

生物质炭与耐酸枯草芽孢杆菌联用对红壤酸性及微生物多样性的影响^①

韩跃华¹, 崔蓉^{2,4}, 马晓焉³, 刘雅鑫⁵, 郭健⁶, 吴萌², 赵姣⁶, 张杰⁶, 贾俊仙¹, 张建刚^{1*}, 刘明^{2,4*}

(1 山西农业大学基础部, 山西太谷 030801; 2 土壤与农业可持续发展全国重点实验室(中国科学院南京土壤研究所), 南京 211135; 3 北京理工大学生命学院, 北京 100049; 4 中国科学院大学, 北京 100049; 5 江西农业大学国土资源与环境学院, 南昌 330045; 6 江西水利电力大学水土保持学院, 南昌 330099)

摘要: 为明确生物质炭配施耐酸芽孢杆菌对红壤酸化改良及生物多样性的改善效果与机制, 通过室内培育试验, 探究玉米秸秆生物质炭与耐酸枯草芽孢杆菌 *Bs-m9* 联合施用对红壤酸碱性、养分含量、微生物多样性动态变化及相互关系的影响。结果表明, 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用短期内(6 d)显著提升土壤 pH 0.36 个单位, 降低交换性酸 24.6%、交换性铝 9.6%, 同时增加有机质 64.1%; 长期(60 d)处理下, 交换性铝进一步降低 19.8%, 有机质与有效磷含量稳定提升。微生物群落动态分析显示, 短期处理虽导致细菌群落丰富度与 Shannon 指数较对照暂时下降, 但长期处理(60 d)呈现显著逆转, 二者分别提升 11.62% 和 3.60%, 驱动酸杆菌门和绿弯菌门等寡营养型菌群定向演替, 并特异性富集 WPS-2 功能类群(第 6 天、第 60 天丰度较对照分别提升 15.68% 和 67.2%)和担子菌门(第 6 天、第 60 天丰度较对照分别提升 55.2% 和 207.1%)。冗余分析显示, 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用细菌群落第 6 天受有机质($R^2=0.46$)和全磷($R^2=0.61$)驱动, 第 60 天转为交换性铝主导($R^2=0.79$); 真菌多样性始终由可溶性有机碳调控($R^2=0.81\sim 0.45$)。综上所述, 生物质炭与耐酸枯草芽孢杆菌联用短期内可快速缓解红壤酸化, 改善土壤微生物多样性和群落结构, 具有潜在的红壤改良应用前景。

关键词: 红壤; 耐酸枯草芽孢杆菌; 生物质炭; 微生物多样性

中图分类号: S156.6; S154.3 文献标志码: A

Effects of Combined Application of Biochar and Acid-tolerant *Bacillus Subtilis* on Red Soil Acidity and Microbial Diversity

HAN Yuehua¹, CUI Rong^{2,4}, MA Xiaoyan³, LIU Yaxin⁵, GUO Jian⁶, WU Meng², ZHAO Jiao⁶, ZHANG Jie⁶, JIA Junxian¹, ZHANG Jiangang^{1*}, LIU Ming^{2,4*}

(1 Department of Basic Science, Shanxi Agricultural University, Taigu, Shanxi 030801, China; 2 State Key Laboratory of Soil and Sustainable Agriculture, Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 3 School of Life Sciences, Beijing Institute of Technology, Beijing 100049, China; 4 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 5 College of Land Resource and Environment, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China; 6 School of Soil and Water Conservation, Jiangxi University of Water Resources and Electric Power, Nanchang 330099, China)

Abstract: To clarify the effects and mechanisms of biochar combined with acid-tolerant *Bacillus subtilis* on red soil acidification amelioration and biodiversity improvement, this study conducted an incubation experiment to investigate the dynamic changes and interrelationships of soil pH, nutrient content, and microbial diversity after co-application of maize straw biochar and acid-tolerant *Bacillus subtilis* *Bs-m9*. The results showed that the combined treatment (biochar + *Bs-m9*) significantly increased soil pH by 0.36 units, reduced exchangeable acidity and exchangeable aluminum by 24.6% and 9.6%, respectively, and increased organic matter by 64.1% within a short term (day 6). Under long-term treatment (day 60), exchangeable aluminum further

①基金项目: 中国科学院前瞻战略科技先导专项(XDA0440404)、井冈山农高区省级科技专项“揭榜挂帅”项目(20222-051261-3)和国家重点研发计划项目(2022YFD1900603、2021YFD1901201)资助。

* 通信作者(zjg487992@163.com; mliu@issas.ac.cn)

作者简介: 韩跃华(1998—), 女, 山西忻州人, 硕士研究生, 主要从事酸性红壤中耐酸芽孢杆菌筛选及促进作物生长机制研究。E-mail: 15535437636@163.com

decreased by 19.8% compared to the control, while organic matter and available phosphorus exhibited stable enhancement. Microbial community dynamics analysis revealed that short-term treatment temporarily reduced bacterial richness and Shannon index compared to the control, but these metrics significantly reversed after long-term treatment (60 days), increasing by 11.62% and 3.60%, respectively. This reversal of bacterial diversity decline drove the directional succession of oligotrophic phyla, including Acidobacteriota and Chloroflexi, with specific enrichment of the WPS-2 functional group (15.68% and 67.2% higher than the control on days 6 and 60, respectively) and Basidiomycota (55.2% and 207.1% higher than the control on days 6 and 60, respectively). Redundancy analysis indicated that bacterial communities under the combined treatment were initially driven by organic matter ($R^2=0.46$) and total phosphorus ($R^2=0.61$) on day 6, but shifted to exchangeable aluminum dominance ($R^2=0.79$) by day 60. Fungal diversity remained regulated by dissolved organic carbon throughout incubation ($R^2=0.81-0.45$). In conclusion, the combined application of biochar and acid-tolerant *Bacillus subtilis* mitigates red soil acidification in short time, enhances microbial diversity, optimizes community structure, and demonstrates promising potential for application in red soil remediation.

Key words: Red soil; Acid-tolerant *Bacillus subtilis*; Biochar; Microbial community diversity

南方红壤丘陵区土壤面积约 113 万 hm^2 , 占全国国土总面积的 11.8%, 不合理施肥及长期集约化种植等人为因素加剧了红壤酸化^[1]。土壤酸化导致农田钙、镁、钾等盐基离子淋失, 同时铝、锰等离子活化^[2], 造成作物根系铝毒升高, 植物养分利用效率降低^[3]。与此同时, 酸化还降低土壤微生物多样性和丰度, 影响土壤微生物群落结构, 造成有益微生物与有害微生物比例失衡, 导致土传病害发生, 最终威胁作物生长^[4]。传统酸化红壤改良多依赖石灰等碱性物质, 虽可短期提升 pH^[5], 但其 Ca^{2+} 饱和易引发土壤板结, 且存在二次酸化风险^[6-8]。

近年来, 微生物菌剂^[9]和微生物调控技术^[10]等在土壤改良中的应用逐渐受到重视, 但是仍面临微生物定殖率不高、与土著微生物竞争等问题。例如, 根瘤菌可通过分泌有机酸来中和 H^+ ^[11], 解磷菌能活化沉积态磷^[12]。然而, 当土壤 $\text{pH}<4.5$ 时, 普通菌剂的定殖效率下降, 严重影响其应用效果^[13]。值得注意的是, 外源菌剂与土著微生物的竞争排斥效应(如营养抢夺、抗生素分泌)也可能削弱微生物菌剂的改良效果^[14]。

基因工程改造的耐酸枯草芽孢杆菌不仅具有环境适应优势, 还可通过群体感应调控代谢途径, 激活抗逆基因, 维持胞内 pH 稳态^[15]; 同时, 耐酸枯草芽孢杆菌还可诱导植物系统抗性, 增强根系对 Al^{3+} 的排斥作用, 提高植物耐铝毒能力^[16]。此外, 生物质炭在土壤改良中的直接应用较为广泛, 其多级孔道结构与表面负电荷特性能作为功能微生物的理想载体^[17]。王宣懿等^[18]研究发现, 生物质炭-芽孢杆菌(D2)联用可提高土壤有效磷含量; 黎紫珊等^[19]研究发现, 生物质炭-蜡状芽孢杆菌(M)联用可提高土壤 pH, 增加土壤有效磷和钾含量。但是目前为止, 生物质炭联合

耐酸工程菌对红壤 pH 及土著微生物多样性的影响尚不明确。

本研究选用耐酸枯草芽孢杆菌作为微生物菌剂, 玉米秸秆生物质炭材料作为附着载体, 通过室内培育试验, 探究野生型芽孢杆菌、耐酸芽孢杆菌单独施用或与生物质炭联用对红壤 pH、养分含量及微生物多样性的影响, 探明生物质炭与微生物菌剂的协同增效机制, 以期对南方酸性红壤改良提供理论和技术参考。

