

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2024.01.027

杨凯, 杜延全, 张西兴, 等. 不同有机物料与化肥配施对土壤真菌群落结构和生态功能的影响. 土壤, 2024, 56(1): 222–228.

不同有机物料与化肥配施对土壤真菌群落结构和生态功能的影响^①

杨 凯¹, 杜延全², 张西兴², 王明伟², 李延锋^{2*}, 朱建强^{1*}

(1 长江大学农学院, 湖北荆州 434025; 2 中化农业临沂研发中心, 山东临沂 276000)

摘 要: 为减少土壤土传病害, 保障农田土壤健康, 指导有机物料合理利用, 在有机物料用量和化肥用量一致的基础上, 设置单施化肥(CK)、羊粪+化肥(A)、木薯渣+化肥(P)、木本泥炭+化肥(M)、味精废浆料+化肥(I)5 个处理, 以玉米为供试作物进行了有机物料与化肥配施试验, 观察了不同处理下土壤真菌群落结构的变化。结果表明: 施用有机物料降低了土壤真菌群落多样性, 但提高了真菌群落丰富度, 其中味精废浆料配施化肥处理的真菌群落丰富度最高, 各处理土壤中优势真菌门类均为子囊菌门、担子菌门和被孢菌门。施用有机物料后, 木薯渣、木本泥炭和味精废浆料处理的子囊菌门的相对丰度均增加, 担子菌门的相对丰度均降低; 而羊粪处理表现出相反趋势, 子囊菌门的相对丰度降低, 担子菌门的相对丰度增加。冗余分析结果表明, 土壤 pH 是影响真菌群落的主要环境因子, 其次为有机质、电导率和速效钾, 而碱解氮和有效磷的影响较小。另外, 有机物料与化肥配施可以提高腐生营养型和共生营养型真菌的比例, 减少病原菌的数量, 其中以木本泥炭与化肥配施的效果更显著, 这有利于维持土壤生态系统的稳定, 为作物生产提供健康的土壤条件。

关键词: 有机物料; 真菌; 群落结构; 生态功能; 土壤健康

中图分类号: S154 **文献标志码:** A

Effects of Different Organic Materials Combined with Chemical Fertilizers on Soil Fungal Community Structure and Ecological Function

YANG Kai¹, DU Yanquan², ZHANG Xixing², WANG Mingwei², LI Yanfeng^{2*}, ZHU Jianqiang^{1*}

(1 College of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China; 2 Sinochem Agricultural Linyi R & D Center, Linyi, Shandong 276000, China)

Abstract: To reduce soil-borne diseases, ensure the health of farmland soil, and guide the rational use of organic materials, a field experiment with maize as the test crop was conducted. Five treatments were set up on the basis of consistent application of organic materials and chemical fertilizers, including sole chemical fertilizer (CK), sheep manure + chemical fertilizer (A), cassava residue + chemical fertilizer (P), woody peat + chemical fertilizer (M), and MSG waste pulp + chemical fertilizer (I). The experiment aimed to observe the changes in soil fungal community structure under different treatments. The results indicated that the application of organic materials reduced the diversity but increased the richness of the soil fungal community. Among the treatments, the richness of the fungal community was highest in I treatment, and dominant fungal phyla in all treatments were Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota. After the application of organic materials, the relative abundance of Ascomycota increased in P, M and I treatments, while the relative abundance of Basidiomycota decreased. In contrast, A treatment showed an opposite trend, with an decrease in the relative abundance of Ascomycota and a increase in Basidiomycota. Redundancy analysis revealed that soil pH was the primary environmental factor influencing the fungal community, followed by organic matter, electrical conductivity, and available potassium, with smaller effects observed for alkaline nitrogen and available phosphorus. Furthermore, the combined application of organic materials and chemical fertilizers increased the proportion of saprotrophic and symbiotic fungi, reducing the quantity of pathogenic fungi. Among the treatments, the combination of woody

①基金项目: 中化化肥有限公司土壤健康技术与产品及集成方案开发项目(072023005F)资助。

* 通讯作者(200572@yangtzeu.edu.cn; 250478237@qq.com)

作者简介: 杨凯(1999—), 男, 甘肃张掖人, 硕士研究生, 研究方向为有机物料利用与土壤健康。E-mail: 512152769@qq.com

peat and chemical fertilizer showed the most significant effect, contributing to the maintenance of soil ecosystem stability and providing a healthy soil environment for crop production.

