



有机替代无机肥对北方石灰性褐土肥力和细菌群落结构的影响

汪林楠¹, 王虹江¹, 郭锦涛², 梁利宝^{1*}, 李廷亮¹

(1. 山西农业大学资源环境学院, 山西 太谷 030801; 2. 山西农业大学农学院, 山西 太谷 030801)

摘要: 探究有机替代无机肥对北方石灰性褐土肥力和细菌群落结构的影响, 设置对照 (CK)、单施化肥、70% 化肥 +30% 有机肥、50% 化肥 +50% 有机肥、30% 化肥 +70% 有机肥、单施有机肥 6 个处理, 采用 Illumina 高通量测序平台研究了细菌群落结构变化。结果表明: (1) 与单施化肥处理比较, 30% 化肥 +70% 有机肥和 100% 有机肥处理的土壤有机质分别增加了 17.06% 和 22.53%, 全氮含量分别增加了 8.75% 和 10.0%, 50% 化肥 +50% 有机肥处理土壤全磷含量增加了 7.5%, 30% 化肥 +70% 有机肥处理土壤有效磷增加了 21.97%。单施化肥处理油菜产量最高, 与 30% 化肥 +70% 有机肥相比差异不显著。(2) 与单施化肥处理比较, 30% 化肥 +70% 有机肥处理土壤脲酶活性提高了 30.25%, 单施有机肥处理蔗糖酶活性增加了 21.04%。(3) 单施化肥处理土壤变形菌门相对丰度最高 (52.3%), 30% 化肥 +70% 有机肥处理芽单胞菌门相对丰度最高 (21.8%)。(4) 冗余分析表明, 全氮是影响土壤细菌群落结构最显著的环境因子。因此可以得出, 有机替代无机肥改善了理化性状以及土壤细菌的群落结构和丰度, 其中 30% 化肥 +70% 有机肥处理是较为有效的施肥模式。

关键词: 有机肥; 替代; 肥力; 细菌群落

有机肥不仅能直接供给养分, 还可以活化土壤潜在养分, 改良和培肥地力效果明显, 增加土壤酶的活性。与化肥相比, 有机肥养分含量低、释放速度慢、当季利用率低, 不能完全满足作物不同生育期对养分的要求。有机肥与无机肥配合施用, 二者能够“取长补短”, 既能满足作物对养分的需求, 还能维持土壤肥力和活性, 同时也避免了单施化肥以及畜禽粪肥不合理施用引起的生态环境问题。土壤微生物可作为评价土壤肥力状况及土壤质量的生物学指标^[1], 细菌是微生物中含量最多、丰度最高的类群, 其数量、多样性以及群落结构和功能的变化均会影响土壤肥力, 施肥是影响土壤理化、细菌群落结构的主要因素。

不同比例的有机肥替代无机肥对不同类型的土壤肥力、酶活性的影响作用是不同的, 毛伟等^[2]的研究表明, 无机氮素被 20% ~ 50% 的有机氮替

代即可显著提高土壤有机质和养分含量, 刘明月等^[3]的研究表明, 20% 的有机肥替代率对我国长江中下游地区麦稻稳产、肥力提升有显著作用。李太魁等^[4]研究得出, 砂浆黑土区有机肥替代 40% ~ 60% 的无机化肥处理下氮素利用率最高; 李静等^[5]在海南菜园土研究结果表明, 30% 的替代率可以保持土壤酶活性, 达到 70% 就可以显著提高土壤肥力和果实养分含量; 黄岩等^[6]在黑土上的研究得出, 鸡粪替代化肥 25% 玉米产量最高, 氮素利用率也最大; 石学萍等^[7]在河北省中南部旱薄砂壤棉区的研究得出, 减施 50% 的化肥用量后棉籽产量受到显著影响。不同地域、土壤、作物的土壤细菌群落结构和多样性是有明显差异的, 然而, 长期施用有机肥或有机无机肥配施对其影响效果基本一致, 即增加了土壤细菌数量、丰度和多样性, 长期施用无机肥对土壤细菌数量和多样性有一定地抑制作用。

石灰性褐土是我国华北地区的主要农业土壤类型之一, 关于不同比例的有机肥替代无机肥对石灰性土壤细菌群落及多样性的特征尚不明确。基于此, 本文拟探索有机肥替代无机肥对土壤肥力及细菌群落结构的影响机理, 为石灰性褐土区域土壤培肥和作物增产提供参考。

收稿日期: 2024-09-03; 录用日期: 2024-11-26

基金项目: 黄土高原特色作物优质高效生产省部共建协同创新中心基金项目 (SBGJXTZX-25); 山西省大学生创新创业训练项目 (20220166)。

作者简介: 汪林楠 (2001-), 硕士研究生, 研究方向为农业资源与环境。E-mail: 1303974137@qq.com。

通讯作者: 梁利宝, E-mail: lianglibao234@163.com。

1 材料与方

1.1 试验区概况

试验于山西省晋中市太谷区山西农业大学资源环境学院试验站 (37° 25' 25" N, 112° 34' 36" E) 开展。该地区年均降水量 462.9 mm, 年平均气温 9.8 ℃, 无霜期 175 d, 属于暖温带大陆性气候。

