DOI：10.11766/trxb202404130153 CSTR：32215.14.trxb202404130153
王冰，张宇辰，王昕悦，吴茂林，彭懿，黄炜，冯固，宴启文，蒋平安，刘耘华，盛建东. 持续低量有机肥与化肥配施对绿洲农田土壤肥力和多功能性的影响[J]. 土壤学报，2025，62（4）：1059–1071.
WANG Bing，ZHANG Yuchen，WANG Xinyue，WU Maolin，PENG Yi，HUANG Wei，FENG Gu，YAN Qiwen，JIANG Ping'an，LIU Yunhua，SHENG Jiandong. Effects of Sustained Low Level Organic Fertiliser and Chemical Fertiliser Blending on Soil Fertility and Multifunctionality inOasis Farmland[J]. Acta Pedologica Sinica，2025，62（4）：1059–1071.

持续低量有机肥与化肥配施对绿洲农田土壤肥力和多功能性的影响*

王 冰[1]，张宇辰[1]，王昕悦[1]，吴茂林[1]，彭 懿[1, 2]，黄 炜[1]，冯 固[2]，宴启文[3]，蒋平安[1]，刘耘华[1]，盛建东[1†]

（1. 新疆农业大学资源与环境学院/新疆种植业绿色生产工程技术中心，乌鲁木齐 830052；2. 中国农业大学资源与环境学院，北京 100193；3. 沙雅利华现代农业有限公司，新疆阿克苏 842200）

摘 要：由于干旱区有机肥数量有限，需明确低量有机肥与化肥配施对绿洲农田土壤理化性质、微生物群落及多功能性的影响程度，确定有机肥的最适用量。于 2021—2023 年在新疆沙雅县海楼镇开展田间试验，试验共设四个处理：NPK（单施化肥）、NPK+OM_3（3 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥）、NPK+OM_6（6 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥）和 NPK+OM_{12}（12 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥）。采用高通量测序（16S rRNA 和内源转录间隔区（ITS））技术，测定分析有机肥施用量对土壤理化性质、微生物群落组成及多样性的影响程度，探讨土壤多功能性对有机肥用量的响应。结果表明：（1）连续 3 年施用低量有机肥（NPK+OM_3）显著增加了土壤有机碳（SOC）、全氮（TN）、有效磷（AP）、速效钾（AK）和硝态氮（NO_3^--N）含量，除 pH 之外的其他指标 NPK+OM_3 处理与 NPK+OM_6 处理差异不显著；（2）NPK+OM_6 和 NPK+OM_{12} 处理土壤细菌（Chao1 和香农（Shannon）指数）和真菌（Shannon 指数）α 多样性显著提高，细菌群落结构发生显著改变；（3）随着有机肥施用量增加，芽单胞菌门（Gemmatimonadota）、酸杆菌门（Acidobacteria）和球囊菌门（Mortierellomycota）的相对丰度增加，而放线菌门（Actinobacteria）和绿弯菌门（Chloroflexi）的相对丰度降低；（4）施用有机肥通过改变土壤养分和 pH 来改变细菌群落组成和多样性，进而提高土壤多功能性。综上所述，连续三年施用有机肥（3 000～6 000 kg·hm^{-2}）可通过提高土壤养分含量、改善微生物群落组成和多样性将土壤多功能性维持在较高水平。考虑到有机肥数量有限和施肥成本，在绿洲农田作物生产中，施用 3 000～6 000 kg·hm^{-2} 有机肥可达到提升土壤多功能性的效果。

关键词：绿洲农田；有机肥；细菌；真菌；土壤多功能性
中图分类号：S154.3 **文献标志码：**A

Effects of Sustained Low Level Organic Fertiliser and Chemical Fertiliser Blending on Soil Fertility and Multifunctionality in Oasis Farmland

* 国家自然科学基金委员会-新疆联合基金重点项目（U2003210）、国家重点研发计划子课题（2022YFD190010304）资助 Supported by the Key Program of the National Natural Science Foundation of China-Xinjiang Joint Fund（No. U2003210） and the Sub-theme of the National Key R&D Program of China（No. 2022YFD190010304）

† 通讯作者 Corresponding author，E-mail：sjd@xjau.edu.cn
作者简介：王 冰（1998—），女，河南三门峡人，硕士研究生，主要研究领域为土壤肥力与养分管理。E-mail：E-mail：2407698224@qq.com
收稿日期：2024–04–13；收到修改稿日期：2024–10–13；网络首发日期（www.cnki.net）：2024–12–24

WANG Bing[1], ZHANG Yuchen[1], WANG Xinyue[1], WU Maolin[1], PENG Yi[1, 2], HUANG Wei[1], FENG Gu[2], YAN Qiwen[3], JIANG Ping'an[1], LIU Yunhua[1], SHENG Jiandong[1†]

(1. *College of Resources and Environment*, *Xinjiang Agricultural University/Xinjiang Plantation Green Production Engineering Technology Center*, *Urumqi* 830052, *China*; 2. *College of Resources and Environment Sciences*, *China Agricultural University*, *Beijing* 100193, *China*; 3. *Shaya Lihua Modern Agriculture Co. Ltd.*, *Akesu*, *Xinjiang* 842200, *China*)

Abstract: 【Objective】The usage of organic fertilizers in arid zones is limited, which necessitates investigating the most suitable amount required for optimum agricultural productivity, and clarifying the degree of influence on soil physicochemical properties, microbial communities, and multifunctionality in oasis farmland when applied in low amounts in combination with chemical fertilizers.【Method】A field experiment was conducted in Hailou Town, Shaya County, Xinjiang from 2021 to 2023. High-throughput sequencing (16S rRNA and endogenous transcribed spacer region) technology was used to determine and analyze the extent of the effects of organic fertilizer application on soil nutrient physicochemical properties, microbial community composition, and diversity, and to explore the response of soil multifunctionality to organic fertilizer dosage. Four treatments were set up: NPK (chemical fertilizer only), NPK + OM_3 (3 000 kg·hm^{-2} cattle manure + chemical fertilizer), NPK + OM_6 (6 000 kg·hm^{-2} cattle manure + chemical fertilizer), and NPK + OM_{12} (12 000 kg·hm^{-2} cattle manure + chemical fertilizer).【Result】The results showed that: (1) Application of organic manure significantly increased soil organic carbon, total nitrogen, available phosphorus, available potassium and nitrate nitrogen, and significantly decreased soil pH; (2) NPK + OM_6 and NPK + OM_{12} treatments significantly increased microbial (Chao1 and Shannon index) and fungal(Shannon index)diversities, and significantly changed the community structure; (3) The relative abundance of Blastomonas, Acidobacilli and Glomus increased, but that of Actinomycetes and Campylobacter decreased with the increase in manure application rate; (4) The application of organic fertilizer can change the composition and diversity of bacterial community by changing soil nutrients and pH, thereby improving soil versatility.【Conclusion】Soil nutrients and microbial community composition and diversity increased significantly with the increase of organic manure application. Three years of organic manure application (3 000-6 000 kg·hm^{-2}) could maintain soil multifunctionality at a high level by increasing soil nutrient content and improving microbial community composition and diversity. Considering the limited amount of organic fertilizer and the cost of fertilization, the application of 3 000-6 000 kg·hm^{-2} organic fertilizer in crop production in oasis farmland can achieve the effect of improving the multi-function of soil.

