

DOI: 10.5846/stxb201812132725

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. 生态学报, 2020, 40(4): 1316-1330.

Li M, Bi J T, Wang J. Bacterial community structure and key influence factors in saline soil of different sites in Ningxia. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(4): 1316-1330.

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

李 明^{1,2,3,*}, 毕江涛⁴, 王 静⁴

1 宁夏大学葡萄酒学院, 银川 750021

2 宁夏大学葡萄与葡萄酒研究院, 银川 750021

3 宁夏大学葡萄与葡萄酒教育部工程研究中心, 银川 750021

4 宁夏大学环境工程研究院, 银川 750021

摘要: 为了解宁夏不同地区盐碱化土壤细菌群落多样性的分布特征及其关键影响因子, 选择贺兰县红星村、惠农县黄渠拐子、燕子墩、庙台、平罗县银星村、分水闸、侯家梁、西大滩为研究样点, 采集宁夏地区 8 个典型盐碱化土壤样品, 0—2 cm 和 2—25 cm 土层, 共 48 份。利用 Illumina Hiseq 高通量测序技术解析不同采样点土壤细菌群落结构的特征, 同时分析了土壤理化因子与细菌群落结构的关系。试验结果表明: 变形菌门、拟杆菌门和放线菌门为 8 个采样点土壤细菌群落的优势种类。其中, 变形菌门占总量的 24.69%—56.44%; γ -变形菌纲相对丰度在燕子墩土壤中显著高于其他样点 ($P < 0.05$)。0—2 cm 土层, 变形菌门相对丰度在燕子墩、红星村和分水闸这 3 个样点较高; 拟杆菌门的相对丰度在分水闸样点土壤中最高; 2—25 cm 土层, 变形菌门与表层土具有相同趋势; 放线菌门的相对丰度在西大滩样点土壤中最高。在属水平, 芽孢杆菌属是所有样点的优势属种。 α 多样性指数结果显示: 燕子墩的土壤细菌群落多样性和丰富度都显著低于其他样点。土壤理化性质测定结果表明: 在 0—2 cm, 全氮、有机碳、碱解氮、速效钾在黄渠拐子土壤中含量最高; 含水量、pH 值和电导率值在西大滩土壤中含量最低; K^+ 、 Cl^- 含量在燕子墩地区最高; 2—25 cm, SO_4^{2-} 含量在燕子墩地区最高。Pearson 相关性分析表明, 土壤 K^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 和电导率值显著影响细菌多样性指数。冗余分析 (RDA) 结果表明, 土壤含水量和电导率值是影响宁夏地区盐碱化土壤细菌群落结构的主要因子。

关键词: 盐碱化土壤; 细菌群落多样性; 影响因子; 高通量测序

Bacterial community structure and key influence factors in saline soil of different sites in Ningxia

LI Ming^{1,2,3,*}, BI Jiangtao⁴, WANG Jing⁴

1 School of Wine, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

2 Institute of Grape and Wine, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

3 Engineering Research Center of Grape and Wine, Ministry of Education, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

4 Institute of Environmental Engineering, Ningxia University, Yinchuan 750021, China

Abstract: In order to understand the distribution characteristics and key influencing factors of the bacterial community diversity in saline soil in different regions of Ningxia, we collected eight typical saline soil samples in Ningxia. The eight sampling sites are Helan county (Hongxing Village), Huinong county (Huangquguaizi Village, Yanzidun, Miaotai), and Pingluo county (Yinxing Village, Fenshuizha, Houjialiang, Xidatan). We collected soil samples from 0—2 cm and 2—25 cm soil depths, respectively. Illumina Hiseq high-throughput sequencing technology was used to analyze the characteristics

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2016YFC0501302-2, 2016YFC0501307); 宁夏高等学校科研项目 (NGY2018026)

收稿日期: 2018-12-13; 网络出版日期: 2019-11-20

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lm_y096@126.com

of soil bacterial community structure at different sampling sites. The relationship between soil physicochemical factors and bacterial community structure was also analyzed. The results showed that Proteobacteria, Bacteroidetes, and Actinobacteria were the dominant phylum in eight soil sampling sites. Among them, Proteobacteria accounted for 24.69%—56.44% of the total. In addition, the relative abundance of γ -Proteobacteria was significantly higher in Yanzidun soils than that in other sampling sites soils ($P < 0.05$). At 0—2 cm soil depth, the relative abundance of Proteobacteria was higher in Yanzidun, Hongxing Village, and Fenshuizha Village than that in other sampling sites. The relative abundance of the second dominant group of Bacteroidetes was the highest in soils of Fenshuizha ($P < 0.05$). At 2—25 cm soil depth, the relative abundance of Proteobacteria had the same tendency as that at topsoil. The relative abundance of the second dominant group of Actinobacteria was the highest in the Xidatan soils ($P < 0.05$). At the genus level, *Bacillus* is the dominant genus in saline soils of all sampling sites in Ningxia. Alpha diversity index showed that the diversity and richness of soil bacterial community of Yanzidun soils were significantly lower than those of other sampling sites. The result of soil physicochemical properties showed that total nitrogen, organic carbon, alkalyzable nitrogen, and available potassium were the highest contents in Huangqiguaizi soils. Soil moisture, pH, and the electrical conductivity were the lowest in Xidatan soils. The concentration of K^+ and Cl^- were the highest in Yanzidun site at 0—2 cm soil depth. The concentration of SO_4^{2-} was the highest in Yanzidun site at 2—25 cm soil depth. The correlation analysis showed that K^+ , Cl^- , SO_4^{2-} , and electrical conductivity significantly affected the bacterial community diversity index of the saline soil. Redundancy analysis showed that the soil moisture and electrical conductivity were the crucial factors affecting the bacterial community structure of the saline soil in Ningxia.

Key Words: saline soil; bacterial community structure; influence factors; high-throughput sequencing

生物多样性与生态系统功能间的关系是当今生命科学领域的研究热点问题之一。其中,土壤是陆生植物所依赖的复杂生态系统,土壤微生物则是土壤生态系统中极其重要的部分,在土壤养分循环、系统稳定性、抗干扰能力以及可持续利用等方面占据主导地位。从农业生产的角度考虑,探索土壤微生物多样性,群落结构、种类组成及其时空分布特征,有助于阐明生物多样性与生态系统功能之间的关系,进而阐释土壤生态系统的功能与稳定性即土壤回复力和抗性之间的关系^[1],这对于保障土壤质量和健康以及生态系统的可持续发展具有重要的理论和实践意义。

宁夏银川平原地处中温带半干旱、干旱区,降水稀少,蒸发强烈,宁夏水资源总量为 11.7 亿 m^3 ,仅占全国水资源总量的 0.04%。环境因素以及人类活动的强烈影响,造成了生态环境恶化,土壤盐碱化就是当地农业生产最大的限制因子^[2]。因此阐明宁夏不同地区盐碱地的盐碱现状和可溶性盐基离子组成对于开垦盐碱荒地,提高土壤质量具有重要意义。前人对于土壤可溶性盐基离子的研究多聚焦在人类活动影响下土壤可溶性盐基离子空间分布特征^[3-5]、土壤可溶性盐基离子与理化性质的相关性^[6]、土壤可溶性盐基离子对植物生长的影响^[7-8],不同植被条件下的土壤可溶性盐基离子的变化^[9]、盐碱地改良的方法^[10-11]等方面。而对于自然状态下可溶性盐基离子与土壤微生物群落结构相关性的研究较少。

土壤剖面内存在显著的土壤有机质含量^[12]和土壤环境因子^[13]的变化梯度,为比较微生物结构提供了有利的环境。研究发现,土壤剖面内微生物的变异比不同生态系统表土之间的差异还要强烈^[14]。土壤剖面内微生物群落结构主要由土壤有机碳的质量和数量^[13]、氮素有效性^[15]以及养分含量等^[16]共同决定。微生物随土壤深度存在显著的变化^[17],且亚表层土壤微生物对土壤形成、生态系统生物化学物质、污染物分解以及维持地下水水质等具有重要意义^[18]。另一方面,本研究针对不同土壤深度(0—2 cm, 2—25 cm)中的可溶性盐基离子的剖面分布,研究微生物群落结构在不同含盐量盐碱土壤中的剖面分布特征,这将有利于揭示土壤可溶性盐基离子在土壤中的动态运移规律及其对土壤生物学特性的影响^[19],是探究干旱区盐碱化土壤生物物质循环以及淋溶作用的关键。

目前,关于宁夏典型盐碱化土壤微生物方面的研究主要集中在银北西大滩地区,采用的多是传统的计数法和生物化学方法^[20]。如李凤霞等^[21]采用平板稀释法和 Biolog 微生物鉴定系统对宁夏银北不同类型盐化

和碱化土壤进行研究发现,随着盐碱化程度加重,土壤细菌、真菌和放线菌数量及微生物总数呈现显著降低的趋势。土壤细菌是土壤微生物的重要组成部分,在土壤有机质分解、腐殖质形成、养分转化与吸收等过程中起到重要作用,其群落结构组成及多样性变化是表征土壤环境质量的敏感指标,因此,在土壤生态学研究,土壤细菌群落变化是人们探索的重要方向之一。本研究采用高通量测序技术对宁夏不同地区盐碱化土壤样品细菌群落结构进行分析,并分析影响细菌群落结构的关键环境因子,对于揭示土壤微生物特征与不同程度盐碱化土壤关系,为盐碱地土壤的改良利用和可持续发展,盐碱地土壤演变规律提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

