



尉鹏雁,游惠明,谭芳林,等.生物炭添加对红树林湿地土壤细菌群落的影响[J].江西农业大学学报,2025,47(1):141–151.
YU P Y, YOU H M, TAN F L, et al. Effects of biochar addition on soil bacterial communities in mangrove wetlands[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2025, 47(1): 141–151.

生物炭添加对红树林湿地土壤 细菌群落的影响

尉鹏雁^{1,2}, 游惠明^{2,3,4}, 谭芳林^{2,3,4*}, 郑立地^{2,3,4}, 乐通潮^{2,3,4}, 刘金福^{1*}

(1. 福建农林大学 林学院, 福建 福州 350002; 2. 福建省林业科学研究院 生态环境研究所, 福建 福州 350012; 3. 福建泉州湾湿地生态系统国家定位观测研究站, 福建 泉州 362000; 4. 福建省森林培育与林产品加工利用重点实验室, 福建 福州 350012)

摘要:【目的】研究滨海湿地红树林生态恢复过程中的生物炭添加下湿地土壤细菌群落结构的变化,对红树林湿地有机碳循环机制研究和红树林湿地碳汇功能提升具有重要意义。【方法】以闽江河口红树林湿地土壤为研究对象,设置3种生物炭(互花米草生物炭、芦苇生物炭和秋茄生物炭)和3种添加量(炭土比分别为1%、2%和4%)处理,通过高通量测序技术研究生物炭添加量对红树林湿地土壤细菌多样性及群落结构的影响。【结果】(1)互花米草生物炭产率和含碳量最高;(2)生物炭添加显著提高了红树林湿地土壤细菌的数量与多样性,以芦苇生物炭1%添加时Shannon指数最大,土壤OTUs数量最多;(3)在门水平上,生物炭添加后红树林湿地土壤细菌的优势门为变形菌门、放线菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和拟杆菌门,互花米草生物炭和芦苇生物炭添加增加了放线菌门相对丰度,生物炭添加可以有效降低拟杆菌门相对丰度;在纲水平上, α -变形菌纲、放线菌纲和 γ -变形菌纲为主要类群,芦苇生物炭以2%添加时 α -变形菌纲相对丰度最高,秋茄生物炭以1%添加时放线菌纲相对丰度最高,生物炭添加有效降低了 γ -变形菌纲相对丰度;(4)生物炭添加处理与对照组之间存在67个显著差异种群,未添加生物炭土壤中的拟杆菌属、绿弯菌门、黄桿菌科等的相对丰度显著高于生物炭添加土壤。【结论】红树林湿地土壤细菌群落结构通过不同种类生物炭添加而改变,且土壤细菌群落受生物炭种类以及添加量的影响,生物炭添加可以提高土壤细菌群落的多样性及物种丰富度。

关键词:红树林;生物炭;土壤细菌;多样性;群落结构

中图分类号:S154.3 **文献标志码:**A

开放科学(资源服务)标识码(OSID):

文章编号:1000-2286(2025)01-0141-11



Effects of biochar addition on soil bacterial communities in mangrove wetlands

YU Pengyan^{1,2}, YOU Huiming^{2,3,4}, TAN Fanglin^{2,3,4*}, ZHENG Lidi^{2,3,4},
LE Tongchao^{2,3,4}, LIU Jinfu^{1*}

收稿日期:2024-07-19 **修回日期:**2024-09-23

基金项目:福建省林业攻关项目(2023FKJ02)、国家林业和草原应急揭榜挂帅项目(202303)和福建省林业科研项目(2022FKJ04)

Project supported by Fujian Province Forestry Research Project (2023FKJ02), National Forestry and Grassland Emergency Unveiling and Marshalling Project (202303) and Fujian Province Forestry Research Project (2022FKJ04)

作者简介:尉鹏雁,硕士生, orcid.org/0009-0003-8300-7602, fnhypy@163.com; *通信作者:谭芳林,教授级高工,博士,主要从事森林生态及湿地生态研究, orcid.org/0000-0002-5119-7494, fanglntan@163.com; 刘金福,教授,博士,主要从事野生动植物保护与利用研究, orcid.org/0009-0004-1560-527X, fjljf@fafu.edu.cn。

©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取 CC BY-NC-ND 协议

(1. College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2. Fujian Academy of Forestry Science, Fuzhou 350012, China; 3. National Positional Observatory of Wetland Ecosystems in Quanzhou Bay, Quanzhou, Fujian 362000, China; 4. Key Laboratory of Forestry Cultivation and Forest Product Processing and Utilization of Fujian Province, Fuzhou 350012, China)

Abstract: [Objective] This study aims to investigate the changes in the bacterial community structure of coastal wetland soils in response to biochar addition during the ecological restoration of mangrove wetlands, which is of significant importance for understanding the organic carbon cycling mechanisms in mangrove wetlands and enhancing their carbon sequestration function. [Method] Using soils from mangrove wetlands in the Min River estuary as the research subject, three types of biochar (*Spartina alterniflora* biochar, reed biochar, and *Kandelia obovata* biochar) and three addition levels (biochar-to-soil ratios of 1%, 2%, and 4%) were set. The effects of biochar addition on bacterial diversity and community structure were examined through high-throughput sequencing technology. [Result] (1) *Spartina alterniflora* biochar had the highest yield and carbon content; (2) Biochar addition significantly increased the quantity and diversity of bacteria in mangrove wetland soils, with the Shannon index peaking and OTUs being most numerous at 1% reed biochar addition; (3) At the phylum level, the dominant bacterial phyla in mangrove wetland soils after biochar addition were *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Chloroflexi*, *Acidobacteria*, and *Bacteroidetes*. *Spartina alterniflora* and reed biochar increased the relative abundance of *Actinobacteria*, while biochar addition effectively reduced the relative abundance of *Bacteroidetes*. At the class level, *Alphaproteobacteria*, *Actinobacteria*, and *Gammaproteobacteria* were the main groups. The relative abundance of *Alphaproteobacteria* was the highest with 2% reed biochar addition, while *Actinobacteria* was the most abundant with 1% *Kandelia obovata* biochar addition. Biochar addition effectively reduced the relative abundance of *Gammaproteobacteria*; (4) A total of 67 significantly different taxa were identified between the biochar-treated and control groups. The relative abundances of *Bacteroides*, *Chloroflexi*, and *Flavobacteriaceae* were significantly higher in soils without biochar compared with those with biochar amendments. [Conclusion] The soil bacterial community structure of mangrove wetland changed by adding different kinds of biochar, and the soil bacterial community was affected by the type and amount of biochar. Biochar addition could improve the diversity and species richness of soil bacterial community.

