

不同植物秸秆腐解特性与土壤微生物功能多样性研究*

张红^{1,2} 吕家珑^{1,2†} 曹莹菲¹ 徐温新¹

(1 西北农林科技大学资源环境学院/中国科学院黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室, 陕西杨凌 712100)

(2 农业部西北植物营养与农业环境重点实验室, 陕西杨凌 712100)

摘要 采用网袋法探讨不同秸秆在 3 个长期试验地的腐解特征, 结合 Biolog 微平板技术, 对不同长期试验地土壤微生物群落多样性进行了研究。结果表明, 随着腐解时间的增加, 秸秆腐解的变化趋势为烘干秸秆 > 新鲜秸秆。葡萄园土壤微生物活性高, 稳定性好, 其次为桃园和农田。农田土壤微生物活性低、稳定性差, 不同处理的秸秆在腐解过程中残留率变化较大, 而果园土壤微生物活性相对较高、稳定性好, 不同处理的秸秆在腐解过程中残留率变化较小。土壤碱解氮、速效磷和土壤温度与土壤微生物群落的三大指数呈极显著相关, 且不同秸秆处理的腐解残留率与土壤微生物群落的优势度呈显著负相关, 微生物群落一定程度上影响了秸秆分解的速率。

关键词 长期试验; 残体分解; 土壤微生物

中图分类号 Q143; S154.36 **文献标识码** A

秸秆是一种生物质资源, 含有大量有机质和植物生长所必需的氮、磷、钾及其他微量元素。有效的秸秆还田对维持农田肥力, 减少化肥使用, 提高陆地土壤碳汇能力, 促进土壤氮循环^[1-3], 减少或避免因燃烧等造成的环境污染, 进行农业良性循环生产, 具有重要的生态环境意义^[4-5]。有研究表明, 当秸秆进入土壤后也会引起碳氮比失调、有机酸累积、土壤矿质氮降低和耕作困难等问题, 导致秸秆还田难以推广^[6-10]。作物秸秆在土壤中的转化速率既与秸秆本身大小、物质构成有关^[11-13], 也与温度、水分、土壤性状等环境条件有关^[14-15], 这势必会影响到秸秆在土壤中的矿化速率以及腐殖化作用。

土壤微生物是陆地生态系统中最活跃的成分, 能敏感地反映气候以及土壤微生态环境的变化, 较早指示土壤有机质的变化^[16]。土壤微生物种群在很大程度上决定着土壤中营养物质的循环、分解和能量流动, 通过调节土壤环境的变化可以改变土壤微生物的种群组成和多样性, 影响土壤生态系统的

功能。土壤微生物对 Biolog 微平板中单一碳源利用能力的差异反映了土壤中微生物群落代谢功能的不同^[17-18]。

目前关于植物残体腐解过程的研究主要集中在养分释放、热解特征等动态变化, 土壤有机质和氮素利用有效性的影响和机制, 外源添加不同形态的碳氮源对秸秆腐解的影响以及不同气候、水热条件、施肥方式对土壤微生物群落代谢特征的影响, 而关于长期试验地不同植被覆盖下玉米秸秆和大豆秸秆腐解特征与土壤微生物群落多样性的研究却鲜见报道。本文选取陕西杨凌种植不同植物(农田、桃树、葡萄)的长期试验基地(耕种史在 10 年以上), 研究玉米秸秆、大豆秸秆在土壤中的分解速率, 揭示不同试验地土壤温度和土壤微生物群落多样性对秸秆分解和转化的影响, 对秸秆科学还田, 发挥生物质能源最大效益研究奠定基础, 为长期试验地土壤中有机碳转化和科学养地用地研究提供科学依据。

* 中国科学院黄土高原土壤侵蚀与旱地农业国家重点实验室基金项目 (K318009902 - 1310) 和陕西省科技统筹创新工程计划项目 (2011K01 - 48) 共同资助

† 通讯作者, E-mail: ljll@nwsuaf.edu.cn

作者简介: 张红 (1981—), 女, 陕西韩城人, 博士研究生, 实验师, 研究方向为土壤化学和环境化学。E-mail: zhanghong628@nwsuaf.edu.cn

收稿日期: 2013 - 11 - 01; 收到修改稿日期: 2014 - 01 - 17

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究分别在国家黄土肥力与肥料效益野外科学观测试验站农田(23年)、西北农林科技大学实验标本园区的桃园(12年)、葡萄园(11年)进行。其中国家黄土肥力与肥料效益野外科学观测试验站设在黄土高原南部的陕西省杨凌示范区五泉镇(34°17'51" N, 108°00'48" E), 海拔 524.7 m, 年均温 13 °C, 积温 4 196 °C, 年均降水量 550 ~ 600 mm, 主要集中在 7—9 月三个月, 年均蒸发量 993 mm, 无

霜期 184 ~ 216 d。桃园和葡萄园相邻, 位于西北农林科技大学农作一站(34°29'81" N, 108°07'11" E), 葡萄园海拔略低, 为 514 m, 其他气候条件与五泉镇试验地相同。

1.2 供试材料

供试土壤为瘠土(土垫旱耕人为土)。农田土壤种植方式为冬小麦-夏玉米轮作, 桃园与葡萄园土壤表面均为覆草模式。供试土壤样地的基本理化性质见表 1。

供试植物残体为玉米秸秆和大豆秸秆, 于农田、果园(桃园、葡萄园)尼龙网袋法进行植物腐解试验。秸秆原样的基本性质见表 2。

表 1 供试土壤样地的基本性质

Table 1 Soil basic properties of the three experiment fields

样地类型 Sample type	pH	有机质 OM (g kg ⁻¹)	碱解氮 Alkalytic N (mg kg ⁻¹)	有效磷 Readily available P (mg kg ⁻¹)	速效钾 Readily available K (mg kg ⁻¹)	含水率 Soil water content (%)
农田 Farmland	8.17	32.25	141.6	37.75	145.8	2.07
桃园 Peach orchard	8.19	40.60	64.84	43.00	269.9	2.10
葡萄园 Vineyard	8.25	32.34	80.80	45.25	150.5	1.92

