

有机改良剂配施菌剂对油橄榄土壤肥力及微生物群落的影响

龚 婷¹,徐 芝¹,李开勇²,刘孟平²,陈志钢^{1*}

1. 西南林业大学生态与环境学院(湿地学院), 云南 昆明 650224

2. 西南林业大学水土保持学院, 云南 昆明 650224

摘 要: 为探明多种有机改良剂与菌剂配施对油橄榄土壤肥力及微生物群落的影响,本研究通过盆栽试验,以空白为对照(CK),系统设置了单施有机改良剂、菌剂(J)、生物炭+有机肥+菌剂(BC+OF+J)、生物炭+腐殖酸+菌剂(BC+HA+J)、有机肥+腐殖酸+菌剂(OF+HA+J)、生物炭+腐殖酸+有机肥(BC+HA+OF)以及生物炭+有机肥+菌剂+腐殖酸(BC+OF+J+HA)不同组合处理。与对照(CK)相比,各配施处理下的土壤有机碳(SOC)、碱解氮(AN)、速效磷(AP)和速效钾(AK)含量均显著提高,其中,BC+OF+J处理对SOC和AN的提升效果最为显著,分别较CK提高2.69倍和1.81倍,OF+HA+J处理的AK含量最高(778.50 mg·kg⁻¹),BC+HA+OF处理对AP含量的提升作用最明显(662.27 mg·kg⁻¹)。除BC+HA+J处理外,其余配施处理均显著增强碱性磷酸酶(ALP)、脲酶(UE)和蔗糖酶(SC)活性,其中BC+OF+J处理对ALP活性提升最显著(14 385.1 U/g),OF+HA+J处理的UE活性最高(438.23 U/g),同时,OF+HA+J处理的SC活性最高(23.36 U/g)。主坐标分析(PCoA)与相似性分析(ANOSIM)表明,不同处理显著改变了土壤微生物群落结构,其中细菌群落结构变化较真菌更为显著。变形菌门、厚壁菌门、放线菌门、绿弯菌门和酸杆菌门为优势细菌门,子囊菌门为优势真菌类群,其中配施处理显著提高了厚壁菌门和子囊菌门的相对丰度。冗余分析和Mantel检验表明,变形菌门、厚壁菌门、子囊菌门与土壤脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性及土壤养分有效性呈正相关。土壤细菌群落与SOC、AN、AP、AK、ALP、UE、SC呈极显著正相关($P<0.01$),真菌群落与SOC、AN、AP、AK、ALP、UE呈极显著正相关($P<0.01$),并与SC呈显著正相关($P<0.05$)。综上,本研究证明有机改良剂与菌剂配施可协同调控油橄榄土壤肥力、酶活性及微生物群落,为其在油橄榄及其他作物上的应用提供理论依据和数据参考。

关键词: 有机改良剂; 微生物菌剂; 土壤肥力; 土壤微生物群落; 可持续农业

中图法分类号: S156.2

文献标识码: A

文章编号: 1000-2324(2026)05-0892-15

Effects of Organic Amendments Combined with Microbial Agents on Soil Fertility and Microbial Communities in Olive Groves

GONG Ting¹, XU Zhi¹, LI Kai-yong², LIU Meng-ping², CHEN Zhi-gang^{1*}

1. College of Ecology and Environment (Wetland College)/Southwest Forestry University, Kunming 650224, China

2. College of Soil and Water Conservation/Southwest Forestry University, Kunming 650224, China

Abstract: To investigate the effects of combined organic amendments and microbial agents on soil fertility and microbial communities in olive groves, this study conducts pot experiments using an untreated control (CK) and systematically sets up different treatment combinations: single application of organic amendments, single application of microbial agent (J), biochar + organic fertilizer + microbial agent (BC+OF+J), biochar + humic acid + microbial agent (BC+HA+J), organic fertilizer + humic acid + microbial agent (OF+HA+J), biochar + humic acid + organic fertilizer (BC+HA+OF), and biochar + organic fertilizer + microbial agent + humic acid (BC+OF+J+HA). Compared with CK, all combination treatments significantly increase the contents of soil organic carbon (SOC), available nitrogen (AN), available phosphorus (AP), and available potassium (AK). The BC+OF+J treatment is the most effective, increasing SOC and AN by 2.69 and 1.81 times, respectively, compared to CK. The OF+HA+J treatment has the highest AK content (778.50 mg·kg⁻¹), while the BC+HA+OF treatment most effectively enhances AP content (662.27 mg·kg⁻¹). Except for the BC+HA+J treatment, all other combination treatments significantly increase the activities of alkaline phosphatase (ALP), urease (UE), and sucrase (SC). Among them, the BC+OF+J treatment achieves the greatest increase in ALP activity (14 385.1 U/g), whereas the OF+HA+J treatment has the highest activities of both UE (438.23 U/g) and SC (23.36 U/g). Principal coordinate analysis (PCoA) and analysis of similarities (ANOSIM) indicate that the treatments significantly alter the soil microbial community structure, with more pronounced

收稿日期: 2025-11-09

修回日期: 2026-09-15

基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFF1302900)

第1作者简介: 龚 婷(1999-),女,硕士研究生,研究方向:土壤肥力研究。E-mail: 2049386867@qq.com

*通讯作者: Author for correspondence.E-mail: chenzhigang@swfu.edu.cn

shifts observed in bacterial than in fungal communities. The bacterial communities are dominated by the phyla Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteriota, Chloroflexi, and Acidobacteriota, while the fungal community is overwhelmingly dominated by Ascomycota. The combination treatments significantly increase the relative abundances of Firmicutes and Ascomycota. Redundancy analysis (RDA) and Mantel tests reveal that Proteobacteria, Firmicutes, and Ascomycota are positively correlated with soil enzyme activities (UE, ALP, SC) and nutrient availability. Soil bacterial communities show highly significant positive correlations with SOC, AN, AP, AK, ALP, UE, and SC ($P < 0.01$), while the fungal communities exhibit highly significant positive correlations with SOC, AN, AP, AK, ALP, and UE ($P < 0.01$), and also significant positive correlations with SC ($P < 0.05$). In conclusion, this study demonstrates that the combined application of organic amendments and microbial agents synergistically regulates soil fertility, enzyme activities, and microbial community structure in olive groves, providing a theoretical basis and data support for its application in olives and other crops.

Keywords: Organic amendments; microbial agents; soil fertility; soil microbial community; sustainable agriculture

油橄榄 (*Olea europaea* L.) 是一种木犀科 (*Oleaceae*) 木犀榄属 (*Olea*) 的常绿灌木或乔木树种, 是全球四大木本油料树种之一^[1], 具有很高的经济价值, 在生产橄榄油、药品、保健品、化妆品以及工业原料等方面具有广阔的应用前景^[2]。此外, 油橄榄作为一种常绿木本植物, 具有较强的生态适应性及抗逆性, 大面积种植油橄榄不仅可以提高当地的经济效益, 同时还可以促进该地区的生态恢复, 对于促进经济发展和加强环境保护具有重要意义^[3]。然而, 目前我国油橄榄产业普遍面临植株生长发育不良、果实产量偏低等问题。除气候因素外, 油橄榄种植地土壤肥力低下是油橄榄低产的重要原因^[4]。据调查, 我国典型油橄榄产区土壤有机质含量偏低比例达 59.38%, 碱解氮、有效磷、有效钾含量处于低量或缺乏水平, 部分地区油橄榄园土壤有效磷含量低至 3.06 mg/kg^[4,5]。因此, 土壤改良与肥力提升是推动该产业可持续发展的关键。目前, 前人对油橄榄土壤的研究多集中于通过合理施用氮、磷、钾肥来改善土壤水肥力、提高土壤质量等^[6,7]。而关于不同有机改良剂配施菌剂对油橄榄土壤的影响尚未见报道。近年来, 生物炭、腐殖酸和有机肥等有机改良剂与微生物菌剂的配施应用已成为研究热点。有研究表明, 生物炭凭借其多孔结构和丰富的碳氮含量, 可显著改善土壤结构、提升土壤碳汇功能及养分有效性^[8]。腐殖酸通过吸附、离子交换等作用, 不仅能促进植物生长^[9], 还可提高土壤酶活性及微生物多样性^[10]。有机肥则通过提供有机质和速效养分, 维持土壤微生物活性及生态功能^[11]。微生物菌剂通过引入功能微生物, 既可调控土壤微环境平衡, 亦可抑制土传病原菌传播^[12]。此外, 现有研究多聚焦于两种配施 (有机肥+菌剂^[13]、腐殖酸+菌剂^[14]、

生物炭+有机肥^[15]、生物炭+菌剂^[16]) 的效应。这些研究一致表明, 所有配施处理均能有效改善土壤肥力、提升关键酶活性并优化微生物群落结构, 但其作用机制多局限于“物料-功能”的配施组合层面, 尚未系统阐明多种有机改良剂与菌剂配施如何影响土壤化学性质、酶活性及微生物群落, 尤其缺乏对“载体-能源-菌群”三位一体的协同作用机制的研究。土壤微生物作为养分循环的驱动者, 其群落变化直接影响生态系统功能^[17]。例如, 固氮菌参与氮素转化^[18], 溶磷微生物提升磷的有效性^[19], 而微生物代谢产生的酶则可以调控有机质的分解过程^[20]。尽管微生物在农业生态系统中的作用已被广泛关注, 但其对多种有机改良剂与菌剂配施的响应机制尚未阐明。因此, 本研究通过设置对照 (CK)、单施处理 (BC、OF、HA、J) 及组合处理 (BC+OF+J、BC+HA+J、OF+HA+J、BC+HA+OF、BC+OF+J+HA), 探究不同处理对油橄榄土壤养分有效性、酶活性及微生物群落的影响, 并通过相关性分析揭示关键土壤因子与微生物群落的互作关系, 旨在为不同有机改良剂配施菌剂在油橄榄土壤及其他土壤上的应用提供理论依据和数据参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

