

DOI: 10.13758/j.cnki.tr.2023.06.009

陈哲, 靳鹏辉, 胡天龙, 等. 长期连续施用生物质炭对土壤肥力、小麦产量和微生物群落结构的影响. 土壤, 2023, 55(6): 1230–1236.

长期连续施用生物质炭对土壤肥力、小麦产量和微生物群落结构的影响^①

陈哲^{1,2}, 靳鹏辉^{1,2}, 胡天龙^{1,2}, 王慧^{1,2}, 周蓉^{1,2}, 张静如^{1,2}, 刘琦³, 张燕辉⁴, 蔺兴武^{1,2}, 谢祖彬^{1*}

(1 土壤与农业可持续发展国家重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 210008; 2 中国科学院大学, 北京 100049; 3 南京林业大学林学院, 南京 210037; 4 南京师范大学地理科学学院, 南京 210023)

摘要: 基于长期田间试验, 研究了 6 t/(hm²·a) 玉米秸秆还田(Straw)以及 2.4、6 和 12 t/(hm²·a) 玉米秸秆生物质炭添加 (分别记为 BC1、BC3、BC5)对土壤肥力、小麦产量和微生物群落结构的影响。结果表明: 与不添加玉米秸秆及其生物质炭的处理(CK)相比, BC5 处理显著提高了 2021 年小麦产量, 且 3 个剂量生物质炭处理 2021 年小麦产量平均提高 15%。经过 11 a 的连续添加, 土壤容重从 CK 的 1.06 g/cm³ 降低至 BC5 处理的 0.73 g/cm³, 全碳从 CK 的 14.9 g/kg 增加至 BC5 处理的 83.8 g/kg。土壤碱解氮、有效磷和速效钾均随生物质炭施用量增加而增加, 表现为 BC5>BC3>BC1>Straw≥CK。本研究中, 长期连续施用玉米秸秆及其生物质炭没有显著改变细菌群落多样性, 而 BC5 处理略增加真菌群落多样性。PICRUST2 功能预测表明生物质炭处理显著提高了碳固定相关功能基因丰度, 而降低碳降解相关功能基因丰度。

关键词: 长期田间试验; 生物质炭; 土壤肥力; 小麦生产; 微生物群落结构

中图分类号: S158.3; S154.36 **文献标志码:** A

Effects of Long-Term Successive Biochar Amendment on Soil Fertility, Wheat Production and Microbial Community Structure

CHEN Zhe^{1,2}, JIN Penghui^{1,2}, HU Tianlong^{1,2}, WANG Hui^{1,2}, ZHOU Rong^{1,2}, ZHANG Jingru^{1,2}, LIU Qi³, ZHANG Yanhui⁴, LIN Xingwu^{1,2}, XIE Zubin^{1*}

(1 State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3 College of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China; 4 School of Geography Sciences, Nanjing Normal University, Nanjing 210023, China)

Abstract: A field experiment started in 2010 was conducted to examine the effects of successive maize straw and its biochar amendment on soil fertility, wheat production and microbial community structure. There were 5 treatments: CK (no straw and no biochar), 6 t/(hm²·a) maize straw (Straw), 2.4 t/(hm²·a) biochar (BC1), 6 t/(hm²·a) biochar (BC3), and 12 t/(hm²·a) biochar (BC5). The results showed that BC5 significantly increased wheat yields in 2021, compared with CK, wheat yields with biochars averagely increased by 15%. After 11 years of continuous addition, soil bulk density decreased from 1.06 g/cm³ (CK) to 0.73 g/cm³ (BC5), and total carbon increased from 14.9 g/kg (CK) to 83.8 g/kg (BC5). Soil available nitrogen, available phosphorus and available potassium increased with the application rates, following the order of BC5>BC3>BC1>Straw≥CK. No significant change was found in the diversity of bacterial communities under different treatments, while BC5 slightly increased fungal diversity. PICRUST2 results showed that biochar addition significantly increased the abundance of C-fixation related functional genes, while decreased the abundance of C-degradation related functional genes.

