

张秀, 尚艺婕, 夏运生, 等. 外加镉处理下生物质炭对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响[J]. 农业环境科学学报, 2016, 35(7): 1308-1313.
ZHANG Xiu, SHANG Yi-jie, XIA Yun-sheng, et al. Effects of biochar on carbon metabolic capacity and functional diversity of soil microbial communities under Cd contamination[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2016, 35(7): 1308-1313.

外加镉处理下生物质炭对土壤微生物碳代谢功能多样性的影响

张秀, 尚艺婕, 夏运生, 赵青青, 史静*

(云南农业大学资源与环境学院, 昆明 650201)

摘要:采用 Biolog-Eco 微平板法, 通过模拟实验探究外源 Cd 胁迫下不同量(0%、2.5%、10%, W/W) 秸秆生物质炭输入后土壤微生物在碳代谢功能方面的响应机制。平均吸光度(AWCD)值、多样性指数、碳源利用特征和主成分分析结果均表明: Cd 污染条件下, 生物质炭的施用提高了土壤中微生物群落碳源代谢活性及功能多样性, 2.5% 生物质炭处理下的提高效果尤为显著。土壤微生物 McIntosh 指数上升了 70.59%, 群落物种均一度发生巨大的变化; 土壤微生物对羧酸类、氨基酸类碳源化合物的利用能力分别提高了 10 倍和 5 倍, 其中 2.5% 低质量分数生物质炭提高了土壤微生物对羧酸类和糖类碳源化合物利用率, 10% 高质量分数生物质炭却提高了氨基酸类碳源化合物的利用率。进一步分析显示, 羧酸类、其他类和聚合物类碳源化合物促使两个生物质炭处理组与单加 Cd 对照组在碳源利用率上存在差异。

关键词: 生物质炭; 重金属; Cd; 微生物功能多样性; Biolog

中图分类号: S154.3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1672-2043(2016)07-1308-06 **doi:** 10.11654/jaes.2016.07.012

Effects of biochar on carbon metabolic capacity and functional diversity of soil microbial communities under Cd contamination

ZHANG Xiu, SHANG Yi-jie, XIA Yun-sheng, ZHAO Qing-qing, SHI Jing*

(College of Resources and Environment, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China)

Abstract: Cadmium (Cd) contamination in farmland ecosystems has become more and more serious. Biochar (BC) are known to bind heavy metals. Whether BC affects the functional diversity of soil microbial communities in Cd-contaminated soil is unclear. Here a pot experiment was designed to investigate the effects of BC on carbon metabolic capacity and functional diversity of soil microbial communities in Cd contaminated soil, using Biolog-Eco micro plate. Application rates of BC were 0%, 2.5%, and 10% (W/W). The AWCD (average well color development) values, diversity index, carbon source utilization characteristics, and the principal component analysis results all showed that though the degree to which the soil microbes in four treatments used carbon sources was different, applying BC generally improved carbon metabolic activity and functional diversity of microbial communities in Cd contaminated soil, with 2.5% BC having the greatest effects. Compared with the control, McIntosh index of soil microbes was increased by 70.59% and the uniform degree of the species in the coenosis experienced huge changes. The utilization ability of carboxylic acid and amino acid carbon source compounds was increased by 10 times and 5 times, respectively. However, such utilization ability of carboxylic acid and saccharide carbon source compounds was increased at low rates of BCs (2.5%); while that of amino acid carbon source compounds was elevated at high concentration of BCs (10%). The difference between two BC treatment groups and the control treatment group was mainly caused by carboxylic acid, polymer and other carbon source compounds.

Keywords: biochar; heavy metal; Cd; microbial functional diversity; Biolog

收稿日期: 2015-12-28

基金项目: 云南省应用基础研究计划项目(2013FB043); 国家自然科学基金项目(41301349)

