

花生壳生物炭对安吉白茶园土壤养分及根际细菌和根内生菌群落的调控效应

郑俊辉, 赵鹏飞, 张立钦

(1. 湖州师范大学 生命科学学院, 浙江 湖州 313000;
2. 浙江省作物病虫害生物学与生态调控重点实验室, 浙江 湖州 313000)

摘 要:以浙江省“白叶一号”茶叶为研究对象, 采用花生壳生物炭作为修复材料, 设置空白对照(不施用生物炭)及 3 个施用水平(1.5、3.0、4.5 t/hm²), 于 2023 年 10 月在安吉茶园施用生物炭。2024 年 4 月采集土壤和根系样品, 通过测定土壤理化性质, 利用 16S rRNA 基因高通量测序解析根际细菌和根内生菌群落, 并结合共现网络与斯皮尔曼相关分析揭示微生物互作模式及其与土壤因子的关联。结果表明:施用生物炭显著提高了碱解氮、速效钾和有机质含量($P < 0.05$), 其中以 3.0 t/hm² 处理对上述 3 项养分指标的提升效果最为突出(碱解氮较空白对照增加 12.48%, 速效钾增加 23.78%, 有机质增加 10.88%), 而 4.5 t/hm² 处理有所下降, 呈现非线性剂量响应特征。根际细菌 α 多样性虽未发生显著变化, 但群落结构差异显著。在共现网络中, 3.0 t/hm² 处理的网络复杂度指数最高(边-节点比为 3.63)。内生菌 α 多样性呈下降趋势, 群落结构也发生显著变化。斯皮尔曼分析揭示了溶磷菌(*Paenibacillus*)与速效磷、亚硝酸盐氧化菌(*Nitrolancea*)与碱解氮和有机质之间的显著正相关关系。

关键词:生物炭; 茶园土壤; 土壤养分; 根际细菌; 根内生菌; 群落结构; 共现网络

中图分类号:S565.2

文献标志码:A

文章编号:1009-1734(2026)08-0043-11

茶(*Camellia sinensis*)是世界三大饮料植物之一, 富含茶多酚、氨基酸等多种生物活性成分, 具有重要的保健和经济价值^[1]。中国茶叶种植面积和产量均居世界首位, 在全球茶产业中占有举足轻重的地位^[2]。然而, 在长期集约化种植模式下, 茶园土壤退化问题日趋严重。化学肥料尤其是氮肥的过量施用, 改变了根际细菌群落组成并降低了土壤 pH^[3]; 不合理的氮素形态及偏低的根际 pH 也会抑制茶树对养分的吸收^[4]。因此, 如何修复退化茶园土壤并重建健康微生态系统, 已成为茶产业可持续发展亟须解决的关键问题。

生物炭是有机质在缺氧条件下经高温热解生成的富碳多孔固体^[5]。荟萃分析证实, 施用生物炭能提高作物产量, 对酸性土壤的改良效果尤为显著^[6]。其改良机制涉及多个方面: 多孔结构和高比表面积可吸附铵态氮、硝态氮等养分离子, 从而降低淋溶损失^[7]; 生物炭的偏碱性有利于中和酸性土壤^[8]; 同时, 它还能促进共生固氮菌的活性, 增强生物固氮能力^[8]。已有研究表明, 生物炭与有机物料配施可改善茶园根际微生物群落^[9], 但有关生物炭对根际细菌和根内生菌群落同步调控作用的研究尚不多见。

土壤微生物是驱动物质循环和能量流动的关键类群, 其群落结构对土壤健康具有指示作用^[10]。生物炭施入后可显著改变土壤理化环境, 包括提升土壤 pH、增加有机质和速效养分含量、改善土壤孔隙结构及保水性能等, 进而深刻影响微生物群落的组成与活性。在茶园土壤研究中, 生物炭被证实能有效缓解土壤酸化、提高碱解氮和速效磷含量, 并促进土壤酶活性, 从而重塑根际微生物群落结构^[11]。其多孔结构不仅为微生物提供了栖息空间, 还通过吸附溶解性有机碳和矿质养分代谢活动供给底物^[12], 从而促进

收稿日期: 2026-05-12

基金项目: 国家重点研发计划项目(2021YFC2600104)

通信作者: 张立钦, 博士, 教授, 从事森林病虫害防治研究

固氮菌、溶磷细菌等功能类群因生态位改善而富集^[13-14]。值得注意的是,生物炭还可能通过调节根际微环境间接影响植物内部的内生菌群落^[15]。内生菌定殖于植物组织内部,能够通过固氮、溶磷、产生植物激素及诱导系统抗性途径促进宿主生长并增强抗逆能力,对宿主养分吸收和抗病能力具有重要促进作用^[16],是植物微生态系统中不可忽视的功能组分。已有研究表明,生物炭施用可通过改变土壤理化性质间接影响作物内生菌的群落组成。然而,目前关于生物炭对茶树根内生菌的影响仍缺乏系统认知。

安吉白茶是浙江省安吉县特有的珍稀茶叶品种,以其独特的白化性状和高氨基酸含量闻名,具有较高的经济价值和品牌效应。针对当前安吉白茶园土壤酸化和养分失衡问题较为突出的现状,本研究以“白叶一号”茶园为研究对象,选用花生壳生物炭设置梯度施用量(1.5、3.0、4.5 t/hm²),综合运用土壤理化分析和 16S rRNA 基因高通量测序技术,系统考察生物炭对茶园土壤养分、根际细菌群落组成及其共现网络特征、根内生菌群落结构的影响,并深入剖析土壤因子与关键微生物类群之间的关联,旨在从“土壤养分—根际微生物—根内生菌”多层级互作视角,阐明生物炭对茶园土壤微生态系统的调控机理,为安吉白茶园土壤的精准改良提供理论依据和技术参考。

1 材料与方法

1.1 试验地概况与材料

试验于浙江省湖州市安吉县(30°47'N,119°36'E)的白茶种植园开展,供试品种为“白叶一号”。该区域属亚热带季风气候,年均气温约 15.6℃,年降水量约 1 420 mm。试验区茶园建园年限超过 10 年,种植管理方式一致,土壤类型为红壤(pH 4.0~4.5)。由于长期施用化学肥料,土壤呈酸化状态。

供试生物炭由河南省生物炭工程技术研究中心(郑州)提供,以花生壳为原料,在低氧条件下连续碳化 20 min 制得,粉碎后过 10 目筛(2 mm)。生物炭的基本理化性质如下:比表面积 16.71 m²/g、容重 0.21 g/cm³、孔体积 0.029 cm³/g、总碳含量 465.30 g/kg、总氮含量 8.30 g/kg、pH 值 9.05。

