

减氮配施生物炭对水稻生产力及土壤细菌群落组成的影响

陈海浪, 罗家欣, 何洋, 宁川川, 柳瑞, 田纪辉, 蔡昆争

引用本文:

陈海浪, 罗家欣, 何洋, 宁川川, 柳瑞, 田纪辉, 蔡昆争. 减氮配施生物炭对水稻生产力及土壤细菌群落组成的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(9): 1983–1994.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-1241>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

生物炭原位添加对养殖池塘底泥中微生物群落结构的影响

赵汉胤, 陈潘毅, 唐欣哲, 陈以芹, 李娟英

农业环境科学学报. 2021, 40(12): 2770–2778 <https://doi.org/10.11654/jaes.2021-0434>

钝化材料对农田土壤Cd形态及微生物群落的影响

兰玉书, 袁林, 杨刚, 程蓉, 石楷岐, 高本汗

农业环境科学学报. 2020, 39(12): 2743–2751 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0637>

长期施肥对黄土旱塬农田土壤微生物量碳、氮、磷的影响

李春越, 郝亚辉, 薛英龙, 王益, 党廷辉

农业环境科学学报. 2020, 39(8): 1783–1791 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0240>

绿肥配施减量化肥对土壤固氮菌群落的影响

方宇, 王飞, 贾宪波, 林陈强, 张慧, 陈龙军, 陈济琛

农业环境科学学报. 2018, 37(9): 1933–1941 <https://doi.org/10.11654/jaes.2018-0509>

铅对土壤细菌群落组成的影响研究

安凤秋, 吕家珑, 刁展, 李海红, 赵琪琪

农业环境科学学报. 2018, 37(2): 268–275 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0960>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

陈海浪, 罗家欣, 何洋, 等. 减氮配施生物炭对水稻生产力及土壤细菌群落组成的影响[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(9): 1983–1994.

CHEN H L, LUO J X, HE Y, et al. Effects of nitrogen reduction combined with rice straw biochar on rice yield traits and soil bacterial community structure and function[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(9): 1983–1994.

减氮配施生物炭对水稻生产力及土壤细菌群落组成的影响

陈海浪^{1,2,3}, 罗家欣^{1,2,3}, 何洋^{1,2,3}, 宁川川^{1,2,3}, 柳瑞^{1,2,3}, 田纪辉^{1,2,3}, 蔡昆争^{1,2,3*}

(1. 华南农业大学资源环境学院, 广州 510642; 2. 农业农村部华南热带农业环境重点实验室, 广州 510642; 3. 广东省生态循环农业重点实验室, 广州 510642)

摘要:为研究氮肥减量及配施生物炭对稻田作物生产力和土壤微生物区系及功能代谢的影响,通过田间定位试验,设置不施氮(CK)、常规施氮(N100)、减氮20%(N80)、减氮20%配施生物炭(N80BC)、减氮40%(N60)、减氮40%配施生物炭(N60BC)6个处理。结果表明:减氮配施生物炭处理不会降低水稻作物的产量,但可显著提高土壤pH和有机碳(TOC)含量。土壤微生物测序结果表明,不同处理对土壤细菌 α 多样性指数没有显著影响。变形菌(Proteobacteria)、绿弯菌(Chloroflexi)、酸杆菌(Acidobacteria)、放线菌(Actinobacteria)、芽单胞菌(Gemmatimonadetes)是水稻土中优势微生物类群(门水平)。N60BC处理的变形菌、芽单胞菌、放线菌的相对丰度分别比N100处理高36.8%、40.7%和11.3%;在属水平上,N60BC处理的鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、马赛菌属(*Massilia*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)的相对丰度分别比N100处理高68.6%、54.0%和49.2%。KEGG分析结果表明,与N100处理相比,N60BC处理显著增加土壤微生物的氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂类代谢和能量代谢功能。土壤总氮(TN)、TOC、pH对细菌群落的贡献率分别为19.4%、7.4%、6.8%。Pearson分析结果显示,土壤pH与酸杆菌的丰度呈显著正相关,土壤TN与变形菌、芽单胞菌的丰度呈显著正相关,而与绿弯菌、疣微菌(Verrucomicrobia)的丰度呈显著负相关($P<0.05$)。研究表明,适量减少氮肥,同时配施生物炭可以改善土壤细菌的群落结构和功能,促进水稻的生长,是一种稻田减肥稳产的管理措施。

关键词:水稻;减氮;生物炭;产量;细菌微生物群落

中图分类号:S511;S154.3 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2023)09-1983-12 doi:10.11654/jaes.2022-1241

Effects of nitrogen reduction combined with rice straw biochar on rice yield traits and soil bacterial community structure and function

CHEN Hailang^{1,2,3}, LUO Jiaxin^{1,2,3}, HE Yang^{1,2,3}, NING Chuanchuan^{1,2,3}, LIU Rui^{1,2,3}, TIAN Jihui^{1,2,3}, CAI Kunzheng^{1,2,3*}

(1. College of Resources and Environment, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2. Key Laboratory of Tropical Agricultural Environment in South China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Guangzhou 510642, China; 3. Guangdong Provincial Key Laboratory of Eco-Cycle Agriculture, Guangzhou 510642, China)

Abstract: The effects of chemical nitrogen reduction and combined application of rice straw biochar on crop productivity and soil microbial community was investigated in a rice paddy system. A field positioning experiment was designed with six treatments: no nitrogen (CK), conventional nitrogen (N100), 20% nitrogen reduction (N80), 20% nitrogen reduction combined with biochar (N80BC), 40% nitrogen

收稿日期:2022-12-02 录用日期:2023-03-24

作者简介:陈海浪(1997—),男,硕士研究生,主要从事农田生理生态的研究工作。E-mail:chl957867875@stu.scau.edu.cn

*通信作者:蔡昆争 E-mail:kzcai@scau.edu.cn

基金项目:国家自然科学基金项目(31870420);广东省科技计划项目(2121A0505030057)

Project supported: The National Natural Science Foundation of China (31870420); The Science and Technology Project of Guangdong Province (2121A0505030057)

reduction (N60), and 40% nitrogen reduction combined with biochar (N60BC). Nitrogen reduction combined with biochar did not reduce rice yield and significantly increased soil pH and organic carbon (TOC) content. The results of soil microbial sequencing showed that none of the treatments had no significant effect on α diversity index of soil bacteria community. In general, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteria, Actinobacteria, and Gemmatimonadetes were the dominant bacterial phyla in paddy soil. Proteobacteria, Gemmatimonadetes, and Actinobacteria increased by 36.8%, 40.7% and 11.3% in N60BC treatment compared with N100 treatment. At the genus level, *Sphingomonas*, *Massilia*, and *Gemmatimonas* increased by 68.6%, 54.0%, and 49.2%, respectively, in N60BC treatment compared with N100 treatment. Based on the results of KEGG analysis, we determined that N60BC treatment significantly increased the amino acid metabolism, carbohydrate metabolism, lipid metabolism, and energy metabolism of soil microorganisms in comparison with N100. The contribution rates of soil total nitrogen (TN), TOC, and pH to bacterial community were 19.4%, 7.4%, and 6.8%, respectively. Pearson analysis showed that soil pH was positively correlated with the relative abundance of Acidobacteria, TN was positively correlated with Proteobacteria and Gemmatimonadetes, and TN was negatively correlated with Chloroflexi and Verrucomicrobia ($P < 0.05$). In conclusion, appropriate nitrogen fertilizer reduction combined with biochar can improve the structure and function of the soil bacteria community and promote the growth of rice; therefore, this combination is a viable management measure for chemical reduction and production stability in paddy fields.