1 材料与amp;方法

1.1 供试土壤

供试土壤样品采集于中国科学院红壤生态实验站($28^{\circ}12'25''\text{N}$, $116^{\circ}55'4''\text{E}$), 地处江西省鹰潭市余江区, 属于中亚热带季风气候, 年均气温 $17.6\text{ }^{\circ}\text{C}$, 年均降水量 $1\ 766\ \text{mm}$, 采样地点 5 年内未进行耕作、播种和施肥等农事活动。供试土壤发育于第四纪红黏土。样品经风干处理后挑去肉眼可见的碎石块、植物残体, 过 $2\ \text{mm}$ 筛后置于 $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ 冰箱备用。供试土壤的基本理化性质为 $\text{pH}\ 4.64$, 有机质 $16.0\ \text{g/kg}$, 可溶性有机质 $157\ \text{mg/kg}$, 全氮 $0.814\ \text{g/kg}$, 全磷 $0.343\ \text{g/kg}$, 全钾 $8.94\ \text{g/kg}$, 速效氮 $80.8\ \text{mg/kg}$, 有效磷 $11.2\ \text{mg/kg}$, 速效钾 $15.1\ \text{mg/kg}$, 交换性酸 $4.40\ \text{cmol/kg}$, 交换性铝 $4.16\ \text{cmol/kg}$ 。

1.2 供试菌剂和生物质炭

供试枯草芽孢杆菌野生型(*Bacillus subtilis* 168, *Bs-wt*)及耐酸枯草芽孢杆菌工程菌(经 *Bs-wt* 基因组突变得到的, *Bs-m9*)均由北京理工大学提供。挑选平板上的 *Bs-wt* 和 *Bs-m9* 单菌落接种至 $5\ \text{mL}$ 的 LB 液体培养基中, $37\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、 $220\ \text{r/min}$ 振荡培养 $12\ \text{h}$, 振荡培养结束后 $5\ 000\ \text{r/min}$ 离心 $4\ \text{min}$, 弃去上清液, 将剩下的菌泥用无菌水重悬, 获得浓度约为 $1\times 10^8\ \text{CFU/mL}$

菌悬液, 置于 4 °C 冰箱备用。

生物质炭购于河南立泽环保科技有限公司, 原材料为玉米秸秆, 通过高温分解法在 500~600 °C 缺氧状态下高温热解所得。生物质炭的基本理化性质为有机碳含量 510.9 g/kg, 全氮 8.51 g/kg, 全磷 2.34 g/kg, 全钾 15.76 g/kg, 灰分含量 8.43%。

1.3 试验设计

试验设置 6 个处理: ①空白对照(CK); ②施用生物质炭(C); ③施用枯草芽孢杆菌野生型 *Bs-wt* 菌悬液(Bwt); ④施用耐酸枯草芽孢杆菌工程菌 *Bs-m9* 菌悬液(BN); ⑤施用 *Bs-wt* 菌悬液+生物质炭(BwtC); ⑥施用 *Bs-m9* 菌悬液+生物质炭(BNC), 进行土培试验。每个处理风干土壤添加量为 60 g, 25 °C 避光培育 60 d, 试验期间土壤含水量保持在 40% 左右, 每天根据土壤水分损失情况, 适当补充蒸馏水。在添加生物质炭和菌液的处理中, 生物质炭和菌液的添加量均为土壤重量的 1%^[20]。BwtC、BNC 处理中, 菌液经生物质炭吸附预处理后混入土壤: 菌液分 3 次滴加至生物质炭(每次翻拌至完全吸收), 随后将附着有菌液的生物质炭均分为两份, 先取 50% 添加至土壤中翻拌 2 min, 剩余 50% 装入无菌密封袋揉捏 5 min; 随后将两部分物料整体平铺为扇形, 翻拌 10 min 至分散均匀。每个处理设 6 次重复, 分别于培养第 6 天和第 60 天各破坏性取 3 个重复样本, 进行土壤理化性质和微生物多样性分析。

1.4 土壤样品分析

1.4.1 土壤理化性质分析 土壤样品基本理化性质的测定参照《土壤农化分析》^[21]。土壤 pH 采用电位法测定, 全氮(TN)采用凯氏定氮法测定, 全磷(TP)采用氢氧化钠熔融-钼锑抗比色法测定, 全钾(TK)采用氢氧化钠熔融-火焰光度法测定, 速效氮(AN)采用碱解扩散法测定, 有效磷(AP)采用盐酸-氟化铵浸提法(Bray 法)测定, 速效钾(AK)采用乙酸铵浸提-火焰光度法测定, 有机质(SOM)采用重铬酸钾氧化-外加热法测定, 可溶性有机碳(DOC)采用总有机碳(TOC)分析仪法测定, 交换性酸采用氯化钾交换-中和和滴定法测定, 交换性铝采用氯化钾提取-分光光度法测定。

1.4.2 土壤微生物多样性分析 使用土壤基因组 DNA 提取试剂盒(DP336, TianGen)提取土壤总 DNA, 经 1% 琼脂糖凝胶电泳检验完整性, 并通过 NanoDrop2000 分光光度计测定纯度(A260/A280=1.8~2.0), 合格样本保存于 -80 °C。随后对细菌 16S rRNA V4-V5 区(引物 515F/806R)和真菌 ITS1-5F 区(引物 ITS1F/ITS2R)进行 PCR 扩增。扩增程序为: 95 °C

预变性 3 min, 95 °C 30 s、55 °C 30 s、72 °C 45 s, 30 个循环, 之后 72 °C 终延伸 10 min。扩增产物经 NEBNext Ultra II DNA 文库制备试剂盒构建文库, Qubit 2.0 定量及 qPCR 质检后, 利用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行双端测序。原始数据经 fastp 质控过滤(Q20, N<5%)、FLASH 拼接双端序列、DADA2 去噪生成 ASV 特征表, 最终基于 Silva 138.1(16S rRNA)和 UNITE v9.0(ITS)数据库通过 QIIME2 分类器进行物种注释(置信阈值 ≥80%)^[22-23]。

1.5 数据统计

试验数据采用 SPSS 27.0 与 R(4.4.2) 软件进行统计分析。通过单因素方差分析(one-way ANOVA)检验不同处理间土壤理化性质的差异显著性。微生物多样性分析基于 R 平台进行: α 多样性与 β 多样性计算借助 microbiome 和 phyloseq 包完成, 群落组成差异通过 vegan 包的主坐标分析(PCoA)进行可视化呈现。进一步采用 vegan 包的冗余分析(RDA)探究土壤理化性质与微生物群落结构的相关性。

2 结果

2.1 不同处理对土壤理化性质的影响

2.1.1 培养第 6 天不同处理对土壤理化性质的影响 培养第 6 天, 与对照(CK)相比, 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用(BNC)处理显著改善了红壤理化性质 ($P<0.05$): 土壤 pH 从 4.44 升高至 4.80, 升高 8.11%; 交换性酸和交换性铝含量分别降低 24.6% 和 9.6%; SOM 含量从 15.37 g/kg 增至 25.22 g/kg, 升高 64.1%; DOC 增幅为 1.73%; TN、TP 和 TK 含量分别升高 14.1%、16.2% 和 9.3%; AN、AP、AK 含量分别升高 22%、86.3% 和 138.3%。而单一施加 *Bs-m9* 菌液(BN)处理 pH 仅升高 4.73%, 交换性铝含量增加 7.7%, TP 降低 5.23%, TK 降低 5.01%, AN 升高 3%, AP 降低 7.7%, AK 升高 14.4%。

2.1.2 培养第 60 天不同处理对土壤理化性质的影响 培养第 60 天, 相较于 CK, BNC 处理对红壤理化性质的改良效应持续显著。BNC 和 BN 处理土壤 pH 稳定于 4.56, 而单施生物质炭(C)处理下降 2.0%; BNC 处理交换性酸含量从 4.61 cmol/kg 降至 3.76 cmol/kg(降幅 18.4%, $P<0.001$), 交换性铝含量从 4.2 cmol/kg 降至 3.37 cmol/kg(降幅 19.8%, $P<0.001$), 显著优于 BN 处理(交换性酸减少 2.2%, 交换性铝增加 2.1%); BNC 处理 SOM 含量由 14.07 g/kg 增至 23.03 g/kg(增幅 63.7%, $P<0.001$), DOC 含量从 250.67 mg/kg 降至 238.67 mg/kg(降幅 4.8%); BNC 处

理 TN 和 TP 含量分别增加 14.8%($P<0.01$)和 10.2% ($P<0.05$), TK 降低 29.0%, BN 处理降低 13.7%; BNC 处理 AP 和 AK 含量分别激增 99.4%($P<0.001$)和