Key words: Organic materials; Fungus; Community structure; Ecology function; Soil health

化肥对作物高产稳产至关重要,但化肥用量超过一定阈值,不仅不会提高作物产量,还会造成资源浪费,降低土壤生物多样性,引起土壤退化^[1]。因此,需要化肥与有机肥配合施用,通常把实施有机肥肥作为恢复土壤肥力、提高土壤生产力的重要技术措施。土壤中的有机物在微生物作用下分解使得养分循环,并且在改善土壤结构、提高土壤肥力、防治土壤病虫害等方面微生物亦发挥了重要作用^[2]。人们已经认识到施用有机物料对土壤有机质积累以及改善土壤微生物群落组成和相互关系的重要性^[3]。土壤真菌作为土壤微生物群落的重要组成部分,在分解动植物残体、积累有机质、抑制病虫害等维持土壤质量和生产力等方面有着重要贡献^[4]。土壤真菌还可以与农作物共生成菌根,促进植物生长和维持农业生态系统稳定^[5]。吴宪^[6]研究发现,施用有机物料可提高玉米季土壤真菌的丰度,使玉米季的土壤真菌群落结构显著区别于单施化肥处理。Ji 等^[7]研究发现,比起单施化肥,有机肥替代部分化肥会显著改变玉米根际土壤真菌群落多样性和群落结构。王亚麟等^[8]的研究表明,与单施化肥相比,长期施用有机肥的烤烟玉米轮作土壤中可培养微生物数量增多,种群多样性增加。刘金光等^[9]的研究表明,持续施用有机肥可改善花生根际微生态环境,增加有益真菌数量,抑制土传病害的发生。由于不同有机物料的性质差异,其施入田间对土壤微生物的影响也不尽相同。研究表明,有机质是影响土壤微生物动态变化的主要因素^[10],而土壤真菌群落结构功能的变化主要取决于有机物料输入的类型^[11]。为了更好地了解不同有机物料与化肥配施对土壤真菌群落结构和功能的影响,实现有机物料的合理利用,本研究选用 4 种相对研究较少的有机物料(羊粪、木薯渣、木本泥炭、味精废浆料)开展试验,旨在探究有机物料与化肥配施条件下,玉米地土壤真菌群落的变化及其与环境因子的相关关系,揭示有机物料对土壤微生物生态的调控机制,为维持土壤健康、实现有机物料的资源化利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于 2022 年夏玉米生长季在临沂研发中心试验基地进行。该试验地位于山东省临沂市河东区(35°08'N, 118°40'E),属于温带季风气候,年平均气温 15.0 °C,年平均降水量 799.9 mm,年均日照时数 2 220.7 h,年平均风速 3.3 m/s,无霜期 200 d 左右。试验地土壤质地为砂壤土,土壤类型为棕壤,土层瘠薄,耕作层(0~20 cm)土壤基本性状为:pH 8.27,有机质 15.37 g/kg,全氮 0.83 g/kg,全磷 0.63 g/kg,全钾 15.12 g/kg,碱解氮 88.14 mg/kg,有效磷 9.40 mg/kg 和速效钾 128.97 mg/kg。

1.2 试验设计

分别以羊粪、木薯渣、木本泥炭、味精废浆料为主要原料发酵腐熟,不同有机物料主要养分含量及性质见表 1。采用单因素随机区组试验设计,以单施化肥为对照(CK),设置有机物料配施化肥处理:羊粪+化肥(A)、木薯渣+化肥(P)、木本泥炭+化肥(M)、味精废浆料+化肥(I)。每个处理 3 次重复,小区面积 2 m × 10 m。包含有机物料处理有机物料用量为 3 000 kg/hm²,各处理所施化肥为无机复合肥(28-6-6),用量为 525 kg/hm²,其中含 N 9.8kg、P₂O₅ 2.1 kg、K₂O 2.1 kg。试验地前茬作物为冬小麦,冬小麦收获后,在玉米播种时将有机物料和化肥作为基肥一次性施入农田,后期不追肥,试验地作物生长依靠自然降水,其他农事操作均参照当地玉米种植管理。

1.3 土壤样品采集

于 2022 年 9 月下旬玉米收获前,用直径 5 cm 的土钻在各小区按“S”形布点采集玉米行间表层(0~20 cm)土壤样品。每小区随机选 5 个样点取 1 个混合样,共采集 15 份土样。用冰盒保存土样并带回实验室过 2 mm 网筛,除去根系、石块等杂物后分为两份,一份储存在 -80 °C 冰箱用于土壤真菌群落分析,另一份自然风干后用于测定土壤的理化指标。

表 1 有机物料养分含量及性质

有机物料	有机质(g/kg)	全氮(g/kg)	全磷(g/kg)	全钾(g/kg)	pH
羊粪	353.7	19.7	14.0	20.7	9.13
木薯渣	252.2	15.1	24.4	5.4	7.42
木本泥炭	554.0	6.9	1.9	0.4	4.71
味精废浆料	350.0	69.6	7.0	62	5.95

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤理化性质测定 土壤化学性质的测定参照《土壤农化分析》^[12]。其中,有机质采用重铬酸钾容量法测定,碱解氮采用碱解扩散法测定,有效磷采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定,速效钾采用乙酸铵浸提-火焰光度计法测定;在 2.5 : 1(*V* : *m*) 水土比下采用复合电极测定土壤 pH;在 5 : 1(*V* : *m*) 水土比下采用电导率仪测定土壤电导率(EC)。

