

引文格式: 范声浓, 王烁衡, 于良君, 等. 生物炭对芒果根系生长、土壤养分和微生物群落的影响[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2022, 37(4): 692–702. DOI: 10.12101/j.issn.1004-390X(n).202202032

# 生物炭对芒果根系生长、土壤养分和微生物群落的影响\*

范声浓<sup>1</sup>, 王烁衡<sup>1</sup>, 于良君<sup>2</sup>, 林一凡<sup>1</sup>, 王 瑞<sup>1</sup>, 吴 昊<sup>1</sup>, 林 电<sup>1\*\*</sup>

(1. 海南大学 热带作物学院, 海南海口 570228; 2. 云南农业大学 学报编辑部, 云南昆明 650201)

**摘要:**【目的】研究添加生物炭对芒果根层土壤养分含量、根系生长和土壤微生物群落结构的影响, 为芒果园科学施用生物炭提供理论参考。【方法】以台农一号芒果为研究对象, 设置常规施肥(CK)、常规施肥配施3%生物炭(BC)和水肥一体化施肥配施3%生物炭(FBC)3个处理, 分析土壤养分和根系构型的变化, 利用 Illumina 高通量测序技术比较土壤细菌和真菌群落的差异。【结果】与 CK 相比, BC 和 FBC 处理土壤 pH 和有机质含量升高, 果期 BC 处理的土壤碱解氮和有效磷含量显著升高, 花期 BC 和 FBC 处理的土壤速效钾含量显著升高; 果期 BC 处理的根质量密度和根长密度显著增加, 根平均直径差异不显著, 根盒维数表现为 BC>FBC>CK。BC 处理提高了土壤细菌物种数、丰度和多样性, 降低了土壤真菌多样性; FBC 处理降低了细菌的丰度和多样性; BC 和 FBC 处理提高了变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和担子菌门(Basidiomycota)等微生物门水平上的丰度, 绿弯菌门(Chloroflexi)和子囊菌门(Ascomycota)丰度降低; BC 处理的芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)和水恒杆菌属(*Mizugakiibacter*)显著富集, FBC 处理的芽孢杆菌属(*Bacillus*)、*Acidibacter*、链格孢属(*Alternaria*)和青霉菌属(*Penicillium*)显著富集。冗余分析结果表明: 有机质、碱解氮和有效磷含量是土壤细菌和真菌群落结构变化的驱动因子, pH 是真菌群落结构变化的驱动因子, 且根系生长发育受土壤环境因子调控。【结论】添加生物炭有利于提高芒果园土壤养分有效性, 改善土壤微生物环境, 促进根系生长。

**关键词:** 生物炭; 土壤养分; 根系; 微生物; 芒果

中图分类号: S667.701

文献标志码: A

文章编号: 1004-390X(2022)04-0692-11

## Effects of Biochar on Mango Root Growth, Soil Nutrients and Microbial Communities

FAN Shengnong<sup>1</sup>, WANG Shuoheng<sup>1</sup>, YU Liangjun<sup>2</sup>, LIN Yifan<sup>1</sup>,

WANG Rui<sup>1</sup>, WU Hao<sup>1</sup>, LIN Dian<sup>1</sup>

(1. College of Tropical Crops, Hainan University, Haikou 570228, China;

2. Editorial Department of Journal of Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China)

**Abstract:** [Purpose] To study the effects of biochar on the soil nutrient content, root growth and soil microbial community structure of the mango root layer, providing a theoretical reference for the

收稿日期: 2022-02-21

修回日期: 2022-03-17

网络首发日期: 2022-05-20

\*基金项目: 海南省自然科学基金高层次人才项目(421RC739); 国家重点研发计划项目(2017YFD0202102)。

作者简介: 范声浓(1998—), 男, 湖北黄石人, 在读硕士研究生, 主要从事植物营养与施肥研究。

E-mail: 898792711@qq.com

\*\*通信作者 Corresponding author: 林电(1966—), 男, 海南文昌人, 博士, 教授, 主要从事热带植物养分资源综合管理与热带土壤分类利用研究。E-mail: lindian5519@163.com

网络首发地址: <https://kns.cnki.net/kcms/detail/53.1044.S.20220519.1006.001.html>



scientific application of biochar in orchards. [Methods] Taking the “Tainung No.1” mango as the research object, three treatments were set up: conventional fertilization (CK), conventional fertilization with 3% biochar (BC), integrated water and fertilizer application with 3% biochar (FBC), to analyze soil nutrients and the changes in root configuration, and Illumina Miseq sequencing technology was used to compare the differences in soil bacterial and fungal communities. [Results] Compared with CK, soil pH and organic matter content of BC and FBC treatments increased; the contents of soil alkaline hydrolyzable nitrogen and available phosphorus of BC treatments increased significantly in fruiting period, and the contents of soil available potassium of BC and FBC treatments increased significantly in flowering period. The root weight density and root length density of BC treatment in fruiting period increased significantly, and the difference in average root diameter was not significant. The root box dimension was BC>FBC>CK. BC treatment increased the number, abundance and diversity of soil bacterial species, but it reduced the diversity of soil fungi; FBC treatment reduced the abundance and diversity of bacteria. BC and FBC treatments increased the abundance of Proteobacteria, Firmicutes, Gemmatimonadetes and Basidiomycota, the abundance of Chloroflexi and Ascomycota was reduced; *Gemmatimonas*, *Sphingomonas* and *Mizugakiibacter* were significantly enriched in BC treatment, *Bacillus*, *Acidibacter*, *Alternaria* and *Penicillium* were significantly enriched in FBC treatment. The result of redundancy analysis showed that the contents of organic matter, alkaline hydrolyzable nitrogen and available phosphorus were the driving factors of soil bacterial and fungal community structure changes, pH was the driving factor of fungal community structure changes, and root growth and development were regulated by soil environmental factors. [Conclusion] Adding biochar is beneficial to improving soil nutrient availability in mango orchards, improving soil microbial environment and promoting root growth.

**Keywords:** biochar; soil nutrients; root; microorganisms; mango

海南省是中国唯一全部位于热带地区的省份, 拥有得天独厚的热区资源, 是“热带水果之王”芒果最适宜的产区之一。据统计, 截至2020年, 海南省芒果种植面积达5.8万 $\text{hm}^2$ , 产量达76万t, 主要分布在三亚市、东方市、乐东县、陵水县和昌江县<sup>[1]</sup>。海南省芒果种植土壤类型多为砖红壤和燥红土, 土层较厚, 其中燥红土质地多为轻壤土<sup>[2]</sup>, 保水保肥能力差, 有机质含量低, 养分含量变异大<sup>[3-4]</sup>。果实养分和果实品质受土壤养分的制约<sup>[3,5]</sup>, 目前芒果园主要施肥方式为沟施和水肥一体化施肥, 肥料的大量投入造成了潜在的环境风险<sup>[6]</sup>, 提高土壤养分有效性和芒果根系对养分吸收的生物学潜力已成为研究重点。

生物炭是生物质在厌氧条件下热解制得的颗粒状有机物质, 具有高pH、高碳含量、疏松多孔、官能团丰富且吸附能力强等特点<sup>[7-8]</sup>。关于生物炭提高土壤肥力效应及微生物群落对生物炭响应机制的研究备受关注。大量研究表明: 添加生

