

青铜峡灌区不同改良措施下盐碱化土壤理化性质及微生物群落的变化特征

潘鑫¹, 周跃辉¹, 张俊华^{1,2,3}, 崔梦柯¹

(1. 宁夏大学生态环境学院, 宁夏 银川 750021; 2. 西北退化生态系统恢复与重建教育部重点实验室, 宁夏 银川 750021; 3. 西部土地退化与生态恢复国家重点实验室培育基地, 宁夏 银川 750021)

摘要: [目的] 分析不同改良措施对宁夏青铜峡灌区盐碱化土壤水盐、有机质、养分及微生物群落的影响, 为该区域盐碱地改良提供重要依据, 进一步促进粮食安全、提升土地资源利用效率和农业可持续发展。[方法] 在宁夏青铜峡灌区开展盐碱地土壤改良田间试验, 设置 9 个试验处理, 主要处理类型包括添加有机无机物料、微生物菌剂以及不同耕作措施。[结果] ①除了 T₉(玉米根系距滴灌带 70 cm 的处理), 其他处理 0—40 cm 土层内土壤含水量均显著增加, 其中 T₅(覆膜)增幅最大, 其表层土壤含水率较对照(不施改良物料+不覆膜+不深翻)增加 35.59%。各处理 0—40 cm 土层内 pH 值和全盐含量普遍下降, 其中 T₃(磷石膏+天然腐殖质+硝基腐殖酸)和 T₅的 pH 值和含盐量降幅最大, pH 值降低 0.27~0.37, 含盐量下降 27.36%~41.82%。②在 0—20 cm 土层中, 除了 T₉, 其他处理土壤有机质和养分较对照显著增加, 有机质、碱解氮、速效磷和速效钾的增幅分别为 3.13%~20.66%, 3.50%~127.50%, 5.05%~115.06% 和 5.06%~105.86%, 其中 T₃处理增幅最显著。③土壤微生物群落的丰富度和多样性显著增加, T₃与 T₅处理显著增加了细菌优势菌属中的 *Microbulbifer* 和 *Pseudomonas* 以及真菌优势菌属中 *Mycena* 的相对丰度。所有处理中细菌的功能基因主要表现为氨基酸代谢、碳水化合物代谢与能量代谢; 主要真菌类型为腐生型、共生型和致病型, T₃与 T₇(深翻+覆膜)土壤中共生型有益菌的丰度较高。[结论] 覆膜结合有机无机物料能显著降低土壤 pH 值和全盐含量, 增加有机质和养分含量, 提高微生物丰富度和多样性, 对青铜峡灌区盐碱地改良效果显著。

关键词: 盐碱地; 改良措施; 水盐变化; 养分; 微生物群落

文献标识码: A

文章编号: 1000-288X(2025)06-0108-13

中图分类号: S513, S156.4

文献参数: 潘鑫, 周跃辉, 张俊华, 等. 青铜峡灌区不同改良措施下盐碱化土壤理化性质及微生物群落的变化特征[J]. 水土保持通报, 2025, 45(6): 108-120. Pan Xin, Zhou Yuehui, Zhang Junhua, et al. Variation characteristics of physicochemical properties and microbial communities of saline-alkali soil under different amendment measures in Qingtongxia irrigation area [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2025, 45(6): 108-120.

DOI: 10.13961/j.cnki.stbctb.2025.06.019

CSTR: 32312.14.stbctb.2025.06.019

Variation characteristics of physicochemical properties and microbial communities of saline-alkali soil under different amendment measures in Qingtongxia irrigation area

Pan Xin¹, Zhou Yuehui¹, Zhang Junhua^{1,2,3}, Cui Mengke¹

(1. College of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021, China; 2. Key Laboratory of Restoration and Rehabilitation of Degraded Ecosystems in Northwestern China of Ministry of Education, Yinchuan, Ningxia 750021, China; 3. Breeding Base for State Key Laboratory of Land Degradation and Ecological Restoration in Northwestern China, Yinchuan, Ningxia 750021, China)

Abstract: [Objective] The effects of different amendment measures on soil water and salt content, organic matter, nutrients, and microbial communities in saline-alkali soil of the Qingtongxia irrigation area in Ningxia Hui

收稿日期: 2025-05-05

修回日期: 2025-08-11

采用日期: 2025-08-11

资助项目: 中国科学院 A 类战略性先导专项课题“盐碱地限域控盐原理与技术”(XDA0440101); 宁夏科技创新领军人才(2022GKLRX02)

第一作者: 潘鑫(2000—), 男(汉族), 重庆市云阳县人, 硕士研究生, 研究方向为盐碱地改良。Email: 3126118936@qq.com。

通信作者: 张俊华(1977—), 女(汉族), 宁夏回族自治区中卫市人, 博士, 研究员, 主要从事土壤信息快速获取、土壤质量提升及微生物资源开发与利用研究。Email: zhangjunhua728@163.com。

Autonomous Region were analyzed, in order to provide scientific support for improving saline-alkali land in this area, thereby further to promote food security, improve land resource use efficiency, and facilitate sustainable agricultural development. [Methods] A field experiment on saline-alkali soil improvement was conducted in the Qingtongxia irrigation area, with nine treatments established. The main treatment types included the addition of organic and inorganic materials, microbial inoculants, and different tillage practices. [Results] ① Except for T₉ (where maize roots were 70 cm from the drip irrigation belt), soil water content in the 0—40 cm soil layer significantly increased under the other treatments. Among these, T₅ (film mulching) showed the greatest increase, with its surface soil water content increasing by 35.59% compared with the control T₁ (no amendment application, no mulching, and no deep ploughing). The pH value and total salt content in the 0—40 cm soil layer generally decreased across all treatments. The greatest reductions were observed in T₃ (phosphogypsum + natural humus + nitrohumic acid) and T₅, with pH value decreasing by 0.27—0.37 and salt content decreasing by 27.36%—41.82%. ② In the 0—20 cm soil layer, all treatments except T₉ significantly increased soil organic matter and nutrients compared to the control. The increases in organic matter, alkali-hydrolyzed nitrogen, available phosphorus, and available potassium were 3.13%—20.66%, 3.50%—127.50%, 5.05%—115.06%, and 5.06%—105.86%, respectively. T₃ showed the most significant increase. ③ The richness and diversity of the soil microbial communities significantly increased. T₃ and T₅ treatments notably increased the relative abundances of dominant bacterial genera *Microbulbifer* and *Pseudomonas*, as well as the dominant fungal genus *Mycena*. In all treatments, bacterial functional genes were mainly associated with amino acid metabolism, carbohydrate metabolism, and energy metabolism. The major fungal types were saprotrophic, symbiotic, and pathogenic. Soil under T₅ and T₇ (deep plowing + film mulching) had a higher abundance of beneficial symbiotic fungi. [Conclusion] The combination of film mulching with organic and inorganic amendments can significantly reduce soil pH value and total salt content, increase organic matter and nutrient content, and enhance microbial richness and diversity, demonstrating significant effectiveness in improving saline-alkali soil in the Qingtongxia irrigation area.

Keywords: saline-alkali soil; amendment measures; water and salt dynamics; nutrients; microbial community

土壤盐碱化是全球性的生态问题,全球范围内约 1.00×10^9 hm² 的土地受到盐碱化影响,导致土地退化严重,农业生产力降低,甚至引发粮食安全问题^[1]。中国盐碱地分布广泛,总面积约为 3.60×10^7 hm²,占全国可利用土地面积的5%。其中,大部分盐碱地为荒地,仅约1/5的面积可耕种,同时仍有约 1.75×10^7 hm² 土地面临潜在的盐碱化威胁^[2],严重影响中国农业生产、粮食安全和生态文明建设。因此,合理利用盐碱地并降低其盐碱化程度已成为当前研究的热点。

目前,盐碱地的治理措施多种多样。水利措施包括“抽咸换淡”“强排强灌”和“以排水为基础,控盐为根本”等^[3]。传统的物理改良有客土、微区改土、深松土壤、秸秆覆盖、水旱轮作以及上农下渔等^[4]。化学治理措施是向盐碱化土壤中施用外源添加物(磷石膏、腐殖酸、泥炭和醋渣等改良剂)实现盐碱地改良^[5]。此外,微生物也在盐碱地治理中发挥重要作用。与传统耕作方式不同,覆膜滴灌能够在不扰动土层的情况下,提高土壤保水性和水分渗透性并抑制盐分表聚。同时,覆膜处理下微生物丰富度指数

与多样性指数均显著高于其他处理^[6],酸杆菌门(Acidobacteriota)和球囊菌门(Glomeromycota)的相对丰度增加^[7]。有机肥的施用不仅能促进作物对养分的吸收、提高土壤肥力,降低土壤的pH值和全盐含量,还能增加土壤含水率并减少化肥的使用^[8-9]。Zhang等^[10]的研究表明,施用有机肥能够提高土壤细菌菌门中放线菌门(Actinobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)的相对丰度,并增加真菌菌门中子囊菌门(Ascomycota)的相对丰度。不同耕作措施和施用有机肥都能够提高土壤微生物群落的丰富度和多样性^[11]。

宁夏引黄灌区耕地面积约 4.00×10^5 hm²。据2023年统计,宁夏引黄灌区30%左右的耕地存在不同程度的盐碱化^[12]。宁夏青铜峡灌区依托黄河引水,拥有几千年的农业种植历史。然而,由于自然环境与人为因素的双重影响,该区域普遍存在土壤盐碱化现象。因此,本研究设置了有机无机物料、微生物菌剂的施用以及不同的耕作措施,以探究不同改良措施对灌区盐碱化土壤理化性质和微生物群落的影响,提出能显著增加土壤含水率,降低土壤pH值和全盐含量,

