汪自松,杨正丽,曾梓芸,等. 化肥减量配施有机肥对芒果根际微生物多样性及酶活性的影响[J]. 江苏农业科学,2025,53(2):240 – 247.
doi:10.15889/j.issn.1002 – 1302.2025.02.033

# 化肥减量配施有机肥对芒果根际微生物多样性及酶活性的影响

汪自松[1,2], 杨正丽[2], 曾梓芸[2], 沈　伟[1,2], 方利娟[1,2], 刘正鲁[1,2], 赵志常[3]
(1. 百色学院广西芒果生物学重点实验室,广西百色 533000; 2. 百色学院农业与食品工程学院,广西百色 533000;
3. 中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所,海南海口 571101)

**摘要**:为探究化肥减量配施有机肥对芒果根际土壤细菌、真菌群落组成和结构的影响,开展田间定位试验,设 CK(仅施用化肥)和 T1(化肥减量 10% + 有机肥 6.0 t/hm$^2$)、T2(化肥减量 20% + 有机肥 9.0 t/hm$^2$)、T3(有机肥、无机肥等量复混)、T4(有机肥、无机肥减量 10% 复混)、T5(有机肥、无机肥减量 20% 复混)5 个处理。利用 NovaSeq 测序平台,分析土壤细菌、真菌群落结构和组成的变化特征,结合土壤酶活性,探究不同施肥处理下驱动细菌、真菌群落变化的关键土壤环境因子。结果表明,T1、T2 处理显著提高了土壤纤维素酶、蔗糖酶的活性,T3、T4、T5 处理显著提高了脲酶、酸性磷酸酶的活性,T2 处理显著提高了过氧化氢酶的活性;各处理的细菌 Shannon 指数、Simpson 指数均显著高于 CK,T1、T3 处理的 Chao1 指数、ACE 指数显著高于 CK;主成分分析结果表明,土壤真菌群落结构在处理间达到显著性差异,CK 与 T1 及 T3 处理、CK 与 T2 及 T4 处理分别在土壤细菌、真菌群落结构上差异最大;变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿湾菌门均为土壤的优势细菌门,子囊菌门、担子菌门、未确定分类真菌门、壶菌门为优势真菌门;Spearman 相关热图显示,土壤过氧化氢酶活性更易影响根际土壤真菌的相对丰度及多样性。综合而言,T2、T4 处理更有利于提高土壤酶的活性,丰富微生物群落的多样性,并可改变微生物群落的结构,为本研究中芒果的最佳施肥方式。

**关键词**:芒果;化肥减施;土壤酶活性;土壤微生物多样性;NovaSeq 测序
**中图分类号**:S667.706　　**文献标志码**:A　　**文章编号**:1002 – 1302(2025)02 – 0240 – 08

广西百色市右江河谷是我国著名干热河谷之一,被誉为天然温室[1]。当地芒果栽培历史悠久,“百色芒果”是全国百强农产品区域品牌,获“国家级农产品地理标志示范样板”称号。芒果产业在百色地区乡村振兴、农民脱贫致富方面发挥了重要作用。农户为了增产,种植时往往过量施用化肥。而长期过量的化肥投入不仅提高了生产成本,还导致芒果品质下降、土质退化、环境污染等问题,不利于芒果产业的可持续发展[2-3]。已有大量研究证明,化肥减量配施有机肥技术模式可以培肥土壤、改善南方土壤酸化、提高土壤酶活性、改变土壤微生物生物学特性[4-5]。臧小平等研究发现,增施有机肥可提高土壤全氮、有效磷含量,土壤有机质含量也得到提升,土壤肥力水平提高[6]。罗玲等使用石灰与有机肥混施,土壤的脲酶、蔗糖酶、过氧化氢酶活性提高 7.63% ~ 54.20%,酸性磷酸酶活性降低 12.34% ~ 27.06%[7]。陈瑞州等研究发现,化肥减量 20% 配施有机肥可提高土壤中真菌、放线菌的数量,有机肥部分替代化肥可提高土壤中细菌的数量[8]。靳晓拓等利用 Illumina MiSeq 测序平台,发现化肥减量配施有机肥会改变芒果根际土壤的细菌群落结构,且土壤中变形菌门、放线菌门的含量得到提高[9]。江尚焘等发现,高比例有机肥替代施用,对芒果根际土壤丛枝菌根群落的影响较小,但可明显改变芒果根系内部的丛枝菌根群落,而生物有机肥比普通有机肥的效果更佳[10]。相关研究也指出,不合理施肥可能会降低某些功能基因的丰度[11-12]。目前,不同有机物料投入土壤后,对土壤酶活性的变化、微生物群落结构的影响尚不太清楚[13]。本研究在化肥减量配施有机肥方式下,利用 16S rDNA 扩增子测序(16S rDNA amplicon sequencing)、

收稿日期:2023 – 12 – 19
基金项目:广西创新驱动发展专项资金(编号:桂科 AA22068098);百色市科技局项目(编号:20211825 – 2);百色学院科研项目(编号:2019KN);大学生创新创业训练计划(编号:S202210609182)。
作者简介:汪自松(1977—),男,湖北鄂州人,博士,助理研究员,主要从事植物营养学研究。E – mail:1006139505@qq.com。
通信作者:刘正鲁,博士,副教授,主要从事蔬菜营养学研究,E – mail:371737184@qq.com;赵志常,博士,副研究员,主要从事热带果树生物学研究,E – mail:longanzz@126.com。

ITS(internal transcribed spacer)测序技术,研究百色核心芒果种植区土壤的细菌、真菌群落组成和多样性,分析土壤酶活性与土壤微生物的相关性;探究不同化肥减施、有机质补充方式下,土壤理化性质与微生物多样性相互影响的土壤微生物学机制,旨在为芒果科学施肥和土壤改良提供科学依据。

