

DOI: 10.11766/trxb202309250398

王萍, 董建新, 夏龙龙, 何京, 况帅, 徐艳丽, 丛萍. 秸秆碳类型对土壤团聚体真菌群落特征的影响[J]. 土壤学报, 2024
WANG Ping, DONG Jianxin, XIA Longlong, HE Jing, KUANG Shuai, XV Yanli, CONG Ping. Effects of Straw Carbon Types on Fungal
Community Characteristics of Soil Aggregates[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024

秸秆碳类型对土壤团聚体真菌群落特征的影响*

王萍^{1,2}, 董建新¹, 夏龙龙³, 何京^{1,2}, 况帅¹, 徐艳丽¹, 丛萍^{1†}

(1. 中国农业科学院烟草研究所, 青岛 266101; 2. 中国农业科学院研究生院, 北京 100081; 3. 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)

摘要: 真菌的分解作用是驱动土壤养分循环和能量流动的主要动力, 然而在团聚体尺度上, 真菌群落对不同秸秆碳输入响应特征及关键环境因子尚不明确。以玉米秸秆为原料, 设置常规粉碎秸秆(RS)、腐熟秸秆(DS)和秸秆生物质炭(BC)3种秸秆碳类型的等碳量还田处理, 并以不施秸秆(CK)为对照, 探讨秸秆碳类型对土壤大团聚体(>0.25 mm)和微团聚体(<0.25 mm)中真菌多样性、真菌群落组成及分布、菌群内部相互作用关系的影响, 并进一步探究影响土壤真菌群落变化的关键环境因子。2年田间试验结果表明, RS处理显著降低了<0.25 mm微团聚体和>0.25 mm大团聚体中真菌的 α 多样性($P < 0.05$)。各处理的优势菌门前三位的为子囊菌门(Ascomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota), 优势菌属前三位的为小不整球壳属(Plectosphaerella)、毛壳菌属(Chaetomium)、被孢霉属(Mortierella)。与不同团聚体粒级相比, 秸秆碳处理显著引起了真菌群落结构的分异($P < 0.01$), 其中RS处理的真菌群落结构显著区别于其他处理。共现网络分析表明, BC处理提高了纳入真菌共现网络的节点数量(10.08%)和模块性(5.55%), DS处理提高了纳入共现网络的节点(11.17%)、边的数量(32.57%)和节点平均度(19.27%), 均提高了土壤团聚体真菌群落结构的稳定性。Mantel test分析发现, 铵态氮(AN)和pH是影响土壤团聚体真菌群落结构的关键环境因子, 且RS处理的真菌群落受土壤环境因子影响最大。真菌群落功能预测分析表明, 3种秸秆碳的输入均能降低病原真菌的相对丰度, 减少农田土传病害的发生。综上所述, 短期内秸秆还田, 不同土壤团聚体真菌更易受秸秆碳类型的影响而产生分异, 添加腐熟秸秆和秸秆生物质炭短期内能提升土壤AN含量, 进而提高真菌网络的复杂性, 促进真菌群落稳定, 因此在实际生产中应考虑适当增加腐熟态或炭化态秸秆碳投入以促进土壤生态功能稳定。

关键词: 秸秆碳; 土壤真菌; 团聚体; 真菌共现网络

中图分类号: S154

文献标志码: A

Effects of Straw Carbon Types on Fungal Community Characteristics of Soil Aggregates

* 山东省自然科学基金项目(ZR2021QD036)、中国农业科学院科技创新工程(ASTIP-TRICO3)和国家自然科学基金项目(32301969)共同资助 Supported by the Natural Science Foundation of Shandong Province (No.ZR2021QD036) and the Agricultural Science Technology Innovation Program (No.ASTIP-TRICO3), the National Natural Science Foundation of China (No.32301969)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: congping@caas.cn

作者简介: 王萍, 女, 山东栖霞人, 硕士研究生, 主要从事土壤生态研究。E-mail: 82101222199@caas.cn

收稿日期: 2023-09-25; 收到修改稿日期: 2024-04-19; 网络首发日期(www.cnki.net):

<http://pedologica.issas.ac.cn>

WANG Ping^{1,2}, DONG Jianxin¹, XIA Longlong³, HE Jing^{1,2}, KUANG Shuai¹, Xu Yanli¹, CONG Ping^{1†}

(1. Tobacco Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266101, China; 2. Graduate School of

Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; 3. State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China)

Abstract: 【Objective】 Fungal decomposition plays a key role as the primary driving force of the nutrient cycling and energy flow in the soil. However, the response characteristics of fungal communities to different types of straw carbon inputs and the key environmental factors at the aggregate scale are not yet clear. 【Method】 In this study, corn straw was used as the experimental, and three treatments were set according to the equal carbon content of straw returning: regular crushed straw (RS), decomposed straw (DS) and straw biochar (BC). A control group without straw application (CK) was also set up. The study aimed to investigate the effects of different carbon types from straws on the diversity, composition, and distribution of fungi in soil macroaggregates (>0.25 mm) and microaggregates (<0.25 mm), as well as the interactions within fungal communities. Furthermore, key environmental factors influencing the variation of soil fungal communities were explored. 【Result】 The results of a 2-year field experiment indicate that RS treatment significantly reduced fungal α diversity ($P < 0.05$) in microaggregates (<0.25 mm) and macroaggregates (>0.25 mm). The top three dominant phyla in each treatment were Ascomycota, Mortierellomycota, and Basidiomycota, while the top three dominant genera were *Plectosphaerella*, *Chaetomium*, and *Mortierella*. Compared to different aggregate size fractions, the treatment with straw carbon significantly induced differentiation in fungal community structure ($P < 0.01$), with notably distinct fungal community structure observed in the RS treatment compared to the other treatments. Also, analysis of fungal co-occurrence network showed that BC treatment increased the number of nodes (10.08%) and modularity (5.55%) while DS treatment increased the number of nodes (11.17%), the number of edges (32.57%) and the average degree of nodes (19.27%) included in the co-occurrence network, and all of which improved the structural stability of the fungal network of soil aggregates. The Mantel test analysis found that ammonium nitrogen (AN) and pH were the key environmental factors affecting the fungal community structure of soil aggregates, with the fungal community in the RS treatment being the most influenced by soil environmental factors. The prediction analysis of fungal community function showed that the input of straw carbon could reduce the relative abundance of pathogenic fungi and reduce the occurrence of soil-borne diseases in farmland. 【Conclusion】 Our results reveal that in the short term, different soil aggregates of fungi are more susceptible to the influence of straw carbon types, leading to differentiation. The addition of decomposed straw and straw biochar can increase soil AN content, thereby increasing the complexity of the fungal network, thus, promoting fungal community stability. Therefore, for practical applications, it is advisable to consider appropriately increasing the input of decomposed straw or straw biochar to promote the stability of soil ecological functions.

Key words: Straw carbon; Soil fungi; Aggregates; Fungal co-occurrence network

秸秆还田作为一项保护性耕作措施，是秸秆处理与综合利用中的最主要措施之一，具有培肥地力、固碳增产的作用^[1]。秸秆粉碎直接还田、腐熟还田和炭化还田是当前秸秆还田的重要形式，即分别向土壤中补充新鲜植物源碳、腐殖化植物源碳以及高温炭化植物源碳^[2]。不同类型秸秆碳的结构和稳定性具有差异，对土壤微生物的招募以及腐解的速度也不同，最终影响土壤生态功能稳定性^[3]。

土壤微生物对有机物质的变化十分敏感，其群落结构的组成能快速响应土壤生态环境变化与环境胁迫，是评价土壤生态功能的重要指标^[4-5]。真菌参与土壤有机质的分解及腐殖质的形成等过程，是土壤养分循环的主要驱动者，在物质和能量循环过程中发挥着重要作

用^[6]。土壤真菌是分解秸秆木质纤维素的优势菌群^[7]，其胞外酶活性较高且酶种类相对全面，能高效地分解秸秆中的难降解组分，且分解秸秆的速率快^[8]。Bardgett 等^[9]研究表明，在秸秆分解的过程中，真菌的分解作用占据优势地位。真菌群落组成的变化也会直接影响秸秆的分解过程^[10]。此外，不同类型秸秆碳的输入对真菌群落的影响不同。已有研究表明，相较于秸秆直接还田，秸秆配施腐熟剂促进了秸秆分解，有利于土壤养分的积累，从而显著提高了真菌丰度^[11]。而炭化秸秆具有孔隙结构丰富和比表面积大的特点，可为真菌的生存繁衍提供良好生境，改善真菌群落结构，降低潜在作物病原菌的相对丰度^[12]。因此，研究土壤真菌群落对不同类型秸秆碳的响应，有利于更好地评价秸秆还田的培肥效果，对保障农田生产力，改善土壤质量及促进农田可持续发展具有重要意义。

