

引用格式: 石陆映, 徐睿, 邬奇峰, 等. 露地蔬菜土壤细菌群落对有机肥与土壤调理剂配施的短期响应特征[J]. 浙江农林大学学报, 2026, 43(X): 1-12. SHI Luyi, XU Rui, WU Qifeng, et al. Short-term response characteristics of soil bacterial community in open-field vegetable soils to combined application of organic fertilizer and soil conditioner[J]. Journal of Zhejiang A&F University, 2026, 43(X): 1-12.

露地蔬菜土壤细菌群落对有机肥与土壤 调理剂配施的短期响应特征

石陆映^{1,2}, 徐睿^{1,2}, 邬奇峰³, 童晓冬³, 章林玲³, 马行聪^{1,2}, 秦华^{1,2}

(1. 浙江农林大学 环境与资源学院/碳中和学院, 浙江 杭州 311300; 2. 浙江农林大学 森林食物资源挖掘与利用全国重点实验室; 3. 杭州市临安区农林技术推广中心, 浙江 临安 311300)

摘要: 【目的】探究有机肥、土壤调理剂及其施用量影响露地蔬菜土壤细菌群落的短期效应。【方法】2023年在浙江省杭州市临安区绿源蔬菜基地进行双因素随机区组试验, 每个处理3个重复, 研究不施调理剂(NSC)、低调理剂(0.75 t·hm⁻², LSC)和高调理剂(1.50 t·hm⁻², HSC)下不施用有机肥(NOF)、低有机肥(4.50 t·hm⁻², LOF)和高有机肥(7.50 t·hm⁻², HOF)等处理对露地蔬菜(茄 *Solanum melongena*)土壤养分和细菌群落结构的影响。【结果】土壤调理剂施用量增加显著提升土壤pH以及速效钾、有效磷、有机质质量分数($P<0.05$); 有机肥施用量增加提升了土壤有机质质量分数, 但有效磷显著下降($P<0.05$)。不同施肥处理对土壤细菌群落 α 多样性均无显著影响。高调理剂处理下, 低有机肥处理显著提高了厚壁菌门 Firmicutes 和热变形菌门 Thermoproteota 的相对丰度。在不施有机肥处理下, 低调理剂处理显著提高了索丝菌属 *Kouleothrix* 的相对丰度($P<0.05$)。相关分析表明: 放线菌门 Actinobacteriota、变形菌门 Proteobacteria 和厚壁菌门相对丰度与土壤pH和土壤有效磷呈显著正相关($P<0.05$), 黏菌门 Myxococcota 与土壤碱解氮、全氮和阳离子交换量呈显著正相关($P<0.05$)。土壤有效磷、碱解氮、全氮和阳离子交换量是影响土壤细菌群落结构的主要环境因子。共现网络分析表明: 土壤调理剂和有机肥施用均改变了土壤细菌共现网络模式, 高调理剂和高有机肥处理均提高了细菌共现网络的复杂度。【结论】1.50 t·hm⁻² 调理剂处理能够改善土壤养分供应水平, 优化土壤细菌群落结构, 提升土壤健康水平, 高调理剂与低有机肥配合施用效果最好。高有机肥处理更有利于茄种植土壤的健康。图6表4参34

关键词: 露地蔬菜; 调理剂; 有机肥; 土壤细菌群落

中图分类号: S154.3 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2026)00-0001-12

Short-term response characteristics of soil bacterial community in open-field vegetable soils to combined application of organic fertilizer and soil conditioner

SHI Luyi^{1,2}, XU Rui^{1,2}, WU Qifeng³, TONG Xiaodong³, ZHANG Linling³, MA Xingcong^{1,2}, QIN Hua^{1,2}

(1. College of Environment and Resources/College of Carbon Neutrality, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, Zhejiang, China; 2. State Key Laboratory for Development and Utilization of Forest Food Resources, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, Zhejiang, China; 3. Agroforestry Technology Extension Centre of Lin'an District, Hangzhou 311300, Zhejiang, China)

Abstract: [Objective] The objective is to investigate the short-term effects of organic fertilizer, soil conditioner and their application rates on the soil bacterial communities in the soil of open-field vegetables.

收稿日期: 2025-07-30; 修回日期: 2026-03-26

基金项目: 浙江省重点研发计划项目(2023C02015)

作者简介: 石陆映(ORCID: 0009-0001-4086-1302), 从事耕地质量培养与提升研究。E-mail: sly1131333986@163.com.

通信作者: 秦华(ORCID: 0000-0002-8485-6345), 教授, 博士, 从事土壤微生物生态及其功能研究。E-mail: qinhua@zafu.edu.cn

[**Method**] A field experiment was conducted in 2023 at the Lüyuan Vegetable Base in Lin'an District, Hangzhou City, Zhejiang Province, using a two-factor randomized block design with three replications per treatment. The study examined the effects of three organic fertilizer application levels, namely no organic fertilizer (NOF), low organic fertilizer ($4.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, LOF), and high organic fertilizer ($7.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, HOF), on the soil nutrient contents and bacterial community structure of open-field vegetables (*Solanum melongena*) under three conditions: no conditioner (NSC), low conditioner ($0.75 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, LSC), and high conditioner ($1.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$, HSC). [**Result**] The increase in soil conditioner application rate significantly increased soil pH and the contents of available potassium, available phosphorus, and organic matter ($P < 0.05$). The increase in the application rate of organic fertilizer increased soil organic matter content, but significantly decreased available phosphorus content ($P < 0.05$). Different fertilization treatments had no significant effect on the α -diversity of the soil bacterial community. LOF treatment significantly increased the relative abundance of Firmicutes and Thermoproteota under HSC treatment mode. Under NOF treatment, LSC treatment significantly increased the relative abundance of *Kouleothrix*. Correlation analysis showed that the relative abundance of Actinobacteriota, Proteobacteria and Firmicutes was significantly positively correlated with soil pH and soil available phosphorus content ($P < 0.05$), while Myxococcota was significantly positively correlated with soil available nitrogen, total nitrogen and cation exchange capacity ($P < 0.05$). Soil available phosphorus, alkali hydrolyzed nitrogen, total nitrogen and soil cation exchange capacity were the main environmental factors affecting the bacterial community structure. Co-occurrence network analysis indicated that the application of both soil conditioner and organic fertilizer altered the co-occurrence network patterns of soil bacterial, while HSC and HOF treatments increased the complexity of the bacterial co-occurrence network. [**Conclusion**] The $1.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ soil conditioning agent treatment can improve the nutrient supply level, optimize the bacterial community structure, and enhance the soil health. The combined application of high conditioning agent and low organic fertilizer yields the best results. High organic fertilizer treatment is more beneficial to the health of soil used for eggplant cultivation.[Ch, 6 fig. 4 tab. 34 ref.]

Key words: open-field vegetables; soil conditioner; organic fertilizer; soil bacterial community

露地蔬菜是中国蔬菜种植的主要类型，种植面积占全国蔬菜总种植面积的85%^[1]。然而，随着栽培年限延长和栽培面积扩大，高强度种植模式易使土壤发生次生盐渍化、养分失衡和土传病害等问题，导致土壤微生态环境发生改变^[2]，已成为制约露地农业可持续发展的重要因素。露地蔬菜地大量施用化肥后，土壤在短期内呈现出有效养分的迅速提高，但长期高强度种植会导致土壤酸化加剧、有机碳库消耗加速、有益微生物群落衰退以及土传病原菌积累等问题，威胁作物健康。单纯依赖土壤自身难以抵御这些长期退化风险，因此，土壤调理剂与有机肥成为破解上述问题的具有针对性的关键技术手段。

土壤调理剂通过其独特的物理和化学特性调节土壤理化性质，优化土壤微生物群落结构，其作用速度快、施用便捷且成本较低，被广泛用于健康土壤培育和土传病害防治^[3]。目前，调理剂主要有无机和有机两大类。无机调理剂以黏土矿物和石灰类为主；有机调理剂包括生物炭和有机物料等类型^[4]。石灰类无机调理剂虽能快速提高土壤pH，但由于其在土壤中迁移性较差，长期大量施用易导致土壤板结、营养元素比例失调，进而导致作物产量下降^[5]。牡蛎 *Crassostrea gigas* 壳等天然含钙调理剂不仅碳酸钙质量分数高达90%以上，还含有铁、铜、锌等多种微量元素^[6]。经高温焙烧处理后，牡蛎壳中碳酸钙转化成氧化钙，形成复杂的多孔结构，比表面积随之增大，因此具备较强的吸附和交换能力，可钝化重金属，对土壤具有优良的改良作用^[7]。已有研究表明：增施土壤调理剂可缓解土壤酸化，提高土壤pH与有机质，进而改善作物品质^[8]。

