

# 土壤质地对秸秆分解的影响及其微生物机制<sup>①</sup>

杨 军<sup>1,2</sup>, 陈效民<sup>1\*</sup>, 赵炳梓<sup>2\*</sup>, 张佳宝<sup>2</sup>

(1 南京农业大学资源与环境科学学院, 南京 210095; 2 封丘农田生态系统国家实验站, 土壤与农业可持续发展国家重点实验室 (中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008)

**摘 要:** 本研究以河南省封丘县的砂质、壤质、黏质潮土为对象, 基于网袋秸秆埋设法, 比较分析了经半年埋设后小麦和玉米秸秆分解速率变化, 及基于磷脂脂肪酸(PLFA)的微生物组成差异。结果表明: 秸秆分解率在不同质地潮土间无显著性差异; 残留秸秆中碳含量与原始秸秆相当, 表明秸秆分解过程中碳按比例减少; 但氮和磷含量显著增加, 尤其在质地黏重的土壤处理中更为明显。经半年埋设, 小麦和玉米秸秆中钾的释放比例分别高达 99% 和 97%。PLFA 结果显示, 两种秸秆中的细菌、真菌、放线菌在砂、壤、黏土处理间无显著差异, 表明影响秸秆分解的微生物生物量在不同土壤质地处理间相当, 这可能是导致秸秆在不同质地潮土中分解率无显著差异的原因之一; 但 PCA 分析表明, 参与小麦和玉米秸秆分解的微生物种类有所不同, 其差别主要与革兰氏阳性菌 14:0、i14:0、3OH-16:0、i17:0, 革兰氏阴性菌 cy17:0 以及放线菌 10Me18:0 有关。

**关键词:** 土壤质地; 秸秆分解; 养分释放; 微生物; 磷脂脂肪酸

**中图分类号:** S154.3

秸秆还田对提高土壤有机质含量, 促进土壤养分的循环转化, 维持农田生态平衡具有重要作用<sup>[1]</sup>。还田秸秆的分解速率主要受秸秆本身化学组成(如秸秆本身的 C/N)<sup>[2]</sup>、环境条件(如由于不同管理模式导致的温度和水分差异等)<sup>[3]</sup>以及土壤微生物活性的影响<sup>[4]</sup>。土壤微生物是秸秆分解的主要参与者, 是驱动秸秆分解的动力。研究发现增加土壤微生物活性和微生物生物量能够加快秸秆的分解<sup>[5]</sup>, 另一方面, 微生物群落结构的改变也能够影响秸秆的分解<sup>[6]</sup>。比如, Bastian 等<sup>[7]</sup>发现在小麦秸秆腐解过程中, 分解前期和后期的微生物优势菌群不同, 前期的优势菌群主要是细菌而后期的优势菌群主要为真菌。添加到土壤中的纤维素初始阶段主要由细菌进行分解, 而后接着由真菌进行分解<sup>[8]</sup>, 较难分解的木质素主要由白腐真菌进行分解<sup>[9]</sup>。

任何影响微生物生长的土壤环境或条件均有可能影响秸秆在土壤中的去向。土壤质地显著影响着土壤水分、养分、温度以及氧气含量的动态, 这些均是影响土壤微生物活性和群落结构的主要因素<sup>[10-11]</sup>, 从而有可能最终影响其中秸秆的分解行为。本研究以黄

淮海平原典型土壤——潮土的砂、壤、黏质土壤为研究对象, 利用玉米和小麦秸秆为试验材料, 基于网袋法比较研究了秸秆在不同质地土壤中的分解速率和养分释放率变化, 同时探讨了基于磷脂脂肪酸(PLFA)的微生物组成在不同质地土壤中的差异。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究平台

本研究以“土壤地力提升长期试验”为平台, 该平台位于河南省封丘县潘店乡的中国科学院封丘农业生态实验站内(35°01'N, 114°24'E)。该平台包括 96 个小区, 每个小区由水泥隔板隔开, 不封底; 长 × 宽 × 深为 1.5 m × 2 m × 0.6 m; 其中填装砂质、壤质、黏质潮土各 32 个小区, 即分别填装 0.6 m 深的砂质、壤质、黏质潮土(小区隔墙厚 20 cm, 露出地表 10 cm)。截止本试验开始前, 该平台已经建立有 20 多年, 并且已经经过 5 年没有进行任何试验的匀地, 匀地种植作物与当地一致, 即小麦-玉米轮作, 以保证不同小区土壤和养分的一致性。本次试验开始前的土壤基本理化性质见表 1 和表 2。

