龚叶莎,丁 敏,李 硕,等.包膜炭基肥对红壤性水稻土化学性质及微生物群落的调控效应 [J]. 中国环境科学, 2025,45(9):5014-5024.
Gong Y S, Ding M, Li S, et al. Regulatory effects of coated biochar-based fertilizers on chemical properties and microbial communities in paddy red soils [J]. China Environmental Science, 2025,45(9):5014-5024.

包膜炭基肥对红壤性水稻土化学性质及微生物群落的调控效应

龚叶莎,丁 敏,李 硕,蒋静艳* (南京农业大学资源与环境科学学院,江苏 南京 210095)

摘要: 针对我国南方红壤性水稻土的特点,以水稻秸秆炭为炭基,利用包膜技术自制两种水稻专用炭基肥,即有机无机炭基肥(BBOF)和无机炭基肥(BBF),通过盆栽和田间试验研究其对不同 pH 值,不同养分和镉(Cd)污染水平的土壤化学性质和微生物以及水稻产量的影响.试验以常规肥料(CF)为对照,设置生物质炭直接施用(BC)、BBOF 和 BBF 3 种炭处理.结果表明,BBF 与 BC 在田间应用中具有一定的增产效果,其中 BBF 对产量三要素有明显提升作用,但其对土壤的改良效应不明显.BBOF 与 BC 在弱酸性(WA)和强酸性 Cd 污染严重土壤(SA)中显著提高了 pH 值和土壤有机碳含量(P<0.05),表现出良好的调酸固碳效果,但在弱酸低养分土壤(LN)中作用不明显.炭处理对土壤养分改良作用因土而异:三种炭处理基本上提升了 WA 土中有效磷和速效钾以及可溶性有机碳含量(P<0.05),显著降低了 SA 土中速效钾含量(P<0.05),明显改变了 LN 土中铵态氮和硝态氮水平,BC 处理还提高了 LN 土中速效钾含量(P<0.05).其它土壤指标对炭处理没有明显响应.相比 BC,炭基肥通过减少外源炭用量,降低了土壤 Cd 输入负荷,具有更高的环境安全性.微生物群落分析表明,三种炭处理皆对三种土壤真菌群落无显著影响(P>0.05),但对细菌群落产生调控效应,影响程度为 BC>BBOF>BBF,土壤菌群响应程度为 LN>SA>WA. BC 与 BBOF 调控作用相似,皆显著增加了粘球菌门(Myxococcota)、甲烷氧化菌门(Methylomirabilota)、酸杆菌门(Acidobacteria)等关键菌门以及 Rokubacteriales_unclassified、厌氧粘球菌科(Anaeromyxobacteraceae)、慢生根瘤菌科(Bradyrhizobiaceae)和硝化螺旋菌科(Nitrospiraceae)等功能型菌科的相对丰度,显著降低浮霉菌门(Planctomycetota)、Subgroup_7_unclassified 和等球菌科(Isosphaeraceae)的相对丰度(P<0.05).相关与冗余分析表明,炭处理显著变化土壤细菌群落与土壤化学性质密切相关,不同土壤中细菌群落变化的驱动因子不同,主要受有效磷(WA)、有机碳(SA)和铵态氮(LN)影响,表明炭处理的调控作用具有明显的土壤依赖性.综上所述,有机无机炭基肥在改良红壤性水稻土环境条件和调控微生物群落方面表现出一定优势,具备替代生物质炭直接施用的潜力,但其增产效果及应用模式仍需进一步研究和优化.

关键词: 包膜炭基肥；红壤性水稻土；微生物群落；土壤化学性质
中图分类号: X53 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-6923(2025)09-5014-11

Regulatory effects of coated biochar-based fertilizers on chemical properties and microbial communities in paddy red soils.

GONG Ye-sha, DING Min, LI Shuo, JIANG Jing-yan* (College of Resources and Environmental Sciences, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China). *China Environmental Science*, 2025,45(9)：5014~5024

Abstract: In view of the characteristics of Ultisols (red soils) in southern China, this study developed two types of rice-specific biochar-based fertilizers (BBOF: bio-organic-inorganic biochar-based fertilizer; BBF: inorganic biochar-based fertilizer) using rice straw biochar as the base and coating technology. Pot and field experiments were conducted to evaluate their effects on soil chemical properties, microbial communities and rice yield under different pH value, nutrient statuses, and cadmium (Cd) pollution levels. Conventional fertilizer (CF) was used as the control, with three carbon treatments for experiments: direct biochar application (BC), BBOF, and BBF. The results showed that both BBF and BC improved rice yield under field conditions, with BBF enhancing the three key yield components; however, BBF had limited effects on soil improvement. BBOF and BC significantly increased soil pH and soil organic carbon contents(SOC) in the weakly acidic (WA) soil and the strongly acidic soil (SA) with Cd pollution(P<0.05), demonstrating effective acid regulation and carbon sequestration, but had limited effects in low-nutrient acidic (LN) soils. The impact of carbon treatments on soil nutrients varied with soil type: in WA soils, all three treatments significantly increased available phosphorus (AP), available potassium (AK), and dissolved organic carbon (P<0.05); in SA soil, AK was significantly reduced (P<0.05); and in LN soil, ammonium nitrogen(NH_4^+-N) and nitrate nitrogen levels were notably altered, with BC also significantly increasing AK content (P<0.05). Other soil properties showed no significant response to biochar treatments. Compared with BC, biochar-based fertilizers reduced the amount of exogenous biochar applied and thereby decreased soil Cd input, indicating higher environmental safety. Microbial community analysis revealed that none of the biochar treatments had significant effects on fungal communities (P>0.05), but all affected bacterial communities, with an impact intensity order of BC>BBOF>BBF and a soil bacterial

收稿日期: 2025-02-13
基金项目: 国家重点研发计划项目(2022YFD1901603)
* 责任作者, 副教授, lilacjjy@njau.edu.cn

communities response order of LN>SA>WA. Both BC and BBOF regulated bacterial communities in a similar way by significantly increasing the relative abundances of key phyla (*Myxococcota*, *Methylomirabilota*, and *Acidobacteria*) and important functional families (*Rokubacteriales_unclassified*, *Anaeromyxobacteraceae*, *Bradyrhizobiaceae*, and *Nitrospiraceae*), while significantly decreasing the relative abundances of *Planctomycetota* (phyla level) and *Subgroup_7_unclassified* and *Isosphaeraceae* (family level) (P<0.05). Correlation and redundancy analyses indicated that shifts in soil bacterial communities were closely related to changes in soil chemical properties, with different driving factors identified across soils: AP in WA, SOC in SA, and NH_4^+–N in LN. This suggests that the regulatory effects of carbon treatments are highly soil-dependent. In conclusion, the bio-organic-inorganic biochar-based fertilizer demonstrated advantages in improving soil environmental conditions and regulating microbial communities in rice-growing red soils, showing potential to replace direct application of biochar. However, its yield enhancement effects and application strategies require further study and optimization.

Key words：coated biochar-based fertilizers；red paddy soil；microbial community；soil chemical properties

我国南方红黄壤地区是重要的农业发展区域,具备优越的光温水土条件,在保障国家粮食安全中具有不可替代的作用.但该区域生态环境脆弱,存在水土流失、耕层薄瘦、土壤酸化和重金属污染等问题,严重制约了耕地质量和粮食产能,导致全国粮食供应格局由“南粮北运”向“北粮南运”转变[1],因此如何提升该地区耕地质量对提升我国粮食产量和安全至关重要.长期以来,我国农业生产过度依赖化肥导致肥料利用率下降以及环境问题频发.近年来,生物质炭因其在改善土壤理化性质、修复污染、提升产量等方面的作用备受关注,但其施用量大、密度小、养分含量低等特点使之存在储存、运输和田间施用等实际困难[2-3].“炭基肥”作为生物质炭的衍生产物,即将生物质炭作为肥料载体,利用其孔隙度高等特性,实现养分缓释和利用率的提升,或许是解决南方地区红黄壤“酸、瘦、黏、板”问题的有效途径[4-5].