作者简介: 张秀(1991-), 女, 云南曲靖人, 硕士研究生, 研究方向为土壤重金属污染防治与修复。E-mail: 375254377@qq.com

* 通信作者: 史静 E-mail: 383110966@qq.com

近年来,重金属 Cd 污染形势严峻^[1-2],它具有半衰期长、移动性强、生物毒性大等特点,对生态环境、工农业生产、食品安全和人类健康等均造成一系列负面影响。大量的研究指出重金属对土壤微生物具有胁迫毒害作用,主要表现为土壤微生物的数量、活性、群落结构及多样性等的降低^[3-5]。而土壤微生物是反映土壤生态系统安全和土壤物质能量循环的敏感性生物指标之一^[6],它可衡量土壤质量和肥力,评价土壤生态系统的可持续性。生物质炭能通过吸附、络合、螯合、氧化还原等方式固定土壤中的重金属,降低其在土壤中迁移转化速率。国外有研究报道土壤中施入生物质炭后,Cd 浓度下降为原先的 1/10,Cd 的生物有效性也显著降低^[7]。生物质炭能为土壤微生物生长繁殖提供充足的养分,可作为微生物栖息的微环境,避免微生物间的竞争^[8]。研究表明,玉米秸秆、水稻秸秆两种生物质炭添加到土壤后均可以增加革兰氏阴性细菌、革兰氏阳性细菌、放线菌和真菌的含量,改变土壤的微生物群落结构^[9]。生物质炭对土壤重金属污染良好的修复效应以及对土壤中微生物的保护效应得到了国内外学者的一致肯定。现今重金属 Cd 和生物质炭双重作用机制下土壤微生物变化趋势及规律的研究却鲜有报道,且影响机制尚不明确。本文通过外源 Cd 污染条件下不同量生物质炭对土壤微生物功能多样性的影响机制及作用原理的研究,旨在揭示生物质炭提升土壤微生物功能多样性是否可作为其修复重金属污染土壤的机制之一,以期为生物质炭在该领域的科学应用提供一个微生态的新思路。

1 材料与方法

1.1 实验材料

本实验所用土壤为云南农业大学后山的红壤,基本理化性质详见表 1。

表 1 供试土壤理化性质

Table 1 Physical and chemical characteristics of soil

指标	pH 值	有机质/ g·kg ⁻¹	有效磷/ mg·kg ⁻¹	碱解氮/ mg·kg ⁻¹	电导率/ μS·cm ⁻²
供试土壤	5.35	44.26	64.55	99.05	420

选取河南三利公司生产的商品秸秆生物质炭,基本理化性质详见表 2。

1.2 实验设计

实验为盆栽模拟实验,选用普通塑料桶,每桶装 8 kg 土。配制不同浓度的 CdCl₂ 母液,与土壤混合均

表 2 生物质炭理化性质

Table 2 Physical and chemical characteristics of biochar

项目	pH 值	BET 比表面积/m ² ·g ⁻¹	CEC/cm ^{ol} ·kg ⁻¹
秸秆生物质炭	9.03	23.26	185.56

匀。秸秆生物质炭按照 0%、2.5%、10% 的质量比添加到上述混匀土壤中(因在前期实验中 5% 生物质炭添加量下 Cd 形态、土壤酶活性没有明显变化,所以本实验不是按照梯度设置生物质炭添加量,而是选取了变化显著的 2.5%、10% 生物质炭添加量),并设置无任何添加的空白对照组,共 4 种处理:Cd 添加量为 0 mg·kg⁻¹,生物质炭添加量为 0%(CK);Cd 添加量为 2.5 mg·kg⁻¹,生物质炭添加量为 0%(B0);Cd 添加量为 2.5 mg·kg⁻¹,生物质炭添加量为 2.5%(B2.5);Cd 添加量为 2.5 mg·kg⁻¹,生物质炭添加量为 10%(B10)。每种处理设置 3 个平行对照组,置于温室大棚中并种植水稻,保持土壤湿度至田间持水量的 70%,待水稻生长到分蘖期时采集(五点法)各处理土壤,进行功能多样性测定。

1.3 土壤微生物群落功能多样性测定方法

本研究采用 Biolog-ECO 板分析土壤微生物群落的代谢功能特征。ECO 板所用接种液的制备采用 Classen 等^[10]的方法。称取相当于 5 g 烘干质量的新鲜土样置于无菌三角瓶中,加入 45 mL 浓度为 0.85% 的无菌生理盐水,200 r·min⁻¹ 振荡 30 min 后静置 15 min,取 5 mL 上清液置于装有 45 mL 无菌生理盐水的三角瓶中,重复稀释 3 次,制得 1:1000 的接种液。将 ECO 板提前预热到 25 °C,用八道移液枪取 150 μL 接种液于每孔中。ECO 板置于恒温培养箱中,25 °C 左右避光培养 7 d,分别于 4、24、48、96、120、144、168 h 用 Biolog 微生物自动鉴定系统读取 590 nm 处吸光值,每板重复读数 3 次。

