

DOI:10.13870/j.cnki.stbxb.2025.01.004

CSTR:32310.14.stbxb.2025.01.004

朱君康, 叶桂萍, 丁维新, 等. 有机替代和团聚化对红壤微型动物群落的影响[J]. 水土保持学报, 2025, 39(1):

ZHU Junkang, YE Guiping, DING Weixin, et al. Effects of organic fertilizer substitution and aggregation on microfauna communities in a red soil [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2025, 39(1):

有机替代和团聚化对红壤微型动物群落的影响

朱君康^{1,2}, 叶桂萍^{3,5}, 丁维新⁴, 樊剑波⁴, 吴冰雪^{1,2}, 贺纪正^{1,2}, 林永新^{1,2}

(1. 湿润亚热带山地生态国家重点实验室培育基地, 福州 350117;

2. 福建师范大学地理科学学院, 福州 350117; 3. 福建省植物营养与化肥重点实验室, 福州 350013;

4. 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008; 5. 闽江学院地理与海洋学院, 福州 350108)

摘要: [目的] 红壤是我国南方典型的地带性土壤, 有机替代是改善红壤理化性质的重要途径。为探究不同有机替代方式和团聚化过程对红壤微型动物群落的影响。[方法] 采集单施无机氮磷钾 (NPK) 肥 (I)、NPK+花生秸秆 (IPS)、NPK+水稻秸秆 (IRS)、NPK+萝卜菜 (IR) 和 NPK+猪粪 (IPM) 5 种长期施肥处理土壤, 对土壤进行团聚体分级, 利用高通量测序测定团聚体中微型动物群落。[结果] 与 I 相比, IPM 和 IRS 显著提高土壤有机质质量分数, 而 IPS 和 IR 的影响相对较小。IPM 还显著提高土壤 pH、总氮和速效磷质量分数。有机替代对土壤微型动物多样性无显著影响, 但显著影响其群落结构。线虫是旱地红壤质量分数最丰富的土壤微型动物, 在 I 处理中的相对丰度为 93.0%, IPM 和 IRS 分别显著降低其相对丰度至 62.2% 和 70.0%, 而 IPS 和 IR 的影响较小。团聚体粒径显著影响土壤微型动物 Shannon 和 Chao1 指数, 53~250、<53 μm 团聚体的多样性指数显著高于 250~2 000、>2 000 μm 团聚体, 表明粒径越小越有利于提高土壤微型动物多样性。团聚体粒径同样显著影响土壤微型动物群落结构, 但其影响程度弱于有机替代。[结论] 有机替代和团聚体粒径均可显著影响土壤微型动物群落, 猪粪和水稻秸秆的影响效果大于花生秸秆和萝卜菜, 而团聚化过程降低红壤微型动物多样性。

关键词: 有机肥; 酸性土壤; 团聚体; 土壤动物

中图分类号: S154.3

文献标识码: A

文章编号: 1009-2242-(2025)01-0000-00

Effects of Organic Fertilizer Substitution and Aggregation on Microfauna Communities in a Red Soil

ZHU Junkang^{1,2}, YE Guiping^{3,5}, DING Weixin⁴, FAN Jianbo⁴,

WU Bingxue^{1,2}, HE Jizheng^{1,2}, LIN Yongxin^{1,2}

(1. Cultivation Base of State Key Laboratory for Subtropical Mountain Ecology, Fuzhou 350117,

China; 2. School of Geographical Sciences, Fujian Normal University, Fuzhou 350117, China; 3. Fujian Key

Laboratory of Plant Nutrition and Fertilizer, Fuzhou 350013, China; 4. Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 5. College of Geography and Oceanography, Minjiang University, Fuzhou 350108, China)

Abstract: [Objective] Red soil is a typical soil in Southern China, and organic substitution is an important way to improve the physicochemical properties of red soil. This study aimed to explore the effects of different organic substitution materials and aggregation on the microfauna communities in a red soil. [Methods] Soil samples from five long-term fertilization treatments were collected, including application of inorganic nitrogen, phosphorus, and potassium (NPK) fertilizer alone (I), NPK+peanut straw (IPS), NPK+rice straw (IRS), NPK+radish (IR), and NPK+pig manure (IPM). Soil aggregates were fractionated, and high-throughput sequencing was used to determine the microfauna communities within the aggregates. [Results] Compared to I, IPM and IRS significantly increased soil organic matter content, while IPS and IR

收稿日期: 2024-07-26 修回日期: 2024-08-25 录用日期: 2024-09-22 网络首发日期 (www.cnki.net):

资助项目: 国家自然科学基金项目 (No.42377301); 福建省植物营养与化肥重点实验室开放资助项目 (No.2023PNFKL23); 鹰潭市学科带头人培养计划项目 (202202)

