

杨彦明, 周 祎, 王庆宇, 等. 深松对黑土物理特性及真菌群落结构的影响[J]. 沈阳农业大学学报, 2024, 55(2): 163-174.
YANG Yanming, ZHOU Yi, WANG Qingyu, et al. The effect of deep loosening on the physical properties and fungal community structure of black soil[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2024, 55(2): 163-174.

深松对黑土物理特性及真菌群落结构的影响

杨彦明¹, 周 祎^{1,4}, 王庆宇², 董津蒙³, 吴 菲³, 刘景辉¹

(1. 内蒙古农业大学农学院, 呼和浩特 010000; 2. 科尔沁右翼前旗农牧业科学技术发展中心, 内蒙古 兴安盟 137400;
3. 扎赉特旗农牧和科技事业发展中心, 内蒙古 兴安盟 137400; 4. 通辽市农牧科学研究所, 内蒙古 通辽 028000)

摘要:为阐明不同深松方式对黑土耕层物理特性与真菌群落结构影响,于2018-2020年开展大田试验,以旋耕为对照,设3个深松年限(1, 2, 3 a)和3个深松深度(25, 35, 45 cm)共10个处理,分析0~20 cm耕层物理特性及玉米根际土壤真菌群落结构变化。结果表明:相较于旋耕,深松可使0~10 cm土层土壤含水量、温度、容重降低,土壤毛管孔隙度增加。从深松深度来看,深松45 cm(CS)处理对0~10 cm土层土壤含水量影响最大,深松25 cm(QS)处理土壤温度整体降幅最大,深松35 cm(SS)处理土壤容重最小;各处理可使10~20 cm土层土壤含水量、容重升高,使毛管孔隙度降低,这一规律与0~10 cm土层相反。同时,深松后土壤结构指数(generalized soil structure index, GSSI)、土壤三相结构距离指数(soil three-phase structure distance, STPSD)与土壤容重分别呈极显著正、负相关。Ace指数与土壤温度呈显著正相关,表明土壤温度提高有利于真菌群落丰富度提升。相较于旋耕处理,深松处理导致子囊菌门(Ascomycota)相对丰度大幅降低,被孢霉门(Mortierellomycota)、担子菌门(Basidiomycota)相对丰度大幅增加。这表明剧烈的土壤扰动在影响耕层水热状况的同时,也改变了真菌群落结构,使其向新群落结构发展。从属水平看,各深松处理较CK(旋耕)提高双极霉属(*Bipolaris*)、葡萄状穗霉属(*Stachybotrys*)、附球菌属(*Epicoccum*)、*Dioszegia*和*Papiliotrema*相对丰度,降低*Myrmecridium*、帚枝霉属(*Sarocladium*)、*Plectosphaerella*(织球壳菌属)、枝鼻菌属(*Cladorrhinum*)和尾孢菌属(*Cercophora*)相对丰度。根据单因子相似性分析(analysis of similarities, ANOSIM),各处理间真菌群落差异显著($R=0.253, p=0.002$)。深松深度相较于深松年限更易使真菌群落产生差异,而深松年限增加会减小不同深度造成的差异。

关键词:深松;黑土;物理特性;真菌;群落结构

中图分类号:S344;Q939.5

文章编号:1000-1700(2024)02-0163-13

文献标识码:A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



The Effect of Deep Loosening on the Physical Properties and Fungal Community Structure of Black Soil

YANG Yanming¹, ZHOU Yi^{1,4}, WANG Qingyu², DONG Jinmeng³, WU Fei³, LIU Jinghui¹

(1. College of Agronomy, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010000, China; 2. Horqin Right Front Banner Agricultural and Animal Husbandry Science and Technology Development Center, Xing'an League Inner Mongolia 137400, China; 3. Zhalaite Banner Agriculture, Animal Husbandry and Science and Technology Development Center, Xing'an League Inner Mongolia 137400, China; 4. Tongliao Agricultural and Animal Husbandry Science Research Institute, Tongliao Inner Mongolia 028000, China)

Abstract: To elucidate the effects of different deep loosening methods on the physical properties and fungal community structure of the black soil plow layer. Field experiments were conducted from 2018 to 2020, using rotary tillage as a control. A total of 10 treatments were set up with 3 deep loosening years (1, 2, 3 a) and 3 deep loosening depths (25, 35

收稿日期:2023-02-25

基金项目:内蒙古自治区科技计划项目(2022YFDZ0018);内蒙古青年教师科研能力提升基金项目(BR230119)

第一作者:杨彦明(1980-),男,博士,讲师,从事耕作制度与农业生态系统研究,E-mail:68282761@qq.com

通信作者:刘景辉(1964-),男,博士,教授,从事耕作制度与农业生态系统研究,E-mail:2428133474@qq.com

and 45 cm). The physical characteristics of the 0–20 cm plow layer and the changes in fungal community structure in the maize rhizosphere soil were analyzed. Compared to rotary tillage, deep loosening can lead to a decrease in soil moisture content, temperature, and bulk density in the 0–10 cm soil layer, and an increase in soil capillary porosity. From the perspective of deep loosening depth, the 45 cm (CS) deep loosening treatment has the greatest impact on the soil moisture content of the 0–10 cm soil layer, the 25 cm (QS) deep loosening treatment has the largest overall decrease in soil temperature, and the 35 cm (SS) deep loosening treatment has the smallest soil bulk density; Each treatment can increase the soil moisture content and bulk density of the 10–20 cm soil layer, and reduce the capillary porosity, which is opposite to the 0–10 cm soil layer. At the same time, (generalized soil structure index, GSSI) and (soil three-phase structure distance index, TPSD) after deep loosening are significantly positively and negatively correlated with soil bulk density. The Ace index is significantly positively correlated with soil temperature, indicating that increasing soil temperature is beneficial for enhancing fungal community richness. Compared to rotary tillage treatment, deep loosening treatment resulted in a significant decrease in the relative abundance of Ascomycota, while Mortierellomycota and Basidiomycota increased significantly. This indicates that severe soil disturbance not only affects the water and heat conditions of the tillage layer, but also changes the fungal community structure, leading it to develop towards a new community structure. At a subordinate level, each deep loosening treatment increased the relative abundance of *Bipolaris*, *Stachybotrys*, *Epicocum*, *Dioszegia*, and *Papiliotrema* compared to CK (rotary tillage), while reducing the relative abundance of *Myrmecridium*, *Sarocladium*, *Plectosphaerella*, *Cladorrhenum*, and *Cercophora*. According to (analysis of similarities, ANOSIM), there were significant differences in fungal communities among the treatments ($R=0.253$, $p=0.002$). The depth of deep loosening is more likely to cause differences in fungal communities compared to the number of years of deep loosening, and increasing the number of years of deep loosening will reduce the differences caused by different depths.

