

不同成因盐碱土的理化性质及微生物特性比较

杨蕙瑄, 王亚男, 贾月慧, 陈敏余, 高进华, 解学仕, 周丽, 曾希柏

引用本文:

杨蕙瑄, 王亚男, 贾月慧, 等. 不同成因盐碱土的理化性质及微生物特性比较[J]. *农业环境科学学报*, 2026, 415(1): 139-147.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2025-0074>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

不同土壤改良剂对盐碱土壤化学性质和有机碳库的影响

冀拯宇, 周吉祥, 张贺, 郭康莉, 刘晓, 姜慧敏, 杨俊诚, 李桂花, 张建峰

农业环境科学学报. 2019, 38(8): 1759-1767 <https://doi.org/10.11654/jaes.2019-0426>

氢氧化镁铝改良滨海盐碱土机理与效果研究

田露, 赵林, 杨永奎, 乔治

农业环境科学学报. 2018, 37(10): 2220-2225 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-1738>

土壤微生物与有机物料对盐碱土团聚体形成的影响

杨华, 陈莎莎, 冯哲叶, 邓照亮, 李真, 王世梅

农业环境科学学报. 2017, 36(10): 2080-2085 <https://doi.org/10.11654/jaes.2017-0379>

不同盐碱化土壤对 NH_4^+ 吸附特性研究

徐祎璠, 孙方园, 郭亚馨, 马秀兰, 王玉军

农业环境科学学报. 2020, 39(10): 2345-2353 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0445>

施用鸡粪有机肥对种植小油菜土壤微生物群落结构多样性的影响

李可, 孙彤, 孙涛, 徐应明, 孙约兵

农业环境科学学报. 2020, 39(10): 2316-2324 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0036>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

杨蕙瑄, 王亚男, 贾月慧, 等. 不同成因盐碱土的理化性质及微生物特性比较[J]. 农业环境科学学报, 2026, 45(1): 139-147.

YANG H X, WANG Y N, JIA Y H, et al. Comparative study of physicochemical and microbial communities of different origins of saline-alkali soil[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2026, 45(1): 139-147.



开放科学 OSID

不同成因盐碱土的理化性质及微生物特性比较

杨蕙瑄^{1,2}, 王亚男², 贾月慧^{1*}, 陈敏余³, 高进华⁴, 解学仕⁴, 周丽⁴, 曾希柏^{2*}

(1. 北京农学院, 北京 102206; 2. 中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081; 3. 创想未来生物工程(新疆)有限公司, 乌鲁木齐 831399; 4. 史丹利农业集团股份有限公司, 山东 临沭 276700)

摘要:为探究不同成因盐碱土养分含量、盐分特征以及细菌群落组成的差异,分析三者间的内在联系,本研究采集新疆、吉林和河北3个典型盐碱地分布区8个不同样地的盐碱地土壤,分析了土壤养分含量、盐基离子含量,并采用高通量测序技术测定了土壤细菌群落多样性和组成。结果表明:吉林盐碱土(JL1、JL2)的盐基阴离子主要为 HCO_3^- ,其含量在 $0.5 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 以上,土壤有机质和全氮含量较高,优势微生物为放线菌门(Actinobacteria)。新疆盐碱土(XJ1、XJ2、XJ3、XJ4)的盐基阴离子以 SO_4^{2-} 为主,且 Na^+ 含量较高,微生物丰度及多样性较低,优势微生物为变形菌门(Proteobacteria)。河北盐碱土中HB1的盐基阴离子以 HCO_3^- 为主,其含量为 $0.49 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$;HB2的阴离子以 Cl^- 为主,其含量达 $29.09 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$;虽然微生物群落组成变化明显,但盐分对其丰度和多样性的影响不显著。结果显示,盐碱土的盐基离子含量、优势微生物种群及理化性质等与其成因紧密相关,微生物的多样性则主要取决于 Ca^{2+} 、 Na^+ 等的含量,且具有一定的地域性分布特点,因此,在盐碱地改良时必须充分考虑其地域分布及理化和生物学性质的差异。

关键词:盐碱土;盐基离子;高通量测序;群落组成

中图分类号:S154.3;S153 文献标志码:A 文章编号:1672-2043(2026)01-0139-09 doi:10.11654/jaes.2025-0074

Comparative study of physicochemical and microbial communities of different origins of saline-alkali soil

YANG Huixuan^{1,2}, WANG Yanan², JIA Yuehui^{1*}, CHEN Minyu³, GAO Jinhua⁴, XIE Xueshi⁴, ZHOU Li⁴, ZENG Xibai^{2*}

(1. Beijing University of Agriculture, Beijing 102206, China; 2. Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; 3. Chuangxiang Future Bioengineering (Xinjiang) Co., Ltd., Urumqi 831399, China; 4. Stanley Agricultural Group Co., Ltd., Linshu 276700, China)

Abstract: To investigate the differences in nutrient content, salt characteristics, and bacterial community composition in saline-alkali soils of different origins, and to analyze the intrinsic correlations among these factors. The findings aim to provide effective support for the management and remediation of saline-alkali lands. Soil samples were collected from eight distinct sites across three typical saline-alkali regions in Xinjiang, Jilin, and Hebei provinces. Soil nutrient contents and base ion concentrations were analyzed. High-throughput sequencing technology was employed to assess soil bacterial diversity and community composition. The saline-alkali soils from Jilin (JL1, JL2) were characterized by predominant base anions of HCO_3^- with concentrations exceeding $0.5 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$. These soils exhibited relatively high soil organic matter and total nitrogen contents, with Actinobacteria identified as the dominant microbial phylum. Xinjiang saline-alkali soils (XJ1, XJ2, XJ3, XJ4) were dominated by SO_4^{2-} base anions and exhibited high Na^+ contents, lower microbial abundance and

收稿日期:2025-01-21 录用日期:2025-04-23

作者简介:杨蕙瑄(1999—),女,北京人,硕士,主要研究方向为土壤改良利用等。E-mail:15611265465@163.com

*通信作者:曾希柏 E-mail:zengxibai@caas.cn;贾月慧 E-mail:yhjia@buaa.edu.cn

基金项目:新疆生产建设兵团重点领域科技攻关计划项目(2022AB009);山东省泰山产业领军人才项目(TSRC202306091);中国农业科学院科技创新工程项目(CAAS-ASTIP-2021-IEDA)

Project supported: Xinjiang Production and Construction Corps Key Technology Research Program (2022AB009); Shandong Taishan Industry Leading Talent Project (TSRC202306091); Chinese Academy of Agricultural Sciences Science and Technology Innovation Engineering Project (CAAS-ASTIP-2021-IEDA)

diversity, with Proteobacteria as the predominant phylum. In Hebei saline-alkali soils, HB1 showed HCO_3^- predominance ($0.49 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$), while HB2 was dominated by Cl^- ($29.09 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$). Although significant variations in microbial community composition were observed, salt content did not significantly affect microbial abundance or diversity. The content of base ions, dominant microbial populations, and physicochemical properties of saline-alkali soils are closely linked to their origins. Microbial diversity mainly depends on the concentrations of Ca^{2+} , Na^+ , and other ions, exhibiting distinct geographic distribution patterns. Thus, regional distribution and differences in physicochemical and biological properties must be thoroughly considered when developing saline-alkali land remediation strategies.