Key words: Oasis farmland; Organic fertilizer; Bacteria; Fungi; Soil multifunctionality

微生物参与土壤养分与有机质的分解和转化，促进养分循环和能量流动[1]。微生物群落结构在不同生态系统和较小尺度生境中差异较大，就其多样性、生物量以及对土壤理化过程的影响而言，细菌和真菌在土壤生境中占主导地位。微生物作为农田生态系统的重要组成部分，可分解有机质、活化磷钾等营养元素，有利于形成腐殖质、改善土壤结构，促进作物生长发育[2]，是维持农田生态系统元素循环与养分供应、控制病原体等功能的关键资源，微生物群落组成和多样性变化会影响生态系统的多功能性与可持续性[3]。土壤多功能性是指土壤同时提供多种服务和功能的能力，是土壤生物群落与环境因子相互作用的结果，是评定土壤健康和生产能力的重要指标[4]。土壤生态多功能性包括土壤养分供给能力、土壤微生物功能等多个方面。在农田中，不同施肥措施影响着土壤微生物群落组成和多样性，显著改变了土壤生态系统的多功能性。

施用有机肥可有效缓解化肥过量施用和耕作次数增加导致的土壤有机质含量减少、微生物群落结构退化、土壤多功能性下降等问题[5]。有机肥不仅可为微生物提供多种碳源，还可将有机肥中天然存在的微生物直接引入土壤中[6]。大量研究证明，施用高量有机肥（15 000～30 000 kg·hm^{-2}）可提高土壤碳氮磷等养分含量、改善土壤微生物群落结构[7]。阳文锐[8]发现，有机肥施用量 7 500 kg·hm^{-2}时就对真菌数量有显著影响；王兴松等[9]也认为，有机肥施用量 6 000 kg·hm^{-2}时，土壤中变形菌门、担子菌门等有益菌群的丰度即可显著增加，土壤有益菌群的生长和繁殖得到极大刺激，提高了土壤微生物群落的多样性，从而增强了土壤多功能性。仅就调节

和优化微生物群落组成、提高微生物多样性方面而言，施用低量有机肥是否具有这种普遍的效应值得深入研究。

增施有机肥是土壤改良和产能提升方面历史最悠久的有效措施，干旱区绿洲农田土壤有机质含量低，由于有机肥源少、数量有限，大量施用有机肥在生产中很难规模化推广应用[10]。因此，为确定绿洲农田中能够协调作物生产和土壤健康的最适有机肥用量，开展了化肥配施不同用量有机肥对绿洲农田土壤肥力和多功能性影响程度的研究。在新疆沙雅县海楼镇开展连续三年的有机肥用量梯度田间试验，采用高通量测序（16S rRNA 和内源转录间隔区（ITS））技术，分析有机肥施用量对土壤养分、微生物群落组成及多样性的影响，揭示有机肥用量与土壤养分和土壤微生物多样性及群落组成之间的关系，探讨有机肥用量与土壤多功能性的联系，为干旱区绿洲农田有机肥施用和土壤生境改善提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　试验地概况

田间试验于 2021—2023 年在新疆维吾尔自治区阿克苏地区沙雅县海楼镇（41°16′ N，82°42′ E）进行。该地区属于温带大陆性气候，年平均气温为 10.9℃，昼夜温差大，年均降水量 47.3 mm，年均蒸发量 2 044.6 mm，年均日照时数 3 031.2 h。试验地土壤类型为灌耕棕漠土。供试土壤和腐熟牛粪的基本理化性质如表 1 所示。

表 1　供试土壤和牛粪的基本理化性质

Table 1　Basic physicochemical properties of soil and cattle manure

材料 Material	pH	EC /（μS·cm^{-1}）	SOC /（g·kg^{-1}）	TN /（g·kg^{-1}）	AN /（mg·kg^{-1}）	TP /（g·kg^{-1}）	AP /（mg·kg^{-1}）	TK /（g·kg^{-1}）	AK /（mg·kg^{-1}）
灌耕棕漠土①	8.62	332	8.87	0.55	13.8	0.61	18.5	15.0	131
牛粪②	/	/	80.6	8.35	15.2	3.29	20.5	5.25	16.2

注：EC：电导率；SOC：土壤有机碳；TN：全氮；AN：碱解氮；TP：全磷；AP：有效磷；TK：全钾；AK：速效钾。Note：EC：Electrical conductivity；SOC：Soil organic carbon；TN：Total nitrogen；AN：Alkaline nitrogen；TP：Total phosphorus；AP：Available phosphorus；TK：Total potassium；AK：Available potassium. ①Irrigated-brown desert soil，②Cattle manure.

1.2　试验设计

供试作物为玉米（*Zea mays* L），种植密度为 83 400 hm^{-2}。供试化肥为尿素（N 46%）、重过磷酸钙（P_2O_5 46%）和硫酸钾（K_2O 52%），供试有机肥为腐熟的牛粪。本试验采用随机区组设计，试验共设置 4 个处理，每个处理重复 3 次，小区面积 57.6 m^2（12 m × 4.8 m）。四个处理分别为：（1）NPK（单施化肥）；（2）NPK+OM_3（3 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥）；（3）NPK+OM_6（6 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥）；（4）NPK+OM_{12}（12 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥）。当地玉米常规施肥方式为滴灌施肥，整个生育期肥料施用量为尿素 490 kg·hm^{-2}，氮肥按照基肥、拔节期、大喇叭口期、抽雄期、吐丝期、灌浆期的质量比 20∶10∶20∶20∶20∶10 的比例分次施用。拔节期、大喇叭口期、抽雄期、吐丝期和成熟期的灌水定额分别为 150、300、450、450、450 m^3·hm^{-2}。各处理牛粪和磷钾肥（P_2O_5 用量 120 kg·hm^{-2}，K_2O 用量 90 kg·hm^{-2}）作基肥在整地前均匀撒施后翻耕施入土壤。

1.3　土壤样品采集

2023 年 8 月 21 日玉米成熟期采集土壤样品，每个处理有三个生物学重复，每个生物学重复（小区）在玉米窄行间随机选取 5 个点采集土壤，混合为一个样品。每个样品分两份，一份放入–80 ℃冰箱中冷冻，用于微生物物种组成和多样性测定；另一份置于阴凉处自然风干后，测定土壤养分。

1.4　测定项目与方法

1.4.1　土壤养分测定　　土壤容重（BD）采用环刀法测定；土壤 pH 用酸度计（pHS-3C，北京东南信诚科技有限公司）测定（水土质量比 2.5∶1）；全氮（TN）采用元素分析仪（EURO-EA3000，意大利）测定；土壤有机质（SOC）采用重铬酸钾氧化分光光度法测定；碱解氮（AN）采用碱解扩散法测定；有效磷（AP）采用碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法测定；速效钾（AK）采用醋酸铵浸提—火焰光度法测

定。土壤铵态氮（NH_4^+-N）和硝态氮（NO_3^--N）采用氯化钙浸提—流动分析仪测定[11]。

1.4.2 高通量测序分析 使用土壤 DNA 提取试剂盒（MP Biomedicals，美国）对土壤样品进行总基因组 DNA 提取（同一样品重复三次提取），将获得的提取物混合，使用 DNeasy Tissue 试剂盒（Qiagen，美国）纯化。使用 NanoDrop One 微量紫外-可见光分光光度计（Thermo Scientific，美国）测定 DNA 浓度和纯度。细菌引物为 338F（5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3'）和 806R（5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'）用于扩增 16S rRNA 的 V3～V4 可变区，真菌引物为 ITS5（5'-GGAAGTAA AAGTCGTAACAAGG-3'）和 ITS2（5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3'）用于扩增真菌 ITS 可变区[12]。扩增产物经纯化回收后，依托成都柏辉生物科技有限公司 Illumina 平台对群落 DNA 片段进行双端（Paired-end）测序。通过 qiime dada2 denoise-paired 调用 DADA2 进行质控、去噪、拼接、去嵌合体。完成后合并扩增子序列变体（ASV）表格。选用 Greengenes 数据库对细菌进行物种分类学注释[13]；选用 UNITE 数据库对真菌进行物种分类学注释[14]。

1.5 数据处理与分析

运用 Office 2016 计算各处理均值和标准差，将土壤养分指标和微生物多样性指数进行转换后求取平均值，记为土壤多功能性（Multifunctionality，M）[15]。

