

吕付泽, 杨雅丽, 鲍雪莲, 等. 免耕不同秸秆覆盖量对黑土微生物群落及其残留物的影响. 应用生态学报, 2023, 34(4): 903-912

Lyu FZ, Yang YL, Bao XL, et al. Effects of no-tillage and different stover mulching amounts on soil microbial community and microbial residue in the Mollisols of China. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2023, 34(4): 903-912

## 免耕不同秸秆覆盖量对黑土微生物群落及其残留物的影响

吕付泽<sup>1,2,3</sup> 杨雅丽<sup>1,3\*</sup> 鲍雪莲<sup>1,3</sup> 张常仁<sup>4</sup> 郑甜甜<sup>1,3</sup> 何红波<sup>1,3</sup> 张旭东<sup>1,3</sup> 解宏图<sup>1,3</sup>

(<sup>1</sup>中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016; <sup>2</sup>中国科学院大学, 北京 100049; <sup>3</sup>辽宁省现代保护性耕作与生态农业重点实验室, 沈阳 110016; <sup>4</sup>辽宁师范大学地理科学学院, 辽宁大连 116029)

**摘要** 为探究免耕和不同秸秆覆盖量下土壤微生物群落组成及残留物的变化规律, 依托中国东北黑土区的玉米保护性耕作长期平台(始建于2007年), 以传统耕作(翻耕+无秸秆还田)为对照(CT), 对免耕结合不同秸秆覆盖量[免耕+无秸秆还田(NT0)、免耕+1/3 秸秆覆盖还田(NT1/3)、免耕+2/3 秸秆覆盖还田(NT2/3)和免耕+全量秸秆覆盖还田(NT3/3)]下不同土层(0~5、5~10、10~20 cm)土壤理化性质、磷脂脂肪酸和氨基糖的变化特征进行分析。结果表明: 与CT相比, 免耕无秸秆还田处理(NT0)对土壤有机碳(SOC)、全氮(TN)、可溶性有机碳(DOC)、可溶性有机氮(DON)、含水量、微生物群落及其残留物等均无显著影响; 免耕结合秸秆覆盖还田主要影响了土壤表层各指标, 与CT相比, 0~5 cm 土层中 NT1/3、NT2/3、NT3/3 处理 SOC 含量分别显著提高了 27.2%、34.1%、35.6%, NT2/3 和 NT3/3 处理磷脂脂肪酸含量分别显著提高了 39.2% 和 65.0%, NT3/3 处理氨基糖含量(微生物残留物)显著提高了 47.2%; 免耕不同秸秆覆盖量的土壤理化性质和微生物群落差异随土壤深度增加而减小, 5~20 cm 土层中几乎无显著差异。SOC、TN、DOC、DON 和含水量是影响微生物群落组成和残留物积累的重要因素; 相关性分析表明, 活体微生物生物量与残留物尤其真菌残留物具有正相关关系。综上, 不同秸秆覆盖量处理均能不同程度促进 SOC 的积累; 当秸秆量充足时, 建议选择免耕+全量秸秆覆盖的耕作方式, 最有利于土壤微生物生物量、微生物残留物和 SOC 的增加; 当秸秆量不足时, 可选用免耕+2/3 秸秆覆盖还田的方式, 可提高土壤微生物生物量和 SOC 含量。本研究对指导东北黑土区农田生态系统秸秆管理及促进农业可持续发展具有重要意义。

**关键词** 秸秆覆盖量; 土壤有机碳; 微生物生物量; 微生物残留物

**Effects of no-tillage and different stover mulching amounts on soil microbial community and microbial residue in the Mollisols of China.** LYU Fuze<sup>1,2,3</sup>, YANG Yali<sup>1,3\*</sup>, BAO Xuelian<sup>1,3</sup>, ZHANG Changren<sup>4</sup>, ZHENG Tiantian<sup>1,3</sup>, HE Hongbo<sup>1,3</sup>, ZHANG Xudong<sup>1,3</sup>, XIE Hongtu<sup>1,3</sup> (<sup>1</sup>*Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China*; <sup>2</sup>*University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China*; <sup>3</sup>*Liaoning Province Key Laboratory of Conservation Tillage and Ecological Agriculture, Shenyang 110016, China*; <sup>4</sup>*College of Geographical Sciences, Liaoning Normal University, Dalian 116029, Liaoning, China*).

**Abstract:** To investigate the effects of no-tillage and different amounts of stover mulch on soil microbial community composition and their residues, we set up a field experiment of different amounts of stover mulch under no-tillage on the long-term maize conservation tillage station located in the Mollisols area of Northeast China (built in 2007), including without stover mulch (NT0), 1/3 stover mulch (NT1/3), 2/3 stover mulch (NT2/3) and full stover mulch (NT3/3), and the conservation tillage (plowing without stover mulch, CT) as control. We analyzed phospholipid fatty acid, amino sugar biomarker and soil physicochemical properties at different soil layers (0-5 cm, 5-10 cm, 10-20 cm). The results showed that compared to CT, no-tillage without stover mulch (NT0) did not affect soil organic carbon (SOC), total nitrogen (TN), dissolved organic carbon and nitrogen (DOC, DON), water content, microbial community and their residue. The main effects of no-tillage and stover mulch were found in the topsoil. Specifically, the NT1/3, NT2/3 and NT3/3 significantly increased SOC content by 27.2%, 34.1% and 35.6%, respectively, phospholipid fatty acid content was significantly increased under NT2/3 and NT3/3 by 39.2% and 65.0%, respectively, amino sugar content (microbial residue) was significantly increased under NT3/3 by 47.2%. The soil physicochemical properties and microbial community differences decreased with soil depth, almost no significant differences were found in the 5-20 cm soil layer. SOC, TN, DOC, DON and water content are important factors affecting microbial community composition and residue accumulation; correlation analysis showed that active microbial biomass and residues, especially fungal residues, had a positive correlation. In summary, different stover mulching treatments could promote SOC accumulation to different degrees; when stover amount was sufficient, it is recommended to choose no-tillage + full stover mulching, which is most beneficial to soil microbial biomass, microbial residues and SOC increase; when stover amount was insufficient, no-tillage + 2/3 stover mulching could be used to improve soil microbial biomass and SOC content. This study is of great significance for guiding straw management and promoting sustainable development of agricultural ecosystem in the Mollisols area of Northeast China.

本文由黑土地保护与利用科技创新工程专项(XDA28090100)、国家自然科学基金项目(41977048)和沈阳市科学技术计划项目(22-317-2-06, 21-116-3-03, 21-109-3-03)资助。

2022-12-13 收稿, 2023-03-12 接受。

\* 通信作者 E-mail: yali\_yang@iae.ac.cn

and 65.0%, respectively, and NT3/3 significantly increased the content of microbial residue-amino sugar by 47.2% in the depth of 0–5 cm compared with CT. The variations in soil properties and microbial community induced by no-tillage and different amounts stover mulch decreased with soil depth, with almost no difference in the 5–20 cm soil layer. SOC, TN, DOC, DON, and water content were the main factors influencing the composition of the microbial community and the accumulation of microbial residue. Microbial biomass was positively correlated with microbial residue, particularly fungal residue. In conclusion, all stover mulch treatments promoted SOC accumulation to different degrees. When there is sufficient stover, it is advisable to opt for no-tillage with full stover mulch, as it is most conducive to the increases of soil microbial biomass, microbial residue and SOC. In case when the amount of stover is inadequate, however, no-tillage with 2/3 stover mulch can still improve soil microbial biomass and SOC content. This study would provide practical guidance for stover management in conservation tillage and sustainable agricultural development in the Mollisols area of Northeast China.

