

植物残体分解过程中微生物群落变化影响因素研究进展^①

王晓玥^{1,2}, 孙波^{1*}

(1 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008; 2 中国科学院研究生院, 北京 100049)

摘 要: 植物残体是土壤有机质的重要来源, 研究分解植物残体的微生物群落结构及其演替规律日益受到重视。本文综述了影响植物残体分解过程中微生物群落结构和功能变化的 3 个主要因素: 植物残体的性质、土壤和气候环境因素、农艺措施, 这些因素通过影响微生物本身的活性和植物残体分解过程中化学组成的变化从而导致微生物群落的变化, 同时植物残体腐解过程中微生物群落存在明显的演替现象。以上因素的影响并不是孤立的, 而是相互联系和制约的。未来针对野外田间条件下植物残体的分解过程, 仍需深入研究关键微生物群落的演替规律以及不同影响因素的交互作用机制。

关键词: 植物残体腐解; 微生物群落; 影响因素

中图分类号: S154.37

土壤中的有机质不仅是农田地力的基本要素, 也是全球碳循环中土壤碳库的重要组成部分^[1-2]。植物残体是土壤有机质的重要来源, 研究植物残体的微生物分解机制及其调控措施近年来受到广泛重视。植物以凋落物、残体和根际分泌物等形式进入土壤, 为微生物提供了生长繁殖的物质和能源, 植物残体是土壤中微生物活性的主要驱动力^[3]。在微生物的作用下, 土壤中的有机质包括植物残体矿化分解, 部分转化为植物可以吸收利用的可溶性有机物, 并逐渐形成土壤腐殖质。分解植物残体的微生物群落结构会随环境的变化和时间的推移而发生变化。本文综述了影响植物残体分解过程中微生物群落结构和功能变化的因素: 植物残体本身的性质, 土壤和气候环境因素, 农艺措施和地表植被等, 为进一步研究秸秆分解转化的微生物学机制以及调控措施提供依据。

1 植物残体

在秸秆腐解的过程中, 秸秆自身的性质对秸秆腐解的速率及微生物的群落结构和活动有重要的影响^[4]。植物残体的大小、硬度、表面性质和含水量等可能通过影响底物的可利用性从而对腐解和矿化以及微生物的群落产生影响^[5]。

1.1 植物残体化学组成

在腐解过程中, 物料化学组成的变化与分解该物料的微生物群落结构表现出一定的相关性^[6]。研究发

现含有大量 G、C 碱基的革兰氏阳性菌对分解复杂有机物起重要作用^[7], 而新鲜物料的加入则会激发革兰氏阴性菌的生长^[8-9]。另外, 可利用 C 源的减少分别与环丙烷(cyclopropane PLFA)和单烯脂肪酸(monoenoic PLFA)的含量呈负相关和正相关关系^[10-12]。同时, 不同类型植物秸秆的初步分解过程中微生物的生物量和土壤微生物的群落结构也表现出一定差异^[13-15]。对于以上现象, 学者通过对秸秆性质和微生物群落的研究试图给予解释。

植物残体的化学组成可以通过植物残体的 C/N, 纤维素、木质素等的含量粗略描述。C/N、木质素和多酚含量是影响植物残体分解速率的重要因素^[16-17], 一般来说 N 含量高, C/N 低的秸秆较 C/N 高的秸秆更容易被分解^[18-19], 秸秆的 C/N 低往往是因为秸秆含有的蛋白质等易分解物质较多, 适于符合 r 型生长模式(r-strategy)的微生物生长; 相反, C/N 高的秸秆中多酚类、木质素类物质较多, 适于符合 k 型生长模式(k-strategy)的微生物繁殖^[18,20]。通过 PLFA 的研究发现在秸秆腐解前期, cy17:0 与半纤维素、纤维素的降解有一定相关性, 而秸秆分解后期的微生物种群则主要是以 18 碳不饱和脂肪酸为生物标记的负责木质素分解的微生物^[21]。

更进一步地对植物残体结构组成进行描述则需要借助近红外光谱、核磁共振等手段。利用 NIR 和 16S rDNA 方法的研究表明由于不同种类秸秆中的蛋白质、

①基金项目: 国家科技支撑计划项目(2009BAD6B03)和国家重点基础研究发展规划项目(2011CB100506)资助。

* 通讯作者 (bsun@issas.ac.cn)

