中国生态农业学报(中英文)
Chinese Journal of Eco-Agriculture

麦秸与氮肥配施对水稻根际区土壤微生物量碳氮的影响

罗佳琳，赵亚慧，于建光，王　宁，薛利红，杨林章

Effects of wheat straw and nitrogen fertilizer application on the soil microbial biomass carbon and nitrogen in the rhizosphere of rice

LUO Jialin, ZHAO Yahui, YU Jianguang, WANG Ning, XUE Lihong, and YANG Linzhang

在线阅读 View online: https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.201019

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

绿肥压青对粉垄稻田土壤微生物量碳和有机碳累积矿化量的影响

Effects of green manure returning on soil microbial biomass carbon and mineralization of organic carbon in smash ridging paddy field

中国生态农业学报(中英文). 2021, 29(4): 691–703

川西平原土壤微生物生物量碳氮磷含量特征及其影响因素分析

Distribution characteristics and impact factors of soil microbial biomass car–bon, nitrogen and phosphorus in western Sichuan plain

中国生态农业学报(中英文). 2019, 27(10): 1607–1616

施氮量对玉米/大豆套作系统土壤微生物数量及土壤酶活性的影响

Effects of nitrogen application rate on soil microbial quantity and soil enzymes activities in maize/soybean intercropping systems

中国生态农业学报(中英文). 2017, 25(10): 1463–1474

聚乙烯微塑料对玉米根际土壤微生物群落结构的影响

Effects of polyethylene microplastics on the microbial community structure of maize rhizosphere soil

中国生态农业学报(中英文). 2021, 29(6): 970–978

秸秆还田与施肥方式对稻麦轮作土壤细菌和真菌群落结构与多样性的影响

Effects of straw returning and fertilization on soil bacterial and fungal community structures and diversities in rice–wheat rotation soil

中国生态农业学报(中英文). 2021, 29(3): 531–539

PLFA方法研究连作对加工番茄根际土壤微生物群落结构的影响

Microbial community structure in rhizosphere soils of long–term continuously cropped processing tomato based on PLFA method

中国生态农业学报(中英文). 2017, 25(4): 594–604

关注微信公众号，获得更多资讯信息

中国生态农业学报(中英文) 2021 年 9 月 第 29 卷 第 9 期
Chinese Journal of Eco-Agriculture, Sep. 2021, 29(9): 1582−1591

DOI: 10.13930/j.cnki.cjea.201019

罗佳琳, 赵亚慧, 于建光, 王宁, 薛利红, 杨林章. 麦秸与氮肥配施对水稻根际区土壤微生物量碳氮的影响 [J]. 中国生态农业学报 (中英文), 2021, 29(9): 1582−1591

LUO J L, ZHAO Y H, YU J G, WANG N, XUE L H, YANG L Z. Effects of wheat straw and nitrogen fertilizer application on the soil microbial biomass carbon and nitrogen in the rhizosphere of rice[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2021, 29(9): 1582−1591

麦秸与氮肥配施对水稻根际区土壤微生物量碳氮的影响*

罗佳琳[1,3], 赵亚慧[1], 于建光[1,2,3], 王 宁[1,2**], 薛利红[1,2,3], 杨林章[1]

(1. 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所/农业部长江下游平原农业环境重点实验室 南京 210014;
2. 江苏大学环境与安全工程学院 镇江 212001; 3. 南京农业大学资源与环境科学学院 南京 210095)

摘 要: 土壤微生物生物量碳氮 (SMBC、SMBN) 是表征土壤肥力高低及变化的关键因子。水稻根际是水稻-土壤-微生物相互作用的场所, 根际微生物作为根际生态的重要组成部分, 是土壤有机质和养分转化的动力。本试验针对长江中下游典型水稻-小麦轮作区水稻非根际和根际区土壤 SMBC 和 SMBN 对麦秸还田与氮肥配施的响应规律开展研究。基于盆栽模拟试验, 采用根际袋法研究了不施加秸秆+不施加氮肥 (CK)、麦秸直接还田 (SN0)、麦秸与低量氮肥配施 (SN1)、麦秸与高量氮肥配施 (SN2) 4 种模式下, 两种类型土壤 (高砂土和黄泥土) 水稻成熟期非根际和根际区 SMBC 和 SMBN 含量的变化。结果表明: 与 CK 相比, SN0 处理下高砂土根际和非根际 SMBC 含量分别显著提高 40.3% 和 48.1%, 而黄泥土根际和非根际区 SMBC 分别显著提高 95.7% 和 75.4%。与 SMBC 不同, 与 CK 相比, SN0 处理下高砂土根际 SMBN 含量变化不显著, 非根际显著降低 19.9%; 而黄泥土根际和非根际土 SMBN 含量分别显著降低 19.5% 和 49.0%。与 SN0 相比, 低量氮肥施用 (SN1) 显著提高了高砂土根际区和黄泥土非根际区 SMBC 含量, 提高比例约 5.1% 和 11.1%, 同时 SN1 处理也显著提高了两种类型土壤根际和非根际 SMBN 含量, 其中高砂土提高 17.3% 和 9.8%, 黄泥土提高 36.1% 和 68.9%; 随着施氮量增加, 与 SN0 相比, 高量氮肥施用 (SN2) 显著提高两种类型土壤根际和非根际区 SMBC 和 SMBN 含量, 其中高砂土提高 8.58% 和 13.5%, 黄泥土提高 25.6% 和 232.9%。综合分析认为, 无论氮肥施用量高低, 秸秆还田配施氮肥都可以有效提高非根际和根际区 SMBC 和 SMBN 含量, 从而提升土壤养分有效性。因此, 秸秆还田配施氮肥对于提高长江中下游稻麦轮作区土壤肥力和促进作物生长具有重要意义。

关键词: 水稻-小麦轮作; 稻田; 非根际和根际; 微生物量碳氮; 麦秸还田; 氮肥水平

中图分类号: S154.3 **开放科学码(资源服务)标识码(OSID):**

Effects of wheat straw and nitrogen fertilizer application on the soil microbial biomass carbon and nitrogen in the rhizosphere of rice*

LUO Jialin[1,3], ZHAO Yahui[1], YU Jianguang[1,2,3], WANG Ning[1,2**], XUE Lihong[1,2,3], YANG Linzhang[1]

(1. Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences / Key Agricultural Environment Laboratory of the Lower Yangtze River Plain of Ministry of Agriculture of the People' Republic of China, Nanjing 210014, China;

* 国家自然科学基金项目 (41601261) 和江苏省自然科学基金项目 (BK20201240) 资助

** 通信作者: 王宁, 主要从事微生物生态学研究。E-mail: wang.ning4113@163.com
罗佳琳, 主要从事土壤氮转化方面的研究。E-mail: luojialin1995@163.com

收稿日期: 2020-12-30 接受日期: 2021-03-15

* The study was supported by the National Natural Science Foundation of China (41601261) and the Natural Science Foundation of Jiangsu Province (BK20201240).

