

PAEs降解菌联合生物炭对玉米根际土壤细菌群落的影响

王玉琪, 曹鸿韬, 岑福, 杨欣鹏, 邓创颖, 凌祯, 董明华*

昆明学院, 农学与生命科学学院, 云南 昆明

收稿日期: 2025年12月10日; 录用日期: 2026年2月27日; 发布日期: 2026年3月10日

摘要

目的: 在玉米根际土壤接种PAEs降解菌, 研究PAEs降解菌联合生物炭对土壤理化性质和PAEs污染降解效果以及对根际微生物群落结构和多样性的改变, 探究PAEs降解菌联合生物炭对土壤微生物的影响。方法: 实验设单独接种YN20菌株(PP)、单独施用生物炭(BC)、二者联合施用(PP+BC)及对照组(CK)共4个处理。以玉米根际土壤添加PAEs浓度100 mg/kg为对象, 通过盆栽接种实验并利用Illumina MiSeq高通量测序技术研究接种一株PAEs降解菌(YN20)联合施用生物炭对玉米根际土壤理化性质、PAEs降解效果及根际土壤微生物群落结构和多样性的影响。结果: 与CK相比, PP+BC与BC处理显著提高了土壤pH值、土壤有机碳(SOC)、可溶性有机碳(DOC)和全氮(TN)含量($P < 0.05$)。PP+BC处理对PAEs的降解率高达85%, 显著高于CK(约38%)。微生物群落分析表明, PP+BC处理虽降低了细菌群落的Alpha多样性, 但显著重塑了群落结构, 其核心功能菌假单胞菌属(*Pseudomonas*)的富集(相对丰度最高达15%)。RDA分析进一步揭示, 假单胞菌的丰度与SOC、DOC、TN含量呈显著正相关, 而与PAEs污染物(DBP, DEP, DEHP)浓度呈显著负相关, 且其与PP+BC处理点高度重合。结论: PAEs降解菌与生物炭联用可通过协同作用有效改善根际土壤微环境: 生物炭通过提升土壤SOC为降解菌创造有利生境, 进而促进功能菌株*Pseudomonas*的特异性富集, 最终高效驱动PAEs的生物降解过程。本研究为生物炭-微生物联合修复PAEs污染土壤提供了理论依据。

关键词

PAEs降解菌, 生物炭, 玉米, 群落结构, 理化性质, 邻苯二甲酸酯

Impact of Biochar-Assisted PAE-Degrading Bacteria on the Bacterial Community in Maize Rhizosphere Soil under PAE Contamination

Yuqi Wang, Hongtao Cao, Fu Cen, Xinpeng Yang, Chuangying Deng, Zhen Ling, Minghua Dong*

*通讯作者。

文章引用: 王玉琪, 曹鸿韬, 岑福, 杨欣鹏, 邓创颖, 凌祯, 董明华. PAEs降解菌联合生物炭对玉米根际土壤细菌群落的影响[J]. 微生物前沿, 2026, 15(1): 8-20. DOI: 10.12677/amb.2026.151002

Abstract

Objective: This study aimed to investigate the effects of combining a PAE-degrading bacterial strain (*Pseudomonas* YN20) with biochar on soil properties, PAE degradation, and rhizosphere microbial community structure in maize grown in PAE-contaminated soil. **Methods:** A pot experiment was conducted to investigate the combined effect of PAEs-degrading bacterium YN20 and biochar on maize rhizosphere soil spiked with 100 mg/kg PAEs. Treatments included inoculation with YN20 alone (PP), biochar alone (BC), their combination (PP + BC), and a control (CK). The soil physicochemical properties and PAEs degradation efficiency were measured in all treatments, and the structure and diversity of the rhizosphere microbial community were analyzed through Illumina MiSeq high-throughput sequencing. **Results:** The PP+BC treatment significantly increased soil pH, SOC, DOC, and TN compared to CK ($P < 0.05$), and achieved the highest PAE degradation rate (85%), significantly exceeding that of CK (38%). Although microbial alpha diversity decreased under PP + BC, the treatment markedly reshaped community structure, enriching the key functional genus *Pseudomonas* (up to 15% relative abundance). RDA revealed that *Pseudomonas* abundance was positively correlated with SOC, DOC, and TN, and negatively correlated with PAE concentrations, closely associating with the PP + BC treatment. **Conclusion:** The combined use of PAEs-degrading bacteria and biochar can effectively improve the rhizosphere soil microenvironment through synergistic effects: biochar creates a favorable habitat for degrading bacteria by increasing soil SOC, thereby promoting the specific enrichment of the functional strain *Pseudomonas*, and ultimately efficiently driving the biodegradation process of PAEs. This study provides a theoretical basis for the combined remediation of PAEs-contaminated soil using biochar and microorganisms.

Keywords

PAE-Degrading Bacteria, Biochar, Maize, Microbial Community Structure, Soil Physicochemical Properties, Phthalate Esters

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

近年来, 邻苯二甲酸酯(PAEs)作为塑料增塑剂在农业环境中的广泛残留已成为威胁土壤生态功能和作物安全的重大环境问题[1] [2]。PAEs 通过农用薄膜降解、大气沉降等途径进入土壤后, 不仅抑制微生物多样性, 还通过干扰碳氮磷循环酶活性破坏土壤生化过程[3]。邻苯二甲酸酯(Phthalate Esters, PAEs)降解菌, 是一类能够以邻苯二甲酸酯类物质作为唯一或主要碳源和能源, 并通过自身代谢活动将其分解、最终矿化为二氧化碳、水和细胞生物量的微生物[4]。PAEs 降解菌通常能分泌特定的水解酶, 如酯酶和脂肪酶, 将 PAEs 分子中的酯键逐步水解, 生成邻苯二甲酸单酯和相应的醇, 最终将邻苯二甲酸单酯转化为邻苯二甲酸, 并进一步进入三羧酸循环, 最终矿化为 CO_2 和 H_2O , 从而实现污染物的彻底去除[5] [6]。PAEs 降解菌是自然界碳循环的关键参与者, 也是生物修复 PAEs 污染的核心执行者。针对 PAEs 污染修

复, 联合生物炭与降解菌的策略因其协同增效作用备受关注, 但其对玉米根际微生态的调控机制尚不明确。

目前, 研究人员已从污泥、污染土壤、水体及垃圾填埋场等不同生境中, 分离鉴定出多种多样的 PAEs 降解菌[7]。假单胞菌属(*Pseudomonas*)是最早被报道的 PAEs 降解菌之一, 其代表性菌株 *Pseudomonas fluorescens* FS1 对多种 PAEs 均具有降解能力, 其降解过程符合一级动力学模型[8]。戈登氏菌属(*Gordonia*)的多个菌株(如 *Gordonia* sp. QH-11、Dop5 及 YC-RL2)可分别高效降解 DBP、邻苯二甲酸二正辛酯(DnOP)及 DEHP, 其中部分菌株可完全矿化目标污染物[9]-[11]。鞘氨醇单胞菌属(*Spingomonas*)的菌株不仅可耐受盐分胁迫, 还能降解 DBP、DEHP 及邻苯二甲酸二甲酯(DMP), 其降解途径中的关键酶基因功能也已得到初步解析[12][13]。除上述菌属外, 伯克霍尔德氏菌属(*Burkholderia*) [14]、不动杆菌属(*Acinetobacter*) [15]、普罗威登斯菌属(*Providencia*) [16]、分枝杆菌属(*Mycobacterium*) [17]、芽孢杆菌属(*Bacillus*) [18]、丛毛单胞菌属(*Comamonas*) [19]以及红球菌属(*Rhodococcus*) [20]等也均被证实具有降解一种或多种 PAEs 的能力。

