

DOI:10.11766/trxb202308200332

徐祎萌, 章磊, 白美霞, 周燕, 秦华, 徐秋芳, 陈俊辉. 有机物料单施及与生物质炭配施对红壤微生物群落组成的影响 [J]. 土壤学报, 2024.

XU Yimeng, ZHANG Lei, BAI Meixia, ZHOU Yan, QIN Hua, XU Qiufang, CHEN Junhui. Effects of Single Application of Organic Amendments and Their Combination with Biochar on Microbial Community Composition in a Red Soil [J]. Acta Pedologica Sinica, 2024.

有机物料单施及与生物质炭配施对红壤微生物群落组成的影响*

徐祎萌, 章磊, 白美霞, 周燕, 秦华, 徐秋芳, 陈俊辉[†]

(浙江农林大学环境与资源学院, 碳中和学院, 杭州 311300)

摘要: 为明确有机物料不同还田方式对土壤微生物群落特征的影响, 依托 2 年的旱地红壤改良田间试验, 利用定量 PCR 和高通量测序技术分析玉米秸秆、羊粪单施以及与生物质炭配施下土壤微生物群落丰度和结构的变化。结果表明: (1) 与对照 (不施任何物料) 相比, 单施羊粪显著提高了土壤养分含量和 pH, 而单施秸秆对土壤 pH 和养分无显著影响。与单施秸秆和羊粪相比, 生物质炭配施秸秆和羊粪处理土壤有机碳含量分别显著提高了 133.5%、81.47%。(2) 单施羊粪处理细菌和真菌丰度分别显著提高了 448.7%、1 709%, 且与生物质炭配施处理细菌丰度进一步提高了 35.34%; 而单施秸秆仅提高了真菌丰度。单施秸秆及其与生物质炭配施显著降低了细菌多样性和丰富度, 而对真菌多样性无显著影响。(3) 秸秆、羊粪单施及与生物质炭配施均显著改变了细菌和真菌群落结构, 且存在显著的交互效应。功能预测分析表明, 生物质炭与有机物料配施降低了碳水化合物代谢和潜在植物病原菌丰度。有效磷、pH、全氮和速效钾是影响土壤微生物群落丰度和结构的主要因素。综上, 羊粪与生物质炭联合施用可有效提升旱地红壤肥力, 提高土壤微生物丰度, 降低潜在病原菌数量, 因而可作为改善旱地红壤肥力和维护土壤健康的有效措施。

关键词: 秸秆还田; 生物质炭; 旱地红壤; 高通量测序; 微生物组成

中图分类号: S154 文献标志码: A

Effects of Single Application of Organic Amendments and Their Combination with Biochar on Microbial Community Composition in a Red Soil

XU Yimeng, ZHANG Lei, BAI Meixia, ZHOU Yan, QIN Hua, XU Qiufang, CHEN Junhui[†]

(College of Environment and Resources, College of Carbon Neutrality, Zhejiang A & F University, Hangzhou 311300, China)

Abstract: 【Objective】 This study aimed to clarify the effects of different return methods of organic matter on the characteristics of soil microbial communities. 【Method】 The changes of soil microbial community abundance and structure under single application of maize straw, sheep manure and combined application with biochar were analyzed by quantitative PCR and high-throughput sequencing based on two years of field experiments in dry cropland red soil. 【Result】 The results showed that: (1) Compared with the control (no material), the soil pH and nutrient content of sheep manure alone increased significantly, while the single application of straw had no significant effect on them. Compared with straw and sheep manure alone, soil organic carbon content under the

* 浙江省“尖兵”“领雁”研发攻关计划项目 (2023C02005) 资助 Supported by the “Pioneer” and “Leading Goose” R&D Program of Zhejiang Province, China (No.2023C02005)

[†] 通讯作者 Corresponding author, E-mail: junhui@zafu.edu.cn

作者简介: 徐祎萌 (1999—), 女, 浙江省安吉人, 硕士研究生。E-mail: xuyimz@stu.zafu.edu.cn

收稿日期: 2023-08-20; 收到修改稿日期: 2024-01-08; 网络首发日期 (www.cnki.net):

treatment of biochar co-application with straw or sheep manure was significantly increased by 133.5% and 81.47%, respectively. (2) The abundance of bacteria and fungi under the treatment of sheep manure treatment significantly increased by 448.7% and 1 709%, respectively, and the abundance of bacteria under the treatment with biochar was further increased by 35.34%. Straw alone only increased fungal abundance. Single straw application and its combination with biochar significantly reduced bacterial diversity and richness but had no significant effect on fungal diversity. (3) Straw, sheep manure and biochar alone changed the structure of bacterial and fungal communities, and there were significant interaction effects. Functional predictive analysis showed that the combination of biochar and organic materials reduced carbohydrate metabolism and the abundance of potential plant pathogens. Available phosphorus, pH, total nitrogen and available potassium were the main factors affecting the abundance and structure of soil microbial communities. 【Conclusion】 In summary, the combined application of sheep manure and biochar can effectively improve the fertility of dryland red soil, increase the abundance of soil microorganisms, and reduce the number of potential pathogens. Thus, the combined application of sheep manure and biochar can be used as an effective measure to improve the fertility of dryland red soil and maintain soil health.

Key words: Straw returning; Biochar; Dryland red soil; High-throughput sequencing; Microbial community composition

红壤是我国重要的农业资源,面积约 218 万 km²,占全国土地总面积的 22.7%,其中旱地农田占红壤耕地总面积的 40%^[1]。然而,旱地红壤酸化形势严峻、有机质含量低、氮磷养分贫瘠,严重制约土壤生物功能和生态系统生产力^[2-3]。建立旱地红壤固碳培肥协同提升技术对促进红壤生物多样性和耕地地力水平、保障健康红壤生态系统和粮食安全具有重要意义。作物秸秆和畜禽粪便等有机物料还田是实现农业废弃物养分循环的主要途径之一。作物秸秆、畜禽粪便含丰富的碳源和矿质营养元素,一方面可减少化肥投入,另一方面对提高土壤养分、改善水热条件和促进作物产量与品质提升具有重要作用^[4-6]。然而,短期内秸秆和畜禽粪便直接还田提升土壤有机质的潜力有限,且易引起土壤病原菌滋生,并促进温室气体排放。因此,亟需探索适宜的配施改良剂来改善土壤微生物区系和功能,以更好地促进红壤固碳培肥和作物健康。

将作物秸秆热解成生物质炭并施加到土壤是增进土壤碳固持的有效途径之一^[7]。生物质炭通常具有较高的 pH、极大的比表面积、丰富的惰性碳组分和孔隙结构,可显著降低土壤酸度、改善土壤结构和提高养分固持能力^[8]。鉴于生物质炭的特殊结构和化学性质,其作为一种物料配施剂或土壤增效剂也日益受到广泛关注。研究表明,相比化肥和有机物料单施,其与生物质炭配施可减少养分淋失,增加肥料利用率^[9],另一方面可抑制有机碳分解酶的活性和微生物碳源代谢能力,从而提高土壤稳定性碳库,减少土壤碳排放^[5,10-11]。因此,生物质炭与有机肥配施可克服各自的弊端,更全面地提升土壤碳库储量和养分含量。

