

赵丽霞, 程坤, 卞清, 祝玲月, 郑洁, 王晓玥, 蒋瑞霁. 盐碱化程度对外源有机碳在土壤团聚体中固存的影响[J]. 土壤学报, 2026,

ZHAO Lixia, CHENG Kun, BIAN Qing, ZHU Lingyue, ZHENG Jie, WANG Xiaoyue, JIANG Yuji. Effect of Salinization Degree on the Sequestration of Exogenous Organic Carbon in Soil Aggregates [J]. Acta Pedologica Sinica, 2026,

盐碱化程度对外源有机碳在土壤团聚体中固存的影响*

赵丽霞¹, 程坤^{1,2}, 卞清¹, 祝玲月¹, 郑杰¹, 王晓玥^{1†}, 蒋瑞霁^{3‡}

(1. 中国科学院南京土壤研究所, 南京 211135; 2. 江西省红壤及种质资源研究所/耕地改良与质量提升江西省重点实验室, 南昌 330046; 3. 福建农林大学资源与环境学院, 福州 350002)

摘要: 盐碱地固碳潜力巨大, 且秸秆添加对微生物介导的盐碱地土壤有机碳(SOC)固存具有重要影响。为探讨不同盐碱化程度对秸秆碳在团聚体中固存的影响, 以苏打盐碱土为研究对象, 通过 90 天的室内培养实验, 采用 ¹³C 连续标记结合氨基糖生物标志物技术, 研究不同盐碱土团聚体中秸秆碳含量及其在团聚体中的分配、微生物残体碳含量与秸秆碳和微生物残体碳对土壤有机碳的贡献。结果表明: (1) 从团聚体尺度上来看, 秸秆碳主要被分配在 2~0.25 mm 团聚体, 其含量显著高于其他粒级, 而在>2 mm 团聚体中分配含量最低。盐碱胁迫显著增加了>2 mm 和<0.25 mm 团聚体中秸秆碳分配含量, 但降低了 2~0.25 mm 团聚体中秸秆碳分配含量。(2) 盐碱土中微生物残体碳以真菌主导的真菌残体碳为主, 其占比可达 84.74%~95.29%。在团聚体尺度, ¹³C-真菌和细菌残体碳含量在<0.25 mm 团聚体中显著高于>2 mm 和 2~0.25 mm 团聚体, 但 ¹³C-真菌残体碳与 ¹³C-细菌残体碳比值在>2 mm 团聚体中最大。盐碱胁迫显著增加了 ¹³C-真菌残体碳含量和 ¹³C-真菌残体碳与 ¹³C-细菌残体碳比值, 但降低了 ¹³C-细菌残体碳含量。(3) 秸秆碳对 SOC 的贡献和 ¹³C-微生物残体碳对 ¹³C-SOC 的贡献均随着团聚体粒径的减小而增加, 盐碱化程度增大显著增加了各粒级团聚体中秸秆碳对 SOC 的贡献率和 2~0.25 mm 和<0.25 mm 团聚体中 ¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-微生物残体碳对 ¹³C-SOC 的贡献率, 但显著降低>2 mm 团聚体中 ¹³C-微生物残体碳对 ¹³C-SOC 的贡献率和各粒级团聚体中 ¹³C-细菌残体碳对 ¹³C-SOC 的贡献率。研究明确了秸秆碳在盐碱土团聚体中固存的微生物机制, 为盐碱地通过秸秆还田措施调控土壤有机碳固存过程具有理论指导意义。

关键词: 盐碱土壤; ¹³C 连续标记; 土壤团聚体; 土壤有机碳; 氨基糖; 土壤微生物残体碳

中图分类号: S154.2

文献标志码: A

Effect of Salinization Degree on the Sequestration of Exogenous Organic Carbon

* 中国科学院科研项目和国家自然科学基金项目(42522709, 42425704)资助 Supported by the Chinese Academy of Sciences, National Natural Science Foundation of China (Nos. 42522709, 42425704)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: wangxy@issas.ac.cn; yjjiang@fafu.edu.cn

作者简介: 赵丽霞 (1993-), 女, 甘肃陇南人, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤碳循环。E-mail: lxzhao@issas.ac.cn

收稿日期: 2025-11-06; 收到修改稿日期: 2025 - -; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2026- -.

in Soil Aggregates

ZHAO Lixia¹, CHENG Kun^{1,2}, BIAN Qing¹, ZHU Lingyue¹, ZHENG Jie¹, WANG Xiaoyue^{1†}, JIANG Yuji^{3‡}

(1. Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 2. Jiangxi Institute of Red Soil and Germplasm Resources / Key Laboratory of Arable Land Improvement and Quality Improvement of Jiangxi Province, Nanchang 3300465, China; 3. College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China)

Abstract: 【Objective】 Saline-alkali soils have enormous potential for carbon sequestration, and straw inputs in these soils strongly influence the microorganism-mediated sequestration of soil organic carbon (SOC). Nevertheless, the mechanisms and effects of different salinization degrees on the sequestration of straw-derived carbon in soil aggregates remain unexplored. 【Method】 A 90-day laboratory experiment using continuous ¹³C labeling combined with amino sugars microbial biomarkers technology was conducted to investigate the effects of saline-alkali degrees on the content and distribution of straw-derived carbon and its contribution rate to soil organic carbon. Also, the content of microbial necromass carbon and its contribution rate to ¹³C-SOC at aggregate sizes in different saline-alkali soils was evaluated. 【Result】 (1) From the perspective of aggregate size fractions, the straw-derived carbon was primarily distributed in the 2~0.25 mm aggregate, and its content was higher than that in other aggregate size fractions. In contrast, the >2 mm aggregate exhibited the lowest content of straw-derived carbon. With the increase of soil salinization degrees, significant increase in the distribution content of straw-derived carbon was observed in the >2 mm and <0.25 mm aggregate, but the distribution content of straw-derived carbon in the 2~0.25 mm aggregate significantly decreased. (2) At the aggregate scale, in saline-alkali soils, fungal necromass carbon dominated within microbial necromass carbon, accounting for approximately 84.74% to 95.29% of the microbial necromass carbon. The content of ¹³C-fungal and ¹³C-bacterial necromass carbon was the highest in the <0.25 mm aggregate, while the highest ratio of ¹³C-fungal necromass carbon and ¹³C-bacterial necromass carbon was in the >2 mm aggregate. The content of ¹³C-fungal necromass carbon and the ratio of ¹³C-fungal necromass carbon and ¹³C-bacterial necromass carbon significantly increased with increasing salinization degrees, but the content of ¹³C-bacterial necromass carbon showed a opposite trend. (3) Contribution rate of straw-derived carbon to SOC and ¹³C-microbial necromass carbon to ¹³C-SOC increased gradually with decreasing aggregate sizes in soil aggregates. In addition, soil salinization degrees significantly increased the contribution rate of straw-derived carbon to SOC in each aggregate size and the contribution rate of ¹³C-fungal necromass carbon and ¹³C-microbial necromass carbon to ¹³C-SOC in the 2~0.25 mm and <0.25 mm aggregate. However, a significant decreased was observed for the contribution rate of ¹³C-microbial necromass carbon to ¹³C-SOC in the >2 mm aggregate and the contribution rate of ¹³C-bacterial necromass carbon to ¹³C-SOC in each aggregate size. 【Conclusion】 This study clarifies the microbial mechanism of straw-derived carbon sequestration processes at aggregate sizes in different saline-alkali soils, which provides important theoretical guidance for regulating soil organic carbon sequestration processes in saline-alkali soils ecosystems through straw-returning practices.