基金项目: 国家自然科学基金面上项目(41271311), 国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2011CB100506), 国家科技支撑计划项目(2012BAD05B0203), STS 项目(KFJ-EW-ST5-055-1)和中国科学院知识创新项目(ISSASIP1118)资助。

\* 通讯作者(bzhao@issas.ac.cn; xmchen@njau.edu.cn)

作者简介: 杨军(1990—), 女, 江苏扬州人, 硕士研究生, 主要研究方向为水土资源与水土环境。E-mail: 2012103088@njau.edu.cn

表 1 3 种质地土壤的体积质量和机械组成  
Table 1 Bulk densities and particle size distributions of three tested soils

土壤质地	土壤机械组成(g/kg)			体积质量 (g/cm <sup>3</sup> )
	<0.002 mm	0.002 ~ 0.02 mm	0.02 ~ 2 mm	
砂质	45.9	95.0	859.1	1.36
壤质	145.2	208.4	646.5	1.28
黏质	390.2	542.3	67.5	1.13

表 2 3 种质地土壤的基本化学性质  
Table 2 Soil pH and nutrient contents of three tested soils

土壤质地	pH	有机质 (g/kg)	全氮 (g/kg)	全磷 (g/kg)	全钾 (g/kg)	硝态氮 (mg/kg)	铵态氮 (mg/kg)	速效磷 (mg/kg)
砂质	9.14	5.47	0.31	0.81	12.96	4.39	1.66	17.84
壤质	9.10	9.79	0.56	1.02	12.68	7.39	5.00	20.98
黏质	9.11	14.08	0.87	1.04	15.97	9.30	1.77	10.55

## 1.2 试验设计及样品采集

本试验于 2012 年 10 月小麦季开始,选取平台中的 9 个小区,即砂、壤、黏小区各 3 个,在每个小区小麦种植行间分别埋设装有小麦秸秆和玉米秸秆的尼龙网袋 2 个<sup>[12-14]</sup>,网袋用双层 200 目的尼龙网做成,大小为 14 cm × 12.5 cm。网袋内准确加入 80℃烘干的小麦或者玉米秸秆 15 g (<5 mm),封口机密封,于 2012 年 12 月 10 日埋入各小区 20 cm 土层深处。

本研究样品采集于 2013 年 6 月 1 日,在每个小区中分别取出装有两种秸秆的尼龙网袋,装入自封袋中,于保温箱中带回实验室。将尼龙袋中的秸秆取出称重后,一部分烘干并用粉碎机磨碎进行理化性质的测定;另一部分保存在 -20℃ 冰箱中进行 PLFA 分析。

## 1.3 样品分析方法

土壤基本性质的测定:土壤质地采用吸管法,按照国际制的标准进行分类;土壤体积质量采用环刀法;土壤 pH 采用 pH 计电位法(1:2.5 土水比);土壤有机质采用外加热-重铬酸钾氧化法;土壤全氮采用半微量开氏法;全磷采用高氯酸-硫酸消煮,钼锑抗比色法;全钾采用氢氟酸-高氯酸消煮,火焰光度计法;速效氮采用 2 mol/L KCl 提取,其中硝态氮采用酚二磺酸比色法,铵态氮采用靛酚蓝比色法;速效磷采用 0.5 mol/L pH 8.5 NaHCO<sub>3</sub> 提取,钼锑抗比色法;速效钾采用 1 mol/L 乙酸铵浸提-火焰光度计法,以上分析方法均参见文献[15]。

秸秆全碳、氮、磷和钾的测定:参见文献[15]。秸秆分解率用差重法测定<sup>[3]</sup>,计算公式为:秸秆分解率(%)=[(初始干物质量-分解后剩余干物质量)/初始干物质量]×100。

秸秆中微生物群落结构测定:磷脂脂肪酸(PLFA)

法。提取方法采用修正的 Bligh and Dyer 法<sup>[13-14]</sup>。结合已有的研究结果,本文以脂肪酸 12:0, i12:0, 14:0, i14:0, 15:0, i15:0, a15:0, i16:0, 16:1ω7c, 17:0, i17:0, a17:0, cy17:0, 18:1ω7c, cy19:0 表征细菌<sup>[18-20]</sup>; 18:2ω6,9c, 18:3ω6c (6,9,12) 表征真菌<sup>[21-22]</sup>; 10Me18:0, 10Me17:0, 10Me16:0 表征放线菌<sup>[23]</sup>; i13:0, i14:0, i15:0, a15:0, i16:0, i17:0, a17:0 为革兰氏阳性菌, 18:1ω9c, 16:1ω7c, 17:1ω8c, cy17:0, cy19:0ω8c, 18:1ω7c, 18:1ω5c 为革兰氏阴性菌<sup>[24-26]</sup>。