Keywords: saline-alkali soil; base ions; high-throughput sequencing; community composition

我国盐碱土广泛分布于西北、华北、东北等干旱半干旱地区及沿海地区,总面积约9 900万 hm^2 ^[1],这些地区的盐碱土是重要的后备耕地资源,对现代农业发展具有深远的影响。然而,由于气候、地形和植被等的差异,不同地区盐碱地的盐分累积方式、盐分组成存在显著差别^[2]。如在西北地区,由于内陆气候的极端干旱特征,年均蒸发量远高于降水量,导致土壤盐分快速累积,这些地区土壤中的盐基阴离子主要为 SO_4^{2-} ^[3-5],其浓度是 Cl^- 的2~10倍。华北地区盐碱土的形成主要受到季节性半湿润半干旱气候的影响,土壤盐分的累积受灌溉水的影响,发生积盐与脱盐交替过程, Cl^- 得以较多累积^[6]。东北地区松嫩平原西部地下水苏打含量较高、活动频繁,导致土壤苏打碱化^[7]。

土壤盐分含量对水分和养分有效性具有显著影响,并因此影响植物生长发育,但其对耐盐碱微生物的影响较小,这使得盐碱土中微生物的群落和组成会因盐碱含量和类型而发生一系列变化,并形成适应盐碱环境的特有微生物种群^[6]。姜右锦等^[8]通过空间自相关、半变异函数和克里金插值方法,揭示了酒泉市盐碱地土壤养分和盐分含量的空间变异特征,发现土壤养分含量与盐分含量存在显著相互关系,且主要受地形、成土母质和植被覆盖等因素影响;王莉莉等^[9]通过添加土壤调理剂提高了盐碱地的养分含量,且盐分和pH随着添加量的增加而降低,同时促进了植物的生长;李新等^[10]对河套灌区盐碱土细菌群落的研究认为,变形菌门是其中主要的细菌类群;Zhang等^[11]研究了沙漠生态系统中微生物群落与土壤盐度的关系,发现微生物多样性随着盐度的增加呈线性下降,群落差异性则会随着盐度的增加而显著增加;黄河三角洲盐碱土和沿海土壤根际中放线菌门、拟杆菌门、绿弯门等相对较富集^[12],Peng等^[13]研究指出东北大庆盐碱土的细菌优势类群为酸杆菌门和变形菌门。尽管许多学者在土壤盐分对养分和微生物群落组成的影响方面做了诸多研究,但盐碱地盐分组成对微生物影响的系统研究仍显不足。

本研究采集了东北、西北、华北3个典型盐碱地分布区的8个土壤样品,测定其养分及盐分含量,并利用高通量测序技术分析其细菌群落组成和多样性,研究不同成因盐碱土的养分和盐分特征及其对细菌群落多样性影响,阐释盐碱地微生物群落与盐分特征的内在关联,可为盐碱地改良利用提供科学依据,并为盐碱地生产力提升和优质高效生产提供有效支撑。

1 材料与方法

1.1 土壤样品的采集

分别在吉林大安中国科学院东北地理与农业生态研究所盐碱湿地生态实验站(JL1)、吉林白城通榆县黎明村(JL2)、新疆生产建设兵团十二师五一农场(XJ1)、新疆喀什伽师县克孜勒苏乡(采集3种不同含盐量土壤,分别标注为XJ2、XJ3、XJ4)、河北沧州海兴(采集2个不同含盐量土壤,分别标注为HB1、HB2)采集盐碱土样品(表1)。土壤样品的采样深度均为0~20 cm,每个采样点均在相邻的3个地块内各采集1个样品,每个样品均按“S”布点方法采5个点,将采集的新鲜土壤样品均匀混合后分为2份,分别装袋并做好标记。其中较少的部分土样(100 g左右)置于冰盒中,尽快送回实验室并保存于-20℃冰箱,用于微生物群落及多样性分析;较多的部分土样(2 000 g左右)风干过孔径1 mm筛后保存,用于土壤理化性质和盐分指标的测定。

1.2 土壤理化性质测定

土壤有机质(SOM)的测定采用重铬酸钾容量法-外加热法;土壤全氮(TN)的测定采用凯氏定氮法;土壤全磷(TP)的测定采用 $\text{HClO}_4\text{-H}_2\text{SO}_4$ -钼锑抗比色法;土壤全钾(TK)的测定采用 NaOH 熔融-火焰光度法;土壤有效磷(AP)的测定采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗比色法;土壤速效钾(AK)的测定采用中性醋酸铵浸提-火焰光度法;阳离子交换量(CEC)的测定采用乙酸钠法;交换性钠含量的测定采用 $\text{NH}_4\text{OAc-NH}_4\text{OH}$ 火焰光度法;按照土水比1:5提取

表1 供试土壤采样地点

Table 1 Sampling sites and distribution areas of the tested soils

样品编号 Sampling number	采样地点 Sampling location	所在区域 Area of distribution	年均降水量 Average annual precipitation(mm)	年均灌溉水量 Average annual irrigation water/(m ³ ·a ⁻¹)	经纬度 Latitude and longitude
JL1	吉林大安中科院东北地理与农业生态研究所生态实验站	东北半湿润-半干旱草原-草甸盐碱区	670	120	45°37'N, 122°50'E
JL2	吉林省白城市通榆县黎明村				45°26'N, 123°25'E
XJ1	新疆生产建设兵团十二师五一农场	西北极端干旱-荒漠盐碱区	180	680	44°37'N, 87°45'E
XJ2	新疆喀什伽师县克孜勒苏乡1号地				40°12'N, 77°15'E
XJ3	新疆喀什伽师县克孜勒苏乡2号地				40°12'N, 77°15'E
XJ4	新疆喀什伽师县克孜勒苏乡3号地				40°12'N, 77°15'E
HB1	河北沧州海兴县1号地	黄淮海冲积平原半湿润-半干旱旱作-草甸盐碱区	550	170	39°30'N, 117°33'E
HB2	河北沧州海兴县2号地				39°30'N, 117°33'E

