

王林林, 徐珂, 李正鹏, 等. 不同类型绿肥混播对土壤真菌群落结构和理化性质的影响[J]. 江苏农业学报, 2024, 40(12): 2273-2282.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2024.12.010

不同类型绿肥混播对土壤真菌群落结构和理化性质的影响

王林林¹, 徐珂², 李正鹏¹, 严清彪¹, 胡发龙³, 尚琰隽¹, 韩梅¹

(1. 青海大学农林科学院, 青海 西宁 810016; 2. 青海大学农牧学院, 青海 西宁 810016; 3. 甘肃农业大学农学院, 甘肃 兰州 730070)

摘要: 为明确不同类型绿肥混播对青海地区土壤真菌群落结构的影响及其主要驱动因子, 本研究设置箭筈豌豆和毛苕子混播(HV)、箭筈豌豆和青稞混播(HB)、箭筈豌豆和油菜混播(RS)和箭筈豌豆单播对照(CK)的比较试验, 利用宏基因组测序技术, 分析了不同类型绿肥混播对土壤基础理化性质、有机碳组分、真菌群落多样性及组成的影响。结果表明, 与箭筈豌豆单播对照(CK)相比, 箭筈豌豆和毛苕子混播处理土壤有机碳含量提高 10.84%, 箭筈豌豆和油菜混播处理土壤微生物量碳含量增加 19.97%。箭筈豌豆和油菜混播处理的土壤真菌群落的丰富度(Chao1 指数)和多样性(Simpson 指数)比 CK 分别提高 36.42% 和 11.59%。不同绿肥混播处理还能增加土壤真菌群落组成的丰富度, 门水平下箭筈豌豆和青稞混播处理毛霉菌门和担子菌门真菌的相对丰度分别提高 7.24% 和 113.09%, 箭筈豌豆和油菜混播处理壶菌门真菌的相对丰度提高 583.79%。土壤全碳含量和微生物量碳含量与土壤真菌群落结构显著相关, 是影响土壤真菌群落结构和多样性的主要驱动因子。本研究结果表明绿肥混播比绿肥单播能更好地优化土壤环境和真菌群落结构。

关键词: 绿肥; 混播; 土壤真菌群落; 土壤理化性质

中图分类号: S551 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2024)12-2273-10

Effects of mixed sowing of different types of green manure on soil fungal community structure and physicochemical properties

WANG Linlin¹, XU Ke², LI Zhengpeng¹, YAN Qingbiao¹, HU Falong³, SHANG Yanjun¹, HAN Mei¹

(1. Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining 810016, China; 3. Agronomy College, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: In order to clarify the effects of mixed sowing of different types of green manure on soil fungal community structure and its main driving factors in Qinghai area, a comparative experiment of mixed sowing of common vetch and hairy vetch (HV), mixed sowing of common vetch and highland barley (HB), mixed sowing of common vetch and rape (RS) and

收稿日期: 2024-06-27

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFD1700200); 国家绿肥产业技术体系项目(CARS-22)

作者简介: 王林林(1999-), 男, 安徽亳州人, 硕士研究生, 主要从事土壤培肥和温室气体减排方面的研究。(E-mail) wll18356770029@163.com

通讯作者: 韩梅, (E-mail) hanmei20061234@sina.com

single sowing control of common vetch (CK) was set up in this study. The effects of mixed sowing of different types of green manure on soil basic physical and chemical properties, organic carbon components, fungal community diversity and composition were analyzed by metagenomic sequencing technology. The results showed that compared with CK, the soil organic carbon content increased by 10.84%

under HV treatment, and the soil microbial biomass carbon content increased by 19.97% under RS treatment. The richness (Chao1 index) and diversity (Simpson index) of soil fungal communities in RS treatment were 36.42% and 11.59% higher than those in CK, respectively. The mixed sowing of different types of green manure could also increase the richness of soil fungal community composition. At the phylum level, the relative abundance of Mucoromycota and Basidiomycota in HB treatment increased by 7.24% and 113.09%, respectively. The relative abundance of Chytridiomycota in RS treatment increased by 583.79%. Soil total carbon content and microbial biomass carbon content were significantly correlated with soil fungal community structure, which were the main driving factors affecting soil fungal community structure and diversity. The results of this study showed that green manure mixed sowing could better optimize soil environment and fungal community structure than green manure monoculture.

Key words: green manure; mixed sowing; soil fungal community; soil physicochemical properties

小麦作为中国重要的粮食作物,其播种面积和产量均约占粮食种植面积和总产量的 22% 左右^[1]。西北地区的春小麦生产是中国小麦生产的重要组成部分。但该地区隶属为高寒干旱气候区,春小麦收获后农田会出现 2~3 个月空闲期,这造成了大量的光热资源浪费^[2]。利用空闲期种植绿肥是提升当地小麦生产能力、改良土壤的重要措施。

绿肥作为一种传统的农用有机肥,经过翻压还田后能够提高土壤养分利用效率和总孔隙度、降低土壤容重等,使土壤拥有更好的通透性^[3-4]。韩梅等^[5]研究认为,青海地区麦后复种绿肥可替代下茬小麦 30% 的氮肥施用量,在改善土壤质量、增加土壤微生物活性、提高土壤养分利用效率的同时,还能保证小麦稳产高产。绿肥根系分泌的有机酸等代谢物不仅可以调控土壤相关酶活性,增加土壤氮素利用率,提高磷和钾的有效性^[6],还能给土壤中的微生物转化提供底物和能量,改变土壤微生物群落结构,增加放线菌门和厚壁菌门细菌的相对丰度^[7]。赵竟茹等^[8]研究认为,豆科绿肥连年翻压还田不仅能够促进粪壳菌目、双担菌属、担子菌门和腐质霉属等真菌在土壤中富集,形成独特的土壤微生物群落结构,还能加速土壤碳水化合物的分解和降低土壤病原菌数量。微生物在作物生长和土壤生态健康等方面中起着关键作用,研究绿肥种植下土壤微生物群落结构及功能的变化对提高耕地生产潜力具有重要作用^[9-10]。

目前,针对绿肥还田对土壤理化性质、养分含量^[11]、作物产量^[12]以及土壤细菌群落结构^[13]等方面的影响已有较多研究,而绿肥还田及绿肥混播对土壤真菌群落结构变化的研究相对较少。相比于细菌和古菌,真菌拥有的营养菌丝体能和植物根尖互惠共生,且土壤真菌群落多样性和结构对栽培措施