试验样地设在宁夏银北地区,燕子墩乡汪家庄 2 队、燕子墩乡黄渠拐子村 7 队、庙台乡李岗村 4 队、平罗县分水闸村、平罗县银星村、平罗县侯家梁村、西大滩、贺兰县红星村,具体采样地信息见表 1。宁夏银北地区属于中温带干旱地区,地势西高东低,海拔 1091—1102m。气候特点是干旱少雨,年均降水量 172.5mm,全年平均相对湿度为 56%,年平均日照时数 2800—3200h,年最大风力 9 级,最大风速 18m/s,年均气温 8.5℃,昼夜温差 8—15℃,极端最高气温 30℃,极端最低气温 -25℃;全年无霜期 155 d。银北地区土壤主要类型为草甸土、盐碱土、灰钙土、白僵土、新积土、沙丘沙地、山地灰褐土和灌淤土,空间异质性大。主要植被为:芨芨草 (*Achnatherum splendens* (Trin.) Nevski)、苦豆子 (*Sophora alopecuroides* L.)、芦苇 (*Phragmites communis* (Cav.) Trin. Ex Steud.) 等^[22]。宁夏平罗县所选地块分布有斑状轻度盐化浅色草甸土,经土壤系统分类检索结合剖面观察,确定该地区盐碱土类型为潮湿碱积盐积土^[23];成土母质为冲积物和洪积物;南高北低,坡度 8‰左右;植被稀疏,伴有红柳 (*Tamarix ramosissima*)、骆驼刺 (*Alhagi sparsifolia* Shap.)、黑刺 (*Prunus spinosa* L.) 等植被,覆盖度小且不均匀。

表 1 采样地信息

Table 1 Information of sampling sites

采样地 Sampling site	样品编号 Sampling ID	纬度 Latitude	经度 Longitude	海拔/m Elevation
庙台乡	MT1	39°4'20.4"	106°41'58.6"	1082
	MT2	39°4'20.2"	106°41'59.8"	1090
	MT3	39°4'19.2"	106°41'59.6"	1084
黄渠拐子村	HQGZ1	39°4'3.6"	106°38'36.2"	1085
	HQGZ2	39°4'2.4"	106°38'36.2"	1086
	HQGZ3	39°4'3.5"	106°38'37.1"	1082
燕子墩乡	YZD1	39°3'41.2"	106°34'6.8"	1088
	YZD2	39°3'39.3"	106°34'8.6"	1091
	YZD3	39°3'39.4"	106°34'6.3"	1092
分水闸村	FSZ1	38°50'13.1"	106°37'36.8"	1088
	FSZ2	38°50'13.8"	106°37'34.3"	1093
	FSZ3	38°50'13.9"	106°37'33.6"	1085
银星村	YXC1	38°53'50.6"	106°41'16.6"	1092
	YXC2	38°53'51.0"	106°41'15.9"	1095
	YXC3	38°53'50.3"	106°41'16.2"	1083
侯家梁村	HJL1	39°2'18.7"	106°34'51.3"	1086
	HJL2	39°2'18.9"	106°34'51.0"	1086
	HJL3	39°2'19.7"	106°34'50.2"	1095
西大滩	XDT1	38°50'27.8"	106°23'59.5"	1092
	XDT2	38°50'27.5"	106°23'59.4"	1096
	XDT3	38°50'27.2"	106°23'59.6"	1094
红星村	HXC1	38°35'6.7"	106°26'3.7"	1114
	HXC2	38°35'6.0"	106°26'3.8"	1093
	HXC3	38°35'5.5"	106°26'3.2"	1101

MT: 庙台 Miaotai; HQGZ: 黄渠拐子 Huangquguanzi; YZD: 燕子墩 Yanzidun; FSZ: 分水闸 Fenshuizha; YXC: 银星村 Yinxingcun; HJL: 侯家梁 Houjiali; XDT: 西大滩 Xidatan; HXC: 红星村 Hongxingcun

1.2 样品采集

于植物生长季 6 月 20 日采集根层土壤(0—2cm, 2—25cm), 采用多点采样的方法, 每个试验小区分 5 点采集土样充分混匀, 将新鲜土样过 2mm 筛后分成 2 份, 一份低温冷藏带回实验室, 在 -20℃ 冷冻保存, 用于土壤微生物的测定, 另一份带回实验室室内风干用于测定土壤理化性质。

1.3 土壤理化性质测定

土壤 pH 值采用酸度计法; 电导率采用电导法; 全氮采用凯氏定氮法; 全磷采用酸溶-钼锑抗比色法; 碱解氮采用碱解扩散法; 速效磷采用 Oslen 法; 速效钾采用乙酸铵提取-火焰光度计法; 无机氮 ($\text{NH}_4^+\text{-N}$, $\text{NO}_3^-\text{-N}$) 采用流动分析仪; 有机碳采用重铬酸钾容量法^[24]。

1.4 土壤可溶性盐基离子浓度测定

Na^+ 、 K^+ 采用火焰光度法测定, CO_3^{2-} 、 HCO_3^- 采用标准 HCl 滴定法测定, Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 及 SO_4^{2-} 采用 EDTA 络合滴定法测定, Cl^- 采用标准 AgNO_3 滴定法测定^[24]。

1.5 土壤 DNA 的提取

土壤样品总 DNA 的提取采用的是 MoBio PowerSoil DNA Isolation Kit (Carlsbad, USA) 试剂盒提取总 DNA, 提取过程按试剂盒说明书进行, DNA 样品 -20℃ 冻存。提取的 DNA 用浓度为 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳确定 DNA 片段大小。

1.6 Illumina HiSeq 测序及数据分析

本研究目标基因为细菌的 16S rRNA V4 区基因片段, 所用的引物为 515F/806R^[25]。反应体系: 15μL Phusion High-Fidelity PCR Master Mix (New England Biolabs, UK), 正反引物各 0.2μmol/L, 10ngDNA 模板。扩增条件参照文献^[26]。PCR 产物用 2% 琼脂糖凝胶检测, 将目标条带切胶回收纯化进行下一步的分析。

用于 PCR 扩增的引物外侧都会加入一段 barcode 序列进行区分, 序列为一段 6bp 碱基的寡核苷酸序列, 每个样品用不同 barcode 序列进行区分。Barcode 序列由上海吉美生物医药科技有限公司设计并合成。所得 PCR 产物经切胶纯化后 (Qiagen 胶回收试剂盒), 用 NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific Inc. USA) 测定浓度, 等摩尔混合后采用完成文库构建, 安排上机测序。高通量测序由诺禾致源 Illumina HiSeq2500 平台运行 (Beijing, China, <http://www.novogene.com/index.php>), 最后所测得数据在 250—300bp 之间产生。

所测得原始序列截去 Barcode 序列和引物序列后, 经 FLASH (V1.2.7) 拼接获得原始数据 Tags 数据。原始 Tags 经 QIIME (V1.7.0, 质控参数为 QIIME 默认值, 参照 http://qiime.org/scripts/split_libraries.html) 过滤处理获得高质量 Tags 数据 (Clean Tags), 并与数据库 (Gold database, http://drive5.com/uchime/uchime_download.html) 进行比对 (UCHIME Algorithm, http://www.drive5.com/usearch/manual/uchime_algo.html) 检测嵌合体序列, 最终获得有效数据 (Effective Tags)。测序深度为每个文库原始 reads 数不少于 5 万条。以 97% 相似性为依据, 利用 UPARSE pipeline 软件 (V7.0.1001) 将各序列聚类成为 OTUs。为获得土壤样品中细菌群落的多样性信息, 使用 uclust 软件对所得序列进行聚类, 并利用 RDP classifier (V2.2)^[25] 软件与 GreenGene 数据库 (<http://greengenes.lbl.gov/cgi-bin/nph-index.cgi>) 进行物种注释, 统计每个样品在各分类水平上的构成。

1.7 数据处理

采用 Mothur 软件计算多样性指数 (Chao-1、Shannon 和 Simpson 指数)。使用 R 软件基于 Bray-Curits 距离算法进行聚类分析。皮尔逊相关系数 (Pearson correlation coefficient) 用于分析土壤理化性质与土壤细菌群落间多样性的相关性。采用 R 软件对环境因子与细菌群落结构进行冗余分析 (Redundancy analysis, RDA)。采用 SAS 中 Duncan 法检验不同样点土壤属性和微生物指标间的差异显著性 ($P < 0.05$)。

2 结果

2.1 不同类型盐碱地土壤理化性质的分析

不同类型盐碱地土壤理化性质的差异很大。在 0—2cm, 全氮、有机碳、碱解氮、速效钾在黄渠拐子土壤中含量最高, 差异显著 ($P < 0.05$); 含水量、pH 值和电导率值在西北滩土壤中含最低, 差异显著 ($P < 0.05$) (表 2)。Pearson 相关性分析表明: 在 0—2cm, 速效磷和全磷、电导率值显著正相关 ($P < 0.05$), 和 pH 值显著

表 2 宁夏不同地区盐碱地土壤理化性质
Table 2 Soil properties of saline soils in different sampling sites in Ningxia

