



彭玉娇,崔学宇,秦杰文,等.不同有机肥对沙田柚果园土壤细菌群落结构的影响[J].黑龙江农业科学,2021(3):15-22.

# 不同有机肥对沙田柚果园土壤细菌群落结构的影响

彭玉娇,崔学宇,秦杰文,曾文萍,覃礼蒙,贾书刚

(南宁师范大学 广西地标作物大数据工程技术研究中心/北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室/广西地表过程与智能模拟重点实验室,广西 南宁 530001)

**摘要:**为促进沙田柚栽培环境的人工调节,利用高通量测序技术,研究5种有机肥处理沙田柚果园土壤细菌多样性和群落结构的变化,同时对土壤主要成分进行分析。结果表明:本研究共获得 OTUs 总数 51 383 个,至少涵盖了 47 门 65 纲 145 目 287 科 772 属的细菌。多样性分析表明,门分类水平沙田柚果园土壤细菌优势菌群差异不大,变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门、绿弯菌门和酸杆菌门为沙田柚果园土壤的优势细菌类群;在属水平分析,优势菌群在不同样本中差异较大,在沼气渣处理的样本中,链球菌属丰度最高,达 8.62%,花生麸处理的样本中,*Chujaibacter* 的丰度最高,达 17.97%,在猪粪处理的样本中,乳酸菌属和黄杆菌属的丰度最高,为 7.83%和 5.26%;在种水平的研究发现,有机肥施用降低了 *Pseudomonas citronellolis* 的相对丰度,同时有机肥施用提高了潜在益生菌 *Stenotrophomonas* 的相对丰度,粪便来源有机肥提高了 3 种动物性致病菌的相对丰度,冗余分析发现,75.17%的细菌群落变化可以被选取的环境因子所解释。本研究证明了有机肥的施用改变了沙田柚果园土壤的理化性质、微生物群落结构和多样性,不同有机肥对沙田柚果园土壤细菌群落结构和多样性有不同的影响。

**关键词:**有机肥;高通量测序;细菌多样性;柚子园土壤

沙田柚(*Citrus grandis* var. *shatinyu*)具有较高的经济价值和较强的适应性,在我国广西、广

东、四川和重庆等地广泛种植<sup>[1]</sup>。在沙田柚的种植过程中,合理施肥是实现沙田柚丰产、优质的重要保障,在柑橘类果树的生产中有机肥的施用可以提高果实的风味品质<sup>[2]</sup>,因此有机肥的施用在沙田柚生产上具有重要的意义。施肥除对土壤肥力有影响外,对土壤微生物的群落结构和多样性同样有显著的影响<sup>[3-4]</sup>,而微生物对土壤中的养分循环和物质转化有驱动作用<sup>[5]</sup>。因此,对不同有机肥施用后土壤微生物的群落和多样性的变化进行研究,对人工调节沙田柚栽培果园的微环境具有重要意义。

收稿日期:2020-10-04

**基金项目:**广西重点研发项目(2017AB21012);广西一流学科(地理学)建设项目;北部湾环境演变与资源利用教育部重点实验室系统基金(GTEU-KLOP-X1820,GTEU-KLOP-X1819)。

**第一作者:**彭玉娇(1991—),女,硕士,助理研究员,从事沙田柚品质与土壤微生物关联相关研究。E-mail:1356346392@qq.com。

**通信作者:**崔学宇(1985—),男,博士,助理研究员,从事沙田柚品质与土壤微生物关联相关研究。E-mail:yaoyuan200452@163.com。

**Abstract:** The soil and water loss is serious in the semi-arid area of Western Heilongjiang Province. In order to improve soil physical and chemical properties and increase maize yield, the effects of subsoiling, subsoiling straw returning, deep plowing straw returning and rotary tillage on soil physical and chemical properties and maize growth and development in spring were studied. The results showed that subsoiling straw returning significantly increased soil moisture and  $> 0.25$  mm soil aggregate structure in subsoiling straw returning. Soil organic matter content increased significantly, soil bulk density and pH decreased significantly in deep plowing straw returning. At seedling stage, the root length, root number, root dry weight, plant height, stem diameter, leaf area and plant drying weight of maize were the highest in subsoiling straw returning. At the jointing stage, the root number, root dry weight, plant height, stem diameter, leaf area and plant dry weight were the highest in deep plowing straw returning. Compared with rotary tillage, maize yield in subsoiling straw returning and deep plowing straw returning increased by 2.8% and 4.1% in autumn. The increase of root number at seedling stage could significantly affect the stem diameter and dry weight at seedling stage. Root length at jointing stage had significant effect on plant height at jointing stage. There was a significant correlation between root dry weight and stem diameter at jointing stage.  $>0.25$  mm aggregate structure was beneficial to the accumulation of available phosphorus in soil, while the increase of pH was not conducive to the accumulation of organic matter in soil. The increase of soil water content could increase the content of alkali hydrolyzable nitrogen and available potassium in soil.

