土 壤 学 报
Acta Pedologica Sinica

DOI: 10.11766/trxb202504260193 CSTR: 32215.14.trxb202504260193

丁天宇，郭自春，花可可，张红霞，彭新华. 覆盖作物轮作改善砂姜黑土生物孔隙结构的多尺度研究[J]. 土壤学报，2025，
DING Tianyu, GUO Zichun, HUA Keke, ZHANG Hongxia, PENG Xinhua. Cover Crop Rotations Enhance Biopore Structure in Shajiang Black Soil: A Multi-scale Investigation[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025,

覆盖作物轮作改善砂姜黑土生物孔隙结构的多尺度研究*

丁天宇[1,4]，郭自春[1†]，花可可[2]，张红霞[1]，彭新华[3]

（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. 安徽农业科学院土壤肥料研究所，合肥 230031；3. 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；4. 中国科学院大学，北京 100049）

摘　要：为全面揭示土壤生物孔隙分布特征，本研究采用高分辨率 X 射线 CT 技术，从三个尺度（直径 10 cm、高 20 cm 的大土柱，直径 5 cm、高 5 cm 的小土柱，以及 3~5 mm 的团聚体）探究不同轮作模式对砂姜黑土 0~20 cm 土层生物孔隙结构特征的影响，并对比分析不同尺度下生物孔隙结构特征差异。结果表明：与小麦-玉米轮作相比，小麦-羊角豆轮作显著提高了三个尺度下的生物孔隙度，增幅分别为 237%、243%和 119%（$P<0.05$）；小麦-决明子轮作分别提升了 111%、217%和 114%（$P<0.05$）。大土柱尺度下生物孔隙平均直径（1444~3374 μm）和最大直径（4792~8854 μm）均显著高于其他尺度，能够完整捕获粗大生物孔隙并揭示其垂直分布特征，但无法有效识别细生物孔隙（<60 μm）；小土柱尺度适用于中细生物孔隙（>30 μm）识别，常用于评估土壤的水气传输特性；团聚体尺度则能检测极细生物孔隙（>6 μm），且其生物孔隙比例较高（21.6%~34.4%）。综上，覆盖作物轮作在三个尺度下均能够有效改善砂姜黑土生物孔隙结构，建议未来研究中联用多尺度 CT 观测手段，以更全面揭示生物孔隙的空间分布与演变规律。

关键词：砂姜黑土；覆盖作物；生物孔隙；土柱；团聚体；X 射线 CT 扫描

中图分类号：S152.4　　**文献标志码**：A

Cover Crop Rotations Enhance Biopore Structure in Shajiang Black Soil: A Multi-scale Investigation

DING Tianyu[1,4], GUO Zichun[1†], HUA Keke[2], ZHANG Hongxia[1], PENG Xinhua[3]

(1. *State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing* 211135*, China*; 2. *Soil and Fertilizer Research Institute, Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei* 230031*, China*; *3. State Key Laboratory of Efficient Utilization of Arable Land in China, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Beijing* 100081*, China*; 4. *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing* 100049*, China*)

Abstract:【Objective】Biopores constitute a critical component of the soil pore network, exhibiting significantly greater efficiency in facilitating the transport of water, solutes, and gases compared to

*国家重点研发计划项目（2023YFD1900201）、国家自然科学基金项目（42007007）和江苏省碳达峰碳中和专项科技创新基金项目（BE2023398）共同资助 Supported by the National Key Research and Development Program of China (No.2023YFD1900201), the National Natural Science Foundation of China (No.42007007), the Science and Technology Innovation Project of Jiangsu Province for the Carbon Peak and Carbon Neutrality (No.BE2023398)

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

作者简介：丁天宇（1999-），男，安徽淮南人，博士研究生，主要从事土壤结构与固碳研究。Email：dingtianyu@issas.ac.cn

收稿日期：2025-04-26；收到修改稿日期：2025-06-19；网络首发日期（www.cnki.net）：

nonbiopores. However, quantitative analysis of biopores at a single scale exhibits significant limitations in resolving morphological characteristics, elucidating developmental dynamics, and evaluating functional attributes. 【Method】To comprehensively characterize soil biopores distribution patterns, this study integrated a 5-year rotational field experiment on lime concretion black soil with high-resolution X-ray computed tomography (CT) scanning. The investigation was conducted at three distinct scales: (1) large column scale (10 cm diameter × 20 cm height soil columns), (2) small column scale (5 cm diameter × 5 cm height soil cores), and (3) aggregate-scale (3-5 mm aggregates). We systematically examined the effects of different cropping systems - conventional wheat-maize rotation (WM) versus cover crop rotations (wheat-*Cassia occidentalis*: WY, and wheat-*Cassia tora* Linn.: WJ) - on biopore characteristics within the 0-20 cm soil layer. Furthermore, we critically evaluated the applicability of each scale for biopore network analysis. 【Results】This study developed an improved biopores segmentation protocol comprising three key steps: (1) initial classification of pores into connected and isolated networks, (2) application of 3D distance transform watershed algorithms to separate biopores and nonbiopores, and (3) implementation of a Random Forest classifier leveraging morphological feature parameters (blobness, sphericity, compactness, and plateness) for scale-specific biopores segmentation across all three observational scales. Compared to the WM treatment, the WY treatment significantly increased bioporosity by 237%, 243%, and 119% at the large column, small column, and aggregate scales ($P<0.05$), respectively. Similarly, the WJ treatment resulted in an increase of bioporosity by 111%, 217%, and 114% at the large column, small column, and aggregate scales ($P<0.05$), respectively. At the large column scale, biopores exhibited significantly larger diameters than those at small column and aggregate scales, with mean diameters ranging from 1,444-3,374 μm and maximum diameters reaching from 4,792-8,854 μm ($P<0.05$). This scale effectively captured the biopores network architecture and directly revealed vertical continuity patterns throughout the 0-20 cm plow layer. However, large column scale analysis showed limited detection capability for fine biopores (<60 μm in diameter), reflecting inherent resolution constraints of the methodology. The small column effectively identified medium-to-fine biopores (>30 μm) and primarily correlates with soil physical properties governing hydraulic conductivity and gas transport. Microscale aggregate analysis can resolve ultra-fine biopores (>6 μm in diameter), with quantitative characterization revealing these biopores occupy 21.6-34.4% of total aggregate porosity. Aggregate scale analysis provides critical insights into root-soil architecture interactions and reveals fundamental mechanisms of soil organic carbon physical protection within microhabitats. 【Conclusion】This study demonstrated that cover cropping significantly enhanced soil biopore networks across multiple scales. We propose that future research adopt integrated multiscale approaches to fully unravel the spatial distribution and temporal evolution of these biopore systems.

