

李涛, 马小英, 刘威帆, 刘昊, 万猛虎, 马风兰, 李月琪, 李清云, 吴娜, 刘吉利. 水肥调整对盐碱玉米地土壤理化性质、细菌群落组成及离子转运的影响[J]. 土壤学报, 2026,
LI Tao, MA Xiaoying, LIU Weifan, LIU Hao, WAN Manghu, MA Fenglan, LI Yueqi, LI Qingyun, WU Na, LIU Jili. Effects of Water and Fertilizer Management on Soil Physicochemical Properties, Bacterial Community, and Ion Transport Functions in a Saline-alkali Maize Soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026,

水肥调整对盐碱玉米地土壤理化性质、细菌群落组成及离子转运的影响*

李涛¹, 马小英¹, 刘威帆¹, 刘昊¹, 万猛虎¹, 马风兰¹, 李月琪¹, 李清云¹,
吴娜¹, 刘吉利^{2†}

(1. 宁夏大学农学院, 银川 750021; 2. 宁夏大学生态环境学院, 银川 750021)

摘要: 探讨不同水肥处理对盐碱玉米地土壤理化性质、细菌群落结构及离子转运功能的协同影响, 为盐碱土壤的定向改良提供理论依据。以宁夏平罗县盐碱地为研究对象, 采用裂区设计, 主区设常规灌水 w1 (6 000 m³·hm⁻²) 和节水 w2 (4 800 m³·hm⁻²) 2 个模式, 副区设 4 个施肥模式: f1(单施氮肥)、f2(氮肥配施控释肥)、f3(氮肥配施有机肥)和 f4(控释肥配施有机肥), 测定土壤理化性质, 利用 16S rRNA 高通量测序分析细菌群落结构, 并基于 PICRUST2 软件预测离子转运蛋白基因丰度。结果表明: 与常规灌溉 w1 相比, 节水灌溉 w2 对土壤理化性质并无显著影响。与 w2f1 处理相比, w2f3 处理显著提高了土壤有机质、全氮、碱解氮、有效磷和速效钾及钙离子含量($P<0.05$), 同时显著降低了 pH、电导率及钠离子含量($P<0.05$), 水肥交互作用对钠、镁、钾、钙离子含量影响极显著($P<0.01$)。微生物分析表明, w2f4 处理显著提升了辛普森多样性指数和皮洛均匀度指数($P<0.05$); 在门水平上, w2f3 和 w2f4 处理显著增加了变形菌门(Proteobacteria)和放线菌门(Actinobacteria)相对丰度, 降低了酸杆菌门(Acidobacteria)相对丰度($P<0.05$); 属水平上, 凯斯托巴斯杆菌属(*Kaistobacter*)和溶菌芽孢杆菌属(*Lysobacter*)为优势菌属, w2f3 处理显著提升了其丰度($P<0.05$)。线性判别分析效应大小 (Linear discriminant analysis effect size) 鉴定出 5 门 32 个标志物, w2f3 处理显著富集变形菌门和拟杆菌门(Bacteroidota)。离子转运基因预测表明, w2f3 处理能同步激活镁转运基因 *CorA* 与 Na⁺/H⁺ 逆向转运基因 *nhaA*, 变形菌门的生态优势受 *KefB* 和 *CorA* 基因正向调控。曼特检验 (Mantel test) 证实, 土壤有机质和 pH 是驱动微生物群落结构演变的核心环境因子。节水灌溉下氮肥配施有机肥 (w2f3) 通过协同提升土壤肥力、优化细菌群落结构及激活离子稳态网络, 实现了盐渍化土壤生态功能的系统性恢复, 为盐碱地高效改良提供了理论与技术支撑。

关键词: 盐碱地; 有机肥; 土壤理化性质; 微生物群落; 高通量测序; 离子转运基因

中图分类号: S513

文献标志码: A

Effects of Fertiliser Adjustment on the Physicochemical Properties, Bacterial Community Composition and Ion Transport in Saline-Alkali Corn Fields

LI Tao¹, MA Xiaoying¹, LIU Weifan¹, LIU Hao¹, WAN Menghu¹, MA Fenglan¹, LI Yueqi¹, LI Qingyun¹, WU Na¹, LIU Jili^{2†}

(1. College of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021, China; 2. College of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, China)

Abstract: 【Objective】 This study aimed to investigate the synergistic effects of different water and fertilizer treatments on the

*国家重点研发计划项目 (2021YFD1900603) 资助 Supported by the National Key Research and Development Program of China (No. 2021YFD1900603)

†通讯作者 Corresponding author, E-mail: tim11082003@163.com

作者简介: 李涛 (1998—), 男, 宁夏中卫人, 硕士研究生, 主要从事盐碱地改良相关研究。E-mail: 15909685464@163.com

收稿日期: 2025-07-08; 收到修改稿日期: 2025-11-15; 网络首发日期 (www.cnki.net):

<http://pedologica.issas.ac.cn>

physicochemical properties, bacterial community structure, and ion transport function of saline-alkali maize fields, thereby providing a theoretical basis for their targeted improvement. **【Method】** A field experiment was conducted in saline-alkaline land in Pingluo County, Ningxia. A split-plot design was used with two irrigation levels as main plots: conventional irrigation (w1, 6 000 m³·hm⁻²) and water-saving irrigation (w2, 4 800 m³·hm⁻²), and four fertilization modes as sub-plots: f1 (nitrogen fertilizer alone), f2 (nitrogen with controlled-release fertilizer), f3 (nitrogen with organic fertilizer), and f4 (controlled-release fertilizer with organic fertilizer). Soil physicochemical properties were measured. Bacterial community structure was analyzed by 16S rRNA high-throughput sequencing, and the abundance of ion transporter genes was predicted using PICRUSt2 software. **【Result】** Water-saving irrigation w2 exhibits no significant difference in its impact on soil physicochemical properties compared to conventional irrigation w1. Compared with w2f1 treatment, the w2f3 treatment significantly increased the contents of soil organic matter (SOM), total nitrogen, alkaline hydrolyzable nitrogen, available phosphorus, available potassium, and Ca²⁺ ($P<0.05$), while significantly decreasing pH, electrical conductivity, and Na⁺ content ($P<0.05$). The water-fertilizer interaction had highly significant effects on the contents of sodium, magnesium, potassium, and calcium ions ($P<0.01$). Microbial analysis showed that the w2f4 treatment significantly increased the Simpson diversity index and Pielou evenness index ($P<0.05$). At the phylum level, w2f3 and w2f4 significantly increased the relative abundance of Proteobacteria and Actinobacteria, while decreasing the relative abundance of Acidobacteria ($P<0.05$). At the genus level, *Kaistobacter* and *Lysobacter* were the dominant genera, and their abundance was significantly increased by the w2f3 treatment ($P<0.05$). Linear discriminant analysis effect size analysis identified 32 biomarker species across five phyla, with w2f3 significantly enriching Proteobacteria and Bacteroidota. Prediction of ion transporter genes indicated that the w2f3 treatment simultaneously activated the magnesium transporter gene *CorA* and the Na⁺/H⁺ antiporter gene *nhaA*. The ecological dominance of Proteobacteria was positively regulated by *KefB* and *CorA*. Mantel test confirmed that SOM and pH were the core environmental factors driving the evolution of the microbial community structure. **【Conclusion】** Under water-saving irrigation, the combined application of nitrogen fertilisers with organic fertilisers (w2f3) achieves systematic restoration of ecological functions in saline-alkali soils by synergistically enhancing soil fertility, optimising bacterial community structures, and activating ion homeostasis networks. This provides both theoretical and technical underpinnings for the efficient remediation of saline-alkali land.

Key words: Saline-alkali land; Organic fertilizer; Soil physical and chemical properties; Microbial community; High-throughput sequencing; Ion transport genes

在全球范围内,土壤盐渍化问题是一个亟待解决的重大难题。据统计,有近 9.54 亿 hm² 的土地遭受盐渍化的困扰,这不仅导致土地资源的严重退化,还使得农业生产能力大幅下降,进而加剧了全球粮食安全的严峻形势^[1]。我国作为全球盐碱地面积位居第三的国家,正面临着盐碱地问题的严峻挑战^[2]。宁夏回族自治区土地次生盐渍化面积高达 1.7×10⁵ km², 约占灌区总面积的 26.19%, 严重制约着当地农业的可持续发展^[3]。

土壤微生物作为土壤生态系统中最为活跃的组成部分,在养分循环、能量流动以及土壤肥力维持等关键过程中扮演着举足轻重的角色^[4]。研究表明,盐碱地的生态修复关键在于调控其微生物群落结构,以逆转盐分胁迫导致的土壤功能退化^[5]。现有研究已从耐盐微生物资源筛选、调控及功能激活等多角度,揭示了微生物驱动的改良路径^[6]。Shi 等^[7]在我国东北极端盐碱土中确认,以厚壁菌门和变形菌门为主的微生物群落构成耐盐核心类群。Schuster 等^[8]指出,通过盐生植物根系分泌物调节根区 C/N 比,可定向富集假单胞菌等耐盐菌群,从而增强土壤团聚体稳定性,实现“植物-微生物”协同改盐。Tsiamis 等^[9]为生物改良剂研发提供了关键菌种资源。乔正良^[10]进一步发现,重度盐碱土中富集了大量耐盐放线菌,其胞外聚合物可有效抑制盐分结晶。卢鑫萍等^[11]在宁夏盐碱地的研究发现,不同盐碱土类型主导不同的微生物代谢途径,例如,草甸盐土以氨基酸代谢为主,盐化灌淤土偏好多聚化合物代谢。该结果为因地制宜构建功能微生物群落、精准提升土壤碳氮转化效率提供了理论依据。

