李 艺,高 莉,覃潇潇,等.生物炭对鬼针草根际土壤养分循环的影响 [J]. 中国环境科学, 2026,46(1):279−288.
Li Y, Gao L, Qin X X, et al. Impact of biocharon the nutrient cycling in the rhizosphere soil of *Bidens pilosa* L. [J]. China Environmental Science, 2026,46(1):279−288.

生物炭对鬼针草根际土壤养分循环的影响

李 艺[1,2],高 莉[1],覃潇潇[1],傅伊昀[1],石东弋[1],兰 威[1],唐颖璇[1],于方明[1,2*] (1.广西生态脆弱区环境过程与修复重点实验室,广西 桂林 541004；2.漓江流域绿色治理与低碳发展广西高校工程研究中心,广西 桂林 541004)

摘要：以鬼针草为研究对象,通过盆栽实验,分析了铁−钙层状双氢氧化物玉米秸秆生物炭(Fe−Ca LDH−CSB)添加对鬼针草根际土壤养分循环的影响.结果表明,Fe−Ca LDH−CSB 添加显著提高了土壤 C/N 和土壤有机质含量(P<0.05),与对照相比,分别增加 31.1%~45.6%和 3.6%~10.3%.同时,Fe−Ca LDH−CSB 添加促进了碳、氮和磷循环相关功能基因的表达.在生物炭添加为 2.0%(质量比)的处理下,与对照相比,碳固定相关基因(如 *fbaA*、*korA*、*sucC* 和 *accD* 等)的丰度提高了 1.1~1.4 倍;氮循环相关基因(如 *GDH*2、*nosZ*、*nifH* 和 *hao* 等)提高了 1.7~23.5 倍;磷循环相关基因(如 *ppk*1、*ppa*、*TC.PIT* 和 *pstB* 等)提高了 1.1~1.2 倍.Mantel 分析结果表明,土壤有效磷含量与碳、氮和磷循环功能基因均呈显著正相关关系(P<0.01);蔗糖酶活性与碳和氮循环功能基因呈正相关关系(P<0.01),与磷循环功能基因呈负相关关系(P<0.05).偏最小二乘路径模型结果进一步表明,Fe−Ca LDH−CSB 的施用改变了土壤理化性质和功能微生物的丰度,从而调控了土壤中功能基因的表达水平.变形菌门、放线菌门和绿弯菌门细菌是鬼针草根际土壤中碳、氮和磷循环关键功能基因的主要宿主.Fe−Ca LDH−CSB 添加通过影响鬼针草根际土壤相关理化性质,改变土壤微生物群落组成,驱动碳、氮、磷循环相关功能基因的表达,从而影响根际土壤的养分循环过程.

关键词：鬼针草；层状双氢氧化物生物炭；养分循环；宏基因组；根际微生物
中图分类号：X172 **文献标识码**：A **文章编号**：1000−6923(2026)01−0279−10

Impact of biocharon the nutrient cycling in the rhizosphere soil of *Bidens pilosa* L. LI Yi[1,2], GAO Li[1], QIN Xiao-xiao[1], FU Yi-yun[1], SHI Dong-yi[1], LAN Wei[1], TANG Ying-xuan[1], YU Fang-ming[1,2*] (1.Guangxi Key Laboratory of Environmental Processes and Remediation in Ecologically Fragile Regions, Guilin 541004, China；2.University Engineering Research Center of Green Remediation and Low Carbon Development for Lijiang River Basin, Guilin 541004, China). *China Environmental Science*, 2026, 46(1)：279~288

Abstract：The influence of Fe-Ca layered double hydroxide-modified corn straw biochar (Fe-Ca LDH-CSB) on nutrient cycling processes in the rhizosphere soil of *Bidens pilosa* L. was investigated through controlled pot experiments. The application of Fe-Ca LDH-CSB was found to significantly increase the soil C/N ratio and organic matter content by 31.1~45.6% and 3.6~10.3%, respectively (P<0.05). Furthermore, the addition of biochar was observed to markedly upregulate functional genes involved in carbon (C), nitrogen (N), and phosphorus (P) cycling. At a 2% (mass ratio) amendment rate, the relative abundances of genes associated with C fixation (e.g., *fbaA*, *korA*, *sucC*, *accD*), N cycling (e.g., *GDH*2, *nosZ*, *nifH*, *hao*), and P cycling (e.g., *ppk*1, *ppa*, *TC.PIT*, *pstB*) were increased by 1.1~1.4-fold, 1.7~23.5-fold, and 1.1~1.2-fold, respectively, compared with the control. A significant positive correlation between available phosphorus and the abundance of C-, N-, and P-cycling genes (P<0.01) was revealed by Mantel test analysis. Sucrase activity was found to be positively correlated with C- and N-cycling genes (P<0.01) but negatively correlated with P-cycling genes (P<0.05). Partial least squares path modeling indicated that nutrient cycling was indirectly enhanced by Fe-Ca LDH-CSB through alterations in soil physicochemical properties and the reshaping of functional microbial taxa, thereby promoting the expression of nutrient-cycling genes. Taxonomic annotation revealed that *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, and *Chloroflexi* were the dominant microbial hosts harboring key C-, N-, and P-cycling genes. Collectively, these findings demonstrated that the application of Fe-Ca LDH-CSB improved rhizosphere soil conditions and microbial community structure, thereby strengthening the biogeochemical cycling of C, N, and P in the rhizosphere of *Bidens pilosa* L.

Key words：*Bidens pilosa* L.；layered double hydroxidebiochar；nutrient cycling；metagenomics；rhizosphere microorganisms

重金属污染作为全球性的环境问题,在进入土壤后严重威胁了土壤中微生物和植物的生长发育[1].另外,重金属还可以通过直接吸收或食物链从土壤转移到植物和动物(包括人类),最终对人类健康和生态系统安全构成风险[2].因此,迫切需要开发一种有

收稿日期：2025−06−23
基金项目：国家自然科学基金资助项目(42367001,42367006)
* 责任作者, 教授, fmyu1215@163.com

效且环保的重金属污染修复方法.研究发现应用生物炭修复重金属污染土壤可以稳定受污染土壤中的重金属,改善受污染土壤质量,有效减少植物对重金属的吸收和缓解由重金属引起的氧化应激[3-4].

生物炭是在缺氧或限氧条件下通过热解产生的具有优异孔隙结构和丰富含氧官能团的富碳固体材料[5].层状双氢氧化物(LDHs)因富含多孔结构、活跃的表面羟基以及离子交换能力,能够通过表面吸附、离子交换等机理吸附重金属[6-7].因此,LDHs生物炭已被用于修复受重金属污染土壤[8].此外,生物炭作为改善土壤-植物系统中碳(C)、氮(N)和磷(P)循环的改良剂[9],对土壤的改良效果主要体现在调节土壤酸碱度,增加碳、氮、磷等养分的含量和利用率上[10].微生物主要通过其功能基因的表达来调节土壤元素转化和循环[11].

