

DOI: 10.13718/j.cnki.xdzk.2015.07.001

稻田垄作免耕对紫色水稻土硝化微生物的影响^①

李仕伟, 汪小兰, 蒋先军, 谢德体

西南大学 资源环境学院, 重庆 400715

摘要: 为研究长期垄作免耕对紫色水稻土硝化微生物的影响, 以常规平作和冬水平作作为对照处理, 采用实时荧光定量 PCR 对土壤氨氧化细菌(AOB)和氨氧化古菌(AOA)的 amoA 基因拷贝数进行了测定。结果表明: 垄作免耕显著增加土壤有机质和全氮含量。垄作免耕条件下, AOB 的 amoA 基因拷贝数为 $8.3 \times 10^5 / g$ 干土, 比常规平作和冬水平作分别高 43%, 158%; AOA 的 amoA 基因拷贝数为 $4.5 \times 10^7 / g$ 干土, 比常规平作和冬水平作分别高 201%, 632%, 均具有显著性差异($p < 0.05$), 稻田垄作免耕可增加土壤中硝化微生物的数量, 对土壤中具有硝化功能的氨氧化细菌和氨氧化古菌具有积极影响。3 种耕作方式土壤中 AOA amoA 基因拷贝数均比 AOB amoA 基因拷贝数高 1~2 个数量级, AOA 可能在其中起重要作用。

关 键 词: 冬水平作; 常规平作; 垄作免耕; 氨氧化细菌; 氨氧化古菌

中图分类号: S154.3

文献标志码: A

文章编号: 1673-9868(2015)07-0001-06

土壤中的氮素矿化和硝化过程是农田生态系统中氮素循环的核心, 在提供植物生长必须营养元素方面扮演着重要角色^[1]。微生物对氨的氧化是硝化作用的第一步也是限速步骤^[2], 长期以来, 研究者普遍认为氨氧化过程主要由变形菌纲的氨氧化细菌(AOB)承担^[2-3], 因为只有细菌具备控制氨氧化过程中的关键酶—氨单加氧酶的 amoA 基因^[2-3]。然而, 近年的研究发现氨氧化古菌(AOA)拥有氨单加氧酶的全部基因, 并广泛分布于土壤、淡水和海洋环境^[4-8], 且氨氧化古菌的 amoA 基因拷贝数比氨氧化细菌更高^[5, 9-10], 意味着氨氧化古菌在硝化作用中可能起着很重要的作用。

耕作方式是人为影响土壤性质最主要的途径, 长期固定的耕作模式定向改变着土壤中微生物区系和微生物生物量^[11], 如免耕可以增加微生物数量和酶活性^[12], 真菌和细菌生物量^[13-14]。然而耕作对土壤功能微生物的影响如起硝化作用的氨氧化细菌和氨氧化古菌, 则没有太多报导。

本文研究了在长期垄作免耕, 冬水平作和常规平作条件下, 稻田中氨氧化细菌和氨氧化古菌 amoA 基因丰度的变化, 并对与 N 素转化相关的土壤性质进行了探讨, 以阐明耕作方式对硝化微生物的影响。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤采集于重庆市北碚区西南大学实验农场($106^{\circ}26' E$, $30^{\circ}26' N$), 土壤类型为侏罗系沙溪庙组灰棕紫色沙泥岩母质上发育而成的中性紫色水稻土。

1.2 试验处理

实验农场自 1990 年开始实施不同耕作制度紫色水稻土的长期定位试验, 试验地在实验前一直采用一季中稻+冬水耕作制度, 本研究共设 3 个处理: ① 冬水平作(中稻—冬水田), 按传统方法每年三犁三耙。

^① 收稿日期: 2014-02-14

基金项目: 水体污染控制与治理科技重大专项课题(2012ZX07104-003); 国家自然科学基金(编号 41271267)。

作者简介: 李仕伟(1988-), 男, 河北石家庄人, 硕士研究生, 主要从事土壤肥力与生态研究。

耙翻耕植稻,水稻收获后灌冬水;②常规平作,(中稻—油菜).按稻田传统耕作方法,淹水平作种植水稻,水稻收获后,放干田内的水翻耕种油菜,油菜收获后灌水犁耙种水稻;③垄作免耕(中稻—油菜),自1990年作垄后全年不翻不耕.作垄方法为:拉线起垄,将垄沟的土壤抱在垄埂上,垄面不宜用手抹平,尽量保持土壤结构,一垄一沟55 cm,垄顶宽25 cm,沟宽30 cm,沟深35 cm,水稻植在垄埂的两侧,每垄栽两行,每小区作5垄,水稻收获后种油菜,油菜生长期,降低垄沟水位,保持湿润,第2年油菜收获后灌水种水稻.每个小区面积为20 m²,4次重复,随机区组排列.每小区种水稻600穴.各处理的施肥量均为:尿素273.1 kg/hm²;过磷酸钙500.3 kg/hm²;氯化钾150.1 kg/hm²;油菜和水稻都是过磷酸钙作底肥1次施用,尿素底肥2/3,追肥1/3,氯化钾底肥和追肥各施1/2.

