

排水洗盐对滨海盐碱地土壤性质和微生物群落多样性的影响

程瑜¹, 白婷², 胡建¹, 杨晋炜¹, 刘强¹, 葛云¹, 肖昕², 周志林³, 何环^{2*}

1 江苏省海洋地质调查院, 自然资源部滨海盐碱地生态改良与可持续利用工程技术创新中心, 江苏 南京

2 中国矿业大学 化工学院, 煤炭加工与清洁利用教育部重点实验室, 江苏 徐州

3 江苏徐淮地区徐州农业科学研究所, 江苏 徐州

程瑜, 白婷, 胡建, 杨晋炜, 刘强, 葛云, 肖昕, 周志林, 何环. 排水洗盐对滨海盐碱地土壤性质和微生物群落多样性的影响[J]. 微生物学报, 2025, 65(6): 2479-2498.

CHENG Yu, BAI Ting, HU Jian, YANG Jinwei, LIU Qiang, GE Yun, XIAO Xin, ZHOU Zhilin, HE Huan. Drainage for decreasing salt affects the soil properties and microbial community diversity in coastal saline-alkali land[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(6): 2479-2498.

摘要: 【目的】研究排水对滨海盐碱地土壤性质和微生物群落特征的影响。【方法】以江苏南通滨海盐碱地排水洗盐前后的土壤为研究对象, 通过一系列土壤物化性质表征和高通量测序方法, 对土壤酸碱度、氮磷钾营养元素、生物酶活性以及土壤微生物群落结构进行分析, 并采用生物信息学分析方法, 剖析微生物群落结构特征与土壤物化性质的关联性以及可能的厌氧代谢过程。【结果】排水洗盐明显降低了土壤的 pH 和电导率(electrical conductivity, EC), 但也一定程度上造成了土壤中营养成分的流失。洗盐后土壤中蔗糖酶、过氧化物酶活性以及真菌的物种丰富度和物种多样性有所升高, 但细菌和古菌的物种丰富度和物种多样性降低。相关分析表明微生物群落结构与土壤电导率和钾元素含量呈显著正相关性, 与土壤过氧化氢酶活性和土壤蔗糖酶活性呈显著负相关性。冗余分析和功能预测发现, 真菌和古菌与电导率(EC)显著相关, 而古菌可能通过对盐度的适应改变其群落结构。【结论】排水洗盐降低了土壤中的盐度和 pH, 对土壤性质和微生物群落结构造成了影响。

关键词: 盐碱地; 土壤改良; 排水洗盐; 微生物群落; 土壤酶活

资助项目: 国家重点研发计划(2023YFF1306003); 2023年度江苏省矿地融合试点项目(苏财资环[2023]29号)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2023YFF1306003) and the Pilot Project of Mine-land Integration in Jiangsu Province in 2023 (Sucui Zihuan [2023] No.29).

*Corresponding author. E-mail: hehuan6819@cumt.edu.cn

Received: 2024-12-19; Accepted: 2025-02-11; Published online: 2025-04-15

Drainage for decreasing salt affects the soil properties and microbial community diversity in coastal saline-alkali land

CHENG Yu¹, BAI Ting², HU Jian¹, YANG Jinwei¹, LIU Qiang¹, GE Yun¹, XIAO Xin², ZHOU Zhilin³, HE Huan^{2*}

1 Coastal Saline-alkali Land Ecological Rehabilitation and Sustainable Utilization Technology Innovation Center, Ministry of Natural Resources, Marine Geological Survey of Jiangsu Province, Nanjing, Jiangsu, China

2 Key Laboratory of Coal Processing and Clean Utilization, Ministry of Education, School of Chemical Engineering and Technology, China University of Mining and Technology, Xuzhou, Jiangsu, China

3 Xuzhou Academy of Agricultural Sciences, Xuzhou, Jiangsu, China

Abstract: [Objective] To study the effects of drainage on the soil properties and microbial community characteristics in coastal saline-alkali land. [Methods] Soil samples were collected before and after drainage for decreasing salt from the coastal saline-alkali land in Nantong, Jiangsu. The soil pH, nutrient elements (nitrogen, phosphorus, and potassium), enzyme activity, and microbial community structure were analyzed by soil physical and chemical property characterization and high-throughput sequencing. Bioinformatic analysis was conducted to study the correlations between microbial community structure characteristics and soil physical and chemical properties and the possible anaerobic metabolic process. [Results] Drainage for decreasing salt significantly reduced the soil pH and electrical conductivity (EC), while causing the losses of nutrients in the soil to a certain extent. After drainage, the activities of sucrase and peroxidase and the richness and diversity of fungi in the soil increased to a certain extent, while the richness and diversity of bacteria and archaea decreased. Principal component analysis showed that microbial community structure had significantly positive correlations with soil EC and potassium content, while it had significantly negative correlations with catalase and sucrase activities in the soil. Redundancy analysis and functional prediction showed that fungi and archaea were significantly correlated with EC, while archaea may change the community structure by adapting to salinity. [Conclusion] Drainage for decreasing salt reduced the salinity and pH in the soil, which affected the soil properties and microbial community structure.

Keywords: saline-alkali land; soil improvement; drainage for decreasing salt; microbial community; soil enzyme activity

盐碱土是陆地表面生态脆弱区域，其高盐度和碱度不仅造成了资源的破坏和农业生产的巨大损失，还对生物圈和生态环境构成威胁^[1]。盐碱地主要分布在我国西北、华北、东北及沿海地区，其中滨海盐碱地作为一类潜在的土地后备资源，在中国东部耕地资源紧缺的背景

具有重要的战略意义和现实意义。土壤是地球生态系统的重要组成部分，蕴含着丰富多样的微生物群落，这些微生物在土壤的物质循环、养分转化和生态平衡等方面发挥着关键作用^[2]。滨海盐碱地是盐碱土壤中一个重要的类型，也是一种极端的生态环境，其微生物群落多样性

对于维持土壤生态平衡、提高土壤质量和提高植物抗逆性具有关键作用。不同类型的微生物(如细菌、真菌和古菌)在盐碱土壤的元素循环过程中发挥着重要的生态功能。研究表明,土壤盐度^[3-4]、含水状况^[5]以及土地利用方式^[6]等因素对盐碱土的微生物多样性有着直接影响。因此,对盐碱土壤环境中的微生物群落结构展开研究对评价土壤改良效果和解析改良的环境效应具有重要意义。

为了缓解土壤盐碱化问题带来的压力,研究者们对滨海地区土壤盐碱化提出了一系列改良措施,常见的方法包括水利工程、生物、物理和化学等方面^[7]。水利工程通过改善排水系统来降低土壤中的盐分含量。例如,通过修建排水渠道、地下管道和井灌系统,可以有效地排除多余的盐分,从而减轻土壤盐碱化问题,降低土壤盐分的方法直接有效^[8]。生物方法即利用植物和微生物来改良盐碱土壤,生态效益高,不会带来二次污染^[9]。物理方法包括耕作、土地平整、压沙等措施,通过改变土壤的物理结构(如深耕、松土和压沙),可以改善土壤的通气性和水分分布,通常成本较低^[10]。化学方法通过施用改良剂来改变土壤的化学性质,加速脱盐过程。然而,生物和物理改良的速度相对较慢,需要较长时间才能显著改善土壤;化学改良虽可以快速改善土壤性质,但存在引入重金属的风险,对环境和植物生长产生不利影响。排水洗盐是一种常见的盐碱地水利工程改良方法,在快速脱盐方面具有显著优势。其基本原理是通过挖设排水沟或修建排水管道将多余的盐分随水排出,降低土壤中的盐分含量,从而提高土壤质量。

研究发现,不同改良方法对盐碱土的土壤性质和微生物群落会产生不同程度的影响。谭海霞等^[11]发现施用盐碱土修复菌剂影响了耐盐蒲公英根际土壤微生物群落多样性,土壤有机质和速效磷是引起蒲公英根际土壤微生物群落变化的环境因子。张京磊等^[12]研究发现,苜蓿

轮作对土壤细菌和真菌群落具有不同的影响,主要表现为对细菌群落多样性影响较小,但降低了真菌群落丰富度,增加了细菌群落共现网络的复杂性和稳定性,而真菌则相反。种植耐盐植物可以降低土壤盐分,增加有机质含量,从而改善土壤结构和化学性质,同时,植物根系分泌物能够刺激微生物的生长,提高土壤中的微生物多样性^[13]。Liu 等^[14]发现,添加脱硫石膏和秸秆对盐碱地中的主要细菌门(拟杆菌门和芽孢杆菌门)以及优势真菌类群(索达里奥菌门)的相对丰度存在明显影响,并且这些门类微生物随着土壤有机碳含量的提高而增加。Huang 等^[15]研究了生物炭、微生物和矮竹相结合改善盐碱土壤的潜力,发现施用生物炭和改性生物炭后,优势菌门(酸杆菌门、放线菌门和绿屈挠菌门)以及优势真菌门(担子菌门)的相对丰度增加,细菌和真菌群落受土壤因子的影响较大,尤其是土壤 pH 值、电导率、总有机碳、钾离子和钠离子。总体来看,目前有关生物、物理或化学改良措施对盐碱土壤性质和微生物群落结构影响的研究较多。

研究表明,水利工程改良也会对盐碱地性质和土壤微生物群落结构造成影响。章二子等^[16]研究发现,暗管排水和有机肥施用主要通过影响浅层土壤盐分、C/N 等指标进而调控 N₂O 排放。田雨雨等^[17]研究表明,生物炭协同暗管排水改变了滨海盐碱农田的土壤理化性质,且生物炭与暗管间距对含盐量、硝态氮、有机质、土壤全磷的交互作用显著,暗管间距及暗管间距和生物炭的交互作用对伞菌纲和酸杆菌门(*Acidobacteria*) Gp4 有显著影响。目前,尽管在滨海盐碱地改良领域进行了大量研究,但对于工程措施和化学措施的协同作用改良滨海盐碱地的研究相对较少。特别是常见的水利工程措施——排水洗盐改良盐碱地对土壤性质与土壤微生物群落(细菌、真菌和古菌)的影响鲜有报道,不利于揭示排水洗盐对盐碱地治理的作用机制。

本研究通过比较排水洗盐处理对盐碱土的土壤性质和土壤微生物群落的影响,初步探究土壤微生物和土壤酶活对盐碱土淋洗的响应情况。通过对盐碱土中微生物群落结构、多样性及其功能变化的分析,为阐明排水洗盐法改良盐碱土的机理提供依据,有助于优化滨海盐碱地的改良方案,提高土地利用效率,为解决沿海地区土地资源紧张和农业可持续发展问题提供科学支撑。

