DOI:10.11686/cyxb2025303 http://cyxb.magtech.com.cn
霍倩倩, 宋洋洋, 吴远荣, 等. 耐盐碱作物对南疆土壤理化性质和细菌群落组成的影响. 草业学报, 2026, 35(9): 47－62.
HUO Qian-qian, SONG Yang-yang, WU Yuan-rong, *et al*. Effects of salt-tolerant crops on the soil physicochemical properties and bacterial community composition in Southern Xinjiang. Acta Prataculturae Sinica, 2026, 35(9): 47－62.

耐盐碱作物对南疆土壤理化性质和细菌群落组成的影响

霍倩倩[1,2],宋洋洋[1,2],吴远荣[1,2],屈媛媛[1,2],席琳乔[1,2*]
(1. 塔里木大学动物科学与技术学院,新疆 阿拉尔 843300;2. 农业农村部环塔里木畜草资源利用重点实验室,新疆 阿拉尔 843300)

摘要:南疆地区土壤盐碱化程度加剧,对高粱、高丹草、田菁、玉米和棉花在盐碱地种植后土壤理化性质及细菌群落的变化尚未明晰。因此本研究设置单播高粱(S)、高丹草(SS)、田菁(Sb)、玉米(Zm)和棉花(Gs)5个处理,通过测定盐碱土样地种植不同耐盐碱作物处理下,表层0～20 cm土壤pH、电导率、土壤离子含量、碳/氮组分、酶活性和细菌群落,并进行综合分析,探究几种耐盐碱作物对于盐碱地土壤理化性质和细菌群落的影响。结果表明:S、SS和Sb处理土壤pH与各盐基离子含量较Zm、Gs处理更低;土壤颗粒有机碳(POC)、轻组有机碳(LFOC)、可溶性有机碳(DOC)、微生物生物量有机碳(MBC)、易氧化态碳(EOC)含量表现为SS＞Sb＞S＞Zm＞Gs;SS处理土壤的速效磷(AP)、速效钾(AK)含量和蔗糖酶(INV)、脲酶(UE)、过氧化氢酶(CAT)活性显著高于其他处理(P＜0.05),Sb处理土壤的有机质(SOM)和全氮(TN)含量显著高于其他处理(P＜0.05),较种植前增长83.37%和42.11%;S处理土壤的NO_3^--N含量最高,SS处理土壤的轻组有机氮(LFON)和颗粒有机氮(PON)含量最高,Sb处理土壤的可溶性有机氮(DON)含量最高;SS处理土壤的细菌群落多样性高且分布均匀,土壤变形菌门(38.65%～43.53%)和假单胞菌属(0.43%～6.92%)为优势菌门/属;土壤细菌变形菌门、拟杆菌门、甲烷氧化细菌门等与土壤理化性质相关性较显著。综上所述,在南疆盐碱地区种植高丹草和田菁对土壤理化性质改良效果较为理想。

关键词:盐碱地;耐盐碱作物;土壤理化性质;细菌

Effects of salt-tolerant crops on the soil physicochemical properties and bacterial community composition in Southern Xinjiang

HUO Qian-qian[1,2], SONG Yang-yang[1,2], WU Yuan-rong[1,2], QU Yuan-yuan[1,2], XI Lin-qiao[1,2*]
1. *College of Animal Science and Technology, Tarim University, Alar* 843300, *China*; 2. *Key Laboratory of Livestock and Forage Resources Utilization around Tarim, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Alar* 843300, *China*

Abstract: Soil salinization is increasing in Southern Xinjiang. However, the changes in soil properties and bacterial communities following the cultivation of sorghum (*Sorghum bicolor*), sorghum-sudangrass (*S. bicolor*×*Sorghum sudanense*), sesbania (*Sesbania cannabina*), maize (*Zea mays*), and cotton (*Gossypium hirsutum*) in saline-alkali soils remain unclear. This study established five monoculture treatments: sorghum (S), sorghum-sudangrass (SS), sesbania (Sb), maize (Zm), and cotton (Gs). Soil samples from the 0－20 cm surface layer were analyzed for pH, electrical conductivity (EC), soil ions, carbon/nitrogen fractions, enzyme activities, and bacterial community structure. Multivariate analysis was conducted to investigate the effects of these salt-tolerant forage crops on saline-

收稿日期:2025-07-22;改回日期:2025-11-17
基金项目:南疆麦后优质饲草绿色生产与加工技术研究(编号:2024DB003)资助。
作者简介:霍倩倩(2000－),女,新疆博州人,在读硕士。E-mail: 1272769378@qq.com
*通信作者 Corresponding author. E-mail: gsxlq666@163.com

alkali soil properties and bacterial community. The results indicated that soil pH and soil ions were lower in the S, SS, and Sb treatments compared to the Zm and Gs treatments. Soil organic carbon fractions, including particulate organic carbon, light fraction organic carbon, dissolved organic carbon, microbial biomass carbon, and easily oxidizable carbon showed a ranking trend of SS>Sb>S>Zm>Gs. The SS treatment exhibited significantly higher soil available phosphorus, available potassium content, and invertase, urease, catalase activities than other treatments ($P<0.05$). The Sb treatment showed significantly higher soil organic matter and total nitrogen contents than other treatments ($P<0.05$), with increases of 83.37% and 42.11%, respectively, compared to pre-cultivation levels. The S treatment had higher soil nitrate-nitrogen content, the SS treatment had higher light fraction organic nitrogen and particulate organic nitrogen contents, and the Sb treatment had higher dissolved organic nitrogen content than other treatments. The SS treatment resulted in high soil bacterial community diversity and even distributed soil. Proteobacteria (38.65%－43.53%) and Pseudomonas (0.43%－6.92%) were the dominant phylum and genus, respectively. Significant correlations were observed between soil physicochemical properties and bacterial phyla such as Proteobacteria, Bacteroidota, and Methylomirabilota. In conclusion, cultivation of sorghum-sudangrass and sesbania in the saline-alkali soils of Southern Xinjiang provided superior amelioration effects on soil physicochemical properties, compared to other crops tested.

Key words: saline-alkali land; salt-tolerant crops; physical and chemical properties of the soil; bacteria

全球盐碱化问题日益严峻,盐渍土面积已达11亿hm^2,约占陆地总面积的7%[1],盐碱地总面积以每年10%的速度增长[2-3]。全球超过20%的农业区受盐胁迫影响,预计2050年该比例将升至50%。盐渍化不仅破坏土壤结构,降低土壤总孔隙度与导水率,抑制植物生长,还会干扰植物光合作用、养分吸收及种子萌发,同时盐碱化土壤的根际微生物多样性也显著下降[4]。中国作为土壤盐碱化重灾区,盐渍土面积达3600万hm^2,据第二次全国土壤调查资料显示,新疆各类盐渍化土壤面积达到1336.1万hm^2,占全国盐碱化土壤面积的36.8%[5]。南疆地区因独特的地理环境和气候等因素,年总降水量小于150 mm,蒸发量却达到1650 mm[6],是盐碱地重灾区,这进一步凸显该地区盐碱地治理的紧迫性。相较于高成本的物理化学改良技术,“生物改良”策略因其生态兼容性与经济可行性成为研究热点。生物改良通过种植耐盐植物,增加植被覆盖度和土壤根系微生物量,提高土壤的微生物群落数量,改善土壤理化性质,抑制土壤返盐,提升土地生产力,同时可以通过收获地上元素获得经济效益,是盐碱地可持续开发利用的最经济有效的措施之一[7-8]。

耐盐碱作物能通过自身特有的组织结构降低盐分毒害,适应盐环境,不同耐盐碱作物之间的耐盐性与耐盐机制存在较大差异。在众多耐盐作物中,高粱(*Sorghum bicolor*)凭借独特的“根系工程－微生物调控”协同机制成为盐碱地改良的先锋作物[9],其对盐胁迫、干旱和贫瘠土壤等逆境具有良好的适应[10-11],即使在盐胁迫[土壤电导率(electrical conductivity,EC)阈值6.8 $dS\cdot m^{-1}$]条件下仍能维持显著生物量产出[12],并且其庞大的根系系统(深达2 m)可提升土壤孔隙度达5.67%并使入渗量增加3.6倍[13],在使耕作层含盐量下降的同时还能提升土壤有机质及微量元素含量[14]。其杂交种高丹草(*S. bicolor*×*Sorghum sudanense*),集成了高粱的优良特性,进一步强化排盐能力,根系释放大量CO_2促使土壤盐分离子游离活化,再通过降水、灌溉的方式把盐分排出[15],种植时结合滴灌技术,可使20～40 cm土壤盐渍化显著降低[16],与豆科作物间作更能显著增加根际土壤微生物数量和提升高丹草的生物性状[17]。相比之下豆科作物田菁(*Sesbania cannabina*)则是通过“生物固氮－根系脱盐”双途径改良盐碱土,其根瘤菌系统在含盐量0.3%、pH 9.5的极端环境仍可实现120 $kg\cdot hm^{-2}$年固氮量[18],与柽柳(*Tamarix chinensis*)混作时可通过根系脱盐及分泌物调节显著降低土壤pH[19],微生物种群结构得到改善[20-21],轮作试验显示其可提升土壤有机质并使后茬小黑麦(*Triticale*)增产[22]。玉米(*Zea mays*)是仅次于水稻(*Oryza sativa*)和小麦(*Triticum aestivum*)的第三大谷类作物,虽属于中度盐敏感型C_4作物[23],但种植其可明显增加盐渍土土壤的细菌

群落多样性，改变微生物群落结构，对促进盐渍化土壤微生物功能发挥和改善盐渍化土壤种植结构具有重要意义。棉花（*Gossypium herbaceum*）作为全世界广泛栽培的中度耐盐碱作物（适宜盐浓度＜0.2%）[24]，连作模式下不仅能维持产量，还可促进土壤内有机质和氮素的持续积累[25]。

纵观以往的研究，多集中于对单一作物种植改良盐碱土壤效果的研究，缺乏不同作物在南疆钙质盐渍土环境下改良效应的系统比较，尤其对土壤八大离子动态平衡、酶含量以及细菌群落结构变化规律的研究尚未深入。本研究选取高粱、高丹草、田菁、玉米以及棉花5种南疆地区典型耐盐碱作物，通过田间种植试验结合宏基因组学技术来分析耐盐作物种植后土壤碳组分、关键酶活性、盐基离子含量、土壤理化性质及微生物群落结构等变化规律，探究这5种耐盐碱作物对盐渍化土壤的改良作用机理，旨在为建立“植物－土壤－微生物”协同改良模式提供理论依据。

