

河北省同纬度不同样地土壤盐分特征与微生物群落结构研究

侯瑞楠¹, 崔钰爽², 王雨², 黄亚丽^{2*}, 陈晓波^{1*}

1 河北科技大学 食品与生物学院, 河北 石家庄

2 河北科技大学 环境科学与工程学院, 河北 石家庄

侯瑞楠, 崔钰爽, 王雨, 黄亚丽, 陈晓波. 河北省同纬度不同样地土壤盐分特征与微生物群落结构研究[J]. 微生物学报, 2025, 65(4): 1417-1432.

HOU Ruinan, CUI Yushuang, WANG Yu, HUANG Yali, CHEN Xiaobo. Soil salt characteristics and microbial community structures in different regions at the same latitude of Hebei Province[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(4): 1417-1432.

摘要:【目的】探究不同盐分类型土壤微生物群落结构特征及其与盐分离子的关联性, 为盐碱土壤改良提供理论依据。【方法】沿北纬 38°采集石家庄(LC)、衡水(SZ)和沧州(HX) 3 个地区的土壤样品, 测定样品中水溶性总盐含量(total content of water-soluble salt, TSS)、盐离子、酶活性及微生物群落结构, 并采用 Mantel 分析法研究土壤盐分特征与微生物群落结构的相关性。【结果】在 LC、SZ 和 HX 3 个样地中, 土壤电导率(electrical conductance, EC)、TSS、Na⁺、Cl⁻、SO₄²⁻和 NO₃⁻含量均呈显著增加趋势, 而土壤蔗糖酶(invertase, SC)、碱性磷酸酶(alkaline phosphatase, ALP)、脲酶(urease, UE)和过氧化氢酶(catalase, CAT) 4 种酶的活性则显著降低, 表明盐碱土壤中养分循环受到抑制。3 个盐分类型的土壤细菌和真菌群落 β 多样性差异显著, 其中 SZ 的细菌和真菌 α 多样性与 LC 存在显著差异。HX 土壤中嗜盐的芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)、粘菌门(*Myxococcota*)及具有尿素分解(ureolysis)功能的菌群丰度显著升高, 而氮固定(nitrogen fixation)菌群丰度降低。Mantel 分析表明, Na⁺、Cl⁻等盐离子与微生物群落组成呈显著负相关, 但与耐盐菌(如 *Gemmatimonadota*)呈正相关。【结论】不同盐分类型土壤微生物群落存在显著差异, 土壤中盐离子通过抑制非耐盐菌和选择性富集耐盐菌驱动群落结构变化。微生物群落的改变和土壤酶活性的降低是盐碱土壤养分循环和供应障碍的关键因素, 该研究为盐碱土壤改良中关键菌群的调控提供了理论依据。

关键词: 土壤盐分; 微生物群落; 高通量测序; 相关性分析

资助项目: 国家重点研发计划(2023YFD1902602-5); 石家庄市驻冀高校产学研合作项目(241490427A); 沧州市重大科技专项项目(224304002Z)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2023YFD1902602-5), the Shijiazhuang Project of Industry and School and Research Cooperation for University Resident (241490427A), and the Cangzhou Major Science and Technology Project (224304002Z).

*Corresponding authors. E-mail: HUANG Yali, huangyali2291@163.com; CHEN Xiaobo, zzschenxiaobo@163.com

Received: 2025-01-21; Accepted: 2025-03-13; Published online: 2025-03-19

Soil salt characteristics and microbial community structures in different regions at the same latitude of Hebei Province

HOU Ruinan¹, CUI Yushuang², WANG Yu², HUANG Yali^{2*}, CHEN Xiaobo^{1*}

1 College of Food Science and Biology, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang, Hebei, China

2 College of Environmental Sciences and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang, Hebei, China

Abstract: **[Objective]** To investigate the structural characteristics of microbial communities in the soil samples with varying salt types and their associations with salt ions, thus laying a theoretical foundation for the amelioration of saline-alkali soil. **[Methods]** Soil samples were collected from three regions: Shijiazhuang (LC), Hengshui (SZ), and Cangzhou (HX) at 38°N. The total soluble salt content (TSS), salt ions, enzyme activities, and microbial community structures were measured. Mantel analysis was performed to examine the correlations between soil salt characteristics and microbial community structures. **[Results]** In the LC, SZ, and HX regions, the levels of soil electric conductivity, TSS, Na⁺, Cl⁻, SO₄²⁻, and NO₃⁻ showed a significant increasing trend, while the activities of four soil enzymes (invertase, alkaline phosphate, urease, and catalase) exhibited significant decreases, indicating that nutrient cycling was inhibited in saline-alkali soil. The β diversity of bacteria and fungi exhibited significant differences among the soil samples of three salt types. The α diversity of both bacteria and fungi in SZ showed significant differences from that in LC. In HX, the abundance of halophilic phyla such as *Gemmatimonadota* and *Myxococcota*, as well as the taxa with the function of ureolysis, significantly increased, while that of nitrogen-fixing taxa decreased. Mantel analysis indicated that salt ions such as Na⁺ and Cl⁻ had significantly negative correlations with microbial community composition but positive correlations with halophilic bacteria, such as *Gemmatimonadota*. **[Conclusion]** Microbial communities in the soil samples with different salt types exhibited significant differences. Salt ions drove structural changes of microbial communities in soil by inhibiting non-halophilic microorganisms and selectively enriching halophilic species. The alterations in microbial communities and the reduction in soil enzyme activities are key factors contributing to the impairment of nutrient cycling and supply in saline-alkali soil. This study lays a theoretical foundation for the regulation of key microbial populations in the amelioration of saline-alkali soil.

Keywords: soil salt; microbial community; high-throughput sequencing; correlation analysis

土壤盐碱化是威胁全球生态安全与农业可持续发展的重大环境问题^[1]。目前,全球约有25%的土地处于盐碱化状态。由于气候条件不断恶化,以及农业生产方式缺乏可持续性,预计到2050年,这一比例将攀升至50%^[2]。我国

是全球第三大盐碱地分布国家,盐碱化土壤总面积约9 900万hm²^[3]。土壤盐碱化导致的土壤退化不仅造成农作物减产20%–50%,还对生物圈和生态环境构成了严重威胁^[4]。因此,解析盐碱土壤的微生态响应规律,可以为盐碱土壤改

良提供理论支撑,这对于缓解土壤盐渍化带来的环境威胁具有重要意义。

微生物在地球上数量极多且分布广泛,是各种生态系统的重要组成部分^[5]。土壤微生物是土壤质量的评价指标之一^[6]。在盐碱土壤生态系统中,微生物作为物质循环与能量流动的核心驱动者,其群落结构及功能演变与土壤盐碱程度密切相关^[7-8]。因此,分析盐碱土壤的微生物资源,是盐碱耕地资源有效利用和改良的基础^[9]。研究表明,由于盐碱土壤特殊的理化性质,特异性招募或进化了耐盐碱或嗜盐碱微生物资源^[10-11],且不同类型或不同程度的盐碱土壤分布着各异的微生物群落结构^[12-13]。例如,芽单胞菌门通过渗透调节和代谢适应策略在高盐环境中广泛生存^[14-15],而对盐分敏感的微生物则受到抑制^[16]。这种群落演替不仅改变了微生物组成,还通过调控碳氮循环等过程影响土壤生态功能^[17]。

然而,尽管目前对我国盐碱土壤微生物已有诸多研究,但主要集中于少数地区的极端嗜盐微生物分离鉴定,或针对单一盐碱土壤类型的微生物菌群分析。研究内容也多聚焦于总盐含量与微生物多样性的线性关系^[18-19],却忽视了盐离子类型对微生物群落结构的驱动机制,使得盐碱土壤修复的微生物调控策略缺乏精准性。本研究创新性地沿北纬 38°,从河北省内陆到沿海,采集石家庄栾城、衡水深州、沧州海兴 3 种盐分类型的土壤样品,解析细菌和真菌群落结构特征及其与盐离子(Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 等)的响应关系。本研究不仅能够深化土壤微生物对盐碱化适应性机制的理解,还将为不同盐碱类型土壤的精准改良和功能微生物资源定向挖掘提供科学支撑,对提升我国盐碱土壤利用效率具有重要的实践价值。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

土壤样品分别采自河北省石家庄市栾城区栾城镇(37°88'15"N, 114°65'24"E), 年均气温 12.8 °C, 年均降水量 474.0 mm, 年日照时间 2 177.3 h, 土壤类型为潮土;河北省衡水市深州市护驾池镇(37°89'28"N, 115°71'08"E), 年均气温 13.4 °C, 年降水量 486.0 mm, 年日照时间 2 563.0 h, 土壤类型为潮土;河北省沧州市海兴县小山乡(38°16'52"N, 117°57'22"E), 年均气温 13.8 °C, 年降水量 570.0 mm, 年日照时间 2 718.8 h, 土壤类型为滨海盐土。