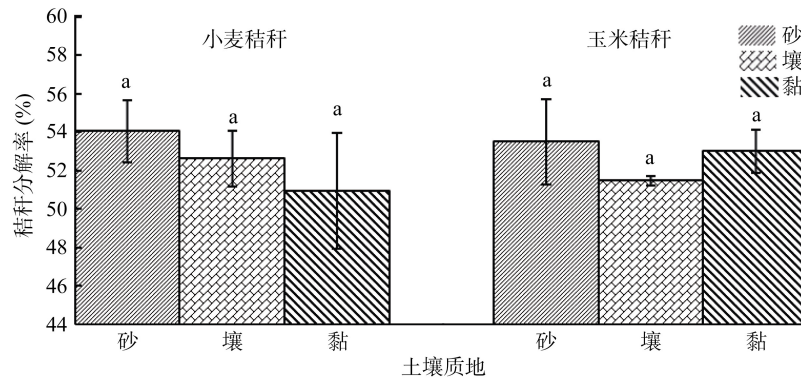
## 1.4 数据分析

数据分析采用单因素方差分析,多重比较采用 LSD 法进行显著性检验( $P < 0.05$ ),对 PLFA 进行主成分分析(PCA),整个数据处理过程采用 SPSS16.0 和 Excel 软件完成。

## 2 结果与讨论

### 2.1 秸秆的分解率和养分含量变化

2.1.1 秸秆分解率 经半年埋设后,小麦秸秆的分解率为 50.94% ~ 54.06%,随着土壤质地从砂到壤到黏,小麦秸秆分解率有降低趋势,但没有达到显著性差异;玉米秸秆的分解率为 51.46% ~ 53.50%,不同质地土壤处理间差异不显著(图 1)。Yadvinder 等<sup>[27]</sup>的研究结果显示,黏粒含量高的土壤中秸秆分解速率减慢,因为土壤黏粒可能通过与有机质的结合改变秸秆分解的物理和生物环境<sup>[28-29]</sup>。本研究中秸秆分解速率在不同质地土壤处理间无显著性差异可能与秸秆埋设时间和埋设环境不同有关。小麦秸秆的平均分解率与玉米秸秆的平均分解率无显著差异,表明在本研究中秸秆类型对秸秆分解速率影响较小,这与王晓玥等<sup>[30]</sup>的研究结果一致。



(图中不同小写字母表示处理间差异显著( $P < 0.05$ ), 误差线表示标准误)

图 1 小麦玉米秸秆半年分解率(%)

Fig. 1 Percentages of straw decomposition after half a year

**2.1.2 秸秆养分含量** 表 3 为小麦和玉米秸秆埋设前后的养分含量变化。可见,与原始秸秆相比,不同土壤质地处理小麦和玉米残留秸秆中碳含量无显著变化,表明秸秆分解过程中碳按比例减少。武际等<sup>[31]</sup>对小麦秸秆腐解的研究结果显示,分解 90 天以后秸秆的碳释放率与分解率相当,与本研究结果基本一致。王晓玥等<sup>[30]</sup>的研究表明土壤质地和秸秆类型对微生物的碳源代谢活性影响较小,这可能也是导

致本研究不同处理间碳含量变化不大的原因。

与原始秸秆相比,经过半年分解后,小麦和玉米秸秆的全氮含量在黏质潮土处理中显著增加,但并没有导致 C/N 比值的显著变化;全磷含量在 3 种质地土壤处理中均显著增加。随着土壤质地由砂质到黏质,残留秸秆中的氮和磷含量有增加趋势。但秸秆中钾含量在 3 质地土壤处理中均显著降低;小麦秸秆中钾的释放达 99% 以上,玉米秸秆中达 97% 以上。

表 3 秸秆养分含量变化

Table 3 Contents of nutrients in residual straws after half-year decomposition as compared with original straw

秸秆	处理	全碳(g/kg)	全氮(g/kg)	全磷(g/kg)	全钾(g/kg)	C/N
小麦	原始	413.20 ± 3.61 ab	10.77 ± 0.09 b	0.58 ± 0.03 c	29.49 ± 0.50 a	38.37 ± 0.58 a
	砂质	397.09 ± 14.16 b	10.74 ± 0.22 b	0.88 ± 0.07 b	0.36 ± 0.05 b	37.00 ± 1.70 a
	壤质	431.02 ± 7.20 a	13.11 ± 1.12 ab	1.12 ± 0.11 a	0.54 ± 0.22 b	34.04 ± 2.66 a
	黏质	414.59 ± 10.90 ab	13.92 ± 0.81 a	1.13 ± 0.04 a	0.67 ± 0.11 b	35.57 ± 6.50 a
玉米	原始	450.41 ± 1.58 a	10.64 ± 0.64 b	0.96 ± 0.07 b	11.93 ± 0.24 a	42.33 ± 2.93 a
	砂质	437.47 ± 13.81 a	14.76 ± 1.44 ab	1.49 ± 0.01 a	0.74 ± 0.18 b	30.46 ± 4.22 a
	壤质	443.48 ± 3.49 a	15.13 ± 0.27 ab	1.31 ± 0.27 ab	0.56 ± 0.03 b	37.29 ± 8.03 a
	黏质	451.36 ± 4.54 a	15.82 ± 0.11 a	1.77 ± 0.07 a	0.68 ± 0.03 b	28.54 ± 0.47 a

