

DOI: 10.20103/j.stxb.202503020771

李明艳, 胡海波, 金伟, 葛之葳, 孙海军, 唐子莱, 刘新. 生物炭联合耐盐乔木对滩涂盐土中磷循环细菌群落的影响. 生态学报, 2026, 46(10): - .  
Li M Y, Hu H B, Jin W, Ge Z W, Sun H J, Tang Z L, Liu X. Effects of biochar combined with salt-tolerant trees on phosphorus cycling bacterial community in intertidal saline soil. Acta Ecologica Sinica, 2026, 46(10): - .

# 生物炭联合耐盐乔木对滩涂盐土中磷循环细菌群落的影响

李明艳<sup>1</sup>, 胡海波<sup>1</sup>, 金伟<sup>2</sup>, 葛之葳<sup>1</sup>, 孙海军<sup>1</sup>, 唐子莱<sup>1</sup>, 刘新<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> 南京林业大学生态与环境学院/碳中和与生态产品价值化研究中心, 南京 210037

<sup>2</sup> 南京高科建设发展有限公司, 南京 210038

**摘要:** 溶磷菌通过分泌有机酸或磷酸酶驱动土壤有机磷矿化(*phoD* 基因)和无机磷溶解(*pqqC* 基因), 是提升沿海滩涂盐土磷有效性的关键生物因子。为探究生物炭联合耐盐乔木对沿海滩涂盐土磷循环细菌群落的影响, 以江苏盐城大丰林场为研究对象, 设置未施加生物炭且无树木生长组(CK)、单独施加生物炭组(BC)、施用生物炭并分别种植苦楝(KL)、乌桕(WJ)、山核桃(SHT)、榆树(YS)、榉树(JS)、文冠果(WGG)、中山杉(ZSS)、刺槐(CH)8种耐盐乔木处理组, 共10个处理组, 进行田间试验, 采用荧光定量PCR(*qPCR*)测定*pqqC*(无机磷溶解基因)和*phoD*(有机磷矿化基因)的绝对丰度, 结合 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析含*pqqC*、*phoD* 基因细菌群落的特征。结果表明, 单施生物炭和生物炭联合耐盐乔木相比于 CK 更有效调节沿海滩涂盐土磷循环细菌群落, 尤其是生物炭联合耐盐乔木处理, 其盐土 pH 降低了 0.26—1.89, EC 从 2.01 dS/m 降至 0.77—1.97 dS/m, 且提高了盐土 SOM、TP、AP、TN、TK 含量、碱性磷酸酶和植酸酶活性以及 *pqqC* 和 *phoD* 功能基因丰度(最高提升 5%), 其中生物炭联合山核桃(SHT)提升效果最佳。生物炭联合耐盐乔木显著提升盐土磷循环细菌群落 OTU 数量, 富集假单胞菌属(*Pseudomonas*)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)等磷循环优势菌群。冗余分析(RDA)结果表明, 磷循环菌群的分布与土壤有机质(SOM)、有效磷(AP)与酶活性(ALP、PHY)显著关联( $P < 0.05$ )。随机森林模型得出, AP 是驱动沿海滩涂盐土中含 *pqqC*、*phoD* 基因细菌群落的关键环境因子。综上所述, 生物炭联合耐盐乔木处理能够通过“生物炭-植物-微生物”三元互作, 提升磷循环细菌群落结构的多样性和丰富度, 显著提升沿海滩涂盐土磷素生物有效性, 其中, 生物炭联合山核桃(SHT)处理对沿海滩涂盐土的磷循环细菌群落的调节效果最佳。该研究结果可为优化沿海滩涂盐土磷循环细菌群落结构以及提升其磷素有效性提供固碳理论依据和实践参考。

**关键词:** 生物炭; 耐盐乔木; 滩涂盐土; *pqqC* 基因; *phoD* 基因; 磷循环

## Effects of biochar combined with salt-tolerant trees on phosphorus cycling bacterial community in intertidal saline soil

LI Mingyan<sup>1</sup>, HU Haibo<sup>1</sup>, JIN Wei<sup>2</sup>, GE Zhiwei<sup>1</sup>, SUN Haijun<sup>1</sup>, TANG Zilai<sup>1</sup>, LIU Xin<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> College of Ecology and Environment, Research Center for Carbon Neutrality and Value of Ecological Products, Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China

<sup>2</sup> Nanjing High-tech Construction and Development Co., LTD., Nanjing 210038, China

**Abstract:** Phosphorus-solubilizing bacteria drive soil organic phosphorus mineralization (*phoD* gene) and inorganic phosphorus dissolution (*pqqC* gene) by secreting organic acids or phosphatases, and are key biological factors for enhancing the availability of phosphorus in coastal tidal flat saline soil. To explore the effect of biochar combined with salt-tolerant trees

**基金项目:** 江苏省 2022 年度碳达峰碳中和科技创新专项资金项目(BE2022305); 国家林业和草原局江苏长江三角洲农田防护林生态系统定位观测研究项目(2024132088)

收稿日期: 2025-03-02; 网络出版日期: 2026-00-00

\* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: xin126mail@126.com

on the phosphorus cycling bacterial community in coastal tidal flat saline soil, this study takes the Dafeng Forest Farm in Yancheng, Jiangsu Province as the research object. Eight salt-tolerant tree treatment groups were set up, namely the group without biochar application and no tree growth (CK), the group with biochar application alone (BC), and the group with biochar application and separate planting of neem (KL), *Sapium sebiferum* (WJ), pecan (SHT), elm (YS), zelkova (JS), *Xanthoceras sorbiferum* (WGG), *Metasequoia glyptostroboides* (ZSS), and acacia (CH). A total of 10 treatment groups were used for field experiments. The absolute abundances of *pqqC* (inorganic phosphorus dissolution gene) and *phoD* (organic phosphorus mineralization gene) were determined by fluorescence quantitative PCR (*qPCR*), and the characteristics of bacterial communities containing *pqqC* and *phoD* genes were analyzed by combining Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology. The results show that the application of biochar alone and the combination of biochar and salt-tolerant trees are more effective in regulating the phosphorus cycling bacterial community in coastal tidal flat saline soil compared with CK. Especially the treatment of biochar combined with salt-tolerant trees, the pH of the saline soil decreased by 0.26—1.89, and the EC decreased from 2.01dS/m to 0.77—1.97dS/m. Moreover, it increased the contents of SOM, TP, AP, TN, TK in the saline soil, the activities of alkaline phosphatase and phytase, as well as the abundance of *pqqC* and *phoD* functional genes (with a maximum increase of 5%), among which the combination of biochar and pecan (SHT) had the best enhancement effect. The combination of biochar and salt-tolerant trees significantly increased the number of OTUs in the phosphorus cycling bacterial community of saline soil, enriching the dominant phosphorus cycling bacterial communities such as *Pseudomonas* and *Bradyrhizobium*. The results of redundancy analysis (RDA) indicated that the distribution of phosphorus cycling flora was significantly associated with soil organic matter (SOM), available phosphorus (AP), and enzyme activity (ALP, PHY) ( $P < 0.05$ ). The random forest model concludes that AP is the key environmental factor driving the bacterial community containing *pqqC* and *phoD* genes in the coastal tidal flat saline soil. In conclusion, the treatment of biochar combined with salt-tolerant trees can enhance the diversity and richness of the phosphorus cycling bacterial community structure through the “biochar-plant-microorganism” ternary interaction, significantly improving the bioavailability of phosphorus in coastal tidal flat saline soil. Among them, the treatment of biochar combined with pecan (SHT) has the best regulatory effect on the phosphorus cycling bacterial community in coastal tidal flat saline soil. The results can provide theoretical basis and practical reference for carbon sequestration in optimizing the bacterial community structure of phosphorus cycling in coastal tidal flat saline soil and enhancing its phosphorus availability.

**Key Words:** biochar; salt-tolerant trees; tidal flat saline soil; *pqqC* gene; *phoD* gene; phosphorus cycle

沿海滩涂盐土磷素生物有效性低下已成为制约植被定植与生态系统功能恢复的关键限制因子之一。受海水倒灌和蒸发作用的影响,沿海滩涂土壤存在盐分富集、土壤板结等<sup>[1]</sup>问题,滩涂土壤中的可溶性磷易与  $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{Na}^{+}$  等阳离子结合形成难溶性磷酸盐<sup>[2]</sup>,同时盐胁迫显著抑制土壤微生物活性<sup>[3]</sup>,进一步削弱土壤中的磷循环过程,致使磷有效性降低,影响作物的生长发育和生产水平<sup>[4]</sup>。

微生物是驱动土壤磷循环的核心动力,通过胞外与胞内途径协同调控磷素转化。胞外途径中,微生物通过介导无机磷溶解和有机磷矿化两大途径满足其磷素代谢需求<sup>[5]</sup>。编码吡咯喹啉醌的 *pqqC* 基因和编码碱性磷酸酶的 *phoD* 基因分别被确定为无机磷溶解和有机磷矿化的潜在生物学指标。胞内途径中,磷的吸收转运(如 *pit*、*pst* 基因家族)和饥饿调节系统(如 *phoR*/*phoB* 双组分调控系统)则通过感知环境磷水平优化磷素利用效率<sup>[6-7]</sup>。研究表明,磷循环相关基因丰度和细菌多样性的提升通常显著促进磷溶解。Hu 等<sup>[8]</sup>研究发现, *pqqC* 基因丰度与土壤中磷酸酶活性及作物吸磷量具有显著正相关,而 Li 等<sup>[9]</sup>研究发现,含 *phoD* 基因的细菌群落通过增强碱性磷酸酶的活性,从而提高磷素有效性。但也有研究显示,高盐环境可能通过抑制特定溶磷菌(如假单胞菌属)的代谢活性,导致丰度增加却未显著提升磷溶解效率,这可能与功能基因表达受抑有关<sup>[10]</sup>。