细菌和真菌群落是土壤生态系统的重要组成部分,在调控土壤养分循环、促进植物健康等方面发挥着关键作用^[12],其群落丰度和多样性变化一定程度上反映土壤功能稳定性和健康状况。关于施用有机物料对微生物多样性的影响已有大量研究,秸秆、畜禽粪便等有机物料施用总体上可增加碳源供应,提高微生物活性和微生物群落多样性^[13-14],但其对细菌和真菌群落的影响存在显著的分异^[15]。研究^[16]表明,畜禽粪便施用能提高土壤微生物多样性,有利于某些异养型细菌的生长繁殖,并且在一定程度上抑制潜在病原性真菌的生长。也有研究表明,与秸秆直接还田相比,秸秆炭化还田能促进细菌和真菌群落显著分异,增加土壤微生物群落多样性,改善微生物的群落结构及生态功能^[17]。然而,生物质炭与有机物料配施对旱地红壤微生物群落组成、丰度和功能的影响尚缺乏系统研究。

本研究旨在探究有机物料与生物质炭配施对旱地红壤化学性质和微生物群落特征变化的影响。假设:(1)有机物料与生物质炭配施相比有机物料单施可进一步提高土壤 pH 和有机碳含

量；(2) 由于细菌和真菌生存策略的差异，在有机物料施用条件下，细菌和真菌群落的多样性和组成可不同程度响应生物质炭配施处理；(3) 有机物料与生物质炭配施可能主要通过养分有效性调控细菌和真菌的群落结构和功能。为了验证上述假设，本研究设置粉砂岩母质发育形成的旱地红壤田间试验，通过定量 PCR 和高通量测序技术比较有机物料（玉米秸秆和羊粪）单施及其与生物质炭配施对土壤肥力、微生物群落结构和功能的影响，探究驱动土壤微生物群落变化的关键环境因子，旨在为提高旱地红壤生态系统多功能性和保障土壤健康发展提供科学依据。

1 材料与amp;方法

1.1 试验区概况

试验地位于浙江省杭州市临安区锦北街道（30°15' N, 119°43' E）。研究区属亚热带季风气候，年均降水量 1 420 mm，年均气温 15.9℃。试验地土壤类型为粉砂岩母质发育形成的红壤，土壤基础性质为：pH 4.74，有机碳 4.55 g·kg⁻¹，全氮 0.45 g·kg⁻¹，有效磷 1.58 mg·kg⁻¹，速效钾 89.00 mg·kg⁻¹，碱解氮 63.10 mg·kg⁻¹。土壤机械组成为：砂粒 104.0 g·kg⁻¹，粉粒 435.0 g·kg⁻¹ 和黏粒 461.0 g·kg⁻¹。

1.2 试验设计

试验设置有机物料（OA）和生物质炭（B）双因子，共 6 个处理：对照（CK，不施有机物料，又分为施用和不施用生物质炭两个处理）、单施玉米秸秆（S）、单施羊粪（M），以及分别与生物质炭配施处理（记为+B，前 3 者无生物质炭处理记为-B）。本研究玉米秸秆采用全量还田，还田量为 10.2 t·hm⁻²（即碳 3.6 t·hm⁻²）。羊粪和生物质炭的用量与玉米秸秆处理保持等碳量输入，其中羊粪用量为 33.5 t·hm⁻²，生物质炭添加量为 8.5 t·hm⁻²。各处理按随机区组设计，每个处理设置 3 个重复，小区面积为 6.6 m²。田间试验始于 2017 年 4 月，每年 4 月根据用量将玉米秸秆、羊粪、生物质炭撒施至各小区，并与 0~15 cm 土壤充分混匀。本试验中，玉米秸秆于自然风干后切碎至 1 cm 左右备用。生物质炭由玉米秸秆在特制炭化炉 450~500℃厌氧热解 2 h 制备而成，并过 2 mm 筛。玉米秸秆全碳占 352.6 g·kg⁻¹，全氮 9.2 g·kg⁻¹，碳氮比 38.32。羊粪含水量为 0.63 g·g⁻¹，pH 8.2，全碳 294.3 g·kg⁻¹，全氮 21.7 g·kg⁻¹，全磷 10.6 g·kg⁻¹，全钾 11.2 g·kg⁻¹。生物质炭性质为 pH 9.3，全碳 424.2 g·kg⁻¹，全氮 10.16 g·kg⁻¹，全磷 1.6 g·kg⁻¹，全钾 2.6 g·kg⁻¹，碳氮比为 41.74。试验期间每年种植一季玉米，期间不施化肥，以避免化肥施用可能对有机物料与生物质炭的相互作用产生干扰。

1.3 样品采集与处理

经过连续 2 年物料处理后，于 2018 年 12 月采集各小区土壤样品。按照五点法使用土钻采集 0~15 cm 表层土壤，充分混匀形成一个混合样，低温带回实验室。土壤样品剔除根系、植物残体和石砾等杂物后过 2 mm 筛混匀，分成三份，一份存储于 4℃冰箱用于土壤微生物生物量等指标测定，一份风干后用于测定化学性质，剩余土壤冷冻干燥后保存于-70℃。

1.4 土壤化学性质测定

参考鲁如坤^[18]的方法测定土壤 pH、有机质、全氮、铵态氮、硝态氮、有效磷以及速效钾。土壤 pH 按水土比 1:2.5 测定；采用重铬酸钾外加热法测定土壤有机质含量；凯氏定氮法测定土壤全氮含量；土壤经 NH₄OAc 浸提后采用火焰光度法测定速效钾含量；用 NH₄F-HCl 浸提比色法测定有效磷含量；采用全自动间断元素分析仪（CleverChem 380，德国）测定铵态氮和硝态氮含量。

1.5 高通量测序分析

土壤 DNA 采用 MoBio PowerSoil™ DNA 提取试剂盒（MoBio Laboratories, CA, 美国）按操作说明提取。采用 ABI GeneAmp® 9700 型 PCR 仪以 338F 和 806R 为引物对细菌 16S rRNA 序列进行扩增，以 ITS1F 和 ITS2R 为引物扩增真菌 ITS 序列。将纯化后的扩增子进行高通量测

序 (Illumina Miseq 平台, Illumina Corporation, San Diego, 美国)。测序得到的 PE reads 根据 overlap 关系进行拼接、质控和过滤, 获得优化序列。将优化序列按 USEARCH7-uparse 方法根据大于 97% 的序列相似度进行操作分类单元 (OTU) 划分。在进行数据分析之前进行样本序列抽平, 保证数据分析的准确性。序列分析使用 QIIME (Version 1.7.0) 软件进行多样性分析。

1.6 荧光定量 PCR 分析

荧光定量 PCR 分析采用引物 338F/518R^[19]和 NS1F/FungR^[20]分别对细菌 16S rRNA 和真菌 18S rRNA 基因丰度进行扩增。反应体系设置如下: 土壤 DNA 模板 1 μL , 2 \times SYBR Premix Ex Taq 反应液 10 μL , 上、下游引物 (10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$) 各 1 μL , 无菌水 7 μL 。反应在 CFX96 TouchTM 荧光定量 PCR 检测系统上进行, 扩增程序如下: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ (细菌) 或 57 $^{\circ}\text{C}$ (真菌) 退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s, 35 个循环后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。熔解曲线条件: 以 0.5 $^{\circ}\text{C}\cdot\text{s}^{-1}$ 温度递增速率从 65 $^{\circ}\text{C}$ 增至 95 $^{\circ}\text{C}$ 。所有反应均设置 3 个重复, 以无菌 dd H₂O 作为阴性对照, 每轮反应结束后将样品与标准曲线的 Ct 值进行比较, 确定目标基因的初始拷贝数。

