

秸秆还田与石灰配施对稻田温室气体排放的协同调控机制

孙梦雨, 赵强, 吴京, 张军, 车钊, 吴巩, 宋贺, 李笑笑

引用本文:

孙梦雨, 赵强, 吴京, 等. 秸秆还田与石灰配施对稻田温室气体排放的协同调控机制[J]. 农业环境科学学报, 2026, 415(1): 226-239.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2025-0152>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

巢湖圩区再生稻田甲烷及氧化亚氮的排放规律研究

王天宇, 樊迪, 宋开付, 张广斌, 徐华, 马静

农业环境科学学报. 2021, 40(8): 1829-1838 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0181>

秸秆还田配施石灰对水稻镉吸收累积的影响

杨定清, 李霞, 周娅, 罗丽卉, 谢永红, 王棚, 李旭毅

农业环境科学学报. 2021, 40(6): 1150-1158 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1137>

生物基包膜抑制型尿素对土壤温室气体排放及小青菜产量的影响

刘楚桐, 陈松岭, 邹洪涛, 叶旭红, 陈春羽, 雷洋, 张玉龙

农业环境科学学报. 2021, 40(3): 677-684 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0658>

有机无机肥配施对苹果园温室气体排放的影响

马艳婷, 赵志远, 冯天宇, SOMPOUVISETThongsouk, 孔旭, 翟丙年, 赵政阳

农业环境科学学报. 2021, 40(9): 2039-2048 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1477>

稻田土壤 CH_4 排放及其关联微生物功能基因丰度对磺胺二甲嘧啶和铜污染的响应

程粟裕, 朱长俊, 李昕钰, 董宁, 周金蓉, 蒋静艳

农业环境科学学报. 2021, 40(10): 2246-2256 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0212>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

孙梦雨, 赵强, 吴京, 等. 秸秆还田与石灰配施对稻田温室气体排放的协同调控机制[J]. 农业环境科学学报, 2026, 45(1): 226–239.

SUN M Y, ZHAO Q, WU J, et al. Synergistic regulation mechanism of straw returning with lime to the field on greenhouse gas emissions in paddy field[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2026, 45(1): 226–239.



开放科学 OSID

秸秆还田与石灰配施对稻田温室气体排放的协同调控机制

孙梦雨, 赵强, 吴京, 张军, 车钊, 吴巩, 宋贺, 李笑笑*

(安徽农业大学农学院, 合肥 230036)

摘要:为探究酸性水稻土上秸秆还田配施不同用量石灰对温室气体排放的影响机制,本研究采用双因素设计,主区为秸秆用量处理,分别为秸秆不还田(S0)和秸秆还田(S1, 5 500 kg·hm⁻²)处理,副区为石灰用量处理,分别为不施用石灰(L0)、低石灰用量(L1, 3 500 kg·hm⁻²)以及高石灰用量(L2, 7 000 kg·hm⁻²)处理,测定不同处理下温室气体甲烷(CH₄)和氧化亚氮(N₂O)排放及相关微生物丰度与结构、土壤硝化潜势与反硝化能力。结果表明:秸秆还田后CH₄累积排放量增加115.5%~144.3%,其作用机制与可溶性有机碳(DOC)的积累密切相关。DOC的积累通过增加产甲烷菌 *Methanocella* 属的丰度,抑制了甲烷氧化菌 *pmoA* 功能基因的表达,并显著降低了甲烷氧化菌关键属 (*Methyloparacoccus* 和 *Methylomicrobium*) 的相对丰度,最终加剧了CH₄的排放。而石灰施用通过提高土壤pH和硝态氮(NO₃-N)含量,在降低产甲烷菌 *Methanobacterium* 属丰度的同时促进了甲烷氧化菌 *pmoA* 功能基因的表达,使CH₄累积排放量降低21.9%~39.7%。秸秆还田后N₂O累积排放量减少了33.0%~38.2%,其减排机制为秸秆还田通过降低 *narG* 基因丰度以及关键群落 *Acidiphilium* 和 *Mycolicibacterium* 属的相对丰度,增加 *nosZ* 基因丰度,有效促进N₂O向N₂还原转化。而石灰处理通过双重调控使N₂O累积排放量提高了29.5%~65.0%。具体表现为,铵态氮(NH₄-N)和DOC的降低促进了氨氧化古菌丰度增加,同时pH和NO₃-N的升高刺激了 *narG* 基因丰度的增加和 *nosZ* 基因丰度的降低,两者共同增加了硝化和反硝化过程中N₂O的产生。秸秆还田增加了全球增温潜势(GWP)和温室气体排放强度(GHGI),而石灰的配合施用有效降低了GWP和GHGI。其中,秸秆还田配施高量石灰能够将GHGI降至0.81 kg·kg⁻¹,显著低于S0处理。研究表明,对于强酸性稻田土壤,秸秆还田条件下施用高量石灰(7 000 kg·hm⁻²)能够有效缓解秸秆还田造成的温室气体排放增加效应,秸秆还田下配施石灰是一种能够实现增产、减排的有效栽培模式。

关键词: 秸秆还田; 石灰; 土壤酸化; 温室气体; 土壤微生物

中图分类号: X71; X144 文献标志码: A 文章编号: 1672-2043(2026)01-0226-14 doi:10.11654/jaes.2025-0152

Synergistic regulation mechanism of straw returning with lime to the field on greenhouse gas emissions in paddy field

SUN Mengyu, ZHAO Qiang, WU Jing, ZHANG Jun, CHE Zhao, WU Gong, SONG He, LI Xiaoxiao*

(School of Agronomy, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China)

Abstract: To explore the mechanisms of greenhouse gas emissions under straw return combined with different lime application rates in acidic paddy soils. This study adopted a two-factor split-plot design. The main plots consisted of straw application treatments: no straw return(S0) and straw return(S1, 5 500 kg·hm⁻²). The subplots included lime application treatments: no lime(L0), low lime rate(L1, 3 500 kg·hm⁻²), and high lime rate(L2, 7 000 kg·hm⁻²). Measurements included greenhouse gas emissions(CH₄ and N₂O), microbial abundance

收稿日期: 2025-02-19 录用日期: 2025-05-28

作者简介: 孙梦雨(2000—), 女, 安徽芜湖人, 硕士研究生, 研究方向为耕作与农业生态。E-mail: sunmengyu563@163.com

*通信作者: 李笑笑 E-mail: xxli@ahau.edu.cn

基金项目: 安徽省高等学校科学研究项目(自然科学类)重点项目(2023AH050978); 安徽农业大学人才科研资助项目(rc312104); 安徽农业大学2021年校自然科学基金项目(K2131001); 安徽省科技攻坚计划重点项目(202423110050045)

Project supported: Anhui Provincial University Scientific Research Project (Natural Science) (2023AH050978); Anhui Agricultural University Talent Research Grant Program (rc312104); 2021 Natural Science Youth Foundation of Anhui Agricultural University (K2131001); Key Project of Anhui Provincial Science and Technology Tackling Program (202423110050045)

and community structure, soil nitrification potential, and denitrification capacity. The results are as follows: straw return increased CH₄ emissions by 115.5%–144.3%, and the mechanism of action was closely related to the increase of dissolved organic carbon (DOC). Elevated DOC promoted the abundance of methanogens (*Methanocella* genus) while reducing the abundance of methane-oxidizing bacteria (*pmoA* gene) and key genera (*Methyloparacoccus* and *Methylochromium*). Lime application decreased CH₄ emissions by 21.9%–39.7%, driven by increased soil pH and NO₃⁻-N content, which enhanced *pmoA* gene abundance and suppressed methanogens (*Methanobacterium* genus). Straw return reduced total N₂O emissions by 33.0%–38.2%. The abatement mechanism is that the straw return effectively promotes the conversion of N₂O to N₂ reduction by decreasing the abundance of the *narG* gene and the relative abundance of the key denitrifying genera (*Acidiphilium* and *Mycolicibacterium*) and increasing the abundance of the *nosZ* gene. Lime application increased N₂O emissions by 29.5%~65.0% through dual regulatory mechanisms. Specifically, reduced NH₄⁺-N and DOC levels stimulated ammonia-oxidizing archaea (AOA) abundance, while elevated pH and NO₃⁻-N boosted *narG* gene abundance and suppressed *nosZ* gene activity, both of which together increased N₂O production during nitrification and denitrification. Straw return increased global warming potential (GWP) and greenhouse gas emission intensity (GHGI), while lime application was effective in reducing GWP and GHGI, where high lime application on straw fielding was able to reduce GHGI to 0.81 kg·kg⁻¹, which was significantly lower than that of the LOSO treatment. In conclusion, for strongly acidic paddy soils, combining straw return with high lime application (7 000 kg·hm⁻²) effectively mitigates the problem of increased greenhouse gas emission caused by straw-returning. Thus, integrating lime with straw return represents a promising cultivation strategy to achieve greenhouse gas reduction and increase production in rice production systems.

Keywords: straw return; lime; soil acidification; greenhouse gas; soil microorganisms

全球正在面临以变暖为显著特征的气候变化,其中温室气体排放加剧是主要因素。甲烷(CH₄)和氧化亚氮(N₂O)是大气中主要的温室气体,其在100 a时间尺度下的全球增温潜势分别是二氧化碳(CO₂)的25倍和298倍^[1]。稻田是农业CH₄和N₂O的重要排放源,两者的排放分别占农业温室气体排放的40.1%和18.1%^[2-3]。当前我国水稻普遍采用集约化生产模式,生产中投入的大量氮肥加速了稻田土壤酸化^[4]。据报道,我国稻田正在经历着土壤酸化挑战,50%以上的稻田土壤pH低于5.5,且酸化强度不断加剧^[5]。酸化作用不仅直接引发酸胁迫,对水稻生长产生负面影响,还会活化土壤中重金属离子,对水稻产量和品质构成威胁^[6]。除加速土壤酸化问题外,集约化生产还会提高水稻秸秆的生物量,增加秸秆还田的压力。为缓解土壤酸化和秸秆还田问题,农民常施用石灰,这一方面可提高土壤pH值,另一方面也可促进秸秆快速腐解^[7-8]。但石灰施用和秸秆还田均会对土壤碳氮转化产生较大影响,从而也会影响CH₄和N₂O的排放。因此,深入研究秸秆和石灰对酸性稻田CH₄和N₂O排放的作用机理,提出科学合理的石灰和秸秆施用建议,对缓解稻田温室气体排放具有重要意义。

秸秆还田与石灰施用均能通过影响土壤理化性质和微生物活性影响CH₄和N₂O排放。稻田CH₄排放主要包括产生、氧化及运输3个过程,受土壤微生物影响明显^[9]。在厌氧的稻田土壤中,有机物质受甲烷产生菌作用生成的CH₄,有80%被甲烷氧化菌氧化,

