

马晓晓,张祥会,林清火,等. 有机物料还田对胶园土壤理化及微生物群落的影响[J]. 江苏农业科学,2024,52(21):245-252.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.21.032

有机物料还田对胶园土壤理化及微生物群落的影响

马晓晓^{1,2},张祥会^{1,2},林清火^{2,3},刘海林^{2,3},李志阳¹,茶正早^{2,3},林金海¹

(1. 广东农工商职业技术学院,广东广州 510507; 2. 中国热带农业科学院橡胶研究所/农业农村部橡胶树生物学与遗传资源利用重点实验室,海南海口 570101; 3. 儋州橡胶林土壤环境海南省野外科学观测站,海南儋州 571737)

摘要:为探究不同有机物料还田对橡胶园土壤的理化性质、微生物群落和功能的影响,依托 10 年砖红壤橡胶园土壤开展有机肥定位试验,采用随机区组设计,设置施化肥(BLK)、施鸡粪+化肥(CF1、CF2、CF3)、施鸡粪+化肥+蔗渣+蚯蚓粪(CGQ1、CGQ2、CGQ3)7 个处理,每个处理重复 3 次,开展相关研究。结果表明,CGQ 处理胶园土壤 pH 值显著高于其他处理,CF 处理 pH 值最低,pH 值表现为 CGQ3 > CGQ2 > CGQ1 > BLK > CF2 > CF1 > CF3。CGQ3 土壤中 AN、AK、AP 含量最高,CGQ 处理组土壤有机质含量均显著高于 BLK。变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和酸杆菌门为各处理组优势菌门。CGQ 处理使有益菌属的丰度增大,CF3 特有物种最多。PCoA 分析表明,CGQ2、CGQ3、CF3 微生物组成与 BLK 差异最大。RDA 分析表明,胶园土壤中链霉菌属、慢生根瘤菌属等有益菌属丰度较大,与环境因子 AP、pH 值等呈极显著的正相关关系。有害菌属如伯克霍尔德氏菌等,与环境因子呈极显著负相关关系。KEGG 分析表明,CF 处理以杆状菌为代表的原核微生物丰度增大,抗菌药物抗性基因丰度增大。CGQ3 处理可提高土壤中的有机碳源,增加信号转导基因丰度。不同有机物料还田通过改变土壤理化性质,影响土壤微生物群落。CGQ 处理通过改善土壤理化性质,提升有益菌属丰度,减少有害菌属丰度,改良胶园土壤微生态。

关键词:胶园土壤;细菌群落;组间物种差异;相对丰度;微生态

中图分类号:S794.102 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)21-0245-08

天然橡胶是重要战略资源,2022 年我国天然橡胶年产 85.3 万 t,占全球 5.9%,但我国天然橡胶消费量高达 608.3 万 t,占全球总消费量 40.2%^[1],我国天然橡胶存在巨大的缺口。但受国际胶价低迷、人工成本高影响,海南、云南、广东等国内三大垦区肥料投入减少^[2]。植胶区土壤地力下降明显^[3],有害微生物大量增殖,严重威胁到胶园土壤健康,制约我国天然橡胶产业的可持续发展。

广东植胶区各林龄胶园土壤 pH 值、含水量、铵态氮含量、速效钾含量、有机碳含量的均值均低于云南、海南植胶区各相同林龄胶园土壤^[3]。橡胶林土壤肥力随着林龄总体上呈下降趋势,应该通过合

理施肥来提高胶园土壤肥力^[4]。胶园每年都要使用大量的氮肥^[5],同时还要施加硫粉来控制橡胶白粉病。氮和硫或其沉积是农田、草地和森林生态系统土壤酸化的主要驱动因素^[6-9],胶园使用氮肥和硫粉可能也会造成土壤酸化^[10]。有机肥与化肥配施可增加土壤有机碳的含量和矿化率^[11],提高土壤 pH 值,改善土壤氮含量及氮素有效性,提高土壤酶活性,影响土壤微生物群落结构和组成^[12]。禽畜粪便替代化肥使用,既能解决畜禽粪便对环境的污染,又可降低农业生产中温室气体的排放,提升土壤有机质含量,固碳增容^[13]。秸秆田间条带堆腐还田可增加土壤地力,同时添加畜禽粪处理效果更为显著^[14]。秸秆和鸡粪联合施用增加了硝化功能细菌的丰度,减少氮素损失^[15-17]。甘蔗渣作为一种有机固体废弃物,富含纤维素、半纤维素、木质素^[18],可提高土壤肥力^[19]、改良土壤结构和保水性等,同时能改善土壤微生物群落结构。

根际微生物作为分解者,参与物质循环,形成抗体、维生素、激素、信号分子^[20],维持土壤微生态^[21-22],促进植物吸收营养元素。传统培养方法和分子技术是研究细菌群落多样性的主要方法。自

收稿日期:2024-04-23

基金项目:农业农村部橡胶树生物学与遗传资源利用重点实验室/省部共建国家重点实验室培育基地—海南省热带作物栽培生理学重点实验室开放课题基金(编号:RI-KLOF202006);广东省自然科学基金(编号:2214050008460)。

作者简介:马晓晓(1988—),女,山东邹平人,硕士,讲师,研究方向为作物栽培与植物营养。E-mail: maxiaoxiao2@163.com。

通信作者:张祥会,硕士,副教授,研究方向为土壤肥料。E-mail: xhzhang@gdailb.edu.cn。

自然界中 99% 以上的细菌难以人工培养^[23-24], 基于传统培养方式的研究存在着一定局限性^[25-26]。土壤细菌群落多样性分子技术研究, 涉及变性梯度凝胶电泳、末端限制性长度多态性、Sanger 测序、焦磷酸测序等^[27-28]。Illumina Novaseq 高通量测序技术可较全面地揭示细菌群落情况。关于胶园土壤的研究主要集中于土壤理化性质方面, 也有少量土壤微生物的报道, 但有机固体废弃物-畜禽粪便复合甘蔗渣还田对胶园土壤理化性质与微生物群落的影响鲜少见报道。本研究利用高通量测序技术和生物信息学手段, 研究有机物料畜禽粪便配施甘蔗渣对胶园土壤理化性质、细菌群落的影响, 为我国橡胶产业可持续发展、甘蔗渣资源化利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试橡胶品种为热研 7-33-97, 胶树为 10 龄。