1.2 样品采集与测定方法

土壤样品于小麦拔节期(2023 年 4 月)进行采集。每个土壤类型区在县域内均匀布设 3 个标准样地(均为小麦-玉米一年两作种植模式),面积均为 1 600 m² (40 m×40 m)。每个标准样地按五点取样法采集 0–20 cm 土壤,将土壤表面杂物去除,按等质量比例混合,制成一个具有代表性的土壤样品装于无菌密封袋中,共采集 9 个土壤样品。将采集的土壤样品低温保存并迅速送回实验室,采用四分法在无菌条件下将土壤样品分为 2 部分:一部分土壤自然风干,过 0.15 mm 筛,用于测定土壤盐离子和酶活性;另一部分土壤置于–80 °C 冷冻保存,用于土壤总 DNA 提取和高通量测序。

取过 20 目筛的干土,使用去离子水按照 5:1 的水土比例制备浸提液,使用 pH 计[梅特勒-托利多仪器(上海)有限公司]测定 pH,采用电导计(上海仪电科学仪器股份有限公司)测定电导率(electrical conductance, EC);水溶性总盐(total content of water-soluble salt, TSS)含量采用残渣烘干法测定(土水比为 1:5); Na^+ 和 K^+ 采用 $\text{Al}_2(\text{SO}_4)_3$ 浸提-火焰光度法测定; Mg^{2+} 和 Ca^{2+} 采用 LaCl_3

浸提-原子吸收分光光度法测定; Cl^- 采用 AgNO_3 滴定法测定; SO_4^{2-} 采用 BaSO_4 比浊法测定; NO_3^- 采用离子色谱法测定; HCO_3^- 采用双指示剂-中和滴定法测定^[20]。土壤酶活性参考郑立伟等^[21]的研究方法, 采用南京建成生物工程研究所的酶活性试剂盒测定, 其中土壤蔗糖酶 (invertase, SC) 活性采用 DNS 法, 碱性磷酸酶 (alkaline phosphatase, ALP) 和过氧化氢酶 (catalase, CAT) 活性采用分光光度法, 脲酶 (urease, UE) 活性采用次氯酸钠苯酚比色法。

采用磁珠法土壤 DNA 提取试剂盒[天根生化科技(北京)有限公司]进行土壤样品中 DNA 的提取, 以质量合格的 DNA 为模板进行 PCR 扩增。细菌 16S rRNA 基因的 V3-V4 高变区扩增上游引物序列为 338F: 5'-ACTCCTACGGGAG GCAGCA-3'; 下游引物序列为 806R: 5'-GGA CTACHVGGGTWTCTAAT-3'^[22]; 真菌 ITS 基因的 ITS1 区域扩增上游引物序列为 1737F: 5'-CTTGGTCATTAGAGGAAGTAA-3'; 下游引物序列为 2043R: 5'-GCTGCGTTCTTCATCG ATGC-3'^[23]。PCR 反应体系 (25 μL): 2 $\times$ Phanta Max Master Mix (p515) 12.5 μL , 上、下游引物 (10 $\mu\text{mol/L}$) 各 1 μL , DNA 模板 0.5 μL , ddH₂O 10 μL 。PCR 反应条件: 95 $^\circ\text{C}$ 预变性 5 min; 95 $^\circ\text{C}$ 变性 30 s, 60 $^\circ\text{C}$ 退火 30 s, 72 $^\circ\text{C}$ 延伸 2 min, 35 个循环; 72 $^\circ\text{C}$ 终延伸 5 min。对 PCR 反应产物进行检测、回收和纯化, 纯化后的样品送至北京百迈客生物科技有限公司, 利用 Illumina NovaSeq 6000 测序平台进行高通量测序。

1.3 数据分析

高通量测序得到的原始图像数据文件, 经碱基识别分析转化为原始序列后, 使用 QIIME 2 v2020.6 中的 DADA2 插件去除引物、质量滤波、去噪、剪接和嵌合, 获得扩增子序

列变体 (amplicon sequence variants, ASVs)。土壤细菌和真菌群落 α 多样性和 β 多样性利用 Origin 2022 软件进行绘制。使用 QIIME 软件生成不同分类水平上的物种丰度表, 并利用 R 语言工具绘制样品各分类学水平下的群落结构图。分别使用 FAPROTAX 和 FUNGuild 数据库对土壤细菌和真菌群落进行功能预测。相关性分析、Mantel 分析和相关性热图均使用 R 语言进行绘制。利用 R 语言对细菌和真菌群落中丰度前 100 的 ASVs 进行相关性分析, 选取 $P < 0.05$ 的 ASVs 在 Gephi 软件中对网络进行可视化。

使用 Excel 2021 进行数据整理, IBM SPSS 26.0 进行单因素 ANOVA 方差分析。方差分析后的多重比较采用邓肯法 (Duncan), 显著性水平分别设定为 $P < 0.05$ 和 $P < 0.01$ 。相关性分析采用 Spearman 法。

2 结果与分析

2.1 不同样地土壤盐分差异及其离子特征

三个样地土壤盐分离子含量具有显著差异 (表 1), 土壤电导率 (electrical conductance, EC)、水溶性总盐 (total content of water-soluble salt, TSS)、 Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 含量在 LC、SZ、HX 样地中依次升高且存在显著差异; HX 土壤的 EC、TSS、 Na^+ 、 Mg^{2+} 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 含量显著高于 SZ 和 LC, 为典型的滨海盐碱土壤的盐离子类型; 而 SZ 土壤中 HCO_3^- 、 Ca^{2+} 含量分别为 344.00 mg/kg 和 152.80 mg/kg, 显著高于其他 2 个样地, 表明该样地土壤因碳酸盐累积呈现弱碱性特征。这种离子分布格局与区域水文条件密切相关: 沿海地区受海水影响显著 (HX), 内陆地区地下水开采导致次生盐渍化 (SZ), 而栾城 (LC) 则因良好的排灌系统维持较低

表1 三个样地土壤盐分离子含量

Table 1 Soil salt ion content in three plots

Treatment	pH	EC ($\mu\text{s}/\text{cm}$)	TSS (g/kg)	Na ⁺ (mg/kg)	K ⁺ (mg/kg)	Mg ²⁺ (mg/kg)	Ca ²⁺ (mg/kg)	Cl ⁻ (mg/kg)	SO ₄ ²⁻ (mg/kg)	NO ₃ ⁻ (mg/kg)	HCO ₃ ⁻ (mg/kg)
LC	8.03±	274.00±	1.36±	24.33±	17.33±	25.43±	114.37±	18.07±	36.27±	79.17±	333.00±
	0.09ab	61.88c	0.36c	1.10c	0.57b	1.37b	4.27c	0.21c	6.55c	16.88c	19.05b
SZ	7.95±	397.00±	2.08±	81.50±	30.10±	21.93±	152.80±	73.73±	93.50±	149.73±	344.00±
	0.11b	54.62b	0.32b	2.59b	1.49a	0.35c	7.48a	13.78b	4.00b	23.84b	19.05a
HX	8.06±	540.33±	2.93±	96.10±	27.40±	39.70±	142.63±	129.03±	110.23±	187.23±	279.33±
	0.04a	16.29a	0.10a	0.79a	4.90a	0.61a	1.81b	1.80a	1.15a	3.70a	18.48c

数值为平均值±标准偏差, 同一列不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。LC: 栾城土壤; SZ: 深州土壤; HX: 海兴土壤, 下同。

Values are mean±SD. Different lowercase letters in the same column indicate significant differences ($P<0.05$). LC: Luancheng soil; SZ: Shenzhou soil; HX: Haixing soil. The same notation applies below.

的盐分水平。

进一步分析了土壤盐分离子之间的相关性(图 1), 结果表明土壤 TSS 与 Na⁺、Cl⁻、SO₄²⁻、NO₃⁻极显著正相关($P<0.01$), 同时 Na⁺、Cl⁻、SO₄²⁻、NO₃⁻这 4 种离子两两之间均存在极显著正相关($P<0.01$), 表明这些离子具有较高的同源性, 且是滨海盐碱的主要贡献离子。土壤 TSS 与 HCO₃⁻呈显著负相关($P<0.05$), 而与 Ca²⁺呈正相关, 表明 SZ 样地碱性条件下离子的共存机制。这种不同样地盐分离子特征的差异为后续分析盐分胁迫对土壤酶活性和微生物群落结构的影响奠定了基础。

2.2 不同样地土壤酶活性分析

由表 2 结果可知, 土壤蔗糖酶(invertase, SC)、碱性磷酸酶(alkaline phosphatase, ALP)、脲酶(urease, UE)和过氧化氢酶(catalase, CAT) 4 种酶活性均呈现沿盐分梯度(LC→SZ→HX)依次降低的趋势。对于 SC 活性而言, HX 和 SZ 分别比 LC 显著降低 64.45% 和 28.85% ($P<0.05$), 而 ALP、UE、CAT 活性均为 HX 显著低于 SZ 和 LC ($P<0.05$)。这表明盐碱化会导致土壤酶活性降低, 从而抑制碳、氮、磷等元素的循环。