1.2 试验设计

采用完全随机区组设计,设 4 个处理:CK(不施用生物炭)、T1(1.5 t/hm²)、T2(3.0 t/hm²)、T3(4.5 t/hm²)。每个处理设置 3 次重复,共 12 个小区。生物炭于 2023 年 10 月撒施于茶行间,并翻耕混匀至 0~20 cm 土层。2024 年 4 月,采用“五点取样法”采集各处理 0~20 cm 根际土壤及茶树须根样品。土壤样品分为两份:一份风干后用于理化性质测定;另一份于-80℃保存用于 DNA 提取。根系样品经表面灭菌后于-80℃保存。

1.3 土壤理化性质测定

土壤理化性质按鲍士旦《土壤农化分析》^[17]中标准方法测定:有机质采用浓硫酸-重铬酸钾外加热法;碱解氮采用碱解扩散法;速效磷采用 0.5 mol/L NaHCO₃ 浸提-钼锑抗比色法;速效钾采用 1 mol/L NH₄OAc 浸提-火焰光度法;pH 采用电位法(水土比 2.5:1)。土壤脲酶与酸性磷酸酶活性分别采用对应试剂盒(北京索莱宝科技有限公司)测定。

1.4 16S rRNA 基因高通量测序

采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法分别从根际土壤和表面灭菌后的根系样品中提取总基因组 DNA,以 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量。根际土壤细菌群落使用引物 341F(5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3')/806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增 16S rRNA 基因的 V3-V4 区;根内生菌群落使用引物 799F(5'-AACMGGATTAGATACCKG-3')/1193R(5'-ACGTCATCCCCACCTTCC-3')扩增 V5-V7 区,该引物组合可有效排除叶绿体和线粒体序列的干扰^[18]。扩增体系使用 TransGen AP221-02 TransStart Fastpfu DNA 聚合酶,每个样品设置 3 个技术重复。PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳检测后,使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒(Axygen)进行纯化,并通过 QuantiFluorTM-ST 蓝色荧光定量系统进行定量。随后将各样品 PCR 产物按等摩尔比混合,采用 TruSeqTM DNA Sample Prep Kit(Illumina)构建文库,在 Illumina MiSeq 平台进行双端测序。原始数据经质控与拼接后,采用分割式扩增子降噪算法 2(divisive amplicon denoising algorithm 2,DADA2)算法

去噪,生成扩增子序列变体(amplicon sequence variant, ASV)代表序列及丰度表,并基于 SILVA 数据库(v138)进行物种注释。

1.5 数据处理与统计分析

以 SPSS 27.0 进行单因素方差分析,并利用最小显著性差异(least significant difference, LSD)法进行多重比较,检验差异显著性($P < 0.05$)。 α 多样性指数(Simpson、Shannon、Chao、ACE)在 R 3.3.1 中计算。 β 多样性分析基于 Bray-Curtis 相异度(Bray-Curtis dissimilarity)矩阵的主坐标分析(Principal Coordinate Analysis, PCoA)(PCoA),并配合置换多元方差分析(permutational multivariate analysis of variance, PERMANOVA)检验。在属水平上,利用 Network X^[19] 计算斯皮尔曼相关系数以构建共现网络,保留 $|r| > 0.8$ 且 $P < 0.01$ 的关系,并使用 Gephi 0.92^[20]进行可视化。斯皮尔曼秩相关热图采用 R 的 ComplexHeatmap 包绘制,其余图形使用 GraphPad Prism 9.5.1 生成。

2 结果与分析

2.1 生物炭对土壤化学性质的影响

为探究花生壳生物炭对土壤理化性质及酶活性的影响,测定土壤 pH、碱解氮(AN)、速效钾(AK)、速效磷(AP)、有机质(SOM)含量以及脲酶(UE)和酸性磷酸酶(ACP)活性,结果见表 1。由表 1 可知,不同施用量花生壳生物炭对茶园土壤化学性质产生了差异化影响。在酸碱度方面,各处理间 pH 差异不显著($P > 0.05$),表明短期内生物炭施用尚未对土壤酸碱状况产生明显影响。在养分指标方面,与 CK 相比,3 个生物炭处理均提高了土壤碱解氮、速效钾和有机质含量($P < 0.05$)。其中,T2(3.0 t/hm²)处理的提升效果最为突出,其碱解氮、速效钾、有机质的含量较 CK 分别增加 12.48%、23.78%和 10.88%。值得注意的是,T3(4.5 t/hm²)处理的多项养分指标并未延续 T2 处理的上升趋势,反而有所下降。此外,各处理间脲酶和酸性磷酸酶活性均无显著差异($P > 0.05$)。

表 1 不同生物炭施用量对茶园土壤化学性质的影响

处理	pH	碱解氮/ (mg/kg)	速效钾/ (mg/kg)	速效磷/ (mg/kg)	有机质/ (g/kg)	脲酶/ ($\mu\text{mol} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{g}^{-1}$)	酸性磷酸酶/ ($\mu\text{mol} \cdot \text{d}^{-1} \cdot \text{g}^{-1}$)
CK	4.21 $\pm$ 0.25 ^a	81.32 $\pm$ 2.63 ^c	119.45 $\pm$ 14.71 ^b	0.14 $\pm$ 0.03 ^b	24.26 $\pm$ 1.99 ^b	337.82 $\pm$ 40.64 ^a	17.49 $\pm$ 2.10 ^a
T1	4.08 $\pm$ 0.10 ^a	84.70 $\pm$ 2.52 ^{bc}	128.42 $\pm$ 8.97 ^{ab}	0.15 $\pm$ 0.01 ^b	24.16 $\pm$ 2.43 ^b	354.80 $\pm$ 50.58 ^a	16.18 $\pm$ 1.40 ^a
T2	3.95 $\pm$ 0.09 ^a	91.47 $\pm$ 3.16 ^a	147.86 $\pm$ 2.59 ^a	0.12 $\pm$ 0.05 ^b	26.90 $\pm$ 2.02 ^{ab}	306.47 $\pm$ 31.16 ^a	17.83 $\pm$ 2.35 ^a
T3	4.04 $\pm$ 0.31 ^a	87.62 $\pm$ 3.33 ^{ab}	138.89 $\pm$ 16.98 ^{ab}	0.24 $\pm$ 0.06 ^a	29.27 $\pm$ 3.03 ^a	376.73 $\pm$ 54.20 ^a	18.89 $\pm$ 1.90 ^a

注:CK 为对照;T1、T2、T3 分别为施用 1.5、3.0、4.5 t/hm² 生物炭处理。数据以均值 $\pm$ 标准差表示($n=3$),同列不同小写字母表示差异显著($P < 0.05$)。