1 材料与方 法

1.1 研究区域概况和盐碱土壤样品采集

研究所用的盐碱土样品于 2024 年 5 月上旬取自江苏省南通市如东县苴镇外向型农业经济开发区掘苴盐碱地改良基地。该基地位于长三角平原地貌区,以滨海平原地貌为主,地势较为平坦,由西向东微微倾斜,属北亚热带海洋性季风气候区。其土壤类型主要为滨海潮滩盐土,耕地作物以水稻、小麦为主。土壤样品中,3 个取自排水洗盐处理前的地块(样品编号为 G1、G2 和 G3,南北方向隔 40 m,其中 G2 坐标为 121°11'06"E, 32°29'19"N),另外 3 个样品来自排水洗盐法处理过后的地块(样品编号为 D1、D2 和 D3,南北方向间隔相隔 40 m,其中 D2 坐标为 121°10'55"E, 32°29'22"N)。其具体实施为通过水泵向试验田加淡水,水量为 $1 \times 10^3 \text{ m}^3/\text{hm}^2$,12 h 后通过排水沟将水排走,静置 120 h。取样时去掉表层土样,取 5–20 cm 深的土壤,每个地块按照 S 型布点采集,每个地块共采集 6 份土壤样品,每份约重 500 g。将取得的新鲜土壤放入塑料密封袋中,于 4 °C 冰箱低温保存。

1.2 土壤样品物化性质表征

土壤样品自然风干后,去除大的石块,破碎筛分至测试要求,然后参照鲍士旦《土壤化学分析(第 3 版)》^[18]中的方法测定土壤样品的有机质(soil organic matter, SOM)、总氮(total

nitrogen, TN)、碱解氮(alkali-hydrolyzable nitrogen, AN)、总磷(total phosphorus, TP)、有效磷(available phosphate, AP)、电导率(electrical conductivity, EC),具体方法为:用硫酸-重铬酸钾外加热法测定土壤有机质含量;用扩散皿和凯氏定氮仪(济南海能仪器股份有限公司)分别测量碱解氮和总氮含量;采用 NaHCO_3 浸提-钼锑抗比色法检测土壤速效磷和总磷含量;采用水土 2.5:1 的比例浸提土壤后,使用多参数分析仪(上海仪电科学仪器股份有限公司)测定土壤 pH 和土壤电导率(electrical conductivity, EC)。土壤样品中总钾(total potassium, TK)和速效钾(available potassium, AK)含量参照林业标准^[19],分别采用 ICP-OES (PerkinElmer 公司)测定。土壤中过氧化氢酶(soil catalase, S_CAT)、碱性磷酸酶(soil alkaline phosphatase, S_AKP)、脲酶(soil urease, S_UE)和蔗糖酶(soil sucrase, S_SC)按照试剂盒(BC0100、BC0280、BC0120 和 BC0240,北京索莱宝科技有限公司)的操作流程,用酶标仪(Molecular Devices 公司)进行测定。

1.3 土壤样品中微生物群落结构研究

新鲜土壤样品采用 E.Z.N.A.[®] Soil 试剂盒(Omega Bio-Tek 公司)抽提总 DNA。细菌和古菌 16S rRNA 基因分别采用引物对 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')/806R (5'-GGACTACHVG GGTWTCTAAT-3')和 524F10extF (5'-TGYCAGCCGCCGCGGTA-A-3')/Arch958RmodR (5'-YCCGGCGTTG AVTCCAATT-3')进行扩增,真菌 ITS 序列采用引物对 ITS1F (5'-CTTGGTCATTTAGAGGAAGTA-3')/ITS2R (5'-GCTGCGTCTTCATCGATGC-3')进行扩增。纯化扩增产物并制备序列文库,然后利用 Illumina 公司的 MiSeq PE300 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司),其他操作见参考文献[20]。

1.4 数据统计分析

采用美吉生物云平台进行微生物的 α 多样性、主坐标轴分析(principal co-ordinates

analysis, PCoA)和冗余分析(redundancy analysis, RDA)分析。其中, 基于 Bray-Curtis 距离算法的 PCoA 分析用于评估细菌、真菌和古菌群落。计算环境因素与微生物多样性之间的 Spearman 秩相关系数。对土壤和微生物群落的物理和化学特性进行了 RDA 分析。采用 Pearson 系数进行双变量相关(双尾)分析, 分析土壤样品中不同环境因子的相关性。统计分析在 SPSS 27.0 上进行, P 值小于 0.05 认为具有统计学意义。

2 结果与讨论

2.1 土壤样本理化性质的分析

土壤样本的电导率、pH、有机质、碱解氮、有效磷、速效钾、全氮、全磷、全钾含量如表 1 所示。从表 1 可知, 所有样本的 pH 均为中性。D1、D2 和 D3 受盐渍化程度较小, 而 G1、G2 和 G3 为中轻度盐渍化土壤。根据全国第二次土壤普查养分等级划分标准, 6 个土壤样本的有机质含量均低于 0.6%, 表明土壤极缺有机质, 且 D 组土壤的有机质含量均低于 G 组。碱解氮含量最高为 D1 (25.06 mg/kg), 全氮含量最高为 G2 (310.00 mg/kg), 但仍属于六级最低养分。排水洗盐后, 碱解氮普遍高于洗盐前的土壤样本。从速效磷来看, 只有 D3 和 G2 达到五级较低养分, 其余样品的养分含量极低。然而, 对于全磷含量, 6 个样品均能达到四级中等养分, 且 D

组样本的全磷和有效磷均低于 G 组样本。6 个土壤样本的速效钾均为一级极高, 全钾含量均为三级, 且 G 组样本的钾含量均高于 D 组样本。综合这些基本指标的变化, 可以看出盐碱地经过排水洗盐后, 盐渍化程度降低, 全钾和速效钾的含量在排水洗盐后也有所降低, 但养分仍处于较高水平。全磷和有效磷含量较低, 排水洗盐后的 D 组样本均低于洗盐前的 G 组样本。可见, 土壤中的有机质、氮、磷元素也随着排水洗盐而流失, 导致土壤肥力降低。田雨雨等^[17]发现, 生物炭协同暗管排水不仅可以降低滨海盐碱地的盐分, 还能提升养分, 其硝态氮、全磷和有机质均明显增加。章二子等^[16]也发现, 铺设暗管排盐的间距对土壤有机质、总碳和有机碳影响不显著, 但对碳氮比有一定影响, 而有机肥的添加对上述土壤肥力指标影响显著。从目前研究结果来看, 单纯的排水减盐虽然能有效排出土壤中多余的盐分, 但也会造成土壤肥力的损失, 需要与其他生物、物理或化学改良技术协同实施, 才能达到较好的土壤改良效果。

土壤中检测的酶主要包括水解酶和氧化还原酶。蔗糖酶(S_SC)、脲酶(S_UE)和碱性磷酸酶(S_AKP)是典型的水解酶, 而过氧化氢酶(S_CAT)是典型的氧化酶。土壤中酶活性数据如图 1 所示, G3 和 D3 样本的脲酶活性较高, 而

表1 盐碱土壤样品的基本理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of saline-alkali soil samples

Samples	D1	D2	D3	G1	G2	G3
pH	6.94±0.33	7.54±0.06	7.01±0.16	7.34±0.28	7.25±0.09	7.23±0.27
EC (mS/cm)	1.77±0.32	1.77±0.41	2.33±0.23	4.07±0.66	5.34±0.52	4.40±0.36
SOM (g/kg)	4.82±0.90	3.54±0.59	1.31±0.71	5.17±0.83	5.15±0.44	4.13±0.21
AN (mg/kg)	25.06±3.25	18.76±2.77	20.51±1.98	10.71±4.10	19.46±3.27	18.06±2.06
AP (mg/kg)	2.48±0.54	0.07±0.03	3.24±0.81	1.57±0.67	3.61±1.44	0.63±0.19
AK (mg/kg)	274.11±7.41	258.37±7.87	266.24±8.54	380.20±10.95	368.80±5.70	374.50±3.22
TN (mg/kg)	295.00±33.00	229.00±21.00	262.00±18.50	267.00±21.50	310.00±26.00	288.50±17.50
TP (mg/kg)	474.79±2.90	480.58±12.70	477.69±8.40	595.37±35.80	523.71±20.50	559.53±15.30
TK (mg/kg)	14 738.89±64.87	14 415.12±161.89	14 577.01±157.71	17 323.76±230.63	17 164.74±79.55	17 244.25±92.74

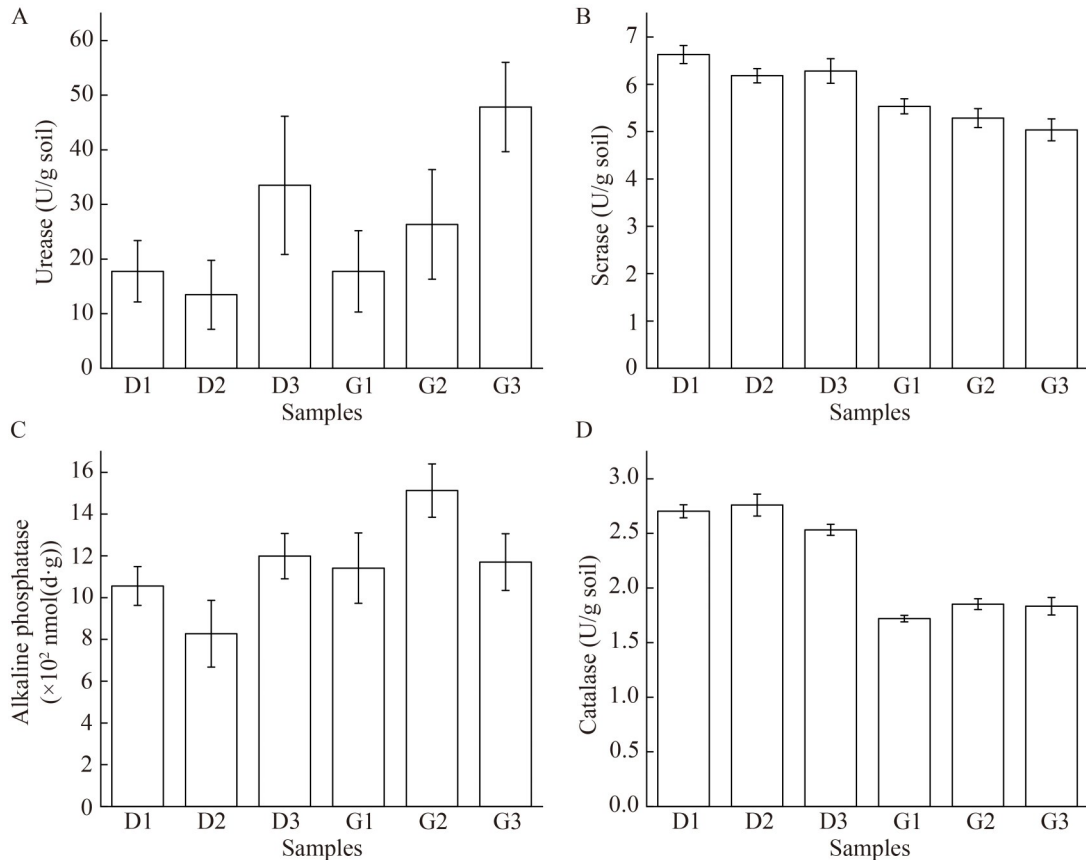


图1 土壤脲酶(A)、蔗糖酶(B)、碱性磷酸酶(C)、过氧化氢酶(D)酶活性

Figure 1 Soil urease (A), sucrase (B), alkaline phosphatase (C), catalase (D) enzyme activity.

