

有机无机复混肥施用量对热带水稻土微生物群落和酶活性的影响

杨旭, 刘海林, 黄艳艳, 杨红竹, 贝美容, 林清火*

(中国热带农业科学院橡胶研究所/省部共建国家重点实验室培育基地-海南省
热带作物栽培生理学重点实验室, 海口 571101)

摘要:【目的】研究一次性施用不同量的有机无机复混肥对热带地区水稻产量及土壤微生物群落与酶活性的影响, 为该区域水稻高效肥料管理提供科学依据。【方法】水稻田间试验连续进行了3季(2018年早稻-晚稻, 2019年早稻)。施肥设5个处理: 不施肥对照(CK), 常规化肥分3次施用(CF), 采用一次性基施的等量、减10%和减20%氮磷钾养分投入量的有机无机复混肥处理(OF、-10%OF和-20%OF)。2019年早稻收获后测产, 同时取0—20 cm土壤样品, 分析土壤理化性质和酶活性, 采用Illumina高通量测序技术测定土壤细菌和真菌群落组成、多样性和结构。【结果】OF、-10%OF和-20%OF处理的水稻产量没有显著差异, 均与化肥处理(CF)相当。与CF相比, 3个有机无机复合肥处理显著提高了土壤pH, 对土壤全量氮磷钾没有显著影响; OF处理显著提高了土壤有机质含量; -20%OF处理显著提高了土壤碱解氮(15.40%)、速效钾含量(39.75%); OF和-10%OF处理显著提高了土壤有效磷(49.82%、46.02%)和速效钾含量(91.40%和30.44%); 有机无机复混肥处理对土壤酶活性没有显著影响。施用有机无机复混肥影响了真菌和细菌的多样性。其中-20%OF处理显著提高了细菌、真菌的Chao1指数和真菌的物种丰富度指数。在群落结构方面, -20%OF处理的土壤变形菌门和酸杆菌门的丰度显著高于CF处理, 分别提高6.64%和8.37%, 厚壁菌门丰度较CK显著降低了72.67%; -20%OF处理较CF处理显著增加土壤接合菌门丰度(77.40%), 而-10%OF土壤真菌球囊菌门较CK处理降低了117.38%。相关性分析表明, 土壤细菌多样性与土壤速效磷呈正相关, 真菌多样性与土壤碱解氮呈正相关。冗余分析表明, 细菌群落的主要驱动因子为酸性磷酸酶、速效钾、有效磷和碱解氮, 而碱解氮、全钾、有效磷和脲酶是土壤真菌群落的主要限制因子。【结论】施用有机无机复混肥能显著改善南方红壤水稻土速效养分含量和pH, 减少10%~20%的常规养分投入量, 对水稻产量没有明显影响, 但是比施用化肥明显提高了土壤中有有效磷、钾含量, 同时提高了土壤细菌和真菌群落的数量和多样性。

关键词: 有机无机复混肥; 热带水稻土; 土壤酶活性; 细菌群落; 真菌群落

Effects of application of organic-inorganic compound fertilizers on microbial communities and enzyme activities in tropical paddy soil

YANG Xu, LIU Hai-lin, HUANG Yan-yan, YANG Hong-zhu, BEI Mei-rong, LIN Qing-huo*
(Rubber Research Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Science/State Key Laboratory Incubation Base
for Cultivation & Physiology of Tropical Crops, Haikou 571101, China)

Abstract: 【Objectives】 We studied the effects of basal application of different rates of organic-inorganic compound fertilizer (OF) on rice yield and soil microbial community and enzyme activities in paddy soils, to provide a scientific basis for its efficient application. 【Methods】 A field rice experiment was carried out for three seasons in Hainan Province. Five treatments were set up as no fertilizer (i.e., CK), conventional chemical fertilizer (CF), basal application of OF once, application of OF less 10% (-10%OF), and application of OF less

收稿日期: 2020-08-28 接受日期: 2020-11-16

基金项目: 海南省重大科技计划(ZDKJ2017002); 中国热带农业科学院基本科研业务费专项资金(1630022017007); 海南耕地改良关键技术与示范专项课题(HNGDxf2016-3)。

联系方式: 杨旭 E-mail: flyang131@163.com; *通信作者 林清火 E-mail: qinghuo1@163.com

20% (–20%OF). Soil samples were collected after harvesting rice in the third season. We employed Illumina high-throughput sequencing technology to determine bacterial and fungal community composition, diversity, and structural differences. **【 Results 】** All the three OF treatments had similar rice yield to CF. The three OF treatments ($P<0.05$) increased soil pH. Compared with CF, OF treatment increased soil organic matter content, –20%OF treatment increased soil alk.-hydr. N and readily available K contents (15.40% and 39.75%), OF and –10%OF treatments increased soil available P (49.82% and 46.02%) and readily available K contents (91.40% and 30.44%). OF treatments had no significant effect on soil enzyme activity compared with CF treatment. OF treatment ($P<0.05$) changed the structure of the microbial community to different extents, –20%OF treatments increased chao1 index and species richness index significantly. The abundance of Proteobacteria and Acidobacteria in –20%OF treatment was 6.64% and 8.37% higher than those in CF, while Firmicutes was 72.67% lower in –20%OF than in that CK. The abundance of Zygomycota in –20%OF treatment was 77.40% higher than that in CF, and the abundance of Glomeromycota in –10%OF treatment was 117.38% lower than that in CK. Correlation analysis indicated that soil bacterial diversity was positively related to soil available P. Redundancy analysis indicated that APTase activity, available K, available P, and alk.-hydr. N were the bacterial community's main drivers, while alkali-hydrolyzable N, total K, available P and urease limited the soil fungal community. **【 Conclusions 】** Organic-inorganic compound fertilizer is more effective on rice yield than chemical compound fertilizer. Reducing 20% of nutrient input based on OF could regulate soil available nutrient content for diverse and abundant bacterial and fungal communities.

Key words: organic-inorganic compound fertilizer; tropical paddy soil; soil enzyme activity; bacterial community; fungal community

农业生产中,合理施肥是提高土壤肥力、增加作物产量的重要手段之一,不合理施肥则会导致土壤酸化、养分缺失等一系列问题^[1]。微生物作为土壤系统中重要组成部分,在土壤有机质固定、养分转化和健康土壤构建等方面发挥着重要作用^[2]。近年来,关于有机肥以及有机无机肥配施对土壤肥力和微生物群落结构的影响逐渐成为研究热点。国内外研究表明,有机无机肥配施能够显著提高土壤养分、酶活性和增加作物产量^[3-5]。Liu 等^[6]长期定位试验结果表明,化肥配施有机肥能够显著提高黄土高原地区脲酶、碱性磷酸酶和 β -葡萄糖苷酶活性;梁路等^[7]通过长期定位试验发现有机肥配施氮肥能够提高土壤基础养分和相关酶活性。同时,许多研究表明施用有机肥通过改善土壤养分含量进一步影响土壤微生物群落结构。王伟华等^[8]研究表明通过施用有机肥能够提高土壤氮磷钾和土壤有机质含量,从而提高土壤微生物生物量、微生物多样性和改善微生物群落结构;Chen 等^[9]通过 20 年长期定位试验发现,施用有机肥通过提高土壤有机碳含量进而改善微生物群落结构。也有学者认为施用有机肥通过对土壤性质的改变进而驱动土壤微生物群落变化^[10-11]。Zeng 等^[12]研究指出长期施氮造成土壤 pH 降低从而导致土壤微生物群落结构发生变化;Zhu 等^[13]研究阐明通过施加

秸秆改善土壤结构,进而对土壤微生物群落结构产生影响。因此,施肥可通过多种途径影响微生物群落结构,对其开展针对性研究,了解其作用机制,对于健康土壤构建具有重要指导意义。