## 1　材料与方法

### 1.1　试验地概况

试验地位于广西壮族自治区百色市右江区芒果核心示范区(106°6′E,23°35′N),海拔 540 m,年平均气温 22 ℃,极端最高气温 42.5 ℃,年降水量 1 350 mm,降水集中在每年 6—8 月,无霜期达 360 d。种植基地土壤为赤红壤,其 pH 值为 5.18,含全氮 0.44 g/kg、碱解氮 59.48 mg/kg、有效磷 43.15 mg/kg、速效钾 105.16 mg/kg、有机质 15.36 g/kg。

### 1.2　试验材料

硫酸钾型复合肥,N、$P_2O_5$、$K_2O$ 含量均为 15%,云南云天化股份有限公司提供。有机无机复混肥(75% 无机肥 + 25% 有机质),无机肥 N、$P_2O_5$、$K_2O$ 含量分别为 13%、8%、10%,广西绿友农生物科技股份有限公司提供。菌棒有机肥,由废弃菌棒添加尿素调节碳氮比,添加 EM 菌加速降解有机质,经过充分腐熟制成,含水量为 28.0%,有机质含量为 65%,pH 值为 8.15,含氮 2.05%、磷 1.02%、钾 1.45%。供试芒果品种为金煌芒,种植密度 4.0 m × 4.0 m,树龄约 10 年。

### 1.3　试验设计

试验设 5 个处理,以常规施肥为对照(CK,仅施用化肥)。T1 处理:化肥减量 10% + 有机肥,即化肥减量 10%,增施 6.0 t/hm² 的菌棒有机肥;T2 处理:化肥减量 20% + 有机肥,即化肥减量 20%,增施 9.0 t/hm² 的菌棒有机肥;T3 处理:与化学肥料等量的有机无机复混肥;T4 处理:减量 10% 有机无机复混肥;T5 处理:减量 20% 有机无机复混肥,详见表 1。每个处理重复 3 次,每次重复由 5 棵长势接近的芒果树组成。

**表 1　各处理具体施肥量**

| 处理 | 施用量 | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
| | N (kg/hm²) | $P_2O_5$ (kg/hm²) | $K_2O$ (kg/hm²) | 菌棒有机质 (t/hm²) | 酵母发酵浓缩有机质 (t/hm²) |
| CK | 225.0 | 225.0 | 225.0 | 0.0 | 0.00 |
| T1 | 202.5 | 202.5 | 202.5 | 6.0 | 0.00 |
| T2 | 180.0 | 180.0 | 180.0 | 9.0 | 0.00 |
| T3 | 225.0 | 174.0 | 215.0 | 0.0 | 0.55 |
| T4 | 202.5 | 156.6 | 193.5 | 0.0 | 0.50 |
| T5 | 180.0 | 139.2 | 172.0 | 0.0 | 0.44 |

### 1.4　施肥方法

2022 年 9 月 15 日,沿芒果树冠滴水线内测挖宽 20 cm、深 40 cm 的半环形沟,一次性施肥后覆土。

### 1.5　样品采集

2023 年 3 月 20 日,采集芒果施肥沟 0 ~ 20 cm 土层的土壤,每株随机选择 2 个采样点。每个小区取 10 点土样,混合均匀后,过 2 mm 筛,除去根系残体,取部分鲜样装入无菌离心管,用干冰保存,送武汉迈特维尔生物科技有限公司测序;余下土样放室内自然风干后,过 1 mm 筛,测定土壤酶活性。

### 1.6　测定指标及方法

1.6.1　土壤酶活性测定　脲酶活性采用靛酚蓝比色法测定,酸性磷酸酶活性采用磷酸苯二钠比色法测定,蔗糖酶、纤维素酶活性采用 3,5 - 二硝基水杨酸比色法测定,过氧化氢酶活性采用高锰酸钾滴定法测定[14]。

1.6.2　微生物高通量测序　按照 Illumina NovaSeq 测序平台标准操作规程,对土壤微生物群落进行测序[15-16]。利用土壤 DNA 提取试剂盒(MP116560200,美国)提取土壤微生物 DNA,在 ABI Gene Amp 9700 PCR 系统(Applied Biosystems,美国)上对各处理土壤 DNA 样本进行 3 次独立 PCR 扩增,扩增区域为细菌 16S rRNA 基因 V3 ~ V4 区,引物序列为 338F(5′ - ACTCCTACGGGAGGCAGCAG - 3′)、806R(5′ - GGACTACHVGGGTWTCTAAT - 3′)[17];真菌 ITS1 区引物序列为 F(5′ - CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA - 3′)、R(5′ - GCTGCGTTCTTCATCGATGC - 3′)[18];利用 PCR 产物纯化试剂盒(Qiagen 28106,德国)进行纯化,构建小片段文库;经库检合格后,基于 Illumina NovaSeq 测序平台对该文库进行双末端测序。

1.6.3　测序数据处理　测序原始数据首先利用 QIIME(quantitative insights into microbial ecology)(v1.2.1)进行 Reads、拼接、过滤、聚类或降噪,删除嵌合体。挑选出有效标签序列(effective tags)在 151 ~ 437 bp 之间,测序错误率小于 0.1%,采用 USEARCH 软件在 97% 的阈值下划分操作单元(OTU)。根据 Silva 数据库,比对 OTU 代表序列并进行分类。利用 Mothur 软件计算 Shannon、Simpson 多样性指数及 Chao1、ACE 丰富度指数,再进行 α 多