提升有机质和养分含量,提高盐碱地土壤微生物群落多样性的最佳农艺措施,为盐碱地资源的高效与可持续利用提供理论依据和技术支撑。

1 材料与方 法

1.1 试验区概况

本研究试验地位于宁夏回族自治区吴忠市利

通区扁担沟镇一二六部队试验基地(37°49'35"N, 106°14'50"E)。该区域属温带半干旱气候地带,平均海拔为1 125 m,年平均气温11.2℃,年蒸发量和降水量分别为2 000.0 mm和260.0 mm,降水多集中于7—9月^[13]。该试验基地位于宁夏青铜峡灌区的南部,供试土壤属于中重度盐碱化土壤(表1)。主要种植玉米。

表1 供试土壤的基本理化性质

Table 1 Basic physicochemical properties of tested soil

土壤指标	土层深度/cm					
	0—10	10—20	20—40	40—60	60—80	80—100
含水率/%	8.13±0.18	8.21±0.46	8.34±0.23	9.28±0.65	10.78±0.88	11.34±0.36
pH值	8.19±0.18	8.26±0.12	8.19±0.06	8.32±0.28	8.40±0.17	8.39±0.20
全盐/(g·kg ⁻¹)	4.49±0.13	2.98±0.32	3.60±0.78	2.35±0.98	2.66±0.36	1.93±0.08
有机质/(g·kg ⁻¹)	8.80±0.77	7.93±1.53	7.46±0.88	6.30±0.86	4.85±0.36	4.01±0.29
全氮/(g·kg ⁻¹)	0.42±0.12	0.43±0.15	0.39±0.13	0.30±0.07	0.21±0.04	0.21±0.06
碱解氮/(mg·kg ⁻¹)	53.66±15.94	38.37±13.39	36.72±13.78	23.37±8.28	14.05±4.10	13.66±3.91
有效磷/(mg·kg ⁻¹)	13.97±1.61	14.00±5.33	6.85±2.26	3.28±0.79	2.81±0.73	2.67±0.33
速效钾/(mg·kg ⁻¹)	150.29±20.76	170.54±24.05	104.76±11.02	88.30±19.11	66.76±7.88	59.82±9.42

1.2 试验设计

试验处理包括施用有机无机物料与微生物菌剂和覆膜、深翻等耕作措施,共9个处理(表2)。选用有机肥、磷石膏和腐殖质类改良物料降低土壤pH和盐分含量,同时提升土壤养分含量,微生物菌剂用于探究微生物在盐碱地改良中的作用。在耕作措施方面,探究覆膜、深翻等对土壤理化性质的影响。其中,T₁为对照(不施改良物料、不深翻和不覆膜),T₂

—T₄为施用有机无机物料和微生物菌剂(不深翻和不覆膜),T₅—T₉为不同的耕作措施(不施改良物料)。

正常翻地深度为20 cm,深翻深度为40 cm。T₁—T₇玉米根部距离滴灌带距离为35 cm,T₈和T₉玉米根部距离滴灌带距离分别为10 cm和70 cm。随机区组设计,每个处理重复3次,共27个小区,每个小区面积为60 m²。

表2 试验设计

Table 2 Experimental design

处理编号	处理措施
T ₁	对照CK(不施改良物料、不深翻、不覆膜)
T ₂	15 t/hm ² 有机肥+正常翻地、不覆膜
T ₃	12 t/hm ² 磷石膏+7.5 t/hm ² 腐殖质+1.5 t/hm ² 硝基腐殖酸+正常翻地、不覆膜
T ₄	0.9 t/hm ² 激活液+正常翻地、不覆膜
T ₅	覆膜+正常翻地+不施改良物料
T ₆	深翻+不覆膜+不施改良物料
T ₇	深翻+覆膜+不施改良物料
T ₈	距滴灌带10 cm+正常翻地+不覆膜+不施改良物料
T ₉	距滴灌带70 cm+正常翻地+不覆膜+不施改良物料

试验于2024年4月22日播种,2024年9月8日收获,供试玉米品种为强盛199号。播种前全部试验地施用复合肥(0.6 t/hm²),其中氮(N)、磷(P₂O₅)、钾(K₂O)的配比关系为13:7:2,所有小区化肥施用量相同。各处理相应化肥、有机肥、磷石膏和天然腐殖质

材料等用旋耕机施入0—20 cm土层,深翻处理采用人工翻地。激活液为微生物菌剂,用量为0.9 t/hm²,在玉米拔节期,靠近玉米根部10 cm处开沟深约10 cm,激活液稀释10倍后用喷雾器喷入沟内,然后将土回填。试验地水分管理采用滴灌方式,27个小区

区每次总灌水量 20~30 m³,每个小区每次灌水量保持一致,灌水频率 10~15 d 1次。玉米生长期间的病虫害防治与普通农田相同。

在玉米收获期,从每个小区内随机挑选 5 株能代表该小区玉米长势的植株,将地表的枯枝落叶等杂物清理干净,用土钻在距玉米植株根部 5 cm 处按照以下深度采集土壤:0—10,10—20,20—40,40—60,60—80 和 80—100 cm,共 6 层。将每个小区相同土层的 3 钻土混匀,采用四分法留约 1 kg 土壤装袋,放在有冰袋的保温箱中带回实验室,立即称取适量鲜样进行土壤含水率的测定。随后将一部分土样风干过筛,用于土壤理化指标的测定与分析,另一部分放置于 -80 °C 冰箱,用于微生物测定。

1.3 土壤样品理化指标的测定

采用烘干法测定土壤含水率,酸度计法测定 pH 值(水:土=5:1),电导率仪测定电导率(水:土=5:1),土壤全盐通过电导率计算得到。采用重铬酸钾-外加热法测定土壤有机质,凯氏定氮法测定全氮,碱解扩散法测定碱解氮,碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法测定速效磷,醋酸铵-火焰光度法测定速效钾^[14]。

1.4 土壤 DNA 样品的提取和高通量测序

利用土壤 DNA 提取试剂盒(FastDNA® SPIN Kit, QIAGEN, USA)从 0.5 g 新鲜土样中提取微生物 DNA,采用 PCR 技术扩增细菌 16 S rDNA,细菌鉴定区域序列为 16 S rDNA 基因的 V3-V4 区,前端引物 341 F(5'-CCTAYGGGRBGCASCAG-3'),后端引物 806 R(5'-GGACTACNNGGGTATCTAAT-3')^[15]。采用 PCR 技术扩增真菌的 ITS1-5 F 区,前端引物 1 737 F(5'-GGAAGTAAAAGTCGTACAAGG-3'),后端引物 2 043 R(5'-GCTGCGTCTTCATCGATGC-3')^[1]。扩增后的产物由北京诺禾致源生物科技有限公司通过 Illumina Novaseq 6000 测序平台完成测序。测序完成后,使用 FLASH (Version 1.2.11)对每个样本的 reads 进行拼接,得到的拼接序列为原始 Tags 数据,用 fastp 软件 (Version 0.23.1)对拼接得到的原始 Tags 经过严格的过滤处理,得到高质量的 Tags 数据,随后对得到的有效数据进行物种注释、丰度变化和多样性等分析。

1.5 数据统计与分析

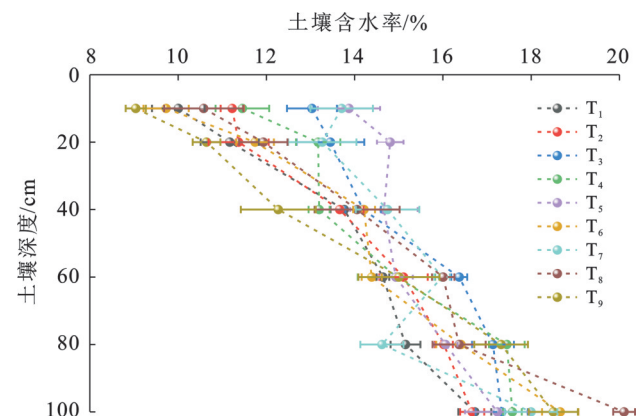
采用 Excel 2021 进行数据整理,运用 Origin 2024 绘制折线图和柱状图,采用 SPSS 26.0 软件进行方差分析,表中所有数据均为 3 次重复的平均值±标准差 (SD),并采用最小显著差数法 (LSD 法)进行多重比较 ($p < 0.05$)。采用 QIIME2 (2019.4),R 语言和 ggplot2 包计算细菌真菌的 OTU 和 Alpha 多样性指

数。PCoA 分析使用 R 语言的 WGCNA, stats 和 ggplot2 软件包。此外,采用诺禾云平台进行细菌真菌物种进化树分析, PICRUSt 和 FunGuild 细菌真菌功能预测等分析。

2 结果与分析

2.1 土壤水分的变化特征

由图 1 可知,随着土层深度的增加,土壤含水率呈增长趋势,深层 (40—100 cm) 土壤中各处理差异不显著 ($p < 0.05$, 下同)。在施用不同有机无机物料和激活液条件下 ($T_2—T_4$), 0—100 cm 土层中含水率表现为 $T_3 > T_4 > T_2 > T_1$, T_3 与对照显著差异。在不同耕作条件下 ($T_5—T_9$) 0—20 cm 土层中, T_5, T_7 土壤含水率与对照显著差异,较对照增加 18.76%~38.65%, T_9 效果最差,较对照降低 4.72%~9.64%, 深层水分含量各处理差异不显著。与不同物料和激活液处理相比,耕作措施中的覆膜处理对土壤水分影响最显著。



