

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

顾美英^{1,3}, 唐光木^{2,3}, 张云舒^{2,3}, 黄建^{2,3}, 张志东^{1,3}, 张丽娟^{1,3}, 朱静^{1,3},
唐琦勇^{1,3}, 楚敏^{1,3}, 徐万里^{2,3*}

1. 新疆农业科学院微生物应用研究所/新疆特殊环境微生物实验室, 新疆 乌鲁木齐 830091;

2. 新疆农业科学院土壤肥料与农业节水研究所, 新疆 乌鲁木齐 830091;

3. 农业农村部盐碱土改良与利用(干旱半干旱区盐碱地)重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830091

摘要: 有机肥和生物炭在改善中低产田土壤质量, 提升土壤肥力方面具有重要意义。设置不施肥 CK、单施化肥 NPK、增施羊粪有机肥 NPK+M、增施生物炭 NPK+B 和增施羊粪有机肥-生物炭 NPK+M+B 等 5 个处理, 进行 5 年田间定位试验, 采用高通量测序技术, 探讨有机肥和生物炭对改善新疆盐碱沙化土壤微生物群落多样性和功能的施肥策略。结果表明, 有机肥和生物炭改善了盐碱沙化土壤理化性质, 降低 pH, 增加阳离子交换量和养分含量, 其中 NPK+M+B 处理对土壤有机质、速效磷和速效钾有显著提升作用, 分别提高了 87.80%、125.15%和 59.52%。施肥增加了土壤电导率, 但 NPK+B 和 NPK+M+B 处理可缓解其升高。微生物 α 多样性分析发现, 施肥增加了盐碱沙化土壤细菌群落 Shannon 多样性指数及 Chao 和 Ace 丰度指数, 以 NPK+M+B 处理效果最好, 分别提高了 6.31%、57.98%和 57.25%。施用化肥增加了土壤真菌多样性, 增施羊粪有机肥和生物炭则降低。NPK+M+B 处理使细菌群落组成朝更有利于增加耐受盐碱、干旱、抗菌和寡营养能力的放线菌门方向发展, 显著减少了潜在病原真菌群落丰度, 降低了土传真菌性病害风险, 改善了土壤微环境。冗余分析表明, AK、OM、TP、TK 和 TN、TK、CEC、AN 是影响土壤细菌和真菌群落结构和功能类群的主要环境驱动因子。PICRUST 功能分析表明, 施肥能提高与盐碱、干旱等抗逆相关的细菌代谢功能; FUNGuild 功能预测表明, NPK+M+B 处理显著降低了土壤病理营养型真菌比例。由此可以看出, 有机肥和生物炭改变了盐碱沙化土壤理化性质, 有助于优化土壤有益微生物组、抑制有害真菌数量, 从而使土壤微生态系统朝稳定健康方向发展。

关键词: 施肥措施; 盐碱化沙土; 细菌; 真菌; 高通量测序; 生态功能

DOI: 10.16258/j.cnki.1674-5906.2023.08.005

中图分类号: S154.36; X171.1

文献标志码: A

文章编号: 1674-5906 (2023) 08-1392-13

引用格式: 顾美英, 唐光木, 张云舒, 黄建, 张志东, 张丽娟, 朱静, 唐琦勇, 楚敏, 徐万里, 2023. 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, 32(8): 1392-1404.

GU Meiyang, TANG Guangmu, ZHANG Yunshu, HUANG Jian, ZHANG Zhidong, ZHANG Lijuan, ZHU Jing, TANG Qiyong, CHU Min, XU Wanli, 2023. Effects of organic fertilizers and biochar on microorganism community characteristics in saline-alkali sandy soil of Xinjiang [J]. Ecology and Environmental Sciences, 32(8): 1392-1404.

准噶尔盆地南缘是典型温带大陆性干旱气候, 沙化、盐碱化土壤分布较广, 生态环境较脆弱(刘广明等, 2011; 梁萌等, 2022)。土壤沙化后质地松散、养分淋失量大; 盐碱化后盐分聚集在表层, 导致土壤质量下降, 微生物活性和多样性降低, 这些均不利于作物生长(Minhal et al., 2020; 申午艳等, 2020)。建立盐碱沙化土壤地力快速提升培肥措施是目前热点问题之一。粪肥类有机肥可调控盐离子固定、迁移和淋溶, 增加沙化土壤有机质含量, 进而提高土壤微生物多样性和肥料利用率(Chen et al., 2019; 于菲等, 2022), 但存在重金属和抗生

素超标等潜在风险(王紫艳等, 2020), 且养分肥效释放缓慢, 在作物生长旺盛、需肥量大时, 无法及时满足需求。生物炭作为环境友好型土壤改良剂已广泛用于障碍性土壤修复, 通过提高土壤渗透性, 增强水分和养分吸收利用, 进而提高作物产量(Hou et al., 2023)。然而来源于农业废弃物的生物炭本身养分有限, 单独施用不能满足作物生长需要(胡坤等, 2021)。为改善土壤肥力条件且不降低产量和生态安全前提下, 在沙化盐碱土壤上开展施用有机肥与生物炭效果研究, 既满足作物对养分需求, 又改善根际微生态环境, 是更有价值的沙地、

基金项目: 国家重点研发计划(2021YFD1900802); 新疆维吾尔自治区重点研发计划(2022B02013-3)

作者简介: 顾美英(1974年生), 女, 研究员, 主要研究方向为微生物资源利用和农业微生物生态。E-mail: gmyxj2008@163.com

***通讯作者:** 徐万里。E-mail: 363954019@qq.com

收稿日期: 2023-03-06

盐碱地治理方向 (Hammam et al., 2022; Khan et al., 2022)。

土壤微生物在提高作物生长和抗逆性及优化土壤生态环境等方面起着重要作用。研究表明, 有机肥和生物炭能显著改善贫瘠土壤物理、化学和微生物特性 (Silva et al., 2021); 增加了盐土微生物量碳和氮, 有利于盐地土壤环境质量的改善 (石玉龙等, 2019); 可促进土壤中具固氮、溶磷等功能微生物生长繁殖, 提高氮肥和磷肥利用率 (Zhao et al., 2022); 同时能有效提高土壤抑菌作用, 降低根腐病的发病率 (Bonanomi et al., 2021); 增施有机肥和生物炭对沙土和盐碱土中具体细菌和真菌类群相对丰度的变化有少量文献报道。高通量测序显示生物炭和生物有机肥施用可以改善盐碱土壤生态环境, 对盐碱地植物根际细菌群落多样性有显著正效应, 增加了益生功能菌株的相对丰度 (Gu et al., 2022; 王艮梅等, 2022)。但微生物这些变化对土壤生态功能的影响还需进行长期和深入研究。

本研究采用高通量测序平台及 PICRUST 和 FUNGuild 数据库, 通过分析有机肥和生物炭施用 5 年后新疆盐碱沙化土壤细菌和真菌群落结构和组成的变化, 及这些变化对土壤生态功能的影响, 进而阐明影响土壤微生物群落的环境因子, 以期通过有机肥和生物炭来调控土壤微生物多样性, 提高土壤肥力, 改善盐碱沙化土壤微生态系统功能。

1 材料与方法

1.1 试验地概况与供试材料

田间试验在新疆石河子垦区农八师 121 团炮台土壤改良试验站进行。该试验站位于新疆准噶尔盆地绿洲边缘 (84°58′—86°24′E, 43°26′—45°20′N), 属典型内陆荒漠化气候, 冬季严寒, 夏季炎热, 温差较大, 干旱缺水, 蒸发强烈, 年均气温 7.5℃, 日照 2.525×10^3 h, 无霜期 169 d, 年降雨量 22.5 cm, 年蒸发量 125 cm。供试土壤为粉砂土, 试验前 0—20 cm 土层基本理化性质为: 有机质质量分数 $1.38 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全氮 $0.76 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 碱解氮 $7.40 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 有效磷 $4.60 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 速效钾 $53.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, pH 8.51, 总盐含量 $4.38 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 属轻度粉沙壤盐碱土 (张云舒等, 2020)。

所用玉米秸秆生物炭, 在 450℃ 限氧条件下炭化 4—8 h, 粉碎后过 2 mm 筛制成, 基本理化性质为: 有机碳质量分数 $660.00 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全氮 $12.70 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全磷 $8.87 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全钾 $32.20 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, pH 9.20。供试羊粪基本理化性质为: 有机碳质量分数 $151.97 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全氮 $8.20 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全磷 $2.52 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全钾 $3.20 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。

1.2 试验设计

本试验始于 2014 年, 采用随机区组设计, 共设 5 个处理, 每个处理重复 3 次, 15 个小区, 分别为 (1) 不施肥处理 CK; (2) 常规化肥处理 NPK, 常规化肥用量, 根据当地农民习惯施用量, 每年播种时一次性施入尿素 $660.00 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, P_2O_5 $189.30 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, K_2O $79.05 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$; (3) 有机肥处理 NPK+M, 羊粪有机肥施用量与玉米秸秆生物炭相同, 为 $31.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$; (4) 生物炭处理 NPK+B, 玉米秸秆生物炭以玉米秸秆产量 $7.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 制成的生物炭化量 $2.63 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 为标准, 参照孙强等 (2022) 的施用量, 施用 $31.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$; (5) 有机肥-生物炭处理 NPK+M+B, 羊粪有机肥和玉米秸秆生物炭处理施用量各 $31.50 \text{ t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。

小区采用覆膜滴灌栽培模式, 滴灌管置于膜下, 种植体系为一年一茬, 田间管理措施与当地保持一致。小区面积为 $4.6 \text{ m} \times 7.0 \text{ m}$, 膜宽 2.05 m, 每个小区 2 幅地膜, 一膜三管 6 行, 小区间隔 1 m, 四周均有保护行。供试生物炭和有机肥于播种前一次性撒施, 并与表层 0—20 cm 土壤均匀混合。种植作物为玉米 (*Zea mays* L.), 品种“郑单 958”。5 年内玉米连续种植, 各处理不再施用有机肥和生物炭, 但化肥每年施用, 产生的玉米秸秆均移除。