土壤浸提液,土壤含盐量的测定采用残渣烘干-质量法,pH值的测定采用pH计,电导率(EC)的测定使用电导率仪。

土壤盐基离子组成的测定:按照土水比1:5制取土壤浸提液,经0.45 μm的微孔滤膜过滤后,使用ICP-OES(Agilent 5800 ICP-OES)测定可溶性Na⁺、K⁺、Mg²⁺、Ca²⁺含量;土壤中HCO₃⁻和CO₃²⁻的含量采用双指示剂-中和滴定法测定;Cl⁻的含量采用硝酸盐滴定法测定;SO₄²⁻的含量采用硫酸钡比浊法测定。以上土壤理化性质测定的具体方法参照鲍士旦^[14]的描述。利用以下公式计算土壤碱化度(ESP)与钠吸附比(SAR)^[15]:

$$p_{ESP} = \frac{c_{NaE}}{c_{CEC}} \times 100\%$$

式中: p_{ESP} 为土壤样品中交换性钠的百分比,%; c_{NaE} 为交换性钠离子含量,mg·kg⁻¹; c_{CEC} 为阳离子交换量,mg·kg⁻¹。

$$p_{SAR} = \frac{c_{Na^+}}{\sqrt{\frac{c_{Ca^{2+}} + c_{Mg^{2+}}}{2}}}$$

式中: p_{SAR} 为土壤样品中钠吸附比; c_{Na^+} 为可溶性钠离子含量,mg·kg⁻¹; $c_{Ca^{2+}}$ 为可溶性钙离子含量,mg·kg⁻¹; $c_{Mg^{2+}}$ 为可溶性镁离子含量,mg·kg⁻¹。

1.3 DNA提取和扩增子测序

使用1%的琼脂糖凝胶电泳检测抽提土壤样品中DNA的质量^[16],对16S rRNA基因V3~V4可变区进行PCR扩增,并用Qubit 4.0(Thermo Fisher Scientific, USA)对回收产物进行检测定量。使用NEXTFLEX® Rapid DNA-Seq Kit对纯化后的PCR产物进行建库。利用Illumina Nextseq2000平台测序(上海美吉生物医药科技有限公司)。

1.4 数据处理

使用Excel 2023和SPSS 22.0软件进行土壤理化性质数据的处理和统计分析,对数据进行正态性检验,使用单因素方差分析(One-way ANOVA)中的Duncan多重比较($P<0.05$)检验不同处理之间差异的显著性。数据可视化过程中,Origin 2024用于绘制柱状图。采用Mothur^[17]软件计算α多样性指数,并采用R-3.3.1中的vegan包进行β多样性的组间差异分析、冗余分析(RDA)以及相关性分析等,使用corrplot包进行Pearson相关性分析。所有数据均以平均值±标准差($n=3$)的形式表示。

2 结果与分析

2.1 不同区域盐碱地的养分特征

表2为3个典型区域盐碱土的养分含量情况,可看出8个土壤样品间差异显著。总体看,吉林(JL1、JL2)盐碱土有机质及全氮含量较高,但全磷、全钾含量相对较低;新疆盐碱土除兵团五一农场样地(XJ1,兵团在种耕地)土壤有机质及氮、磷、钾含量均显著高于其他样地外($P<0.05$),喀什(XJ2、XJ3、XJ4)盐碱地中的全钾及速效钾含量较高,但有机质和全氮含量低;河北沧州盐碱地(HB1、HB2)的全磷、全钾含量相对较高。上述结果说明,3个区域几种盐碱地样品中有机质及氮、磷、钾养分含量的差异,不仅与盐碱地本身的特性具有一定的相关性,而且在很大程度上也与样品采集时调查的样地利用方式、施肥、管理等密切相关。

2.2 不同成因盐碱地的盐基离子含量和碱化特征

通过测定各样地pH、电导率、阳离子交换量等指标,计算ESP和SAR,判断3个区域土壤样品盐化或

表2 不同盐碱土壤相关养分含量

Table 2 Organic matter, total potassium, available potassium, total phosphorus, available phosphorus and total nitrogen contents in different saline-alkali soils

样品编号 Sampling number	有机质 SOM/(g·kg ⁻¹)	全氮 TN/(g·kg ⁻¹)	全磷 TP/(g·kg ⁻¹)	有效磷含量 AP/(mg·kg ⁻¹)	全钾 TK/(g·kg ⁻¹)	速效钾含量 AK/(mg·kg ⁻¹)
JL1	15.04±0.65b	0.89±0.02b	0.25±0.03c	9.88±1.41e	3.88±0.04bc	106.27±9.20g
JL2	14.09±0.40c	0.74±0.00c	0.24±0.02c	21.72±0.09b	2.81±0.03c	307.45±11.39c
XJ1	19.69±0.30a	1.18±0.01a	0.88±0.04a	24.60±1.35a	9.63±0.09a	397.07±5.11a
XJ2	5.83±0.13f	0.36±0.01g	0.51±0.01b	4.33±0.06g	9.03±0.11a	382.66±1.95b
XJ3	5.98±0.15f	0.47±0.01f	0.61±0.02b	14.75±0.54c	9.66±0.10a	128.74±1.82f
XJ4	6.84±0.06e	0.52±0.01e	0.55±0.03b	12.08±0.53d	8.96±0.11a	217.29±1.91e
HB1	9.50±0.22d	0.64±0.02d	0.89±0.03a	14.28±0.41c	9.18±0.10a	233.58±5.38d
HB2	6.21±0.21ef	0.29±0.01h	0.51±0.02b	6.56±0.25f	5.70±0.01b	103.48±1.81g

注: 同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)。下同。

Note: Different lowercase letters in a column indicate significant differences among treatments at $P<0.05$. The same below.

碱化程度。按照国际上认可的美国盐土实验室分类分级方法^[18], 将ESP<15%的盐碱土定为盐质土, 再根据电导率判定盐碱化程度, 其结果如表3所示, 可以看出: 河北沧州盐碱地土壤HB1为轻度(I级)盐质土, 吉林盐碱地JL1、新疆兵团五一农场盐碱地土壤(XJ1)为中度(II级)盐质土, 吉林盐碱地JL2、新疆喀什盐碱地XJ3为极重(IV级)盐质土。当电导率<400 $\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$ 时为钠质土, 再根据ESP判断其钠质程度, 发现新疆喀什盐碱地XJ2和河北沧州盐碱土HB2为极重(IV级)钠质土。而新疆喀什盐碱地XJ4的ESP不仅大于15%, 且电导率很高, 根据分级标准可确定为重度(III级)盐化-钠质土。

