◆健康保育与环境修复◆

半焦肥施用量对油橄榄生长及土壤微生物群落的影响

郭翠莲[1]，付　洁[1]，胡　青[2]，陆　斌[2]

（1. 云南农业大学 资源与环境学院，云南 昆明　650201；2. 云南省林业和草原科学院，云南 昆明　650201）

［摘　要］选用3个品种油橄榄为供试材料，探究施用半焦肥对油橄榄生长及土壤微生物群落多样性的影响。结果表明：施用半焦肥在一定程度上都能促进3种油橄榄的地茎及株高增长量，且基本表现为中量处理下的促进效果最好；施肥量对3种油橄榄土壤微生物的影响相同，与不施肥处理相比，施肥降低了真菌各分类水平的ASV/OTU总数、丰度及多样性；细菌各分类水平的ASV/OTU总数、丰度及多样性随施肥量的增加而增高；3个品种油橄榄土壤真菌相对丰度较高的类群均为子囊菌门、担子菌门、毛霉菌门，且子囊菌门的相对丰度要优于担子菌门；土壤细菌相对丰度较高的类群均为放线菌门、变形菌门、酸杆菌门。总体来说，中量处理的半焦肥施用量有利于促进油橄榄地茎及株高提升，高量处理的半焦肥施用量有利于提高土壤微生物数量，改善微生物群落结构，提高土壤肥力。

［关键词］半焦肥；施用量；油橄榄；土壤微生物群落

［中图分类号］S154.3；S565.7　　［文献标志码］A　　［文章编号］2097-4566（2024）10-0065-08

Effects of semi-coke fertilizer application on olive growth and soil microbial community

GUO Cuilian[1], FU Jie[1], HU Qing[2], LU Bin[2]

(1. *College of Resources and Environment, Yunnan Agricultural University, Kunming* 650201, *China*;
2. *Yunnan Academy of Forestry and Grassland, Kunming* 650201, *China*)

Abstract: Three olive seedlings are selected as test materials to explore the effects of semi-coke fertilizer on olive growth and soil microbial community diversity. The results show that the application of semi-coke fertilizer can increase the growth of the rhizome and plant height of the three olive varieties to a certain extent, and the promotion effect is the best under the medium amount treatment; The effect of fertilization amount on soil microorganisms of the three olive varieties is the same. Compared with the treatment without fertilization, fertilization decreases the total number, abundance and diversity of ASV/OTU at each taxonomic level of fungi. But the total number, abundance and diversity of ASV/OTU at each taxonomic level of bacteria increases with the increase of fertilization amount; The higher relative abundance of fungi in the soil of the three olive varieties are ascomycetes, basidiomycetes and mucormycotes, and the relative abundance of ascomycetes is higher than that of basidiomycetes; The higher relative abundance of soil bacteria are actinomycetes, proteus and acidobacteria. In general, the application amount of semi-coke fertilizer with medium treatment is conducive to promoting the growth of olive stem and plant height, while the application amount of semi-coke fertilizer with high treatment is conducive to increasing the number of soil microorganisms, improving the microbial community structure and the soil fertility.

Key words: semi-coke fertilizer; application amount; olive; soil microbial community

土壤微生物是土壤生态系统中最活跃的部分，主要承担着分解者的作用[1-4]，其区系组成、生物量及生命活动与土壤的形成和发育密切相关[5-6]；同时促进了营养元素的循环利用[7-8]，可以在改善土壤肥力的基础上为植物创造良好的生长环境；土壤微生物中存在一些抗生性微生物，它们能够分泌抗生素，抑制病原菌的繁殖，防治土传病原菌对植物造成危害[9-10]。因此，土壤微生物与植物之间的相互作用对生态环境的稳定具有重要意义[11]。研究表明，相关土壤管理措施会对土壤微生物群落产生极为显著的影响[12-13]。王天等[14]指出，施用钾

［收稿日期］2024-01-25

［作者简介］郭翠莲（1997-），女，云南曲靖人，主要从事经济林栽培研究。E-mail：530923235@qq.com

［通信作者］胡　青，女，江西吉安人，博士，助理研究员，主要从事经济林栽培与土壤肥力研究。E-mail：qing-hu08@163.com

［基金项目］云南省科技厅重大科技专项计划“云南高品质油橄榄新种质选育、栽培、加工技术和标准化体系技术研究”（202302AE090007）；云南省种子种业联合实验室项目“适生油橄榄品种选育”（202205AR070001-16）；云南省科技厅高层次科技人才及创新团队选拔专项“技术创新人才培养对象项目”（202205AD160016）

肥显著提高了土壤细菌和真菌数量比值，促进土壤由“真菌性”向“细菌性”转变，提高了土壤肥力，促进油橄榄幼苗生长发育。FIERER [15] 发现，土壤微生物可以提高土壤肥力，提高农作物产量。合理的施肥管理有利于增加土壤细菌多样性，改善土壤养分质量 [16]，因此深入了解土壤微生物群落结构和功能多样性对于揭示科学施肥措施、土壤肥力调控和农作物生产力提高的作用机制具有重要意义。近年来，随着农业生产的发展，对肥料的养分含量、功效和有效时期等都提出了更高的要求，绿色新型肥料成为热门研究内容。郝胜磊等 [17] 研究表明施用新型肥料提高了三大农作物产量、地上部吸氮量和氮肥利用效率，同时增加了土壤微生物量、土壤磷代谢酶活性和氧化相关酶活性，提高了农田生态系统土壤生物学活性。崔月贞等 [18] 研究发现新型肥料可提高水稻产量和稻田土壤微生物数量，且有利于改善土壤微生物群落结构。