1.4.2 DNA 提取与 PCR 扩增 根据 E.Z.N.A.® soilDNA kit (OmegaBio-tek, Norcross, GA, U.S.)说明书进行微生物群落总基因组 DNA 抽提,使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA 质量,使用 NanoDrop 2000(美国 ThermoScientific 公司)测定 DNA 浓度和纯度。利用 Illumina 公司的 MiseqPE300 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司),分析微生物群落结构。每个样本 3 个重复。

1.4.3 高通量测序与生物信息学分析 使用 Fastp0.19.6 软件对双端原始测序序列进行质控,使用 FLASH1.2.11 软件进行拼接,基于默认参数使用 QIIME2 流程中的 DADA2 插件对质控拼接之后的优化序列进行降噪处理。DADA2 降噪处理之后的序列通常被称为 ASVs(即扩增子序列变体)。采用 Mothur 软件计算 Alpha 多样性指标 ACE、Shannon、Simpson 指数,并采用 Wilcoxon 秩和检验进行 Alpha 多样性的组间差异分析;用 LEfSe 分析(LDA>2, $P<0.05$)确定不同组间从门到属水平丰度显著差异的真菌类群。利用 FUNGuild 进行土壤真菌群落功能预测分析。

1.5 数据处理与分析

用 Excel 2016 对数据进行初步整理与分析,用 DPS7.05 软件进行单因素方差分析并用 Duncan 法检验数据之间的差异显著性,不同小写字母表示在 $P<0.05$ 水平具有显著性差异。冗余分析(RDA)通过 Canoco 5.0 进行限制性排序,分析环境因子与种群分类之间的关系。真菌门、属水平组成分布图采用 Origin 2021 软件绘制。

2 结果与分析

2.1 不同处理对土壤真菌群落 Alpha 多样性指数的影响

不同处理土壤真菌群落的 Alpha 多样性指数如表 2 所示,土壤真菌群落 ACE 指数表现为: $P>M>A>I>CK$,相比 CK 处理, P 处理的 ACE 指数提高了 15.16%,差异达到显著水平($P<0.05$)。土壤真菌群落 Shannon 指数则表现为: $CK>I>M>P>A$,相比 CK 处

理,有机物料配施化肥处理的 Shannon 指数均有所降低,但差异并不显著($P>0.05$)。而相比 CK 处理, A、P、M 处理的 Simpson 指数有所降低, I 处理的 Simpson 指数有所升高,但差异均未达到显著水平($P>0.05$)。

表 2 不同处理下土壤真菌群落的 Alpha 多样性指数

处理	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CK	558.67 ± 43.82 b	4.77 ± 0.29 a	0.033 ± 0.025 a
A	580.00 ± 26.96 b	4.44 ± 0.18 a	0.044 ± 0.027 a
P	643.33 ± 25.11 a	4.53 ± 0.08 a	0.038 ± 0.008 a
M	604.00 ± 21.93 ab	4.54 ± 0.14 a	0.040 ± 0.009 a
I	566.00 ± 20.66 b	4.60 ± 0.19 a	0.027 ± 0.005 a

注:表中同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

2.2 不同处理对土壤真菌群落组成和群落结构的影响

不同处理土壤真菌门水平群落组成和分布如图 1 所示。可以看出,各处理下土壤真菌在门水平的菌群主要有:子囊菌门(Ascomycota)、未分类真菌(unclassified_k_Fungi)、担子菌门(Basidiomycota)、被孢菌门(Mortierellomycota)、罗茨菌门(Rozellomycota)、油壶菌门(Olpidiomycota)、壶菌门(Chytridiomycota),其中优势菌群(>1%)主要有子囊菌门、担子菌门和被孢菌门,这 3 类菌群在 5 个处理中所占比例分别为 97.26%、98.30%、99.02%、98.26% 和 98.54%。不同处理下相对丰度最高的菌群均为子囊菌门,占总丰度的 52.69% ~ 66.74%。与 CK 处理相比, I、P、M 处理的子囊菌门的相对丰度均增加,担子菌门的相对丰度菌均降低;而 A 处理子囊菌门的相对丰度有所降低,担子菌门的相对丰度却有所增加。A、P、M、I 处理被孢菌门的相对丰度菌均低于 CK。

不同处理土壤真菌属水平群落组成和分布如图 2 所示。各处理中的优势菌属(相对丰度>1%)有毛壳菌属(*Chaetomium*)、被孢霉属(*Mortierella*)、赤霉菌属(*Gibberella*)、枝孢菌属(*Schizotheicum*)、青霉属(*Penicillium*)、木霉属(*Trichoderma*)、葡萄穗霉属(*Stachybotrys*)、新赤壳属(*Neocosmospora*)、镰孢菌属(*Fusarium*)。CK 处理中赤霉菌属相对丰度高于 A、P、I 处理,显著高于 M 处理;镰孢菌属相对丰度高于 A、P、M 处理,显著高于 I 处理。A 处理中 *Striaticonidium* 相对丰度高于 I、P 处理,显著高于 CK 和 M 处理。P 处理中枝孢菌属的相对丰度高于 CK、I、M 处理,显著高于 A 处理,葡萄穗霉属的相对丰度高于其他处理。M 处理中木霉属和蓝状菌属(*Talaromyces*)的相对丰度高于其他处理。I 处理中毛壳菌属的相对丰度高于 A、P、M 处理,显著高于 CK 处理,青霉属的

