中国生态农业学报(中英文)
Chinese Journal of Eco-Agriculture
中文核心期刊
中国科技核心期刊
中国精品科技期刊
百种中国杰出学术期刊
中国科学引文数据库源刊

黄土高原旱作麦田土壤真菌多样性对长期保护性耕作的响应

吕贝贝，张丽萍，张贵云，刘珍，范巧兰，姚众，常芳娟

引用本文:
吕贝贝, 张丽萍, 张贵云, 等. 黄土高原旱作麦田土壤真菌多样性对长期保护性耕作的响应[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, 29(7): 1215–1223.

在线阅读 View online: https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.200818

(向下翻页，阅读全文)

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

基于LSTM神经网络模拟的陇中黄土高原 沟壑区保护性耕作下土壤贮水量变化

Soil water storage under conservation tillage based on LSTM neural network simulation in the Loess Plateau Gully Region of central Gansu

中国生态农业学报(中英文). 2019, 27(8): 1226–1237 https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.180949

黄土高原旱地麦田26年免耕覆盖对土壤肥力及原核微生物群落多样性的影响

Effect of long–term no–tillage with stubble on soil fertility and diversity of prokaryotic microbiome in dryland wheat soils on the Loess Plateau, China

中国生态农业学报(中英文). 2019, 27(3): 358–368 https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.180604

冬小麦免耕覆盖与有机栽培对土壤微生物群落组成的影响

Effects of no–tillage, mulching and organic fertilization on soil microbial composition in winter wheat field

中国生态农业学报(中英文). 2019, 27(2): 267–276 https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.180583

长期保护性耕作对丛枝菌根真菌多样性的影响

Effect of long–term conservation tillage on arbuscular mycorrhizal fungi diversity

中国生态农业学报. 2018, 26(7): 1048–1055 https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.171119

华北平原缺水区保护性耕作技术

Conservation tillage technology for water–deficit areas in the North China Plain

中国生态农业学报. 2018, 26(10): 1537–1545 https://doi.org/10.13930/j.cnki.cjea.180615

中国生态农业学报(中英文) 2021 年 7 月 第 29 卷 第 7 期
Chinese Journal of Eco-Agriculture, Jul. 2021, 29(7): 1215−1223

DOI: 10.13930/j.cnki.cjea.200818

吕贝贝, 张丽萍, 张贵云, 刘珍, 范巧兰, 姚众, 常芳娟. 黄土高原旱作麦田土壤真菌多样性对长期保护性耕作的响应[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, 29(7): 1215−1223

LYU B B, ZHANG L P, ZHANG G Y, LIU Z, FAN Q L, YAO Z, CHANG F J. Response of soil fungal diversity to long-term conservation tillage in dryland wheat soils on the Loess Plateau, China[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2021, 29(7): 1215−1223

黄土高原旱作麦田土壤真菌多样性对长期保护性耕作的响应*

吕贝贝, 张丽萍, 张贵云**, 刘 珍, 范巧兰, 姚 众, 常芳娟

(山西农业大学棉花研究所 运城 044000)

摘 要: 农业管理实践会干扰土壤生态系统, 对土壤微生物特别是根系周围微生物产生不同影响, 保护性耕作被认为是对土壤扰动较小的耕作方式, 在全球范围内应用广泛, 但其可持续性受到了秸秆覆盖可能会增加土壤病原微生物的挑战, 对土壤微生物多样性的影响仍存在争议。因此, 为全面了解黄土高原旱作麦田长期保护性耕作对土壤生态系统的影响, 本研究依托山西省临汾市长达 27 年的保护性耕作试验平台, 采用高通量测序技术, 开展了土壤真菌群落结构和多样性对传统耕作(TT1)、免耕覆盖(NTS)、深松+免耕覆盖(SNTS)的响应分析。结果表明: 与 TT1 相比, NTS 和 SNTS 处理小麦根围土壤真菌组成及相对丰度发生了显著变化, NTS 处理出现了未知真菌类群; 各处理土壤真菌的主要优势菌门为子囊菌门、担子菌门和接合菌门; 从属水平物种分布热图可以看出, 与传统耕作相比, 该地区多年的保护性耕作会加大小麦赤霉病发生的风险; UPGMA(非加权组平均法)分析表明, 2 种保护性耕作土壤真菌群落组成相似; TT1 中具有显著差异的关键优势物种属担子菌门, NTS 和 SNTS 处理的属子囊菌门; NTS 处理土壤真菌丰富度和系统发育多样性最高, SNTS 处理土壤真菌多样性最高; 但土壤真菌多样性和丰富度指数在各处理间并无显著差异。综上, 长期保护性耕作显著改变了土壤真菌群落结构及组成, 提高了土壤真菌的丰富度和多样性, 但不存在显著差异。同时该地区多年的保护性耕作可能会加大小麦赤霉病发生的风险。本研究对黄土高原旱作麦田区推广保护性耕作及土壤管理具有一定的指导意义。

关键词: 保护性耕作; 小麦; 秸秆覆盖; 土壤真菌; 多样性; 高通量测序

中图分类号: S154.3 开放科学码(资源服务)标识码(OSID):

Response of soil fungal diversity to long-term conservation tillage in dryland wheat soils on the Loess Plateau, China*

LYU Beibei, ZHANG Liping, ZHANG Guiyun**, LIU Zhen, FAN Qiaolan, YAO Zhong, CHANG Fangjuan

(Cotton Research Institute, Shanxi Agricultural University, Yuncheng 044000, China)

Abstract: Different agricultural tillage practices create variable soil ecosystems that have different effects on soil microorganisms, especially those around the root system. Conservation tillage has numerous advantages and is used worldwide, but its sustainability has been challenged by the increase in soil pathogenic microorganisms caused by stubble mulching. To

* 山西省农业科学院农业科技创新研究课题(YGJPY1912, YCX2018D2YS09)资助

** 通信作者: 张贵云, 主要从事植物营养学和菌根学研究。E-mail: guiyunzhang@126.com

吕贝贝, 主要从事植物营养学和农作物病虫害综合治理等研究。E-mail: 1240651061@qq.com

收稿日期: 2020-10-12 接受日期: 2021-02-28

* This work was supported by the Agricultural Science and Technology Innovation Project of Shanxi Academy of Agricultural Sciences (YGJPY1912, YCX2018D2YS09).