然而, 污染物降解功能菌直接施用于复杂的田间土壤, 修复效果不稳定且难以达到预期。一方面, 相关功能菌与强大的土著微生物区系竞争营养与生态位, 同时抵御环境胁迫[21][22]; 另一方面, 土壤中的污染物易被吸附或锁定在有机质和粘粒中, 生物有效性降低, 限制降解菌与污染物的有效接触[23][24]。生物炭因其巨大的比表面积、丰富的孔隙结构和良好的环境相容性, 在土壤修复领域展现出巨大潜力[25][26]。研究表明, 生物炭不仅能通过强烈的吸附作用富集 PAEs, 提高污染物在降解菌周围的局部浓度, 还能为其提供物理庇护所, 缓冲环境胁迫, 从而显著增强降解菌的定殖能力与代谢活性[27]-[30]。这种“吸附-生物降解”的协同模式, 为克服单一菌剂应用的局限性提供了新思路。

本研究利用一株高效 PAEs 降解菌联合生物炭接种 PAEs 污染的玉米根际土壤, 研究降解菌和生物炭对土壤理化性质和 PAEs 降解效果的影响; 并利用 Illumina MiSeq 高通量测序技术, 研究 PAEs 降解菌和生物炭不同处理条件下, 玉米根际土壤的微生物群落结构和多样性特征, 以了解施加外源 PAEs 降解菌和生物炭对玉米根际 PAEs 污染土壤中微生物群落结构的影响, 从而提高 PAEs 污染治理的效果, 以期为土壤 PAEs 的污染治理提供技术支持。

2. 材料与方 法

2.1. 试剂与材料

供试玉米为云端 408 号, 邻苯二甲酸二乙酯(DEP)、邻苯二甲酸二酯(DEHP)、邻苯二甲酸二甲酯(DMP)和邻苯二甲酸二丁酯(DBP)标准物质采购自西陇股份有限公司。本研究所用一株高效 PAEs 降解菌(*Pseudomonas putida* YN20)由笔者前期分离自云南寻甸烟草根际土壤中, 保藏于昆明学院农学与生命科学学院。使用前, 将 4℃ 保藏的冻干牛奶管保存菌在 LB 培养基活化培养 3 次。试验所用生物炭由云南威鑫农业科技股份有限公司生产, 由楸木炭化而来, pH 为 10.2 ± 0.3 , 比表面积为 $352.6 \pm 12.4 \text{ m}^2/\text{g}$, 总孔容为 $0.22 \text{ cm}^3/\text{g}$ 。

2.2. 盆栽玉米

试验于 2023 年 5 月 10 在云南省昆明学院实验基地进行。当月温度为 $18^\circ\text{C} \sim 30^\circ\text{C}$, 相对湿度为 60%~80%, 少雨。玉米盆栽试验采用 $45 \times 60 \text{ cm}$ 聚乙烯塑料胶盆, 每盆装土壤 25 kg。供试土壤采集自昆明学院观物山未曾开垦的 0~20 cm 表层土壤, 去除植物残体及碎石, 经风干后混匀过 40 目网筛, 土壤类型为棕壤, pH 为 6.89。另称取 15 kg 土壤 200 目过筛备用。PAEs 污染土壤浓度为 100 mg/kg, 邻苯二甲酸二乙酯(DEP)、邻苯二甲酸二酯(DEHP)、邻苯二甲酸二甲酯(DMP)和邻苯二甲酸二丁酯(DBP)各 25 mg/kg。污染

土壤配置时将 4 种 PAEs 各 625 mg 依次加入 50 ml 的甲醇对其进行溶解后, 加入 200 目过筛土壤 200 g 混合均匀, 再加入 800 g 的 200 目过筛土壤混合均匀, 获得 1 kg PAEs 污染土壤。最后将 40 目过筛土壤 24 kg 与 1 kg PAEs 土壤搅拌均匀, 自然晾干 2 d, 期间翻拌土壤 6 次, 待甲醇挥发后, 得到总 PAEs 为 100 mg/kg 的模拟种植土壤。

2.3. 实验设计与土壤采集

对玉米种植实验进行单接菌 YN20、单生物炭和降解菌联合生物炭处理。将 YN20 菌株活化后接种到 MSN 液体培养基中, 28°C, 180 r/min 振荡培养 24 h。将发酵液 4°C, 6000 r/min 离心 5 min, 用无菌生理盐水润洗菌体 3 次, 利用 PBS 缓冲液制备菌悬液, 制备 $7\sim 8 \times 10^8$ CFU/ml, 备用。玉米种植于 28°C 恒温恒湿培养箱, 培养出芽 5 天。将发芽的玉米种入实验盆内, 于室外自然环境中生长。设置 5 个处理, 分别为: PAEs 降解菌联合生物炭(PP+BC)、单 PAEs 降解菌(PP)、单添加生物炭(BC)、实验对照(CK)和空白对照(B-CK), 每个处理 3 个重复。待玉米生长到株高 10 cm 左右时, 将准备好的 PAEs 降解菌菌悬液 100 g/株和生物炭 250 g/株, 采用灌根法施入玉米根际, 然后覆土、浇水, 统一管理。处理后 30 天, 每个处理 3 个重复, 采集玉米根际土壤 500 g, 采集样品分别装入标记好的自封袋。其中一部分土壤样品保存于-80°C 超低温冰箱, 用于微生物群落分析, 另一部分土壤样品风干后保存于 4°C 冰箱, 用于土壤理化性质和 PAEs 测定。

2.4. 土壤理化性质测定

土壤 pH 采用玻璃电极法(土水比为 1:2.5)测定[31]; 土壤总有机碳(SOC)采用重铬酸钾-外加热法测定[31]; 土壤可溶性有机碳(DOC)经振荡浸提后上清液过 0.45 μ m 滤膜后用 TOC 仪测定[32]。土壤全氮(TN)含量采用浓硫酸-催化剂消煮-流动注射比色法测定[33]; 土壤全磷(TP)采用钼锑抗分光光度法测定[31]。

2.5. 土壤 PAEs 测定

PAEs 采用超声提取方法提取[34]。称取 1.0 g (精确到 0.001 g)土壤样品于 10 mL 具塞刻度管中, 加入甲醇至 10 mL 刻度线, 充分震荡摇匀后超声提取 30 min。将提取液离心后过滤, 进样前过 0.22 μ m 滤膜, 二次滤液作为待测液使用。待测液中 PAEs 采用高效液相色谱仪(HPLC)分析, 参考方法(邢辉)。色谱柱: Agilent-C18 (250 mm \times 4.6 mm, 5 μ m, 美国 Agilent 公司); 流动相: 甲醇: (V/V) = 80:20 (0~10 min); 90:10 (10~35 min), 流速: 1.0 mL/min; 检测波长: 280 nm; 进样量: 20 μ L; 柱温: 25°C[35]。

2.6. 土壤 DNA 提取和 Illumina 测序

使用 E.Z.N.ATM Mag-Bind Soil DNA Kit 对土壤样品进行总 DNA 获取, 依托生工生物工程(上海)股份有限公司进行 Illumina MiseqTM/HiseqTM, 运行模式 PE330/PE250 测序, PCR 扩增区选择 16S rRNA 的 V3~V4 区, 引物为通用引物 341F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') PCR 扩增区选择 16S rRNA 的 V3~V4 区, 85R (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3')。

2.7. 数据分析

试验土壤数据进行测序, 并对数据进行处理和分析。利用 SepMan 对每个样品的序列进行拼接。区分样本后对序列质量进行质控和过滤, 然后进 OUT (Operational Taxonomic Units)聚类(ASV 去噪)分析和物种分类学分析。通过聚类操作, 按小于 97%相似水平的 OTU 进行生物信息统计分析。并采用 SILVA 数据库(<http://www.arb-silva.de>)对 OTUs 进行注释。微生物群落的 alpha 多样性值通过利用 Mothur 软件进行计算。使用 R Version 3.6.2 进行冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)和 Rank-abundance 相关性分析, 采用 Excel 2010 进行数据整理和图表制作, SPSS 进行相关性分析和方差分析($P < 0.05$)。

