



农业资源与环境学报

CSCD 核心期刊
中文核心期刊
中国科技核心期刊

JOURNAL OF AGRICULTURAL RESOURCES AND ENVIRONMENT

欢迎投稿 <http://www.aed.org.cn>

秸秆覆盖休耕对土壤C、N、P循环功能基因的影响

王根林, 段衍, 刘峥宇, 王译阳, 刘沅漫, 孙磊, 李玉梅

引用本文:

王根林,段衍,刘峥宇,王译阳,刘沅漫,孙磊,李玉梅. 秸秆覆盖休耕对土壤C、N、P循环功能基因的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2024, 41(2): 325–332.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.13254/j.jare.2023.0185>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

秸秆还田方式对旱地草甸土活性有机碳组分的影响

李玉梅, 王根林, 孟祥海, 胡颖慧, 王伟, 李建英, 张冬梅

农业资源与环境学报. 2021, 38(2): 268–276 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0154>

秸秆还田深度对春玉米农田土壤有机碳、氮含量和土壤酶活性的影响

王峥宇, 廉宏利, 孙悦, 马梓淇, 田平, 齐华, 姜英

农业资源与环境学报. 2021, 38(4): 636–646 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0378>

长期定位耕作方式下冬小麦田根系呼吸对土壤呼吸的贡献

周鹏翀, 沈莹, 许姣姣, 韩惠芳, 宁堂原, 李增嘉

农业资源与环境学报. 2019, 36(6): 766–773 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2018.0338>

减肥条件下生物质炭施用对水稻田土壤细菌多样性的影响

陈重军, 凌学林, 邢龙, 冯健, 吴羽希, 范静, 孙远博, 廖方新

农业资源与环境学报. 2021, 38(3): 385–392 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2020.0327>

土壤微生物敏感菌及信号调节途径对邻苯二甲酸二甲酯的响应

王春龙, 王志刚, 由义敏, 吕智航, 刘泽平, 陈文晶, 史一然

农业资源与环境学报. 2018, 35(3): 215–221 <https://doi.org/10.13254/j.jare.2017.0325>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

王根林, 段衍, 刘峥宇, 等. 秸秆覆盖休耕对土壤C、N、P循环功能基因的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2024, 41(2): 325–332.

WANG G L, DUAN Y, LIU Z Y, et al. Effects on carbon, nitrogen, and phosphorus cycling functional genes under straw mulching and fallow cultivation[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2024, 41(2): 325–332.



开放科学 OSID

秸秆覆盖休耕对土壤C、N、P循环功能基因的影响

王根林¹, 段衍², 刘峥宇³, 王泽阳⁴, 刘沅漫¹, 孙磊¹, 李玉梅^{1*}

(1. 黑龙江省黑土保护利用研究院, 农业农村部黑土地保护与利用重点实验室, 哈尔滨 150086; 2. 中国科学院合肥物质科学研究院, 合肥 230031; 3. 黑龙江北大荒现代农业服务集团有限公司宝泉岭分公司, 黑龙江 佳木斯 154211; 4. 北大荒农业股份有限公司新华分公司, 黑龙江 鹤岗 154213)

摘要:为了探索一种适于坡耕地的基于种养结合的耕作方式, 采用田间试验结合基因芯片研究方法, 探究了秸秆覆盖休耕技术[包括隔年秸秆覆盖休耕+旋耕(RF)、2年旋耕+1年秸秆覆盖休耕(RRF)]与常规耕作(CRT, 秸秆移除后旋耕)对土壤C、N、P循环的影响。结果表明: 外源C的投入激发了土壤微生物对有机物料的降解潜力, 无论是RF处理, 还是RRF处理, 参与土壤C循环的降解功能基因(*acsE*、*xyIA*和*rbcL*)丰度均有一定程度的增加, *xyIA*基因平均相对丰度较CRT处理增加43.12%, 而秸秆不还田的CRT处理中参与C同化基因(*acsA*)的丰度显著增加, 平均增加33.03%; CRT处理参与N循环基因的丰度降低, 而秸秆覆盖还田促进了土壤中N从NH₄-N向NO₃-N的转化, *gdh*基因丰度增加; 秸秆覆盖还田后土壤活性P的积累增强, 碱性磷酸酶基因(*phoD*)丰度较CRT处理平均增加59.57%, *phoD*与速效P和*phnK*基因丰度呈显著正相关。研究表明, 秸秆覆盖还田促进了土壤微生物C、N、P周转, 进而促进外源有机C的转化和土壤有机C的积累, 短期内秸秆当季覆盖休耕与上季覆盖休耕处理间差异不大。研究结果为东北黑土区坡耕地实施保护性耕作和防控土壤侵蚀提供了科学依据。

关键词: 秸秆还田; 基因芯片; 土壤元素循环; 微生物功能; 耕作

中图分类号: S154.3; S345 文献标志码: A 文章编号: 2095-6819(2024)02-0325-08 doi: 10.13254/j.jare.2023.0185

Effects on carbon, nitrogen, and phosphorus cycling functional genes under straw mulching and fallow cultivation

WANG Genlin¹, DUAN Yan², LIU Zhengyu³, WANG Yiyang⁴, LIU Fengman¹, SUN Lei¹, LI Yumei^{1*}

(1. Heilongjiang Black Soil Conservation and Utilization Research Institute, Key Laboratory of Black Land Protection and Utilization of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Harbin 150086, China; 2. Hefei Institutes of Physical Science, Chinese Academy of Sciences, Hefei 230031, China; 3. Baoquanling Branch of Heilongjiang Beidahuang Modern Agricultural Service Co., Ltd., Jiamusi 154211, China; 4. Xinhua Branch of Beidahuang Agriculture Co., Ltd., Hegang 154213, China)

