

福建师范大学学报(自然科学版)

Journal of Fujian Normal University(Natural Science Edition)

ISSN 1000-5277,CN 35-1074/N

《福建师范大学学报(自然科学版)》网络首发论文

题目：长期施肥处理对东北黑土真菌多样性和群落结构的影响
作者：邓慧玉，刘子恺，马星竹，郝小雨，赵月，沈菊培，贺纪正
收稿日期：2023-08-13
网络首发日期：2023-12-26
引用格式：邓慧玉，刘子恺，马星竹，郝小雨，赵月，沈菊培，贺纪正. 长期施肥处理对东北黑土真菌多样性和群落结构的影响[J/OL]. 福建师范大学学报(自然科学版). <https://link.cnki.net/urlid/35.1074.N.20231225.1107.002>



网络首发：在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认：纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

DOI: 10.12046/j.issn.1000-5277.2024.01.008

文章编号: 1000-5277(2024)01-0069-07

长期施肥处理对东北黑土真菌多样性和群落结构的影响

邓慧玉¹, 刘子恺¹, 马星竹², 郝小雨², 赵月², 沈菊培¹, 贺纪正¹

(1. 福建师范大学地理科学学院/碳中和未来技术学院, 福建 福州 350117;

2. 黑龙江省黑土保护利用研究院, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要: 基于40年的长期氮磷定位试验, 利用高通量测序的方法, 对比分析了未施肥处理(CK)、氮肥处理(N)、磷肥处理(P)和氮磷处理(NP)下黑土土壤真菌群落的差异。结果表明, 与CK处理相比, 长期氮输入显著降低了土壤pH, 显著提高土壤 NO_3^- -N、 NH_4^+ -N和可溶性有机氮(DON)含量, 而磷输入显著提高了土壤有效磷和总磷含量。土壤真菌类群门水平最丰富的为子囊菌门(相对丰度为63%~68%), 毛霉门(相对丰度为15%~20%)和担子菌门(相对丰度为9%~15%)。不同施肥处理对真菌多样性产生了显著影响。NP处理土壤真菌扩增子序列变异数目和香农指数分别为405和4.16, 显著低于CK, 分别为502和4.64。基于非度量多维尺度分析发现NP和N处理真菌群落结构与CK和P处理显著分开。冗余分析发现土壤性质包括pH, NO_3^- -N和DON是影响土壤群落结构的主要影响因子。可见, 长期氮磷施肥处理通过影响土壤性质而对土壤真菌群落产生了重要的影响。

关键词: 氮磷输入; 真菌群落; 土壤酸化; 长期施肥; 黑土

中图分类号: S154.3

文献标志码: A

Effect of Long-term Fertilization on Black Soil Fungal Community Diversity and Structure in Northeast China

DENG Huiyu¹, LIU Zikai¹, MA Xingzhu², HAO Xiaoyu²,
ZHAO Yue², SHEN Jupei¹, HE Jizheng¹

(1. School of Geographical Sciences/School of Carbon Neutrality Future Technology, Fujian Normal University, Fuzhou 350117, China; 2. Heilongjiang Academy of Black Soil Conservation and Utilization, Harbin 150086, China)

Abstract: Based on a 40-year long-term nitrogen and phosphorus localization experiment, we utilized high-throughput sequencing technique to comparatively analyze the differences in black soil fungal communities under four treatments: no fertilization (CK), nitrogen fertilizer (N), phosphorus fertilizer (P), and a combination of nitrogen and phosphorus (NP). The results showed that, compared with CK, long-term nitrogen input significantly reduced soil pH, and significantly increased soil NO_3^- -N, NH_4^+ -N, and soluble organic nitrogen (DON) contents, while phosphorus input significantly increased soil available phosphorus and total phosphorus contents. The most abundant phyla of soil fungi were Ascomycota (relative abundance 63%~68%), Mucoromycota (relative abundance 15%~20%), and Basidiomycota (relative abundance 9%~15%). Different fertilization treatments had a significant impact on fungal diversity. In the NP treatment, the number of soil fungal amplicon sequence variants (ASVs) and Shannon diversity were 405 and 4.16, which were significantly lower than those in the CK treatment, around 502 and 4.64, respectively. Non-metric multidimensional scaling analysis revealed that the fungal community structures in NP and N treatments were significantly separated from CK and P treatments. Redundancy analysis showed that soil properties, including pH, NO_3^- -N, and DON were the main influencing factors on soil fungal

收稿日期: 2023-08-13

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(32171642); 福建省“闽江学者奖励计划”项目(2021)

通信作者: 沈菊培(1979—), 女, 研究员, 研究方向为微生物生态。jpshe@fjnu.edu.cn

community structure. These findings suggest that long-term nitrogen and phosphorus fertilization treatments have a significant impact on soil fungal communities via affecting soil properties.