1.2 试验材料

供试土壤属于石灰性褐土, 土壤基本理化性质见表 1。供试作物为油菜 (*Brassica chinensis* L.), 品种是‘上海五月慢’(生育期 45 ~ 60 d)。

供试肥料为尿素 (N 46%), 过磷酸钙 (P₂O₅ 12%), 硫酸钾 (K₂O 50%)。有机肥是牛粪, 有机质含量为 58.49%, 养分含量为 N 2.83%、P₂O₅ 1.01%、K₂O 0.64%, pH 为 8.04。

表 1 供试土壤基本理化性质

pH	有机质 (g · kg ⁻¹)	全氮 (g · kg ⁻¹)	全磷 (g · kg ⁻¹)	全钾 (g · kg ⁻¹)	碱解氮 (mg · kg ⁻¹)	有效磷 (mg · kg ⁻¹)	速效钾 (mg · kg ⁻¹)
8.28	13.61	0.77	0.83	25.86	54.2	10.6	160.3

1.3 试验方法

试验采用油菜盆栽试验, 共设置 6 个处理, 对照 (不施肥, CK), 单施化肥 (W), 70% 化肥 +30% 有机肥 (70W+30M); 50% 化肥 +50% 有机肥 (50W+50M), 30% 化肥 +70% 有机肥 (30W+70M), 单施有机肥 (M)。采用完全随机设计, 每个处理重复 4 次, 共 24 盆。除 CK 处理外, 其余处理氮、磷、钾养分用量均等。

采集的土壤经风干、过筛、混肥和装盆, 每盆装土 7 kg。每千克风干土施肥量为 N 0.2 g、P₂O₅ 0.1 g、K₂O 0.15 g; 有机肥以 N 计, 换算成相应用量, 不足部分施用单质肥料补齐。播种前将土壤与肥料完全混合均匀装盆, 所有肥料均一次性施入土壤, 在油菜生长期适期浇水, 采用统一管理。油菜在 2022 年 3 月 20 日播种, 5 月 20 日全部收获。

1.4 试验指标与测定方法

土壤基本理化性质参考《土壤农化分析》^[8] 进行测定, 重铬酸钾容量法 (外加热法) 测定有机质, 半微量凯氏法测定全氮, NaOH 熔融-钼锑抗比色法测定全磷, NaOH 熔融-火焰光度法测定全钾。碱解扩散法测定碱解氮, NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法测定有效磷, NH₄OAc 浸提-火焰光度法测定速效钾。靛酚蓝比色法测定脲酶^[9], 3,5-二硝基水杨酸比色法测定蔗糖酶^[9], 高锰酸钾滴定法测定过氧化氢酶^[9], 磷酸苯二钠比色法测定碱性磷酸酶^[9]。土壤细菌群落多样性的检测委托上海生物医学科技有限公司进行高通量测序。土壤细菌群落结构采用高通量测序 (Illumina Miseq PE300

测序平台) 的方法测定。对 16S rRNA 基因的 V3 ~ V4 高变区片段进行 PCR 扩增, 引物序列为 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')^[10]。扩增条件为 95 ℃ 预变性 3 min, 接着进行 29 个循环, 包括 95 ℃ 变性 30 s, 55 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 45 s; 循环结束后 72 ℃ 最终延伸 10 min, 保持 10 ℃ 直到停止。

1.5 统计分析

测定的原始数据经 Excel 整理后, 运用 SPSS 21.0 对试验数据进行单因素方差分析, 通过 Duncan 多重比较检验显著性, *P* < 0.05 表示差异显著; 利用 Canoco 5.0 进行冗余分析 (RDA)。

2 结果与分析

2.1 有机替代无机肥对土壤有机质、养分和产量的影响

从表 2 可知, 各施肥处理土壤有机质含量较 CK 增加了 0.84% ~ 25.48%, 其中 M 处理含量最高, 有机替代率 50%、70%、100% 处理较 CK、W 处理差异显著。与 CK 相比, 各施肥处理均显著增加了土壤全氮含量, 增幅为 14.29% ~ 25.71%, 与 W 处理相比, 大于 70% 的有机肥处理明显增加了土壤全氮含量, 但处理间差异不显著。各施肥处理全磷含量较 CK 提高了 14.29% ~ 22.86%, 与 W 处理相比, 有机肥替代率 50% 及以上的处理明显增加了土壤全磷含量。各处理土壤的全钾含量变幅较小, 石灰性土壤钾素的本底值含量较高, 满足油菜对钾的需



