长期施用不同有机肥对甘薯产量和土壤生物性状的影响

王 静[1,2]，王 磊[2]，刘耀斌[1,2]，李 娟[3]，章明清[3]，张永春[1,2]

(1.南京农业大学资源与环境科学学院，南京 210095；2.江苏省农业科学院农业资源与环境研究所，农业农村部江苏耕地保育科学观测站，南京 210014；3.福建省农业科学院土壤肥料研究所，福州 350013)

摘要： 以花生—甘薯轮作的长期定位试验为研究对象，研究不同(类)有机肥对甘薯产量、土壤微生物丰度和酶活性的影响，为选取合适的有机肥在提高作物产量和改善土壤生物性状方面提供依据。共选取 5 个施肥处理：(1)CK，空白对照；(2)NPK，单施化肥；(3)NPK＋SR，化肥＋稻草；(4)NPK＋M，化肥＋商品有机肥；(5)NPK＋P，化肥＋猪粪。结果表明：与 CK 相比，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理均显著增加鲜薯产量和地上部生物量($P<0.05$)，其中 NPK＋P 处理效果最好。与 CK 比较，NPK 处理显著降低土壤细菌、真菌、固氮菌和活化有机磷微生物的丰度($P<0.05$)，而 NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理在不同程度上缓解了 NPK 处理对土壤微生物丰度的抑制作用。土壤酶的加权平均值(GMea)在一定程度上可用来评价土壤酶的总体活性。与 CK 相比，NPK、NPK＋SR 和 NPK＋M 处理的土壤酶活性显著降低($P<0.05$)，而 NPK＋P 处理的土壤酶活性有所提高；对于土壤单一酶活性，NPK＋P 处理与 CK 比较显著降低土壤脲酶活性($P<0.05$)，但显著提高酸性磷酸酶、碱性磷酸酶和过氧化氢酶活性。此外，主成分和相关性分析表明，土壤养分和土壤有机碳与鲜薯产量和地上部生物量显著正相关，土壤 pH 是驱动土壤微生物丰度和土壤酶活性变化的主要因素。因此，长期有机无机肥配施通过提高土壤养分、有机碳含量以及调节土壤 pH 变化在提高甘薯产量和改善土壤生物性状方面取得良好效果。总体来说，化肥配施猪粪在培肥地力和增产增收方面效果最佳。

关键词： 有机肥；产量；微生物丰度；酶活性

中图分类号： S181　　**文献标识码：** A　　**文章编号：** 1009-2242(2021)02-0184-09

DOI： 10.13870/j.cnki.stbcxb.2021.02.025

Effects of Long-term Different Types of Organic Fertilizer Application on Sweet Potato Yield and Soil Biological Traits

WANG Jing[1,2], WANG Lei[2], LIU Yaobin[1,2], LI Juan[3], ZHANG Mingqing[3], ZHANG Yongchun[1,2]

(1.*College of Resource and Environmental Sciences*, *Nanjing Agricultural University*, *Nanjing* 210095; 2.*Institute of Agricultural Resources and Environments*, *Jiangsu Academy of Agricultural Sciences*, *Scientific Observing and Experimental Station of Arable Land Conservation* (*Jiangsu*), *Ministry of Agriculture and Rural Affairs*, *Nanjing* 210014; 3.*Soil and Fertilizer Institute*, *Fujian Academy of Agricultural Sciences*, *Fuzhou* 350013)

Abstract: A long-term localization experiment of peanut-sweet potato rotation system was studied to investigate the effect of different types of organic fertilizer on sweet potato yield, soil microbial abundance, and enzyme activities. This study aimed to provide the basis for selecting appropriate organic fertilizers to increase crop yield and improve soil biological characteristics. Five fertilization treatments were selected: (1) CK, no fertilization control; (2) NPK, chemical fertilizers treatment; (3) NPK + SR, chemical fertilizers + straw return treatment; (4) NPK + M, chemical fertilizers + manure treatment; (5) NPK + P, chemical fertilizers + pig manure treatment. The results showed that the yield and aboveground biomass of sweet potato increased significantly under NPK, NPK＋SR, NPK＋M, and NPK＋P treatments compared with CK treatment, while NPK＋P treatment had an optimal effect among NPK, NPK＋SR, NPK＋M, and NPK＋P treatments. In comparison with CK treatment, the abundances of bacteria, fungi, diazotrophic, and microorganism associated with soil organic phosphorus transformation decreased significantly under NPK

收稿日期： 2020-10-25

资助项目： 国家甘薯产业技术体系生态与土壤管理岗位项目(CARS-10-B9)；江苏省自然科学基金项目(BK20190259)；江苏省重点研发项目(BE2019378)

第一作者： 王静(1995—)，女，在读硕士生，主要从事农田土壤微生物与养分元素循环研究。E-mail：2018103149@njau.edu.cn

通信作者： 张永春(1966—)，男，研究员，硕士生导师，主要从事耕地保育研究。E-mail：yczhang66@sina.com

treatment, while NPK + SR, NPK + M, and NPK + P treatment had mitigatory suppression effect on abundance of these microorganisms mentioned above in different degree. The geometric mean of the assayed enzyme activities (GMea) could be used to evaluate the overall activity of soil enzymes to some extent. The GMea decreased significantly under NPK, NPK + SR, and NPK + M treatments compared with CK treatment, whereas NPK+P treatment improved the geometric mean of the assayed enzyme activities. For single enzyme activity, NPK + P treatment significantly reduced soil urease activity compared with CK treatment ($P < 0.05$), however, NPK + P treatment significantly increased acid phosphatase, alkaline phosphatase, and catalase activities, respectively. In addition, the results of principal component and pearson correlation analysis suggested that soil nutrients and soil organic carbon content were significantly positively correlated with yield and aboveground biomass of sweet potato. Soil pH was the main factor that drives the change of soil microbial abundance and soil enzyme activities. Therefore, long-term combined with organic and inorganic fertilization has achieved a good efficiency on increasing sweet potato yield and improving soil biological properties through increasing soil nutrients, organic carbon content as well as influencing soil pH. Among all the fertilization treatments as we selected, chemical fertilizers plus pig manure had the best effect on enriching the soil fertility and improving crop production.