土壤微生物作为土壤肥力维持和养分循环的关键驱动因子,其多样性与群落结构变化与作物产量密切相关[6-7].炭基肥能调节土壤理化性质以及微生物群落来改良土壤功能[2],但炭基肥的改良效应受炭源原料和土壤类型的影响[5,8],如与竹炭基肥相比,烟秆炭基肥提升土壤碳氮组分及优化土壤微生物群落的效果比竹炭基肥更加明显[9],而炭基尿素在不同类型稻田土壤(如淤泥质粘土与砂壤土)中影响的细菌属差异明显,表现出较强的土壤环境差异性[10].尽管炭基肥在改良土壤、调节土壤微生物活性、提高养分利用效率以及减少土壤养分流失等方面报道较多[5,8,11],但其应用仍面临制备工艺、施用土壤环境不同,效果不稳定等难题[12].尤其目前市售炭基肥的生物质炭含量一般较低,通常在 20%以下,依赖其有限生物质炭的吸附性,不足以达到养分缓释的目的,也很难增产,常规化肥的包膜技术依然不可或缺[13-14].同时,源于农业废弃物(如水稻秸秆、畜禽粪便等)的生物质炭可能存在污染风险[5],如水稻秸秆易富集镉,将其制成炭基肥还田后,对镉污染土壤的修复或加剧作用尚存争议.目前已有研究多集中于常规原料简单混合造粒的炭基肥产品,而基于包膜技术制备的生物质炭复合肥在红壤性水田中的应用及其微生物机制研究鲜见报道.

本研究结合南方红黄壤区稻田土壤以及水稻需肥特性,利用水稻秸秆生物质炭以及腐熟有机肥等,采用圆盘造粒和包膜技术自制两种水稻专用炭基肥,通过盆栽试验(两种不同 pH 值及镉(Cd)污染程度的土壤)和田间试验(弱酸低养分土壤)验证包膜炭基肥的应用效果,评估该炭基肥对这三种红壤性水稻土理化性质及微生物群落的调控作用以及对水稻产量的影响,以期为生物质炭基肥在我国南方红壤性水稻土上的应用提供科学依据,为开发环境友好型炭基肥提供新思路.

1　材料与方法

1.1　供试土壤

盆栽供试土壤分别采自湖北省黄冈市武穴县(29°55′11″N,115°30′23″E)和湖南省益阳市桃江县(28°23′45″N,112°5′41″E)的中低产田表层土(0~20cm),代码分别为 WA 和 SA;田间试验位于 WA 土采集地湖北省黄冈市武穴县,代码为 LN.两地分别位于长江中游和洞庭湖流域的南方红壤区,是水稻种植的重要地区.理化性质如表 1 所示,WA 土和 LN 土为弱酸性,SA 土壤酸化较为严重,且 Cd 污染超过 GB 15618−2018《土壤环境质量 农用地土壤污染风

险管控标准(试行)》风险筛选值 0.3mg/kg,接近风险管控值 1.5mg/kg[15].

表 1 供试土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical properties of test soils

土壤	pH 值	有机碳 (g/kg)	总氮 (g/kg)	镉 (mg/kg)	铵态氮 (mg/kg)	硝态氮 (mg/kg)	有效磷 (mg/kg)	速效钾 (mg/kg)	质地
WA	6.21	17.27	2.24	0.41	9.97	9.53	27.80	71.53	黏壤土
SA	5.31	21.23	2.64	1.49	50.39	14.72	7.53	28.07	壤土
LN	6.36	8.91	0.83	0.25	2.5	1.05	6.96	71.44	壤土

1.2 供试材料

供试肥料包括常规肥 CF(复合肥,N:P_2O_5:K_2O=15:15:15)、尿素、水稻秸秆生物质炭 BC(由江苏华丰农业生物工程有限公司提供,TC、N、P_2O_5、K_2O 含量分别为 28%、0.4%、1.5%和 3.9%,Cd 为 8.18mg/kg),以及两种基于 BC 自制的包膜炭基肥.盆栽试验使用的是 20%BC 包膜复合肥自制成的炭基无机肥 BBF(TC、N、P_2O_5、K_2O 含量分别为 7%、12%、9%和 11%,少量水稻生长促进剂如硅、锌等,Cd 为 1.6mg/kg),和 10%腐熟有机肥替代 BC 的炭基无机有机肥 BBOF(TC、N、P_2O_5、K_2O 含量分别为 6%、12%、9%和 11%,其他同 BBF,Cd 为 0.8mg/kg).田间试验在盆栽基础上调整了炭基肥配方,将 BBF 中 BC 含量增加至 30% (TC=9%,N+P_2O_5+K_2O=32%),BBOF 中 BC 和有机肥含量均增加至 20% (TC=7%,N+P_2O_5+K_2O=28%); N:P_2O_5:K_2O 比例调整至水稻生长需肥比例 1:0.5:0.8.同时,基于课题组已有研究结果:相比氯化钾,硫酸钾能减少南方酸性稻田土壤 CH_4 和 N_2O 的排放,且红黄壤区缺硫较普遍[16],本研究选用硫酸钾作为钾源.炭基肥造粒完成后,采用改性聚乙烯醇包膜材料对肥料颗粒进行二次包膜处理,以增强氮素控释性能并改善抗吸潮性.改良后,28d 氮素释放率由原来的近 80%降至 65%左右.所制肥料皆符合中华人民共和国农业行业标准《生物炭基肥料 NY/T3041−2016》.

1.3 试验设计

盆栽试验于 2023 年 6~10 月在南京农业大学牌楼实验基地大棚开展,在两种类型土壤(WA、SA)上设置常规施肥对照(CF)及三种炭处理(BC、BBOF 和 BBF),各处理施氮量为 250kg/hm^2,详细施肥方案见表 2,每个处理设 3 个重复,采用完全随机设计.盆钵直径和深度均为 20cm,每盆装风干土 4.5kg.供试水稻品种为“金香玉”(当地常规水稻品种),2023 年 5 月 20 日育秧,6 月 29 日施基肥,6 月 30 日移栽(每盆 3 株),7 月 9 日和 8 月 10 日分别施分蘖肥和穗肥,10 月 19 日收获.其他管理措施参照当地大田管理进行.

为进一步验证炭基肥在南方典型稻作区的田间应用效果,于 2024 年 6~10 月在湖北省黄冈市武穴市上桂村开展田间试验,肥料处理与盆栽试验保持一致.根据当地种植习惯,N:P_2O_5:K_2O 比例为 150:75:120kg/hm^2,施肥处理安排见表 2.每处理设 3 个重复,小区面积 30m^2,采用随机区组排列设计,共设 12 个小区.每小区设独立进出水口,田埂宽 40cm、高 40cm,并覆盖薄膜防止窜水、窜肥,四周设保护行.供试水稻品种为当地主栽籼稻“桃园香丝苗”,2024 年 5 月 27 日育秧,6 月 24 日施基肥,6 月 25 日移栽,7 月 13 日和 8 月 13 日追施分蘖肥和穗肥,10 月 4 日收获,其余田间管理措施参照当地常规生产执行.

于水稻收获期采集表层土壤样品(0~20cm),用于土壤理化性质分析和微生物组学分析.盆栽试验以整盆水稻植株进行常规考种,计算籽粒干重.田间试验每小区随机取 3 穴进行考种,理论产量按以下公式计算:理论产量=每公顷有效穗数*每穗粒数*结实率*千粒重.实际产量每小区随机取 1m^2 测定(脱粒干燥后去除空瘪粒得到干重,再换算为单位面积产量).

表 2 盆栽与田间试验施肥方案

Table 2 Fertilization schemes in pot and field experiments

试验类型	处理代码	处理名称	施氮量 (kg/hm^2)	基肥	分蘖肥	穗肥
盆栽试验	CF	常规肥对照	250	40% 复合肥(15−15−15)	30% 尿素	30% 尿素(15%)+复合肥(15%)
	BC	生物质炭直接施用	250	7.5t/hm^{2}BC+氮磷钾按 80%常规肥用量	30% 尿素	30% 尿素(15%)+复合肥(15%)
	BBOF	炭基无机有机肥	250	60% BBOF	20% 尿素	20% 尿素(10%)+BBOF(10%)
	BBF	炭基无机肥	250	60% BBF	20% 尿素	20% 尿素(10%)+BBF(10%)
田间试验	CF	常规肥对照	150	50% 复合肥	50% 尿素	38% KCl
	BC	生物质炭直接施用	150	7.5t/hm^{2}BC+氮磷钾按 80%常规肥用量	50% 尿素	38% KCl
	BBOF	炭基无机有机肥	150	100% BBOF	−	−
	BBF	炭基无机肥	150	100% BBF	−	−

1.4　土壤理化指标分析

土壤 pH 值按土水质量比(1:2.5)—酸度计测定;土壤铵态氮(NH_4^+-N)、硝态氮(NO_3^--N)用 KCl 溶液浸提—连续流动注射分析仪(SA1100,Skalar,荷兰)测定;土壤可溶性有机碳(DOC)用超纯水浸提—TOC 分析仪(TOC VcpH,Shimadzu,Kyoto,日本)测定.土壤有机碳(SOC)用 1mol/L HCl 溶液进行前处理,用碳氮元素分析仪(耶拿 multi EA S 5000,德国)测定;有效磷 (AP) 用 0.05mol/L HCl-0.025mol/L H_2SO_4 —ICP-OES(Agilent 710,美国)测定;速效钾(AK)用 NH_4OAc 溶液浸提—ICP-OES 测定;镉(Cd)总量用微波消解—ICP-MS(iCAP Q,Thermo Scientific,美国)测定.