Key words: Saline-alkali soils; Continuous ¹³C labeling; Soil Aggregates; Soil organic carbon; Amino sugar; Soil microbial necromass carbon

松嫩平原是我国重要的粮食主产区，也是我国苏打盐碱地的典型分布区^[1]，盐碱化土地面积达 3.97 万 hm²^[2]，是我国重要的后备耕地资源。该区域土壤盐碱化主要由高浓度碳酸钠和碳酸氢钠引起，呈现出高盐、强碱、结构差、肥力低等特征^[3-4]，尤其是有机质严重匮乏，已成为提升粮食产量的首要限制因素。因此，提升盐碱地土壤有机碳（SOC）含量，是改良土壤肥力和提高作物产量的关键。秸秆还田是提升农田 SOC 的重要措施，其固

碳效果主要依赖于团聚体的保护机制^[5],即有机碳被物理作用包裹于团聚体内,可有效抵御微生物分解,从而得以长期保存。然而在盐碱胁迫环境下,高盐碱条件一方面会抑制土壤团聚体的形成^[6],另一方面也可能干扰外源秸秆碳在各级团聚体中的分布与固碳效率。目前,关于盐碱胁迫如何调控秸秆碳在团聚体中的固定过程及其稳定性,尚不清晰,这一认知缺口严重阻碍了基于秸秆还田的盐碱地固碳增产技术的精准优化。

微生物是驱动土壤中外源有机碳周转与固存的关键^[7]。还田秸秆经微生物的同化作用,可转化为其自身组分,经其生命周期后最终以微生物残体的形式在土壤中积累,这部分微生物来源有机碳是 SOC 的重要组分^[8]。研究表明,由微生物同化代谢产生的微生物残体碳对 SOC 库的贡献可达 50%以上^[9]。在微生物残体碳中,真菌和细菌残体碳的周转和稳定性存在显著差异:真菌细胞壁富含降解缓慢的黑色素和几丁质,而细菌细胞壁主要由易分解的肽聚糖组成^[10],因此,与细菌残体碳相比,真菌残体碳的周转更慢,且稳定性更高。同时,微生物残体碳本身也是形成土壤团聚体的重要胶结物质,能够促进团聚体的形成与稳定,进而增强对 SOC 的物理保护,促进其长期固存。研究表明,真菌残体碳更多作为大团聚体的核心骨架,而细菌残体碳则更易被包裹固定于微团聚体内^[11],两者在团聚体中的分布具有一定的空间分异性,共同构成了 SOC 固存的微观基础。

微生物残体碳的周转和稳定性也受到盐碱胁迫等外部因素的影响^[12]。目前,关于盐碱胁迫对土壤微生物影响的研究大多集中在微生物数量、群落结构和功能等方面。研究表明,细菌和真菌群落对盐碱胁迫的响应存在显著差异,细菌通常更为敏感,其群落结构在胁迫下发生显著演替,嗜盐碱类群得以富集,碳代谢能力下降,而真菌则普遍表现出较强的耐受性^[13-14]。相较于对活体微生物的广泛关注,盐碱胁迫如何影响微生物残体碳的研究仍鲜有报道,且结论尚存在争议。有研究表明,盐碱胁迫虽然增加了干旱地区细菌残体碳含量,却降低了微生物残体碳对 SOC 的贡献^[15]。不过,另一项滨海盐碱地的研究表明盐碱胁迫降低了真菌残体碳含量,增加了由细菌主导的残体碳含量,最终导致微生物残体碳对 SOC 的贡献增加^[16]。值得注意的是,苏打盐碱地因其更强的碱度,形成了较其他盐碱胁迫更为严峻和复杂的环境胁迫。尽管已有研究初步揭示了盐碱胁迫对微生物残体碳的影响,但在苏打盐碱地特有的复合胁迫下,不同盐碱梯度土壤中外源碳在土壤团聚体中的稳定机制,以及微生物残体碳对有机碳库的贡献与路径尚不清楚。

土壤氨基糖是微生物细胞壁的稳定残留物,因其异源性和较高的稳定性,对微生物的长期作用具有记忆效应^[17],是有效的微生物标志物^[18],用于揭示微生物群落在调控 SOC 转化和持续固存过程中的关键作用。通过将土壤氨基糖数据换算成土壤细菌残体碳和真菌残体碳含量,可用于定量评估微生物残体碳库的大小及其对土壤碳库的贡献^[12]。此外,稳定同位素技术是用于示踪土壤有机碳的来源、转化和固存过程及其机制的重要手段^[19]。特别是 ^{13}C 稳定同位素标记结合氨基糖生物标志物技术联用,能够从微生物角度阐明外源有机碳在土壤中的固存和转化过程,并精确量化外源碳对 SOC 的贡献^[9]。基于此,本研究以苏打盐碱土为研究对象,采用 ^{13}C 连续标记与氨基糖生物标志物技术相结合的研究方法,解析不同盐碱度土壤团聚体中秸秆碳转化为 SOC 的过程。研究目标包括:(1)明确秸秆碳在各级土壤团聚体中的分配特征;(2)追踪其微生物残体碳的转化效率与在不同团聚体中的积累差异;(3)量化秸秆碳和微生物残体碳对土壤有机碳库的贡献。研究成果旨在为苏打盐碱地区土壤有机碳的固存机制提供理论依据与实践指导。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤为黑龙江省大庆市肇源县(45°23' — 45°59'N, 123°47' — 125°45'E)的苏打盐碱土。供试土壤采样区种植作物为玉米(品种为郑单 958), 种植密度为 60 000 株·hm⁻², 每年 5 月播种, 10 月收获。采用多点采样法采集耕层土壤样品, 混合后运回实验室, 经室温风干, 剔除动植物残体和砂石, 过 5 mm 筛用于室内培养实验。供试土壤的基本理化性质见表 1。

供试秸秆为采用连续标记法获得的 ¹³C 标记秸秆: 玉米播种两周后, 将长势一致的种植盆转移至透明封闭的标记箱, 采用 ¹³C 稳定同位素连续标记 20 天, 每天连续标记 6 h。¹³C-CO₂ 通过 Na₂¹³CO₃ (99 atom% ¹³C, 100 mL, 1 mol·L⁻¹) 和 HCl (200 mL, 2 mol·L⁻¹) 酸碱反应制得, 相当于每天向标记箱中添加 10.6 g Na₂¹³CO₃。标记箱自动连接自动循环制冷系统和二氧化碳分析仪进行实时监测, 使标记箱内外温度控制在 ± 3 °C, 且标记箱内 CO₂ 浓度在 350 μL·L⁻¹。待标记结束后, 收获玉米地上部, 并经烘箱杀青烘干后粉碎过 2 mm 筛备用, 供试秸秆的基本理化性质为: 全碳 394.72 g·kg⁻¹, 全氮 8.31 g·kg⁻¹, 碳氮比 47.66, ¹³C 丰度 34.41 atom%。