Keywords: organic fertilization; yield; microbial abundance; enzyme activity

化肥在农业生产中发挥重要作用,其施入土壤对作物增产的贡献率很大。然而局部区域化肥的过量施用也引起潜在的环境问题,如土壤板结、酸化和生物性状下降等。土壤酸化抑制微生物的生长,并导致土壤微生物的丰度和群落结构发生变化[1],因此,应采取合适的施肥措施以缓解由单施化肥带来的环境问题。施用有机肥是农田施肥管理中重要的措施,一方面在提升土壤养分、有机碳水平以及恢复土壤微生物活性和多样性方面发挥重要作用,另一方面施用有机肥也改善土壤环境,能提高土壤综合生产力。

土壤酶主要由微生物和动植物活体合成和分泌,其中土壤蔗糖酶、脲酶、磷酸酶参与土壤碳、氮和磷的循环转化,与土壤营养元素的生物有效性密切相关[2]。土壤过氧化氢酶参与驱动土壤中过氧化物的分解与转化,其重要作用是消除土壤中过氧化物对土壤质量产生的不良影响。土壤微生物参与元素的生物地球化学循环,通过调控酶活性体现其对限制性养分的需求[3],土壤细菌、真菌、固氮菌和磷转化相关微生物在有机质的合成与分解、土壤氮、磷养分的循环转化以及植物养分利用过程中起着重要作用[4]。土壤酶和微生物作为土壤生物指标,其对环境的变化更为敏感。因此,加强探究土壤碳氮磷转化酶和微生物对不同(类)有机肥施用的响应,可为合理施用有机肥以提高土壤养分转化效率和维持土壤生物肥力提供依据。

由于有机肥原料和种类的差异,其施入土壤对土壤理化特性、土壤酶活性和土壤微生物的影响也不尽相同。长期施用稻草堆肥和腐熟厩肥均可提高土壤有机质,且有机质是影响土壤微生物动态变化的主要因素。钟书堂等[5]研究表明,施用生物有机肥明显增加土壤微生物的丰度;朱敏等[6]在姜黑土研究中表明,施用粪肥与化肥处理的土壤微生物丰度和酶活性显著提高;周崇峻等[7]研究表明,在不同作物生长发育时期施用半腐熟有机肥对土壤酶活性的影响不同,在作物生育初期降低土壤酶活性,而在后期提高酶活性;宋震震等[8]研究发现,冬小麦—夏玉米轮作体系下施用农家肥提高土壤碳氮磷循环转化相关酶活性,但降低了土壤过氧化氢酶活性;陶磊等[9]研究表明,与腐熟厩肥替代化肥比较,生物有机肥替代化肥对棉花土壤微生物丰度的影响明显不同,但对于土壤酶活性无显著差异。由于作物种类、土壤类型及环境因子不同,不同(类)有机肥料施入土壤后作用效果仍需进一步探讨。因此,本研究选取不同(类)有机肥料与化肥配合施用探究其对作物产量和土壤生物肥力的影响,旨在为作物增产增收和有效地维持土壤生物肥力选取合适的有机肥提供参考。

1　材料与方法

1.1　试验概况与设计

本研究选取的长期肥料定位试验点位于福建省莆田市秀屿区笏石镇东华村(25°19′4.31″N,119°05′9.10″E),该区属于亚热带海洋性季风气候,年均气温 16～21 ℃,年降水量 900～1 300 mm,土壤类型为灰赤沙土。供试土壤 pH 5.73,有机质含量 27.12 g/kg,全氮含量 1.72 g/kg,全磷含量 0.67 g/kg,全钾含量 12.53 g/kg,缓效钾含量 192.0 mg/kg,碱解氮含量 151.3 mg/kg,有效磷含量 15.6 mg/kg,速效钾含量 84.5 mg/kg。试验开始于 2007 年 3 月,试验采用随机区组设计,每个处理设置 3 次重复,试验小区间用水泥田埂隔开,每

个小区面积为 19.6 m^2，其中长为 4.9 m，宽为 4 m，中间隔离行的宽度为 0.3 m。种植方式为花生—甘薯轮作制度，其中甘薯品种为“红心薯 86 号”。试验共设置 5 个处理：(1)CK，空白对照；(2)NPK，单施化肥；(3)NPK＋SR，化肥＋稻草；(4)NPK＋M，化肥＋商品有机肥；(5)NPK＋P，化肥＋猪粪，其中 NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理中 30%的氮肥分别利用稻草、商品有机肥和猪粪替代。化学氮肥选用尿素(N 46%)，磷肥选用过磷酸钙(P_2O_5 12%)，钾肥选用氯化钾(K_2O 60%)；NPK＋SR 处理选取水稻秸秆(N，P_2O_5，K_2O 以干重计，其含量分别为 0.91%，0.13%和 1.89%)；NPK＋M 处理的有机肥选用福建农普科技公司生产的商品有机肥(N＋P_2O_5＋K_2O≥5%)；NPK＋P 处理选用当地的猪粪堆肥(N，P_2O_5，K_2O 以干重计，其含量分别为 0.38%，0.16%和 0.30%)。各处理的肥料施用量见表 1。

表 1 花生—甘薯轮作制各施肥处理的施肥量 单位：kg/667 m^2

处理	花生				甘薯			
	化肥			有机(类)肥料	化肥			有机(类)肥料
	N	P_2O_5	K_2O		N	P_2O_5	K_2O	
CK	0	0	0	0	0	0	0	0
NPK	5.0	4.0	6.0	0	12	4.0	15.0	0
NPK＋SR	3.3	3.8	2.5	183	8	3.4	6.7	440
NPK＋M	3.3	3.6	5.7	14	8	3.0	14.3	33.3
NPK＋P	3.3	3.3	4.7	439	8	2.3	11.8	1053

1.2 供试材料采集与处理

土壤样品采集于甘薯收获季，每个取样点选在 2 棵甘薯植株之间，去除表面干扰物后用耕作层土壤，深度为 0—20 cm，将采集的土芯经破碎混匀后运回实验室，该过程采用冰袋保鲜运输。将采集的土壤样品经过筛、挑根后分为 2 份：一部分保存风干后测定土壤理化性状和酶活性，另一部分保存在超低温冰箱中用于其他生物指标分析。

1.3 土壤 DNA 的提取及微生物的荧光定量 PCR 分析

土壤 DNA 提取：利用强力试剂盒(QIAGEN laboratories，Carlsbad，CA，Germany)参照其操作说明提取土壤样品中的总 DNA，将提取的样品进行超低温保存待测。

用于定量细菌 16S rRNA 基因的引物采用 347F 和 Bact531R[10]；真菌 18S rRNA 基因的定量采用中的引物[11]；固氮菌 *nifH* 基因的引物采用 polF 和 polR[12]；土壤 *phoD*(磷转化相关)微生物利用 *phoD*－F733/*phoD*－R1083 分别进行 PCR 扩增[13]。使用 ABI 7500 定量 PCR 系统以 TB green 作为荧光染料进行荧光定量 PCR。将 DNA 样品稀释至 10 ng/mL 的浓度，并设置 3 个重复在 96 孔 PCR 板上进行反应，包括对照、标准样品和待测样品。用靶基因克隆培养标准曲线，并逐步提取质粒并从 10^8 copies/mL 的浓度稀释为 10 copies/mL。定量 PCR 反应体系为 25 μL (TliRNaseH Plus) (TaKaRa)：TB© Premix Ex Taq (2×) 12.5 μL，ROX reference Dye II (50×) 0.5 μL，前端引物 1 μL，末端引物 1 μL，DNA 模板 1.0 μL，ddH_2O 9 μL。反应步骤为：95 ℃ 30 s，95 ℃ 5 s，60 ℃ 34 s，返回步骤 2，40 个循环；95 ℃ 30 s。扩增产物为单个熔融峰，并且通过凝胶电泳仅检测到 1 个条带，其质量浓度为 20 g/L。

