

稻麦轮作体系长期秸秆还田对土壤真菌群落结构及秸秆降解潜力的影响

纪程, 孙玉香, 孟圆, 刘耀斌, 徐聪, 张永春, 谷益安, 汪吉东

引用本文:

纪程, 孙玉香, 孟圆, 刘耀斌, 徐聪, 张永春, 谷益安, 汪吉东. 稻麦轮作体系长期秸秆还田对土壤真菌群落结构及秸秆降解潜力的影响[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(4): 819–825.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0537>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

不同秸秆还田方式对土壤线虫群落特征的影响

饶继翔, 陈昊, 吴兴国, 胡森琦, 孙庆业

农业环境科学学报. 2020, 39(10): 2473–2480 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0574>

稻田土壤古菌群落组成对秸秆还田的响应

王宁, 赵亚慧, 艾玉春, 张永春, 汪吉东, 于建光

农业环境科学学报. 2019, 38(2): 374–382 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-0508>

秸秆还田模式对土壤有机碳及腐植酸含量的影响

郭瑞华, 靳红梅, 常志州, 王海候, 孙小祥, 沈明星, 陆长婴

农业环境科学学报. 2017, 36(4): 727–733 <https://doi.org/10.11654/jaes.2016-1364>

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>

红壤丘陵区旱地和水旱轮作地土壤中纤维素降解功能微生物群落特征

王雨晴, 陈香碧, 董明哲, 冯书珍, 胡亚军, 苏以荣, 葛体达, 张振华, 李巧云

农业环境科学学报. 2017, 36(10): 2071–2079 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0493>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

纪程, 孙玉香, 孟圆, 等. 稻麦轮作体系长期秸秆还田对土壤真菌群落结构及秸秆降解潜力的影响[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(4): 819–825.

Ji C, SUN Y X, MENG Y, et al. Effects of long-term straw incorporation on soil fungal community structure and straw decomposition potential in a rice–wheat rotation system[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2022, 41(4): 819–825.



开放科学 OSID

稻麦轮作体系长期秸秆还田对土壤真菌群落结构及秸秆降解潜力的影响

纪程¹, 孙玉香^{1,2}, 孟圆^{1,2}, 刘耀斌^{1,2}, 徐聪¹, 张永春^{1,2}, 谷益安^{3*}, 汪吉东^{1,2*}

(1. 江苏省农业科学院农业资源与环境研究所/农业农村部江苏耕地保育科学观测试验站, 南京 210014; 2. 南京农业大学资源与环境科学学院, 南京 210095; 3. 南京工业大学食品与轻工学院, 南京 211816)

摘要: 还田秸秆腐解不及时极大程度地影响了下茬作物生长, 但长期秸秆还田是否能富集秸秆腐解微生物从而促进秸秆进一步降解尚未系统阐明。本研究依托江苏省典型稻麦轮作种植区的长期秸秆还田试验(10 a), 研究了秸秆还田对土壤化学性质的影响, 并利用扩增子高通量测序技术分析了秸秆还田土壤的真菌群落组成, 最后通过秸秆埋盆试验测定了土壤微生物群落对小麦秸秆的降解潜力。结果表明: 与未还田土壤相比, 秸秆还田显著降低了土壤pH而提高了电导率, 同时土壤可溶性有机碳、总磷和总碳含量分别提高了23%、24%和2%。此外, 秸秆还田明显改变了土壤真菌群落组成, 秸秆还田土壤中真菌群落多样性降低, 优势菌子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度提高了25%, *Schizothecium*、*Sarocladium*、*Gibberella*、*Rhizophlyctis*、*Cryptococcus*、*Lindtneria*和*Myrothecium*等潜在秸秆降解真菌属的相对丰度显著提高, 增幅为2.5~132.3倍。秸秆还田土壤对小麦秸秆的腐解效率高于对照土壤, 增幅达37%, 冗余分析表明这一结果与秸秆还田对潜在秸秆降解真菌类群的富集作用有关。上述研究结果表明稻麦轮作体系下长期秸秆还田可通过提高潜在秸秆降解真菌类群丰度促进秸秆降解。

关键词: 秸秆还田; 秸秆降解率; 真菌群落组成; 土壤化学性质; 稻麦轮作; 秸秆降解真菌; 长期田间试验

中图分类号: S153 文献标志码: A 文章编号: 1672-2043(2022)04-0819-07 doi:10.11654/jaes.2021-0537

Effects of long-term straw incorporation on soil fungal community structure and straw decomposition potential in a rice–wheat rotation system

Ji Cheng¹, SUN Yuxiang^{1,2}, MENG Yuan^{1,2}, LIU Yaobin^{1,2}, XU Cong¹, ZHANG Yongchun^{1,2}, GU Yian^{3*}, WANG Jidong^{1,2*}

(1. Institute of Agricultural Resources and Environment, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; 2. College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; 3. College of Food Science and Light Industry, Nanjing Tech University, Nanjing 211816, China)

Abstract: Slow decomposition of straw returned to the field greatly affects crop growth in the next season. However, whether long-term straw incorporation can enrich the straw-decomposing microorganisms and further promote straw degradation efficiency remains unclear. This study investigated the effects of straw incorporation on the soil chemical properties based on a long-term straw incorporation experiment in a typical rice–wheat rotation cropping field in Jiangsu Province. Additionally, this study explored the effects of straw incorporation on the fungal community composition using the high-throughput amplicon sequencing method, and tested the wheat straw