表 1 不同盐碱土的基本理化性质

Table 1 Soil physical and chemical properties of different saline-alkali soils

土壤类型 Soil types	pH	SOC (g·kg ⁻¹)	TN (g·kg ⁻¹)	TP (g·kg ⁻¹)	TK (g·kg ⁻¹)	δ ¹³ C value /‰	ESP /%	EC (mS·cm ⁻¹)
NS	7.54c	124.26a	6.74a	1.81a	17.37c	-27.15a	1.50c	1.34b
LS	7.83b	92.93b	6.62a	1.52b	18.72b	-27.40b	5.00b	1.47a
MS	8.26a	69.13c	4.26b	1.15c	20.26a	-27.37b	19.68a	1.37b

注: 表中数据为均值, 不同小写字母表示不同盐碱程度土壤间差异显著性(P<0.05)。NS, 非盐碱土; LS, 轻度盐碱土; MS, 中度盐碱土。SOC, 土壤有机碳; TN, 全氮; TP, 全磷; TK, 全钾; δ¹³C value, δ¹³C 值; ESP, 碱化度; EC, 电导率。Note: the data in the table are the means. The different lowercase letters indicate a significant difference among soils with different levels of salinity and alkalinity (P<0.05). NS, non-saline-alkali soil; LS, light saline-alkali soil; MS, moderate saline-alkali soil. SOC, soil organic carbon; TN, total nitrogen; TP, total phosphorus; TK, total potassium; ESP, exchangeable sodium percentage; EC, electrical conductivity.

1.2 试验设计

本试验选用三种不同盐碱度供试土壤: (1) 非盐碱土 (NS), (2) 轻度盐碱土 (LS), (3) 中度盐碱土 (MS), 每个处理设置 3 个重复。室内培养实验具体步骤如下: 为最大程度维持苏打盐碱土的原有结构, 沿土壤自然裂隙、根孔等薄弱处进行轻柔破碎。随后使用 5 mm 筛对混合后的土样进行轻柔筛分。称取过 5 mm 筛的风干土 200 g 置于 500 mL 组培瓶中, 通过补充蒸馏水调节含水量至其田间持水量的 60%, 用含透气孔的配套瓶盖封口, 置于培养箱中 25 °C 恒温避光预培养一周。正式培养时将 2 g 粉碎至 2 mm 大小的 ¹³C 标记玉米秸秆与预培养土壤充分混合均匀, 继续用含透气孔的配套瓶盖封口, 称重并记录样品瓶重量。将样品瓶继续放入培养箱中 (25 °C 恒温避光) 培养 90 天, 培养期间每周采用称重法补充土壤水分。培养结束后采集土壤样品, 一部分样品用于测定土壤基本理化性质, 另一部分样品用于测定 SOC 含量及其 ¹³C 丰度、氨基糖含量及其 ¹³C 丰度等指标。

1.3 测定指标与方法

土壤团聚体的分级采用干筛法^[20], 采用筛分仪将土样筛分为 >2 mm、2~0.25 mm、<0.25 mm 三个粒级团聚体, 称重并计算各级团聚体占土样总质量的百分率。

供试秸秆全碳 (TC) 和全氮 (TN) 含量采用元素分析仪测定; 土壤 pH 采用玻璃电极法测定 (土水比=1: 5); 土壤电导率 (EC) 采用电导率仪测定; 有机碳 (SOC) 采用重铬酸钾外加热法测定; 全氮 (TN) 采用自动凯氏定氮法测定; 阳离子交换量 (CEC) 采用乙酸钠-火焰光度法测定; 交换性钠含量采用乙酸铵-氢氧化铵-火焰光度法测定, 并计算碱化度 (ESP=Na⁺/CEC×100, %) ^[21]。

土壤 $\delta^{13}\text{C}$ 采用稳定同位素比例质谱仪 (ZX-2017, Delta V Plus, Germany) 测定, 标记后土壤和秸秆 ^{13}C 丰度采用元素分析-同位素质谱分析联用仪 (ZX-2009, Delta V, Germany) 测定。

土壤样品中氨基糖含量的测定采用糖腈乙酯衍生气相色谱法^[22]。样品经盐酸水解后, 提取液通过离心、纯化和衍生等步骤得到氨基糖衍生产物, 利用气相色谱仪 (GC-6890, Agilent, USA; HP-5 30 m $\times$ 0.25 mm $\times$ 0.25 μm 毛细管色谱柱) 进行氨基糖含量测定, 根据内标法原理通过氨基糖的峰面积计算单个氨基糖含量。提取后的氨基糖 ^{13}C 同位素丰度采用气相色谱-质谱联机技术 (GC-MS, Finnigan Trace, USA) 测定。

1.4 数据处理

土壤团聚体中秸秆源有机碳 (^{13}C -SOC, $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) 含量的计算公式如下^[23]:

$$^{13}\text{C}\text{-SOC} = \text{Csc} \times F_c / 100 \quad (1)$$

式中, Csc 为添加秸秆处理 SOC 含量 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$), F_c 为秸秆碳对 SOC 的贡献率 (%)。

土壤有机碳和秸秆碳在团聚体中的分配 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) = 该级团聚体中有机碳含量/秸秆碳含量 ($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$) $\times$ 该级团聚体百分含量。

秸秆碳对 SOC 的贡献率 (F_c , %) 的计算公式如下^[24]:

$$F_c = (\text{atom}\%^{13}\text{Csc} - \text{atom}\%^{13}\text{Cs}) \times 100 / (\text{atom}\%^{13}\text{Cc} - \text{atom}\%^{13}\text{Cs}) \quad (2)$$

式中, $\text{atom}\%^{13}\text{Csc}$ 为添加秸秆处理 SOC 的 ^{13}C 原子百分数, $\text{atom}\%^{13}\text{Cs}$ 为未添加秸秆处理 SOC 的 ^{13}C 原子百分数, $\text{atom}\%^{13}\text{Cc}$ 为初始秸秆的 ^{13}C 原子百分数。

土壤团聚体中每种氨基糖的单体 ^{13}C 值 ($\text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{AS}}$, %) 及 ^{13}C -氨基糖含量 (^{13}C -AS, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) 的计算公式如下:

$$^{13}\text{C}_{\text{AS}} = (\text{N}_{\text{Der}} \times \text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{Der}} - F - \text{N}_{\text{Acet}} \times \text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{Acet}}) / \text{N}_{\text{AS}} \quad (3)$$

$$^{13}\text{C}\text{-AS} = (\text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{ASsample}} - \text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{AScontrol}}) \times \text{AS}_{\text{total}} / 100 \quad (4)$$

式中, N_{Der} 为衍生后氨基糖的碳原子数, $\text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{Der}}$ 为衍生后氨基糖的 ^{13}C 原子百分数, F 为校正因子, N_{Acet} 为衍生物的碳原子数, $\text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{Acet}}$ 为衍生物的 ^{13}C 原子百分数, N_{AS} 为原始氨基糖的碳原子数, $\text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{ASsample}}$ 为添加秸秆处理每种氨基糖 ^{13}C 原子百分数, $\text{atom}\%^{13}\text{C}_{\text{AScontrol}}$ 为未添加秸秆处理每种氨基糖 ^{13}C 原子百分数, AS_{total} 为添加秸秆处理每种氨基糖总量 ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)。

