



刘泮漫,于洪久,刘杰,等. 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.

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

刘泮漫¹,于洪久¹,刘杰²,张楠¹,张博¹,杜海伦¹,潘雪¹,于杰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,黑龙江 哈尔滨 150086;2. 黑龙江省农业科学院,黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为探明接种秸秆腐熟剂对玉米秸秆的促腐效果及其调控机制,采用尼龙网袋法分析秸秆还田(ST)、秸秆还田接种腐熟剂(STJ)和秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥(STJN)3种秸秆还田方式下玉米秸秆的腐解率、残余秸秆组分、酶活及微生物群落的变化特征。结果表明,秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥(STJN)能够促进秸秆中纤维素和半纤维素快速分解,显著提高寒区玉米秸秆腐解效率,在秸秆还田120 d时腐解率达85.13%,较秸秆直接还田(ST)和秸秆还田接种腐熟剂(STJ)处理分别提高14.61%和7.59%。秸秆还田60 d时,各处理的酶活均达到最高水平,其中,处理STJN的纤维素酶活性、 α -葡萄糖苷酶活性和 β -葡萄糖苷酶活性分别达到2 773.51 U·g⁻¹、1 158.13 U·g⁻¹和1 629.51 U·g⁻¹,显著高于其他处理。不同秸秆还田处理显著改变了土壤真菌群落的物种丰富度与多样性,而对细菌群落的多样性无显著影响;秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥(STJN)处理显著改变了真菌群落组成,表现出最高的物种丰富度,ACE指数、Chao1指数和Sobs指数均为最高。其Shannon指数显著高于ST处理,Simpson指数显著低于ST处理,表明其更高的多样性。且*Botryotrichum*和*Podospora*的增殖表明,氮肥输入可能通过激发易降解碳源释放,利用其快速代谢特性抑制其他功能菌的竞争。研究表明,秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥可通过激活功能菌、优化真菌和细菌群落结构,并提升纤维素降解相关酶活性,从而加速秸秆腐解进程。

关键词:腐熟剂;秸秆降解;酶活;微生物群落

玉米在黑龙江省的粮食作物中占据首要地位,是黑龙江省播种面积和产量最大的粮食作物,所占比重在50%以上。玉米秸秆作为农业生产中主要的副产物之一,其资源化利用是推动农业可持续发展的重要环节。秸秆还田因其能有效提升土壤有机质含量、改善土壤结构,已成为国内外广泛推广的生态农业技术^[1-2]。然而,由于黑龙江省地处高纬度地区,玉米收获比较集中、收获后气温低且秸秆产量大,导致秸秆直接还田不易腐解、保墒性差以及存在病虫害加剧等风险,进而影响下茬作物出苗与生长^[3-4]。如何实现低温条件下秸秆快速腐解,已成为寒区秸秆还田技术亟需突破的关键瓶颈。

近年来,外源接种秸秆腐熟剂作为一种高效的秸秆还田促腐手段,受到了广泛关注。多位学者研究表明,接种腐熟剂能够显著缩短秸秆的腐解周期,提高腐解率20%~40%,并减少温室气体排放^[5-6]。薛颖昊等^[7]的研究进一步证实,秸秆

腐熟剂能够促进麦秸的腐解,相较于无腐熟剂处理的麦秸还田,腐解率增加了5.1~6.0个百分点。肖金宝等^[5]在麦-玉轮作的研究中发现,施用腐熟剂可以促进前茬小麦秸秆养分的快速释放,显著提高夏玉米籽粒产量。此外,范艳菊等^[4]的研究表明,棉秆还田配施秸秆腐熟剂和尿素,能够显著提高土壤脲酶活性,尤其是在盛花期和收获期。本研究旨在进一步阐明寒区秸秆原位还田条件下腐熟剂驱动秸秆腐解的生物化学机制,同时,深入探讨秸秆腐熟剂的作用效果及对土壤微生物群落的影响,为寒区秸秆还田提供理论依据和技术支持。

1 材料与方法

1.1 材料

供试土壤采自黑龙江省农业科学院国家现代农业科技示范展示基地,室内风干过2 mm筛后备用。试验于2024年5月至10月在黑龙江省哈

收稿日期:2025-03-10

基金项目:黑龙江省“揭榜挂帅”科技攻关项目(2022ZXJ08B01)。

第一作者:刘泮漫(1997—),女,硕士,研究实习员,从事土壤研究。E-mail:13206580206@163.com。

通信作者:于洪久(1981—),男,硕士,副研究员,从事土壤与植物互作研究。E-mail:yuhongjiu0818@126.com。

尔滨市黑龙江省农业科学院框栽场(45.683°N, 126.612 6°E)进行,土壤类型为黑土,土壤肥力中等。耕层土壤有机质含量为 26.73 g·kg⁻¹,全氮、全磷、全钾含量分别为 2.13 g·kg⁻¹、0.72 g·kg⁻¹和 20.56 g·kg⁻¹;速效氮、有效磷、有效钾含量分别为 135.1 mg·kg⁻¹、23.7 mg·kg⁻¹和 150.6 mg·kg⁻¹;pH 为 6.37。

供试玉米品种为先玉 335。

供试秸秆腐熟剂由黑龙江省黑土保护利用研究院农业生态研究室扩繁和组配,主要包含解淀粉芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌、绿色木霉、长枝木霉、酿酒酵母等,剂型为水剂。