Keywords: mangrove forest; biochar; soil bacteria; diversity; community structure

【研究意义】生物炭(Biochar)是由生物质在缺氧环境下经过高温热解形成的固态物质,以其高度芳香化的结构、丰富的孔隙和巨大的表面积而著称。其不仅极为稳定,具备出色的碳封存能力,而且碳元素含量丰富^[1-2],为微生物的生长提供碳源^[3],成为微生物栖息生活的微环境^[4]。生物炭的应用研究表明,施用其能显著增强土壤的水分、养分保持能力和阳离子交换能力。此外,生物炭在稳定土壤有机碳库以及维持土壤生态系统的平衡都扮演着至关重要的角色。红树林湿地作为“蓝碳”生态系统的重要组成部分,尤其在如今“双碳”的背景下,其生态系统碳汇方面的研究越来越引起学者们的关注。研究滨海湿地红树林生态恢复过程中的生物炭添加下湿地土壤细菌群落结构的变化,对红树林湿地有机碳循环机制研究和红树林湿地碳汇功能提升具有重要意义。【前人研究进展】吴昌浩^[5]将1%的芦苇生物炭添加到白蜡人工林土壤中发现,生物炭短期添加通过增加对应的功能基因丰度促进二氧化碳固定、固氮、反硝化和无机磷溶解,增加了土壤细菌生物量,促进土壤养分循环,从而使土壤碳氮在培养后期可以固存。包明琢等^[6]将杉木水洗生物炭和氧化生物炭添加到二代杉木林地土壤中发现,生物炭添加处理中土壤的细菌相对丰度以及群落结构差异较大,不同种类的生物炭添加分别降低子囊菌门相对丰度,提高了毛霉亚门相对丰度。Khamhak^[7]将水稻秸秆生物炭添加到农田土壤中发现,水稻秸秆生物炭添加抑制了土壤微生物活性,微生物丰富度和均匀度均减小;姜珊等^[8]通过短期对退化盐碱湿地土壤添加生物炭发现,短期高浓度生物炭添加对退化盐碱地湿地土壤微生物有促进作用,对细菌的促进作用最为明显。

【本研究切入点】目前生物炭的研究更多涉及农田秸秆、施肥或生物炭的单一和复合添加,未见红树植物生物炭的制备与添加试验,且添加试验以稻田土壤及农田土壤为主,很少涉及对红树林湿地土壤的添加研究。在我国大力开展湿地生态恢复及湿地植被恢复的背景下,开展区内土壤微生物的研究将对于深入理解闽江河口湿地生态系统的物质和能量循环具有重要意义^[9]。【拟解决的关键问题】本试验以闽江河口红树林湿地沉积物为研究对象,通过室内培养试验,分析了不同生物炭不同比例添加对土壤细菌群落多样性、细菌群落组成及细菌群落结构的影响,通过研究生物炭添加后土壤微生物的变化规律,以为红树林的科学恢复提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

2023年4月在闽江河口湿地自然保护区选取红树林湿地沉积物(表层0~15 cm)为试验对象,闽江河口湿地普遍生长的芦苇(鞘)、保护区内种植的秋茄(枝干)以及入侵植物互花米草(鞘)作为生物炭制备的原材料,互花米草和芦苇只采集地上部分,秋茄采集树枝枝干部分。将采集湿地沉积物和植物带回实验室,清洗植物表面,去除土壤和杂质后,在烘箱中85℃烘干植物至恒重。随后将植物切成小块,并使用研磨机研磨成粉末状,随后密封保存备用。

本次试验主要为室内培养试验,将采集的沉积物自然风干后,挑除沉积物中较大的海蛎壳、根物质等杂质,充分混合均匀后过100目筛。称取研磨过筛的自然风干土样100 g放入250 mL培养瓶中,选用不同种类的生物炭(互花米草生物炭、芦苇生物炭、秋茄生物炭)依不同比例添加至土壤中,并以不添加生物炭(CK处理)作为对照组处理。试验所用生物炭以互花米草、芦苇、秋茄为原料在马弗炉中以300℃热解2 h形成。互花米草生物炭(S)、芦苇生物炭(P)、秋茄生物炭(K)与干土比例1%、2%和4%的添加量混合,再往瓶中加入超纯水,使土壤达到天然含水量(30%),共9个处理及1个空白对照,记为S₁、S₂、S₄、P₁、P₂、P₄、K₁、K₂、K₄、CK,每个培养样品3个重复,添加方法及编号见表1。然后将培养瓶放置振荡器上,以200 r/min振荡频率振荡30 min,使得水土混合成泥浆。在试验期间,每2天加1次超纯水,2周为1个试验周期,试验共持续5个周期,在整个试验开始之前先进行1个月的预培养试验,预培养试验不计入总试验周期。整个培养试验在培养箱内进行,培养箱设置温度为恒温26℃,光照培养12 h,黑暗培养12 h,共持续培养4个月。

表 1 生物炭添加方法及编号
Tab.1 Biochar addition methods and numbers

处理方法 Treatment	编号 Serial number	处理方法 Treatment	编号 Serial number
100 g 土壤+1 g 互花米草生物炭 100 g of soil+1 g of <i>Spartina alterniflora</i> biochar	S ₁	100 g 土壤+4 g 芦苇生物炭 100 g of soil+4 g of reed biochar	P ₄
100 g 土壤+2 g 互花米草生物炭 100 g of soil+2 g of <i>Spartina alterniflora</i> biochar	S ₂	100 g 土壤+1 g 秋茄生物炭 100 g of soil+1 g of <i>Kandelia obovata</i> biochar	K ₁
100 g 土壤+4 g 互花米草生物炭 100 g of soil+4 g of <i>Spartina alterniflora</i> biochar	S ₄	100 g 土壤+2 g 秋茄生物炭 100 g of soil+2 g of <i>Kandelia obovata</i> biochar	K ₂
100 g 土壤+1 g 芦苇生物炭 100 g of soil+1 g of reed biochar	P ₁	100 g 土壤+4 g 秋茄生物炭 100 g of soil+4 g of <i>Kandelia obovata</i> biochar	K ₄
100 g 土壤+2 g 芦苇生物炭 100 g of soil+2 g of reed biochar	P ₂	100 g 土壤(对照组) 100 g soil(control)	CK