**Keywords:** cultivation mode; soil physical and chemical properties; corn growth; semiarid agricultural area

在土壤生态系统中,微生物是重要的组成部分<sup>[6]</sup>,在土壤中,微生物直接影响植物根系的生长和代谢,进而影响植物养分的吸收和植物的健康<sup>[7]</sup>。研究表明,通过施用生物有机肥的方法,可以改良土壤微生物的群落结构,有效减轻植物病害的发生<sup>[3,8]</sup>。刘艳等<sup>[9]</sup>在玉米中的研究表明,有机肥可以提高盐碱土中的微生物数量,提高玉米抗盐碱能力。顾美英等<sup>[10]</sup>利用高通量测序的方法对施肥后土壤微生物的变化进行了一系列的研究,但不同有机肥处理下,土壤微生物群落变化,仍需深入分析。

本研究根据调研数个农场农民的施肥方法及施肥量,同时结合容县土肥站“土专家”施肥意见,在沙田柚果园设置不同有机肥处理,利用高通量测序的方法探究土壤微生物对不同有机肥响应的差异,并对土壤理化性质的变化进行分析,以期对沙田柚栽培土壤有机肥的合理施用提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

本研究于 2019 年 2—6 月在玉林市容州镇五一柚场进行(111. 33° E, 22. 55° N, 最高海拔 151 m),该区域为国家地理标志农产品容县沙田柚的产区,柚场栽培约 2 000 株同一品种的 20~30 年生成熟沙田柚果树,栽培密度为 25 株·667 m<sup>2</sup>。

### 1.2 方法

1.2.1 试验设计 供试有机肥为容县土肥站依据有经验农户指导所提供,试验共设 5 种有机肥处理,包括处理 A:未施肥对照;处理 B:沤制过的花生麸;处理 C:直接坑埋苕子生草;处理 D:发酵至无明显异味的鸡粪;处理 E:猪粪尿沼气渣;处理 F:发酵至无明显异味的猪粪。每处理选择 3 株大小均一的沙田柚果树,每个处理施肥 40 kg·株<sup>-1</sup>,施肥于 2019 年 2 月中旬进行,施肥方法为树冠边缘处环施深翻入土壤。除生草样本外,沤制发酵的样本取 3 户农户进行有机质和总氮的测定,3 户农户之间有机质和总氮无显著性差异,证实本研究有机肥具有普遍代表性(有机肥有机质均>45%,总氮>30 g·kg<sup>-1</sup>)。

1.2.2 样品采集方法 2019 年 6 月 10 日对 18 个样品进行取样,取样远离施肥区,于树体至树冠中间处,采用 5 点法取样,去除土壤表层杂物,取 10~20 cm 土壤样品,用于细菌测序及土壤理化性质测定。

1.2.3 基因组 DNA 的提取和扩增 采用 CTAB 方法对样本的基因组 DNA 进行提取,检测纯度和浓度后,加入无菌水稀释至 1 ng·μL<sup>-1</sup>。使用 Barcode 的特异引物(515F 和 806R),利用 New England Biolabs 公司高保真酶进行 PCR 扩增。

1.2.4 高通量测序 测序委托北京诺禾致源科技有限公司完成。使用 Thermofisher 公司的 Ion Plus Fragment Library Kit 48 rxns 建库试剂盒进行文库的构建,构建好的文库经过 Qubit 定量和文库检测合格后,使用 Thermofisher 的 Ion S5™XL 进行上机测序。

1.2.5 土壤理化性质的测定 土壤 pH 采用便携式土壤 pH 计测定;土壤无机磷、速效钾、硝态氮和铵态氮,4 个土壤理化指标均利用齐一生物科技有限公司试剂盒提取测定。

1.2.6 数据分析 土壤数据利用 Excel 2013 录入后,用 SPSS 23 处理;OTU 聚类利用 Uparse 软件完成;Alpha 多样性指数和 Beta Diversity 使用 Qiime 软件(Version 1. 9. 1)计算;使用 R 软件(Version 2. 15. 3)绘制 PCA, PCoA 和 NMDS 图。

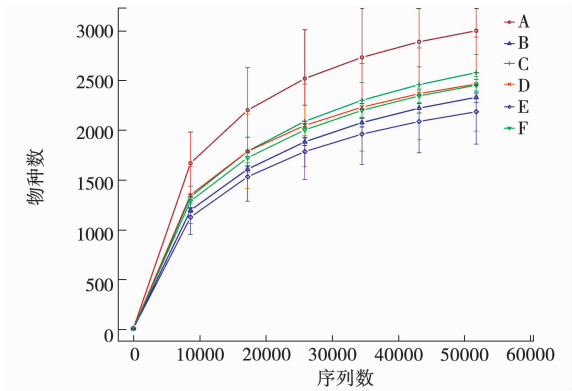
## 2 结果与分析

### 2.1 不同有机肥处理对细菌群落多样性的影响

本研究中 18 个样品共获得 1 495 837 条序列,经过质控过滤后,获得有效序列为 1 413 577 条,有效序列比例为 94. 50%。累计获得碱基数目为 358 517 684 nt,获得的 OTUs 总数为 51 383,至少涵盖 47 个门,65 纲,145 目,287 科,772 属,18 个样本的 OUTs 数目在 2 068~3 956,对照样本 A1 的 OTUs 数目最大,沼气样本 E3 的最小。各组别 OTUs 数目的稀释曲线已趋向平坦(图 1),表明测序数据合理。

