

# 低温堆腐与秸秆深翻还田对玉米产量及土壤微生物群落的影响

刘慧屿, 何志刚\*, 刘艳, 王秀娟, 董环, 娄春荣

(辽宁省农业科学院植物营养与环境资源研究所, 辽宁 沈阳 110161)

**摘要:** 为探明我国东北地区玉米不同的秸秆还田方式对玉米产量和土壤微生物群落结构的影响, 在典型棕壤区开展连年田间对比试验。采用常规方法测定玉米产量、土壤养分、土壤团聚体分布, 采用微生物高通量测序方法测定土壤细菌多样性和丰度, 并分析土壤环境因子的变化对土壤微生物群落的影响。本研究设无肥对照 (CK)、秸秆不还田 (FP)、秸秆深翻还田 (SFP) 及低温堆腐秸秆还田 (SFPM) 4 个处理, 主要结果表明: 与常规施肥 (FP) 相比, SFP 处理玉米籽粒产量在两年后有提升, SFPM 处理还田当年产量有提升, 土壤有机质 (SOM) 提升规律跟籽粒产量变化一致; SFP 和 SFPM 处理均显著增加  $\alpha$ -变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、球形杆菌纲 (*Thermoleophilaceae*)、 $\beta$ -变形菌纲 (*Betaproteobacteria*)、酸杆菌纲 (*Acidobacteria*)、 $\gamma$ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 的丰度, 主成分分析得出环境因子土壤养分 (SOM、TN、TP、TK) 解释了细菌群落 41.24% 的变化, 环境因子土壤团聚体 (0~20 cm) 解释了细菌群落 34.15% 的变化。综合比较, 秸秆低温堆腐还田可以更加高效增加棕壤区玉米产量, 提高土壤肥力, 改善土壤微生物群落结构。

**关键词:** 秸秆还田; 土壤微生物群落; 土壤化学性质; 土壤团聚体; 高通量测序

**中图分类号:** S154.38+1 **文献标识码:** A **文章编号:** 0564-3945(2021)04-0873-12

DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2021031903](https://doi.org/10.19336/j.cnki.trtb.2021031903)

刘慧屿, 何志刚, 刘艳, 王秀娟, 董环, 娄春荣. 低温堆腐与秸秆深翻还田对玉米产量及土壤微生物群落的影响 [J]. 土壤通报, 2021, 52(4): 873 - 884

LIU Hui-yu, HE Zhi-gang, LIU Yan, WANG Xiu-juan, DONG Huan, LOU Chun-rong. Effects of Low-Temperature Compost and Deep Tillage Returning of Maize Straw on Maize Yield and Soil Microbial Community[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2021, 52(4): 873 - 884

玉米秸秆占玉米生物量 50% 以上, 是极为丰富且能直接利用的可再生有机资源。作物秸秆的循环利用是农业有机生产中最经济的有机培肥方式, 对保持和提高土壤肥力以及农业的可持续发展均有重要作用<sup>[1-2]</sup>。秸秆含有丰富的有机碳和大量的氮、磷、钾、硅等矿质营养元素<sup>[3]</sup>, 将其还田能够改善土壤结构<sup>[4]</sup>, 提高土壤养分含量, 维持作物稳产、高产<sup>[5]</sup>, 优化农田生态环境, 是一种促进土壤有机质积累<sup>[6-7]</sup>、调节土壤温度和水分<sup>[8]</sup>的农艺措施。辽宁省棕壤区是我国北方重要粮食主产区, 大量玉米秸秆无处安放, 如何将秸秆高效、无害化归还到农田土壤中, 是农业循环经济的发展理念, 也是现代农业的一个新的增长点。秸秆进入农业循环生产, 不仅可以达到充分利用其中养分资源的目的, 还可以增加土壤碳库

储量, 减少二氧化碳排放。随着农业机械化发展, 辽宁地区玉米秸秆还田规模越来越大, 但由于秋冬季节温度过低, 秸秆还田后不易腐解, 影响来年作物的播种及生长, 已成为制约辽宁省玉米可持续发展的关键瓶颈问题。

在满足温度条件下, 秸秆直接还田<sup>[9]</sup>可以增加土壤微生物的多样性, 微生物可以影响还田秸秆在土壤中的分解速度<sup>[10-12]</sup>。在通常情况下, 秸秆给土壤微生物繁殖提了养分, 促进微生物的生长, 并且提高了土壤中微生物的活性<sup>[13]</sup>; 作物秸秆中的纤维素和半纤维素、蛋白质等物质在土壤微生物的帮助下腐解和发酵后转化成了土壤有机质<sup>[14]</sup>, 秸秆中的木质素可以直接转化成不易分解的腐殖质, 能补充和减缓土壤有机质的下降。为了解决东北地区秸秆低温不易

收稿日期: 2021-03-19; 修订日期: 2021-06-28

基金项目: 国家重点研发计划 (2017YFD0300700)-A07A; 省重点研发计划项目 (2020JH2/10200034)

作者简介: 刘慧屿 (1980-), 女 (蒙古族), 辽宁省沈阳市人, 助理研究员, 博士, 主要从事土壤肥力提升与养分循环方面研究。E-mail: [liuhuiyu80@163.com](mailto:liuhuiyu80@163.com)

\*通讯作者: E-mail: [hezhi-gang1227@126.com](mailto:hezhi-gang1227@126.com)

腐解的问题, 有研究者采用秸秆还田时接种腐熟剂, 加速田间秸秆降解和养分释放, 缓解秸秆还田利用的负面效应<sup>[15-16]</sup>, 但由于菌种对生存环境要求高, 产生了稳定性差、定殖效率低以及与土著微生物竞争生态位等问题<sup>[17-18]</sup>, 限制了推广应用。因此, 本研究针对北方寒凉地区玉米秸秆还田关键瓶颈问题, 采用自选菌种对冷凉区秸秆进行低温秸秆腐熟后, 通过大田定位试验研究不同秸秆还田方式条件下, 低温秸秆堆腐还田和秸秆深翻还田对玉米产量及土壤微生态环境的影响, 为促进玉米生产、合理利用资

源和保护环境提供应用理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验区概况

试验于 2017 年 4 月—2020 年 12 月在辽宁省铁岭市菜牛镇张庄村 (E123°35'58.86", N42°21'12.17") 进行, 历时四年。该地区属于半湿润季风大陆性气候, 是典型的辽北平原旱作农业区。试验地土壤类型为棕壤, 耕层理化养分状况见表 1。习惯种植方式以一季春玉米为主, 实行连年春季旋耕 12~15 cm 作业。

表 1 耕层土壤基础理化性质  
Table 1 The major physical and chemical characteristics of soil

土层深度 Soil depth	有机质 Soil organic matter (g kg <sup>-1</sup> )	全氮 Total nitrogen (g kg <sup>-1</sup> )	全磷 Total phosphorus (g kg <sup>-1</sup> )	全钾 Total potassium (g kg <sup>-1</sup> )	水解性氮 Available nitrogen (mg kg <sup>-1</sup> )	有效磷 Available phosphorus (mg kg <sup>-1</sup> )	有效钾 Available potassium (mg kg <sup>-1</sup> )	pH	容重 Bulk density (g cm <sup>-3</sup> )
0~20 cm	16.4	1.15	0.45	20.1	86.1	18.9	129	5.3	1.26

### 1.2 试验设计

试验为大田原位小区试验, 设置 4 个处理: ①无肥对照 (无秸秆无肥料, CK); ②常规种植, N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 用量为 180、75、90 kg hm<sup>-2</sup> (FP); ③秸秆全量深翻还田 (9000 kg hm<sup>-2</sup>), N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 用量为 180、75、90 kg hm<sup>-2</sup> (SFP); ④秸秆全量低温堆腐旋耕还田 (9000 kg hm<sup>-2</sup>), N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 用量为 180、75、90 kg hm<sup>-2</sup> (SFPM)。

供试肥料为尿素 (N 46%)、磷酸二铵 (N 18%, P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 46%)、硫酸钾 (K<sub>2</sub>O 50%) 和过磷酸钙 (P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 12%), 各处理施用方法相同; 供试玉米品种为铁研 58。