近年来,生物炭因其稳定的多孔结构、丰富的表面官能团及持久的碳封存能力,在盐碱地修复领域展现出独特优势<sup>[11]</sup>。生物炭可通过离子交换降低土壤盐碱度<sup>[12]</sup>,并通过改善土壤理化性质,为土壤中微生物提供营养物质来促进土壤微生物生长,提高微生物活性,从而增加土壤酶活性<sup>[13]</sup>。值得注意的是,耐盐乔木在沿海滩涂盐土生态修复中常被用作先锋物种<sup>[14]</sup>,其根系分泌物(如有机酸、酚类物质)可能通过螯合作用活化固定态磷<sup>[15]</sup>,同时根际沉积碳可为磷循环微生物提供能量底物<sup>[16]</sup>。侯晖等<sup>[17]</sup>通过在盐碱地区种植沙棘、柽柳等耐盐乔木发现耐盐乔木有利于提高根际土壤养分,提高根际土壤微生物代谢活性和根际土壤微生物群落功能多样性。然而,前人关于生物炭改良盐碱土壤的研究多集中单一生物炭在土壤理化性质以及土壤整体微生物群落方面的研究,对生物炭与耐盐乔木的联合作用以及含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌种属的研究较少,研究生物炭与耐盐乔木联合驱动滩涂盐碱土壤含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落的变化,对解明磷素转换过程更加具备说服力。

因此,本研究以江苏盐城大丰沿海滩涂盐土为研究对象,通过田间试验,研究生物炭联合 8 种耐盐乔木,包括苦楝(KL)、乌桕(WJ)、山核桃(SHT)、榆树(YS)、榉树(JS)、文冠果(WGG)、中山杉(ZSS)、刺槐(CH),对盐土理化性质、磷相关酶活性以及磷循环细菌群落的影响,揭示联合改良措施驱动磷素有效性提升的机制,为沿海滩涂盐土的高效固碳与生态功能提升提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

本试验供试生物炭以稻壳为原料,将稻壳粉碎后放入炭化炉中,缓慢升温至 500℃<sup>[18]</sup>,在低氧条件下裂解炭化 2h,经冷却器冷却到 25℃后出料。试验所用生物炭由南京林业大学提供。供试生物炭的基础理化性质:pH 值 7.68、比表面积 140.25m<sup>2</sup>/g、平均孔径 8.27nm、有机碳 484.38g/kg、全碳 562.71g/kg、全氮 32.2g/kg、全磷 5.12g/kg、全钾 25.61g/kg。

### 1.2 试验地概况

本试验设置在江苏省盐城港某沿海林场(33°9′59.724″N,120°46′10.020″E 及 33°4′0.48″N,120°46′33.492″E),地处北亚热带向暖温带的过渡带,季风气候显著,年平均降水量 900—1100mm,年平均气温 13.7—14.8℃。该地处于江海交汇区,常年受海水盐化和淤泥沉积影响<sup>[19]</sup>,本地耐盐先锋物种为刺槐<sup>[20]</sup>。试验区土壤经围垦形成,土壤类型为冲积盐土类,是典型的淤泥质海岸带盐渍土滩涂淤滞砂壤。土壤基本理化性质(0—40cm 土层平均值):pH 值 8.71、电导率(EC)2.01dS/m、土壤有机质(SOM)含量 4.95g/kg、全氮(TN)含量 0.34g/kg、全磷(TP)含量 0.09g/kg、全钾(TK)含量 9.16g/kg、有效磷(AP)含量 18.93mg/kg。

### 1.3 试验设计

本试验采用田间试验法,于 2022 年 10 月开展,设置以下 10 种处理:(1)未施加生物炭且无树木生长对照组(CK);(2)单独施加生物炭(BC);(3)—(10)施加生物炭并分别种植耐盐乔木苦楝(KL)、乌桕(WJ)、山核桃(SHT)、榆树(YS)、榉树(JS)、文冠果(WGG)、中山杉(ZSS)和刺槐(CH)。采用随机区组设计,每个处理设置 3 个重复样地,共 30 个样地,每个样地 21.5m×21.5m。各样地均避开林分边缘区域或有特殊干扰的地段,样地互相间隔约 100m。在生物炭施加处理组,将生物炭按堆积体积比 8%的施加量一次性局部混合施用:在样地内按设计种植点挖取 80cm×80cm×80cm 的方形坑洞,将生物炭与挖出土壤充分混合均匀后回填。CK 组样地不做任何处理。在每个样地内,根据树木种植布局(株行距 3m×4m),划分出 4 个固定样方(每个样方规格 10m×10m),样方间保留 1.5m 缓冲带(该区域不种植耐盐乔木且不采样),每个样方内均匀种植 9 棵(3 行×3 列)胸径约 8cm 的对应耐盐乔木。BC 组样地按上述方法只施入生物炭不种植乔木。CK 组保持原状。整个试验期间不再进行追肥,树木生长期间的灌溉、杀虫等管理措施均与当地林场的管理方式一致。

### 1.4 土壤样品采集

于试验开始一年后(2023 年 11 月)采集土壤样品。在每个乔木处理小区的每个样方内,随机选取 3 棵目

标树,用无菌土钻采集其根部附近 20cm 范围内的栽培土壤(0—40cm 土层),将同一个样方内 3 棵树的根际土壤样品充分混合均匀,作为该样方的混合根际土壤样品。对于 BC 组和 CK 组小区,在每个样方内按相同深度(0—40cm)随机选取 3 个采样点采集土壤,混合均匀形成一个混合土样。试验共设置 10 个处理,每个处理 3 个空间重复,每个试验小区划分 4 个样方,共计 120 份土壤样品。采集的土样立即装入无菌密封袋,干冰冷藏保存,并于当天运回实验室。每份土样分为三份处理:一份置于 4℃ 冰箱冷藏保存,1 周内完成碱性磷酸酶和植酸酶活性的测定;一份存于-80℃ 超低温冰箱中,用于微生物 DNA 高通量测序分析;另一份自然风干后过 2mm 筛,去除植物根系和其他杂质,用于土壤基本理化性质的测定。

## 1.5 项目测定及方法

### 1.5.1 土壤理化性质测定

土壤 pH 值采用电位法测定(水土比 2.5:1, 25℃);电导率(EC)采用电极法测定;土壤有机质(SOM)采用重铬酸钾-硫酸氧化外加加热法测定;全磷(TP)采用钼锑抗分光光度法测定;有效磷(AP)采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗分光光度法测定;全钾(TK)采用氢氧化钠熔融法测定;全氮(TN)采用凯氏定氮法测定;土壤碱性磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法<sup>[21]</sup>,取 5.0g 鲜土(以烘干基重计)加入 20mL pH9.4 碳酸盐缓冲液、5mL 0.025mol/L 磷酸苯二钠溶液,于 37℃ 恒温培养箱中培养 2h 测定;土壤植酸酶(PHY)活性采用钒钼黄比色法<sup>[22]</sup>,取 1.0g 鲜土(烘干基重计)加入 4mL 0.2mol/L 植酸钠溶液,于 37℃ 恒温培养箱中培养 1h 测定。

### 1.5.2 土壤总 DNA 提取

根据 E.Z.N.A.<sup>®</sup> soil DNA kit (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.) 说明书进行微生物群落总基因组 DNA 抽提,使用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测抽提的基因组 DNA 的质量,使用 NanoDrop2000 (美国 Thermo Scientific 公司)测定 DNA 浓度和纯度。

### 1.5.3 *pqqC* 和 *phoD* 基因实时荧光定量

使用携带 Barcode 序列的引物 *ApqqCF* (5'-AACCGCTTCTACTACCAG-3') 和 *ARpqqCR* (5'-GCCAACAGCTCGGTCAG-3')<sup>[23]</sup> 扩增 *pqqC* 基因,扩增片段大小为 306bp。使用携带 Barcode 序列的引物 *phoD-F* (5'-CAGTGGGACGACCACGAGGT-3') 和 *phoD-R* (5'-GAGGCCGATCGGCATGTGCG-3') 扩增<sup>[24]</sup> *phoD* 基因,扩增片段大小为 371bp。PCR 反应体系(10μL):SYBR Green Master Mix (Low Rox Plus) 5μL (南京诺唯赞生物科技股份有限公司),正、反向引物(2μmol/L)各 1μL,模板 DNA 1μL,灭菌水(ddH<sub>2</sub>O) 2μL。PCR 反应条件:95℃ 预变性 5min,40 个循环(95℃ 变性 10s,55℃ 退火 20s,72℃ 延伸 30s),然后 72℃ 稳定延伸 5min,最后在 4℃ 进行保存(PCR 仪:ABI GeneAmp © 9700 型),使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物,利用 DNA 凝胶回收纯化试剂盒(PCR Clean-Up Kit,中国逾华)进行回收产物纯化,并用 Qubit 4.0 (Thermo Fisher Scientific, USA) 对回收产物进行检测定量。

使用 NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit 对纯化后的 PCR 产物进行建库:(1) 接头链接;(2) 使用磁珠筛选去除接头自连片段;(3) 利用 PCR 扩增进行文库模板的富集;(4) 磁珠回收 PCR 产物得到最终的文库。利用 Illumina Nextseq2000 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。