1.2 试验概况

试验地位于广东省湛江市中国热带农业科学院南亚研究所橡胶试验站(110°7'30"E, 21°27'30"N), 属热带、亚热带气候, 年平均气温为 23.5℃, 1 月平均气温为 16.3℃, 7 月平均气温为 29℃, 5—10 月为雨季, 9 月为暴雨鼎盛期, 年均降水量为 1 417 ~ 1 804 mm, 有明显的干、湿季之分。土壤为砖红壤, 0~20 cm 表层土有机质含量为 22.38 g/kg、pH 值为 4.38、碱解氮含量为 66.62 mg/kg、有效磷含量为 27.69 mg/kg、速效钾含量为 163.86 mg/kg。

本研究于 2021 年 2 月选取植被长势均匀、立地条件基本一致的胶园为试验样地, 在围封样地边界处设置围栏, 设 7 个处理, 每个处理重复 3 次, 小区面积为 24 m² (8 m×3 m), 共 21 个小区(表 1)。有机物料及化肥于萌生带撒施, 并用浅土覆盖。

1.2.1 样品采集与处理 本试验于 2021 年 8 月在 21 个试验小区内, 距树干基部 1.5 m 处, 利用土钻对表层(0~20 cm)土壤进行取样, 每小区选取 8 个采样点, 混合后分别装入无菌自封袋中, 密封后用冰袋带回实验室。一部分土壤风干后用于土壤理化性质的测定, 另一部分土壤去除细根、碎石等杂质, 放入 2 mL 离心管于 -80℃ 冰箱冷冻保存, 并及时进行宏基因组测序。

表 1 砖红壤胶园土壤有机肥定位试验不同处理施肥量

处理	施有机物料量			施化肥量		
	鸡粪	蔗渣	蚯蚓粪	N	P ₂ O ₅	K ₂ O
BLK	0	0	0	384	133	500
CF1	1 251	0	0	384	133	500
CF2	2 501	0	0	384	133	500
CF3	3 752	0	0	384	133	500
CGQ1	1 251	1 251	2 501	384	133	500
CGQ2	2 501	1 251	2 501	384	133	500
CGQ3	3 752	1 251	2 501	384	133	500

注: 氮肥为尿素(N 含量≥46%)、磷肥为过磷酸钙(P₂O₅ 含量≥16%), 钾肥为氯化钾(K₂O 含量≥60%)。

1.2.2 土壤理化性质测定 根据《土壤理化分析与剖面描述》进行土壤理化性质的测定^[29]。

1.2.3 数据处理 数据前期处理应用 Excel 2016, 多组样本间差异显著性分析、土壤群落结构组分图等采用 IBM SPSS Statistics 22、R 语言等分析。

2 结果与分析

2.1 不同施肥处理胶园土壤理化性质变化

由图 1-A 可知, 胶园土壤有机质含量与试验处理相关, 其中, CF2、CGQ1、CGQ2、CGQ3 处理组土壤有机质含量显著高于对照组 BLK, BLK、CF1、CF3 处理组间差异不显著; CGQ2、CGQ3 显著高于 CF1、CF3 处理; 在 3 个 CF 处理中, 有机质含量呈 CF2>CF3>CF1。3 个 CGQ 处理组间有机质含量组间差异不显著。不同试验处理胶园土壤有机质含量表现为 CGQ2>CGQ3>CF2>CGQ1>CF3>CF1>BLK, CGQ2 有机质含量为 21.83 g/kg。

由图 1-B 可知, 胶园土壤 pH 值总体随试验处理先降低后增加, 3 个 CGQ 处理显著高于其他处理组; CF1、CF3 处理土壤 pH 值显著低于 BLK; CGQ3 处理土壤 pH 值显著高于 CGQ1、CGQ2, CGQ1、CGQ2 处理土壤 pH 值组间差异不显著。土壤 pH 值在 CGQ3 达到最高值 5.39, CF3 处理 pH 值显著低于其他处理组, 为 4.42。

由图 1-C 可知, 不同处理胶园土壤有效氮(AN)含量受试验处理影响呈现: CGQ3>CF2>CF1>CGQ2>CF3>CGQ1>BLK, CF1、CF2、CGQ2、CGQ3 土壤有效氮含量显著高于 BLK, 于 CGQ3 处理达到最大值 101.5 mg/kg, CF3、CGQ1 与 BLK 差异不显著。

由图 1 - D 可知,不同处理胶园土壤有效磷(AP)含量与试验处理呈明显相关性:CGQ3 > CGQ2 > CGQ1 > CF2 > CF3 > CF1 > BLK,3 个 CGQ 处理有效磷含量高于 3 个 CF 处理,CGQ3 处理达到最大值 102.8 mg/kg。

由图 1 - E 可知,不同处理胶园土壤速效钾

(AK) 含量随试验处理先降低后增加,CGQ3 > CGQ2 > BLK > CGQ1 > CF1 > CF3 > CF2,3 个 CF 处理显著低于其他处理,且组内差异不显著,CF2 处理速效钾达到最低值 159.5 mg/kg;CGQ3 处理达到最高值 228.2 mg/kg。3 个 CGQ 处理与 BLK 处理差异不显著。