为对各样本组的 OTUs 进行研究,样本均一化处理后,以 97% 的一致性(Identity)进行 OTUs 聚类,基于聚类结果,对不同样本组共有、特有的 OTUs 绘制维恩图(图 2),合计 1 687 个 OTUs 为 6 组沙田柚果园土壤所共有,处理 A 对照土壤特有的 OTUs 最多,为 845 个,处理 B 花生麸特有的 OTUs 最少,为 78 个。

α 多样性由 ACE 指数、Chao1 指数、Simpson 指数和 Shannon 指数反映,ACE 指数和 Chao1 指数主要反映微生物群落的丰富度。本研究中对



A:对照;B:花生麸;C:生草;D:鸡粪;E:沼气渣;F:猪粪

图 1 各组样本的稀释曲线

照的丰富度和多样性最高,在有机肥处理的组别中,生草处理的组别 ACE 指数和 Chao1 指数较高,沼气渣处理的组别低,Simpson 指数在各组别中差异不大,Shannon 指数在有机肥处理中鸡粪

处理最高,结果表明,生草有机肥和对照处理具有较高的细菌多样性和丰富度。

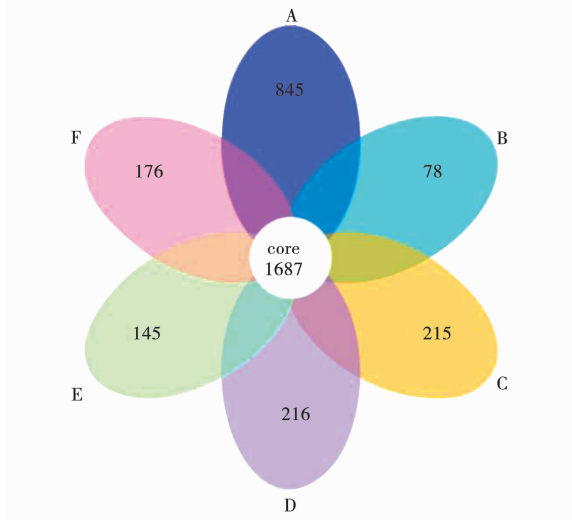


图 2 OTU 分布花瓣图

表 1 土壤细菌多样性指数

处理	Shannon 菌群多样性指数	Simpson 指数	Chao1 群落丰富度指数	ACE 物种丰富度指数
A 对照	9.328	0.993	3334.933	3414.369
B 花生麸	8.371	0.989	2645.179	2807.823
C 生草	8.616	0.990	3045.118	3132.109
D 鸡粪	8.904	0.993	2762.7	2853.502
E 猪粪尿沼气渣	7.724	0.966	2487.436	2580.208
F 猪粪	8.484	0.987	2788.555	2915.245

2.2 沙田柚栽培土壤优势菌群分布

2.2.1 细菌群落结构 主坐标分析(Principal Co-ordinates Analysis,PCoA)的样本距离可以表示物种的组成结构,本研究中 PC1 和 PC2 共解释变量的 51.00%。由图 3 可知,不同的有机肥施肥处理的样本均与对照处于不同象限,有机肥显著改变了细菌的群落结构。

2.2.2 细菌门分类及聚类分析 由于不同有机肥处理改变了细菌的群落结构,选择 Unweighted Unifrac 距离的 UPGMA 聚类树在门分类水平上对 6 组处理进行分析,由图 4 可知,对照和施肥处理被分为两个大类,花生麸和鸡粪、沼气渣和猪粪的处理分别被分到两个小类中。对其具体分析发现,在沙田柚果园栽培土壤中,相对丰度最高的是变形菌门(Proteobacteria),其次为厚壁菌门(Firmicutes),再次为拟杆菌门(Bacteroidetes)和放线

