



孟庆英,杨晓贺,姚亮亮,等. 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱稻田土壤团聚体及真菌群落多样性的影响[J]. 黑龙江农业科学,2022(8):25-30.

秸秆与微生物菌肥配施对盐碱稻田土壤团聚体及真菌群落多样性的影响

孟庆英^{1,2},杨晓贺^{1,2},姚亮亮^{1,2},张茂明^{1,2},邱磊^{1,2},王自杰^{1,2},丁俊杰^{1,2},朱宝国^{1,2}

(1. 国家耐盐碱水稻技术创新中心东北中心,黑龙江 哈尔滨 150086;2. 黑龙江省农业科学院佳木斯分院/三江平原主要作物育种栽培重点实验室/农业农村部佳木斯作物有害生物科学观测试验站,黑龙江 佳木斯 154000)

摘要:为改良培肥盐碱土,探索土壤团聚体和土壤真菌群落变化,采用盆栽试验,设置常规肥料处理,添加秸秆处理($9\text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$)及秸秆与微生物菌肥处理,于秋季水稻成熟期对土壤水稳性团聚体、土壤真菌群落和水稻产量进行测定,探讨秸秆与微生物菌肥配施对盐碱稻田土壤结构、土壤微生物和水稻产量的影响。结果表明,秸秆还田可降低土壤容重和 pH,增加土壤有机质含量和土壤水稳性大团聚体数量,与常规施肥相比,添加秸秆后团聚体平均质量直径(MWD)可提高 11.29%、添加秸秆和微生物菌肥后 MWD 可提高 19.35%;秸秆和微生物菌肥对改良盐碱土物理和化学性状效果显著。Illumina MiSeq 测序结果表明秸秆还田降低了土壤真菌 Alpha 多样性,但对子囊菌门和担子菌门丰度有促进作用;与常规施肥相比,添加秸秆可增加水稻产量,增产率为 4.39%;添加秸秆和微生物菌肥同样能提高水稻产量,增产率为 4.66%。建议进行秸秆还田的同时增施微生物菌肥,可对盐碱土改良起到积极作用,并且能增加水稻产量。

关键词:盐碱土;水稻;秸秆;微生物菌肥;土壤团聚体;真菌

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



盐碱地是一类盐分发生过量富集而导致土壤退化的障碍性土地,包括盐土、碱土^[1],分布在东北地区的盐碱地主要集中在西部的松嫩平原地区,盐碱地面积达到 56.08 万 hm^2 ,约占松嫩平原现有耕地面积的 7%^[2]。近年来该地区的盐碱地面积还在以每年 1.1% 的速度增长^[3]。苏打盐碱地有别于其他类型盐碱地,其盐分主要为 NaHCO_3 和 Na_2CO_3 ,土壤 pH 在 7.02~10.16 之间^[4],多呈强碱性,具有交换性钠含量高,理化性质恶劣,土壤板结,渗透性差等特点,该地区的植物同时受到高 Na^+ 和高 pH 的危害^[5]。土壤盐碱化限制了作物的正常生长,影响国民经济的发展^[6]。盐碱地作为粮食生产的重要耕地储备资源,改良并利

用好盐碱地发挥其最大生产力对保障我国粮食安全具有重要意义^[7]。东北苏打盐碱地种植水稻已成为盐碱地改良最有效的方法之一^[8],稻田水可将盐碱土的盐分淋洗到耕作层外,或者下移至心土层,减少碱性危害,从而成为改良盐碱土的科学方法,这种方法不仅可以持续改善盐碱地的生态环境,同时也能带来较高的经济效益^[9-10]。盐碱地土壤容重高、结构粘滞、团粒结构少、透气性较差。秸秆还田可以改变土壤物理结构,使土壤容重降低,孔隙度增加,促进了土壤团聚体的形成^[11-12]。目前微生物菌剂已经广泛应用到了水稻的生产栽培中,对促进水稻的生长,增强水稻的代谢功能,提高抗病虫能力,改善水稻品质及生态环境均有显著作用^[13],微生物菌剂不仅可以改善盐碱土壤的理化性质同时可降低 Na^+ 含量^[14],还可增加土壤微生物数量和提升土壤酶活性,增加土壤肥力^[15-16]。