134.2%($P<0.001$), 显著优于 BN 处理(AP 仅增 9.2%, AK 增加 22.2%), BNC 处理 AN 减少 7.1%, 而 BN 处理 AN 减少 1.4%。

表 1 培养第 6 天不同处理下土壤理化性质
Table 1 Soil physicochemical properties under different treatments after 6-day incubation

处理	pH	SOM(g/kg)	DOC(mg/kg)	TN(g/kg)	TP(g/kg)	TK(mg/kg)
CK	4.44±0.10c	15.37±0.93c	172.67±15.18e	0.78±0.02c	0.42±0.02cd	9.99±0.59b
C	4.69±0.05b	24.62±0.45a	158.33±1.16f	0.84±0.03b	0.47±0.01ab	8.54±0.51c
Bwt	4.63±0.14b	15.80±1.18b	309.00±21.07a	0.79±0.04c	0.44±0.00b	9.33±0.26bc
BN	4.65±0.10b	16.00±0.79b	185.00±13.23d	0.78±0.01c	0.40±0.01d	9.49±0.58b
BwtC	4.34±0.02d	23.93±1.93a	245.33±34.15b	0.86±0.03ab	0.46±0.03b	6.64±0.38d
BNC	4.80±0.03a	25.22±1.25a	175.67±16.26c	0.88±0.01a	0.49±0.02a	10.92±1.52a
处理	AN(mg/kg)	AP(mg/kg)	AK(mg/kg)	交换性酸(cmol/kg)	交换性铝(cmol/kg)	
CK	100.33±2.52d	6.64±0.70de	227.67±34.03d	4.55±0.66c	3.23±0.57b	
C	106.00±1.00c	9.98±0.30d	526.67±14.74a	2.89±0.19e	2.40±0.18c	
Bwt	111.67±12.10b	18.3±0.72b	180.33±1.53e	6.09±0.18a	3.48±0.43a	
BN	103.33±3.21cd	6.13±0.15e	254.33±3.51c	4.24±0.07b	3.48±0.24a	
BwtC	123.67±15.04a	26.73±1.58a	439.67±9.07b	4.97±0.32bc	3.3±0.51ab	
BNC	122.33±2.31a	12.37±0.58c	527.67±10.79a	3.43±0.34d	2.92±0.42bc	

注: SOM, 有机质; DOC, 可溶性有机碳; TN, 全氮; AN, 速效氮; TP, 全磷; AP, 有效磷; TK, 全钾; AK, 速效钾。表中数据为平均值±标准差; 同列数据小写字母不同表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

表 2 培养第 60 天不同处理下土壤理化性质
Table 2 Soil physicochemical properties under different treatments after 60-day incubation

处理	pH	SOM(g/kg)	DOC(mg/kg)	TN(g/kg)	TP(g/kg)	TK(mg/kg)
CK	4.56±0.04a	14.07±0.55e	250.67±48.04a	0.88±0.03c	0.44±0.01b	13.24±1.21a
C	4.47±0.09b	25.70±0.72a	252.00±42.93a	1.16±0.03a	0.50±0.02a	10.79±0.40b
Bwt	4.56±0.04a	15.20±0.96d	152.00±3.61b	0.81±0.03d	0.45±0.03b	8.87±0.32d
BN	4.56±0.06a	16.17±0.68c	245.33±9.29a	0.87±0.02c	0.42±0.01c	11.43±0.88b
BwtC	4.44±0.04c	23.63±2.12b	132.00±6.08c	0.88±0.01c	0.42±0.03c	8.67±0.13e
BNC	4.56±0.02a	23.03±0.49b	238.67±15.01a	1.02±0.03b	0.49±0.05a	9.40±0.20c
处理	AN(mg/kg)	AP(mg/kg)	AK(mg/kg)	交换性酸(cmol/kg)	交换性铝(cmol/kg)	
CK	141.00±9.85c	8.37±0.25c	251.67±5.51e	4.61±0.10b	4.20±0.08b	
C	117.67±2.89d	17.70±1.81a	576.67±23.18b	3.68±0.86c	2.85±0.65d	
Bwt	168.33±4.73b	7.35±1.07d	279.00±7.21d	6.23±0.06a	5.35±0.07a	
BN	139.33±8.08c	9.14±0.34c	307.67±23.12c	4.71±0.20b	4.29±0.23b	
BwtC	183.00±7.21a	9.85±0.31b	624.33±23.46a	4.41±0.08b	3.60±0.11c	
BNC	130.67±8.39c	16.77±1.26a	592.33±17.62b	3.76±0.10c	3.37±0.05c	

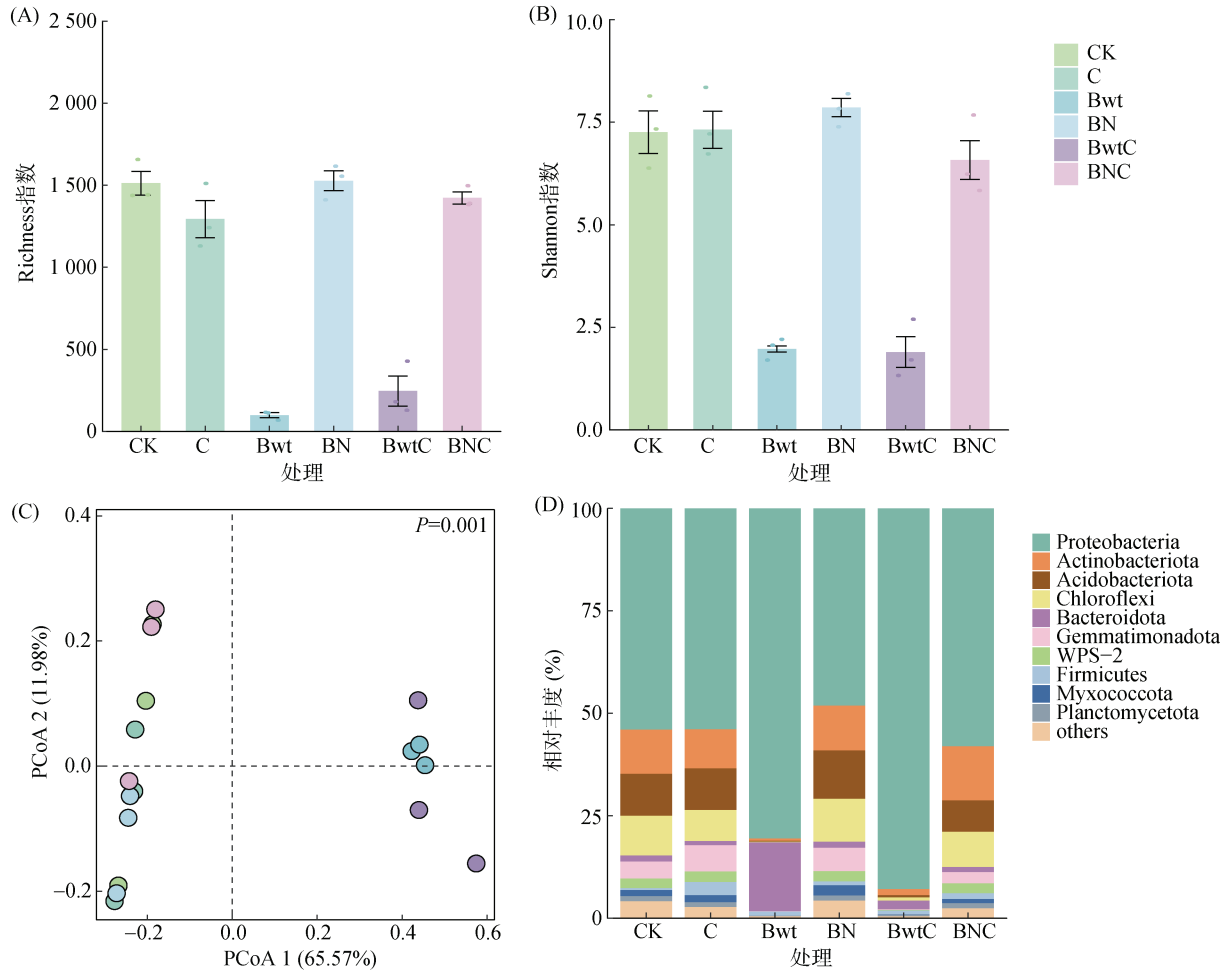
2.2 不同处理对土壤微生物多样性的影响

2.2.1 培养第 6 天不同处理对土壤微生物多样性的影响 培养第 6 天, 不同处理对细菌群落多样性的影响差异显著(图 1A、1B)。相较于对照 CK, C 处理细菌丰富度 Richness 指数降低 14.41%, 但香农指数(Shannon)上升 0.82%; Bwt 处理 Richness 和 Shannon 指数分别骤降 93.43% 和 72.83%; BN 处理 Richness 略微提升 0.99%, Shannon 指数提升 8.29%; BwtC 处

