

秦广利. 添加外源有机物对小麦甘薯轮作土壤碳氮、微生物菌群变化及代谢活性的影响[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(18): 206–214.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.18.030

# 添加外源有机物对小麦甘薯轮作土壤碳氮、微生物菌群变化及代谢活性的影响

秦广利

(商丘职业技术学院, 河南商丘 476100)

**摘要:**为探究添加外源有机物对麦薯田土壤碳氮、微生物菌群变化及代谢活性的影响, 2019—2022 年, 通过田间定位试验, 设置氮磷钾肥单施 + 秸秆不还田 (NPKNS), 80% 氮磷钾肥 + 秸秆还田 (NPKS), 80% 氮磷钾肥 + 生物有机肥 + 秸秆还田 (NPKBS), 80% 氮磷钾肥 + 羊粪 + 秸秆还田 (NPKDS), 80% 氮磷钾肥 + 基质 + 秸秆还田 (NPKSS) 5 个处理, 研究化肥减量添加不同有机物对土壤碳氮组分、微生物菌群结构及代谢活性的影响。结果表明, 与 NPKNS 处理相比, NPKBS 处理土壤有机碳 (SOC) 含量、土壤微生物量碳 (MBC) 含量、土壤可溶性有机碳 (DOC) 含量分别显著提高 12.44%、46.05%、9.76%, NPKDS 处理土壤易氧化有机碳 (ROC) 含量、土壤颗粒有机碳 (POC) 含量分别显著提高 8.50%、12.11%; 与 NPKNS 处理相比, NPKBS 处理土壤全氮、微生物量氮含量分别显著提高 8.99%、7.87%; 与 NPKNS 处理相比, NPKBS 处理土壤细菌、总菌群磷脂脂肪酸 (PLFA) 含量分别显著提高 36.43%、12.78%, NPKSS 处理放线菌 PLFA 含量显著提高 32.52%。NPKBS 处理细菌含量/真菌含量较其他处理分别提高 10.87%~96.15%, NPKDS 处理革兰氏阳性菌与阴性菌比值较 NPKNS、NPKS 处理分别显著提高 16.95%、11.29%; AWCD 表现为 NPKBS > NPKSS > NPKDS > NPKS > NPKNS; NPKBS 处理土壤微生物对糖类、氨基酸类、胺类化合物的利用能力较其他处理分别显著提高 8.57%~39.20%、8.79%~30.26%、17.07%~41.18%。NPKDS 处理土壤微生物对羧酸类、酚类化合物的利用能力较其他处理分别显著提高 5.80%~87.18%、11.36%~104.17%; NPKBS 处理香浓指数、均匀度指数均较其他处理分别显著提高 6.85%~19.08%、10.74%~42.24%。NPKSS 处理丰富度指数较 NPKNS、NPKDS 处理显著提高 7.06%、5.79%; 相关性分析结果表明, 土壤微生物菌群结构及代谢活性与土壤碳氮转化关系密切, 其中, 易氧化有机碳 (16.2%)、微生物量氮 (30.0%) 含量是影响土壤微生物菌群结构及代谢活性的主要因子。以上结果表明, 连续 3 年添加不同外源有机物能够提高土壤有机碳氮组分含量, 改变土壤微生物菌群结构, 提高土壤微生物功能多样性。

**关键词:**外源有机物; 土壤碳氮; 微生物菌群; 碳源代谢; 多样性指数

**中图分类号:**S154; S531.06 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)18-0206-09

土壤有机碳是土壤碳库的重要组成部分, 也是土壤养分循环和营养供应的核心部分, 具有较强的

生物活性, 对土壤环境因素变化比较敏感, 是评价土壤肥力的重要指标<sup>[1-3]</sup>。有研究表明, 田间管理措施、施肥方式等人为因素的改变均能够引起土壤有机碳组分含量的变化<sup>[4-5]</sup>。土壤全氮是土壤氮库的核心部分, 但其变异系数较小, 不能够准确地反映出土壤氮素供应能力及微小变化<sup>[6]</sup>。而微生物量氮是土壤活性氮库的重要组成部分, 因其周转速

收稿日期: 2022-11-27

基金项目: 河南省软科学研究计划 (编号: 222400410551); 河南省高等学校重点科研项目 (编号: 23B210010)。

作者简介: 秦广利 (1979—), 女, 河南商丘人, 硕士, 副教授, 主要从事微生物专业教学与科研工作。E-mail: sqzyqgl@163.com。

[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2012.

[17] 刘阿梅, 向言词, 田代科, 等. 生物炭对植物生长发育及重金属镉污染吸收的影响[J]. 水土保持学报, 2013, 27(5): 193–198, 204.

[18] 康日峰, 张乃明, 史静, 等. 生物炭基肥料对小麦生长、养分吸收及土壤肥力的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2014(6): 33–38.

[19] 徐亮, 王豹祥, 汪健, 等. 不同热解温度制备的水稻秸秆生物炭理化特性分析[J]. 土壤通报, 2020, 51(1): 136–143.

[20] 唐志文, 罗从军, 李桂华. 生物炭对土壤肥料的作用及未来发展[J]. 农业开发与装备, 2021(4): 74–75.

[21] 张晗芝, 黄云, 刘钢, 等. 生物炭对玉米苗期生长、养分吸收及土壤化学性状的影响[J]. 生态环境学报, 2010, 19(11): 2713–2717.

[22] 曾爱, 廖允成, 张俊丽, 等. 生物炭对壤土土壤含水量、有机碳及速效养分含量的影响[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(5): 1009–1015.