注:表中数字为平均值±标准误,同列不同小写字母表示同一秸秆不同质地土壤处理间差异显著( $P < 0.05$ ),下同。

经半年分解后,秸秆在黏质土壤中比在砂质土壤中氮、磷含量高,可能与以下几方面因素有关:秸秆有机氮和磷在黏质土壤中分解慢;养分的淋溶损失在黏质比砂质土壤中少。苏永中等<sup>[32]</sup>研究表明,土壤黏粒含量高使土壤具有较高的养分保持能力,同时较高的黏粒含量也使土壤径流量较小,从而减少土壤养分流失的风险<sup>[33]</sup>;氮素的硝化-反硝化损失在不同质地土壤中不同。有研究表明,土壤硝化量与物理性黏粒含量呈显著负相关关系<sup>[34]</sup>。另外,质地也通过影响土壤水分含量、透气性以及氧化还原电位等来影响硝化及反硝化活性<sup>[35]</sup>。上述因素可能共同作

用,也有可能某一途径起主导作用。

相比氮和磷,本研究秸秆钾的快速释放现象与李逢雨<sup>[36]</sup>、戴志刚等<sup>[37]</sup>和武际等<sup>[31]</sup>研究结果一致,表明对缺钾土壤,秸秆还田可能是快速补充土壤钾的重要而又经济手段。秸秆分解半年后,全钾释放率高,是因为植物体内的钾不是以化合物形态存在,而是以离子态存在于植物组织或细胞内,比其他元素更易释放。就单位质量而言,小麦秸秆释放钾的量高于玉米秸秆,是因为前者的含钾量高于后者(表 3)。Gupta 和 Ladha<sup>[38]</sup>的报道也表示秸秆养分释放量与秸秆最初养分含量有关。

## 2.2 秸秆中的微生物群落

**2.2.1 PLFA 含量** 磷脂脂肪酸(PLFA)是微生物细胞膜的主要成分,不同类群微生物的指示性 PLFA 不同,因此可以提取和分离特定 PLFA 来表征微生物群落结构的信息<sup>[39-41]</sup>。

表 4 结果显示,小麦秸秆和玉米秸秆在砂、壤、黏质土壤处理中的细菌、真菌、PLFA 总量随着土壤质地变黏重有增加的趋势,但差异不显著,表明秸秆在不同质地的土壤处理中,影响其分解的微生物量没有显著的差异,这可能是导致小麦和玉米秸秆分解率无显著差异的原因之一。革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌( $G^+/G^-$ )可以用来指示土壤营养状况,比值越低说明营养胁迫越小,真菌/细菌(F/B)的比值可以用来表征生态系统的稳定性,比值越高稳定性越高<sup>[42-43]</sup>。

本试验中, $G^+/G^-$ 和 F/B 在不同质地土壤处理间无显著差异,说明秸秆在不同质地土壤中分解,其周围的营养胁迫与生态系统的稳定性均无显著性差异。

微生物群落及其组成是调控系统养分转化的重要因子,因而是连接微生物和养分转化的纽带。研究发现环丙基脂肪酸/单烯基前体((cy17:0+cy19:0)/(16:1w7c+18:1w7c))表示革兰氏阴性菌的生长阶段,比值低代表生长速度快周转快,比值高表示大部分细胞处于稳定或低速生长阶段<sup>[44]</sup>。尽管该比值在不同质地潮土间无显著性差异,但相关性分析表明该比值与残留秸秆的全氮和磷含量呈正比( $P < 0.05$ ),与钾的释放量呈反比( $P < 0.01$ ),即与全钾含量也呈正比,也就是氮磷钾养分含量越高越有利于微生物处于稳定阶段。

表 4 土壤质地对网袋中秸秆 PLFA 含量的影响( $\mu\text{g/g}$ )  
Table 4 Concentrations of PLFAs in the litter bags as influenced by soil texture