对于数值增大表示对生态系统多功能性有积极影响的指标，采用如下公式进行转换：

$$Z=(X-\mathrm{Min})/u \quad (1)$$

式中，Z 为标准分数；Min 为各观测指标的最小值；X 为各指标的观测值；u 为平均值。

对于数值越大表示对生态系统多功能性有消极影响的指标，采用如下公式进行转换：

$$Z=(\mathrm{Max}-X)/u \quad (2)$$

式中，Max 为各观测指标的最大值。

土壤多功能性（M）的计算公式为：

$$M=M=\sum_i^n Z_i/n/n \quad (3)$$

式中，Z_i 为第 i 种功能指标的 Z 分数；n 为功能指标数量。

采用 SPSS 25 进行统计分析，利用 Origin 2022 软件进行数据可视化处理。采用单因素方差分析对微生物群落 α 多样性（Chao 1 指数和香农 Shannon 指数）进行比较。基于 Bray-Curtis 距离计算，通过主坐标分析（PCoA）对多维的微生物数据进行降维，后用相似性分析（ANOSIM）依据距离矩阵对样本进行非参数检验，评估不同处理间微生物群落结构的相似性。采用斯皮尔曼（Spearman）法分析土壤理化因子与微生物群落指标之间的相关性。

2 结 果

2.1 施用有机肥对土壤理化性质的影响

连续三年施用有机肥对土壤养分和 pH 有显著影响，且随施用量的增加影响效果更明显。与 NPK 处理相比，不同有机肥用量处理（NPK+OM_3、NPK+OM_6、NPK+OM_{12}）土壤 SOC、TN、AP、AK 和 NO_3^--N 含量均显著增加（P<0.05），分别增加了 26%～50%、12%～18%、28%～48%、11%～17%和 92%～122%，土壤 pH 显著降低（P<0.05），降低了 0.10～0.12 个单位；有机肥施用量为 6 000 kg·hm^{-2} 时可显著提高土壤 AN 含量（P<0.05）；有机肥施用量为 12 000 kg·hm^{-2} 时可显著提高土壤 C/N 和 NH_4^+-N 含量（P<0.05）；NPK+OM_3 和 NPK+OM_6 处理之间除了 pH 指标外，其他指标均差异不显著（P>0.05）（图 1）。

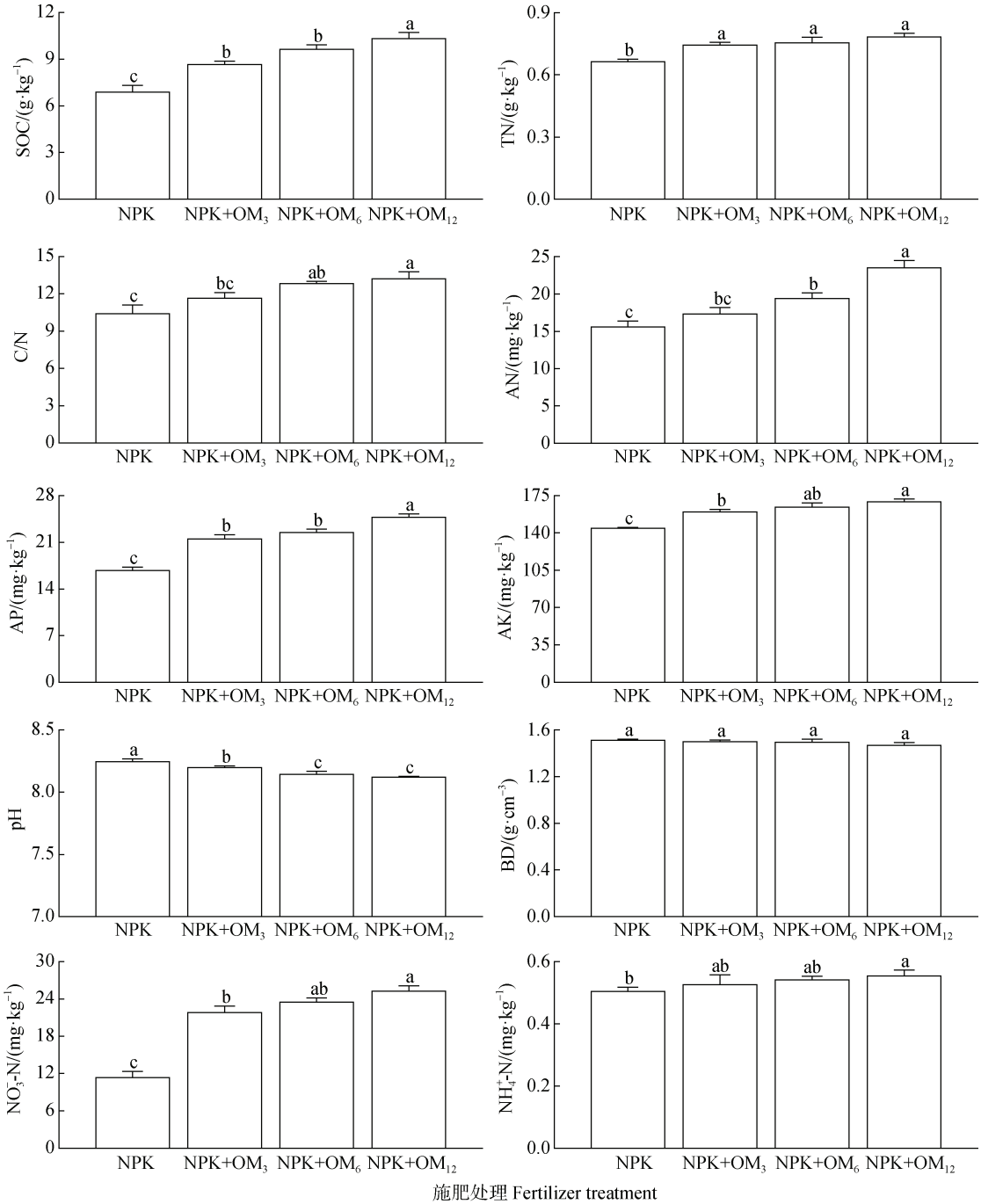
2.2 施用有机肥对微生物群落多样性的影响

2.2.1 细菌和真菌群落的 α 多样性 通过绘制韦恩图发现，土壤微生物特有扩增子序列变体（ASV）数量随有机肥施用量的增加而增加（图 2a 和图 2b）。在细菌群落中（图 2a），共得到 22 045 个土壤细菌 ASV，4 个施肥处理各自特有的 ASV 数量分别为 3 689、4 035、5 104、4 996 个，占总 ASV 数量的 16.7%、18.3%、23.2%、22.7%。真菌群落中（图 2b），共得到 1 727 个土壤真菌 ASV，其中 4 个施肥处理各自特有的 ASV 数量依次分别为 262、343、338、357 个，占总 ASV 数量的 15.2%、19.9%、19.6%、20.7%。

增施有机肥对土壤细菌 Chao1 指数、香农指数和真菌香农指数有显著影响。与 NPK 处理相比，有机肥施用量大于等于 6000 kg·hm^{-2} 时可显著提高细菌群落 Chao1 指数和香农指数（P<0.05）（图 2c 和

图 2d）。NPK+OM$_6$ 处理真菌香农指数相较于 NPK 处理显著提高（P<0.05）（图 2f）。

2.2.2　细菌和真菌群落的 β 多样性　　微生物群落 β 多样性是对不同处理的微生物群落结构进行比较分析，反映了各处理间的群落差异。基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析（PCoA）表明，不同有机肥施用



注：NPK：单施化肥；NPK+OM$_3$：3 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥；NPK+OM$_6$：6 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥；NPK+OM$_{12}$：12 000 kg·hm^{-2} 牛粪+化肥。图上不同小写字母表示不同处理间差异显著（P<0.05）。下同。Note：NPK ：chemical fertilizer only，NPK + OM$_3$ ：3 000 kg·hm^{-2} cattle manure + chemical fertilizer，NPK + OM$_6$ ：6 000 kg·hm^{-2} cattle manure + chemical fertilizer，and NPK + OM$_{12}$ ：12 000 kg·hm^{-2} cattle manure + chemical fertilizer. The lowercase letters mean significant differences between different treatments（ P<0.05）. The same as below.