率较快,不仅是土壤氮素循环过程中重要的“源”和“库”,也是农作物氮素营养吸收的重要来源,其含量的变化可以作为评价土壤氮素供应能力的重要指标<sup>[7-8]</sup>。有研究表明,土壤碳氮组分含量的变化对土壤结构的改变、农作物营养的吸收利用以及土壤肥力的保持具有重要的影响<sup>[9-10]</sup>。因此,研究土壤碳氮组分含量的变化特征对改善土壤结构、提高土壤肥力具有重要的意义。

土壤微生物是农田土壤生态系统的重要组成部分,能够参与土壤结构形成的各种生物化学反应过程,是土壤碳氮元素循环和转化的主要动力<sup>[11-12]</sup>。土壤微生物菌群结构及代谢功能多样性的变化能够反映土壤微生物自身代谢特性以及与土壤环境相互作用的多样化程度,可以灵敏地指示土壤生态特征和健康质量<sup>[13-15]</sup>。因此,研究土壤微生物菌群及代谢功能多样性的变化特征,探讨土壤微生物菌群与土壤碳氮之间的相关性,对揭示土壤碳氮转化规律,改善土壤质量具有重要的意义。

冬季小麦、夏季甘薯是华北平原甘薯种植的一种重要模式<sup>[16]</sup>。受气候因素及小麦生育期影响,夏季甘薯生育期较短,其产量远低于春季甘薯<sup>[17]</sup>。而广大薯农为追求提高甘薯产量,长期大量施用化肥,不仅造成土壤结构改变、养分失衡、菌群变化及代谢活性降低,还会减少土壤有机碳氮组分含量累积与转化,降低土地生产力<sup>[18-19]</sup>。因此,如何有效合理施肥提高土壤质量,改善土壤微生态环境是目前华北平原小麦—甘薯种植模式研究的重要方向。有研究表明,外源有机物料还田不仅能够增加土壤养分含量,促进土壤中难溶性物质分解与转化,还能够增加土壤某类微生物代谢活动,提高土壤微生物功能多样性<sup>[20-22]</sup>。张蕤等的研究表明,腐熟小麦秸秆配施无机肥调至 C/N 为 30 时,能够有效降低土壤容重,增加土壤碳氮含量,提高细菌种类及代谢活性<sup>[23]</sup>;白美霞等的研究表明,有机物料与生物炭配施有利于提高土壤养分含量,降低土壤有机碳分解酶活性以及微生物碳源代谢活性<sup>[24]</sup>;屈皖华等的研究表明,有机物料还田能够增加土壤碳源总量,提高土壤微生物代谢活性以及土壤有机碳含量<sup>[25]</sup>。可见,合理的有机物料还田对土壤碳氮组分含量的累积以及土壤微生物菌群代谢活性的提高具有重要的影响。

目前,有机物料还田对土壤质量改善的研究主要单一地集中在土壤团聚体有机碳组分变化、土壤

微生物群落结构及功能多样性变化等方面<sup>[26-29]</sup>。而关于有机物料还田对麦薯田土壤碳氮含量、微生物菌群及代谢活性变化的研究并不多。而且不同区域、种植制度、有机物料还田种类及还田量对土壤碳氮及微生物群落的影响均不相同。因此,本研究通过 3 年田间定位试验,以麦薯田为研究对象,探讨化肥减量添加不同有机物料对土壤碳氮组分、微生物菌群及代谢活性变化的影响,并分析它们之间的关联性,找到适宜的组合模式,以期为华北平原麦薯田有机物料合理还田提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验于 2019 年 6 月至 2022 年 10 月在河南省商丘市睢阳区冯桥镇李楼村(116°43'7"E,39°28'13"N)进行。该地区属于典型大陆性季风气候,海拔约 50 m,年平均气温 14.2℃,年平均降水量 650~750 mm,主要集中在 6—9 月,年平均日照时数 1 944 h,无霜期 211 d。四季分明,雨热同期,旱涝不均。供试土壤为黄潮土,二合土质。种植制度为小麦—甘薯,肥力中等,排灌良好。土壤(0~20 cm 土层)含有机碳 9.84 g/kg、全氮 0.95 g/kg、碱解氮 43.85 mg/kg、速效磷 53.21 mg/kg、速效钾 135.58 mg/kg,pH 值为 8.13。

### 1.2 供试材料

供试品种:周麦 18(河南省周口市农业科学院选育)、商薯 19(河南省商丘市农林科学院选育)。

供试肥料:氮磷钾肥(小麦季,N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 含量均为 15%,河南心连心化学工业集团股份有限公司生产;甘薯季,N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 含量分别为 10%、10%、20%,河南彤丰肥业有限公司生产)、生物有机肥(含 N 2.98%、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 1.26%、K<sub>2</sub>O 1.94%、有机质 40.5%,有效活菌数≥0.2 亿 CFU/g,内蒙古二连浩特市沃土地有机肥业有限公司生产)、羊粪(由羊粪、小麦秸秆腐熟而成,含 N 1.45%、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 0.89%、K<sub>2</sub>O 1.12%、有机质 22.47%)、基质(由鸡粪、蘑菇料和锯末等物腐熟而成,含 N 1.53%、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 1.46%、K<sub>2</sub>O 0.91%、有机质 18.96%)、小麦秸秆(含全碳 44.23%、全氮 0.67%)、甘薯蔓茎(含全碳 48.34%、全氮 0.44%)。

### 1.3 试验设计

试验设 5 个处理,分别为氮磷钾肥单施+秸秆不还田(NPKNS),80%氮磷钾肥+秸秆还田

(NPKS), 80% 氮磷钾肥 + 生物有机肥 + 秸秆还田 (NPKBS), 80% 氮磷钾肥 + 羊粪 + 秸秆还田 (NPKDS), 80% 氮磷钾肥 + 基质 + 秸秆还田 (NPKSS), 重复 3 次, 共计 15 个小区, 全部区组随机排列布局。小区长 15.6 m、宽 8.0 m, 保护行 3 m, 走道 0.5 m。小麦播种量为 300 kg/hm<sup>2</sup>, 甘薯株行距为 26.6 cm × 80.0 cm。小麦季施肥均为复合肥 (N、P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>、K<sub>2</sub>O 含量均为 15%) 750 kg/hm<sup>2</sup>, 甘薯季施肥采用本试验设计处理。其中, 氮磷钾肥用量为 750 kg/hm<sup>2</sup>, 生物有机肥用量为 675 kg/hm<sup>2</sup>, 羊粪用量 15 000 kg/hm<sup>2</sup>, 基质用量 7 500 kg/hm<sup>2</sup>。小麦秸秆、甘薯蔓茎分别通过粉碎机定量还田 4 500、22 500 kg/hm<sup>2</sup>。小麦生育期为 10 月 15 日至翌年 6 月 10 日, 甘薯生育期为 6 月 15 日至 10 月 10 日。氮磷钾肥 70% 作为基肥, 30% 作为追肥。其中, 小麦在拔节期进行追肥, 甘薯在薯蔓同长期进行追肥。有机物料均作为基肥一次性施入, 生育期不追施。小麦生育期不浇水, 甘薯栽插后浇水 2~3 次, 薯苗成活后不再进行浇水。其他田间管理措施均如同当地常规栽培, 不作特殊处理。

