

# 不同秸秆还田方式对玉米根际土壤微生物及酶活性的影响

于 寒<sup>1</sup>, 梁烜赫<sup>2</sup>, 张玉秋<sup>3</sup>, 孙 杨<sup>1</sup>, 吴春胜<sup>1</sup>, 谷 岩<sup>1\*</sup>

(1.吉林农业大学作物研究中心, 吉林 长春 130118; 2.吉林省农业科学院农业资源与环境研究所, 吉林 长春 130124; 3.吉林省辽源市农业科学院, 吉林 辽源 136200)

**摘 要:**为了探明不同秸秆还田方式对玉米根际土壤微生物及酶活性的影响,设置秸秆覆盖和深埋2种秸秆还田方式,研究了不同处理(秸秆覆盖于玉米长期连作土壤CT1、秸秆深埋于玉米长期连作土壤CT2、秸秆覆盖于米麦轮作土壤T1、秸秆深埋于米麦轮作土壤T2)对下茬玉米根际土壤微生物及土壤酶活性的影响。结果表明:(1)相同的秸秆还田方式下,T1和T2玉米根际土壤微生物生物量碳、主要微生物及生理类群和土壤酶活性均高于CT1和CT2处理。(2)在玉米长期连作土壤中,秸秆深埋更能提高下茬玉米根际土壤微生物生物量碳含量,增加土壤细菌、放线菌、主要微生物生理类群(氨化细菌、好气性固氮菌、硝化细菌)和降低土壤真菌数量,提高土壤脲酶和转化酶活性。而在米麦轮作土壤中,秸秆还田方式对玉米根际土壤真菌和主要微生物生理类群(氨化细菌、好气性固氮菌、硝化细菌)、土壤脲酶和过氧化氢酶活性影响不大。在吉林省玉米长期连作种植区,秸秆深埋比秸秆覆盖更能有效改善土壤微生物结构。

**关键词:**玉米;秸秆还田;土壤微生物;土壤酶活性

中图分类号:S181

文献标志码:A

文章编号:2095-6819(2015)03-0305-07

doi: 10.13254/j.jare.2014.0320

## Effects of Different Straw Returning Modes on the Soil Microorganism and Enzyme Activity in Corn Field

YU Han<sup>1</sup>, LIANG Xuan-he<sup>2</sup>, ZHANG Yu-qiu<sup>3</sup>, SUN Yang<sup>1</sup>, WU Chun-sheng<sup>1</sup>, GU Yan<sup>1\*</sup>

(1.Crop Research Center, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China; 2.Institute of Agricultural Resources and Environment, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130124, China; 3.Liaoyuan Academy of Agricultural Science, Liaoyuan 136200, China)

**Abstract:** Straws contain a large amount of organic matter and nitrogen, phosphorus, potassium and different microelements. Straw-returning becomes one of the most important measures to replace the traditional organic fertilizer and increase the soil organic matter. As the bond between next stubble crops and soil microorganism, returned straws play an important role in underground rhizosphere microorganisms environment. In this study, the effects of different straw returning modes on the soil microorganism and enzyme activity were investigated. The experiment included four different treatment: the soil of continuous-cropping with straw mulching (CT1), the soil of continuous-cropping with straw buried (CT2), the soil of alternate-cropping with straw mulching (T1), the soil of alternate-cropping with straw buried (T2). Corn was planted in the above treatments and determined the soil microorganism and enzyme activity at the different growth stage. The results showed that under the same straw-returning, the microbial biomass carbon content, corn microorganism and soil enzyme activities of T1 and T2 were higher than those of CT1 and CT2. In the soil of continuous-cropping, compared with the straw-mulching, the straw-buried increased significantly in the numbers of bacteria, actinomycetes, ammonifying bacteria, aerobic nitrogen-fixing bacteria, nitrifying bacteria and the activities of soil urease and invertase. While in the soil of alternate-cropping, the returning mode of straw had little impacts on the numbers of fungi, ammonifying bacteria, aerobic nitrogen-fixing bacteria and nitrifying bacteria and activities of urease and catalase. It is concluded that the straw-buried can improve the soil microorganisms in the soil of continuous-cropping compared with the straw-mulching.

**Keywords:** corn; straw returning; soil microorganism; soil enzyme activity

收稿日期:2014-11-12

基金项目:国家自然科学基金项目(31000687);吉林省科技厅自然基金项目(20140101154JC);吉林省教育厅项目(2014046);国家科技支撑计划(2011BAD16B10,2012BAD04B02)

作者简介:于 寒(1982—),女,吉林长春人,博士研究生,从事作物栽培学与耕作学研究。E-mail: yuhan\_0910@163.com

\*通信作者:谷 岩 E-mail: guyan810831@163.com

吉林省是玉米生产大省, 年产玉米秸秆 2 300 万~2 500 万 t<sup>[1]</sup>, 秸秆含有大量有机质和植物生长所必需的氮、磷、钾及微量元素<sup>[2]</sup>。大量研究表明: 秸秆还田可以改善土壤结构<sup>[3]</sup>、土壤理化特性<sup>[4]</sup>、土壤呼吸<sup>[5]</sup>和土壤水分特征<sup>[6]</sup>。因此, 秸秆还田已成为代替传统有机肥、增加土壤有机质、提高土壤肥力的重要措施之一<sup>[7-9]</sup>。还田的秸秆作为联系下茬作物、土壤及微生物的桥梁和纽带, 其对地下根际微生物环境的作用至关重要。张进良<sup>[10]</sup>和路怡青等<sup>[11]</sup>研究均表明: 秸秆还田有利于土壤微生物的繁殖, 可提高耕层土壤酶活性。玉米秸秆还田分为直接还田和深翻还田。研究表明: 相比直接还田, 玉米秸秆深层还田更能有效避免营养元素的径流和挥发<sup>[12]</sup>、培肥土壤<sup>[13]</sup>、改善土壤和作物生长的农田生态环境<sup>[14]</sup>, 为高产稳产打下良好基础<sup>[15]</sup>。吉林省大部分地区为玉米长期连作种植区, 秸秆还田作为一种很普遍的农田保护方式也在逐渐被广大农民所接受。本研究设定秸秆覆盖和秸秆深埋 2 种还田方式, 选择连作及轮作玉米种植区, 系统分析不同秸秆还田方式对玉米不同生育时期土壤微生物区系及土壤酶活性的影响, 为合理施用秸秆及农田的可持续管理提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验区概况