研究表明,水肥管理措施通过改变土壤盐分动态、pH 和养分有效性,显著影响微生物群落的结构与功能^[12]。合理灌溉可通过淋洗作用降低表层土壤盐分,但过量灌溉可能加剧深层盐分表聚^[13]。尽管前人已广泛揭示了微生物学途径对土壤养分与作物生长的积极影响,但水肥调控如何通过重塑盐碱地细菌群落结构以协同改良土壤环境的内在机制,目前仍存在研究空白。此外,盐碱地微生物的耐盐性与离子转

运蛋白 (Na^+/H^+ 逆向转运蛋白、 K^+ 吸收系统) 的功能密切相关, 这些蛋白编码基因的表达水平直接影响微生物在盐胁迫下的生存与适应能力^[14]。然而, 目前关于水肥调控如何影响盐碱土壤中微生物离子转运功能基因表达的研究尚属空白。本试验通过设置 2 个灌水梯度以及 4 个施肥模式, 系统分析不同水肥处理对盐碱土壤微生物群落结构的影响, 并进一步基于 16S rRNA 基因测序数据, 利用功能预测工具对盐碱离子转运相关基因进行预测分析, 旨在从“群落结构”与“功能基因”两个层面, 共同揭示水肥管理对微生物耐盐机制的调控作用, 以为盐渍化土壤的改良和高效培肥提供科学依据和理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验地概况

本试验地位于宁夏石嘴山市平罗县宝丰镇($38^{\circ}55'51''\text{N}$, $106^{\circ}23'31''\text{E}$), 该地属温带大陆性气候, 年均气温 9.2°C , 年均生长期 219 d, 年均无霜期 175 d, 年均降水日数 45.1 d, 年均降水量 177.0 mm, 降雨集中在每年 6 月至 9 月。本研究开展前 (2023 年) 土壤基础理化性质如下: 全盐 $3.95\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 有机质 $9.39\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 全氮 $0.31\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 碱解氮 $17.74\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 有效磷 $10.31\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 速效钾 $69.08\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$, 土壤容重 $1.51\text{ g}\cdot\text{cm}^{-3}$, pH 8.75, 土壤肥力较低。

1.2 试验材料与设计

大田试验所使用的氮肥为尿素 ($\text{N}\geq 460\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$); 磷肥为粒状重过磷酸钙 (有效磷 (P_2O_5) $\geq 440\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$); 钾肥为硫酸钾 ($\text{K}_2\text{O}\geq 520\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$); 有机肥为商品有机肥 (N : $8\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, P_2O_5 : $15\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, K_2O : $8\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 有机质大于等于 $400\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$)。控释尿素 ($\text{N}\geq 460\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$), 供试控释尿素为释放期为 60 d 的聚氨酯包衣尿素, 包衣率约 2.3%, 由宁夏荣和绿色科技有限公司通过滚动流化床生产工艺生产。试验种植玉米品种为先玉 1225 (宁审玉 20190015)。

于 2023 年 4 月至 10 月开展试验, 采用双因素裂区设计, 主区为灌水量梯度 ($w_1=6\ 000\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$, 常规灌溉; $w_2=4\ 800\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$, 节水灌溉), 副区为 4 种施肥模式 (f_1 : 单施氮肥; f_2 : 氮肥配施控释肥; f_3 : 氮肥配施有机肥; f_4 : 控释肥配施有机肥), 共形成 8 种水肥处理, 其中以 w_1f_1 为对照处理。每个小区 3 个重复, 一共 24 个处理小区, 每个小区面积为 55 m^2 ($5.5\text{ m}\times 10\text{ m}$)。试验施肥量参考当地推荐化肥施用量 ($\text{N}\ 270\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$; $\text{P}\ 150\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$; $\text{K}\ 90\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)。其中, 控释肥、有机肥、磷肥、钾肥于耕作前作为基肥一次性施用 (2023 年 4 月 20 日), 氮肥的施用方式为基施 $176.1\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$, 玉米拔节期追施 $176.1\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (6 月 5 日), 大喇叭口期追施 $234.75\text{ kg}\cdot\text{hm}^{-2}$ (7 月 3 日)。试验于 4 月 23 日完成播种, 并于 5 月 10 日 (玉米 3~5 叶期) 进行间苗定株, 玉米采用宽窄行种植模式, 宽行 0.7 m、窄行 0.4 m, 种植密度 $90\ 000\text{ plant}\cdot\text{hm}^{-2}$ 。根据常规灌溉 (W_1 , $6\ 000\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$) 与节水灌溉 (W_2 , $4\ 800\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$) 两个处理, 各处理均按苗期 10%、拔节期 20%、抽雄-吐丝期 40%、灌浆期 30% 的比例分配灌水量, 结合水表实时监测灌溉量。各处理具体施肥量如表 1 所示。

表 1 各处理施肥时间及具体施肥量

Table 1 Fertilization time and specific fertilization amount of each treatment/ ($\text{kg}\cdot\text{hm}^{-2}$)

水 Water	肥 Fertilizer	基肥 Basal fertilizer			追肥 Topdressing	
		尿素 Urea	有机肥 Organic fertilizer	控释肥 Controlled-release fertilizer	拔节期 Jointing stage	大喇叭口期 Bell stage
w1	f1	176.1	0	0	176.1	234.75
	f2	0	0	289.5	176.1	234.75
	f3	0	10 125	0	176.1	234.75
	f4	0	10 125	675	0	0
w2	f1	176.1	0	0	176.1	234.75
	f2	0	0	289.5	176.1	234.75
	f3	0	10 125	0	176.1	234.75
	f4	0	10 125	675	0	0

注: w_1 : 常规灌溉量 ($6\ 000\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$); w_2 : 节水灌溉量 ($4\ 800\text{ m}^3\cdot\text{hm}^{-2}$)。f1: 单施氮肥; f2: 氮肥配施控释肥; f3: 氮肥配施有机肥; f4: 控释

肥配施有机肥, 下同。Note: w1: conventional irrigation volume ($6\,000\text{ m}^3\text{ hm}^{-2}$); w2: water-saving irrigation volume ($4800\text{ m}^3\text{ hm}^{-2}$). f1: nitrogen fertiliser applied alone; f2: nitrogen fertiliser combined with controlled-release fertiliser; f3: nitrogen fertiliser combined with organic fertiliser; f4: controlled-release fertiliser combined with organic fertiliser. The same below.

1.3 样品采集与分析

于玉米收获期(2023 年 9 月 29 日)实施采样, 采用五点取样法对各试验小区采集 0~20 cm 表层土壤样品, 剔除地表植物残体与附着细根。将样品充分混匀后均分为两份: 一份经自然风干、研磨过筛后, 用于土壤理化性质分析; 另一份于 -80°C 超低温冰箱中保存, 用于后续土壤微生物群落结构与多样性分析。

土壤化学性质的测定主要参照鲁如坤^[15]的标准方法进行。土壤 pH 按土水质量比 1:2.5 浸提后采用电位法测定; 土壤有机质 (SOM) 采用重铬酸钾外加热法测定; 土壤电导率 (EC) 使用 DDSJ-308A 型电导率仪直接测定浸提液。钠、钾离子含量通过电感耦合等离子体发射光谱法 (ICP-OES/MS) 测定, 钙、镁离子则采用原子吸收光谱法 (AAS) 分析。

土壤全氮 (TN) 采用凯氏定氮法; 全磷 (TP) 经氢氟酸-高氯酸消解后以钼锑抗比色法测定; 碱解氮 (AN) 采用碱解扩散法测定; 有效磷 (AP) 以碳酸氢钠浸提—钼锑抗比色法测定; 速效钾 (AK) 则采用醋酸铵浸提—火焰光度法测定^[16]。

土壤微生物群落结构与功能基因分析委托上海派森诺生物科技股份有限公司完成。使用引物 338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3')和 806R(5'-GGACTACNNGGTATCTAAT-3')对 16S rDNA 的 V3~V4 区进行扩增, 构建文库后在 Illumina MiSeq 平台上进行测序。采用 DADA2 流程对原始序列进行质量过滤、去噪、拼接并去除嵌合体, 进而分析细菌群落组成与多样性, 并基于此预测功能基因组成。

1.4 离子转运蛋白基因预测分析

基于 16S rRNA 基因测序获得的操作分类单元 (OTU) 表格及其系统发育信息, 采用基于系统发育的群落状态重建 (PICRUST2) 软件, 参照京都基因与基因组百科全书 (KEGG) 数据库, 对样品中微生物群落的离子转运相关功能基因丰度进行预测。重点分析与盐碱胁迫响应密切相关的基因家族, 包括 Na^+/H^+ 逆向转运蛋白基因 (如 *nhaA*、*nhaB*、*nhaP*)、 K^+ 转运系统基因 (如 *kdpA*、*kdpB*、*kdpC*、*trkH*)、 Mg^{2+} 转运蛋白基因 (*corA*) 以及 Ca^{2+} 转运相关基因 (*ATP2C*) 等。通过生成基因丰度表, 进一步进行聚类热图分析及与微生物群落、环境因子的相关性分析, 以揭示不同水肥处理下离子转运功能的差异性。