理 Richness 和 Shannon 指数分别下降 83.73% 和 73.85%; BNC 处理对细菌多样性的负面影响最弱, Richness 降低 5.91%, Shannon 指数下降 9.33%。基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析(PCoA, 图 1C)显示, 第 6 天不同处理土壤细菌群落结构存在显著差异($P=0.001$)。不同细菌门类的相对丰度存在显著差异(图 1D)。其中, 变形菌门(Proteobacteria, 43.3%~96.8%)为绝对优势类群; 放线菌门(Actinobacteriota, 0.4%~

21.5%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 0.1%~13.3%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 0.1%~12.1%)、WPS-2(0.0%~4.4%)在细菌群落中的丰度较高, 占细菌总 ASV 的 70%; 其余门类主要由芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 0.0%~6.0%)、浮霉菌门(Planctomycetota, 0.4%~1.8%)、黏细菌门(Myxococcota, 0.1%~2.6%)及拟杆菌门(Bacteroidota, 0.9%~22.0%)组成。相较于 CK 处

理, C 处理变形菌门丰度接近, 酸杆菌门丰度小幅上升, 绿弯菌门相对丰度降低; Bwt 处理变形菌门增加 49.55%, 绿弯菌门与酸杆菌门分别降低 97.8% 和 98.1%; BwtC 处理变形菌门丰度增加 92.92%; BN 处理变形菌门降低 10.8%, 酸杆菌门增加 14.9%, 绿弯菌门增加 8.2%; BNC 处理变形菌门丰度接近对照 CK, WPS-2 相对丰度提高 15.68%, 放线菌门达 21.5%。



(A. 土壤细菌群落 Richness 指数变化趋势; B. 土壤细菌群落 Shannon 指数变化趋势; C. 基于 Bray-Curtis 距离矩阵的土壤细菌群落主坐标分析; D. 门水平丰度排名前 10 位的细菌相对丰度堆叠柱状图。相对丰度在每个处理中均小于 1% 的物种合并为“others”。下同)

图 1 不同处理第 6 天土壤细菌多样性和门水平下细菌相对丰度

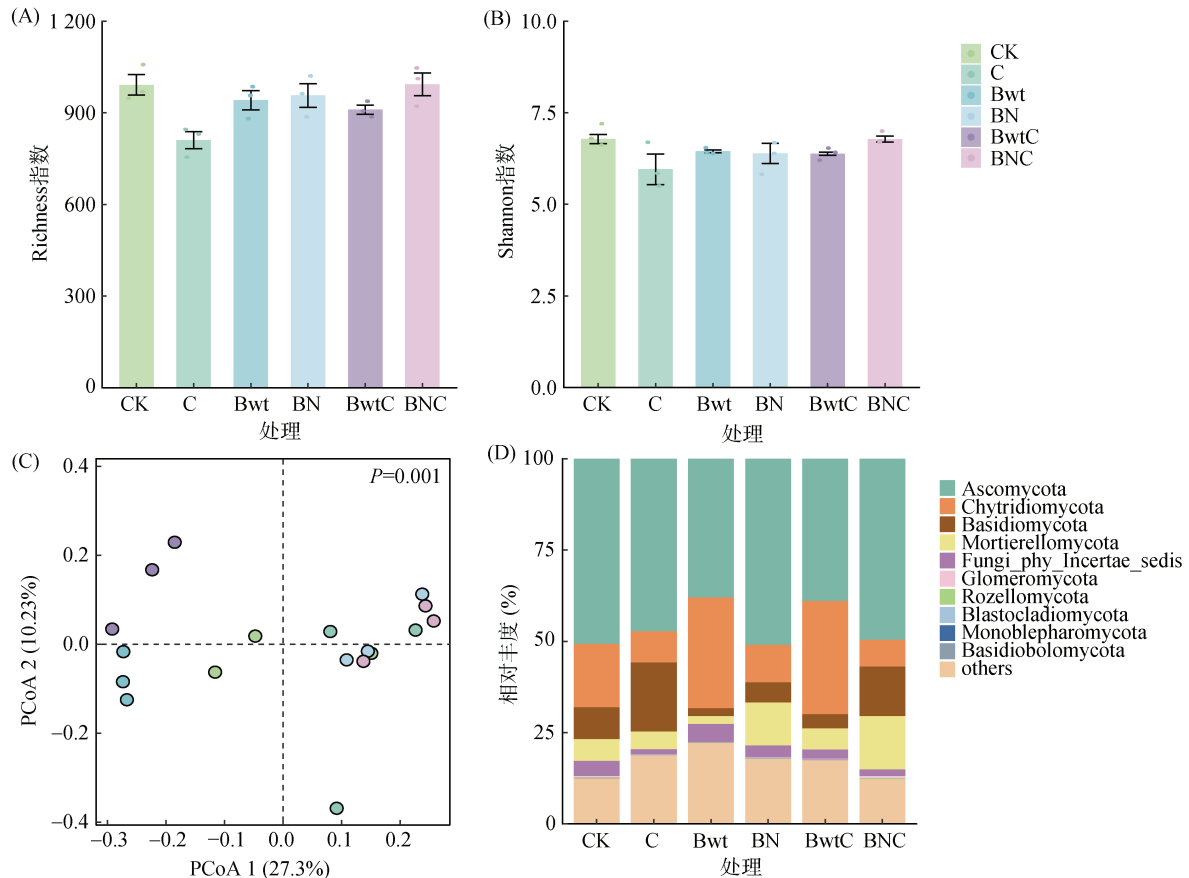
Fig. 1 Soil bacterial diversity and relative abundance at the phylum level under different treatments on day 6

培养第 6 天, 与 CK 相比, 各处理对真菌群落多样性产生差异影响(图 2A、2B)。其中, C 处理对真菌群落多样性表现出显著负影响, 其 Richness 指数下降 18.25%, Shannon 指数下降 12.24%; Bwt 处理对两者的影响幅度较小, Richness 和 Shannon 指数分别下降 5.08% 和 4.87%; BN 处理 Richness 指数降幅为 3.50%, 但 Shannon 指数降幅为 5.72%; BwtC 处理 Richness 和 Shannon 指数分别下降 8.20% 和 5.90%; 而 BNC 处理 Richness 指数略微上升 0.20%,

Shannon 指数维持不变。PCoA 结果表明(图 2C), 不同处理下真菌群落存在显著差异($P=0.001$)。不同真菌门类的相对丰度存在显著差异(图 2D)。其中, 子囊菌门(Ascomycota, 33.7%~59.4%)为绝对优势类群, 壶菌门(Chytridiomycota, 2.4%~36.6%)、担子菌门(Basidiomycota, 2.5%~43.9%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 2.6%~28.3%)及 Fungi_phy_Incertae_sedis(1.0%~6.7%)在真菌群落中丰度较高。相较于 CK, C 处理子囊菌门丰度几乎维持不变, 壶菌门丰度下降, 担子菌

门显著增加,被孢霉门略增;Bwt 处理子囊菌门丰度降低,壶菌门丰度上升 48.5%,担子菌门锐减 75.9%,被孢霉门下降;BwtC 处理子囊菌门恢复但仍较 CK 降低 17.2%,壶菌门丰度较 CK 增加 26.0%;BN 处

理壶菌门丰度下降 57.4%,被孢霉门激增 149.2%,担子菌门增加 16.1%,子囊菌门接近 CK;BNC 处理子囊菌门丰度提升 7.5%,担子菌门增加 55.2%,被孢霉门显著提升 110.2%。



(A. 土壤真菌群落 Richness 指数变化趋势; B. 土壤真菌群落 Shannon 指数变化趋势; C. 基于 Bray-Curtis 距离矩阵的土壤真菌群落主坐标分析; D. 门水平丰度排名前 10 位的真菌相对丰度堆叠柱状图)

图 2 不同处理第 6 天土壤真菌多样性和门水平下真菌相对丰度

Fig. 2 Soil fungal diversity and relative abundance at the phylum level under different treatments on day 6

2.2.2 第 60 天不同处理对土壤微生物多样性的影响 培养第 60 天,不同处理对细菌群落多样性的影响差异显著(图 3A、3B)。相较于 CK, C 处理 Richness 和 Shannon 指数分别上升 16.35% 和 5.52%; Bwt 处理 Richness 指数下降 4.48%, Shannon 指数下降 3.03%; BN 处理 Richness 指数降低 9.69%,但 Shannon 指数上升 2.04%; BwtC 处理 Richness 和 Shannon 指数分别上升 3.10% 和 2.26%; BNC 处理 Richness 和 Shannon 指数分别提升 11.62% 和 3.60%。PCoA 结果表明(图 3C),不同处理下细菌群落存在显著差异($P=0.001$)。细菌门水平相对丰度显示(图 3D),变形菌门(Proteobacteria, 17.2%~38.2%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 12.7%~37.6%)、绿弯菌门(Chloroflexi, 8.8%~25.5%)、放线菌门(Actinobacteriota, 7.8%~21.5%)及 WPS-2(5.6%~15.7%)为细菌群落主要优势类群;其