1.5　土壤微生物 DNA 提取和高通量测序

选择 CTAB 法提取微生物组样本的总 DNA,并通过琼脂糖凝胶电泳检测提取质量,紫外分光光度计定量.细菌 16S rRNA 基因扩增子为 V3-V4 区,细菌扩增引物为 341F(5'-CCTACGGGNGGCWGC-AG-3')和 805R(5'-GACTACHVGGGTATCTAATC-C-3'),真菌群落分析靶区域为 ITS1,扩增引物为 ITS1FI2(5'-GTGARTCATCGAATCTTTG-3')和 ITS2(5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3').PCR 反应条件:98°C 30s,98°C 10s,54°C 30s(35 个循环),72°C 45s,72°C 10min.Miseq 文库构建和测序由杭州联川生物技术股份有限公司完成,测序平台为 Illumina Miseq PE300.原始序列数据通过 QIIME2 平台(v2022.2)中的 dada2denoise-paired 模块进行质量控制,包括去除引物接头序列、长度过滤、去噪、去除嵌合体,生成 ASV 特征序列表和丰度矩阵,同时去除低丰度的 singleton ASVs.物种注释基于 SILVA 数据库进行 (Release 138,httPs://www.arb-silva.de/documentation/release138/). 各样品的 Goods_coverage 覆盖度均高于 0.99,表明测序深度已覆盖大部分微生物物种,数据具备代表性.

1.6　统计分析

本研究用 Excel 2021 进行数据整理,利用 IBM SPSS Statistics 20 进行方差分析,利用 OriginPro 2021 制图,利用 Canoca 5 进行冗余分析(RDA).

2　结果与分析

2.1　不同炭处理对水稻产量的影响

如图 1 所示,在 WA 和 SA 土盆栽试验中,各处理间产量差异不显著(P>0.05),且炭处理产量均值低于 CF,未表现出增产效果.田间 LN 土中,尽管三重复间变异较大,产量差异亦未达显著水平,但 BC 和 BBF 处理的实际产量均值分别高于 CF 7.6%和 4.5%;理论产量方面,BC、BBOF 和 BBF 处理比 CF 分别增加了 15.9%、5.2%和 26.4%.此外,如表 3 所示,炭处理在水稻有效穗数和每穗粒数上整体高于 CF,BBF 处理在产量构成三要素上均表现较好,具有较高增产潜力.

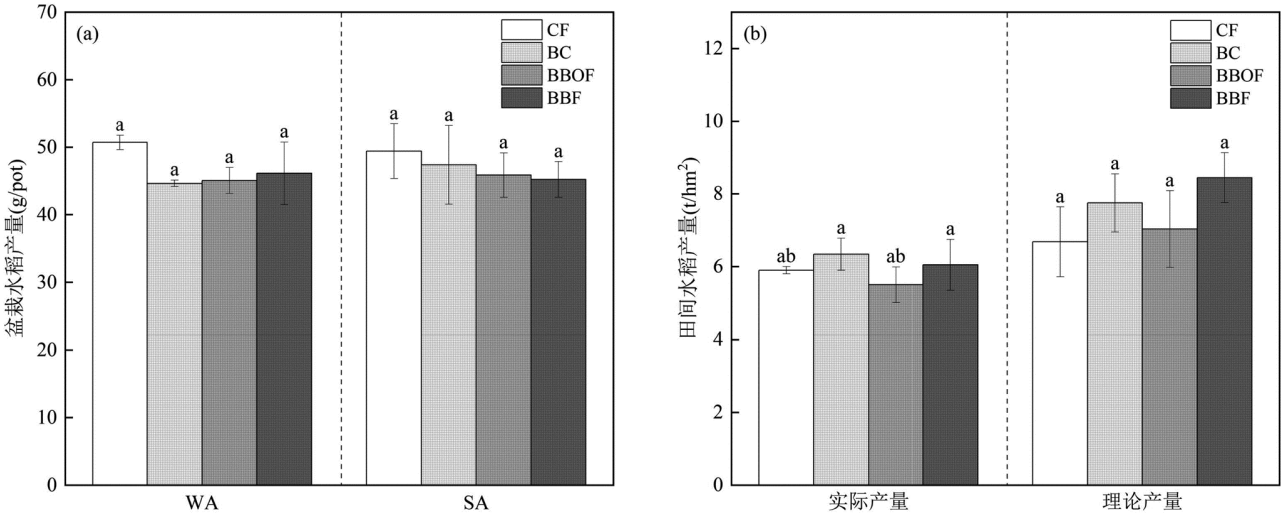


图 1　盆栽试验和田间试验中不同处理下的水稻产量

Fig.1　Rice yield of different treatments in pot and field trials

同一土壤不同字母表示不同处理间差异显著(P<0.05),下同

表 3 田间试验中水稻产量构成因素

Table 3 Yield components of rice in field trials

处理	有效穗数(n/m^2)	每穗粒数	千粒重(g)
CF	392.89±48.08a	108.25±8.84a	20.77±0.28a
BC	395.78±50.12a	125.42±6.11a	20.47±0.17a
BBOF	424.67±35.03a	109.08±8.45a	20.80±0.06a
BBF	453.56±25.18a	116.82±11.91a	20.87±0.09a

注:数值为平均值±标准误.同列同一土壤不同字母表示不同处理间差异显著(P<0.05).

2.2 不同炭处理对土壤化学性质的影响

不同炭处理对三种土壤化学性质的影响见表 4. BBOF 和 BC 显著提高了 WA 和 SA 土壤 pH 值和 SOC(P<0.05),表现出良好的调酸固碳效果.LN 土中,BBOF 和 BC 处理的 SOC 含量较 CF 整体呈上升趋势,但未达显著差异水平(P>0.05). BBF 则在三种土壤中调酸固碳效果不突出.在养分改良方面,WA 土中 BBOF 和 BBF 处理显著增加了 DOC 含量(P<0.05),三种炭处理均显著提升了 AP、AK 含量(P<0.05).SA 土中,三种炭处理则显著降低了 AK 含量(P<0.05).LN 土中,炭基肥处理显著增加了 NH_4^+-N 和 NO_3^--N 含量,BC 处理则显著增加了 AK 含量(P<0.05).在 Cd 积累方面,WA 土中 BC 处理显著提升了土壤 Cd 总量(P<0.05),而炭基肥在三种土壤中均未显著增加 Cd 水平,显示出更好的环境安全性.