研究表明,生物炭添加对土壤微生物群落组成和丰度产生影响,从而改变参与碳、氮、磷等元素循环的功能基因的丰度[9-12].生物炭的持续施用不仅有助于土壤固碳与甲烷减排,还通过调节土壤 pH 值和影响微生物对氮、磷等养分的利用需求,进而调控土壤碳氮循环过程.研究表明,生物炭添加会显著影响与固氮(*nifH*)、硝化(*amoA*)和反硝化(*nirK*、*nirS*、*nosZ*)相关的功能基因的丰度和活性[13-15],其中提高土壤 pH 值被认为是促进 *nosZ* 基因表达、增强反硝化作用的重要机制[16].并且,生物炭的添加可以通过改变土壤理化性质和微生物群落,影响土壤中磷的矿化,提高磷的生物可利用性[10].土壤中溶磷基因如:*ppk1*、*ppa* 和 *ppx* 表达的上调可以促进土壤中可溶性磷含量的提高,有助于提高植物对磷的利用效率[17-18].

在我们的前期研究中,以玉米秸秆为原料,合成了一种铁-钙层状双氢氧化物玉米秸秆生物炭(Fe-Ca LDH-CSB),并将其用于修复重金属污染土壤[19].前期研究表明,Fe-Ca LDH-CSB 的添加可以通过重建土壤微生物群落,改善小白菜、空心菜和鬼针草的根际环境[20-21].然而,尚不清楚 Fe-Ca LDH-CSB 添加如何影响植物根际土壤的养分循环,从而促进植物的生长.并且,不同植物根际土壤微环境对生物炭添加后的响应不同.

已有研究探讨生物炭添加对农田土壤碳、氮、磷循环的影响[12],但是对于在重金属污染环境中,生物炭添加对超富集植物根际土壤碳、氮、磷循环的影响研究较少,这对于全面认识超富集植物在重金属污染环境中的养分循环过程至关重要.鬼针草(*Bidens pilosa* L.)具有优异的镉富集能力和较高的生物量,被认为是一种超富集植物[22-23].超富集植物与功能型生物炭的协同应用,能有效降低土壤重金属的生物有效性,提升植物对污染物的富集能力,并通过调控根际环境来实现污染控制与土壤质量提升的双重目标[21].因此,本文以 Fe-Ca LDH-CSB 和镉超富集植物鬼针草为研究对象,利用宏基因组学技术探讨 Fe-Ca LDH-CSB 添加对鬼针草根际土壤中碳、氮、磷循环功能基因的影响.旨在:从宏基因组水平上探究不同添加量的生物炭对鬼针草根际土壤碳、氮、磷循环过程的影响;分析碳、氮、磷循环与根际土壤理化性质的关系,探讨参与鬼针草根际碳、氮和磷循环主要微生物类群.

1 材料和方法

1.1 实验材料

本研究采用共沉淀法制备 Fe-Ca LDH-CSB:以 600°C 碳化的玉米秸秆生物炭为载体,控制 Ca^{2+}:Fe^{3+} 物质的量比为 3:1,调节反应液 pH 值至 11.0, 80°C 恒温老化 18h 后,真空过滤并 80°C 烘干获得最终产物.具体的制备过程和所用试剂详见我们的前期研究[19].

1.2 盆栽实验设计

重金属污染土壤采自中国广西壮族自治区柳州市泗顶矿区(109°52′54″E, 25°06′34″N)[19].采用五点取样法采集土壤,在去除大块砾石和植物根等各种材料后,在室温下风干.采集土壤的基本理化性质:pH 值为(6.79±0.02),总氮含量为(1.05±0.03)mg/g,总磷含量为(680.58±10.73) mg/kg,土壤有机质含量为(12.71±1.28)mg/g,有效磷含量为(74.91±2.19)mg/kg,铵态氮含量为(11.08±1.95)mg/kg,硝酸盐氮含量为(0.73±0.280)mg/kg,总镉含量为(151.76±3.82)mg/kg,有效态镉含量为(16.98±0.48)mg/kg.

盆栽实验设置为每盆土 1.2kg,生物炭分次拌入土壤中混合均匀,设置不同投加量(*w*/*w*),分别为:0(对照,CK)、0.5%(B1)、1.0%(B2)和 2.0%(B3).每个处理设置 3 个平行.将处理后的土壤在自然条件下平衡 2 周.鬼针草采自广西师范大学校园内,采取扦插的方式进行栽培,具体操作如下:选取长势良好且粗细一

致的茎,用自来水冲洗后,剪成长度约为 5cm 的茎段,至少保留一个完整的节间和一个腋芽.将茎段插入装好土壤的盆中,保留腋芽于土壤上面.每盆扦插 4 株,定期浇水,保持土壤含水量在 60%.

1.3　土壤样本采集与分析

鬼针草在栽培 45d 后收获.将整株植物用铲子完整挖出后,通过轻轻摇晃植物根冠收集根际土壤.将所得的新鲜土样分为两部分:一部分置于 4°C 下保存,用于测定土壤理化性质;另一部分置于−80°C 下保存,用于 DNA 提取.土壤基本理化性质包括 pH 值、总碳(TC)、微生物量碳(MBC)、总氮(TN)、铵态氮(NH_4^+−N)、硝态氮(NO_3^-−N)、可溶性有机氮(DON)、总磷(TP)和有效磷(AP)等采用《土壤农业化学分析法》进行测定[24].土壤可溶性有机氮(DON)、有机质(SOM)和可溶性有机碳(DOC)含量使用元素分析仪测定[25].纤维素酶、蔗糖酶和淀粉酶活性采用 3,5−二硝基水杨酸法进行分析[26];脲酶和蛋白酶分别采用靛酚蓝比色法和茚三酮比色法进行分析[27];碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法进行分析[28];过氧化氢酶和脱氢酶采用高锰酸钾滴定法和 2,3,5−三苯基四唑氯化物还原法进行分析[28].

1.4　宏基因组测序分析

从 0.25g 鬼针草根际土壤样品中提取 DNA,使用 E.Z.N.A® Soil DNA Kit(Omega Bio−tek,Norcross, GA, USA),操作过程严格按照试剂盒说明进行.DNA 的纯度、浓度和完整性分别通过 NanoDrop 200、TBS−380 和 1%琼脂糖凝胶电泳进行检测.提取得到的 DNA 经 Covaris M220 超声破碎仪处理,片段长度约为 400bp,随后使用 NEXTFLEX Rapid DNA−Seq 试剂盒(Bio Scientific, Austin, TX, USA)构建宏基因组文库.拼接所得 contig 的开放阅读框预测通过 Prodigal 软件完成.筛选核苷酸长度大于等于 100bp 的基因,并将其翻译为氨基酸序列,获得每个样品的基因预测结果统计表.宏基因组测序在 Illumina NovaSeq HiSeq Xten 平台(美吉生物技术有限公司)上进行.使用 DIAMOND 工具(http://ab.inf.uni−tuebingen.de/software/diamond/)对非冗余基因集与 NR 数据库进行快速比对,并结合 NR 数据库中的分类学信息完成物种注释.功能基因注释则依托 KEGG 数据库(http://www.genome.jp/keeg/),以识别与土壤碳、氮和磷循环相关的功能基因.

