黾方知库
Eco-Environmental Knowledge Web

环境科学
ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

$PM_{2.5}$和O_3污染协同防控区的遥感精细划定与分析
李沈鑫，邹滨，张凤英，刘宁，薛琛昊，刘婧

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社

2022年10月
第43卷 第 10 期
Vol.43 No.10

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第43卷 第10期
2022年10月15日

目 次

Eco-Environmental Knowledge Web

环 境 科 学
Environmental Science

第43卷第10期 2022年10月
Vol.43,No.10 Oct.,2022

长期秸秆还田对潮土真菌群落、酶活性和小麦产量的影响

马垒[1], 李燕[1], 魏建林[1], 李子双[2], 周晓琳[2], 郑福丽[1], 吴小宾[1], 王利[1], 刘兆辉[1 *], 谭德水[1 *]

(1. 山东省农业科学院农业资源与环境研究所, 农业农村部废弃物基质化利用重点实验室, 济南 250100; 2. 德州市农业科学研究院, 德州 253015)

摘要:为了研究秸秆还田对黄淮海平原潮土真菌群落的影响,开展连续 10 a 田间定位试验,设置不施肥(NF)、单施化肥(NPK)和秸秆还田配施化肥(NPKS)这 3 个处理,通过网络分析和结构方程模型,揭示真菌群落对土壤肥力、酶活性和小麦产量的影响机制. 结果发现,NPKS 处理土壤有机质(SOM)较 NPK 处理和 NF 处理分别升高 9.20% 和 34.75%,碱解氮(AN)升高 12.03% 和 39.17%,脱氢酶(DHA)升高 37.21% 和 50.91%, β-葡糖苷酶(β-GC)升高 17.29% 和 73.48%,小麦增产 16.22% 和 125.53%. 不同施肥处理真菌 α-多样性并未发生显著变化,却导致 β-多样性出现明显分异. 冗余分析表明,速效磷(AP)、SOM 和 AN 是潮土真菌群落组成变化的主要调控因素. 差异物种分析表明,NF 处理富集了 *Mortierella*、*Aspergillus*、*Ceriporia* 和 *Acremonium* 等具有溶磷/解钾功能的物种,以及 *Leohumicola* 和 *Hyalodendriella* 等植物共生菌; NPK 处理中 *Sarocladium*、*Fusarium* 和 *Fusicolla* 等植物病原菌丰度显著升高; NPKS 处理则激发了 *Pseudogymnoascus* 和 *Schizothecium* 等抑病菌生长,并提高 *Trichocladium* 和 *Lobulomyces* 等秸秆降解物种丰度. 网络分析发现整个网络由 4 个主要模块组成,其中模块 2 物种累积丰度在 NPKS 处理显著升高,且与 DHA 和 β-GC 呈线性正相关关系. 结构方程模型结果进一步表明小麦产量主要受 SOM 直接正向调控,而模块 2 物种可通过正向调节 DHA 和 β-GC,间接影响 SOM 和小麦产量. 综上所述,黄淮海平原潮土区秸秆还田可通过调节真菌种间互作关系,刺激特定物种集群生长,抑制病原菌活性,提高土壤酶活性,促进 SOM 累积,最终获得作物高产.

关键词:长期定位试验; 秸秆还田; 土壤酶活性; 真菌群落; 网络分析

中图分类号: X171.1 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2022)10-4755-10 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202201210

Effects of Long-term Straw Returning on Fungal Community, Enzyme Activity and Wheat Yield in Fluvo-aquic Soil

MA Lei[1], LI Yan[1], WEI Jian-lin[1], LI Zi-shuang[2], ZHOU Xiao-lin[2], ZHENG Fu-li[1], WU Xiao-bin[1], WANG Li[1], LIU Zhao-hui[1 *], TAN De-shui[1 *]

(1. Key Laboratory of Wastes Matrix Utilization, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Institute of Agricultural Resources and Environment, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Ji'nan 250100, China; 2. Dezhou Academy of Agricultural Sciences, Dezhou 253015, China)

Abstract: To illustrate the effects of long-term straw returning on the fungal community, soil enzyme activity, and crop yield in a fluvo-aquic soil area typical of the Huang-Huai-Hai Plain, a 10-year field experiment (established in 2010) located in Dezhou City, Shandong province, was performed, including three fertilization regimes (NF, no fertilization control; NPK, fertilization with chemical N, P, and K fertilizers; NPKS, straw returning combined with chemical N, P, and K fertilizers). This study aimed to explore the regulation mechanisms of fungal communities on soil fertility, enzyme activities, and crop yield by employing co-occurrence network and structural equation model analyses. Our results showed that long-term straw returning significantly improved soil nutrients, enzyme activity, and wheat yield. Compared with the NPK and NF treatments, soil organic matter (SOM) increased by 9.20% and 34.75%, alkali-hydrolyzed nitrogen (AN) increased by 12.03% and 39.17%, dehydrogenase (DHA) increased by 37.21% and 50.91%, β-glucosidase (β-GC) increased by 17.29% and 73.48%, and wheat production increased by 16.22% and 125.53%, respectively. Different long-term fertilization regimes did not significantly change soil fungal α-diversity but resulted in significant differences in β-diversity. Available phosphorus (AP), SOM, and AN were the main driving factors of fungal community differentiation based on redundancy analysis and hierarchical partitioning analysis. Different abundance analyses revealed significantly different fungal community compositions among fertilization regimes. The long-term NF treatment resulted in a significant enrichment of phosphate/potassium-solubilizing species (i.e., *Mortierella*, *Aspergillus*, *Ceriporia*, and *Acremonium*) and symbiotic species (i.e., *Leohumicola* and *Hyalodendriella*). The relative abundance of pathogenic fungi, namely *Sarocladium*, *Fusarium*, and *Fusicolla*, increased significantly in the NPK treatment. Long-term straw returning in the NPKS treatment significantly stimulated the growth of plant growth-promoting species (i.e., *Pseudogymnoascus* and *Schizothecium*) and straw-degrading species (i.e., *Trichocladium* and *Lobulomyces*). Co-occurrence network analysis showed that the fungal network was composed of four main modules; the cumulative relative abundance of module 2 was significantly increased under the NPKS treatment and showed a positive linear correlation with DHA and β-GC. The structural equation model further indicated that the wheat yield was mainly regulated by SOM, whereas species of module 2 could indirectly affect SOM and wheat yield by positively regulating DHA and β-GC. Taken together, long-term straw returning to the fluvo-aquic soil area of the Huang-Huai-Hai Plain could regulate fungal interspecific interactions, stimulate the growth of specific species groups, inhibit the activity of pathogens, increase the activity of soil enzymes, promote the accumulation of SOM, and achieve high crop yield.