Keywords: rice; nitrogen reduction; biochar; yield; bacterial microbial community

水稻 (*Oryza sativa* L.) 是我国主要的粮食作物之一, 种植面积和总产量分别占粮食作物的 27% 和 38%^[1]。目前, 我国氮肥消费量占世界总量的 30%, 其中水稻占 24%, 但氮肥利用率仅有 30%~35%, 低于世界平均水平 46%, 而且我国稻田生产施氮量平均为 $180 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$, 远超世界平均水平, 不合理施肥现象普遍存在^[2]。过量施用氮肥不仅增加水稻生产成本, 还会造成土壤养分流失、土壤板结、微生物区系失衡等问题^[3]。氮肥的不合理施用会显著影响土壤微生物群落的结构组成, 降低微生物多样性和丰富度^[4-6]。此外, 作物对氮的利用效率低, 氮素容易通过淋溶、渗漏、反硝化和挥发等途径损失, 加剧农业面源污染^[7-9]。

土壤细菌群落是土壤生态系统的重要组成部分, 能够分解和转化土壤有机质, 调节土壤碳氮循环, 推动土壤生物地球化学过程^[10]。氮是调节土壤细菌群落组成和功能的基本元素^[11]。合理施用氮肥能够增加土壤的养分有效性, 同时改变土壤的理化性质和土壤微生物群落结构及功能。这些变化反过来可以通过加快土壤养分循环、抑制土壤病原菌、降低发病率来促进植物的生长, 保证植株的健康^[12-14]。土壤微生物群落结构的多样性和丰富程度是土壤养分循环的基础^[15]。

生物炭 (Biochar) 是生物质在限氧或厌氧的条件下通过高温热解产生的一种难降解的富碳材料, 可以储存土壤中的碳, 具有多孔性和碱性^[16]。生物炭能显著改善土壤肥力、促进土壤养分循环^[17], 同时影响土壤微生物群落结构和功能, 增加微生物的活性和丰富

度^[18-21]。研究表明, 生物炭通过增加土壤的 pH 和土壤的有机碳 (TOC) 来改变土壤微生物的群落结构^[22-23]; 生物炭还能显著改善土壤的孔隙结构, 固持土壤养分和增加土壤阳离子交换能力, 从而为微生物提供更适合生存的环境^[24]。此外, 研究发现, 生物炭处理能显著提高稻田土壤 TOC、铵态氮 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$)、溶解性有机碳、全氮 (TN), 为微生物提供更多的碳、氮源^[25]。生物炭与化肥配合施用可以改善土壤微生物丰富度和群落结构^[26-27]、提高土壤质量, 促进农业可持续发展^[28]。但生物炭在农业生产中是否可以在保证作物产量的前提下降低氮肥施用量, 即生物炭是否具有节肥效应, 以及降低肥料施用下土壤的微生物群落结构的变化研究还相对不足。

本研究通过田间定位试验, 研究减量施氮配施秸秆生物炭对水稻植株干物质积累量、产量和土壤微生物群落结构及功能的影响, 为化肥减量化和生物炭的农业利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验地点

试验地点为华南农业大学校内农场 ($23^\circ 09' \text{ N}$, $113^\circ 21' \text{ E}$), 属亚热带季风气候, 年均降水量 $1\,647.5 \text{ mm}$, 年均气温 21.9° C 。土壤类型为水稻土, 试验前土壤理化性状: pH 5.88, 电导率 (EC) $0.16 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$, 阳离子交换量 (CEC) $5.25 \text{ cmol} \cdot \text{kg}^{-1}$, 有机质 $36.36 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, TN $2.65 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全磷 (TP) $0.58 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, 全钾 (TK) $11.07 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, $\text{NH}_4^+\text{-N}$ $2.70 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 硝态氮 ($\text{NO}_3^-\text{-N}$) $4.96 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 有效磷 (AP) $31.0 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 速效钾 (AK) $73.42 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。

kg⁻¹。

1.2 供试材料

水稻品种为华航31号。生物炭的制备材料为水稻秸秆,来源于辽宁金和福农业开发有限公司,制备温度为600℃。生物炭基本性质如下:pH 9.04,含碳量50.55%,含氢量1.79%,含氮量1.89%,含硫量0.17%,碳氮比26.79,碳氢比28.30。

1.3 试验设计

2018年开始进行双季稻氮肥减量和生物炭配施长期定位试验。田间试验采用随机区组设计,设置6个处理:不施氮肥(CK)、常规施氮(N100,施氮180 kg·hm⁻²)、减氮20%(N80,施氮量144 kg·hm⁻²)、减氮20%配施生物炭(N80BC)、减氮40%(N60,施氮量108 kg·hm⁻²)、减氮40%配施生物炭(N60BC)。每个处理3次重复,共18个小区,每个小区面积为15 m² (3 m×5 m)。早季4月份水稻幼苗移栽,7月份收获,晚季8月份移栽,11月收获。水稻育苗一个月后移栽,一穴两苗,株行距均为20 cm。生物炭在每年早稻移栽前15 d施入耕层土壤,施用量为15 t·hm⁻²。磷肥(过磷酸钙,75 kg·hm⁻²)作为基肥,于水稻移栽前一次性施用,氮肥(尿素)和钾肥(氯化钾,120 kg·hm⁻²)则作为追肥,于水稻移栽后第7天和第14天各施50%,其他生产管理按常规进行。

1.4 样品采集与测定

1.4.1 取样方法

2021年分早、晚季采集样品进行分析。于水稻成熟期,在各重复小区随机选取3穴水稻,取其地上部分,105℃下杀青1 h后,在80℃下烘干,测定水稻地上部的干物质质量,并进行考种,分析产量性状。在田间收获时测定各小区的实际产量。同时在晚季用五点取样法采集每个小区0~20 cm土样,一份鲜土进行过筛(2 mm)处理,并放入-80℃的超低温冰箱保存用于后续土壤微生物群落结构和功能分析,另一份自然风干,研磨过1 mm筛后,用于土壤理化性质测定。

1.4.2 土壤细菌测定

使用HiPure土壤DNA试剂盒(D3142,广州美基生物科技有限公司)提取微生物总DNA后,用带有barcode的特异引物扩增16S rDNA的V3~V4区。引物序列为:341F, CCTACGGGNGGCWGCAG; 806R, GGACTACHVGGGTATCTAAT。PCR扩增产物切胶回收,用QuantiFluor™荧光计进行定量。将纯化后的扩增产物连接测序接头,构建测序文库,Illumina PE250上机测序。获得的测序数据采用Uparse(版本

9.2.64)对OTU进行聚类,相似度为97%。应用Uchime软件区分和删除嵌合序列,选择丰度最高的标签序列作为每个聚类中的代表序列。每个OTU由RDP分类器根据Silva参考数据库(版本132)分配。

1.4.3 土壤理化性质测定

用pH计(ST 2100,奥豪斯仪器常州有限公司)测定土壤pH(水土比2.5:1);用电导率仪(ZDS-EC)测定土壤EC(水土比5:1);土壤TOC和TN用vario TOC cube元素分析仪(Elementar Analyse system GmbH,德国)测定;土壤全磷采用HClO₄-H₂SO₄法消煮-钼锑抗比色法测定^[29];土壤全钾采用NaOH熔融-原子吸收法测定^[29]。

1.5 统计分析

水稻地上部干物质积累量和产量构成因素采用Microsoft Excel 2016、SigmaPlot 14.0处理及绘图,采用SPSS 26.0单因素方差分析(ANOVA)进行数据检验与差异显著性分析。采用Kru-Wall检验比较处理间土壤细菌群落的α多样性指数的差异。土壤微生物图形均使用R软件和Ai软件(Adobe Illustrator CC 2019)进行绘制。采用R软件的Vegan包进行韦恩图(VENN)分析、冗余分析(RDA)和环境贡献度分析。并利用RDA分析和Pearson相关分析,探究群落结构组成与环境因子的相关性,明确显著影响土壤细菌群落多样性和组成变化的关键环境因子。使用PIC-RUST2软件结合KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)代谢通路数据库计算各处理的土壤细菌群落功能潜力。

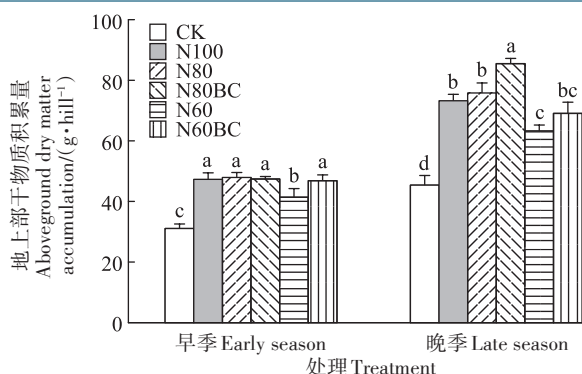
2 结果与分析

2.1 氮肥减量配施生物炭对水稻地上部干物质积累量的影响

由图1可知,晚稻的地上部干物质积累量明显高于早稻。与CK处理相比,氮肥及生物炭处理均显著增加地上部干物质积累量。与N60处理相比,早稻N100、N80、N80BC和N60BC处理的地上部干物质积累量显著增加13.1%~15.7%;晚稻N100、N80、N80BC处理的地上部干物质积累量分别显著增加15.8%、19.8%、35.1%,而且N80BC处理比N100、N80处理分别显著增加14.3%、12.7%。

2.2 氮肥减量配施生物炭对水稻产量及性状的影响

由表1可知,晚稻的每穴穗数和实际产量明显高于早稻,但结实率有所降低。与CK相比,除了N60处理外,其余处理均显著增加每穴穗数和田间实际产



不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。
The different lowercase letters indicate significant differences among treatments($P<0.05$). The same below.