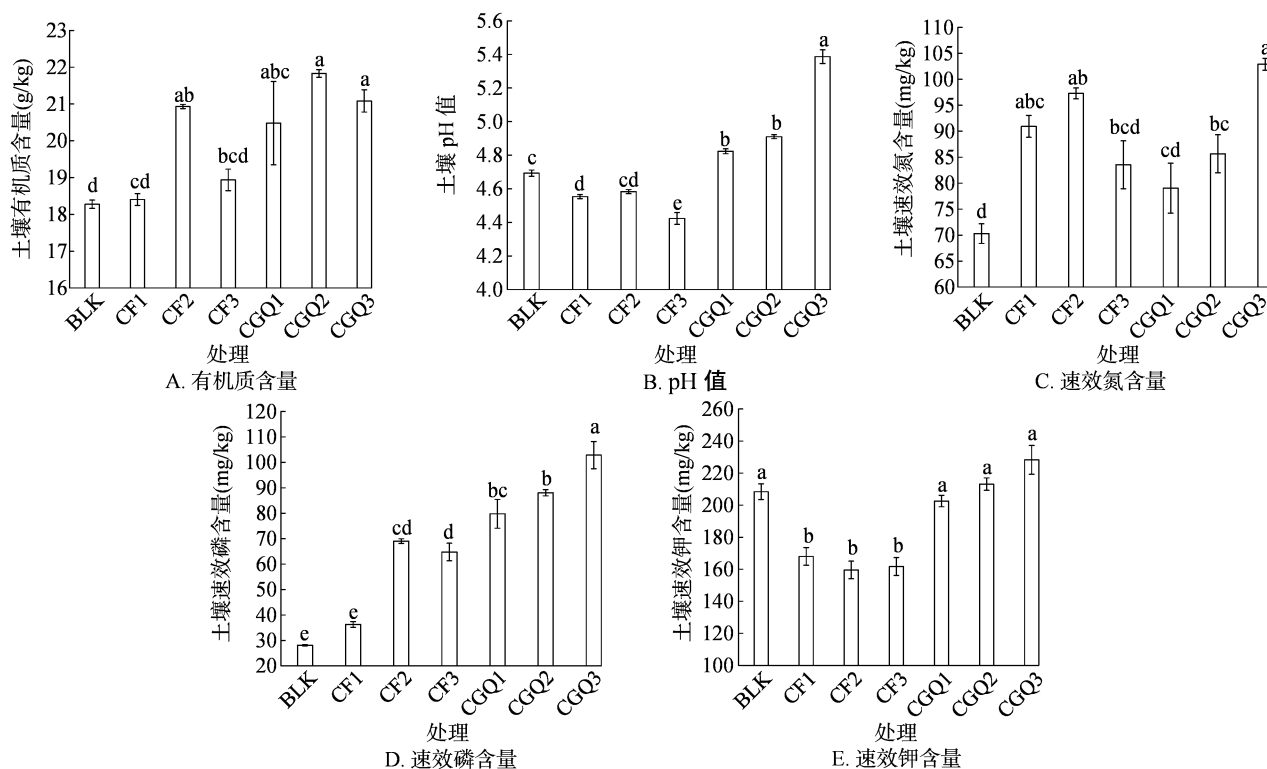


图1 不同试验处理对土壤营养及 pH 值的影响

2.2 不同试验处理下微生物组成分析

2.2.1 不同试验处理下土壤微生物门水平的组成分析

与 Silva 数据库比对,样品微生物含 32 个门,不同处理组的土壤微生物群落组成相似。变形菌门、放线菌门、厚壁菌门、酸杆菌门丰度较高(图 2),以上 4 个门细菌丰度约占土壤总微生物丰度 90% 左右,在胶园土壤微生物群落结构中起着主要作用。与 BLK 相比,CGQ3、CGQ2、CF2、CF1 处理中变形菌门占比最高,为 60.3%、58.7%、56.2%、53.7%。CF3 处理中放线菌门相对丰度最高,为 42.8%。酸杆菌门与华南砖红壤土壤类型密切相关,因不同处理改变了土壤理化性质,各处理组优势菌丰度受到一定影响,CGQ3、CF3 处理的变形菌门、放线菌门占比高达 94.5%。

2.2.2 不同试验处理下属水平微生物的组成分析

由图 3 可知,慢生根瘤菌属丰度最高,在 BLK、CF1、CF2、CF3、CGQ1、CGQ2、CGQ3 处理中占比为

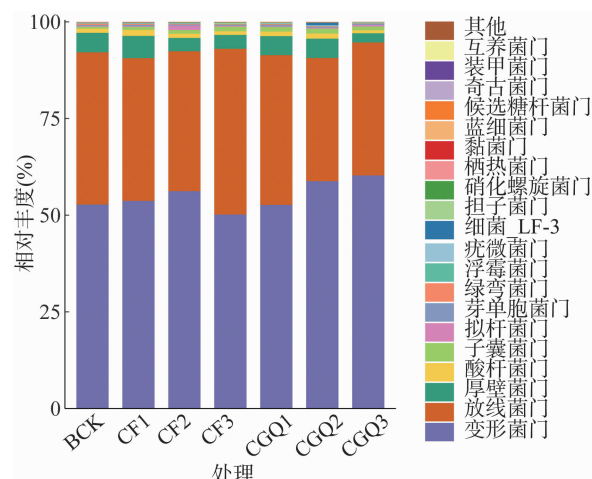


图2 不同试验处理土壤微生物门水平相对丰度(相对丰度前 20)

7.5%、6.0%、6.6%、3.7%、7.7%、7.3%、4.7%。其次为链霉菌属、副伯克霍尔德菌属、鞘氨醇单胞菌属、分枝杆菌属、芽孢杆菌属、伯克霍尔德菌属、卡巴勒罗菌属、分枝菌酸杆菌属、马杜拉菌属、鞘脂

单胞菌属、罗河杆菌属、拟无枝酸菌属、溶杆菌属、马西利亚菌属、小单胞菌属、诺卡菌属、戴尔氏菌属、黏分枝杆菌属、假单胞菌属。不同处理组中, BLK 中卡巴勒罗菌属、马西利亚菌属丰度较大, 且两者均属于 β -丁酚脱氢酶类群; CF1 中鞘脂单胞菌属丰度最大;

CF3 中分枝杆菌属、分枝菌酸杆菌属、罗河杆菌属、假单胞菌属丰度较大; CF 处理中杆状菌丰度最大。CGQ1 中慢生根瘤菌属、链霉菌属、芽孢杆菌属丰度较大; CGQ2 中伯克霍尔德菌属丰度最大; CGQ3 中副伯克霍尔德菌属、鞘氨醇单胞菌属等丰度较大。