更敏锐,更易受土壤环境因子变化的影响^[14]。为此,本研究通过麦后不同类型绿肥混播定位试验,分析不同类型绿肥混播对土壤真菌群落结构的影响,明确不同类型绿肥混播下真菌群落结构变化情况及其驱动因子,为中国西北地区春小麦产区的耕地改良和生产能力提升提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料及研究区概况

研究中所用的小麦(*Triticum aestivum* L.)品种为青春 38 号,绿肥品种为西牧 333 号箭筈豌豆(*Vicia sativa* L.)、土库曼毛苕(*Vicia villosa* Roth L.)、昆仑 15 号青稞(*Hordeum vulgare* L.)、青杂 9 号油菜(*Brassica napus* L.)。

试验于 2021–2024 年在青海大学农林科学院不同绿肥混作节肥减排与养分流失控制技术试验基地进行。该试验基地位于西宁市城北区莫家泉湾,年平均降水量 409.6 mm,年平均气温 3.4 ℃,全年平均气温日较差为 10.5 ℃,属高原大陆性半干旱气候地区。试验地土壤类型为栗钙土,0~30 cm 土壤 pH 8.39,全氮含量 1.01 g/kg,有效磷含量 12.64 mg/kg,速效钾含量 116.67 mg/kg,有机质含量 17.37 g/kg。

1.2 试验设计

从 2021 年至 2024 年,试验地 3–8 月初种植春小麦。种植方式为人工条播,行距 15 cm,播种量为 300 kg/hm²。小麦种植时统一施 126 kg/hm² (当地常规施氮量的 70%) 的尿素和 112 kg/hm² 的过磷酸钙,其中,尿素的基追比为 4:1,过磷酸钙全部作为基肥施用。小麦收获后旋耕复种绿肥,设置箭筈豌豆和毛苕子混播(HV)、箭筈豌豆和青稞混播(HB)、箭筈豌豆和油菜混播(RS)3 个绿肥混播处

理和箭筈豌豆单播对照(CK)小区定位试验。各处理绿肥播种量如表 1。每小区面积 15 m² (5 m×3 m),每处理 3 次重复。绿肥种植期间各处理均不施肥。绿肥进入盛花期(10 月下旬)后进行翻压。在春小麦的苗期、孕穗期及绿肥的翻压期采用漫灌方式进行灌水,每次灌水为 700 m³/hm²。本文采用 2023 年的试验数据进行分析。

表 1 不同处理绿肥播种量

Table 1 Green manure seeding rate of different treatments

处理	播种量 (kg/hm ²)			
	箭筈豌豆	毛苕子	青稞	油菜
HV	180.0	30.0	0	0
HB	180.0	0	52.5	0
RS	180.0	0	0	1.5
CK	225.0	0	0	0

HV:箭筈豌豆和毛苕子混播;HB:箭筈豌豆和青稞混播;RS:箭筈豌豆和油菜混播;CK:箭筈豌豆单播对照。

1.3 样品采集

于 2023 年绿肥翻压前 7 d(10 月 19 日)取各小区土壤剖面原状土,测定 0~30 cm 土壤含水量和容重,然后再沿小区对角线采用直径 2.5 cm 的土钻等距离采集耕层 0~30 cm 土样,每个小区采集 5 个土壤样品并混合为 1 个样品,将采集的土壤样品置于带有液氮的保温箱中,然后立即转移到实验室。采集的土壤样品去除杂质和绿肥根系残体后分为两部分,一部分装入自封袋用于测定土壤化学性质;另一部分装入 50 mL 离心管中,用冰盒保存,并委托上海美吉生物医药科技有限公司进行宏基因组测定。

1.4 测定项目与方法

土壤含水量(SWC)和容重(BD)分别采用烘干称重法和环刀法测定^[15];土壤全碳(TC)含量和全氮(TN)含量采用 Flashsmart 元素分析仪(美国 Thermo Fisher 公司产品)测定^[16];土壤酸碱度(pH)采用 PHS-3C pH 计(上海仪电科学仪器股份有限公司产品)测定;土壤有机碳含量(SOC)采用重铬酸钾容量法测定^[17];土壤微生物量碳(MBC)含量采用氯仿熏蒸直接浸提法测定^[18];土壤易氧化有机碳(ROC)含量采用高锰酸钾氧化法测定^[19];土壤可溶性有机碳含量(DOC)测定采用水浸提法测定^[20]。

采用 FastPure 土壤 DNA 分离试剂盒(上海美吉逾华生物医药科技有限公司产品)提取土壤真菌

DNA。用 1%琼脂糖凝胶电泳来检测土壤真菌 DNA 的含量和纯度后,用 Covaris M220 超声破碎仪(美国 Covaris 公司产品)将 DNA 片段化,筛选约 300 bp 的片段,再利用 NovaSeq 6000 测序平台(美国 Illumina 公司产品)进行宏基因组测序。

1.5 数据处理

测序获得的数据在上海美吉生物医药科技有限公司提供的云平台(<https://cloud.majorbio.com/>)上进行处理和分析。使用 DIAMOND 软件将非冗余基因集与非冗余数据库进行比对,获得物种注释数量统计结果,再基于 Mothur 软件对土壤真菌群落进行 Alpha 多样性 Chao1 指数、Simpson 指数、Shannoneve 指数的计算,得到真菌群落的丰富度、多样性及均匀度。基于 Bray-Curtis 距离算法和 R 软件(v3.3.1)进行主坐标分析(PCoA),得到真菌群落的 Beta 多样性。通过 LEfSe 判别分析效应值(LDA)大小,设定 LDA>4,判断不同组之间差异显著的生物标志物。最后,再利用 R 软件进行土壤真菌与环境因子的冗余分析(Redundancy analysis, RDA),同时用曼特检验(Mantel-test)对土壤真菌群落结构和 Alpha 多样性的驱动因子进行分析。

