

徐慧芳, 万子维, 盛荣, 等. 不同耕作模式对稻田土壤真菌丰度及群落结构的影响[J]. 华中农业大学学报, 2022, 41(6): 35-41.  
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2022.06.004

# 不同耕作模式对稻田土壤真菌丰度及群落结构的影响

徐慧芳<sup>1</sup>, 万子维<sup>1</sup>, 盛荣<sup>2</sup>, 魏文学<sup>2</sup>, 张文钊<sup>2</sup>, 黄国勤<sup>1</sup>

1. 江西农业大学生态科学研究中心, 南昌 330045;

2. 中国科学院亚热带农业生态研究所桃源农业生态试验站/亚热带农业生态过程重点实验室, 长沙 410125

**摘要** 为分析我国典型的稻田耕作模式下土壤真菌丰度及群落结构差异, 以长期(10 a)4种典型稻田耕作模式为研究对象, 设置以下处理: 双季稻(DR)、早稻-晚稻(MR)、中稻-油菜(MROR)及中稻-小白菜-油菜(MRPOR), 利用实时荧光定量PCR及高通量测序手段测定土壤真菌的丰度及群落组成。结果显示, 双季稻转变为单季稻及水旱轮作模式后显著改变了真菌的丰度, 其中双季稻转变为中稻-小白菜-油菜后显著增加了真菌的丰度, 相关性分析发现, 硝态氮与真菌的丰度呈显著的正相关关系; 双季稻转为单季稻及水旱轮作模式后显著改变了真菌的群落结构, 冗余分析发现水分含量是影响真菌群落结构最主要的环境因子。综上所述, 不同轮作模式下稻田土壤真菌群落丰度、组成及多样性存在差异。不同处理下真菌丰度受土壤硝态氮影响较大, 而真菌群落结构主要受土壤含水量的影响。

**关键词** 稻田; 土壤; 耕作模式; 真菌; 丰度; 群落结构; 水旱轮作

**中图分类号** S344.1; S511 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2022)06-0035-07

土壤微生物群落多样性作为评价土壤质量的关键指标, 已越来越引起人们的广泛关注<sup>[1]</sup>。微生物在土壤生物化学循环中扮演着重要角色, 研究表明, 不同的农业管理措施将导致土壤微生物群落结构及其多样性的变化<sup>[2]</sup>, 进而影响农业的可持续发展。因此, 研究稻田长期不同耕作模式下土壤微生物群落结构及多样性的变化, 可为制定合理的耕作措施及改善土壤质量提供重要依据。

真菌在土壤中的数量仅次于细菌和放线菌, 其在有机质分解<sup>[2]</sup>、土壤养分固定<sup>[3]</sup>、促进植物养分吸收<sup>[4]</sup>及增强土壤抗盐碱能力<sup>[5]</sup>等过程中均发挥着重要作用, 是维持生态系统健康的关键指示物。人为干扰、轮作方式及土地管理措施均会影响土壤真菌群落组成<sup>[1,3,6]</sup>。目前国内外针对轮作方式对真菌群落结构的影响已开展了一些研究。例如, Behnke等<sup>[7]</sup>研究发现, 与玉米单作相比, 玉米-大豆轮作(旱旱轮作)处理显著增加了真菌的数量。阳祥等<sup>[8]</sup>研究表明水旱轮作模式增加了土壤真菌多样性指数。苏婷等<sup>[9]</sup>研究发现, 相较双季玉米和单季水稻种植方式, 玉米-水稻的水旱轮作显著增加了土壤真菌的

数量。

双季稻在我国水稻种植历史中占据重要的地位, 对于保障我国粮食安全意义重大。然而, 近年来由于双季稻种植的经济效益逐渐下滑, 加之农村劳动力大量转移, 这些因素促使农民将部分长期淹水的双季稻田转化为单季稻或者水旱轮作等种植体系。研究表明, 水旱轮作引起了土壤养分元素形态和有效性的变化<sup>[10]</sup>, 但养分元素的变化是否会导致土壤真菌丰度及群落结构变化的研究较少。

因此, 本研究通过实时荧光定量PCR和高通量测序技术研究我国典型稻田耕作模式(双季稻, 中稻, 中稻-油菜, 中稻-小白菜-油菜)对土壤真菌的丰度及群落组成的影响, 旨在为稻田生态系统可持续发展等相关措施的制定提供重要的科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验样地及土壤样品采集

试验样地位于湖南省桃源县中国科学院桃源农业生态试验站水田长期耕作模式试验田(2012年至今), 东经111°27', 北纬28°55'。该地区属于我国典型

收稿日期: 2022-03-24

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0300208); 国家自然科学基金项目(32160310); 江西省教育厅科技计划项目(GJJ200444)