作者简介: 王晓玥(1986—), 女, 辽宁沈阳人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: xywang@issas.ac.cn

脂类、碳水化合物以及芳香族化合物的含量不同,微生物的群落结构也表现出一定差异,而且与不易分解的秸秆相比,易分解的秸秆对细菌的多样性和活性影响更大^[14]。利用 PLFA 和 ^{13}C -NMR 手段研究桉树、小麦和豌豆秸秆腐解过程中有机化合物组成和微生物群落的变化时,发现 di-O-alkyl-C 的含量对微生物的群落结构有显著影响,aryl-C 和 O-alkyl-C 分别在低 C/N 和高 C/N 条件下与微生物群落差异有相关关系^[4]。

1.2 植物残体大小

向土壤中施加植物秸秆后,植物残体的大小会影响土壤微生物的活性^[22],产生影响的原因是多种的:秸秆残体越小其比表面积越大,微生物和土壤中的酶会更容易接触到秸秆;相反体积较大的植物残体与土壤颗粒的接触较体积小,减少了微生物对其的分解作用^[23]。而且秸秆残体的大小还会影响秸秆残体与土壤之间的水分、氧气和营养元素的相互交换,致使秸秆的腐解速率及其微生物种群产生差异^[5]。研究表明秸秆残体大小对微生物种群和活性的影响受到秸秆自身生化性质和腐解阶段的影响:C/N 比低的植物残体其大小对微生物活性的影响没有 C/N 高的植物残体的影响大。而且不同种类的秸秆其大小对微生物活性的显著影响出现在秸秆腐解的不同时期:C/N 越高,体积越小的秸秆残体导致微生物活性出现峰值的时期越晚^[22]。

2 环境因素

土壤和气候等环境因素既可以直接影响微生物自身的活性和多样性的变化,又可以通过影响植物残体的腐解导致底物供给的不同来影响微生物群落结构的差异^[24]。

2.1 土壤性质

研究发现不仅不同母质和质地的土壤中微生物群落结构不同^[21],而且不同土壤中分解植物残体的微生物活性也不同。对土壤呼吸的研究表明,在初始 pH (CaCl_2) 为 5.06 的 Lancelins 沙土中秸秆上的微生物活性最高,而在初始 pH (CaCl_2) 为 3.84 的 Wodjil 底土中最低^[25]。这是因为土壤性质如 pH、质地、湿度以及养分(特别是 N)含量等影响了秸秆的腐解及秸秆表面的微生物群落结构^[25-27]。

2.1.1 pH 不同微生物其最适宜的 pH 范围不同。一般认为 pH 低(酸性环境)会导致微生物活性和植物残体腐解速率下降^[28]。酸性条件较适宜真菌生长,F/B(真菌:细菌)值较大;而中性或碱性条件较适合细菌的生长,F/B 值较小^[7]。在酸性环境中土壤呼吸随

pH 的升高(3.87 ~ 5.06)而增加,说明微生物的活性逐渐升高^[25]。分解不同凋落物的微生物群落随 pH 的变化表现出一定变化规律,pH 值从 5.2 到 4.4,PLFA 的总量逐渐减少,说明微生物量在逐渐减少,而且细菌的量也在减少,真菌的数量在 pH 4.6 时达到最大,F/B 不断增加,微生物的优势种群也在发生变化^[29]。

2.1.2 土壤质地 土壤黏粒与有机物质的结合通常减慢秸秆的降解^[30]。秸秆在粉沙质土壤中的腐解速率低于秸秆在砂质土壤中的腐解速率^[31],说明秸秆在土壤中的腐解速率与土壤中黏粒含量呈负相关^[23,30-31]。也有研究发现土壤类型(壤土和沙土)对易分解的三叶草的矿化速率没有显著影响,但对于难腐解的小麦和黑麦的矿化速率,壤土要明显高于沙土,可能是因为壤土中的真菌麦角固醇的含量、真菌细菌底物诱导呼吸比以及种群单元都高于沙土^[32]。另外,由于不同质地土壤中的微生物活性不同,其对植物残体腐解的影响及其在腐解过程中的演替也有所差异^[21,32]。

