

李 静, 蔡连贺, 刘瑞华, 等. 转双价基因棉SGK321不同秸秆还田量对土壤线虫群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2019, 38(4): 871–881.

LI Jing, CAI Lian-he, LIU Rui-hua, et al. Effect of transgenic cotton SGK321 with different amounts of straw on soil nematode communities[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2019, 38(4): 871–881.

转双价基因棉SGK321不同秸秆还田量对土壤线虫群落的影响

李 静^{1,2}, 蔡连贺^{1,2}, 刘瑞华³, 风 春⁴, 李 刚², 杨殿林², 赵建宁^{2*}

(1. 东北农业大学资源与环境学院, 哈尔滨 150030; 2. 农业农村部环境保护科研监测所, 农业农村部产地环境污染防控重点实验室/天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191; 3. 中国农业科学院棉花研究所, 河南 安阳 455000; 4. 呼和浩特第九中学, 呼和浩特 010000)

摘 要:为了更好地监测转基因作物秸秆还田对土壤生态系统的影响,通过盆栽试验研究了转双价(*Bt+CpTI*)基因棉秸秆不同还田量对土壤线虫密度、多样性以及群落结构的影响。以转双价(*Bt+CpTI*)基因棉SGK321和常规棉石远321为材料进行盆栽试验,设置5个还田量:不还田(对照)、半量还田 $1.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ($2250\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)、全量还田 $2.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ($4500\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)、1.5倍还田量 $3.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ($6750\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)、2倍还田量 $4.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ ($9000\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$),取棉花蕾期和花铃期土壤进行线虫分离鉴定,并进行数据分析。结果表明:秸秆不还田时,两个棉花品种土壤线虫密度无显著差异;秸秆还田后,SGK321土壤线虫密度仅在蕾期 $3.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理时高于石远321,存在显著差异,其他处理无显著差异;转双价(*Bt+CpTI*)基因棉SGK321土壤中鉴定出线虫19科34属,其中食细菌性线虫(*Bacterivores*)13属,食真菌性线虫(*Fungivores*)3属,植食性线虫(*Plant-parasites*)11属,杂食/捕食性线虫(*Omnivores-predators*)7属。常规棉石远321土壤中鉴定出线虫19科37属,其中食细菌性线虫13属,食真菌性线虫3属,植食性线虫12属,杂食/捕食性线虫9属。秸秆还田增加了食细菌性线虫的丰度,秸秆还田量超过 $3.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 就会抑制植食性线虫的生长,使其丰度减小;从生态指标来看,两种棉花不同还田处理下的多样性指数(H')、线虫通路指数(NCR)均无显著差异。研究表明,转双价(*Bt+CpTI*)基因棉SGK321的种植没有改变土壤线虫的营养类群,并且土壤线虫密度也无显著差异,两种棉花不同还田处理下的多样性指数(H')、线虫通路指数(NCR)也均无显著差异。秸秆还田量在一定范围内会使土壤线虫增多,增加丰富度。多因素方差分析表明,相对于品种的影响,棉花生育期和秸秆还田量对线虫群落的影响更显著。

关键词:转双价(*Bt+CpTI*)基因棉;秸秆还田;土壤线虫;营养类群;生态指数

中图分类号:S154.1 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2019)04-0871-11 doi:10.11654/jaes.2018-1034

Effect of transgenic cotton SGK321 with different amounts of straw on soil nematode communities

LI Jing^{1,2}, CAI Lian-he^{1,2}, LIU Rui-hua³, FENG Chun⁴, LI Gang², YANG Dian-lin², ZHAO Jian-ning^{2*}

(1. College of Resources and Environment, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China; 2. Agro-Environmental Protection Institute, Ministry of Agriculture and Rural Affairs; Key Laboratory of Original Agro-Environmental Quality of Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Tianjin Key Laboratory of Agro-Environmental and Agro-product Safety, Tianjin 300191, China; 3. Institute of Cotton Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Anyang 455000, China; 4. Hohhot Ninth Middle School, Hohhot 010000, China)

Abstract: In order to better monitor the impact of transgenic crop straw returning on soil ecosystems, we carried on the plot experiment to study the effects of different transgenic (*Bt+CpTI*) cotton straws on soil nematode density, diversity and community structure. We used the transgenic (*Bt+CpTI*) cotton SGK321 and non-transgenic parental cotton Shiyuan 321, with five straw-returning amount, which was set as control (0), half-returning ($1.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$), total returning ($2.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$), 1.5 times returning ($3.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) and 2 times returning ($4.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$).

收稿日期:2018-08-13 录用日期:2018-11-02

作者简介:李 静(1992—),女,黑龙江齐齐哈尔人,硕士研究生,主要从事转基因作物环境安全评价研究。E-mail:lijing10061@163.com

*通信作者:赵建宁 E-mail:zhaojn2008@163.com

基金项目:国家科技重大专项(2016ZX08012005-005)

Project supported: The National Science and Technology Major Project of the Ministry of Science and Technology of China (2016ZX08012005-005)

Soil samples were collected at budding stage and flowering and boll-forming stages for identification of nematodes. The results showed that there was no significant difference in soil nematode density between these two cotton varieties without straw return. After the returning of straw, the density of soil nematode in SGK321 was significantly higher than that in non-transgenic cotton under the treatment of 1.5 times returning at bud stage, but no significant difference was observed in other treatments at both stages. A total of 34 nematode genera were identified in the soil of transgenic (*Bt+CpTI*) cotton SGK321, including 13 genera of *Bacterivores*, 3 genera of *Fungivores*, 11 genera of *Plant-parasitic* nematodes and 7 genera of *Omnivores-predators*. Also 37 genera were present in the soil of non-transgenic cotton, including 13 genera of *Bacterivores*, 3 genera of *Fungivores*, 12 genera of *Plant-parasitic* nematodes and 9 genera of *Omnivores-predators*. Straw returning increased the abundance of *Bacterivores*, yet the amount of straw returning with more than $3.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ would inhibit the growth and abundance of herbivorous nematodes. This study showed that the planting of transgenic (*Bt+CpTI*) cotton did not change the nutritional group, and the ecological index analysis indicated that there was no significant difference in soil nematodes in terms of Shannon-Wiener Index (H') and Nematode Channel Ratio (*NCR*) between these two cotton varieties under different treatments. Overall, the amount of straw returning to the field, can increase the abundance of soil nematodes. Multivariate analysis showed that the cotton growth period and the amount of straw returning to field had much more significant effect on the nematode community than the cotton variety.

Keywords: transgenic (*Bt+CpTI*) cotton; straw returning amount; soil nematode; trophic groups; ecological index

全球转基因作物种植面积不断扩大,已经从1996年的170万 hm^2 上升至2017年的1.898亿 hm^2 ^[1]。棉花是全球主要经济、纤维作物之一,2018年,我国转基因棉花的种植面积约300万 hm^2 ,占全国棉花播种总面积的80%以上,是我国种植面积最大的转基因作物。但转基因作物在为社会带来巨大经济效益的同时,其潜在的生态环境安全风险也被越来越多的人所关注^[2-3]。

土壤线虫是地球上数量丰富的后生动物之一,在维持土壤生态系统稳定、促进物质循环和能量流动等方面发挥着重要作用^[4],常被作为监测农业管理措施干扰和评价土壤环境质量的重要指示生物^[5-7]。转*Bt*作物的目的基因可以通过花粉、秸秆还田、根系分泌等方式进入土壤^[8-9],会大幅增加土壤中*Bt*蛋白的含量^[10-12],进而可能会对土壤动物如土壤线虫产生影响。段杉^[13]研究发现,SGK321与石远321相比在蕾期和吐絮期的线虫数量存在显著差异,但其他一些研究并未发现转*Bt*棉花对土壤线虫群落有显著影响^[14-16]。对转*Bt*基因玉米MON810的研究表明,其土壤线虫密度显著高于常规玉米^[17]。Gu等^[18]研究发现秸秆还田对总丰度无显著影响,但随着秸秆还田量的增加,食细菌性线虫丰度逐渐增高,杂食性线虫丰度逐渐减少。有研究发现,秸秆还田后土壤食细菌性线虫、食真菌性线虫和有较高*c-p*值的杂食/捕食性线虫数量增加,而植食性线虫数量降低^[19-20]。牟文雅等^[21]研究发现秸秆对线虫数量及物种数有一定影响,可改变线虫群落组成。国内外已有很多文献报道了转基因作物对土壤线虫群落结构的影响和传统作物秸秆还田对土壤线虫群落结构的影响。秸秆还田是现代农业

