

腐秆菌和C/N对水稻秸秆田间堆腐效果的影响

尹众, 王鑫, 鲁梦醒, 卫正宇, 王时聪, 马超

引用本文:

尹众, 王鑫, 鲁梦醒, 卫正宇, 王时聪, 马超. 腐秆菌和C/N对水稻秸秆田间堆腐效果的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(8): 1831-1840.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-1089>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

玉米秸秆添加畜禽粪便田间条带堆腐对黑土活性有机碳的影响

李虎, 吴景贵, 李建明

农业环境科学学报. 2021, 40(9): 1944-1953 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0023>

降解水稻秸秆细菌-真菌复合菌系的构建与评价

梅新兰, 郑海平, 李水仙, 杨天杰, 江高飞, 韦中, 徐阳春, 沈其荣

农业环境科学学报. 2021, 40(10): 2217-2225 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0051>

玉米秸秆低温降解复合菌的筛选及其菌种组成

张鑫, 青格尔, 高聚林, 于晓芳, 胡树平, 张必周, 韩升才, 冯彪

农业环境科学学报. 2021, 40(7): 1565-1574 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0057>

水稻秸秆预处理对猪粪高温堆肥过程的影响

王砚, 李念念, 朱端卫, 周文兵, 陈焰鑫, 伍玉鹏

农业环境科学学报. 2018, 37(9): 2021-2028 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1719>

不同腐解阶段羊粪与海藻有机肥对Pb(II)的吸附

韩佳益, 王雨阳, 赵庆杰, 吴蔚东, 李建宏, 范秋云, 吴治澎

农业环境科学学报. 2021, 40(9): 1904-1914 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0080>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

尹众, 王鑫, 鲁梦醒, 等. 腐杆菌和C/N对水稻秸秆田间堆腐效果的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(8): 1831–1840.

YIN Z, WANG X, LU M X, et al. Effects of straw-decomposing microorganism inoculum and C/N ratio on field rice straw composting [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(8): 1831–1840.

腐杆菌和C/N对水稻秸秆田间堆腐效果的影响

尹众, 王鑫, 鲁梦醒, 卫正宇, 王时聪, 马超*

(农田生态保育与污染防控安徽省重点实验室, 安徽农业大学资源与环境学院, 合肥 230036)

摘要:为明确腐杆菌和C/N对秸秆田间堆腐效果的影响,以水稻秸秆为研究对象,设置2×3(以不接菌处理作为对照CK处理,2种腐杆菌:解淀粉芽孢杆菌 *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9、纤维化纤维微细菌 *Cellulosimicrobium cellulans* MC29, 3个C/N:15:1、25:1、35:1)交互试验,研究了腐杆菌和C/N在堆腐第7天和第120天时对水稻秸秆的腐解率、化学组成、酶活性和细菌群落多样性的影响。结果表明:堆腐第7天,C/N对秸秆的腐解度有显著影响($P<0.05$),在SQR9处理和MC29处理下均以C/N 25:1最高。堆腐第120天,不同腐杆菌和C/N对腐解率有显著影响($P<0.05$),MC29处理下C/N 25:1能显著提升秸秆腐解率($P<0.05$);不同腐杆菌和C/N对纤维素酶活性均有显著影响($P<0.05$),不同腐杆菌对木质素过氧化物酶活性有显著影响($P<0.05$);C/N会显著影响细菌群落丰富度和多样性($P<0.05$),总体呈现出随C/N升高而上升的趋势。研究表明,腐杆菌和C/N可以影响水稻秸秆的田间堆腐效果,相比SQR9,MC29的腐解效果较好且对应的最佳C/N为25:1,腐杆菌对水稻秸秆纤维素酶和木质素过氧化物酶活性均有显著影响,而C/N对水稻秸秆纤维素酶活性和细菌群落多样性有显著影响。

关键词:腐杆菌;C/N;田间堆腐;腐解率;化学组成;酶活性;细菌群落多样性

中图分类号:S141.4 **文献标志码:**A **文章编号:**1672-2043(2023)08-1831-10 doi:10.11654/jaes.2022-1089

Effects of straw-decomposing microorganism inoculum and C/N ratio on field rice straw composting

YIN Zhong, WANG Xin, LU Mengxing, WEI Zhengyu, WANG Shicong, MA Chao*

(Anhui Province Key Laboratory of Farmland Ecological Conservation and Pollution Prevention, School of Resources and Environment, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China)

Abstract: A two-factor, three-level factorial design was used in this study to assess the effects of straw-decomposing microorganism inoculum and C/N ratio on the composting characteristics of straw in the field. The experimental design included two types of straw-decomposing microorganism inocula (i.e., *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9 and *Cellulosimicrobium cellulans* MC29) and three levels of C/N ratio (i.e., 15:1, 25:1, and 35:1). Rice straw was used as raw materials to investigate their effects on decomposition rate, chemical composition, enzymatic activity, and bacterial community diversity after 7 and 120 days of composting, respectively. The results were described as follows: Following 7 days of composting, varying C/N ratios significantly affected the degree of decomposition of straw residues ($P<0.05$); meanwhile, a C/N ratio of 25:1 resulted in the highest degree of decomposition, independent of the type of microorganism inocula. After 120 days of composting, different straw-decomposing microorganism inocula and C/N ratios significantly affected the decomposition rate ($P<0.05$). The optimal C/N ratio for MC29 was ascertained to be 25:1, at which point the decomposition rate of straw rose considerably ($P<0.05$). Additionally, after 120 days of composting, different straw-decomposing microorganism inoculum and C/N

收稿日期:2022-10-31 录用日期:2023-03-08

作者简介:尹众(1997—),男,重庆潼南人,硕士研究生,从事土壤生态与健康研究。E-mail:823131178@qq.com

*通信作者:马超 E-mail:chaoma@ahau.edu.cn

基金项目:国家自然科学基金项目(32071628);安徽省高校自然科学基金项目(KJ2021ZD0009)

Project supported: The National Natural Science Foundation of China(32071628); The University Natural Science Fund of Anhui Province(KJ2021ZD0009)

ratios induced significant effects on cellulase activity, with the former having pronounced effects on lignin peroxidase activity. Furthermore, the C/N ratio had remarkable effects on the abundance and diversity of the bacterial community after 120 days of composting, which generally showed an upward trend with the increase in the C/N ratio. In conclusion, straw-decomposing microorganism inoculum and C/N ratio can influence the composting characteristics of rice straw in the field. MC29 had more substantial effects than SQR9, and its optimal C/N ratio was 25:1. The straw-decomposing microorganism inoculum significantly affected cellulase and lignin peroxidase activities, and the C/N ratio had a significant effect on the cellulase activity and bacterial community diversity. This study would contribute to the development of straw composting technology and the utilization of the straw return effect.

