翟 杰,杨树青,刘 月,等.微生物菌肥施用下微咸水灌溉对盐碱土理化性质与细菌群落的影响 [J]. 中国环境科学, 2025,45(12):6749-6761.
Zhai J, Yang S Q, Liu Y, et al. Effects of irrigation with brackish-water on the physicochemical properties and bacterial community of saline-alkali soils under microbial fertilizer application [J]. China Environmental Science, 2025,45(12):6749-6761.

# 微生物菌肥施用下微咸水灌溉对盐碱土理化性质与细菌群落的影响

翟 杰[1],杨树青[1*],刘 月[1,2],陈 玓[1] (1.内蒙古农业大学水利与土木建筑工程学院,内蒙古 呼和浩特 010018；2.通辽职业学院农牧系,内蒙古 通辽 028000)

**摘要**：为探究微生物菌肥施用下微咸水减量灌溉对土壤盐碱化趋势、微生物群落结构与功能的影响,并提出优化灌溉策略,基于河套灌区中度盐渍土,以枸杞为指示作物,开展了微生物菌肥施用下微咸水减量灌溉(W1:180mm、W2:240mm、W3:300mm、CK:330mm)的田间试验.结果表明:相较 CK 处理,W2 处理全盐量在果实膨大期至落叶期降低 56.77%,$Na^+$含量降低 55.87%(除开花期),$K^+$、$Ca^{2+}$、$Mg^{2+}$等产量形成关键期降幅达 45.29%~78.28%,土壤钠吸附比(SAR)在果实膨大期和落叶期分别下降 33.65%和 54.23%.在生育前期 W1 处理使土壤 pH 较 CK 显著升高 3.63%($P$<0.05),但中后期各处理差异不显著($P$<0.05).微生物群落以变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门为优势菌门,优势菌属为鞘氨醇单胞菌属和假单胞菌属.W2 处理使酸杆菌门提升 28.09%($P$<0.05),新鞘氨醇菌属在果实膨大期的相对丰度较 CK 提升显著,且该菌属与 $Cl^-$含量($P$<0.05)及 SAR 值($P$<0.05)显著负相关.在微咸水灌溉下,W2 处理显著富集了解淀粉芽孢杆菌(较 CK 增幅 57.6%, $P$<0.05)并在盛果期促使胶胨样类芽孢杆菌累积.两菌均在落叶期保持富集.功能预测显示化能异养和需氧化能异养为微生物群落主要功能.微咸水减量灌溉使碳氮循环功能菌群丰度分别提升 8.25%和 36.31%.冗余分析(RDA)表明 $K^+$、$Mg^{2+}$、$Cl^-$、$Na^+$是驱动菌群结构变化的关键因子.基于主成分分析(PCA)的土壤质量指数(SQI)发现,灌溉需求因枸杞生长发育阶段而异:开花期 W3 处理 SQI 提升 14.46%,而果实膨大期至落叶期 W2 处理 SQI 增幅达 381.11%,基于 SQI—灌水量模型提出微生物菌肥协同下的适宜微咸水灌水量为 240~260mm.

**关键词**：微咸水；微生物菌肥；细菌群落；土壤理化性质；盐碱土
**中图分类号**：X172 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)12-6749-13

**Effects of irrigation with brackish-water on the physicochemical properties and bacterial community of saline-alkali soils under microbial fertilizer application.**

ZHAI Jie[1], YANG Shu-qing[1*], LIU Yue[1,2], CHEN Yu[1] (1.College of Water Conservancy and Civil Engineering, Inner Mongolia Agricultural University, Hohhot 010018, China；2.Faculty of Agriculture and Animal Husbandry, Tongliao Vocational College, Tongliao 028000, China). *China Environmental Science*, 2025,45(12)：6749~6761

**Abstract**：To evaluate the effects of brackish-water deficit irrigation combined with microbial fertilizer on soil salinization, microbial community structure, and predicted functions, a field experiment was conducted on moderately saline-alkaline soils in the Hetao Irrigation District using *Lycium barbarum* as the indicator crop. Brackish water irrigation depths were set under microbial fertilizer application (W1: 180mm, W2: 240mm, W3: 300mm, CK: 330mm). It was found that, compared with CK, total soil salinity under W2 was reduced by 56.77% from the fruit expansion to defoliation stages, and $Na^+$ was reduced by 55.87% (excluding the flowering stage). During critical yield-formation stages, $K^+$, $Ca^{2+}$ and $Mg^{2+}$ were decreased by 45.29%~78.28%. The sodium adsorption ratio (SAR) was decreased by 33.65% and 54.23% at the fruit expansion and leaf drop stages, respectively. In early growth stage, soil pH was increased by 3.63% under W1($P$<0.05), whereas no significant differences among treatments were detected thereafter ($P$>0.05). The bacterial community was dominated by *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, and *Acidobacteria*, with *Sphingomonas* and *Pseudomonas* as predominant genera. Under W2, the relative abundance of *Acidobacteria* was increased by 28.09% ($P$<0.05), and during the fruit expansion stage the relative abundance of *Sphingomonas* was significantly higher than under CK; this genus was significantly negatively with $Cl^-$ content ($P$<0.05) and SAR value ($P$<0.01). Under brackish water irrigation, *Bacillus amyloliquefaciens* was selectively enriched under W2 (57.6% relative to CK; $P$<0.05), and accumulation of *Paenibacillus mucilaginosus* at the peak fruiting stage was promoted; enrichment of both taxa was maintained through defoliation.Functional prediction indicated that chemoheterotrophy and aerobic chemoheterotrophy were the primary community functions, and the abundances of carbon- and nitrogen-cycling functional groups were increased by 8.25% and 36.31%, respectively, under deficit brackish-water irrigation. Redundancy analysis (RDA) indicated that $K^+$, $Mg^{2+}$, $Cl^-$, and $Na^+$ were the key drivers of microbial

**收稿日期**：2025-05-08
**基金项目**：国家自然科学基金资助项目(52179037,52069023);一流学科科研专项项目(YLXKZX-NND-022)
* 责任作者, 教授, nmndysq@126.com

community variation, with a cumulative explanatory rate of 54.65%. The soil quality index (SQI) based on principal component analysis (PCA) indicated stage-dependent irrigation demand: at the flowering stage, W3increased SQI by 14.46%, whereas from the fruit expansion to defoliation, SQI under the W2 increased by 381.11%. On the basis of the SQI-irrigation volume model, an optimal brackish-water irrigation depth of 240~260mm under microbial fertilizer application was proposed.

**Key words**：brackish-water；microbial fertilizer；bacterial community；soil physicalchemical properties；saline-alkaline soils

河套灌区是我国西北重要粮食生产基地,但面临淡水资源紧缺问题,下游区域尤其难以满足农业生产需要.该地区微咸水储量丰富,合理利用可有效缓解当地淡水资源不足困境.而微咸水在为作物生长提供水分的同时,携带的盐离子会导致土壤盐分积累,长期灌溉会引起土壤盐渍化问题,威胁土壤的可持续利用[1].研究表明,长期微咸水灌溉提高土壤含盐量144.44%,土壤容重增加5.85%,且土壤水分入渗率降低 51.77%~65.26%($P$<0.05)[2-4].当灌溉水盐度小于 8.8dS/m 时可有效缓解主根层盐分积聚[5],而微咸水灌溉对土壤 pH 值的相关研究结果存在差异[6-8].此外,微咸水灌溉会改变土壤离子组成,导致土壤团聚体稳定性下降[9].但仅关注土壤理化性质难以反应土壤生命系统的动态,微生物作为土壤元素循环的关键驱动者,其群落结构变化直接影响土壤生态系统功能.微咸水灌溉显著改变细菌群落组成,显著提高放线菌、绿弯菌、芽单胞菌和厚壁菌等类群相对丰度,而变形菌、酸杆菌、蓝细菌和硝化螺旋菌的相对丰度降低[10].特定情况下,放线菌和厚壁菌相对丰度会呈相反趋势[11].此外,微咸水灌溉还会抑制土壤酶活性并显著影响土壤微生物群落的结构及多样性[12-14].微生物菌肥通过嗜盐微生物可降低土壤盐离子浓度,改善盐碱土的理化性质和微生物数量[15-17],实现土壤质量的提升.

关于单独微咸水灌溉对土壤理化性质、微生物等影响成果较多[18-20],而微生物菌肥施用下微咸水减量灌溉对盐碱土壤修复,尤其是在枸杞关键物候期土壤微生态的动态响应规律研究较少.基于此,本研究以枸杞为指示作物,在施加微生物菌肥条件下通过减少微咸水灌水量,明晰盐碱土壤理化性质变化,探究生育期内土壤细菌多样性、群落结构和功能的响应特征,揭示土壤理化性质与土壤微生物之间的互作机制,据此构建基于 SQI−微生物菌肥协同调控的优化灌溉方案,进而提升土壤质量并缓解盐分负荷,为维护河套灌区农田土壤生态健康提供科学依据.

## 1 材料与方法

### 1.1 试验区概况

试验区位于内蒙河套灌区下游三湖河灌域的红卫试验基地(108°45'~109°36'E,40°30'~40°40'N).研究区属中温带大陆性多风干旱气候,年平均降水量、蒸发量、气温分别为 270mm、2383mm、7.9°C,无霜期 146d,≥10°C 有效积温 3 200°C.研究区土壤属中度盐碱地(表 1),试验区 0~20cm 土壤的主要理化性质如下:EC 为 1.25mS/cm,pH 值为 7.7,有机质含量 15.348g/kg,水解氮、速效磷、速效钾含量分别为 190.1,53.4 和 348.5mg/kg,田间持水量为 30.26%.试验采用微咸水灌溉,其水质特征为:矿化度 3.84g/L(全盐量为 3840mg/L)、电导率 4.53mS/cm、pH 值 8.27.

