

研究报告

麦田土壤真菌多样性对麦玉轮作长期秸秆还田和配施有机肥的响应

陈梦妮^{1,2,3}, 李永山^{*1,2,3}, 王慧^{1,2,3}, 范巧兰^{1,2,3}, 郭振威^{1,4}, 席吉龙^{1,2,3}, 张建诚^{1,2,3}

1 山西农业大学棉花研究所 农业农村部有机旱作农业重点实验室, 山西 运城 044000

2 山西农业大学农业农村部有机旱作农业重点实验室, 山西 太原 030031

3 运城市农业科学合作研究院, 山西 运城 044000

4 山西农业大学资源环境学院, 山西 太谷 030801

陈梦妮, 李永山, 王慧, 范巧兰, 郭振威, 席吉龙, 张建诚. 麦田土壤真菌多样性对麦玉轮作长期秸秆还田和配施有机肥的响应[J]. 微生物学通报, 2023, 50(6): 2481-2496.

CHEN Mengni, LI Yongshan, WANG Hui, FAN Qiaolan, GUO Zhenwei, XI Jilong, ZHANG Jiancheng. Responses of soil fungal diversity to long-term straw incorporation and manure application in the field with winter wheat-summer maize rotation[J]. Microbiology China, 2023, 50(6): 2481-2496.

摘要: 【背景】土壤真菌主导田间秸秆腐解的过程, 秸秆还田配施有机肥可为真菌提供良好的营养物质。【目的】研究麦玉轮作模式下长期秸秆还田配施有机肥对麦田土壤真菌多样性的影响。【方法】依托山西南部麦玉轮作区长达 14 年的秸秆还田和施有机肥长期定位试验, 采用高通量测序开展土壤真菌群落结构和多样性对不施肥+秸秆清茬(CK)、氮磷化肥+秸秆清茬(NP)、氮磷化肥+秸秆还田(SNP)、氮磷化肥+有机肥+秸秆清茬(NPM)及氮磷化肥+秸秆还田+有机肥(SNPM)的响应差异研究。【结果】秸秆还田和施有机肥处理组的物种丰富度指数、Chao1 指数和 ACE 指数均高于 CK。5 个处理共产生 953 个分类操作单元(operational taxonomic units, OTU), CK、NP、NPM、SNP 和 SNPM 分别具有 398、451、472、462 和 440 个 OTU。在门水平上共检测出 9 个菌门, 其中子囊菌门(*Ascomycota*)、毛霉门(*Mucoromycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)为 3 个主要菌门, 各处理中所占丰度差异显著; 在属水平上共检测出 262 个真菌属, 其中 CK 丰度较高的 3 个属为柄孢壳菌属(*Podospira*) 18.85%、被孢霉属(*Mortierella*) 16.67%和镰刀菌属(*Fusarium*) 7.77%; NP、NPM、SNP 和 SNPM 丰度较高的前 3 个相同属均为 *Dendrostilbella*、毛葡孢属(*Botryotrichum*)和被孢霉属(*Mortierella*), 但相对丰度值存在差异。由聚类分析可知, NPM 和 SNPM 群落组成相似度

资助项目: 山西农业大学省部共建有机旱作农业国家重点实验室自主研发项目(202105D121008-3-2); 国家农用微生物数据中心项目(NAES-AM-008)

This work was supported by the State Key Laboratory of Sustainable Dryland Agriculture, Shanxi Agricultural University (202105D121008-3-2) and the National Agricultural Microbiology Data Center Project (NAES-AM-008).

*Corresponding author. E-mail: sxysli@126.com

Received: 2022-08-24; Accepted: 2022-09-06; Published online: 2022-11-11

高, 归为一类, 而 CK、NP、SNP 各独立为一类。与环境因子间冗余分析发现, TN 含量是影响土壤真菌群落结构的关键因子, 也受速效磷、pH、速效钾、碱解氮和全磷等环境指标影响。【结论】长期秸秆还田和施有机肥改变了小麦土壤真菌种群结构和多样性。

关键词: 小麦; 秸秆还田; 有机肥; 土壤真菌群落; 长期定位试验

Responses of soil fungal diversity to long-term straw incorporation and manure application in the field with winter wheat-summer maize rotation

CHEN Mengni^{1,2,3}, LI Yongshan^{*1,2,3}, WANG Hui^{1,2,3}, FAN Qiaolan^{1,2,3}, GUO Zhenwei^{1,4}, XI Jilong^{1,2,3}, ZHANG Jiancheng^{1,2,3}

1 Key Laboratory of Sustainable Dryland Agriculture, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Cotton Research Institute, Shanxi Agricultural University, Yuncheng 044000, Shanxi, China

2 Key Laboratory of Sustainable Dryland Agriculture, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Shanxi Agricultural University, Taiyuan 030031, Shanxi, China

3 Yuncheng Cooperation Academy of Agricultural Sciences, Yuncheng 044000, Shanxi, China

4 College of Resources and Environment, Shanxi Agricultural University, Taigu 030801, Shanxi, China

Abstract: [Background] Soil fungi dominate the straw decomposition in the field, and straw incorporation and manure application provide nutrients for fungi. **[Objective]** To study the effect of long-term straw incorporation and manure application on the soil fungal diversity in the field with winter wheat-summer maize rotation. **[Methods]** Basing on the 14-year location experiment of straw incorporation and manure application in the field with wheat-maize rotation in southern Shanxi province, the study employed high-throughput sequencing to explore the soil fungal community structure and diversity in response to straw incorporation and manure application. The treatments included straw stubble cleaning+unfertilized control (CK), straw stubble cleaning+N and P fertilizers (NP), straw incorporation+N and P fertilizers (SNP), straw stubble cleaning+N and P fertilizers+manure (NPM), and straw incorporation+N and P fertilizers+manure (SNPM). **[Results]** The richness, Chao1 index, and ACE index of soil fungi in the treatments with straw incorporation and manure were higher than those of CK. A total of 953 OTUs was detected in the five treatment soils. Specifically, CK, NP, NPM, SNP, and SNPM had 398, 451, 472, 462, and 440 OTUs, respectively. A total of 9 fungal phyla were detected, among which *Ascomycota*, *Mucoromycota*, and *Basidiomycota* were dominant and their abundance were significantly different among treatments. A total of 262 fungal genera were detected, among which the three genera with high abundance were *Podospora* (18.85%), *Mortierella* (16.67%), and *Fusarium* (7.77%) in the CK. The top three common genera with high abundance in NP, NPM, SNP, and SNPM were *Dendrostilbella*, *Botryotrichum*, and *Mortierella*, which showed different relative abundance among treatments. According to the cluster analysis, NPM and SNPM with high similarity in fungal community composition and

were classified into one category, while CK, NP and SNP were independent categories. The redundancy analysis with environmental factors showed that total nitrogen content was the key factor affecting soil fungal community structure, which was also affected by available phosphorus, pH, available potassium, available nitrogen, and total phosphorus. **[Conclusion]** Straw incorporation and manure could alter the soil fungal community structure and diversity in the field with winter wheat-summer maize rotation.

Keywords: wheat; straw incorporation; manure; soil fungal community; long-term location experiment

土壤微生物作为农田生态系统的关键组分,在介导有机质分解和养分循环方面发挥核心作用^[1],能降解动植物残体,分解和利用土壤中的大分子有机物质并以代谢产物等形式参与土壤养分转化,对土壤农田生态系统的可持续发展起到至关重要的作用^[2]。真菌作为土壤微生态的重要分解者,能分解土壤有机质和矿物质成分,参与养分转化和能量循环^[3],在维持土壤肥力、土壤生态和促进土壤可持续发展等方面具有重要意义。

目前,我国年均秸秆产量约 8.65×10^8 t^[4],畜禽粪污 2015 年产量为 3.834×10^9 t 且随着人民生活品质提高而逐年增加^[5],不合理利用会加剧环境污染。秸秆还田或者施有机肥均可提高土壤肥力和作物产量,是合理利用生物资源和促进土壤可持续发展的重要途径。土壤真菌主导田间秸秆腐解的过程,配施有机肥为真菌提供良好的 N、P、K 等营养物质,有利于秸秆分解和加速养分转化^[6]。已有研究表明,秸秆覆盖还田可丰富水稻、玉米和小麦等作物的田间土壤肥力和真菌群落多样性^[7-9],Chen 等^[10]研究发现玉米秸秆降解时,土壤放线菌、革兰氏阴性菌和革兰氏阳性菌的丰度明显上升。相较于细菌,真菌能分解秸秆中的易降解组分,还能高效分解纤维素、半纤维素和木质素等难降解组分^[11]。李鹏等^[12]研究发现秸秆还田处理下,稻田土壤真菌群体的数量和多样性指数显著增