试验于 2013 年在吉林省松原市宁江区民乐村进行。该区全年降雨量 423 mm, 活动积温 3 050 °C, 无霜期 135~140 d, 土壤为黑钙土。所选试验地分别为玉米连作 15 年区和玉米-小麦轮作区(前茬小麦), 土壤理化性质见表 1。

表 1 不同土壤理化性状(0~20 cm)

Table 1 Physical and chemical properties of different soil (0~20 cm)

| 处理<br>Treatment                       | 连作土壤<br>Continuous-cropping soil | 轮作土壤<br>Alternate-cropping soil |
|---------------------------------------|----------------------------------|---------------------------------|
| 有机质 Organic matter/g·kg <sup>-1</sup> | 14.8                             | 18.2                            |
| 全氮 Total N/g·kg <sup>-1</sup>         | 1.14                             | 1.47                            |
| 全磷 Total P/g·kg <sup>-1</sup>         | 0.36                             | 1.01                            |
| 碱解氮 Available N/mg·kg <sup>-1</sup>   | 62.14                            | 68.95                           |
| 速效磷 Available P/mg·kg <sup>-1</sup>   | 13.08                            | 25.16                           |
| 速效钾 Available K/mg·kg <sup>-1</sup>   | 120.26                           | 164.32                          |
| pH 值                                  | 7.12                             | 6.91                            |

### 1.2 试验设计

供试玉米品种为良玉 99, 将其成熟期秸秆烘干后粉碎, 按照 20 kg·hm<sup>-2</sup> 的还田量分别覆盖和深埋(15 cm)于玉米连作 15 年和玉米-小麦轮作土壤中, 设定以下 4 个处理: 秸秆覆盖于玉米长期连作土壤(CT1)、秸秆深埋于玉米长期连作土壤(CT2)、秸秆覆盖于米麦轮作土壤(T1)、秸秆深埋于米麦轮作土壤(T2)。每个处理 6 次重复。2013 年 4 月 25 日在 4 个处理的土壤中播种玉米品种良玉 99, 大垄双行种植方式, 垄高 12 cm, 垄上行距 40 cm, 垄间行距 90 cm。每处理小区 20 行, 行长 20 m。按照 2011—2012 年良玉 99 获得最高产量时的最佳密度和施肥量播种, 玉米整个生育时期按照高产田进行田间管理。

### 1.3 测定项目与方法

在玉米不同生育时期取样(苗期 5 月 15 日、拔节期 6 月 10 日、大喇叭口期 7 月 4 日、抽雄吐丝期 7 月 20 日、灌浆中期 8 月 15 日、成熟期 9 月 26 日), 采用赵江大田挖掘法<sup>[16]</sup>, 每个重复选择连续 3 株玉米进行取样, 以每株所占的行距和株距为 1 个样方, 挖取 0~40 cm 土层的根系, 轻轻抖动, 去掉从根系上脱落的土壤(非根际土), 紧密附着于根的土壤不易脱落的保留(根际土), 及时放入无菌袋中, 用于以下指标的测定。

土壤微生物生物量碳含量采用氯仿熏蒸浸提法<sup>[17]</sup>; 土壤主要微生物采用稀释平板法<sup>[18]</sup>。细菌、真菌、放线菌分别采用牛肉膏蛋白胨、马丁氏孟加拉红培养基和淀粉琼脂(改良高氏 1 号)培养基; 氨化细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基、硝化细菌采用改良斯蒂芬逊培养基、好气性固氮菌采用赫奇逊氏培养基、好气性纤维素分解菌采用改良阿须贝氏无氮琼脂培养基。微生物数量以每克干土中的菌落数(CFU·g<sup>-1</sup> dry soil)表示。土壤酶活性参照关松荫<sup>[19]</sup>的方法。其中脲酶采用靛酚比色法测定, 以 24 h 后 1 g 土壤中 NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N 的毫克数表示; 转化酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定, 用 24 h 后 1 g 土重的 0.1 mol·L<sup>-1</sup> 硫代硫酸钠的毫升数表示; 过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法测定, 以每克土消耗的 0.1 mol·L<sup>-1</sup> KMnO<sub>4</sub> 的毫升数表示。

### 1.4 数据处理分析

试验数据采用 Microsoft Excel 2007 进行处理, 用 SPSS 13.0 进行方差分析和主成分分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同秸秆还田方式对土壤微生物生物量碳的影响