表 2 玉米大豆秸秆原样基本性质

Table 2 Basic properties of corn and bean stalks before decomposition

秸秆样品 Original straw	全碳 Total C(g kg ⁻¹)	全氮 Total N(g kg ⁻¹)	碳氮比 C/N
玉米秸秆 Corn stalk	402.5	11.31	35.59
大豆秸秆 Bean stalk	373.2	25.47	14.65

1.3 试验设计

试验共设新鲜玉米秸(FC)、新鲜玉米秸+氮(fc)、风干玉米秸(DC)、风干玉米秸+氮(dc)、新鲜豆秸(FB)、风干豆秸(DB)6个处理。由于新鲜秸秆水分较多, 快速将秸秆处理为 1~2 cm 大小, 在冰箱 4 °C 冷藏保鲜处理备用; 另一部分先风干再 60 °C 烘干至恒重, 粉碎过 1 mm 筛备用。于 2011 年 10 月 31 日分别称取不同处理的秸秆残体装入 350 目的尼龙网袋中, 考虑腐解速率不同, 新鲜秸秆称取 30 g 袋⁻¹, 粉碎烘干于 15 g 袋⁻¹, 封口, 埋入 3 个试验地 20 cm 深处。分别于埋入后 10、20、30、45、

60、90、120、150、180、210、240、270、300、330、360 d 取样, 每个处理每次取出 3 袋。取样后新鲜样品直接称重, 烘干样品于 60 °C 烘干后称重, 分别计算腐解残留率。埋入尼龙网袋前, 在 3 个试验地 0~20 cm 采集土壤样品, 取回分析基本理化性质及土壤微生物功能多样性等指标, 同时在 20 cm 深处埋入土壤温度记录仪。

1.4 测定项目及方法

土壤水分用烘箱干燥法测定, pH 采用(水土比 2.5:1)320 型 pH 计测定, 有机质采用重铬酸钾外加热法测定, 碱解氮采用硼酸扩散吸收法测定, 有效磷采用 0.5 mol L⁻¹ NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法测定, 速效钾采用 1.0 mol L⁻¹ 乙酸铵浸提-火焰光度法测定。

土壤温度采用美国 TidbiT v2 温度记录仪测定, 记录每月每日每时的数据, 每 3 个月采集数据一次。

微生物碳源利用多样性应用 Biolog-Eco 生态测试板测定, 理论依据为 Biolog 代谢多样性类型的变化与群落组成的变化相关^[19]。具体操作步骤如下: 称取相当于 5 g 干重的新鲜土样加入至装有 45 ml

0.85% NaCl 无菌溶液的 150 ml 三角瓶中,摇床振荡 30 min,转速为 180 r min^{-1} 。将得到的微生物悬浮液采用 10 倍稀释法稀释至浓度为 10^{-3} 。在超净工作台上,接种微生物悬浮液于生态测试板中,每孔 150 μl ,每样 1 板,每板 3 次重复。将接种后的测试板加盖在 $(25 \pm 1)^\circ\text{C}$ 生化培养箱中连续培养 240 h,每隔 24 h 用 Biolog 自动读数装置在 590 nm 下读数^[20-21]。

1.5 数据处理

$$\text{秸秆腐解残留率}(\%) = X_t/X_0 \times 100\%$$

式中, X_0 为秸秆腐解前的初始质量; X_t 为分解 t 时的秸秆腐解后剩余质量。

采用孔平均颜色变化率法测定微生物利用单一碳源的能力。孔平均颜色变化率(Average well color development,AWCD):

$$AWCD = \sum (C_i - R) / 31$$

式中, C_i 为各反应孔在 590 nm 的光密度值; R 为 ECO 板对照孔 A1 的光密度值, $C_i - R$ 小于零的孔,计算中记为零,即: $C_i - R \geq 0$ 。

物种丰富度 Shannon 指数(H):

$$H = - \sum P_i \times \ln P_i$$

式中, $P_i = (C_i - R) / \sum (C_i - R)$,表示有碳源的孔与对照孔 A1 的光密度值之差与整板总差的比值。

优势度 Simpson 指数(D):

$$D = 1 - \sum P_i^2$$

群落均匀度 McIntosh 指数(E):

$$E = H / \ln S$$

式中, S 为颜色发生变化的孔数(AWCD > 0.2 代表该孔碳源被利用)^[20,22]。

测定数据采用 Microsoft Excel 2007 进行处理和制图,采用 SPSS 17.0 软件进行主成分分析和方差分析。

2 结 果

2.1 不同腐解期的不同残体残留率变化

不同秸秆处理在各试验地不同腐解期的残留率变化如下(图 1)。总体而言,随着腐解时间的增加,残留率的变化趋势为烘干秸秆 > 新鲜秸秆,整个腐解期新鲜秸秆的残留率波动不大,3 个试验地的变化基本一致,主要趋势为 FB > fc > FC,说明新鲜样品的腐解速度相对较慢,整个腐解期样品残留较多,秸秆水分含量高并不一定能加快腐解,这可能是因为含水率高的新鲜秸秆质量大,分解需要更多的能量,同时其体积较大、比表面积小,降低了微生物对其分解作用,所以整个腐解期残留率变化不

大。烘干粉碎过的秸秆的残留率变化较大,3 个试验地中 DB 在前中期残留率低分解较快,在后期趋于稳定;而 DC 和 dc 这两个不加氮和加氮处理的玉米秸秆在农田和葡萄园中整个腐解期残留率的趋势变化一致,在 0 ~ 240 d 时快速分解,240 ~ 360 d 趋于稳定;桃园中 dc 在前中期的变化趋势与 DC 相同,后期则快速腐解,残留率低于 DC。出现这种情况可能是因为烘干粉碎过的秸秆体积小、比表面积大,更容易接触环境中的微生物和酶,加速其分解,这与 Hassink^[23]的研究是一致的。整体而言,不同秸秆在不同试验地填埋,均在腐解前期 0 ~ 270 d 残留率变化较大,腐解后期 270 ~ 360 d 时残留率趋于稳定,变化不大。