Key words: Shajiang black soil; Cover crop; Biopore; Soil column; Aggregate; X-ray CT scanning

土壤孔隙结构是指由土壤颗粒排列组合形成的多孔介质系统，其空间配置直接影响土壤水分入渗、气体交换和养分的动态变化[1-2]。在农业生态系统中，优化土壤孔隙结构不仅能够促进作物根系发育，还能提高养分利用效率，保障作物高产稳产[3-4]。根据孔隙的形成机制和形态特征，土壤孔隙可分为生物成因孔隙和非生物成因孔隙两大类。生物孔隙由土壤生物活动直接形成，区别于干湿交替或冻融等物理过程产生的裂隙等非生物孔隙[5-6]。生物孔隙主要由根系穿插、根系腐解遗留通道以及蚯蚓等土壤动物活动产生，通常呈连续的

柱状，并在土壤剖面中形成连续的垂直空间网络[5-8]。此外，部分生物孔隙也可能呈现弯曲、分枝或局部膨大等不规则形态[9]。相较于非生物孔隙，生物孔隙在面对自然沉降、机械压实等外部扰动因素时表现出显著的结构稳定性，对维持土壤孔隙网络的完整性具有重要作用[10-11]。

近年来，X 射线 CT 技术已成为定量表征土壤孔隙结构的重要工具。然而，由于土壤孔隙具有高度复杂的空间异质性和连通性，生物孔隙图像分割仍面临显著挑战，目前研究主要集中于管状生物孔隙的分割和量化。例如，Zhang 等[5]基于形态学参数（长度/等效半径比>20）实现了生物孔隙的快速识别，但难以有效分离与非生物孔隙相连的生物通道。Lucas 等[12]引入医学领域的“Tubeness”管状滤波器，通过多尺度 σ 参数检测不同直径的生物孔隙，但频繁的滤波处理会导致孔隙表面形变，显著影响比表面积等关键参数的量化精度，同时在检测粗孔隙时易造成细小孔隙的丢失。此外，Han 等[13]采用基于卷积神经网络的 RootPainter 图像分析软件虽能准确识别二维图像中的生物孔隙，但该方法在三维空间的可视化重建方面仍存在局限。目前，生物孔隙和非生物孔隙相连，尤其是生物孔隙与裂缝垂直相交的情形，构成 CT 图像分割的主要技术障碍[14-15]。

砂姜黑土是典型的中低产田土壤类型之一，有机质含量低、土壤强度高、且富含黏土矿物。淮北平原砂姜黑土区长期普遍实行冬小麦-夏玉米轮作制度，高强度集约化农业管理导致土壤压实、耕层变浅等结构性障碍，加剧了土壤物理质量退化，进而制约作物产量提升[16-17]。覆盖作物种植作为一种可持续农业措施，其发达的根系系统可促进生物孔隙的形成，从而优化土壤孔隙网络[18-19]。Lucas 等[20]研究发现与种植黑麦草相比，种植油菜使 5~10 cm 土层生物孔隙度提高了 25.0%；Zhu 等[21]报道了与裸地相比，苜蓿种植使 0~20 cm 土层团聚体细长生物孔隙显著增加了 16.6%。目前，针对土壤生物孔隙结构的研究多集中在单一尺度下的分析，尚缺乏从微尺度团聚体到大尺度土柱对覆盖作物轮作下生物孔隙的系统性比较与分析[6, 20, 22]。单一尺度的定量分析方法难以充分揭示生物孔隙在不同尺度上的形态特征及空间分布规律。因此，本研究利用 X 射线 CT 扫描技术，分别从大土柱尺度（直径 10 cm、高 20 cm），小土柱尺度（直径 5 cm、高 5 cm）及团聚体尺度（3~5 mm）对不同轮作模式下砂姜黑土生物孔隙结构进行系统比较分析。通过多尺度分析，本研究旨在探究覆盖作物轮作对砂姜黑土生物孔隙结构特征的影响机制，并为优化区域轮作制度提供理论依据。同时，本研究还将明确不同尺度下生物孔隙分析的优势与局限性，揭示生物孔隙的跨尺度分布特征及空间网络结构差异，为今后开展多尺度生物孔隙的定量表征提供方法支持与理论参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与试验设计

轮作定位试验于 2019 年在安徽蒙城县马店农业生态试验站开展（33°13′ N, 116°33′ E）。该区属于暖温带半湿润季风气候，年均气温为 14.8 ℃，年均降水量 900 mm。土壤类型为河湖相石灰性沉积物发育而成的砂姜黑土，土壤颗粒组成中砂粒为 8.0%、粉粒为 54.1%、黏粒为 37.9%。

试验采用单因素随机区组设计，共设置小麦-玉米轮作（WM）、小麦-羊角豆（*Cassia occidentalis*）轮作（WY）和小麦-决明子（*Cassia tora* Linn.）轮作（WJ）3 个处理，3 次重复，共计 9 个小区，小区面积为 20 m^2（4 m×5 m）。羊角豆和决明子为豆科固氮植物，兼具药用价值与生态功能[23-24]，作为夏季绿肥引入轮作体系有助于缓解土壤结构退化、促进生物孔隙形成[18-19]。三种轮作处理的管理措施一致：秋季（10 月）在播种冬小麦前，均采用小型微耕机进行耕作，耕作深度为 0~20 cm；次年 5 月小麦收获后秸秆全部移除。夏季作物（玉米、羊角豆、决明子）均采用免耕直播，玉米收获后秸秆移除，羊角豆和决明子收获后秸秆

切至 10~15 cm 并全量还田。小麦每季施用氮肥（N）138 kg·hm^{-2}，磷肥（P_2O_5）120 kg·hm^{-2}，钾肥（K_2O）207 kg·hm^{-2} 作基肥，拔节期追施氮肥 82.8 kg·hm^{-2}；玉米季施用专用缓释肥（氮 210 kg·hm^{-2}，磷 42 kg·hm^{-2}，钾 84 kg·hm^{-2}）。羊角豆和决明子每季施用复合肥（氮 45 kg·hm^{-2}、磷 45 kg·hm^{-2} 和钾 45 kg·hm^{-2}），播种量均为 12 kg·hm^{-2}，采用人工开沟覆土条播方式播种。

1.2 样品采集

2024 年 9 月下旬，在夏季作物收获前于各小区作物行间随机采集土壤样品。使用 PVC 大环刀（大土柱：直径 10 cm、高 20 cm）采集 0~20 cm 原状土柱，使用 PVC 小环刀（小土柱：直径 5 cm、高 5 cm）在 7.5 cm~12.5 cm 处采集原状土柱以代表 0~20 cm 土层，用保鲜膜将原状样品包裹以防止水分蒸发，每个处理三个重复，共计 9 个大土柱和 9 个小土柱样品，用于 CT 扫描。此外，采集 0~20 cm 混合土样带回实验室、风干。将样品过 5 mm 筛，并从每个处理中随机选取 5 个 3~5 mm 团聚体用于 CT 扫描。大土柱尺度以完整呈现耕层（0~20 cm）中粗大生物孔隙的连续分布特征；小土柱适用于田间批量采样及水气传输性质的快速测定分析；而 3~5 mm 团聚体常被用于研究微孔隙结构。基于此，本研究在 3 种典型尺度下对比分析生物孔隙特征，以全面理解多尺度空间分布规律。

1.3 CT 扫描与图像处理

使用工业 CT 扫描大土柱、小土柱和团聚体样品，CT 仪器和扫描参数如表 1 所示，大土柱、小土柱和团聚体的分辨率分别为 60 μm，30 μm 和 6 μm，利用 Datos | x2 Rec 软件进行图像重建，得到 8 位灰度图像，以 tiff 格式导出。

表 1 3 个尺度下样品信息和 CT 扫描参数

Table 1 Sample information and CT scan parameters at three scales

尺度 Scale	采样尺寸 Sample size	CT 扫描仪 CT scanner	扫描电流 Current/μA	扫描电压 Voltage /kV	分辨率 Resolution /μm	感兴趣区域 Regions of interest
大土柱 Large soil column	高 20 cm、直径 10 cm	Phoenix Vtomex S	220	230	60	高 18 cm、直径 8.7 cm 的圆柱体
小土柱 Small soil column	高 5 cm、直径 5 cm	v|tome|x m 300	160	160	30	高 3.9 cm、直径 3.9 cm 的圆柱体
团聚体 Aggregate	3~5 mm	v|tome|x m 300	100	100	6	整个团聚体