表 4 不同处理下的土壤化学性质

Table 4 Chemical properties of soils under different treatments

土壤	处理	pH 值	土壤有机碳(g/kg)	可溶性有机碳(mg/kg)	总氮(g/kg)	铵态氮(mg/kg)	硝态氮(mg/kg)	有效磷(mg/kg)	速效钾(mg/kg)	镉(mg/kg)
WA	CF	6.35±0.02c	16.37±0.20b	23.44±4.92b	1.71±0.06a	5.22±2.40a	1.39±0.39ab	23.87±1.90b	79.12±2.35c	0.54±0.21b
	BC	6.74±0.07a	20.78±1.36a	30.32±8.22b	1.99±0.09a	1.94±0.14a	0.77±0.12b	33.90±0.58a	98.42±2.24a	1.22±0.12a
	BBOF	6.53±0.09b	18.45±1.16ab	112.13±8.54a	2.05±0.2a	2.11±0.54a	0.91±0.03b	30.38±1.21a	87.57±1.80bc	0.58±0.07b
	BBF	6.39±0.06c	15.94±0.15b	88.01±12.32a	1.66±0.07a	4.16±0.73a	1.65±0.10a	30.24±1.77a	94.32±4.81ab	0.71±0.17b
SA	CF	5.61±0.05c	18.35±0.32b	32.64±6.29a	1.69±0.05a	3.47±0.18a	1.97±0.11a	10.98±2.05a	74.73±3.71a	1.51±0.30a
	BC	6.24±0.03a	18.86±0.11ab	20.99±1.52a	1.62±0.04a	5.63±1.99a	2.28±0.89a	10.22±1.23a	37.50±2.19b	1.72±0.33a
	BBOF	5.74±0.04b	19.14±0.26a	23.41±3.56a	1.68±0.04a	4.32±1.32a	2.65±0.14a	9.55±0.99a	38.49±1.69b	1.37±0.13a
	BBF	5.65±0.10bc	18.33±0.10b	33.78±8.64a	1.63±0.02a	3.96±1.19a	2.19±1.02a	11.58±1.53a	31.67±1.87b	1.36±0.27a
LN	CF	6.84±0.04ab	13.06±0.87a	15.85±1.92ab	0.55±0.06a	6.79±0.20b	1.38±0.19b	7.26±0.82a	66.35±2.34b	0.24±0.08a
	BC	7.00±0.05a	13.90±1.01a	10.68±0.30c	0.56±0.04a	3.88±0.07d	1.47±0.15b	4.98±0.47a	153.86±4.85a	0.23±0.06a
	BBOF	6.81±0.02ab	13.16±1.34a	17.81±1.33a	0.59±0.09a	8.33±0.18a	1.78±0.01ab	6.38±0.87a	75.33±12.45b	0.26±0.02a
	BBF	6.74±0.09b	12.00±1.83a	12.00±1.45bc	0.52±0.05a	5.57±0.49c	2.05±0.11a	5.70±0.82a	64.29±11.15b	0.23±0.01a

注:数值为平均值±标准误.同列同一土壤不同字母表示不同处理间差异显著(P<0.05).

2.3 不同炭处理对土壤微生物群落的影响

三种供试土壤的细菌优势菌群基本上由变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、粘球菌门(Myxococcota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)和浮霉菌门(Planctomycetota)等组成(图 2(a−c)),相对丰度占比 70%以上.从聚类结果来看,BBOF 与 BC 处理在 3 种土壤中的细菌群落结构聚类距离较近,说明这两种处理对细菌群落的影响更为相似.三种土壤的优势真菌群落包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和接合菌门(Zygomycota)等,不同处理的聚类结果基本一致,皆是 BBF 与 CF 最接近,BBOF 与 BC 较相似.

Kruskal−Wallis 检验结果显示,不同炭处理显著改变了细菌部分门类的相对丰度,且效应因土而异(图 2(a−c)),但对土壤真菌没有显著影响(图 2(d−f), P>0.05).相比 CF 处理,三种炭处理在 WA 土中仅增加了甲烷氧化菌门(Methylomirabilota)的相对丰度,其中 BBOF 达到了显著水平(P<0.05).在 SA 土中三种炭处理与 CF 相比皆增加了粘球菌门的相对丰度,其中 BC 和 BBOF 达到了显著水平(P<0.05),对其它菌门没有显著影响,但硝化螺旋菌门(Nitrospirota)和巴士菌门(Patescibacteria)在两种炭基肥与 BC 之间有显著差异(P<0.05).LN 土中,炭处理显著影响的细菌类群更多,其中,BC 显著增加了迟杆菌门(Latescibacterota)、硝化螺旋菌门、甲烷氧化菌门、粘球菌门和酸杆菌门的相对丰度(P<0.05),BBOF 显著增加了甲烷氧化菌门、粘球菌门和酸杆菌门的相

对丰度,但显著减少了浮霉菌门的相对丰度(P<0.05),BBF 仅显著增加了粘球菌门的相对丰度(P<0.05),说明 BC 对细菌类群影响程度最大,BBOF 次之,BBF 影响较小.

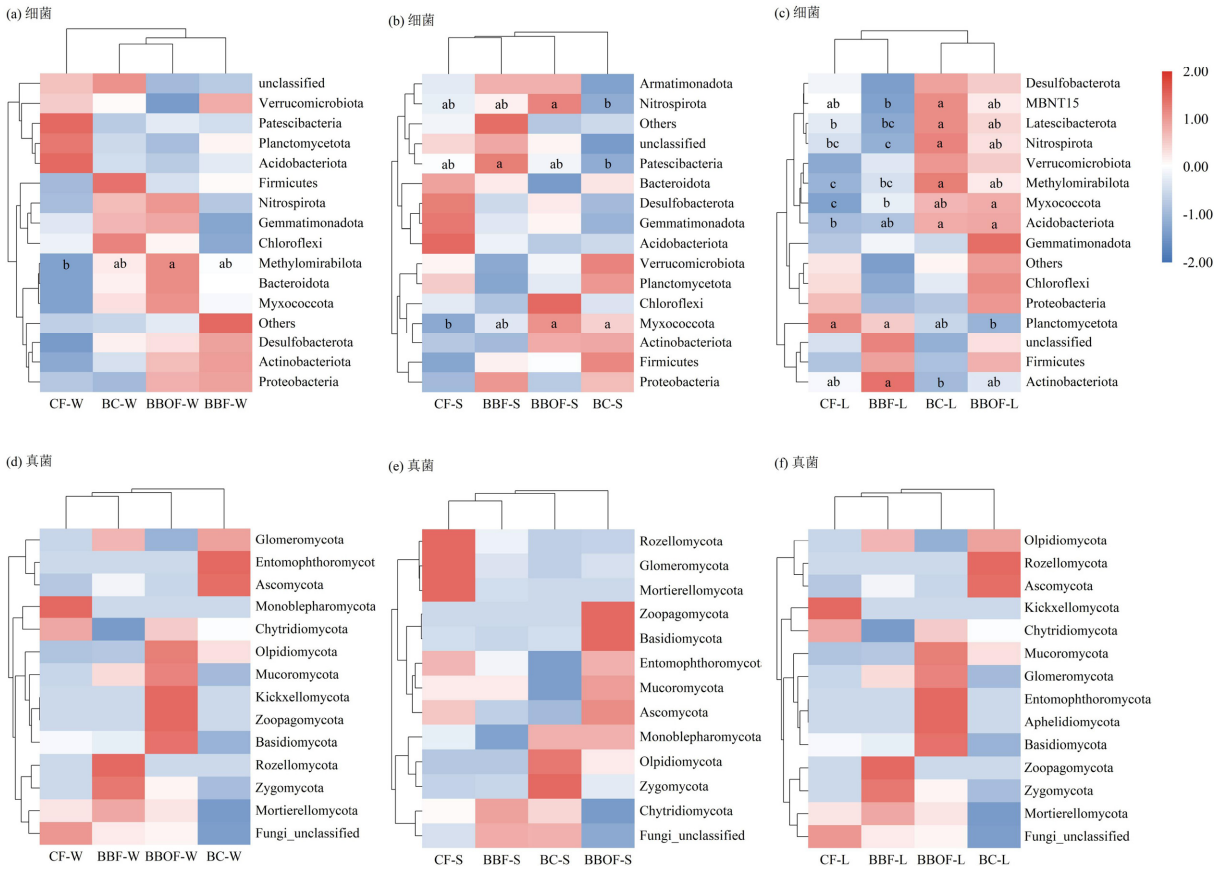


图 2　不同炭处理下 WA、SA、LN 土壤中门水平优势细菌与真菌群落结构热图分析(丰度前 15)

Fig.2　Heatmap analysis of phylum-level dominant bacterial and fungal community structures in WA, SA, and LN soils under different biochar treatments (top 15abundance)

-W:WA,-S:SA,-L:LN,下同.颜色标尺表示 Z-score 标准化丰度(-2~2).同一土壤不同字母表示不同处理间差异显著(P<0.05)