加,还能富集分解纤维素较强的菌类。纪程等^[13]研究发现,在稻麦轮作模式下秸秆还田降低了真菌群落多样性,子囊菌门(*Ascomycota*)的相对丰度提高了 25%,裂壳菌属(*Schizothecium*)、帚枝霉属(*Sarocladium*)和赤霉菌属(*Gibberell*)等潜在秸秆降解真菌属的相对丰度提高了 2.5–132.3 倍,也表明潜在分解纤维素的真菌富集,加速麦秆降解。Wang 等^[14]研究结果表明免耕秸秆覆盖土壤后真菌的丰富度显著提高。刘晶鑫等^[15]研究有机肥与化肥单施、混施发现,添加有机肥的处理组提高了黑土表层土壤微生物群落的丰富度和多样性。高学振等^[16]研究有机肥施用与秸秆还田发现,添加秸秆可显著提高黑土细菌、真菌数量,但混施有机肥差异不显著。Sun 等^[17-18]采用秸秆还田配施有机肥处理可提高真菌、细菌群落结构的多样性。但也有 Li 等^[19]研究发现秸秆还田配施有机肥未显著增加微生物丰富度,但与秸秆还田不施有机肥相比,通过增加革兰氏阳性菌/革兰氏阴性菌比例改变了微生物种群结构。

采用秸秆还田和施有机肥对土壤微生物的影响研究已经广泛开展,较多的研究集中于单一秸秆还田或单一施有机肥处理,秸秆还田配施有机肥的研究甚少,尚不清楚长期秸秆还田配施有机肥是否能丰富土壤真菌群落的多样性和丰富度。本研究依托山西省南部小麦-玉米一年两熟麦玉轮作区长达 14 年的秸秆还田和施有机肥长

期定位试验,通过高通量测序检测长期秸秆还田配施有机肥后土壤真菌的丰富度,揭示麦田生态系统在秸秆还田和配施有机肥后土壤真菌群落组成差异,以期为保障麦田生态系统土壤的健康及构建可持续发展的栽培管理技术体系提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验于 2007 年 4 月–2021 年 6 月在山西农业大学棉花研究所的农场(牛家凹试验基地)进行。试验基地位于山西省运城市夏县(35°11'N, 111°05'E),年平均温度为 13.2 °C,年日照时长为 2 293.4 h,无霜期 212 d,年降雨量 525 mm,海拔 407.5 m,为温带大陆性季风气候。夏秋季降雨量占到 75%,灾害性天气主要是干旱和春季倒春寒。种植制度为长期小麦-玉米一年两熟,处于灌溉覆盖区,可进行正常灌溉。长期定位试验土壤为褐土,土壤为粉质黏壤土(17.5%黏土、

28.0%砂质土和 54.5%的粉砂土)。

1.2 试验设计

共设置 4 个处理组和 1 个对照组,360 m²的大条区作为一个处理,从中选取小麦长势均匀一致的试验区域 15 m² (2.0 m×7.5 m)作为试验小区,设 3 次重复,共计 15 个小区,各处理施肥具体情况见表 1。播种前施 2/3 的尿素和总过磷酸钙作为基肥,其余 1/3 的尿素在拔节期施用,有机肥播前全部施入。在作物收获后立即清理表层作物秸秆,并从 CK、NP 和 NPM 地块移除,播种前旋耕,并在 10–15 cm 深的土壤中混合化肥、秸秆和粪肥。小麦种植在每年 10 月上旬至次年 6 月上旬,收获后复种夏玉米。

1.3 主要试剂和仪器

氢氧化钠、硼酸、硫酸亚铁、重铬酸钾、碳酸氢钠,天津博迪化工股份有限公司;甲基红,天津市福晨化学试剂厂;溴甲酚绿,天津市光复精细化工研究所;碱性胶液,天津市大茂化学试剂厂;酒石酸氧锶钾、钼酸铵、左旋抗坏血酸、

表 1 试验设计

Table 1 Experiment design

处理	种类及用量
Treatment	Type and quantity
不施肥+秸秆清茬(CK)	全生育期不施肥,秸秆不还田
Straw stubble cleaning+unfertilized control (CK)	Straw stubble cleaning and unfertilized control in the total growth period
氮磷化肥+秸秆清茬(NP)	两季总量: N 为纯 N 450 kg/hm ² (小麦玉米各 1/2), P 为 P ₂ O ₅ 148.5 kg/hm ²
Straw stubble cleaning+N and P fertilizers (NP)	(小麦播前全部施入,玉米不施)
	Total amount of N in two seasons was 450 kg/hm ² (half of each wheat and corn), 148.5 kg/hm ² for P ₂ O ₅ (total P was applied before wheat sowing, and not applied in corn)
氮磷化肥+秸秆还田(SNP)	N、P 用量同上, S 为小麦-玉米秸秆就地还田
Straw incorporation+N and P fertilizers (SNP)	N and P were the same above, and S was wheat-corn straw returned to the field
氮磷化肥+有机肥+秸秆清茬(NPM)	N、P 用量同上, M 为发酵鸡粪肥,小麦播前全部施入,施入量 9 m ³ /hm ²
Straw stubble cleaning+N and P fertilizers + manure (NPM)	(鸡粪中含有机质 233 g/kg、全氮 19.9 g/kg)
	N and P were the same as above. M was the fermented chicken manure. The manure was applied before wheat sowing, and the application rate is 9 m ³ /hm ² (chicken manure contains 233 g/kg of organic matter, 19.9 g/kg of total N)
氮磷化肥+秸秆还田+有机肥(SNPM)	N、P、S、M 用量同上
Straw incorporation+N and P fertilizers + manure (SNPM)	N, P, S and M were the same above

乙酸铵, 天津市瑞金特化学品有限公司; Power Soil DNA Isolation Kit, 深圳市安必胜科技有限公司; Pure Link 快速凝胶萃取的试剂盒, 北京全式金生物技术股份有限公司。

分光光度计, 上海元析仪器有限公司; 消化炉, 上海纤检仪器有限公司; 智能型光照恒温培养箱, 宁波市科技园区新江南仪器有限公司; 康氏振荡器, 上海浦东物理光学仪器厂; 火焰光度计, 上海昶析仪器仪表有限公司; pH 计, 梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司; NanoDrop ND-1000 核酸定量仪, Thermo Scientific 公司; PCR 仪, ABI 公司; QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统, Promega 公司。

1.4 土样采集与测定分析

于 2021 年小麦收获后立即采集土样。采用土钻法, 每个处理区取 10 个位置 0–20 cm 层土壤, 去除杂物(砂石、根系等)后混匀, 低温条件下带回并保存在 -80°C 冰箱中, 用于分析土壤真菌群落结构。取出部分土样风干, 测定有机质(organic matter, OM)、全氮(total nitrogen, TN)、碱解氮(available nitrogen, AN)、全磷(total phosphorus, TP)、速效磷(available phosphorous, AP)、速效钾(available potassium, AK)和 pH。土壤有机质采用重铬酸钾氧化-比色法^[20]; 土壤全氮采用消煮-扩散法^[21]; 土壤碱解氮采用碱解扩散法^[21]; 土壤全磷采用 $\text{HClO}_4\text{-H}_2\text{SO}_4$ 法^[22]; 土壤速效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法^[22]; 土壤速效钾采用醋酸铵浸提火焰光度法^[22]。土壤 pH 采用水:土为 2.5:1 (质量比), 25°C 条件下摇床振荡 30 min, 静置后用 pH 计测定^[22]。

1.5 土壤真菌的高通量测序及分析

称取土壤样品 0.5 g, 先用 Power Soil DNA Isolation Kit 提取土壤总 DNA, 再用 NanoDrop ND-1000 核酸定量仪和 1% 琼脂糖凝胶电泳检测提取物的浓度和纯度。DNA 样品于 -20°C 保存。

利用扩增引物 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTA GAGGAAGTAA-3')和 ITS2R (5'-GCTGCGTTCT TCATCGATGC-3')扩增土壤真菌的 ITS 序列。PCR 反应体系(25 μL): $5\times$ 反应缓冲液 5 μL , $5\times\text{GC}$ 缓冲液 5 μL , dNTPs (2.5 mmol/L) 2 μL , 上、下游引物(10 $\mu\text{mol/L}$)各 1 μL , DNA 模板 2 μL , ddH₂O 8.75 μL , Q5 DNA 聚合酶(2 U/ μL) 0.25 μL 。PCR 反应条件: 98°C 2 min; 98°C 15 s, 55°C 30 s, 72°C 30 s, 30 个循环; 72°C 5 min。PCR 扩增完成后经 2% 琼脂糖凝胶电泳后, 使用 Pure Link 快速凝胶萃取试剂盒对所需条带进行剪切纯化, 送上海凌恩生物科技有限公司用 Illumina MiSeq 平台进行扩增子测序。用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统将 PCR 产物检测定量, 按照测序量要求的比例混合。依照序列的相似度, 通过 QIIME 软件技术, 把序列分为数个 OTU (operational taxonomic unit)并统计出每个土样的 OTU 情况, 对比 Unite (Release 8.2, <http://unite.ut.ee/index.php>)真菌数据库中的序列和物种分类, 在 OTU 序列相似水平达到 97% 基础上, 采用 RDP classifier 贝叶斯算法进行生物信息分类学分析, 统计各样本在门和属水平上的群落组成, 并计算土壤物种丰富度、Shannon-Wiener 指数和 Chaol 指数等。