红壤主要分布在我国热带和亚热带地区,总面积达到 148 km²,主要种植水稻、甘蔗等作物。由于红壤的高度风化和强烈淋溶作用,导致土壤有机质含量低、养分匮乏等问题^[10,14]。近年来由于不合理的施肥和耕作导致红壤肥力进一步退化,过量施用化肥造成土壤酸化和板结。据统计,海南省 2017 年单位播种面积化肥施用量达到 616.4 kg/hm²,远高于国内化肥施用平均值和联合国粮农组织规定的化肥施用限值^[15]。目前国内针对稻田微生物研究主要集中在有机肥和有机无机肥配施方面^[16-17],而针对有机无机复混肥对稻田微生物的影响研究鲜见报道。选取热带地区水稻土为研究对象,采用高通量测序技术研究有机无机复混肥及其减量施用对稻田土壤微生物群落多样性及群落结构变化的影响,同时结合施肥引起稻田土壤理化性质和酶活性的变化,进而探讨酶活性、土壤理化性质与微生物群落之间的相关性,以期对热带地区水稻高效生产的肥料管理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

试验地位于海南省儋州市东城镇周坊村(N 19°33'2"、E 109°33'36"),该地区属于热带季风气候,年均气温为21℃~26℃, > 10℃年活动积温为8430℃~8690℃,年降雨量1500~2000 mm,月降雨量> 100 mm集中在6~9月。该地区土壤发育母质为砖红壤,质地较黏重,耕层土壤的理化性状为全氮0.96 g/kg、有效磷19.84 mg/kg、速效钾16.91 mg/kg、有机质18.15 g/kg、土壤pH 5.6。

1.2 试验设计

试验于2018—2019年间进行,共种植3季水稻,其中2018年种植早稻和晚稻,2019年种植早稻。水稻品种均为特优808,株行距均采用20 cm × 20 cm。试验共设5个处理,分别为不施肥对照(CK)、常规肥料(CF)、与CF处理等养分量的有机无机复混肥(OF)、有机无机复混肥用量减10%(-10%OF)和减20%(-20%OF)处理。常规肥料单季用量为N 187 kg/hm²、P₂O₅ 74 kg/hm²、K₂O 159 kg/hm²,分3次施用(基肥:蘖肥:穗肥=5:3:2),供试常规肥料为尿素(含氮46%)、过磷酸钙(P₂O₅ 12%)、氯化钾(K₂O 60%)。有机无机复混肥(N:P₂O₅:K₂O=11:5:9)及减施处理均作为基肥一次性施用,其中OF处理施肥量为919 kg/hm²。每个小区面积为54 m²,每个处理重复3次,随机区组排列,3季水稻小区处理保持一致。

1.3 样品采集

2019年早稻试验于3月30日插秧,7月3日收获测产。第3季水稻收获前,于各试验小区采集0—20 cm土层土壤样品,每个小区采用S型采集5个点,采集土壤约500 g,去除砾石和植物残体等杂质后充分混合,然后将土壤分为2份,一份风干进行土壤理化性质测定,另一份保存在-80℃冰箱内,用于提取土壤DNA和PCR扩增。

1.4 测试项目与方法

1.4.1 土壤基本理化性质和酶活性测定 土壤基本理化性质测定参照《土壤农化分析方法》^[18],土壤样品采集风干后过筛,全氮采用凯氏定氮法,碱解氮采用碱解扩散吸收法,有机质采用重铬酸钾外加热法,有效磷采用0.5 mol/L碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法测定,速效钾用醋酸铵浸提—火焰光度法测定,pH采用蒸馏水浸提(土水比1:2.5),然后用

pH计测定。土壤蔗糖酶活性采用3,5-二硝基水杨酸比色法;酸性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法;脲酶活性采用苯酚钠比色法^[19]。

1.4.2 土壤DNA提取和PCR扩增 宏基因组测序由上海欧易生物医学科技有限公司完成。称取300 mg土壤样品,利用FastDNA® SPIN Kit for Soil (MP Biomedicals, LLC, USA)试剂盒提取土壤微生物总DNA,具体操作严格按照试剂盒说明进行。利用1%琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组DNA质量,利用超微量分光光度计(NanoDrop 1000, USA)测定提取的DNA浓度。以343F(5'-TACGGRAGGCAGCAG-3')和515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')为DNA引物扩增代表细菌的16S rRNA;以817F(5'-TTAGCATGGAATAATRRATAGGA-3')、ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3')和ITS2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3') DNA引物扩增代表真菌的ITS rRNA序列。扩增条件:95℃预变性2 min,接着进行25个循环,包括95℃变性30 s,55℃退火30 s,72℃延伸30 s;循环结束后72℃最终延伸5 min。对扩增产物切胶回收,用QuantiFluor™荧光计进行定量。将纯化的扩增产物进行等量混合,连接测序接头,根据Illumina官方说明构建测序文库,Hiseq2500的PE250模式上机测序。然后对所有样品的全部序列进行聚类,以97%的相似度将序列聚类成分类操作单元(operational taxonomic units, OTUs),然后对OTUs的代表序列进行物种注释,在unite库比对,得到OTUs的分类学信息。使用物种对应的基因丰度总和计算该物种的丰度,并在门、纲、目、科、属、种各个分类学水平上统计物种在各个样品中的丰度,从而构建相应分类学水平上的丰度谱。

1.5 数据处理方法与作图

使用QIIME软件分析数据,得出土壤细菌和真菌Alpha多样性指数(Shannon指数)、菌群丰富度指数(Chao1和物种丰富度指数)和测序深度指数(Coverage指数)。采用热图对不同物种在不同样品间的表达情况进行展示,根据热图上的聚类关系反映样本之间的关系。为了减少噪声的影响,采用相对丰度>1的样本。热图中每行代表1个样本,每列代表1个分类水平,颜色从红到黑代表样本丰度从低到高。采用Canoco 5.0软件对环境因子与微生物群落结构进行冗余分析(redundancy analysis, RDA)。

试验数据用Microsoft Excel 2010进行常规统计分析,图形制作由Origin 2017完成,采用单因素方

差分析方法 (One-way ANOVA), 用 SPSS 22.0 进行 Pearson 相关性分析, 用 Canoco 5.0 进行冗余性分析。

2 结果与分析

2.1 有机无机复混肥及其减施对水稻产量的影响

图 1 显示, 所有施肥处理较 CK 均能显著增加水稻产量, 但各施肥处理间水稻产量没有显著差异。

2.2 有机无机复混肥及其减施对土壤理化性质的影响

表 1 显示, 与 CF 相比, 连续 3 季施有机无机复混肥 (OF、-10%OF 和 -20%OF 处理), 对土壤全量氮磷钾没有显著影响, 均显著提高了土壤 pH 值; -20%OF 处理显著提高碱解氮、速效钾含量, 分别提高 15.40% 和 39.75%; OF 和 -10%OF 处理均能显著提高土壤有效磷、速效钾含量, 其中有效磷分别

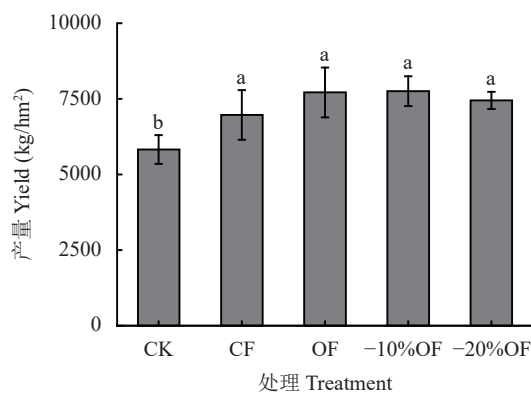


图 1 不同施肥处理水稻产量

Fig. 1 Rice yields under different treatments

[注 (Note): 柱上不同字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$) Different letters above the bars indicate significant difference among treatments ($P < 0.05$).]

