

DOI: 10.11766/trxb202103280167

胡凯婕, 栾璐, 郑洁, 李静, 薛敬荣, 孙波, 蒋瑀霁. 秸秆还田方式对丛枝菌根真菌群落和玉米磷素利用的影响[J]. 土壤学报, 2023, 60(1): 269–279.

HU Kaijie, LUAN Lu, ZHENG Jie, LI Jing, XUE Jingrong, SUN Bo, JIANG Yuji. Effects of Different Treatments with Straw Returning on Arbuscular Mycorrhizal Fungal Community and Corn Phosphorus Utilization Efficiency[J]. Acta Pedologica Sinica, 2023, 60(1): 269–279.

秸秆还田方式对丛枝菌根真菌群落和玉米磷素利用的影响*

胡凯婕^{1, 2}, 栾璐¹, 郑洁^{1, 3}, 李静¹, 薛敬荣¹, 孙波¹, 蒋瑀霁^{1†}

(1. 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2. 南京师范大学生命科学学院, 南京 210023; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)与80%左右的植物可形成共生结构,在农田生态系统中对植物—土壤系统养分循环起重要作用。为改善我国南方典型瘠薄红壤加速酸化、磷有效性低和土壤生物功能退化等严重问题,采用高通量测序技术揭示秸秆还田方式对根际AMF群落、土壤磷酸酶活性和磷素利用率的作用机制。结果表明,不同秸秆还田方式显著影响土壤理化性质,其中秸秆猪粪配施处理显著提升有机碳(SOC)、全氮(TN)、全磷(TP)、有效磷(AP)以及酸性磷酸酶(acid phosphomonoesterase, ACP)和碱性磷酸酶(alkaline phosphomonoesterase, ALP)活性。秸秆还田显著影响AMF多样性和群落结构,球囊霉属(*Glomus*)和类球囊霉属(*Paraglomus*)是AMF群落的优势属, SOC是影响AMF多样性和群落结构的关键因子。秸秆猪粪配施处理对玉米磷素利用率的提升效果最佳,显著高于秸秆还田和秸秆生物质炭处理。AP、TP、ACP活性和AMF群落多样性显著影响了磷肥利用率。不同秸秆还田方式下根际AMF群落可能调控了土壤磷素活化过程和玉米磷素利用效率,对于加强土壤健康管护和粮食产能提升具有重要意义。

关键词: 丛枝菌根真菌; 多样性; 秸秆猪粪配施; 玉米; 磷素活化; 高通量测序技术

中图分类号: S154.36 文献标志码: A

Effects of Different Treatments with Straw Returning on Arbuscular Mycorrhizal Fungal Community and Corn Phosphorus Utilization Efficiency

HU Kaijie^{1, 2}, LUAN Lu¹, ZHENG Jie^{1, 3}, LI Jing¹, XUE Jingrong¹, SUN Bo¹, JIANG Yuji^{1†}

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2. College of Life Science, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: [Objective] Arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) can form a symbiotic structure with 80% of plants, and play

* 国家自然科学基金项目(41922048, 41807050)和江苏省杰出青年基金项目(BK20180049)资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (Nos. 41922048 and 41807050) and the Outstanding Youth Scholar Program of Jiangsu Province of China (No. BK20180049)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: yjjiang@issas.ac.cn

作者简介: 胡凯婕(1997—),女,浙江杭州人,硕士研究生,主要从事土壤微生物多样性研究。E-mail: k1724598999@163.com

收稿日期: 2021-03-28; 收到修改稿日期: 2021-07-12; 网络首发日期(www.cnki.net): 2021-09-10

important roles in the nutrient cycling of the plant-soil system. As a typical soil in south China, red soils are facing numerous challenges including rapid acidification, low phosphorus availability, and the degradation of soil microbiome functioning. Straw returning has been proposed as an effective method to improve the fertility of red soils. In order to improve and control the degradation of red soil, we studied the effect of the AMF community in the rhizosphere on corn phosphorus utilization efficiency in a typical red soil. **【Method】** In this study, we performed a long-term field experiment by returning straw with equal carbon content in the Red Soil Agroecosystem Experiment Station of the Chinese Academy of Sciences in Yingtan, Jiangxi Province. Five fertilization treatments were set up, including no fertilization (CK), conventional NPK(N), NPK with straw (NS), NPK with straw and pig manure (NSM), and NPK with straw biochar (NB). High-throughput sequencing was used to estimate the diversity and structure of the rhizosphere AMF community in driving plant growth and phosphorus utilization efficiency under the different treatments. **【Result】** The results showed that soil properties were significantly affected after treatments with straw. The NSM treatment increased significantly the contents of soil organic carbon (SOC), total nitrogen (TN), total phosphorus (TP), and available phosphorus(AP), as well as the acid phosphomonoesterase (ACP) and alkaline phosphomonoesterase (ALP) activities. Treatments with straw significantly promoted the diversity and modified the structure of the rhizosphere AMF community. *Glomus* and *Paraglomus* were the two dominant genera in the AMF community. The diversity and structure of the AMF community were mainly affected by SOC. Corn yield and phosphorus utilization efficiency were the highest under the NSM treatment. Also, phosphate utilization efficiency was primarily affected by AP, TP, SOC, TN, the diversity and composition of the AMF community, and ACP activity. **【Conclusion】** The composition of the AMF community in the rhizosphere may regulate the phosphorus activation, corn productivity, and phosphorus utilization efficiency under all three treatments with straw. Our results highlight the importance of the rhizosphere AMF community in strengthening soil health and crop productivity.

Key words: Arbuscular mycorrhizal fungi; Diversity; Straw returning and pig manure; Corn; Phosphorus activation; High throughput sequencing

作为古老的菌种之一,丛枝菌根真菌(arbuscular mycorrhizal fungi, AMF)广泛存在于陆地生态系统,与80%左右的植物可形成共生^[1]。为了提高土壤磷利用率,植物与AMF形成共生结构以增加磷的吸收。AMF不仅能促进植物对无机磷的吸收,并且可分泌大量磷酸酶活化有机磷,其中酸性磷酸酶(acid phosphomonoesterase, ACP)、碱性磷酸酶(alkaline phosphomonoesterase, ALP)在AMF菌丝吸收和运输磷的过程中起重要作用^[2]。面对养分胁迫环境尤其是磷胁迫,AMF与根系共生后可分泌磷酸酶和有机酸来调节植物生长^[3]。农田生态系统人为干扰强烈^[4],AMF多样性受到自然因素和非自然因素的综合影响,其群落结构变化及其影响因素值得深入探究。

施肥是提高作物磷素利用率的重要方式,秸秆作为农业废弃物是常用的有机肥料,含有丰富的营养物质。相关研究认为,秸秆还田能够有效改良土壤结构,增加土壤养分含量和循环利用效率^[5-6],促进AMF生物量提高和群落组成显著变化^[7]。但秸秆分解速度慢,养分释放速度不及化肥,过量或不均