数据采用 WPS 表格整理后, 进行单因素方差分析(SPSS 20.0), 并用 Duncan 法进行多重比较。

2 结果与分析

2.1 秸秆还田和配施有机肥对土壤真菌群落多样性的影响

不同处理对土壤真菌丰富度与多样性指数的影响见表 2, 物种丰富度指数大小依次为 $\text{NP}>\text{NPM}>\text{SNP}>\text{SNPM}>\text{CK}$ 。Chao1 和 ACE 指数在秸秆还田和施有机肥的处理组均高于 CK, 且 NP 较 CK 显著高 34.99%和 29.93%。香

表 2 秸秆还田和配施有机肥条件下小麦土壤真菌的丰富度与多样性指数

Table 2 Richness and diversity index of soil fungi of wheat under straw-returning and combined application of organic fertilizer

处理	物种丰富度指数	Chaol 指数	ACE 指数	香农-威纳指数	辛普森指数	Pielou 均匀度	覆盖度
Treatment	Community richness index	Chaol index	ACE index	Shannon-Wiener index	Simpson index	Pielou's evenness	Coverage (%)
CK	283.00±36.01c	306.31±40.4b	315.76±41.59b	5.79±0.39a	0.04±0.02a	0.71±0.04a	99.93±0.02
NP	377.33±19.76a	413.50±39.52a	410.28±23.09a	5.34±0.46a	0.09±0.04a	0.62±0.05b	99.91±0.02
NPM	350.67±50.82ab	376.15±52.3ab	376.45±53.85ab	5.22±0.39a	0.08±0.02a	0.62±0.03b	99.91±0.01
SNP	325.33±19.14abc	351.38±21.11ab	354.86±19.30ab	5.36±0.28a	0.06±0.01a	0.64±0.03b	99.90±0.02
SNPM	308.33±15.04bc	350.49±15.68ab	348.44±15.37ab	5.20±0.12a	0.08±0.01a	0.63±0.01b	99.86±0.02

同列数据不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)Within the same column, different lowercase letters represent significant differences ($P<0.05$).

农-威纳指数和辛普森指数在各处理间存在差异,但差异不显著,CK 的 Pielou 均匀度显著高于其他处理。

从 OTU 水平上分析秸秆还田和施有机肥对土壤真菌群落多样性的影响,如图 1 所示,5 个处理共产生 953 个 OTU,其中共有的 OTU 为 150 个,占 OTU 总数的 15.74%。CK、NP、NPM、SNP 和 SNPM 的 OTU 数目分别为 398、451、472、

462 和 440,其中 CK 特有的 OTU 最多,SNPM 特有的 OTU 最少。CK 与 NP、NPM、SNP 和 SNPM 共有的 OTU 数目分别为 245、223、225 和 212,而 NP 与 NPM 和 SNP 共有的 OTU 数目分别为 297 和 298,NPM 与 SNPM 共有的为 294,SNP 与 SNPM 共有的为 278。因此,从 OTU 数目来看,秸秆还田和施有机肥均丰富了土壤真菌的多样性。

2.2 秸秆还田和配施有机肥对土壤真菌群落组成和种群结构的影响

不同处理的土壤真菌群落门水平组成及分布如图 2 所示,5 个处理共检测出 9 个菌门,其中子囊菌门(*Ascomycota*)、毛霉门(*Mucoromycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)为 3 个主要菌门,在 CK、NP、NPM、SNP 和 SNPM 中这 3 类菌群所占比例分别为 97.26%、98.30%、99.02%、98.26%和 98.54%。相对丰度最高的为子囊菌门,所占丰度比例大小依次为 SNPM (87.61%)>NP (86.17%)>SNP (81.97%)>NPM (78.93%)>CK (74.51%),各处理间差异显著;其次是毛霉门,大小依次为 NPM (17.51%)>CK (16.67%)>SNP (11.43%)>NP (9.12%)>SNMP (7.33%);而担子菌门相对丰度在 CK 中最高(6.08%),其他处理组均低于 CK。

在属水平上,5 个处理共检测出 262 个真菌属,主要真菌群落组成及分布如图 3 所示,将真

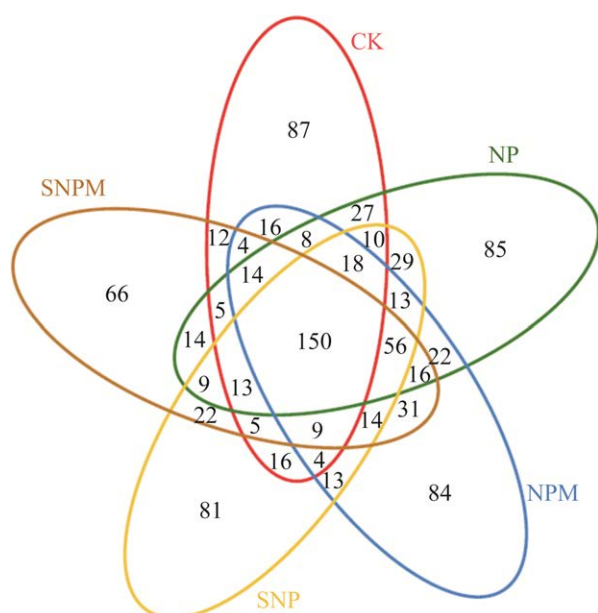


图 1 秸秆还田和配施有机肥条件下小麦土壤真菌 Venn 图

Figure 1 Venn diagram of soil fungi of wheat under straw incorporation and manure application.

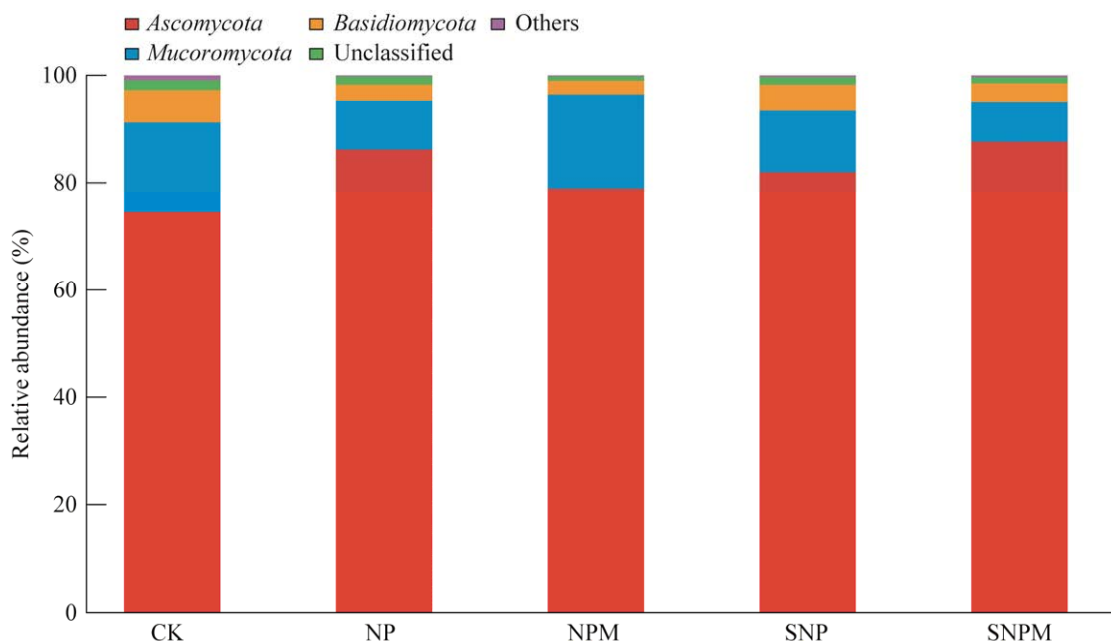


图 2 秸秆还田和配施有机肥条件下小麦土壤真菌群落门水平的相对丰度

Figure 2 Relative abundance of soil fungi of wheat community under straw incorporation and manure application at phylum level.

