

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2021.05.014

栾璐, 郑洁, 程梦华, 等. 不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌多样性及群落结构的影响. 土壤, 2021, 53(5): 991–997.

不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌多样性及群落结构的影响^①

栾璐^{1,2}, 郑洁^{1,2}, 程梦华³, 胡凯婕³, 孔培君^{1,2}, 蒋瑀霖^{1*}, 孙波¹

(1 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2 中国科学院大学, 北京 100049; 3 南京师范大学生命科学学院, 南京 210023)

摘要: 为明确不同秸秆还田方式下土壤细菌群落结构变化特征, 以南方典型旱地红壤为研究对象, 基于中国科学院鹰潭红壤生态实验站玉米单作系统不同秸秆还田方式的长期试验, 利用高通量测序明确了不同秸秆还田方式对土壤细菌多样性及群落结构的影响。结果表明: ①秸秆还田对土壤肥力提升显著, 以秸秆猪粪配施(NPKSM)处理提升效果最佳; ②常规化肥处理(NPK)对细菌多样性无显著影响, 但秸秆还田(NPKS)、秸秆猪粪配施(NPKSM)以及生物质炭(NPKB)处理均显著提升土壤细菌多样性; ③土壤有效磷和有机碳变化是影响细菌多样性指数的主要因素, 而速效钾、pH、全磷以及全氮均显著驱动细菌群落结构变异。研究结果从培育红壤肥力和增加微生物多样性的角度, 为农业生态系统生物功能和土壤健康的协同提升提供了科学依据。

关键词: 旱地红壤; 秸秆还田; 细菌多样性; 细菌群落结构

中图分类号: S154.36 文献标志码: A

Effects of Different Types of Straw Returning on Bacterial Diversity and Community Structure in Dryland Red Soil

LUAN Lu^{1,2}, ZHENG Jie^{1,2}, CHENG Menghua³, HU Kaijie³, KONG Peijun^{1,2}, JIANG Yuji^{1*}, SUN Bo¹

(1 State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3 College of Life Science, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

Abstract: The purpose of this study was to investigate the effects of different types of straw returning on the microbial community structure in a dryland red soil. The field experiment was conducted with different types of straw returning in corn mono-cropping system at the National Agro-Ecosystem Observation and Research Station in Yingtan. The sequencing of 16S rRNA gene was used to investigate the effects of different types of straw returning on the diversity and structure of soil bacteria community. The results showed that: 1) the straw returning treatments (NPKS, NPKSM and NPKB) significantly promoted soil fertility, with the highest effects under the NPKSM treatment (straw plus pig manure); 2) the straw returning treatments significantly increased the bacterial diversity compared to the chemical fertilization treatment; and 3) soil available phosphorus and organic carbon were the two most important predictors of the bacterial diversity, while available potassium, pH, total phosphorus and total nitrogen were the significant predictors of the bacterial community structure. The results provide the scientific basis for the synergistic improvement of biological functions and soil health in agricultural ecosystem from the perspective of promoting soil fertility and microbial diversity.

Key words: Dryland red soil; Straw returning; Bacterial diversity; Bacterial community structure

土壤是人类赖以生存的基础, 随着人口增长对粮食和农产品的需求增加, 如何提高粮食产量成为人类面临的难题。化肥施用可极大提高作物产量, Norman E. Borlaug 曾指出“20 世纪作物产量增加的一半可归

因于化肥施用”^[1]。然而, 化肥大量施用也带来了土壤酸化、温室效应以及生物多样性丧失等严重的生态环境问题^[2]。我国具有丰富的玉米秸秆资源^[3], 有效利用玉米秸秆对维护农业可持续发展以及建立环境

①基金项目: 国家自然科学基金项目(41922048, 41771297)和江苏省杰出青年基金项目(BK20180049)资助。

* 通讯作者(yjjiang@issas.ac.cn)

作者简介: 栾璐(1991—), 女, 四川成都人, 博士研究生, 主要从事土壤微生物多样性研究。E-mail: lluan@issas.ac.cn

友好型社会具有重要意义。不同的秸秆利用方式与化肥配施能在很大程度上改善土壤结构、提升土壤肥力、增加生物多样性、保持土壤健康^[4]。秸秆直接还田和秸秆炭化还田能够提高土壤保水能力,增加土壤有机碳含量并促进土壤团聚体形成^[5-6],但土壤微生物群落对不同秸秆还田方式如何响应仍有待明确。

土壤微生物是农业生态系统的重要组成部分,参与了多种生态系统功能,包括物质分解、元素循环,并影响地上部植物健康和生产力^[7]。土壤微生物多样性的连续减少可能导致土壤生态系统功能不断降低,例如参与生态功能的物种数量减少或者关键物种的丧失,会造成植物多样性减少、秸秆分解能力降低^[7]。而土壤微生物多样性的增加则有助于维持土壤生态功能稳定^[8]。土壤微生物对环境变化尤其是对有机物料施用十分敏感,在土壤微生物多样性、群落结构、生物量,以及功能活性等多层面均可快速响应^[9],因此土壤微生物多样性常被用作评价农业生态系统变化以及衡量土壤健康的重要指标^[10]。关于秸秆还田对微生物多样性的影响已有大量研究,但土壤微生物对不同秸秆还田方式的响应不一致,秸秆直接还田能提高土壤微生物活性,秸秆还田配施有机肥能增强土壤碳代谢能力,秸秆生物质炭还田能促进微生物群落显著分异,并促使微生物群落向“细菌型”发展^[11]。

