

引用格式: 李宝刚, 聂新军, 孔德雷, 等. 炭基肥对稻田土壤养分及细菌群落结构的影响[J]. 浙江农林大学学报, 2025, 42(6): 1243–1254. LI Baogang, NIE Xinjun, KONG Delei, *et al.* Effects of biochar based fertilizer on soil nutrients and bacterial community structure[J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2025, 42(6): 1243–1254.

炭基肥对稻田土壤养分及细菌群落结构的影响

李宝刚¹, 聂新军², 孔德雷¹, 姜培坤¹, 郑雨婷¹, 朱高荻¹

(1. 浙江农林大学 环境与资源学院, 浙江 杭州 311300; 2. 浙江省耕地质量与肥料管理总站, 浙江 杭州 310020)

摘要: 【目的】探究炭基肥对稻田土壤理化特性及土壤细菌群落结构的影响, 为炭基肥提升稻田土壤肥力提供科学依据。【方法】在杭嘉湖平原典型稻田种植区进行田间试验, 设置不施肥对照 (ck)、常规施肥 (CF)、炭基肥替代 50% 化肥 (OF) 及炭基肥 (BF) 4 个处理, 各施肥处理投入等量氮、磷、钾养分。水稻 *Oryza sativa* 收获后采集植株和土壤样品, 分析炭基肥对土壤性质、细菌群落结构及水稻产量的影响。【结果】与 CF 处理相比, OF 和 BF 处理显著提高了土壤有机碳 (SOC)、可溶性有机碳 (DOC) 和微生物量碳 (MBC) 质量分数 ($P < 0.05$)。炭基肥对稻田土壤细菌群落丰富度和多样性无显著影响, 但对细菌群落组成及功能产生了显著影响 ($P < 0.05$), 增加了富营养性细菌及碳氮相关功能菌的相对丰度。相关性分析表明: 土壤 pH、SOC、DOC、有效磷 (AP) 和速效钾 (AK) 是影响土壤细菌群落组成变化的关键环境因子, 水稻产量与土壤中的 SOC、DOC 和 MBC 质量分数密切相关。【结论】炭基肥及炭基肥替代 50% 化肥可提高土壤养分和富营养性细菌的相对丰度, 效果优于常规施肥处理, 对调节稻田土壤微生物环境和改善土壤质量产生积极影响。图 5 表 3 参 53

关键词: 炭基肥; 稻田; 土壤养分; 细菌群落

中图分类号: S714.6 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2025)06-1243-12

Effects of biochar based fertilizer on soil nutrients and bacterial community structure

LI Baogang¹, NIE Xinjun², KONG Delei¹, JIANG Peikun¹, ZHENG Yuting¹, ZHU Gaodi¹

(1. College of Environment and Resources, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, Zhejiang, China; 2. Zhejiang Cultivated Land Quality and Fertilizer Management Station, Hangzhou 310020, Zhejiang, China)

Abstract: [Objective] The objective is to provide a scientific basis for improving rice paddy soil quality, by investigating the effects of biochar based fertilizer on soil nutrients and bacterial community structure. [Method] A field experiment was conducted in a typical rice paddy located in Hangjiahu Plain. 4 treatments, including no fertilizer control (ck), conventional fertilizer (CF), biochar based fertilizer substitution of 50% chemical fertilizer (OF) and biochar based fertilizer (BF), were laid out with the 3 fertilization treatments with consistent inputs of N, P and K. Plant and soil samples were collected post-harvest to analyze soil physicochemical properties, bacterial community structure, and rice yield under different fertilizer treatments. [Result] Compared with CF, OF and BF treatments significantly increased the contents of organic carbon (SOC), soil dissolvable organic carbon (DOC), and microbial biomass carbon (MBC), respectively ($P < 0.05$). There was no significant difference in soil bacterial diversity index among the fertilization treatments. However,

收稿日期: 2025-01-03; 修回日期: 2025-06-05

基金项目: 浙江省“三农九方”科技协作计划项目 (2023SNJF040)

作者简介: 李宝刚 (ORCID: 0009-0006-6747-1909), 从事农业废弃物资源化利用研究。E-mail: libg1997@163.com。

通信作者: 朱高荻 (ORCID: 0009-0004-2547-1236), 讲师, 博士, 从事农业废弃物资源化利用研究。

E-mail: zhugaodi@zafu.edu.cn

the application of biochar based fertilizer had a significant impact on the composition and function of soil bacterial community ($P < 0.05$), with increasing the relative abundance of eutrophic bacteria and carbon-, nitrogen-related functional bacteria. Meanwhile, the correlation analysis results revealed that soil pH, SOC, DOC, available phosphorus (AP) and available potassium (AK) were the key environmental factors affecting the composition of soil bacterial communities. Correlation analysis indicated that soil SOC, DOC, and MBC were important for rice yield. [Conclusion] The application of biochar based fertilizer (BF) and substitution of 50% chemical fertilizer (OF) could improve soil nutrient and the relative abundance of eutrophic bacteria compared to conventional fertilizer. These results demonstrate the positive effects of biochar based fertilizer in regulating the paddy soil microbial environment and improving soil quality. [Ch, 5 fig. 3 tab. 53 ref.]

Key words: biochar based fertilizer; paddy; soil nutrient; bacterial community

稻作农业是国家粮食安全保障的重要支撑^[1]。稻田微生物是有机质分解和养分循环的主要驱动力,是评价土壤质量和肥力的重要指标。施肥可改变土壤微生物群落结构和作物养分需求,影响微生物介导的土壤生化反应和生态系统功能^[2],是提高稻田土壤质量、保障稻米产量的主要方式。但由于常规肥料的易溶性,单位时间内各养分的释放速率远大于作物的吸收速率,氮素当季利用率仅 30%,磷肥利用率仅 25%^[3],不仅影响水稻 *Oryza sativa* 的增产效果,恶化土壤微环境,还会引发土壤退化和面源污染等问题^[4-5]。因此,肥料“转方式、调结构”的需求迫在眉睫。

炭基肥是化肥提质增效的重要发展方向,是以生物质炭为基质,与氮(N)、磷(P)、钾(K)等养分合理配比,采用物理或(和)化学方法复混造粒而成。多项研究证实:炭基肥能够改善土壤理化性质、增加有机碳含量、调整微生物群落结构^[6-7]。骆晓声等^[8]研究发现:施用炭基肥可显著提高小麦 *Triticum aestivum*-玉米 *Zea mays* 轮作土壤的养分含量,其中全氮和有机碳含量较单施化肥处理分别显著提高 8% 和 11%。炭基肥的高比例惰性碳含量和高抗腐稳定性可抑制土壤有机质周转,刺激碳储存,增加土壤有机碳含量^[9]。胡坤等^[10]研究了烟杆炭基肥对薏苡 *Coix lacryma-jobi* 种植土壤有机碳组分的影响,发现炭基肥能显著提高土壤总有机碳及各组分含量,且提升效果显著优于常规化肥。IBRAHIM 等^[11]研究发现:炭基肥可显著增加土壤氮循环酶活性和土壤细菌分类群(变形菌、放线菌等)丰度。然而,高文慧等^[12]对大豆 *Glycine max* 田的研究表明:炭基肥对细菌的相对丰度无显著影响,但明显改变了土壤真菌群落结构。可见,炭基肥施用对土壤微生物群落的影响仍存在不确定性。土壤理化性质等环境因子是导致土壤微生物群落变化的重要因素^[13],但大部分研究并未将土壤微生物群落与土壤理化性质及炭基肥施用效果建立联系,使得炭基肥对土壤微生物的影响存在诸多争议。基于此,本研究在杭嘉湖平原稻田种植区设置田间试验,探究炭基肥施用对土壤理化性质、细菌群落变化及水稻产量的影响及其相互关系,以为稻田炭基肥的合理利用和土壤改良提供科学依据。