土壤团聚体是土壤结构的基本单元，在调节生物特性及土壤肥力等方面发挥着重要作用。土壤团聚体被认为是在微观水平上影响土壤微生物多样性、群落组成和结构的关键因素^[13]，其空间分布、稳定性及其内部间的孔隙结构，可以影响土壤性质和土壤微生物群落的组成和功能^[14]。杨继芬等^[15]发现不同粒级团聚体在结构和组成上存在差异，影响真菌群落的分布及其生态功能。另有研究表明，秸秆碳的输入能增加土壤有机质含量，从而促进土壤团聚体形成，有利于微团聚体 (< 0.25 mm) 向大团聚体 (> 0.25 mm) 转化^[16]。而大团聚体的增加，有利于土壤真菌的生长^[17]。但目前已有的研究主要聚焦于全土范畴上探究秸秆还田对土壤真菌的影响，然而在团聚体尺度上，真菌群落如何响应秸秆碳输入，以及不同粒级团聚体对其响应是否一致，目前鲜有报道。

鉴于此，本研究以不同类型秸秆碳处理进行了 2 年田间试验，利用高通量测序技术，研究秸秆碳输入对土壤大团聚体 (> 0.25 mm) 和微团聚体 (< 0.25 mm) 真菌群落的影响，探究土壤真菌群落组成的变化特征及其与土壤环境因子间的相互关系。旨在明确土壤团聚体真菌对不同秸秆碳的响应特征及其互作网络关系，以期为建立促进土壤生态功能稳定的秸秆碳利用方式提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概述与供试材料

试验于 2020 年在山东省诸城市贾悦镇洛庄 (36°02' N, 119°12' E) 试验站开展，试验地地势平坦，海拔高度为 68.0 m。年均气温 14.7 °C，年均降水量 701.4 mm，属温带季风气候。土壤类型为褐土，质地为壤土。种植模式为烤烟-冬闲。表层土壤 (0~20 cm) 基本理化性质见表 1。

供试材料：(1) 常规粉碎秸秆，粉碎机将玉米秸秆粉碎后过 1 mm 筛。(2) 腐熟秸秆，秸秆粉碎过 1 mm 筛后，均匀撒入促腐剂，进行 3 周有氧腐熟。(3) 秸秆生物质炭，秸秆粉碎过 1 mm 筛后，置于马弗炉中于 500°C 进行炭化。

表 1 大田土壤基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of field soil

土层 Soil layer /cm	容重 Bulk density / (g·cm ⁻³)	pH	有机碳 Organic carbon / (g·kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen / (g·kg ⁻¹)	有效磷 Available phosphorus / (mg·kg ⁻¹)	速效钾 Available potassium / (mg·kg ⁻¹)	铵态氮 Ammonium nitrogen / (mg·kg ⁻¹)	硝态氮 Nitrate nitrogen / (mg·kg ⁻¹)
0~20	1.21±0.06	8.31±0.02	14.98±0.18	0.61±0.02	9.24±0.79	247.61±15.55	9.39±1.32	7.55±0.74

1.2 试验设计

于 2020 年 5 月建立田间土柱试验，共设置 4 个处理，每个处理 3 次重复，采用随机区

组排列。分别为：（1）不施秸秆处理（CK）；（2）常规粉碎秸秆处理（RS）；（3）腐熟秸秆处理（DS）；（4）秸秆生物质炭处理（BC）。烤烟品种选用 NC 55，每个土柱间隔 0.60 m，土柱内植烟 1 株。烟株于每年 5 月 21 日移栽，9 月 27 日收获。土柱材料采用内径 40 cm，高 65 cm 的聚氯乙烯（PVC）管制作。将埋设土柱处的原位 0~20 cm 表层土壤挖出，过 5 mm 筛备用。进而在相应位置埋设土柱，地表下埋设约 40 cm，地表上留 25 cm。在挖出的 0~20 cm 表层土壤中，依据等碳量原则掺混进常规粉碎秸秆、腐熟秸秆以及秸秆生物质炭，混匀后回填至土柱内，具体用量如表 2。化肥按照当地烟草推荐肥量施用，每土柱施用 N 4.66 g、P₂O₅ 4.66 g 和 K₂O 11.73 g。

表 2 田间试验设计

Table 2 Field experimental design

处理 Treatments	不同物料的含碳量 Carbon content of different materials/(g·kg ⁻¹)	每个土柱秸秆用量 Straw consumption per soil column/kg	每个土柱投入碳量 Carbon input per soil column/(g·kg ⁻¹)
CK	0	0	0
RS	404.71	0.140	0.060
DS	314.92	0.181	0.060
BC	527.78	0.108	0.060

注：CK：不施秸秆；RS：常规粉碎秸秆；DS：腐熟秸秆；BC：秸秆生物质炭。下同。Note: CK: No straw; RS: Regular crushed straw; DS: Decomposed straw; BC: Straw biochar. The same as below.

1.3 样品采集

于 2021 年 9 月烤烟成熟期用环刀采集各土柱 0~20 cm 表层土壤，测定土壤容重。用随机取样法采集 0~20 cm 原状土样，装入硬质塑料盒中，迅速带回实验室备用。土样分为三份，一份经过风干研磨，用于测定土壤 pH、全氮、有效磷和速效钾的含量；一份放 4 °C 冰箱保存，用于测定土壤硝态氮、铵态氮的含量以及土壤酶活性；另一部分储存于 -80 °C 冰箱中，用于微生物真菌分析。

1.4 测定方法

（1）土样团聚体分级。采用改进的干筛法^[18]。将土壤无菌低温干燥至一定水分含量（约 100 g·kg⁻¹），沿原状土自然结构裂隙将土块轻轻掰成约 1 cm³ 的小块，并通过 0.25 mm 筛，收集土筛上 > 0.25 mm 大团聚体和过筛的 < 0.25 mm 微团聚体，用于土壤真菌群落测定。

（2）土壤性质。土壤理化指标：参照《土壤农业化学分析方法》^[19]。容重（BD）用环刀法测定；pH 采用 pH 计（Sartorius PB-10, Germany）测定；有机碳采用 TOC 分析仪（multi N/C 3100, Germany）测定；全氮（TN）采用半微量凯氏定氮法测定；有效磷（AP）采用 NaHCO₃ 浸提—钼锑抗比色法测定；速效钾（AK）采用乙酸铵浸提—火焰光度计法测定；铵态氮（AN）、硝态氮（NN）采用 1 mol·L⁻¹ 氯化钾溶液浸提，SEAL AA3 连动流动分析仪测定。

土壤生物指标：蔗糖酶活性（Su）采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定；碱性磷酸酶活性（Ps）采用磷酸苯二钠比色法测定；纤维素酶活性（Ce）采用硝基水杨酸比色法测定；土壤脲酶活性（Ur）采用靛酚蓝比色法（以 NH₃-N 计）测定。

（3）土壤真菌群落。DNA 提取：称取 0.5 g 冷冻土样，使用 FastDNA[®]SPIN Kit（MP

Biomedicals, 美国) 提取微生物 DNA。

PCR 扩增及产物的纯化：根据真菌通用引物 *ITS1F* (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')/*ITS2R* (5'-TGCGTTCTTCATCGATGC-3') 分别对真菌 *ITS* 基因进行 PCR 扩增。反应参数：预变性 5 min (94°C)；循环 34 次 (94 °C 变性 30 s, 55°C 退火 30 s, 72°C 延伸 60 s)；延伸 7 min (72°C)。

ITS 基因扩增子的 PCR 扩增和高通量测序在北京奥维森基因科技有限公司进行，使用 Illumina Miseq PE300 高通量测序平台进行双端测序。

1.5 数据分析

(1) 测序数据分析：使用 QIIME1 软件包 (v1.8.0) 来分析原始数据，将相似性 > 97% 的序列进行 OTU 聚类。真菌序列与 Unite 数据库使用 BLAST 算法进行比对，进行 α 多样性指数分析、物种组成分析和 β 多样性分析。

