

稻草还田对晚稻土微生物及酶活性的影响

谭周进¹, 李 倩¹, 陈冬林¹, 周清明¹, 肖启明¹, 李建国^{2,*}

(1. 湖南农业大学, 长沙 410128; 2. 湖南省农业厅, 长沙 410005)

摘要:通过早稻秸秆翻耕还田对晚稻土微生物数量与活度、秸秆腐解酶活性和氨化、硝化作用强度的动态影响试验研究表明:稻草翻耕还田的条件下,在晚稻生长发育过程中,除土壤放线菌数量一直呈下降态势之外,土壤好气性细菌、厌气性细菌和真菌数量均呈现前期急剧增加、中期缓慢减少、后期迅速减少的变化特征,土壤微生物活度则呈现前期迅速增强、达到最大值,中期迅速下降,后期缓慢回升的变化趋势;土壤木聚糖酶活性与土壤微生物数量变化趋势基本相同,而土壤纤维素酶活性则呈前期增加、中期最高、后期迅速下降的特点;土壤氨化作用强度一直呈下降态势,而土壤硝化作用强度则呈前期增强、中期最高、后期下降的变化趋势。随着稻草还田量的增加,上述土壤微生物数量与活度、秸秆腐解酶活性和氨化和硝化作用强度的动态变化趋势更加明显。土壤微生物及酶活性分析评价发现,在晚稻栽培时,配合水稻专用复混肥一次性施用,以早稻秸秆 2500 ~ 5000kg/hm² 翻耕还田较为适宜。

关键词:秸秆还田;水稻土;微生物区系;微生物活度;土壤酶

文章编号:1000-0933(2006)10-3385-08 **中图分类号:**Q143, Q938, S154 **文献标识码:**A

On the effect of rice-straw returned to the field on microbes and enzyme activity in paddy soil

TAN Zhou-Jin¹, LI Qian¹, CHEN Dong-Lin¹, ZHOU Qing-Ming¹, XIAO Qi-Ming¹, LI Jian-Guo^{2,*} (1. Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China; 2. Agricultural Department of Hunan Province, Changsha 410005, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2006, 26(10): 3385 ~ 3392.

Abstract: Rice-straw is rich with nutrient elements for crop growth and it is an excellent natural resource for humans. Most of rice straw is incinerated in farms of China; a lot of CO₂ is generated and released to the environment which may cause "greenhouse effect". To avoid this kind of problem and utilize rice-straw as a nutrient resource, rice-straw returned to the field right after the harvest has been becoming a common way in rice production in southern area of China. Many related field studies showed that the soil quality could be improved by rice-straw returned to the field and the crop growth could be promoted which resulted in higher yield. To investigate the effect of returning quantity of rice-straw to the field on biological characteristics of soil and provide scientific rational to the farmers for applying suitable amount of rice-straw, a field experiment with the different returning amount of 0%, 33%, 67%, 100% of harvested rice-straw to the field was conducted and the effects on soil microbial flora and activity in paddy soil were determined. The populations of aerobic bacteria, anaerobic bacteria, actinomycetes and fungi, microbial activities in soil showed the highest at late-rice maximum tillering stage. Those populations and the microbial activities in soil applied with rice-straw were more than that in soil without the application of rice-straw. The order of aerobic bacteria amount in soil applied with different amount of rice-straw was 0% > 33% > 67% > 100% at late-rice maximum tillering stage. And the number of aerobic bacteria in soil without rice-straw application was the lowest. The order of anaerobic bacteria amount in soil was 33% >

基金项目:国家“十五”粮食丰产科技工程资助项目(2004BA520A01)

收稿日期:2006-03-09; **修订日期:**2006-08-15

作者简介:谭周进(1969~),男,湖南省涟源市人,博士,副教授,主要从事微生物生态学与资源微生物利用研究. E-mail: tanzhjin@yahoo.com.cn

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: chenxuanyiyi@sohu.com

Foundation item: This project was supported by National Food High Product Science and Technology Engineer (No. 2004BA520A01)

Received date: 2006-03-09; **Accepted date:** 2006-08-15

Biography: TAN Zhou-Jin, Ph.D., mainly engaged in microbial ecology and resource microbes development. E-mail: tanzhjin@yahoo.com.cn

67 % or 100 % > 0 % of rice straw. The situation of fungi in soil was same as aerobic bacteria. The number of actinomycetes in soil covered with rice straw was more than that without rice straw. Soil microbial activity was stimulated by returning of rice straw, the order of soil activity was 67 % > 100 % > 33 % > 0 of rice straw. The activities of ammonification and nitrification at late stage showed an ideal situation when 33 % of rice straw was returned. Cellulase activity in soil showed the highest at late rice maximum tillering stage, and xylanase activity in soil showed the highest at late rice maximum booting stage. It was also demonstrated that applying 2500~5000 kg/hm² rice straw to the field was suitable under most of the conditions.