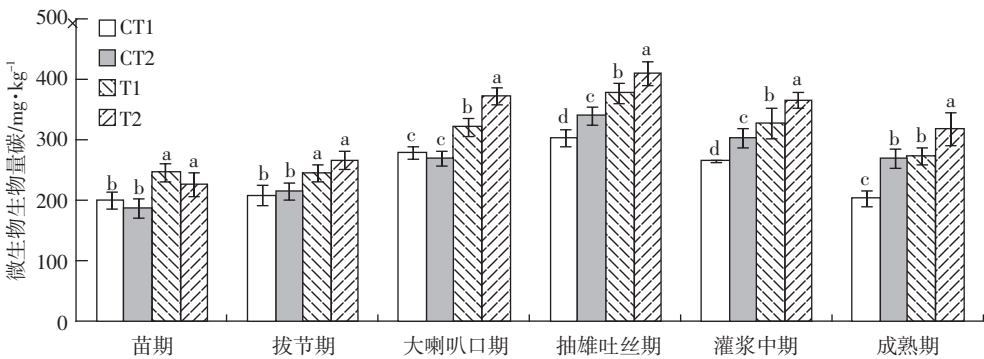
从图 1 可以看出, 秸秆覆盖和深埋于米麦轮作土

壤的2个处理(T1和T2),玉米不同生育时期根际土壤微生物生物量碳均显著高于连作土壤处理(CT1和CT2),全生育期内平均高23.31%。在玉米连作土壤中,生育前期(苗期到大喇叭口期)2种秸秆还田方式下微生物生物量碳无显著差异,抽雄吐丝至成熟期,差异显著,秸秆深埋处理平均高于覆盖处理18.44%。在米麦轮作土壤中,2种秸秆还田方式下土壤微生物生物量碳含量从大喇叭口期开始差异显著,成熟期T2比T1处理增加9.37%。

2.2 不同秸秆还田方式对土壤主要微生物区系的影响

从表2可以看出,无论是在玉米连作还是米麦轮作土壤中,在生育前期(苗期到大喇叭口期),秸秆还田方式对土壤中细菌数量影响不大;在生育后期(抽

雄吐丝期到成熟期),秸秆深埋处理玉米根际土壤细菌数量显著高于秸秆覆盖,其中T2处理玉米根际土壤细菌平均数量要比CT1、CT2和T1分别增加99.6%,49.7%和28.2%(抽雄吐丝期到成熟期)。在米麦轮作土壤中,2处理土壤放线菌数量仅在拔节期和抽雄期无显著差异。而连作土壤中,秸秆深埋更能增加土壤中放线菌数量,尤其在玉米生育中后期(大喇叭口期到成熟期),秸秆深埋处理土壤平均放线菌数量比连作处理增加42.77%。在玉米生育中后期,秸秆还田方式对米麦轮作土壤中玉米根际土壤真菌数量影响不大,而对长期连作玉米根际土壤真菌数量影响较大,秸秆深埋比秸秆覆盖处理平均根际土壤真菌数量降低23.6%(抽雄吐丝期到成熟期)。



图中不同小写字母表示各处理间差异显著(P<0.05)。下同  
Different lowercase letters indicate significant differences (P<0.05) among different treatments. The same below

图1 不同秸秆还田方式对土壤微生物生物量碳的影响

Figure 1 Effects of different straw returning modes on the soil microbial biomass carbon in corn field

表2 不同秸秆还田方式对主要土壤微生物数量的影响

Table 2 Effects of different straw returning modes on the number of soil microbe in corn field

| 处理<br>Treatment                                               | 生育时期 Growth stage |                |               |               |              |              |             |  |
|---------------------------------------------------------------|-------------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|-------------|--|
|                                                               | 苗期 Seedling       | 拔节期 Elongation | 大喇叭口期 Trumpet | 抽雄吐丝期 Silking | 灌浆中期 Filling | 成熟期 Mature   |             |  |
| 细菌 Bacteria/<br>× 10 <sup>8</sup> ·g <sup>-1</sup> soil       | CT1               | 3.5 ± 0.6b     | 6.8 ± 1.3b    | 7.1 ± 0.5b    | 7.6 ± 0.5d   | 6.7 ± 0.4d   | 10.3 ± 0.6c |  |
|                                                               | CT2               | 3.4 ± 0.7b     | 5.6 ± 0.4b    | 6.3 ± 0.7b    | 10.4 ± 0.9c  | 9.8 ± 0.2c   | 12.6 ± 1.6b |  |
|                                                               | T1                | 6.1 ± 0.6a     | 10.2 ± 0.8a   | 10.8 ± 1.1a   | 14.1 ± 0.5b  | 12.2 ± 0.4b  | 12.0 ± 1.5b |  |
|                                                               | T2                | 6.6 ± 1.2a     | 11.5 ± 1.0a   | 12.1 ± 1.0a   | 18.6 ± 1.2a  | 15.8 ± 0.3a  | 14.7 ± 0.8a |  |
| 放线菌 Actinomycetes/<br>× 10 <sup>7</sup> ·g <sup>-1</sup> soil | CT1               | 5.6 ± 0.5ab    | 7.2 ± 0.06b   | 8.7 ± 1.02d   | 8.4 ± 0.07c  | 7.6 ± 0.14c  | 8.5 ± 0.3d  |  |
|                                                               | CT2               | 5.1 ± 0.7c     | 8.5 ± 0.01a   | 12.9 ± 0.06b  | 12.6 ± 0.08b | 11.5 ± 0.13b | 10.4 ± 0.8c |  |
|                                                               | T1                | 5.4 ± 0.2b     | 8.1 ± 0.05a   | 11.5 ± 0.04c  | 13.8 ± 0.01a | 11.4 ± 0.06b | 11.3 ± 1.6b |  |
|                                                               | T2                | 5.8 ± 0.4a     | 8.4 ± 0.02a   | 13.2 ± 0.05a  | 14.2 ± 0.13a | 12.6 ± 0.15a | 12.0 ± 0.9a |  |
| 真菌 Fungi/<br>× 10 <sup>6</sup> ·g <sup>-1</sup> soil          | CT1               | 5.6 ± 0.4a     | 6.9 ± 0.6a    | 10.5 ± 1.3b   | 16.8 ± 1.0a  | 15.9 ± 0.9a  | 14.4 ± 1.1a |  |
|                                                               | CT2               | 5.3 ± 0.7a     | 7.8 ± 0.4a    | 14.6 ± 1.1a   | 15.2 ± 1.3b  | 12.8 ± 1.0b  | 10.1 ± 1.4b |  |
|                                                               | T1                | 6.2 ± 0.4a     | 5.1 ± 0.7b    | 8.4 ± 0.4c    | 3.9 ± 0.1c   | 3.5 ± 0.6c   | 3.6 ± 0.5c  |  |
|                                                               | T2                | 4.7 ± 0.2b     | 6.8 ± 0.3a    | 8.8 ± 0.7c    | 5.4 ± 0.5c   | 4.6 ± 0.4c   | 4.1 ± 0.4c  |  |

