

秸秆分层还田耦合腐解菌剂通过调控土壤有机碳转化和微生物群落结构提高水稻产量

王新雅¹ 何卓婷^{1,2} 李潇¹ 尤赛雅¹ 朱练峰¹ 孔亚丽¹ 朱春权¹ 田文昊¹
张均华¹ 金千瑜¹ 曹小闯^{1,*}

(¹ 中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 杭州 311401; ² 安徽农业大学 资源与环境学院, 合肥 230036; *通信联系人, email: caoxiaochuang@126.com)

Layered Straw Returning Coupled with Decomposing Agent Enhances Rice Yield by Regulating Soil Organic Carbon Transformation and Microbial Community Structure

WANG Xinya¹, HE Zhuoting^{1,2}, LI Xiao¹, YOU Saiya¹, ZHU Lianfeng¹, KONG Yali¹, ZHU Chunquan¹,
TIAN Wenhao¹, ZHANG Junhua¹, JIN Qianyu¹, CAO Xiaochuang^{1,*}

(¹State Key Laboratory of Rice Biology, China National Rice Research Institute, Hangzhou 311401, China; ²College of Resources and Environment, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China; *Corresponding author, email: caoxiaochuang@126.com)

Abstract: 【Objective】 This study investigated the effects of straw layered returning combined with its decomposing agents on the transformation of soil organic carbon (C), activities of enzymes related to C metabolism, structure of microbial community, and rice yield, in order to provide a theoretical basis for organic fertilization of low-yield yellow paddy soil and rice yield improvement. 【Method】 Eight treatments were designed, including no fertilization (CK), conventional fertilization (NPK), and layered straw application at 0 cm, 0-8 cm, and 8-18 cm depths (NPKSL0, NPKSL0-8, and NPKSL8-18), and layered straw application combined with decomposing agents at 0 cm, 0-8 cm, and 8-18 cm depths (NPKSML0, NPKSML0-8, and NPKSML8-18). The content of soil organic C components, activity of C metabolism-related enzymes, soil microbial community, rice yield and its yield components were investigated, and their dominant factors that affect rice yield and soil organic C were further explored. 【Result】 Compared with NPK and NPKSL0-8, NPKSL8-18 treatment significantly increased the content of soil easily oxidizable organic C, microbial biomass C, particulate organic C, activity of α -glucosidase and β -glucosidase, and the relative abundance of Acidobacteriota and Ascomycota. Compared with the single straw application, the coupling application of straw and decomposing agents further increased soil organic C, easily oxidizable organic C, particulate organic C, mineral-bound organic C, and the activity of β -glucosidase in the 0-8 cm and 8-18 cm layers. Under NPKSML8-18 treatment, the abundance of Chloroflexi group was the highest, while the groups of Rozellomycota, *Anaeromyxobacter*, and *Nigrospora* were the lowest. Compared with NPK, NPKSML0, NPKSML0-8, and NPKSML8-18 increased soil organic C and rice yield, with the increments of 27.38%-37.94% and 7.97%-23.14%, and their values were highest in the NPKSML8-18 treatment. Correlation analysis showed that soil organic C and rice yield were significantly and positively correlated with soil easily oxidizable organic C, microbial biomass C, mineral-bound organic C, particulate organic C, and the activities of β -1,4-xylanase, α -1,4-glucosidase, and β -1,4-glucosidase ($P<0.05$), but were negatively correlated with dissolved organic C, the bacterial Shannon index and the fungal richness index ($P<0.01$). 【Conclusion】 Deep application of straw coupled with decomposing agents (NPKSML8-18) increases soil organic C and rice yield, mainly by enhancing the content of soil easily oxidizable organic C, microbial biomass C, mineral-associated organic C, and particulate organic C, boosting the activities of β -1,4-xylanase, α -1,4-glucosidase, and β -1,4-glucosidase, and promoting the relative abundance of Chloroflexi involved in straw decomposition.

Keywords: layered straw returning; decomposing agents; organic carbon; microbial community; rice yield

收稿日期: 2025-07-24; 修改稿收到日期: 2025-09-19。

基金项目: 国家重点研发计划青年科学家项目(2023YFD2302200); 浙江省重点研发计划资助项目(2022C02018); 杭州市自然科学基金重点项目(2024SZRZDD010001)。

摘要：【目的】探究秸秆分层还田耦合腐解菌剂对土壤有机碳转化、碳代谢相关酶活性、微生物群落结构和水稻产量的影响，以期为中低产黄泥田有机培肥和水稻产能提升提供理论依据。【方法】试验设置 8 个处理，即不施肥(CK)，常规施肥(NPK)，常规施肥下秸秆 0 cm、0-8 cm 和 8-18 cm 分层还田(NPKSL0、NPKSL0-8 和 NPKSL8-18)，常规施肥下秸秆 0 cm、0-8 cm 和 8-18 cm 分层还田耦合腐解菌剂(NPKSML0、NPKSML0-8 和 NPKSML8-18)。分析成熟期不同处理土壤各有机碳组分、碳代谢相关酶活性、微生物群落结构、水稻产量及其构成因子差异特征，并对影响水稻产量和土壤有机碳含量的主导环境因子进行解析。【结果】与 NPK 和 NPKSL0-8 处理相比，秸秆深施(NPKSL8-18)处理显著提高土壤易氧化有机碳、微生物生物量碳、颗粒有机碳含量、 α -葡萄糖苷酶、 β -葡萄糖苷酶活性以及酸杆菌门(Acidobacteriota)和子囊菌门(Ascomycota)相对丰度。与单一秸秆还田各处理相比，秸秆还田耦合腐解菌剂显著提高 0-8 cm 和 8-18 cm 土壤有机碳、易氧化有机碳、颗粒有机碳、矿物结合态有机碳含量及 β -葡萄糖苷酶活性。同时，NPKSML8-18 处理绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度最高，但罗兹菌门(Rozellomycota)、厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)和黑孢霉属(*Nigrospora*)相对丰度最低。与常规施肥相比，秸秆还田耦合菌剂各处理提高了土壤有机碳和水稻产量，增幅分别为 27.38%~37.94%和 7.97%~23.14%，以 NPKSML8-18 处理最高。相关性分析表明，土壤有机碳和水稻产量与易氧化有机碳、微生物生物量碳、矿物结合态有机碳、颗粒有机碳和 β -1,4-木聚糖酶、 α -1,4-葡萄糖苷酶、 β -1,4-葡萄糖苷酶活性显著正相关($P<0.05$)，但与可溶性有机碳、细菌香农指数和真菌群落物种丰富度指数显著负相关($P<0.01$)。【结论】秸秆深施耦合腐解菌剂(NPKSML8-18)可通过提升土壤易氧化有机碳、微生物生物量碳、矿物结合态有机碳和颗粒有机碳含量，增强 β -1,4-木聚糖酶、 α -1,4-葡萄糖苷酶和 β -1,4-葡萄糖苷酶活性，提高促进秸秆分解的绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度，进而提高土壤有机碳含量和水稻产量。

关键词：秸秆分层还田；腐解菌剂；有机碳；微生物群落；水稻产量

土壤有机碳是农业生态系统中的主要碳库，是全球碳循环的重要组成部分。维持和提高土壤有机碳含量是提升土壤肥力、保障粮食安全和应对气候变化的关键途径^[1]。秸秆还田作为重要的农田管理措施，可通过微生物介导的腐解过程加快土壤有机碳转化，促进真菌和细菌残体在微团聚体中富集，从而有效提升土壤有机碳固存能力^[2]。与此同时，传统秸秆还田方式普遍存在腐解周期长、碳转化效率低等问题，还易导致土壤中碳代谢失衡在一定程度上限制其固碳潜力发挥^[3]。因此，开发高效秸秆利用关键技术是实现农业可持续发展和“双碳”目标的重要抓手。

为了解决上述问题，国内外学者通过改变秸秆还田深度调控土壤碳转化过程，能提高秸秆碳转化效率和土壤固碳能力，但不同还田深度下秸秆腐解存在较大差异^[4]。Latifmanesh 等^[5]发现，秸秆浅埋还田短期能显著增强秸秆分解关键酶活性并提升微生物活性，进而加速秸秆分解进程。然而，这可能导致秸秆分解产生的活性物质更易被微生物快速消耗，秸秆碳偏向快速矿化而非长期固持，也可能导致土壤有机碳损失。刘泮漫等^[6]发现，秸秆深层较浅层还田能更显著地提升土壤秸秆关键酶分解活性。Rchiad 等^[7]进一步发现，秸秆深埋还田的微生物生存环境利于高效功能菌群繁殖，如子囊菌门(Ascomycota)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)，进而显著增强碳转化效率并提升土壤稳定碳库含量。这表明秸秆深层还田能够优化

微生物代谢过程，在促进秸秆分解和增强土壤长期固碳能力方面具有独特优势^[8]。与此同时，也有研究表明外源添加菌剂可促进土壤有机碳组分向更易利用的活性形态转化^[9]，有效提升深层土壤中碳转化效率和稳定碳库含量^[10]。这可能与秸秆还田耦合特定功能菌剂能显著提升土壤微生物结构和多样性有关^[11]，并与诱导碳转化关键酶活性紧密相关^[12, 13]。然而，当前有关秸秆分层深埋还田耦合腐解菌剂对土壤有机碳转化特征及其对水稻产量的影响研究仍较少，在一定程度上限制了秸秆碳高效还田利用和土壤健康培育。

基于此，本研究采用盆栽试验，探究了秸秆分层还田耦合腐解菌剂对稻田土壤有机碳转化特征、碳代谢酶活性、微生物群落结构和水稻产量的影响，并解析了关键环境因子的调控效应，以期依靠秸秆高效还田提升稻田碳固存和水稻生产能力提供理论依据与技术支持。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

试验于 2024 年在中国水稻研究所网室(119°57' E, 30°03' N)进行，供试土壤采用来自 2005 年以来连续种植单季稻的中低产黄泥田，采集 0-20 cm 的耕层土壤，经去除残余根茎叶以及杂物后自然风干，过 2 mm 筛备用。供试土壤基础理化性质如下：pH 值为 5.42，有机质含量为 26.57

g/kg, 全氮含量为 1.40 g/kg, 有效磷含量为 112.73 mg/kg, 速效钾含量为 182.00 mg/kg, 碱解氮含量为 159.46 mg/kg。

1.2 试验设计

试验共设 8 个处理, CK, 不施肥; NPK, 常规施肥; NPKSL0, 常规施肥+水稻秸秆(施用深度 0 cm); NPKSL0-8, 常规施肥+水稻秸秆(施用深度 0~8 cm); NPKSL8-18, 常规施肥+水稻秸秆(施用深度 8~18 cm); NPKSML0, 常规施肥+水稻秸秆+腐解菌剂(施用深度 0 cm); NPKSML0-8, 常规施肥+水稻秸秆+腐解菌剂(施用深度 0~8 cm); NPKSML8-18, 常规施肥+水稻秸秆+腐解菌剂(施用深度 8~18 cm)。

