

DOI: 10.11766/trxb201911070488

李慧敏, 田胜营, 李丹丹, 李增强, 谭钧, 赵炳梓. 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.

LI Huimin, TIAN Shengying, LI Dandan, LI Zengqiang, TAN Jun, ZHAO Bingzi. Effect of Application of Organic Materials on Content of Labile Organic Carbon and Composition of Microbial Community in Fluvio-Aquatic Soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58(3): 777-787.

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*

李慧敏^{1,2}, 田胜营^{1,3}, 李丹丹^{1,2}, 李增强¹, 谭钧⁴, 赵炳梓^{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. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 南京林业大学林学院, 南京 210037; 4. 北京中向利丰科技有限公司, 北京 100022)

摘要: 土壤活性有机碳是土壤中周转较快, 对管理措施反应较为敏感的碳组分, 但不同有机物料的影响效应及其微生物机制尚不清楚。比较小麦-玉米轮作条件下, 麦季秸秆还田(R)和木本泥炭(MT)连续施用2年对玉米收获期潮土可矿化有机碳(PCM)、微生物量碳(MBC)、可溶性有机碳(DOC)、易氧化有机碳(ROC)、颗粒有机碳(POC)的影响, 评估其与细菌和真菌群落组成之间的关系。结果表明: 与不施用任何有机物料的CK相比, R处理及秸秆和木本泥炭联合施用(RMT)的DOC含量分别显著增加30.33%和31.46%; MT和RMT处理的POC含量分别显著增加104.86%和64.78%; 而PCM、MBC、ROC在处理之间无显著变化。高通量测序发现, 4个处理之间的细菌群落组成无显著变化, 而真菌发生显著变化, 并主要受制于POC、DOC、NH₄⁺-N变化。相关性分析发现, DOC和POC均与转化酶活性显著正相关。DOC和转化酶均在R处理中显著增加, 与 *Trichoderma peltatum* 和 *Trichoderma aeruginum* 丰度显著正相关; DOC同时与能促进根系分泌物生成的 *Pyrenochaeta unidentified* 丰度显著正相关, 它在RMT处理中显著增加。POC和转化酶均与 *Cladorrhinum flexuosum* 和 *Basidiobolus ranarum* 显著负相关, 该俩微生物在MT处理中显著降低, 而在RMT中仅 *Cladorrhinum flexuosum* 显著降低; POC和转化酶均与 *Chaetothyriales unidentified* 显著正相关, 它们在RMT处理中显著升高。施用秸秆或木本泥炭分别改变了潮土不同活性有机碳的含量, 可能是因为两种有机物料施用分别产生了不同的真菌群落组成, 进而改变了功能微生物丰度及相关酶活性。

关键词: 秸秆; 木本泥炭; 活性有机碳; 酶活性; 细菌和真菌群落组成

中图分类号: S154.36 **文献标志码:** A

Effect of Application of Organic Materials on Content of Labile Organic Carbon and Composition of Microbial Community in Fluvio-Aquatic Soil

LI Huimin^{1,2}, TIAN Shengying^{1,3}, LI Dandan^{1,2}, LI Zengqiang¹, TAN Jun^{4†}, ZHAO Bingzi^{1†}

(1. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China;

* 国家自然科学基金面上项目(41977102)和现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-03)共同资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 41977102) and the Earmarked Fund for China Agriculture Research System (No. CARS-03)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: tanjun1968@126.com; bzha@issas.ac.cn

作者简介: 李慧敏(1994—), 女, 安徽桐城人, 硕士研究生, 主要从事土壤微生物研究。E-mail: hmli@issas.ac.cn

收稿日期: 2019-11-07; 收到修改稿日期: 2020-01-16; 网络首发日期(www.cnki.net): 2020-03-11

2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. College of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China; 4. View Sino International Limited Company, Beijing 100022, China)

Abstract: 【Objective】 Soil labile organic carbon (LOC) is a soil component that is quite quick in turnover and quite sensitive to soil management practices. However, it is not clear how application of organic materials or manures LOC and their microbial mechanisms. 【Method】 In this study, a field experiment was designed to have wheat and maize planted in rotation and conducted to explore effects of returning wheat straw (R) and applying woody peat (MT) for two years in a row on potential carbon mineralization (PCM), microbial biomass carbon (MBC), dissolved organic carbon (DOC), readily oxidizable carbon (ROC) and particulate organic carbon (POC) in fluvo-aquic soil at the harvesting stage of the second maize crop. 【Result】 Compared with CK without any organic manure, Treatment R (returning of wheat straw) and Treatment RMT (returning of wheat straw plus application of wood peat) was 30.33% and 31.46% higher in DOC and 104.86% and 64.78% higher in POC, respectively. However, the treatments did not have much effect on PCM, MBC and ROC. High-throughput sequencing analysis shows that the treatments did not have much impact on soil bacterial community composition, but did have on fungi, which was mainly attributed to changes in POC, DOC and $\text{NH}_4^+\text{-N}$. Correlation analysis shows that DOC and POC were significantly and positively related to invertase activity. Both DOC and invertase increased significantly in Treatment R and were significantly and positively related to the abundance of *Trichoderma peltatum* and *Trichoderma aeruginum*. At the same time, DOC was significantly and positively related to the abundance of *Pyrenochaeta unidentifed*, capable of promoting formation of root secretions, and *Pyrenochaeta unidentifed* increased significantly in Treatment RMT. Both POC and invertase were significantly and negatively related to *Cladorrhinum flexuosum* and *Basidiobolus ranarum*, both of which decreased significantly in Treatment MT, while only *Cladorrhinum flexuosum* did in Treatment RMT. POC and invertase were also significantly and positively related to *Chaetothyriales unidentifed*, and increased significantly in Treatment RMT. 【Conclusion】 All the findings demonstrate that both returning of wheat straw and application of woody peat alter the content of labile organic carbon, regardless of type, which may be attributed to the effects of the two practices affecting, separately, composition of the fungal community, thus altering abundance of the functional microbes and activity of relevant enzymes.

Key words: Straw; Woody peat; Labile organic carbon; Enzyme activity; Composition of bacterial and fungal communities

土壤活性有机碳是土壤中周转速度快, 易被土壤微生物利用的有机碳组分, 是土壤有机碳的重要组成部分, 包括可溶性有机碳 (DOC)、易氧化有机碳 (ROC)、微生物生物量碳 (MBC)、颗粒有机碳 (POC)、可矿化有机碳 (PCM) 等^[1-2]。有研究表明土壤活性有机碳与作物产量、土壤大团聚体的形成和稳定有显著正相关关系^[3-4], 并且能够影响土壤养分的含量及其生物有效性^[5]。此外, 土壤活性有机碳是土壤微生物的重要碳源及养分来源, 能够显著影响土壤微生物的活性及群落组成^[6]。Cleveland 等^[7]研究证明, 生态系统中动植物可用性碳底物的增加可能促进微生物群落结构和组成的迅速变化。由于土壤活性有机碳能够快速响应土壤管理措施及环境条件的变化, 且与土壤其他性质的变化密切相关, 因此被广泛用来表征土壤有机碳的早期变化并作为衡量土壤质量和可持续性的指标^[6]。