1.5 数据分析

采用 Excel 2021 软件进行数据分析。采用 SPSS 20 软件进行单因素方差分析 ($P<0.05$) 和双因素方差分析 ($P<0.01$)。采用邓肯法分析 ($P<0.05$) 不同处理下土壤理化性质及多样性指数之间的差异显著性。采用 R 4.3.2 的 *vegan*、*ggplot2*、*ape* 包分析确定微生物 β 多样性差异和主坐标分析 (PCoA), 使用 R 软件进行线性判别分析 (LefSe); 曼特尔检验 (Mantel test) 分析土壤环境因子与门水平优势菌群的相关性。利用 Origin2021 软件绘制微生物群落相对丰度柱状图, 微生物 α 多样性的箱线图、土壤环境因子和皮尔逊 (Pearson) 相关性热图。

2 结果

2.1 不同水肥处理对土壤养分和盐碱程度的影响

由表 2 可知, 灌水量对土壤养分含量具有显著调控效应。在相同施肥模式下, 节水灌溉 (w2) 较常规灌溉 (w1) 整体提升了各养分指标, 尤其在 f3 处理下, w2 较 w1 的有机质、全氮、碱解氮、有效磷和速效钾含量分别提高了 3.5%、11.1%、6.4%、11.4% 和 8.6%, 表明适度水分胁迫有助于增强土壤养分有效性。施肥处理对养分积累的影响呈现高度一致性, 与 f1 相比, f3 显著提高 ($P<0.05$) SOM、TN、AN、AP、AK 含量。在 w1 下, f3 处理的 TN、AN、AP 含量分别显著 ($P<0.05$) 增加 42.1%、34.3%、74.1%。由方差分析 (ANOVA) 可知, 水处理(w)和肥处理(f)对 SOM、TN、AN、AP 和 AK 含量的影响均具有极显著效应 ($P<0.01$), 并且水肥交互作用对 SOM 和 AK 的影响均达到了极显著水平 ($P<0.01$), 同时对 AN 和 AP 的影响也具有显著效应 ($P<0.05$), 而对 TN 的影响则不显著 ($P>$

0.05)。

由表 3 可知, 灌水量变化对土壤盐基离子组成与电导特性具有系统性影响。节水灌溉 (w2) 较常规灌溉 (w1) 整体提升了镁、钾、钙离子含量, 尤其在 f2 与 f3 处理中表现突出。在 f3 处理下, w2 较 w1 的镁、钙离子含量分别显著提高 387.8%和 2119.8%, 电导率则下降 8.3%, 反映节水条件有助于促进盐基离子活化和盐分淋移。施肥模式对离子组成的调控效应显著, 与 f1 相比, 各处理均显著降低了钠离子含量 ($P<0.05$)。在 w2 水处理下, f3 处理钙离子含量达 $3.01\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 较 f1 提升 23.5 倍; 同时其电导率 (EC) 在所有处理中最低, 较 f1 显著降低了 29.5% ($P<0.05$)。ANOVA 分析显示, 水处理对钠、镁、钾、钙离子含量和 EC 的影响均具有显著效应 ($P<0.05$); 肥处理对钠、镁、钾、钙离子含量、EC 的影响均具有极显著效应 ($P<0.01$)。同时水肥交互作用对钠、镁、钾和钙离子含量影响均达到了极显著水平 ($P<0.01$), 而水、肥、水肥交互对 pH 均无显著影响 ($P>0.05$)。

表 2 不同水肥处理对土壤养分的影响

Table 2 Effect of different water and fertilization treatments on soil nutrient

水 Water	肥 Fertilizer	SOM/(g·kg ⁻¹)	TN/(g·kg ⁻¹)	AN/(mg·kg ⁻¹)	AP/(mg·kg ⁻¹)	AK/(mg·kg ⁻¹)
w1	f1	9.53±0.10c	0.38±0.02c	28.1±0.36d	10.58±0.28d	69.69±0.62d
	f2	9.64±0.06c	0.43±0.02b	31.0±0.48c	11.69±0.18c	72.71±0.47c
	f3	10.32±0.06a	0.54±0.02a	37.73±0.53a	18.42±0.22a	83.84±0.42a
	f4	9.79±0.07b	0.51±0.02a	33.87±0.5b	14.04±0.35b	77.19±0.54b
w2	f1	9.56±0.06c	0.4±0.03c	28.87±0.73d	11.46±0.39d	75.25±0.36d
	f2	9.68±0.06bc	0.45±0.01b	31.24±0.71c	13.52±0.17c	82.91±0.28c
	f3	10.68±0.14a	0.6±0.03a	40.16±0.95a	20.52±0.43a	91.02±0.44a
	f4	9.77±0.10b	0.57±0.02a	35.24±0.41b	15.58±0.28b	85.75±0.62b
方差分析 ANOVA						
w		**	**	**	**	**
F		**	**	**	**	**
w*F		**	ns	*	*	**

注: SOM, 土壤有机质; TN, 全氮; AN, 碱解氮; AP, 有效磷; AK, 速效钾; **, * 分别表示在 0.01 和 0.05 水平上差异显著; ns 表示差异不显著; 同列数据后不同字母表示处理间在 0.05 水平上差异显著。下同。Note: SOM, soil organic matter; TN, total nitrogen; AN, alkali-hydrolysable nitrogen; AP, available phosphorus; AK, readily available potassium; **, * indicate significant differences at the 0.01 and 0.05 probability levels, respectively; ns indicates no significant difference; Different lowercase letters within the same column indicate significant differences among treatments at the 0.05 probability level. The same below.

表 3 不同水肥处理对土壤盐碱程度的影响

Table 3 Effect of different water and fertilization treatments on soil salinity levels

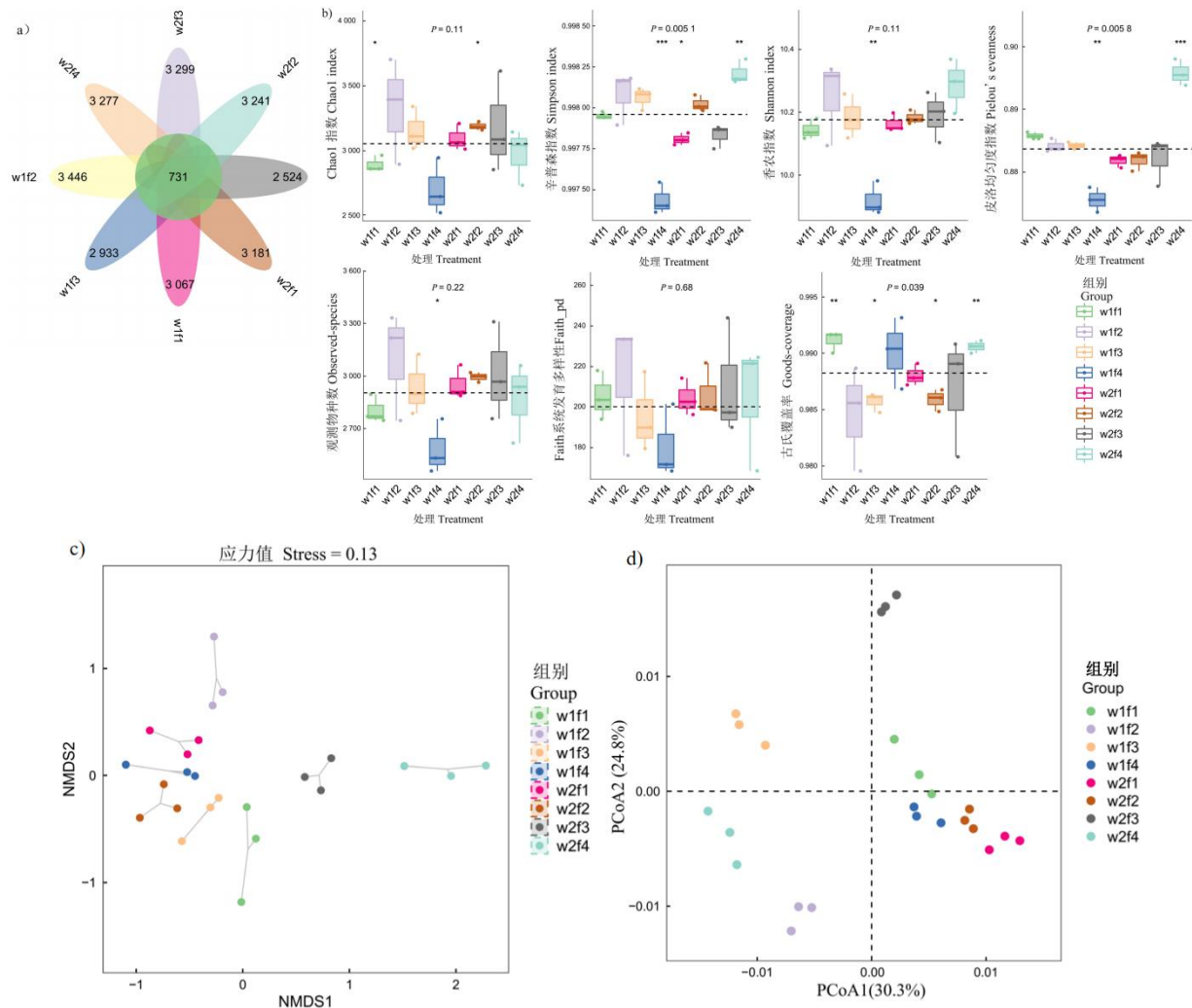
水 Water	肥 Fertilizer	Mg ²⁺ /(mg·kg ⁻¹)	Na ⁺ /(mg·kg ⁻¹)	K ⁺ /(mg·kg ⁻¹)	Ca ²⁺ /(mg·kg ⁻¹)	EC (mS·cm ⁻¹)	pH
w1	f1	78.15±0.25b	88.47±0.64a	64.42±0.78a	188.31±1.24c	0.81±0.01a	8.61±0.15ab
	f2	107.27±1.10a	59.98±0.79c	22.23±0.62c	684.22±37.99a	0.71±0.03b	8.67±0.03a
	f3	42.49±0.69d	84.15±0.30b	18.17±0.57d	135.73±15.07d	0.6±0.02d	8.50±0.04b
	f4	75.95±0.57c	35.06±1.22d	27.14±0.79b	607.28±35.07b	0.67±0.02c	8.53±0.02b
w2	f1	45.71±0.55c	29.59±0.60c	30.18±0.51c	128.46±22.86c	0.78±0.01a	8.7±0.03a
	f2	206.02±1.49a	72.23±1.04a	70.73±0.55a	1708.74±135.78b	0.67±0.03b	8.65±0.04ab
	f3	207.3±1.16a	68.66±0.60b	36.87±0.41b	3012.79±170.57a	0.55±0.01d	8.47±0.03b
	f4	69.2±0.24b	29.43±0.19c	23.9±0.66d	1496.37±69.49b	0.61±0.02c	8.50±0.03b
方差分析 ANOVA							
w		**	*	*	**	*	ns
F		**	**	**	**	**	ns
w*F		**	**	**	**	*	ns