** Corresponding author, E-mail: guiyunzhang@126.com

Received Oct. 12, 2020; accepted Feb. 28, 2021

better understand the effects of long-term conservation tillage on the soil ecosystems in the dryland wheat regions of the Loess Plateau, this study used data from a 27-year conservation tillage experimental platform in Linfen, Shanxi Province, and high-throughput sequencing technology to investigate the response of the soil fungal community structure and diversity to different tillage treatments, including traditional tillage (TT1), no-tillage with stubble (NTS), and no-tillage with stubble after subsoiling (SNTS). The results showed that there were considerable differences in the composition and relative abundances of soil fungi among three treatments, and the NTS treatment included some unidentified or unknown fungi. Ascomycota, Basidiomycota, and Zygomycota were the dominant phyla of soil fungi in each treatment. Compared with TT1, the relative abundances of Ascomycota, Zygomycota, Chytridiomycota, and Glomeromycota increased under the two conservation tillage treatments, whereas the relative abundance of Basidiomycota significantly decreased. According to the heat map of species distribution at the genus level, the relative abundances of *Gibberella* and *Fusarium* increased compared to TT1 treatment, and *Gibberella* was the dominant genus under the two conservation tillage treatments. This indicated that long-term conservation tillage may increase the risk of wheat scab in this area. UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic means) showed that the soil fungal community composition was similar between the two conservation tillage treatments, which differed from the TT1 treatment. The key biomarker in the TT1 treatment belonged to Basidiomycota, whereas the key biomarkers belonged to *Ascomycota* for the NTS and SNTS treatments. The NTS treatment had the highest richness and PD_whole_tree of soil fungi, whereas the SNTS treatment had the highest diversity. However, there were no significant differences in the diversity and richness indices of soil fungi among three treatments. In conclusion, long-term conservation tillage significantly changed the structure and composition of soil fungal communities, and improved the richness and diversity of soil fungi with no significant differences among three treatments. Conservation tillage (for 27 years) may also increase the risk of wheat scab. Therefore, to minimize soil pathogens, appropriate stubble mulching frequency, no-tillage, conventional tillage or subsoiling rotation, and moderate shallow tillage should be examined in future soil management and conservation tillage studies. This study provides guidance for promoting conservation tillage and soil management in the dryland wheat regions of the Loess Plateau.

Keywords: Conservation tillage; Wheat; Stubble mulching; Soil fungi; Diversity; High-throughput sequencing

土壤微生物作为陆地生态系统的关键组分[1]，在介导土壤有机质分解和养分循环方面发挥着核心作用，对决定土壤质量、农业和生态系统可持续性至关重要[2]。已有研究表明，耕作方式在影响土壤参数、土壤微生物群落结构以及微生物生物量等方面起重要作用[3-4]。真菌是土壤环境中的重要分解者，参与分解和循环土壤有机质和矿物质营养成分，包括木质素、纤维素、碳、氮等[5]。耕作可以通过破坏土壤团聚体和菌丝体网络，改变植物残体降解能力，并改变土壤微气候，在很大程度上影响土壤真菌群落结构[6]。

保护性耕作是一项旱地耕作技术，可通过秸秆覆盖、免耕或少耕等方式，将作物残茬和有机物质留在土壤表面，以保护土壤免受板结和侵蚀[7-8]。而传统耕作会对上层土壤造成物理破坏，从而形成物理特性和养分分布相对一致的均匀土层[3]。在我国北方旱作区，采用保护性耕作技术替代传统耕作，能够减少土壤扰动，改善土壤结构和稳定性，提高土壤肥力和持水能力，增加土壤微生物活性和多样性[9-12]。近年来，有关土壤微生物对耕作方式响应的研究受到了广泛关注，国内外有关保护性耕作对土壤微生物群落结构和多样性的影响已有诸多研究。我们在前期的研究结果[13]也表明，长期保护性耕作，尤其是免耕与深松作业相结合的保护性耕作方式，促进了土壤丛枝菌根真菌(AMF)向土壤深层发展，提高了土壤 AMF 的多样性。但是长期采用保护性耕作措施并非总是产生正效应。马璐璐等[14]研究发现，玉米(*Zea mays*)秸秆连年还田会引起小麦茎基腐病日益加重。Wang 等[15]研究发现，相比传统耕作，免耕秸秆覆盖显著提高了土壤真菌的丰富度，显著增加了两种病原菌[禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum*)和串珠镰刀菌(*Fusarium moniliforme*)]的丰度，说明长期保护性耕作可能会增加中国东北地区玉米根腐病的发生风险。保护性耕作现已在全球农业生产中大力推广和应用[16]，随之而来的经济和环境效益也越来越显著[17]。但是不同地区土壤真菌群落的变化并不完全一致，对耕作方式的响应尚有争议[18]，所产生的影响是正向还是负向并未明确。因此，目前尚不清楚保护性耕作如何以及是否有助于可持续农业，考虑到保护性耕作对于杂草和病虫害控制的潜在负面影响[19]，为更好地了解黄土高原旱作麦田农业实践对土壤生态系统的影响，以及长期保护性耕作介导土壤微生物群落的机制，本研究采用高通量测序方法，监测黄土高原旱作麦田不同耕作方式下土壤真菌群落结构的变化，以期为选择并建立合理的保护性耕作制度提供理论支撑。