1　材料与方法

1.1　试验地概况

试验地位于新疆生产建设兵团阿拉尔市十二团（80°30′－81°58′ E，40°22′－40°57′ N），属于典型的暖温带大陆性干旱气候。区内光热资源丰富，年辐射量9733 MJ·m^{-2}，年均日照时数2650～3100 h，年均气温10.4 ℃，极端最高温度为40.6 ℃，极端最低温度为－23.4 ℃，≥10 ℃年积温为3800～4700 ℃，无霜期180～224 d；地势平坦，土壤盐碱化程度较重，土壤类型为沙土，偏碱性，pH为8.3，电导率为4.03 mS·cm^{-1}，有机质含量10.34 g·kg^{-1}，全氮含量0.38 g·kg^{-1}，速效磷含量22.01 mg·kg^{-1}，速效钾含量56.08 mg·kg^{-1}。

1.2　试验设计与土壤采集

以高粱（S）、高丹草（SS）、田菁（Sb）、棉花（Zm）、玉米（Gs）为对象设置单播试验，小区面积为15 m^2（3 m×5 m），重复3次，均采用条播方式；高粱、高丹草、玉米和棉花播量为10.14 kg·hm^{-2}，田菁播量为11.40 kg·hm^{-2}，行距50 cm，株距15 cm。于2024年4月7日进行播种，同年9月初对5种不同种植处理样地的0～20 cm土壤分别进行采样，每个样地各采集4份共60份；分袋装入4 ℃的保温箱带回实验室，初步去除杂物、石块和根系，采集土样分两份，一份过2 mm筛，存于冰箱中用于土壤细菌测序，另一份风干，过2 mm筛后用于后续指标测定。

1.3　pH、电导率和土壤离子含量的测定

使用pH计（FE 22，Mettler Toledo，上海）在土壤（水∶土＝5∶1）悬浮液中测定pH；电导率采用上海雷磁电导率仪（DDBJ-350，上海）测定。首先使用酚酞指示剂测定CO_3^{2-}含量，用标准酸中和全部CO_3^{2-}成HCO_3^-后，用硝酸银试剂滴定Cl^-含量，SO_4^{2-}含量使用EDTA（ethylene diamine tetraacetic acid）容量法[26]测定，用过量的$BaCl_2$将溶液中的SO_4^{2-}沉淀完全，铬黑T为指示剂用EDTA进行滴定[26]，Ca^{2+}、Mg^{2+}含量使用EDTA络合滴定法测定，K^+和Na^+含量使用火焰光度计法[26]测定。

1.4　土壤理化性质测定

土壤有机质（soil organic matter，SOM）含量采用重铬酸钾容量法－外加热法测定；全氮（total nitrogen，TN）含量采用半微量凯氏定氮法测定；速效磷（available phosphorus，AP）含量采用0.5 mol·L^{-1} $NaHCO_3$浸提法测定，速效钾（available potassium，AK）含量采用NH_4OAc浸提－火焰光度法测定[26]。

采用3,5-二硝基水杨酸比色法测定土壤蔗糖酶（invertase，INV）活性；采用苯酚钠比色法测定土壤脲酶（urease，UE）活性；采用高锰酸钾滴定法测定土壤过氧化氢酶（catalase，CAT）活性[27]。

颗粒有机碳（particulate organic carbon，POC）含量采用六偏磷酸钠分散法测定[28]；土壤轻组有机碳（light fraction organic carbon，LFOC）含量采用NaI密度分离法测定[29]；可溶性有机碳（dissolved organic carbon，DOC）含量采用湿氧化法测定[28]；易氧化态碳（easily oxidizable carbon，EOC）含量采用高锰酸钾氧化－比色法测定[30]。土壤微生物生物量碳（microbial biomass carbon，MBC）和微生物生物量氮（microbial biomass nitrogen，MBN）含量采用氯仿熏蒸－K_2SO_4提取法测定[31]，土壤硝态氮（nitrate nitrogen，NO_3^--N）含量的测定参考鲁如坤[31]的方法。土壤颗粒有机氮（particulate organic nitrogen，PON）含量采用5 g·L^{-1}六偏磷酸钠分散法[28]测定，可溶性有机氮（dissolved organic nitrogen，DON）含量采用0.5 mol·L^{-1}硫酸钾浸提法[31]测定，轻组有机氮（light fraction organic

nitrogen, LFON)含量在轻组分离后用凯式定氮法[32]测定。

1.5 细菌DNA提取、扩增以及测序

干冰运输至诺禾至源生物科技有限公司进行测序。称量0.5 g土壤,使用土壤基因组DNA提取试剂盒(TIANGEN,DP712,北京)对基因组DNA进行提取。之后使用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA纯度和浓度,用无菌水稀释至1 ng·μL^{-1},并取1 μL稀释后的基因组DNA样本与针对原核生物16S rDNA的引物序列515F(5′-CCTAYGGGRBGCASCAG-3′)进行扩增,再使用NovaSeq 6000进行PE 250测序;QIIME 22020.6中的dada 2方法进行去噪,得到最终的扩增子序列变异(amplicon sequence variants, ASVs),数据库为Silva 138.1。

1.6 数据分析与统计

采用Excel 2024软件对试验数据进行初步整理与分析,使用SPSS 27.0进行单因素方差分析(One-wayANOVA)比较种植不同耐盐碱作物对南疆土壤理化性质及细菌群落多样性的显著性差异(Duncan法,$\alpha=0.05$),图表中的数据为平均值±标准误。使用QIIME 2软件分析计算细菌Alpha多样性及细菌相对丰度;通过Origin 2021绘制细菌群落相对丰度及多样性图;使用LEfSe软件(Version 1.0)分析计算指示微生物类群;使用Tax4Fun对KEGG数据库中16S rRNA基因序列进行计算和预测土壤细菌的功能通路。土壤细菌群落差异、冗余分析图、功能代谢通路热图及相关性热图均使用诺禾云平台分析制作(https://magic.novogene.com/)。

2 结果与分析

2.1 种植耐盐碱作物对土壤pH、电导率和离子含量的影响

种植不同耐盐碱作物后0~20 cm土壤pH表现为Sb<S<SS<Zm<Gs(表1),Gs和Zm处理土壤pH显著高于其他处理($P<0.05$)。土壤电导率表现为Sb<SS<S<Zm<Gs,其中Sb处理的土壤电导率值较Gs处理显著降低26.46%($P<0.05$)。S、SS与Sb处理中0~20 cm土壤的Na^+、K^+、Ca^{2+}、Mg^{2+}、HCO_3^-、Cl^-含量均显著低于Zm和Gs处理($P<0.05$),其中Sb和S处理土壤Na^+含量较Gs分别显著降低69.57%和63.93%($P<0.05$),S处理土壤K^+与Cl^-含量显著低于其他处理($P<0.05$);SO_4^{2-}含量表现为Zm<Sb<S<SS<Gs,其中Gs较S处理显著增加76.32%($P<0.05$),土壤中未检测到CO_3^{2-}。

表1 种植耐盐碱作物的土壤pH、电导率和离子含量

Table 1 Soil pH, electrical conductivity and ion contents for growing salt-tolerant crops

处理 Treatment	pH	电导率 Electrical conductivity (EC, mS·cm^{-1})	Na^+ (mg·kg^{-1})	K^+ (mg·kg^{-1})	Ca^{2+} (mg·kg^{-1})
S	7.67±0.02cd	3.96±0.02c	248.80±5.60d	85.71±0.81c	222.76±21.78b
SS	7.75±0.01c	3.69±0.01d	303.31±5.82c	93.89±0.85b	212.82±20.23b
Sb	7.66±0.03d	3.03±0.01e	209.93±4.62d	92.13±0.88b	219.44±17.25b
Zm	8.01±0.02b	4.07±0.01b	452.52±29.35b	101.21±0.97a	325.88±14.49a
Gs	8.15±0.02a	4.12±0.02a	689.77±3.27a	104.13±1.29a	379.85±53.36a

处理 Treatment	Mg^{2+} (mg·kg^{-1})	HCO_3^- (mg·kg^{-1})	Cl^- (mg·kg^{-1})	SO_4^{2-} (mg·kg^{-1})	CO_3^{2-} (mg·kg^{-1})
S	97.37±7.03d	95.71±0.61bc	369.70±16.40e	0.76±0.00c	—
SS	96.86±6.35d	91.65±0.93c	613.62±7.25d	0.88±0.00b	—
Sb	139.96±3.51c	107.74±2.53b	810.58±8.62c	0.46±0.01d	—
Zm	407.10±2.74b	126.91±6.07a	1129.64±31.09b	0.27±0.01e	—
Gs	519.87±13.66a	121.16±6.40a	2978.12±43.53a	1.34±0.00a	—

S: 高粱*S. bicolor*; SS: 高丹草*S. bicolor*×*S. sudanense*; Sb: 田菁*S. cannabina*; Zm: 棉花*G. herbaceum*; Gs: 玉米*Z. mays*. 同列不同字母表示差异显著($P<0.05$)。—代表未检测出,下同。Different letters in the same column indicate significant differences ($P<0.05$). — indicates not detected, the same below.

