

DOI: 10.11766/trxb201509050424

# 杉木凋落物及其生物炭对土壤微生物群落结构的影响\*

雷海迪<sup>1, 2</sup> 尹云锋<sup>1, 2†</sup> 刘岩<sup>1, 2</sup> 万晓华<sup>1, 2</sup> 马红亮<sup>1, 2</sup>  
高人<sup>1, 2</sup> 杨玉盛<sup>1, 2</sup>

(1 福建师范大学地理科学学院, 福州 350007)

(2 湿润亚热带山地生态国家重点实验室培育基地, 福州 350007)

**摘要** 以福建建瓯万木林自然保护区内的杉木人工林土壤为研究对象, 设置单独添加生物炭、单独添加凋落物以及混合添加凋落物和生物炭处理, 进行一年的室内培养实验, 研究不同添加物处理对土壤性质及微生物群落结构的影响。结果表明: 与对照(S)相比, 单独添加凋落物与混合添加凋落物和生物炭均使土壤磷脂脂肪酸(PLFA)总量、真菌丰度以及真菌/细菌比值显著增加; 单独添加生物炭与混合添加凋落物和生物炭均使革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值显著增加。混合添加凋落物和生物炭处理的放线菌丰度显著高于单独添加凋落物处理的。主成分分析表明, 不同添加物处理的土壤微生物群落结构存在显著差异; 典范对应分析表明, 不同添加物处理通过改变土壤pH、全碳、全氮、C/N、可溶性有机碳(DOC)和可溶性有机氮(DON)等性质, 进而影响土壤微生物群落结构。

**关键词** 生物炭; 凋落物; 微生物群落结构; 杉木人工林

**中图分类号** S154 **文献标识码** A

生物炭(biochar)是有机物料在低氧或缺氧的条件下, 不完全燃烧形成的一类高度芳香化物质, 是近年土壤学和环境科学领域的研究热点<sup>[1]</sup>。目前国内外主要围绕以下几个方面对其开展研究: 不同来源材料、不同制备条件等因素对生物炭性质的影响; 生物炭添加对土壤理化性质、温室气体排放、酶活性、微生物群落和作物产量的影响<sup>[2-5]</sup>。生物炭具有生物化学和热稳定性, 并非微生物的理想碳源; 然而, 其多孔结构和易分解成分可为微生物生长提供栖息地和养分, 并对微生物生长的土壤环境产生影响<sup>[3]</sup>。微生物在驱动碳、氮、磷、硫等营养元素的生物地球化学循环, 维持生态系统过程和功能等方面具有十分重要的作用, 其对土壤环境条件变化具有较强的敏感性, 能较快反映出土壤质量变化<sup>[6-7]</sup>。已有研究表明, 添加不同性质的生物炭到土壤中能不同的微生物群落利用, 其引

起的微生物群落结构变化也存在差异<sup>[8]</sup>。Ameloot等<sup>[4]</sup>研究发现添加生物炭(350 °C热解柳树、猪粪)改变了微生物群落结构, 使土壤革兰氏阳性细菌和革兰氏阴性细菌的丰度增加。Farrell等<sup>[9]</sup>研究表明添加生物炭(450 °C热解小麦秸秆)使土壤pH和易分解碳含量增加, 进而改变了微生物群落结构。李明等<sup>[8]</sup>研究表明添加水稻或玉米秸秆生物炭(热解温度为300 °C、400 °C和500 °C)均改变了土壤微生物群落结构, 其中以水稻秸秆炭的影响最为明显。

杉木(*Cunninghamia lanceolata*)是我国南方重要的速生用材树种, 火烧清理林下植被和采伐剩余物是人工林经营初期的重要措施, 但会引起空气污染、水土流失等严重问题<sup>[10]</sup>。若将采伐剩余物和凋落物制成生物炭, 并将其返还土壤, 既可避免环境污染和水肥流失等问题, 也有可能改善人工林

\* 国家自然科学基金项目(31470628, 31070549)和教育部科学技术研究项目(213019A)共同资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (Nos. 31470628, 31070549) and the Research Project of Chinese Ministry of Education (No. 213019A)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: yunfengyin@163.com

作者简介: 雷海迪(1989—), 女, 湖北枝江人, 硕士研究生, 主要从事森林土壤碳循环研究。E-mail: lhd1030@yeah.net

收稿日期: 2015-09-05; 收到修改稿日期: 2015-11-13

土壤肥力，提高人工林土壤的固碳潜力。目前，缺乏关于生物炭输入对杉木人工林土壤质量，尤其是对微生物群落结构影响的了解。现有研究多为单独添加生物炭对土壤微生物群落结构的影响<sup>[4, 8-9]</sup>，而考虑植物或外源碳存在的条件下生物炭输入对土壤性质和微生物群落结构的影响研究还鲜见报道<sup>[11-12]</sup>。由于凋落物可为微生物提供丰富的有效养分，而生物炭具有较高的pH和全碳含量等特征，我们猜想混合添加凋落物和生物炭既可显著改善土壤性质，又能促进微生物的生长并对微生物群落结构产生影响。因此，本文以杉木人工林土壤为研究对象，设置单独添加凋落物、单独添加生物炭以及混合添加凋落物和生物炭处理，进行一年室内培养，研究不同添加物处理对土壤性质和微生物群落结构的影响，为亚热带人工林生物质资源合理利用以及人工林固碳管理提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

实验土壤取自福建省建瓯市万木林自然保护区（27°03'N，118°09'E）内的杉木人工林。该区属

亚热带季风气候，年均气温为19.4℃，年均降水量为1 731 mm，年均蒸发量为1 466 mm，年均相对湿度为81%；土壤为花岗岩发育的红壤。杉木人工林为1969年天然林皆伐后人工造林形成，林分密度为1 117 株  $\text{hm}^{-2}$ ，树种单一，林分结构简单，灌木层以杜荃山（*Maesa japonica*）、狗骨柴（*Diplospora dubia*）为主，草本层有狗脊（*Woodwardia japonica*）和草珊瑚（*Sarcandra glabra*）等，样地具体介绍参见文献[13]。