试验土壤采自云南省丽江市永胜县金沙江流域的油橄榄基地 (26°12'N, 100°20'E)。依据五点取样法随机采集 0~20 cm 深度的土壤, 移除土壤样品中的植物残根、砾石等异物后, 自然风干并过筛, 用于盆栽试验。土壤基本性质如下: pH 值为 8.0, 呈弱碱性。土壤有机碳和全氮含量分别为 19.0 g·kg⁻¹ 和 0.08 g·kg⁻¹; 全磷和全钾含量分别为 0.15 g·kg⁻¹ 和 5.80 g·kg⁻¹。在速效养分方面, 碱解

氮、有效磷和速效钾的含量分别为 $7.01 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $30.3 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $50.96 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。供试生物炭源自小麦秸秆,于 $400\sim 500\text{ }^{\circ}\text{C}$ 限氧条件下热解制备(郑州天辰净化材料有限公司),其基本性质为:比表面积 $>400 \text{ m}^2\cdot\text{g}^{-1}$, pH 为 9.9,有机碳含量 75%,全氮含量 1.6%,速效磷 $48 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$,速效钾 $1\,236 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。微生物菌剂与腐殖酸均购自山东绿陇生物科技有限公司。菌剂为枯草芽孢杆菌和哈茨木霉菌按 1:1 的比例组成的复合菌剂(有效活菌数 ≥ 200 亿/g)。腐殖酸的基本性质为: pH 为 6.0~8.0,腐殖酸含量 $\geq 60\%$,氧化钾 $\geq 12\%$,总酸性基 $\geq 4\,000 \text{ }\mu\text{mol/g}$ 。有机肥为腐熟羊粪(有机碳含量 26%,全氮含量 2.3%,全磷含量 1.8%,全钾含量 1.3%),购自史丹利农业集团股份有限公司。供试植物为 2 年生‘佛奥’油橄榄,由云南省丽江市永胜县锦钰园油橄榄开发有限公司提供。

1.2 试验设计

试验于 2024 年 5 月在云南省昆明市的试验

基地($25^{\circ}03'\text{N}$, $102^{\circ}46'\text{E}$)进行。该地区的平均海拔 $1\,954 \text{ m}$,属温暖气候,年均温度 $16.5\text{ }^{\circ}\text{C}$,年降水量 $1\,035 \text{ mm}$,相对湿度 67%,霜期短。试验共设 10 个处理:空白对照(CK);单施生物炭(BC);单施有机肥(OF);单施腐殖酸(HA);单施菌剂(J);生物炭+腐殖酸+有机肥(BC+HA+OF);生物炭+有机肥+菌剂(BC+OF+J);生物炭+腐殖酸+菌剂(BC+HA+J);有机肥+腐殖酸+菌剂(OF+HA+J);生物炭+有机肥+菌剂+腐殖酸(BC+OF+J+HA)。采用完全随机区组设计,每处理 4 次重复,每重复 6 株油橄榄苗,共计 240 株。试验使用带托盘的圆形塑料盆(上口径 29 cm ,下口径 20 cm ,高 26 cm),每盆装风干土 8 kg 。各处理按以下用量添加改良剂和微生物菌剂:生物炭 $20 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、有机肥 $50 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、腐殖酸 $1.5 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、微生物菌剂 $10 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ (根据商家建议及参照已有研究的最佳施用量^[21])。所有材料与土壤充分混匀后装入盆中,于 2024 年 5 月 20 日移栽油橄榄苗(株高约 30 cm ,地径约 6 mm)。盆栽苗均匀布置于试验基地,各处理管理措施一致。具体处理方案见表 1。

表 1 试验设计
Table 1 Experimental design

处理 Treatment	生物炭/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) Biochar	有机肥/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) Organic fertilizer	腐殖酸/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) Humic acid	微生物菌剂/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) Microbial agents
CK	—	—	—	—
BC	20	—	—	—
OF	—	50	—	—
HA	—	—	1.5	—
J	—	—	—	10
BC+OF+J	20	50	—	10
BC+HA+J	20	—	1.5	10
OF+HA+J	—	50	1.5	10
BC+HA+OF	20	50	1.5	—
BC+OF+J+HA	20	50	1.5	10

1.3 样品采集与处理

试验进行 120 d 后,采集各盆栽 0~20 cm 表层土壤。选取幼苗长势一致的 3 盆植株,使用土壤采样器分别采集 0~20 cm 土层土壤,混合后记为 1 个土壤样品,共获得 30 个土壤样品。将每个混合土壤样品的一部分过筛后于 $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ 超低温冰箱中保存,用于土壤微生物的测定。另一部分样品进行风干、研磨和过筛后保存,用于测定土壤养分和酶活性。

1.4 土壤化学性质和酶活性的测定

土壤基本化学性质参照鲍士旦^[22]所述方法测定:土壤 pH(电极法);有机碳(SOC)含量(重铬酸钾容量法—外加热法);碱解氮(AN)含量(碱解扩散法);速效磷(AP)含量(碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法);速效钾(AK)含量(醋酸铵浸提—火焰光度计法)^[22]。土壤酶活性采用试剂盒(北京盒子生工科技有限公司)测定。脲酶(UE)、碱性磷酸酶(ALP)、过氧化氢酶(CAT)和

蔗糖酶(SC)的测定均按照试剂盒说明书进行。使用酶标仪在特定波长下测定吸光度,并依据标准曲线计算样品中土壤酶活性^[23]。4种酶活性单位均为U/g,脲酶:1 U/g表示每天每克干土催化产生1 μg 铵态氮的酶量;碱性磷酸酶:1 U/g表示每天每克干土催化产生1 nmol 酚的酶量;过氧化氢酶:1 U/g表示每天每克干土催化分解1 $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2$ 的酶量;蔗糖酶:1 U/g表示每天每克干土催化产生1 mg 还原糖的酶量。

1.5 土壤微生物群落测定

称取0.5 g充分混匀的土壤样品,根据E.Z.N.A.® soil DNA kit(Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.)说明书进行微生物群落总基因组DNA的抽提。提取后,通过1%的琼脂糖凝胶电泳对抽提的基因组DNA质量进行检测,然后将DNA的浓度和纯度经NanoDrop2000(美国 Thermo Scientific 公司)进行测定,并稀释至1 ng· μL^{-1} 。检测通过后,选用特异性引物对目标区域进行PCR扩增:细菌16S rRNA基因V3-V4区:引物338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')真菌ITS1区:引物ITS1F(5'-CTTGGTCATTTAGA-GGAAGTAA-3')和ITS2R(5'-GCTGCGTTCTTC-ATCGATGC-3')^[24]。对纯化、定量后的PCR扩增片段进行建库,随后交由上海美吉生物科技有限公司进行高通量测序。

1.6 数据处理与分析

首先通过FLASH软件^[25]对原始序列进行质控与拼接。其次使用UPARSE v7.1流程^[26,27]进行嵌合体剔除和操作分类单元(OTU)聚类(相似度97%),构建各样本OTU丰度矩阵。最后基于标准化数据,进行微生物群落 α 和 β 多样性分析。具体分析流程:(1)、物种注释:对OTU代表序列在参考数据库的基础上进行比对(细菌:Silva138/16S_bacteria数据库;真菌:unite8.0/its_fungi数据库)(2)、分析:采用mothur软件^[28]对Alpha多样性指数等进行计算。基于Bray-Curtis距离矩阵进行主坐标分析(PCoA)^[24]。采用相似性分析(ANOSIM)去检验样本间微生物群落结构的相似性差异^[24]。运用冗余分析(RDA)和Mantel分析分别解析环境因子对群落结构的影响,以及二者之间的相关性^[24]。

利用Excel 2019进行数据的整理、分析及计算;采用SPSS Statistics 24.0单因素方差分析(ANOVA, LSD, $P<0.05$)对不同处理间的差异进行分析。图形和图表是使用Origin 2019软件和美吉生物云平台(Majorbio Cloud Platform, www.majorbio.com)生成的。

2 结果与分析

2.1 不同处理对油橄榄土壤化学性质的影响

对不同处理下的油橄榄土壤pH及养分含量进行分析,如表2所示,与对照(CK)相比,除BC+OF+J+HA处理显著降低pH值($P<0.05$)外,其余处理pH值无显著变化。然而,各处理均提升了土壤养分含量:有机碳(SOC)含量为CK的1.81~2.69倍($P<0.05$),其中BC+OF+J处理最高(53.27 g· kg^{-1});碱解氮(AN)含量为CK的1.27~1.81倍($P<0.05$);速效磷(AP)含量为CK的2.92~21.78倍(除BC和J处理外, $P<0.05$),其中BC+HA+OF处理速效磷(662.27 mg· kg^{-1})含量显著高于其他处理;速效钾(AK)含量为CK的2.29~15.22倍($P<0.05$),以OF+HA+J处理最高(778.50 mg· kg^{-1})。综合来看,有机改良剂配施菌剂对油橄榄土壤肥力的提升有促进作用。