土壤团聚体中 ^{13}C -细菌残体碳 (^{13}C -BNC, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) 和 ^{13}C -真菌残体碳 (^{13}C -FNC, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) 的含量参考 Liang 等^[25]提供的公式进行计算:

$$^{13}\text{C}\text{-BNC} = ^{13}\text{C}\text{-MurA} \times 45 \quad (5)$$

$$^{13}\text{C}\text{-FNC} = (^{13}\text{C}\text{-GluN} / 179.17 - 2 \times ^{13}\text{C}\text{-MurA} / 251.23) \times 179.17 \times 9 \quad (6)$$

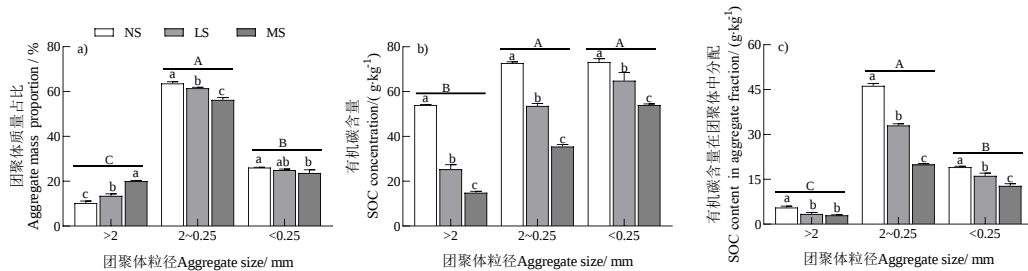
式中, GluN 和 MurA 分别为氨基葡萄糖和胞壁酸含量 ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); 179.17 和 251.23 分别为氨基葡萄糖和胞壁酸的摩尔质量 ($\text{g}\cdot\text{mol}^{-1}$), 9 和 45 分别为将氨基葡萄糖含量转换为真菌残体碳含量和将胞壁酸含量转换为细菌残体碳含量的转换系数。

采用 SPSS 26.0 进行数据处理和统计分析。首先使用 Shapiro-Wilk 检验评估数据的正态性, 并采用 Levene 检验方差齐性。在此基础上, 运用单因素方差分析比较不同盐碱化程度土壤间和不同团聚体粒径间各指标的差异, 并采用邓肯法在 $P < 0.05$ 水平上进行多重比较, 检验组间显著性。采用 GraphPad Prism 8.0 进行作图, 图表中数据为平均值 $\pm$ 标准误差。

2 结果

2.1 团聚体组成、各级团聚体中有机碳含量及有机碳在团聚体中的分配

不同盐碱化程度土壤中土壤团聚体组成均表现为>2 mm 团聚体含量最低, 其占比为 10.30%~20.00%, 2~0.25 mm 团聚体含量最高, 占比为 56.28%~63.63% (图 1a)。随盐碱化程度的增加, >2 mm 粒径团聚体含量增加, 而 2~0.25 mm 和<0.25 mm 粒径团聚体含量降低。各粒级团聚体中的 SOC 含量表现为随团聚体粒径的减小而增加, 且均随盐碱化程度增加而降低。与 NS 处理相比, 在 LS 处理下, >2 mm、2~0.25 mm 和<0.25 mm 团聚体中的 SOC 含量分别降低了 1.13 倍、0.36 倍和 0.13 倍, 在 MS 处理下, 分别降低了 2.62 倍、1.05 倍和 0.35 倍 (图 1b)。综合团聚体组成和各级团聚体中 SOC 含量解析 SOC 在团聚体中的分配规律, 各盐碱化程度土壤中, SOC 均主要分配在 2~0.25 mm 团聚体中, 其次为<0.25 mm 团聚体, 而>2 mm 团聚体中 SOC 分配最少 (图 1c)。此外, 随盐碱化程度的增加, SOC 在 2~0.25 mm 团聚体中分配的降低幅度最大, LS 和 MS 较 NS 分别降低了 40.28%和 131.72%, 而其在<0.25 mm 团聚体中降低幅度最小, LS 和 MS 较 NS 仅分别降低了 17.83%和 48.79%。



注: 不同小写字母表示不同盐碱化程度土壤间差异显著性 ($P<0.05$), 不同大写字母表示不同粒径团聚体间差异显著性 ($P<0.05$)。NS, 非盐碱土; LS, 轻度盐碱土; MS, 中度盐碱土, 下同。Note: the different lowercase letters indicate significant differences between soils with different degrees of salinization ($P<0.05$), and the different capital letters indicate significant differences among different aggregate size fractions ($P<0.05$). NS, non-saline-alkali soil; LS, light saline-alkali soil; MS, moderate saline-alkali soil. The same below.

图 1 不同盐碱土团聚体组成、各级团聚体中有机碳含量及其在团聚体中的分配

Fig. 1 Aggregate composition, SOC concentration in each aggregate size, and distribution of SOC content in aggregate fractions in different saline-alkali soils

2.2 各级团聚体 ^{13}C -SOC 含量、秸秆碳在团聚体中的分配及其对 SOC 的贡献

^{13}C -SOC 含量在<0.25 mm 团聚体中最高, 而在>2 mm 团聚体中最低。同时盐碱化程度对各级团聚体中 ^{13}C -SOC 含量的影响不同: 在>2 mm 和<0.25 mm 粒级团聚体中 ^{13}C -SOC 含量表现为 MS>LS>NS, MS 处理在这两个粒径团聚体中均显著高于 LS 和 NS 处理, 且仅在<0.25 mm 粒级团聚体中各处理间差异显著, 而在 2~0.25 mm 粒级团聚体中 ^{13}C -SOC 含量趋势相反, 即为 NS>LS>MS, 各处理间均存在显著性差异 (图 2a)。秸秆碳主要分配在 2~0.25 mm 团聚体中, 其次为<0.25 mm 团聚体, 而在>2 mm 团聚体中的分配含量最低, 其含量在秸秆碳总分配量的占比不足 9%。盐碱胁迫降低了秸秆碳在 2~0.25 mm 团聚体中的分配, 与 NS 相比, LS 和 MS 中秸秆碳的分配显著降低, 降幅为 17.28%和 46.75%; 同时, 与 NS 相比, >2 mm 和<0.25 mm 粒级 ^{13}C -SOC 含量 LS 和 MS 显著增加, 增幅分别为 50.94%、13.82%和 181.52%、20.18% (图 2b)。秸秆源碳对 SOC 的贡献率在 NS、LS 和 MS 三种盐碱土中分别为 0.49%~1.75%、1.21%~2.35%和 2.31%~3.07% (2c)。与 NS 相比,

盐碱胁迫显著增加秸秆源碳对 SOC 的贡献率, 其中在>2 mm 团聚体中的增幅最大, LS 和 MS 分别是 NS 的 2.45 倍和 5.13 倍。

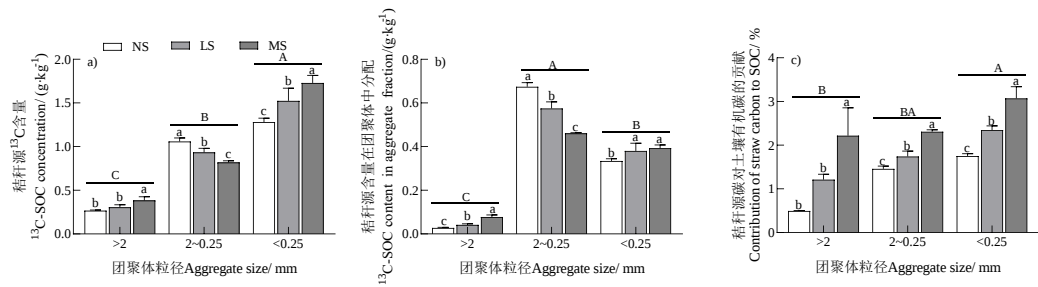


图 2 不同盐碱土各级团聚体中秸秆源 SOC (¹³C-SOC)含量、秸秆源碳在团聚体中的分配及其对土壤有机碳的贡献

Fig. 2 Straw-derived soil organic carbon (¹³C-SOC) concentration in each aggregate size and distribution of its content in aggregate fractions as well as contribution rate of straw carbon to SOC in each aggregate size in different saline-alkali soils