徐慧芳, E-mail: xhuiifang@yeah.net

通信作者: 黄国勤, E-mail: hgqjxes@sina.com; 张文钊, E-mail: wzzhz@isa.ac.cn

的中亚热带向北亚热带过渡的季风湿润气候区,年均温 16.5℃,年降雨 1 447.9 mm,年平均日照 1 531.4 h。供试的土壤为第四纪红色黏土发育的红壤,试验前为早稻-晚稻种植模式。试验前耕层土壤(0~15 cm)的有机质含量 26.08 g/kg,全氮 1.28 g/kg,全磷 0.54 g/kg,全钾 12.79 g/kg,pH 4.84。

试验田设置 4 个处理,分别为:中稻、双季稻(早稻-晚稻)、中稻-油菜、中稻-小白菜-油菜,记为 MR、DR、MROR、MPOR,每个处理均设置 3 个野外重复。不同处理之间的施肥种类和施肥用量详见表 1。

MR 模式下,中稻的氮肥按照基肥:分蘖肥:穗肥=4:5:1 施用,磷钾肥作基肥一次施入。有机质含量为 27.34 g/kg,全氮 1.58 g/kg,全磷 0.64 g/kg,全钾 12.11 g/kg,pH 5.13,水分含量 28.66%,铵态氮含量 2.53 g/kg,硝态氮含量 0.51 g/kg,可溶性有机碳 84.57 mg/kg。

DR 模式下,早稻的氮肥按照基肥:分蘖肥=

4:6 施用,磷钾肥作基肥一次施入,而晚稻采用氮肥按照基肥:分蘖肥:穗肥=4:5:1 施用,磷钾肥作基肥一次施入。有机质含量为 34.38 g/kg,全氮 1.60 g/kg,全磷 0.6 g/kg,全钾 12.44 g/kg,pH 5.17,水分含量 31.33%,铵态氮含量 2.78 g/kg,硝态氮含量 0.61 g/kg,可溶性有机碳 83.22 mg/kg。

MROR 模式下,复合肥和有机肥均作为基肥一次施用。有机质含量为 26.23 g/kg,全氮 1.47 g/kg,全磷 0.57 g/kg,全钾 13.58 g/kg,pH 5.22,水分含量 26.33%,铵态氮含量 1.92 g/kg,硝态氮含量 1.19 g/kg,可溶性有机碳 85.46 mg/kg。

MRPOR 模式下,有机肥均作为基肥一次施用,小白菜移栽 40 d 后收获,移栽油菜。有机质含量为 26.04 g/kg,全氮 1.36 g/kg,全磷 0.60 g/kg,全钾 13.00 g/kg,pH 5.38,水分含量 25.33%,铵态氮含量 1.87 g/kg,硝态氮含量 1.04 g/kg,可溶性有机碳 78.76 mg/kg。

表 1 不同耕作模式下稻田施肥状况

Table 1 Amount of fertilizer applied of four farming patterns

kg/m<sup>2</sup>

处理 Treatments	肥料种类 Fertilizer types	施肥量 Fertilizer amounts
中稻(MR) Middle season rice	尿素 Urea(N:46%)、过磷酸钙 Calcium superphosphate (P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> :12%)和氧化钾 Potassium oxide(K <sub>2</sub> O:60%)	N 126、P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 110、K <sub>2</sub> O 181
双季稻(DR) Early rice-late rice	尿素 Urea(N:46%)、过磷酸钙 Calcium superphosphate (P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> :12%)和氧化钾 Potassium oxide(K <sub>2</sub> O:60%)	N 84、P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 88、K <sub>2</sub> O 88;N 105、P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 110和K <sub>2</sub> O 154
中稻-油菜(MROR) Middle season rice-oilseed rape	复合肥 Compound fertilizer(N:15%;P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> :15%;K <sub>2</sub> O:15%) 和有机肥 Organic fertilizer(含水量 Water content 23.4%, 干基含 N Dry basis N 2.85%,P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 3.42%,K <sub>2</sub> O 3.13%)	N 124、P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 142、K <sub>2</sub> O 133
中稻-小白菜-油菜(MRPOR) Middle season rice-pakchoi-oil-seed rape	有机肥 Organic fertilization(含水量 Water content 23.4%, 干基含 N Dry basis N 2.85%,P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 3.42%,K <sub>2</sub> O 3.13%)	N 90、P <sub>2</sub> O <sub>5</sub> 108、K <sub>2</sub> O 99

2017 年晚稻收获后于 11 月 3 日采用随机多点对不同耕作模式的 0~15 cm 的耕作层土壤样品进行取样,去除明显的杂质和根系后,充分混匀后分为两部分,一部分约 200 g 土壤样品,用锡箔纸包装后,装入灭菌且写有标签的布袋并置于液氮罐中,于 -80℃ 冰箱保存,用于真菌丰度及群落结构分析;另一部分新鲜土壤样品放入冰盒后于 4℃ 冰箱保存,用于土壤理化性质的测定。