1 研究地区与研究方法

1.1 研究区概况

研究区位于浙江省桐乡市屠甸镇(30°28'N, 120°17'E),该区属典型亚热带季风气候,年均气温为 15.8℃,年均降水量为 1 193.0 mm,年均日照时数为 1 702.0 h,无霜期为 225.0 d。研究区土壤为青紫泥水稻土,质地为壤质黏土,耕作层(0~20 cm 土层)土壤基本性质为:pH 6.40,总有机碳(TOC) 12.18 g·kg⁻¹,全氮(TN) 1.06 g·kg⁻¹,铵态氮(NH₄⁺-N) 3.61 mg·kg⁻¹,硝态氮(NO₃⁻-N) 12.38 mg·kg⁻¹,有效磷(AP) 3.71 mg·kg⁻¹,速效钾(AK) 106.00 mg·kg⁻¹。

1.2 试验设计

采用单因素随机区组试验设计,共设 4 个处理:不施肥对照(ck)、常规施肥(CF)、炭基肥替代 50% 化肥(OF)、炭基肥(BF)。每个处理设置 3 个重复,共 12 个试验小区,各个小区面积为 32 m² (4 m×8 m)。为防止发生侧渗和串灌,各小区间均用水泥浇灌田埂(宽 15 cm,深 60 cm)。常规施肥(CF)处理中的化肥为尿素、钙镁磷肥和硫酸钾配施,所有处理施入等量氮,即氮肥为 270 kg·hm⁻²(以氮计),磷肥

为 $75 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ [以五氧化二磷 (P_2O_5) 计], 钾肥为 $150 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ [以氧化钾 (K_2O) 计], 各处理具体施用量详见表 1。炭基肥替代 50% 化肥处理供试肥料由尿素、磷酸二氢铵 ($\text{NH}_4\text{H}_2\text{PO}_4$)、硫酸钾 (K_2SO_4)、生物质炭和有机肥按照质量比 29:16:38:15:2, 经平磨式挤压造粒机混合制成, 直径大小为 2~4 mm, 各养分质量比为 $\text{N}:\text{P}_2\text{O}_5:\text{K}_2\text{O}=18:5:8$ 。生物质炭是由‘浙优 18’ ‘Zheyou18’ 水稻秸秆, 经烘干、粉碎后, 通过生物质炭化机, 在高温无氧环境下裂解 1 h 制得。试验监测时长为一季, 耕作方式为平地平作, 水稻种植方式为移栽种植, 翻耕深度为 15~20 cm, 无排水沟, 需灌水, 灌水方式为漫灌, 其他农事操作均参照当地稻田种植管理。炭基肥作为基肥一次性均匀施于土壤表层, 翻耕将肥料和土壤混合均匀, 常规化肥则用作追肥。水稻于 2023 年 6 月 22 日施基肥, 6 月 24 日移栽, 9 月 9 日追肥, 11 月 3 日收获。

表 1 不同处理施肥量和肥料养分分配

Table 1 Fertilizer application rates and nutrient allocation of fertilizers

处理	基肥/($\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)				追肥/($\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$)		
	尿素	钙镁磷肥	硫酸钾	炭基肥	尿素	钙镁磷肥	硫酸钾
ck	0	0	0	0	0	0	0
CF	293.5	312.5	144.23	0	293.5	312.5	144.23
OF	0	0	28.80	750	293.5	312.5	144.23
BF	0	0	57.70	1 500	0	0	0

说明: 尿素(N质量分数为46%), 钙镁磷肥(P_2O_5 质量分数为12%), 硫酸钾(K_2O 质量分数为52%)。炭基肥($\text{N}:\text{P}_2\text{O}_5:\text{K}_2\text{O}=18:5:8$)(质量比)。

1.3 样品采集与处理

水稻成熟后, 各处理随机选取 5 穴代表性植株进行考种, 自然风干后进行脱离并去除杂质。随机选取 1 000 粒干种样本称量, 3 次重复误差控制在 0.05 g 以内, 进而计算千粒重, 并按 14% 含水率折算最终产量。稻米样品被立即送往绿城农科检测技术有限公司进行稻米品质相关指标的测定, 包括直链淀粉、全氮、全磷、全钾和蛋白质质量分数。

水稻收获后, 用直径 5 cm 的土钻在各小区内随机采集 0~20 cm 土层的 5 个土样进行混匀, 剔除石块、根系及植物残体等杂物后放入冰盒及时运回实验室。所有土壤样品过 2 mm 筛后, 一份保存于 4 ℃ 冰箱中, 用于 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 和可溶性有机碳 (DOC) 测定; 另一份置于 -80 ℃ 冰箱中保存, 用于微生物群落结构和多样性的测定; 其余样品自然风干后用于土壤基本理化性质的测定。

1.4 测定方法

1.4.1 土壤基本理化性质的测定 参考《土壤农业化学分析方法》^[14], 其中 pH 采用电位法测定, 水土比为 2.5:1.0 (体积质量比); 土壤全氮采用 C/N 元素分析仪 (Europa EA-GSL) 测定; 土壤有机碳 (SOC) 采用外加加热重铬酸钾氧化-还原容量法测定; $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 和 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 采用 $1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 氯化钾按照液土比 5:1 (体积质量比) 浸提, 过滤后采用靛酚蓝和双波长差比色法测定; 土壤有效磷采用盐酸-氟化铵浸提 (水土体积质量比 5:1), 钼锑抗比色法测定; 土壤速效钾采用乙酸铵浸提-火焰光度计法测定。DOC 按照液土比 5:1 (体积质量比) 进行浸提, 离心过滤后用 TOC 分析仪 (SHIMADZU) 测定; 微生物量碳 (MBC) 采用 K_2SO_4 浸提、氯仿熏蒸法测定。

1.4.2 土壤微生物的测定 委托美吉生物医药科技有限公司 (中国上海) 进行 PCR 扩增及 16S 高通量测序, 分析土壤微生物的多样性及物种组成。使用引物 515F (5'-GTGYCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 的 V4~V5 区进行扩增并构建文库, 通过 Illumina MiSeq 平台进行测序分析。

1.5 统计分析

运用 Excel 2010 进行数据预处理, 采用 SPSS 20 对不同施肥处理下的土壤基本理化性质、稻米产量、品质及微生物 α 多样性指数进行单因素方差分析 (one-way ANOVA) 和 Duncan 多重比较, 比较不同处理间的显著性差异 (显著性水平为 0.05)。利用 QIIME (Version.7.0) 软件计算样品的 α 多样性, 其中选取 Chao1 指数表示细菌群落的丰富度, Shannon 指数表示细菌群落的多样性。采用 Bray-Curtis 距离进行不同处理间细菌群落的相似性分析, 并通过主坐标轴分析 (PCoA) 进行可视化。细菌群落的功能预测采

用 FAPROTAX 法, 选择 t 检验比较不同施肥处理下的细菌群落组分和预测功能的差异。使用 Chiplot 对土壤理化性质与微生物特性及水稻产量进行 Spearman 相关热图分析。利用 Origin 2019 绘图。

