

DOI: 10.11766/trxb202412230502

CSTR: 32215.14.trxb202412230502

牛玉慧, 王庆峰, 马想, 何小丽, 梁晶. 城市绿地土壤细菌和真菌群落结构对有机物料响应[J]. 土壤学报, 2026, 63 (5): 1737–1751.
NIU Yuhui, WANG Qingfeng, MA Xiang, HE Xiaoli, LIANG Jing. Responses of Soil Bacterial and Fungal Community Characteristics to Organic Materials Application in Urban Green Soils[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026, 63 (5): 1737–1751.

城市绿地土壤细菌和真菌群落结构对有机物料响应*

牛玉慧^{1, 2}, 王庆峰³, 马 想^{1, 2}, 何小丽^{1, 2}, 梁 晶^{1, 2†}

(1. 上海市园林科学规划研究院, 上海 200232; 2. 上海城市困难立地绿化工程技术研究中心, 上海 200232; 3. 上海市农业科学院, 上海 201499)

摘 要: 添加有机物料显著影响土壤微生物群落结构与多样性, 但城市绿地土壤微生物对有机物料响应尚不明确。采用尼龙网袋法, 研究 6 种有机物料, 包括园林绿化废弃物 (绿废)、绿废堆肥、沼渣、沼渣堆肥、泥炭和生物炭, 添加 16 个月对城市绿地土壤理化性质、细菌和真菌群落特征及微生物网络关系的影响。结果表明, 添加不同类型有机物料均提高城市绿地土壤电导率、有机碳和全氮含量, 增幅分别为 12.7%~49.0%、34.1%~87.0%和 4.2%~14.7%。添加有机物料对细菌 Alpha (α) 多样性无影响, 而显著促进真菌 α 多样性, 土壤电导率是主要影响因子。子囊菌门 (Ascomycota) 是城市绿地土壤优势真菌, 添加绿废和绿废堆肥处理土壤真菌群落显著区别于其他有机物料处理, pH 和微生物生物量碳是影响真菌群落的重要因素; 变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 等为土壤优势细菌, 添加沼渣和沼渣堆肥与其他处理土壤细菌群落明显分离, 有机物料芳香度指数是驱动细菌群落差异的主要因子。共现网络分析获得 6 个模块, 不同模块中物种相对丰度与有机物料芳香度指数和土壤养分有较强相关性, 其中, 模块 2、3、4 中的细菌群落相对丰度在沼渣和沼渣堆肥处理中最高, 其与土壤溶解性有机碳、微生物生物量碳和全氮含量呈显著正相关关系, 表明添加沼渣和沼渣堆肥能提高土壤养分有效性, 刺激细菌数量及活性。综上, 不同类型有机物料可通过影响城市绿地土壤理化性质改变微生物群落组成和互作关系, 进而调控土壤碳循环, 添加低芳香度指数有机物料有利于碳的分解和周转, 高芳香度指数有机物料则可能促进碳的稳定与留存。研究结果对于评价有机废弃物资源化利用协同提升城市绿地土壤微生物多样性及功能具有重要意义。

关键词: 有机废弃物; 城市绿地; 细菌; 真菌; 共现网络

中图分类号: S154.1 **文献标志码:** A

Responses of Soil Bacterial and Fungal Community Characteristics to Organic Materials Application in Urban Green Soils

NIU Yuhui^{1, 2}, WANG Qingfeng³, MA Xiang^{1, 2}, HE Xiaoli^{1, 2}, LIANG Jing^{1, 2†}

(1. Shanghai Academy of Landscape Architecture Science and Planning, Shanghai 200232, China; 2. Shanghai Engineering Research Center of Landscaping on Challenging Urban Sites, Shanghai 200232, China; 3. Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201499, China)

* 国家自然科学基金项目 (42001085) 和上海市软科学研究计划项目 (25692113600) 资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. 42001085) and the Soft Science Research Project of Shanghai (No. 25692113600)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: liangjing336@163.com

作者简介: 牛玉慧 (1990—), 女, 山西长治人, 博士, 主要研究方向为土壤碳氮循环。E-mail: nyh@shsyky.com

收稿日期: 2024-12-23; 收到修改稿日期: 2025-05-16; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2025-09-05

Abstract: 【 Objective 】 Although adding organic waste materials into soils significantly affects microbial characteristics, the responses of soil bacterial and fungal diversity, community composition and their interactions to different organic material amendments in urban green soils remain poorly understood. 【 Method 】 Using the mesh bag method, six types of organic materials including green waste (GW), green waste compost (GWC), biogas residue (BR), biogas residue compost (BRC), peat (PT) and biochar (BC) were selected to investigate the effects of organic materials addition on soil properties, microbial communities and co-occurrence network in urban green soils through a 16-month in situ experiment. 【 Result 】 The addition of organic materials greatly increased soil electrical conductivity, soil organic carbon, and soil total nitrogen content by 12.7%-49.0%, 34.1%-87.0%, and 4.2%-14.7%, respectively. Soil bacterial alpha (α) diversity did not change among all the treatments, while soil fungal α diversity was obviously increased after organic materials addition, which was mainly regulated by soil electrical conductivity. The dominant fungi were Ascomycota in urban green soils. Fungal communities in GW and GWC treatments significantly differed from other treatments, which was significantly influenced by soil pH and microbial biomass carbon. In contrast, Proteobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi and Firmicutes were abundant in urban green soils. Bacterial communities in BR and BRC treatments were distinctly separated from other treatments, which was primarily driven by the aromaticity index of organic materials. Further analysis of co-occurrence network revealed six main ecological clusters. The relative abundances of microbes in each module were different among all the treatments and were significantly correlated with soil nutrients and aromaticity index of organic materials. Specifically, the highest relative abundance of bacterial community in module 2, 3 and 4 was observed in BR and BRC treatments, which was positively correlated with dissolved organic carbon, microbial biomass carbon, and soil total nitrogen, indicating that addition of biogas residue and biogas residue compost might enhance soil nutrient availability and subsequently facilitate microbial activity. 【 Conclusion 】 This study concludes that adding different types of organic materials can regulate urban green soil microbial community composition and interaction patterns by influencing soil physicochemical properties, thereby altering soil carbon cycling. Organic materials with low aromaticity index, which are more easily decomposed by microorganisms, may accelerate soil carbon cycling, whereas organic materials with high aromaticity index may favor carbon retention in soils. These findings hold significant implications for accurately assessing the resource utilization of urban organic wastes and the improvement of microbial diversity and ecological function in green space soils.

Key words: Organic waste; Urban green soil; Bacteria; Fungi; Co-occurrence network

城市绿地在城市生态系统中提供着至关重要的生态服务功能,如改善空气质量、维持植被生长、提供生物栖息环境和调节土壤养分循环等,对人类健康产生深远影响^[1]。我国是全球城市化扩张最快的国家^[2],人类活动导致城市用地高度破碎化、连续的自然土壤面积减少、土壤养分流失、土体团粒结构破坏、土壤退化与污染日益加重。快速城市化不仅严重威胁着城市绿地生态系统多样性及功能稳定性,还强烈影响着土壤元素地球化学循环过程及微生物群落组成与功能^[3]。因此,提升城市绿地土壤生态功能和可持续发展能力至关重要。

在城市生态系统中,人们生产和生活需求的不断增加导致城市产生大量有机废弃物,例如厨余垃圾、园林绿化废弃物以及作物秸秆等。据统计,全球每年产生 16 亿吨厨余垃圾和 20 亿吨固体有机废弃物^[4-5],这些有机废弃物直接消纳强烈影响着全球

温室气体排放^[6]。研究指出,有机废弃物经过“好氧发酵”堆肥过程制备成有机改良物料,具有高有机质含量且无害化特点,将其归还到城市土壤中能显著提升土壤质量^[7],并在微生物分解作用下向土壤中释放碳、氮、磷等元素,影响土壤养分循环过程^[8]。目前的研究大多集中在这些有机物料改善城市绿地土壤理化性质方面^[7],而城市绿地土壤微生物群落变化尚不清楚,限制了对城市绿地管理措施影响土壤微生物及功能的认识。

土壤微生物对有机物料添加的响应受水分、温度、土壤及有机物料性质等多因素调控^[9-10],其中,有机物料类型是影响微生物特征的关键因素之一^[11]。例如,徐秋桐等^[12]为期 3 年的田间试验发现,施用猪粪/作物秸秆堆肥对新复垦耕地土壤微生物数量和活性的提升效果优于生活垃圾堆肥,归因于前者含有大量易利用的溶解性有机碳。Zhang 等^[13]

通过对比 729 个微生物原始序列,发现秸秆还田显著增加富营养型 *r*-策略微生物数量,这类微生物具有高代谢活性、快速生长和繁殖特性,能优先利用环境中可利用性高的碳源^[14]。Lin 等^[8]发现长期施用粪肥相比秸秆能提高土壤中降解顽固性有机碳的寡营养型 *K*-策略微生物的相对丰度,这主要是由于粪肥比秸秆的难降解芳基碳和烷基碳含量较高^[15],说明土壤微生物群落变化会受有机碳结构的调控^[16],即微生物对特定结构碳的偏好驱动其采用不同的养分获取生长策略,进而影响土壤碳转化过程。因此,将有机物料碳结构与 *r*-和 *K*-策略微生物群落变化相结合能更好地理解添加有机物料对土壤有机碳转化过程的调控^[16]。迄今为止,有机物料作用于土壤微生物的研究多集中在自然或农业环境中^[8, 13],其在城市绿地中的应用及对微生物的影响是否会表现出相似的结果,尤其是不同生长策略微生物类群与城市有机物料碳结构的耦合关系尚不清楚。