1.4 土壤酶活性的测定

采用磷酸苯二钠比色法测定土壤酸性磷酸酶(acid phosphatase，ACP)和碱性磷酸酶(alkaline phosphatase，ALP)；用靛酚蓝比色法测定土壤脲酶；土壤蔗糖酶通过 3，5—二硝基水杨酸比色法测定；采用紫外分光光度法测定土壤过氧化氢酶(catalase)活性[14]。土壤测定酶活性的几何平均值(GMea，the geometric mean of the assayed enzyme activities)被作为评价土壤质量的指示[15]。

$$GMea=(ACP\times ALP\times Invertase\times Urease\times Catalase)^{1/5}$$

1.5 土壤理化性质的测定

土壤理化性状按常规方法测定，测定土壤 pH，所用水土比为 2.5∶1；土壤有机质采用(soil organic matter，SOM)重铬酸钾外加热法测定；土壤全氮(total N，TN)经浓硫酸配合催化剂消煮后采用凯氏定氮法测定；土壤有效磷(available P，AP)采用钼蓝比色法测定；土壤速效钾采用火焰光度法测定；土壤有效氮(available N，AN)采用碱解扩散法测定[16]。

1.6 统计分析

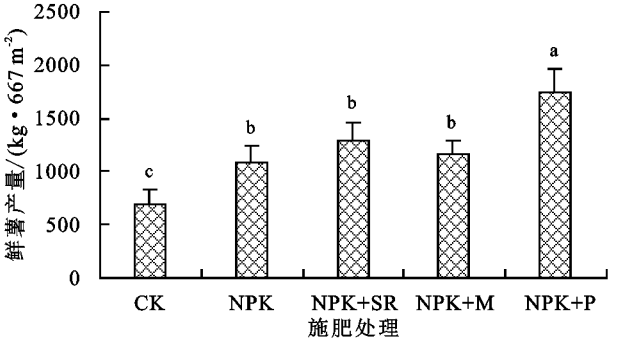
数据统计分析在 SPSS 20 软件中完成，利用单因素方差分析结合 Tukey’s－b 检验多处理间均值的显著性，图像可视化利用 Excel 完成，Pearson 相关性在 SPSS 25.0 软件中完成，主成分分析在 Origin 2018 软件中进行。

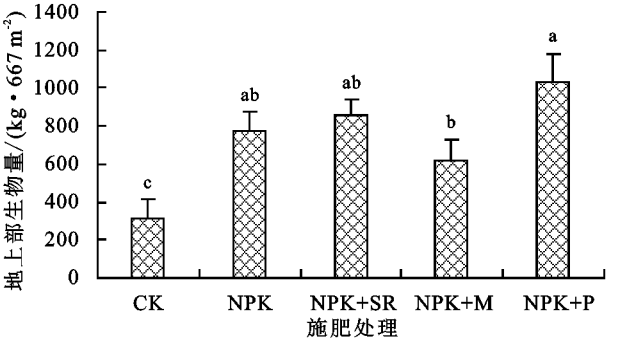
2 结果与分析

2.1 不同施肥处理对鲜薯产量和地上部生物量的影响

从图 1 可以看出，与 CK 相比，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理显著增加鲜薯产量，其增幅分

别为 56.90%，86.61%，68.20%和 152.72%（$P<0.05$）；对于甘薯地上部生物量，与 CK 比较，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理分别增加 146.30%，174.07%，98.15%和 229.63%，且均达到显著水平（$P<0.05$）。综上，施肥显著增加鲜薯产量和地上部生物量，其中猪粪与化肥配合施用的效果最好。





注：不同字母表示在 $P<0.05$ 水平上差异显著。下同。

图 1　不同施肥处理的鲜薯产量和地上部生物量

2.2　不同施肥处理对土壤理化性质的影响

从表 2 可以看出，与 CK 相比，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理显著降低土壤 pH（$P<0.05$），其降幅分别为 2.27，1.91，2.17 和 0.44；NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理显著提高有机质、全氮、有效氮和有效磷（$P<0.05$），有机质含量分别增加 23.47%，37.50%，22.53%和 65.88%，全氮含量分别增加 39.45%，40.77%，28.20%和 84.33%；此外，NPK＋SR 和 NPK＋P 处理的土壤有效氮含量显著高于 NPK 和 NPK＋M 处理（$P<0.05$），NPK＋P 处理的土壤速效钾含量显著高于 NPK、NPK＋SR 和 NPK＋M 处理（$P<0.05$）。

综上，施肥显著促进土壤酸化，其中猪粪与化肥配合施用能有效减缓土壤酸化；施肥通过提高土壤有机质和丰富土壤养分，显著改善土壤肥力，其中猪粪与化肥配合施用效果最好。

表 2　不同施肥处理的土壤理化性质

处理	pH	有机质/（g·kg⁻¹）	全氮/（g·kg⁻¹）	有效氮/（mg·kg⁻¹）	有效磷/（mg·kg⁻¹）	速效钾/（mg·kg⁻¹）
CK	6.85±0.03a	21.82±0.12d	1.22±0.13c	62.39±6.85c	8.73±1.12c	32.00±1.73d
NPK	4.58±0.02e	26.93±0.72c	1.70±0.05b	80.50±6.85b	78.23±2.09ab	44.67±0.58c
NPK＋SR	4.94±0.02c	30.00±0.86b	1.72±0.04b	102.64±3.29a	59.56±8.64b	92.00±1.73b
NPK＋M	4.68±0.02d	26.73±0.41c	1.56±0.03b	82.01±2.31b	57.05±6.97b	51.00±3.46c
NPK＋P	6.41±0.03b	36.19±1.47a	2.25±0.07a	102.64±5.23a	10.20±24.75a	170.67±8.14a