Key words: deep loosening; black soil; physical properties; fungi; community structure

我国东北黑土区土壤肥沃、结构优良,是重要的商品粮基地^[1]。近年来,由于过度开发、缺乏保护,加之风蚀、水蚀严重,使黑土区出现土层变薄、肥力下降、犁底层上移等问题^[2]。合理的耕作制度是提高农田产量,减少水土流失的最有效的办法。深松不仅可以降低土壤容重,还可以使有机的养分矿化,创造良好的水分条件,对于土壤的结构性具有最直接的效果。研究表明,深松可有效打破犁底层,改良土壤结构^[3-4],优化土壤水热条件^[5],为作物及微生物提供适宜生存环境,促进作物增产^[6-7]。深松对土壤扰动较翻耕小,并可有效降低土壤容重,调节土壤固液气三相比^[8-9],有效改善根系生长,促进植株氮素吸收,提高植株营养器官氮转运效率,实现增产与氮肥增效^[10-11]。土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,微生物菌群的代谢互补性和互营作用强^[12],参与各元素循环^[13],对耕作措施反应敏感。翻耕剧烈扰动土壤,不利于土壤微生物生存,随耕作强度降低,土壤微生物群落丰富度、多样性又呈上升趋势^[14-15]。研究表明,少耕较翻耕、旋耕可显著提高微生物数量^[16-17]。HE等^[18]研究也表明,长期深松显著提高了土壤微生物碳源的代谢功能和多样性。有学者研究表明^[13-15],土壤温度、充气孔隙度、土壤容重对细菌群落结构影响较大,微生物群落结构与充气孔隙度相关性最高。目前,土壤微生物相关研究多集中于细菌方面^[19],但真菌在动植物残体分解^[20-21]、土壤元素循环^[22]、病害防控^[23]等方面同样具有重要作用。张贵云等^[24-25]研究表明,深松免耕覆盖、深松结合秸秆覆盖可提高丛枝菌根真菌、真菌丰富度与多样性,促进真菌向深层土壤生长发育。李彤等^[26]研究发现,旱作麦田深松,可影响土壤真菌群落丰度和空间分布,真菌群落丰度与土壤碳、氮含量呈显著正相关。WANG等^[27-28]研究认为,深松和翻耕间土壤真菌多样性及群落结构类似,且各生育时期间真菌群落变化较大。目前,关于耕作方式对土壤真菌群落影响的相关研究多集中于免耕、旋耕、翻耕等方式上,但不同深松年限、深度对黑土结构、持水特性、真菌群落影响鲜见报道。本试验通过深松年限与深度结合,研究其对黑土水热、容重、田间持水量等物理特性及玉米根际真菌群落结构的影响。在大田试验条件下,设置不同深松深度及深松年限,以期阐明深松对土壤结构特征及真菌群落结构的影响机制,为黑土区构建最佳耕层结构提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验于2018–2020年在内蒙古扎赉特旗农业科技示范园区(46°52'58"N, 122°32'9"E)进行。该地区属温带大陆性气候,年均气温5.0℃,年均降水量432.8 mm,年均日照时数2 855 h,无霜期126~154 d,试验地土壤类型为黑土,土壤总有机碳含量为25.88 g·kg⁻¹,土壤全氮含量为1.88 g·kg⁻¹,土壤全磷含量为0.75 g·kg⁻¹,土壤碱解氮含量为165.11 g·kg⁻¹,土壤速效磷含量为13.44 g·kg⁻¹,土壤速效钾含量为166.56 g·kg⁻¹,pH值为8.22。

1.2 供试材料

供试作物玉米品种为恒育498。化肥为尿素(N含量46%)、磷酸二铵(N含量18%, P₂O₅含量46%)和氯化钾(K₂O含量50%)。

1.3 试验设计

试验各处理的实施方案见表1。试验小区为10 m×13.2 m共132 m²,随机区组排列,重复3次。于播前1天进行垄体深松,5月10日播种,播种量37.5 kg·hm⁻²,行距65 cm,株距25 cm,保苗数60 000株·hm⁻²。尿素和磷酸二铵基施(施用量分别为150 kg·hm⁻²和225 kg·hm⁻²);氯化钾7月10日随灌水追施(施用量为75 kg·hm⁻²)。每年5月20日和7月10日各灌水1次,灌水量900 m³·hm⁻²;10月15日收获测产。

表1 各处理实施方案

Table 1 The implementation scheme of each treatment

处理 Treatments	耕作深度 Tillage depth/cm		
	2018	2019	2020
CK	旋耕20	旋耕20	旋耕20
	Rotary tillage 20	Rotary tillage 20	Rotary tillage 20
QS1(1a)	旋耕20	深松25	旋耕20
	Rotary tillage 20	Subsoiling 25	Rotary tillage 20
QS2(2a)	深松25	深松25	旋耕20
	Subsoiling 25	Subsoiling 25	Rotary tillage 20
QS3(3a)	深松25	深松25	深松25
	Subsoiling 25	Subsoiling 25	Subsoiling 25
SS1(1a)	旋耕20	深松35	旋耕20
	Rotary tillage 20	Subsoiling 35	Rotary tillage 20
SS2(2a)	深松35	深松35	旋耕20
	Subsoiling 35	Subsoiling 35	Rotary tillage 20
SS3(3a)	深松35	深松35	深松35
	Subsoiling 35	Subsoiling 35	Subsoiling 35
CS1(1a)	旋耕20	深松45	旋耕20
	Rotary tillage 20	Subsoiling 45	Rotary tillage 20
CS2(2a)	深松45	深松45	旋耕20
	Subsoiling 45	Subsoiling 45	Rotary tillage 20
CS3(3a)	深松45	深松45	深松45
	Subsoiling 45	Subsoiling 45	Subsoiling 45

1.4 测定指标及方法

1.4.1 土壤样品采集 于2020年玉米抽雄期(8月20日),采用对角线法采集0~10 cm和10~20 cm土层土样,每点选择5株长势一致植株,挖出根系,抖下附着疏松土壤,用毛刷收集与根系紧密黏连的根际土,混匀并过1 mm筛,装入无菌采样瓶中,冷藏运送至百迈客生物科技有限公司。再用土钻取土样一份,运至内蒙古杂粮工程中心用于土壤理化性质分析。

1.4.2 土壤理化性质分析 土壤水分采用铝盒烘干法测定^[26];土壤温度采用TZS-TCW土壤环境测定仪测定^[29];土壤容重采用环刀法测定^[29];土壤毛管孔隙度、田间持水量采用环刀法测定^[30];土壤三相结构距离(soil three-phase structure distance, STPSD)、广义土壤结构指数(generalized soil structure index, GSSI)参照王恩娟等^[31]方法计算;土壤pH值用酸度计(Ohaus Starter3100)测定^[32]。

1.4.3 DNA提取 取鲜土0.5 g,用EZNA DNA提取试剂盒(Omega Bio-Tek, Norcross, GA, USA)提取DNA。真菌ITS1(internal transcribed spacer 1)区特异性引物ITSIF(5'-CTTGTCATTTAGAGGAAG-

TAA-3')和ITS2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')对真菌rRNA的ITS1-2043R区域进行PCR扩增。PCR扩增采用ABI GeneAmp®R9700 PCR System (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA)。PCR反应体系(10 μ L):基因组DNA 5~50 ng, *Vn F(10 μ M)0.3 μ L, *Vn R(10 μ M)0.3 μ L, KOD FX Neo Buffer 5 μ L, dNTP (2 mM each) 2 μ L, KOD FX Neo 0.2 μ L, 超纯水定容至10 μ L。扩增程序:95 $^{\circ}$ C变性5 min, 50 $^{\circ}$ C退火30 s, 72 $^{\circ}$ C延伸1 min, 25个循环;72 $^{\circ}$ C延伸7 min。构建好的扩增子测序文库用Illumina Miseq PE300测序平台进行测序测定。