Key words: Long-term field trials; Biochar; Soil fertility; Wheat production; Microbial community structure

①基金项目: 国家自然科学基金项目(42177333)和江苏省农业科技自主创新资金项目(CX(20)2003)资助。

* 通讯作者(zbxie@issas.ac.cn)

作者简介: 陈哲(1994—), 男, 湖北十堰人, 博士研究生, 主要从事土壤生态学研究。E-mail: chen zhe@issas.ac.cn

小麦是世界上食用最广泛的粮食,养活了全球超过 1/3 的人口^[1]。随着全世界人口增长,粮食需求与日俱增。同时,气候变化和土地退化等问题也正在威胁粮食安全^[2]。

生物质炭(生物质废弃物在无氧或限氧条件下热解炭化生产的材料)添加被认为是具有增加土壤碳库和缓解气候变化潜力的措施^[3]。此外,生物质炭在改良土壤和提高作物生产力等附加价值方面的报道也越来越多^[4-6]。但是生物质炭对作物生产的影响是剂量依赖的,不合理施用甚至会降低作物产量^[7]。例如, Mia 等人^[8]通过盆栽试验发现当一次性施用 120 t/hm² 草本生物质炭时,显著降低了苜蓿产量。Baronti 等人^[4]在盆栽试验中发现了一次性施用 60 t/hm² 木材生物质炭时显著提高了 *Lolium perenne* 地上部生物量,当施用量超过 100 t/hm² 时无增产效果,甚至在施用 120 t/hm² 时造成减产。然而,在以每季 2.25 和 22.5 t/hm² 生物质炭连续施用的盆栽试验中观察到小麦产量持续提高,但增产效果有下降趋势^[5]。因此,通过长期田间试验来研究生物质炭连续施用对作物生产的影响具有重要意义。

土壤微生物是土壤养分循环重要推动者,对维持土壤肥力有重要意义^[7]。秸秆还田和添加生物质炭等农田管理措施会改变土壤生境,影响土壤微生物群落组成、结构和多样性,进而改变土壤微生物群落的功能^[9]。由于土壤 pH、总有机碳(SOC)和碳氮比(C/N)等因素的变化,在弱酸性水稻土中施用生物质炭显著

增加了细菌 Alpha 多样性和改变了群落组成,最终降低微生物代谢熵^[10]。在玉米-小麦系统中一次性施用生物质炭 4 a 后显著降低了细菌群落丰度 9%~36%。细菌群落中,碳矿化率较低的 *Chloroflexi* 类群相对丰度增加被认为更有利于土壤碳的维持和提高^[11]。然而,这些短期的、一次性的施加生物质炭并不能预示土壤微生物群落结构和功能对多次连续施用的响应,需要长期田间试验来研究生物质炭施用对土壤微生物群落的影响。

本研究基于玉米秸秆及其生物质炭连续施用的长期定位试验,结合 16S 核糖体 RNA 基因(16S rRNA)和内转录间隔区 1(ITS1)高通量测序技术,重点比较了秸秆和生物质炭还田对土壤性质改良、小麦产量提升以及微生物群落结构和功能的影响。

1 材料与方法

1.1 试验区概况

试验地位于江苏省扬州市江都区小纪镇良种繁育基地(119°42'E, 32°35'N),试验区属于亚热带季风气候,年平均气温 14.7 °C,年平均降水量 1 140 mm。

田间试验始于 2010 年,各小区面积为 10 m² (4 m × 2.5 m)。试验地土壤类型为下位砂姜土(中国土壤发生分类)或始成土(美国土壤系统分类)。土壤砂粒、粉粒和黏粒分别为 20%、58% 和 22%。试验开始前 0~15 cm 土壤基本理化性质、供试玉米秸秆和生物质炭的性质见表 1。

表 1 供试土壤、玉米秸秆和玉米秸秆生物质炭的基本性质
Table 1 Basic properties of tested soil, maize straw, and biochar derived maize straw

供试材料	pH	(g/kg)				(mg/kg)		CEC (cmol/kg)
		C	N	TP	TK	AP	AK	
供试土壤	6.8	16.8	1.9	0.64	15.2	13	49	12.4
玉米秸秆	-	412.0	8.5	1.04	13.5	-	-	-
生物质炭	9.6	597.7	13.4	2.47	29.8	1281	12371	17.0

注: TP, 全磷; TK, 全钾; AP, 有效磷; AK, 速效钾; CEC, 阳离子交换量。

1.2 试验设计

试验共设置 5 个处理:不添加玉米秸秆及其生物质炭(CK), 6 t/(hm²·a) 玉米秸秆还田(Straw), 低剂量(2.4 t/(hm²·a))、中剂量(6 t/(hm²·a))和高剂量(12 t/(hm²·a)) 玉米秸秆生物质炭还田(分别记为 BC1、BC3 和 BC5)。每个处理 3 个重复,共计 15 个小区,采用随机完全区组设计。生物质炭采用炭化炉(专利号 ZL200920232191.9)^[12]在 400 °C 热解温度下生产。BC1 处理用炭量相当于将 6 t 玉米秸秆全部炭化(400 °C 条件下产炭率约为 40%)。秸秆和生物质炭在每年小麦播种前均匀翻