提高 49.82% 和 46.02%, 速效钾分别提高 91.40% 和 30.44%; OF 处理显著增加土壤有机质含量, 而 -10%OF 和 -20%OF 处理的有机质含量增加未达到显著水平。

2.3 有机无机复混肥及其减施对土壤酶活性的影响

如图 2 所示, -20%OF 处理较其他施肥处理增加了土壤蔗糖酶活性, 较 CF 处理增加幅度为 51.91%; 不同施肥处理较 CK 均显著提高了土壤酸性磷酸酶活性, 但施肥处理之间没有显著差异; 各处理之间土壤脲酶活性没有显著差异。

2.4 有机无机复混肥及其减施对土壤微生物群落丰富度和多样性的影响

表 2 表明, 从真菌群落看, 相比 CF 处理, OF、-20%OF 处理显著提高了真菌的 Chao1 指数和物种丰富度指数, -10%OF 处理没有显著变化, 5 个处理的香农指数无显著差异; 从细菌群落看, -10%OF 和 -20%OF 处理较 CF 处理显著增加了细菌 Chao1 指数, 对香农指数和物种丰富度指数没有显著影响, 而 OF 处理对 3 个指数均无显著影响。总的看来, -20%OF 处理提高真菌和细菌多样性的效果显著高于常规施肥。

Pearson 相关性分析结果 (表 3) 表明, 细菌 Chao 1 指数与酸性磷酸酶、碱解氮、速效磷和速效钾呈显著或极显著相关; 物种丰富度指数和香农指数与酸性磷酸酶和速效磷均呈极显著或显著正相关。真菌 Chao 1 指数与蔗糖酶、碱解氮、速效钾和 pH 呈显著或极显著相关; 物种丰富度指数与蔗糖酶和碱解氮呈极显著正相关, 与脲酶呈极显著负相关; 香农指数与碱解氮呈极显著正相关。

表 1 不同施肥处理土壤基本养分性状

Table 1 Soil nutrient characteristics under different fertilization treatments

处理 Treatment	全氮 Total N (g/kg)	全磷 Total P (g/kg)	全钾 Total K (g/kg)	碱解氮 Alk.-hydr. N (mg/kg)	有效磷 Available P (mg/kg)	速效钾 Available K (mg/kg)	有机质 Organic matter (g/kg)	pH
CK	0.84 ± 0.13 b	0.17 ± 0.02 a	27.57 ± 2.14 b	59.76 ± 3.32 d	7.62 ± 0.27 c	17.58 ± 0.13 d	14.40 ± 2.08 b	5.02 ± 0.03 b
CF	1.10 ± 0.07 a	0.22 ± 0.03 a	28.52 ± 0.78 ab	64.74 ± 1.66 bc	18.47 ± 1.67 b	26.64 ± 1.17 c	15.34 ± 0.31 b	4.91 ± 0.02 c
OF	0.95 ± 0.06 ab	0.21 ± 0.01 a	30.82 ± 0.19 a	66.40 ± 3.32 b	27.67 ± 1.34 a	50.99 ± 4.26 a	18.24 ± 0.54 a	5.11 ± 0.03 a
-10%OF	1.02 ± 0.10 ab	0.22 ± 0.04 a	30.74 ± 2.27 a	61.42 ± 1.66 cd	26.97 ± 4.32 a	34.75 ± 5.11 b	16.24 ± 0.09 ab	5.00 ± 0.03 b
-20%OF	1.03 ± 0.19 ab	0.22 ± 0.05 a	29.87 ± 0.32 ab	74.71 ± 1.01 a	21.10 ± 0.96 b	37.23 ± 0.97 b	16.29 ± 1.83 ab	5.02 ± 0.03 b

注 (Note): CK—不施肥对照 No fertilizer input; CF—化肥 Chemical fertilizer; OF—有机无机复混肥 Organic-chemical compound fertilizer; 同列数据后不同字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$) Values followed by different letters in same column indicate significant differences among treatments ($P < 0.05$).

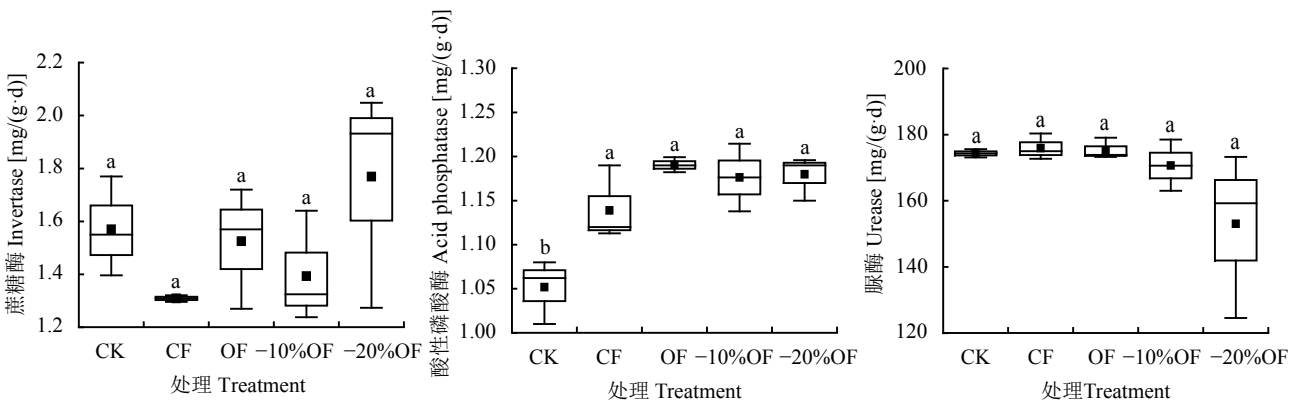


图 2 不同施肥处理对相关土壤酶活性的影响

Fig. 2 Effects of different fertilization treatments on related soil enzyme activities

[注 (Note): CK—不施肥对照 No fertilizer input; CF—化肥 Chemical fertilizer; OF—有机无机复混肥 Organic-chemical compound fertilizer. 图中箱体代表酶活性范围, 箱体中短线代表酶活性中值, 箱体上误差棒代表酶活性变异大小, 方柱上不同字母表示不同处理间差异显著 ($P < 0.05$) The top and bottom line of boxes represent the ranges of enzyme activities, the short lines inside represent the middle values, the error bar above each box represent the variation, and different letters above the bars represent significant difference among treatments ($P < 0.05$).]

表 2 不同施肥处理土壤微生物多样性分析

Table 2 Analysis of soil microbial diversity of different fertilization treatments

处理 Treatment	Chao 1 指数 Chao 1 index		香农指数 Shannon index		物种丰富度 Species richness index	
	真菌 Fungi	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	细菌 Bacteria	真菌 Fungi	细菌 Bacteria
CK	588.2 ± 81.7 b	3564.2 ± 127.8 c	6.35 ± 0.32 a	9.65 ± 0.11 b	525.4 ± 15.5 c	2377.5 ± 99.7 b
CF	601.8 ± 93.4 b	3642.2 ± 129.0 bc	6.73 ± 0.13 a	9.81 ± 0.19 ab	527.3 ± 48.7 c	2478.6 ± 69.7 ab
OF	770.3 ± 69.1 a	3795.6 ± 24.5 ab	6.75 ± 0.21 a	9.84 ± 0.06 a	622.1 ± 64.8 b	2495.5 ± 60.9 ab
-10%OF	590.8 ± 57.0 b	3819.5 ± 51.7 a	6.39 ± 0.78 a	9.85 ± 0.09 a	540.1 ± 14.4 c	2533.8 ± 55.4 a
-20%OF	818.1 ± 82.8 a	3898.2 ± 57.6 a	7.09 ± 0.04 a	9.89 ± 0.12 a	757.8 ± 47.6 a	2527.4 ± 97.1 ab

注 (Note): CK—不施肥对照 No fertilizer input; CF—化肥 Chemical fertilizer; OF—有机无机复混肥 Organic-chemical compound fertilizer. 同列数据后不同字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$) Values followed by different letters in same column indicate significant difference among treatments ($P < 0.05$).