样性、β 多样性分析。

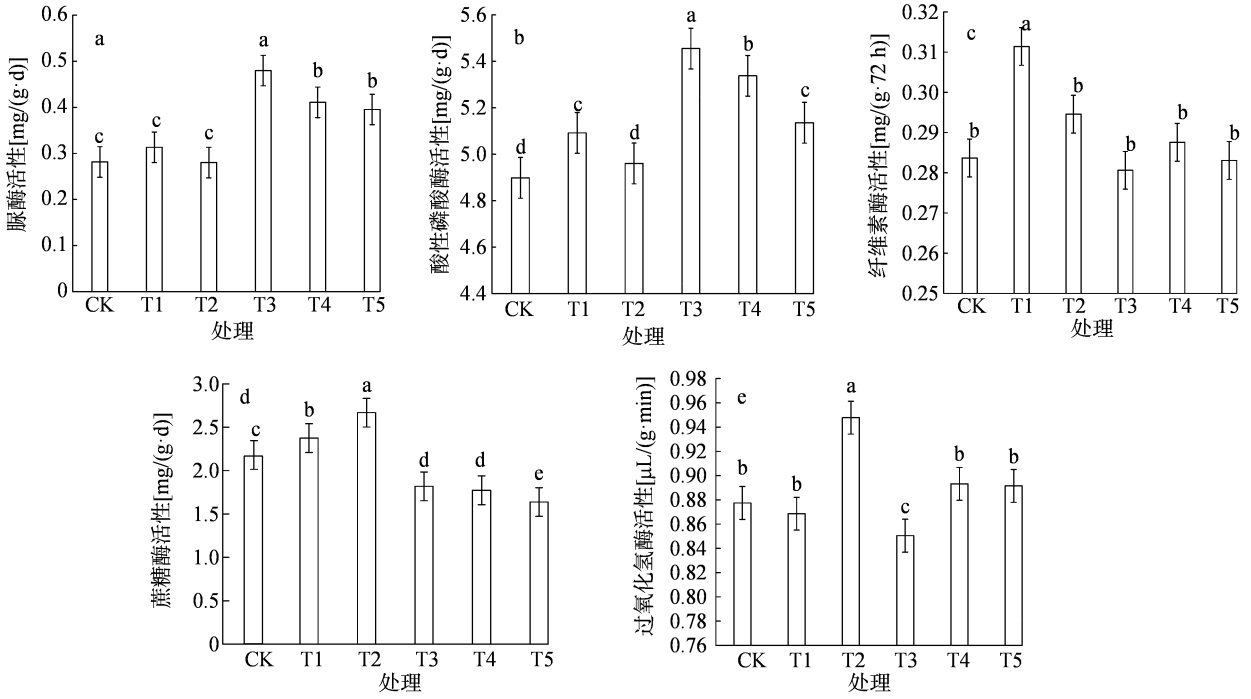
1.7　统计分析

用 Microsoft Excel 2016、R version 3.5.1、OriginPro 8.1 进行数据处理和作图，用 SPSS 23.0 进行统计分析。

## 2　结果与分析

2.1　化肥减量配施有机肥对根际土壤酶活性的影响

如图 1 所示，在土壤脲酶活性方面，T3 处理活性最高，显著高于 CK，比 CK 提高 70.21%；T4、T5 处理之间无显著差异，两者均显著高于 CK，分别比 CK 提高 45.74%、40.44%；T1、T2 处理与 CK 之间无显著差异。在土壤酸性磷酸酶活性方面，T3 处理活性最高，显著高于 CK，比 CK 提高 11.22%，T1、T4、T5 处理显著高于 CK，分别比 CK 提高 3.88%、8.98%、4.90%；T2 处理和 CK 之间无显著差异。在土壤纤维素酶活性方面，TI 活性最高，显著高于 CK，比 CK 提高 9.51%；T2、T3、T4、T5 处理与 CK 之间无显著差异。在土壤蔗糖酶活性方面，T2 处理活性最高，T1 处理次之，两者均显著高于 CK，分别比 CK 提高 18.11%、5.14%；T3、T4、T5 处理均显著低于 CK。在土壤过氧化氢酶方面，T2 处理活性显著高于 CK 和 T1、T3、T4、T5 处理，比 CK 提高 8.10%；T1、T4、T5 处理和 CK 之间无显著差异，T3 处理活性最低，显著低于 CK。




柱上不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

**图1　不同处理下芒果根际土壤的酶活性**

2.2　化肥减量配施有机肥对土壤微生物群落结构特征的影响

2.2.1　土壤微生物群落 α 多样性　由 α 多样性分析发现，微生物群落覆盖率在 91.00% ~99.75%，表明绝大部分物种均在检测结果中出现，反映出土壤微生物群落的多样性真实有效（表 2）。各处理中，细菌的 Shannon 指数、Simpson 指数均显著高于 CK，表明化肥减量配施有机肥能显著提高芒果根际土壤细菌群落多样性。T1、T3、T4 处理的 ACE 指数、Chao1 指数均高于 CK，表明这 3 个处理的土壤细菌群落丰度较高。T1、T3、T5 处理的真菌 Shannon 指数、Simpson 指数均显著高于 CK，表明这 3 种处理下土壤真菌群落有较高的多样性，T3、T4 处理的真菌 Chao1 指数、ACE 指数均高于 CK，表明这 2 种处理下土壤真菌群落丰度较高。

2.2.2　OTU 聚类分析　由图 2 可知，T1 处理的细菌 OTU 数量最多，比 T5 处理多 43.10%；T3 处理的真菌 OTU 数量最多，比 T2 处理多 56.03%。在细菌中，CK、T1、T2、T3、T4、T5 处理共产生细菌 OTU 为 18 426 个，其共有的 OTU 数为 532 个，占总数的 2.89%；各处理包含 OTU 数量排序为 T1 > T3 > CK > T4 > T2 > T5，表明 T1、T3 处理具有较为丰富