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分之一,

是推动土壤有机碳和养分转化的主要驱动力^[8]。大量研究表明施用有机物料能显著改变微生物群落组成^[9-10]。由于不同微生物类群的生理代谢功能不同, 微生物群落组成的变化会影响外源有机物料和土壤有机碳的转化, 进而可能影响土壤中活性有机碳的组成及其含量^[10]。Zhao 等^[1]发现, 相比单独施用无机肥, 秸秆还田基础上施用有机无机肥显著增加土壤中闭蓄态碳氮及微生物生物量碳, 除了随有机肥添加而增加的碳源能激发微生物生长和刺激微生物活性外, 有机肥通过刺激本土微生物生长导致的微生物组成变化同样是造成易利用碳库变化的主要原因。基于 ^{13}C 标记秸秆的盆栽试验, Li 等^[11]发现革兰氏阴性菌的刺激生长能够促进秸秆分解、增加来自秸秆的微生物生物量碳及来自于秸秆的碳和氮在土壤-作物系统的回收率。因而, 猜测不同环境条件下形成的活性有机碳的种类和数量可能与不同微生物群落组成有关。

黄淮海平原是我国重要的粮食生产基地之一，该地区较低的土壤有机碳含量是限制作物产量提高的重要因子之一^[12]。合理添加外源有机物料可以显著提升土壤有机碳含量^[6]，其中，秸秆还田是该地区常用的措施。然而秸秆还田提升土壤有机碳的速度和效率较低^[13]。木本泥炭是木本植物残体在低温厌氧的沼泽环境中形成的一种有机物料，具有腐殖酸含量高、比表面积大等优点^[9]，对于快速提升土壤有机碳含量具有很大的应用潜力^[14]。由于本身性质差异，秸秆和木本泥炭施用对土壤活性有机碳的影响可能不同，但尚未有研究对它们进行系统比较，其与微生物群落组成及酶活性的相关关系也不清楚。本研究以黄淮海平原典型潮土为研究对象，比较小麦-玉米轮作条件下，秸秆还田和木本泥炭等碳量连续施用 2 年对玉米收获后土壤性质影响，其主要目的包括：(1) 明确不同有机物料施用对土壤活性有机碳含量、酶活性及基于高通量测序的细菌和真菌群落组成影响；(2) 评估活性有机碳含量改变与微生物群落组成变化之间关系。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验地位于河南省封丘县农田生态系统国家野外科学观测研究站 (114°24'E, 35°00'N)，该地区属于半干旱、半湿润季风气候，年均气温 13.9℃，年均降水量 615 mm，无霜期约 220 d。土壤母质来源于黄河冲积沉积物，土壤类型主要为潮土。种植制度以冬小麦-夏玉米轮作为主。试验前耕层土壤基本性质如下：pH8.15、有机碳 7.77 g·kg⁻¹、全氮 1.10 g·kg⁻¹、有效磷 7.50 mg·kg⁻¹、速效钾 79.00 mg·kg⁻¹。

1.2 试验设计

田间试验于 2016 年 10 月 13 日冬小麦种植季开始，处理包括 (1) 秸秆移除 (CK)、(2) 秸秆还田 (R)、(3) 秸秆移除并施用木本泥炭 (MT)、(4) 秸秆还田并施用木本泥炭 (RMT)。秸秆和木本泥炭的基本性质见表 1。每个处理均设 3 个重复小区，每个小区面积为 75 m² (长 15 m×5 m)。

表 1 物料养分含量信息

Table 1 Nutrient contents of the organic materials tested

物料 Material	全碳 Total C /(g·kg ⁻¹)	全氮 Total N /(g·kg ⁻¹)	全磷 Total P /(g·kg ⁻¹)	全钾 Total K /(g·kg ⁻¹)
秸秆 Straw	448.00	9.52	1.09	19.29
木本泥炭 Woody peat	619.70	7.84	0.73	5.87

注：物料养分含量均以干物质质量计。Note: Nutrient contents of the materials is calculated as dry matter.

在小麦季，木本泥炭和秸秆按照等碳量的方式还田，秸秆施用量为 7 500 kg·hm⁻²，木本泥炭施用量为 5 422 kg·hm⁻² (以干物质质量计算)。所有处理的化肥施用量均为施 N 210 kg·hm⁻²、P₂O₅ 105 kg·hm⁻²，K₂O 105 kg·hm⁻²。氮肥用尿素，磷肥用磷酸二铵，钾肥用硫酸钾，其中 60%的氮肥和全部磷钾肥作为基肥施入，40%的氮肥以尿素形式追肥。有机物料和化肥均匀撒在土壤表面然后旋耕使其与土壤混合。在玉米季，四个处理的小麦秸秆均采用就地覆盖还田，后免耕播种。玉米季的化肥施用量与小麦季相同，其中 40%的氮肥和全部磷钾肥作为基肥施入，60%的氮肥以尿素的形式追施。小麦品种为矮抗 58，玉米品种为登海 605。2017 至 2018 年度小麦与玉米的管理方式与上述完全相同。试验

用木本泥炭购自北京利丰公司。

1.3 样品采集与测定

2018 年玉米收获后，采用随机多点混合取样法采集耕层 (0~20 cm) 土壤样品。土样过筛后 (<2 mm) 分成三部分，一部分风干，用于基本性质的测定，一部分鲜样用于速效氮、微生物生物量碳、可溶性碳、颗粒有机碳以及酶活性的测定，另一部分放于 -80℃ 冰箱冷藏保存，用于 DNA 的提取。

土壤 pH、有机碳 (SOC)、铵态氮 (NH₄⁺-N)、硝态氮 (NO₃⁻-N)、有效磷 (AP) 以及速效钾 (AK) 采用常规的土壤农化分析方法测定^[15]。土壤微生物生物量碳 (MBC) 采取氯仿熏蒸-K₂SO₄ 浸提法测定，以熏蒸和未熏蒸土壤的有机碳之差除以转换系数 0.45 得到^[15]。易氧化有机碳 (ROC) 含量采用高锰

酸钾氧化法进行测定^[16], 颗粒有机碳 (POC) 含量采用 Cambardella 和 Elliott^[17]的方法测定。土壤可溶性有机碳 (DOC) 含量采用 Jones 和 Willett 的方法测定^[15]。可矿化有机碳 (PCM) 含量采用 CO₂ 释放法测定^[15], 共培养 60 d, 分别在 1、2、3、4、5、7、9、12、15、18、21、24、27、30、48 和 60 d 之后更换含有 NaOH 的玻璃瓶, 并用 HCl 标准溶液进行滴定; PCM 含量基于 60 d 培育结果计算获取, 计算公式为: $M=1/2 \times (V_0 - V) \times C_{HCl} \times 12 \times m \times 1000$

$$PCM=M_1+M_2+M_3+\dots+M_{60}$$

式中, M 为有机碳矿化量, $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$; V_0 为空白滴定时消耗标准盐酸的体积, mL; V 为样品滴定时消耗标准盐酸的体积, mL; C 为标准盐酸的浓度, $\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$; 12 为碳的摩尔质量; m 为样品干质量; M_1, M_2, \dots, M_{60} 分别表示第 1、2...60 天的有机碳矿化量。