土壤酶活性与盐分离子的相关性分析表明

(图 1), ALP 和 SC 活性与 TSS、Na⁺、Cl⁻、SO₄²⁻、NO₃⁻这 5 种离子均呈极显著负相关($P<0.01$), 而 CAT 和 UE 活性与这些离子多呈显著负相关($P<0.05$)。

2.3 土壤微生物群落多样性和结构差异

2.3.1 土壤微生物群落多样性指数分析

图 2 为土壤细菌和真菌的 α 多样性分析。对于细菌群落, ACE 指数在 3 个样地间均存在显著差异, 呈现 LC>HX>SZ ($P<0.01$) (图 2A), Shannon 指数则表现为 LC 和 HX 显著高于 SZ ($P<0.05$) (图 2B), 表明细菌菌群的 α 多样性指数受盐分显著抑制, 而由于不同菌群对盐分的适应性不同, 呈现非单调变化。对于真菌群落, 2 个指数均表现为 LC 显著高于 SZ ($P<0.05$) (图 2C、2D), 而 HX 与另外 2 个样地无显著差异, 说明真菌具有更强的盐分适应性。

主成分分析(PCoA) (图 3)显示, 3 个样地的细菌和真菌群落均各自聚类成簇。PERMANOVA 检验结果显示, 细菌群落的变异解释率为 35.35% ($R^2=0.353$, $P<0.01$; 图 3A), 真菌群落的变异解释率为 33.81% ($R^2=0.338$, $P<0.01$; 图 3B), 表明不同样地的细菌和真菌群落均存在极显著差异。对于细菌和真菌群落而

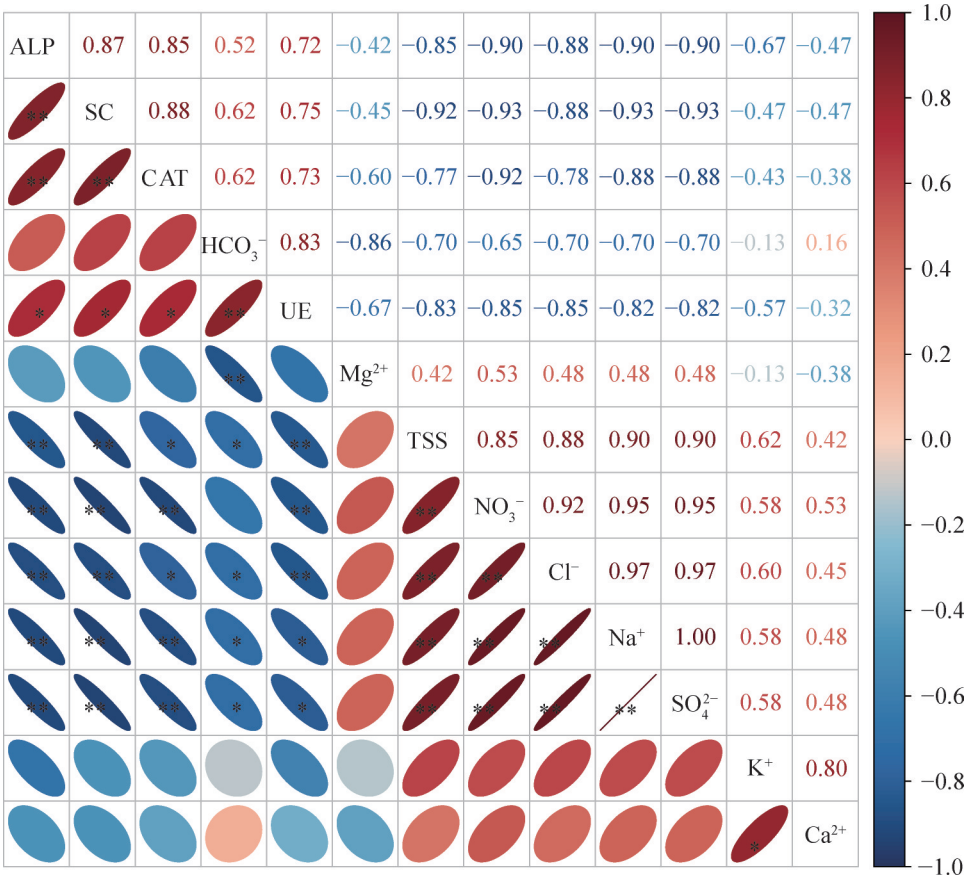


图1 土壤盐分离子含量和酶活性的相关性分析。椭圆向左倾斜表示正相关，椭圆向右倾斜表示负相关，椭圆越小表示相关性越强。红色表示正相关，蓝色表示负相关，颜色越深表示相关性越强。

Figure 1 Correlation analysis of soil salt ion content and enzyme activity. The ellipse tilted to left represent positive correlation and to right represent negative correlation. The smaller the ellipse, the stronger the correlation. Red represents a positive correlation, and blue represents a negative correlation. The darker the color, the stronger the correlation. *: $P<0.05$; **: $P<0.01$.

表2 三个样地土壤酶活性特征

Table 2 Characteristics of soil enzyme activity in three plots

Treatment	SC (mg/(d·g))	ALP (nmol/(h·g))	UE (U/g)	CAT (μmol/(h·g))
LC	57.05±0.08a	3 133.47±15.10a	1 926.27±140.48a	425.06±0.43a
SZ	40.59±4.64b	3 047.82±2.62a	1 775.48±154.20a	411.39±13.74a
HX	20.28±0.01c	1 023.26±18.97b	1 242.18±61.24b	334.18±8.13b

数值为平均值±标准偏差，同一列不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

Values are mean±SD. Different lowercase letters in the same column indicate significant differences ($P<0.05$).

言，HX 与 LC、SZ 在横坐标轴上区分明显，而 SZ 和 LC 则沿纵坐标轴分别聚类，说明不同盐分类型通过改变生态位资源，以不同方式重塑了微生物群落结构。

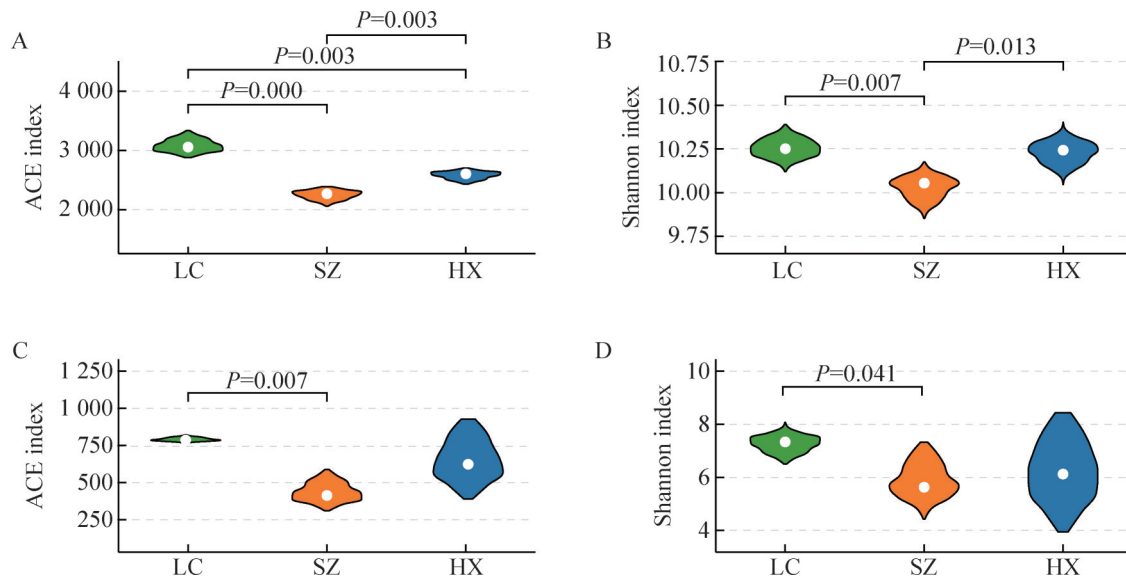


图2 土壤细菌和真菌 α 多样性分析。A: 细菌的ACE指数; B: 细菌的Shannon指数; C: 真菌的ACE指数; D: 真菌的Shannon指数。

Figure 2 Analysis of alpha diversity of soil bacteria and fungi. A: ACE index of bacteria; B: Shannon index of bacteria; C: ACE index of fungi; D: Shannon index of fungi.