图1 减氮配施生物炭对水稻地上干物质积累量的影响
Figure 1 Effects of nitrogen reduction combined with biochar application on aboveground dry matter accumulation of rice

量。此外,所有处理之间的每穗粒数、结实率和千粒质量没有显著差异。结果还表明,与N60处理相比,早稻N100、N80、N80BC和N60BC处理的每穴穗数显著增加17.1%~23.3%,晚稻N100、N80BC处理的每穴穗数分别显著增加25.5%、22.5%。同时,N100处理与N80、N60、N80BC、N60BC处理的实际产量均没有显著差异。在相同施氮水平下,减氮配施生物炭处理的实际产量有增加的趋势。例如:早稻N80BC、N60BC处理的田间实际产量分别比N80、N60处理增加8.7%、10.3%;晚稻N60BC处理的田间实际产量比N60处理增加5.8%。

2.3 氮肥减量配施生物炭对水稻土壤理化性状的影响

由表2可知,与CK相比,N80BC和N60BC处理的pH均显著增加3.6%,同时,N80BC处理的土壤pH比N100处理显著增加5.4%,且N60BC处理的土壤pH比N100、N60处理显著增加5.4%、3.6%。单纯施氮(N100、N80、N60)处理之间的土壤pH则没有显著差异。此外,与N100处理相比,N60BC的土壤TN含量显著增加24.0%,N80BC、N60处理则没有显著变化,且N60BC处理的土壤TN含量比N60显著增加18.3%。结果还显示,减氮配施生物炭(N80BC、N60BC)处理显著增加土壤TOC含量,N80BC处理的土壤TOC含量比CK、N100、N80显著增加50.6%、47.7%、49.7%,N60BC处理的土壤TOC含量比CK、N100、N60处理显著增加62.9%、59.7%、62.1%。单纯施氮(N100、N80、N60)处理之间的土壤TOC含量则没有显著差异。不仅如此,减氮配施生物炭(N80BC、N60BC)处理还显著增加碳氮比,N80BC的碳氮比比CK、N100、N80处理显著增加45.1%、30.5%、56.0%,N60BC的碳氮比比CK、N100、N60处理显著增加45.0%、30.4%、37.4%。而且与N100处理相比,N80处理的碳氮比显著降低16.4%,N60处理则没有显著变化。所有处理之间的EC、TP和TK没有显著差异。

2.4 氮肥减量配施生物炭对水稻土壤细菌群落多样性的影响

选择3个(表3)具有代表性的微生物多样性指标(Chao1、ACE、Shannon)进行处理间的差异分析。其

表1 减氮配施生物炭对水稻产量及性状的影响

Table 1 Effects of nitrogen fertilizer reduction and biochar application on yield traits of rice

种植季节 Planting season	处理 Treatment	每穴穗数 Panicle per hill	每穗粒数 Spikelet per panicle	结实率 Filled grain percentage/%	千粒质量 Thousand-seedmass/g	实际产量 Actual yield/(kg·hm ⁻²)
2021 早季 Early season in 2021	CK	6.1±0.9b	191.4±44.6a	91.2±2.0a	17.4±1.2b	4 763.9±335.8c
	N100	8.3±1.0a	182.0±40.1a	91.4±4.2a	18.9±1.8ab	5 398.6±515.8ab
	N80	8.0±0.7a	184.5±22.9a	91.5±3.6a	18.7±1.0ab	5 151.7±147.1abc
	N80BC	8.4±1.0a	180.8±19.5a	93.3±2.0a	18.8±1.4ab	5 599.7±226.9a
	N60	6.8±0.4b	174.0±20.9a	94.3±1.0a	18.9±2.1ab	4 927.1±121.2bc
	N60BC	8.0±1.0a	172.7±27.1a	92.1±2.7a	20.5±2.0a	5 437.1±187.0ab
2021 晚季 Late season in 2021	CK	9.6±2.5c	163.3±27.9a	87.1±4.2a	18.4±0.5a	5 208.0±521.0c
	N100	14.2±2.9a	190.2±8.1a	89.8±3.4a	19.3±0.9a	5 895.4±157.5ab
	N80	13.4±2.1ab	183.9±17.9a	88.0±5.0a	18.5±0.9a	6 344.3±202.8a
	N80BC	13.9±1.5a	202.0±32.0a	87.1±2.3a	18.6±0.8a	6 174.1±202.8ab
	N60	11.3±1.2bc	187.8±19.3a	86.7±3.3a	18.4±1.1a	5 733.8±386.1bc
	N60BC	12.2±3.1ab	187.9±35.9a	87.2±3.7a	19.0±0.6a	6 068.9±167.8ab

注:不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Different lowercase letters indicate significant differences among treatments at $P<0.05$. The same below.

表2 减氮配施生物炭对水稻土壤理化性状的影响

Table 2 Effects of nitrogen reduction combined with biochar on soil physical and chemical properties of rice

处理 Treatment	pH	电导率 Electrical conductivity/ ($\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$)	全氮 Total N/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	有机碳 Organic C/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	碳氮比 C/N	全磷 Total P/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	全钾 Total K/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)
CK	5.6±0.0b	42.9±8.2a	1.37±0.01abc	20.04±0.15b	14.66±0.13bc	0.58±0.05a	12.16±1.06a
N100	5.5±0.1b	47.4±4.3a	1.25±0.02c	20.44±0.70b	16.30±0.28b	0.54±0.08a	11.49±1.37a
N80	5.7±<0.1ab	48.0±4.4a	1.48±0.04ab	20.16±0.35b	13.63±0.29c	0.56±0.09a	11.74±1.14a
N80BC	5.8±<0.1a	48.9±0.9a	1.42±0.09abc	30.19±1.75a	21.27±1.05a	0.65±0.04a	10.73±1.30a
N60	5.6±0.1b	43.9±3.8a	1.31±0.06bc	20.14±0.57b	15.46±0.64bc	0.64±0.03a	10.01±1.50a
N60BC	5.8±0.1a	47.1±3.4a	1.55±0.08a	32.65±0.23a	21.25±1.30a	0.60±0.02a	11.76±1.41a

中,Shannon指数用来评价群落的多样性,Chao1指数和ACE指数用来评估群落丰富度。由表3可知,减氮及减氮配施生物炭处理较常规施肥处理小幅度增加土壤细菌多样性指标(Chao1、ACE、Shannon),但影响不显著,说明氮肥减量配施生物炭对土壤细菌群落多样性指数没有显著影响。

韦恩图(图2)结果显示,6个处理共同的物种有1 737个。减氮配施生物炭处理增加了物种的丰富度,且N60BC处理的独有物种最多(215个),其中74个属于变形菌,11个属于绿弯菌,10个属于酸杆菌,剩余的属于其他菌。同时,N80BC处理的独有物种(214个)仅次于N60BC处理,其中51个属于变形菌,23个属于平板菌,18个属于酸杆菌。N100处理独有的物种较少(146个),其中45个属于变形菌,10个属于绿弯菌,6个属于放线菌。