匀的秸秆还田方式会导致土壤微生物与植物间的养分竞争,进而影响土壤中微生物群落结构和作物生长,甚至可能增加病虫害以及重金属污染的风险^[8-9]。在集约化耕作系统中,秸秆与猪粪配施通过调节秸秆碳氮比加速了秸秆分解,提高了土壤有机碳(SOC)和磷素库容量,增加了AMF多样性,最大限度地提升了土壤肥力和作物的养分利用^[4, 10-11]。秸秆生物质炭作为秸秆处理的有效方式之一,由于热解炭化过程中形成碳酸盐、磷酸盐等灰分物质而呈碱性,兼具孔隙丰富的稳定结构,被广泛应用于土壤结构改良和酸化阻控。施用秸秆生物质炭可以增加土壤孔隙数量和提高pH,刺激微生物生物量提高^[12]。虽然秸秆还田对AMF群落结构的短期效应(3~5年)研究较多^[13-14],但在长期秸秆还田(9年)的背景下,不同秸秆还田方式对AMF群落和磷肥利用率的长效作用机制鲜有报道。

红壤作为我国南方地区的典型土壤,加速酸化和氮磷养分贫瘠等问题导致了土壤生物功能严重退化^[15]。红壤磷素易被铁铝氧化物和黏粒矿物表面吸附,同时铁、铝、锰等金属离子也容易螯合磷,将

其固定为难溶性磷酸盐，导致磷素有效性降低。因此，亟需建立瘠薄旱地红壤磷素高效供应和地力快速培肥的施肥管理措施。基于以上研究背景与现状，本研究针对南方典型旱地红壤，依托中国科学院红壤生态实验站设置的不同秸秆还田方式长期试验平台，围绕秸秆还田方式对 AMF 群落以及玉米磷素利用的影响机制，采用高通量测序技术，重点研究：(1) 不同秸秆还田处理下根际 AMF 多样性和群落组成；(2) 不同秸秆还田处理下玉米产量和磷素利用率。研究结果将为构建红壤肥沃耕层和保障土壤健康提供科学指导。

1 材料与方法

1.1 试验设计

在江西省鹰潭市中国科学院红壤生态实验站设置旱地红壤秸秆还田长期试验，田间试验自 2011 年持续至今，试验区属中亚热带季风气候，年均气温 17.8℃，年降水量 1 741 mm。供试土壤为第四纪红

黏土发育红壤。试验设置 5 个施肥处理：①对照 (CK)：不施肥，种植作物；②常规 NPK (N)：施氮磷钾化肥；③秸秆还田 (NS)：NPK+秸秆还田；④秸秆/猪粪配施 (NSM)：NPK+秸秆/猪粪配施 (秸秆：猪粪按 9：1 的碳投入比配施)；⑤秸秆生物质炭 (NB)：NPK+秸秆生物质炭。小区规格为：100 m² (5 m × 20 m)，每个处理 6 次重复，随机区组排列。玉米秸秆风干后，在生物质炭炉中厌氧热解 (450℃) 燃烧制备秸秆生物质炭。不同秸秆还田处理中按照等碳量 (1 000 kg·hm⁻²) 计算秸秆、猪粪和秸秆生物质炭的施用量。玉米种植前，秸秆、猪粪和秸秆生物质炭与化肥一起均匀撒施于小区地表，采用旋耕方式翻耕至 0~20 cm 土层。所有氮磷钾肥作基肥于播种前一次施入，分别为尿素 (N 150 kg·hm⁻²)、钙镁磷肥 (P₂O₅ 75 kg·hm⁻²) 和氯化钾 (K₂O 60 kg·hm⁻²)。玉米品种为“苏玉 24”，每个小区玉米种植行距为 0.5 m，株距为 0.3 m，播种密度每公顷 68 000 株，并在苗期进行人工除草。供试土壤和秸秆、猪粪、生物质炭的主要理化性质如下表 1。

表 1 供试土壤和秸秆、猪粪、生物质炭的主要理化性质

Table 1 The properties of the tested soil, straw, pig manure, and biochar

	pH	OC/ (g·kg ⁻¹)	TN/ (g·kg ⁻¹)	TP/ (g·kg ⁻¹)	TK/ (g·kg ⁻¹)	AP/ (mg·kg ⁻¹)
供试土壤 Tested soil	4.73	2.52	0.40	0.23	11.95	0.76
秸秆 Straw	-	397.8	10.55	0.80	14.94	-
猪粪 Pig manure	-	325.1	52.72	8.94	5.38	-
生物质炭 Biochar	-	413.2	17.45	1.83	14.46	-

注：OC，有机碳；TN，全氮；TP，全磷；TK，全钾；AP，有效磷，下同。Note: OC, organic carbon; TN, total nitrogen; TP, total phosphorus; TK, total potassium; AP, available phosphorus. The same below.

1.2 样品采集与分析

本研究的土壤和植物样品于 2019 年 7 月玉米收获期采集。随机选择各小区 10 株玉米植株，用不锈钢土铲挖出玉米根部，轻轻抖落土壤，然后将带土根系移至干净的地方，将附着于玉米根表面的土壤，即距根 4 mm 以内的根际土壤分离，将根际土壤混匀后装入无菌密封塑料袋中 4℃ 保藏，并立即带回实验室。取回的土壤分为两份，一份风干后用于理化性质分析，另一份于 -80℃ 保存，用于提取 DNA。玉米籽粒、秸秆等于玉米收获时采集，获得

不同秸秆还田处理的玉米籽粒、秸秆，称取鲜重后于 105℃ 杀青 30 min，65℃ 烘干至恒重，称取各处理的秸秆和籽粒干物质量。植物样品的总磷测定采用钼锑抗比色法。磷肥表观利用率的计算公式：磷肥表观利用率/% = (施磷处理植株吸收总量 - 未施磷处理植株吸收磷总量) / 施磷总量 × 100。

土壤 pH 采用电位计法测定，土壤全氮采用凯氏定氮法测定，全磷采用高氯酸-硫酸酸溶/钼锑抗比色法测定^[16]，全钾采用 NaOH 熔融法测定^[16]，有效磷经碳酸氢钠提取后，采用钼锑抗比色法测定^[16]，

有机碳采用重铬酸钾氧化法测定^[16]。土壤酸性和碱性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定^[17]。