1　材料与方法

1.1　试验区概况

本研究于 2019 年在山西省临汾市尧都区城隍村(36°01′N, 111°37′E, 海拔 555 m)进行, 所依托的保护性耕作体系长期定位试验始于 1992 年。该区域属黄土高原, 年均气温 12.2 ℃, 0 ℃以上积温 4600 ℃, 无霜期 195 d, 年均地温 13.8 ℃。年均降水量 515.7 mm, 且均集中在 7—9 月份; 年均蒸发量 1933.1 mm。试验区土壤为碳酸盐褐土, 种植制度为长期单一种植冬小麦(*Triticum aestivum*)。试验区无灌溉条件, 作物生长依靠自然降水。试验期间平均气温较常年偏高 1.2 ℃, 降水量偏少 44.0 mm。

1.2　试验设计

试验依托长达 27 年(始于 1992 年)的保护性耕作试验平台, 选择传统耕作(TT1)、免耕覆盖(NTS)、连续深松覆盖 4 年后免耕覆盖(SNTS) 3 种耕作处理方式(表 1)。每个处理 3 次重复, 小区面积为 600 m^2。供试小麦品种为‘长 6359’, 播种量 120 $kg·hm^{-2}$, 2018 年 9 月 23 日播种。试验田化肥使用量尿素为 225 $kg·hm^{-2}$, 磷酸二铵为 150 $kg·hm^{-2}$。

表 1　不同耕作处理方式描述
Table 1　Description of different tillage treatments

代号 Code	处理 Treatment	耕作方式 Tillage practices
TT1	传统耕作 Traditional tillage	小麦收获后用铧式犁耕翻(深度约 25 cm), 无秸秆覆盖, 播前旋耕(深度约 15 cm)整地 After the wheat was harvested, and straws were removed, the soil was ploughed (about 25 cm deep) by using a mold board plow, followed by the application of a rotavator (about 15 cm deep) before sowing.
NTS	免耕覆盖 No-tillage with stubble	全年不耕作, 播种时用免耕播种机一次性完成施肥和播种, 收获后将小区秸秆粉碎全覆盖 No tillage all year round, no-tillage seeder was used to complete fertilization and sowing at one time; after the wheat was harvested, the soil was covered with straws.
SNTS	深松+免耕覆盖 No-tillage with stubble after subsoiling	采用深松机连续深松覆盖 4 年(深度约 40 cm)后, 进行长期免耕覆盖处理 The soil was continuously subsoiled (about 40 cm deep) by using a subsoiler for 4 years, followed by the long-term no-tillage with straws covering.

1.3　土样采集与测定分析

于 2019 年 5 月 6 日(小麦灌浆期)采集小麦根围土样。每小区五点法取样, 去掉表土, 用土钻从 0~20 cm 土层采集小麦根部周围 0~5 cm 范围土壤, 每点采集 3 份土样, 除去砂石、根系等杂物, 混匀后装入 10 mL 塑料离心管中, 低温条件下带回实验室, 保存于–80 ℃冰箱中, 用于分析土壤真菌群落结构。

土壤总 DNA 的提取及 PCR 扩增: 土壤微生物基因组总 DNA 的提取采用试剂盒进行。采用引物 ITS5-1737F (5′-GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG-3′)和 ITS2-2043R (5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′)对土壤真菌 ITS1 区 rRNA 基因进行扩增。30 μL PCR 反应体系: Phusion Master Mix (New England Biolabs, 2×) 15 μL, Primer (2 $μmol·L^{-1}$) 3 μL, Genomic DNA (1 $ng·μL^{-1}$) 10 μL, dd H_2O 2 μL。PCR 反应条件为: 98 ℃ 1 min; 98 ℃ 10 s, 50 ℃ 30 s, 72 ℃ 30 s, 共 30 个循环; 72 ℃ 5 min。每个样本重复 3 次, PCR 产物使用 2%浓度的琼脂糖凝胶进行电泳检测, 对目的条带使用 qiagen 公司提供的胶回收试剂盒回收产物。使用 TruSeq® DNA PCR-Free Sample Preparation Kit 建库试剂盒进行文库构建, 构建好的文库经过 Qubit 和 Q-PCR 定量, 文库合格后, 使用 Illumina 公司的 HiSeq 2500 进行上机测序。土壤真菌总 DNA 的提取及测序由北京诺禾致源科技股份有限公司完成。

1.4　生信和统计学分析

测序得到的原始数据经过拼接、质控、嵌合体过滤, 得到有效序列, 将相似度≥97%的有效序列进行 OTU 聚类, 采用软件 RDP classifier 对序列进行分类注释。使用 R 语言绘制样品物种组成 Venn 图、相对丰度柱状图和聚类热图。以 Unweighted Unifrac 距离矩阵构建 UPGMA(非加权组平均法, unweighted pair-group method with arithmetic means)样品聚类树并将聚类结果与各样品在门水平上的物种相对丰度整合。选用 LEfSe 统计分析方法对样本间真菌多样性差异进行显著性检验。使用 QIIME 软件分析样品的 Alpha 多样性, 计算真菌的 Chao1、ACE、Shannon、Simpson、PD_whole_tree、Good’s-coverage 等。采用 WPS 表格整理数据, SPSS 20.0 进行单因素方差分析, 并用 Duncan 法进行多重比较。

2　结果与分析

2.1　不同耕作方式土壤真菌物种组成

如图 1A 所示, 不同耕作方式对土壤真菌 OTU 有明显影响。3 个处理共产生 2161 个 OTU, 其中共有的 677 个, 占总 OTU 数量的 31.33%。TT1、NTS 和 SNTS

分别具有 1200、1416 和 1432 个 OTU。SNTS 独有的 OTU 最多, TT1 独有的 OTU 最少。TT1 和 SNTS 共有的 OTU 最少(804 个), NTS 和 SNTS 共有的 OTU 最多(949 个)。结果表明, 3 个处理真菌物种组成存在差异, 免耕和深松免耕增加了土壤真菌类群。