因此本研究通过比较添加秸秆和微生物菌肥对土壤物理化学性质,尤其是对土壤水稳性团聚体的影响,探讨土壤中真菌群落的变化,以期为改良盐碱地、提高水稻产量提供理论依据。

收稿日期:2022-05-13

基金项目:黑龙江省省属科研院所科研业务费项目“国家耐盐碱水稻技术创新中心东北中心建设”(CZKYF2020A001);黑龙江省农业科学院“农业科技创新跨越工程”专项(HNK2019CX14);黑龙江省应用技术研发项目(GA20B104)。

第一作者:孟庆英(1982—),女,博士,助理研究员,从事土壤改良与植物营养研究。E-mail:mqy269@126.com。

通信作者:丁俊杰(1974—),男,博士,研究员,从事盐碱地水稻栽培技术研究及作物病虫害防治研究。E-mail:me999@126.com。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于黑龙江省农业科学院佳木斯分院水稻试验场,佳木斯市属中温带大陆性季风气候,雨热同期,年平均气温 3℃。冬长夏短,无霜期 130~140 d,年平均降水量为 361~742 mm,年平均蒸发量 1 266 mm,日照时间 2 525 h,≥10℃活动积温 2 590℃,适合多种农作物生长。

表 1 供试材料基本性状

供试材料	有机质/ (g·kg ⁻¹)	全氮/ (g·kg ⁻¹)	全磷/ (g·kg ⁻¹)	全钾/ (g·kg ⁻¹)	碱解氮/ (mg·kg ⁻¹)	有效磷/ (mg·kg ⁻¹)	速效钾/ (mg·kg ⁻¹)	pH	电导率/ (μS·cm ⁻¹)
土壤	12.43	0.94	0.50	21.91	92.24	31.23	447.27	9.87	58.23
秸秆	670.15	11.28	1.29	15.40	-	-	-	6.45	-
菌肥	616.23	3.47	1.09	0.78	-	-	-	6.82	-

1.3 试验设计

试验于 2021 年春季开始,采用盆栽试验,盆直径 30 cm,高 35 cm,每盆装风干后耕层土壤 18 kg,插入 4 穴水稻秧苗,每穴 3 棵苗,秸秆为水稻秸秆,将秸秆粉碎成 2 mm 大小备用。试验设置 3 个处理:(1)常规施肥处理(CK);(2)常规施肥+秸秆处理(S),秸秆用量 9 t·hm⁻²;(3)常规施肥+秸秆+星碳菌肥处理(SC),秸秆用量 9 t·hm⁻²,星碳菌肥 80 kg·hm⁻²。每个处理 6 次重复。

基肥为秸秆 9 t·hm⁻²(将秸秆与土壤充分混匀,装盆),星碳菌肥 80 kg·hm⁻²,尿素 30 kg·hm⁻²(N 46%)、磷酸二铵 25 kg·hm⁻²(P₂O₅ 46%、N 18%)、硫酸钾 75 kg·hm⁻²(K₂O 50%),将基肥埋入 1 cm 深处。分蘖肥:尿素 50 kg·hm⁻²,硫酸铵 100 kg·hm⁻²(N 21%);穗肥:尿素 60 kg·hm⁻²、硫酸铵 50 kg·hm⁻²、硫酸钾 100 kg·hm⁻²。

1.4 测定项目及方法

1.4.1 土壤容重、有机质和 pH 2021 年水稻成熟期收获后采集各处理耕层 0~20 cm 土壤样品,用采样盒采集原状土壤样品,在采集和运输过程中减少对土壤样品的扰动,土壤样品一部分用于土壤团聚体测定,一部分用于土壤有机质和土壤 pH 测定,用容重盒采集土壤进行土壤容重测定。

1.2 材料

供试苏打盐碱土采自肇源基地。试验起始耕层土壤基础肥力、供试秸秆养分及供试菌肥养分如表 1 所示。星碳菌肥:每克菌肥含芽孢杆菌数 ≥2 亿个(沈阳中赢有限公司生产)。