2.2 水热条件

一方面水热等气候条件直接影响了微生物的活性及其种群结构,使微生物在不同气候带上表现为不同的群落结构特征^[33-34];另一方面温度以及降雨的变化会影响植物残体的腐解速度,从而间接影响微生物的群落^[35]。

2.2.1 温度 温度升高不但可以增加微生物的活性,同时促进植物残体的降解,为微生物提供可利用的碳源。Feng 和 Simpson^[12]及 Wetterstedt 等^[36]的研究发现微生物的活性和群落结构与温度的变化存在一定关系,随温度升高,微生物生物量、土壤呼吸(微生物活性)有所上升,且革兰氏阴性菌减少,革兰氏阳性菌增加。植物残体的降解速率与温度对难分解化合物转化的影响有关^[37],温度-质量(temperature-quality)假说认为不易腐解的秸秆需要更多的反应势能,因为化学反应与温度之间的关系主要取决于反应势能,反应势能越高,反应随温度变化越明显,因此不易腐解的植物残体受温度影响更明显^[38],相应的,其中的微生物群落也将受到较大影响。然而也有一些研究结果与之相反,如 Vanhala 等^[39]的研究发现温度对易分解植物残体挪威云杉(*Picea abies*)和难分解植物残体苏格兰松(*Pinus sylvestris*)的矿化率的影响相同,并且利用 PLFA 手段研究发现气候影响了分解挪威云杉的微生物群落,而对分解苏格兰松的微生物群落的影响则没有前者显著。

2.2.2 降水量 降水会影响土壤中水分的含量,而

土壤中水分的含量对水溶性有机碳（SOC）的周转有显著影响^[40]，SOC作为一种重要的微生物易于利用的碳源，与微生物的活性和微生物生物量有正相关关系^[39]。另外，降水导致的干湿交替会影响微生物的活性，也会导致厌氧和好氧微生物群落的交替^[26,41]。研究表明，在干湿交替条件下的土壤呼吸要高于一直处于淹水条件下的土壤呼吸^[42]。Tian等^[35]的研究也表明，在较高温度（25℃）下土壤湿度较小时秸秆分解速率较大且微生物生物量碳的含量较高。

2.3 植物残体分布的位置

植物残体在土壤中分布的位置不同，其矿化速率也不同，分解它的微生物群落结构也有所区别^[43-44]。一般处于土壤表面植物残体的矿化速率要低于土体内部植物残体的矿化速率，其主要原因可能是由于土壤表面的微气候环境与土体中的相比更容易发生干湿交替而影响微生物的活性^[26]。Nicolardot等^[45]学者的研究结果显示，秸秆的分布位置甚至比秸秆类型对秸秆表面真菌群落的多样性影响更显著；对于细菌群落而言，秸秆种类对细菌群落结构的影响大于秸秆分布位置，但不显著。通过对微生物生物量的分析，还有一些学者认为真菌是置于土壤表面植物残体的主要分解者^[46-47]，细菌则是埋在土壤中植物残体的主要分解者^[46,48]。

3 农艺措施

3.1 排灌水

排水、淹水等农艺措施通过影响土壤中的水分条件影响微生物的活性。研究表明在淹水土壤中的水稻秸秆中所含的 PLFA 的量（284 μg/g ± 94 μg/g 湿重）高于未淹水中水稻秸秆的 PLFA 量（222 μg/g ± 75 μg/g 湿重）^[41]。排灌水不仅导致了分解植物残体的微生物量的差异，而且对微生物的群落结构也会产生一定影响。Tun等^[49]指出水稻秸秆在落干和灌水的条件下其微生物群落是不同的，且农闲期是否经过排水也会影响秸秆腐解的微生物群落结构。通过对置于土壤表面的水稻秸秆在排水和淹水条件下的微生物多样性时发现螺旋菌（spirochaetes）和 δ-变形菌（δ-Proteobacteria）常在淹水条件下出现，而拟杆菌（Bacteroidetes）和 γ-变形菌（γ-Proteobacteria）则是排水条件下的主要微生物种群^[50]。研究指出与水稻秸秆所放的位置（埋在耕层和置于土表）相比，排灌水对腐解水稻秸秆的微生物群落的影响更显著^[51]。