除微生物群落组成外,添加有机物料还改变生物多样性指数。然而,土壤细菌和真菌多样性对有机物料的反应存在较大争议性。例如, Cui 等^[10]对全球 136 篇文献的荟萃分析发现,有机物料增加细菌 Alpha (α) 多样性指数 (Shannon 和 Chao1),但对真菌 α 多样性无影响。相反, Sun 等^[17]发现添加有机物料增加真菌 α 多样性,促进其对凋落物等难降解有机物的分解。值得注意的是,微生物多样性往往不足以直接反映微生物群落功能,微生物间相互聚集并形成的生态网络及共现模式能帮助理解微生物的复杂关联,揭示微生物对环境变化的响应及可能对生态系统功能产生的影响^[18]。共现网络的模块化分析可以衡量物种相互联系的紧密程度,通过识别节点集群发现偏好相似环境或者执行相同生态功能的微生物类群^[13, 19]。城市管理显著影响微生物物种间的共现模式^[20],因此,了解城市绿地土壤微生物群落共生模式对添加有机物料的反应对于理解绿地土壤潜在生态功能具有重要作用。

上海城市扩张速度快,景观地貌及土壤受人为活动干扰强烈^[2]。基于此,本研究以上海市苗圃试验基地为研究平台,建立原位试验,通过 ¹³C 核磁共振技术测定有机物料碳官能团结构,利用 16S rRNA 高通量测序技术分析 6 种不同类型有机物料如何影响土壤细菌和真菌多样性及群落变化,并构建细菌和真菌群落的网络关系,明确不同类型有机

物料添加下土壤微生物群落组成差异、网络共现模式及其主要影响因子,为有机废弃物资源化利用及制定城市绿地土壤可持续管理措施提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验地概述与试验设计

研究在上海市园林科学规划研究院邬桥苗圃种植基地 (30°57' N, 121°24' E) 进行,区域年均气温 16 °C,年均降水量 1 100 mm,集中在 5—9 月,属亚热带季风气候。基地近 25 年来长期用于绿化苗圃植物的培育,土壤发育于长江冲积物,质地为壤土,表层土壤有机碳 (SOC) 5.18 g·kg⁻¹,土壤全氮 (TN) 0.54 g·kg⁻¹, pH 8.30,电导率 (EC) 0.09 mS·cm⁻¹。

试验始于 2022 年 5 月,选取基地内当年未种植植物区域为试验地,对原位土壤人为翻动 0~30 cm 使其分布均匀。供试有机物料包括:(1) 园林绿化废弃物 (绿废),来源于上海植物园绿化工程有限公司 2021 年冬季在园区修剪的枯枝落叶;(2) 沼渣,来源于上海老港生物能源再利用中心将厨余垃圾经过厌氧发酵产生的固态残余物;(3) 绿废堆肥,由绿废粉碎物添加氮肥及牛粪辅料,在含水量 50%~60%、物料碳氮比 25~30、堆体温度 60 °C 以上的条件下,好氧发酵约 2 个月后制备而成;(4) 沼渣堆肥,由上述沼渣添加木屑辅料,在含水量 50%~60%、物料碳氮比 25~30、堆体温度 55 °C 以上的条件下,好氧发酵约 2 个月后制备而成;(5) 泥炭,购自 Plantaflor Humus Verkaufs-GmbH 公司;(6) 生物炭,由时科生物科技有限公司将竹竿原料在 450 °C 条件下缺氧制备而成。

试验共设置 7 个处理:(1) 不添加有机物料 (CK);(2) 添加绿废 (GW);(3) 添加绿废堆肥 (GWC);(4) 添加沼渣 (BR);(5) 添加沼渣堆肥 (BRC);(6) 添加泥炭 (PT);(7) 添加生物炭 (BC)。每个处理设置 3 个重复小区,各小区面积 3 m² (1 m × 3 m),随机分布。为避免土壤动物对有机物料分解及微生物群落的影响,采用尼龙网袋法在原地土壤中进行试验。将供试有机物料过 2 mm 筛后,与原位土壤按 1:50 (烘干重) 质量比混合均匀,装入 105 个 40 目的尼龙网袋 (15 cm × 10 cm) 后随机平铺于 20 cm 深度土层,上方覆盖原位土壤,每个小区按 50 cm 间隔分别埋藏 5 个尼龙网袋。

1.2 样品采集与项目测定

有机物料腐解后期分解速率较低,有机物质含量和性质相对稳定^[21],因此在尼龙网袋埋藏 16 个月于 2023 年 9 月统一收集并迅速带回实验室,各小区分解袋内的土壤-有机物料混合物均匀混合为一个样品后分成三份,一份经风干研磨后用于测定 SOC、TN、pH、EC、全磷(TP)和全钾(TK)含量;一份保存于 4℃冰箱一周内测定土壤微生物量碳(MBC)和溶解性有机碳(DOC)含量;另一部分保存于-20℃冰箱,用于提取土壤 DNA 及后续微生物分析。

土壤和有机物料的基本理化指标依据《土壤农业化学分析方法》测定^[22]。SOC 和有机物料有机碳含量采用重铬酸钾氧化-外加加热法测定。TN 和有机物料全氮含量采用半微量凯氏定氮法测定。土壤 TP 和 TK 分别采用硫酸-高氯酸消煮-钼锑抗比色法及氢氧化钠熔融-火焰光度法测定。土壤 MBC 采用氯仿熏蒸提取法测定。土壤 DOC 按 1:5 固液比用去离子水浸提,过 0.45 μm 聚醚砜滤膜后,用碳氮分析仪(Multi N/C 3100, Analytik Jena, 德国)测定。采用 pH 计(SevenCompact S210, Mettler Toledo, 瑞士)测定土壤 pH(固液比为 1:2.5)。采用电导率仪(inoLab Cond 7310, WTW, 德国)测定 EC(固液比为 1:5)。有机物料碳结构采用固态核磁共振谱仪(Bruker Avance III400, Bruker BioSpin AG, Fällanden, 瑞士)测定。核磁共振图谱积分由 MestReNova 软件分析,划分为 7 个化学区,分别代表 7 种官能团碳,包括烷基碳(Alkyl C)、甲氧基碳(Methoxy C)、含氧烷基碳(O-alkyl C)、乙缩醛碳(Di-O-alkyl C)、芳基碳(Aromatic C)、酚基碳(Phenolic C)和羰基碳(Carbonyl C)^[21]。有机物料芳香度指数是评估碳降解程度的有效指标^[21],以(芳基碳+酚基碳)/(烷基碳+甲氧基碳+含氧烷基碳+乙缩醛碳+芳基碳+酚基碳+羰基碳)公式计算。

1.3 土壤微生物 DNA 提取与高通量测序

土壤 DNA 采用 Fast DNA® Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, 美国)试剂盒按照操作说明书步骤提取,分别使用引物 338F/806R 和 ITS1/FITS2R 对细菌 16S rRNA 的 V3-V4 区和真菌 ITS1 区进行 PCR 扩增。将纯化后的 PCR 扩增产物等物质的量浓

度混合后在 Illumina Miseq PE300 平台(上海美吉生物医药科技有限公司)进行双向高通量测序。对原始序列进行质控和过滤,按照 70%的分类置信度及 97%的相似度划分操作分类单元(OTU)。随后,挑选每个 OTU 中数量最多的序列作为代表性序列,采用核糖体数据库项目(Ribosomal database project, RDP)Classifier 方法用 SILVA(138)和 NUNITE(8)数据库分别对细菌和真菌物种进行分类注释,以序列数最少的处理样品为标准进行抽平。细菌和真菌 α多样性(Shannon, ACE 和 Chao1 指数)采用 Mothur(v1.30.2)软件进行分析,α多样性指数差异倍数为添加有机物料土壤与对照土壤微生物 α多样性指数的比值。

根据微生物对底物的利用特点,微生物被分为富营养型和寡营养型,后者相对前者对养分需求小,更易分解顽固有机物质,二者的变化可反映土壤碳转化过程^[18]。对于细菌,酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和浮霉菌门(Planctomycetes)被归类为寡营养型的细菌类群(K-策略),而厚壁菌门(Firmicutes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)被归为富营养型的细菌类群(r-策略),由于变形菌门(Proteobacteria)复杂的系统发育和生理多样性,尽管其相对丰度约占细菌的 25%,其未被分类^[23];对于真菌,担子菌门(Basidiomycota)和子囊菌门(Ascomycota)分别被分类为 K-策略和 r-策略微生物^[23]。微生物变化倍数(Fold change)以 $\log_2$ (添加有机物料土壤微生物相对丰度/对照土壤微生物相对丰度)公式计算。测序数据上传至 NCBI Sequence Read Archive 中,序列号为 PRJNA1067289。

1.4 数据分析

运用 SPSS 22.0 和 Origin Pro 9.0 软件进行数据分析和绘图。采用单因素方差分析(One-ANOVA)和最小显著差异法 LSD($P < 0.05$)检验处理间的差异显著性。利用 R 4.2.2 软件“vegan”包进行主坐标分析(Principal coordinates analysis, PCoA)和冗余分析(Redundancy analysis, RDA);使用置换多元方差分析(Permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA)检验微生物群落差异;使用曼特尔检验(Mantel test, 999 permutations)分析