油橄榄产地主要集中在地中海沿岸 [19]，是目前世界已知最古老的栽培树种之一 [20-21]，与油茶、油棕和椰子并称世界四大木本油料植物 [22-23]。目前对油橄榄的研究多集中于其地上部生长及产量、质量等方面，缺乏对其林下土壤微生物多样性及群落特征等基础信息的研究。不同的施肥措施会导致土壤微生物的多样性和群落组成不同 [24-25]，油橄榄林地土壤微生物是否会因施肥措施而异尚不明确。因此，本研究选择田园 1 号砧木扦插苗、科拉蒂扦插苗、田园 1 号与科拉蒂嫁接苗 3 种苗木进行不同半焦肥施用量处理的盆栽试验，利用高通量测序技术探究土壤微生物群落结构和多样性，以期为改善油橄榄种植的土壤管理提供参考。

1 试验材料与方法

1.1 试验地点

试验地位于云南省林业和草原科学院昆明树木园油橄榄示范园，海拔 1 950 ~ 2 045 m。该地区气候为亚热带高原季风气候，年平均气温 14.9 ℃，极端最高气温 31.5 ℃，极端最低气温 -7.8 ℃ [26]。降雨主要集中在 5 月至 9 月，平均年降水量约为 1 000.5 mm。该种植园内土壤为红壤土，pH 为 6.89，w（有机质）15.5 g/kg，w（全氮）为 0.12%，w（全磷）为 0.25%，w（全钾）为 0.40%，w（有效磷）为 30.9 mg/kg，w（速效钾）为 85.9 mg/kg，灌溉设施齐全。

1.2 试验材料

供试苗木：1 年生田园 1 号砧木扦插苗（T）、1 年生科拉蒂扦插苗（K）、1 年生田园 1 号与科拉蒂嫁接苗（TK），3 种苗木均由云南省林业和草原科学院苗圃基地提供。

供试肥料：生物质活性半焦矿物肥料，由呋喃基低聚纤维素、低聚木质素盐、邻醌有机物、小分子有机酸等组成的具有活性生物半焦框架结构的超微粉纯有机体，富含大中微量元素（含全部常量和微量元素，比例均衡，w（N）可达 0.35%、w（P）可达 0.010 5%、w（K）可达 0.315%）、小分子有机酸（如一元酸、二元酸等）、生物刺激素、中药抗生素等，养分均衡、鲜活易吸收。该肥料由新木生物科技集团有限公司提供。

1.3 试验方法

试验于 2021 年 1 月以盆栽方式进行。以生长管理水平及立地条件一致的 3 种 1 年生油橄榄幼苗为试验材料，设置半焦肥 4 个不同施用量处理，分别为：0 kg/株（不施肥处理，处理 CK）、0.5 kg/株(低量处理，处理 1)、1 kg/株（中量处理，处理 2）、2 kg/株（高量处理，处理 3），共 10 个，每个处理分别设置 4 个重复，共 40 盆。花盆规格为 50 cm×100 cm（口径×高），种植土为 m（蛭石）∶m（土）= 1∶5 混合土，每盆移植 1 株。除施肥量不同外，其余试验材料、管理过程均一致。

1.4 样品采集及测定

1.4.1 土壤样品采集

半焦肥施入 1 年后，使用土钻进行多点混合取样，采集盆栽 0 ~ 20 cm 土层的土壤，去除植物残体和石块等杂质，混合均匀并装入已编号的自封袋中，置于 -20 ℃冰箱保存，用于测定土壤微生物。

1.4.2 土壤微生物群落指标测定

土壤微生物：将采集的土样存放于干冰中，送至上海派森诺生物科技有限公司，对土壤微生物进行 Illumina Novaseq 高通量测序。

1.4.2.1 微生物的 DNA 提取、PCR 扩增及测序

提取的土壤微生物总 DNA 利用 0.8% 琼脂糖凝胶电泳进行分子大小判断，利用紫外分光光度计对 DNA 进行定量。PCR 扩增选用真菌 ITS1 区特异性引物，序列为 ITS1F（5′-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA-3′）、ITS2R（5′-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3′）；细菌 16S rDNA V3-V4 区特异性引物，序列为 338F（5′-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3′）、806R（5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′）。采用 NEB Q5 DNA 高保真聚合酶，将 PCR 反应所需的成分配制完后，在 PCR 仪上于 98 ℃预变性 30 s，

使模板 DNA 充分变性，然后进入扩增循环。在每一个循环中，先于 98 ℃保持 15 s 使模板变性，然后将温度降到 50 ℃，保持 30 s，使引物与模板充分退火；在 72 ℃保持 30 s，使引物在模板上延伸，合成 DNA，完成一个循环。重复这样的循环 25 ~ 27 次，使扩增的 DNA 片段大量累积。最后，在 72 ℃保持 5 min，使产物延伸完整，4 ℃保存。扩增后进行 2% 琼脂糖凝胶电泳分析，切取目的片段然后用 Axygen 凝胶回收试剂盒回收。PCR 扩增产物回收后利用 Quant-iT PicoGreen dsDNA Assay Kit 在 Microplate reader（BioTek， FLx800）上进行定量，利用 Illumina 公司的 TruSeq Nano DNA LT Library Prep Kit 进行建库，对合格的文库，在 MiSeq 机器上利用 MiSeq Reagent Kit V3（600 cycles）进行 2×250 bp 的双端测序。

1.4.2.2　测序数据处理

测序原始数据以 FASTQ 格式保存，利用 Vsearch（v2.13.4_linux_x86_64）和 cutadapt（v2.3）软件进行去引物、拼接、质量过滤、去重、去嵌合体、聚类等流程，从而获得高质量序列；使用 cluster_size 模块，在 97% 相似度水平对高质量序列聚类，并分别输出代表序列和 OTU 表。对于每个 ASVs 的特征序列或每个 OTU（操作性分类单元）的代表序列，在 QIIME2 软件中使用默认参数，采用预先训练好的 Naive Bayes 分类器进行物种注释分析。