#### 1.4 样品采集

试验于 2022 年甘薯收获前 1 周进行土壤样品采集。通过土钻利用 5 点取样法采集 0~20 cm 土层土壤样品, 置于装有冰块的泡沫盒后, 尽快带回实验室。捡出根系、石粒等杂物后, 将土壤样品分成 2 个部分, 一部分置于 -40 ℃ 冰箱中, 用于土壤微生物生物量及功能多样性的测定; 另一部分阴干, 用于土壤碳组分、氮素含量的测定。

#### 1.5 测定方法

土壤有机碳 (SOC) 含量采用重铬酸钾容量法测定; 土壤微生物量碳 (MBC) 含量采用三氯甲烷熏蒸-浸提法测定; 土壤易氧化有机碳 (ROC) 含量采用高锰酸钾氧化-比色法测定; 土壤可溶性有机碳 (DOC) 含量采用 0.5 mol/L K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 浸提法测定; 土壤颗粒有机碳 (POC) 含量采用六偏磷酸钠分散法测定<sup>[30-31]</sup>。

土壤全氮含量采用半微量凯氏定氮法<sup>[30]</sup>测定; 土壤微生物量氮含量采用三氯甲烷熏蒸-K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 浸提法<sup>[32]</sup>测定。

土壤微生物菌群生物量采用磷脂脂肪酸 (PLFA) 法<sup>[33]</sup>测定; 土壤微生物功能多样性采用 Biolog 微平板法<sup>[34]</sup>测定; 土壤微生物对碳源利用变化的测定参考文献<sup>[34]</sup>。其中, 平均颜色变化率

(AWCD) 用于评价土壤微生物群落代谢活性; 辛普森指数 (*D*)、香浓指数 (*H*)、均匀度指数 (*E*)、丰富度指数 (*S*) 用于评价土壤微生物群落结构多样性<sup>[15]</sup>。

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

$$H = - \sum P_i (\ln P_i);$$

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

$$E = H / \ln S。$$

式中: *R* 为对照孔吸光度; *C<sub>i</sub>* 为非对照孔吸光度; *P<sub>i</sub>* 为第 *i* 孔相对吸光度与所有相对吸光度总和的比值; *S* 为培养的微生物利用微板中的碳源数, 即颜色变化孔数。

#### 1.6 数据处理

采用 WPS Office 软件对原始数据进行整理与计算。采用 DPS 9.50 数据处理系统进行方差分析与多重比较。采用 Canoco 5.0 进行土壤微生物群落与土壤碳氮含量的相关性分析与作图。