入 0~15 cm 土层中,截至 2021 年小麦收获,秸秆还田或施炭共 11 次。小麦条播,播种量为 200 粒/行,行距 25 cm。各处理均按当地习惯施肥,氮肥(以 N 计)180 kg/hm²,按 3:4:3 的比例分别在播种、分蘖期和拔节期施用;磷肥(以 P₂O₅ 计)、钾肥(以 K₂O 计)均为 50 kg/hm² 通过复合肥以基肥的方式施入。其他除草和病虫害防治等措施均与当地相同。

1.3 样品采集与土壤理化性质测定

2021 年 6 月小麦成熟后,在每个小区中间人工

收割 3 行, 脱粒、晒干后称重计产。

小麦收获后, 在每个小区内按“S”形路线用直径 5 cm 土钻采集 0~15 cm 土壤样品 5 个, 捏碎混合成一个土壤样品。新鲜土壤样品过 2 mm 筛, 一部分保存于 -40℃ 冰箱用于土壤 DNA 提取, 其余部分自然风干用于土壤基本理化性质测定。

土壤容重(BD)采用环刀法测定, 田间持水量(WHC)采用威尔科克斯法测定, pH 以 1:2.5 土液比($m:V$)用 pH 计(Mettler-Toledo Inc, Columbus, OH, USA)测定。土壤全碳(TC)和全氮(TN)含量通过元素分析仪(Perkin Elmer 2400, Series II CHNS/O analyzer, Perkin Elmer Inc., Waltham, MA, USA)测定, 全磷(TP)通过 $H_2SO_4-HClO_4$ 消煮-钼锑抗比色法测定, 全钾(TK)采用 H_2SO_4-HF 消煮-火焰光度法测定, 碱解氮(AN)采用碱解扩散法测定, 有效磷(AP)采用 0.5 mol/L pH 8.5 $NaHCO_3$ 浸提-钼锑抗比色法测定, 速效钾(AK)采用醋酸铵-火焰光度法测定^[13]。

1.4 土壤 DNA 提取与高通量测序

称取 0.5 g 鲜土样, 使用 FastDNA Spin kit for soil(MP Biomedicals, Cleveland, OH, USA)提取土壤样品总 DNA。通过 ND-1000 UV-Vis 微量紫外/可见分光光度计(NanoDrop ND-1000, NanoDrop Technologies, Wilmington, USA)测定 DNA 纯度和浓度, 然后将合格的 DNA 保存于 -20℃ 备用。

采用细菌通用引物 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3')/907R (5'-CCGTCAATTCCTTTGAGTTT-3') 对细菌 16S rRNA 基因(V4~V5)区, 和真菌通用引物 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAA GTAA-3')/ITS2 (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3') 对真菌 ITS1 基因进行扩增。添加 barcode、核酸纯化

磁珠纯化后等摩尔浓度混合后, 通过 Illumina Miseq PE250 测序平台(Illumina, San Diego, CA, USA), 2×250 bp 的双端测序策略对文库进行测序。

原始序列按 barcode 拆分, 经质控和拼接后获得高质量序列(平均质量分数>25 且序列长度>200 bp)。将高质量序列导入 QIIME2(<https://qiime2.org/>)中, 经过“q2-vsearch”插件去重复、97% 相似性 de-novo 聚类、去除嵌合体后获得 OUT 表和代表性序列, 通过“q2-feature-classifier”插件训练分类器并对代表性序列进行物种注释, 至少在 20% 以下的样本数中出现且序列数之和≥5 的 OTUs 用于下游分析。最终, 一共获得 6 128 个细菌 OTUs 和 1 221 个真菌 OTUs。

1.5 原核微生物群落功能预测

使用 PICRUST2 (Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States) 软件包以 KEGG 数据库对原核微生物群落功能进行预测, 鉴别出组间具有显著差异($P<0.05$)的功能基因用于后续分析。

1.6 数据处理

所有数据分析在 R 4.0.4 中进行。使用“microeco”软件包进行微生物群落组成, α 和 β 多样性分析; 使用“agricolae”软件包进行单因素方差分析或 Kruskal-Wallis 检验; 基于“ggplot2”软件包进行数据可视化。

2 结果

2.1 小麦产量与土壤理化性质

不同处理小麦产量如表 2 所示。高剂量生物质炭处理(BC5)显著提高了小麦产量。总体上, 生物质炭添加平均提高小麦产量 15%。

表 2 不同处理小麦产量和土壤理化性质
Table 2 Wheat yields and soil physiochemical properties under different treatments