Key words: nitrogen and phosphorus input; fungal community; soil acidification; long-term fertilization; black soil

施肥是农业生态系统的主要管理措施,对粮食增产起着举足轻重的作用。大量化肥的输入,如氮(N)和磷(P)肥,会改变土壤养分含量^[1],影响土壤元素化学计量平衡,改变土壤微生物群落组成,而微生物群落结构的改变反过来会影响土壤养分转化,进而影响土壤健康和生态系统功能^[2]。真菌是土壤微生物的重要组成部分^[3],其所分泌的酶可降解复杂的化合物。另外,真菌对外界环境的变化比细菌更为敏感^[4]。因此,研究长期施肥等管理措施对真菌群落结构的影响,对提高土壤肥力、促进有机质降解、认识作物抗病和抗逆性具有重要的意义^[5-6]。

土壤微生物不仅受土壤环境变化(如土壤pH)的影响,同时还受养分(如氮、磷肥)输入的影响。氮肥的长期输入会导致土壤pH降低^[7],使土壤细菌数量减少,而真菌由于有较宽的pH耐受范围,促使真菌细菌比值增加,致使多种病原真菌大量繁殖,对作物生长产生威胁。如Paungfoo-Ionhienne等^[8]发现施氮会降低真菌的生物量,减少多样性,并改变土壤中真菌的群落结构。有研究发现磷的输入可以减缓氮对土壤真菌多样性的负面影响,改善土壤功能^[9]。但另有研究通过分析发现随着磷肥施入量的增加砂姜黑土真菌多样性显著降低,且与土壤磷含量显著负相关^[10]。可见,氮或磷肥的输入对土壤微生物特别是真菌的影响与土壤类型、施用年限等息息相关,且两者交互作用的影响目前还没有定论。

东北黑土区是我国重要的商品粮生产基地,耕地面积和粮食总量均占全国的1/4^[11]。然而,过去几十年,由于对黑土资源的高强度利用,并受水土流失的影响,东北黑土地耕地质量不断下降,存在黑土层变薄、障碍层次增厚、土壤酸化等问题^[12]。黑土质量的大幅度下降,威胁着东北黑土地作为国家粮食安全中“压仓石”和“稳压器”的作用^[13]。目前对长期施肥处理下黑土土壤真菌类群的影响还不是很明确^[14]。因此,选择东北典型黑土作为研究对象,依托长期施肥定位试验平台^[1],采用高通量测序的方法,探究长期氮磷施肥措施下真菌群落结构的变化及其与土壤养分的关系,为黑土区退化土壤恢复和管理提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与样品采集

研究样地位于黑龙江省哈尔滨市黑龙江省农业科学院试验基地(126°35'E, 45°40'N),海拔151 m,属松花江二级阶地,地处中温带,一年一熟制,冬季寒冷干燥,夏季高温多雨,≥10℃平均有效积温2700℃,年均日照时数2600~2800 h,年降雨量533 mm,无霜期约135 d。试验地为旱地黑土,成土母质为洪积黄土状粘土。1980年开始按小麦-大豆-玉米顺序轮作^[15]。

研究选择长期样地4种施肥处理,即施氮(N)、施磷(P)、氮磷混施(NP)和不施肥(CK),3次样方重复,一共12个样方,每个样方36 m²。每年肥料施用量分别为N 15 g·m⁻²(小麦和玉米季)和7.5 g·m⁻²(大豆季),P₂O₅ 7.5 g·m⁻²(小麦和玉米季)和15 g·m⁻²(大豆季),氮、磷均为秋季施肥(玉米季氮肥50%秋施,50%于大喇叭口期追施)。氮肥为尿素(N 46%),磷肥为重过磷酸钙(P₂O₅ 46%)、磷酸二铵(N 18%, P₂O₅ 46%)。土壤样品采集于2021年4月玉米播种季。采样时在每个样方的核心区随机选取5个取样点,用直径为5 cm的土钻,取表层土壤(0~20 cm)混匀,每个处理3次重复,冰盒冰袋保鲜条件下带回实验室。挑去碎石及可见的植物根系,过2 mm筛后,将每个样方的样品分成3部分。一份保存于-80℃超低温冰箱中,用于DNA提取;一份置于4℃冰箱冷藏,用于鲜样指标和土壤含水量测定;另一份风干后,用于土壤理化性质分析。