在不同区域、气候、土壤以及作物条件下,土壤微生物对秸秆还田方式的响应有所不同^[12],这可能与土壤本底肥力具有密切的关系。对于土壤肥力较高的区域,由于微生物自身的功能冗余作用^[7],秸秆还田对微生物多样性以及生态功能的增加有限,但是在土壤较为贫瘠的地方,秸秆还田则可能极大增加土壤微生物多样性并提高土壤生态功能。我国南方旱地红壤养分贫瘠、微生物多样性低且功能紊乱,严重制约了南方粮食作物产量和品质的提升^[13]。因此,如何提高微生物的生态功能以及维持红壤健康对保障南方粮食生产与安全具有极为重要的意义。基于此,本研究针对第四纪红黏土母质发育的红壤,设置不同秸秆还田方式处理的田间试验,以探明:①不同秸秆还田方式下红壤肥力的变化规律;②不同秸秆还田方式下红壤细菌多样性及群落结构特征;③红壤细菌多样性和群落结构的关键驱动因子,从而为提高农田生态系统多功能性和保障土壤健康提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 试验地概况

长期试验位于江西省鹰潭市中国科学院红壤生

态实验站(116°55'E, 28°13'N),其属中亚热带季风气候,年均降水量 1 795 mm,年均温 17.8 °C。试验设置于 2010 年,试验小区面积为 100 m²(5 m × 20 m)。试验地土壤为发育自第四纪红黏土的黏化湿润富铁土,其原始植被为稀疏马尾松林,土壤强酸性、养分贫瘠、有机质含量低、阳离子交换量(CEC)低。供试表层土壤(0~20 cm)基本性质为:有机碳 2.52 g/kg,全氮 0.40 g/kg,全磷 0.23 g/kg,全钾 11.95 g/kg,速效氮 38.30 mg/kg,有效磷 0.76 mg/kg,速效钾 47.58 mg/kg,缓效钾 135.38 mg/kg,CEC 12.12 cmol/kg,pH 4.73。

1.2 试验处理

本研究设置 6 种秸秆还田方式处理:①空白(Ref),不施肥不种植;②对照(CK),不施肥,种植作物;③氮磷钾(NPK),施用氮磷钾化肥;④氮磷钾+秸秆还田(NPKS),施用氮磷钾化肥,配合秸秆还田;⑤氮磷钾+秸秆/猪粪配施(NPKSM),施用氮磷钾化肥,秸秆:猪粪按 9:1 碳用量投入配比施用;⑥氮磷钾+秸秆生物质炭(NPKB),施氮磷钾化肥和秸秆生物质炭(在生物炭炉中 450 °C 下厌氧闷烧玉米秸秆而得)。除 Ref 处理外,其余各处理均种植单季玉米,每年 4 月种植,7 月收获,供试玉米品种为苏玉 24。各处理按随机区组排列,每个处理 3 次重复。秸秆还田处理(NPKS、NPKSM 和 NPKB)的秸秆输入量均为 C 1 000 kg/hm²,其中 NPKS 处理秸秆用量为 2.51 t/hm²;NPKSM 处理秸秆用量为 2.26 t/hm²,猪粪用量为 0.31 t/hm²;NPKB 处理秸秆生物质炭用量为 2.42 t/hm²。除 Ref 和 CK 处理外,其余处理化肥施用量均为:尿素 N 150 kg/hm²,钙镁磷肥 P₂O₅ 75 kg/hm²,氯化钾 K₂O 60 kg/hm²,氮磷钾化肥于播种前一次性施入。玉米秸秆、猪粪和玉米秸秆生物质炭养分含量如表 1 所示。

表 1 玉米秸秆、猪粪和玉米秸秆生物质炭主要养分含量
Table 1 Main nutrient contents of straw, pig manure and biochar

材料	全碳 (g/kg)	全氮 (g/kg)	全磷 (g/kg)	全钾 (g/kg)
玉米秸秆	397.82	10.55	0.80	14.94
猪粪	325.09	52.72	8.94	5.38
玉米秸秆生物质炭	413.19	17.45	1.83	14.46

1.3 样品采集及分析方法

2019 年于玉米收获后按 S 型采样法分 10 个样点采集 0~20 cm 表层土壤样品,混合均匀后用四分法取 600 g 土样,一部分风干后用于分析土壤化学性质,一部分鲜样保存在 -80 °C 冰箱用于测定土壤细菌群

