

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2022.06.008

张红雪, 朱巧莲, 郭力铭, 等. 烟秆生物质炭与化肥配施对植烟土壤有机碳组分及微生物的影响. 土壤, 2022, 54(6): 1149–1156.

烟秆生物质炭与化肥配施对植烟土壤有机碳组分及微生物的影响^①

张红雪^{1,2}, 朱巧莲^{1,2}, 郭力铭^{1,2}, 吴凤英^{1,2}, 毛艳玲^{1,3*}

(1 福建农林大学资源与环境学院, 福州 350002; 2 土壤生态系统健康与调控福建省高校重点实验室, 福州 350002; 3 自然生物资源保育利用福建省高校工程研究中心, 福州 350002)

摘要: 采用盆栽试验, 设置空白对照(CK)、化肥(F)、烟秆生物质炭(B)、烟秆生物质炭配施化肥(BF)4 个施肥水平, 配施化肥参考烟草专用肥养分配比(N : P₂O₅ : K₂O=12 : 7 : 22)与烟秆生物质炭混合施用, 探究烟秆生物质炭与化肥配施对植烟土壤有机碳组分及微生物的影响。结果表明: ①与单施烟秆生物质炭相比, 烟秆生物质炭与化肥配施土壤 pH 显著降低 6.59%; 土壤有机碳(SOC)和易氧化有机碳(EOC)含量显著增加, 但土壤可溶性有机碳(DOC)含量显著降低 29.63%, 土壤颗粒有机碳(POC)和微生物生物量碳(MBC)影响不显著; ②与单施化肥相比, 烟秆生物质炭与化肥配施使得土壤脱氢酶活性大幅提高近 2 倍; 而与单施烟秆生物质炭相比, 土壤蔗糖酶、脱氢酶和过氧化氢酶活性则显著降低; ③烟秆生物质炭与化肥配施, 能够提高土壤细菌群落丰富度及物种多样性; 同时, 与单施烟秆生物质炭相比, 配施化肥使参与土壤有机质分解的土壤绿弯菌门相对丰度提高了 16.79%, 但土壤细菌 α 、 β 多样性显著降低; ④RDA 分析表明, 土壤 SOC、EOC、POC、MBC 是影响土壤有机质分解和参与碳循环细菌分布的主要因素。综上所述, 烟秆生物质炭与化肥配施能够提高土壤 SOC、POC、EOC、MBC 含量, 降低土壤 DOC 含量, 提高土壤酶活性和细菌多样性, 增加一些主要参与碳循环相关细菌如绿弯菌门、芽单胞菌门的相对丰度, 促进有机碳循环, 提升土壤质量, 优化土壤生态环境, 为烟秆废弃利用及烟草种植施肥管理提供参考依据。

关键词: 烟秆生物质炭; 肥料; 有机碳组分; 土壤微生物

中图分类号: S154.3 文献标志码: A

Effects of Combined Application of Tobacco Stem Biochar and Chemical Fertilizers on Organic Carbon Fractions and Microorganism in Tobacco-growing Soil

ZHANG Hongxue^{1,2}, ZHU Qiaolian^{1,2}, GUO Liming^{1,2}, WU Fengying^{1,2}, MAO Yanling^{1,3*}

(1 College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2 University Key Lab of Soil Ecosystem Health and Regulation in Fujian, Fuzhou 350002, China; 3 Fujian Colleges and Universities Engineering Research Institute of Conservation & Utilization of Natural Bioresources, Fuzhou 350002, China)

Abstract: To study the effects of the combined application of tobacco stem biochar and chemical fertilizers on soil organic carbon fractions and soil microorganisms, a pot experiment was conducted with four fertilization levels, including blank control (CK), chemical fertilizers (F), tobacco stem biochar (B), and tobacco stem biochar combined with chemical fertilizers (BF), and the combined application of chemical fertilizers according to the mixture of the chemical fertilizers (N : P₂O₅ : K₂O=12 : 7 : 22) with tobacco stem biochar. The results show that, 1) compared to B treatment, soil pH is decreased by 6.59% under BF. Also, BF results in a significant increase in the contents of soil organic carbon (SOC) and easily oxidized organic carbon (EOC), while soil soluble organic carbon content is decreased significantly by 29.63%. However, the effects of BF on extremely unstable soil particulate organic carbon (POC) and microbial biomass carbon (MBC) are not significant. 2) Soil dehydrogenase activity is significantly increased nearly twice under BF compared to F, while soil invertase, dehydrogenase and catalase activities are decreased under BF compared to B. 3) BF improves the richness and species diversity of soil bacterial community, Compared

①基金项目: 福建省高校产学研联合创新项目(2021N5002)、福建省林业科技推广项目(2020TG17)和科技创新专项基金项目(CXZX2019080S)资助。

* 通讯作者(fafum@126.com)

作者简介: 张红雪(1997—), 女, 山东济宁人, 硕士研究生, 主要从事土壤碳氮循环研究。E-mail: ameliainsnow@163.com

with B, the relative abundance of soil Chloroflexi which is involved in soil organic matter decomposition is increased by 16.79%, while the α and β diversities of soil bacteria are decreased. 4)RDA analysis shows that SOC, EOC, POC and MBC are the main factors affecting the decomposition of soil organic matter and the distribution of bacteria involved in carbon cycling. In conclusion, The combined application of tobacco stem biochar and chemical fertilizers can improve SOC, POC, EOC and MBC contents, reduce DOC content, improve soil enzyme activities and bacterial diversities, increase the relative abundances of some bacteria mainly involved in carbon cycle, such as Chloroflexi and Gemmatimonadetes, promote organic carbon cycling, improve soil quality, optimize soil ecological environment, thus can provide reference for tobacco stem waste utilization and tobacco planting fertilization management.