试验采用盆栽培养法, 使用长、宽、高分别为 40 cm、30 cm、27 cm 的长方形塑料桶, 每盆重 20 kg, 每个处理设 6 个重复, 共 48 盆。氮(N)、磷(P₂O₅)和钾(K₂O)肥用量分别为 180 kg/hm²、75 kg/hm² 和 120 kg/hm²。N、P₂O₅ 和 K₂O 肥分别为尿素(N 46%)、过磷酸钙(P₂O₅ 12%)和氧化钾(K₂O 60%), 氮肥按照 $m_{\text{基肥}}:m_{\text{穗肥}}=6:4$ 分两次施用, 磷肥一次性基施, 钾肥按照 $m_{\text{基肥}}:m_{\text{穗肥}}=5:5$ 分两次施用。水稻秸秆施用量为 2 g/kg, 基本理化性质为 pH 7.78, 有机碳含量为 424.37 g/kg, 全氮含量为 6.36 g/kg, 全磷含量为 1.70 g/kg, 全钾 11.49 g/kg。腐解菌剂主要成分为枯草芽孢杆菌、酿酒酵母、黑曲霉, 有效活菌数量 ≥ 0.5 亿/g, 其兼具纤维素分解和腐殖酸转化功能, 施用量为 0.25 g/kg。

以中浙优 8 号为供试水稻品种, 育秧方式为大田育秧, 待秧龄达到 30 d 后选择相同长势的秧苗进行移栽, 每盆移栽 4 株。试验供试作物秸秆为水稻秸秆, 风干后粉碎成 2~3 cm 长度与腐解菌剂一次性施入不同土层。在秸秆与腐解菌剂施用后立即灌水维持盆土表面 1~2 cm 浅水层, 浸泡 3 d。浸泡后将基肥按比例换算后施用。混匀后静置沉降约 1 d, 进行秧苗移栽。病虫害根据情况适时防治, 全生育期保持浅水层灌溉, 至收割前 7 d 断水。盆栽试验于 2024 年 6 月 19 日施基肥, 6 月 20 日秧苗移栽, 8 月 20 日施穗肥, 10 月 25 日收获。

1.3 样品采集

水稻成熟期地上部收获后, 采用不锈钢土钻(直径 5 cm)采集 0~8 cm 和 8~18 cm 新鲜土壤样品, 每盆设 5 个位点, 去除可见根系后混合为样品, 立即运送至实验室。混合后的新鲜样品过 10 目筛后分成三份, 一份保存于 4℃ 冰箱用于酶活性测

定; 一份保存于 -80℃ 冰箱用于测定微生物群落结构; 一份置于室内自然风干后分别过 20 目、60 目筛, 用于测定土壤理化指标。

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤各形态碳含量

土壤有机碳(Soil organic C, SOC)含量采用 K₂CrO₇-H₂SO₄ 外加热法测定^[13]; 可溶性有机碳(Dissolved organic C, DOC)采用水土比 5:1 浸提-有机碳氮分析仪法测定^[14]; 易氧化有机碳(Easily oxidizable organic C, ROC)采用 333 mmol/L KMnO₄ 氧化-比色法测定^[15]; 矿物结合态有机碳(Mineral-associated organic C, MAOC)、颗粒态有机碳(Particulate organic C, POC)通过六偏磷酸钠分散-H₂SO₄ 外加热法测定^[16]; 微生物生物量碳(Microbial biomass C, MBC)采用氯仿熏蒸-TOC 仪测定^[15]。

1.4.2 土壤碳转化相关酶活性

β -1,4-葡萄糖苷酶(β -1,4-glucosidase, β G)、纤维素二糖水解酶(Cellobiohydrolase, CBH)、 β -1,4-木聚糖酶(β -1,4-Xylanase, β XY)和 α -1,4-葡萄糖苷酶(α -Glucosidase, α G)均以 200 μ mol/L 4-甲基伞形酮(Methylumbelliferone, MUB)作为标记底物, 采用荧光微孔板酶活性检测法测定^[13, 17]。

1.4.3 水稻产量及构成因子

水稻成熟后通过收割盆栽中所有稻株, 测定有效穗数、每穗粒数、结实率及千粒重等指标, 脱粒晒干后计算实收产量。

1.4.4 高通量测序

取 0.5 g 土壤鲜样, 采用土壤 DNA 提取试剂盒(MP Biomedicals, LLC)提取土壤总基因组 DNA。经 PCR 扩增检测合格后, 进行 PCR 产物混合和纯化, 并通过末端修复、加 A 尾、加测序接头、纯化等步骤完成整个文库构建。细菌以 16S rRNA 基因 V3-V4 区 341F(5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3')和 806R (5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3')为引物, 真菌以 18S rDNA 基因 ITS1-5F 区 1737F(GG AAGTAAAAGTCGTAACAAGG)和 2043R(GCTG CGTTCTTCATCGATGC)为引物进行高通量测序分析(北京诺禾致源科技股份有限公司)。

1.5 统计分析

利用 Excel 2021 和 R-4.4.3 语言软件进行数据整理和统计分析, 并利用 Origin 2024 绘制柱状图和相关性网络热图。各处理间差异显著性采用最小显著差数法(Least significant difference method, LSD)分析。

表 1 秸秆还田耦合腐解菌剂不同处理对水稻产量及其构成因子的影响

Table 1. Effects of different treatments of layered straw returning combined with decomposing agent on rice yield and its yield components

处理 Treatment	单株产量 Yield(g/plant)	有效穗数 Effective panicles	每穗粒数 Grain number per panicle	千粒重 1000-grain weight(g)	结实率 Seed setting rate(%)
CK	14.09±1.56 e	6.5±0.7 c	152.5±7.7 b	23.31±0.36 a	62.15±0.01 a
NPK	15.59±0.99 de	8.1±0.5 ab	153.9±4.3 ab	23.71±0.43 a	63.50±0.01 a
NPKSL0	16.58±0.26 cd	7.3±0.6 c	162.5±17.3 ab	23.11±0.25 a	63.17±0.03 a
NPKSL0-8	18.09±1.74 abc	7.8±0.4 ab	161.5±5.9 ab	23.71±0.20 a	61.83±0.04 a
NPKSL8-18	18.44±2.25 abc	7.5±0.6 b	155.0±10.0 ab	23.17±0.44 a	60.17±0.05 a
NPKSML0	17.23±2.18 bcd	7.8±0.7 ab	162.4±7.5 ab	23.48±0.50 a	59.17±0.04 a
NPKSML0-8	18.68±1.68 ab	7.8±1.0 ab	163.8±16.2 ab	23.38±0.52 a	61.44±0.05 a
NPKSML8-18	19.65±0.24 a	8.8±1.0 a	170.2±18.0 a	23.44±0.52 a	62.33±0.02 a
腐解菌剂 Decomposing agents (A)	ns	ns	ns	ns	ns
施用深度 Application depth(D)	*	**	*	ns	ns
A×D	ns	ns	ns	ns	ns

CK：不施肥；NPK：常规施肥；NPKSL0：常规施肥+作物秸秆(施用深度 0 cm)；NPKSL0-8：常规施肥+作物秸秆(施用深度 0-8 cm)；NPKSL8-18：常规施肥+作物秸秆(施用深度 8-18 cm)；NPKSML0：常规施肥+作物秸秆+腐解菌剂(施用深度 0 cm)；NPKSML0-8：常规施肥+作物秸秆+腐解菌剂(施用深度 0-8 cm)；NPKSML8-18：常规施肥+作物秸秆+腐解菌剂(施用深度 8-18 cm)。表中数值为平均值±标准偏差。同列不同小写字母表示显著性差异($P<0.05$)。对 NPKSL0、NPKSL0-8、NPKSL8-18、NPKSML0、NPKSML0-8 和 NPKSML8-18 等六个处理各指标进行两因素交互效应方差分析。ns：不显著；*： $P<0.05$ ；**： $P<0.01$ 。

CK, No fertilization; NPK, Regular fertilization; NPKSL0, Regular fertilization + crop straw returning (applied at 0 cm depth); NPKSL0-8, Regular fertilization + crop straw returning (applied at 0-8 cm depth); NPKSL8-18, Regular fertilization + crop straw returning (applied at 8-18 cm depth); NPKSML0, Regular fertilization + crop straw returning + decomposing agents (applied at 0 cm depth); NPKSML0-8, Regular fertilization + crop straw returning + decomposing agents (applied at 0-8 cm depth); NPKSML8-18, Regular fertilization + crop straw returning + decomposing agents (applied at 8-18 cm depth). The values in the table are average ± standard deviation. Different lowercase letters in a column indicate significant differences ($P < 0.05$). A variance analysis of interaction was conducted using the last six sets of processed data. ns, Not significant; *, $P < 0.05$; **, $P < 0.01$.

2 结果与分析

2.1 对水稻产量及产量构成因子的影响

如表 1 所示，与 CK 相比，各施肥处理(除 NPK 处理产量和 NPKSL0 处理有效穗数外)均显著提高水稻产量和有效穗数。与 NPK 处理相比，秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 分层施用(NPKSL0-8 和 NPKSL8-18)显著提高水稻产量，增幅分别达 13.39%和 15.57%，且 NPKSL8-18 处理产量高于 NPKSL0-8 处理。与 NPK 处理相比，秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 施用深度耦合菌剂处理(NPKSML0-8 和 NPKSML8-18)显著提高了水稻产量，且 NPKSML8-18 处理较 NPKSL8-18 处理显著提高了水稻有效穗数。交互效应分析发现秸秆施用深度对水稻产量、有效穗数和每穗粒数有显著主效应。

2.2 对土壤各形态有机碳组分含量的影响

如表 2 所示，各施肥处理下 SOC、ROC、MBC、MAOC(除 NPKSML0 处理外)和 POC 含量均显著高于 CK。与 NPK 处理相比，秸秆 0-8 cm

和 8-18 cm 分层施用显著提高土壤 SOC、ROC、MBC 含量；且与 NPKSL0-8 处理相比，NPKSL8-18 处理显著提高土壤 ROC、MBC、MAOC 和 POC 含量，但其 SOC、DOC 含量在秸秆不同施用深度各处理间无显著差异。与单一秸秆施用各处理相比，秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 施用深度耦合菌剂分别显著提高土壤 SOC、ROC、MAOC 和 POC 含量，但显著降低了 DOC 含量。NPKSML0-8 处理中土壤 ROC、MBC、MAOC 含量最高，较 NPK 处理分别显著提高 37.66%、100.44%、97.96%；NPKSML8-18 处理土壤 SOC 和 POC 含量最高，较 NPK 处理显著提高 9.21%和 101.14%。