第一作者: 朱君康 (2000—), 男, 硕士研究生, 主要从事土壤生态学研究。E-mail: qsx20231177@student.fjnu.edu.cn

通信作者: 林永新 (1990—), 男, 研究员, 博士, 博士研究生导师, 主要从事土壤生态学研究。E-mail: yxlin@fjnu.edu.cn

<http://stbxb.alljournal.com.cn>

had relatively smaller effects; IPM also significantly increased soil pH, total nitrogen, and available phosphorus content. Organic substitution had no significant effect on the diversity of soil microfauna but significantly influenced their community structure. Nematodes were the most abundant soil microfauna in upland red soil, with a relative abundance of 93.0% in I; IPM and IRS significantly reduced their relative abundance to 62.2% and 70.0%, respectively, while IPS and IR had smaller effects. Aggregate size significantly affected the Shannon and Chaol indices of soil microfauna, with the diversity indices of the 53~250 μm and <53 μm aggregates significantly higher than those of the 250~2 000 μm and >2 000 μm aggregates, indicating that smaller particle sizes were more conducive to increasing soil microfauna diversity. Aggregate size also significantly affected soil microfauna community structure, but its impact was weaker than that of organic substitution. [Conclusion] Both organic substitution and aggregate size could significantly affect soil microfauna communities, with pig manure and rice straw having greater effects than peanut straw and radish. The aggregation process reduced microfauna diversity in red soil.

Keywords: organic fertilizer; acidic soil; aggregates; soil fauna

Received: 2024-07-26

Revised: 2024-08-25

Accepted: 2024-09-22

Online(www.cnki.net):

红壤是热带和亚热带地区重要的土壤资源,因风化和淋溶而面临着水土流失、土壤酸化、肥力低下等问题^[1]。不合理使用化肥加剧红壤质量的恶化。有研究^[2-3]发现,使用有机肥替代部分化肥能够增加土壤有机质,缓解土壤酸化,同时提高作物产量,是农业土壤可持续发展的重要途径。然而,不同有机肥替代效果不一,对土壤健康的影响不同,有待进一步筛选优化。有机替代对旱地红壤动物群落的影响尚不明确,制约有机替代效果的整体评估。

土壤动物是土壤健康的指示生物。其中,土壤微型动物(<2 mm)占据土壤微食物网的主要部分^[4]。其能直接或间接参与养分分解,并以运动的方式改变土壤孔隙大小^[5],还能通过捕食与被捕食调节土壤微食物网促进物质循环与能量流动,在红壤生态系统中具有不可或缺的作用^[4]。与自然生态系统相比,在农田、人工林等受人为因素影响较大的生态系统中,土壤动物对施肥响应更加强烈。有关施肥对土壤动物群落影响的全球 Meta 分析研究^[6]表明,施用有机肥使土壤动物丰度上升 56.3%,但对土壤动物多样性无显著影响。仅施无机肥则引起毒害作用和盐度效应,导致土壤干燥或酸化,从而降低土壤动物丰度^[7]。然而,目前有机替代对旱地红壤微型动物群落的影响研究仍较为匮乏,有待进一步研究。

有机替代除增加土壤养分外,还具有促进团聚化、增加大团聚体的质量比例、提高各粒级团聚体有机碳质量分数等作用^[8-9]。受团聚体内土壤养分、氧气扩散和孔隙大小的影响,不同粒级团聚体内土壤微型动物群落结构或有不同^[10-11]。施肥和团聚体大小均显著影响土壤微生物群落结构,但二者及其交互作用对土壤微型动物群落结构的影响尚不清楚。有

研究^[12]发现,有机替代改变土壤线虫群落结构,而团聚体大小对线虫群落无显著影响。尽管如此,由于相关研究较少,该结论仍有待进一步验证。深入探究有机替代和团聚化过程对土壤微型动物群落的影响对农田土壤的可持续发展至关重要。

基于此,依托中国科学院鹰潭红壤生态试验站长期有机替代的样地开展试验,利用花生秸秆、水稻秸秆、萝卜菜、猪粪替代 30.0% 的化学氮肥^[13],并与单施无机氮磷钾(NPK)肥进行比较。同时,利用湿筛法筛分土壤团聚体,对团聚体中土壤微型动物进行高通量测序,旨在阐明有机替代和团聚化过程及其交互作用对红壤微型动物群落的影响,对不同有机物料替代效果进行评估,为农业可持续发展提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验样地位于江西省鹰潭市中国科学院鹰潭红壤生态试验站(28°15'20"N,116°55'30"E)。长期有机替代的试验地建于 1988 年 4 月。该地区气候类型为亚热带季风气候,年平均降水量为 1 795 mm,年平均气温为 17.6 °C。土壤是由第四纪红色黏土发育而成的典型红壤,美国农业部分类为老成土。土壤黏粒、粉粒和砂粒体积分数分别为 41.2%、33.2%、25.6%。夏季花生单作,冬季休耕,每年花生播种日期在 4 月 10 日左右,作物间距为 20 cm,行间距为 30 cm,每孔播种 2 颗花生种子。