Key words: rice straw returned to the field; paddy soil; microbial flora; microbial activity; soil enzymes

水稻秸秆含有丰富的氮、磷、钾、微量元素等成分。基于土壤健康,将早稻秸秆直接还田,配合有效的栽培与肥水运筹方法,既可以使秸秆腐解,为当季作物利用,促进晚稻生长,又可以对土壤产生多重功效,如改善土壤物理性状,降低土壤容重,增加孔隙度;增加土壤微生物数量,增强生物和多数酶的活性;增加土壤有机质积累和养分含量;改变土壤腐殖质组成及特性等。秸秆还田还具有蓄水保墒,调节地温和保持水土,抑制田间杂草等功能^[1,2]。稻草还田具有非常重要的意义。

微生物在土壤有机质矿化、腐殖质形成和分解、植物营养转化、土壤污染修复等过程中起着不可替代的作用^[3],在土壤肥力、植物营养和可持续性农业生产中具有重要作用。土壤微生物的数量与种类受耕作制度、作物种类、作物生育期及施肥技术等因素的影响^[4,5],因此,可以通过选择种植制度和施肥技术来调控土壤微生物,进而改善土壤肥力。有机质转化所需能量的 90 % 以上来自微生物的分解作用,土壤微生物活度总量是土壤-植物体系中有有机质转化的较好指标^[6]。FDA 水解法测定的土壤总微生物活度反映的是微生物在土壤物质循环中的生化过程^[7]。早在 1945 年 Dawson^[8] 就报道了秸秆还田浅耕处理与常规翻耕微生物数量的变化,Doran^[9,10] 发现秸秆还田可使细菌、放线菌、真菌数量增加 2~6 倍,硝化和反硝化细菌数量增加更多。本研究试图探明在翻耕的前提下,早稻秸秆还田对晚稻生长、土壤肥力和土壤微生物的影响,为制定高效节本与农业可持续发展中秸秆还田的合理方式提供理论依据,并阐明秸秆还田的土壤培肥机制和增产效果。

1 材料与方法

1.1 土壤样品

试验地设在湖南省益阳市资阳区迎风桥镇,土壤为耕型第四纪红土,在早稻收割后(2004 年 7 月 14 日)采取试验田基础土样,进行土壤微生物学分析。早稻产量为 7512 kg/hm²,谷草比按 1:1 计算,早稻秸秆风干重产量约为 7500 kg/hm²。在收割早稻后将稻草总量的 0 % (0 kg/hm²)、33 % (约 2500 kg/hm²)、67 % (约 5000 kg/hm²)、100 % (约 7500 kg/hm²) 直接还田,分设 4 个小区,每个小区面积 67 m²,各设 3 次重复。然后按每公顷一次性施用 N 187.5 kg、P₂O₅ 93.75 kg、K₂O 150.0 kg 的水稻专用复混肥,进行翻耕整田,栽培晚稻。分别于晚稻分蘖盛期(2004 年 8 月 25 日)、晚稻齐穗期(2004 年 9 月 17 日)和晚稻收割期(2004 年 10 月 23 日)采用 5 点取样法,用铁钻取耕作层 5~15 cm 土层的土样。

1.2 土壤微生物数量分析

培养基为牛肉膏蛋白胨琼脂用于培养土壤好气性细菌和厌氧性细菌;高泽氏 1 号琼脂用于培养土壤放线菌;马丁-孟加拉红链霉素琼脂用于培养土壤真菌。好气性细菌在 30 ℃ 下培养 30 h,厌氧性细菌在 30 ℃ 下培养 48 h,放线菌和真菌在 28~30 ℃ 下培养 5 d。土壤好气性细菌、放线菌和真菌的计数采用稀释平板计数法,厌氧性细菌的计数采用液体石蜡油法^[11]。各测 3 次重复。微生物数量以每克干土的菌落形成单位表示。

1.3 土壤微生物活度测定

采用改进的 FDA 法^[7]测定,在无菌磷酸缓冲液中(pH 7.6)加 FDA 储液至终浓度 10 μg/ml,加入土壤,24 振荡培养 90 min,加等体积丙酮终止反应,6000 r/min 离心 5 min,然后用滤纸过滤,490 nm 波长处进行比色。各测 3 次重复,以隔日 2 次高压湿热灭菌土壤为对照,单位为 OD。

1.4 土壤酶活性的测定

土壤木聚糖酶和纤维素酶活性测定用比色法^[12]。土壤木聚糖酶活性测定以 5g 土壤在 37℃ 恒温下培养 5d 内水解生成 1μg 还原糖定义为 1 个 U;纤维素酶活性测定以 10g 土壤在 33.5℃ 恒温培养 72h 下水解生成 1μg 葡萄糖定义为 1 个 U。各测 3 次重复。

1.5 土壤微生物作用强度的测定

氨化作用强度与硝化作用强度的测定按参考文献^[11]进行。以 1g 土壤在 28℃ 恒温培养 7d 生成的氨态氮数表示土壤氨化作用强度。以 1g 土壤在 28℃ 恒温培养 15d 转化 NO₂⁻ 的百分率表示土壤硝化作用强度。各测 3 次重复。