2 结果与分析

2.1 不同施肥处理土壤性质变化特征

由表 2 可知: 不同施肥处理的土壤 pH 为 6.24~6.66, 其中 CF 处理的土壤 pH 最低, 较 ck 降低 3.3% ($P<0.05$), 而 OF 和 BF 处理的 pH 较 ck 显著增加 2.0% 和 3.3% ($P<0.05$), 但 OF 和 BF 处理间无显著差异。施用炭基肥显著提高 SOC 质量分数 ($P<0.05$), BF 处理的 SOC 质量分数最高, 为 $15.61\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。与 ck 相比, OF 和 BF 处理显著增加了 DOC 质量分数 ($P<0.05$), 分别增加了 36.5% 和 49.4%; 与 CF 相比, OF 和 BF 处理的 DOC 质量分数分别增加 16.6% 和 27.7% ($P<0.05$), 但 OF 和 BF 处理间无显著差异。施用炭基肥后土壤 MBC 质量分数显著增加 ($P<0.05$), 相比 ck 处理, OF 和 BF 处理分别增加了 130.6% 和 175.0%, 相比 CF 处理分别增加 88.0% 和 124.2%; 但 ck 与 CF 处理间无显著差异。除土壤全氮外, 各施肥处理速效养分质量分数较 ck 均有不同程度的增加, 且呈现明显的梯度变化规律, 其中各速效养分质量分数最高值均出现在 CF 处理。不同施肥处理间土壤全氮质量分数无显著差异。

表 2 不同施肥处理土壤生物化学特性

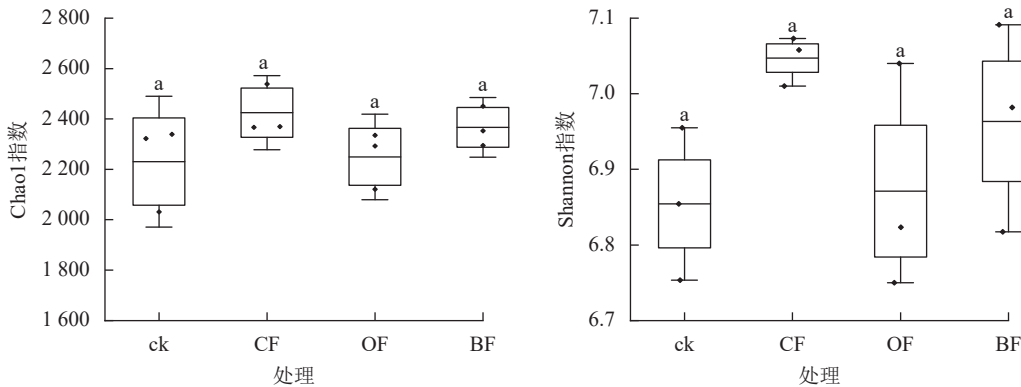
Table 2 Characteristics of changes in soil microbial and chemical properties under different fertilization

处理	pH	SOC/(g·kg ⁻¹)	DOC/(mg·kg ⁻¹)	TN/(g·kg ⁻¹)	NH ₄ ⁺ -N/(mg·kg ⁻¹)	NO ₃ ⁻ -N/(mg·kg ⁻¹)	AP/(mg·kg ⁻¹)	AK/(mg·kg ⁻¹)	MBC/(mg·kg ⁻¹)
ck	6.45±0.01 b	12.41±0.01 d	354.96±17.45 c	1.06±0.03 a	3.61±0.14 c	12.38±1.13 c	13.01±0.24 d	106.00±0.58 c	94.7±14.12 b
CF	6.24±0.01 c	12.18±0.02 c	415.36±30.59 bc	1.10±0.04 a	8.83±0.33 a	34.18±2.51 a	19.57±0.38 a	142.33±0.33 a	116.16±14.91 b
OF	6.58±0.02 a	14.50±0.02 b	484.51±26.23 ab	1.07±0.03 a	5.03±0.07 b	19.77±0.30 c	14.63±0.27 c	101.67±0.88 d	218.39±31.88 a
BF	6.66±0.01 a	15.61±0.15 a	530.4±30.13 a	1.08±0.04 a	4.51±0.21 b	14.53±0.33 b	18.31±0.20 b	108.67±0.88 b	260.4±42.35 a

说明: SOC 为土壤有机碳; DOC 为可溶性有机碳; TN 为全氮; NH₄⁺-N 为铵态氮; NO₃⁻-N 为硝态氮; AP 为有效磷; AK 为速效钾; MBC 为微生物量碳。数值为平均值±标准误, 同列不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。

2.2 不同施肥处理细菌群落多样性

本研究中各样本 Coverage 指数均大于 99%, 说明样品中的土壤细菌基本可反映土壤的真实情况。图 1 表明: 不同处理间土壤细菌 α 多样性无显著差异。施用炭基肥处理 (OF 和 BF) 的细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数较 ck 有所提高, 但较 CF 处理则有所降低, 降低比率为 1.18%~10.45%。基于 Bray-Curtis 距离矩阵的 PCoA 分析结果 (图 2) 显示: 第 1、第 2 主坐标轴分别解释了细菌群落总变异度的 71.35% 和 25.80%。BF 和 OF 处理样品的细菌群落与 CF、ck 处理沿 PCoA1 轴明显分开。此外, ck 与 CF 处理样品的细菌群落沿 PCoA2 轴明显分开。对细菌群落结构进行相似性分析显示: 不同施肥处理的土壤样品细菌群落组成具有显著差异 ($R=0.75$, $P<0.01$)。



不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。

图 1 不同施肥处理土壤细菌 α 多样性指数

Figure 1 Alpha diversity indices of soil bacterial under different fertilization treatments

2.3 不同施肥处理细菌群落结构及功能预测

在门水平，不同施肥处理细菌群落主要由绿弯菌门 Chloroflexi、变形菌门 Proteobacteria、酸杆菌门 Acidobacteriota、放线菌门 Actinobacteriota、厚壁菌门 Firmicutes、硝化螺旋菌门 Nitrospirata、芽单胞菌门 Gemmatimonadota、拟杆菌门 Bacteroidota 和脱硫杆菌门 Desulfobacterota 组成 (图 3)。其中，绿弯菌门、变形菌门、酸杆菌门和放线菌门的相对丰度为 57.30%~75.12%。各施肥处理均能提高放线菌门、拟杆菌门和硝化螺旋菌门的相对丰度，降低绿弯菌门、酸杆菌门和变形菌门的相对丰度，而对厚壁菌门和脱硫杆菌门相对丰度的变化无明显规律。各施肥处理下变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和硝化螺旋菌门的相对丰度从大到小依次为 BF、CF、OF、ck。

利用 FAPROTAX 对 16S rRNA 测序结果进行功能预测。从图 4 可见：炭基肥施用后土壤微生物化能异养 (chemoheterotrophy)、需氧化能异养 (aerobic_