**Key words:** amount of stover mulch; soil organic carbon; microbial biomass; microbial residue.

东北黑土区是我国粮食主产区,长期重用轻养的耕作措施导致土壤产生退化、肥力下降等诸多问题。自 20 世纪 50 年代开垦以来,黑土耕作层有机碳含量下降约 50%,储量逐渐降低,成为“碳源”<sup>[1]</sup>。免耕结合秸秆还田作为保护性耕作的核心措施能够提高土壤碳库水平、增强土壤“碳汇”能力<sup>[2]</sup>。但在东北地区生产实践中,作物秸秆除了还田外,还是动物饲料和再生能源的主要来源。如果部分秸秆还田就能满足土壤有机碳(SOC)的增加需求,那么剩余秸秆就可以打包用做它途,为农民提供更多经济收入。有研究表明,在施肥量相同的情况下,SOC 增加与秸秆输入量之间存在非线性关系<sup>[3]</sup>,中量的秸秆还田可能具有更高的 SOC 积累效率<sup>[4]</sup>。因此,对免耕及不同秸秆还田量的研究将有助于我们探索既能满足 SOC 固存又能增加农民经济效益的秸秆田间管理方案。

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分,在 SOC 转化与固存过程中的作用不容忽视<sup>[5]</sup>。土壤微生物生物量在土壤碳库中的占比不到 5%,但因微生物不断重复生长发育过程,具有连续积累效应,不能以活体微生物生物量占比来衡量微生物对土壤碳库的作用<sup>[6]</sup>。近年来的研究发现,土壤微生物对 SOC 的贡献程度在过去是被低估的,微生物残体对有机碳的积累占比在 50%以上<sup>[7]</sup>。土壤微生物经过自身同化、生长死亡的迭代周转过程以微生物死亡残体的形式贡献于土壤有机碳库<sup>[8]</sup>。由于土壤微生物活体群落自身的生理特征、营养利用策略及生长速率等直接调控微生物生长死亡过程,影响“活体生物量-微生物残留物”链条中土壤碳的传递<sup>[9]</sup>,因此,活体微生物生物量和微生物残体均为评估微生物过程对 SOC 积累贡献的有效指标<sup>[8]</sup>。研究微生物活体生物群落与土壤微生物残体的积累变化,进一步探究二者的关系对揭示土壤微生物调

节 SOC 的机制具有重要意义。

土壤微生物的磷脂脂肪酸(PLFA)能够反映微生物的数量和种类,不同 PLFA 间的比值可以反映不同微生物的生存状态和营养情况<sup>[10]</sup>。土壤氨基糖是微生物细胞壁中的物质,能相对稳定地存在于土壤中,可作为土壤微生物残留标识物反映微生物的长期效应,与 SOC 呈显著正相关关系<sup>[11–12]</sup>。土壤中氨基葡萄糖(GluN)主要来源于真菌细胞壁,胞壁酸(MurA)则唯一来源于细菌细胞壁<sup>[13]</sup>。土壤中 GluN 与 MurA 的比值可用来表征真菌和细菌残留物对总 SOC 的相对贡献<sup>[13]</sup>。相关研究表明,免耕秸秆覆盖与传统耕作相比能显著增加土壤微生物生物量和氨基糖含量<sup>[14]</sup>。但秸秆不同覆盖量如何影响微生物群落和残留物及二者之间的关系尚不清楚。为此,本研究依托中国科学院沈阳应用生态研究所保护性耕作研发基地,利用秸秆不同覆盖量试验平台,探究土壤微生物群落调控 SOC 变化的机制,筛选秸秆优化管理措施,以期为保护性耕作和农业可持续发展提供理论支持与实践指导。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设计

本研究试验地点位于吉林省梨树县中国科学院沈阳应用生态研究所保护性耕作研发基地(43°19' N, 124°14' E)<sup>[15]</sup>,该基地始建于 2007 年,气候为温带半湿润大陆性季风气候,年均气温为 6.9 °C,年均降水量为 614 mm,主要集中在 6—8 3 个月。试验区域土壤类型为中层黑土,壤质黏土,种植模式为玉米连作,雨养农业。本试验共设 5 个处理:传统耕作(翻耕+无秸秆还田,CT)、免耕+无秸秆覆盖(NT0)、免耕+1/3 秸秆覆盖还田(每 3 年中第一年秸秆全部还田,NT1/3)、免耕+2/3 秸秆覆盖还田(每 3 年中前两年秸秆全部还田,NT2/3)、免耕+

全量秸秆覆盖还田(3年秸秆全部还田, NT3/3)。每个处理4次重复, 随机区组设计, 各小区面积261 m<sup>2</sup>。CT按照当地农民常用耕作方式进行翻耕并移除全部秸秆。免耕处理全部采用免耕播种机进行播种, 除播种外, 全年不扰动土壤。秸秆还田方式为玉米每年收获后还田, 按照试验设计中各处理要求留相应秸秆量, 切成30~50 cm小段均匀覆盖在地表, 每年全量秸秆约7500 kg·hm<sup>-2</sup>。各处理施肥量与张常仁等<sup>[15]</sup>的研究相同, 分别为: 氮(N) 240 kg·hm<sup>-2</sup>、磷(P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>) 110 kg·hm<sup>-2</sup>、钾(K<sub>2</sub>O) 110 kg·hm<sup>-2</sup>, 均作为底肥于播种前一次性施入。

## 1.2 样品采集

于2019年10月进行土壤样品采集, 采样时不同耕作措施已持续12年, 每个小区用土钻采集5个点, 混合成一个样品, 分0~5、5~10和10~20 cm 3个土层采样。将采集的样品过2 mm筛, 去除秸秆、根系等有机残体和石块。土壤样品一部分于4℃保存, 用于土壤铵态氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)、硝态氮(NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N)、含水量、可溶性有机碳(DOC)和可溶性有机氮(DON)测定; 一部分于-20℃保存, 用于土壤磷脂脂肪酸(PLFA)的测定; 剩余部分土样自然风干, 用于土壤氨基糖、pH、总氮(TN)和土壤有机碳(SOC)的测定。

## 1.3 测定项目与方法

### 1.3.1 土壤理化指标测定

SOC含量采用重铬酸钾氧化法<sup>[16]</sup>测定。土壤TN使用元素分析仪(Elementar Analysensysteme GmbH, Hanau, 德国)测定。土壤铵态氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)和硝态氮(NO<sub>3</sub><sup>-</sup>-N)含量的测定: 用2 mol·L<sup>-1</sup> KCl溶液按水土比5:1提取, 上清液使用连续流动分析仪(Technicon Corporation, Oregon, 美国)测定。DOC和DON含量的测定: 按水土比5:1混合, 震荡后用0.45 μm滤膜过滤上清液, 采用TOC仪(Multi N/C 3000, Analytik Jena, 德国)测定。土壤pH采用电位法测定。土壤含水量采用烘干称重法测定, 将新鲜土壤在105℃下烘干至恒重, 计算土壤含水量。

### 1.3.2 土壤磷脂脂肪酸测定

土壤PLFA的提取和分析采用Liang等<sup>[17]</sup>的方法进行。整个试验过程均在避光条件下完成, 称取6 g冷冻干燥的土壤样品于离心管中, 先加入磷酸缓冲液, 再加入氯仿和甲醇溶液进行提取。选取SPE固相萃取柱进行PLFA纯化、甲酯化。加入100 μL正己烷溶解脂肪酸样品, 用50 μL 150 μg·mL<sup>-1</sup> 19:0脂肪酸甲基酯作为内标, 使用气相色谱仪(Agilent 7890B GC, Agilent

Technologies, Santa Clara, CA, 美国)进行测定。使用MIDI软件的Sherlock微生物鉴定系统对PLFA的峰进行识别, 计算PLFA峰面积, 得到单位土壤重量的PLFA含量(nmol·g<sup>-1</sup>)。保留丰度大于0.5%的脂肪酸, 参照文献进行归类(表1)<sup>[18]</sup>。

### 1.3.3 土壤氨基糖含量测定

土壤样品中的氨基糖含量采用Zhang等<sup>[19]</sup>的方法进行水解、提取和衍生。使用气相色谱仪(Agilent 7890B GC, Agilent Technologies, Santa Clara, CA, 美国)进行测定, 根据内标法原理, 通过氨基糖的峰面积计算分别获得3种氨基糖[氨基葡萄糖(GluN)、氨基半乳糖(GalN)和胞壁酸(MurA)]的含量, 所有氨基糖总和即为总氨基糖含量(简称AS)。

