

秸秆腐熟剂对稻麦轮作区土壤微生物生态的影响

胡洪涛^{1,2} 曹春霞² 闵勇^{1,2} 张舒³ 夏贤格¹ 汪本福⁴ 张佑宏²

1. 农业农村部农业废弃物肥料化利用重点实验室, 武汉 430064;

2. 湖北省生物农药工程研究中心, 武汉 430064;

3. 湖北省农业科学院植保土肥研究所, 武汉 430064;

4. 湖北省农业科学院粮食作物研究所, 武汉 430064

摘要 采用核糖体 RNA 基因高通量测序技术, 研究在宣城稻麦轮作田施用 4 种不同秸秆腐熟剂处理(T1: 棘孢木霉/枯草芽胞杆菌粉剂; T2: 黑曲霉/枯草芽胞杆菌粉剂; T3: 黑根霉/枯草芽胞杆菌粉剂; T4: 棘孢木霉/枯草芽胞杆菌粉剂)对土壤微生物生态的影响。结果显示: 各处理对土壤真菌种群影响较大, 相对于阴性对照(Tn), 科和属的数量均明显增加, 以 T2 处理增幅最大(133.0%); 与阳性对照(Tp)比较, 除 T4 处理外, 各处理科或属的数量也有所增加(15.6%~45.8%); 然而, 细菌种群并未见较大变化。Chao1 指数比较显示, 真菌指数大幅增加(74.5%~191.8%), 而细菌的指数变化较小(-4.0%~15.1%)。统计分析显示, 各处理有 24~55 个属的真菌显著性上调($P < 0.05$ 和倍数变化 ≥ 2), 其中超过六成相对于 Tp 和 Tn 均上调, 而仅有 2~11 个属的细菌显著上调; 有 4~11 个属的真菌显著性下调, 其中 14.3%~25.0% 相对于 2 个对照均下调, 有 4~7 个属的细菌相对于 Tp 显著下调, 但没有属相对于 Tn 下调。通过 UPGMA 聚类分析不同处理土壤微生物 Beta 多样性之间的相似度, 土壤真菌 Beta 多样性结果显示, T1、T2、T3 和阳性对照均在一个分组里, 而 T4 和阴性对照在一个分组里; 土壤细菌 Beta 多样性结果显示, T2、T3、T4 和阳性对照均在一个分组里, 而 T1 和阴性对照在一个分组里。

关键词 稻麦轮作; 秸秆还田; 秸秆腐熟剂; 土壤微生物生态; 微生物组; 生物多样性

中图分类号 S 154.36 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2018)06-0045-13

我国秸秆年产量高达 5.5 亿 t, 所含 N、P₂O₅、K₂O 分别为 490 万 t、160 万 t 和 980 万 t, 相当于年化肥用量的 2/5, 其中水稻和小麦是主要的秸秆来源, 其年产量约占秸秆总量的 55%。秸秆还田可分为直接还田和间接还田, 而直接还田应用最为广泛。研究发现, 秸秆还田能有效增加土壤微生物丰度和土壤酶活性^[1], 也能增加土壤速效养分、提高土壤有机质含量、改善土壤理化性质^[2-3], 能明显提高农作物产量^[3-4], 同时, 也有利于土壤中有机碳的积累^[5]。

稻麦轮作是华中地区最重要的粮食作物种植模式, 年种植面积约 4 500 万 hm², 占这 2 种作物总耕地面积的 22%。由于环境保护力度日益增加, 秸秆焚烧已经被严令禁止, 而秸秆还田是秸秆处理和再利用的最有效的途径, 对稻麦轮作区的土质改善和环境保护具有积极意义。然而, 麦收后至水稻插秧

时间间隔仅为 20 d 左右, 直接还田的秸秆在短时间内很难完全自然腐解。因此, 需要施用秸秆分解菌加速还田秸秆腐解, 避免对水稻种植产生负面影响。土壤微生物是土壤生态系统中物质和能量的重要参与者, 其活动是有机质转化、养分循环与释放、物质分解等生物及生物化学过程最为重要的推动力^[6]。土壤微生物数量及种类与土壤肥力关系极为密切^[7], 也与秸秆腐烂直接相关。目前, 大多数研究仅限于秸秆腐熟剂的腐熟效果, 但关于应用秸秆腐熟剂对土壤微生物生态影响的研究报道较少, 尤其是在稻麦轮作区应用秸秆腐熟剂对土壤微生物生态影响的研究更少。由于大部分土壤微生物不能在人工培养基上培养, 因而, 采用传统方法^[8]研究土壤微生物相当困难。最近发展起来的核糖体 RNA 基因高通量测序技术能较好地解析土壤微生物群落结构和种群变

收稿日期: 2018-04-16

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0200807); 湖北省农业科学院重大成果培育专项(2017CGPY01); 湖北省农业创新团队项目(2016-620-000-001-039)

胡洪涛, 博士, 副研究员。研究方向: 土壤微生物与土传性病害生态防控。E-mail: hzh0005@qq.com

通信作者: 夏贤格, 副研究员。研究方向: 植物营养与土壤化学。E-mail: 13607123150@139.com;

张舒, 研究员。研究方向: 水稻病虫害绿色防控。E-mail: ricezs6410@163.com

化,为明确秸秆腐熟剂对土壤微生态的影响,本研究采用微生物组测序的方法,研究应用 4 种秸秆腐熟剂对稻麦轮区土壤微生态的影响。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点位于湖北省宜城市小河镇石灰村(东经 112°9′38.6″,北纬 31°42′0.9″),土壤有机质、碱解氮含量中等,速效磷、钾含量较低。

1.2 试验设计

2016 年 5 月 22 日小麦收割时,将秸秆收割、粉

碎成 20 cm 左右小段,翻入田中。采用 4 种秸秆腐熟剂(表 1)人工均匀撒施,施用后,用旋耕机翻入土中。另设阴性对照(Tn,秸秆人工移除)和阳性对照(Tp,秸秆还田但不使用秸秆腐熟剂)。每处理面积为 667 m²,小区周围筑埂,将各小区隔开。

1.3 样品采集

在腐熟剂施用 20 d 后、水稻插秧前,进行土壤样品采集。每处理按照 5 点采样法采集土壤样本,放入冰盒带回实验室。每处理样品等量、均匀混合后,一部分用于可培养微生物分离和计数,一部分用于高通量测序。