1.4 数据处理

本文采用微平板每孔颜色平均变化率(Average Well Color Development, AWCD)描述土壤微生物整体活性。采用 Shannon 指数、Simpson 指数与 McIntosh 指数表征土壤微生物群落功能多样性。实验数据的方差分析和主成分分析均用 SPSS 19 软件完成,Excel 2007 绘图。具体数据处理公式详见表 3。

2 结果与分析

2.1 不同处理下土壤微生物群落活性的变化

AWCD 表征微生物群落对碳源的利用率,是土壤

表3 文中各数据处理公式

Table 3 Formulas for index calculation

参数	公式	备注说明
AWCD 值	$AWCD = \sum \frac{Ci-R}{n}$	Ci : 有培养基各孔吸光值; R : 对照孔吸光值; n : 有培养基孔数, 即 31
Shannon 指数	$H = -\sum Pi(\ln Pi)$	Pi : 第 i 孔相对吸光值与整板相对吸光值总和之比, 即 $\frac{Ci-R}{\sum(Ci-R)}$
Simpson 指数	$D = 1 - \sum Pi^2$	Pi 同上
McIntosh 指数	$U = \sqrt{\sum ni^2}$	ni : 第 i 孔的相对吸光值, 即 $Ci-Ri$

微生物群落利用单一碳源能力的重要指标之一,反映了土壤微生物活性、微生物群落生理功能多样性^[1]。不同处理土样利用 31 种碳源的总 AWCD 变化趋势如图 1 所示。从整体上看,4 种处理下 AWCD 值均随着培养时间的延长而增加,4~24 h 内增长缓慢,碳源基本未被利用,24~120 h 内快速增长变化明显,碳源被大幅利用,120 h 以后增长趋于平缓。这表明,土壤微生物整体代谢活性与培养时间呈正相关关系,在 24~120 h 碳源利用能力最强,微生物代谢活性最高。具体来看 4 个处理在整个培养过程中有明显差异,土壤微生物的碳源利用能力 4~72 h 时间段内依次为 B2.5>B10>B0>CK,72 h 后为 B2.5>B10>CK>B0。可见,添加生物质炭处理的土壤微生物代谢活性远远高于未添加生物质炭的两个处理,尤其是 B2.5 处理组对土壤微生物代谢活性影响最为显著;单加 Cd 的 B0 处理组 72 h 之前 AWCD 值呈上升趋势,微生物碳源利用能力高于 CK 对照组,但 72 h 后 AWCD 值表现为下降趋势,碳源利用能力低于 CK 对照组,即 B0 处理组微生物代谢活性随时间推移逐渐降低。