1.2 指标测定

1.2.1 生物炭理化性质测定

产率和灰分含量测定参照郑立地^[10]的实验方法,具体公式见(1)和(2)。pH值采用pH计(pHS-3E,上海雷磁仪器有限公司)测定,电导率采用电导率仪测定(DDS-307,上海雷磁仪器有限公司)。使用扫

描显微镜进行扫描电子显微镜(SEM)成像分析以比较生物炭的结构和表面特征。总有机碳(TOC)使用 TOC 自动分析仪测定。

$$\text{生物炭产率} = \frac{m}{M} \times 100\% \quad (1)$$

式(1)中, m 为之前制备好的生物炭质量, M 为制备生物炭的原植物干重。每个样重复3次取均值。

$$\text{灰分含量} = \frac{(m_2 - m_1)}{m} \times 100\% \quad (2)$$

式(2)中, m_2 为称灰分和坩埚总质量, m_1 为坩埚质量, m 为称取生物炭质量。

1.2.2 沉积物细菌群落测定方法

土壤细菌高通量测序由上海美吉生物医药科技有限公司完成。具体方法为:土壤采用试剂盒并按照说明书提取基因组 DNA。完成基因组 DNA 抽提后,采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测提取效果。采用带有 Barcode 的引物对细菌的 V3+V4 区进行扩增,引物为 308F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R(5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3')。反应条件:95 °C 预变性 3 min,95 °C 变性 30 s,55 °C 退火 30 s,72 °C 延伸 45 s,共 27 个循环,最后 72 °C 延伸 10 min,10 °C 保存。PCR 扩增采用 20 μL 反应体系:0.2 μL 的含 *Taq* 酶的 Mixture、上游引物(5 μmol/L)0.8 μL、下游引物(5 μmol/L)0.8 μL、DNA 10 ng,补 ddH₂O 至 20 μL。将同一样本的 PCR 产物混合后经 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,使用凝胶回收试剂盒对 PCR 产物进行回收,经 NanoDrop ND-2000 超微量分光光度计(美国)进行检测定量。按照测序量要求,进行相应比例的混合,-20 °C 保存便于后续测定,每个样本 3 个重复。将纯化后的 PCR 产物进行建库和测序。

数据处理:测序后的数据采用 QIIME 和 Usearch 结合的分析流程。数据处理步骤如下:合并双端数据,提取样品标签,质控和样品拆分,切除扩增引物,数据去冗余和聚类,去除嵌合体,最后生成 OTU 表格。

1.3 数据处理与统计分析

所有数据采用 Excel 2016 和 SPSS 23.0 对数据进行统计分析,在 5% 的置信水平上利用 Tukey 方法对不同生物炭及不同添加量对土壤细菌群落 α 多样性指数进行双因素方差分析;通过美吉生物云平台(<https://cloud.majorbio.com>)优化微生物测序数据,并分别对门水平及纲水平细菌群落结构进行分析,通过 LEFse 分析,表明不同处理间物种的差异性以及物种相对丰度的变化情况;利用 Origin8.5 和 R3.3.1 进行作图。

2 结果与分析

2.1 生物炭理化性质

由表 2 可知,互花米草生物炭产率最高,芦苇生物炭产率最低;互花米草灰分含量和电导率最小,分别为 18.24% 和 1.33 ms/cm,秋茄生物炭灰分含量和电导率最大,为 31.23% 和 6.12 ms/cm;芦苇生物炭 pH 最大为 8.29,其次是互花米草生物炭为 6.74,秋茄生物炭 pH 最小为 5.95;互花米草生物炭含碳量最高,为 68.43%,秋茄生物炭含碳量最低,为 50.81%。

生物炭 SEM 图像分析表明,互花米草生物炭有很明显的维管束结构,且表面光滑,孔隙较大,形状规则,较为完整,外观细长有序(图 1a);芦苇生物炭基本保留了芦苇原有的形状,且表面粗糙、不规则,并附着许多颗粒,孔隙较小,孔隙形状多为椭圆形,大小不一(图 1b);秋茄生物炭具有明显的维管束结构,形状规则,表面粗糙,存在纹理和裂缝,具有明显孔隙,且孔隙较大,呈蜂窝状(图 1c)。

表 2 生物炭理化性质

Tab.2 Physicochemical properties of biochars

编号 Serial number	产率/% Yield	灰分/% Ash contents	pH 值 pH value	电导率/(ms·cm ⁻¹) Conductivity	含碳量/% Carbon content
S	54.88	18.24	6.74	1.33	68.43
P	44.54	25.35	8.29	5.22	62.31
K	53.8	31.23	5.95	6.12	50.81