有机肥中富含植物生长所需的有益物质和营养元素，不仅可以抑制土壤酸化，提升土壤养分水平，为作物生长提供养分支持，还能增加土壤有机质，优化有机质组成，改善土壤理化性质与微生物活性。

因此，施用有机肥被视作土壤培肥，推动农业循环发展及维护土壤健康的重要措施^[9]。相关研究表明：增施有机肥能降低土壤 pH，显著提高土壤中速效养分及有机质，促进作物生长发育，改善土壤微生态环境，并提高蔬菜产量和品质^[10]。

土壤微生物在改善土壤结构，调节土壤养分平衡，维持土壤生态平衡和影响作物生产等方面发挥着关键作用^[11]，同时也是衡量土壤质量的重要指标^[12]。施用调理剂不仅能够通过调节土壤理化性质为微生物提供营养来源，促进微生物生长繁殖，还能改善土壤环境、提高微生物活性与多样性，进而优化微生物群落结构。有机肥中富含丰富的碳、氮和微量元素，为土壤微生物生长所必需，并能优化土壤微生物群落结构和功能^[13]。有研究表明：调理剂中的钙、镁等元素可增强植物的抗病性，同时抑制镰刀菌属 *Fusarium*、丝核菌属 *Rhizoctonia* 等病原真菌，并为芽孢杆菌属 *Bacillus*、假单胞菌属 *Pseudomonas* 等有益微生物提供碳源。CHEN 等^[14] 研究发现：有机肥与调理剂配施能显著提高细菌多样性，增加土壤中放线菌门 Actinobacteriota 和变形菌门 Proteobacteria 相对丰度。LI 等^[15] 研究发现：有机肥配施调理剂能够增加土壤有机碳，促进有益菌——芽孢杆菌的增殖。然而，关于如何合理施用土壤调理剂和有机肥，以及两者配施对露地蔬菜土壤养分及微生物群落的影响，仍有待深入研究。

本研究在田间条件下探究不同施用量土壤调理剂与有机肥配施对露地蔬菜土壤养分的影响，同时运用高通量测序技术分析不同处理下露地蔬菜土壤细菌的多样性、群落结构及生态互作网络特征的变化规律，揭示驱动这些变化的主要环境因素，为今后露地蔬菜高效培肥和健康可持续发展提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计与样品采集

试验地位于浙江省杭州市临安区绿源蔬菜基地 (30°08'21"N, 119°05'20"E)，试验于 2023 年 5 月开始，种植蔬菜为茄 *Solanum melongena*。本研究试验地长期露地种植蔬菜，由于长期大量施用化肥，土壤质量明显下降。试验采用双因素随机区组设计，主因素为调理剂施用梯度，副因素为有机肥施用梯度。设置 3 个调理剂施用梯度：不施用调理剂 (NSC)、低调理剂处理 (0.75 t·hm⁻², LSC)、高调理剂处理 (1.50 t·hm⁻², HSC)。根据试验地基础肥力及浙江省耕地土壤健康评价指标体系的推荐用量，在每个调理剂施用梯度下分别设置 3 个有机肥施用量处理：不施用有机肥 (NOF)、低有机肥处理 (4.5 t·hm⁻², LOF)、高有机肥处理 7.5 (t·hm⁻², HOF)。土壤调理剂选用特贝钙调理剂，以牡蛎壳为原料，为无机调理剂，购自福建省玛塔农业发展有限公司，氧化钙 (CaO) 质量分数 ≥45.0%、碳酸钙 (CaCO₃) 质量分数为 40.0%~45.0%，总钙质量分数为 38.5%~40.2%。有机肥购自临安锦来富农业有限公司，有机质质量分数 ≥45.0%，氮 (N) 质量分数+五氧化二磷 (P₂O₅) 质量分数+氧化钾 (K₂O) 质量分数 ≥5.0% (P₂O₅ 为 1.8%~2.0%)，含固氮菌、解磷菌及螯合态中微量元素。高有机肥处理虽带入一定量磷，但并未提高土壤中有效磷，反而使其降低，可能是由于该有机肥为山核桃蒲壳发酵而成，碱性较强，导致土壤磷有效性降低。同时，山核桃蒲壳的吸附性较强，也是导致土壤有效磷降低的可能原因之一。各小区面积均为 32 m²，每个处理 3 个重复，共 9 个处理，27 个小区。起垄覆膜露天种植茄，其中水分管理采用自然降水+人工沟灌协同调控，定植前 7 d 将氮肥与调理剂、有机肥混合沟施，基肥施用时将调理剂、有机肥撒施后旋耕；在生育期进行双干整枝，植株绑缚防倒伏。除调理剂和有机肥施用处理外，所有小区采用一致的常规栽培管理。

试验为期 3 个月，在茄成熟采收后进行采样，且在试验地茄收获后，秸秆未还田。每个试验小区用土钻对角线五点取样法采集 0~20 cm 耕层土样，去除杂质均匀混合置于冰盒内带回实验室，过 2 mm 筛后分装，一份于 -80 °C 超低温冰箱保存，用于提取 DNA 并测定土壤细菌群落结构；另一份风干，用于测定土壤理化性质。

1.2 土壤化学性质及养分分析

参考鲁如坤《土壤农业化学分析方法》^[16] 测定土壤理化性质。采用玻璃电极法测定土壤 pH，土水比为 1.0:2.5；采用乙酸铵浸提-火焰光度计测定土壤速效钾 (AK)；采用碳酸氢钠浸提，钼锑抗比色法测定土壤有效磷 (AP)；采用碱解扩散法测定土壤碱解氮 (AN)；用浓硫酸-重铬酸钾外加热法测定土壤有机质 (SOM)；采用凯氏定氮法测定土壤全氮 (TN)；采用三氯化六氨合钴浸提，分光光度法测定土壤阳离子交

换量 (CEC)。

1.3 土壤总 DNA 提取与细菌高通量测序

采用 MoBio PowerSoil[®] DNA Isolation Kit 试剂盒 (MoBio Laboratories) 提取土壤总 DNA, 称取 0.5 g 冻干土样, 根据试剂盒步骤进行 DNA 提取。对提取后的 DNA 通过微量分光光度计 (NanoDrop ND-1000) 测定其浓度, 将其存放于 -40 °C 冰箱保存, 为后续分析备用。委托杭州联川生物技术股份有限公司进行土壤 DNA 样品的高通量测序。使用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGAC TACHVGGGTWTCTAAT-3') 通过聚合酶链式反应 (PCR) 对 16S rDNA 基因的 V3~V4 可变区进行扩增, 再基于 Illumina NovaSeq 平台对测序样本实施双端测序。序列处理阶段借助 QIIME2 软件中的 DADA2 插件对所有原始序列 (input) 依次进行质量控制 (filtered)、去噪 (denoised)、拼接 (merged) 及去嵌合体 (non-chimeric) 处理, 最终形成扩增子序列变体 (ASV), 物种注释借助 Silva 数据库 (16S) 完成, 且将置信度阈值设定为 0.7。当各样品的 Alpha 多样性稀释曲线 (rarefaction curve) 趋于平缓, 表明该样品所含的绝大部分的微生物多样性信息已被充分反映, 此时测序数据量已达到充分程度。