Keywords: straw-decomposing microorganism inoculum; C/N ratio; straw-composting in the field; decomposition rate; chemical composition; enzyme activity; bacterial community diversity

中国拥有大量的各种农作物秸秆,据统计2020年农作物秸秆资源产量可达8.5亿t^[1]。大量的秸秆资源如果得不到合理利用,则既会造成资源浪费,也会给生态环境带来巨大压力^[2]。秸秆堆腐可以快速实现农业废弃物的无害化和肥料化,实现农业有机废弃物的高效利用^[3]。然而,由于运输成本逐渐增加,传统的秸秆有机肥工厂化生产模式已不能满足当前秸秆处理的需求。近些年,秸秆田间堆腐越来越受到学者们的关注^[4],而添加外源腐秆菌是加快秸秆腐解、提高堆腐效果的方法之一,但田间条件下堆肥的温度、水分等因素难以控制,造成腐秆菌腐解效率低下。因此,亟需创新秸秆田间堆腐技术,提升田间条件下秸秆堆肥的效率。

秸秆堆腐是在微生物的作用下,降解和转化有机物质的生物化学过程,微生物活动在堆腐过程中起到最主要的作用^[5]。然而在自然状态下,秸秆的降解周期长,不利于降解微生物生长^[6]。腐秆菌常用于加速有机废物堆肥的腐熟^[7],但作为一种新型微生物产品,其功能效应并不稳定。朱金霞等^[8]研究发现接种腐秆菌有利于秸秆堆腐,但不同腐秆菌的作用效果有所差别;张秧等^[9]研究发现不同腐秆菌对物料中有机物降解效果的差异性与菌剂中微生物的组成配比密不可分。因此,明确不同腐秆菌对秸秆堆腐的影响具有重要意义。

秸秆堆腐配施氮肥可以调解堆体C/N,提高秸秆腐解速率。前人研究表明,常规情况下秸秆初始C/N为25:1,最适用于秸秆或其他农业固体废弃物的微生物发酵和分解^[10-11]。但腐秆菌施入会改变土著微生物群落结构和功能,进而令其氮素需求发生变化^[12-13],因此最佳初始C/N可能会发生改变。此外,前人研究秸秆堆腐多在室内或厂房集中进行,田间堆腐是否适用最佳C/N 25:1尚不明确。因此,探明秸秆田间堆腐配施不同腐秆菌是否存在对应的最佳初始C/N十分重要。

前人研究多关注不同腐秆菌种类和不同C/N对秸秆腐解的影响,例如:Yusef等^[14]研究发现秸秆还田条件下腐秆菌配施氮肥时秸秆初始C/N为18:1最有利于秸秆腐解;朱远芃等^[15]研究发现氮肥和腐秆菌组合可以协同促进秸秆堆腐。但有关不同C/N下腐秆菌对秸秆堆腐的影响还缺乏深入研究,有必要探明不同腐秆菌和C/N组合对秸秆堆腐的作用效果。

本研究采用2因子3水平交互实验设计,共计9个处理,分析秸秆堆腐过程中秸秆质量、化学组成、酶活性和细菌群落多样性的变化规律,旨在明确不同腐秆菌和C/N组合对水稻秸秆田间堆腐效果的影响,从而为秸秆田间堆腐技术的发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于安徽省合肥市肥西县(31°30'N,117°16'E),处于北纬亚热带与暖温带过渡地区,气候温暖湿润,有明显的过渡性,年平均气温14.8~15.9℃,年均降水量982.6 mm,夏季降水量占全年降水量的42%,年日照时数2 035 h,无霜期在227 d以上。

1.2 试验材料

供试秸秆为在自然环境下降解1~2周,已形成自身降解菌群的水稻秸秆,秸秆全碳374.981 g·kg⁻¹、全氮12.93 g·kg⁻¹、全磷0.80 g·kg⁻¹、全钾8.93 g·kg⁻¹。

供试腐秆菌和氮肥:根据前期室内实验腐解效果,腐秆菌选用解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*)SQR9和纤维化纤维微细菌(*Cellulosimicrobium cellulans*)MC29,SQR9是一株分离自黄瓜根际的植物根际促生菌株,MC29是一株从砂姜黑土中筛选得到的具有秸秆腐解能力的菌株,MC29腐秆菌由本实验室提供,SQR9腐秆菌由江苏省固体有机废弃物资源化高新技术研究重点实验室提供;氮肥选用尿素(N 46%)。

1.3 试验设计

试验采用2(不接菌对照:CK,腐杆菌:SQR9、MC29)×3(C/N:15:1、25:1、35:1)交互设计,试验过程中进行6次采样,每次2个重复。

首先,堆制直径1 m,高1 m,重约54.6 kg的秸秆条垛9个。在各条垛中部分别放入预先准备的装有10 g长1 cm秸秆的200目尼龙袋12个;然后根据秸秆C、N含量,以及目标C/N,分别添加尿素配成的溶液;尿素添加完成后,开始进行不同腐杆菌的接种处理,SQR9和MC29接种前先进行预培养,将培养至指数生长期的菌株用无菌水离心重悬3次后分别稀释成 1.12×10^9 CFU·mL⁻¹和 2.07×10^9 CFU·mL⁻¹的菌液,分别移取一定量菌液至秸秆堆体中,使每堆秸秆含有的菌体数约为 1×10^7 CFU·kg⁻¹;最后,对堆体进行水分调控和覆膜,在常规管理情况下堆腐120 d。

1.4 样品采集与指标测定

1.4.1 样品采集

布置试验完成后将剩余秸秆收集起来作为第0天的样品,样品待干燥后过100目筛用于分析初始理化性质。在第3、7、15、30、60、120天采样,根据秸秆腐解率变化结果优选出第7天和第120天的样品进行化学组成、酶活性和细菌群落多样性等测定。秸秆干样于电热鼓风干燥箱中烘干,一部分用于秸秆降解率的分析,另一部分粉碎过100目筛,用于红外光谱的测定;秸秆鲜样储存于0℃的冰箱,用于酶活性测定;秸秆冻样储存于-80℃的冰箱,用于分析细菌群落组成。

1.4.2 秸秆腐解率

每次取样时随机从堆体中选取2个网袋,用水冲洗网袋粘附的泥浆,在75℃下烘干,称质量,按照以下公式计算秸秆腐解率。

$$R_{sr} = (M_0 - M_t) / M_0 \times 100\%$$

式中: R_{sr} 为秸秆腐解率,%; M_0 为原始秸秆干质量,g; M_t 为腐解 t 天后的秸秆干质量,g。

1.4.3 样品养分含量测定与化学组成分析

参照《土壤农化分析》的相关方法^[16],测定样品养分含量。秸秆样品在75℃烘干后研磨过100目筛,秸秆碳含量采用重铬酸钾-外加热法测定;采用H₂SO₄-H₂O₂消煮法制备待测液,采用凯氏定氮法测定全氮含量,采用钼锑抗比色法测定全磷含量,采用NH₄OAc-火焰光度法测定土壤速效钾含量。

采用傅里叶变换红外光谱法进行化学组成分析^[17]。红外光谱采用KBr压片后Nicolet 8700傅里叶变换红外光谱仪(Fourier Transform Infrared Spectrom-

eter,FTIR,美国热电公司)进行分析,波谱范围4 000~400 cm⁻¹,分辨率4 cm⁻¹,透射模式扫描32次。压片前分别取出事先烘干的KBr 300 mg和秸秆样品3 mg,并在玛瑙研钵中充分磨细,然后放入100℃的烘箱内,烘干5 min左右,取出后继续研磨约30 s进行装模压片。