表 1 秸秆腐熟剂处理及用量

Table 1 Treatment and dosage of straw composting agent

处理 Treatment	秸秆腐熟剂 Straw composting agent	成分 Component	剂型 Formulation	微生物数量 (×10 ¹⁰) Microbial content	用量/ (kg/667 m ²) Usage
T1	1 号 No.1	棘孢木霉/枯草芽胞杆菌 <i>Trichiderma asperellum</i> / <i>Bacillus subtilis</i>	粉剂 Powder	50	4
T2	2 号 No.2	黑曲霉/枯草芽胞杆菌 <i>Aspergillus niger</i> / <i>Bacillus subtilis</i>	粉剂 Powder	50	4
T3	3 号 No.3	黑根霉/枯草芽胞杆菌 <i>Rhizopus nigricans</i> / <i>Bacillus subtilis</i>	粉剂 Powder	50	4
T4	4 号 No.4	棘孢木霉/枯草芽胞杆菌 <i>Trichiderma asperellum</i> / <i>Bacillus subtilis</i>	水悬浮剂 Water suspension	20	10
Tn	阴性对照,秸秆不还田 Negative control, straw not returned	/	/	/	/
Tp	阳性对照,秸秆还田 Positive control, straw returned	/	/	/	/

1.4 核糖体 RNA 基因高通量测序及数据分析

采用 Soil DNA Kit(Omega)试剂盒进行土壤 DNA 提取,经浓度和质量测定,合格的 DNA 用于后续处理。利用细菌 16S rRNA V3/V4 特异性引物(338F: ACTCCTACGGGAGGCAGCA, 806R: GGACTACHVGGGTWTCTAAT)和真菌 18S rRNA ITS1 特异性引物(ITS5F: GGAAGTA-AAAGTCGTAACAAGG, ITS1R: GCTGCGT-TCTTCATCGATGC)进行 PCR 扩增。PCR 产物采用 Illumina 公司 MiSeq 平台进行高通量测序,测序和数据分析工作均由上海派森诺生物公司完成。

数据处理和分析过程简述如下:测序原始数据经过去除接头序列和低质量的碱基处理后,获得高质量序列,分别与真菌数据库(UNITE^[9])和细菌数据库(Greengenes 版本 13.5^[10])中的序列比对,所得结果用于 OTU (operational taxonomic unit,可操作分类单元)划分,并利用 QIIME 版本 1.8^[11]软件对不同分类水平的微生物丰度进行统计分析,当同

时满足 $P < 0.05$ 和至少 2 倍的丰度变化,被认为是显著性改变。微生物 Alpha 多样性 Chao1 指数的计算参考文献[12]。采用 QIIME 软件中计算微生物 Beta 多样性,首先使用 unweighted 的方法计算 UniFrac 距离矩阵,然后采用 UPGMA 方法对距离矩阵聚类分析,并使用 R 软件进行可视化。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物高通量测序结果

采用 Illumina MiSeq 平台对 6 个处理的土壤微生物进行测序,其结果见表 2。6 个 MiSeq 真菌测序分别获得 56 258、62 106、80 102、45 963、28 689、30 609 条序列,序列总数为 303 727。去除接头和低质量序列后,分别得到 55 280、61 005、79 004、45 356、28 152、30 164 条高质量序列,总高质量序列数为 298 961。所有 6 个真菌库高质量序列占比均超过 98%。

6 个 MiSeq 细菌测序分别获得 20 821、25 318、

27 306、28 279、27 283、28 439 条序列，序列总数为 157 446。去除接头和低质量序列后，分别得到 15 542、17 735、19 840、18 663、14 991、20 721 条高

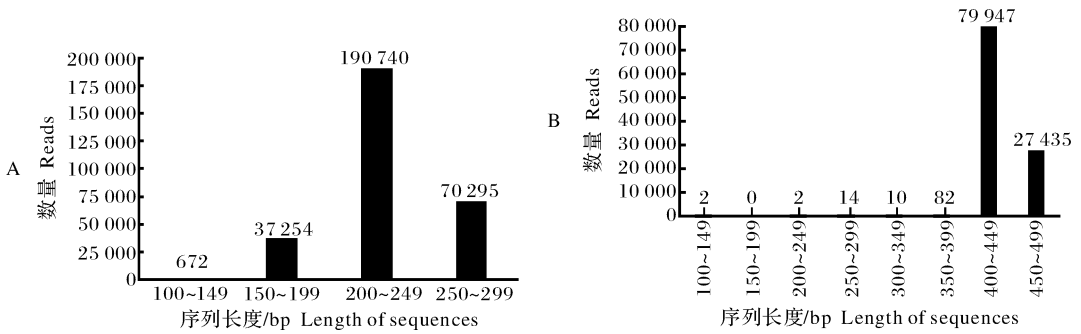
质量序列，总序列数为 107 492。6 个细菌库高质量序列占比在 54.95%~74.65%。

所得高质量序列的序列长度分布详见图 1。真

表 2 不同处理土壤微生物测序结果

Table 2 Sequencing results of microorganisms in different treatments

处理 Treatment	真菌 Fungi			细菌 Bacteria		
	原始序列数 Raw sequencing reads	高质量序列数 High-quality reads	比例/% Percentage	原始序列数 Raw sequencing reads	高质量序列数 High-quality reads	比例/% Percentage
T1	56 258	55 280	98.26	20 821	15 542	74.65
T2	62 106	61 005	98.23	25 318	17 735	70.05
T3	80 102	79 004	98.63	27 306	19 840	72.66
T4	45 963	45 356	98.68	28 279	18 663	66.00
Tp	30 609	30 164	98.55	28 439	20 721	72.86
Tn	28 689	28 152	98.13	27 283	14 991	54.95
总数 Total	303 727	298 961	98.43	157 446	107 492	68.27



A: 真菌序列长度分布; B: 细菌序列长度分布 A: Length distribution of fungal sequences; B: Length distribution of bacterial sequences.

图 1 序列长度分布图

Fig.1 Length distribution of sequence

菌序列长度分布见图 1A, 其中, 12.5%、63.8%、23.5%的序列长度为 150~199、200~249、250~299 bp, 而 99.9%细菌序列长度为 400~499 bp。