3. 结果与分析

3.1. PAEs 降解菌联合生物炭对玉米根际土壤的影响

不同处理组与对照组玉米根际土壤理化性质见表 1。与对照组 CK 相比, PAEs 降解菌联合生物炭(PP + BC)和生物炭(BC)处理显著提高了玉米根际土壤的土壤 pH 值、SOC 和 DOC 含量($P < 0.05$)。添加生物炭的 BC 和 PP + BC, pH 值显著上升, 从对照组 CK 的 6.84 ± 0.12 提高到 7.32 ± 0.11 , 表明生物炭的添加是提高土壤 pH 的关键因素。与对照组 CK 相比, PP + BC 组的 SOC 含量增加了约 36.5%, DOC 含量增加了约 38.5%, 生物炭与 PAEs 降解菌的联用能有效地增加土壤有机碳。土壤的总磷(TP)含量在各组之间未表现出显著差异。PP + BC、PP 和 BC 处理的 TN 含量显著高于两个对照组(CK 和 B-CK), 其中 PP + BC 处理的数值最高, 与另外两个处理组(PP 和 BC)的差异未达到显著水平。表明施加生物炭或 PAEs 降解菌都能有效提升土壤全氮含量。PAEs 降解菌联合生物炭改善玉米根际土壤理化性质。

Table 1. Soil Physicochemical properties of in the rhizosphere of the maize affected by the inoculated PAEs-degrading bacteria and biochar

表 1. PAEs 降解功能菌与生物炭对玉米根际土壤理化性质的影响

Soil properties	PP + BC	PP	BC	CK	B-CK
pH	$7.32 \pm 0.11a$	$6.96 \pm 0.15b$	$7.37 \pm 0.14a$	$6.84 \pm 0.12b$	$6.85 \pm 0.08b$
SOC (g/kg)	$26.30 \pm 0.84a$	$21.33 \pm 1.32b$	$24.65 \pm 0.98a$	$19.29 \pm 0.76bc$	$17.67 \pm 0.87c$
DOC (g/kg)	$0.18 \pm 0.01a$	$0.15 \pm 0.01b$	$0.17 \pm 0.01a$	$0.13 \pm 0.02c$	$0.13 \pm 0.01c$
TP (g/kg)	$0.80 \pm 0.05a$	$0.76 \pm 0.08a$	$0.80 \pm 0.05a$	$0.82 \pm 0.04a$	$0.77 \pm 0.09a$
TN (g/kg)	$1.78 \pm 0.09b$	$1.69 \pm 0.08b$	$1.71 \pm 0.07b$	$1.58 \pm 0.04a$	$1.53 \pm 0.04a$

注: 表中数据为平均值 \pm 标准差, 同一行不同小写字母表示各处理在 0.05 水平差异显著($P < 0.05$)。实验组: PP + BC、PP、BC; 对照组: CK; 空白对照组: B-CK。同一行不同小写字母表示各处理在 0.05 水平差异显著($P < 0.05$)。

3.2. PAEs 降解菌联合生物炭对玉米根际土壤 PAEs 的降解效果影响

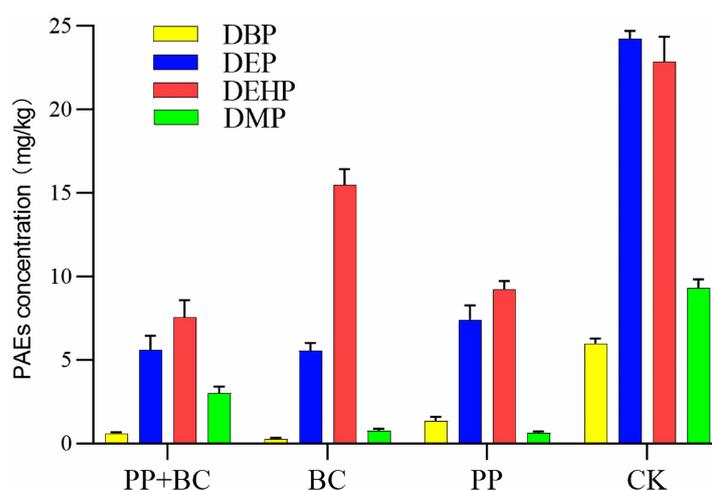


Figure 1. Effects of inoculation with PAEs-degrading bacteria and biochar on PAEs content in maize rhizosphere soil

图 1. 接种 PAEs 降解菌和生物炭对玉米根际土壤 PAEs 含量的影响

不同处理对土壤中邻苯二甲酸酯(PAEs)的降解效果存在显著差异(图 1)。基于初始浓度 100 mg/kg 的 PAEs 污染土壤,各处理 30 天后的降解效果如下:PAEs 降解菌与生物炭联合处理(PP + BC)表现出最优的降解效果,总 PAEs 残留浓度为 15.28 mg/kg,降解率达到 84.72%;单一生物炭处理(BC)次之,总残留浓度为 21.17 mg/kg,降解率为 78.83%;单一降解菌处理(PP)的总残留浓度为 25.45 mg/kg,降解率为 74.55%;而对照组(CK)的自然降解效果最差,总残留浓度为 62.09 mg/kg,降解率仅为 37.91%。

从各组分降解特征来看,PP + BC 处理对四种 PAEs 组分均表现出最佳的降解效果,特别是对 DBP 和 DMP 的降解最为彻底,残留浓度分别降至 0.55 mg/kg 和 2.69 mg/kg。BC 处理对 DBP 的降解效果最为显著(残留浓度 0.26 mg/kg),但对 DEHP 的降解能力相对有限(残留浓度 15.49 mg/kg)。PP 处理对 DMP 的降解效果最佳(残留浓度 0.63 mg/kg),但对 DEP 的降解效果较差(残留浓度 7.41 mg/kg)。结果表明,生物炭与 PAEs 降解菌的联合使用能够通过协同作用显著提升土壤中 PAEs 的降解效率。

3.3. PAEs 降解菌联合生物炭对玉米根际微生物多样性的影响

通过对不同处理组玉米根际细菌群落的 Alpha 多样性分析(表 2),结果表明各处理组的 Coverage 指数均高于 0.989 且无显著差异,测序深度足够,可靠反映样本微生物多样性。各处理对群落丰富度和多样性产生了显著不同的影响。在群落丰富度方面,基于 OTUs 数的结果显示,生物炭单独处理组(BC)的物种数量最高,而 PAEs 降解菌与生物炭联合处理组(PP+BC)的 OTUs 数显著最低,表明联合处理反而降低了根际细菌的物种数目。

Table 2. Diversity index of the soil microbes in the rhizosphere of the maize

表 2. 玉米根际土壤微生物多样性指数

Alpha diversity indexes	PP + BC	BC	PP	CK	B-CK
Coverage	0.9902 ± 0.0006a	0.9921 ± 0.0028a	0.9897 ± 0.0028a	0.9921 ± 0.0027a	0.9915 ± 0.0010a
OTUs	1401 ± 35b	1494 ± 73a	1439 ± 60ab	1448 ± 37ab	1471 ± 31ab
Shannon-wiener	5.10 ± 0.25c	5.61 ± 0.13a	5.33 ± 0.11bc	5.56 ± 0.11ab	5.49 ± 0.03ab
Chaol	1628.6 ± 23.0a	1666.8 ± 35.2a	1653.7 ± 39.1a	1615.3 ± 52.8a	1663.6 ± 10.7a
ACE	1621.1 ± 23.5a	1651.7 ± 36.4a	1649.3 ± 48.6a	1607.7 ± 47.0a	1639.0 ± 25.0a
Simpson	0.033 ± 0.011b	0.017 ± 0.001a	0.024 ± 0.003a	0.017 ± 0.003a	0.021 ± 0.001a