余门类包括芽单胞菌门(Gemmatimonadota, 3.6%~8.2%)、浮霉菌门(Planctomycetota, 1.0%~4.8%)、黏细菌门(Myxococcota, 1.2%~3.2%)、Armatimonadota (0.8%~2.0%)和疣微菌门(Verrucomicrobiota, 0.3%~1.5%)。相较于 CK, C 处理中酸杆菌门丰度增加 25.6%,绿弯菌门下降 21.0%,变形菌门下降 14.0%,WPS-2 上升 24.1%; Bwt 处理绿弯菌门激增 88.5%,变形菌门提升 14.8%,酸杆菌门与 WPS-2 分别下降 34.4% 和 39.8%; BN 处理酸杆菌门激增 94.2%,变形菌门下降 35.8%,绿弯菌门下降 34.2%,WPS-2 微降 13.5%; BwtC 处理绿弯菌门增长 81.7%,放线菌门倍增 99.4%,变形菌门与酸杆菌门分别下降 26.5% 和 56.5%; BNC 处理 WPS-2 显著增加 67.2%,酸杆菌门增长 29.5%,变形菌门与绿弯菌门分别下降 21.6% 和 33.7%。

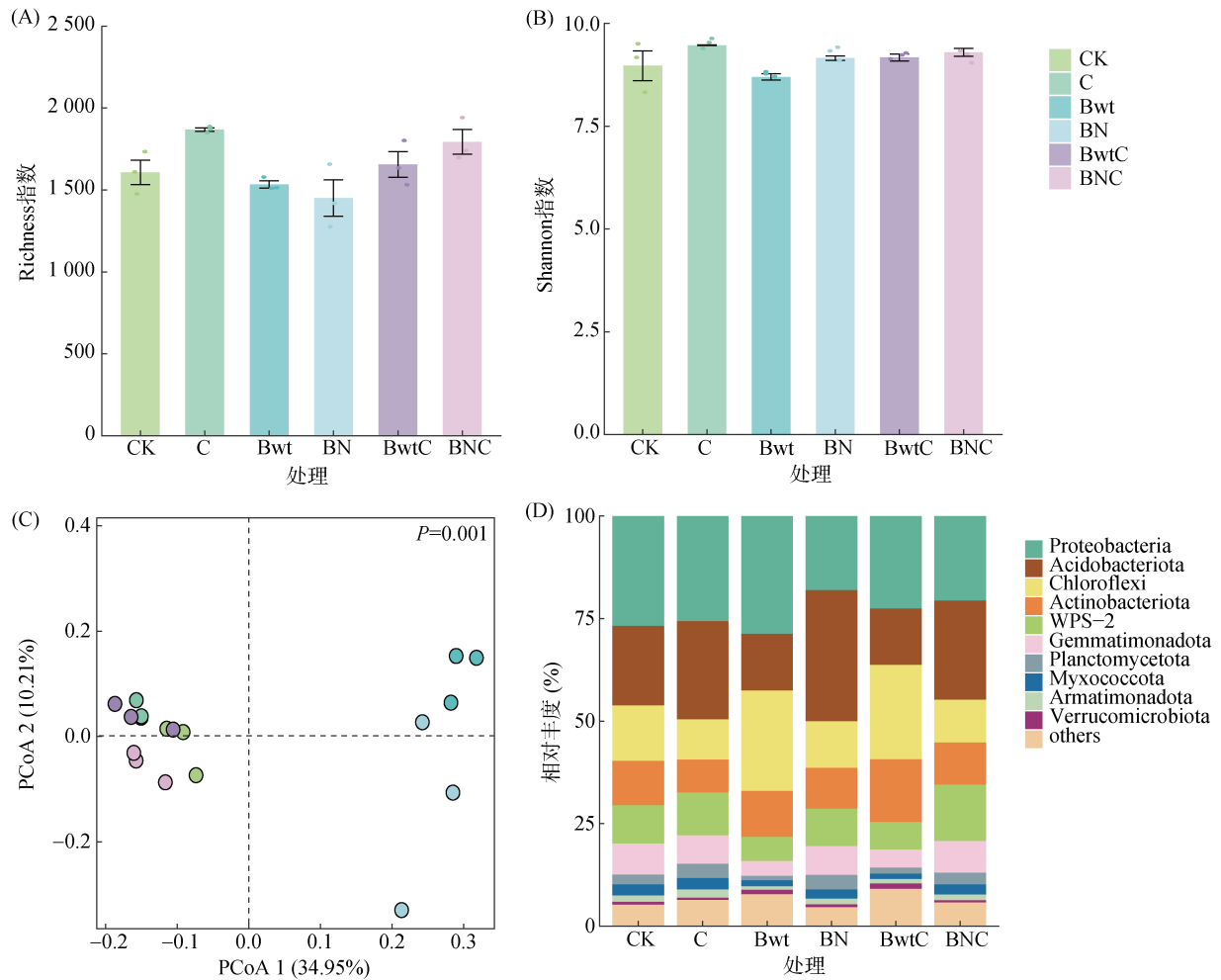


图 3 不同处理第 60 天土壤细菌多样性和门水平下细菌相对丰度

Fig. 3 Soil bacterial diversity and relative abundance under different treatments on day 60

培养至第 60 天时，不同处理对真菌多样性的调控作用呈现显著性差异(图 4A、4B)。相较于 CK，C 处理 Richness 和 Shannon 指数分别显著下降 12.66%、9.84%；Bwt 处理 Richness 指数下降 3.67%，Shannon 指数下降 11.66%；BN 处理 Richness 指数上升 4.50%，但 Shannon 指数下降 2.39%；BwtC 处理 Richness 指数上升 6.09%，Shannon 指数下降 7.01%；BNC 处理 Richness 指数上升 5.75%，Shannon 指数下降 7.61%。PCoA 结果表明(图 4C)，不同处理下真菌群落存在显著差异($P=0.001$)。不同真菌门类的相对丰度也存在显著差异(图 4D)，子囊菌门(Ascomycota, 8.4%~58.0%)为绝对优势类群，壶菌门(Chytridiomycota, 4.7%~38.8%)、担子菌门(Basidiomycota, 1.8%~22.2%)、被孢霉门(Mortierellomycota, 0.4%~7.0%)及 Fungi_phy_incertae_sedis(0.8%~9.4%)为主要优势亚类。相较于 CK，C 处理子囊菌门丰度下降 12.7%，壶菌门和被孢霉门分别增加 50.3% 和 26.3%；BN 处理子囊菌门与担子菌门协同增长 18.9%、19.0%，壶菌门降低

25.9%；BwtC 处理 Fungi_phy_incertae_sedis 爆发性增长 261.1%，子囊菌门锐减 35.4%；而 BNC 处理担子菌门丰度显著提升 207.1%；Bwt 处理子囊菌门丰度异常骤降 70.6%，壶菌门丰度上升 55.2%。

2.3 不同处理土壤化学性质与微生物群落的关系

2.3.1 培养第 6 天不同处理土壤化学性质与微生物群落的关系

培养第 6 天时，RDA 分析显示前两轴对细菌和真菌群落结构变化的累积解释度分别为 28.41% 和 23.3%(图 5)。TP、TN、SOM 和交换性氢(Ex-H)是影响细菌群落组成结构的主要因素(表 3)。BN 处理细菌群落与 Ex-H 呈正相关关系，但与 TP、TN、SOM 呈负相关；BNC 处理细菌群落与 SOM 正相关，但与 Ex-H 呈负相关；二者分布距离较远，群落结构差异显著。pH、DOC、TP、AK 和交换性铝(Ex-Al)是真菌群落组成结构核心驱动因子，BN、BNC 处理真菌群落均与 DOC、Ex-Al 呈负相关；BN 处理真菌群落与 AK 呈正相关，BNC 处理真菌群落与 pH、AK 呈正相关。