使用 MOBIO Power Soil DNA Isolation Kit 试剂盒提取土壤 DNA, 称取-80℃下保存的新鲜土壤样品 0.5 g, 操作严格按照说明书步骤。提取的 DNA 样品用 1% (w·v⁻¹) 琼脂糖凝胶电泳进行检测, 分别测定 230 nm、260 nm 和 280 nm 的 OD 值, 分析 DNA 质量和纯度。使用 AMF 18S 小亚基核糖体特异引物 AMV4.5NF-F (5'-AAGCTCGTAGTTGAA TTTTCG-3') 和 AMDGR-R (5'-CCCAACTATCCCTA TTAATCAT-3') 扩增其目的片段, 进行 Illumina 高通量测序^[18]。获得原始序列后, 运用 QIIME (Quantitative Insights into Microbial Ecology) 进行微生物生态分析, 通过 UCHIME 检查并消除嵌合体。将过滤所得的 AMF 序列在 MaarjAM 数据库进行比对, 通过 Usearch 软件平台在 97% 的序列相似度下进行归并和可操作单元 (OTU) 划分, 最终获得 3 160 个 OTU, 分别在域 (domain)、界 (kingdom)、门 (phylum)、纲 (class)、目 (order)、科 (family)、属 (genus) 和种 (species) 统计不同处理下 AMF 的群落组成及其物种丰度, 构建 OTU 丰度矩阵表, 统一抽取相同序列数量计算 AMF 群落多样性指数 (Alpha 多样性) 等。

计算群落丰富度 (community richness) 指数: Chao1 常用来估计物种总数。

$$\text{Chao1} = \text{Sobs} + \frac{n1(n1-1)}{2(n2+1)} \quad (1)$$

式中, Chao1 为估计的 OTU 数; Sobs 为实际观测到的 OTU 数; n1 为仅含有一条序列的 OTU 数目; n2 为仅含有两条序列的 OTU 数目。

计算物种丰富度 (species richness) 的指数: 直接观测到的 OTU 个数。

计算群落多样性 (diversity) 的指数: 香农 (Shannon) 用来估算样本中微生物多样性指数 (H)。

$$H = -\sum_{i=1}^S Pi \ln Pi, Pi = \frac{ni}{N} \quad (2)$$

式中, S 为所测得全部物种数, Pi 为第 i 物种在全部个体中的比例, ni 为第 i 个物种中所含的个体数, N 为总的个体数量。

1.3 数据处理

实验结果均为 3 次重复的平均值, 采用图基 (Tukey) 法检验处理间的差异 ($P < 0.05$)。采用皮尔森 (Pearson) 分析法进行相关性分析, 方差分析 (ANOVA) 在 SPSS20.0 中进行显著性分析, 结构等式方程分析在 AMOS 20.0 软件中完成。AMF 群落多样性指数、相似性分析 (ANOSIM)、主坐标分析 (PCoA) 和随机森林模型分析均在 R-3.6.3 的“vegan”包、“ape”包、“randonForest”包、“rfUtilities”包中完成, 后在 GraphPad Prism 8.0 软件中完成作图。

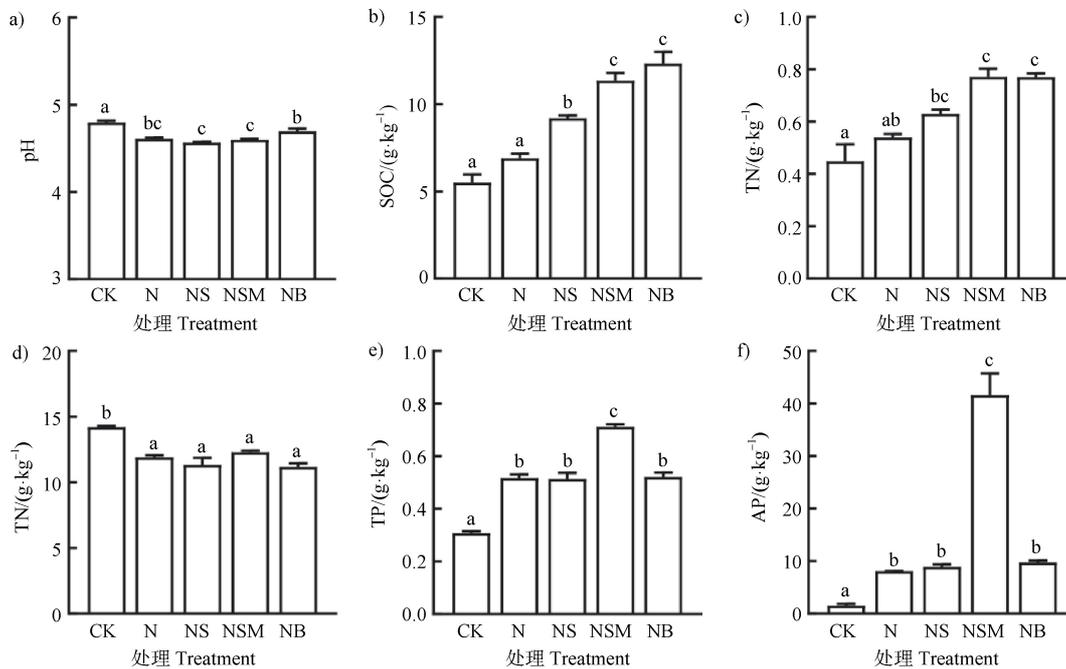
2 结 果

2.1 不同秸秆还田方式下根际土壤化学性质和磷酸酶活性变化

不同秸秆还田方式下的根际土壤化学性质存在显著差异 ($P < 0.05$, 图 1)。NSM 处理 ($11.35 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 和 NB 处理 ($12.33 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 的 SOC 含量显著高于 NS ($9.19 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 处理 ($P < 0.05$), NSM 处理 TP 和 AP 分别为 $0.71 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $41.58 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 显著高于 NS 处理 ($0.51 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $8.92 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) 和 NB ($0.52 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $9.74 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) ($P < 0.05$)。然而, 不同秸秆还田方式下 NSM 和 NB 处理 TN 含量分别为 $0.77 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $0.77 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 显著高于 N 处理 ($0.54 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) ($P < 0.05$)。不同秸秆还田处理下土壤呈现强酸性 ($\text{pH} = 4.55 \sim 4.83$), 土壤 pH 不存在显著差异 ($P > 0.05$)。不同秸秆还田处理下根际土壤磷酸酶活性有显著差异 ($P < 0.05$, 图 2)。不同处理下 ACP 活性 (NSM > NS ≈ NB > N ≈ CK) 和 ALP 活性 (NSM ≈ NB > NS ≈ N ≈ CK) 具有不同的趋势, 且 ACP 活性均高于 ALP 活性。NS 和 NSM 处理的 ACP 活性显著高于 N 处理 ($P < 0.05$), 分别为 N 处理的 1.40 倍和 1.80 倍。NSM 和 NB 处理 ALP 活性显著高于 CK 和 N 处理 ($P < 0.05$), 分别为 N 处理的 1.84 倍和 1.85 倍。