环境因子与微生物群落的关系。利用 R 软件基于“psych”包进行微生物物种相关性矩阵分析,选择斯皮尔曼 (Spearman) 相关性系数 $r > |0.6|$ 且显著性 $P < 0.05$ 的物种构建细菌-真菌共现网络,使用 Gephi 0.9.7 软件的 Fruchterman Reingold 算法布局计算网络模块化系数,绘制细菌-真菌共现网络图。网络模块中微生物累积丰度用 SPSS 进行 Z 分数标准化处理,基于皮尔逊 (Pearson) 相关性分析网络模块与环境因子的关系。

2 结 果

2.1 添加有机物料对城市绿地土壤理化性质的影响

表 1 为有机物料性质,由表可见,绿废、绿废堆肥和泥炭的有机碳含量最高,含氧烷基碳占主导

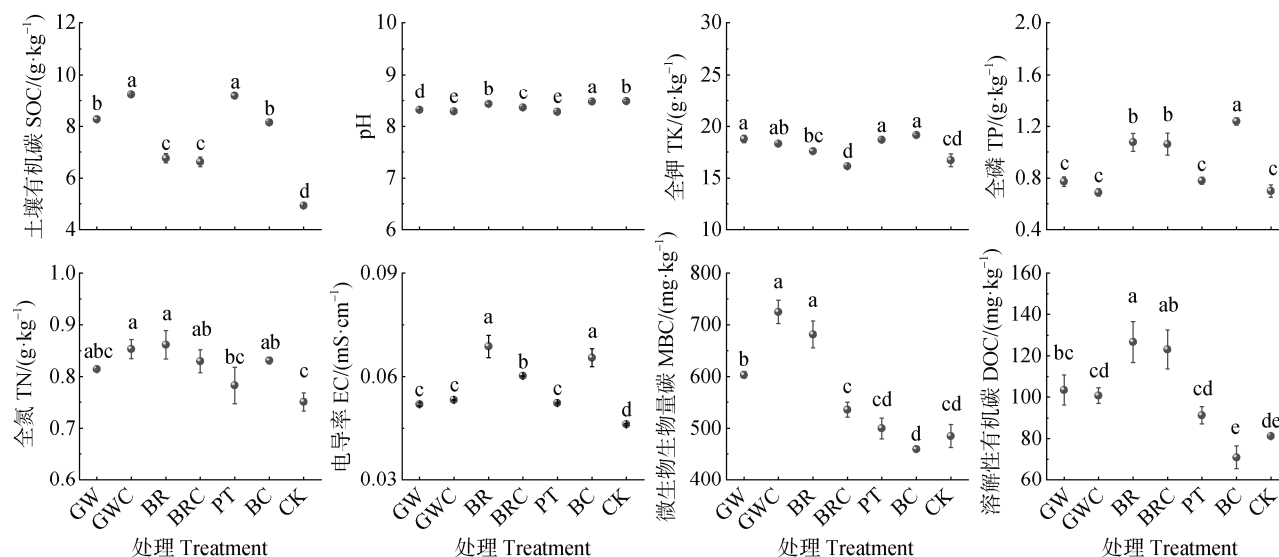
地位。生物炭含有较高比例的芳基碳,其芳香度指数最大,显著高于其他有机物料 ($P < 0.05$)。沼渣和沼渣堆肥的全氮含量最高,是其他有机物料的 2.3 倍~7.1 倍。此外,沼渣和沼渣堆肥的 EC 值分别为 5.11 和 3.65 $\text{mS}\cdot\text{cm}^{-1}$,显著高于其他有机物料 ($P < 0.05$)。

与 CK 相比,添加有机物料后的城市绿地 SOC 和 EC 含量均显著升高(图 1),增幅分别为 34.1%~87.0%和 12.7%~49.0%。BR、BRC、GWC 和 BC 处理 TN 含量显著升高,增幅为 10.6%~14.7%。GW、GWC 和 BR 处理土壤 DOC 和 MBC 显著升高,增幅分别为 24.2%~56.2%和 24.3%~49.5%。GW、GWC 和 PT 处理土壤 pH 显著降低,BC 处理 pH 显著升高。此外,BC 处理土壤 TP 和 TK 含量最大,分别为 1.2 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 19.1 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。

表 1 有机物料理化性质
Table 1 Properties of organic materials

有机物料 Organic material	有机碳 Organic C/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全氮 Total N/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	电导率 EC/ ($\text{mS}\cdot\text{cm}^{-1}$)	烷基碳 Alkyl C/%	甲氧基碳 Methoxyl C/%	含氧烷基碳 O-alkyl C/%
绿废 ^①	375.0±7.3a	3.89±0.20f	1.07±0.03d	6.33±0.01c	7.17±0.12c	52.98±0.40a
绿废堆肥 ^②	352.2±8.1ab	10.23±0.09c	0.72±0.00e	6.95±0.05c	11.73±0.09b	45.93±0.21b
沼渣 ^③	218.0±7.1b	27.67±0.12a	5.11±0.13a	51.51±0.67a	12.77±0.35ab	13.09±1.39c
沼渣堆肥 ^④	175.0±0.8c	23.37±0.03b	3.65±0.03b	50.73±0.86a	14.07±0.34a	9.97±1.03d
泥炭 ^⑤	365.9±0.9a	6.33±0.25e	0.31±0.01f	17.21±0.12b	4.58±0.20d	45.95±0.81b
生物炭 ^⑥	230.7±5.9b	8.87±0.62d	3.01±0.04c	40.69±0.30ab	2.22±0.10e	1.32±0.22e
有机物料 Organic material	乙缩醛碳 Di-O-alkyl C/%	芳基碳 Aromatic C/%	酚基碳 Phenolic C/%	羰基碳 Carbonyl C/%	芳香度指数 Aromaticity index	
绿废	11.63±0.14a	9.37±0.07c	6.57 0.17a	5.95±0.26d	0.159±0.002b	
绿废堆肥	10.26±0.14b	11.40±0.13b	6.92 0.03a	6.81±0.15c	0.183±0.001b	
沼渣	0.94±0.19d	0.74±0.12e	2.11 0.07d	18.84±0.27b	0.029±0.001d	
沼渣堆肥	0.61±0.18d	1.78±0.02d	1.77 0.10d	21.08±0.46a	0.035±0.001d	
泥炭	9.84±0.20b	10.26±0.34bc	4.67 0.24c	7.48±0.18c	0.149±0.004c	
生物炭	3.55±0.20c	40.96±0.54a	5.62 0.16b	5.62±0.08d	0.466±0.005a	

注：中数据为平均值±标准误 ($n=3$)，同一列中小写字母不同表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。Note: ①Green waste; ②Green waste compost; ③Biogas residue; ④Biogas residue compost; ⑤Peat; ⑥Biochar. Data in the table are means ± standard deviation ($n=3$). Different lowercase letters within the same row denote significant differences at $P < 0.05$.



注: GW: 添加绿废; GWC: 添加绿废堆肥; BR: 添加沼渣; BRC: 添加沼渣堆肥; PT: 添加泥炭; BC: 添加生物炭; CK: 不添加有机物料。图中误差线为标准误 ($n=3$), 不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。下同。Note: GW: adding green waste; GWC: adding green waste compost; BR: adding biogas residue; BRC: adding biogas residue compost; PT: adding peat; BC: adding biochar; CK: no organic material. Error lines are standard deviation ($n=3$). Different lowercase letters denote significant differences at $P < 0.05$. The same below.

图 1 添加不同有机物料土壤理化性质

Fig. 1 Soil physicochemical properties after 16 months application of organic materials