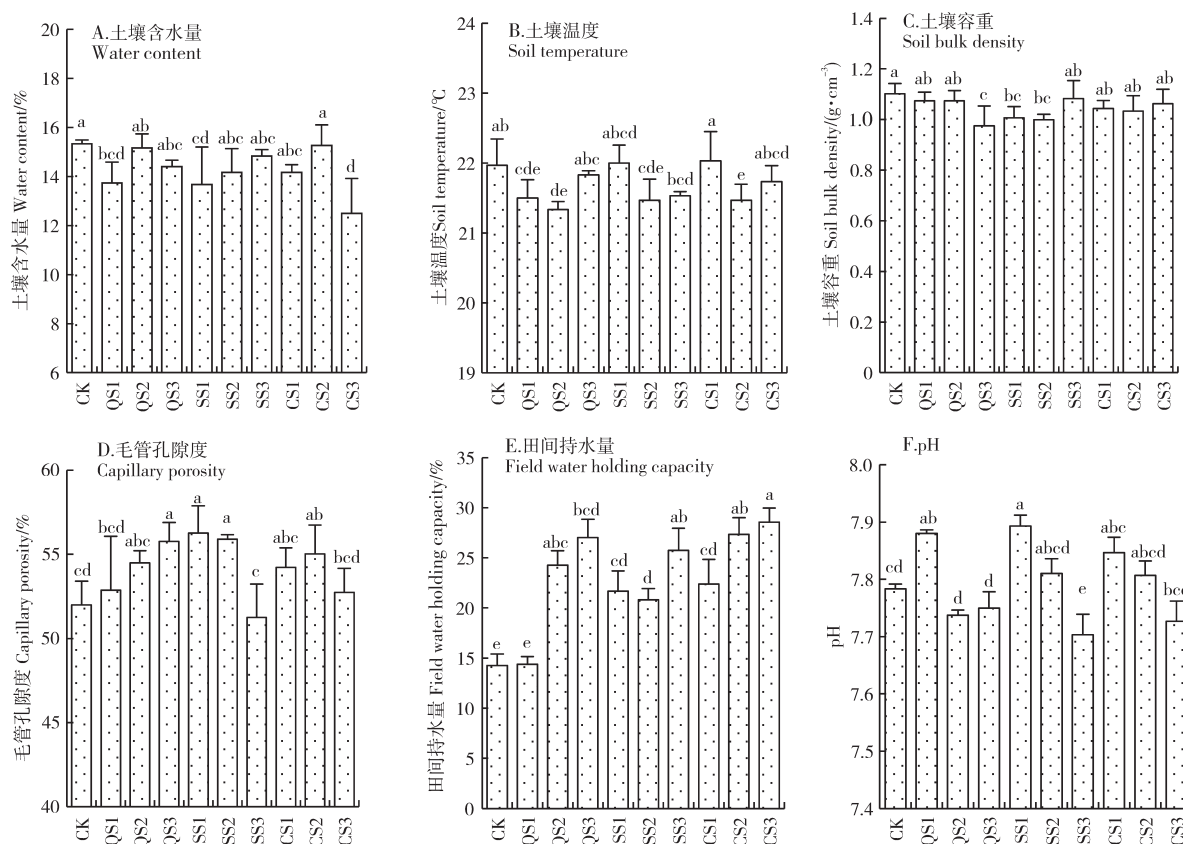
1.5 数据处理分析

基于OTU(operational taxonomic unit)分析结果,采用RDPclassifier2.12对97%相似度水平的OTU代表序列进行分类学分析,获得各样品在门、纲、目、科、属、种分类学水平上的细菌群落组成;使用Mothur软件计算各样品的 α 多样性指数,统计各样品在97%相似度水平下的Ace、Chao1、Shannon、Simpson指数及覆盖度;以OTUs丰富度对序列数作图,进行稀释分析,绘制稀释曲线;采用R的vegan软件包进行主坐标分析(principal coordinates analysis, P-CoA)和冗余分析(redundancy analysis, RDA)分析。采用R语言随机森林包获取重要指示分类群,决策树1000。方差分析使用SAS 9.0软件实现。

2 结果与分析

2.1 深松对土壤物理特性影响

由图1可知,相较于旋耕,深松可导致各处理0~10 cm土层土壤含水量、温度和容重进一步降低。从降幅来看,CS3处理,土壤含水量最低,降幅达17.65%;而QS2、SS2和CS2处理温度降幅最大;QS3、SS1和SS2处理土壤容重降幅显著。从深度来看,CS处理对土壤含水量影响最大,QS土壤温度整体降幅最高,深松处理土壤容重最小;从处理年限来看,年限长短对土壤容重影响不显著。深松处理年限



不同小写字母代表在0.05水平上有显著差异,下同。

Different lowercase letters represent significant correlation at 0.05 level, the same below.

图1 各处理0~10 cm土层土壤物理特性

Figure 1 Soil physical properties of each treatment in 0-10 cm soil layer

对耕层土壤水热影响较大,对含水量影响规律呈“先增后降”趋势,对温度影响呈“先降后增”趋势。深松处理加大了对土壤的扰动,深松作业后原有土体结构破坏,土壤空隙增加、空气比重增加,容重进一步降低的同时,水热也更容易散失。深松各处理均可导致 0~10 cm 土层土壤毛管孔隙度进一步增加,与 CK 相比均达到显著水平。从增幅看,SS>QS>CS。从年限看,随着 QS 处理年限增加,土壤毛管孔隙度呈上升趋势;分析发现,QS、SS 和 CS 均可引起 0~10 cm 土层土壤田间持水量增加,并随深松深度和年限增加而增加。各处理对 0~10 cm 土层土壤 pH 值影响规律较为一致,QS、SS 和 CS 处理 1 年,均可导致 0~10 cm 土层土壤 pH 值上升,且显著高于 CK。随着深松年限增加,即 QS、SS 和 CS 处理 2 年后,土壤 pH 值逐年降低,至深松第 3 年降至最低,且显著低于 CK。

由图 2 可知,相较于 CK,深松可导致大部分处理 10~20 cm 土层土壤含水量和土壤容重进一步升高。这一规律与 0~10 cm 土层相反。深松导致各处理 10~20 cm 土层温度低于 CK。这一变化趋势与 0~10 cm 土层相同。从深度看,CS 处理土壤含水量优于 SS 处理,QS 处理含水量最低,QS2 和 QS3 处理甚至低于 CK,但差异不显著。各处理土壤温度均低于 CK,尤以 QS1、QS2、SS1 和 CS2 等处理降幅最为显著,并与含水量表现一致,CS 处理土壤温度表现优于 SS 处理,QS 处理土温最低。10~20 cm 土层土壤容重均显著高于 CK,其变化规律仍为 CS>SS>QS,且年间差异不显著。各深松处理 10~20 cm 土层毛管孔隙度变化剧烈,且均显著低于 CK。QS 处理 10~20 cm 土层毛管孔隙度降幅最大、CS 处理次之。随深松年限增加,SS 处理 10~20 cm 土层毛管孔隙度呈现逐渐降低趋势,CS 处理呈现逐渐升高趋势。各深松处理 10~20 cm 土层田间持水量均显著低于 CK,其中 QS2 和 CS1 处理显著低于 CK。随着年限增加,QS 和 SS 处理田间持水量表现为先增后降趋势,QS 处理则逐渐增加。10~20 cm 土层 pH 值表现为随着深松深度的增加逐渐降低,降幅 CS>SS>QS。同时,随着深松年限的增加 pH 值逐渐降低。