采用比色法测定土壤转化酶 (Invertase)、 β -D-葡萄糖苷酶 (β -D-glucosidase, BDG)、碱性磷酸酶 (Alkaline phosphatase, PHO) 和 N-乙酰- β -氨基葡萄糖苷酶 (N-acetyl- β -Glucosaminidase, NAG) 的含量^[18-19]。

1.4 DNA 提取与高通量测序

采用 Fast@DNA Spin 试剂盒 (MP Biomedicals, Santa Ana, CA, 美国) 从 0.5g 新鲜土壤中提取每个样本的总 DNA。并使用 Nanodrop™2000 分光光度计 (Nanodrop Technologies, Wilmington, DE, USA) 测量 DNA 质量 (A260/A280 范围为 1.85~1.92) 和浓度 ($112.89 \sim 157.71 \text{ ng ul}^{-1}$)。选取细菌 16S rRNA V4~V5 区进行高通量测序测定。PCR 扩增采用特异性引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')/907R (5'-CCGTC AATTCMTTTRAGTTT-3')。PCR 扩增条件包括 95 °C 3 min, (95 °C 30 s, 55 °C 30 s, 72 °C 40 s), 27 个循环, 之后 72 °C 10 min。真菌 PCR 扩增引物对为 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')/ITS2R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'), PCR 扩增条件为 95 °C 3 min, (95 °C 30 s, 53 °C 30 s, 72 °C 40 s), 37 个循环, 之后 72 °C 10min。反应产物采用 QIA quick PCR Purification kit (Qiagen) 进行纯化。将不同样品的 PCR 扩增产物等摩尔混合后, 采用 Illumina 公司 MiSeq 测序仪完成序列分析 (委托上海美吉生物医药科技有限公司测定)。

1.5 数据处理

采用 Excel2016 和 Origin2019 软件进行数据处理和绘图; 使用 SPSS22.0 软件进行单因素方差分析, 相关性分析采用 Spearman 双尾检验; 平均值多重比较采用 LSD 法进行显著性检验 ($P < 0.05$)。

高通量测序所得序列在 QIIME (1.91) 软件中采用以下步骤进行分析: (1) 采用 FLASH 软件进行序列双端合并; (2) 使用 Cutadapt 软件切除引物; (3) 细菌和真菌序列分别去除短于 300 bp 和 150 bp 的低质量序列和嵌合体序列, 经过质量控制后, 细菌和真菌分别得到 132 194 和 182 794 条高质量序列, 其中细菌和真菌每个样品序列条数分别为 9 832~12 584 和 10 140~20 957。随后, 每个细菌和真菌样品分别随机抽取 9 832 和 10 140 条序列进行后续分析, 细菌和真菌的覆盖率分别为 98.76%~99.23% 和 99.61%~99.87%; (4) 高质量序列采用 Uparse 软件, 以 97% 相似度进行 OTU 划分, 采用 Blast 方法以 Greengenes13.8 数据库和 UNITE (ver.8.0) 数据库分别对细菌和真菌进行注释。利用 R 包 DESeq2 进行微生物群落物种丰度差异分析及 Origin2019 软件绘制差异火山图。

使用典范对应分析 (CCA) 和冗余分析法 (RDA) 建立土壤不同形态碳与细菌和真菌群落组成之间的关系, 通过 DCA 去趋势分析结果中 Axis Lengths 的第一轴的大小, 大于 4.0 选择 CCA 分析, 小于 3.0 则选择 RDA 分析。用 Vegan 包内 "ordistep" 函数根据置换检验中 F 统计量的显著性水平 (P 值) 选择最好的解释变量, 并采用 999 次的蒙特卡罗置换检验 (Monte Carlo permutation test, 999 permutations) 进行显著性检验, 使用 "envfit ()" 函数检验每个环境因子的显著性。使用 R 语言软件的 vegan 包进行排序运算, 提取物种和环境变量的排序坐标, 采用 Origin2019 软件进行 RDA 绘图。

2 结果

2.1 不同有机物料添加下土壤 pH 和养分含量变化

表 2 表示, 不同处理对土壤 pH 和 NO₃-N 含量无显著影响, 但土壤 NH₄⁺-N、AP、AK 含量则显著变化 ($P < 0.05$)。R 和 RMT 处理的 NH₄⁺-N 含量分别较 CK 低 77.38% 和 73.47%, AK 含量分别较 CK 低 27.21% 和 23.66%, 但 MT 处理的 AP 含量则较 CK 高 59.18%。

表 2 秸秆和木本泥炭施用对土壤 pH 和养分含量影响

Table 2 Effects of straw and woody peat application on soil pH and nutrient content ($n=3$)

处理 Treatment	pH	NO ₃ ⁻ -N / (mg·kg ⁻¹)	NH ₄ ⁺ -N / (mg·kg ⁻¹)	AP / (mg·kg ⁻¹)	AK / (mg·kg ⁻¹)
CK	8.34±0.10a	12.14±3.39a	8.18±1.43a	7.79±1.30b	142.3±20.2a
R	8.43±0.06a	12.47±1.89a	1.85±0.92b	5.31±0.93b	103.6±11.4b
MT	8.37±0.10a	11.36±2.10a	6.94±0.44a	12.4±2.14a	120.4±3.6ab
RMT	8.40±0.10a	14.75±2.55a	2.17±0.5b	7.87±2.15b	108.6±18.0b

注：表中数据为平均值±标准差，同列不同字母表示不同处理间差异显著（LSD 检验， $P<0.05$ ）。下同。Note: data in the table are of means±standard deviation ($n=3$). Different letters indicate significant difference between treatments (LSD method, $P<0.05$). The same below.

2.2 不同有机物料添加下土壤活性有机碳变化

不同处理对 SOC、PCM、MBC 和 ROC 含量均无显著影响，但显著影响 DOC、POC 含量（表 3）。与 CK 相比，R 和 RMT 处理的 DOC 含量分别增加 30.33% 和 31.46%，而 MT 处理的 DOC 含量则与 CK 类似；POC 含量显著增加的处理主要发生在 MT 和 RMT 处理，分别较 CK 增加 104.9% 和 64.78% ($P<0.05$)。

2.3 不同有机物料添加下土壤酶活性变化

表 4 表示，四种处理间的 β -D-葡萄糖苷酶和 β -1, 4-n-乙酰氨基葡萄糖酶均无显著差异，但显著影响转化酶和碱性磷酸酶活性。与 CK 相比，R 和 RMT 处理的转化酶活性分别增加 364.69% 和 485.31%，但其碱性磷酸酶活性则与 CK 类似，此外，MT 处理的碱性磷酸酶活性较 CK 降低 28.15%。

2.4 有机物料对土壤细菌和真菌群落组成影响

2.4.1 土壤细菌和真菌门水平处理间差异

细菌 16S rRNA 高通量测序序列经过物种注释后归属于 16 个门，57 个纲，109 个目，168 个科和 215 个属（图 1A），不同处理的细菌优势菌门均为变形菌门（Proteobacteria）、酸杆菌门（Acidobacteria）、放线