表4是3个区域8种盐碱地土壤的主要盐离子含量情况, 可以看出, 吉林两个盐碱地土壤(JL1、JL2)、新疆兵团五一农场土壤(XJ1)、河北轻度盐碱地土壤(HB1)的阴离子主要为 HCO_3^- ; 新疆喀什地区(XJ2、XJ3、XJ4)盐碱地土壤的阴离子主要为 SO_4^{2-} , 其

中XJ2土壤的 SO_4^{2-} 含量最高, 达到5 656.96 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, Na^+ 含量也显著高于其他样地, Cl^- 含量亦高达17.65 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$; 河北重度盐碱土(HB2)也主要以 Na^+ 和 Cl^- 为主。土壤盐分含量, 尤其是 Na^+ 和 Cl^- 含量提高, 可改变土壤的一些理化特性(如渗透性和离子竞争等), 并进而影响一些种群微生物的生长, 从而使微生物的群落和组成等发生变化。

2.3 不同成因盐碱地土壤细菌群落差异

2.3.1 土壤细菌群落的 α 多样性

从表5可以看出, 3个典型地区8种盐碱土壤中细菌的 α 多样性和丰富度差异显著。其中吉林盐碱土JL2的Chao1指数和ACE指数在所有土壤样品中最高, 分别为3 995.83和4 161.68, 即该土壤的细菌丰富度最高。吉林盐碱土JL1的Shannon指数最高、Simpson指数最低, 分别为7.46和0.001, 说明该土壤的细菌多样性最高。新疆喀什盐碱土XJ2的Chao1指数和ACE指数是所有样品中最低的, 分别为1 867.86

表3 不同盐碱土壤盐化及碱化参数

Table 3 Salinization and alkalinization parameters of different saline-alkali soils

样品编号 Sampling number	pH	电导率EC/ ($\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1}$)	交换性钠离子含量 NaE/($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)	阳离子交换量 CEC/($\text{cmol}\cdot\text{kg}^{-1}$)	碱化度 ESP/%	钠吸附比 SAR	含盐量 Salt content/($\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$)	分类分级 Classification and grading
JL1	10.38	707.23	89.44	7.44	12.01	83.19	8.81	中度盐质土
JL2	8.70	1 678.00	86.45	8.81	9.81	156.63	2.30	极重盐质土
XJ1	8.00	676.27	14.54	13.28	1.09	11.97	0.53	中度盐质土
XJ2	9.02	15.73	200.33	4.14	48.39	256.99	39.60	极重钠质土
XJ3	8.10	2 334.67	44.97	4.88	9.21	22.39	57.40	极重盐质土
XJ4	8.80	4 186.67	84.94	4.80	17.70	40.99	11.31	重度盐化-钠质土
HB1	8.82	145.73	8.90	9.89	0.90	10.08	14.42	轻度盐质土
HB2	8.72	16.61	220.08	4.20	50.24	394.17	13.90	极重钠质土

表4 不同盐碱土壤盐基离子含量

Table 4 Salt-based ions content in different saline-alkali soils

样品编号 Sampling number	阳离子含量 Salt cations contents/(mg·kg ⁻¹)				阴离子含量 Salt anion contents/(g·kg ⁻¹)			
	Ca ²⁺	K ⁺	Na ⁺	Mg ²⁺	SO ₄ ²⁻	Cl ⁻	CO ₃ ²⁻	HCO ₃ ⁻
JL1	78.46±17.10d	76.94±12.01c	771.98±21.83cd	93.79±13.48e	4.27±0.91d	0.49±0.02e	0.24±0.01a	0.51±0.03a
JL2	132.19±5.44d	59.45±4.37c	1 607.40±84.74bc	78.44±4.26e	42.98±0.60d	1.71±0.02cd	<0.01±<0.01c	0.53±0.02a
XJ1	377.90±32.01c	65.43±1.82c	176.85±4.87d	58.48±1.46e	31.01±2.16d	0.25±0.02e	<0.01±<0.01c	0.29±0.03b
XJ2	2 749.50±186.05b	292.29±22.77a	12 351.60±839.55a	1 870.46±114.36a	5 656.96±197.52a	17.65±0.14b	0.03±0.01b	0.19±0.01c
XJ3	2 756.52±97.96b	71.58±3.45c	876.75±23.18cd	309.23±10.15d	1 953.66±8.23c	1.20±0.02d	<0.01±<0.01c	0.21±0.01c
XJ4	3 157.40±118.26a	150.93±4.72b	1 793.48±45.68b	671.87±19.82c	2 417.02±71.14b	2.11±0.04c	<0.01±<0.01c	0.2±0.02c
HB1	51.20±0.41d	20.28±1.96d	59.10±0.26d	17.60±0.16e	3.07±1.51d	0.08±0.01e	<0.01±<0.01c	0.49±0.03a
HB2	296.17±25.64cd	55.32±1.97c	12 316.05±15.75a	1 656.35±25.11b	53.16±0.60d	29.09±0.66a	<0.01±<0.01c	0.31±0.01b

表5 不同盐碱土中细菌群落高通量测序文库信息

Table 5 Information of high-throughput sequencing of bacterial communities in different saline-alkali soils

样品编号 Sampling number	ACE	Chao1	Shannon	Simpson	Sobs	Coverage
JL1	3 921.23ab	3 809.72ab	7.46a	0.001a	3 750.33a	0.99
JL2	4 161.68a	3 995.83a	7.34ab	0.002a	3 644.33a	0.98
XJ1	3 205.91abc	3 091.34abc	7.12ab	0.002a	3 021.00b	0.99
XJ2	1 867.55d	1 867.86d	6.67ab	0.004a	1 847.00c	1.00
XJ3	3 009.45bc	2 925.03bc	6.82ab	0.005a	2 802.33b	0.99
XJ4	2 850.82cd	2 775.75cd	6.96ab	0.002a	2 718.67b	0.99
HB1	2 872.81cd	2 791.87cd	6.53b	0.041a	2 731.00b	0.99
HB2	2 476.77cd	2 412.38cd	6.64ab	0.004a	2 376.00bc	0.99

和1 867.55,说明该土壤中微生物的丰富度最低。河北沧州盐碱土 HB1 的 Shannon 指数最低、Simpson 指数最高,分别为 6.53 和 0.041,说明该土壤的细菌多样性最低。在所有土壤样品中,吉林盐碱地土壤(JL1 和 JL2)中细菌的 α 多样性显著高于其他地区,说明有机质含量及盐碱度与微生物丰度及多样性密切相关。通过比较不同成因的盐碱土的结果,发现在吉林西部盐碱土中 Ca²⁺ 含量较高、土壤微生物的多样性也较强,新疆地区盐碱土中 Na⁺ 和 SO₄²⁻ 含量较高,这可能是微生物生长的重要抑制因子,而河北(华北平原)盐碱地中微生物的丰度和多样性受土壤盐度的影响不显著。