2.5 氮肥减量配施生物炭对水稻土壤细菌群落结构组成的影响

经过质量筛选,共获得115 112个序列,聚类到2 950个细菌OTU中。变形菌(Proteobacteria)、绿弯菌(Chloroflexi)、酸杆菌(Acidobacteria)、放线菌(Actinobacteria)、芽单胞菌(Gemmatimonadetes)是所有处理中的优势菌(门水平),占比73.1%~80.3%(图3a)。由图3a可知,与N100处理相比,减氮处理(N80、N60)的变形菌、放线菌和芽单胞菌的相对丰度分别增加9.9%~26.0%、13.4%~17.4%和21.7%~29.4%,但绿弯菌、浮霉菌(Planctomycetes)和疣微菌(Verrucomicrobia)的相对丰度分别降低9.7%~21.0%、16.4%~21.2%和30.6%~34.0%。减氮配施生物炭(N60BC、N80BC)处理的变形菌、芽单胞菌的相对丰度比N100处理分别增加24.8%~36.8%、17.0%~40.7%,而且仅N60BC处理的放线菌相对丰度比N100增加11.3%。减氮配施生物炭处理(N60BC、N80BC)的绿弯菌、硝化螺旋

表3 不同处理土壤细菌群落结构的α多样性变化

Table 3 Effects of nitrogen reduction combined with biochar application on alpha diversity of rice soil bacterial community structure

处理 Treatment	香农指数 Shannon	Chao指数 Chao1	ACE指数 ACE
CK	9.2±0.1a	3 158.9±53.8a	3 319.3±39.7a
N100	8.8±0.7a	3 152.9±215.3a	3 321.5±216.1a
N80	9.3±0.2a	3 273.6±95.0a	3 450.3±86.0a
N80BC	9.4±0.1a	3 350.6±71.6a	3 497.7±66.1a
N60	9.2±0.1a	3 232.1±68.9a	3 408.4±66.1a
N60BC	8.9±0.6a	3 273.9±147.1a	3 441.9±142.8a

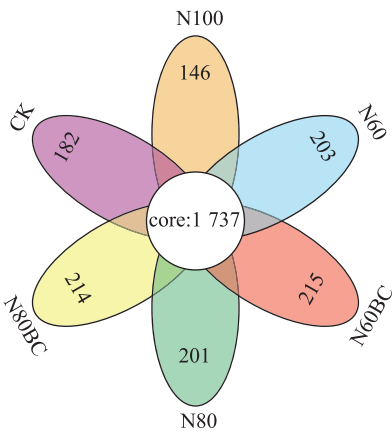


图2 减氮配施生物炭对水稻土壤细菌群落独有物种数量的影响
Figure 2 Effects of nitrogen reduction combined with biochar application on the number of unique species in rice soil bacterial community

菌(Nitrospirae)、疣微菌的相对丰度比N100处理分别降低19.4%~32.5%、12.8%~13.7%、36.9%~49.9%,以及仅N60BC处理的浮霉菌的相对丰度比N100处理降低28.62%。在相同的施氮水平下,N60BC处理的变形菌、芽单胞菌的相对丰度比N60处理分别增加

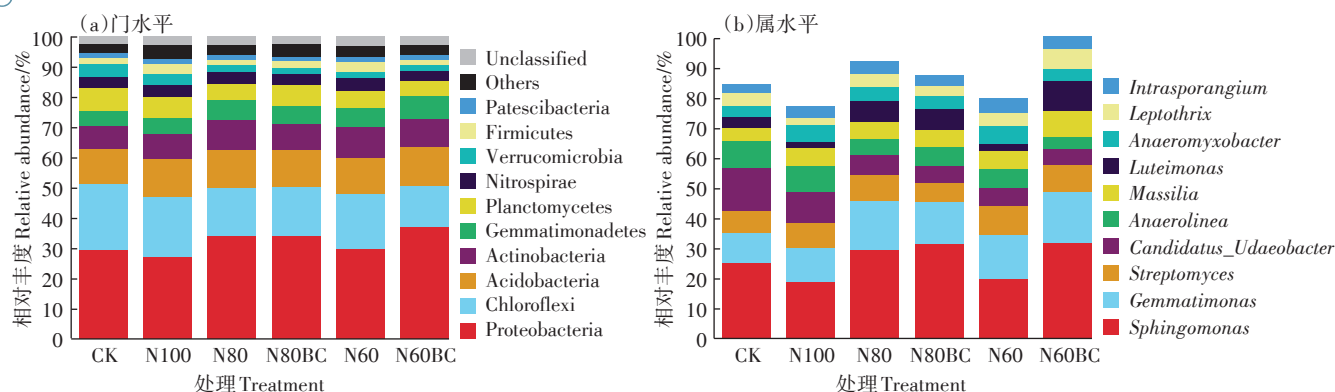


图3 氮肥减量和生物炭配施对稻田土壤细菌群落组成的影响

Figure 3 Stacking diagram of bacterial species distribution

24.6%、16.1%。

根据图3b可知,与N100处理相比,减氮处理(N80、N60)的鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)的相对丰度分别增加5.4%~55.9%、30.3%~47.8%,同时,减氮配施生物炭(N60BC、N80BC)处理的鞘脂单胞菌属、芽单胞菌属的相对丰度比N100处理分别增加67.2%~68.6%、21.8%~50.9%,而且仅N60BC处理的马赛菌属(*Massilia*)的相对丰度比N100处理增加54.0%。在相同施氮水平下,N60BC处理的鞘脂单胞菌属、芽单胞菌属、马赛菌属的相对丰度比N60处理分别增加60.4%、15.8%、44.1%。

2.6 氮肥减量配施生物炭对土壤细菌群落功能潜力的影响

功能预测分析结果显示(表4),减氮配施生物炭处理对土壤细菌群落的新陈代谢、遗传信息处理、细胞进程和环境信息处理功能均有显著影响。单纯施氮(N100、N80、N60)和减氮配施生物炭(N60BC、N80BC)处理的氨基酸代谢、碳水化合物代谢、辅助因子和维生素的代谢、脂类代谢、能量代谢、聚糖生物合成和代谢、核苷酸代谢、异源生物降解和代谢、其他次级氨基酸的代谢、萜类化合物和聚酮类化合物的代谢与CK处理相比均无显著差异。在单纯施氮(N100、N80、N60)处理中,仅有N60处理的其他次级氨基酸的代谢比N100处理显著降低13.4%,其他新陈代谢功能均无显著差异。此外,与N100处理相比,N60BC处理的氨基酸代谢、碳水化合物代谢、辅助因子和维生素的代谢、脂类代谢、能量代谢、聚糖生物合成和代谢、核苷酸代谢、异源生物降解和代谢分别显著增加6.0%、3.5%、5.7%、7.6%、5.5%、7.0%、4.1%、12.6%,但

是其他次级氨基酸的代谢显著降低12.1%。同时,在相同施氮水平下,N80BC处理的其他次级氨基酸的代谢比N80处理显著增加7.5%。

2.7 土壤环境因子与细菌群落多样性和结构组成的关系

选取11种土壤理化因子和土壤细菌群落进行相关性分析。从RDA分析(图4)可以看出,第一坐标和第二坐标分别解释了样本差异的89.90%和4.82%。土壤细菌群落结构沿着RDA1和RDA2分离。土壤TN、pH和TOC在沿第一坐标轴的分离有着重要作用,而土壤CEC和AK在沿着第二坐标轴的分离起着重要作用。土壤TN对细菌群落变化的贡献度最高,达到19.4%,土壤TOC、pH、CEC、 NO_3^- -N的环境贡献度依次为7.4%、6.8%、2.8%、1.6%。

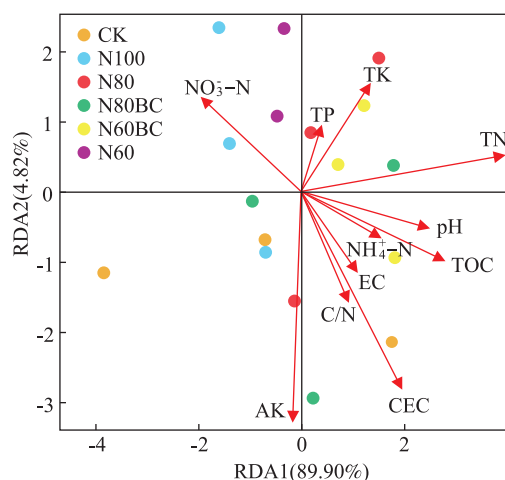


图4 土壤细菌群落与环境因子的RDA分析

Figure 4 RDA analysis of soil bacterial communities and environmental factors

表4 减氮配施生物炭对水稻土壤细菌群落功能的影响

Table 4 Effects of nitrogen reduction combined with biochar application on rice soil bacterial community functions

