

# 长期施用畜禽粪便对土壤生物化学质量指标的影响<sup>①</sup>

李江涛<sup>1</sup>, 钟晓兰<sup>2</sup>, 刘勤<sup>3</sup>, 张斌<sup>3</sup>, 赵其国<sup>3</sup>

(1 广州大学地理科学学院, 广州 510006; 2 华南农业大学信息学院, 广州 510642;

3 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008)

**摘要:** 采用两种母质发育的, 长期施用畜禽粪便和化肥的稻麦轮作土壤作为供试土壤, 探讨了施用畜禽粪便对土壤微生物组成、微生物生物量及活性、土壤酶活性等生物化学质量指标的影响。研究结果显示, 与施用化肥比较, 长期施用畜禽粪便显著提高了土壤细菌和放线菌数量 (+72% 和 +132%)、土壤微生物生物量碳、氮 (+89% 和 +74%)、土壤基础呼吸速率和微生物商 (+49% 和 +45%), 但降低了土壤真菌的数量 (-38%)。土壤脲酶和转化酶活性也表现为长期施用畜禽粪便土壤高于施用化肥土壤。由于受土壤 pH 值强烈影响, 土壤微生物代谢商 ( $qCO_2$ ) 和土壤磷酸酶活性没有表现出明显的变化规律。回归分析结果显示, 长期施用畜禽粪便改变土壤活性有机碳含量和理化性质是导致土壤生物化学质量指标变化的主要原因。

**关键词:** 畜禽粪便; 化肥; 土壤生物化学指标; 土壤质量

**中图分类号:** S154.3

随着我国畜禽养殖业的规模化、集约化增强, 畜禽粪便产生量迅猛增长。据估算, 2003 年我国畜禽粪便产生量约为 22.1 亿 t, 占农业有机废弃物资源的 40% 以上<sup>[1]</sup>。预计到 2010 年, 全国畜禽粪便的排放量将增加到 45 亿 t。大量的畜禽粪便对我国环境造成了严重威胁, 如何处理畜禽粪便成为影响畜牧业可持续发展的关键。畜禽粪便农用是实现其资源化的最直接途径, 也是一种促进农牧良性循环、维持生态平衡的有效措施, 同时, 对于改善农田土壤质量、减少化肥用量、保护生态环境、推动农业可持续发展也具有十分重要意义<sup>[2-3]</sup>。

土壤生物化学指标是反映土壤质量变化的敏感指标, 在土壤生态系统物质转化、能量循环过程中起着重要作用, 包括土壤微生物类群组成、微生物生物量、微生物活性和土壤酶活性等。微生物类群组成和生物量决定着土壤有机物质周转及土壤肥力<sup>[4]</sup>。土壤基础呼吸速率 (soil basal respiration rate, SBR) 是反映保持微生物活性的土壤碳有效性指标, 也是土壤基础周转速率的量度<sup>[5]</sup>。土壤微生物熵 (soil microbial quotient, SMQ) 为微生物生物量碳和土壤有机碳的比值, 是评价土壤有机碳动态和质量的有效指标<sup>[6]</sup>。土壤微生物代谢商 (soil metabolic quotient,  $qCO_2$ ) 等于土壤基础呼吸与速率与土壤微生物生物量碳含量的比值<sup>[7]</sup>, 其变化受微生物群

化受微生物群落组成改变、基质的有效性、土壤受干

<sup>①</sup>基金项目: 中国科学院知识创新项目 (KZCX3-SW-435) 和广州大学新苗计划基金项目

作者简介: 李江涛 (1976—), 男, 江西莲花人, 博士, 主要从事土壤生态学研究。

些生物化学指标对施用畜禽粪便的响应, 对于深入理解畜禽粪便农用价值具有重要意义。

本文选择全国的养禽大县——海安县辖区两种不同母质发育的、长期施用畜禽粪便和化肥的稻麦轮作土壤作为供试土壤, 以施用化肥土壤为参照, 探讨了施用畜禽粪便对土壤生物化学质量指标的影响, 为理解畜禽粪便对土壤肥力和质量影响及其农用价值提供科学依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 样地概况和样品采集

江苏省海安县位于经济高度发达的长江三角洲。2002 年以来, 海安县饲养和售出鸡总量位于全国县级前列, 已经成为江苏省乃至全国的养禽大县。另外, 猪、羊等传统养殖业也有较大规模的增长。畜禽养殖业发展和养殖规模扩大, 使得该县畜禽粪便产量巨大, 其中鲜鸡粪年生产量达 80 万 t 以上, 对当地的生态环境造成威胁。

<sup>①</sup>基金项目: 中国科学院知识创新项目 (KZCX3-SW-435) 和广州大学新苗计划基金项目资助。

作者简介: 李江涛 (1976—), 男, 江西莲花人, 博士, 主要从事土壤生态学研究。E-mail: ljtgzhu@163.com

新苗计划基金项目  
生态学研究。E-mail:

土壤样品采集区分别位于江苏省海安县海安镇和

大公镇,其中海安镇样地为河相冲积母质发育形成的土壤;大公镇样地为海相沉积母质发育形成的土壤,土壤质地均为砂壤土。海安镇样地包括相邻的长期(20年以上)施用鸡粪(HCM)、猪粪(HPM)和化肥(HCF)3块稻麦轮作田块;大公镇样地包括相邻的长期(20年以上)施用鸡粪(DCM)和化肥(DCF)的两块稻麦轮作田块。样品采集地田块面积均大于667 m<sup>2</sup>。

样品采集地田间施肥管理为:两个样区畜禽粪便

(鸡粪和猪粪)年施用量约为60 t/hm<sup>2</sup>,施肥时间和方式为在水稻移栽或麦种撒播前1~2天施入表土,同时在水稻和小麦分蘖及孕穗期施用少量的尿素;化肥施用主要以尿素为主(600 kg/hm<sup>2</sup>),并配施一定量的钙镁磷肥和钾肥(分别为100 kg/hm<sup>2</sup>和60 kg/hm<sup>2</sup>)。