1.2 土壤理化指标的测定

土壤理化性质测定按常规方法进行^[16]。土壤NH₄⁺-N和NO₃⁻-N用1 mol·L⁻¹KCl溶液浸提,振荡

30 min 后浸提液采用连续流动分析仪(San++ System, Skalar, Holland) 测定。土壤 pH 按照水土比 2.5 : 1 使用酸度计电位法测定。土壤总氮(TN)、总碳(TC)采用风干土样利用碳氮元素分析仪(Vario-MAX, Elementar, Germany) 燃烧法测定。土壤全磷(TP)含量测定采用 $H_2SO_4-HClO_4$ 消煮, 钼蓝比色法在 880 nm 波长测定。土壤有效磷(AP)采用盐酸氟化铵试剂浸提, 钼蓝比色法测定。土壤可溶性有机碳(DOC)和可溶性有机氮(DON)测定: 称取 10 g 新鲜土壤样品, 加入 40 mL 去离子水, 25 °C 恒温振荡 30 min, 离心后过 0.45 μm 滤头, 过滤液使用岛津碳氮分析仪(TOC Vcph, Shimadzu, Kyoto Japan) 和连续流动分析仪测定 DOC 和 DON 浓度。

1.3 土壤 DNA 的提取和高通量测序

土壤总 DNA 的提取使用 FastDNA Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, CA, USA) 试剂盒, 根据操作手册逐步完成, 并使用 NanoDrop ND-2000 验证 DNA 的浓度和纯度。

利用特定引物 ITS1F 和 ITS2R^[17] 对土壤真菌 ITS 片段扩增, 并在 Illumina MiSeq 平台测序, 测序得到的序列使用 QIIME2 进行质量控制, 去除真菌为低质量 ($Q_{score} < 25$), 长度较短 (< 200 bp) 的片段以及模糊序列, 并去除无重复以及单一无重复序列, 得到相似度较高 100% 聚类的 amplicon sequence variants(ASVs)。采用 “microeco” 包^[18] 计算真菌 Shannon 指数和 ASV 丰富度, 并基于 Bray-Curtis 距离的 beta 多样性指数。

1.4 数据分析

统计分析主要使用 Excel 2019 和 SPSS 26 进行单因素方差(One-way ANOVA) 分析, 测序数据统计检验, 制图和非度量多维尺度分析(non-metric multidimensional scaling, nMDS) 主要使用 R 语言 “microeco”, “vegan” 等包进行。冗余分析(redundancy analysis, RDA) 主要采用 Canoco5.0 进行。

2 结果与分析

2.1 长期施肥对黑土理化性质的影响

长期氮磷施肥处理对黑土土壤理化性质产生了显著影响(表 1)。氮添加处理下(N 和 NP) 土壤 NO_3^-N 、 NH_4^+N 和可溶性有机氮(DON) 含量显著高于无氮处理($P < 0.05$), 而土壤 pH 则呈相反的趋势, 即在 N 处理中最低, 达 5.22, 比 CK 处理降低 20%。磷添加处理下(P 和 NP) 土壤 AP、TP 和可溶性有机碳(DOC) 含量显著高于无磷处理(CK 和 N) ($P < 0.05$)。土壤 TC 和 TN 含量在 NP 处理中最高, 而在 P 处理中最低。

表 1 长期施肥对黑土土壤性质的影响

Tab. 1 Effects of long-term fertilization on black soil properties

处理	$\omega(NO_3^-) /$ ($mg \cdot kg^{-1}$)	$\omega(HN_4^+) /$ ($mg \cdot kg^{-1}$)	$\omega(DON) /$ ($mg \cdot kg^{-1}$)	$\omega(DOC) /$ ($mg \cdot kg^{-1}$)	$\omega(AP) /$ ($mg \cdot kg^{-1}$)
CK	5.85±0.41b	2.91±0.35b	19.81±2.63c	6.64±0.59b	9.59±0.32d
N	26.26±5.70a	4.61±0.64a	50.13±8.94b	7.28±0.74b	15.01±1.43c
NP	26.57±0.99a	5.20±1.24a	67.20±10.05a	8.98±0.09a	104.71±4.29b
P	7.43±0.05b	2.88±0.14b	23.13±2.75c	9.19±0.58a	115.32±0.07a
处理	pH	$\omega(TC) /$ ($g \cdot kg^{-1}$)	$\omega(TN) /$ ($g \cdot kg^{-1}$)	$\omega(TP) /$ ($g \cdot kg^{-1}$)	
CK	6.52±0.11a	16.04±0.83b	1.29±0.03b	0.39±0.02b	
N	5.22±0.03c	16.90±0.49ab	1.35±0.10ab	0.38±0.07b	
NP	5.35±0.05b	17.17±0.41a	1.66±0.32a	0.58±0.06a	
P	6.43±0.04a	16.14±0.23b	1.20±0.04b	0.61±0.09a	