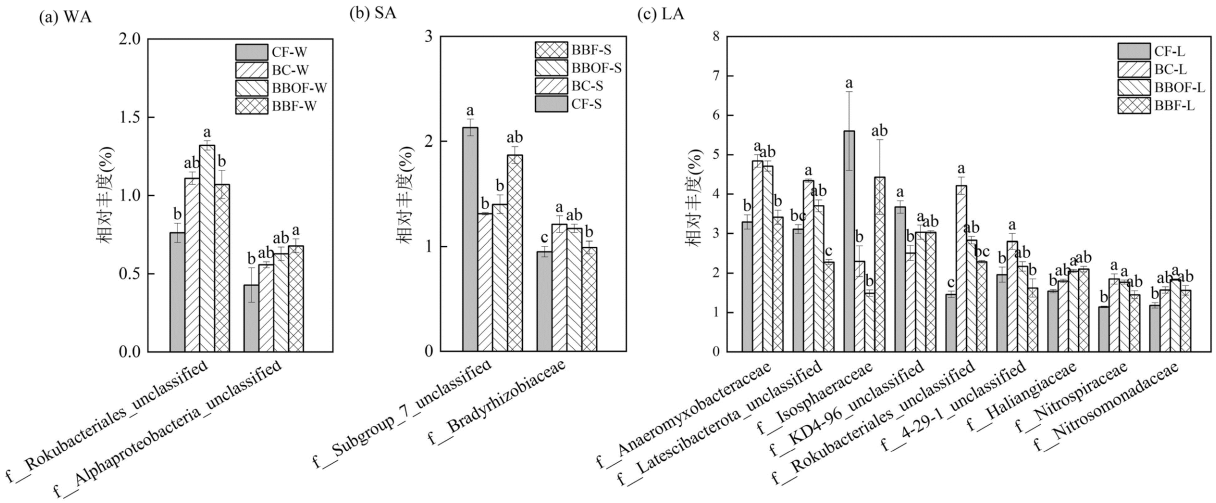


图 3　处理间差异显著的土壤优势细菌群落相对丰度(科水平)

Fig.3　Relative abundance of soil-dominant bacterial community that varied significantly among treatments (family level)

在科水平上,不同处理间存在显著差异的细菌群落见图 3.因真菌在门水平上各处理未见显著差异,

后续不再进一步分析.与 CF 相比,在 WA 土中,三种炭处理均明显提高了 Rokubacteriales_unclassified 和 Alphaproteobacteria_unclassified 的相对丰度,且 BBOF 和 BBF 增幅分别达到了显著水平(P<0.05).在 SA 土中,炭处理显著提升了慢生根瘤菌科(Bradyrhizobiaceae)的相对丰度,BC 和 BBOF 处理显著降低了 Subgroup_7_unclassified 的相对丰度(P<0.05).在 LN 土中,BC 明显改变了多个关键功能菌群的相对丰度:包括显著增加了厌氧粘球菌科(Anaeromyxobacteraceae)、Latescibacterota_unclassified、Rokubacteriales_unclassified、4−29−1_unclassified 和硝化螺旋菌科(Nitrospiraceae)的相对丰度,显著降低了等球菌科(Isosphaeraceae)和 KD4−96_unclassified 的相对丰度(P<0.05).BBOF 则显著增加了 Rokubacteriales_unclassified、海藻菌科(Haliangiaceae)、硝化螺旋菌科(Nitrospiraceae)和亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae),显著降低了*等球菌科*的相对丰度(P<0.05).而 BBF 未对任何科群产生显著影响(P>0.05).

2.4 细菌群落与土壤环境因子间的关系

不同土壤中处理间差异显著的细菌微生物类群对环境因子的响应不同(图 4).在门水平上,WA 土中甲烷氧化菌门与 AP 和 DOC 显著正相关(P<0.05).SA 土中,粘球菌门与 AK 显著负相关、与 SOC 显著正相关(P<0.05);硝化螺旋菌门和巴士菌门均与 pH 值显著负相关.LN 土中大部分菌群(如酸杆菌门、甲烷氧化菌门、巴士菌门和迟杆菌门等)与 DOC 和 NH_4^+−N 极显著负相关(P<0.01),硝化螺旋菌门、甲烷氧化菌门和迟杆菌门与 AK 显著正相关(P<0.05).在科水平上,WA 土中 Rokubacteriales_unclassified 和 Alphaproteobacteria_unclassified 均与 AP 呈显著正相关(P<0.05),前者还与 DOC 显著正相关(P<0.05).SA 土中,*Subgroup_7_unclassified* 与 pH 值和 SOC 呈显著负相关,与 DOC 和 AK 呈显著正相关(P<0.05),慢生根瘤菌科则与 pH 值和 SOC 呈显著正相关(P<0.05).LN 土中,多种菌群如 Rokubacteriales_unclassified、Latescibacterota_unclassified、4−29−1_unclassified 和厌氧粘球菌科等与 DOC 和 NH_4^+−N 呈显著负相关(P<0.05),除厌氧粘球菌科外,其余三类与 AK 呈显著正相关(P<0.05).海藻菌科和硝化螺旋菌科与 Cd 呈显著负相关(P<0.05).

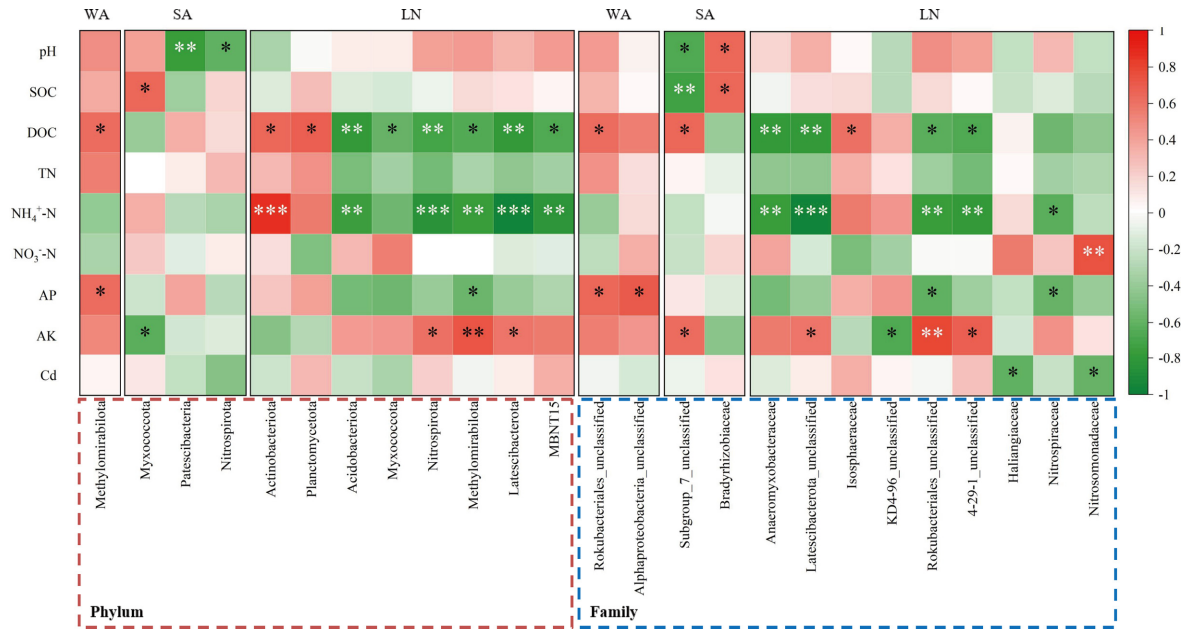


图 4 土壤变量与不同细菌群落门及科的 Pearson 相关性分析

Fig.4 Pearson correlation analysis of soil nutrients and bacterial community structure (phyla/families)

红色表示正相关,绿色表示负相关.星号代表统计学意义(*P<0.05;**P<0.01;***P<0.001)

2.5 不同土壤微生物群落变化主导因子的差异

为探究不同处理、环境因子和微生物群落之间的相互关系,对差异显著的细菌科与环境因子进一步进行冗余分析(图 5).结果表明,WA 土中,RDA1 和

RDA2 分别解释了细菌群落总变异的 82.3%和 14.9%,AP 和 DOC 显著影响细菌群落变化(P<0.05),其中 AP 是主导因子.SA 土中,RDA1 和 RDA2 分别解释了细菌群落总变异的 92.2%和 2.45%,SOC 和 TN 为显著影响因子(P<0.05),其中 SOC 是主导因子.LN 土中,RDA1 和 RDA2 分别解释了 70.4%和 10.3%的变异,NH_4^+-N 和 NO_3^--N 为主要影响因子(P<0.05),前者是主导因子.此外,3 种土壤中在 RDA1 轴上皆是 BBOF 与 BC,BBF 与 CF 的分布较接近,说明这两组对细菌群落结构的调控方向较一致,而在 RDA2 轴上,各处理间分布较分散,未表现出明显的规律.