2.2 不同秸秆腐熟剂对土壤微生物种群在门水平的影响

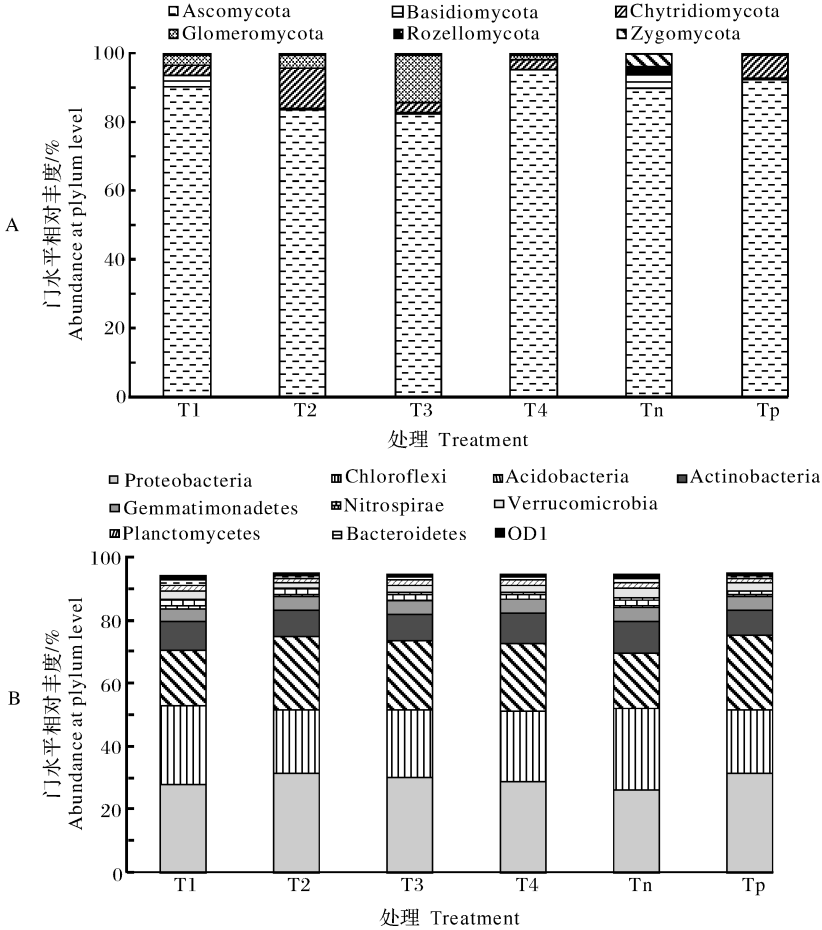
根据真菌分类, 6 个不同处理土壤中所有 OTU 分属 6 个门, 分别为子囊菌(Ascomycota)、担子菌(Basidiomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、Rozellomycota、接合菌门(Zygomycota), 除壶菌门和 Rozellomycota 未在 T4 处理土壤中检出外, 这 6 个门均在其他处理中检出。在 6 个处理中, 均以子囊菌的丰度最高, 其在 T1-T4 处理中的相对丰度, 分别为 90.2%、83.7%、82.7%、95.8%, 相对阴性对照(89.8%), 变化率分别为 0.4%、-6.8%、-7.8%、6.34%, 而相对于阳性对照(92.85%), 变化率分别为 -2.9%、-9.8%、-10.9%、2.8%。担子菌的相对丰度, 相对于阴性对照(4.7%)均明显下降, 幅度为 -28.9%~-100%, 而 T1 和 T2 较阳性对照(0.1%)则明显增

加, 幅度分别为 2 746.3%和 198.8%, T3 和 T4 较阳性对照减少, 变化率分别为 -13.78%和 -100.0%。壶菌门和球囊菌门的相对丰度, 较阴性对照均有明显增加, 增加幅度为 3 135.5%~12 395.6%, 但 T1、T3、T4 处理中壶菌门相对丰度较阳性对照(6.4%)下降 50%左右, 而球囊菌相对丰度较阳性对照均大幅增加(157.9%~1 938.7%)。接合菌门相对丰度较阴性对照(3.92%)变化率为 -95.7%~-100.0%, 而较阳性对照(0.01%), T1、T2 和 T3 分别增加 735.5%、1 503.4%、90.3%, 而 T4 则下降(-100.0%)。

根据分类结果, 6 个处理细菌 16S rRNA 测序所得 OUT 分属 49 个门, 其中 34 个门(69.4%)在所有 6 个处理中均被检测到, 相对丰度位于前 10 位的门分别为: 变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、芽单胞杆菌门(Gemmatimonadetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、浮霉菌门(Planctomycetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、OD1, 其总相对丰度在 6 个处理

中分别为 94.0%、94.8%、94.5%、94.5%、94.4%、94.6%。以变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门相对丰度最高,在 6 个处理中分别为 70.2%、74.6%、73.3%、72.3%、69.6%、75.0%。在所有处理中,变形菌门相对丰度最高,较阴性对照有所增加,幅度为 7.2%~20.4%,而较阳性对照有所减少,幅度为-11.3%~-0.4%。绿弯菌门、放线菌门、疣微菌门相对丰度,在 4 个处理中均较阴性对照有减少(-33%~-3.8%),而同阳性对照比较,绿弯菌门和放线菌门

均有所增加(1.9%~24.7%),但疣微菌门较阳性对照均减少(-23.1%~-3.9%)。浮霉菌门、拟杆菌门、OD1 相对丰度在 T1 处理中,较阴性对照有所增加(0.8%~19.3%),但在 T2、T3、T4 处理中,有所减少(-50.4%~-10.2%),而同阳性对照比较,浮霉菌门和 OD1 相对丰度在 4 个处理中均增加(1.6%~125.4%),拟杆菌门在 T1 和 T4 处理中相对阳性对照有所增加(62.5%和 2.7%),而在 T2 和 T3 处理中有所减少(-9.8%和-2.9%)。



A: 在门水平不同处理真菌的组成; B: 在门水平不同处理相对丰度居前 10 位细菌的组成。A: Composition of fungi at phylum level; B: Composition of top 10 of bacteria at phylum level.

图 2 不同处理微生物在门水平的组成

Fig.2 Composition of microorganisms at the phylum level in the different treatments

2.3 不同处理对土壤微生物 Chao1 指数影响

不同处理微生物 Chao1 指数见表 3。T1~T4 处理土壤中真菌 Chao1 指数,相比阴性对照(220.0)均有大幅增加,其中以 T2 处理增幅最大,为 191.9%,而 T4 处理增幅最小,为 124.9%;而相比阳性对照(244.0),各处理 Chao1 指数增加幅度在 74.5%~125.8%;而阳性对照相对阴性对照小幅增加(10.9%)。

不同秸秆腐熟剂处理细菌 Chao1 指数分别为 1 949、1 936、2 147 和 2 067,相比阴性对照(1 865),分别增加 4.5%、3.8%、15.1%和 10.8%,以 T3 处理增幅最大,而 T2 处理增幅最小;相比阳性对照(2 016),T1 和 T2 处理 Chao1 指数有所减少,分别减少 3.3%和 4.0%,而 T3 和 T4 处理小幅增加(6.49%和 2.5%);而阳性对照 Chao1 指数相对阴性对照小幅增加(8.1%)。