注: 同一列不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

2.2 长期施肥对黑土真菌群落多样性和群落组成的影响

采用 Illumina MiSeq 平台对土壤真菌 ITS 片段开展多样性分析, 所有样品共获得 1 331 个真菌 ASVs。基于 ASV 信息发现长期施肥处理对土壤 α 多样性产生显著影响(图 1 (a)、1 (b))。土壤真菌

Shannon 多样性指数和 ASVs 数均在 NP 处理最低, 分别为 4.16 和 405, 显著低于其他处理 ($P < 0.05$), 而 CK 处理最高。利用 Bray-Curtis 距离基于 ASVs 相对丰度对土壤真菌群落结构进行 nMDS 分析, 结果发现不同处理间真菌类群群落结构有显著差异。具体表现为, 沿着第一轴 CK 和 P 处理与 N 和 NP 处理分开, 而沿第二轴 N 和 NP 处理显著分开, 说明 CK 和 P 处理群落结构较为相似, 而 N 和 NP 与其他处理真菌群落结构具有较低的相似性(图 1(c))。通过差异性检验(ANOSIM)也发现类似的结果, 即不同处理间真菌群落结构差异显著(图 1(d))。

高通量测序结果发现土壤真菌类群最丰富的 3 个门水平类群为子囊菌门(相对丰度为 63%~68%), 毛霉门(相对丰度为 15%~20%)和担子菌门(相对丰度为 9.1%~15%)。不同施肥处理下土壤真菌群落在纲水平丰度大于 1% 的主要类群为 Sordariomycetes (37%~40%), Mortierellomycetes (15%~18%), Dothideomycetes (12%~17%), Tremellomycetes (5.6%~14%), Leotiomycetes (5.2%~9.4%), Agaricomycetes (1.8%~7.6%), Eurotiomycetes (2.9%~3.3%), 和 Pezizomycetes (1.6%~2.8%) (图 2(a))。

Kruskal-wallis 检验结果发现 Mortierellomycetes ($P = 0.0415$)、Agaricomycetes ($P = 0.0378$) 纲在处理间差异显著。进一步对不同施肥处理下土壤真菌属水平的类群进行分析(图 2(b)), 共有 16 个不同真菌属平均丰度大于 1%, 其中 13 个真菌属为子囊菌门(占总丰度的 31%~42%), 其