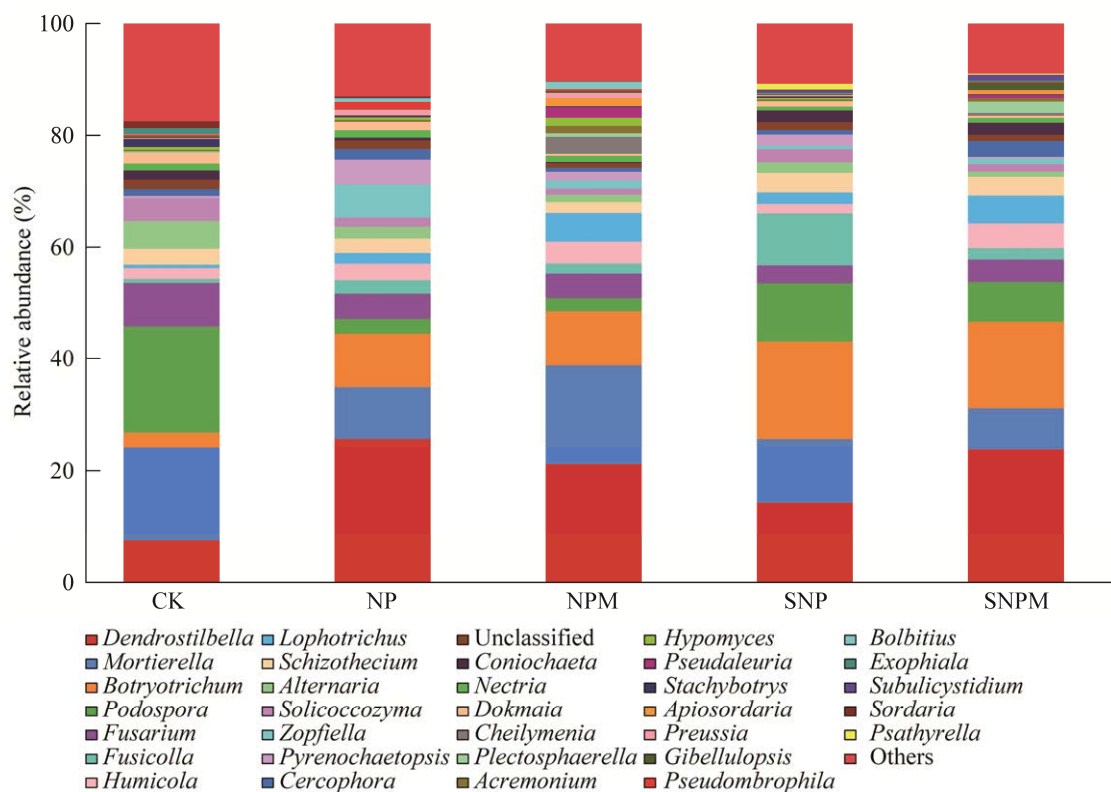


图 3 秸秆还田和配施有机肥条件下小麦土壤真菌群落属水平的相对丰度

Figure 3 Relative abundance of soil fungi of wheat community under straw incorporation and manure application at genus level.

菌属的相对丰度大于1.00%定义为优势真菌属^[23]。5个处理共有的8个优势真菌属为 *Dendrostilbella* 7.48%–25.79%、被孢霉属 (*Mortierella*) 7.33%–17.51%、柄孢壳菌属 (*Podospora*) 2.366%–18.85%、毛葡萄属 (*Botryotrichum*) 2.75%–17.31%、镰刀菌属 (*Fusarium*) 3.32%–7.77%、腐质霉属 (*Humicola*) 1.67%–4.37%、产油菌属 (*Solicoccozyma*) 1.32%–4.05%和裂壳菌属 (*Schizothecium*) 1.92%–3.60%，各处理的优势菌属相对丰度差异显著。CK、NP、NPM、SNP和SNPM优势真菌属的数量依次为17、18、21、15和16，占各处理比例依次为78.76%、83.21%、86.11%、84.0%和84.40%。CK丰度较高的3个属为柄孢壳菌属 (*Podospora*) 18.85%、被孢霉属 (*Mortierella*) 16.67%和镰刀菌属 (*Fusarium*) 7.77%；NP、NPM、SNP和SNPM丰度较高的前3个相同属均为

Dendrostilbella、毛葡萄属 (*Botryotrichum*)和被孢霉属 (*Mortierella*)，但相对丰度值存在差异。NP和NPM的 *Dendrostilbella* 和 *Botryotrichum* 的相对丰度值差异不显著。

由层次聚类可知(图4)，5个处理依据真菌群落组成可分为四大类，NPM和SNPM枝条最短，相对丰度最为相似，聚为一支，CK、SNP和NP则各独立为一支，因此，秸秆还田和配施有机肥条件下土壤真菌群落结构层次不同。

2.3 土壤真菌与土壤性质的相关性分析和冗余分析

分析比较不同处理土壤真菌群落的组间差异物种，根据LEfSe分析选择LDA score大于3.5的差异物种进行柱状图展示(图5A)。结果发现不同处理组共存在48个显著差异的物种，其中，CK处理组具有显著性差异的物种最多，有18个种群，包括2个门、1个纲、1个目、6个科、