表 3 细菌和真菌多样性与土壤理化性质之间相关性分析

Table 3 Correlation analysis between bacterial and fungal diversity and soil physical and chemical properties

微生物种类 Microbial species	指数 Index	蔗糖酶 Invertase	酸性磷酸酶 Acid phosphatase	脲酶 Urease	碱解氮 Alk.-hydr. N	速效磷 Available P	速效钾 Available K	pH
细菌 Bacteria	Chao1	0.342	0.835**	-0.410	0.555*	0.699**	0.627*	0.206
	Species richness index	-0.013	0.725**	-0.414	0.319	0.623*	0.421	-0.102
	Shannon	0.097	0.746**	-0.482	0.422	0.633*	0.503	0.032
真菌 Fungi	Chao1	0.585*	0.469	-0.403	0.816**	0.391	0.670**	0.529*
	Species richness index	0.689**	0.449	-0.690**	0.828**	0.268	0.438	0.322
	Shannon	0.376	0.377	-0.268	0.696**	0.119	0.225	0.081

注 (Note): *— $P < 0.05$; **— $P < 0.01$.

2.5 有机无机复混肥及其减施对土壤细菌结构的影响

如图 3 所示, 有机无机复混肥及其减施处理较 CK 和 CF 处理的优势菌门达到 8 个, 分别为变形菌

门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、螺旋体门 (Spirochaetes)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae)、芽单胞杆菌门 (Gemmatimonadetes) 和放线菌门

(Actinobacteria), 其中-20%OF 处理较 CF 处理能显著增加土壤变形菌门和酸杆菌门的丰度, 增幅分别达到 6.64% 和 8.37%, 同时 OF 处理较 CF 处理能显著增加芽单胞杆菌门丰度, 增幅为 16.86%, 而施肥处理较 CK 处理能显著降低土壤厚壁菌门丰度, 其中-20%OF 处理降幅最大, 为 72.67%。

如图 3 所示, 有机无机复混肥及减施处理较 CK 和 CF 处理优势菌属达到 6 个, 分别为厌氧黏细菌属 (*Anaeromyxobacter*)、地杆菌属 (*Geobacter*)、念珠菌属 (*Candidatus_Solibacter*)、*Candidatus_*

Koribacter、赭黄嗜盐囊菌属 (*Haliangium*) 和 *MND1*, 其中-20%OF 处理较 CF 处理能显著增加 *Candidatus_Solibacter* 和 *Candidatus_Koribacter* 丰度, 增幅分别为 26.71% 和 30.28%, 其中-20%OF 处理较 CK 能显著降低硝化螺旋菌属 (*Nitrospira*) 丰度, 降幅为 31.68%。

2.6 有机无机复混肥及其减施对土壤真菌结构的影响

如图 4 所示, 有机无机复混肥处理较 CK 和 CF 处理优势菌门达到 3 个, 分别为子囊菌门

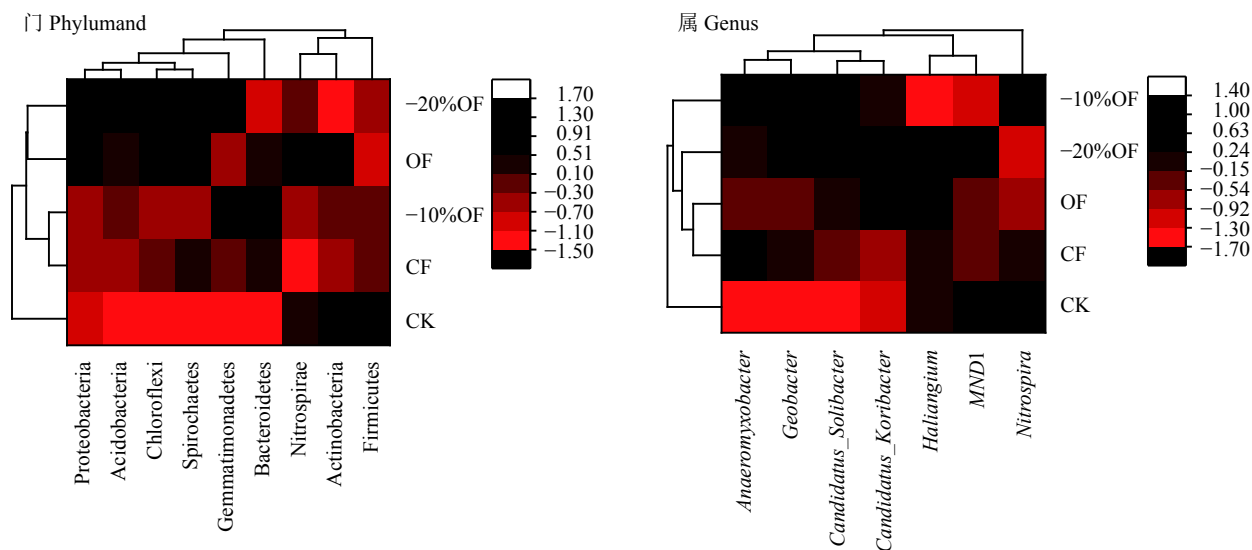


图 3 不同肥料减施模式细菌群落分布和组成 (门和属水平)
Fig. 3 Distribution and composition of bacterial communities under different fertilizer reduction application modes (phylum and genus level)

[注 (Note): CK—不施肥对照 No fertilizer input; CF—化肥 Chemical fertilizer; OF—有机无机复混肥 Organic-chemical compound fertilizer.]

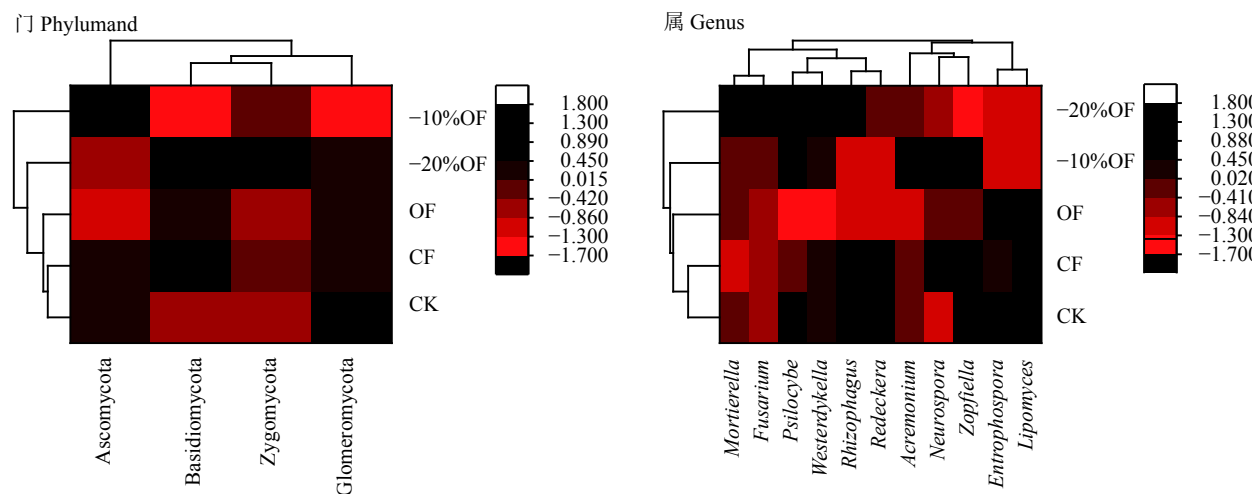


图 4 不同肥料减施模式真菌优势菌种相对丰度 (门和属水平)
Fig. 4 Relative abundance of dominant fungal species under different fertilizer reduction application modes (phylum and genus level)

[注 (Note): CK—不施肥对照 No fertilizer input; CF—化肥 Chemical fertilizer; OF—有机无机复混肥 Organic-chemical compound fertilizer.]

(Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota) 和接合菌门 (Zygomycota), 其中-20%OF 处理较 CF 处理能显著增加土壤接合菌门的丰度, 增幅为 77.40%, 而-10%OF 较 CK 处理能显著降低土壤真菌球囊菌门 (Glomeromycota), 降幅为 117.38%。

如图 4 所示, 有机无机复混肥及其减施处理较 CK 和 CF 处理优势菌属达到 5 个, 分别为被胞霉属 (*Mortierella*)、光盖伞属 (*Psilocybe*)、支顶胞属 (*Acremonium*)、镰胞霉属 (*Fusarium*) 和海洋菌属 (*Westerdykella*), 其中-20%OF 较 CF 能显著增加被胞霉属 (*Mortierella*)、镰胞霉属 (*Fusarium*) 相对丰度, 增幅分别为 147.06% 和 124.59%, 较 CK 能显著降低光盖伞属 (*Psilocybe*) 相对丰度, 降幅为 41.07%。

2.7 土壤因子、酶活性对水稻土微生物群落结构的影响

为了探讨土壤环境对微生物群落构成的影响, 采用 11 种土壤环境因子 (全氮、全磷、全钾、碱解氮、有效磷、速效钾、有机质、pH、蔗糖酶、酸性磷酸酶、脲酶) 来估算对稻田微生物门和属水平上的贡献值, 分析结果如图 5 所示。就细菌而言, 酸性磷酸酶、速效钾、有效磷和碱解氮是影响细菌门结构的主要环境因子, 酸性磷酸酶和碱解氮与变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、螺旋体门、拟杆菌门、硝化螺旋菌门和芽单胞杆菌门呈正相关, 对放线菌门和厚壁菌门有负相关作用; 速效钾和有效磷与变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、螺旋体门、硝化螺旋菌门和芽单胞杆菌门呈正相关, 对放线菌门、拟杆菌门和厚壁菌门有负相关作用; 酸性磷酸酶、速效钾、有效磷和碱解氮是影响土壤细菌属水平的主要环境因子, 从图中可以看出, 水稻产量受酸杆菌门、芽单胞杆菌门、变形菌门和螺旋体门影响较大。

从真菌角度而言, 碱解氮、全钾、有效磷和脲酶是影响真菌门结构的主要环境因子, 碱解氮和全钾对接合菌门和担子菌门有正相关作用, 对子囊菌门和球囊菌门有负相关作用; 有效磷对子囊菌门和接合菌门有正相关作用, 与担子菌门和球囊菌门呈负相关; 脲酶与子囊菌门呈正相关, 与担子菌门、结合菌门和球囊菌门呈负相关; 有效磷、脲酶、速效钾和蔗糖酶是影响真菌属水平的主要环境因子, 水稻产量与结合菌门和子囊菌门呈正相关。

3 讨论

3.1 有机无机复混肥及其减施对土壤养分和酶活性的影响

有机无机复混肥在一定程度上可以增加作物产

量。吴萍萍等^[20]通过化肥配施有机肥显著增加了水稻产量。本研究通过施用不同量有机无机复混肥观察到, -10%OF 处理水稻产量最高, 这说明施用适量的有机无机复混肥对水稻产量的提高效果最佳。已有研究表明, 有机无机肥配施能够改善土壤养分状况^[21], 通过对水稻收获后土壤养分分析发现, 有机无机复混肥及其减施较单施化肥能够显著提高土壤速效态养分含量和改善土壤 pH, 这可能是因为有机无机复混肥同时具有速效和缓效养分, 能够促进植物快速生长而导致更多的有机残余物进入土壤, 进而提高了土壤养分^[22-23]。土壤酶活性是养分循环和转化的关键因素, 施肥量和施肥种类都会对土壤酶活性产生影响。土壤蔗糖酶能够将土壤内的蔗糖分解为果糖和葡萄糖, 能够表征土壤内碳循环和生物化学活性^[24]。本研究结果表明, -20%OF 处理较其他施肥处理能够增加土壤蔗糖酶活性, 相关研究表明土壤酶活性与有机肥施用量呈正相关, 但本研究在红壤水稻土上结果略有不同, 这可能是因为不同的施肥处理对植物生长差异造成的, 较大的生长差异可以直接通过根系分泌物的不同影响土壤酶的活性^[25-26]。磷酸酶影响着土壤内磷素的转化, 能够表征土壤内磷素肥力, 本研究各施肥处理较不施肥能够显著提高土壤酸性磷酸酶活性, 与单施化肥相比, 不同用量的有机无机复混肥对酸性磷酸酶有一定的提升作用, 这与刘骅等^[27]和李晨华等^[28]研究结果一致, 通过相关性分析发现, 酸性磷酸酶活性与土壤全钾、速效钾、碱解氮和有效磷呈显著或极显著正相关, 这说明适量施用有机无机复混肥能够提升土壤酶活性和土壤养分含量, 从而促进作物生长, 同时长势良好的作物的根系分泌物能更好地促进微生物的活性, 因此合理施肥能够保持土壤、微生物和作物之间的良性循环。

3.2 有机无机复混肥及其减施对土壤微生物多样性和群落结构的影响

大量研究表明, 施用有机无机复混肥能够增加土壤速效态养分含量, 使土壤微生物有充足的养分供应, 从而提升微生物活性, 保证土壤微生物的多样性^[29-30]。土壤微生物多样性指数表示群落中微生物的多少, 值越大则表明物种越丰富; 丰富度指数越高, 则表明群落内某种微生物的丰度越高; 而且微生物多样性指数和丰富度指数可以表明生态系统的稳定性^[31]。本研究表明, OF 和-20%OF 较不施肥和施化肥能明显提高土壤真菌和细菌的 Chao1 指数和物种丰富度指数, 各施肥处理较不施肥处理能提高土壤微生物的香农指数, 这与已有研究^[32]相一致。这