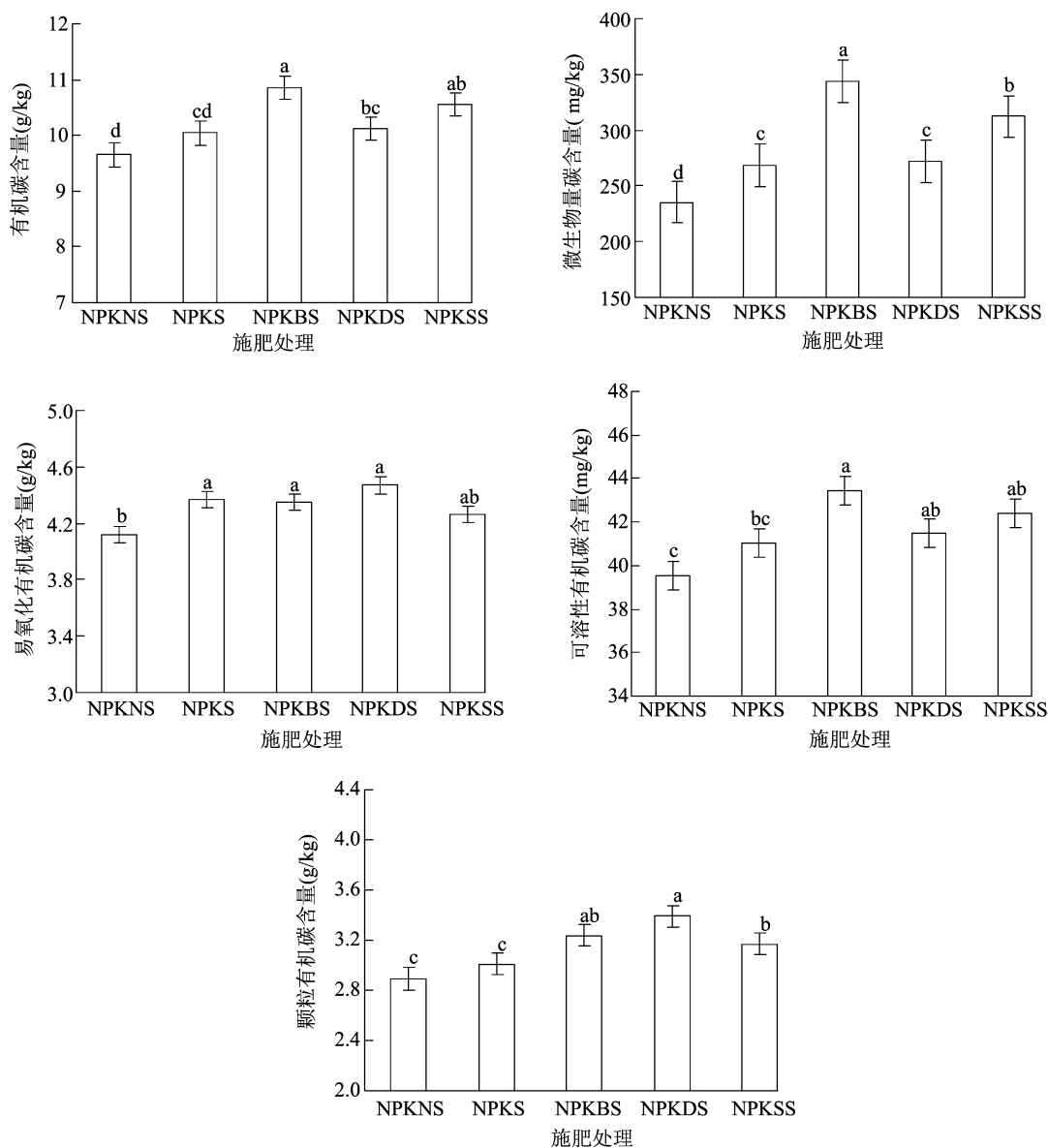
## 2 结果与分析

### 2.1 土壤碳组分含量变化

由图 1 可知, 各处理添加不同有机物能够明显影响土壤有机碳 (SOC) 含量、微生物量碳 (MBC) 含量、易氧化有机碳 (ROC) 含量、可溶性有机碳 (DOC) 含量及颗粒有机碳 (POC) 含量变化。与氮磷钾肥单施处理 (NPKNS) 相比, 化肥减量添加不同有机物处理中的土壤 SOC、MBC、ROC、DOC 及 POC 含量均不同程度地升高。其中, NPKBS 处理 SOC、MBC、DOC 含量最高, 较 NPKNS 处理分别显著提高 12.44%、46.05%、9.76%; NPKS 处理 MBC 含量以及 NPKDS、NPKSS 处理 SOC、MBC、DOC 含量均显著高于 NPKNS 处理。NPKDS 处理 ROC、POC 含量最高, 较 NPKNS 处理分别显著提高 8.50%、12.11%, 而与 NPKBS 处理相比均无显著性差异; NPKS 处理 ROC 含量、NPKSS 处理 POC 含量以及 NPKBS 处理 ROC、POC 含量均显著高于 NPKNS 处理。

### 2.2 土壤全氮、微生物量氮含量变化

由图 2 可知, 各处理添加不同有机物对土壤全氮、微生物量氮含量有不同的影响。与 NPKNS 处理相比, 化肥减量添加不同有机物处理中的土壤全氮、微生物量氮含量均不同程度地升高。其中, NPKBS 处理土壤全氮含量最高, 较 NPKNS、NPKS 处理分别显著提高 8.99%、5.43%; NPKSS 处理土壤全氮含量较 NPKNS 处理显著提高 7.87%; NPKS、



柱上不同小写字母表示不同处理在 0.05 水平上差异显著。图 2、图 4 同

图1 添加不同外源有机物对土壤碳组分含量变化的影响

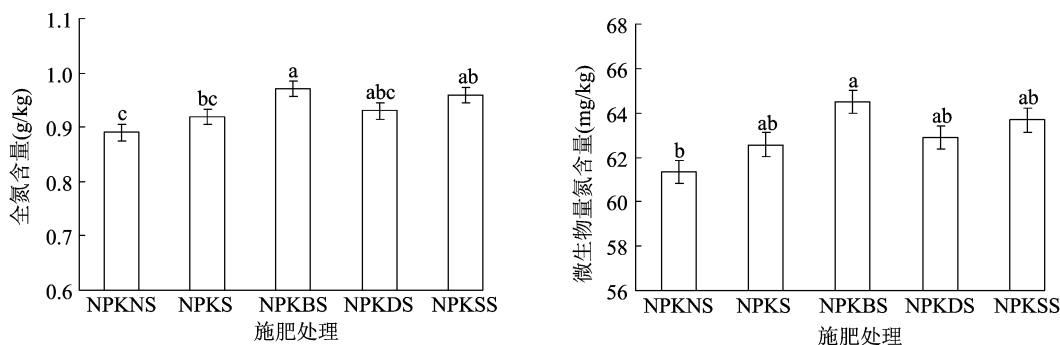


图2 添加不同外源有机物对土壤全氮、微生物量氮含量变化的影响

NPKDS 处理土壤全氮含量与 NPKNS 处理相比均无显著性差异。NPKBS 处理土壤微生物量氮含量最高,较 NPKNS 处理显著提高 5.10%,与 NPKS、

NPKDS、NPKSS 处理相比均无显著性差异。而 NPKNS 处理土壤微生物量氮含量与 NPKS、NPKDS、NPKSS 处理相比也均无显著性差异。

2.3 土壤微生物菌群变化

由表 1 可知,添加不同有机物对土壤微生物菌群结构有较大的影响。与 NPKNS 处理相比,化肥减量添加不同有机物能够提高土壤细菌、放线菌、总菌群磷脂脂肪酸(PLFA)含量以及细菌含量/真菌含量和革兰氏阳性菌与阴性菌比值,降低真菌 PLFA 含量。其中,NPKBS 处理土壤细菌、总菌群 PLFA 含量最高,较 NPKNS 处理分别显著提高 36.43%、12.78%,且显著高于 NPKSS 处理细菌 PLFA 含量以及 NPKS、NPKDS 处理细菌、总菌群 PLFA 含量。

表 1 添加不同外源有机物对土壤微生物菌群生物量变化的影响

处理	细菌含量 (nmol/g)	真菌含量 (nmol/g)	放线菌含量 (nmol/g)	总菌群含量 (nmol/g)	细菌含量/真菌含量	革兰氏阳性菌与 阴性菌比值
NPKNS	5.49 ± 0.29e	5.26 ± 0.62a	3.69 ± 0.41c	14.95 ± 0.59c	1.04 ± 0.05e	0.59 ± 0.04b
NPKS	5.84 ± 0.30d	4.63 ± 0.87b	4.34 ± 0.19b	15.42 ± 0.71c	1.26 ± 0.09d	0.62 ± 0.03b
NPKBS	7.49 ± 0.42a	3.68 ± 0.33d	4.68 ± 0.32a	16.86 ± 0.85a	2.04 ± 0.04a	0.68 ± 0.05a
NPKDS	6.16 ± 0.37c	4.17 ± 0.29c	4.26 ± 0.15b	15.56 ± 0.49bc	1.48 ± 0.03c	0.69 ± 0.03a
NPKSS	6.84 ± 0.51b	3.72 ± 0.39d	4.89 ± 0.34a	16.23 ± 0.70ab	1.84 ± 0.10b	0.66 ± 0.07a