表 2 有机肥替代无机肥对土壤理化性质和油菜产量的影响

处理	有机质 (g · kg ⁻¹)	全氮 (g · kg ⁻¹)	全磷 (g · kg ⁻¹)	全钾 (g · kg ⁻¹)	碱解氮 (mg · kg ⁻¹)	有效磷 (mg · kg ⁻¹)	速效钾 (mg · kg ⁻¹)	油菜产量 (g · 盆 ⁻¹)
CK	11.97 ± 1.23c	0.70 ± 0.040c	0.70 ± 0.02c	24.88 ± 0.99a	47.2 ± 2.47c	10.0 ± 1.14b	140.9 ± 4.26c	75.85 ± 3.65c
W	12.07 ± 0.88bc	0.80 ± 0.033b	0.80 ± 0.01ab	26.91 ± 1.46a	54.5 ± 5.15a	11.3 ± 1.01b	162.0 ± 8.52ab	100.77 ± 4.33a
70W+30M	13.87 ± 1.80ab	0.85 ± 0.020ab	0.82 ± 0.01ab	26.18 ± 1.57a	55.1 ± 1.01a	12.1 ± 0.73ab	158.6 ± 2.56b	94.27 ± 7.20ab
50W+50M	14.79 ± 1.17a	0.85 ± 0.040ab	0.86 ± 0.02a	26.18 ± 0.52a	55.5 ± 1.68a	13.0 ± 0.43a	160.8 ± 6.03ab	96.23 ± 5.78ab
30W+70M	14.13 ± 1.55a	0.88 ± 0.045a	0.84 ± 0.01a	25.79 ± 1.80a	52.3 ± 3.03b	13.8 ± 0.12a	170.8 ± 8.37a	91.92 ± 4.69ab
M	15.02 ± 1.47a	0.87 ± 0.010a	0.85 ± 0.01a	25.07 ± 1.56a	53.4 ± 0.88ab	12.0 ± 0.44a	161.8 ± 8.12ab	88.01 ± 4.22b

注：同列不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。下同。

求，因此变化较小。

各施肥处理的土壤碱解氮较 CK 增幅为 11.11% ~ 23.56%，差异达到显著水平。70W+30M、50W+50M 处理的土壤碱解氮含量较高。30W+70M 处理有效磷含量最高，与 CK 相比提高 21.97%。施肥处理的油菜产量显著高于 CK，无机肥处理产量最高。

不同施肥处理均显著提高了油菜产量，其中单施化肥处理产量最高，随着有机肥比例增加，产量也随之降低，降幅达 5.56% ~ 8.92%，但未达到差异显著水平。

2.2 有机替代无机肥对土壤酶活性的影响

从图 1 可以看出，不同比例的有机肥替代无机肥较单施无机肥均提高了脲酶活性。施肥处理较 CK 均显著提高脲酶活性，增幅为 5.86% ~ 29.65%，随着有机肥施用量的增加呈先升高后降低的趋势，在 30W+70M 处理下脲酶活性达到最高。不同施肥处理土壤蔗糖酶活性较 CK 的提高幅度为 14.98% ~ 31.10%，有机替代率越高，酶活性也越高，M 处理达到最大，50W+50M、30W+70M 和 M 处理相比差异未达显著水平，M 和 W 处理相比差异达显著水平。不同施肥处理较 CK 均显著降低过氧化氢酶活性，降幅为 25.65% ~ 33.03%，随着有机肥施用比例的提高，过氧化氢酶活性呈先降低后升高的趋势，在 50W+50M 处理处达到最低水平，但有机无机肥配施处理间差异不显著。不同施肥处理较 CK 的土壤碱性磷酸酶活性增加 10.37% ~ 21.09%，酶活性随着牛粪施用比例的增加呈先升高后降低的趋势，70W+30M 处理下土壤碱性磷酸酶活性达到最高，但与其他施肥处理差异

不显著。

2.3 有机替代无机肥对土壤细菌多样性的影响

2.3.1 土壤细菌的 α 多样性

Chao1 指数反映了菌群丰度，Chao1 越大说明细菌群落丰富度越高，Shannon 指数反映了细菌群落 α 多样性指数，Shannon 值越大，说明细菌群落多样性越高。土壤微生物多样性越高，结构越稳定，土壤功能越完善，土壤生态系统越稳定^[11]。表 3 表明，与 CK 相比，W 处理降低了 Chao1 指数，说明单施化肥降低了土壤细菌的物种丰富度，而添加有机肥料的处理均提高了细菌的丰富度。其中 30W+70M 处理的 Chao1 指数最高，与 CK 相比显著增加了 6.98%。单施化肥降低了土壤细菌的 Shannon 指数，有机肥替代无机肥增加了土壤细菌的 Shannon 指数，随着有机肥替代比例增加，土壤细菌的 Shannon 指数随之增加。M 处理的 Shannon 指数最高，说明 M 处理的细菌群落多样性最高。与 W 处理相比，M 处理显著提高了土壤细菌 Shannon 指数，提高幅度为 7.53%。Simpson 指数反映了物种的优势度，与 CK 相比，单施化肥和低有机肥替代比例显著降低了 Simpson 指数，30W+70M 和 M 处理提高了 Simpson 指数，说明高有机肥替代比例提高了土壤细菌的优势度，30W+70M 处理 Simpson 指数最高，与 W 处理相比，显著提高了 0.67%。

2.3.2 土壤细菌相对丰度

从图 2 可以看出，变形菌门 (Proteobacteria) 是土壤中的主要优势菌门 (占 37.66% ~ 51.64%)，30W+70M 和 M 处理与 CK 相比显著降低了变形菌门的相对丰度，W 处理提高了变形菌门的相对丰度；其次是芽单胞菌门 (Gemmatimonadota) (占