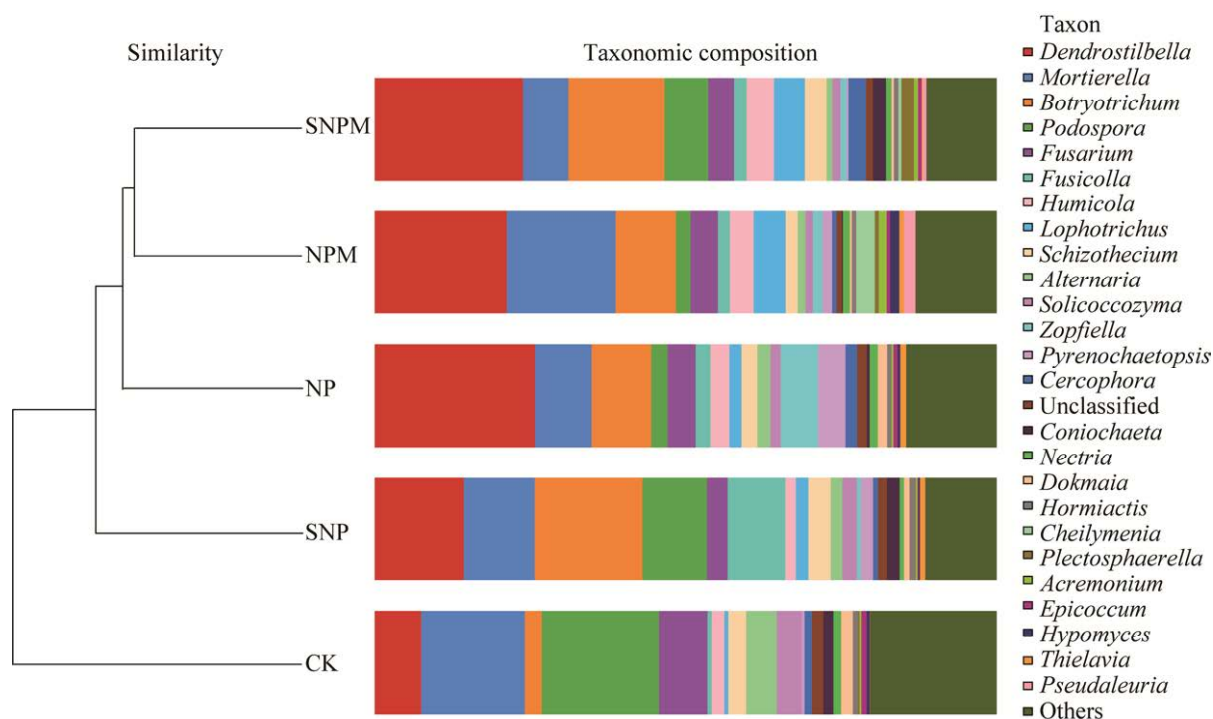


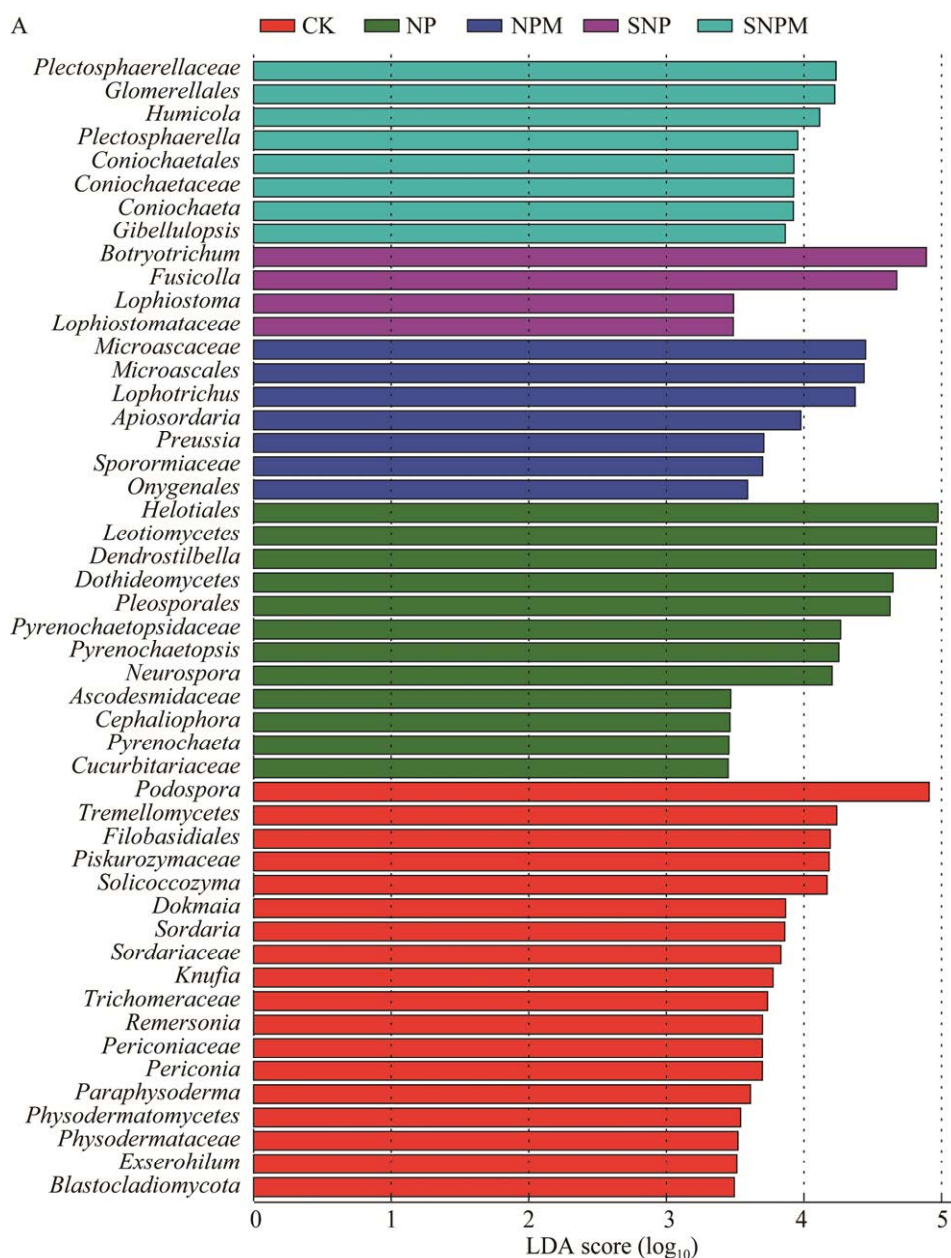
图4 秸秆还田和配施有机肥条件下小麦土壤真菌群落相似性聚类树

Figure 4 Similarity cluster trees of soil fungal of wheat community under straw incorporation and manure application.

8 个属; 其次是 NP 处理组有 11 个种群, 包括 1 个纲、2 个目、3 个科、4 个属、1 个种; SNPM 处理组有 8 个, 包括 2 个目、2 个科、4 个属; NPM 处理组有 7 个, 包括 2 目、2 科、3 属; 最后是 SNP 处理组有 4 个, 包括 1 个科、3 个属。对不同处理组差异物种进行门、纲、目、科、属、种分析(图 5B), 在进化分支图中, 红色、绿色、蓝色和紫色区域表示不同分组。有显著差异的物

种跟随处理进行着色, 如其中红色节点代表 CK 中起重要作用的微生物群, 黄色节点表示的是在各处理组均未起到重要作用的微生物类群。从门到科的分类水平上有 24 个真菌进化支在统计学上有显著差异, CK 的芽枝霉门(*Blastocladiomycota*)是最显著变化的 biomarker。

真菌门水平相对丰度与土壤 pH、速效养分之间的 RDA 分析见图 6, 第 1、2 排序轴对土壤



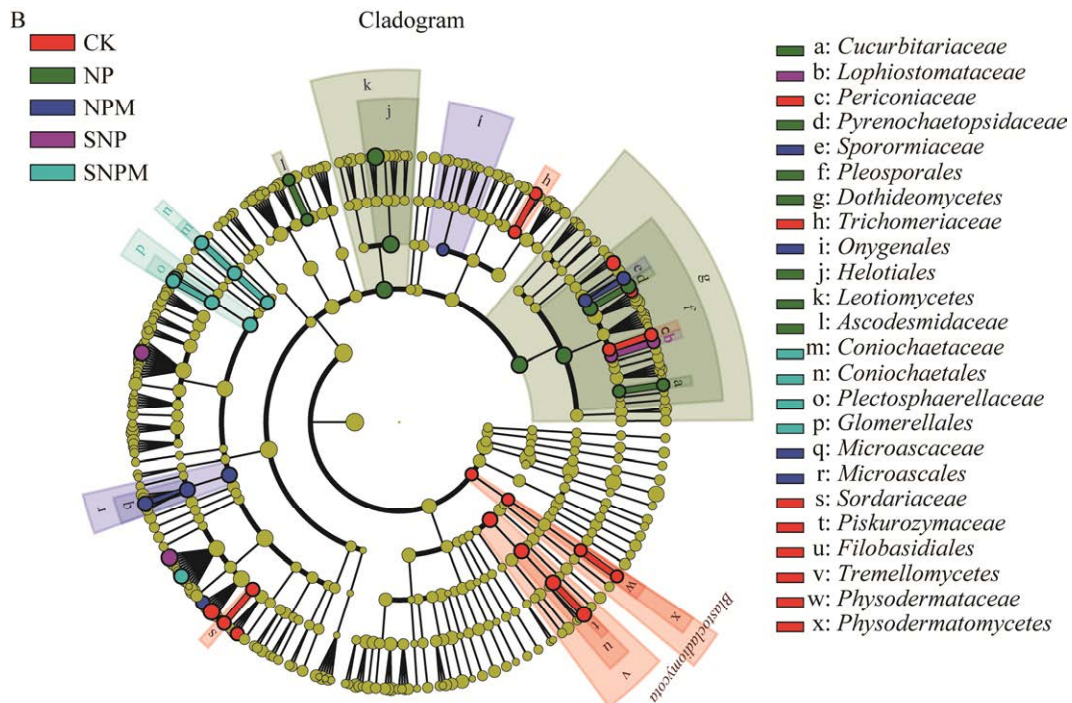


图 5 秸秆还田和配施有机肥条件下土壤真菌群落差异分析 A: 土壤真菌 LEfSe 分析的柱状图(LDA 值>3.5). B: 进化分支图

Figure 5 Difference analysis of soil fungal community under straw incorporation and manure application. A: The histogram of LEfSe analysis of soil fungi (LDA score>3.5). B: Cladogram.

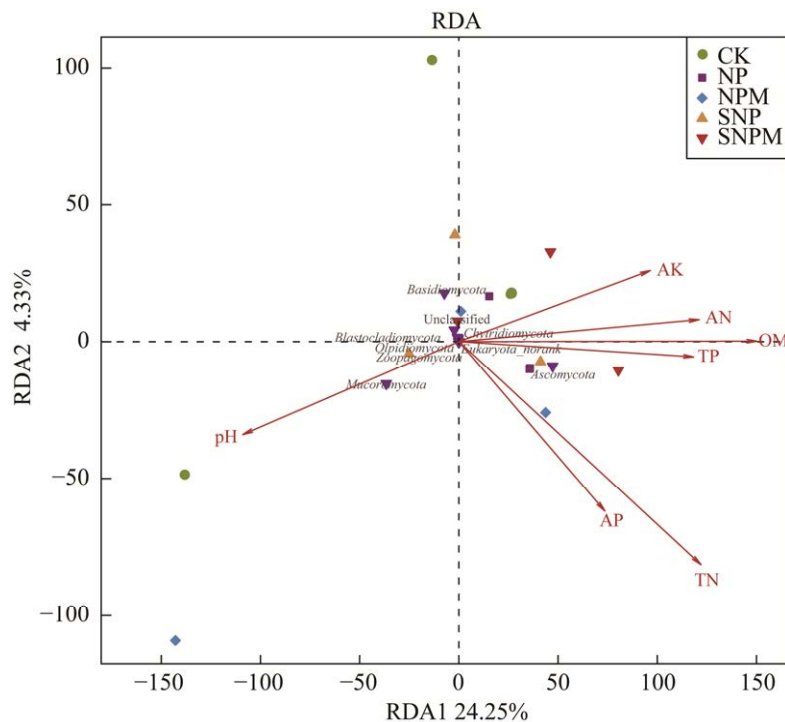


图 6 土壤真菌群落与土壤环境因子的关联分析

Figure 6 Redundancy analysis for soil fungal groups and soil environmental factors.