理化性质/样品编号 Soil properties/ Sampling ID	全氮 Total nitrogen/ (g/kg)	有机碳 Soil organic carbon/ (g/kg)	全磷 Total phosphorus/ (g/kg)	速效磷 Available phosphorus/ (mg/kg)	碱解氮 Alkalyzable nitrogen/ (mg/kg)	速效钾 Available potassium/ (mg/kg)	pH	电导率 Electrical conductivity/ ($\mu\text{s}/\text{cm}$)	含水量 Soil moisture/%
0—2 cm									
MT	0.59±0.00 ^{de}	6.14±0.01 ^{bc}	0.66±0.00 ^{ab}	12.77±2.50 ^a	19.43±3.17 ^b	162.17±11.57 ^{cd}	6.79±0.69 ^c	9980.00±130.64 ^b	20.79±1.10 ^{bc}
HQGZ	0.98±0.00 ^a	10.57±0.09 ^a	0.68±0.00 ^a	5.63±1.15 ^b	53.47±5.02 ^a	240.00±9.01 ^a	8.03±0.07 ^b	4620.00±302.10 ^c	15.60±1.71 ^{cd}
YZD	0.65±0.00 ^{bcd}	7.60±0.02 ^b	0.59±0.00 ^{bcd}	6.54±1.37 ^b	25.78±2.02 ^b	202.38±17.73 ^b	7.26±0.05 ^c	9750.00±506.23 ^b	24.12±0.68 ^{ab}
FSZ	0.44±0.00 ^e	4.50±0.06 ^c	0.55±0.00 ^d	5.33±0.75 ^b	19.21±0.46 ^b	136.69±16.27 ^{cd}	8.11±0.07 ^{ab}	11105.00±1090.02 ^a	15.09±0.18 ^d
YXC	0.55±0.00 ^{de}	5.15±0.00 ^c	0.57±0.00 ^{cd}	3.07±0.73 ^b	15.54±3.46 ^b	175.84±4.21 ^{cd}	8.00±0.08 ^b	4783.33±224.00 ^c	14.58±0.58 ^d
HJL	0.68±0.00 ^{bc}	7.82±0.05 ^b	0.65±0.00 ^{abc}	3.37±1.12 ^b	24.77±1.16 ^b	150.32±8.42 ^{bc}	8.69±0.10 ^a	2097.50±100.02 ^{cd}	17.07±2.50 ^d
XDT	0.79±0.00 ^b	7.80±0.08 ^b	0.59±0.00 ^{bcd}	1.84±0.94 ^b	29.76±1.62 ^b	179.34±7.06 ^{bc}	6.88±0.11 ^c	608.00±70.22 ^d	3.37±0.80 ^e
HXC	0.47±0.00 ^e	4.62±0.00 ^c	0.57±0.00 ^{cd}	2.10±0.27 ^b	15.07±1.70 ^b	114.62±20.20 ^d	8.59±0.24 ^{ab}	4935.00±1151.05 ^c	23.53±0.12 ^a
2—25 cm									
MT	0.40±0.00 ^b	4.36±0.03 ^{bc}	0.64±0.00 ^{ab}	8.13±0.40 ^a	12.42±0.87 ^d	100.98±5.55 ^{bc}	7.12±0.02 ^b	3320.00±244.95 ^a	21.15±0.83 ^b
HQGZ	0.67±0.00 ^a	4.62±0.00 ^{ab}	0.66±0.00 ^a	2.32±0.62 ^{bc}	33.96±0.42 ^a	171.88±16.23 ^a	8.38±0.27 ^a	939.50±43.68 ^c	20.22±2.51 ^{bcd}
YZD	0.57±0.00 ^{ab}	5.74±0.05 ^{ab}	0.55±0.00 ^c	3.94±0.03 ^b	25.20±0.18 ^b	147.32±21.49 ^b	7.35±0.02 ^b	3530.00±326.60 ^a	24.36±0.06 ^a
FSZ	0.48±0.00 ^{ab}	3.47±0.03 ^c	0.61±0.00 ^{abc}	3.52±0.26 ^b	17.40±3.33 ^{bcd}	115.22±8.54 ^{bcd}	8.62±0.21 ^b	2605.00±12.25 ^b	15.41±0.21 ^d
YXC	0.61±0.00 ^{ab}	4.72±0.03 ^{bc}	0.56±0.00 ^c	1.53±0.26 ^c	18.34±4.70 ^{bc}	131.10±1.92 ^{bc}	8.62±0.25 ^a	747.33±247.84 ^c	16.95±0.17 ^{cd}
HJL	0.59±0.00 ^{ab}	5.28±0.05 ^{bc}	0.61±0.00 ^{bc}	1.62±0.31 ^c	22.34±2.32 ^{bc}	95.69±0.25 ^{cd}	8.37±0.06 ^a	528.00±72.67 ^c	20.78±0.13 ^{bc}
XDT	0.67±0.00 ^a	6.71±0.08 ^a	0.57±0.00 ^c	1.26±0.47 ^c	22.72±0.58 ^{bc}	137.64±21.07 ^{bcd}	7.11±0.13 ^b	925.00±239.23 ^c	7.04±0.21 ^e
HXC	0.49±0.01 ^b	4.18±0.02 ^c	0.58±0.00 ^{bc}	1.29±0.06 ^c	16.03±3.13 ^{cd}	85.23±16.53 ^d	8.27±0.09 ^a	553.66±80.58 ^c	24.87±0.54 ^a

同列数字后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

负相关($P<0.05$);碱解氮和速效钾、全氮、有机碳显著正相关($P<0.05$);速效钾和全氮、有机碳、全磷显著正相关($P<0.05$);全氮和有机碳、全磷显著正相关($P<0.05$),和电导率值显著负相关($P<0.05$);电导率值和土壤含水量显著正相关($P<0.05$)(表3)。

表3 土壤理化性质之间的相关系数

Table 3 Correlation analysis between soil properties

土壤属性 Soil properties	速效磷 Total phosphorus	碱解氮 Alkalyzable nitrogen	速效钾 Available potassium	全氮 Total nitrogen	有机碳 Soil organic carbon	全磷 Total phosphorus	pH	电导率 Electrical conductivity	含水量 Soil moisture
0—2 cm									
速效磷	1.00								
碱解氮	0.01	1.00							
速效钾	0.14	0.70**	1.00						
全氮	0.03	0.86**	0.83**	1.00					
有机碳	0.11	0.83**	0.81**	1.00**	1.00				
全磷	0.50*	0.39	0.45*	0.55**	0.61**	1.00			
pH	-0.53**	-0.06	-0.04	-0.08	-0.10	-0.09	1.00		
电导率	0.58**	-0.25	-0.12	-0.43*	-0.36	-0.12	-0.20	1.00	
含水量	0.25	-0.14	-0.1	-0.24	-0.11	0.10	0.29	0.50*	1.00
2—25 cm									
速效磷	1.00								
碱解氮	-0.46*	1.00							
速效钾	0.12	0.59**	1.00						
全氮	-0.31	0.57**	0.31	1.00					
有机碳	-0.13	0.46*	0.23	0.78**	1.00				
全磷	0.35	0.19	0.34	-0.09	-0.11	1.00			
pH	-0.4	0.24	0.07	-0.04	-0.41*	0.12	1.00		
电导率	0.74**	-0.33	0.22	-0.29	-0.07	-0.05	-0.45*	1.00	
含水量	0.18	-0.18	-0.10	-0.39	-0.38	0.04	0.07	0.26	1.00

在0—2cm土层,燕子墩 K^+ 和 Cl^- 浓度显著高于其他样点($P<0.05$);庙台村的 Na^+ 和 SO_4^{2-} 的浓度显著高于其他样点($P<0.05$);银星村和西大滩土样中 Ca^{2+} 浓度含量显著高于其他样点($P<0.05$);黄渠拐子、红星村和分水闸样品中 Mg^{2+} 含量显著高于其他样点($P<0.05$); CO_3^{2-} 浓度在红星村中浓度显著高于其他样点($P<0.05$); HCO_3^- 浓度在侯家梁土样中显著高于其他样点($P<0.05$)(表4)。

在2—25cm土层,西大滩土样中 Ca^{2+} 浓度含量显著高于其他样点($P<0.05$)(表4)。燕子墩、黄渠拐子和分水闸土样中 Mg^{2+} 浓度显著高于其他样点($P<0.05$)。燕子墩 K^+ 和 SO_4^{2-} 的浓度显著高于其他样点($P<0.05$)。庙台村土样中 Na^+ 浓度与表层土壤的趋势一致。分水闸样品中 Cl^- 浓度显著高于其他样点($P<0.05$)。 CO_3^{2-} 浓度在分水闸样品中显著高于其他的样点($P<0.05$)。 HCO_3^- 浓度在2—25cm土层与表层土壤趋势一致,在侯家梁样品中显著高于其他样点($P<0.05$)。

2.2 OTU 丰度在门水平的变化分析

通过对48个土壤样品的细菌群落分析,共获得高质量序列50072—95545,有效序列49082—93878,在97%相似度下测序覆盖率均在96%以上,说明测序数据量合理,能真实反应土壤微生物的群落组成。

对不同类型盐碱地土壤样品中优势细菌门的分析表明,各种类型盐碱地土壤中相对丰度排名前十的优势细菌分别为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、广古菌门(Euryarchaeota)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门