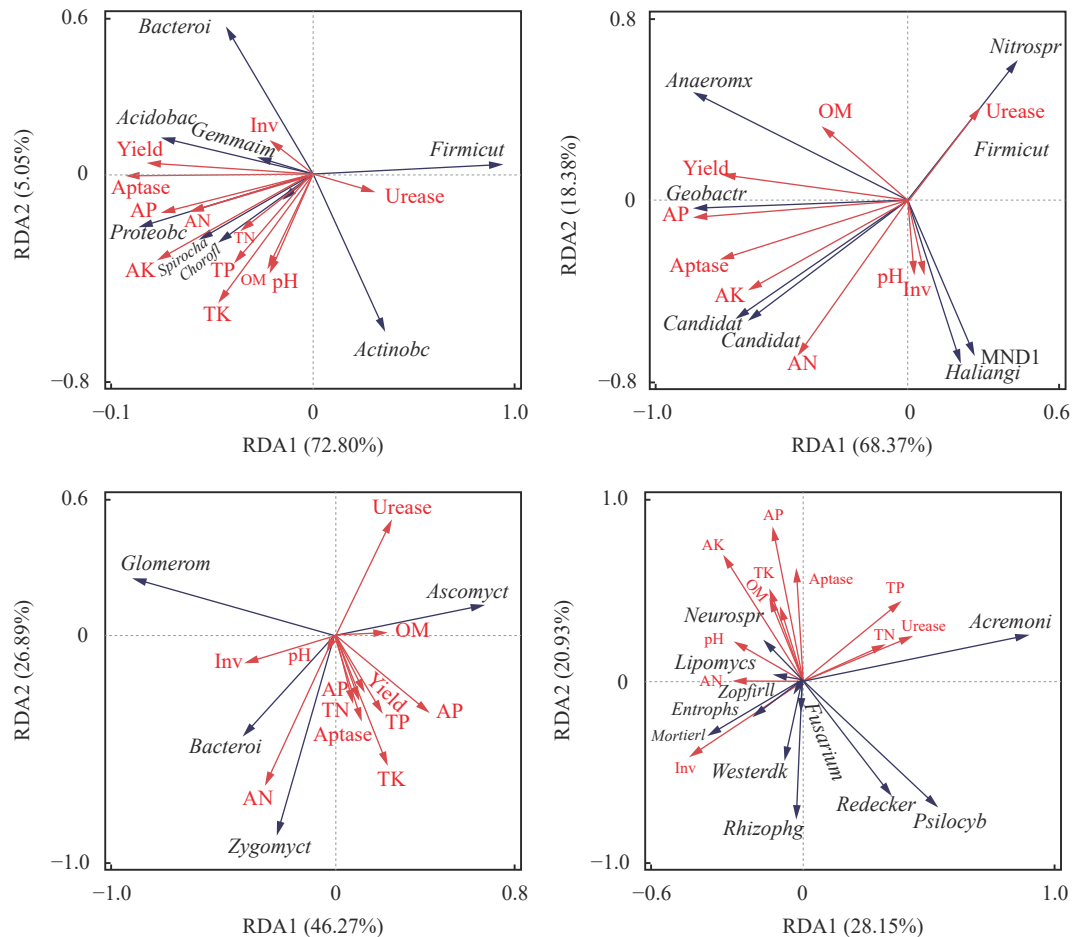


图 5 土壤环境与微生物群落冗余性分析

Fig. 5 Soil environment and microbial community redundancy analysis

[注 (Note): TN—全氮 Total N; TP—全磷 Total P; TK—全钾 Total K; AN—碱解氮 Alk-hydr. N; AP—有效磷 Available P; AK—速效钾 Available K; OM—有机质 Organic matter; Inv—蔗糖酶 Invertase; Aptase—酸性磷酸酶 Acid phosphatase; Urease—脲酶.]

可能是因为有机无机复混肥还田能够提高土壤有机养分从而刺激土壤微生物的生长。本试验结果以-20%OF处理效果最为明显,这表明在有机无机复混肥减施20%水平上仍能保持水稻土微生物的多样性,这对实现我国化肥零增长的目标具有重要指导意义。

不同有机无机复混肥施用后稻田土壤内的优势菌门为变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门、螺旋体门、拟杆菌门、硝化螺旋菌门、芽单胞杆菌门和放线菌门,这些菌门在水稻的生长尤其是在根系生长中起重要作用。试验结果表明,不同用量有机无机复混肥均能提高土壤内变形菌门细菌丰度,尤其是-20%OF处理增加最为明显,相关研究表明变形菌门细菌在土壤内必需的矿物养分的生物循环中发挥重要作用,变形菌门细菌丰度的高低可以影响土壤肥力和植物根系的生长^[33-34]。不同用量有机无机复混肥均增加酸杆菌门和绿弯菌门的细菌丰度,以

-20%OF处理最佳,这与吴宪等^[35]的研究结果一致。酸杆菌门细菌在植物残体的分解中发挥重要作用,酸杆菌门细菌对纤维素的降解发挥一定作用,能够促进纤维素酶和半纤维素酶的形成,同时可以参与土壤内Fe元素的循环^[36],而绿弯菌门细菌可以将土壤内多糖分解成氢和有机酸,可以加快土壤内有机物的降解^[37]。有机肥还田后在微生物的分解下形成胶结物质,有利于土壤团聚体的形成,从而提高硝化螺旋菌门的相对丰度,有研究表明硝化螺旋菌门的相对丰度和土壤团聚体呈显著正相关^[38]。同时试验结果显示,有机无机复混肥和化肥处理降低了厚壁菌门细菌丰度,已有研究表明,厚壁菌门细菌对有机碳含量较为敏感,且施氮量多会明显抑制厚壁菌门细菌的多样性,此类菌群可能更适合在养分平衡的状态下生长^[39-40]。

本研究在门水平上,各有机无机复混肥处理真菌优势菌门为子囊菌门、担子菌门和结合菌门,这

与已有研究^[35, 41]相一致。本研究中, 施用不同有机无机复混肥能够提高子囊菌门真菌的相对丰度, 这是因为子囊菌门真菌能够降解土壤内腐烂有机物, 是纤维素和果胶等化合物主要分解者, 且施用有机无机复混肥能够提高土壤的速效养分和有机质含量, 子囊菌门真菌更适合在这样的环境中生存, 本研究结果显示子囊菌门真菌与土壤有效磷含量显著相关, 这也与已有研究^[42-43]结果相一致。同时本研究有机无机复混肥处理中接合菌门真菌相对丰度也高于不施肥和施化肥处理, 相关研究表明接合菌门真菌相对丰度和粪肥具有较好的相关性^[44]。从属水平上看, 本研究施用有机无机复混肥提高了土壤被胞霉属、光盖伞属、支顶胞霉属、镰胞霉属和海洋菌属真菌的相对丰度。

3.3 土壤微生物多样性和群落组成与土壤理化性质的关系

土壤作为微生物重要栖息地, 环境的改变对土壤内的细菌、真菌丰富度产生重要影响, 土壤可以提供微生物所需的重要养分, 同时根系分泌物可以间接影响微生物群落结构^[43]。施用有机无机复混肥能够显著提高水稻土碱解氮、有效磷、速效钾、有机质含量和 pH, 本研究通过冗余分析表明, 不同有机无机复混肥处理下土壤细菌群落与酸性磷酸酶、速效钾、有效磷和碱解氮有显著相关关系。海南土壤较为瘠薄, 土壤速效态养分较缺乏, 抑制了土壤细菌的生长。本研究中土壤酸性磷酸酶、速效钾是细菌群落的主要驱动因子, 同时有效磷也与微生物的活性呈显著相关, 这和已有研究^[45]相一致。酸性磷酸酶作为与磷元素相关的水解酶, 其主要作用是把磷酸单脂化合物中磷酸单酯键切断使磷酸基游离, 从而提高土壤磷养分的生物活性, 酸性磷酸酶的活性大小直接与土壤速效态养分相关^[46], 同时这些速效态养分会影响细菌活性。土壤 pH 是影响微生物群落结构的重要环境因子, 但是在本研究中其影响并不大, 这可能是因为有机无机复混肥分解较慢, 因此各有机无机复混肥处理对土壤 pH 在短期内未造成较大改变。与以往文献研究结果不同的是, 本研究结果得到影响真菌群落结构的因子为全钾和脲酶, 这可能是因为试验地土壤钾含量较低, 在这样的背景下, 作物与真菌会对土壤内的钾元素产生竞争效果, 因此钾会成为真菌群落的限制因素。脲酶作为分解尿素的主要作用酶, 其活性大小与土壤全氮呈显著正相关^[7], 而全氮是真菌群落的主要限制因子, 这与相关研究^[35, 47]结果一致。本研究在一定程度上论

释了水稻施用有机无机复混肥对南方红壤微生物群落结构的影响及其与土壤理化性质之间的关系。然而土壤和微生物作为一个复杂的系统, 土壤理化因子和酶活性以及土壤微生物对长期施用有机无机复混肥响应情况仍需进一步研究。