2.2 不同处理对油橄榄土壤酶活性变化特征的影响

土壤酶活性是表征土壤生物化学过程的关键指标。本研究测定了与碳、氮、磷循环密切相关的四种土壤酶活性,以系统评估不同处理的影响。结果如表3所示,与CK相比,各处理均改变了土壤酶活性,且四种酶活性对不同处理的响应模式存在差异。具体表现为:碱性磷酸酶(ALP)与脲酶(UE)的变化趋势相似,除BC和HA处理较CK降低外,其余处理均提高了这两种酶活性,其中OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+HA+OF及BC+OF+J+HA处理均显著提高了ALP和UE活性($P<0.05$)。就提升幅度而言,BC+OF+J处理对ALP活性的提升最为显著,达CK的3.18倍;而OF+HA+J处理的UE活性最高,为438.23 U/g。对于蔗糖酶(SC),除单施BC处理外,其余处理活性均高于CK,且OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+HA+OF和BC+OF+J+HA处理与CK的差异达显著水平($P<0.05$),提升幅度在20.42%至83.50%之间,

表 2 不同处理对油橄榄土壤化学性质的影响

Table 2 Effects of different treatments on soil chemical properties in olive groves

处理 Treatment	pH	有机碳/(g·kg ⁻¹) Organic carbon	碱解氮/(mg·kg ⁻¹) Alkali-hydrolyzable nitrogen	速效磷/(mg·kg ⁻¹) Available phosphorus	速效钾/(mg·kg ⁻¹) Available potassium
CK	8.03±0.08a	19.83±1.58f	7.05±0.10e	30.41±25.63f	51.14±19.04h
BC	7.91±0.14ab	39.08±2.51de	8.94±0.21d	88.80±11.76ef	117.08±24.69g
HA	8.01±0.17a	38.96±2.60b	10.17±0.24c	125.52±57.98de	209.15±15.04e
J	7.85±0.18ab	35.86±0.60e	9.43±0.31d	103.86±13.93def	158.48±19.19f
OF	7.84±0.13ab	40.46±1.21d	11.48±0.25b	177.31±19.84cd	543.35±18.81c
BC+HA+J	7.84±0.07ab	41.15±0.72d	11.81±0.15b	203.67±5.65c	320.77±5.10d
BC+OF+J	7.89±0.35ab	53.27±1.86a	12.77±0.92a	528.53±73.44b	677.13±25.74b
OF+HA+J	7.87±0.01ab	45.17±3.52c	10.78±0.64c	512.52±75.24b	778.50±9.11a
BC+HA+OF	7.99±0.19a	37.58±2.09ab	9.14±0.25d	662.27±44.15a	693.38±32.87b
BC+OF+J+HA	7.62±0.06b	51.03±1.66ab	11.61±0.15b	520.06±21.33b	741.08±2.07a

注:每列不同小写字母表示处理间在($P<0.05$)水平差异显著。下同。

Note: Different lowercase letters above the bars indicate significant differences among treatments at $P<0.05$. The same as below.

其中 OF+HA+J 处理的 SC 活性最高(23.36 U/g)。与上述三种酶的变化趋势相反,所有处理的过氧化氢酶(CAT)活性均低于 CK,其中 BC+HA+J 处

理的 CAT 活性最低。综上,不同处理对土壤酶活性的调控具有明显的酶特异性,ALP、UE 和 SC 活性多被促进,而 CAT 活性则普遍受到抑制。

表 3 不同处理对油橄榄土壤酶活性的影响

Table 3 Effects of different treatments on soil enzyme activities in olive groves

处理 Treatment	脲酶活性 Urease activity	蔗糖酶活性 Sucrase activity	过氧化氢酶活性 Catalase activity	碱性磷酸酶活性 Alkaline phosphatase activity
CK	100.84±28.09cd	12.73±0.15e	137.72±0.33a	4 519.02±1 039.82d
BC	63.54±7.99d	12.62±0.13e	135.25±2.64ab	3 683.40±820.21de
HA	34.62±8.08d	13.20±0.78de	134.73±1.14ab	2 619.88±174.06e
J	149.04±15.52c	14.03±1.14cde	134.15±0.60ab	6 066.83±281.05c
OF	353.57±41.38b	15.33±1.20cd	135.10±1.57ab	11 631±199.41b
BC+HA+J	159.10±67.99c	13.31±0.49de	130.69±2.95b	6 361.20±438.56c
BC+OF+J	283.58±71.97b	15.80±1.57c	131.47±7.37b	14 385.1±872.16a
OF+HA+J	438.23±62.54a	23.36±0.94a	135.59±1.60ab	13 777.37±1 291.81a
BC+HA+OF	271.84±70.24b	18.20±2.59b	133.77±1.32ab	12 172.59±350.06b
BC+OF+J+HA	334.71±14.17b	22.58±1.40a	134.59±0.53ab	13 634.94±1 126.00a

2.3 不同处理对油橄榄土壤微生物群落结构多样性的影响

为评估不同处理对油橄榄土壤微生物群落结构多样性的影响,本研究采用高通量测序技术,分析了对照(CK)、单施(BC、OF、HA、J)及 5 种组合处理(BC+OF+J、BC+HA+J、OF+HA+J、BC+HA+OF、BC+OF+J+HA)下土壤微生物群落的变化,并通过 α 多样性和 β 多样性指数来表征这种影响。

2.3.1 土壤微生物 α 多样性 为评估不同处理对土壤微生物群落 α 多样性的影响,本研究分析了 ACE、Chao1、Simpson 和 Shannon 指数,并

利用 Coverage 指数检验测序深度。如表 4 所示,所有样本的 Coverage 指数均高于 97%,说明该测序方法合理,能够反映不同处理下土壤细菌和真菌群落的实际情况。在细菌群落方面,与 CK 相比,仅 BC 和 HA 处理提高了细菌的 Chao1 指数,且 BC 处理的提升作用显著($P<0.05$),表明单施生物炭能显著增加细菌的丰富度。其余处理则不同程度地降低了细菌的 Chao1 指数。同时,所有处理均较 CK 降低了细菌的 Shannon 指数,意味着细菌群落的多样性普遍下降。在真菌群落方面,与 CK 相比,除 J 和 OF 单施处理外,其他处理均提高了真菌

的 Chao1 指数,即提升了真菌群落的丰富度。Shannon 指数均低于 CK,表明真菌群落的多样性同样受到抑制。

表 4 不同处理对油橄榄土壤细菌和真菌 α 多样性指数的影响
Table 4 Effects of different treatments on soil bacterial and fungal α -diversity indices in olive groves

多样性指数 Diversity index	处理 Treatment	Simpson 指数 Simpson index	Chao1 指数 Chao1 index	ACE 指数 ACE index	Shannon 指数 Shannon index	Coverage 指数 Coverage index
细菌 Bacteria	CK	0.003±0.00b	4 420.97±175.49b	4 480.65±165.87b	7.003 3±0.03a	0.98
	BC	0.004±0.00b	4 871.73±407.01a	4 974.77±411.39a	6.859 6±0.14a	0.97
	HA	0.005 3±0.00b	4 489.15±265.76b	4 563.26±266.70b	6.84±0.09a	0.97
	J	0.027 6±0.00a	3 771.03±146.11cd	4 563.26±266.70b	5.822 4±0.06b	0.98
	OF	0.036 4±0.02a	3 778.94±96.97cd	3 862.44±134.98cd	5.675±0.28bc	0.98
	BC+HA+J	0.033 1±0.00a	3 883.74±139.24c	3 950.66±135.41cd	5.823 4±0.05b	0.98
	BC+OF+J	0.027 1±0.00a	3 464.62±46.04d	3 589.20±49.99d	5.693±0.09bc	0.98
	OF+HA+J	0.028 3±0.00a	3 571.30±157.66cd	3 669.78±168.61cd	5.643±0.01bc	0.98
	BC+HA+OF	0.040 1±0.02a	3 598.30±139.88cd	3 756.65±142.36cd	5.448 4±0.34c	0.98
	BC+OF+J+HA	0.022 5±0.01a	3 868.86±108.87c	3 998.23±76.18c	5.897 6±0.37b	0.97
真菌 Fungi	CK	0.025 9±0.02c	536.94±23.33cd	534.81±26.70c	4.748 7±0.25a	0.99
	BC	0.126 4±0.03a	704.40±44.53b	692.24±47.06b	3.851 9±0.34d	0.99
	HA	0.036 7±0.02bc	650.17±79.63b	648.02±76.27b	4.598±0.34ab	0.99
	J	0.032 5±0.00bc	517.23±21.66d	516.20±23.21c	4.320±0.13bc	0.99
	OF	0.123 5±0.01a	536.53±37.88cd	536.79±28.87c	2.882 2±0.09f	0.99
	BC+HA+J	0.062 9±0.03b	610.65±45.56bcd	605.88±50.75bc	3.965±0.36cd	0.99
	BC+OF+J	0.120 8±0.01a	634.24±41.25bc	639.70±32.12b	2.909 1±0.02f	0.99
	OF+HA+J	0.147 5±0.02a	633.29±69.62bc	660.39±71.16b	2.658 4±0.19f	0.99
	BC+HA+OF	0.128 9±0.00a	629.74±88.51bc	641.53±87.84b	2.735±0.06f	0.99
	BC+OF+J+HA	0.120 9±0.01a	855.88±17.02a	886.63±22.82a	3.320 3±0.06e	0.99

