



彭新红,陈绪涛,何虎,等.大球盖菇菌渣还田对水稻生长和稻田土壤环境的影响[J].江西农业大学学报,2023,45(2):349–360.

PENG X H, CHEN X T, HE H, et al. Effects of returning *Stropharia rugosoannulata* cultivation residue to paddy fields on rice growth and soil environment[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2023, 45(2): 349–360.

大球盖菇菌渣还田对水稻生长 和稻田土壤环境的影响

彭新红¹, 陈绪涛¹, 何 虎², 戴建成¹, 胡 佳¹, 戴 丹¹,
孙 鹏¹, 王 振¹, 魏 桢³, 魏云辉^{1*}

(1. 江西省农业科学院 农业应用微生物研究所, 江西 南昌 330200; 2. 江西省农业科学院 水稻研究所, 江西 南昌 330200; 3. 江西生物科技职业学院, 江西 南昌 330200)

摘要:【目的】探究大球盖菇菌渣全量还田对水稻产量、土壤肥力和微生物多样性的影响,为评价菌渣对土壤环境质量的改良提供重要参考。【方法】在江西吉安开展菌渣原位还田试验,试验设置常规施肥(CK)、菌渣原位还田+常规施肥(JZ)和秸秆全量还田+常规施肥(JG)3个处理,分析不同栽培措施下水稻的生物量、产量和养分吸收量,以及土壤养分含量、菌群丰度和微生物多样性等土壤环境的差异。【结果】与CK处理相比,JZ和JG均显著提高了水稻的生物量和产量,产量增幅分别为9.51%和4.89%。JZ和JG处理促进了水稻对氮(N)、磷(P)、钾(K)养分的吸收,成熟期N、P、K吸收量分别提高了41.44%和31.01%、48.64%和33.13%、28.44%和26.74%。JZ处理土壤pH较CK略有升高,JG处理移栽前期和幼穗分化期则显著降低;JZ和JG处理土壤中有有机质和速效养分含量均明显升高;施用菌渣和秸秆显著提高了土壤中细菌的多样性,JZ处理土壤中与有机质降解相关的菌群丰度明显升高。【结论】大球盖菇菌渣原位还田和秸秆全量还田均能提高土壤的养分含量、土壤微生物群落多样性和水稻产量,菌渣原位还田对稻田土壤环境和水稻生长的影响优于秸秆全量还田。

关键词:大球盖菇;菌渣还田;水稻产量;土壤化学性质;微生物多样性

中图分类号:S511;S154.39 文献标志码:A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

文章编号:1000-2286(2023)02-0349-12



Effects of Returning *Stropharia rugosoannulata* Cultivation Residue to Paddy Fields on Rice growth and Soil Environment

PENG Xinhong¹, CHEN Xutao¹, HE Hu², DAI Jiancheng¹, HU Jia¹, DAI Dan¹,
SUN Peng¹, WANG Zhen¹, WEI Zhen³, WEI Yunhui^{1*}

收稿日期:2022-12-28 修回日期:2023-02-26

基金项目:江西省重点研发计划重点项目(101145040103)、江西省重点研发计划一般项目(20212BBF63013)、国家食用菌产业技术体系CARSS和江西现代农业科研协同创新专项(JXTCXBSJJ202213)

Key Project of Jiangxi Province Key R&D Plan(101145040103), General Project of Jiangxi Province Key R&D Plan(20212BBF63013), National Edible Fungus Industry Technology System CARSS and Jiangxi Modern Agricultural Research Collaborative Innovation Special(JXTCXBSJJ202213)

作者简介:彭新红,助理研究员,博士,orcid.org/0000-0002-9419-6571, m15270803147@163.com; *通信作者:魏云辉,研究员,主要从事食用菌种质资源创新、良种繁育及高效栽培技术研究, yunhuiwei@sina.com。

(1. Institute of Agricultural Applied Microbiology, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; 2. Institute of Rice, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; 3. Jiangxi Biotechnology Vocational College, Nanchang 330200, China)

Abstract: [Objective] This study aims to investigate the effects of returning *Stropharia rugosoannulata* residue to paddy fields on rice yield, soil fertility and microbial diversity, thus providing an important reference for evaluating the improvement of soil environmental quality by *S. rugosoannulata* residue. [Method] Field experiments were conducted in the Ji'an city, Jiangxi province. Three groups of Regular fertilizer (CK), in situ *S. rugosoannulata* residue returning + regular fertilizer (JZ) and total rice straw returning + regular fertilizer (JG) were designed. The changes of rice biomass, yield and nutrient uptake, as well as the soil nutrient contents, flora abundance and microbial diversity were analyzed under different cultivation practices. [Result] As compared with CK, the result showed that biomass and yield were significantly increased in JZ and JG treatments, and the yield was increased by 9.51% and 4.89%, respectively. JZ and JG treatments promoted the uptake of N, P, K nutrients in different growth stages of rice by 41.44% and 31.01%, 48.64% and 33.13%, 28.44% and 26.74% at maturity stage, respectively. The pH of soil under JZ treatment was slightly higher than that of CK, while the pH of soil under JG treatment was significantly lower at the early stage of transplanting and young panicle differentiation stage. The contents of organic matter and available nutrients in soil were significantly increased under JZ and JG treatments. The application of *S. rugosoannulata* residue and straw significantly increased the diversity of bacteria in soil, and the abundance of bacteria related to organic matter degradation in soil under JZ treatment was significantly increased, which promoted the degradation of organic matter and nutrient release in soil. [Conclusion] The results of the study showed that both in situ *S. rugosoannulata* cultivation residue returning and full-straw returning could improve soil nutrient content, soil microbial community diversity and rice yield, and the effect of in situ *S. rugosoannulata* cultivation residue returning on rice growth and soil environment was better than that of total straw returning.

Keywords: *Stropharia rugosoannulata*; return fungus residue to field; rice yield; soil chemical properties; microbial diversity

【研究意义】大球盖菇(*Stropharia rugosoannulata*)又名皱环球盖菇、酒红色球盖菇、斐氏球盖菇等,隶属于担子菌门(Basidiomycota)、伞菌纲(Agricomycetes)、伞菌目(Agricales)、球盖菇科(Strophariaceae)、球盖菇属(*Stropharica*),属草腐土生菌,含有多种必需氨基酸和生物活性物质,具有很高的营养价值和药用价值^[1-2]。据统计,2020年大球盖菇产量近 2.0×10^5 t,相比2019年增长40.67%(中国食用菌协会统计数据)^[3],是国际菇类市场上畅销的十大菇类之一,也是联合国粮农组织(FAO)向发展中国家推荐栽培的蕈菌之一。大球盖菇对农作物秸秆具有很强的生物降解能力,可采用秸秆、木屑、谷壳等农业废弃物生料栽培和发酵料栽培,产生显著经济效益的同时,也可以为秸秆综合利用提供一条有效途径。【前人研究进展】中国是全球食用菌生产第一大国。2020年,我国食用菌总产量达4 061.43万 t,同比增长3.2%,占全球食用菌总生产量的70%以上(中国食用菌协会统计数据)^[3]。据测算,每生产1 kg食用菌约产生3.25 kg菌渣。菌渣是一种特殊的有机物料,内含丰富的氮、磷、钾、多糖、氨基酸以及微量元素等多种营养物质^[4]。施用菌渣能降低土壤容重,显著提高土壤酶活性、有机质、碱解氮、有效磷、速效钾含量以及土壤微生物的多样性,从而增加作物产量,提升作物品质^[5-7]。【本研究切入点】目前关于大球盖菇菌渣原位还田的研究主要集中在对林地、盐碱地等土壤理化性质的改良上,与稻田相关的研究较少,同时这种改良对水稻生长和产量的影响尚需探究。【拟解决的关键问题】本研究拟通过开展田间试验,在常规施肥水平下,分析菌渣原位还田和秸秆全量还田对水稻不同生育期稻田土壤养分和微生物多样性,以及水稻生长和产量的影响,为秸秆和大球盖菇菌渣的资源化利用提供理论和实践依据。