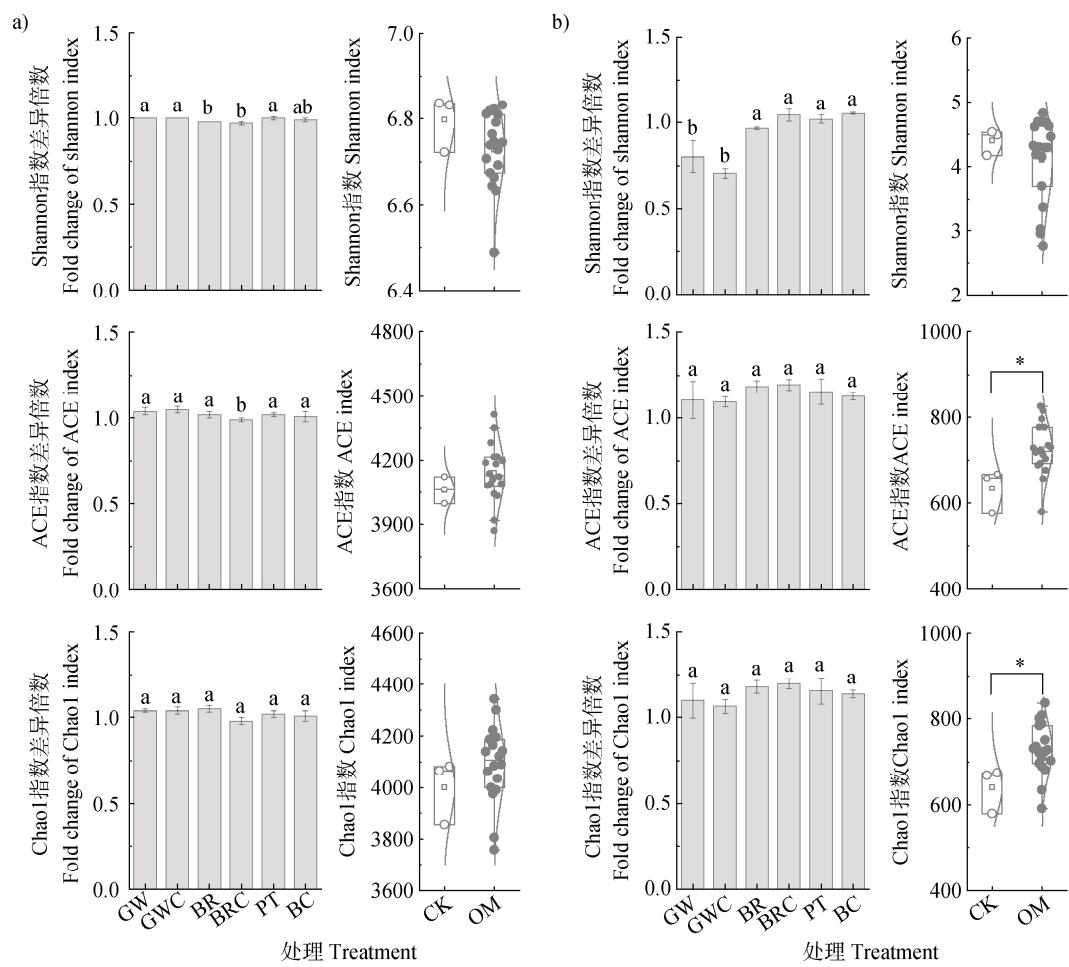
2.2 添加有机物料对城市绿地土壤微生物多样性及群落组成的影响

沼渣堆肥处理 (BRC) 土壤细菌 ACE 与 Shannon 指数差异倍数显著低于 GW、GWC 和 PT 处理; GW 和 GWC 处理土壤真菌 Shannon 指数差异倍数显著低于其他处理, 不同有机物料处理土壤真菌 ACE 和 Chao1 指数差异倍数无显著差异 (图 2)。总体而言, 添加有机物料对城市绿地土壤细菌 α 多样性指数无明显影响, 但显著增加土壤真菌 ACE 及 Chao1 指数 ($P < 0.05$), 且真菌 ACE 及 Chao1 指数与土壤 EC 呈显著正相关关系 (表 2)。

城市绿地土壤优势细菌为 Proteobacteria、Acidobacteria、Actinobacteria、Chloroflexi 和 Firmicutes, 占细菌总丰度的 78.4%~82.2% (图 3)。添加有机物料处理土壤 Acidobacteria 和 Chloroflexi 的相对丰度比 CK 高 5.7%~62.0% 和 22.0%~63.3%; 相反, 除 BC 处理外, 有机物料处理土壤 Actinobacteria 的相对丰度比 CK 低 6.4%~23.4%。与 CK 相比, BR 和 BRC 处理增加 Firmicutes 的相对丰度。在科分类水平上, 弧菌科 (Vicinamibacteraceae)、芽孢杆菌科 (Bacillaceae)、亚硝化单胞菌科

(Nitrosomonadaceae) 和吡喃单胞菌科 (Pyrinomonadaceae) 为优势微生物。与 CK 相比, 添加有机物料均增加 Vicinamibacteraceae 的相对丰度。与 GW、GWC、PT 和 BC 处理相比, BR 和 BRC 处理增加 Bacillaceae 的相对丰度, 而降低 Nitrosomonadaceae 和 Pyrinomonadaceae 的相对丰度。

城市绿地土壤优势真菌为 Ascomycota、Basidiomycota 和被孢菌门 (Mortierellomycota), 占真菌总丰度的 84.5%~94.0% (图 3)。与 CK 相比, 绿废处理 (GW) 和绿废堆肥处理 (GWC) 显著增加 Ascomycota 的相对丰度 (增幅为 24.2%~31.9%), 而降低 Basidiomycota 和 Mortierellomycota 的相对丰度。在科分类水平上, 各处理土壤粪壳菌科 (Sordariaceae)、毛壳菌科 (Chaetomiaceae)、被孢霉科 (Mortierellaceae) 和小囊菌科 (Microascaceae) 相对丰度最高。与 CK 相比, 添加有机物料降低 Microascaceae 的相对丰度, 降幅为 46.5%~76.7%; 除 PT 和 BC 处理外, 添加有机物料增加 Chaetomiaceae 的相对丰度, BR 处理增幅最大。与 BR、BRC、PT 和 BC 处理相比, GW 和 GWC 处理



注：OM：添加有机物料。*表示 $P < 0.05$ 。Note：OM：adding organic material. * indicates $P < 0.05$.

图 2 添加有机物料对土壤细菌 (a) 和真菌 (b) Alpha 多样性指数的影响
Fig. 2 Effects of organic materials application on soil bacterial (a) and fungal (b) alpha-diversity index

表 2 添加不同有机物料土壤微生物 Alpha 多样性指数与环境因子的相关性

Table 2 Pearson's correlation coefficients showing the relationships between environmental factors and the alpha diversity of bacteria and fungi in soils after 16 months application of organic materials

环境因子 Environmental factor	细菌 Bacteria			真菌 Fungi		
	Shannon 指数	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	ACE 指数	Chao1 指数
	Shannon index	ACE index	Chao1 index	Shannon index	ACE index	Chao1 index
SOC	0.227	0.406*	0.303	−0.379	0.196	0.147
TN	−0.219	0.223	0.293	−0.293	0.316	0.273
C/N	0.272	0.346	0.237	−0.284	0.120	0.084
DOC	−0.574**	0.012	0.095	−0.320	0.222	0.183
MBC	−0.070	0.376	0.321	−0.677**	0.107	0.017
pH	−0.166	−0.361	−0.221	0.492*	−0.028	0.039
EC	−0.474*	−0.159	0.022	0.252	0.402*	0.408*
TP	−0.413*	−0.210	−0.048	0.562**	0.376	0.441*

续表

环境因子 Environmental factor	细菌 Bacteria			真菌 Fungi		
	Shannon 指数	ACE 指数	Chao1 指数	Shannon 指数	ACE 指数	Chao1 指数
	Shannon index	ACE index	Chao1 index	Shannon index	ACE index	Chao1 index
TK	0.504*	0.367	0.253	-0.155	0.041	0.030
Aromaticity index	0.399	-0.001	-0.081	0.162	-0.183	-0.149

注：SOC：土壤有机碳；TN：全氮；C/N：土壤有机碳/全氮；DOC：溶解性有机碳；MBC：微生物生物量碳；EC：电导率；TK：全钾；TP：全磷。Aromaticity index：芳香度指数。*表示 $P < 0.05$ ；**表示 $P < 0.01$ 。下同。Note：SOC：soil organic carbon；TN：total nitrogen；C/N：the ratio of SOC to TN；DOC：dissolved organic carbon；MBC：microbial biomass carbon；EC：electrical conductivity；TK：total potassium；TP：total phosphorus. * indicates $P < 0.05$ ；** indicates $P < 0.01$. The same below.