Abstract: To explore a protective tillage method based on planting and land cultivation suitable for sloped farmland, field experiments in combination with gene chip research methods were used to study the effects of straw mulching and fallow cultivation technology (including alternate year straw mulch fallow with rotary tillage (RF) and 2-year rotary tillage with annual straw mulch fallow (RRF)) in comparison with conventional tillage (CRT, rotary tillage after straw removal) measures on soil carbon, nitrogen, and phosphorus cycling functional genes. The results showed that inputting exogenous C stimulated the organic matter degradation potential of soil microorganisms, whether straw mulching was performed in the previous season or the current season, and that the abundance of degradation functional genes (*acsE*, *xyIA* and *rbcL*) involved in the soil C cycle increased to a certain extent. The average relative abundance of the *xyIA* gene increased by

收稿日期: 2023-03-23 录用日期: 2023-05-24

作者简介: 王根林(1971—), 男, 河北迁安人, 研究员, 主要从事土壤研究。E-mail: wanggenlin2005@163.com

*通信作者: 李玉梅 E-mail: liyumeiwxyl@126.com

基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFD1500704, 2022YFD1500305); 国家大豆产业技术体系(CARS-04); 中国与联合国开发计划署合作项目(CPR/21/401)

Project supported: National Key Research and Development Program of China(2022YFD1500704, 2022YFD1500305); China Agriculture Research System of MOF and MARA(CARS-04); Program for Cooperation between China and the United Nations Development(CPR/21/401)

43.12% compared with that of the CRT treatment. Conventional tillage without straw return to the field significantly increased the relative abundance of the genes involved in C assimilation, such as *acsA*, which increased by 33.03%. After straw mulching and fallow cultivation, the abundance of the *gdh* gene was increased, indicating promotion of the transformation of soil N from ammonium N to nitrate N. Similarly, accumulation of active P was higher, and the abundance of the alkaline phosphatase gene *phoD*, which was positively correlated with that of AP and *phnK* genes, increased by an average of 59.57% compared with the value of CRT. The turnover capacity of soil microorganism C, N, and P was improved under straw return, and the conversion of exogenous organic carbon and accumulation of soil SOC were increased. Although there was little difference between straw mulching in the current season and that in the previous season in the short term, these results provide a scientific basis for the implementation of protective farming techniques on sloped farmland to prevent and control water and soil loss in the black soil region of northeast China.

Keywords: straw return; gene chip; soil element recycling; microbial function; tillage

秸秆是农田生态系统的重要组成部分,其在维持土壤肥力、保障作物正常生长以及改善土壤物理环境中发挥着重要作用,而微生物是这一过程的重要驱动力^[1]。长期秸秆还田通过外源C、N输入改变土壤微生物潜力与功能,进而影响土壤元素循环^[2]和呼吸作用,导致土壤C、N循环和温室气体排放的变化^[3]。微生物功能的变化对土壤有机质的积累和分解有重要影响^[4]。首先,微生物功能的变化直接影响土壤活性C、N、P的周转,而土壤C和养分的变化反过来限制了微生物对土壤有机质的降解能力,进一步影响土壤C、N周转过程。因此,揭示土壤C、N、P等元素周转的微生物机制对提升土壤肥力、提高作物产量、减缓温室效应至关重要。

功能基因芯片是在芯片上编码各种与生态学和生物功能过程^[5](如C和N的固定、硝化和反硝化、P的活化以及S的形态转化等)或生物降解作用相关的酶的基因,利用功能基因丰度表征土壤元素循环过程相关功能微生物的数量变化,以及功能基因与土壤性质、微生物群落结构间的关系,进而揭示土壤元素循环过程的分子机制^[6]。通过微生物土壤元素周转功能基因的高通量定量检测,可综合分析土壤C、N、P循环的整体水平及其影响因素,为土壤质量与功能评价提供新的切入点^[7-8]。

以秸秆覆盖为主的保护性耕作是防控地表径流和土壤侵蚀的有效措施。目前东北黑土区坡耕地土壤侵蚀呈扩大趋势,而关于秸秆覆盖休耕对坡耕地土壤微生物元素周转的影响研究还较少。本研究应用含有C、N、P循环等相关功能基因的芯片,分析了坡耕地秸秆覆盖间歇式休耕土壤微生物功能基因多样性,探讨土地耕种/覆盖变化对土壤C、N、P循环微生物功能基因的影响,为东北黑土区坡耕地应用以秸秆覆盖为主的保护性耕作技术提供科学的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验区位于黑龙江省牡丹江市海林镇(44°50' N, 129°57' E),年平均气温5.7℃,年平均降水量550 mm,平均活动积温2 400~2 600℃,土壤类型为暗棕壤,地形坡度5°~10°。试验地坡度为6°,其土壤基础理化指标:全N 1.60 g·kg⁻¹,碱解N 105.20 mg·kg⁻¹,有效P 36.50 mg·kg⁻¹,有机质 24.30 g·kg⁻¹,pH 5.30。

试验区1981—2010年30年间平均降水量为530.5 mm,7—8月降雨最为集中,占全年降水量的46.2%,冬季和春季平均降水量和总降水量均较低。2020年全年降水量为650.4 mm,高于历年平均水平,但降雨分配不均现象明显:最高降雨时段出现在8月和9月,降雨量分别达到180 mm和142.3 mm,占全年降水量的49.6%;1—4月和11—12月降水量仅为42.5 mm和30.5 mm。冬季少雪、春季干旱是当地显著的气候特征。