表 2　芒果根际土壤细菌和真菌群落 α 多样性指数

| 项目 | 处理 | Shannon 指数 | Simpson 指数 | Chao1 指数 | ACE 指数 | 覆盖率（%） |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 细菌 | CK | 6.83 ±0.09d | 0.86 ±0.006c | 4 222.45 ±66.53b | 4 911.70 ±83.77bc | 93.45 ±0.005a |
| | T1 | 9.69 ±0.09a | 0.98 ±0.003a | 6 125.98 ±367.34a | 6 939.11 ±459.50a | 91.00 ±0.002b |
| | T2 | 7.44 ±0.10c | 0.92 ±0.030b | 4 052.55 ±157.23b | 4 582.85 ±27.15c | 94.05 ±0.002a |
| | T3 | 9.04 ±0.05b | 0.97 ±0.003a | 5 321.11 ±369.73ab | 5 964.30 ±519.34ab | 92.25 ±0.008b |
| | T4 | 7.43 ±0.30c | 0.90 ±0.001b | 4 424.16 ±337.91b | 5 110.86 ±446.52b | 93.40 ±0.006ab |
| | T5 | 7.51 ±0.11c | 0.91 ±0.003b | 3 722.71 ±507.76b | 4 220.32 ±543.73c | 95.85 ±0.003a |
| 真菌 | CK | 3.92 ±0.50b | 0.73 ±0.100c | 364.26 ±49.76b | 396.57 ±62.23ab | 99.10 ±0.004b |
| | T1 | 5.28 ±0.13a | 0.94 ±0.010a | 345.58 ±16.92b | 365.53 ±27.72bc | 99.40 ±0.003ab |
| | T2 | 3.55 ±0.26b | 0.81 ±0.030b | 276.86 ±11.23c | 308.73 ±20.43c | 99.15 ±0.001b |
| | T3 | 5.33 ±0.17a | 0.90 ±0.020a | 431.94 ±62.32a | 459.53 ±63.54a | 98.90 ±0.003b |
| | T4 | 3.60 ±0.20b | 0.81 ±0.010b | 382.16 ±22.99ab | 401.58 ±10.08a | 98.80 ±0.001b |
| | T5 | 5.36 ±0.20a | 0.93 ±0.010a | 317.65 ±35.47bc | 326.58 ±42.20bc | 99.75 ±0.002a |

注：同栏同列数据后不同小写字母表示处理间差异显著（$P<0.05$）。

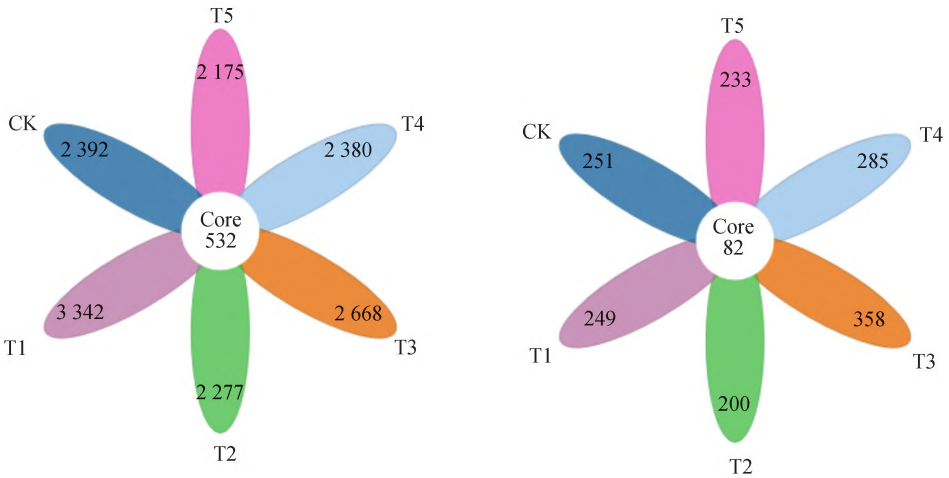



图2　不同处理下芒果根际土壤细菌、真菌OTU的维恩图

的土壤细菌类群。CK 与各处理产生真菌 OTU 数为 2 068 个，其共有的 OTU 为 82 个，占总数的 3.97%，各处理产生 OTU 数量排序为 T3 > T4 > CK > T1 > T5 > T2，表明有机无机复混肥处理的真菌 OTU 数量普遍高于 CK，T3、T4 处理的真菌 OTU 数量分别是 CK 的 1.32、1.10 倍。

2.2.3　物种相对丰度分析　由图 3 - A 可知，T1 处理的曲线在水平方向上宽度最大，CK 的宽度最小，细菌相对丰度与水平宽度呈正相关，反映出 T1 处理的细菌相对丰度最高，CK 最低；T3、T4、T5 处理的曲线在垂直方向上均跨度较大，说明有机质不仅提升了土壤细菌群落多样性，还增加了细菌群落均匀度。由图 3 - B 可知，T3 处理的曲线在水平方向上宽度最大，反映其土壤真菌相对丰度最高，反之，CK 的真菌相对丰度最小；各处理曲线在垂直方向平滑度均大于 CK，表明化肥减量配施有机肥均增加了土壤真菌群落的多样性和均匀度。

2.2.4　土壤微生物群落组成　由图 4 - A 可知，在门水平上，土壤细菌群落优势菌群分别是变形菌门、放线菌门 1、放线菌门 2、耐酸菌门，平均相对丰度分别为 53.12%、20.30%、4.48%、4.38%，占细菌群落的 82.28%。与 CK 相比，T1、T2、T3、T4、T5 处理均提高了放线菌门的相对丰度，分别提高 14.52%、5.23%、28.18%、33.09%、9.03%。

由图 4 - B 可知，在不同施肥处理下，土壤真菌群落门水平的相对丰度占优势的有子囊菌门、担子菌门、未确定分类真菌门、壶菌门，平均相对丰度分别为 79.48%、13.22%、5.32%、1.36%，占真菌群落组成的 99.38%。与 CK 相比，T1、T2、T3、T4、T5 处理均增加了子囊菌门的相对丰度，分别提高 0.97、