2.3 团聚体中 ¹³C-氨基糖含量、¹³C-微生物残体碳含量及 ¹³C-微生物残体碳对秸秆源土壤有机碳的贡献

¹³C 标记的氨基葡萄糖、氨基半乳糖和胞壁酸含量分别为 7.78~54.57 mg·kg⁻¹、3.37~25.35 mg·kg⁻¹ 和 0.10~1.27 mg·kg⁻¹, 均在<0.25 mm 团聚体中最高, 而在>2 mm 中最低。不同盐碱化程度土壤中, ¹³C-氨基葡萄糖含量在>2 mm 团聚体中无显著差异, 在 2~0.25 mm 和<0.25 mm 团聚体中表现为随盐碱化程度的增加而增加, 即 MS>LS>NS (图 3a)。然而 ¹³C-胞壁酸含量与 ¹³C-氨基葡萄糖含量的趋势相反, 即在各级团聚体中其含量随盐碱化程度增加而降低, 如图 3c 所示, LS 和 MS 均低于 NS。此外, ¹³C-氨基半乳糖含量在各级团聚体中均表现为 LS 和 MS 均高于 NS, 且仅 LS 和 NS 间差异显著性 (图 3b)。

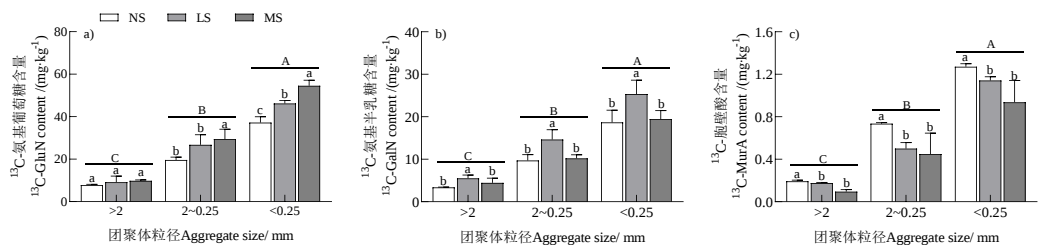


图 3 不同盐碱土各级团聚体中 ¹³C-氨基糖含量

Fig. 3 ¹³C-amino sugar content in each aggregate size in different saline-alkali soils

微生物残体碳主要来源于真菌残体碳, 真菌残体碳的含量对微生物残体碳的贡献高达 84.74%~95.29%。¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-细菌残体碳含量在各粒级团聚体中均表现为在<0.25 mm 团聚体中最高, 其次为>2~0.25 mm 团聚体, 但在>2 mm 团聚体中最低, 且各粒级团聚体间均存在显著差异。¹³C-微生物残体碳含量在各粒级团聚体中的变化趋势与 ¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-细菌残体碳一致。随着团聚体粒径的减小, 盐碱胁迫对 ¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-微生物残体碳含量的影响逐渐增强: 在>2 mm 团聚体中 ¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-微生物残体碳含量在不同盐碱化程度土壤中无显著性差异; 在 2~0.25 mm 团聚体中 ¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-微生物残体碳含量表现为 MS 显著高于 LS 和 NS, 而 LS 与 NS 无显著差异; 在<0.25 mm 团聚体中 LS 和 MS 的 ¹³C-真菌残体碳和 ¹³C-微生物残体碳含量分别比 NS 显著增加 25.87%、20.39%和 50.23%、38.59% (图 4a 和图 4c)。然而, ¹³C-细菌残体碳含量在各级团聚体中均表现为 LS 和 MS 显著低于 NS (图 4b)。¹³C-真菌残体碳与 ¹³C-细菌残体碳的比值随团聚体粒径减小而减小, 在各级团聚体中, 该比值均表现为 MS>LS>NS (图

4d)。

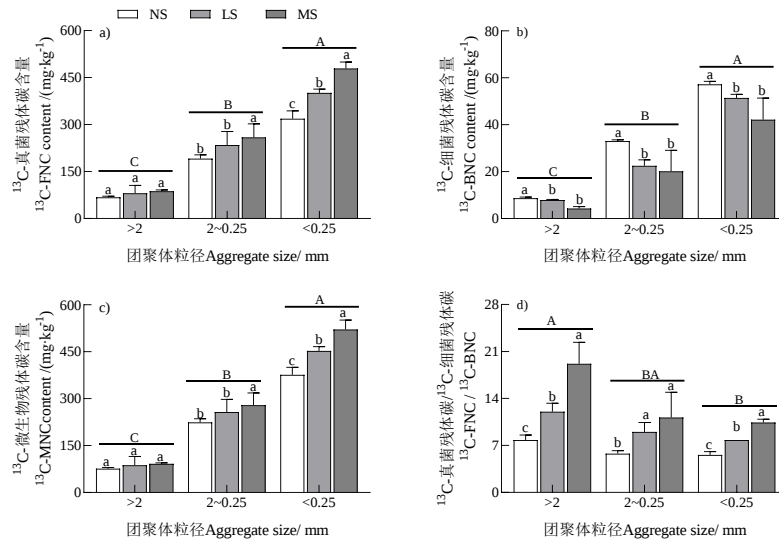


图 4 不同盐碱土各级团聚体中 ^{13}C -微生物残体碳含量

Fig. 4 ^{13}C -microbial necromass carbon content in each aggregate size in different saline-alkali soils

2.4 团聚体中 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献

不同粒径团聚体中 ^{13}C -真菌残体碳、 ^{13}C -细菌残体碳和 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献具有显著性差异，其贡献率在 $<0.25\text{ mm}$ 团聚体中显著高于 $>2\text{ mm}$ 和 $2\sim0.25\text{ mm}$ 团聚体。 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献也受盐碱化程度的影响显著， ^{13}C -真菌残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率在 NS、LS 和 MS 三种盐碱土中分别为 18.07%~25.32%、21.57%~26.47% 和 21.68%~28.48% (图 5a)， ^{13}C -细菌残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率在 NS、LS 和 MS 三种盐碱土中分别为 3.12%~4.47%、2.48%~3.39% 和 1.12%~2.45% (图 5b)， ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率在 NS、LS 和 MS 三种盐碱土中分别为 21.19%~29.35%、24.17%~30.92% 和 22.80%~32.20% (图 5c)。盐碱胁迫可增加 ^{13}C -真菌残体碳和 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率，但可降低 ^{13}C -细菌残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率，与 NS 相比，LS 和 MS $>2\text{ mm}$ ^{13}C -真菌残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率无显著性差异， $2\sim0.25\text{ mm}$ 和 $<0.25\text{ mm}$ ^{13}C -真菌残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率显著增加 23.47%、58.99% 和 6.42%、14.51%；LS 和 MS $>2\text{ mm}$ 、 $2\sim0.25\text{ mm}$ 和 $<0.25\text{ mm}$ 粒径 ^{13}C -细菌残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率均显著降低 24.95%、25.75%、31.88% 和 191.39%、61.41%、82.53%； $>2\text{ mm}$ 团聚体中 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率表现为 LS 和 MS 均显著低于 NS，而 $2\sim0.25\text{ mm}$ 和 $<0.25\text{ mm}$ 团聚体中 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率却表现为 LS 和 MS 高于 NS，且 MS 与 NS 间差异显著性。