试验数据采用 Origin 2022 软件绘图,用 SPSS 26.0 软件进行单因素处理间的差异显著性分析($P<0.05$)。

2 结果与分析

2.1 不同类型绿肥混播对土壤基础理化性质的影响

不同类型绿肥混播对土壤基础理化性质的影响如表 2 所示。从表中可以看出,与箭筈豌豆单播对照(CK)相比,箭筈豌豆和毛苕子混播(HV)、箭筈豌豆和青稞混播(HB)、箭筈豌豆和油菜混播(RS)处理的土壤含水量和全氮含量无显著差异。HB 和 RS 处理的土壤容重分别比 CK 降低 4.76% 和 6.12%,HV 处理的土壤容重与 CK 无显著差异。不同处理土壤均呈碱性,3 个混播处理土壤 pH 值与 CK 均无显著差异,而 HB 处理土壤 pH 值比 HV 处理降低 2.28%。HV、HB 处理土壤全碳含量与 CK 无显著差异,而 RS 处理土壤全碳含量比 CK、HV 处理和 HB 处理分别提高 14.80%、13.23%、11.48%。因此,箭筈豌豆和青稞混播以及箭筈豌豆和油菜混播较箭筈豌豆单播能有效降低土壤容重,箭筈豌豆和油菜混播能显著提高土壤全碳含量。

表 2 不同类型绿肥混播模式下土壤基础理化性质

Table 2 Soil basic physical and chemical properties under different types of green manure mixed planting patterns

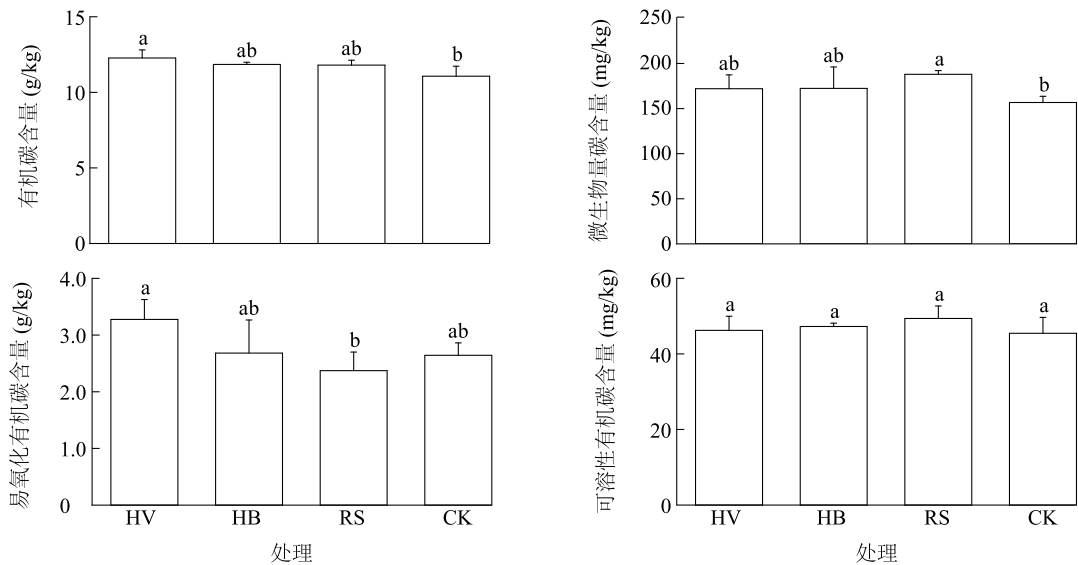
处理	含水量 (%)	容重 (g/cm ³)	pH	全碳含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)
HV	14.48±1.43a	1.43±0.04ab	8.32±0.12a	20.41±1.09b	1.20±0.04a
HB	14.15±1.54a	1.40±0.03b	8.13±0.11b	20.73±0.27b	1.19±0.06a
RS	12.89±0.55a	1.38±0.05b	8.18±0.01ab	23.11±0.55a	1.19±0.04a
CK	13.29±1.72a	1.47±0.02a	8.26±0.07ab	20.13±2.11b	1.15±0.05a

HV、HB、RS、CK 见表 1 注。同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$)。

2.2 不同类型绿肥混播对土壤有机碳组分的影响

不同类型绿肥混播对土壤有机碳组分有较大影响。与箭筈豌豆单播对照(CK)相比,混播处理土壤有机碳含量和微生物量碳含量均有增加的趋势,其中,HV 处理土壤有机碳含量比 CK 提高 10.84%,RS 处理土壤微生物量碳(MBC)含量比 CK 提高

19.97%。3 个绿肥混播处理土壤易氧化有机碳含量和可溶性有机碳含量与 CK 均无显著差异(图 1)。因此,箭筈豌豆和毛苕子混播能有效提高土壤有机碳含量,箭筈豌豆和油菜混播有利于增加土壤微生物量碳含量。



HV、HB、RS、CK 见表 1 注。图柱上不同小写字母表示处理间差异显著 ($P<0.05$)。

图 1 不同类型绿肥混播模式下土壤有机碳组分含量

Fig.1 Content of soil organic carbon components under different types of green manure mixed sowing modes

2.3 不同类型绿肥混播对土壤真菌 Alpha 多样性的影响

4 个处理土壤中真菌共包括 7 个门,34 个纲,80 个目,164 个科,228 个属,312 个种。各处理土壤真菌群落多样性如表 3 所示。从表中可以看出,RS 处理土壤真菌群落 Chao1 指数和 Simpson 指数分别比 CK 提高 36.42%和 11.59%,而 HV 和 HB 处理土壤真菌群落 Chao1 指数、Simpson 指数和 Shannoneve 指数与 CK 均无显著差异。不同类型绿肥混播对土壤真菌群落生物多样性有一定影响。RS 处理

Chao1 指数显著高于 HV 和 HB 处理,且 RS 处理的 Simpson 指数和 Shannoneve 指数显著高于 HB 处理。总体而言,箭筈豌豆和油菜混播(RS)处理更有利于土壤真菌群落丰富度的提高。

2.4 不同类型绿肥混播对土壤真菌群落 Beta 多样性的影响

不同处理真菌群落 Beta 多样性如图 2 所示。从图中可以看出,主坐标第一主成分(PC1)和第二主成分(PC2)的贡献率分别为 78.25%和 12.88%,两者总的贡献率为 91.13%。不同处理在坐标轴上