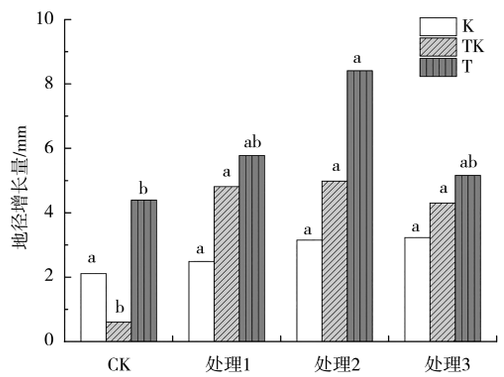
1.5　数据处理与分析

试验所得数据采用 Microsoft Excel 2010 和 SPSS 20.0 软件进行数据整理和统计分析。采用 QIIME2（2019.4）、R 语言和 ggplot2 包计算 alpha 多样性指数。采用 QIIME2（2019.4），调用“qiime taxa barplot”命令，绘制物种组成的柱状图。

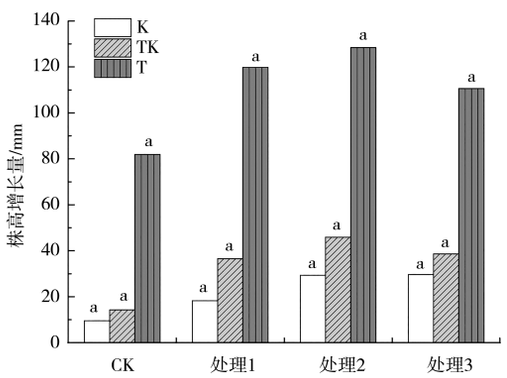
2　结果与分析

2.1　不同施肥处理对油橄榄生长的影响

不同施肥处理对油橄榄生长的影响见图 1。由图 1 可知，施用半焦肥对油橄榄地上部生长均有促进作用。在地径增长量方面，科拉蒂扦插苗在不同施肥量处理间的差异不显著，但其增长量大小表现为高量处理>中量处理>低量处理>不施肥处理；施肥条件下的田园 1 号与科拉蒂嫁接苗地径增长量显著高于不施肥处理，且均以中量处理的增长量最高；田园 1 号砧木扦插苗中量处理地径增长量最高，显著高于对照，其他处理差异不显著。在株高增长量方面，3 个品种油橄榄在各施肥处理下的差异不显著，但均以中量处理最高。



a. 地径增长量



b. 株高增长量

图 1　不同施肥处理对油橄榄生长的影响

Fig. 1　Effects of different fertilization treatments on the growth of olive

2.2　土壤微生物物种分类学注释分析

不同施肥处理土壤真菌、细菌分类学注释分别见图 2、图 3。由图 2 可以看出，在土壤真菌方面，3 个品种油橄榄在各施肥水平下土壤真菌的 OUT 总数各不相同，除科拉蒂扦插苗的 K1 处理外，3 个品种油橄榄土壤真菌 OTU 总数均低于其不

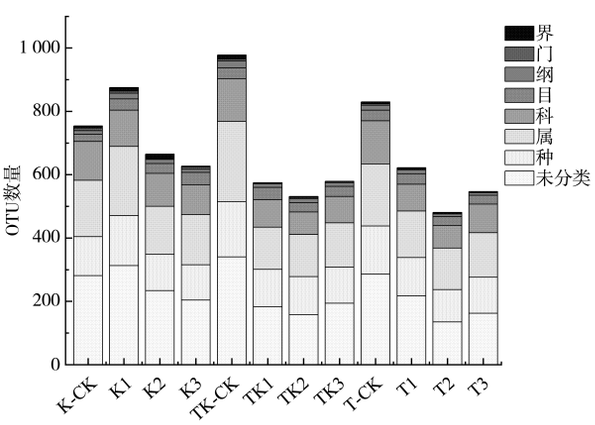


图 2　各处理土壤真菌分类学注释

Fig. 2　Notes on soil fungi taxonomy of each treatment

施肥处理，田园1号砧木扦插苗、科拉蒂扦插苗高量处理下的真菌OTU总数低于低量处理。由图3可以看出，3个品种油橄榄在各施肥水平下土壤细菌OTU总数均比其不施肥处理高，且OTU总数随施肥量的变化趋势均表现为高量处理>中量处理>低量处理>不施肥处理，其中在门、纲、目、科、属分类水平的OTU数随施肥量的变化趋势也表现为高量处理>中量处理>低量处理>不施肥处理。

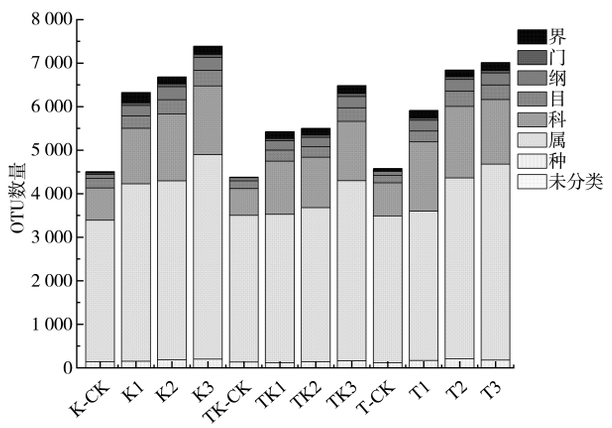


图3　各处理土壤细菌分类学注释

Fig. 3　Notes on soil bacterial taxonomy of each treatment

2.3　土壤微生物Alpha多样性分析

在97%相似性水平下，各处理土壤样本真菌OTU覆盖度均大于99%（见表1），细菌OTU覆盖度均大于86%（见表2），说明此次测序合理，能够反映新型半焦肥不同施用量处理的土壤真菌、细菌群落的真实情况。从表1可知，科拉蒂扦插苗土壤真菌丰度高低表现为低量处理>不施肥处理>中量处理>高量处理，而田园1号与科拉蒂嫁接苗和田园1号砧木扦插苗土壤真菌丰度高低表现为不施肥处理>低量处理>高量处理>中量处理。在土壤真菌多样性方面，除科拉蒂扦插苗低量处理外，各品种施肥处理土壤的香浓指数均比其不施肥处理低。从表2可知，3种油橄榄土壤细菌的丰度、Chao1和香浓指数均随施肥量的增加而增大，即3种油橄榄土壤细菌丰度高低顺序均表现为高量处理>中量处理>低量处理>不施肥处理，土壤细菌多样性也呈现为高量处理>中量处理>低量处理>不施肥处理。