2 结果与分析

2.1 稻草还田对晚稻土微生物数量的影响

2.1.1 对晚稻土好气性细菌数量的动态影响 从图 1 表明,在早稻收割期土壤好气性细菌数量均为 1.05×10^6 CFU/g 土。到晚稻分蘖盛期,0、33%、66%和 100%稻草还田处理的土壤好气性细菌急剧增多,依次比早稻收割期分别增加了 82.2%、48.6%、9.5%和 43.8%,无稻草还田的处理在晚稻分蘖盛期的好气性细菌数量反而多,这是由于还田稻草的分解降低了土壤的氧化还原电位,不利于好气性细菌的生长;从晚稻分蘖盛期到晚稻齐穗期,各处理土壤好气性细菌数量呈缓慢下降态势,晚稻齐穗期与晚稻分蘖盛期比较,各处理土壤好气性细菌数量分别减少了 42.7%、23.1%、12.2%和 20.5%;从晚稻齐穗期到晚稻收割期,各处理土壤好气性细菌数量呈急剧下降趋势,晚稻收割期与晚稻齐穗期比较,各处理土壤好气性细菌分别减少了 86.4%、63.3%、61.4%和 50.8%。从上可知,晚稻土壤好气性细菌数量呈“前期急剧增加、中期缓慢减少、后期急剧下降”的变化趋势,其变化幅度尤以 0%稻草还田处理表现最为明显,33%稻草还田处理次之,66%和 100%稻草还田处理表现相对较为平稳,表明在相同的施肥水平与翻耕栽培条件下,随着稻草还田量的增加,对土壤好气性细菌数量增长的刺激作用逐渐延长。

2.1.2 对晚稻土厌气性细菌数量的动态影响 由图 2 表明,在早稻收割期土壤厌气性细菌数量均为 2.98×10^5 CFU/g 土。到晚稻分蘖盛期,0 和 33%稻草还田 2 个处理土壤厌气性细菌数量急剧增加,比早稻收割期分别增加了 2.87 倍和 3.34 倍,而 66%和 100%稻草还田 2 个处理土壤厌气性细菌数量只略有增加,比早稻收割期分别仅增加了 15.1%和 9.1%。此后 0、33%、66%和 100%稻草还田处理的土壤厌气性细菌数量开始缓慢下降,晚稻齐穗期与晚稻分蘖盛期比较,依次分别下降了 21.4%、31.2%、57.4%和 21.8%;晚稻收割期各处理土壤厌气性细菌数量急剧下降,依次仅为 0.24×10^5 、 1.34×10^5 、 0.32×10^5 、 0.54×10^5 CFU/g 土,比晚稻齐穗期分别下降了 97.4%、84.9%、78.1%和 78.7%。上述变化趋势说明不同稻草还田量对晚稻分蘖盛期土壤厌气性细菌数量影响最为显著,并且水稻根茬和少量新鲜秸秆的翻耕还田能够在初始时刺激土壤厌气性细菌的生长,而较多秸秆的翻耕还田,随着秸秆腐解时产生的还原性有毒物质增加,抑制了厌气性细菌的生长。

2.1.3 对晚稻土真菌数量的动态影响 由图 3 表明,在早稻收割期土壤真菌数量均为 0.59×10^4 CFU/g 土。随着根茬、秸秆翻耕还田和肥料的施用,在高温湿润灌溉条件下,刺激了土壤真菌的快速繁殖,晚稻分蘖盛期 0、33%、66%和 100%稻草还田 4 个处理的土壤真菌数量比早稻收割期分别增加了 16.3%、12.8%、13.5%和 13.7%

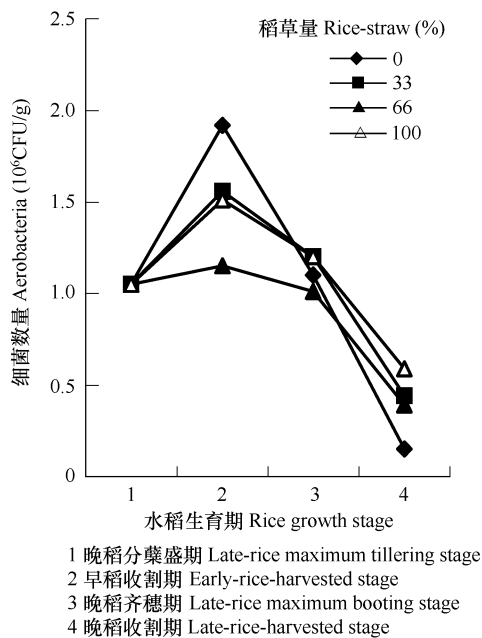


图 1 稻草还田对晚稻土好气性细菌数量的动态影响

Fig. 1 The effect of rice-straw returned to soil on trend of aerobic bacteria in late paddy soil