Key words: Tobacco stem biochar; Fertilizer; Organic carbon fractions; Soil microorganism

烟草作为我国重要的经济作物,其种植面积和产量均居世界首位。近年来,植烟土壤长期连作及化肥的不合理施用,造成了土壤碳库不足、酶活性降低、土壤微生物群落结构失衡等土壤质量下降问题^[1],烟秆的不合理利用,也加重了环境污染和病虫害传播的风险^[2],因此,我国烟草产业可持续发展面临挑战。良好的土壤质量是烟叶质量保障的重要条件^[3-4],土壤有机碳(SOC)能够表征土壤质量状况、反映土壤质量变化^[5],且土壤可溶性有机碳(DOC)、颗粒有机碳(POC)、易氧化有机碳(EOC)和微生物量碳(MBC)等活性有机碳能在较短时间内反映土壤质量的变化,常被用来作为表征土壤质量的指标^[5]。此外,土壤微生物群落是农田土壤有机质积累和矿化的关键参与者^[6],烟草连作障碍与土壤碳代谢功能多样性降低、细菌群落结构改变等有关^[7]。因此,研究土壤有机碳组分及土壤微生物群落结构对植烟土壤质量的影响具有重要意义。

近年来,生物质炭作为土壤改良剂和固碳剂,在改善农田土壤质量、提高土壤有机碳含量、影响土壤有机碳组分变化及土壤微生物群落多样性变化等方面的研究较为广泛^[8-11]。生物质炭是生物质在无氧或限氧条件下,在相对较低的温度条件(<700 °C)热解生成的一类具碱性、多孔结构、较大比表面积特征的富碳物质^[12]。在实际运用中,生物质炭大多数是与化肥一起施用的,通过与化肥的相互作用可以改变碳循环酶活性,改变土壤微生物群落^[13]。Ibrahim等^[14]通过竹炭、稻壳炭、牛粪和猪粪生物质炭与化肥配施发现,生物质炭与化肥配施能够显著降低土壤矿化能力,增加土壤DOC含量。由于烟秆含有大量的病原菌,不能直接还田,因此将烟秆利用炭化技术制成生物质炭,不仅能有效提高土壤质量、优化土壤微生物群落结构,而且可以解决烟秆资源利用问题,具有显著的经济、社会和生态效益。

目前针对烟秆生物质炭的研究主要是制备条

件和施用量等对土壤理化性质、烤烟产量及品质的影响^[15],烟秆生物质炭对土壤有机碳组分及微生物群落结构影响的研究较少。Zhao等^[16]通过施用不同量的烟秆生物质炭发现其能够有效改善土壤性质,提高土壤磷酸酶和蔗糖酶活性,增加细菌丰富度,改善细菌群落结构。胡坤等^[17]发现烟秆炭基肥能够提高土壤有机碳组分含量,增加土壤酶活性和土壤细菌丰度,改良薏苡种植土壤,但烟秆生物质炭和化肥配施对土壤有机碳组分及有关微生物的影响研究尚未见报导。基于此,本研究以福建烟田土壤为研究对象,采用盆栽试验,探究烟秆生物质炭与化肥施用对植烟土壤有机碳组分及有关微生物的影响,为解决植烟土壤碳库不足、质量下降等问题提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤采自福建省农业科学院科教基地(119°04'10" E, 26°13'31" N),土壤类型为水稻土。生物质炭以烟秆为原材料,经风干后粉碎过1 cm筛,在500 °C条件下采用便携式生物质炭化机(淮安华电环保机械制造有限公司研发制造)无氧炭化2 h后,冷却研磨过2 mm筛而成。供试材料基本理化性质见表1。供试烟草品种为翠碧一号,由福建省烟草专卖公司提供。

1.2 试验设计

本研究采用盆栽试验,共设置4个处理:①对照(CK);②施化肥(F);③施烟秆生物质炭(B);④烟秆生物质炭和化肥配施(BF),每处理设3个重复。肥料养分参考烟草专用肥 N:P₂O₅:K₂O=12:7:22制成,选取肥料种类为硫酸铵(N 210 g/kg)、磷酸二铵(N 180 g/kg, P₂O₅ 460 g/kg)、硫酸钾(K₂O 500 g/kg)。烟秆生物质炭和化肥折合大田施用量分别为:烟秆生物质炭 20 t/hm²、硫酸铵 206 kg/hm²、磷酸二铵 106 kg/hm²、硫酸钾 709 kg/hm²。种植时,分别称取

表 1 供试材料基本理化性质
Table 1 Basic physicochemical properties of test materials

供试材料	pH	全碳(g/kg)	全氮(g/kg)	全磷(g/kg)	全钾(g/kg)	碱解氮(mg/kg)	有效磷(mg/kg)	速效钾(mg/kg)
水稻土	5.18	18.32	0.96	0.41	13.48	68.72	218.09	118.40
生物质炭	9.74	645.20	22.62	7.69	106.97	45.80	17.41	55.48

统一过 2 mm 筛的风干土样 7 kg, 根据处理与烟秆生物质炭、化肥分别搅拌混合均匀后, 装入直径 25 cm、高 30 cm 的塑料盆中, 浇水保持土壤湿润, 待土壤稳定后选择生长状况相似的健康烟苗进行移栽, 每盆移栽 1 株。按照当地烟草种植方式进行管理。

1.3 样品采集及测定方法

样品采集: 烟草收获后采集 0~20 cm 表层土壤样品, 拣去根, 部分鲜土储存于 -80 °C 冰箱中用于测定土壤微生物, 部分鲜土置于 4 °C 冰箱内保存用于测定土壤酶活性, 其余土壤自然风干后研磨过 2 mm 筛备用。