表 3 不同处理土壤微生物 Chao1 指数

Table 3 Chao1 index of the soil microorganisms in different treatments

处理 Treatment	真菌 Fungi			细菌 Bacteria		
	Chao1 指数 Chao1 index	相对于阴性 对照的增幅/%	相对于阳性 对照的增幅/%	Chao1 指数 Chao1 index	相对于阴性 对照的增幅/%	相对于阳性 对照的增幅/%
		Increase related to negative control	Increase related to positive control		Increase related to negative control	Increase related to positive control
T1	551.0	150.5	143.3	1 949	4.5	-3.3
T2	642.1	191.9	176.6	1 936	3.8	-4.0
T3	494.8	124.9	117.4	2 147	15.1	6.5
T4	425.8	93.5	94.7	2 067	10.8	2.5
Tp	244.0	10.9	/	2 016	8.1	/
Tn	220.0	/	/	1 865	/	/

2.4 不同处理对土壤微生物丰度在属水平的影响

不同处理土壤微生物在属水平丰度发生显著性改变的统计结果见表 4 和表 5。相对于阴性对照 (Tn), T1、T2、T3、T4 处理的真菌在属水平的丰度分别有 36、36、43、24 个属显著性上调,而分别有 4、4、5、11 个属显著性下调;相对于阳性对照 (Tp), 分别有 52、55、50、31 个属显著性上调,分别有 9、7、9、15 个属显著性下调;同时相对于 2 个对照,分别有 29(67.4%)、33(84.6%)、38(79.2%)、23(92.0%) 个属显著上调,而分别有 1(14.3%)、1(14.3%)、2(25.0%)、4(22.0%) 个属显著下调。阳性对照 (Tp) 相对于阴性对照, 分别有 12 和 2 个属显著性上调和下调。相对于阴性和阳性对照, 4 个秸秆腐熟剂分别有 6 和 9 个属显著性上调,而分别有 2 和

3 个属显著性下调,同时相对于 2 个对照,分别有 3(33.3%) 和 0(0%) 个属显著性上调和下调。相对阴性对照 (Tn), 5 个秸秆还田处理 (T1~T4、Tp), 分别有 4 和 0 个属显著性上调和下调。

T1、T2、T3、T4 处理相对阴性对照 (Tn), 细菌在属水平丰度(表 4 和表 6) 分别有 3、6、6、5 个属显著性上调,但没有检测到属丰度显著性下调;相对于阳性对照 (Tp), 分别有 11、2、4、7 个属显著性上调,但也没有检测到属丰度显著性下调;同时,相对于 2 个对照,没有检测到属丰度上调或上调。阳性对照 (Tp) 相对阴性对照, 有 7 个属显著性上调,但没有属显著下调。4 个秸秆腐熟剂 (T1~T4) 或秸秆还田处理 (T1~T4、Tp), 相对于阴性对照, 均没有检测到丰度显著性上调或下调的属。

表 4 不同处理土壤微生物的丰度在属水平显著性变化的数量统计

Table 4 Statistic of number of microorganisms at the genus level whose abundance were significantly changed in the different treatments

处理 Treatments	分类 Classification	上调属的数量 Number of genus up-graded			下调属的数量 Number of genus down-graded		
		阴性对照 Tn(Negative control)	阳性对照 Tp (Positive control)	共同上调 Commonly up-graded	阴性对照 Tn (Negative control)	阳性对照 Tp (Positive control)	共同下调 Commonly down-graded
T1	真菌 Fungi	36	52	29 (67.4%)	4	9	1 (14.3%)
	细菌 Bacteria	3	11	0 (0%)	0	4	0 (0%)
T2	真菌 Fungi	36	55	33 (84.6%)	4	7	1 (14.3%)
	细菌 Bacteria	6	2	0 (0%)	0	6	0 (0%)
T3	真菌 Fungi	43	50	38 (79.2%)	5	9	2 (25.0%)
	细菌 Bacteria	6	4	0 (0%)	0	6	0 (0%)
T4	真菌 Fungi	24	31	23 (92.0%)	11	15	4 (18.1%)
	细菌 Bacteria	5	7	0 (0%)	0	7	0 (0%)
Tp	真菌 Fungi	12	/	/	6	/	/
	细菌 Bacteria	7	/	/	0	/	/
T1-T4	真菌 Fungi	6	9	3 (33.3%)	2	3	0 (0%)
	细菌 Bacteria	0	0	0 (0%)	0	0	0 (0%)
T1-T4+Tp	真菌 Fungi	4	/	/	0	/	/
	细菌 Bacteria	0	0	/	0	0	/

2.5 不同处理土壤微生物 Beta 多样性聚类分析

通过 UPGMA 聚类分析不同处理土壤微生物 Beta 多样性之间的相似度,结果见图 3。不同处理土壤真菌 Beta 多样性结果显示(图 3A), T1、T2、T3

和阳性对照均在一个分组里,而 T4 和阴性对照在一个分组里。不同处理土壤细菌 Beta 多样性结果显示(图 3B), T2、T3、T4 和阳性对照均在一个分组里,而 T1 和阴性对照在一个分组里。