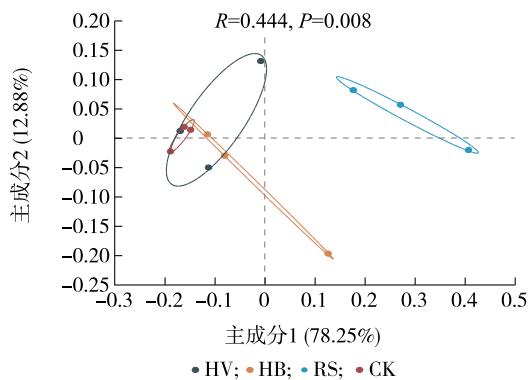
的投影距离显示,CK 和 HV 处理的样本的分布距离较近,相似度高,总体表现为聚集效应,RS 处理的样本与其他处理的样本距离较远,表现为分离效应。即箭筈豌豆和油菜混播(RS)处理的真菌群落结构与其他处理存在较大差异(图2)。

表3 不同类型绿肥混播模式下土壤真菌多样性指数

Table 3 Soil fungal diversity index under different types of green manure mixed planting patterns

处理	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannoneve 指数
HV	108.00±11.00b	3.56±0.13ab	0.76±0.02ab
HB	97.33±9.07b	3.31±0.27b	0.72±0.04b
RS	132.33±4.73a	3.85±0.04a	0.79±0.01a
CK	97.00±7.81b	3.45±0.08b	0.75±0.01ab

HV、HB、RS、CK 见表1注。同一列数据后不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。



HV、HB、RS、CK 见表1注。

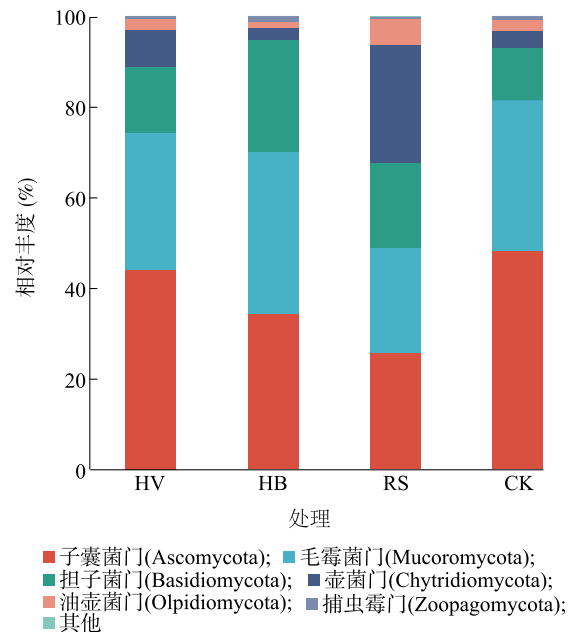
图2 不同类型绿肥混播模式对土壤真菌群落主成分得分的影响

Fig.2 Effects of different types of green manure mixed sowing patterns on the principal component scores of soil fungal communities

2.5 不同类型绿肥混播对土壤真菌群落组成的影响

门水平上不同处理土壤真菌群落的组成如图3所示。从图3可知,4个处理土壤真菌相对丰度较高的5个门分别为子囊菌门(Ascomycota, 25.81%~48.26%)、毛霉菌门(Mucoromycota, 23.02%~35.58%)、担子菌门(Basidiomycota, 11.61%~24.74%)、壶菌门(Chytridiomycota, 2.64%~25.84%)、油壶菌门(Olpidiomycota, 1.43%~5.95%),累计相对丰度约占真菌总丰度的98%。与箭筈豌豆单播对照(CK)相比,HV、HB和RS3个混播处理土壤子囊菌门真菌的相对丰度分别下降

8.97%、28.68%和46.53%,HB处理毛霉菌门和担子菌门真菌的相对丰度分别提高7.24%和113.09%,RS处理壶菌门真菌的相对丰度显著提高583.79%。总体来说,不同类型绿肥混播模式均能有效降低土壤子囊菌门真菌的相对丰度,提高担子菌门真菌的相对丰度。

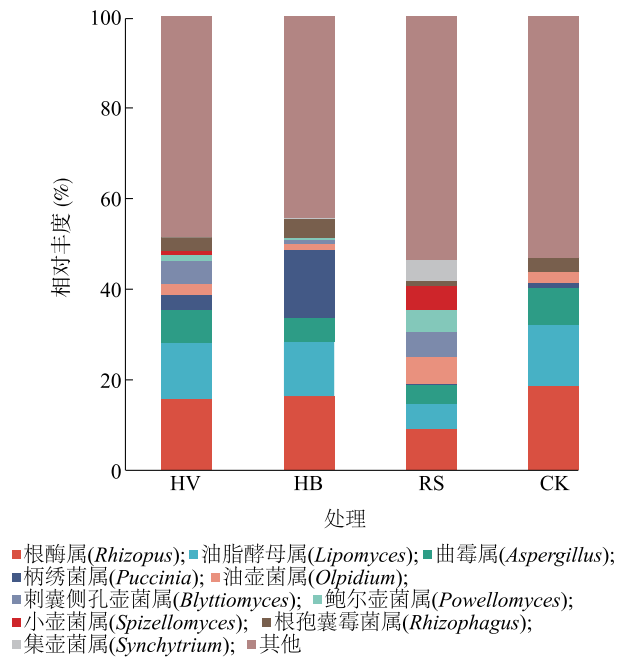


HV、HB、RS、CK 见表1注。

图3 不同类型绿肥混播模式对门水平上真菌群落相对丰度的影响

Fig.3 Effects of different types of green manure mixed sowing patterns on the relative abundance of fungal communities at the phylum level

属水平上不同处理土壤真菌群落的组成如图4所示。4个处理平均相对丰度前10的真菌菌属分别为根霉属(*Rhizopus*, 9.12%~18.57%)、油脂酵母属(*Lipomyces*, 5.43%~13.34%)、曲霉属(*Aspergillus*, 4.28%~8.34%)、柄锈菌属(*Puccinia*, 0.19%~14.90%)、油壶菌属(*Olpidium*, 1.43%~5.95%)、刺囊侧孔壶菌属(*Blyttiomycetes*, 0.11%~5.42%)、鲍尔壶菌属(*Powellomyces*, 0~5.07%)、小壶菌属(*Spizellomyces*, 0.04%~5.19%)、根孢囊霉属(*Rhizophagus*, 1.08%~4.30%)、集壶菌属(*Synchytrium*, 0~4.59%)。箭筈豌豆单播对照中未发现鲍尔壶菌属和集壶菌属真菌,而HV、HB和RS处理土壤鲍尔壶菌属和集壶菌属真菌的相对丰度则分别为1.25%和0.11%、0.41%和0.05%、5.07%和4.59%。