1.5　统计分析

所有实验数据均采用 SPSS 19.0 软件进行统计分析,图表绘制使用 Origin 2024 软件完成.采用基于邓肯检验(Duncan's test)的单因素方差分析(One−way ANOVA, n=3)来确定 P<0.05 时的统计显著性.土壤理化性质与功能基因之间的相关性分析采用 R 中的"psych"包进行,共现网络图通过 Gephi 软件构建.Mantel 检验使用 R 中的"vegan"包进行.采用气球图分析参与碳、氮和磷循环关键功能基因.饼图的大小表示相应基因的相对丰度,丰度之间的显著性差异采用最小显著差异法(LSD)检验,处理组与对照组之间的显著性差异以黑色星号表示(*P<0.05,**P<0.01,***P<0.001).采用偏最小二乘路径模型(PLS−PM)分析 Fe−Ca LDH−CSB 添加下,鬼针草根际微环境中土壤理化性质变化与碳、氮和磷循环功能基因之间的级联关系.

2　结果与分析

2.1　Fe−Ca LDH−CSB 添加对鬼针草根际土壤理化性质的影响

Fe−Ca LDH−CSB 的添加对鬼针草根际土壤理化性质的影响如表 1 所示.Fe−Ca LDH−CSB 的添加显著提高了土壤含水率(P<0.05);与对照相比,B1 和 B3 处理下,含水率分别提高了 7.2%和 10.1%.Fe−Ca LDH−CSB 的添加显著降低了土壤的 TN 和 NO_3^-−N 含量(P<0.05);与对照相比,所有处理使土壤的 TN 和 NO_3^-−N 含量降低了 17.7%~29.4%和 11.3%~19.5%.与此相反,Fe−Ca LDH−CSB 的添加使土壤的 DON 含量显著提高了 7.9%~16.3%(P<0.05).Fe−Ca LDH−CSB 的添加显著提高了土壤的 C/N 和 SOM 含量(P<0.05);与对照相比,分别提高了 31.1%~45.6%和 3.6%~10.3%.此外,Fe−Ca LDH−CSB 的添加显著降低了土壤的 TP 和 AP 含量(P<0.05);其中,B2 处理下土壤 AP 含量达到最低,降低了 64.4%(P<0.05).

2.2　Fe−Ca LDH−CSB 添加对土壤碳、氮和磷循环功能基因的影响

Fe−Ca LDH−CSB 添加对土壤的碳、氮和磷循环过程均产生了影响(图 1).通过共生网络图分析了 275 个碳循环功能基因与土壤理化性质之间的相互关系(图 1a).结果显示,TC、SOM、AP、NH_4^+−N 和土壤酶活性与碳循环功能基因显著相关.基于碳循

环功能基因与土壤理化因子之间的相关性,进一步筛选出参与碳固定(*fbaA*、*korA*、*pps*、*sucC*、*accD*、*porB*、*glpX*)、碳降解(*glgP*、*katE*、*mcl*)、产甲烷(*ackA*)及甲烷代谢(*pmoC*-*amoC*)等过程的功能基因进行深入分析(图 1b).对于碳固定过程,与对照相比,B2 处理使 *fbaA*、*korA*、*pps*、*sucC* 和 *accD* 基因的丰度分别提高了 1.4、1.2、1.2、1.1 和 1.1 倍.糖原降解、光呼吸及甲醛同化为典型的碳降解过程,相关功能基因的丰度随着 Fe-Ca LDH-CSB 添加比例显著变化.其中,B3 处理下 *glgP* 与 *katE* 基因的丰度与对照相比分别提升了 1.1 和 1.7 倍.对于产甲烷基因 *ackA*,B3 处理下其相对丰度较对照组提高了 1.4 倍.与硝化作用相关的 *pmoC*-*amoC* 基因在 B1 处理下提高了 1.10 倍.

表 1 Fe-Ca LDH-CSB 添加对鬼针草根际土壤理化性质的影响

Table 1 Effects of Fe-Ca LDH-CSB addition on soil porperties in the rhizosphere of *Bidens pilosa* L.

指标	对照	B1	B2	B3
土壤含水率(%)	31.61±0.01b	33.87±0.02a	30.65±0.01b	34.79±0.02a
总氮(mg/g)	0.51±0.05a	0.36±0.00c	0.42±0.05b	0.42±0.05b
铵态氮(mg/kg)	15.43±1.11a	14.81±1.17a	13.47±1.47a	13.43±0.65a
硝酸盐氮(mg/kg)	7.23±0.61a	6.06±0.27b	5.82±0.15b	6.41±0.76ab
可溶性有机氮(mg/kg)	8.12±0.29b	8.76±0.20ab	9.03±0.32a	9.44±0.68a
C/N	37.83±4.48b	55.08±1.77a	49.58±7.08a	50.82±6.44a
土壤有机质含量(mg/g)	33.00±0.32c	34.19±1.10b	35.48±0.39a	36.41±0.24a
总磷(mg/kg)	621.82±15.40a	591.14±9.19b	607.22±14.43ab	597.16±4.44b
有效磷(mg/kg)	240.76±14.95a	101.83±5.46c	85.80±2.17d	176.76±3.15b

注:数据表示平均值±标准偏差(n=3);不同小写字母代表处理间差异显著(P<0.05).