2.2 不同处理下土壤微生物多样性指数的变化

Shannon 多样性指数是研究群落物种丰富度的综合指标,是目前应用最为广泛的群落多样性指数之

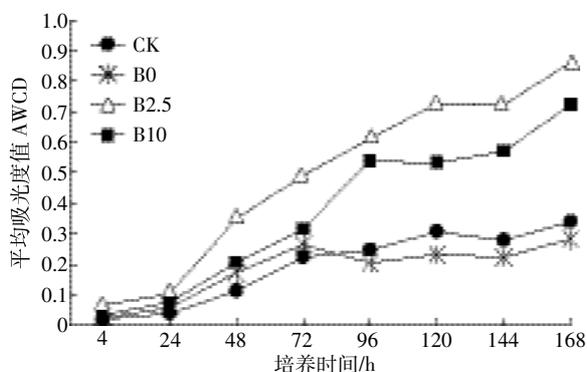


图1 培养期内土壤微生物 AWCD 值的变化

Figure 1 AWCD changes of soil microbial community during incubation

一, Simpson 指数较多反映了群落中最常见的物种优势度, McIntosh 指数则是群落中物种均一性的度量^[12]。文中基于培养时间段内 AWCD 值较稳定的 120 h 数据,利用 3 种多样性指数来分析土壤微生物群落的功能多样性,分析结果详见表 4。Shannon 指数、Simpson 指数、McIntosh 指数值均呈现 B2.5>B10>CK>B0 的规律。表明土壤微生物群落功能多样性在 Cd 胁迫下降低,生物质炭输入后对土壤微生物的功能多样性具有提升作用,B2.5 处理下作用效果尤为突出。添加生物质炭两处理组与单加 Cd 的 B0 对照组相比,McIntosh 指数上升 70.59%, Shannon 指数上升 27.65%, Simpson 指数仅上升 8.82%。生物质炭使 Cd 污染土壤中微生物群落物种的均一度发生了显著变化,群落物种的丰富度得到一定的提升,但对群落中常见的微生物物种影响甚微。

表4 4种处理下土壤微生物群落功能多样性

Table 4 Diversity and evenness indices of soil microbial community in different treatments

处理	Shannon 指数	Simpson 指数	McIntosh 指数
CK	2.29±0.09ab	0.88±0.02ab	3.43±0.30a
B0	2.17±0.08a	0.85±0.04a	3.06±0.42a
B2.5	3.04±0.09c	0.94±0.01b	5.41±0.11b
B10	2.50±0.11b	0.91±0.02ab	5.03±0.24a

注:表中数据为平均值±标准差。每列数据后面不同字母间表示差异达显著水平($P<0.05$)。

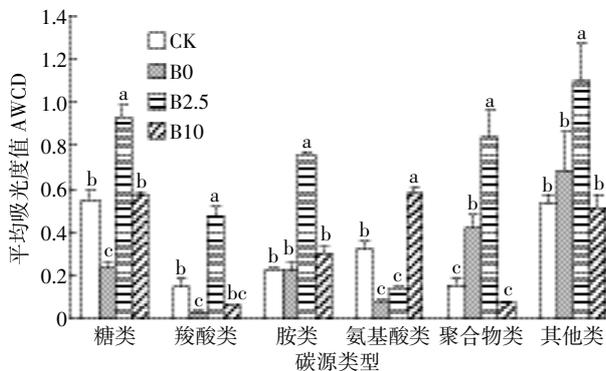
Note: Data in table are mean ± standard deviation. Data with different letters within each column show significant differences ($P<0.05$).

2.3 不同处理下土壤微生物碳源利用特征变化和主成分分析

2.3.1 土壤微生物对六类化合物利用变化

根据 ECO 板上 31 种碳源的结构与化学性质,将其分为 6 大类碳源化合物^[13]:糖类 7 种;羧酸类 9 种;胺类 2 种;氨基酸类 6 种;聚合物类 4 种;其他类 3 种。对培养 120 h 六类碳源化合物的 AWCD 值进行分析,结果如图 2 所示。4 个处理在碳源代谢方面的优势群落从大到小依次为其他类、糖类、胺类、聚合物类、氨基酸类、羧酸类,其中:糖类 B2.5>B10>CK>B0;羧酸类 B2.5>CK>B10>B0;胺类 B2.5>B10>CK>B0;氨基酸类 B10>CK>B2.5>B0;聚合物类 B2.5>B0>CK>B10;其他类 B2.5>B0>CK>B10。可见,除氨基酸类化合物 B10 处理组利用能力最强外,其余五类化合物均是 B2.5 处理组的利用能力最强,表明 Cd 污染条件下,4 种处理微生物对六类碳源化合物的利用强度差

异显著,碳源利用率与生物质炭添加量没有直接的线性关系。这跟土壤微生物 AWCD 值、功能多样性指数分析结果一致。添加生物质炭两个处理组与单施 Cd 的对照组相比,羧酸类的利用能力提高了 10 倍,氨基酸的利用能力提高了 5 倍,糖类的利用能力提高了 3 倍,胺类的利用能力提高了 2 倍,聚合物类和其他类仅提升了 1 倍。这表明生物质炭输入 Cd 胁迫下土壤微生物对羧酸类、氨基酸类、糖类、胺类四类碳源化合物利用能力增强,但对聚合物类、其他类的利用能力无显著变化。从相反角度来看,Cd 污染促进了土壤微生物对聚合物类和其他类两类化合物的利用。



同一类化合物下,不同处理间字母不同表示差异达到显著水平($P < 0.05$)