## 1.4 数据处理

采用IBM SPSS Statistics 26软件的单因素方差分析(one-way ANOVA)和Duncan法对不同耕作处理下土壤理化指标进行差异显著性检验(α=0.05)。采用Canoco 5软件对土壤理化指标与磷脂脂肪酸和氨基糖进行冗余分析(RDA)和制图。采用R Studio软件中的vegan包将土壤理化指标分别与磷脂脂肪酸和氨基糖进行Mantel检验, 以揭示土壤理化指标对微生物活体和残体的影响; 采用corrplot包对磷脂脂肪酸与氨基糖进行Spearman相关性分析, 以探究微生物活体与残体之间的关系。采用Origin 2019(OriginLab)软件制作磷脂脂肪酸和氨基糖柱形图。文中数据均为平均值±标准误。

## 2 结果与分析

### 2.1 免耕与秸秆覆盖对土壤理化性质的影响

由表2可知, 在表层(0~5 cm), 与无秸秆还田

表1 磷脂脂肪酸归类

Table 1 Microbial group assignments of phospholipids fatty acid (PLFA) biomarkers

微生物分类 Microbial group	生物标识物 Biomarkers
革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria (G <sup>+</sup> )	14:0 iso; 15:0 iso; 15:0 anteiso; 15:1 iso w6c; 16:0 iso; 17:0 iso; 17:0 anteiso; 17:1 iso w9c
革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria (G <sup>-</sup> )	16:1 w7c; 16:1 w9c; 17:1 w8c; 17:0 cyclo w7c; 18:1 w5c; 18:1 w7c; 19:0 cyclo w7c; 19:0 cyclo w9c; 21:1 w3c
丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF)	16:1 w5c
腐生真菌/真菌 Saprophytic fungi (SF)/fungi	18:1 w9c; 18:2 w6c
放线菌 Actinomycetes	16:0 10-methyl; 17:1 w7c 10-methyl; 17:0 10-methyl; 18:0 10-methyl; 18:1 w7c 10-methyl
其他细菌 Other bacteria	15:0 DMA; 14:0; 15:0; 16:0; 17:0; 18:0; 20:0



表 2 不同耕作模式下土壤理化指标

Table 2 Soil physicochemical properties under different tillage modes

土层 Soil layer (cm)	处理 Treatment	土壤有机碳 Soil organic C (g · kg <sup>-1</sup> )	全氮 Total N (g · kg <sup>-1</sup> )	碳氮比 C/N	可溶性有机碳 Dissolved organic C (mg · kg <sup>-1</sup> )	可溶性有机氮 Dissolved organic N (mg · kg <sup>-1</sup> )	铵态氮 NH <sub>4</sub> <sup>+</sup> -N (mg · kg <sup>-1</sup> )	硝态氮 NO <sub>3</sub> <sup>-</sup> -N (mg · kg <sup>-1</sup> )	pH	含水量 Water content (%)
0~5	CT	13.8±0.5b	1.3±0.1c	10.4±0.2b	101.9±8.7ab	4.7±1.1b	11.6±0.6b	11.6±1.4a	7.2±0.1a	18.0±0.6b
	NT0	14.5±0.6b	1.4±0.1c	10.5±0.2b	118.1±19.2a	7.5±1.4ab	12.0±0.7ab	15.8±1.3a	7.3±0.4a	18.0±0.3b
	NT1/3	17.5±0.6a	1.8±0.0ab	9.7±0.1c	98.8±11.2ab	15.2±1.7a	12.8±0.3ab	20.4±6.2a	6.6±0.3a	18.0±0.8b
	NT2/3	18.5±0.6a	2.0±0.1a	9.4±0.1c	75.2±4.5b	12.5±3.3ab	13.7±0.8a	16.3±2.4a	6.5±0.2a	18.0±1.2b
	NT3/3	18.7±0.3a	1.7±0.0b	11.0±0.1a	121.6±5.6a	10.6±4.2ab	11.9±0.5ab	16.9±5.8a	7.0±0.2a	23.0±0.2a
5~10	CT	13.2±0.4a	1.3±0.0a	10.2±0.1ab	88.8±15.6ab	7.9±1.6a	11.8±0.2a	22.1±4.6a	7.3±0.3a	22.0±0.6a
	NT0	12.2±0.1a	1.2±0.0a	10.1±0.2b	99.7±13.6a	4.8±0.9a	11.3±0.4a	12.7±1.4a	7.3±0.5a	20.0±0.2b
	NT1/3	12.7±0.5a	1.2±0.0a	10.4±0.2ab	62.0±7.4b	9.3±2.8a	12.1±0.4a	22.9±4.1a	6.7±0.3a	21.0±0.2ab
	NT2/3	13.0±0.4a	1.2±0.0a	10.6±0.2a	56.4±11.3b	13.4±6.3a	11.9±0.6a	17.3±3.9a	6.9±0.1a	21.0±0.4ab
	NT3/3	12.9±0.5a	1.3±0.0a	10.3±0.1ab	104.7±9.1a	4.1±1.5a	10.9±0.4a	18.1±2.1a	7.5±0.1a	22.0±0.2a
10~20	CT	12.2±0.4a	1.1±0.0ab	10.7±0.5a	70.2±12.4a	6.0±1.7a	10.6±0.2b	16.3±1.2a	7.8±0.0a	22.0±0.2a
	NT0	11.6±0.2a	1.1±0.0ab	10.3±0.1a	104.6±14.0a	5.7±1.0a	11.1±0.1ab	17.3±1.5a	7.2±0.2b	22.0±1.7a
	NT1/3	11.5±0.1a	1.1±0.0ab	10.1±0.3a	62.8±7.4a	9.1±3.2a	10.2±0.2b	27.5±4.2a	7.3±0.1b	21.0±0.2a
	NT2/3	11.8±0.3a	1.1±0.0b	10.8±0.2a	64.3±4.8a	11.1±4.2a	11.6±0.6a	21.6±5.7a	7.5±0.0b	21.0±0.5a
	NT3/3	12.0±0.4a	1.2±0.0a	10.3±0.4a	131.3±43.9a	3.7±1.6a	10.9±0.1ab	18.8±3.0a	7.2±0.1b	21.0±0.4a

CT: 传统耕作 Conservation tillage; NT0: 免耕+无秸秆覆盖 No-tillage without stover mulch; NT1/3: 免耕+1/3 秸秆覆盖还田 No-tillage with 1/3 stover mulch; NT2/3: 免耕+2/3 秸秆覆盖还田 No-tillage with 2/3 stover mulch; NT3/3: 免耕+全量秸秆覆盖还田 No-tillage with full stover mulch. 同一土层同列不同字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ ) Different letters in the same column indicated significant difference among treatments in the same soil layer at 0.05 level. 下同 The same below.