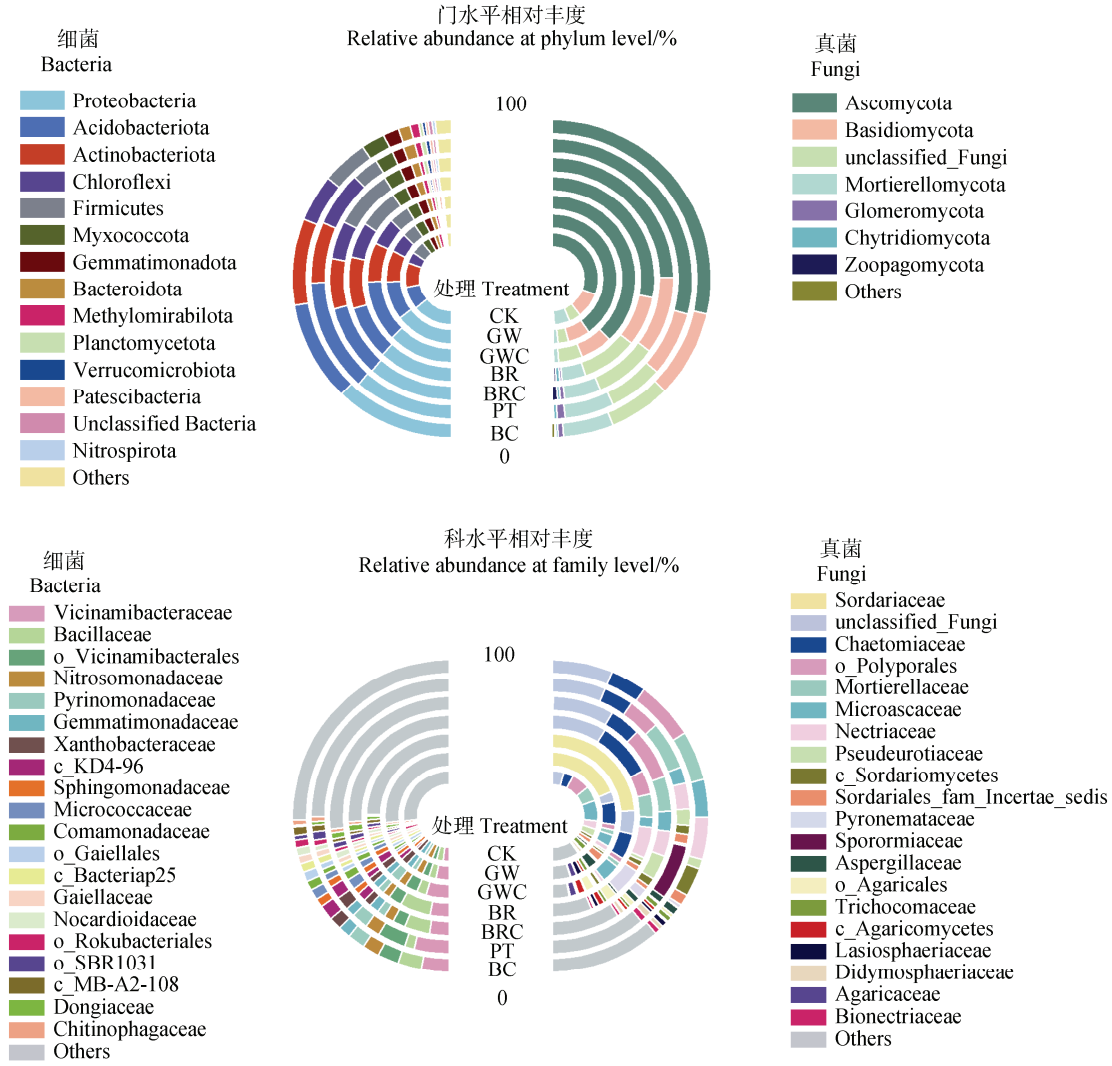


图 3 添加不同有机物料土壤微生物门和科水平相对丰度

Fig. 3 Effects of organic materials application on the relative abundance of microbe at phylum (up panel) and family (down panel) level

增加 Sordariaceae 的相对丰度，而降低 Mortierellaceae 的相对丰度。

BR 和 BRC 处理土壤细菌群落与其他处理在

PC1 轴上明显分离(图 4a)，曼特尔分析表明，SOC、TN、DOC、pH、EC 和芳香度指数是细菌群落结构的主要影响因子(表 3)，其中芳香度指数显著影响

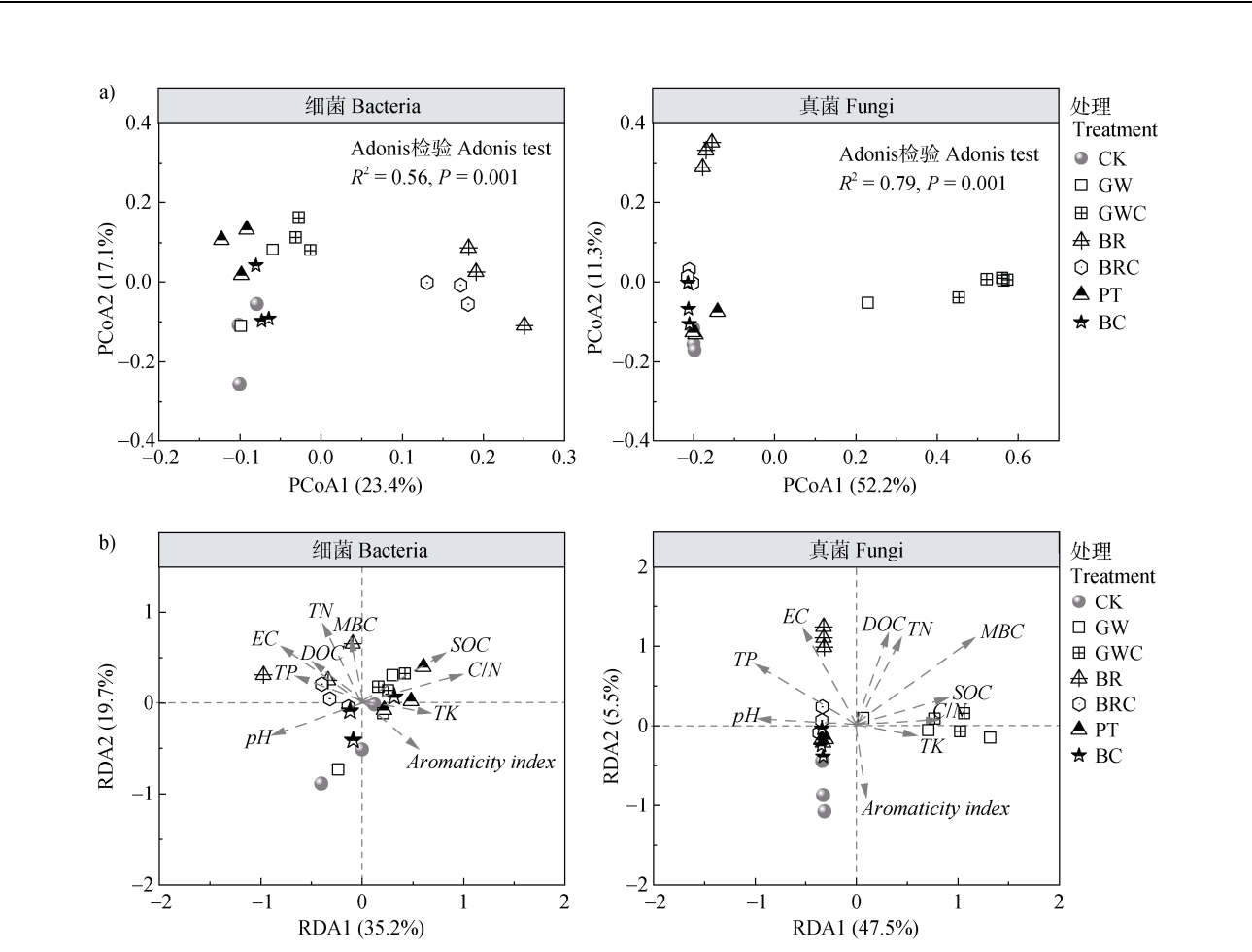


图 4 添加不同有机物料土壤微生物群落主坐标分析 (a) 和微生物群落与环境因子的冗余分析 (b)

Fig. 4 Principal coordinates analysis (PCoA) (a) and Redundancy analysis (RDA) of microbial community and environmental factors (b) after 16 months application of organic materials

表 3 添加不同有机物料土壤微生物群落结构与环境因子的曼特尔分析

环境因子 Environmental factor	细菌 Bacteria		真菌 Fungi	
	R 值	显著性 P 值	R 值	显著性 P 值
	R value	P value	R value	P value
SOC	0.256*	0.016	0.104	0.240
TN	0.292*	0.018	0.014	0.894
C/N	0.268**	0.007	0.147	0.081
DOC	0.297**	0.008	0.045	0.678
MBC	0.033	0.708	0.427**	0.001
pH	0.192*	0.015	0.186*	0.018
EC	0.358**	0.003	0.048	0.623
TP	0.086	0.332	0.139	0.072
TK	0.036	0.694	0.064	0.439
Aromaticity index	0.319**	0.003	0.015	0.883

BR 和 BRC 处理细菌群落结构变异 (图 4b)。不同于细菌群落, GW 和 GWC 处理土壤真菌群落与其他处理在 PC1 轴上明显分离, MBC 和 pH 是真菌群落的主要影响因子, 其中, MBC 显著影响

GW 和 GWC 处理真菌群落结构变异 (表 3)。此外, 添加有机物料土壤细菌 r-策略微生物丰度变化倍数与有机物料芳香度指数呈显著负相关关系 (图 5)。

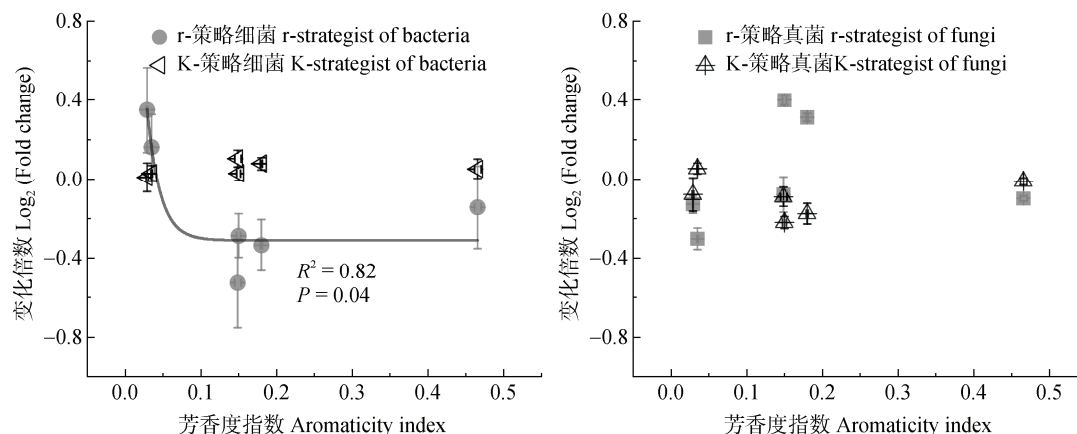


图 5 添加不同有机物料土壤 r-策略和 K-策略微生物相对丰度变化倍数与有机物料芳香度指数的回归分析
Fig. 5 Regression analysis of soil r- and K- strategist communities and aromaticity index of organic material