菌门（Actinobacteria）、绿弯菌门（Chloroflexi）和厚壁菌门（Firmicutes），其相对丰度分别为 28.00%、23.90%、19.70% 和 8.10% 和 5.10%。上述优势菌门相对丰度在不同处理间几乎没有显著性差异，仅 RMT 处理的绿弯菌门较 CK 处理增加了 25.82% ($P<0.05$)。

真菌 ITS 高通量测序序列经过物种注释后归属于 12 个门、28 个纲、49 个目、90 个科和 130 个属（图 1B）。不同处理的真菌优势菌门均为子囊菌门（Ascomycota）、鞭毛菌门（Mortierellomycota）、担子菌门（Basidiomycota），其相对丰度分别为 75.4%、7.0%、4.9%。与 CK 处理相比，R 和 MT 处理的子囊菌门相对丰度分别提高 10.17% 和 9.34%。RMT 处理的鞭毛菌门相对丰度较 CK 处理提高 83.90%。

2.4.2 基于 OTU 水平的土壤细菌和真菌处理间差异物种分析

以 CK 处理为对照，基于 OTU 水平对 R、MT 和 RMT 处理进行差异物种分析（图 2），结果显示，R 和 MT 处理的细菌群落组成与 CK 之间没有差异物种，而 RMT 处理仅显著增加了 *Aquicella unidentifed* 丰度（图 2A）。

表 3 秸秆和木本泥炭施用对土壤有机碳及其活性组成部分影响

Table 3 Effects of straw and woody peat application on soil organic carbon and its active components ($n=3$)

处理 Treatment	SOC / (g·kg ⁻¹)	PCM / (mg·kg ⁻¹)	MBC / (mg·kg ⁻¹)	DOC / (mg·kg ⁻¹)	ROC / (g·kg ⁻¹)	POC / (g·kg ⁻¹)
CK	7.15±2.10a	181.2±19.5a	245.1±10.0a	40.56±3.62b	1.03±0.55a	2.47±0.68b
R	7.36±1.08a	212.8±20.3a	228.5±18.8a	52.86±5.28a	1.12±0.59a	3.80±0.27ab
MT	7.58±2.04a	165.7±46.2a	202.7±39.7a	41.94±4.38b	1.48±1.94a	5.06±1.38a
RMT	9.13±1.40a	182.5±69.0a	235.7±11.3a	53.32±4.64a	1.81±0.65a	4.07±2.00a

表 4 秸秆和木本泥炭施用对土壤酶活性影响

Table 4 Effects of straw and woody peat application on soil enzyme activities ($n=3$)

处理 Treatment	β -D-葡萄糖苷酶 BDG / ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{h}^{-1}$)	转化酶 Invertase / ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{h}^{-1}$)	碱性磷酸酶 PHO / ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{h}^{-1}$)	乙酰- β -氨基葡萄糖苷酶 NAG / ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{h}^{-1}$)
CK	143.2 \pm 5.67a	5.72 \pm 0.47b	332.4 \pm 38.43a	17.26 \pm 2.35a
R	144.0 \pm 5.56a	26.58 \pm 2.95a	373.5 \pm 29.00a	16.59 \pm 1.96a
MT	151.0 \pm 30.47a	6.55 \pm 0.37b	238.8 \pm 23.84b	17.36 \pm 5.54a
RMT	153.2 \pm 3.20a	33.48 \pm 11.07a	391.1 \pm 45.12a	17.07 \pm 1.03a

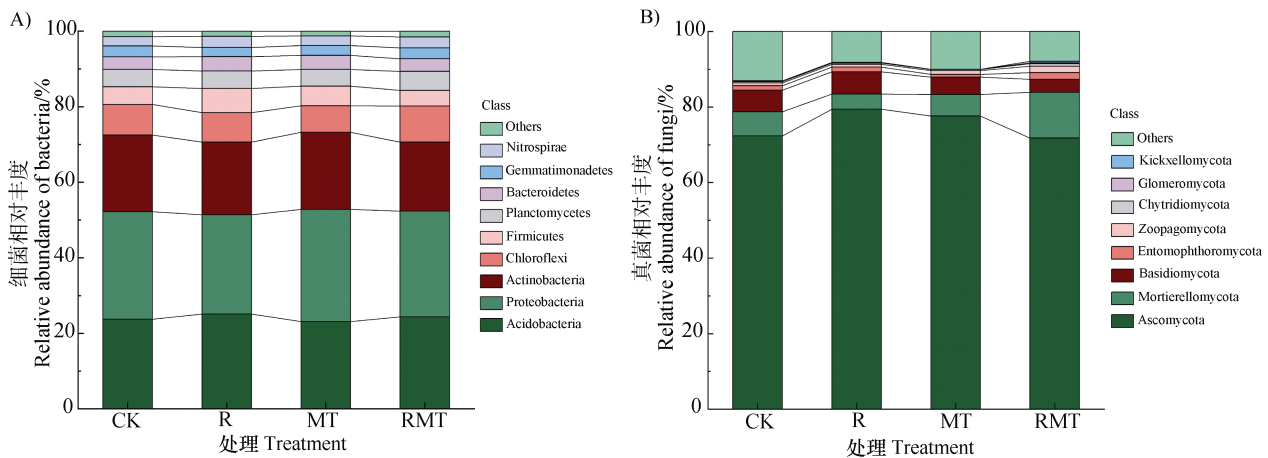


图 1 土壤细菌 (A) 以及真菌 (B) 在门水平上的组成及相对丰度

Fig. 1 Composition and relative abundances of the major soil bacteria (A) and the major fungi (B) on the phylum level

图 2 表示, 在真菌群落中, 与 CK 相比, R 处理共有 6 个 OTU 显著增加, 7 个 OTU 显著降低 (图 2B), 其中丰度最高的为 *Trichoderma peltatum* 和 *Trichoderma aeruginum*; MT 处理中, 仅一个 OTU 显著增加, 3 个 OTU 显著降低 (图 2C), 包括 *Basidiobolus ranarum* 和 *Cladorrhinum flexuosum*; RMT 处理中共有 10 个 OTU 显著增加, 16 个 OTU 显著降低 (图 2D), 其中增加的 *Chaetothyriales unidentifed* 和 *Pyrenochaeta unidentifed* 变化最为显著。

2.5 土壤理化性质与细菌和真菌群落组成之间关系

图 3 展示了不同土壤理化性质对细菌和真菌群落组成的影响。其中, 约束排序 CCA (图 3A) 和 RDA (图 3B) 结果分别展示了细菌和真菌物种分布与土壤理化性质之间的关系。