土壤 pH 的测定: 采用水土比为 2.5:1(V/m) 浸提, 滤液用 pH 计(PHS-3E, INESA, 中国)测定。

土壤有机碳组分的测定: 土壤有机碳(SOC)采用全自动微量碳氮元素分析仪(LECO TruMac, 美国)测定; 可溶性有机碳(DOC)采用水土比为 1:10 纯水浸提-TOC 分析仪(SHIMADZU, 日本)测定; 易氧化有机碳(EOC)采用 333 mmol/L 高锰酸钾氧化法测定; 颗粒有机碳(POC)采用 5 g/L 六偏磷酸钠溶液分散土壤后用元素分析仪测定; 微生物生物量碳(MBC)采用硫酸钾浸提-氯仿熏蒸法测定。

土壤酶活性的测定: 土壤酸性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法测定; 土壤蛋白酶活性采用福林比色法测定; 土壤蔗糖酶、过氧化氢酶、脱氢酶分别采用 3,5-二硝基水杨酸比色法、高锰酸钾滴定法、2,3,5-三苯基四唑氯化物显色法(TTC 法)测定。

土壤微生物量的测定: 采取不同处理下烟草成熟期土壤进行细菌丰度及多样性的测定。用 0.8% 琼脂凝胶电泳检测 DNA 提取质量, 并用紫外分光光度计

对 DNA 进行定量, 采用 Illumina Miseq 测序平台进行高通量测序, PCR 扩增引物为 16S rDNA V3-V4 区 515 F 和 806 R(北京奥维森基因科技有限公司)。使用 QIIME 软件, 以 UCLUST 序列为比对工具, 按 97% 的序列相似度进行归并和 OTU 划分, 以每个 OTU 中丰度最高的序列作为该 OTU 的代表序列。细菌的基因数据库采用 Green genes。

1.4 数据处理

采用 Microsoft Excel 2019 整理数据, 用 SPSS 20.0 软件对土壤碳组分数据进行单因素方差分析和 SNK 法进行显著性检验($P < 0.05$), 运用 Origin 2019 绘制土壤细菌 PCoA 分析图, 基于 RDP 分类器下对土壤细菌门、属水平的菌群分布情况进行分析, 利用 Canoco 5 对土壤 pH、有机碳组分含量、酶活性及土壤细菌群落相对丰度做 RDA 分析。

2 结果

2.1 土壤 pH 及有机碳组分含量的变化

烟秆生物质炭与化肥配施对土壤 pH 和有机碳组分含量的影响见表 2, 与对照相比, 施用烟秆生物质炭后, 土壤 pH 显著提高了 12.98%, 而施用化肥则显著降低了 6.11%; 烟秆生物质炭与化肥配施后, 与单施生物质炭处理相比, 土壤 pH 显著降低了 6.59%。对比不同施肥处理下土壤有机碳组分变化, 可以看出, 除 MBC 外, 单施化肥对土壤有机碳组分的影响不显著; 施用烟秆生物质炭后, 土壤有机碳各组分含量均显著增加。烟秆生物质炭与化肥配施能显著增加 SOC 及 EOC 含量, 与单施烟秆生物质炭相比, 分别显著提高了 14.52%、26.91%。但烟秆生物质炭与化

表 2 不同施肥处理下土壤 pH 及有机碳组分分布特征
Table 2 Soil pH and organic carbon fractions under different fertilization treatments

处理	pH	SOC(g/kg)	DOC(mg/kg)	POC(g/kg)	EOC(g/kg)	MBC(mg/kg)
CK	5.24 ± 0.05 c	10.37 ± 0.11 c	38.45 ± 3.77 c	1.63 ± 0.06 b	3.28 ± 0.88 c	163.89 ± 6.39 c
F	4.92 ± 0.02 d	10.36 ± 0.26 c	39.57 ± 5.75 c	1.71 ± 0.10 b	3.71 ± 1.39 c	218.26 ± 2.37 b
B	5.92 ± 0.12 a	20.73 ± 0.38 b	68.34 ± 2.32 a	4.54 ± 0.07 a	4.72 ± 0.51 b	240.22 ± 5.91 a
BF	5.53 ± 0.01 b	23.74 ± 0.38 a	48.09 ± 7.55 b	4.65 ± 0.32 a	5.99 ± 1.93 a	245.01 ± 3.21 a

注: CK: 对照; F: 施化肥; B: 施生物质炭; BF: 生物质炭和化肥配施。同列数据小写字母不同表示处理间差异显著($P < 0.05$), 下同。

肥配施使土壤 DOC 含量显著降低了 29.63%，这可能与化肥和烟秆生物质炭配施后土壤 pH 降低有关，土壤 pH 降低影响了土壤微生物活动，使得有关土壤碳循环的酶活性降低，且化肥中氮的补充促进土壤中氮循环有关微生物的生长，与碳分解有关微生物之间形成竞争，减少土壤 DOC 的累积。而烟秆生物质炭施用后，是否配施化肥对土壤 POC 和 MBC 影响不显著。

2.2 土壤酶活性变化

不同施肥处理对土壤酶活性的影响见表 3。由表

表 3 不同施肥处理下土壤酶活性变化
Table 3 Soil enzyme activities under different fertilization treatments

处理	蛋白酶(mg/g)	蔗糖酶(mg/g)	脱氢酶(μg/g)	过氧化氢酶(mg/g)	酸性磷酸酶(mg/g)
CK	81.60 ± 5.68 c	4.18 ± 0.70 c	5.90 ± 0.01 b	0.75 ± 0.07 c	269.38 ± 11.28 b
F	93.33 ± 1.57 b	4.87 ± 0.07 c	2.23 ± 0.41 c	0.80 ± 0.04 c	278.48 ± 10.33 ab
B	101.03 ± 5.77 a	8.95 ± 0.77 a	9.80 ± 0.01 a	1.06 ± 0.08 a	290.69 ± 10.03 a
BF	107.62 ± 8.58 a	6.87 ± 0.21 b	6.43 ± 1.72 b	0.93 ± 0.04 b	303.45 ± 22.75 a