** Corresponding author, E-mail: wang.ning4113@163.com

Received Dec. 30, 2020; accepted Mar. 15, 2021

2. School of Environmental and Safety Engineering, Jiangsu University, Zhenjiang 212001, China;
3. College of Resources and Environment Science, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: Soil microbial biomass carbon and nitrogen (SMBC and SMBN, respectively) are key factors that characterize soil fertility and its' change. The rhizosphere is a hotspot of microbial interactions in rice fields. Rhizosphere microbiota are important for rhizosphere ecology and are the impetus of soil organic matter and nutrient transformation. This study investigated bulk and rhizosphere SMBC and SMBN in paddy soils in response to wheat straw addition and different amounts of nitrogen fertilizer application in the typical rice and wheat rotation areas of the middle and lower reaches of the Yangtze River. There were four treatments (in triplicate): no straw or nitrogen fertilizer (CK), straw addition (SN0), straw and low nitrogen fertilizer addition (SN1), and straw and high nitrogen fertilizer addition (SN2). The results showed that, compared to CK, the SMBC contents in the SN0 rhizosphere and bulk of high sandy soil increased by 40.3% and 48.1%, respectively, while those in yellow mud soil increased by 95.7% and 75.4%, respectively. The SMBN contents in the rhizosphere of high sandy soil did not change significantly, but decreased by 19.9% in bulk soil. The SMBN contents in the rhizosphere and bulk of SN0-treated yellow mud soil decreased by 19.5% and 49.0%, respectively. Low nitrogen fertilizer application significantly increased the SMBC content in the rhizosphere of sandy soil and the bulk of yellow mud soil and increased the SMBN content in the rhizosphere and bulk of both soils. With increased nitrogen fertilizer application, SMBC and SMBN contents in the rhizosphere and bulk of both soils significantly increased. Compared with SN0, the SMBC content in the rhizosphere of SN1 in sandy soil increased by 5.1%, that in bulk decreased by 12.9%, and that in the bulk of yellow mud soil increased by 11.1%. There was no significant change in SMBC content in the rhizosphere of yellow mud soil. SN1 treatment led to an increase in the SMBN contents of the rhizosphere and bulk of sandy soil by 17.3% and 9.8%, respectively, and an increase in the SMBN contents of the rhizosphere and bulk of yellow mud by 36.1% and 68.9%, respectively. SN2 treatment led to an increase in the SMBC content in the sandy soil rhizosphere and bulk by 8.6% and 39.3%, respectively, and by 34.58% and 3.05% in yellow mud, respectively, over those of SN0. For the SN2 treatment, sandy soil rhizosphere and bulk SMBN increased by 27.0% and 13.5%, respectively, and they increased by 25.6% and 232.9%, respectively, in yellow mud soil, compared with SN0. These comprehensive analyses show that nitrogen fertilizer addition can increase the SMBC and SMBN contents in bulk and rhizosphere soils, thereby improving soil nutrient availability. Straw returning with nitrogen fertilizer greatly improves soil fertility and promotes crop growth in the rice-wheat rotation areas of the middle and lower reaches of the Yangtze River.

Keywords: Rice-wheat rotation; Paddy field; Bulk and rhizosphere; Microbial biomass carbon and nitrogen; Wheat straw returning; Nitrogen fertilizer level

在我国长江中下游地区, 水稻 (*Oryza sativa*)-小麦 (*Triticum aestivum*) 轮作 (稻麦轮作) 作为一种典型种植模式在保障主要粮食安全上起着重要的作用。该模式中, 小麦收获后秸秆产生量大、茬口时间短、季节紧, 秸秆还田作为一种直接有效的秸秆处置措施被广泛采用。研究发现, 秸秆还田将改变土壤碳氮供应状况及其循环速率、土壤基本性质和土壤生态系统结构组成, 进而能够有效改善土壤结构、增加土壤养分和提高作物产量[1-2], 其影响效应与土壤 C/N 比、土壤特性、秸秆种类、秸秆还田量、秸秆还田方式, 以及秸秆还田后的水肥管理方式等环境因素密切相关[3-6]。其中, 土壤碳氮比是影响其养分释放和还田利用的主要因素之一[7]。因此, 秸秆还田条件下, 如何合理施用氮肥是秸秆利用的关键问题。

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分, 是土壤有机质和养分转化的动力[8-9]。土壤微生物生物量碳 (soil microbial biomass carbon, SMBC) 是土壤有机质中最为活跃部分, 可以敏感地反映出土壤有机碳的变化[10]。而土壤微生物生物量氮 (soil microbial biomass nitrogen, SMBN) 是土壤活性氮的重要储备库, 是植物氮营养的重要来源[11]。因此, 土壤微生物生物量碳氮是表征土壤肥力高低及变化的关键因子[12]。已有研究表明秸秆还田配施氮肥对土壤微生物生物量碳氮有着重要的影响。张丹等[13] 研究发现秸秆与氮肥配施提高了土壤微生物熵, 并降低了微生物生物量 C/N 比, 从而增强了土壤微生物的固氮能力。但也有研究发现, 与单施化肥相比, 秸秆还田配施氮肥降低了土壤速效养分含量[14]。而稻田根际生态是水稻-土壤-微生物相互作用的场所, 比周围土壤含有较多微生物, 在植物营养转化和土壤肥力形成中起着重要作用[15]。根际土壤因受作物根系的影响, 其微生物量碳氮含量与非根际区土壤相比必然存在着显著性差异[16]。然而目前关于典型稻麦轮作区水稻非根际和根际区土壤微生物量碳氮对麦秸还田与氮肥配施的规律仍不够清晰。

因此, 本试验拟基于盆栽模拟试验, 采用根际袋法, 研究长江中下游典型稻麦轮作区水稻根际和非根际区土壤微生物碳氮对不用施肥方式的响应, 为

田间精准施肥提供了一定的理论指导, 为基础研究提供了相关的理论基础。

1 材料与方法

1.1 供试土壤和秸秆

通过文献检索和实地调研, 选择了江苏省两种长期稻麦轮作田块作为典型土壤采样点, 即江苏省泰州市姜堰区梁徐镇岭家村 (32°43′N, 120°10′E) 的高砂土, 江苏省常州市金坛区薛埠镇罗村 (31°6′N, 119°41′E) 的黄泥土。土壤风干过 2 mm 筛, 混合均匀后贮存于室温备用。低肥力高砂土的土壤理化状况为: pH 7.86、EC 180.13 μs·cm^{-1}、有机质 27.68 g·kg^{-1}、总氮 0.55 g·kg^{-1}、速效磷 12.00 mg·kg^{-1}、速效钾 206.80 mg·kg^{-1}、C/N 为 29.2。高肥力黄泥土的土壤理化状况为: pH 6.03、EC 169.67 μs·cm^{-1}、有机质 28.50 g·kg^{-1}、总氮 0.88 g·kg^{-1}、速效磷 12.47 mg·kg^{-1}、速效钾 220.70 mg·kg^{-1}、C/N 为 18.79。

供试秸秆来自于江苏省农业科学院小麦试验基地成熟收割后的小麦秸秆。秸秆晒干粉碎过 10 目筛, 混合均匀后贮存于室温备用。秸秆总碳量为 475 g·kg^{-1}, 总氮量为 4.9 g·kg^{-1}, 碳氮比为 96.9。

1.2 试验设计

试验设置 4 种处理: ①不施加秸秆也不施加氮肥 (CK); ②施加秸秆且不施氮肥 (SN0); ③施加秸秆且施加低量氮肥 [SN1, 尿素: 125 mg(N)·kg^{-1}]; ④施加秸秆且施加高量氮肥 [SN2, 尿素: 250 mg(N)·kg^{-1}]。每个处理 3 个重复。

具体试验过程如下: 每个类型土壤称取 1.5 kg (干土重计) 装于根际袋中, 根际袋大小为 10 cm×20 cm, 网孔直径 30 μm; 然后将根际袋放入 PVC 盆中央, 在根际袋外添加 1.8 kg (干土重计) 水稻土于 PVC 盆中。水稻种子在 10% 的 H_2O_2 中消毒 10 min 后用去离子水洗净[17], 在湿珍珠岩上发芽。将在珍珠岩上生长 1 周左右的水稻苗移栽至根际袋中, 每袋 1 株。将所有盆钵移至温室中, 在 PVC 盆表面盖一层黑色透气尼龙网以防止藻类生长。每盆分别施加等量的磷肥 (P_2O_5, 90 mg·kg^{-1}) 和钾肥 (K_2O, 180 mg·kg^{-1})。水稻生长过程中适时灌水保持水分含量在土壤表面 2 cm 左右和防治病虫害, 试验周期约 4 个月, 待水稻于 2019 年 11 月 10 日生长至成熟期后, 将根际袋整个从盆中取出并剪开袋子, 将水稻整株取出, 根际袋内土壤混合均匀后作为根际土, 根际袋外土壤混合均匀后取出作为非根际土壤, 土壤主要分为两部分: 一部分土壤风干后用于土壤基本性质的测定, 另一部分土壤过 2 mm 筛储存于−4 ℃ 用于土壤微生物量碳氮的测定。