由图 1B 可知, 3 个处理检测出的真菌门主要包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、接合菌门(Zygomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)和球囊菌门(Glomeromycota)。NTS 处理检测出了分类地位不确定真菌。其中, 子囊菌门(58.02%~71.03%)、担子菌门(19.34%~33.02%)、接合菌门(7.64%~15.92%)为优势菌门, 均为常见门类。与 TT1 相比, NTS 和 SNTS 子囊菌门、接合菌门、壶菌门和球囊菌门真菌相对丰度增加, 担子菌门相对丰度减少。

属水平上, 选取不同耕作处理丰度排名前 35 的真菌属绘制热图(图 2)。由图 2 可知, TT1 中端梗孢属(*Acrophialophora*, 10.46%)和被孢霉属(*Mortierella*, 3.88%)为优势属, NTS 中赤霉菌属(*Gibberella*, 5.60%)和镰刀菌属(*Fusarium*, 3.38%)为优势属, SNTS 中漆斑菌属(*Myrothecium*, 8.06%)和赤霉菌属(7.64%)为优势属。与 TT1 相比, NTS 和 SNTS 导致漆斑菌属、赤霉菌属、圆盘菌属(*Orbilia*)、核腔菌属(*Pyrenophora*)、枝孢属(*Cladosporium*)、镰刀菌属、花冠菌属(*Corollospora*)、链格孢属(*Alternaria*)相对丰度增加, 端梗孢属、被孢霉属相对丰度减少。

对 3 个处理的土壤真菌相似性进行 UPGMA 聚类分析(图 3)。由图 3 可知, 不同耕作处理真菌群落组成可分为两大类, NTS 和 SNTS 处理在聚类关系上具有高度趋同性, 表明 NTS 和 SNTS 群落组成最接近。

2.2 不同耕作方式土壤真菌群落的多样性分析

LEfSe 分析中, 选择 LDA Score 大于 3.5 的差异物种进行柱状图展示(图 4A), 柱状图的长度代表差异显著物种的影响大小。由图 4A 可知, TT1 中具有显著差异的关键优势物种(即 Biomarker)分别为 1 个纲、1 个目、1 个科, 均属担子菌门。NTS 中的 Biomarker 是 1 个种, 属子囊菌门。SNTS 中的 Biomarker 是 1 个科, 也属子囊菌门。在图 4B 进化分支图中, 小圆圈直径大小与相对丰度大小呈正比, 黄色代表无显著差异的物种, 有显著差异的物种跟随处理进行着色, 红色、绿色、蓝色节点分别代表在 NTS、SNTS、TT1 中起到重要作用的微生物类群。由图 4B 可知, 担子菌门的银耳科(Tremellale)和子囊菌门的柔膜菌科(Helotiaceae)是影响各处理土壤真菌群落显著变化的 Biomarker。

不同耕作方式土壤真菌群落的 Alpha 多样性指数如表 2 所示。其中 observed_species 代表观察到的物种数, Chao1 和 ACE 代表菌群丰度, Shannon 和 Simpson 代表菌群多样性, PD_whole_tree 代表系统发育多样性, Good's-coverage 代表测序深度。由表 2 可知, 各处理文库覆盖率均在 99%以上, 说明各样本测序深度合理。NTS 处理土壤真菌丰富度和系统发育多样性大于 TT1 和 SNTS, SNTS 处理土壤真菌多样性大于 TT1 和 NTS, 各处理间差异不显著。结果表明, 免耕和深松免耕能不同程度提高土壤真菌群落的丰富度和多样性, 但均未产生显著影响。

3 讨论

3.1 保护性耕作对土壤真菌群落组成的影响

土壤耕作会影响微生物群落, 促进或者抑制重要的生态过程, 影响土壤可持续性利用[20-21]。本研究结果表明, 与传统耕作相比, 长期保护性耕作小麦根围土壤真菌组成及相对丰度发生了显著变化, 出现一些类群相对丰度增加或减少的现象, NTS 处理出现了新的真菌类群。在本研究中, 3 种耕作方式土壤真菌群落中子囊菌门、担子菌门、接合菌门均为优势菌门, 这与 Wang 等[15]的研究结果基本一致。其中相对丰度最高的真菌门为子囊菌门, 是农业土壤中最大的真菌类群, 受植物种类和秸秆残留降解影响较大, 其丰度随着养分添加而增加[22], 许多是重要的植物病原物[23]。而担子菌门的相对丰度随保护性耕作制度的实施而降低的原因, 可能是担子菌门可在厌氧环境下降解木质素及纤维素[24], 传统耕作土壤中的残留物可能有较高的木质素含量[5]。UPGMA 结果表明, NTS 和 SNTS 的群落结构较为相似, 与 TT1 的差异较大, 表明长期进行免耕覆盖和深松+免耕覆盖土壤真菌群落已基本趋为一致, 这与张贵云等[25]对该地区原核微生物群落多样性的研究结果相一致。本研究中 TT1 处理中具有显著差异的关键优势物种均属担子菌门, NTS 和 SNTS 的均属子囊菌门, 也与上述结论相吻合。冯翠娥等[26]认为, 接合菌门会引发植物病害, 破坏生物多样性。本研究结果发现采用保护性耕作土壤中的接合菌门增加, 可能是秸秆还田中未经处理的小麦病残体增加了土壤病原菌的数量[27]。