**表 1 主要盐基离子含量**(mg/kg)

Table 1 Content of main base ions(mg/kg)

| 项目 | $Na^+$+$K^+$ | $Ca^{2+}$ | $Mg^{2+}$ | $Cl^-$ | $SO_4^{2-}$ | $HCO_3^-$ |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 土壤 | 1414.5 | 360.72 | 328.05 | 2534.68 | 1488.93 | 244.08 |
| 微咸水 | 1087.5 | 110.2 | 103.3 | 721.6 | 1176.7 | 640.7 |

### 1.2 供试材料

供试枸杞为 6 年生“宁杞 9 号”,栽培密度为 1m×1m.根据枸杞干物质积累规律,将果实膨大期至盛果期界定为产量形成关键期.基肥在 5 月一次性施入,氮、磷、钾施用量为 375, 300, 225kg/hm$^2$(无追肥).试验选用山东土秀才生物科技有限公司“不二菌碳”微生物菌肥,该菌肥以腐殖酸为底物,有效活菌数为 20 亿/g,含有解淀粉芽孢杆菌、胶胨样类芽孢杆菌等复合菌种.根据厂商推荐,微生物菌肥灌水冲施,施用量 75kg/hm$^2$.

### 1.3 试验设计

本试验采取畦田灌溉,在施加微生物菌肥基础上设置 3 个微咸水灌水量梯度:W1(180mm)、W2(240mm)和 W3(300mm),并以当地常规灌溉 CK(330mm)为对照(所有处理均采用当地地下微咸水

灌溉).生育期内(5 月中旬、7 月上旬和 7 月末)实施 3 次等量微咸水灌溉.试验采用随机布设,共设 12 个规格 2m×10m 的小区(3 重复×4 处理),小区间用 120cm 隔水板做地下防渗隔离,行间设保护带.

### 1.4　样品采集与测定方法

在枸杞开花期(6 月 13 日)、果实膨大期(7 月 8 日)、盛果期(8 月 5 日)及落叶期(10 月 24 日)4 个生育期,在每小区内随机采集 0~20cm 土样,经烘干、研磨过 1mm 筛后用于土壤盐离子分析.同一处理下的 3 个小区中随机采集 3 个采样点,去除杂物后,将同一小区的 3 个点位等比例混合并均质,置于无菌袋中、冰盒带回实验室.每处理每生育期共获得 3 份复合样本,用于后续 16S rRNA 测序.

**1.4.1　土壤理化性质测定**　《森林土壤水溶性盐分分析(LT/T 12511999)》[21]测定八大离子含量($Na^+$+$K^+$、$Mg^{2+}$、$Ca^{2+}$、$Cl^-$、$SO_4^{2-}$、$HCO_3^{2-}$和$HCO_3^-$),使用火焰分光光度计测定土壤中 $Na^+$和 $K^+$含量,八大离子之和为土壤全盐量.

**1.4.2　土壤 SAR 计算**　钠吸附比是表征土壤碱化的重要指标,其计算方法如下:

$$SAR=\frac{\left[Na^+\right]}{\sqrt{\frac{\left[Ca^{2+}+Mg^{2+}\right]}{2}}} \tag{1}$$

式中:离子单位均为 mmol/L;SAR 单位为 $(mmol/L)^{1/2}$.

**1.4.3　高通量测序**　土壤细菌高通量测序委托上海生工生物工程有限公司完成.

1)DNA 提取　称取 200~500mg 土壤样品,放入灭菌的 2mL 离心管中,加入 1×PBS 溶液,振荡混匀,在转速 10000r/min 室温离心 3min,弃置上层液体.倒置 2mL 管于吸水纸上 1min,直至没有液体流出.采用 E.Z.N.™ Mag−Bind Soil DNA Kit 提取试剂盒进行 DNA 提取.

2)PCR 扩增 16SrRNA 基因　V3~V4 区序列采用引物 341F(CCTACGGGNGGCWGCAG) 和 805R (GACTACHVGGGTATCTAATCC)进行扩增.扩增条件为 94°C 预变性 3min,94°C 变性 30s,45°C 退火 20s,65°C 延伸 30s,5 个循环; 94°C 延伸 20s, 55°C 退火 20s, 72°C 延伸 30s, 20 个循环.进一步采用匹配 Illumina 测序接头和标签引物扩增,采用生工琼脂糖回收试剂盒(cat:SK8131)对 DNA 进行回收.回收产物用 Qubit 2.0 定量,根据测得的 DNA 浓度,将所有样品按照 1:1 的比例进行混合,该混合样品可用于后续的测序.

3)测序　利用 Illumina MiSeq 平台进行 16S rDNA 基因 V3~V4 可变区高通量测序.将所有样本序列按照序列间的距离进行聚类,后根据序列之间的相似性将序列分成不同的操作分类单元(OTUs).在 97%的相似水平下进行 OTU 生物信息统计分析,每个 OTU 被视为一个微生物物种,采用 Mothur 软件(version 1.30.1)计算群落多样性指数(Shannon 指数)、丰富度指数(Ace 指数)来评价细菌群落多样性和丰富度.基于 RDP (http://rdp.cme.msu.edu/misc/resources.jsp)数据库对 OTU 进行注释.

**1.4.4　土壤质量评估**　1)主成分分析筛选(Principal Component Analysis,PCA):保留方差解释率大于 5%的主成分用于一步分析;2) 最小数据集构建(Minimum Data Set,MDS):在各保留 PC 中,选取载荷值绝对值位于前 10%的指标纳入 MDS; 3)土壤质量指数(SQI)计算:采用 D'Hose 等[22]的评分函数对 MDS 指标进行标准化(0~1 标度),通过加权计算土壤质量指数(SQI).

公式如下:

$$SQI=\sum_{i=1}^{n}W_i\times Q_i \tag{2}$$

式中:SQI 是土壤质量指数,$W_i$ 是每个指标的分配权重;$Q_i$ 是指标得分;$n$ 是最终 MDS(最小数据集)中的指标数.

### 1.5　数据处理与分析

数据采用 SPSS 26.0 进行方差分析,采用最小显著差异法(LSD)进行显著性检验,显著性水平为 0.05.土壤理化性质(盐分、pH 值、SAR)及土壤细菌分类学组成(门、属水平)采用 Origin 2018 绘制;基于 Bray−curtis 距离矩阵用 R4.3.3 软件进行 $\beta$ 多样性分析及 ANOSIM 检验;用 R4.3.3 软件绘制 $\alpha$ 多样性图.用 R4.3.3 软件进行聚类和绘制试验处理与微生物功能的热图.使用 FAPROTAX 数据库(http://www.loucalab.com/archive/FAPROTAX)进行相关功能预测.采用主成分分析法构建土壤质量指数(SQI),并进一步建立其与微咸水灌水量参数的回归模型,用以定量评价不同微咸水灌水量对土壤质量的影响趋势.

## 2 结果与分析

### 2.1 微咸水减量灌溉对土壤盐分的影响

如图 1 所示,较 CK,微咸水减量灌溉的土壤全盐量增加 36.55%~114.82%($P$<0.05).在果实膨大期至落叶期,全盐量随微咸水灌水量减少呈先减后增趋势,其中 W2 最低,较 CK 平均降低 56.77%($P$<0.05).相较 CK,W2 处理 $Na^+$含量在果实膨大期至落叶期降幅达到 55.87%($P$<0.05),W3 处理在开花期、果实膨大期和落叶期平均降低 25.70%.微咸水减量灌溉使果实膨大期和落叶期的 $K^+$含量较 CK 下降 18.27%~72.87%.W3 处理 $Ca^{2+}$含量在果实膨大期至落叶期较 CK 平均降低 44.94%,W2 处理 $Ca^{2+}$含量全生育期平均降低 50.22%.微咸水减量灌溉使果实膨大期 $Mg^{2+}$含量较 CK 降低 22.13%~72.49%,W2 处理在盛果期和落叶期 $Mg^{2+}$含量较 CK 显著分别降低 60.78%和 50.12%($P$<0.05).W2 和 W3 处理 $Cl^-$含量在果实膨大期和盛果期较 CK 平均降低 51.45%.除开花期外,$SO_4^{2-}$含量随灌水量减少呈“V”形变化,W2 处理较 CK 降幅达 57.94%.W1 和 W2 处理在开花期、果实膨大期及落叶期下 $HCO_3^-$含量较 CK 分别降低 23.75%和 51.82%($P$<0.05).

