

卫雨西,陈丽娟,冯起,等.干旱区盐碱土微生物特征及其影响因素研究进展[J].中国沙漠,2024,44(3):18-30.

干旱区盐碱土微生物特征及其影响因素研究进展

卫雨西^{1,2}, 陈丽娟^{1,2}, 冯起^{1,2}, 席海洋^{1,2}, 郭瑞¹, 张成琦¹

(1.中国科学院西北生态环境资源研究院 干旱区生态安全与可持续发展重点实验室, 甘肃 兰州 730000; 2.中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 干旱区盐碱土是中国重要的土地资源,对其进行改良利用对于推进中国绿色可持续发展具有重要意义,关系着国家粮食安全与生态安全。微生物作为土壤生态系统的重要组成部分,在改良治理盐碱土、提高植物耐盐性等方面发挥着重要作用。开展干旱区盐碱土微生物多样性、群落结构、功能特征及其影响因素的深入研究,可以为干旱区盐碱土的修复和生态重建提供微生物方面的重要参考。本文整理了干旱区盐碱土的概况,分析盐碱土中的微生物多样性、群落结构和生态功能特征,梳理盐碱环境对土壤微生物群落的影响因素,提出干旱区盐碱土微生物研究中存在的问题及今后的发展方向,以期为中国干旱区盐碱土开发利用和微生物资源管理提供参考。

关键词: 干旱区; 盐碱化; 土壤微生物; 群落结构; 功能基因

文章编号: 1000-694X(2024)03-018-13

DOI: 10.7522/j.issn.1000-694X.2023.000126

中图分类号: N8

文献标志码: A

0 引言

土壤盐碱化是干旱区突出的生态环境问题,也是灌溉农业可持续发展面临的最大挑战^[1],严重威胁着区域生态系统的稳定和社会经济的可持续发展^[2]。全球盐碱土面积约为 1.1×10^9 hm²,其中分别约有20%和2%的灌溉土地和旱作农业土地受到次生盐碱化的威胁^[3]。在气候变化和人类活动持续干扰下,干旱区土壤盐碱化问题将更为突出^[4]。近年来,土壤盐碱化防治与盐碱地开发利用逐渐成为推进全球绿色可持续发展的重要内容,开展盐碱地改良与利用研究也成为保障中国粮食安全与生态安全的重要举措^[5-6]。中国盐碱土面积约为 3.7×10^7 hm²,其中69.03%分布在西部六省区(陕、甘、宁、青、新、内蒙古)的干旱半干旱区^[7]。干旱区盐碱土是中国重要的后备土地资源,改良和利用这些土地对补偿减少的耕地面积、保障区域生态安全、实现区域高质量发展意义重大。

由于自然或人类不合理灌溉等人为活动引起

的易溶性盐分在土壤中积累的现象称为土壤盐碱化^[8]。按盐分来源可将盐碱化过程分为原生盐碱化和次生盐碱化。盐分的干湿沉降、基岩物理和化学风化是原生盐碱化中盐分的主要来源;而人类活动(如不合理灌溉、水资源不合理开发利用、过度使用化肥、海水入侵等)引起的盐分输入是次生盐碱化盐分的主要来源^[9]。土壤中盐分的过量累积不仅会增加植物的盐分胁迫,抑制植物吸收水分和营养物质,降低植物光合能力,从而导致土壤有机碳输入减少和作物减产;还可能抑制微生物活性和新陈代谢,从而影响土壤-植被-大气连续体间的物质和能量交换过程^[10]。

土壤微生物(包括细菌、古生菌、病毒、真菌和原生动物)是土壤生态系统中多样性和物种丰度最高的类群之一^[11],不仅是有机质与土壤营养元素循环的媒介^[12],也是气候变化的重要调节因子^[13]。因此,土壤微生物群落结构的稳定与功能的正常运转也是维持土壤生态系统整体服务功能的重要保

收稿日期:2023-08-30; 改回日期:2023-09-26

资助项目:国家自然科学基金项目(52179026);中国科学院“西部之光-西部交叉团队”重点实验室专项(xbzg-zdsys-202103);甘肃省科技计划项目(23JRRA661,22JR5RA072);自然资源部高寒干旱区矿山地质环境修复工程技术创新中心开放基金项目(HHGCKK2204)

作者简介:卫雨西(2000—),女,山西晋城人,硕士研究生,主要从事干旱区土壤学研究。E-mail: weiyuxi21@mails.ucas.ac.cn

通信作者:陈丽娟(E-mail: ljchen@lzb.ac.cn)

障^[14]。近年来,基于分子生物学技术开展了大量微生物方面的研究,利用微生物对盐碱土进行治理修复也得到了国内外专家学者的广泛关注。在面对盐碱胁迫等逆境时,微生物有可能提高植物对盐碱胁迫的耐受性,利用微生物缓解盐碱胁迫将逐渐成为提高植物耐盐性的重要手段^[15]。因此,厘清干旱区盐碱土中微生物的多样性、群落结构、功能特征及其影响因素,对深入了解微生物对盐碱土微环境的改良作用具有重要意义,可以为干旱区盐碱土的修复和生态重建提供科学参考。

本文从干旱区盐碱土现状、盐碱土微生物多样性及其群落结构特征、盐碱土微生物功能特征、盐碱化影响土壤微生物群落的可能因素等方面,综述了中国干旱区盐碱土微生物特征及其影响因素的研究现状,并对未来研究方向进行了展望,以期为利用微生物防治改良土壤盐碱化、提高盐碱土质量、促进盐碱土植被恢复和生态重建提供理论支撑,为干旱区盐碱土的绿色可持续利用提供科学参考。

1 干旱区盐碱土概况

1.1 特征

中国西北干旱区盐碱土分布广泛,但主要分布在六省区——新疆、青海、甘肃、宁夏、陕西和内蒙古,其盐碱土主要特征如下:①盐分组成多样,除常见的氯化物、硫酸盐、碳酸盐和碳酸氢盐外,还有吐鲁番盆地的硝酸盐盐土、新疆焉耆盆地的镁盐土、河西走廊的镁质碱化盐土以及柴达木盆地的硼酸盐盐土等^[16];②积盐重且盐碱化程度高,由于蒸降比大且缺乏淋脱条件,积盐持续性强,地表土层含盐量一般为 $20\sim 50\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,最高可达 $300\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,多盐壳、盐结皮、盐晶和盐盘^[17];③盐分表聚明显,土壤盐分和含盐地下水在强烈蒸发作用下,随土壤毛细管上升至地表,形成 $0\sim 10\text{ cm}$ 土层的盐聚层^[18];④次生盐碱化严重,干旱区以灌溉农业为主,但不合理的灌溉制度和欠缺的农业灌排系统、地下水位抬高及使用大量化肥等均可引起严重的土壤次生盐碱化^[17]。

1.2 形成过程

降水、风和基岩风化是干旱区土壤原生盐碱化盐分的主要来源,而人类活动引起的盐分输入(如施用化肥、使用高硬度水源灌溉等)是次生盐碱化

的主要诱因。总体而言,干旱区盐碱土的形成包括盐化和脱盐过程。

盐化过程可分为地下水和地表水影响的盐化过程。地下水影响的盐化过程是指在干旱条件下,当地下水埋深小于临界深度时,潜水中的盐分通过毛管上升水不断向地表聚积^[19],从而形成盐碱土的过程;地表水影响的盐化过程则是指地表水流经含盐地层后矿化度增加,并在山前洪积扇和阶地上析出盐分,从而形成洪积盐土^[18]。此外,旱区农业不合理的灌溉方式导致地下水位抬升,也会引发土壤盐碱化。在全球气候变化背景下,随着干旱区面积的不断扩张^[20],土壤盐化过程还将进一步加剧。

脱盐过程又称残余积盐过程,根据盐分组成可分为残余盐碱化和碱化过程。残余盐碱化过程是指在强烈积盐形成盐碱土后,由于环境改变导致地下水位下降而不再积盐,且由于降水稀少,难以出现明显的脱盐过程,导致原来累积的盐分保留在土壤中,从而形成残余盐碱土,其最高含盐层在亚表层或心土层,多出现盐盘^[18]。碱化是土壤胶体吸附溶液中的 Na^+ ,形成碱土或碱化土的过程,常与盐化和脱盐过程相伴发生,导致土壤物理性质变差,并呈强碱性,出现柱状碱化层^[18]。干旱区盐碱土在积盐与脱盐之间循环往复,盐分的运移直接影响着盐碱土发育过程。