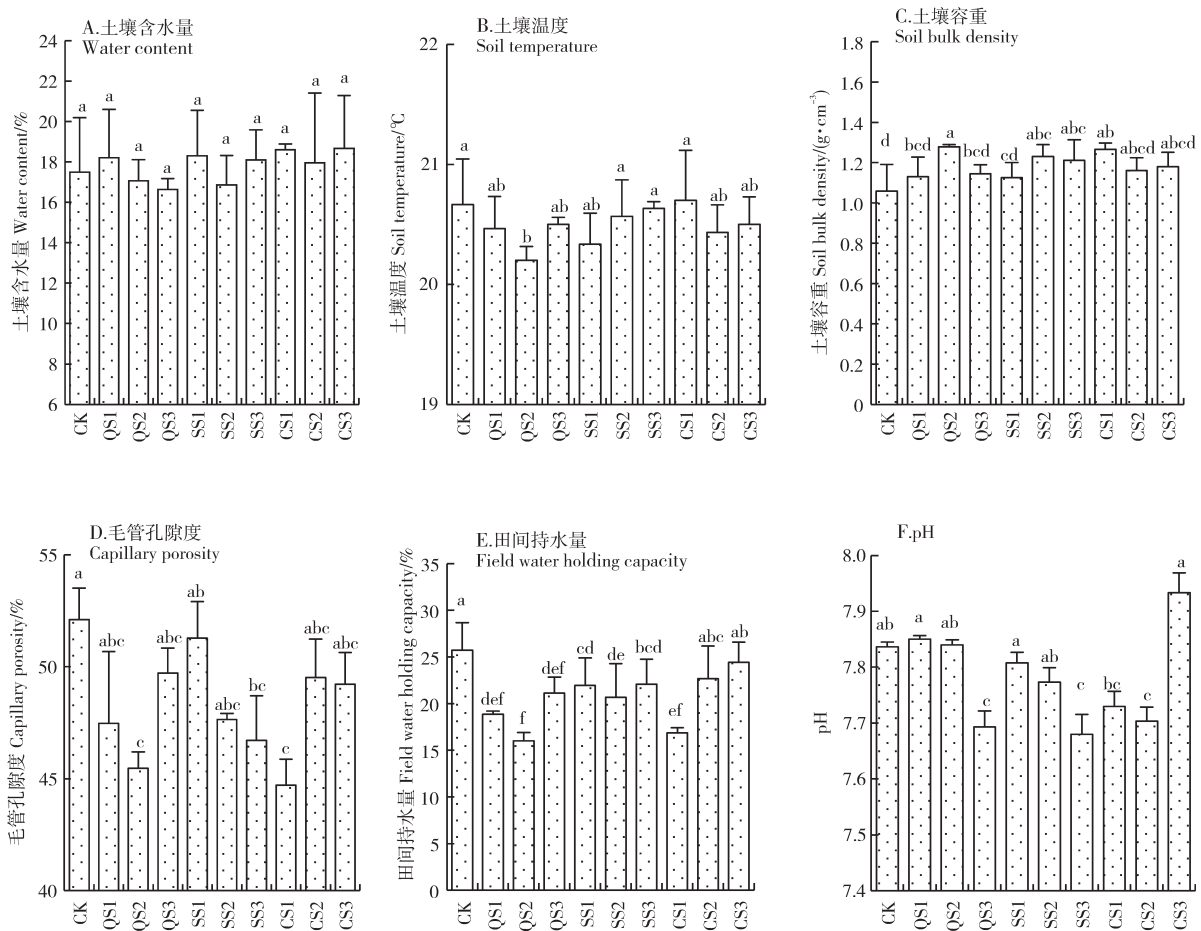


图2 各处理10~20 cm土层土壤物理特性

Figure 2 Soil physical properties of each treatment in 10~20 cm soil layer

2.2 深松对土壤结构指数影响

由表2可知,各深松处理较CK提高0~10 cm土层土壤STPSD(soil three-phase structure distance)、10~20 cm土层土壤GSSI(generalized soil structure index),降低0~10 cm土层土壤GSSI、10~20 cm土层土壤STPSD。这表明深松较旋耕优化了10~20 cm土层土壤固液气三相比,但会使0~10 cm土层土壤固液气结构恶化。深松年限对土壤STPSD和GSSI的影响在各深度下呈现不同规律。在QS处理下, QS1和QS2显著优于QS3,表明随年限增加耕层结构退化;在SS处理下,以SS3各处理最优,表明随年限增加耕层结构优化。

表2 各处理0~20 cm土层土壤STPSD、GSSI
Table 2 STPSD and GSSI of 0~20 cm soil layer for each treatment

处理 Treatments	0~10 cm		10~20 cm	
	STPSD	GSSI	STPSD	GSSI
CK	15.42±1.41 ^c	84.78±2.47 ^a	15.16±4.32 ^a	83.98±9.24 ^b
QS1	17.74±0.70 ^{abc}	80.24±1.35 ^{abcd}	11.85±3.04 ^{ab}	90.17±4.86 ^{ab}
QS2	16.46±1.70 ^{bc}	82.87±3.21 ^{ab}	8.73±0.97 ^{bc}	94.27±1.30 ^a
QS3	20.45±2.51 ^a	73.85±6.88 ^d	12.92±1.08 ^{ab}	89.01±1.63 ^{ab}
SS1	19.96±2.77 ^a	75.52±6.33 ^d	12.15±1.29 ^{ab}	90.07±1.82 ^{ab}
SS2	19.82±0.71 ^a	75.94±1.60 ^{cd}	10.23±1.09 ^{bc}	92.52±1.45 ^a
SS3	16.52±2.00 ^{bc}	82.47±3.89 ^{abc}	9.77±1.89 ^{bc}	93.13±2.23 ^a
CS1	18.34±1.28 ^{abc}	79.17±2.62 ^{abcd}	7.44±0.51 ^c	95.98±0.39 ^a
CS2	17.76±1.74 ^{abc}	80.11±3.91 ^{abcd}	10.86±4.26 ^{bc}	91.52±5.96 ^a
CS3	19.13±2.15 ^{ab}	77.14±4.46 ^{bcd}	10.12±2.53 ^{bc}	92.72±3.22 ^a

注:不同小写字母代表在0.05水平上显著相关。下同。

Note: Different lowercase letters represent significant correlation at the 0.05 level. The same below.

2.3 深松对根际真菌多样性及群落结构影响

2.3.1 深松对根际真菌多样性影响 由表3可知,各处理测序覆盖度均大于0.99,表明测序数据数量合理,可较好反映土壤真菌群落组成。各处理Ace指数差异不显著,但Shannon指数均低于CK,以CS2降幅最大,较CK显著降低26.38%,表明深松较旋耕能显著降低真菌群落多样性。QS和CS各处理随深松年限增加,Ace和Shannon指数逐渐提高,其中QS3 Shannon指数较QS1提高29.55%,差异显著;相同深松年限下,深松2 a和3 a各处理Ace和Shannon指数均以QS2和QS3各处理最佳。

表3 各处理根际土壤真菌α多样性
Table 3 Alpha diversity of fungi in rhizosphere soil of different treatments

处理 Treatments	OTU	Ace	Shannon	测序深度指数/% Sequencing depth index
CK	411.67±29.50 ^{ab}	424.50±35.50 ^{ab}	4.26±0.04 ^a	0.99
QS1	383.33±12.66 ^c	408.78±24.03 ^{ab}	3.19±0.65 ^{bc}	0.99
QS2	405.67±9.50 ^{ab}	431.75±19.51 ^a	3.99±0.22 ^{ab}	0.99
QS3	415.33±24.17 ^{ab}	434.03±32.50 ^a	4.13±0.28 ^a	0.99
SS1	426.33±19.14 ^a	450.06±12.15 ^a	4.09±0.09 ^a	0.99
SS2	349.33±59.94 ^c	367.44±70.69 ^b	3.13±1.17 ^c	0.99
SS3	403.67±13.20 ^b	425.79±20.07 ^{ab}	3.97±0.34 ^{ab}	0.99
CS1	375.67±9.81 ^d	399.30±16.73 ^{ab}	3.73±0.37 ^{abc}	0.99
CS2	391.33±38.84 ^b	409.34±51.30 ^{ab}	3.98±0.20 ^{ab}	0.99
CS3	391.67±19.14 ^b	413.20±25.83 ^{ab}	4.03±0.32 ^a	0.99

2.3.2 深松对根际土壤真菌群落结构影响 由图3可知,按照相对丰度>0.1%为标准划分划分优势菌群,发现优势菌群共有5个,依次为子囊菌门(Ascomycota)(41.77%~74.35%)、被孢霉门(Mortierellomycota)(5.69%~46.95%)、担子菌门(Basidiomycota)(5.89%~20.28%)、壶菌门(Chytridiomycota)(0.58%~2.18%)、Aphelidiomycota(0.07%~0.19%)。在属水平上(图4),相对丰度>0.1%的菌属共计51个,各处理相对丰度均>1%的菌属共6个,依次为被孢霉属(*Mortierella*)(4.54%~45.47%)、分子孢子菌属(*Clado-*

sporium) (2.45%~22.32%)、毛壳菌属 (*Chaetomium*) (1.66%~14.94%)、*Guehomyces* (2.17%~13.60%)、链格孢属 (*Alternaria*) (1.10%~4.71%)、镰刀菌属 (*Fusarium*) (1.45%~4.98%)。结合随机森林分析发现,与深松处理相关性最强的5个菌属为绿僵菌属 (*Metarhizium*)、荚孢腔菌属 (*Sporormia*)、亚隔孢壳属 (*Didymella*)、附球菌属 (*Epicoccum*)、枝孢菌 (*Cladosporium*),其中亚隔孢壳属、附球菌属、枝孢菌是土壤真菌群落中优势菌群(相对丰度>0.1%)。