1.2 方法

1.2.1 试验设计 试验共设置了 3 种不同秸秆还田处理,处理 1 为秸秆直接还田(ST)(CK),处理 2 为秸秆还田+秸秆腐熟剂(STJ),处理 3 为秸秆还田+秸秆腐熟剂+氮肥(STJN),每个处理 3 次重复,共 9 个小区,小区面积 20 m²,秸秆腐熟剂接种量为秸秆质量的 2%,氮素(纯氮)用量为秸秆质量的 1%。采用尼龙网袋掩埋法,尼龙网袋规格 100 目,25 cm×35 cm。每个尼龙网袋内装入玉米秸秆 50 g,添加 100 g 土混匀,密封袋口开沟掩埋于 25 cm 土壤中。秸秆翻埋后,分别于还田 30、60、90 和 120 d 进行取样,每次随机取样 3 袋。取出尼龙网袋后,一部分去除泥土,低温保存用于酶活测定;一部分用水冲洗、除去表面黏附泥土,在 60℃烘箱中烘干至恒重,粉碎过筛备用。

1.2.2 测定项目及方法 秸秆中纤维素和半纤维素含量测定采用蒽酮比色法^[8];木质素含量测定采用浓硫酸法^[9]。纤维素酶、α-葡萄糖苷酶、β-葡萄糖苷酶、淀粉酶的活性分析采用 ELISA 试剂盒(上海优选公司)进行 96 孔微型板比色测定。

秸秆腐解百分率(%)=(秸秆初始质量-阶段剩余秸秆质量)/秸秆初始质量×100

1.2.3 土壤 DNA 提取和高通量测序 采用 Fast Pure Soil DNA Isolation Kit 提取土壤总 DNA,以 338F/806R 引物扩增细菌 16S rRNA 基因 V3~V4 区,经琼脂糖凝胶电泳验证质量。纯化 PCR 产物后,荧光定量均一化构建 PE 文库, Illumina MiSeq 平台双端测序。经质控、拼接及 DADA2 降噪生成 ASV(Amplicon Sequence Variant)表,基于 SILVA 数据库注释分类,计算 α/β 多样性及群落结构差异分析。

1.2.4 数据分析 采用 Excel 2021 和 SPSS 25.0

软件对数据进行统计分析,对数据进行 ANOVA 检验,基于 Duncan's 法进行处理间的多重比较和显著性检验($P<0.05$)。采用 Origin 2022、R-4.1.3 作图。

2 结果与分析

2.1 玉米秸秆还田过程秸秆腐解率的变化

测定秸秆腐解率是测量玉米秸秆腐解效果的重要方法之一,秸秆腐解率的大小可以直观地显示出玉米秸秆的降解程度和腐熟效果^[10]。为了准确测定秸秆腐解率,科学家们和研究人员采用了多种方法,包括失重率法、抗拉强度法等^[11-12]。其中,失重率法是一种常用的测定方法,通过在田间条件下观察秸秆质量的减少来评估腐解效果。由图 1 可以看出,随着秸秆还田进程,玉米秸秆的腐解量呈增加趋势,相邻阶段玉米秸秆腐解百分率前期增加较快,后期增加较慢;秸秆还田 30 d 时,不同处理的玉米秸秆腐解率差异不显著;秸秆还田 60、90 和 120 d 时玉米秸秆腐解率均表现为处理 STJN>STJ>ST;秸秆还田 120 d 时处理 STJN 的秸秆腐解率最大,达到了 85.13%,较处理 ST 和 STJ 分别提高了 14.61%和 7.59% ($P<0.05$)。

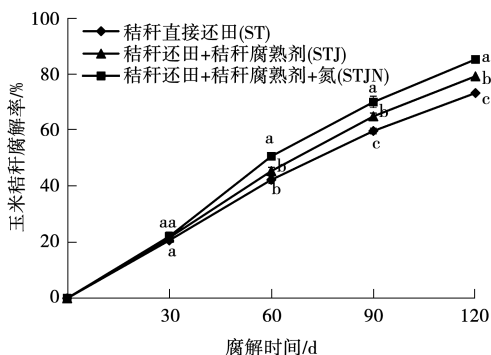


图 1 不同处理对玉米秸秆腐解率的影响

注:不同小写字母表示处理间在 $P<0.05$ 水平差异显著。

2.2 玉米秸秆还田过程中残余秸秆组分的变化

秸秆主要由纤维素、半纤维素和木质素组成,这些成分在秸秆还田后会经过土壤中微生物的分解逐渐转化为土壤有机质^[13]。由图 2 可以看出,在还田 120 d 时,残余玉米秸秆中的纤维素含量占比表现为 ST>STJ>STJN,半纤维素含量占比表现为 ST>STJ>STJN,木质素含量占比表现为 STJN>STJ>ST,结果表明,配施腐熟剂和氮肥利于纤维素和半纤维素的快速降解。