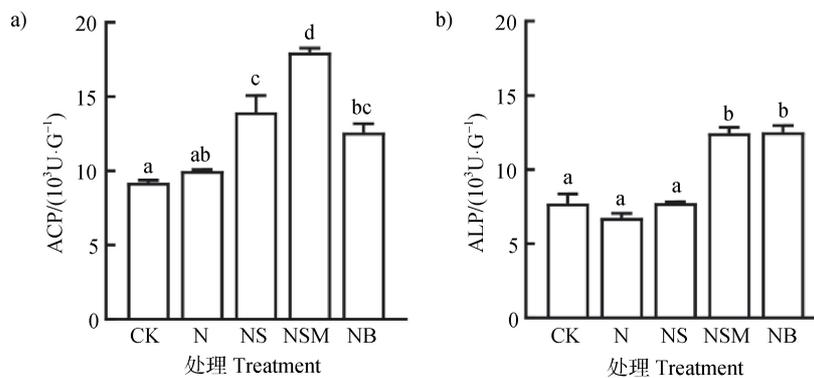
2.2 秸秆还田方式对玉米产量和磷肥利用率的影响

不同秸秆还田方式下籽粒干物质量、地上部生物量差异显著, 表现出 NSM、NS、NB、N、CK 逐渐降低的趋势 ($P < 0.05$, 图 3)。研究发现, NSM 处理地上部生物量显著高于其他四个处理 ($P < 0.05$), 分别为 CK 处理的 9.05 倍、N 处理的 3.85



注：CK，不施肥对照；N，常规 NPK；NS，NPK+秸秆还田；NSM，NPK+秸秆/猪粪配施；NB，NPK+秸秆生物炭。图中不同小写字母表示不同处理的差异显著 ($P < 0.05$)。下同。Note: CK, no fertilization; N, conventional NPK; NS, NPK with straw returning; NSM, NPK with straw returning and pig manure; NB, NPK with straw biochar. Different letters in the figure indicate significant differences in different treatments ($P < 0.05$). The same below.

图 1 秸秆还田方式对根际土壤化学性质的影响 (pH (a)、SOC (b)、TN (c)、TK (d)、TP (e) 和 AP (f))
Fig. 1 Effects of straw returning treatments on soil properties, including pH (a), SOC (b), TN (c), TK (d), TP (e), and AP (f)



注：ACP，酸性磷酸酶；ALP，碱性磷酸酶。下同。Note: ACP, acid phosphomonoesterase; ALP, alkaline phosphomonoesterase. The same blow.

图 2 秸秆还田方式下对根际土壤的酸性磷酸酶 (a) 和碱性磷酸酶 (b) 活性的影响
Fig. 2 Effects of straw returning treatments on soil ACP (a) and ALP (b) activities

倍、NS 处理的 1.67 倍、NB 处理的 1.76 倍。就籽粒干物质质量而言，NSM 处理 ($9386 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$) 显著高于 NS 处理 ($5316 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)、NB ($4283 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$) 和 N ($1128 \text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$) 处理 ($P < 0.05$)。秸秆还田

处理 (NS、NSM 和 NB) 与 N 处理相比，磷肥表观利用率呈现上升趋势，表现为：NSM > NS > NB > N，NSM 处理和 NS 处理磷肥表观利用率分别为 N 处理的 10.83 倍和 3.46 倍。

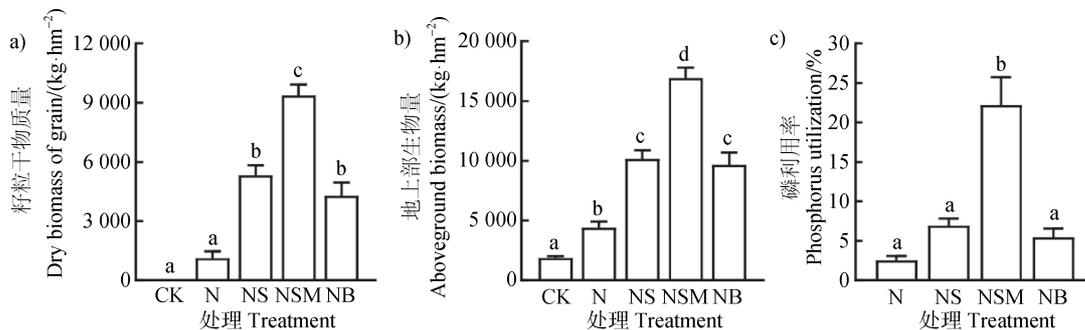


图3 不同秸秆还田方式下玉米籽粒干物质质量 (a) 及地上部生物量 (b) 与磷利用率 (c)

Fig. 3 Effects of straw returning treatments on dry biomass of grain (a), aboveground biomass (b) and phosphorus utilization (c)

2.3 秸秆还田方式对根际 AMF 多样性和群落结构的影响

NSM 处理下根际 AMF 的群落丰富度和物种丰富度显著高于 CK 和 N 处理 (图 4, $P < 0.05$)。不同秸秆还田处理 (NS、NSM 和 NB) 根际 AMF 的群落丰富度指数分别为 N 处理的 1.31 倍、1.49 倍和 1.25 倍, 物种丰富度分别为 1.34 倍、1.57 倍和 1.33 倍。三种秸秆还田方式之间根际 AMF 的群落丰富度和物种丰富度无显著差异 ($P > 0.05$)。所有处理中根际 AMF 的香农指数不存在显著差异 ($P > 0.05$)。主坐标分析 (PCoA) 表明, PCoA1 轴和 PCoA2 轴分别解释了玉米根际土壤 AMF 群落结构差异的 20.39% 和 15.93%, 其中 CK 和 N 处理与三种秸秆还田处理显著分异 ($P < 0.05$), CK 处理与 N 处理的群落相似度较高, N、NSM 和 NB 处理群落相似度较高, 不同秸秆还田处理与 CK 和 N 处理的 AMF 群落结构存在显著差异 (图 5, 相似性分析, ANOSIM $P = 0.001$)。

在目和属水平上对根际 AMF 群落组成进行分

析, 由图 6 看出, 目水平上球囊霉目 (Glomerales, 27.78%) 和类球囊霉目 (Paraglomerales, 31.54%) 为优势目, 其次是多胞囊霉目 (Diversisporales, 2.81%) 和原囊霉目 (Archaeosporales, 2.66%); 属水平上球囊霉属 (*Glomus*, 27.78%) 和类球囊霉属 (*Paraglomus*, 31.54%) 为优势类群。根际 AMF 优势类群的丰度在不同秸秆还田处理中显著不同 (图 7), NS 和 NB 处理无梗囊霉属 (*Acaulospora*, 0.70% 和 2.33%)、两性囊霉属 (*Ambispora*, 3.19% 和 1.83%)、*Glomus* (34.73% 和 38.05%) 和盾巨孢囊霉属 (*Scutellospora*, 2.44% 和 4.46%) 丰度高于 NSM 处理 (0.54%、0.86%、23.40% 和 0.57%)。NSM 处理 (37.66%) 的 *Paraglomus* 高于 NS (29.89%) 和 NB (25.30%) 处理。不同秸秆还田处理下 *Acaulospora* (2.33%)、*Glomus* (38.05%) 和 *Scutellospora* (4.46%) 在 NB 处理中丰度最高。