生产过程中的一项重要技术,还田后的秸秆腐解对于促进作物生长、改善和提高土壤质量具有重要作用。因此研究转基因棉花秸秆还田腐解后对土壤线虫群落结构的影响具有十分重要的意义。

本研究以转双价(*Bt+CpTI*)基因棉SGK321及其常规棉石远321为对象,比较不同棉花秸秆还田量下、不同生育期中两种棉花土壤线虫密度及其群落的动态变化情况,探讨转双价(*Bt+CpTI*)基因棉秸秆还田对土壤线虫群落结构的影响,以期深入了解转基因棉对土壤生态环境的影响和构建转基因棉生态安全监测指标,为转基因棉种植的土壤生态安全性评价提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试棉花品种为转双价(*Bt+CpTI*)基因棉SGK321及其常规棉石远321(简称SGK321和石远321),均由中国农业科学院植物保护研究所提供。

供试花盆上口直径20 cm、底部直径16 cm、高23 cm。供试土壤为潮土,取自天津市武清区常规农田土壤,其基本理化性质:全磷含量 $0.79 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,全氮含量 $0.63 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,有机质含量 $18 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,pH 8.24。每盆装过2 mm筛后充分混匀的干基土5.6 kg,为模拟正常土壤温度,将花盆埋入土壤中,埋深15 cm。

1.2 试验设计

试验在农业农村部环境保护科研监测所(天津市南开区,39°5'8.28"N,117°8'39.12"E)网室内进行。试验区属温带大陆性季风气候,年均气温和年均降水量分别为15℃和600 mm。该试验是不完全随机区

组实验,设置5个还田梯度,按照土层厚度换算而来。每公顷0~20 cm耕层土壤约有 2.25×10^6 kg,还田梯度分别为0、2250、4500、6750 kg·hm⁻²和9000 kg·hm⁻²,分别代表不还田、半量还田、全量还田、1.5倍还田量和2倍还田量。换算成盆栽试验的还田梯度为0(对照)、1.0、2.0、3.0 g·kg⁻¹和4.0 g·kg⁻¹。试验所用秸秆为SGK321和石远321的秸秆,用粉碎机粉碎后过20目筛,按照试验设置分别与土壤均匀混合,用于转基因棉花SGK321及其常规棉石远321棉花的种植。每个还田处理设有4个重复,每个重复5盆,共200盆盆栽。于2015年4月24日播种,每盆放置6粒棉花种子,待出苗后定苗至每盆2株,日常管理过程中不喷洒农药。分别于播种后60 d(蕾期)和90 d(花铃期)两个时期进行土壤样品采集。

1.3 土壤样品的采集

去除花盆表面杂草和落叶,用土钻取距离棉花主茎2 cm的土壤,深度15 cm,每盆取2钻,5盆混为一个样品。样品混匀后除去植物根系、残渣等,放入自封袋带回实验室,于4℃保存,并在两周内完成线虫分离。

1.4 线虫的分离与鉴定

土壤线虫分离采用Baermann浅盘法^[22]:从采集的混匀土壤中取出50 g鲜土,在25℃的环境下静止分离48 h,分离后的土壤浸出液用500目筛过滤,将分离出的线虫经60℃水浴杀死后,保存于4%的福尔马林溶液中^[23]。根据土壤的含水量,折合成每100 g干土土壤线虫密度,然后每个样品根据镜检法^[24]随机选取100条线虫,使用Nikon公司生产的TS100荧光侧置显微镜进行鉴定。如果样品中线虫不足100条,则所有样品都要鉴定。根据土壤线虫的头部形态学特征,将线虫划分为植食性线虫(*Plant-parasites*)、食细菌性线虫(*Bacterivores*)、食真菌性线虫(*Fungivores*)和杂食/捕食性线虫(*Omnivores-predators*)等4个营养类群;并根据线虫的食性和生活策略(r-策略和k-策略)将不同线虫类群赋予1~5的c-p值^[25]。

1.5 线虫生态指标分析

研究采用生态学评价指数:

(1)Shannon-Wiener多样性指数: $H' = -\sum P_i \ln P_i$, $P_i = n_i/N$ 。式中 P_i 为样品中属于第*i*种的个体的比例; n_i 为第*i*类群的个体数; N 为所有类群的个体总数^[26]。

(2)Pielou均匀度指数: $J = H'/\ln S$ 。式中 H' 为Shannon-Wiener多样性指数; S 为鉴定分类单元的数目^[27]。

(3)Margalef丰富度指数: $SR = (S-1)/\ln N$ 。式中 S 为鉴定分类单元的数目; N 为鉴定的线虫个体数^[28]。

(4)线虫通路指数: $NCR = NB/(NB+NF)$ 。式中 NB 指食细菌性线虫的土壤线虫密度; NF 指食真菌性线虫的土壤线虫密度^[29]。

(5)瓦斯乐斯卡指数: $WI = (NF+NB)/NPP$ 。式中 NF 和 NB 同上; NPP 为植食性线虫密度^[30]。

(6)自由生活线虫成熟度指数: $MI = \sum (v_i \times f_i)$ 。式中 v_i 为自由生活线虫的c-p值; f_i 为第*i*种线虫的个体数占自由生活线虫的比例^[31]。

1.6 数据分析

数据分析采用SPSS软件(16.0版,SPSS Inc.),采用 T 检验分析转基因棉与常规棉之间的差异,不同还田处理与不同生育期生态指数差异采用单因子方差分析法(One-way ANOVA),品种、秸秆还田量和生育期之间的交互作用采用多因子方差分析法(Three-way ANOVA),处理组间显著检验采用Duncan法。

2 结果与分析

2.1 土壤线虫密度

SGK321土壤线虫密度仅在蕾期3.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于石远321($P < 0.05$),其他处理差异不显著(图1)。不还田时,两个时期SGK321土壤线虫密度均低于石远321,但无显著差异。

如图1所示,蕾期,随着秸秆还田量的增加,石远321土壤线虫密度逐渐增加,在4.0 g·kg⁻¹还田处理时密度达到最大值。SGK321土壤线虫密度在3.0 g·kg⁻¹还田处理时达到最大值,且秸秆还田后土壤线虫密度均高于不还田处理。花铃期,随着秸秆还田量的增加,石远321和SGK321土壤线虫密度均逐渐增加,在4.0 g·kg⁻¹还田处理时密度达到最大值,同时SGK321的线虫密度均高于石远321,但无显著差异。

花铃期土壤线虫密度相比于蕾期,石远321土壤线虫密度在0、2.0 g·kg⁻¹处理中减少,其他处理中增加;SGK321土壤线虫密度在3.0 g·kg⁻¹还田处理中减少,其他处理中增加。

2.2 土壤线虫群落组成

如表1和表2所示,SGK321两个时期共鉴定出土壤线虫19科34属,其中食细菌性线虫13属,食真菌性线虫3属,植食性线虫11属,杂食/捕食性线虫7属。石远321两个时期共鉴定出土壤线虫19科37属,其中食细菌性线虫13属,食真菌性线虫3属,植食性线

虫12属,杂食/捕食性线虫9属。SGK321和石远321的优势属均是螺旋属 *Helicotylenchus*,其中SGK321土壤中螺旋属在蕾期 $2.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 与 1.0 、 3.0 、 $4.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理之间存在显著差异 ($P < 0.05$)。石远321土壤中螺旋属在花铃期 $4.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 与 1.0 、 $2.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理之间存在显著差异 ($P < 0.05$)。

蕾期,拟丽突属 *Acrobeloides*、原杆属 *Protorhabditis* 等6属在两个棉花品种各还田处理之间均存在显著差异 ($P < 0.05$); SGK321土壤线虫中茎属 *Ditylenchus*、垫刃属 *Tylenchus*、异皮属 *Heterodera*、锉齿属 *Mylonchulus* 等10属在各还田处理之间存在显著差异 ($P < 0.05$),石远321土壤线虫中孔咽属 *Aporcelaimus*、真矛线属 *Eudorylaimus* 等7属在各还田处理之间存在显著差异 ($P < 0.05$)。花铃期,鹿角唇属 *Cervidellus*、茎属等5属在两个棉花品种各还田处理之间均存在显