1.4 数据分析

采用 SPSS 26.0 进行数据的双因素方差分析 (two-way ANOVA), 并通过邓肯法 (Duncan) 检验不同调理剂和有机肥施用量下土壤养分和微生物群落差异的显著性 ($P < 0.05$)。利用 R 4.4.2 软件对微生物测序数据进行分析。基于细菌操作分类单元 (OTU) 丰度表, 通过 QIIME 中 alpha_diversity.py 脚本计算土壤细菌群落的 Shannon 指数和 Chao 1 指数。采用皮尔逊 (Pearson) 相关性分析探究土壤环境因子与土壤细菌群落门水平优势菌群之间的相关性。通过非度量多维标度分析 (NMDS) 解析土壤细菌群落结构组成特征。利用 R 语言 vegan 包进行冗余分析 (RDA), 探究不同施肥或调理剂施用量对细菌群落结构具有显著影响的环境因子; 同时采用置换多元方差分析法 (permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA) 检验不同有机肥或调理剂处理间土壤细菌群落结构差异的显著性^[17]。基于 R 语言的 igraph 包构建无向的相关性网络, 借助 Gephi 0.9.2 绘制微生物网络图, 同时计算相关网络拓扑指数, 分析不同有机肥或调理剂处理下土壤细菌网络拓扑特征差异。

2 结果与分析

2.1 土壤化学性质及养分

随土壤调理剂施用量的增加, 土壤 pH 以及速效钾、有效磷、有机质质量分数均显著增加 ($P < 0.05$), 但对土壤碱解氮、全氮质量分数以及阳离子交换量没有显著影响 (表 1)。随着有机肥施用量的增加, 土壤有机质质量分数均显著增加, 但有效磷显著下降 ($P < 0.05$), 有机肥施用量对土壤速效钾、碱解氮、全氮质量分数及阳离子交换量、pH 均没有显著影响。土壤调理剂和有机肥的施用对土壤速效钾、有效磷以及有机质质量分数具有显著的交互作用 ($P < 0.05$)。

2.2 土壤细菌群落多样性分析

各处理组对土壤细菌群落 Shannon 指数和 Chao 1 指数无显著影响。双因素方差分析表明: 施用有机肥显著提高了土壤细菌群落 Chao 1 指数 ($P < 0.05$), 对土壤细菌 Shannon 指数无显著影响; 施用调理剂对土壤细菌群落 Shannon 指数和 Chao 1 指数均无显著影响。调理剂和有机肥施用量对土壤细菌群落 α 多样性指数无显著交互作用 (表 2)。

2.3 土壤细菌群落组成及相关性分析

2.3.1 土壤细菌群落组成 选取各处理组土壤细菌在门、属水平上相对丰度前 10 位的类群进行分析。从门水平来看, 相对丰度前 10 位的类群包含放线菌门、变形菌门、酸杆菌门 Acidobacteriota、绿弯菌门 Chloroflexota、厚壁菌门 Firmicutes、黏菌门 Myxococcota、芽单胞菌门 Gemmatimonadota 和脱硫杆菌门 Desulfobacterota、热变形菌门 Thermoproteota 和甲基奇异菌门 Methyloirabilota 等, 累计相对丰度达到群落相对丰度的 85% 以上 (图 1A)。放线菌门和变形菌门为优势菌群, 相对丰度分别为 20.27%~29.13% 和 21.80%~26.40%。在不同施肥处理下, 放线菌门、酸杆菌门、厚壁菌门、热变形菌门和甲基奇异菌门的相对丰度均存在显著差异 ($P < 0.05$)。在高调理剂处理下, 低有机肥处理的土壤厚壁菌门和热变形菌门相对丰度显著高于其他处理 ($P < 0.05$)。

表 1 不同处理土壤化学性质及养分质量分数

处理	pH	速效钾/ (mg·kg ⁻¹)	有效磷/ (mg·kg ⁻¹)	碱解氮/ (mg·kg ⁻¹)	有机质/ (g·kg ⁻¹)	全氮/ (g·kg ⁻¹)	阳离子交换量/ (cmol·g ⁻¹)	
NOF	6.80±0.03 Cb	376.00±20.21 Ba	30.21±2.26 Aa	135.35±15.04 Aa	32.08±1.97 ABab	1.79±0.19 Aa	6.19±0.70 Aa	
NSC	LOF	6.75±0.01 Ab	417.00±10.39 Aa	16.10±1.77 Ab	115.30±5.01 Aa	29.31±0.41 Cb	1.54±0.25 Aa	5.54±1.05 Aa
	HOF	7.07±0.08 Aa	426.67±44.74 Aa	13.83±1.48 Bb	110.28±5.01 Aa	34.55±1.05 Ba	1.67±0.06 Aa	5.43±0.03 Ba
	NOF	7.09±0.05 Ba	336.33±11.79 Bb	21.76±0.41 Ba	105.27±8.68 Aa	28.94±0.22 Bb	1.63±0.09 Aa	6.33±0.12 Aa
LSC	LOF	6.87±0.12 Aa	513.00±11.93 Aa	22.00±2.70 Aa	125.32±5.01 Aa	36.95±0.42 Aa	1.77±0.05 Aa	5.93±0.49 Aa
	HOF	6.89±0.15 Aa	494.33±47.01 Aa	21.53±2.69 Ba	115.30±5.01 Aa	38.92±1.14 Aa	1.73±0.10 Aa	5.68±0.41 Ba
	NOF	7.42±0.11 Aa	737.00±17.90 Aa	36.24±2.50 Aa	130.34±13.26 Aa	34.98±1.83 Aa	1.83±0.12 Aa	6.35±1.28 Aa
HSC	LOF	7.12±0.14 Aa	455.00±47.92 Ab	20.59±4.59 Aa	110.28±5.01 Aa	32.19±0.88 Ba	1.75±0.12 Aa	6.38±0.44 Aa
	HOF	7.21±0.12 Aa	539.33±39.57 Ab	33.93±2.63 Aa	125.32±10.03 Aa	36.42±0.29 Aa	1.70±0.04 Aa	7.56±0.37 Aa
SC	***	***	***	ns	**	ns	ns	
OF	ns	ns	***	ns	***	ns	ns	
SC×OF	ns	***	**	ns	***	ns	ns	

说明：数据为平均值±标准差。不同大写字母表示在相同有机肥施用量条件下，不同调理剂施用量处理间差异显著 ($P<0.05$)；不同小写字母表示在相同土壤调理剂施用量条件下，不同有机肥施用量处理间差异显著 ($P<0.05$)。*、**、***分别表示在 0.05、0.01 和 0.001 水平上差异显著；ns 表示显著不差异。NSC. 不施调理剂；LSC. 低调理剂处理；HSC. 高调理剂处理。NOF. 不施有机肥；LOF. 低有机肥处理；HOF. 高有机肥处理。SC. 有机肥处理；OF. 有机肥处理。

表 2 不同处理土壤细菌群落多样性指数

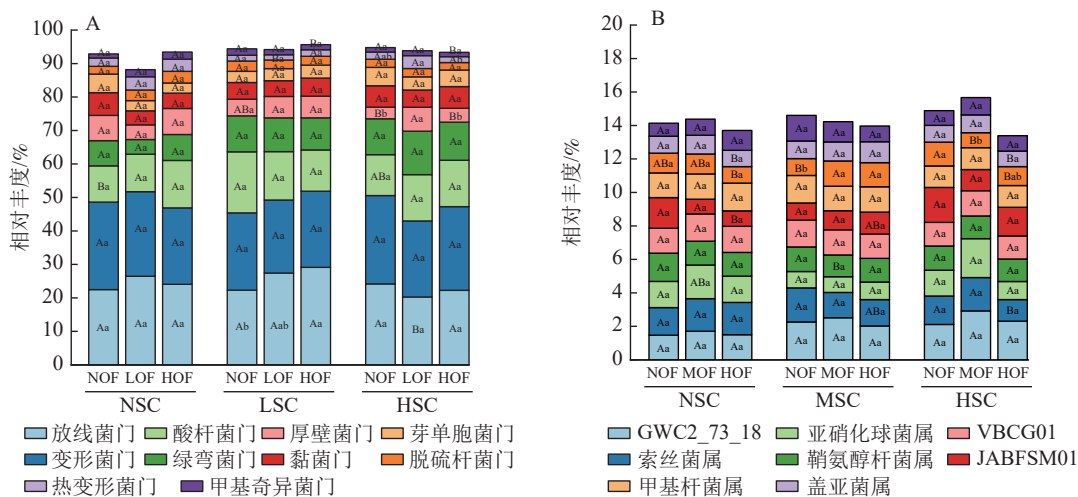
处理	Shannon指数	Chao 1指数	处理	Shannon指数	Chao 1指数		
NOF	10.47±0.34 Aa	3446.10±702.30 Aa	NOF	10.71±0.17 Aa	3709.75±545.85 Aa		
NSC	LOF	11.04±0.10 Aa	4808.17±159.99 Aa	HSC	LOF	10.87±0.11 Aa	4531.79±191.07 Aa
	HOF	10.97±0.08 Aa	4828.16±173.94 Aa		HOF	10.87±0.05 Aa	4325.87±269.98 Aa
	NOF	10.91±0.19 Aa	4200.94±642.55 Aa	SC	ns	ns	
LSC	LOF	10.97±0.04 Aa	4655.27±99.18 Aa	OF	ns	*	
	HOF	10.90±0.08 Aa	4618.17±89.10 Aa	SC×OF	ns	ns	