1.3 样品采集

于 2018 年 8 月采集每个处理玉米根际 0—20 cm 耕层土壤样品。每个处理采用 5 点法, 使用抖土法抖掉根际较大颗粒土后, 用刷子将植株与根际结合紧密的土壤刷下后, 收集至无菌自封塑料袋中 (Yoshiura et al., 2021)。每个样品分成两份, 1 份风干后测定土壤理化性质, 另 1 份将每个处理的土样混合成一个样品, 于 -80℃ 冰箱保存, 尽快进行高通量测序。

1.4 测定项目与方法

1.4.1 土壤理化性质的测定

土壤理化性质参照《土壤农业化学分析方法》进行测定 (鲁如坤, 2020), pH 值测定采用电位法, 阳离子交换量 (CEC) 测定采用乙酸铵-EDTA 交换法, 电导率 (EC) 采用电导仪测定, 有机质 (OM) 测定采用重铬酸钾容量法, 全氮 (TN)、全磷 (TP)、全钾 (TK) 分别采用半微量凯氏定氮法、 $\text{HClO}_4\text{-H}_2\text{SO}_4$ -钼锑抗比色法、NaOH 熔融火焰光度计法测定, 速效氮 (AN) 测定采用碱解扩散法, 速效磷 (AP) 测定采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法, 速效钾 (AK) 测定采用醋酸铵浸提-火焰光度法。

1.4.2 土壤细菌和真菌群落结构多样性测定

采用 FastDNA® SPIN Kit for Soil 试剂盒进行土壤总 DNA 的提取, 使用质量分数为 0.8% 琼脂糖

凝胶电泳进行纯度和浓度的检测。细菌扩增 16S rRNA 的 V3-V4 可变区,引物为 338F(5'-ACTCCTA CGGGAGGCAGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACHV GGGTWTCTAAT-3') (顾美英等, 2021), 真菌扩增 ITS1-ITS2 可变区,引物为 ITS1F(5'-CTTGGTC ATTTAGAGGAAGTAA-3') 和 ITS2R (5'-GCTGCG TTCTTCATCGATGC-3') (顾美英等, 2022)。扩增产物经纯化回收后, 依托北京诺禾致源生物信息科技有限公司 Illumina Hi Seq 2500 PE250 平台进行高通量测序工作。

1.4.3 高通量测序数据处理

在 Illumina MiSeq 测序平台上, 分别对细菌 16S rRNA 和真菌 ITS 基因序列进行高通量测序。测序完成后得到的原始数据 (Raw Data), 通过 Flash (V1.2.7)、QIIME (V 1.9.1) 软件和 Usearch (V2.13.2) 软件进行拼接、质控和去除嵌合体序列后, 得到最终的有效数据 (Clean Data), 进行后续分析。采用 Uparse 软件 (V7.0.1001) 对序列进行聚类, 以相似性为 97% 的阈值将序列聚类成为操作分类单元 (operational taxonomic unit, OTU)。采用 SILVA132 数据库和 Unit (V7.2) 数据库分别对细菌和真菌每个 OTU 的代表序列做物种注释, 获得各个分类水平下的物种丰度信息 (郑佳华等, 2022)。

1.5 统计分析

在北京诺禾致源生物信息科技有限公司的 Novomagic 云平台上 (magic.novogene.com), 使用 QIIME 软件 (V1.9.1) 进行 Alpha 多样性指数 (Simpson 指数、Shannon 指数和 Chao1 指数、ACE 指数) 的计算, R 语言 (V2.15.3) 进行 Heatmap 聚类分析图绘制, Canoco5 软件进行细菌和真菌群落 α 多样性指数、门组成与土壤理化性质的冗余分析 (RDA)。利用 PICRUST 数据库进行土壤细菌群落生态功能预测, FUNGuild 数据库进行土壤真菌功

能注释分析。采用 DPS (V9.50) 软件进行方差分析和相关性等工作。采用单因素方差分析 (one-way ANOVA)、最小显著差数法 (LSD) 进行多重比较差异显著性检验 ($P<0.05$)。

2 结果与分析

2.1 增施有机肥和生物炭对盐碱沙化土壤理化性质的影响

由表 1 可以看出, 施肥增加了盐碱沙化土壤阳离子交换量和电导率。阳离子交换量 NPK+B 处理最高, 其次为 NPK+M 处理, 分别增加了 10.18% 和 5.45%。电导率以 NPK+M 处理增幅最大, 增加了 53.65%; NPK+B 和 NPK+M+B 处理可缓解施用化肥和有机肥对土壤盐分的胁迫, 电导率分别下降了 3.27% 和 6.69%。对养分含量而言, 施肥增加了土壤有机质、全磷、速效磷和速效钾的含量, 不同施肥处理有机质分别增加了 28.46%、75.20%、69.92% 和 87.80%; 全磷分别增加了 21.74%、17.39%、17.39% 和 13.04%; 速效磷分别增加了 66.47%、213.17%、69.46% 和 125.15%; 速效钾分别增加了 15.07%、54.76%、16.67% 和 59.52%。

2.2 增施有机肥、生物炭对盐碱沙化土壤细菌和真菌群落多样性的影响

高通量测序结果表明, 细菌共获得 16S rRNA 基因有效序列 2.480×10^5 条, 每个样品总数在 3.943×10^4 — 6.254×10^4 条之间; 真菌共获得 ITS 基因有效序列 3.668×10^5 条, 每个样品总数在 5.667×10^4 — 8.664×10^4 条之间 (表 2)。除 NPK+B 处理外, 其余处理均增加了土壤中细菌有效序列数; 真菌有效序列数除 NPK+M+B 处理显著降低外, 其余处理均显著增加。在 97% 相似水平下, 得到细菌和真菌 OTU 数在 2 746—3 824 和 267—563 之间 (表 2)。施肥增加了土壤中细菌 OTU 数, 其

表 1 增施有机肥和生物炭对盐碱沙化土壤理化性质的影响

Table 1 Impacts of organic fertilizer and biochar application on physical and chemical properties of saline-alkali sandy soil

处理	pH	阳离子交换量/ (cmol·kg ⁻¹)	电导率/ (μS·cm ⁻¹)	w _(全氮) / (g·kg ⁻¹)	w _(全磷) / (g·kg ⁻¹)	w _(全钾) / (g·kg ⁻¹)	w _(有机质) / (g·kg ⁻¹)	w _(速效磷) / (mg·kg ⁻¹)	w _(速效钾) / (mg·kg ⁻¹)	w _(速效钾) / (mg·kg ⁻¹)
CK	9.21± 0.04a	2.750± 0.185c	95.00± 0.10c	0.160± 0.062b	0.233± 0.051b	15.399± 1.037bc	0.246± 0.007c	17.678± 2.668c	3.339± 0.293d	42.000± 2.000c
	9.10± 0.07a	2.848± 0.173b	117.03± 12.82b	0.133± 0.030c	0.284± 0.093a	14.980± 1.541c	0.316± 0.030b	17.456± 4.441c	5.559± 0.246c	48.333± 5.507b
NPK+M	9.01± 0.03a	2.899± 0.120b	145.97± 15.96a	0.175± 0.012a	0.270± 0.050a	15.743± 0.029bc	0.431± 0.060a	22.125± 1.388a	10.455± 3.571a	65.000± 12.166a
	9.11± 0.02a	3.029± 0.174a	113.20± 16.18bc	0.138± 0.042c	0.275± 0.055a	16.782± 0.441b	0.418± 0.059a	16.344± 4.669c	5.657± 0.761c	49.000± 10.440b
NPK+M+B	9.16± 0.09a	2.841± 0.239b	109.20± 13.05bc	0.149± 0.017b	0.257± 0.073a	18.320± 0.734a	0.462± 0.090a	19.235± 5.094b	7.517± 1.329b	67.000± 10.440a

同列不同字母表示处理间在 $P<0.05$ 水平差异显著。下同

表 2 增施有机肥和生物炭对盐碱沙化土壤细菌和真菌群落多样性的影响

Table 2 Impacts of organic fertilizer and biochar application on bacteria and fungi community diversities in saline-alkali sandy soil

处理	有效序列数		OTU 数量		Shannon 指数		Simpson 指数		Chao 指数		Ace 指数	
	细菌 ($\times 10^4$)	真菌 ($\times 10^4$)	细菌 ($\times 10^3$)	真菌 ($\times 10^2$)	细菌	真菌	细菌	真菌	细菌 ($\times 10^3$)	真菌 ($\times 10^2$)	细菌 ($\times 10^3$)	真菌 ($\times 10^2$)
CK	4.042d	7.039c	2.746b	5.39a	9.190b	4.338b	0.995a	0.898a	2.742c	5.285a	2.791c	5.441a
NPK	4.953c	7.599b	3.015b	5.63a	9.236b	5.145a	0.995a	0.936a	3.203 b	5.598a	3.216b	5.790a
NPK+M	5.603b	7.708b	3.804a	4.74b	9.792a	4.283b	0.996a	0.887a	4.142 a	4.694b	4.192a	4.970b
NPK+B	3.943d	8.664a	2.849b	5.20ab	9.223b	4.305b	0.994a	0.881a	2.767 c	5.303a	2.812b	5.466a
NPK+M+B	6.254a	5.667d	3.824a	2.67c	9.774ab	1.296c	0.996a	0.272b	4.332 a	2.429c	4.390a	2.595c

中 NPK+M 和 NPK+M+B 处理显著增加了 38.53% 和 39.26%。真菌 OTU 数有机肥和生物炭处理均降低，其中 NPK+M 和 NPK+M+B 处理显著降低了 12.06%和 50.46%。