1.7 数据处理

有机物料 (OA) 与生物质炭 (B) 处理及两者互作效应采用双因素方差分析 (Two-way ANOVA) 检验, 采用单因素方差分析 (One-way ANOVA) 邓肯 (Duncan) 多重比较法比较不同处理间的显著性 (显著性水平设置为 $P=0.05$)。微生物多样性指数与环境因子相关性采用皮尔森 (Pearson) 双尾检验。土壤微生物群落结构差异采用 Bray-Curtis 距离的非度量多维尺度分析 (NMDS) 进行表征, 置换多元方差分析 (PERMANOVA) 检验差异显著性。运用 PICRUST 2 (2.2.0) 和 FUNGuild (1.0) 软件对微生物群落结构功能进行预测分析。

2 结果

2.1 土壤化学性质变化

相比对照 (CK), 羊粪单施显著 ($P<0.05$) 提高了土壤 pH、有机碳、全氮、硝态氮、有效磷和速效钾含量, 而单施秸秆对其无影响 (表 1)。相比单施有机物料处理, 生物质炭与秸秆和羊粪配施处理有机碳含量分别显著提高了 133.5%、81.47%, 且均显著提高了 C/N, 但生物质炭配施羊粪显著降低了土壤硝态氮含量。双因素方差分析结果显示, 有机物料 (OA) 和生物质炭 (B) 对土壤 pH、有机碳、全氮、有效磷和速效钾含量均有显著影响; 而生物质炭仅对 C/N 呈极显著影响 ($P<0.001$), 有机物料仅对全氮和硝态氮呈显著影响, 但两者无显著交互作用 (表 1)。

表 1 不同处理的土壤化学性质
Table 1 Soil chemistry properties of different treatments

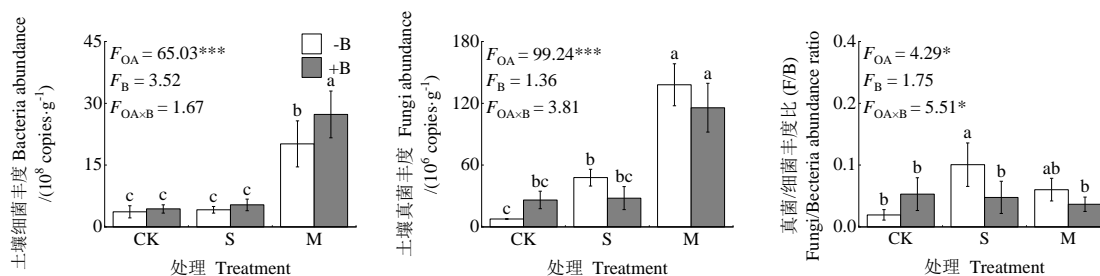
处理 Treatment		pH	SOC ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	TN ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	$\text{NH}_4^+\text{-N}$ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	$\text{NO}_3^-\text{-N}$ ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	AP ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	AK ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	C/N
-B	CK	4.94 \pm 0.22c	4.54 \pm 0.17d	0.62 \pm 0.06c	5.76 \pm 1.23ab	2.77 \pm 0.46b	2.95 \pm 0.79c	100.4 \pm 32.71c	7.39 \pm 0.88b
	S	5.16 \pm 0.27bc	5.15 \pm 0.84d	0.73 \pm 0.07bc	5.60 \pm 2.61ab	2.55 \pm 0.32b	4.08 \pm 1.11bc	108.4 \pm 33.18c	6.98 \pm 0.49b
	M	5.54 \pm 0.08ab	7.23 \pm 0.84c	0.99 \pm 0.23a	8.85 \pm 1.73a	4.44 \pm 1.87a	8.89 \pm 1.61a	219.7 \pm 40.56ab	7.55 \pm 1.72b
+B	CK	5.26 \pm 0.27bc	11.02 \pm 0.85b	0.72 \pm 0.04bc	5.20 \pm 1.09b	2.43 \pm 0.32b	4.30 \pm 0.76bc	166.7 \pm 27.42b	15.27 \pm 1.34a
	S	5.29 \pm 0.20bc	12.02 \pm 1.27ab	0.87 \pm 0.11ab	8.54 \pm 1.65ab	2.03 \pm 0.04b	5.69 \pm 1.95b	193.6 \pm 13.86b	13.90 \pm 1.12a
	M	5.80 \pm 0.14a	13.13 \pm 0.77a	0.92 \pm 0.07ab	6.66 \pm 1.99ab	2.83 \pm 0.58b	10.10 \pm 0.21a	251.2 \pm 13.40a	14.33 \pm 2.02a
	OA	12.56**	12.28**	9.20**	2.57	4.23*	38.76***	21.64***	0.65
	B	5.79*	254.4***	1.13	0.01	4.30	5.93*	20.31**	126.3***
	OA \times B	0.28	0.50	1.30	3.22	0.98	0.04	1.35	0.30

注: SOC: 土壤有机碳; TN: 全氮; $\text{NH}_4^+\text{-N}$: 铵态氮; $\text{NO}_3^-\text{-N}$: 硝态氮; AP: 有效磷; AK: 速效钾; C/N: 碳氮比; -B: 不添加生物质炭处理; +B: 添加生物质炭处理; CK: 对照; S: 秸秆; M: 羊粪; OA: 有机物料因子; B: 生物质炭因子; OA \times B: 有机物料与生物质炭的交互效应。表中数值为平均值 \pm 标准偏差。同列不同小写字母表示显著性差异 ($P<0.05$), *表示 $P<0.05$, **表示 $P<0.01$, ***表示 $P<0.001$ 。下同。Note: SOC: soil organic carbon; TN: total nitrogen; $\text{NH}_4^+\text{-N}$: ammonium nitrogen; $\text{NO}_3^-\text{-N}$: nitrate nitrogen; AP: available phosphorus; AK: available potassium; C/N:

C/N ratio;-B: without biochar addition; +B: with biochar addition; CK: control; S: straw; M: manure; OA: organic matter factor; B: biochar factor; OA×B: organic matter and biochar interaction. The value in the table is average ± standard deviation. Different lowercase letters in the same column mean significant difference at 0.05 level. * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$. The same as below.

2.2 土壤微生物群落丰度和多样性变化

与对照相比，单施羊粪处理细菌、真菌丰度分别显著提高了 448.9%、1 709% (图 1)；单施秸秆显著 ($P < 0.05$) 增加了真菌丰度和真菌细菌比值 (F/B)，但对细菌丰度无显著影响。相比单施羊粪，羊粪与生物质炭配施显著提高了细菌的丰度，提高幅度为 35.34%。相比单施秸秆，其与生物质炭配施显著降低了 F/B。双因素方差分析表明，有机物料对土壤细菌和真菌丰度、F/B 均有显著 ($P < 0.05$) 影响；有机物料和生物质炭对 F/B 有显著交互效应 (图 1)。



注: F_{OA} : 有机物料因子的 F 值; F_B : 生物质炭因子的 F 值; $F_{OA \times B}$: 有机物料和生物质炭交互效应的 F 值。不同字母表示不同处理间存在显著差异 ($P < 0.05$), *表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$, ***表示 $P < 0.001$ 。下同。Note: F_{OA} : F value of organic matter factor; F_B : F value of biochar factor; $F_{OA \times B}$: F value of organic matter and biochar interaction. Different letters indicate significant differences between different treatments ($P < 0.05$), * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$. The same as below.