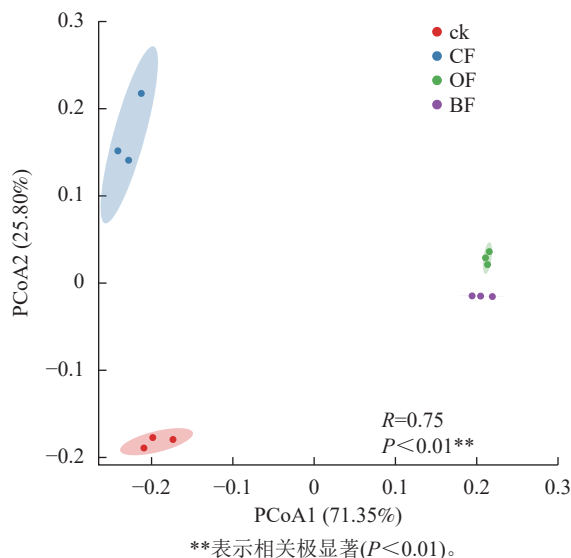
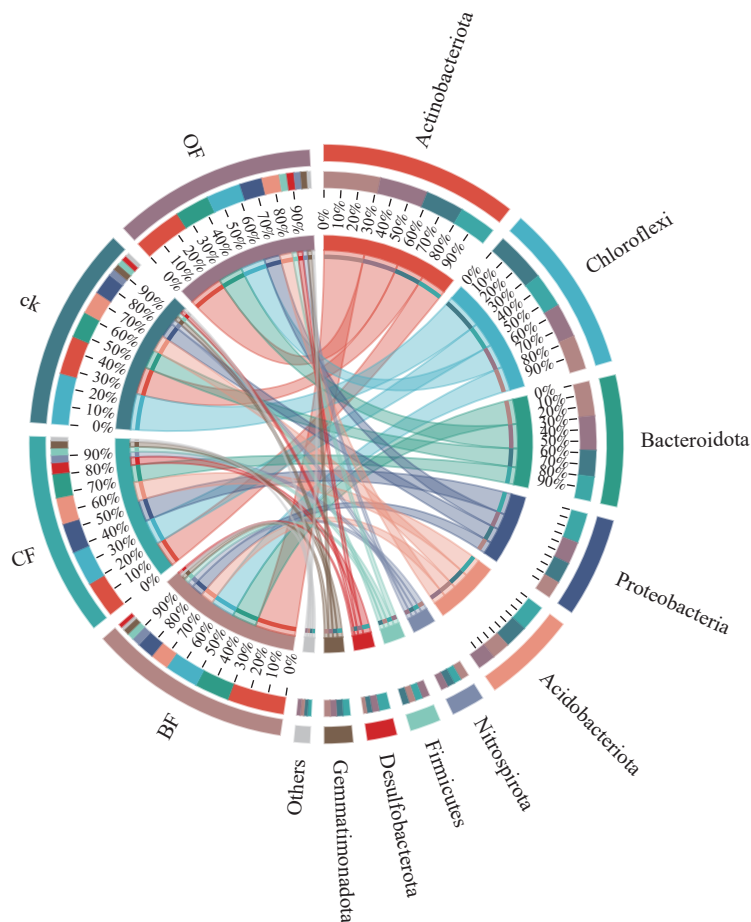


图 2 不同施肥处理土壤细菌主坐标分析

Figure 2 PCoA analysis of soil bacterial under different fertilization treatments



放线菌门 Actinobacteriota, 绿弯菌门 Chloroflexi, 拟杆菌门 Bacteroidota, 变形菌门 Proteobacteria, 酸杆菌门 Acidobacteriota, 硝化螺旋菌 Nitrospirata, 厚壁菌门 Firmicutes, 脱硫杆菌 Desulfobacterota, 芽单胞菌门 Gemmatimonadota, 其他 Others。图中的百分值表示不同细菌门类在该样本中的相对丰度。

图 3 不同施肥处理土壤细菌门水平群落结构组成

Figure 3 Composition of horizontal community structure of bacteria under different fertilization treatments

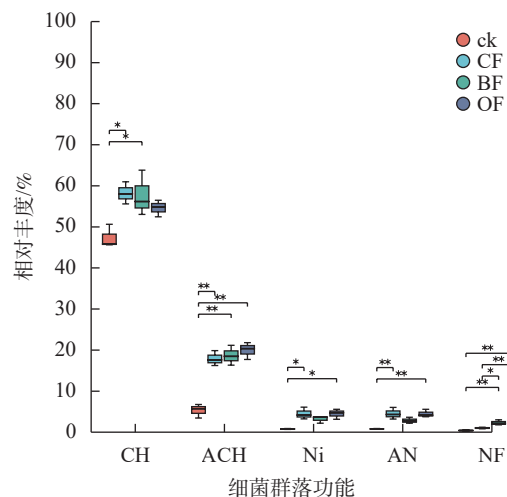
chemoheterotrophy)、硝化功能 (nitrification)、好氧氨氧化功能 (aerobic ammonia oxidation) 和固氮功能 (nitrogen fixation) 等发生了显著变化 ($P < 0.05$)。炭基肥施用可改变土壤碳、氮循环相关功能菌群的相对丰度。首先, 与 ck 相比, CF 和 BF 处理的化能异养功能分别显著增加 22.97% 和 21.81% ($P < 0.05$), 但与 OF 处理无显著差异。而 CF、BF 和 OF 处理的有氧化能异养功能较 ck 显著增加 242.70%~282.30% ($P < 0.05$), 说明 BF 和 CF 处理显著提高了土壤碳循环相关功能。对于氮循环相关功能菌群而言, CF 和 OF 处理的土壤细菌群落硝化功能较 ck 显著提高 359.41% 和 544.44% ($P < 0.05$), 好氧氨氧化功能较 ck 显著提高 522.35% 和 519.15% ($P < 0.01$), 但 BF 与其他处理间无显著差异。BF 和 OF 处理的土壤细菌群落固氮功能显著高于 ck 和 CF 处理 ($P < 0.01$), 但 BF 与 OF 处理间无显著差异。

2.4 环境因子与微生物群落结构相关性分析

从图 5 可见: 绿弯菌门与土壤 AP 和 DOC 呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 与 MBC 呈显著负相关 ($P < 0.05$); 变形菌门与土壤 pH 和 SOC 呈极显著负相关 ($P < 0.01$); 酸杆菌门与土壤 pH、SOC 呈极显著负相关 ($P < 0.01$), 与 AK 呈极显著正相关 ($P < 0.01$); 放线菌门和拟杆菌门与土壤 pH、SOC 和 DOC 呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与 AK 呈极显著负相关 ($P < 0.01$)。

2.5 不同施肥处理稻米品质及产量

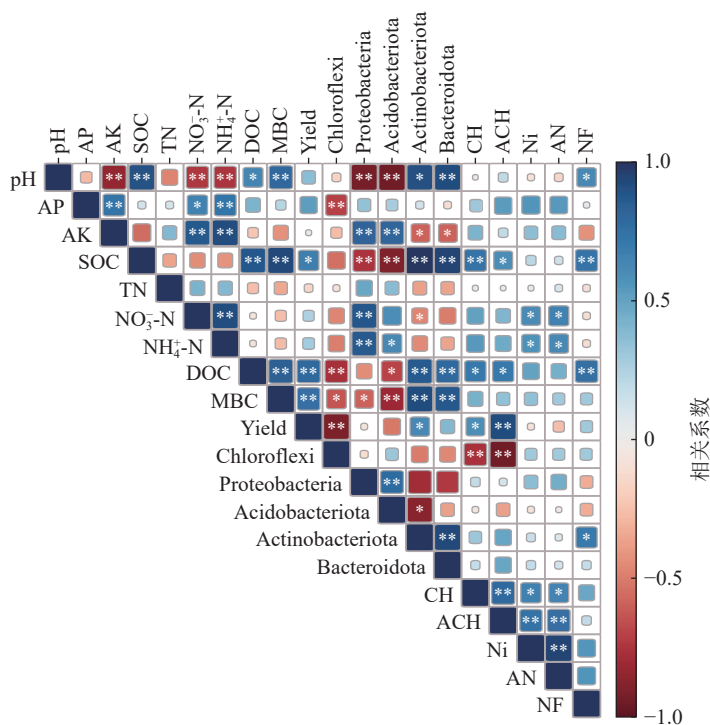
由表 3 可知: 不同处理间稻米品质差异较大, 其中 OF 和 BF 处理的全钾质量分数显著低于 ck 和