续表 5 Continued Table 5

属名 Genus	T1			T2			T3			T4			T5		Tp		
	丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	丰度 Abundance	丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)	倍数变化(log ₂)
		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control					
拟链霉菌 <i>Clavadinopsis</i>	0	/	/	133	7.1	7.1	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
杯伞属 <i>Clitocybe</i>	0	/	/	0	/	/	9	3.3	3.3	0	/	/	0	0	0	/	/
<i>Clonostachys</i>	0	/	-3.3	16	4.1	/	22	4.5	1.2	0	/	/	0	0	9	3.3	3.3
<i>Coniochaeta</i>	27	/	4.8	57	/	5.9	15	/	4.0	129	/	7.0	75	0	0	-6.2	/
<i>Coniolaria</i>	23	4.6	4.6	0	/	/	37	5.2	5.2	72	6.2	6.2	0	0	0	/	/
鬼伞属 <i>Coprinellus</i>	9	/	/	92	2.3	3.7	100	2.4	3.9	0	/	-2.8	18	6	/	/	/
冬虫草菌 <i>Cordyceps</i>	18	4.2	4.2	32	5.0	5.0	18	4.2	4.2	0	/	/	0	0	0	/	/
丝膜菌属 <i>Corticarius</i>	3	/	/	64	6.0	4.4	29	4.9	3.3	0	/	/	0	2	0	/	/
隔指孢属 <i>Dactyloella</i>	0	-5.4	/	0	-5.4	/	0	-5.4	/	0	-5.4	/	40	0	0	-5.4	-5.4
<i>Decriesia</i>	194	7.6	1.7	354	8.5	2.5	173	7.4	1.5	0	/	-6.0	0	61	0	6.0	6.0
<i>Diversispora</i>	0	/	/	1	/	/	0	/	/	8	/	3.2	0	0	0	/	/
<i>Dufourea</i>	1 622	1.7	-1.7	2 644	2.4	/	1 388	1.4	-1.9	5 420	3.4	/	510	5 179	3.3	3.3	3.3
<i>Engyodontium</i>	13	3.8	3.8	0	/	/	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
粉褶菌属 <i>Entoloma</i>	11	3.6	3.6	6	/	2.8	9	3.3	3.3	0	/	/	0	0	0	/	/
白粉菌属 <i>Erysiphe</i>	16	4.1	4.1	0	/	/	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
<i>Fissurona</i>	183	2.1	3.6	132	1.6	3.1	44	/	1.6	127	1.6	3.1	42	14	/	/	/
<i>Flagelloscypha</i>	0	/	/	5	/	/	25	4.7	4.7	0	/	/	0	0	/	/	/
管柄囊霉 <i>Funneliiformis</i>	2	/	/	0	-4.6	/	0	-4.6	/	0	-4.6	/	24	0	0	-4.6	-4.6
镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	9	/	2.3	7	/	/	1	/	/	1	/	/	1	1	/	/	/
<i>Geopyxis</i>	0	/	/	0	/	/	0	/	/	52	4.7	5.7	1	0	0	/	/
赤霉菌 <i>Gibberella</i>	5	/	/	0	/	/	0	/	/	26	4.8	4.8	0	0	0	/	/
酵母菌 <i>Guehomyces</i>	0	/	/	8	/	3.2	18	4.2	4.2	0	/	/	0	0	0	/	/
<i>Gyrophanopsis</i>	0	/	/	15	4.0	4.0	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
罐状瓶霉 <i>Haarpophora</i>	11	3.6	3.6	11	3.6	3.6	20	4.4	4.4	0	/	/	0	0	0	/	/
<i>Harzia</i>	36	5.2	/	201	7.7	3.1	194	7.6	3.1	350	8.5	3.9	0	22	4.5	4.5	4.5
<i>Heterobasidium</i>	0	/	/	9	/	2.3	0	/	/	0	/	/	0	1	/	/	/
腐质霉属 <i>Hemicola</i>	31	/	1.4	91	/	2.9	153	2.0	3.7	89	/	2.9	37	11	/	/	/
蜡伞属 <i>Hygrophorus</i>	6	/	/	33	5.1	3.5	11	3.6	2.0	0	/	/	0	2	/	/	/
<i>Inocutis</i>	16	/	-6.1	30	/	-5.2	229	2.5	-2.3	78	/	-3.8	40	1 136	4.8	4.8	4.8
<i>Johnalcornia</i>	8	/	3.2	0	/	/	0	/	/	0	/	/	0	0	/	/	/
蜡蚧属 <i>Lecanicillium</i>	0	/	/	1	/	/	254	8.0	6.4	60	5.9	4.3	0	2	/	/	/

续表 5 Continued Table 5

属名 Genus	T1			T2			T3			T4			T5			Tp
	倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			
	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	
油瓶霉属 <i>Lecythophora</i>	218	/	2.7	199	/	2.6	448	1.6	3.7	66	/	/	143	/	/	/
猫耳衣属 <i>Leptogium</i>	0	-5.4	/	0	-5.4	/	11	/	3.6	0	-5.4	/	41	/	-5.4	/
<i>Lophiostoma</i>	6	/	2.8	0	/	/	0	/	/	0	/	/	0	/	/	/
<i>Luteoxana</i>	124	/	3.3	102	/	3.0	284	/	4.5	5	-5.3	/	232	/	/	/
稻瘟病菌 <i>Magnaporthe</i>	22	4.5	1.5	3	/	/	0	/	-3.0	0	/	-3.0	0	/	7	/
小孢子菌属 <i>Microsporium</i>	0	/	/	0	/	/	0	/	/	91	6.5	6.5	0	/	0	/
<i>Mutisia</i>	0	/	/	1	/	/	7	/	3.0	0	/	/	0	/	0	/
Mycoleptodiscus 小球壳属 <i>Mycosphaerella</i>	38	5.3	5.3	2	/	/	0	/	/	0	/	/	0	/	0	/
<i>Nannizziopsis</i>	2	/	/	6	/	2.8	1	/	/	0	/	/	0	/	0	/
<i>Neoscytalidium</i>	0	/	/	8	/	3.2	0	/	/	0	/	/	0	/	0	/
脉孢霉 <i>Neurospora</i>	128	/	2.0	1 423	3.3	5.5	438	1.6	3.8	21	/	/	144	/	31	/
<i>Oculti fur</i>	37	5.2	5.2	0	/	/	10	3.5	3.5	0	/	/	0	/	0	/
肉疣衣属 <i>Ochrolechia</i>	8	/	3.2	3	/	/	0	/	/	0	/	/	0	/	0	/
奥腹菌属 <i>Otaevania</i>	0	/	/	110	6.8	6.8	0	/	/	0	/	/	0	/	0	/
<i>Olpidiaster</i>	14	/	3.9	46	/	5.6	0	-4.6	/	0	-4.6	/	23	/	0	-4.6
线虫草属 <i>Ophiocordyceps</i>	0	/	/	0	/	/	0	/	/	81	6.4	6.4	0	/	0	/
青霉菌 <i>Penicillium</i>	229	/	1.2	814	1.7	3.0	210	/	1.0	395	/	2.0	250	/	101	/
<i>Phaeoacremonium</i>	15	/	1.7	87	/	4.1	93	/	4.2	0	-6.6	/	98	/	4	/
<i>Phylloporus</i>	0	-5.5	-3.3	3	/	/	0	-5.5	-3.3	0	-5.5	-3.3	44	/	9	/
毕赤酵母属 <i>Pichia</i>	52	5.7	/	87	6.5	/	33	5.1	/	0	/	-5.9	0	59	5.9	/
<i>Pluteus</i>	0	/	/	0	/	/	13	3.8	3.8	0	/	/	0	/	0	/
普可尼亚菌 <i>Pochonia</i>	11	3.6	/	2	/	/	0	/	/	0	/	/	0	3	/	/
柄孢壳菌 <i>Podospora</i>	644	1.8	1.2	570	1.6	1.0	1 538	3.1	2.5	989	2.4	1.8	182	275	/	/
<i>Prosepidicola</i>	351	2.0	/	1 469	4.1	2.8	679	3.0	1.7	1 230	3.8	2.6	85	205	/	/
小脆柄菇属 <i>Pseudhyrella</i>	45	/	3.9	140	2.6	5.6	7	/	/	36	/	3.6	22	2	/	/