1.3 样品制备与培养

土壤样品采集于2012年5月,每个小区按“S”形取4~5个点,采取0~20 cm耕作层土壤,去除明显非土壤组分,自然风至微干,磨细,过1 mm筛,测定土壤pH值、有机质、全氮、铵态氮和硝态氮含量,测定AOA和AOB的amoA基因拷贝数.

1.4 测定方法

土壤pH用1:2.5土水比电位法测定,有机质用K₂Cr₂O₇-H₂SO₄容量法测定,全氮用开氏法测定^[15];铵态氮用靛酚蓝比色法测定,硝态氮用紫外分光光度法测定^[16];AOA和AOB采用E.Z.N.A.TM Soil DNA kit试剂盒和细胞裂解仪提取土壤总DNA,经普通PCR扩增,AOA和AOB的amoA基因丰度采用实时荧光定量PCR测定,定量PCR分析的分子标靶基因及反应程序如表1所示.反应体系为20 μL的反应体系,包括:10 μL SYBR Premix Ex TaqTM,0.8 μL引物(10 μM),2 μL DNA模板,6.4 μL的超纯水.

表1 荧光实时定量PCR扩增引物及反应条件

名称	引物序列(5'-3')	片段长度/bp	定量PCR反应程序
氨氧化细菌 AOB	amoA-1F(GGGGTTCCTACTGGTGGT)	491 bp	95 °C 30 s; 95 °C 45 s, 54 °C 45 s,
	amoA-2R(CCCCTCKGSAAAGCCTTCTTC)		72 °C 45 s, 35个循环
氨氧化古菌 AOA	Arch-amoAF(STAATGGTCTGGCTTAGACG)	635 bp	95 °C 30 s; 95 °C 30 s, 54 °C 30 s,
	Arch-amoAR(GCGGCCATCCATCTGTATGT)		72 °C 45 s, 35个循环

1.5 数据处理

利用SPSS18软件对数据进行方差分析(Fisher LSD法)和相关系数计算,并结合Microsoft Excel软件分析作图.

2 结果与分析

2.1 不同耕作方式水稻土土壤基本性质

冬水平作,常规平作和垄作免耕水稻土中与氮素转化相关的基本性质见表2.经22a长期定位实验,不同耕作方式对土壤pH值、有机质含量以及全氮含量均具有显著影响,其中垄作免耕的pH值显著低于冬水平作和常规平作($p<0.05$),冬水平作和常规平作pH值无显著性差异($p>0.05$);垄作免耕土壤中有机质和全氮含量均高于冬水平作和常规平作,相对于冬水平作和常规平作其有机质含量分别增加了32%,49%,全氮含量分别增加28%,41%,呈显著性差异($p<0.05$);而冬水平作和常规平作间有机质和全氮含量均无显著性差异.冬水平作铵态氮含量分别是常规平作和垄作免耕的1.67,2.87倍.3种耕作方式间硝态氮含量无显著性差异($p>0.05$).

表2 供试土壤基本性质

耕作方式	pH	有机质/ (g·kg ⁻¹)	全氮/ (g·kg ⁻¹)	NH ₄ ⁺ -N/ (mg N kg ⁻¹)	NO ₃ ⁻ -N/ (mg N kg ⁻¹)
冬水平作	7.20±0.07a	33.2±2.8b	1.81±0.10b	5.61±0.68a	4.91±0.90a
常规平作	7.28±0.10a	29.5±2.2b	1.65±0.10b	2.10±0.24b	2.26±0.36a
垄作免耕	6.73±0.04b	44.0±3.5a	2.32±0.15a	1.45±0.28b	3.13±0.51a

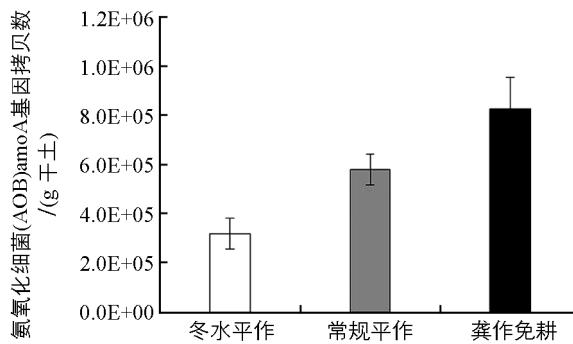
注:表中数据用平均值±标准差表示;同列中具有不同小写字母者,表示差异显著, $p<0.05$.