真菌群落变化的解释率分别为 24.25%、4.33%，总解释率为 28.58%。TN 含量与土壤真菌群落结构的相关性最大，AP 和 pH 次之。AK、AN 和 TP 的矢量箭头之间夹角为锐角，表明它们之间可能具有协同效应。CK、NP、NPM、SNP 和 SNPM 的对应 TN 的环境变量值排序为 SNPM≈NPM>SNP>NP>CK，因此，秸秆还田或施有机肥处理均通过改变土壤理化性质影响菌群落结构，尤其是 TN 含量对真菌群落结构的变化影响较大。

3 讨论

3.1 麦玉轮作模式下长期秸秆还田和配施有机肥对麦田土壤真菌多样性的影响

土壤微生物群落多样性越高,对于维持土壤微生态平衡越有利,越容易保障高效绿色生产^[24]。土壤微生物中的真菌在分解大分子有机质、参与营养元素循环和交换、预防土传病虫害等方面发挥着重要作用^[25]。辛励等^[26]发现秸秆还田配施氮肥较不施肥处理改善了土壤微生态,进而提高了土壤肥力质量。Li 等^[27]研究发现水稻秸秆腐解过程中真菌的分解作用占据优势地位,导致土壤真菌群落发生改变,其多样性显著提高。本研究结果表明,秸秆还田和施有机肥处理组的物种丰富度指数、Chao1 和 ACE 指数均高于 CK,且 NP 的 Chao1 和 ACE 指数较 CK 显著高 34.99%和 29.93%,CK 的 Pielou 均匀度显著高于秸秆还田和施有机肥的处理组。不论是秸秆还田还是施有机肥的处理组均提高了真菌的多样性,与 Li 等^[27]研究结果一致。本研究还对比了长期秸秆还田组与施有机肥组,长期秸秆还田施化肥(SNP)真菌多样性低于长期不还田施化肥(NP),长期秸秆还田配施有机肥(SNPM)真菌多样性低于长期不还田施有机肥(NPM)。

OTU 数量能够反映各处理的真菌群落组

成,从 OTU 聚类韦恩图中看出,5 个处理共有的 OTU 占总数的 15.74%,各处理检测出的 OTU 数目依次为 CK (398)<SNPM (440)<NP (451)<SNP (462)<NPM (472),表明秸秆还田或施有机肥均丰富了真菌的多样性。从特有和共有的 OTU 数目可知秸秆还田和施有机肥改变了真菌群落的组成。已有研究表明秸秆原位还田时在自然状态下作物秸秆难以被分解利用,长期秸秆还田大量残留,难以参与微生态物质循环,影响下茬作物^[10]。本研究还对比了长期秸秆还田组与施有机肥组,SNP 真菌多样性和数量低于 NP,SNPM 真菌多样性和数量低于 NPM,与 Wang 等^[14]和 Sun 等^[17-18]的研究结果存在偏差,可能与长期秸秆原位还田堆积有关。

3.2 麦玉轮作模式下长期秸秆还田和配施有机肥对麦田土壤真菌群落组成的影响

已有研究证实,真菌中的子囊菌能够降解土壤中残留的纤维素和木质纤维素^[28];小麦秸秆还田后土壤的真菌优势门类主要为子囊菌门、接合菌门和担子菌门^[28-30];无论是短期的培养试验还是长期的定位试验,秸秆还田后子囊菌门真菌的相对丰度均显著增加^[31-32]。本研究同样发现,在共检测出 9 个菌门中,子囊菌门(*Ascomycota*)为相对丰度最高的优势菌门,其次是毛霉门(*Mucoromycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*),但各处理的相对丰度存在差异。子囊菌门占据比例最大,有研究认为可能是其能够产生大量的无性孢子快速生长,受秸秆残留影响较大,是农业土壤中最大的真菌类群,其丰富度随养分添加而增加^[33-34]。本研究中子囊菌门在各处理中所占丰度比例大小依次为 SNPM (87.61%)>NP (86.17%)>SNP (81.97%)>NPM (78.93%)>CK (74.51%),对照组相比其他处理的土壤养分最低且子囊菌门所占丰度比例最低。担子菌门在降解木质纤维素方面也发挥重要的作用^[35-36],本研究

中 CK 中担子菌门的相对丰度最高为 6.08%，其他处理组反而低于 CK，可能是担子菌门可在厌氧环境下降解木质素及纤维素^[37]。毛霉门是腐生性真菌，具有较强的分解蛋白质能力，广泛分布于土壤、腐败有机物、植物残体和动物粪便等中，对于秸秆腐熟是有益菌。卢培娜^[38]在研究菌肥与腐熟秸秆时发现，菌肥处理提高了根际毛霉门丰度，腐熟秸秆(S)及腐熟秸秆配施菌肥(FS)处理显著降低了草蓆 1 号根际土壤毛霉门丰度，增加了根际土壤真菌群落丰富度、多样性以及子囊菌门相关的病原菌丰度，以上变化均与养分含量显著提高和分泌物显著降低有关，但白燕 2 号 FS 处理并未引起根际土壤真菌群落的显著变化，与本研究有一致性。

随着秸秆还田配施有机肥的耕作栽培措施广泛推广，长期秸秆原位还田和施有机肥造成大量的有机物、作物残体、腐殖质和病原菌等残留于土壤表层土，适宜的条件成为潜在接种源，导致土传病害的发生^[39-41]。李红宇等^[7]研究发现随秸秆还田量增加，柄孢壳属、裂壳菌属的相对丰度呈增加的趋势，秸秆还田量 16.5 t/hm² 时，子囊菌门、担子菌门、裂壳菌属、柄孢壳属、腐质霉属以及被孢霉属相对丰度与对照组分别相差 52.45%、1.40%、30.70%、16.84%、0.53% 和 0.44%，表明秸秆还田能提高部分菌属的相对丰度。被孢霉属(*Mortierella*)是土壤中一种有益微生物，具有溶解土壤中磷的功能^[42]。已有研究表明，长期施肥会增加土壤中被孢霉属(*Mortierella*)的丰度^[18,43]。本研究表明，CK 丰度较高的 3 个属为柄孢壳菌属(*Podospora*) 18.85%、被孢霉属(*Mortierella*) 16.67%和镰刀菌属(*Fusarium*) 7.77%；NP、NPM、SNP 和 SNPM 丰度较高的前 3 个相同属均为 *Dendrostilbella*、毛葡萄属(*Botryotrichum*)和被孢霉属(*Mortierella*)，但相对丰度值存在差异。针对长

期秸秆还田和施有机肥的耕作措施对真菌组成和结构改变是否对作物生长有害，还有待于进一步做详细研究。

本研究发现，长期秸秆还田和配施有机肥改变了土壤真菌群落丰富度和多样性，同时采用群落组成的层次聚类分析，NPM 和 SNPM 枝条最短，相对丰度最为相似，说明长期施有机肥是改变土壤真菌群落丰富度和多样性的至关重要的因素。NPM 和 SNPM 真菌群落间遗传距离较近，群落组成相似度高，聚为一支，而 CK、NP、SNP 各独立为一支。

秸秆还田和配施有机肥条件下土壤真菌群落的组间差异物种进行 LEfSe 分析，发现不同处理组共存在 48 个显著差异的物种，其中 CK 具有显著性差异的物种最多，有 18 个种群，结合层次聚类分析研究，表明长期秸秆还田或施有机肥均改变真菌群落结构。这可能是由于大量秸秆和有机物腐解提高了碳氮源比例，大幅提高了部分真菌类群的相对丰度，从而改变真菌群落组成。已有研究证实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^[17]。

3.3 麦玉轮作模式下土壤真菌与土壤环境因子的关联分析

土壤真菌直接参与还田秸秆的碳转化过程，伴随秸秆分解，养分得到释放，提高土壤肥力，为土壤微生物提供营养物质(氮、磷、钾等)循环和能量流动，改善土壤微生态环境^[26,44]。Zhang 等^[45]认为秸秆还田能够增加土壤中 N 和 P 元素的含量。常芳娟等^[46]和林叶春等^[47]结合 RDA 分析表明有机质、全氮、速效钾和 pH 均会影响土壤真菌群落结构变化。本研究中，TN 含量成为影响土壤真菌群落结构的关键因子，AP 和 pH 次之。AK、AN 和 TP 与排序轴的夹角为锐角，表明它们之间可能具有协同效应。CK、NP、