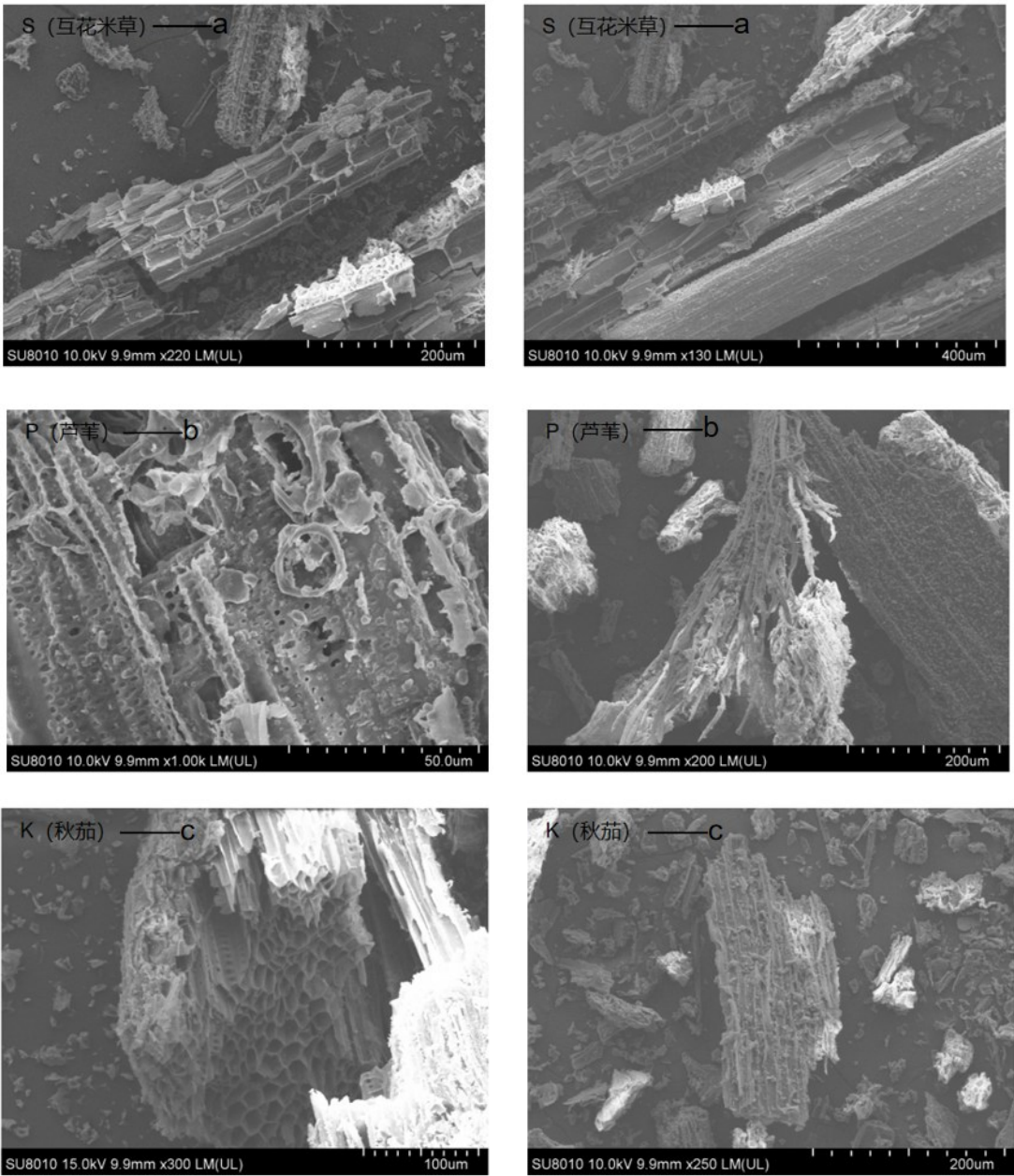


图1 生物炭SEM图像分析
Fig.1 The SEM image of biochars

2.2 生物炭添加对细菌α多样性指数的影响

红树林湿地土壤细菌α多样性指数如表3所示。Ace指数和Chao指数表征物种丰富度,物种丰富度随着芦苇生物炭(P)添加量增加而减小,随着互花米草生物炭(S)和秋茄生物炭(K)添加量的增加呈先减后增趋势,芦苇生物炭以1%添加时(P₁)土壤细菌物种最丰富,生物炭添加土壤细菌Ace指数和Chao指数均高于对照组;由Simpson指数可以看出,秋茄生物炭以1%添加时(K₁)差异显著($P<0.05$);由Shannon指数可知,随着互花米草生物炭(S)添加量的增加,土壤细菌多样性增加,芦苇生物炭以1%添加时(P₁)与对照处理间具有显著差异。综上所述,芦苇生物炭以1%添加(P₁)可以显著提高土壤细菌群落的物种丰富度,不同种类生物炭添加提高土壤细菌群落的多样性。

红树林湿地土壤细菌群落多样性双因素方差分析结果表明(表4),不同种类生物炭添加后,土壤细菌Ace指数、Chao指数、Simpson指数之间具有极显著差异($P<0.001$);生物炭添加量、生物炭和添加量之间的交互作用下,Ace指数、Chao指数、Shannon指数、Simpson指数均具有极显著差异($P<0.001$)。

表 3 不同处理土壤细菌 α 多样性指数
Tab.3 Alpha diversity indexes of soil bacterial in different treatments

生物炭	添加量	Ace 指数	Chao 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
		Ace index	Chao index	Simpson index	Shannon index
S	S ₁	1 931.082±151.084 ^{ab}	1 882.478±132.18 ^{ab}	0.007±0.001 ^b	6.185±0.035 ^b
	S ₂	1 764.174±223.337 ^b	1 740.501±206.32 ^b	0.006±0.001 ^b	6.252±0.093 ^b
	S ₃	2 058.64±354.477 ^{ab}	2 013.854±333.658 ^{ab}	0.005±0.001 ^b	6.432±0.146 ^{ab}
K	K ₁	2 069.008±165.169 ^{ab}	2 016.475±160.324 ^{ab}	0.014±0.004 ^a	6.102±0.138 ^b
	K ₂	1 918.762±319.323 ^{ab}	1 889.137±294.634 ^{ab}	0.007±0.005 ^b	6.315±0.241 ^{ab}
	K ₃	1 999.311±256.821 ^{ab}	1 954.17±249.231 ^{ab}	0.007±0.004 ^b	6.312±0.275 ^{ab}
P	P ₁	2 246.477±179.782 ^a	2 196.968±176.306 ^a	0.004±0.001 ^b	6.566±0.127 ^a
	P ₂	1 869.24±68.55 ^b	1 842.857±71.253 ^b	0.006±0.001 ^b	6.279±0.14 ^b
	P ₃	1 774.822±61.571 ^b	1 758.278±61.139 ^b	0.005±0 ^b	6.291±0.024 ^b
	CK	1 663.998±99.248 ^b	1 650.945±94.798 ^b	0.007±0 ^b	6.101±0.096 ^b

同行不同字母代表显著差异(P<0.05)。
Different letters in the same rows represent significant differences(P<0.05).

表 4 不同生物炭种类与添加量对红树林湿地土壤细菌多样性指数的双因素方差分析
Tab.4 Two-way ANOVA analysis of different biochar types and additions
on the soil bacterial diversity index of mangrove wetlands

多样性指数 Diversity index	因子 Factor	df	F	P
Ace 指数 Ace index	生物炭	3	14.94	0.000***
	添加量	9	66.381	0.000***
	生物炭×添加量	27	253.24	0.000***
Chao 指数 Chao index	生物炭	3	15.658	0.000***
	添加量	9	72.154	0.000***
	生物炭×添加量	27	274.429	0.000***
Simpson 指数 Simpson index	生物炭	3	5.507	0.006**
	添加量	9	12.102	0.000***
	生物炭×添加量	27	26.547	0.000***
Shannon 指数 Shannon index	生物炭	3	153.951	0.000***
	添加量	9	1 407.384	0.000***
	生物炭×添加量	27	5158.285	0.000***

*,P<0.05; **,P<0.01; ***,P<0.001。*:P<0.05; **:P<0.01; ***:P<0.001.