表1　土壤真菌多样性指数

Table 1　Soil fungi diversity index

土样	种类数	Chao1指数	香浓指数	辛普森指数	覆盖度/%
K-CK	756.6	771.372	5.806 71	92.73	99.92
K1	868.6	879.85	6.182 46	93.72	99.94
K2	663.2	671.404	5.208 49	89.52	99.95
K3	625.7	630.434	5.349 11	87.89	99.97
TK-CK	979.3	1 011.92	6.360 07	94.60	99.87
TK1	577.3	597.633	3.846 62	70.42	99.92
TK2	529.6	540.303	4.171 21	80.35	99.94
TK3	579.5	586.13	4.692 5	84.44	99.96
T-CK	818.6	858.309	5.965 68	93.71	99.85
T1	624.9	636.269	4.267 33	81.59	99.94
T2	479.3	482.134	5.742 29	91.31	99.98
T3	540.2	552.097	4.513 86	85.82	99.94

表2　土壤细菌多样性指数

Table 2　Soil bacterial diversity index

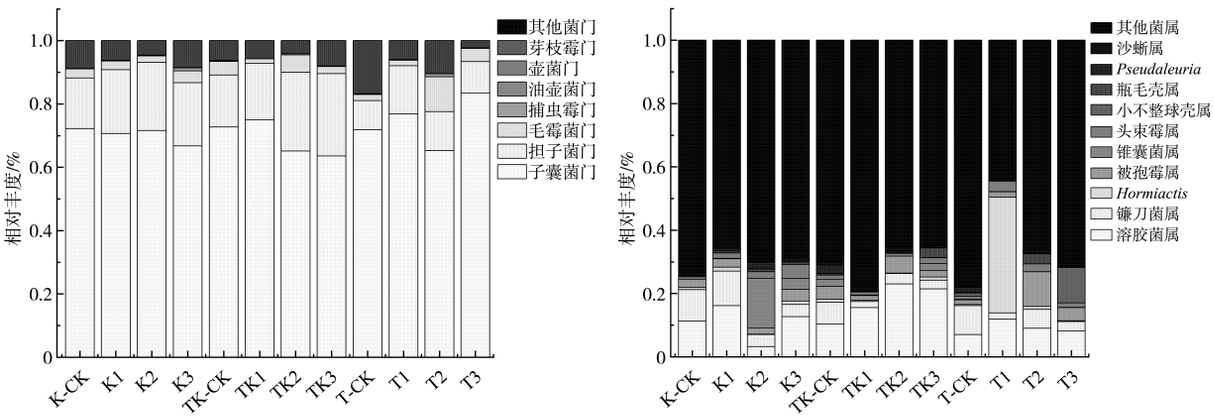
土样	种类数	Chao1指数	香浓指数	辛普森指数	覆盖度/%
K-CK	4 513.0	5 759.44	11.220 6	99.92	93.79
K1	6 318.9	7 138.80	11.732 8	99.92	92.02
K2	6 689.2	8 138.17	11.817 3	99.92	89.78
K3	7 380.1	9 483.98	11.956 9	99.91	87.21
TK-CK	4 373.2	5 358.68	11.211 0	99.92	94.69
TK1	5 423.0	5 976.12	11.375 0	99.85	94.05
TK2	5 527.4	6 081.51	11.436 4	99.89	93.94
TK3	6 482.6	7 672.97	11.738 2	99.90	90.73
T-CK	4 522.8	5 883.05	11.183 1	99.91	93.64
T1	5 953.9	7 060.31	11.353 5	99.74	91.53
T2	6 846.4	8 814.28	11.812 8	99.92	88.43
T3	7 011.5	9 156.75	11.826 1	99.91	87.76

2.4　土壤微生物分类学组成分析

2.4.1　真菌分类学组成分析

图4为12例油橄榄土壤样品真菌在门和属分类学水平上的主要物种分布。由图4a.可知，真菌门的主要类群为：子囊菌门（63.57%～83.46%）、担子菌门（9.21%～25.99%）、毛霉菌门（1.44%～11.01%）、捕虫霉门（0.03%～0.93%）、油壶菌门（0～0.47%）、壶菌门（0～0.02%）、芽枝霉门（0～0.05%）。在科拉蒂扦插苗的不同施肥处理中，CK处理的子囊菌门相对丰度比各施肥处理高，而担子菌门相对丰度比各施肥处理的低，此外，K3处理的子囊菌门相对丰度比例最低，但其毛霉菌门相对丰度比例最高。在田园1号与科拉蒂嫁接苗的不同施肥处理中，TK-CK和TK1处理的子囊菌门相对丰度比例比TK2和TK3的高，但TK2和TK3处理的担子菌门相对丰度比例又比TK-CK和TK1的高。在田园1号砧木扦插苗的不同施肥处理中，各处理子囊菌门相对丰度比例呈现为T3>T1>T-CK>T2，但T2处理的毛霉菌门相对丰度比例最高。另外，3个品种油橄榄在高量处理下均未检测出壶菌门，不同施肥处理中仅K1和T1处理中有芽枝霉门。