2.3　不同施肥处理对土壤微生物丰度的影响

由图 2 可知，土壤细菌、真菌、固氮菌和活化有机磷的微生物每克土的基因拷贝数变化范围分别为 $3.16\times10^9\sim1.58\times10^{10}$，$1.0\times10^8\sim3.16\times10^8$，$1.99\times10^5\sim3.16\times10^6$ 和 $1.0\times10^5\sim3.16\times10^6$。与 CK 相比，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理的土壤细菌丰度均有所下降，其中 NPK 和 NPK＋SR 处理达到显著水平（$P<0.05$），其丰度在 NPK 处理中最低。土壤真菌丰度在 NPK 处理中显著低于 CK 处理（$P<0.05$），而 NPK＋M、NPK＋SR 和 NPK＋P 与 CK 处理比较差异不显著。与 CK 比较，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理均显著降低土壤固氮菌丰度（$P<0.05$），其中 NPK＋M 和 NPK＋P 处理的固氮菌丰度显著高于 NPK 和 NPK＋SR 处理。与 CK 比较，NPK、NPK＋SR 和 NPK＋M 处理显著降低土壤 *phoD* 微生物（有机磷活化）的丰度（$P<0.05$），NPK＋P 处理也降低 *phoD* 微生物的丰度，但差异不显著。综上，单施化肥显著抑制土壤细菌、真菌、*phoD* 微生物和固氮菌的丰度，添加有机类肥料能缓解对土壤细菌、*phoD* 微生物和固氮菌的抑制作用，其中猪粪与化肥配合施用效果最好。

2.4　不同施肥处理对土壤酶活性的影响

不同施肥处理的土壤酶活性见图 3。与 CK 比较，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 处理增加土壤酸性磷酸酶活性，NPK＋SR 和 NPK＋P 处理达到显著水平（$P<0.05$）；与 CK 相比，NPK、NPK＋SR 和 NPK＋M 明显降低土壤碱性磷酸酶活性，其活性分别降低 7.94，1.85，6.14 倍，而 NPK＋P 处理显著提高土壤碱性磷酸酶活性，其活性增加 0.49 倍；与 CK 相比，NPK、NPK＋SR、NPK＋M 和 NPK＋P 的土壤蔗糖酶活性分别降低 3.87，4.67，3.55，0.05 倍，其中 NPK＋P 未达到显著水平；对于土壤脲酶，

与 CK 相比，NPK、NPK＋SR 和 NPKM 处理增加其活性，NPK＋SR 处理达到显著水平，而 NPK＋P 处理显著降低其活性；与 CK 比较，NPK＋SR 和 NPK＋P 处理增加土壤过氧化氢酶活性，NPK 和 NPK＋M 处理降低土壤过氧化氢酶活性，其中 NPKM 和 NPK＋P 达到显著水平；与 CK 比较，NPK、NPK＋SR 和 NPK＋M 显著降低土壤酶活性的加权平均值（GMea），而 NPK＋P 处理有轻微提高，但差异不显著。此外，在相同处理中土壤酸性磷酸酶活性高于土壤碱性磷酸酶活性。