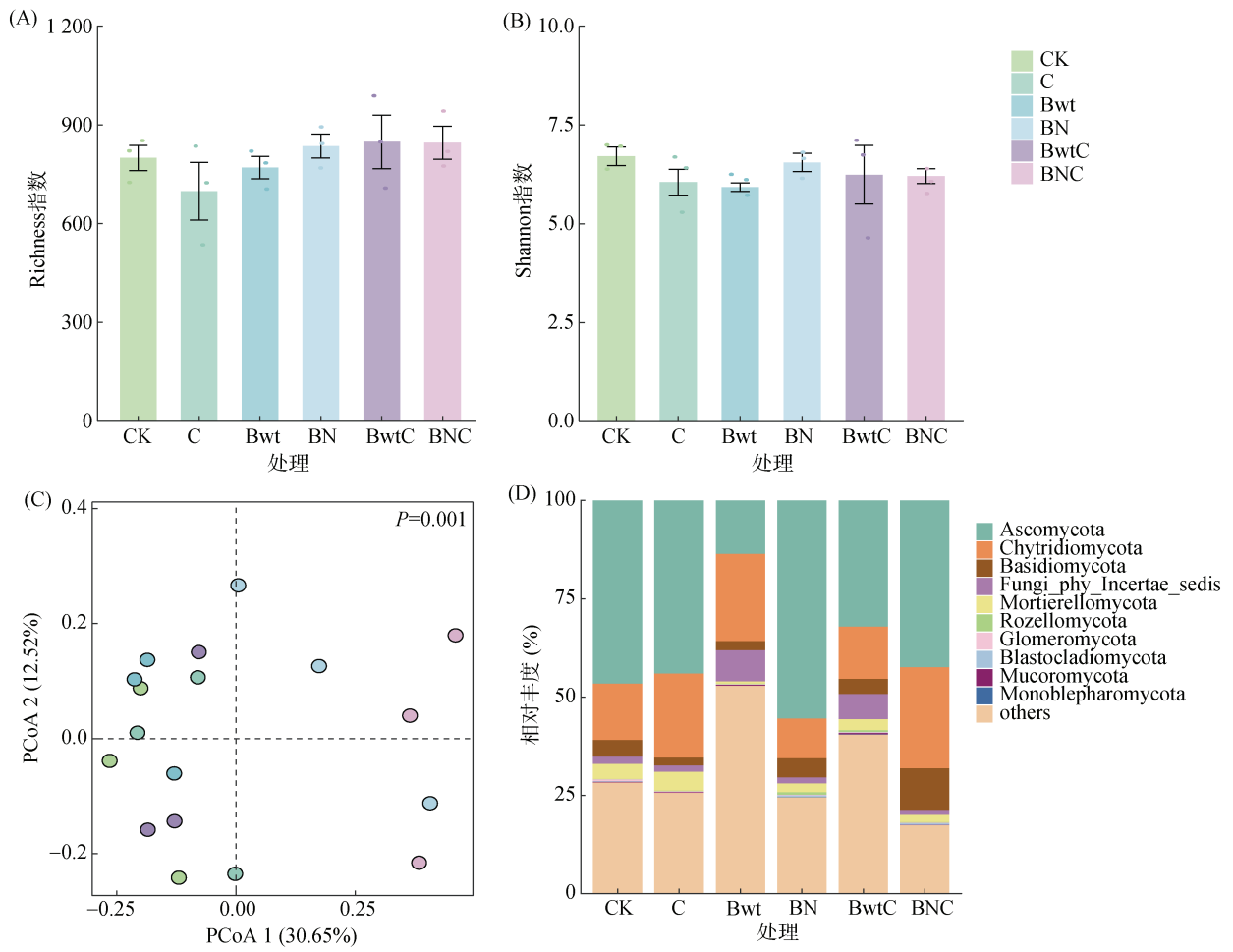
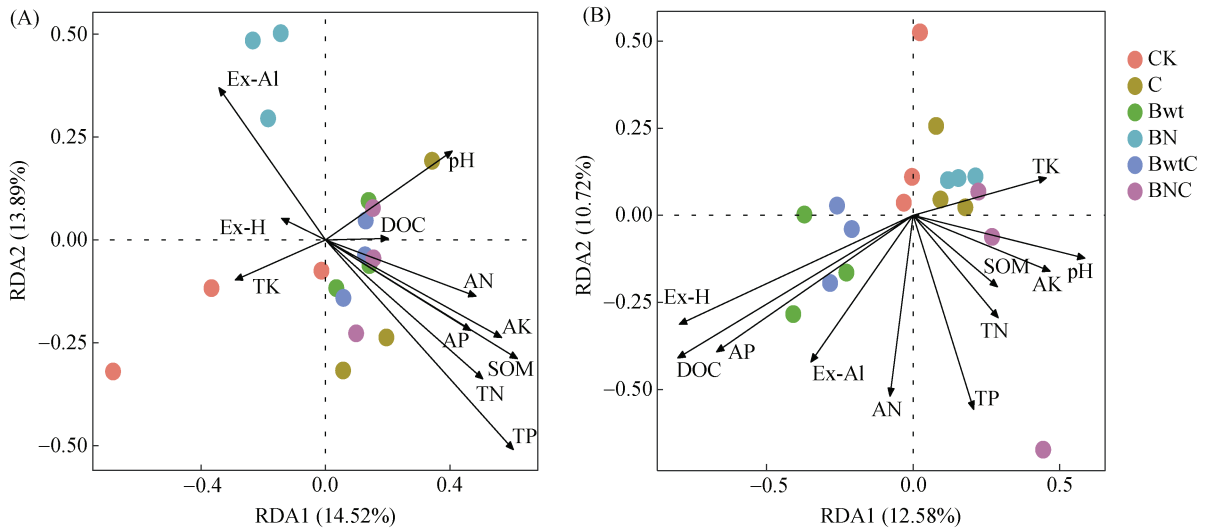


图 4 不同处理第 60 天土壤真菌多样性和门水平下真菌相对丰度

Fig. 4 Soil fungal diversity and relative abundance at the phylum level under different treatments on day 60



(A.细菌群落; B.真菌群落。Ex-H: 交换性氢; Ex-AI: 交换性铝。下同)

图 5 第 6 天不同处理下土壤化学指标对细菌、真菌群落组成的影响

Fig. 5 The effect of soil chemical properties on bacterial and fungal community composition under different treatments on day 6

表 3 不同处理下土壤化学性质与细菌、真菌多样性基于 RDA 分析的变量方差分解

土壤化学性质	培养第 6 天				培养第 60 天			
	细菌		真菌		细菌		真菌	
	R^2	P	R^2	P	R^2	P	R^2	P
pH	0.204	0.201	0.355	0.037	0.170	0.251	0.247	0.133
SOM	0.457	0.004	0.124	0.380	0.433	0.011	0.052	0.731
DOC	0.040	0.772	0.807	0.001	0.183	0.225	0.449	0.006
TN	0.364	0.022	0.169	0.233	0.459	0.009	0.002	0.982
TP	0.614	0.001	0.351	0.042	0.158	0.291	0.020	0.869
TK	0.091	0.505	0.216	0.144	0.172	0.226	0.581	0.001
AN	0.248	0.130	0.275	0.081	0.193	0.168	0.273	0.069
AK	0.262	0.104	0.600	0.001	0.430	0.008	0.065	0.614
Ex-H	0.371	0.011	0.241	0.101	0.475	0.009	0.068	0.641
Ex-AI	0.022	0.858	0.728	0.001	0.790	0.001	0.062	0.598

2.3.2 培养第 60 天不同处理土壤化学性质与微生物群落的关系 培养第 60 天时, RDA 分析显示前两轴对细菌和真菌群落结构变化的累积解释度分别为 29.76% 和 22.3%(图 6)。SOM、TN、AK、Ex-H 和 Ex-AI 是影响细菌群落组成结构的主要因素(表 3)。BN 处理细菌群落与 Ex-H、Ex-AI 呈正相关; BNC 处理细菌群落与 SOM、TN、AK 呈正相关, 但与 Ex-H、Ex-AI 呈负相关; 二者分布距离较远, 群落结构差异显著。DOC 和 TK 是真菌群落组成结构核心驱动因子, BN 处理真菌群落与 DOC 呈正相关, 而 BNC 处理真菌群落与 DOC 呈负相关。

3 讨论

3.1 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用改善土壤 pH、缓解酸铝毒害

本研究发现, 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用(BNC

处理)在第 6 天可使红壤 pH 显著提升 0.36 个单位, 同时交换性酸和交换性铝含量呈持续降低趋势(第 60 天分别降低 18.4% 和 19.8%), 与前人研究^[24-27]一致, 进一步证实了生物质炭与 *Bs-m9* 菌液的协同作用在改良土壤酸化方面的重要作用。主要原因可能是: ①耐酸芽孢杆菌的直接作用。芽孢杆菌属可能通过碳代谢驱动有机酸(如柠檬酸)合成, 整合游离态 Al^{3+} , 降低其活性, 进而缓解酸铝毒害; 更重要的是, 芽孢杆菌可能通过乳酸降解^[28-29]及潜在多酸协同代谢^[30]减少土壤有机酸含量, 同时可能通过代谢产碱(如 NH_3)直接中和酸性。②耐酸芽孢杆菌与生物质炭的协同作用。生物质炭通过多孔结构及表面官能团可对 Al^{3+} 进行专性吸附, 以及其碱性组分(灰分含量 8.43%)的中和作用直接提升 pH^[31-33], 有效缓解铝毒害^[34]; 耐酸枯草芽孢杆菌与生物质炭联用时, 生物质炭的多孔结构为芽孢杆菌提供适宜生长环境, 并提供碳源促进

