

聂春雨, 王日欣, 凌 磊, 等. 紫花苜蓿对盐碱地土壤理化性质和生物多样性的影响[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(1): 68-78.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.01.008

紫花苜蓿对盐碱地土壤理化性质和生物多样性的影响

聂春雨^{1,2}, 王日欣¹, 凌 磊^{1,2}, 殷亚杰^{1,2}, 陈乃钰^{1,2}, 任国领^{1,2}

(1. 大庆师范学院生物工程学院, 黑龙江 大庆 163712; 2. 黑龙江省油田应用化学与技术重点实验室, 黑龙江 大庆 163712)

摘要: 本研究利用 *16S rRNA* 高通量测序技术和土壤动物干漏斗分离法, 系统分析了紫花苜蓿种植对盐碱地土壤环境、动物群落、微生物群落的影响。结果表明, 与未种植紫花苜蓿盐碱地相比, 种植紫花苜蓿盐碱地土壤脱氢酶(*DHA*)、蔗糖酶(*SC*)、脲酶(*UE*)、过氧化氢酶(*CAT*)、多酚氧化酶(*PPO*)、转化酶(*AI*) 活性以及土壤全氮含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量均显著提高($P < 0.05$), 土壤 pH 值显著降低($P < 0.05$)。这种土壤环境的变化直接驱动了微生物群落的重构。具体表现为, 与未种植紫花苜蓿盐碱地相比, 种植紫花苜蓿盐碱地土壤中黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)、类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)、*Blastocatellaceae*、*RB41* 细菌相对丰度以及弯孢属(*Curvularia*)、黄杆菌属(*Laetisaria*)、*Phaeomycoentrospora*、*Naganishia*、*Knufia* 真菌相对丰度显著上升($P < 0.05$), *Nitriliruptoraceae*、*Afifella*、*Tepidamorphus*、*Balneolaceae*、硝化杆菌属(*Nitrosococcus*) 细菌相对丰度以及 *Sodiomyces*、黄囊伞菌属(*Deconica*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、*Robillarda*、粪壳菌属(*Sordaria*) 真菌相对丰度显著下降($P < 0.05$)。土壤微生物群落与土壤动物群落呈现显著相关性。盲蛛目(*Opiliones*)、石蛎目(*Microcoryphia*) 动物相对丰度分别与 *Nitriliruptoraceae*、*Afifella*、*Tepidamorphus*、拜耶林克氏菌属(*Balneolaceae*)、硝化杆菌属(*Nitrosococcus*) 细菌相对丰度呈显著负相关($P < 0.05$), 与类固醇杆菌属(*Steroidobacter*) 细菌相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$)。盲蛛目(*Opiliones*)、石蛎目(*Microcoryphia*) 动物相对丰度分别与粪壳菌属(*Sodiomyces*)、黄囊伞菌属(*Deconica*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、*Robillarda* 真菌相对丰度呈显著负相关($P < 0.05$)。表明土壤动物群落参与了土壤微生物群落的调控, 土壤动物与微生物的互作进一步影响环境因子, 这种环境因子-微生物-动物的三元互作网络共同构成了紫花苜蓿改良盐碱地的生态基础。本研究结果为盐碱地生物改良提供了理论依据。

关键词: 紫花苜蓿; 盐碱地; 土壤微生物; 土壤动物; 相关性分析

中图分类号: S156.4 文献标识码: A 文章编号: 1000-4440(2026)01-0068-11

The impact of *Medicago sativa* L. on the physicochemical properties and biodiversity of saline-alkali soil

NIE Chunyu^{1,2}, WANG Rixin¹, LING Lei^{1,2}, YIN Yajie^{1,2}, CHEN Naiyu^{1,2}, REN Guoling^{1,2}

(1. School of Biological Engineering, Daqing Normal University, Daqing 163712, China; 2. Heilongjiang Provincial Key Laboratory of Oilfield Applied Chemistry and Technology, Daqing 163712, China)

Abstract: In this study, *16S rRNA* high-throughput sequencing technology and the dry funnel separation method for

收稿日期: 2024-12-09

基金项目: 黑龙江省自然科学基金项目(LH2021C002); 大庆市指导科技计划项目(zd-2023-12); 黑龙江省省属高等学校基本科研业务费项目(2023-KYYWF-0026)