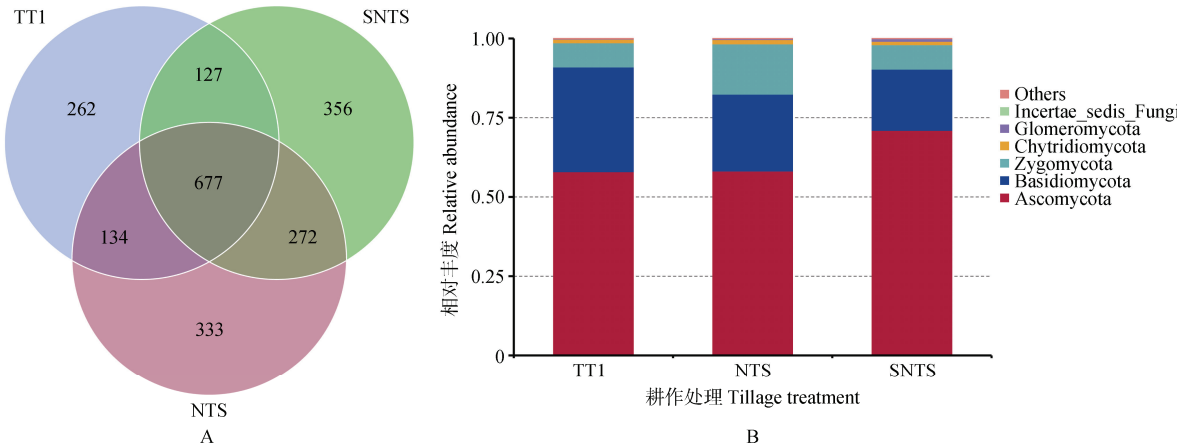

图 1　不同耕作方式下土壤真菌 Venn 图(A)和门水平上的组成及相对丰度(B)

Fig. 1　OTUs Venn (A) and community composition and relative abundance at phylum level (B) of soil fungi under different tillage treatments

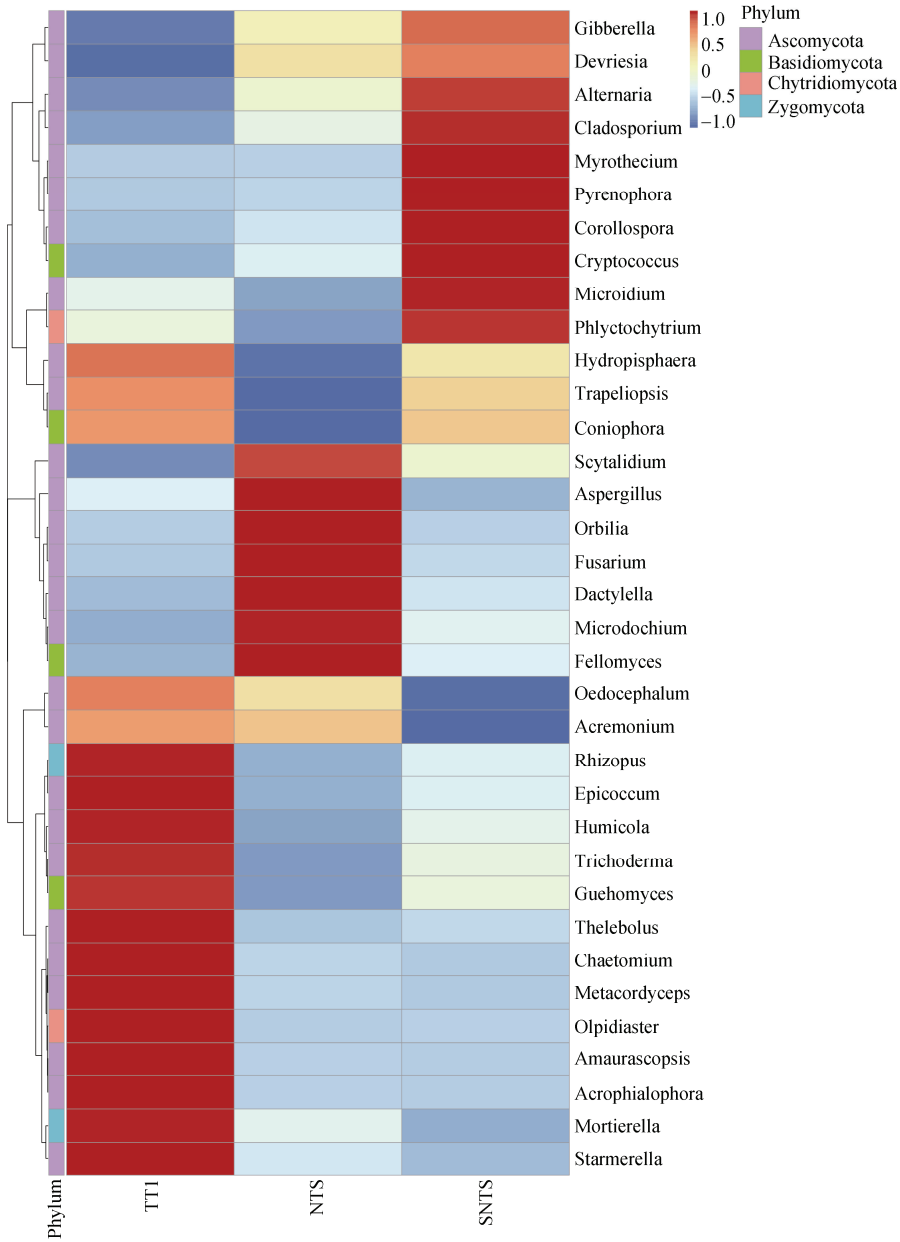

图 2　不同耕作方式下属水平上土壤真菌群落组成热图

Fig. 2　Heat map of soil fungal community composition at genus level under different tillage treatments

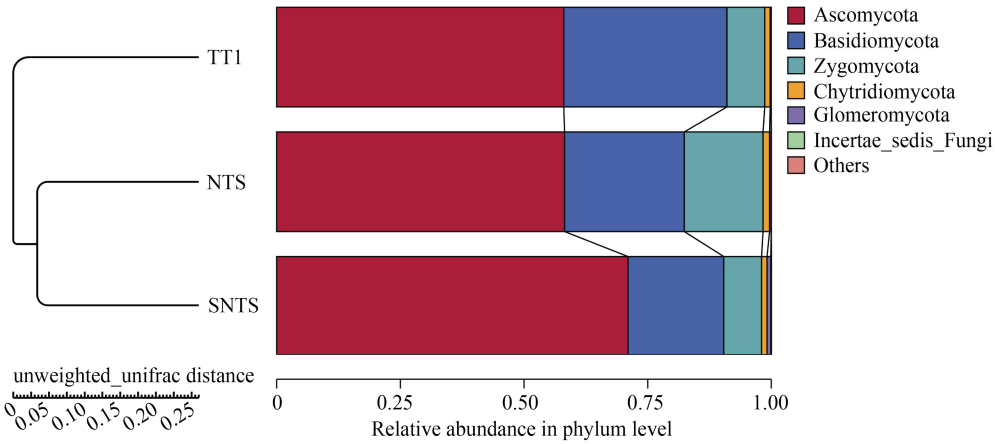

图 3　不同耕作方式下土壤样品相似性聚类树

Fig. 3　Similarity tree of soil fungal community under different tillage treatments