相较于CK,深松处理导致子囊菌门相对丰度大幅度降低,被孢霉门、担子菌门相对丰度大幅增加,表明剧烈的土壤扰动在影响耕层水热状况的同时,也改变了真菌的群落结构,使其向全新群落结构发展。随着深松深度增加,子囊菌门逐渐占优、被孢霉门处于劣势;从深度来看,SS处理被孢霉门丰富度最高,CS处理担子菌门丰富度最高。除SS2外,各处理均以子囊菌门相对丰度最高,而SS2则以被孢霉门相对丰度最高,SS2被孢霉门相对丰度较CK显著提高399.80%。各深松处理较CK降低子囊菌门相对丰度,以SS2降幅最大,较CK显著降低43.81%。相同深松深度下,随深松年限提高,Aphelidiomycota相对丰度逐渐提高。而相同深松年限下,Aphelidiomycota相对丰度随深松深度变化成先降低后升高的变化趋势。

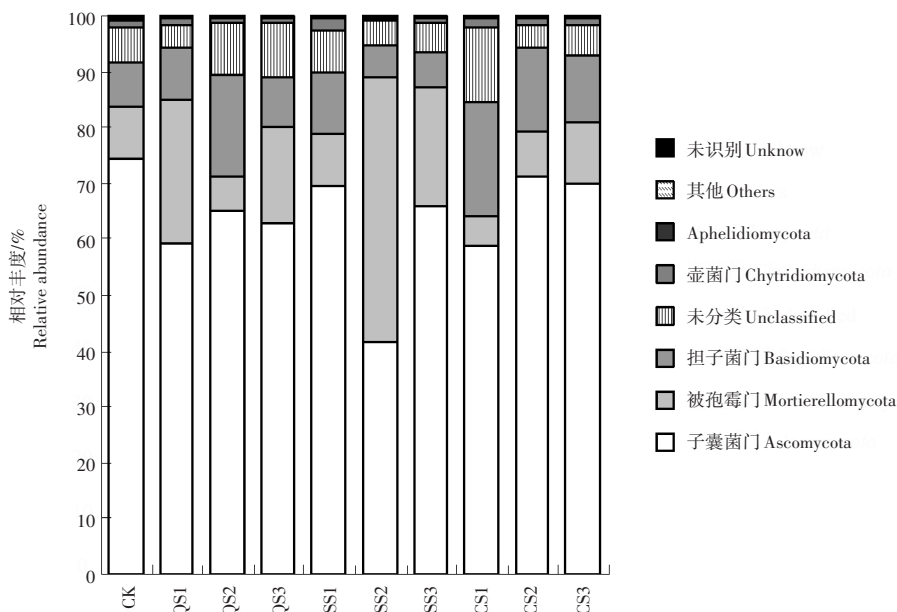


图3 各处理土壤真菌门水平群落结构

Figure 3 Soil fungal community structure at phylum level of each treatment in soil under different treatments

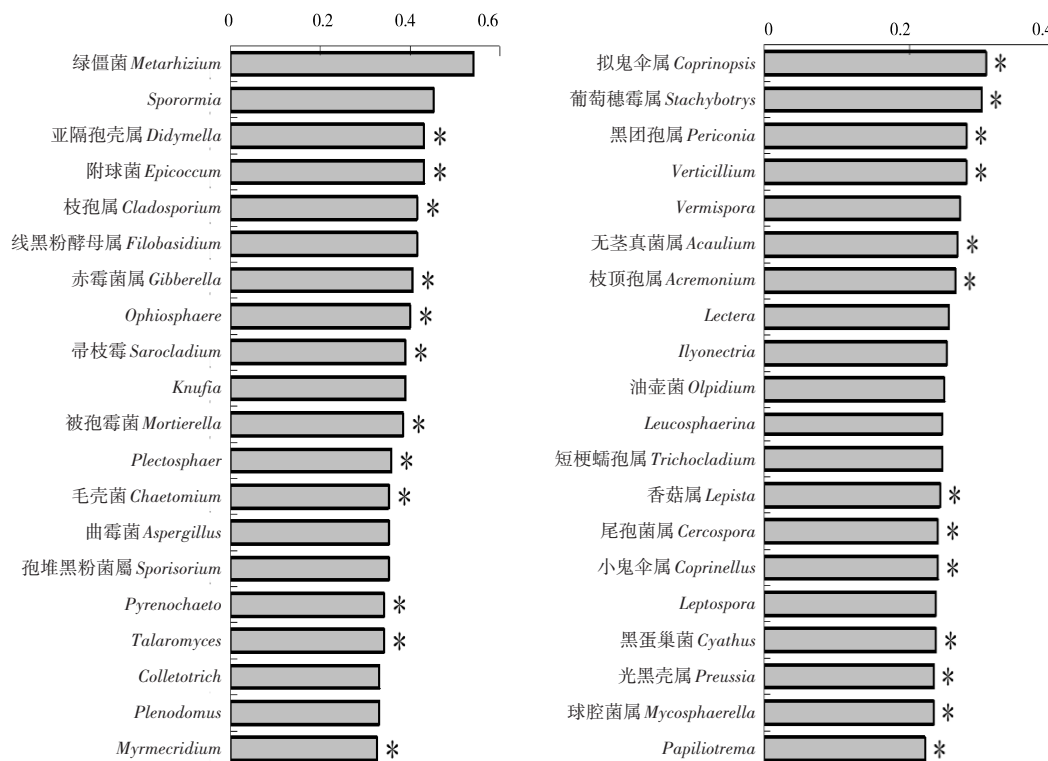
从属水平看,提取相对丰度(图4)及 MeanDecrease GiNi(图5)均排名前40的菌属进行分析,各深松处理较CK提高双极霉属 (*Bipolaris*)、葡萄状穗霉属 (*Stachybotrys*)、附球菌属 (*Epicoccum*)、*Dioszegia*、*Papiliotrema* 相对丰度,降低 *Myrmecridium*、帚枝霉属 (*Sarocladium*)、*Plectosphaerella*、枝鼻菌属 (*Cladorrhinum*)、*Cercophora* 相对丰度。各深松处理中部分处理检测出香菇属 (*Lepista*),而在CK处理中未检测出该菌属,CS1该菌属相对丰度较高,为3.66%。相同深松深度下,深松年限增加时 *Dioszegia*、*Papiliotrema*、*Cercophora*、*Coprinopsis* 相对丰度呈现先升高后降低趋势。相同深松年限下,深松深度增加时 *Coprinopsis* 相对丰度先升高后降低, *Cercophora* 相对丰度先降低后升高。

2.3.3 深松对根际土壤真菌群落差异性影响 根据ANOSIM(analysis of similarities)可知,各处理间土壤真菌群落差异显著($R=0.253$, $p=0.002$)。P-CoA分析(图6)表明,根据相同深松年限分组,各组间呈现较为明显的覆盖、包含的关系,且随着深松年限提高,不同深松深度处理间距离逐渐降低,土壤真菌群落相似性逐渐提高。以相同深松深度分组,各组间出现一定分离。分析表明,深松深度相较于深松年限更易使玉米根际土壤真菌群落产生差异,而深松年限增加,不同深度处理间差异减小。



图4 各处理土壤真菌属水平群落结构

Figure 4 Community structure of soil fungal at genus level in each treatments



*代表该菌属相对丰度≥0.1%

*represents the relative abundance of this bacterium in the genus ≥0.1%

图5 各处理土壤真菌群落属水平随机森林分析

Figure 5 Random forest analysis of soil fungal community at genus level in each treatments