Key words: long-term fertilization; straw returning; soil enzyme activity; fungal community; co-occurrence network analysis

收稿日期: 2022-01-21; 修订日期: 2022-02-21

基金项目: 国家自然科学基金项目(41877100); 国家重点研发计划项目(2021YFD1901003); 国家小麦产业技术体系项目(CARS-03); 山东省自然科学基金青年科学基金项目(ZR2021QD033); 山东省农业科学院农业科技创新工程项目(CXGC2021B10, CXGC2022A09)

作者简介: 马垒(1988~),男,博士,助理研究员,主要研究方向为农田养分管理和土壤微生物生态,E-mail:malei2601@163.com

* 通信作者,E-mail:liuzhaohuinky@163.com; tandeshui@163.com

真菌是土壤中最为丰富的微生物之一,是农田生态系统中主要的分解者,在土壤能量流动、养分循环转化和控制作物病害等方面具有重要作用[1].土壤真菌对其生存环境变化极为敏感,其多样性和群落组成受耕作、施肥和灌溉等田间管理措施深刻影响[2].秸秆还田是一种绿色可持续的农业生产措施,可提高土壤有机碳含量,增加养分有效性,改善土壤结构,从而引起真菌群落多样性、结构和组成的改变.大多数研究者发现,还田秸秆为土壤带入大量碳氮资源,刺激真菌生命代谢活动,提高群落丰富度和多样性[3~5].而 Ye 等[6]发现连续 28 a 秸秆还田后,江西红壤中真菌多样性并未发生明显改变,并认为 pH 是真菌多样性最重要调控因素,秸秆还田虽可增加土壤养分,但对 pH 改变不大.秸秆还田对真菌群落物种组成的影响也存在较大分歧,Bai 等[7]发现连续 6 a 秸秆还田显著降低了 *Gibberella* 和 *Monographella* 等病原菌相对丰度,而李月等[8]则发现连续 30 a 秸秆还田显著提高了河南潮土中 *Gibberella* 和 *Fusarium* 等病原菌的相对丰度.因此秸秆还田对真菌群落多样性和物种组成的影响还存在广泛不确定性.

土壤中的微生物并非单独存在,不同物种通过共生、互生、捕食和寄生等互作关系形成复杂的生态网络,共同栖息在土壤中[9].随着高通量测序和分子生物统计技术的发展,通过计算物种丰度数据相关性,预测微生物间互作关系的网络构建方法逐渐在土壤学领域得到应用.Schmid 等[10]发现秸秆还田较单施化肥处理微生物网络复杂度显著升高,但物种间正相关比例显著降低,说明秸秆还田可能会降低种间共生合作关系.Tang 等[11]通过构建细菌-真菌分子生态网络,发现秸秆还田可通过增加网络复杂度增强作物对枯萎病的防御能力.Fan 等[12]发现连续 40 a 化肥与秸秆配合施用通过促进生态网络中关键模块的物种多样性,提高土壤光合细菌、固氮菌以及与营养循环相关的多种功能基因,最终促进作物产量增长.微生物介导的生态功能不仅仅是物种个体特征的集合,还取决于它们之间的相互作用.通过构建分子生态网络,研究养分元素地球生物化学循环中微生物互作机制,是预测土壤生态系统服务功能的重要途径[9,13].因此从网络共现模式角度解析秸秆还田下微生物种间互作关系,及其对土壤酶活性和作物产量的影响具有重要意义.

潮土是黄淮海平原最主要的土壤类型之一,砂粒含量高且土壤结构差,导致土壤保水保肥性能差.秸秆还田是潮土区有机培肥的重要田间管理措施,可对养分含量、团聚体结构、微生物多样性和组成产生深刻影响,但长期秸秆还田对真菌网络共现模式的影响少有报道.本研究以黄淮海平原典型潮土区秸秆还田长期定位试验为平台,利用 Illumina MiSeq 高通量测序技术测定真菌群落,通过分子生态网络和结构方程模型,研究真菌种间互作关系,及其对土壤胞外酶活性和作物产量的影响机制.

1 材料与方法

1.1 试验概况

试验地位于山东省德州市哨马营村(116°17′44″E, 37°30′34″N),属暖温带半湿润季风气候,年均气温 12.90℃,年均降水量 547.50 mm.本试验于 2010 年 10 月开始,冬小麦-夏玉米轮作,小麦品种为济麦 22,玉米品种为郑单 958.试验区土壤为非石灰性潮土,试验开始前土壤 pH 值为 8.3,ω(有机质,SOC)为 2.03%,ω(全氮,TN)为 1.2 $g\cdot kg^{-1}$,ω(全磷,TP)为 0.83 $g\cdot kg^{-1}$,ω(全钾,TK)为 20.8 $g\cdot kg^{-1}$,ω(速效磷,AP)为 37.4 $mg\cdot kg^{-1}$,ω(速效钾,AK)为 282 $mg\cdot kg^{-1}$.

本试验包括 3 个施肥处理:① NF(不施肥);②NPK(单施化肥);③NPKS(秸秆还田配施化肥),每个处理 4 个重复.其中 NPK 处理在小麦季施用 N 300 $kg\cdot hm^{-2}$、P_2O_5 120 $kg\cdot hm^{-2}$ 和 K_2O 100 $kg\cdot hm^{-2}$;玉米季施用 N 250 $kg\cdot hm^{-2}$、P_2O_5 45 $kg\cdot hm^{-2}$ 和 K_2O 45 $kg\cdot hm^{-2}$.所施氮肥为尿素(含 N 46%),磷肥为过磷酸钙(含 P_2O_5 16%),钾肥为硫酸钾(含 K_2O 50%).NPKS 处理化肥施用量和施用方式同 NPK 处理完全一致,秸秆于下茬作物播种前全部粉碎,旋耕翻入土壤,每个小区面积 50 m^2(5 m × 10 m),完全随机区组设计.

1.2 土壤样品采集与测定

土壤样品于 2021 年小麦灌浆期采集,即所有样品已经过 10 a 不同施肥处理(11 季小麦, 10 季玉米).每个小区按“S”采样法选取 7 点,使用直径 5 cm 土钻采集 0 ~ 20 cm 表层土壤,混合均匀作为 1 个样品.所有样品立即置于冰袋运回实验室,去除植物根系和杂物,过 2 mm 筛子混匀.土壤样品一部分常温风干后用于土壤理化性质测定,一部分置于 4℃冰箱用于土壤酶活性测定,另一部分置于 −80℃冰箱用于土壤 DNA 提取.

土壤理化指标采用常规方法测定[14].采用 pH 计测定土壤 pH(土水比为 1∶5);土壤有机质(SOM)采用重铬酸钾容量法(外加热)测定;全氮(TN)采用全自动凯氏定氮仪测定;全磷(TP)采用

酸溶-钼锑抗比色法; 碱解氮(AN)采用碱解扩散法; 速效磷(AP)采用0.5 mol·L^{-1}碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法; 速效钾(AK)采用醋酸铵浸提-火焰光度计法. 土壤酶活性使用北京索莱宝科技有限公司试剂盒测定:氯化三苯基四氮唑还原法测定脱氢酶活性; 对硝基酚比色法测定β-葡糖苷酶活性; 靛酚蓝比色法测定脲酶活性; 磷酸苯二钠比色法测定碱性磷酸酶活性. 上述指标均以烘干土(105℃, 24 h)为基准表达.

土壤微生物 DNA 采用 Fast DNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, Santa Ana, CA, USA)试剂盒提取,详细操作参考试剂盒说明书. 使用 ITS5(GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG)/ITS2(GCTGCGTTCTTCATCGATGC)引物对 ITS1 区进行 PCR 扩增. PCR 扩增条件包括 98℃高温变性 2 min; 98℃高温变性 30 s, 55℃低温退火 30 s, 72℃适温延伸 30 s, 25 个循环; 72℃适温延伸 5 min. PCR 扩增产物采用 Agencourt AMPure Beads (Beckman Coulter, Indianapolis, IN)进行纯化,将不同样品的 PCR 扩增产物等量混合后,采用 Illumina 公司 MiSeq 测序仪完成序列分析.

1.3　数据统计分析

使用 Usearch 软件[15]对土壤真菌高通量测序数据处理,具体步骤主要包括:①双端序列合并; ②去除质量分数低于 20 的低质量序列; ③去除嵌合体; ④使用 UNOISE 算法降噪生成 ASV; ⑤使用 Unite 数据库(http://unite.ut.ee/index.php)进行对比注释. 经过上述步骤处理后,总共得到558 920条高质量序列,每个样品24 125 ~ 74 153条序列,按照最小样本数(24 125)进行抽平后展开后续分析.