物炭可以提高土壤中速效养分、有机质含量和酸性土壤pH<sup>[9-12]</sup>。田孝志等<sup>[13]</sup>在紧实土壤中添加稻壳炭可增加苹果幼树根系密度和生物量, 改善根系构型。前人关于生物炭对土壤微生物群落的变化研究结果存在差异。何秀峰等<sup>[9]</sup>研究表明: 施用5%的生物炭可以提高葡萄幼苗根际细菌丰度, 对细菌多样性影响较小; 高文慧等<sup>[14]</sup>研究认为: 添加秸秆生物炭对大豆根际细菌多样性和丰度无影响, 可提高真菌的丰度和多样性; YAO等<sup>[11]</sup>对黑土连续施用3年生物炭改良发现: 土壤细菌多样性和丰度增加, 细菌群落结构改变, 尤其可影响慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)和土微菌属(*Pedomicrobium*)等。

生物炭具有优良的物理化学特性, 前人研究多集中于生物炭对土壤理化性质和土壤微生物的作用, 缺乏土壤理化性质、土壤微生物和根系生长三者间相互作用关系的研究。本研究结合海南省芒果实际生产情况, 通过原位研究施肥沟添加

生物炭对根层土壤养分、杧果树根系生长和微生物群落变化的影响及其关系,探寻生物炭对水肥一体化施肥和沟施的影响异同,以期为生物炭在杧果园的施用提供科学参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

于 2019 年 6 月—2021 年 5 月在海南省乐东黎族自治县海南省热带作物标准化示范园(乐东佛罗杧果标准化生产基地)开展田间试验,果园位于 N18°24'、E108°39',气候类型为热带季风气候,雨旱季分明,雨季集中在 4—8 月,年平均气温 24.5℃,年降水量约 1 500 mm,年日照时间约 2 000 h。供试植株为 20 年树龄的台农一号杧果树,果园土壤为海相沉积燥红土,土壤 pH 为 5.59,有机质含量 15.59 g/kg,全氮含量 0.78 g/kg,碱解氮含量 26.39 mg/kg,全磷含量 1.02 g/kg,有效磷含量 68.00 mg/kg,全钾含量 19.12 g/kg,速效钾含量 66.85 mg/kg。供试生物炭为椰壳生物炭,由椰壳于 500℃条件下厌氧炭化 3 h 制得,pH 为 10.06,有机碳含量 64.44%,全氮含量 0.10%,全磷含量 0.28%,全钾含量 1.09%。

### 1.2 试验设计

试验共设置 3 个处理:未添加生物炭的常规化肥沟施为对照组(CK)、常规施肥配施生物炭(BC)和水肥一体化滴灌施肥配施生物炭(FBC),每个处理设置 3 个重复,每个重复 6 株果树,试验小区采取随机区组排列。田间施肥量为 N 108 kg/hm<sup>2</sup>,P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> 30 kg/hm<sup>2</sup>,K<sub>2</sub>O 130 kg/hm<sup>2</sup>,于每年 6 月(攻梢期)、10 月(催花期)和次年 3 月(壮果期)3 个时期按照 3:4:3 比例施入。参考肖茜等<sup>[15]</sup>的研究,本试验 BC 和 FBC 处理的生物炭按照施肥沟土壤质量的 3% (4.5 t/hm<sup>2</sup>) 于攻梢期与化肥一同施入施肥沟,与土壤混匀掩埋。试验田其他田间管理措施保持一致。施肥沟为杧果树滴水线处规格为长 100 cm、宽 30 cm、深 20 cm 的 2 条对称沟。

### 1.3 土壤样品的采集与测定

分别于 2020 年 12 月 5 日(催花肥后 1 个月)和 2021 年 4 月 12 日(壮果肥后 1 个月)采用土钻采集施肥沟土壤,沟内采用 5 点取样法,1 个重复取 5 个样品,去除杂物后作为 1 个根层土壤混合样品,带回实验室经自然风干、磨细和

过筛后进行土壤养分测定。土壤 pH 采用 pH 计测定;有机质含量采用重铬酸钾容量法测定;碱解氮含量采用碱解扩散法测定;有效磷含量采用 NH<sub>4</sub>F-HCl 浸提—钼锑抗比色法测定;速效钾含量采用乙酸铵溶液浸提—火焰光度法测定。

将采集的土壤用干冰保存送往北京奥维森基因科技有限公司进行样本 DNA 提取、PCR 扩增和 Illumina Miseq 测序。使用德国 QIAGEN 公司的 DNeasy PowerSoil Kit 试剂盒提取样品基因组 DNA 后进行 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。采用含有 Barcode 的特异引物对细菌 16S rRNA V3~V4 区(引物为 5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3'和 5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')以及真菌 ITS1 区(引物为 5'-CTTGGTCATTTAGAGGAA-GTAA-3'和 5'-GCTGCGTTCTTCATCGATGC-3')进行扩增,PCR 产物使用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增目的条带大小,并用 Agencourt AMPure XP 核酸纯化试剂盒纯化,扩增完成后构建文库,检测合格后使用 Illumina MiSeq 平台上机测序。

### 1.4 根系样品的采集与测定

分别于 2020 年 12 月 5 日(花期)和 2021 年 4 月 12 日(果期)采用根钻法钻取施肥沟内土壤和根系,根钻直径为 10 cm,深 20 cm,底部为锯齿状,可以切割土壤和根系;每个施肥沟钻取 3 次,去除多余土壤后将根系带回实验室洗净,使用 EPSON EXPRESSION 10000XL 根系扫描仪扫描根系,输出的根系图片使用 WinRHIZO 软件分析得到根长和根平均直径等数据。扫描后的根系样品于 75℃烘箱烘干后称量,获得根系干质量。根质量密度为单位体积内的根系干质量,根长密度为单位体积内的总根长。

根系的分形维数可以直观地反映根系的发育程度和分支复杂程度,根系分支越复杂,发育程度越高,其分形维数越高。根系的分形维数采用广泛应用的盒维数(巧可夫斯基维数)表示,其计算方法为:将根系投影或平展在边长为  $L$  的正方形平面上,再将平面分成  $(L/r)^2$  个边长为  $r$  的小正方形,计算根系所截的小正方形数量 ( $N_r$ )。逐渐减小小正方形的边长  $r$ ,  $N_r$  将不断增大,正方形所截的根系会随之更加精细,反映根系分支情况越来越多。以  $\log r$  和  $\log N_r$  分别作为横、纵坐标,得到回归方程:  $\log N_r = -D \log r + \log K$ 。方程中,  $K$  为定值,回归直线的负斜率  $D$  即为盒维数<sup>[16]</sup>。