2.4 AMF 多样性和群落结构的影响因子

随机森林模型 (图 8) 表明, 根际土壤 AMF 多样性和群落结构主要受 AP、SOC、TP 和 TN 的影

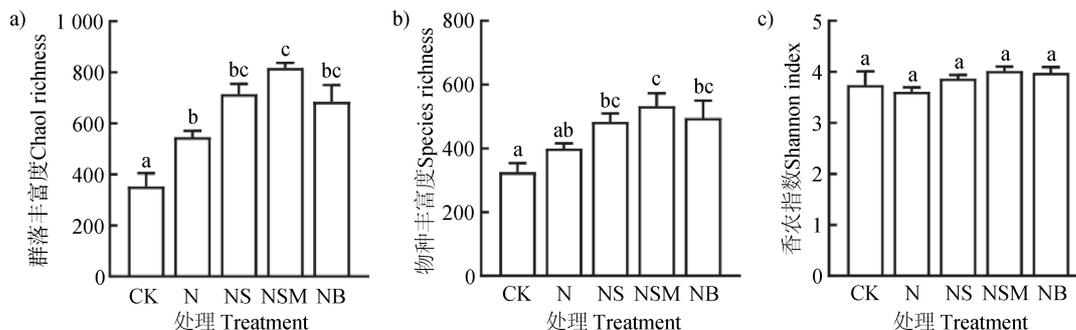
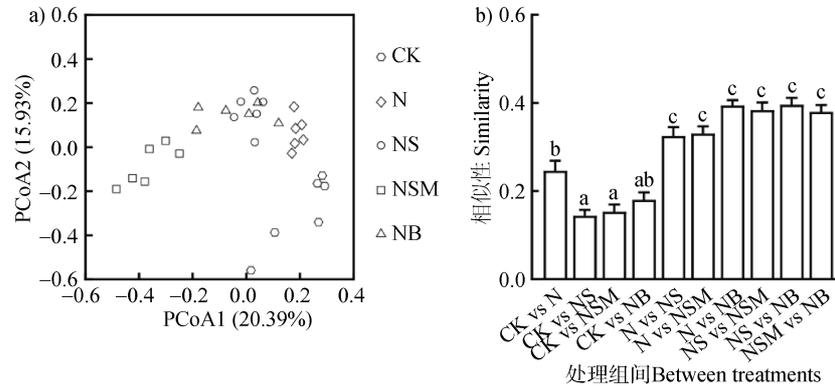


图4 秸秆还田方式对根际 AMF 群落丰富度 (a)、物种丰富度 (b) 和香农指数 (c) 的影响

Fig. 4 Effects of straw returning treatments on Chao1 richness (a), species richness (b), Shannon index (c) of the rhizosphere AMF community



注：ANOSIM，相似性分析；PCoA，主坐标分析。Note: ANOSIM, analysis of similarities; PCoA, principal co-ordinates analysis.

图 5 秸秆还田方式对根际 AMF 群落结构 (a) 和组间相似性 (b) 的影响

Fig. 5 Effects of straw returning treatments on the rhizosphere AMF community structure (a) and similarity between groups (b)

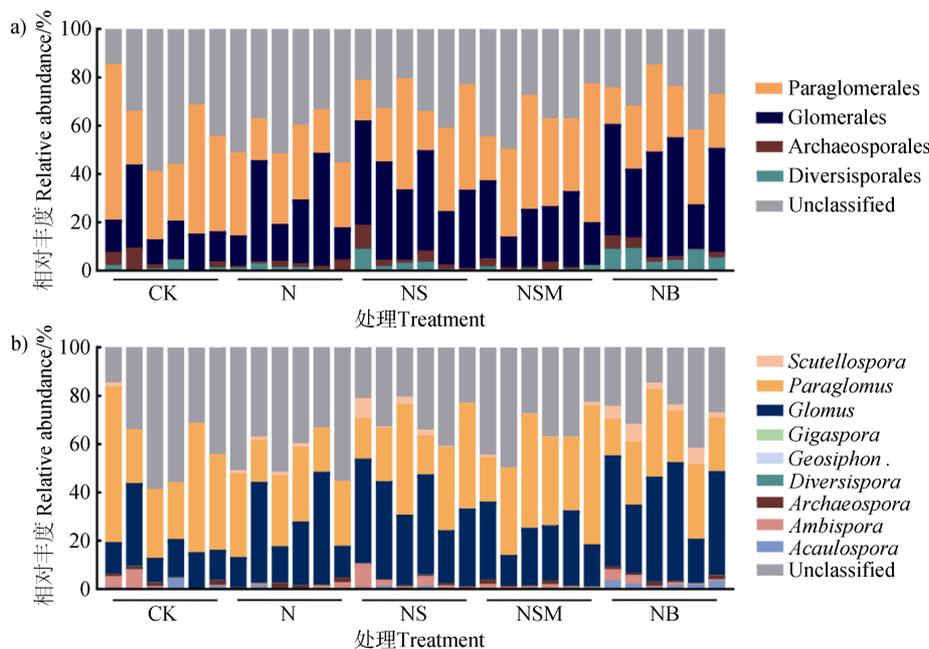


图 6 秸秆还田方式对根际土壤 AMF 群落结构目水平 (a) 和属水平 (b) 的影响

Fig. 6 Effects of straw returning treatments on the rhizosphere AMF community structure at the order (a) and genus (b) levels

响。根际 AMF 的群落丰富度主要受到 SOC (17.42%, $P < 0.01$)、AP (14.70%, $P < 0.01$)、TP (14.04%, $P < 0.01$) 和 TK (8.67%, $P < 0.05$) 的影响；香农指数主要受 TN (16.03%, $P < 0.01$) 和 SOC (11.46%, $P < 0.01$) 影响；物种丰富度主要受 SOC (17.32%, $P < 0.01$)、AP (15.02%, $P < 0.01$)、TP (8.83%, $P < 0.05$) 和 TN (6.74%, $P < 0.05$) 的影响。根际 AMF 群落结构主要受到 SOC (6.80%, $P < 0.05$) 的影响。

2.5 生物因素、非生物因素与玉米磷利用率的关系
随机森林模型 (图 9a) 发现磷肥利用率主要受

TP (12.34%, $P < 0.01$)、AP (10.77%, $P < 0.01$)、SOC (6.77%, $P < 0.05$)、ACP (12.75%, $P < 0.01$)、群落丰富度 (6.54%, $P < 0.05$) 和群落组成 (5.61%, $P < 0.05$) 显著影响。根据随机森林模型结果，筛选出土壤性质 (AP、TP)、AMF 群落多样性及结构、ACP 活性和磷素利用率进行结构等式方程分析 (SEM, 图 9b、图 9c)。SEM 的结果表明，除了直接影响的作用外，根际土壤可通过 AMF 多样性及其群落结构以及 ACP 活性间接影响玉米磷素利用率。通过结构等式方程模型发现，土壤养分的直接作用