作者简介: 聂春雨(1978-), 女, 内蒙古乌兰察布人, 硕士, 副教授, 主要从事土壤微生物研究。(E-mail) niechunyu2009@163.com。王日欣为共同第一作者。

通讯作者: 殷亚杰, (E-mail) yinyajie2009@163.com

soil animals were used to systematically analyze the effects of alfalfa (*Medicago sativa* L.) cultivation on the soil environment, animal communities, and microbial communities in saline-alkali soils. The results showed that compared with saline-alkali soils without alfalfa cultivation, the activities of soil dehydrogenase (*DHA*), sucrase (*SC*), urease (*UE*), catalase (*CAT*), polyphenol oxidase (*PPO*), and invertase (*AI*), as well as the contents of soil total ni-

trogen, available nitrogen, available phosphorus, and available potassium in saline-alkali soils with alfalfa cultivation were significantly increased ($P < 0.05$), while the soil pH value was significantly decreased ($P < 0.05$). These changes in the soil environment directly drove the reconstruction of microbial communities. Specifically, compared with saline-alkali soils without alfalfa cultivation, the relative abundances of bacteria such as *Flavisolibacter*, *Lysobacter*, *Steroidobacter*, *Blastocantellaceae*, and *RB41*, as well as fungi such as *Curvularia*, *Laetisaria*, *Phaeomycoentrospora*, *Naganishia*, and *Knufia* in saline-alkali soils with alfalfa cultivation were significantly increased ($P < 0.05$). In contrast, the relative abundances of bacteria such as *Nitriliruptoraceae*, *Afifella*, *Tepidamorphus*, *Balneolaceae*, and *Nitrosococcus*, as well as fungi such as *Sodiomyces*, *Deconica*, *Candida*, *Robillarda*, and *Sordaria* were significantly decreased ($P < 0.05$). There was a significant correlation between the soil microbial communities and the soil animal communities. The relative abundances of animals belonging to Opiliones and Microcoryphia were significantly negatively correlated with the relative abundances of bacteria such as *Nitriliruptoraceae*, *Afifella*, *Tepidamorphus*, *Balneolaceae*, and *Nitrosococcus* ($P < 0.05$), and significantly positively correlated with the relative abundance of *Steroidobacter* ($P < 0.05$). Additionally, the relative abundances of Opiliones and Microcoryphia animals were significantly negatively correlated with the relative abundances of fungi such as *Sodiomyces*, *Deconica*, *Candida*, and *Robillarda* ($P < 0.05$). These results indicate that the soil animal communities are involved in the regulation of the soil microbial communities, and the interaction between soil animals and microorganisms further affects environmental factors. This ternary interaction network of environmental factors-microorganisms-animals collectively constitutes the ecological basis for the improvement of saline-alkali soils by alfalfa. This study provides a theoretical basis for the biological improvement of saline-alkali soils.

Key words: *Medicago sativa* L.; saline-alkali soil; soil microorganisms; soil animals; correlation analysis

苏打盐碱土是一种高度退化且肥力低下的土壤类型,具有 pH 值高、含盐量大的特点^[1]。高含盐量、高碱性导致土壤养分无法正常周转,土壤生物数量不断下降^[2]。中国盐碱地面积广阔,东北松嫩平原盐碱地是世界三大苏打盐碱地之一,面积达 $7.65 \times 10^6 \text{ hm}^2$ ^[3-4]。在盐碱地种植耐盐碱植物,可以有效降低土壤含盐量,改善土壤理化性质^[5]。

紫花苜蓿(*Medicago sativa* L.)作为优质豆科牧草,可以适应盐碱地的恶劣环境,同时能够降低土壤 pH 值和电导率,增加总磷、水解氮、有效磷和有效钾含量,有效改良盐碱地^[6-7]。种植紫花苜蓿能够促进厚壁菌门(Firmicutes)、子囊菌门(Ascomycota)、变形菌门(Proteobacteria)等根际固氮微生物以及狼蛛科(Lycosidae)、蚜科(Aphididae)和叶蝉科(Cicadellidae)地表节肢动物的增殖,提升物种多样性^[8-10]。此外,紫花苜蓿根系分泌物能够改善土壤理化性质,增强土壤持水能力^[11]。