落多样性。

土壤 pH 采用电位计法测定^[14], 有机碳(SOC)采用重铬酸钾氧化法测定, 全氮(TN)采用凯氏消煮法测定, 全磷(TP)采用高氯酸-硫酸酸溶-钼锑抗比色法测定, 有效磷(AP)采用碳酸氢钠提取-钼锑抗比色法测定, 速效钾(AK)采用原子吸收分光光度法测定。

1.4 16S rRNA 基因高通量测序

土壤样品 DNA 按照土壤基因组 DNA 提取试剂盒(MoBio Laboratories, Inc., CA, USA)的标准步骤进行提取。使用 Nano Drop 分光光度计检查 DNA 的质量和含量。使用细菌通用引物 515F(5'-GTGCC AGCMGCCGCGTAA-3') 和 907R(5'-CCGTCATT CCTTTGAGTTT-3')扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4 ~ V5 区, 515F 引物序列含有特异性识别样品的标签。PCR 反应混合物(20 μ l)包含 5 \times FastPfu 缓冲液 4 μ l, 正、反向引物(10 μ mol/L)各 0.25 μ l, dNTP(2.5 mmol/L)2 μ l, 10 ng 模板 DNA 和 FastPfu 聚合酶 0.4 μ l, 补纯水至 20 μ l。PCR 反应条件: 95 $^{\circ}$ C 5 min, 94 $^{\circ}$ C 30 s, 55 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 45 s, 共 20 个循环, 72 $^{\circ}$ C 10 min。清洗所有扩增子, 以等摩尔浓度收集在单个试管中, 然后在 Illumina MiSeq 平台(Illumina Inc., San Diego, CA)上进行文库制备和高通量测序。

对原始序列进行质量筛选, 并使用 Quantitative Insights into Microbial Ecology(QIIME)流程(v1.9.1)进行分析。将质量低于 20, 长度小于 200 bp 的序列去除, 根据特异性标签将序列匹配到不同的样品中, 并将其分配到细菌 16S rRNA 基因的单文件中。使用 Usearch 算法按照 97% 的相似性对序列进行聚类并去除嵌合体, 将聚类的样品划分为不同的 OTU, 每个 OTU 选择丰度最高的序列作为代表序列, 并选择 SILVA119 数据库对代表序列进行物种注释。为了比较不同样品的多样性, 将所有样品的序列统一抽平到相同条数, 利用 QIIME 软件的命令 “alpha_diversity.py”计算细菌 Alpha 多样性(Richness、Chao1、ACE、Shannon)。

1.5 数据分析

数据差异显著性分析采用方差分析法(ANOVA)和 Turkey 法。基于 Bray-Curtis 距离的非度量多维尺度分析(NMDS)和聚类分析(hclust)用以表征群落结构差异, 置换多元方差分析(PERMANOVA)用以检验群落结构差异的显著性。典型相关分析(canonical correlation analysis, CCA)用以表征细菌群落结构与环境因子的相关性。皮尔森相关性分析用以表征细菌群落多样性与环境因子的相关性。以上分析均使用 R

语言的 “vegan” 包。利用 R 语言的程序包 “randomForest” 进行随机森林模型构建, 程序包 “rfUtilities” 和 “rfPermute” 分别检验每个变量以及模型的 P 值。

2 结果与分析

2.1 不同秸秆还田方式下土壤化学性质变化

不同秸秆还田方式下, 除 CK 处理的土壤 pH 显著大于其他处理外, 其他处理之间土壤 pH 无显著性差异(图 1, $P > 0.05$)。秸秆还田显著提高了土壤 SOC 含量, 其中 NPKB 处理显著高于 NPK 处理, SOC 含量上升了 1.96 倍。土壤 SOC 含量依次为 NPKB > NPKSM > NPKS > NPK > CK > Ref。NPKB 处理显著提高了土壤 TN 和 AK 含量, 分别较 CK 处理提高了 1.62 倍和 2.42 倍, 土壤 TN 和 AK 的含量依次为 NPKSM > NPKB > NPKS > NPK > CK > Ref。NPKSM 处理显著提高了土壤 TP 和 AP 含量, 分别较 CK 处理提高了 2.94 倍和 36.68 倍, TP 和 AP 的含量依次为 NPKSM > NPK > NPKB > NPKS > CK > Ref。