图 1 不同处理土壤细菌、真菌丰度及比值

Fig.1 Soil bacteria, fungi abundance and ratio under different treatments

相比对照，单施秸秆或生物质炭显著 ($P < 0.05$) 降低了细菌群落丰富度指数、Chao1 和香农指数；有机物料单施或与生物质炭配施对真菌群落多样性指数均无显著影响 (表 2)。双因素方差分析表明，有机物料对细菌多样性指数均有显著 ($P < 0.05$) 影响，且有机物料和生物质炭之间有显著的交互作用；而生物质炭仅对细菌群落香农指数有显著影响 (表 2)。

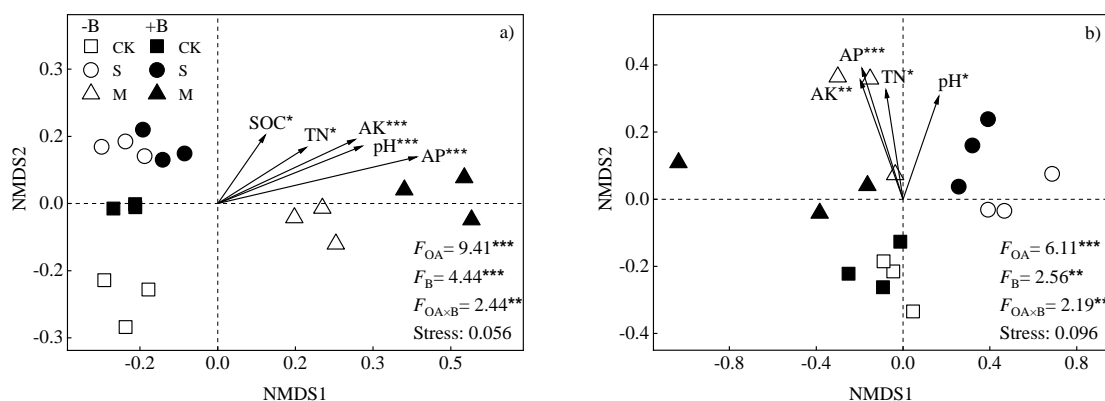
表 2 不同处理下土壤微生物 α 多样性指数

Table 2 The α diversity index of soil microorganisms under different treatments

处理 Treatment	细菌 Bacteria			真菌 Fungi			
	丰富度指数 Richness index	Chao1 指数 Chao1 index	香农指数 Shannon index	丰富度指数 Richness index	Chao1 指数 Chao1 index	香农指数 Shannon index	
-B	CK	3 142±114.7a	4 089±197.2a	10.00±0.08a	746.0±64.65a	815.2±65.03a	6.41±0.08a
	S	2 697±214.1b	3 619±294.0b	9.57±0.18b	765.7±247.5a	889.9±263.7a	5.70±0.37ab
	M	3 212±20.31a	4 237±114.5a	10.02±0.02a	684.7±35.02a	792.4±30.05a	5.44±0.45ab
+B	CK	2 764±100.8b	3 655±129.4b	9.61±0.05b	711.7±48.60a	786.5±82.29a	6.05±0.21ab
	S	2 754±19.31b	3 733±37.20b	9.59±0.06b	676.3±29.50a	794.9±26.68a	5.75±0.23ab
	M	3 208±49.22a	4 286±127.4a	9.97±0.06a	662.3±71.02a	796.7±32.84a	5.32±1.17b
OA	29.32***	18.59***	32.60***	0.43	0.29	3.62	
B	4.35	1.29	10.97**	0.85	0.51	0.31	
OA×B	6.90*	4.65*	8.66**	0.15	0.28	0.20	

2.3 土壤微生物群落组成差异

非度量多维尺度 (NMDS) 分析表明，不同有机物料处理的细菌和真菌群落结构图谱存在明显区别，单施羊粪及其与生物质炭配施 (图 2a) 样品沿 X 轴方向分离，而不同处理下真菌群落结构差异不如细菌明显 (图 2b)。置换多元方差分析 (PERMANOVA) 表明，有机物料和生物质炭均极显著 ($P < 0.01$) 改变了土壤细菌和真菌群落组成，且二者存在显著的交互作用。土壤 pH、有机碳 (SOC)、全氮 (TN)、速效钾 (AK) 和有效磷 (AP) 含量是影响土壤细菌和真菌群落的重要因素。



注 Note: Stress: 肋强系数。

图 2 不同处理下土壤细菌 (a) 和真菌 (b) 群落非度量多维尺度 (NMDS) 分析

Fig.2 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) analysis of soil bacterial (a) and fungal (b) communities under different treatments

本研究中细菌优势菌门主要为变形菌门 (Proteobacteria, 22.44%)、酸杆菌门 (Acidobacteriota, 18.89%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 20.63%)、放线菌门 (Actinobacteriota, 17.68%), 占样本细菌群落组成的 85% 以上; 而真菌主要门类包括子囊菌门 (Ascomycota, 73.22%)、担子菌门 (Basidiomycota, 15.90%)、被孢菌门 (Mortierellomycota, 5.40%) (图 3)。与对照相比, 单施秸秆显著 ($P < 0.05$) 增加了变形菌门、罗兹菌门 (Rozellomycota) 的相对丰度, 单施羊粪显著增加了厚壁菌门 (Firmicutes) 的相对丰度, 两者均显著增加了黏球菌门 (Myxococcota) 的相对丰度, 但降低了绿弯菌门的相对丰度; 而单施生物质炭显著提高变形菌门的相对丰度, 显著降低了绿弯菌门的相对丰度。与单施秸秆相比, 秸秆与生物质炭配施显著降低了罗兹菌门的丰度。与单施羊粪相比, 生物质炭与羊粪配施显著提高变形菌门、黏球菌门的相对丰度。双因素方差分析表明生物质炭、有机物料分别显著 ($P < 0.05$) 影响厚壁菌门、罗兹菌门的相对丰度; 两者均极显著 ($P < 0.01$) 影响了变形菌门、绿弯菌门、黏细菌门的相对丰度, 对罗兹菌门的相对丰度有极显著的交互作用 (图 3)。

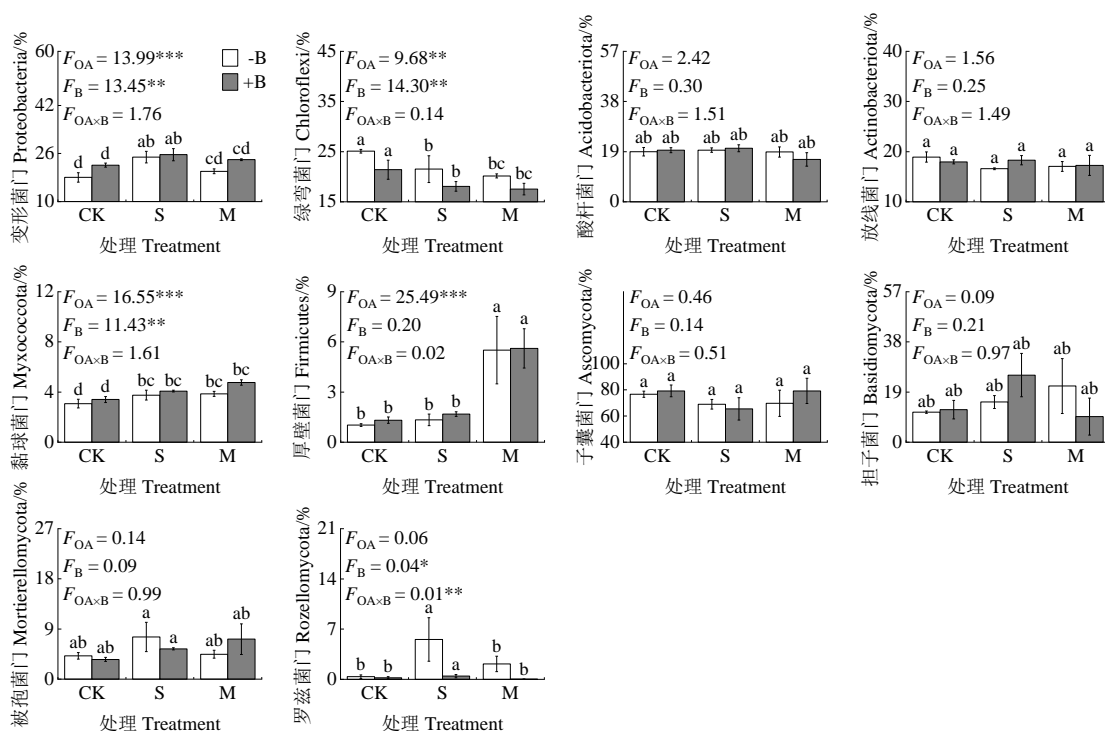


图 3 不同处理下土壤微生物在门水平上优势群落的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of dominant communities of soil microorganisms at the phylum level under different treatments