2.3.2 土壤微生物 β 多样性 为了研究不同处理对油橄榄土壤微生物 β 多样性的影响,我们在 Bray-Curtis 距离算法的基础上构建了 PCoA 图,结果表明,细菌和真菌群落结构在不同处理间具有一定的差异,其中 PC1 和 PC2 共同揭示了群落结构变异的主要模式。细菌群落的 PCoA 结果表明,前两个维度分别占方差的 50.1% 和 14.64%,总计 64.74%(图 1a)。对于真菌群落,前两个维度分别解释了 48.31% 和 13.07% 的方差,总计 61.38%(图 1b)。分析结果显示(图 1a、b),不同处理的土壤微生物群落结构大致分为三个簇群,其中 CK、BC 和 HA 处理的土壤微生物群落结构高度重叠;J 和 BC+HA+J 处理的土壤微生物群落结构高度相似;OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+HA+OF 和 BC+OF+J+HA 处理的土壤微生物群落结构之间没有太明显的界限。这表明,CK、BC 和 HA 处理的土壤微生物群落结构无显著差异;J 和 BC+HA+J 处理的土壤微生物具有相似的群落结构;OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+

HA+OF 和 BC+OF+J+HA 处理的土壤具有相似的微生物群落结构;同时,这 3 组处理之间微生物物种组成有一定的差异性。此外,ANOSIM 分析进一步表明不同处理间细菌与真菌群落结构均存在极显著的差异(细菌: $R=0.990\ 2$, $P=0.001$;真菌: $R=0.763\ 6$, $P=0.001$;图 1c、d)。

2.4 不同处理对油橄榄土壤微生物群落组成的影响

图 2 显示了门水平上不同处理对微生物群落组成的影响。在不同处理的土壤样品中,共鉴定出 42 个细菌门和 16 个真菌门,直方图描绘了不同处理下相对丰度较高的前 11 个细菌门(a)和前 8 个真菌门(b),其余归为其他。由图 2a 可知变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteriota)是主要的细菌群落(相对丰度>75%)。除 J 和 BC+HA+J 处理外,其他处理与 CK 相比均提高了土壤中变形菌门

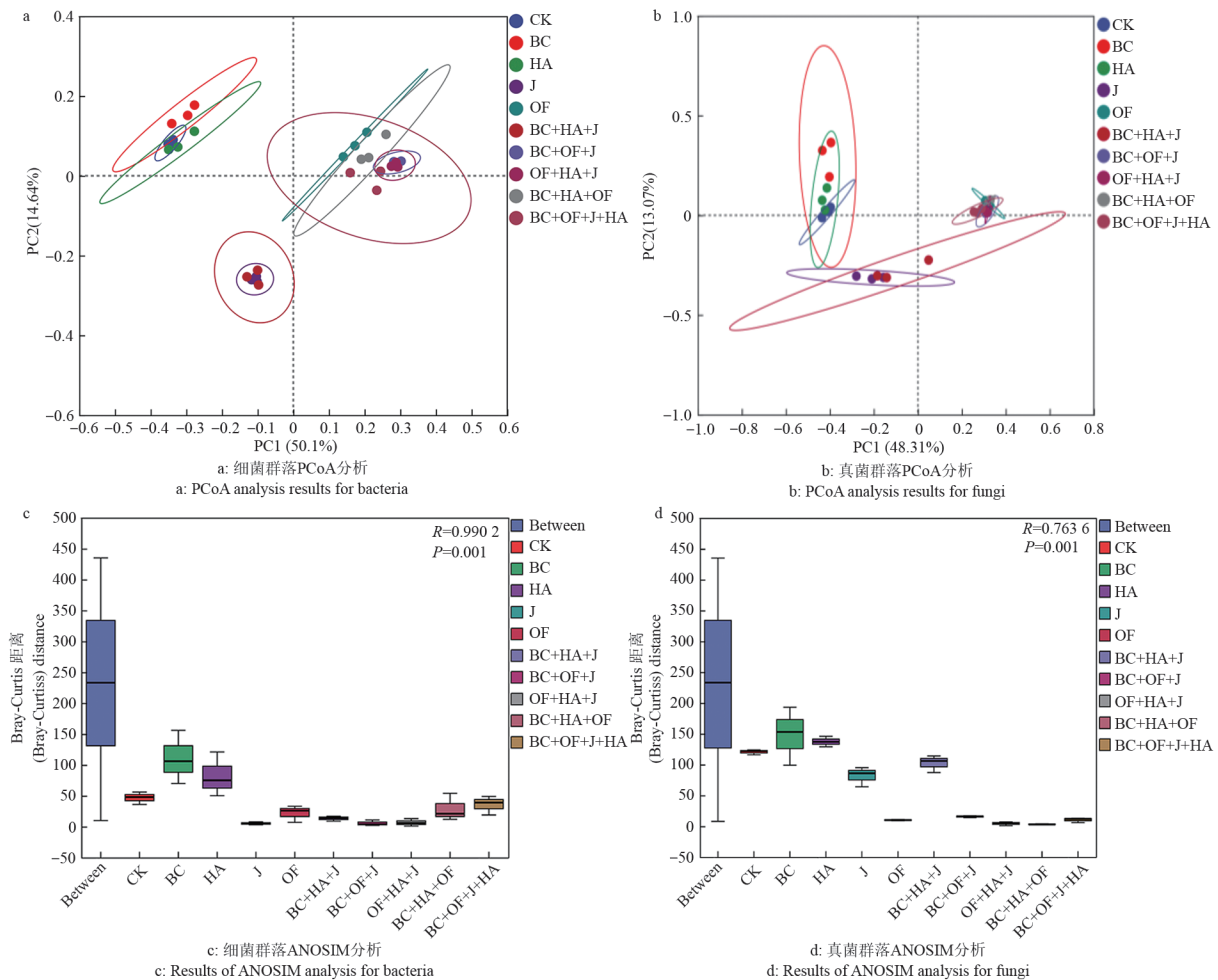


图 1 不同处理下油橄榄土壤细菌和真菌群落的PCoA与ANOSIM分析结果

Fig. 1 PCoA and ANOSIM analysis results of soil bacterial and fungal communities under different treatments in olive groves

(Proteobacteria)的相对丰度。对于厚壁菌门,除BC处理外,各处理的相对丰度均高于CK,其中J、OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+HA+OF和BC+OF+J+HA处理与CK的差异达到显著水平($P < 0.05$),且以BC+HA+OF处理的富集效应最为明显。同样,由图2b可知,子囊菌门(Ascomycota)和分类地位未鉴定真菌门(unclassified-k-Fungi)是主要的真菌群落(相对丰度 $>80\%$)。与CK相比,各处理均提高了子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度,其中BC+HA+OF处理的提升幅度最大。与之相反,各处理均较CK降低了分类地位未鉴定真菌门(unclassified-k-Fungi)的相对丰度。

图3显示了属水平上不同处理对微生物群落组成的影响。在不同处理的土壤样品中,共鉴定出1 171个细菌属和724个真菌属,图中显示了相对丰度超过1%的属,其余属则归为“其他”。

由图3a可知,属于厚壁菌门的芽孢杆菌属(*Bacillus*),其相对丰度在BC处理下较CK降低,而在其他处理下则有所升高。属于放线菌门的节杆菌属(*Arthrobacter*),除BC+OF+J和OF+HA+J处理外,在其他处理下其相对丰度均高于CK,且以BC+HA+J处理的富集程度最高。值得注意的是,大多数已鉴定的细菌属在不同处理条件下的相对丰度没有表现出显著差异。同样,由图3b可知,各处理中占据优势的真菌属为子囊菌门(Ascomycota)的镰刀菌属(*Fusarium*),与CK相比,BC和HA处理降低了镰刀菌属的相对丰度,而其他所有处理均提高了其丰度,其中BC+OF+J+HA处理的提升效应最为显著。此外,处理还显著影响了一些特定真菌属:BC处理显著提高了*Setophoma*属的相对丰度,而OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+HA+OF、BC+OF+J+

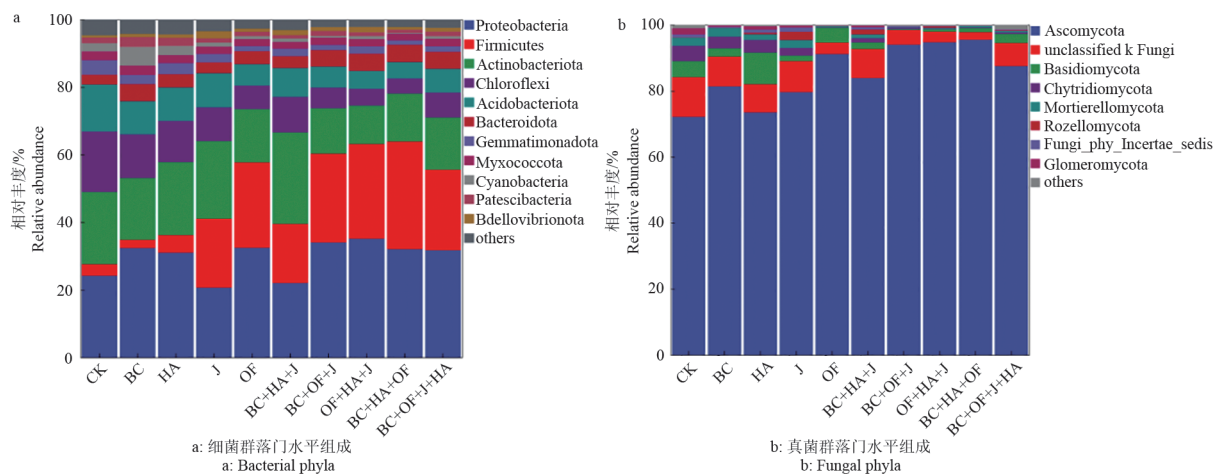


图2 不同处理下油橄榄土壤微生物门水平相对丰度组成

Fig. 2 Relative abundance composition of soil microbial phyla under different treatments in olive groves