续表 5 Continued Table 5

属名 Genus	T1			T2			T3			T4			In		Tp		
	丰度 Abundance	倍数值变化(log ₂) Fold change (log ₂)		丰度 Abundance	倍数值变化(log ₂) Fold change (log ₂)		丰度 Abundance	倍数值变化(log ₂) Fold change (log ₂)		丰度 Abundance	倍数值变化(log ₂) Fold change (log ₂)		丰度 Abundance	丰度 Abundance	丰度 Abundance	倍数值变化(log ₂) Fold change (log ₂)	
		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control					相对于 阴性对照 Relative to negative control
<i>Purpureocillium</i>	0	/	/	1	/	/	8	/	3.2	0	/	/	0	0	0	/	/
<i>Pyrenochaetopsis</i>	32	5.0	2.0	8	/	/	12	3.7	/	31	5.0	2.0	0	0	7	/	/
<i>Redeckera</i>	3	/	/	7	/	3.0	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
须腹菌属 <i>Rhizopogon</i>	1	/	/	7	/	3.0	1	/	/	2	/	/	0	0	0	/	/
红菇属 <i>Russula</i>	62	/	1.6	57	/	1.5	0	-7.2	-4.4	0	-7.2	-4.4	151	20	0	/	/
<i>Sarcosphaera</i>	0	/	/	122	6.9	6.9	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
足放线病菌属	7	/	3.0	68	6.1	6.1	0	/	/	61	6.0	6.0	0	0	0	/	/
<i>Scedosporium</i>	294	1.8	2.2	647	2.9	3.4	136	/	1.1	0	-6.4	-6.0	85	62	0	/	/
<i>Schizobolium</i>	64	6.0	2.4	37	5.2	1.7	42	5.4	1.8	346	8.4	4.9	0	11	3.6	3.6	3.6
<i>Simpliicium</i>	0	/	-3.7	0	/	-3.7	0	/	-3.7	0	/	/	0	0	12	3.7	3.7
<i>Sistotrema</i>	10	/	3.5	0	/	/	0	/	/	0	/	/	0	0	0	/	/
孢子丝菌 <i>Sporothrix</i>	0	/	/	1	/	/	9	3.3	3.3	0	/	/	0	0	0	/	/
<i>Stephanometria</i>	0	/	/	1	/	/	9	3.3	3.3	0	/	/	0	0	0	/	/
踝节菌属	273	8.1	2.7	274	8.1	2.7	376	8.6	3.1	415	8.7	3.3	0	42	5.4	5.4	5.4
<i>Talaromyces</i>	11	3.6	2.6	24	4.6	3.6	5	/	/	0	/	/	0	1	/	/	/
<i>Terfezia</i>	97	/	3.3	126	/	3.7	128	1.3	3.7	165	1.7	4.1	50	9	/	/	/
热子囊菌属	3	/	/	27	/	3.8	41	2.6	4.4	36	2.4	4.2	6	1	/	/	/
<i>Thelavia</i>	0	/	/	0	/	/	41	5.4	5.4	0	/	/	0	0	/	/	/
粗糙孔菌属	81	/	4.4	27	/	2.8	46	/	3.6	0	-6.4	/	83	3	-4.4	-4.4	-4.4
<i>Trechispora</i>	27	4.8	2.8	2	/	/	4	/	/	37	5.2	3.2	0	3	/	/	/
木霉属 <i>Trichoderma</i>	29	4.9	4.9	10	3.5	3.5	0	/	/	0	/	/	0	0	/	/	/
毛孢子菌属	4	-4.9	/	1	-6.2	-2.2	11	/	/	78	/	3.1	149	8	/	/	/
<i>Trichosporon</i>	20	4.4	4.4	0	/	/	29	4.9	4.9	0	/	/	0	0	/	/	/
绿盖粉孢牛肝菌	0	/	/	11	3.6	3.6	0	/	/	0	/	/	0	0	/	/	/
<i>Tylopilus</i>	0	/	-2.8	0	/	-2.8	0	/	-2.8	0	/	/	0	6	/	/	/
<i>Wallemia</i>	472	8.9	8.9	74	6.2	6.2	24	4.6	4.6	0	/	/	0	0	/	/	/
<i>Westerdykella</i>	0	/	-4.4	0	/	-4.4	10	3.5	/	0	/	-4.4	0	20	4.4	4.4	4.4
<i>Xanthoria</i>	0	/	-4.4	0	/	-4.4	0	/	-4.4	0	/	-4.4	0	0	20	4.4	4.4
<i>Xerochrysum</i>	0	/	-2.8	0	/	-2.8	0	/	-2.8	0	/	/	0	6	/	/	/
炭角菌属 <i>Xylaria</i>	0	/	-4.4	0	/	-4.4	10	3.5	/	0	/	-4.4	0	20	4.4	4.4	4.4
<i>Xylomyces</i>	87	6.5	4.9	128	7.0	5.4	65	6.0	4.5	0	/	/	0	2	/	/	/
柄壳属 <i>Zopfiella</i>	0	/	5.4	0	/	5.4	0	/	4.5	0	/	/	0	2	/	/	/

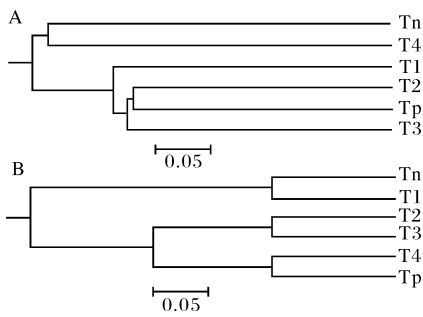
注：倍数值变化的 log₂ 值，正值代表显著性上调，负值代表显著性下调，“/”代表无显著性变化。下同。Note: Log₂ of fold changes, positive values represent significant up-gradation, negative values represent significant down-gradation, while forward slash “/” represent no significant change. The same as follows.