(2) 统计分析：基于 Bray-Curtis 计算距离矩阵，使用 R 软件的 *vegan* 包进行主坐标分析 (PCoA)，用非参数多元统计 (ANOSIM) 检测真菌群落 β 多样性的显著性差异，使用 Mantel test 分析对影响土壤真菌群落结构的土壤性质进行显著性检验，土壤真菌共现网络分析使用 R 软件的 *igraph* 包实现，利用 FUNGuild 对土壤真菌群落进行功能预测分析，使用 SPSS 26.0 软件进行单因素方差分析和相关分析，使用 Microsoft Excel 2016、Origin 2021 和 R 软件进行数据处理和绘图。

2 结果

2.1 秸秆碳类型对不同粒级团聚体真菌群落多样性的影响

Shannon-Wiener 是反映样本中微生物多样性的指数，利用各样本的测序量在不同测序深度时的微生物多样性指数构建曲线 (图 1)，以此反映各样本在不同测序数量时的微生物多样性。真菌 Shannon 指数随读序量增加最终均趋向平坦，说明测序数据量足够大，可以反映样本中绝大多数的微生物信息。

本文用韦恩图反映处理间共有及特有 OTU 数量。图 2a 表明，在微团聚体中，CK、RS、DS 和 BC 处理特有真菌 OTU 分别为 187、97、163、142 个，共有 OTU 数量 280 个。图 2b 表明，在大团聚体中，CK、RS、DS 和 BC 处理特有真菌 OTU 分别为 173、130、196、208 个，共有 OTU 数量 231 个。本文运用 OTU 数、Chao1 指数和 Shannon 指数反映真菌群落物种数、丰富度以及多样性。由表 3 可知，团聚体粒级和秸秆碳类型对真菌 α 多样性均有影响。微团聚体中的 OTU 数和 Chao1 指数高于大团聚体。在微团聚体中，RS 处理较 CK 显著降低 Shannon 指数，降幅为 8.78% ($P < 0.05$)。RS、DS 和 BC 处理对 OTU 数和 Chao1 指数无显著影响。在大团聚体中，与 CK 相比，RS 处理显著降低了 OTU 数、Chao1 和 Shannon 指数，降幅分别为 22.95%、21.27% 和 26.25% ($P < 0.05$)，DS 和 BC 处理对 OTU 数、Chao1 指数和 Shannon 指数无显著影响。可见，微团聚体真菌多样性高于大团聚体，RS 处理显著降低了微团聚体和大团聚体真菌群落多样性。

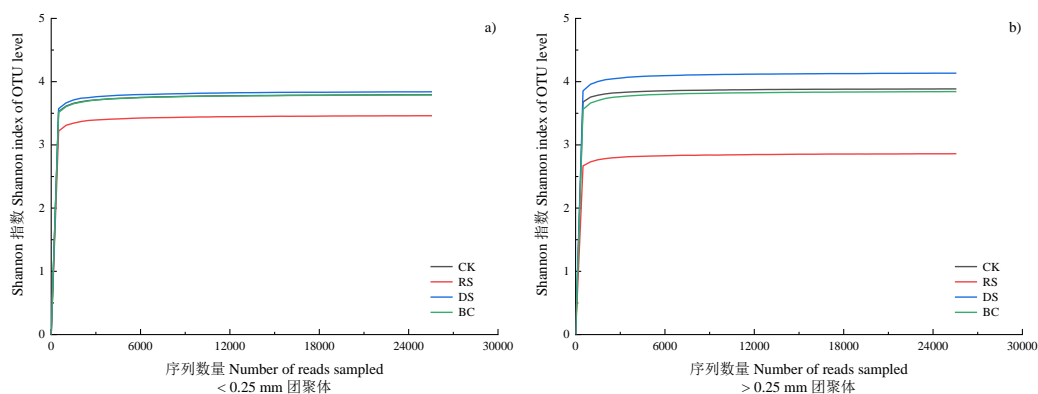


图 1 基于 OTU 水平的土壤真菌群落的 Shannon 指数稀释曲线 (相似度 97%)

Fig. 1 Shannon index dilution curve of fungal communities of soil on OTU level (97% similarity)

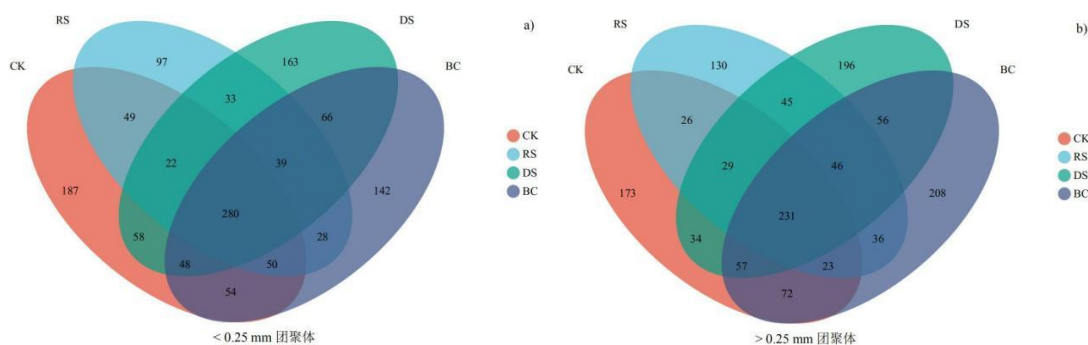


图 2 不同粒径团聚体真菌群落韦恩图

Fig. 2 Venn Plot of fungal communities of different aggregate size

2.2 秸秆碳类型对不同粒径团聚体真菌物种组成的影响

在门水平上对真菌群落组成进行分析 (图 3a), 结果表明, 相对丰富度值最高的是子囊菌门 Ascomycota (51.37%~68.47%), 其次分别是被孢霉门 Mortierellomycota (2.31%~7.85%)、担子菌门 Basidiomycota (2.19%~6.82%)、壶菌门 Chytridiomycota (1.09%~9.75%)、(0.09%~1.40%) 和其他 Others (0.10%~0.28%)。在微团聚体和大团聚体中, 与 CK 相比, RS 和 BC 处理的子囊菌门的相对丰富度降低。在属水平上 (图 3b), 各处理的优势菌群为小不整球壳属 *Plectosphaerella* (13.15%~18.47%)、毛壳菌属 *Chaetomium* (1.89%~15.41%)、被孢霉属 *Mortierella* (2.28%~7.84%)、镰刀菌属 *Fusarium* (1.26%~5.77%)。

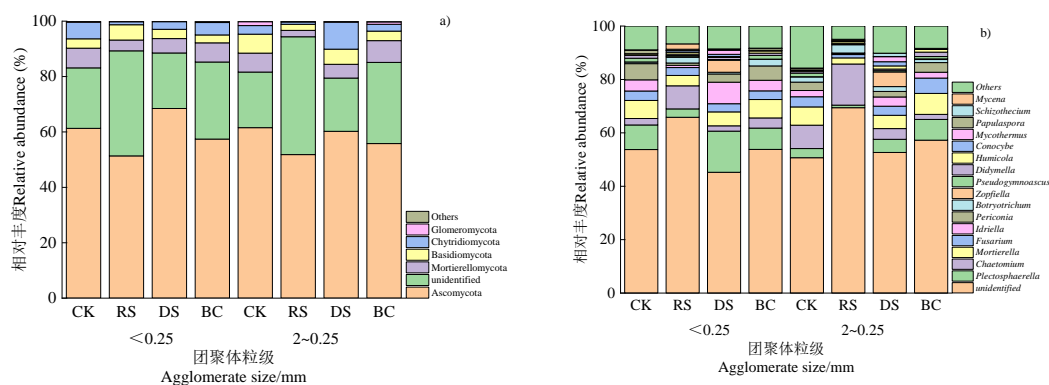


图 3 秸秆碳类型对不同粒径团聚体真菌门 (a) 和属 (b) 的相对丰富度的影响

Fig. 3 Effects of straw carbon type on the relative abundance of fungal phylum (a) and genus (b) of different aggregate size