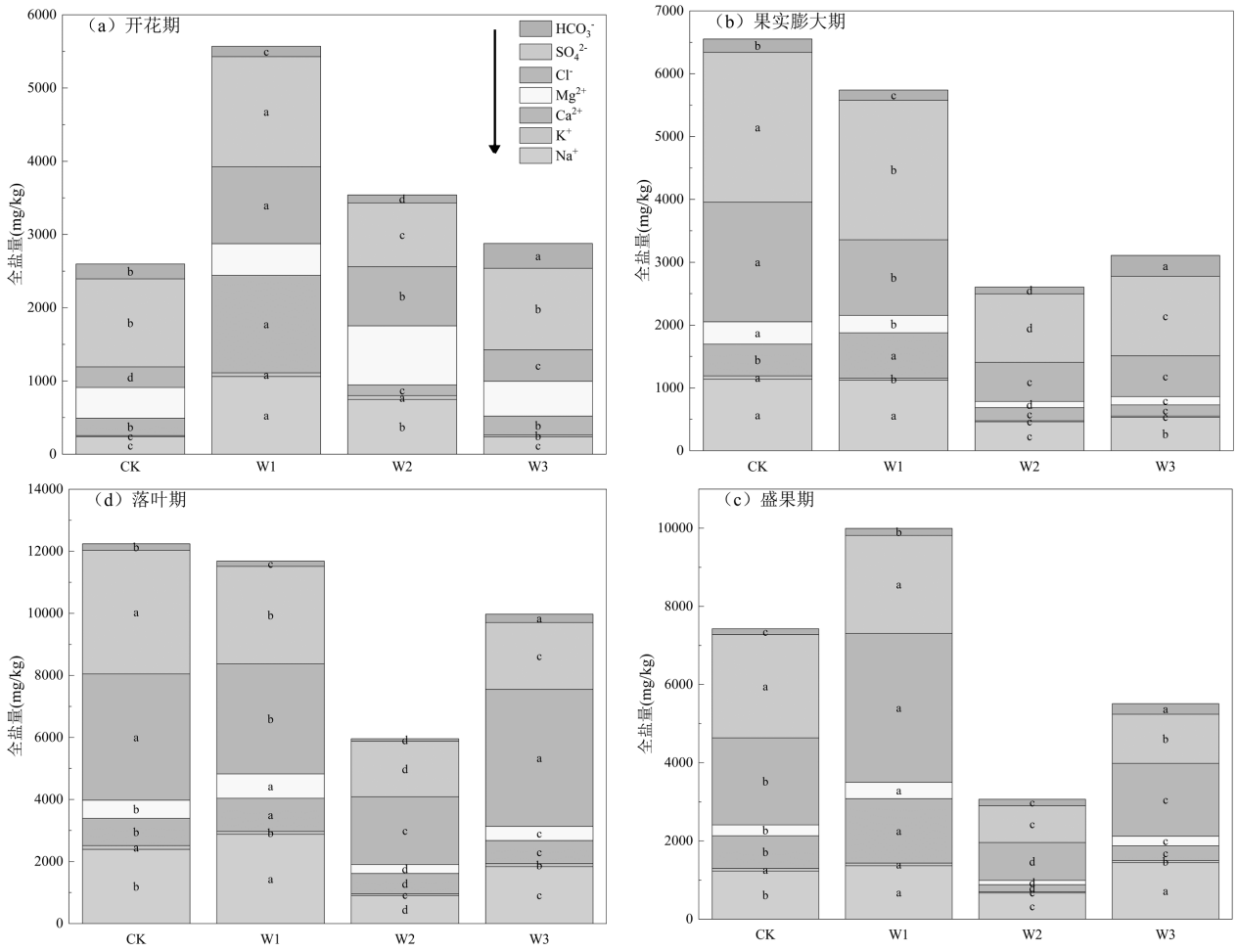



图 1 不同处理对土壤盐分的影响

Fig.1 Effects of different treatments on soil salinity

不同小写字母表示不同处理间存在显著差异($P$<0.05),下同

### 2.2 微咸水减量灌溉对土壤 pH 值及 SAR 影响

如图 2(a)所示,控灌处理的土壤 pH 值仅在开花期和果实膨大期存在差异,W1 处理较 CK、W2 和 W3 分别升高 3.44%、4.30%和 3.00%.如图 2(b)所示,开花期时 W3 处理土壤 SAR 最低(较 CK 降低 5.54%).在果实膨大期和落叶期,土壤 SAR 随微咸水灌水量减少呈先减后增趋势,W2 处理时降幅最大,较 CK 分别低 33.65%和 54.23%.在盛果期,随微咸水灌水量减

少土壤 SAR 呈先增后减趋势,W1 处理显著较 CK、W2、W3 分别降低 20.34%、26.94%和 50.86% ($P$<0.05).

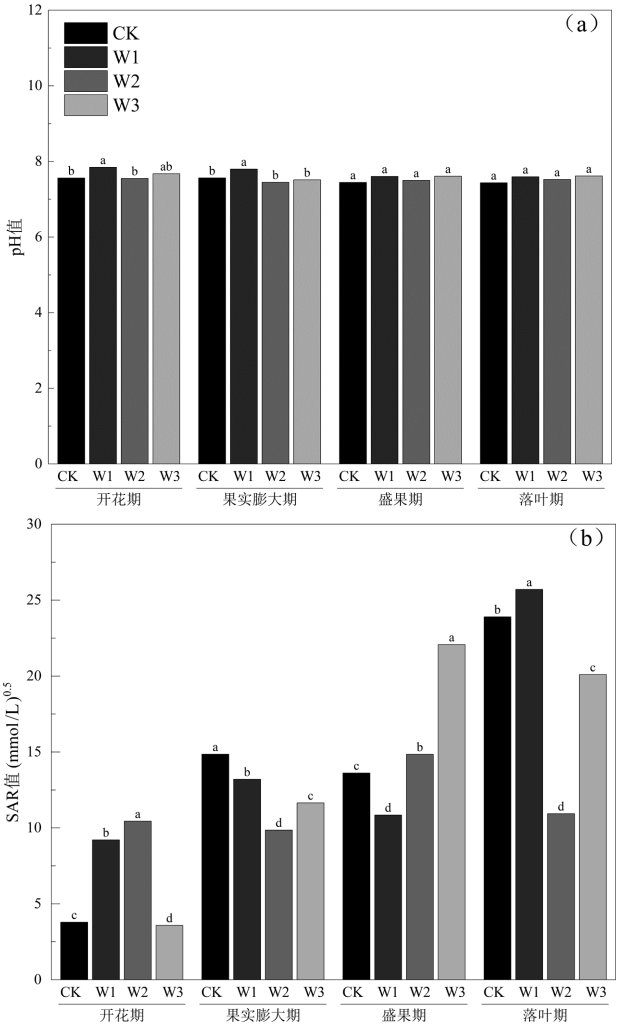
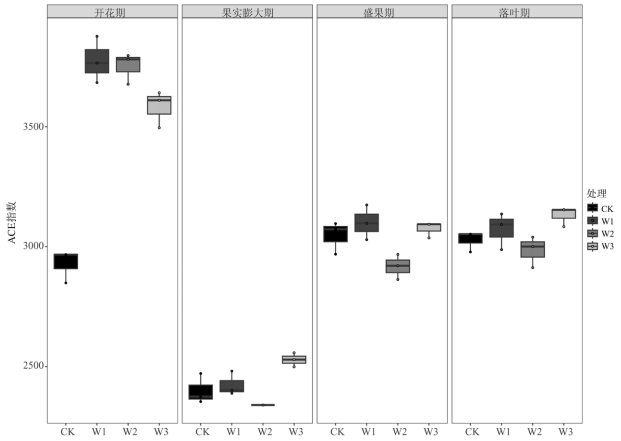



图 2　不同处理对土壤 pH 值和 SAR 的影响

Fig.2　Effects of different treatments on soil pH and SAR

## 2.3　微咸水减量灌溉对土壤细菌群落多样性的影响



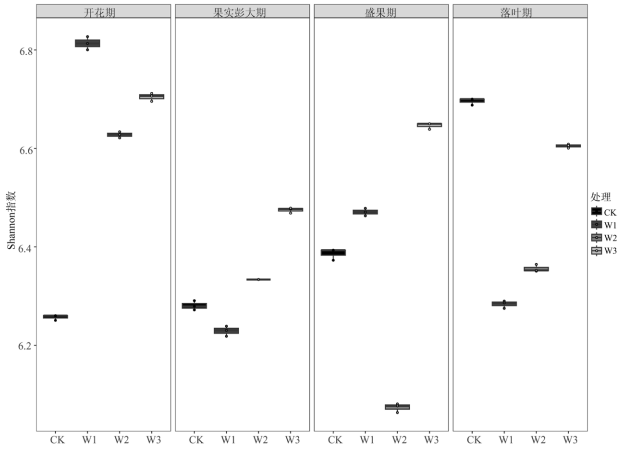




图 3　基于 OTUs 水平不同处理 α 多样性

Fig.3　Alpha diversity of different treatments at the OTUs level

由图 3 可知,控灌处理对土壤微生物群落丰富度指数(Ace 指数)和多样性指数(Shannon 指数)影响较大.在开花期,丰富度指数和多样性指数随灌水量减少均呈增加趋势,W1 处理较 CK 分别提高 22.37%和 7.15%.果实膨大期至盛果期仅 W3 处理的丰富度指数和多样性指数较 CK 高 3.15%和 3.58%.在落叶期,所有处理多样性指数均较 CK 低,但丰富度指数保持稳定,W1 和 W3 处理较 CK 高 1.47%和 3.40%,W2 处理较 CK 低 1.43%.

## 2.4　微咸水减量灌溉对土壤细菌群落物种组成的影响

由图 4 可知,本研究中枸杞生育期内共检测到 12 个门类的细菌,其中变形菌门(Proteobacteria,43.96%~60.40%)、拟杆菌门(Bacteroidetes,12.40%~24.40%)、放线菌门(Actinobacteria,7.28%~10.93%)和酸杆菌门(Acidobacteria,3.45%~10.65%)为优势菌门.W3 处理抑制了全生育期变形菌门相对丰度,而 W1、W2 处理仅在落叶期较 CK 分别增加 22.06%和 9.66%.W3 处理在果实膨大期至落叶期较 CK 平均增加 17.92%的拟杆菌门相对丰度,W1、W2 处理在果实膨大期和盛果期较 CK 平均增加 26.92%和 17.76%.相较 CK,W2 和 W3 处理在开花期和果实膨大期的放线菌门相对丰度平均增加 12.08%和 16.55%,而在盛果期和落叶期降幅为 14.73%~23.86%,W1 处理仅在开花期增加了 5.58%.相较 CK,W2 和 W3 处理全生育期酸杆菌门相对丰度分别增加 49.80%和 28.09%.