使用 Fiji 和 VG Studio Max 3.4 软件进行图像处理和分析。将图像导入到 Fiji 软件中，首先调整亮度和对比度以增强图像，并利用中值滤波器进行降噪[25]。对于大土柱和小土柱样品，选取图像的中心区域作为感兴趣区域（Region of interest，ROI），ROI 大小如表 2 所示。将团聚体样品的图像导入到 VG Studio Max 3.4，利用自适应矩形工具裁剪团聚体（灰度阈值为 110，深度为 3），以去除团聚体外部图像对图像分割的干扰，并将图像导出为 tiff 格式。在 Fiji 软件中采用全局阈值分割法将 3 个尺度下的样品图像分割为孔隙和土壤固相两部分[26]。

因大土柱、小土柱与团聚体的分割流程一致，下文以团聚体为例详述方法（图 1）：将孔隙图像导入到 Fiji 软件中，利用“Purify”功能将孔隙分为连接孔隙和孤立孔隙，分别对其中的生物孔隙分离。连接孔隙中生物孔隙的分割步骤如下：首先对连接孔隙进行腐蚀（Erode），采用“MorphoLibJ”插件中 3D 距离变换分水岭（Distance Transform Watershed 3D）实现生物孔隙和非生物孔隙分离；采用“MorphoLibj”插件中“Connected Components Labeling”和“Analyze Regions 3D”功能计算每个孔隙的形态特征参数[27]，根据以下特征参数将生物孔隙和非生物孔隙进行分离[28-30]：体积、团块性、紧密性、球形度和板状性（表 2）。从团聚体、大土柱和小土柱中手动选取典型生物孔隙和非生物孔隙（图 2），计算形态特征以建立

数据集，并初步应用到部分样品生物孔隙分类中，经不断修改和完善，最终得到一个 807 个包含生物孔隙和非生物孔隙样本的数据集。使用该数据集结合随机森林分类器进行分类和预测：将预先分配的 807 样本划分为数据训练集（565 个样本）和验证集（242 个样本），采用决策树数量为 200 随机森林分类器对数据训练集进行分类训练，在数据验证集使用分类器，预测准确率为 96.3%，然后在所有数据集（807 个样本）上训练，袋外误差（Out-of-Bag error, OOB）为 4.09%。将该分类算法应用到所有团聚体样品中，以实现生物孔隙和非生物孔隙的分割，少数孔隙分割出现错误，需要手动校正。将分割后的生物孔隙进行膨胀（Dilate），得到最终连通孔隙中的生物孔隙 1（图 1）。对于孤立孔隙中生物孔隙的分割步骤如下：首先确定孤立孔隙中是否存在生物孔隙与非生物孔隙相连，如果存在则需要进行“Purify”提取最大孔隙网络或者手动筛选相连孔隙，将它们归于连接孔隙分割流程中；对于剩余孤立孔隙，则直接计算每个孔隙的形态特征，并采用与连接孔隙相同的基于随机森林模型的形态学分类流程，得到生物孔隙 2。将生物孔隙 1 和生物孔隙 2 结合即可分离出完整团聚体样品中的生物孔隙网络。生物孔隙三维可视化采用 VG Studio Max 3.4 软件完成。

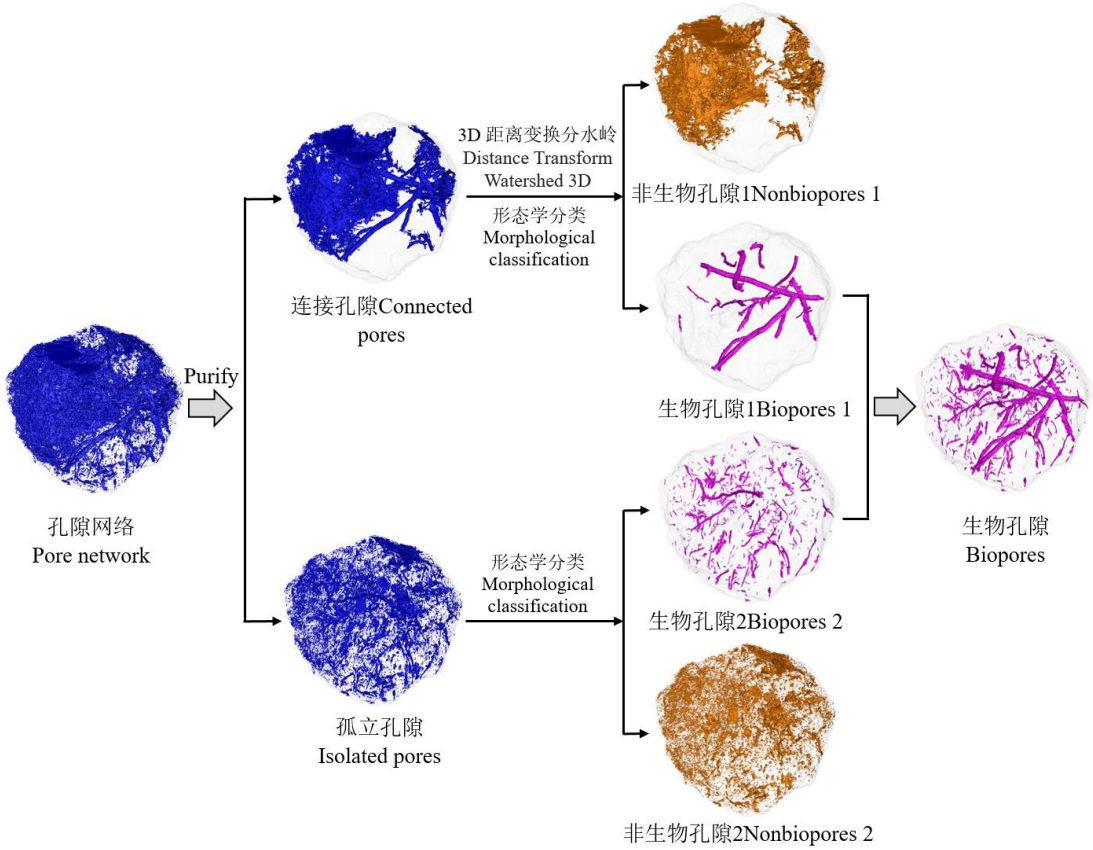


图 1 生物孔隙分割流程（以团聚体为例）（以彩图发表）

Fig. 1 Biopore segmentation process (as an example of aggregate)

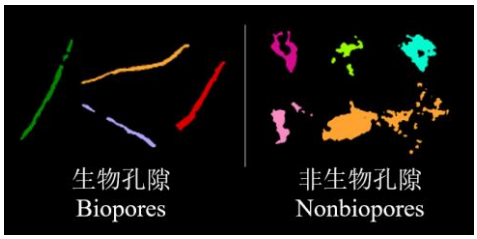


图 2 生物孔隙和非生物孔隙示例 （以彩图发表）

Fig. 2 Examples of biopores and nonbiopores

表 2 用于随机森林分类的生物孔隙特征参数

Table 2 Morphological traits of biopore objects used for random forest classification

特征 Trait	定义 Definition		特征 Trait	定义 Definition	
团块性 Blobness	$R_3/\sqrt{R_2R_1}$	(1)	球形度 Sphericity	$36\pi V^2/A^3$	(2)
紧密性 Compactness	$V/\frac{4}{3}\pi R_1R_2R_3$	(3)	板状性 Plateness	$\lvert R_2\rvert/\lvert R_1\rvert$	(4)

注：图像中的每个生物孔隙被等效惯性的椭球体替代，R_1、R_2、R_3 分别表示椭球体的三个半径，其中 $R_1>R_2>R_3$。V 和 A 分别为每个生物孔隙实际体积和实际表面积。Note: Each biopore in the images is replaced by an ellipsoid of equivalent inertia. R_1, R_2, and R_3 denote the three radii of the ellipsoid, where $R_1>R_2>R_3$. V and A are the real volume and surface area of each biopore, respectively.