与对照相比, 单施秸秆、羊粪均显著 ($P<0.05$) 增加了 *Ellin6067* 的相对丰度, 显著降低了弯孢菌属(*Curvularia*)的相对丰度 (表 3)。而单施秸秆或生物质炭显著增加了慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、*Candidatus_Solibacter*、苔藓杆菌属(*Bryobacter*)、热酸菌属(*Acidothermus*)的相对丰度; 此外, 单施秸秆显著增加了 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*、被孢霉属(*Mortierella*)、裂壳属(*Schizothecium*)的相对丰度。单施羊粪显著增加了芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、*Haliangium* 的相对丰度却显著降低了康奈斯氏杆菌属(*Conexibacter*)、热酸菌属、*Acidomelania* 相对丰度。与单施秸秆或羊粪相比, 生物质炭与两者配施均显著降低了热酸菌属、镰刀菌属(*Fusarium*)、裂壳属的相对丰度, 却显著增加了 *Acidomelania* 的相对丰度; 生物质炭与羊粪配施却显著增加了 *Ellin6067*、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、毛壳属(*Chaetomium*)的相对丰度。双因素方差分析结果 (表 3) 表明, 有机物料显著影响了 *Candidatus_Solibacter*、苔藓杆菌属、康奈斯氏杆菌属、*Haliangium*、*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*、蓝状菌属 (*Talaromyces*)、裂壳属的相对丰度, 生物质炭显著影响了鞘氨醇单胞菌属的相对丰度, 两者均显著影响了慢生根瘤菌属、热酸菌属、*Ellin6067*、芽单胞菌属、毛壳属、镰刀菌属、弯孢菌属、*Acidomelania* 的相对丰度。有机物料和生物质炭对慢生根瘤菌属、*Candidatus_Solibacter*、热酸菌属、鞘氨醇单胞菌属、毛壳属、弯孢菌属、*Acidomelania* 的相对丰度有显著的交互作用。

表 3 不同处理下土壤微生物在属水平下主要群落的相对丰度

Table 3 Relative abundance of major communities of soil microorganisms at genus level under different treatments/%

处理 Treatment	慢生根瘤菌属 <i>Bradyrhizobium</i>	<i>Candidatus_S</i>	苔藓杆菌属 <i>Bryobacter</i>	热酸菌属 <i>Acidothermus</i>	康奈斯氏杆菌属 <i>Conexibacter</i>	<i>Ellin6067</i>	<i>Haliangium</i>
-B	CK	1.74±0.20d	1.87±0.31c	1.70±0.19c	2.14±0.14b	1.63±0.14a	0.72±0.13c
	S	3.36±0.39a	3.36±0.42a	2.26±0.25a	2.63±0.16a	1.56±0.19a	1.11±0.09b
	M	2.18±0.04cd	2.07±0.13bc	1.72±0.11c	1.56±0.18c	0.85±0.19b	1.21±0.11b
+B	CK	2.85±0.21ab	2.57±0.14b	2.12±0.11ab	1.89±0.16bc	1.43±0.10a	1.37±0.19b
	S	3.25±0.29ab	3.14±0.11a	2.23±0.15a	1.84±0.17bc	1.58±0.35a	1.29±0.05b
	M	2.66±0.37bc	1.81±0.20c	1.75±0.19bc	0.59±0.08d	0.56±0.16b	1.86±0.25a
	OA	15.70***	31.10***	8.80**	67.28***	22.58***	10.70**
	B	9.54**	0.24	2.03	59.76***	1.79	30.87***
	OA×B	4.77*	4.91*	1.95	6.08*	0.59	3.19
处理 Treatment	芽单胞菌属 <i>Gemmatimonas</i>	鞘氨醇单胞菌属 <i>Sphingomonas</i>	<i>Burkholderia-C-P</i>	<i>Saitozyma</i>	篮状菌属 <i>Talaromyces</i>	梨孢霉属 <i>Coniosporium</i>	毛壳属 <i>Chaetomium</i>
-B	CK	0.76±0.08d	1.12±0.10b	0.66±0.15b	7.49±0.39ab	9.29±1.23ab	6.73±0.36a
	S	0.87±0.10cd	1.12±0.17b	1.56±0.22a	10.36±2.69ab	3.64±0.68b	5.13±3.14a
	M	1.41±0.13a	0.95±0.06b	0.58±0.11b	8.04±3.28ab	9.63±4.33ab	4.50±0.67a
+B	CK	1.01±0.03cd	1.13±0.04b	0.79±0.08b	6.81±2.52ab	10.67±0.46a	9.76±1.04a
	S	1.17±0.16bc	1.19±0.16ab	1.92±0.34a	13.04±2.95a	5.50±0.48ab	9.09±6.32a
	M	1.92±0.24a	1.50±0.24a	0.61±0.08b	4.30±4.66b	10.31±4.80a	4.06±1.18a
	OA	36.09***	0.52	43.18***	3.8	5.28*	1.89
	B	19.20**	6.28*	2.54	0.11	0.69	1.63
	OA×B	0.99	4.29*	0.82	1.13	0.05	0.61
处理 Treatment	镰刀菌属 <i>Fusarium</i>	被孢霉属 <i>Mortierella</i>	裂壳属 <i>Schizothecium</i>	弯孢霉属 <i>Curvularia</i>	<i>Striaticonidium</i>	<i>Acidomelania</i>	
-B	CK	7.60±2.28a	3.79±0.71b	0.12±0.10c	6.46±1.17a	0.44±0.10a	
	S	5.33±0.62ab	7.51±2.62a	13.82±3.30a	1.20±0.26b	0.14±0.05a	
	M	5.82±0.60ab	4.39±0.76ab	0.83±0.14c	0.98±0.26b	10.74±14.60a	
+B	CK	6.04±1.57ab	3.14±0.31b	0.14±0.11c	2.26±1.21b	0.04±0.02a	
	S	2.09±0.78c	5.28±0.14ab	9.48±1.04b	1.15±0.25b	0.04±0.02a	

M	4.06±1.53bc	5.68±2.31ab	0.69±0.19c	1.76±0.79b	0.06±0.02a	0.43±0.24c
OA	5.19*	3.84	83.42***	21.00***	1.03	16.62***
B	7.57*	0.38	3.3	6.63*	1.17	5.59*
OA×B	0.44	1.39	3.05	11.73**	1.02	6.57*

注 Note: *Candidatus_S*: *Candidatus_Solibacter*; *Burkholderia-C-P*: *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*