1 材料与方 法

1.1 试验区概况

试验于2021年在江西省吉安市青原区富田镇查田村子平食用菌种植专业合作社(26°81'76"N, 115°23'61"E)进行,该地区平均海拔1 204.5 m,属中亚热带湿润季风气候,全年温暖潮湿,四季分明,年平均降水量1 100 mm左右,年平均气温为15.2℃。中稻供试品种为美香占2号。试验前稻田耕作层土壤pH 5.71,有机质19.72 g/kg,全氮0.87 g/kg,全磷0.28 g/kg,全钾3.04 g/kg,碱解氮167.95 mg/kg,有效磷9.35 mg/kg,速效钾37.38 mg/kg;供试的大球盖菇菌渣pH 6.64,有机质>100 g/kg,全氮3.45 g/kg,全磷0.40 g/kg,全钾1.70 g/kg,碱解氮289.17 mg/kg,有效磷45.28 mg/kg,速效钾>300 mg/kg。水稻秸秆的总C、N、P₂O₅、K₂O含量分别为393.00,6.07,0.68,11.40 g/kg。

1.2 试验设计

本研究共设置3个处理,常规施肥(CK)、菌渣原位还田+常规施肥(JZ)和秸秆全量还田+常规施肥(JG)。于2020年11月开始种植大球盖菇,培养料的配比为秸秆:木屑:谷壳=3:2:1,其中秸秆用量为4.5×10⁴ kg/hm²,其余用料按比例配制,共计用料为9×10⁴ kg/hm²。2021年5月结束大球盖菇的采收工作后,将剩余菌渣(1.08×10⁴ kg/hm²)旋耕后就地还田。秸秆全量还田处理所用秸秆为上季水稻种植收获所得。2021年5月19日进行水稻育秧,于6月10日移栽水稻,以未种植大球盖菇且秸秆不还田的田块为对照,每个小区面积为200 m²,每个处理重复3次。常规施肥方案如下:氮肥按基肥:分蘖肥:穗肥=5:3:2进行施肥,尿素总用量为391 kg/hm²(施氮量180 kg/hm²);磷肥(过磷酸钙)全部做基肥,P₂O₅用量为90 kg/hm²;钾肥(氯化钾)按基肥:穗肥=1:1施用,K₂O总用量为120 kg/hm²。水稻生长期间,按照常规方法进行田间水分、杂草和病虫害的管理。

1.3 测定指标与方法

1.3.1 水稻生长及产量构成因素测定 于水稻生长发育的关键时期(幼穗分化期、齐穗期和成熟期)每个处理各小区调查20穴水稻植株的分蘖数,根据调查的平均分蘖数各小区取代表性的水稻植株15穴,分茎、叶和穗3部分,所有样品在105℃下杀青30 min,而后在70℃下烘干至恒重,测定其干物质质量。待水稻植株进入成熟期时,将每个处理不同小区水稻单独收割后,称重、测定含水量,折算干重作为水稻产量。同样,调查不同处理每个小区水稻有效穗数,根据调查的平均数每小区取代表性的水稻植株15穴,测定每株植株的有效穗数,每穗的穗长、实粒数、空瘪粒,计算结实率、千粒质量、理论产量和收获指数。

1.3.2 水稻氮、磷、钾含量测定 分别于水稻幼穗分化期、齐穗期和成熟期,按各小区的平均分蘖数各取代表性稻株5株,分茎、叶和穗3部分,所有样品在105℃下杀青30 min,而后在70℃下烘干至恒重并粉碎。植株各器官粉碎样品用H₂SO₄-H₂O₂在420℃下消化1 h,采用半微量凯氏定氮法测定全氮含量,钒钼黄比色法测定全磷含量,火焰光度计法测定K⁺含量^[8]。氮、磷、钾吸收量为某生育期单位面积植株茎、叶、穗(氮、磷、钾)积累量的总和。

1.3.3 稻田土壤化学性质测定 于水稻移栽前和水稻生长发育的关键时期(幼穗分化期、齐穗期和成熟期)采用5点取样法用取土器取耕层土样(0~20 cm),经风干、研磨、过筛后用于土壤养分含量测定。土壤pH按土水比1:5体积比酸度计法测定;土壤有机质采用重铬酸钾氧化-外加热法测定^[9];采用半微量凯氏定氮法测定全氮含量,钒钼黄比色法测定全磷含量,火焰光度计法测定K⁺含量。碱解氮采用碱解扩散法测定,有效磷采用NaHCO₃浸提-钼锑抗比色法测定,速效钾采用醋酸铵浸提-火焰分光光度计法测定。

1.3.4 土壤微生物群落多样性测定 土壤微生物群落多样性测定委托武汉贝纳科技有限公司进行测定。提取样品总DNA后,根据保守区设计得到引物,在引物末端加上测序接头,进行PCR扩增并对其产物进行纯化、定量和均一化形成测序文库,建好的文库质检合格后用Illumina Novaseq 6000进行测序。使用Trimmomatic v0.33软件对获得原始数据(raw reads)进行过滤;然后使用Cutadapt 1.9.1软件进行引物序列的识别与去除,得到不包含引物序列的clean reads;使用Usearch v10软件,通过overlap对每个样品的Clean Reads进行拼接,然后根据不同区域的长度范围对拼接后数据进行长度过滤;使用UCHIME v4.2软件,鉴定并去除嵌合体序列,得到最终有效数据(effective reads)。使用Usearch v10软件对Reads在97.0%的相似度水平下进行聚类、获得OTU。以SILVA为参考数据库使用朴素贝叶斯分类器对特征序列

进行分类学注释,可得到每个特征对应的物种分类信息,进而在各水平(phylum,class,order,family,genus,species)统计各样品群落组成,利用QIIME软件生成不同分类水平上的物种丰度表,再利用R语言工具绘制成样品各分类学水平下的群落结构图。

1.4 数据处理与分析

采用SPSS 17.0和Excel 2021进行数据统计分析和作图。数值用平均值±标准误(Mean±SE)表示,并通过单因素方差分析(one-way ANOVA)和Duncan’s检验进行分析。 $P<0.05$ 表示数据差异显著。

2 结果与分析

2.1 菌渣原位还田对水稻生物量、产量及其构成因素的影响

幼穗分化期、齐穗期和成熟期JZ和JG处理的水稻干物质积累量均显著高于对照CK,各时期的增加幅度分别为18.66%和11.59%、16.05%和11.41%、16.31%和19.59%(表1)。JZ和JG处理的收获指数低于对照CK,JG处理的收获指数最低。由此可见,菌渣原位还田和秸秆全量还田均能促进水稻干物质的积累,但两处理干物质在籽粒中的分配比例降低。

表 1 全球盖菇菌渣还田对水稻生物量的影响
Tab.1 Effects of mushroom residue returning on rice biomass

处理 Treatment	生物量/(t·hm ⁻²) Biomass			收获指数/% Harvest index
	幼穗分化期	齐穗期	成熟期	
	Panicle initiation stage	Full heading stage	Harvesting stage	
CK	10.18±0.22 ^c	12.09±0.32 ^b	16.49±0.19 ^b	45.67±0.88 ^a
JZ	12.08±0.29 ^a	14.03±0.36 ^a	19.18±0.49 ^a	44.68±1.67 ^{ab}
JG	11.36±0.38 ^b	13.47±0.38 ^a	19.72±0.57 ^a	42.52±1.30 ^b

CK:常规施肥;JZ:菌渣原位还田+常规施肥;JG:秸秆全量还田+常规施肥。数据用平均数±标准差表示($n=3$),小写字母表示在0.05水平上差异显著($P<0.05$)。

CK: Conventional fertilization; JZ: Cultivation residue returning + regular fertilizer; JG: Total rice straw returning + regular fertilizer.Data are expressed as mean ± standard deviation ($n=3$), with lower case letters indicating significant differences at the 0.05 level($P<0.05$).