2.3 对土壤碳转化相关酶活性的影响

如表 3 所示，相较于 CK 处理，各施肥处理(除 NPK 和 NPKSL0 处理的 CBH 外)均显著提高土壤碳转化相关酶活性。与 NPK 处理相比，秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 分层施用处理显著提高其土壤 CBH、 α G 和 β G 酶活性；与 NPKSL0-8 处理相比，NPKSL8-18 处理显著提高 α G 和 β G 酶活性，但其 β XY 和 CBH 酶活性在秸秆不同施用深度各处理间差异不显著。与单一秸秆施用各处理相比，秸秆 0-

表 2 秸秆还田耦合腐解菌剂不同处理对土壤各形态有机碳组分含量的影响

Table 2. Effects of different treatments of layered straw returning combined with decomposing agent on the contents of soil organic C components

处理 Treatment	有机碳 SOC(g/kg)	可溶性有机碳 DOC(mg/kg)	易氧化有机碳 ROC(mg/g)	微生物生物量碳 MBC(mg/kg)	矿物结合态有机碳 MAOC(g/kg)	颗粒有机碳 POC(g/kg)
CK	6.87±0.05 g	83.69±1.96 a	1.65±0.07 e	24.39±2.19 e	6.11±0.50 d	0.72±0.13 e
NPK	7.67±0.12 f	70.10±2.45 bc	2.28±0.10 d	53.43±4.44 d	8.58±0.35 b	0.88±0.2 de
NPKSL0	8.44±0.22 e	72.48±1.59 b	2.70±0.23 c	56.37±3.99 d	7.64±0.30 c	1.24±0.11 c
NPKSL0-8	9.01±0.04 d	69.67±2.30 bc	2.72±0.10 c	92.61±2.26 c	7.43±0.11 c	1.06±0.10 d
NPKSL8-18	8.99±0.03 d	64.96±0.51 cd	3.93±0.26 b	99.14±3.23 b	8.41±0.19 b	1.59±0.12 b
NPKSML0	9.77±0.03 c	60.43±8.52 de	3.90±0.17 b	93.03±1.52 bc	6.49±0.55 d	0.98±0.14 d
NPKSML0-8	10.23±0.19 b	59.73±5.60 de	4.57±0.25 a	105.77±7.64 a	9.37±0.11 a	1.35±0.03 c
NPKSML8-18	10.58±0.10 a	57.09±0.54 e	4.43±0.32 a	94.86±4.32 bc	9.31±0.13 a	1.77±0.02 a

表中数值为平均值±标准偏差。同列不同小写字母表示显著性差异($P<0.05$)。

SOC, Organic C; DOC, Soluble organic C; ROC, Easily oxidizable organic C; MBC, Microbial C; MAOC, Mineral-bound organic C; POC, Particle organic C. The values in the table are average ± standard deviation. Different lowercase letters in a column indicate significant differences ($P < 0.05$).

表 3 秸秆还田耦合腐解菌剂不同处理对土壤有机碳转化相关酶活性的影响

Table 3. Effects of different treatments of layered straw returning combined with decomposing agent on the activity of soil C transformation enzymes

处理 Treatment	βXY (nmol·g ⁻¹ ·h ⁻¹)	CBH (nmol·g ⁻¹ ·h ⁻¹)	αG (nmol·g ⁻¹ ·h ⁻¹)	βG (nmol·g ⁻¹ ·h ⁻¹)
CK	6.95±0.14 d	4.54±0.49 e	2.48±0.11 f	27.66±2.42 g
NPK	11.77±0.38 c	5.61±0.40 e	3.74±0.10 d	38.19±0.51 f
NPKSL0	18.15±1.92 b	6.75±0.16 de	3.23±0.27 e	57.97±7.19 d
NPKSL0-8	13.18±1.00 c	14.27±0.87 c	4.19±0.16 c	78.33±3.40 c
NPKSL8-18	11.88±0.85 c	12.70±0.58 c	4.56±0.12 b	89.08±0.77 b
NPKSML0	16.91±0.62 b	45.39±8.33 a	4.05±0.21 c	50.34±3.75 e
NPKSML0-8	12.04±0.92 c	20.42±4.97 b	4.11±0.27 c	91.35±9.06 b
NPKSML8-18	23.36±1.73 a	11.88±2.45 cd	5.85±0.06 a	130.35±1.23 a

βXY: β-1,4-木聚糖酶; CBH: 纤维素二糖水解酶; αG: α-1,4-葡萄糖苷酶; βG: β-1,4-葡萄糖苷酶。表中数值为平均值±标准偏差，同列不同小写字母表示显著性差异($P<0.05$)。

βXY, β-1,4-xylanase; CBH, Cellobiohydrolase; αG, α-1,4-glucosidase; βG, β-1,4-glucosidase. The values in the table are average ± standard deviation. Different lowercase letters in a column indicate significant differences ($P < 0.05$).

8 cm 和 8-18 cm 施用深度耦合菌剂均显著提高土壤 βG 酶活性，且 NPKSML8-18 处理土壤 βXY、αG 和 βG 酶活性显著高于其他各处理，较 NPK 处理分别提高 98.31%、59.46%、241.36%。

2.4 土壤微生物群落结构和多样性

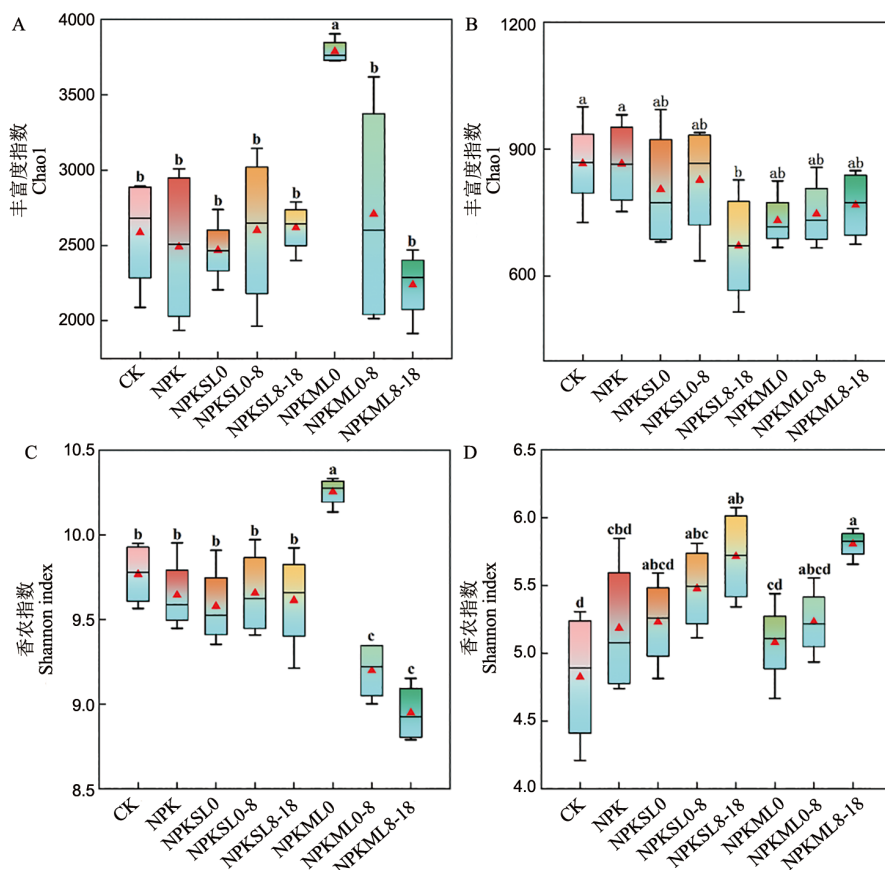
2.4.1 土壤微生物群落 α-多样性

如图 1 所示，细菌和真菌群落物种丰富度指数(Chao1)和香农指数(Shannon 指数)在秸秆不同施用深度各处理间差异不显著($P>0.05$)；与单一秸秆施用各处理相比，秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 施用深度耦合菌剂分别显著降低了细菌群落物种 Shannon 指数，但细菌群落 Chao1 指数和 Shannon 指数在 NPKSML0 处理最高，较 NPK 处理显著提高 53.53%和 6.34%。不同的是，与 CK 和 NPK 处理相比，NPKSML8-18 处理显著提高真菌群落物种

Shannon 指数，但秸秆还田深度和是否耦合菌剂对真菌群落 Chao1 和 Shannon 指数无显著影响。

2.4.2 土壤微生物群落结构变化

由图 2 可知，不同处理土壤微生物群落门水平优势细菌分别为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和绿弯菌门(Chloroflexi)，三者相对丰度共占总量的 56.65%。真菌则主要由子囊菌门(Ascomycota)、罗兹菌门(Rozellomycota)和担子菌门(Basidiomycota)组成，其中，子囊菌门为绝对优势微生物。在细菌属水平上，相对丰度占比前三的菌属分别为厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)、弯曲杆菌属(*Curvibacter*)和甲烷规则菌属(*Methanoregula*)。在真菌属水平上优势菌属为黑孢霉属(*Nigrospora*)、枝孢霉属(*Cladosporium*)和假梭孢壳属(*Pseudothielavia*)。



A: 细菌丰富度指数; B: 真菌丰富度指数; C: 细菌香农指数; D: 真菌香农指数。

A, Bacterial richness index; B, Fungal richness index; C, Bacterial Shannon index; D, Fungal Shannon index.