Note: 不同小写字母表示各处理在 0.05 水平差异显著($P < 0.05$)。

在综合反映群落多样性的 Shannon 和 Simpson 指数上,不同处理间的差异更为明显。生物炭单独处理(BC)呈现出最高的 Shannon 指数和最低的 Simpson 指数,显著高于 PAEs 降解菌单独处理(PP)及其与生物炭联合处理(PP + BC),表明生物炭能有效提升根际细菌群落的多样性。与之相反,降解菌单独处理(PP),特别是其与生物炭联合处理(PP + BC),则显著降低了群落的 Shannon 指数并提高了 Simpson 指数。结果表明,引入外源降解菌旨在强化修复,但 PAEs 降解与生物炭的联合应用对根际细菌群落产生了强烈的选择压力,可能通过资源竞争与生态位占据等方式,抑制土著微生物的生长,最终导致了群落多样性的下降。

3.4. PAEs 降解菌联合生物炭对玉米根际微生物群落结构的影响

采用 Illumina MiSeq 对不同处理组玉米根际土壤样品测序共获得 12 门、20 纲、31 目、33 科、35 属、

854 种的土壤细菌。PAEs 污染土壤的玉米根际细菌在门水平的丰度分析如图 2 所示。在所有处理组中，变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)共同构成了根际微生物群落的绝对优势类群，两者合计相对丰度占群落总量的 70%至 85%以上。不同处理显著改变核心群落的结构。PP + BC 处理塑造了一个以变形菌门(平均丰度 66%)为主导而拟杆菌门(10.2%)和酸杆菌门(*Acidobacteria*) (3.8%)受到强烈抑制的独特群落。CK 处理则呈现出最为独特的微生物组成，其最显著的特征是酸杆菌门在 CK3 样本中异常增殖至 10.6%，以及候选门 *candidate_division_WPS-1* 在 CK2 样本中出现了特异性爆发到 4.77%，该丰度是其他样本平均水平的数倍。酸杆菌门作为典型的寡营养型微生物，其显著富集通常与低 pH 或特定碳源条件相关；而候选门 WPS-1 的爆发性增长，强烈暗示 CK 处理可能引入了某种独特的环境选择压力，为该稀有类群提供了专属的生态位。此外，放线菌门(*Actinobacteria*)在 PP + BC 和 BC 组中出现了明显的峰值 (>8.4%)，表明这些处理可能更有利于具有复杂有机物降解潜力的微生物定殖。PAEs 降解菌和生物炭通过改变 PAEs 污染土壤的理化性质，成功地对微生物群落进行选择性的富集，导致了门水平上群落结构的显著分异。变形菌门与拟杆菌门的消长关系、以及酸杆菌门、放线菌门和候选门 WPS-1 作为 PAEs 污染压力的特异性响应。

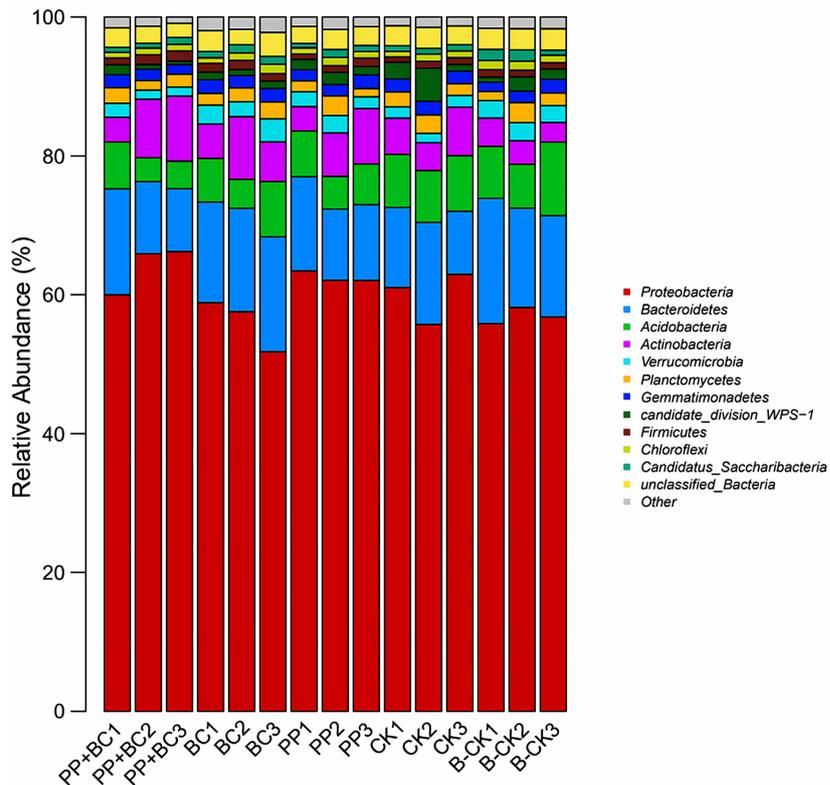


Figure 2. Clustering diagram of phylum-level species abundance in maize rhizosphere bacteria under different treatment conditions

图 2. 不同处理条件下玉米根际细菌门一级的物种丰度聚类图

进一步分析和比较属水平上的细菌群落差异(图 3)。鞘氨醇单胞菌属均为最优势类群，作为 PAEs 污染土壤核心微生物的功能重要性。然而，外源干预显著改变了群落结构，其中假单胞菌属的丰度动态成为了最关键的响应标志。在单一植物 PAEs 降解菌处理中，假单胞菌成功定殖并显著富集(平均丰度 7.2%)；而当与生物炭联合施用，该菌呈现爆发性增长(在 PP + BC2 和 PP + BC3 中高达 15%)，其丰度极显著

高于对照组(<0.5%)。结果揭示了生物炭与 PAEs 降解菌之间存在显著的协同效应, 生物炭可能通过其多孔结构为益生菌提供物理保护与定殖微位点, 并改良土壤微环境, 从而极大地增强了外源功能菌的根际竞争与生存能力, 共同塑造了一个以益生菌为主导的根际微环境。单一生物炭处理虽未显著影响假单胞菌, 特异性地富集了硝化螺旋菌属, 生物炭对土壤氮循环微生物功能产生独特影响。PAEs 降解菌与生物炭的联用能够通过协同作用, 最有效地定向调控 PAEs 污染土壤的微生物群落, 优化其核心功能菌群结构。

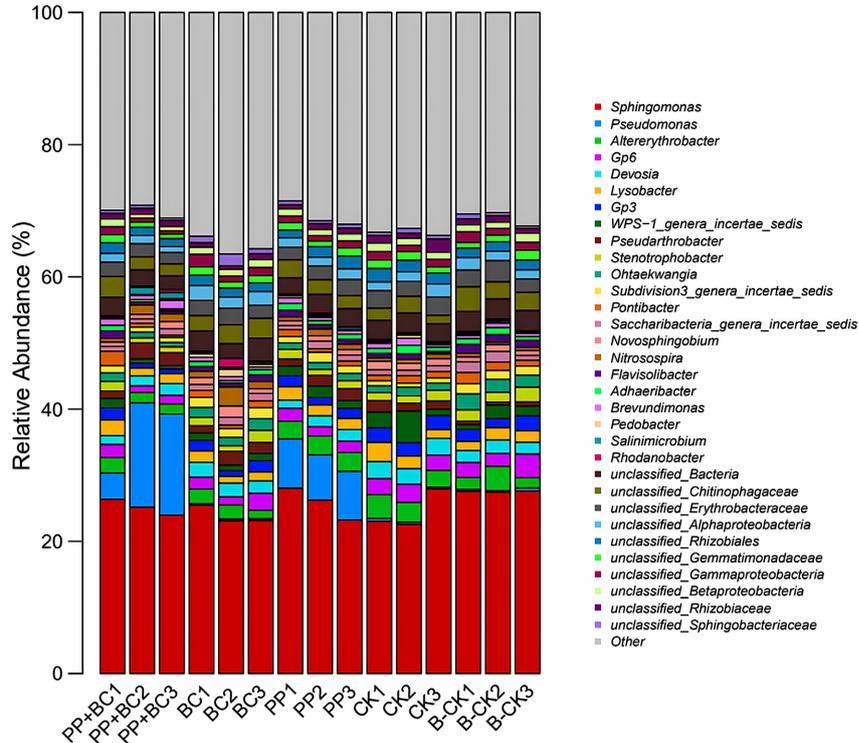


Figure 3. Clustering diagram of genus-level species abundance in maize rhizosphere bacteria under different treatment conditions