2.3 添加有机物料城市绿地土壤微生物共现网络

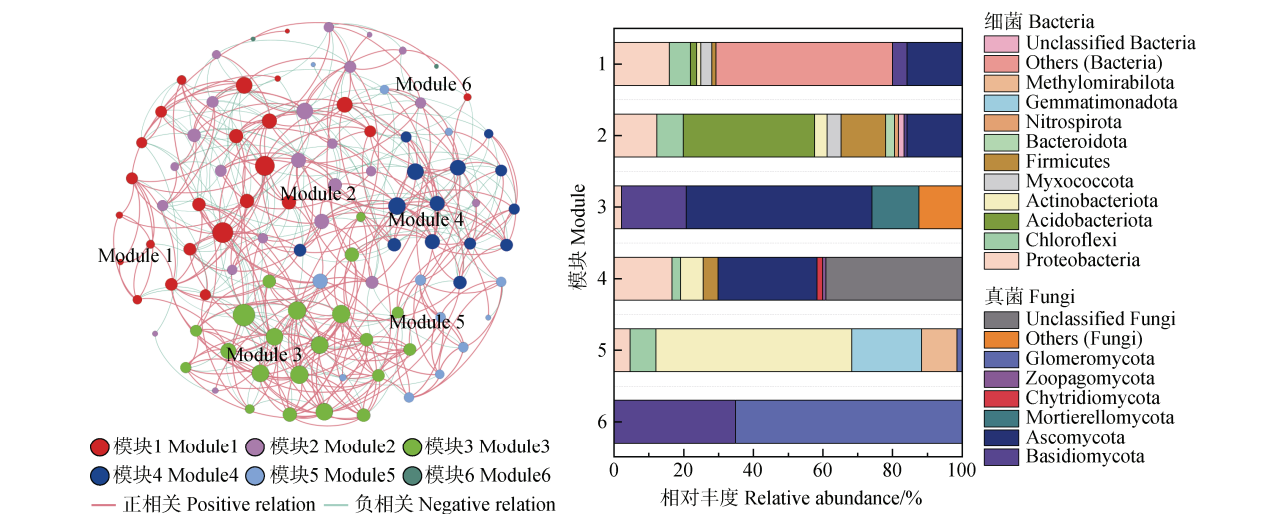
共现网络中, 细菌种类占 57.3%, 真菌种类占 42.7%, 占据节点较多的细菌为 Proteobacteria, 真菌为 Ascomycota 和 Basidiomycota (图 6)。网络相关关系中, 物种间关系 62.7% 为正相关, 37.3% 为负相关, 表明微生物之间的协同作用高于竞争作用。共现网络分为 6 个模块, 平均度 10.167, 平均聚类系数 0.482, 平均路径长度 2.590, 模块化系数 0.504。不同模块中微生物组成及相对丰度有明显差异, 其中, 模块 1 节点数最多, 以细菌类群为主 (占细菌总群落 37.3%~43.2%), 添加有机物料土壤 (除 GW 外) 的细菌物种相对丰度显著低于 CK (图 7); 模块 2 中细菌群落占总细菌群落的 30.6%~40.4%, 模块中细菌物种相对丰度在 BR 和 BRC 处理中最大; 模块 3 的节点以 Ascomycota 为主, GW 和 GWC 处理的真菌物种相对丰度较高; 模块 4 中的细菌物种相对丰度在 BR 和 BRC 处理中较高, 而真菌物种相对丰度在 GW 和 GWC 处理中最低。Pearson 相关性分析表明, 模块 1 中细菌物种相对丰度与有机物料芳香度指数呈显著正相关, 与土壤 DOC、MBC 和 EC 呈显著负相关; 相反, 模块 2、3 和 4 中细菌物种相对丰度与土壤 DOC、MBC 和 TN 呈显著正相关。模块 4 中真菌物种相对丰度与土壤 pH、DOC、MBC 和 TP 呈显著正相关。以上结果表明城市绿地土壤

添加有机物料后通过影响土壤理化性质调控微生物不同物种的聚集及互作关系。

3 讨 论

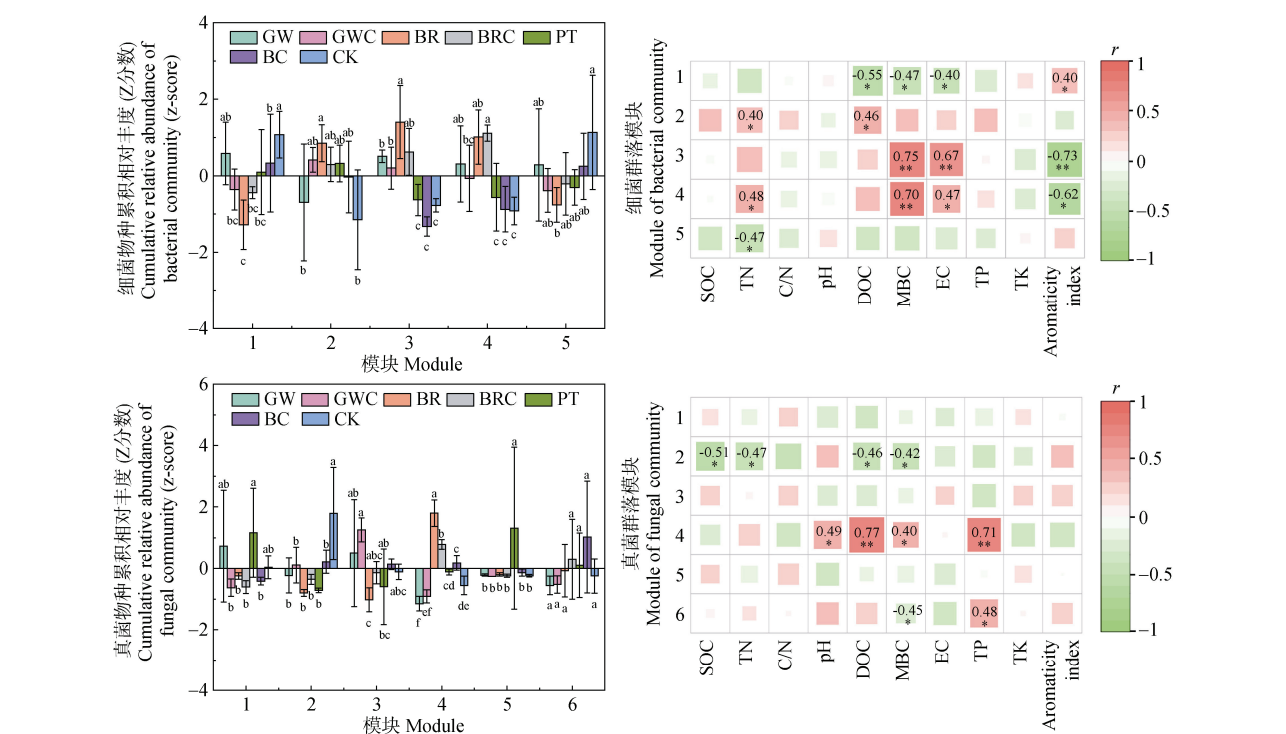
3.1 有机物料对城市绿地土壤微生物 α 多样性的影响

微生物群落多样性是评价土壤质量的重要生物指标, 多样性越高, 表明生态系统的环境越适宜微生物生长和繁殖^[10]。大量研究表明, 添加有机物料可为微生物提供充足的养分, 能显著增加土壤微生物群落的丰富度和多样性^[13, 24]。本研究发现, 在城市绿地中添加不同类型有机物料 16 个月后, 细菌 α 多样性指数未发生变化; 相反, 真菌 α 多样性指数显著提高, 特别是 ACE 和 Chao1 指数 (图 2)。这与 Cui 等^[10]的研究结果相反, 该研究认为真菌具有较广的环境适应性, 真菌相比细菌对土壤环境变化的敏感性较弱^[25]。以往研究表明, 在中性或酸性土壤中细菌多样性与土壤 pH 显著正相关^[13, 26], 细菌适宜生长的 pH 范围较狭窄。上海城市绿地土壤普遍呈碱性 (图 1)^[27], 这可能超出部分细菌类群的最适生长 pH 范围, 限制了细菌群落的多样性。此外, 城市绿地多由建筑用地转变而来, 土地利用方式变化可能影响土壤微生物多样性。Epp Schmidt 等^[28]



注：网络图中物种间 Spearman 相关系数 (r) ≥ 0.6 ，校正后的 $P < 0.05$ 。红线表示正相关关系，蓝线表示负相关关系。节点的颜色代表不同模块。节点的大小按照度（与该节点连接的边的数量）的小大赋值，连接的边越多，节点越大。Note: Only nodes that were significantly correlated with each other were connected (Spearman's correlation coefficient (r) ≥ 0.6 , FDR-adjusted $P < 0.05$). The red and blue lines indicate positive and negative correlation, respectively. The nodes are colored according to the module. The size of each node is proportional to the size of degree (that is, the number of edges connected to the nodes), and the more connected edges, the larger the nodes.

图 6 添加不同有机物料土壤细菌和真菌共现网络及各模块物种相对丰度
Fig. 6 Co-occurrence network of soil bacteria and fungi and the relative abundance of microbe at phylum level of each module



注：图例（-1 到 1）表示皮尔森相关系数 (r)，最高值用红色表示，最低值用绿色表示。Note: The color scale (-1 to 1) indicates the Pearson's correlation coefficient (r) with the highest value in red and lowest value in green.