### 1.2 供试材料

2013年3月多点选取表层（0~15 cm）土壤，剔除可见碎石及动植物残体，过2 mm筛，混匀，于4℃保存备用。利用盆栽实验种植杉木幼苗，采集1.5年生杉木活叶，用蒸馏水洗净并置于70℃烘箱中烘至恒重，冷却后剪成1 cm左右，备用。以1.5年生的杉木茎叶为制备生物炭材料，称取一定量置于锡箔纸中，放入KTF管式炉中封闭，持续输入氮气形成厌氧环境，达到预设温度后开始计时，燃烧2 h。燃烧温度分别为350℃、550℃和750℃，相应制备的生物炭标记为BC350、BC550和BC750，过2 mm筛备用。供试材料基本性质见表1。

表1 供试土壤、凋落物和生物炭基本性质

Table 1 Basic properties of the soil, litter and biochars used in the experiment

供试材料Material	酸碱度pH	全碳Total C ( $\text{g kg}^{-1}$ )	全氮Total N ( $\text{g kg}^{-1}$ )	碳氮比C/N
土壤Soil	5.3	18.23	1.61	11.32
凋落物Litter	—	455.10	18.74	24.28
BC350	8.9	612.34	29.89	20.49
BC550	9.7	681.37	28.14	24.21
BC750	11.2	661.69	19.39	34.13

### 1.3 培养实验

本实验设置8个处理：土壤（S）、土壤+杉木凋落叶（S+L）、土壤+BC350（S+BC350）、土壤+BC550（S+BC550）、土壤+BC750（S+BC750）、土壤+杉木凋落叶+BC350（S+L+BC350）、土壤+杉木凋落叶+BC550（S+L+BC550）和土壤+杉木凋落叶+BC750（S+L+BC750），每个处理重复4次。其中凋落物和生物炭的添加量各自为2%土壤质量（以干土计）。

具体方法如下：称取相当于50 g干土的鲜土，按照实验处理方式加入生物炭或杉木凋落物并与土壤混合均匀，装入塑料杯中，再将湿度调为60%土壤饱和持水量（WHC），置于1 L密闭的培养瓶中，瓶内同时放置盛有20 ml  $0.5 \text{ mol L}^{-1}$ 的NaOH溶液的塑料杯1个以吸收土壤释放的 $\text{CO}_2$ ，装有蒸馏水的塑料杯1个以维持培养瓶内湿度。在25℃的培养箱中培养364 d，用称重法定期校正土壤水分含量。在培养的第1、3、5、7、14、28、56、85、112、140、168、224、280、336、364天，取出装

有NaOH溶液的小瓶分析土壤中释放的CO<sub>2</sub>-C(这部分数据未列入本文)。培养结束后,进行破坏性取样,测定土壤性质和微生物磷脂脂肪酸。

#### 1.4 样品测定

土壤、凋落物和生物炭的全碳与全氮含量采用碳氮元素分析仪(Elementar Vario EL III,德国)测定;pH采用电位法测定(水与生物炭的比为5:1,水与土的比为2.5:1),土壤可溶性有机碳(DOC)和可溶性有机氮(DON)提取方法参照文献[14],分别采用TOC总碳分析仪(TOC-V<sub>CPH</sub>,日本)和连续流动分析仪(Skalar san++,荷兰)测定。

土壤微生物群落结构分析采用磷脂脂肪酸(PLFA)法,磷脂脂肪酸提取参考White等<sup>[15]</sup>的方法。提取的脂肪酸甲酯通过气相色谱仪(Agilent 6890 N,美国),结合MIDI微生物识别系统(MIDI Inc., Newark, DE)进行鉴定。用*i14:0*、*i15:0*、*a15:0*、*i16:0*、*i17:0*、*a17:0*表征革兰氏阳性细菌(GP)<sup>[16]</sup>,用*16:1ω9c*、*16:1ω7c*、*cy17:0*、*18:1ω7c*、*18:1ω5c*、*cy19:0ω8c*表征革兰氏阴性细菌(GN)<sup>[16-17]</sup>,*16:1ω5c*表征丛枝菌根真菌(AMF)<sup>[18]</sup>,*10Me16:0*、*10Me17:0*和*10Me18:0*表征放线菌(ACT)<sup>[16]</sup>,*18:1ω9c*和*18:2ω6,9c*表征真菌(Fungi)<sup>[17-18]</sup>。革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值(GP/GN)为二者磷脂脂肪酸含量之比,真菌/细菌比值(F/B)为真菌与细菌的磷脂脂肪酸含量之比,PLFA总量为大于0.40%磷脂脂肪酸含量之和。

#### 1.5 数据处理分析

数据采用Excel 2007和SPSS 17.0软件进行统计分析。采用单因素方差分析(ANOVA)确定不同添加物处理对土壤性质和微生物磷脂脂肪酸丰度和比值的影响,多重比较采用Duncan法,显著性水平设为 $\alpha=0.05$ 。土壤微生物群落结构主成分分析(PCA)以及微生物群落结构与土壤性质之间的典范对应分析(CCA)均采用Canoco 5.0软件处理。

## 2 结果

### 2.1 不同添加物处理对土壤性质的影响

由表2可知,与S处理相比,单独添加生物炭

与混合添加凋落物和生物炭分别使土壤pH提高了9.4%~12.7%和9.6%~12.5%( $p<0.05$ ),且S+BC750的土壤pH显著高于S+BC350和S+BC550;但S+L对土壤pH无显著影响。不同添加物处理的土壤全碳与全氮含量分别增加21.7%~94.6%和16.2%~45.7%( $p<0.05$ ),单独添加生物炭处理的全碳含量显著高于单独添加凋落物的处理;S+BC350的全氮含量显著高于S+BC550和S+BC750,S+L+BC350的全氮含量显著高于S+L+BC750。与S相比,单独添加生物炭与混合添加凋落物和生物炭分别使C/N上升27.1%~41.8%和26.3%~40.3%( $p<0.05$ );S+BC550和S+BC750的C/N显著高于S+BC350,同时S+L+BC550和S+L+BC750的C/N显著高于S+L+BC350。与S相比,S+L的DOC含量显著增加17.6%,而S+BC350和S+BC550对DOC含量无显著影响,S+BC750的DOC含量则显著下降;与S+L相比,混合添加凋落物和生物炭的3个处理则显著降低了DOC含量。除S+L+BC750的DON含量显著低于S外,其他处理的DON含量与S之间差异不显著。