## 1.2 土壤理化性质的测定

土壤理化性质采用常规分析方法<sup>[11]</sup>。土壤全氮用 H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 消化后采用流动注射分析仪进行测定(FI-Astar5000, FOSS, Sweden);全磷经过高氯酸-硫酸法熔融后采用钼锑抗比色法测定;全钾用氢氧化钠灼烧法后采用火焰光度法测定;土壤 pH 采用水土比

1:1,用 pH 计测定(FE-20, METTLER TOLEDO, China);土壤有机质通过重铬酸钾加热后,采用硫酸亚铁铵进行滴定测定;土壤硝态氮和铵态氮用 2 mol/L KCl 浸提后,采用连续流动分析仪测定(Flastar 5000 Analyzer)测定;土壤可溶性有机碳(DOC)采用 0.5 mol/L 的 K<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> 浸提后测定其含量;采用烘干法测定土壤质量含水量。

## 1.3 土壤总 DNA 提取

土壤微生物总 DNA 的提取主要采用 Fast DNA SPIN 提取土壤 DNA 试剂盒(MP Biomedicals, Santa Ana, CA)。提取的土壤 DNA 用 50 μL 无菌水进行稀释,然后用 1% 的琼脂糖凝胶检测其质量,最后采用 Nanodrop ND-1000UV-Vis 分光光度计测定 DNA 的浓度及质量系数(Nanodrop Technologies,

Wilmington, DE, USA)。凝胶电泳检测图显示所提取的土壤总DNA条带未发生弥散,完整度较高,可直接用于后续的PCR扩增。

#### 1.4 荧光定量PCR扩增及高通量测序

采用 Nu-ssu-0817F (5'-TTAGCATG-GAATAATRRAATAGGA-3') 和 Nu-ssu-1196R (5'-TTAGCATGGAATAATRRAATAGGA-3') 对18S rRNA进行扩增。扩增体系为10  $\mu$ L,包括上游引物(10  $\mu$ mol/L)0.2  $\mu$ L,下游引物(10  $\mu$ mol/L)0.2  $\mu$ L,5  $\mu$ L的SYBR Green II (TaKaRa),0.2  $\mu$ L的Rox (TaKaRa),DNA为1  $\mu$ L (5 ng),补无酶水至10  $\mu$ L。荧光定量PCR扩增程序为:95  $^{\circ}$ C 30 s,40个循环的95  $^{\circ}$ C 5 s,60  $^{\circ}$ C 30 s。

由于18S rRNA在大多数生物中趋于保守,生物之间的基因组序列变化不大,而其内转录间隔区(ITS)作为非编码区相对变化较大,并且在物种注释分析时可以提供更加详细的物种信息,因此,我们采用ITS区域鉴定真菌的物种组成<sup>[12]</sup>。运用ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3') 和ITS2R (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')<sup>[13]</sup>对ITS序列进行PCR扩增。扩增体系为Mix (TaKaRa)12.5  $\mu$ L,上游引物(10  $\mu$ mol/L)7.5  $\mu$ L,下游引物(10  $\mu$ mol/L)7.5  $\mu$ L,DNA为2  $\mu$ L (40 ng),补无酶水至25  $\mu$ L。PCR扩增程序为:95  $^{\circ}$ C 10 min,94  $^{\circ}$ C 30 s,55  $^{\circ}$ C 30 s,72  $^{\circ}$ C 1 min,40个循环;74  $^{\circ}$ C 9 min。PCR产物经琼脂糖凝胶电泳,使用胶回收试剂盒纯化后送到上海美吉生物医药科技有限公司进行高通量测序,基于Illumina Miseq PE300测序平台进行双端测序。

#### 1.5 高通量测序数据OTU聚类及群落组成分析

高通量测序得到的双端序列数据,根据序列首尾两端barcode和引物序列区分样品得到有效序列。过滤去杂的数据采用97%进行OTU (operational taxonomic units)聚类。为了得到每个OTU对应的物种分类信息,采用RDP classifier贝叶斯算法对各个基因的OTU代表序列进行分类学分析,设置分类水平默认置信度阈值为0.8,并在phylum(门)水平上统计各个样品的群落组成。真菌ITS数据库为UNITE 8.0(<http://unite.ut.ee/index.php>)<sup>[14]</sup>。真菌ITS的高通量测序数据已经上传至NCBI数据库(No. PRJNA836033)。

真菌在不同耕作模式之间的群落组成差异分析采用基于欧式距离的PCA主成分分析 (principal

component analysis)。Venn图用于分析不同耕作模式下真菌群落的结构相似性。采用CANOCO 5.0的db-RDA (distance-based redundancy analysis)分析环境因子与真菌群落结构的关系,其中采取前置选择法(forward selection)确定每个环境因子对真菌群落结构的相对贡献率。