1.2 试验设计

试验于2019年3月—2021年10月进行,设置3个处理:①旋耕—休耕(RF),1年耕种1年休耕;②旋耕—旋耕—休耕(RRF),2年耕种1年休耕;③旋耕—旋耕—旋耕(CRT),3年连续耕种且秸秆离田。其中,休耕季秸秆均覆盖地表且当季休闲,旋耕季秸秆均全部离田,仅留根茬。休耕处理的秸秆覆盖还田于每年春季进行,用集行机(9GHJ-H(4),长春)将秸秆归行后直接覆盖地表,旋耕区采用根茬耙茬旋耕方式。每个处理面积为4行×0.60 m×40 m,3次重复。选择当地主栽玉米品种,生育期120~125 d,种植密度为5 000株·hm⁻²。N-P₂O₅-K₂O施肥总量分别为150-100-50 kg·hm⁻²,其中追施N肥量为纯N 100 kg·hm⁻²,田间管理措施保持一致。

1.3 测定项目与方法

1.3.1 样品采集

2021年10月采集0~20 cm土层土壤样品,一部分自然风干后,参照相关研究^[9-10]测定土壤全量N(TN)、碱解N(AN)、有机C(SOC)、水溶性有机C(WSOC)、颗粒有机C(POC)、矿物态有机C(MOC)、速效P(AP)、溶解态有机P(DOP)等指标;一部分新鲜土样低温保存用于铵态氮(NH₄⁺-N)、硝态氮(NO₃⁻-N)、微生物量C(MBC)、微生物量N(MBN)以及微生物功能基因芯片检测。

1.3.2 功能基因芯片检测

基于SmartChip Real-Time PCR System可对多个样本进行高效性、高通量、高精确性和高灵敏度的目标基因检测和定量计算。首先对样本中的微生物总DNA进行提取,再进行总量及纯度检测。检测合格后将DNA样品和qPCR所用的试剂添加至384孔板作为样品板(Sample Source plate),同时将引物和qPCR所用的试剂添加至另一384孔板作为引物板(AssaySource plate)。采用高通量自动微量加样设备分别将样品板和引物板试剂添加至高通量qPCR芯片的纳米孔中,在SmartChip Real-Time PCR System中进行qPCR反应及荧光信号检测,检测后系统自动生成扩增曲线和溶解曲线。使用Canco软件获得各基因在各样本中的检出情况和CT值(扩增循环数),并以16S rRNA作为内参对数据进行标准化得到各基因在各样本中相对定量信息。利用Roche仪器检测获得16S rRNA基因的绝对定量信息,经过换算获得其他基因的绝对定量信息(广州美格测序公司)。细菌和基因丰度以每克土中的拷贝数表示。

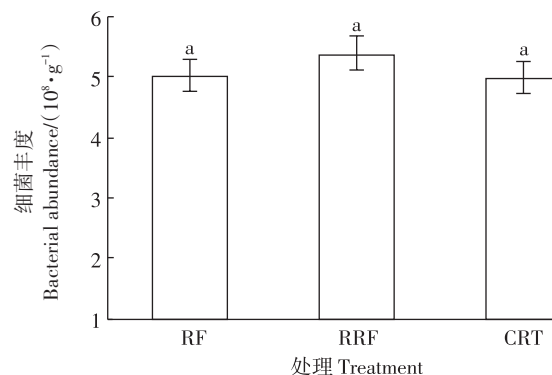
1.3.3 数据分析

试验数据用Excel 2013处理,采用SPSS 25.0软件进行不同处理间的显著性分析($P<0.05$),采用R4.1.3软件中corrplot包制作相关性分析热图。

2 结果与分析

2.1 秸秆覆盖休耕对细菌丰度的影响

不同处理对细菌丰度无显著影响,处理间变化不大(图1),但对主要元素循环功能基因组成有一定的影响(图2)。试验共检测到71个基因,其中包括C循环的16个降解基因、11个C固定基因、4个甲烷代谢基因和N、P、S循环的35个基因,以及5个其他基因。RF、RRF和CRT处理土壤C循环基因相对丰度分别为33.45%、33.54%和30.25%,N循环基因相对丰度分



不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。
Different small letters indicate significant difference among treatments at the 0.05 level. The same below.

图1 土壤细菌丰度变化

Figure 1 Variation of soil bacterial abundance

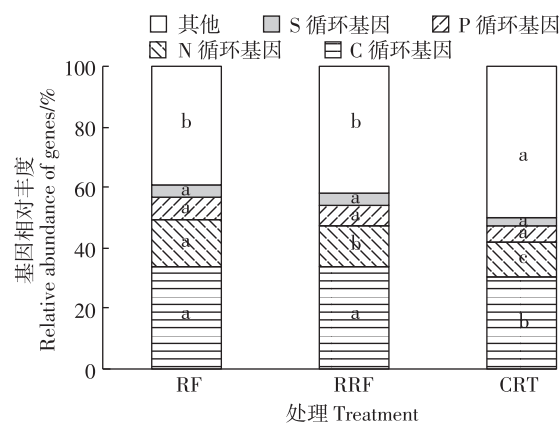


图2 土壤主要元素循环基因相对丰度变化

Figure 2 Change of relative abundance of main elements cycling genes in soil

别为16.03%、13.99%和11.40%,其他基因相对丰度分别为39.27%、41.81%和49.72%,RF和RRF处理间C循环基因和其他基因相对丰度差异不大。RF、RRF和CRT处理土壤P循环基因相对丰度分别为7.46%、6.73%和5.56%。