2006年5月采用多点(15~20点)S型采样方法,分别采集长期施用畜禽粪便和化肥试验区耕作层(0~15 cm)和犁底层(15~25 cm)土壤,重复3次。细心挑去新鲜土壤样品中的石块、根系以及蚯蚓等土壤动植物残体。预处理后,将土壤样品充分混匀后分为两份,一份用于测定土壤生物学性质;另一部分自然风干,用于测定土壤的化学性质。**样区土壤基本理化性质见表1。**

表1 长期不同施肥处理土壤基本理化性质和作物产量

Table 1 Soil properties and plant yields in long-term fertilized field

处理	pH (H <sub>2</sub> O)	电导率 (μS/cm)	孔隙度 (%)	有机碳 (g/kg)	全氮 (g/kg)	黏粒 (v/v, %)	粉粒 (v/v, %)	砂粒 (v/v, %)	稻麦产量 (t/hm <sup>2</sup> )
HCM	7.34	272.7	59.1	17.76	1.81	9.19	28.47	62.34	12.80
HPM	6.85	294.8	61.2	18.97	1.93	8.71	27.65	63.64	13.58
HCF	6.24	227.9	55.4	14.40	1.45	9.20	21.56	69.24	12.38
DCM	8.11	464.9	51.1	13.23	1.34	5.79	18.72	75.49	14.34
DCF	8.21	474.7	49.9	11.49	1.24	6.29	21.35	72.36	13.41

## 1.2 测定方法

土壤微生物类群组成采用稀释平板计数法测定,细菌采用牛肉膏蛋白胨培养基;真菌采用马丁培养基;放线菌采用高氏一号培养基<sup>[11]</sup>。土壤微生物生物量碳(microbial biomass carbon, MBC)和微生物生物量氮(microbial biomass nitrogen, MBN)的测定采用氯仿熏蒸-硫酸钾浸提法测定<sup>[12]</sup>。土壤基础呼吸速率(soil basal respiration rate, SBR)另采用恒温密封条件培养碱液吸收法测定<sup>[12]</sup>。采用关崧荫法<sup>[13]</sup>测定土壤脲酶、磷酸酶和转化酶活性。

土壤总有机碳(soil total organic carbon, SOC): K<sub>2</sub>Cr<sub>2</sub>O<sub>7</sub>-H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>氧化法测定。颗粒有机碳(particulate organic carbon, POC): Cambardella和Elliott<sup>[14]</sup>的物理方法分离,氧化法测定。土壤碳水化合物态碳(soil carbohydrate carbon, SCC):稀硫酸水解<sup>[15-16]</sup>,蒽酮-硫酸比色法测定。溶解性有机碳(dissolved organic carbon, DOC)和热水提取态有机碳(hot water extractable organic carbon, HWOC)采用Ghani等<sup>[17]</sup>方法分步提取,TOC自动分析仪测定。土壤全氮(TN)、全磷(TP)、全钾(TK)、速效氮(AN)、有效磷(O-P)、

速效钾(AK)、pH值、电导率(EC)、阳离子交换量(CEC)等采用《土壤农业化学分析》常规分析方法测定<sup>[12]</sup>。土壤孔隙度采用环刀法测定;土壤颗粒组成采用激光粒度仪(Mastersizer 2000)测定。

## 1.3 统计分析

采用SPSS14.0软件对试验数据进行相关分析和回归分析;差异显著性采用LSD法进行检验。图采用Origin7.5软件绘制。

## 2 结果和分析

### 2.1 土壤微生物类群组成

土壤微生物类群组成结果显示,研究区土壤主要以细菌为主,占微生物群落的82%以上,其次为放线菌,约占10%~20%,真菌所占比例很小,均低于0.2%(表2)。

长期施用畜禽粪便和化肥改变了土壤微生物类群组成(表2)。在河相冲积母质发育土壤上,施用鸡粪和猪粪土壤微生物总量分别比施用化肥土壤高32%和111%;在海相沉积母质发育土壤上,施用鸡粪土壤微生物总量是施用化肥土壤的2.17倍。研究结果表明,

长期施用畜禽粪便土壤微生物总量的增加主要来源于土壤中细菌和放线菌数量的显著增加 ( $p < 0.05$ )。尽管施用化肥土壤微生物总量最低, 但是长期施用化肥

有利于真菌的生长, 两种母质发育土壤上施用化肥土壤真菌数量均显著高于施用畜禽粪便土壤 ( $p < 0.05$ )。

表 2 施用畜禽粪便和化肥对耕层土壤微生物类群组成的影响

Table 2 Effects of livestock manures and chemical fertilizers on soil microorganism groups in cultivated horizon

施肥处理	细菌 ( $10^6$ cfu/g 土)	真菌 ( $10^3$ cfu/g 土)	放线菌 ( $10^5$ cfu/g 土)	总菌落数 ( $10^6$ cfu/g 土)
HCM	14.27 ± 1.44	13.41 ± 0.60	29.37 ± 1.09	17.22 ± 1.42
HPM	23.26 ± 0.82	11.79 ± 1.06	42.31 ± 3.12	27.51 ± 1.02
HCF	11.14 ± 0.55	24.84 ± 3.08	18.57 ± 2.44	13.02 ± 0.37
DCM	39.05 ± 3.12	6.84 ± 0.52	41.13 ± 3.30	43.17 ± 2.80
DCF	18.51 ± 1.96	11.11 ± 1.23	13.73 ± 1.11	19.89 ± 1.92

注: HCM、HPM 和 HCF 分别代表河相冲积母质发育土壤上施用鸡粪、猪粪和化肥土壤; DCM 和 DCF 分别代表海相沉积母质发育土壤上施用鸡粪和化肥土壤。表中数据格式为: 平均值 ± 标准误。下同。