指标	CK	Straw	BC1	BC3	BC5
Yield(t/hm ²)	3.69 ± 0.26 b	4.15 ± 0.43 ab	3.99 ± 0.42 b	4.00 ± 0.20 b	4.74 ± 0.35 a
BD(g/cm ³)	1.06 ± 0.03 a	1.07 ± 0.01 a	0.98 ± 0.02 a	0.86 ± 0.06 b	0.73 ± 0.08 c
WHC(%)	46.70 ± 3.39 c	46.65 ± 2.07 c	51.65 ± 1.74 c	61.73 ± 4.55 b	72.97 ± 9.44 a
pH	5.96 ± 0.08 a	5.69 ± 0.26 a	5.60 ± 0.19 a	5.99 ± 0.41 a	6.18 ± 0.5 a
TC(g/kg)	14.94 ± 1.11 d	18.37 ± 2.03 d	26.58 ± 2.1 c	55.06 ± 1.85 b	83.75 ± 6.85 a
TN(g/kg)	1.22 ± 0.1 e	1.44 ± 0.04 d	1.62 ± 0.05 c	2.12 ± 0.11 b	2.60 ± 0.27 a
TP(g/kg)	0.58 ± 0.03 d	0.65 ± 0.06 cd	0.71 ± 0.05 c	0.82 ± 0.07 b	1.26 ± 0.06 a
TK(g/kg)	7.81 ± 0.26 a	7.84 ± 0.09 a	7.89 ± 0.27 a	7.79 ± 0.27 a	7.88 ± 0.17 a
AN(mg/kg)	117.5 ± 6.0 d	132.8 ± 4.3 cd	139.9 ± 6.2 c	168.0 ± 5.9 b	250.1 ± 18.8 a
AK(mg/kg)	32.0 ± 2.1 d	49.8 ± 11.4 d	92.5 ± 15.7 c	141.8 ± 15.7 b	273.6 ± 27.0 a
AP(mg/kg)	39.4 ± 3.4 d	46.0 ± 7.4 d	75.8 ± 2.9 c	98.9 ± 6.3 b	180.9 ± 13.9 a

注: Yield, 2021 年小麦产量; BD, 土壤容重; WHC, 田间持水量; pH, 土壤 pH; TC, 全碳; TN, 全氮; TP, 全磷; TK: 全钾; AN: 碱解氮; AK: 速效钾; AP: 有效磷。表中数据为均值 ± 标准差($n=3$); 同行数据小写字母不同表示处理间显著差异($P<0.05$)。下同。

秸秆还田和生物质炭添加显著提高了土壤肥力(表 2)。与 CK 处理相比,中等剂量(BC3)和高剂量(BC5)生物质炭还田显著降低了土壤容重和提高了土壤田间持水量。秸秆和生物质炭还田并未显著提高土壤 pH。土壤 TC、TN 和 TP 均随着生物质炭的添加量增加而增加。土壤 TK 在各处理间差异不显著,但与 CK 和 Straw 处理相比,生物质炭添加显著提高了 AK 含量。与 CK 处理相比,Straw 处理未显著提高土壤 AP 含量,但添加生物质炭处理土壤 AP 含量显著提高。