综上，施肥显著影响土壤酶活性，其中化肥与猪粪配合施用显著降低土壤脲酶的活性，但也显著增加土壤酸性磷酸酶、碱性磷酸酶、蔗糖酶、过氧化氢酶和 GMea 的值。

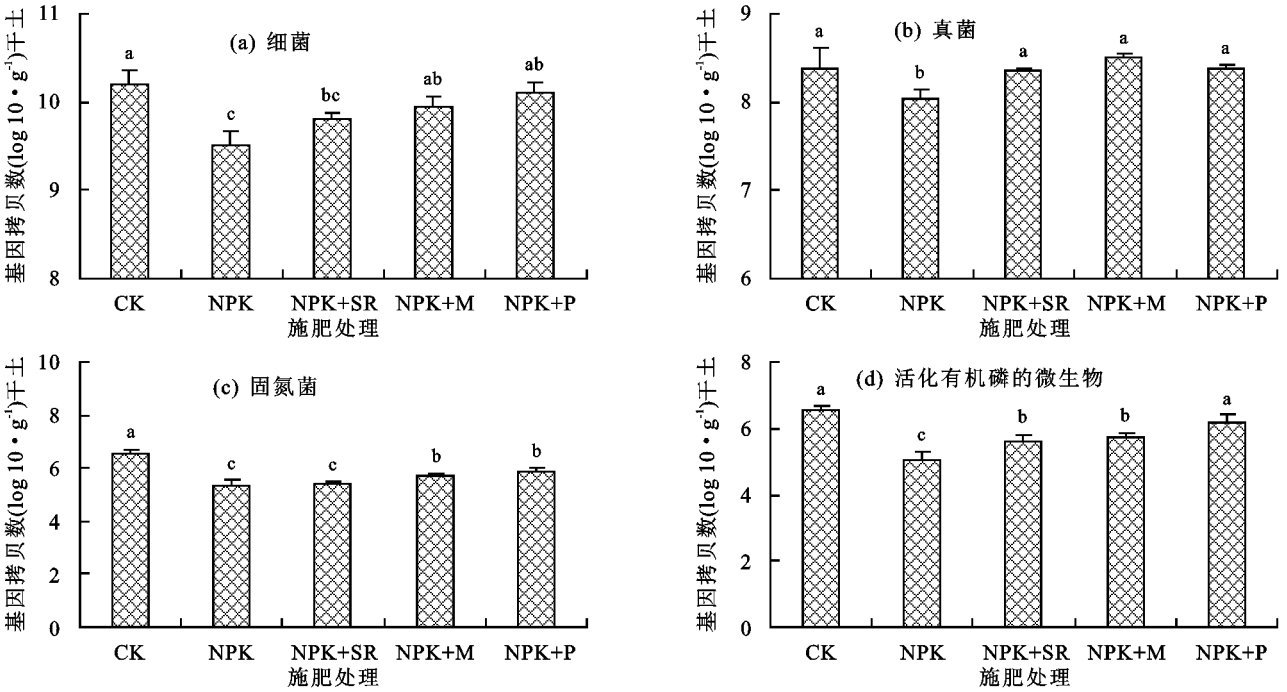


图 2 不同施肥处理的土壤微生物丰度

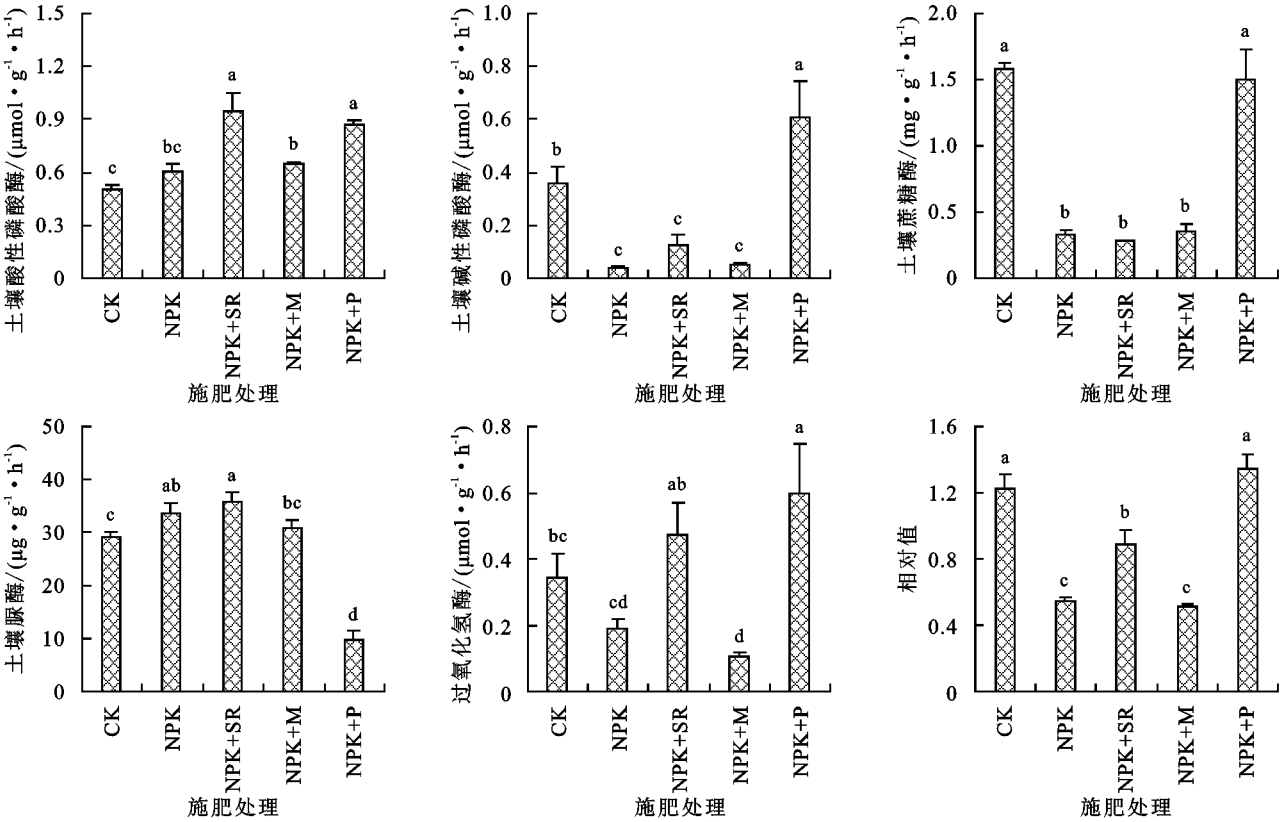


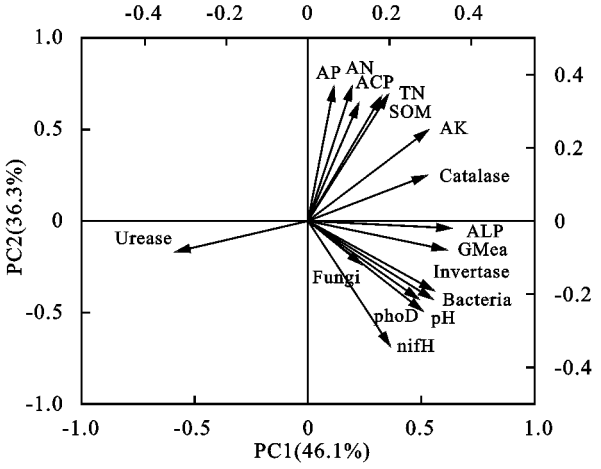
图 3 不同施肥处理的土壤酶活性

2.5　土壤理化性质与土壤微生物丰度和土壤酶活性主成分分析

对土壤理化性质与土壤微生物丰度和土壤酶活性进行主成分分析（图 4），横轴为第 1 主成分，纵轴为第 2 主成分。

土壤理化性质如土壤 pH、SOM、TN、AN、AP 和 AK 均与第 1 主成分呈负相关；土壤酶如蔗糖酶、过氧化氢酶、碱性磷酸酶、酸性磷酸酶和 GMea 均与第 1 主成分呈负相关，脲酶与第 1 主成分呈正相关；土壤微生物如细菌、真菌、固氮菌和 *phoD* 微生物均与第 1 主成分呈负相关。土壤养分因子如 SOM、TN、AN、AP 和 AK 均与第 2 主成分呈负相关，土壤 pH 与第 2 主成分呈正相关；土壤微生物如细菌、真菌、固氮菌和 *phoD* 微生物均与第 2 主成分呈正相关；土壤酶如蔗糖酶、碱性磷酸酶和 GMea 与第 2 主成分呈正相关，过氧化氢酶、酸性磷酸酶与第 2 主成分呈负相关。

从箭头连线夹角所示，土壤细菌、真菌、固氮菌和 *phoD* 微生物与 pH 的相关性强于土壤养分如 SOM、TN、AN、AP 和 AK，土壤细菌、真菌和 *phoD* 微生物的相关性强于固氮菌，土壤 pH 与蔗糖酶、碱性磷酸酶和 GMea 的相关性较强，土壤过氧化氢酶与 AK 的相关性较强，土壤酸性磷酸酶与土壤 SOM、TN、AN 和 AP 的相关性较强。



注：Bacteria 为细菌；Fungi 为真菌；nifH 为固氮菌；phoD 为磷转化相关微生物。

图 4　土壤理化性质与土壤微生物丰度和土壤酶活性的主成分分析

2.6　鲜薯产量和地上部生物量与土壤理化性质、酶活性和微生物丰度相关性分析

由表 3 可知，鲜薯产量与土壤速效钾、有效磷、全氮、有机质、有效氮和土壤过氧化氢酶、酸性磷酸酶呈显著正相关，与土壤脲酶呈显著负相关；甘薯地上部生物量与土壤速效钾、有效磷、有机质、全氮、有效氮和土壤酸性磷酸酶呈显著正相关，与土壤固氮菌呈显著负相关。以上结果表明，鲜薯产量和甘薯地上部生物量与土壤速效钾、有效磷、全氮、有机质、有效氮和土壤酸性磷酸酶关系较为密切；此外，鲜薯产量与土壤过氧化氢酶和脲酶，甘薯地上部生物量与土壤固氮菌呈显著相关。

