

# 功能菌剂与生物炭配施对沙化土壤的影响

王红萍<sup>1</sup>, 步连燕<sup>2</sup>, 陈文峰<sup>3</sup>, 安德荣<sup>4</sup>, 张应龙<sup>5</sup>, 韦革宏<sup>2</sup>, 王红雷<sup>1,6</sup>

(1.西北农林科技大学水土保持研究所,陕西 杨凌 712100;2.西北农林科技大学生命科学院,旱区作物逆境生物学国家重点实验室,陕西农业与环境微生物重点实验室,陕西 杨凌 712100;  
3.中国农业大学生物学院,北京 100193;4.西北农林科技大学植物保护学院,陕西 杨凌 712100;  
5.陕西省神木市生态保护建设协会,陕西 神木 719399;6.中国科学院水利部水土保持研究所,陕西 杨凌 712100)

**摘要:** 研究生物炭和功能菌剂协同调控沙化土壤养分和微生物多样性与功能,可为沙化土壤肥力培育提供理论依据。选择毛乌素沙地典型生态经济林沙化土壤为研究对象,采用田间定位试验,运用高通量扩增测序技术,解析不同添加量(2%,4%,8%)生物炭处理及其配施定量功能菌剂(枯草芽孢杆菌+巨大芽孢杆菌+胶质芽孢杆菌)处理对土壤化学性质及细菌菌群多样性与功能的影响。结果表明:(1)与单一生物炭处理相比,生物炭+功能菌剂处理组土壤有效氮、磷养分含量分别提升 44.71%和 187.36%;(2)生物炭单施或者配施功能菌剂均使酸杆菌门相对丰度显著降低,而生物炭+功能菌剂处理中厚壁菌门的相对丰度,分别增加 163.80%,155.15%,100.21%,并且不同程度上调土壤细菌物种丰富度和多样性;(3)功能菌剂与生物炭配施改变土壤细菌介导的碳氮循环功能,如显著提高土壤细菌的有机物质分解功能,壳聚糖和木聚糖分解过程较对照组分别上升 186.54%,242.46%,增强细菌的氨化和呼吸功能,而单施生物炭处理提升细菌的反硝化与固氮功能。综上,生物炭和功能菌剂的添加提高土壤有效氮磷养分含量,显著改变土壤细菌群落多样性与群落功能,生物炭配施功能菌剂优于单施生物炭处理,该结果可为沙化土壤改良方法的选择提供科学依据和理论参考。

**关键词:** 生物炭; 功能菌剂; 沙化土壤; 土壤化学性质; 细菌群落

**中图分类号:** S154.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1009-2242(2023)01-0345-09

**DOI:** 10.13870/j.cnki.stbcxb.2023.01.044

## Effects of Combined Application of Functional Microbial Agents and Biochar on Sandy Soil

WANG Hongping<sup>1</sup>, BU Lianyan<sup>2</sup>, CHEN Wenfeng<sup>3</sup>, AN Derong<sup>4</sup>,  
ZHANG Yinglong<sup>5</sup>, WEI Gehong<sup>2</sup>, WANG Honglei<sup>1,6</sup>

(1. *Institute of Soil and Water Conservation, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100*; 2. *College of Life Science, Northwest A&F University, State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, Shaanxi Key Laboratory of Agricultural and Environmental Microbiology, Yangling, Shaanxi 712100*; 3. *College of Biological Sciences, China Agricultural University, Beijing 100193*; 4. *College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100*;  
5. *Shenmu Ecological Protection and Construction Association, Shenmu, Shaanxi 719399*; 6. *Institute of Soil and Water Conservation, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Yangling, Shaanxi 712100*)

**Abstract:** Investigating the biochar and functional fungal agents to coordinate the regulation of desertified soil nutrients and microbial diversity and function can provide a theoretical basis for the fertility cultivation of desertified soil. The soil of the typical ecological and economic forest of the Mu Wusu Sandy Land was selected as the research object, and the effects of different amounts (2%, 4%, 8%) of biochar treatment and its combined application of quantitative functional agent treatment (*Bacillus subtilis* + *Bacillus megaterium* + *Bacillus colloid*) on soil chemical properties, bacterial diversity and function were analyzed by field positioning experiment and high-throughput amplification and sequencing technology. The results showed

收稿日期: 2021-05-18

资助项目: 陕西省重点研发计划重点产业创新链项目(2020ZDLNY07-07); 中国科学院“西部之光”人才培养引进计划项目(XAB2019A05)

第一作者: 王红萍(1998—), 女, 硕士研究生, 主要从事生态修复研究。E-mail: 2020051501@nwfufu.edu.cn

通信作者: 王红雷(1983—), 男, 博士, 研究员, 主要从事生态修复与土壤微生物研究。E-mail: wanghonglei@nwsuaf.edu.cn

that: (1) Compared with the single biochar treatment, the soil available nitrogen and phosphorus nutrient contents of the biochar + functional agent treatment group increased by 44.71% and 187.36%, respectively. (2) The relative abundance of the Acidobacteria was significantly reduced by the single application or combination of functional agents of biochar, while the relative abundance of the phylum Firmicutes in the treatment of biochar + functional bacteria increased by 163.80%, 155.15%, and 100.21%, respectively, and the richness and diversity of soil bacterial species were increased to varying degrees. (3) The combined application of functional agents and biochar changed the carbon and nitrogen cycle function mediated by soil bacteria, such as significantly improving the decomposition function of organic matter of soil bacteria, and the decomposition process of chitosan and xylan increased by 186.54% and 242.46% respectively compared with the control group; enhanced the ammonization and respiratory function of bacteria; while single biochar treatment improved the denitrification and nitrogen fixation function of the bacteria. In summary, biochar with functional bacterial agents is better than single application of biochar treatment. Biochar and functional bacteria agents added to improve the soil available nitrogen and phosphorus nutrient content, significantly changed the soil bacterial community diversity and community function. These results can provide a scientific basis and theoretical reference for the selection of desertification soil improvement methods.