每个处理 3 次重复, 小区长 10 m, 宽 3.48 m, 面积 35 m<sup>2</sup>。无肥对照与常规种植两处理采用春季旋耕, 秸秆秋季移除, 常规田间管理; 秸秆全量深翻还田处理于秋季进行秸秆粉碎翻压还田, 连续四年还田; 秸秆堆腐还田处理开始于 2019 年, 连续两年还田, 秸秆经粉碎、添加低温秸秆腐熟菌于秋冬季节在田间堆腐发酵、春播前田间撒均, 再用机器旋耕起垄施入耕层。各处理玉米人工等距点播, 株距和行距分别为 27 cm 和 58 cm, 常规田间管理, 9 月收获。

用于秸秆堆腐的腐熟菌是辽宁省农业科学院植物营养与环境资源研究所土壤研究室研究成果, 适用于超低温发酵, 有效菌种包含枯草芽孢杆菌、酵母、绿色木霉等, 有效菌数达到 5 × 10<sup>7</sup> cfu g<sup>-1</sup>。其中,

枯草芽孢杆菌和酵母菌保藏于中国微生物菌种保藏管理委员会普通微生物中心, 保藏编号为 CGMCC No.18001\18002。秸秆腐熟菌剂用量标准为 4 kg t<sup>-1</sup>。

### 1.3 样品采集与测定方法

**1.3.1 土壤物理化学性质样品采集与测定** 2017—2020 年秋季作物收获后, 采用五点混合取样法采集 0~20 cm 耕层土壤, 用聚乙烯袋密封保存, 部分土壤样品自然风干过筛用于测定土壤理化性质。全氮、全钾、全磷等测定方法参考文献<sup>[19]</sup>。

**1.3.2 土壤团聚体样品采集与测定** 2020 年秋季采集 0~40 cm 土层土壤, 采用干筛法测定土壤团聚体的分布和稳定性。

**1.3.3 土壤微生物群落样品采集与测定** 2020 年秋季秋收后采用五点混合取样法采集 0~20 cm 耕层土壤, 采集的样品用聚乙烯袋密封、冰盒保存运输回实验室, 置于 4 °C 冰箱中保存, 用于微生物分析测定。土壤 DNA 采用提取试剂盒 (深圳市安必胜科技有限公司) 提取, 其纯度和浓度用核酸定量仪 (美国 Nano 公司 ND-1000) 检测。DNA 样品纯化后送至北京百迈客公司应用 *Illumina* 平台的 *HiSeq* 进行测序。

**1.3.4 玉米测产** 每个处理选取有代表性的 10 m<sup>2</sup> 样区进行测产。分别测定样区玉米穗鲜重和秸秆鲜重, 分别取取 10 穗玉米和 3 株秸秆进行考种, 分别称玉米籽粒和秸秆烘干重量, 籽粒换算标准含水量 (14%) 得出产量。

## 1.4 数据分析和处理

根据微生物种群测序结果的 *Barcode* 序列和 PCR 扩增引物序列, 从下机数据中拆分出各样品数据, 使用 *Flash* 软件对每个样品的数据进行拼接, 得到高通量测序原始数据。进一步去除嵌合体、两端引物以及非靶区域序列后得到有效数据, 明确 OTU (*Operational Taxonomic Units*) 为研究中的最小分类单元, 基因序列相似性接近 97% 为一单元; 然后用综合考虑物种多样性及丰度的 *Weighted Unifrac* 法进行 UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Means*) 聚类分析; 使用 *UniFrac* 软件中 *Jackknifed* 算法进行样本之间的距离计算, 之后用 SPSS 将土壤环境因子数据进行统计分析, 得出 3 次重复的均值, 作土壤环境因子矩阵, 再用 *Canoco5.0* 进行主成分分析, 提取主要的环境因子; 将土壤细菌高通量测序得出的土壤细菌丰度指数、多样性指数作土壤细菌矩阵进行统计分析, 分析结果使用 *Canoco5.0* 软件制图。其余常规数据采用 Excel 进行整理分析并作图, 采用 SPSS 19.0 软件

做相关统计分析, 多重比较采用 *Duncan* 法, 显著水平为 0.05。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同处理玉米产量的变化

由表 2 可见, 2017 年玉米籽粒产量与常规施肥处理 (FP) 相比, 秸秆深翻还田配施化肥处理 SFP 有一定程度下降趋势, 下降了 4.8%, 但差异不显著。2018 年深翻 SFP 处理较常规 FP 处理玉米籽粒产量增加了 10.88%, 但统计学差异不显著; 2019 年和 2020 年秸秆还田处理的玉米籽粒产量和秸秆产量的提高均达到统计学上的差异显著, SFP 处理籽粒产量较 FP 处理分别提高为 12.36% ~ 28.62%, 秸秆生物量提高幅度为 20.13% 和 9.40%。与 FP 处理相比, 堆腐还田 SFPM 处理产量两年间分别提高了 11.20%、28.72%, 重复间稳定性与 SFP 处理相比较强, 秸秆生物量分别提高了 15.06% ~ 17.75%。可以看出随着秸秆还田年限的增加, 玉米产量和秸秆生物量均表现出增加的趋势, 但处理间稳定性不同。

表 2 2017~2020 年秸秆还田对玉米产量的影响  
Table 2 Effect of straw returning on spring maize yield in 2017-2020

年份 Year	处理 Treatment	玉米产量 (kg hm <sup>-2</sup> ) Maize yield	秸秆生物量 (kg hm <sup>-2</sup> ) Straw biomass
2017	CK	5640.23 ± 877.85 b	4291.92 ± 766.31 a
	FP	8214.94 ± 160.78 a	4731.50 ± 157.24 a
	SFP	7823.99 ± 408.94 a	4441.76 ± 556.92 a
2018	CK	5718.00 ± 39.47 c	5658.00 ± 49.68 b
	FP	7446.50 ± 139.16 a	5731.50 ± 157.24 b
	SFP	8256.99 ± 764.98 a	6498.28 ± 511.88 a
2019	CK	8728.45 ± 14.46 c	8797.00 ± 348.52 c
	FP	11300.00 ± 175.00 b	10737.33 ± 63.08 b
	SFP	12696.46 ± 113.47 a	12898.37 ± 1216.73 a
	SFPM	12566.50 ± 146.00 a	12354.77 ± 100.58 a
2020	CK	4435.33 ± 362.41 c	4800.50 ± 344.46 c
	FP	9080.00 ± 128.97 b	9015.50 ± 129.91 b
	SFP	11678.68 ± 794.50 a	9862.77 ± 1140.62 a
	SFPM	11687.85 ± 142.75 a	10615.77 ± 185.91 a

注: 不同字母表示不同处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )。下同

### 2.2 不同处理土壤细菌群落生物多样性的变化

**2.2.1 土壤细菌物种种群丰度的变化** 秸秆深翻还田和秸秆堆腐还田均可以增加土壤细菌生物多样性, 但详见表 3。在微生物生态学研究, OTU (*Operational Taxonomic Units*) 是将基因序列相似性接近固定阈值定义为一个 OTU, 本研究固定阈值为 97%; *Effective Tags* 为原始序列过滤后得到的优化序列数再过滤嵌合体后的有效序列数; 本研究对不同处理土壤细菌 16S rRNA 基因序列进行了高通量测序, 删除掉低质

量序列后, 共得到 *Effective Tags* 数量 318356 条, 平均序列数为 62348.5, 平均序列长度 415.25 bp。统计各样本 OTU 数量及所包含的序列数, 来评价微生物的多样性。与 FP 处理相比, SFP 和 SFPM 处理的有效序列 OTU 数量和 *Effective Tags* 数量均有所增高, OTU 数量分别为 1140.33 和 1144.67, *Effective Tags* 数量 67945.67 和 66591.0, 差异显著。以上结果说明, 秸秆添加可以增加微生物物种丰度和种内丰度, 深翻还田与堆腐还田差异不显著, 但微生物群落多样



表 3 不同处理土壤微生物丰富度和多样性指数  
Table 3 Richness and diversity indices of soil microbial communities under different treatments

处理 Treatment	操作分类单元 OTU	有效序列数 Effective Tag	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 多样性指数 Shannon diversity index
CK	1056.329 ± 32.788 b	55358.668 ± 7913.591 b	1123.591 ± 24.812 b	5.434 ± 0.012 b
FP	938.328 ± 37.309c	59498.669 ± 6950.341 b	1122.812 ± 23.113 b	5.312 ± 0.091 c
SFP	1140.333 ± 6.661 a	67945.667 ± 737.041 a	1174.719 ± 10.039 a	5.679 ± 0.052a
SFPM	1144.672 ± 19.862 a	66591.003 ± 593.872 a	1170.118 ± 4.119 a	5.779 ± 0.092 a