2.2 不同耕作方式水稻土氨氧化细菌(AOB)的变化情况

冬水平作, 常规平作和垄作免耕水稻土 AOB 的 amoA 基因拷贝数变化情况见图 1. 垄作免耕中 AOB 的 amoA 基因拷贝数(8.27×10^5 /g 干土)比冬水平作和常规平作分别高 158%, 43%. 常规平作比冬水平作 AOB amoA 基因拷贝数高 80%, 呈显著性差异($p < 0.05$); 冬水平作中 AOB 的 amoA 基因拷贝数最低, 约为 3.2×10^5 /g 干土.

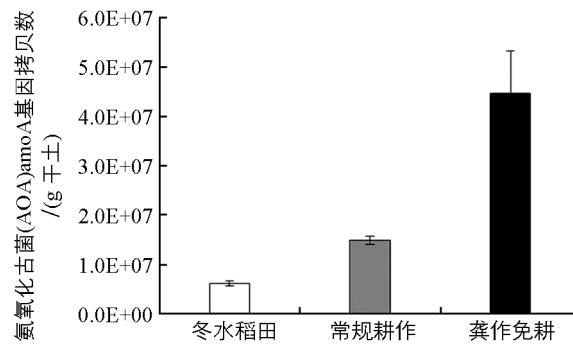
2.3 不同耕作方式水稻土中氨氧化古菌(AOA)的变化情况

不同耕作方式水稻土 AOA 的 amoA 基因拷贝数变化情况见图 2. 垄作免耕土壤 AOA 的 amoA 基因拷贝数高于冬水平作和常规平作, 呈显著性差异($p < 0.05$); 常规平作 AOA 的 amoA 基因拷贝数比冬水平作高约 143%, 但差异不显著($p > 0.05$); 冬水平作中 AOA 的 amoA 基因拷贝数最低, 约为 6.1×10^6 /g 干土.



误差线表示标准差; 小写字母表示不同耕作方式间的差异, 字母不同表示差异显著, $p < 0.05$.

图 1 不同耕作方式水稻土氨氧化细菌(AOB)的 amoA 基因拷贝数情况



误差线表示标准差; 小写字母表示不同耕作方式间的差异, 字母不同表示差异显著, $p < 0.05$.

图 2 不同耕作方式水稻土氨氧化古菌(AOA)amoA 基因丰度变化

3 讨 论

3.1 耕作对土壤基本性质的影响

本研究中测定了土壤中与氮素转化直接相关的土壤养分状况, 结果表明, 由同一种母质发育而成的水稻土在经过 22a 不同耕作处理后, 基本性质发生显著变化. 相对于冬水平作和常规平作, 垄作免耕土壤 pH 降低了约 0.5 个 pH 单位, 而有机质和全 N 含量均显著增加, 这与余沫等^[17]的研究结果相似. 一些研究发现在粉砂壤土或粉砂质粘壤土中经过 10a 或更长时间连续免耕后, pH 值降低了 0.2~0.5 个单位^[18~19]. 垄作免耕处理中, 由于其作物产量高于常规平作和冬水平作, 使得更多的植物残体还回土壤中, 使其表层积累了大量的有机质^[20]; 且土壤扰动强度和频率均较小, 减少了耕作的侵蚀和水蚀作用, 减少了大团聚体的破坏, 降低了团聚体的周转速率, 使垄作免耕条件下土壤有机碳和氮质量分数显著高于常规耕作^[21~25]. 对于常规平作和冬水平作而言, 尽管常规平作有较多的植物残渣输入, 但是其氧化还原状态转变更加频繁, 加速了有机质等的分解, 而冬水平作常年处于较稳定的淹水还原状态, 减少有机质降解, 使得常规平作与冬水平作在 pH 值, 有机质含量和全氮含量方面无显著差异, 但冬水平作铵态氮含量显著高于常规平作. 垄作免耕中高水平的有机质和全氮含量对于氮素供应和微生物生长方面具有重要的作用.