1.3 土壤性质分析

土壤 pH 采用酸度计 (pHs-3C 型精密 pH 计, 上海雷磁仪器厂) 测定 (土 : 水=1 : 5)[18], 土壤有机质测定采用重铬酸钾容量法-外加热法[18], 土壤全氮 (TN) 测定采用半微量凯氏法[18], 土壤碱解氮 (AN) 测定采用碱解扩散法[18], 土壤有效磷 (AP) 测定采用钼锑抗比色法[18], 土壤速效钾 (AK) 测定采用火焰光度计比色法[18], 土壤微生物量碳 (SMBC) 和微生物量氮 (SMBN) 测定采用氯仿熏蒸-硫酸钾浸提法[18]。

1.4 数据分析

土壤微生物生物量碳和氮的计算公式如下:

$$\mathrm{SMBC} = E_{\mathrm{C}}/k_{EC} \tag{1}$$

$$\mathrm{SMBN} = E_{\mathrm{N}}/k_{EN} \tag{2}$$

式中: E_{C} 为熏蒸与未熏蒸土壤总有机碳的差值; k_{EC} 为转换系数, 取值 0.38; E_{N} 为熏蒸与未熏蒸土壤总氮的差值; k_{EN} 为转换系数, 取值 0.45。

微生物熵为土壤微生物生物量碳与土壤总有机碳 (SOC) 的比值, 即 SMBC/SOC。

微生物量碳氮比为土壤微生物生物量碳与土壤微生物生物量氮比值, 即 SMBC/SMBN。

所有试验数据分析采用 SPSS 22.0 软件进行处理与统计分析, 图形绘制采用 SigmaPlot 10.0。

2 结果与分析

2.1 非根际和根际区土壤有机碳

麦秸与不同量氮肥配施下两种类型稻田非根际和根际区土壤有机碳 (SOC) 含量变化如图 1 所示。对于高砂土, 在不施加秸秆也不施氮肥 (CK) 处理下, 非根际区 SOC 含量显著高于根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, 麦秸直接还田且未施用氮肥 (SN0) 处理下非根际区 SOC 含量由 16.51 g·kg^{-1} 显著降低到 14.31 g·kg^{-1}, 降低 13.3% (P<0.05); 而根际区 SOC 含量由 13.54 g·kg^{-1} 提高到 14.04 g·kg^{-1}, 但差异不显著。与 SN0 土壤相比, 两种水平氮肥 (SN1 和 SN2) 施用下非根际区和根际区 SOC 含量均无显著性变化。与高砂土不同, 对于黄泥土, CK 处理下根际区 SOC 含量显著高于非根际区 (P<0.05)。与 CK 处理相比, 3 种处理根际区 SOC 含量显著降低 (P<0.05), 而不同处理的黄泥土非根际区 SOC 含量之间并无显著性变化。以上研究结果分析发现, 两种水平氮肥施用对秸秆还田条件下两种类型稻田土壤根际和非根际区 SOC 并无显著性影响。

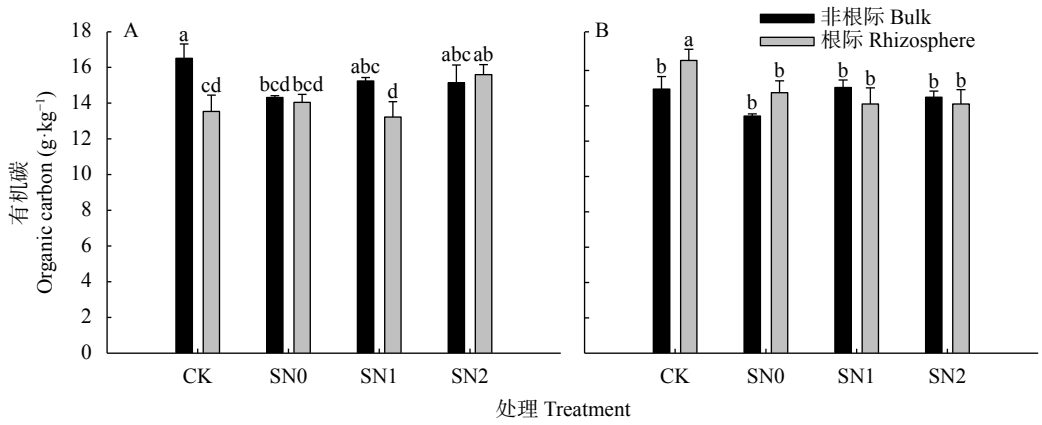

图 1　麦秸与不同量氮肥配施下高砂土 (A) 和黄泥土 (B) 水稻非根际和根际区土壤有机碳含量的变化

Fig. 1　Changes of soil organic carbon contents in bulk and rhizosphere of rice in high sandy soil (A) and yellow mud soil (B) under combined application of wheat straw and different amounts of nitrogen fertilizer

CK: 不施加秸秆也不施加氮肥; SN0: 麦秸直接还田; SN1: 麦秸与低量氮肥配施 [施尿素 125 mg(N)·kg^{-1}]; SN2: 麦秸与高量氮肥配施 [施尿素 250 mg(N)·kg^{-1}]。不同字母表示处理间差异显著 (P<0.05)。CK: no straw or nitrogen fertilizer; SN0: straw addition; SN1: straw and low nitrogen fertilizer [125 mg(N)·kg^{-1} urea] addition; SN2: straw and high nitrogen fertilizer [250 mg(N)·kg^{-1} urea] addition. There was significant difference among the treatments with different letters at P<0.05 level.

2.2　非根际和根际区土壤微生物生物量碳

麦秸与不同量氮肥配施下, 两种类型稻田非根际和根际区土壤微生物生物量碳 (SMBC) 含量变化如图 2 所示。对于高砂土, CK 处理下根际区 SMBC 含量显著高于非根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, SN0 处理下非根际 SMBC 含量由 222.78 μg·g^{-1} 提高到 329.65 μg·g^{-1}, 提高 47.97%; 根际区 SMBC 含量由 246.79 μg·g^{-1} 提高到 346.23 μg·g^{-1}, 提高 40.29% (P<0.05)。而与 SN0 相比, SN1 处理的高砂土非根际区 SMBC 含量则降低 12.9%; SN2 处理下非根际区 SMBC 含量则又显著增加 39.3% (P<0.05)。同时, 两种水平氮肥施用下根际区 SMBC 含量显著提高 5.1% 和 8.9%(P<0.05)。以上研究结果分析发现, 与 SN0 相比, 当氮肥施用量较低时, 氮肥施用显著提高了高砂土根际区 SMBC 含量, 但降低了非根际区 SMBC 含量, 因此, 低氮量施用情况下高砂土根际区 SMBC 含量显著高于非根际区。随着氮肥施用量的增加, 氮肥施用显著提高了稻田根际和非根际区 SMBC 含量, 由于非根际 SMBC 含量增加量显著高于根际, 因此, 高量氮肥施用条件下, 高砂土非根际区 SMBC 含量显著高于根际区。

与高砂土所不同, 对于黄泥土, CK 处理下根际区 SMBC 含量显著低于非根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, SN0 处理下非根际 SMBC 含量由 214.26 μg·g^{-1}