一级功能 Function level 1	二级功能 Function level 2	CK	N100	N80	N80BC	N60	N60BC
新陈代谢 Metabolism	氨基酸代谢 Amino acid metabolism	265 292.0ab	261 976.4b	272 263.0ab	270 291.6ab	268 135.6ab	277 676.4a
	碳水化合物代谢 Carbohydrate metabolism	268 313.7ab	264 861.7b	270 688.5ab	268 915.8ab	269 140.3ab	274 033.9a
	辅助因子和维生素的代谢 Metabolism of cofactors and vitamins	254 571.6ab	250 254.8b	259 833.0ab	258 439.0ab	254 830.9ab	264 432.4a
	脂类代谢 Lipid metabolism	133 572.4ab	129 553.1b	138 370.1ab	134 856.7ab	134 651.6ab	139 436.3a
	能量代谢 Energy metabolism	108 369.1ab	106 815.3b	110 752.2ab	110 060.5ab	109 141.2ab	112 644.8a
	聚糖生物合成和代谢 Glycan biosynthesis and metabolism	63 113.9ab	61 919.2b	64 800.7ab	64 488.9ab	63 051.4ab	66 222.8a
	核苷酸代谢 Nucleotide metabolism	33 920.8ab	33 796.7b	34 527.3ab	34 473.9ab	34 176.1ab	35 185.9a
	异源生物降解和代谢 Xenobiotics biodegradation and metabolism	118 786.1a	108 920.6b	118 572.1a	116 110.3ab	116 294.1ab	122 657.4a
	其他次级氨基酸的代谢 Biosynthesis of other secondary metabolites	61 048.1ab	63 868.2a	58 096.2bc	62 445.5a	55 296.6c	56 193.2c
	萜类化合物和聚酮类化合物的代谢 Metabolism of terpenoids and polyketides	212 978.6a	211 255.5a	211 095.4a	208 381.6a	212 847.0a	211 210.7a
遗传信息处理 Genetic information processing	复制和修复 Replication and repair	108 722.8ab	107 107.4b	110 084.3ab	109 563.1ab	108 786.0ab	112 023.2a
	折叠、分类和降解 Folding, sorting and degradation	72 232.4ab	71 482.4b	73 171.4ab	72 974.4ab	72 088.4ab	73 968.4a
	转录 Transcription	19 096.4bc	19 131.6bc	19 096.0bc	19 222.1ab	19 017.5c	19 355.0a
	翻译 Translation	63 386.2a	63 454.6a	63 531.0a	63 508.2a	63 220.4a	63 989.2a
细胞进程 Cellular processes	细胞运动 Cell motility	51 027.7b	46 877.6d	49 272.2bcd	47 913.6cd	50 552.3bc	54 756.3a
	细胞生长和死亡 Cell growth and death	31 843.7abc	30 814.7c	32 139.8ab	32 010.1abc	31 408.7bc	32 660.7a
	运输和分解代谢 Transport and catabolism	6 589.2bc	6 072.5d	6 613.0ab	6 259.8cd	6 413.4bcd	6 936.5a
	细胞群落原核生物 Cellular community-prokaryotes	3 537.8b	3 243.9c	3 443.2b	3 407.9b	3 421.4b	3 771.4a
环境信息处理 Environmental information processing	膜运输 Membrane transport	33 359.1ab	3 3091.4b	33 925.6ab	33 718.2ab	34 016.6ab	35 018.4a
	信号转导 Signal transduction	9 620.0b	8 873.4d	9 309.1bc	9 088.5cd	9 343.7bc	10 083.9a
	信号分子和相互作用 Signaling molecules and interactions	2,562 5a	2,484 6a	2,940 5a	2,919 1a	2,755 8a	2,285 1a

Pearson 分析(图5)结果显示,土壤 pH 与酸杆菌的相对丰度显著正相关,同时土壤 TN 与变形菌和芽单胞菌的相对丰度呈显著正相关,而与绿弯菌和疣微菌的相对丰度呈显著负相关。土壤 TP 与硝化螺旋菌相对丰度呈显著正相关,但土壤 TOC、AK、C/N 则与硝化螺旋菌的相对丰度呈显著负相关。土壤 NO₃-N 与拟杆菌(Bacteroidetes)的相对丰度呈显著负相关。

3 讨论

3.1 氮肥减量配施生物炭与稻田生态系统生产力

氮素是影响水稻地上部物质积累和产量形成的关键因素。水稻的地上部物质积累量是水稻产量的前提和基础^[30]。有研究表明,适当减氮可以实现水稻稳产,过量减氮则会造成产量大幅度降低^[31],而施用生物炭能够为水稻提供养分,改善土壤理化特性,促

进水稻干物质积累,进而提高水稻产量^[32]。本研究表明,氮肥减施配施生物炭处理没有降低水稻的实际产量,反而有增产的趋势,这与黄玉珍等^[33]的研究结果一致。这可能是生物炭自身含有丰度的氮素,施用生物炭提高了土壤的氮含量;另外生物炭具有较高的 pH 值和多孔隙结构,以及较大的表面积,能够提高土壤的 pH 值,促进吸附土壤氮素,减少氮肥淋溶、挥发等损失,提高土壤氮素利用效率^[34-35]。在本研究中减氮配施生物炭能够显著提高土壤的 TOC 含量。这可能是土壤中的生物炭表面钝化后,能够与土壤相互作用形成一种保护基质,从而提高 TOC 的氧化稳定性,有利于土壤 TOC 的增加^[36],更有利于水稻以及水稻土壤微生物的生长发育^[37],所以减氮配施生物炭能够稳定水稻的实际产量。Haefelea 等^[38]研究发现,在肥沃和次肥沃的土壤上施用稻壳生物质炭并没有促使作

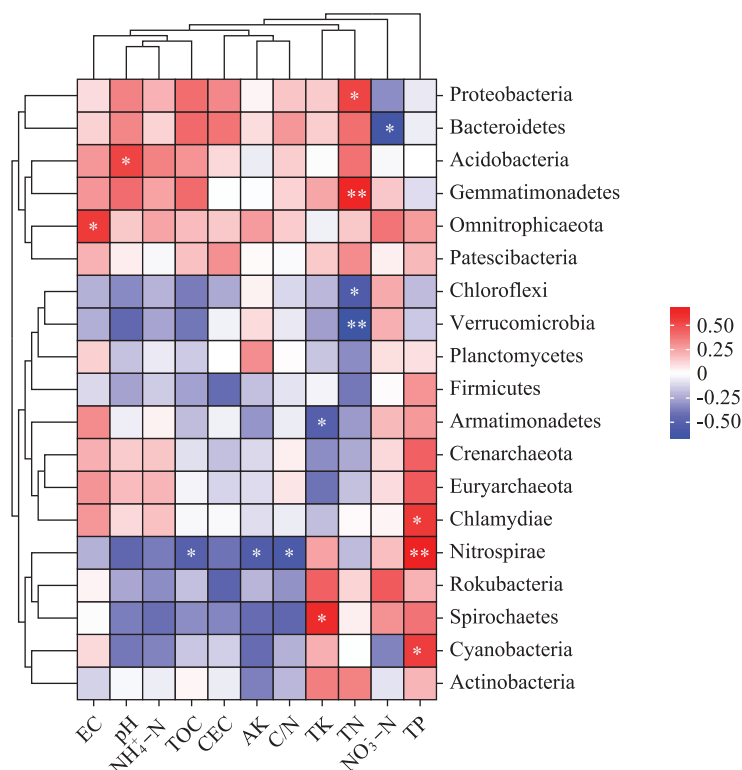


图5 土壤细菌群落与环境因子的相关性分析热图

Figure 5 Correlation analysis heatmap between soil bacterial communities and environmental factors

物增产,但在肥力极低的土壤上作物产量却有较大提高。本研究中,生物炭没有显著增加水稻产量,这与土壤的肥力较高(土壤呈酸性,TOC较丰富,含氮量高达0.265%)有关^[39]。近年来,越来越多的研究表明生物炭的施用可以显著促进水稻的生长发育及提高作物的生产力^[40]。在相同的施氮肥水平下,配施生物炭处理显著增加水稻地上部干物质的量,同时一定程度提高水稻产量,这与前人的研究结果一致^[41],这表明在一定范围内减少氮肥的施用量不会严重影响水稻的产量,而且生物炭的添加能够促进水稻生长,改善土壤养分、增加养分吸收,提高水稻的氮肥利用效率^[41-42]。