(Chloroflexi)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes)(图1)。

表4 宁夏不同地区盐碱地土壤可溶性盐基离子含量

Table 4 Salt ion contents of saline soils in different sampling sites in Ningxia

采样地 Sampling sites	Ca ²⁺ / (mg/kg)	Mg ²⁺ / (mg/kg)	K ⁺ / (mg/kg)	Na ⁺ / (mg/kg)	SO ₄ ²⁻ / (g/kg)	Cl ⁻ / (g/kg)	CO ₃ ²⁻ / (g/kg)	HCO ₃ ⁻ / (g/kg)
0—2 cm								
MT	18.00±6.53c	131.67±8.74ab	74.50±2.59c	3204.00±225.43a	0.39±0.02a	1.96±0.20b	0.00±0.00b	0.19±0.03c
HQGZ	82.00±12.24b	147.33±13.86a	98.50±5.30b	1826.50±40.70c	0.19±0.00cd	0.87±0.00b	0.00±0.00b	0.20±0.06c
YZD	15.67±1.76c	111.00±4.37bc	151.50±17.55a	2968.67±18.02ab	0.29±0.03b	3.41±0.44a	0.00±0.00b	0.22±0.02c
FSZ	89.50±0.40ab	146.00±9.64a	72.50±4.49cd	2957.33±213.64ab	0.26±0.03bc	1.80±0.63b	0.10±0.03b	0.20±0.01c
YXC	95.67±2.96a	102.67±7.85bc	66.00±2.51cde	2591.00±198.60b	0.22±0.04bcd	1.15±0.05b	0.00±0.00b	0.34±0.06bc
HJL	32.50±2.04c	29.00±2.44d	24.00±1.63e	1439.50±77.07cd	0.15±0.01cd	0.51±0.01b	0.00±0.00b	0.63±0.15a
XDT	94.50±6.94a	69.50±20.00cd	50.33±8.45cde	143.67±15.76d	0.08±0.00d	0.05±0.01b	0.00±0.00b	0.40±0.06bc
HXC	12.50±3.67c	146.50±20.00a	33.67±6.56de	1337.00±175.51cd	0.24±0.04bc	1.38±0.34b	0.22±0.06a	0.52±0.13ab
2—25 cm								
MT	92.50±4.33ab	39.50±4.33d	17.50±3.67e	2751.67±619.83a	0.18±0.04b	0.98±0.05b	0.00±0.00b	0.58±0.07b
HQGZ	85.00±0.57b	118.00±21.36ab	56.50±4.90b	602.00±28.86b	0.19±0.06b	0.50±0.19b	0.00±0.00b	0.59±0.07b
YZD	17.67±0.88d	130.33±3.66a	68.33±7.21a	1849.33±204.75b	0.42±0.08a	0.47±0.00b	0.00±0.00b	0.19±0.03b
FSZ	64.50±13.47c	114.00±20.41ab	43.00±1.73cd	1617.50±28.57b	0.18±0.03b	2.53±1.04a	0.16±0.05a	0.52±0.07b
YXC	26.33±2.40d	15.50±0.85d	24.00±3.51de	502.66±163.16b	0.06±0.00b	0.16±0.03b	0.05±0.00b	0.70±0.11b
HJL	13.50±0.28d	3.00±0.00d	4.50±2.18e	435.50±29.16b	0.07±0.02b	0.15±0.08b	0.06±0.00b	1.08±0.19a
XDT	97.00±7.50a	95.00±12.12bc	45.50±2.02bc	111.00±11.93b	0.015±0.08b	0.03±0.00b	0.00±0.00b	0.42±0.02b
HXC	27.33±2.72d	49.50±4.33cd	8.33±3.84e	334.67±42.85b	0.25±0.03b	0.05±0.00b	0.00±0.00b	0.62±0.05b

变形菌门是土壤中最优势的菌群,占24.69%—56.44%。变形菌门的4个亚群的分布在各个样点间有显著差异($P<0.05$)(图2)。燕子墩土壤中的 γ -变形菌纲相对含量比其他样点显著的高($P<0.05$),0—2cm土层,分别高出38.16%—76.59%;2—25cm土层,分别高出65.97%—78.16%。在0—2cm土层,拟杆菌门是第2大优势菌群,其丰度在分水闸样点土壤中含最高为31.42%,较其他样点高出32.52%—58.58%。在2—25cm土层,燕子墩土壤中的 γ -变形菌纲相对含量比其他样点显著高出65.96%—78.15%。在2—25cm土层,放线菌门是第2大优势菌群,其丰度在西大滩样点含量最高为20.42%,高于其他样点14.88%—59.50%。

门图例(自下而上,仅列出有对应中文名称的门)(图1):变形菌门 Proteobacteria;拟杆菌门 Bacteroidetes;放线菌门 Actinobacteria;厚壁菌门 Firmicutes;广古菌门 Euryarchaeota;芽胞单菌门 Gemmatimonadetes;酸杆菌门 Acidobacteria;蓝细菌门 Cyanobacteria;浮霉菌门 Planctomycetes;绿弯菌门 Chloroflexi;疣微菌门 Verrucomicrobia;梭杆菌门 Fusobacteria;其他分类未定 others。

2.3 不同类型盐碱地土壤细菌群落在属水平的丰度变化分析

从属水平对不同样品中细菌的相对丰度变化分析表明,相对丰度排名前35的细菌属的总比例分别占不同盐碱化土壤测序 reads 数的18.52%—41.98%。

在0—2cm土层,*Bacillus*在八个样点中的相对丰度都>1.0%,*Bacillus*属于厚壁菌门;*unidentified_OM1_clade*在除了分水闸以外的其他七个样点的相对丰度>1%(表5)。*Salinibacter*的相对丰度在庙台样点显著高于其他样点($P<0.01$);*unidentified_OM1_clade*的相对丰度在黄渠拐子显著高于其他样点($P<0.01$);*Rhodoflex*的相对丰度在燕子墩显著高于其他样点($P<0.01$);*Aliifodinibius*、*Salinimicrobium*、*Gillisia*、*Nafulsella*和*Marinobacter*在分水闸样点的相对丰度显著高于其他样点($P<0.01$);*Bacillus*和*H16*的相对丰度在银星村显著高于其他样点($P<0.01$);*Rubrobacter*的相对丰度在西大滩显著高于其他样点($P<0.01$);*Aidingimonas*和*Saccharospirillum*的相对丰度在红星村显著高于其他样点($P<0.01$)。

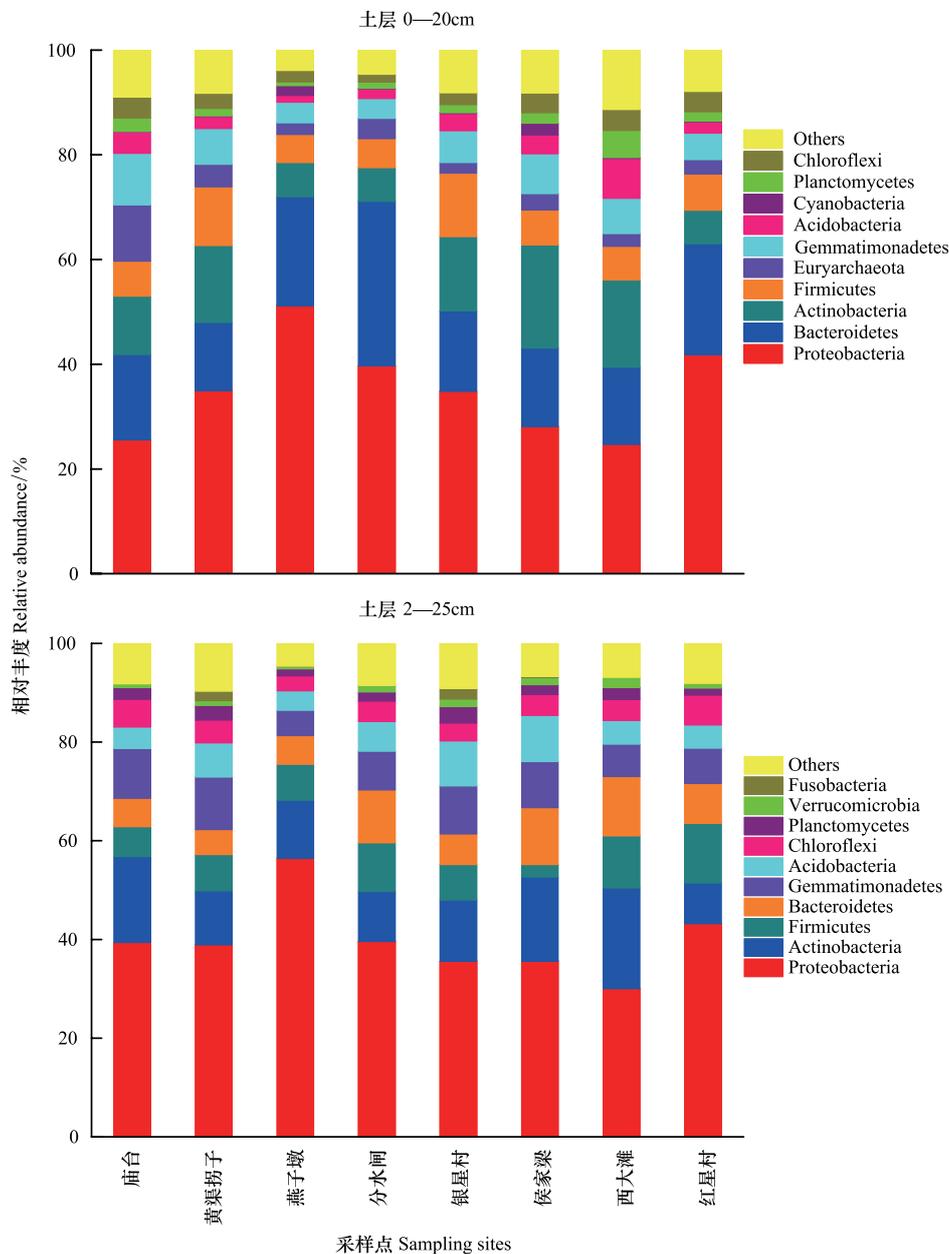


图1 宁夏不同地区盐碱地土壤细菌各门类相对丰度图

Fig.1 Composition and relative abundance of the bacterial community at the phylum level in the soil relative of saline soils in different sampling sites in Ningxia