供试水稻品种为垦粳 8 号(耐盐碱),该品种主茎 13 片叶,椭圆粒型,穗长 17.9 cm 左右,株高 94.3 cm,出苗至成熟生育日数 142 d 左右,需 ≥10℃活动积温 2 650℃左右。

土壤有机质采用重铬酸钾外加热法、土壤 pH 采用电位法(水土比为 5:1)^[17]。

土壤团聚体测定方法:对采集的 0~20 cm 土层的土壤进行土壤水稳性团聚体测定,团聚体测定方法采用湿筛法,将新鲜土壤样品过 5 mm 筛,自然风干,采用四分法取 100 g 土壤在水中浸润 10 min 后,采用 2.000,0.250 和 0.053 mm 的土壤套筛,以振幅 38 mm,时间 30 min 在水中进行筛分(3 次重复)。将收集到的团聚体用蒸馏水洗入铝盒,65℃烘干并称重,计算各粒级团聚体质量,计算平均质量直径(Mean Weight Diameter, MWD)和几何平均直径(Geometric Mean Diameter, GMD)^[18]。

1.4.2 土壤真菌群落结构及多样性 土壤微生物 DNA 提取采用 DNA 提取试剂盒(MN NucleoSpin 96 Soi)。应用特异性引物分别扩增, Illumina 测序的真菌 ITS1 引物序列分别为 P1:ITS1F 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3'; P2:ITS2 5'-GCTGCGTTCCTTCATCGATGC-3'。

PCR 反应条件:预变性 95℃, 5 min; 95℃、30 s, 58℃、20 s, 72℃、6 s, 30 个循环; 72℃、7 min; 4℃保存。用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳回收,由百迈客生物科技有限公司进行文库构建和测序。

1.4.3 生物信息学分析 通过生物标志物 bio-cloud 平台(www.biocloud.org)进行生物信息学分析。为了获取原始数据,对数据进行拼接^[18],将得到的数据进行质量筛选:将合并后的标记与引物进行比较,将大于 6 个不匹配的标记去除。在 50 bp 的范围内,对平均质量分数小于 20 的标签进行剪切^[19],将小于 350 bp 的标签删除。去除嵌合体。使用 USEARCH 对序列进行聚类(version 10.0),相似度 $\geq 97\%$ 的进行聚类^[20]。所有序列数的 0.005%作为阈值过滤 OTU。数据库选择真菌 ITS^[21]。

1.4.4 水稻产量及产量相关性状 在水稻成熟期,每处理选取长势一致的水稻 10 丛,进行产量及产量相关性状测定,其中产量相关性状包括水稻植株有效穗数、每穗粒数、结实率以及千粒重。

1.5 数据分析

采用 SPSS 19.0 软件进行统计分析,采用单因素方差分析(One Way-ANOVA),显著水平为 0.05;采用 Origin 9.0 软件对数据进行绘图。

2 结果与分析

2.1 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土土壤容重、有机质和 pH 的影响

如表 2 所示,与 CK 相比添加秸秆处理(S)和秸秆与微生物菌肥处理(SC)显著降低了土壤容重($P\leq 0.05$),显著增加了土壤有机质($P\leq 0.05$),显著降低了土壤 pH($P\leq 0.05$)。主要原因是秸秆添加到土壤中使得土壤孔隙增加,土壤变得疏松,增加了土壤气体的交换,水稻根系呼吸作用加强,可以产生更多的 CO₂,溶于水产生 H⁺,此外根系分泌物也会降低 pH;秸秆和微生物菌肥均可增加土壤中微生物的数量,较高有机质含量的秸秆和微生物菌肥施用到土壤中,可大幅度提高土壤有机质含量。

表 2 秸秆与微生物菌肥配施对土壤理化性质的影响

处理	容重/(g·cm ⁻³)	有机质/(g·kg ⁻¹)	pH
CK	1.26±0.01 a	12.48±0.07 c	9.83±0.01 a
S	1.22±0.01 b	16.49±0.04 b	8.95±0.01 b
SC	1.21±0.01 b	16.93±0.06 a	8.86±0.05 b