HV、HB、RS、CK 见表 1 注。

图 4 不同类型绿肥混播模式对属水平上真菌群落相对丰度的影响

Fig.4 Effects of different types of green manure mixed sowing patterns on the relative abundance of fungal communities at the genus level

2.6 不同类型绿肥混播对土壤真菌差异性物种的影响

通过 LEfSe 分析,不同类型绿肥混播处理间差异显著的物种或群落如图 5 所示。以 $LDA > 4$ 和 $P < 0.05$ 为标准,不同处理间存在显著差异的真菌类群主要有 34 个,包括 1 个门,5 个纲,9 个目,9 个科和 10 个属。HB 处理富集毛霉菌门(*Mucoromycota*),球囊霉目(*Glomerales*),球囊霉科(*Glomeraceae*)的菌群;RS 处理富集小壶菌目(*Spizellomycetales*),未知壶菌纲(*f_unclassified_Chytridiomycetes*),刺囊侧孔壶菌属(*Blyttomyces*)的菌群;CK 富集毛霉目(*Mucorales*)、毛霉菌纲(*Mucoromycetes*)、根霉科(*Rhizopodaceae*)的菌群。

2.7 不同类型绿肥混播下土壤真菌群落与土壤理化性质相关性分析

土壤真菌群落结构与土壤理化性质指标的冗余分析(RDA)结果如图 6 所示。从图 6 中可以看出,第一主成分轴(RDA1)和第二主成分轴(RDA2)解释率为分别 66.65% 和 9.51%,总解释率达 76.16%。其中,土壤微生物量碳含量(MBC)对真菌

群落的影响较大($R^2 = 0.5174, P = 0.017$),其与子囊菌门、毛霉菌门、担子菌门、壶菌门、油壶菌门真菌的相对丰度均呈正相关性,土壤有机质碳含量(SOC)对真菌群落的影响较小($R^2 = 0.0159, P = 0.893$),其他土壤理化性质指标对真菌群落的影响大小由高到低依次为 TC ($R^2 = 0.3632, P = 0.148$)、BD ($R^2 = 0.2963, P = 0.203$)、DOC ($R^2 = 0.1948, P = 0.350$)、TN ($R^2 = 0.2038, P = 0.379$)、SWC ($R^2 = 0.2005, P = 0.393$)、ROC ($R^2 = 0.2060, P = 0.403$)、pH ($R^2 = 0.110, P = 0.511$)。

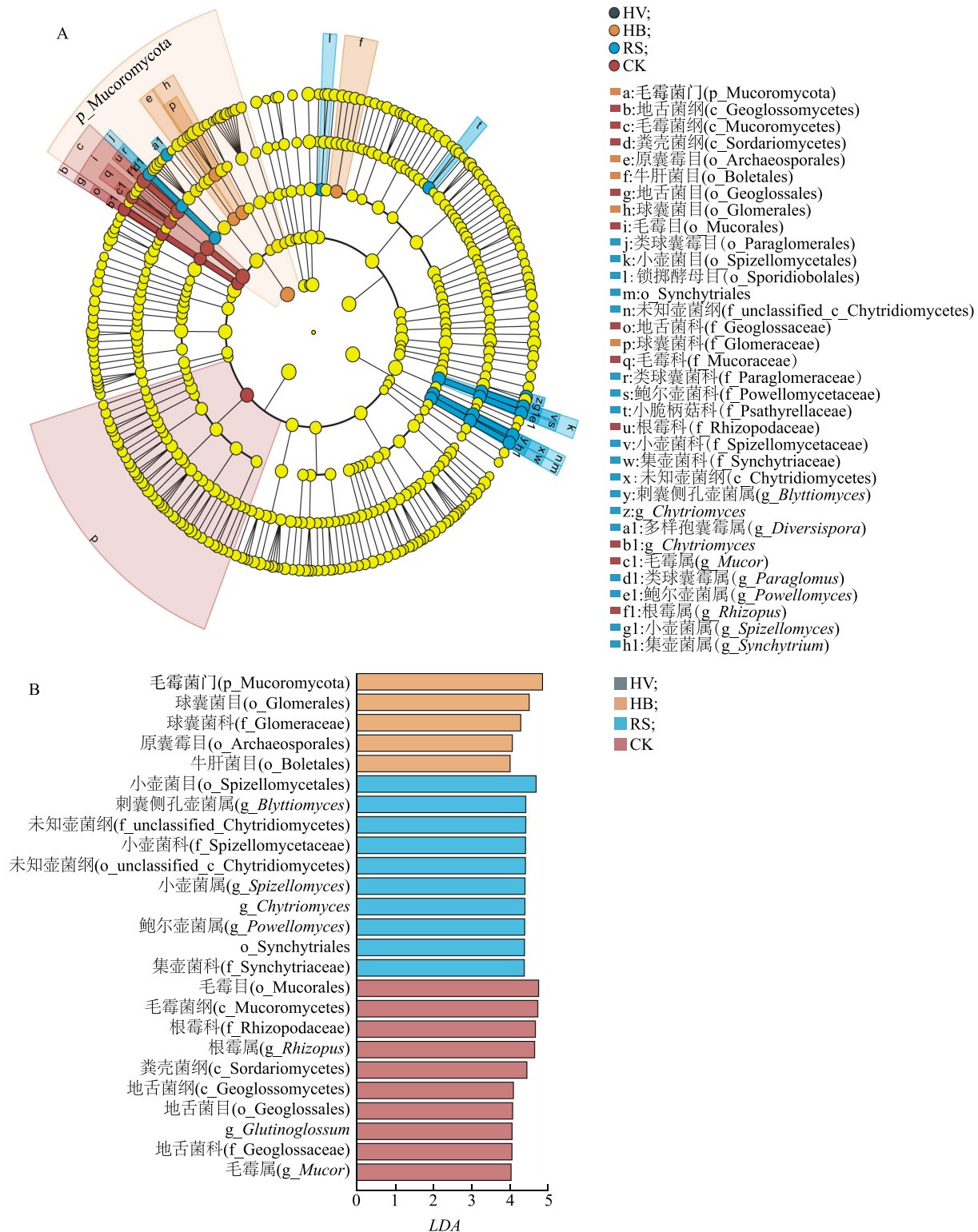
土壤真菌 Alpha 多样性指数和真菌群落结构与土壤理化性质指标的 Mantel-test 分析结果如图 7 所示。从图 7 中可以看出,土壤真菌 Alpha 多样性指数和真菌群落结构均与 MBC 呈显著相关,土壤 TC 仅与 Alpha 多样性呈显著相关。从土壤理化性质指标之间的相关性来看,SOC 与 ROC 呈极显著正相关,BD 与 DOC 呈极显著负相关。上述结果表明,绿肥混播通过改变土壤 TC 和 MBC 影响土壤真菌群落结构。