图 3. 不同处理条件下玉米根际细菌属一级的物种丰度聚类图

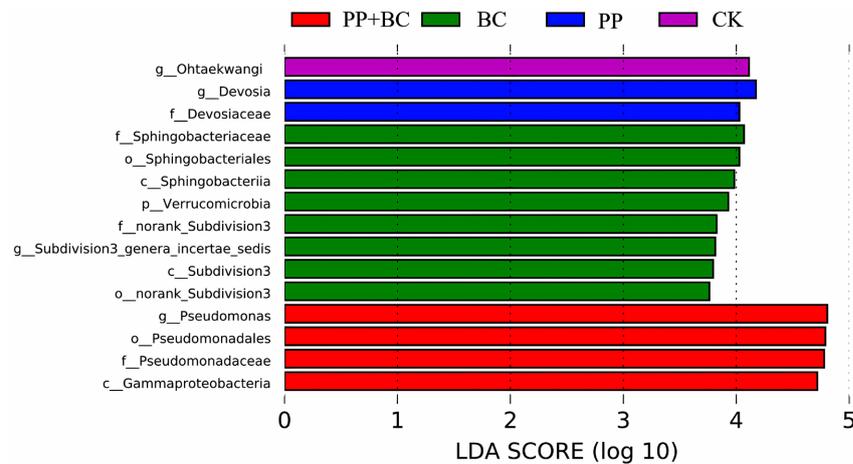


Figure 4. Differential analysis of maize rhizosphere bacteria under different bacterial inoculation treatments

图 4. 不同接菌处理条件下玉米根际细菌的差异性分析

为了进一步分析不同处理下细菌菌群的差异,通过 LefSe 分析对细菌菌种进行相对丰度分析比较(图 4),验证各处理组特有的微生物生物。联合处理组(PP + BC)最显著的标志是整个假单胞菌分支的强烈富集,其极高的 LDA 值证实该菌是驱动该组群落结构分异的核心引擎,凸显了生物炭与 PAEs 降解菌协同增效的微生物学机制。生物炭处理特异性地选择了疣微菌门等与碳循环相关的土著类群; PAEs 降解菌处理则富集了 *Ohtaekwangia* 等特定菌属; 而对照组则保留以 *Devosia* 和鞘脂杆菌科为特征的背景群落结构。结果表明,不同的农业措施通过塑造各自独特的微生物标志物类群,实现了对根际微生态的定向调控。

3.5. PAEs 和土壤理化性质与微生物群落的相互关系

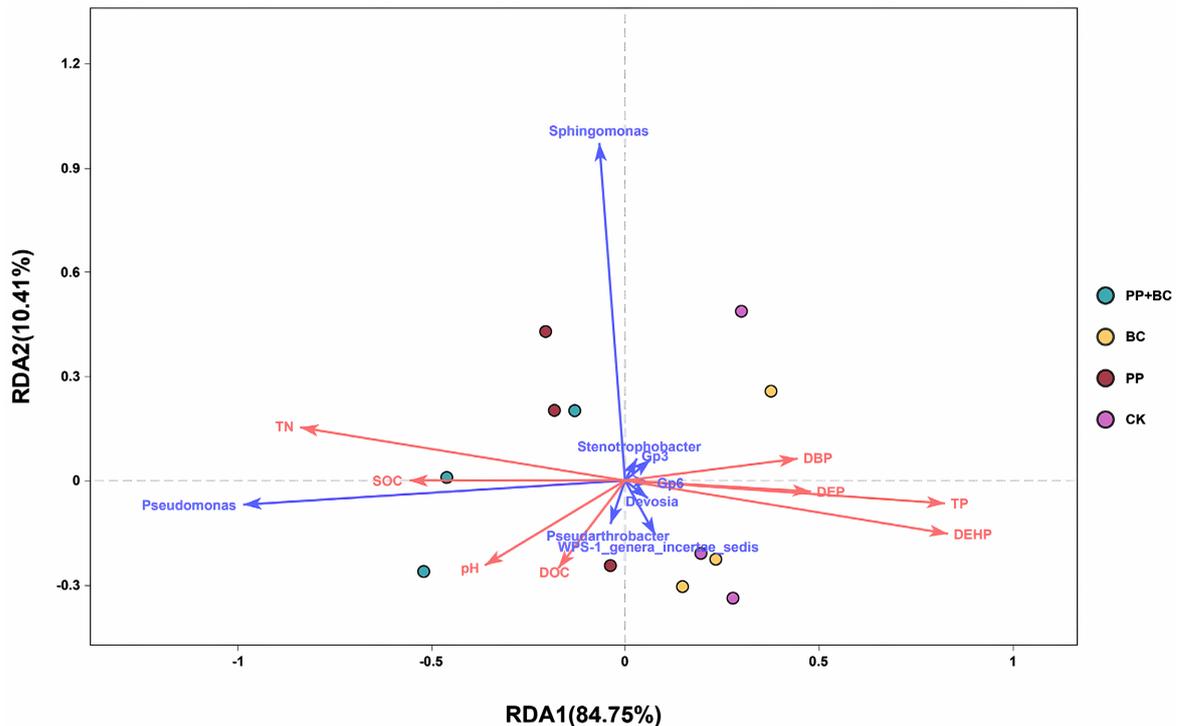


Figure 5. RDA analysis of bacterial community composition in maize rhizosphere soil with environmental factors and PAEs under different bacterial inoculation treatments

图 5. 不同接菌处理对玉米根际土壤细菌群落组成与环境因子、PAEs 的 RDA 分析

基于冗余分析(RDA),本研究揭示了生物炭与 PAEs 降解菌的施用通过调控土壤环境,显著影响了关键 PAEs 降解菌 *Pseudomonas* 的丰度与功能。RDA 排序图显示, *Pseudomonas* 的分布与 PP + BC (处理点高度重合,且其向量方向与土壤有机碳、可溶性有机碳和全氮等土壤理化指标紧密同向。生物炭的添加,尤其是与 PAEs 降解菌联用时,创造了一个富含有机碳和氮源的高营养微环境,显著促进了 *Pseudomonas* 在根际土壤中的特异性富集。与此同时,三种 PAEs 污染物(DBP, DEP, DEHP)的向量均集中于对照(CK)一侧,与 *Pseudomonas* 及 PP + BC 处理方向截然相反。这种空间分布格局清晰地表明,在 PP + BC 处理下, *Pseudomonas* 的大量增殖与土壤中 PAEs 含量的显著降低直接相关。在 PP + BC 处理中, PAEs 的去除是吸附去除与生物降解共同作用的结果。其中, BC 处理 PAEs 降解率为 78.83%,生物炭的直接吸附以及其可能激活的土著微生物降解。而 PP + BC 处理超越单独处理理论叠加值的额外降解效益(约 5.9 个百分点),则更可能源于生物炭与 YN20 的协同效应。生物炭并非仅通过吸附作用去除污染物,更重要的是通过改善土壤理化性质,为具有降解功能的 *Pseudomonas* 等核心菌群提供了有利的生态位,从而间接却