红外光谱的吸收峰强度之比可以间接明确各类官能团的数量之比,秸秆的2 920 cm⁻¹与1 640 cm⁻¹和1 050 cm⁻¹与1 640 cm⁻¹处的峰强度比值可以间接明确各类含碳官能团在样品中的数量比例,反映秸秆腐解程度^[18]。2 920 cm⁻¹处的吸收峰为C—H的伸缩振动,脂肪族和脂环族;1 640 cm⁻¹处的吸收峰为酰胺化合物及木质素中与芳香环相连的C=O伸缩振动;1 460 cm⁻¹处的吸收峰为木质素、脂肪族化合物的C—N伸缩振动;1 050 cm⁻¹处的吸收峰为纤维素和半纤维素的C—O伸缩振动及Si—O的伸缩振动。

1.4.4 秸秆细菌群落变化

参考Zhang等^[19]的提取方法,根据E.Z.N.A.® Soil DNA Kit(Omega Bio-tek,Norcross,GA,美国)试剂盒说明书,提取秸秆样本中的微生物组总DNA。DNA纯度和浓度检测采用NanoDrop2000,DNA完整性检测:1%琼脂糖凝胶,1×TAE缓冲液,100 V,电泳20 min。

细菌群落结构研究采用16S rRNA V5~V6区引物799F(上游引物)5'-AACMGGATTAGATACCCCKG-3'和1115R(下游引物)5'-AGGGTTGCGCTCGTTG-3'进行PCR扩增,每个样本的扩增引物含有8个碱基标签序列用以区分样本。准备20 μL的PCR反应体系:4 μL的5×FastPfu Buffer,2 μL的2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs,上下游引物各0.8 μL(5 μmol·L⁻¹),0.4 μL的FastPfu Polymerase,以及10 ng模板DNA。PCR扩增实验程序如下:94℃下进行4 min;94℃下进行30 s,55℃下进行30 s,72℃下进行1 min,上述三步骤进行25个循环;最后72℃保持10 min。

扩增产物经2%琼脂糖凝胶电泳后采用AxyPrep DNA Gel Extraction Kit(Axygen Biosciences, Union City,CA,美国)试剂盒,参照说明书操作流程进行纯化。将PCR产物用Quantus™ Fluorometer进行检测定量。按照每个样本的测序量要求,进行相应比例的混合。使用NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit建库。利用Illumina公司的NovaSeq PE250平台测序(上海凌恩生物科技有限公司)。

1.4.5 秸秆酶活性

纤维素酶活性采用蒽酮比色法^[20],测定纤维素酶

催化羧甲基纤维素钠降解产生的还原糖的含量。

木质素过氧化物酶活性采用以天青B为底物的测定方法^[21],木质素过氧化物酶催化天青脱甲基,通过测定在651 nm处吸光度变化计量木质素过氧化物酶活性。

1.5 数据分析

试验数据采用Excel进行整理,秸秆腐解率、秸秆腐解度和秸秆酶活性采用单因素方差分析(One-Way ANOVA)并用Duncan's test检验其差异显著性水平($P<0.05$),腐杆菌和C/N及其交互作用采用双因素方差分析(Two-Way ANOVA),数据分析由SPSS 26.0完成,图形由Origin 2018绘制。基于Mothur v.1.30.1软件进行稀释曲线分析,以揭示多样性指数,包括Chao1和Shannon多样性指数。基于UniFrac计算 β 多样性距离矩阵,优势菌群相对丰度图和NMDS(Non-metric multidimensional scaling)分析图均由R语言(version 4.1.2)vegan软件包实现。

2 结果与分析

2.1 不同处理下秸秆的腐解率变化

如图1所示,腐解到第7天时,不同腐杆菌和C/N对秸秆腐解率无显著影响($P>0.05$);腐解到第120天时,不同腐杆菌和C/N对秸秆腐解率均有显著影响($P<0.05$),但二者的交互作用不显著,MC29的促腐效果总体强于SQR9,与CK处理相比,MC29腐杆菌处理下C/N 25:1能显著提升秸秆腐解率($P<0.05$),腐解率

达到35.93%。

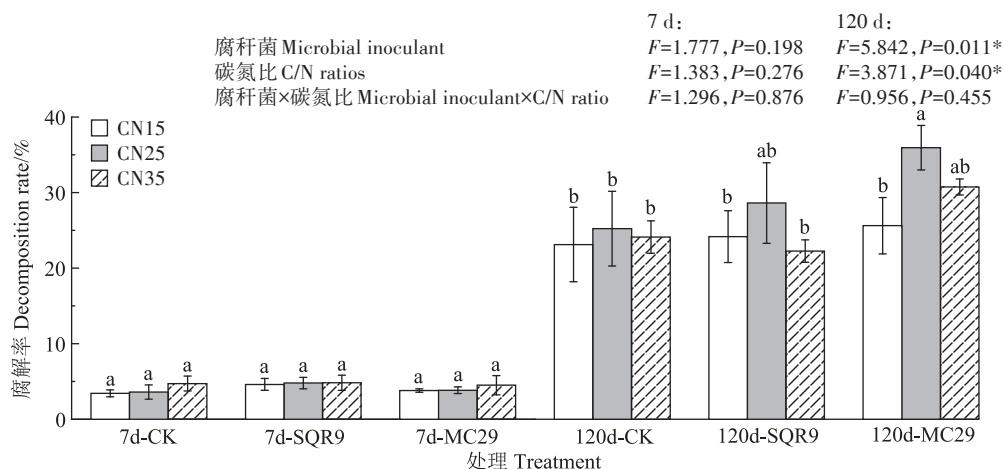
2.2 不同处理下秸秆残余物的腐解度变化

如表1所示,腐解到第7天时,腐杆菌对2 920 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 和1 050 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 峰强度比值的影响不显著($P>0.05$),C/N对2 920 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 和1 050 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 峰强度比值有显著影响($P<0.05$),二者的交互作用不显著($P>0.05$)。2 920 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 峰强度比值在不同腐杆菌处理下均以C/N 25:1最高,1 050 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 峰强度比值在CK处理下以C/N 35:1最高,在SQR9处理和MC29处理下均以C/N 25:1最高。腐解到第120天时,2 920 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 和1 050 cm^{-1} /1 640 cm^{-1} 峰强度比值在不同处理下均无显著差异($P>0.05$)。

2.3 不同处理下秸秆的酶活性变化

如图2所示,腐解至第7天时,不同腐杆菌对纤维素酶活性有显著影响($P<0.05$),C/N对纤维素酶活性的影响不显著($P>0.05$),二者的交互作用影响也不显著($P>0.05$)。SQR9处理下的纤维素酶活性总体高于CK和MC29。腐解至第120天时,不同腐杆菌和C/N对纤维素酶活性均有显著影响($P<0.05$),但二者的交互作用影响不显著($P>0.05$),CK和MC29处理下的纤维素酶活性高于SQR9处理,C/N 25:1处理下的纤维素酶活性高于C/N 15:1处理,C/N 35:1处理下的纤维素酶活性与其余两种C/N处理相比无显著差异($P>0.05$)。

腐解至第7天时,不同腐杆菌和C/N对木质素过



CK代表不接种对照,SQR9代表接种SQR9菌株,MC29代表接种MC29菌株;7 d代表接种7 d,120 d代表接种120 d;CN15代表初始C/N为15:1,CN25代表初始C/N为25:1,CN35代表初始C/N为35:1。不同小写字母代表处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

CK represents no inoculum control, SQR9 represents straw-decomposing microorganism inoculum SQR9, MC29 represents straw-decomposing microorganism inoculum MC29; 7 d and 120 d represent 7 days and 120 days of composting, respectively; CN15, CN25, and CN35 represent the initial C/N of 15:1, 25:1, 35:1, respectively. The different lowercase letters indicate significant differences among treatments ($P<0.05$). The same below.