G1 和 D1 较低, 且 D2 和 D3 样本均明显低于相应的 G2 和 G3 样本。脲酶广泛存在于土壤中, 催化尿素分解为氨、二氧化碳和水, 是驱动土壤氮循环的重要水解酶。结合表 1 中的数据可以看出, 排水洗盐后总氮和有效氮含量降低, 脲酶活性也随之降低, 呈现相同的变化趋势。相比之下, D 组样本的蔗糖酶(S_SC)活性(图 1B)普遍高于相应的 G 组样本, 其中 D1 含量最高, G3 含量最低。蔗糖酶是驱动土壤中糖类代谢的重要水解酶, 对土壤中碳元素循环至关重要。从结果来看, 土壤盐度降低后, 蔗糖酶活性得到提升, 对碳的代谢能力增强。结合表 1 中土壤有机质(soil organic matter, SOM)的变化数据, D 组样本的有机质含量降低, 除了洗盐过程中有机质的流失外, 土壤蔗糖酶活性提高导

致碳消耗的增大也可能是其含量降低的原因之一。所有样本的碱性磷酸酶活性(图 1C)无明显变化规律, 以 G2 含量最高, D2 含量最低, 而 D1 和 D3 与相应的 G1 和 G3 变化不明显。结合表 1 中总磷(total phosphorus, TP)和有效磷(total phosphate, AP)的变化也可以发现, 磷含量变化与碱性磷酸酶变化趋势较为一致, AKP 含量高的样本, 相应的 TP 和 AP 含量也较高。土壤过氧化氢酶含量呈现出与土壤蔗糖酶相似的规律(图 1D), D 组样本酶活普遍高于 G 组样本。过氧化氢酶是指示土壤中生物化学活性的重要酶之一, 可将生物呼吸产生的有害中间产物过氧化氢转化成水和氧气, 由此可见土壤盐度降低对提升土壤中的氧化反应有较好的促进作用。Yang 等^[21]研究发现, 盐度的变化对土壤酶活性

影响显著。研究表明添加改良材料(包括生物菌肥、有机肥、腐植酸等)对提升土壤中酶活性(包括蔗糖酶、碱性磷酸酶和脲酶)有促进作用^[22-23]。康贻军等^[24]比较了3种不同的改良方法对盐碱土壤酶活性的影响,发现排水改良不利于土壤酶活性的改善,而生物改良法(种植苜蓿)则有利于提升土壤品质。可见,单纯的水利工程改良虽然降低了土壤的盐度,使蔗糖酶和过氧化氢酶活性得到提升,但脲酶活性降低,对氮的循环不利。

2.2 土壤中细菌、真菌和古菌的微生物群落多样性

从6个土壤样品中共获得337 048条细菌序列、319 838条真菌序列和364 665条古菌序列。细菌的平均序列长度为418 bp,真菌的平均序列长度为249 bp,古菌的平均序列长度为429 bp。微生物 α 多样性指数如表2所示,其反映的是单个样品的物种相对丰度及多样性。选择常见的多样性指数,包括Chao、ACE、Shannon和Simpson指数。前两者用于衡量物种丰富度,后两者用于衡量物种多样性,即Shannon指数越大或Simpson指数越小,说明样品的物种多样性越高。从结果可知,细菌和古菌在G组的物

种丰富度更高,而真菌在D组的丰富度更高。对于物种多样性,其规律与丰富度一致,表明盐分是微生物多样性的关键决定因素,排水洗盐能够提高真菌的丰富度和多样性,但降低了细菌和古菌的多样性。

刘冰冰等^[25]的研究发现在较高盐度环境下,嗜盐古菌的多样性会增加。同样地,某些细菌门会随着盐度的提高表现出较高丰度^[26],表明一些细菌对盐胁迫具有良好的适应性。排水洗盐可能破坏了一些对盐胁迫具有高适应性的优势菌属的生长环境从而降低了其多样性。相比之下,真菌对盐胁迫的适应性较差,因为盐分的积累会破坏土壤结构,同时降低土壤渗透压,可能会使真菌细胞壁中的多糖和蛋白质在高盐条件下受损,导致大部分敏感真菌死亡^[27]。此外,真菌的繁殖周期通常比细菌长,生物间的竞争也会使其生长更缓慢,最终降低真菌群落的多样性^[28]。

从细菌门水平(图2A)来看,假单胞菌门(*Pseudomonadota*)、拟杆菌门(*Bacteroidota*)、放线菌门(*Actinomycetota*)和绿屈挠菌门(*Chloroflexota*)是6个土壤样品中的共有主要细菌门,约占总群落的70.11%–79.88%。排水洗盐后,假单胞菌门(*Pseudomonadota*)和拟杆菌门

表2 土壤细菌、真菌和古菌的 α 多样性指数

Table 2 Alpha diversity index of soil bacteria, fungi, and archaea

Alpha diversity index		D1	D2	D3	G1	G2	G3
ACE	Bacteria	3 330.722	3 360.643	3 467.862	3 535.680	3 880.089	3 809.095
	Fungi	92.000	92.000	91.000	48.000	54.000	58.000
	Archaea	495.548	579.312	470.543	705.840	684.972	616.852
Chao	Bacteria	3 238.370	3 281.806	3 340.379	3 463.608	3 758.662	3 703.198
	Fungi	92.000	92.000	91.000	48.000	54.000	58.000
	Archaea	484.165	568.049	461.447	693.821	668.852	599.266
Shannon	Bacteria	6.404	6.447	6.531	6.652	6.828	6.735
	Fungi	3.127	3.162	2.384	2.319	2.564	2.750
	Archaea	3.288	3.312	3.243	3.628	3.815	3.416
Simpson	Bacteria	0.006	0.008	0.005	0.004	0.003	0.003
	Fungi	0.072	0.077	0.206	0.183	0.132	0.139
	Archaea	0.124	0.131	0.131	0.100	0.065	0.090

(*Bacteroidota*)的相对丰度保持稳定,放线菌门(*Actinomycetota*)占比明显升高,而绿屈挠菌门(*Chloroflexota*)的丰度小幅降低。在高盐土壤中为优势菌门的脱硫杆状菌门(*Desulfobacterota*)和芽孢杆菌门(*Bacillota*)在排水洗盐后变为非优势菌门。结合表 2 可知,排水洗盐可能主要通过降低绿屈挠菌门(*Chloroflexota*)、脱硫杆状菌门(*Desulfobacterota*)和芽孢杆菌门(*Bacillota*)的丰度和多样性从而降低了细菌的丰度与多样性。

从图 2B 的结果可知,子囊菌门(*Ascomycota*)、壶菌门(*Chytridiomycota*)和 unclassified_k_Fungi 是所有样品中的优势菌门,且在 G 组与 D 组的丰度存在差异。排水洗盐后,子囊菌门(*Ascomycota*)的相对丰度增加,在 D1 和 D2 组中成为绝对优势菌门。同时, D3 组的担子菌门(*Basidiomycota*)优势明显(约占 41.92%),与子囊菌门(*Ascomycota*)的占比相当,而壶菌门(*Chytridiomycota*)和 unclassified_k_

Fungi 的相对丰度明显降低。结合表 2 数据,已知子囊菌门(*Ascomycota*)微生物对盐的适应有限^[29],而担子菌门(*Basidiomycota*)中某些微生物的基因表达及代谢调控与盐度相关^[30]。排水洗盐使这 2 类微生物的丰度增加,甚至成为绝对优势菌门,从而提高了真菌的丰度。

六个样品的古菌门(图 2C)均以热源体门(*Thermoplasmatota*)和嗜热多形菌门(*Thermoproteota*)为优势菌门,约占总群落的 90.46% - 93.07%,其次是嗜盐古菌门(*Halobacterota*)和广古菌门(*Euryarchaeota*)。排水洗盐后嗜热多形菌门(*Thermoproteota*)和嗜盐古菌门(*Halobacterota*)的丰度降低,而广古菌门(*Euryarchaeota*)的丰度升高。

排水洗盐使微生物群落结构发生明显变化。在细菌优势菌群中放线菌门(*Actinomycetota*)可能逐渐取代耐盐菌群;在真菌优势群中,子囊菌门(*Ascomycota*)成为绝对优势菌。研究表明放线

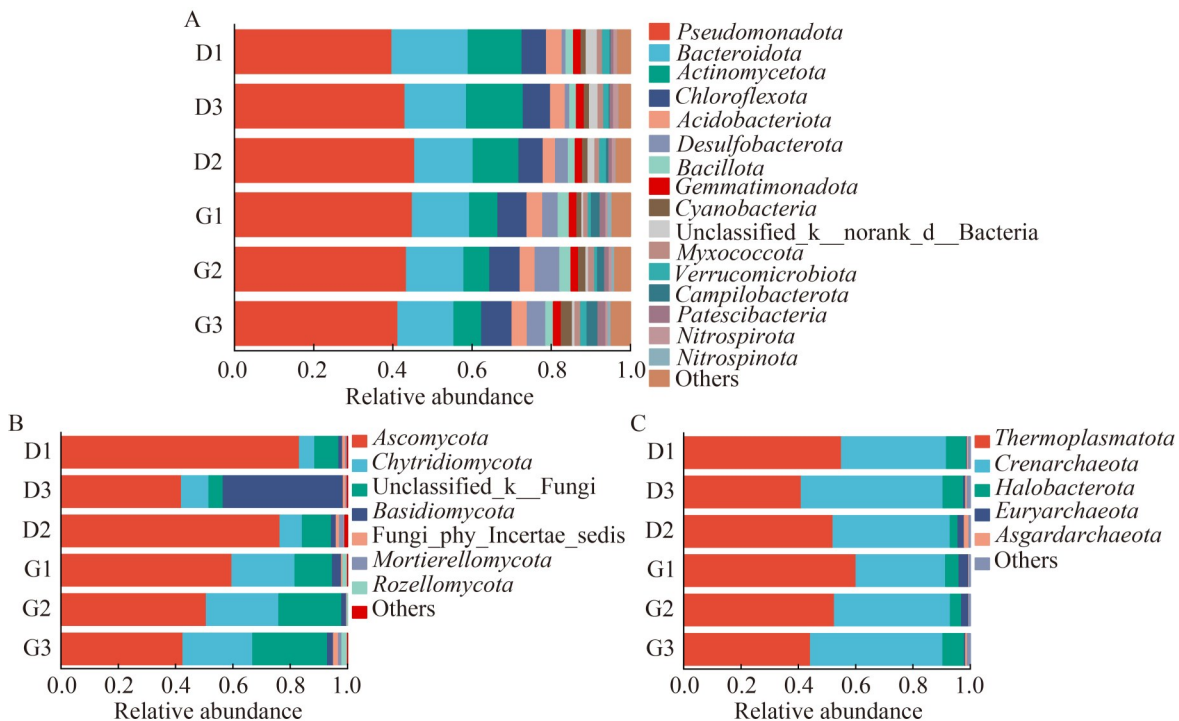


图2 细菌(A)、真菌(B)和古菌(C)门水平物种组成

Figure 2 Species composition at the phylum level of bacteria (A), fungi (B), and archaea (C).