菌门(Actinobacteria),这些优势类群占沙田柚栽培土壤细菌总量的 50%以上。

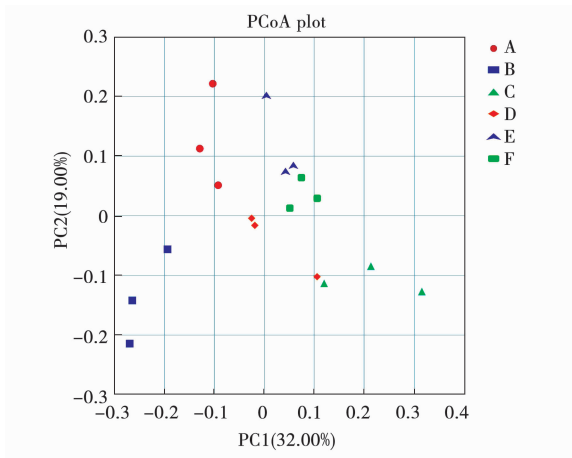


图 3 不同有机肥施肥处理下沙田柚果园土壤细菌群落结构的主坐标分析

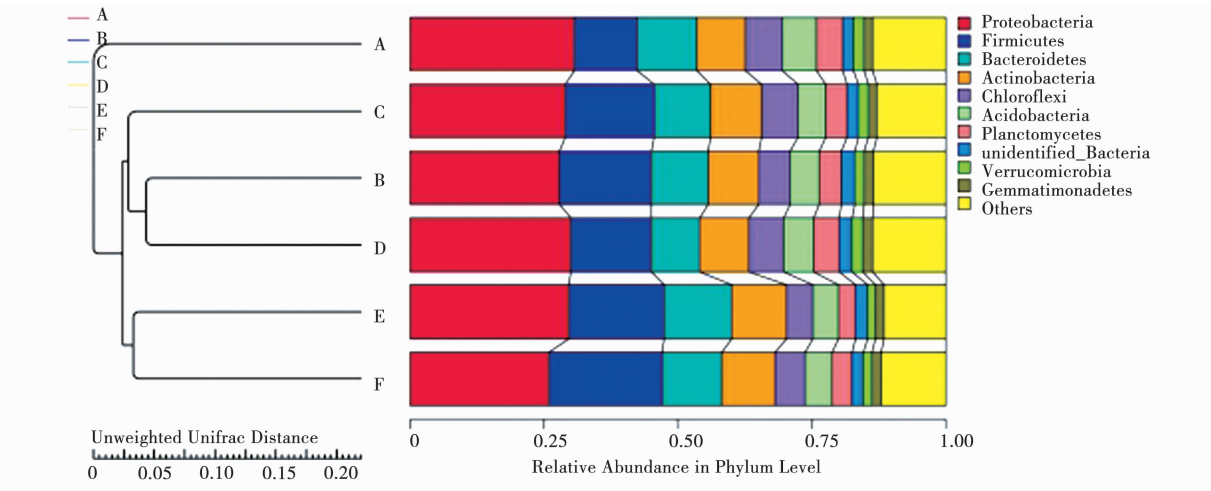


图 4 细菌门分类水平的聚类图(坐标尺代表非加权距离)

2.2.3 细菌属分类水平比较 在属分类水平分析本研究的 18 个样品中共获得至少 773 个属,对相对丰度前 30 的属作图。由图 5 可知,不同有机肥处理改变了细菌的群落结构,链球菌属(*Streptococcus*)的相对丰度在处理 E 沼气渣、处理 F 猪粪两种来源的有机肥处理的土壤中较高,分别达到 8.62%和 0.87%;*Chujaibacter* 在处理 B 花生麸来源的有机肥土壤相对丰度最高,达到

17.97%;乳酸菌属(*Lactobacillus*)在处理 C 生草和处理 F 猪粪来源的有机肥土壤中相对丰度最高,达 5.95%和 6.62%;黄杆菌属(*Rhodanobacter*)在处理 A 对照中和处理 E 猪粪尿沼气渣来源有机肥处理的土壤中具有较高的相对丰度,达 5.26%和 7.83%。此外,在全部有机肥处理的样本中的 *unidentified\_Clostridiales* 和 *Turicibacter* 两个属的相对丰度值均高于对照。

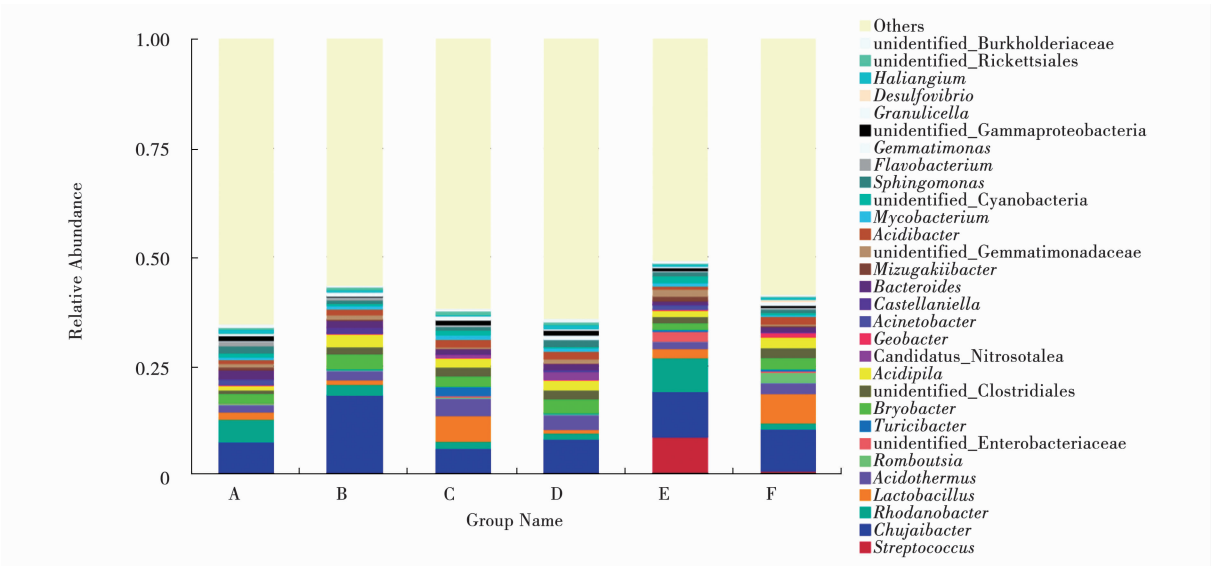


图 5 细菌属分类水平的比较

2.3 土壤样本高丰度细菌潜在功能分析

对单个样本中丰度较高(>0.1%)的属、种进行分析,在全部样本中合计得到 133 个高丰度属,58 个高丰度种。

对潜在致病菌研究发现,有 6 个植物病原菌重要的属在沙田柚种植土壤中被发现,这 6 个属是假单胞菌属(*Pseudomonas*)、红球菌属(*Rhodococcus*)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、链丝(霉)菌