其余的则被运输排放到大气中^[10]。N₂O主要由硝化和反硝化作用共同产生。硝化反应的限速步骤主要由氨氧化古菌(AOA)和氨氧化细菌(AOB)驱动完成^[11-12]。反硝化反应则是在*narG*等基因编码的硝酸还原酶的催化下,将硝态氮(NO₃⁻-N)还原成N₂O等气体。除了产生N₂O,反硝化还可由*nosZ*基因编码的氧化亚氮还原酶(N₂OR)催化N₂O还原为N₂^[13-14]。秸秆还田对稻田CH₄和N₂O排放产生显著影响。对CH₄排放来说,秸秆还田不仅能给土壤提供大量外源碳,为甲烷产生菌提供反应底物,还会在淹水条件下消耗土壤中的氧气,降低土壤氧化还原电位^[15],进而降低甲烷氧化菌活性。因此秸秆还田可在增加CH₄产生和减少CH₄氧化两个方面共同促进其排放。对N₂O排放来说,秸秆还田能通过改变土壤中活性有机碳、氮含量,影响土壤中参与硝化和反硝化反应的微生物,从而影响N₂O的排放^[12]。研究表明,还田后秸秆分解能增加土壤C/N,引起土壤氮素的固定,减少土壤N₂O的排放^[16]。与秸秆还田类似,石灰也会对CH₄和N₂O排放产生显著影响。石灰可以加速土壤中有机质的分解,减少微生物的反应底物,从而减少CH₄排放^[17]。石灰的施用还能提高土壤pH值,而土壤pH值与甲烷氧化菌呈正相关,与产甲烷菌呈负相关。因此,石灰可以通过提高土壤pH值减少CH₄的排放^[18]。此外,在厌氧条件下土壤pH值的提高还会促进反硝化过程,从而增加N₂O排放^[19]。综上可知,秸秆还田与石灰施用均能通过影响土壤理化性质和微生物活性来影响

CH₄和N₂O的排放,但目前关于秸秆还田与石灰施用的协同作用研究较少,因此亟待深入研究。

本研究拟采用宁香粳9号作为供试材料,在安徽省合肥市大杨镇国家农业高新技术产业园开展盆栽试验,设置秸秆还田与不还田两个处理,同时每个处理设置了3个石灰施用梯度,主要研究不同处理下的CH₄和N₂O排放通量和相关微生物AOA、AOB及功能基因*nosZ*、*narG*的丰度与群落结构差异,探究秸秆与石灰对酸性稻田CH₄和N₂O排放的交互影响机制,确定科学合理的秸秆还田与石灰施用组合模式,为未来酸性稻田温室气体减排提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

本研究于2022年5—11月在安徽省合肥市大杨镇国家农业高新技术产业园(31.84°N, 117.21°E)进行。该地属亚热带湿润季风类型,年均温度和降雨量分别为17.2℃和762.5 mm。土壤类型为以黄褐土母质发育而成的水稻土,土壤pH为4.2、铵态氮(NH₄⁺-N)含量为18.8 mg·kg⁻¹、NO₃⁻-N含量为31.6 mg·kg⁻¹、速效钾(AK)含量为119.3 mg·kg⁻¹、速效磷(AP)含量为22.4 mg·kg⁻¹、有机质(OM)含量为11.9 g·kg⁻¹、全氮(TN)含量为1.4 g·kg⁻¹。

1.2 试验设计与管理

本试验为盆栽试验。试验采用双因素设计,主区为秸秆用量,分别为S0(秸秆不还田)和S1(5 500 kg·hm⁻²)。副区为石灰用量,共设置3个水平,分别为L0(不施用石灰)、L1(3 500 kg·hm⁻²)、L2(7 000 kg·hm⁻²)。共6个处理,每个处理3次重复。秸秆为小麦秸秆(60℃烘干,剪至2 cm),石灰为氢氧化钙。石灰采用拌土形式,于试验开始前一周施用。秸秆采用直接覆盖的方式,于试验开始前进行还田处理。种植盆为直径20 cm、高度30 cm的圆柱箱体,该箱体由PVC管制成。

测定当地成熟期水稻土0~25 cm土壤容重,并根据容重计算0~25 cm土层的质量。将相应质量土壤混匀装入箱体后压实至相应的容重。为防止因天气温度过高导致土壤内部温度发生剧烈变化,将箱体埋入25 cm的土层中。

供试水稻品种为宁香粳9号。水稻于5月20日播种,选取长势一致的秧苗,于6月15日采用人工移栽的方式移栽至种植盆,每盆移栽3株。水稻整个生育期氮肥施用量为300 kg·hm⁻²(以N计),按照基肥:分蘖

肥:穗肥为4:3:3的比例施用。钾肥和磷肥作为基肥一次性施用,施用量分别为K₂O 270 kg·hm⁻²和P₂O₅ 135 kg·hm⁻²。病虫害根据田间情况防治,全生育期精细化管理水、肥以及病虫害。

1.3 气体采集与测定

本试验采用静态暗箱-气相色谱法测定N₂O和CH₄的排放通量。静态箱由PVC材料制成,包括采气箱和底座(图1)。采气箱前期为直径25 cm、高度30 cm的圆柱型管材,后期水稻长高时采用直径25 cm、高度100 cm的圆柱型管材。箱体顶部打孔安装电子温度计、三通阀和风扇,箱体外覆有保温棉和锡箔纸。底座由管材接口制成,顶部装有水槽,水稻移栽后将底座固定于土壤中。气体采集时,在水槽内注入一定的水,确保箱体的密封性。在箱体密封后,分别于0、6、12、18 min时采集气体,每次采样时间固定在上午8:00—11:30,于2022年6—11月连续监测。采气频率为7 d一次,施肥后为3 d一次,降雨后适当加测。采气结束后,气样带回实验室用气相色谱仪(Agilent 7890A)进行N₂O和CH₄浓度的测定。N₂O、CH₄排放通量的计算公式如下:

$$F = \rho \times h \times dc/dt \times 273 / (273 + T) \quad (1)$$

式中: F 为温室气体排放通量,μg·m⁻²·h⁻¹或mg·m⁻²·h⁻¹; ρ 为采取气体的密度,g·L⁻¹; h 为箱体的高度,m; dc/dt 为温室气体浓度随时间变化的直线回归斜率; T 为采样时箱内平均温度,℃。

全球增温潜势是一种以CO₂作为参考气体来估算对全球变暖潜在效应的指标。全球增温潜势计算公式如下^[20]:

$$GWP = 25 \times E_1 + 298 \times E_2 \quad (2)$$

式中: GWP 为全球增温潜势,kgCO₂e·hm⁻²; E_1 和 E_2 分别为CH₄和N₂O的累积排放量,kg·hm⁻²。

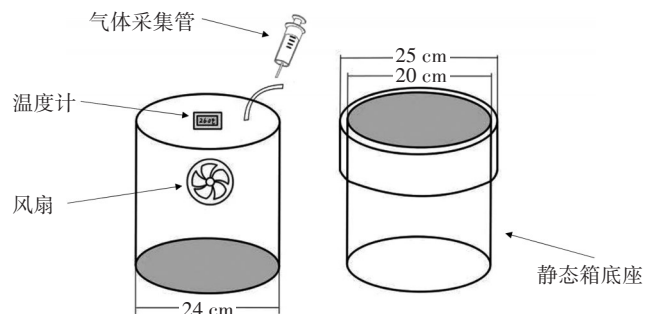


图1 气体采集箱和静态箱底座示意图

Figure 1 Schematic diagram of gas collection box and static box base

温室气体排放强度计算公式如下:

$$GHGI=GWP/Y \quad (3)$$

式中:GHGI为温室气体排放强度, $\text{kgCO}_2\text{e}\cdot\text{kg}^{-1}$; GWP为全球增温潜势, $\text{kgCO}_2\text{e}\cdot\text{hm}^{-2}$; Y为水稻产量, $\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。

1.4 样品采集与分析

在成熟期,每个处理选取4盆水稻进行测产。

在水稻幼穗分化期采集土壤样品,将其分为两份。一份放在4℃冰箱保存,用于测定土壤的基础理化性质和土壤硝化、反硝化能力;另一份存放于-80℃冰箱,用于分析土壤CH₄和N₂O相关微生物功能基因。土壤pH采用电位法测定(水土比为5:1);可溶性有机碳(DOC)采用Multi 3100 C/N分析仪(Jena Analytik,德国)测定;OM采用重铬酸钾容量法测定;TN采用凯氏定氮法测定;NO₃-N和NH₄⁺-N采用连续流动分析仪(Auto Analyzer 3,Seal,德国)测定;AP采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定;AK采用醋酸铵浸提-火焰光度法测定^[21]。

硝化潜势(NP)采用悬浊液培养法^[22]测定,取5g鲜土分别加入50mL液体培养基($1.5\text{mmol}\cdot\text{L}^{-1}\text{NH}_4^+$),30℃恒温振荡48h($200\text{r}\cdot\text{min}^{-1}$)。分别在6、12、24、36、48h取样,吸取4mL悬浮液离心,取上清液,使用连续流动分析仪(Auto Analyzer 3,Seal,德国)测定亚硝态氮(NO₂-N)和NO₃-N的含量。硝化潜势用单位时间内每克干土产生的NO₂-N和NO₃-N的总量表示。反硝化能力(DC)采用室内培养法^[23]测定,称取10g鲜土置于110mL的培养瓶中,再向培养瓶中均匀加入5mL硝酸钾培养液($42.9\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}\text{NO}_3^-$ -N),随后密封,并用高纯氮气反复冲洗3次。冲洗完毕后向瓶中加入11mL的乙炔,用装有少量水的注射器平衡大气压,最后置于恒温培养箱中静置培养48h。分别在24、48h用注射器抽取5mL气体,抽完气体后加入等量的氮气。所取的气体在24h内用气相色谱仪(Agilent 7890A,Agilent Technologies,美国)测定N₂O浓度。反硝化能力用培养瓶内N₂O气体的变化率表示。

1.5 微生物丰度和结构测定

称取-80℃冰箱保存的鲜土0.5g,利用土壤DNA提取试剂盒(Fast DNA SPIN Kit For Soil,美国)提取土壤微生物DNA。反硝化基因(*narG*、*nosZ*)和硝化功能基因(*amoA*-AOA、*amoA*-AOB及*pmoA*、*mcrA*)丰度采用实时荧光定量PCR法测定^[24]。相关引物信息见表1。PCR反应体系为20μL,其中包括10μL 2×SG Green qPCR Mix,0.5μL正向引物($10\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$),0.5μL反向引物($10\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$),1μL gDNA,8μL无核酸