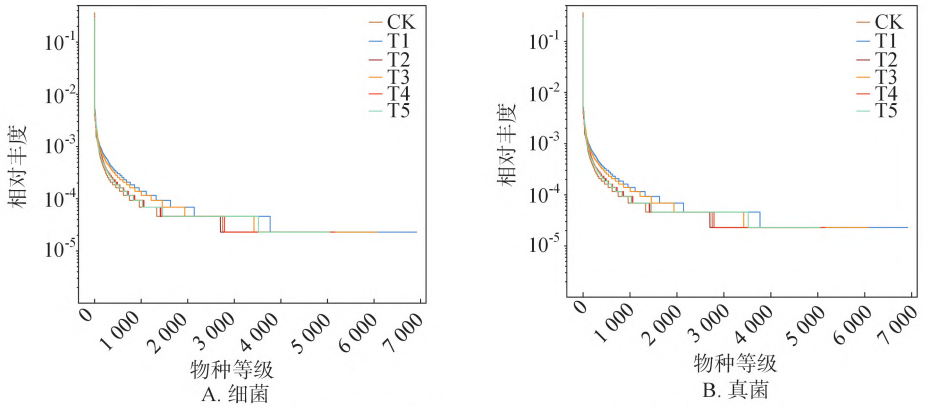



图3　不同处理下芒果根际土壤细菌、真菌的丰度分布曲线

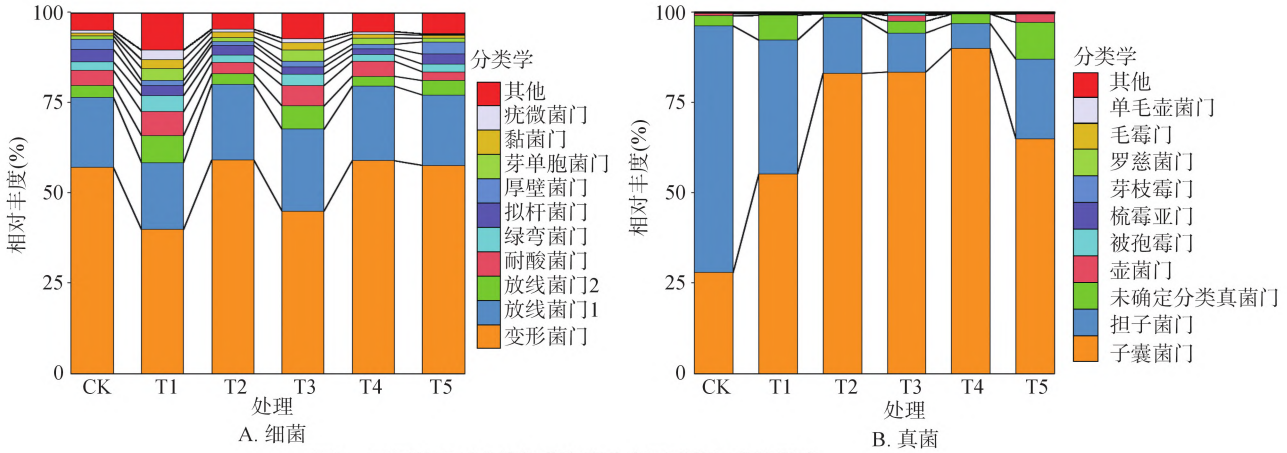



图4　不同处理对土壤细菌和真菌主要群落组成的影响

1.97、1.98、2.21、2.32 倍;均降低了担子菌门的相对丰度,分别降低到 CK 的 54.27%、22.88%、15.85%、10.08%、32.22%。

2.2.5　土壤微生物群落 β 多样性分析　土壤细菌主成分分析结果(图 5 - A)显示,PC1、PC2 分别解释变量方差的 34.97%、17.26%,累计贡献率达到 52.23%。CK、T1、T2、T3、T4 处理的 3 个重复样点的细菌群落组成均聚集在同一个象限,表明样品的重复性较好,组内变异相对较小。CK 与 T1、T3 相对距离较远,表明 CK 与 T1、T3 处理细菌群落之间的进化距离较远,而 T4 与 T5 处理细菌群落之间的进化距离较近。土壤真菌主成分分析结果(图 5 - B)分别解释的变量方差为 27.48%、19.01%,累计贡献率达到 46.49%。其中 PC1 将 CK 与 T2、T4 处理分隔开,表明 CK 与 T2、T4 处理真菌群落之间的进化距离较远,而 CK 与 T1、T3、T5 处理之间的进化距离较近。

2.3　化肥减量配施有机肥对土壤酶活性与微生物群落相对丰度相关性的影响

分别对相对丰度较高的 18 个细菌和 18 个真菌物种进行聚类,分析属水平上土壤微生物群落与土壤酶活性的关系,通过 Pearson 相关分析,根据显著性制作热图。由图 6 - A 可知,过氧化氢酶活性与小单胞菌属、放线菌属均表现出极显著正相关($P<0.01$);脲酶活性与热酸菌属表现出极显著负相关($P<0.01$);纤维素酶活性与慢生根瘤菌属、假苯基杆菌属均呈极显著正相关($P<0.01$);蔗糖酶活性与热酸菌属呈极显著正相关($P<0.01$),与马杜拉放线菌属、中村氏菌属表现出极显著负相关($P<0.01$)。

由图 6 - B 可知,酸性磷酸酶活性与多齿菌属表现出极显著负相关($P<0.01$);纤维素酶活性与光柄菇属表现出极显著正相关($P<0.01$);过氧化氢酶活性与节丛孢属、木霉属、拟孔菌属、白粉菌属均表现出极显著正相关($P<0.01$)。