土壤微生物 α 多样性指数分析表明（表 2），施肥增加了细菌 Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数。Shannon 指数以施用 NPK+M 处理和 NPK+M+B 处理最高，分别提高了 6.53%和 6.31%。Chao 指数和 Ace 指数均为 NPK+M+B 处理最高，分别显著提高了 57.98%和 57.25%；其次为 NPK+M 处理，分别显著提高了 51.05%和 50.17%。土壤真菌多样性指数和丰度指数 NPK 处理分别增加了 18.66%、4.44%、5.92%和 6.42%。但 NPK+M 处理真菌 Ace 和 Chao 丰度指数分别降低了 11.18%和 8.65%。NPK+M+B 处理真菌多样性指数和丰度指数均显著降低，分别下降了 70.05%、70.00%、54.04%和 52.31%。

2.3 增施有机肥、生物炭对盐碱沙化土壤细菌和真菌群落组成的影响

2.3.1 门水平上的细菌和真菌群落组成

土壤细菌门群落变化表明，变形菌门

（Proteobacteria，41.05%—46.14%）是新疆盐碱沙化土壤中的优势细菌门（图 1a）。其次为放线菌门（Actinobacteria，9.69%—19.36%）、拟杆菌门（Bacteroidetes，6.45%—12.43%）和酸杆菌门（Acidobacteria，7.99%—10.10%），其余细菌门相对丰度均较低（<10%）。进一步分析发现，施肥没有改变土壤主要细菌门种类，但部分优势门相对丰度有一定差异。NPK 处理拟杆菌门显著提高了 10.03%；但放线菌门显著降低了 21.64%。NPK+M 处理放线菌门显著提高了 36.59%；但拟杆菌门和酸杆菌门显著降低了 42.82%和 10.49%。NPK+B 处理拟杆菌门和酸杆菌门分别提高了 9.06%和 13.10%；而变形菌门和放线菌门则降低了 8.98%和 13.98%。NPK+M+B 处理放线菌门显著提高了 56.47%；变形菌门、拟杆菌门和酸杆菌门则显著降低了 9.07%、42.86%和 8.98%。

真菌中子囊菌门（Ascomycota，67.58%—92.28%）在新疆盐碱沙化土壤中占比最高，是优势真菌门（图 1b）。其次为接合菌门（Zygomycota，4.69%—30.89%）和担子菌门（Basidiomycota，0.64%

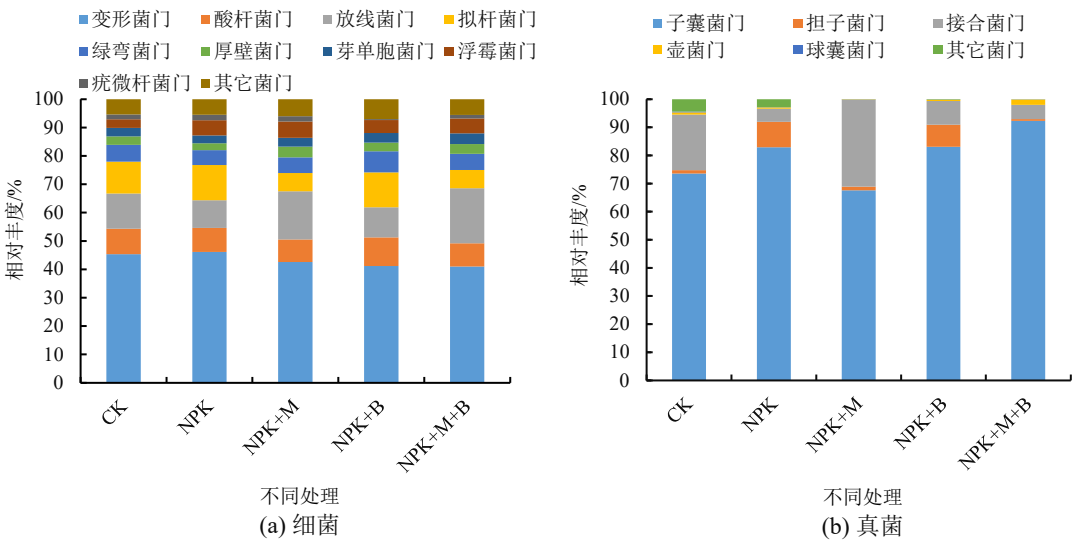


图 1 增施有机肥和生物炭对盐碱沙化土壤细菌（a）和真菌（b）门水平丰度的影响

Figure 1 Impacts of organic fertilizer and biochar application on relative abundance of bacterial (a) and fungi (b) at phylum level in saline-alkali sandy soil

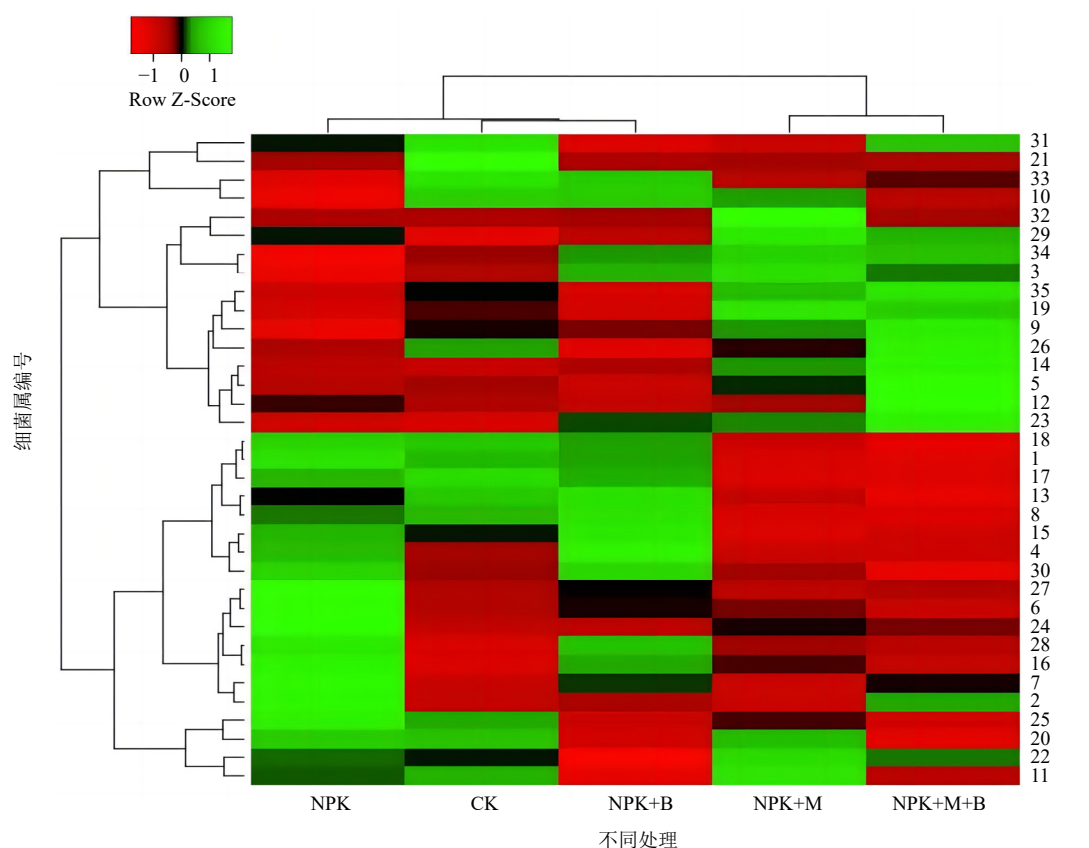
—9.06%)。子囊菌门 NPK、NPK+B 和 NPK+M+B 处理分别显著增加了 12.73%、12.96%和 25.47%; 而 NPK+M 处理则降低了 8.12%。接合菌门 NPK+M 处理显著增加了 56.25%; 其余处理均显著降低了 76.28%、57.31%和 74.20%。担子菌门除 NPK+M+B 处理显著降低了 46.47%外,其余处理均显著增加了 665.00%、11.67%和 555.83%。其余真菌门则显著降低了 39.05%、96.53%、88.87%和 63.87%。

2.3.2 属水平上的细菌和真菌群落组成

从属水平来看,不同处理相对丰度排名前 35 的细菌属具有显著差异,在整个细菌群落中占比分别为 33.45%、37.74%、29.03%、34.93%和 28.77%,优势菌属(相对丰度 $\geq 1.0\%$)以鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)和微枝形杆菌属(*Microvirga*)等为主。5 个土壤样品分成两大类(图 2),NPK+M 与 NPK+M+B 处理聚为一大类,CK 和 NPK+B 处

理聚为一类后与 NPK 处理聚为一大类。其中 NPK 处理鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、产黄菌属(*Flavobacterium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、纤维弧菌属(*Cellvibrio*)、浮霉状菌属(*Planctomyces*)、*Flavitalea* 属的相对丰度较高;NPK+M 处理节杆菌属(*Arthrobacter*)、马赛菌属(*Massilia*)、链霉菌属(*Streptomyces*)的相对丰度较高;NPK+B 处理砂单胞菌属(*Arenimonas*)、土生单胞菌属(*Terrimonas*)和类似芽球菌属(*Blastocatella*)的相对丰度较高;NPK+B+M 处理类诺卡氏属(*Nocardioides*)、微枝形杆菌属(*Microvirga*)、中华单胞菌属(*Sinomonas*)的相对丰度较高。

相对丰度排名前 35 的真菌属不同处理间也具有显著差异,占比分别为 65.35%、53.51%、57.90%、54.12%和 5.64%,优势菌属(相对丰度 $\geq 1.0\%$)以赤霉菌属(*Gibberella*)、根霉菌属(*Rhizopus*)、



1. 鞘氨醇单胞菌属; 2. 黄杆菌属; 3. 节杆菌属; 4. 砂单胞菌属; 5. 类诺卡氏菌属; 6. 假单胞菌属; 7. 纤维弧菌属; 8. 土生单胞菌; 9. 嗜甲基菌属; 10. 芽孢杆菌属; 11. 马赛菌属; 12. 微枝形杆菌; 13. 斯科曼氏菌属; 14. 中华单胞菌; 15. 类似芽球菌属; 16. 浮霉状菌属; 17. 黄色土源菌属; 18. *Flavitalea*; 19. 链霉菌属; 20. 未鉴定的红螺菌科; 21. 氢噬胞菌属; 22. 剑菌属; 23. 赭黄嗜盐囊菌属; 24. 德沃斯氏菌属; 25. 苍黄杆菌属; 26. 分枝杆菌属; 27. 土地杆菌属; 28. 小梨形菌属; 29. Pir4FF0004-lineage; 30. 未鉴定的硝化螺旋菌科; 31. 博斯氏菌属; 32. 拟绿胶蓝细菌属; 33. 不动杆菌属; 34. 类固醇杆菌属; 35. 大理石雕菌属