秸秆	处理	细菌	革兰氏阳性菌	革兰氏阴性菌	真菌	放线菌
小麦	砂质	87.96 ± 8.61 a	16.92 ± 1.87 a	44.34 ± 4.48 a	28.30 ± 7.36 a	1.83 ± 0.31 c
	壤质	118.50 ± 32.45 a	22.90 ± 6.41 a	61.94 ± 19.67 a	23.10 ± 6.27 a	6.02 ± 1.16 a
	黏质	143.34 ± 43.47 a	28.19 ± 10.95 a	71.26 ± 26.65 a	43.07 ± 10.16 a	4.39 ± 1.25 ab
玉米	砂质	94.70 ± 9.57 a	21.14 ± 2.46 a	42.79 ± 3.27 a	26.96 ± 5.50 a	2.45 ± 0.46 a
	壤质	72.53 ± 11.10 a	10.21 ± 1.72 a	33.14 ± 6.01 a	26.85 ± 6.74 a	1.54 ± 0.34 a
	黏质	114.74 ± 21.20 a	24.59 ± 4.52 a	52.17 ± 14.57 a	32.78 ± 8.54 a	1.92 ± 0.61 a

秸秆	处理	总 PLFAs	革兰氏阳性菌/阴性菌	真菌/细菌	环丙基脂肪酸/单烯基前体
小麦	砂质	118.09 ± 14.02 a	0.382 ± 0.013 a	0.320 ± 0.071 a	0.353 ± 0.047 a
	壤质	145.62 ± 40.82 a	0.370 ± 0.033 a	0.196 ± 0.002 a	0.407 ± 0.002 a
	黏质	190.80 ± 54.25 a	0.396 ± 0.067 a	0.313 ± 0.021 a	0.314 ± 0.066 a
玉米	砂质	124.11 ± 14.24 a	0.494 ± 0.038 a	0.281 ± 0.039 a	0.639 ± 0.096 a
	壤质	100.92 ± 18.12 a	0.308 ± 0.053 a	0.359 ± 0.037 a	0.548 ± 0.013 a
	黏质	149.44 ± 30.32 a	0.471 ± 0.068 a	0.277 ± 0.024 a	0.519 ± 0.026 a

小麦秸秆细菌平均含量(116.60  $\mu\text{g/g}$ )高于玉米秸秆(93.99  $\mu\text{g/g}$ )(表 4),这可能与小麦秸秆初始 C/N 比值较低有关。有研究表明细菌含量与初始分解物质的 C/N 比值呈负相关<sup>[45]</sup>。高 C/N 比值的秸秆分解,可提供微生物生长的氮源较为贫乏<sup>[46]</sup>,从而限制细菌数量的增加。秸秆输入土壤后,微生物在分解秸秆的过程中需要同化土壤中的碳素同时吸收氮素用于合成新的细胞<sup>[47-49]</sup>,秸秆的 C/N 会显著影响土壤中微生物的数量<sup>[50]</sup>。当进入土壤的有机物,C/N 比值为 20~25:1 时,所有氮素均用于合成微生物细胞,而 C/N 比值较高时,微生物细胞的合成就会受到氮素的限制,微生物数量就会较少<sup>[51-52]</sup>。在本试验中,小麦秸秆和玉米秸秆 C/N 比值均远超过 20~25:1,因而氮素均为影响它们分解的限制因子;由于小麦秸秆初始 C/N 比值要低于玉米秸秆,所以细菌在分解小

麦秸秆的过程中受到的氮素限制小于玉米秸秆,细菌生长繁殖过程中可以利用的养分也相对较多,因此小麦秸秆中细菌含量高于玉米秸秆。

分解后的小麦秸秆放线菌数量在壤质和黏质潮土处理中显著高于砂质潮土处理,而玉米秸秆在不同质地潮土处理中无显著差异。有研究表明,放线菌含量与纤维素分解率呈显著正相关<sup>[53]</sup>,而在本试验中虽然放线菌含量有差异但是没有造成秸秆分解率的显著差异,可能是因为本实验中放线菌含量很低,不足以引起分解率的显著差异。

**2.2.2 主成分分析** 对微生物群落结构进行主成分分析(PCA)表明,2 种秸秆在 3 种质地潮土中分解,参与其中的微生物脂肪酸可以分成两个主要类型,主成分因子 1(PC1)和主成分因子 2(PC2)分别解释了 25.3% 和 14.5% 的变量方差,累积方差贡献率达 39.8%。

其中小麦和玉米秸秆沿 PC2 分开，而不同土壤质地处理间无明显区别。说明不同的秸秆类型对微生物群落结构产生了一定的影响。

不同处理土壤微生物群落 PLFA 载荷因子贡献分析表明，PC2 主要与革兰氏阳性菌 14:0、i14:0、3OH-16:0、i17:0，革兰氏阴性菌 cy17:0 以及放线菌 10Me18:0 有关，也就是说这些脂肪酸所表征的微生物在两种秸秆分解过程中有差异。

