

蒋雨涵, 姚瑶, 许立欣, Sohail Aslam, 万丹, 刘丛强, 余光辉. 盐度与施肥交互作用对滨海盐渍土土壤有机碳短期转化过程的影响及微生物机制[J]. 土壤学报, 2026,

JIANG Yuhan, YAO Yao, XU Lixin, SOHAIL Aslam, WAN Dan, LIU Congqiang, YU Guanghui. Effects of Salinity and Fertilization Interactions on Short-Term Transformation Processes of Soil Organic Carbon in Coastal Saline-Alkali Soils and Their Microbial Mechanisms[J]. Acta Pedologica Sinica, 2026,

盐度与施肥交互作用对滨海盐渍土土壤有机碳短期转化过程的影响及微生物机制*

蒋雨涵, 姚瑶, 许立欣, Sohail Aslam, 万丹, 刘丛强, 余光辉[†]

(天津大学地球系统科学学院, 表层地球系统科学研究院, 环渤海地球关键带科学与可持续发展重点实验室, 环渤海滨海地球关键带野外科学观测研究站, 天津 300072)

摘要: 本研究旨在阐明盐度与施肥交互作用对滨海盐渍土有机碳短期周转过程的影响及其微生物驱动机制。通过为期 30 d 的盆栽控制实验, 设置了 3 个盐度梯度 (0 g·kg⁻¹、2 g·kg⁻¹、4 g·kg⁻¹NaCl) 与 4 种施肥处理 (对照 CK、化肥 NPK、化肥配施秸秆 NPKS、生物有机肥 BF), 系统分析了土壤碳组分、矿物结合态碳、过氧化物酶活性、微生物群落结构及碳循环功能基因。结果表明, 盐度与施肥存在显著交互效应。与 0 g·kg⁻¹ 盐度相比, NPKS 处理在盐度 2 g·kg⁻¹ 下显著提升 (约 39%) 了土壤溶解性有机碳 (DOC) 含量和过氧化物酶活性, 同时驱动微生物群落由 *K*-策略向 *r*-策略转变。然而, 盐度升高至 4 g·kg⁻¹ 则削弱了铁结合态有机碳 (Fe-OC) 的稳定性, 与 CK 处理相比降幅超过 50%。微生物 *r/K* 策略与土壤 pH 紧密耦合 ($r > 0.86$), 且碳循环功能基因表达呈非线性响应, 并在 2 g·kg⁻¹ 盐度下达峰值。综上, 化肥配施秸秆在短期内可通过调控微生物功能促进活性碳库转化, 但盐度升高会通过削弱矿物保护机制而制约碳的稳定性。研究结果可为深入理解滨海盐碱地碳循环的短期响应及田间管理措施优化提供科学依据。

关键词: 滨海盐渍土; 秸秆还田; 有机碳组分; 微生物生活史; 碳循环基因

中图分类号: S152.4 文献标志码: A

Effects of Salinity and Fertilization Interactions on Short-Term Transformation Processes of Soil Organic Carbon in Coastal Saline-Alkali Soils and Their Microbial Mechanisms

JIANG Yuhan, YAO Yao, XU Lixin, SOHAIL Aslam, WAN Dan, LIU Congqiang, YU Guanghui[†]

(Bohai Coastal Critical Zone National Observation and Research Station, Institute of Surface-Earth System Science, School of Earth System Science, Tianjin Key Laboratory of Earth Critical Zone Science and Sustainable Development in Bohai Rim, Tianjin University, Tianjin 300072, China)

Abstract: 【Objective】 Coastal saline-alkali lands represent a critical yet fragile ecosystem where soil carbon

*国家自然科学基金项目(U22A20608)和天津市科技计划项目(24ZYJJC00330)资助 Supported by the National Natural Science Foundation of China (No. U22A20608) and the Municipal Science and Technology Bureau of Tianjin, China (No. 24ZYJJC00330)

[†]通讯作者 Corresponding author, E-mail: yuguanghui@tju.edu.cn

作者简介: 蒋雨涵 (1999—), 女, 天津人, 硕士研究生, 从事滨海盐碱土改良研究。E-mail: jyh1029@tju.edu.cn

收稿日期: 2025-10-05; 收到修改稿日期: 2026-03-17; 网络首发日期 (www.cnki.net):

dynamics are simultaneously influenced by natural salinity stress and anthropogenic management practices. Clarifying this interactive mechanism is essential for understanding carbon sequestration potential and for developing adaptive management practices in coastal agroecosystems under salinity stress. Specifically, we sought to determine how different fertilization strategies modulate the response of soil carbon pools and microbial processes to varying degrees of salt stress over a short temporal scale. Thus, the specific objective was to clarify the effects of the interaction between salinity and fertilization on the short-term turnover of soil organic carbon in coastal saline-alkali soils and to elucidate the underlying microbial driving mechanisms. **【Method】** The soil used for this study was collected from a typical coastal saline area in the Bohai Rim region and subjected to a 30-day controlled pot experiment. Three salinity gradients (0 g·kg⁻¹, 2 g·kg⁻¹, and 4 g·kg⁻¹ NaCl) were established and combined with four fertilization treatments: control (CK), chemical fertilizer (NPK), chemical fertilizer plus straw (NPKS), and bio-organic fertilizer (BF). A systematic analysis was carried out, encompassing measurements of soil carbon fractions (such as dissolved organic carbon and mineral-associated carbon), peroxidase activity, microbial community structure (via high-throughput sequencing), and the expression of key functional genes related to the carbon cycle. **【Result】** Significant interactive effects between salinity and fertilization were observed across most of the measured soil and microbial parameters. Compared to the non-saline condition, the NPKS treatment under moderate salinity (2 g·kg⁻¹) significantly increased soil dissolved organic carbon content (about 39%) and enhanced peroxidase activity, suggesting a stimulated decomposition of added organic materials. Concurrently, this treatment shifted the microbial community structure, favoring *r*-strategists over *K*-strategists, indicating a microbial functional adaptation towards faster growth and resource exploitation under the combined input of organic substrate and mild salt stress. In contrast, higher salinity (4 g·kg⁻¹) markedly compromised the stability of iron-bound organic carbon, with its content decreasing by over 50% in the control treatment, highlighting a severe disruption of mineral-organic matter associations under strong saline conditions. The microbial *r/K* strategy composition showed a strong correlation with soil pH, which was itself modulated by the fertilization treatments. Furthermore, the expression of carbon cycle functional genes exhibited a clear non-linear response to salinity, reaching its peak at the 2 g·kg⁻¹ salinity level, which points to a hormesis-like effect where low-level stress temporarily enhances microbial metabolic potential. **【Conclusion】** The results demonstrate that the combined application of chemical fertilizer and straw can facilitate the transformation of active carbon pools in the short term by modulating microbial community function towards a more metabolically active state. However, elevated salinity constrains carbon stability primarily by weakening mineral protection mechanisms, thereby potentially offsetting the benefits of organic amendments in highly saline environments. This study provides insights into the short-term microbial regulation of carbon cycling in saline environments and highlights the importance of integrated management strategies that consider salinity thresholds. The findings imply that tailoring fertilization practices, such as straw incorporation, to specific salinity levels could optimize short-term carbon turnover and contribute to the sustainable management of coastal saline-alkali soils.