NPM、SNP 和 SNPM 的对应 TN 的环境变量值排序为 $\text{SNPM} \approx \text{NPM} > \text{SNP} > \text{NP} > \text{CK}$, 因此, 秸秆还田或施有机肥处理均通过改善土壤的化学性状, 尤其是 TN 含量来影响真菌群落组成。

4 结论

本研究采用高通量测序技术研究小麦-玉米轮作模式下长期秸秆还田和配施有机肥后麦田土壤真菌多样性变化。结果发现, 秸秆还田和施有机肥的处理组的物种丰富度指数、Chao1 和 ACE 指数均高于 CK, 秸秆还田和施有机肥的处理组均丰富了真菌的多样性。长期秸秆原位还田和施有机肥造成大量的有机物、作物残体、腐殖质和病原菌等残留于土壤表层土, 提高了部分真菌类群的相对丰度, 从而改变土壤原来的真菌群落组成。真菌群落门水平组成与环境因子间冗余分析发现, TN 含量是影响土壤真菌群落结构的关键因子, 也受 AP、pH、AK、AN 和 TP 等环境指标影响。因此, 在今后的工作中应进一步深入研究, 筛选合适的还田频率和施有机肥量提高有益真菌丰富度, 保障麦田高质量可持续发展。

REFERENCES

- [1] ESSEL E, XIE JH, DENG CC, PENG ZK, WANG JB, SHEN JC, XIE JH, COULTER JA, LI LL. Bacterial and fungal diversity in rhizosphere and bulk soil under different long-term tillage and cereal/legume rotation[J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, 194: 104302.
- [2] 邵帅, 何红波, 张威, 赵钰, 张旭东. 土壤有机质形成与来源研究进展[J]. *吉林师范大学学报(自然科学版)*, 2017, 38(1): 126-130.
- SHAO S, HE HB, ZHANG W, ZHAO Y, ZHANG XD. Soil organic matter formation and origin: a review[J]. *Jilin Normal University Journal (Natural Science Edition)*, 2017, 38(1): 126-130 (in Chinese).
- [3] WANG ZT, CHEN Q, LIU L, WEN XX, LIAO YC. Responses of soil fungi to 5-year conservation tillage treatments in the drylands of northern China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, 101: 132-140.
- [4] 张晓庆, 王梓凡, 参木友, 白海花, 塔娜. 中国农作物秸秆产量及综合利用现状分析[J]. *中国农业大学学报*, 2021, 26(9): 30-41.
- ZHANG XQ, WANG ZF, CAN MY, BAI HH, TANA. Analysis of yield and current comprehensive utilization of crop straws in China[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2021, 26(9): 30-41 (in Chinese).
- [5] 武淑霞, 刘宏斌, 黄宏坤, 雷秋良, 王洪媛, 翟丽梅, 刘申, 张英, 胡钰. 我国畜禽养殖粪污产生量及其资源化分析[J]. *中国工程科学*, 2018, 20(5): 103-111.
- WU SX, LIU HB, HUANG HK, LEI QL, WANG HY, ZHAI LM, LIU S, ZHANG Y, HU Y. Analysis on the amount and utilization of manure in livestock and poultry breeding in China[J]. *Strategic Study of CAE*, 2018, 20(5): 103-111 (in Chinese).
- [6] 郑凤君, 王雪, 李景, 王碧胜, 宋霄君, 张孟妮, 武雪萍, 刘爽, 席吉龙, 张建诚, 李永山. 免耕条件下施用有机肥对冬小麦土壤酶及活性有机碳的影响[J]. *中国农业科学*, 2020, 53(6): 1202-1213.
- ZHENG FJ, WANG X, LI J, WANG BS, SONG XJ, ZHANG MN, WU XP, LIU S, XI JL, ZHANG JC, LI YS. Effect of no-tillage with manure on soil enzyme activities and soil active organic carbon[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(6): 1202-1213 (in Chinese).
- [7] 李红宇, 王志君, 范名宇, 刘梦红, 吕艳东, 刘丽华. 秸秆连续还田对苏打盐碱水稻土养分及真菌群落的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2021, 39(2): 15-23.
- LI HY, WANG ZJ, FAN MY, LIU MH, LÜ YD, LIU LH. Effects of continuous straw returning on nutrients of soda saline-alkaline paddy soil and fungal community[J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2021, 39(2): 15-23 (in Chinese).
- [8] 陆宁海, 杨蕊, 郎剑锋, 吴利民, 张强, 霍云凤, 石明旺, 陈锡岭. 秸秆还田对土壤微生物种群数量及小麦茎基腐病的影响[J]. *中国农学通报*, 2019, 35(34): 102-108.
- LU NH, YANG R, LANG JF, WU LM, ZHANG Q, HUO YF, SHI MW, CHEN XL. Straw returning affects soil microbial population and wheat crown rot[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(34): 102-108 (in Chinese).
- [9] 宋慧宁. 连年玉米秸秆还田对土壤养分和土壤细菌、真菌群落结构的影响[D]. 长春: 吉林大学硕士学位论文文, 2022.
- SONG HN. Effects of successive years of corn straw return on soil nutrients and soil bacterial and fungal community structure[D]. Changchun: Master's Thesis of Jilin University (in Chinese).

- [10] CHEN L, ZHANG JB, ZHAO BZ, YAN P, ZHOU GX, XIN XL. 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.
- [11] 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.
- [12] 李鹏, 李永春, 史加亮, 郑宪清, 武国干, 蒋玮, 赵凯, 明凤, 潘爱虎, 吕卫光, 唐雪明. 水稻秸秆还田时间对土壤真菌群落结构的影响[J]. *生态学报*, 2017, 37(13): 4309-4317.
- LI P, LI YC, SHI JL, ZHENG XQ, WU GG, JIANG W, ZHAO K, MING F, PAN AH, LÜ WG, TANG XM. Rice straw return of different decomposition days altered soil fungal community structure[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(13): 4309-4317 (in Chinese).
- [13] 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.
- JI C, SUN YX, MENG Y, LIU YB, XU C, ZHANG YC, GU YA, WANG JD. 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 (in Chinese).
- [14] WANG HH, GUO QC, LI X, LI X, YU ZX, LI XY, YANG TT, SU ZC, ZHANG HW, ZHANG CG. Effects of long-term no-tillage with different straw mulching frequencies on soil microbial community and the abundances of two soil-borne pathogens[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 148: 103488.
- [15] 刘晶鑫, 迟凤琴, 许修宏, 匡恩俊, 张久明, 宿庆瑞, 周宝库. 长期施肥对农田黑土微生物群落功能多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2015, 26(10): 3066-3072.
- LIU JX, CHI FQ, XU XH, KUANG EJ, ZHANG JM, SU QR, ZHOU BK. Effect of long-term fertilization on microbial community functional diversity in black soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2015, 26(10): 3066-3072 (in Chinese).
- [16] 高学振, 张丛志, 张佳宝, 丁宁宁. 生物炭、秸秆和有机肥对砂姜黑土改性效果的对比研究[J]. *土壤*, 2016, 48(3): 468-474.
- GAO XZ, ZHANG CZ, ZHANG JB, DING NN. Comparison of biochar, straw and manure in improving Shajiang black soil[J]. *Soils*, 2016, 48(3): 468-474 (in Chinese).
- [17] SUN RB, ZHANG XX, GUO XS, WANG DZ, CHU HY. Bacterial diversity in soils subjected to long-term chemical fertilization can be more stably maintained with the addition of livestock manure than wheat straw[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 88: 9-18.
- [18] SUN RB, DSOUZA M, GILBERT JA, GUO XS, WANG DZ, GUO ZB, NI YY, CHU HY. Fungal community composition in soils subjected to long-term chemical fertilization is most influenced by the type of organic matter[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(12): 5137-5150.
- [19] LI J, WU XP, GEBREMIKAEL MT, WU HJ, CAI DX, WANG BS, LI BG, ZHANG JC, LI YS, XI JL. Response of soil organic carbon fractions, microbial community composition and carbon mineralization to high-input fertilizer practices under an intensive agricultural system[J]. *PLoS One*, 2018, 13(4): e0195144.
- [20] 钱宝, 刘凌, 肖潇. 土壤有机质测定方法对比分析[J]. *河海大学学报(自然科学版)*, 2011, 39(1): 34-38.
- QIAN B, LIU L, XIAO X. Comparative tests on different methods for content of soil organic matter[J]. *Journal of Hohai University (Natural Sciences Edition)*, 2011, 39(1): 34-38 (in Chinese).
- [21] 严昶升. 土壤肥力研究方法[M]. 北京: 农业出版社, 1988: 243-279.
- YAN CS. *Soil Fertility Research Methods*[M]. Beijing: Agriculture Press, 1988: 243-279 (in Chinese).
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- BAO SD. *Soil and Agricultural Chemistry Analysis*[M]. 3rd ed. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2000 (in Chinese).
- [23] 肖健, 吴银秀, 杨尚东, 屈达才. 秸秆覆盖还田对桑园土壤真菌群落结构组成的影响[J]. *西南农业学报*, 2021, 34(12): 2707-2713.
- XIAO J, WU YX, YANG SD, QU DC. Effects of straw mulching on soil fungal community structure in mulberry plantation[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 34(12): 2707-2713 (in Chinese).
- [24] 丁蛟龙, 孟祥杰, 王忍, 陈璐, 周晶, 陈灿, 黄璜. 长期应用稻鳖共生系统对土壤细菌群落结构及其多样性的影响[J]. *南方农业学报*, 2021, 52(7): 1860-1868.
- DING JL, MENG XJ, WANG R, CHEN L, ZHOU J, CHEN C, HUANG H. Effects of long-term application of rice-turtle co-culture on soil bacterial community structure and diversity[J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(7): 1860-1868 (in Chinese).