倍。从晚稻分蘖盛期至晚稻齐穗期,各处理土壤真菌数量缓慢下降,晚稻齐穗期与晚稻分蘖盛期比较,依次下降了 27.1 %、20.6 %、26.3 %和 25.0 %,但仍维持较高水平。从晚稻齐穗期开始,土壤真菌数量呈快速下降趋势,到晚稻收割期各处理的土壤真菌数量分别为 0.77×10^5 、 1.32×10^5 、 0.76×10^5 、 1.27×10^5 CFU/g 土,比晚稻齐穗期分别下降了 89.7 %、79.5 %、88.0 %和 80.5 %。各处理土壤真菌数量的动态变化与土壤好气性细菌数量的动态变化基本相同,只是数量增减幅度更大,各处理之间的差异不明显。这与检测的真菌多为好气性微生物有关。

2.1.4 对晚稻土放线菌数量的动态影响 由图 4 可知,在早稻收割期土壤放线菌数量均为 1.34×10^5 CFU/g 土。33 %、66 %和 100 %稻草还田 3 个处理在晚稻分蘖盛期的土壤放线菌数量略高于早稻收割期,从晚稻分蘖盛期开始则呈直线下降,到晚稻收割期分别降至 0.77×10^5 、 0.12×10^5 、 0.64×10^5 CFU/g 土,比晚稻分蘖盛期分别减少了 42.5 %、10.7 %和 53.3 %。0 稻草还田处理

从早稻收割期开始土壤放线菌呈急剧下降趋势,到晚稻收割期下降为 0.5×10^5 CFU/g 土,比早稻收割期减少了 60.0 %。虽然各处理晚稻土壤放线菌数量一直呈下降趋势,但是在晚稻收割期,稻草还田处理的土壤放线菌数量仍明显高于无稻草还田的处理。

2.1.5 对晚稻土微生物活度的动态影响 由图 5 可知,早稻收割期土壤微生物活度为 0.102OD。0 %、33 %、66 %和 100 %稻草还田 4 个处理的土壤微生物活度在晚稻分蘖盛期依次为 0.315、0.328、0.431OD 和 0.340OD,分别比早稻收割期提高了 2.09、2.21、3.23 倍和 2.33 倍,且稻草还田的土壤微生物活度要高于无稻草还田的

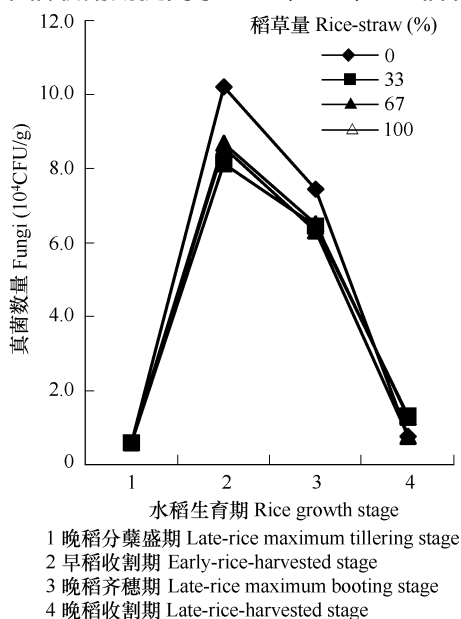


图3 稻草还田对晚稻土真菌数量的动态影响

Fig. 3 The effect of rice-straw returned to soil on trend of fungi in late paddy soil

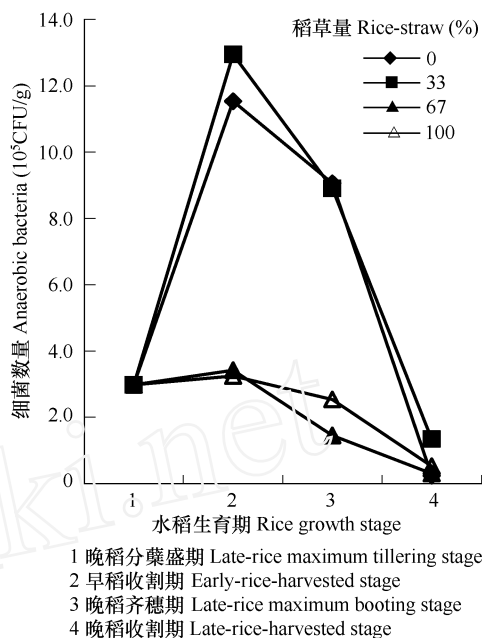


图2 稻草还田对晚稻土厌氧性细菌数量的动态影响

Fig. 2 The effect of rice-straw returned to soil on trend of anaerobic bacteria in late paddy soil

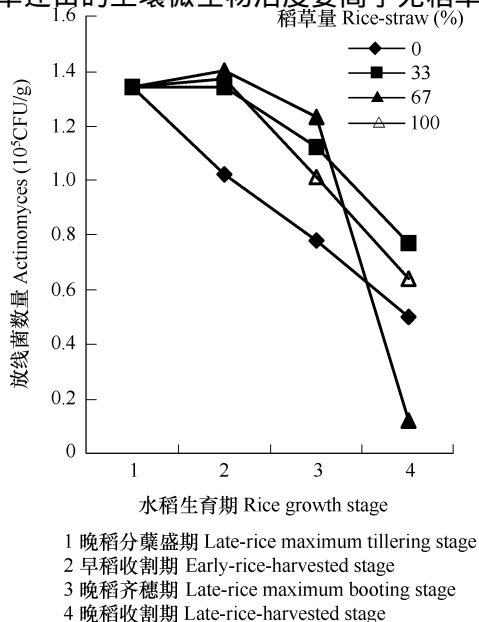


图4 稻草还田对晚稻土放线菌数量的动态影响

Fig. 4 The effect of rice-straw returned to soil on trend of actinomycetes in late paddy soil