**Keywords:** biochar; functional microbial agent; sandy soil; soil chemical properties; bacterial community

土地沙化已成为我国部分地区最严重的环境问题之一<sup>[1]</sup>。在我国北方荒漠区,受自然和人为因素影响,土壤物理结构稳定性降低,土壤养分流失加剧,致使土壤微生物多样性降低与功能活性衰减。提升沙化土壤生态服务功能的关键是改善土壤结构<sup>[2]</sup>,提高土壤团聚体稳定性<sup>[3]</sup>,增强土壤水肥保持能力<sup>[4]</sup>与微生物多样性与功能活性,进而逐步恢复沙化土壤的自我调节功能。生物炭和功能菌剂作为土壤改良与修复的重要措施,研究生物炭配施功能菌剂后沙化土壤养分及微生物群落特征,可为沙化土壤修复和重建提供科学依据。

生物炭是在少氧或者缺氧的条件下由生物质通过热裂解得到的产物<sup>[5]</sup>,因其良好的孔隙结构与较强的吸附特性已成为常用的土壤改良物料<sup>[6]</sup>。生物炭具有多孔性及高比表面特性,其被施入土壤后能够降低土壤容重,吸附并固定土壤中的矿质养分,改变土壤的结构特征、固持土壤肥力<sup>[7]</sup>,影响土壤的氮循环<sup>[8]</sup>,并且为土壤微生物提供良好的栖息场所,促进微生物富集与定殖<sup>[9]</sup>,改变土壤微生物组成、丰度及生态功能。芽孢杆菌等功能菌株是土壤生态系统中重要的分解者,与土壤中的养分可利用性和养分转化密切相关<sup>[10]</sup>。受土壤环境胁迫与土壤菌群间拮抗等因素影响,添加单一功能菌株往往难以发挥应有功能,而随着合成菌群技术的发展,将不同功能菌株组合得到比单一微生物菌株促生能力更强、更稳定的功能菌剂,多种复合菌相互促进、相互补充,功能远远大于单一菌株<sup>[11-13]</sup>。

目前,功能菌株与生物炭的联合使用已成为研究热点之一。已有研究<sup>[14]</sup>表明,生物炭作为载体,接种

不同类型功能菌株,可显著提高土壤养分。现有的研究<sup>[15]</sup>主要集中在研究生物炭不同添加量对土壤的影响,或者研究单一的施用生物炭<sup>[16]</sup>或单菌菌剂<sup>[17]</sup>对土壤质量的影响,以及研究生物炭配施单菌菌剂对土壤的影响<sup>[18]</sup>。通过人为引入特定功能菌剂,定向调控土壤微生物群落结构和强化特定生态功能,一直都是入侵生态学的研究热点。相较于传统农田和森林等生态系统,荒漠区沙化土壤微生物多样与群落构成及营养网络复杂性偏低,这可能利于外源微生物入侵。以微生物生态学视角,引入芽孢杆菌等功能菌剂至沙化土壤,对土壤菌群来说均属入侵行为,势必对土壤生态功能及其稳定性带来不同程度影响。目前,引入芽孢杆菌等功能菌剂后沙化土壤微生物的生态及功能演化机制尚未有清晰的认识。

因此,本研究选用组合功能菌剂(枯草芽孢杆菌+胶质芽孢杆菌+巨大芽孢杆菌),在配施生物炭的基础上,探究生物炭配施功能菌剂对沙化土壤养分及土壤细菌多样性与功能的影响,可为荒漠区生态经济林土壤肥力培育提供理论依据和调控途径。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

试验布设在中国科学院西安分院毛乌素生态试验站,位于陕西省神木市毛乌素沙地东南缘圪丑沟小流域,海拔为 1 250~1 280 m。流域内年均降水量为 560 mm,降水量集中在 7—8 月,占全年降水量的 65%左右。目前,该地区主要植物有沙柳(*Salix cheilophila*)、紫穗槐(*Amorpha fruticosa* L.)、沙地樟子松(*Pinus sylvestris* var. *mongolica*)、长柄扁桃

(*Amygdalus pcdunculata* Pall)、早熟禾(*Poa annua*)、花棒(*Hedysarum scoparium*)、蒺藜(*Fructus tribuli*)等。土壤类型主要为风沙土和黄绵土,供试土壤为贫瘠沙化农田土壤。

### 1.2 供试材料与试验设计

功能菌剂由枯草芽孢杆菌、胶质芽孢杆菌、巨大芽孢杆菌按 1:1:1 配比组合,活菌含量为  $2 \times 10^{10}$  CFU/g。制备生物炭的原料是杏壳和椰壳,通过 500~600 °C 温度裂解后形成。

试验于 2019 年 5 月 5—15 日开展,由于前期预试验中单独添加功能菌剂的处理,与空白对照相比土壤养分和细菌群落变化无显著性差异,因此本试验只探究生物炭不同梯度及配施功能菌剂对土壤养分和细菌群落的影响。试验设 1 个空白对照:10 kg 土壤无添加生物炭,标记为 CK;设 3 个生物炭不同梯度处理组:3 个各 10 kg 土壤生物炭添加量分别为 2%,4%,8%(质量分数)的处理,分别记为 BC1、BC2 和 BC3;设 3 个生物炭+功能菌剂处理:3 个各 10 kg 土壤添加定量功能菌剂 15 g,并且生物炭添加量分别为 2%,4%,8%(质量分数)的处理,分别记为 MB1、MB2 和 MB3;每个处理设 3 个重复。采用原位培养的方法布设培养盆,在试验样地挖取沙土堆放在无纺布上,按每份 10 kg 分别称取,生物炭添加量分别为 2%,4%,8%(质量分数);生物炭+功能菌剂处理中,每 10 kg 土壤添加 15 g 组合功能菌剂,将生物炭、土壤及组合功能菌剂充分混匀后装入高为 31 cm,直径为 28 cm 培养盆中,将培养盆埋入试验样地取土的原位沙坑,并进行编号。

### 1.3 土壤样品采集

布设试验后,采集 3 次不同时期(2019 年 7 月、2019 年 9 月、2020 年 5 月)的土壤样品,共获得 63 个土壤样品(7 个处理 $\times$ 3 个重复 $\times$ 3 次采样)。每个样品充分混合后分成 2 部分,一部分风干后进行土壤化学性质分析;另一部分储存在 -80 °C 冰箱内以便进行土壤细菌群落分析。通过对细菌测序结果初步分析发现,在时间尺度上同一处理 3 次采样的土壤细菌群落变化无显著性差异,因此后续将同一处理的 3 次采样作为重复,每个处理实际为 9 个重复,分析计算采用 9 个重复的平均值。

### 1.4 土壤样品分析

土壤化学性质的测定参照鲍士旦<sup>[19]</sup>的方法进行,有效磷采用碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法,土壤全氮采用凯氏定氮法,土壤有机质采用重铬酸钾氧化法,土壤全磷采用硫酸—高氯酸消煮—钼锑抗比色法,碱解氮采用碱解扩散法,电导率电极法<sup>[20]</sup>进行测定。