注: $T_1—T_9$ 分别为不同试验处理,其含义详见表 1。下同。

图 1 0—100 cm 土壤水分变化特征

Fig.1 Variation in soil water content at 0—100 cm depth

研究结果 (表 3) 表明,不同处理措施与土层对土壤水分的影响达到极显著水平 ($p < 0.01$),土层深度的 F 值均最高, $T_2—T_4$ 中不同处理措施对土壤水分的影响比 $T_5—T_9$ 更显著,在 $T_5—T_9$ 中不同处理与土层之间具有交互效应。

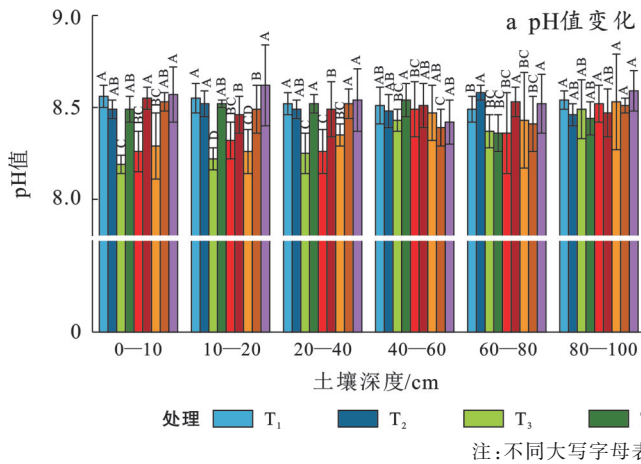
表 3 不同处理与土层及其交互效应对土壤水分的影响
Table 3 Effects of different treatments, soil layers and their interaction on soil water content

因素	$F(T_2—T_4)$	$F(T_5—T_9)$
土层	28.035**	80.321**
处理	21.870**	5.921**
土层×处理	1.350	1.570*

注:① $T_2—T_4$ 施用有机无机物料和微生物菌剂; $T_5—T_9$ 为不同耕作措施。② *和 ** 分别表示达到 $p < 5\%$ 和 $p < 1\%$ 的显著水平。下同。

2.2 土壤 pH 值及盐分变化特征

由图 2a 可知,不同处理(除 T_9 外)在 0—40 cm 土层内土壤 pH 值都呈现降低趋势,各处理中深层土壤的 pH 值比 0—40 cm 土层高,且深层土壤中各处理之间差异不显著。不同有机无机物料和激活液添加条件下, T_3 处理 0—40 cm 土层土壤 pH 值降幅最大,与对照差异显著,较对照降低 0.27~0.37。不同耕作措施下, T_5 处理效果最佳, T_7 次之, T_9 的 pH 值出现增高现象。综合对比,磷石膏+天然腐殖质+硝基腐殖酸



对土壤 pH 值的降低最显著, 0—40 cm 土层土壤 pH 值表现为 $T_3 < T_5 < T_7 < T_2 < T_6 < T_4 < T_8 < T_1 < T_9$ 。

土壤全盐含量变化特征如图 2b 所示。不同有机无机物料和激活液条件下, 0—40 cm 土层 T_3 含盐量降幅最显著, 较对照降低 41.83%~57.55%。不同耕作措施下, 0—100 cm 土层土壤含盐量 T_5 和 T_7 降幅最大, 较对照降低 27.40%~61.10%。从 T_1 — T_9 的含盐量的变化可以看出, 覆膜处理比有机无机物料和激活液处理的效果更显著, T_9 处理效果最差。

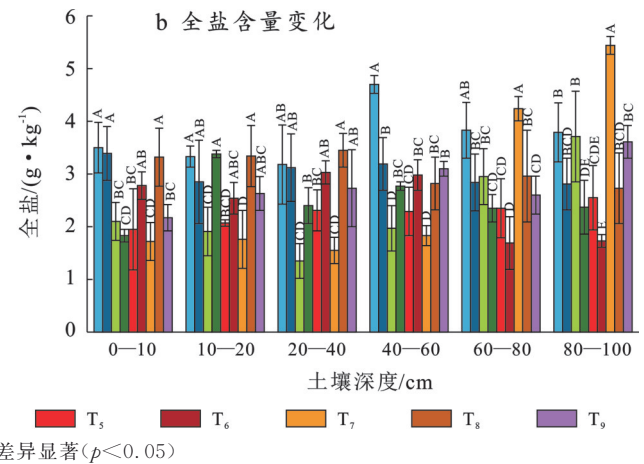


图 2 0—100 cm 土壤 pH 值(a)与土壤全盐含量(b)的变化特征

Fig.2 Variation in soil pH value (a) and total salt content (b) at 0—100 cm depth

表 4 表明,不同处理措施与土层及其交互作用对土壤 pH 值与含盐量的影响均达到显著水平。土层效应对土壤 pH 的影响在 T_5 — T_9 中表现更显著, T_2 — T_4 处理对土壤 pH 的影响更显著 ($F=48.337^{**}$)。处理与土层的交互效应对 pH 的影响在 T_2 — T_9 中都达到极显著水平。不同处理对土壤含盐量的影响均达到极显著水平; T_5 — T_9 中土层因素对土壤含盐量的影响高于 T_2 — T_4 。在 T_2 — T_9 中, 两者的交互效应对土壤含盐量的调控均具有显著性。

表 4 不同处理与土层及其交互效应对土壤 pH 值与土壤含盐量的影响

Table 4 Effects of different treatments, soil layers, and their interaction on soil pH value and soil salt content

因素	pH 值		含盐量	
	$F(T_2-T_4)$	$F(T_5-T_9)$	$F(T_2-T_4)$	$F(T_5-T_9)$
土层	9.944 ^{**}	14.982 ^{**}	3.797 [*]	6.222 ^{**}
处理	48.337 ^{**}	8.181 ^{**}	30.991 ^{**}	14.137 ^{**}
土层×处理	2.974 ^{**}	2.529 ^{**}	3.673 [*]	12.460 ^{**}

2.3 土壤有机质与土壤养分的变化特征

从表 5 和表 6 可以看出, 耕层(0—20 cm)土壤有机质和养分含量最高, 并随土层深度增加而逐渐降低。0—40 cm 土层内土壤有机质表现为: $T_2 > T_3 >$

$T_7 > T_5 > T_4 > T_6 > T_8 > T_1 > T_9$ 。其中 T_2 较对照增加 0.37%~20.66%, T_9 较对照降低 10.22%~14.27%。0—40 cm 土层中, T_3 处理对土壤碱解氮、速效磷和速效钾含量影响最显著, 分别较对照增加 90.56%~127.50%, 56.19%~115.06% 和 96.98%~105.86%。 T_9 效果最差。与对照相比, T_2 的土壤有机质和 T_3 的土壤速效养分增幅最显著, 而 T_8 和 T_9 处理效果较差。

不同处理与土层(0—40 cm)及其交互效应对土壤有机质及土壤养分的影响如表 7 所示。可以看出, 无论是不同土层或者不同处理对土壤有机质与土壤养分都有极显著影响, 其中施用有机无机物料和激活液对土壤养分的提升显著, 两者的交互作用也对土壤养分有影响。

2.4 土壤微生物群落的变化特征

2.4.1 不同处理对盐碱土壤微生物多样性的影响

对不同样本在 97% 一致性阈值下的 Simpson 指数、Shannon 指数和 OTU 进行统计分析(表 8)。结果表明, 在不同有机无机物料和激活液条件下, T_3 对细菌的 OTU 数和 Shannon 指数影响显著, Simpson 指数在各处理之间无显著差异; T_3 对真菌的 OTU 数、Simpson 指数和 Shannon 指数均有显著影响。不同耕作措施下细菌的 OTU 数和 Shannon 指数与对照呈现

显著差异, 其中 T₅, T₇ 对细菌的 OTU 数和 Shannon 的 Simpson 指数和 Shannon 指数影响较大, 与对照差异影响最大, T₉ 与对照差异不显著; T₅ 和 T₇ 对真菌

表 5 不同处理对土壤有机质和碱解氮含量的影响

Table 5 Effects of different treatments on soil organic matter and alkali-hydrolyzed nitrogen

处理	有机质含量/(g · kg ⁻¹)			碱解氮含量/(mg · kg ⁻¹)		
	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm
T ₁	8.81±0.19 ^{Ca}	7.99±0.71 ^{Da}	8.06±0.66 ^{Ba}	10.61±0.23 ^{Cc}	13.13±1.09 ^{CDa}	9.65±0.22 ^{Eb}
T ₂	10.63±0.52 ^{Aa}	8.95±0.35 ^{ABb}	8.09±0.23 ^{Bb}	15.54±0.34 ^{Bb}	13.74±0.43 ^{CDa}	11.58±0.86 ^{Ca}
T ₃	10.21±0.38 ^{Aa}	9.61±0.32 ^{Aa}	9.52±0.39 ^{Aa}	24.12±1.39 ^{Aa}	25.03±1.32 ^{Aa}	19.86±0.89 ^{Ab}
T ₄	9.82±0.39 ^{ABa}	8.24±0.38 ^{BCb}	8.63±0.33 ^{Ba}	12.67±0.78 ^{BCc}	15.17±0.18 ^{Ca}	14.22±0.81 ^{Bb}
T ₅	9.14±0.63 ^{Ba}	8.62±0.46 ^{BCa}	7.71±0.18 ^{Cb}	16.07±1.4 ^{Ba}	15.13±1.69 ^{Cb}	12.98±0.75 ^{BCb}
T ₆	8.86±0.41 ^{Ca}	7.88±0.86 ^{Da}	7.76±0.18 ^{Ca}	10.62±0.91 ^{Ca}	13.32±0.74 ^{CDa}	9.32±0.64 ^{Ea}
T ₇	9.43±0.86 ^{Ba}	8.39±0.79 ^{BCb}	7.92±0.36 ^{BCc}	17.26±0.76 ^{Ba}	17.96±1.39 ^{Ba}	11.02±0.7 ^{CDb}
T ₈	8.90±0.77 ^{Ca}	7.66±0.08 ^{Db}	6.95±0.85 ^{Cc}	10.98±0.61 ^{Cb}	13.67±1.02 ^{CDa}	9.88±0.71 ^{Eb}
T ₉	7.91±0.95 ^{Da}	6.97±0.81 ^{DEb}	6.91±1.15 ^{CDb}	9.24±0.36 ^{Dc}	9.77±0.94 ^{EFb}	6.04±1.71 ^{Fa}