土壤微生物和动物参与土壤生态功能、环境功能和免疫功能,是维持土壤健康的重要因素^[12]。厚壁菌门(Firmicutes)细菌是一种好氧嗜盐细菌,能够耐受高渗透压胁迫^[13]。芽孢杆菌属(*Bacillus*)、固氮螺菌属(*Azospirillum*)等植物根际细菌能够分泌次生代谢物质,提高植物抵御盐碱胁迫的能力,从而促进植物生长^[14]。蚯蚓参与土壤中氮、磷、钾等营养元素的

转化^[15-16]。鞘翅目甲虫、膜翅目蚂蚁通过其生理活动影响土壤盐分分布,有助于降低土壤盐分含量^[17]。

本研究以大庆喇嘛甸地区盐碱地为试验地,利用 16S rRNA 高通量测序技术和土壤动物干漏斗分离法,系统分析紫花苜蓿种植前后根际土壤微生物群落、土壤动物群落和土壤环境因子的变化,以期阐明耐盐碱植物紫花苜蓿对根际土壤的影响,为种植紫花苜蓿改良盐碱地土壤提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

试验区选在黑龙江省大庆市喇嘛甸盐碱地(124°44'16.33"E,46°41'01.05"N),该盐碱地地势平坦,属温带大陆性季风气候,年平均气温 4.2 °C,年日照时数 2 800 h,年平均降水量 450 mm。本研究共设置 4 个处理,分别为未种植紫花苜蓿的正常地对照(CK)、未种植紫花苜蓿的盐碱地处理(SL)、种植紫花苜蓿的正常地处理(MCK)、种植紫花苜蓿的盐碱地处理(MSL),每个处理设 3 次重复,每块试验地面积为 8 m×8 m。紫花苜蓿品种选用当地主栽品种肇东苜蓿(*Medicago sativa* L. cv. Zhaodong),于 2023 年 4 月播种,同年 9 月采集土壤样品。

1.2 材料采集

根据 Edwards 等^[18]的方法,在每块试验地随机

选择 9 株生长均匀、健康的紫花苜蓿植株。使用无菌铲挖掘植株根系,佩戴无菌手套,用无菌刷仔细收集附着在根系表面的根际土壤。分别采集正常地紫花苜蓿根际土壤(MCK)、盐碱地紫花苜蓿根际土壤(MSL),以及正常地距紫花苜蓿根际 1 m 处的土壤(CK)、盐碱地距紫花苜蓿根际 1 m 处的土壤(SL)。采用四分法将土壤混匀后装入灭菌保鲜袋。将土壤分为两份,一份土壤自然风干后用于土壤理化性质和土壤酶活性测定;另一份土壤置于-80 °C 冰箱中保存,用于土壤微生物群落的测定。所有分析均设置 3 个重复。

根据高明等^[19]的方法取样,样方大小为 20 cm×20 cm×20 cm。大型土壤动物通过手检法直接采集,中小土壤动物采用干漏斗法分离。将土壤置于装有筛网的金属漏斗内,顶部设置可控温光源,逐步升高土壤表层温度,降低土壤湿度,驱使中小型土壤动物向下移动,落入盛有 75% 乙醇溶液的收集管中。将所有收集到的土壤动物用乙醇固定。

1.3 试验方法

采用电位分析法测定土壤 pH 值,采用电导分析法测定土壤全盐含量(TDS),采用重铬酸钾(K₂Cr₂O₇)-浓硫酸(H₂SO₄)氧化法测定土壤有机质含量(SOM),采用凯氏蒸馏法测定土壤总氮含量(TN),采用碱性扩散法测定土壤速效氮含量(AN),采用碳酸氢钠浸提-钼锑抗分光光度法测定土壤速效磷含量(AP),采用乙酸铵浸提-火焰光度计法测定土壤速效钾含量(AK)^[20]。采用比色法测定土壤脱氢酶(DHA)、蔗糖酶(SC)、脲酶(UE)、过氧化氢酶(CAT)、多酚氧化酶(PPO)和转化酶(AI)活性^[21]。