注:数值为平均值±标准误(n=3)。不同小写字母表示处理间差异显著($P\leq 0.05$)。下同。

2.2 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土土壤团聚体的影响

如表 3 所示,微生物菌肥与秸秆配施(SC)对盐碱土土壤水稳性团聚体有显著影响,土壤水稳性团聚体粒径主要集中在 0.053~0.250 mm 粒级,>2.000 mm 粒级数量最少,其次为 0.250~2.000 mm 粒级和<0.053 mm 粒级。各处理水稳性团聚体筛分结果为>2.000 mm 粒级占 7.58%~9.98%,0.250~2.000 mm 粒级占 24.86%~28.46%,0.053~0.250 mm 粒级占 43.38%~44.77%,<0.053 mm 粒级占 16.79%~24.14%。R>0.250 团聚体为 32.44%~38.44%。与 CK 相比,S 和 SC 处理土壤团聚体>2.000 mm 粒级和 0.250~2.000 mm 团聚体数量显著增加($P\leq 0.05$),<0.053 mm 粒级团聚体数量显著降低($P\leq 0.05$)。说明秸秆添加和微生物菌肥的配施均可显著提高土壤水稳性大团聚体数量,这主要是由有机质和微生物共同作用引起的。团聚体稳定性指标结果表明,与 CK 相比,S 处理可提高 MWD 11.29%、SC 处理可提高 MWD 19.35%;与 CK 相比,S 处理可提高 GMD 14.29%、SC 处理可提高 GMD 28.57%;S 处理和 SC 处理大于 0.250 mm 的水稳性大团聚体数量分别比 CK 提高了 10.76%和 18.50%。

表 3 秸秆与微生物菌肥配施对土壤团聚体的影响

处理	不同团聚体粒级含量/%				团聚体稳定性指标		
	>2.000 mm	0.250~2.000 mm	0.053~0.250 mm	<0.053 mm	MWD	GMD	R>0.250
CK	7.58±0.32 c	24.86±0.05 c	43.42±0.11 b	24.14±0.38 a	0.62±0.01 c	0.21±0.00 c	32.44±0.28 c
S	8.93±0.10 b	27.00±0.10 b	43.38±0.46 b	20.69±0.33 b	0.69±0.00 b	0.24±0.00 b	35.93±0.19 b
SC	9.98±0.19 a	28.46±0.18 a	44.77±0.11 a	16.79±0.12 c	0.74±0.01 a	0.27±0.00 a	38.44±0.02 a

2.3 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土真菌群落的影响

2.3.1 OTU 数量 如表 4 所示,土壤中真菌 OTU 数目与 CK 相比,S 处理降低了 4.99%、SC 处理降低了 3.60%,且二者与 CK 处理差异显著 ($P\leq 0.05$)。

2.3.2 Alpha 多样性指数 如表 4 所示,不同处理间真菌种群 Alpha 多样性丰富度指数存在差异,各处理真菌 Chao1 指数、Simpson 指数值低于 CK,但 Shannon 指数值最高的处理为 SC 处理。

表 4 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土真菌群落的丰度和多样性指数的影响

处理	OTU 数量	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CK	361.00±2.00 a	370.42±2.24 a	0.92±0.04 a	5.51±0.49 a
S	343.00±2.00 b	354.18±1.25 b	0.83±0.02 a	4.07±0.20 bc
SC	348.00±4.00 b	358.42±3.52 b	0.93±0.03 a	5.02±0.52 ab

2.3.3 真菌群落 如图 1 所示,土壤真菌优势菌门排在前 3 的分别为子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢菌门(Mortierellomycota),相对丰度分别为 46.45%~56.48%、24.45%~31.48%和 9.38%~13.17%,其余真菌菌门相对丰度总和为 4.02%~15.93%。与 CK 相比其他两个处理明显提高了子囊菌门和担子菌门相对丰度。