真菌群落属水平上组成结构和丰度结果如图4b.所示，主要物种为：溶胶菌属、镰刀菌属、



a. 真菌门　　b. 真菌属

图 4　不同施肥处理下土壤真菌分类学组成

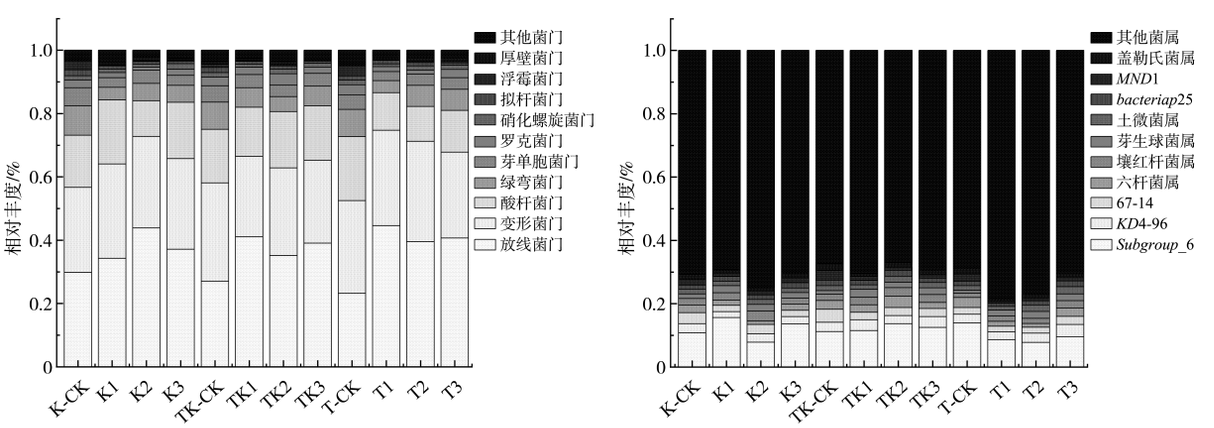
Fig. 4　Taxonomic composition of soil fungi under different fertilization treatments

Hormiactis、被孢霉属、锥囊菌属、头束霉属、小不整球壳属、瓶毛壳属、Pseudaleuria、沙蜥属。各处理均以溶胶菌属、镰刀菌属、*Hormiactis*、被孢霉属、锥囊菌属的相对丰度较高，其中 K2 处理的锥囊菌属相对丰度最高，但其 *Hormiactis* 相对丰度最低，而 T1 处理的 *Hormiactis* 相对丰度最高，锥囊菌属相对丰度最低，两个处理的 *Hormiactis* 和锥囊菌属相对丰度情况相反。

2.4.2　细菌分类学组成分析

图 5 为 12 例油橄榄土壤样品细菌在门和属分类学水平上的主要物种分布。土壤细菌主要菌门相对丰度比例如图 5a. 所示，主要菌门为放线菌门（23.17%～44.57%）、变形菌门（25.44%～31.68%）、酸杆菌门（11.02%～20.24%）、绿弯菌门（3.79%～9.29%）、芽单胞菌门（2.88%～5.67%）、罗克菌门（1.03%～3.62%）、硝化螺旋菌门（0.83%～1.72%）、（0.60%～1.85%）、浮霉菌门（0.09%～3.23%）、厚壁菌门（0.40%～1.22%）。各种油橄榄施肥处理下的放线菌门和绿弯菌门均高于不施肥处理，其中科拉蒂扦插苗土壤的放线菌门相对丰度随施肥量的增加先增高后降低，而田园 1 号与科拉蒂嫁接苗和田园 1 号砧木扦插苗土壤的放线菌门相对丰度则表现为低量处理>高量处理>中量处理。在变形菌门方面，3 个品种油橄榄土壤变形菌门相对丰度随施肥量的变化趋势与放线菌门相反。

细菌群落属水平上组成结构和丰度结果如图 5b. 所示，主要物种为：*Subgroup*_6、*KD*4–96、67–14、六杆菌属、土壤红杆菌属、芽生球菌属、土微菌属、*bacteriap*25、*MND*1、盖勒氏菌属。在科拉蒂扦插苗的不同施肥处理中，除 K2 处理外，K1、K3 处理土壤 *Subgroup*_6 相对丰度均高于 CK 处理；在田园 1 号与科拉蒂嫁接苗的不同施肥处理



a. 细菌门　　b. 细菌属

图 5　不同施肥处理下土壤细菌分类学组成

Fig. 5　Taxonomic composition of soil bacteria under different fertilization treatments

中，各施肥处理*Subgroup*_6相对丰度均比CK处理高；而在田园1号扦插苗的不同施肥处理中，各施肥处理*Subgroup*_6相对丰度均比CK处理低。

3 讨论

科学合理的施肥能够在短期内有效地促进苗木生长、增加经济效益[27]。本研究对3个品种油橄榄的生长指标进行测定，结果表明，新型半焦肥可促进油橄榄地上部生长，与不施肥处理相比，不同施用量的新型半焦肥在一定程度上都提高了油橄榄的地径及株高增长量。半焦肥施用量对3个品种油橄榄地径（科拉蒂扦插苗除外）和株高增长量的影响大致相同，均在中量处理下的促进效果表现最好。许多研究指出，肥料少施不能达到最佳的促进效果，而过量施用又对苗木的生长无益，反而在一定程度上造成浪费[28-30]，因此合理施肥十分必要。