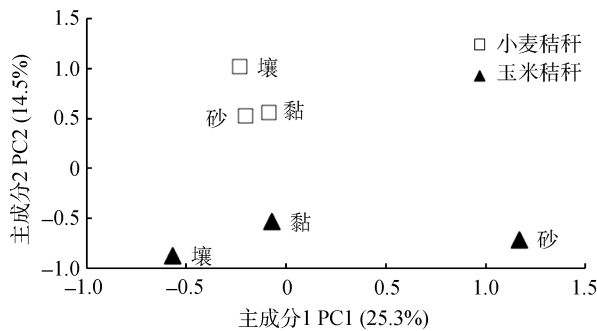


图 2 网袋中微生物群落 PLFA 的主成分分析  
Fig. 2 Principle components analysis of PLFA profiles of microbial communities in litter bags

### 3 结论

网袋中小麦和玉米秸秆在砂、壤、黏质潮土中经过半年分解后，其分解率在不同质地土壤处理间无显著性差异。与原始秸秆相比，残留秸秆的全碳含量无显著变化，全氮和磷含量有增加趋势，尤其在质地黏重土壤处理中表现得更为明显，但 97% 以上秸秆钾已经从秸秆释放。PLFA 分析表明秸秆分解过程中主要微生物群落不同质地土壤处理间均无显著性差异，但分解小麦和玉米秸秆的微生物组成有所区别。

#### 参考文献：

[1] 周佳民, 徐世宏, 江立庚. 免耕对水稻根系生长及根际环境的影响( )免耕对水稻根系保护酶活性的影响[J]. 中国农学通报, 2009, 25(14): 118-121

[2] Rui J, Peng J, Lu Y. Succession of bacterial populations during plant residue decomposition in rice field soil[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(14): 4 879-4 886

[3] 柳新伟, 刘君. 免耕对玉米秸秆分解率的影响[J]. 中国农学通报, 2013, 29(33): 188-192

[4] 史央, 蒋爱芹. 秸秆降解的微生物学机理研究及应用进展[J]. 微生物学杂志, 2002, 22(1): 47-50

[5] Matsuyama T, Nakajima Y, Matsuya K, Ikenaga M, Asakawa S, Kimura M. Bacterial community in plant residues in a Japanese paddy field estimated by RFLP and DGGE analyses[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(2): 463-472

[6] Wilkinson SC, Anderson JM, Scardelis SP, Tisiafouli M, Taylor A, Wolters V. Plfa profiles of microbial communities in decomposing conifer litters subject to moisture stress[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(2): 189-200

[7] Bastian F, Bouziri L, Nicolardot B, Ranjard L. Impact of wheat straw decomposition on successional patterns of soil microbial community structure[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(2): 262-275

[8] Hu S, Van Bruggen AHC. Microbial dynamics associated with multiphasic decomposition of <sup>14</sup>C-labeled cellulose in soil[J]. Microbial Ecology, 1997, 33(2): 134-143

[9] Tuomela M, Vikman M, Hatakka A, Itävaara M. Biodegradation of lignin in a compost environment: A review[J]. Bioresource Technology, 2000, 72(2): 169-183

[10] Fierer N, Jackson R. The diversity and biogeography of soil bacterial communities. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2006, 103(3): 626

[11] Wu Y, Ma B, Zhou L, Wang H, Xu J, Kemmitt S, Brookes P. Changes in the soil microbial community structure with latitude in eastern China, based on phospholipid fatty acid analysis[J]. Applied Soil Ecology, 2009, 43(2/3): 234-240

[12] Wang X, Sun B, Mao J, et al. Structural convergence of maize and wheat straw during two-year decomposition under different climate conditions[J]. Environmental Science & Technology, 2012, 46(13): 7 159-7 165

[13] Wickings K, Grandy AS, Reed SC, Cleveland CC. The origin of litter chemical complexity during decomposition[J]. Ecology Letters, 2012, 15(10): 1 180-1 188

[14] 黄涛, 仇少君, 杜娟, 史振侠, 巨晓棠. 碳氮管理措施对冬小麦/夏玉米轮作体系作物产量、秸秆腐解、土壤 CO<sub>2</sub> 排放的影响[J]. 中国农业科学, 2012, 46(4): 756-768

[15] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 1999: 30-113

[16] Bligh E, Dyer W. A rapid method of total lipid extraction and purification[J]. Can. J. Biochem. Physiol., 1959, 37(8): 911-917