土壤细菌、真菌、固氮菌和 *phoD* 微生物丰度与土壤 pH 呈显著正相关，土壤固氮菌丰度与土壤有效磷和有效氮含量呈显著负相关；土壤碱性磷酸酶活性和土壤酶活性的加权平均值（GMea）与土壤 pH 呈显著正相关，土壤酸性磷酸酶活性与土壤速效钾、有效磷、有机质、全氮和有效氮含量呈显著正相关，土壤过氧化氢酶活性与土壤 pH、有机质、全氮和有效氮含量呈显著正相关，土壤脲酶活性与土壤 pH 和土壤速效钾、有机质和全氮含量显著负相关，土壤蔗糖酶活性与土壤 pH 呈显著正相关。综上，土壤细菌、真菌和 *phoD* 微生物丰度与土壤 pH 的关系优于与土壤有机质和土壤养分间的关系，土壤有机质、土壤养分和土壤 pH 与土壤固氮菌丰度均存在紧密的关系，土壤碱性磷酸酶、蔗糖酶和 GMea 与土壤 pH 的关系较为紧密，其次是土壤酸性磷酸酶与土壤有机质和土壤养分间的关系，土壤过氧化氢酶和脲酶受到土壤 pH、土壤有机质和土壤养分的共同影响。

3　讨 论

3.1　不同施肥处理对鲜薯产量和地上部生物量的影响

本研究中，鲜薯产量和地上部生物量在不同施肥处理下存在明显差异。研究结果表明，施肥显著提高鲜薯产量和地上部生物量，其中化肥配施猪粪的效果最佳，化肥配施稻草的效果次之。化肥配施有机肥提高了土壤养分如土壤全氮和速效养分，当土壤养分含量较高时足以满足作物生长需求，作物根系生长旺盛则有助于提高其养分利用率及养分输送能力，从而促进增产。魏猛等[17]研究表明，化肥配施猪粪可有效保持土壤养分均衡，通过提高土壤全氮及速效养分对黄潮土区小麦的增产效果较佳；郁洁等[18]研究表明，与化肥配施稻草比较，长期猪粪堆肥配施化肥通过提高土壤氮素营养对小麦增产效果最佳。另外，有机无机肥配施不仅弥补了单施化肥的土壤养分不足，也解决了土壤有机质水平偏低的问题[19]，土壤有机质含量也是制约作物产量的重要因素之一。本研究结果表明，与不施肥比较，施肥显著提高土壤有机质含量，且土壤有机质与作物产量呈显著正相关。因此，土壤碳源充足在作物产量及地上部生物量的提高也具有重要意义。本研究中，施用不同有机肥料比较，化肥配施猪粪对土壤有机质提升的效果最好，且鲜薯产量和地上部生物量达到最高。这与前人[20]研究结果相

同，与单施化肥和单施有机肥比较，化肥和猪粪配施是甘薯高产的最佳施肥方式。张秀芝等[21]研究表明，长期有机无机肥配施显著提高土壤有机碳含量，土壤有机碳达到一定水平后才能提高作物产量。因此，作物产量受土壤养分含量和土壤有机质含量的共同影响。不同有机肥料施入土壤的作用效果存在差异，本研究中与化肥配施稻草和化肥配施商品有机肥比较，化肥配施猪粪对于增产效果最佳。值得注意的是，本研究中化肥配施商品有机肥的甘薯产量和地上部生物量与单施化肥比较无显著差异，原因可能是商品有机肥中供给植物或微生物可直接吸收利用的养分和有机碳含量较低，其施入土壤后土壤 pH 降幅较大，土壤环境受到扰动，且其释放的可利用养分和有机碳含量与化肥比较无显著差异(表 2)。

表 3 鲜薯产量和地上部生物量与土壤理化性质、土壤酶活性和土壤微生物丰度的关系

项目	SOM	AN	TN	pH	AP	AK	产量	地上部生物量	细菌	真菌	固氮菌	phoD	酸性磷酸酶	碱性磷酸酶	蔗糖酶	脲酶	过氧化氢酶	酶活性平均值
SOM	1	0.865**	0.954**	0.001	0.824**	0.952**	0.891**	0.860**	−0.020	0.011	−0.380	−0.080	0.799**	0.468	0.076	−0.660	0.564*	0.297
AN		1	0.760**	−0.240	0.726**	0.793**	0.840**	0.824**	−0.170	−0.010	−0.545*	−0.240	0.921**	0.179	−0.240	−0.320	0.568*	0.118
TN			1	−0.030	0.867**	0.897**	0.860**	0.882**	−0.050	−0.050	−0.400	−0.130	0.685**	0.442	0.068	0.676**	0.515*	0.230
pH				1	−0.310	0.280	−0.060	−0.250	0.765**	0.260	0.851**	0.878**	−0.140	0.841**	0.972**	−0.602*	0.533*	0.916**
AP					1	0.687**	0.833**	0.831**	−0.290	−0.250	−0.572*	−0.380	0.523*	0.091	−0.230	−0.480	0.303	−0.110
AK						1	0.857**	0.756**	0.244	0.135	−0.110	0.204	0.757**	0.679**	0.331	0.795**	0.740**	0.551*
产量							1	0.880**	0.020	0.076	−0.380	−0.080	0.734**	0.373	−0.020	−0.640*	0.589*	0.214
地上部生物量								1	−0.290	−0.120	−0.634*	−0.370	0.771**	0.238	−0.190	−0.430	0.497	0.078
细菌									1	0.720**	0.848**	0.960**	−0.080	0.597*	0.715**	−0.529*	0.385	0.641*
真菌										1	0.430	0.580*	0.137	0.189	0.210	−0.190	0.070	0.199
固氮菌											1	0.917**	−0.480	0.522*	0.807**	−0.340	0.155	0.608*
phoD												1	−0.150	0.665**	0.815**	−0.516*	0.434	0.745**
ACP													1	0.233	−0.170	−0.240	0.600*	0.231
ALP														1	0.892**	0.856**	0.687**	0.929**
蔗糖酶															1	0.693**	0.464	0.890**
脲酶																1	−0.579*	0.666**
过氧化氢酶																	1	0.775**
酶活性平均值																		1