### 2.2 不同添加物处理对土壤微生物磷脂脂肪酸丰度和比值的影响

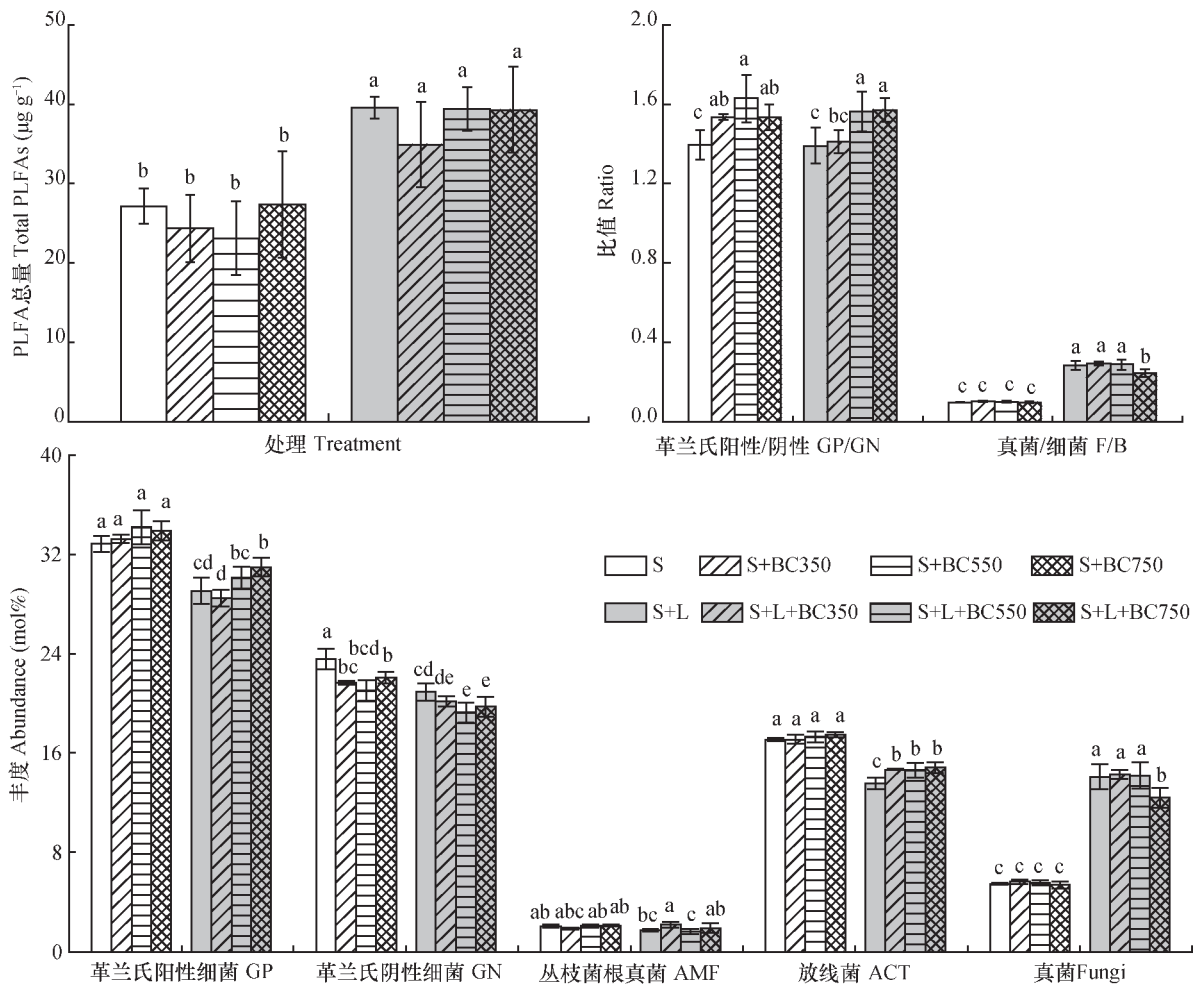
由图1可知,S+L与混合添加凋落物和生物炭的PLFA总量分别较S增加45.5%和28.5%~45.0%( $p<0.05$ )。与S相比,单独添加生物炭处理的革兰氏阳性细菌丰度略有上升( $p>0.05$ ),而S+L与混合添加凋落物和生物炭的革兰氏阳性细菌丰度分别下降11.6%和5.7%~13.4%( $p<0.05$ ),且S+L+BC750革兰氏阳性细菌的丰度显著高于S+L+BC350;不同添加物处理使革兰氏阴性细菌的丰度下降6.2%~18.2%( $p<0.05$ ),最终导致单独添加生物炭与混合添加凋落物和生物炭的革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值显著增加。与S相比,单独添加生物炭处理的放线菌丰度略有上升( $p>0.05$ ),而S+L与混合添加凋落物和生物炭的放线菌丰度分别下降20.7%和13.1%~14.5%( $p<0.05$ ),其中混合添加凋落物和生物炭的放线菌丰度显著高于S+L。与S相比,S+L与混合添加凋落物和生物炭处理使土壤真菌丰度分别上升158.2%和126.9%~161.5%( $p<0.05$ ),导致S+L与混合添加凋落物和生物炭的真菌/细菌比值显著提高,且S+L+BC750真菌/细菌比值显著低于S+L+BC350和S+L+BC550。