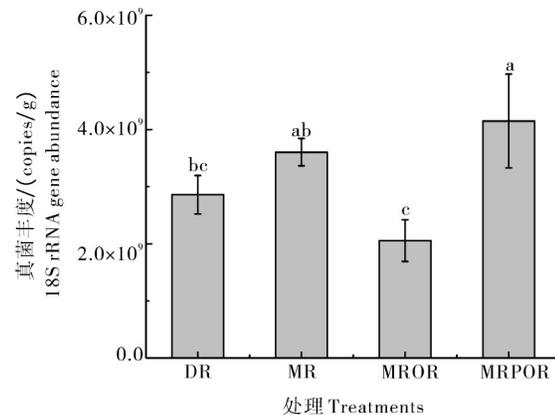
#### 1.6 数据处理

使用SPSS 25.0软件对数据进行统计分析。采用单因素方差分析(one-way ANOVA)比较不同耕作模式下真菌18S rRNA丰度的差异性;数据结果以“平均值 $\pm$ 标准差”表示, $n=3$ ;采用LSD多重比较对数据进行差异显著性检验( $\alpha=0.05$ );采用Origin 2021和R软件进行绘图。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同耕作模式下稻田土壤的真菌丰度

从图1可知,不同耕作模式之间真菌丰度存在显著差异。真菌丰度在MRPOR处理( $4.15 \times 10^9$  copies/g)中显著高于MROR ( $2.05 \times 10^9$  copies/g)与DR ( $3.6 \times 10^9$  copies/g) ( $P < 0.05$ )。MR ( $2.86 \times 10^9$  copies/g)的真菌丰度显著高于MROR ( $P < 0.05$ ),但DR与MRPOR、MR与MRPOR之间的真菌数量差异不显著 ( $P > 0.05$ )。



MR代表中稻;DR代表双季稻;MROR代表中稻-油菜;MRPOR代表中稻-小白菜-油菜。不同小写字母表示差异显著( $P < 0.05$ )。下同。MR represents middle season rice; DR represents early rice-late rice; MROR represents middle season rice-oilseed rape; MRPOR represents middle season rice-pakchoi-oilseed rape. Different lowercase letters indicate significant difference ( $P < 0.05$ ). The same as below.

图1 不同耕作模式土壤真菌丰度的变化  
Fig.1 The abundance of soil fungi under different farming patterns

### 2.2 不同耕作模式下稻田土壤的真菌群落组成

4种典型的稻田耕作模式对真菌群落结构的影响见PCA分析图(图2)。由图2可见,PCA分析共提取了2个主成分PCA1和PCA2,二者方差累计贡献率为46.84%。代表不同处理的点距离越远,表明真菌群落结构差异性越大。DR与MR环境样本点的真菌群落结构单独聚在一起,而MROR与MRPOR环境样点的真菌群落结构没有明显分离,说明双季稻(DR)转为单季稻和水旱轮作耕作模式后显著改变了真菌的β-多样性。

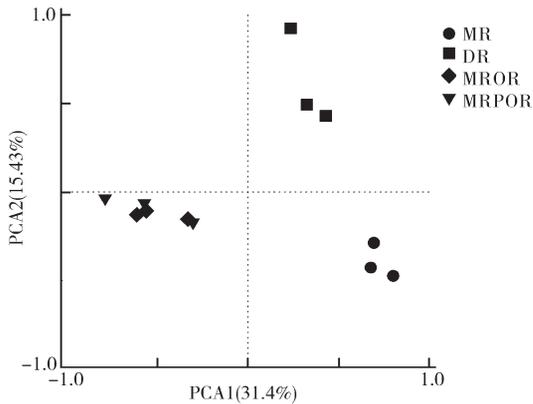


图2 不同耕作模式土壤真菌的主成分分析PCA

Fig.2 PCA analysis for soil fungi under different farming patterns

### 2.3 不同耕作模式下稻田土壤的真菌物种组成

如图3所示,不同耕作模式对土壤真菌OTU有明显影响。4个处理共产生3990个OTU,其中共有的OTU有358个,占总OTU数量的8.97%。DR、MR、MROR及MRPOR分别具有1354、1625、1515及1782个OTU。MRPOR独有的OTU数量最多(826),而MROR独有的OTU数量最少(590)。MR与MRPOR共有OTU最多(659),DR与MROR共有的OTU最少(500),结果表明,不同耕作模式下稻田土壤真菌组成存在差异,MR、MROR及MRPOR均增加了土壤真菌类群。

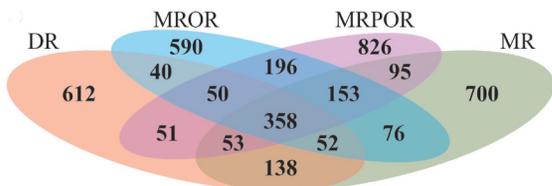


图3 不同耕作模式土壤真菌群落Venn图

Fig.3 Venn of soil fungi under different farming patterns

由图4可见,4个处理检测出的真菌门主要包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、

壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、接合菌门(Zygomycota)及分类地位不确定真菌(Unclassified fungi)。其中,子囊菌门(24.12%~31.77%)与担子菌门(7.07%~24.71%)为优势菌门,均为常见门类。与DR相比,MR、MROR、MRPOR子囊菌门与接合菌门的相对丰度均增加,壶菌门的相对丰度均降低;担子菌门的相对丰度在MRPOR处理中增加,而在MR及MROR处理中减少。