## 2.2 土壤微生物生物量

表 3 显示了长期施用畜禽粪便和化肥后土壤耕作层和犁底层微生物生物量差异。与施化肥相比, 施用畜禽粪便显著提高了土壤微生物生物量 ( $p < 0.05$ ); 其中, 施用猪粪耕层土壤 MBC 和 MBN 最大, 分别是施用化肥土壤的 2.1 倍和 1.5 倍 (表 3)。从不同土壤类型上比较, 河相冲积母质发育土壤微生物生物量比海相沉积母质发育土壤更高 ( $p < 0.05$ )。

长期不同施肥也明显改变了土壤 MBC/MBN 比。在河相冲积母质发育土壤上, 施用鸡粪耕层土壤 MBC/MBN 显著高于施用猪粪和化肥土壤, 而犁底层则表现为施用猪粪处理显著高于施用鸡粪和化肥处理 ( $p < 0.05$ )。在海相沉积母质发育土壤上, 长期施用鸡粪和化肥没有改变耕作层 MBC/MBN, 但是施用鸡粪处理犁底层土壤 MBC/MBN 显著高于施用化肥处理 (表 3)。

表 3 施用畜禽粪便和化肥对土壤微生物生物量的影响

Table 3 Effects of livestock manures and chemical fertilizers on soil microbial biomass

土层	施肥处理	MBC	MBN	MBC/MBN
		(mg/kg)	(mg/kg)	
耕作层	HCM	1 209.0 ± 3.4	84.66 ± 0.93	14.29 ± 0.19
	HPM	1 331.9 ± 2.6	107.35 ± 0.57	12.41 ± 0.21
	HCF	633.9 ± 3.4	49.01 ± 0.52	12.94 ± 0.16
	DCM	833.7 ± 3.4	84.14 ± 0.81	9.91 ± 0.12
	DCF	557.1 ± 10.2	56.27 ± 1.03	9.91 ± 0.36
犁底层	HCM	422.6 ± 2.4	36.69 ± 1.03	11.54 ± 0.45
	HPM	409.8 ± 2.1	31.11 ± 0.57	13.25 ± 0.67
	HCF	276.6 ± 2.2	23.21 ± 0.52	11.94 ± 0.34
	DCM	266.4 ± 5.9	25.93 ± 0.26	10.27 ± 0.21
	DCF	210.0 ± 9.7	30.08 ± 1.28	6.98 ± 0.05

## 2.3 土壤微生物活性

长期施用畜禽粪便和化肥显著改变了土壤基础呼吸速率 (SBR)。在河相冲积母质发育土壤上, 施用化

肥土壤  $SBR < 54$  mg/(kg·d), 而施用畜禽粪便土壤 SBR 为 42 ~ 138 mg/(kg·d), 是施化肥土壤的 1.97 ~ 3.14 倍 (图 1a)。在海相沉积母质发育土壤上, 施用鸡粪耕层

土壤 SBR 显著高于施用化肥土壤 ( $p < 0.05$ )。尽管海相沉积母质发育土壤 SBR 明显高于河相冲积母质发育土壤，但从长期施用畜禽粪便对提高土壤 SBR 基础呼吸的贡献率看，河相冲积母质发育土壤显著高于海相沉积母质发育土壤 (图 1a)。

土壤微生物商 (soil microbial quotient, SMQ) 为土壤微生物生物量碳 (MBC) 与总有机碳 (SOC) 的比值，是反映土壤生物质量的重要指标。从图 1b 可知，供试土壤微生物商 (SMQ) 值较低 ( $< 8\%$ )，但长期施用不同肥料后 SMQ 值产生了明显分异。在河相冲积母质发育土壤上，长期施用畜禽粪便耕层 SMQ 值比施用化肥土壤提高了约 0.60 倍，显著地高于施用化肥土壤 ( $p < 0.05$ )；在海相沉积母质发育土壤上，施用鸡粪处理 SMQ 值也明显高于施用化肥土壤。图 1b 同时表明，耕层 SMQ 值显著高于犁底层土壤 ( $p < 0.05$ )。

土壤微生物代谢商 (soil metabolic quotient,  $qCO_2$ ) 为土壤呼吸速率 (SBR) 与土壤微生物生物量碳 (MBC) 的比值。微生物代谢商把微生物生物量的大小和微生物的生物活性和功能有机地结合起来，反映了微生物群落生理水平特征。图 1c 显示了长期施用畜禽粪便和化肥处理土壤微生物代谢商 ( $qCO_2$ ) 的差异。在河相冲积母质发育土壤上，除耕层施用鸡粪土壤  $qCO_2$  与施用化肥土壤没有差异外，施用畜禽粪便显著提高了耕层和犁底层土壤  $qCO_2$  ( $p < 0.05$ )；而在海相沉积母质发育土壤上，施用鸡粪土壤  $qCO_2$  明显低于施用化肥土壤。不同土壤类型表现为，河相冲积母质发育土壤  $qCO_2$  显著低于海相沉积母质发育土壤 ( $p < 0.05$ )，但从畜禽粪便施用对土壤  $qCO_2$  改善效果看，河相冲积母质发育土壤明显好于海相冲积母质发育土壤。