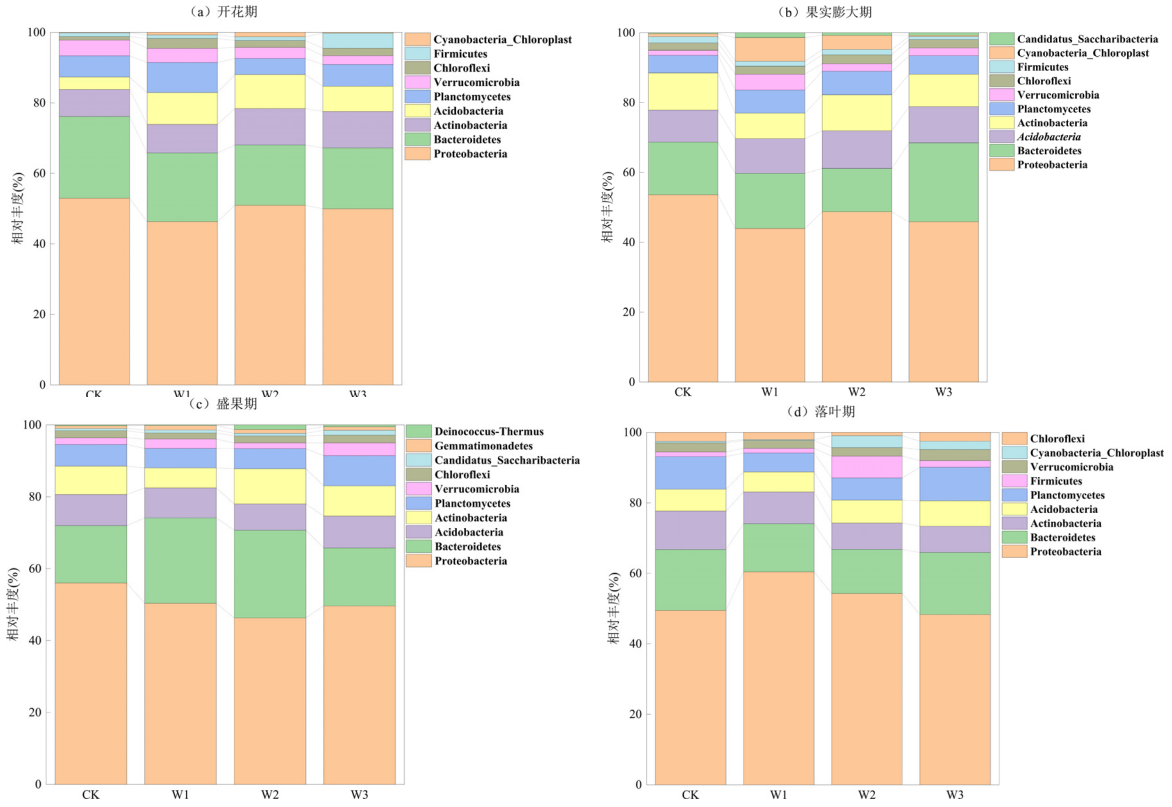



图 4 不同处理下微生物在门水平的相对丰度

Fig.4 Relative abundance of microorganisms at the phylum level under different treatments

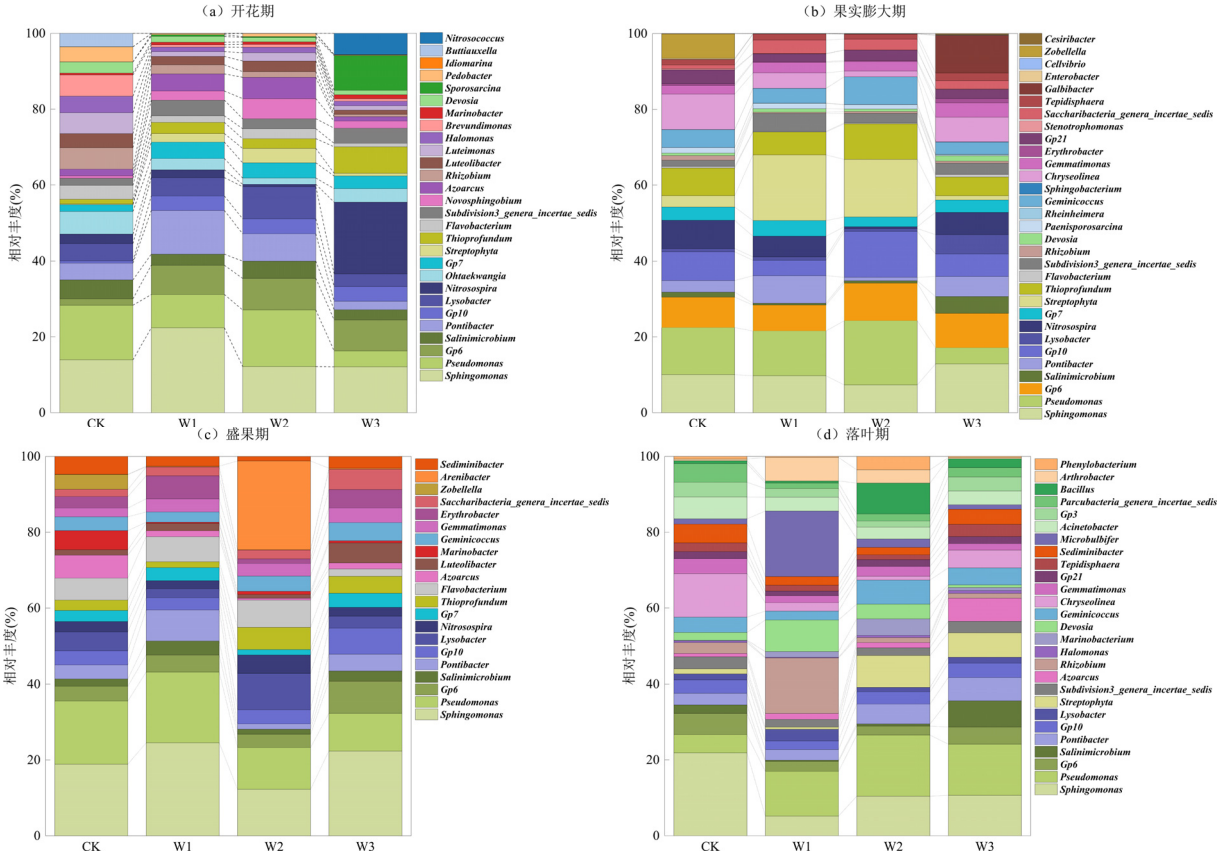



图 5 不同处理下微生物在属水平的相对丰度

Fig.5 Relative abundance of microorganisms at the genus level under different treatments

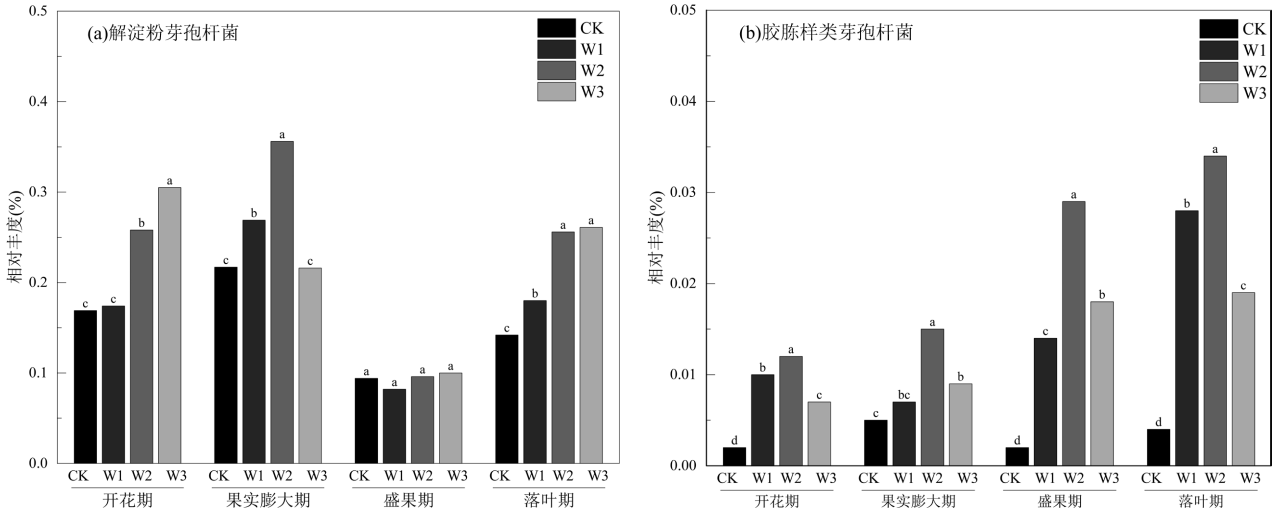



图 6　不同处理对菌肥中细菌属相对丰度的影响

Fig.6　Effects of different treatments on the relative abundance of bacterial genera in microbial fertilizer

如图 5 所示,鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*, 5.19%~24.53%) 和假单胞菌属 (*Pseudomonas*, 4.19%~18.66%)是整个生育期的稳定优势菌属.开花期,控灌处理的新鞘氨醇菌属(*Novosphingobium*)相对丰度较 CK 增加 76.95%~478.63%.果实膨大期 W3 处理的红色杆菌属(*Erythrobacter*,1.14%)和中黄杆菌属(*Galbibacter*,9.93%)丰度显著高于 CK(<0.03%).盛果期 W2 处理的栖砂杆菌属(*Arenibacter*)相对丰度为 23.45%,高于 CK(0.05%)、W1(0.19%)和 W3 (0.28%).落叶期 W3 处理的沉积物杆形菌属(*Sediminibacter*)相对丰度较 CK 增加 10.63%,而 W1、W2 处理分别减少 18.31%和 35.00%.此外,W3 处理的 *Gp10* 相对丰度在整个生育期平均较 CK 增加 93.85%.在开花期至盛果期,W2 处理的深海硫氧化菌属(*Thioprofundum*)较 CK 增加 21.42%~111.79%;果实膨大期和落叶期,W1 处理溶杆菌属(*Lysobacter*)相对丰度较 CK 增加 46.09%~243.58%.