与对照CK相比,JZ和JG处理均显著提高了水稻实际产量和理论产量,增幅分别为9.80%和9.51%、6.66%和4.89%;JZ处理高于JG处理,但两者间无显著差异。对产量构成因素进行分析发现,JZ和JG处理的有效穗数显著增加,两者的增加幅度分别为7.68%和6.92%;其他产量构成因素各处理间均无显著差异(表2)。由此可见,不同的处理方式主要影响水稻的有效穗数,菌渣原位还田处理的有效穗数增加是产量提升的主要因素。

表 2 全球盖菇菌渣还田对水稻产量及产量构成因素的影响
Tab.2 Effects of mushroom residue returning on rice yield and yield components

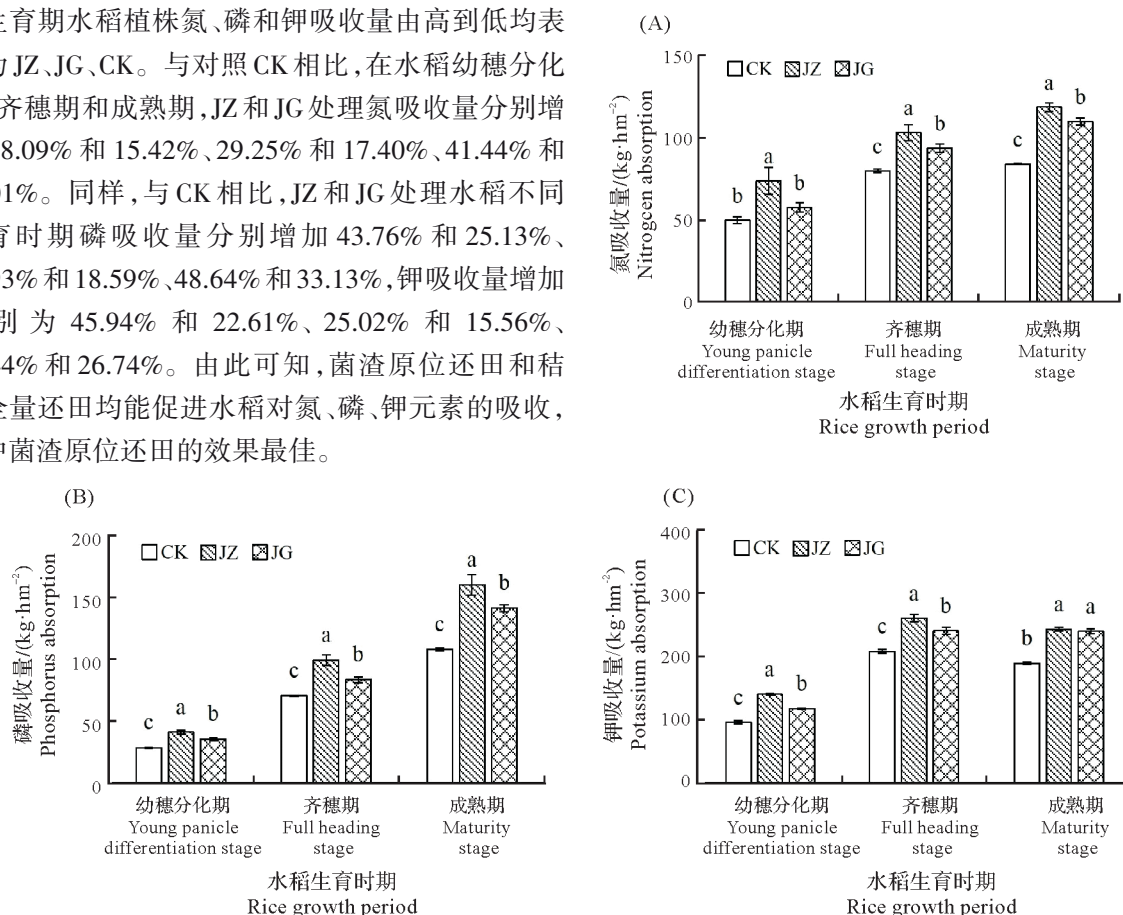
处理 Treatment	穗长/cm	结实率/%	千粒质量/g	每穗粒数/ (粒·穗 ⁻¹)	有效穗数/ (万穗·hm ⁻²)	理论产量/ (kg·hm ⁻²)	实际产量/ (kg·hm ⁻²)
	Panicle length	Setting rate	Thousand seed weight	Grain number per spike	Effective spike number	Theoretical yield	Observed yields
CK	21.21±1.45 ^a	84.22±0.20 ^a	19.1±0.14 ^a	121.02±4.89 ^a	422.00±16.86 ^b	8 208.18±220.44 ^b	7 240.63±188.17 ^b
JZ	21.23±0.74 ^a	84.82±1.17 ^a	20.05±0.99 ^a	116.37±3.11 ^a	454.40±12.08 ^a	8 989.00±528.94 ^a	7 950.00±179.05 ^a
JG	21.48±0.82 ^a	84.55±0.43 ^a	19.62±0.58 ^a	115.04±1.15 ^a	451.20±12.00 ^a	8 609.77±254.50 ^{ab}	7 722.97±170.29 ^a

CK:常规施肥;JZ:菌渣原位还田+常规施肥;JG:秸秆全量还田+常规施肥。数据用平均数±标准差表示($n=3$),小写字母表示在0.05水平上差异显著($P<0.05$)。

CK: Conventional fertilization; JZ: Cultivation residue returning + regular fertilizer; JG: Total rice straw returning + regular fertilizer.Data are expressed as mean ± standard deviation ($n=3$), with lower case letters indicating significant differences at the 0.05 level($P<0.05$).

2.2 菌渣原位还田对水稻养分吸收的影响

由图1可知,随着水稻生育期的推进,各处理水稻植株的氮、磷和钾吸收量均呈逐渐升高的趋势。各个生育期水稻植株氮、磷和钾吸收量由高到低均表现为JZ、JG、CK。与对照CK相比,在水稻幼穗分化期、齐穗期和成熟期,JZ和JG处理氮吸收量分别增加48.09%和15.42%、29.25%和17.40%、41.44%和31.01%。同样,与CK相比,JZ和JG处理水稻不同生育时期磷吸收量分别增加43.76%和25.13%、40.93%和18.59%、48.64%和33.13%,钾吸收量增加分别为45.94%和22.61%、25.02%和15.56%、28.44%和26.74%。由此可知,菌渣原位还田和秸秆全量还田均能促进水稻对氮、磷、钾元素的吸收,其中菌渣原位还田的效果最佳。



(A)、(B)和(C)分别代表了氮吸收量、磷吸收量和钾吸收量。CK:常规施肥;JZ:菌渣原位还田+常规施肥;JG:秸秆全量还田+常规施肥。数据用平均数±标准差表示($n=3$),小写字母表示在0.05水平上差异显著($P<0.05$)。

(A), (B) and (C) represent nitrogen, phosphorus and potassium absorption, respectively. CK: Conventional fertilization; JZ: Cultivation residue returning+regular fertilizer; JG: Total rice straw returning+regular fertilizer. Data are expressed as mean±standard deviation ($n=3$), with lower case letters indicating significant differences at the 0.05 level ($P<0.05$).