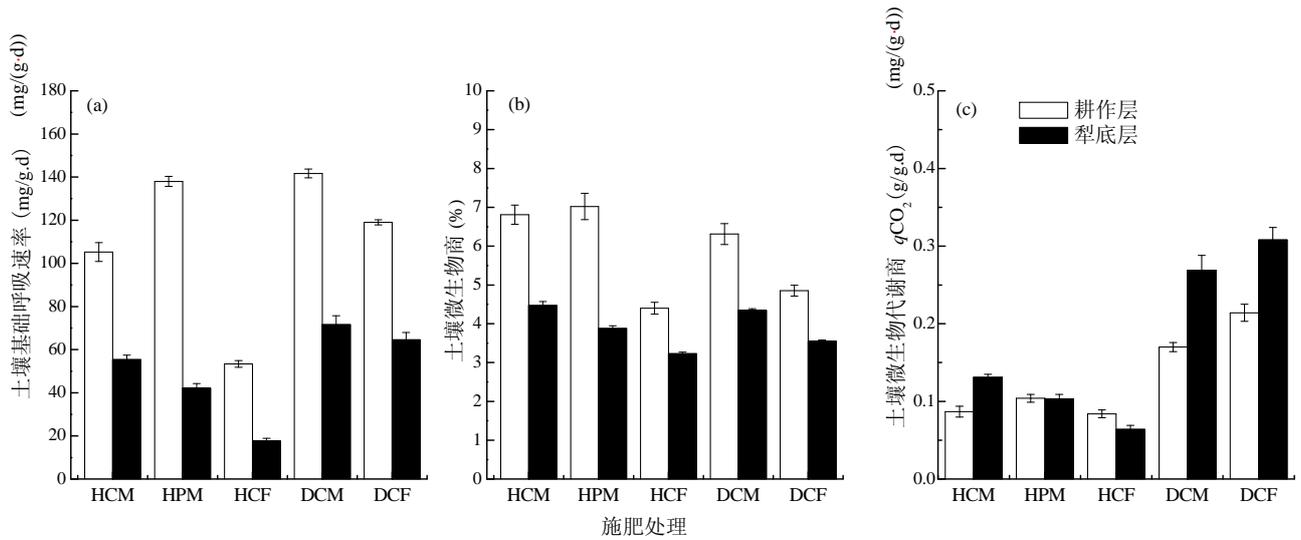


图 1 施用畜禽粪便和化肥对土壤基础呼吸速率、土壤微生物商和土壤微生物代谢商的影响

Fig.1 Effects of livestock manures and chemical fertilizers on soil basal respiration rates, microbial quotients and microbial metabolic quotients

### 2.4 土壤酶活性

土壤酶活性是土壤中生物化学过程的强弱的反映，也是反映土壤质量的重要指标。

由图 2a 可知，供试土壤磷酸酶活性在 PNP 0.22 ~ 3.18 mg/(g·d) 之间，平均值为 PNP 1.39 mg/(g·d)，但在不同母质土壤上施肥效果差异较大。在河相冲积母质发育土壤上，施用化肥和猪粪土壤磷酸酶活性最高，显著高于施用鸡粪土壤 ( $p < 0.05$ )；而在海相沉积母质发育土壤上，施用鸡粪和化肥土壤间磷酸酶活性没

有差异 ( $p > 0.05$ )。从不同母质土壤对磷酸酶活性影响看，河相冲积母质发育土壤磷酸酶活性是海相沉积母质发育土壤的 3 ~ 8 倍，显著高于海相沉积母质发育土壤 ( $p < 0.05$ )。

与施用化肥土壤比较，长期施用畜禽粪便显著地提高了土壤脲酶活性 ( $p < 0.05$ )；其中，河相冲积母质发育土壤上施用鸡粪和猪粪耕层土壤脲酶活性是施用化肥土壤的 5 倍以上；在海相沉积母质发育土壤上，施用鸡粪耕层和犁底层土壤脲酶活性比施用化肥土壤



MBC	0.13	-0.14	0.68**	1.00							
MBN	0.49	-0.43	0.85**	0.96**	1.00						
SBR	0.79**	-0.85**	0.63*	0.73**	0.86**	1.00					
SMQ	0.43	-0.46	0.80**	0.95**	0.96**	0.86**	1.00				
$qCO_2$	0.46	-0.64**	-0.20	-0.45*	-0.28	0.17	-0.23	1.00			
磷酸酶	-0.52*	0.72**	0.13	0.59**	0.43*	-0.04	0.34	-0.79**	1.00		
脲酶	0.31	-0.56*	0.49	0.89**	0.89**	0.83**	0.93**	-0.17	0.21	1.00	
转化酶	0.80**	-0.75**	0.72**	0.75**	0.85**	0.92**	0.85**	-0.01	0.06	0.85**	1.00

注：\*、\*\* 分别表示  $p < 0.05$  和  $p < 0.01$  显著相关性水平，下同；3 大类菌群样本数为 15，其余指标为 30。

SBR 和 SMQ 值显著地受微生物生物量的影响，与 MBC 和 MBN 有着极显著的正相关关系 ( $p < 0.01$ )。相关分析结果同时表明，SBR 主要受细菌数量的影响，这主要是因为细菌是供试土壤中的优势微生物群落。

## 2.6 影响因素分析

### 2.6.1 土壤理化性质对土壤微生物属性的影响

土壤理化性质在一定程度上影响着土壤微生物的生境和营养来源，因此间接影响着土壤微生物性质。除黏粒含量能显著地影响土壤细菌和真菌数量及 SBR 外，土壤质地对微生物群落组成和微生物生物量和活性影响较小，对土壤脲酶和转化酶活性影响也较小，但土壤质地显著影响着土壤磷酸酶活性和  $qCO_2$  (表 5)。土壤 pH 值显著影响土壤中微生物群落组成和生物量，对土壤磷酸酶活性和  $qCO_2$  也产生了极显著影响 ( $p < 0.01$ )。电导率 (EC) 代表着土壤总盐分含量状况，与

土壤微生物群落组成、生物量和活性、土壤酶活性均有显著的相关关系。阳离子交换量 (CEC) 对土壤磷酸酶、脲酶活性、MBC、MBN 和 SMQ 产生了显著或极显著正影响，但与土壤  $qCO_2$  间则表现为极显著的负相关 ( $r = -0.90^{**}$ )。