3.2 氮肥减量配施生物炭能改善水稻土壤细菌群落结构组成

大量研究表明,生物炭可以通过改变土壤的化学和物理性质来影响土壤微生物的丰度。本研究中,添加生物炭处理对细菌多样性指标没有显著影响,这可能是因为添加生物炭的比例或者生物炭制备原料的不同所导致的^[43]。生物炭孔隙率高,能够储存水分和养分,同时生物炭官能团多,可能会形成生物地球化学界面,而且形成的特异性生物地球化学界面可以使

微生物的生态位多样化,为微生物提供更多可栖息生活的微环境,从而支持多样化的细菌群落的生长^[44-46]。还有研究表明土壤细菌的多样性增加与生物炭的添加量呈正相关,生物炭的添加量越大,细菌的多样性越高^[47]。因此,生物炭可改善土壤微生物生长环境,减氮配施生物炭能在一定程度上保持稻田持续生产力。

在细菌门水平上,生物炭处理增加了变形菌、放线菌、芽单胞菌的相对丰度(图3a)。变形菌与碳具有良好的相关性^[48],生物炭的添加可以增加土壤的TOC含量(表2),进而增加变形菌的相对丰度。同时,Khodadad等^[49]的研究表明,含生物炭的土壤能增加放线菌和芽单胞菌的相对丰度。放线菌可以有效降解复杂的芳香类化合物,其在含有较难降解碳的土壤占有优势^[50]。有研究表明,生物炭能够稳定提高土壤pH(表2),较高的土壤pH有利于放线菌、变形菌类群的生长^[51]。相反,生物炭施用后绿弯菌、浮霉菌、硝化螺旋菌、疣微菌的相对丰度降低。绿弯菌能够参与地球碳、氮、硫循环过程^[52]。不同的细菌类群之间可能存在生态位的竞争^[53],变形菌、放线菌与绿弯菌都能够利用生物炭的碳,它们共同争夺生物炭的碳,

变形菌与放线菌的丰度增加,从而导致了绿弯菌的丰度降低^[54]。浮霉菌是一个独特的细菌门类,具有不同寻常的特征,但其分布广泛^[55-56]。本研究表明,施用生物炭降低浮霉菌的相对丰度,这与Chen等^[57]的研究结果不一致,可能与生物炭材料和土壤类型不同有关。硝化螺旋菌是一种亚硝酸盐氧化细菌,在陆地环境中普遍存在,在农业土壤氮的生物循环中和硝化过程中起着重要作用^[58]。

本研究发现,在细菌属水平上,生物炭处理增加了鞘脂单胞菌属、芽单胞菌属和马赛菌属的相对丰度(图3b)。鞘脂单胞菌属是革兰氏阴性菌,能够利用多种天然存在的以及难降解的芳香化合物中的碳、硫和磷^[59]。在高温热解条件下形成的生物炭孔隙可为微生物提供栖息地,明显改善土壤理化性质,显著提高鞘脂单胞菌属的丰度^[60]。芽单胞菌属是一种聚磷富集菌,在农业生产上可以通过增加磷肥来提高芽单胞菌的相对丰度^[13]。生物炭的施用可增加土壤有效磷的含量,进而可能使芽单胞菌属的相对丰度提高^[61]。马赛菌属是革兰氏阴性菌,是好氧菌,能够合成多种次级代谢产物和酶,另外还具有溶磷、降解菲和耐受重金属等多种功能^[62]。有研究表明,水稻秸秆生物炭的孔隙体积较大,可以为马赛菌提供更多的营养物质和空气,从而增加马赛菌的相对丰度^[63]。总体而言,生物炭施用可显著提高稻田土壤的微生物活性,影响土壤细菌群落的结构和组成,增加有益菌如变形菌、放线菌、芽单胞菌的相对丰度,从而间接促进水稻的生长。

3.3 氮肥减量配施生物炭优化水稻土壤细菌群落功能

土壤微生物群落和代谢功能的变化影响植物的生长和发育。研究表明,生物炭的施用会改变土壤微生物的活性,提高土壤微生物多样性和增强碳代谢能力^[64]。本研究发现,氮肥减量配施生物炭显著增强了土壤微生物的氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂类代谢、能量代谢、聚糖生物合成和代谢、核苷酸代谢(表4)。Wu等^[65]和丛微等^[66]的研究表明,土壤微生物中的碳水化合物代谢、核酸代谢和氨基酸代谢的丰度增加有利于减少土壤病害的传播,增强作物的抗性,促进作物生长。环境因子与土壤微生物碳源代谢关系密切,其中土壤TOC含量是最重要的影响因素^[67-68]。生物炭施用时,其孔隙结构能固持土壤养分,增加土壤有机质,有利于某些特异性微生物群落的发展,进而影响不同的土壤微生物代谢途径^[69-70]。Liang等^[71]的研究表明,马赛菌属和芽单胞菌属与碳水化合物代

谢和脂类代谢密切相关。本研究表明,与N100处理相比,N60BC处理显著增加马赛菌属和芽单胞菌属的丰富度(图3a),增加碳水化合物代谢和脂类代谢丰度(表4),这表明生物炭施用能通过增加特异性微生物类群的丰富度来增强土壤细菌的碳水化合物代谢和脂类代谢功能。同时N60BC处理的土壤微生物核苷酸代谢丰度比N100处理显著增加,这表明生物炭处理的微生物细胞壁和核酸合成更强^[72]。另外氨基酸代谢的增加可为微生物提供更多的能量和碳源,从而促进细菌群落的生长和代谢^[73]。综合上述结果,减氮配施生物炭可以改善土壤环境,影响土壤微生物群落结构,进而提高土壤微生物的代谢能力,从而维持作物稳定的生产力。

4 结论

(1)氮肥减量配施生物炭能维持和稳定水稻作物生产力。

(2)氮肥减量配施生物炭能显著提高土壤TOC含量,改善土壤细菌群落结构,增加土壤变形菌、放线菌和芽单胞菌等优势菌的相对丰度。

(3)在未来的工作中,氮和生物炭对土壤碳化学组成的影响以及细菌固碳的分子机制值得进一步研究。

参考文献:

- [1] 朱德峰,陈惠哲,徐一成,等.我国双季稻生产机械化制约因子与发展对策[J].中国稻米,2013,19(4):1-4. ZHU D F, CHEN H Z, XU Y C, et al. Constraints and development strategies for the mechanization of double rice production in China[J]. *Chinese Rice*, 2013, 19(4): 1-4.
- [2] 彭少兵,黄见良,钟旭华,等.提高中国稻田氮肥利用率的研究策略[J].中国农业科学,2002,35(9):1095-1103. PENG S B, HUANG J L, ZHONG X H, et al. Research strategy in improving fertilizer-nitrogen use efficiency of irrigated rice in China[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2002, 35(9):1095-1103.
- [3] 吴金水,郭胜利,党廷辉.半干旱区农田土壤无机氮积累与迁移机理[J].生态学报,2003,23(10):2040-2042. WU J S, GUO S L, DANG T H. Mechanisms in the accumulation and movement of mineral N in soil profiles of farming land in a semi-arid region[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2003, 23(10):2040-2042.
- [4] 周江明.有机-无机肥配施对水稻产量、品质及氮素吸收的影响[J].植物营养与肥料学报,2012,18(1):234-240. ZHOU J M. Effects of combined application of organic and mineral fertilizer on yield, quality and nitrogen uptake of rice[J]. *Plant Nutrition and Fertilizer Journal*, 2012, 18(1):234-240.
- [5] YIN Y, YING H, XUE Y, et al. Calculating socially optimal nitrogen