注: 大写字母表示相同土层不同处理之间的差异, 小写字母表示相同处理不同土层之间的差异, 不同大小写字母表示差异显著 ($p < 0.05$)。下同。

表 6 不同处理对土壤速效磷和速效钾含量的影响

Table 6 Effects of different treatments on soil available phosphorus and available potassium

处理	速效磷含量/(mg · kg ⁻¹)			速效钾含量/(mg · kg ⁻¹)		
	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm	0—10 cm	10—20 cm	20—40 cm
T ₁	16.32±0.78 ^{Ba}	14.81±0.16 ^{Cb}	8.83±0.32 ^{Cc}	109.60±3.7 ^{DEab}	110.11±6.2 ^{Da}	99.68±5.7 ^{Db}
T ₂	17.15±0.47 ^{Bc}	16.41±0.93 ^{Bb}	14.45±0.93 ^{Ba}	137.13±3.4 ^{Bb}	164.45±8.8 ^{Bb}	127.46±8.5 ^{Ba}
T ₃	25.49±0.84 ^{Ab}	31.86±0.53 ^{Aa}	17.09±1.98 ^{Ac}	225.60±1.4 ^{Aa}	216.94±8 ^{Aa}	203.81±5.2 ^{Ab}
T ₄	16.16±0.84 ^{Cb}	15.06±0.36 ^{Cb}	11.12±0.24 ^{Ba}	111.95±14.7 ^{DEb}	111.66±5.2 ^{Dc}	109.28±5 ^{Ca}
T ₅	20.32±0.45 ^{Ab}	17.44±0.22 ^{Ba}	114.80±0.74 ^{Ac}	127.32±7.2 ^{BCc}	131.36±8.7 ^{Cb}	114.87±1.9 ^{Ca}
T ₆	16.94±0.29 ^{Ba}	14.88±0.7 ^{Cb}	9.36±0.25 ^{Cc}	117.21±7.3 ^{CDEa}	115.78±1.8 ^{Da}	113.98±5.3 ^{Cb}
T ₇	21.65±0.51 ^{Ab}	19.84±0.21 ^{Ba}	14.60±0.83 ^{Bb}	125.63±2 ^{BCD}	137.39±6.3 ^{Cab}	118.55±4.9 ^{BCa}
T ₈	16.07±1.19 ^{Bb}	14.97±0.94 ^{Cb}	9.56±1.06 ^{Ca}	113.77±2.3 ^{CDEb}	112.98±11.9 ^{Db}	111.66±1.8 ^{CDa}
T ₉	12.21±1.27 ^{Ca}	11.01±0.63 ^{Cab}	8.88±0.64 ^{Cb}	110.95±9 ^{DEa}	118.61±7 ^{Db}	110.47±5.9 ^{CDb}

表 7 不同处理与土层及其交互效应对土壤有机质和速效养分的影响

Table 7 Effects of different treatments, soil layers and their interaction on soil organic matter and available nutrients

因素	有机质		碱解氮	
	F(T ₂ -T ₄)	F(T ₅ -T ₉)	F(T ₂ -T ₄)	F(T ₅ -T ₉)
土层	11.665**	16.891**	51.137**	11.065**
处理	51.515**	30.468**	587.398**	140.666**
土层×处理	2.007	11.508**	36.449**	27.309**

因素	速效磷		速效钾	
	F(T ₂ -T ₄)	F(T ₅ -T ₉)	F(T ₂ -T ₄)	F(T ₅ -T ₉)
土层	41.952**	11.790**	49.006**	63.648**
处理	211.615**	56.245**	783.131**	39.462**
土层×处理	80.865**	28.538**	243.924**	26.404**

2.4.2 不同处理对盐碱土壤微生物群落组成的影响
高通量测序结果表明, 在不同改良措施下细菌

门水平上主要细菌群落为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota)(图 3a)。与对照相比, 在有机无机物料添加下, T₂ 中变形菌门的相对丰度增加 11.66%, 而芽单胞菌门减少 13.09%; T₃ 中放线菌门和拟杆菌门的相对丰度分别增加 9.86% 和 39.45%, 而芽单胞菌门减少 12.14%, T₄ 中放线菌门和酸杆菌门的相对丰度分别增加 30.73% 和 24.06%。在不同耕作措施下, T₅ 中变形菌门和拟杆菌门的相对丰度较对照分别增加 17.19% 和 50.43%, 而芽单胞菌门和绿弯菌门分别减少 20.10% 和 25.35%。

不同处理排名前列的真菌门依次为子囊菌门(Ascomycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、担子菌门(Basidiomycota) 和 罗 兹 菌 门 (Rozellomycota) (图 3b)。有机无机物料添加下, T₃ 中子囊菌门和罗兹菌门的相对丰度较对照分别减少 57.60% 和 47.79%, 而

担子菌门和 Aphelidiomycota 分别增加 210.09% 和 331.82%，T₄ 中壶菌门的相对丰度较对照增加 391.69%，而子囊菌门减少 32.91%。在不同耕作措

施下，T₅ 中子囊菌门、罗兹菌门和 Aphelidiomycota 门的相对丰度较对照分别减少 20.17%，99.04% 和 79.68%，而壶菌门增加 63.92%。

表 8 不同处理对土壤细菌和土壤真菌的 OTU 和 Alpha 多样性指数的影响

Table 8 Effects of different treatments on soil bacterial and fungal OTU and alpha diversity indices

处理	细菌			真菌		
	OTU 数/个	Simpson 指数	Shannon 指数	OTU 数/个	Simpson 指数	Shannon 指数
T ₁	1 092.66±86.04 ^{EF}	0.992±0.004 ^A	9.33±0.29 ^C	387.00±33.95 ^{DE}	0.856±0.071 ^C	4.09±0.11 ^E
T ₂	1 424.00±56.08 ^B	0.996±0.002 ^A	10.07±0.24 ^{ABC}	542.66±4.78 ^{BC}	0.912±0.051 ^{ABC}	5.40±0.36 ^{BCD}
T ₃	1 610.33±43.39 ^A	0.997±0.001 ^A	10.40±0.31 ^A	659.66±30.16 ^A	0.993±0.002 ^A	6.58±0.12 ^A
T ₄	1 122.33±40.59 ^{DE}	0.996±0.003 ^A	9.83±0.49 ^{ABC}	512.00±15.93 ^{CD}	0.904±0.048 ^{ABC}	4.90±0.66 ^{CDE}
T ₅	1 300.33±47.31 ^B	0.996±0.003 ^A	10.29±0.47 ^{AB}	615.33±74.38 ^{AB}	0.964±0.002 ^{AB}	6.18±0.87 ^{AB}
T ₆	1 090.00±134.50 ^{EF}	0.995±0.002 ^A	9.51±0.27 ^{BC}	474.00±18.83 ^{CD}	0.88±0.013 ^{BC}	4.41±0.2 ^{DE}
T ₇	1 279.66±67.53 ^{BCD}	0.997±0.000 ^A	9.88±0.12 ^{ABC}	609.66±43.66 ^{AB}	0.939±0.04 ^{ABC}	5.69±0.63 ^{ABC}
T ₈	1 139.33±41.68 ^{CDE}	0.996±0.002 ^A	9.78±0.25 ^{ABC}	483.00±46.56 ^{CD}	0.907±0.002 ^{ABC}	5.18±0.07 ^{BCDE}
T ₉	933.33±39.13 ^F	0.995±0.002 ^A	9.56±0.28 ^{BC}	427.33±18.37 ^D	0.873±0.046 ^{BC}	4.57±0.20 ^{CDE}

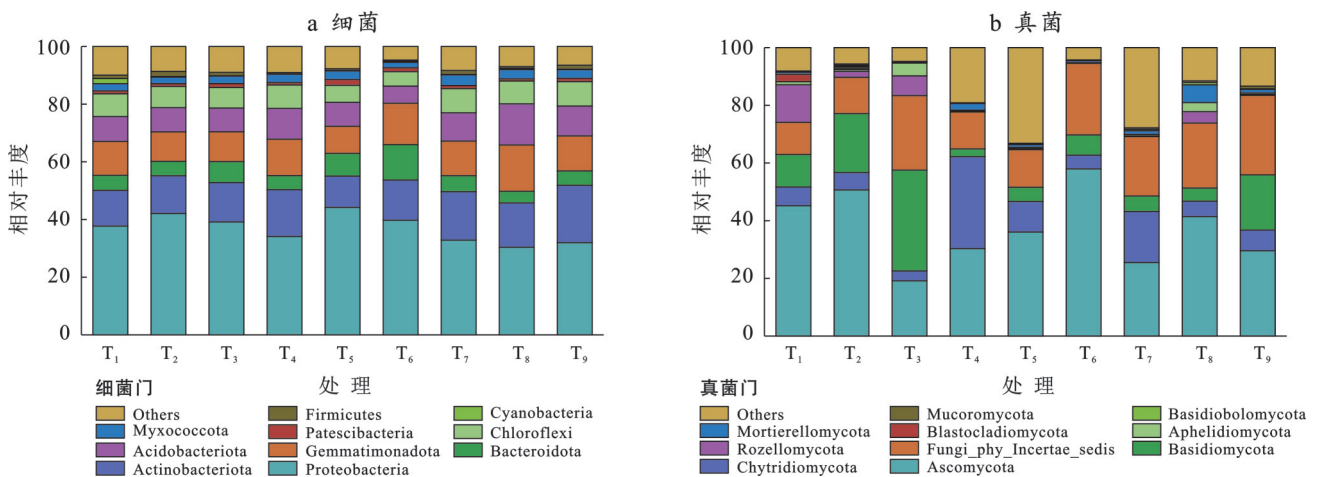


图 3 不同处理土壤细菌 (a) 和真菌 (b) 门水平的相对丰度

Fig.3 Relative abundance of soil bacterial (a) and fungal (b) phyla under different treatments