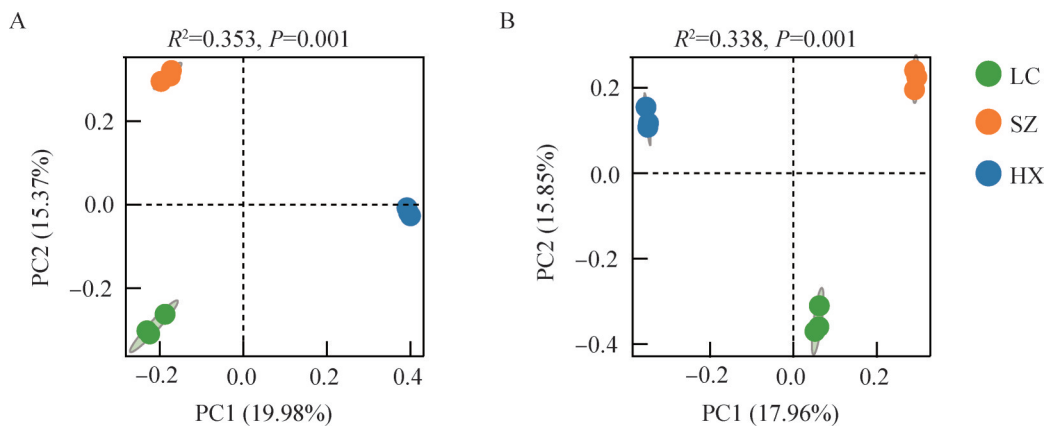


图3 土壤细菌和真菌主坐标(PCoA)图。A: 细菌PCoA图; B: 真菌PCoA图。

Figure 3 Main coordinates (PCoA) diagram of the soil bacteria and fungi. A: Bacterial PCoA diagram; B: Fungal PCoA plot.

2.3.2 土壤微生物群落组成分析

如图 4A 所示, 3 个样地土壤细菌在门水平上的组成存在显著差异。在高盐分的 HX 土壤中, 芽单胞菌门(*Gemmatimonadota*)和粘菌门(*Myxococcota*)为优势门类, 其相对丰度显著高于其他样地($P<0.05$)。其中, 芽单胞菌门包含极

端耐盐微生物, 而粘菌门因含有较多分泌胞外多糖的微生物而在盐碱环境中广泛存在。在中盐的 SZ 土壤中, 变形菌门(*Proteobacteria*)和酸杆菌门(*Acidobacteriota*)占主导地位; 而在低盐的 LC 土壤中, 拟杆菌门(*Bacteroidota*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)和硝化螺旋菌门(*Nitrospirota*)相对

丰度较高, 其功能特征(如有机物分解和氮循环)与低盐区稳定的生态系统相匹配。门水平的差异与多样性分析结果(图 3)相互印证, 表明盐分通过改变土壤环境导致了细菌群落的重构, 使 HX 与 LC、SZ 的细菌群落显著区分。

图 4B 展示了 3 个样地丰度前 10 位的优势菌属。HX 土壤中, *unclassified_Geminicoccaceae* 和 *Subgroup_10* 的相对丰度显著高于其他样地, 与 HX 土壤中芽单胞菌门的高丰度一致。HX 和 SZ 土壤中 *unclassified_Gemmatimonadaceae* 的相对丰度显著高于 LC, 表明该菌属具有高盐区的生态适应性。SZ 土壤中, *unclassified_Vicinamibacterales*、*unclassified_Vicinamibacteraceae*、*Sphingomonas* 和 *MND1* 的相对丰度较高。

三个样地真菌群落的门水平组成如图 5A 所示。LC 土壤中, 壶菌门(*Chytridiomycota*)和油壶菌门(*Olpidiomyota*)的相对丰度显著高于其他样地。LC 和 HX 土壤中, 球囊菌门(*Glomeromycota*)的相对丰度显著高于 SZ。从属水平分析真菌群落发现, LC 土壤中 *unclassified_Sordariomycetes* 和油壶菌属(*Olpidium*)的相对丰度高于其他样地(图 5B)。与

真菌的 β 多样性分析结果相似, 真菌在门和属水平上均未呈现明显的盐分梯度特征。

2.3.3 土壤微生物群落功能预测分析

对土壤中细菌菌群进行代谢通路富集分析发现(图 6A), 在高盐的 HX 土壤中, 尿素分解(ureolysis)功能菌显著富集, 而氮固定(nitrogen fixation)功能菌的丰度则显著降低, 表明盐胁迫驱动微生物功能菌群重建, 使土壤氮素含量趋向于降低, 与 HX 土壤中脲酶活性低一致。LC 土壤中有氧化能异养(aerobic chemoheterotrophy)功能菌显著富集, 捕食性或外寄生性(predatory or exoparasitic)功能菌的丰度则显著降低, 说明适宜的土壤盐分有利于土壤中有机物的转化。

图 6B 展示了 3 个样地土壤真菌的微生态功能。LC 土壤中, 真菌寄生菌(fungal parasite)和动物寄生菌(animal parasite)功能菌的丰度显著高于其他 2 个样地, 这与门水平分析中壶菌门和油壶菌门丰度显著增加相对应, 这些菌门中富含能够分泌几丁质酶的微生物, 具有降低病原真菌和线虫的作用。在高盐的 HX 土壤中, 粪腐真菌(dung saprotroph)和木质腐生真菌(wood saprotroph)功能的菌群相对丰度较高, 这些功能

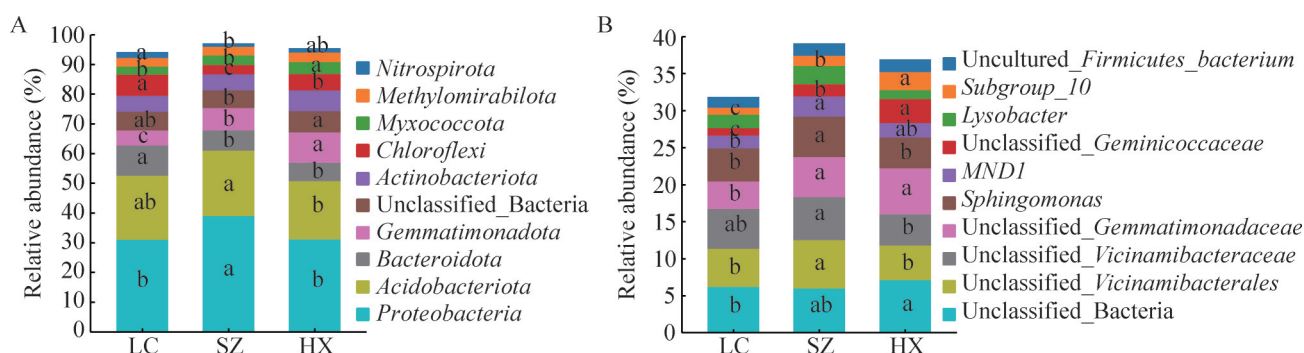


图4 土壤细菌组成分析。A: 不同组间相对丰度前10的门水平柱形图; B: 不同组间相对丰度前10的属水平柱形图。不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)。

Figure 4 Analysis of soil bacterial composition. A: Bar chart of the top 10 phyla by relative abundance among different groups; B: Bar chart of the top 10 genus by relative abundance among different groups. Different lowercase letters indicate significant difference among different treatments at the 0.05 level.

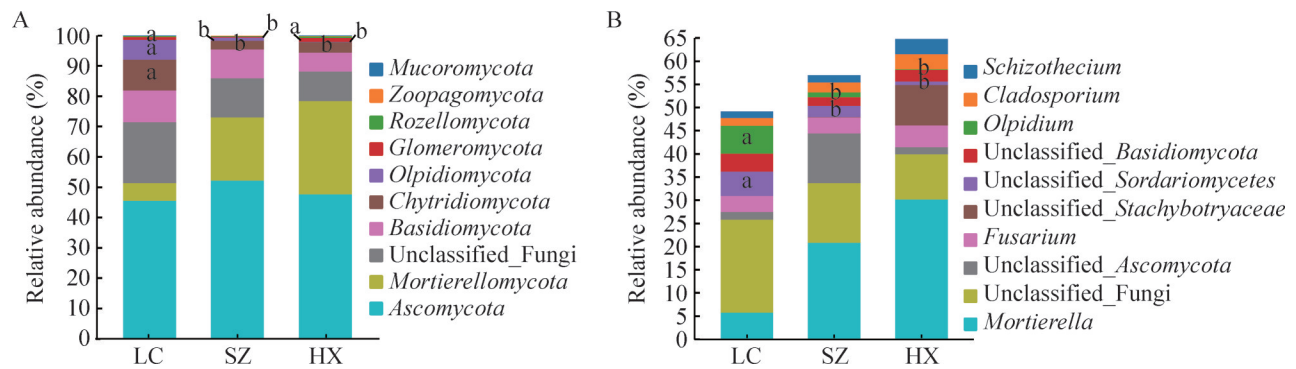


图5 土壤真菌组成分析。A: 不同组间相对丰度前10的门水平柱形图; B: 不同组间相对丰度前10的属水平柱形图。不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

Figure 5 Analysis of soil fungal composition. A: Bar chart of the top 10 phyla by relative abundance among different groups; B: Bar chart of the top 10 genus by relative abundance among different groups. Different lowercase letters indicate significant difference among different treatments at the 0.05 level.