Key words: Coastal saline soils; Straw return; Organic carbon fractions; Microbial life history strategies; Carbon-cycle-related genes

盐碱地是我国耕地“提质、扩容、增效”的重要后备资源，也是粮食增产的“潜在粮仓”，具有重要的战略意义^[1]。据统计，中国盐渍土面积约 3.69×10⁷ hm²^[2]。然而，受海平面上升与集约化灌溉的双重影响，滨海盐渍化面积仍在持续扩大^[3-4]。盐分胁迫不仅直接影响作物生长，还会抑制土壤微生物活性，并通过影响团聚体结构降低有机碳的矿化速率；而免耕与有机改良措施的结合可在一定程度上缓解这些负面效应^[5]。已有研究表明，施用有机肥和秸秆还田等培肥措施是改良盐渍土的有效途径，可通过提升土壤有机质含量来降低盐渍化程度并提高作物产量^[6]。该“抑盐”效应的实现，很大程度上依赖于土壤有机质积累，尤其是矿

物结合态有机碳库这一稳定碳库的形成^[7]。然而，盐分与施肥措施如何交互影响滨海盐渍土中稳定碳库的短期周转过程仍不清楚。

土壤有机碳的稳定性主要由矿物保护与微生物调控共同决定。一方面，铁铝氧化物等短程有序矿物（Short-range-ordered minerals, SRO）可通过表面络合、共沉淀等机制有效保护有机碳，形成矿物结合态有机碳（如 Fe-OC），显著增强其化学稳定性^[8-9]。然而，在盐渍环境中，高浓度 Na⁺ 可通过竞争吸附点位或促进 Fe(III)还原，削弱 SRO 对有机碳的保护作用，但矿物和盐离子对该过程的交互影响尚不明确^[10]。另一方面，微生物群落是驱动碳转化的核心。经典的生态学理论指出，微生物通过不同的生活史策略（如 *r*-策略与 *K*-策略）来适应环境：*r*-策略者倾向于在资源丰富时快速生长，而 *K*-策略者则在寡营养等胁迫条件下更具竞争优势^[11-12]。在高 pH 盐渍土中，常出现由 *r*-策略型向 *K*-策略型微生物群落演替。这种生态策略的转变通过影响胞外酶分泌和碳利用效率，可能进一步调控持久性有机碳的形成^[11-12]。近年来，基于功能微生物（如木霉）的生物有机肥在改良土壤、促进养分循环方面展现出潜力，其通过分泌关键酶、促进植物生长等多重作用，为盐渍土中碳氮周转提供独特的生物调控途径^[13]。然而，关于盐度与不同施肥措施（如传统秸秆还田、化肥配施以及施木霉有机肥等）的交互作用机制，目前仍缺乏系统性的科学证据。特别是这两者如何共同驱动短期的矿物保护过程、重塑微生物生活史策略（*r/K* 比例）及调节功能基因表达，进而决定有机碳的转化与初期积累，尚需进一步探讨。

基于此，本文以环渤海典型滨海盐渍土为研究对象，开展了短期（30 d）盐度与施肥双因子控制实验。本研究提出如下科学假说：（1）盐度升高将削弱铁氧化物对有机碳的保护；（2）施肥（特别是秸秆添加）将通过改变资源有效性，驱动微生物群落由 *K*-策略向 *r*-策略演替，并激发关键碳转化酶活性；（3）盐度与施肥引起的环境因子（如 pH）变化将共同调控碳循环功能基因的表达，且呈非线性响应特征。基于上述假说，本研究旨在阐明：（1）盐度与施肥处理如何交互影响土壤溶解性有机碳（DOC）和铁结合态有机碳（Fe-OC）的短期动态；（2）该交互作用如何差异化改变微生物的 *r/K* 策略构成及其与关键碳转化酶（如过氧化物酶活性）的关联；（3）碳循环相关功能基因的表达对盐度胁迫及不同施肥输入的响应模式有何特征。研究结果将揭示滨海盐渍土碳周转的短期微生物调控机制，并为制定缓解盐胁迫的优化施肥措施提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试土壤

供试土壤于 2024 年 5 月采自天津环渤海滨海地球关键带国家野外科学观测研究站的官港地球关键带观测试验场（38° 95' N, 117° 57' E），属温带半湿润大陆与海洋过渡型季风气候，年均温 12~13 °C，年降水量 500~600 mm，多集中在夏季；蒸发量明显大于降水量，为年降水量 3 倍以上^[2]。

采集 0~20 cm 表层土壤，按 5 点混合采样法取样，测定其性质如下：pH 为 8.83±0.21，电导率（EC）149.5±21.9 μS·cm⁻¹，土壤有机碳（SOC）18.1±2.2 g·kg⁻¹。新鲜土样过 2 mm 筛去除植物残体与石砾，混匀后分装：一份保存于 -80 °C 用于微生物测定，另一份风干后研磨过 0.15mm 筛，用于理化指标分析。

1.2 试验设计

本研究开展了为期 30 d 的短期盆栽培养试验，以探究有机碳周转的初期动态。试验处理为双因子设计，包括盐度与施肥。（1）盐分添加：设置 0（无添加）、0.2 g·kg⁻¹ NaCl、0.4 g·kg⁻¹ NaCl 三个梯度，分别代表无盐胁迫、轻度与中度盐渍化水平。（2）施肥处理：

分别为对照(CK, 不施肥)、化肥(NPK: $0.11 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1} \text{ N} + 0.03 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1} \text{ P}_2\text{O}_5 + 0.02 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1} \text{ K}_2\text{O}$, 用量依据当地常规施肥量折算)、化肥配施秸秆(NPKS: NPK + 秸秆 $31 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 相当于田间 $5 \text{ t}\cdot\text{hm}^{-2}$ 还田量)、木霉生物有机肥(BF: $1.84 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 用量参照产品推荐农用量及等氮原则与 NPK 处理匹配)。其中, 木霉生物有机肥购买自南京某生物有机肥有限公司, 有机质大于 $400 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 功能菌种为 NJAU4742 哈茨木霉, 有效活菌数(CFU)大于 $2\times 10^7 \text{ g}^{-1}$ 。

具体培养操作步骤: 首先, 在每个处理中加入过 2 mm 筛后的土壤; 然后, 再加入肥料及盐分充分混合均匀, 每个处理 3 个重复, 并保持淹水 7 d; 最后, 将生长情况相似的水稻秧苗(津原 U99)移栽至培养装置中。在水稻生长期间, 土壤表面保持 2.5 cm 的水深, 形成淹水条件。培养箱内光照强度为 $300 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$, 光周期为 12 h 光照/12 h 黑暗, 温度为 $30 \text{ }^\circ\text{C}/20 \text{ }^\circ\text{C}$, 相对湿度设置为 75%/70%, 培养时间 30 d。

1.3 土壤理化指标测定

土壤 pH 在水土质量比为 2.5 : 1 下用 pH 计(FiveEasy Plus, Mettler-Toledo, 瑞士)测定; 电导率(EC)使用电导率仪(MultiLab 4010-1W, YSI, 德国)测定; 全氮(TN)用元素分析仪(Vario PYRO cube, Elementar, 德国)测定; 土壤有机碳(SOC)经 $1 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1} \text{ HCl}$ 去除无机碳后用元素分析仪测定。