菌门(*Actinomycetota*)微生物具有利用复杂碳水化合物的能力, 而子囊菌门(*Ascomycota*)对胁迫环境具有很强的适应性, 能降解有机物, 是土壤有机质的主要分解者^[31-32], 表明盐度降低后, 微生物更倾向于进行有机物分解和能量转换, 以支持生长和繁殖。

属水平的细菌、真菌和古菌群落如图 3 所

示。在占比前 10 的优势细菌属中, 未分类红细菌科(*unclassified_f_Rhodobacteraceae*)和 *norank_f_norank_o_Actinomarinales* 的占比相近。排水洗盐后黄杆菌属(*Flavobacterium*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、无等级解脲杆菌科(*norank_f_Nitriliruptoraceae*)和 *unclassified_f_norank_d_Bacteria* 的占比升高, 其中 D2 组的硫杆菌属

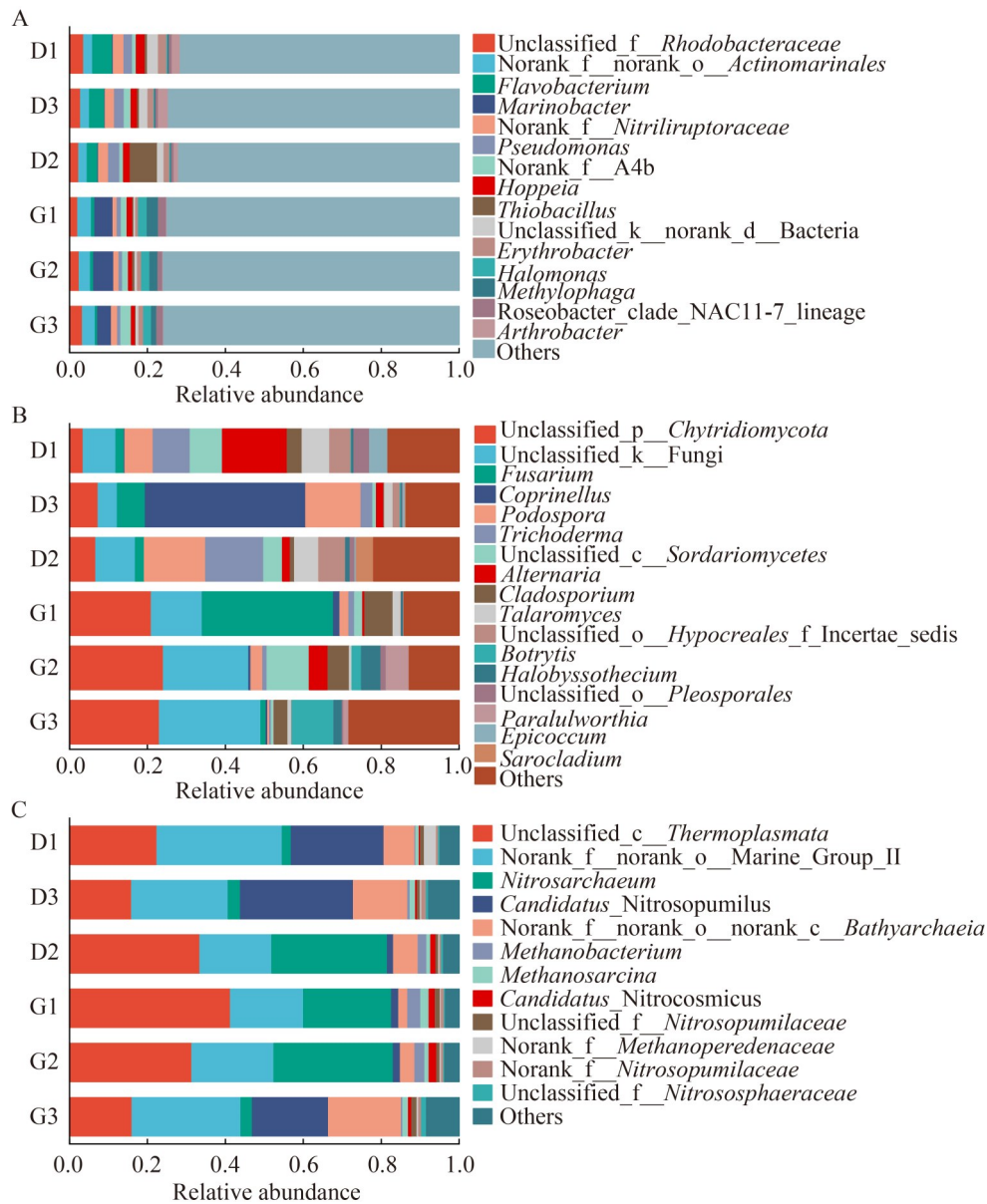


图3 细菌(A)、真菌(B)、古菌(C)属水平物种组成

Figure 3 Species composition of bacteria (A), fungi (B), and archaea (C) at genus level.

(*Thiobacillus*)优势明显。张静等^[33]研究表明,高盐度不利于硫杆菌属(*Thiobacillus*)的生长;洗盐后,海杆菌属(*Marinobacter*)、盐单胞菌属(*Halomonas*)和噬甲基菌属(*Methylophaga*)的占比降低,研究表明海杆菌属(*Marinobacter*)是嗜盐菌,广泛分布于全球的盐碱环境中,且大部分含有与氮素循环有关的基因组^[34]。盐单胞菌属(*Halomonas*)和噬甲基菌属(*Methylophaga*)同样是嗜盐菌,对盐含量具有较强的耐受性,盐单胞菌属(*Halomonas*)中的某些物种可在特定盐环境下上调脯氨酸和依克多因的合成基因,通过渗透作用对抗盐胁迫^[35-36]。排水洗盐后,盐度降低,细胞内积累的渗透物可能使细胞吸水膨胀甚至死亡,从而导致这些菌属在物种多样性中失去优势。此外,已有研究指出海杆菌属(*Marinobacter*)和盐单胞菌属(*Halomonas*)是硝酸盐还原剂^[37-38],从细菌角度解释了高盐组氮含量较高的原因。由此可见,盐度的变化不仅筛选了盐敏感细菌,还可能对土壤氮元素循环产生影响。

六个样品的真菌属差异较大。从整体来看,在占比前10的真菌属中,洗盐后未分类壶菌门(*unclassified_p_Chytridiomycota*)、*unclassified_k_Fungi*和枝孢菌属(*Cladosporium*)的丰度降低,而柄孢壳菌属(*Podospora*)、木霉属(*Trichoderma*)、链格孢属(*Alternaria*)和篮状菌属(*Talaromyces*)的

丰度均增加。

对于古菌,6个样品的优势菌属均为未分类纲热原体纲(*unclassified_c_Thermoplasmata*)、*unclassified_f_norank_o_Marine_Group_II*、亚硝化古菌属(*Nitrosarchaeum*)、待定亚硝化侏儒菌属(*Candidatus_Nitrosopumilus*)和无等级深古菌(*norank_f_norank_o_norank_c_Bathyarchaeia*)。其中,未分类热原体纲(*unclassified_c_Thermoplasmata*)和亚硝化古菌属(*Nitrosarchaeum*)在排水洗盐后丰度增加,而其他三者的丰度降低。待定亚硝化侏儒菌属(*Candidatus_Nitrosopumilus*)具有专性盐需求^[39],盐度降低无法满足其生长需求,导致其丰度降低。在古菌属中,发现多种与碳、氮循环相关的微生物属,表明排水洗盐可能影响微生物与土壤间的元素循环。

为了评估不同样本中微生物群落的差异,基于OTU水平的Bray-Curtis距离进行PCoA排序(图4)。对于细菌群落(图4A),2个主坐标轴解释了82.58%的差异,其中PC1占75.15%,PC2占7.43%(图4A)。D1和D3组紧密聚集,表明微生物群落组成相似,而D2组距离较远,可能是由于硫杆菌属(*Thiobacillus*)占比较高所致。对于真菌群落(图4B),2个主坐标轴共解释了61.98%的差异,其中PC1占44.66%,PC2占17.32%。D1和D2组紧密聚集,表明微生物

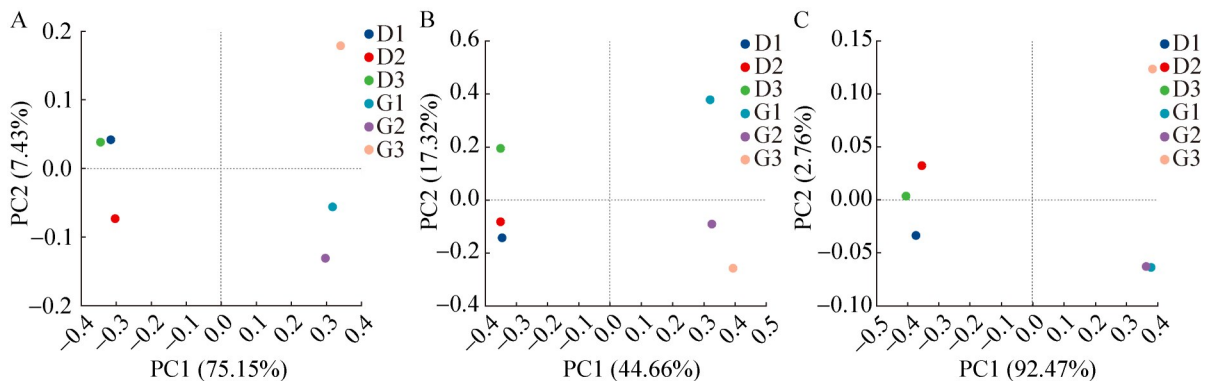


图4 细菌(A)、真菌(B)、古菌(C) OTU水平PCoA分析

Figure 4 PCoA analysis of OTU level of bacteria (A), fungi (B), and archaea (C).