说明：数据为平均值±标准差。不同大写字母表示在相同有机肥施用量条件下，不同调理剂施用量处理间差异显著 ($P<0.05$)；不同小写字母表示在相同土壤调理剂施用量条件下，不同有机肥施用量处理间差异显著 ($P<0.05$)。*、**、***分别表示在 0.05、0.01 和 0.001 水平上差异显著；ns 表示显著不差异。NSC. 不施调理剂；LSC. 低调理剂处理；HSC. 高调理剂处理。NOF. 不施有机肥；LOF. 低有机肥处理；HOF. 高有机肥处理。SC. 有机肥处理；OF. 有机肥处理。

由图 1B 可知：不同施肥处理下优势菌属为 GWC2_73_18、索丝菌属 *Kouleothrix*、亚硝化球菌属 *Nitrosocosmicus*、鞘氨醇杆菌属 *Sphingomicrobium*、VBCG01、JABFSM01、甲基杆菌属 *Methyloceanibacter*、分枝杆菌属 *Mycobacterium*、盖亚菌属 *Gaiella* 和 WYBL01 等，其中以 GWC2_73_18 相对丰度最高，为 1.48%~2.94%。其中索丝菌属、亚硝化球菌属、JABFSM01、分枝杆菌属和盖亚菌属在不同施肥处理下均有显著差异。在不施有机肥处理下，高调理剂处理显著提高了分枝杆菌属的相对丰度 ($P<0.05$)。

2.3.2 细菌优势菌群与土壤性质相关性分析 采用 Pearson 相关性分析法探究土壤环境因子与土壤细菌群落门水平优势菌群之间的相关性 (图 2A)。结果表明：土壤 pH 和速效钾质量分数与厚壁菌门的相对丰度呈显著正相关 ($P<0.05$)，与酸杆菌门的相对丰度呈显著负相关 ($P<0.05$)。土壤有机质质量分数与放线菌门和厚壁菌门的相对丰度呈显著负相关 ($P<0.05$)。

由图 2B 可知，土壤全氮质量分数与 JABFSM01 和盖亚菌属的相对丰度呈显著正相关 ($P<0.05$)，与亚硝化球菌属和分枝杆菌属的相对丰度呈显著负相关 ($P<0.05$)。土壤有机质质量分数与索丝菌属和盖亚菌属的相对丰度呈显著负相关 ($P<0.05$)。



不同大写字母表示在相同有机肥施用量条件下, 不同调理剂施用量处理间差异显著($P < 0.05$); 不同小写字母表示在相同土壤调理剂施用量条件下, 不同有机肥施用量处理间差异显著($P < 0.05$)。NSC. 不施调理剂; LSC. 低调理剂处理; HSC. 高调理剂处理。NOF. 不施有机肥; LOF. 低有机肥处理; HOF. 高有机肥处理。

图 1 不同处理土壤细菌门水平 (A)、属水平 (B) 群落组成

Figure 1 Community composition of soil bacteria at the phylum(A) and genus(B) level under different treatments

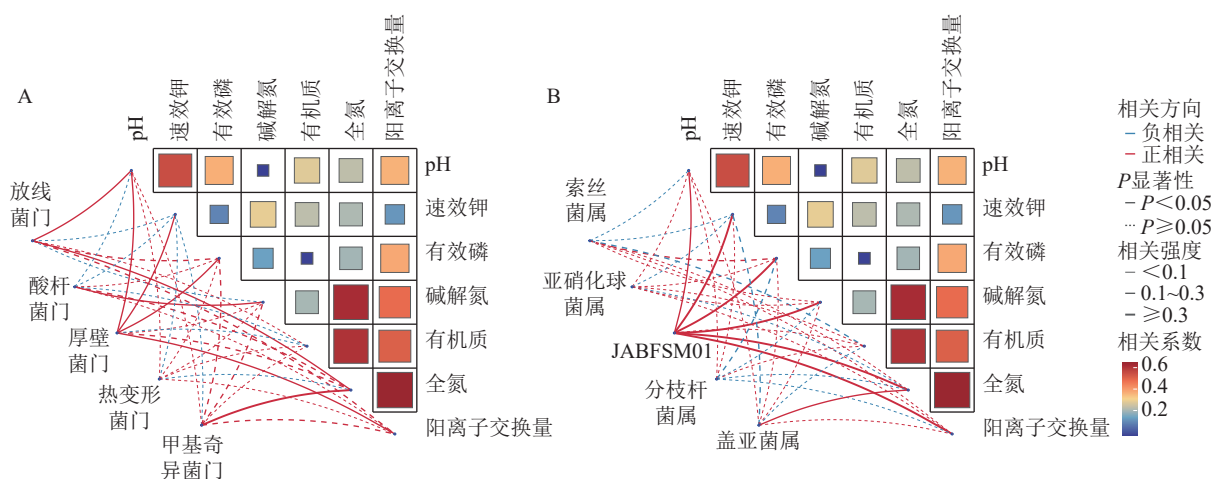


图 2 土壤理化性质与细菌优势门水平 (A) 和属水平 (B) 的相关性分析

Figure 2 Correlation analysis of soil physicochemical properties with the dominant bacterial phyla(A) and genera(B)

2.4 土壤细菌群落结构及其影响因子

基于 Bray-Curtis 距离的土壤细菌群落非度量多维标度分析结果表明: 不同调理剂施用量对细菌群落结构具有显著影响 ($P < 0.05$), 其中不施调理剂 ($R = 0.11$, $P = 0.007$) 和低调理剂处理 ($R = 0.24$, $P = 0.011$) 与高调理剂之间存在显著差异, 而不施调理剂处理与低调理剂处理之间差异不显著 (图 3A)。不同有机肥施用量对土壤细菌群落结构没有显著影响 (图 3B)。

针对不同施肥模式下影响土壤细菌群落结构的环境因子进行冗余分析 (图 4)。结果表明: 不同调理剂及有机肥施用量处理下, 环境因子共解释了细菌群落结构变异的 85.10%, 轴 1 解释量为 56.96%, 轴 2 解释量为 28.14%。其中土壤有效磷质量分数与土壤细菌群落相对丰度呈极显著正相关关系 ($P < 0.001$), 是影响细菌群落的最关键土壤因子。此外, 碱解氮 ($P = 0.007$)、全氮 ($P = 0.004$) 和阳离子交换量 ($P = 0.003$) 与土壤细菌群落之间存在显著正相关关系, 是影响细菌群落的主要土壤因子。

2.5 土壤细菌群落共现网络分析

为研究不同土壤调理剂及有机肥施用量对土壤微生物群落的影响, 分别构建了 2 种因素影响的细菌群落共现网络图。不同调理剂施用量处理土壤细菌群落共现网络如图 5 所示。结果表明: 不施调理剂、低调理剂处理下明显降低了网络节点数和边数, 但提高了网络模块化程度。高调理剂处理的细菌共现网