2.3 秸秆碳类型对不同粒级团聚体真菌群落结构的影响

为进一步对比各处理间的团聚体真菌群落结构的差异和相似性,进行了基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 分析。图 4a 结果显示,第一主坐标 (PCoA 1) 和第二主坐标 (PCoA 2) 累计解释了土壤真菌群落结构总变异量的 58.85%。微团聚体和大团聚体的 β 多样性在二维空间上趋向于聚集在一起且重叠,说明两个粒级团聚体真菌群落结构相似度高。而如图 4b 所示,四个处理被分为明显的两簇,CK、DS 和 BC 处理距离较近且存在部分重叠,表明三种处理的真菌群落相似度高,即 DS 和 BC 处理对真菌群落的影响效果不大,而 RS 处理与其他三种处理的的真菌群落结构有显著分异。ANOSIM 分析进一步表明,秸秆碳输入极显著改变了真菌结构 ($P < 0.01$), RS 处理影响效果最明显,而不同粒级团聚体间的真菌结构无显著差异 ($P = 0.145$)。可见,秸秆碳类型相较于团聚体类别是引起真菌群落结构差异的关键。因此,本研究进一步将两个团聚体粒级合并分析研究秸秆碳类型对真菌群落的相互作用。

表 3 秸秆碳类型对土壤团聚体真菌多样性指数的影响

Table 3 Effects of straw carbon type on fungal diversity index of soil aggregates

粒级	处理	OUT 数	Chao1 指数	Shannon 指数
Granular/mm	Treatments	OTUs	Chao1 index	Shannon index
< 0.25	CK	643.33±37.69a	948.72±63.97a	5.47±0.08a
	RS	572.67±17.42a	870.20±50.97a	4.99±0.15b
	DS	637.67±57.53a	951.33±122.38a	5.54±0.17a
	BC	630.33±15.72a	922.34±36.45a	5.47±0.16a
> 0.25	CK	616.50±22.23a	917.38±56.49a	5.60±0.03ab
	RS	475.00±20.88b	722.27±40.96b	4.13±0.01c
	DS	583.67±20.79a	802.16±27.14ab	5.96±0.24a
	BC	615.67±24.17a	874.18±51.75a	5.54±0.06b

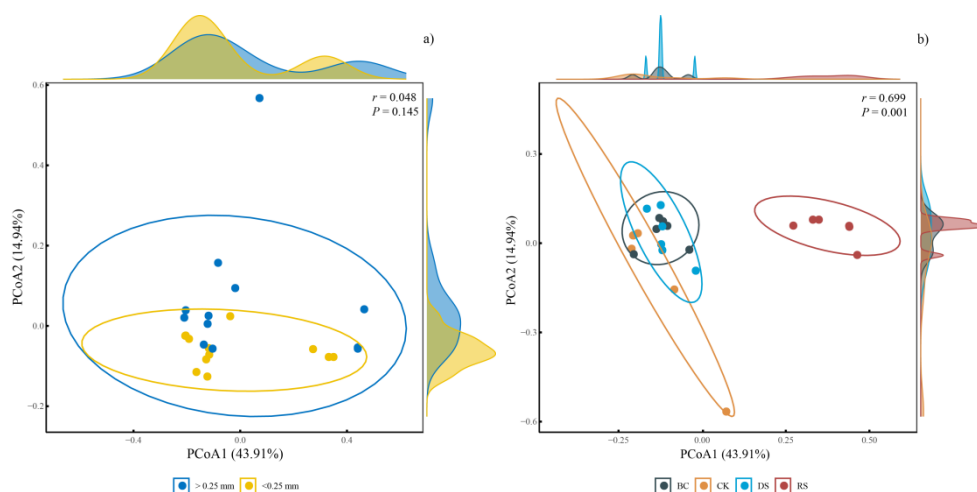


图 4 不同秸秆碳类型的真菌群落结构主坐标分析 (PCoA)

Fig. 4 Principal coordinate analysis (PCoA) plot of fungal communities of different straw carbon types

2.4 秸秆碳类型对真菌相互作用关系及网络稳定性的影响

为描述真菌网络复杂的共现模式,进一步探明不同类型秸秆碳输入对真菌相互作用关系

及网络稳定性的影响,本研究构建了真菌群落共现网络(图5),并对其网络的拓扑性质进行分析(表4)。研究表明,相对于CK处理,BC(10.08%)和DS(11.17%)处理提高了纳入共现网络的节点数量,而RS降低了节点数量(8.99%)。BC和RS降低了网络中边的数量(12.79%,31.20%)和节点的平均度(20.78%,24.41%),提高了模块性(5.55%,8.88%),而DS提高了边的数量(32.57%)和节点平均度(19.27%),降低了模块性(6.26%)。可见,与CK处理相比,BC和DS处理的真菌共现网络更复杂,提高了真菌群落结构的稳定性。



图5 不同秸秆碳类型的真菌群落共现网络

Fig. 5 Co-occurrence network of fungal communities of different straw carbon types

表4 不同秸秆碳类型的真菌群落共现网络的拓扑性质

Table 4 Topological properties of fungal communities co-occurrence network of different straw carbon types

拓扑性质 Topological properties	不施秸秆 CK	常规粉碎秸秆 RS	腐熟秸秆 DS	秸秆生物质炭 BC
节点数 Number of node	734	668	816	808
边数 Number of edge	1173	807	1555	1023
平均度 Average degree	1.598	1.208	1.906	1.266
平均路径长度 Average path length	1	1	1	1
密度 Density	0.002	0.002	0.002	0.002
模块化 Modularity	0.991	1.079	0.929	1.046

2.5 秸秆碳类型对团聚体真菌群落功能的影响

通过 FUNGuild 对真菌群落进行功能预测分析, 结果如图 6 所示, 真菌群落可划分为 3 种营养型类: 腐生营养型(saprotroph)、共生营养型(symbiotroph)、病理营养型(pathotroph) 和 4 种互有交叉营养型类: 病理-腐生-共生营养型(pathotroph-saprotroph-symbiotroph)、腐生-共生营养型(saprotroph-symbiotroph)、病理-腐生营养型(pathotroph-saprotroph) 和病理-共生营养型(pathotroph-symbiotroph)。根据 Guilds 小类, 4 个处理的主要功能真菌为动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木质腐生真菌(Animal Pathogen-Endophyte-Fungal Parasite-Lichen Parasite-Plant Pathogen-Wood Saprotroph), 内生-植物病原真菌(Endophyte-Plant Pathogen), 未命名腐生真菌(Undefined Saprotroph)。进一步比较发现, 秸秆碳处理均降低了动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木质腐生真菌和内生-植物病原真菌的相对丰度, 分别降低了 2.95%~8.27%和 2.27%~8.08%, RS 处理相较于 DS 和 BC 两处理降低效果更明显, 结果表明秸秆碳的输入能降低农田发生土传病害的风险。

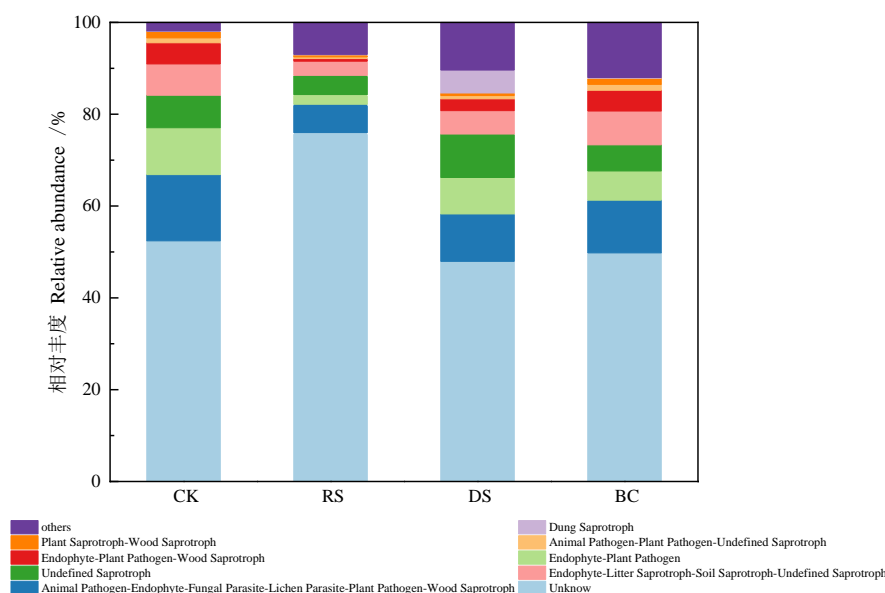


图 6 不同秸秆碳类型的 FUNGuild 功能预测相对丰度柱形图

Fig. 6 FunGuild function predicts relative abundance histogram of different straw carbon types