2.2 不同水肥处理对土壤细菌群落组成的影响

如图 1a 所示, 各处理微生物群落共有的 OTUs 个数为 731 个, 各处理占总覆盖率的 20%~25%, 揭示了核心微生物类群在面对水肥调整时表现出显著的生态韧性。与 w1f1 相比, w2f4 处理极显著提升了辛普森 (Simpson) 指数多样性 ($P<0.01$)、皮洛 (Pielou) 均匀度 ($P<0.05$) 和古德 (Goods_coverage) 覆盖度 ($P<0.05$), 但 Chao1 指数呈下降趋势 (图 1b)。基于非度量多维尺度分析 (NMDS) 对不同水肥处理下玉米土壤微生物群落结构的比较结果 (图 1c) 显示, 应力值 (stress value) 小于 0.2, 表明二维排序图能够较好地反映样本间的真实差异, 分析结果可信。图中可见, 对照处理 w1f1 与各处理之间无相交, 反映出其在微生物群落结构上存在明显分异, 说明氮肥、控释肥与有机肥的配施对土壤微生物群落组成产生了显著影响。主坐标分析 (PCoA) (图 1d) 表明, 水肥处理对土壤微生物功能谱具有显著影响 (累计解释方差 55.1%)。在轴 1 (30.3%) 方向上, 施肥模式主导群落: 常规施肥处理 (f1、f2) 聚集于坐标轴右侧, 而有机肥参与处理 (f3、f4) 明确分离至左侧, 显示有机肥对微生物功能的核心调控作用。在轴 2 (24.8%) 方向上, 灌水量与施肥类型交互效应显著: 节水灌溉 (w2) 促使有机肥处理进一步分化, 其中 w2f3 较 w1f3 上移, w2f4 较

w1f4 下移, 形成两个独立亚群。控释肥配施有机肥处理(w1f4 和 w2f4)在轴 2 负向聚集, 与氮肥配施有机肥处理(w1f3 和 w2f3)形成空间隔离, 表明肥料缓释特性通过调节碳、氮释放动态影响功能群落构建。

如图 2a 所示, 在门分类水平上, 相对丰度前 10 的类群包括变形菌门 (Proteobacteria)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、硝化螺旋菌门 (Nitrospirae) 和浮霉菌门 (Planctomycetes)。其中, 变形菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门和放线菌门为优势菌门, 其相对丰度合计占 76.3%~78.0%。各处理间总相对丰度依次为: w2f3>w2f4>w2f2>w1f2>w1f1>w2f1>w1f4>w1f3。与对照 (w1f1) 相比, w2f3 和 w2f4 处理显著提高了变形菌门和放线菌门的相对丰度 ($P<0.05$), 而酸杆菌门虽呈下降趋势, 但未达显著水平 ($P>0.05$)。此外, w1f2 至 w2f4 各处理均显著降低了拟杆菌门的相对丰度 ($P<0.05$)。如图 2b 所示, 在属分类水平上, 相对丰度前 10 的类群包括凯斯托巴克斯菌属 (*Kaistobacter*)、溶菌芽孢杆菌属 (*Lysobacter*)、节杆菌属 (*Arthrobacter*)、阿佐拉克斯菌属 (*Azoarcus*)、甲基杆菌属 (*Methylibium*)、欧泽比亚菌属 (*Euzebya*)、黄色柔菌属 (*Flavisolibacter*)、庞蒂巴克斯菌属 (*Pontibacter*)、拉姆利巴克斯菌属 (*Ramlibacter*) 和类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*)。其中, 凯斯托巴克斯菌属和溶菌芽孢杆菌属为优势菌属, 相对丰度合计占 3.12%~6.39%。各处理间总相对丰度排序: w2f3>w2f1>w2f2>w1f4>w1f1>w2f4>w1f3>w1f2。与对照 (w1f1) 相比, w2f3 处理显著提高了凯斯托巴克斯菌属和溶菌芽孢杆菌属的相对丰度 ($P<0.05$), 显著降低了节杆菌属的相对丰度 ($P<0.05$)。此外, w1f2 至 w2f4 各处理均显著提高了阿佐拉克斯菌属和拉姆利巴克斯菌属相对丰度 ($P<0.05$)。



注: OTUs, 操作分类单元; NMDS, 非度量多维尺度分析; PCoA, 主坐标分析。Note: OTUs, operational taxonomic units; NMDS, non-metric multidimensional scaling; PCoA, principal coordinates analysis.

图 1 不同水肥处理对微生物群落多样性的影响 (a. OTUs 韦恩图; b. 土壤微生物群落的 α 多样性; c. 土壤微生物群落的 β 多样性; d. PCoA 分析)

Fig. 1 Effect of different water and fertilization treatments on microbial community diversity (a. Venn diagram of OTUs; b. Alpha-diversity of

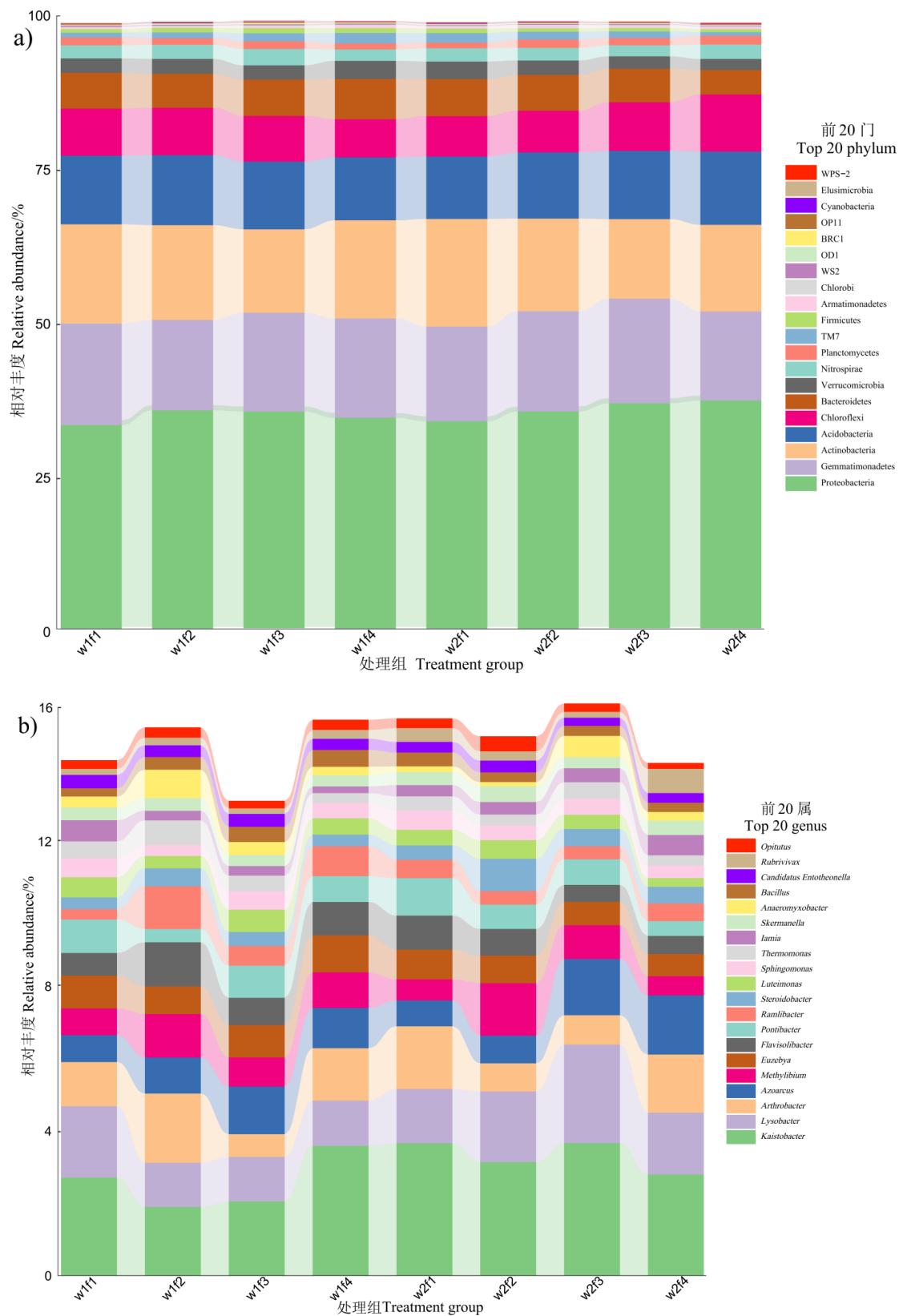


图 2 不同水肥处理下土壤微生物群落门水平 (a) 和属水平 (b) 优势物种

Fig. 2 Soil microbial community dominant species at the phylum (a) and genus (b) levels in response to different water and fertilization treatments