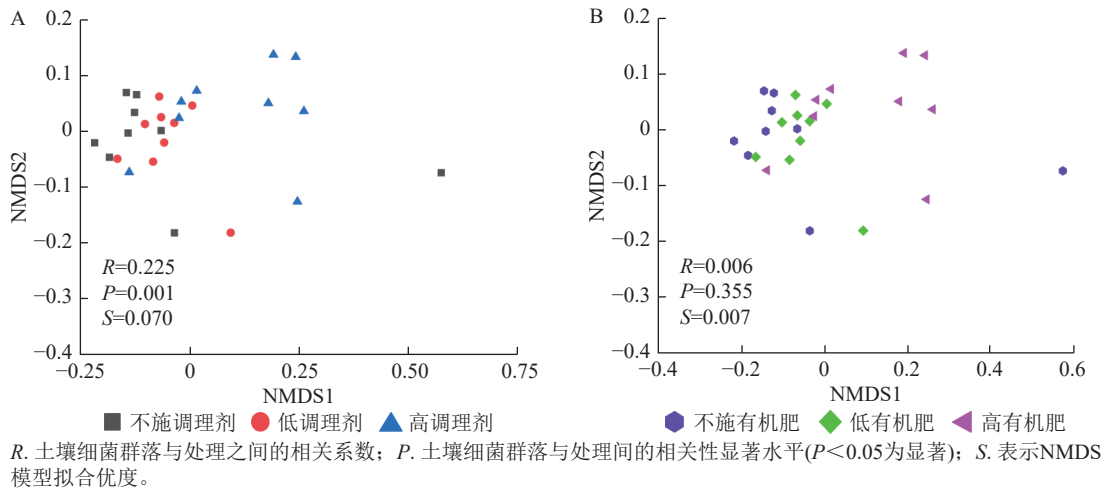


图 3 土壤细菌群落结构非度量多维标度分析

Figure 3 NMDS analysis of soil bacterial communities

络具有更高的平均加权度，说明不同调理剂施用量显著影响了土壤细菌共现网络拓扑结构，高调理剂处理的网络结构最复杂，更倾向于一个整体(表 3)。相比于不施用有机肥，低有机肥和高有机肥处理均简化了土壤细菌共现网络。有机肥施用量对土壤细菌共现网络也存在显著影响，具体表现为高有机肥处理的土壤细菌共现网络比低有机肥处理更复杂(图 6)。由表 4 可以看出：低有机肥处理的节点数、边数、平均度和平均加权度均为最低值，模块化占比达最高值，说明该处理下，土壤细菌网络虽然整体连接稀疏，种类和相互作用少，但内部结构高度组织化，形成了多个紧密联系的独立模块。

3 讨论

3.1 不同调理剂及有机肥施用量对土壤理化性质的影响

施肥能够通过改变土壤养分含量影响作物产量和品质，但由于不同肥料的成分差异，对土壤的 pH 和土壤养分影响不同^[18]。作为衡量土壤质量的关键指标，土壤 pH 对土壤养分有效性、微生物活性及作物生长发育均有着重要影响^[19]。黄颖博等^[20]研究发现：有机肥中有机质分解产生的碱性物质能中和土壤酸性，提高土壤 pH，进而增强土壤生态系统的稳定性。但本研究发现，有机肥施用量对土壤 pH 无显

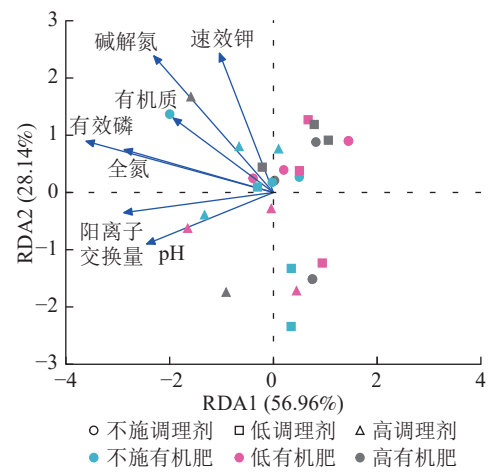
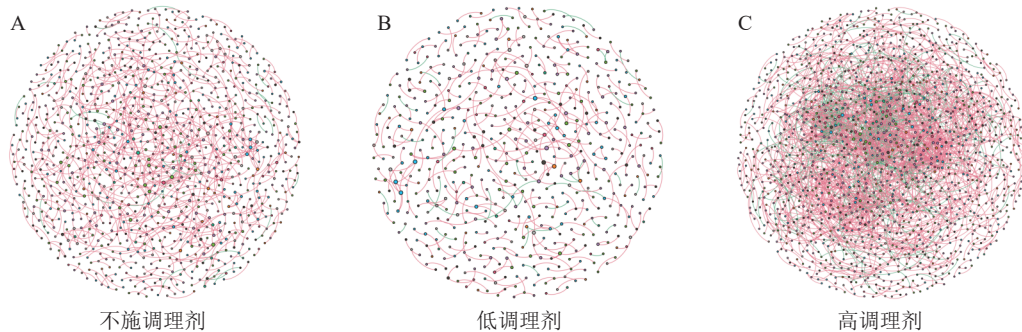


图 4 土壤细菌群落结构冗余分析

Figure 4 Redundancy analysis of soil bacterial community



节点根据细菌门水平进行着色，每个节点的大小与连接度成正比；连接表示细菌物种之间的相互作用，红色连接表示正相关的相互作用，绿色连接表示负相关的相互作用。

图 5 不同调理剂施用量处理土壤细菌共现网络

Figure 5 Soil bacteria co-occurrence networks under different application rates of conditioner agents

著影响, 仅在不施调理剂处理下, 随着有机肥施用量的增加, 土壤 pH 显著上升, 这与罗克万等^[21]研究结果一致。土壤调理剂对于土壤性质同样具有较强的调节作用。本研究中, 不施有机肥处理下随着调理剂施用量的增加, 土壤 pH 显著升高。这是由于调理剂所含的氧化钙、碳酸钙等碱性成分通过酸碱中和反应使土壤 pH 显著提升。该结果与吴拓铮等^[22]的研究结果相似。

土壤有机质和速效养分是衡量土壤肥力的重要指标。本研究发现: 随着有机肥施用量的增加, 土壤有效磷质量分数显著下降, 可能是由于该有机肥为山核桃蒲壳发酵而成, 碱性较强, 导致土壤磷有

表 3 不同调理剂施用量处理土壤细菌群落共现网络主要拓扑性质

Table 3 Main topological properties of co-occurrence networks of soil bacterial communities under different application rates of conditioning agents

处理	节点数	边数	平均度	平均加权重度	正相关比率/%	负相关比率/%	模块化
不施调理剂	1 012	833	1.646	1.618	95.92	4.08	0.985
低调理剂处理	598	390	1.304	1.285	89.74	10.26	0.993
高调理剂处理	1 424	2 677	3.760	3.657	78.74	21.26	0.826

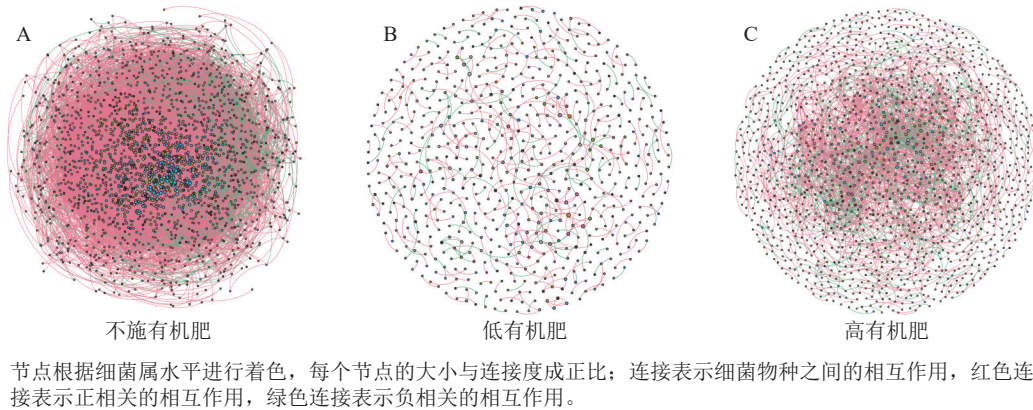


图 6 不同有机肥施用量处理土壤细菌共现网络

Figure 6 Soil bacterial co-occurrence networks under different application rates of organic fertilizer