真菌群落α-多样性(Shannon)、基于 Bray-curtis 距离的主坐标分析(PCoA)、冗余分析(RDA)和置换多元方差分析(Adonis)均采用R 4.0.5 中的"vegan"包进行计算. 使用"rdacca.hp"包对冗余分析中土壤理化性质贡献度进行层次分割(HP). 使用 STAMP 2.1.3 软件 Welch's t-test 进行 ASV 水平差异物种分析. 网络分析中 ASV 之间 Spearman 相关系数采用"WGCNA"包计算,为了减少网络复杂度,只选取 $|r| > 0.7$、$P < 0.05$ 的关系用于网络构建; 采用"igraph"包的"cluster_walktrap"函数进行网络模块分析,使用 Cytoscape 3.8.2软件进行网络图形绘制. 采用R4.0.5中的"lm"函数对不同网络模块与酶活性进行线性回归分析. 结构方程模型构建使用 Amos 21.0 软件,采用极大似然法进行估计. 单因素方差分析和 Pearson 相关性双尾检验采用 SPSS 25.0 软件,平均值多重比较采用 Fisher LSD 法. 采用 Microsoft Excel 2019 和 Origin 2021b 软件进行数据处理和绘图.

2　结果与分析

2.1　土壤生化指标与小麦产量

不同施肥模式下土壤理化性质、酶活性和当季小麦产量如表 1 所示. 与 NF 处理相比, NPK 处理和 NPKS 处理土壤 pH 均降低 0.06, 全氮(TN)分别升高 26.80% 和 30.93%, 全磷(TP)升高 27.06% 和 17.65%, 速效磷(AP)升高 298.39% 和 310.43%, 速效钾(AK)升高 26.32% 和 25.74%, 差异均达到显著性水平($P < 0.05$, 下同). 土壤有机质(SOM)和碱解氮(AN)均按照 NPKS > NPK > NF 的顺序降低, 其中 SOM 在 NPKS 处理中较 NPK 处理和 NF 处理显著升高 9.20% 和 34.75%, AN 则显著升高 12.03% 和 39.17%. 长期秸秆还田配施化肥显著提升了土壤酶活性, 其中脱氢酶(DHA)、β-葡糖苷酶(β-GC)和碱性磷酸酶(ALP)分别较 NF 处理提高 50.91%、78.31% 和 46.53%, 而土壤脲酶(UE)在各处理间差异未达显著水平($P > 0.05$, 下同). 小麦籽粒产量在 NPK 和 NPKS 处理显著提高, 较 NF 处理分别增产 94.05% 和 125.52%.

表 1　长期秸秆还田对土壤生化指标和小麦产量的影响1)

Table 1　Effects of long-term straw returning on soil bio-chemical properties and wheat yield

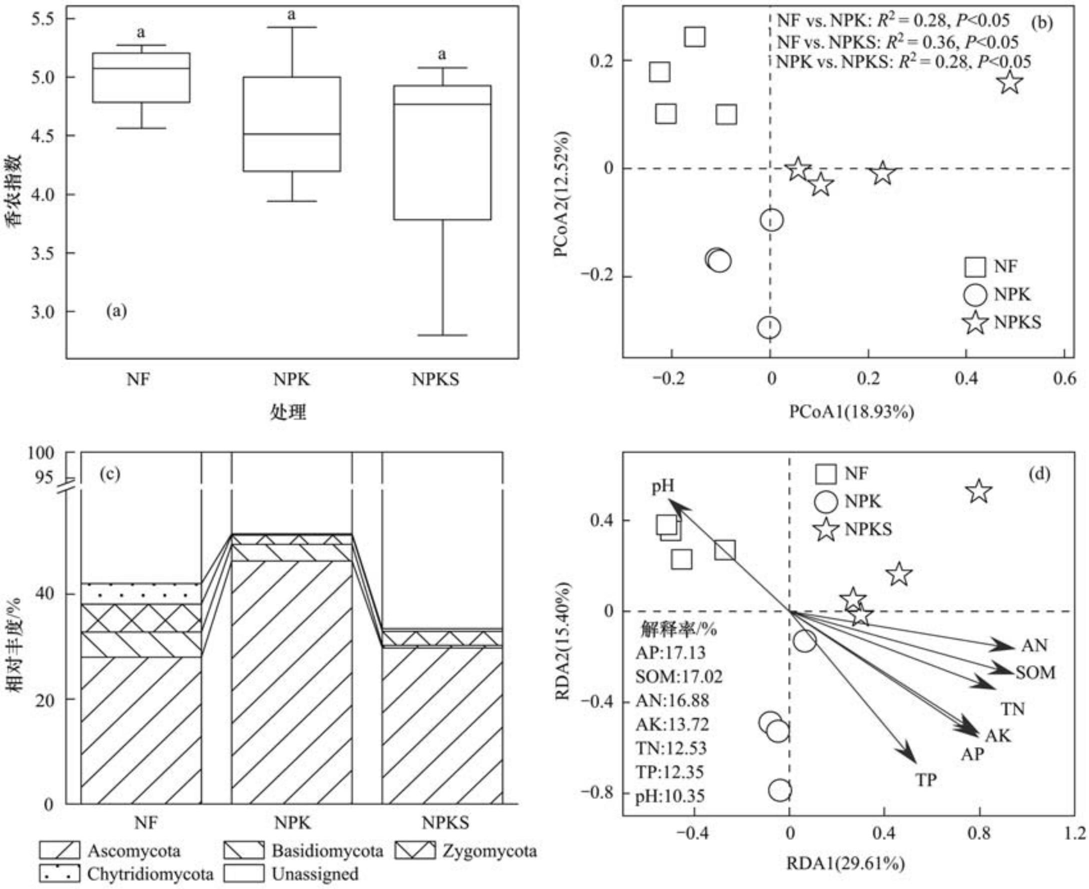
处理	pH	ω(SOM)/%	ω(TN)/g·kg^{-1}	ω(TP)/g·kg^{-1}	ω(AN)/mg·kg^{-1}	ω(AP)/mg·kg^{-1}
NF	8.51 ± 0.03a	1.41 ± 0.05c	0.97 ± 0.04b	0.85 ± 0.02b	70.26 ± 6.76c	12.46 ± 2.76b
NPK	8.45 ± 0.03b	1.74 ± 0.03b	1.23 ± 0.07a	1.08 ± 0.04a	87.28 ± 6.45b	49.64 ± 1.72a
NPKS	8.45 ± 0.03b	1.90 ± 0.03a	1.27 ± 0.11a	1.00 ± 0.05a	97.78 ± 4.51a	51.14 ± 3.17a

处理	ω(AK)/mg·kg^{-1}	DHA/μg·d^{-1}	β-GC/μg·h^{-1}	UE/μg·d^{-1}	ALP/μg·h^{-1}	小麦产量/kg·hm^{-2}
NF	218.50 ± 16.58b	29.15 ± 0.70b	40.91 ± 5.54c	2 488.37 ± 438.89a	429.53 ± 40.68b	3 939.86 ± 506.42c
NPK	276.00 ± 8.04a	32.06 ± 3.18b	60.51 ± 5.80b	2 786.05 ± 293.58a	645.81 ± 56.20a	7 645.14 ± 808.42b
NPKS	274.75 ± 14.45a	43.99 ± 10.52a	70.97 ± 2.02a	2 832.56 ± 503.93a	629.37 ± 27.88a	8 885.38 ± 209.55a

1) SOM 表示土壤有机质, TN 表示全氮, TP 表示全磷, AN 表示碱解氮, AP 表示速效磷, AK 表示速效钾, DHA 表示脱氢酶, β-GC 表示 β-葡糖苷酶, UE 表示脲酶, ALP 表示碱性磷酸酶; 数据为平均值 ± 标准差, 同一列中不同小写字母表示不同处理之间差异显著($P < 0.05$, $n = 4$)

2.2 土壤真菌群落多样性与组成

以香农指数(Shannon)表征真菌 α-多样性[图 1(a)],发现真菌多样性在 NF 处理中最高(5.00),NPK 处理居中(4.60),NPKS 处理最低(4.35),但各处理间差异未达显著水平.基于 Bray-curtis 距离对均一化的 ASV 表进行主坐标分析(PCoA),发现真菌 β-多样性发生显著变化[图 1(b)],主坐标的前两轴共解释 31.45% 的群落差异,其中第一轴解释 18.93% 群落差异,并将 NF 和 NPKS 处理分开,而第二轴解释 12.52% 群落差异,并将 NF 和 NPK 处理分开.采用置换多元方差分析(Adonis)对真菌群落结构进行相似性检验,结果发现不同施肥处理间真菌群落 β-多样性差异均达到显著水平.