HA处理显著提高了毛壳菌属(*Chaetomium*)和 *unclassified-f-Sordariaceae* 属的相对丰度。

2.5 微生物群落结构与土壤环境因子的相关性

冗余分析(RDA)用于揭示土壤生化特性与土壤细菌、真菌群落组成之间的关系(图4a、b)。如图4a所示,RDA的前两个轴阐明了细菌群落结构变异分别占63.31%和5.73%,合计69.04%。类似地,图4b解释了真菌群落结构变异分别占71.46%和3.49%,合计74.95%。变形菌门(*Proteobacteria*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)、子囊菌门(*Ascomycota*)与土壤脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性及土壤养分有效性呈正相关,与土壤pH和过氧化氢酶活性呈负相关(图4a、b)。为了进一步探讨土壤生化性质对微生物群落组成的影响,我们采用了曼特尔检验(Mantel test)来分析微生物群落组成与土壤环境因子之间的关系,并采用Spearman相关系数对土壤环境因子进行相关性分析(图4c、d)。结果显示,土壤细菌群落与土壤环境因子(SOC、AN、AP、AK、ALP、UE、SC)呈极显著正相关($P<0.01$)。真菌群落也呈现出类似的结果,但与SC呈显著正相关($P<0.05$),与其他土壤环境因子(SOC、AN、AP、AK、ALP、UE)呈极显著正相关($P<0.01$)。其中碱性磷酸酶、蔗糖酶和脲酶与速效磷、速效钾之间呈极显著正相关($P<0.001$);有机碳与碱解氮、速效磷、速效钾呈显著正相关($P<0.01$);碱解氮与速效磷、速效钾、碱性磷酸酶、脲酶呈显著正相关($P<0.05$);速效磷与速效钾之间呈极显著正相关($P<0.001$);碱性磷酸酶与脲酶、蔗糖酶呈极显著

正相关($P<0.001$);脲酶与蔗糖酶呈极显著正相关($P<0.001$);pH值与过氧化氢酶呈显著负相关($P<0.05$)。

3 讨论

3.1 不同处理对油橄榄土壤化学性质及酶活性的影响

本研究结果表明,不同处理对油橄榄土壤化学性质和酶活性的影响存在差异。土壤速效养分含量是直接反映土壤供肥能力的核心指标^[29]。与CK处理相比,配施处理能够显著提升土壤速效养分含量(表2)。这主要归因于生物炭的多孔结构和巨大比表面积能为微生物生长提供良好的栖息地^[30];有机肥和腐殖酸则作为能源为微生物的生命活动提供能量,而微生物的旺盛活动反过来又促进了外源物质的分解转化^[31、32]。值得注意的是,这一过程伴随着微生物群落组成的改变:配施处理显著提升了变形菌门(*Proteobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*)等具有高效代谢活性的功能菌门的相对丰度(图2a)。这些关键菌门的丰度与土壤速效养分含量及脲酶(UE)、蔗糖酶(SC)活性呈显著正相关。表明配施处理通过富集特定功能微生物,激活了其代谢活性,从而增强了土壤碳氮循环关键酶的活性,最终驱动了速效养分的转化与累积。因此,本研究证实,“载体-能源-菌群”的协同作用是配施处理提升土壤速效养分的核心机制。其中,BC+HA+OF处理对AP含量的提升效果最明显,表明三者配合施用在提升土壤速效磷方面

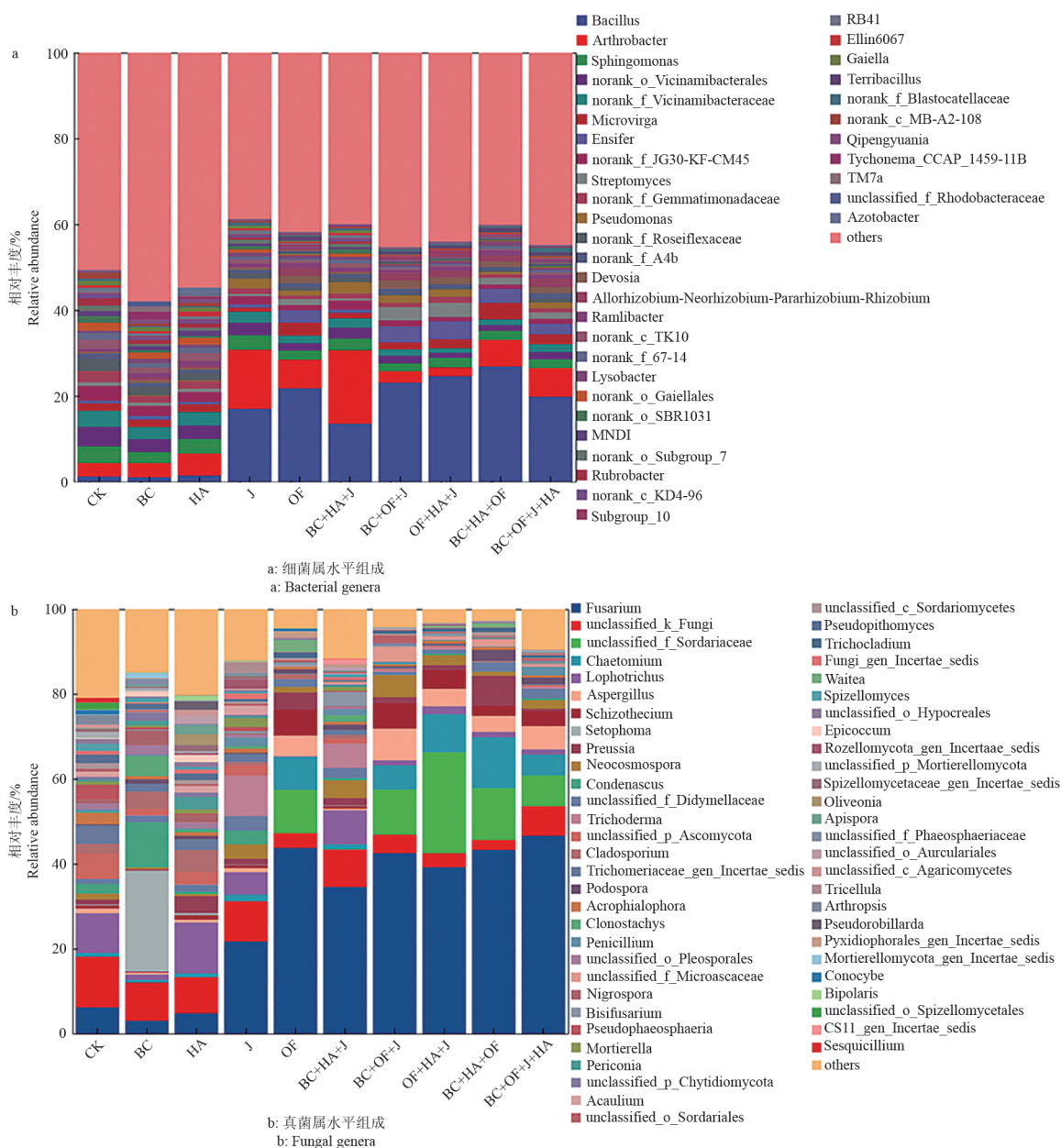


图 3 不同处理下油橄榄土壤微生物属水平相对丰度组成

Fig. 3 Relative abundance composition of soil microbial genera at genus level under different treatments in olive groves

产生了显著的协同效应。分析其原因,一方面可能是有机肥为土壤提供了足够的磷源,腐殖酸和生物炭的添加可以减少土壤中磷的固定,使难溶性磷转化为无机磷^[33,34];另一方面,可能是因为该处理同时提高了具有解磷潜力的节杆菌属(*Arthrobacter*)的相对丰度,其变化趋势与 AP 含量及碱性磷酸酶(ALP)活性的提升趋势一致。此外,土壤 pH 是决定土壤质量的关键因素之一。本研究中各处理的土壤 pH 均较 CK 降低(表 2),表明各处理均能调节土壤的酸碱度,使 pH 由碱

性趋于中性,这可能与土壤有机质含量的增加有关。相关研究表明土壤有机质是影响 pH 的重要因素,二者呈显著负相关关系^[35],其机制可能是有机物料在分解过程中产生的有机酸所致^[36]。

土壤酶活性是表征土壤生物活性和生产力的重要指标,其活性水平与土壤健康状况及养分转化过程密切相关^[37,38]。作为土壤生态系统代谢的关键驱动因子,所有生化反应均需土壤酶的催化^[39]。其中,过氧化氢酶(CAT)能消除土壤中过氧化氢积累,减轻其对土壤环境的危害^[40];磷