土壤微生物 DNA 利用 FastDNA™ SPIN Kit for

Soil 试剂盒提取,分别称取土壤样品 0.5~0.8 g,并通过 0.80% 琼脂糖电泳检测 DNA 提取质量,同时采用紫外分光光度计对 DNA 进行浓度和纯度检测。对 16S rRNA 基因 V4—V5 可变区进行 PCR 扩增,扩增引物序列为 515F (5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 907R (5'-CCGTCAATTCCTTTGAGTTT-3')。PCR 扩增产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测,根据 PCR 产物浓度进行等量混样,充分混匀后使用 1 $\times$ TAE 浓度 2% 的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物,剪切回收目标条带,使用 Thermo Scientific 公司 GeneJET 胶回收产物。使用 Thermofisher 公司 Ion Plus Fragment Library Kit 48 rxns 文库试剂盒进行文库构建,构建好的文库经过 Qubit 定量和文库检测合格后,使用 Thermofisher 的 Ion S5 XL 进行上机测序。使用 RStudio 中的 DaDa2 包处理测序数据,正向和反向序列被截断为 200 bp,最大错误数为 2 个错误。将序列合并、比对并移除嵌合体,将序列的分类信息与 SILVA 参考数据库(版本 132)进行匹配,并分类为扩增子序列变体(ASV),去除稀有细菌和非细菌 ASV(古细菌、叶绿体和线粒体)。根据最低测序深度统一进行随机重抽样,以避免测序深度导致的样本间差异。

### 1.5 数据处理与分析

采用 Excel 2016 软件进行数据整理,用 IBM SPSS Statistics Version 26 软件进行方差分析,并进行 F 显著性检验,运用 OriginPro 2019 软件完成绘图。采用 ACE 指数、香农指数以及  $\beta$  多样性来反映细菌物种丰富度及菌群多样性。采用 RStudio Version 4.1.2 整理微生物数据,通过 ape 包和 ggplot 2 包绘制 NMDS 分析图。使用 FAPROTAX (functional annotation of prokaryotic taxa) 数据库来预测细菌潜在生态功能。采用随机森林(RF)回归研究预测变量(细菌群落结构和  $\alpha$ 、 $\beta$  多样性)在土壤养分中的重要性,用 A3 包响应土壤养分的 5 000 个排列来评估重要性和交叉验证的 R 值,使用 rfPermute 包评估显著性,通过函数 importance 获得预测变量的相对重要性得分,变量 MSE 的百分比增长被用来估计这些预测因子的重要性,较高的 MSE% 值表明更重要的预测因子。采用 RStudio Version 4.1.2 软件中的 psych 包和 reshape 2 包绘制细菌生态功能和环境变量的相关性热图。

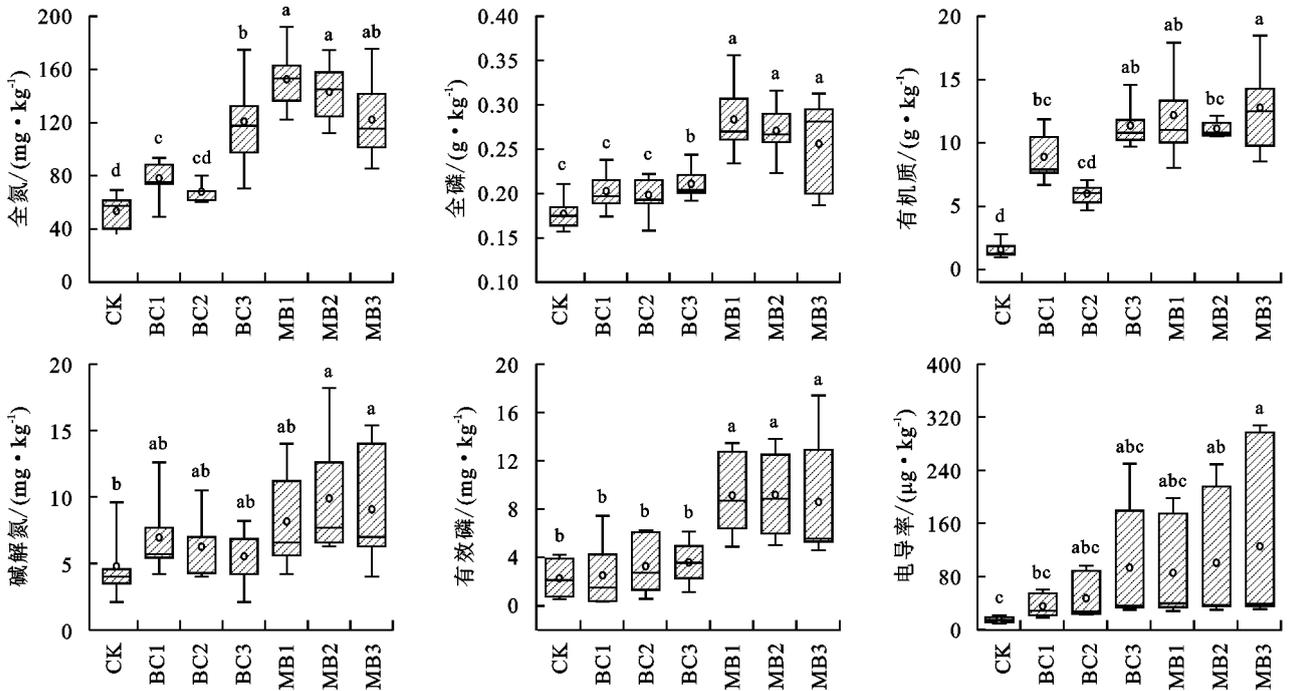
## 2 结果与分析

### 2.1 土壤化学性质

由图 1 可知,MB1 处理的土壤全氮、全磷含量较 CK 和 BC 处理均有显著提高;MB2 处理的有效磷、碱解氮含量显著高于 CK,均值为 9.18,8.15 mg/kg,与 BC 处理相比,MB 处理组土壤有效氮、磷养分含

量分别提升 44.71% 和 187.36%；土壤电导率、有机质含量在 MB3 处理达到最大值；BC、MB 处理土壤电导率含量变化范围为 31.21~93.04, 85.47~125.30

$\mu\text{S}/\text{cm}$ 。由此可得，与单一生物炭处理相比，生物炭配施功能菌剂处理对土壤中有效养分含量的提升效果更显著。



注：图柱上方不同小写字母表示生物炭不同处理间差异显著 ( $p < 0.05$ )；框图中下边缘为最小观察值；中横线为中位数；空心圆圈为平均值；上边缘为最大观察值。下同。

图 1 生物炭单施或配施功能菌剂土壤化学性质变化

## 2.2 土壤细菌群落组成

由图 2 可知，随生物炭施用量的增加，放线菌门、变形菌门细菌的丰度有上升的趋势，厚壁菌门细菌的丰度先增加后减小，其中厚壁菌门的平均相对丰

度为 9.37% (3.07%~16.38%)；BC 和 MB 处理均使酸杆菌门相对丰度显著降低；但是与 BC 处理相比，MB 处理使厚壁菌门细菌的丰度分别增加 163.80%，155.15%，100.21%。