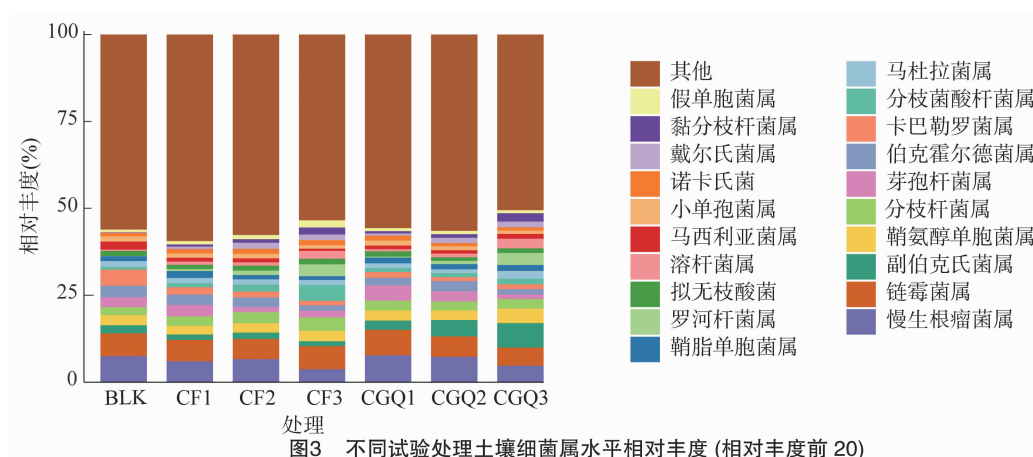


图3 不同试验处理土壤细菌属水平相对丰度 (相对丰度前 20)

2.2.3 不同试验处理组间物种组成分析 不同处理组之间, 相同的种共有 2 404 个, 各处理组特有物种数如下: BLK 含 38 个, CF1 含 18 个, CF2 含有 82 个, CF3 含有 92 个, CGQ1 含有 27 个, CGQ2 含有 50 个, CGQ3 含有 82 个 (图 4)。

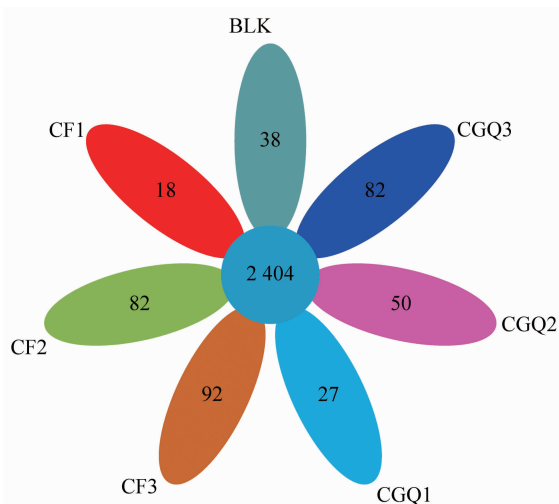


图4 不同试验处理土壤微生物种水平韦恩图

2.2.4 不同试验处理胶园土壤微生物多样性指数分析 基于 Bray Curtis 距离进行 PCoA 分析 (图 5), 并选取贡献率最大的主坐标组合作图, 第一坐标轴解释贡献率 40.6%, 第二坐标轴解释贡献率 15.1%。图中 CF1、CF2、CGQ1 样品土壤微生物物种组成结构相似。BLK 处理组与 CF1、CF2、CGQ1 微生物组成有较大差异, BLK 处理组与 CGQ2、CGQ3、

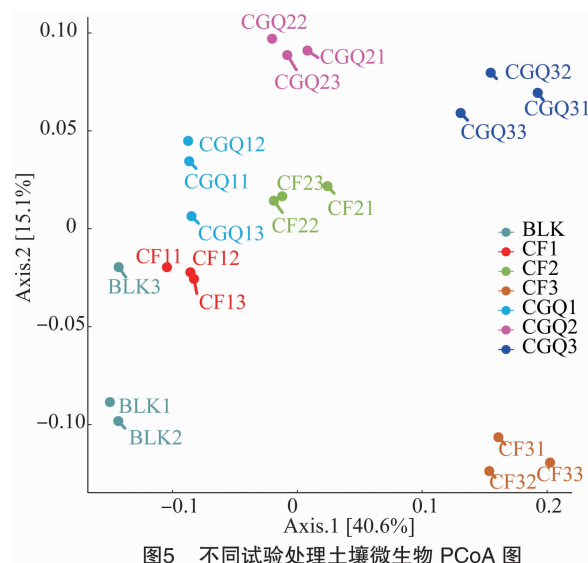


图5 不同试验处理土壤微生物 PCoA 图

CF3 微生物组成差异更大。

2.3 不同环境因子与微生物属水平相关程度的 RDA 分析

RDA 排序计算结果表明, 第 1、2 个排序轴可解释 62.57% 不同试验环境因子与微生物属水平相关程度 (第 1 轴 41.38%, 第 2 轴 21.19%), 故采用前两排序轴作 RDA 二维排序图。由图 6 可知, $P = 0.001$, 环境因子对微生物群落影响呈极显著水平。决定 RDA 第一序列轴的环境因子有 AP、pH 值、SOM、AK、AN, 呈正相关关系, 对样本微生物群落丰度影响较大的为 AP、pH 值、SOM。AP、SOM、AN 与 RDA 第二序列轴呈极显著正相关关系, pH 值、AK

与 RDA 第二序列轴呈极显著负相关关系。样品中丰度较大的微生物包括链霉菌属、慢生根瘤菌属等,与 AP、pH 值、SOM、AK、AN 等环境因子均呈极显著正相关关系。链霉菌属、鞘氨醇单胞菌属、副伯克霍尔德菌属、鞘脂单胞菌属、罗河杆菌属、溶杆菌属、微单孢菌属的丰度受 pH 值影响最大,呈正相关关系,伯克霍尔德菌的丰度与 pH 值呈负相关关

系。根瘤菌属受 AP 的影响最大,呈极显著正相关关系。芽孢杆菌属、戴尔氏菌属的丰度受 AN 的影响最大,呈正相关关系。分枝菌酸杆菌属、假单胞菌属、诺卡菌属、慢生根瘤菌属的丰度受 SOM、AN 影响较大,呈正相关关系;卡巴勒罗菌属丰度与 SOM、AN 呈负相关关系。