利用 E.Z.N.A. Soil DNA Kit 试剂盒从土壤中提取微生物总 DNA,利用引物 338F (5'-ACTC-CTACGGGAGGCAGCAG-3') 扩增细菌 16S rDNA

V3~V4 区,利用引物 ITS1F (5'-CTTGGTCATT-TAGAGGAAGTAA-3') 扩增真菌 18S rDNA。PCR 产物经 2% 琼脂糖凝胶电泳分离,割胶回收目标条带,送至美吉生物云平台(www.majorbio.com)进行高通量测序。

土壤动物鉴定在显微镜下完成,依据《中国土壤动物检索图鉴》^[22]和《昆虫分类学》^[23]对土壤动物进行分类。

1.4 数据分析

采用 SPSS 软件(v.26.0.0.2)进行单因素方差分析。利用 QIIME(v.1.9.1)计算微生物群落香农多样性指数(α 多样性分析)。基于 Bray-Curtis 距离进行主坐标分析(β 多样性分析)。利用软件 edgeR 筛选样本间差异显著的微生物类群(筛选标准为 $|\log_2 FC| > 1$ 且 $P < 0.05$, FC: 变化倍数)。采用冗余分析(RDA)探究土壤理化性质对土壤生物群落分布的影响,通过 Mantel test 分析土壤微生物群落与土壤理化性质之间的相关性。

2 结果与分析

2.1 紫花苜蓿对土壤理化性质与酶活性的影响

如表 1 所示, MCK 处理土壤有机质含量、全氮含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量均显著高于 CK ($P < 0.05$)。MSL 处理土壤有机质含量、全氮含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量均显著高于 SL 处理 ($P < 0.05$), 土壤 pH 值、全盐含量显著低于 SL 处理 ($P < 0.05$)。

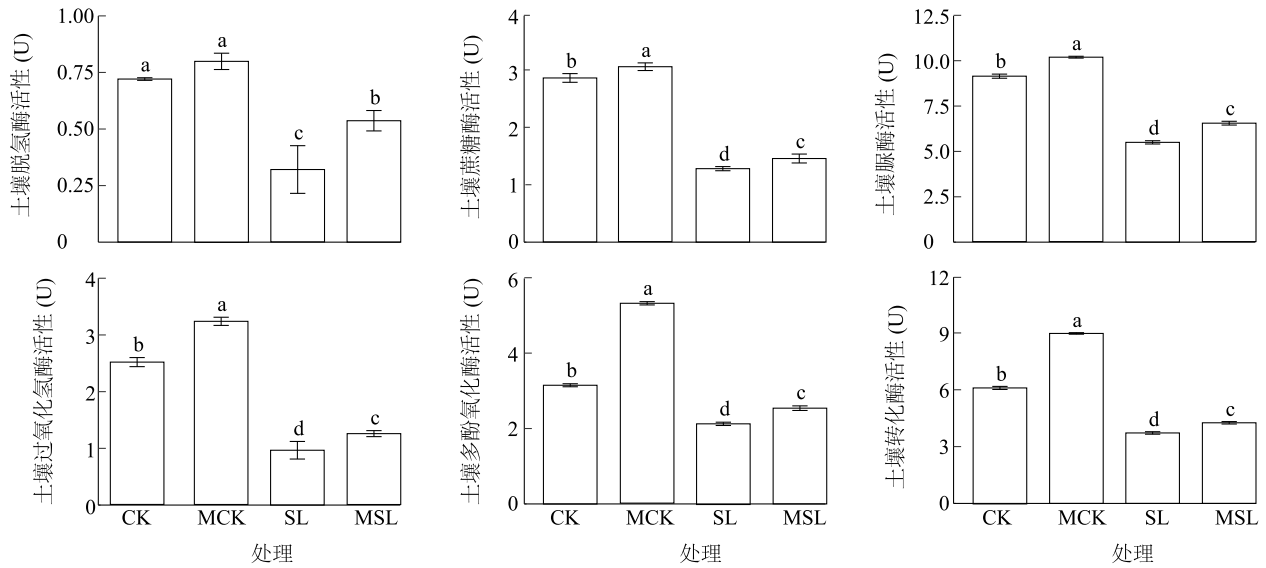
如图 1 所示, MCK 处理土壤蔗糖酶(SC)、脲酶(UE)、过氧化氢酶(CAT)、多酚氧化酶(PPO)、转化酶(AI)活性均显著高于 CK ($P < 0.05$)。MSL 处理土壤脱氢酶(DHA)、蔗糖酶(SC)、脲酶(UE)、过氧化氢酶(CAT)、多酚氧化酶(PPO)、转化酶(AI)活性均显著高于 SL 处理 ($P < 0.05$)。