2.4 微生物群落与土壤理化因子关系

由表4可知,土壤各物理因子间相关关系显著,土壤GSSI和STPSD分别于土壤容重呈极显著正相关和负相关,表明当土壤扰动强度过大,土壤固相比比例过低,土壤固液气三相结构恶化。土壤GSSI和STPSD与土壤含水量相关关系与土壤容重相同,表明土壤含水量提高有利于土壤固液气三相结构进一步优化。Ace指数与土壤温度、Shannon呈显著正相关,表明土壤温度提高有利于提高根际土壤真菌群落丰富度,进而对真菌群落多样性产生正面影响。

由图7可知,两排序轴共揭示了土壤真菌群落18.72%的变异,各物理特性中,土壤pH值、温度和GSSI对真菌群落影响较大,土壤含水量和容重对真菌群落的影响也处于较高水平,但低于STPSD和GSSI。各优势菌门中,子囊菌门与土壤温度和pH值分别呈正相关和负相关。被孢霉门与土壤pH值

呈正相关,与土壤 GSSI 呈负相关。担子菌门、壶菌门、Aphelidiomycota 与土壤 GSSI 呈正相关,与土壤 pH 值呈负相关。

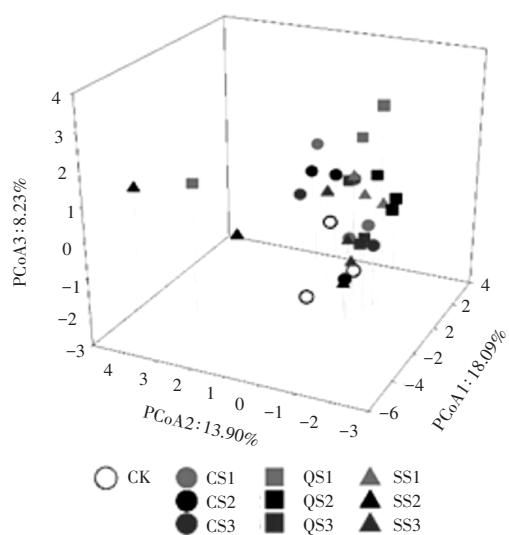
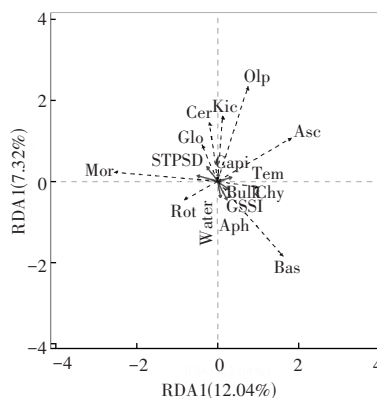


图6 基于Bray-Curtis距离的土壤真菌群落的P-CoA分析
Figure 6 P-CoA analysis of soil fungal communities based on Bray-Curtis distance



TEM. 土壤温度; Capi. 土壤毛管孔隙度; Bulk. 土壤容重; Wat. 土壤含水量; Olp. Olpidomycota; Kic. Kickxellomycota; Cer. Cercococ; Glo. 球囊菌门(Glomeromycota); Mor. 被孢霉门(Mortierellomycota); Rot. Rotifera; Aph. Aphelidiomycota; Bas. 担子菌门(Basidiomycota); Chy. 壶菌门(Chytridiomycota); Asc. 子囊菌门(Ascomycota)。
TEM. Soil temperature; Capi. Soil capillary porosity; Bulk. Soil bulk density; Wat. Soil moisture content; Olp. Olpidomycota; Kic. Kickxellomycota; Cer. Cercococ; Glo. Glomeromycota; Mor. Mortierellomy.

图7 真菌群落与土壤物理特性冗余分析

Figure 7 Redundancy analysis of fungal communities and soil physical properties

表4 土壤物理因子及真菌群落多样性相关性分析

Table 4 Correlation analysis of soil physical factors and fungal community diversity

指标 Index	土壤容重 Soil bulk density	土壤毛管孔隙度 Soil capillary porosity	土壤含水量 Soil water content	土壤温度 Soil temperature	STPSD	GSSI	pH	Ace	Shannon
土壤容重 Soil bulk density	1.000								
土壤毛管孔隙度 Soil capillary porosity	-0.946**	1.000							
土壤含水量 Soil water content	0.729**	-0.791**	1.000						
土壤温度 Soil temperature	-0.706**	0.773**	-0.902**	1.000					
STPSD	-0.958**	0.946**	-0.894**	0.836**	1.000				
GSSI	0.949**	-0.929**	0.893**	-0.828**	-0.995**	1.000			
pH	0.026	0.041	0.061	-0.082	-0.046	0.086	1.000		
Ace	0.371	-0.405	-0.288	0.726*	-0.232	0.169	-0.073	1.000	
Shannon	0.372	-0.439	-0.253	0.621	-0.241	0.214	-0.320	0.761*	1.000

注:**和*分别代表在0.01和0.05水平上显著相关。

Note: ** and * represent significant correlation at 0.01 and 0.05 levels, respectively.

3 讨论与结论

大量研究表明,深松可降低土壤容重,提高土壤孔隙度,调节土壤固液气三相比^[33-36]。前人研究还表明,土壤温度与土壤孔隙、含水量密切相关,可通过土壤孔隙传递并贮存于土壤水分^[34],可能是深松较旋耕对土壤扰动较小,且维持并提高了表层(0~20 cm)土壤与深层(>20 cm)土壤的连通性,土壤水热向深层运移量较大,进而降低了土壤温度。本研究结果与前人有一定差异。本研究发现深松处理可显著降低0~10 cm 土层土壤含水量、温度,小幅降低容重,显著提高毛管孔隙度、田间持水量,而10~20 cm 土层各指标表现与0~10 cm 土层不同,两者呈现相反规律。本研究证实3种深松深度均可引起0~10 cm 土层土壤田间持水量增加,并呈现随着深松深度和深松年限增加,田间持水量也不断增加的规律。深松较旋耕降低0~10 cm 土层土壤含水量,且土壤含水量与土壤容重呈极显著正相关。深松、

翻耕虽然显著降低了土壤容重、提高土壤毛管孔隙度,但随着对土壤扰动程度的增强,土壤容重过低,土壤蓄水保墒能力下降^[37-38],进而导致各处理0~10 cm土层土壤田间持水量较高,但土壤含水量处于较低水平。上述现象还可能是深松后0~10 cm土层土壤田间持水量较大,土壤颗粒沉降作用较大,导致“上虚下实”,这与BOTTA等^[39]研究结论类似。同时,翻耕将疏松的表层土壤翻至底层,在一定时间内,土壤仍能保持原有的团粒结构,进而导致10~20 cm土层土壤容重较低。WANG等^[40]研究表明,与传统耕作相比,深松显著降低20~50 cm土壤容重和0~40 cm土层土壤紧实度,深松40 cm降幅最大。ALAMOUTI等^[41]研究认为,深松深度在32 cm时,土壤容重降幅最显著。深松处理对0~10 cm耕层pH值影响表现为:处理1 a可增加耕层pH值,随处理年限增加pH值逐渐降低,并最终低于CK;深松处理对10~20 cm耕层pH值影响与0~10 cm耕层不同,仅SS和CS处理低于CK,同样表现出随处理年限增加pH值逐渐降低趋势。这一结果与前人0~20 cm耕层pH值均低于CK的结果略有不同,分析原因可能由于试验地全年降雨集中在7~8月,加之灌溉导致耕层水盐运移强烈,导致pH值发生上述变化。同时,由于试验地实施秸秆还田、加之深松可能导致耕层逐渐酸化,这与前人研究结果基本一致。合理的土壤固液气三相比是作物及土壤微生物发挥其作用的决定因素之一。本研究结果表明,土壤GSSI与土壤容重、土壤含水量呈正相关,土壤STPSD与上述两个因子呈负相关。表明土壤扰动过强,土壤容重过低不利于协调土壤固液气三相比,适当的减少深松深度及深松年限可更好的调节耕层土壤结构。