2.3.2 土壤中细菌的群落组成

不同土壤中细菌群落结构组成及各类细菌类群所占比例均有一定差异(图1)。尽管几种土壤中相对丰度前10的优势细菌种类一致,但其丰度和相对占比差异较明显。其中吉林盐碱土(JL1、JL2)、新疆兵团五一农场盐碱土(XJ1)、河北沧州盐碱土 HB1 中相对丰度最高的优势菌为放线菌门(Actinobacteria),平均相对丰度分别为 25.73%、20.47%、26.00%、35.50%。新疆喀什盐碱土 XJ3 的优势菌为绿弯菌门

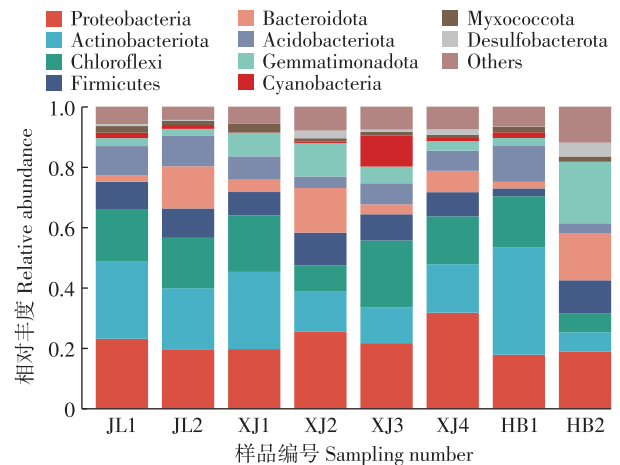


图1 不同成因盐碱土中细菌在门分类水平的群落组成

Figure 1 Community composition of bacteria at the phylum level in different saline-alkali soils

(Chloroflexi), 平均相对丰度为 22.22%; ESP>15% 的新疆喀什盐碱土 XJ2 和 XJ4 的优势菌均为变形菌门(Proteobacteria), 其平均相对丰度分别为 25.55% 和 31.73%。Na⁺ 含量高的河北沧州盐碱土 HB2 的优势菌为芽单胞菌门(Gemmatimonadota), 平均相对丰度

为20.31%。由此可见,在盐碱土中丰度占绝对优势的微生物为变形菌门和放线菌门。进一步对不同盐碱地菌群含量占比前3的优势菌门(变形菌门、放线菌门、绿弯菌门)进行Kruskal-Wallis显著性差异分析(图2),结果表明,前3的优势菌门在不同区域间均具有显著差异,说明各个地区盐碱土的性质,特别是盐基离子的类型和含量,对细菌群落结构具有较大的影响。

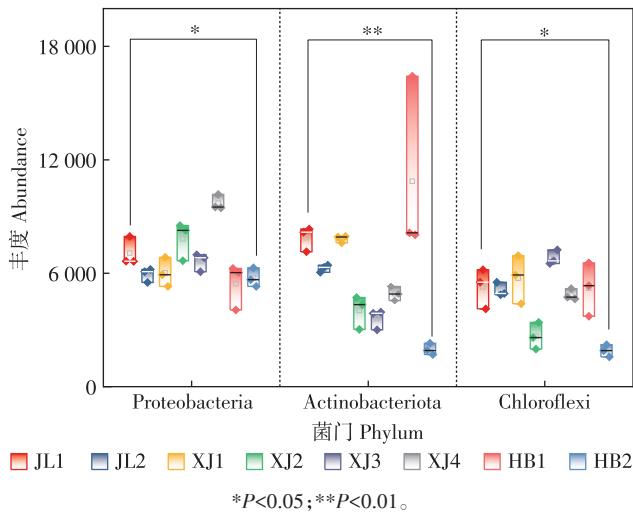


图2 不同盐碱土壤细菌在门分类水平的物种差异分析
Figure 2 Species difference analysis of bacteria at the phylum level in different saline-alkaline soils

2.3.3 细菌群落与土壤理化性质及盐分特性的相关性分析

基于前述研究结果,应用方差膨胀分析(VIF)方法,去掉前述结果中关联性强的因子,只保留相互间关联较小、相对独立的环境因子指标(即 $VIF < 10$),最终选取了SOM、TP、TK、AK、 $S-K^+$ 、 Cl^- 含量以及EC等指标作为环境因子进行后续相关性分析。

利用方差分解分析(VPA)方法,研究土壤养分、盐分因子和其他环境因子对盐碱土中细菌群落组成的解释量,可得到决定细菌群落组成差异的各环境因子相对贡献率大小。VPA结果显示,VIF筛选后的土壤养分因子(SOM、TP、AK、TK)和土壤盐分因子($S-K^+$ 、 Cl^- 、EC)共计可以解释73.59%的细菌群落分布差异,其中土壤养分可以解释16.74%的细菌群落变异,土壤盐分因子可以解释46.15%,二者共同可以解释10.70%的细菌群落变异。基于该结果,可以认为所研究的8种土壤中,细菌群落组成更容易受到土壤盐分的影响而发生多样性及组成的改变。

将采集的8个盐碱土样品细菌群落与土壤样品

的理化性质(SOM、TP、AK、TK、 $S-K^+$ 、 Cl^- 、EC)进行冗余分析,结果(图3)表明,EC、TP、AK、OM、 Cl^- 、 $S-K^+$ 和TK与物种分布的决定系数(R^2)分别为0.48、0.39、0.07、0.31、0.92、0.19和0.04,其中 Cl^- 对物种分布影响最大。新疆喀什盐碱土XJ2和河北沧州盐碱土HB2细菌群落组成的相似性高,且细菌群落主要与土壤 Cl^- 含量相关。新疆喀什盐碱土XJ3和XJ4的细菌群落主要与土壤EC和TP含量相关。吉林盐碱土(JL1和JL2)、新疆兵团五一农场盐碱土(XJ1)、河北沧州盐碱土HB1的细菌群落主要与SOM含量相关。根据上述分析,初步认为土壤中 Cl^- 、EC、TP、SOM等指标,可能是驱动细菌群落分布的重要因子。