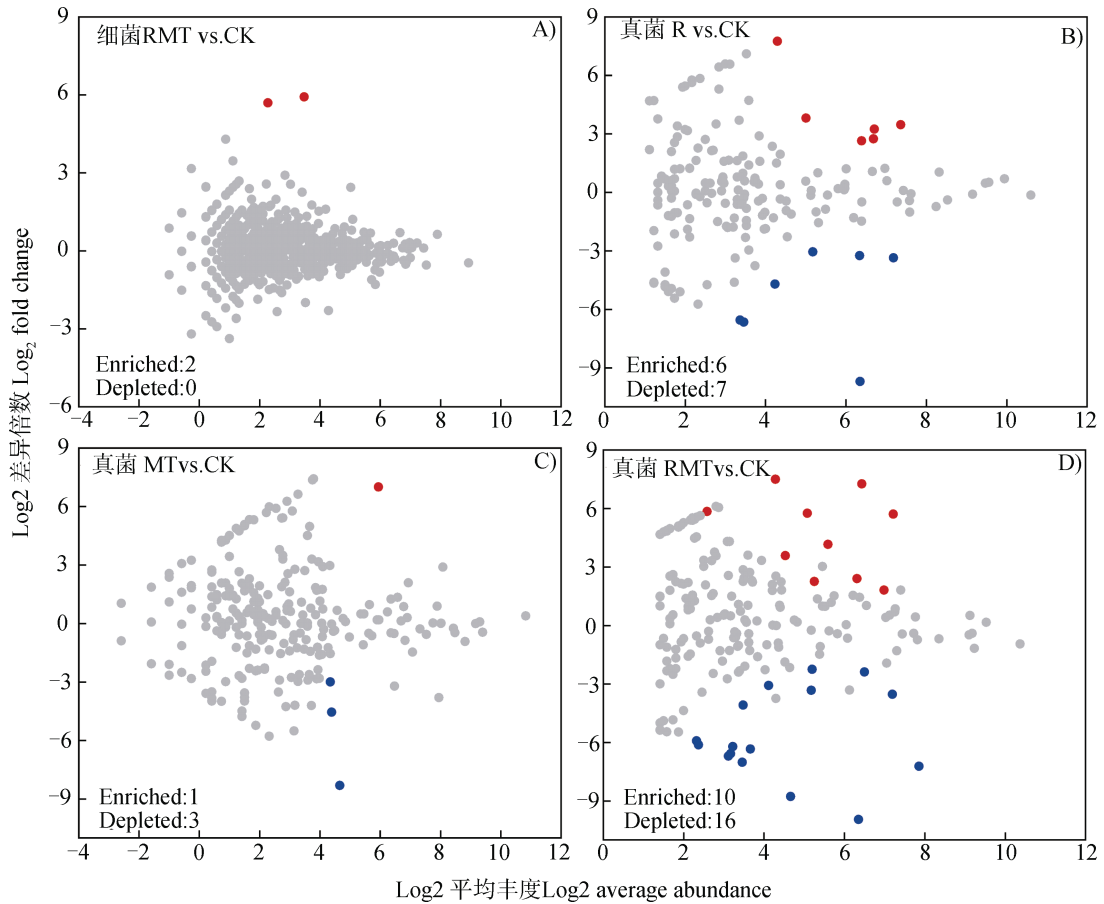
图 3A 表示, 细菌的 CCA 中, 限制在 2 个选定变量的 CCA 前两个典范轴能够解释全部方差的 20.79%, 其中第一轴单独解释 11.19%。NH₄⁺-N 和 POC 是显著影响土壤细菌群落组成的限制性环境因

子 ($P<0.01$)。Anosim 分析显示不同处理间的细菌群落组成无显著差异 ($P>0.05$, $R=0.1883$)。

图 3B 表示, 真菌的 RDA 分析中, 限制在 6 个选定变量的前两个典范轴能够解释 33.31% 的方差, 其中 POC、DOC、NH₄⁺-N 是真菌物种分布的主要驱动因素 ($P<0.05$)。R 和 RMT 处理的真菌群落组成与 CK 和 MT 处理的真菌群落组成沿 RDA1 轴分开, DOC、SOC 和 NH₄⁺-N 含量是驱动真菌群落组成沿该轴分开的主要环境因子。而 CK 和 MT 处理则进一步沿 RDA2 轴分开, PCM 和 POC 含量则是驱动真菌群落组成沿 RDA2 轴分开的主要环境因子。不同处理的真菌群落组成显著不同 ($P<0.01$, $R=0.6944$)。

2.6 活性有机碳含量与酶活性及差异 OTU 之间的相关性

将活性有机碳含量与酶活性及差异 OTU 之间进行 Spearman 相关性分析 (表 5), 结果表示, DOC、POC 均与转化酶显著正相关。此外, DOC 和转化酶



注：每个点代表一个 OTU，图 A 为细菌 RMT 处理与 CK 处理对比；图 B、C 和 D 分别表示真菌 R、MT 和 RMT 处理与 CK 处理对比。灰色部分代表差异不显著。Note: Each point represents an individual OTU; Plot A depicts comparison between CK and Treatment RMT in bacterium, and Plot B does between CK and Treatment R; Plot C does between CK and Treatment MT and Plot D does between CK and Treatment RMT in fungus. The grey part represents no significant difference.

图 2 不同处理与 CK 对比土壤细菌 (A) 和真菌 (B, C 和 D) 菌种显著性增加 (红色) 或降低 (蓝色) 的火山图分析
Fig. 2 Effects of the treatments on bacterial (A) and fungal OTUs (B, C, and D) as depicted in the volcano plots, significantly enriched (red) and depleted (blue)

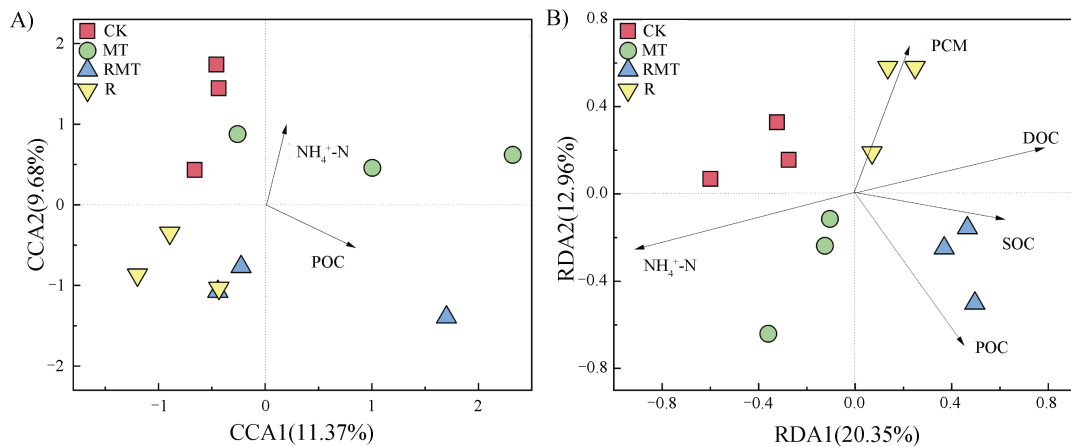


图 3 土壤基本性质与土壤细菌 (A) 和真菌 (B) 群落组成间的关系

Fig. 3 Relationships of soil basic properties with community composition of soil bacteria (A) and fungi (B)

表 5 土壤酶活性与土壤活性有机碳及差异物种间的关系

Table 5 Relationships of soil enzyme activity, soil labile organic carbon with different microbial species

	转化酶 Invertase	<i>Trichoderma</i> <i>peltatum</i>	<i>Trichoderma</i> <i>aerugineum</i>	<i>Chaetothyriales</i> <i>unidentified</i>	<i>Pyrenochaeta</i> <i>unidentified</i>	<i>Cladorrhinum</i> <i>flexuosum</i>	<i>Basidiobolus</i> <i>ranarum</i>
DOC	0.748**	0.664*	0.685*	NS	0.832**	NS	NS
POC	0.608*	NS	NS	0.720**	NS	-0.762**	-0.688*
转化酶 Invertase	1	0.608*	0.608*	0.776**	0.817**	-0.734**	-0.705*

注: NS 表示相关关系不显著 ($P>0.05$), *和**分别表示显著相关 ($P<0.05$) 和极显著相关 ($P<0.01$)。Note: NS indicates no significant correlation, * and ** indicate significant correlation at 0.05 and 0.01 levels, respectively.