2.2 不同腐解期不同植被覆盖下的土壤温度变化

3 个试验地 20 cm 深处的土壤温度变化见表 3。除 90 ~ 120 d 和 300 ~ 330 d 农田温度略低于葡萄园外,基本变化趋势为农田 > 葡萄园 > 桃园,每个月的地温相对偏差趋势也是农田最高,桃园和葡萄园在 0 ~ 150 d 地温相对偏差变化不明显,180 ~ 360 d 地温相对偏差变化趋势为葡萄园 > 桃园。由于桃园和葡萄园土壤为覆草模式,农田为冬小麦和夏玉米轮作制度,所以农田土壤在 20 cm 处的温度要略高于其他两个果园的土壤温度。同时农田的土壤温差略高于果园土壤,容易导致土壤微生物活性不稳定,使得整个腐解时期不同秸秆的残留率相对变化比较明显,而桃园和葡萄园的土壤温差相对较小,所以不同秸秆的残留率变化相对差异不大,变化不明显。

2.3 不同土壤微生物碳源代谢活性

平均颜色变化率表征微生物群落碳源利用率,是土壤微生物群落利用单一碳源能力的一个重要指标,反映了土壤微生物活性、微生物群落生理功能多样性^[24]。值越大表明微生物的活性越高,密度越大。

连续 10 d 每隔 24 h 测得 AWCD 值(图 2),从中可以看出,AWCD 随培养时间延长而提高,不同土壤微生物群落功能多样性在 24 ~ 144 h 内迅速升高,随后持续缓慢地升高直到实验结束。但是,不同地块 AWCD 的变化并不一致。在 144 ~ 168 h 之间,葡萄园和桃园 AWCD 值变化不大,随后开始缓慢上升,而农田土壤的 AWCD 值是持续升高。整体趋势表现为葡萄园 > 桃园 > 农田。农田土壤之所以 AWCD 最低,可能是因为采样时正好在冬小麦播种半个月后,土壤经过一系列旋地深耕,昼夜温差大,所以微生物活性相对较差。

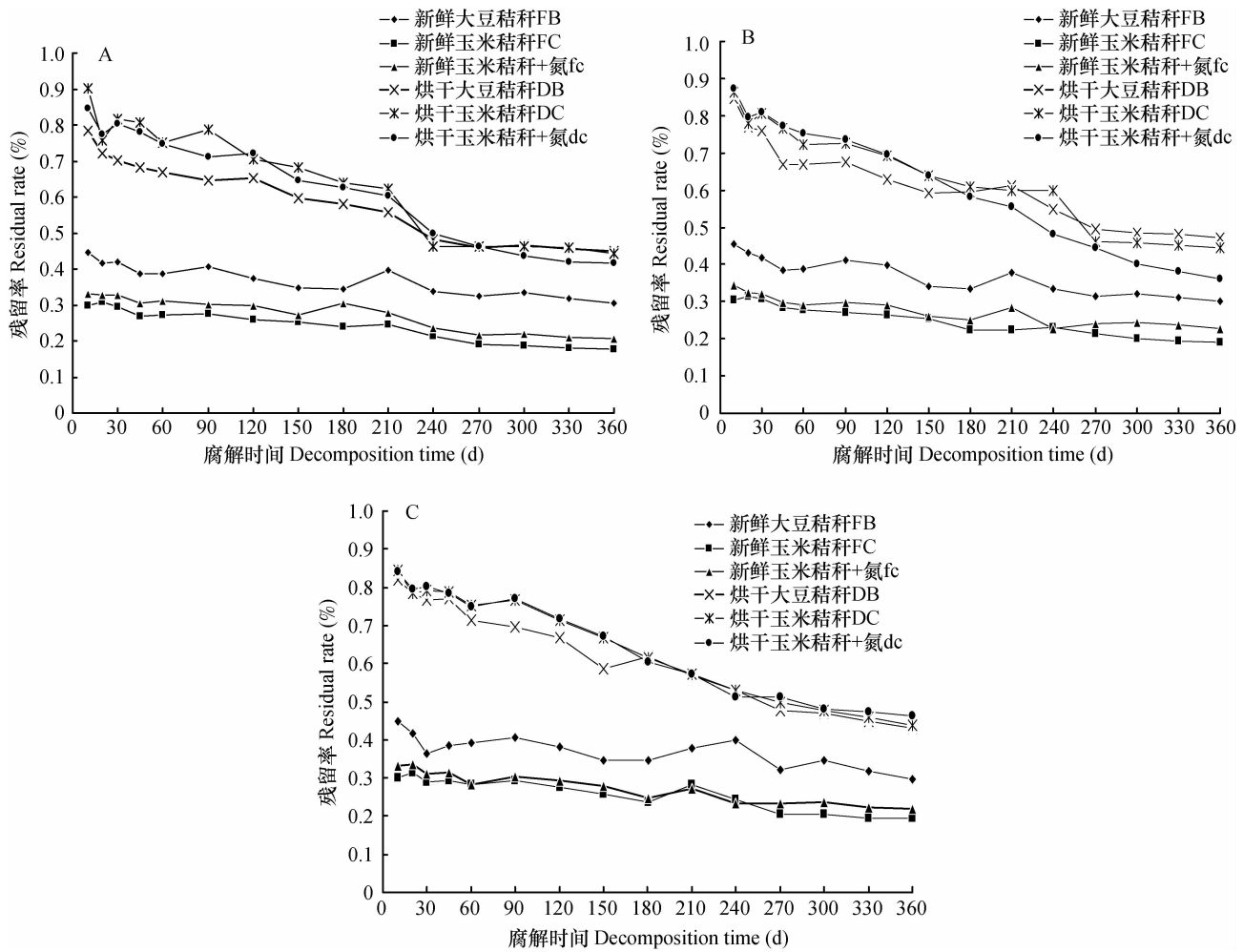


图1 农田(A)、桃园(B)、葡萄园(C)不同腐解期的残体残留率变化

Fig. 1 Stalk residual rates in farmland (A), peach orchard (B) and vineyard (C) in different decomposition periods