图1 不同处理下秸秆的腐解率变化

Figure 1 Changes of straw decomposition rate under different treatments

表1 不同处理下秸秆残余物的腐解度变化
Table 1 Changes of straw decomposition degree under different treatments

时间 Time/d	处理 Treatment	C/N	腐解度 Decomposition degree	
			2 920 cm ⁻¹ /1 640 cm ⁻¹	1 050 cm ⁻¹ /1 640 cm ⁻¹
7	CK	15	0.27±0.01b	4.96±2.22c
		25	0.63±0.04a	10.93±2.21ab
		35	0.48±0.07ab	14.25±1.14a
	SQR9	15	0.41±0.16ab	7.12±1.15bc
		25	0.57±0.07a	13.77±1.04a
		35	0.27±0.13b	9.70±0.44abc
	MC29	15	0.48±0.08ab	9.98±4.49abc
		25	0.61±0.09a	13.20±2.45a
		35	0.41±0.15ab	12.45±3.04ab
120	CK	15	0.28±0.01a	7.33±1.29a
		25	0.25±0.08a	6.33±0.26a
		35	0.27±0.11a	7.45±1.61a
	SQR9	15	0.39±0.14a	6.35±0.62a
		25	0.23±0.01a	9.85±3.22a
		35	0.25±0.02a	10.17±4.33a
	MC29	15	0.27±0.01a	8.73±2.34a
		25	0.24±0.01a	6.74±1.25a
		35	0.23±0.01a	6.80±0.07a

注:不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。
Note: The different lowercase letters indicate significant differences among treatments($P<0.05$). The same below.

氧化物酶活性无显著影响($P>0.05$),二者的交互作用影响也不显著($P>0.05$)。腐解至第120天时,不同腐杆菌对木质素过氧化物酶活性有显著影响($P<0.05$),C/N对纤维素酶活性的影响不显著($P>0.05$),二者的交互作用影响也不显著($P>0.05$),MC29处理下的木质素过氧化物酶活性高于CK处理,SQR9处理下的木质素过氧化物酶活性与其余两种腐杆菌处理相比无显著差异($P>0.05$)。

2.4 不同处理下秸秆的细菌群落变化

如表2所示,腐解至第7天时,腐杆菌和C/N对Chao1指数和Shannon数值均无显著影响($P>0.05$),二者的交互作用影响也不显著($P>0.05$)。腐解至第120天时,C/N对Chao1指数和Shannon指数有显著影响($P<0.05$),腐杆菌对Chao1指数和Shannon指数的影响不显著($P>0.05$),二者的交互作用影响也不显著($P>0.05$),在CK处理下,Chao1指数和Shannon指数差异不显著,在SQR9和MC29处理下,C/N对Chao1指数和Shannon指数有显著影响,Chao1指数和Shannon指数总体呈现出随C/N升高而上升的趋势,氮素添加量过高会降低细菌群落丰富度和多样性。

如图3所示,腐解至第7天时,门水平上,不同处理下Proteobacteria(变形菌门)相对丰度均为最高,为优势细菌类群,其次是Bacteroides(拟杆菌门)和Actinobacteria(放线菌门);纲水平上,不同处理下Gammaproteobacteria(γ -变形菌纲)相对丰度均为最高,为优势细菌类群,其次是Actinobacteria(放线菌纲)、Alphaproteobacteria(α -变形菌纲)和Clostridia(梭菌纲)。但随着腐解时间的延长,腐解到第120天时,门水平上,Proteobacteria的相对丰度减小,Bacteroidota和Firmicutes(厚壁菌门)相对丰度升高,Proteobacteria、Bacteroides、Actinobacteria和Firmicutes 4个菌门相对丰度较高,Patescibacteria、Myxococcota、Bdellovibrionota、Gemmatimonadota和Acidobacteriota等细菌菌门在各样品中相对丰度都较低;纲水平上,Gammaproteobacteria相对丰度减小,Bacteroidia(拟杆菌纲)和Bacilli(芽孢杆菌纲)等菌纲相对丰度升高。

如图4所示,腐解至第7天时,各样本点分布较为集中,ANOSIM分析结果显示不同腐杆菌和C/N对细菌群落相似度无显著影响($P>0.01$);腐解至第120天时,不同处理下各样本点较为分散,ANOSIM分析结果显示C/N对细菌群落相似度有显著影响($P<0.01$)。如表3所示,腐解至第120天时,PERMANOVA分析

表2 不同处理下秸秆的细菌群落丰富度和多样性变化
Table 2 Changes of straw bacteria richness and diversity under different treatments

时间 Time/d	处理 Treatment	C/N	Chao1 指数 Chao1 index	Shannon 指数 Shannon index
7	CK	15	1 333.71±70.70a	6.39±0.27a
		25	1 269.94±3.90a	6.25±0.07a
		35	1 432.91±42.06a	6.56±0.01a
	SQR9	15	1 261.80±223.73a	6.08±1.18a
		25	1 456.47±145.54a	6.63±0.23a
		35	1 235.23±95.13a	5.83±0.36a
	MC29	15	1 398.57±154.01a	6.06±0.04a
		25	1 278.23±57.91a	6.48±0.15a
		35	1 044.63±116.83a	5.28±0.71a
120	CK	15	1 327.19±104.86bc	6.51±0.01abc
		25	1 508.70±156.83abc	7.07±0.16a
		35	1 507.32±108.74abc	7.22±0.20a
	SQR9	15	1 162.60±48.57c	5.58±0.20bc
		25	1 514.99±194.21abc	6.63±0.67abc
		35	2 012.44±208.88a	7.81±0.62a
	MC29	15	1 024.46±209.59c	5.30±0.67c
		25	1 429.96±147.84bc	6.91±0.29ab
		35	1 820.70±113.96ab	7.52±0.13a