2.2 不同秸秆还田方式下土壤细菌多样性变化

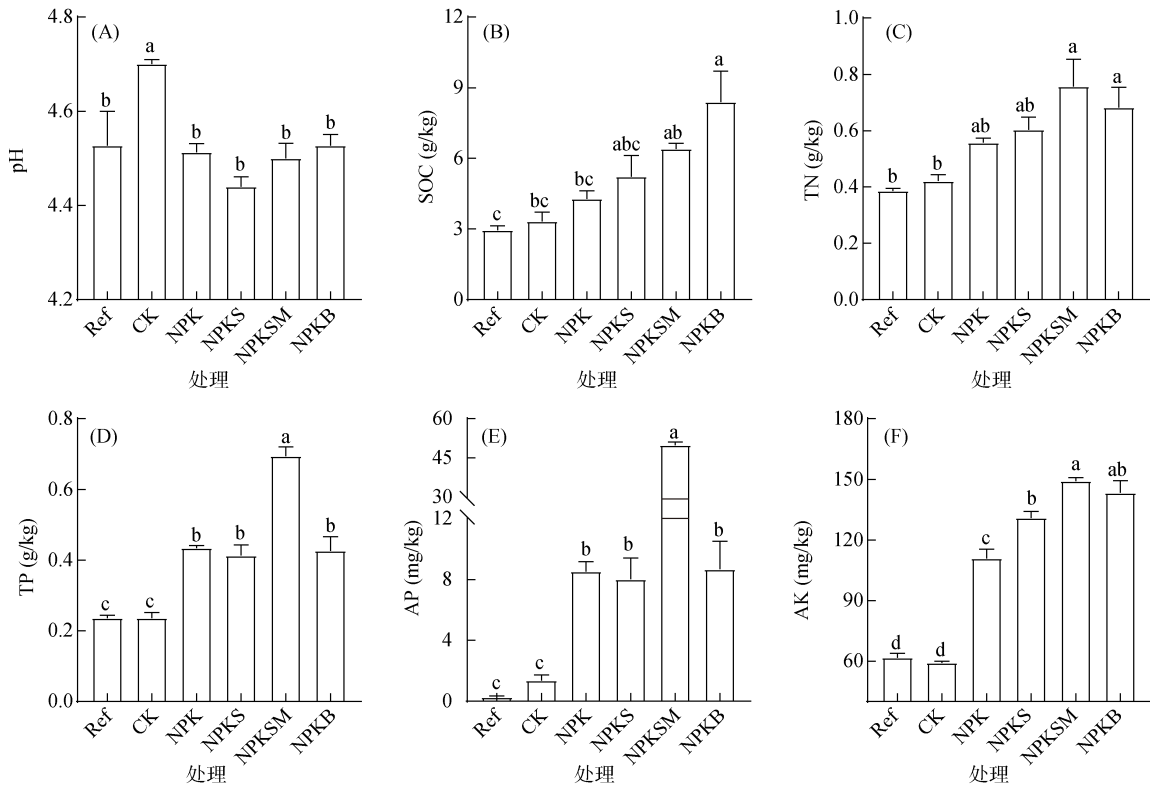
种植玉米及秸秆还田均显著提高了土壤细菌多样性(图 2, $P < 0.05$)。NPKSM、NPKB 及 NPKS 处理下的 Richness 和 Shannon 多样性指数显著高于 NPK、CK 及 Ref 处理。NPKSM 和 NPKB 处理的 Chao1 和 ACE 指数显著高于其他处理, 而 Ref 处理的 Chao1 和 ACE 指数显著低于其他处理, CK 和 NPK 处理的 Chao1 和 ACE 指数无显著性差异但均显著低于 NPKS 处理。

2.3 不同秸秆还田方式下土壤细菌群落结构变化

基于 Bray-Curtis 距离矩阵的 NMDS 分析和聚类分析结果表明, 细菌群落结构随秸秆还田方式呈现显著分异(图 3, $P < 0.05$), 其中 Ref 处理与 CK 处理的细菌群落结构与其他处理显著分异($P < 0.05$)。NPK 和 NPKB 处理的群落相似性较高, NPKS 和 NPKSM 处理的群落相似性较高。但 NPK、NPKB、NPKS 和 NPKSM 处理之间的群落结构无显著性差异($P > 0.05$)。

2.4 土壤环境因素对细菌多样性的影响

皮尔森相关性分析表明, AP、SOC、TP、AK 和 TN 均与细菌多样性指数呈显著正相关性($P < 0.01$, 图 4)。随机森林模型预测结果表明, AP、SOC 和 TN 是土壤细菌 Richness 指数的主要决定因素($P < 0.05$)。当分别除去 AP、SOC 和 TN 预测值时, Richness 指



(柱图上方不同小写字母表示不同处理间差异显著($P < 0.05$), 下同)

图 1 不同秸秆还田方式下土壤的化学性质差异

Fig. 1 Chemical properties of dryland red soil under different types of straw returning