注：*、**分别表示在 $P<0.05$ 和 $P<0.01$ 水平上显著相关。

3.2 不同施肥处理对土壤微生物丰度和酶活性的影响

已有研究[22]表明，单施化肥虽显著提高作物产量，但同时也为土壤微生态环境带来负面效应，而有机无机肥配施既能稳定土壤生产力，又通过改善土壤生物性状缓解由单施化肥造成的负面影响。本研究中，长期单施化肥显著抑制土壤细菌、真菌、*phoD* 微生物以及固氮菌的相对丰度，而有机无机肥配施可缓解对土壤微生物丰度的抑制作用。Wang 等[23]研究表明，长期施用化肥导致土壤微生物丰度和多样性下降，而有机无机肥配施的微生物多样性和丰富度有所升高，这与本研究结果相一致。也有研究[24]表明，不施肥和施用化肥对土壤微生物丰度无显著差异，而有机无机肥配施可明显提高土壤微生物的相对丰度。以上结果不同的原因可能是土壤微生物丰度的变化与土壤酸碱性密切相关，土壤微生物对土壤 pH 的变化异常敏感，单施化肥显著降低土壤 pH，导致土壤酸化程度加重，进而降低土壤细菌、真菌及养分转化相关微生物的丰度，而施用有机肥有利于缓解土壤 pH 下降。Ye 等[25]研究表明，施用有机无机肥可以提高土壤肥效与耐酸性，因此，有机无机肥配施可缓解土壤微生物丰度的下降。本研究还发现，化肥配施不同有机肥料对于缓解微生物丰度下降的作用效果不同，与化肥配施稻草和有机无机复混肥比较，化肥配施猪粪的效果最佳，这可能与有机肥料的种类及其施入土壤后的作用效果不同有关。Sun 等[26]研究表明，化肥加畜禽粪便的土壤微生物丰度高于化肥加小麦秸秆；柳开楼等[27]研究表明，不同有机肥料均显著降低土壤 pH，其中猪粪和化肥配施土壤 pH 降低幅度较小。因此，选取合适的有机无机肥是缓解土壤微生物丰度下降的重要措施，本研究中化肥配施猪粪效果较好。

土壤酶作为表征土壤生态功能的重要指标，由于单一酶活性无法进行适当估计，因此通过计算土壤酶的加权平均值以综合表征土壤酶的总体活性。本研究结果表明，施用化肥和有机无机肥配施对土壤酶活性的影响明显不同，且不同有机肥料对土壤酶活性的影响也存在差异。与不施肥比较，单施化肥、化肥配施稻草及施用有机无机复混肥均显著降低土壤酶活性，而化肥配施猪粪可提高土壤酶活性，这与沈冰涛等[28]研究结果一致。另外，本研究中施用不同(类)

有机肥料的土壤单一酶活性比较，化肥配施猪粪的土壤脲酶活性显著低于化肥配施稻草和有机无机复混肥，但化肥配施猪粪明显提高土壤碱性磷酸酶、蔗糖酶和过氧化氢酶活性。在提高土壤脲酶方面，施用腐熟厩肥（猪粪）的效果优于化肥配施玉米秸秆，而在提高土壤酸性磷酸酶和过氧化氢酶活性方面，化肥配施玉米秸秆的效优好于腐熟厩肥。以上结果不同原因可能是不同种类有机肥料输入土壤的作用效果不同，秸秆配施化肥输入土壤可明显提高土壤碳氮比，从而加快氮素转化，表现为脲酶活性显著提高。而秸秆和猪粪分别配施化肥施入土壤后养分的释放速率可能存在差异，因此养分转化相关酶活性不同。总之，有机无机肥配施有利于缓解单施化肥造成的土壤酶活性下降，而不同（类）有机肥料对不同酶的作用效果不同。

3.3　鲜薯产量和地上部生物量与土壤理化性质、土壤微生物丰度和酶活性的关系

本研究中，土壤理化性状和生物性状共同影响鲜薯产量和地上部生物量。土壤全氮、有效氮、有效磷、有效钾以及土壤有机质含量与鲜薯产量和地上部生物量呈显著正相关，土壤养分和土壤有机碳的提高直接影响鲜薯产量和地上部生物量。柯蓓[29]研究表明，土壤养分含量的提高促进了甘薯增产及其经济效益。另外，土壤酸性磷酸酶和过氧化氢酶也与产量呈显著正相关。土壤酸性磷酸酶通过转化土壤有机磷提高土壤磷的有效性，以满足甘薯生长发育需求。而土壤过氧化氢酶有效地清除有害物质对生物体的破坏，从而维持作物良好的生长环境。土壤理化性质也可通过影响土壤微生物丰度和酶活性间接影响鲜薯产量及地上部生物量。土壤 pH 与土壤细菌、真菌、*phoD* 微生物以及固氮菌的相对丰度呈显著正相关，而土壤固氮菌的丰度与鲜薯地上部生物量呈显著正相关，固氮菌参与土壤氮素循环过程，促进作物生长，作物根系发育良好有利于养分吸收，从而提高地上部生物量。值得注意的是，本研究中，土壤脲酶活性与土壤理化性质和鲜薯产量呈显著负相关，而有研究[30]结果表明，土壤脲酶与土壤有机质、全氮、速效氮及作物产量呈显著正相关。其重要原因可能是土壤脲酶活性除了受土壤理化性质影响外，还可能随施肥量、施肥种类和作物生长期的变化而变化，土壤脲酶活性与作物需肥规律有一定的协调性，如甘薯收获期干物质积累到达平稳状态，从而对氮素的需求量较少。因此，甘薯成熟期的土壤脲酶活性有所下降。

4　结 论

（1）花生—甘薯轮作系统中，施肥一方面提高土壤养分和有机质含量，显著增加鲜薯产量和地上部生物量；另一方面，降低土壤 pH 引起土壤酸化显著影响土壤生物性状。

（2）单施化肥虽显著提高鲜薯产量但抑制土壤细菌、真菌、固氮菌和 *phoD* 微生物的丰度；不同（类）有机肥料与化肥配施有效地缓解单施化肥对土壤微生物丰度的抑制作用，本研究中化肥配施猪粪效果最佳。

（3）单施化肥、化肥配施稻草和化肥配施商品有机肥均显著降低土壤酶的总体活性，化肥配施猪粪有利于提高土壤酶的总体活性，但土壤脲酶活性显著下降。

（4）综上所述，化肥配施不同（类）有机肥料中，化肥配施猪粪对于甘薯增产和提高土壤生物肥力的效果最佳。

参考文献：

[1]　梁国华，李荣华，丘清燕，等.南亚热带两种优势树种叶凋落物分解对模拟酸雨的响应[J].生态学报，2014，34(20)：5728-5735.

[2]　刘佳欢，王倩，罗人杰，等.黄腐酸肥料对小麦根际土壤微生物多样性和酶活性的影响[J].植物营养与肥料学报，2019，25(10)：1808-1816.

[3]　潘根兴，陆海飞，李恋卿，等.土壤碳固定与生物活性：面向可持续土壤管理的新前沿[J].地球科学进展，2015，30(8)：940-951.

[4]　于伟伟，陈媛媛，汪旭明，等.硬化地表对不同树种土壤微生物群落结构和功能的影响[J].生态学报，2019，39(10)：3575-3585.

[5]　钟书堂，沈宗专，孙逸飞，等.生物有机肥对连作蕉园香蕉生产和土壤可培养微生物区系的影响[J].应用生态学报，2015，26(2)：481-489.

[6]　朱敏，郭志彬，曹承富，等.不同施肥模式对砂姜黑土微生物群落丰度和土壤酶活性的影响[J].核农学报，2014，28(9)：1693-170.