### 1.5.4 高通量测序数据分析

使用 fastp (v0.19.6) 软件对双端原始测序序列进行质控,使用 FLASH (v1.2.11) 软件进行拼接:(1) 过滤 reads 尾部质量值 20 以下的碱基,设置 50bp 的窗口,如果窗口内的平均质量值低于 20,从窗口开始截去后端碱基,过滤质控后 50bp 以下的 reads,去除含 N 碱基的 reads;(2) 根据 PE reads 之间的 overlap 关系,将成对 reads 拼接(merge)成一条序列,最小 overlap 长度为 10bp;(3) 拼接序列的 overlap 区允许的最大错配比率为 0.2,筛选不符合序列;(4) 根据序列首尾两端的 barcode 和引物区分样品,并调整序列方向,barcode 允许的错配数为 0,最大引物错配数为 2。使用 UPARSE v7.1 软件,根据 97% 的相似度对质控拼接后的序列进行操作分类单元 OTU (Operational taxonomic unit) 聚类并剔除嵌合体。利用 RDP classifier (v2.11) 比对 nt\_v20230830 物种分类数据库进行 OTU 物种分类学注释,置信度阈值为 70%,并在不同物种分类水平下统计每个样本的群

落组成。使用 PICRUST2(v2.2.0) 软件进行 16S 功能预测分析。

## 1.6 数据分析

采用 Microsoft Excel 2019 对数据进行基本处理与计算, SPSS 27.0 对数据进行统计分析, 采用单因素方差分析法 (One way ANOVA) 和最小显著差异法 (LSD) 对不同处理组数据进行显著性分析 ( $P < 0.05$ )。采用 mothur 软件计算 Alpha 多样性 Shannon 指数, 并采用 Wilcoxon 秩和检验进行 Alpha 多样性的组间差异分析; 使用基于 bray-curtis 距离算法的 PCoA 分析 (主坐标分析) 检验样本间微生物群落结构的相似性, 并结合 PERMANOVA 非参数检验分析样本组间微生物群落结构差异是否显著; 使用冗余分析 (Redundancy Analysis, RDA) 分析 pH 值、EC、SOM、TP、AP、TN、TK 和含 *pqqC*、*phoD* 基因细菌群落的相关性; 使用 Spearman 相关性分析分析含 *pqqC*、*phoD* 基因的优势细菌群落与环境因子之间的相关性和显著性; 使用随机森林模型 (Random Forest) 分析影响含 *pqqC*、*phoD* 基因的细菌群落的关键驱动因子。使用 Origin 2021 和 R (v4.4.3) 的 vegan、random Forest 包对上述结果进行分析作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 生物炭联合耐盐乔木处理对滩涂盐土理化性质的影响

不同处理对盐土理化性质的影响如表 1 所示。与 CK 相比, 单独施加生物炭以及生物炭联合耐盐乔木处理有效降低了盐土的 pH 值和盐度, 提升了盐土中土壤有机质、全磷、有效磷、全氮、全钾含量, 改良效果为生物炭联合耐盐乔木 > 单独施加生物炭 > CK。

与 CK 相比, 生物炭联合耐盐乔木盐土 pH 降低了 0.26—1.89, EC 从 2.01 dS/m 降至 0.77—1.97 dS/m, 有效提高盐土土壤有机质、全磷、有效磷、全氮、全钾含量。其中, 土壤有机质提升范围为 28.73%—83.75%, 全氮提升范围为 31.91%—539.12%, 均为 CH 提升效果最好; 全钾提升范围为 3.38%—9.21%, 提升效果为 ZSS > SHT > WJ > CH > WGG > JS > YS > KL。KL、WJ、SHT、YS、JS、WGG、ZSS、CH 处理中全磷含量显著提升, 分别提升了 76.92%、29.44%、148.57%、37.33%、137.66%、134.52%、63.26%、138.05%; 有效磷提升量分别为 71.22%、26.66%、140.55%、32.90%、117.22%、121.66%、59.03%、132.17%, 提升效果为 SHT > CH > WGG > JS > KL > ZSS > YS > WJ。在盐土养分含量方面上, CH、SHT 提升效果较好。

表 1 不同处理对滩涂盐土理化性质的影响

Table 1 Effects of different treatments on physical and chemical properties of intertidal saline soil

盐土 Saline soil	pH 值 pH value	电导率 Electrical conductivity/ (dS/m)	土壤有机质 Soil organic matter/ (g/kg)	全磷 Total phosphorus/ (g/kg)	有效磷 Available phosphorus/ (mg/kg)	全氮 Total nitrogen/ (g/kg)	全钾 Total potassium/ (g/kg)
CK	8.71±0.08a	2.01±0.02a	4.95±0.05g	0.09±0.01i	18.93±0.09i	0.34±0.08d	9.16±0.07h
BC	8.52±0.11ab	1.94±0.01ab	5.6±0.04f	0.12±0.49h	21.5±0.33h	0.41±0.03cd	9.28±0.06g
KL	8.45±0.04abc	1.84±0.17b	8.21±0.05c	0.17±0.03d	33.55±0.19d	1.62±0.08b	9.47±0.08f
WJ	7.51±1.04d	1.97±0.09a	8.72±0.05b	0.12±0.02g	24.52±0.02g	0.66±0.11cd	9.84±0.08bc
SHT	7.91±0.04bcd	0.77±0.03e	6.37±0.06e	0.24±0.01a	47.16±0.06a	1.35±0.23b	9.88±0.05b
YS	7.87±0.4cd	1.96±0.07a	7.14±0.27d	0.13±0.01f	26.06±0.05f	0.45±0.05cd	9.66±0.06e
JS	7.71±0.06d	1.34±0.07d	7.31±0.11d	0.23±0.01b	45.00±0.04b	0.75±0.02c	9.73±0.04de
WGG	6.83±0.36e	1.62±0.05c	8.63±0.15b	0.22±0.02c	44.56±0.24c	0.58±0.07cd	9.79±0.04cd
ZSS	8.12±0.3abcd	0.77±0.04e	8.15±0.05c	0.15±0.01e	30.91±0.06e	0.59±0.03cd	10±0.02a
CH	8.43±0.06abc	1.28±0.06d	9.1±0.08a	0.23±0.01b	45.16±0.07b	2.18±0.66a	9.83±0.07bc

CK: 对照组 Control group; BC: 单独施加生物炭 Apply biochar alone; KL: 生物炭联合苦楝处理 Biochar combined with neem treatment; WJ: 生物炭联合乌桕处理 Biochar combined with sapium talbiferum treatment; SHT: 生物炭联合山核桃处理 Biochar combined with pecan treatment; YS: 生物炭联合榆树处理 Biochar combined with elm treatment; JS: 生物炭联合榉树处理 Biochar combined with beech tree treatment; WGG: 生物炭联合乌桕处理 Biochar combined with sapium talbiferum treatment; ZSS: 生物炭联合中山杉处理 Biochar combined with Metasequoia glyptostroboides treatment; CH: 生物炭联合刺槐处理 Biochar combined with acacia treatment; 同列不同的小写字母表示处理间差异显著 ( $P < 0.05$ )

## 2.2 生物炭联合耐盐乔木处理对滩涂盐土磷相关酶活性的影响

不同处理对磷相关酶的活性的影响如图 1 所示。与 CK 相比,单独施加生物炭以及生物炭联合耐盐乔木处理下碱性磷酸酶和植酸酶活性均显著提高,BC 组碱性磷酸酶和植酸酶活性分别提升了 11.51%、39.59%,生物炭联合耐盐乔木处理碱性磷酸酶和植酸酶活性分别提升了 37.50%—173.53%、77.38%—237.59%。其中,SHT、CH 处理提升碱性磷酸酶和植酸酶活性均较高,分别提高了 192.66%、203.03%。生物炭与耐盐乔木的联合处理对碱性磷酸酶和植酸酶活性的提升效果显著高于单独施加生物炭处理,这表明耐盐乔木的引入显著增强了生物炭对土壤磷循环关键酶活性的促进作用,存在明显的联合效应。

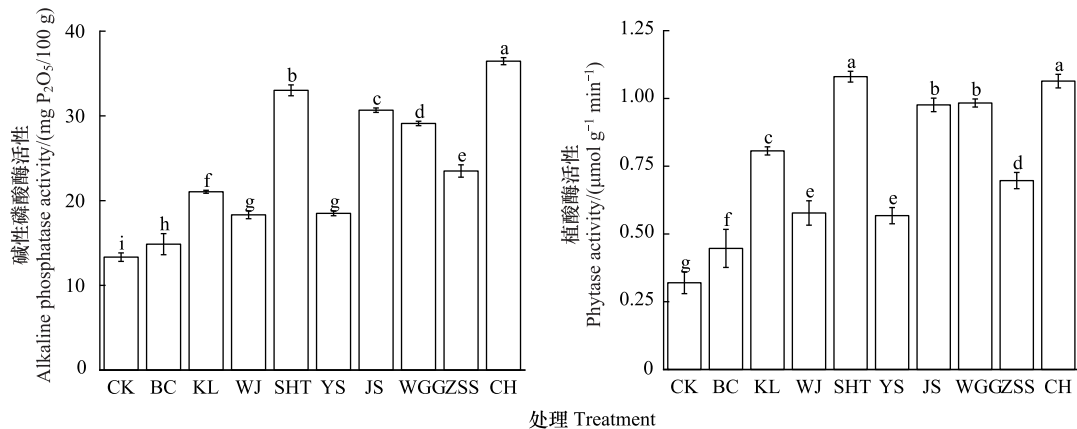


图 1 不同处理对滩涂盐土碱性磷酸酶及植酸酶活性的影响

Fig.1 Effects of different treatments on alkaline phosphatase and phytase activities in intertidal saline soil

CK:对照组;BC:单独施加生物炭;KL:生物炭联合苦楝处;WJ:生物炭联合乌桕处理;SHT:生物炭联合山核桃处理;YS:生物炭联合榆树处理;JS:生物炭联合榉树处;WGG:生物炭联合乌桕处理;ZSS:生物炭联合中山杉处理;CH:生物炭联合刺槐处理;不同的小写字母表示处理间差异显著( $P < 0.05$ )