利用 Fiji 软件计算生物孔隙形态特征参数。利用“Analyze Regions 3D”计算孔隙体积、生物孔隙体积、生物孔隙表面积和生物孔隙平均宽度，并进一步标准化为单位体积参数；表面积密度和平均宽度密度用于衡量生物孔隙形态特征。采用“Local Thickness”算法计算生物孔隙孔径分布、平均直径和最大直径；使用“Skeletonise”和“Analyze Skeleton”得到生物孔隙长度密度，用于表征生物孔隙的长度。生物孔隙占比定义为生物孔隙体积与基于 CT 图像得到的孔隙体积的比值。

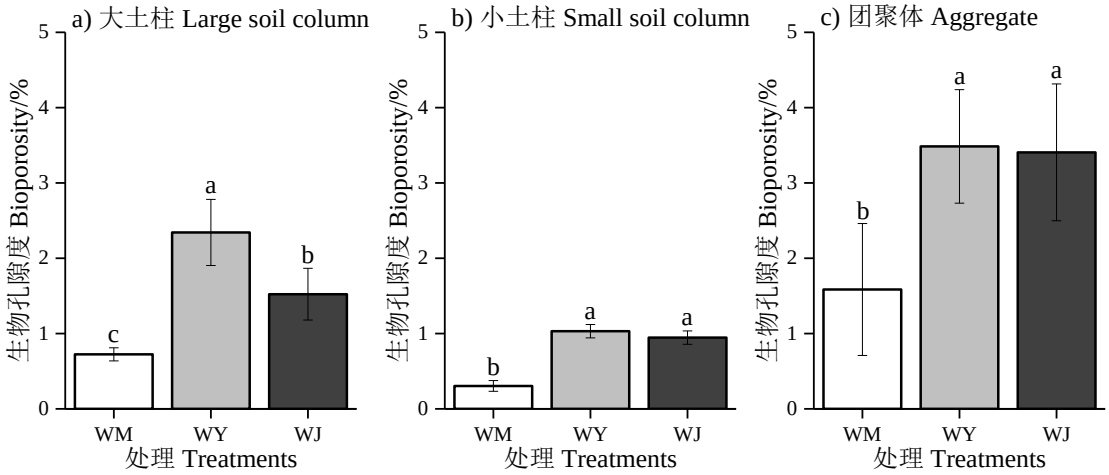
1.4 数据处理与分析

利用 SPSS 21.0 软件进行单因素方差分析（One-Way ANOVA），采用最小差异显著法进行多重比较（Least Significance Difference，LSD），检验各处理间差异，显著性水平为 0.05；采用 Python 3.12 软件进行生物孔隙形态学分类。

2 结 果

2.1 大土柱尺度下生物孔隙特征

大土柱尺度下，不同轮作模式对生物孔隙特征具有显著影响（图 3a）。与 WM 处理相比，WY 和 WJ 处理的生物孔隙度分别显著增加 111%和 237%（$P<0.05$）。从三维重构图像可知（图 4a），WM 处理以细小生物孔隙为主，而 WY 和 WJ 处理在 1~10 cm 土层中存在部分较粗的生物孔隙，并于 15 cm 以下深度逐渐转为细小生物孔隙。由生物孔隙随土层深度的垂直分布可知，WY 和 WJ 处理下生物孔隙度的最大值均集中在 0~10 cm 土层（图 5），而生物孔隙所占比例的最大值则集中在 15~20 cm 深度（图 6）。

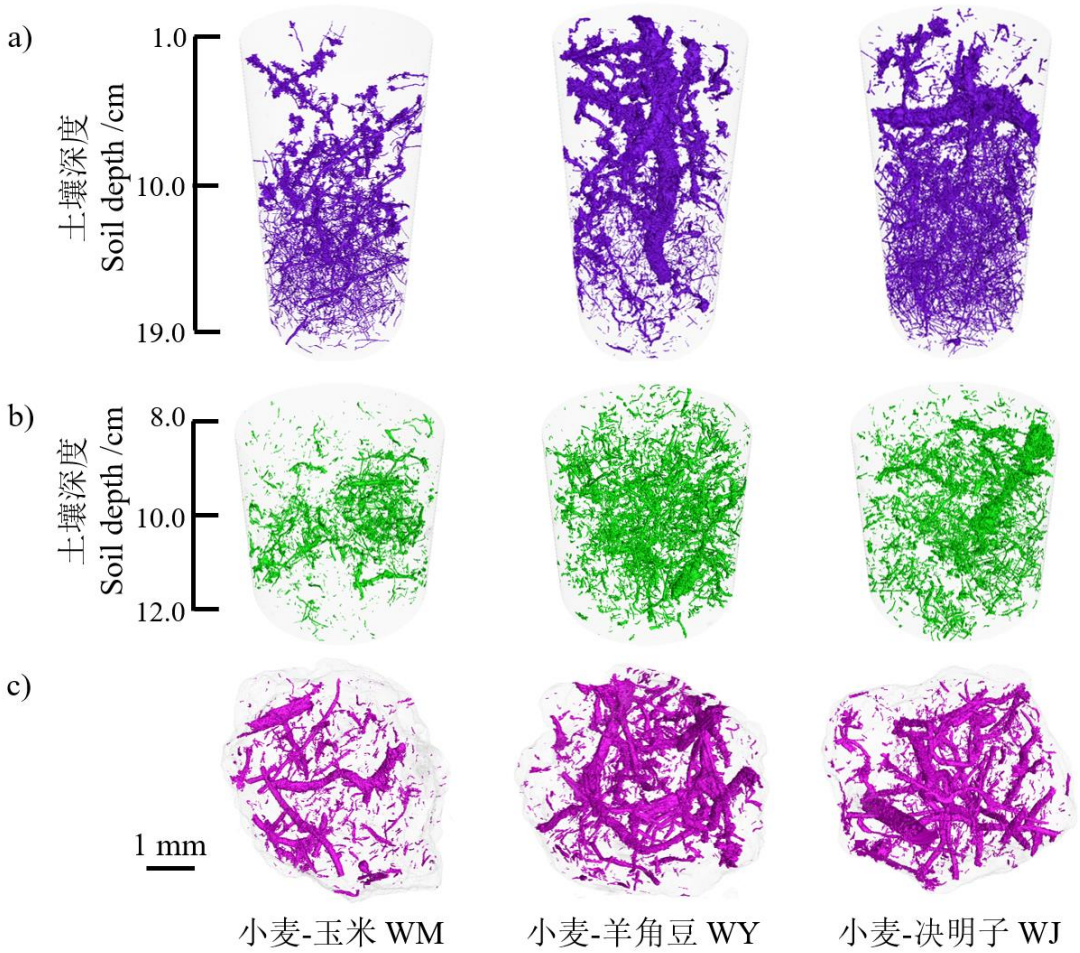


注：WM—小麦-玉米轮作; WY—小麦-羊角豆轮作; WJ—小麦-决明子轮作。下同。不同小写字母表示同一尺度下不同轮作处理间存在显著性差异（$P<0.05$）。Note: WM—wheat-maize rotation; WY—wheat- *Cassia occidentalis* rotation; WJ—wheat-*Cassia tora* Linn. rotation. The same below. Different lowercase letters indicate significant differences ($P<0.05$) under different crop rotations at the

same scale.