箱线图中不同小写字母表示不同处理间差异显著($P < 0.05$, $n = 4$)

图1 长期秸秆还田对土壤真菌群落的影响

Fig. 1 Effects of long-term straw returning on soil fungal community composition and structure

所测潮土中真菌群落主要包括子囊菌门(Ascomycota, 占比 28.00% ~ 46.43%, 下同)、担子菌门(Basidiomycota, 0.52% ~ 4.76%)、接合菌门(Zygomycota, 1.85% ~ 5.36%)和壶菌门(Chytridiomycota, 0.24% ~ 3.99%)[图 1(c)].以不同处理 ASV 丰度作为响应变量,土壤理化性质作为解释变量进行冗余分析[图 1(d)],结果发现,第一排序轴和第二排序轴可分别解释真菌群落组成变化的 29.61% 和 15.40%.采用层次分割分解土壤理化性质对真菌群落组成变化的解释率,结果发现 AP、SOM 和 AN 对群落组成影响较大,分别占整个模型解释率的 17.13%、17.02% 和 16.88%.

在 ASV 水平上,采用 Welch's t-test 对不同施肥处理下真菌群落进行差异物种分析,结果如图 2 所示.与 NF 处理相比, NPK 处理中 ASV284 (*Schizothecium*)、ASV286 (*Podospora*)、ASV100 (*Sarocladium*) 和 ASV8 (*Fusarium*) 这 4 个物种丰度显著升高,而 ASV41 (*Mortierella*)、ASV57 (*Leohumicola*)、ASV255 (*Aspergillus*)、ASV16 (*Ceriporia*)、ASV54 (*Hyalodendriella*)、ASV34 (*Aspergillus*) 和 ASV128 (*Acremonium*) 这 7 个显著降低;相比于 NF 处理, NPKS 处理中 ASV145 (*Pseudogymnoascus*)、ASV29 (*Schizothecium*)、ASV13 (*Trichocladium*) 和 ASV108 (*Lobulomyces*) 这 4 个物种丰度显著升高,而 ASV57 (*Leohumicola*)、ASV41 (*Mortierella*)、ASV16 (*Ceriporia*)、ASV255 (*Aspergillus*)、ASV21 (*Cirrenalia*)、ASV119 (*Exserohilum*) 和 ASV11 (*Ceriporiopsis*) 这 7 个物种丰

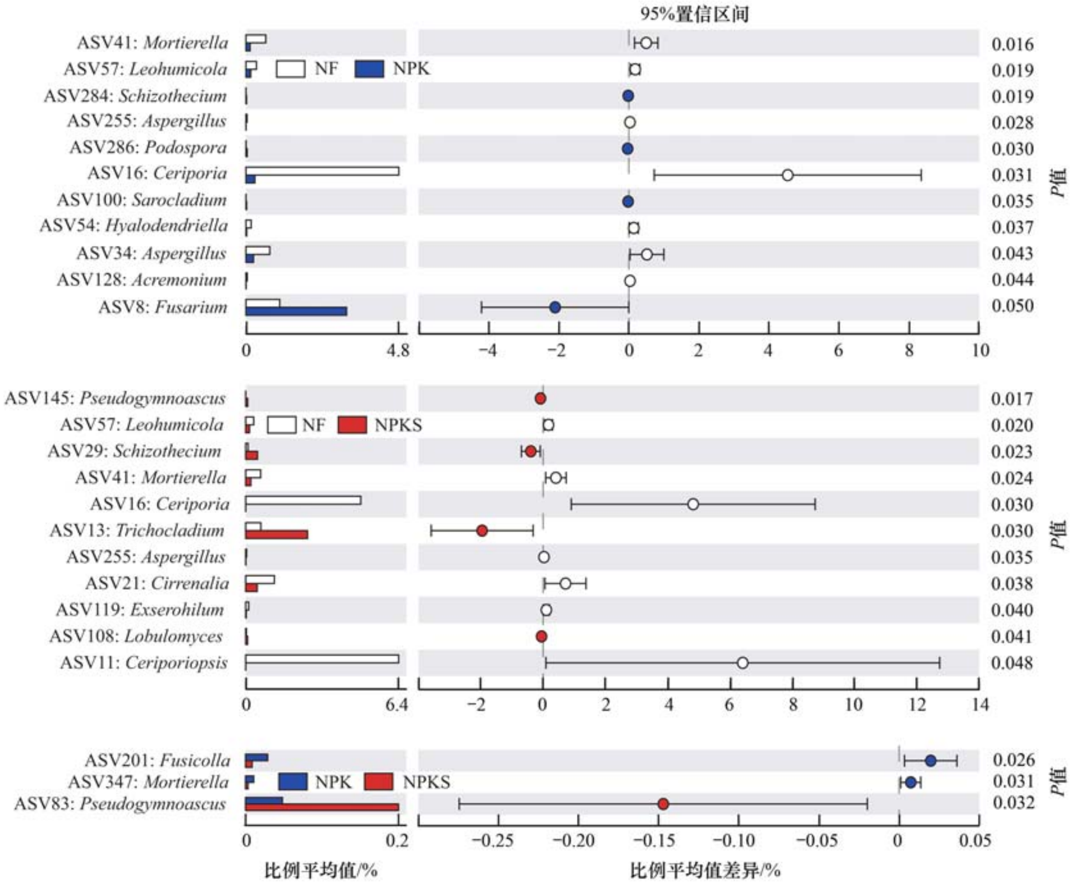


图 2　长期不同施肥模式下 ASV 水平差异物种分析

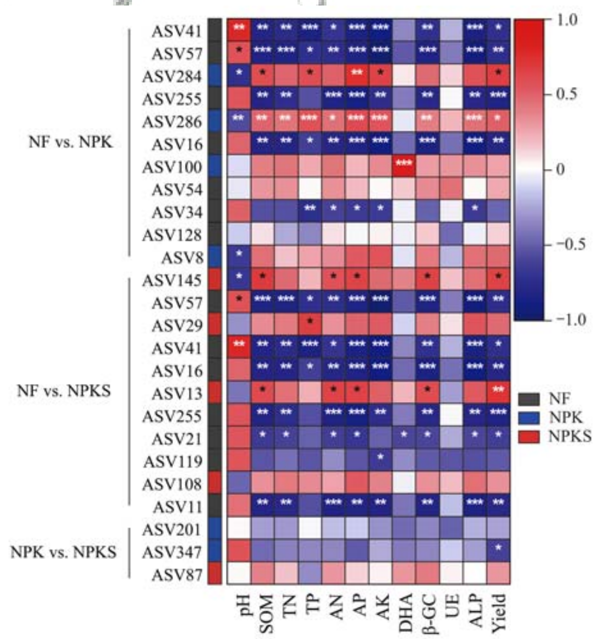
Fig. 2　Welch's *t*-test describing species difference after various long-term fertilization regimes under ASV level

度显著降低；与 NPK 处理相比，NPKS 处理中 ASV201（*Fusicolla*）和 ASV347（*Mortierella*）丰度显著降低，而 ASV83（*Pseudogymnoascus*）显著升高.