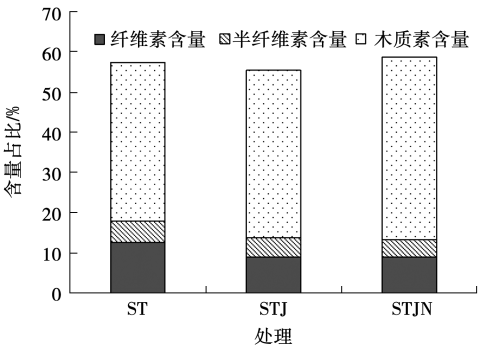


图2 不同处理还田 120 d 残余秸秆中各组分含量占比情况

2.3 玉米秸秆还田过程中相关酶活性的变化

2.3.1 纤维素酶活性 纤维素酶是降解纤维素生成葡萄糖的一组酶的总称,是一种复合酶,主要作用是降解秸秆中的纤维素和半纤维素,使其更易被微生物吸收利用。由图 3 可知,随着秸秆还田进程,3 个处理的纤维素酶活性均呈现先升高后降低的趋势。秸秆还田 30 d 时,3 个处理间的纤维素酶活差异不显著;秸秆还田 60 d 时,3 个处理的纤维素酶活均达到最高水平,处理 STJN 的纤维素酶活性最高,达到 $2\,773.51\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$,较处理 STJ 和 ST 分别显著提高 3.17% 和 8.53% ;秸秆还田 90 和 120 d 时,3 个处理的纤维素酶活性出现明显下降;秸秆还田 120 d 时,处理 STJN 的纤维素酶活性仅为 $1\,905.81\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$,处理间差异不显著。

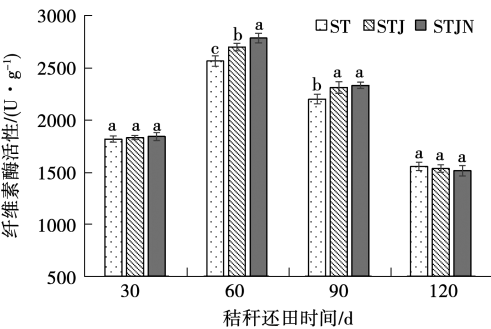


图3 不同处理纤维素酶活性变化情况

注:不同小写字母表示处理间在 $P<0.05$ 水平差异显著。

2.3.2 α -葡萄糖苷酶活性 α -葡萄糖苷酶主要功能是水解 α -葡萄糖苷键,它在土壤中起着降解淀粉和其他多糖的作用,促进土壤有机物的循环和降解^[14]。由图 4 可以看出,随着秸秆还田进程,3 个处理的 α -葡萄糖苷酶活性均呈现先升高后降低的趋势。秸秆还田 30 d 时,3 个处理间的 α -葡萄糖苷酶活性差异不显著;秸秆还田 60 d 时,3 个处理的 α -葡萄糖苷酶活性均达到最高水平,处理 STJN 的 α -葡萄糖苷酶活性最高,达到 $1\,158.13\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$,较处理 STJ 和 ST 分别显著提高 12.08% 和 10.69% ;秸秆还田 90 和 120 d 时,3 个处理的 α -葡萄糖苷酶活性下降。秸秆还田 120 d 时,处理 STJ 的 α -葡萄糖苷酶活性最高,达到了 $893.15\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$ 。

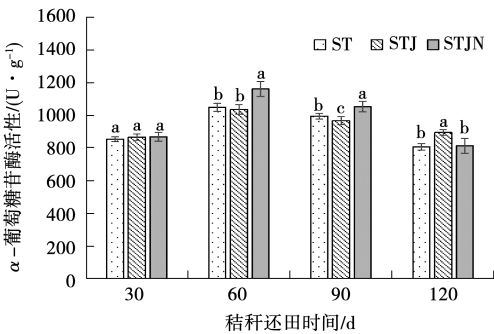


图4 不同处理 α -葡萄糖苷酶活性变化情况

注:不同小写字母表示处理间在 $P<0.05$ 水平差异显著。

2.3.3 β -葡萄糖苷酶活性 β -葡萄糖苷酶则主要负责水解 β -葡萄糖苷键,参与纤维素和木质素的分解过程,同样在土壤有机物的降解中发挥重要作用^[15]。由图 5 可以看出,随着秸秆还田进程,3 个处理的 β -葡萄糖苷酶活性均呈现先升高后降低的趋势。秸秆还田 30 d 时,处理 STJN 的 β -葡萄糖苷酶活性显著高于其他处理;秸秆还田 60 d 时,3 个处理的 β -葡萄糖苷酶活性均达到最高水平,处理 STJN 的 β -葡萄糖苷酶活性最高,达到 $1\,629.51\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$,较处理 STJ 和 ST 分别显著提高 5.17% 和 13.32% ;秸秆还田 90 和 120 d 时,3 个处理的 β -葡萄糖苷酶活性下降;秸秆还田 120 d 时,处理 ST 的 β -葡萄糖苷酶活性最高,达到了 $1\,067.23\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$ 。

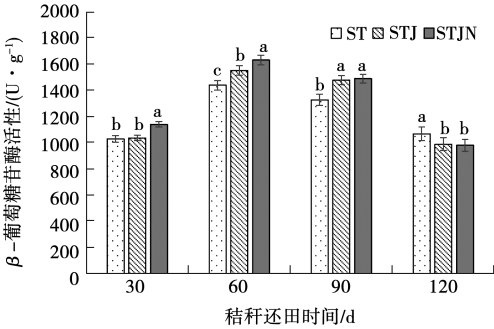


图5 不同处理 β -葡萄糖苷酶活性变化情况

注:不同小写字母表示处理间在 $P<0.05$ 水平差异显著。

2.4 不同秸秆还田处理对土壤微生物群落的影响

2.4.1 土壤微生物群落 α -多样性 不同处理显著改变了土壤真菌群落的物种丰富度与多样性($P<0.05$),而对细菌群落的多样性无显著影响(表 1)。

细菌群落的物种丰富度以 ST 处理最高,其 ACE 指数、Sobs 指数均显著高于 STJ 和 STJN 处理($P<0.05$),而 STJN 处理的 ACE 指数和 Chao1 指数较 STJ 处理分别增加 2.98% 和