处理相比,不同秸秆覆盖量处理下土壤有机碳和全氮含量均显著增加。土壤有机碳含量随秸秆覆盖量的增加而逐渐增加,与 CT 处理相比,NT1/3、NT2/3 和 NT3/3 处理分别增加了 27.2%、34.1% 和 35.6%; NT1/3、NT2/3 和 NT3/3 与 CT 处理相比,全氮含量分别增加了 36.1%、47.4% 和 27.1%。NT0、NT3/3 处理的 C/N 显著高于 NT2/3 和 CT 处理; NT0 和 NT3/3 处理的可溶性有机碳含量显著高于 NT2/3 处理; NT1/3 处理的可溶性有机氮含量显著高于 CT 处理; NT2/3 处理的铵态氮含量显著高于 CT 处理; NT3/3 处理的土壤含水量显著高于其他处理。硝态氮含量和 pH 在各处理间无显著差异。

在 5~10 cm 土层中,NT2/3 处理的 C/N 显著高于 NT0 处理; NT0 和 NT3/3 处理的可溶性有机碳含量显著高于 NT1/3 和 NT2/3 处理; CT 和 NT3/3 处理的含水量显著高于 NT0 处理。土壤有机碳、全氮、可溶性有机氮、铵态氮、硝态氮含量和 pH 在各处理间无显著差异。

在 10~20 cm 土层中,NT3/3 处理的全氮含量显著高于 NT2/3 处理; NT2/3 处理的铵态氮含量显著高于 CT 和 NT1/3 处理; CT 处理的 pH 显著高于其他处理。土壤有机碳、C/N、可溶性有机碳、可溶性有机氮、硝态氮含量和含水量在各处理间无显著差异。

## 2.2 免耕与秸秆覆盖对土壤微生物群落的影响

由图 1 可知,在表层(0~5 cm)中,秸秆覆盖处理下总微生物生物量均高于无秸秆还田处理,呈随秸秆覆盖量增加而增加的趋势。与 CT 处理相比,NT1/3 处理增量不显著,NT2/3 和 NT3/3 处理分别显著增加了 39.3% 和 65.0%; 土壤革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、总细菌、放线菌和丛枝菌根真菌生物量均遵循类似增加趋势,与无秸秆还田处理相比,NT2/3 和 NT3/3 处理能显著增加其生物量; 真菌和腐生真菌仅在 NT3/3 处理下显著高于无秸秆还田处理。

在 5~10 cm 土层中,NT2/3 处理下革兰氏阴性细菌、腐生真菌和真菌生物量显著高于 NT3/3 处理; NT1/3 和 NT2/3 处理的丛枝菌根真菌生物量显著高于 NT3/3 处理。在 10~20 cm 土层中,不同耕作措施对各类微生物生物量的影响均不显著。

在 0~5 cm 土层中,NT3/3 处理的丛枝菌根真菌/腐生真菌显著高于 CT、NT0、NT1/3 和 NT2/3 处理。在 5~10 cm 土层中,NT2/3 处理的丛枝菌根真菌/腐生真菌显著高于 NT3/3 处理。在 10~20 cm 土层中,NT0 和 NT3/3 处理的革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌显著高于 NT2/3 处理(图 2)。

## 2.3 免耕与秸秆覆盖对土壤氨基糖的影响

在 0~5 cm 土层中,土壤总氨基糖含量随秸秆

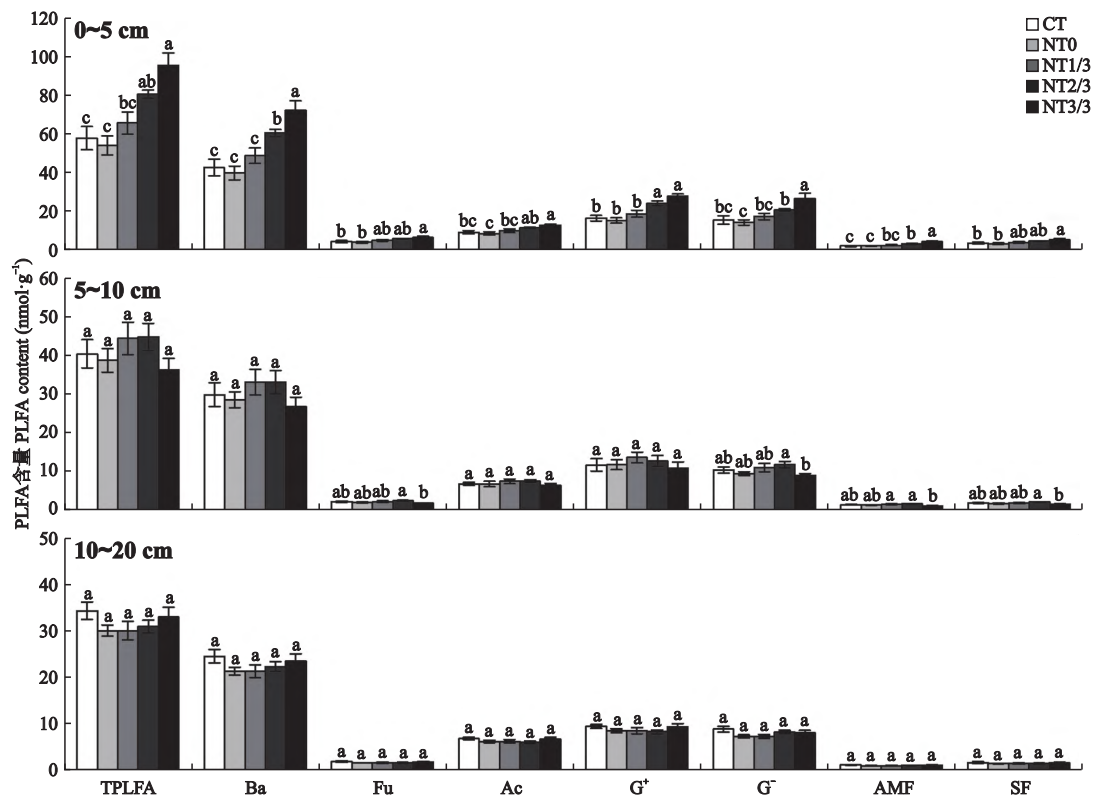


图 1 不同耕作模式下土壤磷脂脂肪酸 (PLFA) 含量

Fig.1 Soil phospholipid fatty acid (PLFA) contents under different tillage modes.

CT: 传统耕作 Conservation tillage; NT0: 免耕+无秸秆覆盖 No-tillage without stover mulch; NT1/3: 免耕+1/3 秸秆覆盖还田 No-tillage with 1/3 stover mulch; NT2/3: 免耕+2/3 秸秆覆盖还田 No-tillage with 2/3 stover mulch; NT3/3: 免耕+全量秸秆覆盖还田 No-tillage with full stover mulch. TPLFA: 磷脂脂肪酸总量 Total phospholipid fatty acid; Ba: 细菌 Bacteria; Fu: 真菌 Fungi; Ac: 放线菌 Actinomycetes; G<sup>+</sup>: 革兰氏阳性细菌 Gram-positive bacteria; G<sup>-</sup>: 革兰氏阴性细菌 Gram-negative bacteria; AMF: 丛枝菌根真菌 Arbuscular mycorrhizal fungi; SF: 腐生真菌 Saprophytic fungi. 同一土层不同字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ ) Different letters indicated significant difference among treatments in the same soil layer at 0.05 level. 下同 The same below.

覆盖量的增加而增加,与 CT 处理相比,NT0、NT1/3、NT2/3 和 NT3/3 处理土壤总氨基酸含量分别增加了 6.5%、23.7%、29.7% 和 47.2%,仅 NT3/3 处理差异显著,增量为  $444.7 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ ;与 CT 处理相比,NT0、NT1/3、NT2/3 和 NT3/3 处理氨基葡萄糖含量分别增加了 7.7%、32.0%、37.9% 和 52.0%,其中 NT2/3 和 NT3/3 处理差异显著;与 CT 相比,NT0、NT1/3、NT2/3 和 NT3/3 处理氨基半乳糖含量分别增加了 5.4%、9.7%、16.4% 和 41.5%,其中仅 NT3/3 处理差异显著。胞壁酸含量有随秸秆覆盖量增加而增加的趋势,但差异均不显著(图 3)。

在 5~10 cm 土层中,CT 处理氨基半乳糖含量显著高于 NT1/3 处理;NT1/3 处理的胞壁酸含量显著低于 CT、NT0、NT2/3 和 NT3/3 处理,而氨基葡萄糖/胞壁酸显著高于上述处理。在 10~20 cm 土层中,NT1/3 处理胞壁酸含量显著高于 NT3/3 处理;其余各处理间氨基葡萄糖、氨基半乳糖、总氨基酸含量及氨基葡萄糖/胞壁酸差异均不显著。