图 3 不同轮作处理下大土柱、小土柱和团聚体中生物孔隙度

Fig. 3 Bioporosity under different crop rotations at large soil column, small soil column, and aggregate scales



注：紫色部分（图 a）、绿色部分（图 b）和粉色部分（图 c）分别表示大土柱、小土柱和团聚体中生物孔隙。Note: The purple part, green part, and pink part indicate biopores at large soil column (Fig. a), small soil column (Fig. b) and aggregate (Fig. c) scales.

图 4 3 个尺度下不同轮作处理生物孔隙三维图像（以彩图发表）

Fig. 4 Three-dimensional images of biopores under different crop rotations at three scales

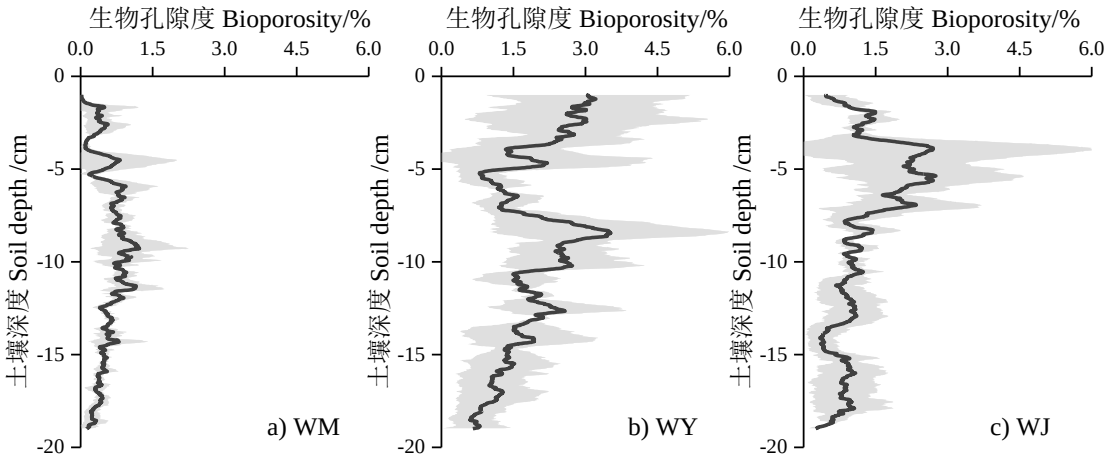


图 5 大土柱中生物孔隙度随土壤深度的分布

Fig. 5 Distributions of bioporosity with soil depth at large soil column scale

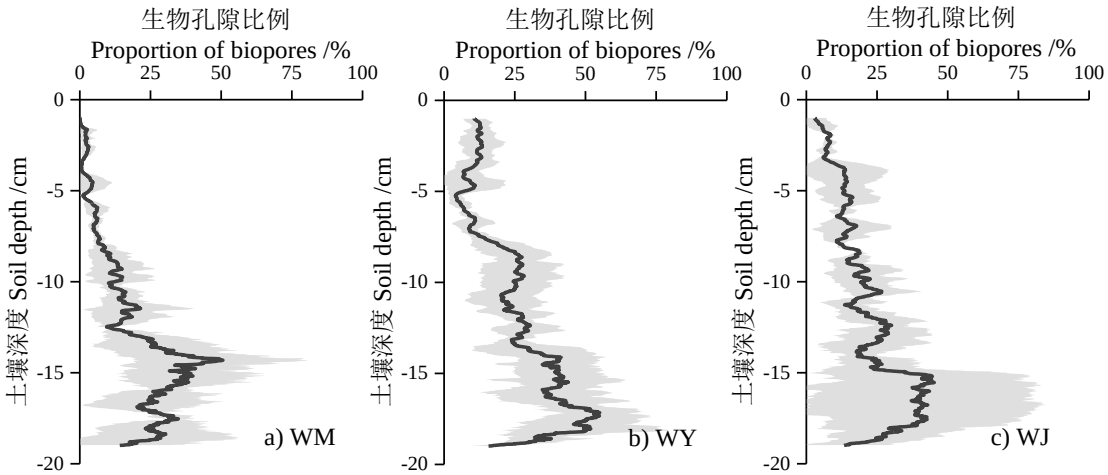


图 6 大土柱中生物孔隙度占孔隙度的比例随土壤深度的分布

Fig. 6 Distributions of the proportion of bioporosity to porosity with soil depth at large soil column scale

此外，相较于 WM 处理，WY 处理显著提升了生物孔隙的平均直径、长度密度和表面积密度，分别增加了 134%、83.7%和 86.0%（表 3，$P<0.05$）；WY 和 WJ 处理分别使生物孔隙最大孔径提高了 84.8%和 53.6%（$P<0.05$）。就孔径分布而言，WY 处理显著增加了 400~2500 μm 和 3000~8000 μm 范围内的生物孔隙度，而 WJ 处理显著增加了 2000~2500 μm 和 3000~5000 μm 范围内的生物孔隙度（图 7a，$P<0.05$）。

2.2 小土柱尺度下生物孔隙特征

小土柱尺度下，各轮作处理的生物孔隙特征差异显著（图 3b）。与 WM 处理相比，WY 处理显著提高了生物孔隙度和生物孔隙占比，分别增加了 243%和 161%；而 WJ 处理则分别提高了 217%和 170%（表 3，$P<0.05$）。由三维图像可知（图 4b），各处理均以较细生物孔隙为主，但 WY 和 WJ 处理中出现部分粗大生物孔隙。此外，相较于 WM 处理，WY 和 WJ 处理显著提高了生物孔隙最大直径、长度密度、表面积密度和平均宽度（表 3，$P<0.05$）。由孔径分布可知（图 7b），WY 和 WJ 处理使 100~900 μm 孔隙度显著提升了 220%和 165%，且 WJ 处理使 1 000~1 400 μm 孔隙度显著增加了 267%（$P<0.05$）。

表 3 3 个尺度下不同轮作处理生物孔隙特征参数

Table 3 Biopore characteristic parameter under different crop rotations at three scales

尺度 Scale	处理 Treatments	生物孔隙占比 Proportion of biopores/%	长度密度 Length density /（mm·mm^{-3}）	表面积密度 Surface area density /（mm^2·mm^{-3}）	平均直径 Mean diameter /μm	最大直径 Largest diameter/μm	平均宽度密度 Mean breadth density /（10^{-3} mm·mm^{-3}）
大土柱	WM	6.50 ± 0.41 b	0.86 ± 06 b	0.03 ±0.01 b	1444 ± 453 b	4792 ± 848 b	7.79 ± 4.66 a
Large soil	WY	16.7 ± 3.22 a	1.58 ± 0.27 a	0.06 ± 0.00 a	3374 ± 684 a	8854 ± 1435 a	12.5 ± 3.12 a
column	WJ	14.4 ± 4.11 a	1.17 ± 0.15 b	0.05 ± 0.02 ab	2423 ± 363 ab	7359 ± 920 a	12.5 ± 6.10 a
小土柱	WM	1.61 ± 0.36 b	0.02 ± 0.01 b	0.04 ± 0.01 b	449 ± 123 b	1283 ± 153 b	29.3 ± 12.0 b
Small soil	WY	4.21 ± 0.48 a	0.06 ± 0.00 a	0.12 ± 0.01 a	555 ± 37.7 ab	2042 ± 245 a	73.5 ± 3.43 a
column	WJ	4.34 ± 0.61 a	0.07 ± 0.02 a	0.10 ± 0.01 a	657 ± 111 a	2162 ± 497 a	62.0 ± 8.77 a
团聚体	WM	21.6 ± 11.6 a	14.9 ± 7.01 b	0.56 ± 0.19 b	109 ± 19.7 b	242 ± 56.2 b	1365 ± 426 b
Aggregate	WY	31.8 ± 7.15 a	26.8 ± 9.31 a	0.97 ± 0.23 a	156 ± 45.4 a	369 ± 67.1 a	2006 ± 601 ab
	WJ	34.4 ± 11.6 a	23.7 ± 4.90 ab	1.03 ± 0.20 a	139 ± 23.6 ab	362 ± 66.5 a	2445 ± 358 a