2.2　种植耐盐碱作物对土壤有机碳和养分的影响

种植不同耐盐碱作物 0～20 cm 土壤 POC、LFOC、DOC、MBC、EOC 含量表现出相同趋势，均为 SS＞Sb＞S＞Zm＞Gs(表 2)，且各处理间具有显著性差异($P<0.05$)。SS 处理在提升土壤有机碳方面表现出全面优势，其 POC、LFOC、DOC 和 MBC 含量较 Gs 分别显著提高 13.16%、36.11%、16.02% 和 17.86%($P<0.05$)，EOC 含量较 Zm 和 Gs 处理分别显著提高 12.14% 和 18.05%($P<0.05$)。Sb 处理土壤的 SOM 含量较 Gs 显著提高 97.91%($P<0.05$)，TN 含量较 SS 处理显著提高 14.9%($P<0.05$)；SS 处理的 AP 含量较 S 和 Gs 处理分别显著提高 16.14% 和 77.78%($P<0.05$)，AK 含量较 Sb 处理显著提高 44.13%($P<0.05$)。

表 2　种植耐盐碱作物的土壤有机碳和养分含量

Table 2　Soil organic carbon and nutrient contents for growing salt-tolerant crops

指标 Index	S	SS	Sb	Zm	Gs
颗粒有机碳 Particulate organic carbon (POC, g·kg^{-1})	1.62±0.00c	1.72±0.01a	1.68±0.00b	1.58±0.00d	1.52±0.00e
轻组有机碳 Light fraction organic carbon (LFOC, g·kg^{-1})	1.30±0.01c	1.47±0.01a	1.37±0.01b	1.15±0.00d	1.08±0.02e
可溶性有机碳 Dissolved organic carbon (DOC, mg·kg^{-1})	359.89±0.76c	371.49±0.30a	368.72±1.10b	340.35±0.92d	320.19±0.11e
微生物生物量碳 Microbial biomass carbon (MBC, mg·kg^{-1})	172.05±0.05c	185.01±0.07a	180.27±0.37b	162.92±0.39d	156.98±0.89e
易氧化态碳 Easily oxidizable carbon (EOC, g·kg^{-1})	1.44±0.00c	1.57±0.01a	1.48±0.01b	1.40±0.01d	1.33±0.01e
土壤有机质 Soil organic matter (SOM, g·kg^{-1})	12.83±1.17bc	14.51±0.29b	18.96±1.25a	11.67±0.58bc	9.58±1.36c
全氮 Total nitrogen (TN, g·kg^{-1})	0.42±0.00c	0.47±0.02b	0.54±0.01a	0.41±0.00c	0.41±0.01c
速效磷 Available phosphorus (AP, mg·kg^{-1})	41.33±0.88b	48.00±0.58a	36.00±1.00c	35.33±1.20c	27.00±1.00d
速效钾 Available potassium (AK, mg·kg^{-1})	84.67±2.73c	139.33±2.60a	96.67±0.88b	70.00±1.53d	62.33±0.67e

同行不同字母表示差异显著($P<0.05$)。Different letters in the same row indicate significant differences ($P<0.05$).

2.3　种植耐盐碱作物对土壤酶活性和氮组分的影响

种植不同耐盐碱作物的土壤酶活性间存在显著性差异(表 3)，其中 SS 处理表现出显著优势，其 INV 活性较 Sb 和 S 处理分别显著提高 4.47% 和 6.85%($P<0.05$)，较 Gs 显著提高 33.65%($P<0.05$)；其 UE 活性较 Sb 和 S 处理分别显著提高 2.96% 和 3.99%($P<0.05$)，其 CAT 活性较 Sb 处理显著提高 6.78%($P<0.05$)。0～20 cm 土壤 NO_3^--N 含量表现为 S＞Zm＞SS＞Gs＞Sb，其中 S 处理较 SS 处理显著提高 3.38%($P<0.05$)。Sb 处理土壤 MBN 和 DON 含量较 SS 处理分别显著提高 2.39% 和 0.46%($P<0.05$)，SS 处理土壤的 LFON 和 PON 含量较 Sb 处理分别提高 1.23% 和 5.71%，PON 含量提升显著($P<0.05$)。

2.4　种植耐盐碱作物对土壤细菌 Alpha 多样性的影响

对种植不同耐盐碱作物土壤样本细菌进行 OTUs 聚类分析(图 1)，5 组处理 0～20 cm 土壤土样共得到 22433 条细菌 OTUs，共有细菌 OTUs 序列数为 1751 条，占 OTUs 总数的 7.81%，各处理特有的细菌 OTUs 序列数表现为 Gs＞Zm＞Sb＞SS＞S，Gs 处理土壤细菌特有 OTUs 最高，为 3939 条，占 OTUs 总条数的 17.56%，S 处理土壤特有的 OTUs 最低，为 2049 条，占 OTUs 总条数的 9.13%。

对土壤细菌 Alpha 多样性分析发现(图 2)，5 组处理的土壤细菌 Chao 1、Pielou-E、Shannon、Simpson 指数中，S 处理土壤 Chao 1 指数高于其他处理，与最低的 Gs 处理相比，增加 9.57%，SS 处理的 Pielou-E、Shannon 和 Simpson 指数均高于其他处理，综合分析，SS 处理的土壤细菌多样性较为丰富且分布均匀。

2.5　种植耐盐碱作物对土壤细菌群落组成与结构的影响

对各处理土壤样本细菌群落丰度数据进行均一化处理，得到不同耐盐作物的细菌群落相对丰度(图 3)。在细菌门水平上，排名前 10 的优势类群分别为变形菌门(Proteobacteria，38.65%～43.53%)、酸杆菌门(Acidobacteriota，7.90%～11.79%)、芽孢杆菌门(Gemmatimonadota，7.68%～10.34%)、绿弯菌门(Chloroflexi，6.96%～8.47%)、放线菌门(Actinobacteriota，6.58%～8.27%)、拟杆菌门(Bacteroidota，3.54%～6.02%)、泉古

表 3 种植耐盐碱作物的土壤酶活性和氮组分

Table 3 Soil enzyme activities and nitrogen fractions for growing salt-tolerant crops

处理 Treatment	蔗糖酶 Invertase (INV, mg·g^{-1})	脲酶 Urease (UE, mg·g^{-1})	过氧化氢酶 Catalase (CAT, mg·g^{-1})	硝态氮 Nitrate nitrogen (NO_3^--N, mg·kg^{-1})
S	3.94±0.02b	16.06±0.03c	0.62±0.00a	26.34±0.05a
SS	4.21±0.02a	16.70±0.09a	0.63±0.00a	25.48±0.02c
Sb	4.03±0.01b	16.22±0.01b	0.59±0.00b	23.07±0.08e
Zm	3.48±0.03c	15.43±0.04d	0.54±0.01c	25.80±0.03b
Gs	3.15±0.04d	15.22±0.04e	0.52±0.01d	24.24±0.04d

处理 Treatment	微生物生物量氮 Microbial biomass nitrogen (MBN, mg·kg^{-1})	轻组有机氮 Light fraction organic nitrogen (LFON, g·kg^{-1})	颗粒有机氮 Particulate organic nitrogen (PON, g·kg^{-1})	可溶性有机氮 Dissolved organic nitrogen (DON, mg·kg^{-1})
S	28.49±0.07c	0.75±0.00b	0.32±0.00c	23.47±0.02c
SS	29.29±0.09b	0.82±0.01a	0.37±0.00a	24.14±0.01b
Sb	29.99±0.01a	0.81±0.00a	0.35±0.00b	24.25±0.04a
Zm	27.38±0.03d	0.71±0.01c	0.28±0.00d	22.10±0.01d
Gs	26.77±0.06e	0.64±0.00d	0.25±0.00e	21.06±0.03e

菌门(Crenarchaeota, 1.92%～3.25%)和髌骨细菌门(Patescibacteria, 1.75%～2.19%)等(图 3A)。土壤中变形菌门相对丰度最高的为 Gs 处理(43.53%),其次为 S 处理(43.09%);酸杆菌门相对丰度最高的为 Zm 处理(11.79%),其次为 Sb 处理(11.32%);芽孢杆菌门相对丰度表现为 Zm>SS>Gs>Sb>S;绿弯菌门相对丰度最高的为 S 处理(8.47%);放线菌门相对丰度最高的为 SS 处理(8.27%),其次为 S 处理(7.68%);拟杆菌门相对丰度最高的为 Gs 处理(6.02%),其次为 Sb 处理(4.11%)。

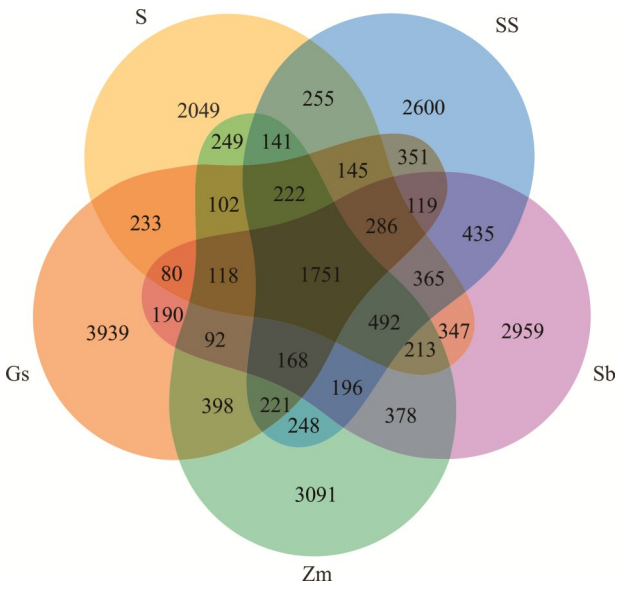


图 1 种植耐盐碱作物的土壤细菌 OTUs 韦恩图

Fig. 1 Venn diagram of soil bacteria OTUs for growing salt-tolerant crops

S: 高粱 *S. bicolor*; SS: 高丹草 *S. bicolor*×*S. sudanense*; Sb: 田菁 *S. cannabina*; Zm: 棉花 *G. herbaceum*; Gs: 玉米 *Z. mays*. 下同 The same below.