图1 水稻不同生育时期氮、磷、钾吸收量

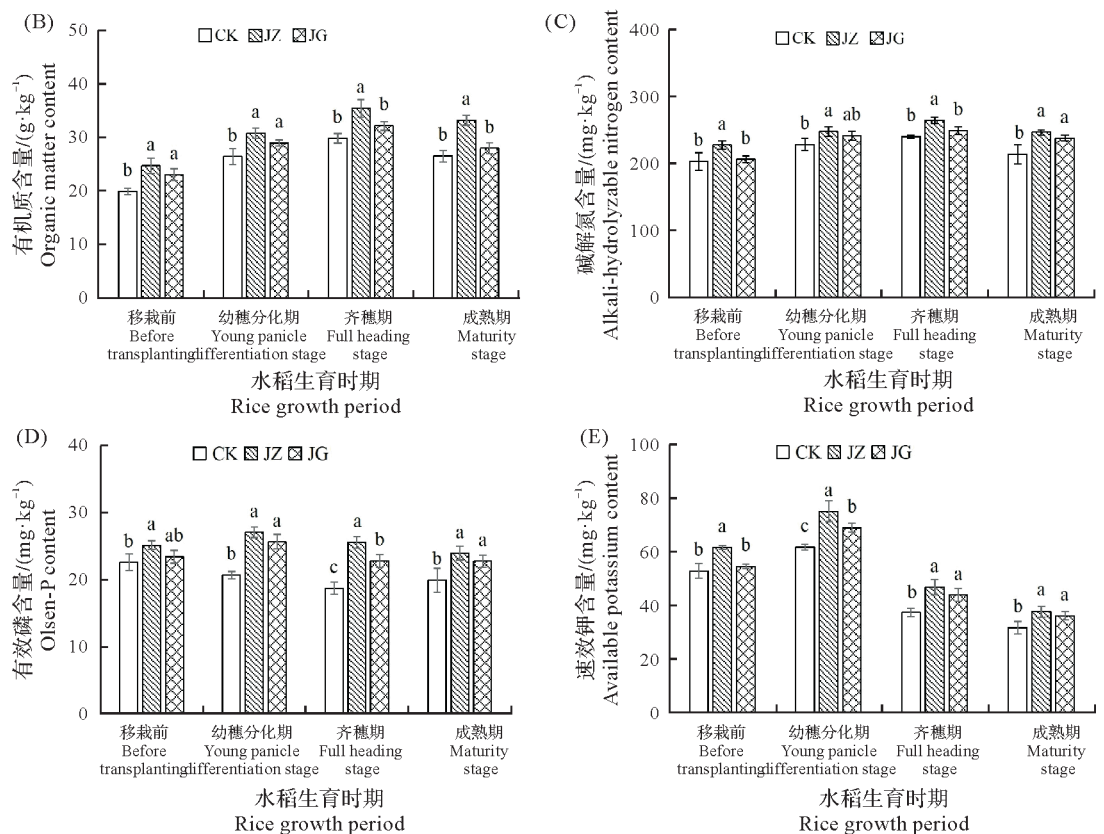
Fig.1 N, P, and K uptake in rice at different growth stages

2.3 菌渣原位还田对土壤化学性质的影响

从图2A可知,随着水稻生育期的发展,所有处理的稻田土壤pH值均呈逐渐降低的趋势;在移栽前和幼穗分化期,JZ和CK处理的pH值显著高于JG处理,JZ处理的pH值最高;齐穗期和成熟期3个处理的pH值无显著差异。说明菌渣原位还田在提高土壤pH上为正效应,秸秆全量还田为负效应。随着水稻生育期的发展,所有处理的有机质含量均呈先升高后降低的趋势,在齐穗期达到最大值,且JZ处理的有机质含量均高于其他两个处理;在移栽前和幼穗分化期,JZ和JG处理的有机质含量显著高于对照CK;在齐穗期和成熟期,JZ处理的有机质含量显著高于JG和CK处理(图2B)。可见,与常规施肥和秸秆全量还田相比,菌渣原位还田水稻生育后期土壤有机质的积累作用较强。

不同处理显著影响土壤速效养分含量(图2C-E)。与CK相比,各生育时期JZ处理土壤的碱解氮含量均显著升高,各时期增幅分别为12.02%、8.51%、10.18和15.30%;在移栽前至齐穗期,JG和CK处理土壤碱解氮含量无显著差异,成熟期两者出现显著差异,JG处理比CK处理提高11.11%。JZ和JG处理显著提高了土壤有效磷含量,在水稻整个生育期JZ处理均高于JG和CK处理(图2C)。随着生育期的发展,CK处理土壤有效磷含量逐渐降低,JZ和JG处理呈先上升后下降的趋势,且均在幼穗分化期达最大值。在移栽前、幼穗分化期、齐穗期和成熟期,相较于CK处理,JZ处理土壤有效磷含量分别提高了11.45%、

31.01%、36.65%和20.16%,JG处理则分别提高了3.68%、24.08%、21.72%和14.28%(图2D)。随着水稻生育期的发展,各处理土壤速效钾含量均呈先升高后降低的趋势,且均在幼穗分化期达到最大值,各个生育时期土壤速效钾含量由高到低均表现为JZ、JG、CK;与CK相比,在水稻不同生育阶段JZ处理的土壤速效钾含量均显著升高,增幅分别为16.70%、21.73%、25.27%和19.05%;除移栽前外,其他各生育时期JG处理的土壤速效钾含量均高于CK,增幅分别为11.82%、17.47和13.97%(图2E)。可见,菌渣原位还田和秸秆全量还田均能维持整个水稻生育时期较高的氮、磷、钾供应能力,其中菌渣原位还田最强。



(A)、(B)、(C)、(D)和(E)分别代表了土壤pH、有机质、碱解氮、有效磷、速效钾含量。CK:常规施肥;JZ:菌渣原位还田+常规施肥;JG:秸秆全量还田+常规施肥。小写字母表示在0.05水平上差异显著($P < 0.05$)。

(A), (B), (C), (D) and (E) respectively represent the contents of soil pH, organic matter, alkali-hydrolyzed nitrogen, available phosphorus and available potassium. CK: Conventional fertilization; JZ: Cultivation residue returning + regular fertilizer; JG: Total rice straw returning + regular fertilizer. Data are expressed as mean $\pm$ standard deviation ($n=3$), with lower case letters indicating significant differences at the 0.05 level ($P < 0.05$).

图2 水稻不同生育期耕层土壤化学性质动态变化

Fig.2 Dynamic changes of soil chemical properties at different growth stages of rice

2.4 大球盖菇菌渣还田对土壤细菌和真菌多样性的影响

主坐标分析(principal co-ordinates analysis, PCoA)结果显示,CK、JZ和JG各处理组内样本均聚在相同象限,而组间样本则分散在不同象限中,且相距较远,说明各处理组样本的组内差异小,组间差异较大,能够较好地反映样本中细菌和真菌群落结构的差异(图3A)。采用非加权配对平均法(un-weighted pair-group method with arithmetic mean, UPGMA)对样品进行层次聚类分析发现,每个处理的3个重复样本都聚集在一起,而不同处理组则分别聚类在距离较远的分支中(图3B)。以上结果表明本试验样本组内重复性和组间差异性都较好。

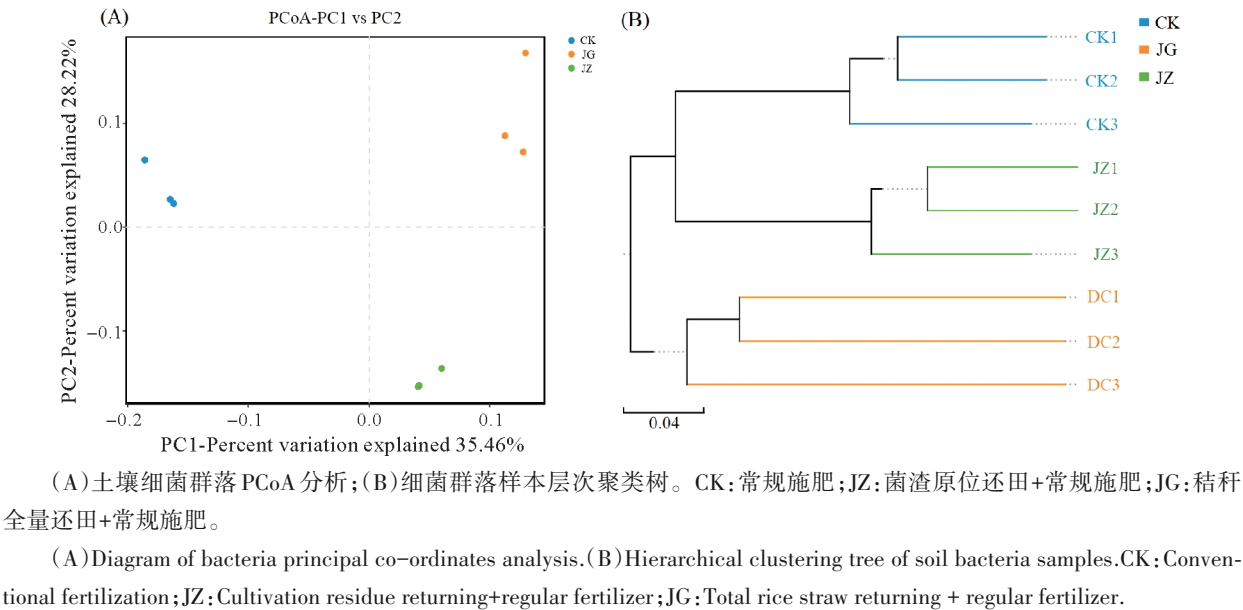


图3 PCoA和UPGMA分析土壤样品

Fig.3 PCoA and UPGMA analysis of soil samples

Shannon指数的值越大则物种种类越多,物种越丰富。本研究中细菌的Shannon指数在测序数量达到20 000时趋于平坦,且与CK相比,JZ和JG的Shannon指数均明显高于CK(图4),表明菌渣原位还田和秸秆全量还田均显著提高了土壤中的细菌多样性。