注：不同小写字母表示同一尺度下不同轮作处理间存在显著性差异（$P < 0.05$）。Note: Different lowercase letters indicate significant differences ($P < 0.05$) under different crop rotations at the same scale.

2.3 团聚体尺度下生物孔隙特征

团聚体尺度下，各轮作处理对生物孔隙的影响也表现出明显差异（图 3c）。与 WM 处理相比，WY 和 WJ 处理使生物孔隙度显著提升了 119%和 114%（$P<0.05$）。团聚体内生物孔隙占孔隙度的比例为 21.6%~34.4%（表 3）。就生物孔隙的三维分布而言，WY 和 WJ 处理的生物孔隙呈现相互缠绕的网络结构，贯穿整个团聚体（图 4c）。进一步分析发现，WY 处理使生物孔隙平均直径和生物孔隙长度密度显著提高了 43.1%和 79.9%，而 WJ 处理则使生物孔隙平均宽度显著提高了 79.4%（表 3，$P<0.05$）。同时，WY 和 WJ 处理均显著增加了生物孔隙最大直径和表面积密度（$P<0.05$）。孔径分布显示（图 7c），WY 处理显著增加了 20~40 μm、100~140 μm 和 300~350 μm 孔隙度，而 WJ 处理则显著增加了 180~300 μm 以及 350~400 μm 孔隙度（$P<0.05$）。

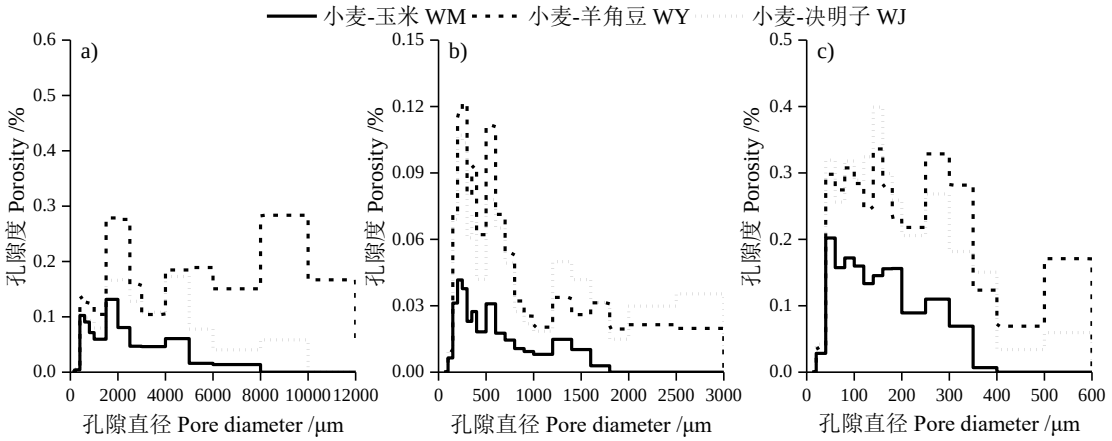


图 7 3 个尺度下不同轮作处理生物孔隙孔径分布

Fig. 7 The distribution of biopore aperture sizes under different crop rotations at three scales

3 讨 论

3.1 不同轮作模式对生物孔隙形态特征的影响

本研究结果表明，与传统的小麦-玉米轮作相比，小麦-羊角豆和小麦-决明子轮作系统在 3 个观测尺度下均显著提高了土壤生物孔隙度（$P<0.05$），表明覆盖作物轮作有助于改善砂姜黑土生物孔隙结构（图 8），这与 Lucas 等[20]和 Zhu 等[21]报道的结果类似。在小麦-玉米轮作体系中，生物孔隙的形成主要依赖于作物根系的穿插延伸、垂直下扎以及根系凋亡腐解过程。然而，小麦和玉米均为须根系作物，根系主要分布在表层，缺乏深扎的主根，极大地限制了生物孔隙的形成。而在小麦-羊角豆和小麦-决明子轮作体系中，覆盖作物较粗的主根能够最大程度穿透 0~20 cm 土层，形成较粗的生物孔隙，导致生物孔隙平均直径和最大直径均高于小麦-玉米轮作体系（表 3）。此外，覆盖作物发达的侧根系统通过根-土界面的挤压作用诱导产生了多级分叉生物孔隙网络[7,31]，显著增加了生物孔隙的长度密度（表 3）。作为豆科作物，羊角豆和决明子能够通过自身生物固氮并以残体返还至土壤中的形式增加土壤氮库，能够调节微生物之间的协同作用[21]，从而加速对根系的分解并产生大量新的生物孔隙[8,32]。同时，其秸秆还田为土壤输入了丰富的有机物质，促进团聚体的形成并增强孔隙结构的机械稳定性[33-34]，从而构建了具有较高结构稳定性和抗扰动能力的生物孔隙网络[10]。综上，覆盖作物轮作通过优化根系构型与有机质输入，显著改善了砂姜黑土的生物孔隙结构。

3.2 不同研究尺度对生物孔隙的影响

本研究结合 3D 距离变换分水岭算法与随机森林分类器的 CT 图像分割方法，对大土柱、小土柱及团聚体三种典型尺度下生物孔隙特征进行了系统分析。虽然各尺度下的生物孔隙变化趋势一致，但所揭示的信息具有明显差异（图 8）。