2.3 土壤细菌 α、β 多样性变化

施用烟秆生物质炭有利于提高土壤细菌丰富度和多样性。不同处理土壤细菌 α 多样性指数的变化如表 4 所示。α 多样性反映了土壤微生物群落的丰度和多样性，α 多样性越大，细菌丰富度越大，细菌群落多样性越高。其中 Observed_species 表征实际观测到的 OTU 个数，Chao1 指数表征菌种丰富度指数，Shannon 指数综合观察群落的均匀度和丰富度。由表 4 可知，烟秆生物质炭施用能够显著提高土壤细菌 α 多样性，土壤细菌 Observed_species 值和 Chao1 指数分别比 CK 显著提高了 5.02% 和 6.31%，但 Shannon 指数各处理之间差异不显著。烟秆生物质炭与化肥配施后，对比单施生物质炭处理，土壤细菌 Observed_species 值和 Chao1 指数分别显著降低了 4.79% 和 7.01%。

表 4 不同施肥处理下土壤细菌 α 多样性
Table 4 α diversities of soil bacteria under different fertilization treatments

处理	Observed_species	Chao1 指数	Shannon 指数
CK	2 345.87 ± 29.50 b	3 175.19 ± 151.52 b	8.83 ± 0.14 a
F	2 311.63 ± 54.47 b	3 140.32 ± 113.97 b	8.65 ± 0.20 a
B	2 463.67 ± 69.15 a	3 375.69 ± 41.07 a	9.02 ± 0.17 a
BF	2 345.57 ± 46.36 b	3 138.94 ± 38.56 b	8.82 ± 0.07 a

β 多样性分析可以考察不同处理间群落结构的相似性，本研究在 OTU 水平上对细菌群落组成结构进行 PCoA 主成分分析，PCoA 分析能够提取样本间最主要的差异特征，将样本在低维坐标系中依次排

可知，单施化肥提高了土壤蛋白酶活性，但降低了土壤脱氢酶活性。施用烟秆生物质炭处理土壤蛋白酶、蔗糖酶、脱氢酶和过氧化氢酶活性均显著提高。烟秆生物质炭与化肥配施后，与单施化肥处理相比，除土壤酸性磷酸酶外，土壤蛋白酶、蔗糖酶、脱氢酶和过氧化氢酶活性均显著提高，其中土壤脱氢酶提高近 2 倍；与单施烟秆生物质炭相比，生物质炭与化肥配施后，土壤蔗糖酶、脱氢酶和过氧化氢酶显著降低，分别降低了 23.23%、34.39% 和 12.26%，但土壤蛋白酶活性与单施烟秆生物质炭处理相比无显著影响。

序，通过观察样本间距离，观测样本间差异，差异越小，距离越近。如图 1 所示，PC1 和 PC2 两轴分别表示第一主成分(69.5%)和第二主成分(25.7%)，两个主成分累积贡献率为 95.2%。如 PCoA 图所示，β 多样性分析表明，与对照相比，单施化肥处理对土壤细菌群落结构无显著影响；而烟秆生物质炭显著影响土壤细菌群落组成；烟秆生物质炭与化肥配施处理与其他处理之间距离较大，在土壤中的细菌群落组成与单施烟秆生物质炭相比具显著影响，表明烟秆生物质炭与化肥配施进一步影响土壤细菌群落结构变化。

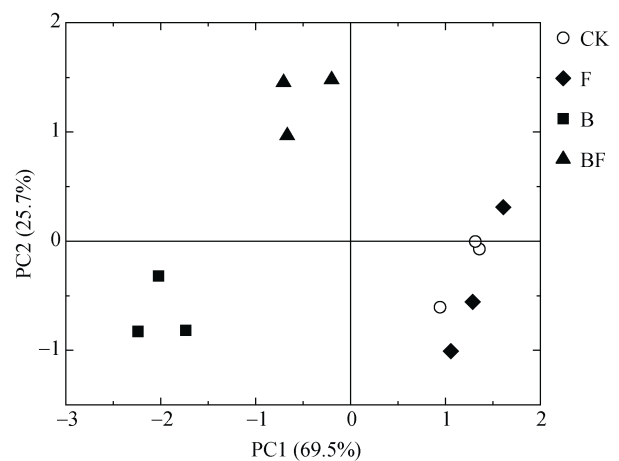


图 1 不同施肥处理下土壤细菌群落分布 PCoA 分析图
Fig. 1 PCoA analysis of soil bacterial communities under different fertilization treatments

2.4 土壤细菌群落组成变化

不同施肥处理土壤细菌门水平的群落结构如图

2 所示。由图可知, 使用 RDP 分类器将观察到的序列分为 10 个优势门和一个其他门, 其中优势细菌门为变形菌门(Proteobacteria, 平均相对丰度为 31.33%)、放线菌门(Actinobacteria, 27.54%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 20.39%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, 12.37%)和酸杆菌门(Acidobacteria, 7.64%), 占细菌门水平总数的 84.53%~88.42%。烟秆生物质炭施用后, 与对照相比, 提高了土壤变形菌门、芽单胞菌门和放线菌门的相对丰度, 降低了绿弯菌门和酸杆菌门的相对丰度。烟秆生物质炭与化肥配施后, 与单施化肥相比, 土壤变形菌门、芽单胞菌门、拟杆菌门(Bacteroidetes)、硝化菌门(Nitrospirae)相对丰度分别提高了 1.68%、36.07%、127.81% 和 40.79%, 而土壤绿弯菌门、酸杆菌门、厚壁菌门(Firmicutes)等相对丰度降低, 其中厚壁菌门的降低幅度最大, 降低了 37.82%; 与单施烟秆生物质炭相比, 烟秆生物质炭与化肥配施后, 土壤绿弯菌门、放线菌门、酸杆菌门相对丰度显著提高, 其中对绿弯菌门的提高幅度最大, 为 16.79%, 而土壤变形菌门、芽单胞菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和疣微菌门(Verrucomicrobia)相对丰度有所下降。