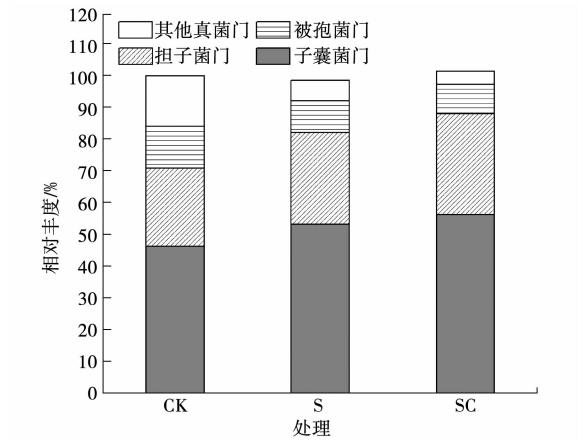


图 1 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土真菌群落的影响

2.4 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土水稻产量及产量性状的影响

由如表 5 所示,CK 处理的千粒重和穗粒数均显著低于 S 和 SC 处理 ($P<0.05$)。产量测定结果表明与常规施肥(CK)比较,添加秸秆处理(S)产量为 8 233.59 kg·hm⁻²,增产率达到 4.39%,添加秸秆和微生物菌肥处理(SC)产量为 8 339.57 kg·hm⁻²,增产率达到 4.66%。说明无论是单独添加秸秆还是秸秆与微生物菌肥共同添加均可增加盐碱土水稻产量。

表 5 秸秆与微生物菌肥配施对盐碱土水稻产量及产量性状的影响

处理	千粒重/g	穗粒数	产量/(kg·hm ⁻²)	增产率/%
CK	24.27±0.20 c	133.29±1.97 b	8014.21±14.57 c	-
S	25.16±0.14 b	144.32±1.56 a	8233.59±10.37 b	4.39
SC	25.80±0.07 a	149.28±1.50 a	8339.57±9.99 a	4.66

3 讨论

东北地区苏打盐碱土是世界三大苏打盐碱土集中分布区域之一,苏打盐碱土土壤通透性能差、高 pH 和肥力低,严重影响该地区的耕地开发和利用^[22]。作物秸秆本身含有丰富的养分,包括氮、磷、钾等,秸秆还田后在提高土壤肥力的同时可有效改善土壤物理性状,包括土壤容重、土壤孔隙度、土壤团聚体组成。本研究表明施用秸秆可有效降低盐碱土容重,增加土壤水稳性大团聚体数量和团聚体稳定性,这与前人研究结果一致^[23-25]。秸秆有机质含量高、秸秆还田可有效增加土壤有机质含量,而有机质可促进土壤中各种养分的吸收利用,同时又参与土壤团聚体的形成^[22]。本研究所使用的微生物菌肥,其有机质含量也高达 60%以上,微生物菌肥的配施在提高土壤有机质和改善土壤结构的同时,带入了大量的微生物。秸秆施用和秸秆与菌肥配施均降低了真菌的 Alpha 多样性,改变了真菌群落结构,与 CK 相比其他两个处理显著提高了子囊菌门和担子菌门相对丰度,子囊菌门和担子菌门作为腐生菌对

复杂化合物分解起到重要作用,能够有效分解植物残体和降解秸秆残留物,子囊菌门是土壤中常见的真菌分解者^[26],并且在大多数土壤中占有优势地位。秸秆为土壤中微生物提供了丰富的碳源和其他养分,有利于微生物的生长和繁殖,水稻秸秆具有高含量的纤维素、半纤维素和木质素,而真菌具有很强的纤维素降解能力,在秸秆还田中具有重要作用。秸秆还田可促进微生物生长,提高微生物多样性和酶的活性^[27-28]。通过对盐碱地水稻施用秸秆并配施微生物菌肥可增加水稻产量及提高产量相关性状。