## 2.4 免耕与秸秆覆盖下土壤微生物群落与理化性质的相关性

冗余分析 (RDA) 和 Mantel 分析结果表明(图 4、表 3),在 0~5 cm 土层中,第 1 轴和第 2 轴分别解释了土壤微生物群落变异的 73.8% 和 4.5%。在第 1 轴上,秸秆未覆盖和覆盖处理显著分离,对微生物群落贡献较大的有总微生物、丛枝菌根真菌、细菌和放线菌。土壤有机碳、全氮和含水量是影响微生物群落结构的主要驱动因子,与总微生物生物量呈正相关。

在 5~10 cm 土层中,第 1 轴和第 2 轴分别解释了土壤微生物群落变异的 57.5% 和 7.8%。各处理样点变异大,处理间无明显差异,对微生物群落贡献较大的有总微生物、细菌和革兰氏阴性细菌。C/N、可溶性有机碳是影响微生物群落结构的主要驱动因子,C/N 与腐生真菌呈正相关,可溶性有机碳与总微生物生物量呈负相关。

在 10~20 cm 土层中,第 1 轴和第 2 轴分别解

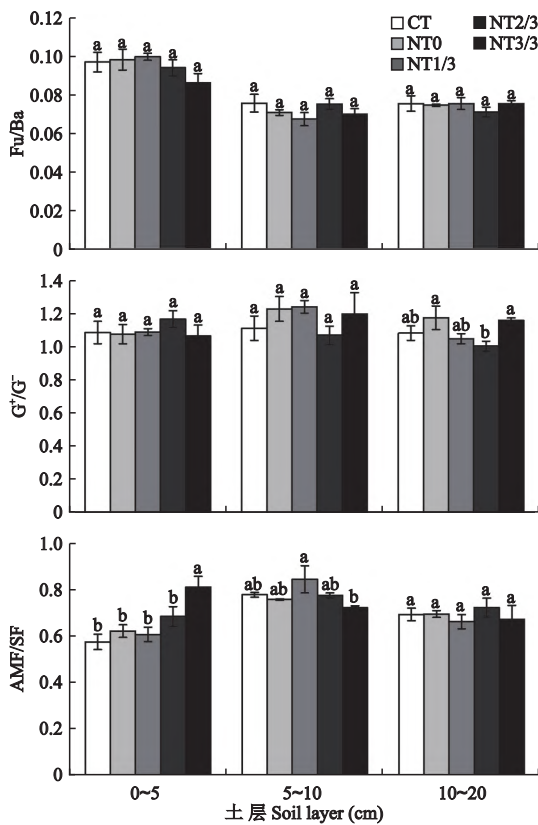


图2 不同耕作模式下土壤磷脂脂肪酸比值  
Fig.2 Soil phospholipid fatty acid ratio under different tillage modes.

释了土壤微生物群落变异的 37.4% 和 5.6%。各处理样点变异大,处理间无明显差异,对微生物群落贡献较大的是丛枝菌根真菌。土壤可溶性有机碳、可溶性有机氮、有机碳和全氮是影响微生物群落结构的主要驱动因子,但单项因子的影响均不显著,土壤可溶性有机碳、有机碳和全氮与细菌、真菌和总微生物生物量呈正相关,可溶性有机氮则相反。

2.5 免耕与秸秆覆盖下土壤氨基糖与理化性质的相关性

冗余分析 (RDA) 和 Mantel 分析结果表明 (图 5、表 4), 在 0~5 cm 土层中, 第 1 轴和第 2 轴分别解释了土壤微生物残体变异的 66.0% 和 5.1%。在第 1 轴上秸秆未覆盖与覆盖处理显著分离, 对微生物残体贡献较大的有总氨基糖和氨基葡萄糖。土壤有机碳、全氮、可溶性有机氮、铵态氮为影响微生物残体的主要驱动因子, 与总氨基糖呈正相关。

在 5~10 cm 土层中, 第 1 轴和第 2 轴分别解释了土壤微生物残体变异的 30.5% 和 18.8%。各处理样点变异大, 处理间无明显差异, 对微生物残体贡献较大的有胞壁酸和氨基葡萄糖/胞壁酸。可溶性有

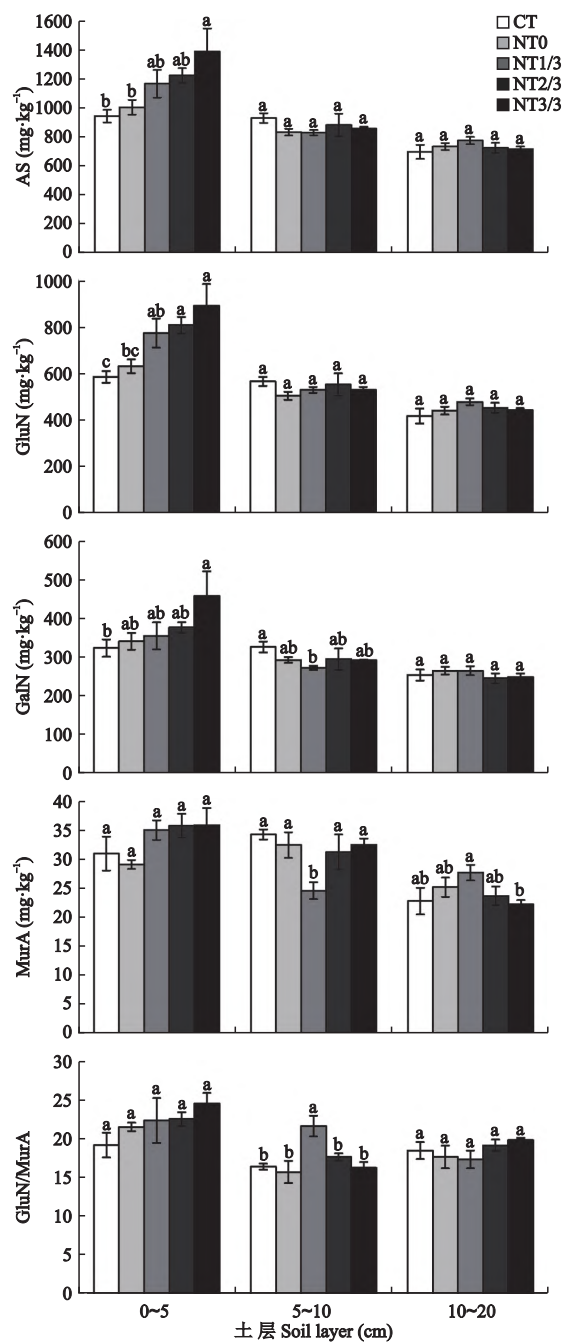


图3 不同耕作模式下土壤氨基糖含量  
Fig.3 Soil amino sugar contents under different tillage modes. AS: 总氨基糖 Total amino sugar; GluN: 氨基葡萄糖 Glucosamine; GalN: 氨基半乳糖 Galactosamine; MurA: 胞壁酸 Muramic acid. 下同 The same below.

机碳、含水量和全氮是影响微生物残体的主要驱动因子, 但单项因子的影响均不显著, 可溶性有机碳、含水量和全氮与胞壁酸呈正相关, 与氨基葡萄糖/胞壁酸呈负相关。

在 10~20 cm 土层中, 第 1 轴和第 2 轴分别解释了土壤微生物残体变异的 44.2% 和 14.6%。各处理样点变异大, 处理间无明显差异, 对微生物残体贡

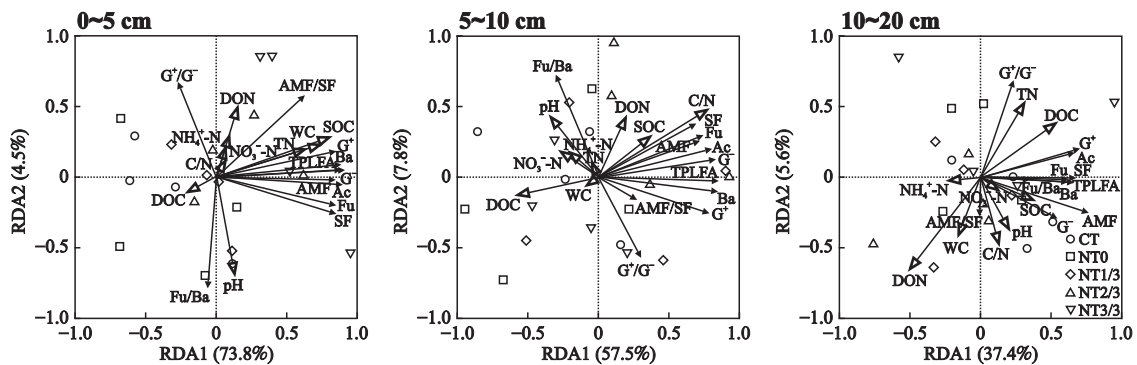


图4 不同耕作模式下土壤磷脂脂肪酸与土壤理化指标的冗余分析(RDA)