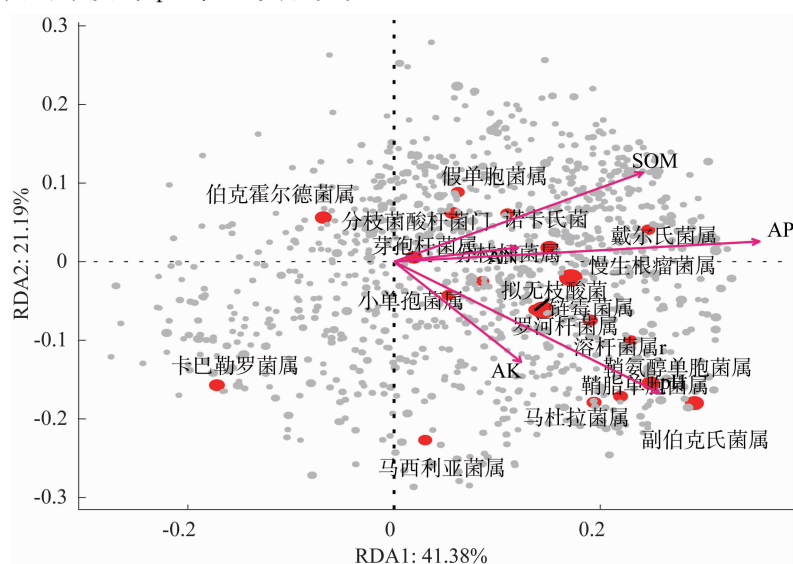


图6 不同试验环境因子与微生物属水平分布间相关程度的 RDA 分析

2.4 不同试验处理胶园土壤微生物功能基因 KEGG 注释

由图 7 可知,对照 KEGG PATHWAY 数据库,各处理中生物代谢通路划分为 6 类,丰度由高到低为新陈代谢、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病、生物体系统、环境信息处理。

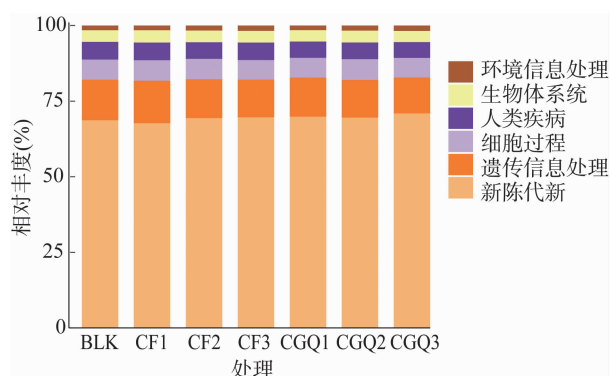


图7 不同试验处理样品 KEGG 代谢通路的 Level 1 层级注释

由图 8 可知,不同试验处理 KEGG 代谢通路的 Level2 层级注释中,代谢通路丰度由高到低依次为:碳水化合物代谢,氨基酸代谢,辅因子和维生素代谢,能量代谢,脂质代谢,全局和概览图,生物异源物质降解和代谢,翻译,其他次生代谢物的生物合

成,细胞生长和死亡,其他氨基酸代谢,蛋白质折叠、分类和降解,复制和修复,萜类化合物和多酮类化合物的代谢,核苷酸代谢,转录,衰老,内分泌和代谢疾病,细菌性传染病,细胞运动。

由图 9 可知,不同试验处理样品 KEGG 代谢通路的 Level2 层级注释(LDA > 2)表明,相较于 BLK, CF1、CF3、CGQ3 处理组丰度较高的代谢通路数更多,其中 CF1 代谢通路丰度最高的有 7 个,按丰度从大到小依次为:翻译,细胞生长和死亡,折叠、分类和降解,转录,细菌性传染病,核苷酸代谢,衰老。CGQ3 中丰度较高的代谢通路依次为:氨基酸代谢、全局和概览图谱、信号转导、聚糖生物合成与代谢、癌症 5 个。CF3 中丰度较高的代谢通路依次为原核生物细胞群落、环境适应、抗菌药物耐药性、抗肿瘤药耐药性、神经退行性疾病 5 个。