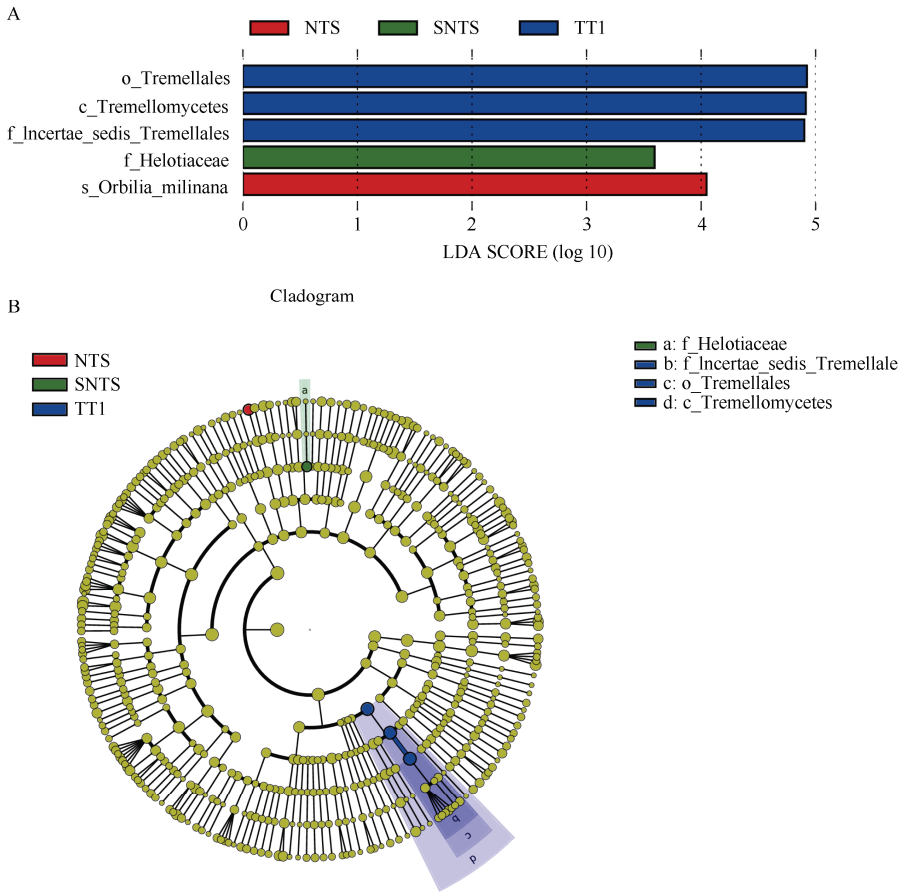

图 4　不同耕作方式下土壤真菌 LEfSe 分析的柱状图(A)(LDA 值>3.5)和进化分支图(B)

Fig. 4　Histogram (A) (LDA score>3.5) and cladogram (B) based on LEfSe analysis of soil fungal community under different tillage treatments

表 2　不同耕作方式下土壤真菌群落的 Alpha 多样性指数

Table 2　Alpha diversity indexes of soil fungal community under different tillage treatments

处理 Treatment	观察到的物种数 Observed_species	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	Shannon 指数 Shannon index	Simpson 指数 Shannon index	系统发育多样性 PD_whole_tree	覆盖率 Good's-coverage
TT1	708.333±92.921a	1137.056±86.118a	938.434±123.043a	5.520±0.033a	0.937±0.002a	245.058±39.153a	0.996±0.000b
NTS	854.667±135.721a	1350.146±114.958a	1165.563±117.761a	5.801±0.618a	0.946±0.022a	302.877±65.031a	0.995±0.000a
SNTS	827.333±130.328a	1272.362±126.977a	1040.475±170.083a	5.864±0.451a	0.946±0.022a	299.676±57.102a	0.996±0.000b

同列不同小写字母表示 P<5%水平差异显著(P<0.05)。Different lowercase letters in the same column indicate significant differences at P<0.05 level.

保护性耕作的关键要素之一是管理农作物残留物, 使作物病害最小化[28]。土壤表面残留的作物残茬是后续作物某些病害的潜在接种源[29]。近年来, 秸秆还田和免耕等保护性耕作措施的推广应用, 为病原菌的生长、繁殖和积累提供了适宜的条件, 导致小麦土传病害的发生日益严重[30-31]。小麦赤霉病是小麦的主要病害之一, 其病原菌是一种子囊菌, 无性型是禾谷镰孢(*Fusarium graminearum*), 有性型是玉蜀黍赤霉(*Gibberella zeae*)[32]。本研究结果表明, 属水平上, 与传统耕作相比, 两种保护性耕作方式中赤霉菌属相对丰度增加, 且均为优势属。同时镰刀菌属相对丰度相较传统耕作也有所增加。说明该地区多年的保护性耕作会加大小麦赤霉病发生的风险。