2.3 生物炭添加对细菌群落组成的影响

图 2 是不同处理下土壤细菌群落 OTUs 数量分布 Venn 图,将所有样品分为 4 组,分别是互花米草生物炭(S)、芦苇生物炭(P)、秋茄生物炭(K)和不添加生物炭(CK)。P 处理土壤 OTUs 数量最多,为

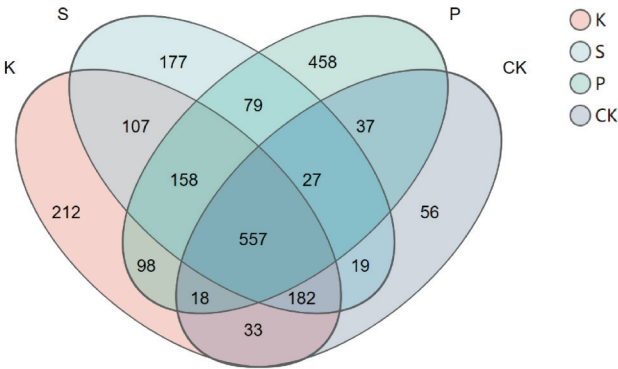


图 2 不同处理土壤细菌群落 OTUs 数量分布 Venn 分析
Fig.2 Distribution of the number of OTUs in different soil bacterial communities Venn diagram

1 432 个,其次是S和K处理,分别为1 306个和1 365个,CK处理土壤 OTUs 数量最少,为929个;4个处理中有557个公有 OTUs,分别占S、K、P、CK4个处理中总 OTUs 的42.6%、40.8%、38.9%和60.0%;S、K、P、CK中特有的 OTUs 数量分别为177、212、458和56个。由此可见,生物炭添加可以增加土壤微生物物种数量,与未添加生物炭处理相比较,生物炭添加处理组土壤微生物相似性更高。

2.4 生物炭添加对细菌群落结构的影响

在门水平上(图3),相对丰度小于0.01%的类群共有14个。其中,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteriota)和拟杆菌门(Bacteroidota)为优势门,其相对丰度分别为25.01%~29.58%、10.88%~27.75%、10.71%~16.12%、7.20%~11.34%和6.23%~13.96%。CK处理变形菌门相对丰度为26.94%,P₂、P₄和K₂处理变形菌门相对丰度均高于CK处理,相对丰度分别为29.58%、29.02%和29.08%,S处理随着添加量增加变形菌门相对丰度减小;放线菌门相对丰度由大到小表现为K₁、K₂、S₂、S₄、K₄、S₁、P₁、CK、P₂和P₄,K和P处理随着添加量增加放线菌门相对丰度减小,CK处理相对丰度为13.38%,P₂和P₄处理放线菌门相对丰度小于CK处理,说明芦苇生物炭高添加量降低了放线菌门;绿弯菌门相对丰度以K₄最高,为16.12%,K₄和P₄处理相对丰度高于对照组,K处理随添加量增加绿弯菌门相对丰度随之增大;酸杆菌门CK处理相对丰度为10.68%,P₁处理酸杆菌门相对丰度高于CK处理,其余处理均低于CK处理;拟杆菌门CK处理相对丰度最高为13.96%,说明生物炭添加可以有效降低拟杆菌门相对丰度。