著差异 ($P < 0.05$); SGK321土壤线虫中丝尾垫刃属 *Filenchus* 和原杆属在各还田处理之间存在显著差异 ($P < 0.05$); 石远321土壤线虫中棱咽属 *Prismatolaimus*、矮化属 *Tylenchorhynchus* 等10属在各还田处理之间存在显著差异 ($P < 0.05$)。石远321土壤线虫中拟丽突属、棱咽属和矮化属等5属在两个生育期各还田处理中均存在显著差异 ($P < 0.05$); SGK321土壤线虫中丝尾垫刃属、原杆属、鹿角唇属、垫刃属和茎属在两个生育期各还田处理中均存在显著差异 ($P < 0.05$)。

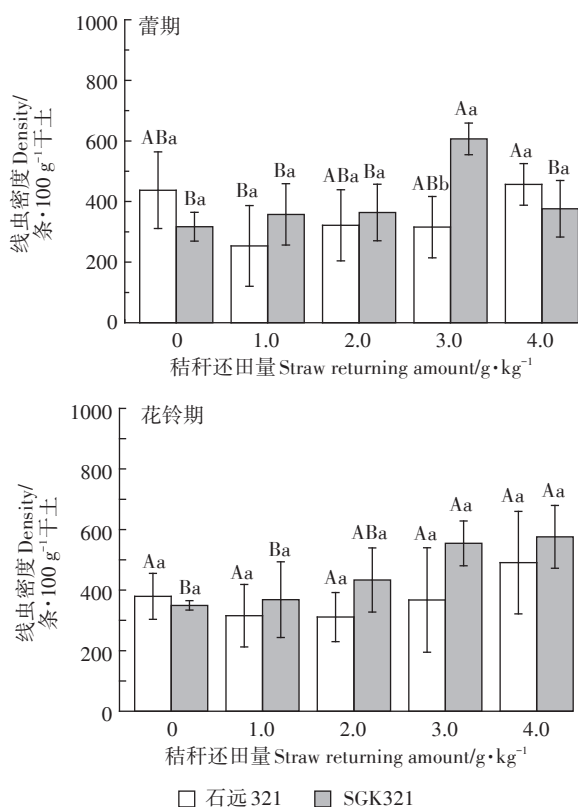
与不还田相比,三等齿属 *Pucephalobus*、丽突属 *Acrobeles* 等11属只出现在秸秆还田处理中。其中剑属 *Xiphinema*、三等齿属 *Pucephalobus*、微矛线属 *Microdorylaimus*、前矛线属 *Prodorylaimus* 仅出现在石远321的还田处理中(表1),丽突属仅出现在SGK321的 $4.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理中(表2),其他属分布在两个时期的不同还田处理中。

2.3 土壤线虫的营养类群结构

SGK321和石远321土壤线虫在采样的两个生育期均以食细菌性线虫(蕾期: $27.07\% \sim 39.93\%$; 花铃期: $32.73\% \sim 52.7\%$)和植食性线虫(蕾期: $25.63\% \sim 55.03\%$; 花铃期: $14.98\% \sim 42.89\%$)为主要营养类群(图2)。不还田时,蕾期SGK321中食细菌性和食真菌性线虫丰度高于石远321,杂食/捕食性和植食性线虫丰度低于石远321;花铃期SGK321中杂食/捕食性线虫丰度显著高于石远321 ($P < 0.05$)。

蕾期,在 $2.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理时,除石远321土壤中食细菌性线虫丰度显著高于SGK321 ($P < 0.05$),食真菌性线虫丰度高于SGK321,但无显著差异外,其他处理SGK321土壤中食细菌性和食真菌性线虫丰度均高于石远321,但无显著差异;两种棉花土壤中食细菌性和食真菌性线虫在不同秸秆还田处理间均无显著差异。SGK321的植食性线虫丰度在 $2.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理时显著高于石远321 ($P < 0.05$); 石远321土壤中植食性线虫丰度在不还田时显著高于 $3.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $4.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理 ($P < 0.05$); SGK321土壤中植食性线虫丰度在秸秆还田后各处理间均存在显著差异 ($P < 0.05$)。石远321中杂食/捕食性线虫丰度均高于SGK321,但无显著差异,两种棉花不同秸秆还田处理间也均无显著差异。

花铃期,除 $2.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理外,石远321的食细菌性线虫丰度均高于SGK321,且在 $4.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 还田处理时存在显著差异 ($P < 0.05$); 石远321土壤中食细



不同小写字母表示不同棉花品种在同一还田处理之间差异显著 ($P < 0.05$); 不同大写字母表示同一棉花品种在不同还田处理之间差异显著 ($P < 0.05$)。下同

Different lowercase letters indicate significant difference between different cotton varieties in the same returning treatment ($P < 0.05$); Different capital letters indicate significant difference between different returning treatments in the same cotton variety ($P < 0.05$). The same below

图1 蕾期和花铃期不同还田处理土壤线虫密度

Figure 1 The density of nematodes under different treatments at budding stage and flowering and boll-forming stages

表1 蕾期不同还田处理土壤线虫的优势度

Table 1 The dominance of soil nematodes under different treatments at budding stage

线虫类群	<i>c-p</i>	0 g·kg ⁻¹		1.0 g·kg ⁻¹		2.0 g·kg ⁻¹		3.0 g·kg ⁻¹		4.0 g·kg ⁻¹	
		石远 321	SGK321	石远 321	SGK321	石远 321	SGK321	石远 321	SGK321	石远 321	SGK 321
Ba		27.07	27.4	36.07	39.45	39.94	31.86	39.93	45.06	36.82	38.42
真头叶属 <i>Eucephalobus</i>	2	3.59	3.73	7.08	3.37	4.09	3.88	2.47	5.27	3.04	6.03
头叶属 <i>Cephalobus</i>	2	2.1	1.31	1.79	1.99	1.18	0.88	2.19	0.43	1.19	1.32
拟丽突属 <i>Acrobeloides</i>	2	8.54b	11.2B	11.5ab	20.8AB	14.7ab	14.5B	16.9ab	28.9A	21.5a	20.7AB
鹿角唇属 <i>Cervidellus</i>	2	0.22	1.32A	0	0.64AB	1	0.29B	0.82	0B	0.31	0B
板唇属 <i>Chiloplacus</i>	2	4.42b	3.18	10.7ab	5.15	12.7a	3	10.5ab	4.79	5.31b	3.8
原杆属 <i>Protorhabditis</i>	1	0.26b	0.18B	3.89a	1.21AB	1.47ab	0B	1.15ab	1.75AB	0.49b	2.28A
中杆属 <i>Mesorhabditis</i>	1	0b	0.56	0b	1.54	1.45a	2.34	0b	0.22	0b	0.59
小杆属 <i>Rhabditis</i>	1	4.29	1.22AB	1.11	4.01A	2.61	3.55A	4.96	0.44B	2.01	2.25AB
三等齿属 <i>Pucephalobus</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0.17	0
单宫属 <i>Monhystera</i>	1	1.27	2.13A	0	0.33B	0.42	1.75AB	0.21	1.08AB	0.62	0.14B
棱咽属 <i>Prismatolaimus</i>	3	1.2a	1.37A	0b	0.41B	0.32ab	1.21A	0.18ab	0.44B	1.22a	0.72AB
无咽属 <i>Alaimus</i>	4	0	0.24	0	0	0	0	0	0.22	0	0
绕线属 <i>Plectus</i>	2	1.18	0.96AB	0	0B	0	0.46B	0.55	1.52A	0.96	0.59AB
Fu		8.7	11.71	7.23	12.76	5.03	3.84	8.94	10.93	8.18	9.25
滑刃属 <i>Aphelenchoides</i>	2	0.79b	1.81	1.92ab	2.23	1.81ab	1.04	3.65ab	1.31	4.76a	3.84
真滑刃属 <i>Aphelenchus</i>	2	7.24a	8.72	5.31ab	10.1	3.22b	2.51	5.08ab	8.32	3.42b	5.25
茎属 <i>Ditylenchus</i>	2	0.67	1.18A	0	0.43B	0	0.29B	0.21	1.3A	0	0.16B
Pp		53.8	51.46	42.61	39.95	41.23	55.03	39.56	35.63	39.79	42.18
螺旋属 <i>Helicotylenchus</i>	3	38.2	37.5AB	37.43	29BC	36.5	43.9A	28.2	20.8C	27.3	30.1BC
垫刃属 <i>Tylenchus</i>	2	1.01	0.57B	0	0B	0.17	0.58B	0	1.31A	1.09	0B
丝尾垫刃属 <i>Filenchus</i>	2	0.26b	0.15AB	0b	0.21AB	0b	0.58A	0b	0B	0.93a	0.14AB
裸矛属 <i>Psilenchus</i>	2	0.22	0	0	0.17	0	0	0	0.22	0.31	0
散香属 <i>Boleodorus</i>	2	7.76	8.94	3.39	7.15	4.33	6.43	5.38	9.14	4.29	6.62
伪垫刃属 <i>Nothotylenchus</i>	2	0.83ab	0.48	0.98ab	0.5	0b	0.58	2.67a	1.31	2.27a	0.6
矮化属 <i>Tylenchorhynchus</i>	3	2.59a	1.31A	0.81ab	1.44A	0b	0B	0.64ab	0.22B	0.79ab	1.17AB
短体属 <i>Pratylenchus</i>	3	2.93a	2.18AB	0b	1.21B	0.23b	2.38A	1.61ab	1.97AB	2.2ab	1.86AB
潜根属 <i>Hirschmanniella</i>	3	0	0	0	0.27	0	0	0.21	0	0	0
短针属 <i>Brachyderus</i>	3	0	0.15	0	0	0	0	0.85	0.22	0.31	0
异皮属 <i>Heterodera</i>	3	0	0.18B	0	0B	0	0.58B	0	0.44B	0.14	1.69A
剑属 <i>Xiphinema</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0.16	0
Op		10.39	9.47	14.1	7.86	13.8	9.22	11.66	8.32	15.24	10.14
锉齿属 <i>Mylonchulus</i>	4	4.13	2.74B	4.76	2B	6.23	6.22A	5.61	2.2B	5.19	2.72B
单齿属 <i>Mononchidae</i>	4	0	0B	0.32	0B	0	0B	0	0.22A	0.15	0B
孔咽属 <i>Aporcelaimus</i>	5	0.81c	1.76	7.07a	1.16	4.4ab	1.67	1.94bc	1.97	2.37bc	1.31
真矛线属 <i>Eudorylaimus</i>	4	3.49ab	3.31	0c	2.59	1.76abc	1.04	1.4bc	1.74	3.99a	2.44
前矛线属 <i>Prodorylaimus</i>	4	0	0	0	0	0	0	0.36	0	0	0
中矛线属 <i>Mesodorylaimus</i>	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0.15	0
微矛线属 <i>Microdorylaimus</i>	4	0	0	0	0	0.46	0	0	0	0	0
拟桑尼属 <i>Thorneella</i>	4	1.96	1.66	1.46	1.94	0.56	0.29	2.35	1.97	3.39	3.67
拟矛线属 <i>Dorylaimoides</i>	4	0	0	0.49	0.17	0.39	0	0	0.22	0	0

