, Wei L, et al. Bacterial necromass determines the response of mineral-associated organic matter to elevated CO₂[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2024, 60(3): 327—340.
- [21] Otto A, Simpson M J. Evaluation of CuO oxidation parameters for determining the source and stage of lignin degradation in soil[J]. *Biogeochemistry*, 2006, 80(2): 121—142.
- [22] Chen X B, Hu Y J, Xia Y H, et al. Contrasting pathways of carbon sequestration in paddy and upland soils[J]. *Global Change Biology*, 2021, 27(11): 2478—2490.
- [23] Zhang X D, Amelung W. Gas chromatographic determination of muramic acid, glucosamine, mannosamine, and galactosamine in soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 1996, 28(9): 1201—1206.
- [24] Appuhn A, Joergensen R G. Microbial colonisation of roots as a function of plant species[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2006, 38(5): 1040—1051.
- [25] Cotrufo M F, Ranalli M G, Haddix M L, et al. Soil carbon storage informed by particulate and mineral-associated organic matter[J]. *Nature Geoscience*, 2019, 12(12): 989—994.
- [26] Begill N, Don A, Poeplau C. No detectable upper limit of mineral-associated organic carbon in temperate agricultural soils[J]. *Global Change Biology*, 2023, 29(16): 4662—4669.
- [27] Hu P L, Zhang W, Kuzyakov Y, et al. Linking bacterial life strategies with soil organic matter accrual by karst vegetation restoration[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2023, 177: 108925.

- [28] Sokol N W, Bradford M A. Microbial formation of stable soil carbon is more efficient from belowground than aboveground input[J]. *Nature Geoscience*, 2019, 12(1): 46—53.
- [29] Meng X T, Zhang X C, Li Y N, et al. Nitrogen fertilizer builds soil organic carbon under straw return mainly *via* microbial necromass formation[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2024, 188: 109223.
- [30] Otto A, Shunthirasingham C, Simpson M J. A comparison of plant and microbial biomarkers in grassland soils from the Prairie Ecozone of Canada[J]. *Organic Geochemistry*, 2005, 36 (3): 425—448.
- [31] Li H, Yang S, Semenov M V, et al. Temperature sensitivity of SOM decomposition is linked with a K-selected microbial community[J]. *Global Change Biology*, 2021, 27 (12): 2763—2779.
- [32] He H B, Li X B, Zhang W, et al. Effect of glucose and nitrogen supply on dynamics of amino sugars in Mollisol[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2010, 47 (4): 760—766. [何红波, 李晓波, 张威, 等. 葡萄糖和不同数量氮素供给对黑土氨基糖动态的影响[J]. *土壤学报*, 2010, 47 (4): 760—766.]
- [33] Ma C, Xia Y H, Rui Y C, et al. Shifts in organic carbon protection mechanism in agricultural soils across climatic gradients[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2024, 375: 109184.
- [34] Fu Q L, Clark I M, Zhu J, et al. The short-term effects of nitrification inhibitors on the abundance and expression of ammonia and nitrite oxidizers in a long-term field experiment comparing land management[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, 54 (1): 163—172.
- [35] Liang C, Amelung W, Lehmann J, et al. Quantitative assessment of microbial necromass contribution to soil organic matter[J]. *Global Change Biology*, 2019, 25 (11): 3578—3590.
- [36] Wang B R, An S S, Liang C, et al. Microbial necromass as the source of soil organic carbon in global ecosystems[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2021, 162: 108422.
- [37] Whalen E D, Grandy A S, Sokol N W, et al. Clarifying the evidence for microbial- and plant-derived soil organic matter, and the path toward a more quantitative understanding[J]. *Global Change Biology*, 2022, 28(24): 7167—7185.

(责任编辑: 檀满枝)