均与 *Trichoderma_peltatum*、*Trichoderma_aerugineum*、*Pyrenochaeta_unidentified* 丰度显著正相关; POC 和转化酶均与 *Chaetothyriales_unidentified* 显著正相关, 与 *Basidiobolus_ranarum* 和 *Cladorrhinum_flexuosum* 显著负相关。

3 讨论

3.1 有机物料施用对土壤基本性质的影响

与 CK 相比, R 和 RMT 处理显著降低了 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 AK 含量 (表 2)。前人研究证明, 秸秆添加可能通过影响微生物群落结构和胞外酶的活性, 导致土壤中 N 矿化降低, 从而降低了 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量^[20]。罗照霞等^[21]研究结果表明, 玉米植株氮、磷、钾等吸收量随着产量的增加而增大, 本研究显示 R 和 RMT 处理较 CK 相比, 籽粒和秸秆产量显著升高 (数据未列出), 土壤中较多的养分被植株吸收带走, 导致土壤中 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 AK 含量降低。此外, MT 处理中 AP 含量显著增加, 可能是因为木本泥炭疏松多孔, 具有吸附性, 使得土壤中的 AP 被固定, 减缓了磷元素的淋失^[9]。有趣的是 RMT 处理的 AP 含量升高并不显著, 这可能与 RMT 处理中含有秸秆, 而秸秆分解过程中需要吸收土壤中的磷素有关^[9]。此外, RMT 处理籽粒和秸秆产量最高 (数据未列出), 可能随作物吸收带走了更多的磷从而导致土壤中 AP 含量降低。

3.2 有机物料施用对土壤活性有机碳的影响

DOC 和 POC 等土壤活性有机碳是反映土壤受干扰程度最灵敏的指标^[2]。贺美等^[4]研究发现, 秸秆还田可提高土壤 DOC 含量, 与本研究结果相同 (表 3)。秸秆加入土壤后, 分解产生大量的水溶性物质, 直接增加土壤 DOC 含量, 又通过激发效应促进土壤

原有有机质的分解, 间接导致 DOC 含量的升高^[22]。秸秆等外源有机物料施入土壤后, 一方面为微生物提供了充足的碳源, 从而促进微生物的生长和繁殖, 而微生物分解的有机物质是活性碳组分的主要来源。另一方面, 秸秆腐烂分解过程中, 改变了微生物的种群, 提高了微生物及相关酶的活性, 加快土壤非活性有机碳向活性有机碳的转变, 从而导致了 DOC 含量的升高^[6]。

前人研究发现, 作物残茬和秸秆等外源有机物料的输入可提高土壤中 POC 的含量^[4, 23], 与本研究结果中, 添加物料的三个处理土壤 POC 含量增加一致 (表 3)。研究证明, 添加植物残体有利于改善土壤结构, 使有机碳进入大团聚体中被保护, 促进 POC 的形成和稳定^[24]。此外, 土壤中的 POC 主要来自于未完全分解的植物残体^[2], 杨军等^[25]利用尼龙网袋法发现小麦和玉米秸秆经过 6 个月的分解后仍然能够残留 50% 左右, 因此 R、MT、RMT 中升高的 POC 含量可能是由未完全分解的秸秆和木本泥炭残留造成的。

3.3 有机物料施用对土壤酶活性的影响

土壤中的酶是微生物参与土壤生物地球化学过程的主要媒介, 在有机物的分解以及养分循环中起着重要的作用^[26]。MT 处理的碱性磷酸酶活性显著低于 CK、R 和 RMT 处理, 这可能与 MT 处理具有高的速效磷含量有关。Li 等^[26]研究结果发现, 速效磷含量与碱性磷酸酶活性呈显著负相关关系, 速效磷含量升高会导致土壤对有机磷转化为无机磷的需求减少, 从而抑制了碱性磷酸酶的活性。先前研究表明, 秸秆还田可显著提高土壤转化酶活性^[27], 这与我们的研究结果一致。转化酶是一种广泛存在于土壤中的水解酶, 能将蔗糖水解为植物和微生物可利用的葡萄糖和果糖^[28], 对增加土壤中易溶性物质起着非常重要的作用^[27], 本研究结果也表明, 转化

酶活性与 DOC 和 POC 含量显著正相关 (表 5), R 和 RMT 处理中转化酶活性的增加有助于将更多的秸秆成分转化为 DOC, 从而导致 R 和 RMT 处理中 DOC 含量的显著升高。转化酶的活性与土壤微生物的数量和活动密切相关^[28]。

3.4 影响微生物群落组成的土壤理化性质

研究表明, 营养底物 (有效碳, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 等) 的变化与土壤中细菌和真菌群落的变化密切相关^[29-30], 与我们的研究结果一致。Zheng 等^[30]发现, 细菌和真菌群落与 DOC 含量呈现出非常强的相关性, 且 DOC 与细胞外酶显著相关。DOC 是微生物不稳定 C 和能量的主要来源, 其组分有 10%~40% 能够被微生物直接分解利用^[5]。Wang 等^[20]研究结果表明, POC 是显著影响微生物群落组成的关键因子之一。POC 代表粗大的有机质, 能为微生物提供底物^[3]。有机物料施入土壤引起的大部分微生物变化都是由碳源可用性的变化引起的^[2], DOC 和 POC 作为微生物可用性的碳底物, 能为微生物提供足够的养分来源, 从而促进微生物的生长和繁殖, 影响微生物的组成。

Wang 等^[29]研究发现, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 添加对土壤微生物活动和群落组成有显著的影响。 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 对秸秆等凋落物的分解具有刺激作用, 添加的 N 可能通过分解者的竞争作用改变了微生物的组成^[31]。一方面 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 作为微生物的氮源, 可直接为微生物提供营养, 微生物在对氮素的竞争过程中, 会发生组成上的变化; 另一方面, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 在氮素限制的土壤中, 可为作物提供营养促进其生长, 从而刺激微生物的生长和活动, 植物与微生物群落之间的竞争以及土壤中的不同作用, 也可能对微生物群落组成产生影响^[29]。