收稿日期: 2021-05-08 录用日期: 2021-09-23

作者简介: 纪程(1991—), 黑龙江人, 博士, 助理研究员, 从事土壤碳氮循环研究。E-mail: chengji11@126.com

*通信作者: 谷益安 E-mail: yian.gu@hotmail.com; 汪吉东 E-mail: jdwang66@163.com

基金项目: 国家自然科学基金青年基金项目(42007088, 41907069); 江苏省重点研发计划项目(BE2019378); 财政部和农业农村部国家现代农业产业技术体系(CARS-10-B9)

Project supported: The Young Scientists Fund of the National Natural Science Foundation of China(42007088, 41907069); The Key Research and Development Project of Jiangsu Province(BE2019378); China Agriculture Research System of MOF and MARA(CARS-10-B9)

degradation rates using the buried bag method. Results showed that straw incorporation significantly decreased soil pH, while increased soil electrical conductivity (EC). Soil dissolved organic carbon, total phosphorus, and total carbon contents increased by 23%, 24%, and 2%, respectively. Additionally, straw incorporation substantially altered the fungal community structure. The diversity of soil fungal community was significantly decreased following straw incorporation. Ascomycota was the dominant phylum in the soils and its relative abundance was significantly increased by 25% following straw incorporation. At the genus level, the relative abundances of *Schizothecium*, *Sarocladium*, *Gibberella*, *Rhizophlyctis*, *Lindtneria*, *Cryptococcus*, and *Myrothecium* were also significantly increased by 2.5~132.3 times. The enriched fungal taxa induced by straw incorporation increased the rates of wheat straw degradation by 37%, compared with those in the soils without straw incorporation. These results reveal that long-term straw incorporation can increase straw decomposing rate via increasing the abundance of potential straw-decomposing fungal taxa.

Keywords: straw incorporation; straw degradation rate; fungal community composition; soil chemical property; rice-wheat rotation; straw decomposing fungi; long-term field experiment

稻麦轮作(夏水稻-冬小麦)是我国长江流域的主要种植制度之一,稻麦轮作区粮食产量占我国粮食总产量的72%^[1]。由于农业生产水平高,该地区每年产生大量的秸秆,小麦秸秆产量可达 $4.5 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$,水稻秸秆产量可达 $9 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ ^[2]。传统的秸秆焚烧方式不仅对环境造成严重污染,同时浪费了可利用资源。秸秆中富含氮、磷、钾等养分,相比于为追求作物高产而过量施用化肥,利用秸秆还田替代或部分替代化肥是一种能够有效缓解农田土壤退化以及实现培肥地力的措施^[3]。研究表明,秸秆还田能够提高土壤有机质、氮、磷、钾及其他微量元素的含量并降低土壤容重^[4-5]。微生物是土壤养分循环的重要驱动者,秸秆还田可促进土壤微生物活性和养分分解利用^[5-6]。然而田间环境复杂且秸秆降解周期较长,可能造成短期和长期秸秆还田试验结果之间差异较大,本研究拟通过长期田间试验探明稻麦轮作体系下秸秆还田对土壤养分含量及土壤微生物群落的影响。

田间条件下秸秆降解缓慢,未及时腐解的秸秆极大地影响了下茬作物的种植和生长。秸秆腐解过程由土壤微生物主导,例如,CHEN等^[6]发现玉米秸秆降解时土壤革兰氏阳性菌、革兰氏阴性菌和放线菌的丰度明显上升。相比于细菌,真菌不仅能分解秸秆中的易降解组分,还能高效分解难降解组分(如纤维素、半纤维素和木质素)^[7-8]。韦中等^[9]以稻秆粉为唯一碳源筛选获得降解能力较强的两株真菌和两株细菌,两株真菌分泌的纤维素酶活性是两株细菌的5~14倍。研究表明秸秆降解导致的腐殖质大量累积主要依赖真菌对木质素的降解作用^[10-11]。此外,LI等^[12]发现水稻秸秆腐解过程中土壤真菌群落多样性显著提高,而细菌群落多样性基本保持不变。上述结果表明还田秸秆降解过程中真菌的分解作用占据优势地位。秸秆降解会导致土壤真菌群落组成发生改变。例如,秸秆

还田能够显著提高真菌总量^[6,13],影响真菌群落多样性^[12,14],并改变真菌类群如接合菌门和子囊菌门以及核盘菌属和隐球菌属的相对丰度^[15]。针对秸秆还田对土壤理化特性和微生物群落结构的影响方面已开展了广泛研究,但尚不清楚长期秸秆还田是否能富集秸秆腐解微生物从而加速秸秆降解。

本研究依托稻麦轮作系统长期秸秆还田试验(10 a),研究土壤化学性质对秸秆还田的响应,并通过高通量测序技术分析秸秆还田对土壤真菌群落结构的影响,最后通过埋盆试验探究秸秆还田土壤是否诱导秸秆降解微生物的富集,从而加速后续还田秸秆的降解。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