## 2.3 生物炭联合耐盐乔木处理下对滩涂盐土中含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌丰度和群落特征的影响

### 2.3.1 生物炭联合耐盐乔木对 *pqqC* 和 *phoD* 基因丰度的影响

如图 2 所示,单独施加生物炭以及生物炭联合耐盐乔木均有效提升了沿海滩涂盐土中 *pqqC* 和 *phoD* 的基因丰度。与 CK 相比,BC 组 *pqqC* 和 *phoD* 基因丰度分别提升了 2.93%、1.96%。相较于 BC 组,生物炭联合耐盐乔木处理组 KL、WJ、SHT、YS、JS、WGG、ZSS、CH 的 *phoD* 基因丰度分别提升了 4.93%、4.89%、4.19%、4.14%、4.29%、2.86%、1.65%、3.39%,KL、WJ、JS、SHT、YS 处理效果较好,显著高于 BC 组。*pqqC* 基因丰度分别改变了 5.03%、4.27%、3.79%、3.64%、1.57%、-0.33%、-0.29%、2.12%,KL、WJ、SHT 处理效果最佳。

### 2.3.2 生物炭联合耐盐乔木对含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落 OTUs 数量特征的影响

高通量测序揭示了生物炭与耐盐乔木联合处理显著重塑了含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落多样性(图 3)。 *pqqC* 基因高通量测序共获得 2358935 条序列,聚类分析后共计 1745 个 OTUs, *phoD* 基因高通量测序共获得 1566844 条序列,聚类分析后共计 8307 个 OTUs。各处理组间共有的 *pqqC* 和 *phoD* 基因 OTUs 比例极低(分别为 4.47%和 3.18%),表明不同处理(特别是生物炭联合耐盐乔木处理)塑造了高度特异性的磷循环功能微生物群落结构。与 CK 相比,BC 组含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌 OTUs 数量分别提升了 105.95%、62.53%,相较于 BC 组,生物炭联合耐盐乔木处理组 KL、WJ、SHT、YS、JS、WGG、ZSS、CH 的含 *pqqC* 基因细菌 OTUs 数量分别提升了 88.45%、50.66%、39.90%、27.82%、47.77%、53.28%、46.98%、56.96%,提升效果为 KL>CH>WGG>WJ>JS>ZSS>SHT>YS,含 *phoD* 基因细菌 OTUs 数量分别提升了 29.31%、35.32%、19.54%、35.88%、24.35%、30.97%、2.59%、23.38%,提升效果为 YS>WJ>WGG>KL>JS>CH>SHT>ZSS。

### 2.3.3 生物炭联合耐盐乔木对含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌组成的影响

由图 4 可知,属水平上,假单胞菌属(*Pseudomonas*)、沙雷氏菌属(*Serratia*)、固氮螺菌属(*Azospira*)、根瘤杆

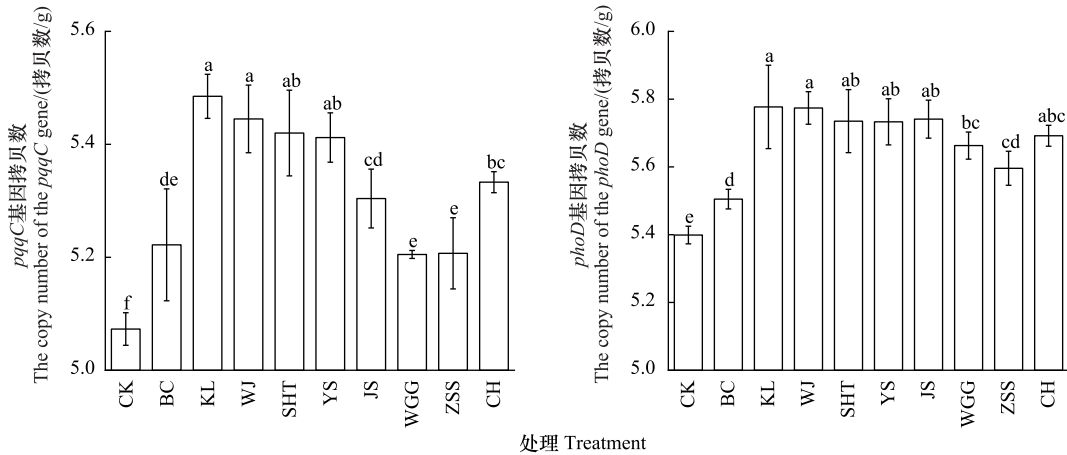


图 2 不同处理对滩涂盐土 pqqC 和 phoD 基因丰度的影响

Fig.2 Effect of different treatments on the abundance of pqqC and phoD genes in intertidal saline soil

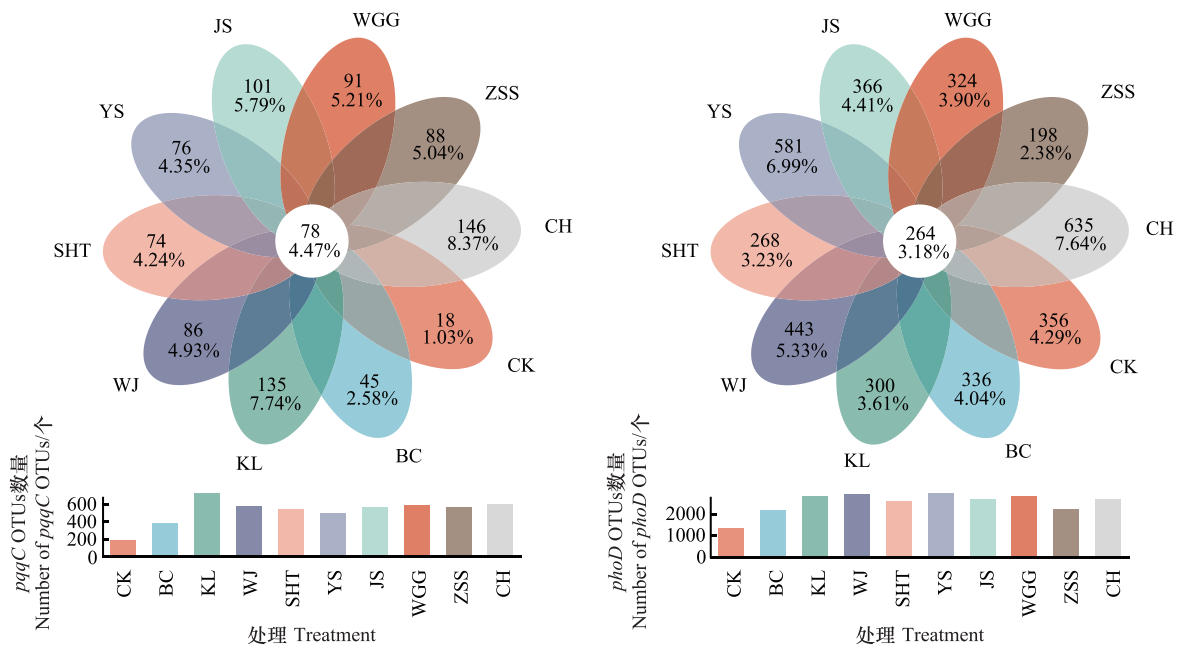


图 3 不同处理中滩涂盐土含 pqqC 和 phoD 基因细菌操作单元 (OTUs) 的韦恩图

Fig.3 Venn diagram of bacterial operating units (OTUs) containing pqqC and phoD genes in intertidal saline soil in different treatments

菌属 (*Rhizobacter*)、红色杆菌属 (*Rubrobacter*)、芳香烃降解菌属 (*Aromatoleum*)、假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*)、贪铜菌属 (*Cupriavidus*)、地嗜皮菌属 (*Geodermatophilus*)、固氮弧菌属 (*Azoarcus*) 是不同处理组中含 pqqC 基因细菌的优势细菌类群。假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为主要的含 pqqC 基因的细菌属, 在 CK、BC、KL、WJ、SHT、YS、JS、WGG、ZSS、CH 组中分别占含 pqqC 基因细菌总数的 1.13%、2.28%、20.97%、20.23%、5.86%、5.30%、5.45%、10.83%、4.97%、8.38%, 与 CK 相比, BC 组假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 占比提升了 101.77%, 生物炭联合耐盐乔木处理提升了 339.82%—1755.75%。

由图 4 可知, 属水平上, 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*)、中华根瘤菌属 (*Sinorhizobium*)、硝酸盐还原菌属 (*Nitratireductor*)、根瘤杆菌属 (*Rhizobacter*)、剑菌属 (*Ensifer*)、中慢生根瘤菌属 (*Mesorhizobium*)、副根瘤菌属 (*Pararhizobium*)、沙雷氏菌属 (*Sandaracinus*)、脂肪杆菌属 (*Pimelobacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 是不同处

理组中含 *phoD* 基因细菌的优势细菌类群。慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 为主要的含 *phoD* 基因的细菌属, 在 CK、BC、KL、WJ、SHT、YS、JS、WGG、ZSS、CH 组中分别占含 *phoD* 基因细菌总数的 2.13%、3.57%、8.89%、6.95%、9.04%、4.77%、6.38%、6.39%、5.95%、5.98%, 与 CK 相比, BC 组慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 占比提升了 33.61%—153.22%。