Different letters within each compound show significant differences ($P < 0.05$) between different treatments

图 2 土壤微生物对六类化合物的利用率

Figure 2 Utilization rates of six kinds of compounds by soil microbial community

2.3.2 土壤微生物利用六类化合物特征的主成分分析
主成分分析 (Principal component analysis, PCA) 是采取降维的方法,使用少数相互无关的综合指标反映原统计数据中所包含的绝大多数信息。它能够把多维数据的差异反映在二维坐标图上,进而揭示复杂数据背景下的简单规律。样品的群落碳源利用能力越相似,则它们在 PCA 图中的距离越接近。为进一步了解不同处理下土壤微生物对不同碳源利用能力的差异,对各处理在培养 120 h 的六类碳源化合物进行了主成分分析。

如图 3 所示,4 种处理在 PC 轴上出现了明显的分异,B2.5 位于第一象限,B10 和 CK 都位于第二象限距离较近,B0 则位于第三象限,与其余 3 个处理组的距离较远。由此可见,B10 与 CK 两个处理组群落碳源利用能力相似,表明土壤遭受重金属 Cd 污染后土壤微生物碳源利用能力减弱,2.5% 的生物质炭添加量碳源利用能力最强,而生物质炭添加量 10% 土壤微

生物的群落碳源利用率基本没有变化。由图 4 可知,对 PC1 贡献大的碳源化合物(系数 >0.8)有 3 类,分别是羧酸类、聚合物类和其他类。对 PC2 贡献大的碳源化合物只有氨基酸这 1 种。由于 PC1 和 PC2 分别占微生物群落碳源利用率总变异的 63.19% 和 22.47%,PC1 是变异的主要来源。因此,对生物质炭处理组与单加 Cd 对照组起区分作用的主要是羧酸类、聚合物类和其他类三大碳源群落。

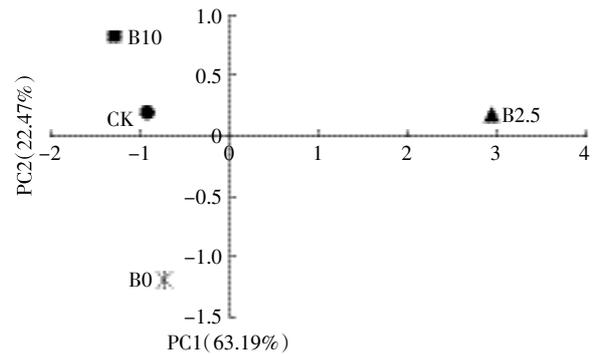


图 3 四种处理下土壤微生物六类化合物利用特征主成分分析
Figure 3 Principal component analysis of utilization of six kinds of compounds by soil microbial community

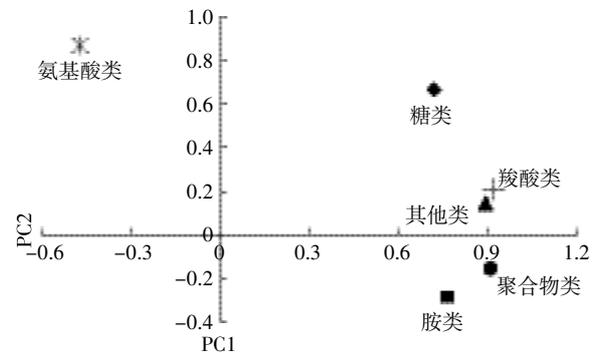


图 4 六类化合物在第一、第二主成分的载荷分布
Figure 4 Loadings of six kinds of compounds for first and second PCs

3 讨论

有研究表明,重金属污染条件下改良剂-植物联合修复可改善土壤微生物群落代谢功能多样性^[4]。本研究也表明,在重金属 Cd 污染条件下生物质炭输入后土壤微生物功能多样性提高。生物质炭中所含有机碳大部分是稳定的,仅有少部分可被土壤微生物分解利用^[15],因而生物质炭通过两个途径影响 Cd 污染条件下土壤微生物的功能多样性:一方面,生物质炭除 C 外,还含有 N、P、K、Ca、Mg 等营养元素,成为土壤微生物生长繁殖的营养来源,生物质炭具有的巨大比表