CH. 化能异养功能; ACH. 需氧化能异养功能; Ni. 硝化功能; AN. 好氧氨氧化功能; NF. 固氮功能。*表示相关显著 ($P < 0.05$); **表示相关极显著 ($P < 0.01$)。

图 4 不同施肥处理细菌群落功能预测

Figure 4 Functional prediction of bacterial communities under different fertilization treatments



AP. 有效磷; AK. 速效钾; SOC. 土壤有机碳; TN. 总氮; $\text{NO}_3\text{-N}$. 硝态氮; $\text{NH}_4\text{-N}$. 铵态氮; DOC. 可溶性有机碳; MBC. 微生物量碳; Yield. 产量; Chloroflexi. 绿弯菌门; Proteobacteria. 变形菌门; Acidobacteriota. 酸杆菌门; Actinobacteriota. 放线菌门; Bacteroidota. 拟杆菌门; CH. 化能异养功能; ACH. 需氧化能异养功能; Ni. 硝化功能; AN. 好氧氨氧化功能; NF. 固氮功能。*表示相关显著 ($P < 0.05$); **表示相关极显著 ($P < 0.01$)。方框中色块大小表示相关系数绝对值, 色块越大, 表示相关性越强。

图 5 土壤环境因子与微生物特性和产量间的相关性分析

Figure 5 Correlation analysis between soil environmental factors and soil microbial characteristics and yield

CF 处理 ($P<0.05$), BF 处理的全磷质量分数显著低于其他处理 ($P<0.05$)。各施肥处理的蛋白质质量分数显著高于 ck 处理 ($P<0.05$), 但其他各处理间无显著差异。各处理的直链淀粉质量分数呈现阶梯式变化规律, 其中 OF 处理的直链淀粉质量分数最高, 较 ck、CF 和 BF 处理分别显著提高 13.22%、8.09% 和 4.23% ($P<0.05$)。对于产量而言, 与 ck 相比, 各施肥处理均能显著提高稻米产量和地上部生物量。其中, 与 CF 处理相比, OF 和 BF 处理的稻米产量分别提高 9.00% 和 7.90%, 地上部生物量分别提高 0.43% 和 2.34%, 但未达到显著水平。相关性分析 (图 5) 可知: 稻米产量与土壤 SOC 呈显著正相关 ($P<0.05$), 与 DOC 和 MBC 呈极显著正相关 ($P<0.01$)。

表 3 不同施肥处理稻米质量参数和产量

处理	总氮/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全磷/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全钾/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	蛋白质/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	直链淀粉/ ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	稻米产量/ ($\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)	地上部生物量/ ($\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)
ck	13.94±0.49 ab	2.51±0.01 a	6.10±0.26 a	8.16±0.07 b	6.96±0.06 d	7 864.58±341.53 b	11 145.83±579.98 b
CF	14.34±0.36 ab	2.53±0.03 a	6.12±0.33 a	8.67±0.04 a	7.29±0.03 c	10 037.50±179.45 a	19 500.00±565.10 a
OF	14.51±0.72 a	2.61±0.05 a	5.61±0.27 b	8.81±0.11 a	7.88±0.04 a	10 937.50±251.58 a	19 583.33±583.51 a
BF	14.48±0.80 ab	2.12±0.03 b	6.04±0.56 b	8.75±0.05 a	7.56±0.02 b	10 833.33±321.89 a	19 955.42±686.81 a

说明: 不同小写字母表示不同处理间差异显著 ($P<0.05$)。

3 讨论

3.1 不同施肥处理对稻田土壤理化性质及产量的影响

土壤酸化和肥力退化是南方红壤区水稻生产的限制因素, 而肥料中的碳、氮、磷、钾等元素是增加土壤碳和养分储量的关键因素^[15]。已有研究证实: 施用炭基肥可显著提高土壤有机碳含量及速效养分含量, 改善土壤酸化, 促进作物生长发育, 进而提升作物产量^[16-17]。本研究发现: 施用炭基肥后, 土壤 pH 及速效养分 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、 $\text{NO}_3^-\text{-N}$ 、AP 和 AK) 质量分数较 ck 显著增加, 这主要是由于: ①生物质炭本身呈碱性, 其含有的大量盐基离子进入土壤后, 能交换中和土壤中的氢离子 (H^+) 和铝离子 (Al^{3+})^[17-18], 从而降低土壤酸度, 提高土壤 pH; ②生物质炭中的硅酸盐、碳酸盐和碳酸氢盐也可与土壤溶液中的 H^+ 结合^[19]; ③生物质炭的巨大比表面积及芳香烃和烷基结构, 能有效吸附肥料中的养分, 改善土壤肥力^[20]。本研究发现: 施用炭基肥能显著提高土壤 SOC 质量分数, 增加 DOC 和 MBC 质量分数, 且随着施用量的增加而增加, 这与胡坤等^[10] 在苎荻土壤施用烟杆炭基肥的研究结果一致。生物质炭作为炭基肥的基质, 其本身含碳量高, 施用后可直接增加土壤中有机碳含量; 其次, 丰富的孔隙结构及巨大的比表面积, 能够吸附和固定多种无机离子及极性或非极性有机化合物, 可在土壤中形成有机-无机复合物和大粒径团聚体^[21], 改善土壤结构, 进而减少有机质淋失; 同时较大的孔隙度及比表面积, 可为微生物提供有利的生长环境, 进而提高 MBC 含量^[22]。

水稻生物产量是决定产量水平的重要因素。本研究中炭基肥及部分替代化肥能够显著提高水稻产量, 且相关性分析表明: 水稻产量与 SOC、DOC 和 MBC 质量分数呈显著正相关, 这与熊家欢等^[23] 和谢志坚等^[24] 的研究结果类似。水稻是典型的喜铵作物, 土壤中铵态氮含量高低是影响水稻植株生长发育的重要因素^[25]。炭基肥中的酚羟基等基团, 能够提高 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 在生物质炭表面的静电吸附作用^[26], 延长其在土壤中的存留时间, 与此同时, 被吸附的 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 在水稻生长过程中可缓慢释放^[27]。CHU 等^[28] 研究发现: 添加生物质炭后土壤 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 含量提高了 105%~116%; 其次, 炭基肥能够提高植物根膜的离子电势, 以此促进养分向植物的迁移^[29]。另外, 根系是作物与外界环境发生物质、能量与信息交换的重要器官, 施用炭基肥可改善土壤物理结构, 提高土壤透气性, 促进根系生长, 为水稻生长提供营养保障^[30]。然而, HAEFELE 等^[31] 研究表明: 稻壳炭基肥施用并未增加水稻产量, 甚至出现减产, 过量的生物质炭使得土壤 C/N 过高, 导致大量速效养分被固持, 土壤养分有效性降低, 阻碍了水稻对养分的吸收利用, 最终导致水稻的生长发育和产量受到抑制。综上所述, 炭基肥在稻田中的应用目前仍存在不确定性。炭基肥对水稻产量的影响可能因生物质炭种类、施用量及施用方式而异, 如不同来源以及不同条件下制备