3 讨论

3.1 对胶园土壤理化性质的影响

本试验可以看出,胶园 CF 处理可以使胶园土壤 pH 值、AK 含量降低。与其他处理组相比,鸡粪 + 化肥处理会导致胶园土壤 pH 值降低,这与关

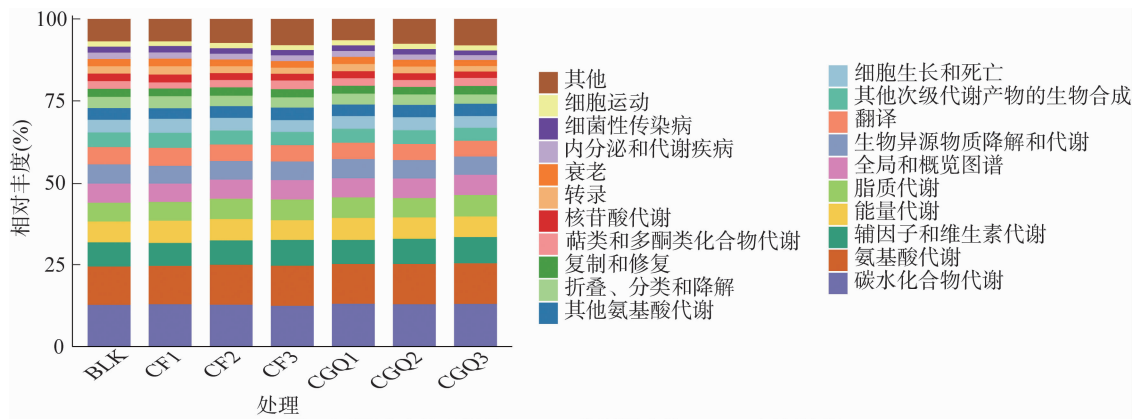


图8 不同试验处理样品 KEGG 代谢通路的 Level2 层级注释

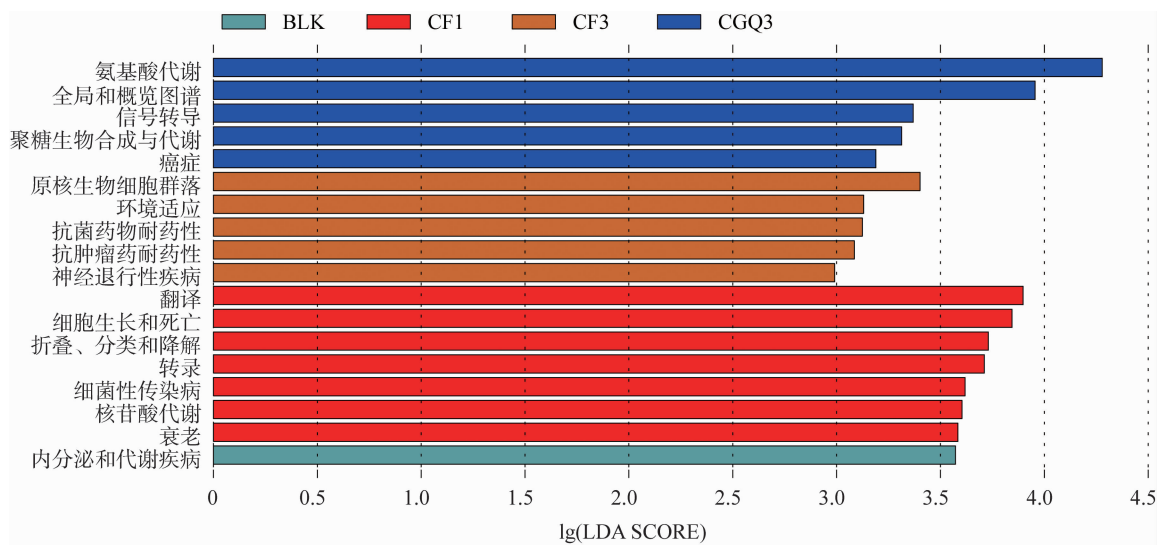


图9 不同试验处理样品 KEGG 代谢通路的 Level2 层级注释(LDA2)

天霞等的研究结果^[30-31]一致,可能是大量施入有机肥使得土壤硝化作用增强,产生了大量的 H^+ ,从而降低了土壤 pH 值^[32]。CF 处理土壤速效钾含量最低,可能添加鸡粪促进橡胶树根系对于钾元素的吸收和利用,这与谢德意等的研究结果^[33]相符。CGQ 处理组胶园土壤速效 N、P 养分增加,可能是鸡粪、蚯蚓粪等有机氮矿化^[34]及磷输入的结果,在一定程度上增加土壤表层土的速效养分,或者鸡粪腐熟析出有机酸或阴离子,减少了土壤铁铝胶体对磷的吸附,增加土壤中有效磷含量^[35-36]。CGQ 处理组胶园土壤 pH 值显著高于其他处理组,可能是蔗渣还田腐解产生的有机阴离子 ($-COO^-$ 、 $-COOH$ 、 $-O^-$ 、 $-OH$ 等),能中和 H^+ 、钝化 Al^{3+} ,提高了土壤 pH 值^[37-38]。随着蔗渣、畜禽粪的加入,有机质含量增加,增加了对土壤速效氮的利用,固 CGQ1、CGQ2 处理土壤速效氮含量较低。

3.2 对胶园微生物群落的影响

不同的畜禽粪、蔗渣投入对土壤微生物群落产

生直接影响和间接影响。胶园土壤微生物群落结构的变化强烈影响着林下生态系统功能。微生物多样性反映了群落组成的差异以及均匀性,也反映出土壤微生物群落功能的多样性。本研究中,处理组变形菌门、放线菌门含量最多。变形菌门丰度最高,在氮的促进利用、植物病害防治、土壤修复中起到重要作用^[39]。放线菌门可拮抗病原菌^[40]、产生抗生素提高植物本身的抵抗力^[41],分泌细胞分裂素加快植物生长^[42-44],分解纤维素、木质素^[45],改善土壤品质。属水平上,慢生根瘤菌属占比最高(图3)。CF3 中优势菌种为链霉菌属,在分解有机物质时,释放有机酸和高分子腐殖酸^[46],鸡粪发酵过程中,也会产生酸性代谢产物,导致土壤 pH 值降低^[47]。土壤 pH 值 < 5.0 时,会产生铝毒现象^[48],CF 处理组 pH 值最低,以 CF3 处理 pH 值最低,其铝毒现象最明显,故 CF 处理组随着鸡粪使用量的增加,CF3 有效磷含量低于 CF2。CGQ 处理优势菌属慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、链霉菌属(*Streptomyces*)、

副伯克霍尔德菌属(*Paraburkholderia*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)等为有益菌属^[49-52]。丰度较大的微生物副伯克霍尔德菌属(*Paraburkholderia*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)等与 pH 值等呈极显著的正相关关系,表明蔗渣-畜禽粪便能通过改善土壤 pH 值(图 1-B),有效提升土壤微生物有益菌属的丰度。伯克霍尔德氏菌等有害菌属与环境因子等呈负相关关系。蔗渣-畜禽粪便复合施用,通过改变胶园土壤养分和理化指标,影响了胶园土壤中微生物的种类和丰度,这与张彤等的研究结果^[53]相符。在本研究中,CGQ 处理组胶园土壤中有益菌属的丰度和种类增加,有害菌属丰度和数量降低,胶园土壤微环境得到改良。

3.3 对胶园土壤微生物功能基因的影响

不同试验处理下,由于 CF1 中杆状菌等大量繁殖(图 3),胶园土壤微生物功能注释 KEGG 代谢通路注释中,CF1 具有较高的 KEGG 代谢通路注释数目。鸡粪使用量的增加,为微生物繁殖提供了丰富的营养,特有的细菌种类数不断增加(图 4)。在 CF3 中注释到较高丰度的抗菌药物抗性基因,可能是鸡粪中抗生素残留和多糖类物质增加^[54-55]的缘故。CGQ3 中添加了蔗渣-蚯蚓粪,外源氨基酸^[56]、聚糖^[57]含量增多,固氨基酸代谢、聚糖生物合成和代谢基因丰度增大(图 8)。CGQ3 中益生菌副伯克霍尔德菌属(*Paraburkholderia*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)丰度增加,且信号转导基因的丰度增加,可能是植物-微生物互作、微生物之间互作增强导致。