图1 秸秆还田耦合腐解菌剂不同处理对土壤微生物α多样性的影响

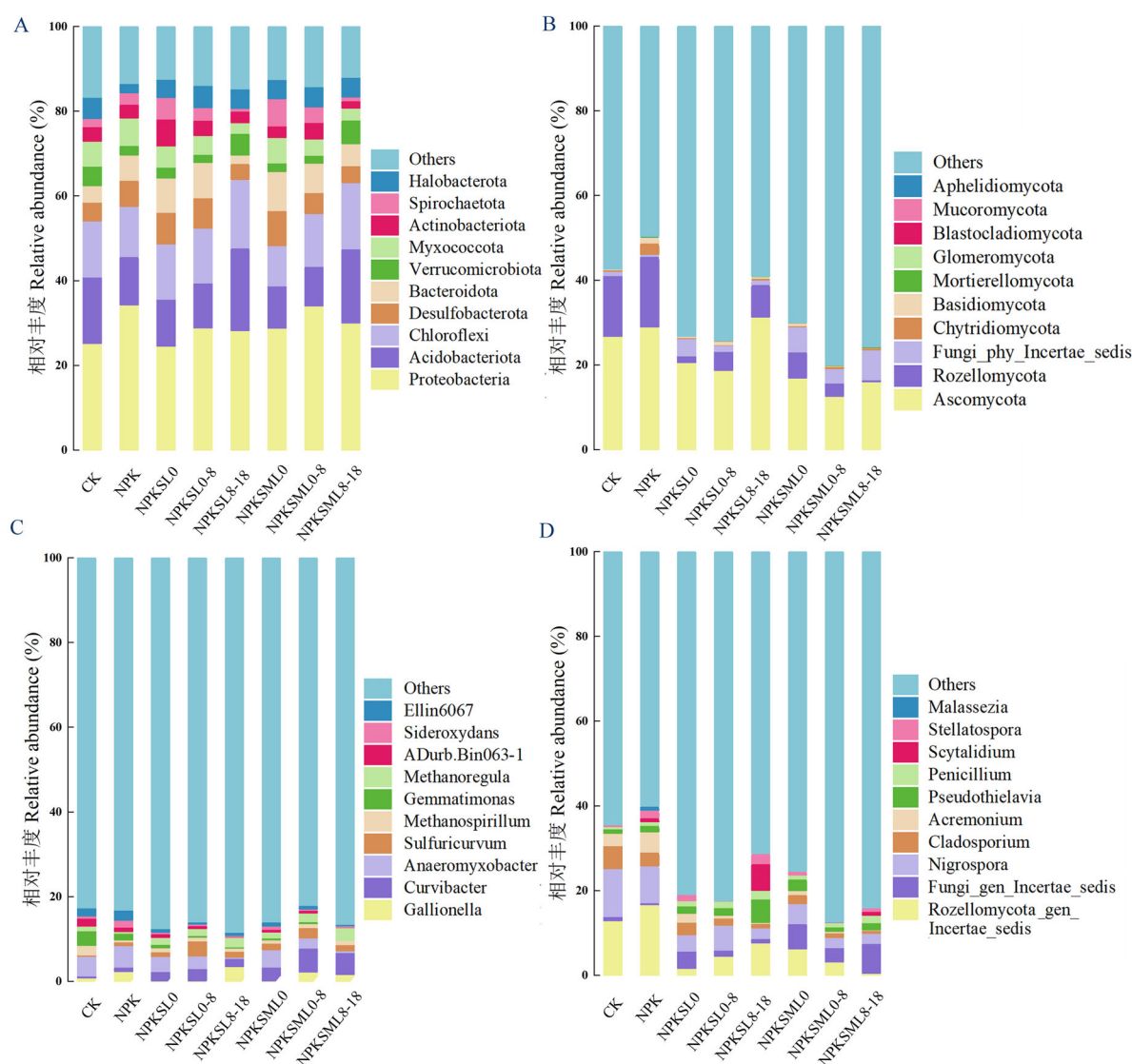
Fig. 1. Effects of different treatments of layered straw returning combined with decomposing agent on soil microbial α-diversity

挑选已鉴定出丰度前三的微生物群落进行功能分析(表4),并将其定义为优势菌群。与NPK处理相比,秸秆0-8 cm和8-18 cm分层施用显著提高了具有驱动厌氧降解过程功能的甲烷规则菌属(*Methanoregula*)相对丰度,但显著降低具有驱动氧化还原循环功能的厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)、加速木质纤维素降解的黑孢霉属(*Nigrospora*)和改善土壤微生物群落罗兹菌门(*Rozellomycota*)的相对丰度。与NPKSL0-8处理相比,NPKSL8-18处理显著提高具有木质纤维素降解功能的酸杆菌门(*Acidobacteriota*)、子囊菌门(*Ascomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)的相对丰度。与未耦合秸秆腐解菌剂处理相比,添加菌剂处理对菌的相对丰度并无显著影响。NPKSML8-18处理土壤具有纤维素分解功能绿弯菌门(*Chloroflexi*)的相对丰度最高,较NPK处理提高了21.43%;但其罗兹菌门(*Rozellomycota*)、厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)和黑孢霉属(*Nigrospora*)的相对丰度最低,较NPK处理降低

63.36%、76.83%和94.72%。

2.4.3 土壤优势微生物与各形态碳的相关性分析

土壤优势微生物与各形态碳相关性分析见表5,不同分类水平微生物与土壤碳形态相关性存在显著差异。在门水平上,子囊菌门(*Ascomycota*)和罗兹菌门(*Rozellomycota*)与SOC、ROC和MBC含量显著负相关,相关系数分别为-0.656**和-0.600**、-0.472**和-0.562**、-0.487**和-0.426*;此外,子囊菌门(*Ascomycota*)与MAOC含量显著负相关(-0.446*),罗兹菌门(*Rozellomycota*)与POC呈显著负相关(-0.445*),但子囊菌门(*Ascomycota*)和罗兹菌门(*Rozellomycota*)均与DOC显著正相关,相关系数分别为0.511**和0.389*。在属水平上,厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)与黑孢霉属(*Nigrospora*)与SOC、ROC、MBC、MAOC和POC显著负相关,相关系数分别为-0.501**和0.786**、-0.486**和-0.717**、-0.566**和-0.749**、-0.620**和-0.673**、-0.765**和-0.751**,但与DOC显著正相关(0.446*和0.742**)。



A: 细菌门水平相对丰度; B: 真菌门水平相对丰度; C: 细菌属水平相对丰度; D: 真菌属水平相对丰度。

A, Relative abundance at the bacterial phylum level; B, Relative abundance at the fungal phylum level; C, Relative abundance at the bacterial genus level; D, Relative abundance at the fungal genus level.

图 2 秸秆还田耦合腐解菌剂不同处理对土壤细菌和真菌群落相对丰度的影响

Fig. 2. Effects of different treatments of layered straw returning combined with decomposing agent on the relative abundance of soil bacterial and fungal communities

不同的是, 甲烷规则菌属(*Methanoregula*)与厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)、黑孢霉属(*Nigrospora*)与 SOC、ROC、MBC、MAOC 和 POC 显著正相关, 相关系数分别为 0.628**、0.657**、0.678**、0.489** 和 0.658**, 与 DOC 显著负相关(-0.544**).

2.5 各形态碳含量、酶活性、微生物群落与水稻产量和土壤 SOC 的相关性

相关性分析表明, SOC 和水稻产量与 ROC、MBC、POC、MAOC、 α G、 β XY 和 β G 显著正相关 ($P<0.01$), 且 SOC 与 CBH 显著正相关 ($P<0.01$); 相反, SOC 和水稻产量与 DOC、真菌群落物种丰富

度指数和细菌香农指数呈显著负相关 ($P<0.01$).

3 讨论

3.1 对水稻产量及构成因子的影响

本研究发现, 与常规施肥处理相比, 秸秆深施还田(NPKSL8-18)显著提高了水稻产量, 且其他秸秆施用模式对水稻产量也有一定促进作用, 这与李泳菲等^[1]的研究结果一致。前期有研究发现, 秸秆深层施用可通过提高作物地上部光合效率及其光合产物向土壤的分配进而提升产量^[27]; 同

表 4 土壤优势微生物功能分析

Table 4. Functional analysis of soil dominant microorganisms

门或属名	相对丰度 Relative abundance								功能
Phylum or genus	CK	NPK	NPKSL0	NPKSL0-8	NPKSL8-18	NPKSML0	NPKSML0-8	NPKSML8-18	Function
细菌门水平 Bacterial phylum level									
变形菌门 Proteobacteria	0.29±0.04 bc	0.36±0.02 a	0.24±0.04 c	0.31±0.01 ab	0.27±0.04 bc	0.31±0.04 ab	0.31±0.05 ab	0.32±0.02 ab	驱动厌氧发酵 ^[18]
酸杆菌门 Acidobacteriota	0.15±0.01 a	0.12±0.01 b	0.12±0.02 b	0.12±0.01 b	0.16±0.02 a	0.11±0.01 b	0.10±0.01 b	0.15±0.01 a	纤维素分解 ^[19]
绿弯菌门 Chloroflexi	0.14±0.02 ab	0.14±0.05 ab	0.15±0.02 ab	0.14±0.02 ab	0.16±0.05 a	0.12±0.01 b	0.12±0.01 ab	0.17±0.03 a	纤维素分解 ^[19]
真菌门水平 Fungal phylum level									
子囊菌门 Ascomycota	0.32±0.03 a	0.23±0.02 bc	0.24±0.03 b	0.19±0.02 cd	0.32±0.03 a	0.22±0.07 bc	0.15±0.03 d	0.16±0.02 d	木质素裂解 ^[20]
罗兹菌门 Rozellomycota	0.07±0.06 b	0.15±0.08 a	0.02±0.01 bc	0.06±0.02 bc	0.05±0.03 bc	0.03±0.01 bc	0.02±0.02 bc	0.002±0.00 c	改善微生物群落 ^[21]
担子菌门 Basidiomycota	0.002±0.00 c	0.004±0.00 ab	0.003±0.00 bc	0.001±0.00 bc	0.006±0.00 a	0.002±0.00 c	0.002±0.00 bc	0.003±0.00 bc	木质纤维素分解 ^[22]
细菌属水平 Bacterial genus level									
厌氧粘细菌属 Anaeromyxobacter	0.05±0.01 a	0.04±0.01 b	0.03±0.01 b	0.02±0.01 cd	0.02±0.00 d	0.05±0.01 a	0.03±0.01 bc	0.01±0.00 d	驱动氧化还原循环 ^[23]
弯曲杆菌属 Curvibacter	0.01±0.00 b	0.01±0.01 b	0.04±0.01 a	0.02±0.01 b	0.002±0.00 b	0.06±0.02 a	0.05±0.03 a	0.004±0.00 b	病原体 ^[24]
甲烷规则菌属 Methanoregula	0.01±0.00 c	0.003±0.00 c	0.01±0.00 c	0.02±0.00 ab	0.03±0.00 a	0.01±0.00 bc	0.03±0.01 a	0.03±0.00 a	驱动厌氧降解过程 ^[25]
真菌属水平 Fungal genus level									
黑孢霉属 Nigrospora	0.12±0.03 a	0.07±0.01 b	0.04±0.00 c	0.04±0.01 c	0.04±0.02 c	0.06±0.02 b	0.02±0.01 cd	0.01±0.00 d	木质纤维素降解 ^[26]
假梭孢壳属 Pseudothielavia	0.01±0.00 c	0.02±0.00 abc	0.02±0.01 ab	0.02±0.01 ab	0.03±0.02 a	0.01±0.01 c	0.02±0.00 bc	0.02±0.00 abc	木质纤维素降解 ^[26]
枝孢霉属 Cladosporium	0.04±0.02 a	0.02±0.00 cd	0.02±0.00b cd	0.02±0.01 bc	0.03±0.01 ab	0.01±0.00 d	0.01±0.01 cd	0.02±0.00 cd	木质纤维素降解 ^[26]

表中数值为平均值±标准偏差，不同小写字母表示显著性差异($P<0.05$)。

The values in the table are average ± standard deviation. Different lowercase letters in a column indicate significant differences ($P < 0.05$).