在土壤细菌属水平上(图 3B),相对丰度排名前 10 的菌属有假单胞菌属(*Pseudomonas*, 0.43%～6.92%)、溶杆菌属(*Lysobacter*, 1.49%～2.51%)、*MND1* (1.32%～2.13%)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*, 1.20%～2.20%)、不动杆菌属(*Acinetobacter*, 0.12%～2.88%)和 *Nitrosarchaeum* (0.63%～1.63%)等。假单胞菌属相对丰度在 Zm 处理中最高(6.92%),其次为 S 处理(6.46%);溶杆菌属相对丰度在 SS 处理中最高(2.51%);不动杆菌属相对丰度在 S 处理中最高(2.88%),Gs 处理中最低(0.12%);另外,海杆菌属(*Marinobacter*)相对丰度在 Gs 处理中最高(4.14%),但在其他处理中相对丰度小于 0.01%,S 处理中未检测出。

对种植不同耐盐碱作物土壤进行主成分提取分析,方差最大化正交旋转后(P=0.05),提取了 2 个主成分 PCoA 1 对土壤细菌群落结构差异解释率为 28.86%,PCoA 2 的解释率为 13.75%,二者方差累计贡献率为 42.61%(图 4)。S、SS 与 Sb 处理土壤细菌群落组成相似度更高,Gs 和 Zm 处理土壤细菌群落组成相似度较低,离散程度更为明显。

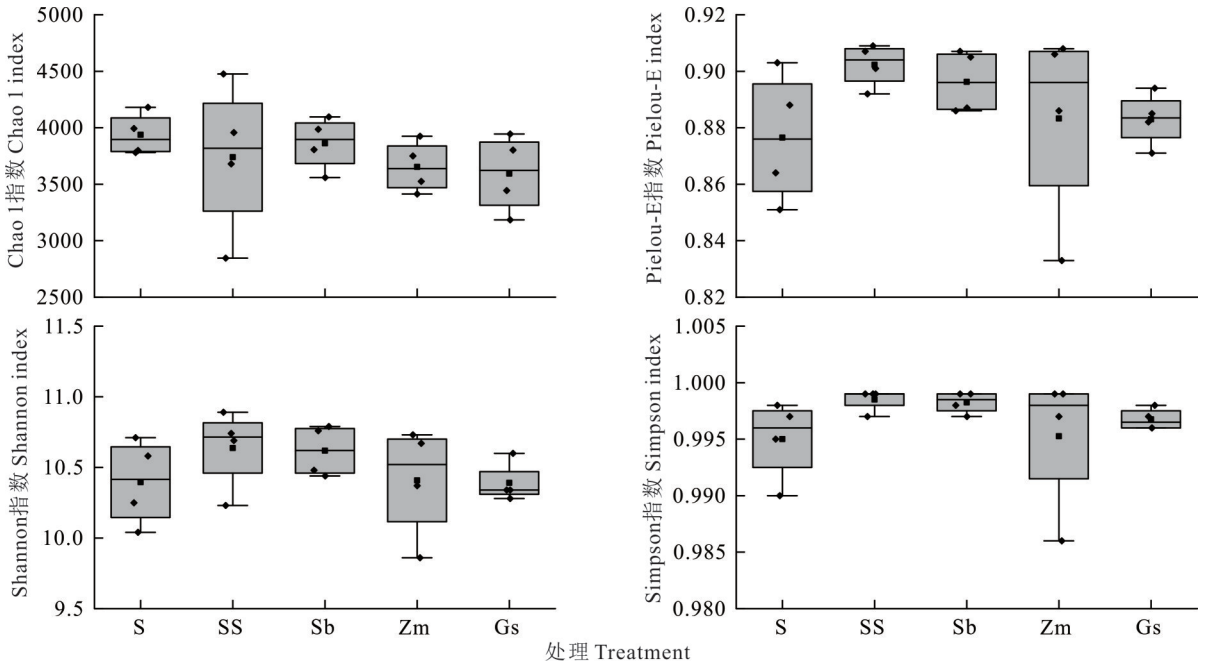


图 2　种植耐盐碱作物的土壤细菌多样性

Fig. 2　Soil bacterial diversity for growing salt-tolerant crops

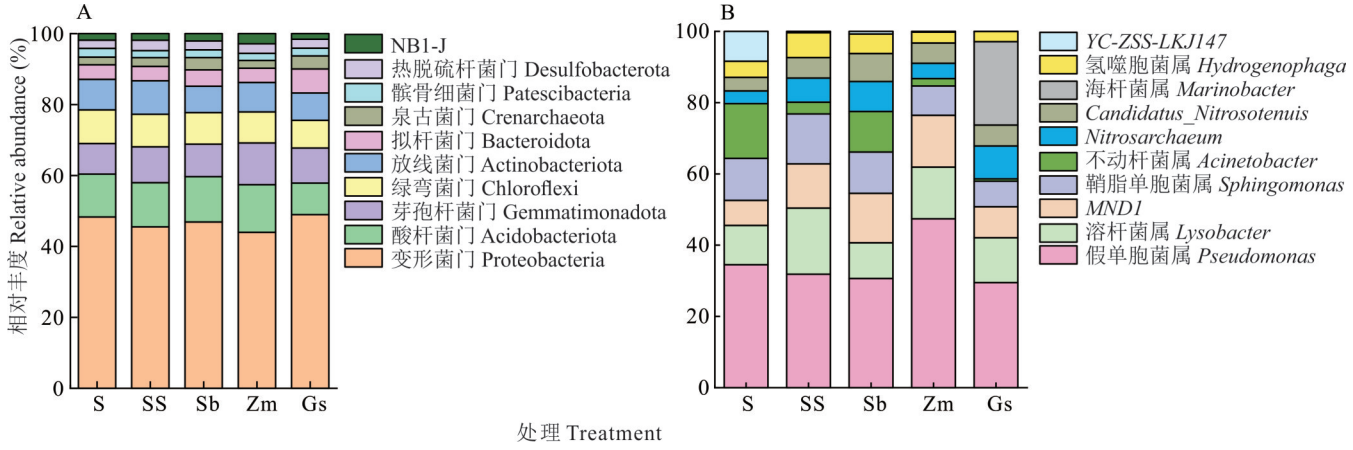


图 3　种植耐盐碱作物土壤细菌群落门、属水平相对丰度

Fig. 3　Relative abundance of soil bacterial communities at phylum and genus levels for growing salt-tolerant crops

2.6　种植耐盐碱作物的土壤细菌指示微生物类群

用 LEfSe 方法分析各处理门水平上土壤细菌指示微生物类群（图 5）发现，S 处理有蓝细菌门（Cyanobacteria）和 Dependentiae；SS 处理有古菌－热源体门（Thermoplasmatota）；Sb 处理包含黏菌门（Myxococcota）、河床菌门（Zixibacteria）和 FCPU426；Zm 处理土壤细菌指示类群有酸杆菌门（Acidobacteriota）、NB1-J、厌氧甲烷氧化细菌门（Methylomirabilota）、硝化螺旋菌门（Nitrospirota）和 Calditrichota；Gs 处理包含拟杆菌门（Bacteroidota）、耐辐射奇球菌门（Deinococcota）和盐杆菌门（Halobacterota）。

2.7　种植耐盐碱作物的土壤细菌功能预测

采用 Tax4Fun 方法对种植不同耐盐碱作物土壤的细菌群落进行功能预测（图 6），结果共注释到二级功能代谢通路排名前 10 的有脂质代谢（lipid metabolism）、信号传导（signal transduction）、复制与修复（replication and repair）、碳水化合物代谢（carbohydrate metabolism）、膜转运（membrane transport）、能量代谢（energy metabolism）、翻译（translation）、氨基酸代谢（amino acid metabolism）、核苷酸代谢（nucleotide metabolism）及辅助因子和维生素

代谢(metabolism of cofactors and vitamins)。Sb处理土壤细菌在能量代谢、翻译、氨基酸代谢、核苷酸代谢及辅助因子和维生素代谢功能通路上表现出较高丰度;Gs处理土壤细菌在膜转运功能上表现出较高丰度;Zm处理土壤细菌在信号传导通路上表现出较高丰度;S处理土壤细菌在碳水化合物代谢上表现出较高丰度;SS处理在遗传信息的复制与修复上表现出较高丰度。

2.8 种植耐盐碱作物土壤的理化性质与细菌群落冗余分析

对种植不同耐盐碱作物的土壤离子与属水平细菌群落进行冗余分析(图7A)发现,RDA 1与RDA 2轴共同解释了细菌属水平群落结构总变化的65.44%,其中K^+、Mg^{2+}、Ca^{2+}和Na^+是影响细菌群落结构的主要土壤离子,与假单胞菌属、*Sobgroup-10*、*MND1*呈正相关,与沙单胞菌属(*Arenimonas*)、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)呈负相关,且在离子调控上,K^+对细菌的影响较大。对种植不同耐盐碱作物土壤的理化性质因子与属水平细菌群落进行冗余分析(图7B)发现,其中土壤pH、POC、LFOC和DOC是影响细菌群落结构的主要指标,与沙单胞菌属、鞘脂单胞菌属呈正相关,与假单胞菌属、*Sobgroup-10*和*MND1*呈负相关,且在土壤理化性质因子指标中,POC对细菌群落的影响较大。

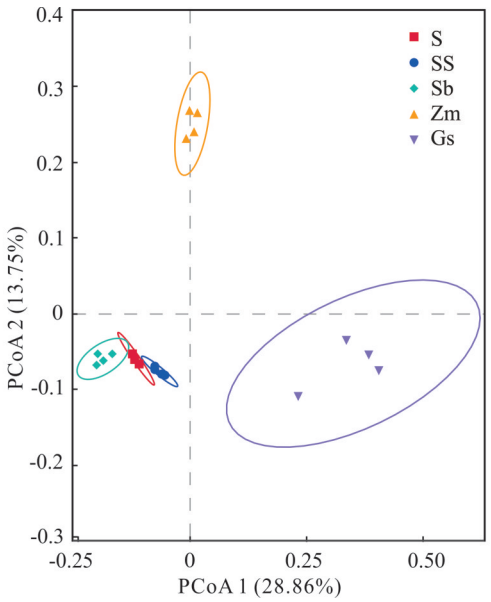


图4 种植耐盐碱作物土壤细菌群落结构主成分分析(PCoA)

Fig. 4 Principal coordinate analysis (PCoA) of soil bacterial community structure for growing salt-tolerant crops

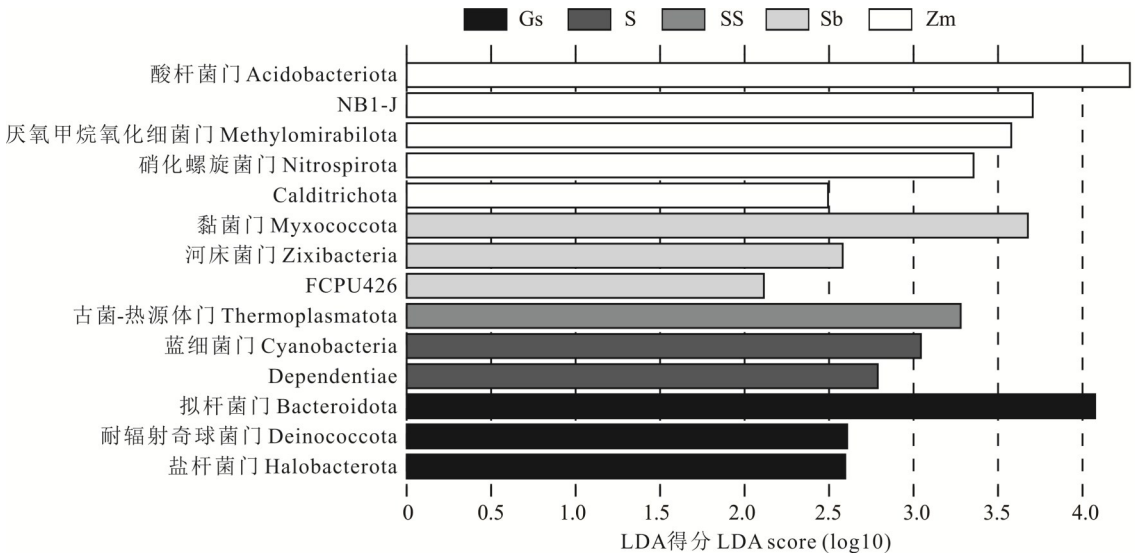


图5 种植耐盐碱作物的土壤细菌群落指示微生物

Fig. 5 Indicator microorganisms of soil bacterial communities for growing salt-tolerant crops