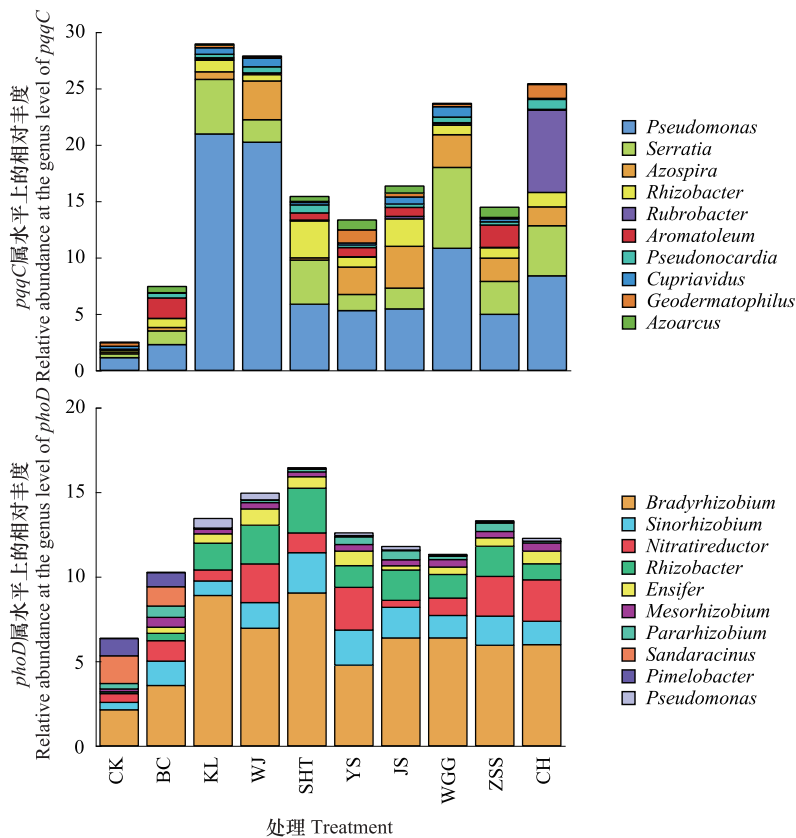


图4 不同处理中滩涂盐土含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落属水平上的相对丰度图

Fig.4 Relative abundance maps at the genus level of bacterial communities containing *pqqC* and *phoD* genes in intertidal saline soils from different treatments

*Pseudomonas*: 假单胞菌属; *Serratia*: 沙雷氏菌属; *Azospira*: 固氮螺菌属; *Rhizobacter*: 根瘤杆菌属; *Rubrobacter*: 红色杆菌属; *Aromatoleum*: 芳香烃降解菌属; *Pseudonocardia*: 假诺卡氏菌属; *Cupriavidus*: 贪铜菌属; *Geodermatophilus*: 地嗜皮菌属; *Azoarcus*: 固氮弧菌属; *Bradyrhizobium*: 慢生根瘤菌属; *Sinorhizobium*: 中华根瘤菌属; *Nitratireductor*: 硝酸盐还原菌属; *Rhizobacter*: 根瘤杆菌属; *Ensifer*: 剑菌属; *Mesorhizobium*: 中慢生根瘤菌属; *Pararhizobium*: 副根瘤菌属; *Sandaracinus*: 沙雷氏菌属; *Pimelobacter*: 脂肪杆菌属; *Pseudomonas*: 假单胞菌属

#### 2.3.4 生物炭联合耐盐乔木对含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌 $\alpha$ 、 $\beta$ 多样性的影响

由图 5 可知,生物炭联合耐盐乔木处理显著提升了盐土中含 *pqqC*、*phoD* 基因细菌群落的 shannon 指数 ( $P < 0.05$ )。与 CK 相比,BC 组中含 *pqqC*、*phoD* 基因细菌群落的 shannon 指数分别提升了 10.16%、7.19%,生物炭联合耐盐乔木处理组相较于 BC 分别提升了 15.55%—30.00%、0.93%—8.18%,这表明生物炭联合耐盐乔木优化了群落的均匀度和整体多样性。

基于 Bray\_curtis 的主坐标 (PCoA) 分析表明, KL、WJ、SHT、YS、JS、WGG、ZSS、CH 组与 CK、BC 组空间上距离离散,说明生物炭联合耐盐乔木处理与 CK、BC 组中含 *pqqC*、*phoD* 基因细菌群落间有明显差异。

#### 2.4 土壤理化性质与含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落的相关性分析

由图 6 可知,土壤理化性质和含 *pqqC*、*phoD* 基因的细菌群落的冗余分析结果中前两轴分别解释了 73.06% (RDA1: 57.03%, RDA2: 16.03%)、73.59% (RDA1: 71.28%, RDA2: 2.31%) 的细菌群落分布情况。其中 SOM、AP、TP、PHY 对含 *pqqC* 基因细菌群落分布解释能力较强 ( $R^2 > 0.35$ ), EC、TP、AP、ALP 及 PHY 对含 *phoD* 基因

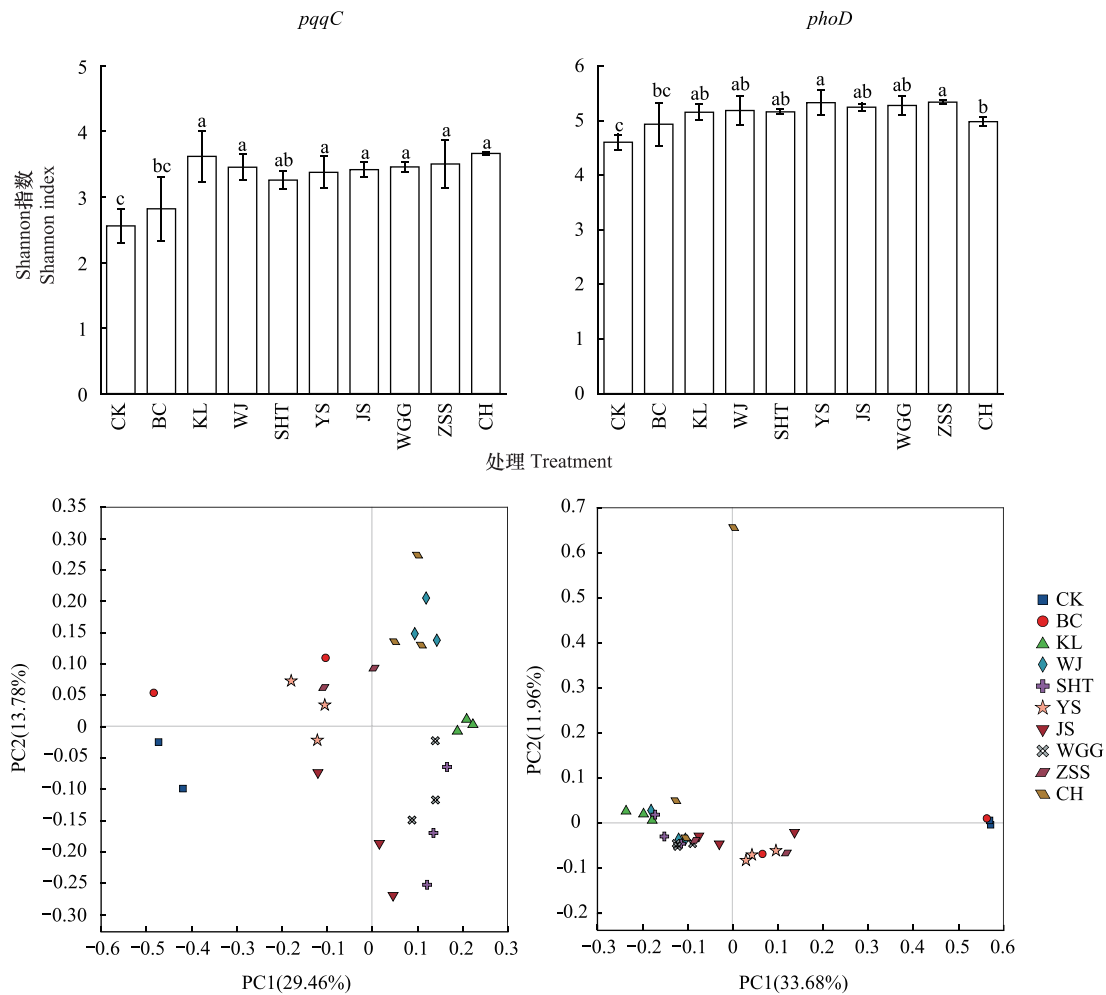


图5 不同处理中滩涂盐土含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落的  $\alpha$  多样性和主坐标分析

Fig.5 Alpha diversity and principal coordinate analysis of bacterial communities containing *pqqC* and *phoD* genes in tidal flats saline soil in different treatments