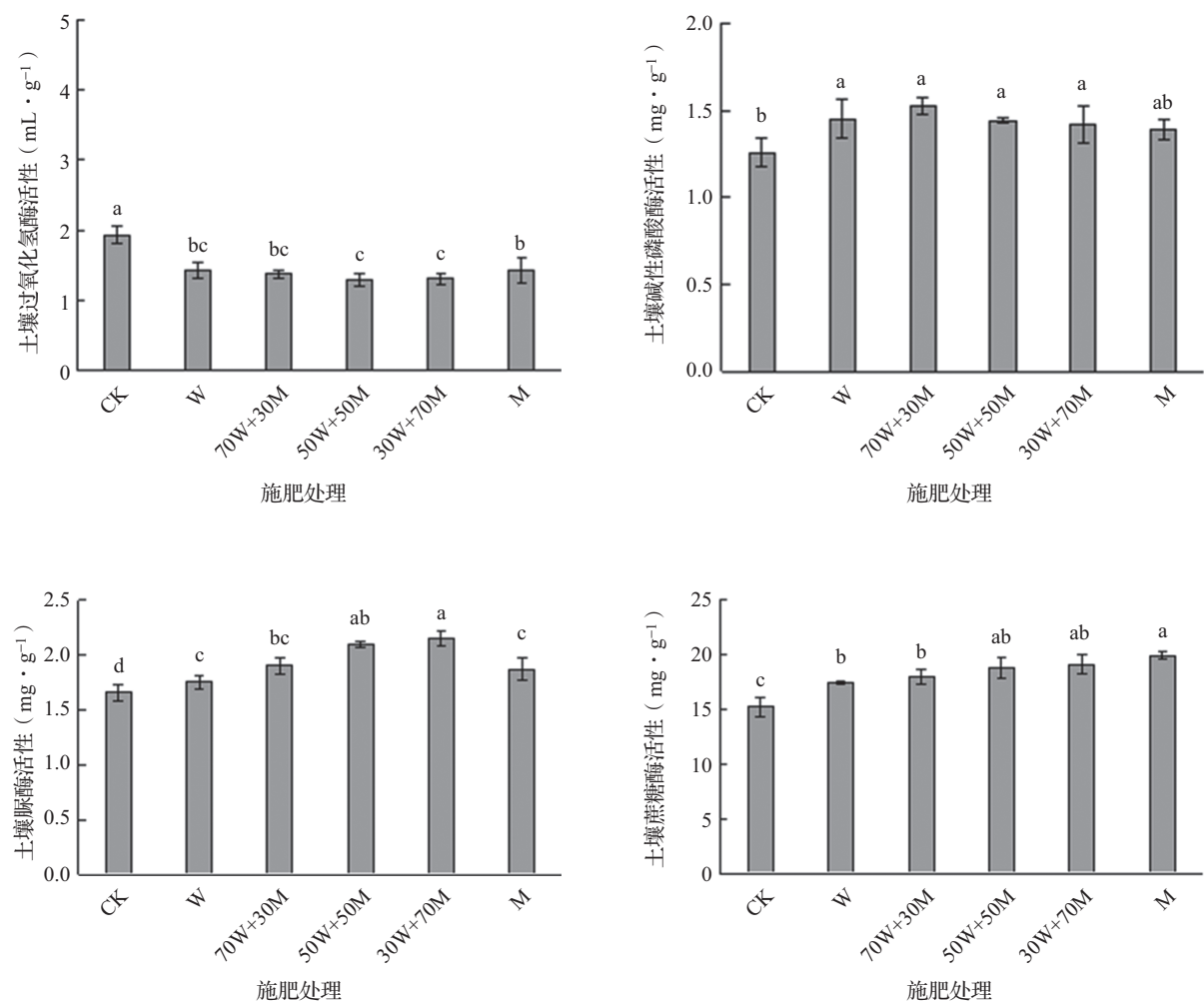


图1 有机替代无机肥对土壤酶活性的影响

注：小写字母不同表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。下同。

表3 有机肥替代无机肥对细菌 α 多样性的影响

处理	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
CK	2787.66 $\pm$ 49.74b	8.8408 $\pm$ 0.1378ab	0.9906 $\pm$ 0.001ab
W	2785.81 $\pm$ 37.69b	8.5878 $\pm$ 0.2185b	0.9874 $\pm$ 0.004b
70W+30M	2813.47 $\pm$ 47.43b	8.7114 $\pm$ 0.0519ab	0.9857 $\pm$ 0.002b
50W+50M	2799.90 $\pm$ 50.14b	8.9177 $\pm$ 0.1220ab	0.9877 $\pm$ 0.003b
30W+70M	2982.32 $\pm$ 48.00a	9.0067 $\pm$ 0.1017ab	0.9940 $\pm$ 0.003a
M	2859.80 $\pm$ 48.68ab	9.2341 $\pm$ 0.0674a	0.9900 $\pm$ 0.003ab

12.22% ~ 21.53%)，施用高比例有机肥处理显著提高了芽单胞菌门的相对丰度，其中 30W+70M 处理芽单胞菌门的相对丰度最高；W 和 70W+30M 处理显著提高了放线菌门 (Actinobacteriota) 的相对丰

度；M 处理显著提高了拟杆菌门 (Bacteroidota)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和粘球菌门 (Myxococcota) 的相对丰度，显著降低了酸杆菌门 (Acidobacteriota) 的相对丰度。