土壤样品采自江苏省典型稻麦轮作种植区,位于淮安市原种场江苏现代农业(稻麦)科技综合示范基地。该地区受季风气候影响,四季分明,雨量集中,雨热同季,年平均气温为 $14.4 \text{ }^{\circ}\text{C}$,年降水量为 $906 \sim 1\,007 \text{ mm}$,土壤类型为潮黄土,土壤pH为8.1,总有机质含量 $6.21 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,全氮含量 $1.23 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,全磷含量 $0.8 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。每季作物的施肥情况如下:稻季基肥施用 $375 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 45%复合肥(N:P:K=15:15:15)和 $150 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 尿素,追施分蘖肥、促花肥和保花肥均为 $150 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 尿素。麦季基肥施用 $375 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 45%复合肥(N:P:K=15:15:15)和 $150 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 尿素,分蘖期和拔节期分别追施 $150 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 尿素。该示范基地自2009年后每年均实行稻麦双季秸秆还田,获取上一季作物的全量秸秆后,将秸秆机械粉碎至 $5 \sim 10 \text{ cm}$,再用旋耕机旋入土壤耕层($0 \sim 20 \text{ cm}$)。每年水稻秸秆的还田量约为 $9 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$,小麦秸秆的还田量约为 $6 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。对照田块收获秸秆后不还田。采样时间为

2019年8月水稻季,上季麦秆已全量粉碎并用旋耕机旋入土壤耕层。

分别采集秸秆还田和对照田块土壤样品,每个处理田块按单对角线取样法选取3个小区(3个生物重复),每个小区依据梅花形布点法^[16]各设5个采样点采集耕层(0~20 cm)土壤,挑除土样中残余秸秆、石块、植物根系等杂质,一部分于阴凉处风干用以检测土壤化学性质,一部分保存在-80℃冰箱,用于DNA提取及后续扩增子MiSeq测序。为进一步评价秸秆还田土壤中微生物群落对秸秆的降解能力,余下土壤适当风干后经过筛处理(10目)用于开展秸秆埋盆试验。

1.2 土壤化学性质测定

土壤化学性质测定方法参照文献[17-18]。土壤总碳和可溶性有机碳含量分别利用元素分析仪(Elemental, Germany)和总有机碳分析仪(Shimadzu, Kyoto, Japan)测定。土壤铵态氮和硝态氮含量利用流动分析仪(SEAL AutoAnalyzer 3, Germany)测定,矿物质氮含量为铵态氮和硝态氮含量的加和。土壤总磷含量采用酸溶-钼锑抗比色法测定^[19]。土壤pH利用复合玻璃电极仪(PHS-3C mv/pH detector, 上海)测定,测定时的土水比为1:5^[18,20]。土壤电导率利用数字式电导率仪(DDS-11A)测定。

1.3 土壤DNA提取及真菌群落结构分析

采用土壤DNA提取试剂盒(Power Soil DNA Isolation kit)提取土壤总DNA,称取0.3 g新鲜土壤样品,具体操作步骤按照试剂盒说明书进行。利用Nano-drop分光光度计(Thermo Scientific, USA)检测DNA样品浓度和纯度。DNA样品于-20℃保存。

利用引物ITS1F(CTTGGTCATTTAGAGGAAG-TAA)和ITS2(GCTGCGTTCTTCATCGATGC)扩增真菌ITS1区^[21]。PCR扩增体系(25 μL)含5×反应缓冲液5 μL,5×GC缓冲液5 μL,dNTP(2.5 mmol·L⁻¹)2 μL,前引物(10 μmol·L⁻¹)1 μL,后引物(10 μmol·L⁻¹)1 μL,DNA模板2 μL,ddH₂O 8.75 μL,Q5 DNA聚合酶0.25 μL。PCR条件(30个循环)包括98℃预变性2 min,98℃变性15 s,55℃退火30 s,72℃延伸30 s,72℃最后延伸5 min。PCR产物经1%琼脂糖凝胶电泳后,使用Pure link快速凝胶萃取试剂盒(Trans Gen Biotech)对所需条带进行剪切纯化。纯化后的PCR产物送至上海凌恩生物公司在Illumina MiSeq平台上进行扩增子测序。测序数据使用QIIME Pipeline-Version 1.7.0的默认参数进行分析^[22]。简言之,先对双向序列进行拼接,去除低质量序列(最大错误

率0.25)和barcode序列,然后用UCHIME算法去除嵌合体序列。以97%的相似度为阈值划分操作分类单元(OTU),利用UNITE数据库的核糖体数据库(RDP)确定每个真菌OTU的分类地位,阈值为0.8。利用QIIME软件计算真菌群落OTU数量和Shannon多样性指数。利用LEfSe软件对真菌序列进行线性判别分析(Liner discriminant analysis, LDA),获得秸秆还田和对照土壤中丰度具有显著差异的主要真菌属(相对丰度前20%),筛选标准为显著性检验 $P<0.05$ 和线性判别分析值 ≥ 3 。