4 结论

不同有机物料还田通过改变土壤理化性质,影响土壤微生物群落。蔗渣-畜禽粪便复合施用(CGQ 处理)显著提高了土壤有机质含量、pH 值,改善了胶园土壤理化性质。CGQ 处理组胶园土壤环境改变,增加土壤有益菌属慢生根瘤菌属、链霉菌属、副伯克霍尔德菌属、鞘氨醇单胞菌属等的丰度,降低了有害菌属伯克霍尔德氏菌属的丰度,改善土壤微生态。

参考文献:

[1] 刘东,刘锐金,申丹艳,等. 我国天然橡胶产业支持保护政策的演变、现状与建议[J]. 中国热带农业,2023(5):18-24,80.
[2] 吴红萍,金映虹,陈喜蓉. 海南发展橡胶林下经济的现状、问题与对策[J]. 热带林业,2022,50(1):10-14.

[3] 赵林林. 中国植胶区土壤有机碳变异及驱动因子研究[D]. 海口:海南大学,2021:20-34,36.
[4] 李涛,李芹,陈林杨,等. 不同林龄橡胶林土壤肥力变化差异研究[J]. 云南农业大学学报(自然科学),2017,32(2):303-309.
[5] Zhou W J, Ji H L, Zhu J, et al. The effects of nitrogen fertilization on N₂O emissions from a rubber plantation[J]. Scientific Reports, 2016,6:28230.
[6] Rodríguez-Lado L, Macías F. Calculation and mapping of critical loads of sulphur and nitrogen for forest soils in Galicia(NW Spain)[J]. Science of the Total Environment,2006,366(2/3):760-771.
[7] Liu C G, Li F R, Liu C C, et al. Yield-increase effects via improving soil phosphorus availability by applying K₂SO₄ fertilizer in calcareous-alkaline soils in a semi-arid agroecosystem[J]. Field Crops Research,2013,144:69-76.
[8] Guo H, Han F L, Wang Z M, et al. Deposition of sulfur and nitrogen components in Louisiana in August,2011[J]. Science of the Total Environment,2018,636:124-133.
[9] Chen S, Hao T X, Goulding K, et al. Impact of 13-years of nitrogen addition on nitrous oxide and methane fluxes and ecosystem respiration in a temperate grassland[J]. Environmental Pollution, 2019,252:675-681.
[10] Liu C A, Liang M Y, Nie Y, et al. The conversion of tropical forests to rubber plantations accelerates soil acidification and changes the distribution of soil metal ions in topsoil layers[J]. Science of the Total Environment,2019,696:134082.
[11] Salehi A, Fallah S, Sourki A A. Organic and inorganic fertilizer effect on soil CO₂ flux, microbial biomass, and growth of *Nigella sativa* L. [J]. International Agrophysics,2017,31(1):103-116.
[12] 徐文娟. 绿肥还田及有机肥替代化学氮肥对橡胶园土壤养分的影响研究[D]. 海口:海南大学,2022:50-62,76-78,104-108.
[13] 全孝飞,颜晓元,王书伟,等. 长期施用有机物料对稻田生态系统服务功能的影响[J]. 农业环境科学学报,2017,36(7):1406-1415.
[14] 李虎. 秸秆添加畜禽粪田间条带堆腐对土壤肥力性质的影响[D]. 长春:吉林农业大学,2021:44-46.
[15] 王友玲,邱慧珍, Ghanney P, 等. 通风方式对牛粪堆肥氨气排放与氮素转化的影响[J]. 农业机械学报,2020,51(11):313-320.
[16] He Y W, Yin X W, Li F H, et al. Response characteristics of antibiotic resistance genes and bacterial communities during agricultural waste composting: focusing on biogas residue combined with biochar amendments[J]. Bioresource Technology, 2023, 372:128636.
[17] 曹丽娜,王岩,王跃,等. 添加麦秸对鸡粪堆肥过程中氮素减排及细菌群落的影响[J]. 农业环境科学学报,2023,42(11):2560-2569.
[18] Canilha L, Santos V T O, Rocha G J M, et al. A study on the pretreatment of a sugarcane bagasse sample with dilute sulfuric acid[J]. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology,2011,38(9):1467-1475.
[19] 徐晨伟,袁玉娟,朱佳双,等. 强还原土壤灭菌法(RSD)对火龙