性与化肥和不施肥处理相比较更稳定。

通过计算多样性指数和丰富度指数分析秸秆还田土壤细菌的  $\alpha$  多样性。结果表明, 秸秆深翻还田和秸秆堆腐还田细菌群落多样性指数和丰富度指数均很高(表 3)。Chao1 和 Shannon 指数显示了细菌群落的多样性和丰富度, 秸秆还田两个处理在 0~20 cm 土层没有显著差异。与 FP 处理相比, SFP 和 SFPM 处理的 Chao1 指数均有所增高, 分别为 1174.72 和 1170.12, 差异显著; Shannon 指数也有所增加, 分别为 5.68 和 5.78, 差异显著。以上结果说明, 在秸秆还田土壤中, 外源碳的引入增加了细菌的多样性和丰富度。

**2.2.2 土壤细菌种群发育趋势分布特征** 玉米秸秆还田可以改变土壤中的微生物群落发育特性。对土壤样品进行 PCA 分析, 基于 OTU 的层次聚类分析结果如图 1a 所示, 四个处理分为两大类群, CK 和 FP 分为类一个类群, 物种组成相似度较高, 但结构存在差异, 组成稳定, 重现性好; 秸秆还田处理 SFP 和 SFPM 为一个类群, 物种组成相似度较高, 但结构存在一定差异。

进一步进行主成分分析如图 1-b 所示, 连续四年秸秆深翻还田与低温堆腐还田后, 土壤微生物群落

结构变化差异明显, 重复间数据稳定, 第一、二主成分轴对土壤细菌群落结构变异的解释量分别为 32.43% 和 22.77%。SFP 和 SFPM 分布在 PC1 轴正向, CK 和 FP 分布在 PC1 轴反向。

**2.2.3 土壤细菌种属成分分析** 秸秆深翻还田和低温堆腐还田对微生物种群影响差异显著, 不同处理细菌经 16S rDNA 高通量测序序列经比对后分别属 24 个门, 71 个纲, 262 个属。在门水平上, 细菌群落组成相对丰度见图 2-a 和柱状图 2b, 从门水平热土上看, 细菌丰度变化趋于多样性, 颜色表现极深以及极浅的菌群变少, 综合分析处理间重现性不好, 针对重点功能菌群, 经对数据库深入分析, 做柱状图 2b, 丰度较高的主要类群有: 变形菌门 (*Proteobacteria*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、放线菌门 (*Actinobacteria*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、疣微菌门 (*Verrucomicrobia*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、浮霉菌门 (*Planctomycetes*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、糖化菌门 (*Saccharibacteria*) 等。与常规施肥相比, SFP 和 SFPM 处理均显著增加的门为拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 分别增加了 18.18% 和 44.69%; 浮

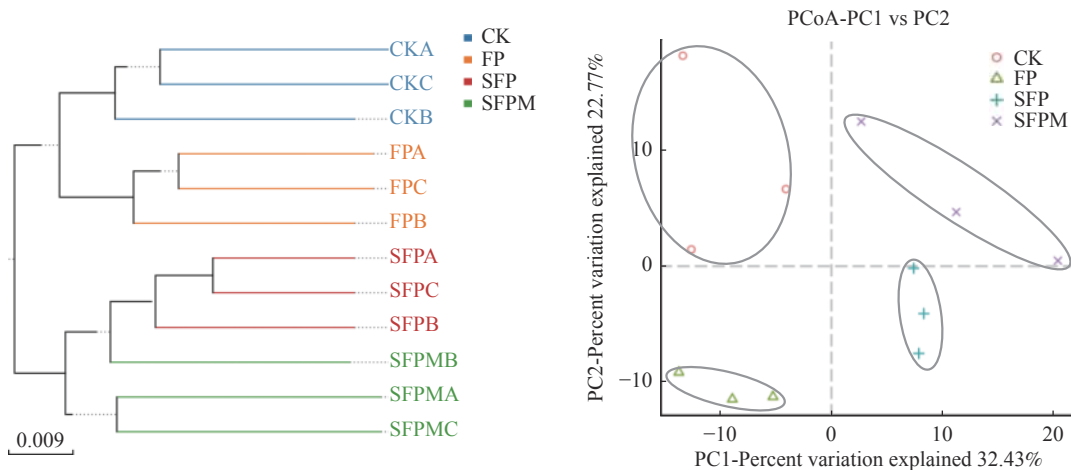


图 1 不同处理微生物群落结构的层次聚类树(a)和主成分分析(b)

Fig.1 Hierarchical clustering tree (a) and principal components analysis (b) of soil bacteria community structure under different treatments

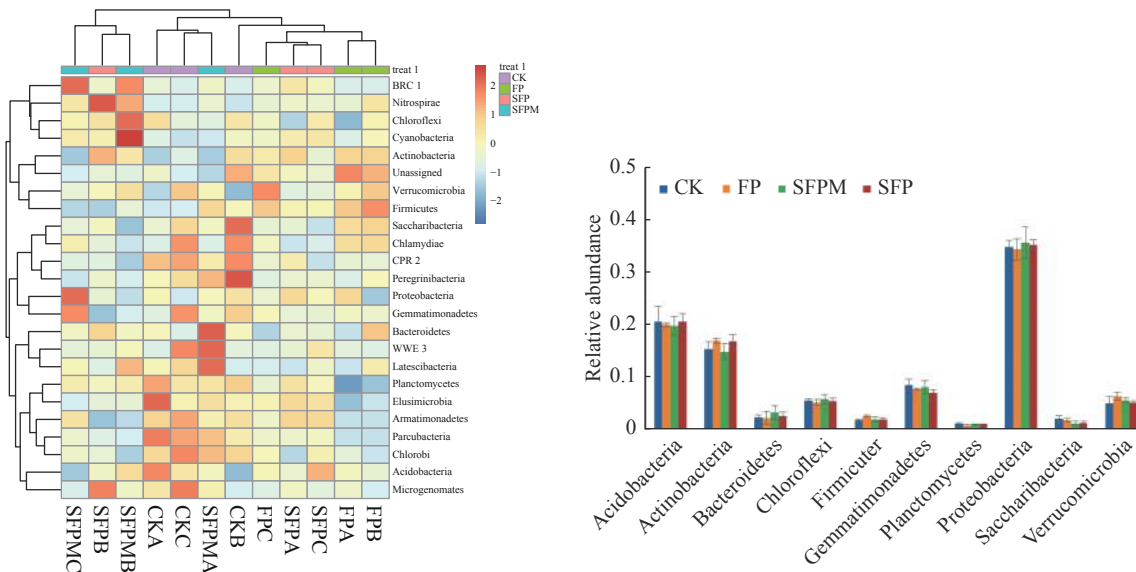


图 2 不同处理土壤细菌群落门水平相对丰度(a)热图(b)柱状图

Fig.2 Heat map (a) and histogram (b) of relative abundance of soil bacterial communities at phylum level

霉菌门 (*Planctomycetes*) 分别增加了 53.74% 和 60.50%; 绿弯菌门 (*Chloroflexi*) 分别增加了 4.79% 和 12.35%; 变形菌门 (*Proteobacteria*) 分别增加了 2.51% 和 3.57%。与常规施肥相比, SFP 和 SFPM 处理均显著降低的门糖化菌门 (*Saccharibacteria*) 分别降低 27.23% 和 33.98%; 放线菌门 (*Actinobacteria*) 分别降低 0.58% 和 12.34%。与常规施肥相比, 酸杆菌门 (*Acidobacteria*) 变化幅度较小, SFP 处理增加了 3.18% 和 SFPM 处理降低了 1.09%; 芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*), SFP 处理降低了 3.18% 和 SFPM 处理增加了 1.09%;

在纲水平上, 细菌群落组成相对丰度见热图 3a 和柱状图 3b。随着细菌群落的细化分析, 处理间重现性逐渐清晰。从纲水平热图上看, 细菌丰度变化处理间重现性较好, 针对重点功能菌群, 经对数据库深入分析, 做柱状图 3b, 丰度增加的主要类群有: 变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*)、全噬菌纲 (*Holophagae*)、丰祐菌纲 (*Opitutae*)、疣微菌纲 (*Verrucomicrobiae*)、绿弯菌纲 (*Chloroflexia*)、*Candidatus\_Pacebacteria*、厌氧绳菌纲 (*Anaerolineae*)、噬纤维菌纲 (*Cytophagia*) 等。与常规施肥相比, SFP 和 SFPM 处理均显著增加的纲为变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*) 分别增加了 112.16% 和 123.50%; 全噬菌纲 (*Holophagae*) 分别增加了 161.21% 和 181.37%; 丰祐菌纲 (*Opitutae*) 分别增加了 74.21% 和 98.08%; 疣微菌纲 (*Verrucomicrobiae*) 分别增加了 706.67% 和 1180%;