1.4 土壤微生物群落秸秆降解潜力的测定

为了探究10 a秸秆还田处理对土壤微生物消纳秸秆潜力的影响,利用秸秆埋盆试验测定土壤微生物群落的秸秆降解潜力,该试验可最大程度地避免田间条件下前期还田而未腐解秸秆对试验结果的干扰。供试土壤为过筛的田间土壤,分别称取1 kg秸秆还田和未还田土壤置于容量为1.5 L的盆钵内,每组设置3个重复盆钵。将7 g烘干后的小麦秸秆剪成5 cm小段,装入尼龙袋(80目)并填埋于花盆内。尼龙网袋能使微生物通过,同时防止未分解秸秆的损失,且秸秆腐解后呈丝状、絮状,导致腐解秸秆与土壤难以区分,使用尼龙袋可从土壤中快速、有效回收秸秆。尼龙网袋填埋深度为8 cm,调节土壤水分至60%田间最大持水量,培养过程中利用称质量法保持水分(每2 d测一次)。室温培养两个月后(2019年8—10月)取出尼龙袋。尼龙网袋中土壤的去除方式参照文献[23-24],将尼龙网袋中的秸秆放入100目筛网中,使用流速相同且缓慢的去离子水洗去秸秆表面附着的土壤颗粒,直至筛孔流出的水变清澈为止,随后将洗去土壤颗粒的秸秆置于80℃烘箱内烘干至恒质量,利用秸秆降解率(D)计算土壤秸秆降解潜力:

$$D = \frac{W_0 - W_t}{W_0} \times 100\%$$

式中: W_0 为初始秸秆干质量,g; W_t 为培养 t 时间后秸秆干质量,g。

1.5 数据处理与统计分析

利用独立样本T检验分析土壤化学性质和秸秆降解率在对照和处理间的差异显著性(SPSS 21.0)。利用基于非权重UniFrac距离矩阵的主坐标轴分析(PCoA)研究秸秆还田对土壤真菌群落的影响。热图采用R语言(heatmap包)绘制。利用冗余分析(RDA,CANOCO 4.5)研究秸秆降解率、土壤化学特性及真菌群落结构之间的关系,排序轴的显著性通过蒙

特卡罗排列检验($n=499$)计算。

2 结果与分析

2.1 秸秆还田对土壤化学性质的影响

由表1可以看出,与未还田对照相比,10 a 秸秆还田处理能够显著降低土壤 pH,下降了约 0.22 个单位;秸秆还田分别提高了土壤可溶性有机碳和总碳含量的 23% 和 2%。同时,秸秆还田处理下土壤电导率(EC)和总磷(TP)含量分别增加了 48% 和 24%。然而,秸秆还田对土壤铵态氮($\text{NH}_4^+\text{-N}$)含量的影响并不显著($P=0.81$)。尽管秸秆还田对硝态氮($\text{NO}_3^+\text{-N}$, $P=0.14$)和矿质氮($P=0.14$)含量有一定程度的提高,但与对照相比无显著差异。

2.2 秸秆还田对土壤真菌群落结构的影响

与对照土壤相比,10 a 秸秆还田显著降低土壤真

表1 秸秆还田对土壤化学性质的影响

Table 1 Effects of straw incorporation on the soil physical and chemical properties

项目 Item	对照 CK	秸秆还田 Straw incorporation
pH	7.89±0.05a	7.67±0.04b
电导率 EC/($\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$)	198.67±2.32b	294.33±7.31a
铵态氮 $\text{NH}_4^+\text{-N}/(\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1})$	11.90±1.98a	10.90±3.27a
硝态氮 $\text{NO}_3^+\text{-N}/(\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1})$	54.37±8.62a	74.46±1.68a
矿质氮 Mineral N/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	66.27±6.65a	85.36±1.92a
可溶性有机碳 DOC/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	16.52±0.39b	20.32±0.64a
全磷 TP/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	0.94±0.01b	1.16±0.02a
总碳 TC/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	3.64±0.00b	3.72±0.01a

注:表中同行不同小写字母表示不同处理间差异显著($P<0.05$)。

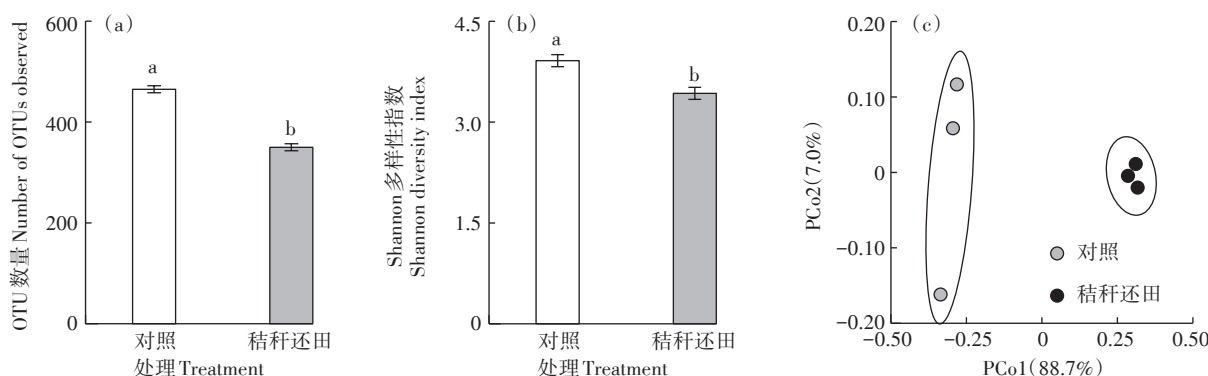
Note: Different lowercase letters in the same row indicate significant difference ($P<0.05$) between treatments.