4 结论

在盐碱土中施用秸秆和微生物菌肥试验结果表明,秸秆和微生物菌肥可改善盐碱土土壤物理化学性质,可降低土壤容重,显著增加土壤有机质含量,在一定程度上缓解盐碱土的高 pH;秸秆和微生物菌肥可有效改善土壤团聚体结构,增加土壤水稳性大团聚体数量及提高团聚体稳定性指标(MWD、GMD),改善了盐碱土土壤不良的团聚体结构;对土壤真菌群落的测定结果表明,秸秆和微生物菌肥降低了真菌 OTU 值和 Alpha 多样性指数,增加了土壤中子囊菌门和担子菌门相对丰度;水稻产量测定结果表明,秸秆单独施用和秸秆配施微生物菌肥均可增加水稻产量及提高产量相关性状。建议秸秆还田同时增施微生物菌肥,可对盐碱土改良起到积极作用,同时能培肥土壤、增加水稻产量。

参考文献:

- [1] 王巍巍. 不同种稻年限苏打盐碱地水田土壤酶活性变化及其与养分含量关系[D]. 长春:吉林农业大学,2016.
- [2] YANG J S. Development and prospect of the research on salt-affected soils in China[J]. Acta Pedologica Sinica, 2008,45(5):837-845.
- [3] 李秀军,李取生,王志春,等. 松嫩平原西部盐碱地特点及合理利用研究[J]. 农业现代化研究,2002(23):361-364.
- [4] CHI C M, ZHAO C W, SUN X J, et al. Reclamation of saline-sodic soil properties and improvement of rice(*Oryza sativa* L.) growth and yield using desulfurized gypsum in the west of Songnen Plain, northeast China[J]. Geoderma,

- 2012,187-188;24-30.
- [5] YU J B, WANG Z C, MEIXNER F X, et al. Biogeochemical characterizations and reclamation strategies of saline sodic soil in northeastern China[J]. Clean-Soil Air Water, 2010, 38:1010-1016.
- [6] WANG S, LUO S, ZHOU X, et al. Soil ameliorants alter physicochemical properties and fungal communities in saline-sodic soils of Northeast China[J]. Archives of Agronomy & Soil Science, 2019,65(8):1147-1159.
- [7] YANG J C, ZHANG S W, LI Y, et al. Dynamics of saline-alkali land and its ecological regionalization in western Songnen Plain, China[J]. Chinese Geographical Science, 2010,20(2):159-166.
- [8] ZHAO Q, TANG J, LI Z Y, et al. The influence of soil physico-chemical properties and enzyme activities on soil quality of saline-alkali agroecosystems in western Jilin Province, China[J]. Sustainability, 2018,10:1529.
- [9] 刘兴土,何岩,邓伟等. 东北区域农业综合发展研究[M]. 北京:北京科学出版社,2002:383-422.
- [10] 张佳环,王贺,金哲宇,等. 苏打盐碱地水稻秆腐菌核病危害特征及其防治关键技术[J/OL]. 吉林农业大学学报, 2020: 1-7 [2022-05-31]. DOI: 10. 13327/j. jjlau. 2020. 5256.
- [11] 李美荣. 滨海滩涂盐渍土覆盖阻盐控盐和土壤质量提升技术模式研究[D]. 马鞍山:安徽工业大学,2013.
- [12] 郑艳美. 秸秆生物反应堆对滨海盐碱土的改良培肥效果[J]. 贵州农业科学,2013,41(5):97-99.
- [13] 李玉平. 复合微生物肥料在水稻上的应用效果研究[J]. 现代农业科技,2020(5):4,6.
- [14] 张谦,陈凤丹,冯国艺,等盐碱土改良利用措施综述[J]. 天津农业科学,2016,22(8):35-39.
- [15] 田小明,李俊华,王成,等. 连续 3 年施用生物有机肥对土壤养分、微生物生物量及酶活性的影响[J]. 土壤,2014,46(3):481-488.
- [16] GUPTA V V S R, GERMIDA J J. Distribution of microbial biomass and its activity in different soil aggregate size classes as affected by cultivation[J]. Soil Biology & Biochemistry, 1988,20(6):777-786.
- [17] 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.
- [18] SIX J, ELLIOTT E T, PAUSTIAN K, et al. Aggregation and soil organic matter accumulation in cultivated and native grassland soils[J]. Soil Science Society of America Journal, 1998,62(5):1367-1377.