面积和孔隙结构等独特的性质为土壤微生物提供了生活、栖息的场所,直接影响了土壤微生物功能多样性;另一方面,本研究中的土壤为酸性红壤,较贫瘠,生物质炭呈碱性,含有大量养分元素和官能团可改善土壤理化性质,从而吸附固持土壤中重金属 Cd,降低 Cd 的微生物有效性,间接影响土壤微生物的功能多样性。彭芳芳等^[16]、华建峰等^[17]、张宇宁等^[18]研究均显示,土壤微生物的代谢多样性与土壤有机质、N、P、K 含量、pH 值等呈极显著正相关性。王鹤等^[19]试验证明了生物质炭可以通过提高土壤 pH 值和有机质含量来促进有效态铅向其他形态转化,从而降低土壤中铅的生物有效性。在本研究中,生物质炭对土壤微生物功能多样性的提升作用并未随生物质炭增加而提高,可能是由于 2.5% 低质量分数生物质炭与 10% 高质量分数生物质炭相比,能更有效地改善土壤理化性质,降低 Cd 的微生物有效性。可见,生物质炭的添加量是制约 Cd 污染条件下土壤中微生物功能多样性变化的一个关键因素。当然土壤微生物多样性变化是多因素相互作用的结果,它也许还与生物质炭性质、土壤中酶活性、土壤类型、植被情况、背景重金属等相关。

本研究表明,Cd 胁迫下土壤微生物代谢活性、多样性指数、特别几类碳源化合物利用率均降低,滕应等^[20]很早便研究证实重金属污染引起了土壤微生物群落功能多样性的下降。生物质炭施入后缓解了 Cd 的胁迫作用,土壤微生物的功能多样性提升。各多样性指数分析可知,生物质炭使 Cd 污染土壤中微生物群落物种的均一度发生了显著变化,但群落中常见的微生物物种优势度基本无变化。张仕颖等^[21]研究显示,施用丁草胺后 Simpson 指数越高,土壤微生物的碳源利用能力越集中,多样性越低。研究中 Simpson 指数基本无变化,微生物对碳源利用能力均一,微生物分布均匀所以微生物均一度指数高。六类碳源化合物主成分分析显示,对 4 个处理起分异作用的碳源化合物主要是羧酸类、聚合物类和其他类。陈琳等^[22]研究结果表明重金属污染抑制了微生物的代谢活性,尤其体现在对糖类和羧酸类碳源的利用上,与本文结果较为一致。本文中起区分作用的碳源化合物存在差别,可能是重金属 Cd 污染土壤中外加生物质炭所致。六类碳源化合物具体利用状况分析表明,Cd 可刺激土壤微生物提高对聚合物类、其他类两类化合物的利用能力。有研究表明,中低浓度有机氯农药可能促进土壤中微生物对胺/氨基化合物的利用,高浓度则产生抑制作用^[23]。本实验外源 Cd 的添加量为 $2.5 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,

模拟的是中低浓度 Cd 污染条件。中低浓度污染可能会刺激土壤微生物中耐 Cd 的优势菌群产生,而且这些优势菌群对聚合物类、其他类碳源具有偏嗜性,导致这两类碳源化合物的利用率提高。Coppotellil 等^[24]也认为污染胁迫会改变土壤微生物群落结构,形成较为适应污染土壤的优势菌群。B10 处理对氨基酸类碳源化合物利用能力增强,B2.5 处理组却对除此之外的五类碳源化合物利用能力均增强,尤其是羧酸类和糖类增强效果最显著。由此可知,2.5% 低质量分数生物质炭可提高土壤微生物对羧酸类、糖类碳源化合物的利用率;10% 高质量分数则可提高土壤微生物对氨基酸类碳源化合物的利用率。这表明在 Cd 污染条件下,土壤微生物在功能多样性上对不同量生物质炭响应机制错综复杂,故有必要对其机制进一步深入探究。

4 结论

(1) Cd 污染导致土壤微生物代谢功能多样性降低,生物质炭的施入缓解了 Cd 的胁迫作用,但这种缓解作用与生物质炭添加量并无直接的线性关系。AWCD 值、功能多样性指数、各碳源利用率最高均在 2.5% 生物质炭量条件下,表明此生物质炭量对 Cd 污染土壤中微生物具有保护作用。