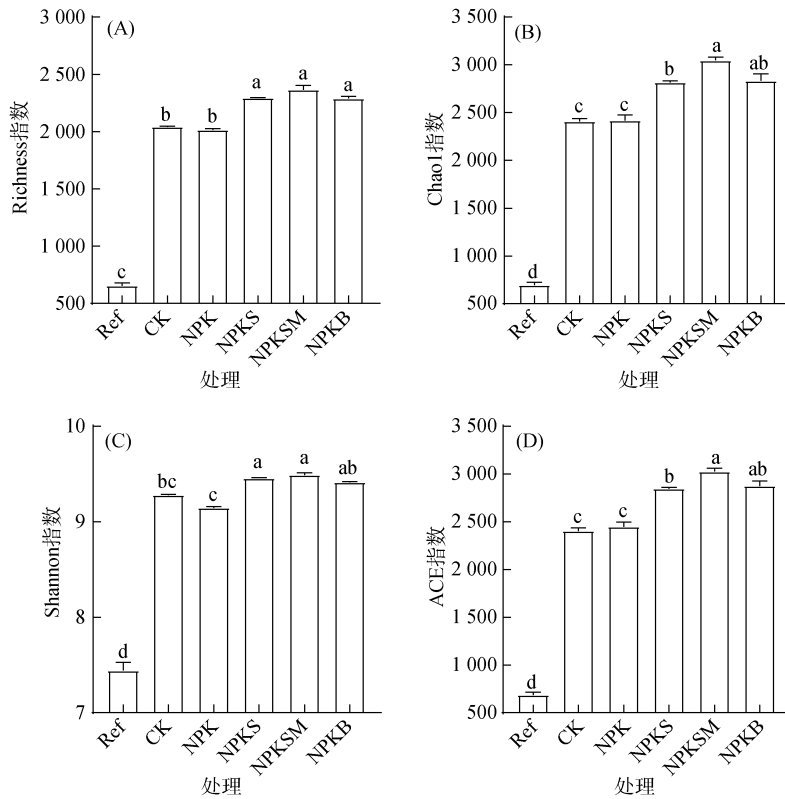


图 2 不同秸秆还田方式下土壤细菌 alpha 多样性指数

Fig. 2 Alpha diversity indexes of dryland red soil under different types of straw returning

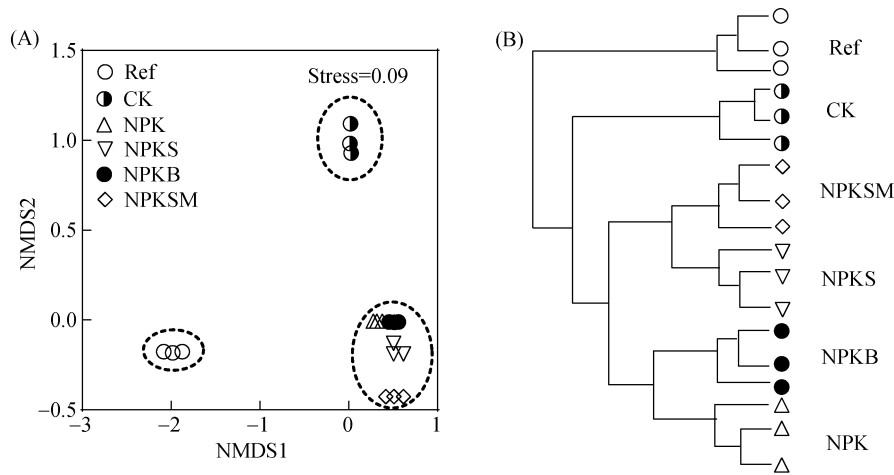


图 3 基于 Bray-Curtis 距离的 NMDS 和聚类分析

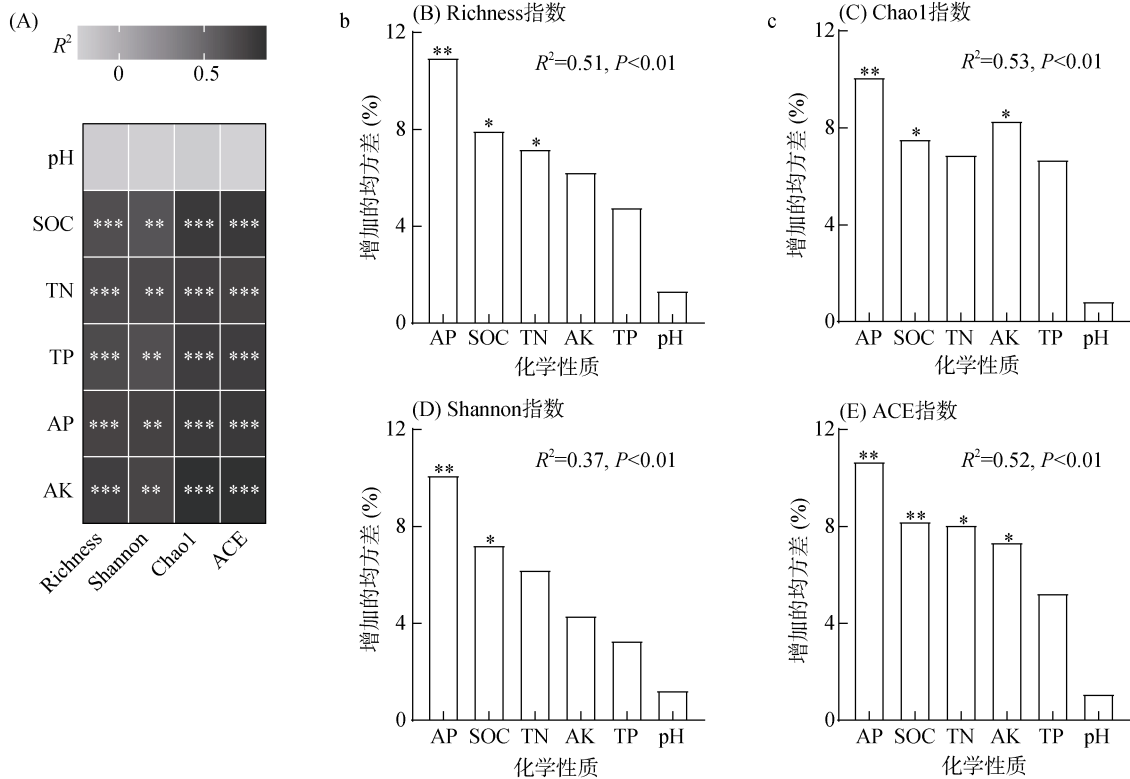
Fig. 3 Nonmetric multidimensional scaling (NMDS) analysis and cluster analysis based on Bray-Curtis distance