效性降低。同时, 山核桃蒲壳的吸附性较强, 也是导致土壤有效磷降低的可能原因之一^[23]。但随着土壤调理剂及有机肥的施用, 土壤有机质质量分数也随着显著升高, 且调理剂与有机肥的交互作用对土壤有机质和土壤养分有显著影响, 说明调理剂施用可能增加了有机质与矿物及土壤的吸附, 提高了土壤有机质的稳定性, 其与有机肥配施有助于提升土壤有机质质量分数。

3.2 不同调理剂及有机肥施用量对土壤细菌多样性和群落结构的影响

在农田生态系统中微生物发挥着关键作用, 其多样性水平既反映土壤的健康状况也对作物生长产生影响^[24]。已有研究表明: 不同施肥方式会对耕层土壤细菌群落的丰富度和多样性产生显著影响^[25]。于金珠等^[26]研究指出, 施用调理剂可提高土壤细菌群落的丰富度和多样性。顾美英等^[27]研究发现施用有机肥同样起到这种效果。本研究中, 不同施肥处理下土壤 α 多样性并没有显著差异。土壤细菌 Shannon 指数和 Chao 1 指数随有机肥施用量的增加有上升趋势, 但差异并不显著, 而在高调理剂处理下多样性指数却下降, 可能是由于高调理剂处理对土壤细菌多样性存在一定的抑制作用。

本研究在门水平的分析显示: 放线菌门和变形菌门为土壤细菌中的优势种群, 相对丰度分别为 20.27%~29.13% 和 21.80%~26.40%。在施用相同量调理剂处理下, 有机肥对细菌种群有显著影响, 随着有机肥施用量的递增, 放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门的相对丰度随之升高, 而厚壁菌门相对丰度则呈

表 4 不同有机肥施用量处理土壤细菌群落共现网络主要拓扑性质

Table 4 Main topological properties of the co-occurrence network of soil bacterial communities under different application rates of organic fertilizer

处理	节点数	边数	平均度	平均加权重度	正相关比率/%	负相关比率/%	模块化
不施有机肥	2 066	52 277	50.607	46.873	91.05	8.95	0.438
低有机肥处理	675	479	1.419	1.397	72.65	27.35	0.983
高有机肥处理	1 502	3 175	4.228	4.109	69.83	30.17	0.784

下降趋势。这一现象可能是由于放线菌门作为有益菌群，其数量的增加可提升土壤有机质的利用率，进而抑制土传病害，改善土壤生态系统功能^[28]，而厚壁菌门对环境变化的适应能力较弱，有机肥的施用可能会引入更多有机物质分解者，通过资源竞争抑制厚壁菌群的生长。在施用相同量有机肥处理下，随着调理剂施用量的增加，放线菌门、变形菌门、酸杆菌门和芽单胞菌门相对丰度呈现明显的增长趋势，但在高有机肥处理下相对丰度受到抑制而降低，表明高有机肥处理对微生物群落的影响具有选择性^[29]。

在不同调理剂施用量处理下，随着有机肥施用量的增加，甲基杆菌属和分枝杆菌属的相对丰度均显著降低。甲基杆菌属和分枝杆菌属均属于有益菌。有研究表明^[30]：甲基杆菌属可通过竞争排斥某些病原菌，减少植物病害发生，进而促进植物对营养物质的吸收。在施用相同量有机肥处理下，甲基杆菌属和分枝杆菌属相对丰度随着调理剂施用量的增加而逐渐降低，而索丝菌属、亚硝化球菌属和鞘氨醇杆菌属相对丰度显著提升。亚硝化球菌属在氮循环过程中具有重要作用，尤其在富含氨的环境中表现活跃。调理剂施用量的增加促进有机肥中铵态氮转化为氨，刺激了亚硝化球菌属的生长。鞘氨醇杆菌属对环境中的污染物具有降解能力，且在碳循环中发挥作用，调理剂施用提高了土壤 pH，为其降解有机肥，参与碳循环创造了更适宜的环境条件。

调理剂和有机肥的施用通过影响土壤理化性质，间接对土壤微生物群落组成及生态功能产生影响。本研究发现：放线菌门与土壤 pH 和速效钾质量分数呈极显著正相关。这类微生物在养分富集环境中具有竞争优势，在有机质分解过程中可能起到关键作用。这些发现不仅证实了“环境选择”理论在土壤微生物群落构建中的重要性，更揭示了特定功能菌群与环境因子之间的协同进化关系。多数细菌门类与 pH 呈正相关，这与中性环境更有利于微生物多样性这一经典生态学观点一致。这些相关性模式为预测土壤生态系统功能变化提供了重要指标，也为调控土壤微生物群落以改善生态功能提供了理论依据。由图 4 可知：JABFSM01 和盖亚菌属与土壤全氮质量分数呈显著正相关，可能是由于它们在土壤氮循环中扮演着关键角色，包括促进有机氮的矿化，参与固氮作用以及提高氮素转化效率等。这些功能使它们成为土壤肥力的重要贡献者。

3.3 土壤细菌群落结构快速响应机制

本研究非度量多维标度分析结果表明：不施调理剂与高调理剂处理之间细菌群落结构存在显著差异，说明施用大量调理剂会使土壤细菌群落结构发生显著改变。冗余分析结果表明：土壤有效磷、碱解氮、全氮质量分数和阳离子交换量是导致土壤细菌群落结构变化的主要环境因子。土壤有效磷和全氮作为关键养分因子，通过氮磷协同效应，增强氮磷循环效率从而改变土壤细菌群落结构。本研究中，高调理剂处理的土壤细菌共现网络结构的节点数、边数、平均度及平均加权度均高于不施调理剂和低调理剂处理，但模块化小于这 2 个处理，说明施肥措施影响了土壤微生物的共现网络拓扑结构。低调理剂处理下土壤的节点数、边数以及平均加权度低于不施调理剂处理，而模块化高于不施调理剂处理。一方面是由于调理剂本身的酸碱性会影响土壤 pH，打破原有菌群对土壤酸碱的平衡作用，低调理剂处理可能会抑制嗜酸菌的生长，从而导致网络复杂度的下降；另一方面，低调理剂的颗粒结构可能短暂改变土壤孔隙分布，导致好氧菌(如变形菌门)的生存空间受限，而好氧菌通常是有机肥分解的关键参与者，其互作关系减少会进一步降低网络边数。这一现象与 YUAN 等^[31]的研究结果一致。低调理剂处理对微环境的影响最终表现为网络节点数与边数的下降。在不同有机肥施用量处理下，施用有机肥明显降低了网络节点和边的数量，但提高了网络模块化程度。不施有机肥的茄土壤细菌共现网络具有更高的网络密度，说明施用有机肥影响了土壤细菌的共现网络拓扑结构。不施有机肥处理网络结构最复杂，更倾向于一个整体。WANG 等^[32]研究结果表明：不施有机肥土壤微生物网络的节点连通性比施有机肥高 29%~34%。此外，CHEN 等^[33]指出：不施肥处理中腐殖质需依赖 3 种细菌协同作用，而有机肥易分解碳可被单一菌群利用，切断协同，进而导致不施肥处理细菌共现网络的节点连通性高于有机肥处理。这与本研究结果一致。CHEN 等^[34]研究发现：低有机肥处理土壤细菌多样性比不施有机肥处理低，且显著低于高有机肥处理，由于低有机肥处理提供的碳源仅支撑优势菌群增殖，从而导致其边数及节点数的降低，稀有细菌因“碳源获取能力弱+竞争劣势”被大量淘汰；而高有机肥处理的碳源过剩，反而为稀有细菌提供了“拾遗补缺”的生存空间，这直接解释了本研究“低有机肥网络节点数最低”的现象。但高有机肥处理后，

有机肥富集多类功能菌,形成协同网络,且有机肥中的有机磷与土壤调理剂带入的钙离子相结合,减少磷的竞争,间接促进网络恢复^[9]。由此可以推断,调理剂与有机肥配合施用可通过提高土壤中富营养类群及有益菌的相对丰度,优化土壤细菌群落结构,同时降低土壤中寡营养类群和致病菌的相对丰度,使土壤细菌群落结构变得更稳定、紧密。综上所述,从细菌共现网络的角度来说,相比于低调理剂和有机肥处理,高调理剂和有机肥处理能更好地提高细菌网络稳定性,优化网络结构。