相关分析结果 (表 5) 显示，土壤全量和有效养分含量对土壤微生物群落组成影响较小，但对土壤微生物生物量、活性以及土壤酶活性产生了极显著的影响。土壤磷酸酶活性与土壤总磷含量 (TP) 没有相关关系，但与有效磷 (O-P) 含量有极显著正相关性 ( $p < 0.01$ )。除真菌和细菌外，土壤有机碳库与土壤酶活性、土壤微生物生物量和活性指标间均有极显著相关关系 ( $p < 0.01$ )。

表 5 土壤理化性质与土壤微生物属性间的相关分析

Table 5 Correlation analysis between soil physical, chemical properties and soil microbial attributes

	细菌	真菌	放线菌	MBC	MBN	SBR	SMQ	$qCO_2$	磷酸酶	脲酶	转化酶
黏粒	-0.58*	0.54*	0.06	0.14	-0.07	-0.43*	-0.05	-0.55**	0.58**	0.03	-0.23
粉粒	-0.36	0.05	0.08	0.35	0.19	-0.05	0.24	-0.51**	0.38*	0.40*	0.21
砂粒	0.44	-0.21	-0.08	-0.31	-0.13	0.15	-0.18	0.54**	-0.44*	-0.33	-0.11
pH	0.59*	-0.82**	0.01	-0.370*	-0.20	0.26	-0.11	0.90**	-0.93**	0.02	0.14
EC	0.67**	-0.74**	-0.01	0.30	0.50**	0.83**	0.47**	0.46*	-0.41*	0.48**	0.68**
CEC	-0.41	0.46	0.27	0.61**	0.42*	-0.05	0.39*	-0.90**	0.87**	0.37*	0.13
TN	-0.15	0.16	0.48	0.94**	0.87**	0.58**	0.82**	-0.64**	0.73**	0.76**	0.65**
TP	0.16	-0.43	0.37	0.89**	0.87**	0.78**	0.91**	-0.24	0.29	0.95**	0.74**
TK	-0.48	0.64*	-0.05	0.32	0.17	-0.13	0.19	-0.47**	0.58**	0.15	0.02
AN	0.28	-0.26	0.74**	0.95**	0.94**	0.76**	0.89**	-0.48**	0.57**	0.84**	0.80**
O-P	-0.01	-0.13	0.50	0.94**	0.85**	0.60**	0.88**	-0.40*	0.53**	0.90**	0.64**
AK	0.27	-0.45	0.26	0.70**	0.69**	0.65**	0.80**	-0.20	0.08	0.79**	0.59**
SOC	-0.14	0.18	0.52*	0.96**	0.89**	0.60**	0.84**	-0.61**	0.73**	0.77**	0.64**
POC	-0.06	0.19	0.57*	0.95**	0.92**	0.67**	0.84**	-0.47**	0.71**	0.74**	0.67**
DOC	-0.01	0.09	0.62*	0.84**	0.78**	0.50**	0.71**	-0.70**	0.69**	0.67**	0.65**

SCC	-0.07	-0.06	0.47	0.97**	0.92**	0.69**	0.88**	-0.51**	0.62**	0.85**	0.72**
HWOC	0.05	-0.16	0.57*	0.98**	0.92**	0.68**	0.90**	-0.51**	0.60**	0.90**	0.74**

**2.6.2 逐步回归分析** 为了更清晰地了解影响土壤微生物性质的主要因素，本文采用逐步回归分析法剔除了次要的影响因素。回归结果表明，溶解性有机碳（DOC）对土壤细菌生长有促进作用，但黏粒含量是影响细菌生长的重要障碍因素；pH 值是供试土壤上真菌数量的主要控制因素；而土壤速效氮（AN）则是控制土壤放线菌数量的主要因子（表 6）。

热水提取态有机碳（HWOC）和颗粒有机碳（POC）含量是影响土壤微生物生物量碳（MBC）的主要因素；而微生物生物量氮（MBN）则主要受速效氮（AN）的影响。土壤电导率（EC）和有效磷（O-P）含量是控制

土壤基础呼吸速率（SBR）的主要因子；而土壤微生物商（SMQ）受土壤全磷含量（TP）影响最为显著；pH 值与土壤微生物代谢商（ $q\text{CO}_2$ ）有着极显著的正相关。

土壤磷酸酶活性主要受 pH 的影响，与 pH 值表现为明显负相关；相反，pH 值与转化酶活性表现为极显著正相关；而土壤脲酶活性则较大程度上受土壤 TP 含量的影响（表 6）。

以上分析表明，长期不同施肥后土壤活性有机碳库和微生物生境的变化是影响土壤微生物群落组成、生物量和活性以及土壤酶活性的主要因素。

表 6 土壤微生物属性与影响因素间的逐步回归方程

Table 6 Successive regressions between soil microbial attributes and influential factors

微生物属性	逐步回归方程	F	R <sup>2</sup>	SE
细菌	$y = -2.744 + 0.413 \text{ DOC} - 7.438 \text{ clay}$	22.186	0.787	4.71
真菌	$y = 56.394 - 5.905 \text{ pH}$	26.21	0.668	3.35
放线菌	$y = -31.119 + 1.751 \text{ AN} - 0.03 \text{ SCC}$	25.31	0.808	6.20
MBC	$y = 52.723 + 1.878 \text{ HWOC} + 83.583 \text{ POC}$	493.30	0.973	64.33
MBC	$y = 10.148 + 1.763 \text{ AN} - 0.366 \text{ DOC}$	281.57	0.954	6.32
SBR	$y = -15.752 + 0.281 \text{ EC} + 1.146 \text{ O-P}$	170.12	0.926	11.57
SMQ	$y = 1.559 + 2.93 \text{ TP} + 0.059 \text{ AN} - 0.015 \text{ DOC}$	114.06	0.929	0.37
$q\text{CO}_2$	$y = -0.571 + 0.096 \text{ pH}$	124.19	0.816	0.04
磷酸酶活性	$y = 10.701 - 1.233 \text{ pH}$	175.52	0.862	0.39
脲酶活性	$y = -2.569 + 5.083 \text{ TP}$	260.68	0.903	0.27
转化酶活性	$y = -861.192 + 7.407 \text{ AN} + 132.832 \text{ pH}$	106.09	0.887	64.69