为评估微咸水灌溉对菌肥引入的外源功能菌株的影响,本文分析了解淀粉芽孢杆菌(*Bacillus amyloliquefaciens*) 与胶胨样类芽孢杆菌(*Paenibacillus mucilaginosus*)在不同处理的相对丰度.由图 6 可知,两者相对丰度在生育期内均显著高于 CK($P$<0.05),其中 W2 处理最高,W2 处理的解淀粉芽孢杆菌相对丰度较 CK 平均增幅 57.64%,胶胨样类芽孢杆菌则在盛果期增加至 0.03%.两菌属均在落叶期保持富集,表明其在关键生育期发挥植物促生和生物防控作用.既有研究指出,解淀粉芽孢杆菌和胶胨样类芽孢杆菌即便丰度较低,仍能通过分泌植物生长激素、抗菌肽和降解酶等活性物质,促进植物根系发育和抗病性提升[23-25].本研究中,解淀粉芽孢杆菌在关键生育期富集,可能与其产生的生长调节物质作用,提升果实膨大速率和品质.

## 2.5　土壤环境因子与细菌群落结构的相关性

为揭示土壤细菌群落对土壤理化性质的响应,通过 Spearman 相关性热图分析土壤理化性质对不同生育期及处理土壤细菌在门、属水平群落组成的影响(图 7).放线菌门丰度与 $Cl^-$ 和 $Ca^{2+}$ 含量($P$<0.01;$P$<0.05) 呈显著负相关.疣微菌门丰度(Verrucomicrobia)与 pH 值呈显著正相关($P$<0.05).*Gp10* 和红色杆菌属丰度与 $Mg^{2+}$含量呈显著负相关($P$<0.05),节杆菌属丰度与 $Na^+$、$K^+$、全盐量、SAR 呈显著正相关($P$<0.05),且与 $Cl^-$含量呈显著正相关($P$<0.01).新鞘氨醇菌属丰度与 $Cl^-$含量和 SAR($P$<0.05;$P$<0.01)呈显著负相关, *Subdivision3_genera_incertae_sedis* 丰度与 pH 值呈显著正相关($P$<0.05).

为分析细菌群落对特定土壤盐离子的响应,采取冗余分析(RDA)进行验证(图 8).RDA 结果显示第一主轴对门水平细菌群落方差变化解释量为 32.46%,第二主轴的解释量为 22.19%,累计解释率达 54.65%.环境因子关联分析表明,$K^+$($r^2$=0.854)、$Mg^{2+}$($r^2$= 0.567)、$Cl^-$($r^2$=0.807)和 $Na^+$($r^2$=0.659)与第一序轴呈极显著正相关($P$<0.01),表明这 4 种盐离子是驱动盐碱土菌群结构变化的关键因子.

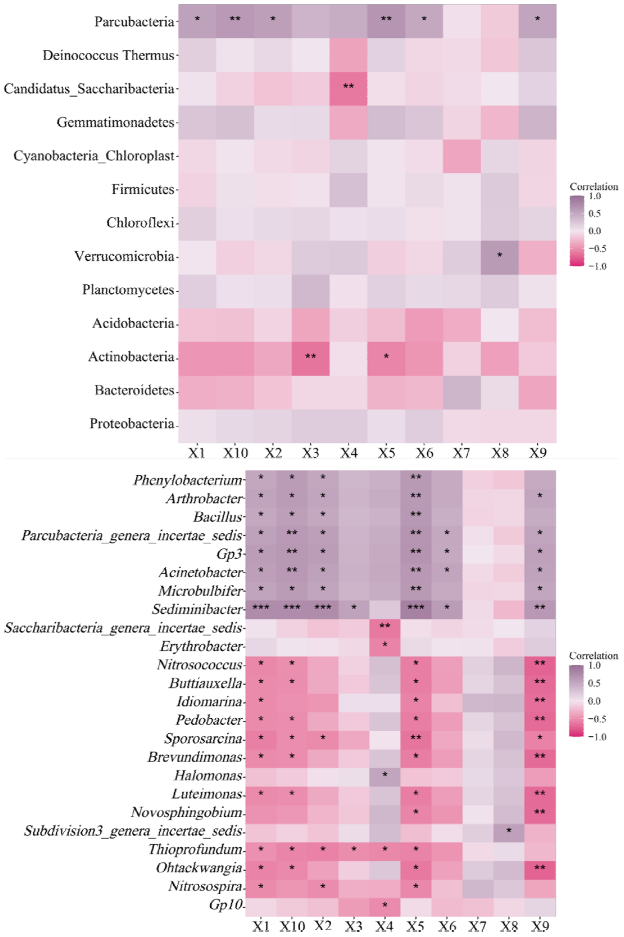



图 7 土壤环境因子与细菌群落组成的 Spearman 相关性热图

Fig.7 Heatmap showing Spearman correlations between soil environmental factors and bacterial community composition

(a)门水平,(b)属水平;X1.$Na^+$含量,X2.$K^+$含量,X3.$Ca^{2+}$含量,X4.$Mg^{2+}$含量,X5.$Cl^-$含量,X6.$SO_4^{2-}$含量,X7.$HCO_3^-$含量,X8.pH,X9.SAR,X10.全盐量;*X* 轴和 *Y* 轴分别为环境因子和细菌菌群,通过计算获得相关性 *R* 值和 *P* 值;*表示 0.01<*P*≤0.05,**表示 0.001<*P*≤0.01,***表示 *P*<0.001

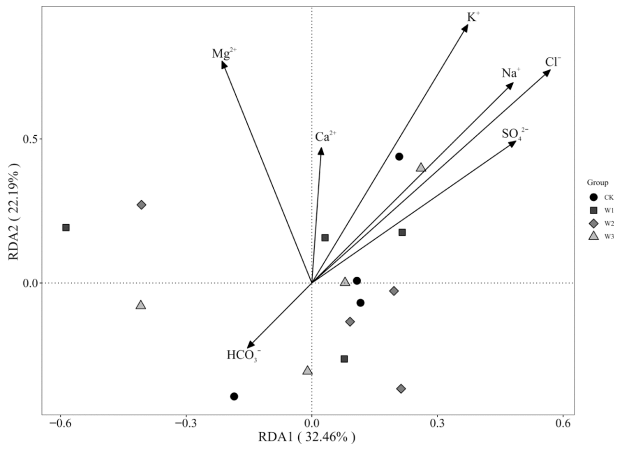



图 8 OTUs 水平下土壤细菌群落与土壤盐离子的 RDA 分析

Fig.8 RDA of soil bacterial communities at the OTU level in relation to soil salt ions

## 2.6 土壤细菌 FAPROTAX 生态功能预测

采用 FAPROTAX 对土壤细菌群落进行功能预测和注释,筛选相对丰度大于 0.1%的 30 个功能作为主要功能类群(图 9).结果显示,本研究区优势功能为化能异养(*chemoheterotrophy*)和需氧化能异养(*aerobic_chemoheterotrophy*),占比 18.24%~45.28%,两者丰度随微咸水灌水量减少呈先减后增趋势,W1 处理增幅最大,较 CK 平均高 8.88%和 9.41%.氮循环相关功能占比 6.46%~29.35%,控灌下好氧亚硝酸盐氧化(*aerobic_nitrite_oxidation*)较 CK 平均增加 13.11%~52.71%.在果实膨大期和盛果期,W1、W2 处理的硝化作用(*nitrification*)与好氧氨氧化(*aerobic_ammonia_oxidation*)较 CK 分别增加 11.77%和 68.86%.碳循环功能(3.88%~24.98%)中,控灌处理的芳香化合物降解(*aromatic_compound_degradation*)在果实膨大期和盛果期较 CK 平均高 23.22%~52.17%,而 W3 处理纤维素分解(*cellulolysis*)功能全生育期增幅达 17.36%.此外,还观测到光营养(*phototrophy*,0.03%~0.48%)、光能自养(*photoautotrophy*,0.03%~0.48%)等功能.

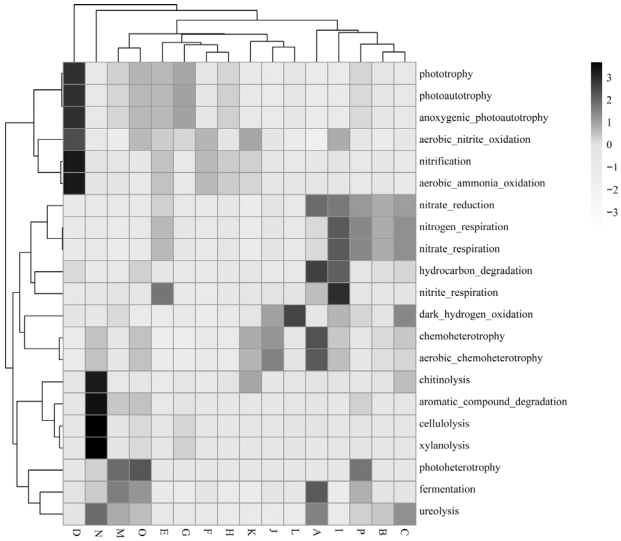



图 9 微咸水灌溉下土壤 FAPROTAX 功能预测

Fig.9 FAPROTAX functional predictions in soils irrigated with brackish water

A.CK 处理开花期,B.W1 处理开花期,C.W2 处理开花期,D.W3 处理开花期,E.CK 处理果实膨大期,F.W1 处理果实膨大期,G.W2 处理果实膨大期,H.W3 处理果实膨大期,I.CK 处理盛果期,J.W1 处理盛果期,K.W2 处理盛果期,L.W3 处理盛果期,M.CK 处理落叶期,N.W1 处理落叶期,O.W2 处理落叶期,P.W3 处理落叶期

## 2.7 基于 SQI-灌水量回归模型的灌水量优化

**表 2　主成分分析旋转因子载荷、特征值与累计方差贡献率**

Table 2　Rotated factor loadings, eigenvalues and cumulative variance contribution of principal component analysis

| 项目 | PC1 | PC2 | PC3 |
|---|---|---|---|
| pH 值 | 0.009 | 0.026 | 0.982 |
| SAR | 0.967 | 0.103 | −0.072 |
| 全盐量 | 0.809 | 0.228 | 0.406 |
| $Na^+$ | 0.962 | 0.142 | 0.188 |
| $K^+$ | 0.935 | 0.312 | −0.042 |
| $Cl^-$ | 0.93 | 0.307 | 0.178 |
| Shannon | 0.38 | 0.609 | 0.628 |
| Ace | 0.641 | 0.747 | 0.04 |
| 土壤微生物 | −0.113 | −0.972 | −0.076 |
| 特征值 | 5.997 | 1.503 | 1.077 |
| 贡献率(%) | 66.631 | 16.697 | 11.961 |
| 累计贡献率(%) | 66.631 | 83.328 | 95.29 |