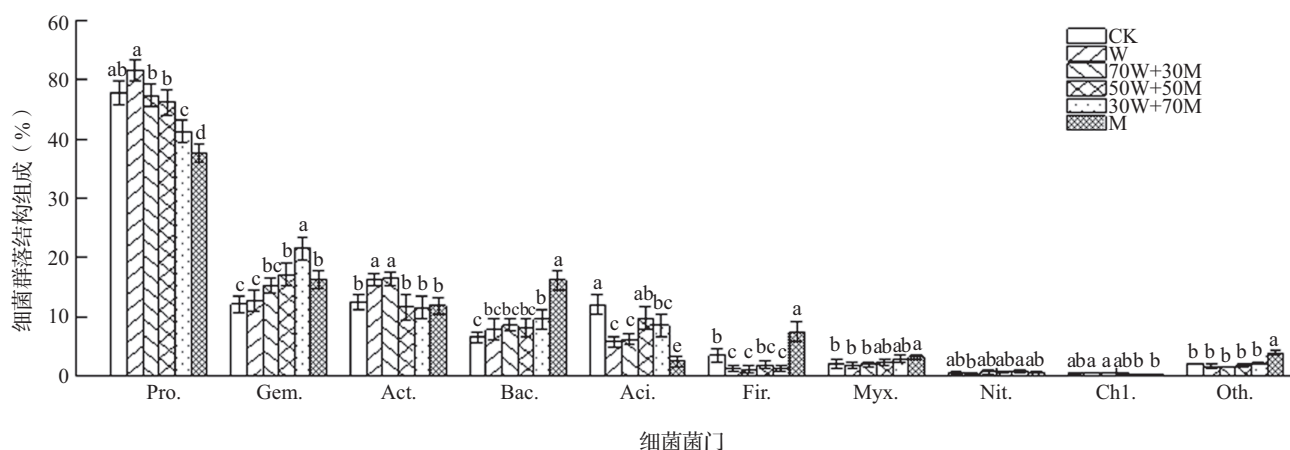


图2 有机替代无机肥对土壤细菌门水平群落结构组成的影响

注: Pro. 为变形菌门; Gem. 为芽单胞菌门; Act. 为放线菌门; Bac. 为拟杆菌门; Aci. 为酸杆菌门; Fir. 为厚壁菌门; Myx. 为粘球菌门; Nit. 为硝化螺旋菌门; Chl. 为绿弯菌门; Oth. 为其他菌门。

2.3.3 相关性分析

从图3可以看出, 第一排序轴和第二排序轴对细菌群落结构变化分别解释了 77.0% 和 14.42%, 累计解释量达 91.42%, 说明前两轴能较好地反映土壤理化因子与细菌群落结构的关系。CK 和无机肥处理大部分样品点位在第三象限, CK 和无机肥处理的细菌群落结构存在一定的相似度。添加有机肥处理分布在其余象限, 说明施用有机肥能改变土壤的细菌群落结构。全氮 ($F=6.9$, $P=0.006$) 的解释度和贡献度分别达到了 30.0% 和 61.4%, 因此, 全氮是造成土壤细菌群落丰度差异的主要原因, 全氮对细菌群落结构的影响大小排序为 $CK < W < 70W < 50W < 30W < M$,

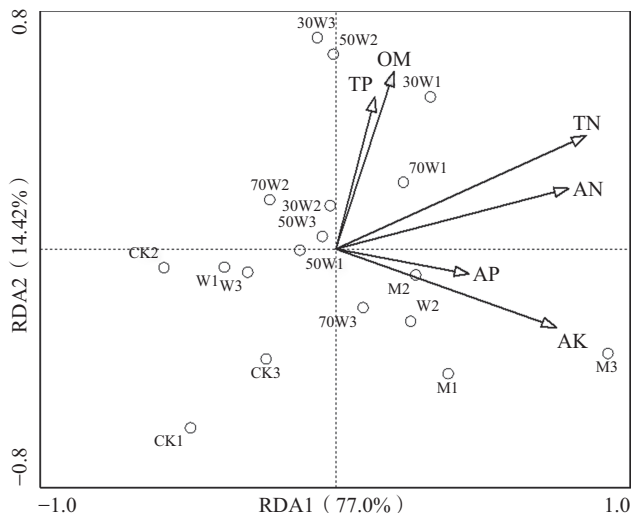


图3 不同施肥处理下土壤细菌群落与土壤理化因子的冗余分析

注: OM 为有机质, TP 为有效磷, TN 为总氮, AN 为碱解氮, AP 为有效氮, AK 为速效钾。

增加有机肥的施用量, 提高了土壤中的全氮含量, 从而改变了细菌群落结构。

3 讨论

3.1 有机替代无机肥对土壤有机质和养分的影响

北方石灰性褐土中磷素固定现象较为严重, 磷素利用率较低。有机肥的施入很大程度上减弱了磷素固定现象, 此外, 有机肥在矿化过程中释放的有机酸也溶解了部分被土壤金属元素固定的磷元素^[12], 因此, 土壤有效磷含量得以积累保存。牛粪中蕴藏着大量微生物, 它们会固定土壤中的部分有效氮素, 当微生物死亡以后被缓慢释放^[13]。有机替代部分无机肥可以为土壤微生物提供适合的碳氮比, 加快了土壤中有机质的矿化, 从而提高了土壤速效养分。有机无机肥配施可以有效减缓土壤硝态氮的淋溶损失和反硝化作用造成的氮素损失, 积累了土壤碱解氮^[14]。徐明岗等^[15]研究发现, 在有机肥替代 70% 的化肥时, 碱解氮和有效磷含量高于有机肥替代 30% 化肥。本试验得出, M 处理土壤有机质含量最高, 与张康宁等^[16]研究结果一致。