菌群落 Alpha 多样性,真菌群落 OTU 数量和 Shannon 多样性指数分别降低了 32.9% ($P<0.05$) 和 14.2% ($P<0.05$) (图 1a、图 1b)。基于非权重 UniFrac 距离矩阵的 PCoA 结果表明,对照和秸秆还田土壤的真菌群落结构沿主坐标轴 1 明显区分(图 1c),该坐标轴可解释真菌群落变异比的 88.7%。

序列比对结果表明供试土壤真菌群落主要由子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)和接合菌门(Zygomycota)组成(图 2a),其中子囊菌门(Ascomycota)为优势类群,其相对丰度占整体真菌群落的 50% 以上。秸秆还田显著增加了子囊菌门的相对丰度($P<0.05$),增幅为 25%;同时,接合菌门(Zygomycota)的相对丰度有所下降,但并不显著($P=0.17$)。由热图可看出秸秆还田对土壤主要真菌属(相对丰度前 20%)的相对丰度影响明显,对照和秸秆还田处理形成明显聚类(图 2b)。线性判别分析结果表明裂壳菌属(*Schizothecium*)、帚枝菌属(*Sarocladium*)、赤雷菌属(*Gibberella*)、囊根壶菌属(*Rhizophlyctis*)、林氏草孔菌属(*Lindtneria*)、隐球菌属(*Cryptococcus*)、漆斑菌属(*Myrothecium*)等真菌属在秸秆还田土壤中被富集($\text{LDA}>3$, $P<0.05$),增幅为 2.5~132.3 倍,而秸秆还田显著降低了 *Scutellinia*、*Myrmecridium*、*Filobasidium*、*Lophiostoma*、*Preussia*、*Guehomyces* 和 *Acremonium* 等真菌属的相对丰度($\text{LDA}<-3$, $P<0.05$)。

2.3 秸秆还田对土壤微生物群落降解麦秆潜力的影响

秸秆埋盆试验中,对照和秸秆还田土壤的秸秆降解率分别为 38% 和 52%,长期秸秆还田显著提高了土壤微生物对小麦秸秆的降解潜力($P<0.05$),增幅为 37%。



不同小写字母表示不同处理间差异显著($P<0.05$)
Different lowercase letters indicate significant difference ($P<0.05$) between treatments

图1 秸秆还田对土壤真菌群落 Alpha 多样性和 Beta 多样性的影响

Figure 1 Effects of straw incorporation on the Alpha-diversity and Beta-diversity of fungal community

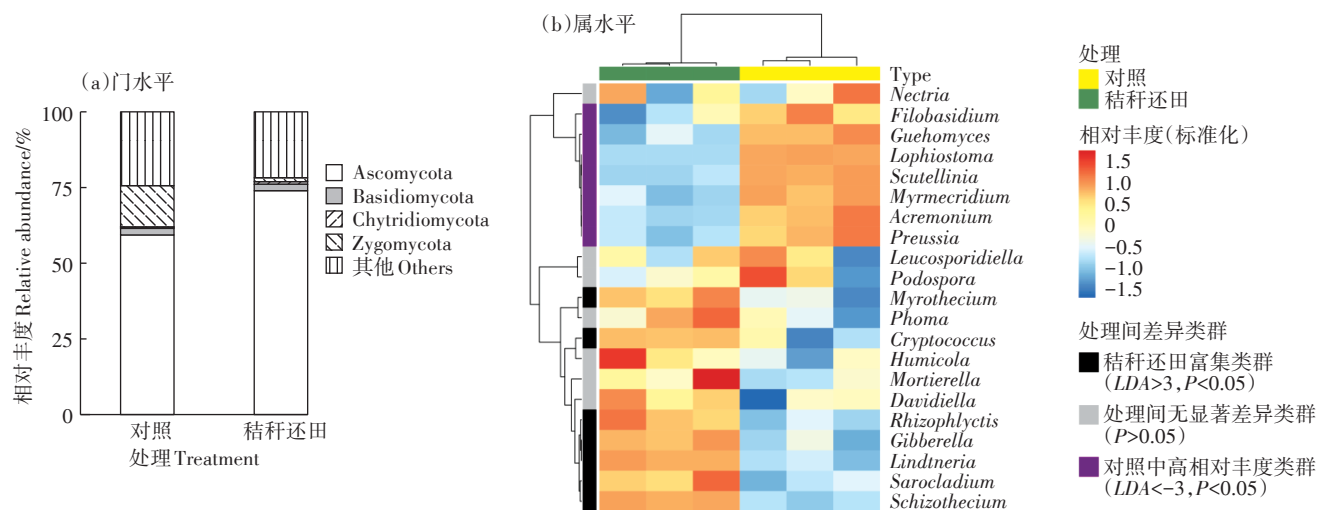


图2 秸秆还田对土壤真菌群落门水平组成及土壤真菌群落属水平组成的影响

Figure 2 Effects of straw incorporation on the relative abundances of fungal phyla and the relative abundances of dominant fungal genus

2.4 土壤化学性质、真菌群落组成及秸秆降解潜力的冗余分析(RDA)