群落组成相似, 而 D3 组因担子菌门 (*Basidiomycota*) 和小鬼伞属 (*Coprinellus*) 的丰度与其他 2 组存在差异。对于古菌群落(图 4C), 2 个主坐标轴共解释了 95.23% 的差异, 其中 PC1 占 92.47%, PC2 占 2.76%。G1 和 G2 组紧密聚集, 而 D1、D2 和 D3 组距离较近。无论是真菌、细菌还是古菌, G 组样本均与第一主坐标轴呈正相关, 且与 D 组样本的距离相对较远, 而 D 组样本组内的距离较 G 组更近, 表明排水洗盐后微生物群落趋于相似。

2.3 土壤环境变量与微生物多样性的相关性分析

为进一步分析环境变量与微生物种群之间的相关性, 将表 1 中土壤的理化性质与图 1 所示的酶活性通过 SPSS 进行变量间的 Pearson 相关性分析, 结果如表 3 所示。从表 3 中结果可知, 速效钾含量与总钾含量呈完全正相关, 电导率与钾含量呈显著正相关。速效钾或总钾含量增加往往伴随着可溶性钾盐的增加, 钾盐的增加提高了土壤的电导率^[40]。总磷含量与碱解氮含量呈一般负相关, 与钾含量呈一般正相关。有效磷含量与土壤碱性磷酸酶活性呈完全负相

关。研究者认为, 土壤碱性磷酸酶能够分解有机磷化合物, 将其转化为植物可利用的磷, 当土壤中有效磷含量较高时, 表明土壤中已经存在较多可以直接被植物吸收的磷, 从而减少了土壤碱性磷酸酶分解有机磷的需求, 导致其活性降低^[41]。土壤过氧化氢酶活性与电导率、钾含量呈现显著负相关, 与总磷含量呈现一般负相关关系。土壤蔗糖酶活性与电导率呈现显著负相关, 与土壤钾含量呈现一般负相关。土壤蔗糖酶和过氧化氢酶活性与钾含量和 EC 存在负相关关系, 一方面可能是因为过高的钾含量破坏了与蔗糖酶、过氧化氢酶活性相关的其他离子的分布和浓度, 影响了酶活性中心的解离状态, 改变了酶的正常空间构象和活性。另一方面, 高电导率通常意味着土壤中盐分含量较高, 高浓度的离子会使微生物细胞内渗透压升高^[32], 导致细胞失水死亡或使酶活性部位改变, 从而降低酶活性。此外, 盐分可能使土壤环境恶化, 可利用养分减少, 抑制微生物数量, 进而降低酶活性^[42]。排水洗盐后盐度降低, 盐胁迫减缓, 酶活性得以恢复。排水洗盐后土壤蔗糖酶活性升高, 可能加速了蔗糖水解为单糖的过程, 在

表3 土壤理化性质间的Pearson相关性

Table 3 Pearson correlation between soil physical and chemical properties

	pH	EC	AN	AP	AK	TN	TP	TK	SOM	S_AKP	S_CAT	S_UE	S_SC
pH	1.000												
EC	0.184	1.000											
AN	-0.598	-0.476	1.000										
AP	-0.663	0.225	0.326	1.000									
AK	0.209	0.931**	-0.628	0.018	1.000								
TN	-0.545	0.604	0.272	0.603	0.533	1.000							
TP	0.332	0.730	-0.846*	-0.223	0.911*	0.210	1.000						
TK	0.318	0.940**	-0.619	0.023	1.000**	0.536	0.902*	1.000					
SOM	0.232	0.487	-0.241	-0.085	0.614	0.496	0.521	0.611	1.000				
S_AKP	0.663	-0.225	-0.326	-1.000**	-0.018	-0.603	0.223	-0.023	0.085	1.000			
S_CAT	-0.193	-0.936**	0.681	-0.076	-0.987**	-0.481	-0.915*	-0.986**	-0.496	0.076	1.000		
S_UE	-0.287	0.438	0.042	0.042	0.380	0.371	0.246	0.385	-0.291	-0.042	-0.416	1.000	
S_SC	-0.386	-0.921**	0.572	0.135	-0.908*	-0.369	-0.789	-0.916*	-0.388	-0.135	0.907*	-0.561	1.000

** : $P < 0.01$ indicates significant correlation; * : $P < 0.05$ indicates general correlation.

微生物的作用下单糖氧化产生二氧化碳，进一步验证了排水洗盐有利于有机质的氧化反应。此外，尽管 pH 未与其他理化性质表现出显著相关性，但排水洗盐后土壤 pH 呈下降趋势，可能是由于土壤微生物硝化作用产生质子使土壤酸化所致^[43]。

根据变量间的相关关系，选择 5 种相关性较为密切的环境因子，将其数据导入美吉生物

云平台进行环境因子关联分析，结果如图 5 所示。热图展示了土壤环境变量与微生物物种之间的相关性，同时也佐证了表 3 中的规律：电导率与钾含量呈显著正相关，与土壤蔗糖酶、土壤过氧化氢酶活性呈显著负相关。

图 5A 为细菌物种与环境因子的相关分析，可以看出，无等级橙色菌科(*norank_f_Sandaracinaceae*)和 *Subgroup_10* 与电导率呈正



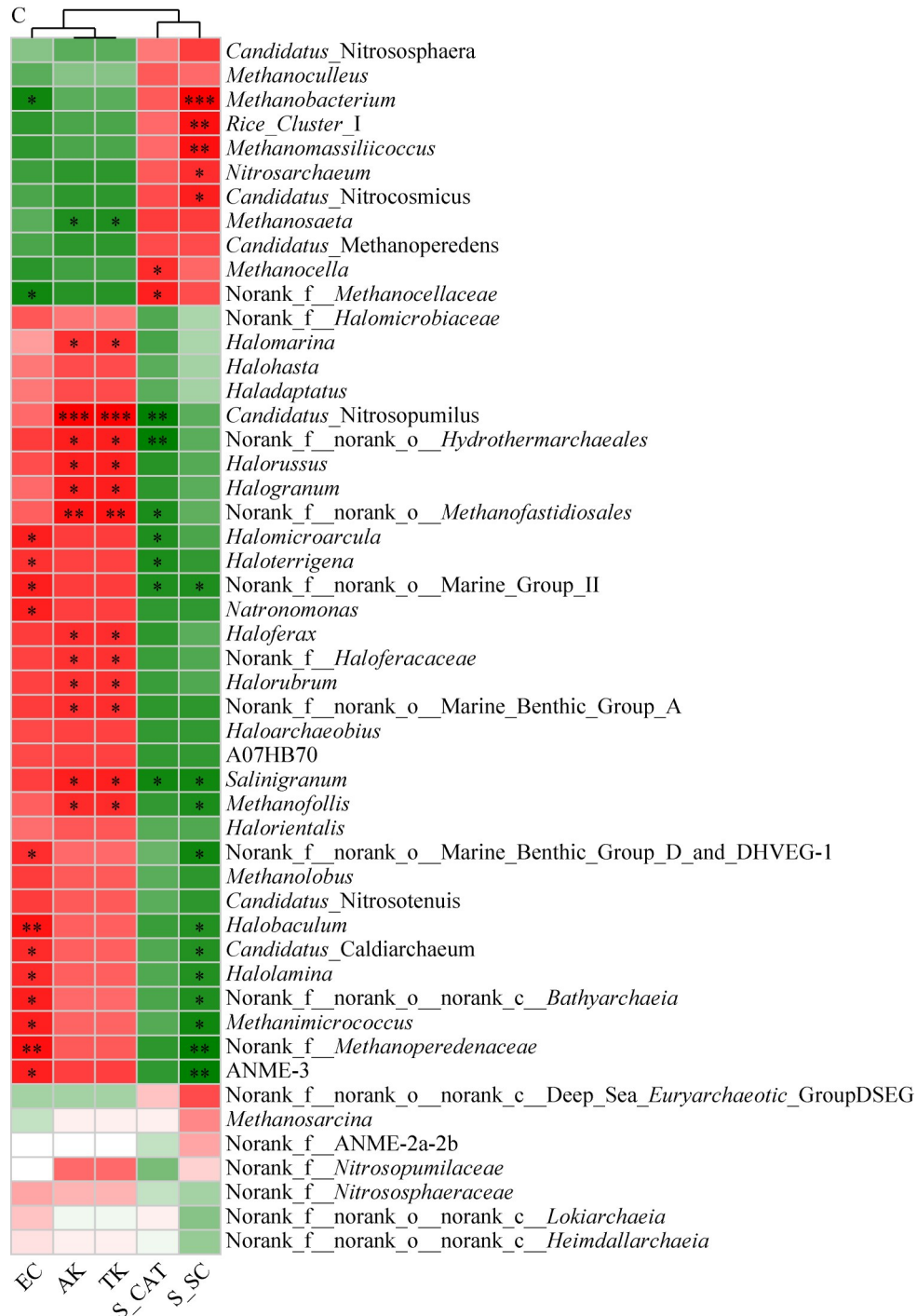


图5 细菌(A)、真菌(B)和古菌(C)在属水平对环境因子的相关性热图

Figure 5 Correlation heat map of bacteria (A), fungi (B), and archaea (C) to environmental factors at the genus level. *: $P \leq 0.05$; **: $P \leq 0.01$; ***: $P \leq 0.001$. The abscissa represents the environmental factors of the soil, and the ordinate represents the abundance information of the microbial community. Green means negative correlation, red means positive correlation. The deeper the color, the higher the correlation.

相关, 与土壤蔗糖酶活性呈负相关。无等级微颤菌科(norank_f_Microscillaceae)、霍普氏菌属(*Hoppeia*)、南极小杆菌属(*Antarcticibacterium*)、藤黄色单胞菌属(*Luteimonas*)和解多环芳烃菌属(*Polycyclovorans*)、黄杆菌属(*Flavobacterium*)、海洋杆菌属(*Pontibacter*)与电导率呈负相关, 而与土壤蔗糖酶活性呈正相关。无等级放线菌目(norank_f_norank_o_Actinomarinales)、噬甲基菌属(*Methylophaga*)、玫瑰杆菌属支系 NAC11-7(*Roseobacter*_clade_NAC11-7_lineage)、norank_f_unclassified 和吉莱氏菌属(*Gillisia*)与钾含量呈正相关, 与土壤过氧化氢酶活性呈负相关。砂单胞菌属(*Arenimonas*)和未分类丛毛单胞菌科(unclassified_f_Comamonadaceae)与钾含量呈负相关, 与土壤过氧化氢酶活性呈正相关。

真菌与环境因子的相关性热图如图 5B 所示。皮肤皮状新丝孢酵母(*Cutaneotrichosporon*)和未分类壶菌门(unclassified_p_Chytridiomycota)与电导率呈正相关, 与土壤蔗糖酶活性呈负相关。Guo 等^[44]的研究表明, 壶菌门(*Chytridiomycota*)对环境盐度敏感, 并提出真菌, 尤其是丝状真菌, 可以通过合成相容性的溶质(盐析策略)来平衡周围环境的渗透压^[45]。篮状菌属(*Talaromyces*)、附球菌属(*Epicoccum*)、木霉属(*Trichoderma*)、*Lundqvistomyces* 和无色穗孢属(*Achroiostachys*)与电导率呈负相关, 与土壤蔗糖酶活性呈正相关。有证据表明木霉属微生物能够减少脂质过氧化物的积累, 并诱导对氧化损伤的生理保护, 从而有效缓解植物盐胁迫^[46-48]。假阿利什霉属(*Pseudallescheria*)、柄孢壳菌属(*Podospira*)、未分类葡萄穗霉科(unclassified_f_Stachybotryaceae)、*Lecythophora* 和假散囊菌属(*Pseudeurotium*)与钾含量呈负相关, 与土壤过氧化氢酶活性呈正相关。

古菌与环境因子的相关性热图(图 5C)显示, 甲烷杆菌属(*Methanobacterium*)和未分类热源体纲(unclassified_c_Thermoplasmata)与电导率呈负相关。最近的研究证明, 热源体纲