4 结论

调理剂和有机肥施用量显著影响土壤 pH、有机质和速效养分等化学性质。与不施调理剂处理相比,高调理剂处理显著提高了土壤养分质量分数;高有机肥处理的土壤速效钾和有效磷质量分数随调理剂施用量增加显著提高。

在相同有机肥施用处理下,不同调理剂施用量显著改变了细菌群落结构。土壤有效磷、碱解氮、全氮和阳离子交换量是影响土壤细菌群落结构的主要环境因子。高调理剂处理的土壤细菌共现网络比不施调理剂和低调理剂处理的网络更完整;与低有机肥处理相比,高有机肥处理提高了细菌共现网络的复杂度。

总体来看,土壤调理剂和有机肥施用均能改善土壤理化性质,但从细菌群落的角度来看,1.5 t·hm⁻² 调理剂和 4.5 t·hm⁻² 有机肥处理能明显优化细菌群落共现网络,提升土壤健康水平。

5 参考文献

- [1] 魏丹,李艳,秦程程,等.环渤海地区设施蔬菜土壤障碍与治理措施[J].*中国土壤与肥料*,2021(5):303-309. WEI Dan, LI Yan, QIN Chengcheng, *et al.* Soil barrier and countermeasure of protected vegetable in the Bohai Rim[J]. *Soils and Fertilizers Sciences in China*, 2021(5): 303-309. DOI: 10.11838/sfsc.1673-6257.20390.
- [2] 蔡嘉慧.蔬菜设施集约化种植对土壤质量的影响与评价[D].昆明:云南大学,2019. CAI Jiahui. *Effect and Evaluation of Greenhouse Intensive Planting of Vegetable on Soil Quality*[D]. Kunming: Yunnan University, 2019.
- [3] 陈孟乐,周再阳,卢军,等.土壤调理剂在作物土传病害防治中的功能作用[J].*植物医学*,2025,4(2):67-73. CHEN Mengle, ZHOU Zaiyang, LU Jun, *et al.* Functional role of soil conditioners in the prevention and control of crop soil-borne diseases[J]. *Plant Health and Medicine*, 2025, 4(2): 67-73. DOI: 10.13718/j.cnki.zwyx.2025.02.008.
- [4] 陈晨,刘晓继,柯晓畅,等.不同土壤调理剂对 Cd 污染稻田修复效果[J].*农业资源与环境学报*,2024,41(4):880-890. CHEN Chen, LIU Xiaoji, KE Xiaochang, *et al.* Study on the remediation effect of different soil conditioners on Cd-contaminated paddy fields[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2024, 41(4): 880-890. DOI: 10.13254/j.jare.2023.0568.
- [5] 索琳娜,马杰,刘宝存,等.土壤调理剂应用现状及施用风险研究[J].*农业环境科学学报*,2021,40(6):1141-1149. SUO Linna, MA Jie, LIU Baocun, *et al.* Soil conditioner application status and application of risk research[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2021, 40(6): 1141-1149. DOI: 10.11654/jaes.2021-0364.
- [6] 陈勇红.特贝钙土壤调理剂在南方红壤区蔬菜上的应用效果[J].*东南园艺*,2019,7(4):1-5. CHEN Yonghong. Application effect of tebeigai soil conditioner on vegetable in red soil areas of southern China[J]. *Southeast Horticulture*, 2019, 7(4): 1-5. DOI: 10.3969/j.issn.2095-5774.2019.04.002.
- [7] 许玲玲,章骞,王永明,等.煅烧牡蛎壳粉对土壤酸化及玉菇甜瓜品质的改良效果[J].*集美大学学报(自然科学版)*,2020,25(5):336-343. XU Lingling, ZHANG Qian, WANG Yongming, *et al.* Effect of calcined oyster shell powder on soil acidification and fruit quality of mushroom melon[J]. *Journal of Jimei University (Natural Science)*, 2020, 25(5): 336-343. DOI: 10.19715/j.jmuzr.2020.05.03.
- [8] 常健玮,刘国群,颜雯婷,等.牡蛎壳粉替代石灰对橘园土壤酸化改良及果实品质的影响[J].*中国土壤与肥料*,2024(10):136-141. CHANG Jianwei, LIU Guoqun, YAN Wenting, *et al.* Effect of replacing lime with oyster shell powder on soil acidification improvement and fruit quality in orange orchard[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2024(10): 136-141. DOI: 10.11838/sfsc.1673-6257.23753.
- [9] 林婷婷,郑洁,朱国繁,等.有机肥处理对旱地红壤细菌群落及玉米生产力的影响[J].*环境科学*,2023,44(12):6965-6972. LIN Tingting, ZHENG Jie, ZHU Guofan, *et al.* Effects of organic fertilization on bacterial community and maize productivity in dryland red soil[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(12): 6965-6972. DOI: 10.13227/j.hjkk.

202301133.

- [10] 唐熙雯, 周旋. 增施有机肥对红菜薹产量、品质及土壤质量的影响[J]. *农业科技通讯*, 2024(12): 76–81. TANG Xiwen, ZHOU Xuan. Effects of increasing organic fertilizer application on yield, quality and soil quality of Chinese flowering cabbage[J]. *Bulletin of Agricultural Science and Technology*, 2024(12): 76–81. DOI: [10.3969/j.issn.1000-6400.2024.12.020](https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-6400.2024.12.020).
- [11] WANG Hengfang, LIU Honglin, YANG Tianhong, *et al.* Mechanisms underlying the succession of plant rhizosphere microbial community structure and function in an alpine open-pit coal mining disturbance zone[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, **325**: 116571. DOI: [10.1016/j.jenvman.2022.116571](https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2022.116571).
- [12] 张雪晴, 张琴, 程园园, 等. 铜矿重金属污染对土壤微生物群落多样性和酶活力的影响[J]. *生态环境学报*, 2016, **25**(3): 517–522. ZHANG Xueqing, ZHANG Qin, CHENG Yuanyuan, *et al.* The impact of heavy metal contamination on soil microbial diversity and enzyme activities in a copper mine[J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2016, **25**(3): 517–522. DOI: [10.16258/j.cnki.1674-5906.2016.03.022](https://doi.org/10.16258/j.cnki.1674-5906.2016.03.022).
- [13] 侯建伟, 邢存芳, 杨莉琳, 等. 生物炭与有机肥等碳量投入土壤肥力与细菌群落结构差异及关系[J]. *环境科学*, 2024, **45**(7): 4218–4227. HOU Jianwei, XING Cunfang, YANG Lilin, *et al.* Differences in soil fertility and bacterial community structure between carbon inputs such as biochar and organic fertilizer and their relationship[J]. *Environmental Science*, 2024, **45**(7): 4218–4227. DOI: [10.13227/j.hjcx.202307062](https://doi.org/10.13227/j.hjcx.202307062).
- [14] CHEN Dan, WANG Mei, WANG Gang, *et al.* Functional organic fertilizers can alleviate tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) continuous cropping obstacle via ameliorating soil physicochemical properties and bacterial community structure[J]. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*, 2022, **10**: 1023693. DOI: [10.3389/fbioe.2022.1023693](https://doi.org/10.3389/fbioe.2022.1023693).
- [15] LI Junren, CHEN Xiuzhen, LI Simin, *et al.* Variations of rhizospheric soil microbial communities in response to continuous *Andrographis paniculata* cropping practices[J]. *Botanical Studies*, 2020, **61**(1): 18. DOI: [10.1186/s40529-020-00295-1](https://doi.org/10.1186/s40529-020-00295-1).
- [16] 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. LU Rukun. *The Analysis Method of Soil Agricultural Chemistry*[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
- [17] 屠嘉莹, 金文豪, 盛卫星, 等. 林分改变驱动的优势菌根真菌类型变化影响土壤有机碳积累[J]. *土壤学报*, 2024, **61**(1): 223–234. TU Jiaying, JIN Wenhao, SHENG Weixing, *et al.* The change in dominant mycorrhizal fungi type induced by stand transformation affects soil organic carbon accumulation[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2024, **61**(1): 223–234. DOI: [10.11766/trxb202206210271](https://doi.org/10.11766/trxb202206210271).
- [18] 黄兴成, 李渝, 白怡婧, 等. 长期不同施肥下黄壤综合肥力演变及作物产量响应[J]. *植物营养与肥料学报*, 2018, **24**(6): 1484–1491. HUANG Xingcheng, LI Yu, BAI Yijing, *et al.* Evolution of yellow soil fertility under long-term fertilization and response of crop yield[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, **24**(6): 1484–1491. DOI: [10.11674/zwyf.18174](https://doi.org/10.11674/zwyf.18174).
- [19] 郭振威, 李永山, 陈梦妮, 等. 长期秸秆还田和施用有机肥对连作棉田土壤化学性质及微生物数量的影响[J]. *中国农业大学学报*, 2022, **27**(11): 177–186. GUO Zhenwei, LI Yongshan, CHEN Mengni, *et al.* Effects of long-term straw returning and organic fertilizer application on the soil chemical properties and microbial quantity of continuous cropping cotton field[J]. *Journal of China Agricultural University*, 2022, **27**(11): 177–186. DOI: [10.11841/j.issn.1007-4333.2022.11.15](https://doi.org/10.11841/j.issn.1007-4333.2022.11.15).
- [20] 黄颖博, 罗凡, 龚雪蛟, 等. 有机肥对土壤微生物群落特征影响的研究进展[J]. *中国农学通报*, 2023, **39**(3): 88–96. HUANG Yingbo, LUO Fan, GONG Xuejiao, *et al.* Effects of organic fertilizers on soil microbial community characteristics: research progress[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2023, **39**(3): 88–96.
- [21] 罗克万, 邹爱清, 周富忠. 宜施壮商品有机肥对酸性土壤的改良效果及在马铃薯上的适宜用量研究[J]. *湖北农业科学*, 2021, **60**(12): 25–30. LUO Kewan, ZOU Aiqing, ZHOU Fuzhong. Study on the improvement effect on acid soil and on the suitable dosage of Yishizhuang commercial organic fertilizer on potato[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2021, **60**(12): 25–30. DOI: [10.14088/j.cnki.issn0439-8114.2021.12.005](https://doi.org/10.14088/j.cnki.issn0439-8114.2021.12.005).
- [22] 吴拓铮, 詹娟, 周嘉文, 等. 不同调理剂对农田镉污染稳定效果及水稻吸收的影响[J]. *土壤*, 2022, **54**(3): 572–578. WU Tuozheng, ZHAN Juan, ZHOU Jiawen, *et al.* Effects of different passivators on immobilizing cadmium in soil and reducing cadmium uptake by rice (*Oryza sativa* L.) in contaminated paddy soil[J]. *Soils*, 2022, **54**(3): 572–578. DOI: [10.13758/j.cnki.tr.2022.03.018](https://doi.org/10.13758/j.cnki.tr.2022.03.018).
- [23] 颜芳. 农林废弃物山核桃蒲壳资源化利用研究进展[J]. *安徽农业科学*, 2013, **41**(14): 6329–6330. YAN Fang. Advance