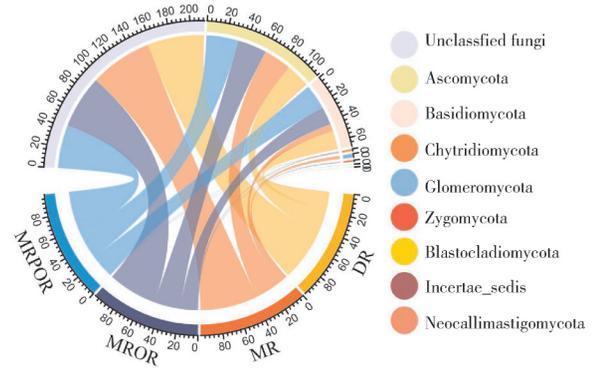


图4 不同耕作模式土壤真菌门水平群落组成

Fig.4 Composition of soil fungi phylum under different farming patterns

### 2.4 不同耕作模式下稻田土壤的真菌群落多样性

不同耕作模式下稻田土壤真菌群落的Alpha多样性指数如表2所示。其中Chao1和ACE表示菌群丰度,Shannon和Simpson表示菌群多样性,PD whole tree表示系统发育多样性,Coverage表示观察到的物种覆盖度。由表2可知,各处理覆盖度均达到99%以上,说明各样本测序深度合理。MROR与MRPOR的Shannon指数显著高于MR与DR,而Simpson指数正好相反。MRPOR的真菌丰富度及系统发育多样性均显著高于其他3个处理。

表2 不同耕作模式下土壤真菌群落的Alpha多样性指数  
Table 2 The fungi Alpha diversities of different genes among four farming patterns

处理 Treat- ments	Shannon	Simpson	ACE	Chao1	Coverage	PD whole tree
DR	2.837c	0.152b	662.039c	612.741b	0.996a	140.365b
MR	3.525b	0.211a	852.287a	736.224b	0.996a	133.102b
MROR	3.549a	0.072c	678.479c	677.524b	0.996a	132.764b
MRPOR	3.772a	0.056c	836.526b	793.570a	0.996a	156.257a

注:同列不同小写字母表示差异显著( $P < 0.05$ )。Note: Different lowercase letters represent significant differences ( $P < 0.05$ ).

## 2.5 不同耕作模式下稻田土壤的真菌丰度及群落结构与环境因子的相关性

对真菌丰度与环境因子进行 Pearson 相关性分析,结果表明真菌数量与 TK、pH、 $\text{NO}_3^-$ -N、水分含量的相关系数分别为 0.505、0.707、0.744、0.123,其中真菌丰度与 pH 及  $\text{NO}_3^-$ -N 呈现显著正相关 ( $P < 0.05$ );真菌数量与 SOM、TN、TP、 $\text{NH}_4^+$ -N 及作物产量的相关系数分别为 -0.341、-0.644、-0.388、-0.633 及 -0.123,其中真菌丰度与 TN 及  $\text{NH}_4^+$ -N 呈现极显著的负相关 ( $P < 0.01$ )。

由图 5 可见,环境因子对土壤真菌群落结构的解释量前 2 个排序轴分别为 43.59% 和 20.98%。从箭头长度可见, TN、 $\text{NH}_4^+$ -N、土壤含水量及作物产量与真菌群落结构分布相关性较好且均达到显著性水平 ( $P < 0.05$ )。其中土壤含水量对于不同耕作模式下真菌群落结构分布差异的解释率最高,为 39.5%,而 TK 解释率最低,为 10.4%。