注: Ba, 食细菌性线虫; Fu, 食真菌性线虫; Pp, 植食性线虫; Op, 杂食/捕食性线虫。不同小写字母表示石远 321 棉花不同秸秆还田量之间的差异显著 ($P<0.05$); 不同大写字母表示 SGK321 棉花不同秸秆还田量之间的差异显著 ($P<0.05$)。下同。

Notes: Ba, Bacterivores; Fu, Fungivores; Pp, Plant-parasites; Op, Omnivores-predators. Different lowercase letters indicate significant difference between different amounts of straw returning in Shiyuan321 cotton ($P<0.05$); Different capital letters indicate significant difference between different amounts of straw returning in Shiyuan321 cotton ($P<0.05$). The same below.

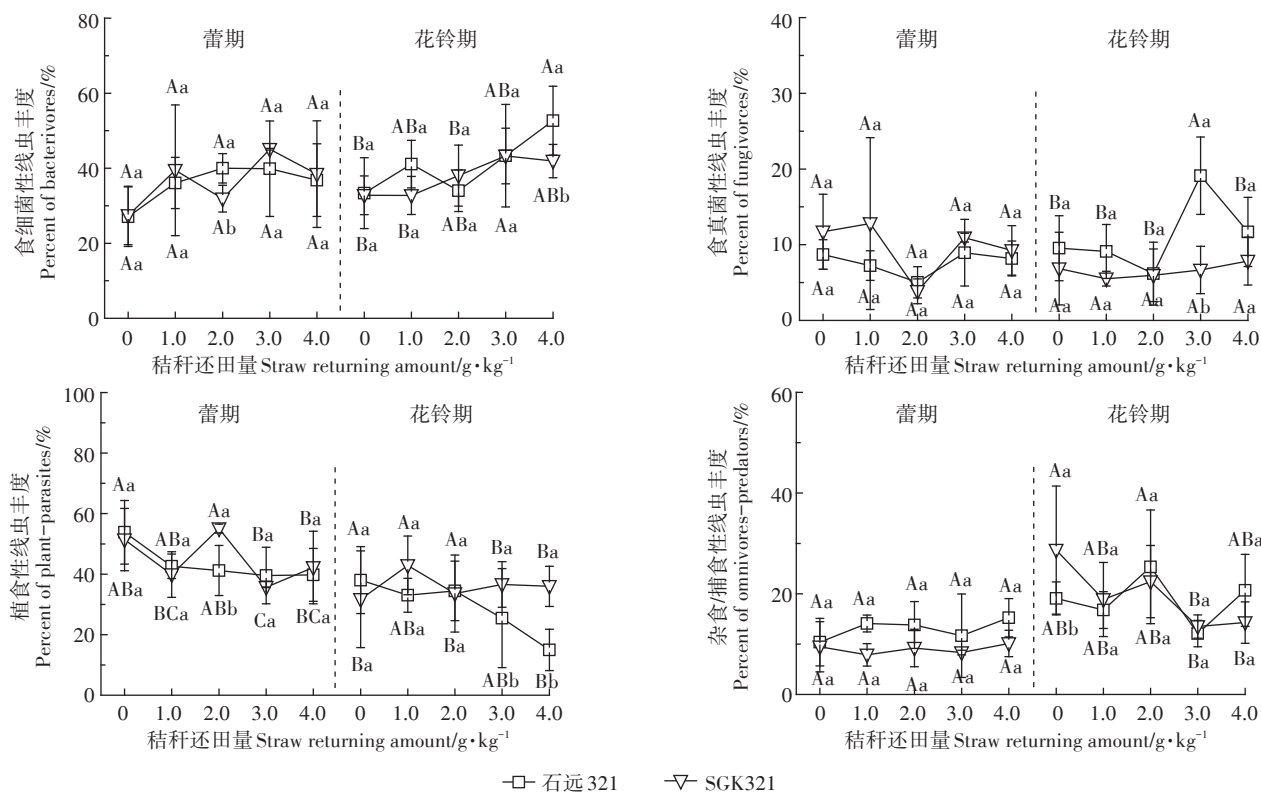
表2 花铃期不同还田处理土壤线虫的优势度

Table 2 The dominance of soil nematodes under different treatments at flowering and boll-forming stage