1.2 试验设计与土壤样品采集

采用随机区组法设置 5 个处理,3 个重复,共 15 块样地。每块样地面积为 36.4 m²,样地间有深度为 100 cm 的混凝土墙分隔。设置单施无机 NPK 肥(D)、NPK+花生秸秆(IPS)、NPK+水稻秸秆(IRS)、

NPK+萝卜菜(IR)和 NPK+猪粪(IPM)5 种施肥处理。其中,I 处理中,化肥的年施用量为 120 kg/hm² 的尿素、30 kg/hm² 的钙镁磷酸盐、90 kg/hm² 的氯化钾。在 IPS、IRS、IR 和 IPM 处理中,有机肥替代量为 30.0% 的氮肥^[13],通过调整无机磷和钾肥施用量,使所有处理施加 N、P 和 K 总量保持一致。猪粪在施用前进行 3 个月的堆腐处理,施肥时,无机肥和有机肥被均匀地施在土壤表面,并在播种前翻耕到犁过的土壤中。

样品采集于 2014 年 12 月 13 日,使用直径 10 cm 的土钻收集 0~20 cm 土层,每块样地随机取 10 份土芯充分混匀作为 1 个样品,样品保存在低温恒温箱中运输至实验室。使用钳子去除可见石块与有机碎屑,将土壤样品沿自然断裂点轻轻掰开,用 8 mm 筛将样品过筛并充分混合,分为 2 份子样品。1 份风干用于测定土壤理化性质;一份使用湿筛法对土壤团聚体进行分离。土壤团聚体共分成 4 种粒径大小,由大至小分别为大团聚体(>2000 μm)、小团聚体(250~2 000 μm)、微团聚体(53~250 μm)和粉砂黏粒(<53 μm)^[14]。

利用风干土测定土壤有机质(SOM)、总氮(TN)、速效磷(AP)和 pH,并用新鲜土壤样品分析铵态氮(NH₄⁺-N)和硝态氮(NO₃⁻-N)质量分数^[15]。土壤理化性质的测定方法参照 LIN 等^[13],SOM 使用重铬酸钾氧化法测定,TN 采用微量凯氏定氮法测定,AP 采用 0.012 5 mol/L 硫酸和 0.05 mol/L 盐酸提取,钼蓝比色法测定,pH 使用 pH 计在土水比 1:5(m/V)条件下测定,NH₄⁺-N 和 NO₃⁻-N 使用 2 mol/L KCl 溶液浸提,连续流动分析仪(San++, Skalar, Holland)测定。

1.3 DNA 提取和高通量测序

称取各样品的 4 种团聚体土壤 10 g,使用冷冻干燥器将土壤冻干 48 h 确保土壤彻底干燥。称取 0.5 g 冻干土壤于裂解介质管中,使用 FastDNA Spin Kit for Soil(MP Biomedicals, CA, 美国)提取 DNA,并使用 PowerClean DNA Clean-up 试剂盒(Mobio, CA, 美国)进行纯化。通过凝胶电泳(0.8%琼脂糖)和 NanoDrop 分光光度计(NanoDrop Technologies, Wilmington, 美国)评估提取 DNA 的质量和浓度,随后将提取的 DNA 储存在-80 °C 下备用。

使用引物 F-TAR-euk454 FWD1/R-TAR-eukREV3 扩增 DNA 样品的真核 18 S rRNA^[16]。PCR 扩增后经过纯化、定量、混合、建库后,由上海美吉生物医药科技有限公司在 Illumina Miseq 平台上测序。原始序列已上传至 DDBJ 数据库,序列号为 DRA015 720。原始序列通过 FLASH 软件(1.2.7 版)进行拼接,然后使用 QIIME 软件对序列进行质量控制^[17]。丢弃