土壤;从晚稻分蘖盛期开始,各处理土壤微生物活度开始下降,到晚稻齐穗期依次降至 0.146、0.117、0.149OD 和 0.145OD,分别比晚稻分蘖盛期下降了 53.6%、64.3%、65.4%和 57.4%,且稻草还田处理的土壤微生物活度下降幅度略大于无稻草还田土壤;从晚稻齐穗期开始,各处理土壤微生物活度均有不同程度的提高,到晚稻收割期依次达到 0.173、0.186、0.273OD 和 0.268OD,分别比晚稻齐穗期提高了 18.9%、58.9%、83.2%和 84.8%,且稻草还田处理的土壤微生物活度明显高于无稻草还田土壤,并随着稻草还田量的加大,土壤微生物活度回升幅度逐步加大。

2.2 稻草还田对晚稻土秸秆腐解酶活性的影响

2.2.1 对晚稻土木聚糖酶活性的动态影响

由图 6 表明,在早稻收割期土壤木聚糖酶活性均为 23.18U。从早稻收割期开始到晚稻分蘖盛期,0、33%、66%和 100%稻草还田 4 个处理的土壤木聚糖酶活性急剧上升,依次达到 87.21、83.17、99.0U 和 77.9U,分别比早稻收割期提高了 2.76、2.59、3.27 倍和 2.36 倍;从晚稻分蘖盛期开始,0、33%、66%和 100%稻草还田 4 个处理的土壤木

聚糖酶活性呈下降趋势,到晚稻收割期分别下降为 50.54、47.90、42.72U 和 50.54U,比晚稻分蘖盛期下降了 42.0%、42.4%、56.8%和 35.1%,但仍明显高于早稻收割期。

2.2.2 对晚稻土纤维素酶活性的动态影响

由图 7 表明,在早稻收割期土壤纤维素酶活性均为 148.02U。从早稻收割期开始,0、33%、66%和 100%稻草还田 4 个处理的土壤纤维素酶活性不断增强,在晚稻齐穗期达到最高值,分别为 305.72、481.27、318.09U 和 344.57U,依次比早稻收割期提高了 1.26、2.25、1.15 倍和 1.32 倍;从晚稻齐穗期开始土壤纤维素酶活性迅速下降,到晚稻收割期下降为 37.52、177.36、44.01U 和 84.17U,分别比晚稻齐穗期下降了 87.7%、63.1%、86.2%和 75.6%,除 33%稻草还田略高于早稻收割期水平外,其余各处理均低于早稻收割期的水平。

2.3 稻草还田对晚稻土微生物作用强度的影响

2.3.1 对晚稻土氮化作用强度的动态影响

由图 8 表明,在早稻收割期土壤氮化作用强度为 $7.50\mu\text{g}/(7\text{d}\cdot\text{g}\text{土})$ 。0、33%、66%和 100%稻草还田 4 个处理在晚稻分蘖盛期土壤氮化作用强度均比早稻收割期分别下降 10.8%、14.9%、9.3%和 20.1%;在晚稻齐穗期除 100%稻草还田处理土壤氮化作用强度比晚稻分蘖盛期略提高 3.3%以外,其它处理又依次下降了 18.7%、6.4%和 17.6%;在晚稻收割期,0%和 33%稻草还田处理土壤氮化作用强度为 $5.80\mu\text{g}/(7\text{d}\cdot\text{g}\text{土})$ 和 $6.07\mu\text{g}/(7\text{d}\cdot\text{g}\text{土})$,分别比晚稻齐穗期略提高 6.6%和 1.7%,但 66%和 100%稻草还田处理土壤氮化作用强度均为 $5.23\mu\text{g}/(7\text{d}\cdot\text{g}\text{土})$,分别比晚稻齐穗期下降 6.6%和 15.5%。说明在早稻收割期水稻根系脱落物的分解,增加了土壤含氮有机物,促进了土壤氮化作用强度的提高,而在稻草还田后,大量 C/N 比高秸秆的投入对土壤氮化作用提高起到抑制作用。从晚稻各生育期土壤氮化作用强度来看,33%稻草还田处理在晚稻齐穗 收割期略高于其它处理,表明适量稻草还田能提高晚稻后期土壤氨态 N 的供应能力。

2.3.2 对晚稻土硝化作用强度的动态影响

由图 9 可知,早稻收割期土壤硝化作用强度较低,仅为 0.72%。在晚稻分蘖盛期,0%、66%和 100%稻草还田 3 个处理的土壤硝化作用强度急剧增强,分别比早稻收割期提高了 5.36、5.17 倍和 6.15 倍。在晚稻齐穗期,各处理土壤硝化作用强度达到最大值,依次为 6.38%、8.57%和