3.2　保护性耕作对土壤真菌多样性的影响

保护性耕作能够为土壤微生物的生长繁殖创造有利的环境条件。在免耕和少耕系统中, 土壤表面的作物残茬比传统耕作更多, 从而增加了碳底物利用率, 提高了表层土壤微生物的生物量[33]。此外, 土壤真菌是以菌丝的形式生长, 对物理干扰非常敏感, 保护性耕作由于减少了土壤扰动, 因而比传统耕作更有利于真菌形成能够捕获和运输营养物质的完整菌丝网络[31]。Li 等[34]对 1980—2018 年间有关土壤微生物种群、群落结构及多样性变化对保护性耕作措施响应的多项研究进行了 meta 分析, 结果表明少耕加留茬覆盖增加了土壤微生物数量和真菌多样性, 但总体而言, 耕作对微生物多样性和群落结构的影响依赖于所处环境。Degrune 等[35]研究表明, 传统耕作下的土壤多样性高于少耕, 且作物残茬对微生物多样性没有影响。Li 等[18]也通过 meta 分析认为真菌受干扰的影响较小, 免耕对细菌多样性有显著影响, 但对真菌群落多样性无显著影响。本研究发现, NTS 处理土壤真菌丰富度和系统发育多样性最高, SNTS 处理土壤真菌多样性最高。可能是因为物种的多样性是由丰富度和均匀度综合评价的, 会因二者所占比重而不同[36]。虽然本研究中长期保护性耕作较传统耕作相比土壤真菌的丰富度和多样性增加, 但均未产生显著影响。一方面可能是因为黄土高原独特的气候和土壤条件, 而且本研究是建立在长期避免外源物质输入的基础上, 土壤内部环境可能已经稳定下来[37]; 另一方面可能是在整个耕作层的单一深度取样(0~20 cm)会掩盖土壤真菌群落多样性的差异[38]。

4　结论

本研究采用高通量测序技术, 对黄土高原旱地麦田多年不同耕作土壤真菌群落进行研究, 发现长期保护性耕作显著改变了土壤真菌群落结构及组成, 提高了土壤真菌的丰富度和多样性, 但不存在显著差异。同时该地区多年的保护性耕作会加大小麦赤霉病发生的风险。因此, 在今后的土壤管理及保护性耕作推广中, 为缓解土壤压实及最小化病害, 应研究合适的秸秆还田频率、免耕与传统耕作或深耕轮作[39]以及适度的浅耕。

参考文献　References

[1] 蒋婧, 宋明华. 植物与土壤微生物在调控生态系统养分循环中的作用[J]. 植物生态学报, 2010, 34(8): 979–988
JIANG J, SONG M H. Review of the roles of plants and soil microorganisms in regulating ecosystem nutrient cycling[J]. Chinese Journal of Plant Ecology, 2010, 34(8): 979–988

[2] ESSEL E, XIE J H, DENG C C, et al. Bacterial and fungal diversity in rhizosphere and bulk soil under different long-term tillage and cereal/legume rotation[J]. Soil and Tillage Research, 2019, 194: 104302

[3] KRAUT-COHEN J, ZOLTI A, SHALTIEL-HARPAZ L, et al. Effects of tillage practices on soil microbiome and agricultural parameters[J]. Science of the Total Environment, 2020, 705: 135791

[4] HUNGRIA M, FRANCHINI J C, BRANDÃO-JUNIOR O, et al. Soil microbial activity and crop sustainability in a long-term experiment with three soil-tillage and two crop-rotation systems[J]. Applied Soil Ecology, 2009, 42(3): 288–296

[5] WANG Z T, CHEN Q, LIU L, et al. Responses of soil fungi to 5-year conservation tillage treatments in the drylands of Northern China[J]. Applied Soil Ecology, 2016, 101: 132–140

[6] SCHLATTER D C, SCHILLINGER W F, BARY A I, et al. Biosolids and conservation tillage: Impacts on soil fungal communities in dryland wheat-fallow cropping systems[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, 115: 556–567

[7] PEIGNÉ J, VIAN J F, PAYET V, et al. Soil fertility after 10 years of conservation tillage in organic farming[J]. Soil and Tillage Research, 2018, 175: 194–204

[8] KLIK A, ROSNER J. Long-term experience with conservation tillage practices in Austria: Impacts on soil erosion processes[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 203: 104669

[9] COOPER R J, HAMA-AZIZ Z Q, HISCOCK K M, et al. Conservation tillage and soil health: Lessons from a 5-year UK farm trial (2013−2018)[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 202: 104648

[10] GU S Y, WU S, GUAN Y P, et al. Arbuscular mycorrhizal fungal community was affected by tillage practices rather than residue management in black soil of northeast China[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 198: 104552

[11] WANG Z T, LI T, LI Y Z, et al. Relationship between the microbial community and catabolic diversity in response to conservation tillage[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 196: 104431

[12] WILLIAMS A, JORDAN N R, SMITH R G, et al. A regionally-adapted implementation of conservation agriculture delivers rapid improvements to soil properties associated with crop yield stability[J]. Scientific Reports, 2018, 8: 8467

[13] 张贵云, 张丽萍, 魏明峰, 等. 长期保护性耕作对丛枝菌根真菌多样性的影响[J]. 中国生态农业学报, 2018, 26(7): 1048–1055
ZHANG G Y, ZHANG L P, WEI M F, et al. Effect of long-term conservation tillage on arbuscular mycorrhizal fungi diversity[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2018, 26(7): 1048–1055

[14] 马璐璐, 闫翠梅, 冯彩莲, 等. 玉米秸秆还田对假禾谷镰刀菌及小麦茎基腐病化感效应的模拟研究[J]. 河北农业大学学报, 2019, 42(3): 38–44
MA L L, YAN C M, FENG C L, et al. Simulation study on allelopathic effects of corn straw returning on *Fusarium pseudograminearum* and wheat crown rot[J]. Journal of Hebei Agricultural University, 2019, 42(3): 38–44

[15] WANG H H, GUO Q C, LI X, et al. Effects of long-term no-tillage with different straw mulching frequencies on soil microbial community and the abundances of two soil-borne pathogens[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 148: 103488

[16] 王小玲, 马琨, 伏云珍, 等. 免耕覆盖及有机肥施用对土壤真菌群落组成及多样性的影响[J]. 应用生态学报, 2020, 31(3): 890–898
WANG X L, MA K, FU Y Z, et al. Effects of no-tillage, mulching, and organic fertilization on soil fungal community composition and diversity[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2020, 31(3): 890–898