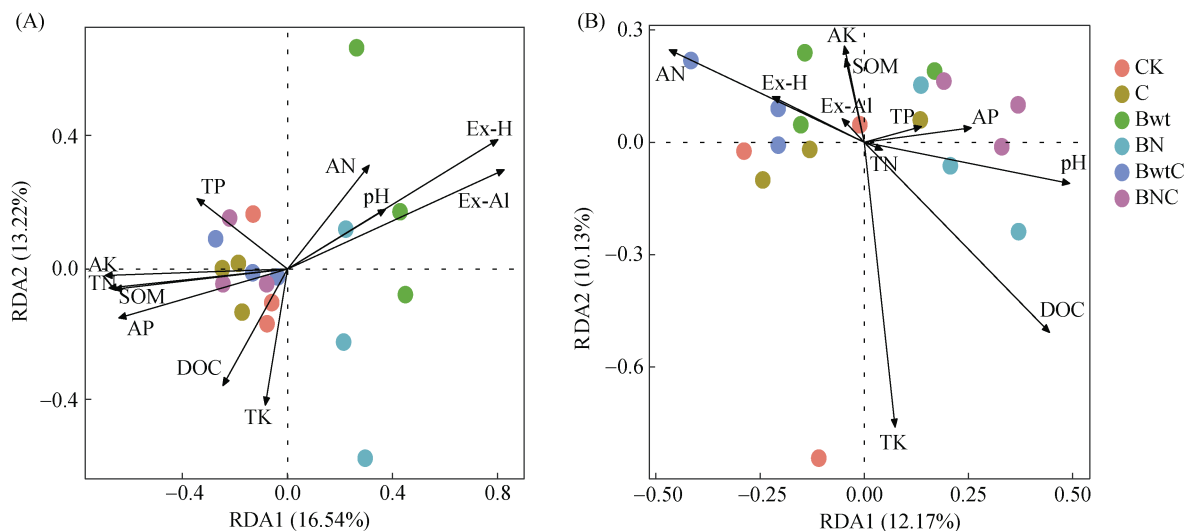


图 6 第 60 天不同处理下土壤化学指标对细菌、真菌群落组成的影响

Fig. 6 The effect of soil chemical properties on bacterial and fungal community composition under different treatments on day 60

其代谢活性,最终提升其酸化改良能力。长期(60 d)培养后 pH 提升效果减弱(与 CK 无差异),可能与外源菌定殖能力下降^[35]、生物质炭碱性组分消耗及红壤缓冲系统抵消^[36]有关。未来需通过菌株定殖强化(如包埋缓释)与复合改良剂开发,延长酸化改良的持续周期。此外,本研究还发现 BwtC 处理在整个培养期间红壤 pH 显著下降,这可能是由于 *Bs-wt* 未优化代谢通路,通过发酵代谢,产生较多的短链脂肪酸等酸性物质,抵消了碱性物质的中和效应;还有可能 *Bs-wt* 菌与土著产酸菌的营养竞争也能促使后者分泌更多有机酸。

3.2 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用提高土壤微生物群落多样性

微生物群落的多样性和均匀度是土壤健康的关键指标^[37],较高的多样性和均匀度能够促进资源的高效利用,并增强微生物之间的互作,有利于增强土壤的自我修复能力和对环境胁迫的抵抗力^[38-39]。本研究表明,生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用(BNC 处理)显著提升了土壤微生物群落的多样性和均匀度,培养 60 d 的 BNC 处理细菌 Richness 指数较单施 *Bs-m9* 菌液(BN)处理提升 16.44%, Shannon 指数提高 0.92%。这一结果与近年来微生物-增效材料的协同修复研究结论一致^[29-32]。生物质炭与 *Bs-m9* 的联用可能通过改变土壤环境中的营养物质分布,提供有利的生态位,改变微生物竞争格局,从而促进群落多样性和均匀度的提高^[40-41]。而更高的群落多样性和均匀度有助于微生物之间的资源共享和功能互补,增强了群落的整体功能性和生态稳定性。

3.3 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用改变土壤微生物相对丰度

本研究中,所有处理中都包含变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)和放线菌门(Actinobacteriota)等主要细菌门。其中变形菌门在所有处理中都是占比最高的细菌门,但 BNC 处理中其丰度的变化相对较小。其他主要细菌门的丰度存在显著差异。这一结果与前人研究中关于微生物群落稳定性与特定细菌门占比稳定性之间的关联相吻合^[42-43]。具体而言,变形菌门通常被视为 r-策略者,即快速生长和繁殖的细菌,它们在资源丰富的环境中占据优势^[44]。在本研究中,BNC 处理组中变形菌门占比的稳定可能反映了 *Bs-m9* 菌的添加对整体群落稳定性的积极影响。第 60 天 BNC 处理中拟杆菌门(Bacteroidota)的占比显著降低。拟杆菌门通常与有机物质的分解和营养循环密切相关^[45-46],其

占比的降低可能意味着 *Bs-m9* 工程菌对土壤元素循环,特别是有机物质分解过程的特定影响。此外,本研究还发现,随着处理时间的延长,所有处理中的细菌群落都经历了从 r-策略向 K-策略的转变,如酸杆菌门、绿弯菌门等寡营养型菌门丰度升高。BN 与 BNC 处理组中这种转变的特征可能与单独施用,或者与生物质炭联合施用 *Bs-m9* 工程菌后特定生态功能密切相关。值得注意的是,BNC 处理中 WPS-2 等适应性功能类群的特异性富集,其相对丰度在培育第 6 天和第 60 天较对照(CK)分别显著提升 15.68% 和 67.2%。这一动态变化揭示了生物质炭和 *Bs-m9* 工程菌联用对特定功能微生物的选择性激活效应,可能反映了其与土壤原有微生物之间的相互作用机制。

3.4 生物质炭与 *Bs-m9* 菌液联用影响微生物群落组成结构

BNC 处理通过生物质炭与菌剂的协同作用显著重塑了土壤微生物群落结构。培养第 6 天 RDA 分析显示,BNC 处理微生物群落与土壤 SOM 呈显著正相关,表明生物质炭通过高碳含量(总碳量 68.4%)^[46-47]及多孔结构提升 SOM 稳定性^[48](较 CK 提高 22.3%),形成持续碳源供给体系。而 BN 与 TP、TN 的负相关性揭示其可能因养分竞争导致微生物生物量下降,BNC 处理则通过生物质炭的保肥效应缓解了这一限制。至第 60 天,BNC 处理的微生物群落呈现明显差异:细菌群落演替由初期 SOM 驱动转向 TN 与 AK 协同调控,反映生物质炭的养分缓释特性激活了氮转化及钾活化类群;真菌群落则从 DOC 依赖演变为 TK 响应,可能与真菌菌丝网络扩展增强矿物钾活化能力有关。此外,BNC 处理通过 pH 提升($\Delta\text{pH}=+0.37$)显著扩展了真菌生态位,促进嗜中性真菌(如担子菌门)定殖,而 BN 处理真菌群落仍依赖易分解碳源(DOC),群落稳定性易受底物波动影响。

4 结论

生物质炭与 *Bs-m9* 菌联用短期内(培养第 6 天)可提升土壤 pH(0.36 单位),并降低可交换铝浓度;随着培养时间延长(第 60 天),pH 改良效果虽有所减弱,但仍优于单一处理,且对交换性铝的消减作用及微生物群落多样性调控呈现持续效应,在酸化红壤改良中具有较好的潜在应用价值。

参考文献:

- [1] Cai Z J, Wang B R, Xu M G, et al. Intensified soil acidification from chemical N fertilization and prevention