PC: 主坐标 Principal coordinate

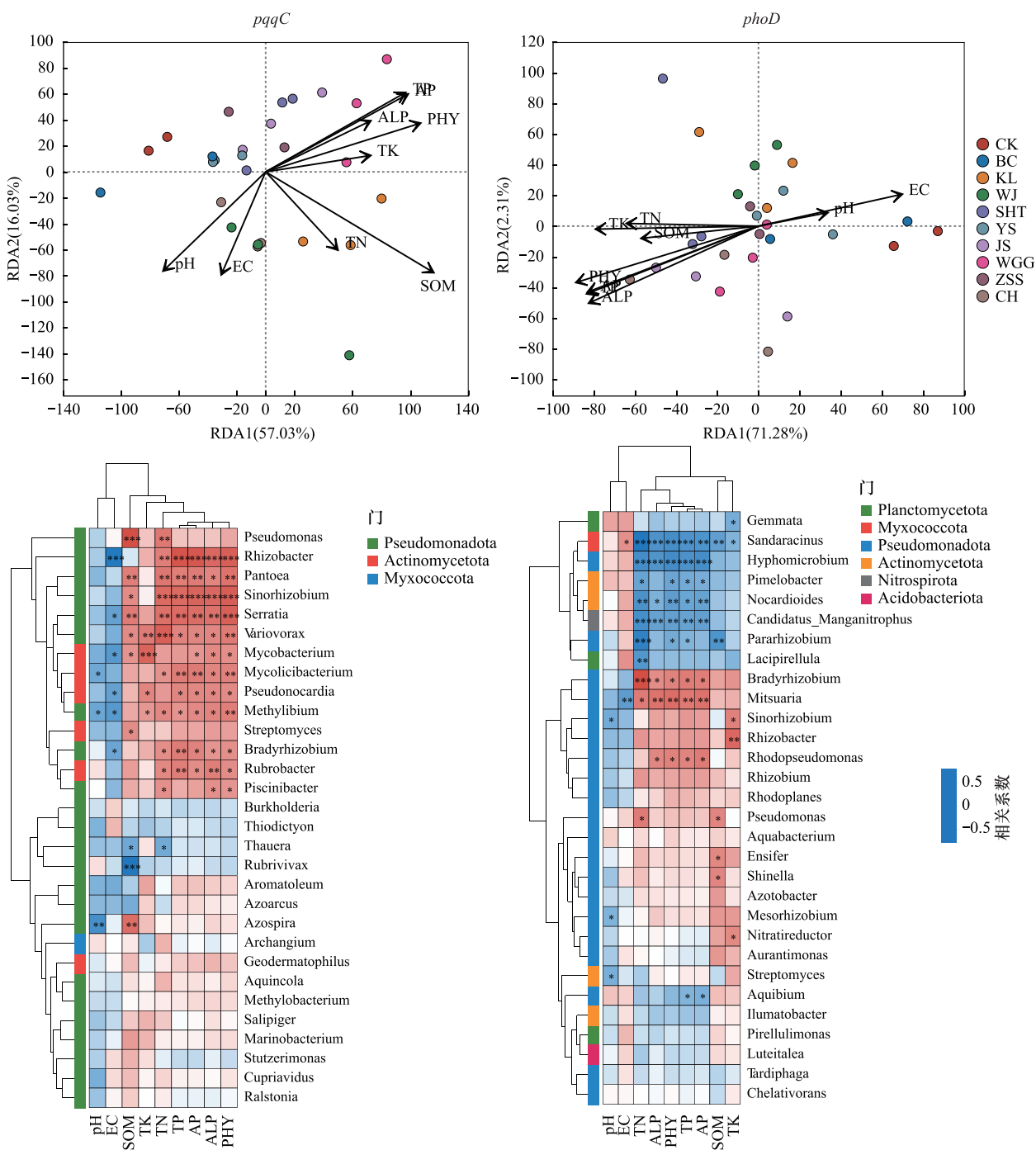
细菌群落分布的影响显著 ( $P < 0.05$ ), 且 ALP、PHY、TP、AP 的解释能力较强 ( $R^2 > 0.63$ )。相关性分析表明, 假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 为主要的含 *pqqC* 基因的细菌属, 其与 SOM 呈极显著正相关 ( $P < 0.01$ ), 与其他环境因子呈正相关, 根瘤杆菌属 (*Rhizobacter*)、沙雷氏菌属 (*Serratia*)、假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*) 等均与 TP、AP、ALP、PHY 呈显著正相关, 与 pH、EC 呈负相关; 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 为主要的含 *phoD* 基因的细菌属, 其与 TN 呈极显著正相关 ( $P < 0.01$ ), 与 TN、ALP、PHY、TP、AP 呈显著正相关 ( $P < 0.05$ ), 中华根瘤菌属 (*Sinorhizobium*)、硝酸盐还原菌属 (*Nitratireductor*)、根瘤杆菌属 (*Rhizobacter*)、剑菌属 (*Ensifer*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 等均与 TN、ALP、PHY、TP、AP、SOM、TK 呈正相关, 与 pH、EC 呈负相关。随机森林模型得出, AP 是驱动沿海滩涂盐土中含 *pqqC*、*phoD* 基因细菌群落的关键环境因子。

### 3 讨论

#### 3.1 生物炭联合耐盐乔木对沿海滩涂盐土理化性质的影响

本研究表明, 单独施加生物炭以及生物炭联合耐盐乔木处理有效降低了盐土的 pH、EC 值, 提升了盐土中 SOM、TP、AP、TN、TK 含量, 且改良效果为生物炭联合耐盐乔木 > 单独施加生物炭 (表 1)。生物炭含有的交换

性  $\text{Ca}^{2+}$ 、 $\text{Mg}^{2+}$  等与土壤中钠离子进行交换,降低了土壤中可溶性  $\text{Na}^+$  含量,增加了多价阳离子和盐土颗粒的结合,促进土壤团聚体的形成<sup>[25]</sup>,从而有效改善盐土结构,增加了盐土的渗透性,进而促进盐分淋洗,降低了土壤的盐胁迫<sup>[26]</sup>。生物炭联合耐盐乔木显著提升了土壤磷有效性(表 1)。一方面,生物炭本身含有丰富的 N、P、K 等植物生长所需的大量营养元素以及 Ca、Mg 等碱性金属元素,施入土壤后可以直接增加土壤 TP 含量<sup>[27]</sup>;另一方面,生物炭通过改善盐土的理化情况,不仅能减少 AP 的淋洗损失<sup>[28]</sup>,还能间接促进磷循环细菌的繁殖与代谢,为后续磷酸酶活性的增强及磷的转化提供微生物基础。同时,耐盐乔木的根系分泌物(如有机酸)可通过螯合作用直接活化固定态磷<sup>[29]</sup>,其根系渗透形成的孔隙结构与输入的有机碳,进一步为磷循环细菌提供能量底物,联合生物炭提升 AP 含量。肖克飏等<sup>[30]</sup>研究表明,在盐土上种植耐盐植物能够有效地降低土壤尤其是表层土壤盐分含量,降低土壤 pH,改善土壤结构,富集土壤 TP、TN 和 TK 等养分含量,提高土壤



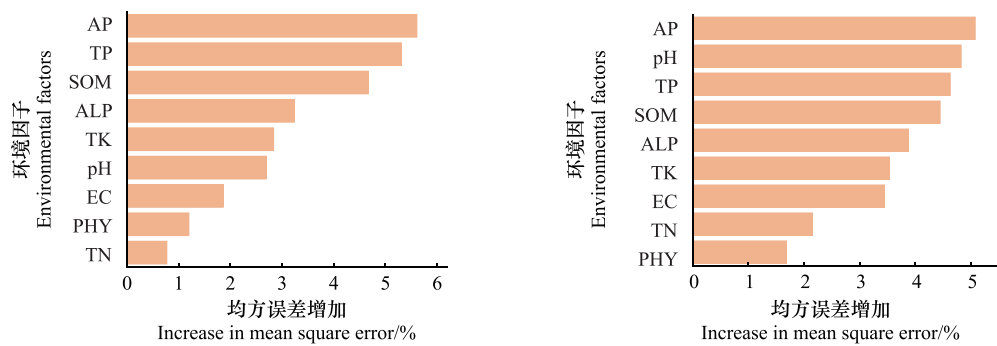


图 6 滩涂盐土理化性质和含 *pqqC* 和 *phoD* 基因细菌群落的冗余分析、相关性分析及随机森林模型

Fig.6 Physical and chemical properties of intertidal saline soil and redundancy analysis, correlation analysis and random forest model of bacterial communities containing *pqqC* and *phoD* genes

RDA: 冗余分析 Redundancy analysis; EC: 电导率 Electrical conductivity; SOM: 土壤有机质 Soil organic matter; TP: 全磷 Total phosphorus; AP: 有效磷 Available phosphorus; TN: 全氮 Total nitrogen; TK: 全钾 Total potassium; ALP: 碱性磷酸酶 Alkaline phosphatase; PHY: 植酸酶 Phytase; Pseudomonadota: 假单胞菌门; Actinomycetota: 放线菌门; Myxococcota: 粘菌门; Planetomycetota: 浮霉菌门; Nitrospirata: 硝化螺旋菌门; Acidobacteria: 酸杆菌门

肥力。种植不同耐盐乔木对盐土理化性质的改善有明显差异,这显然取决于树木吸收盐分离子特性及输入土壤的有机物质种类和数量。山核桃(SHT)、刺槐(CH)等耐盐乔木根系发达,输入土壤的有机物质较多,通过分泌柠檬酸、草酸等有机酸促进土壤团聚体形成,并富集磷循环相关细菌,增强盐分淋洗与磷溶解效率,改良盐土的效果比其他根系较不发达的植物的效果更佳,这与胡延杰等<sup>[31]</sup>发现的杨树刺槐混交林中根系分布密集的浅层土壤速效磷得到提升现象一致。而乌桕(WJ)和榆树(YS)对有效磷含量提升效果较低可能是因为乌桕(WJ)的单宁酸直接抑制 ALP 活性中心金属辅因子( $Mg^{2+}/Zn^{2+}$ )<sup>[32]</sup>,而榆树(YS)因浅根系难以利用深层活化磷,导致 AP 增幅较低。生物炭联合耐盐乔木作用能通过优化土壤微环境,为磷循环细菌提供适宜生境与营养条件,是提升沿海滩涂盐土磷有效性的高效措施。