2.2 生物炭对根际细菌群落的影响

为研究不同生物炭施用量对土壤根际微生物多样性的影响,本研究对根际土壤进行了 16S rRNA 基因测序。 α 多样性分析表明(图 1 的 A1~A4),各处理间的 Simpson 指数(Simpson's diversity index)、Shannon 指数(Shannon-Wiener diversity index)、Chao1 指数(Chao1 richness estimator)和 ACE 指数(abundance-based coverage estimator)差异均不显著(Kruskal-Wallis 检验, $P > 0.05$),说明在本试验周期内施用生物炭未对根际细菌群落的物种丰富度和均匀度产生根本性影响。然而,基于 Bray-Curtis 相异度矩阵的 PCoA(图 1C)清晰地揭示了各处理间群落组成的差异:第一、第二主坐标轴分别解释了 23.99%和 13.52%的群落变异,PERMANOVA 检验证实,各处理组与 CK 之间的群落结构差异达到极显著水平($R^2=0.4870$, $P=0.001$)。上述结果表明,尽管生物炭未改变根际细菌群落的整体多样性水平,但显著调整了群落的物种组成比例。

在门水平上(图 1B),绿弯菌门(*Chloroflexi*)、酸杆菌门(*Acidobacteriota*)和变形菌门(*Proteobacteria*)为

各处理共有的根际优势菌门,三者合计相对丰度约为 70%。与 CK 相比,生物炭处理不同程度地改变了优势菌门的丰度比例:在 T2 处理中,绿弯菌门的相对丰度最高,酸杆菌门丰度略有增加,变形菌门丰度变化不大,变形菌门也呈现一定富集趋势;在 T3 处理中,绿弯菌门丰度较 T2 处理有所下降,酸杆菌门丰度则进一步升高。其他检测到的重要菌门还包括放线菌门(*Actinobacteriota*)、WPS-2、厚壁菌门(*Firmicutes*)和疣微菌门(*Verrucomicrobiota*)等。

属水平上的韦恩图分析(图 1D)显示,4 个处理共有 244 个细菌属。其中,CK 独有 34 个属,T1 独有 37 个属,T2 独有属数量最多(44 个),T3 独有 42 个属。生物炭处理整体上显著增加了根际独有属的数量,尤其是 T2 处理所营造的根际微环境最有利于稀有或特化菌群的定殖,反映出适量生物炭可创造更多样化的微生态位。

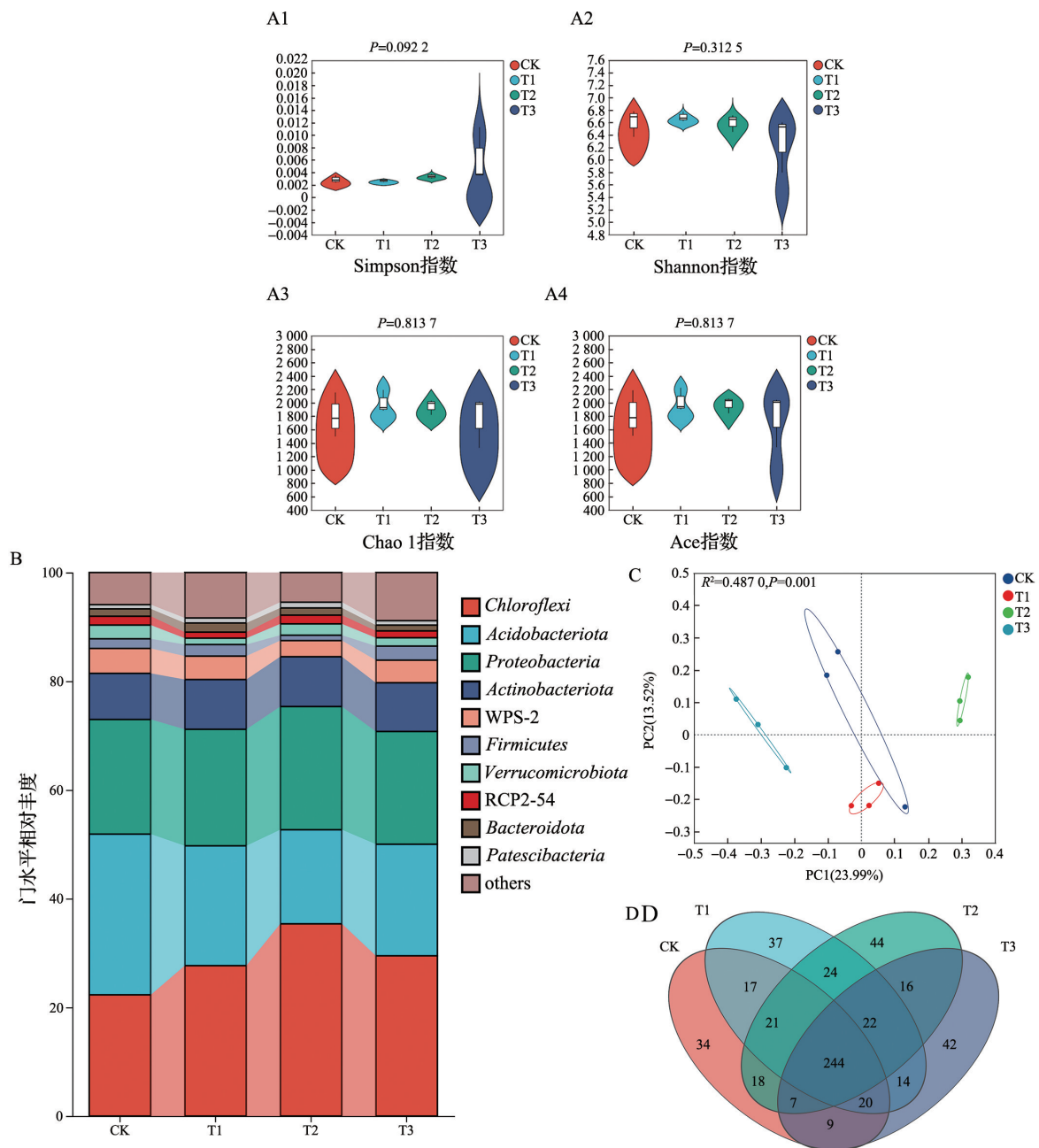


图 1 生物炭对根际土壤细菌群落的影响

2.3 生物炭对根际细菌共现网络的影响

为进一步揭示生物炭处理对根际细菌种间互作关系的影响,本研究基于属水平相对丰度数据,利用斯皮尔曼秩相关系数构建了共现网络(图 2),网络拓扑参数显示,4 个处理的网络复杂度指数(边-节点比)分别为:CK 2.62, T1 2.95, T2 3.63, T3 2.92。所有生物炭处理组的网络复杂度指数均高于 CK,其中 T2 处理的网络复杂度最高(其节点数和边数均为各处理之最),表明该施用水平下根际细菌群落的种间关联强度显著增强。从 T1 处理到 T2 处理,网络节点连接密度明显增加,且正相关关系占主导地位,暗示种间协同代谢关系增强。T3 处理的网络复杂度指数(2.92)不仅低于 T2 处理,也略低于 T1 处理,提示高施用量可能会削弱部分微生物间的协同互作关系,进而导致网络连通性与功能稳定性降低。