属水平上，不同处理细菌群落主要是微泡菌属 (*Microbulbifer*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、泛菌属 (*Pantoea*) 和鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 等 (图 4a)。T₃ 中微泡菌属、泛菌属和 *Pontibacter* 的相对丰度较对照分别增加 85.68%，16.71% 和 82.08%。T₄ 中假单胞菌属和鞘氨醇单胞菌属的相对丰度与对照相比分别增加 28.10% 和 64.06%，T₅ 中微泡菌属和假单胞菌属的相对丰度较对照分别增加 144.21% 和 25.52%，而 *Subgroup_10* 的相对丰度减少 47.99%。

在不同处理中，主要的真菌属按相对丰度大小依次为 *Rhizophydiales_gen_Incertae_sedis*、*Helotiales_gen_Incertae_sedis*、*Fungi_gen_Incertae_sedis*、小菇属 (*Mycena*) 等 (图 4b)。与对照相比，T₂ 中 *Rhizophy-*

diales_gen_Incertae_sedis、柄孢壳属 (*Podospora*) 和 *Rozellomycota_gen_Incertae_sedis* 的相对丰度分别减少 17.90%，53.24% 和 84.16%，*Helotiales_gen_Incertae_sedis* 和小菇属的相对丰度分别增加 327.04% 和 95.30%。T₃ 中 *Rhizophydiales_gen_Incertae_sedis*、*Helotiales_gen_Incertae_sedis*、柄孢壳属和 *Rozellomycota_gen_Incertae_sedis* 的相对丰度较对照分别减少 69.10%，56.85%，76.06% 和 47.71%，而 *Fungi_gen_Incertae_sedis* 和小菇属分别增加 130.69% 和 306.01%。T₅ 中小菇属、柄孢壳属和 *Rozellomycota_gen_Incertae_sedis* 的相对丰度分别较对照减少 70.75%，79.52% 和 89.09%，而 *Helotiales_gen_Incertae_sedis* 和 *Fungi_gen_Incertae_sedis* 分别较对照增加 153.26% 和 16.84%。

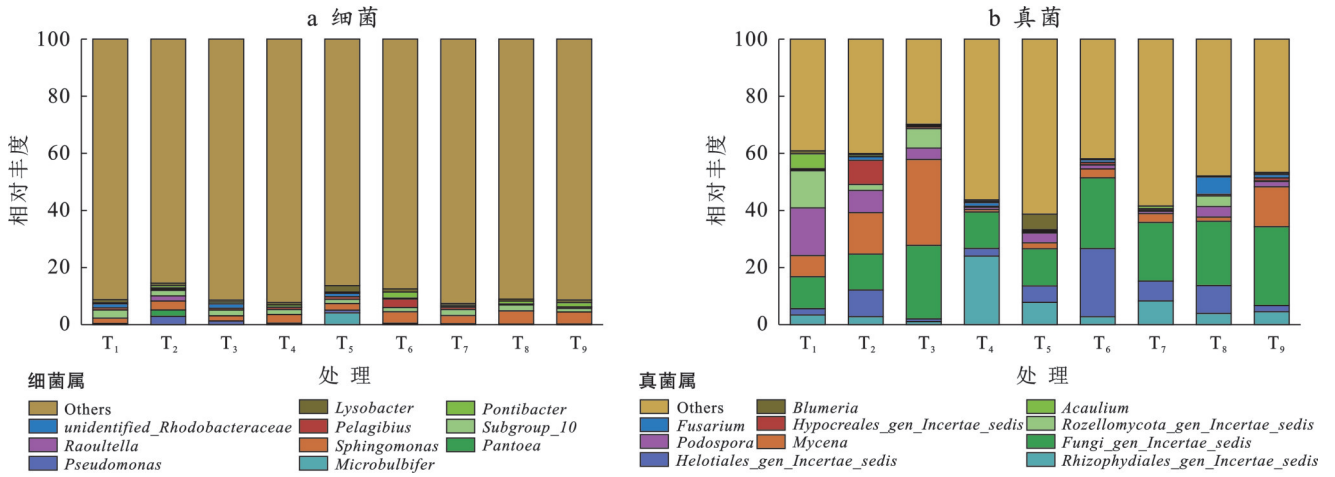


图 4 不同处理土壤细菌(a)和真菌(b)属水平的相对丰度

Fig.4 Relative abundance of soil bacterial (a) and fungal (b) genera under different treatments

2.4.3 不同处理对盐碱土壤微生物群落物种差异的影响

细菌属水平系统进化树如图 5a 所示。最内圈为不同物种的系统发生树,第 2 圈为 OTU 的名称,这些名称的背景颜色代表相关物种在所有处理中的平均相对丰度。

从图 5a 中可以看出,隶属于变形菌门、放线菌门和拟杆菌门的细菌属占比最大。从丰度环上可以看出,泛菌属、鞘氨醇单胞菌属、假单胞菌属、MND1, *Lysobacter* 和 *Subgroup_10* 的相对丰度较高,其中 T₂

中假单胞菌属、泛菌属的相对丰度高于对照,与对照相比, T₃ 中霍氏菌属 (*Hahella*) 和 T₅ 中微泡菌属的相对丰度更高。

从真菌属水平系统发生树(图 5b)中可以看出,隶属于子囊菌门、担子菌门和壶菌门的真菌属占比最大。从丰度环上可以看出, *Fungi_gen_Incertae_sedis*、小菇属、*Helotiales_gen_Incertae_sedis*、*Rhizophydiales_gen_Incertae_sedis* 和柄孢壳属的相对丰度较高,与对照相比, T₃ 中小菇属和 T₅ 中 *Helotiales_gen_Incertae_sedis* 的相对丰度更高,这与上述的研究结果相似。

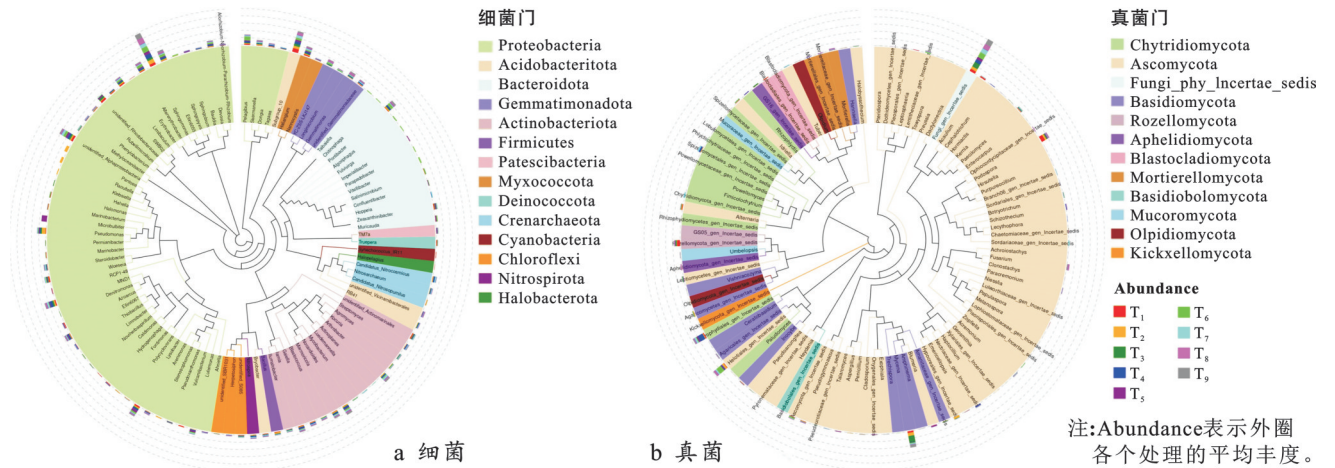


图 5 细菌的系统进化树和真菌的系统进化树
Fig.5 Bacterial and fungal phylogenetic trees

主坐标分析(PCoA)用于研究不同盐碱地之间微生物群落结构的相似性,土壤细菌的 PCoA 结果显示(图 6a), PC₁ 与 PC₂ 累积解释 46.97% 的细菌群落结构差异。T₂ 在 PC₁ 轴偏离 T₁, 向正方向延伸, 说明有机肥的输入改变了群落组成。T₄ 在 PC₁ 轴和 PC₂ 轴正向分布, 与 T₁ 分布较远, 说明 T₄ 与对照的细菌群落差异较大。T₆ 与 T₇ 均采用深翻 40 cm, 相较于 T₅ 的正常翻地 20 cm, T₆ 在 PC₁ 轴上分离, T₅ 的分布与

T₆, T₇ 均存在距离, 说明 T₅ 的细菌群落与 T₆ 和 T₇ 差异较大。土壤真菌的 PCoA 结果显示(图 6b), PC₁ 和 PC₂ 累积解释 33.62% 的真菌群落差异。T₂ 与 T₁ 在 PC₁ 轴附近聚集, 说明常规有机肥处理未导致真菌群落结构发生较大改变。T₃ 与 T₁ 分布分散, 表明 T₃ 的真菌群落结构与 T₁ 不同; T₄ 与 T₁ 分布相对聚集, 说明 T₄ 的真菌群落结构与对照差异较小; T₅ 和 T₇ 分布集中, 说明两者群落结构相似。