2.4 微生物群落功能预测

碳水化合物代谢 (9.14%)、氨基酸代谢 (8%)、能量代谢 (4.51%)、辅助因子和维生素的代谢 (4.17%)、转运 (2.81%) 为主要二级功能层 (图 4)。相比对照, 单施秸秆显著 ($P<0.05$) 降低代谢功能 (除氨基酸代谢外) 菌的相对丰度, 单施生物质炭显著降低了碳水化合物代谢和翻译功能菌的相对丰度。相比单施羊粪, 羊粪与生物质炭配施显著降低了碳水化合物代谢功能菌的相对丰度。双因素方差分析结果表明, 有机物料和生物质炭均对细菌碳水化合物代谢和转运有显著影响, 且有机物料对能量代谢、辅助因子和维生素的代谢有极显著 ($P<0.01$) 影响。

木质腐生真菌 (17.28%)、植物病原菌 (5.71%)、粪腐生菌 (4.24%)、植物内生菌 (1.56%) 和动物病原菌 (1.25%) 为主要的真菌功能类群 (图 4)。与对照相比, 单施秸秆、羊粪或生物质炭均显著 ($P<0.05$) 降低了植物病原菌的相对丰度, 而单施羊粪显著增加了粪腐生菌和动物病原菌的相对丰度。相比单施秸秆, 秸秆与生物质炭配施显著增加了植物内生菌和动物病原菌的相对丰度, 而相比单施羊粪, 其与生物质炭配施显著降低了粪腐生菌和动物病原菌的相对丰度。双因素方差分析结果表明, 有机物料对真菌功能类群均有显著影响, 而生物质炭仅对植物内生菌相对丰度有显著影响, 两者对植物内生菌和动物病原菌均有显著交互作用。

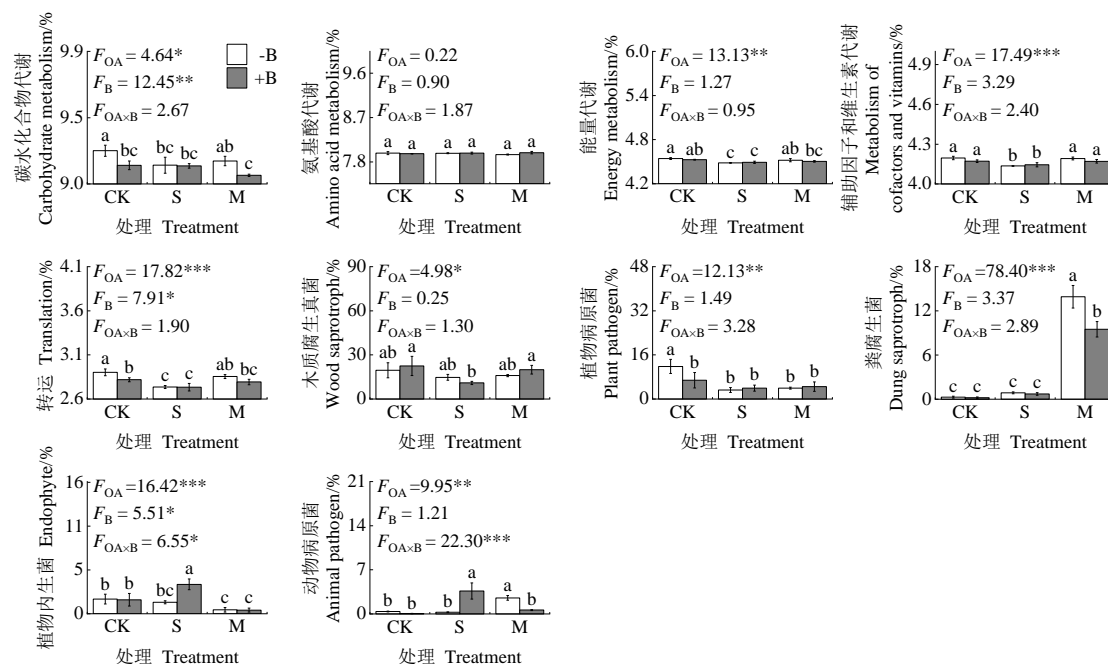


图 4 不同处理下土壤微生物群落功能菌的相对丰度

Fig.4 The relative abundance of functional microbes of soil microbial community under different treatments

3 讨论

3.1 有机物料与生物质炭配施对土壤化学性质的影响

本研究 (表 1) 表明, 有机物料和生物质炭单施及其配施对土壤 pH 和养分含量均有显著影响, 但改良效果存在差异。相比对照和秸秆处理, 单施羊粪及其与生物质炭配施处理显著提高了土壤 pH, 表明羊粪在提高酸性红壤 pH 方面优于秸秆和生物质炭。已有研究证明有机肥相对

于秸秆还田更有利于缓解土壤酸化^[11]，主要是因为有机肥一方面能增加土壤中盐基离子的输入量，另一方面有机肥中丰富的腐殖酸可提高土壤的酸碱缓冲容量，从而提高土壤 pH^[21-22]。梁栋等^[23]研究表明生物质炭提高土壤 pH 的效果优于有机肥，然而本研究结果（表 1）与此相反，这主要是因为本研究中生物质炭输入量（8.5 t·hm⁻²）要远低于其生物质炭用量（30 t·hm⁻²），导致生物质炭降低土壤酸度的效果低于羊粪。与前期假设相反，有机物料和生物质炭配施对 pH 的影响与有机物料单施无显著差异（表 1），这可能也与生物质炭较小的施用量有关。有机物料和生物质炭施用均显著提高了土壤有效磷和速效钾含量，但羊粪提升效果更好（表 1），说明在等碳量输入的情况下羊粪含有更多的速效养分，相比秸秆和生物质炭处理更能提升旱地红壤肥力^[11]。秸秆单施两年并未显著提高土壤有机碳含量，而单施羊粪显著提高了土壤有机碳含量，表明施用羊粪更能促进土壤有机碳积累。此外，与有机物料单施相比，生物质炭配施均大幅度提高了土壤有机碳含量（表 1）。一方面，可能与生物质炭本身的碳输入直接提高了土壤有机碳有关；另一方面生物质炭的多孔结构和惰性碳组分抑制了微生物介导的有机碳分解作用，从而提高了土壤有机碳积累有关^[5]。基于 ¹³C 的同位素示踪技术研究表明，生物质炭添加可进一步促进植物生长，提高凋落物碳输入以及光合碳沉积，并通过负激发效应促进矿质结合态碳和颗粒态碳的形成及土壤碳固存^[24-25]。本研究中生物质炭本身对土壤有机碳有一定贡献，但生物质炭配施有机物料引起的有机碳提升与生物质炭对植物碳输入的固持效应也有密切关系，尚需进一步验证。综上所述，羊粪与生物质炭配施更能降低土壤酸度，促进土壤肥力提升和提高有机碳积累。

3.2 有机物料与生物质炭配施对土壤微生物群落结构及多样性的影响

本研究（图 1）发现，单施羊粪可同时提高土壤细菌和真菌的丰度，而单施秸秆仅提高真菌丰度，说明有机物类型和碳源质量是影响微生物丰度的重要因素^[26]。李德近等^[27]研究发现，羊粪含有丰富的易分解有机碳，且腐解速率较低，可长期作为底物被微生物分解利用，有利于提高土壤中细菌数量。此外，有机肥对土壤 pH 良好的改良效果可能为真菌的生长提供了适宜的土壤环境，有利于增加有益真菌的丰度，并且抑制了致病真菌的生长^[28]。与羊粪相比，秸秆中的速效养分含量较少，并且秸秆中较高的纤维素成分和较高的 C/N 更适合真菌的生长繁殖^[15]。相对于单施羊粪，羊粪配施生物质炭进一步促进了细菌的生长，这可能是因为生物质炭较大的比表面积和丰富的孔隙结构为微生物增殖提供了更合适的栖息地^[8]。