- in resource utilization of agricultural and forestry waste hickory epicarp[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2013, **41**(14): 6329–6330. DOI: [10.3969/j.issn.0517-6611.2013.14.084](https://doi.org/10.3969/j.issn.0517-6611.2013.14.084).
- [24] NING Qi, CHEN Lin, JIA Zhongjun, *et al.* Multiple long-term observations reveal a strategy for soil pH-dependent fertilization and fungal communities in support of agricultural production[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2020, **293**: 106837. DOI: [10.1016/j.agee.2020.106837](https://doi.org/10.1016/j.agee.2020.106837).
- [25] 吴斌, 黄东梅, 马伏宁, 等. 不同有机肥施用量对反季节莲雾园区土壤细菌群落的影响[J]. *热带作物学报*, 2021, **42**(9): 2727–2734. WU Bin, HUANG Dongmei, MA Funing, *et al.* Effects of different organic fertilizer rates on the bacterial community of off-season *Syzygium samarangense* park soil[J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2021, **42**(9): 2727–2734. DOI: [10.3969/j.issn.1000-2561.2021.09.039](https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-2561.2021.09.039).
- [26] 于金珠, 吴辰晨, 姬浩楠, 等. 矿物调理剂对丘陵红壤天目小香薯产量和酶生态化学计量特征的影响[J]. *浙江农林大学学报*, 2023, **40**(3): 531–539. YU Jinzhu, WU Chenchen, JI Haonan, *et al.* Effects of mineral conditioner on the yield of sweet potato and ecoenzymatic stoichiometry in a hilly red soil[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2023, **40**(3): 531–539. DOI: [10.11833/j.issn.2095-0756.20220487](https://doi.org/10.11833/j.issn.2095-0756.20220487).
- [27] 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. GU Meiyang, TANG Guangmu, ZHANG Yunshu, *et al.* Effects of organic fertilizers and biochar on microorganism community characteristics in saline-alkali sandy soil of Xinjiang[J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2023, **32**(8): 1392–1404. DOI: [10.16258/j.cnki.1674-5906.2023.08.005](https://doi.org/10.16258/j.cnki.1674-5906.2023.08.005).
- [28] 张瑞福, 沈其荣. 微生物肥料新型功能作用机理与根际定殖增强策略[J]. *微生物学杂志*, 2024, **44**(1): 1–11. ZHANG Ruifu, SHEN Qirong. Mechanisms of the microbial fertilizer's novel functions and the strategies to enhance its root colonization[J]. *Journal of Microbiology*, 2024, **44**(1): 1–11. DOI: [10.3969/j.issn.1005-7021.2024.01.001](https://doi.org/10.3969/j.issn.1005-7021.2024.01.001).
- [29] 周勋勋, 程永豪, 于雪娇, 等. 烟沫有机肥部分替代化肥对玉米生长和根系分泌物及土壤微生物群落结构的影响[J]. *土壤通报*, 2024, **55**(5): 1440–1452. ZHOU Xunxun, CHENG Yonghao, YU Xuejiao, *et al.* Effect of partial substitution of chemical fertilizer with tobacco foam organic fertilizer on corn growth, microbial community structure and root exudates[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2024, **55**(5): 1440–1452. DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2024010503](https://doi.org/10.19336/j.cnki.trtb.2024010503).
- [30] 张宝俊, 马超, 郭洁心, 等. 甲基营养型芽胞杆菌 G-1 抗菌肽的分离及抑菌作用研究[J]. *中国生物防治学报*, 2021, **37**(5): 1024–1034. ZHANG Baojun, MA Chao, GUO Jiexin, *et al.* Inhibition effect of antimicrobial peptide isolated from *Bacillus methylotrophicus* G-1 against *Botrytis cinerea*[J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2021, **37**(5): 1024–1034. DOI: [10.16409/j.cnki.2095-039x.2021.06.006](https://doi.org/10.16409/j.cnki.2095-039x.2021.06.006).
- [31] YUAN Minshu, ZHU Xiaozhen, SUN Haoran, *et al.* The addition of biochar and nitrogen alters the microbial community and their cooccurrence network by affecting soil properties[J]. *Chemosphere*, 2023, **312**: 137101. DOI: [10.1016/j.chemosphere.2022.137101](https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2022.137101).
- [32] WANG Wenhui, WANG Ning, DANG Keke, *et al.* Long-term nitrogen application decrease the abundance and copy number of predatory myxobacteria and alters the myxobacterial community structure in the soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **708**: 135114. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2019.135114](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.135114).
- [33] CHEN Xingyan, GALLIANE T F J, ZHAO Chongyang, *et al.* Montmorillonite and composite amino acid overcome the challenges of straw return in cold-region soil: synergistic mechanisms of rapid straw humification and carbon sequestration[J]. *Agronomy*, 2025, **15**(8): 1979. DOI: [10.3390/agronomy15081979](https://doi.org/10.3390/agronomy15081979).
- [34] CHEN Jun, DU Yichun, ZHU Wei, *et al.* Effects of organic materials on soil bacterial community structure in long-term continuous cropping of tomato in greenhouse[J]. *Open Life Sciences*, 2022, **17**(1): 381–392. DOI: [10.1515/biol-2022-0048](https://doi.org/10.1515/biol-2022-0048).