表2 培养结束后不同处理的土壤性质

Table 2 Properties of the soils after incubation relative to treatment

处理 Treatment	酸碱度pH	全碳Total C (g kg <sup>-1</sup> )	全氮Total N (g kg <sup>-1</sup> )	碳氮比C/N	可溶性有机碳DOC (mg kg <sup>-1</sup> )	可溶性有机氮DON (mg kg <sup>-1</sup> )
S	5.21 ± 0.23c	18.20 ± 0.39e	1.73 ± 0.07d	10.54 ± 0.46c	159.1 ± 14.1bc	42.36 ± 4.98a
S+L	5.16 ± 0.02c	22.15 ± 0.68d	2.04 ± 0.05c	10.86 ± 0.15c	187.2 ± 4.1a	40.16 ± 5.05ab
S+BC350	5.70 ± 0.11b	31.49 ± 1.62bc	2.35 ± 0.08b	13.40 ± 0.25b	160.0 ± 11.1bc	39.76 ± 9.25ab
S+BC550	5.71 ± 0.01b	29.31 ± 2.36c	2.06 ± 0.11c	14.21 ± 0.43a	160.6 ± 7.0bc	42.67 ± 1.96a
S+BC750	5.87 ± 0.03a	30.17 ± 3.26c	2.01 ± 0.10c	14.95 ± 0.94a	132.4 ± 4.3d	41.28 ± 3.80ab
S+L+BC350	5.71 ± 0.02b	33.60 ± 0.42ab	2.52 ± 0.03a	13.31 ± 0.16b	147.9 ± 19.0cd	32.38 ± 0.61ab
S+L+BC550	5.74 ± 0.03ab	34.97 ± 1.12a	2.44 ± 0.04ab	14.33 ± 0.29a	166.8 ± 8.9b	31.65 ± 6.53ab
S+L+BC750	5.86 ± 0.07ab	35.41 ± 2.55a	2.39 ± 0.09b	14.79 ± 0.62a	167.3 ± 13.0b	28.53 ± 2.89b

注：平均值 ± 标准差，同一列数据不同小写字母表示差异达到显著水平 ( $p < 0.05$ ) Note: Means ± standard deviation. Different lowercase letters within the same column indicate significant difference between treatments at  $p < 0.05$  level



注：将8个处理的PLFA总量、比值和群落丰度进行多重比较分析，同一指标中不同的小写字母表示差异达到显著水平 ( $p < 0.05$ )

Note: The 8 treatments were analyzed for multiple comparison in total PLFAs, ratio and microbial community abundance, and the different lowercase letters within the same index indicate significant difference between treatments at  $p < 0.05$  level

图1 不同处理的土壤微生物磷脂脂肪酸丰度和比值

Fig. 1 Abundance and ratio of microbial PLFAs in the soil relative to treatment



### 2.3 不同添加物处理对土壤微生物群落结构的影响

由主成分分析可知, 第一主成分 (PC1) 贡献率为90.41%, 第二主成分 (PC2) 贡献率为3.42%, 两者累积解释了微生物群落结构变化的93.83%。在横坐标轴上, S与单独添加生物炭处理分布于坐标轴左侧, S+L与混合添加凋落物和生物炭处理分布于坐标轴右侧, 明显地将未添加凋落物处理和添加凋落物处理区分开。磷脂脂肪酸在主成分上的因子载荷分析表明, 对PC1贡献较大的脂肪酸为16:0、18:2 $\omega$ 6、9c (真菌)、18:1 $\omega$ 9c (真菌)、10Me16:0 (放线菌)、16:12OH、18:1 $\omega$ 5c (革兰氏阴性细菌) 和10Me18:0 (放线菌) 等; S+L与混合添加凋落物和生物炭处理使土壤微生物真菌丰度显著增加, S和单独添加生物炭处理的放线菌丰度显著高于S+L与混合添加凋落物和生物炭处理。在纵坐标轴上, S和S+L处理分布于中轴线上, 单独添加生物炭与混合添加凋落物和生物炭处理分布于中轴线下, 明显区分了未

添加生物炭处理和添加生物炭处理。对PC2贡献较大的脂肪酸为i14:0 (革兰氏阳性细菌)、a15:0 (革兰氏阳性细菌)、16:1 $\omega$ 9c (革兰氏阴性细菌) 和16:1 $\omega$ 7c (革兰氏阴性细菌) 等; 单独添加生物炭处理的革兰氏阳性细菌丰度高于S, 混合添加凋落物和生物炭处理的革兰氏阳性细菌丰度高于S+L。说明不同添加物处理均改变了土壤微生物群落结构, 且凋落物较生物炭对微生物群落结构的影响更显著。3种热解温度制备的生物炭在横轴和纵轴上均未被明显区分开, 说明制备生物炭的温度因素对土壤微生物群落结构的影响未达到显著水平。

由土壤微生物群落结构和土壤性质之间的典范对应分析可知: CCA1和CCA2分别解释了排序轴的58.98%和7.67%, 其中对CCA1起主要作用的是土壤全碳、全氮、DOC和DON, 对CCA2起主要作用的是土壤pH和C/N。从排序图中可以看出, 混合添加凋落物和生物炭处理显著提高了土壤pH、C/N以及全碳和全氮含量。