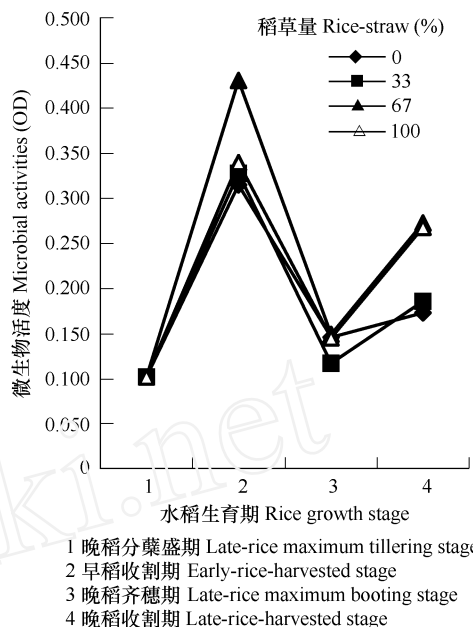


图 5 稻草还田对晚稻土微生物活度的动态影响

Fig. 5 The effect of rice-straw returned to soil on trend of microbial activity in late paddy soil

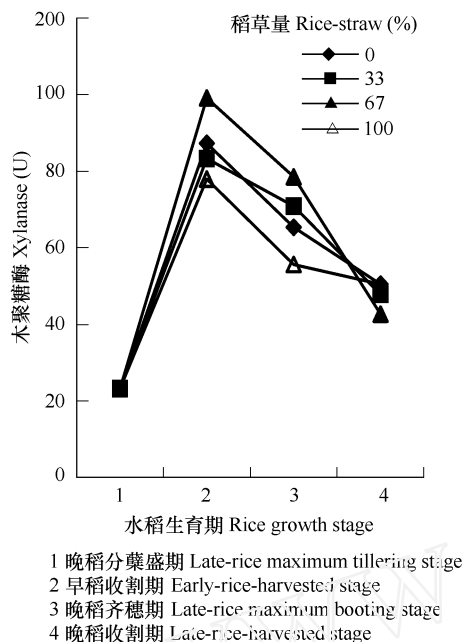


图6 稻草还田对晚稻土木聚糖活性的动态影响

Fig. 6 The effect of rice-straw returned to soil on trend of xylanase in late paddy soil

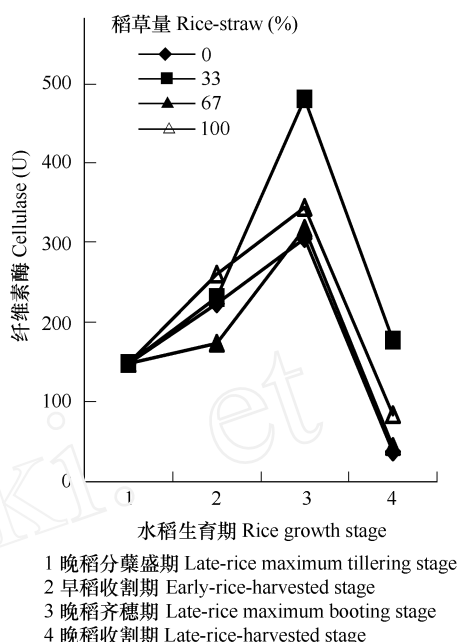


图7 稻草还田对晚稻土纤维素酶活性的动态影响

Fig. 7 The effect of returning ice-straw to soil on trend of cellulase in late paddy soil

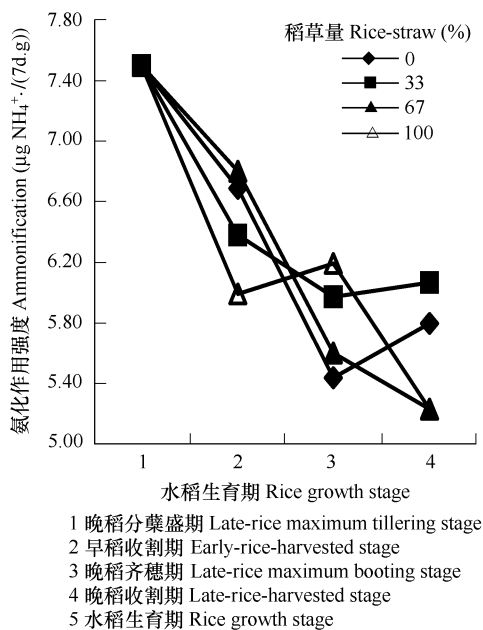


图8 稻草还田对晚稻土氨化作用强度的动态影响

Fig. 8 The effect of rice-straw returned to soil on trend of ammonification in late paddy soil