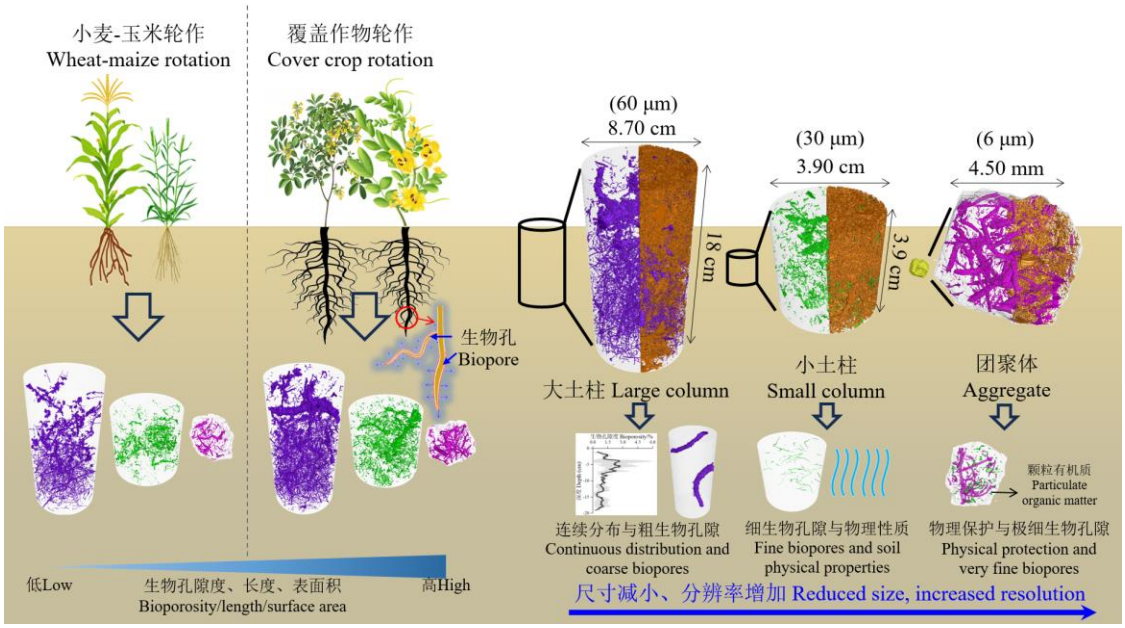
大土柱尺度能够完整呈现耕作层生物孔隙的三维网络结构，尤其是在揭示生物孔隙垂直连续性分布特征方面具有显著优势。本研究发现，0~10 cm 土层分布大量生物孔隙，而 10~20 cm 土层中孔隙数量减少但生物孔隙占比增加，表明亚表层生物孔隙在缓解土壤压实和物理结构障碍方面具有重要作用。本研究中，大土柱尺度生物孔隙的平均直径（1444~3374 μm）和最大直径（4792~8854 μm）远高于其他尺度，原因在于该尺度能够有效捕获较粗根系（>3000 μm）的孔隙，如主根等生长、分解产生的生物孔隙。然而，受限于较低的分辨率（60 μm），该尺度难以识别细生物孔隙（<60 μm），尤其是团聚体内部的微孔隙，且扫描和分析过程较为耗时。

小土柱尺度可有效检测较细生物孔隙（>30 μm），并能在一定程度上降低团聚体尺度的

随机性误差。此外，小土柱样品广泛应用于土壤孔隙结构及水气传输性质研究[35-36]，该尺度下的生物孔隙特征对预测土壤饱和导水率和导气性具有较高的准确性[37]。然而，小土柱尺度也存在一定的局限性：样品尺寸（以 5 cm 高度代表 20 cm 或者 10 cm 土层）相对较小，难以完整代表整个耕作层生物孔隙的分布特征，尤其难以捕捉较长和较粗的生物孔隙，且易受局部耕作扰动影响，导致该尺度下生物孔隙占比明显低于大土柱尺度（表 3）。

团聚体尺度能够实现较高分辨率（>6 μm）探测，特别适用于根毛等微细生物孔的量化，使其表面积密度、长度密度和平均宽度密度均显著高于其他两个尺度（表 3）。作为土壤结构的基本单元，团聚体尺度的分析对于阐明根系与土壤结构之间的互作机制及土壤有机碳的物理保护机制具有重要意义[38-39]。本研究结果表明，团聚体尺度的生物孔隙占总孔隙度比例高达 21.6%~34.4%，远高于大、小土柱尺度（表 3）。与非生物孔隙相比，团聚体尺度的生物孔隙对机械扰动的抗压性更强[10]，在维持团聚体稳定性中发挥重要作用。然而，该尺度无法反映团聚体间大孔隙的连通性特征，且受样品尺寸限制，存在较高的随机性，需增加样品数量以提高统计结果的可靠性。

综上，不同尺度下生物孔隙分割与定量各具优势与局限。应根据研究目标合理选择适当尺度，并推荐采用多尺度联合分析，以全面、深入地揭示土壤生物孔隙的结构特征以及生态功能。需指出，本研究所用分割方法对训练样本集依赖性较强，后续应用中应优化样本构建以提升分类精度；此外，对于非管状生物孔隙（如圆形洞穴）的识别，未来可结合三维卷积神经网络等深度学习方法进行进一步探索。



注：图中括号内 60 μm、30 μm、6 μm 分别代表大土柱、小土柱、团聚体尺度扫描分辨率。Note：The 60 μm, 30 μm, and 6 μm in the bracket indicate the resolutions of the large column, small column, and aggregate, respectively.

图 8 三个尺度下小麦-玉米轮作和覆盖作物轮作体系生物孔隙分布概念图（以彩图发表）

Fig. 8 Diagram of the biopore distribution under wheat-maize rotation and cover crop rotation systems at three scales

4 结 论

本研究基于 X 射线 CT 扫描技术结合随机森林分类，从大土柱（10 cm×20 cm）、小土柱（5 cm×5 cm）和团聚体（3~5 mm）3 个尺度系统评价了不同轮作模式对砂姜黑土生物孔隙结构的影响。结果表明，覆盖作物轮作显著提升了各尺度的生物孔隙度，有效改善了砂姜黑

土区土壤结构。在尺度对比上，大土柱尺度能够反映耕层生物孔隙连续性，且能捕捉粗大孔隙（>3000 μm）；小土柱尺度适用于捕捉较细孔隙（>30 μm），为揭示生物孔隙与水气传输性质之间的定量关系提供了可靠的分析手段；团聚体尺度可识别极细孔隙（>6 μm），揭示其在团聚体结构与有机碳保护中的重要作用。建议未来研究采用多尺度 CT 分析与高精度图像识别技术，以全面深入地解析土壤生物孔隙的形成机制及其生态功能，为砂姜黑土区土壤结构改良与可持续农田管理提供理论支撑。

参考文献（References）

[1] Rabot E, Wiesmeier M, Schlüter S, et al. Soil structure as an indicator of soil functions: A review[J]. Geoderma, 2018, 314: 122-137.

[2] Li B G, Zhou H, Wang G, et al. Explore the “transparent” soils: Soilporelogy has sailed[J]. Acta Pedologica Sinica, 2023, 60(5): 1221-1230. [李保国, 周虎, 王钢, 等. 探索“透明” 土壤体: 土壤孔隙学的时代已经启航[J]. 土壤学报, 2023, 60(5): 1221-1230.]

[3] Zhang Z B, Peng X H. Bio-tillage: A new perspective for sustainable agriculture[J]. Soil and Tillage Research, 2021, 206: 104844.

[4] Liu C Z, Si B C, Zhao Y, et al. Drivers of soil quality and maize yield under long-term tillage and straw incorporation in Mollisols[J]. Soil and Tillage Research, 2025, 246: 106360.

[5] Zhang Z B, Liu K L, Zhou H, et al. Three dimensional characteristics of biopores and non-biopores in the subsoil respond differently to land use and fertilization[J]. Plant and Soil, 2018, 428(1): 453-467.

[6] Wang S, Zhang S, Zhang Y, et al. Effects of different tillage practices of soil biopores and nonbiopores structures in sugarcane field soils of Guangxi[J]. Journal of Southern Agriculture, 2024, 55(9): 2613-2622. [王松, 张硕, 张钰, 等. 不同耕作方式对广西蔗田土壤生物性和非生物性孔隙结构的影响[J]. 南方农业学报, 2024, 55(9): 2613-2622.]

[7] Wendel A S, Bauke S L, Amelung W, et al. Root-rhizosphere-soil interactions in biopores[J]. Plant and Soil, 2022, 475(1): 253-277.

[8] Haling R E, Tighe M K, Flavel R J, et al. Application of X-ray computed tomography to quantify fresh root decomposition in situ[J]. Plant and Soil, 2013, 372(1): 619-627.