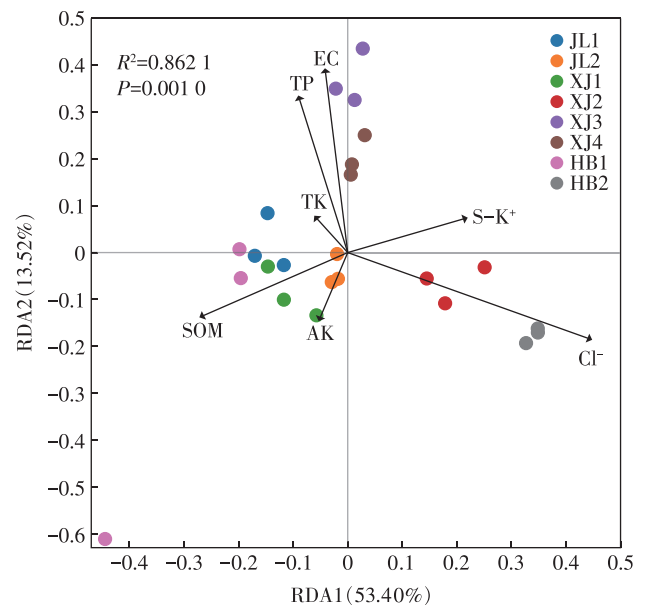


图3 细菌群落与环境因子的冗余分析
Figure 3 Redundancy analysis of bacterial communities and environmental factors

优势细菌门与环境因子的Pearson相关性热图见图4,土壤中盐分因子、养分因子与优势细菌门之间存在显著相关。具体而言,新疆喀什盐碱土XJ2和XJ4中的优势菌变形菌门的相对丰度与EC、 Ca^{2+} 、 K^+ 、 SO_4^{2-} 间呈显著正相关($P < 0.01$ 或 $P < 0.001$),其中以 Ca^{2+} 的影响最为显著。吉林盐碱土(JL1和JL2)、新疆兵团五一农场盐碱土(XJ1)及河北沧州盐碱土HB1中优势菌放线菌门的相对丰度与SOM和TN含量呈显著正相关($P < 0.01$)。新疆喀什盐碱土XJ3中优势菌绿弯菌门与TN、TP、AP含量间呈显著正相关($P < 0.01$)。此外还需注意的是,由于土壤有机质养分状况实际上与成土母质和施肥管理等密切相关,因此在进行养分、盐分

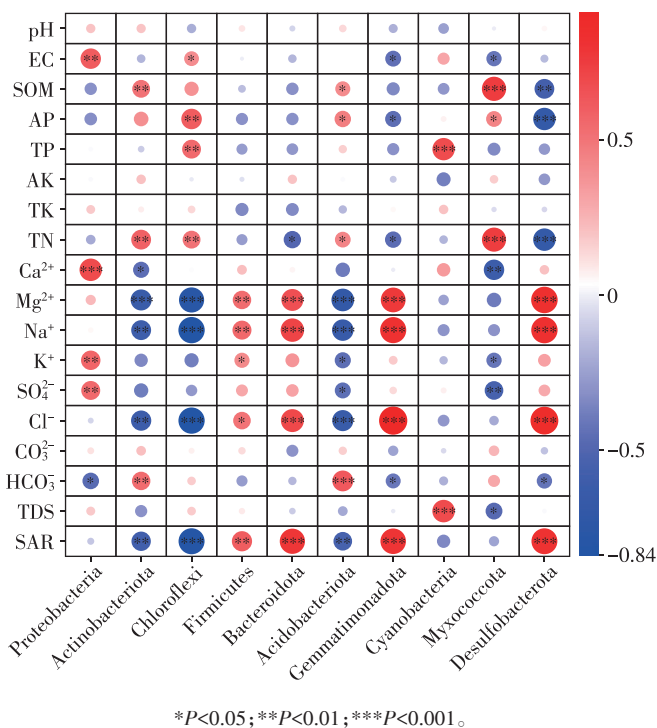


图4 优势菌门与环境因子的Pearson相关性热图

Figure 4 Pearson correlation heatmap of dominant bacteria and environmental factors

和微生物的相关性分析时会有一些偏差。河北沧州盐碱土HB2的优势菌芽单胞菌门与土壤Cl⁻、Na⁺和Mg²⁺的含量间呈显著正相关($P<0.001$)。

3 讨论

3.1 立地条件对盐碱土理化性质及盐分特征的影响

不同立地条件下形成的盐碱土,其盐基离子、养分含量均具有一定差异。从本研究的结果看,吉林、新疆、河北三地盐碱土性质的差异,与其所处的气候、水分状况以及土地利用方式和耕作管理等密切相关。吉林盐碱土主要分布在松嫩平原西部,一是降雨相对丰富,二是区域土壤形成中受碳酸盐矿物运移和沉积等的影响较大^[19],这也是其中CO₃²⁻和HCO₃⁻含量较高的主要原因。由于有CO₃²⁻和HCO₃⁻的存在,土壤的缓冲能力较强,有机质等养分含量较高,微生物的活性也较强,盐碱的危害也稍弱。新疆地区盐碱土地处降雨稀少、蒸发强烈的内陆,加之含硫酸盐等矿物的风化、地下水中溶解盐上升等原因导致表土层Na⁺和SO₄²⁻大量累积,因而其含量相应较高^[20-22],而盐碱化严重的地区通常也更加干旱,从而导致仅适合少数耐盐植物生长。地处华北平原北部的河北,同时也是我国农业生产条件最好的地区,降水量适中、农业灌溉有

保障,尽管地下水中Cl⁻、Na⁺等的含量较高,但因雨季降雨较多且灌溉水量较大等原因,耕地表层土壤中Cl⁻和Na⁺的累积较少,且种植作物时施肥量较大,所以土壤中养分含量较高;而在废弃耕地或荒地中则因地下水上移等原因,累积的Cl⁻和Na⁺含量也较大,且养分含量也相应较低。

可以看出,不同立地条件下形成的盐碱土,由于水分状况、地下水含盐量等诸多自然条件的差异,土体中水分运移、表层土壤盐分累积量及盐基离子成分等存在差别。同时,气候等条件的差异也决定了作物种植类型、灌溉、耕作、施肥、管理方式等人为措施,并最终影响到土壤表层盐分累积量和类型、养分含量等一系列指标。对于同一地区,粗放型的管理会导致土壤盐分累积加重,作物生长不佳等,但充足的水分前提下,长期用水管理可以很好地对盐碱地中盐分进行冲洗。这种结果说明,在开展盐碱地改良时,一是要充分考虑盐碱地的成因,即所处的立地条件;二是要结合盐碱土的盐离子组成;三是盐碱地当前的利用情况、植被类型等;四也是最重要的一点就是要考虑水资源状况,即适水种植、改良。