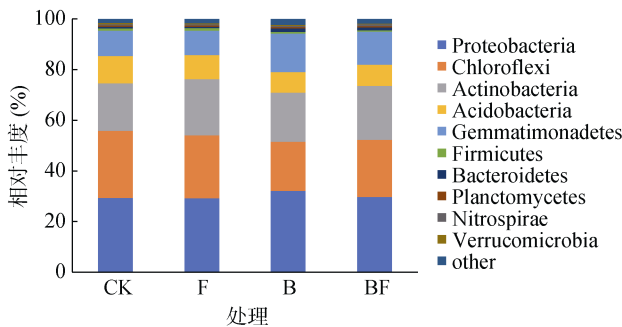


图 2 基于 RDP 分析下不同施肥处理细菌门水平的菌群分布
Fig. 2 RDP analysis of bacterial flora at phyla level under different fertilization treatments

如图 3 所示, 使用 RDP 分类器对序列进行属水平分类, 结果显示, 除了一个未确认的属外, 处理中的土壤细菌被分为 9 个属和一个其他属。相对丰度较高的属是鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 占比 4.79%~8.15%)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*, 4.30%~8.11%)、稻田土壤菌属(*Oryzihumus*, 2.76%~6.65%)、赭黄嗜盐囊菌属(*Haliangium*, 1.08%~2.60%)和酸性嗜热菌属(*Acidothermus*, 1.31%~2.53%)。烟秆生物质炭施用使得土壤芽单胞菌属水平和稻田土壤菌属水平相比 CK 分别提高了 1.76 倍和 1.11 倍; 烟秆生物质炭与化肥配施后, 与单施化肥处理相比, 土壤芽单胞菌属、赭黄嗜盐囊菌属、玫瑰弯菌属(*Roseiflexus*)、马

赛菌属(*Massilia*)提升效果较为明显, 其中马赛菌属比单施化肥处理提高了 339.25%; 与单施烟秆生物质炭处理相比, 土壤鞘氨醇单胞菌属、酸性嗜热菌属、厌氧粘杆菌属(*Anaeromyxobacter*)、马赛菌属分别提高了 17.91%、19.32%、16.84%、32.09%, 而芽单胞菌属、稻田土壤菌属、淡赭黄嗜盐囊菌属、玫瑰弯菌属则降低了 13.85%、6.16%、22.00% 和 37.09%。

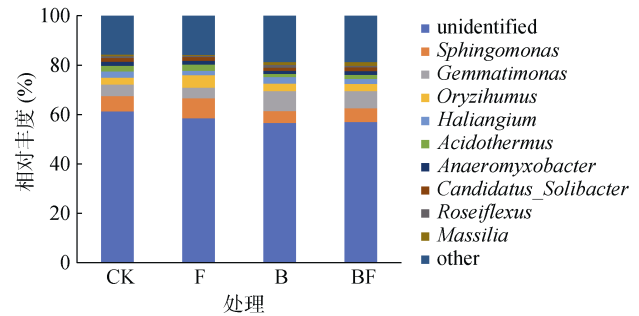


图 3 基于 RDP 分析下不同施肥处理细菌属水平的菌群分布
Fig. 3 RDP analysis of bacterial population at genera level under different fertilization treatments

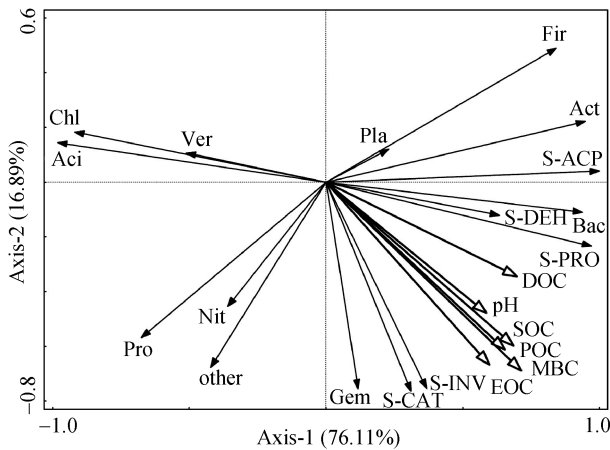
2.5 土壤 pH、有机碳组分与土壤酶活性及细菌群落的相关性

图 4 为冗余分析(RDA), 空心箭头代表土壤 pH 及土壤有机碳组分含量, 箭头长短可以代表影响因子对于细菌种群分布的影响程度的大小, 可见土壤 SOC、EOC、POC、MBC 是影响土壤有机质分解和参与碳循环的细菌分布的主要参数, 而土壤 pH、DOC 的影响较小。实心箭头代表土壤 5 种酶活性和细菌在门分类水平上 10 种优势物种土壤优势细菌群落的相对丰度, 影响因子与细菌种群箭头间的夹角代表正、负相关性, 夹角越小($< 90^\circ$)则表示两者正相关越显著, 反之($> 90^\circ$)则负相关越显著。由图 4 可以看出, 土壤 pH、SOC、DOC、POC、EOC、MBC 含量与土壤各种酶活性呈显著正相关关系($P < 0.05$), 与放线菌门、厚壁菌门、拟杆菌门、浮霉状菌门呈显著正相关, 与绿弯菌门、酸杆菌门、疣微菌门呈显著负相关。土壤 DOC 含量与变形菌门、硝化螺旋菌门呈显著负相关关系。

3 讨论

3.1 烟秆生物质炭与化肥配施对土壤 pH 和有机碳组分的影响

本研究表明, 烟秆生物质炭施用显著提高了土壤 pH, 而与化肥配施后, 与单施烟秆生物质炭相比 pH 显著降低了 6.59%。Ibrahim 等^[14]通过不同类型生物质炭配施化肥进行盆栽试验发现, 生物质炭和化肥同