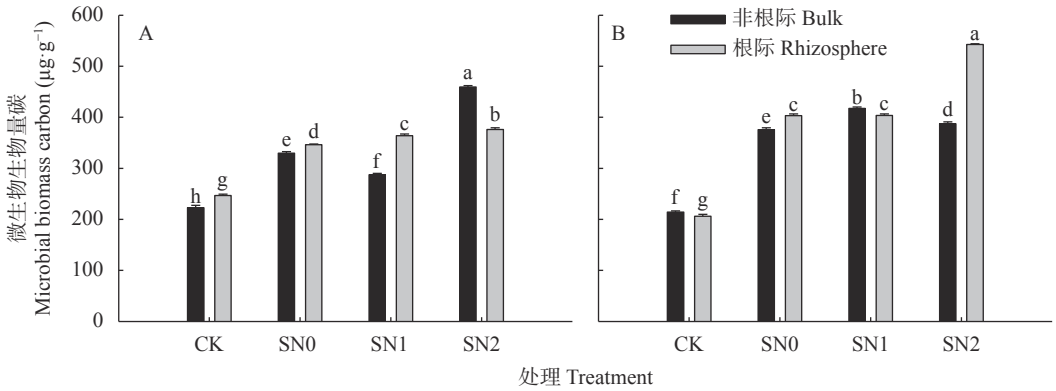

图 2　麦秸与不同量氮肥配施下高砂土 (A) 和黄泥土 (B) 水稻非根际和根际区土壤微生物生物量碳 (MBC) 含量的变化

Fig. 2　Changes of soil microbial biomass carbon (MBC) contents in bulk and rhizosphere of rice in high sandy soil (A) and yellow mud soil (B) under combined application of wheat straw and different amounts of nitrogen fertilizer

CK: 不施加秸秆也不施加氮肥; SN0: 麦秸直接还田; SN1: 麦秸与低量氮肥配施 [施尿素 125 mg(N)·kg^{-1}]; SN2: 麦秸与高量氮肥配施 [施尿素 250 mg(N)·kg^{-1}]。不同字母表示处理间差异显著 (P<0.05)。CK: no straw or nitrogen fertilizer; SN0: straw addition; SN1: straw and low nitrogen fertilizer [125 mg(N)·kg^{-1} urea] addition; SN2: straw and high nitrogen fertilizer [250 mg(N)·kg^{-1} urea] addition. There was significant difference among the treatments with different letters at P<0.05 level.

提高到 375.75 μg·g^{-1}, 提高 75.37%; 而根际 SMBC 含量由 206.01 μg·g^{-1} 提高到 403.21 μg·g^{-1}, 提高 95.7% (P<0.05)。与 SN0 相比, 两种水平氮肥施用下黄泥土非根际区 SMBC 含量分别提高 10.0% 和 3.0% (P<0.05); 而根际区 SMBC 含量在 SN1 处理下并无显著性变化, 但在 SN2 处理下根际区 SMBC 含量则显著增加 34.6%(P<0.05)。以上研究结果分析发现, 与 SN0 相比, 低量氮肥施用显著提高了黄泥土非根际区 SMBC 含量, 而对于黄泥土根际区 SMBC 含量并无显著性影响, 因此, 低量氮肥施用情况下黄泥土非根际 SMBC 含量则显著高于根际区。而高量氮肥施用显著提高了稻田非根际和根际区 SMBC 含量, 由于根际区 SMBC 含量增加量显著高于非根际区, 因此, 高量氮肥施用条件下, 黄泥土根际区 SMBC 含量仍显著高于非根际区。

2.3 非根际和根际区土壤微生物熵

麦秸与不同氮肥量配施下稻田根际和非根际土壤微生物熵变化如图 3 所示。CK 处理下高砂土非根际和根际区微生物熵为 1.65% 和 1.50%。SN0 条件下, 高砂土非根际和根际区微生物熵为 2.30% 和 2.47%。与 CK 相比, SN0 处理下高砂土非根际区和根际区土壤微生物熵均显著升高 (P<0.05)。与 SN0 相比, SN1 处理下高砂土非根际区土壤微生物熵降低 18.3%, 而根际区土微生物熵显著升高 11.7% (P<0.05)。因此, 低量氮肥施用情况下, 根际区土壤微生物熵显著高于非根际区。SN2 处理下高砂土非根际区土壤微生物熵显著升高 32.2%, 而根际区土壤微生物熵并无显著性变化。因此, 高量氮肥施用情况下非根际区土壤微生物熵显著高于根际区。

黄泥土非根际和根际区微生物熵为 1.44% 和 1.24%, 与 CK 相比, SN0 处理下非根际区土壤微生物熵显著升高到 2.80% (P<0.05), 根际区土壤微生物熵显著升高到 2.74% (P<0.05)。SN1 条件下, 根际和非根际区土壤微生物熵并无显著性变化。SN2 处理下非根际区土壤微生物熵也无显著性变化, 只有根际区土壤微生物熵显著提高 40.9% (P<0.05)。因此, 高量氮肥施用情况下, 黄泥土根际区土壤微生物熵显著高于非根际区。

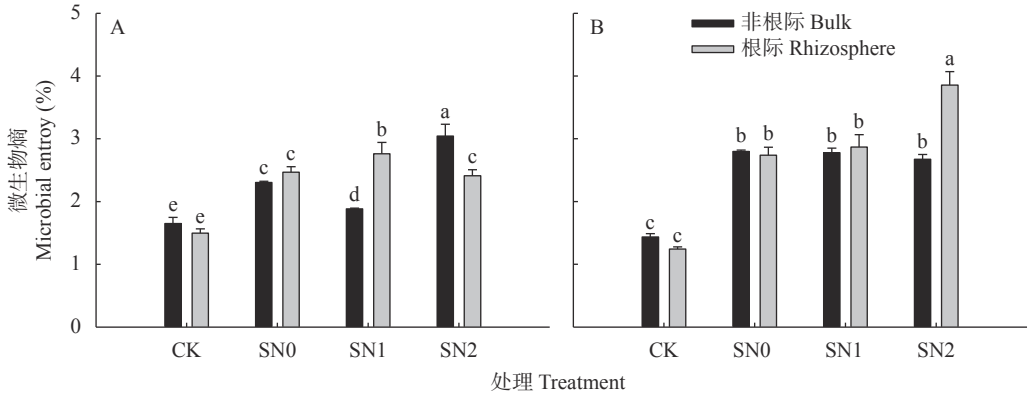

图 3 麦秸与氮肥配施下高砂土 (A) 和黄泥土 (B) 水稻非根际和根际区土壤微生物熵的变化

Fig. 3 Changes of soil microbial entropy in bulk and rhizosphere of rice in high sandy soil (A) and yellow mud soil (B) under combined application of wheat straw and different amounts of nitrogenous fertilizer

CK: 不施加秸秆也不施加氮肥; SN0: 麦秸直接还田; SN1: 麦秸与低量氮肥配施 [施尿素 125 mg(N)·kg^{-1}]; SN2: 麦秸与高量氮肥配施 [施尿素 250 mg(N)·kg^{-1}]。不同字母表示处理间差异显著 (P<0.05)。CK: no straw or nitrogen fertilizer; SN0: straw addition; SN1: straw and low nitrogen fertilizer [125 mg(N)·kg^{-1} urea] addition; SN2: straw and high nitrogen fertilizer [250 mg(N)·kg^{-1} urea] addition. There was significant difference among the treatments with different letters at P<0.05 level.