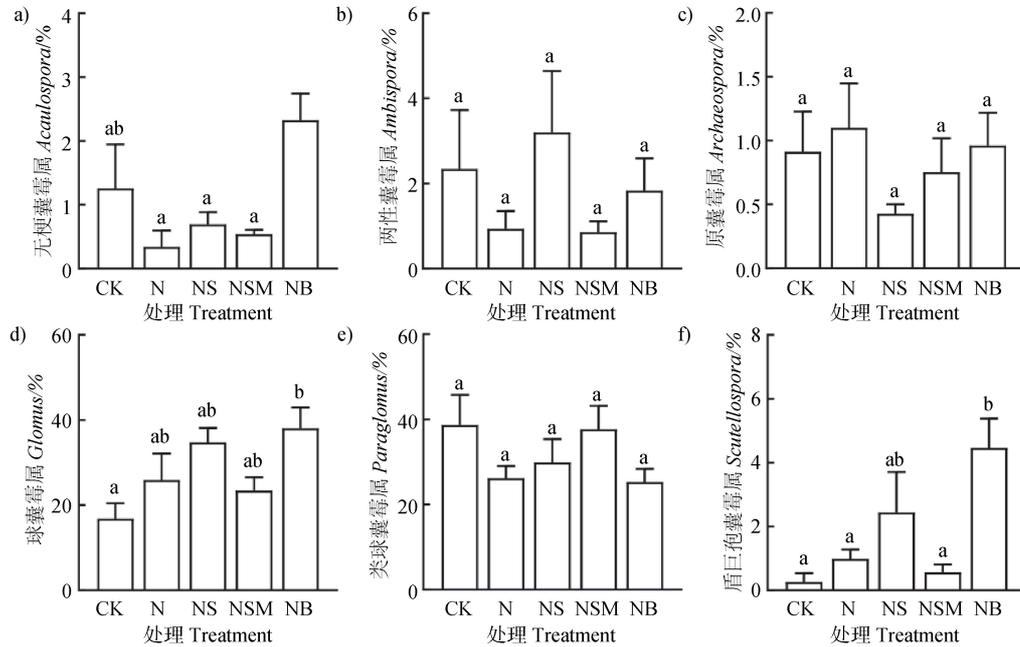
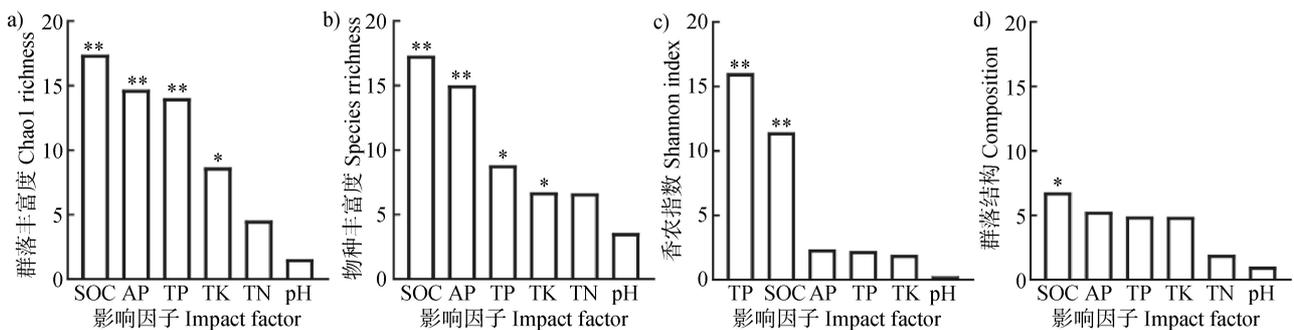


图7 不同秸秆还田方式下无梗球囊霉属 (a)、两性囊霉属 (b)、原囊霉属 (c)、球囊霉属 (d)、类球囊霉属 (e)、盾巨孢囊霉属 (f) 的相对丰度

Fig.7 Effects of straw returning treatments on the abundance of dominant genera, including *Acaulospora* (a), *Ambispora* (b), *Archaeospora* (c), *Glomus* (d), *Paraglomus* (e) and *Scutellospora* (f)



注: 显著性, ** $P < 0.01$; * $P < 0.05$. 下同. Note: Significance, ** $P < 0.01$; * $P < 0.05$. The same blow.

图8 根际土壤理化性质对 AMF 的群落丰富度 (a)、物种丰富度 (b)、香农指数 (c) 和群落结构 (d) 的随机森林模型分析

Fig.8 Random forest modeling showing the effects of soil properties on Chao1 richness (a), species richness (b), Shannon index (c), and composition (d) of the rhizosphere AMF community

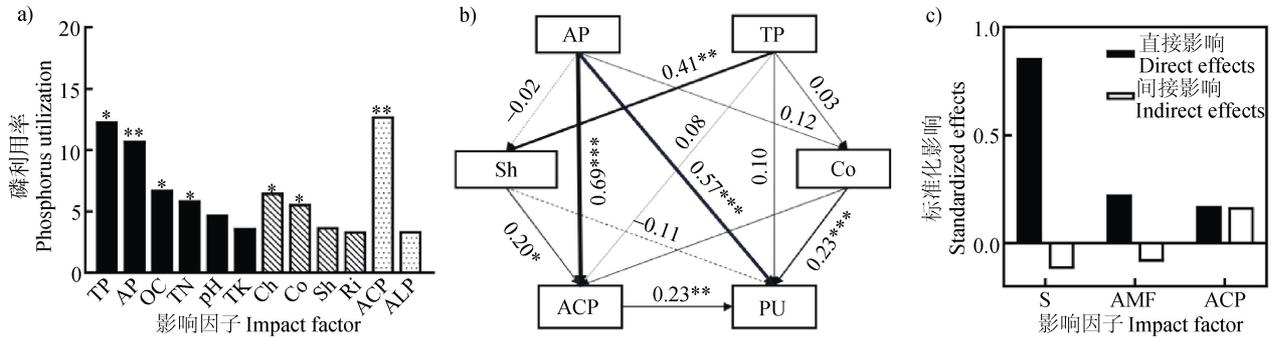
对磷利用率的标准化影响系数为 0.857, AMF 群落的直接作用对磷利用率的标准化影响系数为 0.138。

3 讨论

3.1 秸秆还田方式对根际土壤化学性质的影响

秸秆还田能够改良土壤质量, 增加根际土壤碳

氮磷库容含量^[19]。本研究结果表明, 不同秸秆还田处理 SOC 和 TN 均高于 N 处理; 相比 NS 和 NB 处理, NSM 处理 TN、TK、TP 和 AP 显著增加 (图 1)。秸秆猪粪配施还田通过调节秸秆碳氮比促进了秸秆分解和土壤养分增加, 改变了微生物群落结构^[20]。NB 处理 SOC 含量高于 NS 和 NSM 处理 (图 1), 这可能是由于秸秆生物质炭以惰性碳为主, 具有更



注：Ch, Chao1 指数；Sh, 香农指数；Co, AMF 群落组成；Ri, 物种丰富度；PU, 磷利用率；S, 土壤性质。Note: Ch, Chao1 index; Sh, Shannon index; Co, AMF community composition; Ri, species richness; PU, phosphorus utilization; S, soil properties.