3 讨论

3.1 不同类型绿肥混播对土壤基础理化性质的影响

土壤基础理化性质是耕地地力高低的重要指标,能间接影响到土壤演替方向^[21-22]。绿肥混播模式能够利用不同作物生长过程中根系深度层差异错位吸收土壤养分,降低混播作物对土壤养分的竞争,进而实现不同作物的协同生长^[23]。王琳等^[24]研究认为,绿肥混播能有效改善土壤质量状况。本研究发现,与箭筈豌豆单播对照(CK)相比,箭筈豌豆和青稞混播及箭筈豌豆和油菜混播处理土壤容重下降,箭筈豌豆和油菜混播处理土壤全碳含量增加,而同为豆科的箭筈豌豆和毛苕子混播处理土壤有机碳含量显著高于 CK。

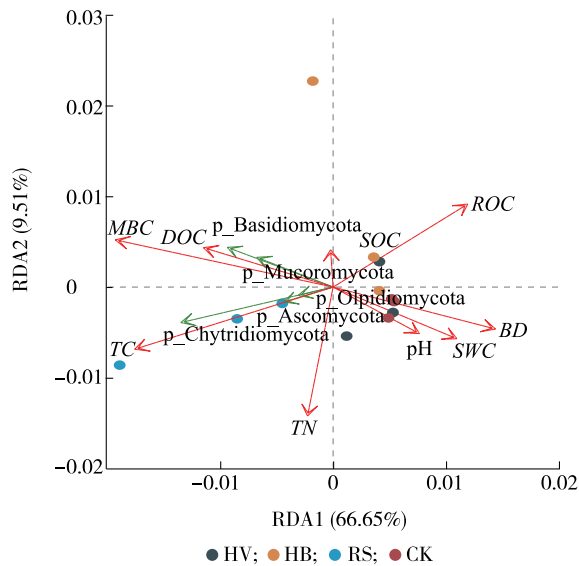
土壤微生物量碳含量、可溶性有机碳含量和易氧化有机碳含量是土壤活性有机碳的重要指标^[25-26]。本研究发现,箭筈豌豆和油菜混播处理土壤微生物量碳含量显著高于 CK,而 3 种绿肥混播处理土壤易氧化有机碳含量和可溶性有机碳含量均与 CK 无显著差异。与同为豆科的箭筈豌豆和毛苕子混播处理相比,箭筈豌豆和青稞或油菜混播可以充分利用不同作物的生长特征,更利于土壤养分的多样性和平衡,这与朱梦圆等^[27]的研究结果一致。



A: 土壤真菌群落系统发育图; B: 存在显著差异的真菌类群。p: 门; c: 纲; o: 目; f: 科; g: 属; s: 种。HV、HB、RB、CK 见表 1 注。LDA: LEfse 判别分析效应值。

图 5 不同类型绿肥混播模式下土壤真菌群落系统发育图和不同类型绿肥混播模式间存在显著差异的真菌类群柱状图

Fig.5 The phylogenetic diagram of soil fungal community and the histogram of fungal groups with significant differences under different types of green manure mixed sowing patterns



MBC:微生物量碳含量;BD:容重;SOC:土壤有机碳含量;ROC:易氧化有机碳含量;SWC:土壤含水率;TC:全碳含量;DOC:可溶性有机碳含量;pH:酸碱度;TN:全氮含量。

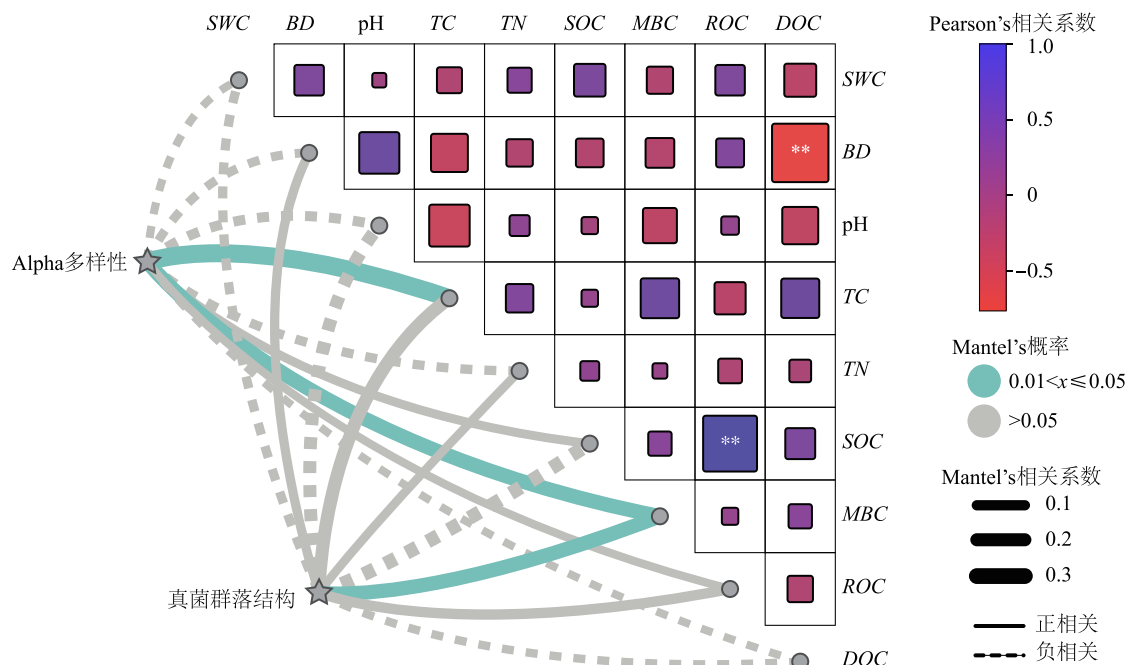
图6 不同类型绿肥混播模式下真菌群落结构与环境因子的冗余分析

Fig.6 Redundancy analysis of fungal community structure and environmental factors under different types of green manure mixed planting patterns