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

### 2.3 不同秸秆还田方式对土壤主要微生物生理类群的影响

从表 3 可以看出,连作土壤中,相比秸秆覆盖处理,秸秆深埋显著增加了全生育时期内土壤氨化细菌和好气性固氮菌数量,显著增加玉米生育后期(抽雄吐丝期到成熟期)土壤好气性纤维素分解菌和硝化细菌数量。全生育时期内,CT2 平均土壤氨化细菌数量比 CT1 增加 70.6%,好气性固氮菌数量比 CT1 增加 59.8%。轮作土壤中,秸秆还田方式对玉米土壤好气性纤维素分解菌和硝化细菌数量无影响(苗期到大喇叭口期);对土壤好气性固氮菌数量无影响(苗期到成熟期);对于氨化细菌来说,仅在苗期和抽雄吐丝期,秸秆深埋显著高于秸秆覆盖处理,其他生育时期 T1 和 T2 均无显著差异。

### 2.4 不同秸秆还田方式对土壤酶活性的影响

从表 4 可以看出,轮作土壤中,2 种秸秆还田方式下玉米根际土壤脲酶活性显著高于连作土壤。在米麦轮作土壤中,2 种秸秆还田方式下土壤脲酶活性无显著差异;而连作土壤中,秸秆还田显著增加了玉米生育中后期(大喇叭口期到成熟期)土壤脲酶活性。整个生育时期内,土壤脲酶平均活性分别为 0.21(CT1)、0.26(CT2)、0.37(T1)和(T2)  $0.39 \text{ mg NH}_3\text{-N}\cdot\text{g}^{-1}\cdot 24 \text{ h}^{-1}$ 。土壤转化酶、过氧化氢酶和脲酶活性类似,均以轮作土壤中居高。同一土壤处理中,秸秆深埋均显著提高

玉米生育中后期的土壤转化酶活性,对土壤过氧化氢酶活性影响不大。

## 3 讨论

随着玉米种植密度的增加及产量的提高,单位面积内玉米秸秆总量也在迅速增加。秸秆还田后对下茬作物根际土壤微生态环境的影响至关重要。土壤微生物生物量是评价土壤养分有效性和土壤微生态环境状况变化的敏感指标<sup>[20]</sup>。细菌、真菌和放线菌,作为土壤微生物群落的主体,其数量变化能直接反映土壤中微生物的群落结构和多样性<sup>[21]</sup>。路怡青等<sup>[11]</sup>研究表明,秸秆还田显著增加了土壤细菌数量。本研究结果进一步表明,秸秆深埋显著提高了玉米生育中后期土壤微生物生物量碳含量和细菌数量。在轮作土壤中,不同秸秆还田方式对放线菌和真菌数量影响不大。相反,在玉米长期连作土壤中,秸秆深埋更能有效增加土壤细菌、放线菌数量,降低真菌数量。土壤微生物生理类群在土壤微生态中发挥着重要的作用,在物质转化中具有特定的功能<sup>[22]</sup>。氨化细菌、硝化细菌、好气性自生固氮菌和纤维素分解菌都是参与土壤氮素循环的有益微生物生理群,对土壤微生态系统有重要的代表意义。在不同土壤中,秸秆还田方式对 4 种不同微生物影响不同。秸秆深埋均显著提高玉米生育中后期(抽雄吐丝期到成熟期)的土壤好气性纤维素分解菌数量,

表 3 不同秸秆还田方式对土壤微生物生理类群的影响

Table 3 Effects of different straw returning modes on soil microbial physiological colony in corn field