2.2 秸秆覆盖休耕对土壤C循环基因丰度的影响

秸秆覆盖还田可通过提高表层土壤活性有机C组分含量来增加土壤微生物C源,从而促进土壤微生物C源利用。*acsA*同化基因是供试土壤C循环丰度最高的基因类型,相对丰度27.26%,其次为*mct*和*acsE*同化基因。C循环降解基因中*abfA*和*xylA*丰度较高(图3),相对丰度分别为7.75%和6.12%。秸秆不还田下微生物为了获取足够的C源,C同化能力增强,CRT处理*acsA*基因丰度显著高于RF和RRF处理,相对丰度增加33.03%($P<0.05$)。与*acsA*基因变

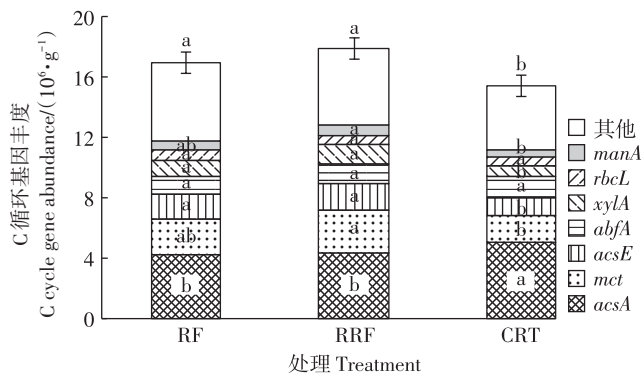


图3 不同处理土壤C循环基因丰度

Figure 3 Abundance of C cycling genes in soils under different treatments

化不同,CRT处理C同化基因 *mct* 和 *acsE* 基因丰度均低于RRF和RF处理,而 *rbcL* 基因在各处理间变化不大。*abfA*、*xylA* 和 *manA* 基因均为C降解基因,秸秆还田处理后C的降解潜力增强,RRF和RF处理 *xylA* 基因丰度显著高于CRT处理,平均相对丰度增加43.12% ($P<0.05$),而RF与RRF、CRT处理 *manA* 基因丰度差异不显著。RF和RRF处理由于均有秸秆C的输入,无论是C的同化基因还是降解基因,两者丰度差异均不显著。

2.3 秸秆覆盖休耕对土壤N循环基因丰度的影响

硝化和反硝化过程是土壤N循环的两个重要过程^[11],其中 *UreC*、*nirK-3* 和 *nirS-1* 是研究硝化和反硝化过程的重要功能基因^[12],而亚硝酸还原酶基因 *nirK* 和 *nirS* 作为反硝化微生物最重要的功能基因参与反硝化过程^[13]。由图4可见, *UreC* 基因是供试土壤N循环丰度最高的基因类型,无秸秆还田的CRT处理 *UreC* 基因丰度较RRF和RF处理平均降低51.81%,差

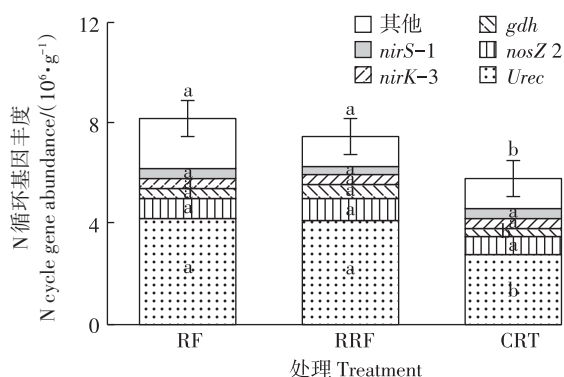


图4 不同处理土壤N循环基因丰度

Figure 4 Abundance of N cycling genes in soils under different treatments

异显著 ($P<0.05$)。与 *UreC* 基因丰度变化一致,CRT处理 *gdh* 基因与RRF和RF处理差异显著。3个处理均检测出参与N循环反硝化作用的主要功能基因 *nirS-1*、*nirK-3* 和 *nosZ 2*,但处理间丰度无显著差异。N循环基因丰度表明,进行秸秆覆盖还田后微生物的N循环能力显著提升,而CRT处理由于连续无秸秆输入,导致N循环基因的丰度降低。参与微生物固N(*nifH*、*nifD*、*nifK*)、硝化(*amoA*、*amoB*)和反硝化(*narG*、*napA*)等过程的功能基因丰度在处理间均未表现出差异,可能与土壤类型和秸秆还田及休耕周期有关^[14]。

2.4 秸秆覆盖休耕对土壤P循环基因丰度的影响

玉米秸秆中同时富含P元素。*phnK* 基因是土壤P循环中丰度最高的基因类型(图5),RRF处理 *phnK* 基因丰度最高,CRT处理最低,两者差异显著 ($P<0.05$)。RF和RRF处理的 *phoD* 与 *ppx* 丰度均与CRT处理差异显著,平均较CRT处理增加59.57%和55.68%,表明秸秆覆盖还田处理显著提升了土壤微生物的P循环能力,而秸秆不还田的常规耕作处理P循环基因丰度降低。

2.5 土壤化学性质与C、N、P循环基因相关性分析

秸秆覆盖还田能够促进土壤有机质在表层积累,使养分分布状况出现成层现象。由表1可见,0~20 cm土层有秸秆覆盖处理的RF与RRF处理 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量较CRT处理分别降低38.67%和48.99%,AP含量分别增加16.31%和19.93%,差异显著 ($P<0.05$)。由于秸秆还田时间、腐解速率不同,上季秸秆覆盖本季旋耕与当季秸秆覆盖休耕对土壤有机碳及其组分的影响不同,RF处理土壤SOC、WSOC、POC含量较RRF和CRT处理显著增加,其中WSOC含量RF较当季秸秆