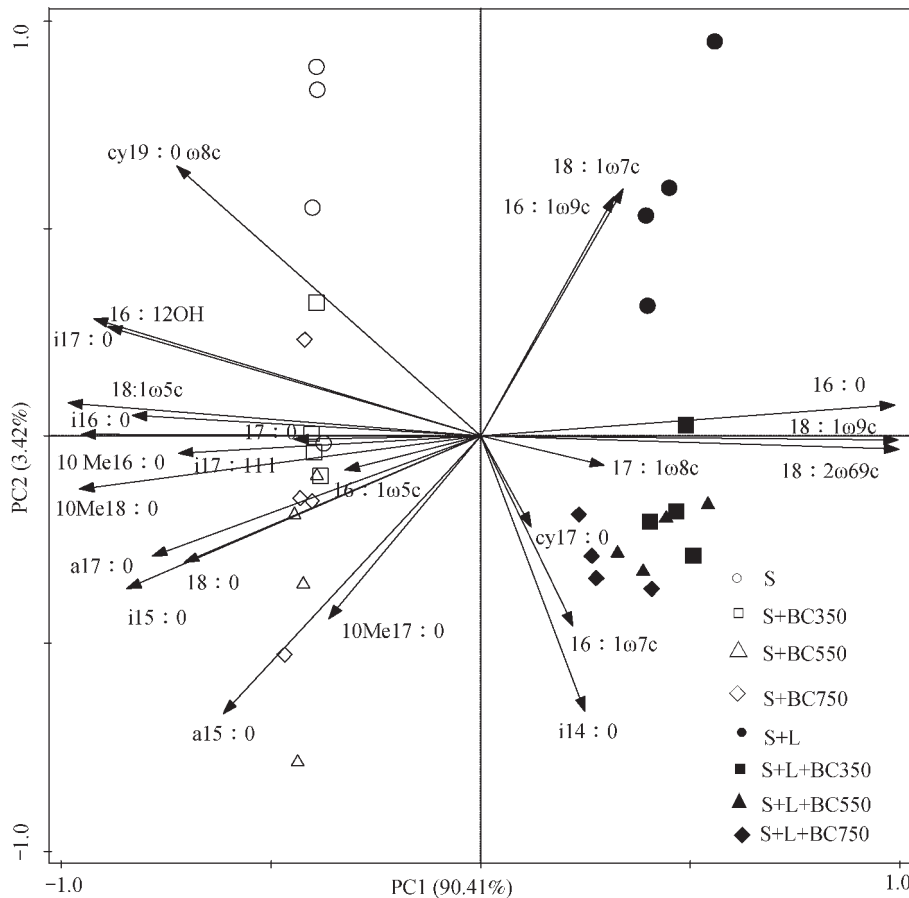


图2 不同处理土壤微生物磷脂脂肪酸的主成分分析

Fig. 2 Principal components analysis of soil microbial PLFAs relative to treatment

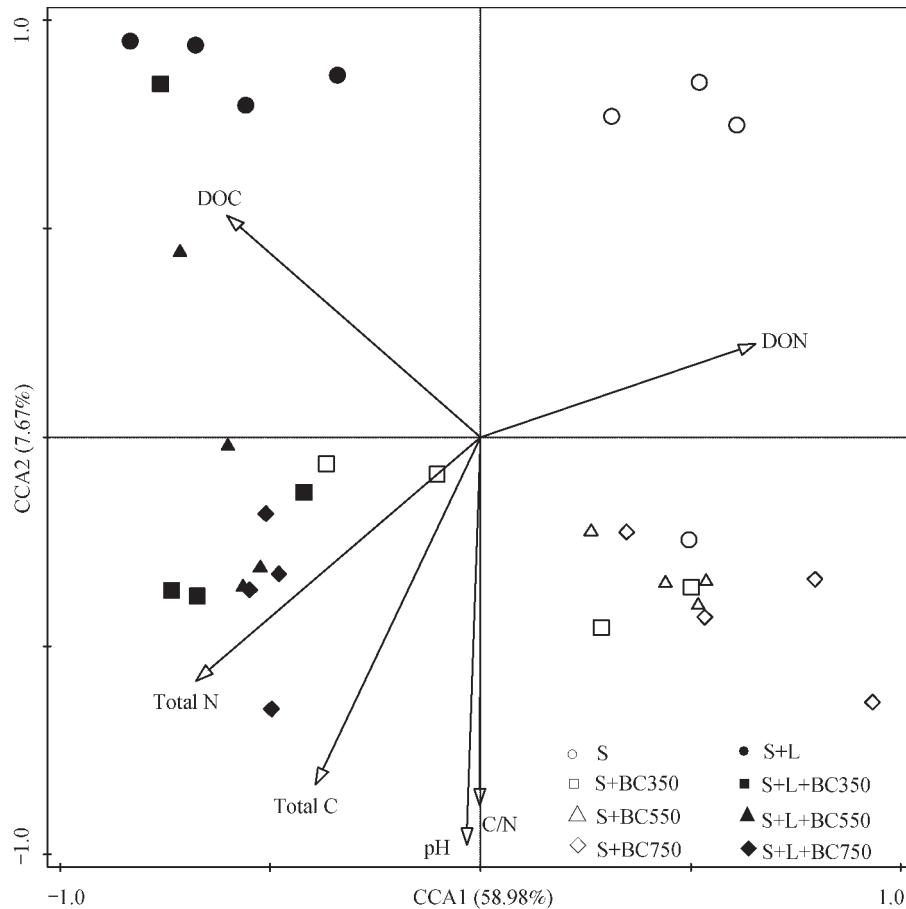


图3 不同处理土壤微生物群落结构与土壤性质的典范对应分析

Fig. 3 Canonical correspondence analysis of soil properties and soil microbial community structure relative to treatment

### 3 讨论

#### 3.1 不同添加物处理对土壤性质的影响

刘玉学等<sup>[19]</sup>研究表明, 秸秆直接还田未对稻田土壤pH产生显著影响, 而炭化后还田(600 °C热解水稻秸秆)使土壤pH显著升高。Prayogo等<sup>[11]</sup>研究发现, 在土壤中单独添加生物炭(470 °C热解柳树枝)以及混合添加凋落物和生物炭均使土壤pH显著上升, 而单独添加凋落物则对土壤pH无显著影响。本研究结果与之一致(表2), 说明添加生物炭可显著提高土壤pH。其原因在于生物炭呈碱性(表1), 所含K、Ca、Mg等灰分元素多呈可溶态, 添加到酸性土壤中可增加土壤盐基饱和度, 降低土壤氢离子和交换性铝的水平<sup>[8]</sup>。Peng等<sup>[20]</sup>研究发现热解温度越高则生物炭含有更多的表面碱性含氧官能团及灰分, 因此高温制备的生物炭(BC750)对土壤pH的提升效果更好(表2)。