核苷酸不明确、引物不正确、质量分数<20 的低质量序列,鉴定并去除嵌合体,共获得 2 261 000 条高质量序列,每个样品的序列数为 33 290~59 372 条之间。将每个样品的序列抽平至 33 290 条后进行后续分析。使用 UPARSE 算法^[18],以 97.0% 的相似性将所得的高质量序列聚类为操作分类单元(OTU),共获得 3 930 个 OTU。使用原生物核糖体参考(Protist Ribosomal Reference, PR2)数据库(版本 4.14.0)对 OTU 的代表性序列进行注释,根据已有研究^[19]过滤掉真菌、植物和原生生物的序列,挑选并获得土壤微型动物(Metazoan)序列^[20]。最后共获得 149 个 OTU,分别隶属软体动物门(Mollusca)、脊椎动物门(Craniata)、扁形动物门(Platyhelminthes)、环节动物门(Annelida)、轮虫动物门(Rotifera)、缓步动物门(Tardigrada)、节肢动物门(Arthropoda)、线虫动物门(Nematoda)8 个门。

1.4 数据分析与统计

采用 Excel、SPSS 26.0、R 4.3.1 和 Origin 2021 软件处理数据。采用 Excel 软件记录和整理数据,采用 SPSS 26.0 软件进行数据统计分析,在分析前进行数据的正态分布和齐性检验。采用单因素方差分析(one-way ANOVA)、Duncan 法($p < 0.05$)比较不同处理间土壤理化性质、Shannon 指数和 Chao1 指数的差异。图表中的所有数据均为平均值±标准误。使用 R 4.3.1 软件“vegan”包 *alpha_diversity* 函数计算土壤动物群落 α 多样性的 Shannon 和 Chao1 指数。Shannon 指数和 Chao1 指数的箱线图和土壤微型动物相对丰度的百分比堆叠图均采用 Origin 2021 软件进行绘图。利用 R 4.3.1 软件“vegan”包 metaMDS 和 *adonis* 函数进行非度量多维尺度分析(NMDS)和非参数多元方差分析(ADONIS),并使用 ggplot 2 数据包进行绘图、Adobe Illustrator 2021 软件进行小修。

2 结果与分析

2.1 长期有机替代对土壤理化性质的影响

由表 1 可知,长期有机替代对土壤基本理化性质的影响。I 处理的土壤 pH 为 5.20,施用作物残留物替代化肥对土壤 pH 无显著影响,但猪粪替代化肥显著提高土壤 pH 至 5.58。有机替代整体上增加土壤有机质和总氮质量分数。其中,与 I 处理相比,IRS 和 IPM 显著提高土壤有机质质量分数,增幅分别为 10.7% 和 27.5%。IPS、IRS、IR 和 IPM 均显著增加土壤中总氮质量分数,增幅分别为 11.4%、17.1%、17.1% 和 21.4%。IPM 显著增加速效磷含量,使其由 I 处理的 15.00 升高至 156.73 mg/kg。

表 1 长期有机替代对土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of long-term organic fertilizer substitution on soil physiochemical properties

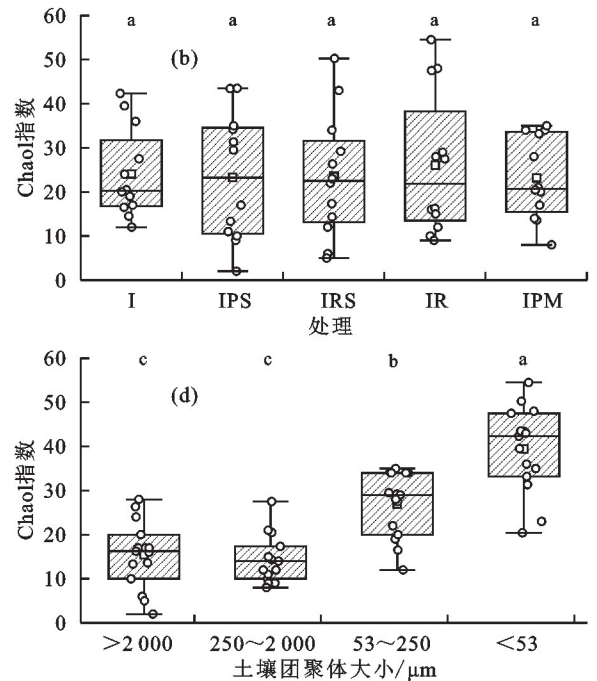
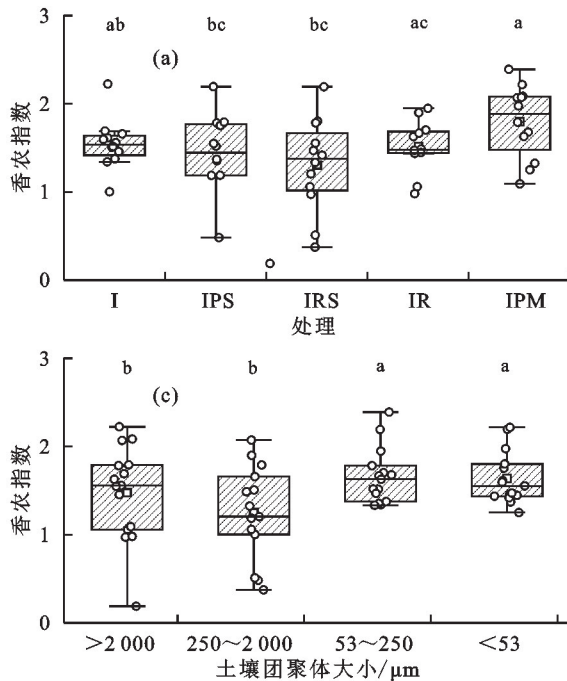
处理	pH	SOM/ ($g \cdot kg^{-1}$)	TN/ ($g \cdot kg^{-1}$)	AP/ ($mg \cdot kg^{-1}$)	NH_4^+-N / ($mg \cdot kg^{-1}$)	$NO_3^- -N$ / ($mg \cdot kg^{-1}$)
I	5.20±0.01b	6.44±0.26c	0.70±0.01c	15.00±3.12b	0.66±0.04a	8.60±0.77a
IPS	5.13±0.03b	6.62±0.06bc	0.78±0.02b	10.30±0.95b	0.69±0.10a	8.71±0.60a
IRS	5.16±0.02b	7.13±0.28b	0.82±0.02ab	10.78±0.52b	0.41±0.13ab	8.66±0.08a
IR	5.17±0.02b	6.76±0.29bc	0.82±0.01ab	11.63±0.72b	0.25±0.07b	11.56±0.24a
IPM	5.58±0.02a	8.21±0.20a	0.85±0.02a	156.73±8.85a	0.49±0.03ab	9.56±0.50a