将上述差异物种与土壤理化性质、酶活性和小麦产量进行相关性分析，结果如图 3 所示. NF 处理中富集的物种（ASV41、ASV57、ASV255、ASV16、ASV34 和 ASV21 等）与 SOM、TN、TP、AP、AK、β-GC 和 ALP 等土壤生化指标及小麦产量呈显著负相关，与 pH 呈显著正相关；而 NPK 处理（ASV284 和 ASV286）和 NPKS 处理（ASV145 和 ASV13）中富集的物种则与上述生化指标及小麦产量呈显著正相关，与 pH 呈显著负相关.

2.3　土壤真菌生态网络

基于 3 种施肥处理真菌 ASV 丰度表，通过计算 Spearman 相关性构建真菌互作生态网络. 采用 Cluster Walktrap 算法对网络进行模块分析（模块是指一组物种节点，其中相同模块内物种高度相连，与其它模块物种关系较少），发现整个网络由 4 个主要模块组成，其中模块 1、2、3 和 4 分别包含 65、64、36 和 36 个节点［图 4（a）］. 对 4 个模块内的物种累计丰度进行统计，发现模块 2 物种累计丰度在 NPKS 处理中最高，分别是 NPK 处理和 NF 处理的



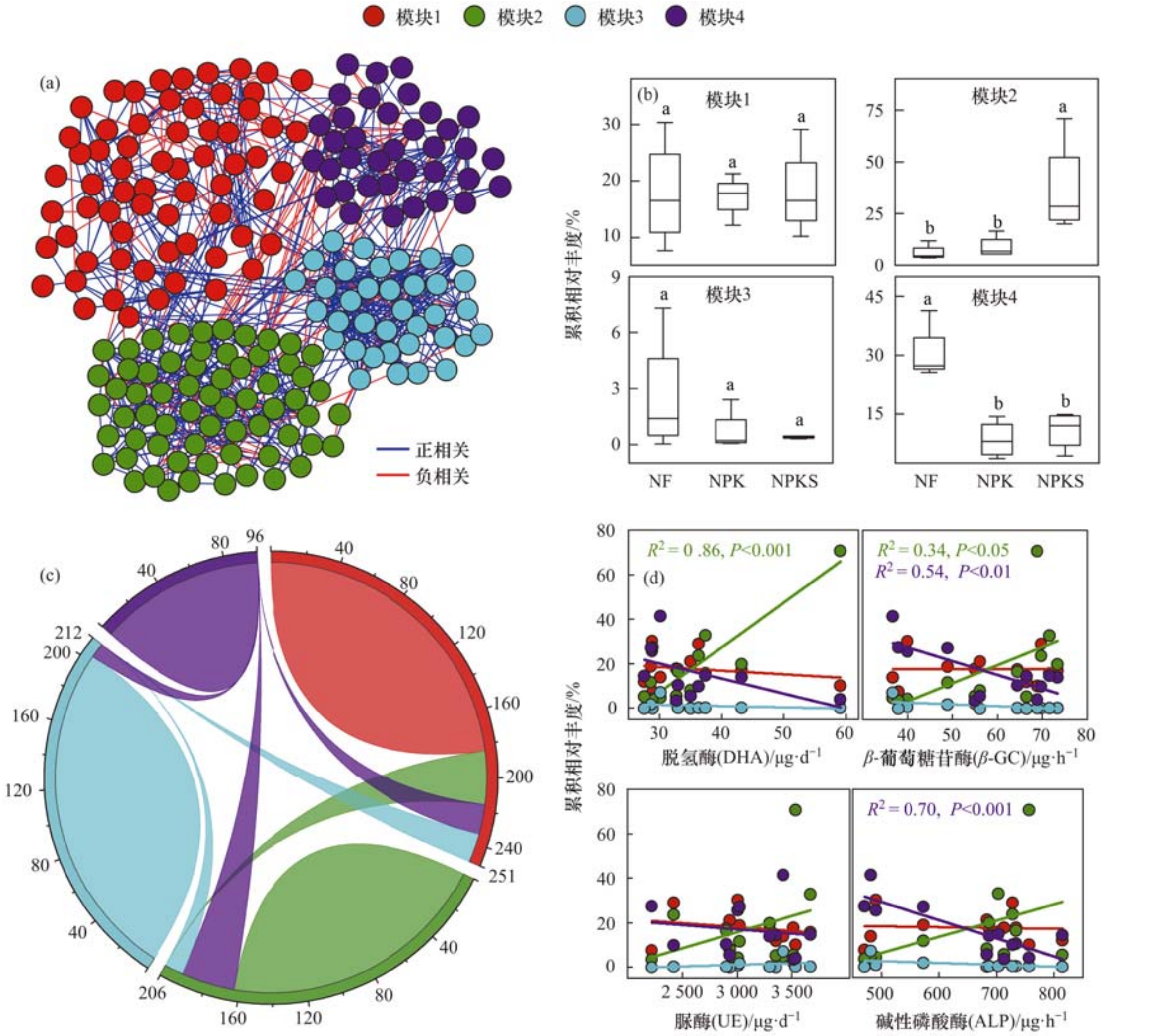
***、** 和 * 分别表示在 $P<0.001$、$P<0.01$ 和 $P<0.05$ 水平上相关性显著

图 3　不同施肥模式下差异物种与土壤生化指标及小麦产量关系

Fig. 3　Pearson correlation analysis of fungal variation with soil bio-chemical properties and wheat yield

4.08 和 5.97 倍；模块 4 物种累计丰度则在 NF 处理中最高，分别是 NPK 处理和 NPKS 处理的 3.54 和

2.81 倍；而模块 1 和模块 3 内物种累计丰度在各处理间差异未达到显著水平[图 4(b)]. 对网络中的边进行统计,发现网络中的边以模块内连接为主,而不同模块间连接数量较少,模块 2 和模块 4 之间拥有 32 条边,其中 14 条正相关, 18 条负相关,表明两个模块间可能存在较多的竞争作用[图 4(c)]. 线性拟合结果表明,随着模块 2 内物种累计丰度增加,土壤 DHA(R^2 = 0.86, P < 0.001)和 β-GC(R^2 = 0.34, P < 0.05)均呈线性升高趋势；而随着模块 4 内物种累计丰度增加,土壤 β-GC(R^2 = 0.54, P < 0.01)和 ALP(R^2 = 0.70, P < 0.001)均呈线性降低趋势[图 4(d)]. 以上结果说明长期秸秆还田配施化肥可激发模块 2 内物种丰度,并抑制模块 4 内物种生长,从而提高土壤酶活性.