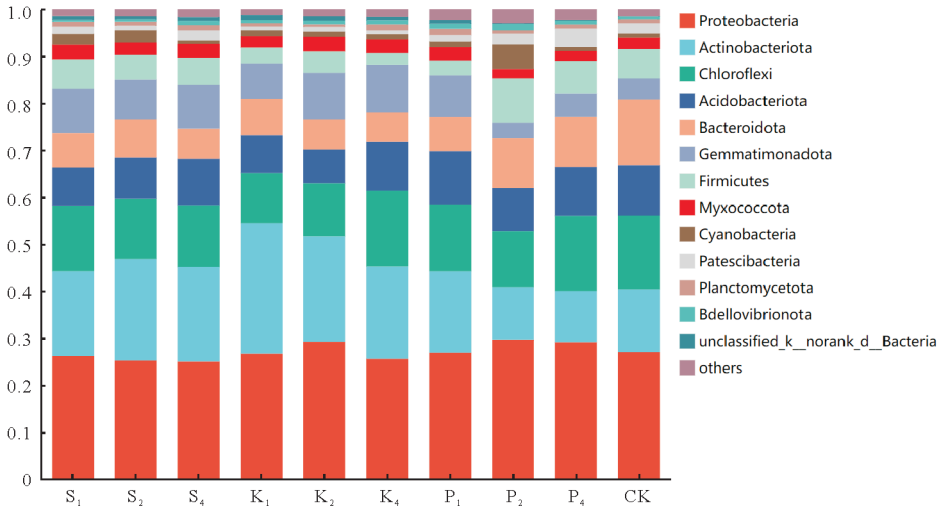


图3 不同处理土壤细菌门水平组成

Fig.3 Composition of soil bacterial phylum levels in different treatments

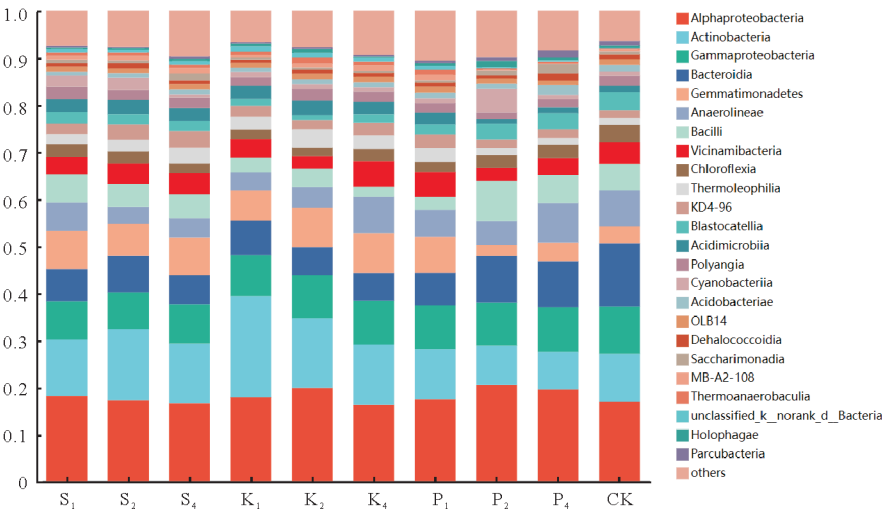


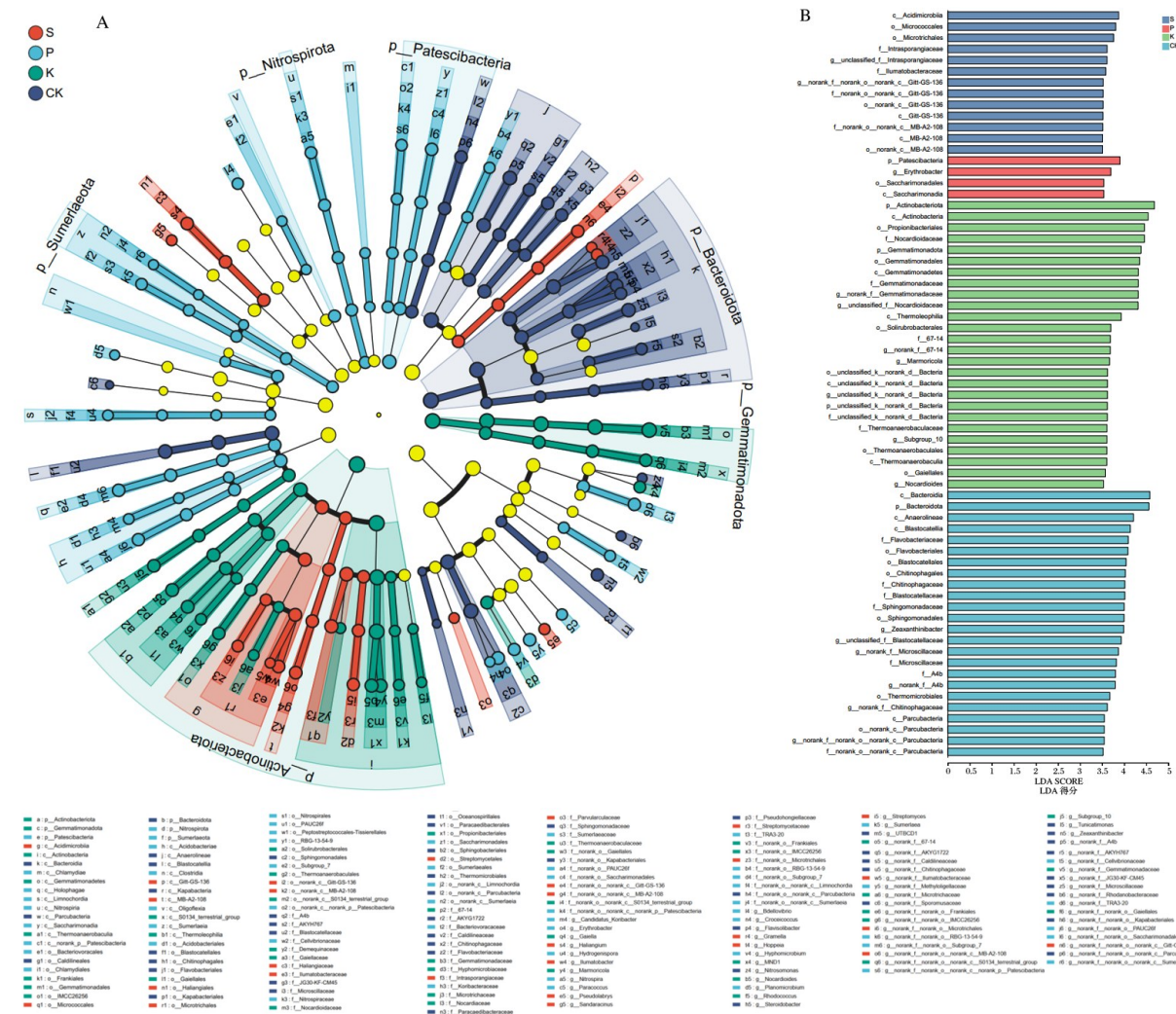
图4 不同处理土壤细菌纲水平组成

Fig.4 Composition of soil bacterial phyla in different treatments

在纲水平上(图 4),相对丰度小于 0.01% 的类群共有 25 个。其中, α -变形菌纲(Alphaproteobacteria)、放线菌纲(Actinobacteria)、 γ -变形菌纲(Gammaproteobacteria)主要类群,其相对丰度分别为 16.27%~20.45%、7.96%~21.53% 和 7.88%~10.07%。CK 处理 α -变形菌纲相对丰度为 16.86%, S_4 和 K_4 处理 α -变形菌纲相对丰度低于 CK 处理,分别为 16.56% 和 16.27%, P_2 、 K_2 和 P_4 处理 α -变形菌纲相对丰度最高,分别为 20.45%、19.87% 和 19.57%, S 处理随着生物炭添加量的增加 α -变形菌纲相对丰度逐渐减小; K 和 P 处理随着生物炭添加量增加放线菌纲相对丰度减小, K_1 处理相对丰度最大为 21.53%, P_2 和 P_4 处理放线菌纲相对丰度低于 CK 处理; γ -变形菌纲相对丰度由大到小表现为 CK、 P_4 、 P_1 、 K_4 、 K_2 、 P_2 、 K_1 、 S_4 、 S_1 和 S_2 ,CK 处理 γ -变形菌纲相对丰度为 10.07%,生物炭添加处理均低于 CK 处理,说明生物炭添加有效降低了 γ -变形菌纲相对丰度。

2.5 土壤细菌群落的 LEfSe 分析

通过 LEfSe 分析筛选出互花米草、芦苇和秋茄 3 种生物炭添加后红树林湿地土壤中差异显著的细菌群落。进化分支图表明 3 组生物炭添加处理与对照组之间存在 67 个显著差异种群,其中, S 处理 13 个, P 处理 4 个, K 处理 26 个,CK 处理 24 个。互花米草生物炭添加处理中,酸微菌纲、微球菌目、间孢囊菌科、



(A)进化分支分析。从外到内的分类水平依次为门、纲、目、科、属。各颜色的点表示在其组别中重要的细菌类群,黄色的点表示在各组中丰度差异不显著的细菌类群。(B)LDA 值分布柱状分析,展示的是 LDA 值>3.5 的显著差异菌群。

(A) Cladogram diagram. The classification level of the circle from the outside to the inside is in order of phyla, class, order, family and genus. Different color points in the phylogenetic tree stand for bacteria which is important in each group, respectively. Yellow points indicate bacteria have no significant difference among groups. (B) LDA value distribution histogram, which shows the significantly different bacteria with LDA value>3.5.