注: 同列不同字母表示不同处理间差异显著 ($p < 0.05$)。

2.2 有机替代和团聚化对土壤微型动物 α 多样性指数的影响

长期有机替代对土壤微型动物 α 多样性的影响较小(图 1)。与 I 处理相比, 长期有机替代对 Shannon 和 Chao1 指数均无显著影响, 但长期施肥使 IPM 的土壤微

型动物 Shannon 指数显著高于 IPS 和 IRS。土壤团聚化显著影响土壤微型动物 α 多样性, 主要表现为不同团聚体中, $<53, 53 \sim 250 \mu m$ 的 Shannon 指数和 Chao1 指数均显著高于 $250 \sim 2000, >2000 \mu m$ 。其中, $<53 \mu m$ 的 Chao1 指数显著高于 $53 \sim 250 \mu m$ 。



注: 箱体上方不同小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$); 框中的横线表示中位数, 框底部和顶部分别代表下四分位数和上四分位数, 在框上方和下方延伸的线和点表示异常值。

图 1 长期有机替代和团聚化对土壤微型动物 Shannon 指数和 Chao1 指数的影响

Fig.1 Effects of long-term organic substitution and aggregation on Shannon index and Chao1 index of soil microfauna

2.3 有机替代和团聚化对土壤微型动物群落结构的影响

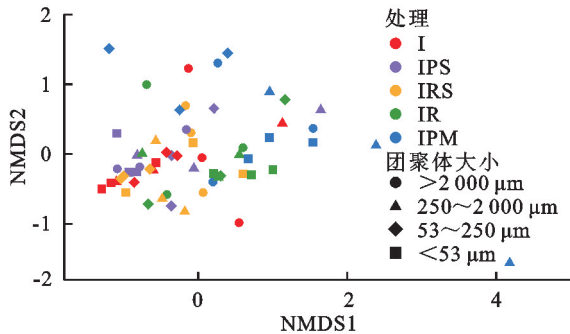
与团聚化相比, 有机替代对土壤微型动物群落结构的影响更显著(图 2)。NMDS 和 ADONIS 分析发现, 有机替代对土壤微型动物群落结构解释度为 14.3%, 团聚化解释度为 7.8%, 二者交互作用的解释度为 19.1%。

长期有机替代改变土壤微型动物的相对丰度(图 3)。与 I 处理相比, 有机替代提高节肢动物、扁形动物和缓步动物的相对丰度。其中, IRS 与 IPM 使环节动物相对丰度由 3.2% 分别上升至 8.3%、10.3%, 使节肢动物相对丰度由 0.3% 分别上升至 12.0%、7.7%,

使线虫动物的相对丰度分别降低 24.8%、33.1%。IPM 使轮虫动物相对丰度由 2.0% 上升至 12.8%。与其他有机替代相比, IPM 对环节动物、轮虫动物、软体动物相对丰度提升的幅度更大。