2 干旱区盐碱土微生物多样性和群落结构特征

2.1 微生物数量和多样性特征

干旱区盐碱土环境条件多样(如降水、温度和地质条件等),环境条件的异质性影响土壤盐碱化过程并形成不同类型的盐碱土,同时环境条件和土壤盐碱化程度还直接影响植被类型和微生物新陈代谢活动。因此,在环境条件和土壤盐碱化的双重影响下,干旱区盐碱土中微生物数量和多样性具有明显的空间异质性。牛世全等^[21]研究了河西走廊盐碱土中微生物的丰度差异,结果表明细菌丰度最高,主导了微生物总体分布,其次为放线菌,真菌数量最少;而王银山等^[22]在新疆盐碱土($0\sim 50\text{ cm}$)中发现微生物以放线菌为主,细菌次之,真菌最少。在次生盐碱土中也有类似发现,如李海云等^[23]发现次生盐碱土中放线菌多样性高于原生盐碱土和农田土,农田土中放线菌多样性最低。

整体而言,由于盐碱土中有机质含量较低,土壤结构差,土壤溶液浓度较高,微生物生存所需的物质基础和环境条件匮乏,微生物数量普遍较少。但不同类型盐碱土中微生物数量可能存在明显差异,如荒漠盐碱草地(0~20 cm)中微生物数量高于其他类型的盐碱土(如新疆强碱化漠钙土)^[24]。此外,不同微生物数量和多样性随盐度的增加可能表现出截然相反的趋势,Chen等^[25]观测到土壤细菌丰度随盐碱化程度的增加而增加,而Zhang等^[26]则认为盐碱土中的微生物多样性随盐度的增加而降低,这可能是不同环境中微生物对盐分胁迫的耐受程度不同所致。

2.2 微生物生物量特征

土壤微生物生物量是土壤有机质的活性库,直接影响着土壤有机质的分解和养分循环,同时也直接反映土壤微生物活性^[27]。

研究表明不同类型盐碱土的微生物生物量碳(MBC)差别较大,可能是微生物生态位差异所致。随着干旱区土壤盐胁迫增加,MBC显著降低^[28],这与王国栋等^[29]、路海玲等^[30]的研究结果相似,可见土壤盐分显著抑制MBC的有效性,对微生物量和微生物群落结构产生显著影响,同时也会减少土壤养分的积累。Batra等^[31]也发现盐碱土中0~15 cm土层土壤饱和溶液电导率 $EC_e > 32 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$ 和15~30 cm土层 $EC_e > 19 \text{ dS} \cdot \text{m}^{-1}$ 时,MBC有明显下降趋势。盐碱土的MBC除了受盐分影响外,外部干扰如绿肥还田可以显著提高其含量,改善微生物群落并有利于微生物固碳效应的提高^[32]。随着土壤盐分的增加,微生物受到渗透胁迫,导致其生物量下降。如Muhammad等^[33]观察到土壤微生物生物量(SMB)沿天然盐度梯度从约 $190 \mu\text{g C} \cdot \text{g}^{-1}$ 降至 $80 \mu\text{g C} \cdot \text{g}^{-1}$ 。但Mavi等^[34]发现SMB随土壤盐分的增加有少量增加的趋势。此外,还有研究表明微生物量在含盐量适中时最高^[35],适中的盐度条件可能对微生物生长有利。由此可见,微生物生物量对盐分的响应可能受到不同盐度范围和复杂环境的影响而存在不确定性。

2.3 微生物群落结构特征

目前,干旱区盐碱土中微生物群落的研究以细菌和真菌为主,其中,细菌群落多以变形菌门(Proteobacteria)为优势类群^[36],而真菌分布较少。总体

上,干旱区不同区域盐碱土具有不同的微生物优势类群和群落组成。例如,牛世全等^[36]研究发现,河西走廊盐碱土中变形菌门为优势菌群,此外还分布有放线菌门(Actinobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)等。郑贺云等^[37]发现黏球菌目(Myxococcales)、假单胞菌目(Pseudomonadales)和根瘤菌目(Rhizobiales)等为新疆阿克苏地区盐碱土中的优势菌目。干旱区盐碱土中细菌为主要微生物类型,且不同地域和类型的盐碱土中优势种群和群落构成也不同。但值得注意的是,在干旱区不同地区的盐碱土中,变形菌门、拟杆菌门(Bacteroidetes)和放线菌门均为主要菌群。有研究发现属于变形菌门的细菌种类,如*Acinetobacter baylyi* ADPI可以吸收和积累甘氨酸甜菜碱以应对高盐度环境^[38];而革兰氏阴性菌主要积累谷氨酸以抵抗外界的高渗透压,同时积累 K^+ 以中和谷氨酸所带的负电荷。还有学者发现属于放线菌门的菌种,如分枝杆菌属(*Mycobacterium*),细胞壁中有大量脂质物质,具有较强的耐碱性^[39],而且放线菌具有抗生、竞争、再寄生等作用,能够抑制盐碱土中病原微生物细胞代谢,阻碍其生长发育并最终导致其死亡。同样,研究表明,拟杆菌门具有耐盐性,可大量存在于高盐度土壤中^[40-41],一些拟杆菌门能够产生抗生素,抑制盐碱土中病原微生物的生长,保护植物免受病害侵袭;同时,还可以降解盐碱土中的一些有机污染物,减少其对土壤的污染。嗜盐菌可以通过渗透调节和排盐策略抵抗盐胁迫,对盐碱土改良和生态修复具有重要作用。

相比于细菌,真菌在干旱区盐碱土中则更难生存,分布较少。但真菌在生态系统有机碳的形成、转化和固定中扮演着不可或缺的角色。真菌通常可与植物共生,帮助植物获取营养元素(如磷和氮),而植物则提供给真菌新陈代谢所必需的碳水化合物和脂类物质。因此,盐碱土中外生菌根和内生菌根真菌也一直是国内外研究的热点。例如,有研究发现植物根部的外生菌根真菌可能与80%的植被共生并能在一定程度上抵抗逆境^[42];丛枝菌根真菌可以提高宿主植物的耐盐碱能力、增强植物光合能力,增加宿主植物在盐分胁迫时对养分的吸收利用^[43]。在盐碱土中,细菌和真菌的比例随土壤盐度的变化而变化^[44],且真菌对土壤盐分的变化更为敏感^[45]。总体而言,这些研究成果促进了我们对不同盐碱土中土壤微生物群落差异和潜在机制的理

解,但目前的研究局限于单个微生物类群的分析,对不同微生物类群(如细菌和真菌)间的相互影响认识仍不充分,对其协同演变机制的研究仍有所不足,未来应将微生物群落评估及其对盐分的耐受性相结合,预测复杂微生物群落与其功能的耦合效应(表1)。

表 1 不同研究区盐碱土微生物群落组成特征

Table 1 Microbial community composition characteristics of saline-alkali soils in different study regions

时间	研究区	土壤微生物优势菌群	其他菌群	参考文献
2012 年	甘肃省河西走廊	变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)	酸杆菌门 (Acidobacteria)、浮霉菌门 (Planctomycetes)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes)、厚壁菌门 (Firmicutes)、疣微菌门 (Verrucomicrobia)、装甲菌门 (Armatimonadetes)、绿菌门 (Chlorobi)、蓝细菌门 (Cyanobacteria)、硝化螺菌门 (Nitrospira)、广古菌门 (Euryarchaeota)、泉古菌门 (Crenarchaeota)	[36]
	宁夏银北地区	变形菌门	拟杆菌门、放线菌门、厚壁菌门、广古菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门、蓝细菌门、浮霉菌门、绿弯菌门、疣微菌门、梭杆菌门 (fusobacteria)	[46]
2017 年	宁夏银北西大滩	厚壁菌门、变形菌门、放线菌门	拟杆菌门、芽单胞菌门、酸杆菌门、疣微菌门、绿弯菌门	[47]
2018—2019 年	新疆克拉玛依市乌尔禾地区	变形菌门	厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门、酸杆菌门、蓝细菌门	[48]
	新疆塔县、温宿县、阜康地区和青河县境内	拟杆菌门、放线菌门、变形菌门	厚壁菌门、绿弯菌门、芽单胞菌门、蓝细菌门、浮霉菌门	[49]
2019 年	新疆石河子市玛纳斯河流域	放线菌门、变形菌门	绿弯菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、浮霉菌门、厚壁菌门	[50]