3.5 土壤活性有机碳与酶活性及微生物群落组成之间关系

Zheng 等^[30]研究认为, 微生物群落通过调节细胞外酶水平来影响土壤中有机物分解过程, 而真菌被认为较细菌具有更大的能力来产生分解复杂植物有机物的细胞外酶。且本研究中, 不同处理间细菌群落组成没有显著差异 (图 3A), 但真菌群落组成产生了显著的变化 (图 3B)。因此这里主要讨论真菌群落组成和相关微生物的变化及其与活性有机碳和酶活性之间的关系。对于真菌群落门水平的差异, 与 CK 处理相比, R 和 MT 处理显著提高了子囊菌门丰度, 而 RMT 处理显著提高了鞭毛菌门丰度, 真菌

的子囊菌门大多数为腐生菌, 能够产生纤维素酶, 是分解不溶性和顽固底物 (如木质素) 的重要菌种^[32]。因此, 在 R 和 MT 处理中, 子囊菌门显著升高可能与有机物料添加导致的顽固性底物增加有关。有意思的是, RMT 处理中子囊菌门的丰度并未显著提高, 对真菌门水平相对丰度的相关性分析显示 (结果未列出), 子囊菌门与鞭毛菌门为显著的负相关关系 ($P < 0.01$), 因此猜测 RMT 处理中显著升高的鞭毛菌门, 其可能与子囊菌门存在相互竞争或拮抗作用, 导致 RMT 处理中子囊菌门并没有显著升高。

对于 OTU 水平的真菌物种差异, DOC 与 *Trichoderma peltatum*、*Trichoderma aeruginum*、*Pyrenochaeta unidentified* 三种 OTU 的丰度以及转化酶的活性显著正相关 (表 5)。*Trichoderma peltatum* 和 *Trichoderma aeruginum* 均属于木霉菌属, 张立恒等^[33]研究证明, 接种木霉菌能够显著提高土壤转化酶的活性。因此我们推测 R 处理可能通过增加这两种 OTU 的丰度从而提高土壤转化酶的活性, 进而引起土壤活性有机碳的变化。此外, *Pyrenochaeta unidentified* 所属的棘壳孢属具有促进植株生长的作用^[34], 其在 RMT 处理中显著升高有利于更多的根系分泌物进入土壤, 而根系分泌物主要是由易溶于水的简单有机小分子组成^[35], 其输入能够直接促进 RMT 处理中 DOC 含量的增加。土壤 POC 含量与 *Chaetothyriales unidentified* 显著正相关, 与 *Basidiobolus ranarum* (真菌蛙粪霉属) 以及 *Cladorrhinum flexuosum* (粪壳菌目) 显著负相关 (表 5)。*Chaetothyriales unidentified* 是土壤有机质的主要真菌分解类群^[36], 其在 RMT 处理中显著增加可能为转化酶提供了足够的碳底物, 导致转化酶活性的提高, 从而加快有机物料的分解, 导致 POC 含量的增加。此外, 蛙粪霉属是分解顽固有机物质的腐生真菌^[37], 粪壳菌目被认为具有降解腐烂有机质和纤维素的作用^[38], 二者在 MT 处理中丰度的降低以及 *Cladorrhinum flexuosum* 在 RMT 中丰度的减低可能会导致残留物分解速度减慢, 致使未完全分解残留物即 POC 在这两个处理土壤中累积。

4 结 论

连续两年在小麦-玉米轮作潮土中施用秸秆和本木泥炭后, 土壤 POC 和 DOC 等活性有机碳含量

发生了改变,且含有秸秆处理(R、RMT)的土壤DOC含量显著升高,而含有木本泥炭处理(MT、RMT)的土壤POC含量显著升高,这与转化酶活性及一些真菌菌种的相对丰度改变有关。秸秆和木本泥炭施用改变了土壤微生物群落组成,从而调节土壤酶活的作用,提高了部分土壤活性有机碳的含量,且真菌在该过程中发挥了更为重要的作用。

参考文献 (References)

- [1] Zhao B Z, Zhang J B, Yu Y Y, et al. Crop residue management and fertilization effects on soil organic matter and associated biological properties[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, 23 (17) : 17581—17591.
- [2] Li Z Q, Zhao B Z, Hao X Y, et al. Effects of residue incorporation and plant growth on soil labile organic carbon and microbial function and community composition under two soil moisture levels[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, 24 (23) : 18849—18859.
- [3] 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.
- [4] He M, Wang L G, Wang Y C, et al. Response of the active carbon pool and enzymatic activity of soils to maize straw returning[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, 37 (9) : 1942—1951. [贺美, 王立刚, 王迎春, 等. 黑土活性有机碳库与土壤酶活性对玉米秸秆还田的响应[J]. *农业环境科学学报*, 2018, 37 (9) : 1942—1951.]
- [5] Li J C, Gao M, Tian D, et al. Effects of straw and biochar on soil organic carbon and its active components[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2018, 27 (5) : 39—50. [黎嘉成, 高明, 田冬, 等. 秸秆及生物炭还田对土壤有机碳及其活性组分的影响[J]. *草业学报*, 2018, 27 (5) : 39—50.]
- [6] Li X H, Guo H H, Zhu Z L, et al. Effects of different straw return modes on contents of soil organic carbon and fractions of soil active carbon[J]. *Transactions of the CSAE*, 2016, 32 (9) : 130—135. [李新华, 郭洪海, 朱振林, 等. 不同秸秆还田模式对土壤有机碳及其活性组分的影响[J]. *农业工程学报*, 2016, 32 (9) : 130—135.]
- [7] Cleveland C C, Nemergut D R, Schmidt S K, et al. Increases in soil respiration following labile carbon additions linked to rapid shifts in soil microbial community composition[J]. *Biogeochemistry*, 2007, 82 (3) : 229—240.
- [8] Yuan J J, Tong Y A, Lu S H, et al. Combined application of biochar and inorganic nitrogen influences the microbial properties in soils of jujube orchard[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, 24 (4) : 1039—1046. [袁晶晶, 同延安, 卢绍辉, 等. 生物炭与氮肥配施改善枣区土壤微生物学特性[J]. *植物营养与肥料学报*, 2018, 24 (4) : 1039—1046.]
- [9] Zhao W H, Ma L, Xu J S, et al. Effect of application of straw and wood peat for a short period on soil organic matter and microbial community in composition and function in fluvo-aquic soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57 (1) : 153—164. [赵文慧, 马垒, 徐基胜, 等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响[J]. *土壤学报*, 2020, 57 (1) : 153—164.]
- [10] Guo Z, Han J C, L J, et al. Effects of long-term fertilization on soil organic carbon mineralization and microbial community structure[J]. *PLoS One*, 2019, 14 (4) : e0216006.
- [11] Li Z Q, Zhao B Z, Olk D C, et al. Contributions of residue-C and -N to plant growth and soil organic matter pools under planted and unplanted conditions[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 120: 91—104.
- [12] Xia M, Zhao B Z, Hao X Y, et al. Soil quality in relation to agricultural production in the North China plain[J]. *Pedosphere*, 2015, 25 (4) : 592—604.
- [13] Gai X P, Liu H B, Zhai L M, et al. Effects of long-term additional application of organic manure or straw incorporation on soil nitrogen leaching risk[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51 (12) : 2336—2347. [盖霞普, 刘宏斌, 翟丽梅, 等. 长期增施有机肥/秸秆还田对土壤氮素淋失风险的影响[J]. *中国农业科学*, 2018, 51 (12) : 2336—2347.]
- [14] Zheng Y Y, Zhang J B, Tan J, et al. Chemical composition and structure of humus relative to sources[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56 (2) : 386—397. [郑延云, 张佳宝, 谭钧, 等. 不同来源腐殖质的化学组成与结构特征研究[J]. *土壤学报*, 2019, 56 (2) : 386—397.]
- [15] 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[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.]
- [16] Lefroy R D B, Blair G J, Strong W M. Changes in soil organic matter with cropping as measured by organic carbon fractions and ¹³C natural isotope abundance[J]. *Plant and Soil*, 1993, 155 (1) : 399—402.
- [17] Cambardella C A, Elliott E T. Particulate soil organic-matter changes across a grassland cultivation sequence[J]. *Soil Science Society of America Journal*, 1992, 56 (3) : 777—783.
- [18] Guan S Y. Soil enzymes 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.]
- [19] Verchot L, Borelli T. Application of *para*-nitrophenol (*p*NP) enzyme assays in degraded tropical soils[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2005, 37 (4) : 625—633.