3.2 盐碱土理化性质对细菌群落的影响

盐碱土的含盐量及类型等,不仅与养分含量及有效性具有一定关联,同时也与其利用方式、作物生长及产量等密切相关,并影响着其中微生物的种群和活性等。本研究采集的吉林、河北、新疆3个典型地区盐碱地样品中,吉林盐碱地中Ca²⁺、有机质和养分含量较高,有利于微生物的生长繁衍,但同时盐基离子的存在又抑制了部分微生物的生长,因而微生物多样性较丰富、丰度也较高,且其中的优势微生物放线菌门在土壤有机质矿化分解中具有十分关键的作用^[23-28]。但放线菌门细菌丰度与土壤含盐量呈负相关,过高的盐分会抑制放线菌的活性^[29-31],限制其在土壤中的生长。新疆盐碱土大多灌水严重不足,表层土壤中累积的Na⁺和SO₄²⁻通常也较多,导致多数微生物的生长受到抑制,而对环境条件的适应性和耐盐能力较强的变形菌门成为了优势微生物,且其丰度与土壤的电导率和盐含量呈正相关^[32-33]。华北地区受管理方式的影响差异较大,长期在水管理下的盐碱地与吉林地区相似,有机质含量较高,因而放线菌门为优势菌门,未管理盐碱地中因Cl⁻和Na⁺的含量较高,放线菌门微生物数量降低,但同时芽单胞菌门微生物的数量增加,这是由于芽单胞菌门微生物较适合在养分缺乏或盐分高的环境中生存^[34-36],且其对Cl⁻具有较强

的耐受性^[37]。

从上述结果可以看出,不同成因盐碱土中微生物的多样性和丰度差异较大,这种差异无疑在很大程度上与其所处立地下土壤养分类型及含量、养分特性等的差异密切相关。同时,这种结果也反映了微生物种群和活性对土壤环境变化的适应或选择压力,体现了微生物在适应复杂的盐碱环境中的生态适应机制。这些研究结果也为进一步明确不同类型盐碱土中微生物的结构和功能,从而为盐碱土改良与生态调控提供了一定参考。

4 结论

(1)盐碱土的成因显著影响其含盐量及类型、养分含量等性质。新疆盐碱土含盐量明显较高,且以 SO_4^{2-} 、 Na^+ 为主,吉林盐碱土中以 CO_3^{2-} 和 HCO_3^- 为主,河北盐碱土则主要为 Cl^- 和 HCO_3^- 。而从土壤有机质等养分含量看,吉林盐碱土中有机质和全氮含量较高,河北盐碱土中磷、钾含量较高,新疆盐碱土中则钾素较丰富。

(2)盐碱土的含盐量和类型显著影响土壤微生物的优势种群和多样性。吉林盐碱土中微生物的多样性和丰度较高,优势微生物为放线菌门;新疆盐碱土中微生物的多样性和丰度较低,优势微生物为适应高盐环境的变形菌门;河北盐碱土中放线菌门微生物丰度较低,但芽单胞菌门微生物丰度较高。

(3)相关分析结果表明,盐碱土中细菌群落的分布特点及规律主要受 Cl^- 、电导率、总磷和土壤有机质等指标的影响。

参考文献:

- [1] 姜展博, 宁松瑞, 王全九. 脱硫石膏改良盐碱土壤综合评价研究[J]. 土壤学报, 2024, 61(3): 699-713. JIANG Z B, NING S R, WANG Q J. A comprehensive evaluation of the effect of desulfurized gypsum for improving saline-alkali soil[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2024, 61(3): 699-713.
- [2] 熊毅. 中国盐渍土分区[J]. 土壤学报, 1957(1): 50-60. XIONG Y. Saline soil zoning in China[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 1957(1): 50-60.
- [3] 张灵芝, 李蒙, 李洪义, 等. 脱硫石膏与聚谷氨酸配施对盐碱化土壤的改良效果[J]. 水土保持通报, 2023, 43(6): 115-125. ZHANG L Z, LI M, LI H Y, et al. Effects of desulfurized gypsum applied combined with polyglutamic acid on improving saline soil[J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2023, 43(6): 115-125.
- [4] 朱生堡, 乌尔古丽·托尔逊, 唐光木, 等. 新疆盐碱地变化及其治理措施研究进展[J]. 山东农业科学, 2023, 55(3): 158-165. ZHU S B, WUERGULI T, TANG G M, et al. Research progress on saline-alkali land changes and its treatment measures in Xinjiang[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2023, 55(3): 158-165.
- [5] 吕宁, 石磊, 戴昱余, 等. 新疆盐碱地治理利用研究回顾与启示[J]. 灌溉排水学报, 2024, 43(12): 1-10. LÜ N, SHI L, DAI Y Y, et al. Reclamation of saline-alkali soils in Xinjiang: a review[J]. *Journal of Irrigation and Drainage*, 2024, 43(12): 1-10.
- [6] 俞冰倩, 杨赛, 朱琳, 等. 响应土壤阴离子类型的盐碱土古细菌群落多样性研究[J]. 中国环境科学, 2018, 38(7): 2731-2739. YU B Q, YANG S, ZHU L, et al. Diversity characteristic of archaeal community responding to soil anion in saline-alkali soil[J]. *China Environmental Science*, 2018, 38(7): 2731-2739.
- [7] 杨真, 王宝山. 中国盐渍土资源现状及改良利用对策[J]. 山东农业科学, 2015, 47(4): 125-130. YANG Z, WANG B S. Present status of saline soil resources and countermeasures for improvement and utilization in China[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2015, 47(4): 125-130.
- [8] 姜右锦, 张松林, 刘阳. 盐碱地土壤养分和盐分含量的空间变异特征研究[J]. 河南农业科学, 2020, 49(3): 70-78. JIANG Y J, ZHANG S L, LIU Y. Spatial variability of soil nutrient and salt contents in saline-alkali land soil[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2020, 49(3): 70-78.
- [9] 王莉莉, 谭军利, 陈欣, 等. 土壤调理剂对盐碱地土壤盐分、pH值及麒麟西瓜产量的影响[J]. 干旱地区农业研究, 2024, 42(4): 145-154. WANG L L, TAN J L, CHEN X, et al. Effects of soil conditioner on soil salinity, pH of saline-alkali soil, and yield of Kirin watermelon [J]. *Agricultural Research in the Arid Areas*, 2024, 42(4): 145-154.
- [10] 李新, 焦燕, 代钢, 等. 内蒙古河套灌区不同盐碱程度的土壤细菌群落多样性[J]. 中国环境科学, 2016, 36(1): 249-260. LI X, JIAO Y, DAI G, et al. Soil bacterial community diversity under different degrees of saline-alkaline in the Hetao area of Inner Mongolia[J]. *China Environmental Science*, 2016, 36(1): 249-260.
- [11] 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.
- [12] YANG Y J, LIU L, SINGH R P, et al. Nodule and root zone microbiota of salt-tolerant wild soybean in coastal sand and saline-alkali soil[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, 11: 2178.
- [13] PENG M, JIA H B, WANG Q Y. The effect of land use on bacterial communities in saline-alkali soil[J]. *Current Microbiology*, 2017, 74(3): 325-333.
- [14] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 3版. 北京: 中国农业出版社, 2000. BAO S D. Soil and agro-chemistry analysis[M]. 3rd Edition. Beijing: China Agriculture Press, 2000.
- [15] 杨晓娟, 何浩, 程李洋, 等. 盐渍土施用有机物料对作物生长及土壤盐碱指标的影响[J]. 环境科学, 2025, 46(3): 1751-1761. YANG X J, HE H, CHENG L Y, et al. Effects of organic materials applied to saline soil on crop growth and soil salinealkali index[J]. *Environmental Science*, 2025, 46(3): 1751-1761.
- [16] LIU C S, ZHAO D F, MA W J, et al. Denitrifying sulfide removal process on high-salinity wastewaters in the presence of *Halomonas* sp.