的生物质炭的疏水性、比表面积、孔隙结构及表面官能团组成等性状差异较大,从而影响了炭基肥对养分的固持、释放以及作物对养分的吸收利用,最终影响产量。

3.2 不同施肥处理对稻田土壤细菌多样性及群落结构的影响

常规施肥和炭基肥可通过改变土壤生物化学环境,从而影响土壤微生物群落的组成和多样性^[32]。本研究表明:炭基肥可明显提高土壤细菌群落的多样性和丰富度,且效果优于常规施肥。首先,炭基肥富含碳及大量营养元素,可直接为细菌生长提供所需养分^[33];其次,生物质炭表面丰富的官能团可通过吸附和持留作用增加土壤有机质和速效养分的含量,促进细菌大量定殖^[20, 33];另外,生物质炭的多微孔结构及巨大的比表面积,能够为土壤细菌提供适宜的生存场所^[22, 34]。因此,与常规施肥相比,炭基肥能更大程度地提高稻田土壤细菌多样性和丰富度。不同细菌门类对炭基肥的响应不同。本研究表明:与常规施肥相比,炭基肥显著增加了放线菌门和拟杆菌门的相对丰度,显著降低了酸杆菌门和变形菌门的相对丰度,这与胡坤等^[10]和 NIELSEN 等^[35]的研究结果一致;进一步分析不同用量炭基肥处理间的差异发现:与施用低量炭基肥处理相比,高量炭基肥处理显著增加了放线菌门的相对丰度,但对拟杆菌门无显著影响。放线菌适宜在碱性环境中生存,炭基肥施用后土壤 pH 升高,为放线菌的生长繁殖提供了有利条件^[36]。拟杆菌门细菌具有纤维素降解能力,能够促进分解和利用脂类、DNA 和蛋白质等有机物,炭基肥可直接提供碳源及所需养分,致使其丰度增加^[37-38]。与拟杆菌门相反,酸杆菌门和变形菌门属于嗜酸性细菌,酸性环境更有利于其生存^[10, 39],但炭基肥中生物质炭的有机阴离子脱羧作用会消耗土壤中的质子,进而提高土壤 pH,导致酸杆菌门和变形菌门丰度降低。与不施肥处理相比,常规施肥和炭基肥处理显著降低了绿弯菌门的相对丰度,但常规施肥与炭基肥处理间无显著差异。而徐民民等^[40]研究发现:施用生物质炭对变形菌门无影响,造成这种差异可能与宿主植物及土壤性质的不同有关。绿弯菌门是一类贫瘠营养性细菌,具有生长缓慢的特性^[41-42],在营养贫乏的土壤中普遍存在^[43-44]。炭基肥施用后土壤有机碳及速效养分含量升高,导致绿弯菌门细菌生长受限。

3.3 不同施肥处理对稻田土壤细菌群落功能的影响

细菌在土壤养分循环中扮演关键角色,其功能特性影响着土壤肥力的高低。然而,细菌群落的功能表现极易受到外界环境因素(如施肥)的影响。本研究发现:与不施肥相比,炭基肥和炭基肥替代 50% 化肥处理中化能异养和需氧化能异养功能微生物的相对丰度均高于不施肥处理。土壤中异养微生物比例的升高意味着自养微生物比例的降低,本研究中绿弯菌门和芽单胞菌门的相对丰度在炭基肥和常规施肥处理中呈现降低趋势。土壤中异养微生物比例的上升通常伴随着自养微生物比例的下降。有研究表明:绿弯菌门和芽单胞菌门是可进行光合作用或利用光能进行自养代谢的微生物,微生物群落的内部竞争作用会导致某一类微生物增加,抑制另一类微生物生长^[45-46]。相关性分析也表明:化能异养和需氧化能异养菌均与绿弯菌门相对丰度呈极显著负相关。

与氮循环相关的硝化、好氧氨氧化和固氮功能在不同处理间的差异均达到显著水平,其中硝化功能和好氧氨氧化功能基因的相对丰度在常规施肥处理最高。大量研究表明:生物质炭可增加氨氧化细菌(AOB)和氨氧化古菌(AOA)的丰度,对土壤硝化菌具有积极影响^[47-49]。本研究硝化螺旋菌在常规施肥处理中丰度最高,硝化螺旋菌可将亚硝酸盐氧化为硝酸盐,是典型的硝化细菌。固氮功能菌在炭基肥和炭基肥替代 50% 化肥处理中的相对丰度显著高于不施肥和常规施肥处理,且与 SOC 和 DOC 呈显著正相关,这与 WANG 等^[50]的研究结果一致。土壤中碳有效性的高低也是影响生物固氮的关键因素^[51]。炭基肥中的不稳定有机碳可被固氮微生物直接利用;同时,还可促进植物生长,并通过根系分泌物进一步降低有机碳稳定性^[52-53]。本研究炭基肥和炭基肥替代 50% 化肥处理的水稻产量均显著高于不施肥对照,可能是水稻通过根系分泌物为固氮微生物生长提供了较多的养分供应。

4 结论

炭基肥施用可显著提高土壤有机碳、可溶性有机碳及速效养分,提升稻米产量及品质。等量氮、磷、钾养分投入下,炭基肥及部分替代化肥对稻田土壤细菌 Chao1 指数和 Shannon 指数均无显著影响,但均可提高土壤富营养性细菌及碳氮相关功能菌的相对丰度,且前者提高幅度更大。土壤 pH、SOC、DOC 和 MBC 是细菌群落的主要调控因子。炭基肥及部分替代化肥均有助于改善土壤质量,调节土壤细