铁结合态有机碳(Fe-OC)提取参照连二亚硫酸钠-柠檬酸钠-重碳酸盐(DCB)方法^[13]进行, 计算公式如下:

$$\text{Fe-OC}/\% = \frac{(\text{OC}_{\text{NaCl}} - \text{OC}_{\text{DCB}}) \times 100}{\text{SOC}} \quad (1)$$

式中, OC_{NaCl} 和 OC_{DCB} 分别表示 NaCl 处理组和 DCB 处理组土壤残渣中有机碳含量, 单位均为 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$; SOC 为土壤有机碳, $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。采用元素分析仪测定碳含量。

短程有序矿物(SRO)提取参照草酸铵方法^[14]进行, 采用电感耦合等离子体发射光谱仪(ICP-OES)(5110 型, Agilent, 美国)测定 Fe、Al 含量(Fe_0 、 Al_0), 计算公式如下:

$$\text{SRO} = \text{Al}_0 + \frac{1}{2} \text{Fe}_0 \quad (2)$$

1.4 过氧化物酶活性测定

称取 0.002 g 的过 0.15 mm 筛的风干土样, 将 $0.2 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 NaAc-HAc 缓冲液(调 pH 至 3.0)和 $20 \mu\text{L}$ 3, 3', 5, 5'-四甲基联苯胺(TMB)溶液($10 \text{ mg}\cdot\text{mL}^{-1}$, 溶剂为二甲基亚砜, 即 DMSO)的 1 mL 混合液, 于 2 mL 离心管中混匀(TMB 需现配现用, 避光处理)。将反应混合物在 $37 \text{ }^\circ\text{C}$ 黑暗水浴中培养 1 min , 加入新鲜 H_2O_2 使最终浓度为 $0.63 \text{ mol}\cdot\text{L}^{-1}$; 同时, 设置不加 H_2O_2 的空白对照。在 652 nm 处每 25 秒测吸光度, 持续 30 min, 绘制反应曲线, 吸光度需扣除背景值。过氧化物酶(POD)活性的计算公式^[15]如下:

$$\text{POD} = \frac{V}{\varepsilon \times l} \times \left(\frac{\Delta A}{\Delta t} \right) \quad (3)$$

式中, 过氧化物酶活性以酶活性单位(U)表示, 该活性不仅反映了酶活性, 也表征了所测土壤样品的活性位点^[16]。V 为反应溶液的总体积, μL ; ε 为底物的摩尔吸收系数($39 \text{ } 000 \text{ M}^{-1}\cdot\text{cm}^{-1}$); l 为光在比色皿中传播的路径长度, cm; ΔA 为扣除空白值后的吸光度, 而 $\Delta A/\Delta t$ 为 652 nm 处吸光度的初始变化率, min^{-1} 。

1.5 微生物指标测定

环境样本总 DNA 的提取严格依照所选试剂盒说明书进行。使用 1% 琼脂糖凝胶电泳评估所提 DNA 的完整性, 并采用 NanoDrop One 微量分光光度计测定其浓度与纯度。以质检合格的 DNA 为模板, 选用带 Barcode 的特异性引物及 Premix Taq 酶对 16S rRNA 基因目标高变区进行 PCR 扩增。扩增产物经电泳检测后, 利用 GeneTools Analysis Software 分析浓度, 并依据等质量原则混合各样品。混合产物使用 E.Z.N.A.[®] Gel Extraction Kit 进行切胶回

收, 三羟甲基氨基甲烷与乙二醇四乙酸配制的缓冲溶液 (TE 缓冲液) 洗脱获得目标片段。随后, 依照 NEBNext® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina® 的标准流程构建测序文库, 最终在 Illumina MiSeq 平台上进行双端测序^[17]。

样本 DNA 经提取与质检后, 采用高通量 qPCR 芯片技术进行功能基因绝对定量。将 DNA 样品与 qPCR 反应体系加至 384 孔样品板, 同时将针对 71 个碳、氮、磷、硫循环功能基因的特异性引物与 qPCR 体系加至另一 384 孔引物板。通过全自动微量点样系统, 将样品与引物分别转移至纳米孔芯片中, 在 SmartChip Real-Time PCR System 上进行 qPCR 反应。系统自动采集荧光信号并生成扩增曲线与溶解曲线, 以此计算各基因的循环阈值。实验中设置三个技术重复, 并依据严格的质控标准 (包括扩增效率范围、阴性对照及 Ct 值阈值) 筛选有效数据, 最终通过 16S rRNA 基因的绝对定量值, 换算获得各功能基因在单位质量样本中的拷贝数^[17]。

碳循环相关功能基因 (包括碳固定、碳分解及甲烷代谢相关基因) 的表达量, 采用上述基于 SmartChip 的高通量实时定量 PCR (qPCR) 平台进行测定。该平台一次性并行检测 71 个碳、氮、磷、硫循环相关的功能基因。基因相对定量的计算依据结题报告流程进行: 首先, 根据公式 “相对拷贝数 = $10^{(31-Ct)/3}$ ” 分别计算各功能基因与内参基因 (16S rRNA) 的相对拷贝数, 其中 Ct 值 (循环阈值) 指每个反应管内的荧光信号达到设定阈值时所经历的循环数, 该值与模板起始拷贝数的对数成反比。随后, 通过 “基因相对定量 = 基因相对拷贝数 / 16S rRNA 相对拷贝数” 得到标准化后的基因相对表达量。数据分析时, 仅当某基因在三个技术重复中于至少两个重复内被检出, 方被判定为阳性并纳入统计。

为进一步研究微生物对土壤理化性质的差异化影响, 把微生物分为 *r*-策略和 *K*-策略两大类。其中, *Bacteroidota* 和 *Firmicutes* 归类为 *r*-策略微生物, 而 *Actinobacteriota*、*Acidobacteriota*、*Gemmatimonadota*、*Chloroflexi*、*Planctomycetota*、*Myxococcota* 则归类为 *K*-策略微生物^[18-19]。

1.6 数据分析

采用双因素方差分析 (Two-way ANOVA) 检验肥料与盐度的交互效应 (SPSS 24.0); 差异显著性用邓肯 (Duncan) 法 ($P < 0.05$) 标注。微生物多样性 (香农 Shannon、丰富度指数)、主成分分析 (PCA) 及皮尔逊 (Pearson) 相关分析等使用 R 4.5.0 版本进行分析。使用 Origin 9.0 等软件作图。