利用RDA分析了土壤化学性质、真菌群落组成(属水平)及秸秆降解潜力的关系,结果见图3。RDA1和RDA2两轴可共同解释真菌群落结构差异的96.1%。蒙特卡罗检验结果表明秸秆还田土壤中的麦秆降解潜力与真菌群落结构存在显著相关性($P<0.01$)。此外,土壤pH($P<0.01$)、EC($P<0.01$)、TP($P<0.01$)、TC($P<0.01$)和DOC($P<0.01$)对真菌群落组成具有显著影响, *Filobasidium*、*Myrmecridium*、*Scutellinia*、*Lophiostoma*、*Preussia*、*Acremonium* 和 *Guehomyces* 等真菌属的相对丰度与土壤EC、TP、TC和DOC呈负相关关系,而与pH

呈正相关关系。秸秆还田通过提高 *Davidiella*、*Humicola*、*Sarocladium*、*Schizothecium*、*Rhizophlyctis*、*Lindneria*、*Mortierella*、*Gibberella*、*Cryptococcus*、*Myrothecium* 和 *Phoma* 真菌属的相对丰度提高小麦秸秆降解率。

3 讨论

秸秆还田是提高土壤碳固存能力的有效手段^[25]。本研究发现稻麦轮作系统长期秸秆还田可提高土壤总碳和可溶性有机碳含量(表1)。类似地, CONG等^[26]通过4 a田间试验研究发现玉米秸秆还田可提高土壤可溶性有机碳含量; XIA等^[27]的整合分析结果表明秸秆还田可提高土壤可溶性有机碳含量的22%,并提高土壤总有机碳含量的15%。上述结果的主要原因是:一方面,秸秆本身的有机碳含量较高,秸秆腐解加速土壤碳积累;另一方面,秸秆施用为土壤微生物提供了充足碳源,提高了微生物数量和活性,进而能够促进秸秆中惰性碳向活性有机碳的转化^[28]。

ZHANG等^[25]认为秸秆还田能够增加土壤中氮和磷元素的含量。本研究中秸秆还田显著提高了土壤总磷含量,但对土壤无机氮含量的影响并不显著,可能的原因是秸秆经矿化作用产生的无机氮被土壤微生物所同化^[29]。与以往诸多研究结果相同,本研究发现秸秆还田显著降低了土壤pH,该结果可能是由于秸秆腐解过程会释放较多的有机酸^[30]。

秸秆还田可改变土壤微生物群落组成,相关研究表明,秸秆可提高土壤微生物多样性^[7,14]。然而本研究中,秸秆还田降低了土壤真菌群落多样性,这可能是由于秸秆作为碳氮源为微生物提供养分从而大幅

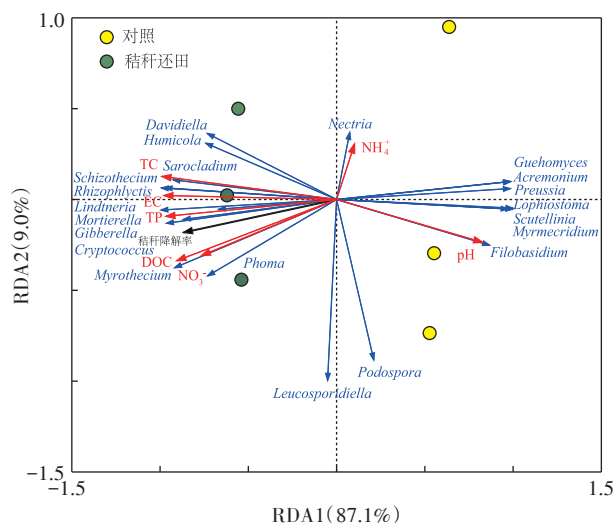


图3 土壤化学性质、真菌群落组成及秸秆降解率的相互关系
Figure 3 Correlations between soil chemical properties, fungal community structure and straw degradation rates

提高了部分真菌类群的相对丰度,导致整体群落多样性的降低。例如,本研究中优势真菌类群——子囊菌门的相对丰度在秸秆还田土壤中有较大幅度的上升。此外,本研究中秸秆还田增加了土壤可溶性有机碳、总碳以及总磷的含量,土壤养分含量的提升可能进一步影响土壤真菌群落组成。本研究仅关注了秸秆还田对土壤化学性质的影响,但秸秆还田同样可以改善土壤物理性状,如增加土壤孔隙度和透气性^[31],通过改善土壤物理性状间接对土壤微生物群落组成的影响尚需进一步探究。真菌群落组成与土壤pH联系紧密^[32],本研究中秸秆还田对土壤pH的降低作用可能是造成土壤真菌组成发生变化的重要原因。

对于长期秸秆还田是否会加速土壤微生物对秸秆降解的研究较少。本研究发现长期秸秆还田土壤可显著提高还田秸秆的腐解效率。本研究中子囊菌门(Ascomycota)是真菌群落的优势菌群,其相对丰度受长期秸秆还田的影响而大幅增加。MA等^[33]发现在秸秆降解的不同阶段子囊菌均占据主导地位,表明该类菌是驱动土壤秸秆降解的关键类群。因此,子囊菌门相对丰度的增加可能是长期秸秆还田条件下秸秆降解能力显著增强的主要原因。此外,LEfSe和RDA分析结果均表明裂壳菌属(*Schizothecium*)、帚枝霉属(*Sarocladium*)、赤霉菌属(*Gibberella*)、囊根壶菌属(*Rhizophlyctis*)、林氏革孔菌属(*Lindtneria*)、隐球菌属(*Cryptococcus*)和漆斑菌属(*Myrothecium*)能够在长期秸秆还田的土壤中富集。以往研究表明裂壳菌属、帚枝霉属、赤霉菌属、囊根壶菌属、漆斑菌属以及隐球菌属均具有高效秸秆纤维素降解能力^[34-39],其中帚枝霉属和隐球菌属还可利用秸秆水解产物生产低聚糖氧化酶和脂质^[40-41]。此外,LI等^[42]发现接种人工合成的秸秆降解菌群可提高裂壳菌属的丰度,说明该菌属可能与其他秸秆降解菌存在互利关系。林氏革孔菌属与秸秆降解的关系未见报道。