3.2 耕作对硝化微生物的影响

氨氧化细菌和古菌的丰度是对土壤进行监测的可能生物指标^[26]. 本研究中, 不同耕作方式水稻土氨氧化细菌(AOB)与氨氧化古菌(AOA)具有相似的变化模式, 垄作免耕显著增加了土壤中 AOB 和 AOA 的丰度. 3 种耕作方式中 AOA 的 amoA 基因拷贝数比 AOB 的 amoA 基因拷贝数高了至少一个数量级, 具有显著性差异, 这与前人在不同土壤中得到的结果一致^[5, 7, 27], 说明无论冬水平作、常规平作还是垄作免耕,

AOA 都可能在其中起重要作用。

不同耕作方式中, 垄作免耕 AOB 的 amoA 基因拷贝数显著高于冬水平作和常规平作。相关性分析可得 AOB 的 amoA 基因拷贝数与有机质和全氮含量有显著正相关关系(r 分别为 0.668^* , 0.688^* ; $p < 0.05$), 说明不同耕作方式 AOB 丰度的差异主要是由于有机质和全氮含量的不同^[28-31]。

垄作免耕机械扰动少, 能够保持持续稳定的土壤孔隙度以及水分供应^[17, 32], 其作物产量高于常规平作和冬水平作, 使得更多的植物残体还回土壤中^[20]; 同时少免耕有效的抑制了土壤的过度通气, 减少了土壤有机质的氧化降解, 良好的环境条件和底物供给使土壤微生物含量显著高于常规耕作^[33], 且垄作免耕土壤表层中尿酶、过氧化氢酶、转化酶和脱氢酶活性均较强, 说明其土壤微生物分解和转化物质的能力较强, 可促进土壤中碳、氮和磷的养分循环^[34], 对表层土壤微生物活性有着显著的影响, 本文的研究表明垄作免耕对土壤中具有硝化功能的 AOB 具有积极的影响。

垄作免耕土壤中 AOA 的 amoA 基因拷贝数均显著高于冬水平作与常规平作($p < 0.05$), 原因可能为: ① 土壤 pH 对 AOA 丰度有重要影响, 有研究发现^[35], AOA 丰度与土壤 pH 值呈负相关关系, 与本文研究结果一致($r = -0.763^*$, $p < 0.05$); ② 垄作免耕显著增加了土壤中有机质含量, 有机质含量与 AOA 的丰度呈正相关, Wessén 等研究发现, 随有机质含量增加, AOA 丰度增加, 很多研究者认为 AOA 或许是混合营养或者异养微生物^[7, 36-37]。垄作免耕土壤 pH, 底物供给以及外界环境等均适于 AOA 的生长。垄作免耕对土壤中具有硝化功能的 AOA 也具有积极影响。

4 结 论

中性紫色水稻土不同耕作方式中, 垄作免耕土壤氨氧化细菌(AOB)和氨氧化古菌(AOA)的丰度显著高于冬水平作和常规平作, 稻田垄作免耕能够保持良好的土壤环境, 有利于有机质和氮素累积, 对土壤中具有硝化功能氨氧化细菌和氨氧化古菌具有积极影响。3 种耕作方式中 AOA 的 amoA 基因拷贝数均比 AOB 的 amoA 基因拷贝数高一个数量级以上, 说明无论水田平作或常规平作还是垄作免耕, AOA 都可能在其中起着重要的作用。

参考文献:

- [1] 王艳杰, 邹国元, 付 桦, 等. 土壤氮素矿化研究进展 [J]. 中国农学通报, 2005, 21(10): 203—208.
- [2] ARP D J, SAYAVEDRA-SOTO L A, HOMMES N G. Molecular Biology and Biochemistry of Ammonia Oxidation by Nitrosomonas Europaea [J]. Archives of Microbiology, 2002, 178(4): 250—255.
- [3] KOOPS H P, PURKHOLD U, POMMERENING-ROSER A, et al. The Lithoautotrophic Ammonia-Oxidizing Bacteria [J]. Prokaryotes, 2006: 778—811.
- [4] VENTER J C, REMINGTON K, HEIDELBERG J F. Environmental Genome Shotgun Sequencing of the Sargasso Sea [J]. Science, 2008, 304(5667): 66—74.
- [5] LEININGER S, URICHT T, SCHLOTER M, et al. Archaea Predominate Among Ammonia-Oxidizing Prokaryotes in Soils [J]. Nature, 2006, 442(7014): 806—809.
- [6] DI H J, CAMERON K C, SHEN J P, et al. Nitrification Driven by Bacteria and Not Archaea in Nitrogen-Rich Grassland Soils [J]. Nature Geoscience, 2009, 2(9): 621—624.
- [7] JIA Z J, CONRAD R. Bacteria Rather Than Archaea Dominate Microbial Ammonia Oxidation in an Agricultural Soil [J]. Environmental Microbiology, 2009, 11(7): 1658—1671.
- [8] 汪小兰, 蒋先军, 氨氧化古菌在氮循环中作用的研究进展 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2011, 33(ZK): 89—93.
- [9] SCHLEPE C, JURGENS G, JONUSCHEIT M. Genomic Studies of Uncultivated Archaea [J], Nature Reviews Microbiology, 2005, 3(6): 479—488.
- [10] NUGROHO R A, RÖLING W F M, LAVERMAN A M, et al. Changes in Nitrification and Bacterial Community Structure Upon Cross-Inoculation of Scots Pine Forest Soils with Different Initial Nitrification Rates [J]. Soil Biology and Bio-

- chemistry, 2009, 41(2): 243—250.
- [11] 刘 玮, 蒋先军, 刘 勤. 不同利用年限土壤理化性质及微生物特征变化研究进展 [J]. 西南大学学报: 自然科学版, 2011, 33(ZK): 66—70.
- [12] 魏朝富, 高 明, 车福才, 等. 垄作免耕下稻田土壤团聚体和水热状况变化的研究 [J]. 土壤学报, 1990, 27(2): 172—177.
- [10] 罗红燕, 蒋先军, 谢德体, 等. 真菌和细菌生物量在土壤团聚体中的分布和耕作响应 [J]. 生态学报, 2009, 29(8): 4588—4594.
- [11] JIANG X J, WRIGHT A L, WANG X L, et al. Tillage-Induced Changes in Fungal and Bacterial Biomass Associated with Soil Aggregates: A Long-Term Field Study in a Subtropical Rice Soil in China [J]. Applied Soil Ecology, 2011, 48(2): 168—173.
- [15] 杨剑虹, 王成林, 代亨林. 土壤农化学分析与环境监测 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2008: 26—171.
- [16] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法 [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [17] 余 涠, 高 明, 慈 恩, 等. 不同耕作方式下土壤氮素矿化和硝化特征研究 [J]. 生态环境学报, 2010, 19(3): 733—738.
- [18] Dick W A. Organic Carbon, Nitrogen, and Phosphorus Concentrations and pH in Soil Profiles as Affected by Tillage Intensity [J]. Soil Science Society of America Journal, 1983, 47(1): 102—107.
- [19] Hickman M V. Long-Term Tillage and Crop Rotation Effects on Soil Chemical and Mineral Properties [J]. Journal of Plant Nutrition, 2002, 25(7): 1457—1470.
- [20] JIANG X J, XIE D T. Combining Ridge with No-Tillage in Lowland Rice-Based Cropping System: Long-Term Effect on Soil and Rice Yield [J]. Pedosphere, 2009, 19(4): 515—522.
- [21] 罗友进, 王子芳, 高 明, 等. 不同耕作制度对紫色水稻土活性有机质及碳库管理指数的影响 [J]. 水土保持学报, 2007, 21(5): 55—58.
- [22] 袁 飞, 冉 炜, 胡 江, 等. 变性梯度凝胶电泳法研究我国不同土壤氨氧化细菌群落组成及活性 [J]. 生态学报, 2005, 25(6): 1318—1325.
- [23] 唐晓红, 邵景安, 魏朝富, 等. 垄作免耕下紫色水稻土有机碳的分布特征 [J]. 土壤学报, 2007, 44(2): 235—243.
- [24] 高 明, 张 磊, 魏朝富, 等. 稻田长期垄作免耕对水稻产量及土壤肥力的影响研究 [J]. 植物营养与肥料学报, 2004, 10(4): 343—348.
- [25] JIANG X, HU Y, BEDELL J H, et al. Soil Organic Carbon and Nutrient Content in Aggregate-Size Fractions of a Subtropical Rice Soil Under Variable Tillage [J]. Soil Use and Management, 2010, 27(1): 28—35.
- [26] WESENN E, HALLIN S. Abundance of Archaeal and Bacterial Ammonia Oxidizers-Possible Bioindicator for Soil Monitoring [J]. Ecological Indicators, 2011, 11(6): 1696—1698.
- [27] KAREN L A, EGBERT S. Evidence that Ammonia-Oxidizing Archaea are More Abundant than Ammonia-Oxidizing Bacteria in Semiarid Soils of Northern Arizona, USA [J]. Microbial Ecology, 2008, 56(3): 420—426.
- [28] ZHANG L M, WANG M, PROSSER J I, et al. Altitude Ammonia-Oxidizing Bacteria and Archaea in Soils of Mount Everest [J]. FEMS microbiology ecology, 2009, 70(2): 208—217.
- [29] ERGUDER T H, BOON N, WITTEBOLLE L, et al. Environmental Factors Shaping the Ecological Niches of Ammonia-Oxidizing Archaea [J]. FEMS microbiology reviews, 2009, 33(5): 855—869.
- [30] WESENN E, NYBERG K, JANSSON J K, et al. Responses of Bacterial and Archaeal Ammonia Oxidizers to Soil Organic and Fertilizer Amendments Under Long-Term Management [J]. Applied Soil Ecology, 2010, 45(3): 193—200.
- [31] HUANG L, DONG H, WANG S, et al. Diversity and Abundance of Ammonia-Oxidizing Archaea and Bacteria in Diverse Chinese Paddy Soils [J]. Geomicrobiology Journal, 2014, 31(1): 12—22.
- [32] 高 明, 李阳兵, 魏朝富, 等. 稻田长期垄作免耕对土壤肥力性状的影响研究 [J]. 水土保持学报, 2005, 19(3): 29—33.
- [33] 张 彬, 何红波, 白 震, 等. 保护性耕作对土壤微生物特性和酶活性的影响 [J]. 土壤通报, 2010, 41(1): 230—235.
- [34] 高 明, 周保同, 魏朝富, 等. 不同耕作方式对稻田土壤动物、微生物及酶活性的影响研究 [J]. 应用生态学报, 2004,