(2) Cd 污染条件下,生物质炭输入后土壤微生物各群落物种均一度发生了显著变化,群落丰富度增加,群落常见物种优势度基本无变化。

(3) $2.5 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 低浓度 Cd 污染条件下,土壤微生物对聚合物类、其他类两个类群碳源具有偏嗜性,而羧酸类、氨基酸类两个碳源类群对生物质炭的反应最灵敏。添加外源生物质炭的 Cd 污染土壤中微生物对羧酸类、氨基酸类碳源利用能力分别提高 10 倍和 5 倍。2.5% 低质量分数生物质炭可提高土壤微生物对羧酸类、糖类碳源类群的利用率;10% 高质量分数的则可提高土壤微生物对氨基酸类碳源类群的利用率。

参考文献:

- [1] 周建军,周 桔,冯仁国. 我国土壤重金属污染现状及治理战略[J]. 中国科学院院刊, 2014, 29(3): 315-320.
ZHOU Jian-jun, ZHOU Ju, FENG Ren-guo. Status of China's heavy metal contamination in soil and its remediation strategy[J]. *Proceedings of the Chinese Academy of Sciences*, 2014, 29(3): 315-320.
- [2] 全国土壤污染状况调查公报[N]. 中国环境报, 2014-04-18.
National survey of soil pollution bulletin[N]. China Environment News, 2014-04-18.
- [3] Bruce F M. Zinc contamination decreases the bacterial diversity of agri-