3 结论

(1) 稻麦轮作系统长期秸秆还田能显著提高土壤可溶性有机碳、总碳以及总磷的含量。

(2) 秸秆还田驱动真菌群落组成改变,降低了土壤真菌群落多样性,提高了子囊菌门及裂壳菌属、帚枝霉属、赤霉菌属、囊根壶菌属、漆斑菌属以及隐球菌属等潜在秸秆降解真菌的相对丰度。

(3) 秸秆还田通过富集潜在秸秆降解真菌加速秸秆的降解。

参考文献:

- [1] TIMSINA J, CONNOR D J. Productivity and management of rice-wheat cropping systems: Issues and challenges[J]. *Field Crops Research*, 2001, 69(2): 93-132.
- [2] YANG H, ZHOU J, FENG J, et al. Ditch-buried straw return: A novel tillage practice combined with tillage rotation and deep ploughing in rice-wheat rotation systems[J]. *Advances in Agronomy*, 2019, 154: 257-290.
- [3] LI Z Q, LI D D, MA L, et al. Effects of straw management and nitrogen application rate on soil organic matter fractions and microbial properties in North China Plain[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2019, 19(2): 618-628.
- [4] SUN Q, QIU H, HU Y, et al. Cellulose and lignin regulate partitioning of soil phosphorus fractions and alkaline phosphomonoesterase encoding bacterial community in phosphorus-deficient soils[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2019, 55: 31-42.
- [5] LI D D, LI Z Q, ZHAO B Z, et al. Relationship between the chemical structure of straw and composition of main microbial groups during the decomposition of wheat and maize straws as affected by soil texture[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2020, 56: 11-24.
- [6] CHEN L, ZHANG J, ZHAO B, et al. Effects of straw amendment and moisture on microbial communities in Chinese fluvo-aquic soil[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2014, 14(11): 1829-1840.
- [7] SWIFT M J, HEAL O W, ANDERSON J M. Decomposition in terrestrial ecosystems[J]. *Studies in Ecology*, 1979, 5(14): 2772-2774.
- [8] MARSCHNER P, UMAR S, BAUMANN K. The microbial community composition changes rapidly in the early stages of decomposition of wheat residue[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(2): 445-451.
- [9] 韦中, 徐春森, 郑海平, 等. “挂壁”法筛选常温稻秆腐解菌及其降解能力研究[J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(10): 2027-2031. WEI Z, XU C M, ZHENG H P, et al. Degradation of rice straw by degrading strains isolated by a "hanging-enrichment" method[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2015, 34(10): 2027-2031.
- [10] 胡洪涛, 胡时友, 周荣华, 等. 油菜秸秆还田对土壤真菌群落结构和功能影响的研究[J]. 环境科学与技术, 2020, 43(增刊1): 6-10. HU H T, HU S Y, ZHOU R H, et al. Study on effects of rapeseed straw returning on the structure and function of soil fungal community[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 43(Suppl 1): 6-10.
- [11] 萨如拉, 杨恒山, 邵继承, 等. 秸秆还田条件下腐熟剂对不同质地土壤真菌多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2020, 28(7): 1061-1071. SA R L, YANG H S, TAI J C, et al. Effect of straw maturing agents on fungal diversity in soil with different textures under returned straw conditions[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2020, 28(7): 1061-1071.
- [12] LI P, LI Y, ZHENG X, et al. Rice straw decomposition affects diversity and dynamics of soil fungal community, but not bacteria[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, 18(1): 248-258.
- [13] ZHAO S, QIU S, XU X, et al. Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 138: 123-133.