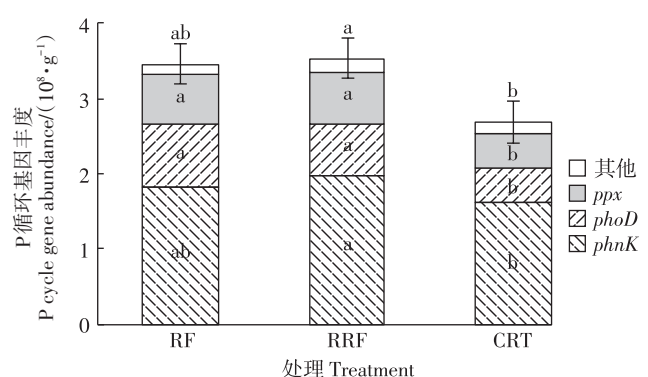


图5 不同处理土壤P循环基因丰度

Figure 5 Abundance of P cycling genes in soils under different treatments

覆盖休闲的RRF处理增加15.16%。
通过分析土壤SOC组分及N、P组分与C、N、P循环功能基因的相关性发现,SOC组分含量与C循环功能基因丰度呈现显著的相关关系(图6a)。SOC主要

表 1 不同处理土壤化学指标变化

Table 1 Changes of soil chemical indexes under different treatments

指标 Indicator	RF	RRF	CRT
全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	1.75±0.10a	1.58±0.03a	1.62±0.02a
碱解氮 AN/(mg·kg ⁻¹)	110.01±2.76a	97.04±4.02b	98.01±2.35b
硝态氮 NO ₃ ⁻ -N/(mg·kg ⁻¹)	11.58±0.94a	12.55±1.29a	10.02±0.98b
铵态氮 NH ₄ ⁺ -N/(mg·kg ⁻¹)	5.17±0.95b	4.30±0.76b	8.43±0.61a
微生物生物量氮 MBN/(mg·kg ⁻¹)	13.01±0.66a	10.87±0.47b	13.37±0.43a
pH	5.34±0.03a	5.38±0.13a	5.23±0.07a
速效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	42.65±0.89a	43.98±0.47a	36.67±0.64b
溶解态有机磷 DOP/(mg·kg ⁻¹)	6.82±0.29a	2.70±0.53c	4.21±0.46b
水溶性有机碳 WSOC/(mg·kg ⁻¹)	21.72±1.03a	18.86±0.95b	17.31±0.69b
有机碳 SOC/(g·kg ⁻¹)	16.71±1.12a	14.03±1.18b	13.55±0.26b
颗粒有机碳 POC/(g·kg ⁻¹)	0.94±0.02a	0.45±0.05b	0.30±0.02b
矿物态有机CMOC/(g·kg ⁻¹)	6.81±0.03a	6.42±0.05a	6.90±0.07a
微生物生物量碳 MBC/(mg·kg ⁻¹)	305.85±6.42a	236.06±3.91b	200.97±5.46b

注:同行不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。
Note: Different small letters in the same row indicate a significant difference among treatments at the 0.05 level.