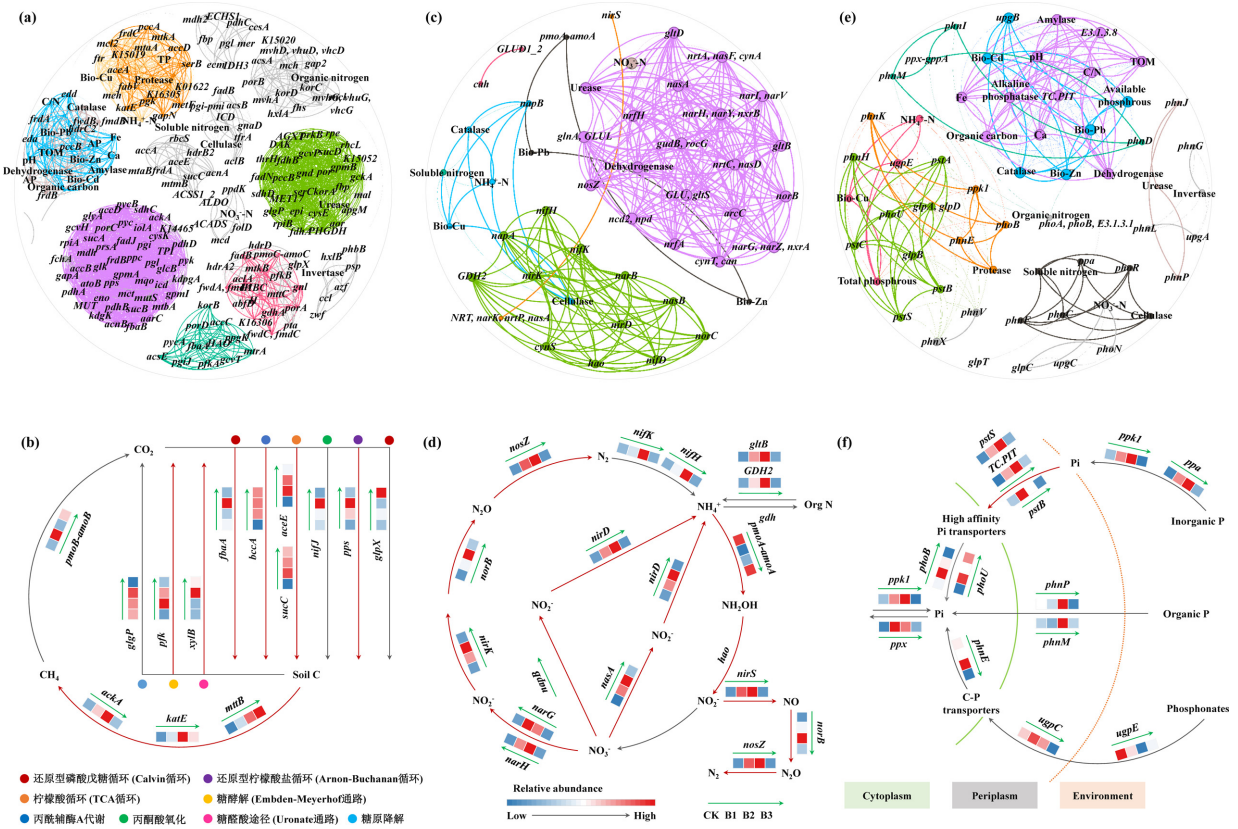


图 1 Fe-Ca LDH-CSB 添加对鬼针草根际碳、氮和磷循环基因的影响

Fig.1 Effects of PE addition on rhizosphere carbon, nitrogen and phosphrous cycle of *B. chinensis* L.

共生网络图分析结果显示,脲酶和脱氢酶与氮循环功能基因显著相关(图 1c).基于理化性质与氮

循环功能基因之间的相关性以及功能基因之间的网络关系,选取了 *GDH*2、*gltB*、*pmoC*–*amoC*、*pmoA*–*amoA*、*hao*、*narG*、*narH*、*nirK*、*norB*、*nosZ*、*nifK*、*nifH*、*napB*、*nirD*、*nasA* 和 *nasB* 共 16 个氮循环相关功能基因进行进一步分析(图 1d).与对照相比,多数功能基因在 B2 处理下变化最显著,包括:*GDH*2(1.7 倍)、*gltB*(1.9 倍)、*nifK*(22.6 倍)、*nifH*(23.5 倍)、*nosZ*(9.3 倍)、*norB*(4.4 倍)、*nirK*(2.4 倍)、*narH*(3.9 倍)、*narG*(3.9 倍)、*hao*(12.7 倍)、*nasA*(2.3 倍)、*nasB*(4.3 倍)与 *nirD*(3.0 倍).

土壤理化性质与磷循环功能基因之间的共现网络关系如图 1e 所示.结果表明,土壤生物可利用重金属、pH 值、有机碳(OC)、土壤酶活性、SOM、NH_4^+–N 和 C/N 比与磷循环功能基因均呈较强的相关性.在众多磷循环功能基因中,*ppa*、*ppk*1、*pstB*、*pstS*、*TC.PIT*、*phoU*、*phoB*、*ppx*、*phnE*、*ugpB*、*ugpE*、*phnP* 和 *phnM* 等 13 个基因与土壤理化性质的关联性最为紧密(图 1f).在无机磷溶解过程中,B2 处理使涉及多聚磷酸激酶(*ppk1*)和焦磷酸酶(*ppa*)功能的基因分别提高了 1.1 倍和 1.1 倍.与此同时;使磷转运过程的底物结合蛋白基因(*pstS*)、无机磷转运蛋白基因(*TC.PIT*)和 ATP 结合蛋白基因(*pstB*)分别提高了 1.2、1.2 和 1.1 倍.此外,B2 处理还使 *ppx*、*phnP*、*phnM* 和 *phnE* 的相对丰度均比对照组提高了 1.2 倍,这表明了 Fe–Ca LDH–CSB 添加对磷相关基因的表达具有一定的促进作用.

2.3　Fe–Ca LDH–CSB 添加下根际土壤碳、氮和磷循环基因的分布特征

环境因子对功能基因的影响主要体现在其对微生物群落结构和功能的调控,从而影响基因的表达水平.由于环境条件的不同,不同的细菌类群虽可催化相同的生物地球化学过程,但其催化效率与适应性可能存在差异.因此,研究对碳、氮和磷循环功能基因进行了微生物注释(图 2).在门水平上,对于碳循环关键功能基因,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)细菌是其主要宿主.对于 *mcl* 和 *fbaA* 基因,芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)也是其主要宿主.特别的,对于 *pmoB*–*amoB* 基因,硝化螺旋菌门(Nitrospirae)细菌是其主要宿主(图 2a).对于氮循环关键功能基因,变形菌门是其主要宿主.对于 *gltB*、*GDH2*、*narG* 和 *narH* 基因,放线菌门也是其主要宿主.此外,对于 *nosZ* 和 *napB* 基因,芽单胞菌门也是其主要宿主.特别的,*pmoA*–*amoA* 基因的主要宿主是硝化螺旋菌门和奇古菌门(Thaumarchaeota)(图 2b).对于磷循环关键功能基因,变形菌门、放线菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门和酸杆菌门(Acidobacteria)是其主要宿主(图 2(c)).另外,对碳、氮和磷循环功能基因进行了 LSD 检验,结果表明,Fe–Ca LDH–CSB 添加会对碳、氮和磷循环关键功能基因的丰度产生显著影响(P<0.05,P<0.01 或 P<0.001).

2.4　土壤理化性质与碳、氮和磷循环功能基因之间的关系

采用 Mantel 检验分析了 Fe–Ca LDH–CSB 添加下鬼针草根际土壤碳、氮和磷循环功能基因与土壤碳、氮和磷含量及酶活性之间的关系(图 3a).结果表明,碳循环功能基因与 AP 含量和蔗糖酶活性呈显著正相关关系(Mantel's r>0.5,P<0.01);与过氧化氢酶和淀粉酶活性呈显著负相关关系(0.25<Mantel's r<0.5, P<0.05).氮循环功能基因与 pH 值、NO_3^-–N 和 AP 含量、蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶和淀粉酶活性呈显著正相关关系(Mantel's r>0.5 或 0.25<Mantel's r<0.5, P<0.01);与 TC 和 SOM 含量、C/N、脲酶活性呈显著负相关关系(0.25<Mantel's r<0.5, p<0.05).磷循环功能基因与 pH 值和 AP 含量呈显著正相关关系(Mantel's r>0.5 或 0.25<Mantel's r<0.5, P<0.01);与 TN、NO_3^-–N 和 DON 含量、蔗糖酶、纤维素酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶和淀粉酶活性呈显著负相关关系(0.25<Mantel's r<0.5 或 Mantel's r<0.25, P<0.05).

采用 PLS–PM 分析了 Fe–Ca LDH–CSB 添加下土壤理化性质、细菌和关键功能基因之间的关系(图 3b).结果表明,Fe–Ca LDH–CSB 添加显著提升了土壤 C/N 和 DOC 含量(0.840, P<0.001),并对碳循环功能基因产生了显著的正向影响(0.515, P<0.01),但同时对细菌群落的相对丰度产生了显著的负向影响(−1.101, P<0.05).尽管细菌群落丰度下降,但其仍对碳(0.945, P<0.05)、氮(0.673, P<0.01)和磷(0.744, P<0.05)循环功能基因表现出显著的正向作用.此外,Fe–Ca LDH–CSB 添加还提高了氮循环相关酶的活性(0.675, P<0.05),并降低了土壤 NH_4^+–N、NO_3^-–N 和 DON 含量(−0.925, P<0.001),从而对氮循环功能基因产生显著的负向影响(−0.521, P<0.05).