绿弯菌纲 (*Chloroflexia*) 分别增加了 136.03% 和 138.24%; 浮霉菌门 (*Planctomycetes*) 下的厌氧氨氧化菌纲之一 (*Candidatus\_Pacebacteria*) 分别增加了 239.13% 和 695.65%; 厌氧绳菌纲 (*Anaerolineae*) 分别增加了 74.19% 和 328.39%; 噬纤维菌纲 (*Cytophagia*) 分别增加了 291.73% 和 249.32%。丰度降低的主要类群绝大多数为未分类菌群, 已分类的有斯巴杆菌纲 (*Spartobacteria*)、衣原体纲 (*Chlamydiae*)、 $\gamma$ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 等, 其中, 斯巴杆菌纲 (*Spartobacteria*) 分别降低了 30.02% 和 28.11%; 衣原体纲 (*Chlamydiae*) 分别降低了 83.22% 和 65.77%;  $\gamma$ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 分别降低了 38.18% 和 43.71%。

在属水平上, 细菌群落组成相对丰度见热图 4a 和柱状图 4-b。从属水平热图上看, 细菌丰度变化处理间重现性较好, 对数据库深入分析, 做柱状图 4b, 与常规施肥相比, SFP 和 SFPM 处理丰度均显著增加的属有拟无枝酸菌属 (*Amycolatopsis*) 分别增加了 149.88% 和 48.25%; 独岛菌属 (*Dokdonella*) 分别增加了 112.55% 和 69.71%; *Gemmatirora* 分别增加了 220.89% 和 719.08%; *Haliangium* 分别增加了 135.99% 和 159.66%; 溶杆菌属 (*Lysobacter*) 分别增加了 101.25% 和 168.19%; *Ohtaekwangia* 分别增加了 207.40% 和 837.03%; *Ramlibacter* 分别增加了 202.73% 和 661.79%; *Sorangium* 分别增加了 82.30% 和 110%。与常规相比, 降低的属有 *Rhodoplaner* 分

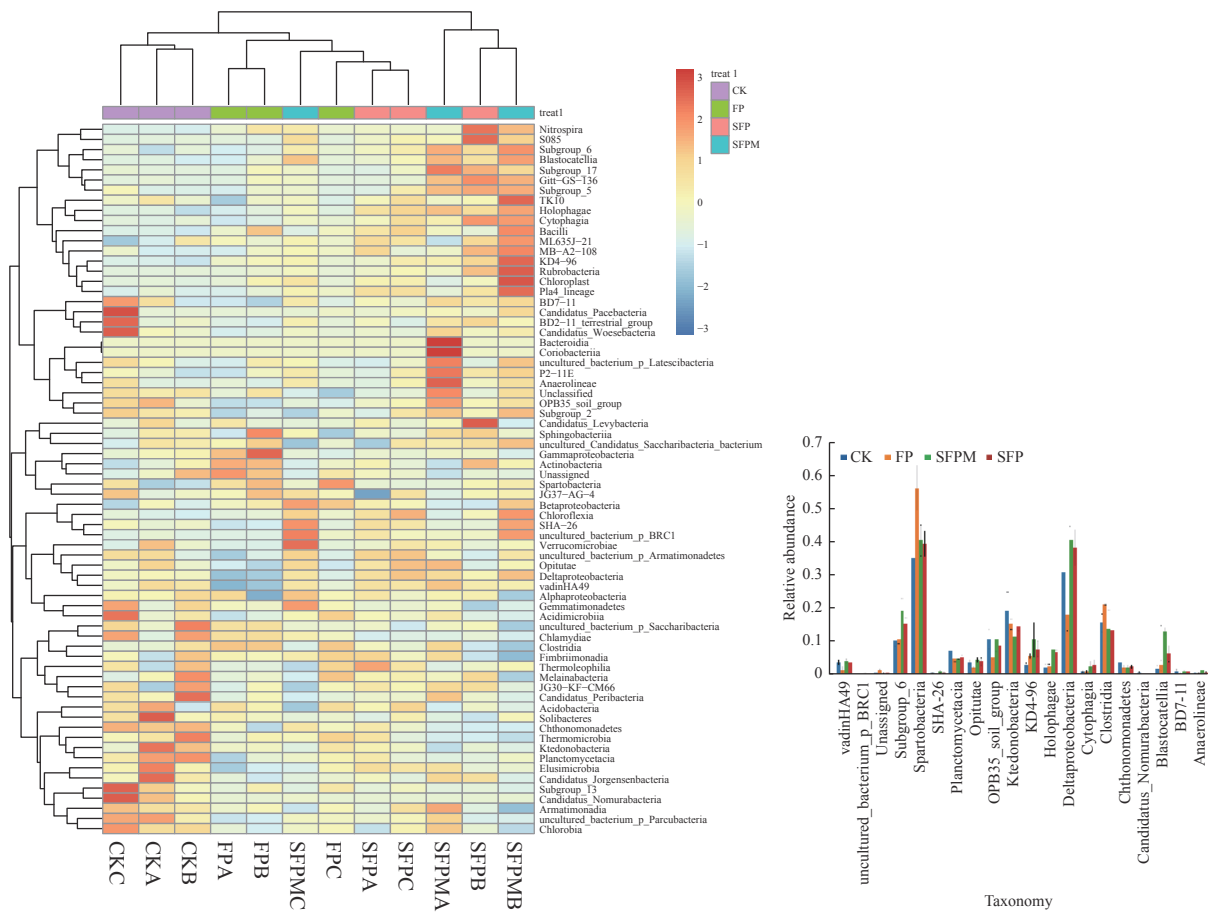


图 3 不同处理土壤细菌群落纲水平相对丰度(a)热图和(b)柱状图  
Fig.3 Heat map (a) and histogram (b) of relative abundance of soil bacterial communities at class level

别降低了 54.42% 和 46.48%; *Reyranella* 分别降低了 3.29% 和 28.07%。其他未分类属种处理间变化差异亦很显著。

**2.2.4 不同处理土壤有机质及氮磷钾含量的变化** 秸秆深翻还田和低温堆腐还田均有助于有机质的提升, 但规律不同, 详见表 4。与 FP 处理相比, 2017 年和

2018 年 SFP 处理土壤有机质分别为 16.81 g kg<sup>-1</sup> 和 17.30 g kg<sup>-1</sup>, 略有升高, 但统计学差异不显著; 2019 年和 2020 年 SFP 处理有机质升高幅度较显著, 土壤有机质分别为 18.80 g kg<sup>-1</sup> 和 19.80 g kg<sup>-1</sup>, 差异显著。这表明, 秸秆深翻有机质提升效果滞后, 需连续多年还田有机质提升效果才能显现。2019 年和