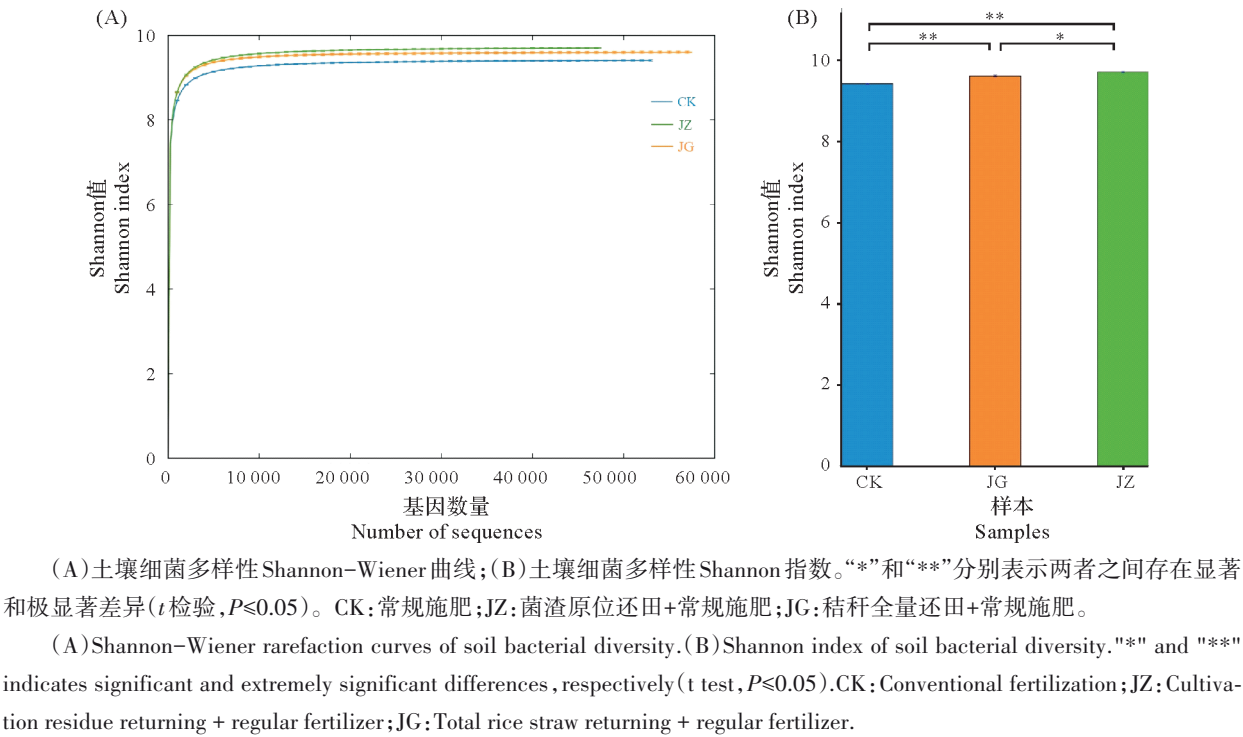
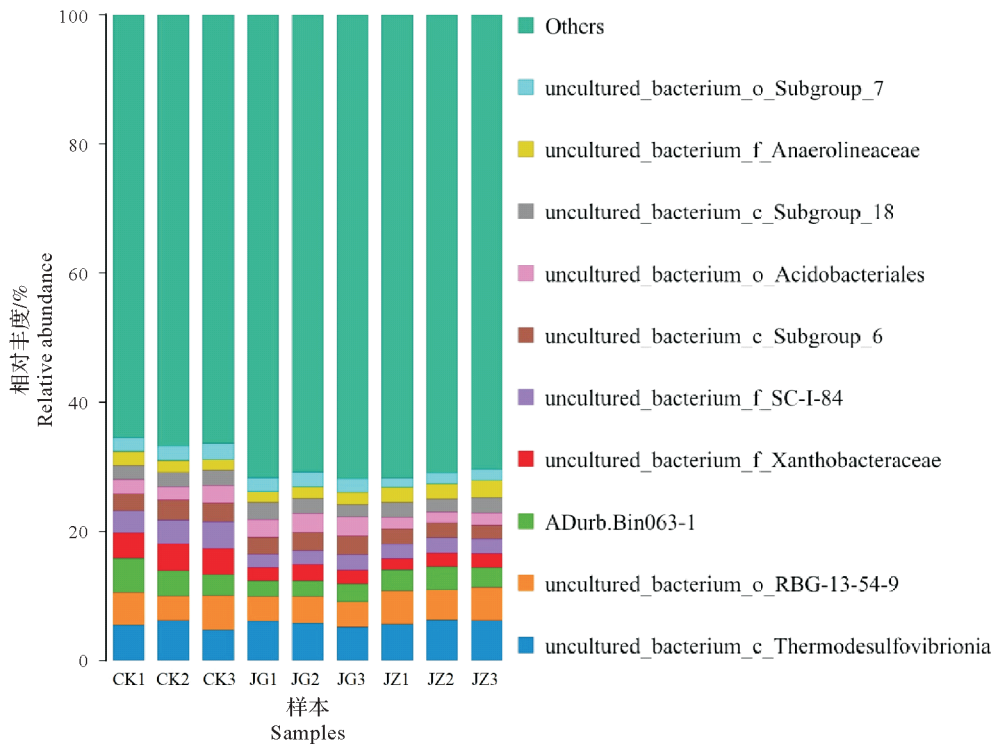


图4 大球盖菇菌渣原位还田对土壤中细菌多样性影响

Fig.4 Effect of in situ spent *S. rugosoannulata* cultivation substrate return on soil bacterial and fungal diversity

土壤样品中细菌群落在属水平上的相对丰度情况如图5所示。土壤细菌在门水平上丰度排名前10的门类分别是Thermodesulfovibrionia、RBC-13-54-9、ADurb.Bin063-1、Xanthobacteraceae、SC-1-84、Subgroup_6、Acidobacteriales、Subgroup_18、Anaerolineaceae和Subgroup_7。JZ和JG处理后土壤中丰度占比超过1%的细菌群落总比例呈现下降趋势,土壤的细菌群落结构发生变化。与CK相比,JZ处理中Anaerolineaceae的相对丰度增加,Xanthobacteraceae、Acidobacteriales、SC-1-84和Subgroup_7的相对丰度明显

降低;JG 处理中 Acidobacteriales 的相对丰度明显增加,Xanthobacteraceae、ADurb.Bin063-1 和 SC-1-84 的相对丰度明显降低。



一种颜色代表一个物种,色块长度(柱状图)表示物种所占相对丰度比例;图中只显示丰度水平前十的物种,并将其他物种合并为 Others。CK:常规施肥;JZ:菌渣原位还田+常规施肥;JG:秸秆全量还田+常规施肥。

A color represents a species, and the length of the color block (bar chart) represents the proportion of species in relative abundance. Only the top ten species with abundance levels are shown, and the Others are combined into others. CK: Conventional fertilization; JZ: Cultivation residue returning + regular fertilizer; JG: Total rice straw returning + regular fertilizer.