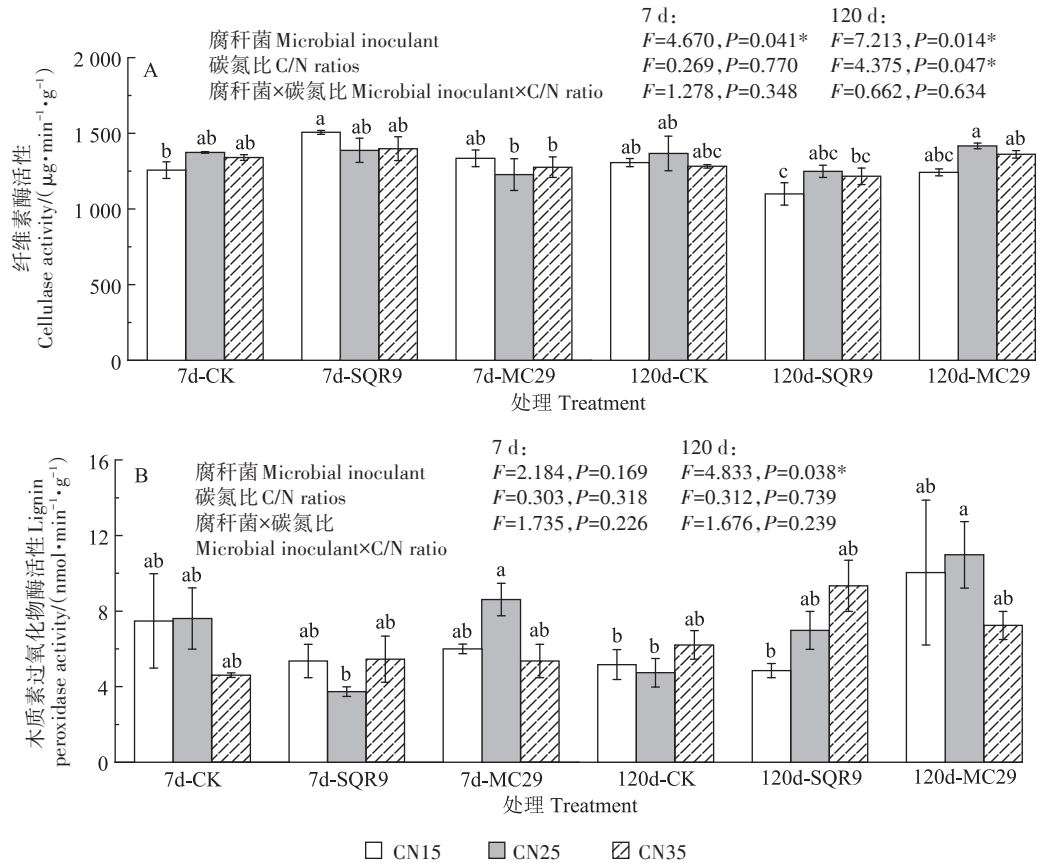


图2 水稻秸秆堆腐过程中纤维素酶和木质素过氧化物酶活性的变化

Figure 2 Changes of cellulase and lignin peroxidase activity during rice straw-composting

表3 堆腐第120天时不同C/N处理间的细菌群落差异 (PERMANOVA)

Table 3 PERMANOVA test indicating the bacteria community differences between groups of different C/N after 120 days of composting

分组 Group	R ²	F	P
CN15–CN25	0.23	0.016	0.024*
CN15–CN35	0.26	0.003	0.009*
CN25–CN35	0.14	0.040	0.040*

注: *表示在P<0.05水平上相关性显著。
Note: * means significant correlation at P<0.05.

结果显示 C/N 15:1、C/N 25:1、C/N 35:1 处理之间细菌群落结构均存在显著差异(P<0.05),表明腐解至第120天时,不同C/N会显著影响细菌群落结构。

3 讨论

本研究发现不同C/N会显著影响第7天的秸秆化学组成变化,不同C/N和腐杆菌会显著影响第120天的秸秆腐解率变化。堆腐第7天时,C/N对秸秆的

腐解度有显著影响,SQR9和MC29处理下2 920 cm⁻¹/1 640 cm⁻¹和1 050 cm⁻¹/1 640 cm⁻¹的峰强度比值均以C/N 25:1最高,表明C/N 25:1条件下,脂肪类物质、多糖物质相较于芳香类物质有所增加,这与孙向平等^[22]的研究结果一致。在本研究中,MC29和SQR9处理下均为C/N 25:1秸秆腐解度最高。这可能是因为:一方面,氮能够与秸秆中的多酚、木质素等形成复杂化合物,使易于分解此类化合物的微生物成为优势种群;另一方面,田间堆腐时,调节堆体C/N促进了秸秆中木质素的变性,从而促进了纤维木质素的分解^[23]。

在本研究中,堆腐前期变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门为优势菌门,其丰度超过90%,这与Tortosa等^[24]的研究结果一致。前人研究表明,变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和厚壁菌门是在木质纤维素堆肥中主导的细菌门类^[25],这4种菌门对腐解过程中有机物的分解起主要作用。其中,变形菌门具有产漆酶能力,在放线菌门和芽单胞菌门的协同作用下进行木质素的加工和代谢^[26]。拟杆菌门是降解木质素的功能菌,具有降解大分子物质的能力,包括纤维素、淀

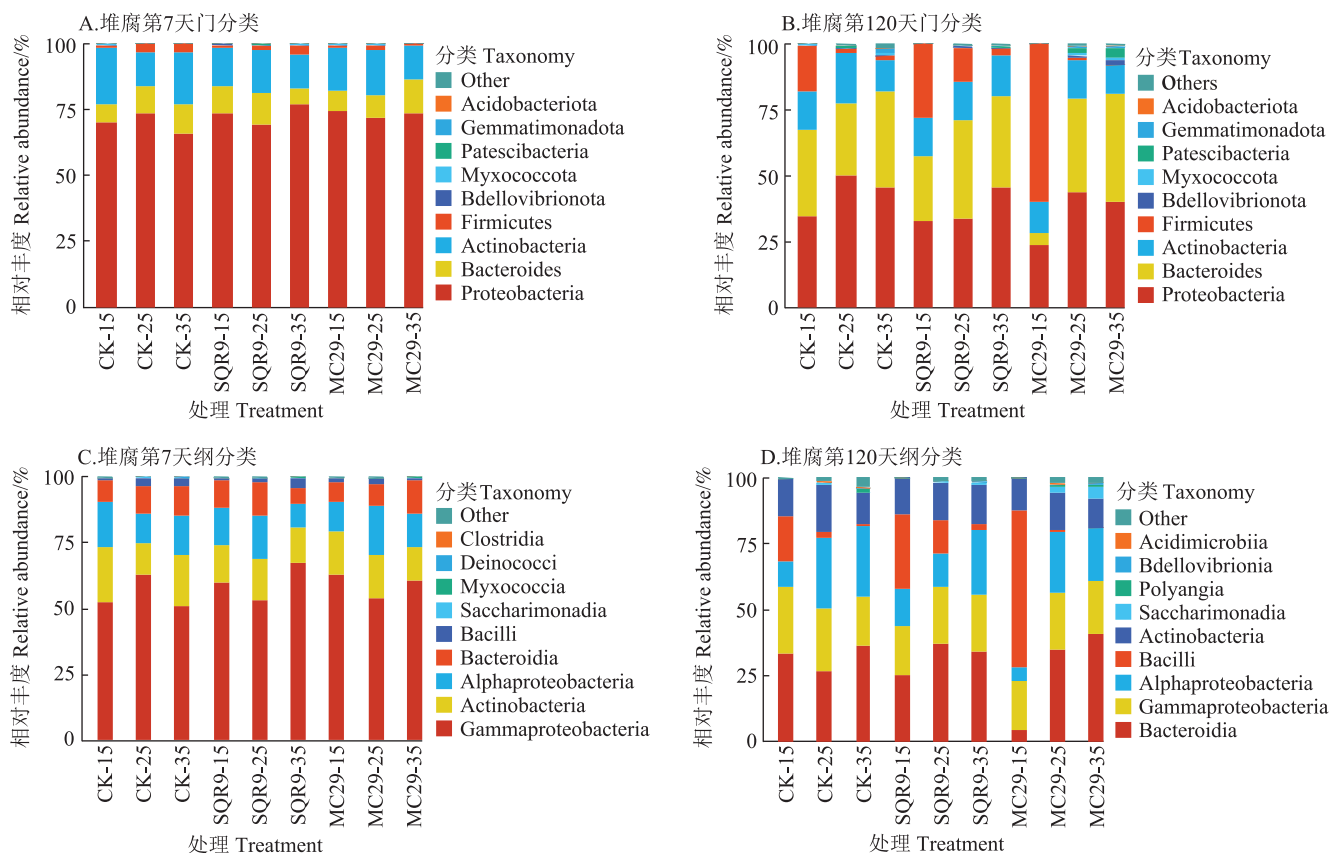


图3 不同处理下细菌在门和纲分类水平上的优势菌群相对丰度图

Figure 3 Relative abundance of bacterial phyla and bacterial class under different treatments