3 干旱区盐碱土微生物功能特征

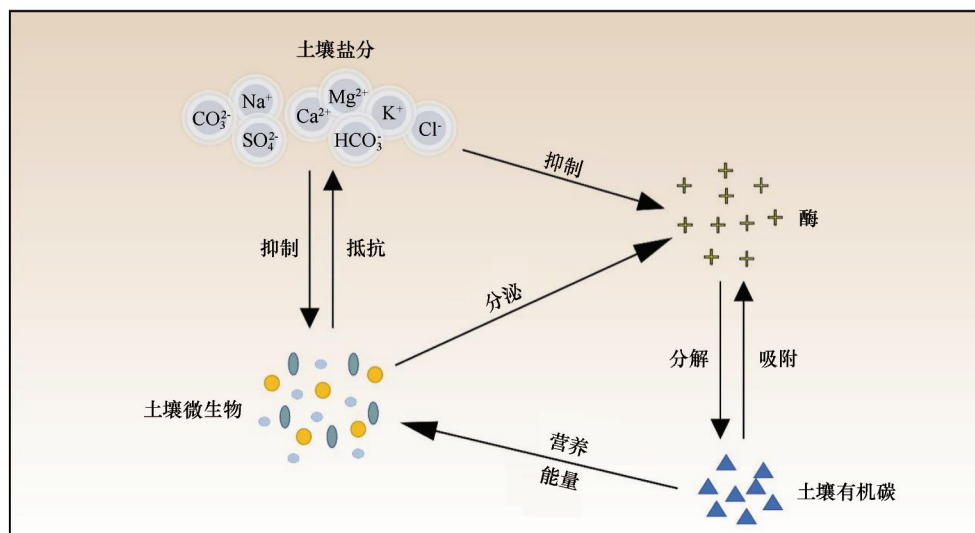
3.1 微生物活性特征

在干旱区盐碱土中,盐分直接影响着微生物呼吸、土壤呼吸和土壤酶活性。微生物呼吸是描述微生物活动对环境因素(包括盐度)响应的常用参数,是微生物对碳循环总体贡献的直接衡量标准^[51]。已有研究表明,高盐分可以显著抑制微生物呼吸^[52],但也有学者表示添加少量NaCl会促进微生物呼吸^[53],可见盐分对微生物呼吸的影响还存在不确定性。干旱区盐碱土中酶活性大多受到土壤盐分抑制,其原因主要有:①盐碱环境不利于植被生长,导致土壤有机质来源减少,致使土壤中有机碳含量较低,不利于土壤微生物生长和酶活性物质吸附^[52];②土壤盐分抑制大部分微生物生长,使微生物数量和生物量减少,酶活性物质分泌减少^[54];③盐碱土中大量Na⁺分散土壤颗粒,降低土壤团聚体稳定性,导致酶物质失去保护,更易于受到盐分胁迫而变性失活^[55];④土壤含盐量较高,盐析效应导致酶活性物质脱水而失去活性^[56],同时盐分增加会引起蛋白质理化性质改变并导致其生理活性丧

失^[57],特殊离子的毒害^[54]也是土壤酶活性受到抑制的原因。但并非所有的酶活性都对盐分胁迫敏感,如脲酶在反映草原盐碱化的能力方面存在严重局限性^[58]。因此,不同类型的土壤酶对土壤盐分胁迫的响应不同,目前还难以准确评价其效应。此外,土壤呼吸对全球碳循环至关重要。已有大量研究表明干旱区盐分抑制土壤呼吸^[59-60],李典鹏等^[61]在干旱区盐湖沿岸长期观测土壤CO₂通量中发现,土壤呼吸速率与盐分含量显著负相关,且盐分对土壤呼吸影响因素的贡献最大,这均表明土壤盐碱化对微生物的环境胁迫,盐分降低了土壤渗透势,影响微生物活性和底物的可利用性;但也有学者发现覆盐处理对土壤呼吸有显著的促进作用,土壤含盐量的升高会增加土壤呼吸速率和呼吸熵^[62-63]。这些相互矛盾的研究结果可能是由于土壤性质的差异,尤其是盐度和土壤pH水平(图1)。目前土壤盐分含量和土壤呼吸之间的相关性可能还受到其他环境因素的影响,仍需进一步研究。

3.2 微生物参与土壤碳氮矿化特征

盐碱土中生存着许多耐盐碱微生物类群,这类微生物通常发育有独特的结构,并进化出特殊的抗

图1 盐分对土壤微生物及酶活性的影响^[64]Fig.1 Effects of salinity on soil microorganisms and their activities^[64]

盐生理机制,直接参与盐碱土中物质转化和能量流动,在维持生态系统稳定性和功能(如碳氮循环)方面起着重要作用^[65]。如细菌和真菌参与调控土壤中大多数有机物的矿化过程及生物固氮、矿化、硝化和反硝化作用^[66](如纤维素分解菌、固氮细菌、氨化细菌和解磷细菌等与碳氮循环密切相关)。因此土壤碳氮转化速率能够反映土壤微生物的功能特征。

目前对盐碱化土壤碳矿化及氮的矿化、硝化、反硝化、氨挥发已有报道^[67-68],结果表明土壤盐分浓度的增加会抑制碳氮转化。针对干旱区盐碱土中微生物参与碳氮转化方面(表2),已有研究发现玛

纳斯河流域盐碱土中子囊菌(Ascomycota)和担子菌(Basidiomycota)是优势真菌^[50],子囊菌可以通过分泌全纤维素酶来降解植物凋落物,担子菌分解复杂的有机化合物,并促进农业土壤中的养分汲取和分解^[69-70];Ren等^[71]发现奇古菌(*Thaumarchaeota*)、广古菌(*Euryarchaeota*)和泉古菌(*Crenarchaeota*)等古菌在氮循环和碳固定中起着重要作用;还有学者发现纤维素分解菌参与了植物残体中含碳化合物(纤维素)的分解及土壤碳循环^[72]。在盐碱胁迫下,通常通过增加某些分解有机物的菌群来促进氮素矿化,同时通过改变氨氧化细菌的丰度和群落结构抑制硝化作用^[73]。

表2 干旱区盐碱土各元素循环中功能微生物的作用

Table 2 The role of functional microorganisms in the cycling of each element in saline-alkali soils in arid zones

土壤元素循环	功能微生物	作用	参考文献
碳循环	子囊菌	通过分泌全纤维素酶来降解植物凋落物	[69-70]
	担子菌	分解复杂的有机化合物,并促进农业土壤中的养分汲取和分解	
	纤维素分解菌	参与植物残体中含碳化合物(纤维素)的分解	[72]
氮循环	氨氧化细菌	影响硝化作用	[73]
磷循环	溶磷菌	通过提高磷对根部的可用性,促进植物营养的平衡	—
	解磷菌	分泌有机酸,降低根际土壤的pH,缓解盐胁迫	[74]
硫循环	硫氧化细菌	进行硫元素的转化,生成的硫酸中和盐碱土中的OH ⁻ ,降低土壤pH	[75]
钾循环	肠杆菌属	具有解钾的能力,有利于植物生长	[76]
	木糖氧化杆菌		
	微小杆菌属		
钠循环	丛枝菌根真菌	协助植物进行钠元素转化,降低植物体内钠素含量,减轻盐碱土中植物所受的盐胁迫	[77]

尽管目前针对干旱区盐碱土对碳氮转化影响的微生物机制已取得部分进展,但仍缺乏综合考量不同微生物类群的统一认识,同时也缺乏相关的概念模型和数学模型。未来的研究应重点考虑微生物在干旱区盐碱土碳氮转化过程中的特征和作用,定量评估干旱区土壤盐碱化过程中微生物群落结构和功能变化对土壤碳氮循环的影响,总结盐碱土中不同微生物类群参与调控土壤碳氮转化过程的概念模型。