## 3　讨论

### 3.1　不同施肥处理对土壤酶活性的影响

土壤酶的活性与土壤有机质代谢、养分释放及利用有紧密关系[19],土壤酶的活性可以反映土壤中营养物质代谢的强度[20]。土壤酶的活性与土壤中

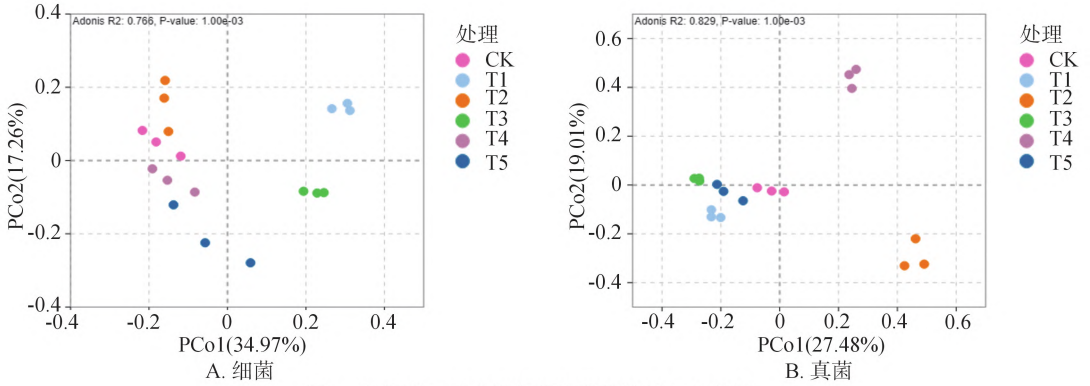



图5　不同处理下土壤细菌和真菌的 PCoA 结果

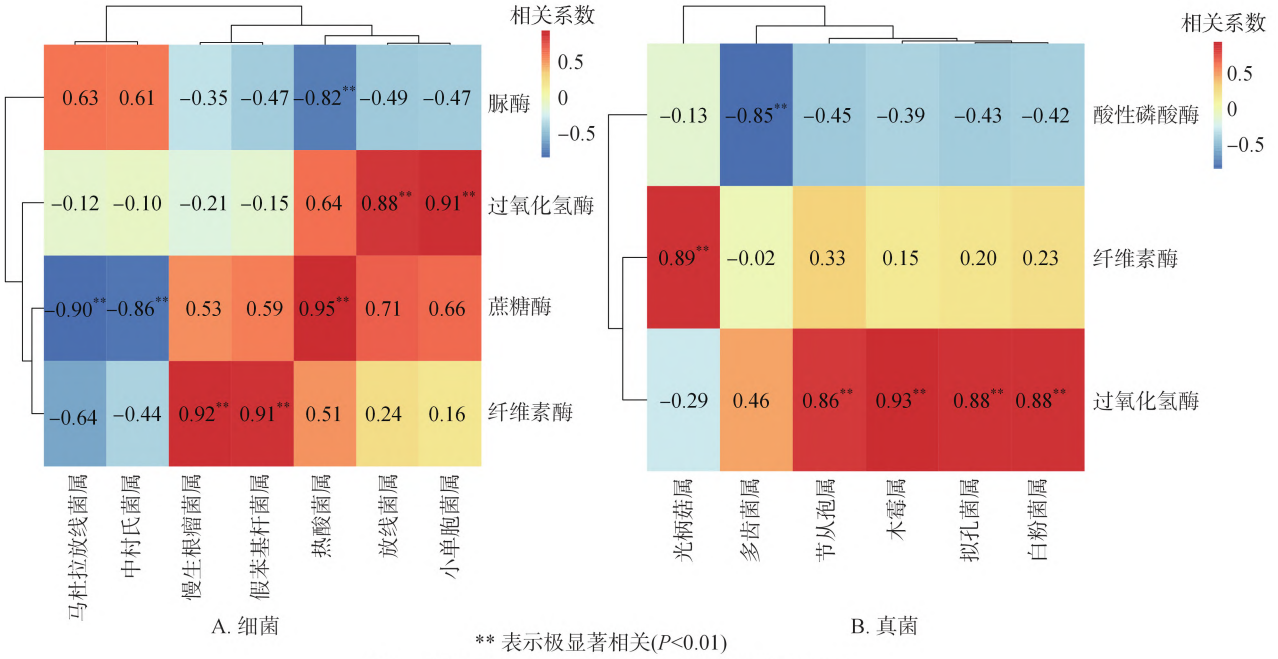



图6　土壤细菌、真菌相对丰度与酶活性相关性热图

有机质含量、含水量、pH 值、容重、矿质营养等因素有关[21-22]。本研究表明，有机无机复混肥料处理可显著提高土壤脲酶、酸性磷酸酶的活性，这可能与有机无机复混肥料较易溶解有关；而化学肥料及配施有机肥因难于溶解，导致速效氮、速效磷等矿质营养不足。研究表明，脲酶、酸性磷酸酶活性与土壤速效氮、速效磷含量呈显著正相关[23]。本研究中，土壤脲酶、酸性磷酸酶活性相对较低，与张斌等的研究结果[24-25]一致；而与陈瑞州等的研究结果[8]有所不同，原因可能与水分胁迫环境不同有关。李义林等研究发现，施用有机肥可提高干热区火龙果土壤的蔗糖酶活性[26]。赵霞等研究发现，羊粪有机肥可显著提高土壤的蔗糖酶活性[27]。秦秦等研究发现，高量有机肥配施化肥可提高土壤的蔗糖酶活性[28]。本研究也发现，不同化肥减量配施有机肥，可提高土壤蔗糖酶活性；T2 处理的土壤蔗糖酶活性最高，菌棒有机肥与化肥既满足无机氮源对土壤微生物群落的启动作用，也为微生物增殖提供了大量碳源，从而提高土壤酶活性[29]。T3、T4、T5 处理中的有机质属于酵母发酵浓缩液，其降解迅速，土壤纤维素酶和蔗糖酶因反应底物的缺乏而导致活性降低，这与李波等利用农业废弃物发酵有机肥对烟草土壤酶活性的研究结果[30]相似。

### 3.2　不同施肥处理对土壤微生物多样性的影响

土壤微生物是土壤养分转化的关键因素之一，其多样性和群落结构代表土壤中物质的代谢程度[31]。土壤微生物中细菌数量、种类最多[32]，其中较多的是变形菌门、酸杆菌门、放线菌门[33]。本研究发现，不同施肥处理均提高了细菌中放线菌门的相对丰度及多样性，与王亚麒等在烟田[34]、王宁等