(SOC: 土壤有机碳; DOC: 可溶性有机碳; POC: 颗粒有机碳; EOC: 易氧化有机碳; MBC: 微生物生物量碳; S-PRO: 土壤蛋白酶; S-INV: 土壤蔗糖酶; S-DEH: 土壤脱氢酶; S-CAT: 土壤过氧化氢酶; S-ACP: 土壤酸性磷酸酶; Pro: 变形菌门; Chl: 绿弯菌门; Act: 放线菌门; Aci: 酸杆菌门; Gem: 芽单胞菌门; Fir: 厚壁菌门; Bac: 拟杆菌门; Pla: 浮霉状菌门; Nit: 硝化螺旋菌门; Ver: 疣微菌门)

图 4 土壤 pH、有机碳组分与土壤酶活性及细菌门水平相对丰度的相关性

Fig. 4 Correlation among soil pH, soil carbon fractions, enzyme activities and relative abundances of bacteria at phyla level

时施用与单独施用相比, 土壤 pH 显著降低。究其原因, 生物质炭通常是碱性的, 其疏松多孔的表面结构富含丰富的碳酸盐和碱性官能团, 有助于提高酸性土壤的酸碱度^[18]。而化肥施用后, 作物吸收了大量的阳离子, 使得残留在土壤中的阴离子增多, 从而使酸度提高, 与生物质炭配施后有机胶体数量增加, 吸附盐基离子的能力逐渐增强, 土壤中阴离子含量增加, 降低了土壤 pH^[19]。本研究中, 烟秆生物质炭与化肥配施后对土壤酸碱度影响与单施烟秆生物质炭的差异不显著, 可能与烟秆生物质炭本身性质及施用量有关。

对于土壤有机碳组分, 本研究发现施用烟秆生物质炭显著增加土壤有机碳各组分含量, 这与 Demisie 等^[20]和 Yang 等^[21]研究结论相似。Demisie 等^[20]通过设置不同施用量的橡木生物质炭和竹炭, 发现生物质炭的施用增加了土壤总有机碳含量, 提高了土壤质量。Yang 等^[21]通过 3 年田间试验研究发现, 生物质炭掺入显著提高了土壤有机碳(SOC)、颗粒有机碳(POC)、易氧化有机碳(EOC)、微生物生物量碳(MBC)含量, 显著改善土壤质量, 提高了土壤长期的固碳速率。本研究中, 烟秆生物质炭与化肥配施后, 土壤 SOC、EOC 含量显著提高。这可能是因为化肥的施用促进了植物根系和微生物的活动^[19], 一方面提升了土壤 SOC 含量, 另一方面通过提高土壤酶活性及

细菌分解有机物质的能力, 释放出更多的 EOC。而土壤 DOC 相比单施烟秆生物质炭处理显著降低。Ibrahim 等^[14]发现生物质炭与化肥配施时, 与仅施用生物质炭相比, 土壤 DOC 含量在第 4 周时较低, 但却在第 15 周时呈增加趋势。这可能与土壤 DOC 本身受多种因素影响以及生物质炭类型不同有关。烟秆生物质炭与化肥施用一方面降低了土壤 pH, 影响土壤碳循环的酶活性, 如土壤中蔗糖酶、脱氢酶活性降低; 另一方面, 化肥中氮的补充促进了土壤中氮循环有关微生物的生长, 与碳分解有关微生物之间形成竞争, 减少土壤可溶性有机碳的累积。

3.2 烟秆生物质炭与化肥配施对土壤酶活性的影响

土壤中的酶活性是土壤物质代谢程度的重要指标, 是土壤微生物的一部分, 受土壤肥力水平、酸碱性、施肥方式等的影响^[22-23]。本研究表明, 烟秆生物质炭施用显著增加了土壤蛋白酶、蔗糖酶、脱氢酶、过氧化氢酶活性, 这与 Zhao 等^[16]研究的结论并非完全一致。Zhao 等^[16]研究烟秆生物质炭施用对连作 8 年的酸性红壤土酶活性变化, 发现烟秆生物质炭显著提高了土壤酸性磷酸酶和蔗糖酶的活性 ($P < 0.05$), 但对土壤脲酶和蛋白酶活性的影响不显著, 这可能与土壤类型和施用量不同有关。烟秆生物质炭施用后对不同土壤性质影响不同, 进而对酶的活性产生不同影响。但有研究发现生物质炭对土壤蛋白酶和酸性磷酸酶活性呈积极效应, Wang 等^[24]在苹果幼苗土壤中施用 20 g/kg 稻壳生物质炭, 使蛋白酶和土壤磷酸酶的活性提高 1.5 倍以上。此外, 本研究还发现烟秆生物质炭与化肥配施后, 与单施生物质炭处理相比, 土壤蔗糖酶、脱氢酶、过氧化氢酶活性显著降低, 这可能与微生物多样性和丰富度的降低有关, 烟秆生物质炭与化肥配施后, 化肥降低了土壤酸度, 抑制微生物活动, 使得土壤细菌多样性显著降低, 细菌丰富度及群落结构发生变化。

3.3 烟秆生物质炭与化肥配施对土壤细菌群落结构和丰度的影响

本研究表明, 烟秆生物质炭施用能显著提高土壤微生物物种多样性及丰度, 且与单施烟秆生物质炭相比, 烟秆生物质炭与化肥配施显著降低土壤细菌 α 多样性, 是否配施化肥对土壤细菌 β 多样性的影响较大。一方面, 生物质炭的多微孔结构与表面性能为微生物生长提供了良好的生存环境, 减少了生存竞争, 使得土壤细菌 α 多样性提高, OTU 数、Chao1 指数、Shannon 指数增大^[25], 况帅等^[26]也发现施用油菜秸秆生物质炭后, 土壤细菌 OTU 数显著增加, 平均增幅