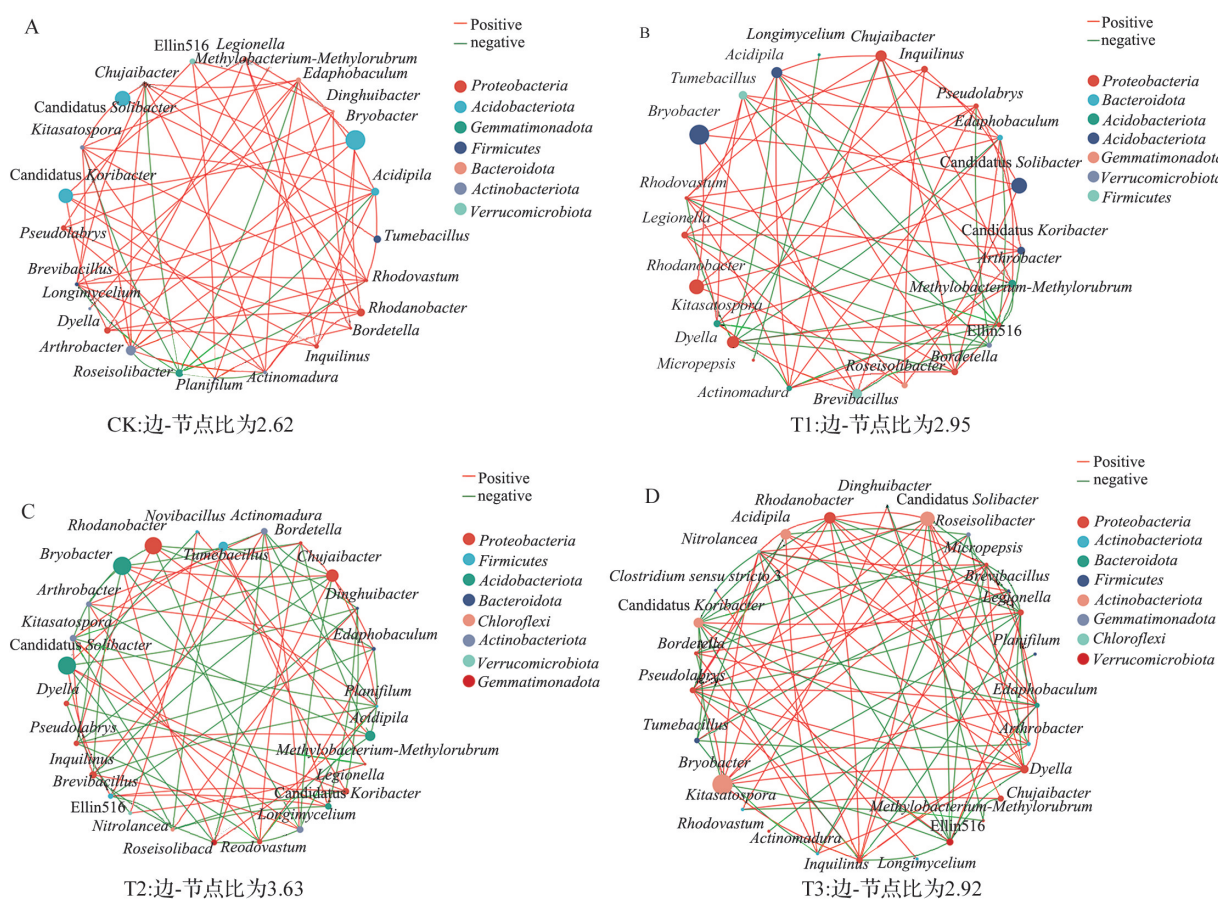


图 2 不同处理下根际细菌共现网络

2.4 生物炭对根内生菌群落的影响

鉴于内生菌在植物养分吸收和抗病能力中发挥重要调控作用,本研究进一步对茶树根内生菌群落的多样性和组成进行了系统分析。根内生菌 α 多样性指数(图 3A1~A4)显示,4 个处理间的 Simpson 指数、Shannon 指数、Chao1 指数和 ACE 指数差异不显著(Kruskal - Wallis 检验, $P > 0.05$),但整体上多样性呈下降趋势,其中 T2 处理的 Shannon 指数和 Chao1 指数下降幅度最大。PCoA 分析结果(图 3C)表明,第一和第二主坐标轴分别解释了 29.14% 和 15.36% 的群落变异,PERMANOVA 检验证实各处理间群落结构差异显著($R^2 = 0.376$, $P = 0.007$)。在排序空间中 T2 处理样品与 CK 分离最为明显,CK 与 T1 处理样品部分重叠, T3 处理样品分布较为分散,表明高施量下的内生菌群落的个体间异质性增大。