图 5 菌渣原位还田对土壤中细菌群落结构的影响

Fig.5 Effect of in situ spent *S. rugosoannulata* cultivation substrate return on soil bacterial and fungal community structure

根据土壤中细菌丰度分布分析结果(图 6)显示,各组样本各有其不同于其他样本的优势菌群。与 CK 相比,JZ 处理组样本中部分菌群丰度减小,其中包括与土壤 pH 相关的菌群如 Acidimicrobiia、Koribacter 等,与氮代谢相关的菌群如 Phenyllobacterium、Alphaproteobacteria、等,与碳代谢相关的菌群如 Pajaroellobacte、Sva0485 等。另有一部分菌群的丰度升高,成为 JZ 处理组中的优势菌群,其中包括与土壤 pH 相关的菌群如 Lentimicrobiaceae、Singulisphaera 等,与有机质分解相关的菌群如 Anaerolinea、Anaerolineaceae 等,与碳代谢相关的菌群如 Methyiomonas、Syntrophus 等。与 CK 相比,JG 处理样本中部分细菌的菌群丰度减小,其中包括与土壤 pH 相关的菌群如 Candidatus_Koribacter、Thermoanaerobaculum 等,与氮代谢相关的菌群如 Aquisphaera、Beijerinckiaceae 等,与碳代谢相关的菌群包括 Syntrophobacteraceae、Caulobacteraceae 等。另有一部分菌群的丰度升高,成为 JG 处理组中的优势菌群,其中包括与土壤 pH 相关的菌群如 Acidobacteriales、Elsterales 等,与氮代谢相关的菌群如 Haliangium 等,与碳代谢相关的菌群如 Latescibacteria、Bacteria 等。除此之外,还包括部分与脱硫、生物修复和重金属相关的菌群,包括 Rhodanobacteraceae、Pedosphaeraceae 等。

2.5 水稻生长与土壤化学性质和微生物多样性的相关性分析

由表 3 可知,水稻生长相关指标(产量、生物量)和营养吸收相关指标(N、P、K 吸收量)与土壤 pH 值间无显著相关性,但与其他土壤化学性质相关指标(有机质、碱解氮、有效磷、速效钾、全氮、全磷、全钾)和微生物多样性呈显著或极显著相关性。由此说明,菌渣原位还田和秸秆全量还田通过提升土壤肥力和增加土壤的微生物多样性增强水稻对养分的吸收,提高水稻产量。

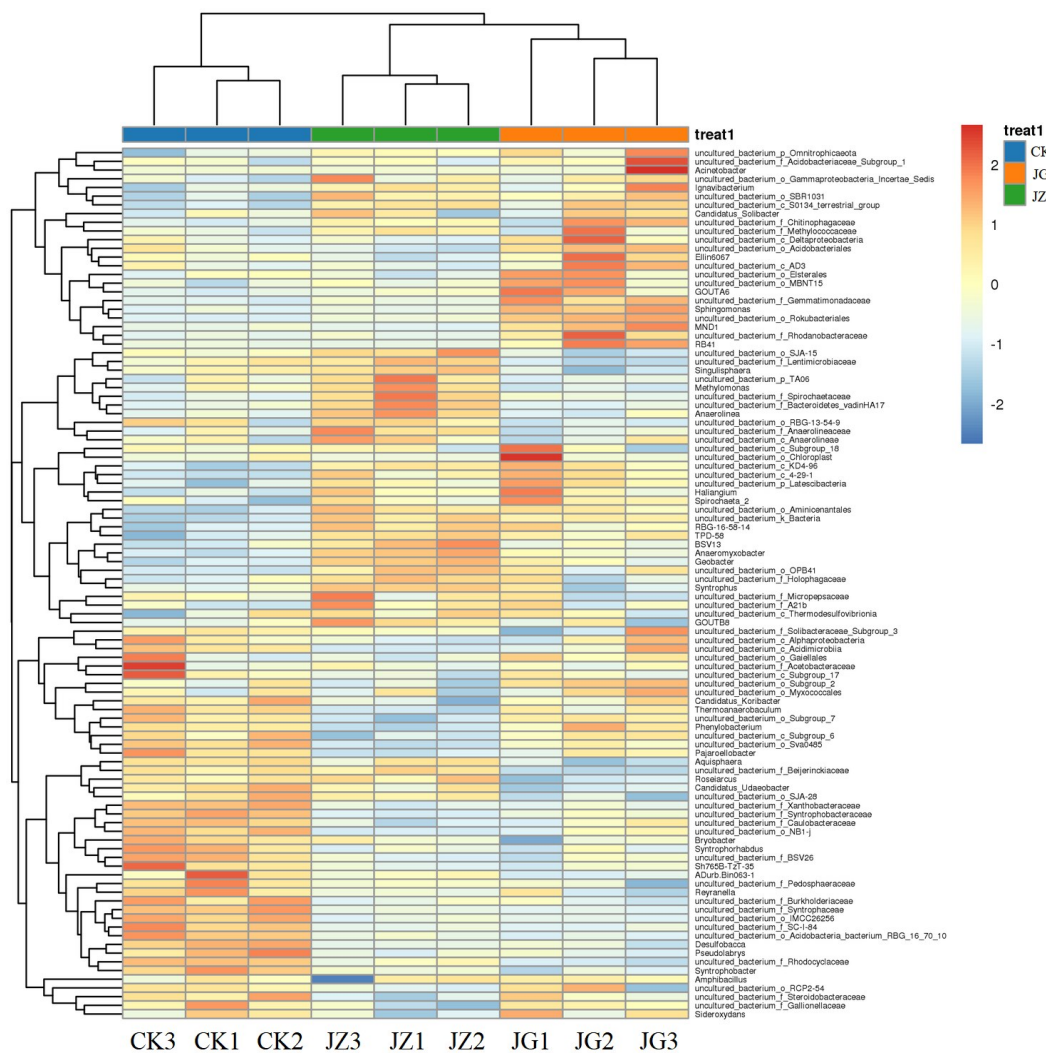


图6 菌渣原位还田后土壤中细菌丰度分布分析

Fig.6 Analysis of bacterial abundance distribution in soil after spent *S. rugosoannulata* cultivation substrate return in situ

表3 水稻生长与土壤化学性质和微生物多样性的相关性

Tab.3 Correlation between soil chemical properties and microbial diversity and plant growth

指标 Index	酸碱度 pH	有机质 Organic matter	碱解氮 Alkali-hydrolyzale nitrogen	有效磷 Olsen-P	速效钾 Available potassium	全氮 Total nitrogen	全磷 Total phosphorus	全钾 Total potassium	Shannon 指数 Shannon index
产量 Yield	0.238	0.791*	0.786*	0.791*	0.856**	0.709*	0.844**	0.713*	0.824**
生物量 Biomass	-0.227	0.467	0.755*	0.744*	0.812**	0.788*	0.933**	0.639	0.788**
N吸收量 N absorption	0.022	0.784*	0.871**	0.863**	0.847**	0.910**	0.983**	0.831**	0.970**
P吸收量 P absorption	0.055	0.852**	0.864**	0.810**	0.775*	0.916**	0.964**	0.745*	0.963**
K吸收量 K absorption	-0.058	0.677*	0.859**	0.827**	0.823**	0.884**	0.989**	0.748*	0.916**

“*”表示在 $P \leq 0.05$ 水平(双侧)上显著相关,“**”表示在 $P \leq 0.01$ 水平(双侧)上显著相关。
“*”means significant correlation at $P < 0.05$ level(two-sided), and “**” means significant correlation at $P < 0.01$ level(two-sided).