图 7 共现网络模块中细菌和真菌群落相对丰度及其与环境因子的相关性
Fig. 7 Relative abundance (Z-score) of bacterial and fungal community of each module in co-occurrence network and correlation analysis between microbial relative abundance and environmental factors

指出城市用地转变不影响细菌群落多样性, 归因于植被群落的调控。本试验区域此前种植多种植物, 根系分泌物复杂多样, 增加了养分的异质性。相比细菌, 真菌 C/N 较高, 能通过分泌胞外酶分解难降解的有机物质, 在复杂环境中更具有生长优势^[29]。本研究添加的有机物料均含有较高比例的难降解碳(如烷基碳、芳基碳和酚基碳总和占比为 21.2%~87.2%), 更有利于不同真菌类群在土壤中的定殖, 驱动真菌多样性显著提升。此外, Sun 等^[17]发现施用有机猪粪和牛粪 30 年后, 外源真菌物种占土壤真菌丰富度的 10.9%, 表明有机物料自身所携带的外源真菌可能导致城市绿地土壤真菌 α 多样性增加。城市绿地不同管理措施会改变土壤 pH、含水量及养分等, 进而对微生物多样性产生影响^[3]。本研究中, 真菌 Chao1 和 ACE 指数与土壤 pH、SOC、TN、DOC 及 TK 等均无相关性, 而与土壤 EC 呈显著正相关关系(表 2)。原因可能是, 一方面, 添加有机物料提高土壤 EC(图 1), 真菌细胞将启动对土壤环境中渗透压和基质电位变化的适应机制^[30], 从而刺激真菌类群生长; 另一方面, 在微生物和酶作用下, 有机物料分解释放低分子量有机酸, 促进土壤中盐基离子的释放^[31], 进一步刺激真菌活性, 提高真菌群落多样性。

3.2 有机物料对城市绿地土壤微生物群落组成的影响

本研究发现, Proteobacteria 和 Acidobacteria 是城市绿地土壤优势细菌, 这与其他人在农田、林地与草地等^[14-15, 23-24]生境的研究结果相一致, 表明城市绿地与其他生态系统的土壤优势细菌组成具有相似性^[32]。添加有机物料改变城市绿地土壤细菌群落组成(图 3), 在有机养分输入的农田和草地土壤中均发现这一现象^[10, 14], 有机物料类型是微生物群落差异的主要影响因子^[11]。相较对照, 添加沼渣和沼渣堆肥处理(BR 和 BRC)土壤中富集较多的 Firmicutes。作为富营养型细菌, Firmicutes 常在施用肥沃土壤中占主导地位。研究表明, 有机物料的 C/N 决定有机物料分解和养分释放^[33], 沼渣和沼渣堆肥的 C/N 为 7~8, 相比其他有机物料更接近微生物的 C/N(8~25), 更易被微生物分解利用。BR 和 BRC 处理中较高的 DOC、TP 和 TK 浓度也证实土壤中含有较多底物, 能刺激 r-策略微生物快速生长。与此同时, 本研究发现绿废处理(GW)、绿废堆肥

处理(GWC)、泥炭处理(PT)和生物炭处理(BC)土壤中细菌科 Vicinamibacteraceae 和 Pyrinomonadaceae(隶属于 Acidobacteria)相对丰度较高(图 3)。这与 Wang 等^[24]的结果一致, 他们发现寡营养型细菌 Acidobacteria 在木质素等顽固性有机碳的分解过程中发挥着重要作用。相比厨余垃圾来源的沼渣和沼渣堆肥, 绿废堆肥和生物炭有机物料含有丰富的芳基碳, 这类难降解碳能在土壤中长期稳定留存^[21]。进一步分析发现, 不同处理土壤中 r-策略细菌与有机物料芳香度指数显著负相关(图 5), 表明添加有机物料驱动城市绿地土壤特定细菌群落的富集^[11, 18], 且微生物群落的响应差异主要依赖于有机物料的碳源类型和有效性^[8, 18]。

本研究发现, Ascomycota 是城市绿地土壤优势真菌, 这与其他农田和草地生态系统中的研究结果相一致^[9, 34]。韩继刚等^[35]在上海生态廊道绿地土壤也发现大量 Ascomycota。类似地, Baruch 等^[36]也指出南澳大利亚州 5 种不同类型城市绿地土壤的真菌群落以 Ascomycota 为主。相比之下, Basidiomycota 则被认为在木质素含量高的森林土壤中较为活跃^[37]。本研究发现, 除沼渣外的有机物料均不同程度降低城市绿地土壤 Basidiomycota 的相对丰度, 这与 Ye 等^[15]在农田土壤中的研究结果相似, 他们发现施用 27 年粪肥或作物残渣土壤含有丰富养分, 能促进 Ascomycota 生长, 但抑制 Basidiomycota 生长。Ma 等^[38]进一步指出, 添加秸秆初期土壤中易分解底物促进 Ascomycota 活性, 但随着不稳定底物的耗尽, 难降解化合物的积累转而有利于 Basidiomycota 生长。考虑到真菌残体 DNA 在土壤中比细菌 DNA 更稳定, 本研究中添加有机物料 16 个月后 Basidiomycota 相对丰度较低可能反映了其对有机物料响应的阶段性滞后^[39], 未来仍需长期监测土壤真菌群落的演替规律。相比对照, 添加不同类型有机物料降低了真菌科 Microascaceae 丰度(降幅 46.5%~76.7%), Microascaceae 的某些物种被证实对土壤中易分解碳源敏感^[40], 其丰度降低表明绿地土壤中可利用碳减少限制了真菌活性。此外, 本研究发现, 添加绿废和绿废堆肥处理(GW 和 GWC)土壤的真菌群落与其他处理在 PCoA 第一轴存在显著差异, 尤其 Sordariaceae 在这两个处理土壤中明显富集, 可能与绿废类有机物料中含有丰富的木质纤维素有关。以往的研究表明, 微生物群落取决于土壤性质^[3, 10],

如 pH、底物有效性等。这与本研究的 RDA 与 Mantel 分析结果相一致,表明土壤 pH 及 MBC 是影响城市绿地土壤真菌群落的主要因子。需要注意的是, BR 和 BRC 处理土壤未分类的真菌占有较大比例(图 3),沼渣原料餐厨废弃物种类繁多,残留的盐分、抗生素等可能在土壤中积累并影响土壤的潜在功能^[12],今后需加强对添加沼渣和沼渣堆肥城市绿地土壤的生态风险评估。

3.3 有机物料对城市绿地土壤微生物群落共现网络的影响

共现网络可以提供微生物之间非随机关联关系的信息^[8, 18]。Liu 等^[41]发现施用有机肥降低农田土壤网络复杂度和微生物间的正相关比例。相反,本研究发现添加有机物料增加了城市绿地土壤微生物物种间的正相关连接,表明添加有机物料有利于城市绿地土壤微生物群落的协同作用,增强城市土壤生态系统稳定性。与 Liu 等^[41]研究结果的差异可能在于,他们的研究区域是连续添加 35 年有机肥的土壤,其 SOC 和可利用养分浓度均显著高于本研究城市绿地土壤。Ratzke 等^[42]指出,当土壤养分充足时,物种快速繁殖并相互竞争获取养分,而在养分浓度低的贫瘠土壤中,物种则通过合作关系以便高效获取土壤中有限的资源。因此,随着有机物料分解后期顽固性有机碳的积累,土壤环境压力将促进微生物互利共生关系,这可能增强群落抵抗土壤环境胁迫的能力^[20]。本研究中,模块 1、2 和 3 中微生物的节点数最多,分别以 Proteobacteria、Acidobacteria 和 Ascomycota 占优势地位,表明它们是维持网络稳定性的关键微生物类群^[19-20]。网络模块中物种相对丰度与土壤性质显著相关,尤其模块 2、3 和 4 中细菌物种的相对丰度与土壤养分指标如 DOC、MBC 和 TN 等呈显著正相关(图 7)。模块 2、3 和 4 中细菌物种的相对丰度在 BR 和 BRC 处理中最高,表明添加沼渣类有机物料增加土壤养分含量,刺激细菌生长,加快土壤中养分循环和周转。相反,模块 1 中细菌物种相对丰度在添加有机物料绿废和生物炭处理(GW 和 BC)土壤中最高,与土壤养分指标显著负相关,与有机物料芳香度指数显著正相关,表明模块 1 中的物种在养分匮乏的环境中关联性强,生物炭和绿废等芳香度指数较高的有机物料可能限制其养分向土壤中的转化效率^[31]。综上所述,不同碳源特性的有机物料通过改变土壤养分状况,驱动

微生物网络模块中物种的响应差异,为城市绿地土壤管理提供调控策略,添加沼渣和沼渣堆肥可促进与养分富集相关的微生物生长,加速有机物料碳氮养分向土壤中的释放,进而可能促进植被生长。

4 结 论

添加不同类型有机物料的城市绿地土壤真菌 α 多样性升高,而细菌 α 多样性无明显变化。有机物料改变土壤微生物群落结构,绿废和绿废堆肥处理增加 Ascomycota 的相对丰度;沼渣和沼渣堆肥处理富集快速生长的 r-策略细菌类群,有机物料芳香度指数是细菌群落组成的重要因子。添加沼渣和沼渣堆肥增加土壤全氮和溶解性有机碳含量,促进了共现网络集群模块内细菌物种的相对丰度,对土壤养分循环有积极作用。综上,有机物料碳结构决定城市绿地土壤微生物群落特征,芳香度指数低的有机物料对城市绿地土壤养分提升效果最优。未来需结合城市化水平和地区差异等,深入解析城市化驱动多因素对土壤微生物的关键作用,通过调整绿地土壤管理制度加强对有机废弃物资源化利用以促进城市生态系统的可持续发展。