| 微生物生理类群 Microbial physiological colony                                                       | 处理 Treatment | 生育时期 Growth stage      |                        |                        |                        |                        |                        |
|----------------------------------------------------------------------------------------------|--------------|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|------------------------|
|                                                                                              |              | 苗期 Seedling            | 拔节期 Elongation         | 大喇叭口期 Trumpet          | 抽雄吐丝期 Silking          | 灌浆中期 Filling           | 成熟期 Mature             |
| 氨化细菌 Ammonifier/<br>$\times 10^4\cdot\text{g}^{-1}$ soil                                     | CT1          | $10.4 \pm 2.1\text{c}$ | $15.6 \pm 1.9\text{c}$ | $19.8 \pm 1.8\text{c}$ | $22.6 \pm 5.1\text{d}$ | $32.9 \pm 3.8\text{c}$ | $31.1 \pm 2.9\text{c}$ |
|                                                                                              | CT2          | $22.4 \pm 3.5\text{b}$ | $40.2 \pm 2.6\text{b}$ | $43.1 \pm 2.6\text{b}$ | $24.1 \pm 2.6\text{c}$ | $52.3 \pm 5.1\text{b}$ | $43.8 \pm 5.0\text{b}$ |
|                                                                                              | T1           | $26.4 \pm 2.6\text{b}$ | $52.8 \pm 5.6\text{a}$ | $53.8 \pm 5.8\text{a}$ | $59.5 \pm 2.8\text{b}$ | $60.2 \pm 3.6\text{a}$ | $58.8 \pm 3.5\text{a}$ |
|                                                                                              | T2           | $38.6 \pm 4.3\text{a}$ | $49.7 \pm 3.9\text{a}$ | $52.8 \pm 5.9\text{a}$ | $62.5 \pm 5.4\text{a}$ | $61.5 \pm 4.4\text{a}$ | $56.4 \pm 5.6\text{a}$ |
| 好气性固氮菌<br>Aerobic nitrogen-fixing bacteria/<br>$\times 10^4\cdot\text{g}^{-1}$ soil          | CT1          | $23.5 \pm 3.8\text{c}$ | $28.8 \pm 2.9\text{c}$ | $30.5 \pm 4.1\text{c}$ | $43.9 \pm 4.7\text{c}$ | $32.5 \pm 4.5\text{b}$ | $33.4 \pm 3.2\text{b}$ |
|                                                                                              | CT2          | $33.4 \pm 5.1\text{b}$ | $40.3 \pm 6.1\text{b}$ | $51.3 \pm 4.3\text{b}$ | $66.4 \pm 6.3\text{b}$ | $61.3 \pm 6.8\text{a}$ | $55.1 \pm 4.6\text{a}$ |
|                                                                                              | T1           | $50.4 \pm 5.4\text{a}$ | $52.6 \pm 5.8\text{a}$ | $66.8 \pm 5.6\text{a}$ | $78.4 \pm 4.9\text{a}$ | $64.3 \pm 7.6\text{a}$ | $59.1 \pm 6.0\text{a}$ |
|                                                                                              | T2           | $51.4 \pm 6.8\text{a}$ | $53.4 \pm 4.9\text{a}$ | $69.2 \pm 6.0\text{a}$ | $77.5 \pm 9.0\text{a}$ | $63.1 \pm 8.1\text{a}$ | $58.4 \pm 5.4\text{a}$ |
| 好气性纤维素分解菌<br>Aerobic cellulose decomposing<br>bacteria/ $\times 10^2\cdot\text{g}^{-1}$ soil | CT1          | $8.1 \pm 0.5\text{b}$  | $9.9 \pm 1.0\text{c}$  | $15.2 \pm 1.1\text{b}$ | $15.7 \pm 2.1\text{c}$ | $13.8 \pm 1.6\text{c}$ | $10.9 \pm 0.8\text{c}$ |
|                                                                                              | CT2          | $9.1 \pm 1.3\text{b}$  | $11.8 \pm 1.8\text{b}$ | $16.2 \pm 1.0\text{b}$ | $19.9 \pm 1.8\text{b}$ | $16.8 \pm 1.8\text{b}$ | $14.3 \pm 1.3\text{b}$ |
|                                                                                              | T1           | $14.6 \pm 1.2\text{a}$ | $15.1 \pm 2.0\text{a}$ | $18.8 \pm 1.5\text{a}$ | $21.6 \pm 1.0\text{b}$ | $18.2 \pm 1.5\text{b}$ | $15.2 \pm 1.0\text{b}$ |
|                                                                                              | T2           | $15.9 \pm 2.0\text{a}$ | $16.8 \pm 1.9\text{a}$ | $19.4 \pm 1.2\text{a}$ | $27.5 \pm 1.5\text{a}$ | $23.4 \pm 1.0\text{a}$ | $18.3 \pm 1.1\text{a}$ |
| 硝化细菌 Nitrobacteria/<br>$\times 10^3\cdot\text{g}^{-1}$ soil                                  | CT1          | $27.4 \pm 2.3\text{b}$ | $29.6 \pm 1.5\text{b}$ | $31.8 \pm 2.4\text{d}$ | $47.6 \pm 4.4\text{c}$ | $44.3 \pm 5.1\text{d}$ | $41.6 \pm 3.3\text{b}$ |
|                                                                                              | CT2          | $25.1 \pm 2.0\text{b}$ | $33.9 \pm 2.1\text{b}$ | $48.4 \pm 3.6\text{c}$ | $61.8 \pm 5.8\text{b}$ | $52.9 \pm 6.3\text{c}$ | $57.4 \pm 5.7\text{a}$ |
|                                                                                              | T1           | $44.8 \pm 4.6\text{a}$ | $45.8 \pm 6.4\text{a}$ | $70.6 \pm 4.7\text{b}$ | $73.1 \pm 6.9\text{a}$ | $64.2 \pm 6.8\text{b}$ | $59.0 \pm 6.4\text{a}$ |
|                                                                                              | T2           | $48.6 \pm 5.7\text{a}$ | $51.5 \pm 6.2\text{a}$ | $74.8 \pm 6.6\text{a}$ | $78.6 \pm 7.8\text{a}$ | $71.5 \pm 9.0\text{a}$ | $64.2 \pm 8.4\text{a}$ |