图2 盐碱沙化土壤增施有机肥和生物炭细菌属水平群落组成热图

Figure 2 Clustering heatmap of bacterial community at genus level in saline-alkali sandy soil with organic fertilizer and biochar application

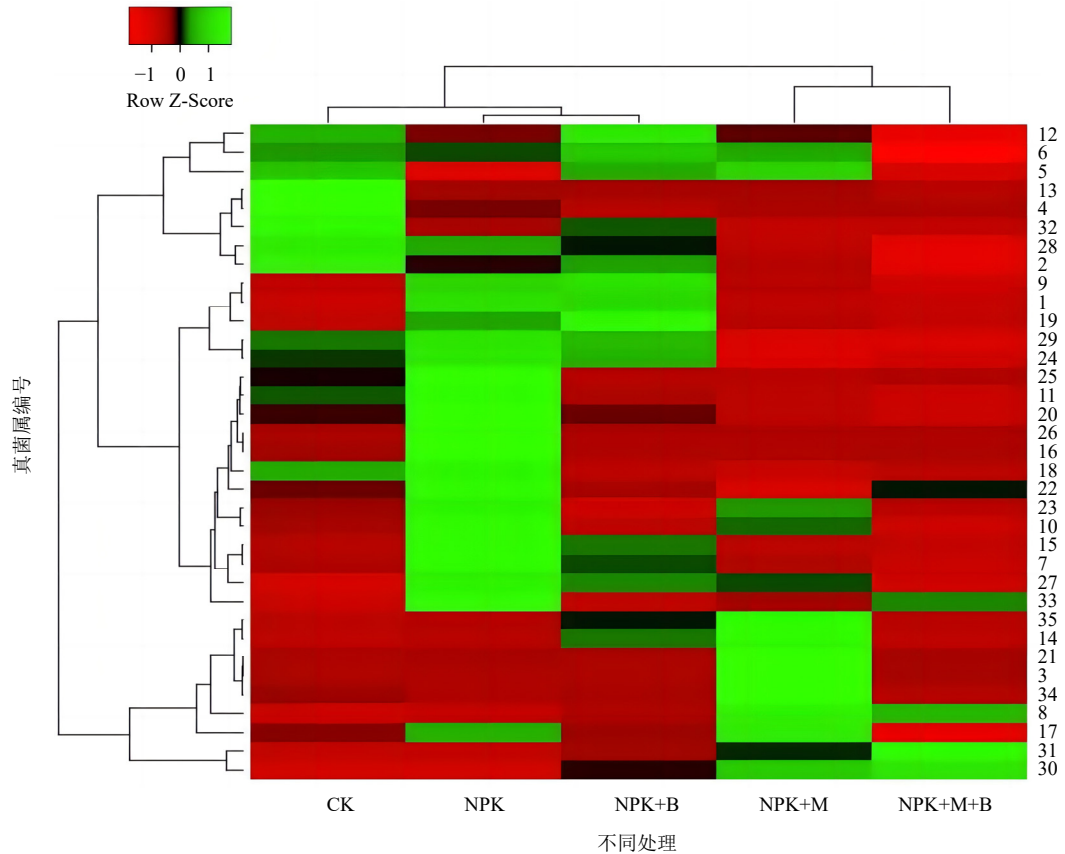
被孢霉属 (*Mortierella*)、弯孢菌属 (*Curvularia*) 等为主, 此外还包括子囊菌门发菌科 (*Trichocomaceae*) 的一类未鉴定到属的真菌, 占比分别为 15.84%、18.23%、6.09%、27.83%和 85.27%。图 3 中 5 个土壤样品分成两大类,NPK+M 与 NPK+M+B 处理聚为一大类,NPK 和 NPK+B 处理聚为一类后与 CK 处理聚为一大类。施肥显著降低了土壤中赤霉菌属 (*Gibberella*)、根霉菌属 (*Rhizopus*)、毛霉菌属 (*Mucor*) 和镰刀菌属 (*Fusarium*) 等病原真菌相对丰度,NPK+B+M 处理降幅最大。NPK 处理地衣小荷叶属 (*Lichenomphalia*)、链格孢属 (*Alternaria*)、枝顶孢霉属 (*Acremonium*)、端梗霉属 (*Acrophialophora*)、漆斑菌属 (*Myrothecium*) 等相对丰度较高。NPK+M 处理曲霉菌属 (*Aspergillus*)、被孢霉属 (*Mortierella*)、绿僵菌属 (*Metarhizium*) 等相对丰度较高。NPK+B 处理弯孢菌属 (*Curvularia*)、枝孢菌属 (*Cladosporium*)

和镰刀菌属 (*Fusarium*) 等相对丰度较高。NPK+B+M 处理发菌科真菌相对丰度最高, 其余真菌属相对丰度总体降幅较大。

2.4 增施有机肥、生物炭对盐碱沙化土壤细菌和真菌功能的预测

为了解增施有机肥和生物炭对盐碱沙化土壤细菌和真菌功能多样性的影响, 分别采用 PICRUST 和 Funguild 软件对细菌和真菌群落进行功能预测。

对细菌功能预测表明, 在一级功能层水平上, 新陈代谢 (51.17%—51.45%)、遗传信息处理 (15.65%—16.03%) 和环境信息处理 (12.84%—13.61%) 的基因丰度最高。在三级功能层水平上(图 4), 共获得 27 类细菌功能。有机肥和生物炭提高了与膜转运(转运蛋白, ABC 转运蛋白、细菌运动蛋白等)、氨基酸、核苷酸和碳水化合物代谢、光合作用(卟啉和叶绿素代谢)以及抗逆相关途径复制重组与修复 (DNA 修复和重组蛋白) 等相关功能



1. 地衣小荷叶属; 2. 赤霉菌属; 3. 曲霉属; 4. 根霉菌属; 5. 被孢霉属; 6. 弯孢霉属; 7. 链格孢霉属; 8. 金孢子霉属; 9. 芽枝霉属; 10. 枝顶孢霉属; 11. 端梗霉属; 12. 镰刀霉属; 13. 毛霉属; 14. 绿僵菌; 15. 漆斑菌属; 16. 普通橙色地衣; 17. 毛壳菌属; 18. 柯达酵母属; 19. 锥盖伞属; 20. 梭孢壳属; 21. 淡紫拟青霉属; 22. 青霉属; 23. 多孔菌属; 24. 小核衣属; 25. 组织胞浆菌属; 26. 假喇叭菌; 27. 赛多孢菌; 28. 棉革菌属; 29. 帚枝霉; 30. 嗜热丝孢霉; 31. 沃德霉属; 32. 蒜孢属; 33. 篮状菌属; 34. 明梭孢属; 35. 丝壳菌属

图3 盐碱沙化土壤增施有机肥和生物炭真菌属水平群落组成热图

Figure 3 Clustering heatmap of fungi community at genus level in saline-alkali sandy soil with organic fertilizer and biochar application

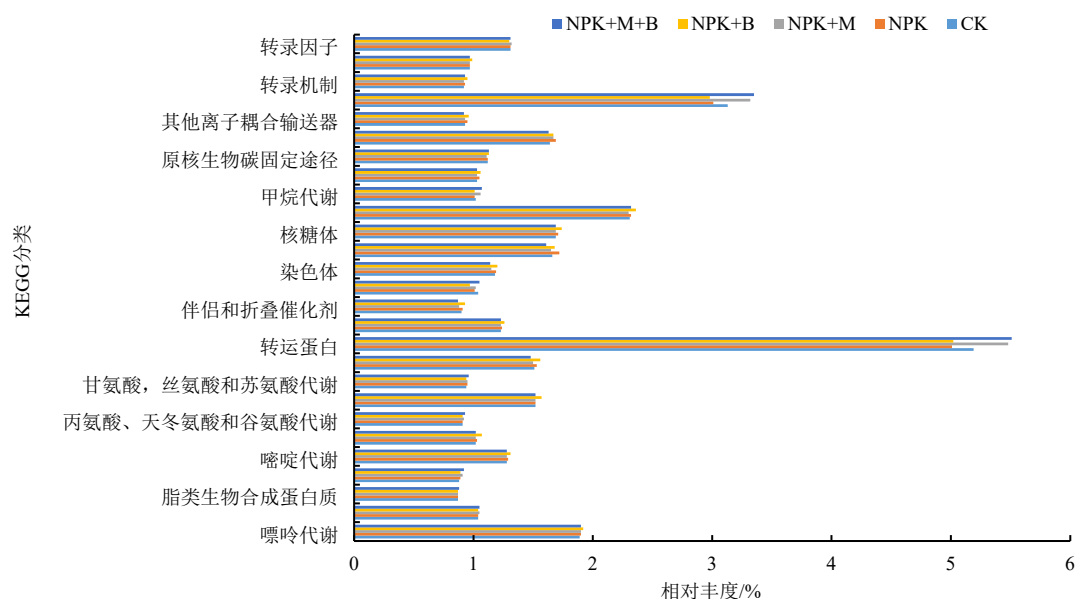


图4 盐碱沙化土壤增施有机肥和生物炭细菌群落功能预测

Figure 4 Function prediction of bacterial community in saline-alkali sandy soil with organic fertilizer and biochar application