属(*Streptomyces*)、雷尔氏菌属(*Ralstonia*)和单胞菌属(*Xanthomonas*)<sup>[11-12]</sup>。对其具体分析发现 *Pseudomonas citronellolis*<sup>[13]</sup>、*Rhodococcus fascians*<sup>[14]</sup>、*Pseudomonas cichorii*<sup>[15-16]</sup>,这3个种可能是沙田柚栽培的潜在致病种,其中 *Pseudomonas citronellolis* 在对照中的相对丰度较有机肥施用的样品高。

对潜在动物性致病菌进行分析发现,居泉沙雷菌(*Serratia fonticola*)在所有的样本中均有检测到,不同样本之间没有数量级上的差异。大肠杆菌(*Escherichia coli*)在鸡粪、猪粪尿沼气渣和猪粪土壤样本中相对丰度高,在粪便来源的有机肥土壤样本相对丰度均在0.3%以上,尤其是猪粪尿沼气渣来源有机肥土壤样本中相对丰度达2.25%,泉居沙雷菌(*Serratia fonticola*)和奇异变形杆菌(*Proteus mirabilis*) 在粪便来源的有机肥土壤样本中,相对丰度超过0.2%,且没有在其他样本中检测到,这一结果说明农家处理的动物

粪便来源有机肥可能有造成土壤和地下水污染的风险。

对潜在益生菌研究发现,荚膜红细菌(*Rhodobacter capsulatus*)在对照和生草有机肥土壤中的相对丰度高于其他样本(1%和0.1%),该细菌在环境中潜在的固氮功能。寡养单胞菌(*Stenotrophomonas*)在施用有机肥的土壤中的丰度更高,该菌在土壤和植物中有促进植物生长和保护植物根系的能力<sup>[17]</sup>。乳球菌(*Lactococcus lactis*)在生草来源的有机肥土壤中相对丰度高于其他样本,数值为0.41%,产生这一现象的原因可能是生草在厌氧环境中降解所致。

2.4 环境因素对沙田柚果园土壤细菌群落结构的影响

有机肥的施用可以显著改良土壤的肥力,在各施肥处理中测定的土壤氨态氮、硝态氮、无机磷和速效钾都显著高于对照,花生麸处理土壤的无机磷、速效钾和硝态氮含量最高(表2)。

表2 不同有机肥沙田柚栽培土壤理化性质

处理	氨态氮/(mg·kg <sup>-1</sup> )	硝态氮/(mg·kg <sup>-1</sup> )	无机磷/(mg·kg <sup>-1</sup> )	速效钾/(mg·kg <sup>-1</sup> )
A 对照	62.50±1.56 c	15.87±0.92 b	57.33±5.28 d	43.89±7.06 d
B 花生麸	123.07±17.29 a	78.67±13.63 a	133.79±0.86 a	360.18±35.02 a
C 生草	93.18±11.12 ab	28.39±0.57 b	95.23±2.36 c	218.10±19.87 c
D 鸡粪	92.63±5.70 ab	72.92±5.60 a	125.75±2.50 ab	273.46±7.57 b
E 猪粪尿沼气渣	124.04±18.33 a	61.45±5.08 a	123.85±3.03 b	300.35±2.02 b
F 猪粪	80.27±2.80 b	74.07±1.75 a	118.02±2.72 b	277.54±4.04 b

注:不同小写字母表示处理间差异显著(P<0.05)。

由图6可知,在种分类水平上将土壤细菌群落与已测定的土壤的生理指标进行冗余分析,75.17%的细菌群落变化可以被选取的环境因子所解释。

3 讨论

有机肥的施用可以提高柑橘类果实的风味品质<sup>[1,18]</sup>,本课题组在沙田柚主产区容县的调研也证实了这一点。调研发现,近年有机肥的施用显著提高了容县沙田柚的品质,尤其是花生麸的施用在沙田柚的品质形成中起到了非常重要的作用。同时容县政府对沙田柚种植大户提供了有机肥的补贴,有机肥施用在容县得到大面积的推广。

鉴于此背景,本研究选用沙田柚种植地最常见的5种有机肥,选择农技推广员及有经验的果场施用的有机肥量进行试验处理,施肥90 d后,基于高通量测序技术对沙田柚栽培土壤细菌多样性进行研究。本研究发现,有机肥的施用改变了沙田柚栽培土壤的细菌含量和群落结构,不同的有机肥处理后,土壤细菌的多样性及其群落结构发生了变化,这一结论与前人的研究相似<sup>[19]</sup>。但本研究中,未施肥的沙田柚果园土壤微生物多样性指数最高,猪粪尿沼气渣的最低。这一研究结果同大多数有机肥施用后,土壤微生物变化趋势不同,在樱桃、芒果和烤烟等作物中的研究多为有机肥