图 1　不同施肥处理下的土壤理化性质

Fig. 1　Soil physico-chemical properties under different fertilization treatments

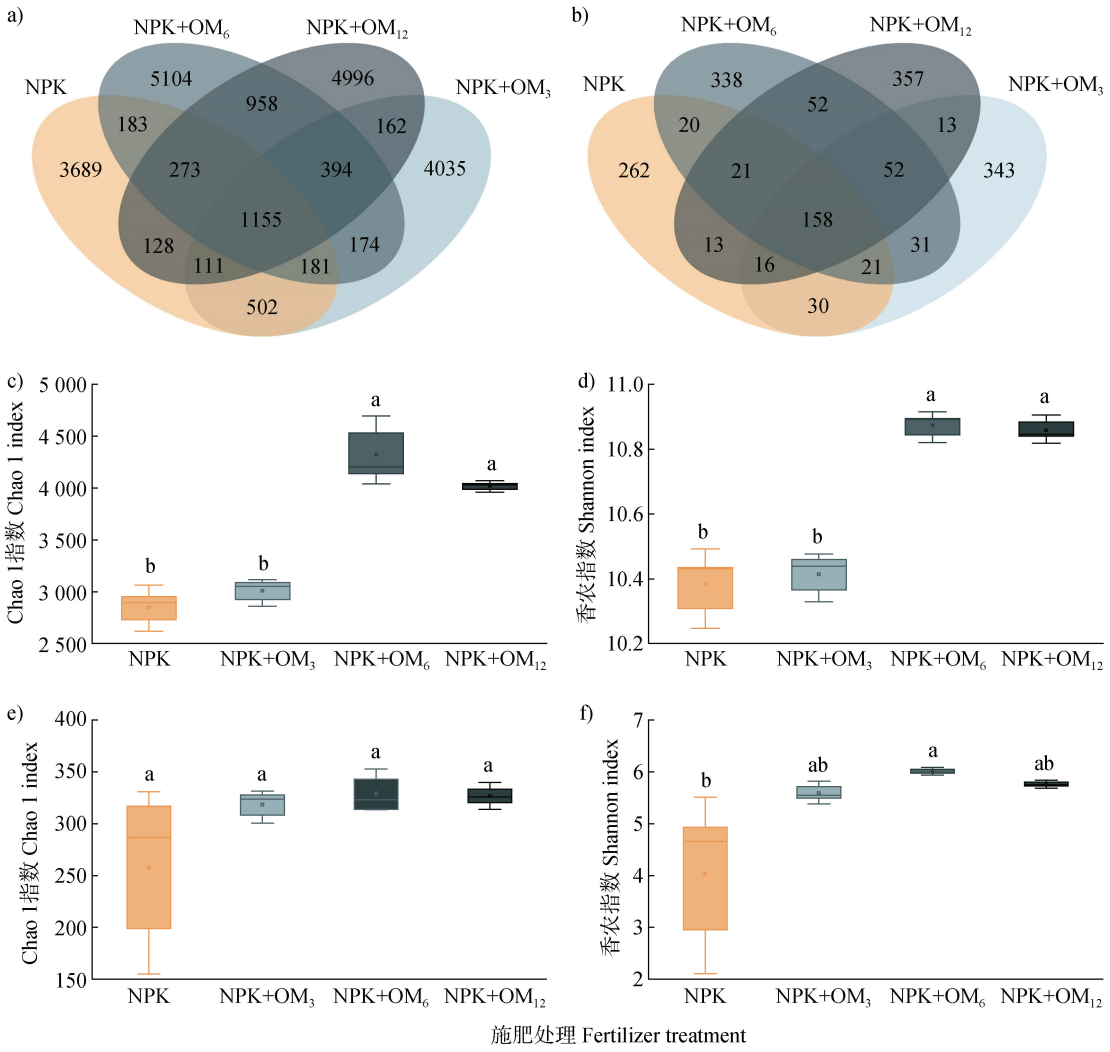


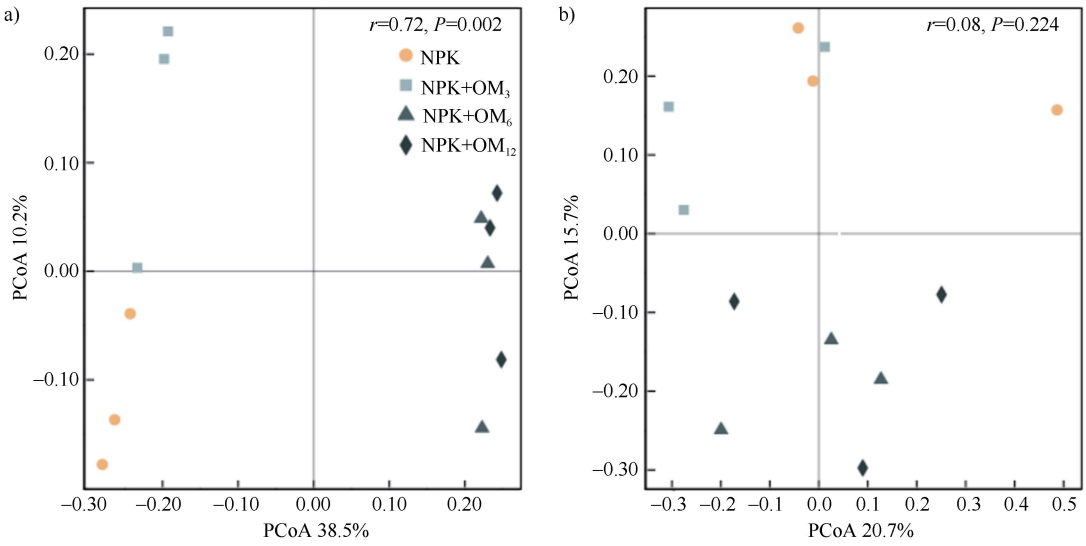
图 2 不同施肥处理下的土壤细菌（a. 扩增子序列变体（ASV）数量；c. Chao 1 指数；d. 香农指数）和真菌（b. ASV 数量；e. Chao 1 指数；f. 香农指数）群落组成及 α 多样性

Fig. 2 Community composition and α-diversity of soil bacteria(a. Amplicon sequence varian(ASV)counts; c. Chao 1 index; d. Shannon index) and fungi (b. ASV counts; e. Chao 1 index; f. Shannon index) under different fertilization treatments

量对土壤细菌 β 多样性有显著影响（图 3）。细菌群落中，第 1、2 坐标轴分别解释了 38.5%和 10.2%的贡献值，累计 48.7%。与 NPK 处理相比，增施有机肥（NPK+OM_3、NPK+OM_6、NPK+OM_{12}）细菌群落结构差异性增强（P<0.05），说明有机肥施用量大于等于 3 000 kg·hm^{-2}时土壤细菌群落处理之间有明显差异。但在真菌群落中，第 1、2 坐标轴分别解释了 20.7%和 15.7%的贡献值，累计 36.4%，各处理间无显著差异（图 3）。

2.3 施用有机肥对微生物群落组成的影响

门水平上（图 4a），相对丰度最高的 5 个细菌门分别为变形菌门（Proteobacteria，17.0%～25.2%）、放线菌门（Actinobacteria，16.4%～25.7%）、芽单胞菌门（Gemmatimonadota，9.7%～19.9%）、酸杆菌门（Acidobacteria，11.2%～17.2%）和绿弯菌门（Chloroflexi，10.7%～14.2%）。与 NPK 处理相比，有机肥施用量大于等于 3 000 kg·hm^{-2}时土壤细菌群落中芽单胞菌门（Gemmatimonadota）和酸杆菌门（Acidobacteria）的相对丰度分别提高了 12.7%～104.8%和 11.0%～53.7%，且均在有机肥施用量为 6 000 kg·hm^{-2}时提升幅度最大；放线菌门（Actinobacteria）和绿弯菌门（Chloroflexi）的相对丰度分别降低了 20.7%～36.4%和 1.2%～24.3%；NPK+OM_3 处理变形菌门（Proteobacteria）相对丰度达最大值。



注：PCoA，主坐标分析。Note：PCoA，Principal Coordinate Analysis.