高效地驱动了土壤中 PAEs 的生物降解过程。RDA 分析结果(图 5)显示, PAEs 降解菌的分布与不同处理及环境因子存在显著关联。*Pseudomonas* 在排序图中的向量方向与 SOC、DOC 及 TN 高度一致, 并紧密聚集于 PP + BC 处理点附近。与之相反, 三种 PAEs 污染物(DBP, DEP, DEHP)的向量均集中于对照(CK)处理一侧, 其方向与 *Pseudomonas* 及 PP + BC 处理方向相反。BC 处理同样表现出与 *Pseudomonas* 及 SOC、DOC 等因子的正相关关系, 但关联强度弱于 PP + BC 处理。各处理沿 RDA1 轴呈现清晰的梯度分布: CK 与 PAEs 污染物位于负端, PP 处理位于中部, 而 BC 与 PP + BC 处理则与 SOC、DOC、TN 及 *Pseudomonas* 共同分布于正端。

4. 结论

4.1. PAEs 降解菌与生物炭对土壤环境的影响

PAEs 降解菌与生物炭的联合施用对土壤环境产生了显著的协同改良效应, 其机制源于生物炭在修复体系中发挥的多重协同功能。生物炭首先作为微环境调节剂, 其碱性特质显著提升了土壤 pH 值(从 CK 的 6.84 升至 PP + BC 的 7.32), 为微生物活动创造了适宜环境[36] [37]; 同时通过直接输入稳定碳源与保护原有有机质, 大幅提高了土壤有机碳(SOC)和可溶性有机碳(DOC)含量, 为微生物代谢提供了充足的底物[38]-[40]。更重要的是, 生物炭作为功能菌定殖载体, 其多孔结构为 YN20 菌株提供了物理庇护和优势定殖位点[41]-[43]。在 PP + BC 处理中, 改良后的微环境与载体效应共同形成强烈的正向选择压力, 驱动 YN20 菌株特异性富集(相对丰度达 15%), 而单一处理(PP 或 BC)则因缺乏这种协同支撑而效果有限。由此形成了“改良生境→富集功能菌→高效降解→持续优化”的正反馈循环。功能菌的富集与活性提升进一步强化了 PAEs 的降解过程, 而污染物的去除又反过来改善了微生物生存环境。

4.2. PAEs 降解菌与生物炭对根际微生物群落的影响

研究发现, PAEs 降解菌与生物炭联合处理(PP + BC)在显著提升 PAEs 降解效率(达 86%)的同时, 引起了根际细菌群落的显著变化。尽管群落的 Alpha 多样性有所降低, 但核心功能菌 *Pseudomonas* 的相对丰度却显著提升至 15%, 并表现出最强的污染物去除能力。联合处理所施加的强烈环境选择压力影响微生物的群落结构。值得注意的是, 单独添加生物炭(BC)对 PAEs 也有显著的去除效果(78.83%), 这可能是由于生物炭的强烈吸附作用以及其改良土壤环境后激活了部分具有降解能力的土著微生物。生物炭的添加不仅通过吸附作用富集 PAEs, 降低了其生物毒性并创造了局部高浓度降解界面[44] [45], 更重要的是, 其改良的土壤微环境为特定功能微生物提供了竞争优势[46] [47]。冗余分析(RDA)证实, *Pseudomonas* 的丰度与 SOC、DOC 含量呈显著正相关, 而与 PAEs 残留量呈负相关。生物炭输入所增加的易利用碳源, 可能通过共代谢等方式为降解菌提供了关键能量驱动[48], 接种于生物炭的 YN20 菌株可能在能量与物质两方面获得竞争优势[49] [50], 从而实现高效定殖与 PAEs 降解。PP + BC 处理表现出了显著的协同增效作用, 其降解率(84.72%)显著高于 PP 处理(74.55%)和 BC 处理(78.83%)的理论叠加值, 表明 YN20 菌株与生物炭之间存在超越各自独立功能的互惠促进关系。外源高效降解菌的引入与生物炭创造的选择性环境, 共同抑制了部分土著微生物的生长, 却同时高效富集并激活了具备 PAEs 降解功能的类群。PAEs 污染土壤中, 相关微生物群落的降解功能强化可能优先于维持其原有的群落多样性。

4.3. 降解菌 *Pseudomonas* 的富集及其环境相关性

冗余分析(RDA)明确揭示了核心降解菌 *Pseudomonas* 的富集与其生存环境间相关性, 其丰度与土壤有机碳(SOC)、可溶性有机碳(DOC)及全氮(TN)含量呈显著正相关, 而与 PAEs 残留浓度呈显著负相关, 且与 PP + BC 处理点在排序空间中高度重合。生物炭的添加通过双重途径为其创造了理想条件: 一方面, 生物

炭输入直接并显著提升了土壤中易利用碳源的供给,为其快速增殖提供了关键能量和碳骨架[51][52];另一方面,生物炭改良土壤 pH 至中性范围,进一步优化了其代谢活性所需的酸碱环境[53]。由生物炭主导的理化改良,共同构成了驱动 *Pseudomonas* 爆发性生长的关键资源基础[54][55]。单 BC 处理具有较高的 PAEs 去除率(78.83%),但 PP + BC 处理实现了更高的降解效率(84.72%)。RDA 结果表明,生物炭的添加首先改善土壤理化性质(提升 SOC/DOC/TN),优化后的资源环境直接驱动 *Pseudomonas* 的特异性富集,富集的功能菌群高效降解 PAEs,导致其残留量下降。通过利用生物炭调控土壤碳、氮有效性及 pH 能够定向塑造污染土壤微生物群落功能,进而实现 PAEs 污染修复。PP + BC 处理中 *Pseudomonas* 的成功定殖与降解效果提升,不仅是生物炭与菌剂简单混合的结果,更是资源供给和生境优化的生态调控过程的直接体现。

基金项目

云南省地方本科高校(部分)基础研究联合专项资金项目(ZX20250059)、昆明学院校级人才引进项目(YJL19004)、云南三区人才支持计划科技人员专项计划(ZX20250281)。