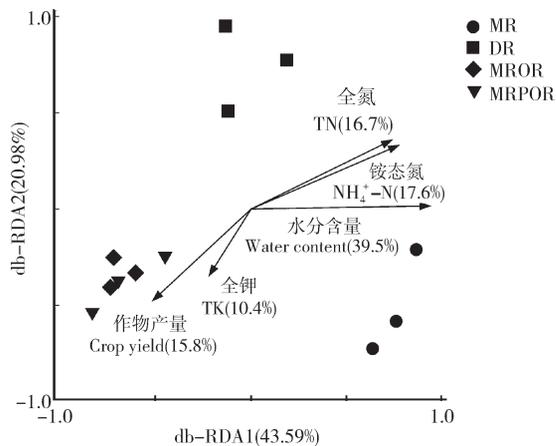


图 5 不同耕作模式土壤真菌群落结构的 db-RDA 图

Fig.5 db-RDA of soil fungi under different farming patterns

## 3 讨论

土壤微生物的群落结构是土壤生态环境的重要生物指标。本研究结果表明,双季稻转变为中稻-小白菜-油菜后土壤真菌的数量显著增加。通常 pH<sup>[15]</sup>、温度<sup>[16]</sup>、养分有效性<sup>[4]</sup>等被认为是影响真菌数量的关键环境因子。在本研究中,虽然 pH 与真菌丰度存在极显著的正相关关系,但 4 种稻田轮作模式之间 pH 值无明显差异 (5.13~5.38)。因此, pH 可能不是导致中稻-小白菜-油菜模式下真菌数量增加的因素。而土壤硝态氮也与真菌丰度呈显著正相关关系。造成这种现象的原因可能有以下两方面:其一,

相比双季稻,在长期施肥的情况下中稻-小白菜-油菜的土壤硝态氮含量比双季稻增加了近 1 倍,促进了微生物的代谢过程,这与周玉杰等<sup>[17]</sup>认为土壤养分是影响土壤真菌群落分布的重要因素的结论相一致;其二,相较双季稻,中稻-小白菜-油菜的水旱轮作处理下作物会分泌大量的单糖、多糖、氨基酸和有机酸等碳水化合物,为根际土壤真菌提供了碳源,促进了土壤真菌的繁殖<sup>[18]</sup>,特别是水旱轮作条件下,土壤处于好氧和厌氧活动反复交替状态,厌氧条件下有利于形成腐殖质,好氧条件下有利于产生  $\text{CO}_2$ ,进一步有利于形成团粒结构的土壤,而团粒结构有助于真菌类群的栖息繁殖<sup>[19]</sup>。但在本研究中双季稻转为中稻-油菜后,其土壤真菌数量却显著下降。原因是虽然中稻-小白菜-油菜与中稻-油菜均为水旱轮作处理,但是中稻-油菜比中稻-小白菜-油菜减少了 1 茬旱作,导致中稻-油菜植物残体数量低于中稻-小白菜-油菜。同时有研究表明,绝大多数的真菌为腐生性微生物,具有分解多种植物纤维素、木质素等难降解有机质的能力<sup>[20]</sup>。而植物残体作为腐生微生物主要营养物质,其数量的减少会直接导致真菌丰度的降低<sup>[21]</sup>。此外,本研究的物种注释结果也显示,子囊菌门 (24.12%~31.77%) 与担子菌门 (7.07%~24.71%) 为不同耕作模式下土壤中的主要真菌门类,二者均为腐生营养为主<sup>[6, 22]</sup>,也印证了我们的猜测。

本研究中,不同轮作模式显著改变了真菌的群落结构,这与张慧等<sup>[22]</sup>的研究结果相似。此外,双季稻转变为中稻及水旱轮作模式后真菌的 Shannon 多样性指数显著增加。双季稻转变为水旱轮作模式后,通常会使得土壤变得疏松,从而增加了土壤的透气性能,有利于真菌的多样性增加<sup>[23]</sup>。这表明,水旱轮作模式在提升土壤真菌群落多样性方面具有一定的优越性,这与阳祥等<sup>[8]</sup>对不同轮作模式下土壤真菌群落结构及功能特征的分析结果相一致,即不同耕作模式会引起土壤 pH、速效养分等土壤理化指标的改变,而这些土壤理化因子的改变又与真菌的群落组成密切相关。本研究表明土壤含水量是影响土壤真菌群落结构分布差异关键的环境因素,这与其他学者<sup>[24-26]</sup>探讨水分对真菌群落结构影响的结果一致,均认为水分含量是影响真菌的群落组成的关键因子。此外,子囊菌门 (Basidiomycota) 是不同耕作模式下的优势种群,其作为典型的陆生型真菌们更加适应土壤水分低及通气条件好的环境。土壤 TN、 $\text{NH}_4^+$ -N 及作物产量也是影响真菌群落结构分布差

异的关键影响因子。本研究表明调控不同耕作模式真菌群落结构的因素复杂多样,并不是由单一的环境因素决定真菌在不同耕作模式下的分布差异,而是各因素共同调控的结果。

不同耕作模式下稻田土壤理化性质的差异导致了土壤真菌丰度及群落结构的差异。其中双季稻转变为中稻-小白菜-油菜种植模式后增加了土壤的硝态氮含量,进而提高了真菌的丰度;而由于双季稻转变为单季稻或者水旱轮作种植模式后改变了土壤的水分含量,间接影响了真菌对土壤养分的利用,导致真菌群落结构发生改变。双季稻转换为单季稻或者水旱轮作过程中改善了土壤的养分状况,提高了真菌的丰度及多样性,这些结果有助于更好地选择科学的轮作模式以改善土壤微生物群落结构并提高土壤生产力。