通过应用 LEfSe 算法对不同水肥处理组与对照组进行微生物群落差异分析(图 3), 筛选出具有统计学显著性的 5 个细菌门级分类及 32 个生物标记基因。其中, w1f1 显著富集 Proteobacteria 门和 Actinobacteria

门、黏菌纲目 (Myxococcales) 和红螺菌目 (Rhodospirillales)、诺卡氏菌科 (Nocardioideaceae) 和红螺菌科 (Rhodospirillaceae)、诺卡氏菌属 (*Nocardioideus*) 和 *Reyranelia* 属; w1f2 显著富集 Proteobacteria 门、 γ -变形菌纲 (Gammaproteobacteria)、黄单胞菌目 (Xanthomonadales)、黄单胞菌科 (Xanthomonadaceae) 以及 *Duganella* 属; w1f3 显著富集 Proteobacteria 门和 Bacteroidetes 门、黄杆菌纲 (Flavobacteria) 和 α -变形菌纲 (Alphaproteobacteria)、鞘脂单胞菌目 (Sphingomonadales) 和黄杆菌目 (Flavobacteriales)、鞘脂单胞菌科 (Sphingomonadaceae) 和黄杆菌科 (Flavobacteriaceae)、假黄单胞菌属 (*Pseudoxanthomonas*) 和鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 及玉米黄质杆菌属 (*Zeaxanthinibacter*); w1f4 显著富集厚壁菌门 (Firmicutes) 和 Bacteroidetes 门、腐螺旋菌纲 (Saprospirae) 和芽孢杆菌纲 (Bacilli)、芽孢杆菌目 (Bacillales) 和腐螺旋菌目 (Saprospirales)、芽孢杆菌科 (Bacillaceae) 和几丁质噬菌科 (Chitinophagaceae)、芽孢杆菌属 (*Bacillus*) 和 *Lacibacter* 属; w2f1 显著富集厚壁菌门 (Proteobacteria) 和 Actinobacteria 门、伯克霍尔德菌目 (Burkholderiales)、丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae) 和微杆菌科 (Comamonadaceae)、*Agromyces* 属和 *Rubrivivax* 属; w2f2 显著富集 Actinobacteria 门和 Proteobacteria 门、放线菌纲 (Actinobacteria)、放线菌目 (Actinomycetales) 和根瘤菌目 (Rhizobiales)、草酸杆菌科 (Oxalobacteraceae)、*Massilia* 属和 *Janthinobacterium* 属; w2f3 显著富集 Bacteroidetes 门和 Proteobacteria 门、亚硝化单胞菌目 (Nitrosomonadales)、亚硝化单胞菌科 (Nitrosomonadaceae)、*Nitrosovibrio* 属和 *Parasegittibacter* 属; w2f4 显著富集 Proteobacteria 门、 β -变形菌纲 (Betaproteobacteria) 和亚硝化单胞菌属 (*Nitrosomonas*)。

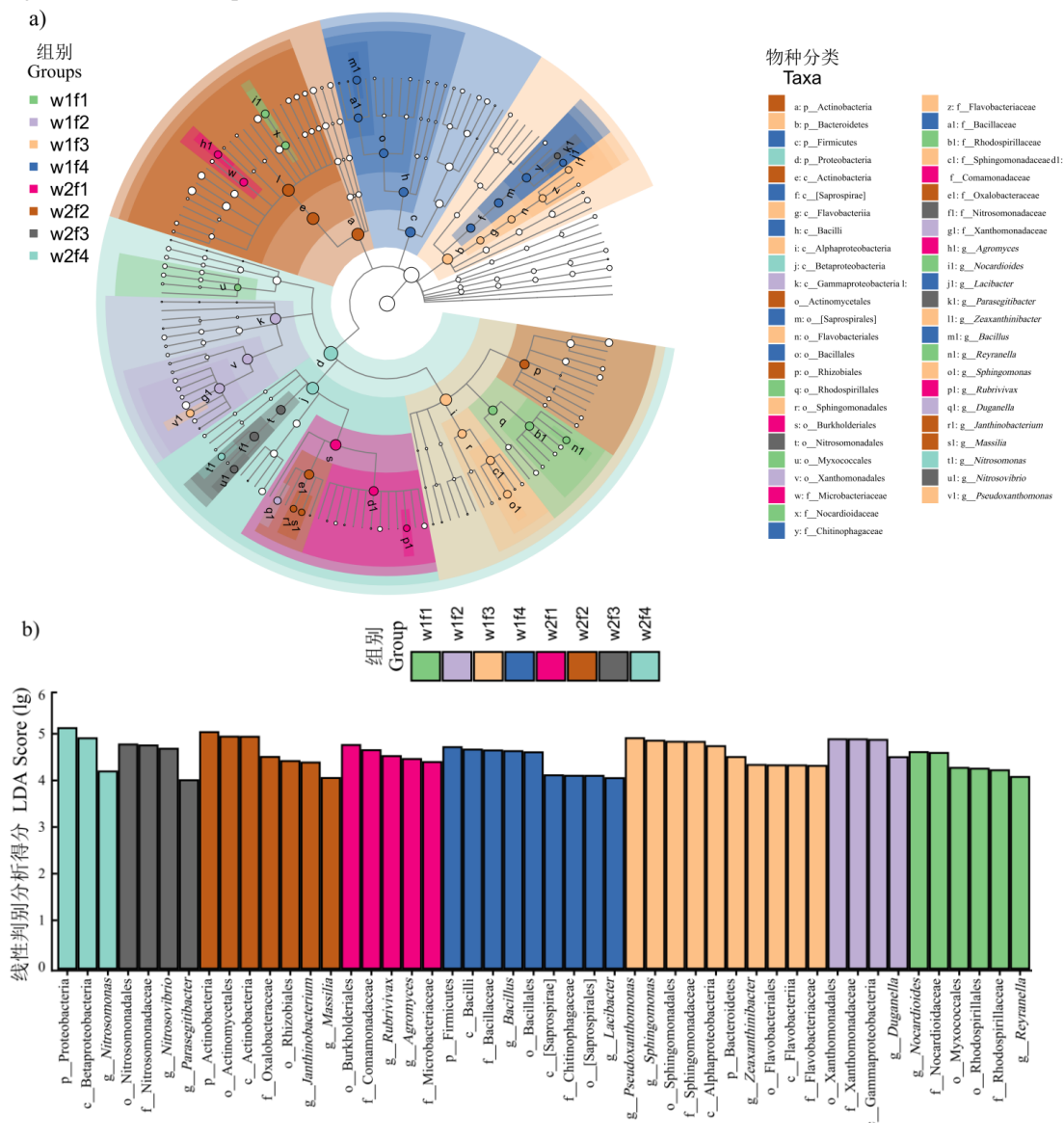


图3 土壤微生物群落的线性判别差异分析 (a) 和差异物种线性判别分析 (b)

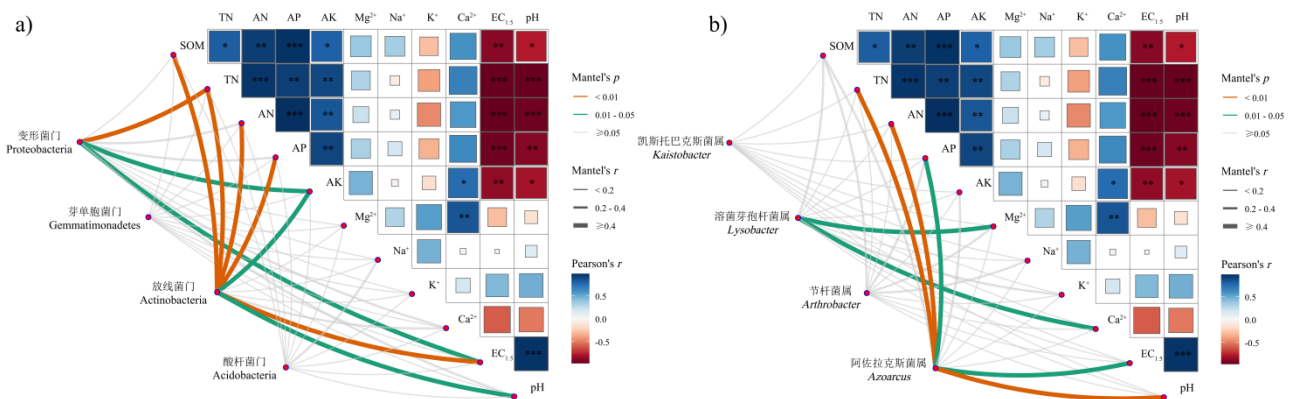
Fig. 3 Linear discriminant analysis effect size differential analysis (a) and linear discriminant analysis of differential species (b) of soil microbial communities