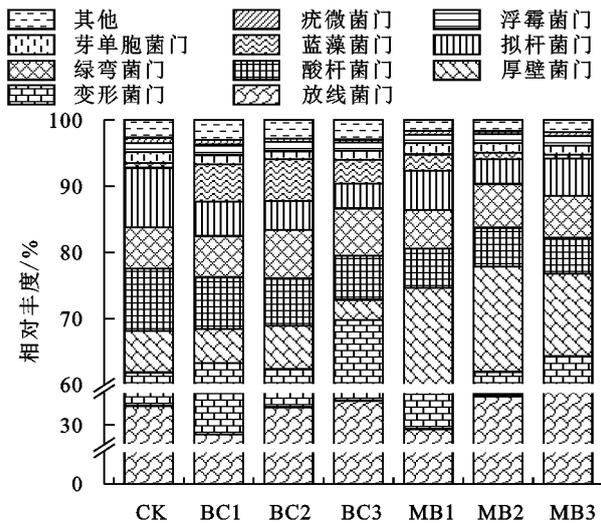
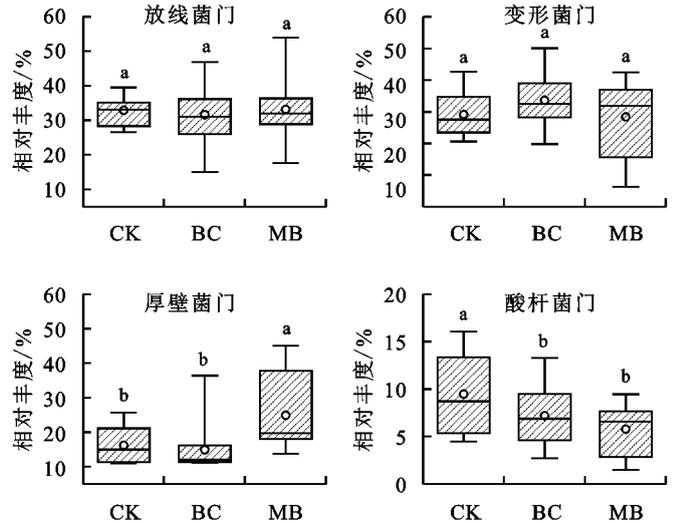


图 2 土壤细菌群落门水平组成和优势细菌门相对丰度的变化

由图 3 可知，CK 处理组中土壤细菌群落的优势菌属为 RB41 酸杆菌属 (5.05%)，BC 处理组中土壤细菌群落的优势菌属主要是诺卡氏菌属 (3.04%)，MB 处理组土壤细菌群落中的优势菌属主要是芽孢杆菌属 (4.95%)。根据优势细菌属相对丰度的变化 (图 3b) 可知，BC 和 MB 处理均使 RB41 酸杆菌属显著下降，MB 处理组使土壤



中诺卡氏菌属、节杆菌属的丰度显著下降，使芽孢杆菌属丰度显著上升。说明功能菌剂中的芽孢杆菌通过定殖而影响土壤中芽孢杆菌属的相对丰度，进而提升厚壁菌门的相对丰度。

## 2.3 土壤细菌群落多样性

当不考虑生物炭浓度时土壤细菌群落多样性无

显著性差异(图 4a,b)。香农多样性指数随生物炭浓度变化呈现显著性差异(图 4c,d) ( $p < 0.05$ ), 大小排序为 MB3 > MB2 > MB1 > CK > BC3 > BC2 > BC1;

MB3 处理显著提高土壤细菌群落的 ACE 指数。综上, MB 处理使土壤中细菌种类增加、多样性升高, 数量(丰度)显著升高。

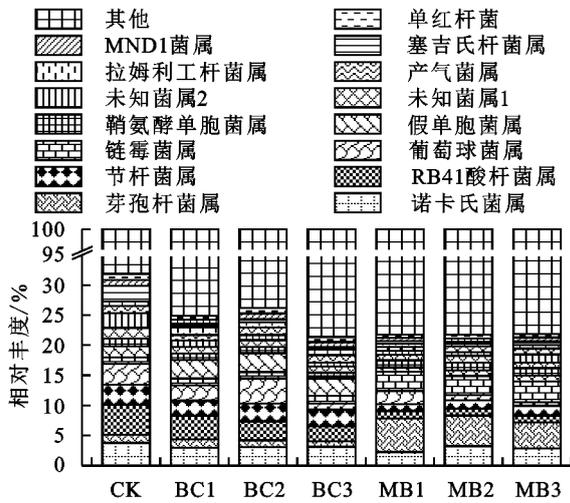


图 3 土壤细菌群落属水平组成和优势细菌属相对丰度的变化

由图 5 可知, 非度量多维尺度分析(NMDS)表明, BC 和 MB 处理在土壤细菌群落总体上显示出明显区分(ANOSIM 检验,  $p < 0.001$ ), 但在 CK 与 BC

处理土壤中重叠较多。土壤微生物群落  $\beta$  多样性差异分析结果表明, MB 处理组土壤  $\beta$  多样性最高, 表明其具有较高的群落分散度(图 5b)。

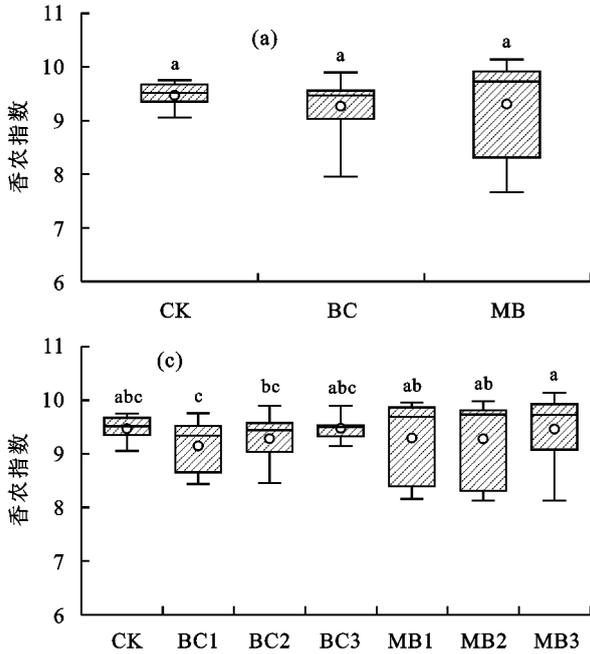
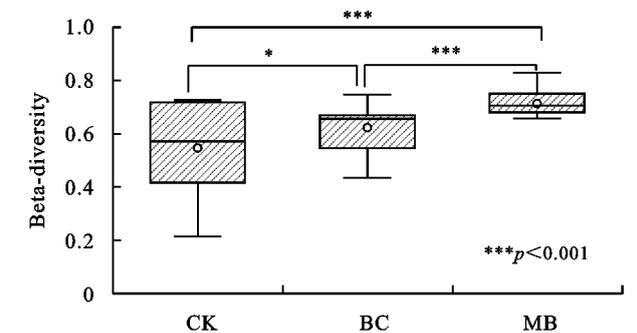
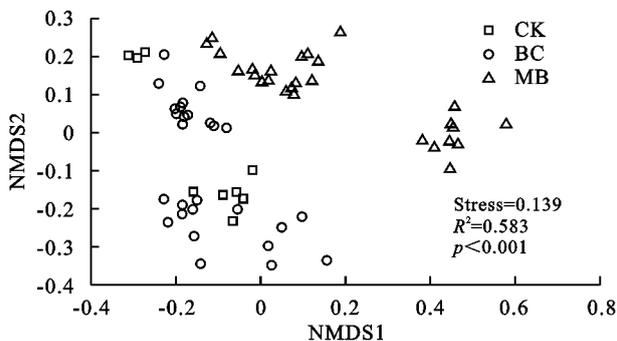