表3 不同试验地不同腐解期的平均土壤温度变化
Table 3 Variations of mean soil temperature in different experiment fields

腐解时间 Decomposition time (d)	土壤温度 Soil temperature (°C)		
	农田 Farmland	桃园 Peach orchard	葡萄园 Vineyard
30	9.96 ± 1.18	9.25 ± 0.71	9.00 ± 0.81
60	4.12 ± 1.68	4.01 ± 2.13	3.99 ± 1.85
90	1.72 ± 0.31	1.16 ± 0.22	2.09 ± 0.30
120	2.74 ± 0.82	2.24 ± 0.88	2.91 ± 0.75
150	6.95 ± 2.48	6.70 ± 2.33	6.81 ± 2.29
180	16.84 ± 2.46	15.54 ± 1.96	15.78 ± 2.62
210	21.03 ± 2.26	18.68 ± 1.24	19.47 ± 1.67
240	25.20 ± 2.21	22.57 ± 1.33	22.08 ± 1.37
270	26.45 ± 1.83	23.79 ± 1.06	24.78 ± 1.43
300	25.51 ± 2.17	23.51 ± 1.41	24.72 ± 1.41
330	20.65 ± 1.25	19.77 ± 1.24	20.69 ± 4.84
360	15.75 ± 1.93	15.49 ± 1.97	15.26 ± 2.89

注:数值为每月每天每个小时土壤温度的平均值 ± 标准差 Note: The values are mean ± SD for soil temperatures every hour, every day and every month

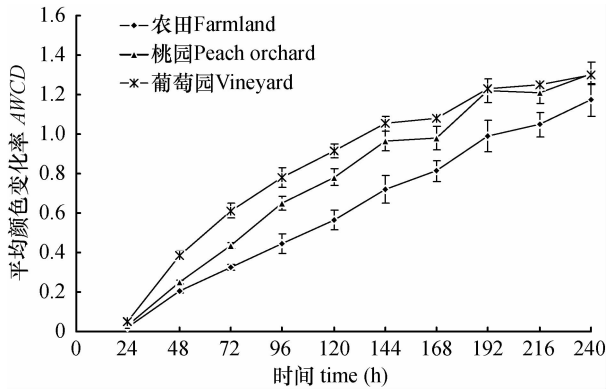


图2 不同试验地土壤平均颜色变化率(AWCD)随时间变化

Fig. 2 Temporal variation of average well color development (AWCD) of different experimental soils

2.4 多样性指数分析

本文计算了 Shannon 指数 (H)、Simpson 指数

(D)、McIntosh 指数 (E), 它们分别反映土壤微生物物种的丰富度、优势度以及度量群落物种的均匀度。

根据贾夏等^[25]的研究结果, 本实验采用培养 144 h 的数据来进行微生物代谢多样性分析(表 4)。结果表明, 农田、桃园和葡萄园的土壤微生物群落的丰富度、优势度之间没有差异, 而农田土壤微生物群落物种的均匀度显著高于桃园和葡萄园。这可能是由于不同的管理措施以及施肥方式导致的差异。

2.5 不同土壤微生物群落对碳源利用分析

表征微生物活性的 AWCD 值和微生物功能多样性指数仅能反映土壤微生物的总体变化情况, 并不能反映微生物群落代谢的详细信息。微生物对不同碳源的利用可以反映微生物的代谢功能类群, 本文采用 144 h 的吸光值分析不同处理的微生物群落结构对六大类碳源的利用率结果(表 5)。

表 4 不同试验地土壤微生物群落功能多样性指数

Table 4 Functional diversity indices of soil microbial communities in the three experiment fields (144 h)

指数 Index	农田 Farmland	桃园 Peach orchard	葡萄园 Vineyard
H	3.74 ± 0.25a	3.66 ± 0.04a	3.67 ± 0.12a
D	0.94 ± 0.02a	0.95 ± 0.01a	0.95 ± 0.00a
E	1.23 ± 0.07a	1.10 ± 0.02b	1.10 ± 0.05b

注: 平均值 ± 标准差 ($n=3$), 同列不同字母表示处理间差异显著 ($p < 0.05$) Note: Mean ± SD ($n=3$). Different letters in the same column mean significant difference between treatments at $p < 0.05$ of Duncan's test

表 5 不同试验地土壤微生物对 6 类碳源的利用

Table 5 Utilization of the six categories of carbon sources by soil microbes in the three experiment fields

样地类型 Sample type	氨基酸类 Amino acid	羧酸类 Carboxylic acid	糖类 Saccharides	多胺类 Polyamine	多聚物类 Polymer	芳香化合物类 Aromatic compound
农田 Farmland	0.85 ± 0.02b	0.70 ± 0.21a	0.67 ± 0.10b	0.74 ± 0.19a	0.90 ± 0.19a	0.29 ± 0.11a
桃园 Peach orchard	1.20 ± 0.11a	0.91 ± 0.10a	0.94 ± 0.07ab	0.96 ± 0.05a	0.91 ± 0.10a	0.69 ± 0.35a
葡萄园 Vineyard	1.13 ± 0.04a	0.92 ± 0.05a	1.25 ± 0.13a	0.97 ± 0.13a	0.94 ± 0.02a	0.56 ± 0.08a

注: 平均值 ± 标准差 ($n=3$), 同列不同字母表示处理间差异显著 ($p < 0.05$) Note: Mean ± SD ($n=3$). Different letters in the same column mean significant difference between treatments at $p < 0.05$ of Duncan's test