表1 6种基因的引物相关信息

Table 1 Primer-related information of 6 genes

基因 Gene	引物 Primer	引物序列(5'-3') Primers sequence(5'-3')	参考文献 Reference
AOA <i>amoA</i>	Arch- <i>amoA</i> F	STAATGGTCTGGCTTAGACG	[25]
	Arch- <i>amoA</i> R	GCGGCCATCCATCTGTATGT	
AOB <i>amoA</i>	<i>amoA</i> -1F	GGGGTTTCTACTGGTGCT	[26]
	<i>amoA</i> -2R	CCCCTCKGSAAAGCCTTCTTC	
<i>narG</i>	<i>narG</i>	TAYGTSGGGCAGGAAAACTG	[27]
	<i>narG</i>	CGTAGAAGAAGCTGGTGTCTGT	
<i>nosZ</i>	<i>nosZ</i> -F	CGYTGTTTCMTGACAGCCAG	[28]
	<i>nosZ</i> -1622R	CGSACCTTSTTGCSTYFGCG	
<i>pmoA</i>	A189f	GGNGACTGGGACTTCTGG	[29]
	Mmb661-r	CCGGMGCAACGTCYTTACC	
<i>mcrA</i>	MLf	GGTGGTGTMGGATTCACACARTA- YGCWACAGC	[30]
	MLr	TTCATTGCRTAGTTWGGRTAGTT	

酶水。PCR反应程序如下:在95℃下初始变性10min;95℃20s,60℃30s,循环40次。标准曲线通过不同稀释倍数的包括*amoA*-AOA、*amoA*-AOB、*narG*、*nosZ*、*pmoA*、*mcrA*等功能基因的质粒DNA制得。*amoA*-AOA、*amoA*-AOB、*narG*、*nosZ*、*pmoA*、*mcrA*的扩增效率分别为106% ($R^2=0.998$)、97% ($R^2=0.999$)、117% ($R^2=0.994$)、102% ($R^2=0.993$)、121% ($R^2=0.998$)和118% ($R^2=0.991$)。

1.6 数据分析

本研究采用Microsoft Excel 2022软件进行数据整理,用SPSS 27.0统计分析软件进行数据分析, LSD法进行多重比较($P<0.05$),用Origin 2022软件制图。

2 结果与分析

2.1 土壤基础理化性质

土壤基础理化性质对秸秆与石灰施用的反应不尽相同(表2)。无论秸秆是否还田,土壤pH和NO₃-N含量均随石灰用量的增加显著上升($P<0.05$),而TN和AK含量在各处理间均无显著性差异。秸秆不还田下,L2处理OM含量显著高于L0和L1;在秸秆还田下,石灰施用对OM无显著性影响($P>0.05$)。秸秆不还田下,土壤DOC含量随着石灰用量的增加,呈先下降后上升的趋势;秸秆还田下,L0处理的DOC含量显著高于其他两个处理($P<0.05$)。无论秸秆是否还田,L2处理的NO₃-N含量均显著高于其他处理($P<0.05$)。对于NH₄⁺-N含量,秸秆不还田下,L0处理显著高于其他两个处理;秸秆还田下,L2处理显著低于

表2 石灰用量和秸秆还田对土壤化学性质的影响

Table 2 Effects of lime dosage and straw returning form on soil chemical properties

秸秆还田 Straw returning	石灰用量 Lime dosage	pH	有机质 OM/(g·kg ⁻¹)	可溶性有机碳 DOC/(mg·kg ⁻¹)	全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	硝态氮 NO ₃ -N/(mg·kg ⁻¹)	铵态氮 NH ₄ ⁺ -N/(mg·kg ⁻¹)	速效磷 AP/(mg·kg ⁻¹)	速效钾 AK/(mg·kg ⁻¹)
S0	L0	4.99±0.14c	15.47±1.20b	64.22±1.34a	1.63±0.35a	1.28±0.20b	61.69±4.55a	60.85±5.23b	99.00±2.00a
	L1	5.94±0.06b	16.16±0.60b	55.07±3.90b	1.16±0.14a	1.32±0.19b	36.12±2.15b	75.16±6.79a	100.00±20.00a
	L2	6.48±0.08a	17.90±0.47a	60.79±1.46a	1.27±0.13a	1.80±0.14a	33.46±0.98b	64.92±5.85ab	97.00±5.20a
S1	L0	4.97±0.12c	16.61±0.79a	83.42±1.95a	1.16±0.21a	1.15±0.04b	31.22±2.82ab	72.21±5.47ab	126.67±6.66a
	L1	5.35±0.09b	17.83±4.31a	78.42±1.72b	1.30±0.14a	1.30±0.35b	34.54±2.55a	68.85±7.17b	117.00±4.36a
	L2	6.83±0.16a	16.38±1.37a	77.72±2.06b	1.08±0.07a	2.19±0.13a	27.69±1.71b	80.65±2.24a	114.33±6.81a
S		ns	ns	**	ns	ns	**	*	**
L		**	ns	**	ns	**	**	ns	ns
S×L		**	ns	ns	ns	ns	**	*	ns

注:同列不同小写字母代表同一秸秆用量不同石灰用量间差异显著($P<0.05$);ns,在0.05水平上影响不显著;*和**分别表示在0.05和0.01水平上影响显著。S和L分别表示秸秆和石灰用量。下同。

Note: Within a column, different lowercase letters represent the indicators significantly different among different lime dosages under same straw dosages ($P<0.05$); ns, Not significant at the 0.05 level; * and **, Significant at the 0.05 and 0.01 levels, respectively. S and L represent straw returning and lime dosage respectively. The same below.

L1处理($P<0.05$),与L0处理差异不显著。秸秆不还田下,L1处理的AP含量显著高于L0处理,与L2处理差异不显著;秸秆还田下,L2处理显著高于L1处理($P<0.05$),与L0处理差异不显著。另外,双因素分析表明,秸秆和石灰施用对土壤pH、NH₄⁺-N和AP有显著的交互作用($P<0.05$)。

2.2 稻田CH₄和N₂O排放通量和总量

不同处理下稻田CH₄排放规律较为一致,均在施肥后达到峰值,生育后期呈下降趋势(图2a)。秸秆不还田下,L0、L1、L2处理CH₄排放通量对应的峰值分别为20.16、16.39、12.61 mg·m⁻²·h⁻¹,随石灰用量的增加显著下降($P<0.05$)。秸秆还田下,L0、L1、L2处理对应的峰值分别为58.46、58.19、49.33 mg·m⁻²·h⁻¹,L2处理显著低于其他两个处理($P<0.05$)。由图2c可知,秸秆还田显著增加了稻田CH₄累积排放量($P<0.01$)。秸秆不还田下,L0处理CH₄累积排放量显著高于其他两个处理($P<0.05$)。秸秆还田下,CH₄的累积排放量随着石灰用量的增加显著下降($P<0.05$)。双因素分析表明,秸秆和石灰施用对稻田CH₄累积排放量有显著的交互作用($P<0.01$)。

不同处理下稻田N₂O排放规律变化不同,但均在施肥后出现峰值(图2b)。秸秆不还田下,L0、L1、L2处理N₂O排放通量在7月12日出现峰值,分别为0.51、0.54、0.64 μg·m⁻²·h⁻¹,随石灰用量呈上升趋势。秸秆还田下,L0、L1、L2处理也在7月12日出现峰值,分别为0.50、0.52、0.63 μg·m⁻²·h⁻¹,与秸秆不还田处理表现一致,但在7月30日3个处理均出现了显著下降趋势。由图2d可知,秸秆还田显著降低稻田N₂O

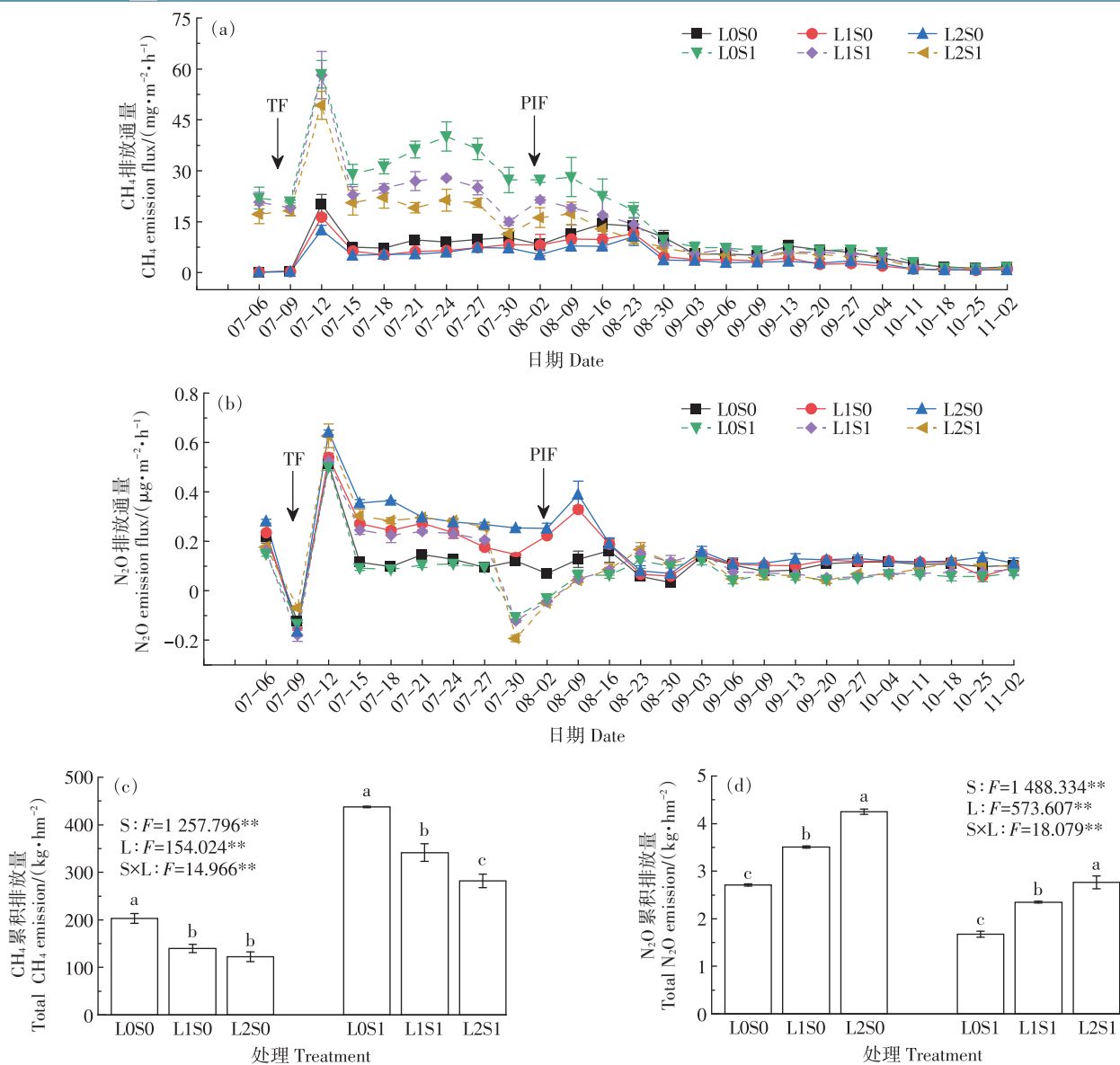
累积排放量($P<0.01$)。无论秸秆还田与否,N₂O累积排放量均随石灰用量的增加显著上升($P<0.05$),但秸秆还田下N₂O的增幅小于秸秆不还田下。双因素分析表明,秸秆和石灰施用对稻田N₂O累积排放量有显著的交互作用($P<0.01$)。