2.2 微生物群落组成

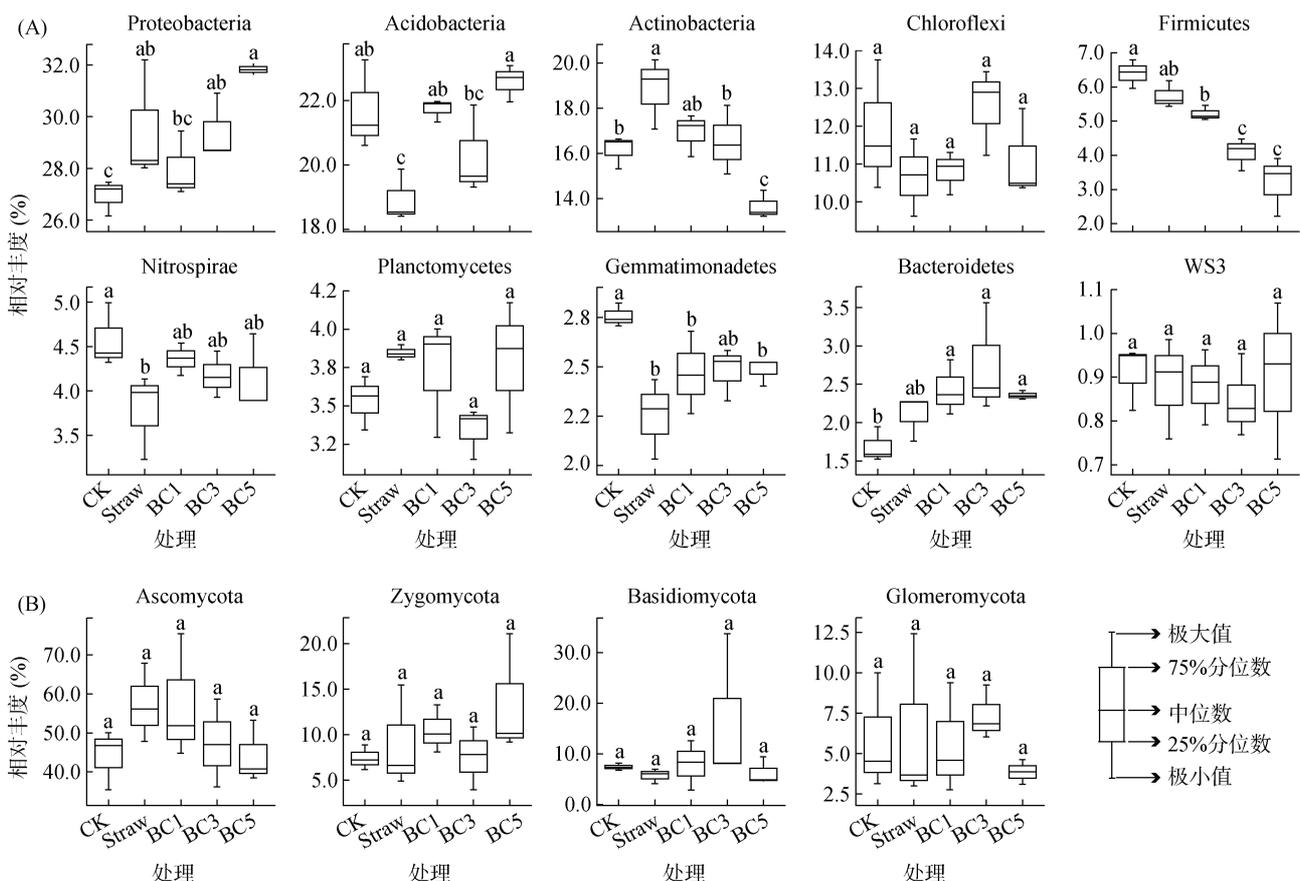
秸秆和生物质炭还田对土壤细菌群落组成有显著影响。在门分类水平上,变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)和厚壁菌门(Firmicutes)占绝对优势,累计相对丰度超过 80%(图 1A)。其中,Proteobacteria 相对丰度随生物质炭添加量增加而增加,而 Firmicutes 和 Actinobacteria 相对丰度随生物质炭添加而降低(图 1A)。真菌群落在门水平上相对

丰度大于 1% 的有 4 个类群,分别是子囊菌门(Ascomycota)、接合菌门(Zygomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和球囊菌门(Glomeromycota),相对丰度总和超过 60% (图 1B),但在组内变异较大,在组间未观测到显著差异。

2.3 微生物群落多样性

在本研究中,秸秆和生物质炭长期连续还田对土壤细菌群落 α 多样性影响有限,而 BC5 处理显著增加了真菌群落 Chao1 和 ACE 指数(表 3)。

非度量多维尺度分析(Non-metric Multidimensional Scaling, NMDS)表明,土壤细菌群落和真菌群落结构在不同处理间差异显著(Stress < 0.2)(图 2)。对于土壤细菌群落,CK 和 Straw 处理聚集并与生物质炭添加处理明显区分开,且 BC1、BC3 和 BC5 处理沿 NMDS1 轴水平分布(图 2A)。对于土壤真菌群落,CK 和 Straw 处理在 NMDS1 轴上显著分离,添加生物质炭处理(BC1、BC3、BC5)和不添加生物质炭处理(CK、Straw)在 NMDS2 轴被区分开(图 2B)。



(图中不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$))

图 1 不同处理下细菌(A)和真菌(B)主要物种在门水平上的相对丰度

Fig. 1 Relative abundances of main taxa within bacterial (A) and fungal (B) communities at phylum levels under different treatments

表 3 不同处理下土壤细菌和真菌的 α 多样性指数
Table 3 Alpha diversities of soil bacteria and fungi under different treatments