5.54%;所有处理的细菌 Shannon 指数和 Simpson 指数均无显著差异。

对于真菌群落,STJN 处理表现出最高的物种丰富度,ACE 指数、Chao1 指数和 Sobs 指数均为最高。其 Shannon 指数显著高于 ST 处理, Simpson 指数显著低于 ST 处理($P<0.05$),表明其有更高的 α -多样性。STJ 处理的真菌 Sobs 指数和 Shannon 指数均显著高于 ST 处理。

表 1 不同处理土壤微生物群落 α -多样性指数

土壤微生物类群	处理	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	Sobs 指数	覆盖率
细菌	ST	3698.51 a	3597.70 a	6.02 a	0.01 a	2765.00 a	0.9789 b
	STJ	3226.63 b	3112.61 b	5.91 a	0.01 a	2413.67 b	0.9819 a
	STJN	3322.72 b	3285.15 ab	5.79 a	0.01 a	2473.67 b	0.9811 a
真菌	ST	428.72 b	417.48 b	2.43 b	0.29 a	348.00 c	0.9986 a
	STJ	481.10 b	466.64 b	3.19 a	0.10 b	391.67 b	0.9984 a
	STJN	625.11 a	616.39 a	3.72 a	0.05 b	526.67 a	0.9980 b

注:不同小写字母表示不同处理在 $P<0.05$ 水平差异显著。

2.4.2 土壤微生物群落 OTU 分析 基于 OTU 水平的韦恩图(图 6A)显示,土壤细菌群落 OTU 共计 5 699 个,ST、STJ 和 STJN 处理组分别包含 4 204,3 656 和 3 740 个 OTU。3 个处理共有的核心 OTU 为 2 340 个,占总 OTU 的 41.06%,3 个处理独有的 ASV 和比例分别为 980 个(17.20%)、547 个(9.60%)和 611 个(10.72%)。

由图 6B 可知,土壤样本中真菌 OTU 共 1 010 个,ST、STJ 和 STJN 处理组分别包含 512, 602 和 767 个 OTU。3 个处理共有的核心 OTU 为 307 个,占总 OTU 的 30.40%,3 个处理独有的 OTU 分别为 101 个(10.00%)、100 个(9.90%)和 245 个(24.26%)。

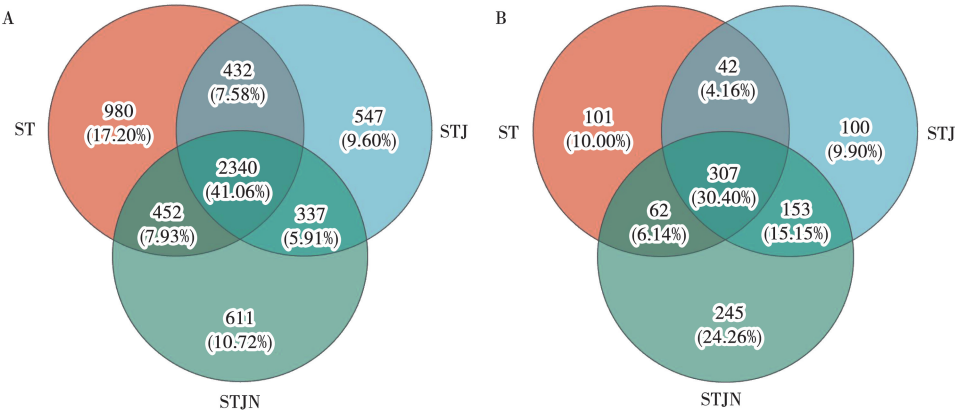


图 6 不同处理下土壤细菌(A)与真菌(B)群落的 OTU 分布

2.4.3 土壤微生物群落 PCoA 分析 基于丰度加权的 Jaccard 距离矩阵,主坐标分析(PCoA)揭示了不同处理对土壤细菌和真菌群落结构的显著影响。土壤细菌群落中(图 7A),PC1 和 PC2 分别解释了 41.14%和 20.90%的群落变异,累计贡献为 62.04%,且处理间差异显著($R^2=0.9512$, $P=0.001$)。其中,PC1 轴上所有处理均呈现显著分

离,PC2 轴上 STJ 处理与 ST、STJN 差异显著,表明腐熟剂添加对细菌群落结构的调控作用主要体现在 PC2 方向,而氮肥配施未进一步加剧该效应。

土壤真菌 PCoA 分析结果表明(图 7B),3 种处理间分异更为强烈($R^2=0.9572$, $P=0.001$), PC1 和 PC2 分别解释了差异的 62.83%和 15.11%,合计 77.94%。PC1 轴上 STJN 处理与 ST、STJ