表 4 不同秸秆还田方式对土壤酶活性的影响  
Table 4 Effects of different straw returning modes on soil enzyme activities in corn field

| 指标<br>Index                                                                         | 处理<br>Treatment | 生育时期 Growth stage |                |               |               |              |              |
|-------------------------------------------------------------------------------------|-----------------|-------------------|----------------|---------------|---------------|--------------|--------------|
|                                                                                     |                 | 苗期 Seedling       | 拔节期 Elongation | 大喇叭口期 Trumpet | 抽雄吐丝期 Silking | 灌浆中期 Filling | 成熟期 Mature   |
| 脲酶<br>Urease activity/<br>mg NH <sub>3</sub> -N·g <sup>-1</sup> ·24 h <sup>-1</sup> | CT1             | 0.29 ± 0.02b      | 0.21 ± 0.02b   | 0.21 ± 0.04c  | 0.30 ± 0.02c  | 0.25 ± 0.03c | 0.21 ± 0.03b |
|                                                                                     | CT2             | 0.31 ± 0.04b      | 0.24 ± 0.05b   | 0.29 ± 0.04b  | 0.45 ± 0.01b  | 0.35 ± 0.05b | 0.26 ± 0.05b |
|                                                                                     | T1              | 0.52 ± 0.02a      | 0.43 ± 0.01a   | 0.39 ± 0.01a  | 0.54 ± 0.06a  | 0.42 ± 0.01a | 0.37 ± 0.02a |
|                                                                                     | T2              | 0.56 ± 0.01a      | 0.45 ± 0.06a   | 0.41 ± 0.08a  | 0.56 ± 0.02a  | 0.41 ± 0.05a | 0.39 ± 0.01a |
| 转化酶<br>Invertase activity/<br>mg·g <sup>-1</sup> soil·24 h <sup>-1</sup>            | CT1             | 4.68 ± 0.63b      | 5.53 ± 0.61b   | 6.34 ± 0.76c  | 4.06 ± 0.54c  | 4.16 ± 0.22c | 4.13 ± 0.42c |
|                                                                                     | CT2             | 4.87 ± 0.57b      | 5.96 ± 0.63b   | 7.23 ± 0.88b  | 6.02 ± 0.79b  | 5.15 ± 0.66b | 5.09 ± 0.26b |
|                                                                                     | T1              | 7.16 ± 0.49a      | 7.95 ± 0.11a   | 8.46 ± 0.42a  | 6.11 ± 0.47b  | 5.33 ± 0.50b | 5.18 ± 0.44b |
|                                                                                     | T2              | 7.89 ± 0.38a      | 7.95 ± 0.46a   | 8.59 ± 0.94a  | 7.52 ± 0.30a  | 6.48 ± 0.39a | 6.04 ± 0.35a |
| 过氧化氢酶<br>Catalase activity/<br>0.1 mL N·g <sup>-1</sup> soil                        | CT1             | 3.29 ± 0.35b      | 3.86 ± 0.31b   | 4.56 ± 0.26b  | 4.82 ± 0.42b  | 4.34 ± 0.61c | 4.18 ± 0.32b |
|                                                                                     | CT2             | 3.64 ± 0.69b      | 3.72 ± 0.79b   | 4.90 ± 0.46b  | 5.01 ± 0.25b  | 4.52 ± 0.31c | 4.02 ± 0.35b |
|                                                                                     | T1              | 5.18 ± 0.58a      | 5.40 ± 0.53a   | 6.03 ± 0.51a  | 7.04 ± 0.56a  | 6.22 ± 0.34b | 5.10 ± 0.24a |
|                                                                                     | T2              | 5.21 ± 0.36a      | 5.96 ± 0.61a   | 6.41 ± 0.58a  | 7.21 ± 0.72a  | 6.39 ± 0.27a | 5.24 ± 0.30a |

而其他 3 种菌仅在连作土壤中差异显著。土壤酶系统作为土壤中最活跃的部分,同土壤微生物共同推动土壤的代谢过程。土壤酶活性反映了土壤中各种生物化学过程的强度和方向<sup>[19]</sup>。脲酶与土壤供氮能力有着密切的关系,能够表示土壤氮素的供应程度<sup>[23]</sup>,土壤转化酶参与土壤有机碳循环,对增加土壤中易溶性营养物质起着重要作用<sup>[19]</sup>。本研究中,在同一土壤中,秸秆深埋可提高生育中后期土壤转化酶活性,对土壤脲酶和过氧化氢酶影响不大。

随着玉米秸秆还田时间的延长及土壤温度的升高,还田的秸秆腐解速率逐渐增加,向土壤中输送大量的碳源,为土壤微生物繁殖提供营养,使土壤微生物群落结构得到改善<sup>[24]</sup>。而本研究中,秸秆还田方式及土壤,对玉米根际土壤微生物和酶活性的影响效应均不同,这种差异可能与秸秆腐解速度及腐解物密切相关。卢秉林等<sup>[25]</sup>和匡恩俊等<sup>[26]</sup>分别通过田间实际还田和不同还田方式模拟试验,研究秸秆还田方式对秸秆腐解特征的影响,结果均表明,秸秆深埋处理的秸秆腐解速率要大于秸秆覆盖还田。王喜艳等<sup>[13]</sup>和萨如拉等<sup>[14]</sup>的研究也证明,深层秸秆还田更能改善耕作的犁底层、保蓄水分,有效提高土壤有益微生物(好气性自生固氮菌、有机磷细菌、无机磷细菌和硅酸盐细菌)的数量和酶活性,有利于维持土壤养分平衡,有效改善土壤理化性状。此外,长期连作条件下,土壤微生物比较单一,多样性较差,连作区内细菌生理菌群数量相对较少<sup>[27]</sup>。时鹏等<sup>[28]</sup>研究结果表明,玉米连作配施秸秆土壤微生物物种丰富度和均匀度指数均显著提高。本试验进一步证明,秸秆深埋于玉米长期连作土壤,