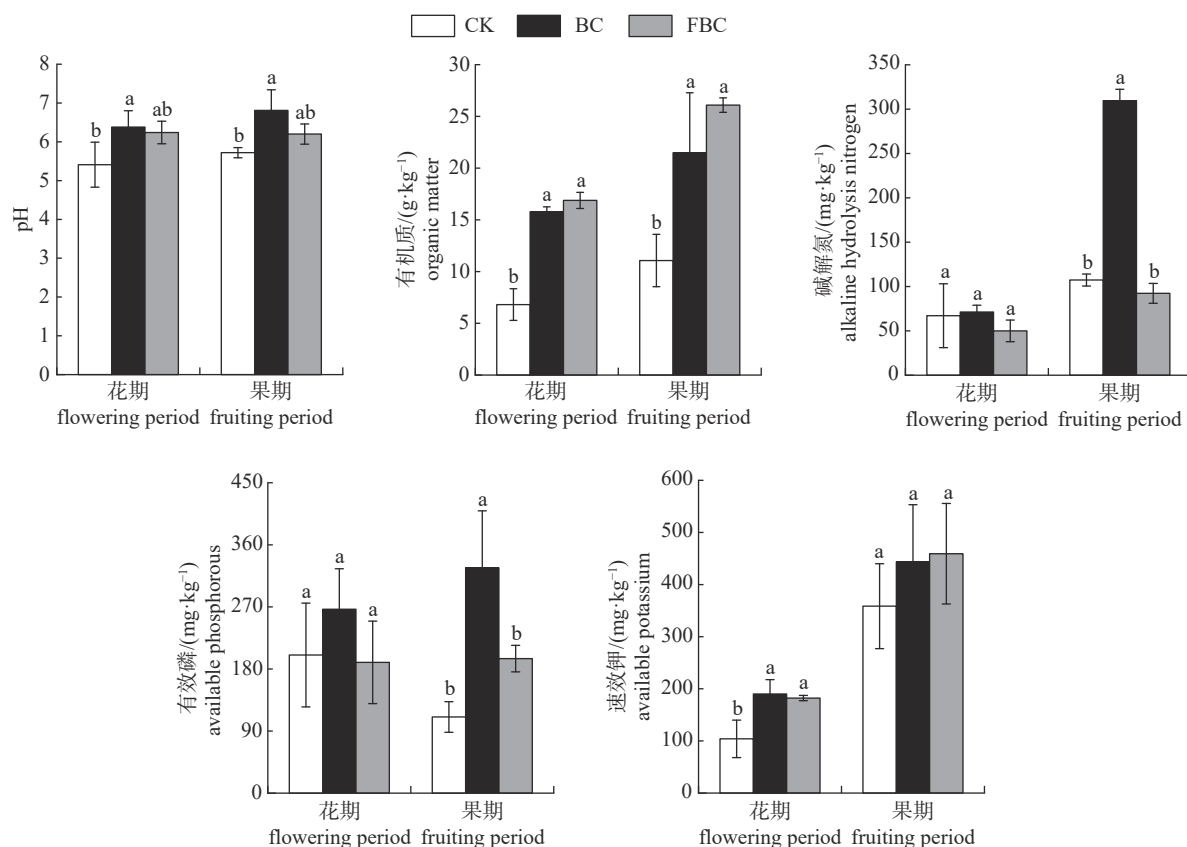
## 1.5 数据分析

将土壤微生物测序下机数据使用 Trimmomatic 和 Pear 软件进行质控,使用 FLASH 软件拼接,使用 Vsearch 软件去除嵌合体 and 短序列从而获取有效序列,在 97% 的相似水平下用 uparse<sup>[17]</sup> 法聚类生成 OTUs,利用 RDP Classifier 分别比对 Silva<sup>[18]</sup> 和 Unite<sup>[19]</sup> 数据库,并对细菌和真菌进行物种注释,置信度阈值设为 0.7。使用 SPSS 20.0 进行单因素方差分析,用 Duncan's 法进行显著性检验,使用 OriginPro 9.8 进行数据可视化作图,运用 LEfSe 分析比较具有显著组间差异的菌群及其进化关系,将各组中 LDA 值大于 3.8 且  $P < 0.5$  的差异物种用 LDA 柱状图展示;使用 Canoco 5 对土壤环境因子、根和微生物群落进行冗余分析。借助 MATLAB 9.5 将根系 RGB 图像转化为二值矩阵<sup>[20]</sup>,使用 FracLab 工具箱计算根系盒维数。

## 2 结果与分析

### 2.1 生物炭对根层土壤 pH 及速效养分的影响

由图 1 可知:与常规施肥 (CK) 相比,添加生物炭 (BC) 在花期和果期均可显著提高土壤 pH ( $P < 0.05$ ),水肥一体化配施添加生物炭 (FBC) 对土壤 pH 的提高没有达到显著水平 ( $P > 0.05$ ); BC 和 FBC 处理的土壤有机质含量在花期和果期较 CK 均有显著提高;花期 BC 和 FBC 处理的土壤速效钾含量显著高于 CK ( $P < 0.05$ ),但土壤碱解氮和有效磷含量与 CK 无显著差异 ( $P > 0.05$ );果期 BC 处理的碱解氮和有效磷含量均显著高于 CK ( $P < 0.05$ ),BC 和 FBC 处理的土壤速效钾含量较 CK 分别提高 23.74% 和 28.21%,但差异未达到显著水平 ( $P > 0.05$ )。说明添加生物炭可提高土壤 pH、有机质和速效钾含量,在果期还可提高土壤碱解氮和有效磷含量。



注: CK. 常规施肥, BC. 常规施肥配施生物炭, FBC. 水肥一体化配施生物炭; 不同小写字母表示同一时期不同处理间差异达到显著水平 ( $P < 0.05$ ); 下同。

Note: CK. conventional fertilization, BC. conventional fertilization combined with biochar, FBC. integrated water and fertilizer combined with biochar; different lowercase letters indicate significant differences among different treatments in the same period ( $P < 0.05$ ); the same as below.

图 1 花期和果期土壤 pH 和养分含量

Fig. 1 Soil pH and nutrient content in flowering and fruiting period

## 2.2 生物炭对芒果根系生长的影响

由图 2 可知：花期 3 个处理间的根质量密度和根长密度均无显著差异 ( $P>0.05$ )；果期 BC 处理的根质量密度和根长密度显著大于 CK ( $P<0.05$ )，FBC 处理的根长密度显著大于 CK ( $P<0.05$ )。花期 FBC 处理的根平均直径显著高于 BC 处理 ( $P<0.05$ )，而与 CK 处理无显著差异 ( $P>0.05$ )，果期

3 个处理的根平均直径无显著差异 ( $P>0.05$ )。花期 3 个处理根系盒维数无显著差异 ( $P>0.05$ )，果期 BC 和 FBC 处理的根盒维数分别比 CK 提高 8.44% 和 7.14%，且 BC 显著高于 CK ( $P<0.05$ )。可见，添加生物炭可通过增加芒果树根长、根质量和细根数量提高根系的分形维数，促进芒果树根系生长。

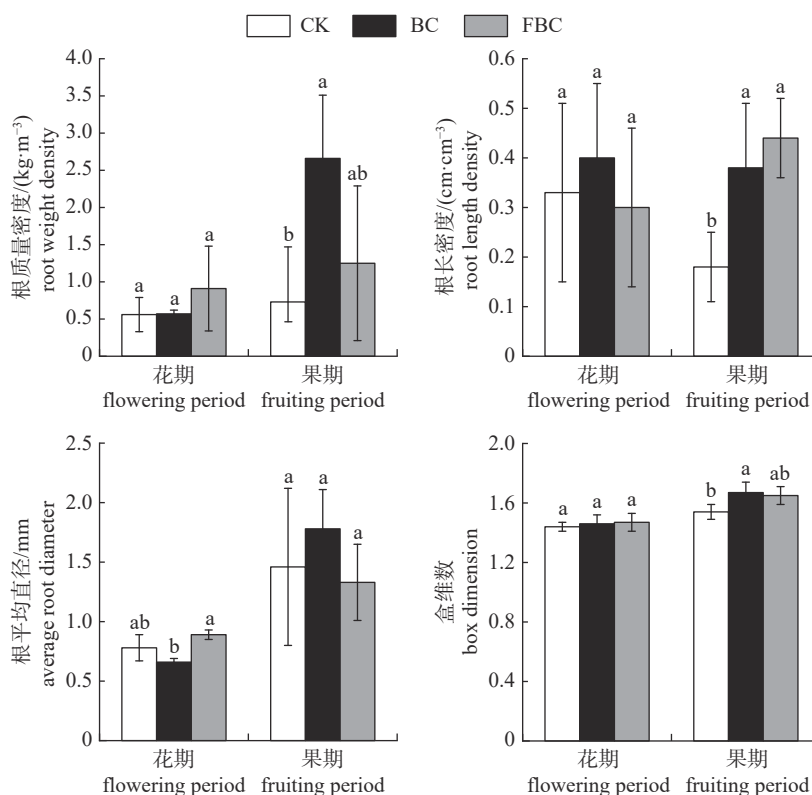


图 2 花期和果期根系参数

Fig. 2 Root parameters in flowering and fruiting period

## 2.3 生物炭对根层土壤微生物群落多样性的影响

### 2.3.1 土壤微生物群落 Alpha 多样性

由图 3 可知：土壤细菌检测到的 OTU 总数为 4 480，3 个处理共有的 OTU 数为 1 514，BC 处理特有的 OTU 数为 831，CK 和 FBC 处理分别