2.4 非根际和根际区土壤微生物生物量氮

由图 4 可知, 高砂土非根际和根际区 SMBN 含量均显著高于黄泥土 (P<0.05)。对于高砂土, CK 处理下非根际区 SMBN 含量显著高于根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, SN0 处理下非根际区 SMBN 含量由 133.93 μg·g^{-1} 降低到 107.22 μg·g^{-1}, 降低 19.9% (P<0.05), 根际区并无显著变化。与 SN0 相比, 随着氮肥施用量的增加, SN1 和 SN2 非根际区 SMBN 含量分别增加 9.2% (P<0.05) 和 13.5% (P<0.05), 而根际区 SMBN 含量分别增加 17.2% 和 27.0% (P<0.05)。以上结果说明, 氮肥施用显著提高了高砂土根际和非根际区 SMBN 含量。由于根际区 SMBN 增加量显著高于非根际区, 因此氮肥施用条件下, 高砂土根际区 SMBN 含量显著高于非根际区。

对于黄泥土, CK 处理下根际区 SMBN 含量显著高于非根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, SN0 处理非根际区 SMBN 含量由 50.45 μg·g^{-1} 降低到 25.71 μg·g^{-1}, 降低 49.1% (P<0.05); 根际区 SMBN 含量由 73.81 μg·g^{-1}

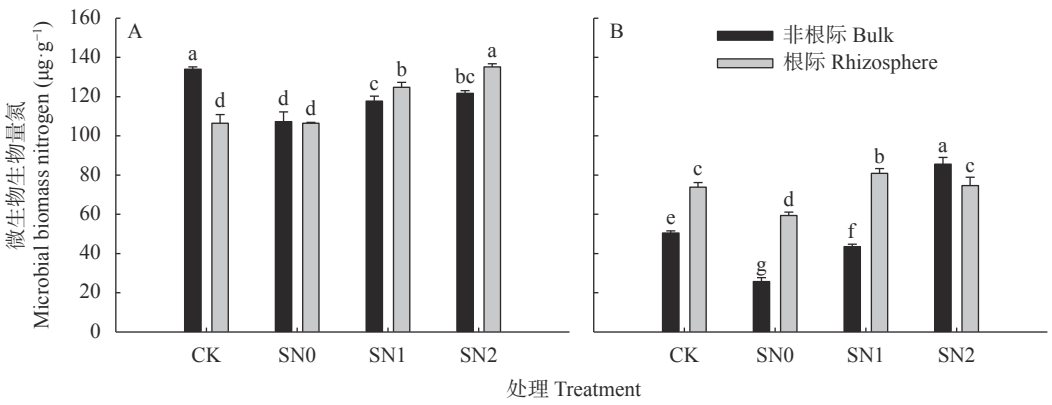

图 4　麦秸与氮肥配施下高砂土 (A) 和黄泥土 (B) 水稻非根际和根际区土壤微生物生物量氮 (MBN) 含量的变化

Fig. 4　Changes of soil microbial biomass nitrogen (MBN) content in bulk and rhizosphere of rice in high sandy soil (A) and yellow mud soil (B) under combined application of wheat straw and different amounts of nitrogen fertilizer

CK: 不施加秸秆也不施加氮肥; SN0: 麦秸直接还田; SN1: 麦秸与低量氮肥配施 [施尿素 125 mg(N)·kg^{-1}]; SN2: 麦秸与高量氮肥配施 [施尿素 250 mg(N)·kg^{-1}]。不同字母表示处理间差异显著 (P<0.05)。CK: no straw or nitrogen fertilizer; SN0: straw addition; SN1: straw and low nitrogen fertilizer [125 mg(N)·kg^{-1} urea] addition; SN2: straw and high nitrogen fertilizer [250 mg(N)·kg^{-1} urea] addition. There was significant difference among the treatments with different letters at P<0.05 level.

降低到 59.41 μg·g^{-1}, 降低 19.5% (P<0.05)。与 SN0 土壤相比, 随着氮肥施用量的增加, SN1 和 SN2 非根际区 SMBN 含量分别增加 68.9% 和 232.9% (P<0.05), 而根际区 SMBN 含量则分别增加 36.0% 和 25.6% (P<0.05)。以上结果分析发现, 氮肥施用显著提高了黄泥土非根际和根际区 SMBN 含量。当氮肥施用量较低时, 根际区 SMBN 含量显著高于非根际区, 高氮肥施用下, 黄泥土非根际区 SMBN 含量显著高于根际区。

2.5　非根际和根际区土壤微生物生物量碳氮比值

麦秸与不同量氮肥配施下, 两种土壤的稻田根际和非根际区土壤微生物量碳氮比值 (SMBC/SMBN) 如图 5 所示。高砂土非根际和根际区 SMBC/SMBN 为 1.66~3.78, 而黄泥土非根际和根际区 SMBC/SMBN 为 2.79~14.67。说明高砂土与黄泥土微生物菌群是显著不同的。

对于高砂土, CK 处理下根际区 SMBC/SMBN 显著高于非根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, SN0 处理下非根际区 SMBC/SMBN 由 1.66 升高到 3.08, 升高了 85.5% (P<0.05); 根际区 SMBC/SMBN 由 2.32 升高到 3.25, 升高了 40.1% (P<0.05)。与 SN0 处理相比, SN1 处理下非根际区 SMBC/SMBN 降低 26.2% (P<0.05), 而高氮 SN2 条件下, 非根际区 SMBC/SMBN 却增加 22.7% (P<0.05), 根际区 SMBC/SMBN 分别降低 5.2%

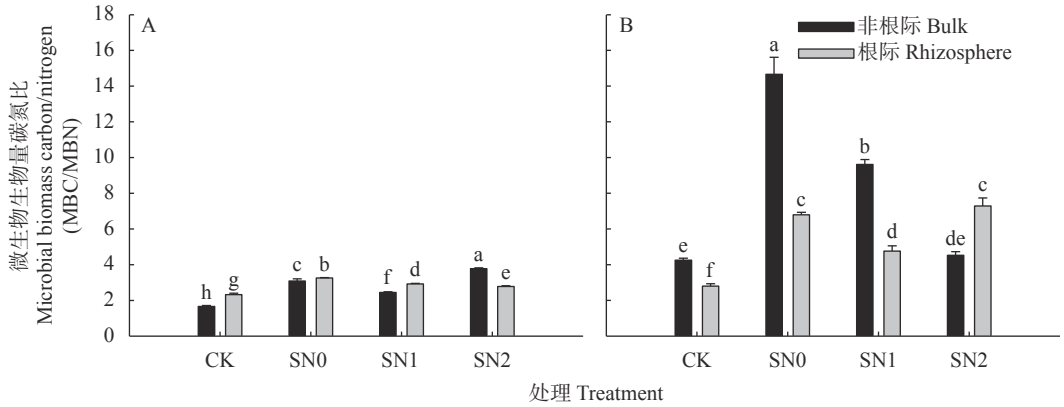

图 5　麦秸与氮肥配施下高砂土 (A) 和黄泥土 (B) 水稻非根际和根际区土壤微生物生物量碳氮比值的变化

Fig. 5　Changes of soil microbial biomass carbon-nitrogen ratio in bulk and rhizosphere of rice in high sandy soil (A) and yellow mud soil (B) under combined application of wheat straw and different amounts of nitrogen fertilizer

CK: 不施加秸秆也不施加氮肥; SN0: 麦秸直接还田; SN1: 麦秸与低量氮肥配施 [施尿素 125 mg(N)·kg^{-1}]; SN2: 麦秸与高量氮肥配施 [施尿素 250 mg(N)·kg^{-1}]。不同字母表示处理间差异显著 (P<0.05)。CK: no straw or nitrogen fertilizer; SN0: straw addition; SN1: straw and low nitrogen fertilizer [125 mg(N)·kg^{-1} urea] addition; SN2: straw and high nitrogen fertilizer [250 mg(N)·kg^{-1} urea] addition. There was significant difference among the treatments with different letters at P<0.05 level.