结果表明, 农田土壤对氨基酸类的利用率和果园土壤对氨基酸类的利用率之间差异显著, 农田土壤对糖类的利用率与葡萄园对糖类的利用率差异显著, 而桃园土壤对糖类的利用率与农田、葡萄园土壤对糖类的利用率差异不显著, 农田和桃园土壤

对羧酸类、多胺类、多聚物类和芳香化合物类的利用率差异不显著。微生物对不同碳源的利用可以反映微生物的代谢功能类群, 由此可见, 农田土壤的优势种群为多聚物代谢群, 桃园土壤的优势种群为氨基酸类代谢群, 葡萄园土壤的优势种群为糖代

谢群。秸秆中的糖类、氨基酸等水溶性组分在被微生物分解利用的同时又可以作为次生代谢物产生^[14],而相对于桃园和葡萄园土壤的优势种群而言,应该有利于秸秆的快速腐解,但实际情况却不同,无论秸秆的 C/N、大小、新鲜与否,不同秸秆在桃园和葡萄园土壤中的残留率差异并不大。3 个不同试验地土壤的最弱碳代谢群落均为芳香化合物代谢群,且芳香化合物不易分解,这与张海涵等^[26]的实验结果一致。

2.6 主成分分析

针对 Biolog 31 种碳源的不同培养时间的吸光度值,不易直观比较,主成分分析可以反映出不同微生物群落的代谢特征。培养 144 h 的吸光值最大程度反映出不同微生物群落的代谢特征差异,所以被用于分析不同土壤微生物代谢特征情况。应用主成分分析在 31 个主成分中提取的前 2 个主成分因子,分别可以解释原变量特征的 33.91% 和 16.37%,提取可以聚集单一碳源变量的数据变异(累积方差贡献率)为 50.28% 的前 2 个主成分 PC1、PC2(特征根值为 10.51 和 5.08)来分析土壤群落功能多样性。从主成分分析(图 3)可见,3 个试验地在主成分坐标体系中差异十分明显。在 PC1 轴上 葡萄园分布在正方向,桃园在正负方向各有分布,农田分布在负方向,PC2 轴上农田、桃园、葡萄园在正负方向上各有分布。整体而言,不同试验地土壤微生物群落分异较大,土壤典型变异(离散)程度为葡萄园 < 桃园 < 农田,农田微生物群落的稳定性最差,其次为桃园和葡萄园。

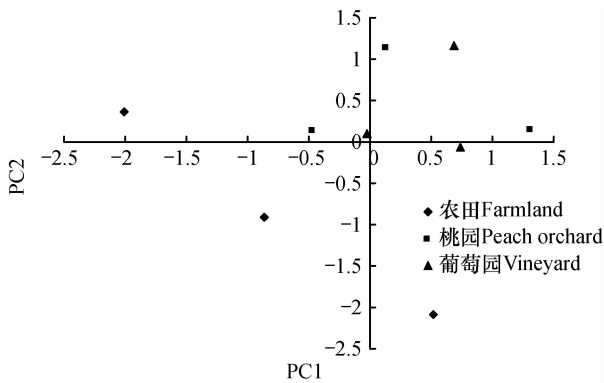


图 3 不同试验地土壤微生物碳源利用的主成分分析
Fig. 3 Principal components analysis of soil microbial community utilizing carbon sources in different experiment soils

考察主成分分析的相关性矩阵,可知单一碳源对 PC1(主成分 1)和 PC2(主成分 2)贡献的特征向量系数。由图 4 可见,对 PC1 贡献大的碳源(系数

>0.50)有 2 种,羧酸类占 1 种,氨基酸占 1 种,可见影响 PC1 的主要为羧酸类和氨基酸类;而对 PC2 贡献大的碳源有 17 种,其中糖类占 6 种,羧酸类占 5 种,氨基酸占 3 种,可见影响 PC2 的主要为糖类和羧酸类。

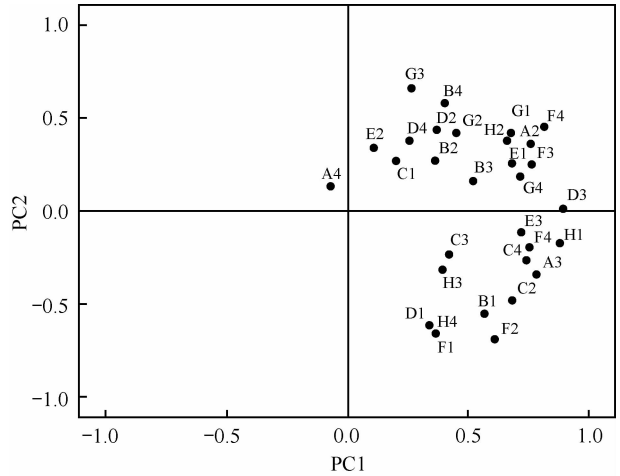


图 4 31 种碳源对主成分 1 和主成分 2 贡献的特征向量系数

Fig. 4 Eigenvector coefficients of contributions of the 31 carbon sources to PC1 and PC2

3 讨论

秸秆腐解的快慢与它自身的条件和所处的环境有关。有研究表明,秸秆中难分解的物质主要是纤维素,纤维素含量的高低可以指示秸秆腐解的残留情况^[17]。土壤温度和土壤水分可以影响微生物生长,在一定温度范围内,土壤温度升高提高了土壤微生物活性及呼吸率^[27]。土壤性质、施肥方式以及耕作管理措施对秸秆的腐解速率也有影响,尤其是一定比例的氮磷配施,及时补充土壤中的养分,可以加快秸秆在土壤中的转化,有效提高土壤地力,进行良性循环生产^[2]。