2.3 全球增温潜势、产量和温室气体排放强度

由表3可知,秸秆还田显著增加了稻田GWP($P<0.01$)。无论秸秆还田与否,稻田GWP均随石灰用量的增加而降低,表现为L0>L1>L2。但在秸秆还田下,L1和L2处理间具有显著性差异($P<0.05$)。双因素分析表明,施用秸秆与石灰对稻田GWP具有显著的交互作用($P<0.01$)。秸秆与石灰的施用均对水稻产量具有促进作用,并在L2S1处理下达到最大值9 771.56 kg·hm⁻²。双因素分析表明,施用秸秆与石灰对产量具有显著的交互作用($P<0.05$)。秸秆还田显著增加了稻田GHGI。无论秸秆还田与否,随石灰用量的增加稻田GHGI均呈下降的趋势。且秸秆不还田下,L1和L2处理间无显著性差异;秸秆还田下,L2处理显著低于L1处理。

2.4 稻田土壤中mcrA和pmoA基因的相对丰度及其比值

由图3a可知,秸秆还田能显著降低稻田土壤中mcrA基因丰度($P<0.01$)。秸秆不还田下,L0处理的mcrA基因丰度显著低于其他两个处理($P<0.05$);秸秆还田下,mcrA基因丰度随着石灰用量的增加呈下降趋势,L2处理相比于L0处理显著降低了23.17%。pmoA基因丰度对秸秆是否还田无响应机制(图3b)。无论秸秆是否还田,L2处理的pmoA基因丰度均显著高于L0和L1处理($P<0.05$)。由图3c可知,秸秆还田



TF, 分蘖肥; PIF, 穗肥; 误差棒表示 \pm SD ($n=3$)。不同小写字母代表同一秸秆用量不同石灰用量间差异显著 ($P<0.05$); **表示在 0.01 水平上影响显著。下同。

TF, Tilling fertilizer; PIF, Panicle initiation fertilizer. Error bars indicate \pm SD ($n=3$). Different lowercase letters represent the indicators significantly different among different lime dosages under same straw dosages ($P<0.05$); **, Significant at the 0.01 levels. The same below.

图2 石灰用量和秸秆还田对水稻生育期内CH₄、N₂O排放通量和累积排放量的影响

Figure 2 Effects of lime dosage and straw returning form on CH₄ and N₂O emission flux and cumulative emission during rice growth period

能显著降低 *mcrA/pmoA* 的比值 ($P<0.01$)。秸秆不还田下, L1 处理的 *mcrA/pmoA* 最大, 显著高于其他两个处理; 秸秆还田下, *mcrA/pmoA* 的比值随着石灰用量的增加呈显著下降趋势 ($P<0.05$)。双因素分析表明, 秸秆与石灰对 *mcrA* 基因丰度和 *mcrA/pmoA* 的比值具有显著的交互作用 ($P<0.01$)。

2.5 稻田土壤硝化潜势与反硝化能力

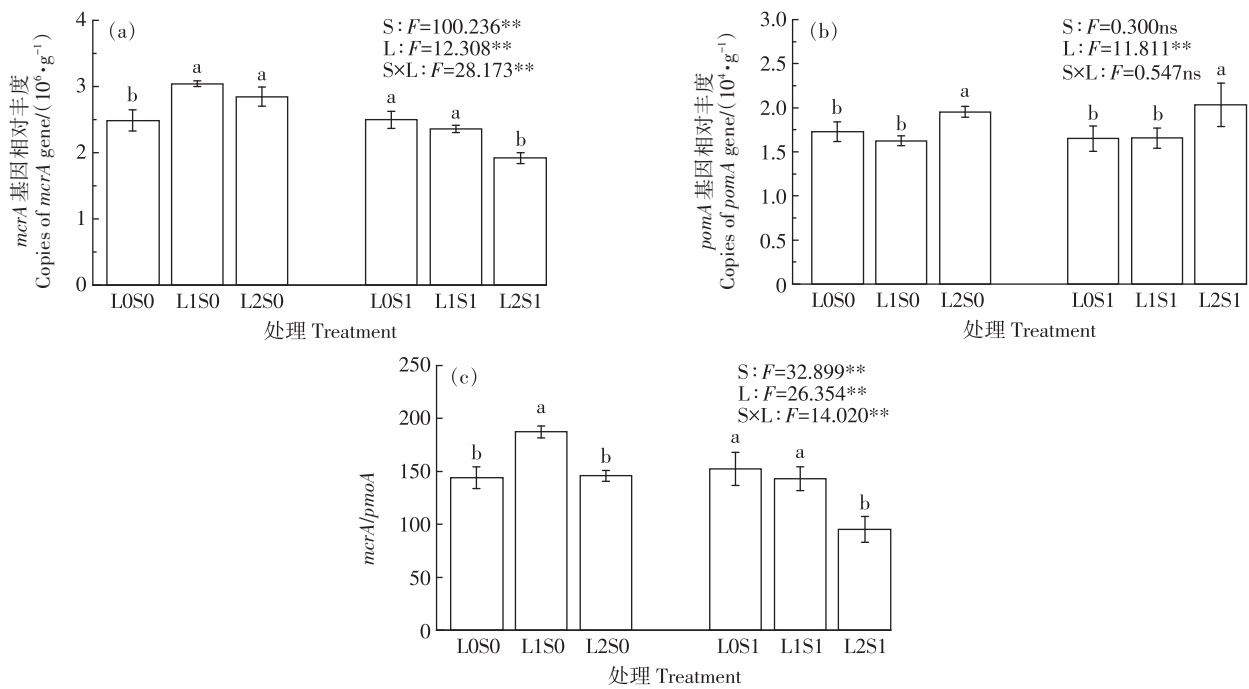
由图 4a 可知, 秸秆还田显著增加了土壤硝化潜势 ($P<0.01$)。无论秸秆还田与否, L0 处理的硝化潜

势均显著低于其他两个处理, 且 L1 和 L2 处理之间无显著性差异 ($P>0.05$)。双因素分析表明, 石灰和秸秆对土壤硝化潜势无显著的交互作用。由图 4b 可知, 与秸秆不还田相比, 秸秆还田能显著降低土壤反硝化能力 ($P<0.01$)。秸秆不还田下, 随着石灰用量的增加, 土壤反硝化能力呈显著增加的趋势 ($P<0.05$); 秸秆还田下, L2 处理显著高于 L0、L1 处理。双因素分析表明, 石灰和秸秆对土壤反硝化能力具有显著的交互作用 ($P<0.01$)。

表3 石灰用量和秸秆还田对产量、全球增温潜势和温室气体排放强度的影响

Table 3 Effects of lime dosage and straw returning on yield, global warming potential(GWP) and greenhouse gas emission intensity(GHGI)

秸秆还田 Straw returning	石灰用量 Lime dosage	全球增温潜势 GWP/(kgCO ₂ e·hm ⁻²)	产量 Yield/(kg·hm ⁻²)	温室气体排放强度 GHGI/(kgCO ₂ e·kg ⁻¹)
S0	L0	5 881.69±260.81a	5 377.94±676.71b	1.10±0.11a
	L1	4 539.14±215.96b	9 062.78±379.93a	0.50±0.01b
	L2	4 326.32±270.93b	9 132.79±617.22a	0.47±0.04b
S1	L0	11 436.34±25.17a	5 908.58±722.71b	1.96±0.25a
	L1	9 238.05±460.94b	7 118.32±880.12b	1.31±0.10b
	L2	7 874.33±391.87c	97 71.56±891.35a	0.81±0.07c
S		**	ns	**
L		**	**	**
S×L		**	*	**



ns, 在0.05水平上影响不显著。下同。
ns, Not significant at the 0.05 level. The same below.

图3 石灰用量和秸秆还田对 *mcrA*、*pmoA* 基因相对丰度及比值的影响

Figure 3 Effects of lime dosage and straw returning form on the relative abundance and ratio of *mcrA* and *pmoA* genes

2.6 稻田土壤硝化和反硝化作用功能基因相对丰度

对于硝化作用功能基因, 秸秆还田能显著降低稻田土壤 AOA-*amoA* 丰度(图 5a)。秸秆不还田下的 L2 处理, AOA-*amoA* 丰度显著高于其他两个处理, 相比于 L0 显著增加了 22.59%($P<0.05$); 秸秆还田下, 石灰用量对 AOA-*amoA* 丰度无显著性影响。秸秆还田能显著降低土壤 AOB-*amoA* 丰度($P<0.01$, 图 5b)。秸秆不还田下, 施用石灰能显著降低 AOB-*amoA* 丰度, 且 L1 与 L2 处理之间无显著性差异; 秸秆还田下, 施用石灰能降低 AOB-*amoA* 丰度, 但效果不显著。双因素分析表明, 秸秆与石灰对 AOA-*amoA*、AOB-*amoA* 丰度

均无显著的交互作用。

对于反硝化作用功能基因, 秸秆还田对 *narG* 基因丰度无显著性影响(图 5c)。秸秆不还田下, *narG* 基因丰度随着石灰用量的增加呈显著上升趋势($P<0.05$), 与 L0 处理相比, L1 和 L2 处理的 *narG* 基因丰度分别增加了 21.40% 和 43.28%; 秸秆还田下, L0 处理显著低于 L1 和 L2 处理($P<0.05$)。秸秆还田对 *nosZ* 基因丰度无显著影响(图 5d)。秸秆不还田下, 相比于 L0 处理, L1 和 L2 处理的 *nosZ* 基因丰度显著降低了 17.85% 和 17.58%($P<0.05$); 秸秆还田下, L0 处理显著高于 L1 和 L2 处理, 且 L1 和 L2 处理间无显著性差异。

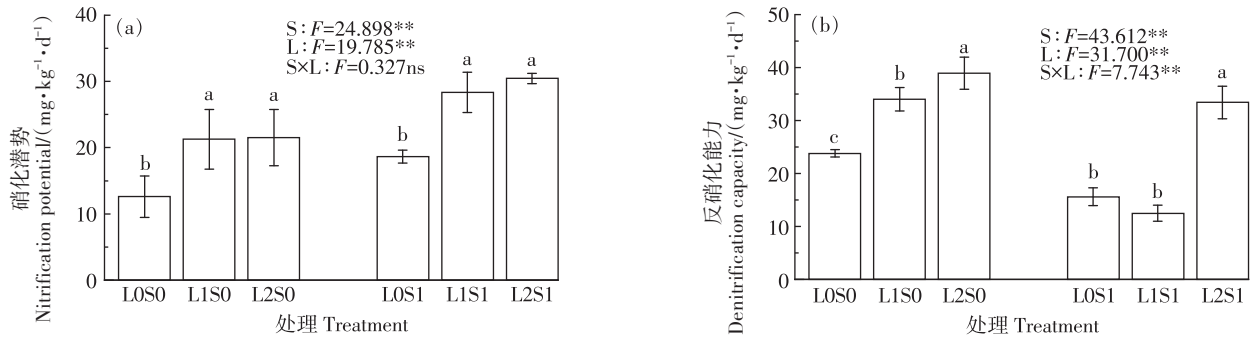


图4 石灰用量和秸秆还田对土壤硝化潜势和反硝化能力的影响

Figure 4 Effects of lime dosage and straw returning form on soil nitrification potential and denitrification capacity