团聚化改变土壤微型动物的相对丰度(图 4)。轮虫动物、环节动物、扁形动物和软体动物相对丰度随团聚体减小而呈先上升后下降趋势, 在 $250 \sim 2000 \mu m$ 达到最高。其中, 与 $>2000 \mu m$ 相比, 轮虫动物相对丰度在 $250 \sim 2000, 53 \sim 250, <53 \mu m$ 团聚体中均有所上升, 分别由 $>2000 \mu m$ 团聚体中的 1.4% 上升至 7.0%、3.2%、5.0%。线虫动物相对丰度随团聚

体减小先下降后上升。节肢动物和缓步动物仅在 53~250 μm 团聚体中具有较高的相对丰度,分别为 8.0%和 7.7%。



注: ns 表示无显著相关; * 表示在 0.05 水平上显著相关; ** 表示在 0.01 水平上显著相关。

图 2 长期有机替代和团聚化对土壤微型动物群落的非度量多维尺度分析 (NMDS) 和非参数多元方差分析 (ADONIS)

Fig.2 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) and non-parametric multivariate analysis of variance (ADONIS) of long-term organic substitution and aggregation on soil microfauna communities

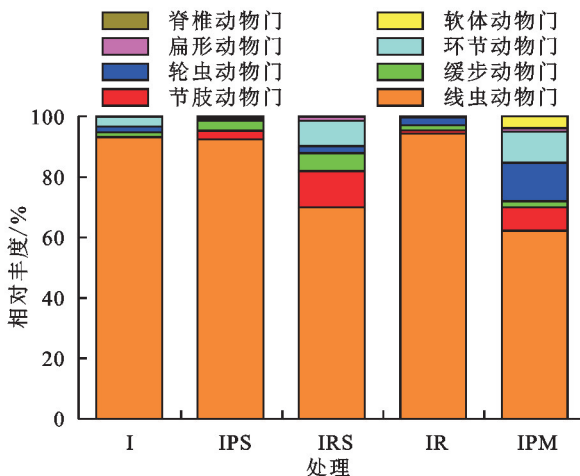


图 3 长期有机替代对土壤微型动物门水平相对丰度的影响
Fig.3 Effects of long-term organic substitution on the relative abundance of soil microfauna at the phylum level

3 讨论

线虫是旱地红壤中含量最丰富的微型动物,其次为环节动物和节肢动物,与 WU 等^[21]的研究结果相同。本研究表明,与 I 处理相比,有机替代能够增加除线虫外微型动物的相对丰度,但对土壤微型动物多样性影响较小。其中,IPM 和 IRS 对环节动物和节肢动物相对丰度提升幅度更大。环节动物对有机替代的响应程度为 IPM>IRS>IPS>IR,节肢动物对有机替代的响应程度为 IRS>IPM>IPS>IR。与 I 处理相比,IPM 和 IRS 土壤有机质质量分数显著增加,并高于 IPS 和 IR,表明土壤有机质增加可能是环节动物和节肢动物相对丰度增加的原因之一^[6]。土壤有机质的

增加缓解土壤酸化,与其他处理相比,IPM 和 IRS 具有更高的 pH,缓解土壤酸化可能更有利于土壤环节和节肢动物生存^[22]。同时,土壤有机质直接或间接增加土壤微型动物的食物来源,使更多物质和能量流入微食物网,可能通过土壤微食物网的级联效应对土壤微型动物相对丰度进行调控^[4]。与其他处理相比,IPM 和 IRS 大幅降低线虫的相对丰度。已有研究^[12]表明,有机替代能增加土壤线虫丰度。因此,本研究中,线虫相对丰度的降低可能是其他土壤微型动物在有机替代处理中数量增长速度更快所致,如环节动物和节肢动物在 IPM 和 IRS 中相对丰度升高,表明其可能具有更高的环境资源利用率。尽管软体动物、扁形动物和缓步动物的相对丰度对有机替代的响应程度相对较小,其仍可能通过取食土壤有机质或捕食土壤中其他微型动物,增加其在土壤中的数量。然而,该结论仍有待进一步的研究加以阐明。