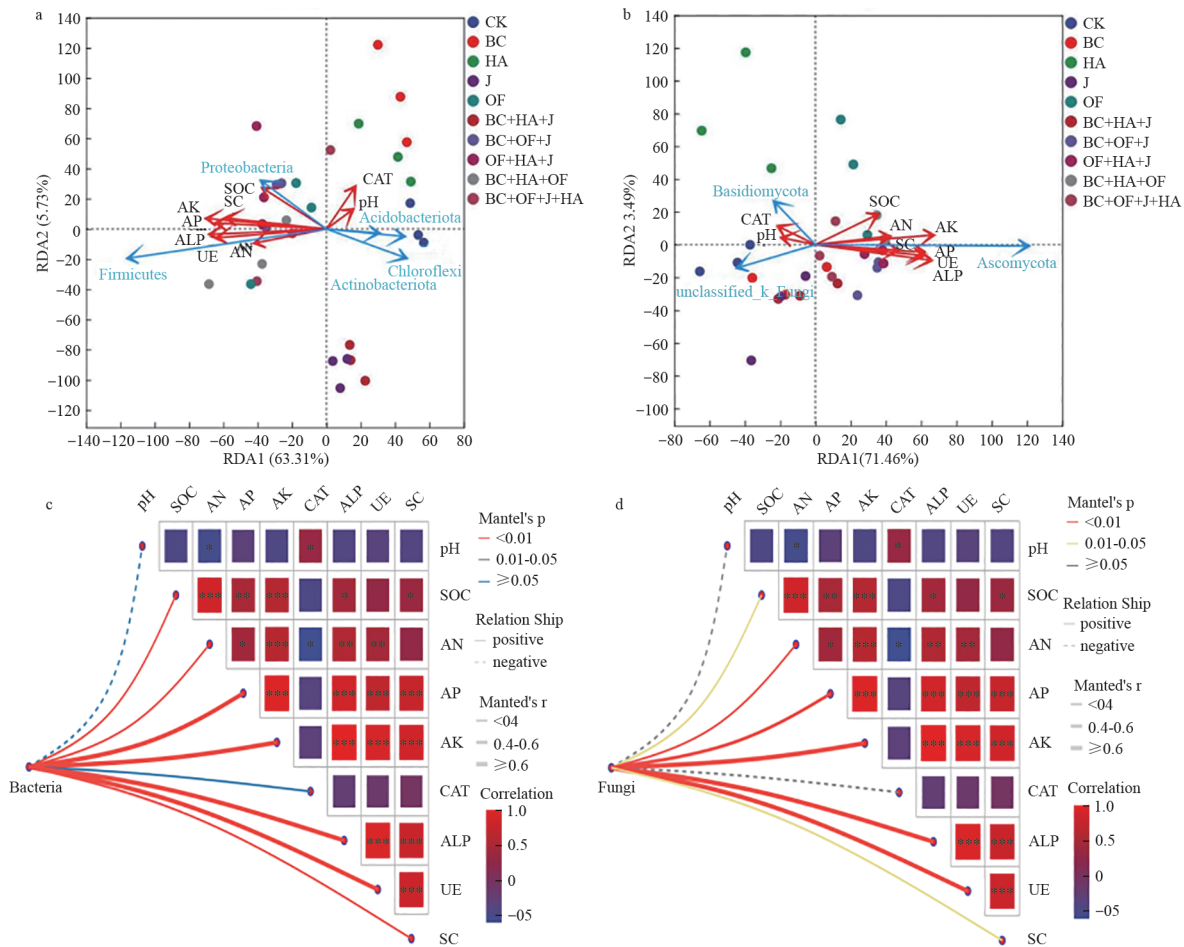


图4 利用RDA分析确定不同处理条件下微生物群落结构的主要环境因子(a, b)a(细菌), b(真菌); 利用Mantel检验探讨不同处理条件下微生物群落结构与土壤环境因子(c, d)c(细菌), d(真菌)的关系

Fig. 4 Identification of the main environmental factors affecting microbial community structure under different treatment conditions through RDA analysis (a, b) a(bacteria), b(fungi); Analysis of the links between microbial community structure and soil environmental factors under different treatment conditions through Mantel test (c, d) c(bacteria), d(fungi)

注: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$ 。

Note: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$, *** $P < 0.001$.

酸酶(ALP)的活性直接影响土壤有机磷的降解和转化,进一步对生物有效性产生影响^[41];蔗糖酶(SC)参与有机质分解代谢,反映土壤碳源转化效率^[41];脲酶(UE)参与土壤中的氮循环,其活性可以用来表征土壤供氮的能力^[41]。本研究结果表明,不同处理对土壤酶活性的影响存在差异,且与碳、氮、磷循环相关的酶对处理的响应模式不同(表3)。单施生物炭(BC)处理降低了各类酶活性,这可能源于生物炭对酶分子的吸附作用保护了酶反应位点,从而抑制了酶活性^[42];单施腐殖酸(HA)处理提高了SC活性但降低了UE、ALP和CAT活性,其原因可能是腐殖酸与这

些酶的活性位点结合或与其底物竞争,导致酶活性下降^[43]。相比之下,添加微生物菌剂(J)、有机肥(OF)及其组合处理BC+HA+J、BC+OF+J等普遍提高了土壤速效养分含量,并同步促进了ALP、UE和SC的活性,这一协同提升效应可能通过以下途径实现:一方面,这些处理富集了厚壁菌门(Firmicutes)和子囊菌门(Ascomycota)等关键产酶功能菌群(图2a, b),且冗余分析表明这些菌群丰度与ALP、UE、SC活性呈显著正相关(图4),提示功能微生物的增殖是驱动酶活性提升的核心生物因素;另一方面,有机肥和微生物菌剂可以重构土壤微生态网络,通过调节土壤的

酸碱度和改变微生物群落结构,直接影响土壤酶的合成与分泌;同时,生物炭和腐殖酸能够吸附反应底物,为酶促反应提供更有利的微环境,从而提高酶活性^[44]。二者共同构成了酶活性提升的物理化学基础。在不同处理中,OF+HA+J 配施对 UE 和 SC 活性的提升最为显著,表明该处理在激发土壤碳、氮循环方面最具潜力;而 BC+OF+J 处理则使 ALP 活性达到最高,这很可能是因为生物炭的添加减少了土壤对磷的固定,促进了难溶性磷向有效态的转化^[45],从而刺激了与磷循环相关的酶活性。值得注意的是,所有处理均较 CK 降低了 CAT 活性,这可能与过氧化氢通常是在土壤微生物处于逆境情况下才产生有关^[46]。因此,本研究中,所有处理均较 CK 降低了 CAT 活性,可能暗示有机改良剂与菌剂的添加改善了土壤养分状况,从而减少了过氧化氢的生成,降低了对 CAT 的需求。这进一步证实了配施处理对土壤的改善作用。

3.2 不同处理对油橄榄土壤微生物群落结构与组成的影响

土壤微生物群落在维持土壤功能、质量和生态系统可持续性发展等方面至关重要^[47]。现有研究表明,生物炭、腐殖酸、有机肥和微生物菌剂的施用均会显著影响微生物群落组成与结构^[48-51],但关于其配施效应的研究仍较为缺乏。在细菌方面,单施生物炭(BC)处理提高了群落丰富度但降低了多样性。丰富度的提高可能归因于生物炭的多孔结构为微生物提供了栖息空间^[52];而多样性的下降则可能与生物炭施加后对特定细菌种群的抑制作用有关^[53]。而 J、OF 及组合处理 BC+HA+J 等均显著降低了细菌群落的多样性和丰富度,一方面,这主要是因为微生物菌剂含有芽孢杆菌,而芽孢杆菌能产生抗菌肽等物质,抑制细菌细胞合成^[54];另一方面是由于有机肥引入的外源细菌可能打破原有微生物系统的平衡,这些外源菌在土壤中迅速定殖,通过代谢优势抢占生态位,抑制土著菌群的生长^[55]。该结果与前人研究结果一致^[56]。在真菌群落方面,所有处理较 CK 均增加了真菌丰富度但降低了其多样性。这可能是由于各处理改变了土壤养分有效性及关键酶活性,而本研究中这些因子与子囊菌门具有显著正相关性,因此各处理为子囊菌

门提供了代谢产物,促进其种群扩张,导致真菌群落多样性降低,同时改变了群落结构^[57]。特别值得注意的是,多个配施处理在降低微生物群落 Shannon 指数的同时,却显著提升了土壤养分含量及关键酶活性。这一看似矛盾的现象揭示了一个重要的生态学过程:配施处理可能驱动土壤微生物群落从物种丰富、功能平均化的状态转变为物种简化但特定功能菌属增多的状态。这种转变对于短期内快速提升土壤肥力具有积极意义。然而,从长远来看,微生物群落多样性的降低可能意味着生态系统抵抗病原体入侵的能力减弱。因此,未来的研究应关注如何在通过配施处理提升土壤特定功能的同时,维护好土壤微生物群落的长期稳定性和多功能性。此外,进一步的主成分分析发现(图 1a、b),不同配施处理下的微生物群落结构呈现出聚类趋势,但与生物炭、腐殖酸及对照处理相比则发生了显著分化。这进一步证实,配施处理能有效重塑土壤微生物群落结构。

在门水平上,变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)和酸杆菌门(Acidobacteriota)是各处理同时包含的优势菌门(图 2a)。与 CK 相比,各处理均提高了这些优势菌门的相对丰度,这很可能得益于有机物料与菌剂的添加能够为这些微生物类群提供大量的速效养分^[56]。其中厚壁菌门在 J、OF、BC+OF+J、OF+HA+J、BC+HA+OF 和 BC+OF+HA+J 处理中显著富集(图 2a)。厚壁菌门多为典型的 R-策略者,生长迅速,能快速利用易降解有机碳^[58],本研究中外源有机物料的添加可能为其增殖提供了充足的碳源。此外,该菌门还具有积极的生态学意义,该菌门中的芽孢杆菌属(*Bacillus*)能够通过分泌特异性酶类,降解土壤中残留的酚酸、苯酚等毒性有机化合物,从而减轻其对土壤微生物区系及植物生长的抑制效应^[59]。同时,该菌属还参与调控土壤氮循环的关键过程,包括氮的转化与固定,对维持土壤肥力及生态系统养分平衡具有显著的生态意义^[60]。在属水平上,除 BC+OF+J 和 OF+HA+J 处理外,其他处理较 CK 均提高了放线菌门中节杆菌属(*Arthrobacter*)的丰度(图 3a),该菌属在农作物的养分吸收、养分含量调节、植物生长和抗逆性方面发挥着重要作用^[61]。对于土壤真菌