3.1 秸秆大小及 C/N 比对植物残体腐解的影响

有研究表明^[5,28],秸秆残体大小对微生物种群和活性的影响受到秸秆自身生化性质和腐解阶段的影响:C/N 比低的植物残体其大小对微生物活性的影响没有 C/N 比高的植物残体的影响大。新鲜秸秆中,FB 和 fc 的 C/N 比远远小于 FC,再加上其所占体积较大,所以腐解相对较慢,3 个试验地的腐解残留率变化趋势基本一致。不同秸秆其大小对微生物活性的显著影响出现在秸秆腐解的不同时期:C/N 比越高,体积越小的秸秆残体导致微生物

活性出现峰值的时期越晚^[28]。这意味着 C/N 比低、体积小的秸秆在腐解前期分解的速度快,而 C/N 比高、体积小的秸秆会在腐解后期加快分解。本研究在烘干粉碎秸秆中,C/N 比的顺序为 DC > dc > DB,在腐解前中期,DC 残留率较高,而在腐解后期微生物活性出现高峰的时候迅速分解并趋于稳定,这与 Iqbal 等^[12]的研究是一致的。

3.2 土壤温度对不同试验地不同秸秆腐解残留率的影响

温度是土壤环境中重要的生态因子,环境温度的高低直接影响生物新陈代谢的强度和生长发育、繁殖的速度等,从而间接影响植物残体及土壤有机

质的分解速率。温度升高不但可以增加微生物的活性,同时促进植物残体的降解,为微生物提供可利用的碳源^[28]。有研究表明,植物残体的降解速率与温度对难分解化合物转化的影响有关,其中“温度-质量”假说认为不易腐解的植物残体受温度影响更明显^[29]。

由表 6 可以看出,3 个试验地的土壤温度基本上与不同秸秆处理的腐解残留率呈显著相关关系,仅 FB 的腐解残留率与农田和葡萄园土壤温度无任何相关关系,这可能是由于新鲜秸秆中 FB 相对残留率较高,对于昼夜温差较大的农田和葡萄园而言,土壤微生物的活性不稳定,导致腐解慢、残留多。

表 6 不同秸秆腐解残留率与土壤温度的相关性

Table 6 Relationship of stalk residual rate with soil temperature, relative to source of the stalk

样地类型 Sample type	FB	FC	fc	DB	DC	dc
农田 Farmland	-0.59	-0.78 **	-0.74 **	-0.83 **	-0.96 **	-0.80 **
桃园 Peach orchard	-0.74 **	-0.76 **	-0.74 **	-0.73 *	-0.77 **	-0.82 **
葡萄园 Vineyard	-0.48	-0.73 *	-0.80 **	-0.79 **	-0.86 **	-0.87 **

注:*,** 分别表示显著($p < 0.05$)和极显著($p < 0.01$)相关 Note: * and ** stands for significant correlation at the 5% and 1% levels, respectively

3.3 土壤性质及不同秸秆腐解残留率与土壤微生物多样性的关系

影响秸秆腐解速度的因素主要有秸秆类型、土地利用方式、土壤性质、土壤微生物、水热状况等,

其中微生物是土壤碳、氮转化的中心因素,不同秸秆主要依靠土壤微生物进行分解释放养分^[30]。土壤微生物多样性的三大生物指数对土壤性质和残留率的相关性(表 7)分析表明,土壤碱解氮、速效磷

表 7 土壤性质及不同秸秆腐解残留率与土壤微生物多样性的相关性

Table 7 Relationships of soil properties and stalk residual rate with soil microbial diversity

	H	D	E
pH	-0.75 *	0.57	-0.69
有机质 OM	-0.44	0.64	-0.52
碱解氮 Alkalytic N	0.96 **	-1.00 **	0.98 **
速效磷 Readily Available P	-0.98 **	0.90 **	-0.95 **
速效钾 Readily Available K	-0.46	0.66	-0.54
土壤含水率 Soil water content	0.43	-0.20	0.35
土壤温度 Soil underground temperature	0.99 **	-0.92 **	0.97 **
FB 残留率 Residue rate of FB	0.13	-0.59 **	0.28
FC 残留率 Residue rate of FC	0.16	-0.57 **	0.29
fc 残留率 Residue rate of fc	0.14	-0.60 **	0.28
DB 残留率 Residue rate of DB	0.22	-0.59 **	0.34 *
DC 残留率 Residue rate of DC	0.08	-0.59 **	0.25
dc 残留率 Residue rate of dc	0.09	-0.55 **	0.23

注:*,** 分别表示显著($p < 0.05$)和极显著($p < 0.01$)相关 Note: * and ** stands for significant correlation at the 5% and 1% levels, respectively

和土壤温度与三大指数均极显著相关,且不同秸秆处理的腐解残留率与土壤微生物群落的优势度呈显著负相关。三大指数与土壤有机质无相关关系,可能是由于土壤的 C/N 比较高,秸秆施入土壤后分解较慢,很难在短时间内给土壤补充有机质。土壤含水率与三大指数也无相关性,说明植物残体腐解率的快慢并不完全是由土壤含水率决定的,很大程度上取决于秸秆本身的含水率。本研究中,含水率较高的新鲜秸秆在整个腐解期的残留率比较低,且变化不大,是因为新鲜秸秆较烘干秸秆的质量和体积大,比表面积小,分解需要更多的能量,降低了微生物对它的分解作用。

4 结 论

随着腐解时间的增加,秸秆腐解的变化趋势为烘干秸秆 > 新鲜秸秆,即体积大、含水率高的秸秆腐解较慢,体积小、含水率低的秸秆腐解较快。通过 Biolog 分析得出葡萄园土壤微生物的活性高,稳定性好,其次为桃园和农田。土壤温度和土壤碱解氮、速效磷与微生物多样性指数、腐解残留率呈相关关系,在一定程度上影响秸秆的腐解速率。农田土壤微生物活性低、稳定性差,不同处理的秸秆在腐解过程中的残留率变化较大,而果园土壤微生物活性相对较高、稳定性好,不同处理的秸秆在腐解过程中的残留率变化较小。3 个试验地土壤微生物的优势种群中最弱碳代谢群落均为芳香化合物代谢群,至于何种碳源对秸秆腐解起到主要作用还有待于进一步研究。

致 谢 感谢西北农林科技大学资源环境学院土壤肥料研究所谷洁老师和孙薇、钱勳、张友旺等同学在样品测试与分析中给予的帮助!