数的均方差分别增加 10.96、7.94 和 7.18。AP、SOC 和 AK 是影响土壤细菌 Chao1 指数的主要决定因素 ($P < 0.05$), 去掉 AP、SOC 和 AK, Chao1 指数的均方差分别增加了 10.08、7.54 和 8.29。AP 和 SOC 是影响细菌 Shannon 指数的主要因素 ($P < 0.05$), 去掉 AP 和 SOC 后, Shannon 指数的均方差分别增加了 10.11 和 7.23。AP、SOC、TN 和 AK 是影响细菌多样性 ACE 指数的主要影响因子, 其分别影响了 ACE 指数

均方差的 10.69、8.21、8.07 和 7.34。

2.5 土壤环境因素对细菌群落组成的影响

CCA 用于检验土壤环境因素对细菌群落结构的影响(图 5)。Ref 和 CK 处理的群落结构分别与其他处理显著分异 ($P < 0.05$), 而 NPK、NPKB、NPKS 和 NPKSM 处理之间的群落结构无显著性差异。主坐标 1(CCA1)解释了总变异的 60.93%, 主坐标 2(CCA2)解释了总变异的 21.34%, 二者共同解释了细菌群落



(图中*号表示不同的显著性水平(***)表示 $P < 0.001$, **表示 $P < 0.01$, *表示 $P < 0.05$), 下同)

图 4 皮尔森相关性分析和随机森林模型分析土壤化学性质对细菌多样性的影响

Fig. 4 Effects of soil chemical properties on bacterial diversity based on Pearson correlation analysis and Random Forest model

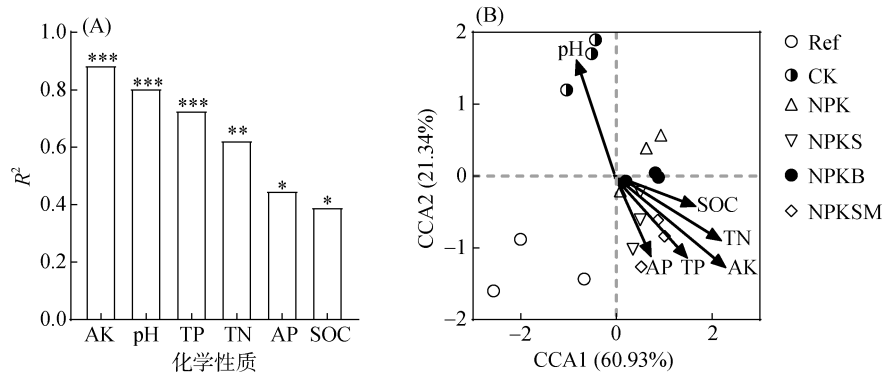


图 5 不同秸秆还田方式下土壤化学性质与细菌群落的 CCA 排序图

Fig. 5 Canonical correlation analysis (CCA) of bacterial community and soil chemical properties

变异的 82.27%。土壤环境因子 AK($R^2 = 0.86$)、pH($R^2 = 0.80$)、TP($R^2 = 0.73$)、TN($R^2 = 0.62$)、AP($R^2 = 0.45$)和 SOC($R^2 = 0.39$)均显著驱动了微生物群落结构变异($P < 0.05$),其中 AK 对细菌群落结构变异的影响最大,其次依次是 pH 和 TP。pH 主要驱动了 CK 处理细菌群落结构变异,而 AK、TP、TN、AP 和 SOC 是驱动 NPK、NPKS、NPKSM 和 NPKB 处理细菌群落结构变异的主要影响因素。

3 讨论

秸秆还田能显著提高土壤肥力,这可能是土壤微生物多样性提高的重要原因。秸秆还田尤其是秸秆还田配施各种有机物料不仅能够为土壤微生物直接提供丰富的资源,还能改善土壤性状为微生物生长提供有利的环境^[12,15]。本研究中,不同秸秆还田方式均显著提高了 SOC、TN、TP、AP 和 AK 的含量,其中 NPKB 处理对土壤 SOC 的影响最显著,这可能是因为生物质炭作为一种土壤改良剂,不易被微生物分解利用,残存时间长^[16]。NPKSM 处理对土壤 TP 和 AP 的影响最为显著,已有研究表明长期有机肥配合秸秆还田能够显著增加土壤 TP 及 AP 含量^[17]。