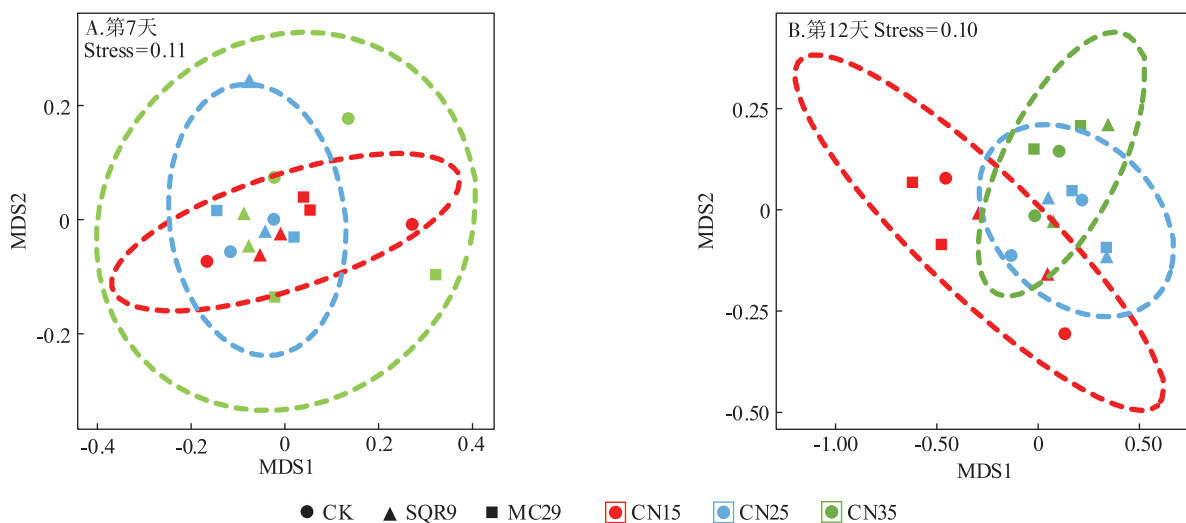


图4 不同处理下堆腐第7天和第120天的细菌群落NMDS分析图

Figure 4 The NMDS analysis of bacteria community after 7 days and 120 days of composting under different treatments

粉和几丁质等^[27]。而放线菌门具有良好的纤维素酶活性,放线菌门下的诺卡氏菌(*Nocardioae*)、链霉菌科(*Streptomyetaceae*)等在秸秆木质纤维素分解过程中起着非常重要的作用^[28]。值得一提的是,本研究发

现堆腐第7天时不同处理下秸秆腐解率无显著差异,而王志方等^[29]研究发现添加氮肥后,腐解前期的降解率下降,这与本研究结果不一致,但是 Grandy 等^[30]研究也指出秸秆腐解率不受施氮量的影响。造成本研

究堆腐前期不同处理下秸秆腐解率无显著差异的原因可能是试验在冬季田间进行且未提供通气,腐杆菌生长速度较慢,有机物质降解效率较低,秸秆腐解需要更长的时间来完成,腐杆菌和氮肥需要充足的时间才能显著增加秸秆的质量损失。

本研究显示,堆腐第120天时,虽然腐杆菌和C/N的交互作用影响不显著,但是腐杆菌和C/N对腐解率均有显著影响。另外,本研究还发现MC29腐杆菌处理下C/N 25:1的腐解率高于其余组合,这可能与C/N 25:1条件下纤维素酶、木质素过氧化物酶活性的提高有关。纤维素酶包括 β -葡萄糖苷酶、纤维二糖苷酶和木聚糖酶等多种酶,通过加快秸秆中多糖以及可溶性碳等组分的分解,可提高秸秆腐解率^[31]。牛俊玲等^[32]比较了不同C/N堆肥过程中纤维素酶和蔗糖酶的活性变化发现,C/N 25:1时纤维素酶活性最高,说明C/N 25:1时更有利于纤维素的分解。Guo等^[33]也发现,充足的氮肥投入可以增强与秸秆腐解相关的纤维素酶活性。木质素过氧化物酶是木质素生物降解过程中的主要木质素降解酶类,可在木质素聚合物内形成自由基,导致键稳定性变差从而破坏木质素大分子^[34],降低秸秆残余物的木质素含量。Yang等^[35]的研究也表明堆肥过程中C/N 25:1最有利于刺激木质素过氧化物酶活性,进而促进木质素纤维素的降解。

堆腐第120天时,不同处理下细菌群落的Chao1指数和Shannon指数均呈随施氮量上升而下降的趋势,此结果与刘倩倩^[36]的研究结果一致。前人研究表明,高施氮处理会降低微生物生物量、多样性和呼吸速率^[37],而微生物形成自身细胞通常需要吸收1份氮和5份碳,同时消耗作为能源的20份碳,所以25:1是大部分微生物进行生命活动的最佳C/N,即C/N越接近于25:1,越有利于有机质的充分转化^[38],C/N 25:1可能更有利于MC29腐杆菌定殖,微生物群落也向着更加有利于秸秆腐解的方向发展。另外,门和纲分类水平上的优势菌群的相对丰度也随着堆腐进程发生了一定的变化。变形菌门和变形菌门下的 γ -变形菌纲的相对丰度下降,这可能是因为变形菌门是富营养型细菌,在丰富的营养环境中生长较快,腐解后期,堆体中的营养物质减少,变形菌门生长受到抑制^[39]。拟杆菌门和拟杆菌门下的拟杆菌纲的相对丰度上升可能是因为拟杆菌门细菌与DNA、脂类和蛋白质等有机物质的转换密切相关^[40],拟杆菌门下的鞘脂杆菌纲、鞘脂杆菌目类群的最大作用就是降解纤维素。因此在堆腐过程中,拟杆菌门的相对丰度上升,从而秸

秆中的纤维素被降解。厚壁菌门和芽孢杆菌纲在堆腐过程中相对丰度出现明显上升,这可能是因为厚壁菌门能够产生内生孢子,具有较高的耐受性,能够生存在不适宜的环境中^[41-43],且芽孢杆菌纲下的芽孢杆菌属能够降解多种大分子化合物,如淀粉、纤维素等多糖、蛋白质等^[44-45],因此其可协助拟杆菌门降解秸秆中富含的纤维素大分子。另外,本研究发现堆腐后期不同处理下秸秆的化学组成无显著差异,这与王时聪^[46]的研究结果一致。造成这种现象的原因可能是秸秆堆腐时微生物会优先分解可溶性糖类、纤维素等,堆腐后期不同处理下秸秆中主要是难分解的物质,如木质素、芳香类物质等^[47]。