[7]　周崇峻，李凤巧，李明静，等.有机肥和化肥配施对温室黄瓜土壤酶活性的影响[J].沈阳农业大学学报，2013，44(5)：634-638.

[8]　宋震震，李絮花，李娟，等.有机肥和化肥长期施用对土壤活性有机氮组分及酶活性的影响[J].植物营养与肥料学报，2014，20(3)：525-533.

[9]　陶磊，褚贵新，刘涛等.有机肥替代部分化肥对长期连作棉田产量、土壤微生物数量及酶活性的影响[J].生态学报，2014，34(21)：6137-6146.

[10]　Carlos W N, William E O, et al. Design of 16S rRNA gene primers for 454 pyrosequencing of the human foregut microbiome[J].World Journal of Gastroenterology，2010，16(33)：4135-4144.

[11]　Fierer N, Jackson J A, Vilgalys R, et al. Assessment of soil microbial community structure by use of taxon-specifific quantitative PCR assays[J].Applied and Environmental Microbiology，2005，30(4)：4117-4120.

[12]　Poly F, Monrozier L J, Bally R. Improvement in the RFLP procedure for studying the diversity of nifH

genes in communities of nitrogen fxers in soil[J].Research in Microbiology,2001,152:95-103.

[13] Ragot S, Kertesz M, Bünemann E. *phoD* alkaline phosphatase gene diversity in soil[J].Applied and Environmental Microbiology,2015,81(20):7281-7289.

[14] 关松荫.土壤酶及其研究法[M].北京:农业出版社,1986.

[15] Roberto G R, Victoria O, Hinojosa M B, et al. Suitability of enzyme activities for the monitoring of soil quality improvement in organic agricultural systems[J].Soil Biology and Biochemistry,2008,40(9):2137-2145.

[16] 鲍士旦.土壤农化分析[M].北京:中国农业出版社,2000.

[17] 魏猛,张爱君,诸葛玉平,等.长期不同施肥对黄潮土区冬小麦产量及土壤养分的影响[J].植物营养与肥料学报,2017,23(2):304-312.

[18] 郁洁,蒋益,徐春淼,等.不同有机物及其堆肥与化肥配施对小麦生长及氮素吸收的影响[J].植物营养与肥料学报,2012,18(6):1293-1302.

[19] 袁嫚嫚,邬刚,胡润,等.秸秆还田配施化肥对稻油轮作土壤有机碳组分及产量影响[J].植物营养与肥料学报,2017,23(1):27-35.

[20] 魏猛,张爱君,诸葛玉平,等.长期施肥下甘薯产量稳定性及品质特性研究[J].西北农业学报,2017,26(4):588-595.

[21] 张秀芝,高洪军,彭畅,等.长期有机培肥黑土有机碳、全氮及玉米产量稳定性的变化特征[J].植物营养与肥料学报,2019,25(9):1473-1481.

[22] 赵帅翔,张卫峰,姜远茂,等.黄土高原苹果过量施氮因素分析[J].植物营养与肥料学报,2017,23(2):484-491.

[23] Wang Q F, Jiang X, Guan D W, et al. Long-term fertilization changes bacterial diversity and bacterial communities in the maize rhizosphere of Chinese Mollisols[J].Applied Soil Ecology,2018,125:88-96.

[24] Hu X J, Liu J J, Wei D, et al. Soil Bacterial communities under different long-term fertilization regimes in three locations across the black soil region of northeast China[J].Pedosphere,2018,28(5):751-763.

[25] Ye G, Lin Y, Liu D, et al. Long-term application of manure over plant residues mitigates acidification, builds soil organic carbon and shifts prokaryotic diversity in acidic ultisols[J].Applied Soil Ecology,2019,133:24-33.

[26] Sun R, Zhang X X, Guo X, et al. Bacterial diversity in soils subjected to long-term chemical fertilization can be more stably maintained with the addition of livestock manure than wheat straw[J].Soil Biology and Biochemistry,2015,88:9-18.

[27] 柳开楼,李大明,黄庆海,等.红壤稻田长期施用猪粪的生态效益及承载力评估[J].中国农业科学,2014,47(2):303-313.

[28] 沈冰涛,张孝倩,陈红,等.有机肥替代化肥对小麦产量及土壤养分和酶活性的影响[J].长江大学学报(自然科学版),2019,16(5):46-52.

[29] 柯蓓.有机肥替代部分化肥对甘薯产量及土壤养分含量的影响[J].福建农业科技,2019(9):67-70.

[30] 赵鹏,陈阜,李莉.秸秆还田对冬小麦农田土壤无机氮和土壤脲酶的影响[J].华北农学报,2010,25(3):165-169.

(上接第 183 页)

[21] 严登华,王刚,金鑫,等.滦河流域不同土地利用类型土壤微生物量 C、TN、TP 垂直分异规律及其影响因子研究[J].生态环境学报,2010,19(8):1844-1849.

[22] Woloszczyk P, Fiencke C, Elsner D C, et al. Spatial and temporal patterns in soil organic carbon, microbial biomass and activity under different land-use types in a long-term soil-monitoring network[J/OL].Pedobiologia,2020,80:150642. https://doi.org/10.1016/j.pedobi.2020.150642.

[23] 元炳成.紫花苜蓿改良盐渍土对土壤微生物活性和养分含量的影响[J].生态环境学报,2011,20(3):415-419.

[24] 贾国梅,牛俊涛,席颖.三峡库区消落带湿地土壤有机碳及其组分特征[J].土壤,2015,47(5):926-931.

[25] 乐艺,张晓雅,高俊琴,等.模拟干湿交替对若尔盖高寒湿地土壤呼吸及可溶性碳氮稳定性的影响[J].水土保持研究,2020,27(1):81-87.

[26] Qualls R G. Comparison of the behavior of soluble organic and inorganic nutrients in forest soils[J].Forest Ecology and Management,2000,138(1/3):29-50.

[27] 杨合龙,孙宗玖,范燕敏,等.短期放牧对昭苏草甸草原土壤活性有机碳组分的影响[J].草业科学,2013,30(12):1926-1932.

[28] 方华军,杨学明,张晓平,等.东北黑土区坡耕地表层土壤颗粒有机碳和团聚体结合碳的空间分布[J].生态学报,2006,26(9):2847-2854.

[29] 贺秀斌,鲍玉海.三峡水库消落带土壤侵蚀与生态重建研究进展[J].中国水土保持科学,2019,17(4):160-168.

[30] 刘梦云,常庆瑞,齐雁冰,等.黄土台塬不同土地利用土壤有机碳与颗粒有机碳[J].自然资源学报,2010,25(2):218-226.