### 3.2 生物炭联合耐盐乔木对沿海滩涂盐土中磷循环相关酶活性及细菌群落的影响

磷作为植物生长的关键营养素,在盐碱地中尤为匮乏,成为制约沿海滩涂生态系统生产力的重要因素。本研究表明,生物炭联合耐盐乔木处理提高了沿海滩涂盐土中磷循环相关酶活性(ALP、PHY)、功能基因(*pqqC*、*phoD*)丰度以及假单胞菌属(*Pseudomonas*)、慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)、根瘤杆菌属(*Rhizobacter*)、沙雷氏菌属(*Serratia*)等磷循环细菌的丰度和多样性,有助于促进土壤磷循环过程,提高磷素有效性。土壤碱性磷酸酶(ALP)、植酸酶(PHY)能水解土壤有机磷化合物生成正磷酸盐,在有机磷矿化中起重要作用<sup>[33]</sup>。土壤碱性磷酸酶(ALP)作为一种广谱性磷酸单酯水解酶,主要催化核酸、磷脂等有机磷化合物的矿化,而植酸酶(PHY)则高度特异地降解难溶性磷组分植酸<sup>[34]</sup>。值得注意的是,植酸的有效矿化依赖于 ALP、PHY 的级联反应:PHY 首先催化植酸水解生成肌醇磷酸酯等中间产物,随后 ALP 进一步将其矿化释放出植物可利用的正磷酸盐<sup>[35]</sup>。生物炭输入的养分与耐盐乔木凋落物分解的植酸类物质,促进根际土壤中 AP、 $NH_4^+$ -N 和  $NO_3^-$ -N 等各形态养分的含量,为磷循环微生物提供碳源与特异性底物<sup>[36]</sup>,通过“共代谢激发效应”协同诱导 PHY 合成<sup>[37-38]</sup>。并且生物炭较大的比表面积和发达的孔隙结构能够吸附土壤中的  $Na^+$  有效缓解土壤盐胁迫,还能吸附植酸类物质延长其酶解时间,同时对细菌吸附作用大能够为盐土细菌群落提供栖息地,从而协同优化磷转化微环境。ALP 活性提升需依赖微生物群落的整体扩增<sup>[39]</sup>。单施生物炭组(BC)虽改善盐土生境,但缺乏根系分泌物对磷循环功能菌的定向招募,故 ALP 增幅有限,仅提升 11.51%。生物炭联合耐盐乔木处理中,山核桃(SHT)处理组的 ALP、PHY 活性以及 *pqqC*、*phoD* 的基因丰度提升效果优于其他耐盐乔木处理,可能是山核桃的凋落物富含植酸磷,为植酸酶(PHY)合成以及假单胞菌属(*Pseudomonas*)、沙雷氏菌属(*Sandaracinus*)等扩增提供充足底物<sup>[34]</sup>,而在中山杉(ZSS)处理中,磷循环相关酶活性和功能基因丰度提升效

果较差,可能是中山杉(ZSS)根系分泌物含特定酚类物质,抑制假诺卡氏菌属(*Pseudonocardia*)等细菌生长繁殖。本研究结果表明,生物炭联合耐盐乔木处理效果优于单施生物炭处理,可能是因为耐盐乔木产生的根系分泌物是植物-土壤-微生物三元结构的重要联结者,是驱动根际磷循环细菌群落组成和磷素循环的关键因子<sup>[40]</sup>。耐盐乔木可以通过根系分泌物(如柠檬酸、草酸)降低根际 pH<sup>[41]</sup>,富集特定的磷循环细菌,改变根际磷循环细菌的群落结构,优化根际土壤的无机磷溶解和有机磷矿化过程<sup>[42]</sup>。此外,根际磷循环细菌能够通过合成有机酸、植物激素以及通过次生代谢物、挥发性有机化合物和裂解酶的抗生物作用,诱导植物的免疫反应<sup>[43]</sup>,来直接或间接机制刺激树木生长,从而与树木建立良好的生态关系。PCoA 分析显示,生物炭联合耐盐乔木处理组与 CK、BC 组群落结构显著分离(图 5),其中优势物种假单胞菌属(*Pseudomonas*)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)的相对丰度均显著增加( $P < 0.05$ ),其协同增殖可能是基因丰度提升以及造成细菌群落组间差异的直接原因。因此,生物炭联合耐盐乔木通过“生物炭-微生物-植物”三元互作,有效提升沿海滩涂盐土磷素的有效性(图 7)。

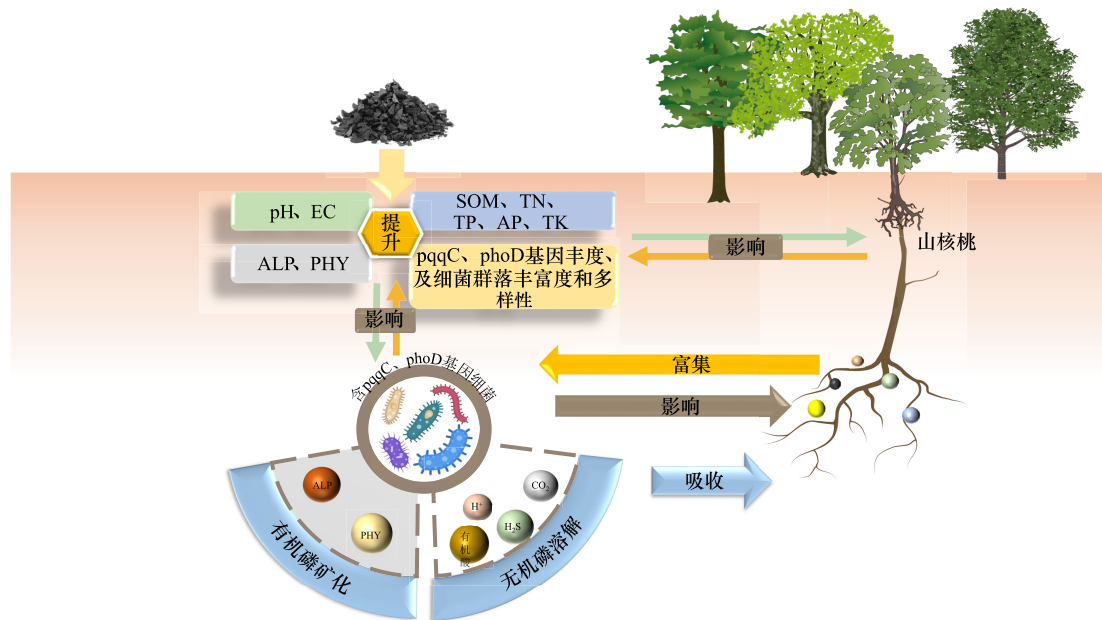


图 7 生物炭联合耐盐乔木的“生物炭-微生物-植物”三元互作模式图

Fig. 7 The “biochar-microbe-plant” ternary interaction model of biochar collaboration with salt-tolerant trees

土壤磷循环过程受微生物群落功能冗余性与环境因子互作网络的共同调控<sup>[44]</sup>。冗余分析(RDA)结果显示,SOM、TP、AP和PHY与含和

phoD

基因菌群分布显著关联( $P < 0.05$ )。pH、EC与ALP、PHY活性呈负相关(图 6),与高盐碱度抑制酶活性<sup>[45]</sup>的结果一致。SOM、TK、TN、TP、AP、PHY、ALP之间呈正相关,表明各养分间的协同作用为含、

phoD

基因细菌群落提供能量与底物。然而,生物炭联合耐盐乔木处理通过生物炭的 $\text{Na}^+$ 吸附与耐盐乔木根系的渗透调节(如脯氨酸积累)部分抵消盐害,使生物炭联合耐盐乔木处理组与pH、EC呈负相关(图 6),在盐碱条件下仍维持较高酶活性。随机森林模型进一步明确有效磷(AP)为驱动菌群结构的关键因子,其核心作用在于同步提供可溶性磷底物并激活PHY与ALP活性,从而触发以AP积累为起始驱动、经磷循环相关菌群扩增与酶活性增强逐级放大、最终反馈强化AP积累的级联效应。

根系分泌物是植物-土壤-微生物三元结构的重要联结者,尽管微生物群落分析表明生物炭-山核桃(SHT)联合处理显著富集了假单胞菌属(*Pseudomonas*)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)等溶磷功能菌群(相对丰度较CK组最高提升1755.75%和153.22%),并同步激活了磷循环功能基因(和

phoD

)及磷酸酶(ALP、PHY)活性,这些结果间接印证了根系分泌物介导的微生物招募作用,但本研究未直接量化不同耐盐乔木的根系分泌物组成,未来将优先开发盐土适配的原位监测系统(如根箱-质谱联用技术),动态追踪树种特异性分

泌物-微生物互作网络,以完善“生物炭-植物-微生物”三元机制的解析。

#### 4 结论

本研究揭示,生物炭联合耐盐乔木处理通过降低土壤 pH 值与盐分含量、提升 SOM、TP、AP、TN、TK 等养分含量,改善根际微环境,选择性富集假单胞菌属(*Pseudomonas*)和慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)等优势磷循环菌群,同步激活 *pqqC* 和 *phoD* 磷循环功能基因的表达并增强 ALP、PHY 活性,驱动沿海滩涂盐土有机磷矿化与无机磷溶解过程,从而提高沿海滩涂盐土磷素有效性;生物炭联合山核桃(SHT)处理表现出最优的调控效能,其促进菌群多样性、功能基因丰度及土壤磷有效性的效果优于其他乔木类型;土壤有效磷(AP)、有机质(SOM)及碱性磷酸酶(ALP)活性是驱动磷循环菌群分布的核心环境因子,其中 AP 的调控作用尤为突出;生物炭联合耐盐乔木处理构建“生物炭-植物-微生物”三元互作体系,显著优化了沿海滩涂盐土磷循环细菌群落结构与功能,其效果显著优于单施生物炭或无处理对照组,为沿海滩涂盐土高效固碳提供科学依据。