处理	细菌			真菌		
	Observed	Chao1	ACE	Observed	Chao1	ACE
CK	3 713 ± 181 a	5 099 ± 111 a	5 264 ± 164 a	485 ± 31 a	522 ± 46 b	523 ± 34 b
Straw	3 759 ± 37 a	5 166 ± 57 a	5 329 ± 42 a	517 ± 53 a	571 ± 44 ab	564 ± 36 ab
BC1	3 741 ± 149 a	5 203 ± 138 a	5 372 ± 144 a	497 ± 15 a	539 ± 37 ab	538 ± 37 ab
BC3	3 738 ± 18 a	5 167 ± 68 a	5 317 ± 62 a	511 ± 22 a	551 ± 37 ab	551 ± 36 ab
BC5	3 693 ± 228 a	5 038 ± 100 a	5 196 ± 112 a	535 ± 21 a	597 ± 27 a	598 ± 30 a

注：同列数据小写字母不同表示处理间差异显著($P < 0.05$)。

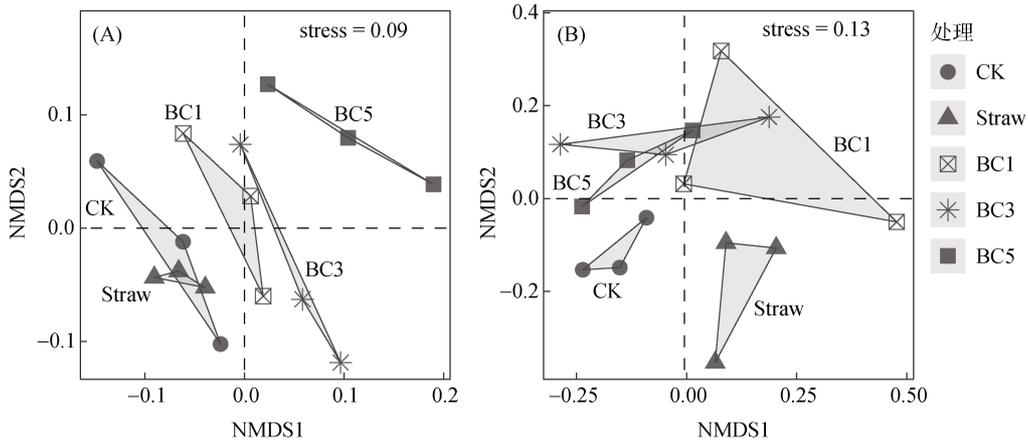


图 2 土壤细菌(A)和真菌(B)群落非度量多维尺度分析
Fig. 2 NMDS analyses of soil bacterial (A) and fungal (B) communities

2.4 土壤细菌群落功能

PICRUSt2 对 16S 标记基因进行功能预测结果见图 3。生物质炭添加可以增加多数碳固定相关的功能基因丰度，同时降低碳降解相关的功能基因丰

度。氮固定和反硝化相关的功能基因丰度基本呈现随着生物质炭添加量增加而逐渐降低。相对于 CK 和 Straw 处理，*ppa* (磷溶解基因)在 BC5 处理中显著增加。

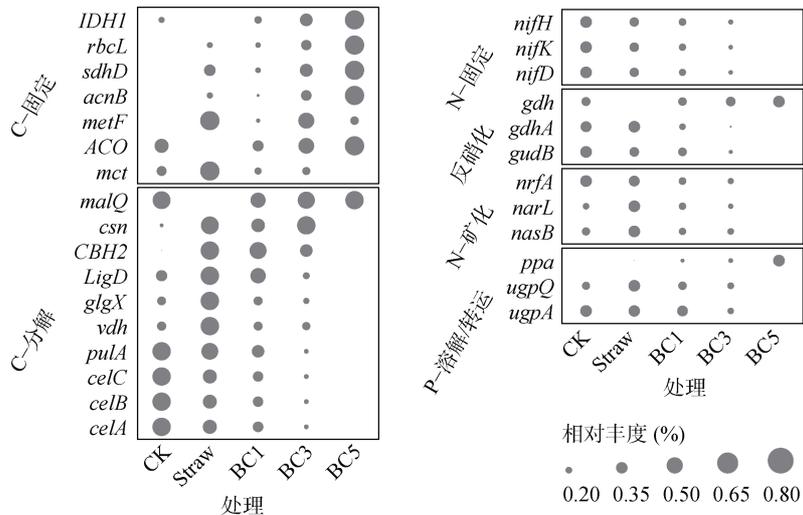


图 3 不同处理下 PICRUSt2 预测的细菌群落功能基因的相对丰度(min-max 标准化)

Fig. 3 Relative abundances (min-max standard) of functional genes of soil bacterial communities predicted by PICRUSt2 under different treatments