土壤磷酸酶活性主要受 pH 的影响，与 pH 值表现为明显负相关；相反，pH 值与转化酶活性表现为极显著正相关；而土壤脲酶活性则较大程度上受土壤 TP 含量的影响（表 6）。

以上分析表明，长期不同施肥后土壤活性有机碳库和微生物生境的变化是影响土壤微生物群落组成、生物量和活性以及土壤酶活性的主要因素。

### 3 讨论

微生物在植物有效养分产生过程中起着关键的作用<sup>[18]</sup>。许多土壤微生物过程对长期可持续农业系统是非常必要的<sup>[9]</sup>。作为碳源和土壤养分源，有机物料施用在增加作物养分、改变土壤理化性质的同时，也改变了土壤微生物群落组成、生物量、活性和土壤酶活

性。

研究结果显示，长期施用畜禽粪便比化肥施用更有利于土壤细菌和放线菌的生长繁殖，相反长期施用化肥比畜禽粪便更有助于土壤真菌生长（表 2）。Weon 等<sup>[19]</sup>也有相同的研究结果。施用畜禽粪便土壤中细菌和放线菌数量之所以高于化肥土壤，主要与长期施用畜禽粪便土壤有机碳库和氮库含量，特别是活性有机碳和速效氮含量明显高于施用化肥处理有关（表 6），因为土壤中有效碳、氮是细菌和放线菌的重要食源和能源<sup>[20]</sup>。另外，长期不同施肥改变土壤颗粒组成和酸碱度等生境（表 1）是土壤微生物类群组成改变的另一个重要原因，土壤黏粒含量和 pH 值是分别影响土壤细菌和真菌群落的主要影响因素（表 5）。

长期施用畜禽粪便和化肥后土壤微生物生物量产生了明显分异。表现为施用畜禽粪便土壤微生物生物量明显高于施用化肥土壤（表3）。Crecchi等<sup>[21]</sup>、Kandeler等<sup>[22]</sup>及 Madejon等<sup>[23]</sup>也有相似的研究结果。这主要是由于施用畜禽粪便提高了土壤中总有机碳和活性有机碳含量的结果。逐步回归分析结果也表明，活性有机碳是土壤微生物碳、氮的主要影响因素（表6）。尽管土壤活性有机碳占土壤总有机碳比例不到20%，但活性有机碳组分可以解释因长期施用不同肥料而导致土壤总有机碳差异的大部分原因<sup>[20]</sup>。而且，活性有机碳是土壤微生物的主要食源，能够导致土壤微生物生物量和活性迅速提高<sup>[24]</sup>。另外，畜禽粪便也会对微生物产生直接促进作用的效果<sup>[25]</sup>。在不同母质类型土壤上土壤微生物生物量的差异，可能与土壤有机质含量和土壤质地差异有较大关系。质地较轻的海相沉积母质发育土壤，通透性较好，有机物分解速度较快，使得后期碳源和能量不足以维持较高的微生物生物量；而在质地相对较重的河相冲积母质土壤上，由于黏粒和粉粒含量相对较高，能够吸附相对较高量的有机物，减缓了土壤中有有机物分解速度，这为维持较高的微生物生物量提供了相对充足的碳源和能量。因此，表现为河相冲积母质土壤微生物生物量高于海相沉积母质土壤（表3）。

本研究结果显示，施用畜禽粪便土壤基础呼吸速率（SBR）显著地高于施用化肥土壤（图1a图1-a），这主要是由于长期施用畜禽粪便土壤比施用化肥土壤储存了更高量的有机碳。因为土壤有机碳能为需氧微生物呼吸提供能量源<sup>[26]</sup>，从而使得添加有机物料的处理CO<sub>2</sub>释放速率快速增加<sup>[27-28]</sup>。土壤微生物商（SMQ）可以有效追踪有机物料加入土壤后的存在状态<sup>[29-30]</sup>，SMQ越高土壤中有机质也就越有活性，土壤有机质对环境变化的响应也就越敏感。本试验长期施用畜禽粪便SMQ显著高于施用化肥土壤的研究结果（图1b图1-b），说明施用畜禽粪便土壤有机质比施用化肥土壤更具活性和环境敏感性，也就是更容易被土壤微生物利用，或者说更有利于促进微生物的生长繁殖。这与施用畜禽粪便土壤呼吸速率（SBR）高于施用化肥土壤的结果一致。在许多环境研究中，土壤微生物代谢商（*q*CO<sub>2</sub>）被证明是比单独测定微生物生物量或呼吸更敏感的指标<sup>[31]</sup>，因为它估计了土壤微生物群落利用有机碳组分的效率<sup>[9]</sup>。土壤*q*CO<sub>2</sub>受非生命物质影响明显<sup>[9]</sup>。在本研究不同母质类型土壤上，长期施用畜禽粪便和化肥土壤*q*CO<sub>2</sub>的差异（图1图1-c），可能主要与