表 4 秸秆还田对土壤养分含量的影响  
Table 4 Effect of straw returning on soil properties

年份 Year	处理 Treatment	全氮 (g kg <sup>-1</sup> ) Total nitrogen	全磷 (g kg <sup>-1</sup> ) Total phosphorus	全钾 (g kg <sup>-1</sup> ) Total potassium	有机质 (g kg <sup>-1</sup> ) Soil organic matter
2017	CK	1.01 ± 0.05 b	0.55 ± 0.01 b	20.1 ± 0.11 a	15.87 ± 0.41 b
	FP	1.17 ± 0.10 a	0.59 ± 0.03 a	20.4 ± 0.10 a	16.3 ± 0.40 ab
	SFP	1.14 ± 0.05 a	0.60 ± 0.01 a	20.6 ± 0.06 a	16.81 ± 0.28 a
2018	CK	0.98 ± 0.03 b	0.54 ± 0.04 b	20.0 ± 0.13 a	15.32 ± 0.43 b
	FP	1.18 ± 0.04 a	0.58 ± 0.02 ab	20.5 ± 0.12 a	16.27 ± 0.45 a
	SFP	1.16 ± 0.02 a	0.62 ± 0.03 a	20.7 ± 0.12 a	17.3 ± 0.62 a
2019	CK	0.95 ± 0.01 c	0.53 ± 0.03 c	19.8 ± 0.10 b	15.41 ± 0.44 c
	FP	1.19 ± 0.03 a	0.59 ± 0.04 b	20.2 ± 0.15 b	16.33 ± 0.48 b
	SFP	1.15 ± 0.03 b	0.65 ± 0.02 a	21.4 ± 0.05 ab	18.8 ± 0.75 a
2020	SFPM	1.14 ± 0.03 b	0.63 ± 0.05 a	21.7 ± 0.23 a	18.99 ± 0.68 a
	CK	0.93 ± 0.05 c	0.53 ± 0.03 c	19.6 ± 0.12 b	15.46 ± 0.47 c
	FP	1.16 ± 0.01 a	0.57 ± 0.01 b	20.1 ± 0.14 b	16.39 ± 0.39 b
	SFP	1.13 ± 0.02 b	0.64 ± 0.03 a	22.1 ± 0.16 a	19.18 ± 0.45 a
SFPM	1.14 ± 0.01 b	0.63 ± 0.05 a	22.3 ± 0.15 a	19.12 ± 0.23 a	

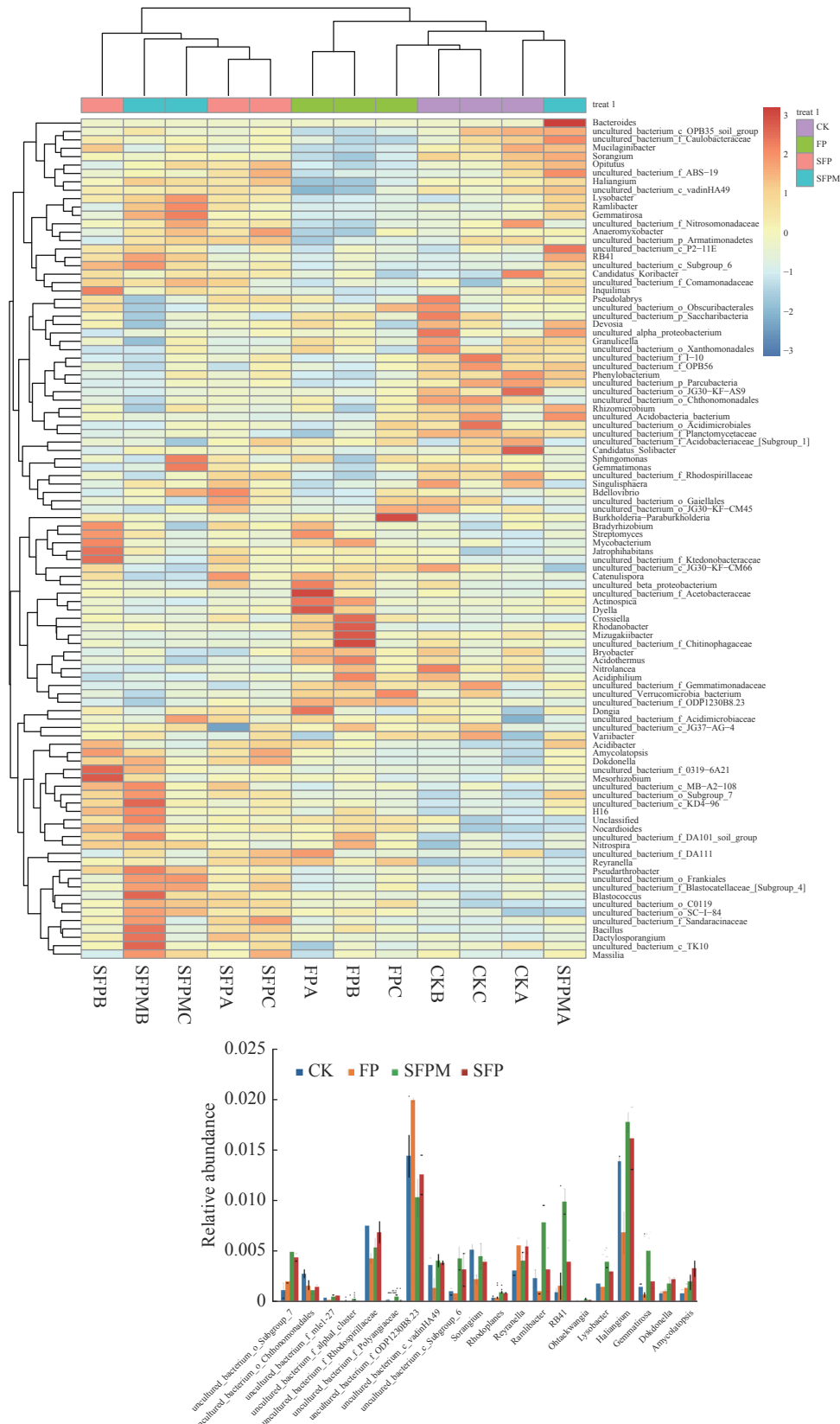


图 4 不同处理土壤细菌群落属水平相对丰度(a)热图和(b)柱状图

Fig.4 Heat map (a) and histogram (b) of relative abundance of soil bacterial communities at genus level

2020 年 SFPM 处理的有机质含量分别为 18.99 g kg<sup>-1</sup> 和 19.12 g kg<sup>-1</sup>, 与 FP 处理相比差异显著, 与 SFP

处理相比差异不显著。秸秆还田对土壤大量元素积累也有影响。随着

还田年限的增加, 土壤全氮、全磷和全钾含量均有所改变, 全氮略有降低, 全磷、全钾含量有所增加, 差异显著, 详见表 4。2017—2020, SFP 处理土壤全磷含量为  $0.60 \text{ g kg}^{-1}$ 、 $0.62 \text{ g kg}^{-1}$ 、 $0.65 \text{ g kg}^{-1}$  和  $0.64 \text{ g kg}^{-1}$ , 土壤全钾含量为  $20.60 \text{ g kg}^{-1}$ 、 $20.70 \text{ g kg}^{-1}$ 、 $21.4 \text{ g kg}^{-1}$  和  $22.1 \text{ g kg}^{-1}$ , 逐年增加。土壤全钾 2019 和 2020 年增加较快, 2020 年秸秆还田处理土壤全钾含量较 2017 年秸秆不还田处理增加 7.28%, 说明深翻秸秆还田可以显著提高土壤磷、钾素含量。SFPM 处理的施用当年土壤全磷、全钾含量即有所增加, 2019 和 2020 年全磷含量为  $0.63 \text{ g kg}^{-1}$ 、 $0.62 \text{ g kg}^{-1}$ 、全钾含量为  $21.7 \text{ g kg}^{-1}$  和  $22.3 \text{ g kg}^{-1}$ , 与常规施肥 FP 相比差异显著。秸秆还田对土壤氮素也有一定影响, 与常规施肥比均有所降低。

**2.2.5 处理间不同粒级团聚体分布情况** 经过四年定位实验, 不同处理土壤团聚体分布如表 5 所示, 在 0~40 cm 土层中, >2 mm 和 0.25~1 mm 团聚体在各处理中所占比例最高, 常规施肥 FP 处理所占比例

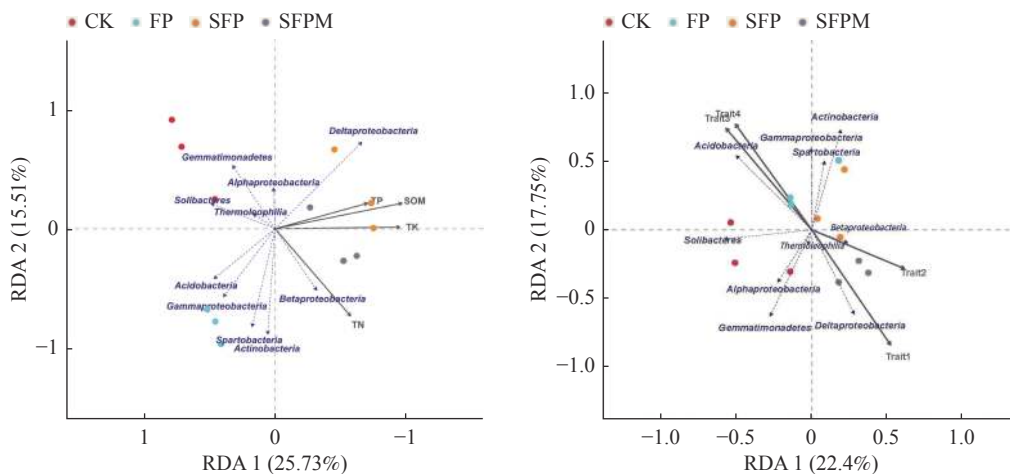
最低分别为 48.8% 和 47.88%, 其余处理均占 50% 以上。秸秆连续还田后, 与常规施肥相比, 明显增加了 >2 mm 和 1~2 mm 团聚体的比例, SFP 处理团聚体的比例 0~20 cm 土层小于 20~40 cm 土层, 两个粒级总和不同层次分为 56.89% 和 60.04%; SFPM 处理团聚体的比例 0~20 cm 土层大于 20~40 cm 土层两个粒级总和不同层次分为 65.12% 和 61.64%; FP 处理 <250  $\mu\text{m}$  的百分含量较其他处理含量较大, 不同层次分为 18.14% 和 18.61%。