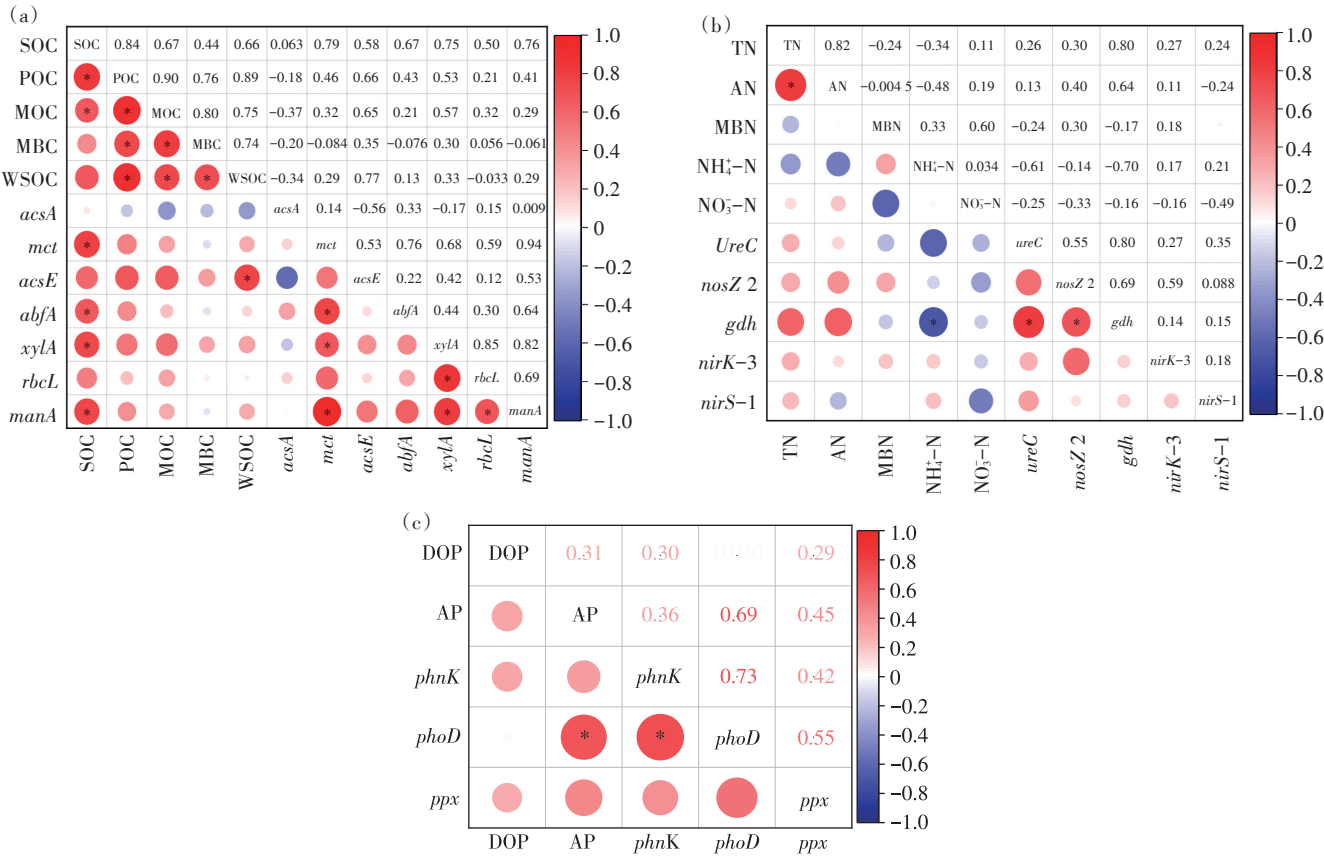


图 6 C、N、P 循环功能基因的相关性分析

Figure 6 Correlation analysis of C, N, and P cycle function genes

与C降解功能基因(*manA*、*abfA*和*xylA*)及同化基因(*mct*)丰度正相关,表明秸秆还田促进了微生物降解秸秆的功能潜力,有利于SOC积累。而土壤WSOC含量与*acsE*基因丰度显著正相关,表明微生物同化的C是WSOC的主要来源。

秸秆还田措施能够提升*gdh*基因丰度,表明微生物N周转能力的增加促进了土壤中N从 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 向 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的转化,因此*gdh*基因丰度与 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量显著负相关(图6b),*UreC*、*nosZ* 2基因与*gdh*基因也显著正相关。*phoD*基因是土壤中最重要碱性磷酸酶基因,热图结果(图6c)表明,*phoD*与AP显著正相关,秸秆还田促进了活性P的积累,使其更容易被微生物和作物根系利用,*phoD*基因丰度与*phnK*基因显著正相关。

3 讨论

微生物在元素的生物地球化学循环中可促进有机物的分解、无机离子的生物同化、无机离子和化合物的氧化作用。秸秆还田、耕作与施肥等措施均可影响土壤微生物的多样性和功能基因的丰度。

3.1 秸秆覆盖休耕促进外源有机C的降解和土壤SOC的积累

秸秆还田方式影响土壤微生物群落分布和功能特征^[15],秸秆覆盖同时减少耕作可提高表层土壤细菌总量,增加微生物多样性^[16]。与传统耕作秸秆不还田相比,免耕、免耕秸秆还田和秸秆翻耕还田均显著提高了土壤微生物多样性指数^[17],免耕秸秆覆盖后土壤微生物总C源利用率及不同C源利用率均高于秸秆翻耕还田和传统耕作^[18]。张于光等^[19]研究认为,土地覆盖直接影响土壤有机C降解微生物的多样性和丰度,进而影响土壤有机C的动态变化和微生物C、N循环^[18]。本研究发现无论是隔年秸秆覆盖休耕,还是2年旋耕1年秸秆覆盖休耕,参与土壤C循环的降解功能基因(*mct*、*acsE*、*xylA*和*rbcL*)丰度均有一定程度的增加,而常规耕作秸秆不还田处理参与C同化的基因(*ascA*)丰度增加,表明秸秆还田后,外源C的投入激发了土壤微生物的有机物料的降解潜力,促进有机C的周转;而在没有秸秆还田的处理下,由于缺少外源C的投入,为了平衡土壤中的C/N,微生物的固C潜力提升,从而增加了*acsA*基因丰度。

微生物对环境因子的选择存在差异性。张森等^[14]发现黑土区农田土壤细菌群落主要受pH的影响,而真菌群落则主要受TC含量的制约,土壤pH、全N、全P、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、MBC和MBN等理化指标与土

壤微生物群落结构变化显著相关,而土壤固C细菌群落结构受土壤pH和全N含量显著影响^[18]。本研究表明,土壤SOC与C降解功能基因(*manA*、*abfA*和*xylA*)及同化基因(*mct*)丰度正相关,WSOC与*acsE*基因丰度显著正相关,表明秸秆还田使微生物降解外源有机物料的功能潜力提升,进而使更多的外源C转化为SOC,有利于SOC的积累。本研究结果表明,供试土壤具有较强的C同化能力,秸秆还田是影响土壤微生物C循环功能潜力的重要措施,秸秆覆盖还田后微生物的功能从C同化转化为C分解,有利于SOC的积累和土壤肥力提升。

3.2 秸秆覆盖休耕促进土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 向 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的转化