**Fig.4** Redundancy analysis (RDA) of soil phospholipid fatty acids and soil physicochemical properties under different tillage modes. SOC: 土壤有机碳 Soil organic C; TN: 全氮 Total N; DOC: 可溶性有机碳 Dissolved organic C; DON: 可溶性有机氮 Dissolved organic N;  $\text{NH}_4^+-\text{N}$ : 铵态氮 Ammonium nitrogen;  $\text{NO}_3^--\text{N}$ : 硝态氮 Nitrate nitrogen; WC: 含水量 Water content. 下同 The same below.

表3 微生物群落结构与土壤理化指标的相关系数

**Table 3** Correlation coefficients of microbial community structure and soil physicochemical properties

土层 Soil layer (cm)	土壤有机碳 Soil organic C	全氮 Total N	碳氮比 C/N	可溶性 有机碳 Dissolved organic C	可溶性 有机氮 Dissolved organic N	铵态氮 $\text{NH}_4^+-\text{N}$	硝态氮 $\text{NO}_3^--\text{N}$	pH	含水量 Water content
0~5	0.39**	0.24*	0.11	0.06	-0.03	-0.05	-0.14	0.04	0.30**
5~10	0.07	-0.05	0.27**	0.13*	-0.03	-0.10	-0.14	-0.01	0.00
10~20	0.05	0.01	0.04	0.10	-0.05	-0.10	-0.06	-0.02	-0.06

\*  $P < 0.05$ ; \*\*  $P < 0.01$ . 下同 The same below.

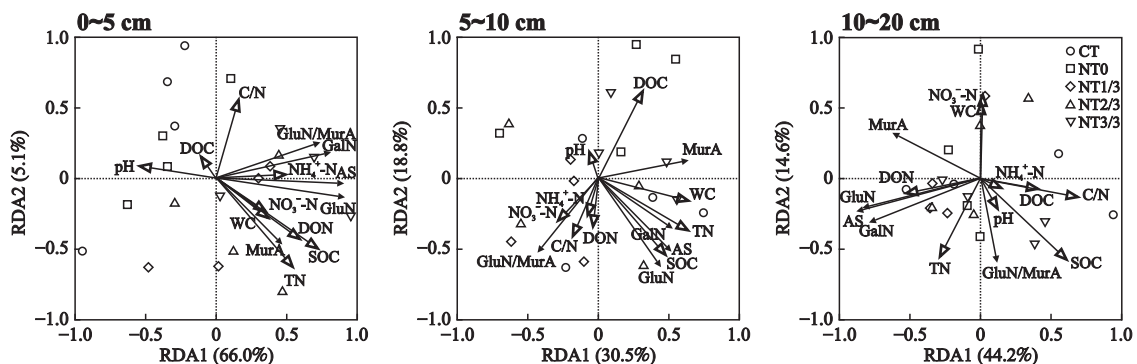


图5 不同耕作模式下土壤氨基糖与土壤理化指标的冗余分析(RDA)

**Fig.5** Redundancy analysis (RDA) of soil amino sugars and soil physicochemical properties under different tillage modes.

表4 土壤微生物残体与土壤理化指标的相关系数

**Table 4** Correlation coefficients of microbial residues and soil physicochemical properties

土层 Soil layer (cm)	土壤有机碳 Soil organic C	全氮 Total N	碳氮比 C/N	可溶性 有机碳 Dissolved organic C	可溶性 有机氮 Dissolved organic N	铵态氮 $\text{NH}_4^+-\text{N}$	硝态氮 $\text{NO}_3^--\text{N}$	pH	含水量 Water content
0~5	0.32**	0.19*	0.11	-0.05	0.19*	0.18*	0.11	0.13	0.33**
5~10	0.16	0.10	0.03	-0.03	0.00	-0.01	-0.14	0.06	0.07
10~20	0.22*	0.02	0.26*	0.08	0.01	0.03	-0.02	0.04	-0.04

献较大的有氨基葡萄糖、总氨基糖和氨基半乳糖。土壤有机碳、C/N 是影响微生物残体的主要驱动因子,土壤有机碳与胞壁酸呈负相关,C/N 与总氨基糖和氨基葡萄糖呈负相关。

## 2.6 土壤微生物群落与土壤氨基糖的相关性

Spearman 相关分析表明(图6),在0~5 cm 土层中,总氨基糖含量与细菌生物量和丛枝菌根真菌/腐生真菌呈显著正相关;氨基葡萄糖含量与革兰氏



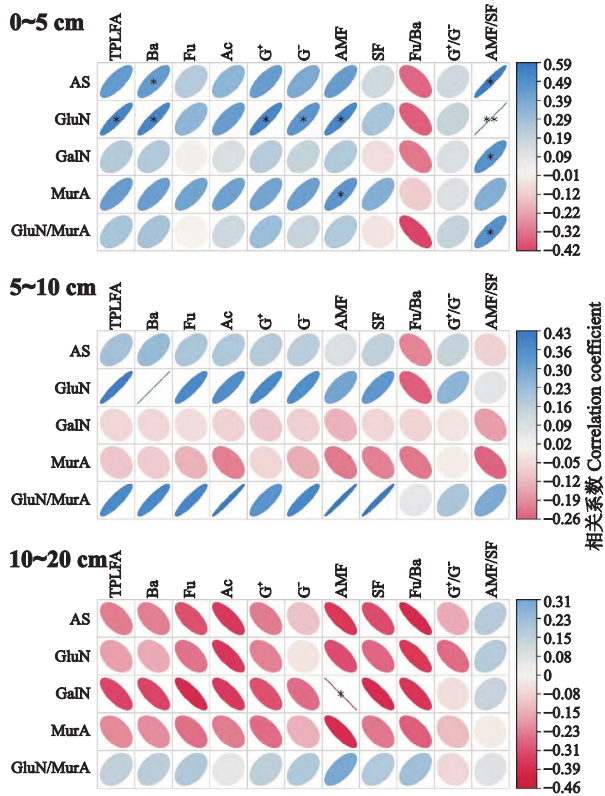


图6 土壤氨基糖与土壤磷脂脂肪酸的相关性热图  
Fig.6 Heatmap of soil amino sugars and soil phospholipid fatty acids.