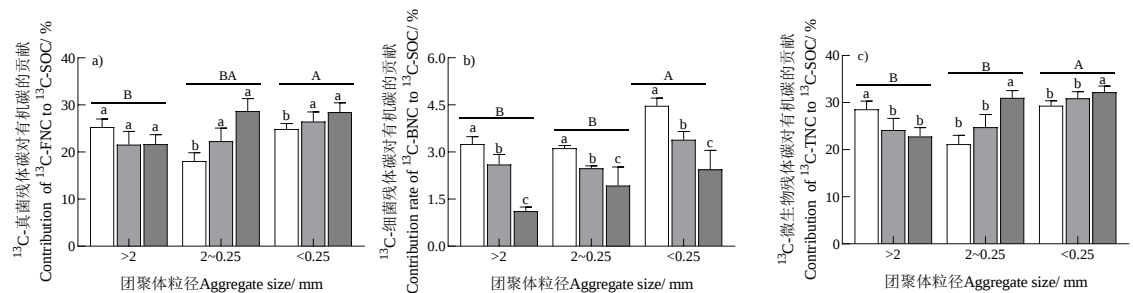


图 5 不同盐碱土各级团聚体中 ^{13}C -微生物残体碳对秸秆源土壤有机碳的贡献

Fig. 5 Contribution rate of ^{13}C -microbial necromass carbon to straw-derived soil organic carbon (^{13}C -SOC) in each aggregate size in different saline-alkali soils

3 讨论

3.1 盐碱化程度影响团聚体中秸秆碳固存

本研究表明,不同盐碱度土壤中秸秆源 ^{13}C -SOC 的富集程度在 $<0.25\text{ mm}$ 团聚体中最高,而在 $>2\text{ mm}$ 团聚体中最低(图 2a),该趋势与非盐碱耕地中的研究结果一致^[26]。其原因是,一方面微团聚体内部通气性差、空间范围小,限制了土壤微生物活动,减缓了秸秆碳的矿化,有利于外源碳的保存;另一方面,微团聚体具有较高的比表面积,通过配体交换和静电吸附等方式与更多的土壤矿物结合,从而为 SOC 提供更强的物理和化学保护^[27],进一步提高其固碳能力。本研究进一步发现盐碱胁迫提高了秸秆碳对 SOC 的贡献率,与已有研究结论相符^[28]。这与盐碱土肥力水平低及团聚体尺度上碳的分配与稳定机制密切相关。一方面,盐碱土壤通常 SOC 本底值低,外源秸秆碳的输入容易产生更显著的相对提升;另一方面,低肥力条件减缓了秸秆碳的微生物矿化进程^[29],使更多未被完全分解的秸秆碳被土壤颗粒包裹并稳定积累,从而增加了其对 SOC 的贡献比例。

在团聚体尺度上,上述提升效应主要通过团聚体结构重组和碳的再分配实现。本研究中供试土壤以 $2\sim 0.25\text{ mm}$ 团聚体为主,占比高达 $56.28\%\sim 63.63\%$ (图 1a),且秸秆源 ^{13}C 主要被分配且持留在此粒级团聚体中(图 2b)。盐碱胁迫引起的高 ESP 会破坏团聚体结构^[30],导致团聚体结构重组和粒径组成发生改变,进而改变各粒径团聚体中 ^{13}C 秸秆源碳的分配比例。首先,盐碱胁迫降低了 $2\sim 0.25\text{ mm}$ 团聚体的含量,秸秆源 ^{13}C 在该粒级团聚体中的分配相应减少。同时,在钠离子引起的黏粒分散与再胶结作用下,部分崩解组分形成板结化或不稳定的 $>2\text{ mm}$ 团聚体,使该粒级团聚体中秸秆源 ^{13}C 的分配比例上升。此外,秸秆碳经微生物分解后被物理包裹在土壤团聚体内,或通过化学吸附固定在微团聚体的黏粒和粉粒表面,从而提升其在各粒径团聚体中的稳定性,进一步提高了秸秆碳对 SOC 的贡献率。综上,盐碱胁迫通过改变土壤团聚体结构,驱动秸秆源碳在团聚体系中的再分配,进而提高其对 SOC 的贡献比例。

3.2 盐碱化程度影响团聚体中秸秆碳的微生物同化途径

土壤微生物将外源秸秆碳转化为微生物残体碳是 SOC 形成的关键机制。本研究发现,不同盐碱度土壤中 ^{13}C -氨基葡萄糖含量($7.78\sim 54.57\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)远高于 ^{13}C -胞壁酸含量($0.10\sim 1.27\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$),说明秸秆碳主要由真菌同化途径转化为微生物残体碳,这与农田中的研究结果一致。这主要因为真菌更善于利用秸秆中富含木质素、纤维素等难降解有机物,转化效率高,能够将更多碳转化为微生物残体碳^[31];同时真菌细胞壁主要成分为几丁质和黑色素,结构稳定^[32],相比之下细菌细胞壁的主要成分为含氮肽聚糖^[33],极易分解被微生物进行二次利用,因而其在土壤中的累积量较低。

随着盐碱化程度加剧,真菌和细菌的同化过程对盐碱胁迫表现出差异性响应。其中, ^{13}C -细菌残体碳含量在各级团聚体中均表现为 LS 和 MS 显著低于 NS(图 4b),这表明盐碱胁迫抑制了细菌残体碳的积累。这是由于相较于真菌,细菌对高盐度引起的渗透胁迫的适应能力较差^[34],盐碱土的高离子浓度改变了其适宜生存环境,削弱了细菌对秸秆碳的同化代谢能力,其代谢产物也随之减少;相反,真菌因其独特的生理结构(如保护性细胞壁、菌丝体)与强大的渗透调节能力而具备卓越的耐逆性,并能利用细菌残体等资源进行生长^[35],上述机制共同作用,使得随盐碱胁迫增强,细菌残体碳积累受限,而真菌残体碳

显著增加。这一结果进一步证实,在苏打盐碱土中,真菌同化途径是秸秆碳转化为 SOC 的重要途径,真菌是驱动微生物碳泵和促进土壤有机碳稳定固存的关键微生物类群。

从团聚体尺度来看,不同粒径团聚体中 ^{13}C -真菌残体碳和 ^{13}C -细菌残体碳含量存在显著差异,其中 $<0.25\text{ mm}$ 团聚体中含量显著高于 $2\sim0.25\text{ mm}$ 和 $>2\text{ mm}$ 团聚体,表明微生物残体碳更容易在微团聚体中积累。究其原因可能在于:一方面微团聚体内部孔隙细小,有助于限制线虫等捕食者的入侵和活动,为微生物的生长繁殖提供相对稳定的微环境^[36],同时,其较高的黏粒含量可为微生物残体碳提供更多吸附位点,增强化学保护作用,从而促进了微生物残体碳在微团聚体中的积累;另一方面,微团聚体的物理分隔结构显著降低了氧气的扩散能力^[12],抑制了好氧微生物的活性,进一步减缓了对微生物残体碳的分解代谢。这些机制共同解释了为何在盐碱胁迫下,微团聚体成为微生物残体碳,尤其是真菌来源碳的重要稳定场所。