参 考 文 献

- [1] Arcand M M, Knight J D, Farrell R E. Differentiating between the supply of N to wheat from above and belowground residues of preceding crops of pea and canola. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, DOI:10.1007/s00374-013-0877-4
- [2] 潘剑玲,代万安,尚占环,等. 秸秆还田对土壤有机质和氮素有效性影响及机制研究进展,中国生态农业学报, 2013, 21(5): 526—535. Pan J L, Dai W A, Shang Z H, et al. Review of research progress on the influence and mechanism of field straw residue incorporation on soil organic matter and nitrogen availability (In Chinese). *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2013, 21(5): 526—535
- [3] Gale W J, Cambardella C A. Carbon dynamics of surface residue and root-derived organic matter under simulated no-till. *Soil Science Society of America Journal*, 2000, 64: 190—195
- [4] 韩冰,王效科,逯非,等. 中国农田土壤生态系统固碳现状和潜力. *生态学报*, 2008, 28(2): 612—619. Han B, Wang X K, Lu F, et al. Soil carbon sequestration and its potential by cropland ecosystems in China (In Chinese). *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(2): 612—619
- [5] Ibrahim M, Cao C G, Zhan M, et al. Changes of CO₂ emission and labile organic carbon as influenced by rice straw and different water regimes. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2013, DOI: 10.1007/s13762-013-0429-3
- [6] Dean A. Martens plant residue biochemistry regulates soil carbon cycling and carbon sequestration. *Soil Biology & Biochemistry*, 2000, 32(3): 361—369
- [7] 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. *土壤学报*, 2013, 50(5): 915—921. Ma C, Zhou J, Liu M Q, et al. Effects of incorporation of pre-treated straws into field on soil nutrients and labile organic carbon in Shajiang black soil (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2013, 50(5): 915—921
- [8] 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. *土壤学报*, 2014, 51(1): 150—157. Yang B J, Huang G Q, Qian H Y. Effects of straw incorporation plus chemical fertilizer on soil temperature, root micro-organisms and enzyme activities (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2014, 51(1): 150—157
- [9] 闫德智,王德建,张刚,等. ¹⁵N 标记秸秆在太湖地区水稻土上的氮素矿化特征研究. *土壤学报*, 2012, 49(1): 77—85. Yan D Z, Wang D J, Zhang G, et al. Nitrogen mineralization of applied ¹⁵N labeled straw in paddy soils in the Taihu Lake region (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(1): 77—85
- [10] 杨宪龙,路永莉,同延安,等. 施氮和秸秆还田对小麦—玉米轮作农田硝态氮淋溶的影响. *土壤学报*, 2013, 50(3): 564—573. Yang X L, Lu Y L, Tong Y A, et al. Effects of application of nitrogen fertilizer and in corporation of straw on nitrate leaching in farmland under wheat-maize rotation system (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2013, 50(3): 564—573
- [11] 王晓玥,蒋瑞霖,隋跃宇,等. 田间条件下小麦和玉米秸秆腐解过程中微生物群落的变化——BIOLoG 分析. *土壤学报*, 2012, 49(5): 1003—1011. Wang X Y, Jiang Y J, Sui Y Y, et al. Changes of microbial communities during decomposition of wheat and maize straw: Analysis by Biolog (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(5): 1003—1011
- [12] Iqbal A, Garnier P, Lashermes G, et al. A new equation to simulate the contact between soil and maize residues of different sizes during their decomposition. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, DOI: 10.1007/s00374-013-0876-5
- [13] Toenshoff C, Joergensen R G, Stuelpnagel R, et al. Carbon in plant biomass and soils of poplar and willow plantations—Implications for SOC distribution in different soil fractions after re-conversion to arable land. *Plant and Soil*, 2012, 367: 407—417