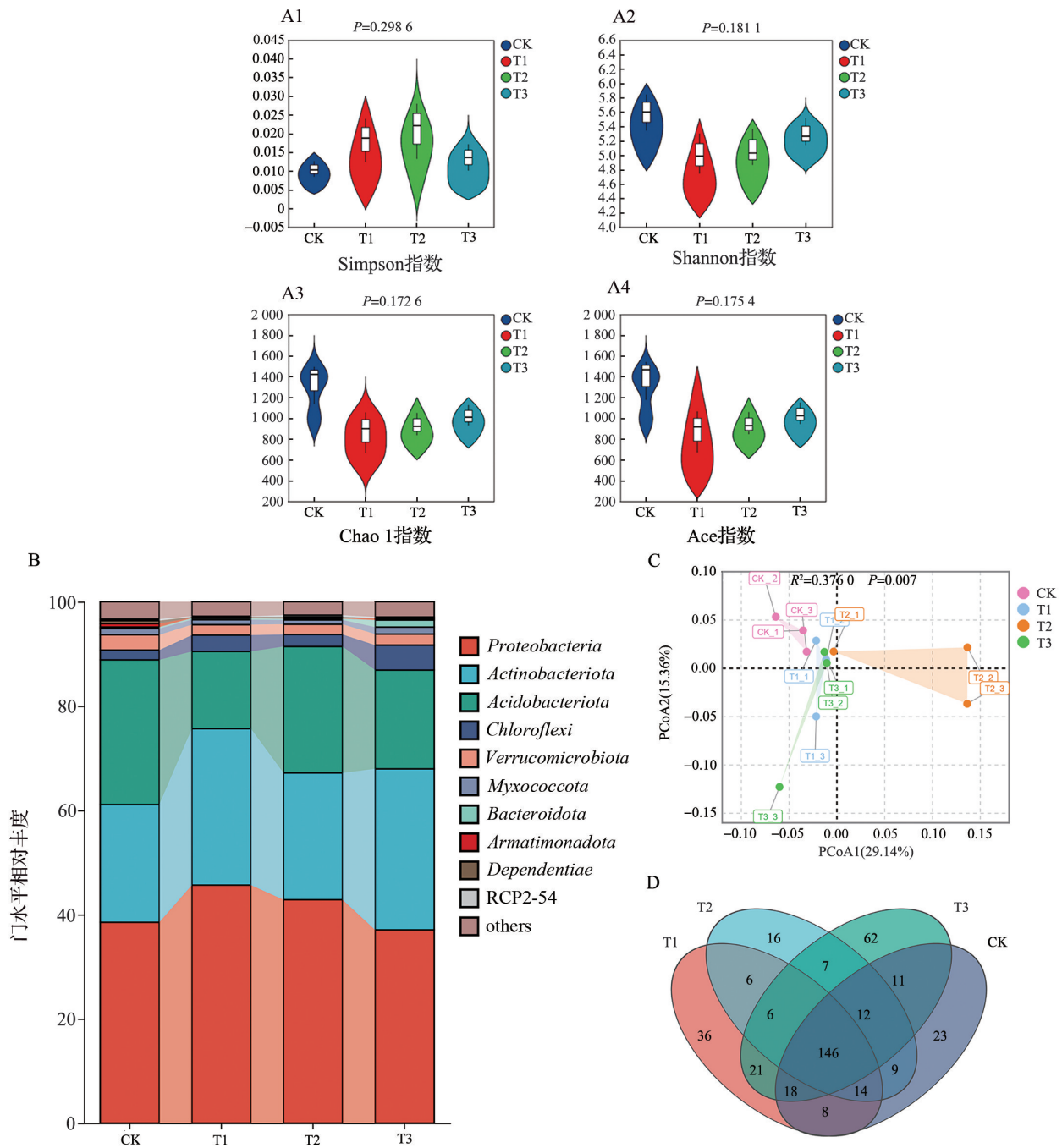


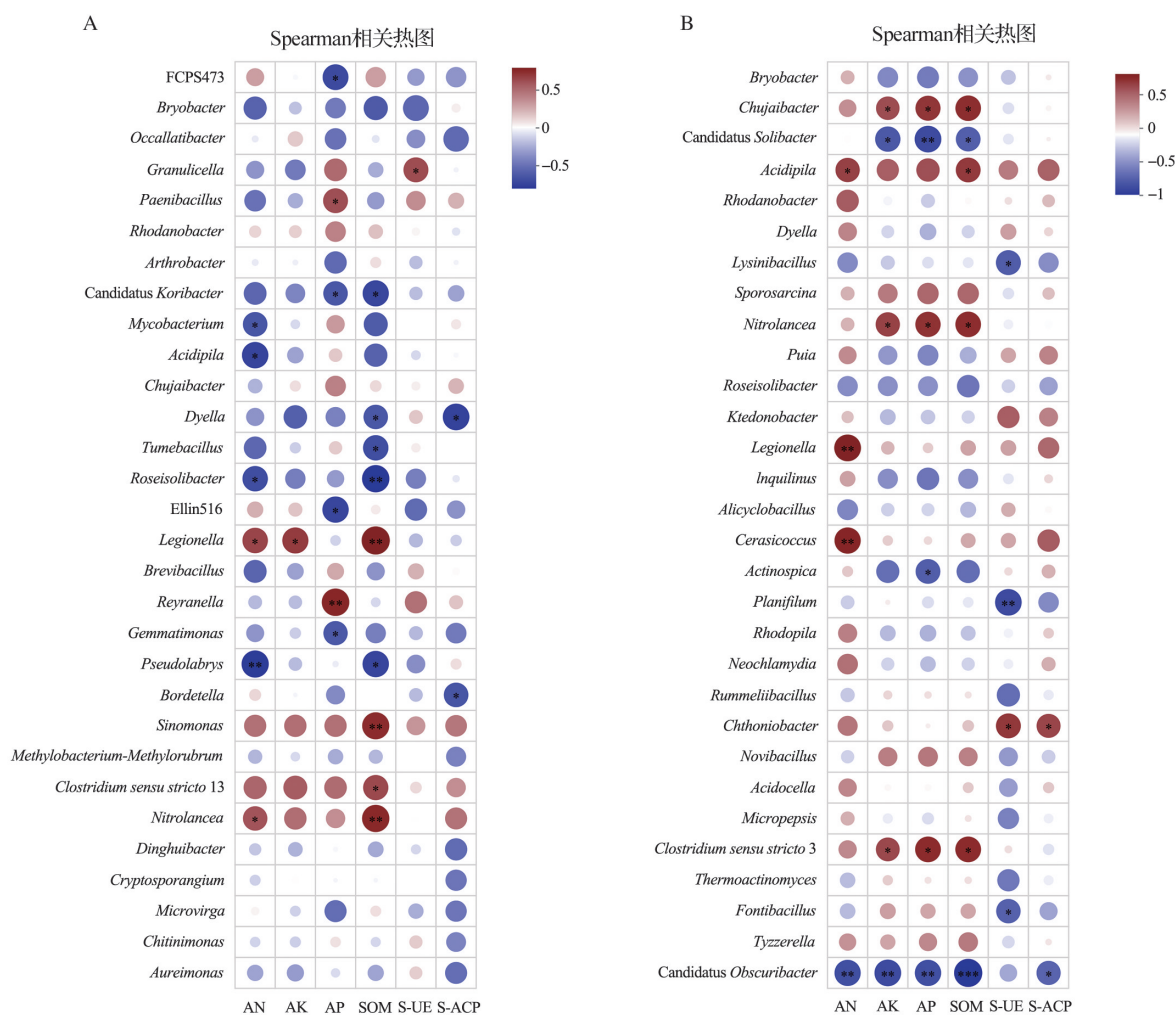
图 3 生物炭对茶树根内生菌群落的影响

在门水平上(图 3B),变形菌门(*Proteobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteriota*)和酸杆菌门(*Acidobacteriota*)为根内生菌的优势菌门,三者合计相对丰度约为 90%。值得注意的是,变形菌门的相对丰度随生物炭施用量增加呈递减趋势(CK 约 45%,T1 约 44%,T2 约 42%,T3 约 38%),而放线菌门和酸杆菌门则呈现相反的趋势,表明生物炭对内生菌不同菌门具有差异性选择作用。韦恩图分析(图 3D)显示,4 个处理共有 146 个内生菌属,CK 独有 62 个属(为各处理中最多),T1 独有 36 个属,T2 独有 16 个属,T3 独有 23 个属。内生菌独有属数量随生物炭施用呈下降趋势,这与根际细菌独有属数量随生物炭添加而增加的结果形成鲜明对比,暗示生物炭对根际与内生生态位中的微生物群落具有截然不同的筛选效应。