本研究结果表明,深松较翻耕降低土壤真菌群落多样性,对真菌群落丰富度影响不显著,这与WU等^[42]研究结果基本一致。结合相关性分析,土壤真菌群落丰富度与土壤温度呈显著正相关,真菌群落丰富度与多样性之间呈显著正相关。可能由于深松降低土壤温度,对真菌群落造成不利影响。另外,土壤养分含量及其有效性也是土壤真菌群落多样性的重要影响因素^[35-36]。传统的耕作方式更有利于释放土壤养分^[43],且本研究深松实施时间较翻耕早,土壤有机质含量较低,土壤真菌群落的养分来源进一步减少。此外,前人研究表明,土壤机械组成^[44-45]、土壤孔径直径^[46]等因子对土壤真菌群落影响显著,若能涉及上述因子,可更好的解释土壤真菌群落的变化。由RDA分析可知,土壤pH值、温度、GSSI对真菌群落影响较大,但两排序轴对土壤真菌群落结构变异的解释度较低,WANG等^[47]对真菌的研究发现地上部生物量和碳氮比是决定真菌群落组成的重要因素。同时杨华等^[48]研究表明,在不同保护性耕作处理下土壤有机碳含量和速效磷含量是导致土壤中丛枝菌根真菌群落结构差异的主效土壤环境因子,而土壤含水量、土壤容重物理因子并不是影响真菌群落的主要因子^[49]。高丹蕾等^[50]分析结果表明,土壤有机质、铵态氮、速效钾含量和pH对根际微生物群落有显著影响。本研究未涉及土壤化学因子,但不排除由于土壤有机质组成、速效养分含量等因子对真菌群落结构也具有较大影响。各深松处理较CK显著降低子囊菌门相对丰度,除SS2和SS3外,各处理较CK均提高了担子菌门的相对丰度。一方面可能由于子囊菌门、担子菌门分别受土壤温度与土壤GSSI影响较大;另一方面,子囊菌门、担子菌门是主要的土壤真菌分解者^[51],但担子菌门可更好的降解木质素^[52-53],本试验深松开展时间较早,各深松处理易降解的有机质组分消耗,而难降解的组分积累,进而提高了担子菌门的相对丰度。根据报道,附球菌属与铁运输有关^[54],并具有生物防治的作用^[55]。*Dioszegia*可产生抗真菌化合物,并诱导根系生长^[56]。各深松处理可提高附球菌属、*Dioszegia*相对丰度。各深松处理较翻耕提高了双极霉属、葡萄状穗霉属、*Papiliotrema*等具有致病型及产生毒素的能力菌属的相对丰度^[57-58],但也可降低帚枝霉属等病原菌^[59]。枝鼻菌属可抑制皱韧革菌(*Stereum rugosum*)和杂色云芝(*Trametes versicolor*)生长,具有较好的生物防控作用,并且可分解果胶、纤维素等物质,各深松处理较翻耕降低该菌属相对丰度。*Dioszegia*和*Papiliotrema*相对丰度随深松年限增加,呈升高后降低变化;拟鬼伞属(*Coprinopsis*)和尾孢菌属(*Cercophora*)相对丰度随深松深度增加分别呈先升高后降低、先降低后升高的变化趋势。深松深度及深松年限对土壤真菌群落结构影响结果较为复杂,若能结合试验地具体情况,增加针对性的辅助措施,减小深松对土壤真菌群落的不利影响,可进一步优化土壤真菌群落结构。

深松可导致耕层土壤含水量、温度、容重毛管孔隙度、田间持水量发生显著变化,使耕层(20 cm)

上下两层(0~10 cm和10~20 cm)呈相出相反规律。同时发现土壤扰动过强,土壤容重过低不利于协调土壤固液气三相比,适当地减少深松深度及深松年限可更好地调节耕层土壤结构。研究表明,深松较翻耕降低土壤真菌群落多样性,对真菌群落丰富度影响不显著。土壤真菌群落丰富度与土壤温度呈显著正相关,真菌群落丰富度与多样性之间呈显著正相关。深松可显著降低子囊菌门相对丰度,提高担子菌门的相对丰度。

参考文献:

- [1] 韩晓盈,王宏燕,于洪艳,等.黑土生态系统氮循环研究进展[J].东北农业大学学报,2009,40(2):140-144.
- [2] 张兴义,隋跃宇,宋春雨.农田黑土退化过程[J].土壤与作物,2013,2(1):1-6.
- [3] 王恩姮,陈祥伟.大机械作业对黑土区耕地土壤三相比与速效养分的影响[J].水土保持学报,2007,21(4):98-102.
- [4] 刘卫玲,程思贤,李娜,等.深松(耕)时期与方式对砂姜黑土耕层养分和冬小麦、夏玉米产量的影响[J].河南农业科学,2020,49(3):8-16.
- [5] LIU Z D, QIN A Z, NING D F, et al. Subsoiling effects on grain yield and water use efficiency of spring maize in northern China[J]. International Agricultural Engineering Journal, 2016, 25(2): 9-19.
- [6] WANG Q, LU C, LI H, et al. The effects of no-tillage with subsoiling on soil properties and maize yield: 12-year experiment on alkaline soils of Northeast China[J]. Soil and Tillage Research, 2014, 137: 43-49.
- [7] EKELÖF J, GUAMÁN V, JENSEN E S, et al. Inter-row subsoiling and irrigation increase starch potato yield, phosphorus use efficiency and quality parameters[J]. Potato Research, 2015, 58(1): 15-27.
- [8] HAO M M, HU H Y, LIU Z, et al. Shifts in microbial community and carbon sequestration in farmland soil under long-term conservation tillage and straw returning[J]. Applied Soil Ecology, 2019, 136: 43-54.
- [9] HOLLISTER E B, SCHADT C W, PALUMBO A V, et al. Structural and functional diversity of soil bacterial and fungal communities following woody plant encroachment in the Southern Great Plains[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(10): 1816-1824.
- [10] 姜佰文,于士源,杨贺淇,等.增密种植条件下苗期深松与氮肥侧深施对玉米根系生长与氮效率的影响[J].东北农业大学学报,2023,54(6):1-9,19.
- [11] 安崇霄,杜孝敬,徐文修,等.周年土壤耕作组合对伊犁河谷冬小麦-夏大豆氮素吸收、利用与产量的影响[J].南京农业大学学报,2021,44(2):225-231.
- [12] 徐希辉,刘晓伟,蒋建东.微生物菌群强化修复有机污染物污染环境:现状与挑战[J].南京农业大学学报,2020,43(1):10-17.
- [13] ALVAREZ C R, ALVAREZ R. Short-term effects of tillage systems on active soil microbial biomass[J]. Biology and Fertility of Soils, 2000, 31(2): 157-161.
- [14] CHIU C Y, CHEN T H, IMBERGER K, et al. Particle size fractionation of fungal and bacterial biomass in subalpine grassland and forest soils[J]. Geoderma, 2006, 130(3/4): 265-271.
- [15] SOUZA ANDRADE D, COLOZZI-FILHO A, GILLER K. The soil microbial community and soil tillage[M]// Advances in Agroecology. Florida: CRC Press, 2002.
- [16] HUANG M, JIANG L G, ZOU Y B, et al. Changes in soil microbial properties with no-tillage in Chinese cropping systems[J]. Biology and Fertility of Soils, 2013, 49(4): 373-377.
- [17] SCHMIDT R, MITCHELL J, SCOW K. Cover cropping and no-till increase diversity and symbiotroph:Saprotroph ratios of soil fungal communities[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019, 129: 99-109.
- [18] HE D, XIANG X J, HE J S, et al. Composition of the soil fungal community is more sensitive to phosphorus than nitrogen addition in the alpine meadow on the Qinghai-Tibetan Plateau[J]. Biology and Fertility of Soils, 2016, 52(8): 1059-1072.
- [19] 梁雷,付金晶. 衬膜水稻技术对科尔沁沙地荒漠化土壤肥力修复效果的评价研究[J]. 辽宁大学学报(自然科学版), 2022, 49(3): 274-277.
- [20] CHAPIN F S III, MATSON P A, MOONEY H A. Principles of Terrestrial Ecosystem Ecology[M]. New York: Springer New York, 2002.
- [21] HANNULA S E, BOSCHKER H T S, DE BOER W, et al. ¹³C pulse-labeling assessment of the community structure