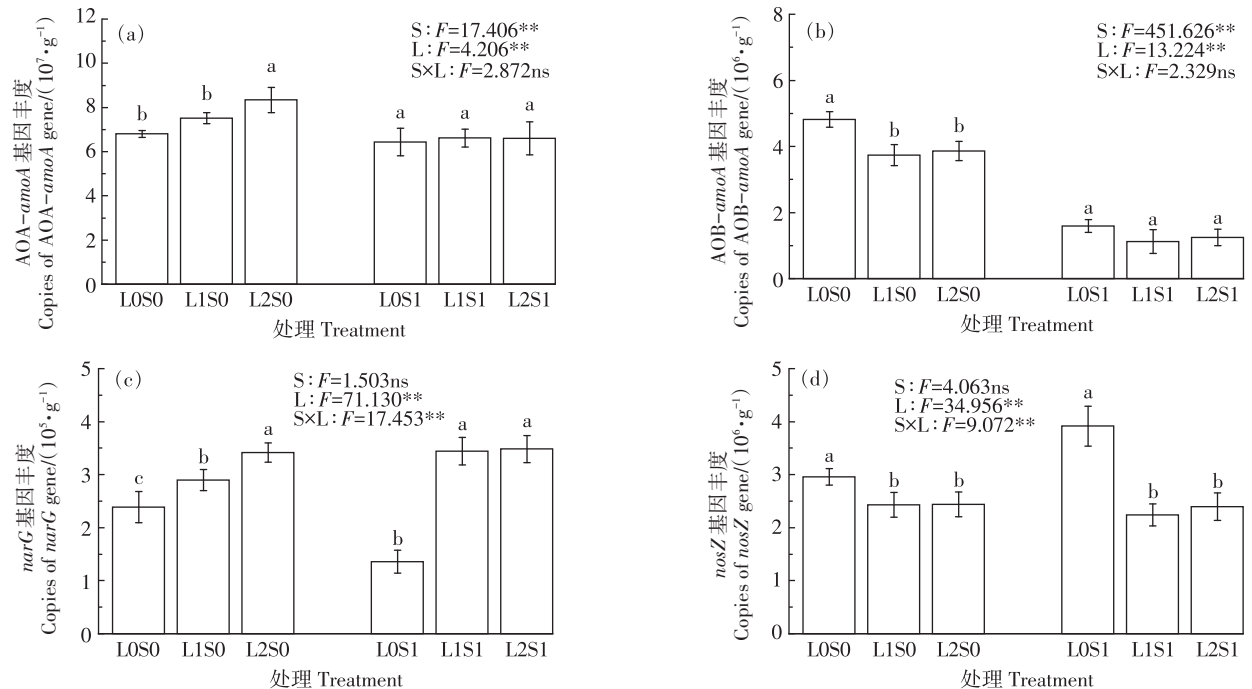


图5 石灰用量和秸秆还田对土壤中AOA-amoA、AOB-amoA、narG、nosZ基因丰度的影响

Figure 5 Effects of lime dosage and straw returning form on the abundance of AOA-amoA, AOB-amoA, narG, and nosZ genes in soil

双因素分析表明,秸秆与石灰对 *nosZ*、*narG* 基因丰度均有显著的交互作用($P<0.01$)。

2.7 稻田土壤产甲烷菌与甲烷氧化菌群落物种组成

在属分类水平对不同处理下稻田土壤产甲烷菌及甲烷氧化菌群落结构进行差异分析(图6)。由图6a可知,产甲烷菌主要由 *Methanobacterium*、*Methanocella*、*Methanosarcina* 组成,其中 *Methanobacterium* 为优势菌属,所占比例为34.98%~43.56%。秸秆不还田下,随着石灰用量的增加,*Methanocella* 的相对丰度呈下降趋势,且在L2处理下显著高于L0和L1处理($P<0.05$),对 *Methanobacterium* 和 *Methanosarcina* 无显著性差异($P<0.05$);秸秆还田下,施用石灰显著增加了 *Methanosarcina* 的占比($P<0.05$),在L1处理下其相对丰度最高,为34.55%,而对 *Methanobacterium* 和 *Meth-*

anocella 无显著影响。秸秆与石灰对产甲烷菌属均无显著的交互作用。

由图6b可知,甲烷氧化菌群落的优势菌属主要包括 *Methyloparacoccus*、*Methylocystis*、*Methylococcaceae* bacterium AK-K6、type II methanotrophic bacterium、*Methylomonas* 及 *Methylobacter*; 其中 *Methylomonas* 和 *Methylobacter* 主要出现在L2S1处理中。秸秆还田显著降低 *Methyloparacoccus* 的相对丰度($P<0.05$)。无论秸秆是否还田, *Methyloparacoccus* 相对丰度在不同石灰用量下均呈现出L1>L2>L0,且差异均达到显著水平($P<0.05$)。 *Methylocystis* 相对丰度的范围为18.96%~38.35%,秸秆不还田下,石灰用量对 *Methylocystis* 相对丰度无显著影响;秸秆还田下,L1处理的 *Methylocystis* 相对丰度显著高于其他两个处理($P<$

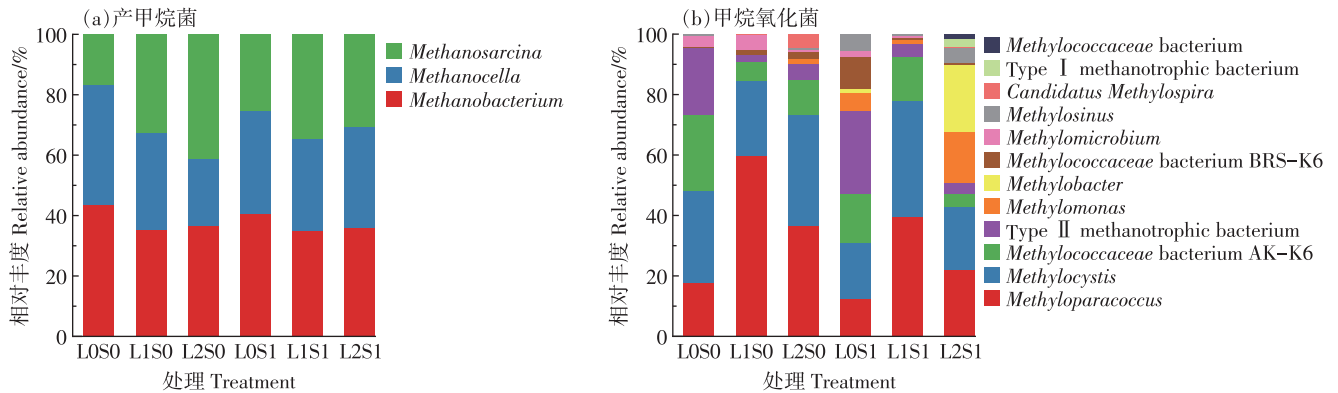


图6 石灰用量和秸秆还田对土壤产甲烷菌和甲烷氧化菌属水平群落结构的影响

Figure 6 Effects of lime dosage and straw returning form on the community composition of soil methanogens and methanotriops at the genus level

0.05)。Methylococcaceae bacterium AK-K6 相对丰度的范围为4.42%~25.09%，秸秆不还田下，L0处理的Methylococcaceae bacterium AK-K6相对丰度显著高于其他两个处理($P<0.05$)；秸秆还田下，L2处理显著低于L0和L1处理($P<0.05$)。无论秸秆是否还田，随石灰用量的增加，type II methanotrophic bacterium相对丰度均显著下降($P<0.05$)。双因素分析表明，秸秆和石灰对甲烷氧化菌属均有显著的交互作用($P<0.05$)。

2.8 稻田土壤硝化和反硝化菌群落组成

在属分类水平对各处理的稻田土壤硝化和反硝化菌群落结构进行差异分析(图7)。由图7a可知，AOA群落的优势菌属为Nitrososphaera及Candidatus Nitrosocosmicus。秸秆还田能显著增加Candidatus Nitrosocosmicus相对丰度($P<0.05$)，而对Nitrososphaera影响不显著。秸秆不还田下，石灰用量对Nitrososphaera和Candidatus Nitrosocosmicus均无显著性影响；秸秆还田下，L1处理的Nitrososphaera相对丰度显著高于其他两个处理，Candidatus Nitrosocosmicus的相对丰度显著低于其他两个处理($P<0.05$)。且秸秆与石灰对AOA均无显著的交互作用。由图7b可知，AOB群落的优势菌属为Nitrosospira，无论秸秆是否还田，石灰用量对Nitrosospira相对丰度均无显著性影响。

由图7c可知，narG型反硝化菌群落的优势菌属为Acidiphilium、Nocardioides、Streptomyces及Nocardia。秸秆还田显著降低了Acidiphilium相对丰度($P<0.05$)。秸秆不还田下，石灰用量对Acidiphilium相对丰度无显著性影响；秸秆还田下，L2处理的Acidiphilium相对丰度显著低于L0和L1两个处理。秸秆还田对Nocardioides无显著性影响，但石灰用量显著影响其相对丰度($P<0.05$)。秸秆不还田下，L2处理的Nocardioides相对丰度显著低于L0和L1处理($P<0.05$)；

秸秆还田下，其丰度呈显著下降的趋势($P<0.05$)。施用秸秆与石灰均能显著增加Streptomyces相对丰度($P<0.05$)。秸秆还田对Nocardia相对丰度无显著影响，但无论秸秆还田与否，石灰的施用均会显著降低其相对丰度($P<0.05$)。双因素分析表明，秸秆与石灰对Acidiphilium、Streptomyces及Nocardia均有显著的交互作用($P<0.05$)。由图7d可知，nosZ型反硝化菌群落的优势属包括Achromobacter和Bacterium。秸秆还田显著降低了Achromobacter相对丰度；秸秆不还田下，L2处理显著高于L0和L1处理；秸秆还田下，L1处理显著高于L0和L2处理。秸秆还田对Bacterium无显著性影响；秸秆不还田下，L1处理显著高于其他两个处理；秸秆还田下，L2处理显著高于其他两个处理。双因素分析表明，秸秆与石灰对Achromobacter、bacterium均有显著的交互作用。