15(7): 1177—1181.

- [35] NICOL G W, LEININGER S, SCHLEPER C, et al. The Influence of Soil pH on the Diversity, Abundance and Transcriptional Activity of Ammonia Oxidizing Archaea and Bacteria [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(11): 2966—2978.
- [36] HALLAM S J, KONSTANTINIDIS K T, PUTNAM N, et al. Genomic Analysis of the Uncultivated Marine Crenarchaeote Cenarchaeum symbiosum [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(48): 18296—18301.
- [37] PROSSER J I, NICOL G W. Relative Contributions of Archaea and Bacteria to Aerobic Ammonia Oxidation in the Environment [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(11): 2931—2941.

Effect of Ridge with No-Tillage on Nitrifying Microorganisms in Purple Paddy Soil

LI Shi-wei, WANG Xiao-lan, JIANG Xian-jun, XIE De-ti

School of Resources and Environment, Southwest University, Chongqing 400715, China

Abstract: Effects of long-term tillage on ammonia oxidizing bacteria (AOB) and archaea (AOA) in purple paddy soil remain unclear. In this study, conventional tillage, combination of ridge with no-tillage and flooded paddy field that have been introduced for 22 years were compared to investigate their properties and AOB and AOA amoA copy numbers. The dynamic changes of AOB and AOA abundance were determined, using real-time quantitative PCR. The results showed that 22-year practice of ridge with no-tillage significantly increased soil organic matter and total nitrogen content ($p < 0.05$). The AOB amoA copy number was 8.3×10^5 copies g^{-1} dry soil for ridge with no-tillage, 43% and 158% higher than that of conventional tillage and flooded paddy field, respectively. The AOA amoA copy number was 4.5×10^7 copies g^{-1} dry soil for ridge with no-tillage, which was significantly higher than that of conventional tillage (1.5×10^7 copies g^{-1} dry soil) and flooded paddy field (6.1×10^6 copies g^{-1} dry soil). Combination of ridge with no-tillage increased the population of nitrifiers in purple paddy soil, probably because no-tillage reduced soil disturbance and increased the content of organic matter, thus providing a good environment for AOB and AOA growth. AOA was predominant in the paddy soil in all the three soil managements, and the ratio of AOA to AOB amoA copies ranged from 10 to more than 100, indicating that AOA might be an important nitrifying microorganism in this purple paddy soil.

Key words: flooded paddy field; conventional tillage; ridge with no-tillage; ammonia oxidizing bacteria; ammonia oxidizing archaea (AOA)

责任编辑 陈绍兰