2.9 种植耐盐碱作物的土壤理化性质与细菌群落相关性分析

种植不同耐盐碱作物对土壤环境因子与门水平相对丰度排名前20的细菌群落Spearman相关性分析(图8)表明,与土壤环境因子显著相关的细菌有变形菌门(Proteobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidota)、甲烷氧化细菌门(Methylomirabilota)、迟杆菌门(Latescibacterota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、浮霉菌门(Planctomycetota)和热变形菌门(Thermoplasmatota)。土壤POC、LFOC、DOC、MBC、EOC、NO_3^--N、

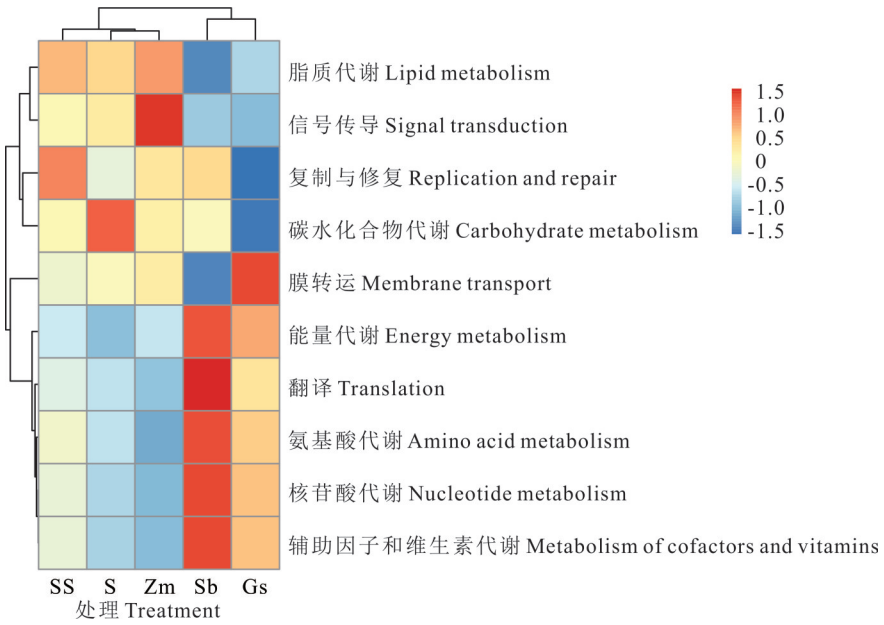


图 6　种植耐盐碱作物土壤的细菌功能代谢二级通路

Fig. 6　Level-2 functional metabolic pathways of soil bacterial communities for growing salt-tolerant crops

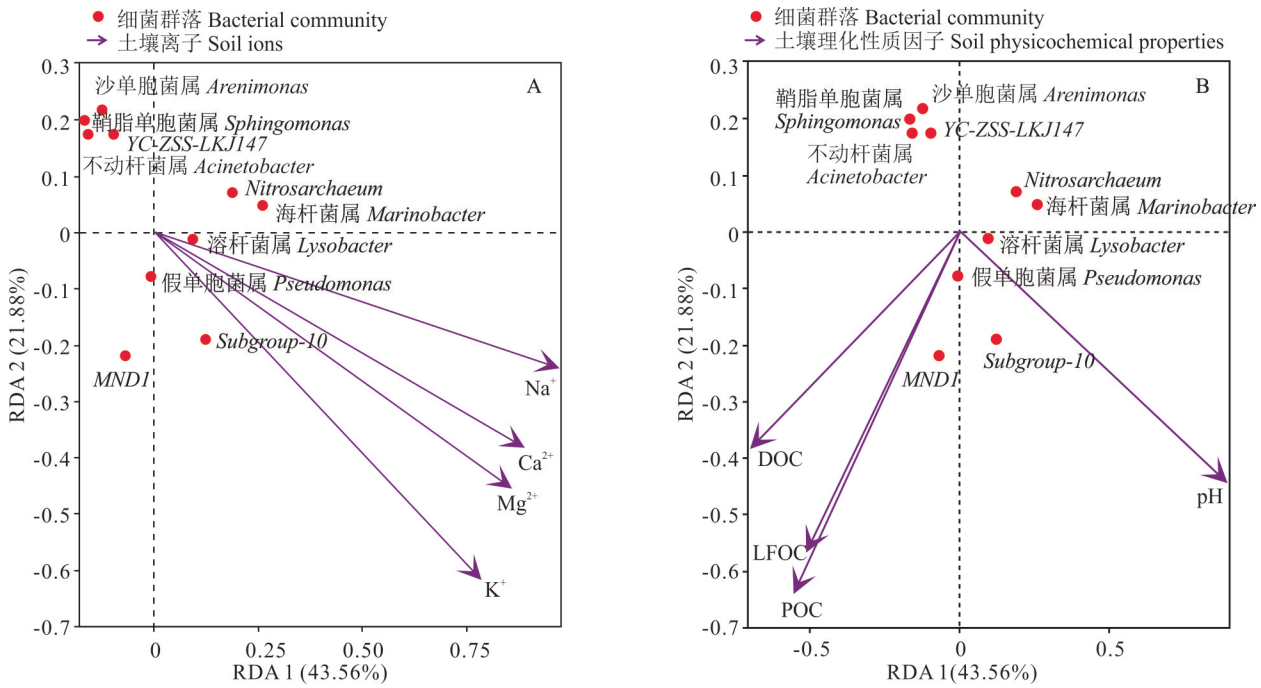


图 7　种植耐盐碱作物的土壤理化性质与细菌群落冗余分析

Fig. 7　Redundancy analysis（RDA）of soil physicochemical properties and bacterial communities under growing salt-tolerant crops

POC：颗粒有机碳 Particulate organic carbon；DOC：可溶性有机碳 Dissolved organic carbon；LFOC：轻组有机碳 Light fraction organic carbon. 下同 The same below.

MBN、LFON、DON 含量和 SC、UE、CAT 活性与细菌变形菌门和拟杆菌门呈显著负相关（$P<0.05$），与土壤甲烷氧化细菌门和迟杆菌门呈显著正相关（$P<0.05$），其中拟杆菌门和 PON 含量也呈显著负相关（$P<0.05$）；绿弯菌门与 AK 含量呈显著负相关，疣微菌门与 TN、PON 含量呈显著正相关（$P<0.05$）；土壤 AP 含量与浮菌门呈显著正相关，与热变形菌门呈显著负相关（$P<0.05$）。

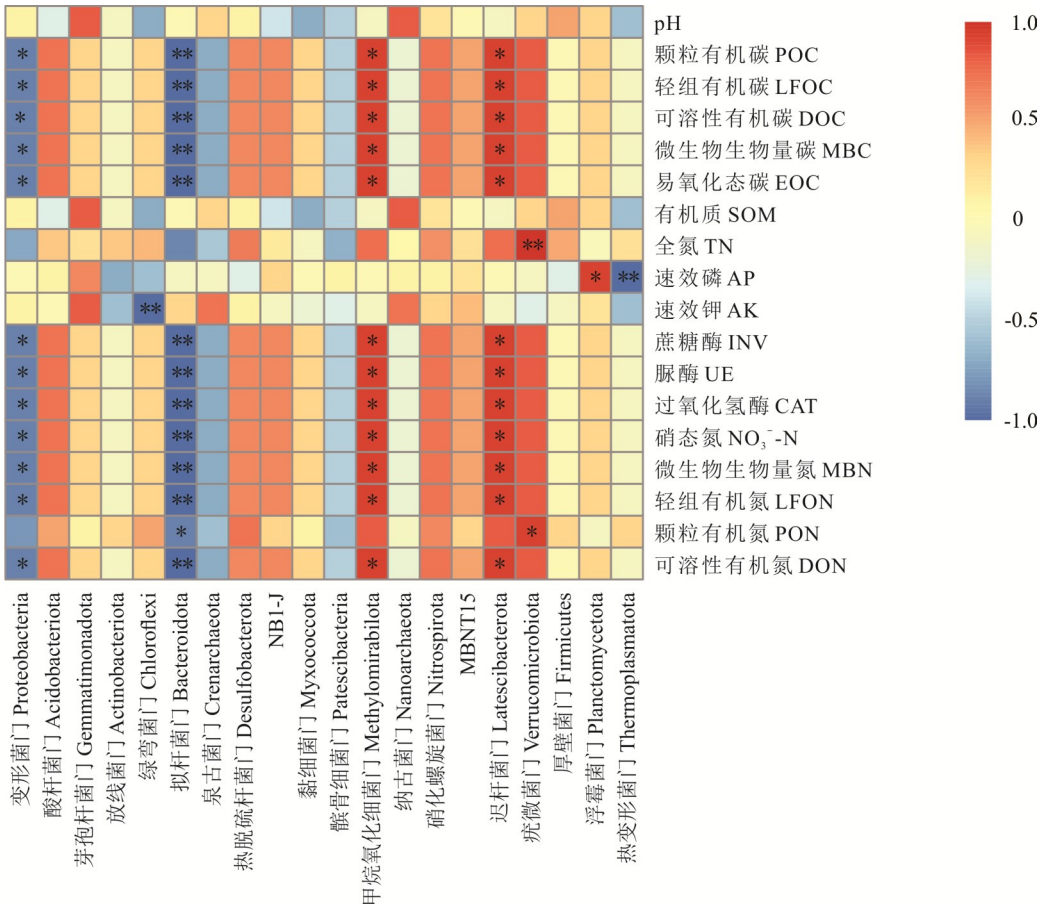


图8 土壤理化性质与细菌群落的相关性分析

Fig. 8 Correlation analysis between soil physicochemical properties and bacterial communities

MBC：微生物生物量碳 Microbial biomass carbon；EOC：易氧化态碳 Easily oxidizable carbon；SOM：土壤有机质 Soil organic matter；TN：全氮 Total nitrogen；AP：速效磷 Available phosphorus；AK：速效钾 Available potassium；MBN：微生物生物量氮 Microbial biomass nitrogen；LFON：轻组有机氮 Light fraction organic nitrogen；PON：颗粒有机氮 Particulate organic nitrogen；DON：可溶性有机氮 Dissolved organic nitrogen；NO_3^--N：硝态氮 Nitrate nitrogen；INV：蔗糖酶 Invertase；UE：脲酶 Urease；CAT：过氧化氢酶 Catalase. *：$P<0.05$；**：$P<0.01$.