2.5 土壤理化性质与关键微生物菌属的关联分析

采用斯皮尔曼秩相关性分析探究土壤理化因子与关键微生物属的关联模式(图 4)。在根际细菌层面(图 4A),有机质是与最多微生物属呈显著相关的驱动因子,其与军团菌属(*Legionella*)、中华单胞菌属(*Sinomonas*)及亚硝化单胞菌属(*Nitrolancea*)均呈极显著正相关($P < 0.01$);碱解氮与亚硝化单胞菌属(*Nitrolancea*)和军团菌属(*Legionella*)呈显著正相关($P < 0.05$);速效钾与雷氏菌属(*Reyranella*)呈极显著正相关($P < 0.01$);速效磷与类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)呈显著正相关($P < 0.05$)。在根内生菌层面(图 4B),碱解氮与军团菌属(*Legionella*)和蜡状球菌属(*Cerasicoccus*)呈极显著正相关($P < 0.01$),有机质与亚硝化单胞菌属(*Nitrolancea*)及狭义梭菌属 3(*Clostridium sensu stricto 3*)呈显著正相关($P < 0.05$),脲酶与平丝菌属(*Planifilum*)呈极显著负相关($P < 0.01$)。

以上结果表明,有机质和碱解氮与根际细菌及根内生菌群落结构关联最密切的因子,其与亚硝化单胞菌属(*Nitrolancea*)、军团菌属(*Legionella*)等潜在功能菌属呈正向关联。具体而言,在根际细菌层面,亚硝化单胞菌属(*Nitrolancea*)与碱解氮和有机质关联性最强,类芽孢杆菌属(*Paenibacillus*)与速效磷关联密切,雷氏菌属(*Reyranella*)与速效钾呈强正相关;在根内生菌层面,军团菌属(*Legionella*)和蜡状球菌属(*Cerasicoccus*)与碱解氮关联最显著,亚硝化单胞菌属(*Nitrolancea*)与有机质关联较强。综合来看,生物炭可能通过改善土壤养分条件,选择性富集具有养分转化功能的关键微生物类群。



注: * 代表 $P < 0.05$, 差异显著; ** 代表 $P < 0.01$, 差异极显著; *** 代表 $P < 0.001$, 差异高度显著。

图 4 土壤理化性质与关键微生物菌属的斯皮尔曼秩相关性分析

3 讨论

3.1 生物炭对茶园土壤养分的改善效应

花生壳生物炭对茶园土壤的多项养分指标产生了显著且具有浓度依赖性的差异化提升效果。不同施用量间的效果差异表明,生物炭的改良作用并非随施用量线性增加,而是存在最适施用量范围。这一结果与 Jeffery 等基于荟萃分析得出的“生物炭对酸性土壤改良效果突出”的结论相一致^[6]。花生壳生物炭本身含有丰富矿质养分(总碳 465.30 g/kg,总氮 8.30 g/kg),施入后可直接补充碳氮。此外,其多孔结构为 NH_4^+ 和 NO_3^- 提供了吸附位点,有效降低了淋溶损失^[7]。速效钾和速效磷含量的增加可能与阳离子交换量提升及铝磷复合物解离有关^[21],有机质含量的增加则源于生物炭自身惰性碳输入和微生物促进腐殖化过程的双重贡献^[22]。

值得注意的是,T2 处理的改良效果优于 T3,呈非线性剂量响应。其原因可能是:高剂量生物炭使碳氮比(C/N)过度升高,引发微生物对无机氮的“固持效应”^[23];过量颗粒亦可能阻塞土壤孔隙,影响水气交换^[24]。Atkinson 等指出,生物炭在温带土壤中的效益高度依赖于施用量与土壤条件的匹配^[13],本研究结果印证了“适量原则”在茶园土壤改良中的重要性。此外,T2 处理的 pH 值(3.95)略低于 CK(4.21),可能与有机质分解产酸及硝化作用释放 H^+ 有关^[4]。

3.2 生物炭对根际细菌群落及互作网络的调控

生物炭处理虽未改变 α 多样性,却改变了群落结构,这种“多样性稳定而组成改变”的模式已有诸多报道^[11,25]。绿弯菌门在茶园研究中较少被报道为优势类群,该门类成员可参与有机卤化物还原脱卤^[26],并能利用复杂碳源进行光合自养与异养代谢^[27]。T2 处理中绿弯菌门丰度最高,这可能与较高的有机质含量能够提供充足碳源有关。变形菌门属于“富营养型”菌群,广泛参与根际碳氮循环^[28],其在生物炭处理中的富集趋势进一步表明养分供给水平有所提高。

共现网络分析是评估微生物群落生态稳定性的有力工具^[29-30]。T2 处理的网络复杂度最高(边-节点比为 3.63),这一结果可能源于:生物炭的孔隙结构缩短了微生物间的空间距离,促进了种间物质交换^[11];其表面吸附的有机碳和矿质元素增加了代谢互作的可能性^[31];对微生境多样性的调节也为不同生态策略的微生物提供了差异化栖息条件^[13]。De Vries 等指出,高度连通的微生物网络具有更强的功能冗余度^[29],这意味着 T2 处理下的微生物群落对环境波动可能具有更强的缓冲能力。T3 处理网络复杂度指数的回落与养分改良效果的递减趋势一致。

3.3 生物炭对根内生菌群落的间接调控

本研究系统研究了生物炭对安吉白茶根内生菌群落的影响。结果表明,内生菌 α 多样性下降且群落结构显著改变,这一响应模式与根际细菌明显不同。这种差异源于两种微生境的生态学属性差异:根际空间为开放系统,微生物可自由迁入与迁出,从而维持多样性平衡;而根内空间受植物免疫系统严格筛选,仅那些成功穿越根表屏障并与宿主建立共生关系的微生物方能定殖^[15,32]。生物炭通过改变土壤理化性质,可能被植物根系感知并引起根系分泌物组成及免疫状态的变化^[33],从而间接重塑内生菌群落结构。变形菌门丰度随生物炭施用量增加而递减,这可能与高施用量引发的环境胁迫^[34]及根际至根内“过滤效应”增强有关。放线菌门与酸杆菌门的丰度随生物炭施用而增加,这两类菌群通常能够分解复杂有机物并产生次生代谢产物^[35],其富集可能有助于提升茶树的抗病能力。CK 处理中独有属数量最多,而施用生物炭后独有属数量整体减少,这种“精简化”趋势可能意味着内生菌群落构建过程正由随机过程主导向环境过滤主导的确定性过程转变^[36]。