2 结果

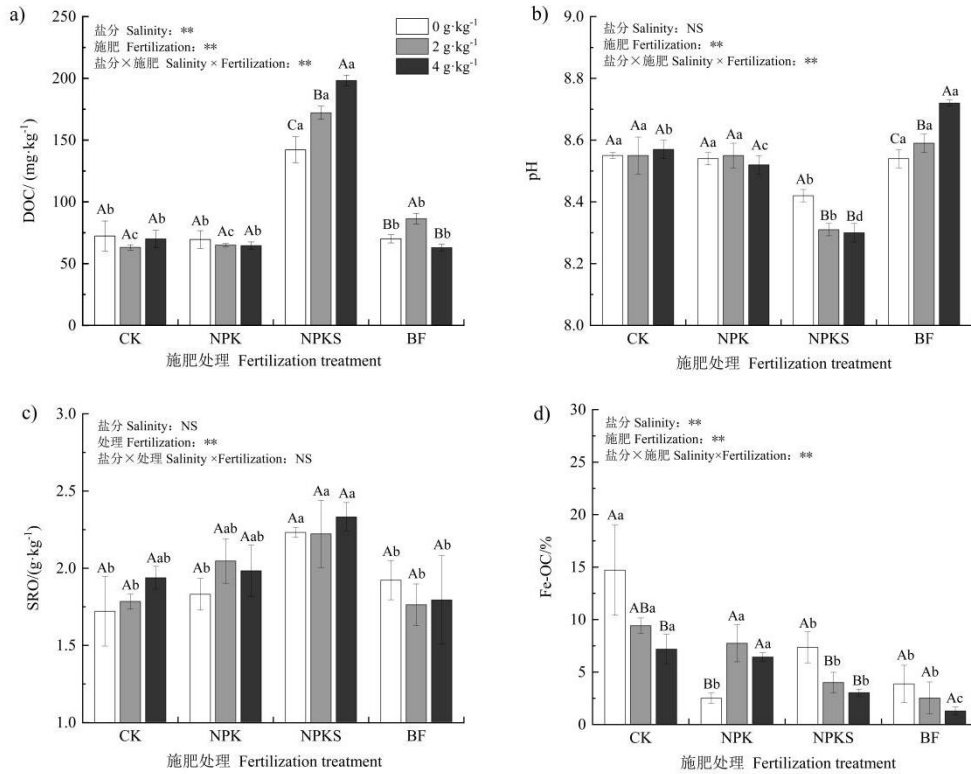
2.1 盐度与施肥对土壤碳组分及过氧化物酶活性的影响

不同施肥处理对土壤活性碳库的影响存在显著差异。不同盐度梯度下, 秸秆添加 (NPKS) 处理显著提高了土壤溶解性有机碳 (DOC) 含量 ($P < 0.05$), 其水平显著高于对照 (CK)、单施化肥 (NPK) 和生物有机肥 (BF) 处理 (图 1a)。随着盐度从 $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 升至 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, NPKS 处理的 DOC 含量呈持续上升趋势。具体而言, NPKS 处理的 DOC 含量增加了 39.5%, 表明盐度升高可促进秸秆源有机质的分解与转化。同时, NPKS 处理中土壤 pH 随盐度升高呈降低趋势 (图 1b), 揭示了伴随分解过程的产酸效应。

过氧化物酶活性对不同处理的响应较为复杂。在 NPKS 处理下, 该酶活性随盐度升高显著增强, 且在盐度 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 时达峰值 ($0.050 \pm 0.005 \text{ U}\cdot\text{g}^{-1}$) (表 1), 表明盐胁迫促进了微生物分泌过氧化物酶, 加速了秸秆分解。相比之下, 其他施肥处理的酶活性对盐度响应不显著。

在矿物结合有机碳方面, NPKS 处理显著提升了短程有序矿物 (SRO) 含量 (图 1c),

这可能与秸秆分解产物促进矿质元素活化有关。然而，SRO 对盐度变化的响应不显著 ($P > 0.05$)。相比之下，铁结合态有机碳 (Fe-OC) 对盐度更为敏感 (图 1d)。除 NPK 处理中在 $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 至 $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 出现异常升高外,CK 和 NPKS 处理的 Fe-OC 含量均随盐度升高而显著下降 ($P < 0.05$)。其中, CK 处理降幅最为明显,从 $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的 14.7%降至 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的 7.2%，表明盐分输入显著削弱了铁氧化物对有机碳的保护,而有机物料输入(如施加秸秆)则在一定程度上缓冲了这种负面影响。



注: 图例中 $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 分别代表外加 NaCl 的盐度梯度。数据以平均值±标准差表示 ($n = 3$)。同一施肥处理内不同盐度间差异显著者标以不同大写字母 ($P < 0.05$)，同一盐度下不同施肥处理间差异显著者标以不同小写字母 ($P < 0.05$)。**: $P < 0.01$; NS: 差异不显著 ($P \geq 0.05$)。Note: The legends $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, and $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ denote the added NaCl salinity levels.

Data are presented as mean \pm standard deviation ($n = 3$). Different uppercase letters above bars indicate significant differences across salinity levels within the same fertilizer treatment ($P < 0.05$), while different lowercase letters indicate significant differences among fertilizer treatments at the same salinity level ($P < 0.05$). **: $P < 0.01$; NS: not significant ($P \geq 0.05$).

图 1 土壤碳组分、pH 和活性矿物对盐度和施肥处理的响应(a. 溶解性有机碳(DOC); b. pH; c. 短程有序矿物(SRO); d. 铁结合态有机碳 (Fe-OC))

Fig. 1 Responses of soil carbon fractions, pH, and reactive minerals to salinity and fertilization treatments (a. Dissolved organic carbon (DOC); b. Soil pH; c. Short-range-ordered minerals (SRO); d. Fe-associated organic carbon (Fe-OC))

表 1 不同盐度和施肥处理下 α 多样性指数和过氧化物酶活性

Table 1 Alpha diversity indices and peroxidase activity under different salinity levels and fertilization treatments

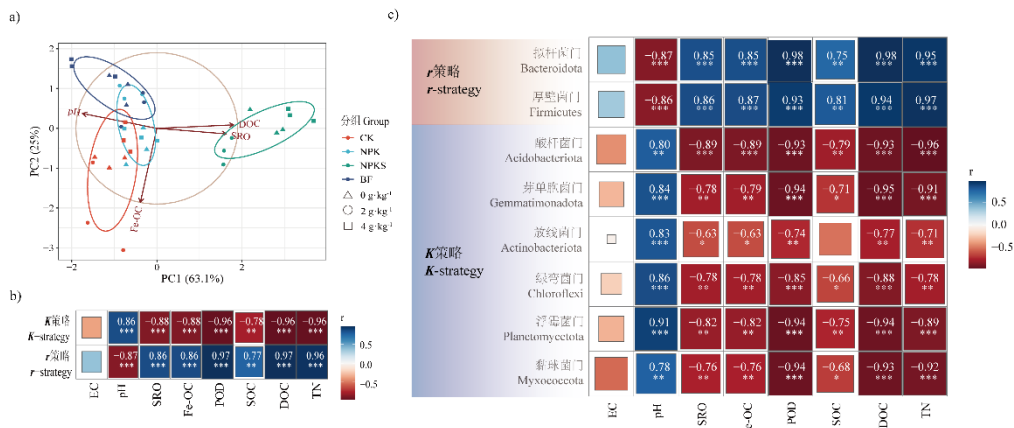
处理 Treatment	盐度 Salinity/(g·kg ⁻¹)	香农指数 Shannon(H')	过氧化物酶 Peroxidase/(U·g ⁻¹)
不施肥 No fertilizer(CK)	0	6.49±0.11Aa	0.011±0.001Ab
	2	6.59±0.05Aa	0.012±0.001Ab
	4	6.50±0.02Ab	0.008±0.001Bb
施化肥 Chemical fertilizer(NPK)	0	6.60±0.10Aa	0.012±0.001Ab
	2	6.71±0.05Aa	0.008±0.000Bb
	4	6.55±0.07Ab	0.012±0.001Ab
化肥配施秸秆 Chemical fertilizer + Straw(NPKS)	0	5.93±0.18Ab	0.031±0.004Ba
	2	5.76±0.17Ab	0.043±0.011ABa
	4	5.69±0.05Ac	0.050±0.005Aa
施生物有机肥 Bio-organic fertilizer(BF)	0	6.55±0.99Aa	0.012±0.002Ab
	2	6.63±0.07Aa	0.014±0.001Ab
	4	6.67±0.06Aa	0.012±0.001Ab