显著分离,氮肥添加显著改变了真菌群落组成; PC2 轴上 ST 处理与 STJ、STJN 差异显著,说明

秸秆单独还田可能因木质素降解受限,导致真菌群落演替路径区别于腐熟剂或氮肥处理。

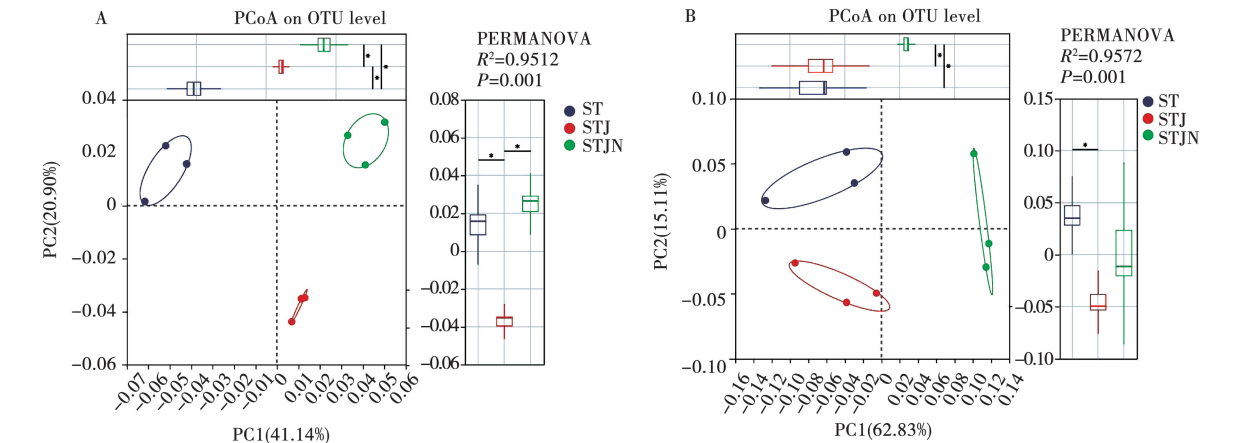


图 7 不同处理下土壤细菌(A)与真菌(B)群落 PCoA 分析

注: * 表示在 $P<0.05$ 水平差异显著。

2.4.4 土壤微生物群落组成及物种差异 由图 8A 可知,在门水平上,土壤细菌群落以变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(Bacteroidota)为主,分别占总序列的 52%、17%、7%和 6%。

在属水平上(图 8B),细菌群落丰度前十的分别为根瘤菌属(*Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、低温杆菌属(*Cryobacterium*)、

norank_f_JG30-KF-CM45、假黄单胞菌属(*Pseudoxanthomonas*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、德沃斯氏菌属(*Devosia*)、贪噬菌属(*Variovorax*)。

其中,ST 处理显著提高了装甲菌门(Armatimonadota)相对丰度($P<0.05$),STJ 处理显著提高了蓝细菌门(Cyanobacteria)的相对丰度($P<0.05$);STJN 处理中甲烷氧化菌门(Methylobacteriota)丰度显著升高($P<0.05$),可能与其氮肥输入提高了土壤氮素水平相关。