3 讨论

3.1 种植耐盐碱作物对土壤理化性质的影响

新疆土壤盐分分布具有显著的地带性特征，南疆积盐程度较北疆增加，盐土面积增大，含盐量增高7.97%[33]，而植物改良可以有效改善土壤pH与含盐量过高的问题[34]，以减轻土壤碱化程度[35]。刘静[36]的研究发现，盐碱地种植耐盐碱作物显著降低土壤pH和盐含量，本研究结果与其一致，种植几种耐盐碱作物后，各处理0～20 cm土壤pH降低1.81%～7.71%，电导率最高降低33.0%(Sb处理)，可能是由于植物根系生长时，能够分泌有机酸类物质，与土壤中的碱性离子发生中和反应，降低了土壤pH和可溶性盐离子含量。另外，S、SS和Sb处理的土壤盐离子含量较Zm与Gs相比更低，说明种植高粱、高丹草和田菁对土壤盐离子的降低效果优于种植玉米与棉花处理。本研究中各处理未检测到CO_3^{2-}，这与阿曼姑·艾麦尔艾力[14]等和孟小伟等[37]的研究结果一致，可能是微生物的活动导致二氧化碳和碳酸的产生，使CO_3^{2-}产生化学反应生成碳酸钙浸出。

土壤有机质是土壤中含碳有机化合物的总称，主要来自土壤中的动植物残体、枯枝落叶和根系分泌物，是土壤的重要组成部分，在土壤质量保持、危害缓冲和农业可持续发展中起到重要作用，其不仅是植物的营养物质来源，也是土壤微生物的生活基质和物质能量来源[38]。本研究结果发现，种植耐盐碱作物能够提升土壤中有机质、全氮、速效磷和速效钾的含量，并且不同作物之间提升的程度不同，其中SS处理0～20 cm土壤AP和AK含量显著高于其他处理，Sb处理SOM和TN含量显著高于其他处理，这与刘雪强等[39]的研究结果相似，种植耐盐碱作物

后土壤全量养分、速效养分等得到显著提高。高丹草因其生物量大、根系发达，其鲜草中含钾量较高，能分泌有机酸进而活化土壤中的难溶性磷，所以SS处理土壤的AP、AK含量也显著高于其他处理。田菁是豆科作物，根系含根瘤菌固氮能力极强[40]，因此种植后，土壤TN含量最高，较种植前增长42.11%，这与侯贺贺[41]的研究结果相似，种植后土壤全氮含量显著提升34.6%。

土壤有机碳在土壤质量、作物生产力中发挥着重要作用。通常用颗粒有机碳（POC）、微生物量碳（MBC）、轻组有机碳（LFOC）、可溶性有机碳（DOC）和易氧化态碳（EOC）来代表土壤品质。它们是有机碳中更活跃的组分，总称为易变有机碳（labile organic carbon, LOC）[42]。在本研究结果中，土壤各有机碳组分含量表现为SS>Sb>S>Zm>Gs，种植高丹草与田菁对盐碱地土壤有机碳组分含量的影响显著，高丹草具有极高的生物量，分解后能产生大量半分解的有机酸与有机碳等；田菁则具有丰富的根际固氮菌和共生菌群，固碳/氮效率也更优于玉米、棉花等作物[43]。从0～20 cm土壤NO_3^--N含量结果来看，在S（26.34 mg·kg^{-1}）和Zm（25.80 mg·kg^{-1}）处理较高，是因为高粱和玉米具有发达的根须强化了土壤的硝化作用[44]，其次为SS处理（25.48 mg·kg^{-1}），高丹草通过高生物量的输入增强了土壤的氮素固持能力[45]，田菁（23.07 mg·kg^{-1}）和棉花（24.24 mg·kg^{-1}）较低的NO_3^--N含量与其根系分泌物抑制硝化细菌的活性相关。土壤MBN含量在Sb（29.99 mg·kg^{-1}）和SS（29.29 mg·kg^{-1}）处理中较高，说明田菁作为豆科植物其根瘤菌固氮作用显著，高丹草则通过根系脱落物促进异氧微生物增殖[46]，分别较Gs显著提高12.03%和9.41%。SS处理的土壤LFON（0.82 g·kg^{-1}）和PON（0.37 g·kg^{-1}）含量较高，可能是因为高丹草半木质化茎秆分解产生有机物，能显著提高土壤团聚体稳定性[47]，其还具有高凋落物量，能产生大量的有机氮。种植田菁处理的DON含量较高（24.25 mg·kg^{-1}），可能是由于根系能分泌大量的小分子含氮化合物[43]。

土壤酶参与土壤中各种生化反应，是反映表层土壤健康状况的重要指标。酶活性的大小可以反映土壤养分转化的能力，脲酶能够参与土壤氮磷循环和有机质的分解[48]；过氧化氢酶是一种可以减轻生物体内毒素的氧化还原酶，其活性大小可以表征土壤腐殖化和有机质的积累强度[49]；蔗糖酶能够催化蔗糖水解为葡萄糖和果糖，进而提高土壤的生物学活性，增加土壤的养分[48]。窦晓慧等[49]的研究发现，在盐碱地种植甜高粱、高丹草和玉米3种牧草，均显著增强了土壤的过氧化氢酶、蔗糖酶和脲酶活性，且高丹草和甜高粱的影响较为显著；本研究结果与其相似，种植高丹草处理（SS）对土壤酶活性影响较大，由于高丹草具有较大的生物量能够提供丰富的碳源，刺激微生物分泌蔗糖酶，其高残体的输入也能促进微生物氮循环，增加土壤脲酶活性，分解残体时消耗氧气，刺激了微生物分泌过氧化氢酶以缓解氧化胁迫[50]。

3.2　种植耐盐碱作物对土壤细菌群落的影响

土壤细菌是构成土壤微生物的重要组成部分，其群落变化可导致土壤的代谢能力和质量发生变化，多样性的改变是影响土壤健康的重要因素，通过影响代谢酶在土壤中的沉积进而影响土壤的质量和功能[48]。本研究结果表明，种植不同耐盐碱作物构成了特异的土壤细菌群落结构，并驱动了其代谢功能的分异。高丹草（SS）处理土壤细菌群落展现出较高的丰富度与均匀度，这与该处理下土壤有机碳组分（如POC、LFOC等）和速效养分（AP、AK）含量较高密切相关，表明高丹草通过其发达的根系及分泌物为更多样化的微生物类群提供了丰富的碳源和生态位，创造了更优越的微生物栖息环境。在门水平上，各处理土壤细菌群落变形菌门（Proteobacteria）占据主导地位，与李争艳等[51]的研究结果相似，其根瘤菌能与植物共生固氮，改善土壤的物质循环和微生物活性[52]；在SS处理中放线菌门（Actinobacteriota）相对丰度最高，其具有的广谱抗生性可以抑制有害真菌，以及促进种子萌发和胚根生长[53]。然而，在属水平上，种植不同耐盐碱作物则筛选出了截然不同的优势菌群，各处理均以假单胞菌属（*Pseudomonas*）为优势菌属，其能够产生植物生长激素，促进土壤微生物分解有机质和生物防治[36]，这与现有的研究发现不同[54－55]；除该菌以外，SS处理中溶杆菌属（*Lysobacter*）和鞘脂单胞菌属（*Sphingomonas*）的相对丰度较高，该处理下较高的速效养分（AP、AK）和活性有机碳含量是驱动这两类菌属有益增长的关键因素，二者是公认的植物根际促生菌，具备解钾、解毒和生防功能；而Sb和S处理则与不动杆菌属（*Acinetobacter*）和鞘脂单胞菌属较高的相对丰度相关联，不动杆菌属参与氮循环及有机物降解；Gs处理中海杆菌属（*Marinobacter*）的相对丰度较

高,该类菌以耐高盐著称,反映了种植棉花未能有效改善土壤的盐碱胁迫环境,微生物群落仍以适应逆境的耐盐菌为主导[56-58]。这种群落结构差异与冗余分析结果相互印证,即不同作物通过改变根际土壤的pH、养分及有机碳等关键环境因子,从而改变了土壤细菌的群落结构[59]。

这种土壤微生物群落结构的差异能直接导致生态系统功能的分化[60-61]。本研究经KEGG功能预测发现,高丹草(SS)处理的细菌群落核心功能主要体现在"遗传物质的复制与修复",这标志着一个细胞代谢活跃、生长繁殖旺盛的细菌群落,与其优越的土壤环境和有益菌为主导的群落结构高度一致;相反,Gs处理的细菌群落则将更多资源投向"膜转运"通路,这是微生物在盐碱等逆境胁迫下,为维持细胞内环境稳态而付出的必要能量代价,是其处于抗逆状态的典型特征;与此同时,Sb处理在"翻译"通路上表现出优势,而S处理则侧重于"碳水化合物代谢"通路,这分别体现了二者在蛋白质合成和基础能量代谢方面的功能侧重;Zm处理的核心功能富集于"信号传导"通路,这表明其细菌群落可能面临更为复杂的生物或非生物胁迫,需要调动更多的细胞通信与调控机制来适应环境。综上所述,本研究发现种植高丹草(SS)与田菁(Sb)在生物改良上更为有效,不仅能够优化土壤理化性质,更能通过培育一个在结构上以有益菌为主导,在功能上更为积极健康的细菌群落,从根本上提升盐碱土壤的生态功能。反之,传统作物棉花(Gs)和玉米(Zm)则因其改良效果有限,土壤细菌群落仍停留在应对逆境的生存状态或需要感知复杂的环境中。