3 讨论

秸秆还田和生物质炭还田均被认为是提高土壤有机碳库^[14]、改良土壤^[15]和提高作物产量^[8]的有效措施。生物质炭具有高保水性和高孔隙度^[16]，可以有效提高土壤田间持水量和降低土壤容重(表 2)。随着生物质炭连续施用的累加，秸秆炭化后还田(BC1)和秸秆直接还田(Straw)相较于空白处理(CK)分别提高土壤全碳含量 77% 和 23% (表 2)，表明生物质炭的固碳潜力是其秸秆原料的 3 倍以上，这主要是由于生物质炭具有难降解属性^[17]。在改善土壤养分状况方面，BC1 处理土壤速效钾和有效磷含量约为 CK 的 2 倍和 1 倍，而 Straw 处理与 CK 之间却无显著差异，这可能与生物质炭的难降解性和强吸附能力有关^[5]，使得生物质炭发挥着类似缓释肥料的效果。维持和提升作物生产力是施肥和各种改良措施的初衷，但有研究发现，当生物质炭一次性施用量超过 80 t/hm² 时，可能会降低作物产量^[6]。本研究中高剂量(12 t/(hm²·a)) 生物质炭添加处理，其累计施用量超过 130 t/hm²，仍然在可持续地增加小麦产量，这说明这种“少量多次”连续施用的方式，能够避免一次性大量施用带来的减产风险。

生物质炭不但可以改善土壤水分和养分条件^[18]，其自身还可以为微生物提供栖息地，避免被其他生物捕食，从而提高土壤微生物多样性^[19]。研究表明，土壤细菌群落结构更多地受土壤 pH 影响^[20]，而真菌群落结构则更多地受土壤有机质含量影响^[21-22]。施用生物质炭可以显著提高酸性土壤 pH，但是中性或碱性土壤的 pH 对生物质炭施用响应不明显^[6]。本研究供试土壤呈中性，在每年最高 12 t/hm² 剂量施用下，土壤 pH 未显著改变，可能是导致细菌群落 α 多样性未发生显著变化的主要原因。微生物群落中各物种相对丰度的变化导致 β 多样性显著改变，例如，变形菌门(Proteobacteria)相对丰度在生物质炭处理中显著增加(图 1)，这与该类群喜欢生存于富营养环境中有关^[23]。本研究中，12 t/(hm²·a) 生物质炭处理(BC5)显著提高了真菌群落 Chao1 和 ACE 多样性指数(表 3)，这主要归因于生物质炭添加带入大量有机碳，丰富了土壤碳源^[15,24]。

生物质炭一方面由于其自身难降解性直接提高土壤碳库，另一方面，可通过抑制无机氮对土壤本底有机碳降解的刺激作用，引起负激发效应，间接利于土壤固碳^[25]。本研究通过 PICRUST2 功能预测分析发现，生物质炭处理增加了细菌群落对碳固定相关功能

基因丰度，但降低了碳降解相关功能基因丰度(图 3)，这表明施用生物质炭可能使土壤微生物群落向更有利于碳固定的方面转变^[26]。氮固定相关功能基因丰度随生物质炭添加量增加而降低(图 3)，表明生物固氮可能随着土壤总氮和有效氮含量增加而被抑制^[27]。但这与生物质炭促进生物固氮的研究结果相反^[28-29]，需要通过 ¹⁵N 同位素标记试验进一步验证，以克服 PICRUST2 基于参考基因组预测的局限性。

4 结论

1) 生物质炭添加显著提高了小麦产量，这主要与土壤肥力提升有关。对于土壤有效磷和速效钾含量，秸秆炭化还田比秸秆直接还田提升潜力更大。

2) 生物质炭连续添加对于维持土壤细菌多样性和提高真菌多样性有积极作用。PICRUST2 功能预测显示，细菌群落碳固定相关功能基因丰度显著增加，碳降解和氮固定相关功能基因丰度显著下降，表明连续施炭能促进微生物群落向利于土壤碳固定方向转变，但可能抑制生物固氮作用。未来需要结合宏基因组学等技术，研究不同土壤类型、作物系统和气候带中施用生物质炭对土壤微生物群落结构和功能的影响。