3.4 土壤养分与关键微生物菌属关联的生态解读

亚硝化单胞菌属与碱解氮和有机质的正相关尤为突出。该菌隶属绿弯菌门,是化能自养亚硝酸盐氧化菌^[37],负责将 NO_2^- 氧化为 NO_3^- ,其生物炭处理中的富集提示,生物炭可能通过改善碳氮比和酸碱条

件促进硝化进程。类芽孢杆菌属与速效磷的正相关同样具有重要功能意义,该属为高效溶磷菌,能分泌有机酸和磷酸酶,将难溶性磷转化为植物可吸收态^[38]。中华单胞菌属与有机质呈正相关,反映了其在营养丰富土壤中的竞争优势^[39]。在内生菌方面,*Candidatus Obscuribacter*(暂定种)兼具有氧呼吸和厌氧反硝化能力^[40],其与碱解氮、速效钾等呈高度显著负相关,与有机质呈极显著负相关。据此推测,在生物炭提升养分水平的条件下,富营养微环境可能抑制了该类群的生长优势,导致其相对丰度降低。此外,脲酶活性与平丝菌属呈极显著负相关。脲酶活性升高反映土壤氮素矿化作用增强,可能导致根内微环境中 NH_4^+ 浓度升高及局部pH值变化,而平丝菌属为嗜热好氧菌^[41],其生长偏好可能与上述氮素形态及酸碱条件的改变不相匹配,从而不利于其定殖。综合根际细菌和根内生菌两个层级的结果,可初步构建“生物炭改良土壤养分→富集养分转化功能菌群→促进养分循环”的级联效应框架。需要指出的是,上述关联性推断仍有待同位素示踪和宏基因组功能注释等方法进一步验证。

4 结论

本研究系统揭示了花生壳生物炭对安吉白茶园土壤养分、根际细菌群落及根内生菌群落的差异化调控效应。在土壤养分方面,花生壳生物炭施用显著提升了碱解氮、速效钾和有机质含量,其中T2(3.0 t/hm²)处理效果最佳,而更高施用量(4.5 t/hm²)的改良效果反而下降,呈现非线性剂量响应特征。在根际微生物层面,生物炭主要通过调整细菌群落组成而非改变整体多样性来发挥作用;T2处理的独有属数量最多(44个)且共现网络复杂度指数最高(3.63),表明该处理下根际细菌群落的种间关联最为紧密,功能冗余度和生态稳定性可能有所增强。与根际细菌不同,生物炭对根内生菌的调控表现为多样性下降和独有属减少的“精简化”趋势,暗示根内微环境对微生物的筛选作用更为严格。相关性分析进一步表明,类芽孢杆菌属和亚硝化单胞菌属等功能菌属与土壤养分指标呈显著正相关,初步构建了“生物炭改良土壤养分→富集功能微生物→促进养分循环”的级联效应概念框架。综合以上结果,推荐安吉白茶园以3.0 t/hm²为花生壳生物炭的适宜施用量。未来研究应结合长期定位试验追踪生物炭的持续效应,并借助宏基因组学等技术深入解析关键微生物类群的功能基因及其生态作用。

参考文献:

- [1] Tang Guoyi, Meng Xiao, Gan Renyou, et al. Health functions and related molecular mechanisms of tea components: an update review [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2019, 20(24): 6196.
- [2] Wang Cheng, Han Jingxue, Pu Yuting, et al. Tea(*Camellia sinensis*): a review of nutritional composition, potential applications, and omics research [J]. Applied Sciences, 2022, 12(12): 5874.
- [3] Lin Weiwei, Lin Manhong, Zhou Hongyan, et al. The effects of chemical and organic fertilizer usage on rhizosphere soil in tea orchards [J]. PLoS One, 2019, 14(5): e0217018.
- [4] Ruan Jianyun, Gerendás J, Härdter R, et al. Effect of nitrogen form and root-zone pH on growth and nitrogen uptake of tea(*Camellia sinensis*) plants [J]. Annals of Botany, 2007, 99(2): 301-310.
- [5] Lehmann J, Joseph S. Biochar for environmental management: science, technology and implementation [M]. 2nd ed. London: Routledge, 2015.
- [6] Jeffery S, Verheijen F G A, Van Der Velde M, et al. A quantitative review of the effects of biochar application to soils on crop productivity using meta-analysis [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2011, 144(1): 175-187.
- [7] Laird D A, Fleming P, Davis D D, et al. Impact of biochar amendments on the quality of a typical Midwestern agricultural soil [J]. Geoderma, 2010, 158(3/4): 443-449.
- [8] Rondon M A, Lehmann J, Ramírez J, et al. Biological nitrogen fixation by common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) increases with bio-char additions [J]. Biology and Fertility of Soils, 2007, 43(6): 699-708.
- [9] Li Yanchun, Li Zhaowei, Lin Weiwei, et al. Effects of biochar and sheep manure on rhizospheric soil microbial