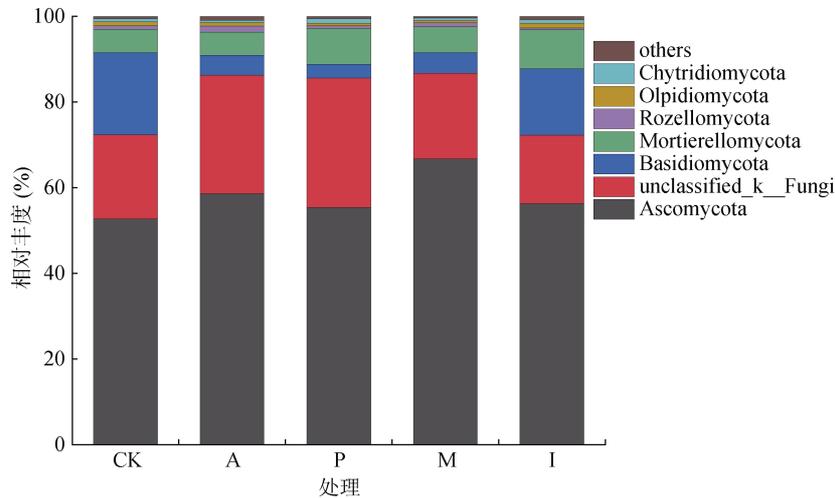


图 1 不同处理下土壤真菌群落门水平的相对丰度

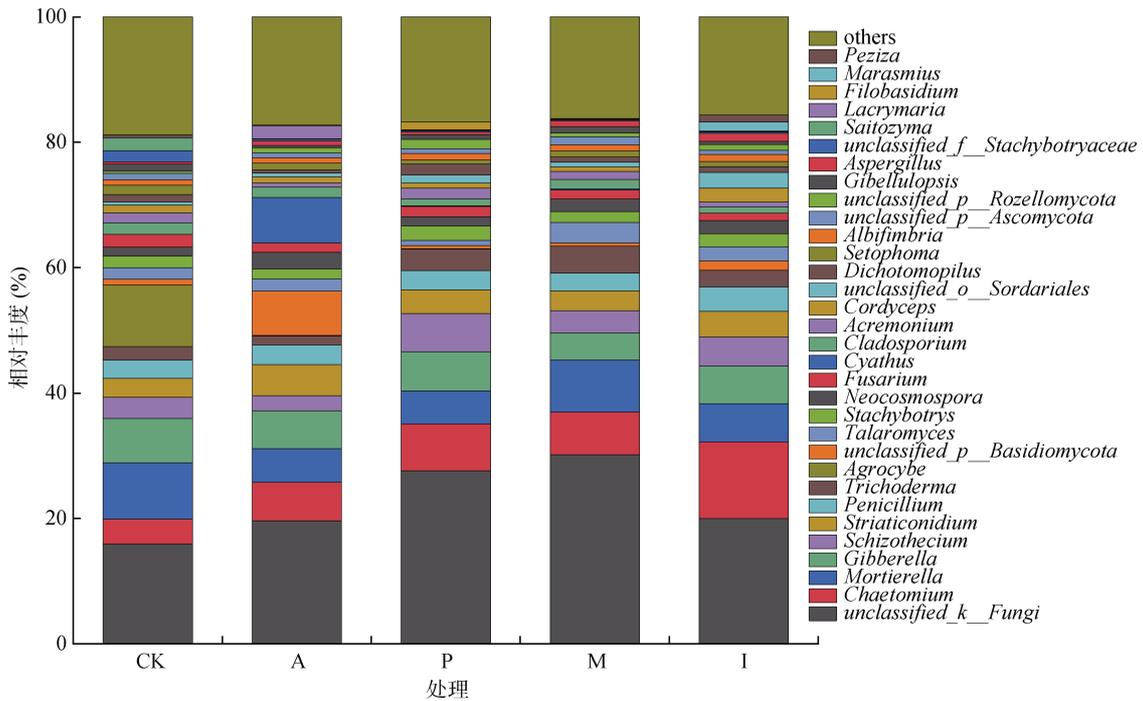


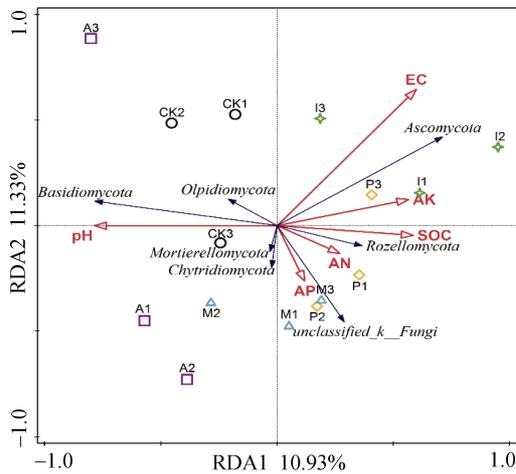
图 2 不同处理下土壤真菌群落属水平的相对丰度

相对丰度高于其他处理。相比 CK 处理，4 个有机物料配施化肥处理显著降低了赤霉菌属的比例。

2.3 不同处理下土壤真菌群落与环境因子的关系

为探究土壤真菌群落组成和功能类群与土壤理化因子的关系，采用冗余分析(RDA)对环境因子、不同处理样品、真菌群落组成和功能类群之间的关系进行了限制性排序(图 3)，环境因子对土壤真菌群落变化的解释率为 52.27%，第一排序轴(RDA1)的解释率为 40.93%，第二排序轴(RDA2)的解释率为 11.33%，表明环境因子可以一定程度上解释土壤真菌群落的差异。A 处理的群落组成与 pH 呈正相关关系，与有机质、速效钾含量呈负相关关系；P 处理的群落组成与

有机质、碱解氮、有效磷、速效钾含量呈正相关关系，与 pH 呈负相关关系；M 处理的群落组成与土壤有效磷含量呈正相关关系；I 处理的群落组成与有机质、速效钾含量呈正相关关系，与 pH 呈负相关关系；而 CK 处理的群落组成与 pH 呈正相关关系，与其他环境因子均呈负相关关系。在土壤环境因子与真菌功能类群的相互关系中，子囊菌门、罗茨菌门相对丰度与土壤有机质、碱解氮、有效磷、速效钾含量及电导率呈正相关关系，担子菌门、被孢菌门、壶菌门、油壶菌门相对丰度与土壤 pH 呈正相关关系。此外，环境因子还与一些未分类菌门之间存在正、负相关性。所有环境因子中，pH 对土壤真菌群落的影响达到了显著性水平。