3.3 微生物参与其他物质循环特征

干旱区盐碱土中许多嗜盐碱微生物类群对盐碱土中磷、钠、硫、钾等元素的物质转化和能量流动起至关重要作用,参与形成和调控生态系统的各种服务和功能^[69-77],例如磷循环、钠转化和硫代谢等(表2)。胡山等^[78]在河西走廊盐碱土中分离出高效解磷微生物株 *Pantoea theicola*,优化培养条件后其解磷量达 $723.34 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$;赵国杰等^[79]在干旱区盐碱地中获得4株解磷能力较强的菌株,其中 *I-B-14* 菌株对碱化土壤的改良效果最明显;李静等^[80]从新疆盐碱地筛选出多株解磷菌,发现接种解有机磷菌株 *MHSC29*、*MHCC3* 和解无机磷菌株 *APCB2* 的效果最好;也有学者在酒泉地区盐碱土中筛选出对于无机磷和有机磷都有明显的溶解效果的菌株 *YP*,无机磷可溶性磷含量最高达 $516.8 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,有机磷可溶性磷含量高达 $292.2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ ^[81]。许芳芳^[82]也在内蒙古盐碱地中发现了46株植物根际促生菌(PGPR)具有解无机磷的功能特性。解磷微生物之所以可以存活于高盐碱环境,可能是该环境下长期自然选择的结果,微生物通过积累 K^+ 或产生相容性物质以应对盐碱胁迫。同时解磷微生物可以分泌有机酸,使根际土壤 pH 降低,从而缓解盐胁迫^[74]。

上述参与元素循环的耐盐碱微生物类群在土壤元素循环和能量流动中至关重要,可以表征土壤活性。将这些优势类群制成有益微生物菌剂,有利于调整盐碱土中各元素的分配比例,从而促进盐碱土壤的修复和改良。

3.4 微生物其他生态功能特征

干旱区耐盐碱微生物除了具有以上功能特征外,还具有产酶、促生、抑菌等土壤改良和生态修复功能,如 PGPR 通过提高渗透调节力、维持离子和活性氧的平衡、产生 ACC 脱氨酶等减轻盐分对植物的

危害并增强植物对盐胁迫的适应性^[83],还具有固氮、解植酸磷、解无机磷、产铁载体、产 IAA 等多种功能特性,是丰富菌株资源库^[82]。越来越多的细菌可以作为 PGPR,其中芽孢杆菌属(*Bacillus*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)、伯克霍尔德氏菌属(*Burkholderia*)等菌属中许多种类都属于 PGPR,能够固氮、溶磷、解磷和产铁,分泌植物激素和抗生素,可以促进植物生长和抑制病原菌;同时在根瘤菌属(*Rhizobium*)、肠杆菌属(*Enterobacter*)、类芽孢杆菌属(*Parnibacillus*)等属中也发现有部分种类属于 PGPR。各国研究学者已经确认出多个种属的 PGPR 菌株,而随着科学研究工作的技术与研究手段不断改进与深入,它们的种类还将不断地增加^[84]。目前,已有学者在内蒙古荒漠盐碱土中发现不同 PGPR 对同一植物的促生效果不同,同一 PGPR 对不同植物的促生效果也明显不同^[82]。还有学者在宁夏盐碱土区发现了复配菌株 NX4-62 有良好的促生和改善土壤环境的能力,菌株 NX-62 具有 ACC 脱氨酶活性^[85]。单双权^[81]在酒泉地区盐碱土中发现菌株 YP、BZ1⁺、LE 的菌液并不利于种子发芽,但 YP 菌液对植株生长有很好的促进作用,因此可以考虑在作物出苗后添加该菌剂,从而促进作物生长。牛世全等^[86]在河西走廊盐碱土中发现菌株 X406225 显著抑制马铃薯干腐病菌生长,这在动植物病害防治中具有重要的应用价值。在宁夏和内蒙古的典型盐碱地中还发现产酶能力较好的菌株均为耐盐革兰氏阳性菌^[87]。通过筛选西北干旱区的耐盐碱微生物类群并研究其生态功能,有利于为该区的盐碱土改良、植被恢复和生态重建提供重要参考。

4 干旱区盐碱环境对土壤微生物的影响

表3总结了影响盐碱土微生物的土壤理化因子及其可能机制^[21,72,88-89]。不同土壤环境因子影响微生物的具体方式及影响结果之间有所差异,总体上可归纳为:土壤因子通过影响微生物呼吸、水分和营养物质的可获得性,以及酶的活性等来影响微生物新陈代谢过程。

4.1 盐碱土酸碱度变化对微生物的影响

随着土壤盐碱化,土壤盐离子浓度升高可能导致土壤 pH 升高^[90]。土壤 pH 通过影响土壤基质的组成、化学性质和利用效率来间接影响微生物,许多

表 3 影响盐碱土微生物的土壤理化因子

Table 3 Soil physicochemical factors affecting microorganisms in saline-alkali soils

土壤理化因子	微生物指标	对微生物的影响	参考文献
有机质	微生物数量	土壤有机质是土壤微生物生命活动所需养分和能量的主要来源,土壤有机质含量的增加有利于微生物的生长	[72]
有机碳	微生物多样性		[88]
总氮	微生物数量、微生物多样性	氮的增加可以刺激不同种类微生物的生长,从而增加环境中微生物的多样性	[72,88]
硝态氮	微生物数量		[89]
铵态氮	微生物数量		[72]
速效钾	微生物数量	钾和磷是微生物生长所必需的营养元素,可以通过提高酶的活性促进微生物生长	[89]
总磷	微生物多样性		[88]
有效磷	微生物数量	土壤有效磷是土壤中可被吸收利用的磷素,直接影响土壤微生物对磷的利用,与土壤微生物数量密切相关	[21,72,89]
pH	微生物数量	土壤pH增加可能阻碍微生物生长,但有利于耐盐碱微生物的存活	[21,89]
	微生物多样性	在盐碱环境中,pH增加会导致土壤板结,通气不良,不利于微生物生长	[72,88]
含水量	微生物数量	土壤含水量通过影响土壤通气性间接影响微生物数量	[21,72,89]
	微生物多样性	充足的土壤水分条件可以避免水分胁迫对微生物负面影响。土壤水分能够显著影响微生物的多样性,并增加微生物自身对水分的抵抗力	[88]
Na ⁺ 、Cl ⁻ 、SO ₄ ²⁻	微生物数量	一些耐盐微生物受到的影响较小,甚至随着土壤中盐离子含量的增加而促进其生长	[89]
电导率	微生物多样性	高浓度的盐会改变土壤溶液的渗透和基质潜力,从而抑制微生物的生长	[88]
容重	微生物多样性	随着土壤容重的增加,土壤变得紧实,孔隙减少,降低了土壤持水能力并抑制了微生物的生长	[88]

土壤特性(如养分可用性、离子溶解度、土壤水盐等)通常与pH直接或间接相关,这些因素可能驱动微生物群落组成变化。此外,土壤pH还可以直接对微生物施加生理约束,如通过影响酶的活性来影响机体内发生的生物化学反应,改变竞争结果或抑制微生物生长,特别是当土壤pH超过临界阈值时,微生物则无法生存^[91]。

土壤pH是盐碱土影响微生物生命活动的关键因子。已有的研究表明盐碱土pH对不同微生物类群的影响程度不同,但普遍对细菌和古菌群落结构影响更大^[92]。盐碱土中除放线菌外微生物数量与pH呈负相关^[93];牛世全等^[72]发现硝化细菌数量与土壤pH呈极显著负相关。但有研究表明pH与放线菌、细菌数量均呈正相关^[94];且随着pH的增加,细菌多样性降低,真菌多样性指数减小^[95],但pH值在4~7时,土壤微生物数量随着pH的升高而增加^[96]。这些差异可能是由土壤母质和气候不同所致。

以上研究主要关注土壤pH和微生物群落特征(如数量和生物量)之间的宏观统计特征,而未从微

观角度阐明土壤pH影响微生物的可能机制。同时,这些统计特征在不同微生物类群具有较大异质性。对于土壤pH影响微生物群落微观层面的机制研究应当是今后研究的重点,同时还应重视不同土壤pH对微生物群落特征影响的异质性和同质性总结。

4.2 盐碱土水盐双重胁迫对微生物的影响

土壤盐分是塑造微生物群落结构的重要环境变量^[97],当电导率超过4 mS·cm⁻¹时,微生物活性受到强烈抑制^[89,94];同时盐分波动引起的土壤化学性质和渗透势的变化也是影响微生物生长和活性的潜在原因。除盐分外,微生物也受到土壤水分的调控,靳正忠等^[98]发现,干旱区盐碱土微生物数量和生物量与土壤含水量呈显著正相关,说明高土壤含水量有利于微生物的生存和生物量积累,但淹水环境抑制好氧微生物生长^[92],仅在适宜的土壤水分下会增加微生物量及其活性。