2.3 土壤细菌群落与环境因子之间的关系

在氮素方面, TN 与 AN 呈现极显著正相关($P < 0.01$), 且 TN、AN、AP 和 AK 之间显示出显著的正相关关系($P < 0.05$), 这表明土壤中养分元素之间有协同积累的效应。镁离子与钠和钙离子之间出现极为显著的正相关性($P < 0.01$), 阳离子间表现出独特的关联特征, 而钾离子则与镁、钠离子呈负相关。值得注意的是, EC 与多数盐基离子呈正相关, 证实其作为土壤盐分综合指标的有效性。特别地, 钙离子和 EC 均与 pH 呈极显著正相关($P < 0.01$), 说明钙离子积累和盐分增加可能导致土壤碱化。在负相关关系中, 氮素指标与盐分参数呈现拮抗作用, TN 与 Mg^{2+} 、pH 均呈极显著负相关($P < 0.01$)。同时, 磷钾有效性表现出与 pH 的负相关, 同时镁离子与 pH 也表现出极显著负相关($P < 0.01$)。

微生物群落结构与环境因子的相关性分析揭示了显著的特异性关联模式(图 4)。变形菌门丰度与 SOM 和 pH 呈显著正相关($P < 0.01$), 表明该菌群在有机质丰富且微碱性的土壤环境中具有竞争优势, 而与 EC 的负相关则反映其对盐分胁迫的敏感性。芽单胞菌门与 AK 的正相关关系表明其可能在土壤钾循环中发挥重要作用。放线菌门的分布特征显示其与 TN 和 AP 含量呈显著正相关($P < 0.01$), 该结果与其作为重要有机质分解者的生态功能相符。相比之下, 酸杆菌门表现出与 pH 的显著负相关($P < 0.05$), 证实其对酸性环境的适应性, 而与 SOM 的负相关可能反映其独特的碳利用策略。环境因子驱动分析表明, SOM 和 pH 是塑造微生物群落结构的核心驱动因子。SOM 作为微生物的主要能量来源, 显著促进了变形菌门和放线菌门的生长; 而 pH 则通过影响微生物的生理活性, 导致偏好中性-碱性环境的变形菌门与适应酸性条件的酸杆菌门形成明显的生态位分化。值得注意的是, 盐分指标对多数微生物类群表现出抑制作用, 但可能选择性地富集耐盐微生物类群。

微生物属水平与环境因子的相关性分析揭示了显著的生态位分化特征。凯斯托巴克斯菌属与 AP 和 SOM 呈显著正相关($P < 0.05$), 表明该菌属可能在土壤有机磷矿化和碳循环过程中发挥重要作用。溶菌芽孢杆菌属的丰度与 AK 和镁离子含量显著相关($P < 0.05$), 表明其可能参与钾镁离子的协同代谢过程。节杆菌属表现出与 pH 呈显著负相关($P < 0.05$), 证实其为典型的嗜酸微生物类群。而阿佐拉克斯菌属则与 TN 和 EC 呈正相关, 这一独特的生态适应特征表明其可能作为盐碱环境中的关键功能微生物, 在高盐高氮条件下维持代谢活性。



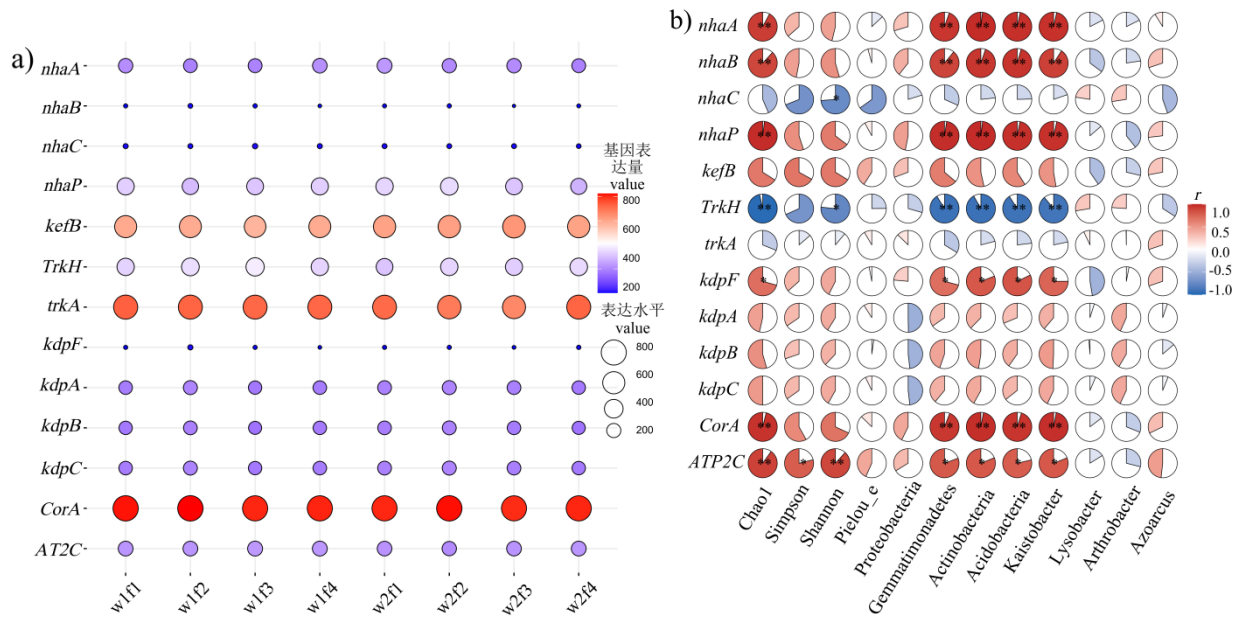
注: 线条样式 (用于 Mantel's P): 实线 (—): $P < 0.01$, 表示统计上极显著。虚线 (---): $0.01 \leq P \leq 0.05$, 表示统计上显著。点线 (· · ·): $P > 0.05$, 表示统计上不显著。线条粗细 (用于 Mantel's r 和 Pearson's r): 粗线: $|r| > 0.4$, 表示强相关性。中等线: $0.2 \leq |r| \leq 0.4$, 表示中等相关性。细线: $|r| < 0.2$, 表示弱相关性。Pearson's r : 皮尔逊相关系数, 颜色深浅 (如红色和蓝色) 分别表示正相关和负相关。Note: Line styles (for Mantel's P): Solid line (—): $P < 0.01$, indicating highly statistically significant. Dotted line (---): $0.01 \leq P \leq 0.05$, indicating statistically significant. Dotted line (· · ·): $P > 0.05$, indicating not statistically significant. Line thickness (for Mantel's r and Pearson's r): Thick line: $|r| > 0.4$, indicating strong correlation. Medium line: $0.2 \leq |r| \leq 0.4$, indicating moderate correlation. Thin line: $|r| < 0.2$, indicating weak correlation. Pearson's r : Pearson correlation coefficient, where colour intensity (e.g., red and blue) denotes positive and negative correlations respectively.

图 4 土壤细菌群落 (a. 门水平, b. 属水平) 与环境因子间的关系

Fig. 4 Relationships between soil bacterial communities (a. phylum level, b. genus level) and environmental factors

2.4 基于功能预测的离子转运基因表达分析

灌溉与施肥模式显著影响离子转运相关基因蛋白表达的反应强度。基因表达热图分析(图 5a)表明, w2f3 处理在钠离子转运(*nhaA/B*)、钾离子吸收(*kdpA/B/C*)及镁钙稳态(*CorA/ATP2C*)相关基因上均呈现系统性高表达。这种表达模式源于水肥协同的生态调控:节水灌溉引发的适度水分胁迫激活了微生物的渗透调节机制,而有机肥输入则通过提供多元碳源与增强土壤缓冲性,为离子转运蛋白合成提供能量并缓解盐碱胁迫。该结果表明, W2F3 水肥模式通过“胁迫适应-养分协同”双重路径,高效激活了土壤微生物的离子转运网络,这可能是其改善盐碱地环境与提升肥力的关键微生物学机制。基因-微生物关联分析揭示了关键基因与微生物类群之间的显著相关性(图 5b)。首先, *nhaA*、*nhaB*、*nhaP*、*CorA*、*ATP2C* 在与 Chao1、Simpson、Shannon 和 Pielou_e 之间均呈现出极显著正相关($P<0.01$),表明这些离子转运基因的丰度提升有助于增加群落多样性和均匀度。与之相反, *nhaC* 和 *TrkH* 则在多样性指标上表现出显著负相关($P<0.05$),表明当这些基因表达上升时群落多样性可能下降,其在群落结构调控中具有特定的抑制作用。进一步分析发现, *kefB*、*CorA* 等基因与变形菌门呈正相关,表明这些离子转运功能可能关联并维持了变形菌门在盐碱环境中的竞争优势。而 *kdp* 相关基因(*kdpF*、*kdpA*、*kdpB*、*kdpC*)和 *ATP2C* 则主要与芽单胞菌门、酸杆菌门、凯斯特巴克斯菌等多个门(或属)表现显著正相关($P<0.05$),指出钾离子转运系统与这些细菌的生态适应性密切相关。此外,值得注意的是, *TrkH* 与 Simpson、Shannon 等多多样性极显著负相关($P<0.01$),这进一步强化了其对立群落复杂度的负调控。



注: 图 a 中颜色深浅表示经过标准化处理后的基因表达量或相对丰度: 红色/深色代表高表达, 蓝色/浅色代表低表达量。图 b 中颜色代表皮尔逊相关系数: 红色表示正相关, 蓝色表示负相关; 颜色条刻度范围为-1 至 1, 代表相关系数值。Note: In Fig. a, color intensity represents Z-score normalized gene expression levels or relative abundance: red/darker colors indicate high expression, blue/lighter colors indicate low expression. In Fig. b, colors represent Pearson correlation coefficients: red indicates positive correlation, blue indicates negative correlation; the color bar scale from -1 to 1 denotes correlation coefficient values.