本研究中, 生物炭的全碳含量高于凋落物(表

1), 且生物炭的性质更稳定, 在土壤中存留时间长, 因此单独添加生物炭对全碳含量的增加效应强于单独添加凋落物处理(表2)。高温热解降低了N元素含量(表1), 可能导致本研究中添加低温制备的生物炭(BC350)对土壤全氮含量的增加作用强于高温制备的生物炭(BC750)。Nelissen等<sup>[21]</sup>研究发现添加生物炭(480 °C热解云杉和山毛榉等的混合物)能显著提高土壤C/N, 本研究结果与之一致, 且高温制备生物炭(BC750)较低温制备的生物炭(BC350)对土壤C/N的提升更高(表2)。王清奎等<sup>[22]</sup>发现添加杉木凋落物显著增加了土壤可溶性有机碳含量, 本研究中S+L使土壤DOC含量显著上升, 而混合添加凋落物和生物炭对土壤DOC的影响并不显著(表2), 这可能是生物炭的吸附导致DOC提取效率下降所致。

#### 3.2 不同添加物处理对土壤微生物群落结构的影响

Nelissen等<sup>[21]</sup>添加生物炭(480 °C热解云杉和山毛榉等的混合物, 添加量为土壤质量0.54%)

到有机碳含量较少的砂壤土中, 在第8个月和第12个月测定土壤磷脂脂肪酸, 发现生物炭对土壤微生物生物量无显著影响。生物炭的多孔结构为微生物提供了栖息地, 并且使土壤pH、全碳和全氮含量显著增加(表2), 但是对土壤微生物生物量并无显著影响(图1)。其原因在于经过364 d的培养, 单独添加生物炭处理的易分解成分减少, 具体表现为单独添加生物炭处理的DOC和DON含量与对照S相比无显著差异(表2)。本研究中, S+L与混合添加凋落物和生物炭均显著增加了土壤PLFA总量(图1)。Prayogo等<sup>[11]</sup>在培养实验的30 d和90 d时发现添加1%的柳树叶对土壤微生物生物量无显著影响。与柳树叶相比, 本实验所用杉木叶分解较慢, 且添加量较大, 可能在较长时间上对土壤微生物生物量起促进作用。由此可知, 不同添加物所含易分解成分对土壤微生物生物量具有重要影响。

Bamminger等<sup>[12]</sup>研究发现, 单独添加生物炭(600 °C热解五节芒和竹子)与混合添加凋落物和生物炭均使革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值上升, 仅单独添加生物炭达到显著水平; Mitchell等<sup>[2]</sup>的研究也表明添加生物炭(500 °C热解糖枫木)使革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值增加, 说明微生物群落结构更倾向于向革兰氏阳性细菌方向转变; 本研究结果与上述研究结果类似。与革兰氏阴性细菌相比, 革兰氏阳性细菌对环境胁迫的适应能力更强, 能优先选择降解土壤中的芳香碳, 可更好地利用具有高芳香化结构的生物炭<sup>[9]</sup>。本研究相关分析表明, 革兰氏阳性细菌/革兰氏阴性细菌比值与土壤C/N呈显著正相关( $p < 0.05$ ), 说明土壤C/N的变化可引起土壤微生物群落的变化<sup>[23]</sup>。本研究中单独添加凋落物以及混合添加凋落物和生物炭均使真菌/细菌比值显著提高, 而单独添加生物炭对真菌/细菌比值无显著影响, 这与已有的研究结果吻合<sup>[12, 24]</sup>。其原因在于真菌更倾向于从凋落物中获取养分, 单一针叶凋落物分解时, 土壤微生物主要通过调节群落真菌含量促进分解<sup>[12, 25]</sup>。本研究中, 单独添加生物炭的放线菌丰度略有上升( $p > 0.05$ ), 混合添加凋落物和生物炭的放线菌丰度显著高于S+L(图1); 这与Watzinger等<sup>[26]</sup>的研究结果吻合。生物炭具有高芳香化结构, 性质稳定; 放线菌能分泌一系列的胞外酶并参与难分解碳的降解过程<sup>[27]</sup>, 可有效降解木质素等复杂的芳香物质<sup>[11]</sup>, 因此生物炭添加

会增加放线菌的丰度。主成分分析表明, 凋落物较生物炭对微生物群落结构的影响更显著(图2)。这可能是由于杉木凋落物本身是杉木人工林土壤微生物养分的主要来源, 微生物对其具有较好的适应性; 此外, 凋落物较生物炭提供给微生物的可利用养分更多。

Muhammad等<sup>[23]</sup>研究表明, 不同生物炭添加会不同程度地影响土壤化学性质, 例如增加土壤pH以及全碳和全氮含量, 进而改变土壤微生物群落结构。Prayogo等<sup>[11]</sup>研究发现, 凋落物和生物炭的添加均会影响微生物群落结构, 但在较短的时间内(90 d)凋落物较生物炭对微生物群落结构的影响更明显。本研究结果进一步证实了上述发现(图2和图3), 经过一年的培养实验, 不同添加物处理通过影响土壤pH、全碳、全氮、C/N、DOC和DON等性质, 进而影响土壤微生物群落结构, 且凋落物较生物炭对微生物群落结构的影响更显著。亦有研究表明, 生物炭添加通过改变土壤通气性和土壤持水能力, 导致土壤微生物群落结构发生变化<sup>[12, 28]</sup>。

## 4 结 论

与凋落物相比, 添加生物炭更好地提高了土壤全碳含量、C/N和pH, 且高温制备的生物炭对土壤pH和C/N的提升更明显。与生物炭相比, 添加凋落物使土壤微生物生物量显著增加, 且对土壤微生物群落结构的影响更显著。混合添加凋落物和生物炭处理既显著影响了土壤性质, 又促进了土壤微生物的生长并改变微生物群落结构。