2.3.2 施肥处理

施用化肥特别是 N 肥，能够通过影响植物残体腐

解速率以及腐解过程中植物残体的化学组成来影响微生物群落结构^[52-53]；也可以通过影响环境中的 C/N 来影响微生物的活性。前者是因为 N 能够与多酚、木质素等形成复杂化合物^[54]，使易于分解此类化合物的微生物成为优势种群；后者则是由于分解有机物时，环境中的最优 C/N 为 25:1，其中微生物体的 C/N 为 5:1，其余 20 个单位的碳作为能源消耗。一般来说，植物残体的 C/N 要高于 25:1，因此 N 就成为分解植物残体微生物活性的限制因素^[55]，施用 N 肥可以促进微生物的活性。施用 N 肥会使秸秆分解早期的微生物群落发生改变^[4]，一些研究认为施用 N 肥会因为 C/N 的改变而促进 C/N 高的物质如纤维素等物料的腐解^[4,52]，也有研究则认为无机 N 的施用会降低白腐菌（木质素的主要分解菌）的活性^[56]，抑制秸秆腐解。

4 微生物群落随时间的演替

植物残体腐解过程中微生物群落存在明显的演替现象，这是因为随着腐解时间的增加，易腐解的植物物料不断减少，难腐解的化合物不断堆积，C/N 改变，可供微生物利用的碳源和营养物质减少^[20]。植物物料化学组成的改变导致分解物料的微生物群落组成也发生相应的改变。研究表明，在易腐解物料的分解和脂肪酸累积的激发下，出现在腐解早期的微生物如变形菌（Proteobacteria）生长迅速，符合 r 型生长模式（r-strategy），且偏向于分解植物残体中的易分解部分；而腐解晚期的优势种群如放线菌（Actinobacteria）更符合 k 型生长模式（k-strategy），对难分解组分的分解更重要^[20]。Wilkinson 等学者^[57]运用 PLFA 方法的研究结果表明，杉树（*Picea abies* L.）凋落物的腐解过程中的微生物群落有较为明显的随时间演变的趋势，松树样品的微生物多样性在腐解试验前期和试验中后期的差别明显，但后两个时期间的差异不显著。在研究小麦秸秆腐解对土壤微生物的影响时，Bastian 等学者^[58]发现小麦秸秆腐解早期（14 和 28 天）的细菌真菌群落结构与晚期（56 和 168 天）的不同，主要表现在放线菌（Actinobacteria）、δ-变形菌（δ-Proteobacteria）和 β-变形菌（β-Proteobacteria）的增加以及纤维杆菌（Fibrobacter）和 γ-变形菌（γ-Proteobacteria）的减少上。

5 结论及展望

在植物残体分解的过程中，微生物的种群结构和活性在各个环境因子和植物残体本身性质的影响下，随腐解的时间会表现出一定的演替规律。温度、降雨、

土壤类型等各环境因子之间及环境因子和植物残体化学组成、农艺措施之间应该是相互联系和相互制约的。因此，它们对秸秆分解微生物的群落结构和功能的影响应该是共同作用的而不是孤立的。

近年来，随着对植物残体腐解在碳循环中重要作用的关注，国内外学者对分解植物残体的微生物的研究也越来越多，然而仍然有许多方面需要加强：①分解植物残体微生物的群落结构与功能的研究。目前的研究侧重于各个影响因素对微生物群落结构的影响，或是对秸秆高温堆肥过程中某种特定微生物（如白腐菌）的研究^[59]，而对有机物降解和积累的微生物机理的研究较少。有机物在农田条件下的降解和调控是农田地力提升的重要措施，而这需要加强农田野外条件下分解植物残体的微生物群落结构与功能的研究。②现阶段的研究大部分为可控试验条件下如温室中，控制其他条件对单一可变条件如温度或湿度^[12]或两个条件如不同 pH 和 C/N^[25]进行研究，对于田间条件下，作物残体分过程中影响分解的主导因素的变化、以及不同影响因素之间的交互作用考虑较少，这方面的研究需要进一步加强。