2.9 稻田CH₄排放与mcrA、pmoA基因丰度、群落结构以及土壤理化性状之间的相关性分析

相关性分析表明(图8)，CH₄与DOC含量呈显著正相关($r=0.93, P<0.01$)，与pH、mcrA基因丰度呈显著负相关(r 分别为-0.47、-0.54， $P<0.05$)。Methyloparacoccus属与CH₄、mcrA基因丰度呈显著负相关(r 分别为-0.55、-0.57， $P<0.05$)，与DOC含量呈极显著负相关($r=-0.63, P<0.01$)。Methylobacterium属与CH₄、NO₃-N呈显著负相关(r 分别为-0.34、-0.47， $P<0.05$)，与DOC含量呈极显著负相关($r=-0.60, P<0.01$)，与mcrA基因丰度呈显著正相关($r=0.57, P<0.05$)。Methanobacterium属与pH呈显著负相关($r=0.40, P<0.05$)，与CH₄呈显著正相关($r=-0.27, P<0.05$)。

2.10 稻田N₂O排放的相关性分析

相关性分析表明(图9)，N₂O与pH、反硝化能力、AOA丰度、narG基因丰度呈显著正相关(r 分别为

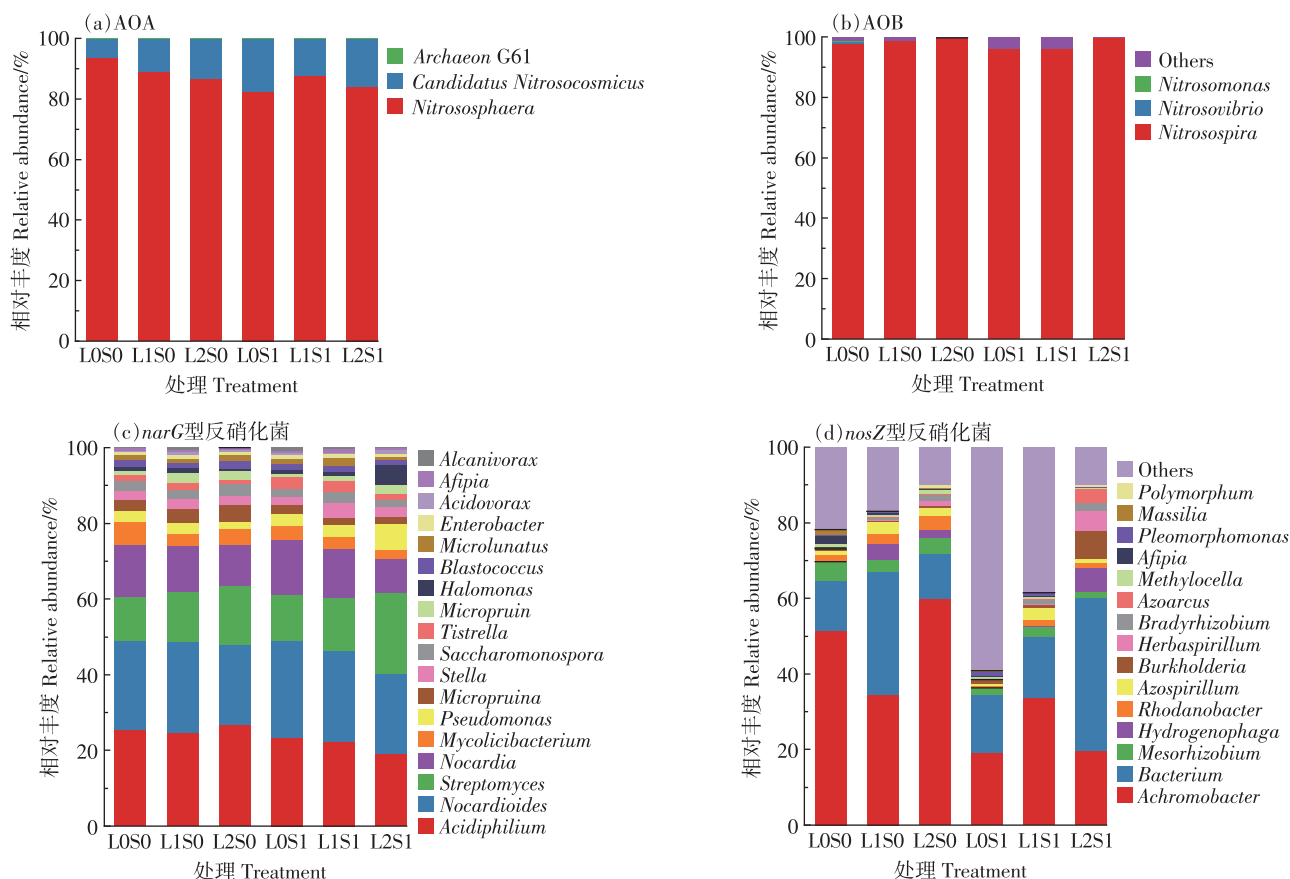


图7 石灰用量和秸秆还田对土壤 AOA、AOB 及 *narG* 和 *nosZ* 型反硝化菌属水平群落结构组成的影响

Figure 7 Effects of lime dosage and straw returning form on the genus-level community composition of soil AOA, AOB, and *narG*- and *nosZ*-type denitrifiers

0.63、0.84、0.78、0.59, $P < 0.01$), 与 DOC 含量和 *nosZ* 基因丰度呈显著负相关 ($r = -0.82, P < 0.01$ 和 $r = -0.57, P < 0.05$)。 *Acidiphilium* 属与 NH_4^+-N 、AOB 丰度呈显著正相关 (r 分别为 0.53、0.58, $P < 0.05$), 与 DOC、硝化潜势呈显著负相关 (r 分别为 -0.55、-0.60, $P < 0.05$)。 *Mycolicibacterium* 属与 N_2O 和 AOB 丰度呈显著正相关 ($r = 0.60, P < 0.01$ 和 $r = 0.51, P < 0.05$), 与 DOC 呈显著负相关 ($r = -0.64, P < 0.01$)。 *Streptomyces* 属与 N_2O 、pH、 NO_3^--N 呈显著正相关 (r 分别为 0.69、0.83、0.86, $P < 0.01$), 而与 NH_4^+-N 呈显著负相关 ($r = -0.47, P < 0.05$)。

3 讨论

3.1 秸秆与石灰配施对 CH_4 的影响

稻田 CH_4 是产甲烷菌在厌氧环境下分解有机底物产生的, 与稻田土壤理化性质和微生物活性密切相关^[31]。本研究结果表明, 秸秆还田增加了稻田 CH_4 排放 115.5%~130.4% (图 2), 这与邓姣等^[32]的研究结果一致。前人研究表明, 秸秆还田后其为土壤提供了大

量碳源, 增加了土壤微生物量碳和 DOC 含量, 为产甲烷菌提供了大量反应底物, 从而增加了 CH_4 的排放。本研究结果表明, 还田后秸秆分解会消耗土壤中的氧气, 降低土壤内部氧化还原电位, 为产甲烷菌提供适宜的厌氧环境, 从而抑制甲烷氧化菌活性, 因此能有效增加 CH_4 排放量^[33]。除丰度的影响外, 产甲烷菌和甲烷氧化菌群落结构的变化也是造成 CH_4 排放量增加的重要原因^[20]。本研究结果表明, 秸秆还田通过增加甲烷产生菌 *Methanobacterium* 属相对丰度, 降低甲烷氧化菌 *Methyloparacoccus* 和 *Methylomicrobium* 属相对丰度, 导致 CH_4 排放量增加。在石灰施用方面, 随石灰用量的增加 CH_4 累积排放量显著降低, 其中高量石灰的降低幅度显著高于低量石灰 (图 2), 这与 Wang 等^[34]的研究结果一致。石灰的施用通过双重调控抑制 CH_4 排放: 其一, 提高土壤碳氮代谢相关酶活性, 加速土壤有机质矿化, 从而减少产甲烷菌的底物供应; 其二, 提升土壤 pH 值, 改善甲烷氧化菌的生存环境, 进而增强其功能基因 (*pmoA*) 的表达^[7, 35]。同时, 石灰

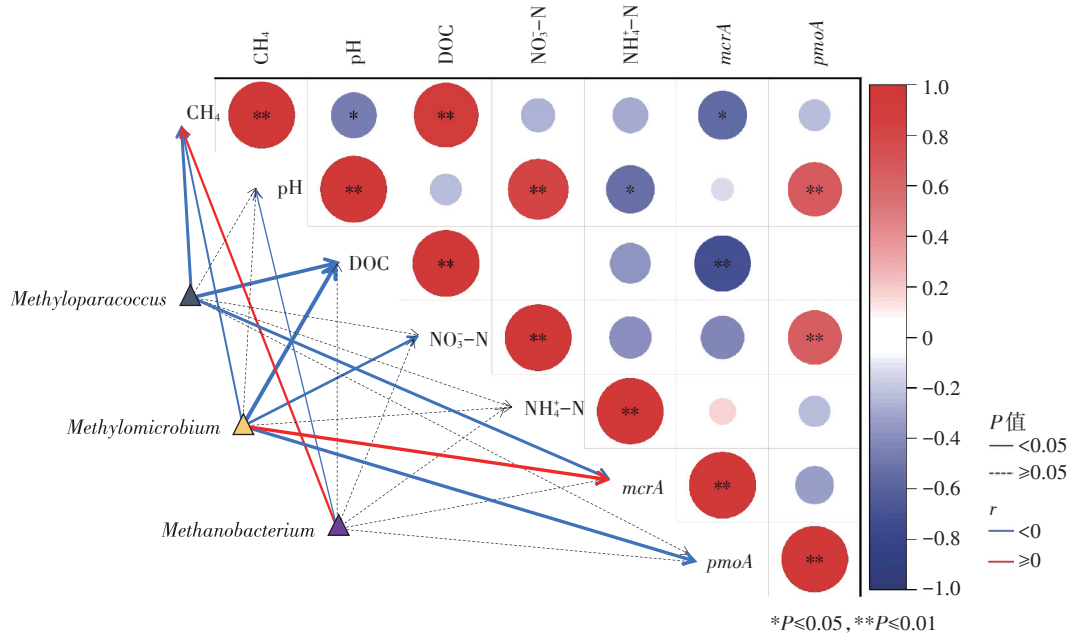


图8 CH_4 排放与 *mcrA*、*pmoA* 基因丰度、群落结构以及土壤理化性状之间的相关性

Figure 8 Correlation between CH_4 emission and *mcrA*, *pmoA* genes abundance, microbial community structure, and soil physicochemical properties