4 结论

经过 3 季水稻种植, 减施 10% 和 20% 的有机无机复混肥养分投入量并没有降低水稻产量, 同时还可不同程度地改善土壤 pH, 提高土壤速效养分含量, -20%OF 处理显著提高碱解氮、速效钾含量; OF 和-10%OF 处理均能显著提高土壤有效磷、速效钾含量, OF 处理能显著提高土壤有机质含量。减施 20% 有机无机复混肥较 CF 处理能提高土壤蔗糖酶活性, 增加幅度为 51.91%, 同时施用有机无机复混肥能提升土壤微生物群落多样性, 其中-20%OF 处理较 CF 处理能显著提高土壤微生物 Chao1 指数, 同时能够显著提高土壤真菌物种丰富度指数; 施用有机无机复混肥能够提高土壤微生物优势菌门的相对丰度, -20%OF 能显著提高土壤细菌变形菌门和酸杆菌门的丰度, 有效降低土壤内细菌中厚壁菌门的相对丰度, 同时可以增加土壤真菌中接合菌门的相对丰度, 有效地改变土壤微生物群落结构, 维持良好的土壤生物学肥力, 其中细菌优势菌群与土壤酸性磷酸酶、速效钾、有效磷和碱解氮等因子呈显著正相关, 而水稻土中真菌群落与全钾和脲酶呈显著正相关。因此, 在南方水稻种植中应该重视推广有机无机复混肥。

参 考 文 献:

- [1] 孙先良. 盲目过量施肥的危害及新型肥料的开发[J]. 中氮肥, 2005, (6): 4-7.
Sun X L. Harm of blind & excessive applying fertilizer and development of new type of fertilizer[J]. *M-Sized Nitrogenous Fertilizer Progress*, 2005, (6): 4-7.
- [2] Kusliene G, Rasmussen J, Kuzyakov Y, et al. Medium-term response of microbial community to rhizodeposits of white clover and ryegrass and tracing of active processes induced by ¹³C and ¹⁵N labelled exudates[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 76: 22-33.
- [3] 魏猛, 张爱君, 诸葛玉平, 等. 长期不同施肥对黄潮土区冬小麦产量及土壤养分的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2017, 23(2): 304-312.
Wei M, Zhang A J, Zhuge Y P, et al. Effect of different long-term fertilization on winter wheat yield and soil nutrient contents in yellow fluvo-aquic soil area[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2017, 23(2): 304-312.
- [4] 邢素丽, 韩宝文, 刘孟朝, 等. 有机无机配施对土壤养分环境及小麦增产稳定性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2010, 29(增刊): 135-140.

- Xing S L, Han B W, Liu M C, *et al.* The effect of NPK fertilizer combined with soil organic manure on soil nutrition and wheat yield increasing[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2010, 29(Supplement): 135–140.
- [5] Zhao J, Ni T, Li J, *et al.* Effects of organic-inorganic compound fertilizer with reduced chemical fertilizer application on crop yields, soil biological activity and bacterial community structure in a rice-wheat cropping system[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, 99: 1–12.
- [6] Liu E, Yan C, Mei X, *et al.* Long-term effect of chemical fertilizer, straw, and manure on soil chemical and biological properties in northwest China[J]. *Geoderma*, 2010, 158(3): 173–180.
- [7] Liu E, Yan C, Mei X, *et al.* Long-term effect of chemical fertilizer, straw, and manure on soil chemical and biological properties in northwest China[J]. *Geoderma*, 2010, 158(3/4): 173–180.
- [8] 王伟华, 刘毅, 唐海明, 等. 长期施肥对稻田土壤微生物量、群落结构和活性的影响[J]. *环境科学*, 2018, 39(1): 430–437.
- Wang W H, Liu Y, Tang H M, *et al.* Effects of long-term fertilization regimes on microbial biomass, community structure and activity in a paddy soil[J]. *Environmental Science*, 2018, 39(1): 430–437.
- [9] Chen X F, Li Z P, Liu M, *et al.* Microbial community and functional diversity associated with different aggregate fractions of a paddy soil fertilized with organic manure and/or NPK fertilizer for 20 years[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2015, 15(2): 292–301.
- [10] 刘佳, 陈晓芬, 刘明, 等. 长期施肥对旱地红壤细菌群落的影响[J]. *土壤学报*, 2020, 57(2): 468–478.
- Liu J, Chen X F, Liu M, *et al.* Effects of long-term fertilization on bacterial community in upland red soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(2): 468–478.
- [11] Ran W, Wang B, Xun W, *et al.* Significant alteration of soil bacterial communities and organic carbon decomposition by different long-term fertilization management conditions of extremely low-productivity arable soil in South China[J]. *Environmental Microbiology*, 2016, 18(6): 1907–1917.
- [12] Zeng J, Liu X, Song L, *et al.* Nitrogen fertilization directly affects soil bacterial diversity and indirectly affects bacterial community composition[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2016, 92: 41–49.
- [13] Zhu J, Peng H, Ji X H, *et al.* Effects of reduced inorganic fertilization and rice straw recovery on soil enzyme activities and bacterial community in double-rice paddy soils[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2019, 94: 103116.
- [14] 夏昕, 石坤, 黄欠如, 等. 长期不同施肥条件下红壤性水稻土微生物群落结构的变化[J]. *土壤学报*, 2015, 52(3): 697–705.
- Xia X, Shi K, Huang Q R, *et al.* The changes of microbial community structure in red paddy soil under long-term fertilization[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2015, 52(3): 697–705.
- [15] 杨旭, 黄艳艳, 刘海林, 等. 海南省畜禽养殖环境承载力及有机肥替代化肥潜力分析[J]. *农业环境科学学报*, 2019, 38(11): 2609–2618.
- Yang X, Huang Y Y, Liu H L, *et al.* Potential for the environmental carrying capacity of livestock and poultry breeding to substitute organic fertilizers in Hainan Province, China[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2019, 38(11): 2609–2618.
- [16] 史登林, 王小利, 刘安凯, 等. 黄壤稻田土壤微生物量碳氮及水稻品质对生物炭配施氮肥的响应[J]. *环境科学*, 2021, 42(1): 443–449.
- Shi D L, Wang X L, Liu A K, *et al.* Response of microbial biomass carbon and nitrogen and rice quality in yellow soil paddy field to biochar combined with nitrogen fertilizer[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(1): 443–449.
- [17] 朱琳, 曾椿淋, 高凤, 等. 水稻秸秆堆肥发酵粗制肥料中微生物多样性研究[J]. *农业机械学报*, 2018, 49(7): 228–234.
- Zhu L, Zeng C L, Gao F, *et al.* Characteristic analysis of microbial diversity in crude fertilizer from compost of rice straw[J]. *Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery*, 2018, 49(7): 228–234.
- [18] 鲁如坤. 土壤农化分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- Lu R K. Methods of soil and agricultural chemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
- [19] 周礼恺, 张志明. 土壤酶活性的测定方法[J]. *土壤通报*, 1980, (5): 37–38.
- Zhou L K, Zhang Z M. Soil enzyme activity determination method[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 1980, (5): 37–38.
- [20] 吴萍萍, 刘金剑, 周毅, 等. 长期不同施肥制度对红壤稻田肥料利用率的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2008, 14(2): 277–283.
- Wu P P, Liu J J, Zhou Y, *et al.* Effects of different long term fertilizing systems on fertilizer use efficiency in red paddy soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2008, 14(2): 277–283.
- [21] 孙瑞莲, 赵秉强, 朱鲁生, 等. 长期定位施肥对土壤酶活性的影响及其调控土壤肥力的作用[J]. *植物营养与肥料学报*, 2003, 9(4): 406–410.
- Sun R L, Zhao B Q, Zhu L S, *et al.* Effects of long-term fertilization on soil enzyme activities and its role in adjusting-controlling soil fertility[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2003, 9(4): 406–410.
- [22] 梁路, 马臣, 张然, 等. 有机无机肥配施提高旱地麦田土壤养分有效性及酶活性[J]. *植物营养与肥料学报*, 2019, 25(4): 544–554.
- Liang L, Ma C, Zhang R, *et al.* Improvement of soil nutrient availability and enzyme activities in rainfed wheat field by combined application of organic and inorganic fertilizers[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2019, 25(4): 544–554.
- [23] 宇万太, 姜子绍, 马强, 等. 施用有机肥对土壤肥力的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2009, 15(5): 1057–1064.
- Yu W T, Jiang Z S, Ma Q, *et al.* Effects of application of manure on soil fertility[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2009, 15(5): 1057–1064.
- [24] Kandeler E, Luxhøi J, Tschierko D, *et al.* Xylanase, invertase and protease at the soil-litter interface of a loamy sand[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1999, 31(8): 1171–1179.
- [25] 刘苹, 赵海军, 仲子文, 等. 三种根系分泌脂肪酸对花生生长和土壤酶活性的影响[J]. *生态学报*, 2013, 33(11): 3332–3339.
- Liu P, Zhao H J, Zhong Z W, *et al.* The effects of three root exudated fatty acids on peanut (*Arachis hypogaea* L.) growth and soil enzymes activities[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, 33(11): 3332–3339.
- [26] 柳开楼, 韩天富, 胡惠文, 等. 红壤旱地玉米开花期土壤酶活性对长期施肥的响应[J]. *植物营养与肥料学报*, 2018, 24(6): 1610–1618.
- Liu K L, Han T F, Hu H W, *et al.* Response of soil enzyme activity in flowering stages of maize to long-term fertilization in red soil[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, 24(6): 1610–1618.