- 珠连作土壤线虫群落的影响[J]. 黑龙江农业科学, 2023, (10): 22–29.
- [20] Colwell R R. Microbial diversity: the importance of exploration and conservation[J]. Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology, 1997, 18(5): 302–307.
- [21] Griffiths B S, Philippot L. Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2013, 37(2): 112–129.
- [22] Campbell V, Murphy G, Romanuk T N. Experimental design and the outcome and interpretation of diversity – stability relations[J]. Oikos, 2011, 120(3): 399–408.
- [23] 李国庆, 郭华春. 连作对马铃薯根际土壤细菌群落结构的影响[J]. 分子植物育种, 2014, 12(5): 914–928.
- [24] Prosser J I. Molecular and functional diversity in soil micro – organisms[J]. Plant and Soil, 2002, 244: 9–17.
- [25] Mori H, Maruyama F, Kato H, et al. Design and experimental application of a novel non – degenerate universal primer set that amplifies prokaryotic 16S rRNA genes with a low possibility to amplify eukaryotic rRNA genes[J]. DNA Research, 2014, 21(2): 217–227.
- [26] Poisot T, Péquin B, Gravel D. High – throughput sequencing: a roadmap toward community ecology[J]. Ecology and Evolution, 2013, 3(4): 1125–1139.
- [27] 刘再, 燕亚平, 崔金娜, 等. 微生物分子生态学研究方法概述[J]. 食品工业科技, 2022, 43(18): 483–492.
- [28] Shang Q H, Yang G, Wang Y, et al. Illumina – based analysis of the rhizosphere microbial communities associated with healthy and wilted Lanzhou lily (*Lilium davidii* var. *unicolor*) plants grown in the field[J]. World Journal of Microbiology & Biotechnology, 2016, 32(6): 95.
- [29] 刘光崧. 土壤理化分析与剖面描述[M]. 北京: 中国标准出版社, 1996: 9–41.
- [30] 关天霞, 马国泰, 马志录, 等. 连续施用鸡粪对露地黄瓜产量、品质和土壤性质的影响[J]. 植物营养与肥科学报, 2021, 27(8): 1351–1360.
- [31] 郭伟, 李丹丹, 徐基胜, 等. 秸秆与有机无机肥配施对不同质地潮土土壤质量和小麦产量的影响[J]. 土壤学报, 2024, 61(5): 1360–1373.
- [32] Guo J H, Liu X J, Zhang Y, et al. Significant acidification in major Chinese croplands[J]. Science, 2010, 327(5968): 1008–1010.
- [33] 谢德意, 房卫平, 李伶俐, 等. 不同施氮量和鸡粪对棉花氮、磷、钾吸收利用和产量的影响[J]. 河南农业科学, 2010, 39(11): 63–65.
- [34] 刘宁, 周嘉良, 马双双, 等. 生物炭对鸡粪好氧堆肥主要氮素形态含量影响与保氮机制[J]. 农业机械学报, 2016, 47(12): 233–239.
- [35] 王林权, 周春菊, 王俊儒, 等. 鸡粪中的有机酸及其对土壤速效养分的影响[J]. 土壤学报, 2002, 39(2): 268–275.
- [36] 郑伊健. 有机肥分层施用对植烟红壤磷形态及溶磷微生物的影响[D]. 雅安: 四川农业大学, 2023: 5, 36–39.
- [37] 王娇, 王鸿斌, 赵兰坡, 等. 添加秸秆对不同有机含量土壤腐质化特征及酸度的影响[J]. 吉林农业大学学报, 2023, 45(3): 346–353.
- [38] 丛日环, 张丽, 鲁艳红, 等. 添加不同外源氮对长期秸秆还田土壤中氮素转化的影响[J]. 植物营养与肥科学报, 2019, 25(7): 1107–1114.
- [39] 颜珏璘, 芦光新, 邓晔, 等. 高寒地区根瘤菌拌种对禾/豆混播土壤微生物群落的影响[J]. 生物技术通报, 2022, 38(11): 1–12.
- [40] 职永玺, 何海荣, 周琳, 等. 防控花生白绢病的根际放线菌分离鉴定及防效评价[J]. 农药学报, 2024, 26(1): 101–113.
- [41] 王建勋, 康凤, 孙玲, 等. 杨凌糖丝菌 Hhs. 015 拮抗苹果树腐烂病菌转录组分析及抗菌机制探究[J]. 西北农业学报, 2022, 31(1): 105–116.
- [42] 乔美霞, 杨珍平, 闫霞, 等. 微白黄链霉菌对谷子萌发及拔节期生长的作用及机制[J]. 核农学报, 2023, 37(2): 370–378.
- [43] 尹芊耘, 苟培琪, 邱桂英, 等. 5406 抗生素肥料作用机制的研究 I. 5406 号抗生素产生刺激物质的分析研究[J]. 微生物学报, 1965, 5(2): 259–269.
- [44] 杨腾峰, 闫建培, 侯星羽, 等. 苜蓿链霉菌 TX21 抑菌作用确定及促生物质的鉴定[J]. 中国生物防治学报, 2024, 40(2): 359–369.
- [45] 张晶, 钱玉婷, 曲萍, 等. 秸秆降解放线菌的分离鉴定及其降解特性[J]. 中国农业大学学报, 2023, 28(12): 75–83.
- [46] Huang X F, Chaparro J M, Reardon K F, et al. Rhizosphere interactions: root exudates, microbes, and microbial communities[J]. Botany, 2014, 92(4): 267–275.
- [47] 倪哲, 潘朝智, 牛冬杰. 高温状态下鸡粪厌氧发酵产酸影响因素的研究[J]. 能源与节能, 2011(8): 44–46, 93.
- [48] Kochian L V, Piñeros M A, Liu J P, et al. Plant adaptation to acid soils: the molecular basis for crop aluminum resistance[J]. Annual Review of Plant Biology, 2015, 66: 571–598.
- [49] 王子擎, 张颖, 王扬, 等. 科尔沁沙地植被重建对土壤固氮和固碳菌群的影响[J]. 应用生态学报, 2024, 35(1): 31–40.
- [50] 曹艳茹, 朱国兴, 王海龙, 等. 放线菌防治根结线虫的作用机制及研究进展[J]. 植物保护, 2024, 50(2): 37–48.
- [51] 廖鑫琳, 郭鑫, 杨季学, 等. 拮抗青枯雷尔氏菌的放线菌筛选及其防病作用[J]. 中国农业科学, 2024, 57(7): 1319–1334.
- [52] 鲁子正钢, 朱立新, 季宏兵, 等. 鞘氨醇单胞菌修复土壤重金属污染研究进展[J]. 浙江农业学报, 2024, 36(5): 1208–1216.
- [53] 张彤, 刘静, 韩叙, 等. 放牧对沙地樟子松林土壤养分及微生物群落的影响[J]. 干旱区研究, 2023, 40(2): 194–202.
- [54] Qiu T L, Huo L H, Guo Y J, et al. Metagenomic assembly reveals hosts and mobility of common antibiotic resistome in animal manure and commercial compost[J]. Environmental Microbiome, 2022, 17(1): 42.
- [55] 余凯翔. ^{14}C – 毒死蜱和 ^{14}C – 吡虫啉在水稻 – 土壤中的分布、迁移及转化[D]. 杭州: 浙江大学, 2020: 921–924.
- [56] 雷琬莹, 李娜, 滕培基, 等. 农田生态系统有机物料腐解过程及土壤培肥机制研究[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2022, 30(9): 1393–1408.
- [57] 王梦雅, 符云鹏, 贾辉, 等. 不同菌肥对土壤养分、酶活性和微生物功能多样性的影响[J]. 中国烟草科学, 2018, 39(1): 57–63.