### 2.3 土壤理化性质与土壤细菌群落纲水平的关系

本研究以土壤有机质、全量 N、P、K 作为环境因子, 通过冗余分析探究其对土壤细菌群落纲水平的影响。如图 5 所示, 结果表明, 土壤 SOM、TN、TP、TK 对土壤微生物细菌群落结构有显著影响, 并可以解释土壤微生物群落结构总变异的 41.24%。在秸秆深翻还田和秸秆堆腐还田条件下, TK 和 SOM 对微生态环境影响最显著;  $\alpha$ -变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*) 与 SOM、TP、TK 所处同一象

表 5 0~40 cm 耕层土壤团聚体质量百分含量  
Table 5 Mass percentage of soil aggregates at 0-40 cm soil depths (mean  $\pm$  SE, %)

土层 (cm) Soil depth	处理 Treatment	> 2 mm	2~1 mm	1~250 $\mu\text{m}$	< 250 $\mu\text{m}$
0~20	CK	33.98 $\pm$ 4.68 b	19.85 $\pm$ 1.23 b	32.49 $\pm$ 1.72 a	13.68 $\pm$ 8.19 a
	FP	28.83 $\pm$ 3.34 c	19.97 $\pm$ 1.01 b	33.06 $\pm$ 1.03 a	18.14 $\pm$ 3.38 a
	SFP	35.52 $\pm$ 3.48 b	21.37 $\pm$ 0.23 a	32.91 $\pm$ 1.51 a	10.20 $\pm$ 3.20 b
	SFPM	44.19 $\pm$ 1.39 a	20.93 $\pm$ 0.12 b	28.90 $\pm$ 0.69 b	5.99 $\pm$ 0.57 c
20~40	CK	36.26 $\pm$ 4.25 a	22.13 $\pm$ 0.21 a	33.29 $\pm$ 3.49 a	8.32 $\pm$ 3.97 c
	FP	27.56 $\pm$ 0.14 b	20.32 $\pm$ 0.94 ab	33.51 $\pm$ 0.46 a	18.61 $\pm$ 1.54 a
	SFP	40.93 $\pm$ 2.16 a	19.11 $\pm$ 0.49 b	25.99 $\pm$ 2.26 b	13.97 $\pm$ 2.43 b
	SFPM	39.49 $\pm$ 3.73 a	22.15 $\pm$ 1.03 a	32.19 $\pm$ 2.69 a	6.17 $\pm$ 2.07 c



注: trait1- trait4, 对应从大到小的四个层次粒级; 环境因子用带有箭头的黑色线段表示, 响应变量用带有箭头的蓝色虚线线段表示, 其长短代表其在排序空间内的变化量。

图 5 纲水平土壤细菌群落与土壤养分(a)和土壤团聚体(b)冗余分析(RDA)

Fig.5 Redundancy analysis (RDA) of soil bacterial community structure with soil properties (a) and soil aggregates (b)



限, 表现显著正相关, 芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、球形杆菌纲 (*Thermoleophilaceae*) 表现负相关;  $\beta$ -变形菌纲 (*Betaproteobacteria*) 与 TN 所处同一象限, 表现显著正相关, 酸杆菌纲 (*Acidobacteria*)、 $\gamma$ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 表现负相关。

本研究以 0~20 cm 不同粒级的土壤团聚体作为环境因子, 通过冗余分析探究其对土壤细菌群落纲水平土壤团聚体与细菌群落的功能特征的相互关系。结果表明, 土壤结构对土壤微生物细菌群落结构有显著影响, 并可以解释土壤微生物群落结构总变异的 34.15%。如图 3-b 所示, trait1 (> 2 mm)、trait2 (2~1 mm)、trait3 (1~250  $\mu$ m) 和 trait4 (<250  $\mu$ m) 分别代表不同层次粒级。trait1 (>2 mm)、trait2 (2~1 mm) 位于第四象限, 与  $\alpha$ -变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*) 表现正相关; trait3 (1~250  $\mu$ m) 和 trait4 (<250  $\mu$ m) 位于第二象限, 与酸杆菌门 (*Acidobacteria*) 表现正相关。

### 3 讨论

#### 3.1 秸秆不同还田方式对玉米产量和土壤理化性质的影响

大量研究表明, 秸秆还田可有效改善土壤水、肥、气、热<sup>[20-24]</sup> 状况, 为玉米生长发育创造了有利的生长环境, 进而显著提高玉米产量<sup>[25-26]</sup>。本研究中, 与常规施肥相比, 多年秸秆还田处理可以有效增加玉米产量, 并增加土壤有机碳含量<sup>[27]</sup>, 秸秆深翻处理第一年有减产风险, 第二年与常规施肥差异不显著, 第三年才提升了土壤养分供给能力, 促进作物生长, 但处理间稳定性依旧较差; 与常规施肥相比, 低温堆腐还田处理, 还田当年即可以看到玉米产量的增产增效, 土壤固碳能力的迅速提升, 有机质含量的迅速增加, 加上土壤全磷、全钾有所增加, 对果实的饱满亦有促进作用, 土壤全氮有所下降, 正好缓解北方土壤氮素过量投入的问题。此外, 土壤团粒结构的改变使速效养分的留存与供给能力也会随之增加。实验结果二者有所差异主要因为秸秆还田部位不同, 以及腐解过程不同。

低温堆腐还田的腐解过程主要发生在还田前秸秆反应堆中。秸秆中含有大量结构复杂的木质素, 不易降解, 只有木质素被清除后, 具有纤维素和半纤维素降解能力的微生物才能接近里面的碳水化合物, 进行物质能量转化<sup>[28-29]</sup>, 因此土壤中木质素的降

解与纤维素和半纤维素的降解密切相关, 是植物残体降解的关键, 是土壤有机质周转的限速步骤<sup>[30]</sup>。低温堆腐还田将木质素的降解转化在进入土壤之前完成, 形成大量腐殖质, 没有了木质素的保护, 纤维素和半纤维素的降解也完成了大部分, 大大加速土壤有机质的周转进程, 并且带入有效养分和有效菌源<sup>[31-32]</sup>, 使土壤环境更稳定, 同时还可以解决东北地区秸秆还田低温瓶颈问题, 在生产实践中不受低温、水分条件限制, 从本实验数据结果也能看出秸秆堆腐还田比秸秆深翻还田产量和土壤理化性质的提升更稳定。

土壤微团聚体主要由胶结持久性强且不易分解的有机无机复合体组成, 大团聚体则主要是植物根系和微生物菌丝体黏结了许多微团聚体后形成的<sup>[33]</sup>。秸秆还田大团聚体的增加是减少了微团聚体的数量, 秸秆分解产物: 多糖、胡敏酸、蛋白质等作为团聚体形成的胶结物质和微生物丝体共同促进了微团聚体向大团聚体的转化形成<sup>[34-36]</sup>, 同时提高了其稳定性。本研究结果表明, 秸秆深翻还田对于 20~40 cm 层次的变化优于对 0~20 cm 的改变, 而秸秆堆腐还田对土壤团聚体的改变层次与深翻相反, 0~20 cm 层次的变化优于对 20~40 cm 的改变。形成这种结果的原因就是秸秆腐解产物分布不同造成的, 因为秸秆深翻的耕作措施的产生是为了解决北方秸秆还田春季玉米苗若问题, 将秸秆深翻到 20~40 cm 层次, 因此土壤结构下层改善比较明显, 而低温堆腐还田带入的各种有机物, 微生物直接作用表层, 所以各方面效果更显著。