2.6 影响真菌群落结构的环境因子

不同类型秸秆碳输入对土壤理化性质及酶活性的影响如表 5 所示。可知, 3 种秸秆碳对土壤容重无显著影响。DS 处理较 CK 显著降低土壤 pH, 降幅为 2.60% ($P < 0.05$)。RS、DS 和 BC 处理土壤有机碳和全氮含量均较 CK 显著增加 ($P < 0.05$), 增幅分别为有机碳: BC (67.68%) > DS (30.83%) > RS (21.20%)、全氮: DS (72.06%) > RS (54.41%) > BC (48.53%); RS 和 DS 处理较 CK 显著分别提高 23.33%和 19.58%土壤可溶性有机碳含量, 仅 BC 处理显著增加颗粒有机碳、碳氮比和速效钾含量, 增幅分别为 42.42%、12.74%和 21.62% ($P < 0.05$); DS 和 BC 处理较 CK 显著增加土壤铵态氮的含量, 增幅分别为 19.65%和 25.73% ($P < 0.05$); 3 种秸秆处理均可较 CK 可显著增加土壤硝态氮含量, 增幅为: BC (39.86%) > DS (34.39%) > RS (24.32%)。由此可见, BC 处理有利于土壤有机碳及速效养分含量的提升。

RS 和 BC 处理较 CK 显著提高了 Su 和 Ur 活性, 增幅分别为 Su: 71.87%和 26.38%,

Ur: 40.00%和 20.00% ($P < 0.05$)。秸秆处理均显著提高了 Ps 活性 ($P < 0.05$)，增幅为 BC (36.12%) > DS (24.40%) > RS (18.05%)。仅 BC 处理显著提高了土壤 Ce 活性，与 CK 相比提高了 9.79% ($P < 0.05$)。可见 RS 处理有助于 Su 和 Ur 活性提高，而 BC 处理更有助于提高 Ps 和 Ce 活性。

土壤生物的生态簇在维持土壤生态系统多功能性方面至关重要^[20]。为进一步明确不同土壤环境因子对真菌群落结构的影响，本研究通过生态网络分析确定了 5 个真菌生态簇 (图 7)，并分析了真菌生态簇与土壤环境因子的相关性 (图 8)。结果表明，Moudle2 受土壤性质影响最大，Moudle5 最小。AN、pH 是影响土壤真菌群落结构的主要土壤因子 ($P < 0.01$)，BD 则对土壤真菌群落结构无显著影响。RS 处理中 Moudle2 丰度最高，说明 RS 处理的真菌群落受土壤环境因子影响最大。

表 5 秸秆碳类型对土壤理化性质和酶活性的影响

Table 5 Effects of different straw carbon types on soil physicochemical properties and enzyme activities

处理 Treat ments	容重 Bulk density/ (g·cm ⁻³)	pH	有机碳 Organic carbon/ (g·kg ⁻¹)	可溶性有机 碳 Dissolved organic carbon/ (g·kg ⁻¹)	颗粒有机 碳 Particulate organic carbon/ (g·kg ⁻¹)	全氮 Total nitrogen/ (g·kg ⁻¹)	铵态氮 Ammonium nitrogen/ (mg·kg ⁻¹)	硝态氮 Nitrate nitrogen/ (mg·kg ⁻¹)	碳氮比 C/N ratio	速效钾 Available potassium/ (mg·kg ⁻¹)	蔗糖酶 Sucrase/ (mg·g ⁻¹)	磷酸酶 Phosphatase / (mg·g ⁻¹)	纤维素酶 Cellulase/ (mg·g ⁻¹)	脲酶 Urease/ (mg·g ⁻¹)
CK	1.07±0.04a	8.09±0.02a	15.47±0.10d	196.87±6.34c	4.88±0.25b	0.68±0.01c	13.64±0.18b	13.90±0.75c	22.84±0.36b	365.42±3.22b	7.62±0.16c	1.68±0.03d	1.43±0.05b	0.20±0.01c
RS	1.06±0.04a	8.01±0.02a	18.75±0.29c	256.79±7.99a	3.61±0.20c	1.05±0.01b	13.77±0.33b	17.28±0.45b	17.90±0.36c	369.30±5.44b	13.09±0.68a	2.00±0.33c	1.43±0.03b	0.28±0.00a
DS	0.95±0.02a	7.88±0.01b	20.24±0.15b	235.41±6.06b	3.41±0.19c	1.17±0.03a	16.32±0.50a	18.68±0.50a	17.39±0.55c	363.30±6.63b	6.93±0.12c	2.09±0.02b	1.30±0.04b	0.18±0.01c
BC	1.00±0.08a	8.07±0.02a	25.94±0.49a	207.94±4.05c	6.95±0.23a	1.01±0.03b	17.15±0.73a	19.44±0.17a	25.75±0.22a	444.43±13.74a	9.63±0.68b	2.63±0.03a	1.57±0.04a	0.24±0.02 b

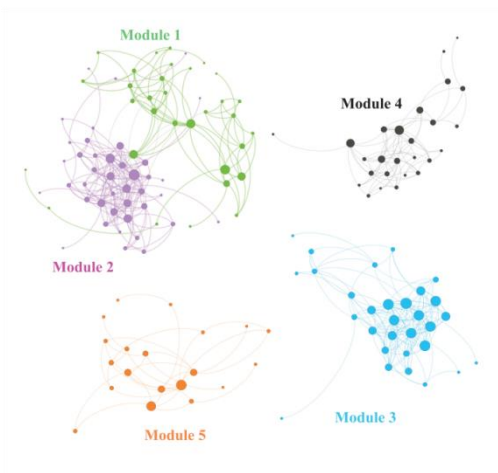


图 7 不同秸秆碳类型的真菌群落生态簇

Fig. 7 Fungal community ecological clusters of different straw carbon types

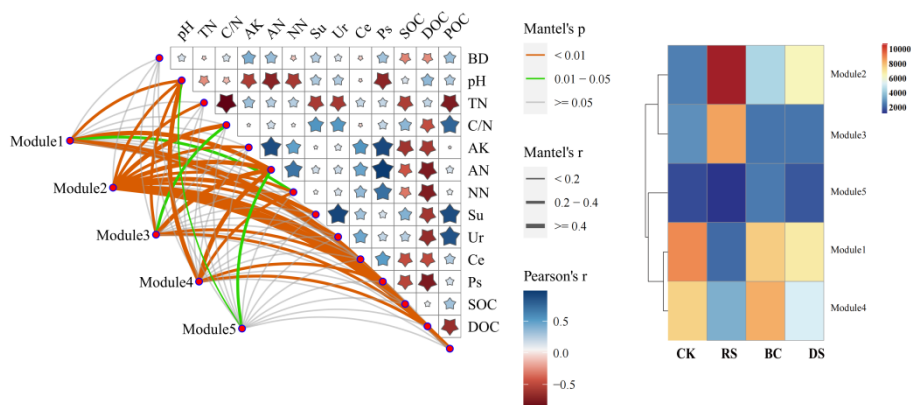


图 8 不同秸秆碳类型的真菌群落生态簇丰度及其与土壤性质的相关性

Fig. 8 Fungal community ecological cluster abundance of different straw carbon types and their correlation with soil environmental factors

3 讨论

3.1 秸秆碳类型对团聚体真菌群落特征的影响

土壤真菌参与养分循环、有机质形成和分解等过程^[21]，其群落物种、丰富度和多样性直接影响土壤健康和肥力^[22]。真菌 α 多样性受团聚体粒级和秸秆碳输入的影响。本研究发现，OTU 数和 Chao1 指数在 < 0.25 mm 粒级团聚体中较高（表 3），说明微团聚体支持较高的真菌多样性。这可能是由于微团聚体相较于大团聚体养分周转循环速率慢，有足够且稳定的养分维持真菌的生长和繁衍，从而促使了真菌多样性的提高^[15]。前人研究发现，秸秆还田可改变土壤微生物群落组成，提高土壤微生物多样性^[23-24]。但本研究结果表明，常规粉碎秸秆处理对不同粒级团聚体真菌的丰富度和多样性均有降低作用，以大团聚体中的降低尤为明显（表 3）。分析其原因主要是以下两点：一是因为新鲜秸秆进入土壤首先进行快速腐解过程，而该过程往往需要多种微生物及酶的联合作用，且新鲜秸秆源会诱导细菌等其他微生物的大