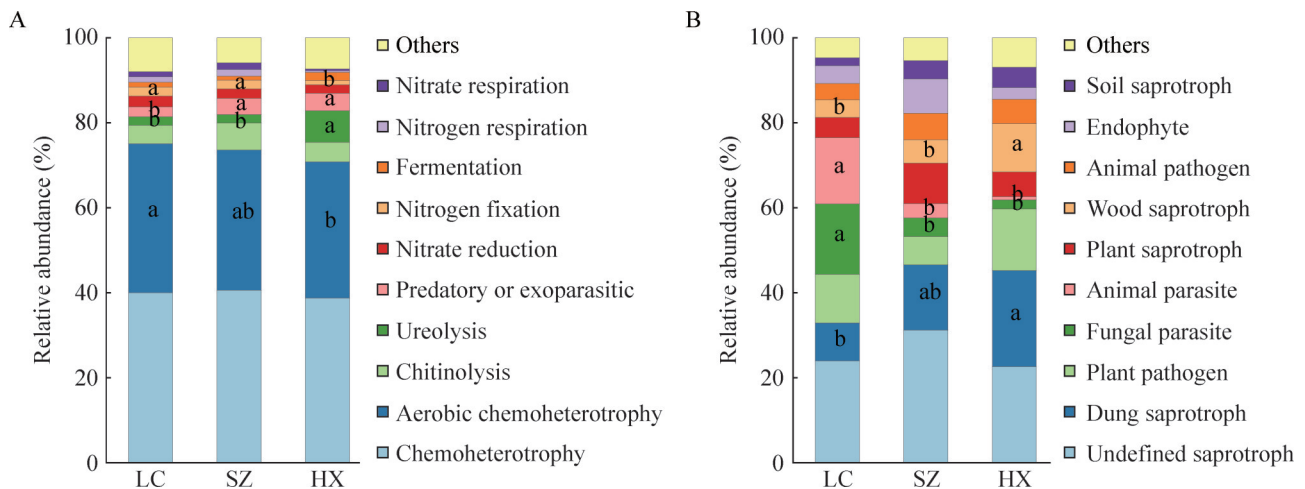


图6 土壤细菌和真菌功能分析。A: 不同组间相对丰度前10的细菌功能柱形图; B: 不同组间相对丰度前10的真菌功能柱形图。不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。

Figure 6 Functional analysis of soil bacteria and fungi. A: Bar chart of the top 10 bacterial function by relative abundance among different groups; B: Bar chart of the top 10 fungal function by relative abundance among different groups. Different lowercase letters indicate significant difference among different treatments at the 0.05 level.

菌的富集与盐碱土壤中球囊菌门(*Glomeromycota*)丰度显著增加相一致。

2.3.4 土壤微生物群落生态网络分析

表3列出了3个样地土壤细菌和真菌生态网络的拓扑参数。研究发现随着盐度的增加,

微生物群落的相互作用显著增强。高盐土壤(HX)的边数(4 864)和平均度(48.884)显著高于低盐(LC: 边数 3 284, 平均度 32.84)和中盐土壤(SZ: 边数 3 319, 平均度 33.19),表明高盐环境下微生物之间的连接更为密集。模块化值从 LC

表3 不同样地土壤细菌和真菌群落共现网络特征参数

Table 3 Characteristics of co-occurrence network of bacterial and fungal communities in different places

Treatment	Number of nodes	Number of edges	Modularity	Network density	Average degree	Bacterial ratio (%)	Fungal ratio (%)	Positive correlation (%)	Negative correlation (%)
LC	199	3 284	0.824	0.165	32.84	50.00	50.00	72.56	27.44
SZ	200	3 319	0.819	0.167	33.19	50.00	50.00	66.32	33.68
HX	200	4 864	0.747	0.247	48.88	49.75	50.25	68.34	31.66

的 0.824 降至 HX 的 0.747, 图密度从 0.165 增至 0.247, 进一步说明高盐土壤中微生物网络结构更加复杂且紧密。细菌和真菌的比例在各处理中保持相对稳定(约 50%:50%), 但高盐 HX 土壤中负相关比例略有增加(31.66%)(图 7), 表明盐度升高可能加剧了微生物之间的竞争关系。总体而言, 盐度显著影响了微生物网络的拓扑结构, 增强了微生物间的相互作用, 同时可能促进了竞争性关系的形成。

2.4 土壤盐分因子与微生物群落相关性分析

如图 8 所示, Mantel 分析揭示了盐分离子

对微生物群落的多维度调控作用。在微生物结构方面, 土壤 Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 与微生物群落组成呈极显著负相关, K^+ 、 Ca^{2+} 与其呈显著负相关。土壤 TSS、 Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 与微生物群落功能呈极显著负相关, K^+ 、 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 、 NO_3^- 与微生物群落功能呈显著负相关。这也进一步证明, 盐分越高土壤微生物群落结构越简单, 微生物群落总体功能越低, 而土壤微生物功能的降低也影响了土壤的酶活性。

采用相关性热图分析了土壤盐分因子与微生物菌属及其功能的相关性(图 9)。土壤 TSS、 Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 构成了盐分因子的核心

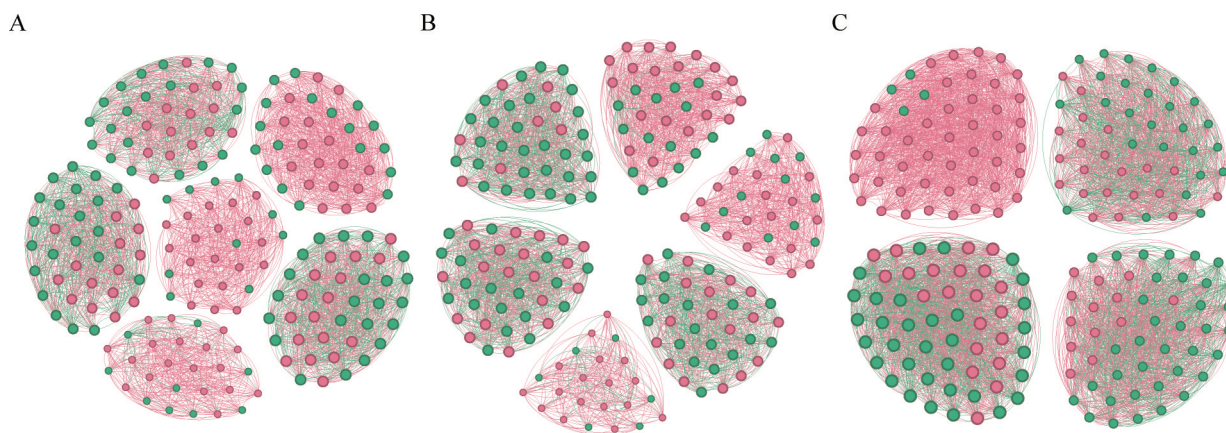


图7 细菌和真菌菌群共现网络图。A: LC; B: SZ; C: HX。节点表示ASVs, 点的大小表示不同ASVs丰度, 绿色节点代表细菌, 红色节点代表真菌; 2个节点之间的连接表示显著相关($P<0.05$), 红色表示正相关, 绿色表示负相关。

Figure 7 Co-occurrence network of bacterial and fungal community. A: Luancheng soil; B: Shenzhou soil; C: Haixing soil. The nodes represent ASVs, and the size of the nodes indicates the abundances of different ASVs. Green nodes represent bacteria, while red nodes represent fungi. The connection between two nodes stands for a significant correlation ($P<0.05$). Positive correlations are in red, whereas negative correlations in green edges.

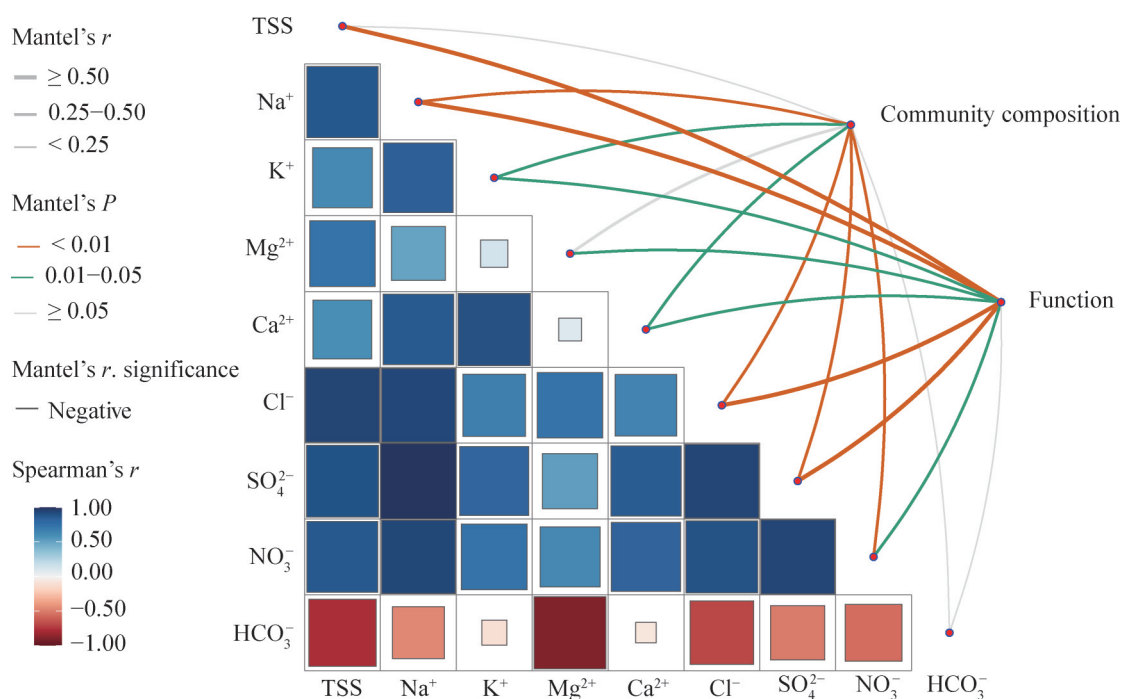


图8 土壤盐分因子与微生物群落的Mantel分析

Figure 8 Mantel analysis of soil salinity factors and microbial communities.