线虫类群	<i>c-p</i>	0 g·kg ⁻¹		1.0 g·kg ⁻¹		2.0 g·kg ⁻¹		3.0 g·kg ⁻¹		4.0 g·kg ⁻¹	
		石远321	SGK321	石远321	SGK321	石远321	SGK321	石远321	SGK321	石远321	SGK321
Ba		33.34	32.77	41.04	32.73	34.02	38.05	43.36	43.3	52.7	41.86
真头叶属 <i>Eucephalobus</i>	2	6.98	10.9	8.01	8.46	7.16	7.17	9.07	7.43	10.27	4.69
头叶属 <i>Cephalobus</i>	2	1.49ab	1.53	1.07ab	1.61	2.02a	0.86	0.35b	0.81	0.72ab	1.48
拟丽突属 <i>Acrobeloides</i>	2	6.48b	6.09C	13.7ab	8.68C	9ab	12.5BC	16a	18.1AB	11.8ab	21.3A
鹿角唇属 <i>Cervidellus</i>	2	1.67ab	2.62A	1.45ab	2.98A	2.16a	1.71AB	0.56b	0.47B	1.34ab	0.97B
板唇属 <i>Chiloplacus</i>	2	4.03	1.59	3.77	3.01	5.22	3.76	5.54	2.62	4.2	2.94
丽突属 <i>Acrobeles</i>	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0.11
原杆属 <i>Protorhabditis</i>	1	0	0B	0.31	0B	0.32	0B	0.17	0.99AB	0.39	1.71A
中杆属 <i>Mesorhabditis</i>	1	0.89ab	0.6	0.92ab	0.73	1.51a	1.85	0.69ab	1.98	0.13b	0.47
小杆属 <i>Rhabditis</i>	1	1.5	1.88	0.92	1.97	1.27	3.67	0.76	3.53	0.51	1.55
单宫属 <i>Monhystera</i>	1	2.69	1.24	1.39	1.61	2.22	1.09	2.03	1.24	1.61	1.69
棱咽属 <i>Prismatolaimus</i>	3	1.37ab	1.02	0.91ab	0.83	0.29b	0	0.52b	1.08	2.14a	1.28
无咽属 <i>Alaimus</i>	4	3.25b	3.11AB	3.82b	0.43B	1.05b	2.56AB	5.29b	3.37A	16.8a	2.06AB
绕线属 <i>Plectus</i>	2	2.99	2.19	4.77	2.42	1.8	2.88	2.38	1.68	2.79	1.61
Fu		9.54	6.85	9.11	5.51	6.18	5.96	19.06	6.67	11.69	7.85
滑刃属 <i>Aphelenchoides</i>	2	0.65	0.66	1.59	1.06	0.82	0.87	2.1	0.88	1.87	1.03
真滑刃属 <i>Aphelenchus</i>	2	8.55ab	6.19	5.37b	3.96	4.57b	4	13.2a	3.14	7.92ab	5.4
茎属 <i>Ditylenchus</i>	2	0.34c	0B	2.15b	0.49AB	0.79bc	1.09AB	3.76a	2.65A	1.9bc	1.42AB
Pp		38.04	31.65	33.01	42.89	34.41	33.57	25.52	36.62	14.98	35.94
螺旋属 <i>Helicotylenchus</i>	3	20.2ab	22.4	23.9a	32.2	25.7a	25.5	14.4ab	26.6	6.68b	27.6
垫刃属 <i>Tylenchus</i>	2	0b	0B	0b	0B	0.39a	0B	0b	0.39A	0b	0B
丝尾垫刃属 <i>Filenchus</i>	2	0.22	0.92AB	0.99	1.32AB	0.75	1.85A	1.13	0.1B	0.2	0.41B
裸矛属 <i>Psilenchus</i>	2	0	0.16	0	0	0	0	0	0	0	0
散香属 <i>Boleodorus</i>	2	8.86a	6.48	3.67b	7.04	4.81ab	5.46	6.02ab	8.52	5.4ab	5.98
伪垫刃属 <i>Nothotylenchus</i>	2	0.81	0	0.15	1.05	0.32	0.46	0.64	0.14	0.72	1.19
矮化属 <i>Tylenchorhynchus</i>	2	6.29a	0.64	2.46b	0.13	1.13b	0	1.14b	0.43	0.6b	0.21
短体属 <i>Pratylenchus</i>	3	1.66	1.05	1.84	0.62	1.31	0.3	1.96	0.44	1.38	0.55
异皮属 <i>Heterodera</i>	3	0	0	0	0.53	0	0	0.23	0	0	0
Op		19.06	28.65	16.77	18.86	25.36	22.42	12.08	13.49	20.67	14.28
铗齿属 <i>Mylonchulus</i>	4	7.03ab	14.1	8.11ab	7.56	11a	9.35	1.27b	3.86	4.8ab	3.71
孔咽属 <i>Aporcelaimus</i>	5	2.95ab	7.4	1.84b	3.96	8.2a	4.22	4.1ab	3.34	4.25ab	2.4
真矛线属 <i>Eudorylaimus</i>	4	4.42	3.21	4.13	3.89	3.38	5.94	3.14	4.92	4.71	4.91
中矛线属 <i>Mesodorylaimus</i>	5	0	0	0	0.3	0	0	0	0	0	0
拟桑尼属 <i>Thorneilla</i>	4	3.82	3.94	2.69	3.02	2.78	2.91	3.57	1.37	6.4	3.26
拟矛线属 <i>Dorylaimoides</i>	4	0.84a	0	0b	0.13	0b	0	0b	0	0.51ab	0

菌性线虫丰度在 4.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于 2.0 g·kg⁻¹ 和不还田处理 ($P<0.05$); SGK321 土壤中食细菌性线虫丰度在 3.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于 1.0 g·kg⁻¹ 和不还田处理 ($P<0.05$)。石远 321 土壤中食真菌性线虫丰度均高于 SGK321, 在 3.0 g·kg⁻¹ 还田处理时存在显著差异 ($P<0.05$), 且在 3.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于其他还田处理 ($P<0.05$); SGK321 土壤中食

真菌性线虫丰度在各处理间无显著差异。除 2.0 g·kg⁻¹ 还田处理, SGK321 土壤中植食性线虫丰度均高于石远 321, 且在 3.0、4.0 g·kg⁻¹ 还田处理时存在显著差异 ($P<0.05$); 石远 321 土壤中植食性线虫丰度在 2.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于 4.0 g·kg⁻¹ 还田处理 ($P<0.05$); SGK321 土壤中植食性线虫丰度在 1.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于其他处理 ($P<0.05$)。石远 321 土



不同小写字母表示不同棉花品种在同一还田处理之间差异显著($P<0.05$);不同大写字母表示同一棉花品种不同还田处理之间差异显著($P<0.05$)
Different lowercase letters indicate significant difference between different cotton varieties in the same returning treatment ($P<0.05$); Different capital letters indicate significant difference between different returning treatment in the same cotton variety ($P<0.05$)

图2 蕾期和花铃期不同秸秆还田处理下各营养类群丰度

Figure 2 Abundance of different nutrient groups in different returning amounts at budding stage and flowering and boll-forming stage

壤中杂食/捕食性线虫丰度在1.0、3.0 g·kg⁻¹还田处理时低于SGK321,但差异不显著;石远321土壤中杂食/捕食性线虫丰度在2.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于3.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$);SGK321土壤中杂食/捕食性线虫丰度在不还田处理时显著高于3.0、4.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$)。

2.4 土壤线虫群落生态指数

SGK321的SR指数在蕾期不还田处理时显著高于石远321($P<0.05$) (表3)。石远321的J指数在蕾期3.0 g·kg⁻¹还田处理和花铃期1.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于SGK321($P<0.05$)。H'指数两品种间不存在显著性差异。石远321不同还田处理中的SR、H'指数在蕾期4.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于1.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$),J指数在各处理间均无显著差异。SGK321不同还田处理中的H'指数在蕾期3.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于2.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$),SR、J指数在各处理间均无显著差异。

MI指数^[25]是根据线虫的群落结构特征评价人类活动对线虫群落结构的影响,进而可以表明土壤环境

所受的干扰程度。石远321的MI指数在蕾期2.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于SGK321,在花铃期1.0、4.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于SGK321($P<0.05$)。蕾期不同还田处理中SGK321土壤线虫的MI指数在1.0、3.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于不还田、2.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$);花铃期石远321不同还田处理的MI指数在4.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于不还田、1.0、2.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$)。线虫的营养类群结构与土壤碎屑食物网密切相关,常用食细菌和食真菌线虫的比值(即NCR)探测土壤有机质的分解途径^[32]。SGK321的NCR指数在花铃期3.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于石远321($P<0.05$)。不同还田处理中石远321的NCR指数在蕾期2.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于不还田处理($P<0.05$);在花铃期2.0 g·kg⁻¹还田处理时显著高于3.0 g·kg⁻¹还田处理($P<0.05$)。不同还田处理中SGK321土壤线虫的NCR指数在蕾期和花铃期各秸秆还田处理间均无显著差异。WI指数用于反映土壤线虫群落组成和土壤的健康程度^[21],石远321的WI指数在蕾期2.0 g·kg⁻¹还田处理和花铃期

1.0、4.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于 SGK321 ($P<0.05$)。不同还田处理中石远 321 的 WI 指数在花铃期 4.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于 0、1.0、2.0 g·kg⁻¹ 还田处理 ($P<0.05$)。SGK321 的 WI 指数在蕾期 3.0 g·kg⁻¹ 还田处理时显著高于不还田和 2.0 g·kg⁻¹ 还田处理 ($P<0.05$)。