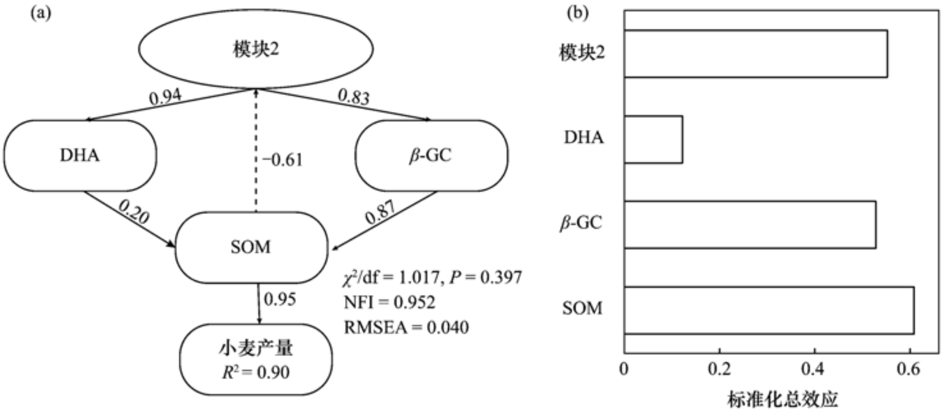
(a)基于 ASV 丰度相关性构建的真菌网络关系,节点表示 ASV,节点颜色表示归属不同模块；(b)模块物种累计丰度箱线图,不同小写字母表示不同处理间差异显著(P < 0.05, n = 4)；(c)模块内/间网络关系圈,数字表示模块内/间连接数量,色带的宽度与数量成正比；(d)模块累计丰度与酶活性线性拟合

图 4 长期秸秆还田对真菌分子生态网络的影响

Fig. 4 Effects of long-term straw returning on fungal co-occurrence patterns

2.4 土壤生化指标、真菌群落与小麦产量关系

采用结构方程模型(SEM)探索长期不同施肥模式下土壤养分、酶活性和微生物群落对小麦产量的影响(图 5). 该模型基本假设为长期秸秆还田配施化肥提升了 SOM 含量,刺激模块 2 内物种生长,提高土壤酶活性,改善 SOM 的循环转化,最后促进小麦增产. 结果表明,SEM 模型对小麦产量的解释度高达 90%,其中小麦产量受 SOM 直接正向调控(路径系数为 0.95),模块 2 受 SOM 直接负向调控(路径系数为 -0.61),并通过正向调控 DHA(路径系数为 0.94)和 β-GC(路径系数为 0.83)间接影响 SOM. 通过计算模块 2、DHA、β-GC 和 SOM 对小麦产量的标准化总效应(包括直接作用和间接作用),发现 SOM 对小麦产量作用为 0.61,模块 2 和 β-GC 分别为 0.55 和 0.53,而 DHA 作用最小,只有 0.12.



实线代表正向调控路径系数，虚线代表负向调控路径系数，线条粗细代表路径系数大小，箭头旁的数字为路径系数值

图 5　土壤有机质、酶活性和网络模块对小麦产量影响的结构方程模型

Fig. 5　Structural equation models showing the effects of soil organic carbon, enzyme activity, and module abundance on wheat yield

3　讨论

3.1　长期秸秆还田对真菌群落多样性的影响

微生物群落多样性是土壤生态功能的基础，一般认为多样性越高，生态系统越稳定，土壤越健康[16]. 有研究表明，土壤微生物 α-多样性主要受 pH 调控，这是由于微生物对 pH 变化敏感且适应能力差，因此很小的 pH 改变就会导致一些物种无法适应而被淘汰[6,17]. 本研究中连续 10 a 施用化肥后土壤 pH 显著降低，这是由于施入土壤中的铵态氮肥，经氧化后转变为硝酸盐，其间产生两个 H^+. 然而施用化肥引起的土壤酸化并未明显改变真菌 α-多样性(香农指数)，却导致 β-多样性发生显著改变. 与本研究结果相似，位于河南郑州的潮土长期定位试验同样表明，与不施肥对照相比，近 30 a 持续施用化肥没有显著改变真菌香农指数，但 β-多样性却出现明显分异[8]. 这种变化可由微生物群落的冗余种假说解释[18,19]：一些微生物物种由于不适应 pH 降低而被淘汰，但是它们所占据的生态位很快被其它新物种占据，并执行其原有的生态功能，因此长期施用化肥后土壤酸化导致微生物群落 β-多样性的改变，却未引起 α-多样性发生明显变化. 与大多数研究结果相同，本研究中 NPKS 处理显著改变了真菌 β-多样性，而这与 AP、SOM 和 AN 等养分含量升高密切相关. 相比于细菌，真菌通常拥有较宽的生长 pH，对环境 pH 值变化的反应也更为迟钝[17,20]，而土壤养分含量是真菌群落 β-多样性的主要驱动因素[21,22]. 土壤中的真菌多数为异养型物种，需要不断吸收外界养分，满足其生长和代谢活动. 根据微生物对碳底物利用能力和生存策略的不同，可分为 R-策略型物种和 K-策略型物种，R-策略型物种是土壤中的“机会主义者”，它们偏好高养分生态位，优先利用简单有机碳，通常具有较快的生长速率，而 K-策略型物种是土壤中的“保守主义者”，它们占据低养分生态位，降解利用顽固有机碳，通常生长速率较慢[23]. 因此连年秸秆投入为土壤补充大量纤维素、半纤维素等易利用有机资源，可刺激 K-策略型物种快速繁殖代谢，淘汰环境中的 R-策略型物种，引起真菌群落 β-多样性发生改变.

3.2　长期秸秆还田对真菌群落组成的影响

子囊菌门是黄淮海平原潮土中的优势菌种，这与以往研究的结果一致[8]. 不同施肥模式可改变真菌生存环境，造成不同程度养分限制，进而改变群落组成. 本研究 NF 处理中 *Mortierella*、*Leohumicola*、*Aspergillus*、*Ceriporia*、*Hyalodendriella*、*Acremonium*、*Cirrenalia* 和 *Ceriporiopsis* 等物种相对丰度显著升高. 其中 *Mortierella*[24,25]、*Aspergillus*[26,27]、*Ceriporia*[28] 和 *Acremonium*[29] 均可通过分泌有机酸(草酸和甲酸等)溶解土壤中的磷/钾，促进作物对土壤中难利用固定磷/钾的吸收利用；*Leohumicola*[30] 为杜鹃花类菌根真菌，*Hyalodendriella*[31] 是植物内生真菌，它们均可与植物共生生长，促进植物对矿质养分的吸收；*Cirrenalia*[32] 和 *Ceriporiopsis*[33] 均可分泌木质纤维素酶，参与土壤中顽固性有机碳降解. 一个值得注意的发现是：NPK 处理中富集的 *Sarocladium*、*Fusarium* 和 *Fusicolla* 等物种均为农田作物致病菌，其中 *Sarocladium*[34] 是玉米黑束病主要致病菌，*Fusarium*[35] 和 *Fusicolla*[36] 可引起作物土传病害(如小麦赤霉病). *Pseudogymnoascus*、*Schizothecium*、*Trichocladium* 和 *Lobulomyces* 等物种丰度在 NPKS 显著升高. 其中 *Pseudogymnoascus* 被发现是河南封丘农田潮土中秸秆重要降解者，参与秸秆中芳香结构碳的降解[37]. 此外，Li 等[38] 发现 *Pseudogymnoascus* 在高抗赤霉病小麦品种根际显著增加，并与赤霉病发病指数呈显著负相关，说明该物种可能对 *Fusarium* 的生长具有一定抑制作用. Tang 等[11] 发现

秸秆还田可显著提高 *Schizothecium* 相对丰度,并认为该物种在降解秸秆同时,可分泌抗生素抑制病原菌 *Fusarium* 的生长. *Trichocladium* 被发现在施用有机肥土壤中显著升高,并可分泌纤维素酶和木聚糖酶,促进纤维素降解[39]. *Lobulomyces* 则与土壤多功能性指标密切相关,可显著影响 C、N 循环转化[40].

通过上述分析可以看出,长期不施肥的 NF 处理土壤养分匮乏,一些溶磷/解钾微生物由于可以利用被土壤固定的养分而具有较强的生长优势; 与此同时,作物为了满足养分需求,通过与根际微生物共生生长,增加对土壤矿质养分的吸收. 关于秸秆还田对土壤中病原菌影响尚没有统一结论,一些研究者认为还田秸秆将大量病原菌重新回到土壤中,为病原菌的生长、繁殖和积累提供适宜的环境,加重土传病害的发生[8,41]; 还有一些研究者则发现秸秆还田可增加作物根际微生物丰度和多样性,提高作物对病原菌抗性[42,43]. 本文研究结果表明在黄淮海平原潮土中 NPKS 不仅可以提高 *Trichocladium* 和 *Lobulomyces* 等物种丰度,促进土壤养分循环转化,还可提高 *Pseudogymnoascus* 和 *Schizothecium* 等物种丰度,抑制植物病原菌生长.