在2—25cm土层中,*unidentified_OM1_clade*和*Bacillus*在几乎所有样点的相对丰度均>1.0%(表5)。*Candidatus_Entheonella*的相对丰度在黄渠拐子显著高于其他样点($P<0.01$);*H16*、*Pelagibius*和*Cetobacterium*相对丰度在银星村显著高于其他样点($P<0.01$);*Acinetobacter*相对丰度在侯家梁显著高于其他样点($P<0.01$);*Thiobacillus*相对丰度在红星村显著高于其他样点($P<0.01$)。

2.4 α 多样性指数

不同采样点土壤细菌群落多样性指数 Shannon、Simpson 和丰富度指数 Chao-1、ACE 如表6所示。在0—2cm土层,燕子墩样点的 Shannon 和 Simpson 指数显著低于其他样点($P<0.05$)。Chao-1 指数变化趋势与 Shannon 指数一致。在2—25cm土层,燕子墩样点的 Shannon 指数显著低于其他样点($P<0.05$)。分水闸样点的 Chao-1 和 ACE 指数显著高于其他样点($P<0.05$)。

表 5 各个样点土壤细菌群落在属水平上的丰度变化

Table 5 Changes in relative abundance of the bacterial community at the genera level different sampling sites

门 Phylum	属 Genus	MT	HQZ	YZD	FSZ	YXC	HJL	XDT	HXC
0—2 cm									
拟杆菌门 Bacteroidetes	<i>Aliifodimibius</i>	0.72±0.00b	0.75±0.21b	0.30±0.00b	2.66±0.25a	0.77±0.20b	0.45±0.08b	1.44±0.75b	1.39±0.47b
放线菌门 Actinobacteria	<i>unidentified_OM1_clade</i>	3.44±0.52bc	6.85±1.09a	2.56±1.70bc	0.57±0.22c	3.89±0.60bc	5.96±1.68ab	2.39±0.57c	1.29±0.13c
厚壁菌门 Firmicutes	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	1.48±0.24bc	2.53±0.17b	1.14±0.49c	1.62±0.17bc	3.53±0.39a	2.25±0.57bc	1.89±0.38bc	1.70±0.20bc
拟杆菌门 Bacteroidetes	<i>Salmibacter</i>	1.21±0.35a	0.19±0.04b	0.41±0.31b	0.22±0.13b	0.05±0.01b	0.03±0.00b	0.50±0.15b	0.26±0.12b
变形菌门 Proteobacteria	盐单胞菌属 <i>Halomonas</i>	0.72±0.17a	1.21±0.48a	0.47±0.27a	0.99±0.31a	1.46±0.59a	1.39±0.21a	0.78±0.17a	1.24±0.33a
拟杆菌门 Bacteroidetes	<i>Sulnimicrobium</i>	0.24±0.28b	0.46±0.19b	0.09±0.66b	10.55±1.54a	0.84±0.51b	1.00±0.46b	0.88±0.30b	0.31±0.07b
变形菌门 Proteobacteria	H16	0.71±0.00bcd	1.00±0.20ab	0.31±0.20d	0.27±0.20d	1.06±0.23a	0.94±0.17abc	0.76±0.05abcd	0.60±0.04cd
放线菌门 Actinobacteria	<i>Rubrobacter</i>	0.60±0.24b	0.12±0.05b	0.02±0.01b	0.09±0.06b	0.38±0.07b	0.29±0.02b	2.03±0.90a	0.02±0.01b
拟杆菌门 Bacteroidetes	吉莱氏菌属 <i>Gillisia</i>	0.33±0.10b	0.25±0.10b	0.13±0.06b	4.30±1.32a	0.31±0.17b	0.33±0.04b	0.34±0.10b	2.63±0.23ab
变形菌门 Proteobacteria	<i>Aidingimonas</i>	0.28±0.03b	0.42±0.04b	0.15±0.12b	0.53±0.21b	0.30±0.06b	0.21±0.09b	0.20±0.05b	1.24±0.30a
变形菌门 Proteobacteria	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	0.23±0.04a	0.51±0.37a	0.71±0.03a	0.60±0.05a	0.27±0.00a	0.46±0.23a	0.32±0.04a	0.34±0.09a
拟杆菌门 Bacteroidetes	<i>Nafulsella</i>	0.20±0.10b	0.40±0.32b	0.84±0.76b	4.18±1.35a	0.98±0.64b	1.19±0.74b	0.46±0.06b	0.66±0.43b
变形菌门 Proteobacteria	<i>Marinobacter</i>	0.15±0.01b	0.47±0.03b	0.26±0.06b	2.83±0.99a	0.70±0.06b	0.40±0.07b	0.26±0.01b	1.05±0.33ab
变形菌门 Proteobacteria	<i>Rhodiferax</i>	0.11±0.03b	0.01±0.00b	0.58±0.36a	0.00±0.00b	0.01±0.00b	0.00±0.00b	0.12±0.04b	0.01±0.00b
变形菌门 Proteobacteria	<i>Saccharospirillum</i>	0.02±0.00b	0.08±0.04ab	0.11±0.06ab	0.12±0.01ab	0.14±0.08ab	0.06±0.02b	0.03±0.00b	0.20±0.09a
2—25 cm									
放线菌门 Actinobacteria	<i>unidentified_OM1_clade</i>	5.05±0.60b	1.72±0.28c	6.60±1.29a	1.08±0.16c	1.16±0.19c	2.19±0.00c	3.02±0.88c	1.32±0.19c
厚壁菌门 Firmicutes	芽孢杆菌属 <i>Bacillus</i>	1.50±0.29b	2.13±0.44b	4.37±1.72a	3.27±0.33a	2.92±0.64ab	0.92±0.18b	1.81±0.29b	2.76±0.43ab
变形菌门 Proteobacteria	H16	1.90±0.18a	1.90±0.36a	1.38±0.50a	1.88±0.44a	1.95±0.35a	1.46±0.23a	1.60±0.48a	1.26±0.34a
Tectomicrobia	<i>Candidatus_Enthotheonella</i>	0.80±0.00b	1.28±0.15a	0.39±0.13b	0.52±0.10b	1.25±0.17a	0.59±0.16b	1.25±0.26a	0.33±0.05b
变形菌门 Proteobacteria	<i>Pelagibius</i>	0.48±0.10b	0.88±0.10b	0.10±0.08b	0.42±0.09b	1.35±0.20a	0.46±0.17b	0.41±0.15b	0.33±0.07b
变形菌门 Proteobacteria	假单胞菌属 <i>Pseudomonas</i>	0.42±0.23b	0.32±0.03b	1.53±0.22a	0.63±0.14b	0.49±0.03b	1.52±0.23a	0.30±0.03b	0.51±0.18b
变形菌门 Proteobacteria	不动杆菌属 <i>Acinetobacter</i>	0.01±0.00b	0.01±0.00b	0.01±0.00b	0.02±0.00b	0.01±0.00b	0.19±1.36a	0.01±0.00b	0.01±0.00b
变形菌门 Proteobacteria	<i>Thiobacillus</i>	0.20±0.03c	0.21±0.02c	0.00±0.00c	0.75±0.32b	0.00±0.00c	0.00±0.00c	0.00±0.00c	1.45±0.00a
核杆菌门 Fusobacteria	<i>Cetobacterium</i>	0.00±0.00b	1.93±0.50a	0.00±0.00b	0.00±0.00b	2.13±0.50a	0.21±0.03b	0.00±0.00b	0.00±0.00b

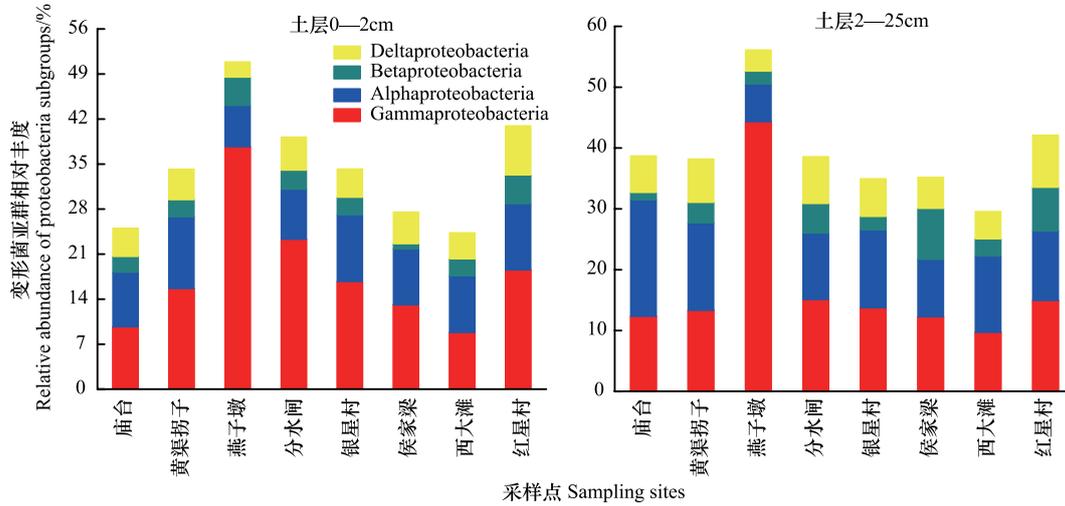


图 2 各个样点土壤变形菌亚群分布情况

Fig.2 Distribution of Proteobacteria subgroups in the soil relative to mode of the different sampling sites