(SOC: 有机质; AN: 碱解氮; AP: 有效磷; AK: 速效钾; EC: 电导率; Ascomycota: 子囊菌门; unclassified_k_Fungi: 未分类真菌; Basidiomycota: 担子菌门; Mortierellomycota: 被孢菌门; Rozellomycota: 罗茨菌门; Olpidiomycota: 油壶菌门; Chytridiomycota: 壶菌门)

图 3 土壤真菌群落与土壤环境因子的 RDA 分析

2.4 不同处理对真菌生态功能分类的影响

不同处理下真菌群落的营养型和功能群 FUNGuild 鉴定结果如表 3 所示。分析表明, 各处理

中被鉴定出属于共生营养型、腐生营养型、病理营养型 3 大功能分类的 ASVs 占总量的百分比分别为 47.84%(CK)、50.64%(A)、59.83%(P)、55.39%(M)、53.9%(I), 其余为 FUNGuild 目前不可鉴定的真菌功能群。从营养类型看, 各个处理的土壤真菌以腐生营养型为主; 相比 CK 处理, A、P、M、I 处理的共生营养型真菌数量均有提高, 但差异未达到显著性水平, 其中 A、P 处理中外生菌根真菌的数量分别提高了 350%、400%($P<0.05$), I 处理的内生真菌数量提高了 230%($P<0.05$), 其他处理则无显著变化。与 CK 处理相比, A、P、M 和 I 处理均可提高腐生营养型真菌的数量, P、M 处理达到显著性水平, 其中 P 处理的粪腐生真菌数量提高了 90.6%($P<0.05$), M 处理的木质腐生真菌和未定义腐生真菌数量分别提高了 77.8%($P<0.05$)、35.2%($P<0.05$); 4 个有机物料配施化肥处理的凋落物腐生真菌数量则显著低于 CK 处理。此外, 与 CK 处理相比, 4 个有机物料配施化肥处理的病理营养型真菌数量均无显著变化, 仅 A 处理的动物病原菌数量有显著增加(增加了 122%)、线虫寄生真菌数量显著降低(降低了 33.3%)。

表 3 不同有机物料处理下主要真菌群落功能分组与相对丰度(%)