## 参考文献 References

- [1] LIU J S, ZHANG X, WANG H, et al. Long-term nitrogen fertilization impacts soil fungal and bacterial community structures in a dryland soil of Loess Plateau in China [J]. *Journal of soils and sediments*, 2018, 18(4): 1632-1640.
- [2] 于淑玲. 腐生真菌在有机质分解过程中的作用研究进展 [J]. *河北师范大学学报(自然科学版)*, 2003, 27(5): 519-522. YU S L. A study of function that rot funguses have in the decomposition of organic matter [J]. *Journal of Hebei Normal Univesity (natural science)*, 2003, 27(5): 519-522 (in Chinese with English abstract).
- [3] BALOTA E L, COLOZZI FILHO A, ANDRADE D S, et al. Long-term tillage and crop rotation effects on microbial biomass and C and N mineralization in a Brazilian oxisol [J]. *Soil and tillage research*, 2004, 77(2): 137-145.
- [4] 曾曙才, 苏志尧, 陈北光, 等. VA 菌根真菌对植物养分吸收与传递的影响 [J]. *西南林学院学报*, 2005, 25(1): 72-75. ZENG S C, SU Z Y, CHEN B G, et al. Effects of VA mycorrhiza (VAM) on nutrient acquisition and transmission of plants [J]. *Journal of Southwest Forestry College*, 2005, 25(1): 72-75 (in Chinese with English abstract).
- [5] 徐静, 董宽虎, 高文俊, 等. 丛枝菌根真菌提高植物耐盐能力的作用机制 [J]. *草业与畜牧*, 2010(6): 5-8. XU J, DONG K H, GAO W J, et al. Mechanism of arbuscular mycorrhizal fungi in alleviation of salt stress [J]. *Prataculture & animal husbandry*, 2010(6): 5-8 (in Chinese with English abstract).
- [6] TEDERSOO L, BAHRAM M, PÖLME S, et al. Response to Comment on "Global diversity and geography of soil fungi" [J/OL]. *Science*, 2015, 349(6251): 936 [2022-03-24]. <https://doi.org/10.1126/science.aaa5594>.
- [7] BEHNKE G D, ZABALOY M C, RIGGINS C W, et al. Acidification in corn monocultures favor fungi, ammonia oxidizing bacteria, and nirK-denitrifier groups [J/OL]. *Science of the total environment*, 2020, 720: 137514 [2022-03-24]. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.137514>.
- [8] 阳祥, 李先德, 刘吉龙, 等. 不同轮作模式的土壤真菌群落结构及功能特征分析 [J]. *环境科学学报*, 2022, 42(4): 432-442. YANG X, LI X D, LIU J L, et al. Analysis on the structure and function of soil fungi community in different crop rotation modes [J]. *Acta scientiae circumstantiae*, 2022, 42(4): 432-442 (in Chinese with English abstract).
- [9] 苏婷, 韩海亮, 赵福成, 等. 水田、旱地与水旱轮作种植方式土壤微生物群落的差异 [J]. *浙江农业科学*, 2016, 57(2): 261-262. SU T, HAN H L, ZHAO F C, et al. Differences of soil microbial communities in paddy field, dry land and paddy-upland rotation cropping system [J]. *Journal of Zhejiang agricultural sciences*, 2016, 57(2): 261-262 (in Chinese).
- [10] LU H F, BAI Y, REN H, et al. Integrated emergy, energy and economic evaluation of rice and vegetable production systems in alluvial paddy fields: implications for agricultural policy in China [J]. *Journal of environmental management*, 2010, 91(12): 2727-2735.
- [11] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. *Soil and agricultural chemistry analysis* [M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000 (in Chinese).
- [12] SCHOCH C L, SEIFERT K A, HUHN DORF S, et al. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi [J]. *PNAS*, 2012, 109(16): 6241-6246.
- [13] ADAMS R I, MILETTO M, TAYLOR J W, et al. Dispersal in microbes: fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances [J]. *The ISME journal*, 2013, 7(7): 1262-1273.
- [14] NILSSON R H, LARSSON K H, TAYLOR A F S, et al. The UNITE database for molecular identification of fungi: handling dark taxa and parallel taxonomic classifications [J]. *Nucleic acids research*, 2019, 47(D1): 259-264.
- [15] ROUSK J, BÅÅTH E, BROOKES P C, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. *The ISME journal*, 2010, 4(10): 1340-1351.
- [16] COOKSON W R, OSMAN M, MARSCHNER P, et al. Controls on soil nitrogen cycling and microbial community composition across land use and incubation temperature [J]. *Soil biology and biochemistry*, 2007, 39(3): 744-756.
- [17] 周玉杰, 李建华, 张广宇, 等. 基于高通量测序的橡胶林土壤真菌多样性及群落组成分析 [J]. *南方农业学报*, 2018, 49(9): 1729-1735. ZHOU Y J, LI J H, ZHANG G Y, et al. Analysis of soil fungal diversity and community composition of rubber plantations based on high-throughput sequencing [J]. *Journal of southern agriculture*, 2018, 49(9): 1729-1735 (in Chinese with English abstract).
- [18] 徐国伟, 李帅, 赵永芳, 等. 秸秆还田与施氮对水稻根系分泌物及氮素利用的影响研究 [J]. *草业学报*, 2014, 23(2): 140-146. XU G W, LI S, ZHAO Y F, et al. Effects of straw returning and nitrogen fertilizer application on root secretion and nitrogen utilization of rice [J]. *Acta prataculturae sinica*, 2014, 23(2): 140-146 (in Chinese with English abstract).
- [19] 王楠, 潘小承, 王传宽, 等. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响 [J]. *环境科学*, 2020, 41(5): 2476-