3.3 长期秸秆还田对真菌生态网络的影响

秸秆还田对微生物群落的影响不仅体现在多样性和物种组成,还包括对物种间互作关系的影响. Wang 等[44]发现连续 8 a 秸秆还田显著增加江西红壤中真菌物种正相关和负相关互作关系,网络中的关键种由散囊菌目转变为具有秸秆降解能力的粪壳菌目. 位于黄土高原的定位试验表明,连续 4 a 秸秆还田通过增加真菌物种间的竞争与合作关系,形成了更为复杂和稳定的网络结构[41]. Zhang 等[45]同样发现短期(14 个月)秸秆还田增加了真菌物种间竞争关系,而网络中的关键种大多具有降解纤维素、纤维二糖能力. 秸秆还田对真菌种间互作关系的影响是多方面的. 首先,秸秆还田为土壤补充大量养分,缓解资源和能量的限制,促进微生物的移动与传播,从而导致更多的生态相互作用或生态位共享[46]. 另一方面,还田秸秆中包含纤维素、半纤维素、木质素和多糖等多种有机物,因此充分降解秸秆需要微生物种内和种间复杂的合作关系,不同物种通过营养级分化,形成更多的代谢物消耗分级,最终实现秸秆的充分利用[47]. 此外,土壤是相对贫瘠的营养环境,微生物生长通常受碳氮等养分资源限制,还田秸秆中养分的投入可增加物种间对养分的竞争作用[44,45].

李月等[8]发现秸秆还田后河南潮土中过氧化物酶和 β-GC 活性显著升高,且与枝顶孢属、镰刀菌属、曲霉属、青霉属、篮状菌属和弯孢菌属等物种丰度显著正相关. 本研究同样发现 NPKS 处理中富集的 *Gymnostellatospora* 和 *Trichocladium* 等物种丰度与 β-GC 呈显著正相关关系. 而网络分析结果则进一步表明,长期秸秆还田激发了模块 2 内物种生长,这些物种通过强烈的共生作用,形成密切相连的微生物集群,并通过竞争作用,降低模块 4 内物种丰度,从而提高土壤 DHA 和 β-GC 活性. 与本研究结果相似,Fan 等[48]发现长期施肥可通过抑制固氮微生物集群(模块)的生长,降低土壤固氮功能. Ma 等[49]发现长期不施磷肥导致解磷真菌聚集形成特定网络模块,促进磷素循环转化. 以上研究结果表明不同施肥模式下土壤生态功能的改变,不仅与单个物种丰度变化有关,还取决于不同物种间的网络互作关系.

3.4 长期秸秆还田对小麦产量的影响

地上作物产量与地下土壤环境密切相关,然而它们之间的作用关系错综复杂,很难通过常规分析解释. 本研究通过结构方程模型很好地将土壤养分、酶活性、真菌群落与小麦产量建立联系. 结果表明,SOM 对小麦产量具有强烈的直接正向调控作用,而土壤酶活性、真菌群落可通过调节 SOM 间接影响小麦产量. 由此可以得出 NPKS 处理中小麦产量的升高,一方面是由于秸秆还田增加外源有机碳的投入,直接提升 SOM 含量,另一方面是由于还田秸秆为真菌提供了大量易利用底物,强化了真菌种间互作关系,提高土壤酶活性,促进有机质循环转化. 本研究将小麦产量与土壤肥力、酶活性及真菌群落相结合,从真菌网络共现模式角度,提供了秸秆还田提升土壤地力和作物产量的试验依据.

4 结论

相比于单施化肥,配施秸秆还田土壤有机质和碱解氮分别提升 9.20% 和 12.03%,可改变物种间互作关系,促进特定真菌集群生长,提高 *Pseudogymnoascus* 和 *Schizothecium* 等抑病菌丰度,缓解病原菌增多问题; 通过富集 *Trichocladium* 和 *Lobulomyces* 等参与 C、N 循环转化物种,土壤脱氢酶和 β-葡糖苷酶活性分别升高 37.21% 和 17.29%,加快土壤有机质累积,最终提高小麦产量. 因此,秸秆还田可提高土壤养分库容,保障土壤健康,维持生态系统功能稳定,研究结果可为黄淮海平原潮土区秸秆资源化利用和土壤地力提升提供理论依据.

参考文献:

[1] Finlay B J. Global dispersal of free-living microbial eukaryote species[J]. Science, 2002, **296**(5570): 1061-1063.

[2] Mueller G M, Schmit J P. Fungal biodiversity: what do we

know? What can we predict? [J]. Biodiversity and Conservation, 2007, **16**(1): 1-5.

[3] Sun R B, Dsouza M, Gilbert J A, *et al*. Fungal community composition in soils subjected to long-term chemical fertilization is most influenced by the type of organic matter[J]. Environmental Microbiology, 2016, **18**(12): 5137-5150.

[4] 靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 等. 秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(8): 3985-3996.
Jin Y T, Li X F, Cai Y, *et al*. Effects of straw returning with chemical fertilizer on soil enzyme activities and microbial community structure in rice-rape rotation [J]. Environmental Science, 2021, **42**(8): 3985-3996.

[5] Nie S A, Lei X M, Zhao L X, *et al*. Fungal communities and functions response to long-term fertilization in paddy soils[J]. Applied Soil Ecology, 2018, **130**: 251-258.

[6] Ye G P, Lin Y X, Luo J F, *et al*. Responses of soil fungal diversity and community composition to long-term fertilization: field experiment in an acidic ultisol and literature synthesis[J]. Applied Soil Ecology, 2020, **145**, doi: 10.1016/j.apsoil.2019.06.008.

[7] Bai N L, Zhang H L, Li S X, *et al*. Long-term effects of straw and straw-derived biochar on soil aggregation and fungal community in a rice-wheat rotation system[J]. PeerJ, 2019, **6**, doi: 10.7717/peerj.6171.

[8] 李月, 张水清, 韩燕来, 等. 长期秸秆还田与施肥对潮土酶活性和真菌群落的影响[J]. 生态环境学报, 2020, **29**(7): 1359-1366.
Li Y, Zhang S Q, Han Y L, *et al*. Effects on fluvo-aquic soil enzyme activity and fungal community of long-term straw returning and fertilization [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, **29**(7): 1359-1366.

[9] Faust K, Raes J. Microbial interactions: from networks to models [J]. Nature Reviews Microbiology, 2012, **10**(8): 538-550.

[10] Schmid C A O, Schröder P, Armbruster M, *et al*. Organic amendments in a long-term field trial—consequences for the bulk soil bacterial community as revealed by network analysis[J]. Microbial Ecology, 2018, **76**(1): 226-239.

[11] Tang L L, Xia Y, Fan C, *et al*. Control of fusarium wilt by wheat straw is associated with microbial network changes in watermelon rhizosphere[J]. Scientific Reports, 2020, **10**(1), doi: 10.1038/s41598-020-69623-6.

[12] Fan K K, Delgado-Baquerizo M, Guo X S, *et al*. Biodiversity of key-stone phylotypes determines crop production in a 4-decade fertilization experiment[J]. The ISME Journal, 2021, **15**(2): 550-561.

[13] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, *et al*. Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. The ISME Journal, 2012, **6**(2): 343-351.

[14] 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.

[15] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, **26**(19): 2460-2461.

[16] Wardle D A, Bardgett R D, Klironomos J N, *et al*. Ecological linkages between aboveground and belowground biota [J]. Science, 2004, **304**(5677): 1629-1633.