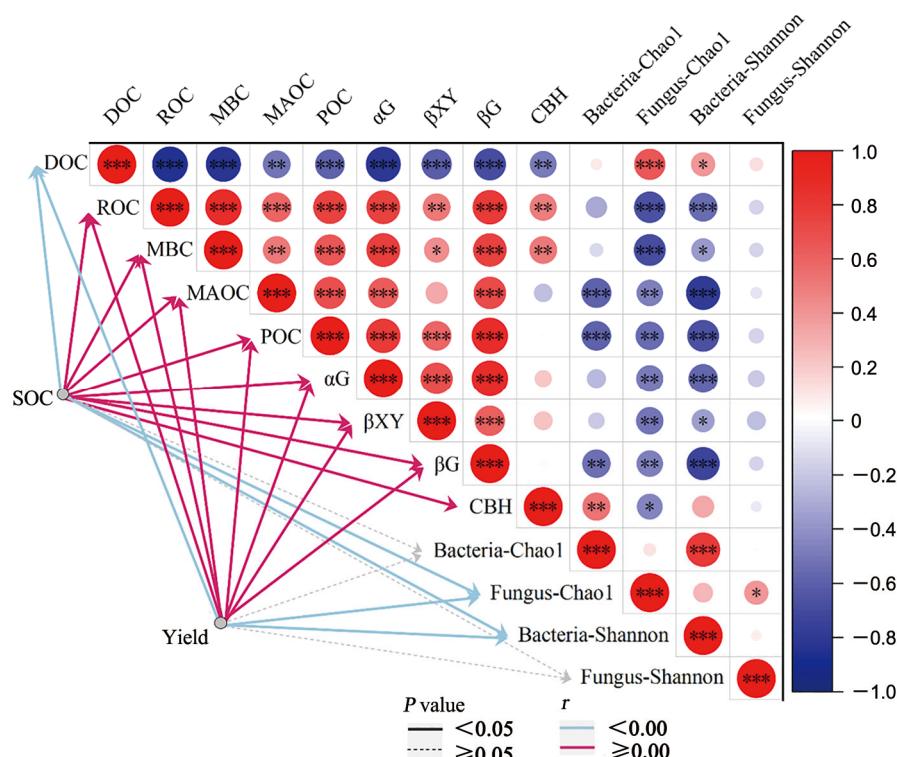
表 5 土壤优势微生物与各形态碳含量的相关性

Table 5. Correlation between soil dominant microorganisms and soil C components

微生物 Microorganism	门或属名 Phylum or genus name	有机碳 SOC	可溶性 有机碳 DOC	易氧化 有机碳 ROC	微生物 生物量碳 MBC	矿物结合态 有机碳 MAOC	颗粒 有机碳 POC
细菌门水平 Bacterial phylum level	变形菌门 Proteobacteria	0.047	-0.115	0.000	0.038	0.190	-0.145
	酸杆菌门 Acidobacteriota	-0.110	0.029	-0.041	-0.114	0.023	0.342
	绿弯菌门 Chloroflexi	-0.001	-0.056	0.019	-0.014	0.187	0.282
真菌门水平 Fungal phylum level	子囊菌门 Ascomycota	-0.656**	0.511**	-0.472**	-0.487**	-0.446*	-0.228
	罗兹菌门 Rozellomycota	-0.600**	0.389*	-0.562**	-0.426*	-0.107	-0.445*
	担子菌门 Basidiomycota	-0.015	-0.120	0.163	0.105	0.337	0.408*
细菌属水平 Bacterial genus level	厌氧粘细菌属 Anaeromyxobacter	-0.501**	0.446*	-0.486**	-0.566**	-0.620**	-0.765**
	弯曲杆菌属 Curvibacter	0.312	-0.271	0.245	0.242	-0.116	-0.169
	甲烷规则菌属 Methanoregula	0.628**	-0.544**	0.657**	0.678**	0.489**	0.658**
真菌属水平 Fungal genus level	黑孢霉属 Nigrospora	-0.786**	0.742**	-0.717**	-0.749**	-0.673**	-0.751**
	假梭孢壳属 Pseudothielavia	0.146	-0.109	0.100	0.296	0.278	0.395*
	枝孢霉属 Cladosporium	-0.508**	0.551**	-0.403*	-0.372*	-0.194	-0.080

**在 0.01 级别(双尾)相关性显著；*在 0.05 级别(双尾)相关性显著。

**At the 0.01 level (two-tailed), the correlation is significant; *At the 0.05 level (two-tailed), the correlation is significant.



SOC: 有机碳; Yield: 产量; DOC: 可溶性有机碳; ROC: 易氧化有机碳; MBC: 微生物生物量碳; MAOC: 矿物结合态有机碳; POC: 颗粒有机碳。αG: α-1,4-葡萄糖苷酶; βG: β-1,4-葡萄糖苷酶; CBH: 纤维二糖水解酶; βXY: β-1,4-木聚糖酶; Bacteria-Chao1: 细菌丰富度; Fungus-Chao1: 真菌丰富度; Bacteria-Shannon: 细菌香农指数; Fungus-Shannon: 真菌香农指数。*表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$, ***表示 $P < 0.001$ 。

SOC, Organic C; DOC, Dissolved organic C; ROC, Oxidizable organic C; MBC, Microbial biomass C; MAOC, Mineral bound organic C; POC, Particulate organic C; αG, α-1,4-glucosidase; βG, β-1,4-glucosidase; CBH, Cellulose β-D-glucosidase; βXY, β-1,4-xylanase; Bacteria-Chao1, Bacterial richness; Fungus-Chao1, Fungal richness; Bacteria-Shannon, Bacterial Shannon Index; Fungus-Shannon, Fungal Shannon index. * indicates $P < 0.05$, ** indicates $P < 0.01$, *** indicates $P < 0.001$.

图3 有机碳含量、水稻产量与土壤各形态碳、胞外酶和微生物群落的相关性

Fig. 3. Correlation between soil organic C, rice yield and soil C, extracellular enzymes and microbial communities

时, 秸秆深施所处的低氧环境可能通过延缓土壤养分分解速率、延长养分释放周期, 促进水稻主根伸长生长, 也有可能提高水稻产量^[28]。与单一秸秆还田处理相比, 秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 施用深度耦合菌剂提高水稻产量, 这与 Song 等^[29]研究结果一致。Wen 等^[30]研究发现, 添加秸秆腐解菌剂能显著加速秸秆分解, 提高土壤酶活性, 并促进土壤微生物对养分的转化作用, 因此, 养分转化效率的提升促进根系生长和分蘖, 进而提高有效穗数和产量。与此同时, 秸秆深施所处的低氧环境致使厌氧和兼性厌氧微生物成为优势种群, 增强微生物驱动的土壤腐殖化过程, 产生具有水稻生长刺激特性的腐殖质物质, 进而提高水稻产量^[31]。两因素方差分析表明, 秸秆施用深度对水稻产量、有效穗和穗粒数有显著主效应。我们分析这可能因为秸秆深层施用可通过次生根靶向供肥促进根系纵深发育, 从而促进养分吸收^[32]; 同时配合菌剂施用能够延长分蘖期养分的供应持续期, 显著提高有效分蘖率。此外, 有研究发现深层秸秆施用可

通过缩短茎秆基部节间, 增强抗倒伏能力, 从而提高有效穗数, 进而提高水稻产量^[33]。

3.2 对土壤有机碳转化特征的影响

土壤有机碳指土壤中含碳有机物质总和, 在维持土壤肥力和碳循环过程中发挥重要作用^[34]。本研究发现, 秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 分层施用、或者与腐解菌剂耦合施用均显著提高其土壤 SOC、ROC 和 MBC 含量。这与 Xue 等^[35]的研究结果相似。与 NPKSL0-8 处理相比, NPKSL8-18 处理显著提高 ROC、MBC、MAOC 和 POC 含量。与表施相比, 深施处理下土壤处于持续低氧状态^[36], 温度较低也较为稳定^[37], 土壤湿度较高^[38]。在低氧潮湿的环境下有利于加速秸秆腐解进程, 促进部分碳组分的积累与稳定。Xu 等^[39]研究显示 ROC 与含水率正相关, 因此深施处理促进了 ROC 的转化。POC 作为土壤中尺寸较大的有机碳颗粒, 是秸秆中有机物和营养物质进入土壤的最初始途径^[40]。在低氧环境会抑制好氧微生物活性, 导致秸秆中木质纤维素等难分解组分残留, 更多秸秆以及根系腐解破碎

以颗粒的形式直接贡献于 POC 库^[41]。而 POC 分解作为生成活性炭的前期过程以及必要环节, 较高的 POC 含量为微生物代谢提供了充足的有效碳源, 进而促进微生物对有机物的利用效率, 实现 MBC 的持续累积^[42]。随后, 微生物在代谢过程中形成的细胞残体及代谢产物和根际残体等都是 MAOC 的物质基础和主要来源, 且 MAOC 的激发效应温度敏感性较高, 因此深层土壤的低温环境不易分解, 最终提升 MAOC 含量^[43,44]。与未耦合秸秆腐解菌剂处理相比, 添加菌剂显著提高了 SOC、ROC、MAOC 和 POC 含量, 显著降低 DOC 含量。这是因为腐解菌剂通过增强秸秆残体的微生物繁殖, 激活纤维素和木质素分解相关酶, 并驱动腐殖化过程, 秸秆分解过程中大量碳向稳定有机碳组分转化^[45]。通过添加腐解菌剂, 其功能菌株能迅速将秸秆降解, 显著提高秸秆腐解速率, 提升 SOC 含量^[46], 菌剂通过增加微生物数量和活性降低土壤有机碳的氧化稳定性, 从而增加 ROC 的积累^[47]。其分泌的纤维素酶加速秸秆腐解, 而秸秆中的碳主要以颗粒的形式存在, 因此 POC 有显著增幅^[48]。同时, 菌剂产生的漆酶和过氧化物酶等胞外酶催化芳香类物质聚合, 促进 MAOC 的形成^[49]。此外, 添加菌剂可提高功能微生物的相对丰度, 提高对复杂有机碳降解能力, 更高效分解 DOC 中残留的难降解组分, 同时还可促进腐殖化过程, 加速 DOC 向难溶性腐殖质的转化, 进而减少了 DOC 含量^[50]。相关性分析发现 SOC 与 ROC、POC、MBC 和 MAOC 显著正相关 ($P<0.05$)。进一步说明了 ROC、POC、MBC 和 MAOC 是促进 SOC 含量提高的关键组分。因此, 本研究表明在深施秸秆的条件下耦合菌剂更有利于秸秆腐解, 提高活性碳组分(ROC、POC、MBC 等), 加速其向稳定态有机碳的转化, 进而提高 SOC 含量和有机碳固持效果。