[17] Bardgett RD, Hobbs PJ, Frostegård Å. Changes in soil fungal: bacterial biomass ratios following reductions in the intensity of management of an upland grassland[J]. Biology and Fertility of Soils, 1996, 22(3): 261-264

[18] Harwood J. Lipids in Plants and Microbes[M]. Springer Science & Business Media, 2012

[19] Frostegård Å, Bååth E, Tunlio A. Shifts in the structure of soil microbial communities in limed forests as revealed by phospholipid fatty acid analysis[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1993, 25(6): 723-730

[20] Priha O, Grayston SJ, Pennanen T, Smolander A. Microbial activities related to C and N cycling and microbial community structure in the rhizospheres of Pinus sylvestris, Picea abies and Betula pendula seedlings in an organic and mineral soil[J]. FEMS Microbiology Ecology, 1999, 30(2): 187-199

[21] Kroppenstedt R. Fatty acid and menaquinone analysis of actinomycetes and related organisms[J]. Chemical Methods

- in Bacterial Systematics. No. 20 SAB Technical Series, 1985: 173–199
- [22] Olsson PA. Signature fatty acids provide tools for determination of the distribution and interactions of mycorrhizal fungi in soil[J]. FEMS Microbiology Ecology, 1999, 29(4): 303–310
- [23] Frostegård Å, Bååth E. The use of phospholipid fatty acid analysis to estimate bacterial and fungal biomass in soil[J]. Biology and Fertility of Soils, 1996, 22(1/2): 59–65
- [24] Ratledge C, Wilkinson SG. Microbial Lipids[M]. London: Academic Press, 1988
- [25] Zelles L. Fatty acid patterns of phospholipids and lipopolysaccharides in the characterisation of microbial communities in soil: A review[J]. Biology and Fertility of Soils, 1999, 29(2): 111–129
- [26] Bossio DA, Fleck JA, Scow KM, Fujii R. Alteration of soil microbial communities and water quality in restored wetlands[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(6): 1 223–1 233
- [27] Yadvinder S, Gupta R, Jagmohan S, Gurpreet S, Gobinder S, Ladha J. Placement effects on rice residue decomposition and nutrient dynamics on two soil types during wheat cropping in rice–wheat system in northwestern india[J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2010, 88(3): 471–480
- [28] Hassink J, Bouwman LA, Zwart KB, Brussard L. Relationships between habitable pore space, soil biota and mineralizable rates in grassland soils[J]. Soil Biol. Biochem., 1993, 25: 47–55
- [29] Merckx R, Den Hartog A, Van Veen J. Turnover of root-derived material and related microbial biomass formation in soils of different texture[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1985, 17(4): 565–569
- [30] 王晓玥, 蒋瑞霖, 隋跃宇, 孙波. 田间条件下小麦和玉米秸秆腐解过程中微生物群落的变化——BIOLOG 分析[J]. 土壤学报, 2012, 49(5): 1003–1011
- [31] 武际, 郭熙盛, 鲁剑巍, 万水霞, 王允青, 许征宇, 张晓玲. 不同水稻栽培模式下小麦秸秆腐解特征及对土壤生物学特性和养分状况的影响[J]. 生态学报, 2013, 33(2): 565–575
- [32] 苏中勇, 杨晓, 杨荣. 黑河中游边缘荒漠–绿洲非饱和带土壤质地对土壤氮积累与地下水氮污染的影响[J]. 环境科学, 2014, 35(10): 3 683–3 691
- [33] 曹雪艳, 李永梅, 张怀志, 张维理, 王自林. 滇池流域原位模拟降雨条件下不同土壤质地磷素流失差异研究[J]. 水土保持学报, 2010 (3): 13–17
- [34] 张树兰, 杨学云, 吕殿青, 同延安. 几种土壤剖面的硝化作用及其动力学特征[J]. 土壤学报, 2000, 37(3): 372–379
- [35] 丁洪, 蔡贵信. 华北平原几种主要类型土壤的硝化及反硝化活性[J]. 农业环境保护, 2001, 20(6): 390–393
- [36] 李逢雨. 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
- [37] 戴志刚, 鲁剑巍, 李小坤, 鲁明星, 杨文兵, 高祥照. 不同作物还田秸秆的养分释放特征试验[J]. 农业工程学报, 2010, 26(6): 272–276
- [38] Gupta RK, Ladha JK. Placement effects on rice residue decomposition and nutrient dynamics on two soil types during wheat cropping in rice–wheat system in northwestern India[J]. Nutrient Cycling in Agroecosystems, 2010, 88(3): 471–480
- [39] Lechevalier MP. Lipids in bacterial taxonomy—a taxonomist’s view[J]. Critic Rew Microbial, 1977, 5: 109–210
- [40] Tunlid A, Baird B H, Trexler M B, Olsson S, Findlay RH, Odham G, White DC. Determination of phospholipid ester-linked fatty acids and poly  $\beta$ -hydroxybutyrate for the estimation of bacterial biomass and activity in the rhizosphere of the rape plant *Brassica napus* (L.)[J]. Canadian Journal of Microbiology, 1985, 31(12): 1 113–1 119
- [41] Zelles L, Bai Q Y, Beck T, Beese, F. Signature fatty acids in phospholipids and lipopolysaccharides as indicators of microbial biomass and community structure in agricultural soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1992, 24(4): 317–323
- [42] Thiet RK, Frey SD, Six J. Do growth yield efficiencies differ between soil microbial communities differing in fungal: bacterial ratios? Reality check and methodological issues[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(4): 837–844
- [43] De Vries FT, Hoffland E, van Eekeren N, Brussaard L, Bloem J. Fungal/bacterial ratios in grasslands with contrasting nitrogen management[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(8): 2 092–2 103
- [44] Bossio DA, Scow KM, Gunapala N, Graham KJ. Determinants of soil microbial communities: effects of agricultural management, season, and soil type on phospholipid fatty acid profiles[J]. Microbial Ecology, 1998, 36: 1–12
- [45] 陈法霖, 郑华, 欧阳志云, 张凯, 屠乃美. 土壤微生物群落结构对凋落物组成变化的响应[J]. 土壤学报, 2011, 48(3): 603–611
- [46] Swift MJ, Heal OW, Anderson JM. Decomposition in terrestrial ecosystems[M]. California: University of California Press, 1979
- [47] 许仁良, 王建峰, 张国良, 戴其根. 秸秆、有机肥及氮肥配合使用对水稻土微生物和有机质含量的影响[J]. 生态学报, 2010, 30(13): 3 584–3 590
- [48] 韩晓日, 郑国砥, 刘晓燕, 孙振涛, 杨劲峰, 战秀梅. 有机肥与化肥配合施用土壤微生物量氮动态、来源和供氮特征[J]. 中国农业科学, 2007, 40(4): 765–772
- [49] Sterner RW, Elser JJ. Ecological Stoichiometry: the Biology of Elements from Molecules to the Biosphere[M]. Princeton: Princeton University Press, 2002
- [50] Bending GD, Turner MK, Jones JE. Interactions between crop residue and soil organic matter quality and the functional diversity of soil microbial communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2002, 34(8): 1 073–1 082
- [51] 胡亚林, 汪思龙, 黄宇, 于小军. 凋落物化学组成对土壤微生物学性状及土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2005, 25(10): 2 662–2 668