施用提高了土壤微生物的含量及多样性<sup>[3,20-21]</sup>。产生这一现象的原因可能是农技员常用的施肥量较大,施肥后 90 d 土壤并未完全恢复或有机肥施用量过大导致,仍需要对其进行深入研究,本研究中,生草处理组的 ACE 指数和 Chao1 指数较高,说明在生产中果园种植苕子生草而后直接填埋作为肥料,对土壤生态的保护可能有积极的作用。

在沙田柚果园土壤中,在门分类水平对其分析发现不同处理的优势菌均为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、拟杆菌门(bacteroidetes)和放线菌门(Actinobacteria),

证明了土壤和种植的作物类型影响土壤的优势类群,这一结果与前人的研究结果类似<sup>[22-25]</sup>。但在属分类水平比较,不同处理之间差异较大,这些差异的产生可能与有机肥的来源以及有机肥处理的方式有关,证明了有机肥处理在细菌分类学不同的分类水平上对细菌群落影响不同。这一结果与前人研究全氮与微生物的关系结果类似,前人在研究氮对细菌群落的影响发现,全氮显著影响 OTU,但在门分类水平上,全氮对细菌相对丰度无显著影响<sup>[26]</sup>。

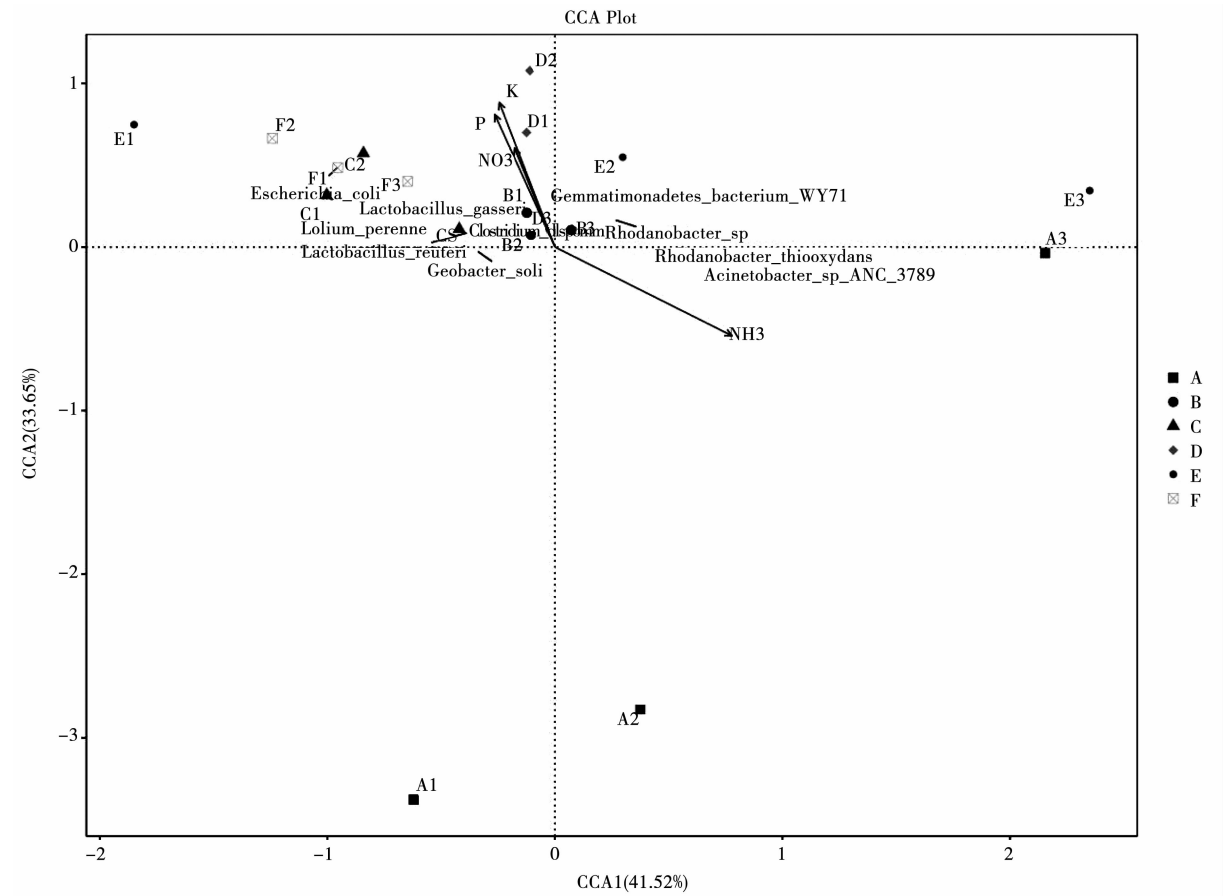


图 6 不同施肥处理环境因子对细菌群落结构的冗余分析

本研究对沙田柚栽培土壤中高丰度细菌的属、种进行分析,发现了 *Pseudomonas citronello-* *lis*、*Rhodococcus fascians* 和 *Pseudomonas cicho-* *rii* 这 3 个种潜在致病种在沙田柚栽培土壤中有较高的丰度,这 3 个种在其他植物中也有致病的报道<sup>[27]</sup>,且有机肥施用的土壤中 *Pseudomonas citronello-* *lis* 的丰度低于对照样本,证明了有机肥