## 参 考 文 献

- [1] Maestrini B, Herrmann A M, Nannipieri P, et al. Ryegrass-derived pyrogenic organic matter changes organic carbon and nitrogen mineralization in a temperate forest soil. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 69: 291—301
- [2] Mitchell P J, Simpson A J, Soong R, et al. Shifts in microbial community and water-extractable organic matter composition with biochar amendment in a temperate forest soil. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 81: 244—254
- [3] Lehmann J, Rillig M C, Thies J, et al. Biochar effects on soil biota—A review. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43 (9): 1812—1836
- [4] Ameloot N, De Neve S, Jegajeevagan K, et al. Short-term CO<sub>2</sub>

- and N<sub>2</sub>O emissions and microbial properties of biochar amended sandy loam soils. *Soil Biology & Biochemistry*, 2013, 57: 401—410
- [ 5 ] Anderson C R, Condon L M, Clough T J, et al. Biochar induced soil microbial community change: Implications for biogeochemical cycling of carbon, nitrogen and phosphorus. *Pedobiologia*, 2011, 54 ( 5/6 ) : 309—320
- [ 6 ] Falkowski P G, Fenchel T, Delong E F. The microbial engines that drive Earth' s biogeochemical cycles. *Science*, 2008, 320 ( 5879 ) : 1034—1039
- [ 7 ] Kennedy A C, Smith K L. Soil microbial diversity and the sustainability of agricultural soils. *Plant and Soil*, 1995, 170 ( 1 ) : 75—86
- [ 8 ] 李明, 李忠佩, 刘明, 等. 不同秸秆生物炭对红壤性水稻土养分及微生物群落结构的影响. *中国农业科学*, 2015, 48 ( 7 ) : 1361—1369
- Li M, Li Z P, Liu M, et al. Effects of different straw biochar on nutrient and microbial community structure of a red paddy soil ( In Chinese ). *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 48 ( 7 ) : 1361—1369
- [ 9 ] Farrell M, Kuhn T K, Macdonald L M, et al. Microbial utilisation of biochar-derived carbon. *Science of the Total Environment*, 2013, 465: 288—297
- [ 10 ] 曹娟, 闫文德, 项文化, 等. 湖南会同3个林龄杉木人工林土壤碳、氮、磷化学计量特征. *林业科学*, 2015, 51 ( 7 ) : 1—8
- Cao J, Yan W D, Xiang W H, et al. Stoichiometry characterization of soil C, N, and P of Chinese fir plantations at three different ages in Huitong, Hunan Province, China ( In Chinese ). *Scientia Silvae Sinicae*, 2015, 51 ( 7 ) : 1—8
- [ 11 ] Prayogo C, Jones J E, Baeyens J, et al. Impact of biochar on mineralisation of C and N from soil and willow litter and its relationship with microbial community biomass and structure. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, 50 ( 4 ) : 695—702
- [ 12 ] Bamminger C, Zaiser N, Zinsler P, et al. Effects of biochar, earthworms, and litter addition on soil microbial activity and abundance in a temperate agricultural soil. *Biology and Fertility of Soils*, 2014, 50 ( 8 ) : 1189—1200
- [ 13 ] 张彪, 高人, 杨玉盛, 等. 万木林自然保护区不同林分土壤可溶性有机氮含量. *应用生态学报*, 2010, 21 ( 7 ) : 1635—1640
- Zhang B, Gao R, Yang Y S, et al. Soil soluble organic nitrogen content in different forest stands in Wanmulin Nature Reserve ( In Chinese ). *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21 ( 7 ) : 1635—1640
- [ 14 ] Luo Y, Durenkamp M, de Nobili M, et al. Short term soil priming effects and the mineralisation of biochar following its incorporation to soils of different pH. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43 ( 11 ) : 2304—2314
- [ 15 ] White D C, Davis W M, Nickels J S, et al. Determination of the sedimentary microbial biomass by extractable lipid phosphate. *Oecologia*, 1979, 40 ( 1 ) : 51—62
- [ 16 ] Wan X H, Huang Z Q, He Z M, et al. Soil C:N ratio is the major determinant of soil microbial community structure in subtropical coniferous and broadleaf forest plantations. *Plant and Soil*, 2015, 387 ( 1 ) : 103—116
- [ 17 ] Frostegård Å, Tunlid A, Bååth E. Use and misuse of PLFA measurements in soils. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43 ( 8 ) : 1621—1625
- [ 18 ] Swallow M, Quideau S A, MacKenzie M D, et al. Microbial community structure and function: the effect of silvicultural burning and topographic variability in northern Alberta. *Soil Biology & Biochemistry*, 2009, 41 ( 4 ) : 770—777
- [ 19 ] 刘玉学, 王耀锋, 吕豪豪, 等. 生物质炭化还田对稻田温室气体排放及土壤理化性质的影响. *应用生态学报*, 2013, 24 ( 8 ) : 2166—2172
- Liu Y X, Wang Y F, Lü H H, et al. Effects of biochar application on greenhouse gas emission from paddy soil and its physical and chemical properties ( In Chinese ). *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24 ( 8 ) : 2166—2172
- [ 20 ] Peng X, Ye L L, Wang C H, et al. Temperature and duration dependent rice straw-derived biochar: Characteristics and its effects on soil properties of an ultisol in southern China. *Soil and Tillage Research*, 2011, 112 ( 2 ) : 159—166
- [ 21 ] Nelissen V, Ruyschaert G, Manka' Abusi D, et al. Impact of a woody biochar on properties of a sandy loam soil and spring barley during a two-year field experiment. *European Journal of Agronomy*, 2015, 62: 65—78
- [ 22 ] 王清奎, 汪思龙, 于小军, 等. 杉木与阔叶树叶凋落物混合分解对土壤活性有机质的影响. *应用生态学报*, 2007, 18 ( 6 ) : 1203—1207
- Wang Q K, Wang S L, Yu X J, et al. Effects of *Cunninghamia lanceolata*-broad leaved tree species mixed leaf litters on active soil organic matter ( In Chinese ). *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2007, 18 ( 6 ) : 1203—1207