注:同列数字后不同小写字母表示在 0.05 水平上差异显著。表 2 同。

2.4 板孔平均颜色变化率

由图 3 可知,与 NPKNS 处理相比,化肥减量添加不同有机物后土壤微生物对单一碳源的利用能力表现出不同的变化。土壤微生物在微平板中对单一碳源的平均颜色变化率(AWCD)随着培养时间的延长而逐渐升高。其中,培养 0~24 h 时,土壤微生物 AWCD 增长较缓,此时期为土壤微生物适应期;培养 24~144 h 时,土壤微生物 AWCD 增长较快,此时期为土壤微生物生长旺盛期;培养 144~168 h,土壤微生物 AWCD 达到最大值,并趋于平缓。从 AWCD 变化曲线可以看出,培养 24 h 后,化肥减量添加不同有机物处理的 AWCD 增长速率明显高于 NPKNS 处理,而 NPKBS 处理的 AWCD 明显高于其他处理。其中,选取培养 120 h 的 AWCD 进行比较发现,NPKBS 处理的 AWCD 最大,较其他处理提高 11.93%~56.76%,NPKNS 处理的 AWCD 最小。AWCD 总体表现为 NPKBS>NPKSS>NPKDS>NPKS>NPKNS。

2.5 碳源利用变化

由图 4 可知,化肥减量添加不同有机物后土壤微生物对不同碳源的利用率及利用能力产生了明显影响。其中,各处理土壤微生物对糖类、氨基酸类以及胺类化合物的利用率较高,分别占总碳源利

NPKSS 处理放线菌 PLFA 含量最高,较 NPKNS 处理显著提高 32.52%,但与 NPKBS 处理相比无显著性差异。NPKBS 处理真菌 PLFA 含量最低,与 NPKNS、NPKS、NPKDS 处理相比分别显著降低 30.04%、20.52%、11.75%,与 NPKSS 处理相比无显著性差异。NPKBS 处理细菌含量/真菌含量显著最高,较其他处理分别提高 10.87%~96.15%。NPKDS 处理革兰氏阳性菌与阴性菌比值最高,较 NPKNS、NPKS 处理分别显著提高 16.95%、11.29%,与 NPKBS、NPKSS 处理相比均无显著性差异。

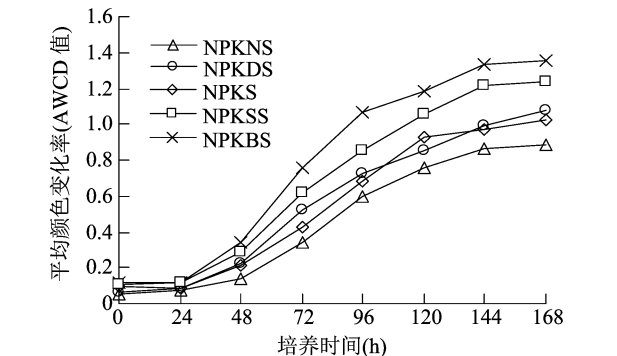


图3 添加不同外源有机物对土壤微生物平均颜色变化率(AWCD)的影响

用强度的 20.58%~24.70%、19.46%~22.89%、17.06%~20.48%。而从碳源利用能力角度分析可知,与 NPKNS 处理相比,化肥减量添加不同有机物能够提高土壤微生物对 6 类碳源的利用能力。其中,NPKBS 处理土壤微生物对糖类、氨基酸类、胺类化合物的利用能力最强,较其他处理分别显著提高 8.57%~39.20%、8.79%~30.26%、17.07%~41.18%。NPKDS 处理土壤微生物对羧酸类、酚类化合物的利用能力最强,较其他处理分别显著提高 5.80%~87.18%、11.36%~104.17%,NPKBS 处理土壤微生物对羧酸类、酚类化合物的利用能力次之,均显著高于除 NPKDS 处理外的其他处理。NPKSS 处理土壤微生物对聚合物类的碳源利用能

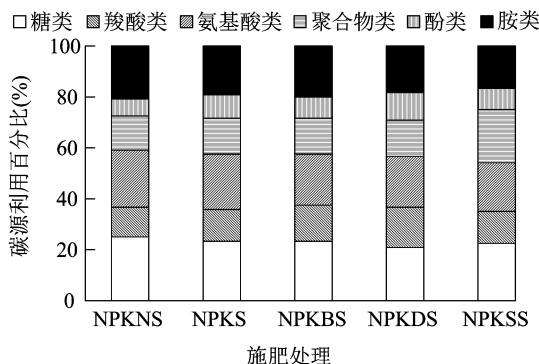
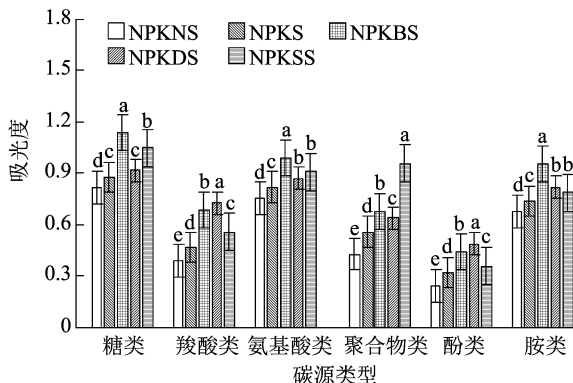


图4 添加不同有机物对土壤微生物碳源利用能力及利用百分比的影响



力最强,较其他处理显著提高 41.18% ~ 123.26%, NPKBS 处理次之,显著高于除 NPKSS 处理外的其他处理。

## 2.6 微生物功能多样性指数变化

由表 2 可知,添加不同有机物对土壤微生物功能多样性指数产生较大影响。与 NPKNS 处理相比,化肥减量添加不同有机物提高了土壤微生物群落的香浓指数、均匀度指数以及丰富度指数,降低了辛普森指数。其中,NPKBS 处理的香浓指数、均匀

度指数均最高,较其他处理分别显著提高 6.85% ~ 19.08%、10.74% ~ 42.24%。NPKSS 处理的丰富度指数最高,分别较 NPKNS、NPKDS 处理显著提高 7.06%、5.79%,与 NPKS、NPKBS 处理相比均无显著性差异。与 NPKNS 处理相比,化肥减量添加有机物处理辛普森指数显著降低 8.93% ~ 19.64%,其中,NPKS、NPKDS 处理的辛普森指数均显著低于 NPKBS、NPKSS 处理。

表 2 添加不同外源有机物对土壤微生物功能多样性指数的影响

处理	香浓指数	辛普森指数	均匀度指数	丰富度指数
NPKNS	2.62 ± 0.07d	1.12 ± 0.03a	1.16 ± 0.07d	28.33 ± 0.58b
NPKS	2.79 ± 0.04bc	0.92 ± 0.06c	1.39 ± 0.03c	29.00 ± 1.00ab
NPKBS	3.12 ± 0.09a	1.02 ± 0.02b	1.65 ± 0.09a	29.33 ± 1.15ab
NPKDS	2.75 ± 0.12c	0.90 ± 0.06c	1.47 ± 0.05b	28.67 ± 0.58b
NPKSS	2.92 ± 0.02b	0.99 ± 0.04b	1.49 ± 0.06b	30.33 ± 0.58a