阳性细菌、革兰氏阴性细菌、总细菌、丛枝菌根真菌、总微生物生物量及丛枝菌根真菌/腐生真菌呈显著正相关;氨基半乳糖含量与丛枝菌根真菌/腐生真菌呈显著正相关;胞壁酸含量与丛枝菌根真菌生物量呈显著正相关;氨基葡萄糖/胞壁酸与丛枝菌根真菌/腐生真菌呈显著正相关。

在5~10 cm 土层中,土壤氨基糖与微生物生物量相关性不显著。在10~20 cm 土层中,氨基半乳糖含量与丛枝菌根真菌生物量呈显著负相关。

### 3 讨 论

#### 3.1 免耕与秸秆覆盖对土壤碳、氮的影响

本研究中,不同处理间土壤有机碳和全氮含量随土层深度呈下降趋势。与传统耕作相比,免耕减少了对土壤的扰动和破坏,但缺乏外源有机物料输入,免耕无秸秆覆盖对土壤有机碳和全氮无显著影响<sup>[20]</sup>。与无秸秆覆盖相比,免耕不同秸秆覆盖量均显著提高了0~5 cm 土壤有机碳和全氮含量。这与安思危等<sup>[21]</sup>的研究结论一致,还田秸秆作为外源有机碳输入土壤,提升了土壤有机碳含量。与无秸秆还田相比,不同秸秆覆盖量处理下土壤有机碳的增

加幅度不同,但差异不显著,说明秸秆还田量与土壤有机碳增加量并非线性关系。本研究中,各处理5~20 cm 土层土壤有机碳和全氮的差异不显著,表明秸秆在地表覆盖还田对下层土壤影响有限。而徐莹莹等<sup>[22]</sup>研究发现,深松还田与传统耕作相比显著增加了0~20 cm 土层土壤有机碳和全氮含量。表明还田方式也是影响秸秆对土壤增碳效果的重要因素。

研究结果表明,可溶性有机碳、氮随土层深度增加呈下降趋势,免耕处理显著增加了可溶性有机氮含量。免耕不同秸秆覆盖量处理下土壤铵态氮和硝态氮含量均高于传统耕作。这与刘威<sup>[23]</sup>的研究结论相一致,与传统耕作相比,免耕秸秆还田增加了0~20 cm 土壤速效氮含量。秸秆覆盖可降低土壤容重、增加孔隙度,使表层土壤通气性得到改善<sup>[24]</sup>,促进了土壤速效氮含量升高<sup>[25]</sup>。因此,仅免耕对土壤碳、氮改善效果不显著,免耕结合不同量秸秆覆盖更有助于土壤碳、氮积累和养分增加。

#### 3.2 免耕与秸秆覆盖对土壤微生物生物量的影响

本研究结果表明,土壤微生物生物量随土层深度增加呈下降趋势,不同处理间的差异集中表现在0~5 cm 表层土壤。表层土壤中革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌、真菌及总微生物生物量均随秸秆覆盖量增加而增加,仅 NT2/3 和 NT3/3 增加显著,NT1/3 有增加趋势但不显著。秸秆覆盖增加了土壤中微生物可利用的碳源和氮源<sup>[26]</sup>,促进了微生物生长和繁殖。但 NT1/3 处理在3年还田周期中仅第1年秸秆全部覆盖还田,余下两年未还田,无法维持土壤微生物生物量的持续增加;而 NT2/3 和 NT3/3 处理可持续提供碳源和氮源,促进了土壤中微生物生物量的增加。真菌/细菌、革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌在不同处理中几乎无变化。这可能是由于各类微生物生物量均随外源有机碳输入量的增加而增加,同步增加的趋势导致其比值变化不大。在0~5 cm 土层中,NT3/3 处理下丛枝菌根真菌/腐生真菌显著高于其他处理,说明丛枝菌根真菌的贡献度仅在外源有机碳输入达到一定量的前提下才能增加。秸秆还田能显著影响丛枝菌根真菌多样性和群落结构,有助于形成独特的丛枝菌根真菌群落,增加丛枝菌根真菌的多样性和贡献度<sup>[27-28]</sup>。

冗余分析和 Mantel 分析发现,土壤有机碳、全氮、C/N、可溶性有机碳和含水量是影响微生物组成的主要因子,表明土壤中的碳、氮总量及其可利用性是土壤微生物群落变化的主要影响因素,在土壤表层影响尤为显著。王燕等<sup>[20]</sup>研究表明,免耕和秸秆



还田减少了土壤水分蒸发,增加了表层土壤碳储量,C/N 发生变化,促进了微生物活性的提高,与本研究成果类似。

### 3.3 免耕与秸秆覆盖对土壤微生物残留物的影响

本研究成果表明,土壤微生物残体量随土层深度增加呈下降趋势,不同处理间的差异集中表现在 0~5 cm 表层土壤。在 0~5 cm 土层,免耕不同秸秆覆盖量下的氨基糖总含量均高于无秸秆还田处理,随覆盖量增加而增加,仅 NT3/3 处理增加显著。这是因为外源有机碳输入量越高越有利于微生物的同化合成代谢,促进微生物残体积累,对土壤有机碳固存的贡献也越高。真菌残留物氨基葡萄糖与总氨基糖的变化规律一致,这与吕开源等<sup>[29]</sup>的研究结论相同。这是因为秸秆还田增加了表层土壤含水量,为真菌提供了良好的生存繁衍环境,促进其在土壤表层及亚表层的富集及残留物的积累,形成良性循环<sup>[29-30]</sup>。细菌残留物胞壁酸呈现与氨基葡萄糖类似的趋势,但与传统耕作无显著差异。与真菌残留物相比,细菌残留物更易于被微生物分解利用,稳定性较低、周转速率快<sup>[31]</sup>,这可能是其差异不显著的原因。在 5~10 cm 土层,NT1/3 处理的胞壁酸显著低于其他处理,这可能是由于 NT1/3 处理下可利用性碳源含量过低,不利于细菌生长繁殖。

冗余分析和 Mantel 分析发现,土壤有机碳、全氮、C/N、可溶性有机氮、可溶性有机碳、铵态氮和含水量是影响微生物残体的主要因素。Ni 等<sup>[32]</sup>研究发现,在 0~20 cm 土层土壤微生物残体更多地被可溶性养分和 C/N 影响。可溶性有机碳、氮促进了微生物生物量增加,使土壤中积累更多的微生物残体<sup>[33]</sup>。Huang 等<sup>[34]</sup>研究发现,微生物残体积累的主要影响因子是土壤有机质和活体微生物生物量,土壤有机碳与微生物生物量间的 C/N 失衡不利于微生物残留物贡献土壤有机碳。综上,微生物残体受土壤有机碳、可利用性碳、氮和 C/N 的综合调控,这与 Ni 等<sup>[32]</sup>的研究相一致。因此,秸秆覆盖增加了土壤原有碳、氮含量与 C/N,有效促进了微生物生长繁殖,增加了微生物残体积累量。

### 3.4 免耕与秸秆覆盖对土壤微生物活体与残体间关系的影响

真菌残留物氨基葡萄糖占氨基糖总量的比例很大,在土壤残体影响有机碳积累中起重要作用<sup>[19]</sup>。本研究成果表明,0~5 cm 土层革兰氏阳性细菌、革兰氏阴性细菌及总细菌生物量均与氨基葡萄糖呈显著正相关,与胞壁酸无显著相关性。Zheng 等<sup>[35]</sup>

的<sup>13</sup>C 标记试验显示,细菌生物量首先被真菌利用,其次是革兰氏阳性细菌和丛枝菌根真菌,真菌中来自细菌生物量的<sup>13</sup>C 标记比例随时间增加而逐渐增加。Bayram 等<sup>[36]</sup>研究也发现,真菌可同化细菌的次生代谢产物,使细菌产物逐渐转化为真菌同化产物。因此,在本试验中,细菌生物量及总微生物生物量与真菌残留物呈显著正相关。丛枝菌根真菌/腐生真菌与氨基葡萄糖呈显著正相关,说明丛枝菌根真菌的增加有利于真菌残体的积累,NT3/3 处理下丛枝菌根真菌对真菌群落的贡献显著增加,表明其对真菌残体的贡献可能也相应增加。

高量秸秆覆盖向土壤中输入大量的碳源和氮源,有利于微生物生物量和活性的增强,增加的微生物生物量促进了微生物残体的产生和积累<sup>[37]</sup>。本研究成果侧面验证了微生物碳泵理论<sup>[9]</sup>,即微生物摄取外源碳底物同化合成自身生物量,经过迭代最终以较难分解的死亡残体形式积累至土壤有机碳中的“体内周转过程”。表明活体微生物可以调控微生物残体的积累,但生物标识物测定的微生物类群的功能尚未完全了解,微生物活体、残体、土壤功能之间的关系还有待探索和验证。