3.3 盐碱化程度对团聚体中微生物残体碳对 SOC 贡献的影响

土壤微生物残体碳是土壤稳定碳库的重要组分^[9],其在有机碳中的相对含量可有效表征有机碳的长期稳定性。本研究发现,在苏打盐碱土中 ^{13}C -微生物残体碳对 ^{13}C -SOC 的贡献率为 21.19%~32.20%,其贡献率不仅显著低于非盐碱耕地中的研究结果 ($>50\%$),也低于文献中报道的一般盐碱耕地中的研究结果 ($\sim 40\%$)^[37]。造成这一差异的主要原因在于,盐碱胁迫显著抑制了土壤微生物的代谢活动与转化效率,且为期 3 个月的培养试验周期较短,未能充分实现秸秆碳向土壤有机碳的完全转化,导致残存秸秆碳比例偏高,而微生物残体碳比例相对偏低。

值得注意的是,盐碱胁迫对微生物残体碳贡献的影响具有粒径依赖性: $>2\text{ mm}$ 团聚体中 ^{13}C -微生物残体碳对 SOC 的贡献随盐碱胁迫加剧而降低,而在 $2\sim0.25\text{ mm}$ 和 $<0.25\text{ mm}$ 团聚体中则呈上升趋势。其可能原因是, $>2\text{ mm}$ 团聚体中可能包含了部分难降解秸秆碳形成的颗粒态有机碳,盐碱胁迫进一步抑制这部分碳的转化,因此相对降低了微生物残体碳的贡献。与此同时, $2\sim0.25\text{ mm}$ 团聚体比例随盐碱梯度的增加而降低^[38],表明团聚体结构在高浓度交换性钠离子作用下发生崩解,使得原本受保护的植物残体碳暴露,并被微生物(特别是腐生真菌)利用形成新的微生物残体碳,最终固存在未崩解的 $2\sim0.25\text{ mm}$ 团聚体和更小的微团聚体中,从而提高了微生物残体碳的相对贡献。上述结果表明了盐碱胁迫下小团聚体对土壤有机碳固存的重要作用。

4 结 论

本研究应用稳定碳同位素技术示踪秸秆碳在不同盐碱土团聚体中的固存过程的微生物学过程,揭示了盐碱胁迫对苏打盐碱土中秸秆碳在团聚体中固存过程的影响机制。结果表明,盐碱化程度显著调控着秸秆碳在土壤团聚体中的分布、微生物残体碳的形成及其对 SOC 的贡献。秸秆源碳主要富集在 $<0.25\text{ mm}$ 的微团聚体中,但综合团聚体比例,秸秆源碳的总量在 $2\sim0.25\text{ mm}$ 团聚体中最高。随着盐碱胁迫加剧,秸秆碳在 $2\sim0.25\text{ mm}$ 粒级中的分配比例下降,而在 $>2\text{ mm}$ 和 $<0.25\text{ mm}$ 粒级中上升,反映出团聚体结构在盐碱作用下的重组及其对碳再分配的影响。在微生物转化方面,盐碱胁迫增加了真菌残体碳含量及其对 SOC 的贡献,相反降低了细菌残体碳的含量及其对 SOC 的贡献,说明真菌残体碳是苏打盐碱土 SOC 的重要来源。在团聚体尺度上,盐碱胁迫提高了微生物残体碳,特别是真菌残体碳在微团聚体中的含量及其对 SOC 的贡献率,说明真菌同化形成的真菌残体碳在微团聚体中的固存是苏打盐碱土中 SOC 固存的重要途径。本研究为盐碱地区秸秆资源高效利用和土壤有机碳提升提供理论依据。未来研究需结合 ^{13}C 平行标记法和微生物分子生物学技术

深入探讨多种碳源共存时土壤有机碳周转的微生物机制，并量化植物源碳对土壤有机碳固存和周转的影响。

参考文献 (References)

- [1] Chen X Y, Zhu H H, Sun C Y, et al. Structures and diversity of arbuscular mycorrhizal fungal communities in soda saline-alkali land[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2025, 65(8): 3413-3431. [陈晓烨, 朱欢欢, 孙晨雨, 等. 苏打盐碱地丛枝菌根真菌群落结构与多样性特征[J]. *微生物学报*, 2025, 65(8): 3413-3431.]
- [2] Sun G Y, Wang H X. Large scale development to saline-alkali soil and risk control for the Songnen Plain[J]. *Resources Science*, 2016, 38(3): 407-413. [孙广友, 王海霞. 松嫩平原盐碱地大规模开发的前期研究、灌区格局与风险控制[J]. *资源科学*, 2016, 38(3): 407-413.]
- [3] Huang G Z, Huang L H, Liu B S, et al. Evaluation of improvement effect and analysis of influencing factors of different amendments on saline-sodic soils based on a Meta-analysis[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2025, 62(2): 388-399. [黄广志, 黄立华, 刘伯顺, 等. 基于 Meta 分析的苏打盐碱土改良效果评估[J]. *土壤学报*, 2025, 62(2): 388-399.]
- [4] Li S Y, Liang X Y, Wang C, et al. Effects of improvement measures on aggregate stability and humus composition of soda saline meadow soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, <https://dx.doi.org/10.11766/trxb202501060011>. [李思岩, 梁晓艳, 王辰, 等. 改良措施对苏打盐化草甸土团聚体稳定性及腐殖质组成的影响[J]. *土壤学报*, <https://dx.doi.org/10.11766/trxb202501060011>.]
- [5] Lessmann M, Ros G H, Young M D, et al. Global variation in soil carbon sequestration potential through improved cropland management[J]. *Global Change Biology*, 2022, 28(3): 1162-1177.
- [6] Cai J H, Huang L H, Liu B S, et al. Comparative analysis of differences, improvement effects, and implications of aggregates in saline-alkali soils and non-saline-alkali soils[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2025, 39(5): 1-12. [蔡婧晖, 黄立华, 刘伯顺, 等. 盐碱土与非盐碱土团聚体差异、改良影响及启示[J]. *水土保持学报*, 2025, 39(5): 1-12.]
- [7] Hu P L, Zhang W, Kuzyakov Y, et al. Linking bacterial life strategies with soil organic matter accrual by karst vegetation restoration[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2023, 177: 108925.
- [8] Camenzind T, Mason-Jones K, Mansour I, et al. Formation of necromass-derived soil organic carbon determined by microbial death pathways[J]. *Nature Geoscience*, 2023, 16(2): 115-122.
- [9] Liang C, Schimel J P, Jastrow J D. The importance of anabolism in microbial control over soil carbon storage[J]. *Nature Microbiology*, 2017, 2: 17105.
- [10] Bonner M T, Franklin O, Hasegawa S, et al. Those who can don't want to, and those who want to can't: An eco-evolutionary mechanism of soil carbon persistence[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, 174: 108813.
- [11] Zhong Y, Zhang B P, Zhu Y J, et al. Shifts in the fungal community promote soil carbon accumulation in microaggregates during long-term secondary succession[J]. *Functional Ecology*, 2025, 39(8): 2029-2043.
- [12] Zhang B, Chen Q, Ding X L, et al. Research progress on accumulation, turnover and stabilization of microbial residues in soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2022, 59(6): 1479-1491. [张彬, 陈奇, 丁雪丽, 等. 微生物残体在土壤中的积累转化过程与稳定机理研究进展[J]. *土壤学报*, 2022, 59(6): 1479-1491.]
- [13] Wang M, Chen S B, Chen L, et al. Responses of soil microbial communities and their network interactions to saline-alkaline stress in Cd-contaminated soils[J]. *Environmental Pollution*, 2019, 252: 1609-1621.
- [14] Yang D H, Tang L, Cui Y, et al. Saline-alkali stress reduces soil bacterial community diversity and soil enzyme activities[J]. *Ecotoxicology*, 2022, 31(9): 1356-1368.
- [15] Jia B, Mao H, Liang Y M, et al. Salinity decreases the contribution of microbial necromass to soil organic carbon pool in arid regions[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 930: 172786.
- [16] Chen J C, Wang H, Hu G Q, et al. Distinct accumulation of bacterial and fungal residues along a salinity gradient in coastal salt-affected soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 158: 108266.
- [17] Joergensen R G. Amino sugars as specific indices for fungal and bacterial residues in soil[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2018, 54(5): 559-568.