施用有潜在的降低植物病害的功能。在沙田柚栽培土壤中,粪便来源有机肥处理的样本中 *Esche-* *richia coli*、*Serratia fonticola* 和 *Proteus mirabi-* *lis* 有较高的丰度,其中 *Escherichia coli* 在环境中可能存活一年以上,可能污染地下水及通过地表径流转移到山下,或采收时附着于沙田柚表面,甚至有进入植物组织内部的风险<sup>[28]</sup>。这一结果

说明,农家粪便类有机肥沤肥的方法有污染环境的风险,需要经过无害化处理才可施用。对植物生长潜在的益生菌研究发现,有机肥的施用提高了寡养单胞菌(*Stenotrophomonas*)的丰度。

## 4 结论

本研究立足于生产实践,农户常用的有机肥施肥量及施肥种类,对有机肥施肥后沙田柚果园土壤细菌进行研究,得出结论如下:施有机肥后,土壤主要营养元素含量显著提高,不同有机肥之间差异显著。施有机肥后 90 d 取样,有机肥施用改变了土壤细菌的群落组成,有机肥组别土壤细菌多样性低于对照组,有机肥组别之间,生草有机肥处理的土壤具有较高的多样性和丰度,有机肥处理样本并未提高细菌的多样性,可能为取样时间短或施肥量过大导致,该结果仍需深入研究。门水平分析,不同有机肥处理下沙田柚栽培土壤细菌优势类群差异不大,在属水平分析,不同有机肥处理下沙田柚栽培土壤细菌优势类群出现较大差异。对高丰度的细菌种进行分析发现,沙田柚果园土壤中有 3 个潜在的致病种,有机肥施用降低了 *Pseudomonas citreorubra* 的相对丰度,同时有机肥施用提高了潜在益生菌 *Stenotrophomonas* 的相对丰度,但粪便来源有机肥提高了 3 种动物性致病菌的相对丰度,农家肥施用前需要经过充分的无害处理。冗余分析发现,75.17% 的细菌群落变化可以被选取的环境因子所解释。

## 参考文献:

- [1] 区善汉,梅正敏,林林,等.施用花生麸对沙田柚果实品质的影响[J].南方农业学报,2015,46(12):2168-2172.
- [2] 余倩倩,李文涛,邓烈,等.柑橘皮渣有机肥对特洛维塔甜橙树体营养、果实品质 and 经济效益的影响[J].西南大学学报,2017,39(10):20-26.
- [3] 张凯煜,谷洁,王小娟,等.微生物有机肥对樱桃园土壤细菌群落的影响[J].中国环境科学,2019(3):1245-1252.
- [4] Berthrong S T, Buckley D H, Drinkwater L E. Agricultural management and labile carbon additions affect soil microbial community structure and interact with carbon and nitrogen cycling[J]. Microbial Ecology, 2013, 66(1):158-170.
- [5] 朱金山,张慧,马连杰,等.不同沼灌年限稻田土壤微生物群落分析[J].环境科学,2018(5):2400-2411.
- [6] 张清敏,刘曼,周湘婷.微生物肥料在土壤生态修复中的作
- 用[J].农业环境科学学报,2006,25(S1):292-293.
- [7] 张瑞福,沈其荣.抑病型土壤的微生物区系特征及调控[J].南京农业大学学报,2012,35(5):125-132.
- [8] 王文丽,李娟,赵旭.生物有机肥对连作当归根际土壤细菌群落结构和根腐病的影响[J].应用生态学报,2019,30(8):295-303.
- [9] 刘艳,李波,隗英华,等.生物有机肥对盐碱地玉米渗透调节物质及土壤微生物的影响[J].西南农业学报,2018,31(5):142-147.
- [10] 顾美英,杨蓉,徐万里,等.棉秆炭配施生物有机肥对连作棉花根际土壤微生态和棉花生长的影响[J].中国农业科技导报,2019(10):47-57.
- [11] Minchin P R. An evaluation of the relative robustness of techniques for ecological ordination[J]. Vegetatio, 1987, 69(1/3):89-107.
- [12] 冯洁.植物病原细菌分类最新进展[J].中国农业科学,2017,50(12):2305-2314.
- [13] 来燕学,杨忠岐,张慧丽,等.松材线虫(*Bursaphelenchus xylophilus*)耐久型幼虫(LIV)携带的香茅醇假单胞杆菌(*Pseudomonas citreorubra*)分离与鉴定[J].林业科学研究,2018(1):60-65.
- [14] Crespi M, Messens E, Caplan A B, et al. Fasciation induction by the phytopathogen *Rhodococcus fascians* depends upon a linear plasmid encoding a cytokinin synthase gene[J]. Embo Journal, 1992, 11(3):795-801.
- [15] Tateda C, Yamashita K, Takahashi F, et al. Plant voltage-dependent anion channels are involved in host defense against *Pseudomonas cichorii* and in Bax-induced cell death[J]. Plant Cell Reports, 2009, 28(1):41-51.
- [16] Hikichi Y, Wali U M, Ohnishi K, et al. Mechanism of disease development caused by a multihost plant bacterium, *Pseudomonas cichorii*, and its virulence diversity[J]. Journal of General Plant Pathology, 2013, 79(6):379-389.
- [17] Alavi P, Starcher M R, Zachow C, et al. Root-microbe systems: the effect and mode of interaction of stress protecting agent (SPA) *Stenotrophomonas rhizophila* DSM14405T [J]. Frontiers in Plant Science, 2013, 4:1-10.
- [18] 陈大超,张跃强,甘涛,等.有机肥施用量及深度对柑橘产量和品质的影响[J].中国土壤与肥料,2018(4):143-147.
- [19] 王慧颖,徐明岗,周宝库,等.黑土细菌及真菌群落对长期施肥响应的差异及其驱动因素[J].中国农业科学,2018,51(5):914-925.
- [20] 靳晓拓,马继勇,周彦好,等.化肥减量配施有机肥下芒果园土壤细菌多样性及群落结构特征[J].热带作物学报,2019,40(6):1205-1212.
- [21] 李栋宇,靳辉勇,屠乃美,等.等氮条件下有机无机配施对烤烟根际土壤微生物功能多样性的影响[J].西南农业学