细菌的相对丰度。对增幅大于3%的功能统计发现, NPK处理增加了分泌系统(3.61%)和细菌运动蛋白(3.05%)等功能; NPK+M处理提升了与转运和代谢等相关的甲烷代谢(3.92%)、卟啉和叶绿素代谢(3.41%)、转运蛋白(5.59%)和ABC转运蛋白(6.07%)等功能; NPK+B处理提升了与代谢、转录等相关的氨基酸糖与核苷酸糖代谢(4.90%)、氧化磷酸化(3.31%)、肽酶(3.29%)、伴侣和折叠催化剂(3.33%)、其他离子耦合输送器(3.23%)和转录机制(3.26%)等功能; NPK+M+B处理提升了与转运和代谢等相关的甲烷代谢(4.90%)、卟啉和叶绿素代谢(4.55%)、转运蛋白(6.17%)和ABC转运蛋白(7.03%)等功能。此外有机肥增加了甲烷代谢功能细菌群落, 生物炭增加了具原核生物碳固定途径功能细菌群落。

基于 FUNGuild 数据库对真菌进行功能注释(图5), 按营养方式划分主要以腐生型(31.12%—90.71%)、病理型(0.08%—40.92%)真菌为主。分析表明, 有机肥和生物炭均增加了腐生型真菌相对丰度, 其中 NPK+M+B 处理增幅最高, 显著增加了128.13%。NPK、NPK+B 处理共生型真菌相对丰度分别显著增加920.22%和719.53%。病理型真菌相对丰度各施肥处理均显著下降, 其中 NPK+M+B 处理显著降低了99.81%。

2.5 不同施肥处理下微生物群落多样性和组成与土壤理化性质的冗余分析

为进一步分析土壤微生物群落多样性和组成与土壤理化性质的相关性, 本研究基于门水平优势

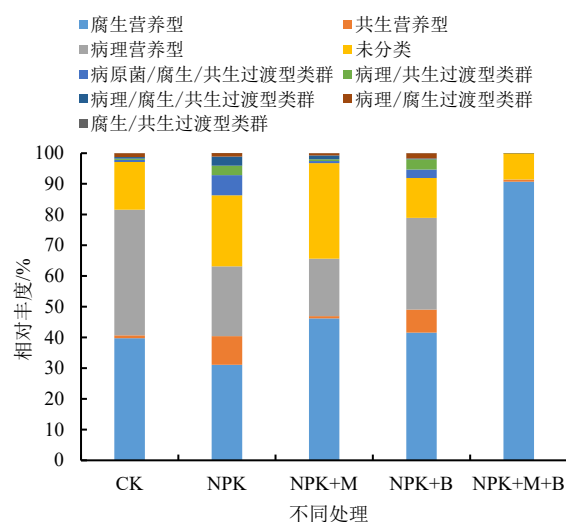


图5 盐碱沙化土壤增施有机肥和生物炭真菌群落功能预测

Figure 5 Function prediction of fungi community in saline-alkali sandy soil with organic fertilizer and biochar application

菌群相对丰度、微生物多样性指数与土壤 pH、CEC、EC 和养分含量等理化性质进行冗余分析(Redundancy analysis, RDA)。结果表明(图6), 土壤钾含量的变化是影响土壤微生物多样性的重要环境因素, NPK+M+B 处理显著改变了细菌和真菌群落组成。

对土壤细菌群落多样性和组成来说(图6), 主成分1和主成分2分别解释了所有信息的63.38%和25.9%, 总解释率达到89.28%。在细菌群落多样

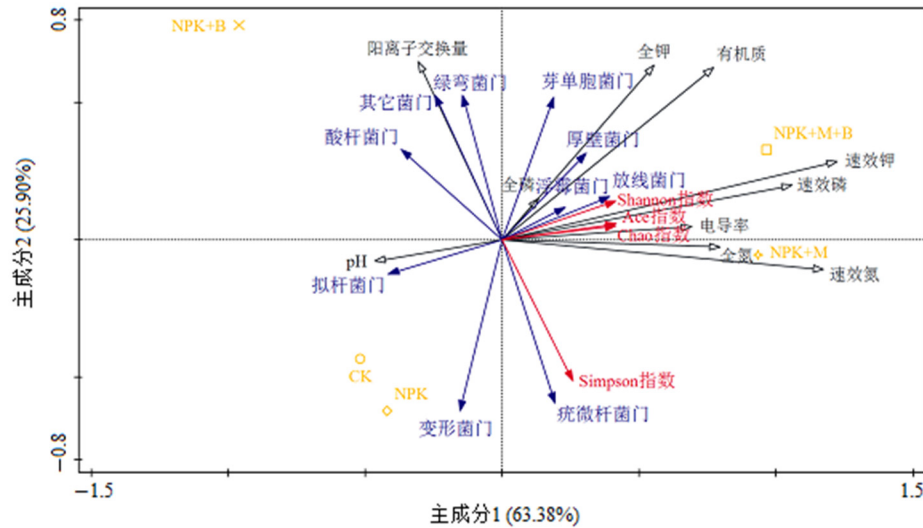


图 6 细菌多样性指数、门组成与土壤理化性质的冗余分析

Figure 6 Redundancy analysis of diversity indices, phylum composition of bacteria with soil physical and chemical properties

性方面，除与土壤 pH 呈负相关外，与其它理化性质指标之间总体呈正相关。其中除 Simpson 指数外，其它细菌群落多样性指标与 OM、AN、AP、AK 相关性显著，尤其是与 AK 呈极显著相关。在细菌群落组成方面，土壤 AK 是影响细菌群落组成变化的主要环境因子，其次为 OM、TP 和 TK。不同处理分散在不同的区域，其中 NPK+M+B 位于第一象限，NPK+M 处理位于第四象限，这两个处理距离较近，说明群落结构相似；NPK+B 处理位于第二象限，CK 和 NPK 处理位于第三象限，与前两个处理均距离较远，有明显的分离。

对土壤真菌群落组成来说（图 7），主成分 1

和主成分 2 分别解释了所有信息的 45.51%和 32.88%，总解释率达到 78.39%。在真菌群落多样性方面，在真菌群落多样性方面，除与土壤 CEC、EC 和 TP 呈正相关外，与其它理化性质标之间总体呈负相关。其中 AK 与 Chao1 指数和 ACE 指数呈显著负相关，而 TK 与土壤理化性质呈极显著负相关。在真菌群落组成方面，土壤 TN 是影响真菌群落组成变化的主要环境因子，其次是 TK、CEC 和 AN。不同处理分散在不同的区域，差异明显。其中 NPK+M 处理位于第一象限，CK 处理位于第二象限，NPK 和 NPK+B 处理位于第三象限，NPK+M+B 处理位于第四象限。

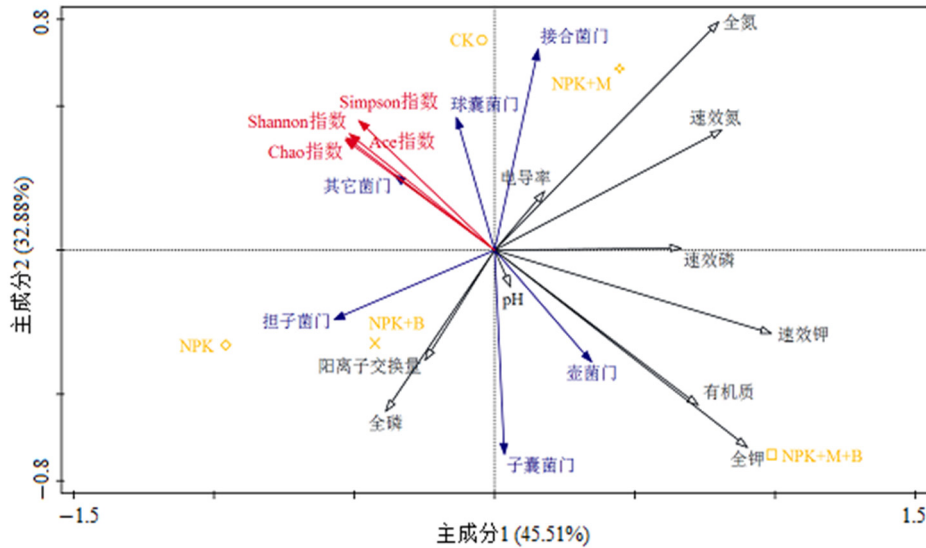


图 7 真菌多样性指数、门组成与土壤理化性质的冗余分析

Figure 7 Redundancy analysis of diversity indices, phylum composition of fungi with soil physical and chemical properties

3 讨论

3.1 增施有机肥、生物炭 5 年对盐碱沙化土壤理化性质作用

生物炭和有机肥施用对盐碱沙化土壤环境因子产生有益影响(Wang et al., 2022a)。研究表明施用 5 年后羊粪有机肥可显著提高盐碱沙化土壤养分含量和阳离子交换量,但电导率显著增加了 53.65%,产生了较大次生盐渍化风险,在某种程度上增加土壤表层积盐(张建兵等, 2013)。而生物炭由于孔隙丰富和比表面积较大,可显著增加盐碱沙化土壤阳离子交换量,养分含量增效虽不及有机肥,但电导率增幅低于有机肥,仅增加了 19.16%。Wang et al (2022b) 研究表明生物炭对盐碱地改良效果好于有机肥。与单施相比,有机肥和生物炭联合施用,电导率仅增加了 14.95%,而有机质、全钾和速效钾含量提升效果也最好。总之二者联合施用,可降低土壤盐含量、提高养分利用率,消除单独施用过程中各自的不利影响,起到互补提升作用,优化了盐碱沙化土壤理化性质的改良效果(陈丽美等, 2019)。

3.2 增施有机肥、生物炭 5 年对盐碱沙化土壤细菌群落多样性、组成及功能调控

增施营养物质可通过调控土壤微生物群落多样性来改善盐碱沙化土壤微生态(Mao et al., 2022)。本研究表明施肥增加了土壤细菌群落 Shannon 多样性指数及 Chao 和 Ace 丰度指数,以有机肥—生物炭效果最好,分别提高了 6.31%、57.98%和 57.25%。说明有机肥—生物炭更有利于盐碱沙化土壤细菌种类和数量的富集。冗余分析表明土壤钾含量是影响土壤微生物多样性的重要环境因素。通过增施有机肥或生物炭改善土壤钾素状况,可促进光合作用和光合产物的运输、吸收,增加作物产量和品质,提高植株的抗病性和抗逆性(赵雅姣等, 2020)。