只有 360 和 448 个特有 OTU；土壤真菌检测到的 OTU 总数为 2 385，3 个处理共有的 OTU 数为 313，CK、BC 和 FBC 特有的 OTU 分别为 514、475 和 493。说明添加生物炭可以增加土壤细菌物种数，但对真菌物种数没有明显影响，而水肥一体化加生物炭对土壤细菌和真菌数量没有明显影响。

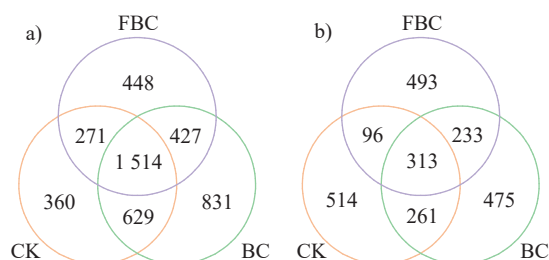


图 3 细菌 (a) 和真菌 (b) OTU 韦恩图

Fig. 3 OTU Venn diagrams of bacteria (a) and fungi (b)

由表 1 可知：每个处理细菌和真菌的样本文库覆盖率都超过 0.97，说明测序结果可以代表样本中微生物的真实情况。BC 处理细菌的 Chao 1 指数、观测物种数和 Shannon 指数均显著大于 CK ( $P<0.05$ )，FBC 处理则均显著小于 CK ( $P<0.05$ )，3 个处理的谱系多样性指数无显著差异；3 个处理真菌的 Chao 1 指数、观测物种数和谱系多样性指

表 1 土壤细菌和真菌 Alpha 多样性指数  
Tab. 1 Alpha diversity index of soil bacteria and fungi

| 处理<br>treatments |     | Chao 1 指数<br>Chao 1 index | 观测物种数<br>observed species | Shannon 指数<br>Shannon index | 谱系多样性<br>PD whole tree | 样本覆盖率<br>goods coverage |
|------------------|-----|---------------------------|---------------------------|-----------------------------|------------------------|-------------------------|
| 细菌<br>bacteria   | CK  | 2 569.42±104.61 b         | 2 005.23±58.37 b          | 8.94±0.08 b                 | 147.05±1.68 a          | 0.98                    |
|                  | BC  | 2 964.49±151.35 a         | 2 383.7±158.77 a          | 9.42±0.23 a                 | 172.75±15.04 a         | 0.97                    |
|                  | FBC | 2 071.88±197.82 c         | 1 630.83±142.53 c         | 8.31±0.20 c                 | 145.17±18.34 a         | 0.98                    |
| 真菌<br>fungi      | CK  | 881.74±177.40 a           | 657.67±123.56 a           | 6.45±0.29 a                 | 128.35±11.02 a         | 0.99                    |
|                  | BC  | 793.97±205.71 a           | 632±145.04 a              | 5.79±0.41 b                 | 131.4±24.41 a          | 0.99                    |
|                  | FBC | 1 044.52±392.01 a         | 684.67±219.11 a           | 6.19±0.17 ab                | 157.09±34.12 a         | 0.99                    |

注: CK. 常规施肥, BC. 常规施肥配施生物炭, FBC. 水肥一体化配施生物炭; 不同小写字母表示不同处理间差异达到显著性水平 ( $P<0.05$ )。  
Note: CK. conventional fertilization, BC. conventional fertilization combined with biochar, FBC. integrated water and fertilizer combined with biochar; different lowercase letters indicate significant differences among different treatments ( $P<0.05$ ).

数均无显著差异 ( $P>0.05$ ), BC 处理的真菌 Shannon 指数显著低于 CK ( $P<0.05$ )。说明添加生物炭可提高细菌群落的丰富度和多样性、降低土壤真菌的多样性, 而水肥一体化施肥可降低细菌群落丰富度和多样性。

2.3.2 土壤微生物群落 Beta 多样性

unifrac 距离是将物种间进化关系考虑在内的群落差异距离指数, unifrac 距离为 0 表示两群落

间进化分类完全一致, 数值越大, 进化距离越远, 群落差异越大。由图 4 可知: 处理组内细菌和真菌距离小于组间距离, 说明 3 个处理的细菌和真菌群落均向不同方向进化, 且 FBC1 样本与 BC 和 CK 处理的样本之间 unifrac 距离大, 群落相似度小。总体来看, BC、CK 和 FBC 的细菌和真菌群落间均表现出差异。

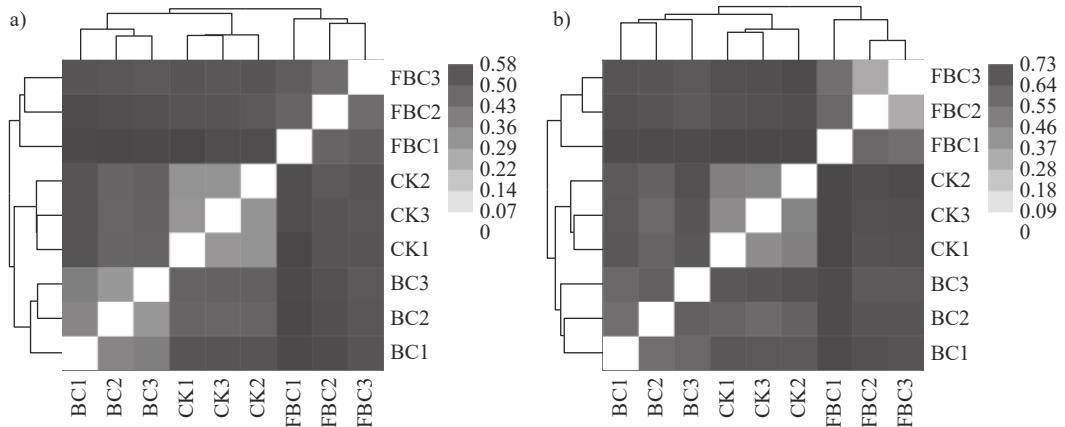


图 4 细菌 (a) 和真菌 (b) 基于未加权 unifrac 距离矩阵热图

Fig. 4 Based on the unweighted unifrac distance matrix heatmap of bacteria (a) and fungi (b)

2.4 生物炭对根层土壤微生物门水平群落结构的影响

由图 5 可知: 细菌门水平上, 变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和浮霉菌门 (Planctomycetes) 为每个处理相对丰度大于 1% 的菌门; 施入生物炭之后, BC 和 FBC 处理的变形

菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和芽单胞菌门丰度较 CK 上升, 绿弯菌门丰度降低, BC 处理的酸杆菌门丰度低于 CK 和 FBC 处理, FBC 处理的浮霉菌门丰度高于 BC 和 CK。在真菌门水平上, 子囊菌门 (Ascomycota)、担子菌门 (Basidiomycota) 和未分类的菌门在每个处理中累计丰度均达到 97% 以上, 为土壤样品真菌的优势菌门; 添加生物炭后, BC 和 FBC 处理的子囊菌门丰度降低, 担子菌门丰度升高。说明添加生物炭可影响土壤细菌

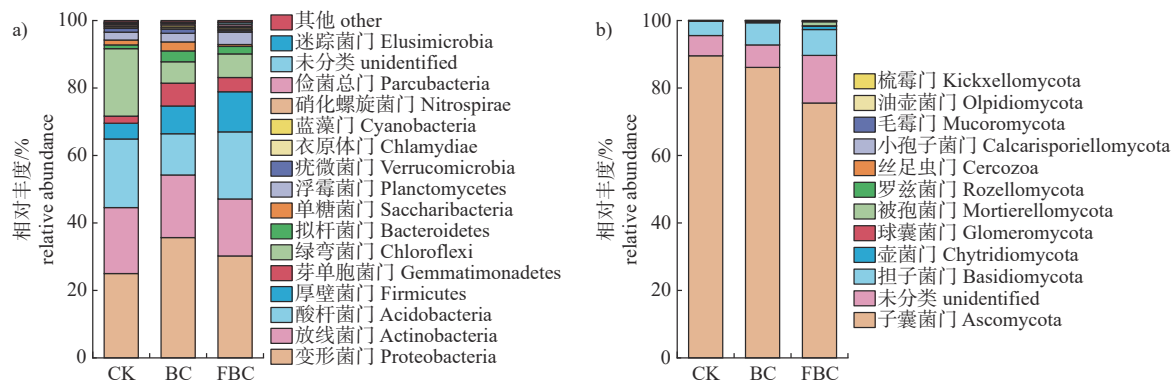


图 5 细菌 (a) 和真菌 (b) 门水平上群落组成

Fig. 5 Community composition in phylum level of bacteria (a) and fungi (b)

和真菌在门水平上的组成。

## 2.5 细菌和真菌的物种差异分析

由图 6a 可知：细菌群落共有 37 个分类单元有显著差异，其中 CK、BC 和 FBC 各有 9、14 和 14 个；CK 中具有差异的细菌物种有 5 个属于绿弯菌门 (Chloroflexi)，另外 4 个分别为黄色杆菌科 (Xanthobacteraceae)、Subgroup 2 纲、DA111 科和弗兰克氏菌目 (Frankiales)；BC 处理的差异细菌为链孢囊菌目 (Streptosporangiales)、链孢囊菌科 (Streptosporangiaceae)、芽单胞菌门到属 (Gemmatimonadetes~*Gemmatimonas*)、鞘脂单胞菌目到属 (Sphingomonadales~*Sphingomonas*)、亚硝化单胞菌目 (Nitrosomonadales)、亚硝化单胞菌科 (Nitrosomonadaceae)、永恒杆菌属 (*Mizugakiibacter*) 和 TM7 门 (Saccharibacteria)；FBC 处理的差异细菌为酸杆菌门到科 (Acidobacteria~Acidobacteriaceae Subgroup 1)、细链孢菌目 (Catenulisporales)、土壤红杆菌目 (Solirubrobacterales)、厚壁菌门 (Firmicutes)、芽孢杆菌纲到属 (Bacilli~*Bacillus*)、 $\gamma$ -变形菌纲 (Gammaproteobacteria)、黄单胞菌目 (Xanthomonadales)、黄单胞菌目下的科 (Xanthomonadales Incertae Sedis) 和其下 *Acidibacter* 属。

由图 6b 可知：真菌共有 14 个差异显著的分类单元，其中 CK、BC 和 FBC 各有 6、1 和 7 个；CK 的差异真菌物种为格孢腔菌目 (Pleosporales) 和其下的 *Latorua* 属、座囊菌纲 (Dothideomycetes)、*Latorua caligans* 属和光茸菌科 (Omphalotaceae)；BC 处理的差异物种只有小囊菌目 (Microascales)；FBC 处理的差异物种为被孢霉门到目 (Mortierellomycota~Mortierellales)、曲霉科 (Aspergillaceae)、链格孢属 (*Alternaria*)、青霉属

(*Penicillium*) 和隐窝青霉菌 (*Penicillium cryptum*)。

## 2.6 土壤环境因子、根系构型和微生物群落的关系

由图 7 可知：CK、BC 和 FBC 的细菌和真菌群落集中在不同区域，细菌和真菌群落组间差异显著 ( $P < 0.05$ )，其中土壤有机质、碱解氮和有效磷含量对细菌和真菌的群落组成均有显著影响 ( $P < 0.05$ )，pH 对真菌群落组成有显著影响 ( $P = 0.03$ )。根长密度、根质量密度和真菌群落具有显著的相关关系 ( $P < 0.05$ )。图中根平均直径和碱解氮含量向量夹角最小，表示土壤碱解氮含量与根平均直径呈正相关，依此类推，根质量密度与土壤 pH 和有效磷含量呈正相关，根长密度与土壤有机质和速效钾含量呈正相关，根盒维数与土壤 pH、有机质、有效磷和速效钾含量均有一定的相关性。

## 3 讨论

生物炭孔隙结构复杂、比表面积大，具有很强的吸附性能<sup>[21-22]</sup>和较高的阳离子交换量<sup>[23]</sup>，能吸附土壤中的  $K^+$ 、 $Ca^{2+}$  和  $NH_4^+$  等盐基阳离子<sup>[24-25]</sup>，施入土壤后，土壤 pH 和有机质含量显著提高。水肥一体化配施生物炭对土壤 pH 的提高未达到显著水平，是由于滴灌施肥在水肥耦合效应下有助于肥料养分在土壤中充分释放，铵态氮肥在土壤中硝化和被植物吸收会释放  $H^+$ <sup>[26-27]</sup>，所以 FBC 处理的土壤 pH 小于 BC 处理。施入生物炭短期内可显著提高土壤有机质含量是由于其本身碳含量高，而其长期影响机制和对实际生产的意义仍有待进一步深入研究。