和 9.7% (P<0.05)。以上结果分析发现, 低量氮肥施用显著降低了非根际和根际区 SMBC/SMBN, 而根际区 SMBC/SMBN 仍显著高于非根际区。然而, 高量氮肥施用则显著提高了非根际区 SMBC/SMBN, 并降低了根际区 SMBC/SMBN, 导致非根际区 SMBC/SMBN 显著高于根际区。

与高砂土所不同, 对于黄泥土, CK 处理下非根际区 SMBC/SMBN 显著高于根际区 (P<0.05)。与 CK 相比, SN0 处理下非根际区 SMBC/SMBN 由 4.25 升高到 14.66 (P<0.05)。与 SN0 相比, 随着氮肥的施用, 非根际区 SMBC/SMBN 降低 34.6% (SN1) 和 69.2% (SN2) (P<0.05); 同时, SN1 处理下根际区 SMBC/SMBN 由 6.79 降低到 4.99, 而 SN2 处理下根际区 SMBC/SMBN 与 SN0 处理无显著性差异。以上结果分析发现, 低量氮肥施用显著降低了非根际和根际区 SMBC/SMBN, 而根际区 SMBC/SMBN 显著低于非根际区。然而, 高量氮肥施用对根际区 SMBC/SMBN 并无显著影响, 并显著提高了非根际区 SMBC/SMBN, 导致根际区 SMBC/SMBN 显著高于非根际区。

3 讨论

土壤微生物生物量是评估土壤活性养分库的重要指标[19]。根际土壤由于受作物根系及其根系分泌物的影响, 具有与非根际区土壤显著不同的微生物群落结构[20-24]。本研究中, 秸秆还田条件下, 黄泥土根际区 SMBC 和 SMBN 含量显著高于非根际区, 表明根际具有较高的微生物活性。根际能产生这种效应可能主要由于水稻根系不断地分泌着各种代谢产物, 包括有机酸、糖类、氨基酸、黄酮、生长素、核苷酸、酚酸类、脂肪酸和渊醇、酶类等, 为微生物生长提供营养。同时, 根表组织的死亡和脱落, 能改良周围土壤的物理性质和化学性质, 丰富了土壤有机质, 从而为微生物的大量增殖创造了条件, 使植物根际具有很高的生物活性[25]。与黄泥土类似, 高砂土根际 SMBC 含量也显著高于非根际区, 然而高砂土根际与非根际之间 SMBN 含量并无显著性差异, 这很可能是由于高砂土中可利用氮含量相对匮乏, 无论是根际还是非根际区, 土壤中的氮绝大部分被微生物所同化, 因此, 根际与非根际区 SMBN 含量并无显著性差异。整体来说, 与非根际区相比, 秸秆还田条件下两种类型土壤根际区养分有效性更高。

高碳氮比的秸秆大量还田会造成土壤氮素的固定并降低土壤微生物活性。添加秸秆能明显改善土壤的理化性质[26]。因此, 秸秆还田配施氮肥可有效促进秸秆降解, 提高土壤微生物生物量[27-28]。本研究中, 秸秆与低量氮肥配施显著提高了两种类型土壤非根际和根际区 SMBN 含量。这可能是由于氮肥施用可为土壤微生物提供氮源, 促进含氮微生物的生长; 同时, 根际区高的微生物活性也更有利于土壤微生物氮的同化, 因此根际区 SMBN 含量显著高于非根际区。然而, 两种类型土壤非根际和根际区 SMBC 对低量氮肥的响应存在着显著性差异。秸秆还田条件下, 高砂土非根际区土壤中微生物的生长主要受到土壤性质和秸秆残体的影响, 高砂土本身 C/N 较高, 而氮肥施用可以提高微生物活性, 促进秸秆分解固定土壤中大量的氮, 与不施秸秆且不施氮肥处理相比, 秸秆还田条件下微生物同化碳的速率在根际和非根际中都有提高, 当氮肥施用量比较低时, 随着土壤中可利用氮的降低, 土壤微生物活性很可能会逐渐降低, 从而抑制微生物的生长, 导致非根际区 SMBC 含量降低。然而对于黄泥土, 本身的 C/N 较低, 较高的有机质矿化释放出更多的无机氮, 而高的无机氮可进一步提高微生物活性[27-28], 进而提高非根际区秸秆降解程度, 产生更多的碳源供土壤微生物所利用, 从而提升非根际区 SMBC 含量。与非根际区相比, 根际区土壤微生物数量受土壤性质、秸秆残体及作物生长的综合影响[29-30]。根际由于受根系及其根系分泌物的影响, 具有与非根际区土壤显著不同的微生物量碳氮含量, 而且不同类型土壤中非根际与根际区微生物量碳氮含量对秸秆与不同量氮肥配施的响应也不同[31]。由于水稻根系的存在, 根际区大部分氮肥很可能用于满足水稻生长, 进而提高根系分泌物含量为微生物生长提供足够的碳源, 从而增加高砂土根际区 SMBC 含量, 然而对于黄泥土, 除了根际分泌物增加效应, 氮源较为充足的黄泥土也会提高根际区秸秆的降解, 进而固定更多的氮源, 随着根际区氮源的减少, 微生物活性又会有所降低, 两者相反的效应很可能导致低量氮肥施用对根际 SMBC 含量并无显著性影响[32]。此外, 低量氮肥施用下, 高砂土根际区微生物量熵的增加和非根际区微生物量熵的降低, 说明氮肥施用提高了根际区微生物碳同化速率, 而降低了非根际区碳同化速率, 因而进一步导致秸秆与低量氮肥配施下, 高砂土根际区 SMBC 含量仍显著高于非根际区。与高砂土所不同, 由于黄泥土非根际区 SMBC 含量的提高导致秸秆与低量氮肥配施下, 黄泥土根际区 SMBC 含量显著低于非根际区。综上分析可见, 秸秆与低量氮肥配施可能通过调控秸秆降解和根系分泌物含量, 提高了土壤根际和非根际区可利用氮含量, 并提高了高砂土根际区可利用有机碳含量, 以及黄泥土非根际区

可利用有机碳含量, 从而增加土壤有机碳和氮养分有效性。然而, 当秸秆与低量氮肥配施条件下, 对于高砂土, 根际区对土壤有机碳和氮养分有效性贡献显著高于非根际区, 很可能是由于高砂土具有较高的 C/N 比, 施氮使根际区微生物同化碳的速率加大[33]; 而对于黄泥土, 非根际区对土壤有机碳和氮养分有效性贡献更大, 可能由于黄泥土养分含量较低, 秸秆还田配施氮肥激活土壤微生物活性, 使得非根际区秸秆降解程度提高[34]。

随着氮肥施用量的增加, 高量氮肥施用显著提高了非根际和根际区 SMBC 和 SMBN 含量, 说明秸秆与高量氮肥配施促进了土壤微生物的生长, 这与前人[35-36] 的研究结果一致。这可能是由于高量氮肥施用可以缓解秸秆还田条件下土壤氮素缺乏, 提高了微生物的活性, 进而促进秸秆腐解产生更多的小分子有机物, 供微生物同化利用, 使微生物数量快速增加。然而, 两种类型土壤非根际和根际区 SMBC 增加量对高量氮肥的响应存在着显著性差异。对于黄泥土, 秸秆与高量氮肥配施条件下, 根际较高的微生物活性, 使其具有较高的微生物熵, 表明根际具有较高的微生物同化速率, 因此, 黄泥土根际区 SMBC 含量仍显著高于非根际区。这很可能是由于大量氮肥的施用能提高微生物活性, 促进秸秆分解释放更多的碳源, 提高非根际区 SMBC 含量, 而根际区氮肥施用促进了水稻生长, 分泌更多的根系分泌物, 提高根际区微生物碳源, 从而也提高了根际区 SMBC 含量。然而, 高量氮肥施用导致了高砂土非根际区土壤微生物熵显著提高, 而根际区土壤微生物熵并无显著性变化, 说明非根际土壤微生物碳同化速率较高。因此, 尽管根际区碳源较为丰富, 但非根际区高的微生物碳同化速率, 导致秸秆与高量氮肥配施下高砂土非根际 SMBC 增加量更高。此外, 大量氮肥施用可促进水稻生长分泌更多根系分泌物, 为根际区微生物提供大量氮源, 促进根际含氮微生物的生长, 因此, 高砂土根际区 SMBN 含量显著高于非根际区。然而, 黄泥土根际区 SMBN 含量虽也显著增加, 但其含量反而低于非根际区。这很可能是由于在根际和非根际区秸秆降解导致微生物固定氮, 而根际区的氮素会被水稻利用, 虽然根系分泌物为土壤微生物提供氮源, 但其增加量远不足水稻利用量, 因此根际区 SMBN 含量低于非根际区。氮肥施用促进了含氮微生物的生长, 而含氮量较高的黄泥土可加大秸秆的降解程度, 导致非根际区微生物固定更多的氮, 而根际区大部分氮肥将用于水稻生长, 提高根系分泌物含量为土壤微生物提供氮源, 增加土壤 SMBN 含量。然而, 根际区大量秸秆降解会造成土壤氮素的固定, 降低土壤微生物活性, 其降低效应很可能造成根际区 SMBN 增加量显著低于非根际区。综上分析可见, 高量氮肥施用可显著提高水稻根际和非根际土壤有机碳和氮养分有效性。然而, 高氮肥施用条件, 对于高砂土, 非根际区对土壤可利用有机碳贡献更大, 而根际区对土壤有效氮贡献较大。对于黄泥土, 根际区对土壤可利用有机碳贡献更大, 而非根际区对土壤有效氮贡献较大。