在棉田[35]的研究结果相同。变形菌门属于共营养型菌门,土壤养分越丰富,其相对丰度也越高[36]。本研究中,T1、T3 处理降低了土壤变形菌门的相对丰度,而其余处理与 CK 相差不大,可能是因为充足土壤养分和干旱加速了固氮微生物间的竞争[37]。本研究发现,真菌丰富度和物种数量相对其他研究[38]均较低,这与李媛媛等认为干旱指数是影响真菌生物多样性的主要生态因子之一[39]相似。与 CK 相比,5 种不同施肥处理并不全部增加真菌物种数量或提高其多样性,与侯萌等在有机质含量与真菌群落关系研究中认为有机质含量对真菌生物多样性影响较小[40]相一致。不同施肥处理均在土壤真菌群落门水平上提高了子囊菌门的相对丰度,降低担子菌门的相对丰度,与邓德雷等在半干旱环境下得出的土壤氮含量与子囊菌门丰度呈正相关的研究结果[41]类似。子囊菌门具有分解木质纤维素能力,参与土壤有机质的矿化,其相对丰度的升高可促进土壤有机质矿化和养分释放[42]。较高丰度的担子菌门多存在于贫瘠土壤中,与土壤的 C/N 呈显著负相关[43]。本研究中,不管是菌棒有机肥还是酵母发酵浓缩液,均提高了土壤有机质含量,C/N 也会有所提高,因而,担子菌门的相对丰度也降低,这与温烜琳等在腐熟羊粪有机肥改变植烟土壤微生物丰度的研究结果[44]相似。

### 3.3　不同施肥处理土壤微生物多样性与土壤酶的关系

土壤酶活性增强也表明土壤生物代谢提高,植株抗性增强。土壤酶活性与环境因子相互作用,根际分泌物质和微生物活动极大影响土壤酶的活性[45]。根据 Spearman 相关热图分析结果可知,过氧化氢酶活性与 2 个细菌门、4 个真菌门的相对丰度均为正相关。土壤过氧化氢酶与土壤微生物的互作也在其他研究中被发现。莫俊杰等研究发现,盐胁迫下土壤过氧化氢酶活性与土壤放线菌数量相关[46]。张含等研究发现,土壤过氧化氢酶活性与多种细菌、真菌生物多样性显著相关[38]。脲酶、酸性磷酸酶活性与土壤微生物群落相关性较弱,表明干旱影响了土壤酶活性[26]。

## 4　结论

本研究结果表明,化肥减量配施有机肥显著影响土壤酶活性及土壤细菌、真菌群落结构;有机肥与无机肥配施,可调控土壤的 C/N 和微生物多样性,进而影响芒果种植土壤的质量。在干热河谷环境下,有机无机复混肥处理(T4)、化肥减量配施高量有机肥处理(T2)均较单施无机肥料具有更高的土壤酶活性,更加丰富了土壤微生物多样性。期待本研究结果可为芒果科学施肥和提高芒果果园土壤肥力提供依据,并为芒果产业可持续发展提供借鉴。

**参考文献:**


[1]黄战威. 广西右江河谷地区芒果产业现状及发展对策[J]. 热带农业工程,2009,33(6):46 - 49.

[2]Xiang X J,Liu J,Zhang J,et al. Divergence in fungal abundance and community structure between soils under long - term mineral and organic fertilization [J]. Soil and Tillage Research, 2020, 196:104491.

[3]Yu D L,Wen Z G,Li X M,et al. Effects of straw return on bacterial communities in a wheat - maize rotation system in the North China Plain[J]. PLoS One,2018,13(6):e0198087.

[4]Zhou X,Lu Y H,Liao Y L,et al. Substitution of chemical fertilizer by Chinese milk vetch improves the sustainability of yield and accumulation of soil organic carbon in a double - rice cropping system [J]. Journal of Integrative Agriculture,2019,18(10):2381 - 2392.

[5]张济世,刘春增,郑春风,等. 紫云英还田与化肥减量配施对稻田土壤细菌群落组成和功能的影响[J]. 环境科学,2023,44(5):2936 - 2944.

[6]臧小平,周兆禧,林兴娥,等. 不同用量有机肥对芒果果实品质及土壤肥力的影响[J]. 中国土壤与肥料,2016(1):98 - 101.

[7]罗　玲,潘宏兵,钟　奇,等. 石灰和有机肥对芒果园酸性土壤的改良效果及对芒果品质的影响[J]. 中国土壤与肥料,2021(3):169 - 177.

[8]陈瑞州,李　静,范家慧,等. 不同施肥配比对芒果园土壤养分、微生物数量和酶活性的影响[J]. 热带作物学报,2018,39(6):1055 - 1060.

[9]靳晓拓,马继勇,周彦好,等. 化肥减量配施有机肥下芒果园土壤细菌多样性及群落结构特征[J]. 热带作物学报,2019,40(6):1205 - 1212.

[10]江尚焘,栗　晗,彭海英,等. 有机肥替代部分化肥对芒果丛枝菌根真菌群落的影响[J]. 应用生态学报,2023,34(2):481 - 490.

[11]Wang H,Liu S R,Zhang X,et al. Nitrogen addition reduces soil bacterial richness, while phosphorus addition alters community composition in an old - growth N - rich tropical forest in Southern China[J]. Soil Biology and Biochemistry,2018,127:22 - 30.

[12]刘志平,周怀平,解文艳,等. 长期氮磷配施对褐土细菌多样性及土壤酶活性的影响[J]. 干旱地区农业研究,2022,40(2):163 - 171.

[13]宋书会,焦　静,李普旺,等. 热带典型有机物料对砖红壤理化性质及微生物群落结构的影响[J]. 热带作物学报,2023,44(4):834 - 845.

[14]关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京:农业出版社,1986.

[15]DeForest J L. The influence of time, storage temperature, and

substrate age on potential soil enzyme activity in acidic forest soils using MUB – linked substrates and L – DOPA[J]. Soil Biology and Biochemistry,2009,41(6):1180 – 1186.

[16]Ai C,Liang G Q,Sun J W,et al. Responses of extracellular enzyme activities and microbial community in both the rhizosphere and bulk soil to long – term fertilization practices in a fluvo – aquic soil[J]. Geoderma,2012,173/174:330 – 338.