氮、磷和钾作为“植物生长三要素”，对植物

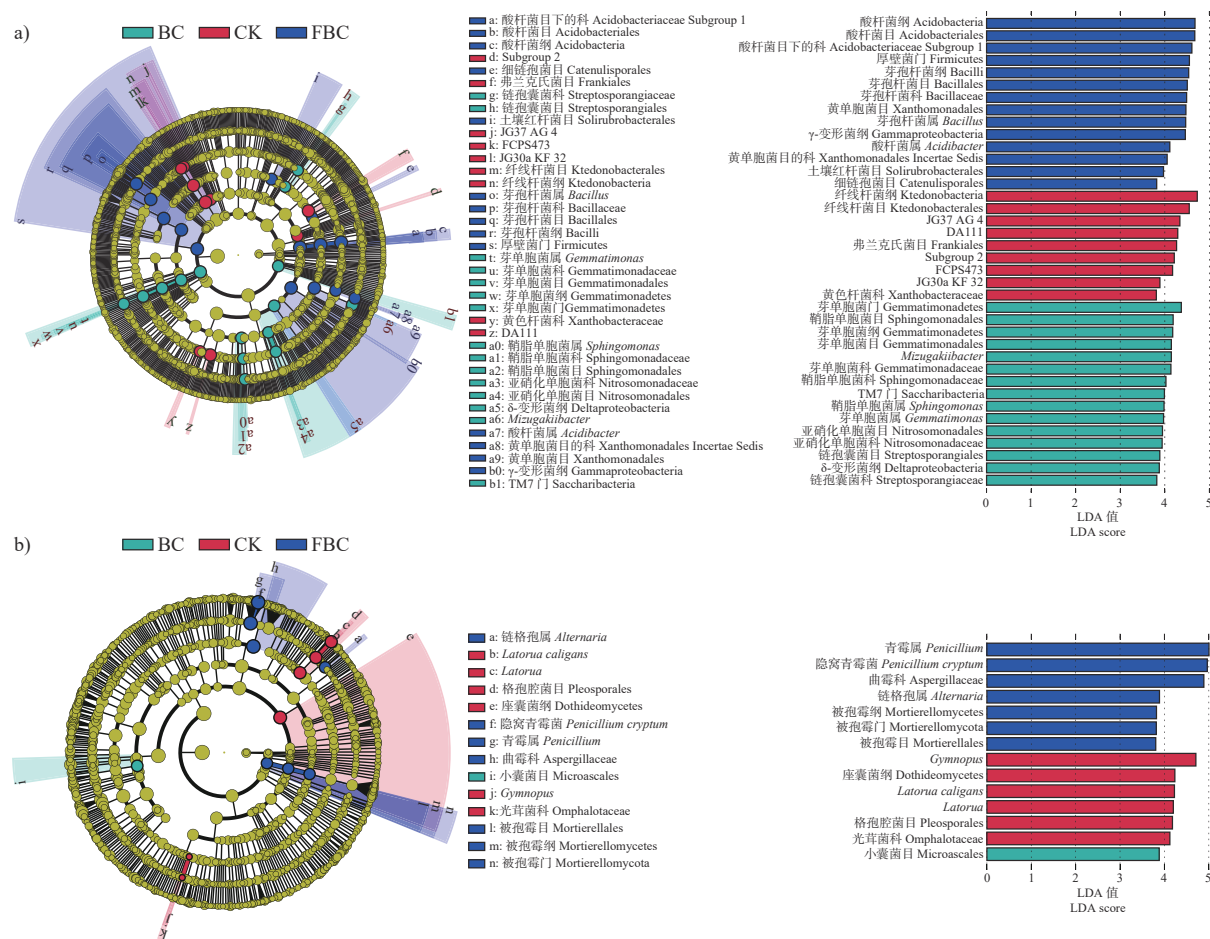
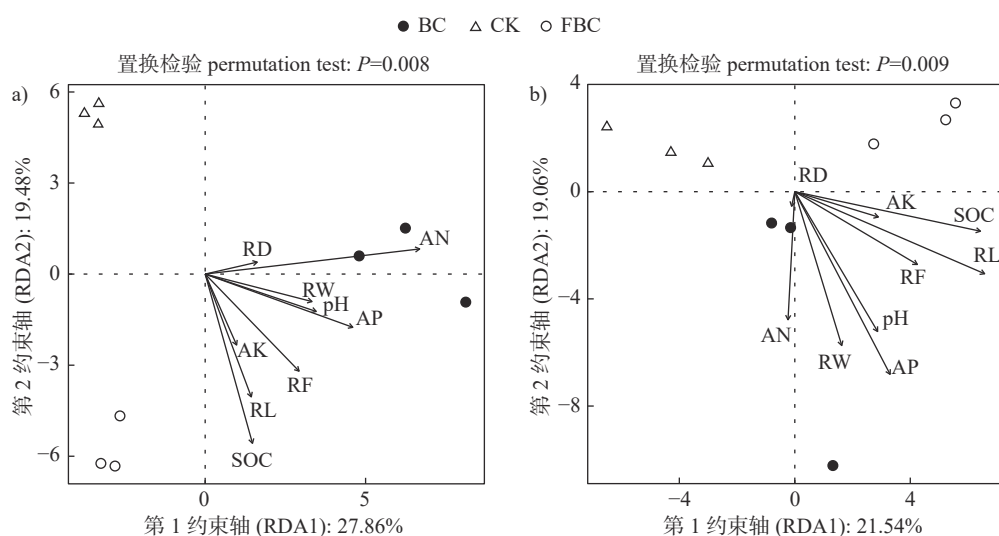


图 6 各处理细菌 (a) 和真菌 (b) LEfSe 分析差异物种

Fig. 6 Different species of bacteria (a) and fungi (b) in LEfSe analysis of each treatment



注: SOC. 土壤有机质含量; AN. 碱解氮含量; AP. 有效磷含量; AK. 速效钾含量; RW. 根质量密度; RL. 根长密度; RD. 根平均直径; RF. 根盒维数。

Note: SOC, soil organic matter content; AN, alkali hydrolyzable nitrogen content; AP, available phosphorus content; AK, available potassium content; RW, root weight density; RL, root length density; RD, average root diameter; RF, root box dimension.

图 7 细菌 (a) 和真菌 (b) 与土壤养分和根系参数的冗余分析

Fig. 7 Redundancy analysis of bacteria (a) and fungi (b) with soil nutrients and root parameters

生长发育有重要作用。本研究表明:添加生物炭可以提高土壤碱解氮、有效磷和速效钾含量,这与 LIU 等<sup>[28]</sup>的研究结果一致;而 FBC 处理的土壤碱解氮和有效磷含量较 BC 处理有不同程度的降低,其原因可能是水肥一体化施肥时,硝态氮和有效无机磷源( $\text{Ca}_2\text{-P}$ 、 $\text{Ca}_8\text{-P}$  和  $\text{Al-P}$ ) 比较容易向根层下方土壤淋溶<sup>[29]</sup>。生物炭可以增加土壤阳离子交换量和对钾离子的固持能力,降低钾素淋失量<sup>[30]</sup>,故 BC 和 FBC 处理均可增加土壤速效钾含量。

根系生长和土壤养分环境息息相关,生物炭改变了土壤环境,促进根系生长发育,间接影响根系对土壤养分的吸收能力<sup>[31]</sup>。本研究表明:BC 和 FBC 处理均可增加芒果树果期根质量密度、根长密度和根盒维数。SONG 等<sup>[32]</sup>研究发现:施用生物炭可使玉米根长密度显著提高,细根数量增长 2 倍,根长和可溶性有机碳、有效磷和土壤容重密切相关,与本研究结果基本一致。根据冗余分析可知:影响芒果树根质量密度的主要因子是土壤 pH 和有效磷含量,影响根长密度的主要因子是有机质和速效钾含量。添加生物炭可提高土壤 pH 和有机质含量,从而提高土壤养分的有效性,有机质同时可以促进土壤结构的形成,改善土壤物理性质<sup>[33-34]</sup>,有利于根系的伸长生长。根系盒维数可以用来表示根系发育程度和分支复杂程度,与细根数量也呈正相关<sup>[35]</sup>;本研究也表明根系盒维数与各土壤因子均表现出一定的正相关;刘秀<sup>[36]</sup>研究表明:细根生产力受土壤养分限制,与土壤氮、磷元素和有机质含量呈显著正相关。研究结果说明添加生物炭有利于芒果树根系伸长和细根生长。

随作物类型、土壤类型、施肥方式和生物炭种类等的不同,生物炭对微生物群落的影响也存在差异<sup>[9-12,14]</sup>。本研究中,添加生物炭可提高细菌丰富度和多样性,却降低了真菌多样性,这与 YAO 等<sup>[11]</sup>在东北黑土上施加生物炭的研究结果一致。变形菌门、放线菌门和酸杆菌门为细菌中的优势门,BC 和 FBC 处理的变形菌门丰度增加,这与 YAO 等<sup>[11]</sup>和 XU 等<sup>[37]</sup>的研究结果一致。变形菌门趋向于养分丰富的环境,添加生物炭提高了土壤有效氮、磷、钾养分含量,有利于变形菌门富集。绿弯菌门属于能适应土壤恶劣环境的贫营养型微生物<sup>[38]</sup>,本研究发现绿弯菌门为 CK 处