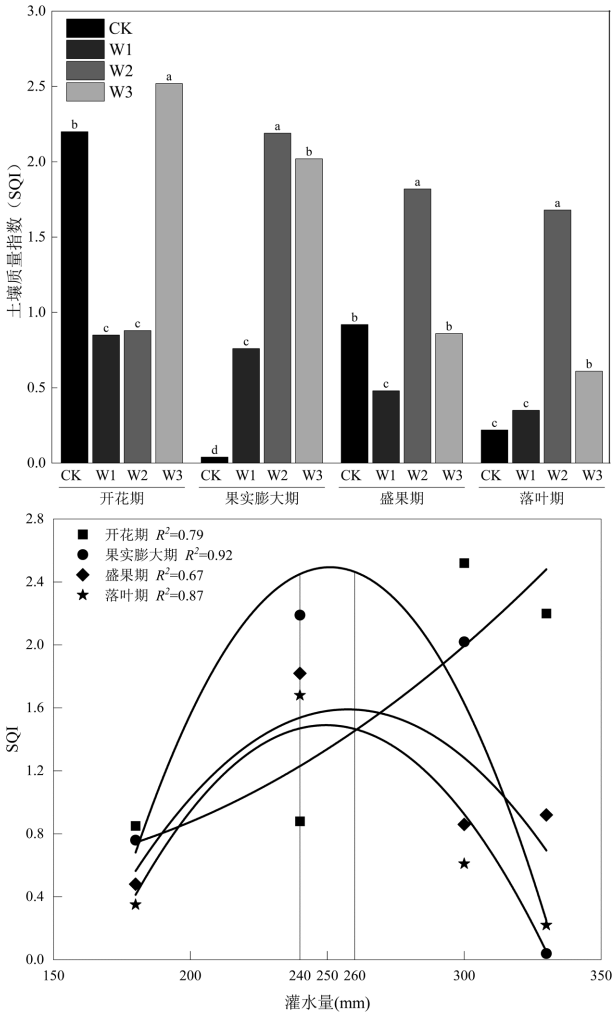



图 10　不同处理下 SQI 差异与 SQI−灌溉量回归模型

Fig.10　Differences in SQI under different treatments and regression model of SQI against irrigation volume

本研究通过 PCA 分析结合土壤环境因子与细菌群落结构的相关性,构建土壤质量评价体系.选取 pH 值、全盐量、$Na^+$、$K^+$、$Cl^-$、Ace 及土壤微生物为有效指标,将上述有效指标进行主成分分析,采用特征值>1 识别了三个主成分(以开花期为例,表 2),累计方差解释率达 95.29%.其中 PC1 的贡献率为 66.63%,而 SAR、全盐量、$Na^+$、$K^+$、$Cl^-$、Ace 指标在 PC1 上具有较大的载荷,分别为 0.967、0.809、0.962、0.935、0.93 和 0.641:由此推断以上指标是限制土壤健康的关键因子.

土壤质量指数(SQI)计算结果显示(图 10),微生物菌肥协同微咸水减量灌溉显著提升了土壤质量:开花期 W3 处理 SQI 为 2.52,较 W1、W2、CK 高 14.46%~197.05%.但生育中后期减量灌溉处理 SQI 发生变化,果实膨大期至落叶期 W2 处理 SQI 最高,较 CK 平均高 381.11%,表明不同生育阶段的最优水分调控需求不同.据 SQI−灌水量回归模型,在施加微生物菌肥后,微咸水灌水量在 240~260mm 范围各生育期的 SQI 均较高,故推荐微咸水灌水量为 240~260mm.

## 3　讨论

### 3.1　微咸水减量灌溉对土壤理化性质的影响

本研究发现,微咸水减量灌溉显著降低土壤 $Na^+$ 含量,其含量变化主要受灌溉水中 $Na^+$ 含量及淋溶迁移共同影响;而土壤 $HCO_3^-$、$Cl^-$ 含量表现出相近趋势,其中 $Cl^-$ 以游离态为主,对灌水变化更为敏感,因而在产量形成关键期的降幅较 $Na^+$ 含量更为明显.此外,刘春成等[26]研究发现微咸水灌溉降低土壤 $Ca^{2+}$ 含量,但本研究在微生物菌肥协同调控下,土壤 $Ca^{2+}$ 含量在产量形成关键期呈双向响应,中高灌水量下通过淋溶和菌肥中腐殖酸络合促使 $Ca^{2+}$ 降低 15.46%~78.28%[27],而低灌水量下则因淋洗不足导致络合态 $Ca^{2+}$ 和输入性 $Ca^{2+}$ 表层累积.$K^+$ 含量在全生育期显著下降,则因外源输入减少与相对干旱条件下枸杞根系对可溶 $K^+$ 吸收能力增强.此外,本研究发现土壤 $SO_4^{2-}$ 含量随灌水量减少呈“V”形响应,在灌溉量较高时,较强的淋溶作用可带走部分 $SO_4^{2-}$;减量灌溉后,淋溶减弱导致其在土壤中累积.

本研究表明,在施加微生物菌肥下,微咸水灌水量对土壤 SAR 的变化有显著影响.生育前期高灌水量显著降低土壤 SAR,表明相对较高的灌水量对土壤中 $Na^+$ 的持续淋洗作用.但果实膨大期至落叶期,

高灌水处理的土壤 SAR 有明显波动,可能与循环淋洗打破盐分动态平衡及有机质分解导致 CEC 短期增益不足有关[28].不同于常规灌溉微咸水出现土壤 pH 值升高的现象[29],本研究中 W2 处理因生育前期 $HCO_3^-$含量显著减少打破了土壤缓冲体系而出现小幅下降,后期则因施加的微生物菌肥中腐殖酸与盐碱土的碱性中和下较 CK 无显著差异[30].

### 3.2 微咸水减量灌溉对土壤细菌多样性的影响

微咸水减量灌溉下土壤的优势菌门均为变形菌门、拟杆菌门、放线菌门和酸杆菌门,但 4 类菌门丰度存在显著差异.减量灌溉处理降低了在产量形成关键期变形菌门的相对丰度,这与周永学等的研究结果相似[31],这可能反映了较低水分条件下,需氧代谢和快速有机质分解的驱动作用减弱,而该门类中大量兼性或专性有机质分解者对水分依赖度较高[32].同时,拟杆菌门的相对丰度显著提高,一方面源于菌肥补充的有机碳源改善了土壤养分状况,为该菌门提供了环境;另一方面,其产生的抗生素增强了有机污染物和病原体的降解与抑制作用[33].酸杆菌门作为盐碱土常见菌群,也因其在寡营养背景下降解有机物并稳定土壤团聚体的能力而丰度上升[34-35].放线菌门在中期表现出峰值增加,可能与其产生多种抗生素、促进微生物群落拮抗病原的功能相关[36];但在后期,持续高水平抗生素分泌可能引发自抑或抑制共生微生物,导致其丰度回落.因此,减量灌溉条件下抑制高耗水的有机质分解者,提升富营养及结构维护菌群,优化了土壤微生物生态功能,有助于强化有机质矿化、养分循环及病原拮抗,从而提升盐碱土壤质量与枸杞的抗逆能力.

本研究全生育期各处理中鞘氨醇单胞菌属和假单胞菌属丰度显著高于其他菌属,这与它们在盐碱地中常见的生态适应性密切相关.具体而言,鞘氨醇单胞菌属通过激发防御机制和生物代谢维持高盐土壤中竞争优势[37];假单胞菌属则能有效缓解盐碱胁迫[38],因此在本试验中是优势菌属.微生物菌肥协同控灌显著改变功能菌群丰度,且随生育进程推进呈动态变化:开花期 W2 处理的新鞘氨醇菌属丰度较 CK 提升 478.63%,且与土壤 $Cl^-$含量呈负相关,而低 $Cl^-$环境可增强该菌属芳香烃类化合物降解功能[39],其可能通过分解根系分泌的酚类物质参与植物早期抗逆响应.在果实膨大期控灌处理(W3)红色杆菌属相对丰度提高,与土壤 $Mg^{2+}$含量呈负相关,表明该属在低 $Mg^{2+}$环境中可通过增强氮素矿化活性来补偿营养供应,从而改善土壤氮循环效率[40];落叶期节杆菌属的相对丰度随灌水量减少而上升,并与 pH 值呈正相关,与胡永庆等[41]研究结果相反,这与研究区土壤性质存在差异有关,胡永庆等的研究区域为酸性土壤(紫色土,pH<7),而本研究区土壤为河套灌区中度盐碱土(pH>7).本研究发现控灌处理显著增加溶杆菌属的相对丰度,与既有研究结论相反[2],推测减量灌溉使土壤氮含量增加,而微生物菌肥进一步促进氮累积,从而刺激了固氮微生物群落的扩增.