而言,在门水平上,子囊菌门(Ascomycota)是最主要的优势真菌群落(图2b)。子囊菌门是真菌群落中的一个关键类群,其特点是由具有R生命策略的富营养化真菌组成^[62,63]。子囊菌多数为腐生菌,是土壤重要的分解者^[64],在碳循环、植物残体分解和内生互作等方面发挥关键作用^[65]。本研究中所有配施处理均提高了其相对丰度,且伴随着土壤有机碳(SOC)含量和蔗糖酶(SC)活性的同步提升,表明子囊菌门的富集可能在外源物质输入驱动的碳循环中起了重要作用。此外,本研究还发现与CK相比,BC和HA处理降低了镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度,而其他处理均提高了镰刀菌属(*Fusarium*)的相对丰度。值得注意的是,在镰刀菌属增加的处理中,毛壳菌属(*Chaetomium*)的相对丰度也呈现协同上升趋势(图3b)。上述特定功能类群的丰度变化,反映出各处理刺激了土壤微生物的整体活性,这可能是包括镰刀菌属(*Fusarium*)在内的多个类群丰度增加的主要原因。尽管镰刀菌属包含多种植物病原菌,其增加常被视为潜在的病害风险信号^[66]。但本研究中其丰度的增加与土壤有机碳、速效养分及关键水解酶活性的同步提升密切相关。这一结果更支持镰刀菌属在本研究中作为腐生菌参与有机物的分解与养分循环。与此同时,具有生防功能的毛壳菌属(*Chaetomium*)有益类群也呈现增加趋势^[67]。因此,二者丰度的协同变化共同驱动了土壤碳氮循环过程的增强。这些现象表明目前的群落结构可能处于一种动态平衡状态,这在短期内可能缓解了由镰刀菌属增殖带来的潜在风险,但需要注意长期输入外源物质导致土壤微生物群落结构动态平衡被打破的风险。因此,为维持这种有益的微生态平衡,防范长期风险,在未来的研究中,我们可以建立改良剂-菌剂配施处理轮替制度。其次,在油橄榄园土壤管理中我们可以将改良剂-菌剂配施处理与果园生草、有机物料覆盖等措施相结合,从而构建一个更灵活、更有调节能力的土壤微生态系统。

3.3 土壤微生物群落与环境因子的相关性

不同处理通过影响土壤理化性质与酶活性,进而影响更为敏感的土壤微生物群落结构^[68]。冗余分析表明,在不同处理条件下,变形菌门

(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、子囊菌门(Ascomycota)与土壤脲酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶活性及土壤养分有效性呈正相关(图4a、b)。这与前人研究发现土壤有机质、速效养分及酶活性的提高可以促进子囊菌门(Ascomycota)和酸杆菌门(Acidobacteriota)繁殖生长的结论一致^[51]。表明有机改良剂与菌剂的添加,通过提高土壤养分和酶活性,进一步影响了土壤微环境,从而促进了那些能够高效利用这些外源物质的微生物菌门繁殖生长。此外,Mantel分析发现土壤细菌群落与土壤环境因子(SOC、AN、AP、AK、ALP、UE、SC)呈极显著正相关($P<0.01$)。真菌群落也呈现出类似的结果,但与SC的相关性为显著正相关($P<0.05$),与其他土壤环境因子(SOC、AN、AP、AK、ALP、UE)呈高度显著正相关($P<0.01$)。这些结果共同表明土壤肥力的提升过程与微生物群落的代谢过程是协同进行的,这与杨玉皎等^[69]的研究结论一致。

4 结论

(1)配施处理对土壤养分与酶活性具有提升作用:生物炭、有机肥与菌剂配施(BC+OF+J)是同步提升土壤有机碳、碱解氮含量及碱性磷酸酶活性的最优组合;生物炭、腐殖酸与有机肥配施(BC+HA+OF)对土壤速效磷的提升效果最显著;而有机肥、腐殖酸与菌剂配施(OF+HA+J)则在提升土壤速效钾含量及脲酶、蔗糖酶活性方面表现突出。

(2)配施处理通过调控微生物群落驱动土壤功能提升:所有处理均改变了土壤微生物群落结构,其中细菌群落的响应更为敏感(细菌: $R=0.990\ 2$, $P=0.001$;真菌: $R=0.763\ 6$, $P=0.001$)。冗余分析与Mantel检验表明,土壤养分(SOC、AN、AP、AK)与关键酶活性(ALP、UE、SC)是驱动微生物群落演变的关键环境因子,进一步证实了“土壤肥力-酶活性-微生物群落”之间存在协同互作关系。

综上,不同配施处理能有效改善油橄榄土壤化学性质、增强酶活性,并通过调控微生物群落结构进一步提升土壤质量,是一种可行的配施策略。因此,在实际应用中,应依据我国油橄榄主产区的土壤障碍类型,推行“因地制宜、按需配施”的配施方案:对于碳氮瘠薄型土壤,推荐以

BC+OF+J 配施处理为主,以同步提升土壤碳氮库;针对磷固定型的土壤,宜采用 BC+HA+OF 配施处理,通过协同作用有效活化磷;对于钾素易淋失且生物活性较低的砂质土壤,则应以 OF+HA+J 组合为主,在保钾的同时增强土壤碳氮转化酶活性。该研究为针对性地解决油橄榄产区土壤质量瓶颈问题提供了科学依据。因此,在未来的研究中,将通过田间试验进一步验证盆栽结论的稳定性与适用性,重点聚焦两个方向:一是结合宏基因组学等手段,在分子水平揭示“载体-能源-菌群”协同驱动养分循环的机制;二是通过长期定位试验,评估不同配施处理对油橄榄产量、品质及土壤健康的持续影响。

参考文献

- [1] 林浩,吴涛,李勇杰. 油橄榄根际细菌群落与叶片及土壤营养状况的关联性[J]. 经济林研究, 2026,44(01):33-45.
- [2] 秦楷,张波,单体江,等. 油橄榄内生真菌的分离鉴定及其抑菌活性研究[J]. 江苏农业科学, 2025,53(11): 277-284.
- [3] 郭翠莲,刘坤,贾重阳,等. 2 种微生物菌肥对油橄榄生长及根际土壤微生物多样性的影响[J]. 江西农业大学学报, 2024,46(05): 1138-1150.
- [4] 倡国涵,赵书军,苏刚,等. 十堰油橄榄主要种植区土壤养分特征[J]. 林业科技通讯, 2024(12): 71-74.
- [5] 魏立本,戴前莉,黄小辉,等. 重庆油橄榄园土壤养分状况调查与分析[J]. 中国南方果树, 2020,49(01): 51-55.
- [6] 刘鑫,王天,宋佳承,等. 不同磷肥施用量对油橄榄根际土壤微环境及生长发育的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2021(06): 78-87.
- [7] 马婷,谢正万,景跃波,等. 不同施肥处理对油橄榄生长、结果及品质的影响[J]. 经济林研究, 2022,40(02): 276-281+288.
- [8] Bai S H, Omidvar N, Gallart M, et al. Combined effects of biochar and fertilizer applications on yield: A review and meta-analysis[J]. Science of the Total Environment, 2022,808:152073.
- [9] Ren H, Islam M S, Wang H, et al. Effect of humic acid on soil physical and chemical properties, microbial community structure, and metabolites of decline diseased bayberry[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022,23(23):14707.
- [10] 刘卿宇. 人工腐殖酸配施微生物菌剂对玉米生长及土壤有机碳的影响研究[D]. 哈尔滨:东北农业大学, 2024.
- [11] Wu J, Sha C, Wang M, et al. Effect of organic fertilizer on soil bacteria in maize fields[J]. Land, 2021,10(03):328.
- [12] Yu Y, Zhang L, Li Y, et al. Silicon fertilizer and microbial agents changed the bacterial community in the consecutive replant soil of lilies[J]. Agronomy, 2022,12(07):1530.
- [13] 李禹,段斌,杨代云,等. 有机肥配施微生物菌剂对土壤理化特性及烤烟产质量的影响[J]. 江苏农业科学, 2025,53(02): 81-87.
- [14] Castellano-Hinojosa A, Meyering B, Nuzzo A, et al. Effect of plant biostimulants on root and plant health and the rhizosphere microbiome of citrus trees in huanglongbing-endemic conditions[J]. Trees, 2021, 35:1525-1539.
- [15] Hu W, Zhang Y, Rong X, et al. Biochar and organic fertilizer applications enhance soil functional microbial abundance and agroecosystem multifunctionality[J]. Biochar, 2024,6(01):3.
- [16] Xing J, Li X, Li Z, et al. Remediation of soda-saline-alkali soil through soil amendments: Microbially mediated carbon and nitrogen cycles and remediation mechanisms[J]. Science of the Total Environment, 2024,924:171641.
- [17] Meena M, Yadav G, Sonigra P, et al. Multifarious responses of forest soil microbial community toward climate change[J]. Microbial Ecology, 2023, 86(01): 49-74.
- [18] Aasfar A, Bargaz A, Yaakoubi K, et al. Nitrogen fixing Azotobacter species as potential soil biological enhancers for crop nutrition and yield stability[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 628379.
- [19] Basile-Doelsch I, Balesdent J, Pellerin S. Reviews and syntheses: The mechanisms underlying carbon storage in soil[J]. Biogeosciences, 2020, 17(21):5223-5242.
- [20] 黄治宏,赵浩宾,王龙飞,等. 生物炭对土壤酶活性、生态功能研究进展及作用机制分析[J]. 中国土壤与肥料, 2025(01):250-259.
- [21] 杨久扬. AM 真菌和改良剂对小果白刺生长和沙化土壤改良效应的影响[D]. 呼和浩特:内蒙古大学, 2019.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版)[M]// 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [23] 张晓花,宋娅丽,王克勤,等. 不同改良剂施用对滇中