注：表中数据为平均值±标准差 ($n=3$)；不同大写字母表示同一施肥处理不同盐度间差异显著 ($P<0.05$)，不同小写字母表示同一盐度不同施肥处理间差异显著 ($P<0.05$)。下同。Note: Data are presented as mean ± standard deviation ($n=3$); Different uppercase letters indicate significant differences across salinity levels within the same fertilizer treatment ($P<0.05$), while different lowercase letters indicate significant differences among fertilizer treatments at the same salinity level ($P<0.05$). The same below.

2.2 微生物群落生活史策略与环境因子的关联

主成分分析 (PCA) 表明，施肥和盐度显著影响了土壤微生物群落结构，前两个主成分共解释了 88% 的变异 (图 2a)。其中，秸秆处理沿 PC1 与其他处理明显分离，而盐度降低使样点在 PC2 上向正向偏移，直观反映了不同管理措施对微生物群落的差异化塑造。

进一步的相关性分析揭示了微生物生活史策略 (r/K 策略) 与关键环境因子间的紧密联系 (图 2b)。K-策略微生物的相对丰度与土壤 pH 呈极显著正相关 ($r=0.86, P<0.001$)，表明碱性环境更有利于其生存竞争。相反， r -策略生物与 pH 呈极显著负相关 ($r=-0.87, P<0.001$)，表明其偏好酸性环境。此外， r -策略微生物与土壤有机碳 (SOC)、溶解性有机碳 (DOC)、铁结合态有机碳 (Fe-OC) 及过氧化物酶活性均呈显著正相关 ($r>0.75, P<0.001$)，而 K-策略微生物与这些指标多呈显著负相关。该结果表明，由施肥 (尤其是秸秆还田) 所主导的酸性、高资源微环境，正向筛选并富集了以快速生长和高代谢活性为特征的 r -策略微生物，该群落结构与更高的碳转化功能潜力相关联。



注: PC1, 第一主成分; PC2, 第二主成分; 蓝色和红色分别表示两个变量间正相关和负相关关系, 颜色越深关系越紧密。*、**和***分别表示 $P < 0.05$ 、 $P < 0.01$ 和 $P < 0.001$, $n = 3$ 。EC, 电导率; POD, 过氧化物酶; SOC, 土壤有机碳; TN, 总氮。Note: PC1, first principal component; PC2, second principal component; Blue and red colors represent positive and negative correlations, respectively, with color depth indicating the strength of the correlation. *, **, and *** denote significance levels at $P < 0.05$, $P < 0.01$, and $P < 0.001$, respectively; $n = 3$. EC, Electrical conductivity; POD, Peroxidase; SOC, Soil organic carbon; TN, Total nitrogen.

图2 微生物群落组成与土壤理化因子的关联 (a. 主成分分析; b. r -、 K -策略微生物与土壤因子的皮尔森相关分析; c. 具体 r -、 K -策略微生物与土壤因子的皮尔逊相关分析)

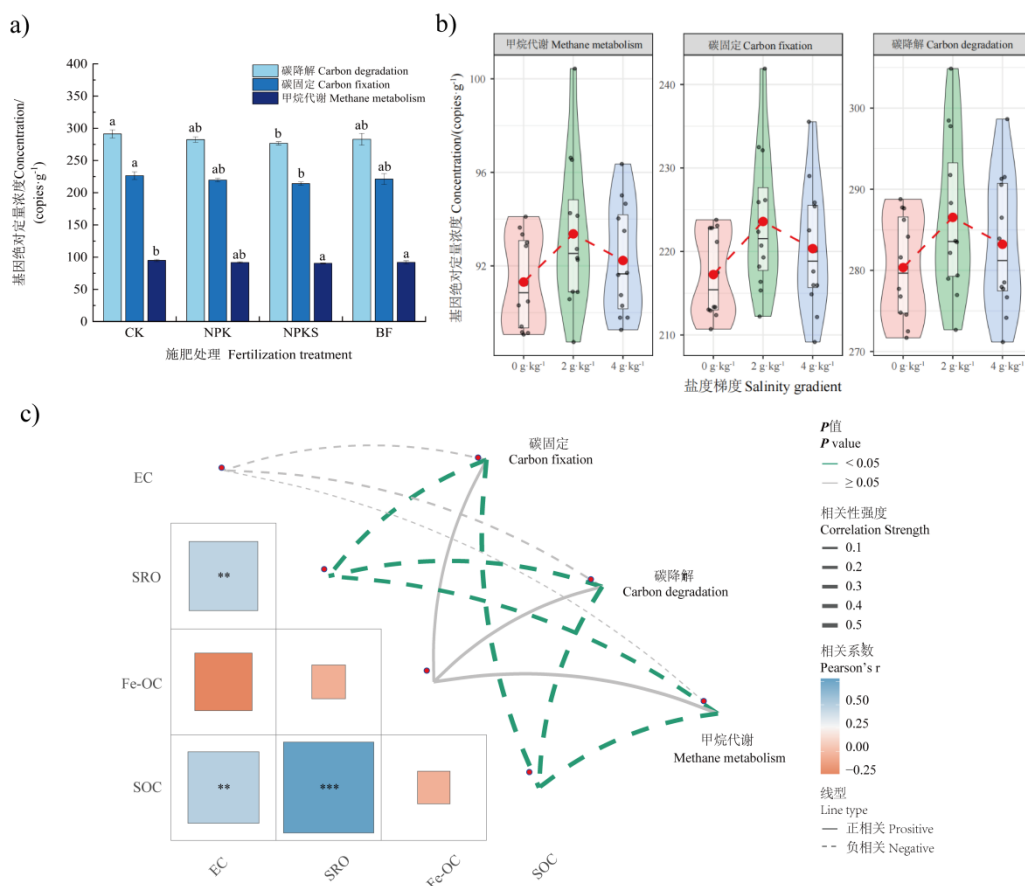
Fig. 2 Associations between microbial community composition and soil physicochemical factors (a. Principal component analysis (PCA) of microbial communities; b. Pearson correlation analysis between r - and K -strategy microbial groups and soil factors; c. Pearson correlation analysis between specific microbial phyla (r - vs. K -strategy) and soil factors)

2.3 碳循环功能基因对盐度与施肥的响应特征

碳循环相关功能基因(碳固定、碳分解、甲烷代谢)的表达受施肥处理的轻微抑制(图3a)。尽管与对照组(CK)相比,各施肥处理(NPK、NPKS、BF)的碳固定、碳分解及甲烷代谢相关基因表达量的差异未达到统计学显著水平($P > 0.05$),但在数值上呈下降趋势,其中NPKS处理的抑制效应最为明显(图3a)。