- [20] Wang Y H, Yu Z H, Li Y S, et al. Microbial association with the dynamics of particulate organic carbon in response to the amendment of elevated CO₂-derived wheat residue into a Mollisol[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 607/608: 972—981.
- [21] Luo Z X, Lei J M, Ma Z M, et al. Effects of different farming practices on maize yield and nutrient uptake in sloping fields of loessal soil[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2018, 27(6): 796—801. [罗照霞, 雷建明, 马忠明, 等. 不同农作措施对黄绵土坡耕地玉米产量及养分吸收的影响[J]. *西北农业学报*, 2018, 27(6): 796—801.]
- [22] Li B B, Wu L F. Concentration and components of dissolved organic carbon in soil profiles after crop residues were incorporated into the topsoil[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2019, 38(7): 1567—1577. [李彬彬, 武兰芳. 秸秆还田条件下剖面土壤溶解性有机碳含量及其组分结构的变化[J]. *农业环境科学学报*, 2019, 38(7): 1567—1577.]
- [23] Wu J, Cai L Q, Zhang R Z, et al. Distribution of soil particulate organic carbon fractions as affected by tillage practices in dry farmland of the Loess Plateau of central Gansu Province[J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2018, 26(5): 728—736. [武均, 蔡立群, 张仁陟, 等. 耕作措施对旱作农田土壤颗粒态有机碳的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2018, 26(5): 728—736.]
- [24] Qu X J, Wu J G, Li J M, et al. Effect of exogenous organic carbon on soil organic carbon and particulate organic carbon in black soil[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2017, 31(5): 278—286. [曲晓晶, 吴景贵, 李建明, 等. 外源有机碳对黑土有机碳及颗粒有机碳的影响[J]. *水土保持学报*, 2017, 31(5): 278—286.]
- [25] Yang J, Chen X M, Zhao B Z, et al. Effects of different soil textures on decomposition of straw and its microbial mechanism[J]. *Soils*, 2015, 47(6): 1085—1091. [杨军, 陈效民, 赵炳梓, 等. 土壤质地对秸秆分解的影响及其微生物机制[J]. *土壤*, 2015, 47(6): 1085—1091.]
- [26] Li T, Bu Z J, Liu W Y, et al. Weakening of the ‘enzymatic latch’ mechanism following long-term fertilization in a minerotrophic peatland[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 136: 107528.
- [27] Lu Y Q, Zhu A N, Zhang J B, et al. Effects of No-tillage and straw incorporation on soil enzyme activity during wheat growth[J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2013, 29(3): 329—334. [路怡青, 朱安宁, 张佳宝, 等. 免耕和秸秆还田对小麦生长期土壤酶活性的影响[J]. *生态与农村环境学报*, 2013, 29(3): 329—334.]
- [28] Ma Z M, Du S P, Wang P, et al. Effects of long-term located fertilization on soil enzymatic activities for wheat-maize intercropping in irrigated desert soils[J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2011, 25(4): 796—801, 823. [马忠明, 杜少平, 王平, 等. 长期定位施肥对小麦玉米间作土壤酶活性的影响[J]. *核农学报*, 2011, 25(4): 796—801, 823.]
- [29] Wang Y S, Cheng S L, Fang H J, et al. Contrasting effects of ammonium and nitrate inputs on soil CO₂ emission in a subtropical coniferous plantation of Southern China[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2015, 51(7): 815—825.
- [30] Zheng Q, Hu Y T, Zhang S S, et al. Soil multifunctionality is affected by the soil environment and by microbial community composition and diversity[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 136: 107521.
- [31] Zhang W D, Wang S L. Effects of NH₄⁺ and NO₃⁻ on litter and soil organic carbon decomposition in a Chinese fir plantation forest in South China[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2012, 47: 116—122.
- [32] Hannula S E, van Veen J A. Primer sets developed for functional genes reveal shifts in functionality of fungal community in soils[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 1897.
- [33] Zhang L H, Li K, Hu X X, et al. Effect of microbial agents on the available nutrient and enzyme activity of grape replant soil[J]. *Northern Horticulture*, 2015(4): 162—164. [张立恒, 李坤, 胡熙禧, 等. 接种微生物菌剂对葡萄连作土壤速效养分及酶活性的影响[J]. *北方园艺*, 2015(4): 162—164.]
- [34] Zhu Y Q, Zhang R Y, Meng R, et al. Endophytic fungi of roots of *Eulophia flava*[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2009, 22(3): 675—680. [朱艳秋, 张荣意, 孟锐, 等. 黄花美冠兰根部内生真菌研究[J]. *西南农业学报*, 2009, 22(3): 675—680.]
- [35] Hütsch B W, Augustin J, Merbach W. Plant rhizodeposition — An important source for carbon turnover in soils[J]. *Journal of Plant Nutrition and Soil Science*, 2002, 165(4): 397.
- [36] Fan F L, Yu B, Wang B R, et al. Microbial mechanisms of the contrast residue decomposition and priming effect in soils with different organic and chemical fertilization histories[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 135: 213—221.
- [37] Benny G L, Humber R A, Voigt K. 8 zygomycetous fungi: Phylum entomophthoromycota and subphyla kickxellomycotina, mortierellomycotina, mucoromycotina, and zoopagomycotina[M]//Systematics and evolution. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2014: 209—250.
- [38] Zhang Y, Hu Y F, Wang S M, et al. The structure and diversity of the fungal community in rhizosphere soil from tea gardens of different ages[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2018, 24(5): 972—977. [张玥, 胡云飞, 王树茂, 等. 茶园年限对根际土壤真菌群落结构及多样性的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2018, 24(5): 972—977.]

(责任编辑: 卢萍)