3.2 有机肥替代无机肥对土壤酶活性的影响

土壤酶主要由微生物分泌, 有机肥中含有大量微生物, 必然会增加土壤酶活性。有机肥的添加不仅显著增加了有机质, 而且土壤酶降解、变性受到了明显抑制^[17], 脲酶活性得到提高。试验结果表明, 高比例有机肥提高了土壤脲酶活性。分析认为在脲酶作用下尿素逐渐水解, 使土壤中铵态氮含量逐渐增加, 从而通过负反馈调节增加酶促反应产物, 抑制了脲酶活性^[18]。而有



机肥施入改善了土壤条件,同时为酶促反应提供了基质,增大了酶促反应速率,提高了脲酶活性。单施有机肥处理土壤对铵态氮的固定效果最好,增加了酶促反应的产物,因此,在一定程度上抑制了脲酶活性,但仍高于无机肥处理。秦闯等^[19]和徐路路等^[20]研究表明,施用有机肥对土壤中的脲酶活性有提高效果,有机肥比例越高,脲酶活性越高,与本试验的研究结论一致。

蔗糖酶促进了土壤中的蔗糖分解,增加根系易吸收性营养物质,土壤肥力、生物活性强度越高,蔗糖酶活性也越高,因此,也做为土壤肥力指标之一。与脲酶、蔗糖酶不同的是,不同施肥处理均降低了过氧化氢酶活性,50W+50M处理下过氧化氢酶活性最低,与CK相比,降低了33.03%;过氧化氢酶能分解土壤中的过氧化氢,还可以反映土壤有机质含量,故也有人建议将其做为土壤肥力的指标之一。分析认为,牛粪本身含有大量的酶和微生物,能有效地降低土壤中过氧化氢的毒害作用,加之后期各处理油菜因养分不足或提前衰老等,造成根系活力减弱,降低了土壤过氧化氢酶活性。

碱性磷酸酶是土壤有机磷矿化的重要酶类之一,施用牛粪可以提高土壤碱性磷酸酶活性,70W+30M处理活性最高,这是因为牛粪中的有机磷矿化为无机磷才能被作物根系吸收利用,此矿化过程中需要碱性磷酸酶的参与才能进行,牛粪的添加刺激了碱性磷酸酶活性的增加^[21]。此外,有机肥(牛粪)本身碱性磷酸酶含量较高。后期土壤中有效磷的含量被油菜生长所消耗,在磷胁迫下促使根系分泌碱性磷酸酶。

3.3 有机替代无机肥对土壤细菌多样性的影响

土壤微生物多样性一般较为稳定,短期施肥不会有较大改变。有研究表明,土壤pH变化是引起 α 多样性变化的主要原因之一^[22],长期单施化肥导致土壤酸化,抑制了细菌多样性,而有机肥则反之。然而,本试验中供试土壤为石灰性褐土,偏碱性,单施化肥处理导致土壤酸化不显著,因此, α 多样性变化也不显著。微生物多样性是土壤质量和肥力评价的重要依据,唐海明等^[23]研究表明,有机替代无机肥可以更好地维持稻田群落结构,且有机肥比例越高,多样性越丰富。然而,也有研究表明,长期施用化肥和有机肥虽然提高了土壤有机质和养分,但细菌 α 多样性却降低了。

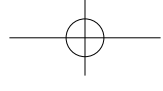
本试验中,不同施肥处理的优势细菌在门水平组成相似,变形菌门、芽单胞菌门、放线菌门、拟杆菌门、酸杆菌门为优势菌(丰度>1%),相对累计丰度在84.58%以上。但不同处理中优势类群的相对丰度存在一定差异,如CK的酸杆菌门、绿弯菌门丰度明显较高,有机肥处理的变形菌门、酸杆菌门丰度较CK降低,这是因为肥力贫瘠土壤适于酸杆菌门细菌的扩繁^[24],而厚壁菌门、拟杆菌门是鸡粪中丰富的细菌类群^[25],因此,单施有机肥处理的厚壁菌门、拟杆菌门丰度显著高于其余处理,这与练金山等^[26]的研究结论一致。

牛粪施入改变了土壤有机碳和碳氮比进而影响细菌群落结构和丰度。由于本试验中牛粪含有丰富的拟杆菌门、厚壁菌门细菌,因此,引起土壤细菌群落结构发生变化。含有机肥处理的变形菌门丰度最低,显著低于CK,分析原因是,有机肥处理的芽单胞菌门、厚壁菌门、拟杆菌门丰度增加明显,稀释了变形菌门丰度。温烜琳等^[27]的研究结果却表明,有机配施无机肥提高变形菌门和酸杆菌门的相对丰度,分析原因可能是土壤、作物、有机肥的不同引起的,这与本试验结果不完全一致。本试验中单施化肥处理变形菌门、放线菌门丰度较CK明显增加,与马垒等^[28]研究结果一致。王娟娟等^[29]研究表明,减施化肥配施有机肥只是对丰度低于1%的稀有菌群有影响作用。拟杆菌门与土壤中磷素转化有关,可将难溶性或者枸橼溶性磷转化为可溶性磷为根系所利用,与有效磷含量呈正相关性。