3.2 不同类型绿肥混播对土壤真菌群落的影响

作物生长和土壤微生物的群落结构密切相关,种植绿肥能改变甚至重塑土壤微生物群落结构^[28-30]。本研究发现,箭筈豌豆和油菜混播处理的Chao1指数和Simpson指数显著高于箭筈豌豆单播对照(CK),而箭筈豌豆和毛苕子混播处理与箭筈豌豆和青稞混播处理的Chao1指数、Simpson指数及Shannoneve指数与CK无显著差异。箭筈豌豆和毛苕子混播处理的样本主成分显示与CK距离较近,而箭筈豌豆和油菜混播处理的样本主成分显示与CK距离较远。

豆科作物根系能够通过分泌大量的黄酮以及酚酸类物质增加土壤中真菌的种群密度^[31-33]。发芽速度较快的豆科作物会产生腐解液对生长较慢的其他种子萌发产生一定的抑制作用^[34],且影响混播模式下的菌群多样性。本研究发现,不同类型绿肥混播能显著降低土壤中子囊菌门真菌的相对丰度,增加担子菌门真菌的相对丰度,这有利于难降解有机物的分解,增加土壤中土壤养分周转^[35];另外不同绿肥混播还能有效减少根霉菌属和曲霉菌属致病性真菌,提高作物的抗病能力,这有利于作物的生长。



MBC:微生物量碳含量;BD:容重;SOC:土壤有机碳含量;ROC:易氧化有机碳含量;SWC:土壤含水率;TC:全碳含量;DOC:可溶性有机碳含量;pH:酸碱度;TN:全氮含量。

图7 不同类型绿肥混播模式下真菌群落组成与理化性质的 Mantel-test 分析

Fig.7 Mantel-test analysis of fungal community composition and physicochemical properties under different types of green manure mixed planting patterns

3.3 不同类型绿肥混播下土壤真菌群落与土壤理化性质的关系

土壤为真菌生长发育提供生存环境的同时,作物根系的代谢物也影响真菌群落结构特征^[36]。土壤环境变化对其真菌群落结构及多样性有较大影响。龙超等^[37]研究表明,土壤真菌群落结构与土壤有机碳含量、微生物量碳含量和含水量等相关。刘春增等^[38]研究发现紫云英还田后土壤真菌群落结构的主要控制因子为土壤容重、有机碳含量、全氮含量、全磷含量和全钾含量。本研究发现,不同类型绿肥混播处理土壤全碳含量、微生物量碳含量与真菌群落结构有显著相关性,是导致真菌群落结构变化的主要环境因素。箭筈豌豆和油菜混播处理可以提高土壤微生物量碳含量,增加土壤可利用态养分,进而增强真菌的代谢活性以及生长能力^[39]。Xue等^[40]同样发现土壤微生物量碳是土壤微生物群落变化的主要驱动因素。Rui等^[41]研究认为不同绿肥配施下土壤孔隙度增加,土壤容重降低,有利于真菌群落结构的稳定和功能发挥。本试验还发现,无论是绿肥单播还是不同类型绿肥混播,土壤 pH 变化较小,其对真菌的生长与繁殖影响较小。

4 结 论

与箭筈豌豆单播对照(CK)相比,箭筈豌豆和毛苕子混播处理土壤有机碳含量提高 10.84%,而箭筈豌豆和油菜混播处理土壤微生物量碳含量增加 19.97%。箭筈豌豆和油菜混播处理的 Chao1 指数和 Simpson 指数分别比 CK 提高 36.42%和 11.59%,其主坐标分析的主成分得分情况,PCoA 中第一主成分和第二主成分的贡献率分别为 78.25%和 12.88%,处理间表现出明显的分离效应。不同绿肥混播处理对真菌群落结构亦有较大影响,门水平上箭筈豌豆和青稞混播处理的毛霉菌门和担子菌门真菌的相对丰度分别比 CK 提高 7.24%和 113.09%,箭筈豌豆和油菜混播处理的壶菌门真菌相对丰度比 CK 提高 583.79%;属水平上箭筈豌豆和油菜混播处理的土壤鲍尔壶菌属和集壶菌属真菌的相对丰度分别比 CK 增加 5.07%和 4.59%。不同类型绿肥混播处理土壤微生物量碳含量与真菌群落结构表现出较强的相关性,是改变真菌群落结构和多样性的主要驱动因子。本研究结果为青海地区绿肥改良土壤提供了依据。

参考文献:

- [1] 柴健,于爱忠,王玉珑,等. 绿洲灌区绿肥还田配施化学氮肥对小麦干物质积累及产量的影响[J]. 西北农业学报,2024,33(5):787-797.
- [2] 李生秀. 西北地区农业持续发展面临的问题和对策[J]. 干旱地区农业研究,2003,21(3):1-10.
- [3] 曹卫东,周国朋,高嵩涓. 绿肥内源驱动土壤健康的作用与机制[J]. 植物营养与肥科学报,2024,30(7):1274-1283.
- [4] 叶协锋,杨超,李正,等. 绿肥对植烟土壤酶活性及土壤肥力的影响[J]. 植物营养与肥科学报,2013,19(2):445-454.
- [5] 韩梅,刘蕊,李正鹏,等. 种植绿肥对作物产量和细菌群落稳定性的影响[J]. 中国环境科学,2021,41(11):5382-5390.
- [6] ZHOU X, LU Y H, LIAO Y L, et al. Substitution of chemical fertilizer by Chinese milk vetch improves the sustainability of yield and accumulation of soil organic carbon in a double-rice cropping system[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2019, 18(10):2381-2392.
- [7] GAO S J, CAO W D, ZHOU G P, et al. Bacterial communities in paddy soils changed by milk vetch as green manure: a study conducted across six provinces in South China[J]. Pedosphere, 2021, 31(4):521-530.
- [8] 赵蕊茹,晏蒙,吴远诺,等. 添加毛叶苕子对红壤旱地土壤真菌群落的影响[J]. 微生物学报,2024,64(2):581-596.
- [9] ZHOU Q, ZHANG P, WANG Z Q, et al. Winter crop rotation intensification to increase rice yield, soil carbon, and microbial diversity[J]. Heliyon, 2023, 9(1):e12903.
- [10] 张慧,马连杰,杭晓宁,等. 不同轮作模式下稻田土壤细菌和真菌多样性变化[J]. 江苏农业学报,2018,34(4):804-810.
- [11] 于淑慧,朱国梁,牟小翎,等. 花生与绿肥轮作对土壤含水量和土壤肥力的影响[J]. 中国农学通报,2024,40(8):74-79.
- [12] 杜光辉,张琳,丁丽,等. 紫云英与水稻秸秆联合还田配合氮肥减施对水稻产量及氮素营养平衡的影响[J]. 江苏农业学报,2024,40(6):1012-1019.
- [13] 斯林林,徐静,曹凯,等. 绿肥种植对红壤旱地生土细菌群落结构的影响[J]. 浙江农业学报,2023,35(8):1864-1875.
- [14] 苏贝贝,张英,道日娜. 4种豆科植物根际土壤真菌群落特征与土壤理化因子间相关性分析[J]. 草地学报,2021,29(12):2670-2677.
- [15] 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,2000:269-270.
- [16] CHEN C R, XU Z H, MATHERS N J. Soil carbon pools in adjacent natural and plantation forests of subtropical Australia[J]. Soil Science Society of America Journal, 2004, 68(1):282-291.
- [17] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京:中国农业出版社,2000.
- [18] VANCE E D, BROOKES P C, JENKINSON D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6):703-707.