参考文献：

- [1] Singh R P, Singh P K, Rutkoski J, et al. Disease impact on wheat yield potential and prospects of genetic control[J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2016, 54: 303-322.
- [2] 陈睿山, 郭晓娜, 熊波, 等. 气候变化、土地退化和粮食安全问题：关联机制与解决途径[J]. *生态学报*, 2021, 41(7): 2918-2929.
- [3] 谢祖彬, 刘琦, 许燕萍, 等. 生物炭研究进展及其研究方向[J]. *土壤*, 2011, 43(6): 857-861.
- [4] Baronti S, Alberti G, Delle Vedove G, et al. The biochar option to improve plant yields: First results from some field and pot experiments in Italy[J]. *Italian Journal of Agronomy*, 2010, 5(1): 3.
- [5] He L L, Zhao J, Yang S M, et al. Successive biochar amendment improves soil productivity and aggregate microstructure of a red soil in a five-year wheat-millet rotation pot trial[J]. *Geoderma*, 2020, 376: 114570.
- [6] Liu Q, Liu B J, Zhang Y H, et al. Biochar application as a tool to decrease soil nitrogen losses (NH₃ volatilization, N₂O emissions, and N leaching) from croplands: Options and mitigation strength in a global perspective[J]. *Global Change Biology*, 2019, 25(6): 2077-2093.
- [7] Biederman L A, Harpole W S. Biochar and its effects on plant productivity and nutrient cycling: A meta-analysis[J]. *GCB Bioenergy*, 2013, 5(2): 202-214.

- [8] Mia S, van Groenigen J W, van de Voorde T F J, et al. Biochar application rate affects biological nitrogen fixation in red clover conditional on potassium availability[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2014, 191: 83–91.
- [9] Pathy A, Ray J, Paramasivan B. Biochar amendments and its impact on soil biota for sustainable agriculture[J]. *Biochar*, 2020, 2(3): 287–305.
- [10] 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.
- [11] Zheng H J, Liu D Y, Liao X, et al. Field-aged biochar enhances soil organic carbon by increasing recalcitrant organic carbon fractions and making microbial communities more conducive to carbon sequestration[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2022, 340: 108177.
- [12] 谢祖彬, 卑其成, 刘刚, 等. 一种秸秆制炭装置: 200920232191.9[P]. 2010–06–16.
- [13] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [14] 宋依依, 曹阳, 段鑫盈, 等. 秸秆还田深度对土壤团聚体组成及有机碳含量的影响[J]. *土壤*, 2022, 54(2): 344–350.
- [15] 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.
- [16] Bakshi S, Aller D M, Laird D A, et al. Comparison of the physical and chemical properties of laboratory and field-aged biochars[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2016, 45(5): 1627–1634.
- [17] 刘本娟, 谢祖彬, 刘琦, 等. 生物质炭引起的土壤碳激发效应与土壤理化特性的相关性[J]. *土壤*, 2021, 53(2): 343–353.
- [18] 孙宁婷, 王小燕, 周豪, 等. 生物质炭种类与混施深度对紫色土水分运移和氮磷流失的影响[J]. *土壤学报*, 2022, 59(3): 722–732.
- [19] Quilliam R S, Glanville H C, Wade S C, et al. Life in the ‘charosphere’ - Does biochar in agricultural soil provide a significant habitat for microorganisms?[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, 65: 287–293.
- [20] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, et al. Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil[J]. *The ISME Journal*, 2010, 4(10): 1340–1351.
- [21] Yang N, Li X X, Liu D, et al. Diversity patterns and drivers of soil bacterial and fungal communities along elevational gradients in the Southern Himalayas, China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2022, 178: 104563.
- [22] 李慧敏, 田胜营, 李丹丹, 等. 有机物料施用对潮土活性有机碳及微生物群落组成的影响[J]. *土壤学报*, 2021, 58(3): 777–787.
- [23] Dai Z M, Su W Q, Chen H H, et al. Long-term nitrogen fertilization decreases bacterial diversity and favors the growth of Actinobacteria and Proteobacteria in agro-ecosystems across the globe[J]. *Global Change Biology*, 2018, 24(8): 3452–3461.
- [24] Guo X F. Effects of biochar on the diversity and community structure of soil fungi in intercropping system[J]. *Applied Ecology and Environmental Research*, 2019, 17(4): 8817–8834.
- [25] Lu W W, Ding W X, Zhang J H, et al. Biochar suppressed the decomposition of organic carbon in a cultivated sandy loam soil: A negative priming effect[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 76: 12–21.
- [26] Zhang X, Zhang Q Q, Zhan L P, et al. Biochar addition stabilized soil carbon sequestration by reducing temperature sensitivity of mineralization and altering the microbial community in a greenhouse vegetable field[J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, 313: 114972.
- [27] 张燕辉, 胡天龙, 王慧, 等. 利用 $^{15}\text{N}_2$ 直接标记法研究水稻种植对稻田固氮量和固氮活性的影响[J]. *土壤*, 2021, 53(4): 739–745.
- [28] Güereña D T, Lehmann J, Thies J E, et al. Partitioning the contributions of biochar properties to enhanced biological nitrogen fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris*)[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2015, 51(4): 479–491.
- [29] Xiu L Q, Zhang W M, Wu D, et al. Biochar can improve biological nitrogen fixation by altering the root growth strategy of soybean in Albic soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 773: 144564.