表 6 各样点土壤样品 alpha 多样性分析

Table 6 α -diversity of soil bacterial in different sampling sites

样品编号 Sample ID	覆盖度 Coverage	香浓指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Chao-1 指数 Chao-1 index	ACE 指数 ACE index
0—2 cm					
MT	0.96±0.00b	9.85±0.21ab	0.99±0.00a	6393.85±186.66a	6570.03±240.16a
HQZ	0.97±0.00b	9.21±0.10bcd	0.98±0.00a	5415.59±88.58a	5568.61±139.42b
YZD	0.98±0.01a	8.24±0.62d	0.97±0.01b	4321.59±756.09a	2202.48±548.16d
FSZ	0.98±0.00a	8.71±0.75cd	0.98±0.00a	3746.57±829.30a	3888.17±921.54cd
YXC	0.97±0.00ab	9.35±0.14abc	0.99±0.00a	5224.44±239.46a	5411.72±333.27b
HJL	0.97±0.00ab	9.19±0.17bcd	0.99±0.00a	5301.57±350.47a	5242.43±305.59bc
XDT	0.97±0.00ab	10.23±0.15a	0.99±0.00a	5368.13±167.55a	5679.65±227.09ab
HXC	0.97±0.00ab	9.54±0.14abc	0.99±0.00a	6183.36±1733.14a	5114.82±438.30bc
2—25 cm					
MT	0.97±0.01a	9.00±0.46b	0.98±0.00a	4560.73±923.36b	4691.36±942.51b
HQZ	0.96±0.00a	9.98±0.11a	0.99±0.00a	5541.67±76.42ab	5707.03±50.25ab
YZD	0.97±0.01a	9.14±0.33b	0.99±0.00a	5307.15±558.18ab	5526.52±830.73ab
FSZ	0.96±0.00a	10.18±0.12a	0.99±0.00a	6027.54±291.11a	6253.70±288.92a
YXC	0.96±0.00a	10.12±0.08a	0.99±0.00a	5844.80±259.66ab	5956.93±277.59ab
HJL	0.96±0.00a	9.60±0.11ab	0.99±0.00a	5318.97±288.29ab	5495.21±342.46ab
XDT	0.97±0.01a	9.64±0.12ab	0.99±0.00a	4915.44±587.15ab	5036.73±634.67ab
HXC	0.97±0.00a	9.85±0.09a	0.99±0.00a	5061.29±131.30ab	5241.65±141.09ab

同列数字后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)

2.5 不同类型盐碱地土壤中细菌群落结构主成分分析

主成分分析发现,在 0—2cm 土层,西大滩、庙台、红星村、黄渠拐子与其他处理结构差异较大;分水闸、燕子墩、侯家梁和银星村土壤中细菌群落结构无明显差异(图 3)。

2.6 细菌群落与土壤理化因子的关系

0—2cm 土层,细菌多样性指数和丰富度指数与 K^+ 和 Cl^- 显著负相关 ($P < 0.05$),土壤含水量和 Chao-1 指数显著负相关 ($P < 0.05$) (表 7); 2—25cm 土层细菌多样性和丰富度指数与土壤 EC 和 SO_4^{2-} 显著负相关(表 8)。

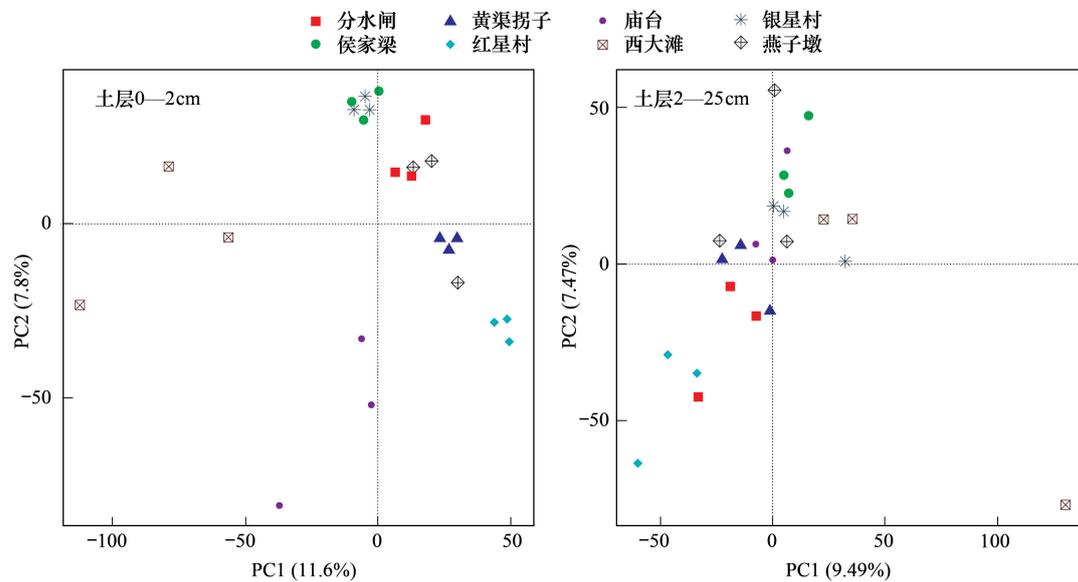


图3 宁夏不同地区盐碱地土壤细菌群落结构的主成分分析

Fig.3 Principal component analysis of bacterial community composition of saline soils in different sampling sites in Ningxia

表7 0—2cm 土层土壤细菌多样性指数与土壤属性 Pearson 相关性分析

Table 7 Correlation analysis between soil properties and bacterial diversity index in 0—2 cm soil depth

土壤属性 (Soil properties)/多样性指数 (Diversity indexes)	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Chao-1 指数 Chao-1 index	ACE 指数 ACE index
速效磷 Available phosphorus	-0.08	-0.11	0.02	0.21
碱解氮 Alkalyzable nitrogen	0.15	0.06	0.02	0.06
速效钾 Available potassium	-0.16	-0.12	-0.31	-0.15
全氮 Total nitrogen	0.06	0.01	-0.10	0.02
有机碳 Soil organic carbon	0.02	-0.05	-0.10	-0.02
全磷 Total phosphorus	-0.14	-0.26	-0.07	0.17
pH	0.01	0.09	-0.22	0.01
电导率 Electrical conductivity	-0.34	-0.27	-0.26	-0.15
土壤含水量 Soil moisture	-0.39	-0.23	-0.46*	-0.40
Ca ²⁺	0.21	0.22	0.27	0.15
Mg ²⁺	-0.04	0.03	-0.16	-0.05
K ⁺	-0.66**	-0.59**	-0.47*	-0.56**
Na ⁺	-0.36	-0.22	-0.28	-0.27
SO ₄ ²⁻	-0.32	-0.26	-0.23	-0.14
Cl ⁻	-0.57**	-0.39	-0.59**	-0.64**
CO ₃ ²⁻	0.09	0.12	-0.19	-0.08
HCO ₃ ⁻	0.22	0.18	0.08	0.14

通过 R 软件对环境因子和土壤细菌群落进行 RDA 分析。由图 4 可知,在 0—2cm 土层,第一排序轴和第二排序轴分别解释了细菌群落变化的 28.94%和 16.74%,经过蒙特卡罗检验,土壤含水量 ($F=3.4, P=0.04$) 和电导率值 ($F=4.9, P=0.006$) 是土壤微生物群落的主要影响因子;在 2—25cm 土层,第一排序轴和第二排序轴分别解释了细菌群落变化的 53.29%和 20.11%,经蒙特卡罗检验土壤理化因子与细菌群落结构没有显著相关

性, $P > 0.05$ 。

表 8 2—25cm 土层土壤细菌多样性指数与土壤属性 Pearson 相关性分析

Table 8 Correlation analysis between soil properties and bacterial diversity index in 2—25 cm soil depth

土壤属性(Soil properties)/ 多样性指数(Diversity indexes)	香农指数 Shannon index	辛普森指数 Simpson index	Chao-1 指数 Chao-1 index	ACE 指数 ACE index
速效磷 Available phosphorus	-0.23	-0.12	-0.24	-0.25
碱解氮 Alkalyzable nitrogen	-0.06	-0.10	-0.10	0.03
速效钾 Available potassium	-0.10	-0.09	-0.14	-0.09
全氮 Total nitrogen	-0.04	-0.01	-0.11	-0.15
有机碳 Soil organic carbon	-0.27	-0.21	-0.27	-0.20
全磷 Total phosphorus	0.13	0.14	0.12	-0.02
pH	0.38	0.31	0.38	0.20
电导率 Electrical conductivity	-0.52 *	-0.41 *	-0.49 *	-0.25
土壤含水量 Soil moisture	-0.25	-0.24	-0.16	0.15
Ca ²⁺	0.19	0.21	0.07	-0.13
Mg ²⁺	-0.26	-0.27	-0.27	0.05
K ⁺	-0.35	-0.38	-0.25	0.18
Na ⁺	-0.27	-0.17	-0.20	-0.05
SO ₄ ²⁻	-0.50 *	-0.43 *	-0.53 **	-0.29
Cl ⁻	0.07	0.03	0.05	0.16
CO ₃ ²⁻	0.21	0.13	0.28	0.28
HCO ₃ ⁻	0.31	0.29	0.27	0.01