不同土壤类型中,影响细菌群落结构的主要环境因子的顺序是不同的,如北方农牧交错带土壤的主要因子是全氮、有效磷、有机碳^[30],黄壤稻田是全氮、碱解氮、速效钾^[31],瘠土则是硝态氮、可溶性有机碳、pH^[32],砂壤质潮褐土为pH、有效磷和速效钾^[33]。本试验得出全氮是最主要的环境因子,这与前人的研究结论基本一致。磷是细胞重要的组成物质之一,对细菌群落结构有显著影响,而本试验中有效磷影响顺序位于全磷、有机质、碱解氮、速效钾之后,与栗海鹏等^[34]的研究结论不一致,分析原因可能是石灰性土壤中有效磷含量偏低,加之作物根系与土壤细菌对磷素竞争,“留给”细菌的磷素不足。

4 结论

(1) 不同比例的有机肥替代无机肥均可以



不同程度地改善土壤的理化性质, 其中 30% 化肥 +70% 有机肥的土壤有机质、全氮、有效磷含量及土壤脲酶活性较单施化肥处理分别增加了 17.06%、8.75%、21.97% 及 30.25%, 培肥效果优于其余施肥处理。

(2) 短期施肥并不能改变土壤细菌群落组成, 但可以改变其丰度。含有机肥的处理降低了变形菌门的丰度; 30% 化肥 +70% 有机肥处理显著提高了芽单胞菌门相对丰度 (21.8%)。冗余分析表明, 全氮是影响土壤群落结构的主要环境因子。

综上所述, 30% 化肥 +70% 有机肥处理是有效的土壤培肥模式。

参考文献:

- [1] 荀卫兵, 王伯仁, 冉炜, 等. 不同施肥制度对南方旱地红壤微生物组结构和功能影响研究进展 [J]. 农业资源与环境学报, 2020, 48 (4): 1-10.
- [2] 毛伟, 李文西, 赵雨涵, 等. 有机肥替代部分化肥对水稻产量及土壤理化性质的影响 [J]. 农学学报, 2021, 11 (8): 32-36.
- [3] 刘明月, 张凯鸣, 毛伟, 等. 有机肥长期等氮替代无机肥对稻麦产量及土壤肥力的影响 [J]. 华北农学报, 2021, 36 (3): 133-141.
- [4] 李太魁, 寇长林, 郭战玲, 等. 有机氮替代部分无机氮对砂姜黑土冬小麦产量及氮肥利用率的影响 [J]. 江苏农业科学, 2021, 49 (5): 97-101.
- [5] 李静, 陈瑞州, 兰子汉, 等. 有机肥替代部分无机肥对菜园土理化特性及果实养分的影响 [J]. 热带作物学报, 2018, 39 (4): 656-660.
- [6] 黄岩, 曹国军, 耿玉辉, 等. 农业废弃物还田对土壤不同形态氮含量及氮肥利用率的影响 [J]. 吉林农业大学学报, 2020, 42 (2): 167-174.
- [7] 石学萍, 张谦, 王燕, 等. 有机肥替代部分化肥对棉田土壤养分含量与棉花产量收益的影响 [J]. 新疆农业科学, 2023, 60 (1): 192-196.
- [8] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1999.
- [9] 关松荫. 土壤酶及其研究法 [M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [10] Hu Y X, Huang J L, Du Y, et al. Monitoring wetland vegetation pattern response to water-level change resulting from the Three Gorges Project in the two largest freshwater lakes of China [J]. Ecological Engineering, 2015, 74: 274-285.
- [11] Guilherme C, Marcelo F, David M, et al. Comparative resistance and resilience of soil microbial communities and enzyme activities in adjacent native forest and agricultural soils [J]. Microbial Ecology, 2009, 58: 414-420.
- [12] 冯鹏艳, 梁利宝. 施肥对采煤塌陷区复垦土壤理化性质和磷分级的影响 [J]. 水土保持学报, 2018, 32 (5): 229-233.
- [13] 李俊杰, 邹洪琴, 许发辉, 等. 土壤微生物量氮对小麦各生育期氮素形态的调控 [J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27 (8): 1321-1329.
- [14] 李其勇, 夏武奇, 李星月, 等. 化肥减量配施商品有机肥对白菜生长及土壤养分的影响 [J]. 北方园艺, 2022 (20): 41-47.
- [15] 徐明岗, 张文菊, 黄绍敏. 中国土壤肥力演变 [M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2015.
- [16] 张康宁, 俞巧钢, 叶静, 等. 有机替代对农田土壤肥力及氮磷流失的影响 [J]. 浙江农业科学, 2019, 60 (7): 1154-1158.
- [17] Tisdale S L, Nelson W L. 土壤肥力与肥料 [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1998.
- [18] 何亚婷, 齐玉春, 董云社, 等. 外源氮输入对草地土壤微生物特性影响的研究进展 [J]. 地球科学进展, 2010, 25 (8): 877-885.
- [19] 秦闯, 李硕, 郭艳杰, 等. 增施生物有机肥减施化肥对夏玉米土壤生物指标的影响 [J]. 河北农业大学学报, 2018, 41 (6): 17-23.
- [20] 徐路路, 王晓娟. 有机肥等氮量替代化肥对土壤养分及酶活性的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2023 (1): 23-29.
- [21] 于群英. 土壤磷酸酶活性及其影响因素研究 [J]. 安徽技术师范学院学报, 2001, 15 (4): 5-8.
- [22] 孙瑞波, 郭熙盛, 王道中, 等. 长期施用化肥及秸秆还田对砂姜黑土细菌群落的影响 [J]. 微生物学通报, 2015, 42 (10): 2049-2057.
- [23] 唐海明, 石丽红, 文丽, 等. 长期施肥对双季稻田根际土壤氮素的影响 [J]. 生态环境学报, 2023, 32 (3): 492-499.
- [24] Ai C, Zhang S Q, Zhang X, et al. Distinct responses of soil bacterial and fungal communities to changes in fertilization regime and crop rotation [J]. Geoderma, 2018, 319: 156-166.
- [25] 何东贤, 莫红芳, 侯小露, 等. 鸡粪堆肥中的细菌群落组成及多样性分析 [J]. 西南农业学报, 2023, 36 (1): 128-136.
- [26] 练金山, 王慧颖, 徐明岗, 等. 长期施用有机肥潮土细菌的多样性及功能预测 [J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27 (12): 2073-2082.
- [27] 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.
- [28] 马垒, 李燕, 魏建林, 等. 连续施用化肥及秸秆还田对潮土酶活性、细菌群落和分子生态网络的影响 [J]. 植物营养与肥料学报, 2022, 28 (8): 1353-1363.
- [29] 王娟娟, 朱紫娟, 钱晓晴, 等. 减施化肥与不同有机肥配施对稻季土壤细菌群落结构的影响 [J]. 土壤, 2021, 53 (5): 983-990.
- [30] 王丹, 赵亚光, 马蕊, 等. 微生物菌肥对盐碱地枸杞土壤改良及细菌群落的影响 [J]. 农业生物技术学报, 2020, 28 (8): 1499-1510.
- [31] 靳建刚, 田再芳, 郑敏娜, 等. 不同施肥措施对饲用燕麦土壤细菌群落多样性的影响 [J]. 中国农业科技导报, 2023,