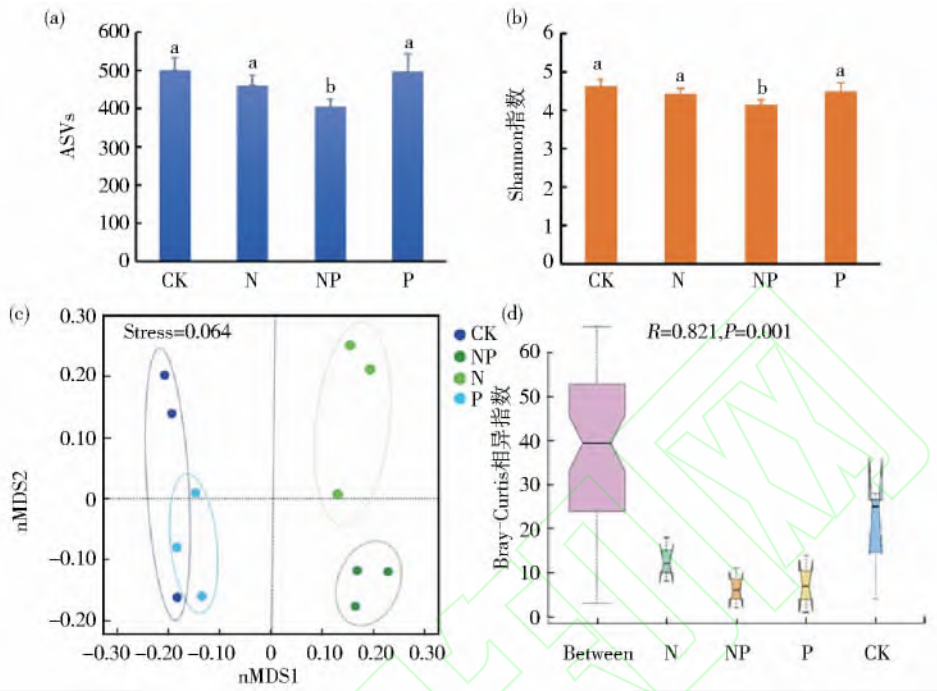


图 1 长期氮磷施肥处理下土壤真菌群落多样性(a和b)和群落结构特征(c和d)

Fig. 1 Soil fungal community diversity (a and b) and community structure (c and d) in long-term N and P fertilizers addition

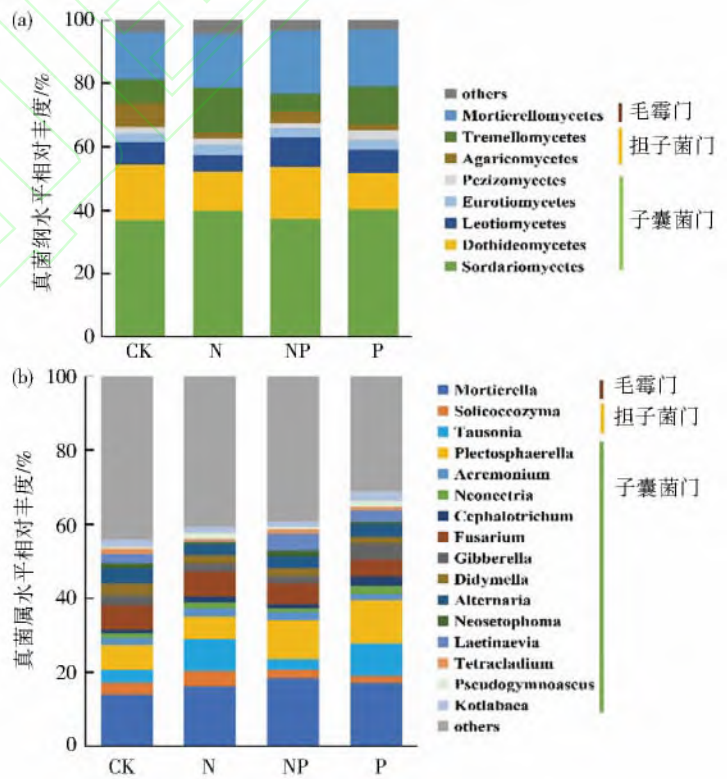


图 2 不同施肥处理下真菌纲(a)和属(b)水平主要类群的相对丰度

Fig. 2 The relative abundance of fungi community at class (a) and genus (b) levels in different fertilization treatments

其中 13 个真菌属为子囊菌门(占总丰度的 31%~42%), 其

余 2 个属和 1 个属分别分布在担子菌门(占总丰度的 5.3%~12.2%)和毛霉门(占总丰度的 14.4%~18.7%)(图 2(b))。

2.3 黑土真菌群落结构的主要影响因素

对不同土壤理化因子进行 Pearson 相关性分析,发现土壤 pH 和其他因子均呈显著负相关,而 TP、AP 和 DOC 三者之间显著正相关(图 3(a))。土壤氮相关指标(如 NO_3^- -N, NH_4^+ -N, DON, TN)和 TC 均呈显著正相关。利用 Mantel test 对不同水平真菌群落相对丰度和土壤性质进行检验,发现土壤 pH, NO_3^- -N 和 DON 与所有水平的真菌类群相对丰度均显著相关。另外,在纲水平和种水平,真菌类群与所有理化因子的相关性均极显著。

采用 RDA 分析进一步对不同理化因子对真菌群落结构进行解析(图 3(b)),发现所检测的土壤性质对真菌群落结构的变化都有较高的解释率,第一和第二轴分别解释了真菌变异的 30.75% 和 24.66%。另外,土壤 pH 是解释 CK 和 P 处理真菌群落变化的主要影响因素,而其他土壤因子则对 NP 处理有重要的影响。