调控模块，与 *unclassified_Sordariomycetes*、*Olpidium* 等呈负相关，与 *unclassified_Geminicoccaceae*、*Subgroup_10*、*unclassified_Gemmatimonadota* 等呈显著正相关(图 9A)。在功能层面上，则与动物寄生菌(animal parasite)、真菌寄生菌(fungal parasite)、氮固定(nitrogen fixation)等功能菌呈显著负相关，与粪腐真菌(dung saprotroph)、尿素分解(ureolysis)等功能菌呈显著正相关(图 9B)。本研究结果进一步表明，土壤中盐分离子与土壤群落结构与功能具有显著相关性。

3 讨论

3.1 土壤盐分离子类型和含量对土壤酶活性及微生物多样性的影响

土壤盐渍化是造成滨海土壤质量下降的重要原因之一^[24]。本研究结果显示，从内陆到滨海，土壤 TSS、 Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 等含量

呈现规律性的由低到高的趋势，且差异显著。土壤 TSS 与这 4 种离子含量呈现强相关性，8 种离子之间大多呈显著正相关，这与前人对滨海盐碱区土壤盐离子的研究结果基本一致^[25-26]。土壤酶活性作为土壤质量的重要指标之一，其变化反映了土壤生物化学过程的活跃程度^[27]。研究发现，随着土壤盐分含量的增加，土壤酶活性(SC、ALP、UE、CAT)显著降低，与 Yang 等^[28]研究结果相似，说明盐碱土壤中养分循环受到抑制。这种抑制作用可能是由于高盐环境对酶的结构和功能产生影响，同时也可能与微生物群落的变化有关^[29]。微生物作为土壤系统中最为重要的活性因子，是土壤酶的主要生产者^[30]，微生物种群的改变直接影响着土壤酶活性^[31]。微生物多样性是土壤生态系统功能的基础，反映了土壤生态系统的复杂性和稳定性^[32]。不同盐分土壤微生物菌群的 α 和 β 多样性分析表明，不同样地间呈现显著差异，但未呈现随

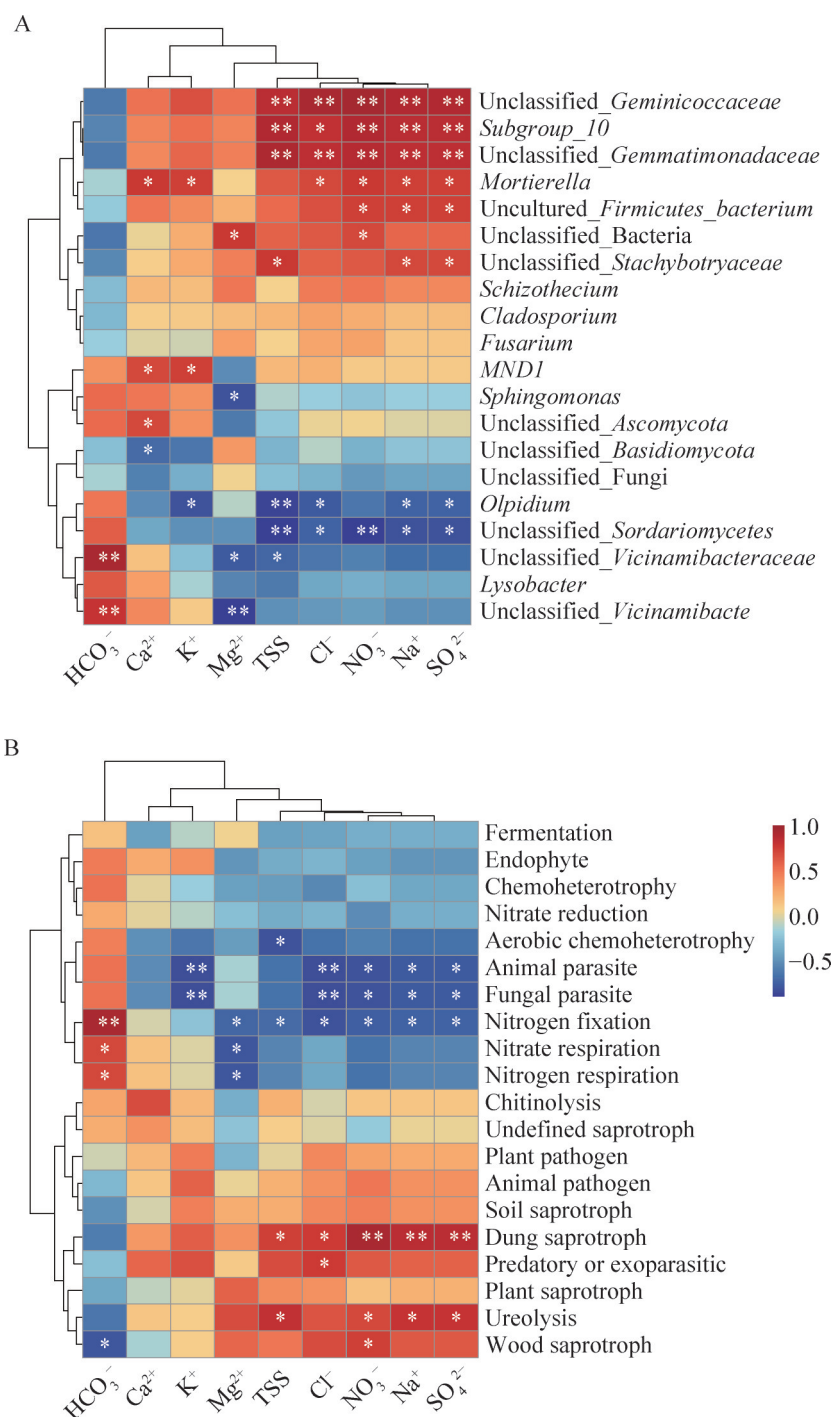


图9 土壤盐分因子与微生物群落的相关性分析。A: 土壤盐分因子与微生物菌属的相关性分析; B: 土壤盐分因子与微生物功能的相关性分析。红色表示正相关, 蓝色表示负相关, 颜色越深, 相关性越强。

Figure 9 Correlation analysis between soil salinity factors and microbial communities. A: Correlation analysis between soil salinity factors and microbial genera; B: Correlation analysis of soil salt factor and microbial function. Red represents a positive correlation, and blue represents a negative correlation. The darker the color, the stronger the correlation. *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$.