3.3 种植耐盐碱作物土壤理化性质与细菌群落的相互影响关系

土壤微生物群落结构及组成与土壤环境密切相关,细菌与土壤环境因子之间是协同变化的,根际微生物的生理活动能引起其群落结构的改变,而微生物群落结构的变化致使代谢活动发生改变,反之又影响了土壤理化性质[62]。在本研究结果中,种植几种耐盐碱作物后0~20 cm土壤细菌群落中变形菌门、拟杆菌门、甲烷氧化细菌门和迟杆菌门与有机碳含量(POC、LFOC、DOC、MBC、EOC)、酶活性(INV、UE、CAT)和氮组分含量(NO_3^--N、MBN、LFON、PON、DON)具有显著相关性,这与邢锦城等[63]的研究结果相似,细菌群落受土壤碳氮影响较大,各类细菌相对丰度与土壤碳氮含量存在一定的相关性[64],变形菌门和拟杆菌门与有机碳/氮和酶活性呈负相关关系,可能是因为二者竞争土壤环境资源,优先利用碳/氮源,导致酶活性有所降低;迟杆菌门也属于一种甲烷氧化类菌群,其能够驱动土壤碳/氮循环和积累,从而促进酶活性。林婷婷等[65]的研究发现,土壤理化性质中TN是影响土壤微生物的关键环境因子,本研究结果中,土壤理化因子除TN以外,AP、AK含量也对细菌群落影响显著,二者能作为关键营养驱动因子直接参与细菌代谢,影响细菌的群落结构。

4 结论

在南疆盐碱地种植高粱、高丹草、田菁、玉米、棉花5种耐盐碱作物均提升了土壤0~20 cm的有机质、全氮、速效磷和速效钾含量;种植高丹草与田菁对0~20 cm土壤有机碳/氮组分和酶活性影响较为显著;种植高丹草使土壤细菌群落多样性较为丰富且均匀化,种植田菁的土壤"翻译"功能代谢丰度较高;综上所述,在南疆盐碱地区种植高丹草与田菁较高粱、玉米和棉花,更能显著提升土壤理化性质,进而影响土壤的细菌群落结构与功能代谢,达到改良盐碱土壤的目的。

参考文献 References:

[1] Zhao W, Zhou Q, Tian Z Z, *et al*. Apply biochar to ameliorate soda saline-alkali land, improve soil function and increase corn nutrient availability in the Songnen Plain. Science of the Total Environment, 2020, 722(6): 137428.

[2] Shrivastava P, Kumar R. Soil salinity: a serious environmental issue and plant growth promoting bacteria as one of the tools for its alleviation. Saudi Journal of Biological Science, 2015, 22(2): 123-131.

[3] Xia J B, Ren J Y, Zhang S Y, *et al*. Forest and grass composite patterns improve the soil quality in the coastal saline-alkali land of the Yellow River Delta, China. Geoderma, 2019, 349(9): 25-35.

[4] AbuQamar S F, El-Saadony M T, Saad A M, *et al*. Halotolerant plant growth-promoting rhizobacteria improve soil fertility and plant salinity tolerance for sustainable agriculture-a review. Plant Stress, 2024, 12(6): 100482.

[5] Zhu S B, Wuerguli T, Tang G M, *et al*. Research progress on saline-alkali land changes and its treatment measures in Xinjiang.

Shandong Agricultural Sciences, 2023, 55(3): 158－165.
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. 山东农业科学, 2023, 55(3): 158－165.

[6] Jie F L, Yang K, Li S, *et al*. Spatiotemporal differentiation characteristics of precipitation and reference evapotranspiration in Xinjiang, China. Journal of Drainage and Irrigation Machinery Engineering. (2025-06-20)[2026-03-27]. https://link.cnki.net/urlid/32.1814.TH.20250620.1531.002.
介飞龙, 杨坤, 李升, 等. 新疆降水－参考蒸散时空分异特征. 排灌机械工程学报. (2025-06-20)[2026-03-27]. https://link.cnki.net/urlid/32.1814.TH.20250620.1531.002.

[7] Kursakova V S. The effect of perennial herbs on the physical properties of saline soils. Eurasian Soil Science, 2006, 39(7): 748－752.

[8] Liang J P, Shi W J. Cotton/halophytes intercropping decreases salt accumulation and improves soil physicochemical properties and crop productivity in saline-alkali soils under mulched drip irrigation: a three-year field experiment. Field Crop Research, 2020, 262(11): 108027.

[9] Han L P, Steinberger Y, Zhao Y L, *et al*. Accumulation and partitioning of nitrogen, phosphorus and potassium in different varieties of sweet sorghum. Field Crop Research, 2011, 120(2): 230－240.

[10] Wang S C, Fu T G, Gao H, *et al*. Assessment of yield, agronomic traits and nutritive value of sorghum varieties grown on highly saline-alkali soil. Pakistan of Journal Botany, 2023, 55(1): 45－53.

[11] Mansour M M F, Emam M M, Salama K H A, *et al*. Sorghum under saline conditions: responses, tolerance mechanisms, and management strategies. Planta, 2021, 254(7): 24.

[12] Lewis K, Foster J L, Hons F M. Lipid-extracted algae as a soil amendment can increase soil salinization and reduce forage growth. Sustainability, 2019, 11(7): 1946.

[13] Wu Z, Meng R, Feng W, *et al*. Soil-improving effect of sesbania-sorghum rotation in a heavily saline-alkaline coastal region. Agronomy, 2024, 14(9): 2139.

[14] Amangu·Aimaieraili, Naibi·Abulaiti, Aibibula·Yimamu, *et al*. Effects of planting sweet sorghum on soil improvement and production performance in saline-alkali land of southern Xinjiang. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2024, 39(S1): 159－166.
阿曼姑·艾麦尔艾力, 乃比·阿不来提, 艾比布拉·伊马木, 等. 南疆盐碱地种植饲用甜高粱对土壤改良效果和生产性能的影响. 华北农学报, 2024, 39(S1): 159－166.

[15] Liu Y H, Wang X P, Liu G M, *et al*. Ions absorption and accumulation in four typical salt-tolerant plants in coastal saline soil region. Soils, 2017, 49(4): 782－788.
刘雅辉, 王秀萍, 刘广明, 等. 滨海盐土区4种典型耐盐植物盐分离子的积累特征. 土壤, 2017, 49(4): 782－788.

[16] Shi L, Xu Z Y, Lv N. Effects of different irrigation rates on the growth and soil salinity of gaultheria in wind-sand saline soils in the southern frontier. Xinjiang Farm Research of Science and Technology, 2024, 47(2): 59－62.
石磊, 徐朝阳, 吕宁. 不同灌溉量对南疆风沙盐碱土高丹草生长及土壤盐分的影响. 新疆农垦科技, 2024, 47(2): 59－62.

[17] Shi Y, Fang Y Y, Liu S C, *et al*. Effects of sorghum-sudangrass hybrid and *Astragalus membranaceus* intercropping on rhizosphere soil microbial community diversity. Chinese Journal of Grassland, 2023, 45(12): 130－137.
石悦, 房永雨, 刘拴成, 等. 高丹草/黄芪间作对高丹草根际土壤微生物多样性的影响. 中国草地学报, 2023, 45(12): 130－137.

[18] Mahamat B O, Younes S, Otchom B B, *et al*. A review on medicinal and ethnomedicinal uses, biological features, and phytochemical constituents of *Sesbania sesban* L. Merr., a nitrogen-fixing plant native to the Republic of Chad. The Scientific World Journal, 2024, 1225999: 1－24.

[19] Sun J, Xia J B, Zhao X M, *et al*. Enrichment of soil nutrients and salt ions with different salinities under *Tamarix chinensis* shrubs in the Yellow River Delta. Catena, 2023, 232: 107433.

[20] An X C, Sun M L, Ren K Y, *et al*. Effect and mechanism of the improvement of coastal silt soil by application of organic fertilizer and gravel combined with *Sesbania cannabina* cultivation. Frontiers in Plant Science, 2022, 13(1): 1092089.

[21] Irin I J, Biswas P K, Ullah M J, *et al*. Influence of green manuring crops on dry matter production and soil health improvement. Bangladesh Agronomy Journal, 2019, 22(1): 39－45.

[22] Yu C X, Wang G M, Liu X L, *et al*. Effect of *Sesbania* and Triticale rotation on plant characteristics and soil quality in coastal saline-alkaline land: A two-year field experiment. BioResources, 2023, 18(4): 7109.

[23] Chinnusamy V, Jagendorf A, Zhu J K. Understanding and improving salt tolerance in plants. Crop Science, 2005, 45(2): 437－448.

[24] Jiang Y R, Lv Y J, Zhu S J. Advance in studies of the mechanism of salt tolerance and controlling of salt damage in upland cotton. Cotton Science, 2006, 18(4): 248－254.
蒋玉蓉, 吕有军, 祝水金. 棉花耐盐机理与盐害控制研究进展. 棉花学报, 2006, 18(4): 248－254.

[25] Sun S S. Analysis of the effect of cotton continuous cropping on soil physicochemical properties and its yield. Hebei Agricultural Machinery, 2025(2): 118－120.
孙树山. 棉花连作对土壤理化性质及其产量的影响分析. 河北农机, 2025(2): 118－120.

[26] Bao S D. Soil agrochemical analysis (the third edition). Beijing: China Agriculture Press, 2000.
鲍士旦. 土壤农化分析(第3版). 北京: 中国农业出版社, 2000.

[27] Guan S Y. Soil enzymes and their research methods. Beijing: Agriculture Press, 1986.
关松荫. 土壤酶及其研究方法. 北京: 农业出版社, 1986.

[28] Cambardella C A, Elliott E T. Particulate soil organic-matter changes across a grassland cultivation sequence. Soil Science Society of America Journal, 1992, 56(3): 777－783.

[29] Zhang J B, Song C C, Wang S M. Dynamics of soil organic carbon and its fractions after abandonment of cultivated wetlands in northeast China. Soil and Tillage Research, 2007, 96(1/2): 350－360.

[30] Blair G J, Lefroy R D B, Lisle L. Soil carbon fractions based on their degree of oxidation, and the development of a carbon management index for agricultural systems. Australian Journal of Agricultural Research, 1995, 46(7): 1459－1466.

[31] Lu R K. Soil agrochemical analytical methods. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2000.
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.

[32] Lan H Q, Meng T T, Zhang X Q, *et al*. Effect of nitrogen levels on soil organic nitrogen fractions and nitrogen utilization rates. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2025, 40(1): 166－176.
兰慧青, 孟天天, 张向前, 等. 施氮水平对土壤有机氮组分及氮素利用效率的影响. 华北农学报, 2025, 40(1):166－176.

[33] Liu L. Constitute and distribution character of salinity in soil in Xinjiang. Arid Environmental Monitoring, 2009, 23(4): 227－229.
刘蕾. 新疆土壤盐分的组成和分布特征. 干旱环境监测, 2009, 23(4): 227－229.