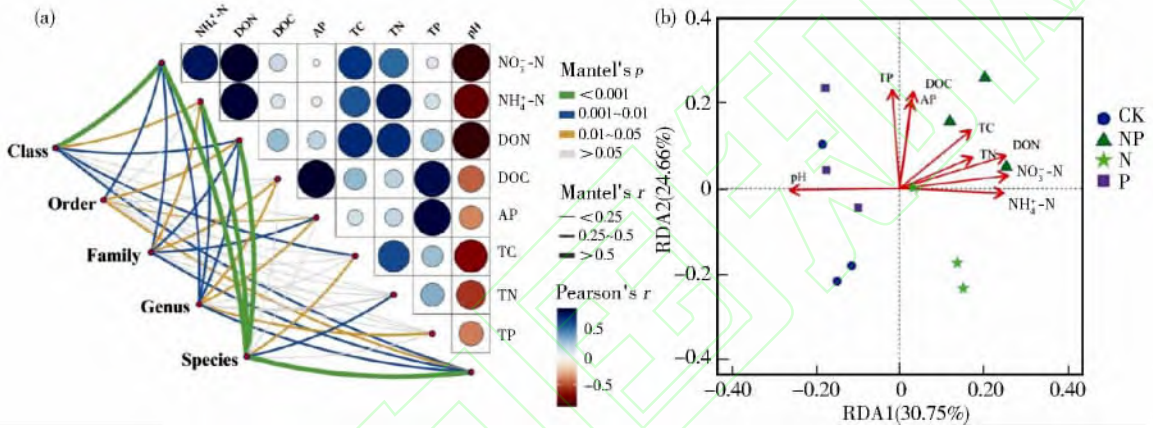


图 3 真菌群落相对丰度和群落结构的主要影响因素

Fig. 3 Main factors controlling fungi community composition and structure

3 讨论

东北黑土是我国重要的商品粮基地,在保证产量的同时,确保土地可持续利用是保证粮食生产、保障粮食安全的必然要求。化肥的施用已成为粮食增产、保持土壤肥力的重要手段^[19]。基于黑龙江耕地保育与农业环境科学观测实验站长期施肥实验样地,发现氮肥和磷肥的长期施用对土壤 TC 的影响不显著,但土壤养分的有效态含量包括有效态氮和可溶性碳氮在化肥处理中特别是在氮处理(N 和 NP)显著高于未施肥处理,促进了植物养分的吸收和作物产量的提升^[20]。然而长期氮肥施用,显著降低了土壤 pH,对土壤养分利用和微生物生长产生了显著影响;同时氮处理下土壤 NO_3^- -N 含量显著提高,最高达 $26 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,这也极大地增加了土壤硝态氮淋失风险,对水体和环境造成潜在的影响^[21]。可见,保护黑土地不仅要维持土壤有机质含量,也需要通过多种耕作措施,如添加有机肥、秸秆还田、推广免耕等措施,改善土壤碳氮比,进而提高土壤肥力和可持续利用^[22-23]。

土壤真菌是物质循环和能量流动的主要驱动者,在养分循环、有机质降解和碳固定等方面发挥着重要作用^[24]。经过 40 年左右的施肥处理,发现土壤真菌群落结构在不同处理间差异显著,特别是施氮处理,这与 Zhou 等^[14]在同一样地施肥处理 34 年的研究结果一致,而与本课题组早先在黑土施肥处理后 13 年的研究结果不一致^[25]。引起这一差异的原因主要是施肥年限的不同,说明长期耕作对黑土土壤理化性质和微生物群落产生了重要的影响^[26],也从另一方面证明开展野外样地长期定位观测和数据积累的必要性 and 重要性^[27]。土壤微生物生长和活性主要受底物浓度和 pH 的影响。研究发现 pH 是影响土壤真菌的主要环境因子,由于氮肥的长期施用,土壤 pH 在 N 处理中下降幅度最大,尽管真菌比细菌有更高的耐酸能力,但 pH 的变化对真菌类群产生了显著的影响,这一结论也通过基于

真菌类群相对丰度与 pH 的 Pearson 相关性分析和 RDA 分析得到验证(图 3)。以上结果与前期在农田生态系统及在其他生态系统的大量研究结果一致^[3]。近期有研究利用机器学习的方法基于基因组探讨了细菌的 pH 偏好性,发现了结合生物地理和基因组数据推断和预测不同细菌类群的环境偏好的价值^[28],因此,推测今后可以基于基因组学层面解析真菌对 pH 的适应性和偏好性,以便获取更多有价值的信息。