有机物料单施及其与秸秆配施也显著调控微生物的群落结构及其多样性（表 2，图 2）。羊粪及其与生物质炭配施对细菌和真菌的 α 多样性无影响，但单施秸秆或其配施生物质炭均显著降低了细菌 Chao1 指数和香农指数，而对真菌多样性指数无影响，表明土壤细菌群落的丰富度和多样性对秸秆和生物质炭的添加更加敏感。Ge 等^[15]研究结果表明秸秆添加降低细菌的多样性和复杂性，可能是因为参与秸秆降解的细菌类群之间存在强烈的竞争作用，导致优势类群的增长，而其他类群细菌受到抑制。本研究（表 2）表明单施生物质炭也显著降低了细菌群落多样性，这可能与其含有较高的碱性和芳香性物质抑制微生物的活性有关^[8]。

变形菌门属于革兰氏阴性菌，具有较快的生长速度和不同类型底物的利用能力^[29]，而厚壁菌门属于革兰氏阳性菌，生长缓慢，更适应营养贫乏的生态位，并能有效地矿化惰性碳^[30]。单施有机物料显著增加了变形菌门和厚壁菌门的相对丰度（图 3），表明有机物料的施用能促进富营养型和寡营养型菌群的生长。羊粪与生物质炭配施可进一步提高变形菌门丰度（图 3），这可能与生物质炭的施用促进土壤碳源底物多样性有关^[8]。鲜文东等^[31]研究表明绿弯菌门营养方式极为多样并随环境条件发生变化。本研究（图 3）中，有机物料与生物质炭的施用均降低了绿弯菌门的丰度，可能是因为有机物料显著提高了土壤 pH 和底物有效性，提高了富营养优势菌群的丰度，进而对绿弯菌门等寡营养型微生物产生了较强的竞争作用^[32]。相比细菌群落，有机物料和生物质炭施用对真菌群落结构影响较小（图 2），这可能与真菌具有较强的环境适应能力和底物利用类型多样有关^[28]。

3.3 有机物料与生物质炭配施对土壤微生物群落功能的影响

有机物料单施及其与生物质炭配施改变了细菌群落代谢功能和真菌功能类群的丰度(图4)。微生物碳水化合物和能量代谢与有机质分解、固氮、溶磷等作用密切相关,其中间产物可为物质合成提供原料^[33]。单施秸秆显著降低了碳水化合物、能量和转运等代谢功能菌丰度,而单施羊粪对其无影响(图4),这可能由于本研究土壤样品采集于秸秆分解末期,单施秸秆处理可能在秸秆分解后期难以提供充足的碳源底物,从而降低了微生物的碳水化合物、能量和转运等代谢。相比单施有机物料,生物质炭与其配施对细菌代谢功能无影响,但显著降低了碳水化合物代谢(图4),表明生物质炭的配施进一步限制了微生物的碳水化合物代谢活性,从而可能对细菌介导的有机质分解、碳水化合物代谢有抑制作用^[34],本研究结果(图4)进一步支持了Wu等^[11]关于生物质炭配施可降低有机物料对土壤呼吸的促进作用。单施羊粪及其与生物质炭配施显著增加了粪腐生菌的相对丰度(图4),表明施用羊粪等有机物料可能促进腐生类真菌生长,有利于增强土壤中有机物料的分解。此外,秸秆、羊粪及其与生物质炭配施均显著降低了植物病原菌丰度(图4),表明短期的有机物料添加可降低旱地红壤潜在病原菌数量。

3.4 有机物料与生物质炭配施调控土壤微生物群落结构的驱动因子

土壤有效磷含量(其次是pH、速效钾和全氮)是影响土壤细菌和真菌群落丰度和结构变化的主导因子(图2),该结果与Liu等^[35]研究报道一致,也进一步支持了本文的科学假设。尽管较多研究报道pH和土壤有机碳是调控土壤中微生物群落变化的重要因素^[6,12],然而本试验中羊粪及其与生物质炭配施对土壤有效磷的提升幅度要高于pH和土壤有机碳(表1)。羊粪及其与生物质炭配施处理对土壤微生物丰度、群落结构有显著的调控效应(图1,图2),在等碳输入的情况下羊粪相较于秸秆含有更多的有效磷,可被微生物快速利用,进而改变微生物的群落结构。单施羊粪显著增加了参与土壤磷酸盐和次磷酸盐代谢的优势菌属一芽单胞菌属的相对丰度(表3),进一步印证了土壤有效磷在调控磷转化菌群方面的作用。实际上,羊粪及其与生物质炭配施显著提高的土壤pH也能进一步提升土壤磷、钾有效性,两者协同影响了土壤微生物群落结构^[5]。因此,添加有机粪肥及其与生物质炭配施可显著提升旱地红壤有效磷,进而促进生物多样性,改变微生物群落组成^[35]。

4 结论

连续2年单施羊粪较单施秸秆更能提高旱地红壤pH和速效养分含量,而与生物质炭配施可显著提高土壤有机碳和全氮含量。相比秸秆施用,羊粪及其与生物质炭配施能更显著增加细菌群落丰度,并维持群落多样性。有机物料和生物质炭均能不同程度改变微生物群落结构,且影响了土壤微生物的碳水化合物和能量代谢等功能,降低了潜在植物病原菌的丰度。土壤有效磷是影响土壤微生物群落组成的关键因子。因此,羊粪与生物质炭配施可有效提升土壤肥力,提高微生物丰度,降低潜在病原菌数量,因而可作为改善旱地贫瘠红壤生产力和维护土壤健康的有效措施。

参考文献(References)

- [1] Zhao Q G, Huang G Q, Ma Y Q. The problems in red soil ecosystem in southern of China and its countermeasures[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2013, 33(24): 7615-7622. [赵其国, 黄国勤, 马艳芹. 中国南方红壤生态系统面临的问题及对策[J]. *生态学报*, 2013, 33(24): 7615-7622.]
- [2] Sun B. Control and ecological rehabilitation of red soil degradation[M]. Beijing: Science Press, 2011. [孙波. 红壤退化阻控与生态修复[M]. 北京: 科学出版社, 2011.]
- [3] Feng Y Z, Guo Z Y, Zhong L H, et al. Balanced fertilization decreases environmental filtering on soil bacterial community assemblage in North China[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8: 2376.