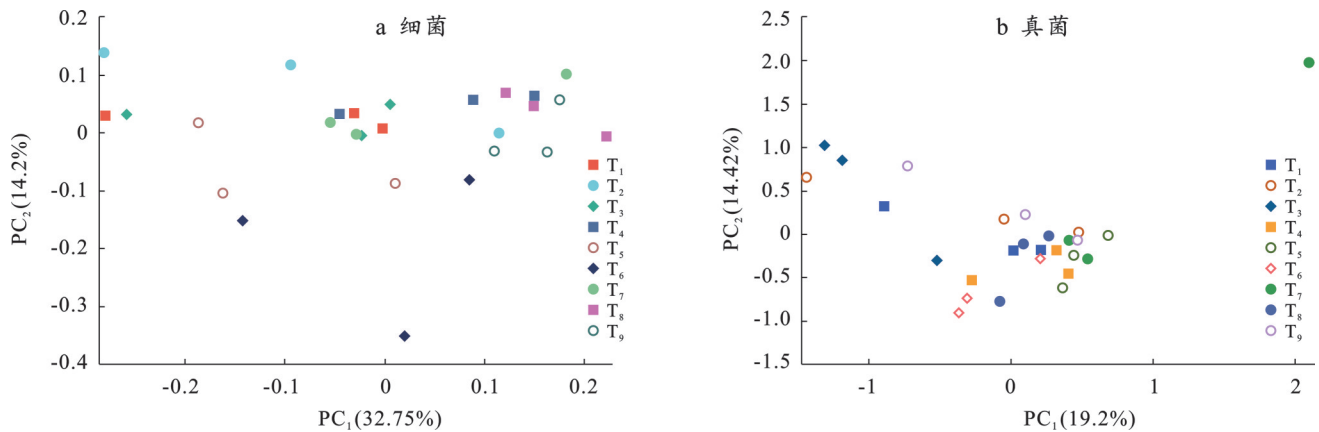


图 6 不同小区土壤中细菌(a)与真菌(b)的主坐标分析

Fig.6 Principal coordinate analysis of soil bacterial (a) and fungal (b) communities across different plots

2.5 土壤微生物功能预测分析

利用 PICRUST (Phylogenetic Investigation of Communities by Reconstruction of Unobserved States)对细菌 16 S测序数据基于KEGG数据库进行功能预测,从3个层级进行分类。土壤细菌菌群丰度前10的基因均属于4个第1层级和6个第2层级(图7a, 7b),其中涉及Metabolism的基因丰度最高(50.66%~52.01%), T_2 的Amino Acid Metabolism和Energy Metabolism的基因丰度低于对照,而 T_3 中Energy Metabolism的基因丰度高于对照,表明 T_3 中微生物的能量代谢较高。与对照相比, T_7 中的Amino Acid Metabolism和Carbohydrate Metabolism的基因丰度更高,表明 T_7 中微生物可能在进行能量获取和生物合成,其次是与Genetic Information Processing (15.94%~16.25%)和Environmental Information Processing (12.75%~13.77%)相关的基因,如Replication and Repair和Membrane Transport等。在Level 3水平上,土壤菌群中丰度前10的基因和Metabolism相关的涉及Peptidases和Purine metabolism,两者的基因丰度在各处理中差异较小;与Genetic Information Processing相关的基因包括Ribosome和DNA repair and recombination proteins,与对照相比,两者在 T_7 中的基因丰度更高,这些过程说明微生物的生长繁殖可能较频繁;与Environmental Information Processing相关的基因包括Transporters, ABC transporters和Two component system。 T_2 中三者的基因丰度高于对照, T_5 中Two component system的基因丰度高于对照,说明 T_2 和 T_5 的微生物对环境适应能力较强(图7c)。

基于真菌物种分类,利用FunGuild对土壤真菌的生态功能进行Guild预测,选取注释结果中丰度信息排名前20的功能信息绘制聚类热图(图8)。从图8中可以观察到土壤中各个处理真菌群落功能的

差异性。 T_2 中Animal Pathogen-Endophyte-Plant Pathogen-Wood Saprotroph的丰度与 T_1 相似;与对照相比, T_4 中的Endophyte和Fungal Parasite的丰度更高; T_5 中的Plant Pathogen高于其他处理; T_5 和 T_7 中的Ectomycorrhizal高于对照,Ectomycorrhizal为外生菌根真菌,此类真菌为共生营养型。总体上, T_1 和 T_2 土壤中主要以腐生营养型为主, T_4 土壤中主要与共生型和寄生型真菌为主, T_5 土壤真菌主要与植物致病型相关, T_5 和 T_7 中的Ectomycorrhizal为外生菌根真菌,此类真菌为共生营养型。此外,各个处理中腐生菌群(Saprotroph)的比例显著高于其他类型的生态功能群。

3 讨论

3.1 不同处理对土壤水、盐及pH值的影响

土壤pH值和全盐含量是导致土壤质量下降的关键因素。在盐碱地环境中,高浓度盐离子不仅降低土壤水势,引起植株生理性缺水,还会因离子毒害而引发细胞膜损伤、代谢紊乱、营养缺乏以及有毒物质的积累;而在高pH值条件下,植物易发生盐碱烧伤,严重时甚至无法生长,从而加剧离子毒害和渗透胁迫效应。本研究通过添加不同的有机无机物料、微生物菌剂和耕作措施,对土壤水盐及pH值进行调控。结果表明,在施用有机无机物料后,土壤的保水性增强,0—40 cm土层内土壤盐分和pH值下降,其中磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸的改良效果最佳,这是由于该处理中磷石膏属于钙质改良剂,能够为土壤提供充足的 Ca^{2+} ,置换掉盐碱土中的交换性 Na^+ ,改善土壤胶体性质,并与 HCO_3^- , CO_3^{2-} 离子结合形成 $CaCO_3$ 沉淀,从而有效降低土壤pH值和全盐含量^[16],该结论与Kim等^[17]研究中脱硫石膏和秸秆堆肥对盐碱土壤pH值和全盐含量降低的结论一致。覆膜能使表层土壤的保水性显著增加,这是由于覆膜通过增强土壤含水率,

减少土壤毛细管作用,从而降低盐分因水分蒸发而迁移至表层的可能性,同时实现土壤 pH 值和盐分含量的降低,与杨赵昱等^[18]利用薄膜处理使膜内 0—40 cm 土层盐分积累明显减少,有效抑制 0—20 cm 土层土壤的盐分积累具有相似效果,且能有效保墒抑蒸。

3.2 不同处理对土壤有机质与养分的影响

盐碱化土壤通常盐碱程度高、养分含量低,因此土壤肥力质量提升对盐碱地改良至关重要。有机质含量是衡量土壤肥力的重要指标,也是盐碱化土壤可持续利用的关键保障。有机无机物料通过直接增加或促进营养元素有效化来改善土壤性质,进而提高土壤养分含量^[19]。本研究结果表明,在不同有机无机物料处理下,与对照相比,有机肥和磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸能够显著提高盐碱化土壤的有机质含量(11.39%~20.66%)。

土壤中的碱解氮、速效磷和速效钾是植物可直接吸收的养分。本研究表明,在不同有机无机物料的作用下,土壤耕层的养分显著提高,其中磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸效果最显著。其原因可能在于,磷石膏和硝基腐殖酸的添加为盐碱土壤提供了丰富的多价阳离子 Ca^{2+} 和有机质, Ca^{2+} 促进土壤团聚,增强了有机质的保护作用,从而促进有机质的积累^[20]。同时,有机质作为氮、磷等营养元素的重要来源,能够吸附阳离子,增强土壤的保肥能力和缓冲性^[21]。在耕作措施方面,不同处理下土壤养分也得到提升,尤其是覆膜处理,显著提高了土壤耕层的速效养分含量,其原因可能是覆膜降低了 NH_3 , N_2O , NO , NO_2 , PO_4^{3-} , K^+ 等氮磷钾元素的流失,同时有利于微生物对速效养分的转化与释放^[22]。

3.3 不同处理对土壤微生物的影响

本研究发现,随着有机无机物料和激活液的施用,土壤微生物群落的丰富度和多样性均有所增加,磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸处理细菌和真菌的 OTU 数、Shannon 指数均居首位,这是由于不同的有机无机物料改变土壤环境,进而影响土壤微生物的生存条件和群落结构。研究发现,施用有机肥能够提高根际土壤微生物的群落丰富度和多样性^[23]。Yao 等^[24]指出,耕作措施改变了盐碱地微生物的群落结构,本研究也发现翻地深度对微生物群落结构影响较大。土壤真菌的群落丰富度和多样性高于细菌群落,这是因为真菌比细菌对盐分的耐受能力更低,土壤全盐含量下降,使得土壤中真菌对盐度变化的敏感性降低,从而真菌的群落丰富度和多样性均有所提高。

假单胞菌属对多种植物病原菌具有较强的拮抗作用,能促进玉米幼苗的生长^[25];鞘氨醇单胞菌属分泌表面活性素,促进其他有益菌(如假单胞菌)定殖,降解有机污染物(如多环芳烃、农药),改善土壤环境。微泡菌属可以降解多糖(如琼胶、褐藻胶),促进土壤碳循环和有机质分解,增强根际微生物活性,