图 3　不同施肥处理下土壤细菌（a）和真菌（b）群落 β 多样性

Fig. 3　Beta diversity of soil bacterial (a) and fungal (b) communities under different fertilization treatments

属水平上(图 4b),KD4-96(绿弯菌门 Chloroflexi，未分类属）、*Vicinamibacteraceae*（酸杆菌门 Acidobacteria，未分类属）、*Rokubacteriales*（罗库菌目未培养细菌）、S0134_terrestrial_group（芽单胞菌门 Gemmatimonadetes，未分类属）、RB41（酸杆菌门 Acidobacteria，未分类属）和 JG30-KF-CM45（绿弯菌门 Chloroflexi，未分类属）的相对丰度较高（相对丰度大于等于 3.00%）。与 NPK 处理相比，各施用有机肥处理提高了 KD4-96、*Vicinamibacteraceae*、S0134_terrestrial_group 和 RB41 的相对丰度，降低了 *Rokubacteriales* 和 JG30-KF-CM45 的相对丰度。

真菌群落以子囊菌门（Ascomycota）为主(>90%)，其次是担子菌门(Basidiomycota，0.50%～1.44%）和 Mortierellomycota（0.17%～0.50%）(图 4c)。进一步分析发现，施用有机肥改变了部分真菌门的相对丰度。相较于 NPK 处理，有机肥处理的 Mortierellomycota 相对丰度提高了 9.3%～205.6%，NPK+OM_6 处理担子菌门(Basidiomycota)的相对丰度达最大值。

属水平上（图 4d），青霉菌属（*Penicillium*，3.5%～29.1%）、枝孢菌属（*Cladosporium*，4.9%～12.5%）、曲霉（*Aspergillus*，3.4%～12.7%）、*Wardomyces*(1.6%～9.3%)和灰霉菌(*Botryotrichum*，2.0%～11.4%)的相对丰度较高。与 NPK 处理相比，增施有机肥土壤真菌群落中灰霉菌(*Botryotrichum*)的相对丰度提高了 120.4%～468.0%，青霉菌属(*Penicillium*)、曲霉（*Aspergillus*）和 *Wardomyces* 的相对丰度分别降低了 77.0%～87.8%、49.7%～73.0%和 11.6%～82.7%。

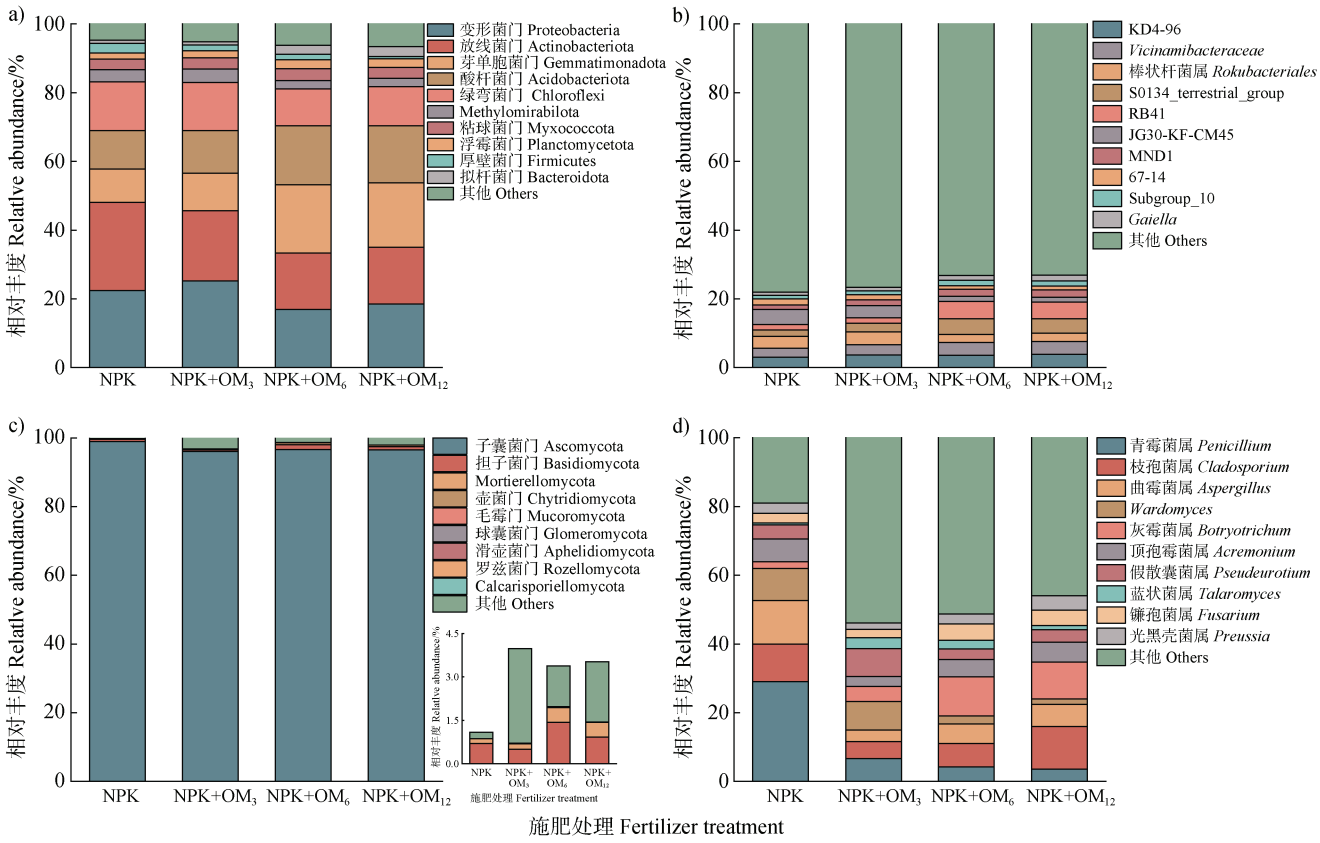
2.4　土壤养分与微生物群落组成和多样性的相关关系

土壤养分含量之间呈极显著正相关（图 5）。土壤 pH 和 BD 均与 SOC、TN、C/N、AN、AP、AK、NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量呈显著负相关。土壤细菌群落中 Chao1 和香农指数与 SOC、TN、C/N、AN、AP、AK、NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量呈显著正相关，与土壤 pH 与 BD 呈显著负相关。土壤真菌群落中香农指数与 SOC、AN、AP、AK 和 NO_3^--N 含量呈显著正相关。

细菌群落门水平上，芽单胞菌门(Gemmatimonadota)、酸杆菌门（Acidobacteria)、浮霉菌门（Planctomycetota）和拟杆菌门(Bacteroidota)均与 SOC、TN、C/N、AN、AP、AK 和 NO_3^--N 含量呈显著正相关；放线菌门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)均与土壤 pH 和 BD 呈极显著正相关；变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门（Chloroflexi）和 Methylomirabilota 与土壤 pH 呈显著正相关；放线菌

门(Actinobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)与 SOC、TN、C/N、AN、AP、AK、NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量呈显著负相关;绿弯菌门(Chloroflexi)和 Methylomirabilota 与 SOC、TN、C/N、AK 和 NO_3^--N 含量呈显著负相关；芽单胞菌门（ Gemmatimonadota ）、酸杆菌门（ Acidobacteria)、浮霉菌门（ Planctomycetota ）和拟杆菌门（ Bacteroidota ）与土壤 pH 呈显著负相关；变形菌门（ Proteobacteria ）与 SOC、TN、C/N、AN、AP 和 AK 含量呈显著负相关（图 5a)。

真菌门水平上，Mortierellomycota 与 SOC、AN、C/N、AN、AP、AK、NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量呈极显著正相关，与土壤 pH 呈极显著负相关（图 5b)。



注：图 c 右下角图片为放大版的真菌相对丰度图示（除子囊菌门外)。Note：The bottom right image of Fig. c shows an enlarged version of the relative abundance of fungal（except Ascomycota）.