值得注意的是,本文对不同处理下秸秆的微生物群落动态变化的研究只考虑了细菌,而根据前人研究,真菌也在秸秆堆腐过程中起到了不可忽视的作用,故后续可对真菌群落的动态变化进行研究,以更加全面地揭示秸秆微生物群落的变化。除此之外,氮肥形态的影响也是值得探究的一个方面,未来可以从不同氮肥形态的角度对秸秆堆腐进行进一步研究。

4 结论

(1)堆腐第7天,不同C/N对水稻秸秆的腐解度有显著影响,SQR9和MC29腐杆菌处理下均为C/N 25:1腐解度最高;堆腐第120天,不同腐杆菌和C/N组合可以影响水稻秸秆的田间堆腐效果,相比SQR9,MC29的腐解效果较好且存在对应的最佳初始C/N 25:1。

(2)堆腐第7天,不同腐杆菌对纤维素酶活性有显著影响;堆腐第120天,不同腐杆菌对水稻秸秆纤维素酶和木质素过氧化物酶活性均有显著影响,而不同C/N对水稻秸秆纤维素酶活性和细菌群落多样性及其结构有显著影响。

致谢: 本研究得到了江苏省固体有机废弃物资源化高新技术研究重点实验室的帮助,在此表示衷心的感谢

参考文献:

- [1] 国家统计局. 中国统计年鉴(2021)[M]. 北京: 中国统计出版社, 2021: 389. National Bureau of Statistics. China statistical yearbook (2021)[M]. Beijing: China Statistics Press, 2021: 389.
- [2] 王雪鑫. 还田模式和腐熟剂对玉米秸秆腐解特征及土壤养分含量的影响[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2020. WANG X X. Effects of returning mode and straw-decomposing inoculant on decomposition characteristics and soil nutrient content of maize straw[D]. Shenyang:

- Shenyang Agricultural University, 2020.
- [3] 刘建斌, 武凤霞, 张淑彬, 等. 高温纤维素分解菌群PN-8的筛选及微生物组成研究[J]. 中国农学通报, 2017, 33(35):50-56. LIU J B, WU F X, ZHANG S B, et al. Screening and microbial component of a thermophilic, cellulose - degradation bacterial community PN-8[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2017, 33(35):50-56.
- [4] 杨丽, 刘文, 兰韬, 等. 我国秸秆还田技术与标准的现状研究[J]. 中国农业信息, 2017(21):12-17. YANG L, LIU W, LAN T, et al. Research on the current situation of straw returning technology and standard in China[J]. *China Agricultural Informatics*, 2017(21):12-17.
- [5] 陈胜男, 谷洁, 高华, 等. 微生物菌剂对小麦秸秆和尿素静态堆腐过程的影响[J]. 农业工程学报, 2009, 25(3):198-201. CHEN S N, GU J, GAO H, et al. Effects of straw-decomposing microorganism inoculums on wheat straw and urea during composting at static state[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2009, 25(3):198-201.
- [6] 王志慧, 王俊涛, 柳丽, 等. 微生物复合菌剂对油菜秸秆-猪粪堆肥过程的影响[J]. 青海农林科技, 2021(4):69-73. WANG Z H, WANG J T, LIU L, et al. Effect of compound microbial agent on composting process of rape straw and pig manure[J]. *Science and Technology of Qinghai Agriculture and Forestry*, 2021(4):69-73.
- [7] JUSOH M L, MANAF L A, LATIF P A. Composting of rice straw with effective microorganisms (EM) and its influence on compost quality[J]. *Iranian J Environ Health Sci Eng*, 2013, 10:17.
- [8] 朱金霞, 周文生, 乔长晟, 等. 微生物菌剂对玉米秸秆堆腐发酵过程的影响[J]. 安徽农业科学, 2022, 50(11):45-49. ZHU J X, ZHOU W S, QIAO C S, et al. Effect of microbial agents on corn straw composting fermentation process[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2022, 50(11):45-49.
- [9] 张秧, 艾为党, 靳向丹, 等. 3种菌剂对小麦秸秆好氧堆肥降解效果比较[J]. 环境工程学报, 2021, 15(2):709-716. ZHANG Y, AI W D, JIN X D, et al. Effects of three microbial agents on wheat straw aerobic composting[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, 15(2):709-716.
- [10] HARUTA S, CUI Z, HUANG Z. Construction of a stable microbial community with high cellulose-degradation ability[J]. *Applied Microbiology Biotechnology*, 2002, 59:529-534.
- [11] ZHANG M, LUO J, YAN S H. Changes in bacterial communities during two agricultural solid wastes' co-composting processes[J]. *Annals of Microbiology*, 2018, 68:743-754.
- [12] GAIND S, NAIN L. Chemical and biological properties of wheat soil in response to paddy straw incorporation and its biodegradation by fungal inoculants[J]. *Biodegradation*, 2007, 18(4):495-503.
- [13] 于建光, 常志州, 黄红英, 等. 秸秆腐熟剂对土壤微生物及养分的影响[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(3):563-570. YU J G, CHANG Z Z, HUANG H Y, et al. Effect of straw-decomposing microorganism inoculums for straw decomposing on soil microorganisms and the nutrients[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2010, 29(3):563-570.
- [14] YUSEF K, HE Z F, YANG X R, et al. Co-application of nitrogen and rot bacteria enhanced wheat straw decomposition and rice yield in a paddy soil[J]. *Journal of Agriculture and Food Research*, 2021, 4:100134.
- [15] 朱远芃, 金梦灿, 马超, 等. 外源氮肥和腐熟剂对小麦秸秆腐解的影响[J]. 生态环境学报, 2019, 28(3):612-619. ZHU Y P, JIN M C, MA C, et al. Impacts of exogenous nitrogen and effective microorganism on the decomposition of wheat straw residues[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2019, 28(3):612-619.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Analysis of soil agricultural chemistry[M]. 3rd Edition, Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [17] 陈曦. 秸秆还田对土壤有机质元素组成及化学结构的影响[D]. 安徽: 安徽农业大学, 2016. CHEN X. Effect of straw incorporation on elemental composition and chemical structure of soil organic matter [D]. Anhui: Anhui Agricultural University, 2016.
- [18] 王帅, 窦森, 张溪, 等. 纤维素菌体残留物提取类腐殖质的红外光谱研究[J]. 光谱学与光谱分析, 2015, 35(12):3397-3401. WANG S, DOU S, ZHANG X, et al. FTIR spectroscopic analysis of humic-like substances extracted from the microbial residues[J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 2015, 35(12):3397-3401.
- [19] ZHANG W M, YU C X, WANG X J, et al. Increased abundance of nitrogen fixing bacteria by higher C/N ratio reduces the total losses of N and C in cattle manure and corn stover mix composting[J]. *Waste Management*, 2020, 103:416-425.
- [20] MARTINS L F, KOLLING D, CAMASSOLA M, et al. Comparison of *Penicillium echinulatum* and *Trichoderma reesei* cellulases in relation to their activity against various cellulosic substrates[J]. *Bioresource Technology*, 2008, 99(5):1417-1424.
- [21] 梁晓玉, 崔周磊, 王洪成, 等. 木质素过氧化物酶的应用[J]. 生物学杂志, 2021, 38(3):99-102. LIANG X Y, CUI Z L, WANG H C, et al. Research in lignin peroxidase[J]. *Journal of Biology*, 2021, 38(3):99-102.
- [21] KUMAR K, GOH K M. Nitrogen release from crop residues and organic amendments as affected by biochemical composition[J]. *Commun Soil Sci Plant Anal*, 2003, 34(17/18):2441-2460.
- [22] 孙向平, 李国学, 肖爱平, 等. 添加不同比例玉米秸秆对猪粪高温堆肥过程中胡敏酸的结构组成及红外光谱特性影响分析[J]. 光谱学与光谱分析, 2014, 34(9):2413-2418. SUN X P, LI G X, XIAO A P, et al. Analysis on the impact of composting with different proportions of corn stalks and pig manure on humic acid fractions and IIR spectral feature[J]. *Spectroscopy and Spectral Analysis*, 2014, 34(9):2413-2418.
- [23] 余坤, 冯浩, 李正鹏, 等. 秸秆还田对农田土壤水分与冬小麦耗水特征的影响[J]. 农业机械学报, 2014, 45(10):116-123. YU K, FENG H, LI P Z, et al. Effects of different pretreated straw on soil water content and water consumption characteristics of winter wheat[J]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2014, 45(10):116-123.
- [24] TORTOSA G, CASTELLANO A, CORREA D, et al. Evolution of bacterial diversity during two-phase olive mill waste composting by 16S rRNA gene pyrosequencing[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 224:101-111.