由于变形菌门、放线菌门、拟杆菌门和酸杆菌门有很好的极端环境适应和生存能力,在干旱半干旱地区土壤中广泛存在(王光华等, 2016; Khan et al., 2020; Yang et al., 2022)。增施有机肥和有机肥—生物炭能显著增加产有益代谢产物、促进有机质分解和腐殖质形成的放线菌门相对丰度(Ebrahimi-Zarandi et al., 2022)。尤其是有机肥—生物炭对土壤细菌群落有显著调控作用,促进了营养型细菌的代谢及与养分循环、植物生长和病害抑制相关的细菌生长(Duan et al., 2022)。由于生物炭存在难以被微生物降解的苯环结构,养分含量低于粪肥,因此具有嗜酸、寡营养、难培养特点的酸杆菌门相对丰度有所增加,但也增加了可成为病原

菌的拟杆菌门丰度(黄俊杰等, 2022)。也有研究表明生物炭没有改变门一级微生物类群的相对丰度和预测功能基因(Wu et al., 2020)。与土壤理化性质的冗余分析表明,影响细菌门群落结构的主要环境因子是土壤养分,而非土壤盐分和 pH 值。研究表明 pH 和盐分也是生物炭和有机肥施入土壤细菌群落变化的主要因素(王良梅等, 2022),与本文研究结果不一致。可能是因为本试验属轻度盐碱化土壤,经 5 年的生物炭和有机肥改良,盐度和 pH 对土壤细菌的影响已不显著。

本研究优势细菌包括鞘氨醇单胞菌(代金霞等, 2021)、节杆菌属(Safdarian et al., 2020)、芽孢杆菌属(Zahra et al., 2023)和微枝形杆菌属(Cueva-Yesquén et al., 2021)等,这些细菌在长期逆境环境胁迫下,具有较强耐盐碱、干旱和耐贫营养能力等能力。与其它施肥处理相比,增施有机肥显著增加了节杆菌属、马赛菌属(Kirui et al., 2022)、链霉菌属(Li et al., 2023)等相对丰度;有机肥—生物炭显著增加了类诺卡氏属(Nafis et al., 2019)、中华单胞菌属(Tchakounté et al., 2018)、微枝形杆菌属等相对丰度,这些菌在盐碱、干旱土壤中均可增加土壤养分循环、提高植株抗逆性、促进植物生长。而生物炭显著增加的砂单胞菌属、土生单胞菌属和类似芽球菌属等在盐碱和干旱地区虽有所发现,但未见促生、抗逆等报道。

有机肥和生物炭通过改良土壤微生物环境,使盐碱沙化土壤细菌优势物种基因主要富集在与膜转运、氨基酸、核苷酸和碳水化合物代谢、光合作用以及抗逆相关途径复制重组与修复等物质代谢通路上,这些功能大多与维持细胞功能和结构有关。因此增施有机肥—生物炭更有利于提升土壤微生物抗盐碱、干旱等的能力。

3.3 增施有机肥、生物炭 5 年对盐碱沙化土壤真菌群落多样性、组成及功能预测

真菌对土壤环境的变化相比细菌更敏感性,施肥对盐碱、干旱、贫瘠等环境的改变也将引起真菌群落结构和多样性的变化(管鸿智等, 2023)。本研究表明施肥降低了土壤真菌种类和数量,尤其是有机肥—生物炭处理真菌群落多样性和丰度指数分别显著降低了 70.05%、70.00%、54.04%和 52.31%,进而降低了土传真菌性病害风险。但也有研究表明酸化土壤,通过改变细菌关键物种丰度增强了土壤多功能性,与真菌无关(Han et al., 2022)。

本研究表明,有机肥和有机肥—生物炭增加了腐生和对养分循环起重要作用的子囊菌门和接合菌门相对丰度(陈松鹤等, 2022)。生物炭则易与植物根系共生形成菌根真菌,有利于增加促进植物

生长的担子菌门相对丰度 (Wang et al., 2022)。但接合菌门和担子菌门中也存在一些具有致病风险的菌属, 如黑粉菌和锈菌病原菌。冗余分析表明, 影响真菌门群落结构多样性的主要环境因子除土壤养分外, 还包括土壤盐分和阳离子交换量。土壤沙化、盐分的积累破坏了土壤结构和团聚体, 导致土壤真菌的生存环境恶化, 而生物炭和有机肥对盐碱土团聚体和阳离子交换量有明显的改良, 进而对真菌产生显著影响, 尤其是促进了耐盐性更强的菌根真菌生长 (Solaiman et al., 2020)。

进一步对真菌属水平群落组成进行分析表明, 有机肥和生物炭总体降低了盐碱沙化土壤中潜在病原真菌 (赤霉菌属、根霉菌属、链格孢属和镰刀菌属等) 的数量 (Bonanomi et al., 2021), 有机肥和生物炭增加了盐碱沙化土壤中养分含量, 增强了植物抵御病害的能力, 也增加了土壤中杀虫、抑菌等有益真菌数量, 尤其是曲霉菌属 (Khan et al., 2022)、淡紫拟青霉属和绿僵菌属 (Baron et al., 2020)、被孢霉属 (Ozimek et al., 2020)、青霉属 (Yao et al., 2021) 和发菌科未鉴定出属有益真菌数量增幅更明显, 而研究表明发菌科真菌能产生抗真菌、抗氧化活性和杀虫剂等的代谢产物 (Mugonza et al., 2020), 故相对丰度占 85.27% 的有机肥-生物炭处理病原真菌数量降幅最明显。

真菌功能预测表明, 盐碱沙化土壤养分和非生物性质 (EC 和 CEC) 对真菌的影响大于细菌。秸秆等经牲畜过腹还田, 增加了盐碱沙化土壤中腐生营养型真菌相对丰度, 降低了土壤中病理营养型真菌比例 (南丽丽等, 2020)。而真菌在短时间内无法有效分解利用生物炭中极难分解的惰性碳, 所以腐生营养型真菌相对丰度较少; 病理营养型真菌相对丰度较高, 这与王光飞等 (2015) 研究结果一致。而增施有机肥—生物炭对土壤结构和有机质的改变最高, 故真菌种类和相对丰度变化最大, 显著增加了土壤中腐生功能真菌数量, 尤其是土壤中有益发菌科真菌相对丰度占显著优势, 进而导致病理营养型真菌相对丰度明显减少, 更有利于降低盐碱沙化土壤土传病害风险, 真菌群落组成、相对丰度和功能更加优化。

4 结论

本研究对定位 5 年的新疆盐碱沙化土壤增施有机肥和生物炭玉米田间试验土壤微生物群落结构和生态功能、以及与土壤理化性质的相关性分析, 得出以下结论:

(1) 有机肥和生物炭能改善盐碱沙化土壤理化性质及微生物群落结构, 其中增施有机肥-生物炭

处理对土壤中有有机质、速效磷和速效钾有很好的提升作用, 更有利于增加土壤中细菌群落多样性, 使细菌群落组成朝更有利于增加耐受盐碱、干旱、抗菌和寡营养能力的放线菌门方向发展, 提高了与盐碱、干旱等抗逆相关的细菌代谢功能。冗余分析表明细菌多样性与土壤 pH 呈负相关, 与 CEC、EC 和养分含量呈正相关; AK、OM、TP、TK 是影响盐碱沙化土壤细菌群落组成和丰度变化的主要环境驱动因子。

(2) 有机肥和生物炭降低了潜在病原真菌群落组成和丰度, 减少土传真菌病害风险, 改善了盐碱沙化土壤微环境。功能预测表明, 有机肥-生物炭处理显著降低土壤中病理营养型真菌比例。冗余分析表明真菌多样性与土壤 CEC、EC 和 TP 呈正相关, 与养分含量呈负相关。TN、TK、CEC、AN 是影响盐碱沙化土壤真菌群落组成和丰度变化的主要环境驱动因子。

(3) 通过施用有机肥和生物炭, 尤其是有机肥-生物炭来调节土壤养分和电导率, 提高有益微生物组、抑制有害真菌数量, 可以使盐碱沙化土壤微生态系统朝稳定健康方向发展。

参考文献:

- BARON N C, POLLO A D S, RIGOBELLO E C, 2020. *Purpureocillium lilacinum* and *Metarhizium marquandii* as plant growth-promoting fungi [J]. Peer Journal, 8: e9005.
- BONANOMI G, ZOTTI M, IDBELLA M, et al., 2021. Mixtures of organic amendments and biochar promote beneficial soil microbiota and affect *Fusarium oxysporum* f. sp. *lactucae*, *Rhizoctonia solani* and *Sclerotinia minor* disease suppression [J]. Plant Pathology, 71(4): 818-829.
- CHEN L, REDMILE-GORDON M, LI J W, et al., 2019. Linking cropland ecosystem services to microbiome taxonomic composition and functional composition in a sandy loam soil with 28-year organic and inorganic fertilizer regimes [J]. Applied Soil Ecology, 139: 1-9.
- CUEVA-YESQUÉN L G, GOULART M C, ATTILI D A D, et al., 2021. Multiple plant growth-promotion traits in endophytic bacteria retrieved in the vegetative stage from passionflower [J]. Frontiers in Plant Science, 11: 621740.
- DUAN Y M, ZHANG L S, YANG J F, et al., 2022. Insight to bacteria community response of organic management in apple orchard-bagasse fertilizer combined with biochar [J]. Chemosphere, 286(Part2): 131693.
- EBRAHIMI-ZARANDI M, RISEH R S, TARKKA M T, 2022. Actinobacteria as effective biocontrol agents against plant pathogens, an overview on their role in eliciting plant defense [J]. Microorganisms, 10(9): 1739.
- GU Y Y, ZHANG H Y, LIANG X Y, et al., 2022. Effect of different biochar particle sizes together with bio-organic fertilizer on rhizosphere soil microecological environment on saline-alkali land [J]. Frontiers in Environmental Science, 10: 949190.
- HAMMAM A A, MOHAMED E S, ELNAMAS A E, et al., 2022. Impacted application of water-hyacinth-derived biochar and organic manures on soil properties and barley growth [J]. Sustainability, 14(20): 13096.