就盐度效应而言,随盐度由 $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 升至 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,三类基因的表达量呈先升后降的趋势,并在 $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 盐度下达峰值,呈现出非线性效应(图3b)。这表明低盐胁迫促进碳循环相关基因的激活,而高盐虽抑制其表达,但仍高于 $0 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 水平。

曼特尔(Mantel)分析进一步明确了驱动功能基因变化的关键环境因子(图3c)。土壤有机碳(SOC)和短程有序矿物(SRO)含量与碳循环功能基因网络的距离相关性最强。同时,电导率(EC,表征盐度)也与SOC和SRO显著相关,表明盐度可通过调节土壤碳库和矿物相,间接影响微生物的碳代谢功能。值得注意的是,甲烷代谢、碳降解和碳固定基因均与SOC和SRO含量呈显著负相关,表明在本研究短期尺度下,活跃的碳循环基因表达可能与土壤碳的稳定积累过程存在一定权衡。



注：图 a 柱子上方不同小写字母表示同一基因类型不同施肥处理间差异显著， $P < 0.05$ 。Note: Different lowercase letters above the bars indicate significant differences among fertilization treatments for the same genetic type, $P < 0.05$.

图 3 碳循环功能基因对盐度、施肥处理和土壤理化特性的响应 (a. 三种碳循环相关功能基因在不同处理下的变化；b. 三种碳循环相关功能基因在不同盐度下的变化；c. 不同碳循环相关基因与不同环境因子间的曼特分析)

Fig. 3 Responses of carbon-cycling functional genes to salinity, fertilization, and soil physicochemical properties (a. Expression of three target functional genes across fertilization treatments; b. Expression of three target functional genes across salinity levels; c. Mantel test assessing correlations between carbon-cycling genes and environmental factors)

3 讨论

3.1 秸秆输入驱动了微生物功能演替与碳转化的短期耦合

本研究在短期培养条件下观察到，化肥施肥秸秆 (NPKS) 处理导致微生物功能转型，其具体表现为微生物群落 α 多样性显著降低 (Shannon 指数下降 8%~13%)，而过氧化物酶活性却激增 3 倍以上 (最高达 $0.050 \text{ U} \cdot \text{g}^{-1}$) (表 1)。该结果表明，外源秸秆的输入改变了土壤的营养资源水平，对微生物群落产生了强烈的筛选压力，导致群落结构从高多样性、多功能性向特定功能 (木质素降解) 专化方向演变^[20-22]。这种微生物专化驱动的功能转型是短期内碳转化加速的关键。

本研究中观察到的盐度升高导致土壤 pH 降低与过氧化物酶活性增强 (图 1b, 表 1)，可能有以下几个方面的原因。首先，土壤 pH 的降低主要源于秸秆中纤维素、半纤维素等易降解组分在微生物发酵过程中产生的大量短链脂肪酸^[23]，这是一个快速产酸的过程。而过氧化物酶活性的显著升高，虽直接指向木质素等难降解组分的解聚^[15-16]，但其在短期内的主要作用可能在于破碎秸秆的物理结构，从而暴露出更多的易降解组分，间接促进了秸秆的分

解代谢和产酸过程^[24]。因此, 秸秆输入导致 pH 下降与过氧化物酶活性增强, 该现象分别对应于快速产酸和难降解物质解聚这两个生化过程。

其次, 关于盐度在一定范围内 ($\leq 2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 与过氧化物酶活性正相关 (表 1) 的观察, 可能与“低盐激发效应”有关^[25]。这并非意味着盐分直接促进了分解, 而更可能反映了微生物在轻度盐胁迫下的一种生理补偿策略。为应对渗透调节以合成相容性溶质的高能量需求, 微生物可能暂时性上调了包括有机物分解在内的基础代谢通路, 以获取额外的能量和碳骨架, 从而表观上表现为特定酶活性的“激发”^[26]。然而, 这种激发效应存在明确的阈值。当盐度升至 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 时, 尽管过氧化物酶活性仍较高, 但微生物整体活性及碳循环基因表达已出现回落, 表明高盐的直接抑制作用开始占据主导^[27]。

这种由资源输入和盐度交互调控的短期应激响应, 显著影响了碳的初期周转过程。NPKS 处理下土壤有机碳的显著增加, 其本质是新鲜秸秆碳输入与土壤原有碳库矿化之间的短期动态平衡, 其主体是尚未完成稳定化的活性碳库^[28-29]。因此, 在评估盐渍土碳汇功能时, 必须明确区分“短期碳转化与积累”和“长期碳固持与稳定”这两个不同的时间尺度与生态过程^[30]。短期内的碳积累主要反映了外源输入与微生物周转的活跃程度, 并不等同于通过矿物结合或团聚体物理保护实现的长期稳定性。

3.2 盐度升高削弱了矿物保护并重塑碳的短期周转

研究表明, 盐度升高是削弱滨海盐渍土中 Fe-OC 稳定性的关键环境胁迫因子。在 CK 和 NPKS 处理中, Fe-OC 的比例均随盐度升高而显著下降, 其中空白对照 (CK) 的降幅高达 51% (图 1d)。该现象直接支持了盐分干扰矿物保护机制的假说。

就化学机制而言, 高浓度的 Na^+ 可与有机质竞争铁氧化物表面的特异性吸附位点, 并通过提高离子强度而削弱有机碳与矿物间的静电相互作用, 从而降低 Fe-OC 的稳定性^[10]。就微生物机制而言, 在本研究设置的淹水还原条件下, 盐分胁迫可能通过两种途径促进 Fe-OC 的释放: 一是直接刺激具有异化铁还原功能的微生物菌群活性^[31]; 二是通过造成渗透胁迫, 促使微生物将 Fe(III) 还原, 作为一种替代的电子接受途径以获取能量^[32]。这些机制共同导致了 Fe-OC 的降低。

更重要的是, Fe-OC 的降低显著影响了碳在土壤中的短期周转。本研究观测到的 Fe-OC 含量与 SOC 含量之间的负相关关系 (图 3c), 是理解这一影响的关键。在短期培养尺度下, 这种负相关很可能揭示了一个动态的“释放-转化”过程: 盐度升高导致从矿物表面解吸或通过铁还原过程释放的有机碳, 并未立即离开系统, 而是迅速进入了活跃的微生物循环^[29]。在 NPKS 处理中, 这种效应尤为复杂。一方面, 输入的新鲜秸秆碳作为优先底物, 其分解产物可能并未有效进入 Fe-OC 库, 或仅形成结合力较弱、易被盐分置换的新鲜 Fe-OC^[33]。另一方面, 盐度同时破坏了土壤固有的、结合着“老碳”的 Fe-OC 库^[34]。这些被释放的“老碳”与“新碳”混合, 共同为适应富营养环境的 *r*-策略微生物提供了丰富的底物, 从而可能驱动了更高强度的碳周转。因此, 盐度通过削弱矿物保护, 实质上是在短期内将碳从“受保护的稳定状态”推向“活跃的生物循环状态”, 改变了碳的初期周转。