图 4 不同施肥处理下的土壤细菌（a，b）和真菌（c，d）群落门和属水平相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of soil bacterial（a，b）and fungal（c，d）communities at phylum and genuslevel under different fertilization treatments

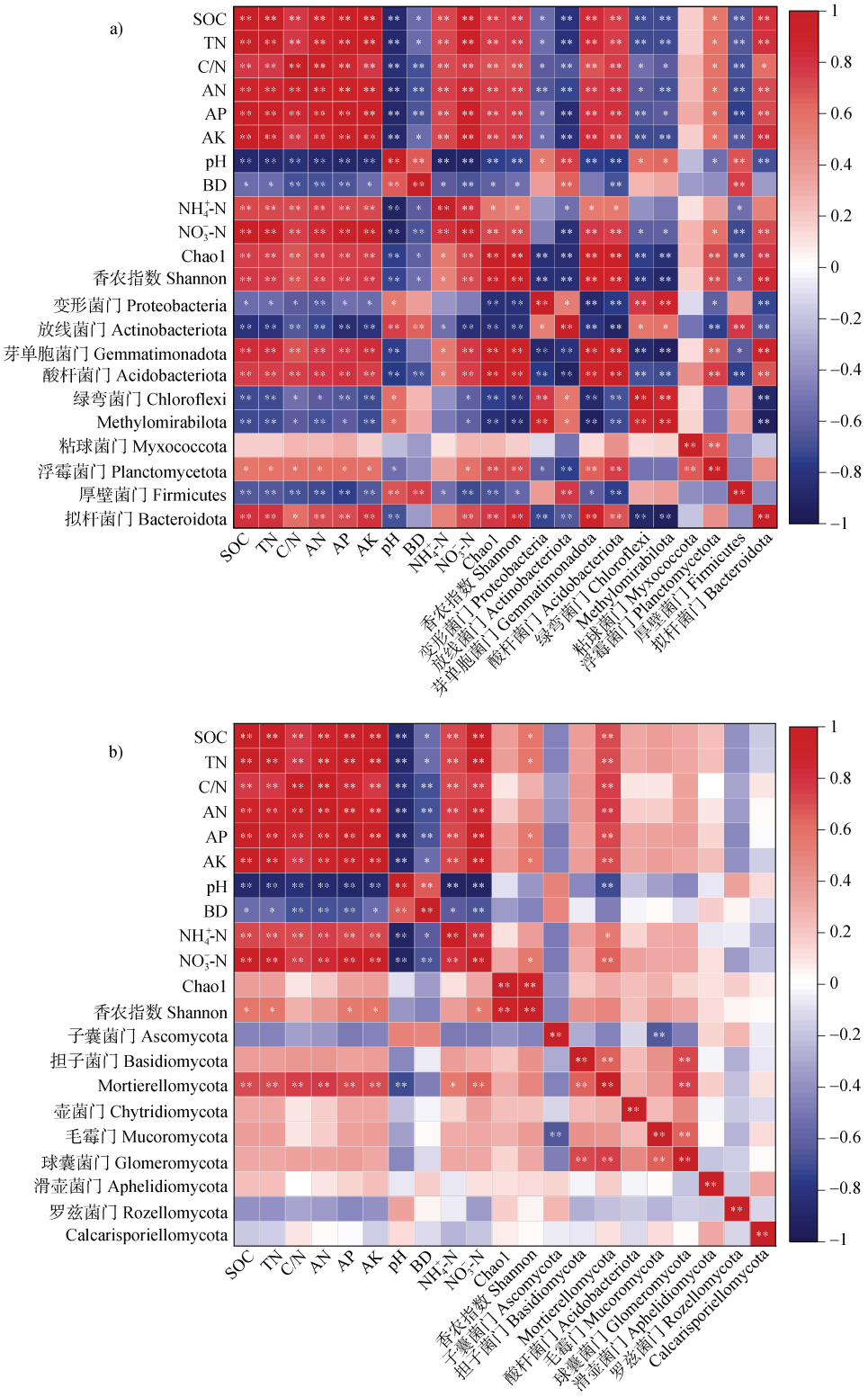
2.5 施用有机肥对土壤多功能性的影响

增施有机肥对土壤多功能性有积极影响，随着有机肥施用量的增加，土壤多功能性显著增强(图 6)。相较于 NPK 处理，$NPK+OM_3$ 处理土壤多功能性显著提高了 165%（P<0.05)，对提高土壤多功能性有积极影响，但仍为负效应，不足以为土壤微生物提供良好的栖息地；$NPK+OM_6$、$NPK+OM_{12}$ 处理与 NPK 处理相比土壤多功能性显著提高了 241%、293%（P<0.05)，且为正效应，可提供作物生产必须的养分和土壤中微生物的生存空间，维持生物多样性（图 6)。

3 讨 论

3.1 低量有机肥对土壤养分的影响

土壤养分是评价土壤生产力高低的重要指标。本研究发现，土壤有机碳（ SOC ）含量随有机肥用量增加而显著增加，即使低量有机肥处理（3 000 kg·hm^{-2} ）的 SOC 含量也显著增加（图 1)。在干旱区绿洲农田中，SOC 的累积速率低、施入的



注：红色表示正相关，蓝色表示负相关，*表示在 0. 05 水平上显著相关，**表示在 0. 01 水平上极显著相关。Note：Red indicates a positive correlation，blue indicates a negative correlation，* indicates a significant correlation at the 0. 05 level，and ** indicates a highly significant correlation at the 0. 01 level.

图 5　土壤养分与细菌（a）和真菌（b）群落组成和多样性的相关关系

Fig. 5　Correlation of soil nutrients with bacterial（a）and fungal（b）community composition and diversity

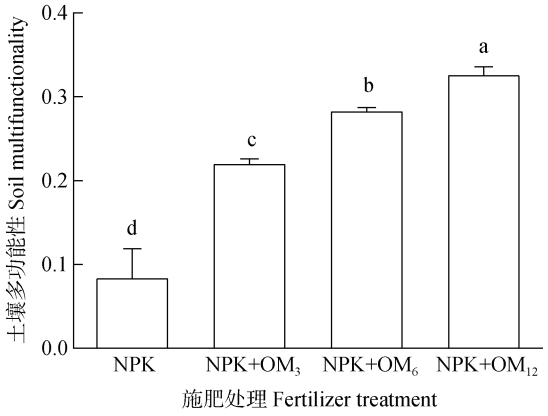


图 6 不同施肥处理下的土壤多功能性

Fig. 6 Soil multifunctionality under different fertilization treatments

SOC 易被矿化，相较于高量的有机肥施用，低量有机肥施入土壤后，其固碳效率（单位质量的有机肥转换为 SOC 的效率）更高。以施化肥处理为对照，施用低量有机肥处理（3 000～6 000 kg·hm^{-2}）单位有机肥转换为 SOC 的效率是高量有机肥的 1.3 倍～2.1 倍（图 1）。有机肥施入一方面可直接增加土壤中的 SOC；另一方面可促进作物养分吸收，增加植物生物量碳的投入，从而间接促进 SOC 的积累[16]。曹莹菲等[17]研究发现，施用有机肥后 SOC 的增加幅度大于 TN，促使 C/N 增加，本试验结果（图 1）与之一致。土壤 C/N 被认为是土壤固碳潜力的重要指标，其在合理范围内增加可在单位氮上积累更多的碳，从而具有更高的固碳潜力[18]。大量研究表明，有机肥的投入可提高土壤养分含量，且保持养分供应平衡[19]，本研究结果（图 1）亦与之一致。本研究中，施用有机肥后 AP、AK 和 NO_3^--N 含量均显著增加（图 1），可能是有机肥施入导致腐殖酸浓度升高，降低了土壤 pH，加快了土壤养分的活化速度，提高了土壤养分含量，且有机肥能够有效补充土壤中的养分，对微生物活性产生积极影响，从而提升了养分周转速率。