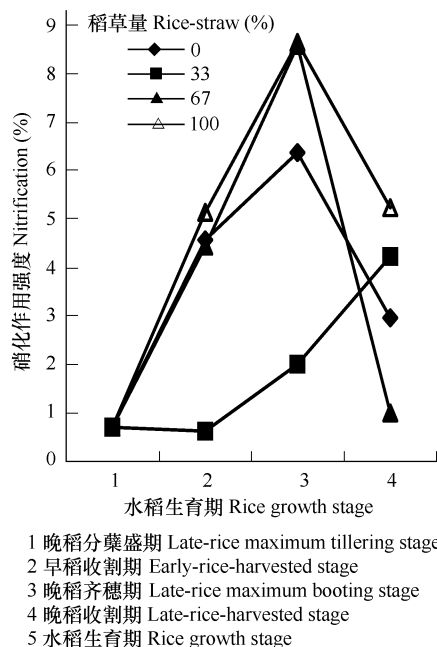


图9 稻草还田对晚稻土硝化作用强度的动态影响

Fig. 9 The effect of rice-straw returned to soil on trend of nitrification in late paddy soil

8.65%, 又分别比晚稻分蘖盛期提高了 1.80%、4.15% 和 3.50%; 从晚稻齐穗期开始, 土壤硝化作用强度开始下降, 到晚稻收割期依次降为 2.97%、1.04% 和 5.25%, 分别比晚稻齐穗期下降了 3.41%、7.58% 和 3.40%, 在较高硝化作用强度上, 呈现“前期增、中期高、后期低”的态势。33% 稻草还田处理在晚稻分蘖盛期的土壤硝化作用强度为 0.64%, 略低于早稻收割期, 此后土壤硝化作用强度开始缓慢增强, 在晚稻齐穗期和收割期依次

达到 2.01 %和 4.24 % ,分别比前一时期提高了 1.37 %和 2.23 % ,在较低硝化作用强度水平上呈现“前期低、中期增、后期高”的趋势。这是由于 33 %稻草还田便于土壤中微生物的生长,微生物对土壤氮素的利用增强,减少了硝化作用的底物,不利于硝化作用的进行。

3 结论与讨论

3.1 关于稻草还田对晚稻土微生物数量及其活度的影响

土壤微生物数量及其活度,在只有早稻根茬还田条件下,呈现晚稻前期大量增加和提高,中期明显减少和下降,后期急剧减少和下降的趋势;在早稻根茬和秸秆翻耕还田的条件下,呈现晚稻前期急剧增加和提高,中期缓慢减少和下降,后期微生物数量继续减少,但维持较高水平,微生物活度缓慢回升的趋势。随着稻草还田量的增加,这种趋势更加明显。说明稻草还田能显著刺激晚稻生长前期土壤微生物大量繁殖和活度的提高,并且随着稻草还田量增加,这种刺激作用也随之延长,从而增强晚稻土壤物质循环的生化过程的强度,有利于土壤肥力的提高。由于稻草的 C/N 比较高,如果化肥施用不当,容易造成微生物与水稻争氮的现象,造成晚稻缺氮,因此要注意氮肥与稻草适当搭配施用。在秸秆还田量过高的条件下,晚稻稻草翻压在较深的土壤层中,秸秆的腐解容易引起土壤氧化还原电位的降低,造成土壤还原性气体的生产量增大和有害离子的积累,对作物造成毒害,对环境造成污染。从本试验结果来看,以 33 %和 66 %稻草还田较为适宜。

3.2 关于稻草还田对晚稻土秸秆腐解酶活性的影响

稻草的腐解是土壤蛋白酶、淀粉酶、脂肪酶和木聚糖酶、纤维素酶等秸秆腐解酶共同作用的结果。早稻收割后,早稻根茬与稻草还田,配合肥料的施用,在刺激土壤微生物大量繁殖和活度提高的同时,土壤秸秆和腐解酶的活性也随之增强。土壤木聚糖酶活性呈现晚稻“前期剧增、中后期缓降”的变化态势,这与土壤微生物数量和活度变化规律相吻合。土壤纤维素酶活性呈现晚稻“前期缓增、中期剧升、后期骤降”的变化态势,这一方面与土壤微生物数量和活度变化有关,另一方面与秸秆纤维素比半纤维素分解难度更大有关。0 %、33 %、66 %和 100 %稻草还田 4 个处理之间,土壤木聚糖酶、纤维素酶的活性的强弱及其动态变化没有发现明显的差异,说明秸秆还田量的增加并不能显著提高土壤木聚糖酶和纤维素酶的活性。由以上结果可以推论,在早稻根茬和稻草翻耕还田的条件下,其腐解过程基本上是:在早稻田翻耕到晚稻移栽期间,土壤蛋白酶、淀粉酶和脂肪酶活性提高,对秸秆中易腐解的蛋白质、淀粉、脂肪先进行分解;在晚稻移栽到分蘖期,土壤木聚糖酶活性急剧增强,主要对秸秆中的半纤维素进行腐解。在晚稻分蘖期到齐穗期,随着半纤维素腐解的加速,土壤纤维素酶活性不断增强,主要对秸秆中的纤维素进行腐解。由于土壤蛋白酶、淀粉酶、脂肪酶,木聚糖酶和纤维素酶的依次增强和综合作用,促进了稻草的腐解及其养分的释放。