花铃期相比于蕾期,石远 321 中除 SR 、 NCR 指数外,其他生态指数均升高;SGK321 中除 H' 、 J 指数外,其他生态指数均降低(表 3)。

2.5 棉花品种、秸秆还田量和生育期对线虫数量及生态指标的交互效应

由表 4 可知,棉花生育期对植食性线虫和杂食/捕食性线虫数量有极显著影响;棉花品种对线虫总量和植食性线虫数量有极显著影响;棉花秸秆还田量对线虫总量、食细菌性线虫及食真菌性线虫数量有极显著影响,对杂食/捕食性线虫数量有显著影响。多因素方差分析表明:棉花品种和生育期对食真菌性和杂

食/捕食性线虫数量有显著交互效应;棉花品种和秸秆还田量对线虫总量和植食性线虫数量有极显著交互效应,对食细菌性线虫有显著交互效应。

由表 5 可知,除 NCR 外,棉花生育期对 SR 、 H' 、 J 、 MI 和 WI 指数均有极显著影响;棉花品种对 J 指数有极显著影响,对 WI 指数有显著影响;棉花秸秆还田量对 MI 、 WI 指数有极显著影响,对 SR 、 NCR 指数有显著影响。多因素方差分析表明:棉花品种和生育期对 SR 、 MI 指数有极显著交互效应,对 H' 、 NCR 、 WI 指数有显著交互效应;棉花品种和秸秆还田量对 WI 指数有显著交互效应;棉花品种、生育期和秸秆还田量对 WI 指数有显著交互效应。

3 讨论

土壤线虫因其独特的生物特性及其在土壤群落结构中的重要作用,而成为指示土壤生态系统结构和功能变化的有力工具^[33]。陈群英等^[34]连续两年的转

表 3 蕾期和花铃期不同还田处理土壤线虫的生态指数

Table 3 Ecological indicators of the soil nematode of the different treatments at budding stage and flowering and boll-forming stage

生育期 Period of growth	生态指数 Ecological indices	0 g·kg ⁻¹		1.0 g·kg ⁻¹		2.0 g·kg ⁻¹		3.0 g·kg ⁻¹		4.0 g·kg ⁻¹	
		石远 321	SGK321	石远 321	SGK321	石远 321	SGK321	石远 321	SGK321	石远 321	SGK321
蕾期 Budding stage	丰富度指数 SR	3.23± 0.22Bb	3.87± 0.38Aa	2.52± 0.41Ca	3.30± 0.60Aa	2.74± 0.10BCa	3.35± 0.71Aa	3.08± 0.46BCa	4.02± 0.55Aa	3.87± 0.52Aa	3.59± 0.61Aa
	多样性指数 H'	2.21± 0.20ABa	2.25± 0.22ABa	2.02± 0.19Ba	2.17± 0.08ABa	2.07± 0.12Ba	2.04± 0.21Ba	2.24± 0.04ABa	2.35± 0.11Aa	2.40± 0.07Aa	2.24± 0.22ABa
	均匀度指数 J	0.76± 0.07Aa	0.74± 0.08Aa	0.79± 0.02Aa	0.76± 0.05Aa	0.77± 0.06Aa	0.70± 0.02Aa	0.80± 0.04Aa	0.74± 0.03Ab	0.78± 0.02Aa	0.75± 0.04Aa
	线虫通路指数 NCR	0.74± 0.09Ba	0.70± 0.12Aa	0.83± 0.07ABa	0.74± 0.04Aa	0.89± 0.05Aa	0.90± 0.03Aa	0.82± 0.03ABa	0.80± 0.01Aa	0.81± 0.06ABa	0.78± 0.13Aa
	瓦斯乐斯卡指数 WI	0.70± 0.06Aa	0.80± 0.10BCa	1.03± 0.20Aa	1.39± 0.17ABa	1.14± 0.24Aa	0.65± 0.11Cb	1.36± 0.15Aa	1.57± 0.01Aa	1.23± 0.10Aa	1.27± 0.14ABCa
	自由生活线虫成熟 指数 MI	0.67± 0.08Aa	0.76± 0.13BCa	0.81± 0.10Aa	0.98± 0.13Aa	0.84± 0.10Aa	0.65± 0.05Cb	0.91± 0.32Aa	1.09± 0.01Aa	0.88± 0.19Aa	0.91± 0.24ABa
花铃期 Flowering and boll-forming stages	丰富度指数 SR	3.88± 0.51Aa	3.39± 0.69Aa	3.76± 0.57Aa	3.66± 0.60Aa	3.92± 0.62Aa	3.41± 0.09Aa	3.90± 0.62Aa	3.65± 0.10Aa	3.85± 0.18Aa	3.72± 0.12Aa
	多样性指数 H'	2.64± 0.17Aa	2.34± 0.22Aa	2.54± 0.17Aa	2.39± 0.16Aa	2.46± 0.22Aa	2.48± 0.20Aa	2.53± 0.14Aa	2.38± 0.09Aa	2.59± 0.23Aa	2.40± 0.12Aa
	均匀度指数 J	0.86± 0.03Aa	0.81± 0.05Aa	0.85± 0.01Aa	0.80± 0.04Ab	0.82± 0.07Aa	0.84± 0.07Aa	0.83± 0.04Aa	0.78± 0.03Aa	0.84± 0.07Aa	0.78± 0.04Aa
	线虫通路指数 NCR	0.77± 0.11Aa	0.83± 0.09Aa	0.82± 0.08ABa	0.85± 0.03Aa	0.86± 0.09Aa	0.86± 0.08Aa	0.68± 0.08Bb	0.87± 0.04Aa	0.82± 0.07ABa	0.85± 0.05Aa
	瓦斯乐斯卡指数 WI	1.26± 0.25Ba	1.82± 0.57Aa	1.56± 0.33Ba	0.95± 0.32Ab	1.27± 0.27Ba	1.48± 0.65Aa	3.44± 0.69ABa	1.46± 0.65Aa	5.69± 0.79Aa	1.44± 0.43Ab
	自由生活线虫成熟 指数 MI	0.89± 0.24BCa	0.83± 0.16Aa	1.05± 0.11BCa	0.73± 0.09Ab	0.77± 0.14Ca	0.87± 0.16Aa	1.32± 0.38ABa	1.00± 0.23Aa	1.61± 0.46Aa	1.00± 0.15Ab

注:不同小写字母表示不同棉花品种在同一还田处理之间差异显著($P<0.05$);不同大写字母表示同一棉花品种在不同还田处理间差异显著($P<0.05$)。

Notes: Different lowercase letters indicate significant difference between different cotton varieties with the same returning treatment ($P<0.05$); Different capital letters indicate significant difference between different returning treatments in the same cotton variety.

表 4 棉花品种、秸秆还田量和生育期对线虫数量的交互效应

Table 4 Interactive effects of cotton varieties, straw returning amount and growth period on the number of nematode

处理 Index	线虫总量 Total nematodes	食细菌性线虫 <i>Bacterivores</i>	食真菌性线虫 <i>Fungivores</i>	植食性线虫 <i>Plant-parasites</i>	杂食/捕食性线虫 <i>Omnivores-predatores</i>
G	0.130	0.054	0.482	0.005**	0**
V	0.004**	0.097	0.864	0.001**	0.477
S	0**	0**	0.001**	0.290	0.028*
G×V	0.418	0.808	0.014*	0.066	0.014*
G×S	0.391	0.171	0.491	0.284	0.296
V×S	0.001**	0.020*	0.727	0.001**	0.064
G×V×S	0.300	0.478	0.077	0.072	0.814

注:G.棉花生育期;V.棉花品种;S.棉花秸秆还田量。*为 $P<0.05$,影响显著;**为 $P<0.01$,影响极显著。下同。
Notes: G. cotton growth period; V. cotton variety; S. cotton straw returning amount; * at $P<0.05$ levels, significantly affected; ** at $P<0.01$ levels, extremely significantly affected. The same below.