与N循环相关的微生物功能基因丰度是预测土壤N循环(如硝化和反硝化)速率的重要指标,其中硝化速率的最佳预测变量为细菌*amoA*基因丰度,其次是 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量。反硝化速率的最佳预测变量为*nosZ* 2基因丰度,其次是*nirK/nirS*基因丰度。东北黑土农田土壤中氨氧化古菌(AOA)*amoA*基因丰度显著高于氨氧化细菌(AOB)*amoA*基因丰度^[14]。本研究中氨氧化古菌*amoA*基因丰度在各处理间差异不大,但高于氨氧化细菌*amoA*基因丰度,与张森等^[14]的研究结果一致。吴汉卿等^[20]发现 N_2O 还原酶的编码功能基因*nosZ*在不同生境类型和环境条件下,*nosZ*谱系广泛多样且相对丰度不同,随土壤深度增加*nirS*型反硝化微生物的基因丰度逐渐降低,说明土壤反硝化过程主要发生在土壤的浅表层^[21]。本研究中*nosZ*与*nirK/nirS*基因丰度均较高,也表明土壤反硝化速率增强^[20-22],硝化速率降低^[23]与秸秆覆盖地表和旋耕作业对表土层的扰动有关。*UreC*参与尿素水解产生氨和氨基甲酸酯,从而为微生物提供N源。本研究发现秸秆覆盖还田后细菌脲酶结构基因*UreC*丰度显著高于传统耕作秸秆不还田处理,秸秆中富含N元素,可为微生物生长提供一定的养分,因此增加了*UreC*基因丰度。有研究认为,土壤pH和TC是N循环微生物基因丰度空间分布的最主要驱动因子^[14],而本研究发现参与N循环的*amoA*基因丰度与SOC含量显著相关,这与秸秆覆盖还田提高了土壤有机碳含量有关。作物根茬及还田秸秆可提高土壤*nifH*基因和*napA*基因丰度^[24],种植大豆的土壤*nifH*基因丰度显著高于种植玉米的土壤,说明作物类型对基因丰度也有一定的影响^[14-18]。综合分析表明,秸秆覆盖还田促进了微生物对秸秆N和化肥N的快速利用,以及土壤中N素由 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 向 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 的转化,有利于土壤N的积累。

3.3 秸秆覆盖休耕促进土壤微生物的P循环

磷酸酶基因家族中的 $phoD$ 基因可作为探究农业生态系统中有机P矿化过程的生物指示物^[25]。种植玉米60 a后,土壤中含 $phoD$ 基因细菌的多样性显著下降,群落结构发生明显改变,而土壤pH值改变及C、N元素含量降低是影响 $phoD$ 细菌群落结构改变进而影响土壤P素循环的主要因素^[26-28]。本研究中RF与RRF处理的 $phoD$ 和 ppx 基因丰度均与不还田的常规耕作处理差异显著,且土壤AP变化与 $phoD$ 基因显著正相关,表明秸秆覆盖还田与休耕处理显著提升了土壤微生物的P循环能力。

4 结论

(1)与常规耕作秸秆不还田比较,秸秆覆盖休耕影响了土壤微生物功能,促进了土壤微生物C、N、P等功能基因的周转,进而促进SOC和AP的积累以及土壤N由 NH_4^+-N 向 NO_3^--N 的转化,有利于土壤C、N、P的积累。

(2)一个轮耕周期内,当季秸秆覆盖休耕与上季秸秆覆盖休耕对土壤主要元素循环功能基因的影响差异不明显,但与未秸秆还田的连续常规耕作差异较大。

参考文献:

- [1] 李玉洁,王慧,赵建宁,等.耕作方式对农田土壤理化因子和生物特性的影响[J].应用生态学报,2015,26(3):10-15. LI Y J, WANG H, ZHAO J N, et al. Effects of tillage methods on soil physicochemical properties and biological characteristics in farmland: a review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(3): 10-15.
- [2] XUE K, YUAN M M, SHI Z J, et al. Tundra soil carbon is vulnerable to rapid microbial decomposition under climate warming[J]. *Nature Climate Change*, 2016, 6: 595-600.
- [3] JUNG J, YEOM J, HAN J, et al. Seasonal changes in nitrogen-cycle gene abundances and in bacterial communities in acidic forest soils[J]. *Microbiology*, 2012, 50(3): 365-373.
- [4] SONG Y, SONG C, REN J, et al. Short-term response of the soil microbial abundances and enzyme activities to experimental warming in a boreal peatland in northeast China[J]. *Sustainability*, 2019, 11(3): 590.
- [5] NEUFELD J D, MOHN W W, LORENZO V D. Composition of microbial communities in hexachlorocyclohexane (HCH) contaminated soils from Spain revealed with a habitat-specific microarray[J]. *Environmental Microbiology*, 2006, 8(1): 126-140.
- [6] YERGEAU E, KANG S, HE Z, et al. Functional microarray analysis of nitrogen and carbon cycling genes across an Antarctic latitudinal transect[J]. *ISME Journal*, 2007, 1: 163-179.
- [7] PHILIPPOT L, GERMON J C. Contribution of bacteria to initial input and cycling of nitrogen soils[M]//Microorganisms in soils: roles in gene-