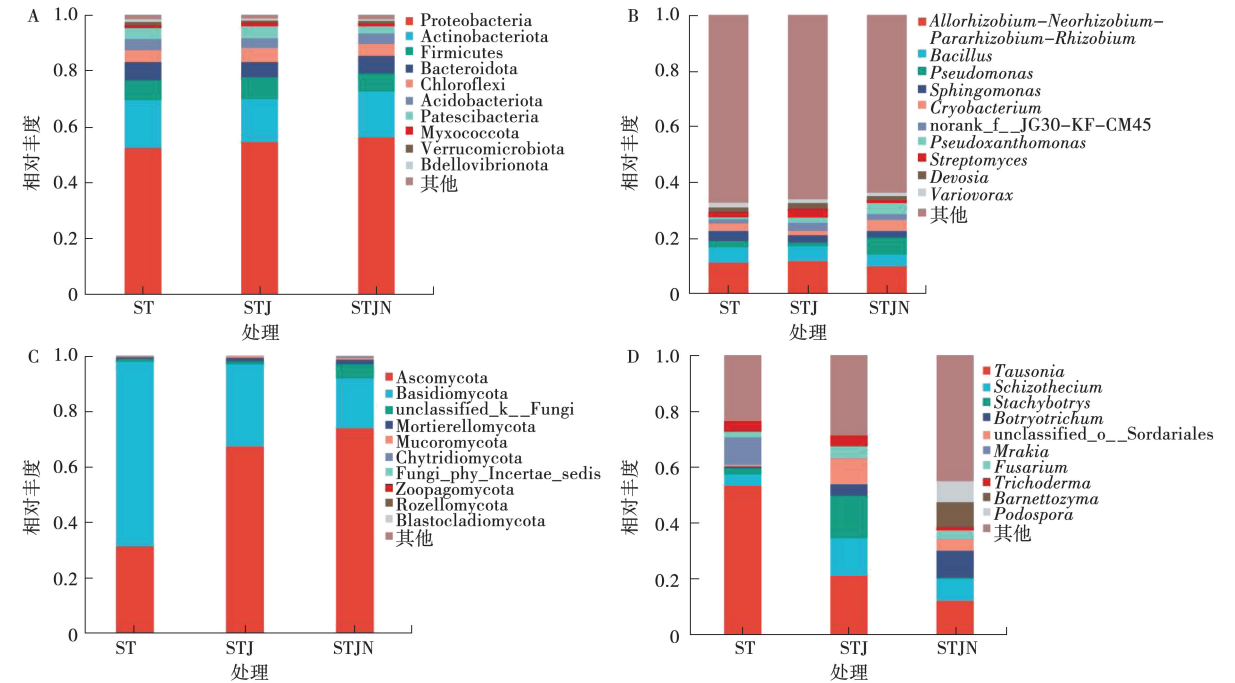


图 8 不同处理土壤细菌门(A)和属(B)及土壤真菌门(C)和属(D)的相对丰度

从土壤真菌群落门水平看(图 8C),子囊菌门(Ascomycota)和担子菌门(Basidiomycota)为土壤真菌群落的优势菌群。在属水平上(图 8D),真菌群落丰度前十的分别为 *Tausonia*、裂壳菌属(*Schizothecium*)、葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)、葡萄毛壳属(*Botryotrichum*)、未分类粪壳菌目(unclassified_o__Sordariales)、姆拉卡酵母属(*Mrakia*)、镰刀菌属(*Fusarium*)、木霉属(*Trichoderma*)、巴奈特酵母属(*Barnettozyma*)、柄孢壳菌属(*Podospora*)。ST 处理担子菌门丰度显著高于另两处理;而 STJN 处理显著提高了子囊菌相对丰度。ST 处理优势属为 *Tausonia* 和 *Mrakia*。STJ 处理优势属为 *Tausonia*、*Schizothecium*、*Stachybotrys*、unclassified_o__Sordariales。*Tausonia*、*Schizothecium*、*Botryotrichum*、*Barnettozyma*、*Podospora* 为 STJN 处理优势属。

3 讨论

3.1 接种秸秆腐熟剂对秸秆降解特征的影响

秸秆还田是秸秆肥料化利用的主要途径,是提升土壤肥力的主要措施,是保护黑土地的重要举措。一些研究者认为,长期的秸秆还田可以改善土壤结构,增强土壤微生物活性,提升土壤供肥能力,促进作物的产量增加^[16-18]。秸秆还田作为提升土壤肥力、保护黑土地的核心措施,其降解过程是多菌群与多酶系协同作用的复杂生化过程。首先,易被微生物分解利用的有机物,如可溶性糖类被微生物降解转化为简单的无机物或进一步被微生物利用。其次,半纤维素、纤维素和木质素被微生物分解为可降解的物质,如单糖、二糖、醇和有机酸等,这个过程需要多种微生物的参与,单一的微生物种类不能完成秸秆的降解^[19-20]。李逢雨等^[21]研究表明玉米秸秆腐解速率呈现前期快、后期慢的趋势,与本研究结果一致。这一腐解动态变化可能与玉米秸秆组织结构有关。秸秆蜡质层和髓结构的特性决定了前期易降解物质的快速释放,而 STJN 处理通过同步增强 α -葡萄糖苷酶与 β -葡萄糖苷酶活性,加速了淀粉类物质和纤维素类物质的分解,而 ST 处理则依赖土著微生物群落对木质素-纤维素复合体的缓慢分解。

3.2 玉米秸秆还田对根际土壤微生物群落的影响

土壤微生物作为土壤中的关键组分,在土壤养分循环、有机质分解和维持土壤肥力方面起着不可替代的作用,其群落多样性与丰富度直接影响土壤肥力与健康。秸秆还田通过改变土壤碳氮

输入模式,显著影响了根际微生物群落结构^[22-23]。高晶晶等^[24]分析了不同耕作方式下土壤微生物的功能多样性,发现深松和秸秆还田均有利于代谢多样性和碳源代谢强度的提高。范艳菊等^[4]研究表明,棉秆还田配施尿素和腐熟菌剂能够显著增加盛花期、收获期土壤中细菌数量和收获期土壤真菌数量。秸秆直接还田+微生物菌剂有利于土壤有机质、腐殖酸、土壤酶活性和微生物多样性的增加^[25]。本研究表明不同处理对真菌群落的丰富度及多样性产生显著影响,而细菌多样性在各处理间差异不显著($P>0.05$)。与秸秆直接还田初期提供的易降解碳源促进细菌增殖有关。STJN 处理中细菌丰富度较 STJ 升高但多样性降低,可能是氮肥输入导致优势菌群过度增殖,形成资源竞争抑制群落多样性。真菌群落则在 STJN 处理下表现出较高的丰富度和多样性,这可能是由于氮肥通过提高碳氮比(C/N)加速了秸秆腐解进程^[26],为真菌提供了更丰富的营养底物。在群落组成方面,细菌共享 OTU 比例显著高于真菌,表明细菌存在较强的功能冗余性和环境适应性,而真菌群落对环境变化更为敏感。在细菌群落中,变形菌门和放线菌门的优势地位与前人研究一致^[27],其高丰度可能与秸秆降解过程中产生的有机酸和腐殖质有关。STJN 处理中甲烷氧化菌门的增加则验证了氮肥输入可通过提高土壤 NH_4^+ 促进硝化过程。真菌群落分析显示,子囊菌门和担子菌门占据主导地位,与秸秆降解初期需氧性真菌的优势特征相符^[28]。属水平上,ST 处理下的 *Tausonia* 和 *Mrakia* 可能参与木质素初期降解;STJ 处理中裂壳菌属和葡萄穗霉属的富集可能与腐熟剂加速有机质分解有关/与腐熟剂中木霉属的协同作用有关;而 STJN 处理中 *Botryotrichum* 和 *Podospora* 的增殖,表明氮肥输入可能激发了易降解碳源的释放,其快速代谢特性可能抑制其他功能菌的竞争。