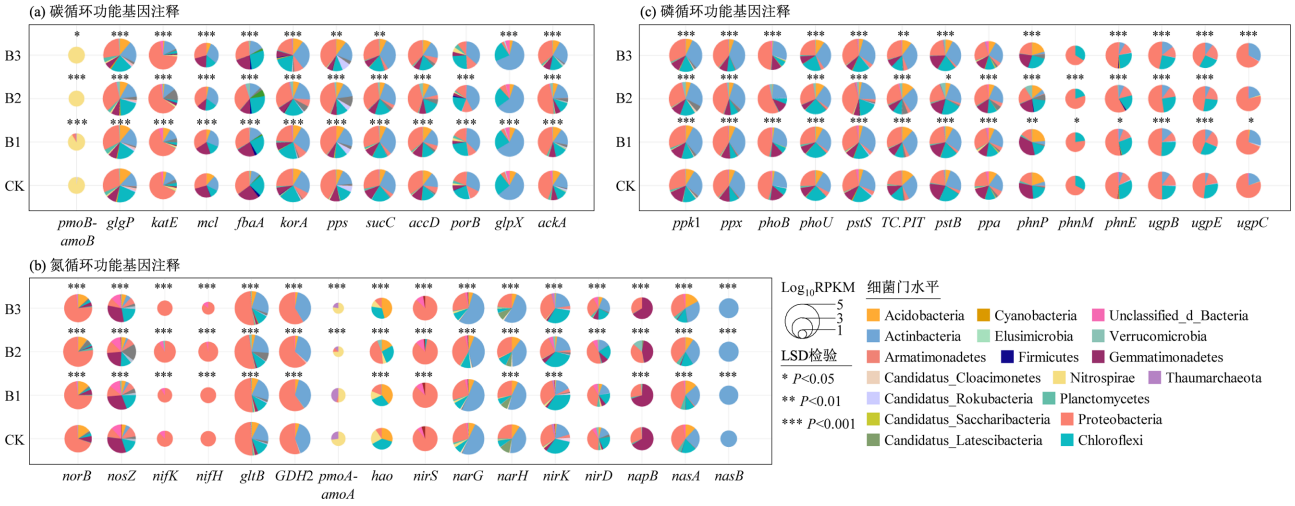


图 2 基于宏基因组分析鬼针草根际土壤碳、氮和磷循环关键基因丰度变化

Fig.2 Carbon, nitrogen and phosphorus cycling genes inferred from metagenome in the rhizosphere soil of*B. pilosa* L.

气球图描述了碳(a)、氮(b)和磷(c)循环基因的相对丰度和分类.饼图大小代表相应基因的相对丰度,计算为 Log_{10}RPKM(每百万映射读数每千碱基读数).统计显著性采用 LSD 检验,处理与对照之间的显著性用黑色星号(*P<0.05,**P<0.01,***P<0.001)表示

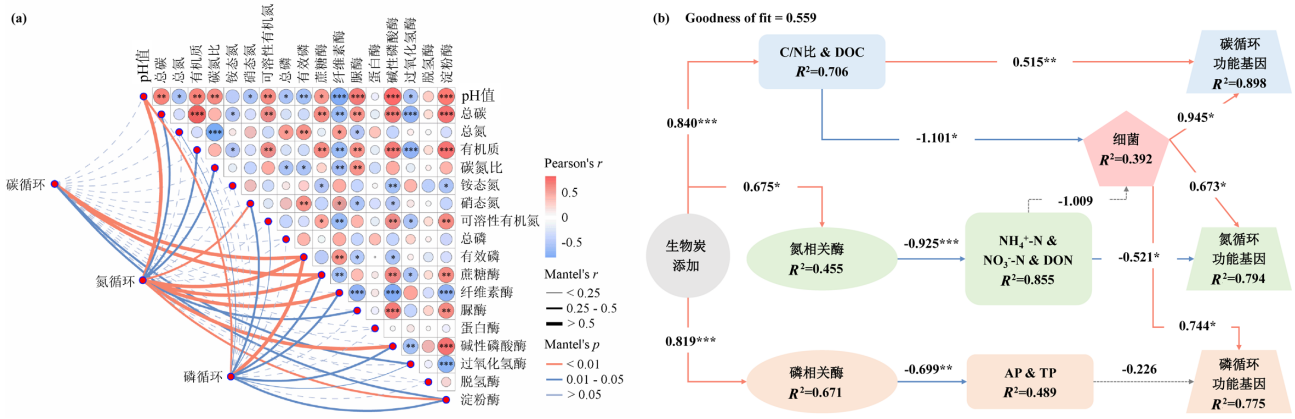


图 3 土壤理化性质与碳、氮和磷循环功能基因之间的关系

Fig.3 Relationship between soil physicochemical properties and carbon, nitrogen, and phosphorus cycling genes

3 讨论

Fe-Ca LDH-CSB 添加降低了鬼针草根际土壤 TN 和 NO_3^--N 含量,提高了 DON 含量.这是因为生物炭具有丰富的孔隙结构,能够吸附固定土壤中的无机氮,同时,生物炭还能促进作物对氮的吸收,从而降低土壤氮库[29].生物炭通过提高土壤的孔隙度,为微生物提供了氧气和丰富的营养物质,从而促进微生物的生长繁殖,微生物活性的增强加速了土壤有机质的分解过程,进而提高了土壤可溶性有机氮的释放量[30].这表明 Fe-Ca LDH-CSB 可能通过吸附、缓释或调控微生物过程促进氮素转化与有机氮积累[31].同时,生物炭因其高碳含量与化学惰性,被认为是一种极具潜力的碳封存材料[32].已有研究表明,添加生物炭材料可以显著提高土壤碳储量,从而导致 C/N 比上升[33].C/N 比和 SOM 含量的提高表明 Fe-Ca LDH-CSB 具有良好的碳输入和有机质保护能力,有效增强了微生物的活性和土壤碳库的稳定性[34-35].土壤理化特性的改变可能通过微生物功能影响土壤养分循环,因此,本研究进一步分析了 Fe-Ca LDH-CSB 添加下鬼针草根际土壤环境中碳、氮和磷循环相关功能基因的变化.

碳循环是生态系统中最重要的物质循环之一,土壤微生物群落在其中发挥着核心作用[36].Fe-Ca LDH-CSB 的添加向土壤中输入了丰富的碳源,其中部分可利用碳可被异养微生物迅速利用,从而通过

异养碳固定减少新碳的滞留量[37].本研究中,与还原型磷酸戊糖循环(Calvin循环)和柠檬酸循环(TCA循环)相关的基因(如 *glpX* 和 *sucC*)在 Fe−Ca LDH−CSB 添加后得到了不同程度的恢复(图 1a−b),表明生物炭添加增强了土壤微生物的碳固定能力[38-39].在土壤修复过程中,大量外源碳经碳降解酶分解为可溶性小分子糖,为微生物的生长和代谢提供能量[40].本研究结果表明适量的生物炭添加提高了与淀粉和蔗糖降解(*glgP*)及呼吸(*katE*)相关的基因丰度,说明微生物的碳分解潜能受到生物炭的调控.因此,Fe−Ca LDH−CSB添加通过提高土壤中碳源供给,调节微生物碳固定与分解相关功能基因的表达,从而促进了微生物介导的碳循环过程,提高了鬼针草根际土壤环境的碳代谢潜力.