土壤微生物生境中土壤pH值相关（表6）。

已有研究表明，长期添加有机物料能增强土壤酶活性<sup>[21,23]</sup>。认为土壤酶活性的增强可能是腐殖物质对土壤酶的高度稳定性与由土壤有机碳含量提高所带来的土壤微生物生物量提高的综合作用结果<sup>[32-33]</sup>。但是本研究结果显示长期施用畜禽粪便并没有提高土壤磷酸酶活性，而且在河相冲积母质发育土壤上反而降低了土壤磷酸酶活性（图2a图2-a）；尽管土壤磷酸酶活性与土壤总有机碳以及活性有机碳间均有显著的相关关系，但是相关系数并不高（表5表5）。这可能与土壤磷酸酶活性显著受土壤pH的影响有关，因为土壤磷的有效性主要受土壤pH控制<sup>[10]</sup>，本研究中磷酸酶活性和pH值呈极显著高度负相关（表5表5）的研究结果，进一步证实了土壤pH对磷酸酶活性的负面影响。研究结果显示，长期施用畜禽粪便土壤脲酶活性显著高于施用化肥土壤（图2b图2-b），这主要与土壤有机碳库含量有关<sup>[26]</sup>。另外，土壤中黏粒和粉粒含量的差异也是造成土壤脲酶活性差异的重要原因，因为土壤脲酶主要存在于土壤粉粒和黏粒部分，并能与腐殖质等形成黏粒-腐殖质-酶复合体<sup>[22]</sup>。

土壤转化酶活性能反映土壤有机碳累积与分解转化的规律。土壤转化酶活性高低常与土壤有机碳含量和微生物生物量高低密切相关<sup>[34]</sup>。本研究结果显示，长期施用畜禽粪便土壤转化酶活性明显高于施用化肥土壤以及土壤转化酶与土壤有机碳库间的极显著相关关系（图2c和表5），进一步说明了土壤转化酶在土壤有机质转化方面的重要作用。逐步回归分析显示，土壤pH值在影响转化酶活性方面起着重要作用。由此可见，长期施用畜禽粪便和化肥后土壤有机碳库和理化性质的变化是影响土壤酶活性的主要因素。但在涉及土壤酶活性都还应该注意以下两点：①任何土壤酶活性的短期变化可能会被土壤酶本身掩盖，它们大多数被吸附在土壤颗粒上并且能够保留它们的活性很多年；②酶活性的测定只是测定了土壤中特定酶的潜在活性，而不是真实活性<sup>[35]</sup>。

以上分析结果表明，畜禽粪便长期农用有助于土壤生物化学质量指标的改善，有助于土壤肥力的提高，作物产量的增加。因此，加大畜禽粪便的农用推广力度，增加畜禽粪便施用面积，既有利于减轻畜禽养殖业规模化和集约化带来的环境压力，也可以减少工业化化肥的用量，减轻因此而带来的环境污染压力。但是在推广畜禽粪便农用时，也应当加强管理以避免带来更严重的环境污染。

## 4 结论

长期施用畜禽粪便和化肥后, 土壤微生物类群组成、微生物生物量和活性产生明显分异。表现为: ①试验土壤中微生物类群以细菌为主占 80% 以上, 但长期施用畜禽粪便土壤细菌和放线菌数量显著高于施用化肥土壤, 而土壤真菌数量以施用化肥土壤最高; ②长期施用畜禽粪便土壤微生物生物量、土壤基础呼吸速率及土壤微生物商均显著高于施用化肥土壤; ③与施用化肥比较, 长期施用畜禽粪便土壤脲酶和转化酶活性明显提高; ④尽管土壤微生物代谢商和土壤磷酸酶活性也受长期施用畜禽粪便影响, 但两种母质土壤上没有表现出一致规律。总之, 长期施用畜禽粪便能够通过增加土壤活性有机碳含量和改善土壤理化性质来改善土壤生物化学质量。

**致谢:** 感谢中国科学院南京土壤研究所王明珠研究员提供的支持和帮助。

### 参考文献:

- [1] 黄鸿翔, 李书田, 李向林, 姚杰, 曹卫东, 王敏, 刘荣乐. 我国有机肥的现状与发展前景分析. *土壤肥料*, 2006(1): 3-8
- [2] 乔洁, 毕利东, 张卫建, 沈仁芳, 张斌, 胡锋, 刘艳丽. 长期施用化肥对红壤性水稻土中微生物生物量、活性及群落结构的影响. *土壤*, 2007, 39(5): 772-776
- [3] 徐阳春, 沈其荣, 冉炜. 长期免耕与施用有机肥对土壤微生物生物量碳、氮、磷的影响. *土壤学报*, 2002, 39(1): 89-96
- [4] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: A review. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 29: 111-129
- [5] Insam H, Mitchell CC, Dormaar JF. Relationship of soil microbial biomass and activity with fertilisation practice and crop yield of tree ultisols. *Soil Biology & Biochemistry*, 1991, 23: 1131-1139
- [6] Lagomarsino A, Moscatelli MC, Di Tizio A, Mancinelli R, Grego S, Marinari S. Soil biochemical indicators as a tool to assess the short-term impact of agricultural management on changes in organic C in a Mediterranean environment. *Ecological Indicators*, 2009, 9(3): 518-527
- [7] Anderson JPE, Domsch KH. Determination of ecophysiological maintenance carbon requirements of soil microorganisms in a dormant state. *Biology and Fertility of Soils*, 1985, 1: 81-89
- [8] Insam H. *Microorganism and Humus in Soils*. Amsterdam: Elsevier, 1996
- [9] Wardle DA, Ghani A. A critique of the microbial metabolic quotient ( $qCO_2$ ) as a bioindicator of disturbance and ecosystem development. *Soil Biology & Biochemistry*, 1995, 27(12): 1601-1610
- [10] Acosta-Martinez V, Acosta-Mercado D, Sotomayor-Ramirez D, Cruz-Rodriguez L. Microbial communities and enzymatic activities under different management in semiarid soils. *Applied Soil Ecology*, 2008, 38(3): 249-260
- [11] 许光辉, 郑洪元. *土壤微生物分析方法手册*. 北京: 农业出版社, 1986
- [12] 鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*. 北京: 农业科技出版社, 2000
- [13] 关松荫. *土壤酶及其研究法*. 北京: 农业出版社, 1986
- [14] Cambardella CA, Elliott ET. Particulate soil organic matter changes across a grassland cultivation sequence. *Soil Science Society of America Journal*, 1992, 56: 777-783
- [15] Piccolo A, Zena A, Conte P. A comparison of acid hydrolysis for the determination of carbohydrates in soils. *Commun. of Soil Sci. Plant Anal.*, 1996, 27: 2909-2915
- [16] Puget P, Angers DA, Chenu C. Nature of carbohydrates associated with water-stable aggregates of two cultivated soils. *Soil Biology & Biochemistry*, 1999, 31: 55-63
- [17] Ghani A, Dexter M, Perrott KW. Hot-water extractable carbon in soils: A sensitive measurement for determining impacts of fertilisation, grazing and cultivation. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(9): 1231-1243
- [18] 陈国潮, 何振立, 黄昌勇. 红壤微生物生物量碳周转及其研究. *土壤学报*, 2002, 39(1): 89-96
- [19] Weon HY, Kwon JS, Choi WY. Soil microbial flora and chemical properties as influenced by the application of pig manure compost. *Kor. J. Soil Sci. Fert.*, 1999, 32: 76-83
- [20] Cookson WR, Murphy DV, Roper MM. Characterizing the relationships between soil organic matter components and microbial function and composition along a tillage disturbance gradient. *Soil Science Society of America Journal*, 2008, 40: 763-777
- [21] Crecchio C, Curci M, Pellegrino A, Ricciuti P, Tursi N, Ruggiero P. Soil microbial dynamics and genetic diversity in soil under monoculture wheat grown in different long-term management systems. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39(6): 1391-1400
- [22] Kandeler E, Stemmer M, Klimanek EM. Response of soil microbial biomass, urease and xylanase within particle size