(*Thermoplasmata*)中存在极端嗜盐古菌, 这些古菌已经进化出独特的策略来应对渗透胁迫^[49]。甲烷微球菌属(*Methanimicrococcus*)、厌氧甲烷氧化古菌 (ANME)-3、盐小盒菌属(*Halomicroarcula*)、盐土生古菌属(*Haloterrigena*)、无等级深古菌纲(norank_f_norank_o_norank_c_Bathyarchaeia)、norank_f_norank_o_Marine_Group_II、norank_f_norank_o_Marine Benthic Group D 和 DHVEG-1 与电导率呈正相关, 研究发现厌氧甲烷氧化古菌 (ANME)-3 在响应盐胁迫时会通过生成渗透压调节剂 N(ϵ)-乙酰- β -L-赖氨酸的应激反应途径^[50]。对于盐土生古菌属这类嗜盐微生物, 其胞外聚合物具有较好的絮凝效果, 且具有广谱的盐度耐受性^[51]。

分别对 5 个环境参数(电导率、速效钾、全钾、土壤蔗糖酶和土壤过氧化氢酶)和微生物群落进行 RDA 分析, 结果如图 6 所示。细菌的 RDA (图 6A)结果表明, 2 个主成分分别解释了方差的 74.45% 和 18.19%, 土壤蔗糖酶活性与细菌群落结构显著相关。真菌(图 6B)的 2 个主成分分别解释了方差的 60.09% 和 38.44%, 真菌群落与电导率和土壤蔗糖酶活性显著相关。古菌(图 6C)的 2 个主成分分别解释了方差的 95.00% 和 4.23%, 除土壤蔗糖酶外, 其余 4 个理化指标均与古菌群落显著相关。这表明排水洗盐对细菌群落的影响可能主要由有机质变化引起, 而洗盐导致的盐度变化会直接影响真菌和古菌群落, 但古菌群落的影响因素更为复杂。

结合 2.1 节和 2.2 节的分析, 排水洗盐后土壤蔗糖酶活性升高, 土壤有机质含量降低, 细菌中的放线菌门和真菌中的子囊菌门含量升高。这 2 类微生物与有机质的分解密切相关, 说明放线菌门和子囊菌门的丰度升高, 其分泌的蔗糖酶加速了土壤中有有机物的分解转化, 从而降低了部分土壤有机质含量, 与曹升等^[52]研究结果一致。

上述分析表明, 古菌群落结构与电导率、

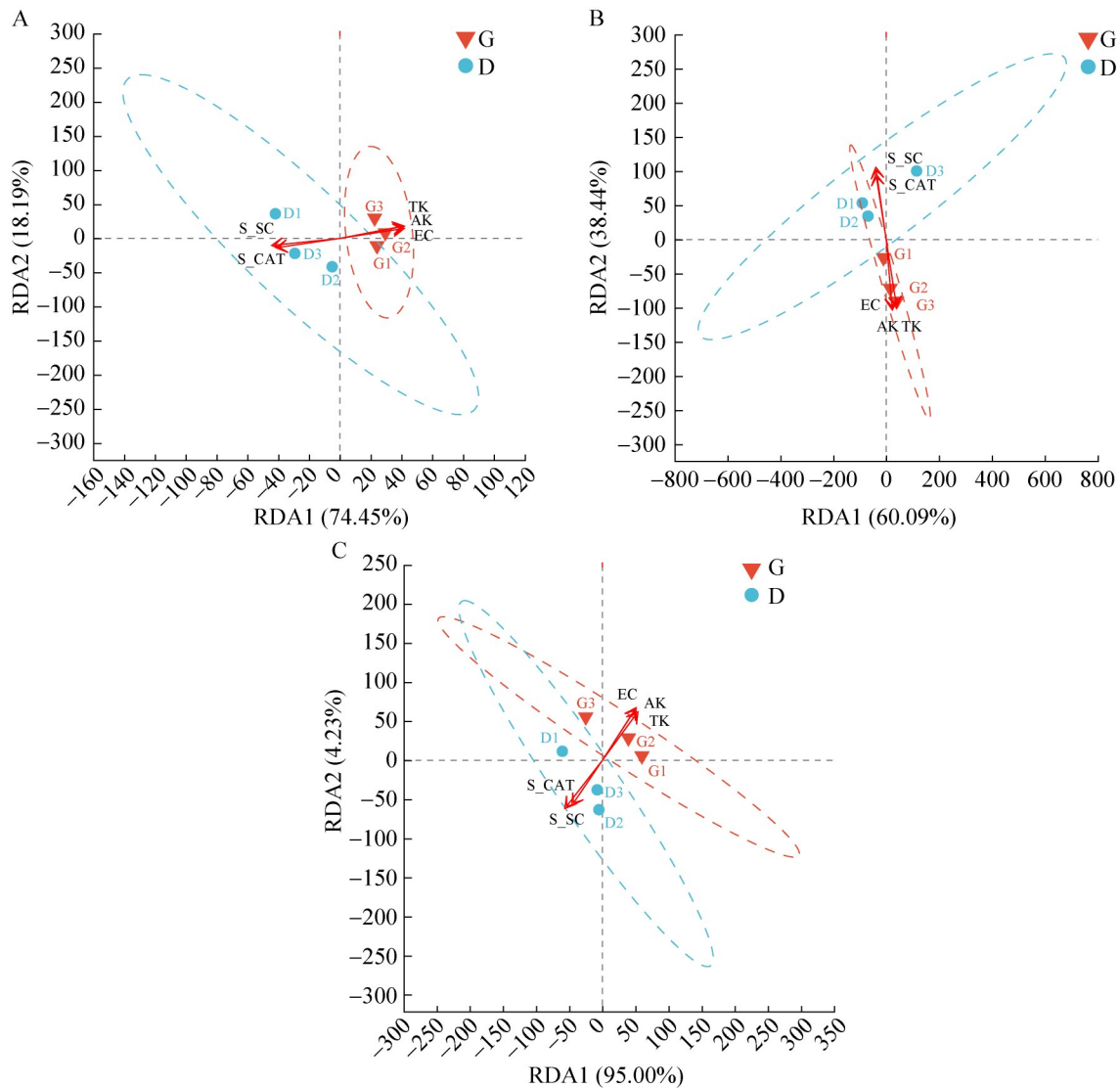


图6 细菌(A)、真菌(B)和古菌(C)在门水平对理化性质的RDA分析

Figure 6 RDA analysis of physicochemical properties of bacteria (A), fungi (B), and archaea (C) at the phylum level.

钾含量、土壤过氧化氢酶活性均显著相关。即使非嗜盐古菌在一定生长条件下，细胞内也能检测到高浓度的钾离子^[53]。这些钾离子在细胞受到适当刺激后会释放至胞外，当钾离子浓度升高时，会抑制各种酶的分泌或活性^[54]。洗盐前钾离子浓度较高，可能刺激古菌细胞释放钾离子，从而抑制包括过氧化氢酶在内的酶活性。排水洗盐后，电导率和钾含量降低，单价阳离子对酶的抑制作用减弱，酶活性升高。然而，

胞外钾离子浓度降低可能使细胞膜电位发生变化，阻碍古菌对某些营养物质的主动运输吸收，进而影响微生物的生长^[55]，导致古菌丰富度降低。

盐度会直接影响古菌群落^[56]。根据FAPROTAX功能预测(图7)，可以看到排水洗盐后，硝酸盐还原、硝酸盐呼吸、好氧氨氧化和硝化功能的丰度均降低，表明氨被氧化为硝酸盐或亚硝酸盐的能力减弱。进一步的硝酸盐呼

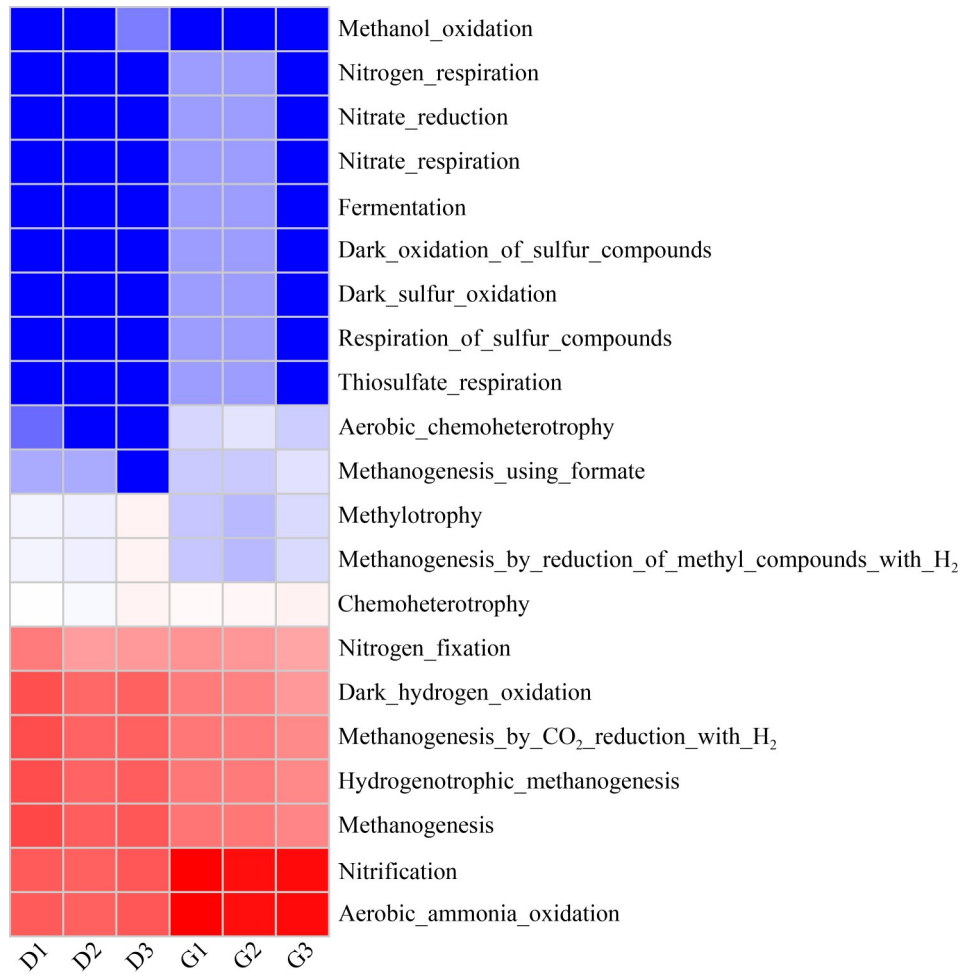


图7 古菌群落的FAPROTAX功能预测热图

Figure 7 Heatmap of FAPROTAX function prediction of archaeal community. The abscissa is the sample name, and the ordinate is the functional abundance information; The higher the abundance, the redder the color block.