- (N) fertilization rates for sustainable N management in China[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 688:1162–1171.
- [6] HUDDLELL A M, GALFORD G L, TULLY K L, et al. Meta-analysis on the potential for increasing nitrogen losses from intensifying tropical agriculture[J]. *Global Change Biology*, 2020, 26(3):1668–1680.
- [7] TRESEDER K K. Nitrogen additions and microbial biomass: a meta-analysis of ecosystem studies[J]. *Ecology Letters*, 2008, 11(10):1111–1120.
- [8] RAMIREZ K S, LAUBER C L, KNIGHT R, et al. Consistent effects of nitrogen fertilization on soil bacterial communities in contrasting systems[J]. *Ecology*, 2010, 91(12):3463–3470.
- [9] LIU L, GREAVES T L. A global perspective on belowground carbon dynamics under nitrogen enrichment[J]. *Ecology Letters*, 2010, 13(7):819–828.
- [10] ANDERSON L J. Aboveground–belowground linkages: biotic interactions, ecosystem processes, and global change[J]. *Eos, Transactions American Geophysical Union*, 2011, 92(26):222.
- [11] ZHOU F, CUI J, ZHOU J, et al. Increasing atmospheric deposition nitrogen and ammonium reduced microbial activity and changed the bacterial community composition of red paddy soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 633:776–784.
- [12] MARSCHNER P. Structure and function of the soil microbial community in a long-term fertilizer experiment[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(3):453–461.
- [13] SU J Q, DING L J, XUE K, et al. Long-term balanced fertilization increases the soil microbial functional diversity in a phosphorus-limited paddy soil[J]. *Molecular Ecology*, 2015, 24(1):136–150.
- [14] LI F, CHEN L, ZHANG J B, et al. Bacterial community structure after long-term organic and inorganic fertilization reveals important associations between soil nutrients and specific taxa involved in nutrient transformations[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 8:187.
- [15] MARCEL G A, RICHARD D B, NICO M. The unseen majority: soil microbes as drivers of plant diversity and productivity in terrestrial ecosystems[J]. *Ecology Letters*, 2008, 11(3):296–310.
- [16] 李力, 刘娅, 陆宇超, 等. 生物炭的环境效应及其应用的研究进展[J]. *环境化学*, 2011, 30(8):1411–1421. LI L, LIU Y, LU Y C, et al. Research progress on environmental effects and applications of biochar[J]. *Environmental Chemistry*, 2011, 30(8):1411–1421.
- [17] HAIDER G, STEFFENS D, MOSER G, et al. Biochar reduced nitrate leaching and improved soil moisture content without yield improvements in a four-year field study[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2017, 237:80–94.
- [18] WHITMAN T, PEPE-RANNEY C, ENDERS A, et al. Dynamics of microbial community composition and soil organic carbon mineralization in soil following addition of pyrogenic and fresh organic matter[J]. *ISME Journal*, 2016, 10(12):2918–2930.
- [19] PRAYOGO C, JONES J E, BAEYENS J, et al. Impact of biochar on mineralisation of C and N from soil and willow litter and its relationship with microbial community biomass and structure[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, 50(4):695–702.
- [20] ZHENG J, CHEN J, PAN G, 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.
- [21] ZORNOZA R, ACOSTA J A, FAZ A, et al. Microbial growth and community structure in acid mine soils after addition of different amendments for soil reclamation[J]. *Geoderma*, 2016, 272:64–72.
- [22] FIERER N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, 15(10):579–590.
- [23] LEHMANN J, RILLIG M C, THIES J, et al. Biochar effects on soil biota: a review[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(9):1812–1836.
- [24] YE J, JOSEPH S D, JI M, et al. Chemolithotrophic processes in the bacterial communities on the surface of mineral-enriched biochars[J]. *ISME Journal*, 2017, 11(5):1087–1101.
- [25] YANG S, XIAO Y, SUN X, et al. Biochar improved rice yield and mitigated CH₄ and N₂O emissions from paddy field under controlled irrigation in the Taihu Lake region of China[J]. *Atmospheric Environment*, 2019, 200:69–77.
- [26] IBRAHIM M M, ZHANG H, GUO L, 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.
- [27] ZHANG L, HE Y, LIN D, et al. Co-application of biochar and nitrogen fertilizer promotes rice performance, decreases cadmium availability, and shapes rhizosphere bacterial community in paddy soil[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 308:119624.
- [28] ZHANG Q, SONG Y, WU Z, 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]. *Journal of Cleaner Production*, 2020, 242:118435.
- [29] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil agrochemical analysis[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [30] 韩春雷, 魏树, 邹积斌. 水稻高产群体干物质积累动态及光合产物分配规律研究[J]. *辽宁农业科学*, 1998(5):8–10. HAN C L, WEI S, ZOU J B. Study on dynamics of dry matter accumulation and distribution of photosynthetic products in high yield rice population[J]. *Liaoning Agricultural Sciences*, 1998(5):8–10.
- [31] 徐文波, 王荣基, 蒋明金, 等. 减氮对机插杂交籼稻茎秆生长及抗倒伏特性的影响[J]. *中国稻米*, 2021, 27(5):70–75, 78. XU W B, WANG R J, JIANG M J, et al. Effects of nitrogen reduction on culm growth and lodging resistance of machine-transplanted hybrid indica rice[J]. *Chinese Rice*, 2021, 27(5):70–75, 78.
- [32] 宁川川, 陈悦桂, 柳瑞, 等. 减氮配施秸秆生物炭对双季稻产量和硅、氮营养的影响[J]. *应用生态学报*, 2023, 34(4):993–1001. NING C C, CHEN Y G, LIU R, et al. Effects of nitrogen reduction combined with straw biochar on yield, silicon and nitrogen nutrition of double cropping rice[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2023, 34(4):993–1001.
- [33] 黄玉珍, 高凯歌, 吕茹洁, 等. 减氮配施牡蛎壳粉对优质晚籼稻抗