## 2.7 土壤碳氮各指标间的相关性

化肥减量添加不同有机物条件下土壤有机碳组分含量与土壤全氮、微生物量氮含量的相关性如表 3 所示。其中,土壤有机碳含量与土壤可溶性有机碳含量呈极显著正相关 ( $P < 0.01$ ),与土壤微生物量碳含量、颗粒有机碳含量呈显著正相关 ( $P < 0.05$ );土壤微生物碳含量与可溶性有机碳含量、颗粒有机碳含量呈显著正相关 ( $P < 0.05$ );土壤可溶性有机碳含量与颗粒有机碳含量显著正相关 ( $P < 0.05$ );土壤全氮含量与土壤微生物量氮含量显著正相关 ( $P < 0.05$ );土壤微生物有机碳组分含量与土壤全氮含量、微生物量氮含量均呈正相关。由此表明,土壤有机碳组分含量的变化与土壤氮素含量有较紧密的联系,且外源有机碳的摄入有利于提高土壤含氮量。

## 2.8 土壤微生物群落与土壤碳氮的多元分析

为进一步分析土壤微生物菌群及代谢活性与土壤碳氮之间的关系,利用土壤微生物菌群生物量、碳源代谢能力与土壤碳氮进行冗余分析 (RDA),结果 (图 5) 显示,能够分别在累积变量 58.39%、56.45% 水平上解释土壤微生物菌群生物量、碳源代谢能力与土壤碳氮含量之间的关系。各处理点在空间分布上相对分散,说明外源不同有机物的添加对土壤微生物菌群及碳源利用能力的变化能够产生显著影响。从图 5 还可知,土壤细菌、总菌群 PLFA 含量以及土壤微生物对糖类、羧酸类、氨基酸类、酚类、胺类化合物的利用能力与土壤有机碳、颗粒有机碳、可溶性有机碳、微生物量碳以及全氮含量呈正相关,与土壤易氧化有机碳、微生物量氮含量呈负相关;土壤真菌含量与微生物量氮含

表 3 添加不同外源有机物条件下土壤碳氮之间的相关性

指标	相关系数						
	有机碳含量	微生物量碳含量	易氧化有机碳含量	可溶性有机碳含量	颗粒有机碳含量	全氮含量	微生物量氮含量
有机碳含量	1.00						
微生物量碳含量	0.85 *	1.00					
易氧化有机碳含量	0.36	0.33	1.00				
可溶性有机碳含量	0.92 **	0.86 *	0.49	1.00			
颗粒有机碳含量	0.88 *	0.82 *	0.68	0.77 *	1.00		
全氮含量	0.62	0.65	0.42	0.42	0.65	1.00	
微生物量氮含量	0.56	0.75	0.48	0.32	0.66	0.84 *	1.00

注：\*、\*\* 分别表示在 0.05、0.01 水平上显著相关。

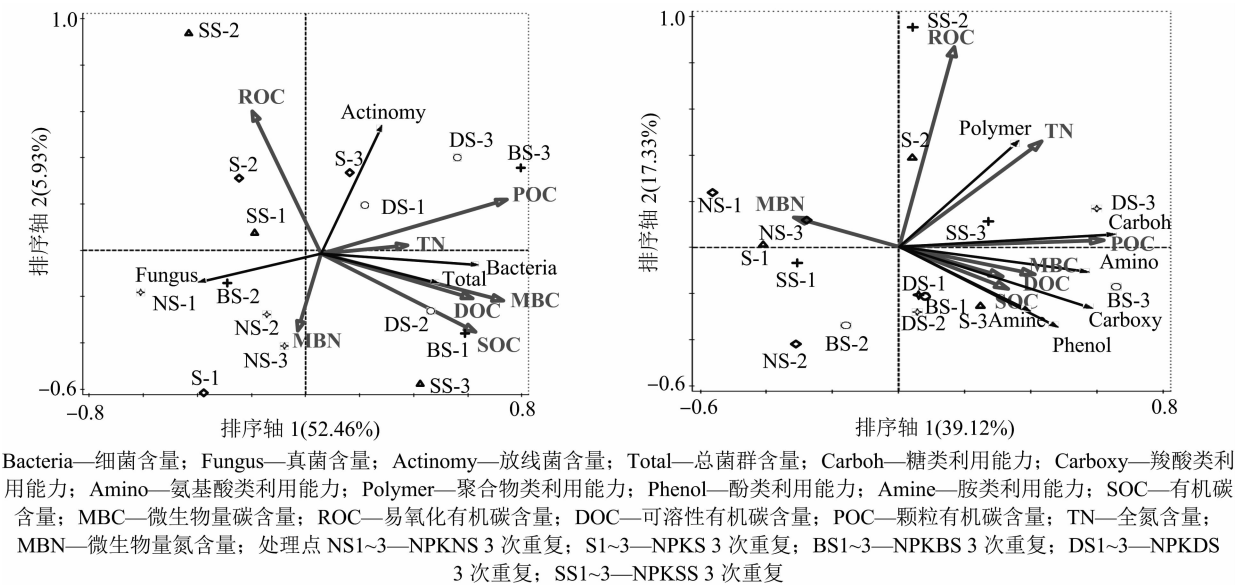


图5 添加不同外源有机物条件下土壤微生物菌群、碳源利用能力与土壤碳氮含量之间的 RDA 结果

量呈正相关,与其他碳氮指标呈负相关;土壤放线菌含量与易氧化有机碳、颗粒有机碳、全氮含量呈正相关,与其他碳氮指标呈负相关;土壤微生物对聚合物类化合物的利用能力与土壤有机碳、颗粒有机碳、可溶性有机碳、微生物量碳、土壤易氧化有机碳以及全氮含量呈正相关,与微生物量氮含量呈负相关。可见,外源碳氮的摄入对土壤微生物菌群生物量及碳源利用能力的变化有较大影响。总体上,基于土壤微生物菌群及碳源利用能力的排序轴与基于土壤碳氮的排序轴有良好的线性( $P=0.490$ ,  $P=0.586$ )关系。