#### 3.2 秸秆不同还田方式对土壤微生物群落结构的影响

土壤是微生物的大本营, 是微生物生长和繁殖的天然培养基<sup>[37]</sup>, 土壤团聚体是微生物生存的微环境<sup>[38]</sup>, 可调节好土壤中的水、肥、气、热, 使环境更适宜微生物的繁衍生息<sup>[39]</sup>。本研究结果表明, 秸秆还田可以增加土壤微生物的丰富度和多样性<sup>[30-31]</sup>, 门水平上丰度较高的主要类群有: 变形菌门 (*Proteobacteria*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、放线菌门 (*Actinobacteria*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、疣微菌门 (*Verrucomicrobia*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*)、浮霉菌门 (*Planctomycetes*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、糖化

菌门 (*Saccharibacteria*)。纲水平上丰度较高的主要类群有: 变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*)、全噬菌纲 (*Holophagae*)、丰祐菌纲 (*Opitutae*)、疣微菌纲 (*Verrucomicrobiae*)、绿弯菌纲 (*Chloroflexia*)、*Candidatus\_Pacebacteria*、厌氧绳菌纲 (*Anaerolineae*)、噬纤维菌纲 (*Cytophagia*) 等。属水平上已命名的丰度较高的主要类群有: 拟无枝酸菌 (*Amycolatopsis*)、独岛菌属 (*Dokdonella*)、溶杆菌属 (*Lysobacter*) 等。

其中有参与纤维素分解转化的功能菌群, 也有参与养分循环的功能菌群, 但也丰富了其他功能群<sup>[40-41]</sup>。变形菌纲是土壤细菌中的优势菌种, 在森林土壤中是最丰富的细菌类群, 相对丰度越高, 物种和遗传多样性越丰富, 具有广泛的生理代谢功能, 在土壤有机物质分解、循环和能量转化中起到了重要作用<sup>[29]</sup>, 本研究通过冗余分析发现纲水平不同种类的变形菌种与土壤 SOM、TN、TP、TK 的相关性不同; 放线菌门 (*Actinobacteria*)、全噬菌纲 (*Holophagae*)、噬纤维菌纲 (*Cytophagia*) 的菌株具有优异的纤维素水解能力, 酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、*Candidatus\_Pacebacteria* 在土壤养分循环中具有非常重要作用, 厚壁菌门 (*Firmicutes*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 是降解木质素的功能群, 芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*) 可能参与木质素和环境污染物的降解, 对于磷的活化也有促进作用, 冗余分析中发现与 TP 成显著负相关, 也就是说秸秆还田虽然 TP 有所增加, 但微生物菌群可以缓解环境 P 的固定; *Candidatus\_Pacebacteria* 菌纲是浮霉菌门 (*Planctomycetes*) 的一个分支, 是参与反硝化过程的功能菌群, 属生态友好型微生物, *Planctomycetes* 反应活性增加可以使农田土壤过剩氮素安全移除, 增加土壤生态健康指数<sup>[42]</sup>, 本研究中 TN 有所降低, 从群落表现看, 土壤生态健康指数在增加; 放线菌门 (*Actinobacteria*) 除了自身生理代谢功能外, 随着他的丰富会产生大量菌丝体, 对土壤大团聚体的黏结和养分的定向传输具有一定作用, 是参与木质素厌氧降解的关键菌群; 绿弯菌纲 (*Chloroflexia*) 的菌种相对耐低温, 对于土壤中冬季秸秆的降解具有促进作用; 糖化菌门 (*Saccharibacteria*) 是土壤养分循环的代谢菌群。表明秸秆还田土壤中存在大量在秸秆降解过程中发挥重要作用的微生物菌群, 这些菌群改善了土壤的

环境, 有利于土壤养分的存储与释放, 对于作物产量显著提高, 土壤健康发展具有重要意义。

## 4 结论

综上所述, 低温堆腐还田玉米产量增长最稳定, 当年作用优于深翻处理逐年积累。SFP 处理玉米籽粒产量在第三年和第四年开始有提升, 与 FP 处理相比分别增加了 12.36% 和 28.62%, 重复间稳定性较差; 与 FP 处理相比, 低温堆腐还田 SFPM 第一年和第二年分别提高了 11.20%、28.72%, 重复间稳定性强。

处理间低温堆腐还田土壤有机质增长最稳定, 土壤 TP、TK 含量有所增加, 土壤大团聚体有所增加。SFP 处理土壤有机质升高表现在深翻第三年和第四年分别为 18.8 g kg<sup>-1</sup> 和 19.8 g kg<sup>-1</sup>, 与 FP 处理相比, 差异显著。SFPM 处理第一年和第二年的有机质含量有所增加分别为 18.99 g kg<sup>-1</sup> 和 19.12 g kg<sup>-1</sup>, 与 FP 处理相比, 差异显著。此外, 低温堆腐还田和秸秆深翻还田均改变了土壤氮磷钾含量, 增加了土壤 TP、TK 含量, 降低了 TN 含量; 低温堆腐还田对于表层 0~20 cm 团聚体的改变优于 20~40 cm 团聚体变化, 深翻还田对土壤团聚体的改变是 20~40 cm 优于 0~20 cm 层次变化; 秸秆还田增加了 > 2 mm 和 0.25~1 mm 优势团聚体的所占比例, 改善了土壤结构。

低温堆腐还田和秸秆深翻还田均增加了土壤微生物的多样性和丰度, 尤其是一些纤维素分解、养分循环等功能性菌群。 $\alpha$ -变形菌纲 (*Deltaproteobacteria*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、球形杆菌纲 (*Thermoleophilaceae*)、 $\beta$ -变形菌纲 (*Betaproteobacteria*)、酸杆菌纲 (*Acidobacteria*)、 $\gamma$ -变形菌纲 (*Gammaproteobacteria*) 等丰度的显著变化。环境因子土壤养分 (SOM、TN、TP、TK) 解释了细菌群落 41.24% 的变化, 环境因子土壤团聚体 (0~20 cm) 解释了细菌群落 34.15% 的变化, 促进了养分的循环。