3.3 pH 与盐度协同调控微生物策略及碳循环功能的非线性响应

本研究发现, 在短期培养体系中, 施肥管理 (特别是 NPKS 处理) 所引起的土壤 pH 变化, 是驱动微生物 *r/K* 生活史策略分异的最主要环境因子之一 (图 2b)。根据经典的生态策略理论, 微生物为适应不同环境条件可采取不同的生活史策略: *r*-策略者倾向于在资源丰富时快速生长繁殖, 而 *K*-策略者则在资源有限或胁迫条件下更具竞争优势^[35]。NPKS 处理通过秸秆分解降低土壤 pH (图 1b), 创造了一个相对酸性、资源丰富的微环境, 从而强烈筛选并促进了以快速生长、高代谢活性为特征的 *r*-策略微生物 (如拟杆菌门、厚壁菌门) 的增殖; 相反, 在 pH 较高的 CK 和 BF 处理中, 更适应稳定或胁迫环境的 *K*-策略微生物 (如放线菌门) 则占据优势^[36]。这种由 pH 主导的群落组装模式, 直接调控了土壤碳转化功能,

r-策略菌群相对丰度与过氧化物酶活性之间的极显著正相关(图 2b)则进一步印证了该发现。

本研究进一步揭示了微生物功能基因层面对盐度胁迫的动态响应:碳循环相关功能基因(碳固定、分解、甲烷代谢)的表达量对盐度梯度呈现出非单调的“先升后降”剂量效应,在 $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 盐度下达峰值(图 3b)。该非线性响应模式难以用简单的抑制模型完全解释,它可能反映了微生物群体在应对轻度盐胁迫时的一种补偿性生理适应策略。其潜在机制在于能量代谢的再分配:在低至中度盐胁迫($\leq 2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$)下,微生物为进行渗透调节而合成相容性溶质的过程需要消耗大量能量,为此可能上调中心碳代谢与能量合成相关基因的表达,以弥补能量赤字,表观上表现为功能的暂时性“激发”^[37]。然而,当盐度超过特定生理阈值(如 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$),持续的渗透胁迫将导致严重的细胞脱水和酶蛋白失活,能量代谢失衡,从而引发功能的全面抑制^[38]。这种基于能量分配的“低盐激发效应”假说,为理解盐渍环境中微生物功能的复杂响应提供了机制性框架。

该非线性响应模式具有重要的管理启示。它表明土壤微生物功能对盐度的响应存在一个关键的“激励-抑制转折阈值”(本研究约在 $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$)。识别并利用该阈值,对于优化秸秆还田等碳管理措施的实施时机与空间布局具有重要意义。在盐度低于此阈值的轻度盐渍区,实施碳输入措施可能恰好利用微生物的代谢激发状态,更高效地促进外源碳的转化与初期固持;而在盐度高于此阈值的中重度盐渍区,微生物功能已处于受抑制状态,此时首要任务应是降低根际盐分至阈值以下,以恢复微生物功能,保障碳管理措施的有效性。

4 结论

本研究通过短期(30 d)培养试验,揭示了盐度与施肥在滨海盐渍土有机碳周转初期动态中的关键交互作用与微生物机制。化肥配施秸秆(NPKS)通过激发过氧化物酶活性,驱动了微生物群落由慢速生长的 *K*-策略向快速生长的 *r*-策略型转变,从而在短期内显著促进了秸秆源活性碳的转化与积累。然而,盐度升高(至 $4 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$)则会通过 Na^+ 竞争吸附和促进微生物铁还原的双重机制,显著削弱铁氧化物对有机碳的保护,导致碳释放。土壤 pH 的变化主要由施肥管理调控,并成为决定微生物 *r/K* 策略分异的主导环境因子。碳循环功能基因表达对盐度呈现独特的非线性响应,在 $2 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 盐度下达峰值,这支持了“低盐激发效应”假说,即轻度盐胁迫可能触发微生物的补偿性代谢激活。综上,在滨海盐渍土中,秸秆还田的短期碳增汇效应与盐度对矿物保护的削弱效应并存,碳周转的微生物路径受施肥调控的 pH 和盐度阈值共同塑造。未来盐碱地的碳管理需在时间尺度上区分“短期转化”与“长期稳定”,在空间策略上重视“盐度阈值”的精准调控,以实现增汇措施的效益最大化。

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] Cheng X J, Hou J T, Dong L Y, et al. Study of soil salinization characteristics and its improvement measures in Binhai New Area, Tianjin City[J]. Mineral Exploration, 2021, 12(10): 2144-2152. [程绪江, 侯建涛, 董路阳, 等. 天津滨海新区土壤盐渍化特征及其改良探讨[J]. 矿产勘查, 2021, 12(10): 2144-2152.]
- [3] Jia J, He P, Xu J, et al. Spatial distribution characteristics of soil salinity in the middle and eastern plain of Tianjin[J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2021, 11(4): 711-719. [贾娇, 何萍, 徐杰, 等. 天津中东部平原区土壤盐分空间分布特征[J]. 环境工程技术学报, 2021, 11(4): 711-719.]