图 9 根际土壤性质、AMF 群落、磷酸酶活性与磷利用率的随机森林模型分析 (a), 结构方程模型分析 (b) 及其标准化影响 (c)

Fig. 9 Soil properties, AMF community, phosphomonoesterase activity and phosphorus utilization using random forest modeling (a), and structural equation modeling (b) and standardization effects (c)

多稳定的芳香结构难以被分解利用^[21]。此外, 秸秆生物质炭能显著增强土壤结构稳定性, 有利于对土壤中氮磷钾等养分的吸附, 降低了土壤养分的流失^[12]。土壤磷酸酶活性对土壤理化性质变化非常敏感^[22], 不同秸秆还田处理均增加了土壤磷酸酶活性 (图 2)。本研究表明秸秆猪粪配施的还田方式显著提高了土壤 SOC、TN、TP 和 AP 含量, 对快速培育红壤肥力具有关键作用。

3.2 不同秸秆还田方式下根际 AMF 多样性和群落结构的影响因素

秸秆还田能够改变根际土壤微生物群落组成, 有助于形成独特的丛枝菌根真菌群落, 增加 AMF 多样性和功能^[14]。不同秸秆还田处理中, NSM 处理的 AMF 多样性较 NS 和 NB 处理有增加趋势但不显著 (图 4), 推测其原因可能与秸秆的还田量有关^[23]。不同秸秆还田方式下会形成明显分异的 AMF 群落结构, AMF 属丰度变化趋势并不相同, 推测是由于不同 AMF 属对于生存环境的需求不同。研究表明, 随着秸秆还田量增加, *Glomus* 相对更丰富, 而 *Paraglomus* 富含于低剂量的秸秆处理中^[24]。AMF 群落中原囊霉属 (*Archaeospora*) 和 *Scutellospora* 减少, AMF 群落组成间的相似度下降^[25]。NSM 处理的 *Paraglomus* 丰度高于 NS 和 NB 处理 (图 7), 推测可能是 NSM 处理中添加猪粪刺激了 *Paraglomus* 生长, 更适宜于 *Paraglomus* 在玉米根际的定殖^[26]。

玉米根际 AMF 群落多样性和结构主要受到 TP、TK、TN、SOC 和 AP 影响, 土壤性质对根际 AMF 群落组成产生显著影响 (图 8)。营养胁迫条件在一定程度上促进了 AMF 菌丝生长与增殖^[27], 与养分充足条件相比, 香农指数并不显著 (图 4)。CK 和 N 处理中土壤有效养分含量较低, 可能刺激了 AMF 群落结构的变化和多样性的增长, 改变了 AMF 群落内部的相互作用。针对土壤 AMF 群落结构的田间研究发现, SOC 是影响 AMF 多样性和群落结构的关键驱动因子, 长期秸秆还田处理下 SOC 含量增加可以提高根际 AMF 多样性并改变其群落结构, 发达的 AMF 共生系统促进了土壤磷酸酶活性和磷素有效性增加^[4, 28]。根际 AMF 多样性与土壤磷酸酶活性的关系受到土壤多种养分因素的综合调控, 两者皆加速土壤有机磷向无机磷的转化^[3, 29]。

3.3 不同秸秆还田方式下玉米产量和磷利用率的变化及其影响因素

秸秆猪粪配施可以提高农作物产量和养分资源利用率^[30]。秸秆还田通过增加根际土壤中 TP 和 AP 含量以及 AMF 群落多样性, 促进了玉米产量和磷素利用率的提高, 改善了作物的营养品质^[31]。AMF 能够丰富作物的代谢物, 提升作物中的矿质营养元素^[32]。化肥可以促进作物获得直接营养, 秸秆还田处理下作物依靠根际 AMF 的定殖与共生机制, 加快土壤磷素转化与植物的吸收利用^[33]。随着秸秆还田年限的增加, 秸秆还田对玉米磷利用率的影响效应发生改

变^[34]。研究表明,不同秸秆还田处理磷利用率主要受土壤养分含量的影响(图9),由于不同秸秆还田处理下土壤呈酸性,土壤酸性磷酸酶活性较碱性磷酸酶活性更高。秸秆还田可能通过增加AMF群落多样性,激活了土壤酸性磷酸酶活性,保持土壤有效磷的持续供应能力。研究表明,AMF可通过提高低磷条件下磷酸酶活性来促进作物磷素的养分增效^[35]。增加AMF群落多样性加速了秸秆中有机磷向植物可吸收态的有效磷转化,提升了磷肥利用率^[36]。农田生态系统中AMF的多样性和群落结构对于根际土壤磷素平衡供应以及玉米磷素增效起重要调控作用,对于红壤健康和粮食产能协同提升具有重要意义。

4 结论

不同秸秆还田方式显著影响土壤理化性质和植物生长,其中秸秆猪粪配施的提升效果最佳。不同秸秆还田方式显著影响AMF群落结构,其中球囊霉属和类球囊霉属为优势属,AMF群落结构的变化可能是调控玉米磷吸收的潜在生物途径。未来需要进一步明确不同秸秆还田方式下根际AMF群落对玉米产量和作物磷素吸收的影响机制,为促进植物—土壤系统磷素的高效利用提供科学依据。

参考文献 (References)

- [1] Pan S, Wang Y, Qiu Y, et al. Nitrogen-induced acidification, not N-nutrient, dominates suppressive N effects on arbuscular mycorrhizal fungi[J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(11): 6568—6580.
- [2] Recorbet G, Calabrese S, Balliau T, et al. Proteome adaptations under contrasting soil phosphate regimes of *Rhizophagus irregularis* engaged in a common mycorrhizal network[J]. *Fungal Genetics and Biology*, 2021, 147: 103517.
- [3] Liu Y, Zhang G, Luo X, et al. Mycorrhizal fungi and phosphatase involvement in rhizosphere phosphorus transformations improves plant nutrition during subtropical forest succession[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 153: 108099.
- [4] Qin Z, Zhang H, Feng G, et al. Soil phosphorus availability modifies the relationship between AM fungal diversity and mycorrhizal benefits to maize in an agricultural soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 144: 107790.
- [5] Xiu L, Zhang W, Sun Y, et al. Effects of biochar and straw returning on the key cultivation limitations of Albic soil and soybean growth over 2 years [J]. *Catena*, 2019, 173: 481—493.
- [6] Wu A L, Wang J S, Dong E W, et al. Effect of application of biochar and straw on fate of fertilizer N in cinnamon soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(1): 176—185. [武爱莲, 王劲松, 董二伟, 等. 施用生物炭和秸秆对石灰性褐土氮肥去向的影响[J]. *土壤学报*, 2019, 56(1): 176—185.]
- [7] Li P, Li Y C, Shi J L, et al. Rice straw return of different decomposition days altered soil fungal community structure[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(13): 4309—4317. [李鹏, 李永春, 史加亮, 等. 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.]
- [8] Su Y, Kwong R W M, Tang W L, et al. Straw return enhances the risks of metals in soil?[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2021, 207: 111201.
- [9] Yang Y H, Su Y, He Z C, et 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. [杨艳华, 苏瑶, 何振超, 等. 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.]
- [10] Alguacila M M, Torrecillasa E, García-Orenes F, et al. Changes in the composition and diversity of AMF communities mediated by management practices in a Mediterranean soil are related with increases in soil biological activity. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 76: 34—44.
- [11] Chen L J, Sun B, Jin C, et al. Effect of organic manure and biochar with equal amount of carbon input on microbial diversity and respiration of red soil[J]. *Soils*, 2015, 47(2): 340—348. [陈利军, 孙波, 金辰, 等. 等碳投入的有机肥和生物炭对红壤微生物多样性和土壤呼吸的影响[J]. *土壤*, 2015, 47(2): 340—348.]
- [12] Wang L, Chen H R, Wu J Z, et al. Effects of magnetic biochar-microbe composite on Cd remediation and microbial responses in paddy soil[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 414: 125494.
- [13] Yang H, Zhou J, Weih M, et al. Mycorrhizal nitrogen uptake of wheat is increased by earthworm activity only under no-till and straw removal conditions[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 155: 103672.
- [14] Zeng H, Tan F, Zhang Y, et al. Effects of cultivation and return of *Bacillus thuringiensis* (Bt) maize on the diversity of the arbuscular mycorrhizal community in soils and roots of subsequently cultivated conventional maize[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 75: 254—263.
- [15] Zhao Q G. Material cycle and its regulation of red soil[M]. Beijing: Science Press, 2002. [赵其国. 红壤物质循环及其调控[M]. 北京: 科学出版社, 2002.]