- [25] 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. WANG X H, LI X X, SHI X Y, et al. Physicochemical properties and bacterial community diversity during different fermentation periods of corn straw[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2018, 33(3): 144–152.
- [26] 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]. 北京: 中国农业科学院, 2020. YU D L. Diversity of soil microorganisms and bacterial laccases from a straw: a mended field[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2020.
- [27] TAKAKU H, KODAIRA S, KIMOTO A, et al. Microbial communities in the garbage composting with rice hull as an amendment revealed by culture dependent and independent approaches[J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2006, 101(1): 42–50.
- [28] 银川, 杨艳红, 高焕方, 等. 纤维素酶的基因研究进展及其应用[J]. 纤维素科学与技术, 2021, 29(4): 71–78. YIN C, YANG Y H, GAO H F, et al. Research progress and application of cellulase gene[J]. *Journal of Cellulose Science and Technology*, 2021, 29(4): 71–78.
- [29] 王志方, 王小武, 李晨华, 等. 外源氮肥、磷钾肥对棉秸秆堆腐的影响[J]. 新疆农业科学, 2020, 57(6): 1030–1038. WANG Z F, WANG X W, LI C H, et al. Effects of exogenous nitrogen, phosphorus and potassium fertilizer on cotton straw decomposition[J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2020, 57(6): 1030–1038.
- [30] GRANDY A S, SALAM D S, WICKINGS K, et al. Soil respiration and litter decomposition responses to nitrogen fertilization rate in no-till corn systems[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2013, 179: 35–40.
- [31] WIEDERMANN M M, KANE E S, POTVIN L R, et al. Interactive plant functional group and water table effects on decomposition and extracellular enzyme activity in Sphagnum peatlands[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2017, 108: 1–8.
- [32] 牛俊玲, 郑宾国, 梁丽珍. 餐厨垃圾堆肥过程中水解酶活性变化的研究[J]. 中国农学通报, 2012, 28(11): 284–288. NIU J L, ZHENG B G, LIANG L Z. Study on the change of hydrolytic enzyme activity during the composting process of kitchen wastes[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, 28(11): 284–288.
- [33] GUO T, ZHANG Q, AI C, et al. Nitrogen enrichment regulates straw decomposition and its associated microbial community in a double-cropping system[J]. *Scientific Report*, 2018, 8(1): 1847.
- [34] 刘海进, 李吕木. 木质素过氧化物酶的研究进展[J]. 中国饲料, 2010(2): 20–22, 26. LIU H J, LI L M. Research advance on the study of lignin peroxidase[J]. *China Feed*, 2010(2): 20–22, 26.
- [35] YANG H Z, ZHANG H, QIU H Z, et al. Effects of C/N ratio on lignocellulose degradation and enzyme activities in aerobic composting[J]. *Horticulturae*, 2021, 7(11): 482.
- [36] 刘倩倩. 长期秸秆还田配施氮肥对砂姜黑土肥力及细菌多样性的影响[D]. 阜阳: 阜阳师范大学, 2019. LIU Q Q. Effects of long-term straw incorporation and nitrogen fertilizer application on fertility and bacterial diversity of lime concretion black soil[D]. Fuyang: Fuyang Normal University, 2019.
- [37] JANSSENS I A, DIELEMAN W, LUYSSAERT S, et al. Reduction of forest soil respiration in response to nitrogen deposition[J]. *Nature Geoscience*, 2010, 3: 315–322.
- [38] 余雕. 黄土高原水土保持型灌木林地土壤质量特征及评价[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010. SHE D. The characteristics and assessment on soil quality of shrub lands in Loess Plateau[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2010.
- [39] 曾莉. 不同氮肥用量下潮土中秸秆分解过程及其微生物多样性研究[D]. 重庆: 西南大学, 2021. ZENG L. Decomposition process and microbial diversity of straw in a fluvo-aquic soil under different nitrogen application rates[D]. Chongqing: Southwest University, 2021.
- [40] MICHAND L, LO G A, TROUSSELLIER M, et al. Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2009, 107(6): 1935–1946.
- [41] AWASTHI M K, ZHANG Z Q, WANG Q, et al. New insight with the effects of biochar amendment on bacterial diversity as indicators of biomarkers support the thermophilic phase during sewage sludge composting[J]. *Bioresource Technology*, 2017, 238: 589–601.
- [42] HOON M, EICHENBERGER P, VITKUP D. Hierarchical evolution of the bacterial sporulation network[J]. *Current Biology*, 2010, 20(17): R735–R745.
- [43] HARTMANN M, NIKLAUS P A, ZIMMERMANN S, et al. Resistance and resilience of the forest soil microbiome to logging-associated compaction[J]. *The ISME Journal*, 2014, 8(1): 226–244.
- [44] 杨文琦, 龙宣杞, 崔卫东. 玉米青贮中细菌多样性分析[J]. 新疆农业科学, 2013, 50(8): 1424–1433. YANG W Q, LONG X Q, CUI W D. Bacteria diversity analysis in corn silage[J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2013, 50(8): 1424–1433.
- [45] 马晓军, 刘炜, 侯书贵, 等. 玉龙雪山冰川雪坑中细菌多样性群落结构及其与气候环境的关系[J]. 兰州大学学报(自然科学版), 2009, 45(6): 94–100. MA X J, LIU W, HOU S G, et al. Bacterial diversity and community at Yulong Mountains and their relationship to climatic and environmental changes[J]. *Journal of Lanzhou University(Natural Sciences)*, 2009, 45(6): 94–100.
- [46] 王时聪. 外源腐杆菌对还田秸秆降解的影响及作用机制[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2021. WANG S C. Effects of exogenous rot bacteria on the degradation of returned straw and its mechanism[D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2021.
- [47] 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. ZHANG J T, ZHANG L H, LU L H, et al. Overview of the characteristics of crop straw decomposition and nutrients release of returned field crops[J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2018, 32(11): 2274–2280.