综合比较, 秸秆低温堆腐还田具备了所有秸秆深翻还田的优点, 并且在有机质提升和产量提升方面比深翻还田更有效率, 更稳定, 在微生物群落多样性方面略有优势。

## 参考文献:

- [1] 张经廷, 张丽华, 吕丽华, 等. 还田作物秸秆腐解及其养分释放特征概述[J]. *核农学报*, 2018, 32(11): 2274 – 2280.
- [2] Yin H J, Zhao W Q, Li T, et al. Balancing straw returning and chemical fertilizers in China: Role of straw nutrient resources[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2018, 81: 2695 – 2702.
- [3] Bu R Y, Ren T, Lei M J, et al. Tillage and straw-returning practices effect on soil dissolved organic matter, aggregate fraction and bacteria community under rice-rice-rapeseed rotation system[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2020: 287.
- [4] 赵士诚, 曹彩云, 李科江, 等. 长期秸秆还田对华北潮土肥力、氮库组分及作物产量的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2014, 20(6): 1441 – 1449.
- [5] 刘慧屿, 娄春荣, 韩英祚, 等. 秸秆生物炭与减量氮肥配施对玉米氮素利用率及土壤结构的影响[J]. *土壤通报*, 2020, 51(5): 1180 – 1188.
- [6] 刘慧屿, 刘慧颖, 娄春荣, 等. 不同秸秆还田模式对风沙土玉米生育特性及土壤活性碳、氮的影响[J]. *土壤通报*, 2018, 49(1): 133 – 139.
- [7] 朱 姝, 窦 森, 陈丽珍. 秸秆深还对土壤团聚体中胡敏酸结构特征的影响[J]. *土壤学报*, 2015, 52(4): 747 – 758.
- [8] 王如芳, 张吉旺, 董树亭, 等. 我国玉米主产区秸秆资源利用现状及其效果[J]. *应用生态学报*, 2011, 22(6): 1504 – 1510.
- [9] Mourtzinis S, Arriaga F, Balkcom K S, et al. Vertical distribution of corn biomass as influenced by cover crop and stover harvest[J]. *Agronomy Journal*, 2015, 107(1): 232 – 240.
- [10] 张玉洁, 吴 婷, 赵 娟, 等. 生物炭添加对秸秆还田土壤细菌群落结构和多样性影响[J]. *环境科学学报*, 2017, 37(2): 712 – 720.
- [11] Monforti F, Lugato E, Motola V, et al. Optimal energy use of agricultural crop residues preserving soil organic carbon stocks in Europe[J]. *Renewable and Sustainable Energy Review*, 2015, 20(44): 519 – 529.
- [12] 杨滨娟, 钱海燕, 黄国勤, 等. 秸秆还田及其研究进展[J]. *农学报*, 2012, 2(5): 1 – 4+28.
- [13] 丛 萍, 王 婧, 董建新, 等. 秸秆还田对黑土亚表层微生物群落结构的影响特征及原因分析[J]. *农业工程学报*, 2020, 36(1): 109 – 118.
- [14] 董明哲, 陈香碧, 冯书珍, 等. 红壤丘陵区典型农田土壤秸秆还田后纤维素降解特征及其影响因素[J]. *生态学杂志*, 2016, 35(7): 1834 – 1841.
- [15] 陈晶晶, 陶少强, 夏 强, 等. 一株高活性纤维素降解细菌的筛选鉴定及酶学特性[J]. *土壤*, 2014, (2): 302 – 307.
- [16] 沈德龙, 刘甲峰, 李 力, 等. 复合菌系RSS-4腐解稻秆过程中的菌系动态变[J]. *微生物学杂志*, 2011, (5): 1 – 6.
- [17] 李继福, 鲁剑巍, 李小坤, 等. 麦秆还田配施不同腐解剂对水稻产量、秸秆腐解和土壤养分的影响[J]. *中国农学通报*, 2013, 29(35): 270 – 276.
- [18] 杨丽丽, 周米良, 邓小华, 等. 不同腐熟剂对玉米秸秆腐解及养分释放动态的影响[J]. *中国农学通报*, 2016, (30): 32 – 37.
- [19] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 1999.
- [20] 窦 森. 黑土地保护与秸秆富集深还[J]. *吉林农业大学学报*, 2016, 38(5): 511 – 516.
- [21] 周怀平, 解文艳, 关春林, 等. 长期秸秆还田对旱地玉米产量、效益及水分利用的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2013, 19(2): 321 – 330.
- [22] 王淑兰, 王 浩, 李 娟, 等. 不同耕作方式下长期秸秆还田对旱作春玉米田土壤碳、氮、水含量及产量的影响[J]. *应用生态学报*, 2016, 27(5): 1530 – 1540.
- [23] 高洪军, 彭 畅, 窦 森, 等. 秸秆还田配施氮肥对春玉米氮素利用及土壤氮素平衡的影响[J]. *玉米科学*, 2020, 28(6): 134 – 141.
- [24] 白 伟, 张立祯, 逢焕成, 等. 秸秆还田配施氮肥对东北春玉米光合性能和产量的影响[J]. *作物学报*, 2017, 43(12): 1845 – 1855.
- [25] 程 曼, 解文艳, 杨振兴, 等. 黄土旱塬长期秸秆还田对土壤养分、酶活性及玉米产量的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2019, 27(10): 1528 – 1536.
- [26] 张建军, 党 翼, 赵 刚, 等. 秸秆还田与氮肥减施对旱地春玉米产量及生理指标的影响[J]. *草业学报*, 2019, 28(10): 156 – 165.
- [27] 王学敏, 刘 兴, 郝丽英, 等. 秸秆还田结合氮肥减施对玉米产量和土壤性质的影响[J]. *生态学杂志*, 2020, 39(2): 507 – 516.
- [28] 朱金霞, 孔德杰, 尹志荣. 农作物秸秆主要化学组成及还田后对土壤质量提升影响的研究进展[J]. *北方园艺*, 2020, (5): 146 – 153.
- [29] 孙 超, 曾 湘, 李光玉, 等. 红树林沉积物中天然多聚有机物厌氧降解菌多样性与细菌新类群分离[J]. *微生物学报*, 2021, 61(4): 987 – 1001.
- [30] 于大力. 秸秆还田土壤微生物及其细菌漆酶的多样性研究[D]. 中国农业科学院, 2020.
- [31] 孔德杰. 秸秆还田和施肥对麦豆轮作土壤碳氮及微生物群落的影响[D]. 西北农林科技大学, 2020.
- [32] 左倩倩, 王邵军. 生物与非生物因素对森林土壤氮矿化的调控机制[J]. *浙江农林大学学报*, 2021, 38(3): 613 – 623.
- [33] 王 冰, 张鹏杰, 张秋良. 不同林型兴安落叶松林土壤团聚体及其有机碳特征[J]. *南京林业大学学报(自然科学版)*, 2021, 45(3): 15 – 24.
- [34] 宋 佳, 黄 晶, 高菊生, 等. 冬种绿肥和秸秆还田对双季稻区土壤团聚体和有机质官能团的影响[J]. *应用生态学报*, 2021, 32(2): 564 – 570.
- [35] 高洪军, 彭 畅, 张秀芝, 等. 不同秸秆还田模式对黑钙土团聚体特征的影响[J]. *水土保持学报*, 2019, 33(1): 75 – 79.
- [36] Zheng W, Zhao Z Y, Lv F L, et al. Fungal alpha diversity influences stochasticity of bacterial and fungal community assemblies in soil aggregates in an apple orchard[J]. *Applied Soil Ecology*, 2021: 162.
- [37] Tian X L, Wang C B, Bao X G, et al. Crop diversity facilitates soil



- aggregation in relation to soil microbial community composition driven by intercropping[J]. *Plant and Soil*, 2019, 436(1/2): 173 – 192.
- [ 38 ] Okiobe S T, Augustin J, Mansour I, et al. Disentangling direct and indirect effects of mycorrhiza on nitrous oxide activity and denitrification[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 134: 142 – 151.
- [ 39 ] Zhou J, Ning D. Stochastic community assembly: Does it matter in microbial ecology?[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017, 81(4): 2 – 17.
- [ 40 ] 王秀红, 李欣欣, 史向远, 等. 玉米秸秆不同发酵时期理化性状和细菌群落多样性[J]. *华北农学报*, 2018, 33(3): 144 – 152.
- [ 41 ] Ebrahim A, Ebrahim S. 堆肥过程中砷铜生物有效性和土霉素降解及其微生物群落动态变化研究[D]. 中国农业科学院, 2020.
- [ 42 ] 魏亚茹, 王怡静, 马巧丽, 等. 粉粒氮和水分影响浮霉菌门群落的空间分化[J]. *微生物学通报*, 2020, 47(9): 2732 – 2745.

## Effects of Low-Temperature Compost and Deep Tillage Returning of Maize Straw on Maize Yield and Soil Microbial Community

LIU Hui-yu, HE Zhi-gang\*, LIU Yan, WANG Xiu-juan, DONG Huan, LOU Chun-rong  
(*Institute of Plant Nutrient and Environmental Resources of Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110161, China*)

**Abstract:** To investigate the effects of different straw returning methods on maize yield and soil microbial community structure in northeast China, a continuous field experiment was conducted in a typical brown earth area. Four treatments of no fertilizer (CK), regular chemical fertilizer without straw returning (FP), straw returning with deep tillage (SFP), and deep returning of straw compost under low-temperature (SFPM) were set up. Maize yield, soil nutrients and soil aggregates were determined by conventional methods, soil bacterial diversity and abundance were determined by high-throughput sequencing methods to analyze the effects of changes in soil environmental factors on soil microbial communities. Compared with the FP treatment, the maize grain yield increased after two years in the SFP treatment, and that increased in the year with the SFPM treatment. Moreover, the increasing trend of soil organic matter (SOM) was consistent with that of maize grain yield in both SFP and SFPM treatments, and in which the abundances of *Deltaproteobacteria*, *Gemmatimonadetes*, *Thermoleophilaceae*, *Betaproteobacteria*, *Acidobacteria*, *Gammaproteobacteria* were significant increased as well. The principal component analysis showed that soil nutrients (SOM, TN, TP, TK) were explained 41.24% of the variation of bacterial communities, and of which soil aggregates (0-20 cm) were explained 34.15%. Maize straw returning with low-temperature compost increased maize yield, improving soil fertility and soil microbial community structure in brown earth area.

**Key words:** Straw returning; Soil microbial community; Soil chemical properties; Soil aggregate; High throughput sequencing

[ 责任编辑: 刘轶飞 ]