- 25 (3): 152–160.
- [32] 杨叶华, 黄兴成, 朱华清, 等. 长期有机与无机肥配施的黄壤稻田土壤细菌群落结构特征 [J]. 植物营养与肥科学报, 2022, 28 (6): 984–992.
- [33] 刘平静, 肖杰, 孙本华, 等. 长期不同施肥措施下壤土细菌群落结构变化及其主要影响因素 [J]. 植物营养与肥科学报, 2020, 26 (2): 307–315.
- [34] 栗海鹏, 杜武焰, 吴涵茜, 等. 不同有机肥对煤矿复垦区土壤养分及细菌群落结构的影响 [J]. 中国农业科学, 2024, 57 (16): 3207–3219.

Effects of organic replacement of inorganic fertilizer on fertility and bacterial community structure of calcareous cinnamon soil in northern China

WANG Lin-nan¹, WANG Hong-jiang¹, GUO Jin-tao², LIANG Li-bao^{1*}, LI Ting-liang¹ (1. College of Resources and Environment, Shanxi Agricultural University, Taigu Shanxi 030801; 2. College of Agriculture, Shanxi Agricultural University, Taigu Shanxi 030801)

Abstract: The experiment explored the effects of substituting organic fertilizer for inorganic fertilizer on the fertility and bacterial community structure of calcareous brown soil in northern China, six treatments were set up, including control (CK), single application of chemical fertilizer (W), 70% chemical fertilizer + 30% organic fertilizer (70W+30M), 50% chemical fertilizer + 50% organic fertilizer (50W+50M), 30% chemical fertilizer + 70% organic fertilizer (30W+70M), and single application of organic fertilizer (M). The changes in bacterial community structure were studied using IlluminaMiseq PE300 platform. the result showed that: (1) Compared with W treatment, the soil organic matter was increased by 17.06% and 22.53% in the 30W+70M and 100M treatments, and the total nitrogen content was increased by 8.75% and 10.0%, respectively. The soil total phosphorus content was increased by 7.5% in the 50W+50M treatment, and the soil available phosphorus was increased by 21.97% in the 30W+70M treatment. The application of W treatment resulted in the highest yield of rapeseed, with no significant difference compared to 30W+70M. (2) Compared with W treatment, the soil urease activity increased by 30.25% in the 30W+70M treatment, and the sucrase activity was increased by 21.04% in M treatment. (3) The relative abundance of Proteobacteria was the highest in the soil treated with W treatment (52.3%), while the relative abundance of Gemmatimonadota was the highest in the 30W+70M treatment (21.8%). (4) Redundancy analysis showed that total nitrogen was the most significant environmental factor affecting soil bacterial community structure. Therefore, it could be concluded that organic substitution of inorganic fertilizers improved soil physical and chemical properties, enhanced the community structure and abundance of soil bacteria, among which the 30W+70M treatment was a more effective fertilization mode.

Key words: organic fertilizer; substitute; fertility; bacterial community