理显著富集的差异物种,BC 和 FBC 处理的土壤有机质和速效氮、磷、钾养分高,绿弯菌门丰度则显著降低,这可能是由于施入生物炭提高了土壤肥力,绿弯菌门在群落竞争中不占优势。厚壁菌门和隶属于厚壁菌门的芽孢杆菌纲到属均属于 FBC 处理富集的差异物种,芽孢杆菌能与变形菌纲、放线菌纲和浮霉菌纲等稳定共存<sup>[39]</sup>,它们在土壤中均具有良好的反硝化作用,容易造成土壤氮素损失,这可能是果期 FBC 处理的碱解氮含量显著低于 BC 处理的原因。本研究表明:土壤真菌门水平以子囊菌门占绝对优势,3 个处理的相对丰度均在 75% 以上,施用生物炭后子囊菌门丰度降低,FBC 处理下降尤为明显。子囊菌多为腐生菌<sup>[40]</sup>,可以分解动植物残体,也会引起根腐、叶斑和茎腐等病症<sup>[41]</sup>;担子菌门可以分解土壤中难以分解的有机质<sup>[42]</sup>,施入的生物炭自身含有难分解的生物质组织、纤维素和木质素等,提高了土壤难分解有机质含量,使土壤担子菌门增加,这与张燕林等<sup>[10]</sup>的研究结果一致。

本研究表明:土壤有机质、碱解氮和有效磷为细菌和真菌群落变异共同的环境驱动因子,原因可能是添加生物炭可以改变土壤微生物赖以生存的碳源和氮源。根据 LEfSe 分析可知:BC 处理在属水平上显著富集的差异物种为芽单胞菌属、鞘脂单胞菌属和水恒杆菌属;FBC 处理显著富集的差异物种为芽孢杆菌属、链格孢属和青霉属(均属于解磷菌)<sup>[43]</sup>,果期 FBC 处理的土壤有效磷含量显著低于 BC 处理,表明水肥一体化施肥引起施肥沟处土壤有效磷向周围土壤扩散,导致施肥沟处土壤解磷菌活跃。芽孢杆菌属是一种根际促生菌,有益于促进植物生长<sup>[44]</sup>。施入生物炭提高了土壤有机质和碱解氮含量,改变土壤碳氮比和相关酶活性<sup>[14]</sup>,影响微生物代谢活动,从而影响微生物群落构成。本研究中,土壤 pH 与真菌的群落构成具有显著相关性,土壤酸碱度的变化提高了土壤养分有效性和有机质的矿化速率,促进芒果树和林下生草细根生长代谢,真菌可加快枯枝落叶等腐解转化为土壤有机质和矿质养分,加速形成果园生物小循环。

#### 4 结论

施用椰壳生物炭可以提高土壤 pH、有机质和速效钾含量,改善土壤微生物群落结构,从而

促进芒果树根系伸长和细根生长。有机质、碱解氮和有效磷含量是土壤细菌和真菌群落结构变化的共同驱动因子,水肥一体化和添加生物炭有利于土壤微生物的优势菌门和具有促生作用的有益菌属富集。

#### [参考文献]

- [1] 海南省统计局. 海南统计年鉴[M]. 北京: 中国统计出版社, 2021.
- [2] 海南省农业厅土肥站. 海南土种志[M]. 海口: 海南出版社, 1994.
- [3] 姚智, 白亭玉, 金成伟, 等. 海南省芒果主产区土壤养分现状与果实矿质养分相关性评价与分析[J]. 土壤通报, 2016, 47(6): 1409. DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2016.06.20](https://doi.org/10.19336/j.cnki.trtb.2016.06.20).
- [4] 何翠翠, 冯焕德, 魏志远, 等. 海南岛芒果园施肥现状调查及土壤养分状况分析[J]. 热带作物学报, 2018, 39(12): 2336. DOI: [10.3969/j.issn.1000-2561.2018.12.002](https://doi.org/10.3969/j.issn.1000-2561.2018.12.002).
- [5] 张瀚曰, 胡斌, 包维楷, 等. 攀枝花地区芒果园土壤碳氮磷分布现状及变化趋势[J]. 应用与环境生物学报, 2021, 27(2): 241. DOI: [10.19675/j.cnki.1006-687x.2021.01029](https://doi.org/10.19675/j.cnki.1006-687x.2021.01029).
- [6] 何翠翠, 魏志远, 张文, 等. 海南岛芒果主产区果园氮素盈余状况研究[J]. 土壤通报, 2020, 51(4): 943. DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2020.04.25](https://doi.org/10.19336/j.cnki.trtb.2020.04.25).
- [7] CHEW J, ZHU L L, NIELSEN S, et al. Biochar-based fertilizer: supercharging root membrane potential and biomass yield of rice[J]. Science of the Total Environment, 2020, 713: 136431. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2019.136431](https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.136431).
- [8] QUAN G X, FAN Q Y, ZIMMERMAN A R, et al. Effects of laboratory biotic aging on the characteristics of biochar and its water-soluble organic products[J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 382: 121071. DOI: [10.1016/j.jhazmat.2019.121071](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2019.121071).
- [9] 何秀峰, 赵丰云, 于坤, 等. 生物炭对葡萄幼苗根际土壤养分、酶活性及微生物多样性的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2020(6): 19. DOI: [10.11838/sfsc.1673-6257.19450](https://doi.org/10.11838/sfsc.1673-6257.19450).
- [10] 张燕林, 黄彩凤, 包明琢, 等. 生物炭及其老化对杉木林土壤养分含量和微生物群落组成影响的室内模拟[J]. 林业科学, 2021, 57(6): 169. DOI: [10.11707/j.1001-7488.20210619](https://doi.org/10.11707/j.1001-7488.20210619).
- [11] YAO Q, LIU J J, YU Z H, et al. Changes of bacterial community compositions after three years of biochar application in a black soil of northeast China[J]. Applied Soil Ecology, 2017, 113: 11. DOI: [10.1016/j.apsoil.2017.01.007](https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2017.01.007).
- [12] MUHAMMAD N, DAI Z M, XIAO K C, 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. DOI: [10.1016/j.geoderma.2014.01.023](https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2014.01.023).
- [13] 田孝志, 徐龙晓, 宋建飞, 等. 稻壳炭对紧实土壤中苹果根系硫同化酶活性、H<sub>2</sub>S含量及根系构型的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2021, 27(5): 869. DOI: [10.11674/zwyf.20532](https://doi.org/10.11674/zwyf.20532).
- [14] 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. DOI: [10.16258/j.cnki.1674-5906.2021.01.024](https://doi.org/10.16258/j.cnki.1674-5906.2021.01.024).
- [15] 肖茜, 张洪培, 沈玉芳, 等. 生物炭对黄土区土壤水分入渗、蒸发及硝态氮淋溶的影响[J]. 农业工程学报, 2015, 31(16): 128. DOI: [10.11975/j.issn.1002-6819.2015.16.018](https://doi.org/10.11975/j.issn.1002-6819.2015.16.018).
- [16] 王茜. 植物根系分形维数测定的改进及应用[D]. 阜新: 辽宁工程技术大学, 2014.
- [17] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10(10): 996. DOI: [10.1038/nmeth.2604](https://doi.org/10.1038/nmeth.2604).
- [18] QUAST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools[J]. Nucleic Acids Research, 2013, 41(D1): D590. DOI: [10.1093/nar/gks1219](https://doi.org/10.1093/nar/gks1219).
- [19] ALTSCHUL S F, MADDEN T L, SCHÄFFER A A, et al. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs[J]. Nucleic Acids Research, 1997, 25(17): 3389. DOI: [10.1093/nar/25.17.3389](https://doi.org/10.1093/nar/25.17.3389).
- [20] 杨书申, 邵龙义. MATLAB环境下图像分形维数的计算[J]. 中国矿业大学学报, 2006, 35(4): 478. DOI: [10.3321/j.issn:1000-1964.2006.04.011](https://doi.org/10.3321/j.issn:1000-1964.2006.04.011).
- [21] AHMED A, KURIAN J, RAGHAVAN V. Biochar influences on agricultural soils, crop production, and the environment: a review[J]. Environmental Reviews, 2016, 24(4): 495. DOI: [10.1139/er-2016-0008](https://doi.org/10.1139/er-2016-0008).
- [22] 王娟, 黄成真. 生物炭对土壤改良效果的研究进展[J]. 水资源与水工程学报, 2020, 31(3): 246. DOI: [10.11705/j.issn.1672-643X.2020.03.36](https://doi.org/10.11705/j.issn.1672-643X.2020.03.36).
- [23] CHINTALA R, SCHUMACHER T E, KUMAR S, et al. Molecular characterization of biochars and their influence on microbiological properties of soil[J]. Journal of Hazardous Materials, 2014, 279: 244. DOI: [10.1016/j.jhazmat.2014.06.074](https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2014.06.074).
- [24] 王玲玲, 曹银贵, 王凡, 等. 生物炭对重构土壤化学性质及苜蓿抗旱性的影响[J]. 水土保持研究, 2021, 28(6): 105. DOI: [10.13869/j.cnki.rswc.2021.06.009](https://doi.org/10.13869/j.cnki.rswc.2021.06.009).
- [25] 郭俊梅, 姜慧敏, 张建峰, 等. 玉米秸秆炭还田对黑土土壤肥力特性和氮素农学效应的影响[J]. 植物营养与肥料学报, 2016, 22(1): 67. DOI: [10.11674/zwyf.14575](https://doi.org/10.11674/zwyf.14575).
- [26] QUAGGIO J A, SOUZA T R, ZAMBROSI F, et al. Citrus fruit yield response to nitrogen and potassium fertilization depends on nutrient-water management system[J]. Scientia Horticulturae, 2019, 249: 329. DOI: [10.1016/j.scienta.2019.02.001](https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.02.001).
- [27] 白翠华, 周昌敏, 王祥和, 等. 荔枝钾氮肥滴施比例及施肥方式对土壤pH和盐分的影响[J]. 土壤通报, 2021, 52(5): 1104. DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2020112501](https://doi.org/10.19336/j.cnki.trtb.2020112501).
- [28] LIU Y X, LU H H, YANG S M, et al. Impacts of biochar addition on rice yield and soil properties in a cold waterlogged paddy for two crop seasons[J]. Field Crops Research, 2016, 191: 161. DOI: [10.1016/j.fcr.2016.03.003](https://doi.org/10.1016/j.fcr.2016.03.003).
- [29] 赵海涛, 封克, 汪晓丽, 等. 连续施磷条件下渗育性水稻