- [4] Yang X X, Wang X L, Wang J P, et al. Spatial variation analysis of soil moisture and salinity in Tianjin Binhai New Area[J]. Science of Soil and Water Conservation, 2019, 17(3): 39-47. [杨晓潇, 王秀兰, 王计平, 等. 天津市滨海新区土壤水盐空间变异分析[J]. 中国水土保持科学, 2019, 17(3): 39-47.]
- [5] Huo W G, Peng Y, Zhang S M, et al. Long-term observation of effects on soil salinity and fertility in saline-alkali land reclamation under drip irrigation[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, 62(1): 69-80. [霍伟歌, 彭懿, 张少民, 等. 滴灌条件下盐碱地垦殖对土壤盐度和肥力影响的长期观测[J]. 土壤学报, 2025, 62(1): 69-80.]
- [6] Xie W J, Zhang Y P, Zhang M, et al. Relationships between soil physicochemical properties and wheat production in coastal saline soil[J]. Acta Pedologica Sinica, 2015, 52(2): 461-466. [谢文军, 张衍鹏, 张淼, 等. 滨海盐渍化土壤理化性质与小麦生产间的关系[J]. 土壤学报, 2015, 52(2): 461-466.]
- [7] Chen L, Zhou G X, Feng B, et al. Saline-alkali land reclamation boosts topsoil carbon storage by preferentially accumulating plant-derived carbon[J]. Science Bulletin, 2024, 69(18): 2948-2958.
- [8] Sun F S, Ma C, Yu G H, et al. Organic carbon preservation in wetlands: Iron oxide protection vs. Thermodynamic limitation[J]. Water Research, 2023, 241: 120133.
- [9] Liu X Y, Wang C, Guo P P, et al. Effects of reclamation of paddy fields on soil iron-bound organic carbon in Minjiang River estuarine wetland[J]. Marine Geology & Quaternary Geology, 2024, 44(1): 44-54. [刘旭阳, 王纯, 郭萍萍, 等. 闽江河口湿地围垦稻田对土壤铁碳结合特征的影响[J]. 海洋地质与第四纪地质, 2024, 44(1): 44-54.]
- [10] Chen P C. The processes and mechanisms of circumneutral P H anaerobic Fe(II) oxidation coupling to nitrate reduction in paddy soil[D]. Guangzhou: Guangzhou Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, 2016. [陈鹏程. 水稻土亚铁氧化耦合硝酸盐还原的过程与机制[D]. 广州: 中国科学院研究生院(广州地球化学研究所), 2016.]
- [11] Fierer N, Bradford M A, Jackson R B. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354-1364.
- [12] Gralka M, Szabo R, Stocker R, et al. Trophic interactions and the drivers of microbial community assembly[J]. Current Biology, 2020, 30(19): R1176-R1188.
- [13] Zhan W J, Zhou B, Zhu L X, et al. Effects of *Trichoderma* bio-organic fertilizer on salinized soil fertility and yield and quality of Hang cabbage[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2024, 40(7): 108-117. [展文洁, 周犇, 朱林星, 等. 木霉生物有机肥对盐渍化土壤肥力及杭白菜产量和品质的影响[J]. 中国农学通报, 2024, 40(7): 108-117.]
- [14] Guo Y X, Yu G H, Hu S J, et al. Deciphering the intricate control of minerals on deep soil carbon stability and persistence in Alaskan permafrost[J]. Global Change Biology, 2024, 30(10): e17552.
- [15] Jiang B, Duan D M, Gao L Z, et al. Standardized assays for determining the catalytic activity and kinetics of peroxidase-like nanozymes[J]. Nature Protocols, 2018, 13(7): 1506-1520.
- [16] Zandieh M, Liu J W. Nanozyme catalytic turnover and self-limited reactions[J]. ACS Nano, 2021, 15(10): 15645-15655.
- [17] Zheng B X, Zhu Y G, Sardans J, et al. QMEC: A tool for high-throughput quantitative assessment of microbial functional potential in C, N, P, and S biogeochemical cycling[J]. Science China-Life Sciences, 2018, 61(12): 1451-1462.
- [18] DeBruyn J M, Nixon L T, Fawaz M N, et al. Global biogeography and quantitative seasonal dynamics of Gemmatimonadetes in soil[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, 77(17): 6295-6300.
- [19] Zhao X P, Hao C K, Zhang R Q, et al. Intercropping increases soil macroaggregate carbon through root traits induced microbial necromass accumulation[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2023, 185: 109146.
- [20] Luo L, Meng H, Gu J D. Microbial extracellular enzymes in biogeochemical cycling of ecosystems[J]. Journal of Environmental Management, 2017, 197: 539-549.
- [21] Wang M M, Li B, Yu G H. Effects of long-term fertilization on peroxidase-like activities in soils[J]. Soils, 2023, 55(1): 104-110. [王苗苗, 李波, 余光辉. 土壤类过氧化物酶活性对长期施肥的响应[J]. 土壤, 2023, 55(1): 104-110.]
- [22] Hu Z, Xu H R, Ding Y D, et al. Nanozymes in the field of antibacterial applications: Mechanisms and optimization strategies[J]. Coordination Chemistry Reviews, 2025, 543: 216939.

- [23] Dong W J, Jiang Z H, Luo L, et al. Pig urine-induced ternary buffering complex and microbial community for mitigating acid inhibition in high-solid anaerobic digestion of rice straw[J]. Chemical Engineering Journal, 2025, 506: 160027.
- [24] Liang C Y, Lin L, Xu T, et al. The *Pseudomonas* ligninolytic catalytic network reveals the importance of auxiliary enzymes in lignin biocatalysts[J]. PNAS, 2025, 122(4): e2417343122.
- [25] Yang C, Chen Y T, Zhang Q, et al. Mechanism of microbial regulation on methane metabolism in saline-alkali soils based on metagenomics analysis[J]. Journal of Environmental Management, 2023, 345: 118771.
- [26] Wang X Q, Lv G Y, Zhang Y, et al. Annual burying of straw after pelletizing: A novel and feasible way to improve soil fertility and productivity in Northeast China[J]. Soil and Tillage Research, 2023, 230: 105699.
- [27] Liu B D, Chen Y M, Sui Y Y, et al. Effects of straw return on nutrients and labile organic carbon in arable mollisols under different nitrogen application levels[J]. Soil and Fertilizer Sciences in China, 2023(2): 10-15. [刘必东, 陈一民, 隋跃宇, 等. 不同施氮水平下秸秆还田对农田黑土养分及活性有机碳的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2023(2): 10-15.]
- [28] Bi Y X, Gao X Q, Su L, et al. Unveiling the impact of flooding and salinity on iron oxides-mediated binding of organic carbon in the rhizosphere of *Scirpus mariqueter*[J]. Science of the Total Environment, 2024, 908: 168447.
- [29] Zhang Y T, Xu W H, Wang Q K, et al. Effects of iron oxides on the priming effect of topsoil and subsoil carbon decomposition in a subtropical forest[J]. Acta Pedologica Sinica, 2025, 62(2): 515-527. [张雨婷, 胥文昊, 王清奎, 等. 铁氧化物对亚热带森林表层和亚表层土壤碳激发效应的影响[J]. 土壤学报, 2025, 62(2): 515-527.]
- [30] Yu C X, Luong N T, Hefni M E, et al. Storage and distribution of organic carbon and nutrients in acidic soils developed on sulfidic sediments: The roles of reactive iron and macropores[J]. Environmental Science & Technology, 2024, 58(21): 9200-9212.
- [31] Yao J Z, Qin S P, Liu T, et al. Rice root Fe plaque enhances oxidation of microbially available organic carbon via Fe(III) reduction-coupled microbial respiration[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2022, 167: 108568.
- [32] Wang S, Gao W, Ma Z, et al. Iron mineral type controls organic matter stability and priming in paddy soil under anaerobic conditions[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2024, 197: 109518.
- [33] Dong L B, Hu W F, Li Q, et al. Soil C mineralization and C-Fe coupling: A trade-off between Fenton reaction and microbial activity under straw mulching in banana orchards[J]. Journal of Environmental Management, 2025, 387: 125851.
- [34] Meng X T, Zhang X C, Li Y N, et al. Nitrogen fertilizer builds soil organic carbon under straw return mainly via microbial necromass formation[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2024, 188: 109223.
- [35] Chi W T, Yang Y, Wang P, et al. Seawater intrusion causes substantial release of dissolved organic carbon in coastal paddy soils[J]. Geochimica et Cosmochimica Acta, 2025, 403: 112-129.
- [36] Duan Y L, Zhang J B, Petropoulos E, et al. Soil acidification destabilizes terrestrial ecosystems via decoupling soil microbiome[J]. Global Change Biology, 2025, 31(4): e70174.
- [37] Lee K K, Liu S Q, Crocker K, et al. Functional regimes define soil microbiome response to environmental change[J]. Nature, 2025, 644(8078): 1028-1038.
- [38] Xu Y, Yu Z H, Li Y S, et al. Research progresses on soil acidification and its effects on soil-microorganism-crop systems in agricultural soil[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(2): 562-572. [徐影, 于镇华, 李彦生, 等. 土壤酸化成因及其对农田土壤-微生物-作物系统影响的研究进展[J]. 土壤通报, 2024, 55(2): 562-572.]

(责任编辑: 陈荣府)