图 4 土壤细菌群落  $\alpha$  多样性变化



注: \* 表示  $p < 0.05$ ; \*\* 表示  $p < 0.01$ ; \*\*\* 表示  $p < 0.001$

图 5 土壤细菌群落  $\beta$  多样性变化

## 2.4 FAPROTAX 功能预测

由表 1 可知,共有 14 种与碳、氮循环有关的功能具有显著变化。与碳循环有关的生态功能变化更为显著,其中 MB 处理组土壤细菌群落对有机物质分解潜力提升,如化能异养型、壳聚糖分解和木聚糖分解

过程较 CK 分别上升 31.43%,186.53%和 242.46%;与空白 CK 相比,BC 处理提升芳香族化合物降解过程。在氮循环有关的功能中,BC 处理增强细菌的反硝化与固氮的功能;MB 处理增强细菌的硝酸盐氮化、亚硝酸盐氮化及呼吸过程的功能。

表 1 基于 FAPROTAX 预测的土壤细菌生态功能相对丰度

生态功能类别		CK	BC	MB	F values
碳循环	化能异养型	1.40±0.39b	1.40±0.26b	1.84±0.42a	11.77***
	好氧化能异养型	1.43±0.38b	1.42±0.28b	1.80±0.41a	8.84***
	芳香化合物降解	1.63±0.55ab	1.84±0.90a	1.32±0.46b	3.76*
	纤维素分解	1.03±0.62b	1.57±1.04ab	1.79±0.94a	2.16
	壳聚糖分解	0.89±0.32b	1.02±0.60b	2.39±1.22a	18.64***
	木聚糖分解	0.73±0.30b	0.96±0.61b	2.5±1.52a	16.91***
氮循环	反硝化	1.39±0.72b	2.30±1.73a	0.94±0.46b	8.65***
	固氮	1.31±0.33a	1.74±0.91a	1.52±0.72a	1.18
	尿素分解	2.12±0.99a	1.51±1.01a	1.49±0.79a	1.75
	硝酸盐呼吸	1.19±0.51a	1.79±1.23a	1.52±0.44a	1.73
	亚硝酸盐呼吸	0.89±0.37b	1.42±1.03b	1.99±0.58a	7.58***
	亚硝酸盐氮化	0.65±0.48b	0.66±0.58b	2.83±1.32a	39.26***
	硝酸盐氮化	0.65±0.48b	0.66±0.58b	2.83±1.32a	39.25***
	好氧亚硝酸盐氧化	1.68±1.21ab	1.96±0.99a	1.18±0.58b	5.45**

注:同行不同小写字母表示生物炭不同处理间差异显著( $p<0.05$ );\*表示 $p<0.05$ ;\*\*表示 $p<0.01$ ;\*\*\*表示 $p<0.001$ 。

## 2.5 环境因子与土壤细菌群落及功能预测菌群的相关性

采用随机森林模型识别土壤养分变化的重要预测因子。结果表明,对于土壤全氮的变化,Beta-NMDS1 是最重要的预测因子(图 6a)。对于土壤全磷,芽单胞菌门和 Beta-NMDS1 是最重要的预测因子(图 6b)。浮霉菌门和 Beta-NMDS2 是土壤有机质最重要的预测因子(图 6c),对于土壤碱解氮,香农多样性指数和 Beta-NMDS1 是最重要的预测因子(图 6d)。对于土壤有效磷,绿弯菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门和 Beta-NMDS1 是最重要的预测因子(图 6e),而对于土壤电导率,重要的预测因子是浮霉菌门、Beta-NMDS1 和 Beta-NMDS2(图 6f)。说明功能菌剂通过在土壤中定植,影响细菌群落结构和多样性,进而促进土壤中的有效养分的转化。

此外,对所预测的微生物生态功能和土壤环境因子进行相关性分析(图 7)。全氮、有机质和有效磷是影响细菌生态功能的主要因素,其次是电导率、全磷和碱解氮。全氮、有机质和有效磷与化能异养型、好氧化能异养型、纤维素分解、壳聚糖分解、木聚糖分解、亚硝酸盐呼吸、亚硝酸盐氮化、硝酸氮化呈显著正相关,而有效磷和全氮与反硝化过程呈负相关;碱解氮和全磷与化能异养型、纤维素分解、壳聚糖分解、木聚糖分解、硝酸盐呼吸、亚硝酸盐呼吸、亚硝酸盐氮化、硝酸氮化呈显著正相关,而碱解氮与固氮过程呈负相关。