参考文献

- [1] Li, X.X., Wang, Q., Jiang, N., Lv, H.J., Liang, C.L., Yang, H.Y., Yao, X.F. and Wang, J. (2023) Occurrence, Source, Ecological Risk, and Mitigation of Phthalates (PAEs) in Agricultural Soils and the Environment: A Review. *Environmental Research*, **220**, Article ID: 115196. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2022.115196>
- [2] Zou, L., Yao, N.H., Qiu, S.M., Jiang, Y., Xing, Y.X., Zhou, W.Y., Huang, Q.Y. and Chen, W.L. (2025) From Plasticizers to Pollutants: The Ecological Consequences of PAEs in Agricultural Soils. *Environmental Pollution*, **373**, Article ID: 126198. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2025.126198>
- [3] 丁豪杰, 苏奇倩, 李林, 李晓锋, 徐其静, Christopher, R., 刘雪. 土壤农用地膜微生物降解研究进展[J]. 中国环境科学, 2021, 41(9): 4231-4244.
- [4] Zeng, L.J., Huang, Y.H., Lü, H.X., Geng, J., Zhao, H.M., Xiang, L., et al. (2022) Uptake Pathways of Phthalates (PAEs) into Chinese Flowering Cabbage Grown in Plastic Greenhouses and Lowering PAE Accumulation by Spraying PAE-Degrading Bacterial Strain. *Science of the Total Environment*, **815**, Article ID: 152854. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.152854>
- [5] 韩永和, 何睿文, 李超, 向萍, 罗军, 崔昕毅. 邻苯二甲酸酯降解细菌的多样性、降解机理及环境应用[J]. 生态毒理学报, 2016, 11(2): 13.
- [6] Yi, Y.Y., Wang, Y.X., Liu, W.Q., Zhu, J., Gu, M.Y., Jia, Q., et al. (2025) Screening, Identification, Metabolic Pathway of Di-N-Butyl Phthalate Degrading *Priestia megaterium* P-7 Isolated from Long-Term Film Mulched Cotton Field Soil in Xinjiang. *Frontiers in Microbiology*, **16**, Article ID: 1538746. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1538746>
- [7] 沈思, 王晓瑜, 王海霞, 任浩, 吕镇梅. 细菌降解邻苯二甲酸酯的研究进展[J]. 生物工程学报, 35(11): 2104-2120.
- [8] Zeng, F., Cui, K.Y., Li, X.D., Fu, J.M. and Sheng, G.Y. (2004) Biodegradation Kinetics of Phthalate Esters by *Pseudomonas* Fluorescences Fs1. *Process Biochemistry*, **39**, 1125-1129. [https://doi.org/10.1016/s0032-9592\(03\)00226-7](https://doi.org/10.1016/s0032-9592(03)00226-7)
- [9] Nahurira, R., Ren, L., Song, J.L., Jia, Y., Wang, J.H., Fan, S.H., et al. (2017) Degradation of Di(2-Ethylhexyl) Phthalate by a Novel *Gordonia* Alkanivorans Strain YC-RL2. *Current Microbiology*, **74**, 309-319. <https://doi.org/10.1007/s00284-016-1159-9>
- [10] Jin, D.C., Bai, Z.H., Chang, D.D., Hoefel, D., Jin, B., Wang, P., et al. (2012) Biodegradation of Di-N-Butyl Phthalate by an Isolated *Gordonia* Sp. Strain QH-11: Genetic Identification and Degradation Kinetics. *Journal of Hazardous Materials*, **221**, 80-85. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2012.04.010>
- [11] Sarkar, J., Chowdhury, P.P. and Dutta, T.K. (2013) Complete Degradation of Di-N-Octyl Phthalate by *Gordonia* Sp. Strain Dop5. *Chemosphere*, **90**, 2571-2577. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2012.10.101>
- [12] Jin, D.C., Kong, X., Cui, B.J., Bai, Z.H. and Zhang, H.X. (2013) Biodegradation of Di-N-Butyl Phthalate by a Newly Isolated Halotolerant *Sphingobium* Sp. *International Journal of Molecular Sciences*, **14**, 24046-24054. <https://doi.org/10.3390/ijms141224046>
- [13] Gu, J.G., Han, B.P., Duan, S.S., Zhao, Z.Y. and Wang, Y.P. (2009) Degradation of the Endocrine-Disrupting Dimethyl Phthalate Carboxylic Ester by *Sphingomonas yanoikuyae* DOS01 Isolated from the South China Sea and the Biochemical Pathway. *International Biodeterioration & Biodegradation*, **63**, 450-455. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2008.12.004>

- [14] Li, J., Zhang, J., Yadav, M.P. and Li, X. (2019) Biodegradability and Biodegradation Pathway of Di-(2-Ethylhexyl) Phthalate by Burkholderia Pyrocinia B1213. *Chemosphere*, **225**, 443-450. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2019.02.194>
- [15] Xu, J.M., Lu, Q.H., de Toledo, R.A. and Shim, H. (2017) Degradation of Di-2-Ethylhexyl Phthalate (DEHP) by an Indigenous Isolate Acinetobacter Sp. Sn13. *International Biodeterioration & Biodegradation*, **117**, 205-214. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2017.01.004>
- [16] Zhao, H.M., Du, H., Feng, N.X., Xiang, L., Li, Y.W., Li, H., et al. (2015) Biodegradation of Di-N-Butylphthalate and Phthalic Acid by a Novel Providencia Sp. 2D and Its Stimulation in a Compost-Amended Soil. *Biology and Fertility of Soils*, **52**, 65-76. <https://doi.org/10.1007/s00374-015-1054-8>
- [17] Ren, L., Jia, Y., Ruth, N., Qiao, C., Wang, J., Zhao, B., et al. (2016) Biodegradation of Phthalic Acid Esters by a Newly Isolated Mycobacterium Sp. YC-RL4 and the Bioprocess with Environmental Samples. *Environmental Science and Pollution Research*, **23**, 16609-16619. <https://doi.org/10.1007/s11356-016-6829-4>
- [18] Navacharoen, A. and Vangnai, A.S. (2011) Biodegradation of Diethyl Phthalate by an Organic-Solvent-Tolerant Bacillus Subtilis Strain 3C3 and Effect of Phthalate Ester Coexistence. *International Biodeterioration & Biodegradation*, **65**, 818-826. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2011.05.005>
- [19] Kumar, V., Sharma, N. and Maitra, S.S. (2017) Comparative Study on the Degradation of Dibutyl Phthalate by Two Newly Isolated *Pseudomonas* Sp. V21b and *Comamonas* Sp. 51f. *Biotechnology Reports*, **15**, 1-10. <https://doi.org/10.1016/j.btre.2017.04.002>
- [20] 金德才, 梁任星, 王洋洋, 代沁芸, 张瑞永, 吴学玲. 一株 DBP 高效降解菌的筛选及其降解特性[J]. 中南大学学报(自然科学版), 2010, 41(1): 8-14.
- [21] Thompson, I.P., Van Der Gast, C.J., Ciric, L. and Singer, A.C. (2005) Bioaugmentation for Bioremediation: The Challenge of Strain Selection. *Environmental Microbiology*, **7**, 909-915. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2005.00804.x>
- [22] El Fantroussi, S. and Agathos, S.N. (2005) Is Bioaugmentation a Feasible Strategy for Pollutant Removal and Site Remediation? *Current Opinion in Microbiology*, **8**, 268-275. <https://doi.org/10.1016/j.mib.2005.04.011>
- [23] Semple, K.T., Doick, K.J., Jones, K.C., Burauel, P., Craven, A. and Harms, H. (2004) Peer Reviewed: Defining Bioavailability and Bioaccessibility of Contaminated Soil and Sediment Is Complicated. *Environmental Science & Technology*, **38**, 228A-231A. <https://doi.org/10.1021/es040548w>
- [24] Ortega-Calvo, J., Harmsen, J., Parsons, J.R., Semple, K.T., Aitken, M.D., Ajao, C., et al. (2015) From Bioavailability Science to Regulation of Organic Chemicals. *Environmental Science & Technology*, **49**, 10255-10264. <https://doi.org/10.1021/acs.est.5b02412>
- [25] 雷静, 樊敏敏, 吴国照, 连国栋. 生物炭改性技术对土壤污染修复的协同效应与优化创新[J]. 资源节约与环保, 2025(3): 117-121.
- [26] Beesley, L., Moreno-Jiménez, E., Gomez-Eyles, J.L., Harris, E., Robinson, B. and Sizmur, T. (2011) A Review of Biochars' Potential Role in the Remediation, Revegetation and Restoration of Contaminated Soils. *Environmental Pollution*, **159**, 3269-3282. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2011.07.023>
- [27] Ahmad, M., Rajapaksha, A.U., Lim, J.E., Zhang, M., Bolan, N., Mohan, D., et al. (2014) Biochar as a Sorbent for Contaminant Management in Soil and Water: A Review. *Chemosphere*, **99**, 19-33. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2013.10.071>
- [28] Koltowski, M., Hilber, I., Bucheli, T.D. and Oleszczuk, P. (2016) Effect of Activated Carbon and Biochars on the Bioavailability of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Different Industrially Contaminated Soils. *Environmental Science and Pollution Research*, **23**, 11058-11068. <https://doi.org/10.1007/s11356-016-6196-1>
- [29] Li, L.L., Wang, Y.J., Fang, S.P., Guo, Q.Z. and Zhao, S. (2024) Bioremediation of Petroleum Hydrocarbon-Contaminated Soil by Immobilized Bacteria. *Environmental Science & Technology*, **47**, 52.
- [30] Wu, H.W., Huo, Y.X., Qi, F.Y., Zhang, Y.Q., Li, R. and Qiao, M. (2025) Biochar-Supported Microbial Systems: A Strategy for Remediation of Persistent Organic Pollutants. *Biochar*, **7**, 1-17. <https://doi.org/10.1007/s42773-025-00506-7>
- [31] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000: 22-36.
- [32] Jones, D.L. and Willett, V.B. (2006) Experimental Evaluation of Methods to Quantify Dissolved Organic Nitrogen (DON) and Dissolved Organic Carbon (DOC) in Soil. *Soil Biology and Biochemistry*, **38**, 991-999. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2005.08.012>
- [33] Page, A.L. (1982) Methods of Soil Analysis: Part 2 Chemical and Microbiological Properties. American Society of Agronomy, Soil Science Society of America.
- [34] 曹放, 李云木子, 马军, 刘清辉. 超声波萃取-高效液相色谱法测定土壤中邻苯二甲酸酯[J]. 岩矿测试, 2011, 30(2): 178-181.