[52] 陈文新. 土壤和环境微生物学[M]. 北京: 北京农业大学出版社, 1990

[53] 严海元, 辜夕容, 申鸿. 森林凋落物的微生物分解[J]. 生态学杂志, 2010, 29(9): 1 827-1 835

## Effects of Different Soil Textures on Decomposition of Straw and Its Microbial Mechanism

YANG Jun<sup>1,2</sup>, CHEN Xiao-min<sup>1\*</sup>, ZHAO Bing-zi<sup>2\*</sup>, ZHANG Jia-bao<sup>2</sup>

(1 *College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China;*  
2 *State Experimental Station of Agro-Ecosystem in Fengqiu, State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture (Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences), Nanjing 210008, China*)

**Abstract:** Plot experiment was conducted to study the effects of soil textures (sand, loam and clay) on the straw decomposition using litter bag method and the microbial components using phospholipid fatty acid (PLFA) method at Fengqiu Ecological Experimental Station of Chinese Academy of Sciences. The results showed that the decomposition rate of straw was not significantly affected by the soil texture. Total C content of the residual straw was similar to the original straw, indicating that total C content of straw scaled down during the decomposition. N and P contents the residual straw increased significantly, especially in the loam and clay soils. Total K content of wheat and maize straw was significantly lower than original straw in all soil textures, and the release rate was as high as 99% and 97% after six months, respectively. PLFA analysis showed no significant differences in bacteria PLFA, fungi PLFA and the total PLFA among the three soil textures, which may be attributed to the similar decomposition rate of straw in three soil textures. The principal component analysis (PCA) showed that microbes participating in wheat and maize straw decomposition were different in gram-positive bacteria (14:0, i14:0, 3OH-16:0, i17:0), gram-negative bacteria (cy17:0), and actinomycetes (10Me18:0).

**Key words:** Soil texture; Straw decomposition; Nutrient dynamics; Microorganism; PLFA