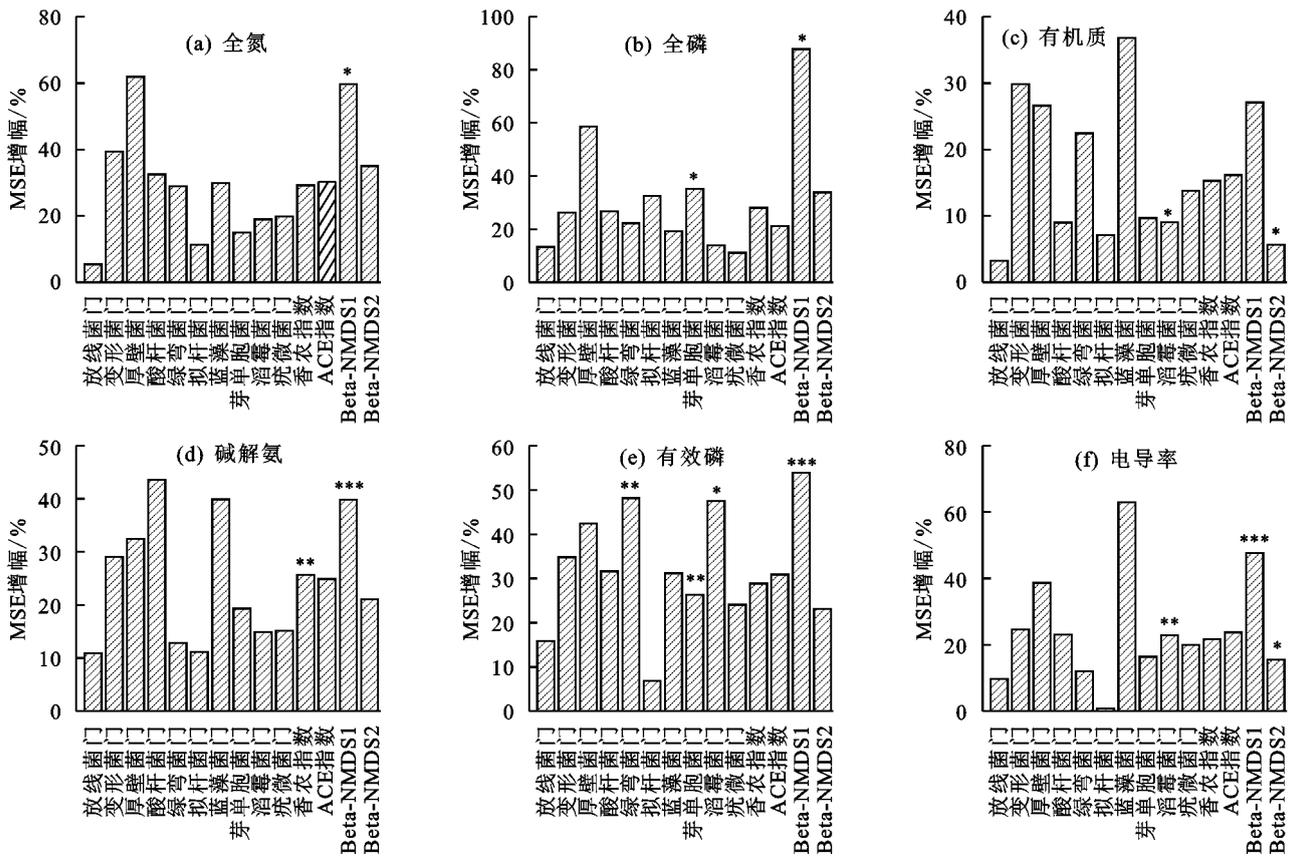
## 3 讨论

### 3.1 生物炭和功能菌剂对沙化土壤化学特性的影响

生物炭配施单菌菌剂可以增加土壤中有效养分

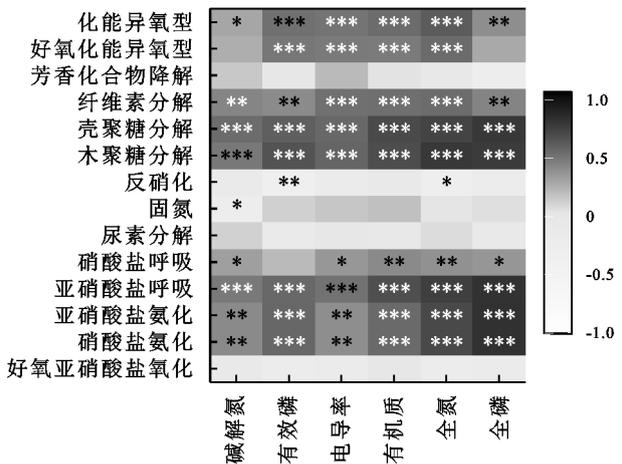
含量<sup>[21]</sup>。本研究选用不同浓度生物炭并配施功能菌剂,研究其对沙化土壤修复效果,结果(图 1)表明,MB 处理比 BC 处理对养分提升效果更显著,究其原因可能是生物炭一方面改善土壤的栖息环境<sup>[22]</sup>,生物炭的多孔结构有利于保障施入土壤中的功能菌剂的活性<sup>[23]</sup>,起到增效作用;另一方面,功能菌剂微生物通过分解土壤中的有效养分,发挥解磷、解钾、固氮的作用,促进土壤中微量元素的释放及螯合,增强土壤养分循环过程,对土壤表现出活化效应<sup>[24]</sup>。MB3 处理中土壤有机质含量较其他处理显著提高,其原因可能是功能菌剂中的枯草芽孢杆菌通过成功定殖,产生的激素、维生素、酶等增加有机质含量<sup>[12]</sup>。MB2 处理中土壤有效磷、碱解氮含量较 CK 显著提高,原因可能是生物炭特殊的物理结构及较强吸附特性,能够固定和吸附土壤中养分;另外 QH 功能菌剂中的胶质芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌及巨大芽孢杆菌加速有机物质的分解,促进土壤无效磷的溶解,进而向土壤中释放速效氮磷养分,增强土壤养分的有效性;功能菌剂中微生物通过呼吸释放的质子,可以促进土壤中无机磷的溶解,这可能也是土壤有效磷含量上升的原因之一<sup>[11]</sup>。毛晓曦等<sup>[25]</sup>研究中也类似结果,即生物炭配施功能微生物菌剂能改善土壤养分。本研究结果表明,不同浓度生物炭与功能菌剂的联合施用可显著提升土壤有效养分含量,对沙化土壤肥力的改良具有促进作用,提高生物炭与功能菌剂协同改良沙化土壤肥力的潜力。此外,毛乌素沙地土壤发育程度较低,对养分的吸附能力较弱<sup>[26]</sup>,不同浓度生物炭配施功能菌剂可

提高沙土对氮、磷、有机质的吸附保持作用,改善“漏水 漏肥”的现状。



注: \* 表示  $p < 0.05$ ; \*\* 表示  $p < 0.01$ ; \*\*\* 表示  $p < 0.001$ ; MSE 为均方误差。

图 6 细菌群落结构和  $\alpha$ 、 $\beta$  多样性在土壤养分中的重要性



注: X 轴为土壤环境因子; Y 轴为潜在生态功能, 图例灰度表示相关性。

图 7 潜在生态功能与土壤环境因子的相关性

### 3.2 生物炭和功能菌剂对沙化土壤细菌群落的影响

土壤微生物的丰度和多样性可灵敏反映土壤环境变化。本研究发现,不同浓度生物炭配施功能菌剂使厚壁菌门细菌的相对丰度显著增加(图 2b),表明芽孢杆菌通过定殖或分泌抑菌物质改变土壤微生物的群落结构<sup>[27]</sup>,更利于厚壁菌门的生长。BC 和 MB 处理均使酸杆菌门相对丰度显著降低,这可能与施加的生物炭中含有的金属元素对酸杆菌门活性的抑制作用有关<sup>[28]</sup>。功能菌剂中的微生物在土壤中的定