3 结论与讨论

3.1 菌渣原位还田促进了水稻养分吸收和产量提升

菌渣中含有丰富的氨基酸、菌类多糖和矿物质元素,且菌渣还田后,在土壤微生物的作用下矿化分解形成腐殖质,对改良土壤、提高土壤肥力有重要作用^[10]。本研究中大球盖菇菌渣和秸秆还田均显著提高了水稻对N、P、K等营养元素的吸收量,促进了水稻干物质的积累和产量提升,增幅达9.80%和6.66%,且增施菌渣促进产量提升的主要因素是有效穗数的升高。近年来,国内外很多学者研究证实菌渣还田可以促进水稻生长并提高产量。温广蝉^[11]和胡杨勇^[12]研究显示菌渣-化肥配施处理的水稻产量显著高于单施化肥或菌渣,且主要通过增加有效穗数和籽粒数达到增产目的。秸秆还田由于秸秆中纤维素类物质较多,存在腐解速率低、养分释放速度慢等问题,严重限制了秸秆的生产应用^[13]。研究显示,秸秆可作为大球盖菇、平菇、鸡腿菇和杏鲍菇等多种食用菌的栽培基料,经充分腐熟能够加速养分释放^[14-15]。本研究中,相较于秸秆全量还田,菌渣原位还田的增产幅度为2.94%,且氮、磷、钾的吸收量均显著提高。

3.2 菌渣原位还田改善了稻田土壤的化学性质

本研究结果显示菌渣原位还田土壤pH值显著高于常规施肥和秸秆全量还田。较高的土壤pH值,能够中和稻田中产生的有机酸及高浓度碳酸,降低还原性物质的含量;同时,能够提高土壤C、N代谢通路中的酶活性,促进菌渣腐解和氮素释放,从而缓解土壤对碱解氮的固定,促进水稻早生快发和对氮素的吸收^[16]。同时,在水稻整个生育期菌渣原位还田土壤有机质含量均明显高于秸秆全量还田和常规施肥处理。该结果与早期的研究报道结论一致,表明大球盖菇菌渣还田可以有效提高稻田土壤质量^[17-19]。

研究发现大球盖菇菌渣原位还田后,土壤碱解氮、有效磷和速效钾的含量均获得显著性增长,这与前人对其他食用菌菌渣还田的土壤养分含量的研究结果相似^[20-21]。同时研究发现,水稻生育前中期菌渣原位还田与秸秆全量还田的有效养分差异显著,但后期时两者无显著差异,说明菌渣原位还田促进了水稻对速效养分的吸收。土壤速效养分是产量形成的基础,在一定范围内土壤速效养分含量与水稻产量呈正相关^[22-23]。由此可知,菌渣原位还田中较高的速效养分含量是水稻产量提升的重要因素。

3.3 菌渣原位还田提高了稻田土壤细菌的丰富度和多样性

细菌是土壤根际微生物的关键菌群之一,对于调节土壤生态过程具有重要的功能性作用,如有机质的分解及氮的分解和矿化过程等^[24]。本研究中大球盖菇菌渣原位还田后,稻田土壤细菌多样性水平的显著提高,这一结果与其他种类的食用菌菌渣原位还田对细菌多样性的影响的结果一致^[14,25-27]。且大球盖菇菌渣原位还田后,土壤中的有机质和速效养分含量都显著增加,可能是土壤中细菌量和多样性的增加促进了土壤养分的转化。

菌渣原位还田和秸秆全量还田后,土壤主要细菌类群(丰度排名前10)组成有所变化。菌渣原位还田土壤中 Anaerolineaceae 丰度增加, Xanthobacteraceae 和 Acidobacteriales 丰度降低;秸秆全量还田土壤中 Acidobacteriales 丰度升高、Xanthobacteraceae 丰度降低。Anaerolineaceae 能够利用碳水化合物和蛋白质类碳源进行发酵代谢^[28],促进了菌渣与秸秆的养分释放。Xanthobacteraceae 属于黄色杆菌科,是稻田中的活跃固氮微生物^[29]。土壤中高浓度的氮通过抑制根瘤菌侵染、根瘤原基形成和生长而降低植物结瘤数量,使固氮微生物的丰度降低^[30]。Acidobacteriales 为酸杆菌属,适宜在酸性土壤和湿地、树皮和酸性矿物浸出等酸性环境中生长^[31],秸秆全量还田为其创造了更为适宜的生存环境,菌渣原位还田pH值升高则降低了该菌属的丰度。根据不同处理中丰度差异菌属的功能,笔者发现与土壤pH、有机质代谢、氮代谢和碳代谢相关的菌群占据差异菌群的绝大部分,说明微生物群落的多样性受土壤环境因素的影响。

菌渣还田对土壤质量及微生物多样性的影响是一个长期的过程,不同培养料配比产生的菌渣还田对土壤质量、微生物特征等影响效应还有待持续跟踪研究。

参考文献 References:

- [1] 洪琦,赵勇,陈明杰,等.大球盖菇菌渣原位还田对土壤有机质、酶活力及细菌多样性的影响[J].食用菌学报,2022,29(1):27-35.

HONG Q, ZHAO Y, CHEN M J, et al. Effects of in situ *Stropharia rugosoannulata* cultivation residue return on soil organic

- matter, enzyme activity and bacterial diversity[J]. *Acta edulis fungi*, 2022, 29(1): 27-35.
- [2] 包陈力根, 关淳博, 辛明航, 等. HS-SPME-GC-MS结合电子鼻分析烘烤对大球盖菇挥发性风味物质的影响[J]. *食品科学*, 2022, 43(14): 1-14.
- BAO C L G, GUAN C B, XIN M H, et al. Effect of roasting on volatile flavor compounds of *stropharia rugoso-annulata* analyzed by headspace-solid phase microextraction-gas chromatography-mass spectrometry combined with electronic nose[J]. *Food science*, 2022, 43(14): 1-14.
- [3] 中国食用菌协会. 2020年度全国食用菌统计调查结果分析[J]. *中国食用菌*, 2022, 41(1): 85-91.
- China edible fungi association. Analysis of statistical survey results of the national edible fungi in 2020[J]. *Edible fungi of China*, 2022, 41(1): 85-91.
- [4] 郭远, 宋爽, 高琪, 等. 食用菌菌渣资源化利用进展[J]. *食用菌学报*, 2022, 29(2): 103-114.
- GUO Y, SONG S, GAO Q, et al. Progress in utilization of spent mushroom substrate[J]. *Acta edulis fungi*, 2022, 29(2): 103-114.
- [5] 温广蝉, 叶正钱, 王旭东, 等. 菌渣还田对稻田土壤养分动态变化的影响[J]. *水土保持学报*, 2012, 26(3): 82-86.
- WEN G C, YE Z Q, WANG X D, et al. Effects of edible fungus residue on dynamic changes of soil nutrients in paddy field[J]. *Journal of soil and water conservation*, 2012, 26(3): 82-86.
- [6] 刘唯佳, 毛昆明, 唐祺超, 等. 菌渣替代部分化肥养分施用对土壤养分含量及稻麦产量的影响[J]. *四川农业大学学报*, 2021, 39(3): 323-330.
- LIU W J, MAO K M, TANG Q C, et al. Effects of optimized alternative fertilization with different mushroom residue on rice and wheat yields and soil nutrient concentrations[J]. *Journal of Sichuan agricultural university*, 2021, 39(3): 323-330.
- [7] 陈世昌, 常介田, 吴文祥, 等. 菌渣还田对梨园土壤性状及梨果品质的影响[J]. *核农学报*, 2012, 26(5): 821-827.
- CHEN S C, CHANG J T, WU W X, et al. Effects of returning field of mushroom residue on soil properties and fruit quality in pear orchard[J]. *Journal of nuclear agricultural sciences*, 2012, 26(5): 821-827.
- [8] 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.
- LU R K. Methods for soil agrochemical analysis[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Publishing House, 2000.
- [9] 辜忠春, 李光荣, 李军章, 等. 正交试验优化·分光光度法测定森林土壤有机质[J]. *浙江农林大学学报*, 2017, 34(2): 239-243.
- GU Z C, LI G R, LI J Z, et al. Organic matter in forest soils determined with spectrophotometry and optimized by orthogonal testing[J]. *Journal of Zhejiang A&F university*, 2017, 34(2): 239-243.
- [10] 杨和川, 谭一罗, 苏文英, 等. 食用菌菌糠资源化利用研究进展[J]. *农业工程*, 2018, 8(10): 54-58.
- YANG H C, TAN Y L, SU W Y, et al. Research progress on resource utilization of spent mushroom substrate[J]. *Agricultural engineering*, 2018, 8(10): 54-58.
- [11] 温广蝉. 菌渣还田对稻田土壤肥力、水稻养分吸收和产量的影响[D]. 杭州: 浙江农林大学, 2012.
- WEN G C. Effects of edible fungus residue on soil fertility, nutrients absorption and yield in rice[D]. Hangzhou: Zhejiang A&F University, 2012.
- [12] 胡杨勇. 稻耳轮作制中菌渣还田对水稻产量及土壤肥力的影响[D]. 杭州: 浙江农林大学, 2014.
- HU Y Y. Effects of edible fungus residue on rice yield and soil fertility under paddy-edible fungus rotation system[D]. Hangzhou: Zhejiang A&F University, 2014.
- [13] 张经廷, 张丽华, 吕丽华, 等. 还田作物秸秆腐解及其养分释放特征概述[J]. *核农学报*, 2018, 32(11): 2274-2280.
- ZHANG J T, ZHANG L H, LYU L H, et al. Overview of the characteristics of crop straw decomposition and nutrients release of returned field crops[J]. *Journal of nuclear agricultural sciences*, 2018, 32(11): 2274-2280.
- [14] 胡蓉, 郑露, 刘浩, 等. 秸秆还田对水稻根际微生物多样性和水稻纹枯病发生的影响[J]. *植物保护学报*, 2020, 47(6): 1261-1269.
- HU R, ZHENG L, LIU H, et al. Effects of straw returning on microbial diversity in rice rhizosphere and occurrence of rice sheath blight[J]. *Journal of plant protection*, 2020, 47(6): 1261-1269.
- [15] 张晓庆, 王梓凡, 参木友, 等. 中国农作物秸秆产量及综合利用现状分析[J]. *中国农业大学学报*, 2021, 26(9): 30-41.
- ZHANG X Q, WANG Z F, CAN M Y, et al. Analysis of yield and current comprehensive utilization of crop straws in China[J]. *Journal of China agricultural university*, 2021, 26(9): 30-41.
- [16] 侯文峰, 李小坤, 王思潮, 等. 石灰与秸秆配施对冷浸田水稻产量与土壤特性的影响[J]. *华中农业大学学报*, 2015, 34(5): 58-62.