研究发现土壤养分的可利用性对土壤真菌群落组成和结构有重要的影响(图 3),特别是对氮处理。尽管不同施肥处理间土壤真菌的群落组成没有显著差异,但真菌不同分类水平相对丰度与土壤 pH、NO₃-N 和 DON 的相关性均达到极显著的水平,说明这三者是真菌群落分布的主要影响因子,与研究亚热带森林氮沉降对真菌群落的影响因子是土壤氮有效性和 pH 的结论基本一致^[29]。外源氮的长期输入,会增加土壤氮的可利用性,结合黑龙江 4 月正值土壤解冻末期,进一步增加了土壤氮的有效性,一方面对土壤 pH 产生了显著影响^[30],同时也降低了土壤 C/N 比,进而改变土壤微生物组成,特别是细菌真菌的比值。氮输入降低了真菌多样性,这与前人的研究结果一致^[31],且在 NP 处理中达显著水平。研究中土壤真菌类群最丰富的为子囊菌门,而这一类群对养分的变化较为敏感^[14],更适应在低 C/N 比环境中生存。另外,土壤 P 含量也是影响真菌类群的主要影响因素,原因一方面是由于子囊菌门更偏向高 P 环境^[32],另一方面 P 的输入也能减缓氮输入对土壤微生物产生的负面影响^[9]。这也说明平衡施肥对提高土壤肥力、促进土壤可持续生长有重要的作用。

4 结论

(1) 经过 40 余年长期氮磷肥处理显著提高黑土土壤有效态氮和土壤磷的含量,降低了土壤 pH,但对土壤 TC 的影响不显著。

(2) 农田黑土真菌主要类群为子囊菌门,而长期氮磷施用对真菌群落组成没有显著影响。

(3) 长期氮磷肥施用显著改变了黑土真菌群落结构,降低了真菌多样性,而土壤 pH、NO₃-N 和 DON 是真菌群落结构的主要影响因子。

参考文献:

- [1] 马星竹,周宝库,郝小雨,等. 小麦-大豆-玉米轮作体系长期不同施肥黑土磷素平衡及有效性 [J]. 植物营养与肥料学报, 2018, 24 (6): 1672-1678.
- [2] SHEN J P, ZHANG L M, ZHU Y G, et al. Abundance and composition of ammonia-oxidizing bacteria and ammonia-oxidizing archaea communities of an alkaline sandy loam [J]. Environmental Microbiology, 2008, 10 (6): 1601-1611.
- [3] WANG J T, SHEN J P, ZHANG L M, et al. Generalist taxa shape fungal community structure in cropping ecosystems [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 678290.
- [4] ZHAO A H, LIU L, CHEN B D, et al. Soil fungal community is more sensitive to nitrogen deposition than increased rainfall in a mixed deciduous forest of China [J]. Soil Ecology Letters, 2020 (1): 20-32.
- [5] LI Y L, TREMBLAY J, BAINARD L D, et al. Long-term effects of nitrogen and phosphorus fertilization on soil microbial community structure and function under continuous wheat production [J]. Environmental Microbiology, 2020, 22 (3): 1066-1088.
- [6] GAO C, MONTOYA L, XU L, et al. Fungal community assembly in drought-stressed sorghum shows stochasticity, selection, and universal ecological dynamics [J]. Nature Communications, 2020, 11 (1): 34.
- [7] HE J Z, SHEN J P, ZHANG L M, et al. Quantitative analyses of the abundance and composition of ammonia-oxidizing bacteria and ammonia-oxidizing archaea of a Chinese upland red soil under long-term fertilization practices [J]. Environmental Microbiology, 2007, 9 (9): 2364-2374.
- [8] PAUNGFUO-LONHIEENNE C, YEOH Y K, KASINADHUNI N R P, et al. Nitrogen fertilizer dose alters fungal communities in sugarcane soil and rhizosphere [J]. Scientific Reports, 2015, 5 (1): 8678.
- [9] XIA Z W, YANG J Y, SANG C P, et al. Phosphorus reduces negative effects of nitrogen addition on soil microbial com-