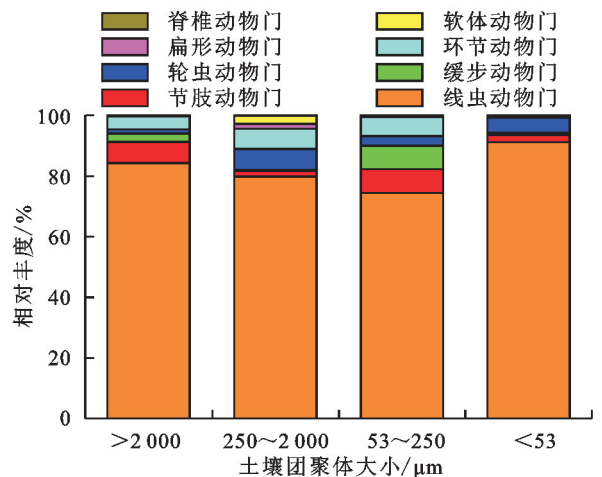


图 4 团聚化对土壤微型动物门水平相对丰度的影响
Fig.4 Effects of aggregation on the relative abundance of soil microfauna at the phylum level

与其他处理相比,IPM 具有更高的轮虫动物、环节动物和软体动物相对丰度。可能与 IPM 具有更高的有机质、速效磷质量分数和 pH 有关。磷是生态系统常见的限制性元素,对作物生长、土壤动物生存繁衍起重要作用。在 IPM 中,土壤微型动物可能通过取食土壤有机质或作物根系、凋落物等获得磷元素,在适宜的 N:P 比下缓解磷限制^[23]。有研究^[12]表明,猪粪替代化肥可高效增加土壤线虫数量,而土壤线虫相对丰度在 IPM 中大幅降低,表明其他土壤微型动物数量的增幅可能更大。因此,与其他有机物料相比,猪粪替代化肥更能促进土壤微型动物的生长繁殖,在红壤中使用猪粪替代化肥可能更有利于农业可持续发展。

团聚体可通过调节食物来源、氧气体积分数、可活动空间和其他土壤生物影响土壤微型动物多样性和群落结构。本研究发现,微团聚体和粉砂黏粒的土

壤微型动物多样性显著高于大团聚体和小团聚体,表明团聚体粒径越小越有利于提高微型土壤动物多样性。原因可能是大团聚体内部的含氧量显著低于粒径较小的团聚体^[24],可能直接不利于土壤微型动物的生存,因为大多数土壤动物的生命活动需要氧气。再者,大团聚体内部缺氧可能导致大量的真菌和好氧细菌死亡^[9],减少部分专食性土壤微型动物的食物来源,从而降低其多样性。另外,由于微型土壤动物的体型远大于细菌和真菌等微生物,大团聚体的形成可将微生物包裹其中,从而减少微型土壤动物的食物来源,降低土壤微型动物的多样性^[25]。

综上,有机替代总体上能改善土壤微型动物群落结构,在门水平提高部分土壤微型动物相对丰度,降低土壤线虫相对丰度。但有机替代增加大团聚体质量比例,加速土壤团聚化过程^[8-9]。尽管研究表明,有机替代对土壤微型动物多样性无显著影响,但其可能通过调节团聚化过程影响不同团聚体中土壤微型动物多样性。

4 结论

1)长期有机替代对土壤微型动物多样性无显著影响,但改变群落结构,粪肥和水稻秸秆对微型动物群落结构的影响大于花生秸秆和萝卜菜。

2)团聚化过程显著影响土壤微型动物 Shannon 指数和 Chao1 指数,微团聚体和粉砂黏粒的多样性显著高于大团聚体和小团聚体。

3)线虫是旱地红壤最丰富的土壤微型动物,但粪肥和水稻秸秆替代化肥显著降低其相对丰度。因此,在农业生产中应根据实际情况合理选择有机物料种类进行有机替代,粪肥和水稻秸秆比花生秸秆和萝卜菜更有效地改变微型动物群落结构,可能更有利于生物多样性维持和农业可持续发展。

参考文献:

[1] 赵其国,黄国勤,马艳芹.中国南方红壤生态系统面临的问题及对策[J].生态学报,2013,33(24):7615-7622.
ZHAO Q G, HUANG G Q, MA Y Q. The problems in red soil ecosystem in southern of China and its countermeasures [J].Acta Ecologica Sinica,2013,33(24):7615-7622.

[2] ZHAI L C, WANG Z B, ZHAI Y C, et al. Partial substitution of chemical fertilizer by organic fertilizer benefits grain yield, water use efficiency, and economic return of summer maize[J].Soil and Tillage Research, 2022,217:e105287.

[3] LIU J A, SHU A P, SONG W F, et al. Long-term organic fertilizer substitution increases rice yield by improving soil properties and regulating soil bacteria[J].Geoderma,2021,404:e115287.

[4] 杜晓芳,李英滨,刘芳,等.土壤微食物网结构与生态功能[J].应用生态学报,2018,29(2):403-411.
DU X F, LI Y B, LIU F, et al. Structure and ecological functions of soil micro-food web[J].Chinese Journal of Applied Ecology,2018,29(2):403-411.