- fractions to long-term soil management. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(2): 261–273
- [23] Madejon E, Burgos P, Lopez R, Cabrera F. Soil enzymatic response to addition of heavy metals with organic residues. *Biology and Fertility of Soils*, 2001, 34: 144–150
- [24] Kusel K, Drake HL. Microbial turnover of low molecular weight organic acids during leaf litter decomposition. *Soil Biology and Biochemistry*, 1998, 31(1): 107–118
- [25] Ros M, Klammer S, Knapp B, Aichberger K, Insam H. Long-term effects of compost amendment of soil on functional and structural diversity and microbial activity. *Soil Use and Management*, 2006, 22(2): 209–218
- [26] Chang EH, Chung RS, Tsai YH. Effect of different application rates of organic fertilizer on soil enzyme activity and microbial population. *Soil Science & Plant Nutrition*, 2007, 53(2): 132–140
- [27] 吴晓晨, 李忠佩, 张桃林, 车玉萍. 长期施肥对红壤性水稻土微生物生物量与活性的影响. *土壤*, 2009, 41(4): 594–599
- [28] Ajwa HA, Dell CJ, Rice CW. Changes in enzyme activities and microbial biomass of tallgrass prairie soil as related to burning and nitrogen fertilization. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(5): 769–777
- [29] Sparling GP. Ratio of microbial biomass carbon to soil organic carbon as a sensitive indicator of changes in soil organic matter. *Australian Journal of Soil Research*, 1992, 39: 195–207
- [30] Insam H, Merschack P. Nitrogen leaching from forest soil cores after amending organic recycling products and fertilizers. *Waste Management & Research*, 1997, 15: 277–292
- [31] Insam H. Developments in soil microbiology since the mid 1960s. *Geoderma*, 2001, 100 (3/4): 389–402
- [32] Goyal S, Mishra MM, Dhankar SS, Kapoor KK, Batra R. Microbial biomass turnover and enzyme activities following the application of farmyard manure to field soils with and without previous long-term applications. *Biology and Fertility of Soils*, 1993, 15: 60–64
- [33] Martens DA, Loeffelmann KL. Improved accounting of carbohydrate carbon from plants and soils. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(10): 1393–1399
- [34] Poll C, Thiede A, Werbter N, Sessitsch A, Kandeler E. Micro-scale distribution of microorganisms and microbial enzyme activities in a soil with long-term organic amendment. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54(4): 715–724
- [35] Nannipieri P, Kandeler E, Ruggiero P. *Enzyme Activities and Microbiological and Biochemical Processes in Soil*. New York: Marcel Dekker, 2002

## Effects of Long-Term Application of Livestock Manures on Soil Biochemical Quality Indicators

LI Jiang-tao<sup>1</sup>, ZHONG Xiao-lan<sup>2</sup>, LIU Qin<sup>3</sup>, ZHANG Bin<sup>3</sup>, ZHAO Qi-guo<sup>3</sup>

(1 School of Geographical Sciences, Guangzhou University, Guangzhou 510006, China; 2 College of Informatics, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 3 Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China)

**Abstract:** Application of livestock manure (LM) in field is an important way to solve the ecological environmental menace in the intensive and scale development of livestock farming industry. In this paper soils were sampled in five wheat-rice rotation fields on two soil types under long-term application of LM and chemical fertilizer (CF). Biochemical properties, such as soil microorganism composition, microbial biomass C and N (MBC, MBN), soil basal respiration (SBR), soil phosphatase, urease and invertase activities, were investigated as soil biochemical quality indicators. The results showed that, compared with CF treatment, the amounts of bacteria and actinomycete (+72%, +132%), the contents of MBC and

MBN (+89%, +74%), the SBR and soil microbial quotient (+49%, +45%) increased significantly but the amount of fungi (-38%) significantly decreased in long-term application of LM treatment. The activities of soil urease and invertase were also higher in long-term application of LM than CF treatment. As greatly affected by pH values, soil microbial metabolic quotient ( $q\text{CO}_2$ ) and soil phosphatase changed indistinctly. Successive regression analysis indicated that the changes in soil active organic carbon content and physical and chemical properties are the main reasons for the changes in soil biochemical quality indicator in long-term application of LM.

**Key words:** Livestock and poultry excrement, Chemical fertilizer, Soil biochemical indicator, Soil quality