参考文献：

- [1] Baldock J. Composition and cycling of organic carbon in soil // Marschner P, Rengel Z. Nutrient Cycling in Terrestrial Ecosystems. Leipzig: Springer, 2007: 1-35
- [2] Lal R. Enhancing crop yields in the developing countries through restoration of the soil organic carbon pool in agricultural lands. Land Degradation & Development, 2006, 17(2): 197-209
- [3] 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. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(2): 463-472
- [4] Baumann K, Marschner P, Smernik RJ, Baldock JA. Residue chemistry and microbial community structure during decomposition of eucalypt, wheat and vetch residues. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(9): 1 966-1 975
- [5] Swift M, Heal O, Anderson J. Decomposition in terrestrial ecosystems. Los Angeles: Univeristy of California Press, 1979: 157-163
- [6] Baldock JA, Oades JM, P.N.Nelson, Skene TM, Golchin A, Clarke P. Assessing the extent of decomposition of natural organic materials using solid-state ¹³C NMR spectroscopy. Australian Journal of Soil Research, 1997, 35(5): 1 061-1 084
- [7] Boer W, Folman L, Summerbell R, Boddy L. Living in a fungal world: impact of fungi on soil bacterial niche development. FEMS Microbiology Reviews, 2005, 29(4): 795-811
- [8] Griffiths B, Ritz K, Ebbelwhite N, Dobson G. Soil microbial community structure: effects of substrate loading rates. Soil Biology and Biochemistry, 1998, 31(1): 145-153
- [9] Potthoff M, Steenwerth K, Jackson L, Drenovsky R, Scow K, Joergensen R. Soil microbial community composition as affected by restoration practices in California grassland. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(7): 1 851-1 860
- [10] Zelles L, Bai Q, Beck T, Beese F. Signature fatty acids in phospholipids and lipopolysaccharides as indicators of microbial biomass and community structure in agricultural soils. Soil Biology and Biochemistry, 1992, 24(4): 317-323
- [11] Bossio DA, Scow KM. Impacts of Carbon and Flooding on Soil Microbial Communities: Phospholipid fatty acid profiles and substrate utilization patterns. Microbial Ecology, 1998, 35(3): 265-278
- [12] Feng X, Simpson MJ. Temperature and substrate controls on microbial phospholipid fatty acid composition during incubation of grassland soils contrasting in organic matter quality. Soil Biology and Biochemistry, 2009, 41(4): 804-812
- [13] Ladd JN, Amato M, Zhou LK, Schultz JE. Differential effects of rotation, plant residue and nitrogen fertilizer on microbial biomass and organic matter in an Australian alfisol. Soil Biology and Biochemistry, 1994, 26(7): 821-831
- [14] Pascault N, Cécillon L, Mathieu O, Hénault C, Sarr A, Lévêque J, Farcy P, Ranjard L, Maron PA. In Situ Dynamics of Microbial Communities during Decomposition of Wheat, Rape, and Alfalfa Residues. Microbial Ecology, 2010, 60(4): 816-828
- [15] Aneja M, Sharma S, Fleischmann F, Stich S, Heller W, Bahnweg G, Munch J, Schlöter M. Microbial Colonization of Beech and Spruce Litter—Influence of decomposition site and plant litter species on the diversity of microbial community. Microbial Ecology, 2006, 52(1): 127-135
- [16] Tian G, Brussaard L, Kang B. An index for assessing the quality of plant residues and evaluating their effects on soil and crop in the (sub-) humid tropics. Applied Soil Ecology, 1995, 2(1): 25-32
- [17] Tian G, Kang B, Brussaard L. Biological effects of plant residues with contrasting chemical compositions under humid tropical conditions--Decomposition and nutrient release. Soil Biology and Biochemistry, 1992, 24(10): 1 051-1 060
- [18] Stubbs TL, Kennedy AC, Reisenauer PE, Burns JW. Chemical composition of residue from cereal crops and cultivars in dryland ecosystems. Agron. J., 2009, 101(3): 538-545