3.3 对土壤碳转化相关酶活性的影响

土壤胞外酶活性与土壤功能密切相关, 其通过催化有机物的分解、合成和转化, 直接影响土壤碳库动态平衡。本研究发现, 与 NPK 处理相比, 秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 分层施用、或者与腐解菌剂耦合施用均显著提高其土壤 CBH、 α G 和 β G 酶活性。这可能源于木质纤维素类底物输入触发的微生物代谢调控与酶合成诱导效应^[51], 与 Chen 等^[52]研究结果一致。与 NPKSL0-8 处理相比, NPKSL8-18 处理提高 α G 和 β G 的酶活性。相关性分析显示, ROC、MBC、MAOC 和 POC 含量与 α G 和 β G 的

活性呈显著正相关。这表明深施处理有机碳源作为诱导物刺激 α G 和 β G 酶活性提升^[53]。秸秆富含纤维素组分, 其分子链主要通过 α -1,4-糖苷键与纤维二糖型 β -1,4-糖苷键连接而成^[54]。同时, 深层土壤具备更强的温度稳定性, 能够为纤维素降解相关的酶促反应提供稳定的环境条件, 保障酶促反应持续高效进行。在此环境下, 厌氧微生物得以富集, 加速秸秆各组分高效腐解^[55]。这一过程使得被紧密包裹的 β -1,4-糖苷键更充分暴露, 同时淀粉类组分的 α -1,4-糖苷键也因结构变得松散而更易接触酶分子, 提升了 α G 和 β G 的结合效率, 加速了对纤维素的分解^[54, 56]。与未耦合秸秆腐解菌剂处理相比, 张蔚等^[12]的研究发现, 添加菌剂提高了 β G 的活性。这与本研究结果相似, 这可能是菌剂引入带有纤维素分解和腐殖酸转化功能的菌群, 通过底物诱导效应识别秸秆中 β -1,4-糖苷键, 激活编码 β G 的基因表达, 进而促进 β G 的合成^[57]。本研究中, NPKSML8-18 处理中 β XY、 α G 和 β G 酶活性最高, 且 SOC 与 β XY、 α G 和 β G 显著正相关 ($P<0.05$)。这可能是 SOC 含量的提升直接提供丰富的底物(木聚糖、淀粉、纤维素)和能量来源, 而木聚糖的积累诱导 β XY 合成; 淀粉及其降解产物诱导 α G 产生; 纤维素分解产生的纤维二糖则诱导 β G 生成^[58, 59]。

3.4 对土壤微生物群落的影响

3.4.1 微生物 α 多样性

植物与土壤环境间的交互作用主要通过土壤中的微生物群落实现。加速秸秆腐解提高土壤养分含量, 可改善土壤结构, 为微生物营造适宜的生长环境, 进而提高微生物物种丰富度和多样性^[60]。因此, 微生物群落对土壤环境的调控已经成为当前农田土壤研究的热点问题。本研究发现, 与未耦合秸秆腐解菌剂相比, 秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 施用深度耦合菌剂显著降低了细菌群落物种 Shannon 指数, 但在 NPKSML0 处理的细菌群落物种 Chao1 和 Shannon 指数最高, 而 NPKSML8-18 处理却显著提高了真菌群落物种 Shannon 指数。这是因为其表施处理的充足氧气刺激细菌快速、高效地繁殖和代谢, 分解秸秆产生大量中间产物, 为好氧细菌创造了丰富的营养基底, 显著提升细菌群落物种 Chao1 和 Shannon 指数^[61]。相较于干湿交替频繁的表层, 深层土壤水分含量高且波动微弱, 而水分作为菌丝网络内胞外酶、底物及代谢物运输的介质, 其稳定性直接维持了真菌对纤维素和木质素的分解过程, 提高真菌群落的 Shannon 多

样性指数^[62]。

3.4.2 微生物群落结构

土壤微生物驱动着有机质分解与养分转化过程,其群落组成是评价土壤质量与肥力的关键指标^[63]。本研究发现秸秆 0-8 cm 和 8-18 cm 分层施用显著提高了甲烷规则菌属(*Methanoregula*)的相对丰度,但显著降低厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)、黑孢霉属(*Nigrospora*)和罗兹菌门(*Rozellomycota*)的相对丰度,这与 Conrad^[64]、Yang 等^[65]研究结果相似。这可能是随着秸秆输入引发强烈厌氧发酵,甲烷规则菌属(*Methanoregula*)获得丰富的还原性底物(H_2/CO_2 、乙酸)从而显著提升相对丰度^[64];相反,厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)因与甲烷规则菌属(*Methanoregula*)竞争 H_2 处于劣势^[66],所以其相对丰度显著降低;好氧黑孢霉属(*Nigrospora*)因缺氧环境直接抑制及厌氧代谢产物积累而导致相对丰度下降^[67];罗兹菌门(*Rozellomycota*)则因其宿主的相对丰度减少而同步减少^[68]。与 NPKSL0-8 处理相比, NPKSL8-18 处理显著提高酸杆菌门(*Acidobacteriota*)、子囊菌门(*Ascomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)的相对丰度。这是因为深层低氧环境激活酸杆菌门的难降解碳源代谢通路,同时抑制好氧微生物活性,促使子囊菌通过分泌纤维素酶主导纤维降解过程,并利用孢子休眠策略适应逆境。此外,担子菌门(*Basidiomycota*)与植物根系形成内生共生体,秸秆深施促进深层根系发育,间接增加其相对丰度^[69]。在 NPKSML8-18 处理下,具有纤维素分解功能的绿弯菌门(*Chloroflexi*)的相对丰度最高,但罗兹菌门(*Rozellomycota*)、厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)和黑孢霉属(*Nigrospora*)的相对丰度最低。这是因为深层土壤含水率较高,可维持纤维素外切酶的高活性,进而加速绿弯菌门(*Chloroflexi*)降解纤维素^[70]。而深层低氧环境导致土壤积累的酚类物质增多,进而通过破坏细胞膜通透性,并诱导氧化应激,导致厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)生长受抑,还抑制黑孢霉属(*Nigrospora*)的线粒体复合物,导致能量代谢崩溃,降低其相对丰度^[71]。在此环境下导致好氧宿主活性受抑或死亡,宿主数量减少直接切断了罗兹菌门(*Rozellomycota*)的营养来源和繁殖载体,致使其相对丰度下降^[72]。相关性分析表明, SOC 与罗兹菌门(*Rozellomycota*)、厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)和黑孢霉属(*Nigrospora*)显著负相关($P<0.01$),这可能是因为秸秆耦合菌剂深施使碳源性质从易分解向稳定转变,不再利于罗兹菌门(*Rozellomycota*)、

厌氧粘细菌属(*Anaeromyxobacter*)和黑孢霉属(*Nigrospora*)的生长和竞争,导致它们的相对丰度下降^[73]。但深施提供了高浓度、均质的纤维素类底物,强烈诱导土壤中具有纤维素分解潜力的绿弯菌门(*Chloroflexi*)表达相关降解酶,进而提升绿弯菌门(*Chloroflexi*)的相对丰度^[19]。

4 结论

本研究通过研究秸秆分层与腐解菌剂耦合施用对黄泥田土壤有机碳含量与水稻产量的影响,明确了“秸秆-分层-菌剂”在土壤固碳和水稻产能提升方面协同增效作用。结果表明,秸秆耦合菌剂深层还田提高了易氧化有机碳、矿物结合态有机碳、颗粒有机碳含量及 α -1,4-葡萄糖苷酶、 β -1,4-葡萄糖苷酶、 β -1,4-木聚糖酶活性以及具有纤维素分解功能的绿弯菌门(*Chloroflexi*)的相对丰度,且真菌群落物种香农指数最高,进而显著提高了土壤有机碳含量以及水稻产量。相关性分析也进一步证实了水稻产量和土壤有机碳与 β -1,4-木聚糖酶、 α -1,4-葡萄糖苷酶、 β -1,4-葡萄糖苷酶活性显著正相关($P<0.05$),而与可溶性有机碳、真菌群落物种丰富度指数和细菌香农指数显著负相关($P<0.01$)。综上,本研究表明秸秆深施耦合菌剂通过促进土壤有机碳转化,提高胞外酶活性,调整微生物群落结构,进而提高水稻产量。

参考文献:

- [1] 李泳菲,王德鑫,陈海斌,杜建军,范如芹,邓彩联,谢圣明,欧阳敏枝,赖国祥. 还田方式和还田量对土壤理化性状与水稻生长的影响[J]. 仲恺农业工程学院学报, 2025, 38(6): 18-24.
Li Y F, Wang D X, Chen H B, Du J J, Fan R Q, Deng C L, Xie S M, Ouyang M Z, Lai G X. Effects of straw returning methods and amounts on soil physicochemical properties and rice growth[J]. *Journal of Zhongkai University of Agriculture and Engineering*, 2025, 38(6): 18-24. (in Chinese with English abstract)
- [2] 周莺,杨雅丽,张阳,郑甜甜,吕付泽,解宏图,李向祎. 免耕不同秸秆覆盖量对土壤有机碳库和碳库管理指数的影响[J]. 土壤通报, 2025, 56(3): 745-754.
Zhou Y, Yang Y L, Zhang Y, Zheng T T, Lü F Z, Xie H T, Li X Y. Effects of no-tillage with different straw mulch amounts on soil organic C pool and C management index[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2025, 56(3): 745-754. (in Chinese with English abstract)
- [3] Wang X, Wang X, Geng P, Yang Q, Chen K, Liu N, Fan