- munities and functions [J]. *Microorganisms*, 2020, 8 (11): 1828.
- [10] 马垒, 赵文慧, 郭志彬, 等. 长期不同磷肥施用量对砂姜黑土真菌多样性, 群落组成和种间关系的影响 [J]. *生态学报*, 2019, 39 (11): 4158-4167.
- [11] 韩晓增, 邹文秀. 东北黑土地保护利用研究足迹与科技研发展望 [J]. *土壤学报*, 2021, 58 (6): 1341-1358.
- [12] 周宝库. 长期施肥条件下黑土肥力变化特征研究 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2011.
- [13] 汪景宽, 李双异, 张旭东, 等. 20年来东北典型黑土地地区土壤肥力质量变化 [J]. *中国生态农业学报*, 2007, 15 (1): 19-24.
- [14] ZHOU J, JIANG X, ZHOU B K, et al. Thirty four years of nitrogen fertilization decreases fungal diversity and alters fungal community composition in black soil in northeast China [J]. *Soil Biology Biochemistry*, 2016, 95: 135-143.
- [15] 郝小雨, 马星竹, 周宝库. 长期单施有机肥黑土大豆产量和土壤理化性质演变特征 [J]. *土壤与作物*, 2018, 7 (2): 222-228.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [17] ADAMS R I, MILETTO M, TAYLOR J W, et al. Dispersal in microbes: fungi in indoor air are dominated by outdoor air and show dispersal limitation at short distances [J]. *The ISME Journal*, 2013, 7 (7): 1262-1273.
- [18] LIU C, CUI Y M, LI X Z, et al. Microeco: an R package for data mining in microbial community ecology [J]. *Fems Microbiology Ecology*, 2021, 97 (2): 255.
- [19] HAN X Z, SONG C Y, WANG S Y, et al. Impact of long-term fertilization on phosphorus status in black soil [J]. *Pedosphere*, 2005, 15 (3): 319-326.
- [20] LIU X B, LIU J D, XING B S, et al. Effects of long-term continuous cropping, tillage, and fertilization on soil organic carbon and nitrogen of black soils in China [J]. *Communications in Soil Science Plant Analysis*, 2005, 36 (9/10): 1229-1239.
- [21] WANG Y C, YING H, YIN Y L, et al. Estimating soil nitrate leaching of nitrogen fertilizer from global meta-analysis [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 657: 96-102.
- [22] WANG W, CHEN C L, WU X H, et al. Effects of reduced chemical fertilizer combined with straw retention on greenhouse gas budget and crop production in double rice fields [J]. *Biology Fertility of Soils*, 2019, 55: 89-96.
- [23] 马星竹, 边道林, 郝小雨, 等. 不同耕作措施对东北玉米农田土壤物理性质的影响 [J]. *土壤与作物*, 2022, 11 (1): 54-61.
- [24] 尚秋彤, 黄瑞林, 倪浩为, 等. 黑土真菌群落互作及其与梯度有机质碳分子结构的关系 [J]. *环境科学*, 2020, 41 (9): 4305-4313.
- [25] KONG W D, ZHU Y G, FU B J, et al. Effect of long-term application of chemical fertilizers on microbial biomass and functional diversity of a black soil [J]. *Pedosphere*, 2008, 18 (6): 801-808.
- [26] TOSI M, DEEN W, DRIJBER R, et al. Long-term N inputs shape microbial communities more strongly than current-year inputs in soils under 10-year continuous corn cropping [J]. *Soil Biology Biochemistry*, 2021, 160: 108361.
- [27] 杨萍, 白永飞, 宋长春, 等. 野外站科研样地建设的思考, 探索与展望 [J]. *中国科学院院刊*, 2020, 35 (1): 125-134.
- [28] RAMONEDA J, STALLARD-OLIVERA E, HOFFERT M, et al. Building a genome-based understanding of bacterial pH preferences [J]. *Science Advances*, 2023, 9 (17): 8998.
- [29] WANG J Q, SHI X Z, ZHENG C Y, et al. Different responses of soil bacterial and fungal communities to nitrogen deposition in a subtropical forest [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 755: 142449.
- [30] 刘妍霁, 刘子恺, 金圣圣, 等. 亚热带森林土壤氨氧化微生物和反硝化微生物功能基因丰度对氮磷输入响应 [J]. *应用生态学报*, 2023, 34 (3): 639-646.
- [31] ALLISON S D, HANSON C A, TRESEDER K K. Nitrogen fertilization reduces diversity and alters community structure of active fungi in boreal ecosystems [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, 39 (8): 1878-1887.
- [32] LAUBER C L, STRICKLAND M S, BRADFORD M A, et al. The influence of soil properties on the structure of bacterial and fungal communities across land-use types [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40 (9): 2407-2415.