土壤盐分变化将引起土壤溶液渗透势改变,从而改变土壤水分有效性。就干旱区盐碱土微生物

而言,盐分积累会提高微生物细胞外渗透压,细胞逐渐失水,无法适应高渗透压的微生物可能会失去活性甚至死亡^[26]。为了适应高盐环境,微生物通常采用两种策略来平衡细胞质的渗透压^[99](图2):一是“盐入”策略,许多嗜盐原核生物可以主动吸收离子,尤其会选择吸收毒性较低的离子(如 K^+)。土壤

中的一些嗜盐菌经常采用这种策略,所以在高盐度土壤中可能发现更多的盐杆菌。二是“低盐”策略,在细胞内积累低相对分子质量有机化合物以从细胞中排除盐,具体表现为细胞可通过诱导信号分子分泌氨基酸代谢物,改变细胞膜通透性,通过调节渗透压来适应高盐环境^[74]。

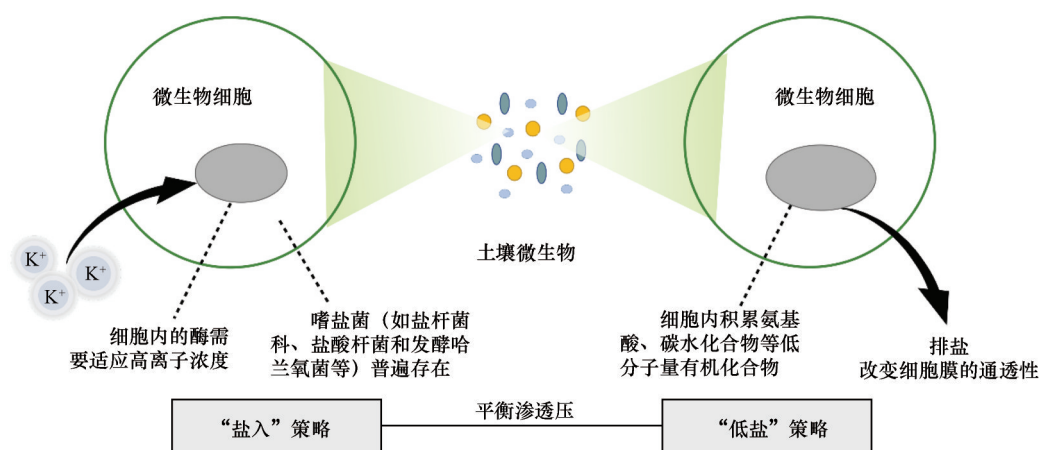


图2 土壤微生物对高盐环境的适应策略

Fig.2 Adaptation strategies of soil microorganisms to high-salt environments

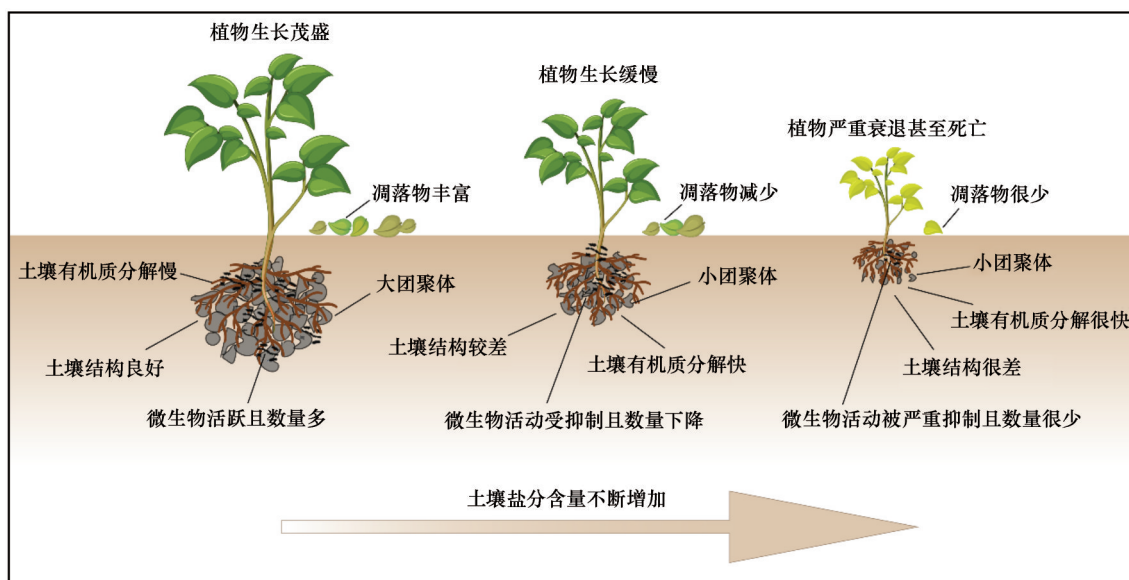
土壤含水量变化能够直接或间接影响土壤微生物群落。例如降雨-干旱事件和灌溉-排水持续时间等引起的土壤反复湿润和干燥事件会影响通过土壤孔隙的气体 and 养分扩散,从而影响土壤微生物功能^[100]。在干旱区,土壤盐度通常与含水量共同影响微生物生长^[51]。高盐浓度和低土壤含水量的结合可以相互作用并加剧个体因素对土壤微生物群落的负面影响^[101]。研究发现,盐分的积累加剧了干燥对细菌生长和呼吸的抑制^[101],可见这对微生物群落的影响比高盐度环境更严重。但是,Chowdhury等^[45]则强调干旱加剧了盐度对微生物的影响,这是因为土壤干燥过程中基质电位降低,水分被更紧密地固定在土壤团聚体上,土壤微生物的可用性降低。随着基质电位的继续下降,微生物面临脱水,且生理应激成为限制微生物活动的主要因素。同时,孔隙水中盐分浓度进一步增加。干旱会加剧盐度对微生物的胁迫,但目前很难明确区分基质势下降和渗透势影响微生物活性的主导地位。

4.3 盐碱土土壤结构变化对微生物的影响

盐碱土中的盐分可以改变土壤结构,在盐分影响下土壤出现剥落、膨胀和分散,进一步导致土壤结构退化。某些盐离子可能抑制或促进土壤团聚体的形成,从而改变土壤结构。具体来讲,土壤交

换性盐基离子中, Na^+ 是高强度的分散剂,会引起土壤颗粒高度分散,破坏土壤团聚体,不利于可溶性有机碳的保留^[102];但也有学者表示交换性 Na^+ 对多年种植的设施土壤的团聚体稳定性并无影响^[103]。这可能是因为有机碳含量较高导致交换性 Na^+ 的分散作用不明显。与 Na^+ 相比, Ca^{2+} 则有良好的胶结作用,有利于土壤形成团聚结构。

在盐碱土盐分的影响下,土壤结构的改变会进一步影响微生物新陈代谢,如靳正忠等^[98]在塔克拉玛干沙漠腹地研究发现,盐碱土土壤孔隙度增大、粒径减小时,微生物数量和生物量显著增加。因此干旱区盐碱土土壤团粒结构可以提供良好的透水、通气 and 保水条件,从而促进微生物的繁殖和生长。一方面,土壤颗粒或胶体表面积和表面电荷较大,可能影响微生物分布^[104];另一方面,土壤颗粒的空间几何分布决定了孔隙连通性以及孔隙内水分和空气的空间分布,直接影响微生物与环境间的物质和能量交换^[105]。团聚体是土壤结构的基本单位,也是微生物活动的主要场所。就土壤团聚体大小而言,大团聚体上的微生物呼吸速率显著高于微团聚体,这是因为大团聚体中有较多的易矿化有机质,能够提供微生物所需的营养,从而促进微生物生长;而微团聚体中有机质结构稳定,不易被微生物利用,因此微生物生长较慢,数量较少(图3)。

图3 土壤盐分增加对土壤有机碳、微生物和植物的影响^[5]Fig.3 Effects of increased soil salinity on soil organic carbon, microorganisms and plants^[5]