- HAN Z Q, XU P S, LI Z T, et al., 2022. Microbial diversity and the abundance of keystone species drive the response of soil multifunctionality to organic substitution and biochar amendment in a tea plantation [J]. *Global Change Biology Bioenergy*, 14(4): 481-495.
- KHAN A, KHAN A A, KHAN M J, et al., 2022. Combined effect of organic amendments and seed placement techniques on sorghum yield Under salt-Stressed conditions [J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 22(4): 4752-4767.
- KHAN M A, KHAN S T, 2020. Microbial communities and their predictive functional profiles in the arid soil of Saudi Arabia [J]. *Soil*, 6(2): 513-521.
- KIRUI C K, NJERU E M, RUNO S, 2022. Diversity and phosphate solubilization efficiency of phosphate solubilizing bacteria isolated from semi-arid agroecosystems of Eastern Kenya [J]. *Microbiology Insights*, 15: 1-12.
- KHAN M I, ALI N, JAN G, et al., 2022. Salt stress alleviation in *Triticum aestivum* through primary and secondary metabolites modulation by *Aspergillus terreus* BTK-1 [J]. *Frontiers in Plant Science*, 13: 779623.
- LI X K, LANG D Y, WANG J H, et al., 2023. Plant-beneficial *Streptomyces dioscori* SF1 potential biocontrol and plant growth promotion in saline soil within the arid and semi-arid areas [J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 30(27): 70194-70212.
- MAO X X, YANG Y, GUAN P B, et al., 2022. Remediation of organic amendments on soil salinization: Focusing on the relationship between soil salts and microbial communities [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 239: 113616.
- MINHAL F, MA'AS A, HANUDIN E, et al., 2020. Improvement of the chemical properties and buffering capacity of coastal sandy soil as affected by clays and organic by-product application [J]. *Soil and Water Research*, 15(2): 93-100.
- MUGONZA J, OTIM M H, EGONYU J P, 2020. The comparative virulence of an atoxigenic strain of *Aspergillus flavus* (Eurotiales: Trichocomaceae) and the commercial ICIPE 69 *Metarhizium anisopliae* (Hypocreales: Clavicipitaceae) to the bean leaf beetle *Ootheca mutabilis* (Coleoptera: Chrysomelidae) [J]. *International Journal of Tropical Insect Science*, 40(2): 403-411.
- NAFIS A, RAKLAMI A, BECHTAOUI N, et al., 2019. Actinobacteria from extreme niches in Morocco and their plant growth-promoting potentials [J]. *Diversity*, 11(8): 139-139.
- OZIMEK E, HANAKA A, 2020. *Mortierella* species as the plant growth-promoting fungi present in the agricultural soils [J]. *Agriculture*, 11(1): 1-18.
- SAFDARIAN M, ASKARI H, NEMATZADEH G, et al., 2020. Halophile plant growth-promoting rhizobacteria induce salt tolerance traits in wheat seedlings (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Pedosphere*, 30(5): 684-693.
- SILVA C C G D, MEDEIROS E V D, FRACETTO G G M, et al., 2021. Biochar and cow manure on chemical and microbial community in regosol with bean [J]. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 21(3): 1552-1564.
- SOLAIMAN Z M, SHAFI M I, BEAMONT E, et al., 2020. Poultry litter biochar increases mycorrhizal colonisation, soil fertility and cucumber yield in a fertigation system on sandy soil [J]. *Agriculture*, 10(10): 1-14.
- TCHAKOUNTÉ G V T, BERGER B, PATZ S, et al., 2018. Community structure and plant growth-promoting potential of cultivable bacteria isolated from Cameroon soil [J]. *Microbiological Research*, 214: 47-59.
- WANG S B, GAO P L, ZHANG Q W, et al., 2022a. Application of biochar and organic fertilizer to saline-alkali soil in the Yellow River Delta: Effects on soil water, salinity, nutrients, and maize yield [J]. *Soil Use and Management*, 38(4): 1679-1692.
- WANG S B, GAO P L, ZHANG Q W, et al., 2022b. Biochar improves soil quality and wheat yield in saline-alkali soils beyond organic fertilizer in a 3-year field trial [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 30(7): 19097-19110.
- WANG Y, PAN F, WANG Q, et al., 2022. The effect of different remediation treatments on soil fungal communities in rare earth tailings soil [J]. *Forests*, 13(12): 1987.
- HOU J X, ZHANG J R, LIU X Z, et al., 2023. Effect of biochar addition and reduced irrigation regimes on growth, physiology and water use efficiency of cotton plants under salt stress [J]. *Industrial Crops & Products*, 198: 116702.
- WU Z X, LI H H, LIU Q L, et al., 2020. Application of bio-organic fertilizer, not biochar, in degraded red soil improves soil nutrients and plant growth [J]. *Rhizosphere*, 16: 100264.
- YANG J J, LI W J, TENG D X, et al., 2022. Metagenomic insights into microbial community structure, function, and salt adaptation in saline soils of arid land, China [J]. *Microorganisms*, 10(11): 2183-2183.
- YAO G S, CHEN X F, ZHENG H W, et al., 2021. Genomic and chemical investigation of bioactive secondary metabolites from a marine-derived fungus *Penicillium steckii* P2648 [J]. *Frontiers in Microbiology*, 12: 600991.
- YOSHIURA C A, VENTURINI A M, BRAGA L P P, et al., 2021. Responses of low-cost input combinations on the microbial structure of the maize rhizosphere for greenhouse gas mitigation and plant biomass production [J]. *Frontiers in Plant Science*. 12: 683658.
- ZAHRRA S T, TARIQ M, ABDULLAH M, et al., 2023. Dominance of *Bacillus* species in the wheat (*Triticum aestivum* L.) rhizosphere and their plant growth promoting potential under salt stress conditions [J]. *Peer Journal*, 11: e14621.
- ZHAO P N, YU J, ZHANG X Y, et al., 2022. Trifolium repens and biochar addition affecting soil nutrients and bacteria community [J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 30(12): 33927-33941.
- 陈丽美, 李小英, 岳学文, 等, 2019. 竹炭与有机肥混施对火龙果产量和品质影响及其改土作用[J]. *生态环境学报*, 28(11): 2231-2238.
- CHEN L M, LI X Y, YUE X W, et al., 2019. Effect of mixed application of bamboo charcoal and organic fertilizer on yield and quality of red pitaya and soil amelioration [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 28(11): 2231-2238.
- 陈松鹤, 向晓玲, 雷芳, 等, 2022. 秸秆覆盖配施氮肥条件下根际土真菌群落及其与小麦产量关系的研究[J]. *生态学报*, 42(21): 8751-8761.
- CHEN S H, XIANG X L, LEI F, et al., 2022. Relationship between rhizosphere fungal community and wheat yield under straw mulching combined with nitrogen fertilizer [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 42(21): 8751-8761.
- 代金霞, 田平雅, 沈聪, 等, 2021. 耐盐植物根际促生菌筛选及促生效应研究[J]. *生态环境学报*, 30(5): 968-975.
- DAI J X, TIAN P Y, SHEN C, et al., 2022. Screening of rhizosphere bacteria from salt tolerant plants and their growth promoting effects [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 30(5): 968-975.
- 管鸿智, 黄荣珍, 王金平, 等, 2023. 红壤区退化林地表土真菌群落结构对土壤改良措施的响应[J]. *环境科学*, 44(1): 494-501.
- GUAN H Z, HUANG R Z, WANG J P, et al., 2023. Response of