### 3.3 微咸水减量灌溉对土壤细菌功能的影响

基于 16S rRNA 基因高通量测序与 FAPROTAX 功能预测与注释结果显示,本研究区细菌群落的核心功能为化能异养和需氧化能异养,这两类功能在减量灌溉下于开花期下降 30.59%~53.43%,而在后期逐步回升,与研究区较高丰度变形菌门、放线菌门和酸杆菌门的时序丰度变化高度一致,上述菌门通过其异养代谢活动为盐胁迫下的抗逆过程提供能量[42-43].此外,本研究还发现如光营养、光能自养和光合异养等功能,可能源于微生物菌肥中自养微生物的导入与结构优化,从而增强了土壤中光合微生物的群落比例.土壤中微生物(包括化能异养、光能自养微生物)的合成和分解有效驱动土壤元素循环.Wang 等[44]的研究结果发现放线菌门和拟杆菌门是参与硝化作用常见微生物.在本研究中,结合图 9 中硝化作用功能的相对丰度变化,可见硝化作用功能的波动与这两类菌门的时序丰度同步.该结果表明,减量灌溉通过调控优势菌门的时空丰度,驱动了土壤硝化功能的动态变化.减量灌溉处理增加了好氧氨氧化作用的丰度,表明在微生物菌肥作用下,较低灌水量为氮素转化创造了更有利的土壤氧化-水分条件.本研究还发现了部分碳循环功能,减量灌溉处理增加酸杆菌门(具有降解纤维素及植物多糖能力)和鞘氨醇单胞菌属(具有芳香化合物降解功能)的相对丰度[45-46],表明施加微生物菌肥后减量灌溉,核心异养菌群对复杂有机质的分解功能得到加强,进一步加速了土壤碳库循环.

### 3.4 土壤质量对微咸水减量灌溉的响应

本研究结果表明,在施加微生物菌肥条件下,将

微咸水灌水量控制在 240~260mm 范围内,可在不同生育阶段维持较高的土壤 SQI,在满足枸杞需水的同时,兼顾盐分稀释、土壤理化性质优化与微生物活性提升,从而实现生态与生产的双重目标.在此区间的处理能够减缓土壤 $Na^+$、$Cl^-$含量的累积趋势,减轻盐胁迫对微生物群落结构的扰动.低水量处理虽一定程度抑制了盐分累积,但限制土壤养分供应与微生物活性;而高灌水处理则易导致盐分迁移深层与有效养分流失,并破坏优势微生物群体结构.适量灌溉使土壤 SAR 明显下降,表明 $Na^+$对土壤胶体结构的破坏作用得到缓解,有助于改善团聚体稳定性和通气性,为微生物定殖提供了更适宜的环境[47-48].土壤 $K^+$、$Ca^{2+}$、$Mg^{2+}$等植物必需养分得到有效保留,避免了过量灌溉造成的养分淋失[49].此外,具促生与抗逆功能的放线菌门、酸杆菌门及解淀粉芽孢杆菌属等多种有益微生物的富集.适度水分调控通过改善土壤孔隙度,促进需氧异养菌生长,从而提升有机质分解与养分转化效率.同时,微生物代谢活动增强有助于调节根际 pH 值,进一步优化土壤盐分动态与根系生长环境[50].

## 4　结论

4.1　在枸杞产量形成关键期,240mm 灌水量下土壤 SAR 平均降低 12.31%,驱动菌群结构变化的因子 $K^+$、$Mg^{2+}$、$Cl^-$、$Na^+$含量降低 45.92%~72.89%,且优势菌群中的拟杆菌门和酸杆菌门丰度提高 17.24%~52.89%,促使化能异养和需氧化能异养功能丰度提高了 2.27%~9.52%,碳氮循环相关功能提高 28.58%~68.68%.

4.2　基于 SQI−灌水量回归模型,确定河套灌区枸杞生长适宜的微咸水灌溉量为 240~260mm,可有效提升土壤质量.

**参考文献：**


[1] Jeffry T , Rabi M , Amjad A ,et al.Impact of brackish groundwater and treated wastewater on soil chemical and mineralogical properties [J]. Science of the Total Environment, 2018,647:99−109.

[2] 郭晓雯,杜思垚,王芳霞,等.长期咸水滴灌对棉田土壤细菌和真菌群落结构的影响 [J]. 新疆农业科学, 2022,59(12):2909−2923.
Guo X W, Du S Y, Wang F X, et al. Effects of long−term saline water irrigation on soil bacteria and Fungi community structure in cotton field [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2022,59(12):2909−2923.

[3] 周永学,李美琪,黄志杰,等.长期咸水滴灌对灰漠土理化性质及棉花生长的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 2021,39(4):12−20.
Zhou Y X, Li M Q, Huang Z J, et al. Effects of long−term saline water drip irrigation on physicochemical properties and cotton growth in grey desert soil [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2021, 39(4):12−20.

[4] 吴　畏,高佩玲,郭祥林,等.微咸水与生物炭协同作用对盐碱土入渗特征及水盐运移的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 2023,41(2):160−167.
Wu W, Gao P L, Guo X L, et al. Effects of synergism of brackish water and biochar on infiltrationcharacteristics and water−salt migration in saline−alkali soil [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2023, 41(2):160−167.

[5] Zhang A Q, Zheng C L, Li K J, et al. Responses of soil water−salt variation and cotton growth to dripirrigation with saline water in the low plain near the bohai sea [J]. Irrigation and Drainage, 2020,69(3): 448−459.

[6] 郭祥林,高佩玲,吴　畏,等.微咸水灌溉下不同生物炭对盐碱土水盐运移的影响 [J]. 灌溉排水学报, 2023,42(8):98−105.
Guo X L, Gao P L, Wu W, et al. Impact of biochar amendment and brackish water irrigation on water and salt movement in saline−alkaline soil [J]. Journal of Irrigation and Drainage, 2023,42(8): 98−105.

[7] 夏丽华,刘　彤,孙宏勇,等.长期增施有机肥对咸水灌溉农田土壤水盐分布及有效磷含量的影响 [J]. 华北农学报, 2024,39(S1):150−158.
Xia L H, Liu T, Sun H Y, et al. Effects of long−term increased application of organic fertilizer on soil water and salt distribution and available phosphorus content in saline irrigated farmland [J]. Acta Agriculturae Boreali−Sinica, 2024,39(S1):150−158.

[8] Guo X, Du S, Guo H, et al. Long−term saline water drip irrigation alters soil physicochemical properties, bacterial community structure, and nitrogen transformations in cotton [J]. Applied Soil Ecology, 2023, 182:104719.

[9] 魏守才,谢文军,夏江宝,等.盐渍化条件下土壤团聚体及其有机碳研究进展 [J]. 应用生态学报, 2021,32(1):369−376.
Wei S C, Xie W J, Xia J B, et al. Research progress on soil aggregates and associated organic carbon in salinized soils [J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2021,32(1):369−376.

[10] 杜思垚,陈　静,刘佳炜,等.基于宏基因组学揭示咸水滴灌对棉田土壤微生物的影响 [J]. 环境科学, 2023,44(2):1104−1119.
Du S Y, Chen J, Liu J W, et al. Revealing the Effect of Saline Water Drip Irrigation on Soil Microorganisms in Cotton Fields Based on Metagenomics [J]. Environmental Science, 2023,44(2):1104−1119.

[11] 周永学,陈　静,李　远,等.棉秆还田对咸水滴灌棉田土壤酶活性和细菌群落结构多样性的影响 [J]. 环境科学, 2022,43(4):2192−2203.
Zhou X D, Chen J, Li Y, et al. Effects of cotton stalk returning on soil enzyme activity and bacterial community structure diversity in cotton field with long−term saline water irrigation [J]. Environmental Science, 2022,43(4):2192−2203

[12] 王国栋,褚贵新,刘　瑜,等.干旱绿洲长期微咸地下水灌溉对棉田土壤微生物量影响 [J]. 农业工程学报, 2009,25(11):44−48.
Wang G D, Chu G X, Liu Y, et al. Effects of long−term irrigation with brackish groundwater on soil microbial biomass in cotton field in arid

oasis [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2009,25(11):44−48.

[13] 郭慧楠,马丽娟,黄志杰,等.咸水滴灌对棉田土壤 $N_2O$ 排放和反硝化细菌群落结构的影响 [J]. 环境科学, 2020,41(5):2455−2467.
Guo H N, Ma L J, Huang Z J, et al. Nitrous oxide emission and denitrifying bacterial communities as affected by drip irrigation with saline water in cotton fields [J]. Environmental Science, 2020,41(5): 2455−2467.

[14] 郭晓雯,陈 静,鲁晓宇,等.生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响 [J]. 环境科学, 2022,43(9):4625−4635.
Guo X W, Chen J, Lu X Y, et al. Effects of biochar and straw returning on soil fungal community structure diversity in cotton field with long−term brackish water irrigation [J]. Environmental Science, 2022, 43(9):4625−4635.

[15] 王启尧,赵庚星,李 涛,等.滨海盐渍麦田施用微生物菌肥的降盐效果及冬小麦长势响应 [J]. 中国农学通报, 2021,37(24):60−66.
Wang Q Y, Zhao G X, Li T, et al. Microbial fertilizers application in coastal saline wheat field: The salt−reducing effect and the growth response of winter wheat [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2021,37(24):60−66.

[16] 任卓然,邵新庆,李金升,等.微生物菌肥对退化高寒草甸地上生物量和土壤理化性质的影响 [J]. 草地学报, 2021,29(10):2265−2273.
Ren Z R, Shao X Q, Li J S, et al. Effects of microbial fertilizer on aboveground biomass and soil physiochemical properties of degraded alpine meadow [J]. Acta Agrestia Sinica, 2021,29(10):2265−2273.

[17] 张德楠,张燕钊,滕秋梅,等.化肥减量配施微生物菌肥对圣女果产量、品质及土壤肥力的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2023,(10):36−47.
Zhang D N, Zhang Y Z, Teng Q M, et al. Effects of chemical fertilizer reduction and application of microbial fertilizer on yield and quality of cherry tomatoes and soil fertility [J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2023,(10):36−47.

[18] 魏琛琛,任树梅,徐子昂,等.灌溉水盐分和灌水量对温室气体排放与玉米生长的影响 [J]. 农业机械学报, 2021,52(7):251−260,236.
Wei S S, Ren S H, Xu Z A, et al. Effects of irrigation water salinity and irrigation water amount on greenhouse gas emissions and spring maize growth [J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2021,52(7):251−260,236.