表 5 棉花品种、秸秆还田量和生育期对线虫生态指标的交互效应

Table 5 Interactive effects of cotton varieties, straw returning amount and growth period on nematode ecological indicators

处理 Index	丰富度指数 <i>SR</i>	多样性指数 <i>H'</i>	均匀度指数 <i>J</i>	自由生活线虫成熟度指数 <i>MI</i>	线虫通路指数 <i>NCR</i>	瓦斯乐斯卡指数 <i>WI</i>
G	0**	0**	0**	0.003**	0.354	0**
V	0.900	0.087	0**	0.168	0.487	0.018*
S	0.019*	0.075	0.884	0**	0.017*	0.003**
G×V	0.001**	0.023*	0.919	0.003**	0.022*	0.011*
G×S	0.140	0.134	0.319	0.140	0.288	0.048
V×S	0.767	0.472	0.858	0.313	0.550	0.020*
G×V×S	0.328	0.386	0.356	0.129	0.568	0.010*

Bt 水稻田间种植未对土壤线虫总密度及各营养类群的线虫密度产生显著影响。本研究表明,转双价基因棉和常规棉土壤线虫密度在不还田时无显著差异,这与 Yang 等^[16]的结果一致,说明转双价基因棉花的种植对土壤线虫密度没有显著影响。秸秆还田后,两种棉花的土壤线虫密度随着秸秆还田量的增加而增加,这说明秸秆的施入,为线虫提供了更加充足的营养物质和能量来源,有利于土壤线虫的生长繁殖^[21]。

本试验中两个棉花品种,5个还田处理共鉴定出线虫19科38属。秸秆还田对螺旋属和拟丽突属等优势属影响不大,但增加线虫稀有属的数量。说明秸秆还田主要是通过影响稀有类群的数量进而影响线虫群落结构^[35]。与不还田处理相比,秸秆还田处理中出现了三等齿属、丽突属等属,表明秸秆还田增加了土壤线虫的丰富度^[21],提高了线虫多样性^[36]。

土壤线虫群落的营养类群可以有效地反映土壤线虫食物网营养级关系及能量流动途径^[29]。戚琳等^[37]发现转*Bt*水稻的田间种植增加植食性线虫丰度。但对转双价基因棉的研究未发现其改变线虫的营养类群^[16]。本研究表明,转双价基因棉的种植也没有改

变土壤线虫的营养类群结构,各处理间线虫群落组成不存在显著差异,植食性和食细菌性线虫是优势营养类群。食真菌性线虫在两个棉花品种所有处理中均属于最低的营养类群,且秸秆还田后丰度低于不还田,这可能是因为棉花秸秆木质化很强,细菌比较难以利用,真菌在分解棉花秸秆中的作用更加突出。秸秆还田后,常规棉杂食/捕食性线虫丰度增加,这说明秸秆的施用为杂食/捕食性线虫提供食物来源,增加了土壤中原生动物等的密度^[38]。

利用线虫的生态指数可以很好地反映不同秸秆还田处理间土壤线虫多样性和群落结构的差异程度^[21]。本研究表明,蕾期石远321的*SR*、*H'*指数在 $4.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 与 1.0 、 $2.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理之间存在显著差异,SGK321的*H'*指数在 $2.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 与 $3.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理之间存在显著差异,这与 Zhang 等^[39]的研究结果相同,说明秸秆还田后,多样性有一定的增加趋势,在一定还田范围内能够提高土壤线虫丰富度。但花铃期两种棉花品种之间土壤线虫*H'*、*SR*指数均没有显著差异,表明作物生育期对土壤线虫的影响大于转双价基因棉^[34]。*MI*指数越低,表明土壤环境受到干扰程

度越大^[21]。本研究中,蕾期SGK321的 MI 指数在 $3.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理与不还田、 $2.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理之间均存在显著差异,在花铃期两种棉花的 MI 指数在 3.0 、 $4.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理显著高于不还田处理,说明较高的秸秆还田量对土壤环境的影响相对更小。蕾期转双价基因棉土壤线虫的 MI 指数普遍高于常规棉,说明转双价基因棉种植对土壤线虫的干扰较小,这与杨志国等^[40]的研究结果相同。 NCR 指数值为 0 ,代表土壤有机质分解是完全依靠真菌分解途径;若 NCR 值为 1 ,则表示完全依靠细菌分解途径^[29]。 WI 指数值越大,表明土壤食微线虫丰度越高,土壤健康程度越高。本研究中, NCR 值在 $0.68\sim 0.90$ 间,均大于 0.5 ,表明各秸秆还田处理的盆栽土壤主要依靠细菌分解途径分解有机物,且 NCR 在秸秆还田条件下显著高于不还田处理,这表明秸秆还田能促进食细菌性线虫繁殖并抑制植食性线虫的生长。除蕾期 0 、 $2.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理和花铃期 $1.0\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 还田处理外, WI 值均大于 1 ,表明盆栽所用土壤健康状况普遍良好。

多因素方差分析表明,生育期对植食性线虫和杂食/捕食性线虫数量有极显著影响,说明生育期会引起土壤线虫密度的变化,这与李修强等^[41]结论一致,对线虫 SR 、 H' 、 J 、 MI 和 WI 指数有极显著影响,说明生育期对线虫群落结构组成有影响。品种对线虫总量和植食性线虫数量有极显著影响,对 J 、 WI 指数有影响,可能是由于转 Bt 作物外源基因的插入导致根系分泌物成分发生变化,进而影响线虫群落的数量和组成^[8]。秸秆还田量对线虫数量和生态指标均有一定影响,说明秸秆还田增加线虫丰度,丰富线虫种类,有利于土壤生态稳定。生育期与秸秆还田量和生育期、品种与秸秆还田量对线虫群落没有交互作用,说明对线虫数量的影响是相互抵消的。

转基因作物秸秆还田引起的土壤生态系统的变化是一个缓慢的、长期的过程,一年的盆栽试验无法得到全面的反映,需要开展长期的试验研究,以期更全面地评价转基因作物秸秆还田对土壤生态环境的影响。

4 结论

(1)转双价基因棉的种植并未改变土壤线虫的营养类群组成,两种棉花不同还田处理下的多样性指数(H')、线虫通路指数(NCR)均无显著差异。

(2)秸秆不还田时,转双价基因棉和常规棉土壤线虫密度无显著差异。秸秆还田后随着秸秆还田量

的增加,蕾期转双价基因棉土壤线虫数量先升高后降低,常规棉土壤线虫数量逐渐增加。花铃期两种棉花土壤线虫数量逐渐升高。

(3)多因素方差分析表明,生育期、品种和秸秆还田量对线虫数量和生态指数均有一定的影响,生育期与品种和品种与秸秆还田量对线虫数量和生态指数有一定的交互效应,而生育期与秸秆还田量和生育期、品种及秸秆还田量三者之间没有交互作用。

参考文献:

- [1] James C. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2018[R]. Ithaca, NY: International Service for the Acquisition of Agri-biotech Applications (ISAAA), 2018.
- [2] 陈彦君,任梦云,关 潇,等.转基因抗虫棉对根际土壤 Bt 蛋白残留和养分含量的影响[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(6): 305-307. CHEN Yan-jun, REN Meng-yun, GUAN Xiao, et al. Effects of transgenic *Bt* cotton on *Bt* protein residues and nutrient contents in rhizosphere soil[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2017, 45(6): 305-307.
- [3] Sarkar B, Patra A K, Purakayastha T J. Transgenic *Bt* cotton affects enzyme activity and nutrient availability in a sub-tropical inceptisol[J]. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 2008, 194(4): 289-296.
- [4] Neher D A. Role of nematodes in soil health and their use as indicators [J]. *Journal of Nematology*, 2001, 33(4): 161-168.
- [5] Yeates G W, Bongers T, de Goede R G, et al. Feeding habits in soil nematode families and genera: An outline for soil ecologists[J]. *Journal of Nematology*, 1993, 25(3): 315-331.
- [6] Hu C, Qi Y C. Effect of compost and chemical fertilizer on soil nematode community in a Chinese maize field[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2010, 46(3/4): 230-236.
- [7] Bulluck L, Brosius M, Evanylo G K, et al. Organic and synthetic fertility amendments influence soil microbial, physical and chemical properties on organic and conventional farms[J]. *Applied Soil Ecology*, 2002, 19(2): 147-160.
- [8] Icoz I, Stotzky G. Fate and effects of insect-resistant *Bt* crops in soil ecosystems[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2008, 40(3): 559-586.
- [9] 曾 萍,冯远娇,张婉纯,等.种植 Bt 玉米及秸秆还田后土壤中 Bt 蛋白的变化及其对土壤养分的影响[J]. 应用生态学报, 2014, 25(7): 1997-2003. ZENG Ping, FENG Yuan-jiao, ZHANG Wan-chun, et al. Change of *Bt* protein in soil after growing *Bt* corns and returning corn straws to soil and its effects on soil nutrients[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, 25(7): 1997-2003.
- [10] Shu Y H, Ma H H, Du Y, et al. The presence of *Bacillus thuringiensis* (*Bt*) protein in earthworms *Eisenia fetida* has no deleterious effects on their growth and reproduction[J]. *Chemosphere*, 2011, 85(10): 1648-1656.
- [11] Liu B, Cui J, Meng J, et al. Effects of transgenic *Bt*+*CpTI* cotton on the growth and reproduction of earthworm *Eisenia fetida*[J]. *Frontiers in Bioscience*, 2009, 14: 4008-4014.
- [12] Liu B, Wang L, Zeng Q, et al. Assessing effects of transgenic Cry1Ac cotton on the earthworm *Eisenia fetida*[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2009, 41: 1841-1846.
- [13] 段 杉.转基因抗虫棉对根区土壤真菌和线虫影响的初步研究