[17] CHIMSAH F A, CAI L Q, WU J, et al. Outcomes of long-term conservation tillage research in Northern China[J]. Sustainability, 2020, 12(3): 1062

[18] LI Y, SONG D P, LIANG S H, et al. Effect of no-tillage on soil bacterial and fungal community diversity: a meta-analysis[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 204: 104721

[19] HYDBOM S, OLSSON P A. Biochemical signatures reveal positive effects of conservation tillage on arbuscular mycorrhizal fungi but not on saprotrophic fungi and bacteria[J]. Applied Soil Ecology, 2021, 157: 103765

[20] CARNEIRO M A C, DE ASSIS P C R, PAULINO H B, et al. Diversity of arbuscular mycorrhizal fungi and *Nematodes* in a 14 years no-tillage chronosequence[J]. Rhizosphere, 2019, 10: 100149

[21] SOUZA R C, CANTÃO M E, NOGUEIRA M A, et al. Outstanding impact of soil tillage on the abundance of soil hydrolases revealed by a metagenomic approach[J]. Brazilian Journal of Microbiology, 2018, 49(4): 723–730

[22] SOMENAHALLY A, DUPONT J I, BRADY J, et al. Microbial communities in soil profile are more responsive to legacy effects of wheat-cover crop rotations than tillage systems[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 123: 126–135

[23] 韩召军. 植物保护学通论[M]. 北京: 高等教育出版社, 2001
HAN Z J. General Theory of Plant Protection[M]. Beijing: Higher Education Press, 2001

[24] BLACKWOOD C B, WALDROP M P, ZAK D R, et al. Molecular analysis of fungal communities and laccase genes in decomposing litter reveals differences among forest types but no impact of nitrogen deposition[J]. Environmental Microbiology, 2007, 9(5): 1306–1316

[25] 张贵云, 吕贝贝, 张丽萍, 等. 黄土高原旱地麦田 26 年免耕覆盖对土壤肥力及原核微生物群落多样性的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2019, 27(3): 358–368
ZHANG G Y, LYU B B, ZHANG L P, et al. Effect of long-term no-tillage with stubble on soil fertility and diversity of prokaryotic microbiome in dryland wheat soils on the Loess Plateau, China[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2019, 27(3): 358–368

[26] 冯翠娥, 岳思君, 简阿妮, 等. 硒砂瓜连作对土壤真菌群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2019, 27(4): 537–544
FENG C E, YUE S J, JIAN A, et al. The effect of continuous cropping of selenium melon on soil fungal community structure[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2019, 27(4): 537–544

[27] 马书芳, 朱德慧, 曹辉辉, 等. 秸秆全量还田对农作物病虫害的影响及防控对策[J]. 中国植保导刊, 2016, 36(7): 75–77
MA S F, ZHU D H, CAO H H, et al. Effects and control of total straw returning on crop diseases and pests[J]. China Plant Protection, 2016, 36(7): 75–77

[28] HE J, LI H W, WANG Q J, et al. The adoption of conservation tillage in China[J]. Annals of the New York Academy of Sciences, 2010, 1195(Suppl 1): E96–E106

[29] QI Y Z, ZHEN W C, LI H Y. Allelopathy of decomposed maize straw products on three soil-born diseases of wheat and the analysis by GC-MS[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2015, 14(1): 88–97

[30] FLOWER K C, HÜBERLI D, COLLINS S J, et al. Progression of plant-parasitic *Nematodes* and foliar and root diseases under no-tillage with different crop rotations[J]. Soil and Tillage Research, 2019, 191: 18–28

[31] WANG H H, LI X, LI X, et al. Long-term no-tillage and different residue amounts alter soil microbial community composition and increase the risk of maize root rot in northeast China[J]. Soil and Tillage Research, 2020, 196: 104452

[32] GENG Z Y, ZHU W, SU H, et al. Recent advances in genes involved in secondary metabolite synthesis, hyphal development, energy metabolism and pathogenicity in *Fusarium graminearum* (teleomorph *Gibberella Zeae*)[J]. Biotechnology Advances, 2014, 32(2): 390–402

[33] CHEN H H, DAI Z M, VEACH A M, et al. Global meta-analyses show that conservation tillage practices promote soil fungal and bacterial biomass[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2020, 293: 106841

[34] LI Y, ZHANG Q P, CAI Y J, et al. Minimum tillage and residue retention increase soil microbial population size and

diversity: Implications for conservation tillage[J]. Science of the Total Environment, 2020, 716: 137164

[35] DEGRUNE F, THEODORAKOPOULOS N, DUFRÊNE M, et al. No favorable effect of reduced tillage on microbial community diversity in a silty loam soil (Belgium)[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2016, 224: 12–21

[36] 曹辉, 李燕歌, 周春然, 等. 炭化苹果枝对苹果根区土壤细菌和真菌多样性的影响[J]. 中国农业科学, 2016, 49(17): 3413–3424
CAO H, LI Y G, ZHOU C R, et al. Effect of carbonized apple branches on bacterial and fungal diversities in apple root-zone soil[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2016, 49(17): 3413–3424

[37] HAO J Q, LIN Y, REN G X, et al. Comprehensive benefit evaluation of conservation tillage based on BP neural network in the Loess Plateau[J]. Soil and Tillage Research, 2021, 205: 104784

[38] LI M, HE P, GUO X L, et al. Fifteen-year no tillage of a Mollisol with residue retention indirectly affects topsoil bacterial community by altering soil properties[J]. Soil and Tillage Research, 2021, 205: 104804

[39] SUN L, LI J, WANG Q, et al. The effects of eight years of conservation tillage on the soil physicochemical properties and bacterial communities in a rain-fed agroecosystem of the loess plateau, China[J]. Land Degradation & Development, 2020, 31(16): 2475–2489