- [25] 杨鑫, 樊吴静, 李丽淑, 何虎翼, 唐洲萍. 不同栽培模式对冬作马铃薯根际土壤真菌多样性的影响[J]. 福建农业学报, 2020, 35(2): 192-199.
- YANG X, FAN WJ, LI LS, HE HY, TANG ZP. Effect of cultivation practices on fungal diversity in rhizosphere soil at winter potato fields as determined by high-throughput sequencing[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2020, 35(2): 192-199 (in Chinese).
- [26] 辛励, 陈延玲, 刘树堂, 刘锦涛, 袁铭章, 南镇武. 长期定位秸秆还田对土壤真菌群落的影响[J]. 华北农学报, 2016, 31(5): 186-192.
- XIN L, CHEN YL, LIU ST, LIU JT, YUAN MZ, NAN ZW. Fungal community development of long-term straw returning soil[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2016, 31(5): 186-192 (in Chinese).
- [27] LI P, LI YC, ZHENG XQ, DING LN, MING F, PAN AH, LÜ WG, TANG XM. 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.
- [28] LOPEZ MJ, VARGAS-GARCÍA MDC, SUÁREZ-ESTRELLA F, NICHOLS NN, DIEN BS, MORENO J. Lignocellulose-degrading enzymes produced by the ascomycete *Coniochaeta ligniaria* and related species: application for a lignocellulosic substrate treatment[J]. *Enzyme and Microbial Technology*, 2007, 40(4): 794-800.
- [29] 王妍. 不同秸秆还田方式对砂姜黑土真菌群落的影响[D]. 合肥: 安徽农业大学硕士学位论文, 2016.
- WANG Y. The effects of straw residue incorporation on fungal communities in lime concretion black soil[D]. Hefei: Master's Thesis of Anhui Agricultural University, 2016 (in Chinese).
- [30] TARDY V, CHABBI A, CHARRIER X, BERRANGER CD, REIGNIER T, DEQUIEDT S, FAIVRE-PRIMOT C, TERRAT S, RANJARD L, MARON PA. Land use history shifts *in situ* fungal and bacterial successions following wheat straw input into the soil[J]. *PLoS One*, 2015, 10(6): e0130672.
- [31] ZHAO SC, QIU SJ, XU XP, CIAMPITTI IA, ZHANG SQ, HE P. 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.
- [32] YU C, LI Y, MO RL, DENG W, ZHU ZX, LIU DB, HU XM. Effects of long-term straw retention on soil microorganisms under a rice-wheat cropping system[J]. *Archives of Microbiology*, 2020, 202(7): 1915-1927.
- [33] SOMENAHALLY A, DUPONT JI, BRADY J, MCLAWRENCE J, NORTHUP B, GOWDA P. Microbial communities in soil profile are more responsive to legacy effects of wheat-cover crop rotations than tillage systems[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 123: 126-135.
- [34] AL-SADI AM, AL-MAZROUI SS, PHILLIPS AJL. Evaluation of culture-based techniques and 454 pyrosequencing for the analysis of fungal diversity in potting media and organic fertilizers[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2015, 119(2): 500-509.
- [35] YELLE DJ, RALPH J, LU FC, HAMMEL KE. Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(7): 1844-1849.
- [36] FREY SD, KNORR M, PARRENT JL, SIMPSON RT. Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests[J]. *Forest Ecology and Management*, 2004, 196(1): 159-171.
- [37] BLACKWOOD CB, WALDROP MP, ZAK DR, SINSABAUGH RL. Molecular analysis of fungal communities and laccase genes in decomposing litter reveals differences among forest types but no impact of nitrogen deposition[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(5): 1306-1316.
- [38] 卢培娜. 菌肥与腐熟秸秆对盐碱地燕麦土壤微生态环境的调控机制[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学博士学位论文, 2021.
- LU PN. Regulatory mechanism of bio-fertilizer and rotten straw on soil microecological environment of oat in a saline-alkaline land[D]. Hohhot: Doctoral Dissertation of Inner Mongolia Agricultural University, 2021 (in Chinese).
- [39] QI YZ, ZHEN WC, LI HY. Allelopathy of decomposed maize straw products on three soil-born diseases of wheat and the analysis by GC-MS[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2015, 14(1): 88-97.
- [40] FLOWER KC, HÜBERLI D, COLLINS SJ, THOMAS G, WARD PR, CORDINGLEY N. Progression of plant-parasitic nematodes and foliar and root diseases under no-tillage with different crop rotations[J]. *Soil and Tillage Research*, 2019, 191: 18-28.
- [41] WANG HH, LI X, LI X, WANG J, LI XY, GUO QC, YU ZX, YANG TT, ZHANG HW. Long-term no-tillage and different residue amounts alter soil microbial community composition and increase the risk of maize root rot in northeast China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2020, 196: 104452.
- [42] ZHANG HS, WU XH, LI G, QIN P. Interactions

- between arbuscular mycorrhizal fungi and phosphate-solubilizing fungus (*Mortierella* sp.) and their effects on *Kosteletzkya virginica* growth and enzyme activities of rhizosphere and bulk soils at different salinities[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2011, 47(5): 543-554.
- [43] 宁琪, 陈林, 李芳, 张丛志, 马东豪, 蔡泽江, 张佳宝. 被孢霉对土壤养分有效性和秸秆降解的影响[J]. *土壤学报*, 2022, 59(1): 206-217.
NING Q, CHEN L, LI F, ZHANG CZ, MA DH, CAI ZJ, ZHANG JB. Effects of *Mortierella* on nutrient availability and straw decomposition in soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(1): 206-217 (in Chinese).
- [44] 杨艳华, 苏瑶, 何振超, 喻曼, 陈喜靖, 沈阿林. 还田秸秆碳在土壤中的转化分配及对土壤有机碳库影响的研究进展[J]. *应用生态学报*, 2019, 30(2): 668-676.
YANG YH, SU Y, HE ZC, YU M, CHEN XJ, SHEN AL. Transformation and distribution of straw-derived carbon in soil and the effects on soil organic carbon pool: a review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(2): 668-676 (in Chinese).
- [45] ZHANG P, CHEN XL, WEI T, YANG Z, JIA ZK, YANG BP, HAN QF, REN XL. Effects of straw incorporation on the soil nutrient contents, enzyme activities, and crop yield in a semiarid region of China[J]. *Soil and Tillage Research*, 2016, 160: 65-72.
- [46] 常芳娟, 张贵云, 张丽萍, 吕贝贝, 刘珍, 范巧兰, 姚众. 生物熏蒸配施微生物菌剂对西瓜连作土壤真菌群落结构的影响[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2022, 30(2): 248-257.
CHANG FJ, ZHANG GY, ZHANG LP, LV BB, LIU Z, FAN QL, YAO Z. Effects of biological fumigation combined with microbial agents on fungi community the structure of in continuous watermelon cropping watermelon soil[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2022, 30(2): 248-257 (in Chinese).
- [47] 林叶春, 李雨, 陈伟, 陈懿, 高维常, 和凤梅, 黄化刚, 潘文杰. 绿肥压青对喀斯特地区植烟土壤细菌群落特征的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2018(3): 161-167.
LIN YC, LI Y, CHEN W, CHEN Y, GAO WC, HE FM, HUANG HG, PAN WJ. Effects of green manures on the bacterial community characteristics of the rhizosphere soil in flue-cured tobacco[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2018(3): 161-167 (in Chinese).