- 倒性能的影响[J]. 核农学报, 2022, 36(9):1860-1868. HUANG Y Z, GAO K G, LÜ R J, et al. Effects of nitrogen reduction combined with oyster shell powder on lodging resistance in high quality late indica rice[J]. *Journal of Nuclear Agriculture*, 2022, 36(9):1860-1868.
- [34] 陈海飞, 冯洋, 蔡红梅, 等. 氮肥与移栽密度互作对低产田水稻群体结构及产量的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2014, 20(6):1319-1328. CHEN H F, FENG Y, CAI H M, et al. Effect of the interaction of nitrogen and transplanting density on the rice population structure and grain yield in low-yield paddy fields[J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizer*, 2014, 20(6):1319-1328.
- [35] CHEN Y, SHINOBI Y, TAIRA M. Influence of biochar use on sugarcane growth, soil parameters, and groundwater quality[J]. *Australian Journal of Soil Research*, 2010, 48:526-530.
- [36] 阮泽斌, 王兰鸽, 蓝王, 等. 氮肥减量配施生物炭对水稻氮素吸收和土壤理化性质的影响[J]. 浙江农业学报, 2023, 35(2):394-402. RUAN Z B, WANG L G, LAN W, et al. Effects of nitrogen reduction combined with biochar on nitrogen uptake and soil physicochemical properties of rice[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2023, 35(2):394-402.
- [37] 高文翠, 杨卫君, 贺佳琪, 等. 生物炭添加对麦田土壤微生物群落代谢的影响[J]. 生态学杂志, 2020, 39(12):3998-4004. GAO W C, YANG W J, HE JIA Q, et al. Effects of biochar on soil microbial community metabolism in wheat field[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2020, 39(12):3998-4004.
- [38] HAEFELEA S M, KONBOONC Y, WONGBOON W. Effects and fate of biochar from rice residues in rice based systems[J]. *Field Crops Research*, 2011, 126:430-440.
- [39] 张斌, 刘晓雨, 潘根兴, 等. 施用生物炭后稻田土壤性质、水稻产量和痕量温室气体排放的变化[J]. 中国农业科学, 2012, 45(23):4844-4853. ZHANG B, LIU X Y, PAN G X, et al. Changes in soil properties, yield and trace gas emission from a paddy after biochar amendment in two consecutive rice growing cycles[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(23):4844-4853.
- [40] 陈芳, 张康康, 谷思诚, 等. 不同种类生物炭及施用量对水稻生长及土壤养分的影响[J]. 华中农业大学学报, 2019, 38(5):57-63. CHEN F, ZHANG K K, GU S C, et al. Effects of different kinds of biochar and its application rates on rice growth and soil nutrients[J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2019, 38(5):57-63.
- [41] 柳瑞, 高阳, 李恩琳, 等. 减氮配施生物炭对水稻生长发育、干物质积累及产量的影响[J]. 生态环境学报, 2020, 29(5):926-932. LIU R, GAO Y, LI E L, et al. Effects of nitrogen reduction combined with biochar on growth, dry matter accumulation and yield of rice[J]. *Journal of Ecology and Environment*, 2020, 29(5):926-932.
- [42] 柳瑞, ABDUL Hafeez, 李恩琳, 等. 减氮配施稻秆生物炭对稻田土壤养分及植株氮素吸收的影响[J]. 应用生态学报, 2020, 31(7):2381-2389. LIU R, ABDUL H, LI E L, et al. Effects of nitrogen fertilizer reduction and biochar application on paddy soil nutrient and nitrogen uptake of rice[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2020, 31(7):2381-2389.
- [43] 张玉洁, 吴婷, 赵娟, 等. 生物炭添加对秸秆还田土壤细菌群落结构和多样性影响[J]. 环境科学学报, 2017, 37(2):712-720. ZHANG Y J, WU T, ZHAO J, et al. Effect of biochar amendment on bacterial community structure and diversity in straw-amended soils[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2017, 37(2):712-720.
- [44] HANZEL J, MYROLD D, SESSITSCH A, et al. Microbial ecology of biogeochemical interfaces—diversity, structure, and function of microhabitats in soil[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, 86(1):1-2.
- [45] 陈温福, 张伟明, 孟军. 农用生物炭研究进展与前景[J]. 中国农业科学, 2013, 46(16):3324-3333. CHEN W F, ZHANG W M, MENG J. Advances and prospects in research of biochar utilization in agriculture[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46(16):3324-3333.
- [46] 何绪生, 张树清, 余雕, 等. 生物炭对土壤肥料的作用及未来研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(15):16-25. HE X S, ZHANG S Q, SHE D, et al. Effects of biochar on soil fertilizer and its future research[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, 27(15):16-25.
- [47] WANG C, LIU J, SHEN J, et al. Effects of biochar amendment on net greenhouse gas emissions and soil fertility in a double rice cropping system: a 4-year field experiment[J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2018, 262:83-96.
- [48] FIERER N, BRADFORD M A, JACKSON R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. *Ecology*, 2007, 88(6):1354-1364.
- [49] KHODADAD C L M, ZIMMERMAN A R, GREEN S J, et al. Taxa-specific changes in soil microbial community composition induced by pyrogenic carbon amendments[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, 43(2):385-392.
- [50] 周之栋, 卜晓莉, 吴永波, 等. 生物炭对土壤微生物特性影响的研究进展[J]. 南京林业大学学报, 2016, 40(6):1-8. ZHOU Z D, PU X L, WU Y B, et al. Research progress of effects of biochar on soil microbial characteristics[J]. *Journal of Nanjing Forestry University*, 2016, 40(6):1-8.
- [51] ZHU X, MAO L, CHEN B. Driving forces linking microbial community structure and functions to enhanced carbon stability in biochar-amended soil[J]. *Environment International*, 2019, 133:105211.
- [52] 鲜文东, 张潇檀, 李文均. 绿弯菌的研究现状及展望[J]. 微生物学报, 2020, 60(9):1801-1820. XIAN W D, ZHANG X T, LI W J. Research status and prospect on bacterial phylum *Chloroflexi*[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, 60(9):1801-1820.
- [53] 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.
- [54] XU N, TAN G, WANG H, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2016, 74:1-8.
- [55] FUERST J A. The planctomycetes: emerging models for microbial ecology, evolution and cell biology[J]. *Microbiology*, 1995, 141(7):1493-1506.
- [56] FUERST J A, SAGULENKO E. Beyond the bacterium: planctomycetes challenge our concepts of microbial structure and function[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2011, 9(6):403-413.
- [57] CHEN J, LIU X, ZHENG J, et al. Biochar soil amendment increased bacterial but decreased fungal gene abundance with shifts in commu-

- nity structure in a slightly acid rice paddy from southwest China[J]. *Applied Soil Ecology*, 2013, 71:33–44.
- [58] XIA W, ZHANG C, ZENG X, et al. Autotrophic growth of nitrifying community in an agricultural soil[J]. *ISME Journal*, 2011, 5(7): 1226–1236.
- [59] ANTONY R, SANYAL A, KAPSE N, et al. Microbial communities associated with Antarctic snow pack and their biogeochemical implications[J]. *Microbiological Research*, 2016, 192:192–202.
- [60] SONG L, NIU X, ZHANG N, et al. Effect of biochar-immobilized *Sphingomonas* sp. PJ2 on bioremediation of PAHs and bacterial community composition in saline soil[J]. *Chemosphere*, 2021, 279:130427.
- [61] YIN S, ZHANG X, SUO F, et al. Effect of biochar and hydrochar from cow manure and reed straw on lettuce growth in an acidified soil[J]. *Chemosphere*, 2022, 298:134191.
- [62] 杨恩东, 崔丹曦, 汪维云. 马赛菌属细菌研究进展[J]. 微生物学通报, 2019, 46(6):1537–1548. YANG E D, CUI D X, WANG W Y. Research progress on the genus *Massilia*[J]. *Bulletin of Microbiology*, 2019, 46(6):1537–1548.
- [63] YANG C, LIU J, YING H, et al. Soil pore structure changes induced by biochar affect microbial diversity and community structure in an Ultisol[J]. *Soil and Tillage Research*, 2022, 224:105505.
- [64] LI C, LI H, YAO T, et al. Effects of swine manure composting by microbial inoculation; heavy metal fractions, humic substances, and bacterial community metabolism[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 415:125559.
- [65] WU Z X, HAO Z P, SUN Y Q, et al. Comparison on the structure and function of the rhizosphere microbial community between healthy and root-rot *Panax notoginseng*[J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, 107(11): 99–107.
- [66] 丛微, 喻海茫, 于晶晶, 等. 人参种植对林地土壤细菌群落结构和代谢功能的影响[J]. 生态学报, 2021, 41(1):162–171. CONG W, YU H M, YU J J, et al. Effects of ginseng cultivation on soil microbial community structure and metabolic functions in forest land[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(1):162–171.
- [67] 王晶, 马丽娟, 龙泽华, 等. 秸秆炭化还田对滴灌棉田土壤微生物代谢功能及细菌群落组成的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(1):420–429. WANG J, MA L J, LONG Z H, et al. Effects of straw biochar on soil microbial metabolism and bacterial community composition in drip-irrigated cotton field[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(1): 420–429.
- [68] 周凤, 许晨阳, 金永亮, 等. 生物炭对土壤微生物C源代谢活性的影响[J]. 中国环境科学, 2017, 37(11):4202–4211. ZHOU F, XU C Y, JIN Y L, et al. Effect of biochar on metabolic activity of soil microbial carbon[J]. *China Environmental Science*, 2017, 37(11):4202–4211.
- [69] 孙凤霞, 张伟华, 徐明岗, 等. 长期施肥对红壤微生物生物量碳氮和微生物碳源利用的影响[J]. 应用生态学报, 2010, 21(11):2792–2798. SUN F X, ZHANG W H, XU M G, et al. Effects of long-term fertilization on microbial biomass carbon and nitrogen and on carbon source utilization of microbes in a red soil[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(11):2792–2798.
- [70] 丁艳丽, 刘杰, 王莹莹. 生物炭对农田土壤微生物生态的影响研究进展[J]. 应用生态学报, 2013, 24(11):3311–3317. DING Y L, LIU J, WANG Y Y. Effects of biochar on microbial ecology in agriculture soil: a review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(11):3311–3317.
- [71] LIANG J, TANG S, GONG J, et al. Responses of enzymatic activity and microbial communities to biochar-compost amendment in sulfamethoxazole polluted wetland soil[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 385:121533.
- [72] LI M, PATEL H V, COGNETTA A B, et al. Identification of cell wall synthesis inhibitors active against *Mycobacterium tuberculosis* by competitive activity-based protein profiling[J]. *Cell Chemical Biology*, 2022, 29(5):883–896.
- [73] LÓPEZ-GONZÁLEZ J A, SUÁREZ-ESTRELLA F, VARGAS-GARCÍA M C, et al. Dynamics of bacterial microbiota during lignocellulosic waste composting: studies upon its structure, functionality and biodiversity[J]. *Bioresource Technology*, 2015, 175:406–416.