- 报,2018,31(11):148-152.
- [22] Liu J,Sui Y,Yu Z,et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of northeast China[J]. Soil Biology and Biochemistry,2014,70:113-122.
- [23] Chu H,Fierer N,Lauber C L,et al. Soil bacterial diversity in the Arctic is not fundamentally different from that found in other biomes[J]. Environmental Microbiology, 2010,12(11):2998-3006.
- [24] 彭玉娇,崔学宇,覃礼蒙,等. 不同地区沙田柚果园土壤细菌群落结构和多样性分析[J]. 四川农业大学学报,2020, 38(6):715-722,741.
- [25] 彭玉娇,崔学宇,谭梦超,等. 不同立地条件沙田柚果园土壤微生物多样性分析[J]. 南方农业学报,2020,51(5): 1136-1144.
- [26] 杨亚东,王志敏,曾昭海. 长期施肥和灌溉对土壤细菌数量、多样性和群落结构的影响[J]. 中国农业科学,2018, 51(2):290-301.
- [27] Cottyn B,Heylen K,Heyrman J. *Pseudomonas cichorii* as the causal agent of midrib rot, an emerging disease of greenhouse-grown butterhead lettuce in Flanders[J]. Systematic & Applied Microbiology,2009,32(3):211-225.
- [28] Moreira Z PM,Santos P O D,Oliveira T A S D. Occurrence of basil leaf spot caused by *Pseudomonas cichorii* in Bahia State, Brazil[J]. Summa Phytopathologica, 2015, 41(1):73-73.
- [29] Vidovic S,Block H C,Korber D R. Effect of soil composition,temperature,indigenous microflora,and environmental conditions on the survival of *Escherichia coli* O157[J]. Canadian Journal of Microbiology,2007,53(7):822-829.

## Effects of Different Organic Fertilizers on Soil Bacterial Community in Shatian Pomelo Orchard

PENG Yu-jiao,CUI Xue-yu,QIN Jie-wen,ZENG Wen-ping,QIN Li-Meng,JIA Shu-gang

(Guangxi Geographical Indication Crops Research Center of Big Data Mining and Experimental Engineering Technology,Key Laboratory of Beibu Gulf Environment Change and Resources Utilization of Ministry of Education,Guangxi Key Laboratory of Earth Surface Processes and Intelligent Simulation,Nanning Normal University,Nanning 530001,China)

**Abstract:** In order to promote the artificial adjustment of the cultivation environment of Shatian pomelo, and explore the effects of different organic fertilizer treatments on soil bacterial community structure in Shatian pomelo orchard, this paper had a systematic study on the diversity and community structure changes of soil bacteria treated with five kinds of organic fertilizers by high-throughput sequencing technology, and then analyzed main components of this soil. Overall 51 383 optimized reads were obtained, Bacterial species detected in these samples covered 47 phyla, 65 classes, 145 orders, 287 families, and 722 genera. According to diversity analysis, the results showed that dominant bacteria of soil bacteria at phyla level had slightly difference, among which Proteobacteria, Firmicutes, bacteroidetes, Chioroflexi and Actinobacteria were mainly dominant bacteria of soil in Shatian pomelo orchard. In terms of the genera level analysis, advantaged bacterial community has differed significantly in different samples. That being said, in the biogas residue processing samples, *Streptococcus* abundance was highest at 8. 62%. In peanut bran processing samples, *Chujaibacter* abundance was the highest at 17. 97%. In the pig processing samples, *Lactobacillus* and *Rhodanobacter* had the highest abundance respectively with 7. 83% and 5. 26%. In terms of species level, it was found that the application of organic fertilizer reduced the relative abundance of *Pseudomonas*, while it increased the relative abundance of the potential probiotics *Stenotrophomonas*, among which the fecal organic fertilizer increased the relative abundance of three kinds of animal pathogenic bacteria. According to the redundancy analysis, it was found that 75. 17% of bacterial community changes could be explained by selected environmental factors. In this study, it was suggested that the application of organic fertilizer should change the physical and chemical properties, the diversity and community composition of bacterial soil in Shatian pomelo orchard. In addition, it was proved that different organic fertilizers should have significantly different effects on the diversity and community composition of bacterial soil in Shatian pomelo orchard.

**Keywords:** organic fertilizers; high-throughput sequencing; bacterial diversity; soil in pomelo orchard