参考文献 (References)

- [1] O'Riordan R, Davies J, Stevens C, et al. The ecosystem services of urban soils: A review[J]. *Geoderma*, 2021, 395: 115076.
- [2] Sun L Q, Chen J, Li Q L, et al. Dramatic uneven urbanization of large cities throughout the world in recent decades[J]. *Nature Communications*, 2020, 11: 5366.
- [3] Huang X R, Su X X, Zhou S Y D, et al. Review on the microorganisms in urban green space and their response to urbanization[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, 61 (12): 3887—3902. [黄鑫榕, 苏晓轩, 周曙屹聃, 等. 城市绿地微生物及其对城市化的响应[J]. *微生物学报*, 2021, 61 (12): 3887—3902.]
- [4] De Clercq D, Wen Z G, Gottfried O, et al. A review of global strategies promoting the conversion of food waste to bioenergy via anaerobic digestion[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2017, 79: 204—221.
- [5] Liu X, Xie Y C, Sheng H. Green waste characteristics and sustainable recycling options[J]. *Resources, Environment and Sustainability*, 2023, 11: 100098.
- [6] Nordahl S L, Devkota J P, Amirebrahimi J, et al. Life-cycle greenhouse gas emissions and human health trade-offs of organic waste management strategies[J].

- Environmental Science & Technology, 2020, 54 (15): 9200—9209.
- [7] Du T T, Sun X Y, Li S Y, et al. Effects of landscaping waste mulching on soil fertility of urban green space[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2021, 43 (10): 110—117. [杜田甜, 孙向阳, 李素艳, 等. 园林绿化废弃物覆盖对城市绿地土壤肥力影响[J]. 北京林业大学学报, 2021, 43 (10): 110—117.]
- [8] Lin Y X, Ye G P, Kuzyakov Y, 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.
- [9] Zheng W, Zhao Z Y, Gong Q L, et al. Responses of fungal-bacterial community and network to organic inputs vary among different spatial habitats in soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2018, 125: 54—63.
- [10] Cui J W, Yang B G, Zhang M L, et al. Investigating the effects of organic amendments on soil microbial composition and its linkage to soil organic carbon: A global meta-analysis[J]. Science of the Total Environment, 2023, 894: 164899.
- [11] Bian Q, Wang X Y, Bao X G, et al. Exogenous substrate quality determines the dominant keystone taxa linked to carbon mineralization : Evidence from a 30-year experiment[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2022, 169: 108683.
- [12] Xu Q T, Kong Z L, Zhang M K. Comprehensive evaluation of improving effects of different organic wastes on a newly reclaimed cultivated land[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2016, 27(2): 567—576. [徐秋桐, 孔樟良, 章明奎. 不同有机废弃物改良新复垦耕地的综合评价[J]. 应用生态学报, 2016, 27 (2): 567—576.]
- [13] Zhang M M, Dang P F, Haegeman B, et al. The effects of straw return on soil bacterial diversity and functional profiles : A meta-analysis[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2024, 195: 109484.
- [14] Eilers K G, Lauber C L, Knight R, et al. Shifts in bacterial community structure associated with inputs of low molecular weight carbon compounds to soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2010, 42: 896—903.
- [15] Ye G P, Lin Y X, Luo J F, et al. Responses of soil fungal diversity and community composition to long-term fertilization: Field experiment in an acidic Ultisol and literature synthesis[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 145: 103305.
- [16] Cazzolino V, Di Meo V, Monda H, et al. The molecular characteristics of compost affect plant growth, arbuscular mycorrhizal fungi, and soil microbial community composition[J]. Biology and Fertility of Soils, 2016, 52 (1): 15—29.
- [17] 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.
- [18] Ling N, Zhu C, Xue C, et al. Insight into how organic amendments can shape the soil microbiome in long-term field experiments as revealed by network analysis[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2016, 99: 137—149.
- [19] Liu M F, Zhou G X, Zhang J B, et al. Effects of long-term straw burying and nitrogen fertilizer application on soil bacterial community characteristics[J]. Acta Pedologica Sinica, 2024, 61 (5): 1374—1385. [刘明凤, 周桂香, 张佳宝, 等. 长期秸秆掩埋配施氮肥对土壤细菌群落特征的影响[J]. 土壤学报, 2024, 61 (5): 1374—1385.]
- [20] Liu L, Zhang Z C, Wang X, et al. Urbanization reduces soil microbial network complexity and stability in the megacity of Shanghai[J]. Science of the Total Environment, 2023, 893: 164915.
- [21] Xu Y H, Chen Z M, Fontaine S, et al. Dominant effects of organic carbon chemistry on decomposition dynamics of crop residues in a Mollisol[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2017, 115: 221—232.
- [22] 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.]
- [23] Hu P L, Zhang W, Kuzyakov Y, et al. Linking bacterial life strategies with soil organic matter accrual by karst vegetation restoration[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2023, 177: 108925.
- [24] Wang Q F, Jiang X, Guan D W, et al. Long-term fertilization changes bacterial diversity and bacterial communities in the maize rhizosphere of Chinese Mollisols[J]. Applied Soil Ecology, 2018, 125: 88-96.
- [25] Schmidt S K, Nemergut D R, Darcy J L, et al. Do bacterial and fungal communities assemble differently during primary succession?[J]. Molecular Ecology, 2014, 23 (2): 254—258.
- [26] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. The ISME Journal, 2010, 4 (10): 1340—1351.
- [27] Yu Q B, Zhong Q C, Li R X, et al. Comprehensive evaluation of soil quality of typical green spaces in outer green belt of Shanghai[J]. Soils, 2024, 56 (5): 1077—1083. [于全波, 仲启铤, 李谿汐, 等. 上海外环线典型绿地土壤质量综合评价[J]. 土壤, 2024, 56 (5): 1077—1083.]
- [28] Epp Schmidt D J, Pouyat R, Szlavecz K, et al. Urbanization erodes ectomycorrhizal fungal diversity and may cause microbial communities to converge[J]. Nature Ecology & Evolution, 2017, 1: 123.

- [29] Mizuta K, Taguchi S, Sato S. Soil aggregate formation and stability induced by starch and cellulose[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 87: 90—96.
- [30] Wichern J, Wichern F, Joergensen R G. Impact of salinity on soil microbial communities and the decomposition of maize in acidic soils[J]. *Geoderma*, 2006, 137 (1/2): 100—108.
- [31] Singh H, Northup B K, Rice C W, et al. Biochar applications influence soil physical and chemical properties, microbial diversity, and crop productivity: A meta-analysis[J]. *Biochar*, 2022, 4 (1): 8.
- [32] Delgado-Baquerizo M, Eldridge D J, Liu Y R, et al. Global homogenization of the structure and function in the soil microbiome of urban greenspaces[J]. *Science Advances*, 2021, 7 (28): eabg5809.
- [33] Yang S S, Sun J Y, Wang C, et al. Residue quality drives SOC sequestration by altering microbial taxonomic composition and ecophysiological function in desert ecosystem[J]. *Environmental Research*, 2024, 250: 118518.
- [34] Wang K B, Zhang Y W, Tang Z S, et al. Effects of grassland afforestation on structure and function of soil bacterial and fungal communities[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 676: 396—406.
- [35] Han J G, Luo Y Z, Zhang W W. Soil fungal diversity in the typical urban ecological corridors in Shanghai[J]. *Landscape Architecture Academic Journal*, 2024, 41 (4): 34—41. [韩继刚, 骆玉珍, 张维维. 上海典型城市生态廊道的土壤真菌多样性[J]. *园林*, 2024, 41 (4): 34—41.]
- [36] Baruch Z, Liddicoat C, Laws M, et al. Characterising the soil fungal microbiome in metropolitan green spaces across a vegetation biodiversity gradient[J]. *Fungal Ecology*, 2020, 47: 100939.
- [37] Yelle D J, Ralph J, Lu F C, et al. Evidence for cleavage of lignin by a brown rot basidiomycete[J]. *Environmental Microbiology*, 2008, 10 (7): 1844—1849.
- [38] Ma A Z, Zhuang X L, Wu J M, et al. Ascomycota members dominate fungal communities during straw residue decomposition in arable soil[J]. *PLoS One*, 2013, 8 (6): e66146.
- [39] Zhou G P, Gao S J, Chang D N, et al. Succession of fungal community and enzyme activity during the co-decomposition process of rice (*Oryza sativa* L.) straw and milk vetch (*Astragalus sinicus* L.) [J]. *Waste Management*, 2021, 134: 1—10.
- [40] Han Z Q, Xu P S, Li Z T, et al. Microbial diversity and the abundance of keystone species drive the response of soil multifunctionality to organic substitution and biochar amendment in a tea plantation[J]. *GCB Bioenergy*, 2022, 14 (4): 481—495.
- [41] Liu J A, Shu A P, Song W F, et al. Long-term organic fertilizer substitution increases rice yield by improving soil properties and regulating soil bacteria[J]. *Geoderma*, 2021, 404: 115287.
- [42] Ratzke C, Barrere J, Gore J. Strength of species interactions determines biodiversity and stability in microbial communities[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2020, 4 (3): 376—383.

(责任编辑：卢 萍)