- by manure in an 18-year field experiment in the red soil of Southern China[J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2015, 15(2): 260–270.
- [2] 高小龙. 土壤酸化和盐渍化的原因和预防对策[J]. *当代化工研究*, 2022(18): 12–14.
- [3] 朱灿, 程永生, 彭尽晖. 植物铝毒害研究进展[J]. *现代园艺*, 2009(9): 4–6.
- [4] 徐影, 于镇华, 李彦生, 等. 土壤酸化成因及其对农田土壤-微生物-作物系统影响的研究进展[J]. *土壤通报*, 2024, 55(2): 562–572.
- [5] 王梅. 钙-蒙脱石和石灰对两种酸性土壤的改良研究[D]. 重庆: 西南大学, 2018.
- [6] 曾廷廷, 蔡泽江, 王小利, 等. 酸性土壤施用石灰提高作物产量的整合分析[J]. *中国农业科学*, 2017, 50(13): 2519–2527.
- [7] 顾时国, 章道清, 牛永康, 等. 生物炭在土壤中的功能及其对土壤改良的研究进展[J]. *种子科技*, 2024, 42(15): 133–135.
- [8] 孟赐福, 傅庆林, 水建国, 等. 浙江中部红壤施用石灰对土壤交换性钙、镁及土壤酸度的影响[J]. *植物营养与肥料学报*, 1999, 5(2): 129–136.
- [9] 宋泽海, 田沛. 土壤微生物在土壤改良与修复中的作用概述[J]. *草业科学*, 2024, 41(11): 2622–2636.
- [10] 许冬宁, 吴晓青, 周方园, 等. 减少农田土壤氮损失的微生物调控技术研究进展[J]. *山东科学*, 2024, 37(2): 117–126.
- [11] 闫首龙, 李爽, 陈曦, 等. 生物炭固定化微生物修复石油烃污染研究进展[J]. *化学与生物工程*, 2023, 40(9): 10–14, 26.
- [12] 汪海峰, 王井亮, 王翀, 等. 一株肠源枯草芽孢杆菌的生长、抗逆和产酶特性分析[J]. *中国畜牧杂志*, 2012, 48(17): 66–70.
- [13] Raklami A, Tahiri A I, Bechtaoui N, et al. Restoring the plant productivity of heavy metal-contaminated soil using phosphate sludge, marble waste, and beneficial microorganisms[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2021, 99: 210–221.
- [14] 鲁丽佳, 计丕霞, 陈全, 等. 生物炭提升土壤中解磷菌定殖及其解磷能力[J]. *材料导报*, 2024, 38(21): 154–162.
- [15] 闻诗歌, 李爽, 彭小锋, 等. 枯草芽孢杆菌抗菌脂肽的重组表达及应用研究进展[J]. *食品安全质量检测学报*, 2024, 15(14): 105–114.
- [16] 郑红丽, 周晓荣, 樊明寿. 燕麦根际有机磷细菌的分离及其有关生理特性的研究[J]. *干旱地区农业研究*, 2007, 25(5): 1–6.
- [17] 张韩, 龚霞. 生物炭与改性物质对土壤中重金属影响的研究进展[J]. *江西农业学报*, 2025, 37(1): 18–27.
- [18] 王宣懿, 梁媛, 袁楚齐, 等. P 改性生物炭微生物复合材料磷释放特性与阿特拉津去除效果及机理研究[J]. *环境科学学报*, 2024, 44(6): 20–30.
- [19] 黎紫珊, 胡志文, 梅闯, 等. 稻秆生物炭和蜡状芽孢杆菌联合作用对土壤重金属形态转化及微生物群落的影响[J]. *环境工程*, 2024, 42(10): 165–176.
- [20] 王璞. 土壤中添加生物质炭对土壤及番茄生长指标影响的研究[D]. 太谷: 山西农业大学, 2015.
- [21] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 1997: 8–19.
- [22] 封俊豪, 刘小伟, 景煜都, 等. 增温对黄土高原草地土壤有机碳三库分解影响特征与机制[J/OL]. *土壤学报*, 2025: 1–14. (2025-05-12). <https://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=TRXB20250508001&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
- [23] Liu Y X, Chen L, Ma T F, et al. EasyAmplicon: An easy-to-use, open-source, reproducible, and community-based pipeline for amplicon data analysis in microbiome research[J]. *iMeta*, 2023, 2(1): e83.
- [24] 赵学强, 潘贤章, 马海艺, 等. 中国酸性土壤利用的科学问题与策略[J]. *土壤学报*, 2023, 60(5): 1248–1263.
- [25] 王启, 高鹏飞, 姚佳, 等. 减氮配施炭基肥对土壤理化性质与马铃薯产量品质的影响[J]. *中国土壤与肥料*, 2024(12): 84–93.
- [26] 刘慧, 焦岩, 窦婉毓, 等. 减氮配施生物炭对土壤肥力和水稻产量的补偿效应与机制[J]. *农业机械学报*, 2024, 55(9): 391–401, 469.
- [27] Tong D L, Xu R K. Ameliorating effects of fungus chaff and its biochar on soil acidity[J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2015, 46(15): 1913–1921.
- [28] 毛志海, 殷想想, 占成, 等. 乳酸利用菌的筛选及生长特性研究[J]. *酿酒科技*, 2023(1): 24–29, 34.
- [29] 苏晓佳, 罗小叶, 王晓丹. 降酸微生物在发酵饮品领域应用研究进展[J]. *中国酿造*, 2024, 43(12): 1–5.
- [30] Gu Q, Li Y X, Lou Y, et al. Selecting autochthonous lactic acid bacteria for co-inoculation in Chinese bayberry wine production: Stress response, starter cultures application and volatilomic study[J]. *Food Research International*, 2024, 178: 113976.
- [31] 王海洋, 夏昊, 李红霞, 等. 生物炭配施土壤改良剂对酸性土壤特性及烤烟品质的影响[J]. *云南农业大学学报(自然科学)*, 2024, 39(3): 79–89.
- [32] 高静, 徐明岗, 李然, 等. 整合分析生物炭施用对土壤 pH 的影响[J]. *中国农业科技导报*, 2023, 25(9): 186–196.
- [33] 程明琨, 萧洪东, 李学文, 等. 减氮条件下生物质炭施用对珠三角地区生菜产量、品质及土壤性质的影响[J]. *土壤*, 2023, 55(1): 37–44.
- [34] Xia H, Riaz M, Babar S, et al. “Assessing the impact of biochar on microbes in acidic soils: Alleviating the toxicity of aluminum and acidity”[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, 345: 118796.
- [35] Bell T H, Callender K L, Whyte L G, et al. Microbial competition in polar soils: A review of an understudied but potentially important control on productivity[J]. *Biology*, 2013, 2(2): 533–554.
- [36] Fernando D R, Marshall A T, Lynch J P. Foliar nutrient distribution patterns in sympatric maple species reflect contrasting sensitivity to excess manganese[J]. *PLoS One*, 2016, 11(7): e0157702.
- [37] 马晓丹. 内蒙古草原 7 种地带性针茅根际微生物群落的构建、更替及功能探究[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2023.
- [38] 张哲超. 耐盐碱根际促生菌与丛枝菌根真菌联合提高牧草盐碱耐受性的微生物机制研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2022.

- [39] 齐钊. 海南近岸珊瑚微生物组种间空间变化特征及对环境胁迫的响应研究[D]. 海口: 海南大学, 2023.
- [40] Wang J Y, Xiong Z Q, Kuzyakov Y. Biochar stability in soil: Meta-analysis of decomposition and priming effects[J]. *GCB Bioenergy*, 2016, 8(3): 512–523.
- [41] Masiello C A, Chen Y, Gao X D, et al. Biochar and microbial signaling: Production conditions determine effects on microbial communication[J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, 47(20): 11496–11503.
- [42] Abdulsada Z, Kibbee R, Princz J, et al. Transformation of silver nanoparticles (AgNPs) during lime treatment of wastewater sludge and their impact on soil bacteria[J]. *Nanomaterials*, 2021, 11(9): 2330.
- [43] 刘晓霞, 金秉洁, 张敏, 等. 生物质炭用量对新垦耕地土壤肥力、细菌群落结构和功能以及作物生物量的影响[J]. *土壤*, 2025, 57(1): 76–85.
- [44] 杨安娜, 李曾燕, 牟凌, 等. 上海大金山岛不同植被类型土壤细菌群落的变异[J]. *植物生态学报*, 2024, 48(3): 377–389.
- [45] Naumoff D G, Dedysh S N. Lateral gene transfer between the *Bacteroidetes* and *Acidobacteria*: The case of α -I[J]. *FEBS Letters*, 2012, 586(21): 3843–3851.
- [46] Yang A N, Li Z Y, Mou L, et al. Variation in soil bacterial community across vegetation types in Dajinshan Island, Shanghai[J]. *Chinese Journal of Plant Ecology*, 2024, 48(3): 377–389.
- [47] Xiao Y, Wu Z J, Cui M, et al. Co-modification of biochar and bentonite for adsorption and stabilization of Pb^{2+} ions[J]. *Journal of Inorganic Materials*, 2021, 36(10): 1083.
- [48] 高德才, 张蕾, 刘强, 等. 生物黑炭对旱地土壤 CO_2 、 CH_4 、 N_2O 排放及其环境效益的影响[J]. *生态学报*, 2015, 35(11): 3615–3624.

(责任编辑: 毛小芳)