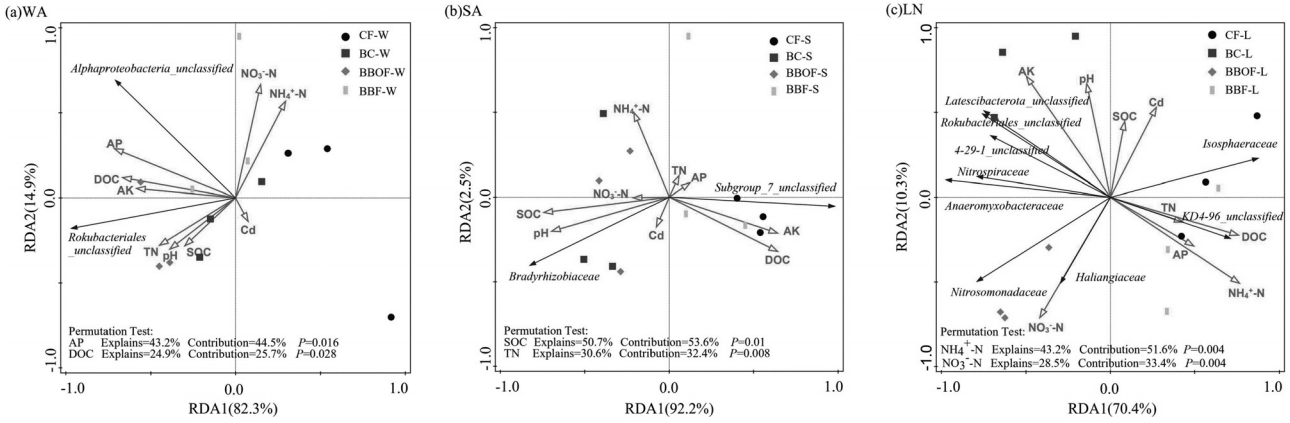


图 5　不同土壤中差异显著细菌科的相对丰度与土壤化学性质的冗余分析

Fig.5　Effects of soil chemical properties on the bacterial community composition (family level)

3　讨论

3.1　不同炭处理对不同土壤化学性质的影响

土壤异质性和炭基肥基础配方差异性导致了不同土壤对炭基肥的响应差异.本研究结果显示,BC 和 BBOF 在 WA 和 SA 土壤中均表现出良好的调酸固碳作用,这与大部分研究结果相符[5].但 BBF 的效果并不显著,这表明有机肥是炭基肥发挥该作用的关键,其分解产生的有机酸和形成的有机质可以在调节土壤 pH 值、增加有机碳及促进养分转化方面与生物质炭形成协同作用[17].此外,LN 土中,BBOF 和 BC 未显著提高土壤 pH 值和 SOC,这与该土壤本身 pH 值近中性以及田间试验为开放性系统等其它众多因素影响有关[18-19].Jia 等[20]指出,炭基肥对有效氮的影响因碳氮比不同而相对复杂,本研究也证实不同炭处理对不同土壤有效态养分含量的影响存在显著差异.这种差异可能源于肥料、生物质炭与土壤、作物间的多重相互作用,如吸附、溶解、沉淀以及养分吸收等[21].本研究发现三种炭处理显著增加了 WA 土中的 AK,却明显降低了 SA 土中的 AK 含量,而在 LN 中表现各异(表 4).炭处理还明显增加了 SA 土中粘球菌门的相对丰度(图 2),且该菌门与 AK 呈显著负相关(图 4).Zhang 等[22]最新研究发现甘蔗分蘖期根际土壤粘球菌门与 AK 显著正相关,钾的供应促使粘球菌门微生物富集.本研究是在收获期测定的结果,说明在 Cd 胁迫下粘球菌门类群(具有抗逆性)参与了 K 素的转化与消耗.同时,Cd 胁迫可通过激活植物 K^+转运蛋白促进根系对 K^+吸收[23].因此,微生物群落调控与植物对 K^+需求增加的共同作用可能是导致 SA 土中炭处理 AK 较低的原因.

生物质炭的施用可能伴随一定的环境风险.本研究发现,在低 Cd 水平的 WA 土中,BC 显著增加了土壤 Cd 总量,这与部分研究[24]认为生物质炭能够减少重金属污染的结论不一致.但在 LN 土 BC 处理未表现出 Cd 累积,这可能与田间更复杂的环境条件对 Cd 的吸附、固定和迁移转化机制的差异有关[25].相比之下,炭基肥未显著增加土壤 Cd 总量,表现出较高的应用安全性.这种优越性可能源于其炭含量较低,减少了外源 Cd 输入,同时保留了生物质炭改善土壤性质的功能,体现出较高的应用潜力.

3.2　不同炭处理对稻田土壤细菌群落的影响

生物质炭大量施用通过改变土壤理化性质进而调节稻田土壤中微生物群落的结构多有报道[26-27],但关于炭基肥相关方面的报道较少.本研究

发现三种炭处理均对稻田土壤细菌群落产生了不同程度的调控作用,影响程度 BC>BBOF>BBF,且与土壤因子密切相关(图 2−5),这与前人的研究结果一致[26-27].其中 BC 因施用量大,能提供更多稳定碳源与微生物栖息位点,故影响程度最大[28].在门水平上(图 2),本研究发现炭处理尤其是 BC 和 BBOF 能显著增加稻田甲烷氧化菌门、粘球菌门、酸杆菌门和硝化螺旋菌门的相对丰度,减少浮霉菌门的相对丰度.其中酸杆菌门、硝化螺旋菌门的增加趋势分别与 Wang 等[29]和 Gao 等[30]的研究一致.甲烷氧化菌门、粘球菌门与酸杆菌门皆与碳代谢有关[31-34]、硝化螺旋菌门与氮转化有关[35],且与土壤中的碳、氮、磷、钾养分显著相关(图 4),也与已有报道炭增加改变土壤理化性质进而影响微生物群落结果一致[26].浮霉菌门参与土壤中有机物分解和养分转化[32,36],施用 BC 与 BBOF 反而减少,这与 Gao 等[30]和 Wang 等[29]研究结果相反,原因不明,有待进一步研究.

在科水平上(图 3−5),BC 和 BBOF 能明显增加 Rokubacteriales_unclassified、海藻菌科、慢生根瘤菌科和硝化螺旋菌科的相对丰度,显著降低 Subgroup_7_unclassified 和等球菌科的相对丰度(P<0.05),不同土壤中影响细菌群落的主要驱动因子不同.Rokubacteriales_unclassified、海藻菌科、慢生根瘤菌科和硝化螺旋菌科皆与土壤碳氮转化有关[37-40],三种土壤中的主要影响因子包括 AP、SOC、速效氮等,这与 Li 等[41]和 Lv 等[27]报道基本一致,说明炭处理均通过改善土壤养分间接调节了此类菌群.稻田土壤 Subgroup_7_unclassified 少有报道,BC 和 BBOF 为何显著减少其相对丰度原因不明.等球菌科隶属于浮霉菌门,能够水解多种多糖,其次级代谢产物具有抗菌、植物保护等生物活性[42],其改变趋势也与浮霉菌门一致,降低原因尚需进一步探究.

总体来看,炭处理在三种土壤中均对细菌群落产生了一定的调节,但微生物群落响应强度不仅受肥料处理影响,还明显与土壤类型有关.WA 土壤环境条件相对较好,具有一定的缓冲能力及微生物适应性,因此炭处理引起的群落变化幅度较小[43];SA 土壤受酸化和 Cd 污染胁迫,炭处理缓解了部分环境压力,促进了耐受型与碳源敏感型细菌的富集,群落响应程度介于 WA 和 LN 之间;而 LN 土壤因原始肥力较低和环境开放性更强,炭基肥炭养分水平提升后,细菌群落响应最为明显.