- 土无机磷土层分布及移动特征[J]. 植物营养与肥料学报, 2007, 13(1): 33. DOI: [10.3321/j.issn:1008-505X.2007.01.006](#).
- [30] 岳小松, 张影, 刘星, 等. 水洗生物炭对2种类型土壤钾素淋失的影响[J]. 水土保持学报, 2021, 35(5): 108. DOI: [10.13870/j.cnki.stbxb.2021.05.016](#).
- [31] 悦飞雪, 李继伟, 王艳芳, 等. 生物炭和AM真菌提高矿区土壤养分有效性的机理[J]. 植物营养与肥料学报, 2019, 25(8): 1325. DOI: [10.11674/zwyf.18511](#).
- [32] SONG X N, RAZAVI B S, LUDWIG B, et al. Combined biochar and nitrogen application stimulates enzyme activity and root plasticity[J]. Science of the Total Environment, 2020, 735: 139393. DOI: [10.1016/j.scitotenv.2020.139393](#).
- [33] KHEIRFAM H, SADEGHI S H, HOMAEI M, et al. Quality improvement of an erosion-prone soil through microbial enrichment[J]. Soil & Tillage Research, 2017, 165: 230. DOI: [10.1016/j.still.2016.08.021](#).
- [34] 白雪, 李小英, 邱宗海. 添加生物炭与菌肥的复合基质对元宝枫幼苗生长的影响[J]. 西南林业大学学报(自然科学), 2020, 40(4): 14. DOI: [10.11929/j.swfu.201912032](#).
- [35] 汪洪, 金继运, 山内章. 以盒维数法分析水稻根系形态特征及初探其与锌吸收积累的关系[J]. 作物学报, 2008, 34(9): 1637. DOI: [10.3321/j.issn:0496-3490.2008.09.021](#).
- [36] 刘秀. 红树林地上凋落物和细根对土壤有机质的相对贡献[D]. 北京: 中国林业科学研究院, 2018.
- [37] XU N, TAN G C, WANG H Y, 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. DOI: [10.1016/j.ejsobi.2016.02.004](#).
- [38] 王立夫, 赵淑雯, 李彬彬, 等. 不同阴离子钠盐对土壤Cd形态与微生物群落的影响[J]. 中国环境科学, 2021, 41(9): 4221. DOI: [10.3969/j.issn.1000-6923.2021.09.029](#).
- [39] 王思宇, 李军, 王秀杰, 等. 添加芽孢杆菌污泥反硝化特性及菌群结构分析[J]. 中国环境科学, 2017, 37(12): 4649. DOI: [10.3969/j.issn.1000-6923.2017.12.030](#).
- [40] BEIMFORDE C, FELDBERG K, NYLINDER S, et al. Estimating the Phanerozoic history of the Ascomycota lineages: combining fossil and molecular data[J]. Molecular Phylogenetics and Evolution, 2014, 78: 386. DOI: [10.1016/j.ympev.2014.04.024](#).
- [41] RAYA-DÍAZ S, QUESADA-MORAGA E, BARRÓN V, et al. Redefining the dose of the entomopathogenic fungus *Metarhizium brunneum* (Ascomycota, Hypocreales) to increase Fe bioavailability and promote plant growth in calcareous and sandy soils[J]. Plant and Soil, 2017, 418(1/2): 387. DOI: [10.1007/s11104-017-3303-0](#).
- [42] REN X H, SUN H W, WANG F, et al. The changes in biochar properties and sorption capacities after being cultured with wheat for 3 months[J]. Chemosphere, 2016, 144: 2257. DOI: [10.1016/j.chemosphere.2015.10.132](#).
- [43] 池景良, 郝敏, 王志学, 等. 解磷微生物研究及应用进展[J]. 微生物学杂志, 2021, 41(1): 1. DOI: [10.3969/j.issn.1005-7021.2021.01.001](#).
- [44] 张亮, 盛浩, 袁红, 等. 根际促生菌防控土传病害的机理与应用进展[J]. 土壤通报, 2018, 49(1): 220. DOI: [10.19336/j.cnki.trtb.2018.01.30](#).

责任编辑: 何承刚