3 讨论

本研究采用高通量测序技术对宁夏 8 个地区盐渍化土壤细菌群落多样性进行了分析。结果显示,细菌多样性在燕子墩土样中显著低于其他样点。多样性指数和丰富度指数与土壤中 K⁺、Cl⁻ 浓度和含水量显著负相关。土壤中 K⁺ 有利于盐渍化土壤作物和微生物的生长,但是过高的含量亦会产生盐害效应。Cl⁻ 含量的多少是决定土壤盐渍化程度的指标之一,降低土壤 Cl⁻ 的含量可改良盐渍化土壤^[27]。微生物量的减少与 Cl⁻ 的毒害有关^[28],也与渗透胁迫有关^[29]。本研究中,燕子墩土壤中的 Cl⁻ 显著的高于其他样点,表明该地区盐渍化程度较重,对土壤微生物群落具有抑制作用。研究结果显示,土壤 K⁺、Na⁺、SO₄²⁻ 和 Cl⁻ 在 0—2cm 土层聚集严重,可能是由于采样季是夏季,气温较高,蒸发强烈,土壤水分在蒸发过程中携带土壤盐分向表层移动。

本研究发现的大部分微生物都属于嗜盐和耐盐菌株,它们分别属于变形菌门、厚壁菌门、拟杆菌门和放线菌门^[30]。γ-变形菌纲在原生盐碱土和次生盐碱土中均有优势类群^[31-32],这与本研究结果一致。γ-变形菌纲包含许多促植物生长细菌(PGPR)^[33],如具有固氮作用的芽孢杆菌属、固氮菌属(*Azotobacter*),在生产和释放植物激素^[34-35]和土壤源植物病原菌(如真菌)的生物防治^[36]中有重要作用。厚壁菌门是我国许多盐渍化土壤中的优势菌群^[37],其中许多细菌可耐受极端条件,如干旱、盐碱等环境,很多厚壁菌可以产生芽孢,能够抵抗脱水,适应干旱和极端环境的能力极强。研究表明拟杆菌门对高盐环境具有较强的抗性,是盐碱土壤中的优势种群^[32],这在本研究中得到了证实。本研究发现放线菌门在土壤含水量较低的西大滩和侯家梁土样中相对含量高于其他采样点,放线菌门是好气性微生物,土样含氧量较高的环境更适合放线菌门的生长^[22]。

从属水平分析,发现芽孢杆菌属在八个样点的相对丰度均>1%,已有的研究表明芽孢杆菌属于嗜碱微生物^[38]。芽孢杆菌产生芽孢,能够抵抗脱水,适应干旱和极端环境能力极强^[22]。假单胞菌属在新疆阿克苏地区盐碱地和河西走廊盐碱化土壤细菌群落中都是优势菌属^[32-39]。本研究中,在 0—2cm 和 2—25cm 土层,假单胞菌属在燕子墩和侯家梁样点的相对丰度均高于其他样点。这类微生物的特殊代谢机制和产生的特殊酶

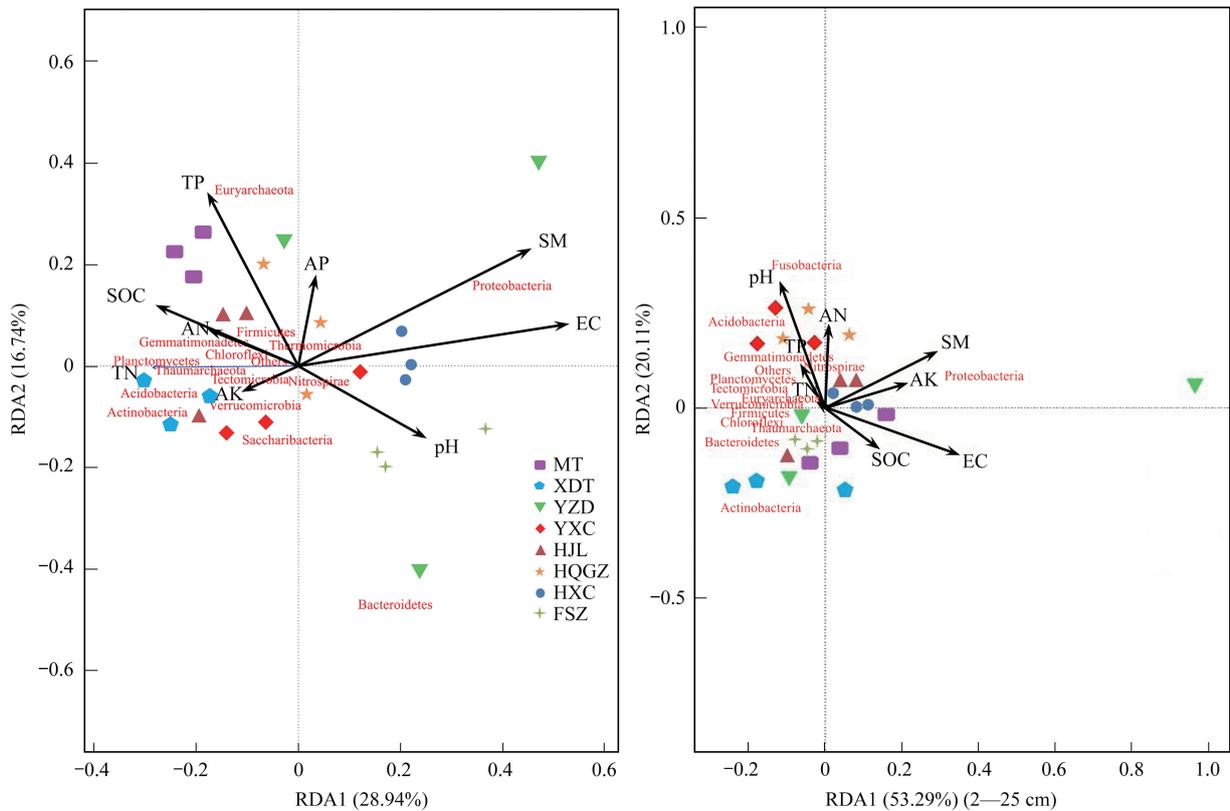


图4 不同类型盐碱地土壤性质与细菌群落的 RDA 分析

Fig. 4 Results from redundancy analysis (RDA) to explore the relationship between soil bacterial community and soil physicochemical characteristics

MT:庙台 Miaotai; XDT:西大滩 Xidatan; YZD:燕子墩 Yanzidun; YXC:银星村 Yinxingcun; HJL:侯家梁 Houjialiang; HQGZ:黄渠拐子 Huangquguanzi; HXC:红星村 Hongxingcun; FSZ:分水闸 Fenshuizha

已经在实践中显示了巨大的应用价值^[40]。本研究结果为从盐碱土壤中分离筛选出可耐盐碱的菌株提供了参考依据。

宁夏地处干旱半干旱区,土壤含水量、pH、土壤电导率、有机质含量、氮元素、磷元素、阴阳离子的含量^[41]等诸多因素都影响土壤微生物的空间分布格局。相关性分析表明土壤营养元素、pH 值等对土壤细菌群落结构和多样性没有显著的影响,分析其原因可能是因为本试验采集的土样均为未开垦的原始盐碱荒地,人为的扰动很少,没有化肥和有机肥的营养元素输入,因此土壤碳、氮素等营养对细菌群落结构的影响相对而言没有自然环境因子(如:土壤水分、电导率值和土壤盐基离子含量等)的效果更加显著。在本研究中,水分是细菌群落的关键影响因子,这与以往的研究结论一致。研究表明微生物生物量和多样性随着土壤含水量的增加而增加,并通过进一步的相关性分析指出,土壤含水量在 0—15% 范围内时,干旱半干旱区土壤细菌、真菌群落的多样性与土壤含水量呈显著正相关关系^[42]。

在盐渍化地区,含盐量是土壤微生物群落结构的重要限制因子。随着土壤盐渍化程度增加,土壤中细菌、真菌、放线菌数量及微生物数量均呈现出明显的下降趋势^[43]。本研究中,细菌群落的多样性和丰富度指数均与电导率值呈显著的负相关,说明土壤中过高的盐分含量对微生物的生长繁殖具有明显的抑制作用,从而影响微生物区系结构,其主要原因是盐分影响水分的有效性或微生物细胞的生理和代谢过程^[44]。本研究发现土壤含水量和土壤电导率值呈显著的正相关。因此,含水量和盐分的交互作用影响微生物群落。

4 结论

变形菌门、拟杆菌门、厚壁菌门和放线菌门在所有盐渍化土壤中为优势种类;芽孢杆菌属是所有样点的优势属种。细菌群落 α 多样性指数在燕子墩土壤中显著低于其他样点。其中,土壤中 K^+ 、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、土壤含水量和电导率值是影响燕子墩土壤细菌群落多样性不同于其他样点的主要因子。因此,宁夏盐渍化土壤的微生物多样性的生态分布具有明显的地区特异性。全氮、有机碳、碱解氮、速效钾在黄渠拐子土壤中含量最高;含水量、pH 值和电导率值在西大滩土壤中含量最低; K^+ 、 Cl^- 和 SO_4^{2-} 含量在燕子墩地区最高。0—2cm 土层土壤中 K^+ 、 Na^+ 、 SO_4^{2-} 和 Cl^- 含量在各个采样点表层土壤有显著的聚集趋势。

参考文献 (References):