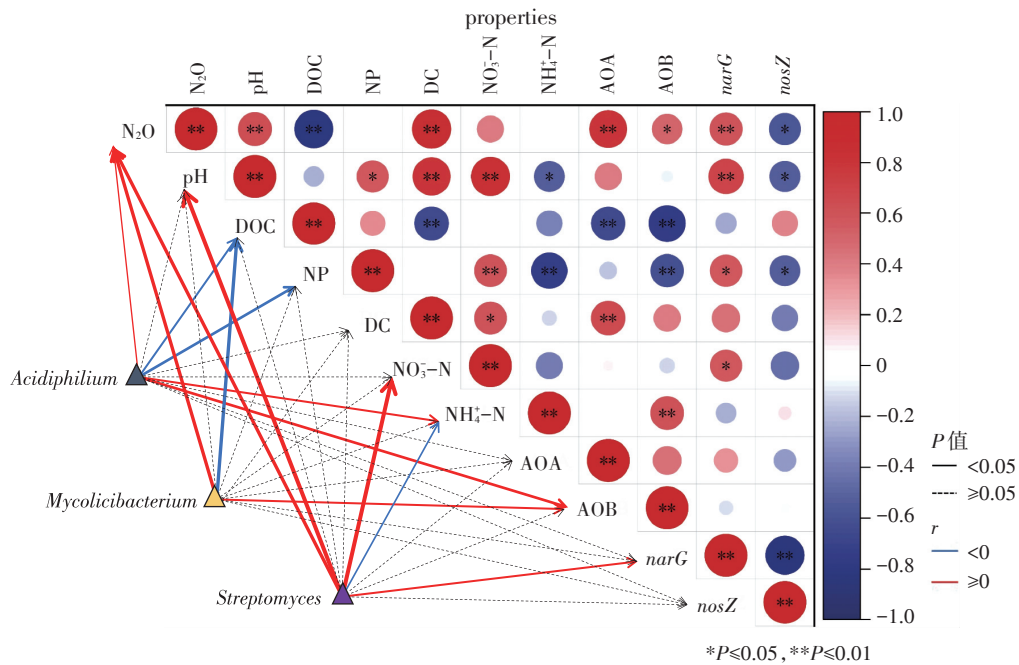


图9 N_2O 排放与 AOA、AOB 及功能基因 *narG*、*nosZ* 丰度、群落结构、土壤理化性状之间的相关性

Figure 9 Correlation between N_2O emission and AOA, AOB and functional genes *narG* and *nosZ* abundance, microbial community structure, and soil physicochemical properties

的施用显著降低了 DOC 含量和产甲烷菌 *Methanobacterium* 属相对丰度(表 2、图 6)。相关性分析表明, DOC、*Methanobacterium* 与 CH_4 排放存在显著正相关关系,故 DOC 含量和产甲烷菌 *Methanobacterium* 属相对丰度的降低是石灰降低酸性稻田 CH_4 排放的关键因素之一。在秸秆与石灰互作方面,两者配施显著增加了酸性稻田土壤 pH,且石灰的施用显著降低了秸

秆还田带来的稻田 CH_4 排放(图 2)。原因在于秸秆还田消耗土壤中的氧气,抑制了甲烷氧化菌;而石灰提高酸性土壤 pH,增加了甲烷氧化菌的活性,两者配施达到平衡效果。值得注意的是,高量石灰对 CH_4 排放的抑制作用不能完全抵消秸秆还田对其排放的激发效应,而 CH_4 作为 GWP 的主要贡献者,是导致 L2S1 处理 GWP 高于不施用秸秆和石灰处理的主要原因。因

此,在后续研究中需要进一步优化秸秆与石灰的施用比例,或配合氮素调控等策略,加强石灰对土壤pH的改良,实现减少CH₄排放与土壤改良的协同增效。

3.2 秸秆与石灰配施对N₂O的影响

秸秆还田与石灰施用对N₂O排放的影响与CH₄排放相反。本研究结果表明,秸秆还田会降低N₂O排放量33.0%~38.2%(图2),这与Wei等^[36]的研究结果一致,但与张志浩等^[37]的研究结果相反。前者研究认为秸秆还田增加土壤孔隙度和土壤氧气,改善土壤的通气情况,抑制土壤反硝化能力,从而降低N₂O排放。后者研究认为,秸秆还田增加土壤有机碳和氮素含量,为微生物提供底物和养分,从而促进N₂O排放。两者结论产生差异的原因可能在于施氮量的不同,秸秆还田下较低的施氮量有利于减少N₂O排放^[38]。本研究结果表明,秸秆还田提高土壤中有机物质的C/N,增加土壤中氮素的固定,减少反硝化过程中反应底物NO₃-N的含量。同时秸秆还田增加了*nosZ*基因丰度、降低了*narG*基因丰度。相关性分析表明,N₂O排放与*nosZ*基因丰度存在显著负相关关系,与*narG*基因丰度存在极显著正相关关系(图9),因此,秸秆还田后*nosZ*基因丰度的增加与NO₃-N含量、*narG*基因丰度的降低是降低N₂O排放的重要因素^[39-40]。从结构来看,*Acidiphilium*和*Mycolicibacterium*属丰度的减少是秸秆还田后反硝化过程N₂O降低的主要原因(图7、图9)。另外,石灰的施用促进了N₂O排放,高量石灰与低量石灰间具有显著性差异(图2)。这与Abalos等^[18]的研究结果不同,该研究表明,石灰的施用可以通过反硝化作用和促进植物生长增加N₂O的还原,从而降低N₂O的排放。本研究结果表明,石灰的施用改变了土壤的理化性质,而NH₄⁺-N和DOC的降低促进了AOA丰度增加,pH和NO₃-N的升高促进了*narG*基因丰度的增加和*nosZ*基因丰度的降低。相关性分析表明,N₂O排放与*narG*基因、AOA丰度存在极显著正相关关系,与*nosZ*基因丰度存在显著负相关关系(图9),因此,石灰可以通过改变土壤理化性质影响硝化反硝化的微生物丰度,进而促进了N₂O排放。从结构来看,*Streptomyces*属丰度的增加是石灰施用后N₂O排放增加的主要原因(图9)。在秸秆与石灰互作方面,本研究结果表明秸秆还田降低了N₂O的排放,石灰施用增加了N₂O的排放,但石灰对N₂O累积排放量的增幅小于秸秆还田对N₂O累积排放量的降幅。且与LOS0处理相比,L2S1处理N₂O累积排放量无显著性变化。以上结果说明,在秸秆还田体系中配施石灰是

一种兼具土壤改良和N₂O减排的有效措施。

3.3 秸秆与石灰配施对稻田产量、增温潜势和排放强度的影响

秸秆中富含作物生长发育所需的各种营养元素,还田后能增加土壤养分含量,提高土壤肥力,为作物高产提供良好的物质基础^[41]。但Gao等^[42]的研究结果表明秸秆还田在增加作物产量的同时,也能提高农田温室气体的排放,这与本研究结果一致。本研究结果表明秸秆还田后,水稻产量和GWP均呈增加趋势。而石灰作为一种土壤改良剂不仅能改善土壤酸化,提高水稻产量,还能减少温室气体排放^[19]。本研究结果表明,秸秆还田下,施用低量和高量石灰后水稻产量分别增加了20.5%和65.3%,这与丁武汉等^[43]的研究结果一致。同时本研究结果表明,施用石灰能够减少稻田秸秆还田后带来的温室气体的排放。秸秆还田下,施用低量和高量石灰处理的GWP较不施用石灰处理分别降低了19.2%和31.1%。GHGI是一个衡量单位产量对气候系统潜在效应的综合指标^[44]。本研究结果表明,秸秆还田后GHGI平均增加了97.1%。而石灰的施用显著降低了GHGI,在秸秆还田的条件下,低量石灰和高量石灰处理水稻GHGI分别降低了33.2%和58.7%,其中L2S1处理GHGI较LOS0处理降低了26.4%。由此可见,秸秆还田在增加水稻产量的同时增加了温室气体排放,而石灰的施用不仅能进一步增加水稻产量,还能缓解秸秆还田带来的温室气体排放效应,且在高量石灰下效果最佳。因此综合水稻产量和温室气体增温效应可以得出,秸秆还田下配施高量石灰能在增产的前提下减少温室气体增温潜势和排放强度。

4 结论

(1)在酸性稻田土壤中,秸秆还田主要通过增加土壤DOC含量,增加产甲烷菌*Methanobacterium*属的相对丰度,导致CH₄排放量增加。而石灰施用降低了土壤DOC含量,增加甲烷氧化菌*Methyloparacoccus*和*Methylomicrobium*属的相对丰度,从而抑制CH₄排放。同时秸秆还田通过降低土壤NO₃-N含量,抑制反硝化菌(*narG*基因)活性,导致N₂O排放量降低。石灰则通过增加土壤pH,促进硝化菌(AOA)活性,从而增加N₂O排放量。

(2)在强酸性稻田土壤中,秸秆还田虽能提高水稻产量,但也显著增加了GWP和GHGI。而石灰的施用不仅能改良酸性土壤、促进水稻增产,还能有效降

低秸秆还田引发的GWP和GHGI的增加,从而协同实现增产与减排的双重目标。

参考文献:

- [1] LIU J B, HOU H J, SHENG R, et al. Denitrifying communities differentially respond to flooding drying cycles in paddy soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2012, 62:155–162.
- [2] 范紫月, 齐晓波, 曾麟岚, 等. 中国农业系统近40年温室气体排放核算[J]. *生态学报*, 2022, 42(23):9470–9482. FAN Z Y, QI X B, ZENG L L, et al. Accounting of greenhouse gas emissions in the Chinese agricultural system from 1980 to 2020[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2022, 42(23):9470–9482.
- [3] 秦晓波, 王金明, 王斌, 等. 稻田甲烷排放现状、减排技术和低碳生产战略路径[J]. *气候变化研究进展*, 2023, 19(5):541–558. QIN X B, WANG J M, WANG B, et al. Status of methane emissions from paddy fields, mitigation technologies and strategic pathways for low-carbon production[J]. *Climate Change Research*, 2023, 19(5):541–558.
- [4] 冀建华, 吕真真, 刘淑珍, 等. 长期施用化肥对南方稻田土壤酸化和盐基离子损失的影响[J]. *中国农业科学*, 2024, 57(13):2599–2611. JI J H, LÜ Z Z, LIU S Z, et al. Long-term application of chemical fertilizers induces soil acidification and soil exchangeable base cation loss on paddy in southern China[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(13):2599–2611.
- [5] DU L X, ZHANG Z Y, CHEN Y Q, et al. Heterogeneous impact of soil acidification on crop yield reduction and its regulatory variables: a global Meta-analysis[J]. *Field Crops Research*, 2024, 319:109643.
- [6] 徐影, 于镇华, 李彦生, 等. 土壤酸化成因及其对农田土壤-微生物-作物系统影响的研究进展[J]. *土壤通报*, 2024, 55(2):562–572. XU Y, YU Z H, LI Y S, et al. Research progresses on soil acidification and its effects on soil-microorganism-crop systems in agricultural soil[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2024, 55(2):562–572.
- [7] 廖萍, 刘磊, 何宇轩, 等. 施石灰和秸秆还田对双季稻产量和氮素吸收的互作效应[J]. *作物学报*, 2020, 46(1):84–92. LIAO P, LIU L, HE Y X, et al. Interactive effects of liming and straw incorporation on yield and nitrogen uptake in a double rice cropping system[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(1):84–92.
- [8] 吕伟生, 肖富良, 韩德鹏, 等. 石灰对红壤稻田油菜秸秆腐解、养分释放及早稻产量的短期效应[J]. *中国稻米*, 2021, 27(6):69–73. LÜ W S, XIAO F L, HAN D P, et al. Short-term effects of lime on decomposition and nutrient release characteristics of rape-seed straw and early rice yield in red paddy field[J]. *China Rice*, 2021, 27(6):69–73.
- [9] QIAN H Y, ZHU X C, HUANG S, et al. Greenhouse gas emissions and mitigation in rice agriculture[J]. *Nature Reviews Earth & Environment*, 2023, 4(10):716–732.
- [10] 谢先芝, 刘奇华, 李新华, 等. 稻田甲烷产生与排放的影响因素及减排措施研究进展[J]. *中国水稻科学*, 2024, 38(5):475–494. XIE X Z, LIU Q H, LI X H, et al. Research progress in influencing factors of methane production and emission as well as emission reduction measures in paddy fields[J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2024, 38(5):475–494.
- [11] ZHANG J B, MÜLLER C, CAI Z C. Heterotrophic nitrification of organic N and its contribution to nitrous oxide emissions in soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 84:199–209.
- [12] 孟晗宇, 文杨, 艾力库提·艾沙, 等. 秸秆还田条件下减施氮肥影响稻田土壤氧化亚氮排放的微生物机制[J]. *应用生态学报*, 2024, 35(12):3419–3426. MENG H Y, WEN Y, EYSA A, et al. Microbial mechanism underlying the effect of nitrogen fertilizer reduction in combination with straw addition on nitrous oxide emission of paddy soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2024, 35(12):3419–3426.
- [13] HALLIN S, PHILIPPOT L, LÖFFLER F E, et al. Genomics and ecology of novel N₂O-reducing microorganisms[J]. *Trends in Microbiology*, 2018, 26(1):43–55.
- [14] DALY E J, HERNANDEZ-RAMIREZ G, CONGREVES K A, et al. Soil organic nitrogen priming to nitrous oxide: a synthesis[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2024, 189:109254.
- [15] 李心雨, 邓姣, 朱杰, 等. 秸秆还田和种植制度对长江中游稻田温室气体排放的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2024, 43(8):1915–1927. LI X Y, DENG J, ZHU J, et al. Interaction effects of straw returning and cropping systems on greenhouse gas emissions in rice fields in the middle reaches of the Yangtze River[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2024, 43(8):1915–1927.
- [16] JIANG Y, CARRIJO D, HUANG S, et al. Water management to mitigate the global warming potential of rice systems: a global Meta-analysis[J]. *Field Crops Research*, 2019, 234:47–54.
- [17] JIANG Y, LIAO P, VAN GESTEL N, et al. Lime application lowers the global warming potential of a double rice cropping system[J]. *Geoderma*, 2018, 325:1–8.
- [18] ABALOS D, LIANG Z, DÖRSCH P, et al. Trade-offs in greenhouse gas emissions across a liming-induced gradient of soil pH: role of microbial structure and functioning[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 150:108006.
- [19] TADESSE K A, ZHANG L, ZHE S, et al. Impacts of long-term chemical nitrogen fertilization on soil quality, crop yield, and greenhouse gas emissions: with insights into post-lime application responses[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 944:173827.
- [20] 王妙莹, 许旭萍, 王维奇, 等. 炉渣与生物炭施加对稻田土壤产甲烷菌群落结构的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(8):2816–2828. WANG M Y, XU X P, WANG W Q, et al. Effects of slag and biochar amendments on methanogenic community structures in paddy fields[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(8):2816–2828.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Analysis of soil agrochemicals[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [22] TAYLOR A E, ZEGLIN L H, DOOLEY S, et al. Evidence for different contributions of archaea and bacteria to the ammonia-oxidizing potential of diverse oregon soils[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, 76(23):7691–7698.
- [23] ŠIMEK M, HOPKINS D W. Regulation of potential denitrification by soil pH in long-term fertilized arable soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 30(1):41–47.

- [24] YANG Y D, WANG Z M, HU Y G, et al. Irrigation frequency alters the abundance and community structure of ammonia-oxidizing archaea and bacteria in a northern Chinese upland soil[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2017, 83:34-42.
- [25] FRANCIS C A, ROBERTS K J, BEMAN J M, et al. Ubiquity and diversity of ammonia-oxidizing archaea in water columns and sediments of the ocean[J]. *PNAS*, 2005, 102(41):14683-14688.
- [26] ROTTHAUWE J H, WITZEL K P, LIESACK W. The ammonia monooxygenase structural gene *amoA* as a functional marker: molecular fine-scale analysis of natural ammonia-oxidizing populations[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1997, 63(12):4704-4712.
- [27] LÓPEZ-GUTIÉRREZ J C, HENRY S, HALLET S, et al. Quantification of a novel group of nitrate-reducing bacteria in the environment by real-time PCR[J]. *Journal of Microbiological Methods*, 2004, 57(3):399-407.
- [28] THROBÄCK I N, ENWALL K, JARVIS Å, et al. Reassessing PCR primers targeting *nirS*, *nirK* and *nosZ* genes for community surveys of denitrifying bacteria with DGGE[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2004, 49(3):401-417.
- [29] COSTELLO A M, LIDSTROM M E. Molecular characterization of functional and phylogenetic genes from natural populations of methanotrophs in lake sediments[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65(11):5066-5074.
- [30] BARBIER B A, DZIDUCH I, LIEBNER S, et al. Methane-cycling communities in a permafrost-affected soil on Herschel Island, Western Canadian Arctic: active layer profiling of *mcrA* and *pmoA* genes[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, 82(2):287-302.
- [31] 夏龙龙, 颜晓元, 蔡祖聪. 我国农田土壤温室气体减排和有机碳固定的研究进展及展望[J]. *农业环境科学学报*, 2020, 39(4):834-841. XIA L L, YAN X Y, CAI Z C. Research progress and prospect of greenhouse gas mitigation and soil carbon sequestration in croplands of China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, 39(4):834-841.
- [32] 邓姣, 李心雨, 朱杰, 等. 秸秆还田和水旱轮作模式对稻季土壤温室气体排放的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2024, 30(2):268-278. DENG J, LI X Y, ZHU J, et al. Greenhouse gas emissions of rice season soils under different paddy-upland rotation systems[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2024, 30(2):268-278.
- [33] 逯非, 王效科, 韩冰, 等. 稻田秸秆还田: 土壤固碳与甲烷增排[J]. *应用生态学报*, 2010, 21(1):99-108. LU F, WANG X K, HAN B, et al. Straw return to rice paddy: soil carbon sequestration and increased methane emission[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(1):99-108.
- [34] WANG Y, YAO Z S, ZHAN Y, et al. Potential benefits of liming to acid soils on climate change mitigation and food security[J]. *Global Change Biology*, 2021, 27(12):2807-2821.
- [35] 黄建凤, 吴腾飞, 叶芳, 等. 有机肥与石灰配施对华南酸性土壤的改良效果[J]. *农业资源与环境学报*, 2024, 41(3):606-613. HUANG J F, WU T F, YE F, et al. Effect of organic fertilizer and lime combination on ameliorating acid soil in south China[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2024, 41(3):606-613.
- [36] WEI H H, LI Y, ZHU K, et al. The divergent role of straw return in soil O₂ dynamics elucidates its confounding effect on soil N₂O emission[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2024, 199:109620.
- [37] 张志浩, 黄禹铭, 白雨欣, 等. 氮肥和秸秆还田对夏玉米土壤氧化亚氮排放及活性氮组分的影响[J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2025, 53(1):33-44. ZHANG Z H, HUANG Y M, BAI Y X, et al. Effects of nitrogen fertilizer and straw return on nitrous oxide emission and soil reactive nitrogen fractions in summer maize field[J]. *Journal of Northwest A&F University(Natural Science Edition)*, 2025, 53(1):33-44.
- [38] 李泽毅, 马玉洁, 付鑫, 等. 秸秆还田方式配施氮肥对玉米秸秆降解特征及土壤有机碳的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2024(10):95-104. LI Z Y, MA Y J, FU X, et al. Effects of straw returning methods combined with nitrogen fertilizer on decomposition characteristics of maize straw and soil organic carbon[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2024(10):95-104.
- [39] 谢婉玉, 王永明, 纪红梅, 等. 秸秆还田种类对稻田 N₂O 排放及硝化反硝化微生物的影响[J]. *土壤*, 2022, 54(4):769-778. XIE W Y, WANG Y M, JI H M, et al. Effects of returned straw type on N₂O emission, nitrification and denitrification microorganisms from paddy field[J]. *Soils*, 2022, 54(4):769-778.
- [40] 张鹏, 吴佩聪, 单颖, 等. 秸秆还田对热带土壤-水稻种植系统 N₂O 排放的影响[J]. *华北农学报*, 2021, 36(增刊1):260-266. ZHANG P, WU P C, SHAN Y, et al. Effects of straw returning on N₂O emission under tropical soil-rice planting system[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2021, 36(Suppl 1):260-266.
- [41] 贾瑞峰, 丛日环, 徐志宇, 等. 秸秆还田技术改善土壤理化性质提高作物产量的 Meta 分析[J]. *农业工程学报*, 2025, 41(4):80-89. JIA R F, CONG R H, XU Z Y, et al. Meta analysis of straw returning technology to improve soil physicochemical properties and increase the yield of main cereal and oil crop[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2025, 41(4):80-89.
- [42] GAO Y X, SHAO Y Q, WANG J Q, et al. Effects of straw returning combined with blended controlled-release urea fertilizer on crop yields, greenhouse gas emissions, and net ecosystem economic benefits: a nine-year field trial[J]. *Journal of Environmental Management*, 2024, 356:120633.
- [43] 丁武汉, 曾科, 吴腾飞, 等. 镁硼锌配施石灰对华南双季稻产量、品质及酸化土壤改良的影响[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2025, 33(6):1146-1156. DING W H, ZENG K, WU T F, et al. Effect of magnesium, boron and zinc with lime application on grain yield, quality and improvement of acidified soils of double-cropping rice in south China[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2025, 33(6):1146-1156.
- [44] 吴茜虞, 雷宝坤, 徐卓颖, 等. 洱河流域有机肥全量替代化肥对稻田温室气体排放的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2025, 44(1):172-183. WU X Y, LEI B K, XU Z Y, et al. Effects of organic fertilizer substitution on greenhouse gas emissions in paddy fields in the Erhai watershed[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2025, 44(1):172-183.

(责任编辑:李丹)