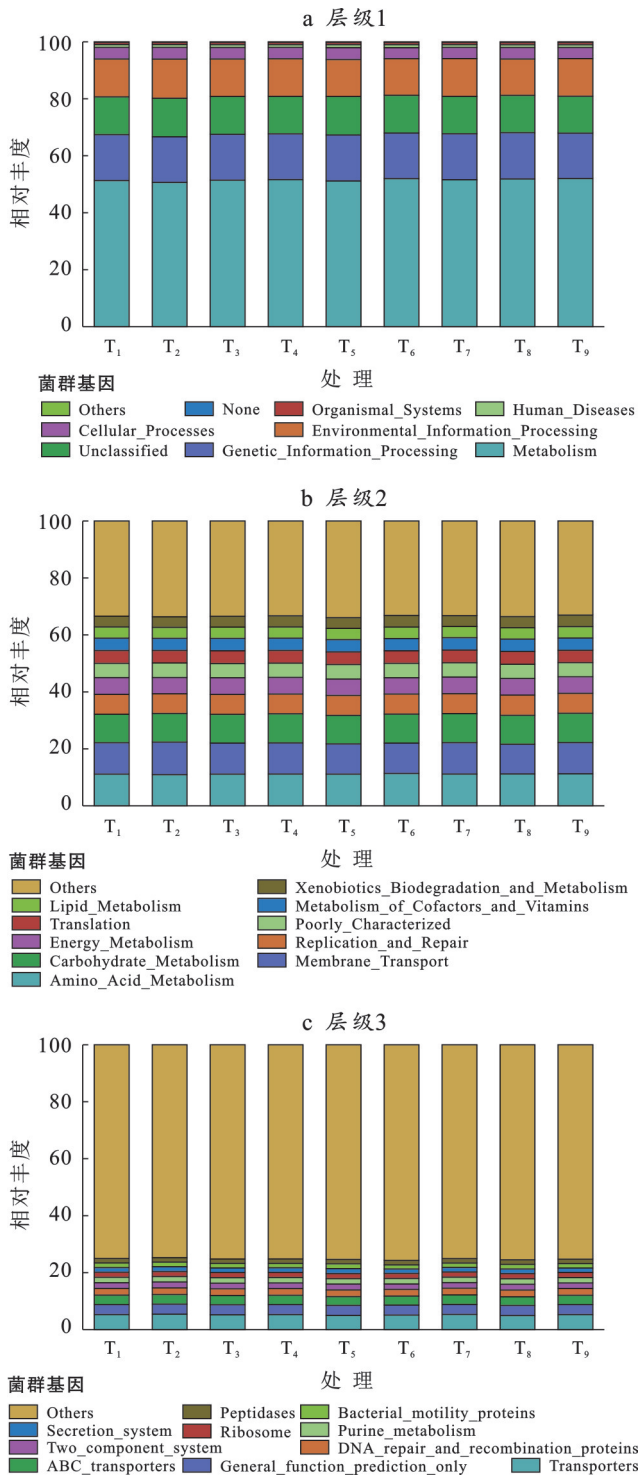


图 7 细菌 KEGG pathway 注释的层级 1(a)、层级 2(b) 和层级 3(c) 水平上细菌菌群基因的相对丰度

Fig.7 Relative abundance of bacterial community genes annotated by KEGG pathway at level 1 (a), level 2 (b) and level 3 (c)

间接改善养分吸收^[26]。本研究中,磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸处理中微孢菌属与泛菌属以及覆膜处理中微孢菌属、假单胞菌属和鞘氨醇单胞菌属的丰度增加,说明磷石膏、腐殖质和硝基腐殖酸的施用和覆膜处理可能刺激了这些微生物的生长并促进了它们的增殖。在真菌菌门中,子囊菌门的真菌是广泛分布的土壤有机物分解者。担子菌门真菌可以分

解木质纤维素并与植物形成共生关系,特别是菌根真菌,通过菌丝网络提高植物对养分的吸收效率,同时木腐菌通过分解木质素等复杂有机质,增加土壤有机质含量^[27]。本研究发现,磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸的施用,提高了担子菌门的相对丰度,这种变化可能源于土壤中有有机物的积累和参与其分解的微生物活性的增强。

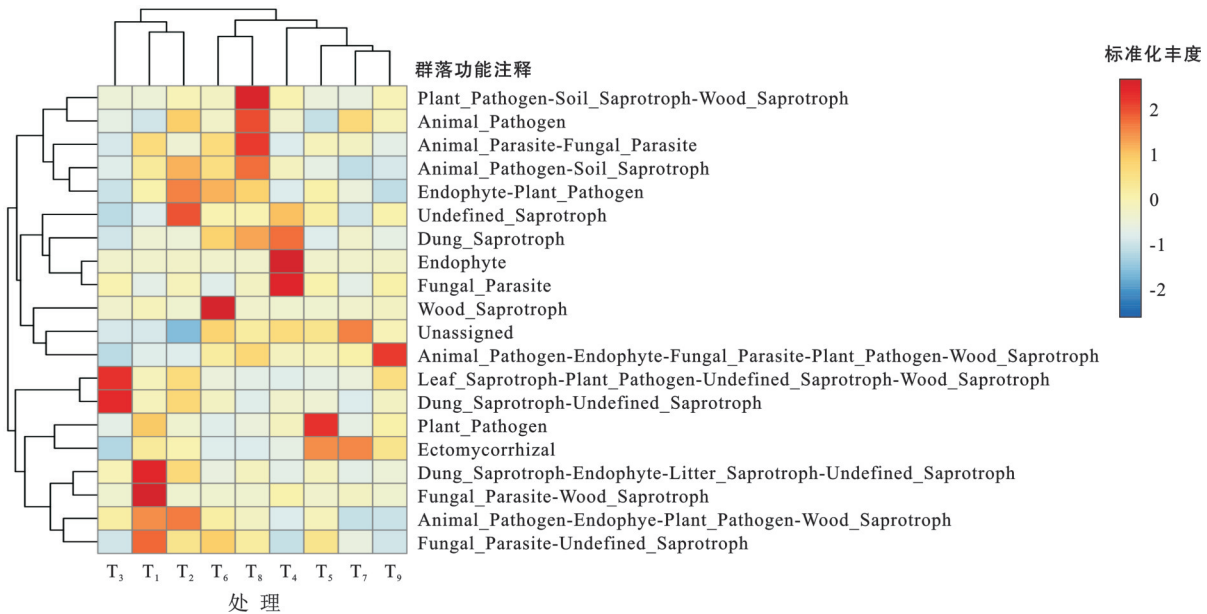


图 8 土壤真菌群落功能预测注释聚类热图

Fig.8 Clustered heatmap of functional prediction annotations for soil fungal communities

3.4 土壤中微生物功能预测分析

对土壤中细菌菌群基因的 KEGG pathway 注释分析结果表明,预测功能集中为氨基酸代谢、碳水化合物代谢与能量代谢相关的基因,其他还有 Membrane Transport 和 Replication and Repair 等。在施用磷石膏、腐殖质和硝基腐殖酸后,与能量代谢相关的基因丰度较对照提高,这可能与细菌分解土壤中的枯枝落叶、动植物残骸和腐殖质等物质来摄取营养有关^[28],覆膜处理中氨基酸代谢、碳水化合物代谢类的基因丰度较高,表明这些化合物的生物转化效率较高。从 PICRUS1 获得的结果表明,磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸处理和覆膜处理可促进氨基酸代谢、碳水化合物代谢与能量代谢相关的基因的丰富度,对土壤细菌群落有益,但整体上不同处理中细菌的差异不显著,说明土壤细菌代谢功能的空间异质性较小。而真菌的生态功能预测中发现主要的真菌类型为腐生型、共生型与致病型,致病型和腐生型两大营养类型分别通过损害宿主细胞和降解死亡的宿主细胞等有机物质来获取营养。T₁和有机肥处理土壤中存在较多与腐生型和致病型的真菌,腐生真

菌群落参与各种有机物的分解,改善土壤肥力,而覆膜处理中共生型真菌的丰度较高,该类型部分真菌的菌丝在植物幼根表面形成致密的鞘状结构,替代根毛功能,扩大吸收面积,向外延伸的菌丝可深入土壤,帮助宿主吸收水分、氮、磷等^[29]。此外,相同功能在不同组间热图颜色的变化说明不同处理的样品虽然具有相同的功能,但是由于不同组样品中所含有的微生物种类和数量不同,也导致了不同处理组之间的差异,反映了土壤真菌功能类群在不同组样品中存在空间异质性。

4 结论

(1) 磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸能显著降低土壤盐分和 pH 值,效果最佳。覆膜处理对 0—40 cm 土层的含水率影响最显著。磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸的施用有助于改善盐碱土壤环境,而覆膜措施则更有利于保持土壤水分,二者均能有效调节土壤水盐,改善土壤环境。

(2) 有机肥显著提升土壤有机质含量,磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸显著促进速效养分释放;覆膜

处理显著提高了0—20 cm土层碱解氮、速效磷与速效钾含量,玉米根系距滴灌带70 cm效果最差。

(3) 磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸和覆膜提高了微生物的多样性和丰富度。细菌群落中变形菌门、放线菌门和拟杆菌门及真菌群落中担子菌门、壶菌门的相对丰度增加,而酸杆菌门、绿弯菌门及子囊菌门的相对丰度则降低。

(4) 土壤细菌群落主要参与氨基酸代谢、碳水化合物代谢与能量代谢,但不同处理间细菌功能差异不显著。真菌的功能类群主要为腐生型、共生型与致病型,覆膜处理中共生型真菌的丰度较高,该类真菌有利于玉米的生长发育,同时真菌功能类群在不同处理中具有空间异质性。

(5) 不同改良措施中,磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸能显著降低土壤盐分和pH值,提升土壤地力,而覆膜能增强土壤保水性,防止盐分表聚和养分流失,同时两者对微生物群落多样性影响显著。因而覆膜结合磷石膏+腐殖质+硝基腐殖酸可作为一种农艺措施在青铜峡灌区及同类型地区盐碱地应用。

参考文献(References)