殖增加芽孢杆菌属的丰度(图 3b),显著增加土壤中有益微生物的丰度,能够使土壤中的微生物菌门和属处于上升的趋势,且以有益微生物为主。NMDS 分析表明,CK 与 BC 处理较为接近,与 MB 处理明显区分开,说明生物炭+功能菌剂处理(MB)影响土壤的细菌群落结构,当生物炭的浓度达到一定值,细菌群落结构发生明显的改变。与 BC 处理组相比,MB 处理提高土壤微生物群落的  $\alpha$ 、 $\beta$  多样性(图 4)。这一结果与王明湖等<sup>[17]</sup>的研究相似,发现不同微生物菌剂处理显著影响土壤细菌的群落结构,增加厚壁菌门的相对丰度。土壤细菌群落多样性提高有利于促进土壤生态系统的稳定,并且能延缓土壤微生物生态环境的恶化。

### 3.3 生物炭和功能菌剂对沙化土壤细菌群落功能的影响

功能预测结果表明,参与土壤碳循环的细菌主要为化能异养型、好氧化能异养型。这与陈昕等<sup>[29]</sup>和吴希慧等<sup>[30]</sup>的研究结果一致,其次是纤维素分解、壳聚糖分解、木聚糖分解性型细菌。参与氮循环的主要为反硝化、硝酸氨化、亚硝酸盐呼吸及氨化、好氧亚硝酸盐氧化型细菌。功能菌剂能在合适的条件下,结合土壤中的有益微生物,改善土壤微生物菌群<sup>[31]</sup>,土壤养分全氮的提升加快微生物对有机质的分解与转化,

促进氮代谢<sup>[29]</sup>。生物炭和功能菌剂的添加改变土壤细菌介导的碳氮循环功能,其中生物炭配施功能菌剂后对有机物质分解潜力提升,原因可能是功能菌剂发挥分解作用,提升纤维素、壳聚糖和木聚糖的分解;在氮循环方面,生物炭配施功能菌剂为微生物提供额外的养分,土壤细菌潜在的氨化和呼吸过程总体呈现出增强趋势,这可能是由于巨大芽孢杆菌、枯草芽孢杆菌、胶质芽孢杆菌的成功定殖为氨化和呼吸的微生物提供足够的能量来源和电子受体,营造对氨化和呼吸细菌生长更有利的环境。生物炭单施后,土壤细菌潜在的固氮和反硝化过程总体呈现增强趋势,这可能是由于细菌对土壤条件改变的逐步适应。进一步分析发现,土壤细菌群落潜在的生态功能变化与环境因子显著相关(图 7),其中全氮、有机质和有效磷是影响细菌生态功能的主要因素。但是本试验中生物炭+功能菌剂可能通过影响其他指标或者其他途径间接影响土壤微生物群落结构与功能;另一方面,生物炭裂解温度、不同土壤、菌剂组合方式等都可能造成试验结果不同,因此生物炭+功能菌剂对沙化土壤细菌多样性与群落功能的影响机制还需要进一步深入研究。

## 4 结论

(1)生物炭作为一种良好的土壤改良剂,与功能菌剂的联合使用在改良沙化土壤方面有重要的作用。生物炭配施功能菌剂增强沙化土壤养分有效性,土壤养分含量随生物炭添加量的增加而有不同程度的波动,与单施生物炭相比,生物炭配施功能菌剂处理组土壤有效氮、磷养分含量分别提升 44.71% 和 187.36%,从而改善土壤的养分状况,其中 8% 生物炭配施功能菌剂(MB3)处理改良效果尤为显著。

(2)与单施生物炭相比,生物炭配施功能菌剂通过调节土壤化学特性,显著提高厚壁菌门的相对丰度,分别增加 163.80%, 155.15%, 100.21%。生物炭的多孔结构有利于保障施入土壤中的功能菌剂的活性,生物炭与功能菌剂的联合使用,增加土壤细菌群落的香农多样性指数、ACE 指数和  $\beta$  多样性。

(3)生物炭与功能菌剂配施改变土壤细菌介导的碳氮循环功能,如显著提高土壤细菌的有机物质分解功能,增强细菌氨化和呼吸功能,单施生物炭处理提升细菌的反硝化与固氮功能。生物炭和功能菌剂的联合施加改变细菌的群落结构,其中全氮和有效磷是影响细菌群落潜在在生态功能的重要环境因子。

### 参考文献:

[1] 朱灵,李易,杨婉秋,等.沙化对高寒草地土壤碳、氮、酶活性及细菌多样性的影响[J].水土保持学报,2021,35(3):350-358.

[2] Milkereit J, Geisseler D, Lazicki P, et al. Interactions between nitrogen availability, bacterial communities, and nematode indicators of soil food web function in response to organic amendments [J]. *Applied Soil Ecology*, 2021, 157: e103767.

[3] 江仁涛,李富程,沈淞涛,等.不同年限红柳恢复川西北高寒沙地对土壤团聚体和有机碳的影响[J].水土保持学报,2018,32(1):197-203.

[4] 刘文辉,梁翔宇,孙小涵,等.生物炭作为土壤改良剂在农业上的应用研究进展[J].中国资源综合利用,2020,38(6):108-110.

[5] 闻艺,王昌梅,张无敌,等.生物炭的研究现状与农业推广应用分析[J].安徽农业科学,2021,49(22):10-13,17.

[6] Kuzyakov Y, Bogomolova I, Glaser B. Biochar stability in soil: Decomposition during eight years and transformation as assessed by compound-specific <sup>14</sup>C analysis [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 229-236.

[7] Novak J M, Lima I, Xing B, et al. Characterization of designer biochar produced at different temperatures and their effects on a loamy sand [J]. *Annals of Environmental Science*, 2009, 3(11):195-206.

[8] 王湛,李银坤,徐志刚,等.生物炭对土壤理化性状及氮素转化影响的研究进展[J].土壤,2019,51(5):835-842.

[9] 许云翔,何莉莉,陈金媛,等.生物炭对农田土壤氮挥发的影响机制研究进展[J].应用生态学报,2020,31(12):4312-4320.

[10] 罗锋,杭中桥,焦玉霞,等.农用微生物菌剂在蔬菜上的应用试验[J].中国园艺文摘,2009,25(8):39-40.

[11] 李俊,姜昕,李力等.微生物肥料的发展与土壤生物肥力的维持[J].中国土壤与肥料,2006(4):1-5.

[12] 杨涛,姚阳阳,王治业,等.复合菌剂调控连作当归根围土壤养分及对产量的影响[J].微生物学通报,2022,49(7):2648-2660.

[13] Wang J J, Li Q Q, Xu S, et al. Traits-based integration of multi-species inoculants facilitates shifts of indigenous soil bacterial community[C]//中国土壤学会土壤环境专业委员会,第二十次会议暨农田土壤污染与修复研讨会摘要集.合肥,2018:141-142.

[14] 王岩,周鹏,白立伟,等.生物炭和 AM 真菌配施对连作辣椒生长和土壤养分的影响[J].中国生态农业学报(中英文),2020,28(10):1600-1608.