不同的土壤管理措施对土壤微生物多样性的影响显著，施肥会改变土壤的养分组成和孔隙度、团聚体大小等物理结构，进而影响土壤微生物多样性[31-33]。本研究中，不同施肥处理下3个品种油橄榄土壤微生物群落结构及数量变化趋势一致，且细菌丰度和多样性都显著高于真菌，这与前人对森林生态系统[34]、落叶果树[35]和葡萄砧木[36]的土壤微生物研究结果相似。在土壤真菌方面，与不施肥处理相比，施肥降低了真菌各分类水平的ASV/OTU总数及在门、科、属、种分类水平的ASV/OTU数，且施肥后土壤真菌丰度及多样性也降低，说明新型半焦肥不能促进真菌生长，反而抑制了真菌生长。而在土壤细菌方面，施肥后细菌各分类水平的ASV/OTU总数均提高，且土壤细菌丰度及多样性随施肥量的增加增高，说明增施新型半焦肥能在一定程度上提高细菌丰度及多样性。这种规律一方面是由于新型半焦肥具有活性生物半焦框架结构，而活性生物半焦比表面积大、孔隙率高，可为细菌群体提供合适的栖息环境，有利于细菌生长、繁衍[37]；另一方面是由于新型半焦肥富含大中微量元素且养分均衡、鲜活易吸收，可通过改善土壤质量来提高细菌丰度和多样性[38]。

与CK处理相比，施加新型半焦肥不会改变主要微生物类群的优势度，但会改变主要微生物类群的相对丰度。在门分类水平上，3个品种油橄榄土壤真菌相对丰度高于1%的主要类群均为子囊菌门、担子菌门、毛霉菌门，相对丰度较高的是子囊菌门、担子菌门，且子囊菌门的相对丰度要优于担子菌门，这与PAUNGFOO等[39]的研究结果一致。担子菌和子囊菌是土壤中的重要分解者，其中子囊菌门多为腐生菌，对降解复杂有机质起着关键作用[40]，而担子菌分解植物残体中的木质纤维素能力更强[41]。对细菌的研究发现，3个品种油橄榄土壤细菌相对丰度较高的主要类群是放线菌门、变形菌门、酸杆菌门，相对丰度均高于10%，这与姜雪薇等[42]对3种林型土壤细菌群落的研究结果一致，此外，包明琢等[43]在磷肥与生物炭配施条件下对杉木林地土壤微生物的研究中，也有提出放线菌门、变形菌门、酸杆菌门是相对丰度较高的主要类群，这说明这些菌群的生态幅较宽，对环境有较好的适应能力，因此不同施肥处理的土壤中与其他菌群相比具有较高的活性。总的来说，施用新型半焦肥后，土壤真菌数量降低，土壤细菌数量增加，且土壤细菌数量随半焦肥施用量增加而增加，施用半焦肥显著提高了B/F，促进土壤由“真菌性”向“细菌性”转变，提高了土壤肥力。

4 结论

施用新型半焦肥在一定程度上都能提高3个品种油橄榄的地茎及株高增长量，且均表现为中量处理下的促进效果最好（科拉蒂扦插苗除外）。增施新型半焦肥均提高了3个品种油橄榄土壤细菌物种丰富度及多样性，抑制真菌生长，且细菌物种丰富度及多样性随半焦肥施用量的增加而增加。在门和属分类学水平下，施肥量对微生物主要菌群优势度的影响较小，但会改变微生物的相对丰度，不同施肥处理下，3个品种油橄榄土壤真菌门分类学水平上相对丰度较高的类群为子囊菌门、担子菌门、毛霉菌门，且子囊菌门的相对丰度要优于担子菌门；土壤细菌门分类学水平上相对丰度较高的细菌门主要为放线菌门、变形菌门、酸杆菌门；与不施肥处理相比，施用新型半焦肥均可提高3个品种油橄榄土壤放线菌门的相对丰度。因此，中量处理的新型半焦肥施用量有利于促进油橄榄地茎及株高生长，高量处理的新型半焦肥施用量有利于提高土壤微生物数量，改善微生物群落结构。

[参考文献]

[1] 王珍,金轲,丁勇,等.植物-土壤微生物反馈在草地演替过程中的作用机制[J]. 中国草地学报,2022,44(1):95-103.
WANG Z,JIN K,DING Y,et al.The Mechanism of Plants-Soil Microbial Feedback in Grassland Succession.[J]. Chinese Journal of Grassland,2022,44(1):95-103.

[2] LI F L,LIU M,LI Z P,et al.Changes in soil microbial biomass and functional diversity with a nitrogen gradient in soil columns

[J]. Applied Soil Ecology,2013,64:1-6.

[3] 马进鹏,庞丹波,陈林,等.贺兰山不同海拔植被下土壤微生物群落结构特征[J]. 生态学报,2022,42(2):667-676.
MA J P, PANG D B, CHEN L, et al.Characteristics of soil microbial community structure under vegetation at different altitudes in Helan Mountains[J]. Acta Ecologica Sinica,2022,42(2):667-676.

[4] 曹迎秋.土壤微生物对土壤有机质分解的影响-基于中国北方典型森林、草原的研究[D]. 合肥:安徽农业大学,2019.
CAO Y Q.Effects of microorganisms on soil organic matter decomposition in typical forest and steppe areas of northern China[D]. Hefei:Anhui Agricultural University,2019.

[5] 叶雯.香榧根际土壤微生物多样性研究[D]. 杭州:浙江农林大学,2018.
YE W.Microbial biodiversity in rhizospheric soil of Torreya grandis 'Merrillii' [D]. Hangzhou: Zhejiang A & F University, 2018.

[6] 杨扬,赵润野,黄浩育.土壤的形成与特性[J]. 农村经济与科技,2017,28(14):9,11.
YANG Y,ZHAO R Y,HUNAG H Y. Formation and properties of the soil [J]. Rural Economy and Science-Technology,2017,28(14):9,11.

[7] NOAH F,JACKSON R B.The diversity and biogeography of soil bacterial communities[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences,2006,103(3):626 - 631.