#### 参考文献(References):

- [1] 张乃丹,宋付朋,张喜琦,左世福,王文杰. 速缓效氮肥配施有机肥对滨海盐渍土供氮能力及小麦产量的影响. 水土保持学报, 2020, 34(6): 337-344.
- [2] 姜焕焕,李嘉钦,陈刚,王通,迟晓元,祁佩时. 解磷微生物及其在盐碱土中的应用研究进展. 土壤, 2021, 53(6): 1125-1131.
- [3] 张旭萍,刘强,王锦,胡娟,周宸宇,拉本. 盐碱胁迫下盐生植物与根际土壤微生物交互作用机制研究进展. 土壤通报, 2024, 55(4): 1191-1200.
- [4] He K, He G, Wang C P, Zhang H P, Xu Y, Wang S M, Kong Y Z, Zhou G K, Hu R B. Biochar amendment ameliorates soil properties and promotes *Miscanthus* growth in a coastal saline-alkali soil. *Applied Soil Ecology*, 2020, 155: 103674.
- [5] 尹江琴,李佳颖,刘顺莉,谢小雨,陈新平,郎明. 金霉素添加对有机培肥土壤中磷循环微生物介导的磷素转化和有效性的影响. 微生物学报, 2024, 64(10): 3980-3997.
- [6] 张鹏,王龙,谢明杰. PstS 和 PstB 调控无机磷酸盐转运和介导细菌耐药的机制. 微生物学报, 2019, 59(8): 1429-1436.
- [7] 王正,吴玲玉,刘玉洁,张雪洪,黄显清. 假单胞菌 H78 中 PhoR/B 系统对磷元素吸收及其藤黄绿菌素合成的调控. 微生物学通报, 2016, 43(9): 1881-1886.
- [8] Hartman W H, Ye R Z, Horwath W R, Tringe S G. A genomic perspective on stoichiometric regulation of soil carbon cycling. *The ISME Journal*, 2017, 11(12): 2652-2665.
- [9] Li Y, Yu X T, Liu H, Gong Z L. The spatio-temporal distribution of alkaline phosphatase activity and *phoD* gene abundance and diversity in sediment of Sancha Lake. *Scientific Reports*, 2023, 13: 3121.
- [10] 刘英杰,张丽红,张宏,兰波,吕江涛,陈光,王禄山,刘正学. 溶磷微生物在土壤磷循环中的作用研究进展. 微生物学通报, 2023, 50(8): 3671-3687.
- [11] Lehmann J. A handful of carbon. *Nature*, 2007, 447(7141): 143-144.
- [12] 李明艳,夏晓雪,陈庆禧,葛之葳,孙海军,余畅,刘新. 炭基肥类型和用量对滩涂盐碱土磷有效性及黑麦草生长的影响. 农业工程学报, 2025, 41(16): 135-144.
- [13] 刘宇,高成香,孔令荣,石在,万辉,杜官本,曹子林,王晓丽. 育苗基质施用生物炭对直干桉苗木生长的效应及其作用机制. 中国土壤与肥料, 2025(1): 163-169.
- [14] 王思凡,刘芳,林文波,郭萍萍,王英姿,郭秀妹,袁宗胜. 南方滨海沙地耐盐植物种类及其生态修复应用研究进展. 福建农业学报, 2024, 39(7): 868-878.
- [15] Sulkava P, Huhta V. Habitat patchiness affects decomposition and faunal diversity: a microcosm experiment on forest floor. *Oecologia*, 1998, 116(3): 390-396.
- [16] 孙昭安,朱彪. 农田土壤碳循环过程及其量化方法. 环境科学, 2023, 44(12): 6857-6868.
- [17] 侯晖,龚佳,谢沁宓,赵宏亮,程昊,王芳,倪细炉. 宁夏 4 种耐盐植物对根际土壤养分及微生物功能多样性的影响. 西北林学院学报, 2023, 38(4): 61-73.
- [18] 周建斌,马欢欢,章一蒙. 秸秆制备生物质炭技术及产业化进展. 生物加工过程, 2021, 19(4): 345-357.
- [19] 王钰祺,任玉蓉,廖安邦,董倩,刘茂松. 盐城滨海滩涂湿地典型植物群落土壤微生物组成与结构特征. 生态学报, 2023, 43(6): 2336-2347.

- [20] 何冬梅, 王火, 祝亚云, 江浩. 盐城滨海湿地土壤溶解性有机质的光谱特征分析. *生态与农村环境学报*, 2023, 39(6): 781-787.
- [21] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京: 农业出版社, 1986.
- [22] Bünemann E K, Prusisz B, Ehlers K. Characterization of phosphorus forms in soil microorganisms. *Phosphorus in Action*, 2010, 26: 37-57.
- [23] Zheng B X, Hao X L, Ding K, Zhou G W, Chen Q L, Zhang J B, Zhu Y G. Long-term nitrogen fertilization decreased the abundance of inorganic phosphate solubilizing bacteria in an alkaline soil. *Scientific Reports*, 2017, 7: 42284.
- [24] Sakurai M, Wasaki J, Tomizawa Y, Shinano T, Osaki M. Analysis of bacterial communities on alkaline phosphatase genes in soil supplied with organic matter. *Soil Science & Plant Nutrition*, 2008, 54(1): 62-71.
- [25] 赵维彬, 王松, 刘玲玲, 肖江, 王树凤, 唐丽, 陈光才. 生物炭改良盐碱地效果及其对植物生长的影响研究进展. *土壤通报*, 2024, 55(2): 551-561.
- [26] 田荣荣, 王淑娟, 刘嘉, 徐立珍, 孙振涛, 李彦, 李二珍, 温晓亮, 杨晶, 赵永敢. 根区施用生物炭和脱硫石膏提高盐碱土壤质量及向日葵产量. *农业工程学报*, 2024, 40(5): 148-157.
- [27] Cao X D, Harris W. Properties of dairy-manure-derived biochar pertinent to its potential use in remediation. *Bioresource Technology*, 2010, 101(14): 5222-5228.
- [28] 詹增意, 郝丽伟, 岳岐, 刘帅, 曹殿云, 陈温福, 兰宇, 钱创建. 施用生物炭对东北大豆草甸土壤理化性质及腐殖质组分的影响. *生态学报*, 2024, 44(17): 7797-7806.
- [29] 王静, 程昱润, 肖国举, 毕江涛, 张峰举, 许兴. 宁夏银北不同草田轮作模式对细菌群落组成特征的影响. *农业机械学报*, 2021, 52(7): 283-292.
- [30] 肖克飏, 吴普特, 雷金银, 班乃荣. 不同类型耐盐植物对盐碱土生物改良研究. *农业环境科学学报*, 2012, 31(12): 2433-2440.
- [31] 胡延杰, 翟明普, 武颀文, 贾黎明. 杨树刺槐混交林及纯林土壤微生物数量及活性与土壤养分转化关系的研究. *土壤*, 2002, 34(1): 42-46, 50.
- [32] Allais M, Meyer F, Ball V. Multilayered films made from tannic acid and alkaline phosphatase with enzymatic activity and electrochemical behavior. *Journal of Colloid and Interface Science*, 2018, 512: 722-729.
- [33] Kunito T, Hiruta N, Miyagishi Y, Sumi H, Moro H. Changes in phosphorus fractions caused by increased microbial activity in forest soil in a short-term incubation study. *Chemical Speciation & Bioavailability*, 2018, 30(1): 9-13.
- [34] 曹兴圆, 艾雯妍, 文思颖, 杨晓莉, 刘雪. 有机酸提高土壤植酸生物有效性的机制、影响因素及应用. *植物营养与肥料学报*, 2023, 29(11): 2150-2171.
- [35] 陶冬雪, 高英志. 土壤解磷微生物促进植物磷素吸收策略研究进展. *生态学报*, 2023, 43(11): 4390-4399.
- [36] Chen Z M, Xiao X, Chen B L, Zhu L Z. Quantification of chemical states, dissociation constants and contents of oxygen-containing groups on the surface of biochars produced at different temperatures. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49(1): 309-317.
- [37] 李沛岩, 张有建, 钟瑞, 李茂森, 王初亮, 廖珠珠, 曾强, 殷金玉, 任天宝, 刘国顺. 土壤有机质激发效应理论研究进展. *农业资源与环境学报*, 2025, 42(4): 825-833.
- [38] 唐文睿, 关嫣冉, 赵心语, 王旭琴, 王登芝, 戴伟, 栾亚宁. 根系分泌物诱导土壤有机质激发效应的非生物机制. *世界林业研究*, 2024, 37(6): 26-32.
- [39] 杨文娜, 余添, 罗东海, 熊子怡, 王莹燕, 徐曼, 王子芳, 高明. 化肥和有机肥配施生物炭对土壤磷酸酶活性和微生物群落的影响. *环境科学*, 2022, 43(1): 540-549.
- [40] Hu L F, Robert C A M, Cadot S, Zhang X, Ye M, Li B B, Manzo D, Chervet N, Steinger T, van der Heijden M G A, Schlaeppi K, Erb M. Root exudate metabolites drive plant-soil feedbacks on growth and defense by shaping the rhizosphere microbiota. *Nature Communications*, 2018, 9: 2738.
- [41] 张杨, 曹靖, 李广, 姜世腾, 于倩, 聂豪杰, 李林傲, 朱林. 盐碱胁迫下湖南稷子苗期根系分泌物代谢组学. *生态学报*, 2024, 44(8): 3540-3549.
- [42] 田江, 梁翠月, 陆星, 陈倩倩. 根系分泌物调控植物适应低磷胁迫的机制. *华南农业大学学报*, 2019, 40(5): 175-185.
- [43] Glick B R. Plant growth-promoting bacteria: mechanisms and applications. *Scientifica*, 2012, 2012: 963401.
- [44] 叶扬, 郭晓雯, 杨茂琪, 闵伟, 郭慧娟. 长期咸水滴灌对棉田土壤磷循环微生物群落结构及功能基因的影响. *环境科学*, 2025, 46(2): 1225-1235.
- [45] 周永学, 陈静, 李远, 侯振安, 闵伟. 棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响. *环境科学*, 2022, 43(4): 2192-2203.