量繁殖而限制土壤真菌的生长繁殖^[25], 驱使土壤由“真菌型”向“细菌型”转变^[26], 导致真菌的 α 多样性降低; 二是本研究中秸秆还田的时间相对较短, 常规粉碎秸秆腐解不彻底, 微生物代谢不稳定, 影响了真菌多样性^[27]。土壤微生物 β 多样性常用于评估不同土壤微生物群落结构的差异性 or 变化程度。本研究采用主坐标分析 (PCoA) 和非参数多元统计 (ANOSIM) 分析土壤真菌群落的结构组成和变异。结果表明, 常规粉碎秸秆处理不仅改变了原土壤真菌群落的微环境, 也显著改变了土壤真菌群落结构组成 (图 4 b), 与前人研究结果一致^[28]。这可能是因为在本文中, 常规粉碎秸秆的输入降低了真菌的丰富度和多样性。此外, 本研究发现秸秆碳输入后, 大团聚体和微团聚体真菌群落结构并无显著差异 (图 4 a), 表明短期内不同粒级团聚体真菌群落对秸秆碳输入的反应一致。而不同粒级团聚体真菌群落对长期秸秆碳输入的反应仍需进一步探究。

本研究发现秸秆还田后, 各处理的优势菌门 (图 3 a) 均表现为子囊菌门 (Ascomycota)、被孢霉门 (Mortierellomycota)、担子菌门 (Basidiomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota) 和球囊菌门 (Glomeromycota)。子囊菌门和担子菌门在土壤中扮演着重要角色, 作为腐生菌, 它们能够有效地分解复杂的有机化合物, 包括植物残体和秸秆碳^[29]。子囊菌门是土壤中的主要真菌分解者之一, 在分解有机质方面占据着优势地位, 可促进土壤中碳的循环和转化^[30]。阎海涛等^[31]通过 3 年的生物质炭还田试验发现, 生物质炭的添加提高了子囊菌门的相对丰度。但本研究结果表明, 在微团聚体和大团聚体中, 秸秆生物质炭处理较不施秸秆降低了子囊菌门的相对丰度。这可能是由于子囊菌是易降解的有机底物的主要分解者, 而秸秆生物质炭降解周期较长, 仍需开展多年定位试验, 以明确不同秸秆碳对土壤微生物群落结构的影响^[32]。

3.2 秸秆碳类型对真菌群落相互作用关系及功能的影响

秸秆碳对真菌群落的影响不仅体现在其多样性和物种组成, 还包括对真菌间互作关系的影响^[33]。本文通过构建真菌共现网络以探究真菌间相互作用关系 (图 5)。网络复杂性可以通过网络中相互作用的物种总数、节点度分布等进行分析, 网络中相互作用的物种数多, 物种更复杂的网络更容易保持群落稳定性^[34]。本研究通过构建真菌共现网络发现, 腐熟秸秆和秸秆生物质炭提高了土壤真菌网络结构稳定性, 这与长期秸秆还田显著增加了红壤中真菌物种互作关系, 促使真菌网络稳定性增强的研究结果一致^[35]。此外, 秸秆生物质炭处理和腐熟秸秆处理提高了纳入网络中的节点, 而常规秸秆处理降低了这种高丰度 OTU 的数量 (表 4), 说明常规粉碎秸秆对于招募真菌的能力有限, 而腐熟秸秆和炭化秸秆提高了招募高丰度真菌菌种的能力。秸秆经过腐熟后残存的难降解物质比例较高, 而真菌在土壤中的主要作用恰是降解难降解的有机质, 腐熟秸秆中的高比例难降解物质通过招募更多真菌以促进分解实现养分转化^[36]。而秸秆生物质炭具有丰富的孔隙结构和较强的吸附能力, 可以间接通过改善土壤结构和吸附土壤养分提高真菌活性, 增强真菌间的互作关系, 以提高网络稳定性^[12]。

真菌为应对所处环境的改变, 往往会主动采用多种营养方式, 这是其为适应环境而采取的一种高级的生存策略^[37]。本研究结果表明 (图 6), 各处理真菌群落可划分为 3 种单营养型类 (腐生营养型、共生营养型、病理营养型) 和 4 种互有交叉营养型类 (病理-腐生-共生营养型、腐生-共生营养型、病理-腐生营养型和病理-共生营养型)。动物病原-内生-地衣寄生-植物病原-土壤腐生-木质腐生真菌 (Animal Pathogen-Endophyte-Fungal Parasite-Lichen Parasite-Plant Pathogen-Wood Saprotroph) 既是腐生菌也是内生菌或植物病原菌, 它在植物的不同生活周期中扮演不同的角色^[38]。其相对丰度最高, 是 4 个处理的主要功能真菌。此外, 研究发现 3 种秸秆碳的输入均能降低内生-植物病原真菌 (Endophyte-Plant Pathogen) 的相对丰度, 这可能是因为秸秆碳作为土壤有机碳的转化源, 施入土壤中促进了拮抗微生物的生长繁殖, 在竞争土壤养分的同时抑制了土壤病原菌的生长^[39]。可见, 短期内施用秸秆能降低植

物病原菌的相对丰度,减少农田土传病害的发生,起到维护土壤健康的作用。

3.3 土壤环境因子影响团聚体真菌群落结构的原因

秸秆碳具有良好的孔隙度和吸水性,输入土壤后有助于改善土壤的物理性质^[40]。温美娟等^[41]发现秸秆碳输入能增加土壤孔隙度,降低土壤容重,并显著提高了土壤的含水量。但本研究中,3种秸秆碳未明显改变土壤容重(表4),这可能是由于试验年限较短。今后仍需长期观测研究秸秆碳对土壤物理性质的影响过程。

本研究发现,相较于常规粉碎秸秆和腐熟秸秆处理,生物质炭处理提升有机碳和速效钾的效果更显著(表4)。这主要有两方面原因,一方面是秸秆生物质炭丰富的孔隙结构更易与土壤中的养分发生络合反应,形成有机结合态养分,从而促使养分固定^[42];另一方面是生物质炭可以吸附土壤养分因子,调控土壤微生态环境,促进营养元素的有效转化^[43]。

土壤酶是有机质分解和养分循环的生物催化剂,它与微生物的活动息息相关。本研究表明,常规粉碎秸秆碳和秸秆生物质炭均显著提高了蔗糖酶、脲酶和磷酸酶的活性(表4),与前人研究结果一致^[44-45]。这可能是由于粉碎秸秆碳的输入为微生物生长繁殖提供了新鲜植物源碳,可促进微生物分泌更多的碳转化相关酶,同时加速微生物的酶促反应,使土壤酶的活性提高^[46]。秸秆生物质炭的多孔结构则可提供更多的活性位点供酶分子吸附底物和进行催化反应,从而增强酶活性^[47]。

不同秸秆碳输入可以通过影响土壤环境,改善土壤结构,进而影响土壤真菌的多样性和群落结构。本研究通过生态网络分析确定了5个真菌生态簇(图7),并分析了真菌生态簇与土壤环境因子的相关性(图8)。结果表明,Moudle2受土壤环境因子影响最大,而常规粉碎秸秆处理中Moudle2丰度最高,说明其真菌群落受土壤环境因子影响最大,这可能是导致常规粉碎秸秆处理真菌多样性降低,群落结构发生显著变化,且共现网络稳定性差的原因。本研究还发现,土壤团聚体真菌群落主要与土壤AN、pH显著相关。相关研究表明,氮元素在土壤中的转化和循环与真菌群落关系密切,其含量能够显著影响土壤真菌群落^[48]。马泊泊等^[49]研究发现施加秸秆生物质炭后,环境因子对细菌-真菌互作的影响显著,土壤AN对细菌和真菌互作的影响显著增强。土壤pH通常被认为是主要的土壤变量,影响着广泛的土壤生物和化学过程^[50]。土壤pH可以通过影响酶的形成及活力或者细胞膜的通透性等重要的生理生化活动,进而影响真菌群落的多样性^[51]。史文字^[52]研究发现绿肥-秸秆协同还田后改变了真菌群落物种的丰度,影响土壤真菌群落的主要环境因子为速效钾、碱解氮和pH。本研究结果进一步印证了土壤AN和pH作为环境因子在调控真菌群落中的关键作用。