菌群落结构, 对提高稻米产量及品质, 促进农田生态系统稳定和健康发展具有重要意义。

5 参考文献

- [1] 徐春春, 纪龙, 陈中督, 等. 2020 年我国水稻产业形势分析及 2021 年展望[J]. *中国稻米*, 2021, **27**(2): 1–4.
XU Chunchun, JI Long, CHEN Zhongdu, *et al.* Analysis of China's rice industry in 2020 and the outlook for 2021 [J]. *China Rice*, 2021, **27**(2): 1–4.
- [2] JIA Rong, ZHOU Jie, CHU Juncong, *et al.* Insights into the associations between soil quality and ecosystem multifunctionality driven by fertilization management: a case study from the north China Plain[J/OL]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, **362**: 132265 [2025-01-01]. DOI: [10.1016/j.jclepro.2022.132265](https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2022.132265).
- [3] BI Siwen, BARINELLI V, SOBKOWICZ M J. Degradable controlled release fertilizer composite prepared *via* extrusion: fabrication, characterization, and release mechanisms[J/OL]. *Polymers*, 2020, **12**(2): 301 [2025-01-01]. DOI: [10.3390/polym12020301](https://doi.org/10.3390/polym12020301).
- [4] 张素娥, 邹文华, 雷春松, 等. 生物质炭基肥对茶园土壤肥力和茶叶产量与品质的影响[J]. *浙江农林大学学报*, 2025, **42**(3): 486–494.
ZHANG Su'e, ZOU Wenhua, LEI Chunsong, *et al.* Impact of biochar-based fertilizers on soil fertility in tea plantations and their effects on tea yield and quality [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2025, **42**(3): 486–494.
- [5] ZENG Jun, LIU Xuejun, SONG Ling, *et al.* Nitrogen fertilization directly affects soil bacterial diversity and indirectly affects bacterial community composition [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **92**: 41–49.
- [6] HUA Bin, LI Zhouwen, GAO Weikai, *et al.* Soil amendment in plastic greenhouse using modified biochar: soil bacterial diversity responses and microbial biomass carbon and nitrogen [J]. *Biotechnology Letters*, 2021, **43**(3): 655–666.
- [7] 任依, 姜培坤, 鲁长根, 等. 炭基肥与有机肥替代部分化肥对青紫泥水稻土微生物丰度及酶活性的影响[J]. *浙江农林大学学报*, 2022, **39**(4): 860–868.
REN Yi, JIANG Peikun, LU Changgen, *et al.* Effects of biochar-based fertilizer and organic fertilizer substituting chemical fertilizer partially on soil microbial abundances and enzyme activities [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2022, **39**(4): 860–868.
- [8] 骆晓声, 寇长林, 张济世, 等. 炭基肥对麦-玉轮作农田土壤酶活性和真菌群落及作物产量的影响[J]. *环境科学*, 2025, **46**(6): 3965–3974.
LUO Xiaosheng, KOU Changlin, ZHANG Jishi, *et al.* Effect of biochar-based fertilizer application on soil enzyme activity, fungal community, and crop yield in winter wheat-summer maize rotation farmland[J]. *Environmental Science*, 2025, **46**(6): 3965–3974.
- [9] BAI Xiongxiang, HUANG Yawen, REN Wei, *et al.* Responses of soil carbon sequestration to climate-smart agriculture practices: a meta-analysis [J]. *Global Change Biology*, 2019, **25**(8): 2591–2606.
- [10] 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.
HU Kun, ZHANG Hongxue, GUO Liming, *et al.* Effects of tobacco stalk biochar-based fertilizer on the organic carbon fractions and microbial community structure of adlay soil [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2021, **29**(9): 1592–1603.
- [11] IBRAHIM M M, TONG Chenxiao, HU Kun, *et al.* Biochar-fertilizer interaction modifies N-sorption, enzyme activities and microbial functional abundance regulating nitrogen retention in rhizosphere soil[J/OL]. *Science of the Total Environment*, 2020, **739**: 140065 [2025-01-01]. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2020.140065](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.140065).
- [12] 高文慧, 郭宗昊, 高科, 等. 生物炭与炭基肥对大豆根际土壤细菌和真菌群落的影响[J]. *生态环境学报*, 2021, **30**(1): 205–212.
GAO Wenhui, GUO Zonghao, GAO Ke, *et al.* Effects of biochar and biochar compound fertilizer on the soil bacterial and fungal community in the soybean rhizosphere [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2021, **30**(1): 205–212.
- [13] 彭家豪, 林少颖, 王维奇, 等. 秸秆与生物炭施加对茉莉园土壤真菌群落及有机碳库特征的影响[J]. *环境科学*, 2024, **45**(7): 4228–4240.
PENG Jiahao, LIN Shaoying, WANG Weiqi, *et al.* Effects of straw and biochar amendments on characteristics of soil fungal community and organic carbon pool in *Jasminum sambac* garden [J]. *Environmental Science*, 2024, **45**(7): 4228–4240.

- [14] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2000.
LU Rukun. *Methods of Soil Agrochemical Analysis* [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
- [15] IBRAHIM M M, ZHANG Hongxue, GUO Liming, *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/OL]. *European Journal of Soil Biology*, 2021, **106**: 103350[2025-01-01]. DOI: [10.1016/j.ejsobi.2021.103350](https://doi.org/10.1016/j.ejsobi.2021.103350).
- [16] ZHANG Qianqian, SONG Yanfeng, WU Zhen, *et al.* Effects of six-year biochar amendment on soil aggregation, crop growth, and nitrogen and phosphorus use efficiencies in a rice-wheat rotation[J/OL]. *Journal of Cleaner Production*, 2020, **242**: 118435[2025-01-01]. DOI: [10.1016/j.jclepro.2019.118435](https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2019.118435).
- [17] KAVITHA B, REDDY P V L, KIM B, *et al.* Benefits and limitations of biochar amendment in agricultural soils: a review [J]. *Journal of Environmental Management*, 2018, **227**: 146–154.
- [18] 刘园, KHAN M J, 靳海洋, 等. 秸秆生物炭对潮土作物产量和土壤性状的影响[J]. 土壤学报, 2015, **52**(4): 849–858.
LIU Yuan, KHAN M J, JIN Haiyang, *et al.* Effects of successive application of crop-straw biochar on crop yield and soil properties in cambosols [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2015, **52**(4): 849–858.
- [19] GUL S, WHALEN J K, THOMAS B W, *et al.* Physico-chemical properties and microbial responses in biochar-amended soils: mechanisms and future directions[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2015, **206**: 46–59.
- [20] 刘威帆, 王晓港, 刘吉利, 等. 炭基肥对旱区玉米农田土壤理化性质、酶活性及微生物群落的影响[J]. 环境科学, 2025, **46**(3): 1905–1914.
LIU Weifan, WANG Xiaogang, LIU Jili, *et al.* Effects of carbon-based fertilizer on soil physical and chemical properties, enzyme activities and microbial communities in maize fields in arid regions [J]. *Environmental Science*, 2025, **46**(3): 1905–1914.
- [21] 陈斐杰, 夏会娟, 刘福德, 等. 生物质炭特性及其对土壤性质的影响与作用机制[J]. 环境工程技术学报, 2022, **12**(1): 161–172.
CHEN Feijie, XIA Huijuan, LIU Fude, *et al.* Characteristics of biochar and its effects and mechanism on soil properties [J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2022, **12**(1): 161–172.
- [22] IBRAHIM M M, HU Kun, TONG Chenxiao, *et al.* De-ashed biochar enhances nitrogen retention in manured soil and changes soil microbial dynamics[J/OL]. *Geoderma*, 2020, **378**: 114589[2025-01-01]. DOI: [10.1016/j.geoderma.2020.114589](https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2020.114589).
- [23] 熊家欢, 张义凯, 向镜, 等. 覆膜稻田施用炭基肥对水稻产量及氮素利用的影响[J]. 中国水稻科学, 2024, **38**(5): 567–576.
XIONG Jiahuan, ZHANG Yikai, XIANG Jing, *et al.* Effect of biochar-based fertilizer application on rice yield and nitrogen utilization in film-mulched paddy fields [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2024, **38**(5): 567–576.
- [24] 谢志坚, 吴佳, 段金贵, 等. 生物炭基肥与紫云英联合还田对红壤区早稻干物质累积和氮素利用特征的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(9): 1732–1739.
XIE Zhijian, WU Jia, DUAN Jingui, *et al.* Effects of combining biochar-based fertilizer and milk vetch on dry matter accumulation and N use efficiencies of early rice in reddish paddy field of South China [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, **26**(9): 1732–1739.
- [25] KRONZUCKER H J, KIRK G J D, YAEESH S M, *et al.* Effects of hypoxia on $^{13}\text{NH}_4^+$ fluxes in rice roots. kinetics and compartmental analysis kinetics and compartmental analysis [J]. *Plant Physiology*, 1998, **116**(2): 581–587
- [26] MANDAL S, THANGARAJAN R, BOLAN N S, *et al.* Biochar-induced concomitant decrease in ammonia volatilization and increase in nitrogen use efficiency by wheat [J]. *Chemosphere*, 2016, **142**: 120–127.
- [27] SPOKAS K A, NOVAK J M, VENTEREA R T. Biochar's role as an alternative N-fertilizer: ammonia capture [J]. *Plant and Soil*, 2012, **350**(1): 35–42.
- [28] CHU Lei, ZHANG Yu, QIAN Long, *et al.* Influence of biochar on nitrogen use efficiency and root morphology of rice-seedling in two contrasting paddy soils [J]. *Phyton*, 2020, **89**(4): 1035–1042.
- [29] CHEW J, JOSEPH S, CHEN Guanhong, *et al.* Biochar-based fertiliser enhances nutrient uptake and transport in rice seedlings[J/OL]. *Science of the Total Environment*, 2022, **826**: 154174[2025-01-01]. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2022.154174](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.154174).