- sis and functions. Berlin: Springer-Verlag, 2005: 159-172.
- [8] 李飞,韩兴,马秀兰,等.秸秆覆盖对东北黑土区坡耕地产流产沙及氮磷流失的阻控[J].水土保持学报,2020,34(4):37-42. LI F, HAN X, MA X L, et al. Straw mulch controls runoff and nitrogen and phosphorus loss from slope farmland in black soil region of northeast China[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2020, 34(4): 37-42.
 - [9] 吴金水,林启美,黄巧云,等.土壤微生物生物量测定方法及其应用[M].北京:气象出版社,2006. WU J S, LIN Q M, HUANG Q Y, et al. Soil microbial biomass - methods and application[M]. Beijing: China Meteorological Press, 2006.
 - [10] 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. Soil agrochemistry analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
 - [11] WANG H, YANG S H, YANG J P, et al. Temporal changes in soil bacterial and archaeal communities with different fertilizers in tea orchards[J]. *Journal of Zhejiang University: Science B*, 2014, 15(11): 953-965.
 - [12] DI H J, CAMERON K C, PODOLYAN A, et al. Effect of soil moisture status and a nitrification inhibitor, dicyandiamide, on ammonia oxidizer and denitrifier growth and nitrous oxide emissions in a grassland soil[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 73: 59-68.
 - [13] 李娜,王根绪,高永恒,等.模拟增温对长江源区高寒草甸土壤养分状况和生物学特性的影响研究[J].土壤学报,2010,47(6):1214-1224. LI N, WANG G X, GAO Y H, et al. Effects of simulated warming on soil nutrients and biological characteristics of alpine meadow soil in the headwaters region of the Yangtze River[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2010, 47(6): 1214-1224.
 - [14] 张森,刘俊杰,刘株秀,等.黑土区农田土壤N循环关键过程微生物基因丰度的分布特征[J].土壤学报,2022,59(5):1258-1269. ZHANG M, LIU J J, LIU Z X, et al. Distribution characteristics of microbial gene abundance in key processes of soil nitrogen cycling in black soil zone[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(5): 1258-1269.
 - [15] 马力,谢逸豪,吴耿,等.地热环境中硫循环微生物研究进展:对早期地球生命过程的启示[J].地学前缘,2023,30(2):479-494. MA L, XIE Y H, WU G, et al. Research progress in microbial-mediated sulfur cycles in geothermal habitats: insights into biological processes on the early Earth[J]. *Earth Science Frontiers*, 2023, 30(2): 479-494.
 - [16] 钟文辉,蔡祖聪.土壤管理措施及环境因素对土壤微生物多样性影响研究进展[J].生物多样性,2004,12(4):456-465. ZHONG W H, CAI Z C. Effect of soil management practices and environmental factors on soil microbial diversity: a review[J]. *Biodiversity Science*, 2004, 12(4): 456-465.
 - [17] 王雅芝,王利文,齐鹏,等. Meta分析中国保护性耕作对土壤微生物多样性的影响[J].草业科学,2021,38(2):378-392. WANG Y Z, WANG L W, QI P, et al. Effect of conservation tillage on soil microbial diversity in China: a Meta-analysis[J]. *Pratacultural Science*, 2021, 38(2): 378-392.
 - [18] 高晶晶,刘红梅,杨殿林,等.不同耕作方式对玉米田土壤微生物功能多样性的影响[J].中国农学通报,2021,37(3):98-104. GAO J J, LIU H M, YANG D L, et al. Effects of tillage patterns on

- functional diversity of soil microbial community in maize field[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2021, 37(3):98-104.
- [19] 张于光, 张小全, 刘学端, 等. 不同林型土壤微生物有机碳降解基因的多样性[J]. *生态学报*, 2007, 27(4):1412-1419. ZHANG Y G, ZHANG X Q, LIU X D, et al. The soil microbial gene diversity for soil organic carbon degradation in different forest types[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(4):1412-1419.
- [20] 吴汉卿, 阮楚晋, 万炜, 等. 基于知识图谱分析的土壤氮循环功能基因研究进展[J]. *土壤学报*, 2023, 60(1):7-22. WU H Q, RUAN C J, WAN W, et al. Progress of functional genes related to soil nitrogen cycling based on knowledge mapping[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023, 60(1):7-22.
- [21] 刘辉. 雄安新区不同土地利用类型氮去除功能微生物的群落结构和功能研究[D]. 呼和浩特:内蒙古大学, 2021. LIU H. Study on soil nitrogen removal function of different land use types in Xiong'an new area[D]. Hohhot:Inner Mongolia University, 2021.
- [22] WOLSING M, PRIEME A. Observation of high seasonal variation in community structure of denitrifying bacteria in arable soil receiving artificial fertilizer and cattle manure by determining T-RFLP of *nir* gene fragments[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2004, 48(2):261-271.
- [23] SHEN J P, ZHANG L M, ZHU Y G, et al. Abundance and composition of ammonia-oxidizing bacteria and ammonia-oxidizing archaea communities of an alkaline sandy loam[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10:1601-1611.
- [24] WAKELIN S A, COLLOFF M J, HARVEY P R, et al. The effects of stubble retention and nitrogen application on soil microbial community structure and functional gene abundance under irrigated maize[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2007, 59(3):661-670.
- [25] ELIAS M, TANAKA M, SAKAI M, et al. C-terminal periplasmic domain of *Escherichia coli* quinoprotein glucose dehydrogenase transfers electrons to ubiquinone[J]. *Journal of Biological Chemistry*, 2001, 276(51):48356-48361.
- [26] HU Y, XIA Y, SUN Q, et al. Effects of long-term fertilization on *phoD*-harboring bacterial community in Karst soils[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 628/629:53-63.
- [27] 李文娟, 蔡延江, 朱同彬, 等. 土壤团聚体氧化亚氮排放及其微生物学机制研究进展[J]. *土壤学报*, 2021, 58(5):1132-1144. LI W J, CAI Y J, ZHU T B, et al. Release of nitrous oxide from soil aggregates and its microbial mechanism[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2021, 58(5):1132-1144.
- [28] 佟德利, 于鑫, 许璐, 等. 玉米不同种植年限对土壤磷库及含相关功能基因微生物群落的影响[J]. *沈阳师范大学学报(自然科学版)*, 2022, 40(2):186-192. TONG D L, YU X, XU L, et al. Effect of different cultivation years of maize on soil P pool and microbial community harboring combined functional genes[J]. *Journal of Shenyang Normal University(Natural Science Edition)*, 2022, 40(2):186-192.