- [1] Nannipieri P, Ascher J, Ceccherini M T, Landi L, Pietramellara G, Renella G. Microbial diversity and soil functions. *European Journal of Soil Science*, 2003, 54(4): 655-670.
- [2] 李凤霞, 杨涓, 许兴, 杨建国, 郑国琦, 肖红燕. 烟气脱硫废弃物在盐碱地土壤改良中的应用研究进展. *土壤*, 2010, 42(3): 352-357.
- [3] Pozdnyakova L, Zhang R D. Geostatistical analyses of soil salinity in a large field. *Precision Agriculture*, 1999, 1(2): 153-165.
- [4] 姚荣江, 杨劲松, 姜龙, 陈德明. 基于聚类分析的土壤盐渍剖面特征及其空间分布研究. *土壤学报*, 2008, 45(1): 56-65.
- [5] 李宝富, 熊黑钢, 张建兵, 龙桃. 不同耕种时间下土壤剖面盐分动态变化规律及其影响因素研究. *土壤学报*, 2010, 47(3): 429-438.
- [6] 张明, 高超, 尹爱经, 鲍征宇, 陈国光, 梁晓红, 雍太健, 朱意萍, 周墨. 滩涂区不同围垦年限土壤总盐及盐基离子含量变化规律. *农业工程学报*, 2018, 34(1): 118-126.
- [7] 罗以筛, 隆小华, 黄增荣, 刘玲, 李青, 李洪燕, 孙磊, 刘兆普. 苏北沿海滩涂盐肥对油菜生长及离子分布效应研究. *土壤*, 2009, 42(1): 95-100.
- [8] 孙洪刚, 陈益泰. 沿海防护林四个树种根系分布对盐胁迫的响应. *生态学杂志*, 2010, 29(12): 2365-2372.
- [9] 王合云, 李红丽, 董智, 陈新闯, 邵水仙. 滨海盐碱地不同造林树种林地土壤盐碱化特征. *土壤学报*, 2015, 52(3): 706-712.
- [10] 窦超银, 康跃虎, 万书勤. 地下水浅埋区重度盐碱地覆膜咸水滴灌水盐动态试验研究. *土壤学报*, 2011, 48(3): 524-532.
- [11] 韩建均, 杨劲松, 姚荣江, 陈效民. 苏北滩涂区水盐调控措施对土壤盐渍化的影响研究. *土壤*, 2012, 44(3): 658-664.
- [12] Sagova-Mareckova M, Zadorova T, Penizek V, Omelka M, Tejnecky V, Pruchova P, Chuman T, Drabek O, Buresova A, Vanek A, Kopecky J. The structure of bacterial communities along two vertical profiles of a deep colluvial soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 101: 65-73.
- [13] Heitkötter J, Heinze S, Marschner B. Relevance of substrate quality and nutrients for microbial C-turnover in top- and subsoil of a Dystric Cambisol. *Geoderma*, 2017, 302: 89-99.
- [14] Struecker J, Joergense R G. Microorganisms and their substrate utilization patterns in topsoil and subsoil layers of two silt loams, differing in soil organic C accumulation due to colluvial processes. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 91: 310-317.
- [15] Zhang C, Zhang X Y, Zou H T, Kou L, Yang Y, Wen X F, Li S G, Wang H M, Sun X M. Contrasting effects of ammonium and nitrate additions on the biomass of soil microbial communities and enzyme activities in subtropical China. *Biogeosciences*, 2017, 14(20): 4815-4827.
- [16] Zhang C, Liu G B, Xue S, Wang G L. Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 97: 40-49.
- [17] Yao X D, Zhang N L, Zeng H, Wang W. Effects of soil depth and plant-soil interaction on microbial community in temperate grasslands of northern China. *Science of the Total Environment*, 2018, 630: 96-102.
- [18] Fierer N, Schimel J P, Holden P A. Variations in microbial community composition through two soil depth profiles. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(1): 167-176.
- [19] 白曙光, 焦燕, 温慧洋, 谷鹏, 杨洁. 不同含盐量土壤可溶性无机碳及盐基离子的剖面分布特征. *地球环境学报*, 2018, 9(4): 348-355.
- [20] 张俊华, 贾科利. 盐化土壤微生物区系及理化性状对不同改良剂的响应研究. *土壤通报*, 2011, 42(5): 1045-1049.
- [21] 李凤霞, 王学琴, 郭永忠, 许兴, 杨建国, 季艳清. 宁夏不同类型盐渍化土壤微生物区系及多样性. *水土保持学报*, 2011, 25(5): 107-111.
- [22] 代金霞, 田平雅, 张莹, 苏建宇. 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. *生态学报*, 2019, 39(8): 2705-2714.
- [23] 杜雅仙, 马凯博, 康扬眉, 余海龙, 黄菊莹, 张俊华. 脱硫石膏与结构改良剂配合施用对盐碱地土壤的改良和枸杞生长的影响. *北方园艺*, 2018, (21): 129-135.
- [24] 鲁如坤. *土壤农业化学分析方法*. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
- [25] Caporaso J G, Lauber C L, Walters W A, Berg-Lyons D, Lozupone C A, Turnbaugh P J, Fierer N, Knight R. Global patterns of 16S rRNA

- diversity at a depth of millions of sequences per sample. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(S1): 4516-4522.
- [26] 纳小凡, 郑国琦, 彭励, 雷川怡, 杨红艳, 马玉, 赵强, 石硕砚. 不同种植年限宁夏枸杞根际微生物多样性变化. *土壤学报*, 2016, 53(1): 241-252.
- [27] 柴晓彤, 顾金凤, 毛亮, 冯海玮, 王大欣, 支月娥. 微生物菌肥对盐渍化土壤中盐分离子及有机质含量的影响. *上海交通大学学报: 农业科学版*, 2017, 35(1): 78-84.
- [28] Ndour N Y B, Baudoin E, Guissé A, Seck M, Khouma M, Brauman A. Impact of irrigation water quality on soil nitrifying and total bacterial communities. *Biology and Fertility of Soils*, 2008, 44(5): 797-803.
- [29] Rietz D N, Haynes R J. Effects of irrigation-induced salinity and sodicity on soil microbial activity. *Soil Biology and Biochemistry*, 2003, 35(6): 845-854.
- [30] 侯梅锋, 何士龙, 李栋, 张洁, 赵云. 连云港海底底泥及青海湖底泥细菌多样性研究. *环境科学*, 2011, 32(9): 2681-2688.
- [31] Canfora L, Bacci G, Pinzari F, Lo Papa G, Dazzi C, Benedetti A. Salinity and bacterial diversity: to what extent does the concentration of salt affect the bacterial community in a saline soil? *PLoS One*, 2014, 9(9): e106662.
- [32] 牛世全, 龙洋, 李海云, 达文燕, 胡山, 李渭娟, 朱学泰, 孔维宝. 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. *微生物学通报*, 2017, 44(9): 2067-2078.
- [33] 李岩, 何学敏, 杨晓东, 张雪妮, 吕光辉. 不同生境黑果枸杞根际与非根际土壤微生物群落多样性. *生态学报*, 2018, 38(17): 5983-5995.
- [34] Kamilova F, Kravchenko L V, Shaposhnikov A I, Makarova N, Lugtenberg B. Effects of the tomato pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* and of the biocontrol bacterium *Pseudomonas fluorescens* WCS365 on the composition of organic acids and sugars in tomato root exudate. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 2006, 19(10): 1121-1126.
- [35] Palaniyandi S A, Damodharan K, Yang S H, Suh J W. *Streptomyces* sp. strain PGPA39 alleviates salt stress and promotes growth of 'Micro Tom' tomato plants. *Journal of Applied Microbiology*, 2014, 117(3): 766-773.
- [36] Jošić D, Ćirić A, Soković M, Stanojković-Sebić A, Pivić R, Lepšanić Z, Glamočlija J. Antifungal activities of indigenous plant growth promoting *Pseudomonas* spp. from alfalfa and clover rhizosphere. *Frontiers in Life Science*, 2015, 8(2): 131-138.
- [37] Yang J, Ma L A, Jiang H C, Wu G, Dong H L. Salinity shapes microbial diversity and community structure in surface sediments of the Qinghai-Tibetan Lakes. *Scientific Reports*, 2016, 6: 25078.
- [38] 燕红, 钟方, 高新亮, 刘蕊. 耐盐碱菌株的分离筛选及生物学特性和盐碱去除效率的研究. *生态学杂志*, 2012, 31(4): 1000-1008.
- [39] 郑贺云, 黎志坤, 李超, 张鲜姣, 胡建伟, 朱红惠. 新疆阿克苏地区盐碱地细菌类群多样性及优势菌群分析. *微生物学通报*, 2012, 39(7): 1031-1043.
- [40] 赵百锁, 王慧, 毛心慰. 嗜盐微生物在环境修复中的研究进展. *微生物学通报*, 2007, 34(6): 1209-1212.
- [41] Li M, Li Y, Chen W F, Sui X H, Li J Y, Li Y, Wang E T, Chen W X. Genetic diversity, community structure and distribution of rhizobia in the root nodules of *Caragana* spp. from arid and semi-arid alkaline deserts, in the north of China. *Systematic and Applied Microbiology*, 2012, 35(4): 239-245.
- [42] Taniguchi T, Usuki H, Kikuchi J, Hirobe M, Miki N, Fukuda K, Zhang G S, Wang L H, Yoshikawa K, Yamanaka N. Colonization and community structure of root-associated microorganisms of *Sabina vulgaris* with soil depth in a semiarid desert ecosystem with shallow groundwater. *Mycorrhiza*, 2012, 22(6): 419-428.
- [43] Yang H, Hu J X, Long X H, Liu Z P, Rengel Z. Salinity altered root distribution and increased diversity of bacterial communities in the rhizosphere soil of Jerusalem artichoke. *Scientific Reports*, 2016, 6: 20687.
- [44] Sardinha M, Müller T, Schmeisky H, Joergensen R G. Microbial performance in soils along a salinity gradient under acidic conditions. *Apply Soil Ecology*, 2003, 23: 237-244.