## 4 结 论

免耕与秸秆覆盖相结合的耕作模式与传统耕作模式相比增加了土壤碳、氮含量与含水量。免耕条件下随着秸秆覆盖量增加,表层土壤中的细菌、真菌、放线菌、总微生物生物量均呈增加趋势;与不还田相比,不同秸秆覆盖量处理增加了表层土壤氨基葡萄糖、氨基半乳糖、总氨基糖含量,但增量不同。因此,增加土壤有机物料的投入量有利于土壤微生物生物量的增加与残体积累。微生物残留物尤其是真菌残留物受活体微生物生物量的显著影响,土壤碳、氮含量、可溶性碳、氮含量以及含水量是影响微生物群落及其残留物的重要因素。在生产实践中,当秸秆量不足时,可选用免耕+2/3 秸秆覆盖还田的方式,有助于提高土壤微生物生物量和土壤有机碳积累;当秸秆量充足时,建议选择免耕和全量秸秆覆盖的耕作方式,可在提高土壤微生物生物量和土壤有机碳积累的同时增加微生物残留物积累。

### 参考文献

- [1] 张佳宝,孙波,朱教君,等.黑土地保护利用与山水林田湖草沙系统的协调及生态屏障建设战略.中国科学院院刊,2021,36(10):1155-1164
- [2] 田慎重.基于长期耕作和秸秆还田的农田土壤碳库

- 演变、固碳减排潜力和碳足迹分析. 博士论文. 泰安: 山东农业大学, 2014
- [3] Shahbaz M, Kuzyakov Y, Heitkamp F. Decrease of soil organic matter stabilization with increasing inputs: Mechanisms and controls. *Geoderma*, 2017, **304**: 76–82
- [4] Zhu X, Xie H, Masters MD, *et al.* Microbial trade-off in soil organic carbon storage in a no-till continuous corn agroecosystem. *European Journal of Soil Biology*, 2020, **96**: 103146
- [5] 吕慧捷, 袁小伟, 何红波. 玉米不同生育期土壤氨基糖动态变化特征. *中国土壤与肥料*, 2018(5): 147–153
- [6] 邵帅, 何红波, 张威, 等. 土壤有机质形成与来源研究进展. *吉林师范大学学报: 自然科学版*, 2017, **38**(1): 126–130
- [7] Ding X, Han X, Zhang X, *et al.* Continuous manuring combined with chemical fertilizer affects soil microbial residues in a Mollisol. *Biology and Fertility of Soils*, 2013, **49**: 387–392
- [8] Liang C, Schimel JP, Jastrow JD. The importance of anabolism in microbial control over soil carbon storage. *Nature Microbiology*, 2017, **2**: 17105
- [9] 梁超, 朱雪峰. 土壤微生物碳泵储碳机制概论. *中国科学: 地球科学*, 2021, **51**(5): 680–695
- [10] 齐鸿雁, 薛凯, 张洪勋. 磷脂脂肪酸谱图分析方法及其在微生物生态学领域的应用. *生态学报*, 2003, **23**(8): 1576–1582
- [11] Amelung W, Miltner A, Zhang X, *et al.* Fate of microbial residues during litter decomposition as affected by minerals. *Soil Science*, 2001, **166**: 598–606
- [12] Shao PS, Liang C, Lynch L, *et al.* Reforestation accelerates soil organic carbon accumulation: Evidence from microbial biomarkers. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **131**: 182–190
- [13] Glaser B, Turrión MB, Alef K. Amino sugars and muramic acid: Biomarkers for soil microbial community structure analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, **36**: 399–407
- [14] 董亮, 田慎重, 王学君, 等. 秸秆还田对土壤养分及土壤微生物数量的影响. *中国农学通报*, 2017, **33**(1): 77–80
- [15] 张常仁, 杨雅丽, 程全国, 等. 不同耕作模式对东北黑土微生物群落结构和酶活性的影响. *土壤与作物*, 2020, **9**(4): 335–347
- [16] Nelson DW, Sommers LE. Total carbon, organic carbon, and organic matter// Sparks DL, ed. *Methods of Soil Analysis: Part 3. Chemical Methods*. Madison, WI, USA: Soil Science Society of America, 1996, **5**: 961–1010
- [17] Liang C, Balser TC. Warming and nitrogen deposition lessen microbial residue contribution to soil carbon pool. *Nature Communications*, 2012, **3**: 1222
- [18] Veum KS, Lorenz T, Kremer RJ. Phospholipid fatty acid profiles of soils under variable handling and storage conditions. *Agronomy Journal*, 2019, **111**: 1090–1096
- [19] Zhang X, Amelung W. Gas chromatographic determination of muramic acid, glucosamine, mannosamine, and galactosamine in soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, **28**: 1201–1206
- [20] 王燕, 王小彬, 刘爽, 等. 保护性耕作及其对土壤有机碳的影响. *中国生态农业学报*, 2008, **16**(3): 766–771
- [21] 安思危, 付健, 杨克军, 等. 不同耕作和秸秆还田方式对根际土壤养分及玉米产量的影响. *黑龙江农业科学*, 2021(8): 1–7
- [22] 徐莹莹, 靳晓燕, 庞爱国, 等. 土壤性状和玉米生长对不同耕作方式的响应. *农机化研究*, 2022, **44**(11): 11–18
- [23] 刘威. 连续秸秆还田对土壤结构性、养分和有机碳组分的影响. 硕士论文. 武汉: 华中农业大学, 2015
- [24] 任晓明, 陈粲, 陈效民, 等. 秸秆还田深度对黄棕壤养分及物理性质的影响. *水土保持通报*, 2018, **38**(2): 58–64
- [25] 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
- [26] 傅敏, 郝敏敏, 胡恒宇, 等. 土壤有机碳和微生物群落结构对多年不同耕作方式与秸秆还田的响应. *应用生态学报*, 2019, **30**(9): 3183–3194
- [27] 胡凯婕, 栾璐, 郑洁, 等. 秸秆还田方式对丛枝菌根真菌群落和玉米磷素利用的影响. *土壤学报*, 2023, **60**(1): 269–279
- [28] Zeng H, Tan F, Zhang Y, *et al.* Effects of cultivation and return of *Bacillus thuringiensis* (Bt) maize on the diversity of the arbuscular mycorrhizal community in soils and roots of subsequently cultivated conventional maize. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **75**: 254–263
- [29] 吕开源, 周立萍, 康建宏, 等. 不同耕作方式下玉米秸秆还田对土壤真菌群落的影响. *中国土壤与肥料*, 2022(8): 112–122
- [30] Wang Y, Xu J, Shen J, *et al.* Tillage, residue burning and crop rotation alter soil fungal community and water-stable aggregation in arable fields. *Soil and Tillage Research*, 2010, **107**: 71–79
- [31] He HB, Zhang W, Zhang XD, *et al.* Temporal responses of soil microorganisms to substrate addition as indicated by amino sugar differentiation. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, **43**: 1155–1161
- [32] Ni XY, Liao S, Tan SY, *et al.* A quantitative assessment of amino sugars in soil profiles. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, **143**: 107762
- [33] Yang LM, Fan YX, Yang YS, *et al.* Decreases in soil P availability are associated with soil organic P declines following forest conversion in subtropical China. *Catena*, 2021, **205**: 105459
- [34] Huang Y, Liang C, Duan XW, *et al.* Variation of microbial residue contribution to soil organic carbon sequestration following land use change in a subtropical karst region. *Geoderma*, 2019, **353**: 340–346
- [35] Zheng T, Miltner A, Liang C, *et al.* Turnover of gram-negative bacterial biomass-derived carbon through the microbial food web of an agricultural soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **152**: 108070
- [36] Bayram Ö, Braus GH. Coordination of secondary metabolism and development in fungi: The velvet family of regulatory proteins. *FEMS Microbiology Reviews*, 2012, **57**: 814–821
- [37] Li L, Wilson CB, He H, *et al.* Physical, biochemical, and microbial controls on amino sugar accumulation in soils under long-term cover cropping and no-tillage farming. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **135**: 369–378

作者简介 吕付泽, 男, 1998 年生, 硕士研究生。主要从事土壤微生物学研究。E-mail: lyufuze @ outlook.com

责任编辑 葛体达

责任编辑 张凤丽