- [D]. 北京:北京林业大学, 2008.
- DUAN Shan. Preliminary study on the effect of transgenic insect-resistant cotton on fungi and nematodes in root soil[D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2008.
- [14] 风 春, 李 刚, 修伟明, 等. 复合性状转双价基因棉花对土壤线虫多样性的影响[J]. 棉花学报, 2015, 27(3): 268-274.
- FENG Chun, LI Gang, XIU Wei-ming, et al. Effects of genetically modified stacked cottons on diversity of soil nematodes[J]. *Cotton Science*, 2015, 27(3): 268-274.
- [15] Li X G, Liu B. A 2-year field study shows little evidence that the long-term planting of transgenic insect-resistant cotton affects the community structure of soil nematodes[J]. *PLoS One*, 2013, 8(4): e61670.
- [16] Yang B, Chen H, Liu X H, et al. *Bt* cotton planting does not affect the community characteristics of rhizosphere soil nematodes[J]. *Applied Soil Ecology*, 2014, 73: 156-164.
- [17] Griffiths B S, Caul S, Thompson J, et al. Soil microbial and faunal community responses to *Bt* maize and insecticide in two soils[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2006, 35(3): 734-741.
- [18] Gu Y G, Zhang T, Che H, et al. Influence of returning corn straw to soil on soil nematode communities in winter wheat[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(2): 52-56.
- [19] Liu T, Chen X Y, Hu F, et al. Carbon-rich organic fertilizers to increase soil biodiversity: Evidence from a meta-analysis of nematode communities[J]. *Agriculture, Ecosystems and Environment*, 2016, 232(16): 199-207.
- [20] Zhong S, Zeng H C, Jin Z Q. Influences of different tillage and residue management systems on soil nematode community composition and diversity in the tropics[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, 107: 234-243.
- [21] 牟文雅, 贾艺凡, 陈小云, 等. 玉米秸秆还田对土壤线虫数量动态与群落结构的影响[J]. 生态学报, 2017, 37(3): 877-886.
- MU Wen-ya, JIA Yi-fan, CHEN Xiao-yun, et al. Effects of corn stover cultivation on the population dynamics and genus composition of soil nematode community[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(3): 877-886.
- [22] Goodfriend W L, Olsen M W, Frye R J. Soil microfloral and microfaunal response to *Salicornia bigelovii* planting density and soil residue amendment[J]. *Plant and Soil*, 2000, 223(1/2): 23-32.
- [23] Griffiths B S, Bengough Ag, Neilson R, et al. The extent to which nematode communities are affected by soil factors: A pot experiment[J]. *Nematology*, 2002, 4(8): 943-952.
- [24] 尹文英. 中国土壤动物检索图鉴[M]. 北京: 科学出版社, 1998.
- YIN Wen-ying. Chinese retrieval of soil animal[M]. Beijing: Science Press, 1998.
- [25] Bongers T. The maturity index: An ecological measure of environmental disturbance based on nematode species composition[J]. *Oecologia*, 1990, 83(1): 14-19.
- [26] Shannon C E. A mathematical theory of communication[J]. *Bell System Technical Journal*, 1948, 27(3): 379-423.
- [27] Pielou E C. Mathematical ecology[M]. New York: John Wiley & Sons Inc, 1977.
- [28] Saxena D G, Stotzky G. *Bacillus thuringiensis* (*Bt*) toxin released from root exudates and biomass of *Bt* corn has no apparent effect on earthworms, nematodes, protozoa, bacteria, and fungi in soil[J]. *Journal of Economic Entomology*, 2001, 33(9): 1225-1230.
- [29] Yeates G W. Nematodes as soil indicators: Functional and biodiversity aspects[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2003, 37(4): 199-210.
- [30] Bongers T, Bongers M. Functional diversity of nematodes[J]. *Applied Soil Ecology*, 1998, 10(3): 239-251.
- [31] Bongers T. The maturity index: An ecological measure of environmental disturbance based on nematode species composition[J]. *Oecologia*, 1990, 83(1): 14-19.
- [32] Wu J H, Fu C Z, Chen S S, et al. Soil faunal response to land use: Effect of estuarine tideland reclamation on nematode communities[J]. *Applied Soil Ecology*, 2002, 21: 131-147.
- [33] Chen X Y, Liu M Q, Hu F, et al. Contributions of soil microfauna (protozoa and nematodes) to rhizosphere ecological functions[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2007, 27(8): 3132-3143.
- [34] 陈群英, 刘向辉, 梁玉勇, 等. 转 *Bt* 水稻种植与杀虫剂使用对土壤线虫群落的影响[J]. 植物保护学报, 2015, 42(5): 724-733.
- CHEN Qun-ying, LIU Xiang-hui, LIANG Yu-yong, et al. Effects of transgenic *Bt*-rice and insecticides on the community structure of soil nematodes[J]. *Journal of Plant Protection*, 2015, 42(5): 724-733.
- [35] 华 萃, 吴鹏飞, 何先进, 等. 紫色土区不同秸秆还田量对土壤线虫群落的影响[J]. 生物多样性, 2014, 22(3): 392-400.
- HUA Cui, WU Peng-fei, HE Xian-jin, et al. Effects of different amounts of straw returning treatments on soil nematode community in purple soil[J]. *Biodiversity Science*, 2014, 22(3): 392-400.
- [36] 刘 婷, 叶成龙, 陈小云, 等. 不同有机肥源及其与化肥配施对稻田土壤线虫群落结构的影响[J]. 应用生态学报, 2013, 24(12): 3508-3516.
- LIU Ting, YE Cheng-long, CHEN Xiao-yun, et al. Effects of different organic manure sources and their combinations with chemical fertilization on soil nematode community structure in a paddy field of east China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(12): 3508-3516.
- [37] 戚 琳, 刘满强, 蒋林惠, 等. 基于根际与凋落物际评价转 *Bt* 水稻对土壤线虫群落的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(5): 1434-1444.
- QI Lin, LIU Man-qiang, JIANG Lin-hui, et al. Influences of rhizosphere and detritusphere of *Bt* rice on soil nematode communities[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2015, 35(5): 1434-1444.
- [38] 江 春, 黄菁华, 李修强, 等. 长期施用有机肥对红壤旱地土壤线虫群落的影响[J]. 土壤学报, 2011, 48(6): 1235-1241.
- JIANG Chun, HUANG Jing-hua, LI Xiu-qiang, et al. Responses of soil nematode community to long-term application of organic manure in upland red soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2011, 48(6): 1235-1241.
- [39] Zhang X K, Li Q, Zhu A N, et al. Effects of tillage and residue management on soil nematode communities in north China[J]. *Ecological Indicators*, 2012, 13(1): 75-81.
- [40] 杨志国, 赵建宁, 李 刚, 等. 耐草甘膦转基因大豆对土壤线虫多样性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(11): 2199-2205.
- YANG Zhi-guo, ZHAO Jian-ning, LI Gang, et al. Effect of glyphosate-tolerant soybean on diversity of soil nematodes[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013, 32(11): 2199-2205.
- [41] 李修强, 陈法军, 刘满强, 等. 转基因水稻 *Bt* 汕优 63 种植两年对土壤线虫群落的影响[J]. 应用生态学报, 2012, 23(11): 3065-3071.
- LI Xiu-qiang, CHEN Fa-jun, LIU Man-qiang, et al. Effects of two years planting transgenic *Bt* rice (*Bt* SY63) on soil nematode community[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2012, 23(11): 3065-3071.