[34] Du G S, Wang Z Y, Jiang H H. The research on saline and alkaline land greening technology－Beilun of Ningbo as an example. Chinese Landscape Architecture, 2012, 28(11): 105－109.
杜贵尚, 王兆燚, 姜海华. 盐碱地绿化技术研究——以宁波北仑区为例. 中国园林, 2012, 28(11): 105－109.

[35] Xu X H. Determination of eight major ions of soil soluble salts. Xingjiang Youse Jinshu, 2022, 45(1): 93－94.
许晓慧. 土壤可溶盐八大离子的测定. 新疆有色金属, 2022, 45(1): 93－94.

[36] Liu J. Study on the suitability of plant ecological improvement in coastal saline soil of Hebei province. Baoding: Hebei Agricultural University, 2022.
刘静. 河北省滨海盐渍土植物生态改良适宜性研究. 保定: 河北农业大学, 2022.

[37] Meng X W, Niu Y, Hai L, *et al*. Effects of different vegetation on soil microorganisms number and enzyme activities in alkaline saline soil. Grassland and Turf, 2020, 40(3): 99－104.
孟小伟, 牛赟, 海龙, 等. 不同植被对盐碱地土壤微生物数量及酶活性的影响. 草原与草坪, 2020, 40(3): 99－104.

[38] Liu Y H, Ma S W, Yue X L, *et al*. Low molecular weight organic acids in soils and its environmental effects. Journal of Huazhong Agricultural University, 2014, 33(2): 133－138.
刘永红, 马舒威, 岳霞丽, 等. 土壤环境中的小分子有机酸及其环境效应. 华中农业大学学报, 2014, 33(2): 133－138.

[39] Liu X Q, Nan L L, Guo Q E, *et al*. Effects of planting different green manures on soil physical and chemical properties in semi-arid region of Loess Plateau. Journal of Gansu Agricultural University, 2020, 55(1): 145－152.
刘雪强, 南丽丽, 郭全恩, 等. 黄土高原半干旱区种植不同绿肥作物对土壤理化性质的影响. 甘肃农业大学学报, 2020, 55(1): 145－152.

[40] Liu Y N. Mechanism of acetylation regulation and symbiotic salt tolerance in rhizobium of coastal salt-tolerant plant *Sesbania rostrata*. Yantai: University of Chinese Academy of Sciences, 2023.
刘亚楠. 滨海耐盐植物田菁根瘤菌乙酰化调控及共生耐盐机制. 烟台: 中国科学院大学, 2023.

[41] Hou H H. Study of improvement effects by biological measures in the Yellow River Delta saline-alkali soil. Taian: Shandong Agricultural University, 2014.
侯贺贺. 黄河三角洲盐碱地生物措施改良效果研究. 泰安: 山东农业大学, 2014.

[42] Yao H, Cheng Y D, Kong Q X, *et al*. Variation in microbial communities and network ecological clusters driven by soil organic

carbon in an inshore saline soil amended with hydrochar in Yellow River Delta, China. Environmental Research, 2025, 264(2): 120369.

[43] Wang Y X. Screening of plant growth promoting rhizobacteria in *Sesbania cannabina* and its effect on promoting growth and salt tolerance. Yantai: University of Chinese Academy of Sciences, 2020.
王艳霞. 田菁根际促生菌的筛选及其促生耐盐作用. 烟台: 中国科学院大学, 2020.

[44] Lucas M, Gil J, Robertson G P, *et al*. Changes in soil pore structure generated by the root systems of maize, sorghum and switchgrass affect in situ N_2O emissions and bacterial denitrification. Biology and Fertility of Soils, 2025, 61(8): 367－383.

[45] Li Z Y, Xu Z M, Li Y, *et al*. Effects of short-term continuous cropping of alfalfa on the growth and soil microenvironment of subsequent sorghum-sudan grass hybrid crops in the Jianghuai area. Acta Prataculturae Sinica, 2024, 33(9): 155－168.
李争艳, 徐智明, 李岩, 等. 江淮地区苜蓿短期连作对后作高丹草生长及土壤微环境的影响. 草业学报, 2024, 33(9): 155－168.

[46] Yan R P. Effect of organic fertilization on nitrogen transformation and absorption in saline-alkali soil-sorghum-sudangrass research on microbiological mechanisms. Xi'an: Xi'an University of Technology, 2023.
鄢入泮. 有机配肥对盐碱土－高丹草中氮素转化吸收的作用及微生物学机制研究. 西安: 西安理工大学, 2023.

[47] Qiu X L, Zong L G, Liu Y F, *et al*. Effects of different cultivation patterns on soil aggregates and organic carbon fractions. Environmental Science, 2015, 36(3): 1045－1052.
邱晓蕾, 宗良纲, 刘一凡, 等. 不同种植模式对土壤团聚体及有机碳组分的影响. 环境科学, 2015, 36(3): 1045－1052.

[48] Little K R, Rose M T, Jackson W R, *et al*. Do lignite-derived organic amendments improve early-stage pasture growth and key soil biological and physicochemical properties? Crop & Pasture Science, 2014, 65(9): 899.

[49] Dou X H, Li L H, Gai W J, *et al*. Dynamic monitoring and comprehensive evaluation of the effect of pasture cultivation on saline soil improvement in the Yellow River Delta. Journal of Soil and Water Conservation, 2022, 36(6): 394－401.
窦晓慧, 李红丽, 盖文杰, 等. 牧草种植对黄河三角洲盐碱土壤改良效果的动态监测及综合评价. 水土保持学报, 2022, 36(6): 394－401.

[50] Lu H L. Effects of salinity on soil microbial activity and soil fertility in cotton field. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2011.
路海玲. 土壤盐分对棉田土壤微生物活性和土壤肥力的影响. 南京: 南京农业大学, 2011.

[51] Li Z Y, Xu Z M, Shi S L, *et al*. Effects of four cultivars of photosensitive sorghum sudangrass hybrid on soil micro-ecological environment in Jiang-huai region. Acta Agrestia Sinica, 2019, 27(2): 326－335.
李争艳, 徐智明, 师尚礼, 等. 江淮地区不同品种光敏型高丹草对土壤微生态环境的影响. 草地学报, 2019, 27(2): 326－335.

[52] Mitchell J S, Ruess R W. N_2 fixing alder (*Alnus virdis* spp. *fruticosa*) effects on soil properties across a secondary successional chronosequence in interior Alaska. Biogeochemistry, 2009, 95(3): 215－229.

[53] Liu L Z, Qin S J, Lv D G, *et al*. Isolation of dominant Actinomycetes from cherry orchard soil and their functions in bio-control and plant promotion. Scientia Agriculture Sinica, 2013, 46(6): 1221－1229.
刘灵芝, 秦嗣军, 吕德国, 等. 樱桃园土壤优势放线菌的分离及其促长功能研究. 中国农业科学, 2013, 46(6): 1221－1229.

[54] Guo Y K, Chen J H, Ren G Z, *et al*. Changes in the root-associated bacteria of sorghum are driven by the combined effects of salt and sorghum development. Environmental Microbiome, 2021, 16(1): 14.

[55] Cai M L, Zou J, Zhang X W, *et al*. Effects of different crop rotation combinations on bacterial community structure in tobacco-growing soil. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2025, 38(3): 488－497.
蔡茂兰, 邹静, 张新旺, 等. 不同作物轮作组合对植烟土壤细菌群落结构的影响. 西南农业学报, 2025, 38(3): 488－497.

[56] Lakshmanan V, Selvaraj G, Bais H P. Functional soil microbiome: belowground solutions to an aboveground problem. Plant Physiology, 2014, 166(2): 689－700.

[57] Berendsen R L, Pieterse C M J, Bakker P A H M. The rhizosphere microbiome and plant health. Trends in Plant Science, 2012, 17(8): 478－486.

[58] Zhang H, Ma L J, Hang X N, *et al*. Changes of soil bacterial and fungal diversity in paddy soils under different rotation patterns. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2018, 34(4): 804－810.
张慧, 马连杰, 杭晓宁, 等. 不同轮作模式下稻田土壤细菌和真菌多样性变化. 江苏农业学报, 2018, 34(4): 804－810.

[59] Wang X G, Sun R B, Tian Y P, *et al*. Long-term phytoremediation of coastal saline soil reveals plant species-specific patterns

of microbial community recruitment. mSystems, 2020, 5(2): 1－15.

[**60**] Fontúrbel M T, Barreiro A, Vega J A, *et al*. Effects of an experimental fire and post-fire stabilization treatments on soil microbial communities. Geoderma, 2012, 12(191): 51－60.

[**61**] Philippot L, Spor A, Hénault C, *et al*. Loss in microbial diversity affects nitrogen cycling in soil. The ISME Journal, 2013, 7(8): 1609－1619.

[**62**] Chen G F. Effects of intercropping potatoes with corn and kidney beans on soil environmental factors and microbial diversity in the southern mountains of Ningxia. Yinchuan: Ningxia University, 2023.
陈国峰. 马铃薯间作玉米、芸豆对宁南山区土壤理化性质及微生物多样性的影响. 银川: 宁夏大学, 2023.

[**63**] Xing J C, Hong L Z, Zhu X M, *et al*. Effects of overturning *Sesbania cannabina* under different nitrogen treatments on carbon, nitrogen and bacteria community structure in coastal saline soil. Soils, 2024, 56(1): 82－89.
邢锦城, 洪立洲, 朱小梅, 等. 施氮对田菁翻压还田滩涂盐渍土碳氮及细菌群落结构的影响. 土壤, 2024, 56(1): 82－89.

[**64**] Li L N, Xi Y G, Chen E, *et al*. Effects of tillage and green manure crop on composition and diversity of soil microbial community. Journal of Ecology and Rural Environment, 2018, 34(4): 342－348.
李丽娜, 席运官, 陈鄂, 等. 耕作方式与绿肥种植对土壤微生物组成和多样性的影响. 生态与农村环境学报, 2018, 34(4): 342－348.

[**65**] Lin T T, Zheng J, Zhu G F, *et al*. Effects of organic fertilization on bacterial community and maize productivity in dryland red soil. Environmental Science, 2023, 44(12): 6965－6972.
林婷婷, 郑洁, 朱国繁, 等. 有机肥处理对旱地红壤细菌群落及玉米生产力的影响. 环境科学, 2023, 44(12): 6965－6972.