图 5 离子转运基因与土壤细菌群落的关联网络 (a. 基因表达热图; b. 基因-多样性-优势物种相关性分析)

Fig. 5 Association network between ion transporter genes and soil bacterial community (a. Gene expression heatmap; b. Gene-diversity-dominant taxa correlation analysis)

3 讨论

3.1 不同水肥处理对盐碱土壤理化性质和盐碱离子的影响

盐碱地土壤盐分含量高、养分贫瘠，长期受盐胁迫影响，导致土壤微生物群落数量显著减少、代谢活性受到抑制，有机质分解转化过程受阻，氮磷钾等关键养分的循环效率低下^[17]。值得注意的是，水分作为盐分运移的关键驱动因子，其动态变化通过双重机制影响盐碱地改良效果^[18]：一方面，节水灌溉可通过淋洗作用降低表层钠离子浓度，而过量灌溉则会加剧深层盐分表聚^[19]；另一方面，水分与养分的协同调控通过优化 C/N/P 的化学计量比显著提升微生物碳代谢活性^[20]。本研究表明，在不同水肥处理下，w2f3 处理的 SOM、TN、AN、AP 和 AK 含量显著增加($P<0.05$)，同时也显著提高了 Ca^{2+} 含量($P<0.05$)，水肥交互对钠、镁、钾和钙离子含量影响均达到了极显著水平($P<0.01$) (表 2 与表 3)。通过微生物代谢活动加速有机质矿化与养分释放，促进了微生物的繁殖，增强土壤酶活性，进一步改善土壤结构^[21]。同时，w2f3 处理还显著降低了 pH、EC 以及钠离子含量($P<0.05$) (表 3)，通过有机酸介导的离子固定与微生物协同效应促进盐分离子淋洗钝化，降低钠离子吸附比，刺激耐盐菌与脱盐菌增殖。这与 Li 等^[22] 研究结果部分一致。

3.2 不同水肥处理对盐碱土壤微生物群落多样性的影响

土壤微生物是农业生态系统中驱动碳、氮循环的核心功能类群^[23]。王学霞等^[24]研究表明，控释肥残膜积累可通过缓释养分与有机质协同增效，稳定释放氮磷钾并持续供应碳源，提升氮素转化效率，增强微生物群落多样性和丰富度，与本研究部分结果 (表 2) 相同。本研究结果表明，w2f4 处理显著提升了 Simpson 多样性指数和 Pielou 均匀度指数($P<0.05$) (图 1b)。该现象表明，控释肥与有机肥的协同作用可能通过优化微生物群落结构，在提升多样性水平的同时维持群落分布的均衡性和多样性。赵娇等^[25]研究表明，盐碱地土壤微生物群落在门水平上，变形菌门、放线菌门、拟杆菌门、绿弯菌门和酸杆菌门相对丰度较高，与本研究结果 (图 2a) 一致。此外，w2f3 和 w2f4 处理显著增加了变形菌门和放线菌门相对丰度，降低了酸杆菌门相对丰度($P<0.05$)；属水平上，凯斯托巴克斯菌属和溶菌芽孢杆菌属为优势菌属，w2f3 处理显著增加了凯斯托巴克斯菌属和溶菌芽孢杆菌属相对丰度，降低了节杆菌属相对丰度($P<0.05$) (图 2b)；与 Yao 等^[26]研究结果部分一致。前人研究发现，拟杆菌门主导复杂有机质的分解，释放溶解性有机碳，促进土壤碳循环，在高盐胁迫下，通过分泌有机酸降低钠离子毒害，与酸杆菌门形成互作网络^[27]。而变形菌门启动硝化过程，将铵态氮转化为亚硝酸盐，调控土壤氮素形态，在控释肥与有机肥配施体系中，通过固定二氧化碳缓解解氮挥发损失。LEfSe 分析共鉴定出 5 门 32 个标志基因，其中，w2f3 处理显著富集在门水平的拟杆菌门和变形菌门 (图 3)，这与 Wang 等^[28]的发现相似。

土壤理化性质对微生物群落结构及多样性具有显著调控作用^[29]。基于 Mantel test 相关性分析，不同施肥和灌水处理下，土壤理化性质和微生物群落门属之间有着密不可分的协同关系。研究结果 (图 4) 表明，土壤微生物群落结构主要受 SOM 和 pH 两大核心环境因子的协同调控。其中，SOM 作为微生物代谢的主要能量来源，通过影响碳源供给，直接调控微生物丰度；而 pH 则通过改变土壤微环境酸碱度，对微生物群落组成产生选择性压力。与前人^[30-31]关于盐碱地土壤微生物群落受 pH 主导的研究结论一致。w2f3 显著降低了土壤 pH，优化了 TN、AK、AP 及 SOM 的协同有效性 (图 4a)，并通过影响养分利用效率显著提升了土壤微生物群落的多样性和丰富度，同时也促进了关键菌群的繁殖^[32]。EC 和钠离子含量表现出广谱的微生物抑制效应 (图 4b)，同时，筛选出阿佐拉克斯菌属在盐碱生态系统中可能发挥重要的生态功能。

3.3 不同水肥处理下盐碱离子转运蛋白基因的预测

在盐胁迫条件下，嗜盐和耐盐微生物依赖多种离子转运蛋白维持细胞内稳态^[33]。本研究通过 PICRUST2 功能预测，将水肥管理、微生物群落与离子转运功能相耦合，为理解水肥改良的微生物机制提供了新视角^[34]。首先，灌溉模式主导了离子转运的策略选择。本研究发现，节水灌溉 (w2) 倾向于强化高亲和性钾转运系统 (*kdp* 基因簇) 的活性 (图 5a)，这可能是微生物在水分胁迫下为维持胞内渗透压而采取的“高钾低钠”生存策略^[35]。反之，常规灌溉 (w1) 则更依赖于激活 Na^+/H^+ 逆向转运基因 (*nhaA*) 来排出过多的 Na^+ ^[36-37]。这表明水分条件直接影响了微生物应对盐胁迫的生理代谢途径。其次，有机肥的输入是提升微生物综合耐盐能力的关键。本研究中表现最优的 w2f3 处理，其显著特征是同步激活了镁转运基因 *CorA* 与钠氢逆向转运基因 *nhaA*^[38]。这表明，有机肥的施用不仅提供了养分，更重要的是为微生物群落提供了均衡的能量和碳源，使得微生物有“能力”同时调控多种离子的动态平衡，从而表现出更

强的环境适应性与稳健性^[39]。再者,离子转运基因与特定微生物类群存在显著的共现关系^[40]。相关性分析表明, *kefB*、*CorA* 等基因与变形菌门的相对丰度呈正相关(图 5b)。这从功能层面解释了为何在 w2f3 处理下变形菌门能够成为优势类群——因为它们可能富集或高表达了这些关键的耐盐基因,从而获得了竞争性生态优势^[41]。这种“类群-功能”的关联,深化了对水肥调控下微生物群落构建机制的理解。这与马欣等^[42]研究部分结果相似。最后,一个值得关注的发现是, *TrkH* 基因与群落多样性的负相关关系(图 5b)。这暗示 *TrkH* 可能在某些条件下成为一种“自私”的钾摄取系统,其过度表达可能破坏了不同微生物类群间对钾资源的协作平衡,从而降低了群落的整体复杂度^[43]。该现象及其背后的生态学机制,值得在未来研究中深入探讨。

4 结 论

优化盐碱地水肥管理,采用节水灌溉下氮肥配施有机肥(w2f3)有利于盐渍化土壤快速改良,同步实现“降盐、培肥、促生”三重目标。其核心在于通过提升土壤有机质(SOM)与调控 pH,定向富集变形菌门与拟杆菌门等有益菌群,并协同激活 *CorA* 与 *nhaA* 等关键离子转运基因,增强微生物群落整体耐盐性。从“环境-群落-功能”多维度揭示了水肥协同增效的微生物学机制,为宁夏引黄灌区及类似区域推行节水节肥、有机替代的绿色改良模式提供了理论与技术支撑。

参考文献(References)