- [19] BLAIR G J, LEFROY R, LISLE L. Soil carbon fractions based on their degree of oxidation, and the development of a carbon management index for agricultural systems[J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 1995, 46(7): 1459-1466.
- [20] 李小涵, 王朝辉. 两种测定土壤有机碳方法的比较[J]. *分析仪器*, 2009(5): 78-80.
- [21] 刘威, 王晶晶, 师梦楠, 等. 茶园阴坡和阳坡土壤微生物群落结构与土壤理化因子的关系[J]. *江苏农业学报*, 2024, 40(2): 251-259.
- [22] 杨春霞, 赵志平, 杨丽萍, 等. 不同覆盖绿肥养分特性及其对橡胶园土壤理化性质的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2012, 18(2): 467-474.
- [23] COX S, PEEL M D, CREECH J E, et al. Forage production of grass-legume binary mixtures on intermountain western USA irrigated pastures[J]. *Crop Science*, 2017, 57(3): 1742-1753.
- [24] 王琳, 管永祥, 陈震, 等. 不同种类绿肥养分积累比较及其对水稻产量的影响[J]. *江苏农业学报*, 2020, 36(5): 1139-1143.
- [25] 奚晶阳, 白炜, 尹鹏松, 等. 模拟增温对长江源区高寒沼泽草甸土壤有机碳组分与植物生物量的影响研究[J]. *生态科学*, 2019, 38(1): 92-101.
- [26] 白雪, 农梦玲, 龙鹏宇, 等. 蔗田滴灌施肥土壤甲烷排放通量与活性有机碳含量的关系[J]. *华南农业大学学报*, 2020, 41(3): 31-37.
- [27] 朱梦圆, 宋艳宇, 高思齐, 等. 三江平原不同植被类型湿地土壤微生物碳源代谢多样性特征[J]. *生态环境学报*, 2022, 31(12): 2310-2319.
- [28] 李春宏, 殷剑美, 王立, 等. 连作对芋头根际土壤理化性状和微生物特性的影响[J]. *江苏农业学报*, 2019, 35(4): 825-833.
- [29] 姜伟, 薛国萍, 白红梅, 等. 不同改良措施对黄瓜连作土壤细菌群落结构组成和多样性的影响[J]. *北方农业学报*, 2022, 50(2): 28-37.
- [30] 高嵩, 孙文松, 温健, 等. 连作龙胆草根际土壤细菌多样性及功能预测分析[J]. *沈阳农业大学学报*, 2021, 52(1): 102-108.
- [31] 葛佩琳, 孔召玉, 夏金文, 等. 丛枝菌根真菌对3种水土保持草本植物生长和土壤团聚体的影响[J]. *草原与草坪*, 2024, 44(1): 58-68.
- [32] LIU X, ZHANG J L, GU T Y, et al. Microbial community diversities and taxa abundances in soils along a seven-year gradient of potato monoculture using high throughput pyrosequencing approach[J]. *PLoS One*, 2014, 9(1): e86610.
- [33] 宋秀丽, 吴舒婷, 李锦辉, 等. 土壤微生物群落对连作种植制度的响应[J]. *玉米科学*, 2022, 30(1): 172-181.
- [34] 刘思林, 陈俊雪, 杨阳, 等. 紫云英腐解液对牛筋草种子萌发及幼苗生长的影响[J]. *草业学报*, 2022, 31(7): 209-219.
- [35] 侯建勋, 张水梅, 袁静超, 等. 玉米秸秆源有机物料对黑土养分有效性及酶活性的提升效应[J]. *植物营养与肥料学报*, 2021, 27(4): 610-618.
- [36] 曾欣, 刘树元, 李朝辉, 等. 十种湿生植物根际真菌群落参数和土壤肥力的比较[J]. *植物营养与肥料学报*, 2015, 21(3): 815-822.
- [37] 龙超, 刘仁绿, 尹丽, 等. 酸性红壤有机碳组成与微生物种群特征的相关性研究[J]. *环境科学学报*, 2024, 44(1): 377-388.
- [38] 刘春增, 张琳, 丁丽, 等. 稻田土壤真菌群落结构与功能对化肥减量配施紫云英还田的响应[J]. *中国土壤与肥料*, 2023(9): 68-76.
- [39] 唐铭灿, 王香香, 缪怡, 等. 不同种植模式下微生物养分限制调节土壤有机碳积累[J/OL]. *农业资源与环境学报*. <https://doi.org/10.13254/j.jare.2024.0068>.
- [40] XUE T T, YANG F, LI R Y, et al. The impact of viticulture on soil characteristics and microbial communities in the Ningxia region of Northwest China[J]. *Horticulturae*, 2022, 8(12): 1097.
- [41] RUI A, PEDRO C, DANIEL M, et al. Edible ectomycorrhizal fungi and Cistaceae. A study on compatibility and fungal ecological strategies[J]. *PLoS One*, 2019, 14(12): e0226849.

(责任编辑:石春林)