[8] 朱永官,沈仁芳,贺纪正,等.中国土壤微生物组:进展与展望[J]. 中国农业文摘-农业工程,2018,30(3):6-12.
ZHU Y G, SHEN R F, HE J Z, et al.The Chinese Soil Microbiome: Progress and Outlook [J].China Agricultural Digest-Agricultural Engineering,2018,30(3):6-12.

[9] 章亚博,王丽伟,赵敏,等.人参土传病害生防微生物及其抑菌促生机制研究进展[J].中国植保导刊,2022,42(5):20-26.
ZHANG Y B,WANG L W,ZHAO M,et al.Advances in diversity and mechanisms of microorganisms for biocontrol of soil-borne diseases of Panax ginseng[J]. China Plant Protection, 2022, 42(5):20-26.

[10] 杨珍,戴传超,王兴祥,等.作物土传真菌病害发生的根际微生物机制研究进展[J].土壤学报,2019,56(1):12-22.
YANG Z,DAI C C,WANG X X,et al.Advance in Research on Rhizosphere Microbial Mechanisms of Crop Soil-borne Fungal Diseases[J]. Acta Pedologica Sinica,2019,56(1):12-22.

[11] 景晓雅,孙柳清,李尚彧,等.太行菊属植物根际土壤微生物多样性初步研究[J].中国农业科技导报,2021,23(3):193-200.
JING X Y,SUN L Q,LI S Y,et al.Rhizospheric Microorganisms Diversity Analysis of Opisthopappus sp [J]. Journal of Agricultural Science and Technology,2021,23(3):193-200.

[12] 张乃文,韩晓增,朴勇杰,等.深翻和秸秆还田对土壤微生物群落功能多样性的影响[J].干旱地区农业研究,2022,40(3):178-185.
ZHANG N W, HAN X Z, PIAO Y J, et al. Effects of deep tillage and straw returning on microbial community functional diversity in soil [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2022,40(3):178-185.

[13] 程凯凯,唐海明,李超,等.农田根际土壤微生物多样性研究进展[J].作物研究,2020,34(2):190-195.
CHENG K K, TANG H M, LI C, et al. Research Progress on Microbial Diversity in Farmland Rhizosphere Soil [J]. Crop Research,2020,34(2):190-195.

[14] 王天,宋佳承,闫士朋,等.钾肥施用量对油橄榄根系发育及根际土壤微环境的影响[J].经济林研究,2020,38(3):153-163.
WANG T, SONG J C, YAN S P, et al.Effect of different potassium fertilizer application mass on olive root development and rhizospheric soil microenvironment [J]. Non-wood Forest Research,2020,38(3):153-163.

[15] FIERER N.Embracing the unknown: dientangling the complexities of the soil microbiome[J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(10):579-590.

[16] XUN W B,ZHAO J,XUE C,et al.Significant alteration of soil bacterial communities and organic carbon decomposition by different long-term fertilization management conditions of extremely low-productivity arable soil in south China [J]. Environmental Microbiology,2016,18 (6):1907-1917.

[17] 郝胜磊,蔡廷瑶,冯小杰,等.新型肥料对全球三大粮食作物产量和土壤生物学活性影响的Meta分析[J].植物营养与肥料学报,2021,27(9):1496-1505.
HAO S L,CAI T Y,FENG X J,et al.Effects of new fertilizers on the yield and soil biological activity of three major food crops: A global meta-analysis [J]. Journal of Plant Nutrition and Fertilizers,2021,27(9):1496-1505.

[18] 崔月贞,吴玉红,郝兴顺,等.汉中盆地水稻产量和土壤微生物对新型肥料的响应[J].西南农业学报,2019,32(11):2592-2599.
CUI Y Z,WU Y H,HAO X S,et al.Response of Rice Yield and Soil Microorganisms to New Fertilizations in Hanzhong Basin [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences,2019,32(11):2592-2599.

[19] 王成章,陈强,罗建军,等.中国油橄榄发展历程与产业展望[J].生物质化学工程,2013,47(2):41-46.
WANG C Z, CHEN Q, LUO J J, et al.Development and Industrial Prospect of China's Olive [J]. Biomass Chemical Engineering,2013,47(2):41-46.

[20] 邓煜.中国油橄榄产业创新驱动发展的现状、趋势和对策[J].经济林研究,2018,36(2):1-6.
DENG Y.The status quo and trends of China olive industry innovation-driven development and relevant countermeasures [J]. Non-wood Forest Research,2018,36(2):1-6.

[21] 何方.中国现代经济林产业体系建设布局研究I——木本食用油料篇[J].中南林业科技大学学报,2011,31(3):1-7.
HE F.Study of overall arrangement for construction of China's industrial system of non-wood forest crops I: woody edible oil [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2011,31(3):1-7.

[22] 文双涛,张津,何智,等.油橄榄果实物理力学特性研究[J].农机化研究,2022,44(5):132-139.
WEN S T, ZHANG J, HE Z, et al.Study on Physical and Mechanical Properties of Olive Fruit [J]. Agricultural Mechanization Research,2022,44(5):132-139.

[23] 于小飞.中国油橄榄产业区域发展规划研究[J].陕西林业科技,2017(3):61-63.
YU X F.Regional Development Plan of Chinese Olive Industry

[J]. Shaanxi Forest Science and Technology,2017(3):61-63.

[24] 张薇,魏海雷,高洪文,等.土壤微生物多样性及其环境影响因子研究进展[J].生态学杂志,2005(1):48-52.
ZHANG W,WEI H L,GAO H W,et al.Advances of studies on soil micrbial diversity and environmental impact factors [J]. Chinese Journal of Ecology,2005(1):48-52.

[25] 王光华,金剑,徐美娜,等.植物、土壤及土壤管理对土壤微生物群落结构的影响[J].生态学杂志,2006(5):550-556.
WANG G H,JIN J,XU M N,et al.Effects of plant,soil and soil management on soil microbial community diversity[J]. Chinese Journal of Ecology,2006(5):550-556.