[17]Wagner M R,Lundberg D S,Coleman – Derr D,et al. Natural soil microbes alter flowering phenology and the intensity of selection on flowering time in a wild *Arabidopsis* relative[J]. Ecology Letters,2014,17(6):717 – 726.

[18]Xiong W,Li R,Ren Y,et al. Distinct roles for soil fungal and bacterial communities associated with the suppression of vanilla *Fusarium* wilt disease[J]. Soil Biology and Biochemistry,2017,107:198 – 207.

[19]Dick R P,Sandor J A,Eash N S. Soil enzyme activities after 1500 years of terrace agriculture in the Colca Valley, Peru [J]. Agriculture,Ecosystems & Environment,1994,50(2):123 – 131.

[20]任祖淦,陈玉水,唐福钦,等. 有机无机肥料配施对土壤微生物和酶活性的影响[J]. 植物营养与肥料学报,1996(3):279 – 283.

[21]Mapelli F,Marasco R,Fusi M,et al. The stage of soil development modulates rhizosphere effect along a High Arctic desert chronosequence[J]. The ISME Journal,2018,12(5):1188 – 1198.

[22]Delgado – Baquerizo M,Oliverio A M,Brewer T E,et al. A global atlas of the dominant bacteria found in soil[J]. Science,2018,359(6373):320 – 325.

[23]崔绾彤,孟　彤,齐　彬,等. 不同品种菌草对土壤酶活性及土壤微生物多样性的影响[J]. 福建农林大学学报(自然科学版),2023,52(1):48 – 58.

[24]张　斌,吕玉峰,李　利,等. 丛枝菌根真菌接种与磷添加对干旱胁迫燕麦土壤微生物生物量及酶活性的影响[J]. 生态学杂志,2024,43(3):644 – 655.

[25]张江伟,薛佳欣,李　慧,等. 小麦根际微生物群落结构和多样性对水分胁迫的响应[J]. 灌溉排水学报,2022,41(10):41 – 50.

[26]李义林,李　坤,李建查,等. 有机肥和套种对干热区火龙果土壤微生物特性和产量、品质的影响[J]. 生态学杂志,2024,43(3):656 – 664.

[27]赵　霞,赵　蕊,秦嘉海. 不同比例羊粪与化肥配施对土壤质量及甜菜含糖率和效益的影响[J]. 干旱地区农业研究,2021,39(4):117 – 124.

[28]秦　秦,宋　科,孙丽娟,等. 生物有机肥与化肥减量配施对稻田土壤酶活性和土壤肥力的影响[J]. 上海农业学报,2022,38(1):21 – 26.

[29]施　娴,刘艳红,张德刚,等. 猪粪与化肥配施对植烟土壤酶活性和微生物生物量动态变化的影响[J]. 土壤,2015,47(5):899 – 903.

[30]李　波,魏成熙,文庭池,等. 农业有机废弃物发酵后的有机肥对植烟土壤微生物数量及酶活性的影响[J]. 土壤通报,2012,43(4):821 – 825.

[31]Ziegler M,Engel M,Welzl G,et al. Development of a simple root model to study the effects of single exudates on the development of bacterial community structure [J]. Journal of Microbiological Methods,2013,94(1):30 – 36.

[32]Gans J,Wolinsky M,Dunbar J. Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil[J]. Science,2005,309(5739):1387 – 1390.

[33]Cheng Z Q,Lei S N,Li Y,et al. Revealing the variation and stability of bacterial communities in tomato rhizosphere microbiota [J]. Microorganisms,2020,8(2):170.

[34]王亚麒,刘　京,芶剑渝,等. 长期有机无机配施下烤烟—玉米轮作优化土壤微生物活化无机磷[J]. 土壤学报,2022,59(3):808 – 818.

[35]王　宁,南宏宇,冯克云. 化肥减量配施有机肥对棉田土壤微生物生物量、酶活性和棉花产量的影响[J]. 应用生态学报,2020,31(1):173 – 181.

[36]Ren C J,Zhang W,Zhong Z K,et al. Differential responses of soil microbial biomass, diversity, and compositions to altitudinal gradients depend on plant and soil characteristics[J]. The Science of the Total Environment,2018,610/611:750 – 758.

[37]王　磊,王　静,张爱君,等. 小麦—甘薯轮作长期增施有机肥对碱性土壤固氮菌群落结构及多样性的影响[J]. 生态学报,2020,40(16):5771 – 5782.

[38]张　含,龚　敏,李妍昕,等. 外源基质对乌红天麻根际土壤微生物多样性及酶活性的影响[J]. 西南农业学报,2023,36(5):992 – 1001.

[39]李媛媛,徐婷婷,艾　喆,等. 半干旱区锦鸡儿属植物根际土壤真菌群落多样性及驱动因素[J]. 应用生态学报,2021,32(12):4289 – 4297.

[40]侯　萌,陈一民,焦晓光,等. 两种气候条件下不同有机质含量农田黑土真菌群落结构特征[J]. 微生物学通报,2020,47(9):2822 – 2832.

[41]邓德雷,罗超越,邱慧珍,等. 连续施用不同氮量对半干旱地区马铃薯根际真菌群落结构的影响[J]. 干旱地区农业研究,2020,38(1):50 – 58.

[42]Souza R C,Mendes I C,Reis – Junior F B,et al. Shifts in taxonomic and functional microbial diversity with agriculture:how fragile is the Brazilian Cerrado? [J]. BMC Microbiology,2016,16(1):42.

[43]Sun Q Q,Wang R,Hu Y X,et al. Spatial variations of soil respiration and temperature sensitivity along a steep slope of the semiarid Loess Plateau[J]. PLoS One,2018,13(4):e0195400.

[44]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.

[45]赵玉卉,路等学,金　辉,等. 甘肃省野生羊肚菌根际细菌群落与土壤环境因子相关性研究[J]. 微生物学通报,2022,49(2):514 – 528.

[46]莫俊杰,彭诗春,叶昌辉,等. 盐胁迫下甘蔗根际土壤微生物量及其酶活性的效应分析[J]. 广东农业科学,2016,43(6):103 – 108.