盐分逐渐升高而规律性变化,这与前人的研究结果一致^[33-34]。这种结果一方面表明微生物多样性受多种环境因子的影响,构成土壤盐分的离子种类和浓度均对微生物菌群的构建具有重要作用,另一方面也进一步说明土壤中微生物种群复杂,不同种群的微生物对盐分胁迫的反应不同^[35]。

3.2 微生物菌群的结构和功能及其与盐分因子的相关性

在盐碱土壤中广泛分布着大量发挥重要功能的微生物类群^[36]。近年来,有关盐碱土壤的微生物研究受到了广泛关注,相关研究发现不同地域盐碱土的微生物群落组成及优势菌群差异显著^[5-6,19]。本研究对比分析沿北纬 38°由内陆向沿海 3 个不同盐碱程度的土壤微生物结构发现,随着土壤盐分含量的增加,土壤芽单胞菌门及其 *unclassified_Gemmatimonadota*、变形菌门的 *unclassified_Geminicoccaceae*、酸杆菌门的 *Subgroup_10* 等相对丰度显著升高,且菌属与 TSS、 Na^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 呈显著正相关。芽单胞菌门具有嗜盐的特点,属于典型的嗜盐菌类群,通过渗透调节可以有效抵抗盐胁迫,且对极端环境具有较强的耐受性^[37]。变形菌门、酸杆菌门及其菌属可能有助于维持微环境的平衡,增强抵御盐胁迫的能力^[38]。

土壤功能预测分析可以为深入理解土壤养分转化的微生物驱动过程提供依据^[39]。本研究发现盐碱化程度高的 HX 土壤中尿素分解(ureolysis)功能菌丰度升高,而氮固定(nitrogen fixation)功能菌丰度降低。这表明土壤盐碱化可能通过改变微生物群落的功能组成,不利于土壤中氮素保留^[40],该结果也进一步说明了盐碱土壤中氮素匮乏和过量流失的微生物机制^[41]。此外, HX 土壤中粪腐真菌(dung saprotroph)等功能菌群丰度增加,粪腐真菌在分解有机物质时

会消耗大量土壤养分(如氮、磷等),这可能导致植物可利用的养分减少^[42]。这种现象进一步说明了盐碱化对土壤生态系统的负面影响,并为优化盐碱土壤的养分管理提供了理论依据。

土壤生态网络揭示了微生物群落之间的相互作用及其对环境变化的响应^[43]。结果表明,土壤盐分不仅改变了微生物网络的拓扑结构,还可能通过增强竞争性相互作用影响生态功能^[44]。未来的研究可进一步探讨这些变化对土壤生态系统稳定性和功能的影响。

4 结论

由内陆到沿海的 LC、SZ 和 HX 样地土壤呈现显著的盐分含量和种类差异,其中盐分含量高低与土壤 SC、ALP、UE、CAT 酶活性呈显著负相关,表明盐分升高导致土壤中碳、氮、磷等元素循环受阻。盐离子含量和类型导致了土壤细菌和真菌群落的 α 、 β 多样性的差异,并引起了微生物菌群结构和功能的变化,表明土壤中盐离子通过抑制非耐盐菌和选择性富集耐盐菌驱动群落结构变化。微生物群落的改变和土壤酶活性的降低是盐碱土壤养分循环和供应障碍的关键,该研究为盐碱土壤改良中关键菌群的调控提供了理论依据。

作者贡献声明

侯瑞楠: 论文撰写; 崔钰爽: 数据收集和处理; 王雨: 论文修改; 黄亚丽: 项目监管、论文修改; 陈晓波: 实验设计。

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] OMUTO CT, KOME GK, RAMAKHANNA SJ, MUZIRA NM, RULEY JA, JAYEOBA OJ, RAHARIMANANA V, OWUSU AA, KHAMIS NA, MATHAFENG KK, ELMOBARAK AA, VARGAS RR, KOETLISI AK, DEMBELE D, DIWARA M, MBAIKOUBOU M, MARIA RM, BOUKARY IA, MALATJI A, AMIN TM, et al. Trend of soil salinization in Africa and implications for agro-chemical use in semi-arid croplands[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 951: 175503.
- [2] ZHANG YT, HOU K, QIAN H, GAO YY, FANG Y, XIAO S, TANG SQ, ZHANG QY, QU WG, REN WH. Characterization of soil salinization and its driving factors in a typical irrigation area of Northwest China[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 837: 155808.
- [3] QU YK, TANG J, LIU B, LV H, DUAN YC, YANG Y, WANG SN, LI ZY. Rhizosphere enzyme activities and microorganisms drive the transformation of organic and inorganic carbon in saline-alkali soil region[J]. *Scientific Reports*, 2022, 12(1): 1314.
- [4] 侯晖, 龚佳, 谢沁泌, 赵宏亮, 程昊, 王芳, 倪细炉. 宁夏4种耐盐植物对根际土壤养分及微生物功能多样性的影响[J]. *西北林学院学报*, 2023, 38(4): 61-73.
HOU H, GONG J, XIE QM, ZHAO HL, CHENG H, WANG F, NI XL. Effects of four salt-tolerant plants on rhizosphere soil nutrients and microbial functional diversity in Ningxia[J]. *Journal of Northwest Forestry University*, 2023, 38(4): 61-73 (in Chinese).
- [5] PÉREZ-HERNÁNDEZ V, HERNÁNDEZ-GUZMÁN M, LUNA-GUIDO M, NAVARRO-NOYA YE, ROMERO-TEPAL EM, DENDOOVEN L. Bacterial communities in alkaline saline soils amended with young maize plants or its (Hemi) cellulose fraction[J]. *Microorganisms*, 2021, 9(6): 1297.
- [6] 刘银双, 牛宏进, 赵阳阳, 孙宏勇, 陈晓波, 黄亚丽. 河北省不同盐渍化土壤类型的微生物多样性与种群结构[J]. *环境科学*, 2023, 44(12): 7004-7013.
LIU YS, NIU HJ, ZHAO YY, SUN HY, CHEN XB, HUANG YL. Microbial diversity and population structure of different salinized soil types in Hebei Province[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(12): 7004-7013 (in Chinese).
- [7] WANG YD, SUN QH, LIU JA, WANG LS, WU XL, ZHAO ZY, WANG NX, GAO Z. *Suaeda salsa* root-associated microorganisms could effectively improve maize growth and resistance under salt stress[J]. *Microbiology spectrum*, 2022, 10(4): e0134922.
- [8] DARAZ U, AHMAD I, LI QS, ZHU B, SAEED MF, LI Y, MA JG, WANG XB. Plant growth promoting rhizobacteria induced metal and salt stress tolerance in *Brassica juncea* through ion homeostasis[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2023, 267: 115657.
- [9] NAN LL, GUO QE, CAO SY, ZHAN ZB. Diversity of bacterium communities in saline-alkali soil in arid regions of Northwest China[J]. *BMC Microbiology*, 2022, 22(1): 11.
- [10] FU JH, LIU YW, LIU XC, GUO MF, GAO JZ, YANG M, LIU XS, WANG W, JIN Y, QU JJ. Screening of saline-alkali tolerant microorganisms and their promoting effects on rice growth under saline-alkali stress[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2024, 481: 144176.
- [11] 邢硕, 邹荣松, 李素艳, 朱建峰, 陈军华, 罗志斌. 耐盐碱根际微生物在盐碱地生态修复中的应用[J]. *世界林业研究*, 2024, 37(5): 30-36.
XING S, ZOU RS, LI SY, ZHU JF, CHEN JH, LUO ZB. Application of saline-alkali tolerant rhizosphere microorganisms to ecological restoration of saline-alkali land[J]. *World Forestry Research*, 2024, 37(5): 30-36 (in Chinese).
- [12] 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).
- [13] ZHAO XY, GAO JL, YU XF, BORJIGIN QG, QU JW, ZHANG BZ, ZHANG SN, LI Q, GUO JA, LI DB. Evaluation of the microbial community in various saline alkaline-soils driven by soil factors of the Hetao Plain, Inner Mongolia[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14(1): 28931.
- [14] 郭晓雯, 向贵琴, 张发朝, 江山, 闵伟. 生物炭和秸秆还田对咸水滴灌棉田土壤微生物群落特征及功能差异的影响[J]. *环境科学*, 2024, 45(6): 3571-3583.
GUO XW, XIANG GQ, ZHANG FC, JIANG S, MIN W. Effects of biochar and straw return on soil microbial community characteristics and functional differences in saline water drip irrigation cotton fields[J]. *Environmental Science*, 2024, 45(6): 3571-3583 (in Chinese).
- [15] 杜思垚, 陈静, 刘佳炜, 郭晓雯, 闵伟. 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 SY, CHEN J, LIU JW, GUO XW, MIN W. 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 (in Chinese).
- [16] 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. Research on the application of soil microbial community assembly strategy in amelioration of saline-alkali soils[J]. *Journal of Natural Science of Heilongjiang University*, 2024, 41(5): 505-512 (in Chinese).
- [17] 肖飞, 贾壮壮, 刘鹏元, 王世民, 赵峰德. 耐盐好氧颗粒污泥胞外聚合物组分及微生物群落结构特征[J]. *干旱区资源与环境*, 2024, 38(10): 121-132.
XIAO F, JIA ZZ, LIU PY, WANG SM, ZHAO FD. Composition of extracellular polymeric substances and microbial community structure in salt-tolerant aerobic