[15] 李卓瑞,韦高玲.不同生物炭添加量对土壤中氮磷淋溶损失的影响[J].生态环境学报,2016,25(2):333-338.

[16] 陈心想,何绪生,耿增超,等.生物炭对不同土壤化学性质、小麦和糜子产量的影响[J].生态学报,2013,33(20):6534-6542.

[17] 王明湖,连瑛,李雅颖,等.不同微生物菌剂对草莓炭疽病防控和土壤微生物群落结构的影响[J].浙江农业科学,2022,63(4):783-786.

[18] 赵晓军,李丽,张璇,等.生物炭与微生物菌剂配施对土壤生物和化学特性的影响[J].安徽农业科学,2018,46(25):109-112.

[19] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3版.北京:中国农业出版

- 社,2010.
- [20] 环境保护部.中华人民共和国国家环境保护标准《HJ802—2016—土壤电导率的测定电极法》[S].北京:中国环境科学出版社,2016.
- [21] Victoria N, Tobias R, Dries H, et al. Maize biochars accelerate short-term soil nitrogen dynamics in a loamy sand soil[J].*Soil Biol and Biochemistry*,2012,55:20-27.
- [22] 唐行灿,陈金林.生物炭对土壤理化和微生物性质影响研究进展[J].*生态科学*,2018,37(1):192-199.
- [23] Robertson S J, Rutherford P M, López-Gutiérrez J C, et al. Biochar enhances seedling growth and alters root symbioses and properties of sub-boreal forest soils[J].*Canadian Journal of Soil Science*,2012,92(2):329-340.
- [24] 张清敏,刘曼,周湘婷.微生物肥料在土壤生态修复中的作用[J].*农业环境科学学报*,2006,25(增刊 1):283-284.
- [25] 毛晓曦,管培彬,马理,等.有机物料配施菌剂对设施次生盐渍化土壤的修复效果[J].*中国农学通报*,2021,37(26):80-87.
- [26] Yang X, Post W M, Thornton P E, et al. The distribution of soil phosphorus for global biogeochemical modeling[J].*Biogeosciences*,2013,10(4):2525-2537.
- [27] Hatzinger P B, Alexander M. Relationship between the number of bacteria added to soil or seeds and their abundance and distribution in the rhizosphere of alfalfa[J].*Plant and Soil*,1994,158(2):211-222.
- [28] 程扬,刘子丹,沈启斌,等.秸秆生物炭施用对玉米根际和非根际土壤微生物群落结构的影响[J].*生态环境学报*,2018,27(10):1870-1877.
- [29] 陈昕,李奇,陈懂懂,等.三江源国家公园不同草地土壤微生物功能基因的差异性分析[J].*生态环境学报*,2020,29(3):472-482.
- [30] 吴希慧,王蕊,高长青,等.土地利用驱动的土壤性状变化影响微生物群落结构和功能[J].*生态学报*,2021,41(20):7989-8002.
- [31] 褚义红,崔世茂,付崇毅,等.不同微生物菌肥对生菜生长及品质的影响[J].*蔬菜*,2014(3):20-24.
- (上接第 344 页)
- [13] 杨忠浩,党廷辉,路远,等.黄土塬区春玉米氮肥—水分—产量关系研究[J].*水土保持学报*,2020,34(4):237-240,248.
- [14] 王兵,刘文兆,党廷辉,等.长期施肥条件下旱作农田土壤水分剖面分布特征[J].*植物营养与肥料学报*,2007,13(3):411-416.
- [15] 鲍士旦.土壤农化分析[M].3 版.北京:中国农业出版社,2000.
- [16] 王珍,冯浩,吴普特,等.土壤扩蓄增容肥对春玉米产量及水分利用效率的影响[J].*农业工程学报*,2009,25(11):114-119.
- [17] 黄容,高明,万毅林,等.秸秆还田与化肥减量配施对稻—菜轮作下土壤养分及酶活性的影响[J].*环境科学*,2016,37(11):4446-4456.
- [18] 牛芬菊,张雷,李小燕,等.旱地全膜双垄沟播玉米秸秆还田对玉米生长及产量的影响[J].*干旱地区农业研究*,2014,32(3):161-165,188.
- [19] 颜晓元,夏龙龙,遆超普.面向作物产量和环境双赢的氮肥施用策略[J].*中国科学院院刊*,2018,33(2):177-183.
- [20] 张亮.关中麦玉轮作区施氮对秸秆还田小麦产量和秸秆养分释放的影响[D].陕西 杨凌:西北农林科技大学,2012.
- [21] 吴三鼎,董强,党廷辉.减量施氮及秸秆深埋对春玉米地土壤电导率和硝态氮淋溶的影响[J].*水土保持学报*,2018,32(6):46-51.
- [22] 郭胜利,吴金水,郝明德,等.长期施肥对  $\text{NO}_3^- - \text{N}$  深层积累和土壤剖面中水分分布的影响[J].*应用生态学报*,2003,14(1):75-78.
- [23] 易彩琼,王胜,樊军.黄土高原坡地退耕恢复草地的土壤水分动态[J].*草地学报*,2015,23(6):1182-1189.
- [24] 姚小英,王莺,王兴,等.黄土高原旱塬区玉米田土壤水分变化特征及对产量的影响[J].*江苏农业科学*,2020,48(12):292-297.
- [25] 高洪军,朱平,彭畅,等.不同施肥方式对东北春玉米农田土壤水热特征的影响[J].*水土保持学报*,2015,29(4):195-200.
- [26] 胡锦涛,樊军,付威,等.不同管理措施对黄土塬区农田土壤水分调控和硝态氮淋溶累积的影响[J].*植物营养与肥料学报*,2019,25(2):213-222.
- [27] 韩云良,胡迎春,张宁宁,等.覆膜时期和方式对黄土高原春玉米耗水特性和产量的影响[J].*西北农业学报*,2018,27(3):362-371.
- [28] 张万锋,杨树青,娄帅,等.耕作方式与秸秆覆盖对夏玉米根系分布及产量的影响[J].*农业工程学报*,2020,36(7):117-124.
- [29] 李波,陈天助,姚名泽,等.东北半湿润地区深埋秸秆周围土壤水分的动态变化[J].*灌溉排水学报*,2016,35(9):51-55.
- [30] 余坤,冯浩,李正鹏,等.秸秆还田对农田土壤水分与冬小麦耗水特征的影响[J].*农业机械学报*,2014,45(10):116-123.
- [31] 赵亚丽,薛志伟,郭海斌,等.耕作方式与秸秆还田对冬小麦—夏玉米耗水特性和水分利用效率的影响[J].*中国农业科学*,2014,47(17):3359-3371.
- [32] 郑利芳,吴三鼎,党廷辉.不同施肥模式对春玉米产量、水分利用效率及硝态氮残留的影响[J].*水土保持学报*,2019,33(4):221-227.