生物炭是一种富碳材料[41],碳源的输入被认为可影响硝化、反硝化等多种氮循环过程.已有研究表明,生物炭可正向调控土壤氮循环及相关微生物群[42].Fe−Ca LDH−CSB 添加显著提高了硝化基因 *narH* 基因的丰度,促进了土壤中 NH_4^+−N 向 NO_3^-−N 的转化(图 1d).这与 Song 等[43]提出生物炭显著提高土壤硝化速率的结果一致.值得注意的是,Fe−Ca LDH−CSB 的添加显著提高了参与氨化过程的 *GDH2* 基因丰度,该基因编码的谷氨酸脱氢酶,可以在高 NH_4^+浓度下将 NH_4^+转化为谷氨酸[44].此外,谷氨酸合成酶基因(*gltB*)丰度较对照组显著升高,表明该酶能在低 NH_4^+浓度下将 NH_4^+高效转化为谷氨酸,这进一步表明 Fe−Ca LDH−CSB 添加可以有效促进重金属污染土壤的硝化过程.另外,Fe−Ca LDH−CSB 添加增强了反硝化基因(*narG*、*nirK*、*nirS*、*norB*、*nosZ*)的表达,其中,*narG*、*nirK* 和 *nirS* 是反硝化初期关键基因,对氮含量变化较敏感,而 *norB* 和 *nosZ* 响应较弱[45- 46].Dai 等[47]的研究表明,富碳生物炭刺激了 *nirK*、*nirS* 和 *nosZ* 等反硝化基因的表达,并增加了 N_2O 的排放量.研究表明,*nosZ* 基因的环境适应性强,在本研究中,土壤中的 *nosZ* 丰度均高于对照,这表明生物炭中有机碳提高了携带 *nosZ* 微生物的活性,促进了土壤反硝化过程的进行[13- 48].相比之下,固氮基因(*nifK* 和 *nifH*)的丰度变化较小,这可能是由于重金属污染土壤本身的氮素匮乏所导致的[49-51].此外,固氮基因丰度变化较小也可能与变形菌门的丰度变化较小有关(图 2b),这是由于变形菌门微生物在 C/N 比高于 12.5 的土壤中生长受限所致[52].因此,Fe−Ca LDH−CSB添加通过改变土壤理化性质,间接影响鬼针草根际土壤的氮循环过程.

磷是植物与微生物生长发育所必须的营养元素.在重金属污染土壤中,满足植物与微生物磷需求的关键路径是磷的溶解与矿化过程[53].Fe−Ca LDH−CSB 添加提高了多磷酸激酶(*ppk1*)、无机焦磷酸酶(*ppa*)和外多磷酸酶(*ppx*)等无机磷溶解基因的丰度,促进了土壤中难溶性磷的生物可利用性[17].这可能是由于生物炭释放的营养物质刺激了微生物分泌有机酸,进而溶解无机磷并促进溶磷菌的生长[9].多磷酸激酶(*ppk*)可催化磷酸单体聚合形成多磷酸分子;多聚磷酸在微生物的生化过程(包括糖、核酸、蛋白质磷酸化)中充当能量库,可以有效提高微生物在环境中的生存和增殖[54].此外,Fe−Ca LDH−CSB 的添加还提高了土壤中与磷饥饿反应调控相关的 *phoB* 与 *phoU* 基因的丰度,增强了微生物对外源磷的利用能力[47].这些基因与磷转运相关基因 *pst*ABCS 紧密关联,并调控碱性磷酸酶(E3.1.3.1)的表达,有效促进有机磷的矿化过程[55].在细菌中,磷的吸收与利用主要通过专一性磷酸转运系统(Pst)和磷酸转运蛋白系统(Pit)完成,其中 Pst 系统为主要路径[56].本研究中,*pstS*、*pstB* 和 *TC.PIT* 等关键基因丰度升高,表明 Fe−Ca LDH−CSB 添加有助于增强细菌对 Pi 的吸收与转运能力[57].Enebe 等[54]发现多磷酸激酶与磷转运蛋白之间存在协同关系,后者的高效吸收能力是形成多磷酸的前提.因此,*ppk* 与 *pstS* 的丰度升高表明 Fe−Ca LDH−CSB 的添加提高了鬼针草根际环境磷的可利用效率.在此过程中,AP 被植物和微生物快速吸收利用,导致土壤中的 AP 含量降低,而该“低磷状态”又会诱导微生物表达更多的磷获取相关基因,以维持其代谢需求[58].这与焦扬等[58]的研究结果一致.

土壤微生物在调节土壤肥力、植物健康及碳、氮和磷等养分循环中至关重要.研究表明,重金属胁迫会显著影响微生物多样性与丰度[59].生物炭通过增强功能微生物的活性,在土壤修复中发挥积极作用[54].微生物群落对营养输入高度敏感,生物炭可提高如变形菌门、绿弯菌门和芽单胞菌门等优势类群的丰度[60].我们发现酸杆菌门、放线菌门、变形菌门和绿弯菌门携带大量与养分循环相关的功能基因.

研究表明,放线菌与变形菌门是碳、氮和磷循环中的关键类群[61],而酸杆菌在磷循环中扮演重要角色[62].本研究从门水平层面上分析了 Fe-Ca LDH-CSB 添加对根际环境中碳、氮和磷功能基因的影响,发现微生物丰度对土壤理化性质变化表现出了显著响应.参与碳、氮和磷循环的微生物在门水平上具有高度重叠性,说明同一类群可能在多种养分循环过程中发挥作用,也为微生物驱动的多元素循环高度耦合提供了证据.因此,Fe-Ca LDH-CSB 添加通过调控土壤理化性质,影响微生物群落结构与功能基因表达,进而促进重金属污染土壤的养分循环.

4 结论

4.1 Fe-Ca LDH-CSB 的添加显著提高了鬼针草根际土壤 C/N 比和 SOM 含量,与对照相比,分别提高了 31.1%~45.6%和 3.6%~10.3%(P<0.05).

4.2 Fe-Ca LDH-CSB 的添加促进了土壤碳、氮和磷循环功能基因的表达;变形菌门、放线菌门和绿弯菌门细菌是鬼针草根际土壤中碳、氮和磷循环关键功能基因的主要宿主.

4.3 AP 含量与碳循环、氮循环和磷循环功能基因变化呈显著正相关关系(P<0.01).蔗糖酶活性与碳循环和氮循环功能基因变化呈显著正相关关系(P<0.01);与磷循环功能基因变化呈显著负相关关系(P<0.05).

4.4 Fe-Ca LDH-CSB 添加通过提高土壤 C/N 和有机碳含量促进碳循环功能基因的表达;尽管抑制了细菌群落的相对丰度,但细菌群落仍对碳、氮和磷循环功能基因发挥显著的正向作用.

参考文献:

[1] Zhang G X, Guo X F, Zhao Z H, et al. Effects of biochars on the availability of heavy metals to ryegrass in an alkaline contaminated soil [J]. Environmental Pollution, 2016,218:513-522.