4 结论

本研究表明,秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥促进秸秆中纤维素和半纤维素的快速分解,显著提高寒区玉米秸秆腐解效率,在秸秆还田 120 d 时腐解率达 85.13%,较秸秆直接还田和秸秆还田接种腐熟剂处理分别提高 14.61% 和 7.59%。腐解关键期(还田 60 d)的酶活性分析显示,秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥处理的纤维素酶、 α -葡萄糖苷酶和 β -葡萄糖苷酶活性值最大,分别达到 $2\,773.51\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$ 、 $1\,158.13\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$ 和 $1\,629.51\text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$,

显著高于其他处理,秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥能够加速糖苷键水解进程,并促进秸秆的快速腐解。

微生物群落分析表明,不同秸秆还田处理显著改变了土壤真菌群落的物种丰富度与多样性,而对细菌群落的多样性无显著影响。秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥显著影响了土壤真菌群落组成,表现出最高的物种丰富度,其中 ACE 指数、Chao1 指数和 Sobs 观测物种数均达最大值;其 Shannon 多样性指数显著高于单施秸秆处理(ST),而 Simpson 指数显著低于 ST 处理,表明该处理下真菌群落具有更高的多样性。此外,该处理显著富集了与木质素降解功能相关的 *Botryotrichum* 和 *Podospora*。秸秆还田接种腐熟剂增施氮肥土壤细菌群落虽多样性无显著变化,但变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Ac-tinobacteria)相对丰度较秸秆直接还田分别增加 12.3%和 8.7%。

综上所述,腐熟剂与氮肥的协同作用通过激活木质素降解功能菌群,强化了秸秆腐解与土壤养分循环效率,为寒区秸秆资源高效利用和黑土地保育提供了理论依据。

参考文献:

[1] 刘娣,范丙全,龚明波. 秸秆还田技术在中国生态农业发展中的作用[J]. 中国农学通报,2008,24(6):404-407.

[2] 郭海斌,张军刚,王文文,等. 秸秆还田对农田土壤理化性质、生物性状和作物生长的影响[J]. 农业科技通讯,2017(10):174-176.

[3] 李本旭,张小峰,金海洋. 微生物制剂在秸秆直接还田中的应用试验初报[J]. 上海农业科技,2019(3):96-97.

[4] 范艳菊,倪明月,李振星,等. 棉花秸秆还田配施秸秆腐熟剂及尿素对土壤微生物和土壤酶活性的影响[J]. 中国棉花,2025,52(1):24-28.

[5] 肖金宝,白延倩,杨宝平,等. 秸秆腐解与养分释放特征对腐熟剂用量的响应[J]. 中国土壤与肥料,2023(9):181-191.

[6] 姜珊珊,李光艳,吴斌,等. 有机物料腐熟剂对玉米秸秆降解及小麦生长的影响[J]. 山东农业科学,2019,51(12):63-66.

[7] 薛颖昊,孙国峰,睦鑫梅,等. 不同腐熟剂对麦秸腐解率与稻田水环境的影响[J]. 中国稻米,2024,30(1):30-35.

[8] 朱小莉. 木质纤维物质中纤维素和半纤维素含量的测定浅析[J]. 科技风,2020(17):174.

[9] 熊素敏,左秀凤,朱永义. 稻壳中纤维素、半纤维素和木质素的测定[J]. 粮食与饲料工业,2005(8):40-41.

[10] 武际,郭熙盛,王允青,等. 不同水稻栽培模式和秸秆还田方式下的油菜、小麦秸秆腐解特征[J]. 中国农业科学,2011,44(16):3351-3360.

[11] 李阳阳,陈帅民,范作伟,等. 水稻秸秆降解复合菌系的筛选构建及其田间应用效果[J]. 植物营养与肥料学报,2021,27(12):2083-2093.

[12] 曹正男,赵振东,胡博,等. 氮肥与促腐菌肥配施对寒地水

稻秸秆还田腐解效果及产量的影响[J/OL]. 作物杂志,2024:1-7[2025-02-17]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1808.s.20240402.1840.002.html>.

[13] 蔡立群,牛怡,罗珠珠,等. 秸秆促腐还田土壤养分及微生物量的动态变化[J]. 中国生态农业学报,2014,22(9):1047-1056.

[14] 丁永亮,李锦,闫慧荣,等. 秸秆还田的土壤酶效应初探[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版),2014,42(3):137-144.

[15] 王倩倩,尧水红,张斌,等. 秸秆配施氮肥还田对水稻土酶活性的影响[J]. 土壤,2017,49(1):19-26.

[16] 张伟彬. 秸秆还田配施生物菌肥对土壤微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学,2022,50(1):201-206.

[17] CHANDRA R, TAKEUCHI H, HASEGAWA T. Methane production from lignocellulosic agricultural crop wastes: a review in context to second generation of biofuel production [J]. Renewable and Sustainable Energy Reviews, 2012, 16(3): 1462-1476.

[18] 熊瑞,欧阳宁,欧茜,等. 秸秆还田与耕作方式对双季稻土壤团聚体及碳氮含量的影响[J]. 浙江农业学报,2024,36(6):1347-1356.