- [14] 王旭东,陈鲜妮,王彩霞,等. 农田不同肥力条件下玉米秸秆腐解效果. 农业工程学报,2009,25(10):252—257. Wang X D, Chen X N, Wang C X, et al. Decomposition of corn stalk in cropland with different fertility (In Chinese). Transactions of the CSAE, 2009, 25(10):252—257
- [15] Charlotte T, Rainer G J, Reinhold S, et al. Initial decomposition of post-harvest crown and root residues of poplars as affected by N availability and particle size. Biology and Fertility of Soils, 2013, DOI 10.1007/s00374-013-0882-7
- [16] Lundquist E J, Jackson L E, Scow K M, et al. Changes in microbial biomass and community composition, and soil carbon and nitrogen pools after incorporation of rye into three California agricultural soils. Soil Biology & Biochemistry, 1999, 31(2):221—236
- [17] 董志新,孙波,殷士学,等. 气候条件和作物对黑土和潮土固氮微生物群落多样性的影响. 土壤学报, 2012, 49(1): 130—138. Dong Z X, Sun B, Yin S X, et al. Impacts of climate and cropping on community diversity of diazotrophs in pachic udic argiboroll fluventic ustochrept (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2012,49(1):130—138
- [18] 李云,孙波,李忠佩,等. 不同气候条件对旱地红壤微生物群落代谢特征的长期影响. 土壤,2011,43(1):60—66. Li Y, Sun B, Li Z P, et al. Long-term effects of different climatic conditions on microbial metabolic properties in red soil (In Chinese). Soils, 2011, 43(1): 60—66
- [19] Haack S K, Garchow H, Klug M J, et al. Analysis of factors affecting the accuracy, reproducibility and interpretation of microbial community carbon source utilization patterns. Applied Environmental Microbiolog, 1995, 61(8):1458—1468
- [20] 张卫娟,谷洁,刘强,等. 重金属 Zn 对猪粪堆肥过程中微生物群落的影响. 环境科学学报,2011,31(10):2260—2267. Zhang W J, Gu J, Liu Q, et al. Effects of heavy metal Zn on microbial community during pig manure composting (In Chinese). Acta Scientiae Circumstantiae, 2011, 31(10):2260—2267
- [21] Selmants P C, Hart S C, Boyle S I, et al. Red alder (*Alnus rubra*) alters community-level soil microbial function in conifer forests of the Pacific Northwest, USA. Soil Biology & Biochemistry, 2005, 37(10):1860—1868
- [22] 罗希茜,郝晓晖,陈涛,等. 长期不同施肥对稻田土壤微生物群落功能多样性的影响. 生态学报,2009,29(2):740—748. Luo X Q, Hao X H, Chen T, et al. Effects of long-term different fertilization on microbial community functional diversity in paddy soil (In Chinese). Acta Ecologica Sinica, 2009, 29(2): 740—748
- [23] Hassink J. The capacity of soils to preserve organic C and N by their association with clay and silt particles. Plant and Soil, 1997, 191(1):77—87
- [24] Zabinski C A, Gannon J E. Effects of recreational impacts on soil microbial communities. Environmental Management, 1997, 21(2):233—238
- [25] 贾夏,董岁明,周春娟. 微生物生态研究中 Biolog Eco 微平板培养时间对分析结果的影响. 应用基础与工程科学学报, 2013, 21(1): 10—19. Jia X, Dong S M, Zhou C J. Effects of biolog eco-plates incubation time on analysis results in microbial ecology researches (In Chinese). Journal of Basic Science and Engineering, 2013, 21(1):10—19
- [26] 张海涵,唐明,陈辉. 黄土高原典型林木根际土壤微生物群落结构与功能特征及其环境指示意义. 环境科学, 2009, 30(8):2432—2437. Zhang H H, Tang M, Chen H. Characterization of soil microbial community function and structure in rhizosphere of typical tree species and the meaning for environmental indication in the Loess Plateau (In Chinese). Environmental Science, 2009, 30(8):2432—2437
- [27] 孔滨,孙波,郑宪清,等. 水热条件和施肥对黑土中微生物群落代谢特征的影响. 土壤学报, 2009, 46(1): 100—106. Kong B, Sun B, Zheng X Q, et al. Effect of hydrothermal conditions and fertilization on metabolic characteristics of microbial community in a black soil (In Chinese). Acta Pedologica Sinica, 2009, 46(1):100—106
- [28] 王晓明,孙波. 植物残体分解过程中微生物群落变化影响因素研究进展. 土壤,2012,44(3):353—359. Wang X Y, Sun B. Factors affecting change of microbial community during plant residue decomposition: A review (In Chinese). Soils, 2012, 44(3):353—359
- [29] Bauer J, Kirschbaum M U F, Weiermüller L, et al. Temperature response of wheat decomposition is more complex than the common approaches of most multi-pool models. Soil Biology & Biochemistry, 2008, 40(11):2780—2786
- [30] 胡宏祥,程燕,马友华,等. 油菜秸秆还田腐解变化特征及其培肥土壤的作用. 中国生态农业学报, 2012, 20(3): 297—302. Hu H X, Cheng Y, Ma Y H, et al. Decomposition characteristics of returned rapeseed straw in soil and effects on soil fertility (In Chinese). Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2012, 20(3):297—302

DECOMPOSITION CHARACTERISTICS OF DIFFERENT PLANT STRAWS AND SOIL MICROBIAL FUNCTIONAL DIVERSITY

Zhang Hong^{1,2} Lü Jialong^{1,2†} Cao Yingfei¹ Xu Wenxin¹

(¹College of Resources and Environment, Northwest A&F University/State Key Laboratory of Soil Erosion and Dryland Farming on Loess Plateau, Institute of Water and Soil Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Yangling, Shaanxi 712100, China)

(²Key Laboratory of Plant Nutrition and the Agri-environment in Northwest China, Ministry of Agriculture, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract Plant residues are an important source of soil organic matter. Decomposition characteristics of plant straws, soil microbial functional diversity and their relationship was studied so as to find some scientific basis for transformation of organic carbon in soil and rational exploitation of land resources. The mesh bag method was used to explore how plant straws decompose in fields of three long-term field experiments and the biolog micro plate technology was adopted to determine soil microbial community diversities in the fields of the three long-term field experiments. Results show that with decomposition going on, residue rate of fresh plant straws did not varied much. The three long-term field experiments were basically similar in this aspect, displaying an order of FB (Fresh bean stalk) > fc (Fresh corn stalk + nitrogen fertilizer) > FC (Fresh corn stalk), but residue rate of oven-dried milled corn stalk differed quite sharply. In terms of soil microbial community activity (average well color development, AWCD), the three long-term experiments followed an order of Vineyard > Peach orchard > Farmland, indicating it was the highest in the vineyard, while diversity index analysis indicates that the farmland did not differ much from the vineyard and peach orchard in all the soil microbial community indices, except for evenness, which did to a significant level. Principal component analysis of the Biolog 31 carbon sources reveals an order of farmland > Peach orchard > vineyard in terms of soil typical dispersion degree, indicating that the farmland was the lowest in microbial community stability and followed by peach orchard and vineyards. Analysis of microbial community structures utilizing the six categories of carbon sources indicates that significant differences existed between the three experiment fields in the utilization of amino acids and saccharides, while none in that of the other four. The three major indices were extremely closely related to soil temperature, soil alkalytic nitrogen and, readily available phosphorus and, stalk decomposition residual rate was negatively related to dominancy of soil microbial communities, regardless of source of the stalk, which, to a certain extent, affected the decomposition rate of straws. In the farmland low in soil microbial activity and stability, stalk residue rate varied quite sharply between the treatments. While in orchards where the soils were relatively high in soil microbial activity and stability, stalk residue rate did slightly between the treatments.

Key words Long-term experiment; Debris decomposition; Soil microorganism

(责任编辑:卢 萍)