- [27] 刘骅, 林英华, 张云舒, 等. 长期施肥对灰漠土生物群落和酶活性的影响[J]. *生态学报*, 2008, 28(8): 3898–3904.
Liu H, Lin Y H, Zhang Y S, *et al.* Effects of long-term fertilization on biodiversity and enzyme activity in grey desert soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2008, 28(8): 3898–3904.
- [28] 李晨华, 贾仲君, 唐立松, 等. 不同施肥模式对绿洲农田土壤微生物群落丰度与酶活性的影响[J]. *土壤学报*, 2012, 49(3): 567–574.
Li C H, Jia Z J, Tang L S, *et al.* Effect of model of fertilization on microbial abundance and enzyme activity in oasis farmland soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2012, 49(3): 567–574.
- [29] 王晓洁, 卑其成, 刘钢, 等. 不同类型水稻土微生物群落结构特征及其影响因素[J]. *土壤学报*, [2019-11-22], <http://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1119.P.20191122.0954.004.html>.
Wang X J, Bei Q C, Liu G, *et al.* Microbial abundance and community composition in different types of paddy soils in China and their affecting factors[J/OL]. *Acta Pedologica Sinica*, [2020-10-19], <http://kns.cnki.net/kcms/detail/32.1119.P.20191122.0954.004.html>.
- [30] 袁红朝, 秦红灵, 刘守龙, 等. 长期施肥对红壤性水稻土细菌群落结构和数量的影响[J]. *中国农业科学*, 2011, 44(22): 4610–4617.
Yuan H Z, Qin H L, Liu S L, *et al.* Response of abundance and composition of the bacterial community to long-term fertilization in paddy soils[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(22): 4610–4617.
- [31] 陈孟立, 曾全超, 黄懿梅, 等. 黄土丘陵区退耕还林还草对土壤细菌群落结构的影响[J]. *环境科学*, 2018, 39(4): 1824–1832.
Chen M L, Zeng Q C, Huang Y M, *et al.* Effects of the farmland-to-forest/grassland conversion program on the soil bacterial community in the Loess Hilly Region[J]. *Environmental Science*, 2018, 39(4): 1824–1832.
- [32] 理鹏, 吴建强, 沙晨燕, 等. 粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响[J]. *环境科学*, 2020, 41(9): 4262–4272.
Li P, Wu J Q, Sha C Y, *et al.* Effects of manure and organic fertilizer application on soil microbial community diversity in paddy fields[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(9): 4262–4272.
- [33] Lesaulnier C, Papamichail D, McCorkle S, *et al.* Elevated atmospheric CO₂ affects soil microbial diversity associated with trembling aspen[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10(4): 926–941.
- [34] Chaudhry V, Rehman A, Mishra A, *et al.* Changes in bacterial community structure of agricultural land due to long-term organic and chemical amendments[J]. *Microbial Ecology*, 2012, 64(2): 450–460.
- [35] 吴宪, 王蕊, 胡荷, 等. 潮土细菌及真菌群落对化肥减量配施有机肥和秸秆的响应[J]. *环境科学*, 2020, 41(10): 4669–4681.
Wu X, Wang R, Hu H, *et al.* Response of bacterial and fungal communities to chemical fertilizer reduction combined with organic fertilizer and straw in fluvo-aquic soil[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(10): 4669–4681.
- [36] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 2016, 32(2): 14–20.
Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of acidobacteria ecology in soils[J]. *Biotechnology Bulletin*, 2016, 32(2): 14–20.
- [37] Podosokorskaya O A, Bonch-Osmolovskaya E A, Novikov A A, *et al.* *Ornatilinea apprima* gen. nov., sp. nov., a cellulolytic representative of the class *Anaerolineae*[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2013, 63(Pt1): 86–92.
- [38] 荣勤雷. 有机肥/秸秆替代化肥模式对设施菜田土壤团聚体微生物特性的影响[D]. 北京: 中国农业科学院博士学位论文, 2018.
Rong Q L. Effects of partial substitution of chemical fertilizer with organic amendments on microbial characteristics of soil aggregates in greenhouse vegetable production[D]. Beijing: PhD Dissertation of Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2018.
- [39] 王欣. 模拟动物采食对草地土壤微生物群落特征的作用及其机制[D]. 长春: 东北师范大学硕士学位论文, 2016.
Wang X. Effect and mechanism of simulated herbivore foraging on soil microbial community in Grassland[D]. Changchun: MS Thesis of Northeast Normal University, 2016.
- [40] 王霞. 长期施肥对红壤性水稻土细菌多样性的影响[D]. 武汉: 华中农业大学硕士学位论文, 2009.
Wang X. Effect of long-term fertilization on bacterial diversity in a red paddy soil[D]. Wuhan: MS Thesis of Huazhong Agricultural University, 2009.
- [41] Chen C, Zhang J, Lu M, *et al.* Microbial communities of an arable soil treated for 8 years with organic and inorganic fertilizers[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2016, 52(4): 455–467.
- [42] Lin Y X, Ye G P, Yakov K, *et al.* Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2019, 134: 187–196.
- [43] 王小玲, 马琨, 伏云珍, 等. 免耕覆盖及有机肥施用对土壤真菌群落组成及多样性的影响[J]. *应用生态学报*, 2020, 31(3): 890–898.
Wang X L, Ma K, Fu Y Z, *et al.* Effects of no-tillage, mulching, and organic fertilization on soil fungal community composition and diversity[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, 31(3): 890–898.
- [44] Deborah A N, Thomas R W, Scott T B, *et al.* Changes in bacterial and fungal communities across compost recipes, preparation methods, and composting times[J]. *PLoS ONE*, 2013, 8(11): e79512.
- [45] 丁建莉, 姜昕, 马鸣超, 等. 长期有机无机肥配施对东北黑土真菌群落结构的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 2017, 23(4): 914–923.
Ding J L, Jiang X, Ma M C, *et al.* Structure of soil fungal communities under long-term inorganic and organic fertilization in black soil of Northeast China[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2017, 23(4): 914–923.
- [46] 刘玉槐, 魏晓梦, 魏亮, 等. 水稻根际和非根际土磷酸酶活性对碳、磷添加的响应[J]. *中国农业科学*, 2018, 51(9): 1653–1663.
Liu Y H, Wei X M, Wei L, *et al.* Responses of extracellular enzymes to carbon and phosphorus additions in rice rhizosphere and bulk soil[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51(9): 1653–1663.
- [47] 季凌飞, 倪康, 马立锋, 等. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(22): 8158–8166.
Ji L F, Ni K, Ma L F, *et al.* Effect of different fertilizer regimes on the fungal community of acidic tea-garden soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(22): 8158–8166.