秸秆与氮肥配施条件下, 微生物量碳氮的变化也会引起 SMBC/SMBN 的变化, 而 SMBC/SMBN 经常被用来描述微生物的群落结构信息[37]。一般来说, 真菌的 C/N 值在 7~12, 细菌的 C/N 值在 3~6[38]。本研究结果中不施秸秆和氮肥处理下高砂土非根际和根际区 SMBC/SMBN 约为 1.67~2.32, 而黄泥土 SMBC/SMBN 约 2.79~4.25, 麦秸直接还田且不施氮肥条件下高砂土非根际和根际区 SMBC/SMBN 约为 3.08~3.25, 而黄泥土 SMBC/SMBN 约 14.07~6.79, 说明两种类型土壤中微生物群落结构改变, 其中高砂土根际和非根际中细菌数量较多, 而黄泥土非根际区微生物量碳氮高达 14.07, 说明非根际区主要以真菌为主, 而根际区 SMBC/SMBN 仅 6.79, 说明根际区微生物由“真菌型”逐渐转变为“细菌型”。氮肥施用条件下, 无机氮比例逐渐增大, 适合细菌的生长, 因此, 秸秆与氮肥配施条件下, 两种类型土壤中微生物以“细菌型”为主。而高量氮肥施用下, 高砂土非根际区 SMBC/SMBN 的升高则可能是大量氮肥施用不仅促进了细菌生长, 也可能促进了真菌的生长, 但土壤中微生物仍以细菌型为主。对于黄泥土, 高量氮肥施用下, 根际区 SMBC/SMBN 高于非根际区, 很可能是由于大量氮肥施用显著促进了非根际区土壤细菌生长并降低了 SMBC/SMBN, 而根际区微生物受多种因素影响 SMBC/SMBN 并无显著性变化。对于两种类型土壤来说, 秸秆与氮肥配施很可能是通过促进秸秆降解和根系分泌物分泌, 改变土壤中微生物量碳氮含量, 从而提高非根际区土壤碳氮养分有效性。然而, 秸秆降解及其与根系分泌物的交互作用对不同种群微生物生长协调的影响与机理尚不清楚, 还有待于进一步研究。

4　结论

1) 对于高砂土, 低量氮肥施用降低了非根际区 SMBC 含量, 增加了根际区 SMBC 含量, 从而提高了

根际区有机碳有效性。对于黄泥土, 低量氮肥施用对根际 SMBC 含量并无显著性影响, 但提升了非根际区 SMBC 含量, 从而增加了非根际区有机碳有效性。此外, 研究发现对于高砂土, 根际区对土壤有机碳和氮养分有效性贡献显著高于非根际区, 而对于黄泥土非根际区对土壤有机碳和氮养分有效性贡献更大。

2) 与未施用氮肥相比, 秸秆与高量氮肥配施显著提高两种类型土壤非根际和根际区 SMBC 和 SMBN 含量, 从而提高了土壤有机碳和氮养分有效性。然而, 两种类型土壤非根际和根际区对土壤养分的相对贡献存在着显著性差异。其中, 高砂土根际区对土壤有效氮贡献显著高于非根际区, 而有机碳有效性贡献较小; 然而, 黄泥土根际区对土壤有机碳有效性贡献高于非根际区, 而有效氮贡献较小。

3) 氮肥施用条件下, 无机氮比例逐渐增大适合细菌的生长。因此, 秸秆与氮肥配施改变了微生物群落结构, 引起微生物生物量碳氮比 (SMBC/SMBN) 的变化, 有效提高土壤养分有效性。

参考文献 References

[1] WANG W, LAI, D Y F, WANG C, et al. Effects of rice straw incorporation on active soil organic carbon pools in a subtropical paddy field[J]. Soil & Tillage Research, 2015, 152: 8−16

[2] BECKER M, ASCH F, MASKEY S L, et al. Effects of transition season management on soil N dynamics and system N balances in rice-wheat rotations of Nepa[J]. Field Crops Research, 2007, 103(2): 98−108

[3] SHINDO H, NISHIO T. Immobilization and remineralization of N following addition of wheat straw into soil: determination of gross N transformation rates by ^{15}N-ammonium isotope dilution technique[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2005, 7: 425−432

[4] HUANG Y, ZOU J W, ZHENG X H, et al. Nitrous oxide emissions as influenced by amendment of plant residues with different C∶N ratios[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2004, 36: 973−981

[5] 王改玲, 郝明德, 陈德立. 秸秆还田对灌溉玉米田土壤反硝化及N_2O排放的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2006, 12(6): 840−844
WANG G L, HAO M D, CHEN D L. Effect of stubble incorporaton and nitrogen on denitrifocation and nitrous oxide emission in an irrigated maize soil[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2006, 12(6): 840−844

[6] ZHANG P, WEI T, LI Y L, et al. Effects of straw incorporation on the stratification of the soil organic C, total N and C∶N ratio in a semiarid region of China[J]. Soil & Tillage Research, 2015, 153: 28−35

[7] 马想, 黄晶, 赵惠丽, 等. 秸秆与氮肥不同配比对红壤微生物量碳氮的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24(6): 1574−1580
MA X, HUANG J, ZHAO H L, et al. Straw and nitrogen fertilizer ratios influence microbial biomass carbon and nitrogen in red soil[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2018, 24(6): 1574−1580

[8] 曹慧, 杨浩, 孙波, 等. 不同种植时间菜园土壤微生物生物量和酶活性变化特征[J]. 土壤, 2002, (4): 197−200
CAO H, YANG H, SUN B, et al. Variation characteristics of soil microbial biomass and enzyme activity in vegetable garden at different planting time[J]. Soils, 2002, (4): 197−200

[9] JENKINSON D S. Determination of microbial biomass carbon and nitrogen in soil. Wilson J R. Advances in nitrogen cycling in agricultural ecosystems[J]. Wallingford, England: CAB International, 1988: 368−386

[10] 胡婵娟, 刘国华, 吴雅琼. 土壤微生物生物量及多样性测定方法评述[J]. 生态环境学报, 2011, 20(Z1): 1161−1167
HU C J, LIU G H, WU Y Q. A review of soil microbial biomass and diversity measurements[J]. Journal of Ecologial Environment, 2011, 20(Z1): 1161−1167

[11] 王淑英, 樊廷录, 丁宁平, 等. 长期施肥下黄土旱塬黑垆土供氮能力的变化[J]. 植物营养与肥料学报, 2015, 21(6): 1487−1495
WANG S Y, FAN T L, DING N P, et al. Changes of soil nitrogen supply in black loessial in Loess Plateau under long-term fertilization[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2015, 21(6): 1487−1495

[12] 俞慎, 李振高. 熏蒸提取法测定土壤微生物量研究进展[J]. 土壤学进展, 1994, 22(6): 42−50
YU S, LI Z G. Research progress on the determination of soil microbial biomass by fumigation extraction method[J]. Progress in Soil Science, 1994, 22(6): 42−50