4.4 盐碱土土壤养分变化对微生物的影响

盐碱土中盐分与养分含量密切相关,具体表现为盐碱土有效磷与 Mg^{2+} 、速效钾与 Na^+ 呈负相关性^[106];盐分的增加还会使土壤有机质和全氮含量减少,当土壤全盐含量处于 $15\sim 20\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 时,土壤全氮与有机质由迅速减少向缓慢减少过渡^[107]。利用盐分与有机质、全氮含量的负相关关系,农业生产上可通过增施有机肥和氮肥达到降低土壤含盐量的目的^[58]。此外, Ca^{2+} 在一定程度上作用于土壤碳素,可以间接促进腐殖质的形成,降低有机碳损失,有利于土壤有机质的稳定。

盐碱土中盐离子可通过影响土壤养分可利用性改变微生物生长繁殖、数量及群落结构。土壤养分是土壤微生物新陈代谢的物质基础,其限制不仅影响微生物代谢过程,也影响着微生物群落结构及其关键类群,尤其是在干旱半干旱地区^[108],微生物生物量、生理活性、酶活性对养分添加存在一定阈值,超过该阈值,其响应就可能发生改变^[109]。在干旱区盐碱土中,微生物群落受不同土壤养分含量的限制,其中土壤全磷、全氮、有效磷、有机质和硝态氮、铵态氮等养分对微生物群落影响较大,是微生物所需养分和能量的主要来源,也是影响微生物的主导因子^[88]。有机碳含量增加可以提高酶活性;土壤氮有利于微生物蛋白质和核酸合成,对生长代谢过程各种酶的合成具有促进作用^[110];土壤有效磷则直接影响微生物磷的利用率。

5 结论与展望

截至目前,干旱区盐碱土中的微生物群落结构特征及其演变机制仍不清楚,尤其对功能微生物的研究较少。今后应结合分子生物学技术,全面获取盐碱土微生物群落结构和功能特征等信息,并结合环境因子耦合分析微生物对环境的响应及其发挥的功能,解析中国干旱区盐碱土生态功能相关的微生物机制。

目前针对干旱区盐碱土古菌类群的研究较少。古菌独特的生理生化特征使其更能够适应盐碱环境,是盐碱土生态系统的重要组成部分。未来有望通过盐碱土古菌群落分析,完善干旱区盐碱土微生物群落结构和生态功能研究。

应加强对干旱区盐碱土中微生物参与的元素循环和转化关键过程的研究,进一步挖掘功能微生物在干旱区盐碱土修复中的主要机制,开发相应的微生物菌剂,更加高效地进行盐碱土改良和植被恢复。

针对土壤环境对微生物群落影响的内在机制的研究多集中在非盐碱胁迫的普通土壤中,对于干旱区盐碱环境对微生物影响机制的研究鲜有报道。未来应进一步分析干旱区盐碱土主要环境因子对微生物影响的深层机制,揭示干旱区盐碱土生态系统地下生理生态学的格局和过程。

参考文献:

- [1] Yao R, Gao Q, Liu Y, 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.
- [2] Li J, Pu L, Han M, et al. Soil salinization research in China: advances and prospects[J]. *Journal of Geographical Sciences*, 2014, 24: 943–960.
- [3] Qadir M, Quill  rou E, Nangia V, et al. Economics of salt-induced land degradation and restoration[J]. *Natural Resources Forum*, 2014, 38(4): 282–295.
- [4] Han Q, Fu Y, Qiu R, et al. Carbon amendments shape the bacterial community structure in salinized farmland soil[J]. *Microbiology Spectrum*, 2023, 11(1): e01012–22.
- [5] 董心亮, 王金涛, 田柳, 等. 盐渍化土壤团聚体和微生物与有机质关系研究进展[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2023, 31(3): 364–372.
- [6] 赵欣悦, 席海洋, 赵静, 等. 阿拉善地区土壤盐渍化的遥感反演及分布特征[J]. *中国沙漠*, 2023, 43(1): 27–36.
- [7] 杨劲松, 姚荣江. 我国盐碱地的治理与农业高效利用[J]. *中国科学院院刊*, 2015, 30(增刊1): 257–265.
- [8] 丁建丽, 陈文倩, 陈芸. 干旱区土壤盐渍化灾害预警——以渭-库绿洲为例[J]. *中国沙漠*, 2016, 36(4): 1079–1086.
- [9] Hassani A, Azapagic A, Shokri N. Global predictions of primary soil salinization under changing climate in the 21st century[J]. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 6663.
- [10] Hassani A, Azapagic A, Shokri N. Predicting long-term dynamics of soil salinity and sodicity on a global scale[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2020, 117(52): 33017–33027.
- [11] 杨航宇, 刘艳梅, 罗广元, 等. 荒漠区食细菌线虫对生物土壤结皮下土壤微生物量的影响[J]. *中国沙漠*, 2021, 41(6): 120–125.
- [12] 王亚妮, 胡宜刚, 王增如, 等. 开垦对阿拉尔绿洲盐渍化荒漠土壤微生物群落的影响[J]. *中国沙漠*, 2021, 41(6): 126–137.
- [13] Zhang G, Jia J, Zhao Q, et al. Seasonality and assembly of soil microbial communities in coastal salt marshes invaded by a perennial grass[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, 331: 117247.
- [14] Manzoni S, Schimel J P, Porporato A. Responses of soil microbial communities to water stress: results from a meta-analysis[J]. *Ecology*, 2012, 93(4): 930–938.
- [15] Qin Y, Druzhinina I S, Pan X Y, et al. Microbially mediated plant salt tolerance and microbiome-based solutions for saline agriculture[J]. *Biotechnology Advances*, 2016, 34(7): 1245–1259.
- [16] 刘寄陵. 试论西北内陆盐渍土的积盐特点与改良途径[J]. *土壤通报*, 1981, 12(4): 6–9.
- [17] 刘虎俊. 河西走廊盐渍土的积盐特点及其改良途径[J]. *甘肃科技*, 1996(6): 2–3.
- [18] 顾国安. 新疆盐渍化土壤的形成及其防治[J]. *新疆地理*, 1984(4): 1–16.
- [19] 樊自立, 马英杰, 马映军. 中国西部地区的盐渍土及其改良利用[J]. *干旱区研究*, 2001(3): 1–6.
- [20] Huang J P, Yu H P, Guan X D, et al. Accelerated dryland expansion under climate change[J]. *Nature Climate Change*, 2016, 6(2): 166–171.
- [21] 牛世全, 杨建文, 胡磊, 等. 河西走廊春季不同盐碱土壤中微生物数量、酶活性与理化因子的关系[J]. *微生物学通报*, 2012, 39(3): 416–427.
- [22] 王银山, 张燕, 谢辉, 等. 艾比湖湿地不同盐碱环境土壤微生物群落特征分析[J]. *干旱区资源与环境*, 2009, 23(5): 133–137.
- [23] 李海云, 牛世全, 孔维宝, 等. 河西走廊石羊河下游地区盐碱土中放线菌多样性: 以民勤县为例[J]. *中国环境科学*, 2015, 35(6): 1805–1813.
- [24] 罗明, 邱沃. 新疆平原荒漠盐渍草地土壤微生物生态分布的研究[J]. *中国草地*, 1995(5): 29–33.
- [25] Chen L J, Li C S, Feng Q, et al. Shifts in soil microbial metabolic activities and community structures along a salinity gradient of irrigation water in a typical arid region of China[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 598: 64–70.
- [26] Zhang K P, Shi Y, Cui X Q, et al. Salinity is a key determinant for soil microbial communities in a desert ecosystem[J]. *Msystems*, 2019, 4(1): e00225–18.
- [27] 张彬, 何红波, 白震, 等. 保护性耕作对土壤微生物特性和酶活性的影响[J]. *土壤通报*, 2010, 41(1): 230–236.
- [28] 景宇鹏, 李跃进, 年佳乐, 等. 土默川平原不同盐渍化程度土壤微生物生态特征研究[J]. *生态环境学报*, 2013, 22(7): 1153–1159.
- [29] 王国栋, 褚贵新, 刘瑜, 等. 干旱绿洲长期微咸地下水灌溉对棉田土壤微生物量影响[J]. *农业工程学报*, 2009(11): 44–48.
- [30] 路海玲, 孟亚利, 周玲玲, 等. 盐胁迫对棉田土壤微生物量和土壤养分的影响[J]. *水土保持学报*, 2011, 25(1): 197–201.
- [31] Batra L, Manna M C. Dehydrogenase activity and microbial biomass carbon in salt-affected soils of semiarid and arid regions[J]. *Arid Soil Research and Rehabilitation*, 1997, 11(3): 295–303.
- [32] 王敬宽, 高枫舒, 张楷悦, 等. 禾本科绿肥还田对盐碱地棉田土壤碳氮及微生物量碳氮的影响[J]. *中国生态农业学报(中英文)*, 2023, 31(3): 396–404.
- [33] Muhammad S, Muller T, Joergensen R G. Decomposition of pea and maize straw in Pakistani soils along a gradient in salinity[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2006, 43(1): 93–101.
- [34] Mavi M S, Marschner P. Drying and wetting in saline and saline-sodic soils-effects on microbial activity, biomass and dissolved organic carbon[J]. *Plant and Soil*, 2012, 355(1/2): 51–62.
- [35] Chowdhury N, Marschner P, Burns R G. Soil microbial activity and community composition: Impact of changes in matric and osmotic potential[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2011, 43(6): 1229–1236.
- [36] 牛世全, 龙洋, 李海云, 等. 应用 Illumina MiSeq 高通量测序技术分析河西走廊地区盐碱土壤微生物多样性[J]. *微生物学通报*, 2017, 44(9): 2067–2078.