表 6 不同处理在属水平显著性变化的细菌
Table 6 Bacteria with significant changes at genus level in different treatments

属名 Genus	T1			T2			T3			T4			T5		Tp
	倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)			倍数变化(log ₂)		
	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control	丰度 Abundance	相对于 阴性对照 Relative to negative control	
珊瑚状放线菌属 <i>Actinocorallia</i>	2	/	/	2	/	/	4	/	2	2	/	/	1	0	/
幅动菌属 <i>Actinoplanes</i>	1	/	/	3	/	/	6	/	/	15	3	/	1	8	/
气微菌属 <i>Aeromicrobium</i>	8	/	3.2	2	/	/	1	/	/	2	/	/	3	0	/
<i>Annoniophilus</i>	0	/	/	0	/	/	2	/	/	7	/	1	2	2	/
拟无枝酸菌 <i>Amycolatopsis</i>	1	/	-2.9	2	/	-2	9	/	/	6	/	/	5	14	/
厌氧粘细菌 <i>Anaeromyxobacter</i>	215	/	/	322	1	/	273	1	/	259	1	/	124	351	1
<i>Aquicella</i>	20	/	/	49	/	/	46	/	/	58	1	/	21	46	/
固氮弓菌属 <i>Azoarcus</i>	4	/	2.3	1	/	/	4	/	2	4	/	2	4	0	/
芽胞杆菌属 <i>Bacillus</i>	26	/	/	30	/	-1	40	/	/	41	/	/	25	71	/
伯克氏菌属 <i>Burkholderia</i>	9	/	/	14	/	/	23	2	/	9	/	-1	5	26	/
暖绳菌纲 <i>Caldilinea</i>	8	/	1.2	4	/	/	6	/	/	4	/	/	9	3	/
<i>Caloramator</i>	0	/	/	0	/	-3	1	/	/	1	/	/	1	6	/
<i>Catellatospora</i>	9	/	/	6	/	/	18	/	1	16	/	/	8	8	/
绿弯菌属 <i>Chloroflexus</i>	2	/	/	1	/	/	2	/	/	4	/	2	0	0	/
<i>Dactylosporangium</i>	5	/	/	14	/	/	14	/	/	18	/	1	8	7	/
<i>Dehalogenimonas</i>	5	/	2.6	0	/	/	1	/	/	1	/	/	0	0	/
脱硫弧菌 <i>Desulfosarcina</i>	6	/	1.8	1	/	/	4	/	/	0	/	/	2	1	/
<i>Fimbriimonas</i>	13	/	/	11	/	/	14	/	/	9	/	-2	8	29	/
地杆菌属 <i>Geobacter</i>	89	1.0	/	37	/	/	37	/	/	54	/	/	44	70	/
地安菌属 <i>Geothrix</i>	3	/	/	6	/	/	1	/	-3	1	/	-3	1	12	/
生丝微菌 <i>Hypomicrobium</i>	10	/	/	7	/	/	9	/	/	8	/	/	3	22	3

续表 6 Continued Table 6

属名 Genus	T1			T2			T3			T4			T5		
	丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)		丰度 Abundance	倍数变化(log ₂)	
		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control		相对于 阴性对照 Relative to negative control	相对于 阳性对照 Relative to positive control
<i>Lamnia</i>	4	/	2.3	1	/	/	1	/	/	0	/	/	5	/	/
<i>Koaleothrrix</i>	1	/	/	1	/	/	0	/	/	1	/	/	2	/	/
<i>Labrys</i>	0	/	/	4	/	2	3	/	/	1	/	/	1	/	/
乳酸菌 <i>Lactobacillus</i>	11	/	/	6	/	/	0	/	-4	9	/	/	10	/	/
乳球菌 <i>Lactococcus</i>	3	/	2.0	4	/	2	3	/	/	7	/	3	2	/	0
纤线菌属 <i>Leptonema</i>	4	/	2.3	0	/	/	0	/	/	1	/	/	6	/	0
明串珠菌属	3	/	2.0	1	/	/	0	/	/	1	/	/	3	/	0
<i>Leuconostoc</i>															
甲基八叠球菌属	1	/	/	1	/	/	0	/	/	4	/	2	0	/	0
<i>Methylosarcina</i>															
<i>Nitrosospiro</i>	0	/	3.7	4	/	/	10	/	/	5	/	/	2	/	12
苍白杆菌属	3	/	/	11	/	/	1	/	-3	3	/	-2	6	/	16
<i>Ochrobactrum</i>															
丰祐菌属	10	/	/	1	/	-3	11	/	/	5	/	/	11	/	11
<i>Opitatus</i>															
土微菌属	9	2.3	1.7	3	/	/	3	/	/	1	/	/	1	/	2
<i>Pedomicrobium</i>															
宋基杆菌属	34	1.1	/	43	1	/	39	/	/	52	2	/	15	/	69
<i>Phenyllobacterium</i>															
假单胞菌属	67	1.1	2.3	146	2	-1	113	2	-2	57	/	-2	31	/	326
<i>Pseudomonas</i>															
青枯菌属 <i>Ralstonia</i>	3	/	/	7	3	/	12	4	/	5	/	/	0	/	12
<i>Rhodanobacter</i>	11	/	2.0	27	/	/	22	/	-1	9	/	-2	26	/	48
<i>Rhodothermus</i>	0	/	/	2	/	/	5	/	3	0	/	/	0	/	0
<i>Secinumibacterium</i>	6	/	/	16	3	/	11	3	/	4	/	-2	1	/	27
链球菌属	5	/	2.6	2	/	/	0	/	/	0	/	/	0	/	0
<i>Streptococcus</i>															
互营杆菌属	26	/	/	29	/	-1	45	/	/	46	2	/	15	/	62
<i>Syntrophobacter</i>															
贪食菌属	14	/	/	36	2	/	30	2	/	22	/	/	8	/	34
<i>Variovorax</i>															
<i>Virgisporangium</i>	4	/	/	3	/	/	6	/	/	10	/	1	2	/	3



A:真菌 Beta 多样性聚类; B:细菌 Beta 多样性聚类。A:Cluster of fungal Beta diversity; B:Cluster of bacterial Beta diversity.

图 3 不同处理土壤微生物 Beta 多样性聚类分析

Fig.3 Clustering analysis of Beta diversity of soil microorganisms in different treatments

3 讨论

作物秸秆是农业生产过程中产生的重要废弃物,由于环境污染压力,我国大多数地区已经明令禁止秸秆焚烧。因此,必须将数量庞大的秸秆进行利用,而秸秆利用的方式多种多样,如资源化利用、作为动物饲料或建筑装饰材料等,但最为广泛的利用方式是秸秆还田,尤以直接还田最为普遍。目前,大多数研究者对秸秆还田持正面观点,认为秸秆还田有利于土壤肥力提高、理化性质改善和农作物产量提高等,但部分研究也发现秸秆还田影响作物出苗、生长和生物量增加^[13],同时,也发现有作物土传性病原菌积累的风险^[14]和增加温室气体排放^[15]。此外,也有学者认为,秸秆还田本身碳氮比(65~85:1)太高,而适宜微生物生长的碳氮比为25:1,秸秆还田会导致土壤中氮素相对不足而影响作物生长^[16-17]。同时,也有部分观点认为,还田秸秆由于有部分不能腐解,长期秸秆还田将会导致秸秆在土壤中积累,给作物生长带来障碍。尤其是稻麦轮作区进行秸秆还田,由于麦收至种稻间隔时间短,秸秆不能完全腐烂,可能影响水稻插秧和生长。因此,施用秸秆腐熟剂,加快还田秸秆的腐解,是目前秸秆还田技术研究的关键^[18],也是技术研发的难点。