- [19] MAGOČ T, SALZBERG S L, FLASH; Fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [20] BOLGER A M, LOHSE M, USADEL B. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data[J]. *Bioinformatics*, 2014, 30(15): 2114-2120.
- [21] EDGAR R C, HAAS B J, CLEMENTE J C, et al. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(16): 2194-2200.
- [22] 李红宇, 王志君, 范名字, 等. 秸秆连续还田对苏打盐碱水稻土养分及真菌群落的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 2021, 39(2): 15-23.
- [23] 赵哲萱, 冉成, 孟祥宇, 等. 秸秆还田对苏打盐碱稻区土壤团聚体分布及有机碳含量的影响[J/OL]. *吉林农业大学学报*, 2022: 1-14 [2022-05-31]. DOI: 10. 13327/j. jjlau. 2021. 1552.
- [24] 解文孝, 李建国, 刘军, 等. 不同土壤背景下秸秆全量还田对水稻产量及稻米品质的影响[J]. *中国稻米*, 2021, 27(2): 73-76, 88.
- [25] 赵海成, 郑桂萍, 靳明峰, 等. 连年秸秆与生物炭还田对盐碱土理化性状及水稻产量的影响[J]. *西南农业学报*, 2018, 31(9): 1836-1844.
- [26] KÖLJALG U, NILSSON R H, ABARENKOV K, et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi[J]. *Molecular Ecology*, 2013, 22: 5271-5277.
- [27] 刘子涵, 黄方园, 黎景来, 等. 覆盖模式对旱作农田土壤微生物多样性及群落结构的影响[J]. *生态学报*, 2021, 41(7): 2750-2760.
- [28] BARDGETT R D, FRANKLAND J C, WHITAKER J B. The effects of agricultural management on the soil biota of some upland grasslands[J]. *Agriculture Ecosystems & Environment*, 1993, 45(1-2): 25-45.

Effects of Combined Application of Straw and Microbial Fertilizer on Soil Aggregates and Fungal Community Diversity of Rice Field Saline Alkali Soil

MENG Qing-ying^{1,2}, YANG Xiao-he^{1,2}, YAO Liang-liang^{1,2}, ZHANG Mao-ming^{1,2}, QIU Lei^{1,2}, WANG Zi-jie^{1,2}, DING Jun-jie^{1,2}, ZHU Bao-guo^{1,2}

(1. Northeast Branch of National Salt-Alkali Tolerant Rice Technology Innovation Center, Harbin 150086, China; 2. Jiamusi Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences/The Key Laboratory of Major Crop Breeding and Cultivation in Sanjiang Plain/Jiamusi Crop Pest Scientific Observation and Experimental Station of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Jiamusi 154000, China)

Abstract: In order to improve and fertilize saline alkali soil and explore the changes of soil aggregates and soil fungal communities, pot experiments were conducted to determine the soil water stable aggregates, soil fungal communities and rice yield at the autumn rice maturity stage by setting up conventional fertilizer treatment, adding straw treatment ($9 \text{ t} \cdot \text{ha}^{-1}$) and straw and microbial bacterial fertilizer treatment, and to explore the effects of straw and microbial bacterial fertilizer on the soil structure, soil microorganisms and rice yield. The results showed that straw addition reduced the soil bulk density and pH, and increased the content of soil organic matter and the number of soil water-stable aggregates. Compared with conventional fertilization, MWD increased by 11.29% in the straw addition treatment, and MWD increased by 19.35% in the straw addition with microbial fertilizer treatment. Straw and microbial fertilizer have a significant effect on improving the physical and chemical properties of saline-alkali soil. The results of Illumina Miseq showed that straw addition treatment reduced the Alpha diversity of soil fungi, but promoted the abundance of Ascomycota and Basidiomycota. Compared with conventional fertilization, the straw addition treatment increased rice yield by 4.39% and the straw addition with microbial fertilizer increased rice yield by 4.66%. It is suggested that straw addition with microbial fertilizer plays a positive role in saline soil improvement and this treatment is capable of increasing the rice yield.

Keywords: saline-alkali soil; rice; straw; microbial fertilizers; soil aggregate; fungi