3 讨论与结论

外源有机物料含有丰富的碳氮元素,还田腐解后释放大量养分,能够有效增加土壤碳氮含量,提

高土壤肥力<sup>[35]</sup>。本研究结果表明,与化肥单施处理相比,化肥减量添加不同有机物均能提高土壤有机碳氮组分含量。这与李春喜等的研究结果<sup>[26]</sup>一致。分析认为,一是秸秆或其他有机物料还田腐解后会释放养分,增加土壤碳氮输入量,使得土壤碳氮得到有效积累;二是由于有机物料还田后,能够改善土壤排水透气性,提高土壤微生物代谢活性,促使土壤中难溶性物质腐解,提高土壤碳氮转化效率。其中,NPKBS 处理土壤 SOC、MBC、DOC 含量以及土壤全氮、微生物量氮含量均高于其他添加有机物处理;NPKDS 处理 ROC、POC 含量最高,但与 NPKBS 处理相比均无显著性差异。分析认为,相比于其他处理,有可能是化肥减量与生物有机肥及秸秆配施时,能够调节土壤 C/N 至最佳,促使有机物料腐解更加彻底;也有可能是由于有机物热解条件的差

异,化肥减量与生物有机肥及秸秆处理携带的外来碳氮源,更容易被微生物吸收利用,进而提高微生物代谢活性,促使土壤有机碳由矿物结合态向可溶性有机碳转化,并且提高微生物量碳氮含量。可见,化肥减量添加不同有机物对土壤碳氮组分含量变化有不同的影响。

土壤微生物磷脂脂肪酸(PLFA)含量变化是指土壤微生物菌群变化的敏感指标<sup>[36-37]</sup>。平均颜色变化率(AWCD)能够表征土壤微生物代谢活性,是反映土壤微生物对单一碳源利用强度的重要指标,其 AWCD 越大,微生物活性越强<sup>[38]</sup>。有研究表明,外源有机物料还田对土壤微生物菌群结构及功能多样性产生的影响不尽相同<sup>[12,22]</sup>。本研究结果表明,与 NPKNS 处理相比,化肥减量添加不同有机物能够提高土壤细菌、放线菌、总菌群 PLFA 含量以及细菌含量/真菌含量和革兰氏阳性菌与阴性菌比值,降低真菌 PLFA 含量,提高了土壤微生物对 6 类碳源的利用能力以及微生物功能多样性。分析认为,外源有机物还田后能够提供丰富的碳源,促进某类土壤微生物繁殖活动,提高微生物代谢活性,进而改变土壤微生物菌群结构及代谢活性。而在化肥添加不同有机物处理对比中,AWCD 总体表现为 NPKBS > NPKSS > NPKDS > NPKS > NPKNS; NPKBS 处理土壤微生物对糖类、氨基酸类、胺类化合物的利用能力最强,较其他处理分别显著提高 8.57% ~ 39.20%、8.79% ~ 30.26%、17.07% ~ 41.18%; NPKDS 处理土壤微生物对羧酸类、酚类化合物的利用能力最强,较其他处理分别显著提高 5.80% ~ 87.18%、11.36% ~ 104.17%。由此可知, NPKBS 处理土壤微生物对单一碳源的利用能力最强,且对糖类、氨基酸类、胺类化合物的利用能力显著高于其他处理。分析认为,有可能是生物有机肥与秸秆含有的碳源种类更加丰富,为微生物代谢活动提供了充足的底物;也有可能是外源有机物的投入,激发了土壤微生物活性,提升了土壤微生物中以糖类、氨基酸类、胺类化合物为碳源的菌群比例,提高了土壤微生物多样性与均匀度指数。而添加羊粪能够提高土壤微生物中以羧酸类、酚类化合物为碳源的菌群比例及代谢活性。可见,不同有机物还田改变了土壤微生物菌群结构,提高了某类微生物代谢活性。

化肥减量添加不同有机物条件下土壤碳氮组分间的相关性以及微生物群落与土壤碳氮的冗余

分析(RDA)结果表明,土壤微生物菌群结构及代谢活性变化与土壤碳氮组分累积与转化密切相关,其中,易氧化有机碳(16.2%)、微生物量氮(30.0%)含量是影响土壤微生物菌群结构及代谢活性的主要因子。这可能是因为外源有机碳氮的摄入,提高了土壤中以某类碳氮源为主微生物的代谢活性,改变了微生物菌群结构,进而影响土壤碳氮组分的转化与累积。可见,土壤环境因子能够通过改变土壤生物生存环境而改变微生物菌群结构及代谢活性<sup>[39]</sup>。

与单施化肥相比,化肥减量添加不同有机物均能提高土壤有机碳氮组分含量,改变土壤微生物菌群结构,提高了土壤微生物功能多样性。在化肥减量添加不同有机物处理对比中可知,化肥减量添加生物有机肥与秸秆还田能够提高土壤 SOC、MBC、DOC 含量以及土壤全氮、微生物量氮含量;提高土壤微生物对糖类、氨基酸类、胺类化合物的利用能力以及微生物香浓指数、均匀度指数;化肥减量添加羊粪与秸秆还田处理能够提高土壤微生物对羧酸类、酚类化合物的利用能力。AWCD 总体表现为 NPKBS > NPKSS > NPKDS > NPKS > NPKNS。相关性分析结果表明,土壤微生物菌群结构及代谢活性的改变受多种碳氮因子共同制约。

#### 参考文献:

- [1]季波,李娜,马璠,等.宁南典型退耕模式对土壤有机碳固存的影响[J].浙江农业学报,2017,29(3):483-488.
- [2]刘晓东,尹国丽,武均,等.氮素补充对高寒草甸土壤团聚体有机碳、全氮分布的影响[J].农业工程学报,2015,31(14):139-147.
- [3]张维理,Kolbe H,张认连.土壤有机碳作用及转化机制研究进展[J].中国农业科学,2020,53(2):317-331.
- [4]孙雪,张玉铭,张丽娟,等.长期添加外源有机物料对华北农田土壤团聚体有机碳组分的影响[J].中国生态农业学报,2021,29(8):1384-1396.
- [5]罗慧,刘水,李伏生.不同灌水施肥策略对土壤微生物量碳氮和酶活性的影响[J].生态学报,2014,34(18):5266-5274.
- [6]祁剑英,王兴,濮超,等.保护性耕作对土壤氮组分影响研究进展[J].农业工程学报,2018,34(增刊1):222-229.
- [7]王淑英,樊廷录,丁宁平,等.长期施肥下黄土旱塬黑垆土供氮能力的变化[J].植物营养与肥料学报,2015,21(6):1487-1495.
- [8]路怡青,朱安宇,张佳宝,等.免耕和秸秆还田对潮土酶活性及微生物量碳氮的影响[J].土壤,2013,45(5):894-898.
- [9]贺佩,李悦,江明兢,等.连续氮添加 14 年对温带典型草原土壤碳氮组分及物理结构的影响[J].生态学报,2021,41(5):1808-1823.
- [10]孔德杰,朱金霞,任成杰,等.麦豆长期轮作下秸秆还田对土壤