多样性指数 Richness、Chao1 和 ACE 表征细菌多样性的丰富度,而 Shannon 指数表征细菌多样性的均匀度和丰富度^[18]。本研究表明,不同秸秆还田方式均能显著提高微生物多样性的丰富度和均匀度,其中 NPKSM 处理对细菌多样性的影响最大,能够显著提高细菌多样性的丰富度和均匀度。已有研究表明,猪粪配合秸秆能够提升微生物丰富度、多样性、碳代谢利用能力、反硝化细菌数量等^[19-20]。猪粪配合秸秆处理含有微生物生长所需的大量氮源,能够调节秸秆碳氮比,促进微生物生长,增加具有秸秆分解功能的微生物多样性。通过随机森林模型发现,AP 和 SOC

是影响所有细菌多样性指数的重要环境因子,其中 AP 贡献最大,这可能与贫瘠红壤中磷素有效性低有关^[21]。红壤“缺磷”严重制约着红壤农业生产,一些研究表明提高红壤磷有效性不仅能够直接提高微生物多样性,还能通过增加土壤可利用碳源(氨基酸类、胺类和酚酸类物质)来促进微生物活性^[22]。本研究表明,NPKSM 处理能够极显著提高土壤 AP 含量并促进土壤细菌多样性增加。鉴于磷素对红壤地区土壤肥力以及微生物多样性的重要作用^[23],因此如何提高红壤地区磷素供应是培育红壤生物肥力的重要步骤。另外,提高土壤 SOC 含量不仅能直接提高土壤细菌多样性,还能通过促进细菌相互作用间接提高细菌多样性^[5]。

本研究表明,秸秆还田能显著驱动细菌群落结构变异,其中不同秸秆还田处理下的细菌群落结构与对照具有显著差别。与其他研究结果相同,秸秆还田会显著改变微生物的群落结构^[24]。长期秸秆还田为微生物生长提供了丰富资源的同时,也驱动了相应微生物种群的变化,例如土壤优势菌种从 α -变形菌纲向 δ -变形菌纲转变^[25]。与细菌多样性的影响因子不同,AK、pH、TP、TN、AP 和 SOC 均显著驱动了细菌群落结构变异,其中 pH 是影响 CK 处理细菌群落结构变异的主要因子,而 AK、TP、TN、AP 和 SOC 是影响 NPK、NPKS、NPKSM 以及 NPKB 处理细菌群落结构变异的主要因子。大量研究表明, pH 是影响微生物群落结构的主要因子^[26],因此土壤 pH 变化会极大改变土壤微生物群落结构。另外,不同秸秆还田方式的细菌群落结构较为相似,这可能与红壤特殊的生境有关。一般认为施用化肥导致微生物群落结构变异主要是因为长期施用化肥会导致土壤 pH 下降,而 pH 被认为是影响微生物群落结构的主要影响因子^[26]。但红壤是酸性土壤,由化肥导致的土壤 pH 下降并不显著^[27],而化肥配施秸秆提供的“养

料”则能极大改善红壤贫瘠的特性, 显著提高 AK、TP、TN、AP 和 SOC 含量, 进而增强土壤肥力^[28], 使土壤细菌群落结构趋同。与秦红灵等^[29]研究结果一致, 本研究发现 AK 是促进红壤细菌群落结构变异最主要的影响因子, 这可能与解钾微生物活性提高有关^[30]。解钾微生物较为耐酸, 能够促进红壤地区无效钾向速效钾转化, 并提高土壤肥力和植物生产力进一步影响细菌群落结构变化。

4 结论

本研究基于长期定位试验对红壤地区不同秸秆还田措施对土壤细菌多样性及群落结构的影响开展研究, 结果表明, 不同秸秆还田方式对土壤肥力、细菌群落多样性及结构影响显著, 尤其秸秆/猪粪配施处理(NPKSM)对提升土壤肥力及细菌多样性效果最佳。本研究可从土壤微生物多样性角度为提升红壤肥力、生物多生态功能以及增强土壤健康提供科学参考。

参考文献:

- [1] 朱兆良, 金继运. 保障我国粮食安全的肥料问题[J]. 植物营养与肥料学报, 2013, 19(2): 259-273.
- [2] Wang C, Liu D W, Bai E. Decreasing soil microbial diversity is associated with decreasing microbial biomass under nitrogen addition[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, 120: 126-133.
- [3] 李纯燕, 杨恒山, 刘晶, 等. 玉米秸秆还田技术与效应研究进展[J]. 中国农学通报, 2015, 31(33): 226-229.
- [4] 宫秀杰, 钱春荣, 于洋, 等. 我国玉米秸秆还田现状及效应研究进展[J]. 江苏农业科学, 2017, 45(9): 10-13.
- [5] Chen L J, Jiang Y J, Liang C, et al. Competitive interaction with keystone taxa induced negative priming under biochar amendments[J]. *Microbiome*, 2019, 7(1): 1-18.
- [6] Wang H T, Zhang W, Chen L J, et al. Biochar induced negative priming effect on soil organic carbon mineralisation by changing the microbial community structure across plant growth stages[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2020, 20(9): 3340-3350.
- [7] Bender S F, Wagg C, van der Heijden M G A. An underground revolution: Biodiversity and soil ecological engineering for agricultural sustainability[J]. *Trends in Ecology & Evolution*, 2016, 31(6): 440-452.
- [8] van Elsas J D, Chiurazzi M, Mallon C A, et al. Microbial diversity determines the invasion of soil by a bacterial pathogen[J]. *PNAS*, 2012, 109(4): 1159-1164.
- [9] 孙波, 廖红, 苏彦华, 等. 土壤-根系-微生物系统中影响氮磷利用的一些关键协同机制的研究进展[J]. 土壤, 2015, 47(2): 210-219.
- [10] Abbott L K, Murphy D V. What is soil biological fertility?[M]//*Soil Biological Fertility*. Dordrecht: Springer Netherlands, 2003: 1-15.
- [11] 张海晶, 王少杰, 罗莎莎, 等. 不同秸秆还田方式对土壤微生物影响的研究进展[J]. 土壤与作物, 2020, 9(2): 150-158.
- [12] 陈利军, 孙波, 金辰, 等. 等碳投入的有机肥和生物炭对红壤微生物多样性和土壤呼吸的影响[J]. 土壤, 2015, 47(2): 340-348.
- [13] 孙波. 红壤退化阻控与生态修复[M]. 北京: 科学出版社, 2011: 1-466.
- [14] 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.
- [15] 王富华, 黄容, 高明, 等. 生物质炭与秸秆配施对紫色土团聚体中有机碳含量的影响[J]. 土壤学报, 2019, 56(4): 929-939.
- [16] 朱建伟, 刘玉学, 吴超凡, 等. 施用生物炭后土壤有机碳的近红外光谱模型研究与应用[J]. 生态学报, 2020, 40(20): 7430-7440.
- [17] 陈利军, 蒋瑀霁, 王浩田, 等. 长期施用有机物料对旱地红壤磷组分及磷素有效性的影响[J]. 土壤, 2020, 52(3): 451-457.
- [18] 周桔, 雷霆. 土壤微生物多样性影响因素及研究方法的现状与展望[J]. 生物多样性, 2007, 15(3): 306-311.
- [19] 理鹏, 吴建强, 沙晨燕, 等. 粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响[J]. 环境科学, 2020, 41(9): 4262-4272.
- [20] 郭莹, 王一明, 巫攀, 等. 长期施用粪肥对水稻土中微生物群落功能多样性的影响[J]. 应用与环境生物学报, 2019, 25(3): 593-602.
- [21] 孙波, 张桃林, 赵其国. 南方红壤丘陵区土壤养分贫瘠化的综合评价[J]. 土壤, 1995, 27(3): 119-128.
- [22] 滕泽栋, 李敏, 朱静, 等. 野鸭湖湿地芦苇根际微生物多样性与磷素形态关系[J]. 环境科学, 2017, 38(11): 4589-4597.
- [23] 赵其国, 黄国勤, 马艳芹. 中国南方红壤生态系统面临的问题及对策[J]. 生态学报, 2013, 33(24): 7615-7622.
- [24] 张鑫, 周卫, 艾超, 等. 秸秆还田下氮肥运筹对夏玉米不同时期土壤酶活性及细菌群落结构的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, 26(2): 295-306.
- [25] 杨恒山, 萨如拉, 邵继承, 等. 不同质地土壤细菌多样性对玉米秸秆还田配施腐熟剂的响应[J]. 土壤通报, 2019, 50(6): 1352-1360.
- [26] Luan L, Liang C, Chen L J, et al. Coupling bacterial community assembly to microbial metabolism across soil profiles[J]. *mSystems*, 2020, 5(3): e00298-20.
- [27] 蔡泽江, 孙楠, 王伯仁, 等. 长期施肥对红壤 pH、作物产量及氮、磷、钾养分吸收的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2011, 17(1): 71-78.
- [28] 马晓霞, 王莲莲, 黎青慧, 等. 长期施肥对玉米生育期土壤微生物量碳氮及酶活性的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(17): 5502-5511.
- [29] 秦红灵, 袁红朝, 张慧, 等. 红壤坡地利用方式对土壤细菌群落结构的影响[J]. 土壤学报, 2011, 48(3): 594-602.
- [30] 林英, 司春灿, 章慧璇. 解钾微生物研究现状及其在农业生产中的应用和展望[J]. 江苏农业科学, 2020, 48(12): 1-5.