[2] Zhang J, Ma C, Xia X, et al. Differentially charged nanoplastics induce distinct effects on the growth and gut of benthic insects (*Chironomus kiinensis*) via charge-specific accumulation and perturbation of the gut microbiota [J]. Environmental Science & Technology, 2023,57(30):11218-11230.

[3] Xiang Y, Kang F, Xiang Y, et al. Effects of humic acid-modified magnetic Fe_3O_4 /MgAl-layered double hydroxide on the plant growth, soil enzyme activity, and metal availability [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019,182:109424.

[4] Pescatore A, Grassi C, Rizzo A M, et al. Effects of biochar on berseem clover (*Trifolium alexandrinum* L.) growth and heavy metal (Cd, Cr, Cu, Ni, Pb, and Zn) accumulation [J]. Chemosphere, 2022,287: 131986.

[5] O'Connor D, Peng T, Zhang J, et al. Biochar application for the remediation of heavy metal polluted land: A review of in situ field trials [J]. Science of The Total Environment, 2018,619-620:815-826.

[6] Hettithanthri O, Rajapaksha A U, Nanayakkara N, et al. Temperature influence on layered double hydroxide tailored corncob biochar and its application for fluoride removal in aqueous media* [J]. Environmental Pollution, 2023,320:121054.

[7] Lyu P, Wang G H, Cao Y L, et al. Phosphorus-modified biochar cross-linked MgeAl layered double-hydroxide composite for immobilizing uranium in mining contaminated soil [J]. Chemosphere, 2021,276:130116.

[8] Yin Q, Lyu P, Wang G, et al. Phosphorus-modified biochar cross-linked Mg-Al layered double-hydroxide stabilizer reduced U and Pb uptake by Indian mustard (*Brassica juncea* L.) in uranium contaminated soil [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022, 234:113363.

[9] Gul S, Whalen J K. Biochemical cycling of nitrogen and phosphorus in biochar-amended soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, 103:1-15.

[10] Sui L, Tang C, Cheng K, et al. Biochar addition regulates soil phosphorus fractions and improves release of available phosphorus under freezing-thawing cycles [J]. Science of the Total Environment, 2022,848:157748.

[11] Xiao J N, Dong S K, Shen H, et al. N Addition overwhelmed the effects of P addition on the soil C, N, and P cycling genes in alpine meadow of the Qinghai-Tibetan plateau [J]. Frontiers in Plant Science, 2022,13:860590.

[12] Jing Y L, Zhang Y H, Han I, et al. Effects of different straw biochars on soil organic carbon, nitrogen, available phosphorus, and enzyme activity in paddy soil [J]. Scientific Reports, 2020,10(1):8837.

[13] Zhao X, Wang J W, Wang S Q, et al. Successive straw biochar application as a strategy to sequester carbon and improve fertility: A pot experiment with two rice/wheat rotations in paddy soil [J]. Plant and Soil, 2014,378(1/2):279-294.

[14] Malik A A, Martiny J B, Brodie E L, et al. Defining trait-based microbial strategies with consequences for soil carbon cycling under climate change [J]. The ISME Journal, 2020,14(1):1-9.

[15] Harter J, Krause H M, Schuettler S, et al. Linking N_2O emissions from biochar-amended soil to the structure and function of the N-cycling microbial community [J]. The ISME Journal, 2014,8(3):660-674.

[16] Van Zwieten L, Singh B P, Kimber S W L, et al. An incubation study investigating the mechanisms that impact N_2O flux from soil following biochar application [J]. Agriculture Ecosystems & Environment, 2014, 191:53-62.

[17] Alori E T, Glick B R, Babalola O O. Microbial phosphorus solubilization and its potential for use in sustainable agriculture [J]. Frontiers in Microbiology, 2017,8:971.

[18] Wang S, Song M, Wang C, et al. Mechanisms underlying soil microbial regulation of available phosphorus in a temperate forest exposed to long-term nitrogen addition [J]. Science of the Total

Environment, 2023,904:166403.

[19] Liang X, Su Y L, Wang X N, et al. Insights into the heavy metal adsorption and immobilization mechanisms of CaFe-layered double hydroxide corn straw biochar: Synthesis and application in a combined heavy metal-contaminated environment [J]. Chemosphere, 2023,313: 137467.

[20] Yu F, Gu T, Wei J, et al. CaFe-layered double hydroxide corn straw biochar reduced heavy metal uptake by *Brassica campestris* L. and *Ipomoea aquatic* F.: Rhizosphere effects and oxidative stress alleviation [J]. Journal of Environmental Management, 2023,330: 117227.

[21] Qin W, Liang X, Chen Y, et al. Fe-Ca layered double hydroxide corn straw biochar alleviates heavy metal oxidative stress in Bidens pilosa L.: Rhizosphere effects [J]. Industrial Crops and Products, 2024,217: 118773.

[22] Salazar M J, Wannaz E D, Blanco A, et al. Pb tolerance and accumulation capabilities of *Bidens pilosa* L. growing in polluted soils depend on the history of exposure [J]. Chemosphere, 2021,269: 128732.

[23] Sun Y B, Zhou Q X, Liu W T, et al. Joint effects of arsenic and cadmium on plant growth and metal bioaccumulation: a potential Cd-hyperaccumulator and As-excluder *Bidens pilosa* L [J]. Journal of Hazardous Materials, 2009,165(1-3):1023-1028.

[24] 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, 1999.
Lu R K. Agrochemical analysis method of soil [M]. Beijing: China. Agricultural Science and Technology Press, 1999.

[25] Yu F M, Tang S T, Shi X W, et al. Phytoextraction of metal(loid)s from contaminated soils by six plant species: A field study [J]. Science of the Total Environment, 2022,804:150282.

[26] Wu L, Feng S, Nie Y, et al. Soil cellulase activity and fungal community responses to wetland degradation in the Zoige Plateau, China [J]. Journal of Mountain Science, 2015,12(2):471-482.

[27] Yang W, Hu H, Ru M, et al. Changes of microbial properties in (near-) rhizosphere soils after phytoextraction by Sedum alfredii H: A rhizobox approach with an artificial Cd-contaminated soil [J]. Applied Soil Ecology, 2013,72:14-21.

[28] Ge Y, Wang Q, Wang L, et al. Response of soil enzymes and microbial communities to root extracts of the alien *Alternanthera philoxeroides* [J]. Archives of Agronomy and Soil Science, 2018,64(5):708-717.

[29] Wang Y, Liu Y, Liu R, et al. Biochar amendment reduces paddy soil nitrogen leaching but increases net global warming potential in Ningxia irrigation, China [J]. Scientific Reports, 2017,7(1):1592.

[30] 芮绍云,袁颖红,周际海,等.改良剂对旱地红壤微生物量碳、氮及可溶性有机碳、氮的影响 [J]. 水土保持学报, 2017,31(5):260-265.
Rui S Y, Yuan Y H, Zhou J H, et al. Effects of soil amendments on microbial biomass carbon, nitrogen and dissolved carbon and nitrogen in upland red soil [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2017, 31(5):260-265.

[31] Yan Q, Tian H, Huang Y, et al. Recycled wheat straw biochar enhances nutrient-poor soil: Enzymatic kinetics of carbon, nitrogen, and phosphorus cycling [J]. Journal of Environmental Management, 2025, 380:124950.