[19] 姚云柯,周卫,孙建光,等. 田间条件下不同促腐菌对水稻秸秆腐解及胞外酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2020,26(11):2070-2080.

[20] TVEIT A, SCHWACKE R, SVENNING M M, et al. Organic carbon transformations in high-Arctic peat soils: key functions and microorganisms[J]. The ISME Journal, 2013, 7(2): 299-311.

[21] 李逢雨,孙锡发,冯文强,等. 麦秆、油菜秆还田腐解速率及养分释放规律研究[J]. 植物营养与肥料学报,2009,15(2):374-380.

[22] 周东兴,王广栋,邹欣慧,等. 不同还田量对秸秆养分释放规律及微生物功能多样性的影响[J]. 土壤通报,2018,49(4):848-855.

[23] 邱琛,韩晓增,陆欣春,等. 玉米秸秆还田对黑土微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学杂志,2022,41(2):287-293.

[24] 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.

[25] 李春雅,王炎伟,王荣,等. 秸秆还田方式对东北水稻土理化性质及微生物群落的影响[J]. 微生物学报,2022,62(12):4811-4824.

[26] MENG X T, ZHANG X C, LI Y N, et al. Nitrogen fertilizer builds soil organic carbon under straw return mainly via microbial necromass formation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 188: 109223.

[27] ZHAO Y Z, WANG S Y, ZHANG M L, et al. Nitrogen application and rhizosphere effect exert opposite effects on key straw-decomposing microorganisms in straw-amended soil[J]. Microorganisms, 2024, 12(3): 574.

[28] LIU X Q, LIU H R, ZHANG Y S, et al. Straw return drives soil microbial community assemblage to change metabolic processes for soil quality amendment in a rice-wheat rotation system[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2023, 185: 109131.

tons, 21.263 0 million tons, 4.608 3 million tons, 20.699 0 million tons, and 26.111 9 million tons of straw from rice, wheat, maize, soybeans, potatoes, peanuts, and rapeseed, respectively in 2023; The amount of straw that can be collected and used as feed for major crops was 134.589 8 million tons, with a theoretical carrying capacity of 219.648 4 million cattle and an actual carrying capacity of 45.467 2 million cattle. The carrying potential was 174.181 2 million cattle; The potential for collecting straw and saving grain for major crops was 189.160 6 million tons, among which the potential for collecting straw and saving grain for rice, wheat, maize, soybean, potato, peanut, and rapeseed were 40.451 8 million tons, 38.851 0 million tons, 86.129 4 million tons, 5.276 7 million tons, 1.918 5 million tons, 10.303 3 million tons, and 6.229 8 million tons, respectively. Through a systematically analysis of the potential for feed utilization of main crop straw resources, it provides a reference for the rational utilization of straw resources in China.

Keywords: crop straw; feed utilization; carrying capacity; grain saving potential

(上接第 7 页)

Effects of Straw-Decomposing Agent on Decomposition Characteristics and Microbial Community During Maize Straw Incorporation

LIU Fengman¹, YU Hongjiu¹, LIU Jie², ZHANG Nan¹, ZHANG Bo¹, DU Hailun¹, PAN Xue¹, YU Jie¹

(1. Heilongjiang Academy of Black Soil Conservation & Utilization/Key Laboratory of Black Land Protection and Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Harbin 150086, China; 2. Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: In order to explore the effect of inoculation of straw decomposing agent on the decay of maize stover and its regulation mechanism, the nylon mesh bag method was used to analyze the decomposition rate, residual straw components, enzyme activities and microbial community of maize stover under the three straw returning methods of straw returning (ST), straw returning inoculation of decomposing agent (STJ) and straw returning inoculation of decomposing agent with nitrogen fertilizer (STJN). The results showed that the combined application of straw return with a decomposing agent and nitrogen fertilizer promoted rapid decomposition of cellulose and hemicellulose in straw, significantly enhancing the decomposition efficiency of maize straw in cold regions. At 120 days after straw return, the decomposition rate reached 85.13%, which was 14.61% and 7.59% higher than that of straw return alone and straw return with a decomposing agent alone, respectively. When the straw was returned to the field for 60 days, the enzyme activities of each treatment reached the highest level. Among them, the cellulase activity, α -glucosidase activity and β -glucosidase activity of the treated STJN reached 2 773.51 U·g⁻¹, 1 158.13 U·g⁻¹ and 1 629.51 U·g⁻¹, respectively, which were significantly higher than those of other treatments. Different straw return treatments significantly altered the species richness and diversity of soil fungal communities, while showing no significant effect on bacterial community diversity. Specifically, the treatment combining straw return with a decomposing agent and nitrogen fertilizer (STJN) induced notable changes in fungal community composition, demonstrating the highest species richness with maximum values for the ACE index, Chao1 index, and Sobs index. The Shannon index of STJN was significantly higher than that of the straw return-alone treatment (ST), and its Simpson index was significantly lower than ST, indicating enhanced diversity. The proliferation of *Botryotrichum* and *Podospora* suggests that nitrogen input may stimulate the release of readily degradable carbon sources, leveraging their rapid metabolic traits to suppress competition from other functional microbes. This study demonstrates that straw return combined with a decomposing agent and nitrogen fertilizer accelerates straw decomposition by activating functional microbial taxa, optimizing fungal-bacterial community structures, and enhancing cellulose-degrading enzyme activity.

Keywords: decomposing agent; straw degradation; enzyme activity; microbial communities