- [19] Müller T, Magid J, Jensen LS, Nielsen NE. Decomposition of plant residues of different quality in soil--DAISY model calibration and simulation based on experimental data. *Ecological Modelling*, 2003, 166(1/2): 3-18
- [20] Junpeng Rui JP, And Yahai Lu. Succession of bacterial populations during plant residue decomposition in rice field soil. *Applied and environmental microbiology*, 2009, 75(14): 4 879-4 886
- [21] 喻曼, 曾光明, 陈耀宁, 郁红艳, 黄丹莲, 陈芙蓉. PLFA 法研究稻草固态发酵中的微生物群落结构变化. *环境科学*, 2007, 28(11): 2 063-2 068
- [22] Bending GD, Turner MK. Interaction of biochemical quality and particle size of crop residues and its effect on the microbial biomass and nitrogen dynamics following incorporation into soil. *Biology and Fertility of Soils*, 1999, 29(3): 319-327
- [23] Hassink J. The capacity of soils to preserve organic C and N by their association with clay and silt particles. *Plant and Soil*, 1997, 191(1): 77-87
- [24] Lu Y, Watanabe A, Kimura M. Carbon dynamics of rhizodeposits, root- and shoot-residues in a rice soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(9): 1 223-1 230
- [25] Xu JM, Tang C, Chen ZL. Chemical composition controls residue decomposition in soils differing in initial pH. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(3): 544-552
- [26] Coppens F, Garnier P, De Gryze S, Merckx R, Recous S. Soil moisture, carbon and nitrogen dynamics following incorporation and surface application of labelled crop residues in soil columns. *European Journal of Soil Science*, 2006, 57(6): 894-905
- [27] Jarvis S, Stockdale E, Shepherd M, Powlson D. Nitrogen mineralization in temperate agricultural soils: Processes and measurement. *Advances in Agronomy*, 1996, 57: 187-235
- [28] Motavalli P, Palm C, Parton W, Elliott E, Frey S. Soil pH and organic C dynamics in tropical forest soils: evidence from laboratory and simulation studies. *Soil Biology and Biochemistry*, 1995, 27(12): 1 589-1 599
- [29] Merilä P, Malmivaara-Lämsä M, Spetz P, Stark S, Vierikko K, Derome J, Fritze H. Soil organic matter quality as a link between microbial community structure and vegetation composition along a successional gradient in a boreal forest. *Applied Soil Ecology*, 2010, 46(2): 259-267
- [30] Merckx R, Den Hartog A, Van Veen J. Turnover of root-derived material and related microbial biomass formation in soils of different texture. *Soil Biology and Biochemistry*, 1985, 17(4): 565-569
- [31] 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. *Nutrient Cycling in Agroecosystems*, 2010, 88(3): 471-480
- [32] Henriksen T, Breland T. Carbon mineralization, fungal and bacterial growth, and enzyme activities as affected by contact between crop residues and soil. *Biology and Fertility of Soils*, 2002, 35(1): 41-48
- [33] 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. *Applied Soil Ecology*, 2009, 43(2-3): 234-240
- [34] 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
- [35] Tian G, Badejo M, Okoh A, Ishida F, Kolawole G, Hayashi Y, Salako F. Effects of residue quality and climate on plant residue decomposition and nutrient release along the transect from humid forest to Sahel of West Africa. *Biogeochemistry*, 2007, 86(2): 217-229
- [36] Wetterstedt JM, Persson T, Aagren G. Temperature sensitivity and substrate quality in soil organic matter decomposition: results of an incubation study with three substrates. *Global Change Biology*, 2010, 16(6): 1 806-1 819
- [37] Bauer J, Kirschbaum MUF, Weihermüller L, Huisman JA, Herbst M, Vereecken H. Temperature response of wheat decomposition is more complex than the common approaches of most multi-pool models. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(11): 2 780-2 786
- [38] Bosatta E, Gren G. Soil organic matter quality interpreted thermodynamically. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(13): 1 889-1 891
- [39] Vanhala P, Karhu K, Tuomi M, Bj Rkl F K, Fritze H, Liski J. Temperature sensitivity of soil organic matter decomposition in southern and northern areas of the boreal forest zone. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(7): 1 758-1 764
- [40] Thomsen IK, Schjønning P, Jensen B, Kristensen K, Christensen BT. Turnover of organic matter in differently textured soils: II. Microbial activity as influenced by soil water regimes. *Geoderma*, 1999, 89(3/4): 199-218
- [41] Kimura M, Asakawa S. Comparison of community structures of microbiota at main habitats in rice field ecosystems based on phospholipid fatty acid analysis. *Biology and Fertility of Soils*,