- [37] 郑贺云,黎志坤,李超,等.新疆阿克苏地区盐碱地细菌类群多样性及优势菌群分析[J].微生物学通报,2012,39(7):1031-1043.
- [38] Sand M, Stahl J, Waclawska I, et al. Identification of an osmo-dependent and an osmo-independent choline transporter in a *Cinetobacter baylyi*: implications in osmotic stress protection and metabolic adaptation[J]. Environmental Microbiology, 2014, 16(6):1490-1502.
- [39] 柏晓玉,何子璇,李雪,等.库木塔格沙漠土壤细菌多样性及具有群体感应抑制活性放线菌筛选[J].微生物学通报,2023,50(11):4770-4783.
- [40] Valenzuela-Encinas C, Neria-González I, Alcántara-Hernández R J, et al. Changes in the bacterial populations of the highly alkaline saline soil of the former lake Texcoco (Mexico) following flooding[J]. Extremophiles, 2009, 13:609-621.
- [41] Keshri J, Mody K, Jha B. Bacterial community structure in a semi-arid haloalkaline soil using culture independent method[J]. Geomicrobiology Journal, 2013, 30(6):517-529.
- [42] Ishida T A, Nara K, Ma S R, et al. Ectomycorrhizal fungal community in alkaline-saline soil in northeastern China[J]. Mycorrhiza, 2009, 19(5):329-335.
- [43] Zandavalli R B, Dillenburg L R, de Souza P V D. Growth responses of *Araucaria angustifolia* (Araucariaceae) to inoculation with the mycorrhizal fungus *Glomus clarum*[J]. Applied Soil Ecology, 2004, 25(3):245-255.
- [44] Sardinha M, Muller T, Schmeisky H, et al. Microbial performance in soils along a salinity gradient under acidic conditions[J]. Applied Soil Ecology, 2003, 23(3):237-244.
- [45] Chowdhury N, Marschner P, Burns R. Response of microbial activity and community structure to decreasing soil osmotic and matric potential[J]. Plant and Soil, 2011, 344(1/2):241-254.
- [46] 李明,毕江涛,王静.宁夏不同地区盐碱化土壤细菌群落多样性分布特征及其影响因子[J].生态学报,2020,40(4):1316-1330.
- [47] 代金霞,田平雅,张莹,等.银北盐渍化土壤中6种耐盐植物根际细菌群落结构及其多样性[J].生态学报,2019,39(8):2705-2714.
- [48] 王改萍,阿依古丽·托乎提,王茹,等.新疆乌尔禾地区盐渍土壤耐盐细菌多样性与群落结构研究[J].微生物学杂志,2021,41(2):17-26.
- [49] 迪力热巴·阿不都肉苏力.新疆四地盐碱土壤细菌及古菌多样性研究[D].乌鲁木齐:新疆师范大学,2022.
- [50] Yin F T, Zhang F H. Reclamation of abandoned saline-alkali soil increased soil microbial diversity and degradation potential[J]. Plant and Soil, 2022, 477(1/2):521-538.
- [51] Rath K M, Rousk J. Salt effects on the soil microbial decomposer community and their role in organic carbon cycling: a review[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2015, 81:108-123.
- [52] Yuan B C, Li Z Z, Liu H, et al. Microbial biomass and activity in salt affected soils under and conditions[J]. Applied Soil Ecology, 2007, 35(2):319-328.
- [53] Saviozzi A, Cardelli R, Di Puccio R. Impact of salinity on soil biological activities: a laboratory experiment[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 2011, 42(3):358-367.
- [54] 张体彬,展小云,冯浩.盐碱地土壤酶活性研究进展和展望[J].土壤通报,2017,48(2):495-500.
- [55] Garcia C, Hernandez T, Costa F. Potential use of dehydrogenase activity as an index of microbial activity in degraded soils[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 1997, 28(1/2):123-134.
- [56] Tejada M, Garcia C, Gonzalez J L, et al. Use of organic amendment as a strategy for saline soil remediation: Influence on the physical, chemical and biological properties of soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2006, 38(6):1413-1421.
- [57] Frankenberger W T, Bingham F T. Influence of salinity on soil enzyme-activities[J]. Soil Science Society of America Journal, 1982, 46(6):1173-1177.
- [58] Pan C C, Liu C A, Zhao H L, et al. Changes of soil physico-chemical properties and enzyme activities in relation to grassland salinization[J]. European Journal of Soil Biology, 2013, 55:13-19.
- [59] 元炳成,刘权,黄伟,等.镁碱化盐土微生物生物量和土壤基础呼吸[J].土壤,2011,43(1):67-71.
- [60] 张丽华,陈亚宁,赵锐锋,等.温带荒漠中温度和土壤水分对土壤呼吸的影响[J].植物生态学报,2009,33(5):936-949.
- [61] 李典鹏,姚美思,孙涛.干旱区盐湖沿岸土壤呼吸特征及其影响因素[J].干旱区地理,2020,43(3):761-769.
- [62] 王飞,褚贵新,杨明凤,等.北疆绿洲不同盐分浓度梯度下土壤的生物活性及其功能多样性[J].土壤通报,2012,43(3):621-626.
- [63] 姚美思,朱新萍,张凯,等.表层覆盐对新疆巴里坤盐湖土壤呼吸特征的影响[J].气候变化研究进展,2016,12(6):538.
- [64] Haj-Amor Z, Araya T, Kim D G, et al. Soil salinity and its associated effects on soil microorganisms, greenhouse gas emissions, crop yield, biodiversity and desertification: a review[J]. Science of the Total Environment, 2022, 843:156946.
- [65] Li X, Wang A C, Wan W J, et al. High salinity inhibits soil bacterial community mediating nitrogen cycling[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2021, 87(21):e01366-21.
- [66] 朱永官,王晓辉,杨小茹,等.农田土壤 N_2O 产生的关键微生物过程及减排措施[J].环境科学,2014,35(2):792-800.
- [67] Setia R, Gottschalk P, Smith P, et al. Soil salinity decreases global soil organic carbon stocks[J]. Science of the Total Environment, 2013, 465:267-272.
- [68] 张先富,李卉,洪梅,等.苏打盐碱土对氮转化的影响[J].吉林大学学报(地球科学版),2012,42(4):1145-1150.
- [69] Glass N L, Schmoll M, Cate J H D, et al. Plant cell wall deconstruction by Ascomycete Fungi[J]. Annual Review of Microbiology, 2013, 67:477-498.
- [70] Syed K, Doddapaneni H, Subramanian V, et al. Genome-to-function characterization of novel fungal P450 monooxygenas-