3.3 关于稻草还田对晚稻土氮化和硝化作用强度的影响

土壤氮化和硝化作用强度及其变化状态是反映稻田生态系统中 N 素循环的两个重要指标。土壤氮化作用强度,无论有无稻草还田均表现早稻收割期最高,在晚稻各个生育阶段总体上呈下降趋势,表明在早稻收割期,水稻根系脱落物分解,增加了土壤含 N 有机物,促进了氮化细菌的繁殖和活度的提高,从而使早稻收割期土壤氮化作用强度达到很高水平;而在稻草还田后,大量 C/N 比高的稻草秸秆的投入并不能促进土壤氮化细菌的繁殖和活性提高,致使土壤氮化作用强度下降至较低水平。从晚稻不同生育期土壤硝化作用强度及其变化趋势来看,0 %、66 %和 100 %稻草还田 3 个处理在较高强度水平上,呈现“前期增、中期高、后期降”的态势,33 %稻草还田处理在较低作用强度水平上呈现“前期低、中期增、后期高”的态势。早稻收割后,根茬、稻草和肥料的大量投入,第一增加了土壤硝化作用的腐解,第二促进了土壤硝化细菌的繁殖,第三由于晚稻中期晒田,提高了土壤本身的氧化还原电位,从而较大幅度提高了土壤硝化作用的强度。如何在适量稻草还田的情况下,采取有效技术措施,提高水稻土氮化作用强度,降低水稻土硝化作用强度,减少 N 素损失,是当前急待研究的课题。

References:

- [1] Gao Y C, Zhu W S, Chen W X. Effect of rice-straw returned to soil and no tillage on bacteria population in soil. *Ecological Science*, 2000, 19(3): 27 ~ 32.

- [2] Jiang Y H, Ning Z R, Ma Y L. Effect of rice-straw returned to soil on rice eco-system and crop growth. *Soil Science*, 2001, (5) :54 ~ 58.
- [3] Peng X, Zhang F S, Wang J G. The effect of different nitrogen level on rhizosphere microbial biomass nitrogen and microbial activities. *Plant Nutrition and Fertilizing Science*, 2000, 10(4) :476 ~ 480.
- [4] Luo A C, Subedi T B, Zhang Y S, *et al.* The effect of organic manure on enzyme and microbes in rice rhizosphere soil. *Plant Nutrition and Fertilizing Science*, 1995, 5(4) :321 ~ 327.
- [5] Xu Y C, Shen Q R, Ran W. Effects of Zero-tillage and application of manure on soil microbial biomass C, N and P after sixteen years of cropping. *Acta Pedologica Sinica*, 2002, 39(1) :89 ~ 95.
- [6] Heal O W, Maden S F. Comparative productivity in ecosystem secondary productivity. van Dobben W H, Melonell P H L. *Unifying Concepts in Ecology*. Hague :The Hague Holland Press House, 1975. 89 ~ 108.
- [7] Schnurer J, Rosswall T. Fluorescein diacetate hydrolysis as a measure of total microbial activity in soil and litter. *Applied and Environment Microbiology*, 1982, 43:1256 ~ 1261.
- [8] Dawson R C. Effect of crop residues on soil micropopulations, aggregation, and fertility under Maryland conditions. *Soil Sci Soc Proc*, 1945, 180 ~ 184.
- [9] Doran J W. Soil microbial and biochemical changes associated with reduced tillage. *Soil Sci Soc Am J*, 1980, 44 :765 ~ 771.
- [10] Doran J W. Microbial changes associated with reduced management with reduced tillage. *Soil Sci Soc Am J*, 1980, 44:518 ~ 524.
- [11] Zhao B, He S J. *Microbiology Experiment*. Beijing: Science Press, 2002.
- [12] LI F D, Yu Z N, He S J. *Agricultural Microbiology Experimental Technology*. Beijing: China Agriculture Press, 1996. 36: 305 ~ 308.

参考文献:

- [1] 高云超, 朱文珊, 陈文新. 秸秆覆盖免耕对土壤细菌群落区系的影响. *生态科学*, 2000, 19(3) :27 ~ 32.
- [2] 江永红, 宇振荣, 马永良. 秸秆还田对农田生态系统及作物生长的影响. *土壤通报*, 2001, (5) :54 ~ 58.
- [3] 庞新, 张福锁, 王敬国. 不同供氮水平对根际微生物量氮及微生物活度的影响. *植物营养与肥料学报*, 2000, 10(4) :476 ~ 480.
- [4] 罗安程, Subedi T B, 章永松, 等. 有机肥对水稻根际土壤中微生物和酶活性的影响. *植物营养与肥料学报*, 1995, 5(4) :321 ~ 327.
- [5] 徐阳春, 沈其荣, 冉伟. 长期免耕与施用有机肥对土壤微生物碳、氮、磷含量的影响. *土壤学报*, 2002, 39(1) :89 ~ 95.
- [11] 赵斌, 何绍江. *微生物学实验*. 北京: 科学出版社, 2002.
- [12] 李阜棣, 喻子牛, 何绍江. *农业微生物实验技术*. 北京: 中国农业出版社, 1996. 36: 305 ~ 308.