- [1] 李子森,周童晖,苏德伟,等.巨菌草对宁夏中度盐碱地土壤酶活性、微生物群落结构和功能多样性的影响[J].福建农林大学学报(自然科学版),2025,54(1):125-134. Li Zisen, Zhou Tonghui, Su Dewei, et al. Effect of *Cenchrus fungigraminus* on soil enzyme activity, microbial community structure and functional diversity of Ningxia moderate saline-alkali land [J]. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 2025,54(1):125-134.
- [2] Meena M D, Yadav R K, Narjary B, et al. Municipal solid waste (MSW): Strategies to improve salt affected soil sustainability: A review [J]. Waste Management, 2019,84:38-53.
- [3] 田冬,桂丕,李化山,等.不同改良措施对滨海重度盐碱地的改良效果分析[J].西南农业学报,2018,31(11):2366-2372. Tian Dong, Gui Pi, Li Huashan, et al. Effect of different measures on improvement of seashore saline alkali land [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2018,31(11):2366-2372.
- [4] 王世睿,黄迎新.松嫩平原盐碱地改良治理研究进展[J].土壤与作物,2023,12(2):206-217. Wang Shirui, Huang Yingxin. Research progress on saline-alkali land improvement in Songnen Plain [J]. Soils and Crops, 2023,12(2):206-217.
- [5] 陆宝金,田生昌,左忠,等.盐渍化土地可持续利用研究综述及展望[J].宁夏大学学报(自然科学版),2023,44(1):79-88. Lu Baojin, Tian Shengchang, Zuo Zhong, et al. Review and prospect on sustainable utilization of salinized land [J]. Journal of Ningxia University (Natural Science Edition), 2023,44(1):79-88.
- [6] 吴敏,任少聪,尚妍萌,等.不同覆膜处理对晋南旱塬麦田土壤微生物功能多样性的影响[J].农业资源与环境学报,2025,42(3):652-661. Wu Min, Ren Shaocong, Shang Yanmeng, et al. Effects of different mulching regimes on soil microbial functional diversity of wheat fields in the dry tableland of south Shanxi Province [J]. Journal of Agricultural Resources and Environment, 2025,42(3):652-661.
- [7] 李佳奇,史建国,陈启航,等.陕北风沙草滩区覆膜对玉米根际土壤微生物群落的影响[J].作物杂志,2024(3):238-246. Li Jiaqi, Shi Jianguo, Chen Qihang, et al. Effects of film mulching on rhizosphere soil microbial community of maize in wind-sand grassy beach area of northern Shaanxi Province [J]. Crops, 2024(3):238-246.
- [8] 李旭霖,刘庆花,柳新伟,等.不同改良剂对滨海盐碱地的改良效果[J].水土保持通报,2015,35(2):219-224. Li Xulin, Liu Qinghua, Liu Xinwei, et al. Improving effect of different amendment treatments in coastal saline-alkali soil [J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2015,35(2):219-224.
- [9] 张向前,杨文飞,徐云姬.中国主要耕作方式对旱地土壤结构及养分和微生态环境影响的研究综述[J].生态环境学报,2019,28(12):2464-2472. Zhang Xiangqian, Yang Wenfei, Xu Yunji. Effects of main tillage methods on soil structure, nutrients and micro-ecological environment of upland in China: A review [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019,28(12):2464-2472.
- [10] Zhang Jiangzhou, Bei Shuikuan, Li Baoshen, et al. Organic fertilizer, but not heavy liming, enhances banana biomass, increases soil organic carbon and modifies soil microbiota [J]. Applied Soil Ecology, 2019,136:67-79.
- [11] Morrissey E M, Gillespie J L, Morina J C, et al. Salinity affects microbial activity and soil organic matter content in tidal wetlands [J]. Global Change Biology, 2014,20(4):1351-1362.
- [12] 练国平,曾德超.河套灌区盐碱化的特点分析和治理措施的探讨[J].农业工程学报,1987,3(1):1-10. Lian Guoping, Zeng Dechao. A survey on the salinization character and the management practice of saline soils in Hetao region [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 1987,3(1):1-10.
- [13] 黄岳,季莉,梁玉文,等.宁夏吴忠利通区连栋塑料大棚甜樱桃引种表现及关键栽培技术[J].北方园艺,2023(11):154-156.

- Huang Yue, Ji Li, Liang Yuwen, et al. Introduction performance and key cultivation techniques of three sweet cherry varieties in multi-span plastic greenhouse in Wuzhonglitong District of Ningxia [J]. *Northern Horticulture*, 2023(11):154-156.
- [14] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000.
Bao Shidan. *Soil and Agricultural Chemistry Analysis* [M]. 3rd ed. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [15] 田雨雨. 盐碱地改良措施对滨海土壤微生物群落结构和向日葵生长的影响[D]. 北京: 中国农业科学院, 2024.
Tian Yuyu. Effects of saline land improvement measures on microbial community structure and sunflower growth in coastal soils [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2024.
- [16] 陈永伟, 马琨, 胡景田, 等. 脱硫废弃物改良盐碱地对水稻生长发育及土壤的影响[J]. *宁夏大学学报(自然科学版)*, 2011, 32(3):288-292.
Chen Yongwei, Ma Kun, Hu Jingtian, et al. Effect of desulphurization waste on rice growing development and soil [J]. *Journal of Ningxia University (Natural Science Edition)*, 2011, 32(3):288-292.
- [17] Kim Y J, Choo B K, Cho J Y. Effect of gypsum and rice straw compost application on improvements of soil quality during desalination of reclaimed coastal tideland soils: Ten years of long-term experiments [J]. *Catena*, 2017, 156:131-138.
- [18] 杨赵昱, 王静, 吕雯, 等. PBAT对盐碱地玉米根区土壤水盐及产量的影响[J]. *水土保持学报*, 2024, 38(6):343-351.
Yang Zhaoyu, Wang Jing, Lü Wen, et al. Effects of PBAT on soil water and salt in maize root zone and maize yield in saline-alkali land [J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2024, 38(6):343-351.
- [19] 曲长风, 杨劲松, 姚荣江, 等. 不同改良剂对苏北滩涂盐碱土壤改良效果研究[J]. *灌溉排水学报*, 2012, 31(3):21-25.
Qu Changfeng, Yang Jinsong, Yao Rongjiang, et al. Effects of different soil amendments on coastal saline-alkali soil in north Jiangsu [J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2012, 31(3):21-25.
- [20] 张晓东, 李兵, 刘广明, 等. 复合改良物料对滨海盐土的改土降盐效果与综合评价[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2019, 27(11):1744-1754.
Zhang Xiaodong, Li Bing, Liu Guangming, et al. Effect of composite soil improvement agents on soil amendment and salt reduction in coastal saline soil [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*, 2019, 27(11):1744-1754.
- [21] 谢小伟. 有机无机改良物料配施对银北盐碱地土壤理化性质和湖南稷子生长特性的影响[D]. 宁夏 银川: 宁夏大学, 2023.
Xie Xiaowei. Effects of combined application of organic and inorganic modified materials on soil physicochemical properties and growth characteristics of *Echinochloa frumentacea* in Yinbei saline-alkali land [D]. Yinchuan, Ningxia: Ningxia University, 2023.
- [22] 牛婷婷, 马明生, 张军高. 秸秆还田和覆膜对旱作雨养农田土壤理化性质及春玉米产量的影响[J]. *新疆农业科学*, 2024, 61(8):1896-1906.
Niu Tingting, Ma Mingsheng, Zhang Jungao. Effects of straw returning and plastic film mulching on soil physical and chemical properties and spring maize yield in rain-fed upland farmland [J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2024, 61(8):1896-1906.
- [23] Jin Li, Jin Ning, Wang Shuya, et al. Changes in the microbial structure of the root soil and the yield of Chinese baby cabbage by chemical fertilizer reduction with bio-organic fertilizer application [J]. *Microbiology Spectrum*, 2022, 10(6):e01215-22.
- [24] Yao Rongjiang, Gao Qiancheng, Liu Yuxing, et al. Deep vertical rotary tillage mitigates salinization hazards and shifts microbial community structure in salt-affected anthropogenic-alluvial soil [J]. *Soil and Tillage Research*, 2023, 227:105627.
- [25] 朱再玲, 王婧, 沈海涛, 等. 桔黄假单胞菌 JD37 对玉米、小麦的防病促生作用[J]. *上海师范大学学报(自然科学版)*, 2011, 40(4):399-404.
Zhu Zailing, Wang Jing, Shen Haitao, et al. Antidisease and growth-promoting effect in maize and wheat by *Pseudomonas aurantiaca* JD37 [J]. *Journal of Shanghai Normal University (Natural Sciences)*, 2011, 40(4):399-404.
- [26] 田春苗, 龙思琪, 王健鑫, 等. 微孢菌属菌株 YPW1 和 YPW16 多糖降解特性分析[J]. *微生物学通报*, 2023, 50(9):3747-3770.
Tian Chunmiao, Long Siqi, Wang Jianxin, et al. Characterization of genes involved in polysaccharide degradation by *Microbulbifer* sp. YPW1 and YPW16 [J]. *Microbiology China*, 2023, 50(9):3747-3770.
- [27] Ge Zhuang, Li Shuangyi, Bol R, et al. Differential long-term fertilization alters residue-derived labile organic carbon fractions and microbial community during straw residue decomposition [J]. *Soil and Tillage Research*, 2021, 213:105120.
- [28] Chen Jianxiu. Roles of springtails in soil ecosystem [J]. *Biodiversity Science*, 2007, 15(2):154.
- [29] van der Heijden M G A, Martin F M, Selosse M A, et al. Mycorrhizal ecology and evolution: The past, the present, and the future [J]. *New Phytologist*, 2015, 205(4):1406-1423.