- Y, Zhan X, Han X. Effects of different returning method combined with decomposer on decomposition of organic components of straw and soil fertility[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 15495.
- [4] 万运帆, 李玉娥, 高清竹, 秦晓波, 林而达. 田间管理对华北平原冬小麦产量土壤碳及温室气体排放的影响. *农业环境科学学报*, 2009, 28(12): 2495-2500.
Wan Y F, Li Y E, Gao Q Z, Qin X B, Lin E D. Effects of field management on winter wheat yield, soil C and greenhouse gas emissions in North China Plain[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2009, 28(12): 2495-2500. (in Chinese with English abstract)
- [5] Latifmanesh H, Deng A, Li L, Chen Z, Zheng Y, Bao X, Zheng C, Zhang W. How incorporation depth of corn straw affects straw decomposition rate and C&N release in the wheat-corn cropping system[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2020, 300: 107000.
- [6] 刘沅漫, 于洪久, 刘杰, 张楠, 张博, 杜海伦, 潘雪, 于杰. 秸秆腐熟剂对玉米秸秆还田腐解特征及微生物群落的影响[J]. *黑龙江农业科学*, 2025(5): 1-7, 16.
Liu F M, Yu H J, Liu J, Zhang N, Zhang B, Du H L, Pan X, Yu J. Effects of straw decomposing agents on decomposition characteristics and microbial community of corn straw returning[J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2025(5): 1-7, 16. (in Chinese with English abstract)
- [7] Rchiad Z, Dai M, Hamel C, Bainard L D, Cade-Menun B J, Terrat Y, St-Arnaud M, Hijri M. Soil depth significantly shifted microbial community structures and functions in a semiarid prairie agroecosystem[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 815890.
- [8] 宋旭昕, 刘同旭. 土壤铁矿物形态转化影响有机碳固定研究进展[J]. *生态学报*, 2021, 41(20): 7928-7938.
Song X X, Liu T X. Research progress on the effects of iron mineral transformation on soil organic C sequestration[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(20): 7928-7938. (in Chinese with English abstract)
- [9] 杜丑新, 肖云山, 丁平, 张晴, 专启迪, 王必武. 早稻秸秆还田添加腐熟剂对晚稻产量及土壤养分的影响[J]. *安徽农业科学*, 2016, 44(29): 121-122.
Du C X, Xiao Y S, Ding P, Zhang Q, Zhuan Q D, Wang B W. Effects of early rice straw returning with decomposing agents on yield of late rice and soil nutrients[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2016, 44(29): 121-122. (in Chinese with English abstract)
- [10] Hu Q, Zhang X, Zhang Z, Wang R, Feng C, Xie Y, Chen S, Liu T. Microbial inoculants addition increases microbial necromass but decreases plant lignin contribution to soil organic C in rice paddies[J]. *Soil and Tillage Research*, 2025, 250: 106529.
- [11] 李传宝, 王宏燕, 赵伟, 许毛毛, 袁佳慧, 李晓庆. 秸秆还田配施微生物菌剂与有机肥施用对黑土微生物量碳的影响[J]. *江苏农业科学*, 2017, 45(5): 265-268.
Li C B, Wang H Y, Zhao W, Xu M M, Yuan J H, Li X Q. Effects of straw returning combined with microbial agents and organic fertilizer on microbial biomass C in black soil[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2017, 45(5): 265-268. (in Chinese with English abstract)
- [12] 张蔚, 李海云, 姚拓, 李青璞, 彭东超, 贺善睦, 周泽, 柴加丽. 促生菌剂及有机肥的添加对高寒草甸土壤酶活性的影响[J]. *草原与草坪*, 2024, 44(1): 150-157.
Zhang W, Li H Y, Yao T, Li Q P, Peng D C, He S M, Zhou Z, Chai J L. Effects of plant growth-promoting rhizobacteria and organic fertilizer on soil enzyme activities in alpine meadow[J]. *Grassland and Turf*, 2024, 44(1): 150-157. (in Chinese with English abstract)
- [13] 秦碧蓉. 外源有机碳添加下双季稻田质量、碳氮转化特征及其微生物调控途径[D]. 贵阳: 贵州大学, 2024.
Qin B R. Quality, C and nitrogen transformation characteristics and microbial regulation pathways in double-cropping rice fields under exogenous organic C addition [D]. Guiyang: Guizhou University, 2024. (in Chinese with English abstract)
- [14] Cepáková Š, Tošner Z, Frouz J. The effect of tree species on seasonal fluctuations in water-soluble and hot water-extractable organic matter at post-mining sites[J]. *Geoderma*, 2016, 275: 19-27.
- [15] Blair G, Lefroy R, Lisle L. Soil C fractions based on their degree of oxidation, and the development of a C management index for agricultural systems[J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 1995, 46(7): 1459.
- [16] Cambardella C A, Elliott E T. Particulate soil organic-matter changes across a grassland cultivation sequence[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1992, 56(3): 777-783.
- [17] Marx M C, Wood M, Jarvis S C. A microplate fluorimetric assay for the study of enzyme diversity in soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2001, 33(12-13): 1633-1640.
- [18] Qian Y, Yu H, He Q, Fan D, Zylstra G J, Wang H, Huang X. A novel trifunctional hydrolase cleaving C-O, C-N, and C-C bonds and its widespread distribution in Proteobacteria and Actinobacteria[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2025, 495: 139002.
- [19] Doveri F, Sarrocco S, Vannacci G. Studies on three rare coprophilous plectomycetes from Italy[J]. *Mycotaxon*, 2013, 124(1): 279-300.
- [20] 董晨晨. 食木锯白蚁(*Microcerotermes* sp)肠道共生细菌多样性及其降解木质纤维素的功能特征[D]. 镇江: 江苏大学, 2024.
Dong C C. Diversity and functional characteristics of lignocellulose-degrading symbiotic bacteria in the gut of wood-feeding termite (*Microcerotermes* sp) [D]. Zhenjiang: Jiangsu University, 2024. (in Chinese with English abstract)

- English abstract)
- [21] Rosenqvist T, Chan S, Paul C J. Uncharacterized members of the phylum Rozellomycota dominate the fungal community of a full-scale slow sand filter for drinking water production[J]. *Water Research*, 2025, 279: 123447.
- [22] Schmidt-Dannert C. Biocatalytic portfolio of Basidiomycota[J]. *Current Opinion in Chemical Biology*, 2016, 31: 40-49.
- [23] 朱超. 环境因素对水稻土中地杆菌和厌氧粘细菌群落的影响[D]. 咸阳: 西北农林科技大学, 2012.
- Zhu C. Effects of environmental factors on Geobacter and anaerobic myxobacteria communities in paddy soil [D]. Xianyang: Northwest A&F University, 2012. (in Chinese with English abstract)
- [24] 戴蓬博, 张荣, 孙广宇. 中国苹果病害病原菌物名录[J]. 菌物学报, 2021, 40(4): 936-964.
- Dai P B, Zhang R, Sun G Y. Checklist of pathogenic fungi on apple in China[J]. *Mycosystema*, 2021, 40(4): 936-964. (in Chinese with English abstract)
- [25] Liebetrau J, Sträuber H, Kretzschmar J, Denysenko V, Nelles M. Anaerobic Digestion//Wagemann K, Tippkötter N. Biorefineries[M]. Cham: Springer International Publishing, 2019: 281-299.
- [26] Kameshwar A K S, Qin W. Recent developments in using advanced sequencing technologies for the genomic studies of lignin and cellulose degrading microorganisms[J]. *International Journal of Biological Sciences*, 2016, 12(2): 156-171.
- [27] 裴鹏刚, 张均华, 朱练峰, 胡志华, 金千瑜. 秸秆还田耦合施氮水平对水稻光合特性、氮素吸收及产量形成的影响[J]. 中国水稻科学, 2015, 29(3): 282-290.
- Pei P G, Zhang J H, Zhu L F, Hu Z H, Jin Q Y. The effects of straw returning coupled with different nitrogen application levels on the photosynthetic characteristics, nitrogen absorption and yield formation of rice [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2015, 29(3): 282-290. (in Chinese with English abstract)
- [28] Lan C, Zou J, Li J, Xu H, Lin W, Weng P, Fang C, Zhang Z, Chen H, Lin W. Slow-release fertilizer deep placement increased rice yield and reduced the ecological and environmental impact in Southeast China: A life-cycle perspective[J]. *Field Crops Research*, 2024, 306: 109224.
- [29] Song A, Li Z, Liao Y, Liang Y, Wang E, Wang S, Li X, Bi J, Si Z, Lu Y, Nie J, Fan F. Soil bacterial communities interact with silicon fraction transformation and promote rice yield after long-term straw return[J]. *Soil Ecology Letters*, 2021, 3(4): 395-408.
- [30] Wen Y, Ma Y, Wu Z, Yang Y, Yuan X, Chen K, Luo Y, He Z, Huang X, Deng P, Li C, Yang Z, Chen Z, Ma J. Enhancing rice ecological production: Synergistic effects of wheat-straw decomposition and microbial agents on soil health and yield[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2024, 15: 1368184.
- [31] Jorobekova S, Kydraliev K, Jorobekova S, Kydraliev K. Plant growth biostimulants from by-products of anaerobic digestion of organic substances//Organic Fertilizers-History, Production and Applications[M]. IntechOpen, 2019.
- [32] Li L, Wu T, Li Y, Hu X, Wang Z, Liu J, Qin W, Ashraf U. Deep fertilization improves rice productivity and reduces ammonia emissions from rice fields in China: A meta-analysis[J]. *Field Crops Research*, 2022, 289: 108704.
- [33] Liao P, Bell S M, Chen L, Huang S, Wang H, Miao J, Qi Y, Sun Y, Liao B, Zeng Y, Wei H, Gao H, Dai Q, Zhang H. Improving rice grain yield and reducing lodging risk simultaneously: A meta-analysis[J]. *European Journal of Agronomy*, 2023, 143: 126709.
- [34] 程海富. 土壤碳储存与农业生态系统[J]. 当代农机, 2023(7): 10-12.
- Cheng H F. Soil C storage and agricultural ecosystems[J]. *Contemporary Agricultural Machinery*, 2023(7): 10-12. (in Chinese)
- [35] Xue B, Huang L, Li X, Lu J, Gao R, Kamran M, Fahad S. Effect of clay mineralogy and soil organic C in aggregates under Straw Incorporation[J]. *Agronomy*, 2022, 12(2): 534.
- [36] 曹小闯, 刘晓霞, 马超, 田仓, 朱练峰, 吴龙龙, 张均华, 金千瑜, 朱春权, 孔亚丽, 虞轶俊. 干湿交替灌溉改善稻田根际氧环境进而促进氮素转化和水稻氮素吸收[J]. 植物营养与肥料学报, 2022, 28(1): 1-14.
- Cao X C, Liu X X, Ma C, Tian C, Zhu L F, Wu L L, Zhang J H, Jin Q Y, Zhu C Q, Kong Y L, Yu Y J. Alternate wetting and drying irrigation improves rhizosphere oxygen environment in paddy fields thereby promoting nitrogen transformation and rice nitrogen uptake[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2022, 28(1): 1-14. (in Chinese with English abstract)
- [37] 杨振宇. 不同深度农田土壤有机碳的激发效应及其对增温的响应[D]. 重庆: 重庆三峡学院, 2025.
- Yang Z Y. Priming effect of soil organic carbon at different depths in farmland and its response to warming[D]. Chongqing: Chongqing Three Gorges University, 2025. (in Chinese with English abstract)
- [38] 张冬晖. 大棚内外不同灌溉量对土壤水分迁移及近地表空气水热环境的影响研究[D]. 太原: 太原师范学院, 2025.
- Zhang D H. Effects of different irrigation amounts on soil water movement and near-surface air hydrothermal environment inside and outside the greenhouse[D]. Taiyuan: Taiyuan Normal University, 2025. (in Chinese with English abstract)
- [39] Xu X, Wang F, Luan Y L, Wang J S, Fang Y H, Ruan H H. Soil readily oxidizable carbon along an elevation