- 植烟土壤酶活性的影响[J]. 江苏农业科学, 2024,52(06): 242-249.
- [24] 李京豪,黎建强,高 朗,等. 林下三七种植对土壤微生物群落的影响[J]. 微生物学通报, 2024,51(06): 1995-2012.
- [25] Mago T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. *Bioinformatics*, 2011, 27(21): 2957-2963.
- [26] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013,10(10):996-998.
- [27] Stackebrandt E, Goebel B M. Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 1994, 44(04): 846-849.
- [28] Schloss P D, Westcott S L, Ryabin T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(23):7537-7541.
- [29] 柴雪茹,王贺正,马嵩科,等. 秸秆还田配施氮肥对豫西旱地麦田土壤速效养分和小麦氮肥利用效率的影响[J]. 山东农业科学, 2025,57(04): 98-106.
- [30] 冀泳標. 生物炭配施有机肥添加协同混播牧草对陕北沙地土壤改良的影响[D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2025.
- [31] Zarezadeh S, Zheng Y, Jenkins S N, et al. Sustainable soil management in agriculture under drought stress: Utilising waste-derived organic soil amendments and beneficial impacts on soil bacterial processes[J]. *Applied Soil Ecology*, 2025,206:105870.
- [32] Luo Y, Shen J, Wang X, et al. Recent advances in research on microbial community in the composting process[J]. *Biomass Conversion and Biorefinery*, 2024,14(19):23319-23333.
- [33] 李玉露. 不同肥料配施对黄土高原果园土壤理化性质及苹果产量品质的影响[D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2024.
- [34] 焦 扬,李 颖,朱剑琴,等. 生物炭调控土壤细菌群落结构影响磷有效性的作用机制[J]. 微生物学报, 2025,65(08): 3365-3382.
- [35] Jin S, Huang Y, Dong C, et al. Effects of different straw returning amounts and fertilizer conditions on bacteria of rice's different part in rare earth mining area[J]. *Scientific Reports*, 2023,13(01):412.
- [36] 周 红. 凋落物输入对喀斯特土壤有机碳及岩溶作用的影响[D]. 贵阳:贵州大学, 2024.
- [37] 李玲慧,刘怡君,王怡萌,等. 长白山退化泥炭沼泽恢复过程中土壤活性有机碳组分和酶活性变化[J]. 应用生态学报, 2025,36(08): 2361-2369.
- [38] 许馨文,陈梦娅,张 润,等. 草地不同性状凋落物分解对土壤酶活性的影响[J]. 草学, 2025(01): 35-42.
- [39] 柯心怡,郑海峰,令狐莎艺,等. 不同施肥措施臭氧浓度升高对稻田土壤酶活性及微生物群落的影响[J]. 生态学报, 2025,45(16): 8031-8041.
- [40] Zhang X, Zhang Q, Zhan L, et al. Biochar addition stabilized soil carbon sequestration by reducing temperature sensitivity of mineralization and altering the microbial community in a greenhouse vegetable field[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022,313:114972.
- [41] 潘晓月,杨晓旭,丁新宇,等. 生物炭对桃园土壤理化性质及酶活性的影响[J]. 北方园艺, 2025(19): 61-70.
- [42] 蒲子天,王 红,赵 斌,等. 不同土壤改良物料对连作黄芩生长及土壤酶活性的影响[J]. 中国农业科技导报, 2024,26(07):189-198.
- [43] Song S Q, Jiang M Y, Liu H L, et al. Application of the biogas residue of anaerobic co-digestion of gentamicin mycelial residues and wheat straw as soil amendment: Focus on nutrients supply, soil enzyme activities and antibiotic resistance genes[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023,335:117-125.
- [44] 吴京静,李新程,孟令鑫,等. 生物炭配施菌剂对大豆根际土壤养分及微生物群落结构的影响[J]. 吉林农业大学学报, 2025,47(05): 930-940.
- [45] 吉 波,程红光,韩世明,等. 生物炭与丛枝菌根真菌对土壤中磷供应影响的研究进展[J]. 生态环境学报, 2025,34(11): 1812-1826.
- [46] 杨 柳,孙富生,王韬略,等. 长期施肥下红壤中类芬顿反应及其对碳储存的影响[J]. 土壤学报, 2019,56(05): 1128-1139.
- [47] Pang Z, Dong F, Liu Q, et al. Soil metagenomics reveals effects of continuous sugarcane cropping on the structure and functional pathway of rhizospheric microbial community[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021,12:627569.
- [48] Ahmad S, Zhai X, Wang M, et al. Correction: Biochar amendments improve soil functionalities, microbial community and reduce Pokkah boeng

- disease of sugarcane[J]. Chemical and Biological Technologies in Agriculture, 2024, 11(01): 28.
- [49] 孙世君, 马 博, 王逸轩, 等. 腐殖酸对盐胁迫下温室黄瓜根际土壤养分及微生物群落结构的影响[J]. 北方园艺, 2022(05): 83-90.
- [50] Zhuang W, Zhao C, Zhang Y, et al. Synergistic application of biochar with organic fertilizer positively impacts the soil micro-food web in sandy loam soils[J]. European Journal of Soil Biology, 2024, 123: 103680.
- [51] Wu Q, Chen Y, Dou X, et al. Microbial fertilizers improve soil quality and crop yield in coastal saline soils by regulating soil bacterial and fungal community structure[J]. Science of the Total Environment, 2024, 949: 175127.
- [52] 郑兰香, 常 洁, 王 芳. 施用生物炭对葡萄园土壤理化性质和细菌群落结构的影响[J]. 微生物学杂志, 2024, 44(03): 24-31.
- [53] Tong H, Hu M, Li F B, et al. Biochar enhances the microbial and chemical transformation of pentachlorophenol in paddy soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 70: 142-150.
- [54] 王 立, 刘 颖, 张逸东, 等. 有机肥配施赤霉素和混合芽孢杆菌对柑橘黄龙病的作用[J]. 中国土壤与肥料, 2024(08): 221-232.
- [55] 田夏琼, 关统伟, 王淑英, 等. 短期内有机肥增施对高原土壤养分和细菌群落的影响[J]. 西南农业学报, 2022, 35(04): 924-931.
- [56] 张馨方, 梁凯粼, 孙 丰, 等. 腐熟牛粪与不同有机物料配施对曲靖烟区黄壤微生物群落组成的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2025(10): 44-54.
- [57] 张少卓, 王 征, 刘志昌, 等. 不同煤泥添加量对紫花苜蓿根际土壤酶活性与微生物的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2024, 38(10): 144-153.
- [58] Li H, Yang S, Semenov M V, et al. Temperature sensitivity of SOM decomposition is linked with a K-selected microbial community[J]. Global Change Biology, 2021, 27(12): 2763-2779.
- [59] Peng L, Yi T, Song X, et al. Mobilization of recalcitrant phosphorous and enhancement of pepper P uptake and yield by a new biocontrol and bioremediation bacterium *Burkholderia cepacia* CQ18[J]. Journal of Applied Microbiology, 2021, 130(6): 1935-1948.
- [60] 刘 洁, 李娟娟, 马 香, 等. 微塑料对我国土壤微生物群落结构影响的综合分析[J]. 江苏农业科学, 2025, 53(15): 255-261.
- [61] Chhetri G, Kim I, Kang M, et al. An isolated arthrobacter sp. Enhances rice (*Oryza sativa* L.) Plant Growth[J]. Microorganisms, 2022, 10(6): 1187.
- [62] Guo Z, Wan S, Hua K, et al. Fertilization regime has a greater effect on soil microbial community structure than crop rotation and growth stage in an agroecosystem[J]. Applied Soil Ecology, 2020, 149: 103510.
- [63] Wu C, Yan B, Wei F, et al. Long-term application of nitrogen and phosphorus fertilizers changes the process of community construction by affecting keystone species of crop rhizosphere microorganisms[J]. Science of the Total Environment, 2023, 897: 165239.
- [64] 杨 凯, 杜延全, 张西兴, 等. 不同有机物料与化肥配施对土壤真菌群落结构和生态功能的影响[J]. 土壤, 2024, 56(01): 222-228.
- [65] 黎宏轩, 严 君, 张秀丽, 等. 桑/豆间作和施氮量对土壤微生物群落结构及多样性的影响[J/OL]. 吉林农业大学学报, 1-12[2025-12-18]. <https://kns.cnki.net>.
- [66] 张许可, 夏红飞, 陈国立, 等. 白三叶草镰刀菌根腐病原鉴定及其生物学特性[J]. 草业学报, 2024, 33(12): 175-187.
- [67] 任宏芳, 王 璐, 郝兴宇, 等. 缓释肥处理下麦田土壤细菌和真菌群落对气候变化的响应[J]. 中国土壤与肥料, 2022(10): 50-63.
- [68] 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(05): 983-99.
- [69] 杨玉皎, 李义林, 包玲凤, 等. 不同施肥处理对干热河谷草莓园土壤细菌群落特征及多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2025(05): 11-20.