- of active fungi in the rhizosphere of a genetically starch-modified potato (*Solanum tuberosum*) cultivar and its parental isolate[J].*The New Phytologist*,2012,194(3):784-799.
- [22] 吴佳育,胡 伟,杨智宇,等.菌根真菌与植物根部微生态系统中不同真菌相互作用研究进展[J].*河南农业科学*,2022,51(2):1-9.
- [23] BOWLES T M,JACKSON L E,CAVAGNARO T R.Mycorrhizal fungi enhance plant nutrient acquisition and modulate nitrogen loss with variable water regimes[J].*Global Change Biology*,2018,24(1):e171-e182.
- [24] 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.
- [25] 李 景,吴会军,武雪萍,等.长期不同耕作措施对土壤团聚体特征及微生物多样性的影响[J].*应用生态学报*,2014,25(8):2341-2348.
- [26] 李 彤,王梓廷,刘 露,等.保护性耕作对西北旱区土壤微生物空间分布及土壤理化性质的影响[J].*中国农业科学*,2017,50(5):859-870.
- [27] 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.
- [28] WANG Z T,LI T,WEN X X,et al.Fungal communities in rhizosphere soil under conservation tillage shift in response to plant growth[J].*Frontiers in Microbiology*,2017,8.DOI:10.3389/fmicb.2017.01301.
- [29] 依艳丽.土壤物理研究法[M].北京:北京大学出版社,2009.
- [30] 张 韫.土壤·水·植物理化分析教程[M].北京:中国林业出版社,2011.
- [31] 王恩姮,赵雨森,陈祥伟.基于土壤三相的广义土壤结构的量化表达[J].*生态学报*,2009,29(4):2067-2072.
- [32] 曾路生,崔德杰,李俊良,等.寿光大棚菜地土壤呼吸强度、酶活性、pH与EC的变化研究[J].*植物营养与肥料学报*,2009,15(4):865-870.
- [33] 叶雪松.耕作方式对土壤物理性状、酶活性以及燕麦产量的影响[D].呼和浩特:内蒙古大学,2015.
- [34] ZHANG S,LOVDAHL L,GRIP H,et al.Effects of mulching and catch cropping on soil temperature,soil moisture and wheat yield on the Loess Plateau of China[J].*Soil and Tillage Research*,2009,102(1):78-86.
- [36] HOUSMAN D C,YEAGER C M,DARBY B J,et al.Heterogeneity of soil nutrients and subsurface biota in a dryland ecosystem[J].*Soil Biology and Biochemistry*,2007,39(8):2138-2149.
- [37] JABRO J D,STEVENS W B,IVERSEN W M,et al.Tillage depth effects on soil physical properties,sugarbeet yield, and sugarbeet quality[J].*Communications in Soil Science and Plant Analysis*,2010,41(7):908-916.
- [38] WANG X B,CAI D X,HOOGMOED W B,et al.Developments in conservation tillage in rainfed regions of North China[J].*Soil and Tillage Research*,2007,93(2):239-250.
- [39] BOTTA G F,JORAJURIA D,BALBUENA R,et al.Deep tillage and traffic effects on subsoil compaction and sunflower (*Helianthus annuus* L.) yields[J].*Soil and Tillage Research*,2006,91(1/2):164-172.
- [40] WANG S B,GUO L L,ZHOU P C,et al.Effect of subsoiling depth on soil physical properties and summer maize (*Zea mays* L.) yield[J].*Plant,Soil and Environment*,2019,65(3):131-137.
- [41] ALAMOUTI M Y,NAVABZADEH M.Investigation of plowing depth effect on some soil physical properties[J].*Pakistan Journal of Biological Sciences:PJBS*,2007,10(24):4510-4514.
- [42] WU T H,CHELLEMI D O,MARTIN K J,et al.Discriminating the effects of agricultural land management practices on soil fungal communities[J].*Soil Biology and Biochemistry*,2007,39(5):1139-1155.
- [43] ANDERSON T H,DOMSCH K H.Ratios of microbial biomass carbon to total organic carbon in arable soils[J].*Soil Biology and Biochemistry*,1989,21(4):471-479.
- [44] BACH E M,BAER S G,MEYER C K,et al.Soil texture affects soil microbial and structural recovery during grassland restoration[J].*Soil Biology and Biochemistry*,2010,42(12):2182-2191.
- [45] JIANG X,WRIGHT A L,WANG X,et al.Tillage-induced changes in fungal and bacterial biomass associated with soil aggregates: A long-term field study in a subtropical rice soil in China[J].*Appl Soil Ecol*,2011,48(2):168-173.
- [46] CROWTHER T W,MAYNARD D S,LEFF J W,et al.Predicting the responsiveness of soil biodiversity to deforestation:A cross-biome study[J].*Global Change Biology*,2014,20(9):2983-2994.
- [47] WANG S K,ZUO X A,ZHAO X Y,et al.Responses of soil fungal community to the sandy grassland restoration in Horqin Sandy Land, Northern China[J].*Environmental Monitoring and Assessment*,2015,188(1).DOI: 10.1007/

- s10661-015-5031-3.
- [48] 杨 华,李 彤,王威雁,等.保护性耕作对西北旱区土壤微生物空间分布及土壤理化性质的影响[J].西北农业学报,2020,29(10):1528-1536.
- [49] 吕开源,周立萍,康建宏,等.不同耕作方式下玉米秸秆还田对土壤真菌群落的影响[J].中国土壤与肥料,2022(8):112-122.
- [50] 高丹蕾,吴璐瑶,孟凡志,等.引种栽培条件下大花黄牡丹根际微生物多样性及群落结构[J].东北农业大学学报,2022,53(3):19-29.
- [51] BASTIAN F,BOUZIRI L,NICOLARDOT B,et al.Impact of wheat straw decomposition on successional patterns of soil microbial community structure[J].Soil Biology and Biochemistry,2009,41(2):262-275.
- [52] YELLE D J,RALPH J,LU F C,et al.Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete[J].Environmental Microbiology,2008,10(7):1844-1849.
- [53] LUNDELL T K,MÄKELÄ M R,HILDÉN K.Lignin-modifying enzymes in filamentous basidiomycetes—ecological, functional and phylogenetic review[J].Journal of Basic Microbiology,2010,50(1):5-20.
- [54] FREDERICK C B,SZANISZLO P J,VICKREY P E,et al.Production and isolation of siderophores from the soil fungus *Epicoccum purpurascens*[J].Biochemistry,1981,20(9):2432-2436.
- [55] LARENA I,TORRES R,DE CAL A,et al.Biological control of postharvest brown rot (*Monilinia* spp.) of peaches by field applications of *Epicoccum nigrum*[J].Biological Control,2005,32(2):305-310.
- [56] GÁCSER A,HAMARI Z,PFEIFFER I,et al.Organization of mitochondrial DNA in the basidiomycetous *Dioszegia hungarica* (*Cryptococcus hungaricus*) species[J].FEMS Microbiology Letters,2002,212(1):1-6.
- [57] MANAMGODA D S,CAI L,MCKENZIE E H C,et al.A phylogenetic and taxonomic re-evaluation of the *Bipolaris-Cochliobolus - Curvularia* complex[J].Fungal Diversity,2012,56(1):131-144.
- [58] NIKULIN M,PASANEN A L,BERG S,et al.*Stachybotrys atra* growth and toxin production in some building materials and fodder under different relative humidities[J].Applied and Environmental Microbiology,1994,60(9):3421-3424.
- [59] 侯艳敏.富士苹果套袋果实黑点病病原学研究[D].杨凌:西北农林科技大学,2016.

[责任编辑 李 薇]