- cultural soil[J]. *Fems Microbiology Ecology*, 2003, 43(1):13-19.
- [4] 徐照丽, 段玉琪, 杨宇虹, 等. 不同土类中外源镉对烤烟生长及土壤生物指标的影响[J]. 华北农学报, 2014, 29(增刊1):176-182.
XU Zhao-li, DUAN Yu-qi, YANG Yu-hong, et al. Effects of exogenous cadmium in different soil type on flue-cured tobacco biomass and soil biota indexes[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2014, 29(Suppl1):176-182.
- [5] 林海, 崔轩, 董颖博, 等. 铜尾矿库重金属 Cu、Zn 对细菌群落结构的影响[J]. 中国环境科学, 2014, 34(12):3182-3188.
LIN Hai, CUI Xuan, DONG Ying-bo, et al. Impact on bacterial community structure of heavy metals of Cu and Zn in copper mine tailings[J]. *China Environmental Science*, 2014, 34(12):3182-3188.
- [6] 李延茂, 胡江春, 汪思龙, 等. 森林生态系统中土壤微生物的作用与应用[J]. 应用生态学报, 2004, 15(10):46-47.
LI Yan-mao, HU Jiang-chun, WANG Si-long, et al. Function and application of soil microorganisms in forest ecosystem[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2004, 15(10):46-47.
- [7] Beesley L, Moreno-Jiménez E, Gomez-Eyles J L. Effects of biochar and greenwaste compost amendments on mobility, bioavailability and toxicity of inorganic and organic contaminants in a multi-element polluted soil[J]. *Environmental Pollution*, 2010, 158(6):2282-2287.
- [8] 丁艳丽, 刘杰, 王莹莹. 生物质炭对农田土壤微生物生态的影响研究进展[J]. 应用生态学报, 2013, 24(11):3311-3317.
DING Yan-li, LIU Jie, WANG Ying-ying. Effects of biochar on microbial ecology in agriculture soil: A review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(11):3311-3317.
- [9] 李明, 李忠佩, 刘明, 等. 不同秸秆生物质炭对红壤性水稻土养分及微生物群落结构的影响[J]. 中国农业科学, 2015, 48(7):1361-1369.
LI Ming, LI Zhong-pei, LIU Ming, et al. Effects of different straw biochar on nutrient and microbial community structure of a red paddy soil[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 48(7):1361-1369.
- [10] Classen A T, Boyle S I, Haskins K E, et al. Community-level physiological profiles of bacteria and fungi: Plate type and incubation temperature influences on contrasting soils[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2003, 44(3):319-328.
- [11] 田雅楠, 王红旗. Biolog 法在环境微生物功能多样性研究中的应用[J]. 环境科学与技术, 2011, 34(3):50-57.
TIAN Ya-nan, WANG Hong-qi. Application of Biolog to study of environmental microbial function diversity[J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, 34(3):50-57.
- [12] Atlas R M. Diversity of microbial communities[M]//Advances in Microbial Ecology. Springer US, 1984, 7:1-47.
- [13] Preston-Mafham J, Boddy L, Randerson P F. Analysis of microbial community functional diversity using sole-carbon-source utilisation profiles—a critique[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2002, 42(1):1-14.
- [14] 杜瑞英, 柏珺, 王诗忠, 等. 多金属污染土壤中微生物群落功能对麻疯树-化学联合修复的响应[J]. 环境科学学报, 2011, 31(3):575-582.
DU Rui-ying, BAI Jun, WANG Shi-zhong, et al. Response of soil microbial community function to chemical aided remediation of multi-metal contaminated soils using jatropha curcas[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2011, 31(3):575-582.
- [15] 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[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2014, 69:291-301.
- [16] 彭芳芳, 罗学刚, 王丽超, 等. 铀尾矿周边污染土壤微生物群落结构与功能研究[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(11):2192-2198.
PENG Fang-fang, LUO Xue-gang, WANG Li-chao, et al. Microbial community structure and function in soils around uranium tailings[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013, 32(11):2192-2198.
- [17] 华建峰, 林先贵, 蒋倩, 等. 砷矿区农田土壤微生物群落碳源代谢多样性[J]. 应用生态学报, 2013, 24(2):473-480.
HUA Jian-feng, LIN Xian-gui, JIANG Qian, et al. Diversity of carbon source metabolism of microbial community in farmland soils in an arsenic mining area[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2013, 24(2):473-480.
- [18] 张宇宁, 梁玉婷, 李广贺. 油田土壤微生物群落碳代谢与理化因子关系研究[J]. 中国环境科学, 2010, 30(12):1639-1644.
ZHANG Yu-ning, LIANG Yu-ting, LI Guang-he. Studies on relationship between carbon metabolism of soil microbial community and soil physico-chemical factors[J]. *China Environmental Science*, 2010, 30(12):1639-1644.
- [19] 王鹤. 施用硅酸盐和生物质炭对土壤铅形态与含量的影响[J]. 农业科技与装备, 2013(4):10-12.
WANG He. Effects of applying silicate and biochar on the changes of soil plumbum morphology[J]. *Agricultural Science and Technology Equipment*, 2013(4):10-14.
- [20] 滕应, 黄昌勇, 骆永明, 等. 铅锌银尾矿区土壤微生物活性及其群落功能多样性研究[J]. 土壤学报, 2004, 41(1):113-119.
TENG Ying, HUANG Chang-yong, LUO Yong-ming, et al. Microbial activities and functional diversity of community in soils polluted with Pb-Zn-Ag mine tailings[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2004, 41(1):113-119.
- [21] 张仕颖, 夏运生, 肖炜, 等. 除草剂丁草胺对高产水稻土微生物群落功能多样性的影响[J]. 生态环境学报, 2013, 22(5):815-819.
ZHANG Shi-ying, XIA Yun-sheng, XIAO Wei, et al. Effects of butachlor on the functional diversity of microbial communities in high-yield paddy soil[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2013, 22(5):815-819.
- [22] 陈琳, 谷洁, 高华, 等. 含铜有机肥对土壤酶活性和微生物群落代谢的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(12):3912-3920.
CHEN Lin, GU Jie, GAO Hua, et al. Effects of organic materials containing copper on soil enzyme activity and microbial community[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2012, 32(12):3912-3920.
- [23] 郑丽萍, 龙涛, 林玉锁, 等. Biolog-ECO 解析有机氯农药污染场地土壤微生物群落功能多样性特征[J]. 应用与环境生物学报, 2013, 19(5):759-765.
ZHENG Li-ping, LONG Tao, LIN Yu-suo, et al. Biolog-ECO analysis of microbial community functional diversity in organochlorine contaminated soil[J]. *Chinese Journal Applied Environmental Biology*, 2013, 19(5):759-765.
- [24] Coppotelli B, Ibarrolaza A, Del Panno M, et al. Effects of the inoculant strain *Sphingomonas paucimobilis* 20006FA on soil bacterial community and biodegradation in phenanthrene-contaminated soil[J]. *Microb Ecol*, 2008, 55(2):173-183.