[26] 杨从华,宁德鲁,石卓功,等.油橄榄在云南的果实生长发育特性分析[J].经济林研究,2020,38(1):177-183.
YANG C H,NING D L,SHI Z G,et al.Analysis on fruit growth and development characteristics in Olea europaea in Yunnan [J]. Non-wood Forest Research,2020,38(1):177-183.

[27] 杨阳,张德鹏,及利,等.配比施肥对紫椴播种苗生长、养分积累及根系形态的影响[J].中南林业科技大学学报,2021,41(9):63-70.
YANG Y, ZHANG D P, JI L, et al.Effects of formula fertilization on growth, nutrient accumulation and root morphology of Tilia amurensis seedlings[J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology,2021,41(9):63-70.

[28] 邓加林.油橄榄配方施肥对其生长发育和产量的影响研究[D].雅安:四川农业大学,2013.
DENG J L.Researches on Leaf nutrient analysis of Olive and the Effects of different formula fertilization on the Growth and Yield[D].Yaan: Sichuan Agricultural University,2013.

[29] 汪加魏,张东升,李玉印,等.油橄榄生长关键期施肥和灌溉技术研究[J].林产工业,2015,42(5):31-35.
WANG J W,ZHANG D S,LI Y Y,et al.Study on Fertilizing and irrigating Technique on Olive Critical Growth Period[J]. China Forest Products Industry,2015,42(5):31-35.

[30] FERNANDEZ E R. Use and abuse of nitrogen in olive fertilization[J]. Acta Horticulturae,2011,888:249-258.

[31] 张青,王辰,孙宗湜,等.土壤微生物生物量及多样性影响因素研究进展[J].北方园艺,2022(8):116-121.
ZHANG Q, WANG C, SUN Z T, et al.Research Progress on Influencing Factors of Soil Microbial Biomass and Diversity[J]. Northern Horticulture,2022(8):116-121.

[32] 高日平,赵沛义,刘小月,等.长期施肥对农牧交错带栗钙土土壤理化性质及生物学特性的影响[J].生态学杂志,2023,42(3):552-560.
GAO R P,ZHAO P Y,LIU X Y,et al.Effects of long-term fertilization on soil physicochemical and biological properties of chestnut calcareous soil in agro-pastoral ecotone[J]. Chinese Joumal of Ecology,2023,42(3):552-560.

[33] 徐接亮,张凤华,李变变,等.施肥对油莎豆根际微生物群落特性的影响[J].干旱区研究,2021,38(6):1741-1749.
XU J L,ZHANG F H,LI B B,et al.Effect of fertilization on the characteristics of soil microbial community in the rhizosphere of Cyperus esculentus in the sandy area of Xinjiang[J]. Arid Zone Research,2021,38(6):1741-1749.

[34] URBANOVÁ M, ŠNAJDR J, BALDRIAN P.Composition of fungal and bacterial communities in forest litter and soil is largely determined by dominant trees [J]. Soil Biology and Biochemistry,2015,84:53-64.

[35] 邵微,于会丽,张培基,等.不同落叶果树根际微生物群落代谢与组成的差异性研究[J].果树学报,2020,37(9):1371-1383.
SHAO W, YU H L, ZHANG P J, et al.Differences in metabolism and composition of microbial communities in rhizosphere soils with different deciduous fruit trees [J]. Journal of Fruit Science,2020,37(9) :1371-1383.

[36] 肖慧琳,王建萍,杨业凯,等.基于高通量测序技术的阳光玫瑰不同砧木根际微生物多样性研究[J].果树学报,2022,39(9):1639-1648.
XIAO H L,WANG J P,YANG Y K,et al. Analysis of microbial diversity in rhizosphere soil of Shine Muscat grape on different rootstocks using high-throughput sequencing [J]. Journal of Fruit Science,2022,39(9):1639-1648.

[37] 丁艳丽,刘杰,王莹莹.生物炭对农田土壤微生物生态的影响研究进展[J].应用生态学报,2013,24(11):3311-3317.
DING Y L,LIU J,WANG Y Y.Effects of biochar on microbial ecology in agriculture soil: A review. [J]. Chinese Journal of Applied Ecology,2013,24(11):3311-3317.

[38] RUTIGLIANO F A,ROMANO M,MARZAIOLI R,et al.Effect of biochar addition on soil microbial community in a wheat crop [J]. European Journal of Soil Biology,2014,60(2):9-15.

[39] PAUNGFOO L C, YEOH Y K, KASINADHUNI N R, et al. Nitrogen fertilizer dose alters fungal communities in sugar cane soil and rhizosphere[J]. Scientific Reports,2015,5:8678-8663.

[40] BEIMFORDE C,FELDBERG K,NYLINDER S,et al.Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data [J]. Molecular Phylogenetics and Evolution,2014,78:386-398.

[41] FREY S D,KNORR M,PARRENT J L,et al.Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests [J]. Forest Ecology and Management,2004,196(1):159-171.

[42] 姜雪薇,马大龙,臧淑英,等.高通量测序分析大兴安岭典型森林土壤细菌和真菌群落特征[J].微生物学通报,2021,48(4):1093-1105.
JINAG X W,MA D L,ZANG S Y,et al.Characteristics of soil bacterial and fungal community of typical forest in the Greater Khingan Mountains based on high-throughput sequencing[J]. Microbiology China,2021,48(4):1093-1105.

[43] 包明琢,曲雪铭,高倩倩,等.磷肥和生物炭配施对杉木林地土壤微生物的影响[J].西北林学院学报,2022,37(2):10-19.
BAO M Z,QU X M,GAO Q Q,et al.Effects of Combined Application of Phosphate Fertilizer and Biochar on Soil Microorganism in Chinese Fir Woodland [J]. Journal of Northwest Forestry University,2022,37(2):10-19.