更能有效改善土壤微生物群落结构和微生态环境。

4 结论

- (1)相同的秸秆还田方式下,米麦轮作土壤中玉米根际土壤微生物生物量碳、主要微生物及生理类群和土壤酶活性均高于玉米长期连作土壤处理。
- (2)在玉米长期连作土壤中,相比秸秆覆盖,秸秆深埋更能显著提高下茬玉米根际土壤微生物生物量碳含量,增加土壤细菌、放线菌、主要微生物生理类群(氨化细菌、好气性固氮菌、硝化细菌)和降低土壤真菌数量,提高土壤脲酶和转化酶活性。而在米麦轮作土壤中,秸秆深埋显著提高玉米生育中后期土壤细菌和好气性纤维素分解菌数量、提高土壤转化酶活性,对玉米根际土壤真菌和主要微生物生理类群(氨化细菌、好气性固氮菌、硝化细菌)、土壤脲酶和过氧化氢酶活性影响不大。因此,在吉林省玉米长期连作种植区,秸秆深埋比秸秆覆盖更能有效改善土壤微生态环境。

参考文献:

[1] 郑贵臣,李 华. 吉林省玉米秸秆资源开发状况与发展趋势[J]. 吉林工商学院学报, 2011, 27(5): 74-77.  
ZHENG Gui-chen, LI Hua. The resources development status and trend of corn straw in Jilin Province[J]. *Journal of Jilin Business and Technology College*, 2011, 27(5): 74-77. (in Chinese)

[2] Zhang H J, Gan Y T, Huang G B, et al. Postharvest residual soil nutrients and yield of spring wheat under water deficit in arid northwest China[J]. *Agricultural Water Management*, 2009, 96(6): 1045-1051.

[3] 邹洪涛,王胜楠,闫洪亮,等. 秸秆深还田对东北半干旱区土壤结构

- 及水分特征影响[J]. 干旱地区农业研究, 2014, 32(2): 53-60.
- ZOU Hong-tao, WANG Sheng-nan, YAN Hong-liang, et al. Effects of straw deep returning on soil structure moisture in semiarid region of north-east China[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2014, 32(2): 53-60. (in Chinese)
- [4] 徐文强, 杨祁峰, 牛芬菊, 等. 秸秆还田与覆膜对土壤理化特性及玉米生长发育的影响[J]. 玉米科学, 2013, 21(3): 87-93, 99.
- XU Wen-qiang, YANG Qi-feng, NIU Fen-ju, et al. Effects of stalk returned to the field and film mulching on the soil physical and chemical characteristics and the maize growth[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2013, 21(3): 87-93, 99. (in Chinese)
- [5] 李昌珍, 张婷婷, 杨改河, 等. 秸秆覆盖和施肥对关中灌区夏玉米生长后期土壤呼吸速率的影响[J]. 生态环境学报, 2013, 22(3): 411-416.
- LI Chang-zhen, ZHANG Ting-ting, YANG Gai-he, et al. Effect of straw mulching and fertilization on soil respiration from summer-maize farmland during later growth period in Guanzhong irrigation district[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2013, 22(3): 411-416. (in Chinese)
- [6] 徐文强, 熊春蓉, 张永祥, 等. 全膜双垄播与秸秆还田技术对土壤理化特性及玉米产量的影响[J]. 农业现代化研究, 2013, 34(2): 226-229.
- XU Wen-qiang, XIONG Chun-rong, ZHANG Yong-xiang, et al. Effect of full coverage on double ridges with furrow planting and stalk returned to field technology on soil physical and chemical characteristics and maize yield[J]. *Research of Agricultural Modernization*, 2013, 34(2): 226-229. (in Chinese)
- [7] 李 锦, 田霄鸿, 王少霞, 等. 秸秆还田条件下减量施氮对作物产量及土壤碳氮含量的影响[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2014, 42(1): 137-143.
- LI Jin, TIAN Xiao-hong, WANG Shao-xia, et al. Effects of nitrogen fertilizer reduction on crop yields, soil nitrate nitrogen and carbon contents with straw returning[J]. *Journal of Northwest A&F University*, 2014, 42(1): 137-143. (in Chinese)
- [8] Wit C, Cassman K G, Olk D C. Crop rotation and residue management effects on carbon sequestration, nitrogen cycling and productivity of irrigated rice systems[J]. *Plant Soil*, 2000, 225(1): 263-278.
- [9] Eagle A J, Bird J A, Horwath W R, et al. Rice yield and nitrogen utilization efficiency under alternative straw management practices[J]. *Agronomy Journal*, 2000, 92(6): 1096-1103.
- [10] 张进良. 玉米秸秆还田对土壤中微生物群落的影响[J]. 湖北农业科学, 2013, 52(12): 2745-2746.
- ZHANG Jin-liang. Influence of corn straw returning on the microbial community structure in soil[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2013, 52(12): 2745-2746. (in Chinese)
- [11] 路怡青, 朱安宁, 张佳宝, 等. 免耕和秸秆还田对土壤酶活性和微生物群落的影响[J]. 土壤通报, 2014, 45(1): 85-88.
- LU Yi-qing, ZHU An-ning, ZHANG Jia-bao, et al. Effects of no-tillage and returning straw to soil on soil enzymatic activities and microbial population[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2014, 45(1): 85-88. (in Chinese)
- [12] 黄 毅, 毕素艳, 邹洪涛, 等. 秸秆深层还田对于米根系及产量的影响[J]. 玉米科学, 2013, 21(5): 109-112.
- HUANG Yi, BI Su-yan, ZOU Hong-tao, et al. Effect of straw deep returning on corn root system and yield[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2013, 21(5): 109-112. (in Chinese)
- [13] 王喜艳, 张亚文, 冯 燕, 等. 玉米秸秆深层还田技术对土壤肥力和玉米产量的影响研究[J]. 干旱地区农业研究, 2013, 31(6): 103-107.
- WANG Xi-yan, ZHANG Ya-wen, FENG Yan, et al. Effects of deep maize straw returning on soil fertility and maize yields[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2013, 31(6): 103-107. (in Chinese)
- [14] 萨如拉, 高聚林, 于晓芳, 等. 玉米秸秆深翻还田对土壤有益微生物和土壤酶活性的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2014, 28(7): 138-143.
- SA Ru-la, GAO Ju-lin, YU Xiao-fang, et al. Effect of straw-deep incorporation on soil beneficial microorganism and soil enzyme activities[J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2014, 28(7): 138-143. (in Chinese)
- [15] 曾木祥, 王蓉芳, 彭世琪. 我国主要农区秸秆还田试验总结[J]. 土壤通报, 2002, 33(5): 336-339.
- ZENG Mu-xiang, WANG Rong-fang, PENG Shi-qi. Summary of returning straw into field of main agricultural areas in China[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2002, 33(5): 336-339. (in Chinese)
- [16] 赵 江, 张怡明, 牛兴奎, 等. 不同密度条件下玉米根系性状在不同土层中的分布研究[J]. 华北农学报, 2011, 26(增刊): 99-103.
- ZHAO Jiang, ZHANG Yi-ming, NIU Xing-kui, et al. Studies on the distribution of maize root characteristics at different soil layers and densities[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2011, 26(suppl): 99-103. (in Chinese)
- [17] Wang Y P, Shi J Y, Wang H, et al. The influence of soil heavy metals pollution on soil microbial biomass, enzyme activity, and community composition near a copper smelter[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2007, 67(1): 75-81.
- [18] 姚槐应, 黄昌勇. 土壤微生物生态学及其实验技术[M]. 北京: 科学出版社, 2006.
- YAO Huai-ying, HUANG Chang-yong. Soil microbial ecology and experimental technology[M]. Beijing: Science Press, 2006. (in Chinese)
- [19] 关松荫. 土壤酶及研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1986: 274-332.
- GUAN Song-yin. Soil enzyme and study method[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986: 274-332. (in Chinese)
- [20] 卜洪震, 王丽宏, 尤金成, 等. 长期施肥管理对红壤稻田土壤微生物量碳和微生物多样性的影响[J]. 中国农业科学, 2010, 42(16): 3340-3347.
- PU Hong-zhen, WANG Li-hong, YOU Jin-cheng, et al. Impact of long-term fertilization on the microbial biomass carbon and soil microbial communities in paddy red soil[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 42(16): 3340-3347. (in Chinese)
- [21] 张林森, 杨正友, 孙红伟, 等. 转植酸酶玉米生育期及秸秆还田期根际微生物数量和细菌菌群多样性[J]. 山东农业科学, 2013, 45(3): 71-75.
- ZHANG Lin-sen, YANG Zheng-you, SUN Hong-wei, et al. Quantity of microorganism and diversity of bacterial community in rhizosphere of transgenic maize with phytase gene in growth and straw-returning periods[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2013, 45(3): 71-75. (in