- es oxidizing polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs)[J]. Biochemical and Biophysical Research Communications, 2010, 399(4):492-497.
- [71] Ren M, Zhang Z F, Wang X L, et al. Diversity and contributions to nitrogen cycling and carbon fixation of soil salinity shaped microbial communities in Tarim Basin[J]. Frontiers in Microbiology, 2018, 9:431.
- [72] 牛世全, 杨婷婷, 李君锋, 等. 盐碱土微生物功能群季节动态与土壤理化因子的关系[J]. 干旱区研究, 2011, 28(2): 328-334.
- [73] 张慧敏. 不同盐碱胁迫对土壤氮素转化和氨氧化微生物的影响[D]. 石河子: 石河子大学, 2018.
- [74] 姜焕焕, 李嘉钦, 陈刚, 等. 解磷微生物及其在盐碱土中的应用研究进展[J]. 土壤, 2021, 53(6): 1125-1131.
- [75] 张静, 王清, 李晓茹, 等. 利用硫酸化细菌改良盐碱土[J]. 吉林大学学报(地球科学版), 2009, 39(1): 147-151.
- [76] Pritesh P, Avnika P, Kinjal P, et al. Amelioration effect of salt-tolerant plant growth-promoting bacteria on growth and physiological properties of rice (*Oryza sativa*) under salt-stressed conditions[J]. Archives of Microbiology, 2020, 202(9): 2419-2428.
- [77] Zhang Y F, Wang P, Yang Y F, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi improve reestablishment of *Leymus chinensis* in bare saline-alkaline soil: implication on vegetation restoration of extremely degraded land[J]. Journal of Arid Environments, 2011, 75(9): 773-778.
- [78] 胡山, 牛世全, 刘洋, 等. 河西走廊盐碱土壤中一株高效溶磷菌的鉴定及条件优化[J]. 微生物学通报, 2017, 44(2): 358-365.
- [79] 赵国杰, 牛世全, 达文燕, 等. 四株无机解磷菌处理碱化土壤的理化性质及质量评价[J]. 土壤通报, 2014, 45(4): 996-1002.
- [80] 李静, 李明源, 张甜, 等. 盐生植物解磷菌的筛选及促生效应研究[J]. 核农学报, 2023, 37(7): 1470-1479.
- [81] 单双权. 盐碱土改良方式对微生物多样性的影响和功能菌株筛选[D]. 北京: 北京理工大学, 2017.
- [82] 许芳芳. 荒漠植物耐盐碱 PGPR 的分离筛选及其对盐胁迫下三种植物的促生效应和机理[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2017.
- [83] 刘少芳, 王若愚. 植物根际促生细菌提高植物耐盐性研究进展[J]. 中国沙漠, 2019, 39(2): 1-12.
- [84] 梁翔宇. 盐生植物根际细菌群落多样性分析及耐盐碱促生菌的分离筛选[D]. 银川: 宁夏大学, 2022.
- [85] 韩泽宇. 黄瓜高效耐盐促生菌株筛选鉴定及复合菌剂的制备[D]. 银川: 宁夏大学, 2019.
- [86] 牛世全, 李渭娟, 李海云, 等. 河西走廊盐碱土壤中抗马铃薯干腐病放线菌的筛选鉴定[J]. 西北师范大学学报(自然科学版), 2017, 53(2): 94-98.
- [87] 强郁荣, 李丽, 封晔, 等. 黄河中上游半干旱区典型盐渍土中细菌耐盐性及产酶特性研究[J]. 西北农业学报, 2006, 15(3): 65-68.
- [88] 李新. 不同盐碱程度盐碱土壤微生物多样性研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古师范大学, 2015.
- [89] 杨建文. 甘肃河西地区不同盐碱土壤微生物数量、酶活及理化因子的研究[D]. 兰州: 西北师范大学, 2012.
- [90] Yang G, Jiang L, Li W, et al. Structural characteristics and assembly mechanisms of soil microbial communities under water-salt gradients in arid regions[J]. Microorganisms, 2023, 11(4): 1060.
- [91] Lauber C L, Hamady M, Knight R, et al. Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, 75(15): 5111-5120.
- [92] 霍朝晨, 赵铎, 何水清, 等. 盐碱土旱田改水田后其理化性质与微生物多样性差异[J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2020, 32(1): 60-66.
- [93] 张唤, 黄立华, 王鸿斌, 等. 不同盐碱化草地土壤微生物差异及其与盐分和养分的关系[J]. 吉林农业大学学报, 2016, 38(6): 703-709.
- [94] 时唯伟, 支月娥, 王景, 等. 土壤次生盐渍化与微生物数量及土壤理化性质研究[J]. 水土保持学报, 2009, 23(6): 166-170.
- [95] 国春菲. 土壤盐分和 pH 对滨海盐土土壤微生物多样性的影响[D]. 杭州: 浙江农林大学, 2013.
- [96] 章家恩, 刘文高, 胡刚. 不同土地利用方式下土壤微生物数量与土壤肥力的关系[J]. 土壤与环境, 2002, 11(2): 140-143.
- [97] Li C, Jin L, Zhang C, et al. Destabilized microbial networks with distinct performances of abundant and rare biospheres in maintaining networks under increasing salinity stress[J]. iMeta, 2023, 2(1): e79.
- [98] 靳正忠, 雷加强, 徐新文, 等. 塔里木沙漠公路防护林土壤微生物生物量与土壤环境因子的关系[J]. 应用生态学报, 2009, 20(1): 51-57.
- [99] Oren A. Thermodynamic limits to microbial life at high salt concentrations[J]. Environmental Microbiology, 2011, 13(8): 1908-1923.
- [100] Ebrahimi A, Or D. Hydration and diffusion processes shape microbial community organization and function in model soil aggregates[J]. Water Resources Research, 2015, 51(12): 9804-9827.
- [101] Rath K M, Maheshwari A, Rousk J. The impact of salinity on the microbial response to drying and rewetting in soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2017, 108: 17-26.
- [102] 曾路生, 高岩, 李俊良, 等. 寿光大棚土壤团聚体中交换性盐基离子组成与土壤团聚性关系[J]. 水土保持学报, 2011, 25(5): 224-228.
- [103] 徐倩倩. 不同种植年限设施土壤团聚体的变化特征及其影响因素研究[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2020.
- [104] 曹良元. 土壤团聚体组成及耕作方式对微生物区系分布的影响[D]. 重庆: 西南大学, 2009.
- [105] 王秋君, 马艳, 常志州. 土壤团聚体对微生物及土传病原菌的影响[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(4): 946-950.
- [106] 窦旭, 史海滨, 李瑞平, 等. 盐渍化土壤剖面盐分与养分分布特征及盐分迁移估算[J]. 农业机械学报, 2022, 53(1): 279-290.

- [107] 陈永金,靖淑慧,杜婷婷,等.滨海湿地原生灌草群落土壤养分与盐分关系[J].南水北调与水利科技,2015,13(5):895–900.
- [108] Zabaloy M C, Garland J L, Allegrini M, et al. Soil microbial community-level physiological profiling as related to carbon and nitrogen availability under different land uses [J]. *Pedosphere*, 2016, 26(2): 216–225.
- [109] Jia X Y, Zhong Y Q W, Liu J, et al. Effects of nitrogen enrichment on soil microbial characteristics: from biomass to enzyme activities[J]. *Geoderma*, 2020, 366: 114256.
- [110] 朱婧,刘鼎,王珊,等.土壤养分及其化学计量特征对微生物碳利用效率的影响机制[J].广西师范大学学报(自然科学版),2022,40(5):376–387.

Progress on microbial characteristics in arid salt-affected soils and related factors

Wei Yuxi^{1,2}, Chen Lijuan^{1,2}, Feng Qi^{1,2}, Xi Haiyang^{1,2}, Guo Rui¹, Zhang Chengqi¹

(1. *Key Laboratory of Ecological Safety and Sustainable Development in Arid Lands, Northwest Institute of Eco-Environment and Resources, Chinese Academy of Sciences, Lanzhou 730000, China*; 2. *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China*)

Abstract: Saline soil in arid regions is important land resources in China, and their improvement and utilization are an important element in promoting the green and sustainable development of China, which is related to national food security and ecological safety. Microorganisms, as an important part of soil ecosystem, play an important role in the improvement and management of saline soils and improving the salt tolerance of plants. Intensive study on soil microbial diversity, community structure and functional characteristics in arid saline soils and the related factors can provide important microbial references for the restoration and ecological reconstruction of saline soil in arid regions. The paper organized the overview of saline soil in arid regions, analyzed the characteristics of microbial diversity, community structure and ecological function in saline soils, elaborated the related factors of saline environment on soil microbial communities, and put forward the problems in microbial research in arid saline soil and the future development direction. This review can provide references for the development and utilization of saline soil and microbial resources management in arid regions in China.

Key words: arid region; salinization; soil microorganism; community structure; functional genes