- [1] Yang J S, Yao R J, Wang X P, et al. Research on salt-affected soils in China: History, status quo and prospect[J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, 59(1): 10-27.[杨劲松, 姚荣江, 王相平, 等. 中国盐渍土研究: 历程、现状与展望[J]. 土壤学报, 2022, 59(1): 10-27.]
- [2] Xiao Y, Zhao G X, Li T, et al. Soil salinization of cultivated land in Shandong Province, China—Dynamics during the past 40 years[J]. Land Degradation & Development, 2019, 30(4): 426-436.
- [3] Wang J Z, Ding J L, Wang Y K, et al. Soil salinization in drylands: Measure, monitor, and manage[J]. Ecological Indicators, 2025, 175: 113608.
- [4] Chen D L, Wang X X, Zhang W, et al. Persistent organic fertilization reinforces soil-borne disease suppressiveness of rhizosphere bacterial community[J]. Plant and Soil, 2020, 452(1/2): 313-328.
- [5] Wang L D, Tian Q, Guo C X, et al. Changes in arid oasis vegetation communities and grey-brown desert soil properties under different years of farmland-to-pasture conversion [J]. Acta Pedologica Sinica, 2021, 58(6): 1436-1447.[王理德, 田青, 郭春秀, 等. 不同退耕年限干旱绿洲植被群落及灰棕漠土特性变化[J]. 土壤学报, 2021, 58(6): 1436-1447.]
- [6] Wang Y Y, Guo T K, Tian C Y, et al. Effects of root growth on salt leaching and soil structure improvement in saline soils: A case study of *Suaeda salsa*[J]. Agricultural Water Management, 2025, 314: 109533.
- [7] Shi W, Takano T, Liu S K. Isolation and characterization of novel bacterial taxa from extreme alkali-saline soil[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2012, 28(5): 2147-2157.
- [8] Schuster W, Knorr K H, Blodau C, et al. Control of carbon and nitrogen accumulation by vegetation in pristine bogs of southern Patagonia[J]. Science of the Total Environment, 2022, 810: 151293.
- [9] Tsiamis G, Katsaveli K, Ntougias S, et al. Prokaryotic community profiles at different operational stages of a Greek solar saltern[J]. Research in Microbiology, 2008, 159(9/10): 609-627.
- [10] Qiao Z L. Research on microbial ecology and actinomycete resources of saline soil in Shaanxi [D]. Yangling, Shaanxi: Northwest Agriculture and Forestry University, 2005.[乔正良. 陕西盐渍土微生物生态及放线菌资源的研究[D]. 陕西杨凌: 西北农林科技大学, 2005.]
- [11] Lu X P, Du Q, Yan Y L, et al. Effects of inter-root microbial communities and soil factors on AM fungi in salinized soil[J]. Acta Ecologica Sinica, 2012, 32(13): 4071-4078.[卢鑫萍, 杜茜, 闫永利, 等. 盐渍化土壤根际微生物群落及土壤因子对 AM 真菌的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(13): 4071-4078.]
- [12] Wu Z H, Li M C, Qu L P, et al. Metagenomic insights into microbial adaptation to the salinity gradient of a typical short residence-time estuary[J]. Microbiome, 2024, 12: 115.
- [13] Duan H W, Gao R P, Liu X Y, et al. The coupling of straw, manure and chemical fertilizer improved soil salinity management and microbial communities for saline farmland in Hetao Irrigation District, China[J]. Journal of Environmental Management, 2025, 380: 124917.
- [14] Huang J, Kong Y L, Xu Q S, et al. Research progress on characteristics and remediation measures for saline-alkali soils[J]. Soils, 2022, 54(1): 18-23.[黄晶, 孔亚丽, 徐青山, 等. 盐渍土壤特征及改良措施研究进展[J]. 土壤, 2022, 54(1): 18-23.]
- [15] Lu R K. Analytical methods for soil and agrochemistry[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.[鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.]
- [16] Bao S D. Soil and agricultural chemistry analysis[M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.[鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2000.]
- [17] Sun X D, Wang W, Yi S J, et al. Microbial composition in saline and alkaline soils regulates plant growth with P-solubilizing bacteria[J]. Applied Soil Ecology, 2024, 203: 105653.
- [18] Li Q, Li F D, Zhang Q Y, et al. Simulation of water and salt transport in wheat growing area of North China Plain based on HYDRUS model[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2021, 29(6): 1085-1094.[李琦, 李发东, 张秋英, 等. 基于 HYDRUS 模型的华北平原小麦种植区水盐运移模拟[J]. 中国生态农业学报, 2021, 29(6): 1085-1094.]
- [19] Tian F Q, Wen J, Hu H C, et al. Progress and prospect of research on water and salt transport and regulation of farmland in arid areas under drip irrigation conditions[J]. Journal of Hydraulic Engineering, 2018, 49(1): 126-135.[田富强, 温洁, 胡宏昌, 等. 滴灌条件下干旱区农田水盐运移及调控研究进展与展望[J]. 水利学报, 2018, 49(1): 126-135.]
- [20] Wang J, Li G, Xiu W M, et al. Effects of nitrogen and moisture on soil enzyme activity and microbiomass carbon and nitrogen in Baikal needlegrass steppe[J]. Journal of Agricultural Resources and Environment, 2014, 31(3): 237-245.[王杰, 李刚, 修伟明, 等. 氮素和水分对贝加尔针茅草原土壤

- 酶活性和微生物量碳氮的影响[J]. 农业资源与环境学报, 2014, 31(3): 237-245.]
- [21] Li X K, Leizeaga A, Rousk J, et al. Recovery of soil microbial metabolism after rewetting depends on interacting environmental conditions and changes in functional groups and life history strategies[J]. Global Change Biology, 2024, 30(10): e17522.
- [22] Li M, Chen C J, Zhang H Y, et al. Effects of biochar amendment and organic fertilizer on microbial communities in the rhizosphere soil of wheat in Yellow River Delta saline-alkaline soil[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 14: 1250453.
- [23] Zhang G L, Bai J H, Jia J, et al. Soil microbial communities regulate the threshold effect of salinity stress on SOM decomposition in coastal salt marshes[J]. Fundamental Research, 2023, 3(6): 868-879.
- [24] wang X X, Cao B, Zou G Y, et al. Effects of controlled-release fertilizer residual film accumulation on soil microbial community composition[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2022, 30(6): 1002-1013.[王学霞, 曹兵, 邹国元,等. 控释肥残膜积累对土壤微生物群落组成的影响[J]. 中国生态农业学报, 2022, 30(6): 1002-1013.]
- [25] Zhao J, Xie H J, Zhang J. Microbial diversity and physicochemical properties of rhizosphere microenvironment in saline-alkali soils of the Yellow River Delta[J]. Environmental Science, 2020, 41(3): 1449-1455.[赵娇, 谢慧君, 张建. 黄河三角洲盐碱土根际微环境的微生物多样性及理化性质分析[J]. 环境科学, 2020, 41(3): 1449-1455.]
- [26] Yao R J, Li H Q, Yang J S, et al. Biochar addition inhibits nitrification by shifting community structure of ammonia-oxidizing microorganisms in salt-affected irrigation-silting soil[J]. Microorganisms, 2022, 10(2): 436.
- [27] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [28] Wang L, Yang F, Yaoyao E, et al. Long-term application of bioorganic fertilizers improved soil biochemical properties and microbial communities of an apple orchard soil[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 1893.
- [29] Lian W H, Dong L, Li W J. Progress in the study of interactions between inter-root microorganisms and plants in soil environment[J]. Journal of Microbiology, 2021, 41(4): 74-83. [连文慧, 董雷, 李文均. 土壤环境下的根际微生物和植物互作关系研究进展[J]. 微生物学杂志, 2021, 41(4): 74-83.]
- [30] Bai X L, Zhang E, Wu J M, et al. Effects of different modified materials on soil fungal community structure in saline-alkali soil[J]. Environmental Science, 2024, 45(6): 3562-3570.[白小龙, 张恩, 武晋民, 等. 不同改良物料对盐碱土壤真菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2024, 45(6): 3562-3570.]
- [31] Li X Q, Lu Q J, Li D Y, et al. Effects of different microbial fertilizers on growth and rhizosphere soil properties of corn in newly reclaimed land[J]. Plants, 2022, 11(15): 1978.
- [32] Zhang S Y, Li X, Chen K, et al. Long-term fertilization altered microbial community structure in an aeolian sandy soil in NorthEast China[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 979759.
- [33] Xu N, Cheng H J, Liu Q D, et al. Progress of bacterial Na⁺/H⁺ reverse transporter proteins[J]. Microbiology China, 2015, 42(10): 2002-2011.[徐宁, 程海娇, 刘清岱, 等. 细菌 Na⁺/H⁺ 逆向转运蛋白的研究进展[J]. 微生物学通报, 2015, 42(10): 2002-2011.]
- [34] Masrati G, Dwivedi M, Rimon A, et al. Broad phylogenetic analysis of cation/proton antiporters reveals transport determinants[J]. Nature Communications, 2018, 9: 4205.
- [35] Johnson H A, Hampton E, Lesley S A. The *Thermotoga maritima* Trk potassium transporter—From frameshift to function[J]. Journal of Bacteriology, 2009, 191(7): 2276-2284.
- [36] Dibrov P A. The role of sodium ion transport in *Escherichia coli* energetics[J]. Biochimica et Biophysica Acta: Bioenergetics, 1991, 1056(3): 209-224.
- [37] Sereika M, Petriglieri F, Jensen T B N, et al. Closed genomes uncover a saltwater species of *Candidatus electronema* and shed new light on the boundary between marine and freshwater cable bacteria[J]. The ISME Journal, 2023, 17(4): 561-569.
- [38] Smith R L, Banks J L, Snavely M D, et al. Sequence and topology of the *CorA* magnesium transport systems of *Salmonella typhimurium* and *Escherichia coli*. Identification of a new class of transport protein[J]. Journal of Biological Chemistry, 1993, 268(19): 14071-14080.
- [39] Heefner D L, Harold F M. ATP-driven sodium pump in *Streptococcus faecalis*[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1982, 79(9): 2798-2802.
- [40] West I C, Mitchell P. Proton/sodium ion antiport in *Escherichia coli*[J]. Biochemical Journal, 1974, 144(1): 87-90.
- [41] Durell S R, Hao Y L, Nakamura T, et al. Evolutionary relationship between K⁺ channels and symporters[J]. Biophysical Journal, 1999, 77(2): 775-788.
- [42] Ma X, Ma X R, Zhu D R, et al. Progress in the study of ion-transporting proteins related to salt stress resistance in halophilic and salt-tolerant microorganisms[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(3): 651-671.[马欣, 马想蓉, 朱德锐, 等. 嗜盐耐盐微生物抗盐胁迫相关离子转运蛋白研究进展[J]. 微生物学报, 2024, 64(3): 651-671.]
- [43] Kraegeloh A, Amendt B, Kunte H J. Potassium transport in a halophilic member of the Bacteria domain: Identification and characterization of the K⁺ uptake systems *TrkH* and *TrkI* from *Halomonas elongata* DSM 2581^T[J]. Journal of Bacteriology, 2005, 187(3): 1036-1043.

(责任编辑: 陈荣府)