- [14] YANG H, LI Y, ZHAI S, et al. Long term ditch-buried straw return affects soil fungal community structure and carbon-degrading enzymatic activities in a rice-wheat rotation system[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 155.
- [15] YANG H, MA J, RONG Z, et al. Wheat straw return influences nitrogen-cycling and pathogen associated soil microbiota in a wheat-soybean rotation system[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10:1811.
- [16] 刘素云. 农田土壤监测样点布设与样品采集[J]. 农业环境科学学报, 1987;6(5):24-26. LIU S Y. Layout of farmland soil monitoring spots and sample collection[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 1987, 6(5):24-26.
- [17] LU L, YIN S, LIU X, et al. Fungal networks in yield-involving and -debilitating soils induced by prolonged potato monoculture[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 65:186-194.
- [18] XUN W, ZHAO J, XUE C, et al. Significant alteration of soil bacterial communities and organic carbon decomposition by different long-term fertilization management conditions of extremely low-productivity arable soil in south China[J]. *Environmental Microbiology*, 2015, 18:1907-1917.
- [19] THOMAS R L, SHEARD R W, MOYER J R. Comparison of conventional and automated procedures for nitrogen, phosphorus, and potassium analysis of plant material using a single digestion[J]. *Agronomy Journal*, 1967, 59(3):240-243.
- [20] LIBOHOVA Z, WILLS S, ODGERS N P, et al. Converting pH 1:1 H₂O and 1:2 CaCl₂ to 1:5 H₂O to contribute to a harmonized global soil database[J]. *Geoderma*, 2014, 213:544-550.
- [21] XIONG W, ZHAO Q, XUE C, et al. Comparison of fungal community in black pepper-vanilla and vanilla monoculture systems associated with vanilla fusarium wilt disease[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7:117.
- [22] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7(5):335.
- [23] 班允赫, 李旭, 李新宇, 等. 降解菌系和助腐剂对不同还田方式下水稻秸秆降解特征的影响[J]. 生态学杂志, 2019, 38(10):2982-2988. BAN Y H, LI X, LI X Y, et al. Effects of straw-decomposing microbial consortia and nutrient enhancement on the decomposition characteristics of rice straws in different returning ways[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2019, 38(10):2982-2988.
- [24] 葛耀相. 秸秆还田对土壤养分平衡和小麦氮素利用的影响及其生态基础[D]. 南京:南京农业大学, 2014. GE Y X. Effects of rice straw returning on soil nutrition balance and nitrogen utilization in wheat and its ecological mechanism[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2014.
- [25] ZHANG P, CHEN X, JIA Z, et al. Effects of straw incorporation on the soil nutrient contents, enzyme activities, and crop yield in a semi-arid region of China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2016, 160:65-72.
- [26] CONG P, WANG J, LI Y, et al. Changes in soil organic carbon and microbial community under varying straw incorporation strategies[J]. *Soil and Tillage Research*, 2020, 204:104735.
- [27] XIA L, LAM S K, WOLF B, et al. Trade-offs between soil carbon sequestration and reactive nitrogen losses under straw return in global agroecosystems[J]. *Global Change Biology*, 2018, 24(12):5919-5932.
- [28] 黄金花, 刘军, 杨志兰, 等. 秸秆还田下长期连作棉田土壤有机碳活性组分的变化特征[J]. 生态环境学报, 2015, 24(3):387-395. HUANG J H, LIU J, YANG Z L, et al. Changes of cotton straw incorporation on soil organic carbon activity matter of long-term continuous cropping cotton field[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2015, 24(3):387-395.
- [29] 韩玉玲. 玉稻轮作下秸秆全量还田对土壤培肥及钾肥减施效应的研究[D]. 武汉:华中农业大学, 2020. HAN Y L. Effects of straw return on soil fertility and potassium fertilizer reduction in maize-rice cropping system[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2020.
- [30] 于建光, 常志州, 王宁, 等. 高效液相色谱法测定秸秆浸提液或腐解液中12种酚酸[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(11):2231-2236. YU J G, CHANG Z Z, WANG N, et al. Determination of 12 phenolic acids in straw extract or straw decomposed liquid through high performance liquid chromatography[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2016, 35(11):2231-2236.
- [31] LIN Y, YE G, KUZYAKOV Y, et al. Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 134:187-196.
- [32] JIANG Y, LIANG Y, LI C, et al. Crop rotations alter bacterial and fungal diversity in paddy soils across east Asia[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 95:250-261.
- [33] MA A, ZHUANG X, WU J, et al. Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil[J]. *PLoS One*, 2013, 8(6):e66146.
- [34] 曾青兰. 一株降解水稻秸秆的丝状真菌降解特性的研究[J]. 中国土壤与肥料, 2011(6):68-71. ZENG Q L. Characterization for degrading rice straw of *Gibberella fujikuroi*[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2011(6):68-71.
- [35] GRIFFITHS E, JONES D. Colonization of cellulose by soil micro-organisms[J]. *Transactions of the British Mycological Society*, 1963, 46(2):285-294.
- [36] VITA R. Cellulose degradation in rye straw by micromycetes and their complexes[J]. *Ekologija*, 2008, 54(1):29-31.
- [37] GONG Z, SHEN H, YANG X, et al. Lipid production from corn stover by the oleaginous yeast *Cryptococcus curvatus*[J]. *Biotechnology for Biofuels*, 2014, 7(1):158.
- [38] AMES L M. A new cellulose decomposing fungus[J]. *Sydowia*, 1951, 5:120-123.
- [39] SUN S, WENG Y, DI X, et al. Screening of cellulose-degrading fungi in forest litter and fungal effects on litter decomposition[J]. *BioResources*, 2020, 15(2):2937-2946.
- [40] GWON W, HO N, KWONSU J, et al. Production of microbial lipid by *Cryptococcus curvatus* on rice straw hydrolysates[J]. *Process Biochemistry*, 2017, 56:147-153.
- [41] VUONG T V, VESTERINEN A H, FOUMANI M, et al. Xylo- and cellobio-oligosaccharide oxidation by gluco-oligosaccharide oxidase from *Sarocladium strictum* and variants with reduced substrate inhibition[J]. *Biotechnology for Biofuels*, 2013, 6(1):1-14.
- [42] LI P, ZHANG D, WANG X, et al. Survival and performance of two cellulose-degrading microbial systems inoculated into wheat straw-amended soil[J]. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 2012, 22(1):126-132.

(责任编辑:叶飞)