- [23] Muhammad N, Dai Z, Xiao K C, et al. Changes in microbial community structure due to biochars generated from different feedstocks and their relationships with soil chemical properties. *Geoderma*, 2014, 226/227: 270—278
- [24] Gomez J D, Deneff K, Stewart C E, et al. Biochar addition rate influences soil microbial abundance and activity in temperate soils. *European Journal of Soil Science*, 2014, 65 (1): 28—39
- [25] 陈法霖, 郑华, 欧阳志云, 等. 土壤微生物群落结构对凋落物组成变化的响应. *土壤学报*, 2011, 48 (3): 603—611
- Chen F L, Zheng H, Ouyang Z Y, et al. Responses of microbial community structure to the leaf litter composition (In Chinese). *Acta Pedologica Sinica*, 2011, 48 (3): 603—611
- [26] Watzinger A, Feichtmair S, Kitzler B, et al. Soil microbial communities responded to biochar application in temperate soils and slowly metabolized  $^{13}\text{C}$ -labelled biochar as revealed by  $^{13}\text{C}$ -PLFA analyses: Results from a short-term incubation and pot experiment. *European Journal of Soil Science*, 2014, 65 (1): 40—51
- [27] McCarthy A J, Williams S T. Actinomycetes as agents of biodegradation in the environment—A review. *Gene*, 1992, 115 (1/2): 189—192
- [28] Jindo K, Sánchez-Monedero M A, Hernández T, et al. Biochar influences the microbial community structure during manure composting with agricultural wastes. *Science of the Total Environment*, 2012, 416: 476—481

## Effects of Fir (*Cunninghamia Lanceolata*) Litter and Its Biochar on Soil Microbial Community Structure

LEI Haidi<sup>1, 2</sup> YIN Yunfeng<sup>1, 2†</sup> LIU Yan<sup>1, 2</sup> WAN Xiaohua<sup>1, 2</sup> MA Hongliang<sup>1, 2</sup>  
GAO Ren<sup>1, 2</sup> YANG Yusheng<sup>1, 2</sup>

(1 College of Geographical Sciences, Fujian Normal University, Fuzhou 350007, China)

(2 State Key Laboratory of Humid Subtropical Mountain Ecology, Fuzhou 350007, China)

**Abstract** Biochar is a kind of carbon-rich solid material prepared out of biomass through pyrolysis in an oxygen-limited environment. Recently, it has been attracting more and more attention. Biochar amendment into soil is thought to be a good approach to carbon sequestration, which may in turn improve soil physical and chemical properties, such as nutrient and water holding capacity, soil fertility and crop yield. However, how biochar affects soil microbe is still a topic that needs further study. Soil microbial communities are sensitive to biochar amendment, and microbial community structure varies significantly with type of biochar. However, little is known about effects of the amendment of biochar together with litter on soil microbial communities in artificial forests in Subtropical China. In this paper, an investigation was conducted of impacts of fir (*Cunninghamia lanceolata*) litter and its biochar on soil properties and microbial community structure in a fir plantation in the Jianou Wanmulin Nature Reserve of Fujian Province, in the hope of providing some valuable information for rational utilization of the biomass resources and management of carbon sequestration in the artificial forest in Subtropical China. The biochar was prepared out of fir litter through pyrolysis at three different temperatures, 350 °C, 550 °C and 750 °C. Soil samples were collected from the plantation, and prepared into eight treatments by amending fir litter, biochar or both, separately, such as: (1) control soil (S); (2) soil+litter (S+L); (3) soil+350 °C biochar (S+BC350); (4) soil+550 °C biochar (S+BC550); (5) soil+750 °C biochar (S+BC750); (6) soil+litter+350 °C biochar (S+L+BC350); (7) soil+litter+550 °C biochar (S+L+BC550); (8) soil+litter+750 °C biochar (S+L+BC750), and the litter and biochar was added both at a rate of 2% of the dry soil mass. All the soil samples were incubated in the dark at 25 °C for 364 d. At the end of the incubation, the soil samples were analysed for soil properties, using conventional methods and for soil microbial biomass and community structure using the phospholipid fatty acid method. Results show that

pH was 9.4% ~ 12.7% and 9.6% ~ 12.7% higher in Treatment S+BC and Treatments S+L+BC ( regardless of preparation temperature ) than Treatment S and C/N ratio was 27.1% ~ 41.8% and 26.3% ~ 41.8% higher, respectively. And the effect was more significant in Treatment S+L+BC750 than in Treatment S+L+BC350. The amendments, regardless of which, increased soil total carbon by 21.7% ~ 94.6%, and total nitrogen by 16.2% ~ 45.7%, but the effect on total carbon was more significant in Treatment S+BC than in Treatment S+L and in Treatment S+BC350 than in Treatment S+BC750. Phospholipid fatty acid analysis shows that Treatment S+L and Treatments S+L+BC were both significantly higher than Treatment S in total PLFAs, fungi abundance and fungi to bacteria ratio, and Treatments S+BC and Treatments S+L+BC were significantly higher than Treatment S in ratio of gram positive bacteria to gram negative bacteria. However, Treatment S+L and Treatments S+L+BC were lower than Treatment S in abundance of actinomycetes, but Treatments S+L+BC were much higher than Treatment S+L in abundance of actinomycetes. Principal component analysis ( PCA ) shows that microbial community structure varied significantly with type of the amendment. Canonical correspondence analysis ( CCA ) shows that the amendments changed soil properties, including soil pH, C/N, total carbon, total nitrogen, dissolved organic carbon ( DOC ) and dissolved organic nitrogen ( DON ), which in turn affected the soil microbial community structure. The effects of amendment increasing soil total carbon, C/N and soil pH were more significant in Treatment S+BC than in Treatment S+L, but the effect of increasing soil microbial biomass was more in Treatment S+L than in Treatment S+BC, and so was the effect on soil microbial community structure. Treatments S+L+BC may not only improve soil properties, but also stimulate growth and alter community structure of the soil microbe.

**Key words** Biochar; Litter; Microbial community structure; Fir ( *Cunninghamia lanceolata* ) plantation

( 责任编辑：卢 萍 )