营养方式	功能分组	CK	A	P	M	I
共生营养型	丛植菌根真菌	0.53 ± 0.23 a	0.57 ± 0.08 a	0.59 ± 0.24 a	0.53 ± 0.10 a	0.34 ± 0.24 a
	外生菌根真菌	0.02 ± 0.01 b	0.09 ± 0.03 a	0.10 ± 0.06 a	0.03 ± 0.01 b	0.05 ± 0.03 ab
	内生真菌	0.10 ± 0.02 b	0.10 ± 0.02 b	0.12 ± 0.04 b	0.19 ± 0.02 b	0.33 ± 0.13 a
	小计	0.66 ± 0.25 a	0.77 ± 0.09 a	0.81 ± 0.26 a	0.75 ± 0.12 a	0.73 ± 0.19 a
腐生营养型	粪腐生真菌	5.13 ± 0.50 b	3.86 ± 1.62 b	9.78 ± 4.47 a	6.24 ± 2.09 ab	7.25 ± 4.52 ab
	凋落物腐生真菌	0.12 ± 0.03 a	0.04 ± 0.01 bc	0.05 ± 0.02 bc	0.07 ± 0.02 b	0.02 ± 0.01 c
	木质腐生真菌	0.09 ± 0.01 bc	0.08 ± 0.03 bc	0.12 ± 0.03 ab	0.16 ± 0.02 a	0.07 ± 0.00 c
	未定义腐生真菌	26.39 ± 2.83 b	30.41 ± 1.91 ab	32.75 ± 4.63 ab	35.68 ± 4.87 a	31.65 ± 2.28 ab
	小计	31.74 ± 2.98 b	34.39 ± 3.49 ab	42.70 ± 6.05 a	42.15 ± 6.14 a	39.00 ± 6.47 ab
病理营养型	植物病原菌	13.05 ± 1.24 a	12.09 ± 1.58 a	14.01 ± 3.58 a	11.11 ± 2.87 a	12.33 ± 2.04 a
	动物病原菌	0.86 ± 0.13 b	1.91 ± 0.18 a	0.92 ± 0.81 b	0.36 ± 0.26 b	0.95 ± 0.19 b
	动物寄生真菌	1.37 ± 0.80 a	1.37 ± 0.31 a	1.21 ± 0.23 a	0.84 ± 0.18 a	0.67 ± 0.25 a
	线虫寄生真菌	0.18 ± 0.06 ab	0.12 ± 0.03 b	0.18 ± 0.02 ab	0.18 ± 0.03 ab	0.24 ± 0.04 a
	小计	15.47 ± 1.15 a	15.49 ± 1.64 a	16.32 ± 3.65 a	12.49 ± 3.09 a	14.20 ± 2.3 2 a

注: 表中同行不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

3 讨论

3.1 不同处理对土壤真菌群落结构的影响

丰富的土壤微生物群落有利于维持土壤微生态平衡。本研究中, 有机物料与化肥配施处理的土壤真菌丰富度指数(ACE)大于单施化肥处理, 而多样性指数(Shannon)则表现为单施化肥处理大于有机物料配施化肥处理, 这与王小玲等^[13]的研究结果一致, 可

能是因为有机物料的施用刺激了某些特定微生物的大量繁殖, 而抑制了其他微生物的生长, 导致土壤真菌多样性指数降低。然而也有研究发现, 长期有机肥配施化肥会增加土壤真菌群落的多样性指数^[14]。本研究中, 施用羊粪处理的多样性指数最低, 可能是羊粪中动物病原菌数量较多, 从而抑制了其他真菌的生长; 木薯渣处理中大量的纤维素、木质素促使较多的腐生营养型真菌生长, 从而导致该处理丰富度指数最高。

本研究还发现,不同有机物料配施化肥对土壤真菌群落结构的影响程度不同,与已报道的研究结果相一致^[14]。子囊菌门为本研究中相对丰度最高的优势菌门,具有降解木质素、纤维素、果胶等有机物的能力。施用味精废浆料处理的子囊菌门数量高于其他处理,这可能与其本身氮含量较高有关。有研究表明,一定量的氮添加会使土壤子囊菌门相对丰度升高,而过高水平的氮添加则会降低其相对丰度^[15]。担子菌在降解木质素和纤维素方面也发挥着重要作用^[16]。本研究中单施化肥处理担子菌门的相对丰度与羊粪配施化肥处理相当,而高于其他处理,可能是担子菌在厌氧环境中参与木质素及纤维素分解的结果^[17]。在真菌属水平上,毛壳菌属的相对丰度最高,且施用有机物料后其相对丰度明显升高。有研究发现^[18],毛壳属真菌可以产生大量的纤维素酶,参与降解纤维素、木质素等大分子难降解有机物,能够与土壤中某些微生物产生拮抗作用,是一种防治植物病害的有益腐生营养型真菌^[19]。本研究中,施用味精废浆料处理的毛壳属真菌相对丰度显著高于其他处理,可能是因为味精废浆料中丰富的氨基酸含量为腐生真菌提供了大量氮源,能够更好地促进毛壳属真菌的生长,这与刘丽等^[20]的研究结果类似。同时也有研究表明,总氮是影响土壤真菌群落的主要驱动因子^[21]。有机物料与化肥配施可以降低土壤病原真菌数量,本研究中有机物料的施用明显降低了赤霉菌属相对丰度。赤霉菌属在农业生产中大多属于有害的植物病原菌,会引发植物病害,例如小麦赤霉病、玉米穗腐病、水稻恶苗病、马铃薯块茎干腐病等^[22]。另外,本研究中,施用有机物料后青霉菌属和木霉菌属的相对丰度都有一定程度的上升,而镰孢菌属真菌的相对丰度有所下降。木霉菌是一种重要的生防菌,可用于防治作物病害^[23],青霉菌则能分解纤维素、半纤维素、果胶、木质素、淀粉等多种有机物质^[24],镰孢菌属是导致玉米枯苗病^[25]和小麦根腐病^[26]的重要致病菌。