[32] Mi W, Dong H, Chen H, et al. Diverse protective mechanisms drive changes in functional carbon pools of paddy soil under continuous biochar and inorganic fertilizer application [J]. Applied Soil Ecology, 2025,213:106305.

[33] Liu L, Zhu Q, Dan X, et al. Moisture-driven shifts in microbial nitrogen limitation under biochar and nitrification inhibitors co-application in tropical soils [J]. Geoderma, 2025,460:117455.

[34] Yuan X, Ban G, Luo Y, et al. Biochar effects on aggregation and carbon-nitrogen retention in different-sized aggregates of clay and loam soils: A meta-analysis [J]. Soil and Tillage Research, 2025, 247:106365.

[35] Yang F, Wang W, Wu Z, et al. Fertilizer reduction and biochar amendment promote soil mineral-associated organic carbon, bacterial activity, and enzyme activity in a jasmine garden in southeast China [J]. Science of the Total Environment, 2024,954:176300.

[36] Howe A, Yang F, Williams R J, et al. Identification of the core set of carbon-associated genes in a bioenergy grassland soil [J]. PLoS One, 2016,11(11):e0166578.

[37] Ge T, Wu X, Chen X, et al. Microbial phototrophic fixation of atmospheric CO_2 in China subtropical upland and paddy soils [J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2013,113:70-78.

[38] Montoya L, Celis L B, Razo-Flores E, et al. Distribution of CO_2 fixation and acetate mineralization pathways in microorganisms from extremophilic anaerobic biotopes [J]. Extremophiles, 2012,16(6):805-817.

[39] Berg I A. Ecological aspects of the distribution of different autotrophic CO_2 fixation pathways [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011,77(6):1925-1936.

[40] Davidson E A, Ishida F Y, Nepstad D C. Effects of an experimental drought on soil emissions of carbon dioxide, methane, nitrous oxide, and nitric oxide in a moist tropical forest [J]. Global Change Biology, 2004,10:718-730.

[41] Xu G, Song J W, Zhang Y, et al. Effects of biochar application on soil organic carbon mineralization during drying and rewetting cycles [J]. Bioresources, 2019,14(4):9957-9967.

[42] Rosenvald K, Kuznetsova T, Ostonen I, et al. Rhizosphere effect and fine-root morphological adaptations in a chronosequence of silver birch stands on reclaimed oil shale post-mining areas [J]. Ecological Engineering, 2011,37(7):1027-1034.

[43] Song Y J, Zhang X L, Ma B, et al. Biochar addition affected the dynamics of ammonia oxidizers and nitrification in microcosms of a coastal alkaline soil [J]. Biology and Fertility of Soils, 2014,50(2): 321-332.

[44] Chuckran P F, Fofanov V, Hungate B A, et al. Rapid response of nitrogen cycling gene transcription to labile carbon amendments in a soil microbial community [J]. Msystems, 2021,6(3):e00161-00121.

[45] Chen Q, Yuan Y, Hu Y, et al. Excessive nitrogen addition accelerates N assimilation and P utilization by enhancing organic carbon decomposition in a Tibetan alpine steppe [J]. Science of the Total Environment, 2021,764:142848.

[46] Tang Y, Zhang X, Li D, et al. Impacts of nitrogen and phosphorus additions on the abundance and community structure of ammonia oxidizers and denitrifying bacteria in Chinese fir plantations [J]. Soil

Biology and Biochemistry, 2016,103:284−293.

[47] Dai Z M, Liu G F, Chen H H, et al. Long−term nutrient inputs shift soil microbial functional profiles of phosphorus cycling in diverse agroecosystems [J]. The ISME Journal, 2020,14(3):757−770.

[48] Dai Z M, Li Y, Zhang X J, et al. Easily mineralizable carbon in manure−based biochar added to a soil influences N_2O emissions and microbial−N cycling genes [J]. Land Degradation & Development, 2019,30(4):406−416.

[49] Coelho M R R, Marriel I E, Jenkins S N, et al. Molecular detection and quantification of nifH gene sequences in the rhizosphere of sorghum (*Sorghum bicolor*) sown with two levels of nitrogen fertilizer [J]. Applied Soil Ecology, 2009,42(1):48−53.

[50] Hu X, Liu J, Wei D, et al. Long−term application of nitrogen, not phosphate or potassium, significantly alters the diazotrophic community compositions and structures in a Mollisol in northeast China [J]. Research in Microbiology, 2019,170(3):147−155.

[51] Mirza B S, Potisap C, Nüsslein K, et al. Response of free−living nitrogen−fixing microorganisms to land use change in the Amazon rainforest [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2014,80(1): 281−288.

[52] Kuramae E E, Yergeau E, Wong L C, et al. Soil characteristics more strongly influence soil bacterial communities than land−use type [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2012,79(1):12−24.

[53] Lu H, Yan M, Wong M H, et al. Effects of biochar on soil microbial community and functional genes of a landfill cover three years after ecological restoration [J]. Science of the Total Environment, 2020,717: 137133.

[54] Enebe M C, Babalola O O. The influence of soil fertilization on the distribution and diversity of phosphorus cycling genes and microbes community of maize rhizosphere using shotgun metagenomics [J]. Genes, 2021,12(7):1022.

[55] Eder S, Shi L, Jensen K, et al. A *Bacillus subtilis* secreted phosphodiesterase/alkaline phosphatase is the product of a Pho regulon gene, phoD [J]. Microbiology, 1996,142:2041−2047.

[56] Brokaw A M, Eide B J, Muradian M, et al. Mycobacterium smegmatis PhoU Proteins Have Overlapping Functions in Phosphate Signaling and Are Essential [J]. Frontiers in Microbiology, 2017,8:2523.

[57] Zhang P, Wang L, Xie M. Regulating inorganic phosphate transport and mediating bacterial resistance by PstS and PstB [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2019,59(8):1429−1436.

[58] 焦 扬,李 颖,朱剑琴,等.生物炭调控土壤细菌群落结构影响磷有效性的作用机制 [J]. 微生物学报, 2025:65(8):3365−3382.
Jiao Y, Li Y, Zhu J Q, et al. Biochar regulates the soil bacterial community structure of affect phosphrous availability [J]. Acta Microbiologica Sinica, 2025:65(8):3365−3382.

[59] Zhang M, Wu Z, Sun Q, et al. The spatial and seasonal variations of bacterial community structure and influencing factors in river sediments [J]. Journal of Environmental Management, 2019,248: 109293.

[60] 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.

[61] Zhao D, Ling J, Wu G, et al. The incorporation of straw into the subsoil increases C, N, and P enzyme activities and nutrient supply by enriching distinctive functional microorganisms [J]. Land Degradation & Development, 2023,34(5):1297−1310.

[62] Fan K, Delgado−Baquerizo M, Guo X, et al. Biodiversity of key−stone phylotypes determines crop production in a 4−decade fertilization experiment [J]. The ISME Journal, 2021,15(2):550−561.

作者简介：李 艺(1986−),女,辽宁盖州人,教授,博士,主要从事重金属污染土壤的生态修复研究.发表论文 50 余篇.liyi412@mailbox.gxnu.edu.cn.