- 2006, 43(1): 20–29
- [42] Cosentino D, Chenu C, Le Bissonnais Y. Aggregate stability and microbial community dynamics under drying-wetting cycles in a silt loam soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 2006, 38(8): 2 053–2 062
- [43] Eusufzai MK. Decomposition of surface applied and buried residue biomass. *Geological Society of America Abstracts with Programs*, 2008, 40: 358
- [44] Curtin D, Selles F, Wang H, Campbell C, Biederbeck V. Carbon dioxide emissions and transformation of soil carbon and nitrogen during wheat straw decomposition. *Soil Science Society of America Journal*, 1998, 62(4): 1 035–1 041
- [45] Nicolardot B, Bouziri L, Bastian F, Ranjard L. A microcosm experiment to evaluate the influence of location and quality of plant residues on residue decomposition and genetic structure of soil microbial communities. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39(7): 1 631–1 644
- [46] Frey S, Elliott E, Paustian K. Bacterial and fungal abundance and biomass in conventional and no-tillage agroecosystems along two climatic gradients. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(4): 573–585
- [47] Guggenberger G, Frey S, Six J, Paustian K, Elliott E. Bacterial and fungal cell-wall residues in conventional and no-tillage agroecosystems. *Soil Science Society of America Journal*, 1999, 63(5): 1 188–1 198
- [48] Holland E, Coleman D. Litter placement effects on microbial and organic matter dynamics in an agroecosystem. *Ecology*, 1987, 68: 425–433
- [49] Tun C, Ikenaga M, Asakawa S, Kimura M. Community structure of bacteria and fungi responsible for rice straw decomposition in a paddy field estimated by PCR-RFLP analysis. *Soil Science and Plant Nutrition*, 2002, 48(6): 805–813
- [50] Asari N, Ishihara R, Nakajima Y, Kimura M, Asakawa S. Succession and phylogenetic composition of eubacterial communities in rice straw during decomposition on the surface of paddy field soil. *Soil Science & Plant Nutrition*, 2007, 53(1): 56–65
- [51] Sugano A, Tsuchimoto H, Tun C, Asakawa S, Kimura M. Succession and phylogenetic profile of eubacterial communities in rice straw incorporated into a rice field: Estimation by PCR-DGGE analysis. *Soil Science & Plant Nutrition*, 2005, 51(1): 51–60
- [52] Fog K. The effect of added nitrogen on the rate of decomposition of organic matter. *Biological Reviews*, 1988, 63(3): 433–462
- [53] Agren G, Bosatta E, Magill A. Combining theory and experiment to understand effects of inorganic nitrogen on litter decomposition. *Oecologia*, 2001, 128(1): 94–98
- [54] Kraus TEC, Zasoski RJ, Dahlgren RA, Horwath WR, Preston CM. Carbon and nitrogen dynamics in a forest soil amended with purified tannins from different plant species. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36(2): 309–321
- [55] Wang WJ, Baldock JA, Dalal RC, Moody PW. Decomposition dynamics of plant materials in relation to nitrogen availability and biochemistry determined by NMR and wet-chemical analysis. *Soil Biology and Biochemistry*, 2004, 36(12): 2 045–2 058
- [56] Leung P, Pointing S. Effect of different carbon and nitrogen regimes on Poly R decolorization by white-rot fungi. *Mycological Research*, 2002, 106(1): 86–92
- [57] 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. *Soil Biology and Biochemistry*, 2002, 34(2): 189–200
- [58] Bastian F, Bouziri L, Nicolardot B, Ranjard L. Impact of wheat straw decomposition on successional patterns of soil microbial community structure. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, 41(2): 262–275
- [59] 黄得扬, 陆文静, 王洪涛. 有机固体废物堆肥化处理的微生物学机理研究. *环境污染治理技术与设备*, 2004, 5(1): 12–18

Factors Affecting Change of Microbial Community During Plant Residue Decomposition: A Review

WANG Xiao-yue^{1,2}, SUN Bo¹

(1 *Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China;*

2 *Graduate University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China*)

Abstract: Plant residues are an important source of soil organic matter. An increasing attention has been paid on the successional pattern of microbial community structure during decomposition of plant residues. In this article, it is reviewed factors that have significant influence on the microbial community structure and function. These factors mainly include properties of plant residue, soil and climate factors and agricultural practices, which affect diversity of microbial community through influences on both activities of microbe and chemical composition changes of plant residue during its decomposition process. The impacts of these factors are not isolated, but interrelated and conditioned. In addition, microbial communities have shown obvious patterns with decomposition of residues. Furthermore, profoundly researches, especially under field conditions, are needed on successional pattern of key microbial community as well as interaction mechanism of different factors.

Key words: Plant residue decomposition, Microbial community, Influence factors