为 31.20%; 另一方面, 配施化肥后与单施生物质炭相比, 土壤 pH 降低, 使土壤微生物生存环境受影响, 进而使微生物群落多样性降低, Ibrahim 等^[14]同样证实了这一点。

在细菌门水平上, 变形菌门是相对丰度最高的菌群, 其包括很多可以进行固氮的细菌, 这些细菌可能与碳循环相关细菌形成竞争, 来调节有机碳的循环^[27]; 绿弯菌门和酸杆菌门参与有机物质的降解, 分解土壤有机质^[28]; 芽单胞菌门包含一系列与有机碳代谢相关的基因, 在碳循环中发挥主导作用^[14]。使用 RDP 分类器对细菌群落进行观察, 结果表明, 与单施烟秆生物质炭相比, 烟秆生物质炭与化肥配施后, 土壤放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门相对丰度显著提升, 而土壤变形菌门、芽单胞菌门、厚壁菌门相对丰度有所下降。这可能与土壤可溶性有机碳含量降低有关, 已有研究^[29]表明, 土壤酸杆菌门宜生长在可溶性有机碳含量较低的土壤中, 化肥配施后土壤 DOC 较单施烟秆生物质炭含量显著降低, 为酸杆菌门的生长提供了更有利的生长条件。但对于变形菌门、芽单胞菌门和厚壁菌门来说, 化肥的施用为土壤补充了大量氮源, 促进了一部分有关氮循环的微生物的活动, 进而影响了有关碳循环微生物的生长。试验在细菌属水平上发现, 以氮源为生长条件的氨醇单胞菌属提高了 17.91%, 而与有机碳代谢相关的芽单胞菌属、稻田土壤属则降低了 13.85%、6.16%。王成己等^[30]通过对烟秆生物质炭施用后土壤细菌群落的变化研究, 发现施用烟秆生物质炭后, 土壤芽单胞菌门、绿弯菌门、硝化螺旋菌门、浮霉菌门相对丰度呈下降趋势, 这可能是因为不同热解温度对土壤性质的影响不同, 从而对土壤微生物群落的影响存在差异, 但目前对于生物质炭对土壤微生物群落结构的影响机制还不明确, 有待进行深入研究。

3.4 各处理间土壤 pH、有机碳组分、酶活性、细菌门丰度之间的相关性

运用 RDA 处理器对土壤 pH、有机碳组分、酶活性和细菌门分类水平上 10 个优势物种丰度进行冗余分析, 结果表明土壤 pH、MBC、EOC、SOC 等是影响土壤酶活性及细菌群落结构发生变化的主导因子。烟秆生物质炭的施用, 提高土壤 pH 和 SOC 含量, 直接影响蔗糖酶水解增加土壤中易溶营养物质和蛋白酶促进氨基酸、蛋白质等有机化合物的转化, 显著提高土壤脱氢酶和过氧化氢酶的活性; 其次, 烟秆生物质炭和化肥的施用, 促进了土壤中 POC、EOC、MBC、DOC 含量的提升, 加快土壤碳循环进程, 进

而提升芽单胞菌门、拟杆菌门、放线菌门的相对丰度, 使得其与影响因子之间呈正相关关系。原因在于, 除细菌本身对土壤酸碱度较为敏感外, 土壤酶活性也能够影响土壤微生物活动。一方面, 土壤酶活性受土壤酸碱度的影响, 能够反映土壤微生物生长生理过程, 酶活性越高, 微生物活动也发生不同程度的变化, 进而影响其丰富度及群落组成; 另一方面, 酶的作用促进了土壤中有有机物质的分解, 使土壤碳循环加速, 与此同时, 土壤 SOC、MBC、EOC 在有机质分解和养分循环等方面发挥着重要作用, 增强土壤有机碳物质的循环。碳循环加快, 增强了土壤生产力, 为细菌生长提供能量物质, 利于细菌繁殖生长, 优化细菌群落结构。但土壤细菌微生物中的绿弯菌门、酸杆菌门与土壤影响因子之间呈显著负相关, 这可能和化肥施用影响土壤酸碱度及土壤细菌之间的相互作用有关, 故有关烟秆生物质炭对土壤微生物门水平的影响机制还需进一步研究。

4 结论

烟秆生物质炭与化肥配施能够显著提高土壤 pH, 显著增加土壤有机碳(SOC)和易氧化有机碳(EOC)含量, 但使土壤可溶性有机碳(DOC)含量显著降低, 对土壤颗粒有机碳(POC)和微生物生物量碳(MBC)影响不显著; 此外, 烟秆生物质炭施用能够显著提高土壤中酶的活性, 且与化肥配施后使土壤脱氢酶活性大幅提高; 烟秆生物质炭与化肥配施, 在提升土壤与碳循环有关的细菌群落丰富度及多样性的同时, 促进了土壤中固氮细菌——变形菌门的相对丰度增加, 同时提高了土壤参与有机质降解的绿弯菌门及酸杆菌门的细菌丰度, 但土壤细菌群落多样性显著降低; 土壤 SOC、EOC、POC、MBC 是影响土壤有机质分解和参与碳循环细菌分布的主要因素。总体而言, 烟秆生物质炭与化肥配施促进了土壤活性有机碳的积累, 增加了主要参与碳氮循环相关细菌——绿弯菌门、芽单胞菌门的相对丰度, 对于植烟土壤碳循环、土壤质量提升具有重要意义。

参考文献:

- [1] 杜倩, 黄容, 李冰, 等. 生物炭还田对植烟土壤活性有机碳及酶活性的影响[J]. 核农学报, 2021, 35(6): 1440-1450.
- [2] 李志刚. 烟秆生物质炭制备及其对土壤碳氮排放的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2016.
- [3] 杨焕焕, 李茂森, 王丽渊, 等. 生物炭对烤烟成熟期土壤养分及根际细菌群落结构的影响[J]. 华中农业大学学报, 2021, 40(5): 62-71.