3.2 不同处理下土壤真菌群落与环境因子的关系

不同施肥方式对土壤理化性质有较大影响,长期施用有机肥,尤其是有机无机肥配施会提高土壤有机质和氮含量、改善土壤理化性质。本研究冗余分析结果表明,不同施肥处理下土壤真菌群落与 pH 存在显著相关关系($P < 0.05$)。真菌适宜生长在 $\text{pH} < 5$ 的土壤环境中,弱碱性的环境并不利于真菌的生长^[27]。虽然各处理间 pH 变幅较小(8.18 ~ 8.47),但其已成为影响土壤真菌群落组成的主要环境因子,这与聂三安等^[28]的研究结果相反,原因可能是所施用的有机

物料本身 pH 差异较大且施用量较大,使得 pH 在短期内对土壤真菌群落组成产生了较大影响。其次,有机质和电导率也是影响土壤真菌群落组成的重要因子,较高的电导率意味着较多的阳离子和阴离子数量,而这很可能使得真菌从中受益^[29],而较高的有机质可提供足够的碳源供土壤微生物生长繁殖。此外,碱解氮和有效磷也是影响土壤真菌群落组成的重要因子,但短期内对土壤真菌群落影响较小。本研究中,RDA1 和 RDA2 解释了土壤真菌群落变异的 52.27%,这说明肥料类别在短期内只是土壤真菌群落的主要影响因素之一,对于其他重要影响因素应进一步全面分析。

3.3 不同处理对土壤真菌生态功能分类的影响

不同有机物料配施化肥会改变土壤真菌群落的生态功能。本研究表明,不同有机物料配施化肥可以使土壤中共生营养型真菌和腐生营养型真菌所占比例提高,这有利于土壤土传病害的降低^[30]。有机物料的施用使得土壤中共生营养型真菌的丰度增加,与单施化肥相比,羊粪和木薯渣处理的增加达到显著水平,说明施用有机物料有利于土壤共生营养型真菌的生长,在各种共生营养型真菌中又以外生菌根真菌相对丰度的增加为主。刘圆圆等^[31]的研究表明,共生营养型真菌有利于作物吸收养分,促进作物生长,提高作物产量。木薯渣和木本泥炭处理中腐生营养型真菌的比例高于其他处理,且显著高于单施化肥处理,这是因为木薯渣含有大量的木质素和纤维素,而木本泥炭是由木本植物残体在厌氧环境中形成的一种较稳定的有机物,其富含纤维素,对土壤中与有机质降解过程相关的真菌有更加明显的影响^[32],土壤腐生营养型真菌数量的增加有利于土壤有机碳的降解^[30],从而提高土壤养分含量。施用羊粪和木薯渣在增加土壤有益真菌数量的同时,也导致土壤病理营养型真菌的增加,且主要是动物病原菌和植物病原菌,但与单施化肥相比影响并不显著。在土壤腐生营养型真菌中有大多数属于未定义腐生真菌,可见土壤真菌生态功能具有一定复杂性,有待进一步研究。

4 结论

1)不同有机物料与化肥配施对玉米地土壤真菌群落的影响不同,有机物料的施用提高了土壤真菌群落的丰富度而降低了多样性。施用木薯渣、木本泥炭和味精废浆料提高了土壤子囊菌门的相对丰度而降低了担子菌门的相对丰度,施用羊粪则降低了土壤子囊菌门的相对丰度而提高了担子菌门的相对丰度。

2)土壤真菌群落受有机质、碱解氮、有效磷、速效

钾、pH、电导率等环境因子的综合影响,其中,pH是土壤真菌群落的主要影响因子。此外,土壤真菌群落结构在短期内也受除肥料类别之外其他因素的重要影响。

3)不同有机物料与化肥配施均会提高土壤共生营养型和腐生营养型真菌的比例,但对土壤健康的影响不尽相同。其中,木本泥炭和味精废浆料与化肥配施后土壤中病理营养型真菌比例有所下降,这有利于维持土壤健康,降低玉米地土壤土传病害风险,而施用羊粪和木薯渣会增加动物病原菌和植物病原菌的数量。

参考文献:

- [1] Chen S M, Waghmode T R, Sun R B, et al. Root-associated microbiomes of wheat under the combined effect of plant development and nitrogen fertilization[J]. *Microbiome*, 2019, 7(1): 227–232.
- [2] 方成, 岳明灿, 王东升, 等. 化肥减施配施微生物菌剂对鲜食玉米生长和土壤肥力的影响[J]. *土壤*, 2020, 52(4): 743–749.
- [3] Lin Y X, Ye G P, 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.
- [4] Clemmensen K E, Bahr A, Ovaskainen O, et al. Roots and associated fungi drive long-term carbon sequestration in boreal forest[J]. *Science*, 2013, 339(6127): 1615–1618.
- [5] Brito I, Goss M J, de Carvalho M, et al. Impact of tillage system on arbuscular mycorrhiza fungal communities in the soil under Mediterranean conditions[J]. *Soil and Tillage Research*, 2012, 121: 63–67.
- [6] 吴宪. 化肥减量配施有机肥和秸秆对小麦-玉米田土壤微生物和线虫群落的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2021.
- [7] Ji L D, Si H L, He J Q, et al. The shifts of maize soil microbial community and networks are related to soil properties under different organic fertilizers[J]. *Rhizosphere*, 2021, 19, 100388.
- [8] 王亚麒, 刘京, 苟剑渝, 等. 长期有机无机配施下烤烟-玉米轮作优化土壤微生物活化无机磷[J]. *土壤学报*, 2022, 59(3): 808–818.
- [9] 刘金光, 李孝刚, 王兴祥. 连续施用有机肥对连作花生根际微生物种群和酶活性的影响[J]. *土壤*, 2018, 50(2): 305–311.
- [10] 李慧敏, 田胜营, 李丹丹, 等. 有机物料施用对潮土活性有机碳及微生物群落组成的影响[J]. *土壤学报*, 2021, 58(3): 777–787.
- [11] Kubartová A, Ranger J, Berthelin J, et al. Diversity and decomposing ability of saprophytic fungi from temperate forest litter[J]. *Microbial Ecology*, 2009, 58(1): 98–107.
- [12] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 第三版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [13] 王小玲, 马琨, 伏云珍, 等. 免耕覆盖及有机肥施用对土壤真菌群落组成及多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(3): 890–898.
- [14] 丁建莉, 姜昕, 马鸣超, 等. 长期有机无机肥配施对东北黑土真菌群落结构的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2017, 23(4): 914–923.
- [15] 苏晓雪, 李希来, 李成一, 等. 氮添加对不同坡度退化高寒草甸土壤真菌多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, 43(11): 5286–5293.
- [16] Yelle D J, Ralph J, Lu F C, et al. Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(7): 1844–1849.
- [17] Blackwood C B, Waldrop M P, Zak D R, et al. 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.
- [18] 岳海梅, 庄华, 潘朝晖, 等. 藏东南地区毛壳属真菌多样性及系统发育分析[J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2017, 43(4): 431–440.
- [19] 任宏芳, 王璐, 郝兴宇, 等. 缓释肥处理下麦田土壤细菌和真菌群落对气候变化的响应[J]. *中国土壤与肥料*, 2022(10): 50–63.
- [20] 刘丽, 曾真, 方萍. 利用味精废液发酵枯草芽孢杆菌的培养基配方优化[J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2016, 42(4): 485–494.
- [21] 季凌飞, 倪康, 马立锋, 等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(22): 8158–8166.
- [22] 崔云凤, 黄云, 蒋伶活. 农业生产上几种重要的赤霉属真菌研究进展[J]. *中国农学通报*, 2007, 23(7): 441–446.
- [23] 韩长志. 植物病原拮抗菌木霉属真菌的研究进展[J]. *江苏农业学报*, 2016, 32(4): 946–952.
- [24] 姜海燕, 闫伟, 李晓彤, 等. 兴安落叶松林土壤真菌的群落结构及物种多样性[J]. *西北林学院学报*, 2010, 25(2): 100–103.
- [25] 韩旺旺, 聂玉洁. 杂交制种玉米苗枯病发生规律及发生因子研究[J]. *安徽农学通报*, 2021, 27(5): 111–114.
- [26] 张德珍, 李鹏昌, 陈晓霞, 等. 山东省小麦根腐病原菌的分离鉴定[J]. *植物保护学报*, 2016, 43(2): 233–240.
- [27] 王宁, 罗佳琳, 赵亚慧, 等. 不同麦秸还田模式对稻田土壤微生物活性和微生物群落组成的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2020, 39(1): 125–133.
- [28] 聂三安, 王祎, 雷秀美, 等. 黄泥田土壤真菌群落结构和功能类群组成对施肥的响应[J]. *应用生态学报*, 2018, 29(8): 2721–2729.
- [29] Fitter A H, Helgason T, Hodge A. Nutritional exchanges in the arbuscular mycorrhizal symbiosis: Implications for sustainable agriculture[J]. *Fungal Biology Reviews*, 2011, 25(1): 68–72.
- [30] 何冬冬, 魏欣琪, 林紫婷, 等. 不同有机肥对植烟红壤真菌群落结构及功能的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2020, 26(11): 2081–2094.
- [31] 刘圆圆, 赵乾旭, 邓曦, 等. 土著 AMF 与氮形态对辣椒||菜豆间作系统植株氮利用及其影响因素研究[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2020, 28(2): 245–254.
- [32] 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.