- [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016, 100(3): 1421–1426.
- [17] SCHLOSS P D, WESTCOTT S L, RYABIN T, et al. Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, 75(23):7537–7541.
- [18] WICKE B, SMEETS E, DORNBURG V, et al. The global technical and economic potential of bioenergy from salt-affected soils[J]. *Energy & Environmental Science*, 2011, 4(8):2669–2681.
- [19] 张海欧. 浅析中国盐渍土分布及演变特征[J]. 农业与技术, 2022, 42(5): 104–107. ZHANG H O. Analysis on distribution and evolution characteristics of saline soil in China[J]. *Agriculture and Technology*, 2022, 42(5):104–107.
- [20] 胡明芳, 田长彦, 赵振勇, 等. 新疆盐碱地成因及改良措施研究进展[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2012, 40(10):111–117. HU M F, TIAN C Y, ZHAO Z Y, et al. Salinization causes and research progress of technologies improving saline-alkali soil in Xinjiang[J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2012, 40(10):111–117.
- [21] 方生, 陈秀玲. 华北平原大气降水对土壤淋洗脱盐的影响[J]. 土壤学报, 2005, 42(5): 730–736. FANG S, CHEN X L. Influence of atmospheric precipitation on soil leaching and desalinization in the North China Plain[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2005, 42(5):730–736.
- [22] 李韵珠, 石元春. 土壤和地下水化学类型和垂向主组分的动态:以河北曲周盐渍土区为例[J]. 土壤学报, 2003, 40(4):481–489. LI Y Z, SHI Y C. Dynamics of chemical types and main components in vertical profile of soil and groundwater salt-affected soil area in Quzhou, Hebei[J]. *Acta Pedologica Sinica*, 2003, 40(4):481–489.
- [23] CANFORA L, BACCI G, PINZARI F, et al. Salinity and bacterial diversity: to what extent does the concentration of salt affect the bacterial community in a saline soil? [J]. *PLoS One*, 2014, 9(9): e106662.
- [24] 牛世全, 龙洋, 李海云, 等. 应用 IlluminaMiSeq 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. NIU S Q, LONG Y, LI H Y, et al. Microbial diversity in saline alkali soil from Hexi Corridor analyzed by IlluminaMiSeq high-throughput sequencing system[J]. *Microbiology China*, 2017, 44(9):2067–2078.
- [25] 杨赛, 俞冰倩, 胡信玉, 等. 东北苏打盐碱土壤微生物群落对植被进展演替的响应[J]. 土壤通报, 2019, 50(3): 632–640. YANG S, YU B Q, HU X Y, et al. Response of microbial community to vegetation succession in soda saline-alkali soil in northeast China[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2019, 50(3):632–640.
- [26] 洪艳华. 长期耕作对黑土理化性质及微生物群落结构的影响[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学, 2021. HONG Y H. Effects of long-term tillage on physicochemical properties and microbial community structure in black soil[D]. Daqing: Heilongjiang Bayi Agricultural University, 2021.
- [27] 李华伟, 罗文彬, 许国春, 等. 基于高通量测序的福建北部马铃薯晚疫病株根际土壤细菌群落分析[J]. 微生物学通报, 2022, 49(3): 1017–1029. LI H W, LUO W B, XU G C, et al. High-throughput sequencing of bacterial community in the rhizosphere soil of potato infected by late blight in northern Fujian Province[J]. *Microbiology China*, 2022, 49(3):1017–1029.
- [28] 鲍鑫茹, 米俊珍, 刘景辉, 等. 盐碱胁迫下燕麦根际与非根际土壤微生物多样性研究[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(10): 1303–1314. BAO X R, MI J Z, LIU J H, et al. Study on the microbial diversity of rhizosphere and non-rhizosphere soils of oats under saline-alkali stress[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(10):1303–1314.
- [29] DINI-ANDREOTE F, STEGEN J C, VAN ELSAS J D, et al. Disentangling mechanisms that mediate the balance between stochastic and deterministic processes in microbial succession[J]. *PNAS*, 2015, 112(11):E1326–E1332.
- [30] OKIE J G, VAN HORN D J, STORCH D, et al. Niche and metabolic principles explain patterns of diversity and distribution: theory and a case study with soil bacterial communities[J]. *Proceedings Biological Sciences*, 2015, 282(1809):20142630.
- [31] SHEN D D, JÜRGENS K, BEIER S. Experimental insights into the importance of ecologically dissimilar bacteria to community assembly along a salinity gradient[J]. *Environmental Microbiology*, 2018, 20(3):1170–1184.
- [32] VENTOSA A, NIETO J J, OREN A. Biology of moderately halophilic aerobic bacteria[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 1998, 62(2):504–544.
- [33] 吴建鑫. 生化黄腐酸对苏打盐碱土壤理化性质及小白菜生长特征的影响研究[D]. 西安:西安理工大学, 2024. WU J X. Study on the effects of biochemical fulvic acid on the physicochemical properties of soda saline-alkali soil and the growth characteristics of pakchoi[D]. Xi'an: Xi'an University of Technology, 2024.
- [34] NÚÑEZ-GÓMEZ D, MELGAREJO P, MARTÍNEZ-NICOLÁS J J, et al. Effects of marine sediment as agricultural substrate on soil microbial diversity: an amplicon sequencing study[J]. *Environmental Microbiome*, 2023, 18(1):69.
- [35] AHMED V, VERMA M K, GUPTA S, et al. Metagenomic profiling of soil microbes to mine salt stress tolerance genes[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9:159.
- [36] ZHAO S, LIU J J, BANERJEE S, et al. Biogeographical distribution of bacterial communities in saline agricultural soil[J]. *Geoderma*, 2020, 361:114095.
- [37] 周常. 净水工艺过程中微生物风险评估与控制技术研究[D]. 广州:广州大学, 2018. ZHOU C. Study on microbial risk assessment and control technology in water purification process[D]. Guangzhou: Guangzhou University, 2018.

(责任编辑:潘淑君)