[13] 张丹, 付斌, 胡万里, 等. 秸秆还田提高水稻–油菜轮作土壤固氮能力及作物产量[J]. 农业工程学报, 2017, 33(9): 133−140
ZHANG D, FU B, HU W L, et al. Straw returning improves soil nitrogen fixation and crop yield in rice rape rotation[J]. Journal of Agricultural Engineering, 2017, 33(9): 133−140

[14] 唐晓雪, 刘明, 江春玉, 等. 不同秸秆还田方式对红壤性质及花生生长的影响[J]. 土壤, 2015, 47(2): 324−328
TANG X X, LIU M, JIANG C Y, et al. Effects of different ways of straw returning on red soil properties and peanut growth[J]. Soils, 2015, 47(2): 324−328

[15] 陆雅海, 张福锁. 根际微生物研究进展[J]. 土壤, 2006, 38(2): 113−121
LU Y H, ZHANG F S. Research progress of rhizosphere microorganism[J]. Soils, 2006, 38(2): 113−121

[16] 蔡晓红, 杨京平, 马维娜, 等. 稻田根际微生物生物量碳与水分、氮素影响效应分析[J]. 浙江大学学报: 农业与生命科学版, 2008, 34(6): 662−668
CAI X H, YANG J P, MA W N, et al. Effects of nitrogen supply levels and water schemes on rice rhizosphere microbial biomass carbon in rice development stage at paddy field[J]. Journal of Zhejiang University: Agriculture and Sciences Edition, 2008, 34(6): 662−668

[17] 中国土壤学会. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000
China Soil Society. Analysis Methods of Soil Agrochemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000

[18] 任金平. 水稻种子消毒方法[N]. 吉林农村报, 2012-02-10(003)
REN J P. Disinfection methods of rice seeds[N]. Journal of Jilin Rural, 2012-02-10(003)

[19] 吴晓玲, 张世熔, 蒲玉琳, 等. 川西平原土壤微生物生物量碳氮磷含量特征及其影响因素分析[J]. 中国生态农业学报: 中英文, 2019, 27(10): 1607−1616
WU X L, ZHANG S R, PU Y L, et al. Distribution characteristics and impact factors of soil microbial biomass carbon, nitrogen and phosphorus in western Sichuan Plain[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2019, 27(10): 1607−1616

[20] 魏亮, 汤珍珠, 祝贞科, 等. 水稻不同生育期根际与非根际土壤胞外酶对施氮的响应[J]. 环境科学, 2017, 38(8): 3489−3496
WEI L, TANG Z Z, ZHU Z K, et al. Responses of extracellular enzymes to nitrogen application in rice of various ages with rhizosphere and bulk soil[J]. Environment Science, 2017, 38(8): 3489−3496

[21] 吴杨潇影. 种植模式及氮肥分配对稻田根际与非根际土壤氮素及微生物影响的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2019
WU Y X Y. Effects of planting and nitrogen fertilizer allocation on rhizosphere and non-rhizosphere nitrogen and microorganisms in paddy field[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2019

[22] NIE S A, LI H, YANG X R, et al. Nitrogen loss by anaerobic oxidation of ammonium in rice rhizosphere[J]. The ISME Journal, 2015, 9(9): 2059−2067

[23] 马维娜, 杨京平, 汪华. 不同水分模式分次施氮对水稻根际土壤微生物生态效应的影响[J]. 浙江大学学报: 农业与生命科学版, 2007, 33(2): 184−189
MA W N, YANG J P, WANG H. Ecological effect of rice rhizosphere microbes under water regimes and nitrogen fertilizer with split application in paddy field[J]. Journal of Zhejiang University: Agriculture and Sciences Edition, 2007, 33(2): 184−189

[24] ZHU B, GUTKNECHT J L M, HERMAN D J, et al. Rhizospherepriming effects on soil carbon and nitrogen mineralization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 76: 183−192

[25] BAUDOIN E, BENIZRI E, Guckert A. Impact of artificial root exudates on the bacterial community structure in bulk soil and maize rhizosphere[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2003, 35(9): 1183−1192

[26] 张四海, 曹志平, 胡婵娟, 等. 添加秸秆碳源对土壤微生物生物量和原生动物丰富度的影响[J]. 中国生态农业学报, 2011, 19(6): 1283−1288
ZHANG S H, CAO Z P, HU C J, et al. Effect of added straw carbon on soil microbe and protoze abundance[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2011, 19(6): 1283−1288

[27] ANNI S F, WHALEN J K, SIMPSON M J, et al. Plant lignin and nitrogen contents control carbon dioxide production and nitrogen mineralization in soils incubated with *Bt* and non-*Bt* corn residues[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, 43(1): 63−69

[28] MORITSKKA N, YANAI J, MORI K, et al. Biotic and abiotic processes of nitrogen immobilization in the soil-residue interface[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2004, 36(7): 1141−1148

[29] WEN X, HU C, SUN X, et al. Research on the nitrogen transformation in rhizosphere of winter wheat (*Triticum aestivum*) under molybdenum addition[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2019, 26(3): 2363−2374

[30] 朱秋莲, 邢肖毅, 程曼, 等. 宁南山区典型植物根际与非根际土壤碳、氮形态[J]. 应用生态学报, 2013, 24(4): 983−988
ZHU Q L, XING X Y, CHENG M, et al. Concentrations of different carbon and nitrogen fractions in rhizosphere and non-rhizosphere soils of typical plant species in mountainous area of southern Ningxia, Northwest China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2013, 24(4): 983−988

[31] 任改弟, 王光飞, 马艳. 根系分泌物与土传病害的关系研究进展[J]. 土壤, 2021, 53(2): 229−235
REN G D, WANG G F, MA Y. Research progresses on relationship between plant root exudates and soil-borne diseases[J]. Soils, 2021, 53(2): 229−235

[32] 徐国伟, 李帅, 赵永芳, 等. 秸秆还田与施氮对水稻根系分泌物及氮素利用的影响研究[J]. 草业学报, 2014, 23(2): 140−146
XU G W, LI S, ZHAO Y F, et al. Effects of straw returning and nitrogen fertilizer application on root secretion and nitrogen utilization of rice[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2014, 23(2): 140−146

[33] 栗笑阳, 郭夏丽. 不同施氮水平对小麦根际土壤氨氧化微生物的影响[J]. 河南农业科学, 2020, 49(12): 69−76
LI X Y, GUO X L. Effects of different nitrogen levels on ammonia oxidizing microorganisms in wheat rhizosphere soil[J]. Journal of Henan Agricultural Science, 2020, 49(12): 69−76

[34] 王飞, 李清华, 何春梅, 等. 稻秆与紫云英联合还田提高黄泥田氮素利用率和土壤肥力[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(1): 66−74
WANG F, LI Q H, HE C M, et al. Combined returning of milk vetch and rice straw improves fertilizer nitrogen recovery and fertility of yellow-mud paddy soil[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizer, 2021, 27(1): 66−74

[35] HENRIKSEN T M, BRELAND T A. Nitrogen availability effects on carbon mineralization, fungal and bacterial growth, and enzyme activities during decomposition of wheat straw in soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1999, 31(8): 1121−1134

[36] SHAUKAT A A, TIAN X H, WANG D, et al. Decomposition characteristic of maize straw with different carbon to nitrogen (C/N) ratios under various moisture regimes[J]. African Journal of Biotechnology, 2011, 10(50): 10149−10156

[37] 蔡晓布, 钱成, 张元, 等. 西藏中部地区退化土壤秸秆还田的微生物变化特征及其影响[J]. 应用生态学报, 2004, (3): 463−468
CAI X B, QIAN C, ZHANG Y, et al. Microbial characteristics of straw-amended degraded soils in central Tibet and its effect on soil fertility[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2004, (3): 463−468

[38] VRIES F T D, HOFFLANG E, EEKEREN N V, et al. Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(8): 2092−2103