4 结论

(1) 土壤真菌群落的测定结果表明,常规秸秆碳显著降低了微团聚体和大团聚体真菌群落多样性。(2) 秸秆碳输入极显著改变了真菌群落结构,常规秸秆引起真菌群落结构分异的能力最强,但不同粒级团聚体间真菌结构无显著差异。(3) 通过构建真菌共现网络发现,腐熟秸秆和秸秆生物质炭提高了土壤团聚体真菌网络结构的稳定性。(4) Mantel test分析发现,土壤AN和pH是影响土壤团聚体真菌群落结构的关键环境因子。(5) 真菌群落功能预测分析表明,秸秆碳的输入能降低病原型真菌的相对丰度,减少农田土传病害的发生。综上所述,农田短期输入腐熟秸秆和秸秆生物质炭能提高土壤养分及酶活性,维持真菌群落稳定,是促进秸秆资源有效利用并调节土壤生态功能的可行方式。

参考文献 (References)

- [1] Cong P, Wang J, Dong J X, et al. Effects and analysis of straw returning on subsoil microbial community

- structure in black soil[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2020, 36(1): 109-118. [丛萍, 王婧, 董建新, 等. 秸秆还田对黑土亚表层微生物群落结构的影响特征及原因分析[J]. 农业工程学报, 2020, 36(1): 109-118.]
- [2] He J, Dong J X, Cong P, et al. Rapid improvement of maize straw carbon form on soil organic carbon and comprehensive fertility in tobacco planting soil[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2022, 37(2): 132-141. [何京, 董建新, 丛萍, 等. 玉米秸秆碳形态对植烟土壤有机碳及土壤综合肥力的快速提升效应[J]. 华北农学报, 2022, 37(2): 132-141.]
- [3] Ma N, Chen Z W, Zhang Q. Effects of different types of straw returning on soil organic carbon contents and enzyme activity: A review[J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 2021, 49(3): 53-57. [马南, 陈智文, 张清. 不同类型秸秆还田对土壤有机碳及酶活性的影响综述[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(3): 53-57.]
- [4] Sa R L, Yang H S, Tai J C, et al. Effect of straw maturing agents on fungal diversity in soil with different textures under returned straw conditions[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2020, 28(7): 1061-1071. [萨如拉, 杨恒山, 邵继承, 等. 秸秆还田条件下腐熟剂对不同质地土壤真菌多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2020, 28(7): 1061-1071.]
- [5] Dilly O, Munch J C. Ratios between estimates of microbial biomass content and microbial activity in soils[J]. Biology and Fertility of Soils, 1998, 27(4): 374-379.
- [6] Gil S V, Meriles J, Conforto C, et al. Response of soil microbial communities to different management practices in surface soils of a soybean agroecosystem in Argentina[J]. European Journal of Soil Biology, 2011, 47(1): 55-60.
- [7] Zhang H, Lü J L, Cao Y F, et al. Decomposition characteristics of different plant straws and soil microbial functional diversity[J]. Acta Pedologica Sinica, 2014, 51(4): 743-752. [张红, 吕家琰, 曹莹菲, 等. 不同植物秸秆腐解特性与土壤微生物功能多样性研究[J]. 土壤学报, 2014, 51(4): 743-752.]
- [8] 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.]
- [9] Bardgett R D, Frankland J C, Whittaker J B. The effects of agricultural management on the soil biota of some upland grasslands[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 1993, 45(1/2): 25-45.
- [10] Blagodatskaya E, Kuzyakov Y. Mechanisms of real and apparent priming effects and their dependence on soil microbial biomass and community structure: Critical review[J]. Biology and Fertility of Soils, 2008, 45(2): 115-131.
- [11] Ma Z M, Lü W G, Pei Y N, et al. Effect of straw returning with decomposing inoculants to soil physico-chemical properties and the abundance of bacteria and fungi community[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2023, 54(4): 889-896. [马志梅, 吕卫光, 裴亚楠, 等. 秸秆还田配施促腐菌剂对稻田土壤理化性质与微生物数量的影响[J]. 土壤通报, 2023, 54(4): 889-896.]
- [12] Chang F J, Zhang G Y, Zhang L P, et al. Effects of Biochar Application on the structure and function of fungi community in continuous cropping watermelon soil[J/OL]. Environmental Science, 2023: 1-11. [常芳娟, 张贵云, 张丽萍, 等. 生物炭对西瓜连作土壤真菌群落结构和功能类群的影响[J/OL]. 环境科学: 2023:1-11. <https://doi.org/10.13227/j.hjlx.202306208>.]
- [13] Li N, Han X Z, You M Y, et al. Research review on soil aggregates and microbes[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2013, 22(9): 1625-1632. [李娜, 韩晓增, 尤孟阳, 等. 土壤团聚体与微生物相互作用研究[J]. 生态环境学报, 2013, 22(9): 1625-1632.]
- [14] Zhao Y J, Liu X J, Wu Y, et al. Effects of *Medicago sativa-Triticale* wittmack intercropping system on rhizosphere soil nutrients and bacterial community in semi-arid region of Northwest China[J]. Chinese Journal

- of Applied Ecology, 2020, 31(5): 1645-1652. [赵雅姣, 刘晓静, 吴勇, 等. 西北半干旱区紫花苜蓿-小黑麦间作对根际土壤养分和细菌群落的影响[J]. 应用生态学报, 2020, 31(5): 1645-1652.]
- [15] Yang J F, Li Y M, Li C P, et al. Soybean-corn intercropping increases fungal community structure and diversity in red soil aggregates[J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers, 2023, 29(5): 889-899. [杨继芬, 李永梅, 李春培, 等. 大豆玉米间作提高红壤团聚体中真菌群落结构和多样性[J]. 植物营养与肥料学报, 2023, 29(5): 889-899.]
- [16] Dong J X, Cong P, Liu N, et al. Effects of deep straw incorporation on subsoil physical properties and aggregate distribution in black soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58(4): 921-934. [董建新, 丛萍, 刘娜, 等. 秸秆深还对黑土亚耕层土壤物理性状及团聚体分布特征的影响[J]. 土壤学报, 2021, 58(4): 921-934.]
- [17] Cong P. Fertilization effect and mechanism of subsoil under high dosage straw returning in black soil of northeast china[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2019. [丛萍. 秸秆高量还田下东北黑土亚耕层的培肥效应与机制[D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.]
- [18] Zheng J Y, Wang L, Zhao J S, et al. Forty-year-old orchards promote carbon storage by changing aggregate-associated enzyme activities and microbial communities[J]. Catena, 2022, 213: 106195.
- [19] Lu R K. Analytical methods for soil and agrochemistry [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.]
- [20] Wang Y F, Chen P, Wang F H, et al. The ecological clusters of soil organisms drive the ecosystem multifunctionality under long-term fertilization[J]. Environment International, 2022, 161: 107133.
- [21] Huang Q, Wang J L, Wang C, et al. The 19-years inorganic fertilization increased bacterial diversity and altered bacterial community composition and potential functions in a paddy soil[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 144: 60-67.
- [22] Pankhurst C E, Ophel-Keller K, Doube B M, et al. Biodiversity of soil microbial communities in agricultural systems[J]. Biodiversity & Conservation, 1996, 5(2): 197-209.
- [23] Yang H S, Li Y F, Zhai S L, et al. Long term ditch-buried straw return affects soil fungal community structure and carbon-degrading enzymatic activities in a rice-wheat rotation system[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 155: 103660.
- [24] Zhao S C, Qiu S J, Xu X P, et al. Change in straw decomposition rate and soil microbial community composition after straw addition in different long-term fertilization soils[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 138: 123-133.
- [25] Cai X B, Qian C, Zhang Y, et al. Microbial characteristics of straw-amended degraded soils in central Tibet and its effect on soil fertility[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2004, 15(3): 463-468. [蔡晓布, 钱成, 张元, 等. 西藏中部地区退化土壤秸秆还田的微生物变化特征及其影响[J]. 应用生态学报, 2004, 15(3): 463-468.]
- [26] Mathew R P, Feng Y C, Githinji L, et al. Impact of No-tillage and conventional tillage systems on soil microbial communities[J]. Applied and Environmental Soil Science, 2012, 2012: 548620.
- [27] Qiu C, Han X Z, Lu X C, et al. Effects of corn straw return on functional diversity of microbial community in black soil[J]. Chinese Journal of Ecology, 2022, 41(2): 287-293. [邱琛, 韩晓增, 陆欣春, 等. 玉米秸秆还田对黑土微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态学杂志, 2022, 41(2): 287-293.]
- [28] Lü K Y, Zhou L P, Kang J H, et al. Effects of maize straw returning on soil fungal community under different tillage methods[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2022(8): 112-122. [吕开源, 周立萍, 康建宏, 等. 不同耕作方式下玉米秸秆还田对土壤真菌群落的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2022(8): 112-122.]
- [29] Meng Q Y, Yang X H, Yao L L, et al. Effects of combined application of straw and microbial fertilizer on soil aggregates and fungal community diversity of rice field saline alkali soil[J]. Heilongjiang Agricultural