- [18] Hu G Q, Liu X, He H B, et al. Accumulation characteristics of amino sugars in salinized soils of different types in the Yellow River Delta[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2018, 55(2): 390-398. [胡国庆, 刘肖, 何红波, 等. 黄河三角洲不同盐渍化土壤中氨基糖的积累特征[J]. *土壤学报*, 2018, 55(2): 390-398.]
- [19] Zhang H, Li J P. Application and prospect of stable carbon isotope to the study of carbon cycle in grassland ecosystem[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2021, 28(1): 394-400. [张昊, 李建平. 稳定碳同位素在草地生态系统碳循环中的应用与展望[J]. *水土保持研究*, 2021, 28(1): 394-400.]
- [20] Wang X Y, Bian Q, Jiang Y J, et al. Organic amendments drive shifts in microbial community structure and keystone taxa which increase C mineralization across aggregate size classes[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 153: 108062.
- [21] Lu R K. Analytical methods for soil and agro-chemistry[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: 中国农业科技出版社, 2000.]
- [22] Zhang X D, Amelung W. Gas chromatographic determination of muramic acid, glucosamine, mannosamine, and galactosamine in soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28(9): 1201-1206.
- [22] Zhang X D, Amelung W. Gas chromatographic determination of muramic acid, glucosamine, mannosamine, and galactosamine in soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 1996, 28(9): 1201-1206.
- [23] Blaud A, Lerch T Z, Chevallier T, et al. Dynamics of bacterial communities in relation to soil aggregate formation during the decomposition of ^{13}C -labelled rice straw[J]. *Applied Soil Ecology*, 2012, 53: 1-9.
- [24] Conrad R, Klose M, Yuan Q, et al. Stable carbon isotope fractionation, carbon flux partitioning and priming effects in anoxic soils during methanogenic degradation of straw and soil organic matter[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2012, 49: 193-199.
- [25] Liang C, Amelung W, Lehmann J, et al. Quantitative assessment of microbial necromass contribution to soil organic matter[J]. *Global Change Biology*, 2019, 25(11): 3578-3590.
- [26] Cheng K. Microbial mechanisms of organic carbon transformation and sequestration in red soil aggregates under organic amendments [D]. Nanchang: Jiangxi Agricultural University, 2023. [程坤. 有机物料施用下红壤团聚体中有机碳转化和固持的微生物机制[D]. 南昌: 江西农业大学, 2023.]
- [27] Dong Y M, Yu S Y, Zhang H X, et al. Research progress on soil aggregate organic carbon sequestration effects[J]. *Soil and Fertilizer Sciences in China*, 2025(8): 248-258. [董艳梅, 于晟玥, 张昊鑫, 等. 土壤团聚体有机碳固存效应研究进展[J]. *中国土壤与肥料*, 2025(8): 248-258.]
- [28] Pei J B, Li H, Li S Y, et al. Dynamics of maize carbon contribution to soil organic carbon in association with soil type and fertility level[J]. *PLoS One*, 2015, 10(3): e0120825.
- [29] Yang Y H, Su Y, He Z C, et al. Transformation and distribution of straw-derived carbon in soil and the effects on soil organic carbon pool: A review[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2019, 30(2): 668-676. [杨艳华, 苏瑶, 何振超, 等. 还田秸秆碳在土壤中的转化分配及对土壤有机碳库影响的研究进展[J]. *应用生态学报*, 2019, 30(2): 668-676.]
- [30] de la Paix M J, Lanhai L, Xi C, et al. Physicochemical properties of saline soils and aeolian dust[J]. *Land Degradation & Development*, 2013, 24(6): 539-547.
- [31] Zhu X M, Zhang Z L, Wang Q T, et al. More soil organic carbon is sequestered through the *Mycelium* pathway than through the root pathway under nitrogen enrichment in an Alpine forest[J]. *Global Change Biology*, 2022, 28(16): 4947-4961.
- [32] Zhang W, Wang W Q, Dong S H, et al. Effects of exogenous nitrogen and litter on the transformation of amino sugars in temperate forest soil[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2023, 54(1): 100-106. [张威, 王婉琦, 董姝含, 等. 外源氮素和凋落物添加对温带森林土壤氨基糖转化特征的影响[J]. *土壤通报*, 2023, 54(1): 100-106.]
- [33] Domeignoz-Horta L A, Shinfuku M, Junier P, et al. Direct evidence for the role of microbial community composition in the formation of soil organic matter composition and persistence[J]. *ISME Communications*, 2021, 1: 64.
- [34] Zhang G L, Bai J H, Zhai Y J, et al. Microbial diversity and functions in saline soils: A review from a biogeochemical perspective[J]. *Journal of Advanced Research*, 2024, 59: 129-140.
- [35] Zheng T T, Miltner A, Liang C, et al. Turnover of bacterial biomass to soil organic matter *via* fungal biomass and its

metabolic implications[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2023, 180: 108995.

[36] Jiang Y J, Liu M Q, Zhang J B, et al. Nematode grazing promotes bacterial community dynamics in soil at the aggregate level[J]. The ISME Journal, 2017, 11(12): 2705-2717.

[37] Zhu W, Gu S G, Zhang X, et al. Long-term reclamation enhances soil organic carbon accumulation *via* mitigating salinity and alkalinity in coastal saline soils[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2026, 400: 110212.

[38] He X D, Miao C, Li X R, et al. Aggregate characteristics of salinized soil in Yinbei area of Ningxia[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2025, 56(4): 996-1005. [何晓东, 苗丛, 李道然, 等. 宁夏银北地区盐渍化土壤团聚体特征研究[J]. 土壤通报, 2025, 56(4): 996-1005.]

(责任编辑: 檀满枝)