3.2 低量有机肥对土壤微生物群落多样性和组成的影响

土壤微生物多样性是土壤多功能性的关键控制因子[20]。本研究中有机肥施用量大于等于 6 000 kg·hm^{-2} 时，细菌群落 Chao1 和香农指数及真菌群落香农指数显著提高，且增强了细菌群落结构差异性（图 2 和图 3a），这可能与腐熟牛粪自身携带的特有微生物相关，可直接将其引入土壤中。在施用低量有机肥处理中，有机肥主要发挥其作为“激发碳”的作用，激活土壤微生物，加快富营养型微生物的生长速度，发挥微生物活化周转养分的功能。在施用高量有机肥处理中，随着有机肥施用量的增加，土壤养分增加，缓解了微生物间的竞争，使得各菌群均衡发展，微生物群落丰富度和多样性增加，结构差异性增强[21]。施用有机肥改变了土壤 pH（图 1），为微生物创造了更适宜的生境，使得微生物多样性发生变化，从而对土壤多功能性产生积极影响。本研究发现土壤 SOC、AN、AP、AK 和 NO_3^--N 含量与细菌群落的 Chao1 和香农指数及真菌群落香农指数呈显著正相关关系，而与真菌群落的 Chao1 指数相关性不显著（图 5），表明土壤细菌群落的丰富度和多样性更易受有机肥的影响。Siles 等[22]研究表明，与真菌相比，细菌在养分含量充足、较温暖的环境和频繁扰动的土壤中占优势。

子囊菌门（Ascomycota）是快生型富营养类群；芽单胞菌门（Gemmatimonadota）、酸杆菌门（Acidobacteria）和绿弯菌门（Chloroflexi）是慢生型寡营养类群；而放线菌门（Actinobacteria）可能包含富营养和寡营养类群[23]。本研究中，增施有机肥处理均提高了芽单胞菌门（Gemmatimonadota）和酸杆菌门（Acidobacteria）的相对丰度，降低了放线菌门（Actinobacteria）和绿弯菌门（Chloroflexi）的相对丰度（图 4）。这与 Li 等[24]的研究结果相反，他们发现添加 15 000 kg·hm^{-2} 的有机肥可增加富营养类群的相对丰度，降低寡营养类群的相对丰度。也有研究表明，常规施肥的土壤中放线菌丰度高于有机肥料改良的土壤，增施有机肥能够增加酸杆菌门的相对丰度[25]。可能是放线菌门中的一些微生物（例如放线菌目）能够分解难降解的含碳化合物（如木质素、纤维素），因此表现出寡营养类群富集的倾向[26]。Calleja-Cervantes 等[27]研究表明放线菌门与土壤有机质呈负相关，有机肥施用后放线菌门相对丰度降低可能有利于土壤有机质的累积。芽单胞菌门和酸杆菌门与土壤 pH 呈负相关（图 5），施用有机肥降低了土壤 pH，改变了土壤养分组成（图 1），改善了微生物的生存环境，进而影响了微生物的生长代谢，使得它们的相对丰度提高。同时酸杆菌门属于嗜酸菌，其丰度随着土壤 pH 下降而升高。属水平上，*Vicinamibacteraceae* 和 RB41 属于酸杆菌门，S0134_terrestrial_group 属于芽单胞菌门，随着

有机肥施用量的增加其相对丰度也随之提高，而KD4-96 属于绿湾菌门，其相对丰度与绿湾菌门相反（图 4），表明不同有机肥施用量土壤细菌群落结构存在一定的相似性和差异性。

真菌群落中子囊菌门（Ascomycota）相对丰度最大（图 4），是因为大多数子囊菌门为腐生真菌，更喜欢利用易分解的碳成分[28]。属水平上，增施有机肥降低了青霉菌属（*Penicillium*）和曲霉（*Aspergillus*）的相对丰度（图 4），可能是因为青霉菌属和曲霉均属于子囊菌门，有机肥施用量增加导致子囊菌门相对丰度减少，青霉菌属和曲霉相对丰度也随之减少，同时这类真菌不适宜在相对干旱的农田中生长，所以相对丰度降低。

细菌对环境因子的变化更为敏感，本研究中，芽单胞菌门（Gemmatimonadota）、酸杆菌门（Acidobacteria）、浮霉菌门（Planctomycetota）、拟杆菌门（Bacteroidota）和 Mortierellomycota 与土壤 SOC、TN、C/N、AN、AP、AK 和 NO_3^--N 含量呈正相关关系，与 pH 呈负相关关系，而变形菌门（Proteobacteria）、放线菌门（Actinobacteria）、绿弯菌门（Chloroflexi）、厚壁菌门（Firmicutes）和 Methylomirabilota 与之相反（图 5），其原因可能是不同有机肥施用量对土壤养分影响程度不同，使得各处理间微生物的生长、繁殖与富集不尽相同[29]。

3.3　低量有机肥对土壤多功能性的影响

农田相较于自然生态系统土壤的多功能性较低，施用有机肥能够增加土壤生物多样性以及生态系统功能，这与施用有机肥可增加土壤养分以及自身携带外源微生物有关[30]。施肥通过改变土壤微生物多样性从而增强土壤多功能性，两者之间呈显著相关关系，增加土壤微生物多样性有利于土壤多功能性的恢复。Hu 等[31]研究表明，施用有机肥显著提高了大多数生态系统的单一功能，对土壤多功能性产生了积极影响。然而，在绿洲农区，有机肥源紧缺，集约化生产中，施用高量有机肥的成本高、应用推广难度大。本研究中，有机肥施用量为 3 000 kg·hm^{-2} 时多功能性相较于仅施化肥处理显著增强，增加有机肥施用量（6 000 kg·hm^{-2}）土壤多功能性大幅度提高（图 6），说明施用 6 000 kg·hm^{-2} 的有机肥更有利于土壤多功能性恢复，可能是增施有机肥使得土壤微生物群落组成复杂化，增加了群落间的功能联系，能够提高生态系统的能量流动和物质循环速率，进而增强土壤多功能性，然而在有机肥施用量为 12 000 kg·hm^{-2} 时微生物群落多样性增加幅度有降低（图 6），会减缓或抑制其增长。

4　结　论

本研究表明随着有机肥施用量增加，绿洲农田土壤养分、微生物组成和多样性以及土壤多功能性随之增加。施用 3 000 kg·hm^{-2} 有机肥配施化肥的处理，土壤 SOC、TN、AP、AK 和 NO_3^--N 含量显著提高，细菌群落结构增强，改变了微生物群落组成，且显著增强了土壤多功能性。因此，综合考虑干旱区有机肥资源数量不足的情况，可通过持续低量施用有机肥（3 000～6 000 kg·hm^{-2}）措施，大面积提升干旱区绿洲农田土壤综合肥力和土壤多功能性。

参考文献（References）

[1] Liu L Z，Guo B Q，Wang F，et al. Effects of long-term nitrogen application on the soil ammonifier and nitrogen mineralization[J]. Acta Pedologica Sinica，2025，62（2）：DOI：10.11766/trxb202310310445. [刘灵芝，郭冰清，王丰，等. 长期施氮对土壤氨化细菌和氮矿化作用的影响[J].土壤学报，2025，62（2）：DOI：10.11766/trxb202310310445.]

[2] Tang S，Ma Q X，Marsden K A，et al. Microbial community succession in soil is mainly driven by carbon and nitrogen contents rather than phosphorus and sulphur contents[J]. Soil Biology and Biochemistry，2023，180：109019.

[3] Thakur M P，Geisen S. Trophic regulations of the soil microbiome[J]. Trends in Microbiology，2019，27（9）：771—780.

[4] Chen G X，Wu C F，Ge T D，et al. Response of soil multifunctionality to reduced microbial diversity[J]. Environmental Science，2022，43（11）：5274—5285. [陈桂鲜，吴传发，葛体达，等. 土壤多功能性对微生物多样性降低的响应[J]. 环境科学，2022，43（11）：5274—5285.]