- [4] 穆青, 刘洋, 展彬华, 等. 我国植烟土壤主要问题及其防控措施研究进展[J]. 江苏农业科学, 2018, 46(21): 16–20.
- [5] Garcia O F, Roldan A, Mataix S J, et al. Soil structural stability and erosion rates influenced by agricultural management practices in a semi-arid Mediterranean agro-ecosystem[J]. Soil Use & Management, 2012, 28(4): 571–579.
- [6] 徐丽霞. 谷田土壤微生物多样性及对谷子生理生化和产量的影响[D]. 太原: 山西大学, 2019.
- [7] Jobbágy E G, Jackson R B. The vertical distribution of soil organic carbon and its relation to climate and vegetation[J]. Ecological Applications, 2000, 10(2): 423–436.
- [8] Manyà J J. Pyrolysis for biochar purposes: A review to establish current knowledge gaps and research needs[J]. Environmental Science & Technology, 2012, 46(15): 7939–7954.
- [9] 包建平, 袁根生, 董方圆, 等. 生物质炭与秸秆施用对红壤有机碳组分和微生物活性的影响[J]. 土壤学报, 2020, 57(3): 721–729.
- [10] Ding Y, Liu Y G, Liu S B, et al. Biochar to improve soil fertility. A review[J]. Agronomy for Sustainable Development, 2016, 36(2): 1–18.
- [11] Xu Y L, Chen B L. Investigation of thermodynamic parameters in the pyrolysis conversion of biomass and manure to biochars using thermogravimetric analysis[J]. Bioresource Technology, 2013, 146: 485–493.
- [12] Singh Mavi M, Singh G, Singh B P, et al. Interactive effects of rice-residue biochar and N-fertilizer on soil functions and crop biomass in contrasting soils[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2018(ahead).
- [13] Ibrahim M M, Tong C X, Hu K, et al. Biochar-fertilizer interaction modifies N-sorption, enzyme activities and microbial functional abundance regulating nitrogen retention in rhizosphere soil[J]. Science of the Total Environment, 2020, 739: 140065.
- [14] Ibrahim M M, Zhang H X, Guo L M, et al. Biochar interaction with chemical fertilizer regulates soil organic carbon mineralization and the abundance of key C-cycling-related bacteria in rhizosphere soil[J]. European Journal of Soil Biology, 2021, 106: 103350.
- [15] 贾孟, 印瀚, 王铎, 等. 不同烟秆生物质炭施用量对烤烟产质量及土壤理化性质的影响[J]. 江西农业学报, 2021, 33(5): 56–62.
- [16] Zhao L Y, Guan H L, Wang R, et al. Effects of tobacco stem-derived biochar on soil properties and bacterial community structure under continuous cropping of *Bletilla striata*[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2021, 21(2): 1318–1328.
- [17] 胡坤, 张红雪, 郭力铭, 等. 烟秆炭基肥对薏苡土壤有机碳组分及微生物群落结构和丰度的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, 29(9): 1592–1603.
- [18] Yuan J H, Xu R K, Zhang H. The forms of alkalis in the biochar produced from crop residues at different temperatures[J]. Bioresource Technology, 2011, 102(3): 3488–3497.
- [19] 何伟, 王会, 韩飞, 等. 长期施用有机肥显著提升潮土有机碳组分[J]. 土壤学报, 2020, 57(2): 425–434.
- [20] Demisie W, Liu Z Y, Zhang M K. Effect of biochar on carbon fractions and enzyme activity of red soil[J]. CATENA, 2014, 121: 214–221.
- [21] Yang X, Wang D, Lan Y, et al. Labile organic carbon fractions and carbon pool management index in a 3-year field study with biochar amendment[J]. Journal of Soils and Sediments, 2018, 18(4): 1569–1578.
- [22] Yu P J, Tang X G, Zhang A C, et al. Responses of soil specific enzyme activities to short-term land use conversions in a salt-affected region, northeastern China[J]. Science of the Total Environment, 2019, 687: 939–945.
- [23] Nannipieri P, Trasar-Cepeda C, Dick R P. Soil enzyme activity: A brief history and biochemistry as a basis for appropriate interpretations and meta-analysis[J]. Biology and Fertility of Soils, 2018, 54(1): 11–19.
- [24] Wang Y F, Ma Z T, Wang X W, et al. Effects of biochar on the growth of apple seedlings, soil enzyme activities and fungal communities in replant disease soil[J]. Scientia Horticulturae, 2019, 256: 108641.
- [25] Warnock D D, Mummey D L, McBride B, et al. Influences of non-herbaceous biochar on arbuscular mycorrhizal fungal abundances in roots and soils: Results from growth-chamber and field experiments[J]. Applied Soil Ecology, 2010, 46(3): 450–456.
- [26] 况帅, 段焰, 刘芮, 等. 油菜秸秆生物炭对植烟红壤养分及细菌群落多样性的影响[J]. 中国烟草科学, 2021, 42(1): 20–26.
- [27] Orcutt B N, Sylvan J B, Rogers D R, et al. Carbon fixation by basalt-hosted microbial communities[J]. Frontiers in Microbiology, 2015, 6: 904.
- [28] 孔德杰. 秸秆还田和施肥对麦豆轮作土壤碳氮及微生物群落的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2020.
- [29] Sul W J, Asuming-Brempong S, Wang Q, et al. Tropical agricultural land management influences on soil microbial communities through its effect on soil organic carbon[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 65: 33–38.
- [30] 王成己, 陈庆荣, 陈曦, 等. 烟秆生物质炭对烟草根际土壤养分及细菌群落的影响[J]. 中国烟草科学, 2017, 38(1): 42–47.