2484. WANG N, PAN X C, WANG C K, et al. Effects of simulated acid rain on soil fungi diversity in the transition zone of mo-so bamboo and broadleaf forest[J]. *Environmental science*, 2020, 41(5):2476-2484(in Chinese with English abstract).
- [20] ZHANG X F, ZHAO L, XU S J, et al. Soil moisture effect on bacterial and fungal community in Beilu River (Tibetan Plateau) permafrost soils with different vegetation types[J]. *Journal of applied microbiology*, 2013, 114(4):1054-1065.
- [21] ROMANÍ A M, FISCHER H, MILLE-LINDBLOM C, et al. Interactions of bacteria and fungi on decomposing litter: differential extracellular enzyme activities [J]. *Ecology*, 2006, 87 (10) : 2559-2569.
- [22] 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. ZHANG H, MA L J, HANG X N, et al. Changes of soil bacterial and fungal diversity in paddy soils under different rotation patterns [J]. *Jiangsu journal of agricultural sciences*, 2018, 34(4):804-810(in Chinese with English abstract).
- [23] DEACON L J, JANIE PRYCE-MILLER E, FRANKLAND J C, et al. Diversity and function of decomposer fungi from a grassland soil[J]. *Soil biology and biochemistry*, 2006, 38(1):7-20.
- [24] 张立成,邵继海,林毅青,等.稻-稻-油菜轮作对土壤微生物活性和多样性的影响[J]. *生态环境学报*, 2017, 26(2):204-210. ZHANG L C, SHAO J H, LIN Y Q, et al. Influence of microbial diversity and activity of soil on the rice-rice-rape rotation [J]. *Ecology and environmental sciences*, 2017, 26(2):204-210(in Chinese with English abstract).
- [25] DE VRIES F T, GRIFFITHS R I, BAILEY M, et al. Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks [J/OL]. *Nature communications*, 2018, 9: 3033 [2022-03-24]. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-05516-7>.
- [26] MANZONI S, SCHIMEL J P, PORPORATO A. Responses of soil microbial communities to water stress: results from a meta-analysis[J]. *Ecology*, 2012, 93(4):930-938.

## Effects of farming patterns on abundance and community structure of fungi in paddy soils

XU Huifang<sup>1</sup>, WAN Ziwei<sup>1</sup>, SHENG Rong<sup>2</sup>, WEI Wenxue<sup>2</sup>, ZHANG Wenzhao<sup>2</sup>, HUANG Guoqin<sup>1</sup>

1. Center for Ecological Sciences, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China;  
2. Taoyuan Station of Agro-Ecology Research, Institute of Subtropical Agriculture, Chinese Academy of Sciences/Key Laboratory of Agro-Ecological Processes in Subtropical Regions, Changsha 410125, China

**Abstract** Four farming patterns including double rice (DR), middle rice (MR), middle rice-rape-seed rotation (MROR), and middle rice-pakchoi-rape-seed rotation (MRPOR) in a long-term (10 years) practices were selected to analyze the abundance and differences in community structure of fungi under different farming systems in China. The abundance and community composition of fungi in paddy soils were determined by real-time fluorescence quantitative PCR and high-throughput sequencing to analyze the differences in the abundance and community structure of fungi in soil under different farming patterns and their influencing factors. Results showed that MR, MROR and MRPOR had a significant influence on the abundance of fungi. MRPOR increased the abundance of fungi. The result of correlation analyses showed that nitrate nitrogen was significantly and positively correlated with the abundance of fungi. The crop rotation had a significant influence on the gene community structure of fungi in soil. The result of redundancy analyses showed that the content of soil water was the most significant factor affecting the community structure of fungi. In conclusion, the abundance, composition and diversity of communities of fungi in soil were different under different farming patterns of rice. The abundance of fungi was greatly affected by the content of nitrate nitrogen in soil under different farming patterns, and the community structure of fungi was mainly affected by the content of water in soil.

**Keywords** paddy field; soils; farming patterns; fungi; abundance; community structure; paddy-upland rotation field

(责任编辑:张志钰,赵琳琳)