- granular sludge[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2024, 38(10): 121-132 (in Chinese).
- [18] 张旭萍, 刘强, 王锦, 胡娟, 周宸宇, 拉本. 盐碱胁迫下盐生植物与根际土壤微生物交互作用机制研究进展[J]. 土壤通报, 2024, 55(4): 1191-1200.
ZHANG XP, LIU Q, WANG J, HU J, ZHOU CY, LA B. Progress on the mechanism of interaction between saline plants and inter-rooted soil microorganisms under saline stress[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(4): 1191-1200 (in Chinese).
- [19] 李泉泉, 王芸, 王科珂, 倪萍, 孙鹏, 苏为涌, 张碧柳. 新疆两盐湖可培养极端嗜盐菌组成及功能多样性研究[J]. 微生物学报, 2022, 62(6): 2074-2089.
LI QQ, WANG Y, WANG KK, NI P, SUN P, SU WY, ZHANG BL. Composition and functional diversity of extreme halophiles isolated from two salt lakes in Xinjiang[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2022, 62(6): 2074-2089 (in Chinese).
- [20] 王泽林. 非常规水滴灌对土壤理化性质及棉花生理生长影响的试验研究[D]. 石河子: 石河子大学硕士学位论文, 2020.
WANG ZL. Effect of drip irrigation with unconventional water on the soil physical and chemical properties and physiological growth of cotton (*Gossypium hirsutum* L.)[D]. Shihezi: Master's Shihezi University, 2020 (in Chinese).
- [21] 郑立伟, 赵阳阳, 王一冰, 黄亚丽, 范凤翠, 刘胜尧. 不同连作年限甜瓜种植土壤性质和微生物多样性[J]. 微生物学通报, 2022, 49(1): 101-114.
ZHENG LW, ZHAO YY, WANG YB, HUANG YL, FAN FC, LIU SY. Soil properties and microbial diversity in the muskmelon fields after continuous cropping for different years[J]. Microbiology China, 2022, 49(1): 101-114 (in Chinese).
- [22] 赵阳阳, 刘银双, 牛宏进, 贾振华, 李再兴, 陈晓波, 黄亚丽. 鸡粪好氧堆肥过程中细菌群落结构和功能分析[J]. 生物工程学报, 2023, 39(3): 1175-1187.
ZHAO YY, LIU YS, NIU HJ, JIA ZH, LI ZX, CHEN XB, HUANG YL. The structure and function analysis of bacterial community during aerobic composting of chicken manure[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2023, 39(3): 1175-1187 (in Chinese).
- [23] 周斯豪, 王美琦, 宋瑶, 牛宏进, 赵经纬, 侯瑞楠, 陈晓波, 黄亚丽. 长期秸秆还田对下茬还田秸秆的降解及土壤微生物群落的影响[J]. 环境科学, 2025, 46(1): 532-542.
ZHOU SH, WANG MQ, SONG Y, NIU HJ, ZHAO JW, HOU RN, CHEN XB, HUANG YL. Legacy effects of long-term straw returning on straw degradation and microbial communities of the aftercrop[J]. Environmental Science, 2025, 46(1): 532-542 (in Chinese).
- [24] SONG Y, GAO MX, WANG ZR, GONG TF, CHEN WF. Spatio-Temporal variability characteristics of coastal soil salinization and its driving factors detection[J]. Water, 2022, 14(20): 3326.
- [25] 王伟, 赵月, 钮力亚, 王伟伟, 王连鹏, 陆莉, 王奉芝, 于亮. 沧州市滨海盐碱区耕层土壤盐分特征[J]. 陕西农业科学, 2021, 67(7): 62-66.
WANG W, ZHAO Y, NIU LY, WANG WW, WANG LP, LU L, WANG FZ, YU L. Characteristics of soil salinity in plough layer of coastal saline alkali area of Cangzhou[J]. Shaanxi Journal of Agricultural Sciences, 2021, 67(7): 62-66 (in Chinese).
- [26] 张凯. 天津滨海重盐碱地区行道树土壤化学性质研究[J]. 安徽农学通报, 2020, 26(14): 122-125.
ZHANG K. Soil chemical properties of street trees in coastal heavy saline-alkali area of Tianjin[J]. Anhui Agricultural Science Bulletin, 2020, 26(14): 122-125 (in Chinese).
- [27] HAN DW, ZHANG D, HAN DZ, REN HL, WANG Z, ZHU ZJ, SUN HY, WANG LX, QU ZC, LU WC, YUAN M. Effects of salt stress on soil enzyme activities and rhizosphere microbial structure in salt-tolerant and-sensitive soybean[J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 17057.
- [28] 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.
- [29] 林力涛, 刘煜杰, 冯文婷, 王玉刚, 张超, 马斌, 韩风, 王龙龙, 耿建阳, 李福杰. 土壤盐渍化对稀有和常见细菌群落结构和功能的影响[J]. 环境科学研究, 2024, 37(10): 2126-2137.
LIN LT, LIU YJ, FENG WT, WANG YG, ZHANG C, MA B, HAN F, WANG LL, GENG JY, LI FJ. Effects of soil salinization on the structure and function of rare and common bacteria[J]. Research of Environmental Sciences, 2024, 37(10): 2126-2137 (in Chinese).
- [30] 张露, 张水清, 任科学, 李俊杰, 段英华, 徐明岗. 不同肥力潮土的酶活计量比特征及其与微生物量的关系[J]. 中国农业科学, 2020, 53(20): 4226-4236.
ZHANG L, ZHANG SQ, REN KY, LI JJ, DUAN YH, XU MG. Soil ecoenzymatic stoichiometry and relationship with microbial biomass in fluvo-aquic soils with various fertilities[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, 53(20): 4226-4236 (in Chinese).
- [31] ZHANG GL, BAI JH, ZHAI YJ, JIA J, ZHAO QQ, WANG W, HU XY. Microbial diversity and functions in saline soils: a review from a biogeochemical perspective[J]. Journal of Advanced Research, 2023, 59: 129-140.
- [32] WANG JL, YASEN M, GONG MX, ZHOU Q, LI MY. Structural variability in the rhizosphere bacterial communities of three halophytes under different levels of salinity-alkalinity[J]. Plant and Soil, 2024, 502(1): 709-723.
- [33] YANG C, LI KJ, LV DT, JIANG SY, SUN JQ, LIN H, SUN J. Inconsistent response of bacterial phyla diversity and abundance to soil salinity in a Chinese delta[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 12870.
- [34] SONG TR, LIANG QY, DU ZZ, WANG XQ, CHEN GJ, DU ZJ, MU DS. Salinity gradient controls microbial community structure and assembly in coastal solar salters[J]. Genes, 2022, 13(2): 385.
- [35] 蔡树美, 诸海焘, 俞晓梅, 张德闪, 徐四新. 土壤盐分含量对设施蔬菜根际微生物群落结构的影响[J]. 土壤通报, 2024, 55(5): 1453-1461.

- CAI SM, ZHU HT, YU XM, ZHANG DS, XU SX. Effects of soil salinity on microbial community structure in rhizosphere of greenhouse vegetables[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(5): 1453-1461 (in Chinese).
- [36] ZHANG ZC, FENG SC, LUO JQ, HAO BH, DIAO FW, LI X, JIA BB, WANG LX, BAO ZH, GUO W. Evaluation of microbial assemblages in various saline-alkaline soils driven by soluble salt ion components[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2021, 69(11): 3390-3400.
- [37] HENG T, YANG LL, HERMANSEN C, DE JONGE LW, ZHANG ZY, WU BJ, CHEN J, ZHAO L, YU JW, HE XL. Linking microbial community compositions to cotton nitrogen utilization along soil salinity gradients[J]. Field Crops Research, 2022, 288: 108697.
- [38] XU DL, YU XW, CHEN J, LI XF, CHEN J, LI JH. Effects of compost as a soil amendment on bacterial community diversity in saline-alkali soil[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1253415.
- [39] DONG S, YAN PF, MEZZARI MP, ABRIOLA LM, PENNELL KD, CÁPIRO NL. Using network analysis and predictive functional analysis to explore the fluorotelomer biotransformation potential of soil microbial communities[J]. Environmental Science & Technology, 2024, 58(17): 7480-7492.
- [40] XU DL, WANG QK, GAO M, LI YT, WANG YJ, JIANG YX, GUO XH, WU N. Diversity of nitrogen-fixing bacteria in *Suaeda salsa* rhizosphere during reproduction in the Yellow River delta[J]. iScience, 2024, 27(12): 111267.
- [41] LI SP, WANG C, HUANG HY, ZHAO L, CAO J, WANG BL, DING HJ. Vermicompost and *Azotobacter chroococcum* increase nitrogen retention in saline-alkali soil and nitrogen utilization of maize[J]. Applied Soil Ecology, 2024, 201: 105512.
- [42] LI B, LIU XQ, ZHU D, SU H, GUO KW, SUN GY, LI X, SUN L. Crop diversity promotes the recovery of fungal communities in saline-alkali areas of the Western Songnen Plain[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1091117.
- [43] QIU LP, ZHANG Q, ZHU HS, REICH PB, BANERJEE S, VAN DER HEIJDEN MGA, SADOWSKY MJ, ISHII S, JIA XX, SHAO MA, LIU BY, JIAO H, LI HQ, WEI XR. Erosion reduces soil microbial diversity, network complexity and multifunctionality[J]. The ISME Journal, 2021, 15(8): 2474-2489.
- [44] NURRAHMA AHI, HARSONOWATI W, PUTRI HH, IQBAL R. Current research trends in endophytic fungi modulating plant adaptation to climate change-associated soil salinity stress[J]. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 2024, 24(4): 1-21.