- topsoil fungal community structure to soil improvement measures in degraded forest of red soil region [J]. *Environmental Science*, 44(1): 494-501.
- 顾美英, 徐万里, 马凯, 等, 2021. 不同定植年限核桃园土壤细菌群落多样性及碳代谢功能特征[J]. *生态学杂志*, 40(7): 2045-2056.
- GU M Y, XU W L, MA K, et al., 2021. Soil bacterial community diversity and carbon source metabolism function in walnut orchard with different stand ages [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 40(7): 2045-2056.
- 顾美英, 张志东, 唐光木, 等, 2022. 黑果枸杞不同组织内生真菌群落组成及生态功能分析[J]. *菌物学报*, 41(8): 1254-1267.
- GU M Y, ZHANG Z D, TANG G M, et al., 2022. Community composition and ecological function of endophytic fungi in different tissues of *Lycium ruthenicum* [J]. *Mycosystema*, 41(8): 1254-1267.
- 黄俊杰, 陆雅海, 2022. 土壤拟杆菌与梭菌分解多糖类有机物质的研究进展与展望[J]. *微生物学通报*, 49(3): 1147-1157.
- HUANG J J, LU Y H, 2022. Decomposition of soil polymeric organic matter by *Bacteroidetes* and *Clostridia*: Progress and perspectives [J]. *Microbiology China*, 49(3): 1147-1157.
- 胡坤, 张红雪, 郭力铭, 等, 2021. 烟秆炭基肥对薏苡土壤有机碳组分及微生物群落结构和丰度的影响[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 29(9): 1592-1603.
- HU K, ZHANG H X, GUO L M, et al., 2021. Effects of tobacco stalk biochar-based fertilizer on the organic carbon fractions and microbial community structure of adlay soil [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 29(9): 1592-1603.
- 李依韦, 毕佳欣, 袁琴, 等, 2020. 不同施肥处理玉米根际微生物种群结构及代谢多样性[J]. *中国微生物学杂志*, 32(1): 21-24, 30.
- LI Y W, BI J X, YUAN Q, et al., 2020. The population structure and metabolic diversity of microorganisms in rhizosphere soil of corn treated with different fertilizers [J]. *Chinese Journal of Microecology*, 32(1): 21-24, 30.
- 梁萌, 米晓军, 李晨华, 等, 2022. 新疆准噶尔盆地未开垦盐碱土盐分与盐生植被多样性分析[J]. *干旱区地理*, 45(1): 185-196.
- LIANG M, MI X J, LI C H, et al., 2022. Salinity characteristics and halophytic vegetation diversity of uncultivated saline-alkali soil in Junggar Basin, Xinjiang [J]. *Arid Land Geography*, 45(1): 185-196.
- 刘广明, 杨劲松, 何丽丹, 等, 2011. 基于模糊综合评判法的新疆典型干旱区土壤盐漠退化风险评价[J]. *农业工程学报*, 27(3): 1-5.
- LIU G M, YANG J S, HE L D, et al., 2011. Fuzzy comprehensive evaluation based assessment of soil alkaline desertification in typical arid area of Xinjiang [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 27(3): 1-5.
- 鲁如坤. 2000. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社.
- LU R K, 2000. *Analytical Methods for Soil and Agricultural Chemistry* [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press.
- 南丽丽, 谭杰辉, 郭全恩, 2020. 黄土高原半干旱区轮作休耕模式对土壤真菌的影响[J]. *生态学报*, 40(23): 8582-8592.
- NAN L L, TAN J H, GUO Q E, 2020. Effects of fallow rotation modes on soil fungal communities in semi-arid area of the Loess Plateau, northwest China [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 40(23): 8582-8592.
- 申午艳, 冯政君, 秦文芳, 等, 2020. 盐碱胁迫下黑麦草生长及离子微区分布特征[J]. *草业学报*, 29(2): 52-63.
- SHEN W Y, FENG Z J, QIN W F, et al., 2020. Effects of saline-alkali stress on the growth and ion micro-distribution of ryegrass plants [J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 29(2): 52-63.
- 石玉龙, 高佩玲, 刘杏认, 等, 2019. 生物炭和有机肥施用提高了华北平原滨海盐土微生物量[J]. *植物营养与肥料学报*, 25(4): 555-567.
- SHI Y L, GAO P L, LIU X R, et al., 2019. Increased microbial biomass in coastal saline fields of North China Plain by application of biochar and organic manure [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 25(4): 555-567.
- 孙强, 杨旭, 孟军, 等, 2022. 生物炭对棕壤团聚体空间分布及有机碳的影响[J]. *农业环境科学学报*, 41(11): 2515-2524.
- SUN Q, YANG X, MENG J, et al., 2022. Effects of biochar on soil aggregate spatial distribution and soil organic carbon in brown earth soil [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 41(11): 2515-2524.
- 王光飞, 马艳, 郭德杰, 等, 2015. 秸秆生物炭对辣椒疫病的防控效果及机理研究[J]. *土壤*, 47(6): 1107-1114.
- WANG G F, MA Y, GUO D J, et al., 2015. Effect and mechanism of straw biochar on disease control of phytophthora blight of chilli pepper [J]. *Soils*, 47(6): 1107-1114.
- 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等, 2016. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. *生物技术通报*, 32(2): 14-20.
- WANG G H, LIU J J, YU Z H, et al., 2016. Research progress of *Acidobacteria* ecology in soils [J]. *Biotechnology Bulletin*, 32(2): 14-20.
- 王紫艳, 杨桂玲, 虞轶俊, 等, 2020. 有机肥施用对农产品质量安全及土壤环境的影响研究[J]. *农产品质量与安全* (4): 67-73.
- WANG Z Y, YANG G L, YU Y J, et al., 2020. Study on the effects of organic fertilizer application on the quality and safety of agricultural products and soil [J]. *Quality and Safety of Agro-Products* (4): 67-73.
- 王艮梅, 陈捷, 范之馨, 等, 2022. 外源有机物料添加对滨海盐碱土细菌群落结构的影响[J]. *生态与农村环境学报*, 38(1): 85-95.
- WANG G M, CHEN J, FAN Z X, et al., 2022. The shift of bacterial community structure in coastal saline-alkaline soil upon addition of different organic materials [J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 38(1): 85-95.
- 于菲, 赵硕, 赵影, 等, 2022. 长期施用有机肥对松嫩平原西部盐碱土肥力和玉米产量的影响[J]. *干旱地区农业研究*, 40(2): 172-180.
- YU F, ZHAO S, ZHAO Y, et al., 2022. Effects of long-term application of cattle manure on soil fertility and corn yield of saline-sodic soil in western Songnen Plain [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 40(2): 172-180.
- 袁银龙, 孙杰, 徐如玉, 等, 2020. 丛枝菌根真菌与有机肥配施对甜玉米根际土壤关键碳循环功能基因的影响[J]. *福建农业学报*, 35(7): 753-763.
- YUAN Y L, SUN J, XU R Y, et al., 2020. Effects of arbuscular mycorrhizal fungi and organic fertilizer on key microbial carbon-cycle genes in rhizosphere soil at sweet corn field [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 35(7): 753-763.
- 郑佳华, 赵萌莉, 王琪, 等, 2022. 放牧和刘割对大针茅草原土壤微生物群落结构及多样性的影响[J]. *生态学报*, 42(12): 4998-5008.
- ZHENG J H, ZHAO M L, WANG Q, et al., 2022. Effects of management regime on soil microbial community structure and diversity of *Stipa grandis* grassland [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 42(12): 4998-5008.
- 张建兵, 杨劲松, 姚荣江, 等, 2013. 有机肥与覆盖方式对滩涂围垦农田水盐与作物产量的影响[J]. *农业工程学报*, 29(15): 116-125.
- ZHANG J B, YANG J S, YAO R J, et al., 2013. Dynamics of soil water, salt and crop growth under farmyard manure and mulching in coastal tidal flat soil of northern Jiangsu Province [J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 29(15): 116-125.
- 张云舒, 唐光木, 蒲胜海, 等, 2020. 减氮配施炭基肥对棉田土壤养分、

氮素利用率及产量的影响[J]. 西北农业学报, 29(9): 1372-1377.
ZHANG Y S, TANG G M, PU S H, et al., 2020. Effect of
biochar-based compound fertilizer on soil nutrients and cotton yield in
irrigated sandy soil under nitrogen reduction condition [J]. Acta
Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 29(9): 1372-1377.
赵雅姣, 刘晓静, 吴勇, 等, 2020. 西北半干旱区紫花苜蓿-小黑麦间作

对根际土壤养分和细菌群落的影响[J]. 应用生态学报, 31(5):
1645-1652.

ZHAO Y J, LIU X J, WU Y, et al., 2020. Effects of *Medicago
sativa-Triticale wittmack* intercropping system on rhizosphere soil
nutrients and bacterial community in semi-arid region of Northwest
China [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 31(5): 1645-1652.

Effects of Organic Fertilizers and Biochar on Microorganism Community Characteristics in Saline-alkali Sandy Soil of Xinjiang

GU Meiyang^{1,3}, TANG Guangmu^{2,3}, ZHANG Yunshu^{2,3}, HUANG Jian^{2,3}, ZHANG Zhidong^{1,3},
ZHANG Lijuan^{1,3}, ZHU Jing^{1,3}, TANG Qiyong^{1,3}, CHU Min^{1,3}, XU Wanli^{2,3*}

1. Institute of Microbiology, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/Xinjiang Laboratory of Special Environmental Microbiology,

Urumqi 830091, P. R. China;

2. Institute of Soil Fertilizer and Agricultural Water Conservation, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, P. R. China;

3. Key Laboratory of Saline-alkali Soil Improvement and Utilization (Saline-alkali Land in Arid and Semi-arid Regions),

Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Urumqi 830091, P. R. China

Abstract: Organic fertilizer and biochar play an important role in improving soil quality and soil fertility in medium and low yield fields. Five treatments (CK: no fertilization, NPK: chemical fertilizer only, NPK+M: chemical fertilizer+sheep manure, NPK+B: chemical fertilizer+corn straw biochar, and NPK+M+B: combined application of sheep manure and corn straw biochar) were applied to a corn field once at the first crop growing season in a 5-year field experiment. High-throughput sequencing was used for exploring the impact of adding sheep manure and corn straw biochar on soil microorganism community diversity and function in saline-alkali sandy soil of Xinjiang. The results showed that sheep manure and corn straw biochar could improve the physical and chemical properties of saline-alkali sandy soil, reduce soil pH, and increase the cation exchange capacity and nutrient content. NPK+M+B treatment had stronger effects on the organic matter, available phosphorus and available potassium, which were significantly increased by 87.80%, 125.15% and 59.52%, respectively. Fertilization increased soil EC, but NPK+B treatment and NPK+M+B treatment could alleviate the increase. The analysis of microorganism α diversity showed that fertilization increased Shannon diversity index and Chao and Ace abundance index of the bacterial community in saline-alkali sandy soil. NPK+M+B treatment had the best effect, which led to increases by 6.31%, 57.98% and 57.25%, respectively. The application of chemical fertilizer increased the soil fungal diversity, but sheep manure and corn straw biochar decreased the diversity. NPK+M+B treatment could increase the abundance of Actinomycetes which tolerated saline-alkali, drought, antibacterial and oligotrophic, and reduce the community composition and abundance of potential pathogenic fungi significantly. So, NPK+M+B treatment alleviated the risk of soil-borne fungal diseases and improved the microenvironment of saline-alkali sandy soil. A redundancy analysis identified AK, OM, TP, TK and TN, TK, CEC, AN as the major factors that affected the bacterial and fungal community structure and functional groups. PICRUSt functional analysis showed that fertilization could improve the bacterial metabolic function related to stress resistance, such as salt alkali and drought, etc. FUNGuild function prediction showed that NPK+M+B treatment significantly reduced the proportion of pathotroph fungi. Overall, sheep manure and corn straw biochar changes soil physiochemical properties, optimizes the niches of beneficial soil microbiome and suppresses the number of harmful fungi, and thus helps create a stable and healthy soil microecosystem.

Keywords: fertilization measures; saline-alkali sandy soil; bacteria; fungi; high-throughput sequencing; ecological function