图 5 不同生物炭添加土壤细菌群落的 LEfSe 分析

Fig.5 LEfSe analysis of soil bacterial communities in different biochar additions

微杆菌属等的相对丰度显著高于其他群落;芦苇生物炭添加处理中,髌骨细菌门、赤杆菌属、肠杆菌科等的相对丰度显著高于其他群落;秋茄生物炭添加处理中,放线菌门、丙酸杆菌科、诺卡氏菌属等的相对丰度显著高于其他群落;CK处理中,拟杆菌属、绿弯菌门、黄桿菌科等的相对丰度显著高于生物炭添加土壤。

3 讨论

3.1 不同种类生物炭的理化性质

本研究使用的生物炭制备原材料是闽江河口湿地典型的禾本科多年草本植物互花米草和芦苇以及木本植物秋茄,互花米草作为外来入侵植物,导致本土植物的生长受到很大影响,所以将互花米草作为一种碳源,探讨其对土壤的影响,而芦苇是当地的本土植物,秋茄是治理互花米草入侵后种植的植物,3种植物之间可以形成很好的对比。研究发现,芦苇生物炭产率最低,说明芦苇炭化过程较为彻底,这一现象可能与原材料本身的化学组成有关。芦苇生物炭pH呈碱性,这意味着生物炭可以有效地调节土壤理化性质,互花米草生物炭电导率最低,是因为互花米草属于泌盐盐生植物^[11],而芦苇属于假盐生植物^[12]。互花米草含碳量明显高于其他2种植物,说明互花米草炭化程度最高,极大程度提高了含碳量。生物炭颗粒越小,其表面微孔数量随之增多,这意味着在相同的质量或体积下,生物炭比表面积会相应增大^[13]。芦苇生物炭呈现明显的植物纤维管状结构,300℃热解后,芦苇原本的植物体形状仍基本保持,孔径较大且数量较少;秋茄生物炭在热解过程中,保留了其原始木质部支撑的结构,但与芦苇生物炭相比,秋茄孔径较大;互花米草热解过程中的大孔隙,形状规则,比表面积大,为颗粒的吸附提供了极大便利。SEM图像显示不同植物材料制备的生物炭都呈现出明显的多孔结构,虽其表面结构形貌差异较大,但这很大程度上是由于不同的植物体本身的结构特征(如密度、难分解物质含量等)不同而形成的。

3.2 不同生物炭添加对土壤细菌群落结构组成及多样性的影响

不同类型的细菌对生物炭的响应存在明显差异。研究表明,生物炭处理能够促进某些细菌类群的生长。例如生物炭的孔隙结构和高表面积为微生物提供了适宜的栖息地和营养来源。在Kolton等^[14]的研究中,通过向砂质土壤中添加3%的柑橘木生物炭,发现生物炭显著提高了拟杆菌门中黄杆菌属数量。这可能是因为黄杆菌属能够利用生物炭表面的有机物质,从而促进其生长。同时,虽然整体上变形菌门的数量有所下降,但在变形菌门中,纤维弧菌属、噬氢菌属和脱氯单孢菌属数量却有所增加。这表明,即使是在同一大类细菌中,不同的属或种对生物炭的响应也可能截然不同。生物炭对土壤中细菌总丰度有所增加^[22-23]。生物炭对细菌群落结构并无显著影响,甚至可能抑制某些细菌类群的生长。这可能与生物炭中的土壤pH变化对部分土壤细菌的抑制作用有关^[15,17-18]。Watzinger等^[19]在盆栽试验中发现,短期添加麦壳生物炭和柳木生物炭并未对温带农田土壤中的细菌群落结构产生影响,说明生物炭对细菌群落结构在早期可能产生明显影响,但随着施用时间的延长,这种影响逐渐减弱。

Marzaioli等^[20]向种植小麦的农田土壤施加木炭,发现短期处理使土壤中某些功能细菌多样性发生显著变化,较长时间处理后功能细菌多样性在各处理间无显著差异,整个试验期间发现生物炭对细菌基因多样性没有显著影响,说明生物炭并不一定具有长期效应。本研究发现,生物炭添加可有效增加土壤细菌种类数和多样性指数,土壤细菌Simpson指数在秋茄生物炭以1%添加时最大,Shannon指数在芦苇生物炭以1%添加时最大;生物炭、添加量、生物炭与添加量的交互作用下,土壤细菌多样性均具有差异性。

冯慧琳等^[21]研究指出,施用生物炭后土壤中放线菌门和酸杆菌门丰度会相对减少,且随着生物炭添加量的增加,这两类微生物的丰度呈先降低后升高的变化。这与本研究结果相一致。在一定的添加量下,生物炭可能会刺激某些细菌类群的扩张,这可能会导致土壤中碳的消耗或理化性质的改变,对放线菌等微生物的生长产生不利影响。放线菌通常在较贫瘠的土壤环境中生长较好,而生物炭的添加可能会提高土壤的养分水平,从而对放线菌的生长造成一定的抑制。然而,随着生物炭添加量的增加,土壤中的碳含量也会相应提升,这可能会减缓对放线菌等微生物的抑制效果^[22]。生物炭通过提供碳源和改

变土壤的微环境,有助于维持土壤微生物多样性和生态平衡。酸杆菌作为一类寡营养微生物,在土壤中通常适应较低的营养水平^[23-24]。生物炭的添加改善了土壤养分状况,但对于未添加生物炭的处理来说,土壤环境的变化可能会抑制酸杆菌的增长。由于酸杆菌是嗜酸菌,土壤pH值的变化对其丰度有显著影响,pH值的升高往往会导致酸杆菌丰度的下降。

4 结论与展望

闽江河口红树林湿地土壤细菌群落结构通过不同种类生物炭添加而改变。红树林湿地土壤细菌群落受生物炭种类以及添加量的影响,生物炭添加可以提高土壤细菌群落的多样性及物种丰富度。本研究探讨了相对短期内不同种类生物炭对湿地土壤细菌群落结构变化的影响,在后续研究中,应对其在响应过程中起到的作用与生物炭不同制备条件间的相关性展开探讨,进一步研究生物炭中特征性成分对土壤微生物群落结构和功能的影响及其通过影响红树林湿地生态系统功能和稳定性对环境效应的间接作用。

参考文献 References:

- [1] JOSEPH S D, CAMPS-ARBESTAIN M, LIN Y, et al. An investigation into the reactions of biochar in soil[J]. Soil research, 2010, 48(7): 501-515.
- [2] 谢祖彬, 刘琦, 许燕萍, 等. 生物炭研究进展及其研究方向[J]. 土壤, 2011, 43(6): 857-861.
XIE Z B, LIU Q, XU Y P, et al. Advances and perspectives of biochar research[J]. Soils, 2011, 43(6): 857-861.
- [3] GHEORGHE C, MARCULESCU C, BADEA A, et al. Effect of pyrolysis conditions on bio-char production from biomass[C]// WSEAS international conference on renewable energy sources. 2009.
- [4] KOLB S E, FERMANICH K J, DORNBUSH M E. Effect of charcoal quantity on microbial biomass and activity in temperate soils[J]. Soil science society of America journal, 2009, 73(4): 1173-1181.
- [5] 吴昌昊. 芦苇生物炭对雄安新区白蜡人工林土壤性质及功能的影响[D]. 石家庄: 河北师范大学, 2023.
WU C H. Effects of reed biochar on soil properties and functions of ash plantations in Xiong'an New Area[D]. Shijiazhuang: Hebei Normal University, 2023.
- [6] 包明琢, 曲雪铭, 高倩倩, 等. 磷肥和生物炭配施对杉木林地土壤微生物的影响[J]. 西北林学院学报, 2022, 37(2): 10-19.
BAO M Z, QU X M, GAO Q Q, et al. Effects of combined application of phosphate fertilizer and biochar on soil microorganism in Chinese fir woodland[J]. Journal of northwest forestry university, 2022, 37(2): 10-19.
- [7] KHAMHAK D. 水稻秸秆生物炭对水稻土中硫转化及微生物群落的影响[D]. 兰州: 兰州交通大学, 2019.
KHAMHAK D. The effects of rice straw biochar on paddy soil's sulfur conversion and microbial community[D]. Lanzhou: Lanzhou Jiaotong University, 2019.
- [8] 姜珊, 张仲胜, 李敏, 等. 短期生物炭添加对退化盐碱湿地土壤微生物群落结构特征影响[J]. 土壤与作物, 2023, 12(2): 225-233.
JIANG S, ZHANG Z S, LI M, et al. Effect of short-term biochar addition on soil microbial community structure in degraded saline-alkali wetland[J]. Soils and crops, 2023, 12(2): 225-233.
- [9] 张马啸, 杨丽, 张丽仙, 等. 闽江河口红树林表层土壤真菌群落多样性特征[J]. 江西农业大学学报, 2024, 46(3): 799-808.
ZHANG M X, YANG L, ZHANG L X, et al. The community structure and diversity characteristics of soil fungi in Minjiang River Estuary Wetland[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2024, 46(3): 799-808.
- [10] 郑立地. 生物炭对铅镉污染湿地土壤酶活性及细菌群落的影响[D]. 北京: 北京林业大学, 2018.
ZHENG L D. Effects of biochar on the enzyme activity and bacterial community in the wetland soil contaminated by Pb and Cd[D]. Beijing: Beijing Forestry University, 2018.
- [11] SELISKAR M D, GALLAGHER L J, BURDICK M D, et al. The regulation of ecosystem functions by ecotypic variation in the dominant plant: a spartina alterniflora salt-marsh case study[J]. Journal of ecology, 2002, 90(1): 1-11.
- [12] 赵可夫, 冯立田, 张圣强. 黄河三角洲不同生态型芦苇对盐度适应生理的研究 I. 渗透调节物质及其贡献[J]. 生态学

- 报,1998,18(5):463-469.
- ZHAO K F, FENG L T, ZHANG S Q. Adaptive physiology of different ecotypes of phragmites communis to salinity in the yellow river delta. osmotica and their contributions to the osmotic adjustment[J]. Acta ecologica Sinica, 1998, 18(5):463-469.
- [13] JAAFAR N M, CLODE P L, ABBOTT L K. Soil microbial responses to biochars varying in particle size, surface and pore properties[J]. Pedosphere, 2015, 25(5):770-780.
- [14] KOLTON M, MELLER HAREL Y, PASTERNAK Z, et al. Impact of biochar application to soil on the root-associated bacterial community structure of fully developed greenhouse pepper plants[J]. Applied & environmental microbiology, 2011, 77(14):4924-4930.
- [15] MUHAMMAD N, DAI Z, XIAO K, et al. Changes in microbial community structure due to biochars generated from different feedstocks and their relationships with soil chemical properties[J]. Geoderma, 2014, 226-227:270-278.
- [16] DOAN T T, BOUVIER C, BETTAREL Y, et al. Influence of buffalo manure, compost, vermicompost and biochar amendments on bacterial and viral communities in soil and adjacent aquatic systems[J]. Applied soil ecology, 2014, 73(2):78-86.
- [17] CARSON J K, LOUISE C, DEIRDRE R, et al. Minerals in soil select distinct bacterial communities in their microhabitats[J]. Fems microbiology ecology, 2010(3):381-388.
- [18] CAO X, HARRIS W. Properties of dairy-manure-derived biochar pertinent to its potential use in remediation[J]. Bioresource technology, 2010, 101(14):5222-5228.
- [19] WATZINGER A, FEICHTMAIR S, KITZLER B, et al. Soil microbial communities responded to biochar application in temperate soils and slowly metabolized ¹³C-labelled biochar as revealed by ¹³C PLFA analyses: results from a short-term incubation and pot experiment[J]. European journal of soil science, 2014, 65(1):40-51.
- [20] MARZAIOLI, R, MIGLIETTA, et al. Effect of biochar addition on soil microbial community in a wheat crop[J]. European journal of soil biology, 2014, 60:9-15.
- [21] 冯慧琳, 徐辰生, 何欢辉, 等. 生物炭对土壤酶活和细菌群落的影响及其作用机制[J]. 环境科学, 2021, 42(1):422-432.
- FENG H L, XU C S, HE H H, et al. Effect of biochar on soil enzyme activity & the bacterial community and its mechanism[J]. Environmental science, 2021, 42(1):422-432.
- [22] WEI L, SHUTAO W, JIN Z, et al. Biochar influences the microbial community structure during tomato stalk composting with chicken manure[J]. Bioresour technol, 2014, 154:148-154.
- [23] SONG B, LI Y, YANG L, et al. Soil acidification under long-term N addition decreases the diversity of soil bacteria and fungi and changes their community composition in a semiarid grassland[J]. Microbial ecology, 2023, 85(1):221-231.
- [24] 韩东东, 郝振宇, 高广海, 等. 寡营养细菌及其生态作用和应用的研究进展[J]. 微生物学通报, 2012, 39(4):526-535.
- HAN D D, HAO Z Y, GAO G H, et al. Ecological function of oligotrophic bacteria and their applications in the environment[J]. Microbiology China, 2012, 39(4):526-535.