- gradient of Wuyi Mountains in southeastern China[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2008, 27(7): 1115-1121.
- [40] 高继伟, 谢英荷, 李廷亮, 焦欢, 李彦, 何冰, 李顺. 不同培肥措施对矿区复垦土壤活性有机碳的影响[J]. *灌溉排水学报*, 2018, 37(5): 6-12.
- Gao J W, Xie Y H, Li T L, Jiao H, Li Y, He B, Li S. Effects of different fertilization practices on active organic carbon in reclaimed soil of mining area[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2018, 37(5): 6-12. (in Chinese with English abstract)
- [41] 翟英芳, 李旭, 付鑫, 马玉洁, 李敬宇, 曾正群, 彭正萍, 刘学彤, 党红凯. 长期施肥和秸秆还田对华北农田土壤有机碳活性组分的影响[J]. *土壤通报*, 2025, 56(4): 1097-1107.
- Zhai Y F, Li X, Fu X, Ma Y J, Li J Y, Zeng Z Q, Peng Z P, Liu X T, Dang H K. Effects of long-term fertilization and straw returning on soil active organic carbon fractions in farmland of North China[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2025, 56(4): 1097-1107. (in Chinese with English abstract)
- [42] 侯赛赛, 白懿杭, 王灿, 祖超, 张瑞芳, 王鑫鑫. 土壤有机碳及其活性组分研究进展[J]. *江苏农业科学*, 2023, 51(13): 24-33.
- Hou S S, Bai Y H, Wang C, Zu C, Zhang R F, Wang X X. Research progress on soil organic carbon and its active components[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2023, 51(13): 24-33. (in Chinese with English abstract)
- [43] 姚忠凯. 玉米秸秆和生物炭添加对颗粒态、矿物结合态有机碳激发效应的影响[D]. 重庆: 重庆三峡学院, 2024.
- Yao Z K. Effects of maize straw and biochar addition on priming effects of particulate organic carbon and mineral-associated organic carbon[D]. Chongqing: Chongqing Three Gorges University, 2024. (in Chinese with English abstract)
- [44] 李丹丹, 孙庆璇, 田涵仪, 刘宇师, 王洋, 王征. 深翻种植对华北土壤碳固存及土壤有机碳组分的影响[J]. *林业与生态科学*, 2025, 40(3): 254-261.
- Li D D, Sun Q X, Tian H Y, Liu Y S, Wang Y, Wang Z. Effects of deep plowing and planting on soil carbon sequestration and soil organic carbon fractions in North China[J]. *Forestry and Ecological Sciences*, 2025, 40(3): 254-261. (in Chinese with English abstract)
- [45] 黄丹莲. 堆肥微生物群落演替及木质素降解功能微生物强化堆肥机理研究[D]. 长沙: 湖南大学, 2013.
- Huang D L. Microbial community succession in composting and mechanism of composting enhancement by lignin-degrading functional microorganisms[D]. Changsha: Hunan University, 2013. (in Chinese with English abstract)
- [46] 郭祺航. 秸秆还田背景下微生物菌剂用量对土壤团聚体、有机碳及春玉米产量的影响[D]. 咸阳: 西北农林科技大学, 2025.
- Guo Q H. Effects of microbial inoculant dosage on soil aggregates, organic carbon and spring maize yield under straw returning[D]. Xianyang: Northwest A&F University, 2025. (in Chinese with English abstract)
- [47] 赵晓军, 李丽, 张璇, 张海平, 王紫微, 印瀚. 生物炭与微生物菌剂配施对土壤生物和化学特性的影响[J]. *安徽农业科学*, 2018, 46(25): 109-112.
- Zhao X J, Li L, Zhang X, Zhang H P, Wang Z W, Yin H. Effects of combined application of biochar and microbial inoculants on soil biological and chemical properties[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2018, 46(25): 109-112. (in Chinese with English abstract)
- [48] Gosling P, Parsons N, Bending G D. What are the primary factors controlling the light fraction and particulate soil organic matter content of agricultural soils[J]? *Biology and Fertility of Soils*, 2013, 49(8): 1001-1014.
- [49] Leuthold S J, Haddix M L, Lavalley J, Cotrufo M F. Physical fractionation techniques//Goss M J, Oliver M. *Encyclopedia of Soils in the Environment* [M]. 2nd ed. Oxford: Academic Press, 2023: 68-80.
- [50] Zhang J, Chen G, Sun H, Zhou S, Zou G. Straw biochar hastens organic matter degradation and produces nutrient-rich compost[J]. *Bioresource Technology*, 2016, 200: 876-883.
- [51] Ali N, Athar M A, Khan Y H, Idrees M, Ahmad D. Regulation and Improvement of Cellulase Production: Recent Advances[J]. *Natural Resources*, 2014, 5(14): 857-863.
- [52] Chen L, Sun S, Yao B, Peng Y, Gao C, Qin T, Zhou Y, Sun C, Quan W. Effects of straw return and straw biochar on soil properties and crop growth: A review[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 986763.
- [53] Hou J, Yu C, Ye M, Guo Z, Xin Y, Meng F, Tan W, Xi B, Li M. Short-term hydrothermal fermentation amendments enhance labile organic carbon in deep soil: Synergistic effects of organic carbon, enzymes, and microbes[J]. *Environmental Technology & Innovation*, 2025, 40: 104348.
- [54] 陈丹丹, 王垚, 郭田心, 梁秋雨, 张庆, 骈瑞琪. 纤维素降解菌的筛选以及对水稻秸秆的代谢利用[J]. *草业学报*, 2025(9): 185-193.
- Chen D D, Wang Y, Guo T X, Liang Q Y, Zhang Q, Pian R Q. Screening of cellulose-degrading bacteria and their metabolic utilization of rice straw[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2025(9): 185-193. (in Chinese with English abstract)
- [55] Lu J, Yang Z, Xu W, Shi X, Guo R. Enrichment of thermophilic and mesophilic microbial consortia for efficient degradation of corn stalk[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2019, 78: 118-126.

- [56] 戴爽, 李荷. β -葡萄糖苷酶 Bgl747 的定向筛选、重组表达与酶学性质[J]. 微生物学通报, 2021, 48(8): 2524-2533.
Dai S, Li H. Directed screening, recombinant expression and enzymatic properties of β -glucosidase Bgl747[J]. *Microbiology China*, 2021, 48(8): 2524-2533. (in Chinese with English abstract)
- [57] 陈红漫, 张璐, 李艳秋, 阚国仕, 任大明. 绿色木霉葡萄糖内切酶I (EGI)基因克隆与表达[J]. 中国酿造, 2012, 31(7): 114-116.
Chen H M, Zhang L, Li Y Q, Kan G S, Ren D M. Gene cloning and expression of endoglucanase I (EGI) from *Trichoderma viride*[J]. *China Brewing*, 2012, 31(7): 114-116. (in Chinese with English abstract)
- [58] Cusack D F, Silver W L, Torn M S, Burton S D, Firestone M K. Changes in microbial community characteristics and soil organic matter with nitrogen additions in two tropical forests[J]. *Ecology*, 2011, 92(3): 621-632.
- [59] Bowles T M, Acosta-Martínez V, Calderón F, Jackson L E. Soil enzyme activities, microbial communities, and C and nitrogen availability in organic agroecosystems across an intensively-managed agricultural landscape[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 68(2): 252-262.
- [60] 高日平, 段玉, 张君, 任永峰, 梁俊梅, 景宇鹏, 赵沛义. 长期施肥对农牧交错带旱地土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. 环境科学, 2023, 44(2): 1063-1073.
Gao R P, Duan Y, Zhang J, Ren Y F, Liang J M, Jing Y P, Zhao P Y. Effects of long-term fertilization on soil microbial diversity and community structure in drylands of agro-pastoral ecotone[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(2): 1063-1073. (in Chinese with English abstract)
- [61] Qian Z, Zhuang S, Gao J, Tang L, Harindintwali J D, Wang F. Aeration increases soil bacterial diversity and nutrient transformation under mulching-induced hypoxic conditions[J]. *Science of The Total Environment*, 2022, 817: 153017.
- [62] Bödeker I T M, Lindahl B D, Olson Å, Clemmensen K E. Mycorrhizal and saprotrophic fungal guilds compete for the same organic substrates but affect decomposition differently[J]. *Functional Ecology*, 2016, 30(12): 1967-1978.
- [63] Spedding T A, Hamel C, Mehuys G R, Madramootoo C A. Soil microbial dynamics in maize-growing soil under different tillage and residue management systems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36(3): 499-512.
- [64] Conrad R, Klose M. Dynamics of the methanogenic archaeal community in anoxic rice soil upon addition of straw[J]. *European Journal of Soil Science*, 2006, 57(4): 476-484.
- [65] Yang H, Ma J, Rong Z, Zeng D, Wang Y, Hu S, Ye W, Zheng X. Wheat straw return influences nitrogen-cycling and pathogen associated soil microbiota in a wheat-soybean rotation system[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1811.
- [66] Sanford R A, Cole J R, Tiedje J M. Characterization and Description of *Anaeromyxobacter dehalogenans* gen. nov., sp. nov., an Aryl-Halo-respiring Facultative Anaerobic Myxobacterium[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, 68(2): 893-900.
- [67] 王梅. 黑孢属及相关属真菌多样性和分类学研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2017.
Wang M. Diversity and taxonomy of *Melanospora* and related genera [D]. Beijing: University of Chinese Academy of Sciences, 2017. (in Chinese with English abstract)
- [68] Agler M T, Ruhe J, Kroll S, Morhenn C, Kim S T, Weigel D, Kemen E M. Microbial Hub Taxa Link Host and Abiotic Factors to Plant Microbiome Variation[J]. *PLOS Biology*, 2016, 14(1): e1002352.
- [69] Zhu F, Lin X, Guan S, Dou S. Deep incorporation of corn straw benefits soil organic C and microbial community composition in a black soil of Northeast China[J]. *Soil Use and Management*, 2022, 38(2): 1266-1279.
- [70] Wu D, Wei Z, Gao X, Wu J, Chen X, Zhao Y, Jia L, Wen D. Reconstruction of core microbes based on producing lignocellulolytic enzymes causing by bacterial inoculation during rice straw composting[J]. *Bioresource Technology*, 2020, 315: 123849.
- [71] Wang H, Guo Q, Li X, Li X, Yu Z, Li X, Yang T, Su Z, Zhang H, Zhang C. Effects of long-term no-tillage with different straw mulching frequencies on soil microbial community and the abundances of two soil-borne pathogens[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 148: 103488.
- [72] Letcher P M, Powell M J. A taxonomic summary and revision of *Rozella* (Cryptomycota)[J]. *IMA Fungus*, 2018, 9(2): 383-399.
- [73] Fan W, Yuan J, Wu J, Cai H. Effects of straw maize on the bacterial community and C stability at different soil depths[J]. *Agriculture*, 2023, 13(7): 1307.