3.3 炭基肥调控产量的机制分析及优化方向

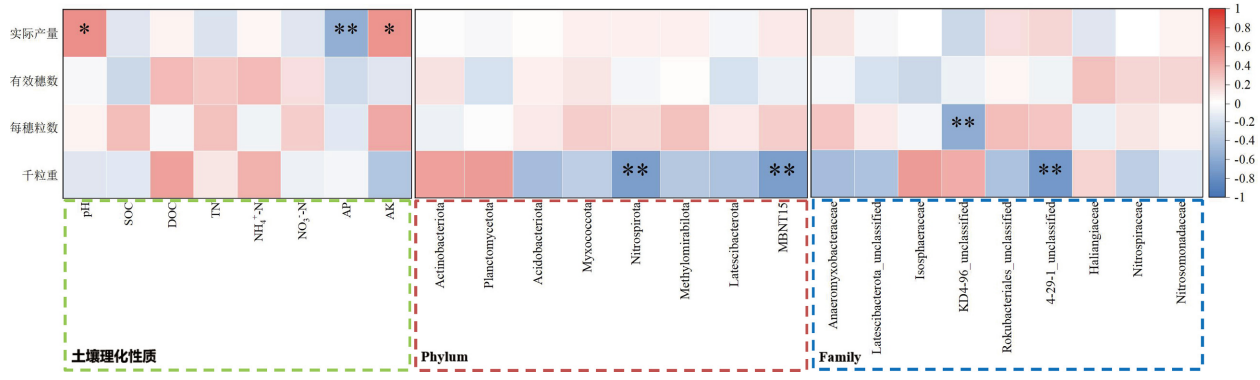


图 6 水稻产量指标与土壤理化性质和微生物群落之间的相关性分析

Fig.6 Correlation analysis between rice yield indexes and soil physicochemical properties and microbial communities

红色表示正相关,蓝色表示负相关.星号代表统计学意义(*P<0.1;**P<0.05)

大量研究表明,生物质炭或炭基肥主要通过改善土壤理化性质及促进微生物活性等途径来提高作物产量[14,44].炭基肥施用有助于提高土壤 pH 值、养分供应能力以及微生物生物量,从而改善植物的生长环境并促进产量形成[45],本研究结果与此基本一致.田间试验发现 BBF 处理提升了水稻的有效分蘖数、每穗粒数及千粒重以及产量(表 3 和图 1),表明炭基肥在红壤性水稻土中有一定的增产效果.进一步分析田间试验结果发现(图 6),产量与土壤 pH 值、AK 呈正相关(P<0.1),说明炭基肥通过调节土壤酸碱度与钾素供给,有助于构建更适宜的土壤环境,促进产量提升,这与大多数研究结果一致[14].此外,产

量与 AP 呈负相关(P<0.05),这可能与土壤采自收获期,水稻产量高,即吸收利用 AP 较多,导致土壤中 AP 反而较少有关[46].微生物层面的相关性分析(图 6)表明千粒重与门水平的硝化螺旋菌门、MBNTI5,以及科水平的 4−29−1_unclassified 呈显著负相关,每穗粒数与 KD4−96_unclassified 呈负相关(P<0.05).硝化螺旋菌门丰度升高可能影响氮素供需动态[47],从而间接作用于作物产量构成.这些结果说明,在本研究中炭基肥可能通过调控微生物介导的养分转化过程或根际资源竞争等机制[48],间接影响水稻产量形成.

值得注意的是,炭基肥在盆栽条件下未表现出显著增产效果.分析认为,一方面可能由于田间所用红壤基础肥力较低,对养分输入更敏感,另一方面也可能与田间条件下炭基肥碳、氮、磷、钾比例的优化以及缓释性能提升有关.此外,尽管 BBOF 在改善土壤性质方面与 BC 处理相当,但其未同步提升实际产量.田间观测水稻营养生长阶段 BBOF 生物量((49.96±1.43)g/穴)明显优于 BBF((41.84±3.44)g/穴),但后期籽粒收获反而不增产,且个别重复产量偏低,说明可能是撒施肥料不均匀性或 BBOF 养分释放与水稻养分动态需求不匹配等因素导致的.因此,进一步优化炭基肥配方组成与施用方式,以提高作物产量仍是今后研究的重点.

4　结论

4.1　自制无机炭基肥可在田间条件下通过提高产量相关构成要素,实现 5%左右的增产;有机无机炭基肥的土壤调酸固碳效果优于无机炭基肥,但增产效果不明显.两种炭基肥对有效态养分的影响因土而异.此外,相比直接施用生物质炭,施用炭基肥因其生物质炭含量较低,降低了土壤外源 Cd 输入负荷,应用上具有一定的环境安全性.

4.2　炭基肥在不同类型水稻土中均对真菌群落没有显著影响,但对细菌群落产生了调控作用,调控程度受肥料类型和土壤理化性质的共同影响.其中低养分土壤细菌群落响应程度最大,酸化且 Cd 污染严重的土壤次之.稻田土壤显著变化细菌群落与土壤养分性质紧密相关,主要驱动因子包括 AP、SOC 和 NH_4^+−N 等.

参考文献：

[1] 赵晓宇,李　超,陈　静,等.基于粮食安全的南方耕地保护问题与对策分析 [J]. 自然资源情报, 2023,(7):30−35.
Zhao X Z, Li C, Chen J, et al. Analysis on the problems and countermeasures of cultivated land protection in southern China from the perspective of food security [J]. Natural Resources Information, 2023,(7):30−35.

[2] Wang C Q, Luo D, Zhang X, et al. Biochar−based slow−release of fertilizers for sustainable agriculture: a mini review [J]. Environmental Science and Ecotechnology, 2022,10:100167.

[3] Xie Y Q, Wang L, Li H L, et al. A critical review on production, modification and utilization of biochar [J]. Journal of Analytical and Applied Pyrolysis, 2021,161:105405.

[4] Rombel A, Krasucka P, Oleszczuk P. Sustainable biochar−based soil fertilizers and amendments as a new trend in biochar research [J]. Science of the Total Environment, 2022,816:151588.

[5] Gao Y R, Fang Z, Van Zwieten L, et al. A critical review of biochar−based nitrogen fertilizers and their effects on crop production and the environment [J]. Biochar, 2022,4(1):36.

[6] Qiao C C, Penton C R, Xiong W, et al. Reshaping the rhizosphere microbiome by bio−organic amendment to enhance crop yield in a maize−cabbage rotation system [J]. Applied Soil Ecology, 2019,142:136−146.

[7] Ali I, Yuan P L, Ullah S, et al. Biochar amendment and nitrogen fertilizer contribute to the changes in soil properties and microbial communities in a paddy field [J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13:834751.

[8] 赵泽州,王晓玲,李鸿博,等.生物质炭基肥缓释性能及对土壤改良的研究进展 [J]. 植物营养与肥料学报, 2021,27(5):886−897.
Zhao Z Z, Wang X L, Li H B, et al. Slow−release property and soil remediation mechanism of biochar−based fertilizers [J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2021,27(5):886−897.

[9] 吴凤英,童晨晓,张伟婷,等.烟秆与竹炭基肥对植烟土壤碳氮组分及微生物的影响 [J]. 福建农业学报, 2023,38(1):109−115.
Wu F Y, Tong C X, Zhang W T, et al. Effects of tobacco stalk biochar− and bamboo biochar−based fertilizers on carbon, nitrogen, and microbes in soil of tobacco field [J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2023,38(1):109−115.

[10] Zhang Y, Du H M, Chen Y L, et al. Influence of biochar−based urea substituting urea on rice yield, bacterial community and nitrogen cycling in paddy fields [J]. Journal of the Science of Food and Agriculture, 2023,103(6):2794−2805.

[11] 刘威帆,王晓港,刘吉利,等.炭基肥对旱区玉米农田土壤理化性质、酶活性及微生物群落的影响 [J]. 环境科学, 2025,46(3):1905−1914.
Liu W F, Wang X G, Liu G L, et al. Effects of carbon−based fertilizer on soil physical and chemical properties, enzymeactivities and microbial communities in maize fields in arid regions [J]. Environmental Science, 2025,46(3):1905−1914.

[12] Wang K N, Hou J J, Zhang S D, et al. Preparation of a new biochar−based microbial fertilizer: nutrient release patterns and synergistic mechanisms to improve soil fertility [J]. Science of the Total Environment, 2023,860:160478.

[13] Rasse D P, Weldon S, Joner E J, et al. Enhancing plant N uptake with biochar−based fertilizers: limitation of sorption and prospects [J]. Plant and Soil, 2022,475(1/2):213−236.

[14] Melo L C A, Lehmann J, Carneiro J S D S, et al. Biochar−based fertilizer effects on crop productivity: a meta−analysis [J]. Plant and Soil, 2022,472(1/2):45−58.

[15] GB 15618−2018　土壤环境质量 农用地土壤污染风险管控标准(试行) [S].