- Sciences, 2022(8): 25-30. [孟庆英, 杨晓贺, 姚亮亮, 等. 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱稻田土壤团聚体及真菌群落多样性的影响[J]. 黑龙江农业科学, 2022(8): 25-30.]
- [30] Kõljalg U, Nilsson R H, Abarenkov K, et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi[J]. *Molecular Ecology*, 2013, 22(21): 5271-5277.
- [31] Yan H T, Yin Q Y, Ding S S, et al. Effect of biochar amendment on physicochemical properties and fungal community structures of cinnamon soil[J]. *Environmental Science*, 2018, 39(5): 2412-2419. [阎海涛, 殷全玉, 丁松爽, 等. 生物炭对褐土理化特性及真菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2018, 39(5): 2412-2419.]
- [32] Ma A Z, Zhuang X L, Wu J M, et al. Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil[J]. *PLoS One*, 2013, 8(6): e66146.
- [33] Ma L, Li Y, Wei J L, et al. Effects of long-term straw returning on fungal community, enzyme activity and wheat yield in Fluvo-aquic soil[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(10): 4755-4764. [马垒, 李燕, 魏建林, 等. 长期秸秆还田对潮土真菌群落、酶活性和小麦产量的影响[J]. 环境科学, 2022, 43(10): 4755-4764.]
- [34] Liu M H, Liu Y, Ren Y, et al. Soil fungi co-occurrence network and its relationship with soil factors of *Pinus sylvestris* var. *mongolica* plantation in the Horqin Desert[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2023, 43(23): 9912-9924. [刘明慧, 柳叶, 任悦, 等. 科尔沁沙地樟子松人工林土壤真菌共现网络及其与土壤因子的关系[J]. 生态学报, 2023, 43(23): 9912-9924.]
- [35] Wang X Y, Bian Q, Jiang Y J, et al. Organic amendments drive shifts in microbial community structure and keystone taxa which increase C mineralization across aggregate size classes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 153: 108062.
- [36] Hu A, Meng F F, Tanentzap A J, et al. Dark matter enhances interactions within both microbes and dissolved organic matter under global change[J]. *Environmental Science & Technology*, 2023, 57(1): 761-769.
- [37] Cheng Y Y, Jin Z J, Wang X T, et al. Effect of land-use on soil fungal community structure and associated functional group in Huixian Karst wetland[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(9): 4294-4304. [程跃扬, 靳振江, 王晓彤, 等. 土地利用方式对会仙岩溶湿地土壤真菌群落和功能类群的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(9): 4294-4304.]
- [38] Xiong D, Ou J, Li L P, et al. Community composition and ecological function analysis of endophytic fungi in the roots of *Rhododendron simsii* in *Pinus massoniana* forest in central Guizhou[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2020, 40(4): 1228-1239. [熊丹, 欧静, 李林盼, 等. 黔中地区马尾松林下杜鹃根部内生真菌群落组成及其生态功能[J]. 生态学报, 2020, 40(4): 1228-1239.]
- [39] Lehmann J, Rillig M C, Thies J, et al. Biochar effects on soil biota—A review[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(9): 1812-1836.
- [40] Bai D M, Duo L A, Liu T. Effects of waste application on the soil physical and chemical properties and development of turf grass[J]. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2019, 25(7): 73-78. [白冬梅, 多立安, 刘特. 添加废弃物补充基质对草皮生产土壤理化指标及草坪草生长发育的影响[J]. 天津农业科学, 2019, 25(7): 73-78.]
- [41] Wen M J, Wang C B, Huo L, et al. Effects of subsoiling and straw returning on soil physical properties and maize production in Yellow River irrigation area of Gansu, China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(1): 224-232. [温美娟, 王成宝, 霍琳, 等. 深松和秸秆还田对甘肃引黄灌区土壤物理性状和玉米生产的影响[J]. 应用生态学报, 2019, 30(1): 224-232.]
- [42] Ge X G, Zhou B Z, Xiao W F, et al. Priming effect of biochar addition on soil carbon emission: A review[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2016, 25(2): 339-345. [葛晓改, 周本智, 肖文发, 等. 生物质炭输入对土壤碳排放的激发效应研究进展[J]. 生态环境学报, 2016, 25(2): 339-345.]
- [43] Liu X X, Yang D. Effects of straw return on soil properties, yield and quality of radish(*Raphanus sativus* L.)(J).

- Soils, 2023, 55(4): 771-778. [刘晓霞, 杨东. 秸秆还田方式对土壤质量和萝卜产量及品质的影响[J]. 土壤, 2023, 55(4): 771-778.]
- [44] Liu W B, Tian W B, Chen L, et al. Effects of different straw returning methods on soil enzyme activity and maize yield[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2019(5): 25-29. [刘玮斌, 田文博, 陈龙, 等. 不同秸秆还田方式对土壤酶活性和玉米产量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2019(5): 25-29.]
- [45] Yuan Y H, Rui S Y, Zhou J H, et al. Effects of biochar and calcium peroxide on soil enzyme activities and soil microbial community structure in upland red soil[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2019(1): 93-101. [袁颖红, 芮绍云, 周际海, 等. 生物炭及过氧化钙对旱地红壤酶活性和微生物群落结构的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2019(1): 93-101.]
- [46] Fowles M. Black carbon sequestration as an alternative to bioenergy[J]. Biomass and Bioenergy, 2007, 31(6): 426-432.
- [47] Wang W H, Jiang Z H, Zhang J, et al. Effects of biochar on enzyme activity and yield of soybean in rhizosphere soil[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2023(6): 147-153. [王文慧, 蒋志慧, 张纪, 等. 生物炭对大豆根际土壤酶活性及产量的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2023(6): 147-153.]
- [48] Li M, Gao X H. Community structure and driving factors for rhizosphere ectomycorrhizal fungi of *Betula platyphylla* in Daqing Mountain[J]. Chinese Journal of Ecology, 2021, 40(5): 1244-1252. [李敏, 高秀宏. 大青山白桦根围外生菌根真菌群落结构及其驱动因素[J]. 生态学杂志, 2021, 40(5): 1244-1252.]
- [49] Ma B B, Huang R L, Zhang N, et al. Effect of straw-derived biochar on molecular ecological network between bacterial and fungal communities in rhizosphere soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2019, 56(4): 964-974. [马泊泊, 黄瑞林, 张娜, 等. 秸秆生物炭对根际土壤细菌-真菌群落分子生态网络的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(4): 964-974.]
- [50] Philippot L, Chenu C, Kappler A, et al. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. Nature Reviews Microbiology, 2024, 22(4): 226-239.
- [51] Wang J, Zhang H P, Su X, et al. Microbial diversity in rhizosphere soil of *Anemone altaica*[J]. Guihaia, 2023, 43(8): 1467-1477. [王晶, 张会萍, 苏晓, 等. 阿尔泰银莲花根际土壤微生物多样性研究[J]. 广西植物, 2023, 43(8): 1467-1477.]
- [52] Shi W Y. Effects of returning of green manure-straw cooperative on soil microbial community and functional diversity in continuous cropping cotton field[D]. Handan, Hebei: Hebei University of Engineering, 2021. [史文宇. 绿肥-秸秆协同还田对连作棉田土壤微生物群落和功能多样性的影响[D]. 河北邯郸: 河北工程大学, 2021.]