吸作用使氮氧化物逐步生成氮气的的能力也减弱，导致氮元素更多地保留在土壤中，这可以从古菌的角度解释排水洗盐后碱解氮不降反增的原因。同样地，与硫化物相关功能的丰度也随排水洗盐而降低，说明古菌的生长代谢过程中对硫酸盐含量的贡献与盐度的高低有关。此外，研究发现盐度增加可能会引起甲烷排放减少^[50]。排水洗盐后，各种形式的产甲烷功能丰度均高于洗盐前，表明产甲烷古菌可能会利用土壤中的有机质进行甲烷生成，这从另一角度解释了排水洗盐后有机质含量降低的原因。

3 结论

排水洗盐是一种常见的盐碱地水利工程改良方法。本文比较研究了排水洗盐对滨海盐碱地土壤样品的理化性质和微生物群落结构的影响，并将不同土壤的微生物群落结构与土壤性质进行了相关性分析，得到以下结论。

(1) 排水洗盐降低了盐碱土壤的电导率、pH值、氮磷钾含量以及细菌和古菌的物种丰富度和物种多样性。然而，洗盐后土壤中蔗糖酶、过氧化物酶活性和真菌的物种丰富度和物种多样性在一定程度上有所升高。

(2) 通过各理化性质的相关性分析、环境因子相关性热图和冗余分析可知, 电导率与钾元素含量呈显著正相关性, 与土壤过氧化氢酶活性和土壤蔗糖酶活性呈显著负相关性。总磷含量与碱解氮含量呈负相关, 与钾含量呈正相关; 有效磷含量与土壤碱性磷酸酶活性呈完全负相关。借助功能预测发现, 真菌和古菌与电导率显著关联, 而古菌可能通过对盐度的适应来改变群落结构。同时, 排水洗盐可能间接影响了 N、S、C 元素的形态。

综上所述, 本研究在阐明盐碱土环境中微生物群落结构和功能方面, 以及揭示排水洗盐对盐碱地土壤性质和微生物群落影响机制方面取得了一定进展。此外, 本研究还为理解微生物在应对土壤改良技术时的响应机理提供了重要依据, 并加深了对极端环境中微生物生存策略及其在土壤生物地球化学循环中作用的认知。

然而, 本研究也发现排水洗盐存在不足之处。例如, 虽然淋洗土壤对降低盐碱有积极作用, 但也导致土壤中营养成分一定程度的流失。因此, 在未来的研究中, 可以进一步探索以下方向: 首先, 深入研究排水洗盐与其他改良措施的协同作用机制。通过结合不同的改良措施(如添加有机物质、施加无机肥料等), 可以更全面地评估盐碱地土壤改良的效果, 并优化改良策略。其次, 开展长期监测研究, 以揭示排水洗盐后土壤性质和微生物群落的动态变化。通过长期跟踪观察可以更准确地了解排水洗盐对土壤生态系统的影响, 并预测其长期效果。

作者贡献声明

程瑜: 样品采集, 实验安排、调查, 初稿撰写; 白婷: 数据分析, 图片绘制, 初稿撰写; 胡建: 数据管理、调查; 杨晋炜: 数据处理; 刘强: 数据收集; 葛云: 数据处理; 肖昕: 论文修改; 周志林: 论文修改; 何环: 论文思想、框架指导, 撰写与修改。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

- [1] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 唐璐, 郭长虹. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, 36(3): 740-747.
DU YX, XIE BM, CAI HS, TANG L, GUO CH. Structural and functional diversity of rhizosphere microbial community of nine plant species in the Daqing saline-alkali soil region[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(3): 740-747 (in Chinese).
- [2] COBAN O, de DEYN GB, van der PLOEG M. Soil microbiota as game-changers in restoration of degraded lands[J]. Science, 2022, 375(6584): abe0725.
- [3] CHOUDHARY M, JAT HS, MUKHOPADHYAY R, KAKRALIYA M, POONIA T, PHOGAT A, DIXIT B, KUMAR R, ARORA S, YADAV RK, KRISHNAMURTHY SL, SHARMA PC. Functional diversity and behavioral changes of microbial communities under salt affected soils[J]. Applied Soil Ecology, 2023, 190: 105017.
- [4] 陈瑞蕊, 张建伟, 董洋, 林先贵, 冯有智. 盐度对滨海土壤细菌多样性和群落构建过程的影响[J]. 应用生态学报, 2021, 32(5): 1816-1824.
CHEN RR, ZHANG JW, DONG Y, LIN XG, FENG YZ. Effects of salinity on soil bacterial diversity and assembly processes in coastal soils[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021, 32(5): 1816-1824 (in Chinese).
- [5] ASKRI B, KHODMI S, BOUHLILA R. Impact of subsurface drainage system on waterlogged and saline soils in a Saharan palm grove[J]. Catena, 2022, 212: 106070.
- [6] 林耀奔, 杨建辉, 叶艳妹. 盐碱地不同土地利用方式下土壤细菌群落结构多样性差异分析[J]. 环境科学学报, 2019, 39(4): 1266-1273.
LIN YB, YANG JH, YE YM. Analysis on diversity of soil bacterial community under different land use patterns in saline-alkali land[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2019, 39(4): 1266-1273 (in Chinese).
- [7] 赵英, 王丽, 赵惠丽, 陈小兵. 滨海盐碱地改良研究现状及展望[J]. 中国农学通报, 2022, 38(3): 67-74.
ZHAO Y, WANG L, ZHAO HL, CHEN XB. Research status and prospects of saline-alkali land amelioration in the coastal region of China[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2022, 38(3): 67-74 (in Chinese).
- [8] LI J. Research status of different improvement measures for saline-alkali land[J]. E3S Web of Conferences, 2022, 338: 01038.
- [9] 孙卿. 盐碱土壤改良措施与效益分析[J]. 农业与技术, 2022, 42(15): 78-81.
SUN Q. Improvement measures and benefit analysis of saline-alkali soil[J]. Agriculture and Technology, 2022, 42(15): 78-81 (in Chinese).

- [10] CHEN WW, LIU Z. Research progress on improvement of saline alkali soil[J]. *Frontiers in Science and Engineering*, 2023, 3(3): 36-42.
- [11] 谭海霞, 彭红丽, 葛振宇, 王连龙, 徐延平, 李丽艳. 盐碱土壤修复菌剂对耐盐蒲公英根际土壤微生物群落多样性的影响[J]. *农业生物技术学报*, 2023, 31(1): 156-164. TAN HX, PENG HL, GE ZY, WANG LL, XU YP, LI LY. Effects of salt-alkali soil remediation agents on microbial community diversity in salt-tolerant dandelion (*Taraxacum mongolicum*) rhizosphere soil[J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2023, 31(1): 156-164 (in Chinese).
- [12] 张京磊, 王国良, 吴波, 贾春林, 张进红, 周圆, 马冰. 滨海盐碱地苜蓿-小黑麦轮作对土壤细菌和真菌群落多样性与网络结构的影响[J]. *生态环境学报*, 2024, 33(7): 1048-1062. ZHANG JL, WANG GL, WU B, JIA CL, ZHANG JH, ZHOU Y, MA B. The effects of alfalfa-*Triticale* rotation on soil bacterial and fungal community diversity and co-occurrence network in coastal saline-alkaline soil[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2024, 33(7): 1048-1062 (in Chinese).
- [13] 李硕, 吴振超, 康杰, 葛菁萍. 土壤微生物群落组装策略在改良盐碱化土壤中的应用研究[J]. *黑龙江大学自然科学学报*, 2024, 41(5): 505-512. LI S, WU ZC, KANG J, GE JP. Application of soil microbial community assembly strategy in improving saline-alkali soil [J]. *Journal of Natural Science of Heilongjiang University*, 2024, 41(5): 505-512 (in Chinese).
- [14] LIU RN, LIANG BJ, ZHAO HL, ZHAO Y. Impacts of various amendments on the microbial communities and soil organic carbon of coastal saline-alkali soil in the Yellow River Delta[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1239855.
- [15] HUANG ZC, BIAN FY, WANG ZG, ZHU JR, ZHANG XP, WANG J, GAI X, ZHONG ZK. Microorganisms facilitated the saline-alkali soil remediation by biochar: soil properties, microbial communities, and plant responses[J]. *Land Degradation & Development*, 2024, 35(11): 3567-3578.
- [16] 章二子, 陈竞楠, 黄艳, 田颖, 金秋, 侯毛毛. 不同暗管间距与生物有机肥施用对盐碱地 N₂O 排放的影响研究[J]. *节水灌溉*, 2025(2): 15-20, 27. ZHANG EZ, CHEN JN, HUANG Y, TIAN Y, JIN Q, HOU MM. Effects of different subsurface pipe spacing and bio-organic fertilizer application on N₂O emissions from saline-alkali land[J]. *Water-Saving Irrigation*, 2025(2): 15-20, 27 (in Chinese).
- [17] 田雨雨, 李东伟, 曲子良, 荆锐, 赵青青, 周新国. 生物炭协同暗管排水对滨海盐碱土壤微生物群落的影响[J]. *灌溉排水学报*, 2024, 43(4): 82-89. TIAN YY, LI DW, QU ZL, JING R, ZHAO QQ, ZHOU XG. Effect of biochar amendment and subsurface drainage on microbial communities in saline coastal soils[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2024, 43(4): 82-89 (in Chinese).
- [18] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000, 30-297.
- [19] 国家林业局. 森林土壤钾的测定: LY/T 1234—2015[S]. 北京: 中国标准出版社, 2016. State Forestry Administration of the People's Republic of China. Potassium determination methods of forest soils: LY/T 1234—2015[S]. Beijing: Standards Press of China, 2016 (in Chinese).
- [20] ZHANG WT, MO QY, HUANG ZX, SABAR MA, MEDUNIĆ G, IVOŠEVIĆ T, HE H, URYNOWICZ M, LIU FJ, GUO HG, HAIDER R, ALI MI, JAMAL A. Contaminants from a former Croatian coal sludge dictate the structure of microbiota in the estuarine (Raša Bay) sediment and soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1126612.
- [21] YANG DH, TANG L, CUI Y, CHEN JX, LIU L, GUO CH. Saline-alkali stress reduces soil bacterial community diversity and soil enzyme activities[J]. *Ecotoxicology*, 2022, 31(9): 1356-1368.
- [22] 解雪峰, 徐梓晴, 田再洋, 卜心国, 徐飞, 梁晶, 濮励杰. 不同改良物质添加对滨海盐碱地土壤重金属及酶活性的影响[J]. *环境科学*, 2023, 44(10): 5649-5656. XIE XF, XU ZQ, TIAN ZY, BU XG, XU F, LIANG J, PU LJ. Effects of supplementation of different amendments on soil heavy metals and enzyme activities in coastal saline land[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(10): 5649-5656 (in Chinese).
- [23] SHI SH, TIAN L, NASIR F, BAHADUR A, BATOOL A, LUO SS, YANG F, WANG ZC, TIAN CJ. Response of microbial communities and enzyme activities to amendments in saline-alkaline soils[J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, 135: 16-24.
- [24] 康貽军, 胡健, 杨小兰, 沈敏, 薛菲. 盐碱地土壤微生物对不同改良方法的响应[J]. *微生物学杂志*, 2008, 28(5): 102-105. KANG YJ, HU J, YANG XL, SHEN M, XUE F. Responses of saline-alkali soil microorganisms to different ameliorative methods[J]. *Journal of Microbiology*, 2008, 28(5): 102-105 (in Chinese).
- [25] 刘冰冰, 唐蜀昆, 明红, 何松涛, 聂国兴, 关统伟, 张利莉, 李文均. 新疆罗布泊地区可培养嗜盐古菌多样性及其功能酶筛选[J]. *微生物学报*, 2011, 51(9): 1222-1231. LIU BB, TANG SK, MING H, HE ST, NIE GX, GUAN TW, ZHANG LL, LI WJ. Biodiversity and functional enzymes of cultured halophilic archaeon in Lop Nur region[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2011, 51(9): 1222-1231 (in Chinese).
- [26] 戴良香, 徐扬, 张冠初, 史晓龙, 秦斐斐, 丁红, 张智猛. 花生根际土壤细菌群落多样性对盐胁迫的响应[J]. *作物学报*, 2021, 47(8): 1581-1592. DAI LX, XU Y, ZHANG GC, SHI XL, QIN FF, DING H, ZHANG ZM. Response of rhizosphere bacterial community diversity to salt stress in peanut[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2021, 47(8): 1581-1592 (in Chinese).
- [27] 郑志玉, 郭晓雯, 闵伟. 不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应[J]. *环境科学*, 2024, 45(1): 520-529. ZHENG ZY, GUO XW, MIN W. Response of soil fungal