[19] 宋柏龙,姚敏杰,李昊儒,等.微咸水灌溉对华北平原冬小麦根际微生物的影响 [J]. 中国土壤与肥料, 2023,(3):149−158.
Song B L, Yao M J, Li H R, et al. Effects of brackish water irrigation on rhizosphere microorganism of winter wheat in the North China Plain [J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2023,(3):149−158.

[20] 闵 伟,侯振安,冶 军,等.长期咸水滴灌棉田土壤微生物活性及群落功能多样性 [J]. 生态学杂志, 2014,33(11):2950−2958.
Min W, Hou Z A, Ye J, et al. Soil microbial activity and community functional diversity in cotton field under long−termdrip irrigation with saline water [J]. Chinese Journal of Ecology, 2014,33(11):2950−2958.

[21] LY/T 1251−1999 森林土壤水溶性盐分分析 [S].
LY/T 1251−1999 Analysis methods of water soluble salts of forest soil [S].

[22] D'Hose T, Cougnon M, de Vliegher A, et al. The positive relationship between soil quality and crop production: A case study on the effect of farm compost application [J]. Applied Soil Ecology, 2014,75(13): 189−198.

[23] Adamo I, Acin−Albiac M, Röttjers S, et al. Short impact on soil microbiome of a Bacillus amyloliquefaciens QST713based product that correlates with higher potato yield across USA [J]. Frontiers in Plant Science, 2024,15:1332840.

[24] Jeong H, Choi S K, Ryu C M, et al. Chronicle of a soil bacterium: Paenibacillus polymyxa E681as a tiny guardian of plant and human health [J]. Frontiers in Microbiology, 2019,10:467.

[25] Wang D, Poinsot V, Li W, et al. Genomic insights and functional analysis reveal plant growth promotion traits of Paenibacillus mucilaginosus G78 [J]. Genes, 2023,14(2):392.

[26] 刘春成,崔丙健,胡 超,等.微咸水与再生水混灌对土壤特性的影响与灌溉效应评估 [J]. 水土保持学报, 2022,36(1):255−262.
Liu C C, Cui B J, Hu C, et al. Effect of mixed irrigation of brackish water and reclaimed water on soil properties and irrigation effect evaluation [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2022,36(1): 255−262.

[27] 高惠敏,王相平,屈忠义,等.不同改良剂对河套灌区土壤盐碱指标及作物产量的影响研究 [J]. 土壤通报, 2020,51(5):1172−1179.
Gao H M, Wang X P, Qu Z Y, et al. Effects of different soil amendments on salinity index and crop yield in the irrigation area of Hetao [J]. Chinese Journal of Soil Science, 2020,51(5):1172−1179.

[28] 王 鼎,李跃进,李青春,等.河套地区盐碱土复合调理剂配方筛选研究 [J]. 中国土壤与肥料, 2020,(4):192−201.
Wang D, Li Y J, Li Q C, et al. Study on the optimum formulation selection of compound conditioner for saline−alkali soil in Hetao area [J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2020,(4):192−201.

[29] 郭祥林,高鹏浩,高佩玲,等.不同矿化度微咸水灌溉条件下生物炭对盐碱土水盐运移影响 [J]. 山东理工大学学报(自然科学版), 2024, 38(2):8−14.
Guo X L, Gao P H, Gao P L, et al. Effect of biochar on water and salt transport in saline soils under brackish Effect of biochar on water and salt transport in saline soils under brackish [J]. Journal of Shandong University of Technology(Natural Science Edition), 2024,38(2):8−14.

[30] Zhang C, Qiao Y, Song Q. Practice of improving saline-alkali soil with bio−humic acid [J]. Processes, 2024,12(6):1250.

[31] 周永学.秸秆还田方式对微咸水滴灌棉田土壤理化性质及棉花水氮利用率的影响 [D]. 石河子:石河子大学, 2022.
Zhou Y X. Effects of straw returning methods on soil physicochemical properties and water− and nitrogen−use efficiency under brackish water drip irrigation cotton fields [D]. Shihezi: Shihezi University, 2022.

[32] 王安宁,黄秋娴,李晓刚,等.冀北山区不同植被恢复类型根际土壤细菌群落结构及多样性 [J]. 林业科学, 2019,55(9):130−141.
Wang A N, Huang Q X, Li X G, et al. Bacterial community structure and diversity in rhizosphere soil of different vegetation restoration patterns in mountainous areas of Northern Hebei [J]. Scientia Silvae Sinicae, 2019,55(9):130−141.

[33] 卫雨西,陈丽娟,冯 起,等.干旱区盐碱土微生物特征及其影响因素研究进展 [J]. 中国沙漠, 2024,44(3):18−30.
Wei Y X, Chen L J, Feng Q, et al. Progress on microbial characteristics in arid salt−affected soils and related factors [J]. Journal of Desert

Research, 2024,44(3):18−30.

[34] Fang D, Zhao G, Xu X, et al. Microbial community structures and functions of wastewater treatment systems in plateau and cold regions [J]. Bioresource technology, 2018,249:684−693.

[35] 白晓雄,李　妍,胡斯乐,等.林龄对刺槐人工林土壤团聚体、有机碳和细菌群落的影响 [J]. 生态学报, 2024,44(12):5259−5268.
Bai X X, Li Y, Hu S L, et al. Impacts of stand ages on soil aggregate, organic carbon, and bacterial communities in *Robinia pseudoacacia* plantation [J]. Acta Ecologica Sinica, 2024,44(12):5259−5268.

[36] Zhang C, Zhou X, Wang X, et al. Elaeagnus angustifolia can improve salt−alkali soil and the health level of soil: Emphasizing the driving role of core microbial communities [J]. Journal of Environmental Management, 2022,305:114401.

[37] 张英英,魏玉杰,吴之涛,等.不同种植年限对特殊药材土壤化学性质和微生物多样性的影响 [J]. 干旱地区农业研究, 2023,41(1):150−159.
Zhang Y Y, Wei Y J, Wu Z T, et al. Effects of different cropping years on soil chemical properties of special medicine source plant [J]. Agricultural Research in the Arid Areas, 2023,41(1):150−159.

[38] 姚　婷,刘　扬,梁允刚,等.盐碱胁迫对小麦幼苗生长和根际细菌群落结构的影响 [J]. 微生物学通报, 2023,50(10):4472−4484.
Yao T, Liu Y, Liang Y G, et al. Saline−alkaline stress affects wheat seedling growth and rhizobacterial community structure [J]. Microbiology China, 2023,50(10):4472−4484.

[39] 肖　飞,王世民,赵峰德.溶解氧浓度对好氧颗粒污泥形成及微生物群落演变的影响 [J]. 环境污染与防治, 2024,46(11):1580−1587,1595.
Xiao F, Wang S M, Zhao F D, et al. Effect of dissolved oxygen concentration on aerobic granular sludge formation and microbial community evolution [J]. Environmental Pollution & Control, 2024,46(11): 1580−1587,1595.

[40] 孙延菲.典型固沙灌木林地土壤微生物群落结构及其对碳氮过程的影响 [D]. 北京:北京林业大学, 2020.
Sun Y F. Soil microbial communities and their effects on carbon and nitrogenprocesses in typical sand−fixing shrublands [D]. Beijing: Beijing Forestyr University, 2020.

[41] 胡永庆,高　明,丁馨茹,等.酒糟灰渣对酸性紫色土细菌群落结构的影响 [J]. 环境科学, 2025,46(8):5369−5378.
Hu Y Q, Gao M, Ding X R, et al. Impact of distiller's grain ash on the bacterial community structure of acidic purple soil [J]. Environmental Science, 2025,46(8):5369−5378.

[42] Zhou Y, He Z, Lin Q, et al. Salt stress affects the bacterial communities in rhizosphere soil of rice [J]. Frontiers in Microbiology, 2024,15:1505368.

[43] Wang B, Wang X, Wang Z, et al. Comparative metagenomic analysis reveals rhizosphere microbial community composition and functions help protect grapevines against salt stress [J]. Frontiers in Microbiology, 2023,14:1102547.

[44] Wang S, Niu Q, Zhu P, et al. Metagenomics analysis unraveled the influence of sulfate radical−mediated compost nitrogen transformation process [J]. Journal of Environmental Management, 2022,317:115436.

[45] 来航线.盐渍化极端生态环境条件下土壤微生物生态及放线菌资源 [D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2008.
Lai H X. Microorganism ecology and actinomycetes resources in saline−alkali extreme enviroments [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2008.

[46] 郭　林,毛佳玲,何　凯,等.煤矿开采区地下水微生物群落结构与功能及其对环境的响应 [J]. 地球科学, 2024,49(9):3252−3263.
Guo L, Mao J L, He K, et al. Microbial community structure and function in groundwater of abandoned coal mine and its response to environment [J]. 地球科学, 2024,49(9):3252−3263.

[47] Xie Y, Ning H, Zhang X, et al. Reducing the sodium adsorption ratio improves the soil aggregates and organic matter in brackish−water−irrigated cotton fields [J]. Agronomy, 2024,14(9):2169.

[48] Öztürk H S, Saygin S D, Copty N K, et al. Hydro−physical deterioration of a calcareous clay−rich soil by sodic water in Central Anatolia, Türkiye [J]. Geoderma Regional, 2023,33:e00649.

[49] 武雪萍,李银坤.温室蔬菜水肥增效机制与管理研究 [J]. 中国农业科学, 2019,52(20):3605−3610.
Wu X P, Li Y K. Mechanisms and managements of water and fertilizer synergy in greenhouse vegetable fields [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019,52(20):3605−3610.

[50] Ferrarezi R S, Lin X, Gonzalez Neira A C, et al. Substrate pH influences the nutrient absorption and rhizosphere microbiome of Huanglongbing−affected grapefruit plants [J]. Frontiers in Plant Science, 2022,13:856937.

**作者简介：**翟　杰(2001−),男,内蒙古兴和县人,内蒙古农业大学硕士研究生,主要从事农业水土资源利用与水土环境调控研究.发表论文 1 篇. zhaijie0105@163.com.