- HOU W F, LI X K, WANG S C, et al. Effect of combined application of lime and straw on rice yield and soil properties in cold waterlogged paddy field[J]. Journal of Huazhong agricultural university, 2015, 34(5): 58-62.
- [17] 陈辉, 郝海波, 陈明杰, 等. 大球盖菇菌渣还林对土壤理化性状的影响初探[J]. 食用菌, 2022, 44(2): 13-16.
- CHEN H, HAO H B, CHEN M J, et al. Preliminary study on effect of returning mushroom residue to forest on soil physical and chemical properties[J]. Edible fungus, 2022, 44(2): 13-16.
- [18] GONG S, CHEN C, ZHU J, et al. Effects of wine-cap *Stropharia* cultivation on soil nutrients and bacterial communities in forestlands of northern China[J]. PeerJ, 2018, 6: e5741.
- [19] 张洋, 刘月娇, 倪九派, 等. 柑橘/大球盖菇间作对三峡库区紫色土活性有机碳库的影响[J]. 草业学报, 2015, 24(5): 53-65.
- ZHANG Y, LIU Y J, NI J P, et al. Effect of *Citrus tree/Stropharia* mushrooms intercropping on "purplesoil" labile Organic carbon in the Three Gorges Reservoir region[J]. Acta prataculturae Sinica, 2015, 24(5): 53-65.
- [20] 温广蝉, 叶正钱, 王旭东, 等. 菌渣还田对稻田土壤养分动态变化的影响[J]. 水土保持学报, 2012, 26(3): 82-86.
- WEN G C, YE Z Q, WANG X D, et al. Effects of edible fungus residue on dynamic changes of soil nutrients in paddy field[J]. Journal of soil and water conservation, 2012, 26(3): 82-86.
- [21] 胡佳, 闫锐, 费建波, 等. 稻麦轮作条件下菌渣还田对土壤剖面养分分布的影响[J]. 水土保持通报, 2015, 35(6): 30-35.
- HU JIA, YAN R, FEI J B, et al. Effects of fungus waste recycling on soil profile nutrient distribution under a rice-wheat rotation[J]. Bulletin of soil and water conservation, 2015, 35(6): 30-35.
- [22] 陈小虎, 曹国华, 文明辉, 等. 土壤速效养分含量对水稻基础产量的影响及估算[J]. 中国稻米, 2018, 24(6): 37-39.
- CHEN X H, CAO G H, WEN M H, et al. Effect and estimation of the soil rapid nutrient content on basal yield of rice[J]. The China rice, 2018, 24(6): 37-39.
- [23] 刘洁, 胡冬华. 水稻基础产量与土壤速效养分含量的相关性[J]. 作物研究, 2015, 29(3): 277-280.
- LIU J, HU D H. Correlation between basic rice yield and soil available nutrient content[J]. Crop research, 2015, 29(3): 277-280.
- [24] HAMM A C, TENUTA M, KRAUSE D O, et al. Bacterial communities of an agricultural soil amended with solid pig and dairy manures, and urea fertilizer[J]. Applied soil ecology, 2016, 103: 61-71.
- [25] 林敬兰, 毕小惠, 唐丽芳, 等. 施用菌糠对侵蚀劣地土壤理化性质和细菌群落结构的影响[J]. 亚热带水土保持, 2020, 32(3): 1-7.
- LIN J L, BI X H, TANG L F, et al. Effects of mushroom substrate application on the physical & chemical properties of soil and composition of bacterial community at eroded lands[J]. Subtropical soil and water conservation, 2020, 32(3): 1-7.
- [26] 胡留杰, 李燕, 田时炳, 等. 菌渣还田对菜地土壤理化性状、微生物及酶活性的影响研究[J]. 中国农学通报, 2020, 36(1): 98-104.
- HU L J, LI Y, TIAN S B, et al. Fungi residue returning: effects on soil physicochemical characters, microorganisms and enzyme activity in vegetable field[J]. Chinese agricultural science bulletin, 2020, 36(1): 98-104.
- [27] 张泽, 谢放, 李建宏. 香菇菌渣对土壤微生态的影响[J]. 环境污染与防治, 2013, 35(4): 75-80.
- ZHANG Z, XIE F, LI J H. Study on the effect of mushroom residue on micro-ecology of soil[J]. Environmental pollution & control, 2013, 35(4): 75-80.
- [28] YUAN Q, HUANG X Z, RUI J P, et al. Methane production from rice straw carbon in five different methanogenic rice soils: rates, quantities and microbial communities[J]. Acta geochimica, 2020, 39(2): 181-191.
- [29] WU C F, WEI X M, HU Z Y, et al. Diazotrophic community variation underlies differences in nitrogen fixation potential in paddy soils across a climatic gradient in China[J]. Microbial ecology, 2021, 81(2): 425-436.
- [30] 吴月, 隋新华, 戴良香, 等. 慢生根瘤菌及其与花生共生机制研究进展[J]. 中国农业科学, 2022, 55(8): 1518-1528.
- WU Y, SUI X H, DAI L X, et al. Research advances of bradyrhizobia and its symbiotic mechanisms with peanut[J]. Scientia agricultura Sinica, 2022, 55(8): 1518-1528.
- [31] PANKRATOV T A, DEDYSH S N. *Granulicella paludicola* gen. nov., sp. nov., *Granulicella pectinivorans* sp. nov., *Granulicella aggregans* sp. nov. and *Granulicella rosea* sp. nov., acidophilic, polymer-degrading acidobacteria from *Sphagnum* peat bogs[J]. International journal of systematic and evolutionary microbiology, 2010, 60(12): 2951-2959.