- community to biochar application under different irrigation water salinity[J]. *Environmental Science*, 2024, 45(1): 520-529 (in Chinese).
- [28] ZHANG L, TANG C, YANG JS, YAO RJ, WANG XP, XIE WP, GE AH. Salinity-dependent potential soil fungal decomposers under straw amendment[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 891: 164569.
- [29] 颜培, 杜远达, 姜爱霞, 郭笃发. 黄河三角洲土壤真菌群落结构及互作网络对盐度的响应[J]. *分子植物育种*, 2021, 19(11): 3818-3828.
- YAN P, DU YD, JIANG AX, GUO DF. Response of soil fungal community structures and interaction networks to salinity in the Yellow River Delta[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(11): 3818-3828 (in Chinese).
- [30] 周振玲. 耐盐性不同水稻品种对盐胁迫响应的机制与调控[D]. 扬州: 扬州大学博士学位论文, 2023.
- ZHOU ZL. Mechanism and regulation of response of rice varieties with different salt tolerance to salt stress[D]. Yangzhou: Doctoral Dissertation of Yangzhou University, 2023 (in Chinese).
- [31] 石春芳. 沼渣对盐碱化土壤微生物群落结构与功能的影响[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学博士学位论文, 2018.
- SHI CF. Effect of biogas residue on microbial community structure and function in saline-alkali soil[D]. Hohhot: Doctoral Dissertation of Inner Mongolia University, 2018 (in Chinese).
- [32] JI LD, XU X, ZHANG FJ, SI HL, LI L, MAO GL. The preliminary research on shifts in maize rhizosphere soil microbial communities and symbiotic networks under different fertilizer sources[J]. *Agronomy*, 2023, 13(8): 2111.
- [33] 张静, 王清, 李晓茹, 孙铁, 戚倩颖. 利用硫氧化细菌改良盐碱土[J]. *吉林大学学报(地球科学版)*, 2009, 39(1): 147-151.
- ZHANG J, WANG Q, LI XR, SUN T, QI QY. Research on improving the saline-sodic soil by sulfur-oxidizing bacteria[J]. *Journal of Jilin University (Earth Science Edition)*, 2009, 39(1): 147-151 (in Chinese).
- [34] COOPER ZS, RAPP JZ, SHOEMAKER AMD, ANDERSON RE, ZHONG ZP, DEMING JW. Evolutionary divergence of *Marinobacter* strains in cryopeg brines as revealed by pangenomics[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 879116.
- [35] PARK YL, CHOI TR, HAN YH, SONG HS, PARK JY, BHATIA SK, GURAV R, CHOI KY, KIM YG, YANG YH. Effects of osmolytes on salt resistance of *Halomonas socia* CKY01 and identification of osmolytes-related genes by genome sequencing[J]. *Journal of Biotechnology*, 2020, 322: 21-28.
- [36] JANVIER M, GRIMONT PA. The genus *Methylophaga*, a new line of descent within phylogenetic branch gamma of Proteobacteria[J]. *Research in Microbiology*, 1995, 146(7): 543-550.
- [37] 舒志万, 王智博, 陶宇杰, 王嵘, 沈国平, 邢江娃, 朱德锐. 盐单胞菌假定蛋白基因的功能预测与克隆表达及耐盐相关性[J/OL]. *生物学杂志*, 2023, 40(6): 12-18.
- SHU ZW, WANG ZB, TAO YJ, WANG R, SHEN GP, XING JW, ZHU DR. Functional prediction, cloning and expression of hypothetical protein gene of *Halomonas* and its correlation with salt tolerance[J/OL]. *China Industrial Economics*, 2023, 40(6): 12-18 (in Chinese).
- [38] ZUO GY. Kinetics and microbial ecology of two salt-tolerant perchlorate-reducing enrichment cultures[D]. United States - Texas: University of Houston, 2008.
- [39] QIN W, MARTENS-HABBENA W, KOBELT J, STAHL D. Candidatus *Nitrosopumilus*[M]. 2016: 1-9.
- [40] 陈闻, 吴海平, 王晶, 张玲. 舟山海岛地区土壤盐分与电导率的关系[J]. *浙江农业科学*, 2016, 57(9): 1555-1557.
- CHEN W, WU HP, WANG J, ZHANG L. Relationship between soil salinity and electrical conductivity in Zhoushan island area[J]. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2016, 57(9): 1555-1557 (in Chinese).
- [41] 朱虹颖, 靳振江, 张晓文, 秦广法, 陈伟坚, 熊建华. 岩溶区与非岩溶区稻田土壤磷含量与碱性磷酸酶活性比较[J]. *农业资源与环境学报*, 2024, 41(5): 1083-1090.
- ZHU HY, JIN ZJ, ZHANG XW, QIN GF, CHEN WJ, XIONG JH. Comparison of soil phosphorus content and alkaline phosphatase activity in paddy fields in Karst and non-karst areas[J]. *Journal of Agricultural Resources and Environment*, 2024, 41(5): 1083-1090 (in Chinese).
- [42] 郭晓雯, 刘佳炜, 郑志玉, 闵伟. 全生育期咸水滴灌对土壤盐分累积和棉花生长的影响[J]. *干旱区研究*, 2022, 39(6): 1952-1965.
- GUO XW, LIU JW, ZHENG ZY, MIN W. Effects of saline water drip irrigation on soil salt accumulation and cotton growth during the whole growth period[J]. *Arid Zone Research*, 2022, 39(6): 1952-1965 (in Chinese).
- [43] PHILIPPOT L, CHENU C, KAPPLER A, RILLIG MC, FIERER N. The interplay between microbial communities and soil properties[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2024, 22(4): 226-239.
- [44] GUO SY, GARETH JONES EB, CHIANG MWL, PANG KL. Salinity and temperature affect growth rate of *Alphamyces chaetifer* and *Gorgonomycetes haynaldii* (Chytridiomycota) isolated from coastal habitats of Taiwan, China[J]. *Botanica Marina*, 2023, 66(4): 345-352.
- [45] GARETH JONES EB, RAMAKRISHNA S, VIKINESWARY S, DAS D, BAHKALI AH, GUO SY, PANG KL. How do fungi survive in the sea and respond to climate change?[J]. *Journal of Fungi*, 2022, 8(3): 291.
- [46] BROTMAN Y, LANDAU U, CUADROS-INOSTROZA Á, TOHGE T, FERNIE AR, CHET I, VITERBO A, WILLMITZER L. *Trichoderma*-plant root colonization: escaping early plant defense responses and activation of the antioxidant machinery for saline stress tolerance[J]. *PLoS Pathogens*, 2013, 9(3): e1003221.
- [47] MASTOURI F, BJÖRKMAN T, HARMAN GE. Seed treatment with *Trichoderma harzianum* alleviates biotic, abiotic, and physiological stresses in germinating seeds and seedlings[J]. *Phytopathology*, 2010, 100(11): 1213-1221.
- [48] CONTRERAS-CORNEJO HA, MACÍAS-RODRÍGUEZ L, ALFARO-CUEVAS R, LÓPEZ-BUCIO J. *Trichoderma* spp. improve growth of *Arabidopsis* seedlings under salt stress through enhanced root development, osmolite production, and Na⁺ elimination through root exudates[J]. *Molecular Plant-Microbe*

- Interactions, 2014, 27(6): 503-514.
- [49] BAKER BA, GUTIÉRREZ-PRECIADO A, del RÍO ÁR, McCARTHY CGP, LÓPEZ-GARCÍA P, HUERTA-CEPAS J, SUSKO E, ROGER AJ, EME L, MOREIRA D. Expanded phylogeny of extremely halophilic archaea shows multiple independent adaptations to hypersaline environments[J]. *Nature Microbiology*, 2024, 9(4): 964-975.
- [50] ECHEVESTE MEDRANO MJ, LEU AO, PABST M, LIN YM, McILROY SJ, TYSON GW, van EDE J, SÁNCHEZ-ANDREA I, JETTEN MSM, JANSEN R, WELTE CU. Osmoregulation in freshwater anaerobic methane-oxidizing archaea under salt stress[J]. *The ISME Journal*, 2024, 18(1): wrac137.
- [51] 刘冰冰, 王双雨, 申亚淇, 赵栩, 程爽, 王来友, 郭书贤, 李文均. 乌勇布拉克盐湖嗜盐古菌絮凝效果筛选及活性检测[J]. *微生物学报*, 2022, 62(11): 4095-4107.
LIU BB, WANG SY, SHEN YQ, ZHAO X, CHENG S, WANG LY, GUO SX, LI WJ. Flocculation effect and activity of halophilic archaea isolated from Uyong Brac salt lake[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(11): 4095-4107 (in Chinese).
- [52] 曹升, 潘菲, 林根根, 张燕林, 周垂帆, 刘博. 不同林龄杉木林土壤细菌群落结构与土壤酶活性变化研究[J]. *生态学报*, 2021, 41(5): 1846-1856.
CAO S, PAN F, LIN GG, ZHANG YL, ZHOU CF, LIU B. Changes of soil bacterial structure and soil enzyme activity in Chinese fir forest of different ages[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(5): 1846-1856 (in Chinese).
- [53] MARTIN DD, CIULLA RA, ROBERTS MF. Osmoadaptation in archaea[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1999, 65(5): 1815-1825.
- [54] SHPORER M, CIVAN MM. Pulsed nuclear magnetic resonance study of ³⁹K within halobacteria[J]. *The Journal of Membrane Biology*, 1977, 33(3/4): 385-400.
- [55] JENSEN MW, MATLOCK SA, REINHEIMER CH, LAWLOR CJ, REINHEIMER TA, GORRELL A. Potassium stress growth characteristics and energetics in the haloarchaeon *Haloarcula marismortui*[J]. *Extremophiles*, 2015, 19(2): 315-325.
- [56] LI Y, WANG J, LI EY, YANG XD, YANG JJ. Shifts in microbial community structure and co-occurrence network along a wide soil salinity gradient[J]. *Microorganisms*, 2024, 12(7): 1268.