- [35] 葛峰, 徐珂珂, 云晶晶, 何跃, 张小燕, 许琳玥, 张明珠, 王宁. 我国土壤环境基准优先污染物的筛选及清单研究[J]. 中国环境科学, 2018, 38(11): 4228-4235.
- [36] Ahmad, S., Zhai, X.X., Wang, M.R., Shi, Y.J., Chen, Y.M., Liang, Q.M., *et al.* (2024) Biochar Amendments Improve Soil Functionalities, Microbial Community and Reduce Pokkah Boeng Disease of Sugarcane. *Chemical and Biological Technologies in Agriculture*, **11**, Article No. 28. <https://doi.org/10.1186/s40538-024-00546-4>
- [37] 韩剑宏, 刘泽霞, 张连科, 李玉梅, 姜庆宏, 王维大. 生物炭和环保酵素对盐碱化土壤特性的影响[J]. 生态环境学报, 2019, 28(5): 1029-1036.
- [38] Zheng, X.D., Li, X., Singh, B.P., Wei, L., Huang, L.X., Huang, Y.F., Huang, Q., Chen, X.B., Su, Y.R., Liu, Z.Z. and Wang, H.L. (2023) Biochar Protects Hydrophilic Dissolved Organic Matter against Mineralization and Enhances Its Microbial Carbon Use Efficiency. *Science of the Total Environment*, **879**, Article ID: 162952.
- [39] 李晓娜, 张睿含, 张倩影, 崔芷苗, 李婉婧, 田静雯, 宋洋, 王震宇. 生物质炭服务农田生态系统“碳中和”的机制和潜力研究进展[J]. 环境科学研究, 2023, 36(2): 381-392.
- [40] 孙漱玉, 黄梦鑫, 孔强, 张焕新, 刘继伟. 生物炭固定化菌复合材料在环境修复中的应用研究进展[J]. 环境科学, 2024, 45(4): 2185-2194.
- [41] Ajeng, A.A., Abdullah, R. and Ling, T.C. (2023) Biochar-Bacillus Consortium for a Sustainable Agriculture: Physico-chemical and Soil Stability Analyses. *Biochar*, **5**, 1-15. <https://doi.org/10.1007/s42773-023-00215-z>
- [42] Xu, X.Y., Cao, X.Y., Chen, X.B., Wang, B., Zhuang, J.L., Huang, T.Y. and Wu, B.D. (2025) Facilitating Immobilization of Functional Bacteria and Accelerating Degradation of PAHs via Modified Biochar: Performance and Mechanisms. *Journal of Water Process Engineering*, **70**, Article ID: 107097. <https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2025.107097>
- [43] Li, Y.C., Dong, W.Y., Hou, Z.L., Liu, H.G., Shi, K.Y., Chen, S. and Wang, H.J. (2025) Insight into Enhanced Enrichment and Nitrogen Removal Performance of Anammox Bacteria with Novel Biochar/Tourmaline Polyurethane Sponge Modified Biocarrier. *Bioresource Technology*, **418**, Article ID: 131946. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2024.131946>
- [44] Wang, M., Yuan, X.Z., Zhu, C.Y., Lu, H.Y., Han, J.G., Ji, R.T., *et al.* (2024) Sequential Carbonization of Pig Manure Biogas Residue into Engineered Biochar for Diethyl Phthalate Removal toward Environmental Sustainability. *Waste Management*, **190**, 45-53. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2024.09.005>
- [45] Sokołowski, A., Dybowski, M.P., Oleszczuk, P., Gao, Y. and Czech, B. (2024) Biochar Mitigates the Postponed Bioavailability and Toxicity of Phthalic Acid Esters in the Soil. *Science of The Total Environment*, **945**, Article ID: 173933. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.173933>
- [46] 陈心想, 耿增超, 王森, 赵宏飞. 施用生物炭后壤土土壤微生物及酶活性变化特征[J]. 农业环境科学学报, 2014, 33(4): 751-758.
- [47] 闫伸, 王鹏, 陈承亮, 廖珠珠, 汪立刚, 王飞, 刘英杰, 陈涛, 张重义, 任天宝. 生物炭配施芽孢杆菌对植烟土壤微生物群落结构及烟叶质量的影响[J]. 江苏农业科学, 2025(3): 222-228.
- [48] Wang, S.Y., Han, J., Ge, Z.Y., Su, X., Shi, Y.J., Xia, F., Huang, Y.W. and Meng, J. (2025) Mechanistic Insight into Enhancement of Undissolved Rice Husk Biochar on Tetracycline Biodegradation by Strain *Serratia Marcescens* Basing on Electron Transfer Response. *Journal of Hazardous Materials*, **491**, Article ID: 137895. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2025.137895>
- [49] Chen, B.L. and Yuan, M.X. (2010) Enhanced Sorption of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons by Soil Amended with Biochar. *Journal of Soils and Sediments*, **11**, 62-71. <https://doi.org/10.1007/s11368-010-0266-7>
- [50] Yuan, D., Wang, G., Hu, C., Zhou, S., Clough, T.J., Wrage-Mönnig, N., *et al.* (2022) Electron Shuttle Potential of Biochar Promotes Dissimilatory Nitrate Reduction to Ammonium in Paddy Soil. *Soil Biology and Biochemistry*, **172**, Article ID: 108760. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2022.108760>
- [51] Gul, S., Whalen, J.K., Thomas, B.W., Sachdeva, V. and Deng, H. (2015) Physico-Chemical Properties and Microbial Responses in Biochar-Amended Soils: Mechanisms and Future Directions. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, **206**, 46-59. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2015.03.015>
- [52] Luo, X.X., Wang, L.Y., Liu, G.C., Wang, X., Wang, Z.Y. and Zheng, H. (2016) Effects of Biochar on Carbon Mineralization of Coastal Wetland Soils in the Yellow River Delta, China. *Ecological Engineering*, **94**, 329-336. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2016.06.004>
- [53] Xu, L., Fang, H.Y., Deng, X., Ying, J.Y., Lv, W.J., Shi, Y.J., *et al.* (2020) Biochar Application Increased Ecosystem Carbon Sequestration Capacity in a Moso Bamboo Forest. *Forest Ecology and Management*, **475**, Article ID: 118447. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2020.118447>
- [54] 吴云鹏, 曾庆军, 陈平山, 欧阳晓芳, 胡继业, 冯春华, 孙健. 铁基生物炭联合生物电化学原位修复 Pb-多环芳烃复合污染底泥的效果与机理[J]. 生态学杂志, 2023, 42(2): 504-512.
- [55] 李玲玲, 王曰杰, 房师平, 郭强之, 赵盛. 固定化菌剂对石油烃污染土壤的修复研究[J]. 环境科学与技术, 2024(6): 52-58.