本研究发现,应用秸秆腐熟剂的土壤其真菌多样性、组成和丰度发生显著变化,尤其是较大比例的真菌,相对于阴性和阳性对照,均上调,然而,细菌的多样性、组成和丰度,与对照比较,并无太大差异,说明秸秆腐熟剂的施用主要影响着土壤真菌,这与前人报道的秸秆腐烂过程中间营腐生的真菌大量积累相一致^[19]。本研究4种秸秆腐熟剂处理土壤中有3

个属真菌共同上调,但这几种真菌是否与秸秆腐烂有关,还是反映土壤微生物种群结构的不同,有待进一步研究。

参 考 文 献

- [1] JI B Y, HU H, ZHAO Y L, et al. Effects of deep tillage and straw returning on soil microorganism and enzyme activities [J]. *The scientific world journal*, 2014, 451493. <http://dx.doi.org/10.1155/2014/451493>.
- [2] 梅楠,刘琳,隋鹏祥,等. 秸秆还田方式对土壤理化性质及玉米产量的影响[J]. *玉米科学*, 2017, 25(6): 87-94.
- [3] 徐蒋来,胡乃娟,朱利群. 周年秸秆还田量对麦田土壤养分及产量的影响[J]. *麦类作物学报*, 2016, 36(2): 215-222.
- [4] 徐永刚,马强,周桦,等. 秸秆还田与深松对土壤理化性状和玉米产量的影响[J]. *土壤通报*, 2015, 46(2): 428-432.
- [5] LIU C, LU M, CUI J, et al. Effects of straw carbon input on carbon dynamics in agricultural soils: a meta-analysis [J]. *Global change biology*, 2014, 20(5): 1366-1381.
- [6] 徐蒋来,尹思慧,胡乃娟,等. 周年秸秆还田对稻麦轮作农田土壤养分、微生物活性及产量的影响[J]. *应用与环境生物学报*, 2015, 21(6): 1100-1105.
- [7] 田耀华,冯玉龙. 微生物研究在土壤质量评估中的应用[J]. *应用与环境生物学报*, 2008, 14(1): 132-137.
- [8] 彭彩娟,黄巧云,陈雯莉. BIOLOG 微平板技术检测农田土壤微生物群落结构的方法比较[J]. *华中农业大学学报*, 2017, 36(3): 7-12.
- [9] KOLJALG U, NILSSON R, ABARENKOV K, et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi [J]. *Molecular ecology*, 2013, 22: 5271-5277.
- [10] DESANTIS T, HUGENHOLTZ P, LARSEN N, et al. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB [J]. *Applied and environmental microbiology*, 2006, 72: 5069-5072.
- [11] CAPORASO J, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data [J]. *Nature methods*, 2010, 7: 335-336.
- [12] CHAO A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population [J]. *Scandinavian journal of statistics*, 1984, 11: 265-270.
- [13] WANG J, WANG X, XU M, et al. Crop yield and soil organic matter after long-term straw return to soil in China [J]. *Nutrient cycling in agroecosystems*, 2015, 102: 371-381.
- [14] QI Y, ZHEN W, LI H. Allelopathy of decomposed maize straw products on three soil-borne diseases of wheat and the analysis by GC-MS [J]. *Journal of integrative agriculture*, 2015, 14(1): 88-97.
- [15] ZHANG J, HANG X, LAMINE S, et al. Interactive effects of straw incorporation and tillage on crop yield and greenhouse gas emissions in double rice cropping system [J]. *Agriculture, ecosystems & environment*, 2017, 250: 37-43.

- [16] 赵秀玲,任永祥,赵鑫,等.华北平原秸秆还田生态效应研究进展[J].作物杂志,2017(1):1-7.
- [17] 王瑞彩.玉米秸秆还田技术负效应浅析[J].河北农机,2005(4):13-14.
- [18] 韩梦颖,王雨桐,高丽,等.降解秸秆微生物及秸秆腐熟剂的研究进展[J].南方农业学报,2017,48(6):1024-1030.
- [19] 黄丹莲.堆肥微生物群落演替及木质素降解功能微生物强化堆肥机理研究[D].长沙:湖南大学,2011.

Effects of straw compositing agent on soil microbial ecology in rice-wheat rotation field

HU Hongtao^{1,2} CAO Chunxia² MIN Yong^{1,2} ZHANG Shu³
XIA Xian'ge¹ WANG Benfu⁴ ZHANG Youhong²

1. Key Laboratory of Fertilization from Agricultural Wastes, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Wuhan 430064, China;

2. Hubei Biopesticide Engineering Research Center, Wuhan 430064, China;

3. Institute of Plant Protection and Fertilization, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China;

4. Institute of Food Crops, Hubei Academy of Agricultural Sciences, Wuhan 430064, China

Abstract Microbiome sequencing technology was used to study the effects of applying 4 kinds of straw compositing agents including T1(*Trichiderma asperellum*/*Bacillus subtilis*), T2(*Aspergillus niger*/*Bacillus subtilis*), T3(*Rhizopus nigricans*/*Bacillus subtilis*) and T4(*Trichiderma asperellum*/*Bacillus subtilis*) on soil microbial ecology. The results showed that the population of fungi was more affected by the treatments, in which the number of family and genus was obviously increased. The number of family and genus in the T2 treatment was the biggest (133.3%) compared to positive control (Tp). The number of family or genus in the T4 treatment increased with a small range from 15.6%-45.8%. The population of bacteria was not largely changed. Results of comparing Chao1 index showed that the fungi index dramatically increased with a range from 74.5% to 191.8%, whereas bacteria index was changed at a small scale (-4.0%-15.1%). Results of statistics analyses showed that 24 to 55 genera of fungi in different treatments were significantly up-graded ($P < 0.05$ and fold changes ≥ 2), of which more than 60% were commonly significantly up-graded in contrast to both Tp and Tn, in which only 2-11 genera of bacteria were significantly up-graded, 4-11 genera of fungi were significantly down-graded, of which 14.3%-25.0% were commonly significantly up-graded in contrast to both Tp and Tn, in which 4-7 genera of bacteria were significantly down-graded related to Tp, but none was down-graded compared to Tn. The similarities of microorganism Beta diversity in different treatments were analyzed by UPGMA cluster. The results of soil fungal Beta diversity showed that T1, T2, T3 and positive control were in the same cluster, while T4 and negative control in another cluster. The results of bacterial Beta diversity showed that T2, T3, T4 and positive control were in the same cluster, while T1 and negative control were in the same cluster.

Keywords rice-wheat rotation; straw incorporation; straw compositing agent; soil microbial ecology; microbiome; microbial diversity