[9] Mele G, Buscemi G, Gargiulo L, et al. Soil burrow characterization by 3D image analysis: Prediction of macroinvertebrate groups from biopore size distribution parameters[J]. Geoderma, 2021, 404: 115292.

[10] Tian M, Whalley W R, Zhou H, et al. Does no-tillage mitigate the negative effects of harvest compaction on soil pore characteristics in Northeast China [J]. Soil and Tillage Research, 2023, 233: 105787.

[11] Phalempin M, Jentzsch N, Köhne J M, et al. Soil structure development in a five-year chronosequence of maize cropping on two contrasting soil textures[J]. Soil and Tillage Research, 2025, 251: 106561.

[12] Lucas M, Schlüter S, Vogel H J, et al. Soil structure formation along an agricultural chronosequence[J]. Geoderma, 2019, 350: 61-72.

[13] Han E, Kirkegaard J A, White R, et al. Deep learning with multisite data reveals the lasting effects of soil type, tillage and vegetation history on biopore genesis[J]. Geoderma, 2022, 425: 116072.

[14] Garbout A, Munkholm L J, Hansen S B. Tillage effects on topsoil structural quality assessed using X-ray CT, soil cores and visual soil evaluation[J]. Soil and Tillage Research, 2013, 128: 104-109.

[15] Rooney E C, Bailey V L, Patel K F, et al. Soil pore network response to freeze-thaw cycles in permafrost aggregates[J]. Geoderma, 2022, 411: 115674.

[16]Xiong P, Guo Z C, Li W, et al. Regional analysis of maize yield and physiochemical properties of Shajiang black soil (vertisol) in Huaibei Plain[J]. Soils, 2021, 53(2): 391-397. [熊鹏, 郭自春, 李玮, 等. 淮北平原砂姜黑土玉米产量与土壤性质的区域分析[J]. 土壤, 2021, 53(2): 391-397.]

[17] Wang Y K, Guo Z C, Zhang Z B, et al. Effect of tillage practices on soil physical properties and maize growth in Shajiang black soil (vertisol)[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(6): 1370-1380. [王玥凯, 郭自春, 张中彬, 等. 不同耕作方式对砂姜黑土物理性质和玉米生长的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(6): 1370-1380.]

[18] Budhathoki S, Lamba J, Srivastava P, et al. Impact of land use and tillage practice on soil macropore characteristics inferred from X-ray computed tomography[J]. Catena, 2022, 210: 105886.

[19] Singh J, Singh N, Kumar S. X-ray computed tomography–measured soil pore parameters as influenced by crop rotations and cover crops[J]. Soil Science Society of America Journal, 2020, 84(4): 1267-1279.

[20] Lucas M, Nguyen L T T, Guber A, et al. Cover crop influence on pore size distribution and biopore dynamics: Enumerating root and soil faunal effects[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 928569.

[21] Zhu D, Sun L, Mao L N, et al. Combined effects of cropping alfalfa (*Medicago sativa* L.) on the soil pore structure, microbial communities and organic carbon fractions in saline soils[J]. Applied Soil Ecology, 2025, 208: 105993.

[22] Casali E, Larsbo M, Koestel J, et al. Macropore flow in relation to the geometry and topology of soil macropore networks: re-visiting the kinematic wave equation[J]. Journal of Hydrology, 2024, 630: 130732.

[23] Cheng W L, Li M, Han S, et al. Effect of different kinds of summer green manure on improvement of protected soil[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2021(4): 83-87. [程文龙, 李敏, 韩上, 等. 不同种类夏绿肥对设施土壤的改良效应[J]. 中国土壤与肥料, 2021(4): 83-87.]

[24] Pal S, Kumar P, Ramakrishna E, et al. Extract and fraction of *Cassia occidentalis* L. (a synonym of *Senna occidentalis*) have osteogenic effect and prevent glucocorticoid-induced osteopenia[J]. Journal of Ethnopharmacology, 2019, 235: 8-18.

[25] Schindelin J, Arganda-Carreras I, Frise E, et al. Fiji: An open-source platform for biological-image analysis[J]. Nature Methods, 2012, 9(7): 676-682.

[26] Otsu N. A threshold selection method from gray-level histograms[J]. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 1979, 9(1): 62-66.

[27] Legland D, Arganda-Carreras I, Andrey P. MorphoLibJ: Integrated library and plugins for mathematical morphology with ImageJ[J]. Bioinformatics, 2016, 32(22): 3532-3534.

[28] Schlüter S, Leuther F, Albrecht L, et al. Microscale carbon distribution around pores and particulate organic matter varies with soil moisture regime[J]. Nature Communications, 2022, 13: 2098.

[29] Leuther F, Wolff M, Kaiser K, et al. Response of subsoil organic matter contents and physical properties to long-term, high-rate farmyard manure application[J]. European Journal of Soil Science, 2022, 73(2): e13233.

[30] Ding T Y, Guo Z C, Wang Y K, et al. The spatial distribution of particulate organic matter within aggregates of Shajiang black soil under various straw return practices based on X-ray CT technology and machine learning[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, 62(2): 375-387. [丁天宇, 郭自春, 王玥凯, 等. 不同秸秆还田方式下砂姜黑土团聚体内颗粒有机质的空间分布特征——基于 X 射线 CT 技术和机器学习[J]. 土壤学报, 2025, 62(2): 375-387.]

[31] Bodner G, Leitner D, Kaul H P. Coarse and fine root plants affect pore size distributions differently[J]. Plant and Soil, 2014, 380(1): 133-151.

[32] Phalempin M, Landl M, Wu G M, et al. Maize root-induced biopores do not influence root growth of subsequently grown maize plants in well aerated, fertilized and repacked soil columns[J]. Soil and Tillage Research, 2022, 221: 105398.

[33] Sodhi G P S, Beri V, Benbi D K. Soil aggregation and distribution of carbon and nitrogen in different fractions under long-term application of compost in rice–wheat system[J]. Soil and Tillage Research, 2009, 103(2): 412-418.

[34] Witzgall K, Vidal A, Schubert D I, et al. Particulate organic matter as a functional soil component for persistent soil organic carbon[J]. Nature Communications, 2021, 12: 4115.

[35] Koestel J, Larsbo M, Jarvis N. Scale and REV analyses for porosity and pore connectivity measures in

undisturbed soil[J]. Geoderma, 2020, 366: 114206.

[36] Qian Y Q, Xiong P, Wang Y K, et al. Effect of tillage practices on soil pore structure characteristics in Shajiang black soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61(1): 52-63. [钱泳其, 熊鹏, 王玥凯, 等. 不同耕作方式对砂姜黑土孔隙结构特征的影响[J]. 土壤学报, 2024, 61(1): 52-63.]

[37] Zhang Z B, Liu K L, Zhou H, et al. Linking saturated hydraulic conductivity and air permeability to the characteristics of biopores derived from X-ray computed tomography[J]. Journal of Hydrology, 2019, 571: 1-10.

[38] Six J, Elliott E T, Paustian K. Soil macroaggregate turnover and microaggregate formation: A mechanism for C sequestration under no-tillage agriculture[J]. Soil Biology ＆ Biochemistry, 2000, 32(14): 2099-2103.

[39] Guo Z C, Ding T Y, Wang Y K, et al. Quantifying and visualizing soil macroaggregate pore structure and particulate organic matter in a Vertisol under various straw return practices using X-ray computed tomography[J]. Geoderma, 2024, 452: 117105.

（责任编辑：檀满枝）