- 碳氮组分及作物产量的影响[J]. 干旱地区农业研究,2022,40(5):190–200.
- [11] 费裕琳,刘 丽,陈 钢,等. 不同有机肥处理对紫色土油茶林土壤微生物碳源利用的影响[J]. 中国土壤与肥料,2020(5):101–108.
- [12] 唐海明,肖小平,李微艳,等. 长期施肥对双季稻田根际土壤微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态环境学报,2016,25(3):402–408.
- [13] 王宇峰,孟会生,李廷亮,等. 培肥措施对复垦土壤微生物碳氮代谢功能多样性的影响[J]. 农业工程学报,2020,36(24):81–90.
- [14] 李 猛,张恩平,张淑红,等. 长期不同施肥设施菜地土壤酶活性与微生物碳源利用特征比较[J]. 植物营养与肥料学报,2017,23(1):44–53.
- [15] 覃潇敏,郑 毅,汤 利,等. 玉米与马铃薯间作对根际微生物群落结构和多样性的影响[J]. 作物学报,2015,41(6):919–928.
- [16] 李 敏,刘亚军,王文静,等. 不同施肥模式对小麦—甘薯轮作田土壤性质及甘薯生长发育的影响[J]. 江苏农业科学,2022,50(13):250–256.
- [17] 夏家平,杜祥备,韩 杨,等. 不同种植密度和生育期对鲜食型甘薯皖薯5号产量及干物质积累的影响[J]. 南方农业学报,2018,49(11):2186–2192.
- [18] 张伟彬. 有机肥和化肥配施对小麦甘薯轮作土壤腐殖质结合形态及微生物群落结构的影响[J]. 江苏农业科学,2022,50(17):247–252.
- [19] 刘 明,张爱君,陈晓光,等. 秸秆还田配施化肥对土壤肥力及鲜食甘薯产量和品质的影响[J]. 应用生态学报,2020,31(10):3445–3452.
- [20] 魏光钰,陈 芳,胡 勇,等. 不同有机物料强还原处理对植烟土壤微生物群落的影响[J]. 土壤通报,2022,53(5):1056–1066.
- [21] 王学霞,张 磊,梁丽娜,等. 秸秆还田对麦玉系统土壤有机碳稳定性的影响[J]. 农业环境科学学报,2020,39(8):1774–1782.
- [22] 吕倩倩,杨 森,丛 聪,等. 耕作和有机物料还田对黑土区坡耕地田间杂草群落和生物量的影响[J]. 江苏农业科学,2021,49(24):121–127.
- [23] 张 蓑,王欢欢,赵园园,等. 不同碳源有机物料对植烟土壤碳氮及细菌群落的影响[J]. 河南农业科学,2022,51(3):84–94.
- [24] 白美霞,司徒高铭,李松昊,等. 生物质炭配施有机物料对贫瘠红壤酶活性和微生物碳源代谢功能的影响[J]. 应用生态学
- 报,2022,33(5):1283–1290.
- [25] 屈皖华,李志刚,李 健. 单施和配施有机物料对沙化土壤微生物群落功能多样性的短期影响[J]. 中国土壤与肥料,2017(4):78–85.
- [26] 李春喜,张令令,马守臣,等. 有机物料还田对麦田土壤碳氮含量、小麦产量及经济效益的影响[J]. 作物杂志,2017(2):145–150.
- [27] 陈安强,付 斌,鲁 耀,等. 有机物料输入稻田提高土壤微生物碳氮及可溶性有机碳氮[J]. 农业工程学报,2015,31(21):160–167.
- [28] 谷 月,吴景贵. 有机物料还田土壤碳、氮及微生物量动态影响研究[J]. 中国农业科技导报,2022,24(4):126–133.
- [29] 周 璇,李玉明,丛 聪,等. 外源腐解微生物的物种组合对土壤微生物群落结构及代谢活性的影响[J]. 中国生态农业学报,2018,26(7):1056–1066.
- [30] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2000:25–84.
- [31] 郭万里,武 均,蔡立群,等. 不同氮素水平下生物质炭、秸秆添加对陇中黄土高原旱作农田土壤活性有机碳的影响[J]. 水土保持学报,2020,34(1):283–291.
- [32] 王文锋,李春花,黄绍文,等. 不同施肥模式对设施菜田土壤微生物量碳、氮的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2016,22(5):1286–1297.
- [33] 魏常慧,刘亚军,冶秀香,等. 马铃薯/玉米间作栽培对土壤和作物的影响[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版),2017,43(1):54–64.
- [34] 董 艳,杨智仙,董 坤,等. 施氮水平对蚕豆枯萎病和根际微生物代谢功能多样性的影响[J]. 应用生态学报,2013,24(4):1101–1108.
- [35] 周 元,陈远学,蒋 帆,等. 玉米地土壤微生物量碳、氮及微生物熵对不同物料还田的响应[J]. 水土保持学报,2020,34(2):173–180.
- [36] 姚泽秀,李永春,李永夫,等. 植茶年限对土壤微生物群落结构及多样性的影响[J]. 应用生态学报,2020,31(8):2749–2758.
- [37] 张伟彬. 秸秆还田配施生物菌肥对土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学,2022,50(1):201–206.
- [38] 韦锦坚,覃潇敏,农玉琴,等. 茶与大豆间作对土壤微生物群落代谢功能多样性的影响[J]. 华北农学报,2021,36(增刊1):289–296.
- [39] 林仕芳,王小利,段建军,等. 有机肥替代化肥对旱地黄壤有机碳矿化及活性有机碳的影响[J]. 环境科学,2022,43(4):2219–2225.