[16] 冯廉洁,龚叶莎,丁　敏,等.铜−硫共存对稻田土壤CH_4和N_2O排放的影响及其机制 [J]. 中国环境科学, 2024,44(6):3030−3039.
Feng L J, Gong Y S, Ding M, et al. Effects of co−existence of copper and sulfur on $CH_4$and N_2O emisions from paddy soils and the mechanism [J]. China Environmental Science, 2024,44(6):3030−3039.

[17] Zhuang W L, Zhao C C, Zhang Y J, et al. Synergistic application of

biochar with organic fertilizer positively impacts the soil micro-food web in sandy loam soils [J]. European Journal of Soil Biology, 2024, 123:103680.

[18] Gross A, Bromm T, Glaser B. Soil organic carbon sequestration after biochar application: a global meta-analysis [J]. Agronomy, 2021,11 (12):2474.

[19] Zheng J F, Chen J H, Pan G X, et al. Biochar decreased microbial metabolic quotient and shifted community composition four years after a single incorporation in a slightly acid rice paddy from southwest China [J]. Science of the Total Environment, 2016,571:206-217.

[20] Jia Y M, Hu Z Y, Ba Y X, et al. Application of biochar-coated urea controlled loss of fertilizer nitrogen and increased nitrogen use efficiency [J]. Chemical and Biological Technologies in Agriculture, 2021,8(1):3.

[21] Shi R Y, Hong Z N, Li J Y, et al. Mechanisms for increasing the pH buffering capacity of an acidic ultisol by crop residue-derived biochars [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2017,65(37): 8111-8119.

[22] Zhang Z F, Dao J M, Wang Y T, et al. Effects of potassium fertilization application on microbial community and transcriptome in sugarcane tillering stages [J]. Tropical Plant Biology, 2025,18(1):29.

[23] Haider F U, Liqun C, Coulter J A, et al. Cadmium toxicity in plants: impacts and remediation strategies [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2021,211:111887.

[24] Xu C, Chen H X, Xiang Q, et al. Effect of peanut shell and wheat straw biochar on the availability of Cd and Pb in a soil‐rice (*Oryza sativa* L.) System [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018,25:1147-1156.

[25] Chen X M, Ren Y Q, Li C, et al. Study on factors influencing the migration of heavy metals from soil to vegetables in a heavy industry city [J]. Sustainability, 2024,16(24):11084.

[26] Bagheri Novair S, Cheraghi M, Faramarzi F, et al. Reviewing the role of biochar in paddy soils: an agricultural and environmental perspective [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2023,263:115228.

[27] Lv Y D, Xu L Q, Guo X H, et al. Effect of biochar on soil physiochemical properties and bacterial diversity in dry direct-seeded rice paddy fields [J]. Agronomy, 2023,13(1):4.

[28] Dai Z M, Xiong X Q, Zhu H, et al. Association of biochar properties with changes in soil bacterial, fungal and fauna communities and nutrient cycling processes [J]. Biochar, 2021,3(3):239-254.

[29] Wang J, Sun L J, Sun Y F, et al. Long-term biochar-based fertilizer substitution promotes carbon, nitrogen, and phosphorus acquisition enzymes in dryland soils by affecting soil properties and regulating bacterial community [J]. Applied Soil Ecology, 2025,206:105801.

[30] Gao M G, Yang J F, Liu C M, et al. Effects of long-term biochar and biochar-based fertilizer application on brown earth soil bacterial communities [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2021,309:107285.

[31] He R, Wang J, Pohlman J W, et al. Metabolic flexibility of aerobic methanotrophs under anoxic conditions in arctic lake sediments [J]. The Isme Journal, 2022,16(1):78-90.

[32] Zheng B F, Xiao Z P, Liu J Q, et al. Vertical differences in carbon metabolic diversity and dominant flora of soil bacterial communities in farmlands [J]. Scientific Reports, 2024,14(1):9445.

[33] Lueders T, Kindler R, Miltner A, et al. Identification of bacterial micropredators distinctively active in a soil microbial food web [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2006,72(8):5342-5348.

[34] Murphy C L, Yang R, Decker T, et al. Genomes of novel Myxococcota reveal severely curtailed machineries for predation and cellular differentiation [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021,87 (23):e170621.

[35] Vijayan A, Kumar V J R, Pillai D, et al. Nitrospira as versatile nitrifiers: taxonomy, ecophysiology, genome characteristics, growth, and metabolic diversity [J]. Journal of Basic Microbiology, 2021,61(2):88-109.

[36] 魏亚茹,王怡静,马巧丽,等.粉粒氨氮和水分影响浮霉菌门群落的空间分化 [J]. 微生物学通报, 2020,47(9):2732-2745.
Wei Y R, Wang Y J, Ma Q L, et al. Effects of silt particles, ammonia nitrogen and water content on structural and functional differentiation of Plantomycetes communities [J]. Microbiology, 2020,47(9):2732-2745.

[37] Cappelletti M, Presentato A, Piacenza E, et al. Biotechnology of Rhodococcus for the production of valuable compounds [J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2020,104(20):8567-8594.

[38] 孙耀琴,申聪聪,葛 源.典型纳米材料的土壤微生物效应研究进展 [J]. 生态毒理学报, 2016,11(5):2-13.
Sun Y Q, Shen C C, Ge Y. Review on microbiological effects of typical nanomaterials in soil ecosystem [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2016,11(5):2-13.

[39] 熊悯梓,钞亚鹏,赵 盼,等.不同生境马铃薯根际土壤细菌多样性分析 [J]. 微生物学报, 2020,60(11):2434-2449.
Xiong M Z, Chao Y P, Zhao P, et al. Comparison of bacterial diversity in rhizosphere soil of potato in different habitats [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020,60(11):2434-2449.

[40] Liu H Y, Zhang S N, Xu W, et al. The active role of comammox Nitrospira in nitrification in acidic orchard soils revealed by DNA-SIP [J]. Biology and Fertility of Soils, 2023,59(7):819-832.

[41] Li H Y, Xia Y Y, Zhang G L, et al. Effects of straw and straw-derived biochar on bacterial diversity in soda saline-alkaline paddy soil [J]. Annals of Microbiology, 2022,72(1):15.

[42] Ivanova A A, Naumoff D G, Miroshnikov K K, et al. Comparative genomics of four Isosphaeraceae Planctomycetes: a common pool of plasmids and glycoside hydrolase genes shared by Paludisphaera borealis PX4^T, Isosphaera pallida IS1B^T, Singulisphaera acidiphila DSM 18658^T, and strain SH-PL62 [J]. Frontiers in Microbiology, 2017,8:412.

[43] 周蓓蓓,干 彬,陈晓鹏,等.矾矿区重金属污染土壤对细菌群落特征和生态功能的影响机制研究 [J]. 环境科学学报, 2024,04(44): 2297-2308.
Zhou B B, Gan B, Chen X P, et al. Effect mechanism of heavy metal contaminated soil on bacterial community characteristics and ecological function in alum mining area [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2024,4(44):2297-2308.

[44] Li Y, Liang J, Wang H, et al. Editorial: biochar in agroecosystems: optimizing soil fertility and crop productivity [J]. Frontiers in Sustainable Food Systems, 2025,9:1609784.

[45] 兰 宇,孟 军,韩晓日,等.生物炭基产品及其对土壤培肥改良效应的研究进展 [J]. 植物营养与肥料学报, 2024,30(7):1396-1412.
Lan Y, Meng J, Han X R, et al. Advances in research on biochar-based products and their effects on soil fertility improvement [J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2024,30(7):1396-1412.

[46] Julia C, Wissuwa M, Kretzschmar T, et al. Phosphorus uptake, partitioning and redistribution during grain filling in rice [J]. Annals of Botany, 2016,118(6):1151-1162.

[47] Zhu J Y, Li A, Zhang J, et al. Effects of nitrogen application after abrupt drought-flood alternation on rice root nitrogen uptake and rhizosphere soil microbial diversity [J]. Environmental and Experimental Botany, 2022,201:105007.

[48] Lian J S, Li G H, Zhang J F, et al. Nitrogen fertilization affected microbial carbon use efficiency and microbial resource limitations via root exudates [J]. Science of the Total Environment, 2024,950:174933.

致谢： 本实验的现场采样工作由湖北省武穴市农业农村局大法寺农技中心等协助完成,在此表示感谢.

作者简介： 龚叶莎(2000-),女,湖南益阳人,硕士研究生,研究方向为土壤碳氮循环与环境效应.发表论文 3 篇.2022103037@stu.njau.edu.cn.