[5] Miao Y L，Liang F，Xie J，et al. Effects of Long-term organic fertilizer instead of chemical fertilizer on organic carbon stability of paddy soil[J]. Acta Pedologica Sinica，2023，60（2）：512—522. [缪玉琳，梁丰，谢军，等. 长期有机肥替代化肥对水稻土有机碳稳定性的影响[J]. 土壤学报，2023，60（2）：512—522.]

[6] Wang J W，Zhang G Y，Yu C Q. A meta-analysis of the effects of organic and inorganic fertilizers on the soil microbial community[J]. Journal of Resources and Ecology，2020，11（3）：298—303.

[7] Li W J. Effects of different amounts of organic fertilizers on soil microbiota[J]. Journal of Central China Agricultural University，1989，29（S1）：140—142.[李望杰. 不同用量有机肥对土壤微生物区系的影响[J]. 华中农业大学学报，1989，29（S1）：140—142.]

[8] Yang W R. Effect of long-term application of bio-organic fertilizer on soil biological characteristics[D]. Beijing：China Agricultural University，2004. [阳文锐. 长期施用生物有机肥对土壤生物学特性的影响研究[D]. 北京：中国农业大学，2004.]

[9] Wang X S，Wang N，Du Y，et al. Effects of organic fertilizers on organic matter fractions and microbial community structure of tobacco-planted soils in Yuxi[J]. China Agricultural Science and Technology Bulletin，2024，26（8）：201—212.[王兴松，王娜，杜宇，等. 有机肥对玉溪植烟土壤有机质组分和微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科技导报，2024，26（8）：201—212.]

[10] Xu B X，Chen Y S，Chen M J，et al. Research status and development trend of organic fertilizer spreading equipment for field crops in China[J]. Journal of Chinese Agricultural Mechanization，2022，43（12）：20—25.[许斌星，陈永生，陈明江，等. 我国大田作物有机肥撒施装备研究现状及发展趋势[J]. 中国农机化学报，2022，43（12）：20—25.]

[11] Bao S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd ed. Beijing：China Agriculture Press，2000. [鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京：中国农业出版社，2000.]

[12] Gu M Y，Tang G M，Zhang Y S，et al. Effects of organic fertilizer and biochar on microbial community characteristics of saline sandy soil in Xinjiang[J]. Journal of Ecology and Environment，2023，32（8）：1392—1404.[顾美英，唐光木，张云舒，等. 有机肥与生物炭对新疆盐碱沙化土壤微生物群落特征的影响[J]. 生态环境学报，2023，32（8）：1392—1404.]

[13] Yokono M，Satoh S，Tanaka A. Comparative analyses of whole-genome protein sequences from multiple organisms[J]. Scientific Reports，2018，8（1）：6800.

[14] Nilsson R H，Larsson K H，Taylor A F S，et al. The UNITE database for molecular identification of fungi：Handling dark taxa and parallel taxonomic classifications[J]. Nucleic Acids Research，2019，47（D1）：D259—D264.

[15] Wang X，Zhang Q，Zhang Z J，et al. Decreased soil multifunctionality is associated with altered microbial network properties under precipitation reduction in a semiarid grassland[J]. IMeta，2023，2（2）：e106.

[16] Li B，Song H，Cao W，et al. Responses of soil organic carbon stock to animal manure application：A new global synthesis integrating the impacts of agricultural managements and environmental conditions[J]. Global Change Biology，2021，27（20）：5356—5367.

[17] Cao Y F，Liu Q F，Liu K，et al. The effects of long-term different fertilization on carbon and nitrogen content in Lou soil[J]. Agricultural Research in the Arid Areas，2010，28（2）：187—190. [曹莹菲，刘庆芳，刘克，等. 长期不同施肥对土碳氮含量的影响[J]. 干旱地区农业研究，2010，28（2）：187—190.]

[18] Cotrufo M F，Ranalli M G，Haddix M L，et al. Soil carbon storage informed by particulate and mineral-associated organic matter[J]. Nature Geoscience，2019，12（12）：989—994.

[19] Cao X Y，Tan C Y，Yang J，et al. Effects of organic material on farmland soil fertility and Cd availability[J]. Soils，2024，56（2）：367—374. [曹雪莹，谭长银，杨佳，等. 有机物料对农田土壤肥力及镉有效性的影响[J]. 土壤，2024，56（2）：367—374.]

[20] Dong Z H，Zhang J H，He J，et al. Soil microbial network complexity predicts ecosystem multifunctionality for afforestation and restoration in the Loess Plateau[J].Acta Ecologica Sinica，2024，44（6）：2544—2560.[董政宏，张君红，何佳，等. 土壤微生物网络复杂性预测黄土高原造林恢复生态系统多功能性[J]. 生态学报，2024，44（6）：2544—2560.]

[21] Wen X L，Ma Y L，Zhou J X，et al. Effects of combined application of organic manure and inorganic fertilizer on structure and diversity of microbial community in tobacco-growing soil[J]. Soils，2023，55（4）：804—811. [温烜琳，马宜林，周俊学，等. 腐熟羊粪有机肥配施无机肥对植烟土壤微生物群落结构和多样性的影响[J]. 土壤，2023，55（4）：804—811.]

[22] Siles J A，Vera A，Díaz-López M，et al. Land-use- and climate-mediated variations in soil bacterial and fungal biomass across Europe and their driving factors[J]. Geoderma，2023，434：116474.

[23] Yang Y，Chen X，Liu L，et al. Nitrogen fertilization weakens the linkage between soil carbon and microbial diversity：A global meta-analysis[J]. Global Change Biology，2022，28（21）：6446—6461.

[24] Li G C，Niu W Q，Ma L，et al. Legacy effects of wheat season organic fertilizer addition on microbial co-occurrence networks，soil function，and yield of the subsequent maize season in a wheat-maize rotation system[J]. Journal of Environmental Management，2023，347：119160.

[25] Ren J H，Liu X L，Yang W P，et al. Rhizosphere soil properties，microbial community，and enzyme activities：Short-term responses to partial substitution of chemical fertilizer with organic manure[J]. Journal of Environmental Management，2021，299：113650.

[26] Yang Y，Dou Y，Wang B，et al. Deciphering factors driving soil microbial life-history strategies in restored grasslands[J]. iMeta，2023，2（1）：e66.

[27] Calleja-Cervantes M E，Menéndez S，

Fernández-González A J，et al. Changes in soil nutrient content and bacterial community after 12 years of organic amendment application to a vineyard：Compost changes soil's mineral content and microbial community[J]. European Journal of Soil Science，2015，66（4）：802—812.

[28] Yang Y，Qiu K Y，Xie Y Z，et al. Geographical，climatic，and soil factors control the altitudinal pattern of rhizosphere microbial diversity and its driving effect on root zone soil multifunctionality in mountain ecosystems[J]. Science of the Total Environment，2023，904：166932.

[29] Li K，Sun T，Sun T，et al. Effects of chicken manure organic fertilizer on the structural diversity of soil microbial communities in *Brassica napus*[J]. Journal of Agricultural and Environmental Sciences，2020，39（10）：2316—2324.[李可，孙彤，孙涛，等. 施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响[J]. 农业环境科学学报，2020，39（10）：2316—2324.]

[30] Li Q S，Yang K，Wang Z P，et al. Effects of organic substitution on soil extracellular enzyme activity and multi-functionality in rice-rapeseed rotation system[J]. Journal of Soil and Water Conservation，2021，35（2）：345—352，360. [李其胜，杨凯，汪志鹏，等. 稻-油轮作下有机替代对土壤胞外酶活性及多功能性的影响[J]. 水土保持学报，2021，35（2）：345—352，360.]

[31] Hu W，Zhang Y P，Rong X M，et al. Biochar and organic fertilizer applications enhance soil functional microbial abundance and agroecosystem multifunctionality[J]. Biochar，2024，6（1）：3.

（**责任编辑**：陈荣府）