[17] Lauber C L, Hamady M, Knight R, *et al*. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, **75**(15): 5111-5120.

[18] Allison S D, Martiny J B H. Resistance, resilience, and redundancy in microbial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2008, **105**(S1): 11512-11519.

[19] Louca S, Polz M F, Mazel F, *et al*. Function and functional redundancy in microbial systems [J]. Nature Ecology & Evolution, 2018, **2**(6): 936-943.

[20] Krulwich T A, Sachs G, Padan E. Molecular aspects of bacterial pH sensing and homeostasis[J]. Nature Reviews Microbiology, 2011, **9**(5): 330-343.

[21] Chen J, Guo Q K, Liu D H, *et al*. Composition, predicted functions, and co-occurrence networks of fungal and bacterial communities_ Links to soil organic carbon under long-term fertilization in a rice-wheat cropping system [J]. European Journal of Soil Biology, 2020, **100**, doi: 10.1016/j.ejsobi.2020.103226.

[22] Gong W, Yan X Y, Wang J Y, *et al*. Long-term manure and fertilizer effects on soil organic matter fractions and microbes under a wheat-maize cropping system in northern China[J]. Geoderma, 2009, **149**(3-4): 318-324.

[23] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, **88**(6): 1354-1364.

[24] Li F, Zhang S Q, Wang Y, *et al*. Rare fungus, *Mortierella capitata*, promotes crop growth by stimulating primary metabolisms related genes and reshaping rhizosphere bacterial community[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2020, **151**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108017.

[25] Chang L L, Chen H Q, Tang X, *et al*. Advances in improving the biotechnological application of oleaginous fungus *Mortierella alpina*[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2021, **105**(16-17): 6275-6289.

[26] Teotia P, Kumar V, Kumar M, *et al*. Rhizosphere microbes: potassium solubilization and crop productivity-present and future aspects[A]. In: Meena V, Maurya B, Verma J, *et al* (Eds.). Potassium Solubilizing Microorganisms for Sustainable Agriculture [M]. New Delhi: Springer, 2016. 315-325.

[27] do Nascimento J M, Netto J A F V, Valadares R V, *et al*. *Aspergillus niger* as a key to unlock fixed phosphorus in highly weathered soils[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, **156**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108190.

[28] Yin J, Sui Z M, Huang J G. Mobilization of soil inorganic phosphorus and stimulation of crop phosphorus uptake and growth induced by *Ceriporia lacerata* HG2011[J]. Geoderma, 2021, **383**, doi: 10.1016/j.geoderma.2020.114690.

[29] Ichriani G I, Syehfani S, Nuraini Y, *et al*. Formulation of biochar-compost and phosphate solubilizing fungi from oil palm empty fruit bunch to improve growth of maize in an ultisol of Central Kalimantan [J]. Journal of Ecological Engineering, 2018, **19**(6): 45-55.

[30] Baba T, Hirose D. Morphological characteristics of rhizodermal colonization by *Leohumicola* species in an ericaceous host[J]. Plant Root, 2020, **14**: 1-10.

[31] Penton C R, StLouis D, Cole J R, *et al*. Fungal diversity in permafrost and tallgrass prairie soils under experimental warming conditions[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, **79**(22): 7063-7072.

[32] Yang Z L, Shi Y Q, Wang J, *et al*. Unique functional responses of fungal communities to various environments in the mangroves of the Maowei Sea in Guangxi, China[J]. Marine Pollution Bulletin, 2021, **173**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2021.113091.

[33] Jin M, Chen X, Gao M, *et al*. Manganese promoted wheat straw

decomposition by regulating microbial communities and enzyme activities[J]. Journal of Applied Microbiology, 2022, **132**(2): 1079-1090.

[34] 王晓鸣. 六种重要玉米病害病原名称的厘定[J]. 中国农业科学, 2018, **51**(18): 3497-3507.
Wang X M. Collation of scientific names of six maize disease pathogens[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2018, **51**(18): 3497-3507.

[35] Li G Q, Zhou J Y, Jia H Y, *et al*. Mutation of a histidine-rich calcium-binding-protein gene in wheat confers resistance to Fusarium head blight[J]. Nature Genetics, 2019, **51**(7): 1106-1112.

[36] Yang T, Lupwayi N, Marc S A, *et al*. Anthropogenic drivers of soil microbial communities and impacts on soil biological functions in agroecosystems[J]. Global Ecology and Conservation, 2021, **27**, doi: 10.1016/j.gecco.2021.e01521.

[37] Li D D, Zhao B Z, Olk D C, *et al*. Soil texture and straw type modulate the chemical structure of residues during four-year decomposition by regulating bacterial and fungal communities[J]. Applied Soil Ecology, 2020, **155**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103664.

[38] Li Z Q, Ma L, Zhang Y, *et al*. Effect of wheat cultivars with different resistance to fusarium head blight on rhizosphere *Fusarium graminearum* abundance and microbial community composition[J]. Plant and Soil, 2020, **448**(1-2): 383-397.

[39] Kong Y L, Kuzyakov Y, Ruan Y, *et al*. DNA stable-isotope probing delineates carbon flows from rice residues into soil microbial communities depending on fertilization[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2020, **86**(7), doi: 10.1128/AEM.02151-19.

[40] Li J, Cui L J, Delgado-Baquerizo M, *et al*. Fungi drive soil multifunctionality in the coastal salt marsh ecosystem[J]. Science of the Total Environment, 2022, **818**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.151673.

[41] Su Y, Yu M, Xi H, *et al*. Soil microbial community shifts with long-term of different straw return in wheat-corn rotation system[J]. Scientific Reports, 2020, **10**(1), doi: 10.1038/s41598-020-63409-6.

[42] Zhang M M, Zhao G X, Li Y Z, *et al*. Straw incorporation with ridge-furrow plastic film mulch alters soil fungal community and increases maize yield in a semiarid region of China[J]. Applied Soil Ecology, 2021, **167**, doi: 10.1016/j.apsoil.2021.104038.

[43] Yang H J, Ma J X, Rong Z Y, *et al*. Wheat straw return influences nitrogen-cycling and pathogen associated soil microbiota in a wheat-soybean rotation system[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.01811.

[44] 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**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108062.

[45] Zhang C F, Lin Z L, Que Y X, *et al*. Straw retention efficiently improves fungal communities and functions in the fallow ecosystem[J]. BMC Microbiology, 2021, **21**(1), doi: 10.1186/s12866-021-02115-3.

[46] Yin Y L, Yuan Y, Zhang X W, *et al*. Comparison of the responses of soil fungal community to straw, inorganic fertilizer, and compost in a farmland in the loess plateau[J]. Microbiology Spectrum, 2022, **10**(1), doi: 10.1128/spectrum.02230-21.

[47] Ge Z, Li S Y, Bol R, *et al*. Differential long-term fertilization alters residue-derived labile organic carbon fractions and microbial community during straw residue decomposition[J]. Soil and Tillage Research, 2021, **213**, doi: 10.1016/j.still.2021.105120.

[48] Fan K K, Delgado-Baquerizo M, Guo X S, *et al*. Suppressed N fixation and diazotrophs after four decades of fertilization[J]. Microbiome, 2019, **7**(1), doi: 10.1186/s40168-019-0757-8.

[49] Ma L, Zhang J B, Li Z Q, *et al*. Long-term phosphorus deficiency decreased bacterial-fungal network complexity and efficiency across three soil types in China as revealed by network analysis[J]. Applied Soil Ecology, 2020, **148**, doi: 10.1016/j.apsoil.2020.103506.

HUANJING KEXUE

Environmental Science (monthly)

Vol. 43 No. 10

Oct. 15, 2022

CONTENTS