[5] 傅声雷,刘满强,张卫信,等.土壤动物多样性的地理分布及其生态功能研究进展[J].生物多样性,2022,30(10):146-163.
FU S L, LIU M Q, ZHANG W X, et al. A review of recent advances in the study of geographical distribution and ecological functions of soil fauna diversity[J].Biodiversity Science,2022,30(10):146-163.

[6] ZHU Y, BIAN H X, JU C H, et al. Fertilization alters the abundance but not the diversity of soil fauna: A meta-analysis [J]. Global Ecology and Biogeography, 2023,32(4):482-494.

[7] ASLAM T J, BENTON T G, NIELSEN U N, et al. Impacts of eucalypt plantation management on soil faunal communities and nutrient bioavailability: trading function for dependence? [J]. Biology and Fertility of Soils, 2015,51(5):637-644.

[8] YU H Y, DING W X, LUO J F, et al. Long-term application of organic manure and mineral fertilizers on aggregation and aggregate-associated carbon in a sandy loam soil[J].Soil and Tillage Research,2012,124:170-177.

[9] TIAN S Y, ZHU B J, YIN R, et al. Organic fertilization promotes crop productivity through changes in soil aggregation[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2022, 165:e108533.

[10] LIN Y X, YE G P, KUZYAKOV Y, et al. Long-term manure application increases soil organic matter and aggregation, and alters microbial community structure and keystone taxa [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2019,134:187-196.

[11] 邓米林,林永新,叶桂萍,等.林分类型对亚热带森林土壤团聚体中真菌反硝化微生物丰度的影响[J].福建师范大学学报:自然科学版,2024,40(1):45-51.
DENG M L, LIN Y X, YE G P, et al. Effects of forest types on the abundance of fungal denitrifiers in soil aggregates from a subtropical forest[J].Journal of Fujian Normal University: Natural Science Edition, 2024, 40(1):45-51.

[12] JIANG Y J, SUN B, JIN C, et al. Soil aggregate stratification of nematodes and microbial communities affects the metabolic quotient in an acid soil[J].Soil Biology and Biochemistry,2013,60:1-9.

[13] LIN Y X, YE G P, LUO J F, et al. Nitrosospira cluster 8 a plays a predominant role in the nitrification process of a subtropical ultisol under long-term inorganic and organic fertilization [J]. Applied and Environmental

- Microbiology, 2018, 84(18):e01031-e01018.
- [14] DING X L, LIANG C, ZHANG B, et al. Higher rates of manure application lead to greater accumulation of both fungal and bacterial residues in macroaggregates of a clay soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 84: 137-146.
- [15] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 156-161.
- LU R K. *Methods for soil agro-chemistry analysis*[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000: 156-161.
- [16] STOECK T, BASS D, NEBEL M, et al. Multiple marker parallel tag environmental DNA sequencing reveals a highly complex eukaryotic community in marine anoxic water[J]. *Molecular Ecology*, 2010, 19(1): 21-31.
- [17] CAPORASO J G, KUCZYNSKI J, STOMBAUGH J, et al. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, 7: 335-336.
- [18] EDGAR R C. Uparse: Highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, 10: 996-998.
- [19] BASTIDA F, ELDRIDGE D J, ABADES S, et al. Climatic vulnerabilities and ecological preferences of soil invertebrates across biomes [J]. *Molecular Ecology*, 2020, 29(4): 752-761.
- [20] GUILLOU L, BACHAR D, AUDIC S, et al. The Prokaryotic Ribosomal Reference database (PR2): A catalog of unicellular eukaryote small sub-unit rRNA sequences with curated taxonomy [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, 41(D1): 597-604.
- [21] WU B X, JIAO X Y, SUN A Q, et al. Precipitation seasonality and soil pH drive the large-scale distribution of soil invertebrate communities in agricultural ecosystems[J]. *Fems Microbiology Ecology*, 2023, 99(11): e131.
- [22] LIU J, LIU M, WU M, et al. Soil pH rather than nutrients drive changes in microbial community following long-term fertilization in acidic Ultisols of Southern China [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, 18(5): 1853-1864.
- [23] TIE L H, WEI S Z, PEÑUELAS J, et al. Phosphorus addition reverses the negative effect of nitrogen addition on soil arthropods during litter decomposition in a subtropical forest [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 781: e146786.
- [24] YE G P, LIN Y X, KUZYAKOV Y, et al. Manure over crop residues increases soil organic matter but decreases microbial necromass relative contribution in upland Ultisols: Results of a 27-year field experiment [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, 134: 15-24.
- [25] ERKTAN A, OR D, SCHEU S. The physical structure of soil: Determinant and consequence of trophic interactions [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, 148: e107876.