- [4] Zhao J H, Chen L, Duan Y, et al. Effects of straw returning instead of chemical fertilizer on crop yield and soil fertility in fluvo-aquic soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023, 60(1): 189-200. [赵金花, 陈林, 段衍, 等. 秸秆还田配合化肥减施对潮土作物产量及土壤肥力的影响[J]. *土壤学报*, 2023, 60(1): 189-200.]
- [5] Bai M X, Situ G M, Li S H, et al. Effects of combined application of biochar with organic amendments on enzyme activity and microbial metabolic function of carbon sources in infertile red soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2022, 33(5): 1283-1290. [白美霞, 司徒高铭, 李松昊, 等. 生物质炭配施有机物料对贫瘠红壤酶活性和微生物碳源代谢功能的影响[J]. *应用生态学报*, 2022, 33(5): 1283-1290.]
- [6] Luan L, Zheng J, Cheng M H, et al. Effects of different types of straw returning on bacterial diversity and community structure in dryland red soil[J]. *Soils*, 2021, 53(5): 991-997. [栾璐, 郑洁, 程梦华, 等. 不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. *土壤*, 2021, 53(5): 991-997.]
- [7] Xia L L, Cao L, Yang Y, et al. Integrated biochar solutions can achieve carbon-neutral staple crop production[J]. *Nature Food*, 2023, 4(3): 236-246.
- [8] El-Naggar A, Lee S S, Rinklebe J, et al. Biochar application to low fertility soils: A review of current status, and future prospects[J]. *Geoderma*, 2019, 337: 536-554.
- [9] Zhang H X, Zhu Q L, Guo L M, et al. Effects of combined application of tobacco stem biochar and chemical fertilizers on organic carbon fractions and microorganism in tobacco-growing soil[J]. *Soils*, 2022, 54(6): 1149-1156. [张红雪, 朱巧莲, 郭力铭, 等. 烟秆生物质炭与化肥配施对植烟土壤有机碳组分及微生物的影响[J]. *土壤*, 2022, 54(6): 1149-1156.]
- [10] Bao J P, Yuan G S, Dong F Y, et al. Effects of biochar application and straw returning on organic carbon fractionations and microbial activities in a red soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(3): 721-729. [包建平, 袁根生, 董方圆, 等. 生物质炭与秸秆施用对红壤有机碳组分和微生物活性的影响[J]. *土壤学报*, 2020, 57(3): 721-729.]
- [11] Wu Q F, Lian R Y, Bai M X, et al. Biochar co-application mitigated the stimulation of organic amendments on soil respiration by decreasing microbial activities in an infertile soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2021, 57(6): 793-807.
- [12] Wang J P, Huang R Z, Zhu L Q, et al. Effects of different fertility improvement measures on microbial community structures in biological red soil crusts of woodland[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2023, 60(1): 292-303. [王金平, 黄荣珍, 朱丽琴, 等. 肥力提升措施对林地红壤生物结皮层微生物群落结构的影响[J]. *土壤学报*, 2023, 60(1): 292-303.]
- [13] Zhao W H, Ma L, Xu J S, et al. Effect of application of straw and wood peat for a short period on soil organic matter and microbial community in composition and function in fluvo-aquic soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, 57(1): 153-164. [赵文慧, 马垒, 徐基胜, 等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响[J]. *土壤学报*, 2020, 57(1): 153-164.]
- [14] Xiao D, Huang Y, Feng S Z, et al. Soil organic carbon mineralization with fresh organic substrate and inorganic carbon additions in a red soil is controlled by fungal diversity along a pH gradient[J]. *Geoderma*, 2018, 321: 79-89.
- [15] Ge Z, Li S Y, Bol R, et al. Differential long-term fertilization alters residue-derived labile organic carbon fractions and microbial community during straw residue decomposition[J]. *Soil and Tillage Research*, 2021, 213: 105120.
- [16] Ding J L, Jiang X, Guan D W, et al. Influence of inorganic fertilizer and organic manure application on fungal communities in a long-term field experiment of Chinese Mollisols[J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, 111: 114-122.
- [17] Ma B B, Huang R L, Zhang N, et al. Effect of straw-derived biochar on molecular ecological network between bacterial and fungal communities in rhizosphere soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2019, 56(4): 964-974. [马泊泊, 黄瑞林, 张娜, 等. 秸秆生物质炭对根际土壤细菌-真菌群落分子生态网络的影响[J]. *土壤学报*, 2019, 56(4): 964-974.]
- [18] Lu R K. Analytical methods for soil and agro-chemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000. [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.]
- [19] Feinstein L M, Sul W J, Blackwood C B. Assessment of bias associated with incomplete extraction of microbial DNA from soil[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(16): 5428-5433.
- [20] May L A, Smiley B, Schmidt M G. Comparative denaturing gradient gel electrophoresis analysis of fungal communities associated with whole plant corn silage[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2001, 47(9): 829-841.
- [21] Ning C C, Wang J W, Cai K Z. The effects of organic fertilizers on soil fertility and soil environmental quality: A review[J].

- Ecology and Environmental Sciences, 2016, 25(1): 175-181. [宁川川, 王建武, 蔡昆争. 有机肥对土壤肥力和土壤环境质量的影响研究进展[J]. 生态环境学报, 2016, 25(1): 175-181.]
- [22] Yan P, Wu L Q, Wang D H, et al. Soil acidification in Chinese tea plantations[J]. Science of the Total Environment, 2020, 715: 136963.
- [23] Liang D, Zhou Q L, Zhang H, et al. Effects of biochar and organic fertilizers combined application on spectral characteristics of soil dissolved organic matter in paddy soil [J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, DOI: 10.11766/trxb202302020039. [梁栋, 周巧林, 张辉, 等. 生物质炭和有机肥配施对水稻土溶解性有机质光谱学特征的影响[J]. 土壤学报, 2024, 10.11766/trxb202302020039.]
- [24] Liu Z W, Wu X L, Li S, et al. Quantitative assessment of the effects of biochar amendment on photosynthetic carbon assimilation and dynamics in a rice-soil system[J]. New Phytologist, 2021, 232(3): 1250-1258.
- [25] Weng Z, van Zwieten L, Singh B P, et al. Biochar built soil carbon over a decade by stabilizing rhizodeposits[J]. Nature Climate Change, 2017, 7(5): 371-376.
- [26] Poll C, Brune T, Begerow D, et al. Small-scale diversity and succession of fungi in the detritosphere of rye residues[J]. Microbial Ecology, 2010, 59(1): 130-140.
- [27] Li D J, Ma X, Sun Y, et al. Decomposition characteristics of straw and organic fertilizer mixed soil after landfill in typical area[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2023, 56(6): 1127-1138. [李德近, 马想, 孙悦, 等. 典型区域秸秆和有机肥混土填埋后的腐解特征[J]. 中国农业科学, 2023, 56(6): 1127-1138.]
- [28] Sun R B, Dsouza M, Gilbert J A, et al. Fungal community composition in soils subjected to long-term chemical fertilization is most influenced by the type of organic matter[J]. Environmental Microbiology, 2016, 18(12): 5137-5150.
- [29] Zhang C, Liu G B, Xue S, et al. Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, 97: 40-49.
- [30] Li H, Yang S, Semenov M V, et al. Temperature sensitivity of SOM decomposition is linked with a K-selected microbial community[J]. Global Change Biology, 2021, 27(12): 2763-2779.
- [31] Xian W D, Zhang X T, Li W J. Research status and prospect on bacterial phylum Chloroflexi [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, 60(9): 1801-1820. [鲜文东, 张潇橦, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, 60(9): 1801-1820.]
- [32] Zhao Y N, Mao X X, Zhang M S, et al. Response of soil microbial communities to continuously mono-cropped cucumber under greenhouse conditions in a calcareous soil of North China[J]. Journal of Soils and Sediments, 2020, 20(5): 2446-2459.
- [33] Bromke M A. Amino acid biosynthesis pathways in diatoms[J]. Metabolites, 2013, 3(2): 294-311.
- [34] Liang Y, Ming A G, He Y J, et al. Structure and function of soil bacterial communities in the monoculture and mixed plantation of *Pinus massoniana* and *Castanopsis hystrix* in southern subtropical China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, 32(3): 878-886. [梁艳, 明安刚, 何友均, 等. 南亚热带马尾松-红椎混交林及其纯林土壤细菌群落结构与功能[J]. 应用生态学报, 2021, 32(3): 878-886.]
- [35] Liu H Y, Xu W, Li J Y, et al. Short-term effect of manure and straw application on bacterial and fungal community compositions and abundances in an acidic paddy soil[J]. Journal of Soils and Sediments, 2021, 21(9): 3057-3071.

(责任编辑: 陈荣府)