- [16] Lu R K. Analytical methods for soil and agro-chemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000. [鲁如坤. 土壤农业化学分析方法. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.]
- [17] Guan S Y. Soil enzyme and its research methods[M]. Beijing: Agriculture Press, 1986. [关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.]
- [18] Lumini E, Orgiazzi A, Borriello R, et al. Disclosing arbuscular mycorrhizal fungal biodiversity in soil through a land-use gradient using a pyrosequencing approach [J]. *Environmental Microbiology*, 2010, 12(8): 2165—2179.
- [19] Tan D S, Jin J Y, Huang S W. Effect of long-term K fertilizer application and returning wheat straw to soil on crop yield and soil K under different planting systems in northwestern China[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Sciences*, 2008, 14(5): 886—893. [谭德水, 金继运, 黄绍文. 长期施钾与秸秆还田对西北地区不同种植制度下作物产量及土壤钾素的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2008, 14(5): 886—893.]
- [20] Meng X T, Jiang Y J, Wang X Y, et al. Effects of long-term application of biochar and straws on red soil aggregation composition and organic carbon distribution[J]. *Soils*, 2018, 50(2): 326—332. [孟祥天, 蒋瑀霁, 王晓玥, 等. 生物质炭和秸秆长期还田对红壤团聚体和有机碳的影响[J]. *土壤*, 2018, 50(2): 326—332.]
- [21] Xu G X, Wang Z F, Gao M, et al. Effects of straw and biochar return in soil on soil aggregate and carbon sequestration[J]. *Environmental Science*, 2018, 39(1): 355—362. [徐国鑫, 王子芳, 高明, 等. 秸秆与生物炭还田对土壤团聚体及固碳特征的影响[J]. *环境科学*, 2018, 39(1): 355—362.]
- [22] Luo G, Sun B, Li L, et al. Understanding how long-term organic amendments increase soil phosphatase activities: Insight into phoD- and phoC-harboring functional microbial populations[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 139: 107632.
- [23] Yang H, Meng Y, Feng J, et al. Direct and indirect effects of long-term ditch-buried straw return on soil bacterial community in a rice-wheat rotation system[J]. *Land Degradation & Development*, 2020, 31(7): 851—867.
- [24] Alguacil M M, Torrecillas E, Garcia O F, et al. Changes in the composition and diversity of AMF communities mediated by management practices in a Mediterranean soil are related with increases in soil biological activity[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 76: 34—44.
- [25] Ma K, Song L L, Wang M G, et al. Effects of maize straw returning on arbuscular mycorrhizal fungal community structure in soil[J]. *Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(8): 2746—2756. [马琨, 宋丽丽, 王明国, 等. 玉米秸秆还田对土壤丛枝菌根真菌群落的影响[J]. *应用生态学报*, 2019, 30(8): 2746—2756.]
- [26] Ma L, Zhang J, Li Z, et al. Long-term phosphorus deficiency decreased bacterial-fungal network complexity and efficiency across three soil types in China as revealed by network analysis[J]. *Applied Soil Ecology*, 2020, 148: 103506.
- [27] Montero H, Choi J, Paszkowski U. Arbuscular mycorrhizal phenotyping: The dos and don'ts[J]. *New Phytologist*, 2019, 221(3): 1182—1186.
- [28] Guerra C A, Heintz-Buschart A, Sikorski J, et al. Blind spots in global soil biodiversity and ecosystem function research[J]. *Nature Communications*, 2020, 11(1): 3870.
- [29] Zhou Z H, Wang C K, Luo Y Q. Meta-analysis of the impacts of global change factors on soil microbial diversity and functionality[J]. *Nature Communications*, 2020, 11(1): 3072.
- [30] Battaglia M, Thomason W, Fike J H, et al. The broad impacts of corn stover and wheat straw removal for biofuel production on crop productivity, soil health and greenhouse gas emissions: A review[J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 2020, 13(1): 45—57.
- [31] Bao L, Liu H J, Deng H, et al. Effect of straw biochar on utilization of soil phosphorus and growth of bok choy in greenhouse in Dianchi Lake basin[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, 55(4): 815—824. [包立, 刘惠见, 邓洪, 等. 玉米秸秆生物炭对滇池流域大棚土壤磷素利用和小白菜生长的影响[J]. *土壤学报*, 2018, 55(4): 815—824.]
- [32] Fabiańska I, Sosa-Lopez E, Bucher M. The role of nutrient balance in shaping plant root-fungal interactions: Facts and speculation[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2019, 49: 90—96.
- [33] Zhang H, Cao Y F, Xu W X, et al. Decomposition of plant straws and accompanying variation of microbial communities[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(6): 1482—1492. [张红, 曹莹菲, 徐温新, 等. 植物秸秆腐解特性与微生物群落变化的响应[J]. *土壤学报*, 2019, 56(6): 1482—1492.]
- [34] Wang J, Fu X, Sainju U M, et al. Soil carbon fractions in response to straw mulching in the Loess Plateau of China[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, 54(4): 423—436.
- [35] Wen Z H, Li H B, Shen Q, et al. Tradeoffs among root morphology, exudation and mycorrhizal symbioses for phosphorus-acquisition strategies of 16 crop species[J]. *New Phytologist*, 2019, 223(2): 882—895.
- [36] Saleem M, Hu J, Jousset A. More than the sum of its part: microbiome biodiversity as a driver of plant growth and soil health[J]. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2013, 50: 145—168.

(责任编辑: 陈荣府)