- [30] BENGOUGH A G, MCKENZIE B M, HALLETT P D, *et al.* Root elongation, water stress, and mechanical impedance: a review of limiting stresses and beneficial root tip traits [J]. *Journal of Experimental Botany*, 2011, **62**(1): 59–68.
- [31] HAEFELE S M, KONBOON Y, WONGBOON W, *et al.* Effects and fate of biochar from rice residues in rice-based systems [J]. *Field Crops Research*, 2011, **121**(3): 430–440.
- [32] CHEN Junhui, LIU Xiaoyu, ZHENG Jinwei, *et al.* Biochar soil amendment increased bacterial but decreased fungal gene abundance with shifts in community structure in a slightly acid rice paddy from Southwest China [J]. *Applied Soil Ecology*, 2013, **71**: 33–44.
- [33] FARRELL M, KUHN T K, MACDONALD L M, *et al.* Microbial utilisation of biochar-derived carbon [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **465**: 288–297.
- [34] 陈懿, 吴春, 李彩斌, 等. 炭基肥对植烟黄壤细菌、真菌群落结构和多样性的影响 [J]. 微生物学报, 2020, **60**(4): 653–666.
- CHEN Yi, WU Chun, LI Caibin, *et al.* Effect of biochar-based fertilizer on bacterial and fungal community composition, diversity in tobacco-planting yellow soil [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, **60**(4): 653–666.
- [35] NIELSEN S, MINCHIN T, KIMBER S, *et al.* Comparative analysis of the microbial communities in agricultural soil amended with enhanced biochars or traditional fertilisers [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2014, **191**: 73–82.
- [36] 吴东, 李茂森, 李帅兵, 等. 减氮条件下生物炭基肥对土壤养分及细菌群落结构的影响 [J]. 河南农业大学学报, 2023, **57**(4): 657–666.
- WU Dong, LI Maosen, LI Shuaibing, *et al.* Effects of biochar based fertilizer on soil nutrients and bacterial community structure under nitrogen reduction [J]. *Journal of Henan Agricultural University*, 2023, **57**(4): 657–666.
- [37] MICHAUD L, GIUDICE A L, TROUSSELLIER M, *et al.* Phylogenetic characterization of the heterotrophic bacterial communities inhabiting a marine recirculating aquaculture system [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2009, **107**(6): 1935–1946.
- [38] LI Hui, YANG Shan, SEMENOV M V, *et al.* Temperature sensitivity of SOM decomposition is linked with a K-selected microbial community [J]. *Global Change Biology*, 2021, **27**(12): 2763–2779.
- [39] 马晓英, 马琨, 周艳, 等. 土壤细菌群落组成对有机与无机培肥措施的响应 [J]. 西北农业学报, 2019, **28**(10): 1698–1707.
- MA Xiaoying, MA Kun, ZHOU Yan, *et al.* Response of soil bacteria community structure to application of inorganic and organic fertilizer [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2019, **28**(10): 1698–1707.
- [40] 徐民民, 黄莹, 李波, 等. 生物炭对小麦根际和根内微生物群落结构的影响 [J]. 浙江农业学报, 2021, **33**(3): 516–525.
- XU Minmin, HUANG Ying, LI Bo, *et al.* Effect of biochar on wheat root-associated microbial community structures [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2021, **33**(3): 516–525.
- [41] BARBERÁN A, BATES S T, CASAMAYOR E O, *et al.* Using network analysis to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(2): 343–351.
- [42] DAVIS K E R, SANGWAN P, JANSSEN P H. Acidobacteria, Rubrobacteridae and Chloroflexi are abundant among very slow-growing and mini-colony-forming soil bacteria [J]. *Environmental Microbiology*, 2011, **13**(3): 798–805.
- [43] FIERER N, LAUBER C L, RAMIREZ K S, *et al.* Comparative metagenomic, phylogenetic and physiological analyses of soil microbial communities across nitrogen gradients [J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(5): 1007–1017.
- [44] 钟菊新, 唐红琴, 李忠义, 等. 绿肥配施化肥对岩溶区水稻土壤细菌群落结构的影响 [J]. 植物营养与肥料学报, 2021, **27**(10): 1746–1756.
- ZHONG Juxin, TANG Hongqin, LI Zhongyi, *et al.* Effects of combining green manure with chemical fertilizer on the bacterial community structure in karst paddy soil [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2021, **27**(10): 1746–1756.
- [45] BUTTERFIELD N J. Proterozoic photosynthesis: a critical review [J]. *Palaeontology*, 2015, **58**(6): 953–972.
- [46] 赵文慧, 马垒, 徐基胜, 等. 秸秆与木本泥炭短期施用对潮土有机质及微生物群落组成和功能的影响 [J]. 土壤学报, 2020, **57**(1): 153–164.
- ZHAO Wenhui, MA Lei, XU Jisheng, *et al.* Effect of application of straw and wood peat for a short period on soil organic matter and microbial community in composition and function in fluvo-aquic soil [J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2020, **57**(1): 153–164.
- [47] HE Lili, BI Yucui, ZHAO Jin, *et al.* Population and community structure shifts of ammonia oxidizers after four-year

- successive biochar application to agricultural acidic and alkaline soils [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **619**: 1105–1115.
- [48] 王先芳, 任天志, 智燕彩, 等. 添加生物炭改善菜地土壤氨氧化细菌群落并提高净硝化率[J]. 植物营养与肥料学报, 2020, **26**(3): 502–510.
- WANG Xianfang, REN Tianzhi, ZHI Yancai, *et al.* Biochar application improves ammonia oxidation microbial community and increases net nitrification in vegetable soils [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2020, **26**(3): 502–510.
- [49] SUN Ping, ZHAO Ziting, FAN Pingshan, *et al.* Ammonia- and nitrite-oxidizing bacteria are dominant in nitrification of maize rhizosphere soil following combined application of biochar and chemical fertilizer[J/OL]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, **12**: 715070[2025-01-01]. DOI: [10.3389/fmicb.2021.715070](https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.715070).
- [50] WANG Chao, ZHENG Manman, HU Anyong, *et al.* Diazotroph abundance and community composition in an acidic soil in response to aluminum-tolerant and aluminum-sensitive maize (*Zea mays* L.) cultivars under two nitrogen fertilizer forms [J]. *Plant and Soil*, 2018, **424**(1): 463–478.
- [51] CHEN Juan, WANG Peifang, WANG Chao, *et al.* Dam construction alters function and community composition of diazotrophs in riparian soils across an environmental gradient [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **132**: 14–23.
- [52] ABUJABHAH I S, DOYLE R B, BOUND S A, *et al.* Assessment of bacterial community composition, methanotrophic and nitrogen-cycling bacteria in three soils with different biochar application rates [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2018, **18**(1): 148–158.
- [53] LIU Xiaoyu, LIU Cheng, GAO Wenhui, *et al.* Impact of biochar amendment on the abundance and structure of diazotrophic community in an alkaline soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **688**: 944–951.