- community in continuous ratooning tea orchards [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2018, 29(4): 1273–1282.
- [10] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome [J]. Nature Reviews Microbiology, 2017, 15(10): 579–590.
- [11] Lehmann J, Rillig M C, Thies J, et al. Biochar effects on soil biota: a review [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, 43(9): 1812–1836.
- [12] Warnock D D, Lehmann J, Kuyper T W, et al. Mycorrhizal responses to biochar in soil – concepts and mechanisms [J]. Plant and Soil, 2007, 300(1/2): 9–20.
- [13] Atkinson C J, Fitzgerald J D, Hipps N A. Potential mechanisms for achieving agricultural benefits from biochar application to temperate soils: a review [J]. Plant and Soil, 2010, 337(1/2): 1–18.
- [14] Zhu Xiaomin, Chen Boliang, Zhu Lizhong, et al. Effects and mechanisms of biochar – microbe interactions in soil improvement and pollution remediation: a review [J]. Environmental Pollution, 2017, 227: 98–115.
- [15] Compant S, Samad A, Faist H, et al. A review on the plant microbiome: ecology, functions, and emerging trends in microbial application [J]. Journal of Advanced Research, 2019, 19: 29–37.
- [16] Hardoim P R, Van Overbeek L S, Berg G, et al. The hidden world within plants: ecological and evolutionary considerations for defining functioning of microbial endophytes [J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2015, 79(3): 293–320.
- [17] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000: 34–210.
- [18] Beckers B, Op De beeck M, Weyens N, et al. Structural variability and niche differentiation in the rhizosphere and endosphere bacterial microbiome of field – grown poplar trees [J]. Microbiome, 2017, 5(1): 25.
- [19] Hagberg A A, Schult D A, Swart P J. Exploring network structure, dynamics, and function using NetworkX [C]// Proceedings of the 7th Python in Science Conference. Pasadena: SciPy, 2008: 11–15.
- [20] Bastian M, Heymann S, Jacomy M. Gephi: Gephi: an open source software for exploring and manipulating networks [C]// Proceedings of the International AAAI Conference on Web and Social Media, 2009, 3(1): 361–362.
- [21] Chintala R, Schumacher T E, McDonald L M, et al. Phosphorus sorption and availability from biochars and soil/ biochar mixtures [J]. CLEAN – Soil, Air, Water, 2014, 42(5): 626–634.
- [22] Zimmerman A R, Gao B, Ahn M Y. Positive and negative carbon mineralization priming effects among a variety of biochar – amended soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, 43(6): 1169–1179.
- [23] Nelissen V, Rütting T, Huygens D, et al. Maize biochars accelerate short – term soil nitrogen dynamics in a loamy sand soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2012, 55: 20–27.
- [24] Omondi M O, Xia Xin, Nahayo A, et al. Quantification of biochar effects on soil hydrological properties using meta – analysis of literature data [J]. Geoderma, 2016, 274: 28–34.
- [25] Xu Nan, Tan Guangcai, Wang Hongyuan, et al. Effect of biochar additions to soil on nitrogen leaching, microbial biomass and bacterial community structure [J]. European Journal of Soil Biology, 2016, 74: 1–8.
- [26] Krzmarzick M J, Crary B B, Harding J J, et al. Natural niche for organohalide – respiring *Chloroflexi* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, 78(2): 393–401.
- [27] Ward L M, Hemp J, Shih P M, et al. Evolution of phototrophy in the *Chloroflexi* phylum driven by horizontal gene transfer [J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9: 260.
- [28] Ling Ning, Wang Tingting, Kuzyakov Y. Rhizosphere bacteriome structure and functions [J]. Nature Communications, 2022, 13: 836.
- [29] De Vries F T, Griffiths R I, Bailey M, et al. Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks [J]. Nature Communications, 2018, 9: 3033.
- [30] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, et al. Using network analysis to explore co – occurrence patterns in soil microbial communities [J]. The ISME Journal, 2012, 6(2): 343–351.
- [31] Liang Biqing, Lehmann J, Sohi S P, et al. Black carbon affects the cycling of non – black carbon in soil [J]. Organic Geochemistry, 2010, 41(2): 206–213.
- [32] Bulgarelli D, Schlaeppli K, Spaepen S, et al. Structure and functions of the bacterial microbiota of plants [J]. Annual Review of Plant Biology, 2013, 64: 807–838.
- [33] Egamberdieva D, Wirth S, Behrendt U, et al. Biochar treatment resulted in a combined effect on soybean growth promotion and a shift in plant growth promoting rhizobacteria [J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 209.
- [34] Palansooriya K N, Wong J T F, Hashimoto Y, et al. Response of microbial communities to biochar – amended soils:

- a critical review [J]. *Biochar*, 2019, 1(1): 3–22.
- [35] Barka E A, Vatsa P, Sanchez L, et al. Taxonomy, physiology, and natural products of *Actinobacteria* [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2016, 80(1): 1–43.
- [36] Stegen J C, Lin Xueju, Fredrickson J K, et al. Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them [J]. *The ISME Journal*, 2013, 7(11): 2069–2079.
- [37] Sorokin D Y, Vejmekova D, Lückner S, et al. *Nitrolancea hollandica* gen. nov., sp. nov., a chemolithoautotrophic nitrite-oxidizing bacterium isolated from a bioreactor belonging to the phylum *Chloroflexi* [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2014, 64: 1859–1865.
- [38] Grady E N, Macdonald J, Liu Linda, et al. Current knowledge and perspectives of *Paenibacillus*: a review [J]. *Microbial Cell Factories*, 2016, 15(1): 203.
- [39] Liu Junjie, Sui Yueyu, Yu Zhenhua, et al. High throughput sequencing analysis of biogeographical distribution of bacterial communities in the black soils of Northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, 70: 113–122.
- [40] Soo R M, Skennerton C T, Sekiguchi Y, et al. An expanded genomic representation of the phylum cyanobacteria [J]. *Genome Biology and Evolution*, 2014, 6(5): 1031–1045.
- [41] Hatayama K, Shoun H, Ueda Y, et al. *Planifilum fimeticola* gen. nov., sp. nov. and *Planifilum fulgidum* sp. nov., novel members of the family ‘Thermoactinomycetaceae’ isolated from compost [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2005, 55(5): 2101–2104.

Regulatory Effects of Peanut Shell Biochar on Soil Nutrients and Rhizosphere – Endosphere Bacterial Communities in Anji White Tea Plantations

Zheng Junhui, Zhao Pengfei, Zhang Liqin

(1. School of Life Sciences, Huzhou Normal University, Huzhou 313000, China;

2. Zhejiang Provincial Key Laboratory of Crop Pest Biology and Ecological Regulation, Huzhou 313000, China)

Abstract: A field experiment was conducted in an Anji white tea plantation of the cultivar ‘Baiye No. 1’ in Anji County, Zhejiang Province, China, with a control and three peanut shell biochar application rates (1.5, 3.0, and 4.5 t/hm²). Biochar was applied in autumn 2023, and soil and root samples were collected in April 2024. Soil physicochemical properties were measured, and 16S rRNA gene high-throughput sequencing was used to analyze rhizosphere bacterial and root endophytic bacterial communities. Co-occurrence network analysis and Spearman correlation analysis were performed to reveal microbial interaction patterns and their associations with soil factors. The results showed that biochar application significantly increased the contents of available nitrogen (AN), available potassium (AK) and soil organic matter (SOM) ($P < 0.05$). The 3.0 t/hm² treatment exhibited the most pronounced improvement in all three nutrient indicators (AN increased by 12.48%, AK by 23.78%, and SOM by 10.88% compared with CK), whereas the 4.5 t/hm² treatment showed a decline, displaying a nonlinear dose-response pattern. Rhizosphere bacterial α -diversity was not significantly altered, but community structure differed significantly among treatments. The co-occurrence network of the 3.0 t/hm² treatment had the highest symbiosis index (edge/node ratio = 3.63). Endophytic bacterial α -diversity showed a declining trend, with significant changes in community structure. Spearman correlation analysis revealed significant positive correlations between the phosphorus-solubilizing bacterium *Paenibacillus* and AP, and between the nitrite-oxidizing bacterium *Nitrolancea* and both AN and SOM.

Keywords: biochar; tea garden soil; soil nutrients; rhizosphere bacteria; endophytic bacteria; community structure; co-occurrence network

[责任编辑 高俊娥]