- Chinese)
- [22] 刘素慧,刘世琦,张自坤,等.大蒜连作对其根际土壤微生物和酶活性的影响[J].中国农业科学,2010,43(5):1000-1006.  
LIU Su-hui, LIU Shi-qi, ZHANG Zi-kun, et al. Influence of garlic continuous cropping on rhizosphere soil microorganisms and enzyme activities[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(5): 1000-1006. (in Chinese)
- [23] 夏 强,陈晶晶,王雅楠,等.秸秆还田对土壤脲酶活性微生物量氮的影响[J].安徽农业科学,2013,41(10):4345-4349.  
XIA Qiang, CHEN Jing-jing, WANG Ya-nan, et al. Effects of straw re-turning on soil urease activity and soil microbial biomass nitrogen[J]. *Journal of Anhui Agricultural Science*, 2013, 41(10): 4345-4349. (in Chinese)
- [24] 马瑞霞,刘秀芬,袁光林,等.小麦根区微生物分解小麦残体产生的化感物质及其生物活性的研究[J].生态学报,1996,16(6):632-639.  
MA Rui-xia, LIU Xiu-fen, YUAN Guang-lin, et al. Study on allelochemicals in the process of decomposition of wheat straw by microorganisms and their bioactivity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 1996, 16(6): 632-639. (in Chinese)
- [25] 卢秉林,车宗贤,包兴国,等.河西绿洲灌区玉米秸秆带膜还田腐解特征研究[J].生态环境学报,2012,21(7):1262-1265.  
LU Bing-lin, CHE Zong-xian, BAO Xing-guo, et al. Decomposition characteristics of corn straw return to planting row above cover plastic film in Hexi oasis irrigation[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2012, 21(7): 1262-1265. (in Chinese)
- [26] 匡恩俊,迟凤琴,宿庆瑞,等.不同还田方式下玉米秸秆腐解规律的研究[J].玉米科学,2012,20(2):99-101,106.  
KUANG En-jun, CHI Feng-qin, XU Qing-rui, et al. Decomposition characteristics of maize straws under different returning methods[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2012, 20(2): 99-101, 106. (in Chinese)
- [27] 刘新晶,许艳丽,李春杰,等.大豆轮作系统对土壤细菌生理菌群的影响[J].大豆科学,2007,26(5):723-727.  
LIU Xin-jing, XU Yan-li, LI Chun-jie, et al. Effect of soybean rotation system on the bacterial physiological groups[J]. *Soybean Science*, 2007, 26(5): 723-727. (in Chinese)
- [28] 时 鹏,高 强,王淑平,等.玉米连作及其施肥对土壤微生物群落功能多样性的影响[J].生态学报,2010,30(22):6173-6182.  
SHI Peng, GAO Qiang, WANG Shu-ping, et al. Effects of continuous cropping of corn and fertilization on soil microbial community functional diversity[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2010, 30(22): 6173-6182. (in Chinese)