表 1 不同处理土壤理化性质

Table 1 Physicochemical properties of soils under different treatments

处理	有机质含量 (g/kg)	全氮含量 (g/kg)	速效氮含量 (mg/kg)	速效磷含量 (mg/kg)	速效钾含量 (mg/kg)	pH 值	全盐含量 (g/kg)
CK	24.22±0.006b	1.03±0.090b	69.40±0.577b	30.23±0.012b	175.20±0.078b	7.15±0.020c	0.90±0.098b
MCK	25.15±0.038a	1.33±0.186a	75.42±0.152a	32.75±0.030a	195.41±0.041a	7.12±0.010c	0.83±0.011b
SL	10.81±0.026d	0.58±0.060d	42.53±0.026d	12.85±0.028d	110.41±0.020d	9.14±0.025a	1.65±0.015a
MSL	15.82±0.095c	0.75±0.010c	50.17±0.008c	16.81±0.011c	130.85±0.055c	8.10±0.015b	0.92±0.030b

CK: 未种植紫花苜蓿的正常地; SL: 未种植紫花苜蓿的盐碱地; MCK: 种植紫花苜蓿的正常地; MSL: 种植紫花苜蓿的盐碱地。同一列数据后不同小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$)。



CK:未种植紫花苜蓿的正常地;SL:未种植紫花苜蓿的盐碱地;MCK:种植紫花苜蓿的正常地;MSL:种植紫花苜蓿的盐碱地。图柱上不同小写字母表示差异显著($P<0.05$)。

图 1 不同处理土壤酶活性

Fig.1 Enzyme activities of soils under different treatments

2.2 紫花苜蓿对土壤微生物群落的影响

如图 2 所示,对土壤细菌群落进行分析,CK、SL 处理、MCK 处理、MSL 处理共有的土壤细菌群落操作分类单元(OTU)为 138 个。在属水平上,对相对丰度前 10 的菌属进行分析,*Vicinamibacterales* 相对丰度最高,*Vicinamibacteraceae*、红色杆菌属(*Rubrobacter*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、微杆菌属(*Microvirga*)为优势细菌菌属。与 SL 处理相比,MSL 处理土壤中有 258 种细菌相对丰度上升,126 种细菌相对丰度下降。与 SL 处理相比,MSL 处理土壤中黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)、溶杆菌属(*Lysobacter*)、类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)、*Blastocatellaceae*、*RB41* 细菌相对丰度显著上升($P<0.05$),*Nitriiliruptoraceae*、*Afifella*、*Tepidamorphus*、*Balneolaceae*、硝化杆菌属(*Nitrosococcus*)细菌相对丰度显著下降($P<0.05$)。

对土壤真菌群落进行分析,CK、SL 处理、MCK 处理、MSL 处理共有的土壤真菌群落操作分类单元(OTU)为 43 个。MSL 处理土壤真菌群落特有的 OTU 为 204 个;SL 处理土壤真菌群落特有的 OTU 为 108。在属水平上,对相对丰度前 10 的菌属进行分析,被孢霉属(*Mortierella*)真菌相对丰度最高,赤霉菌属(*Gibberella*)、*Knufia*、陶氏菌属(*Tausonia*)、*unclassified_o_glomerellales* 为优势真菌属。与 SL 处理土壤相比,MSL

处理土壤中有 71 种真菌相对丰度上升,有 21 种真菌相对丰度下降。与 SL 处理土壤相比,MSL 处理土壤中弯孢属(*Curvularia*)、黄杆菌属(*Laetisaria*)、*Phaeomycoentrospora*、*Naganishia*、*Knufia* 真菌相对丰度显著上升($P<0.05$),*Sodiomyces*、黄囊伞菌属(*Deconica*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、*Robillarda*、粪壳菌属(*Sordaria*)真菌相对丰度显著下降($P<0.05$)。

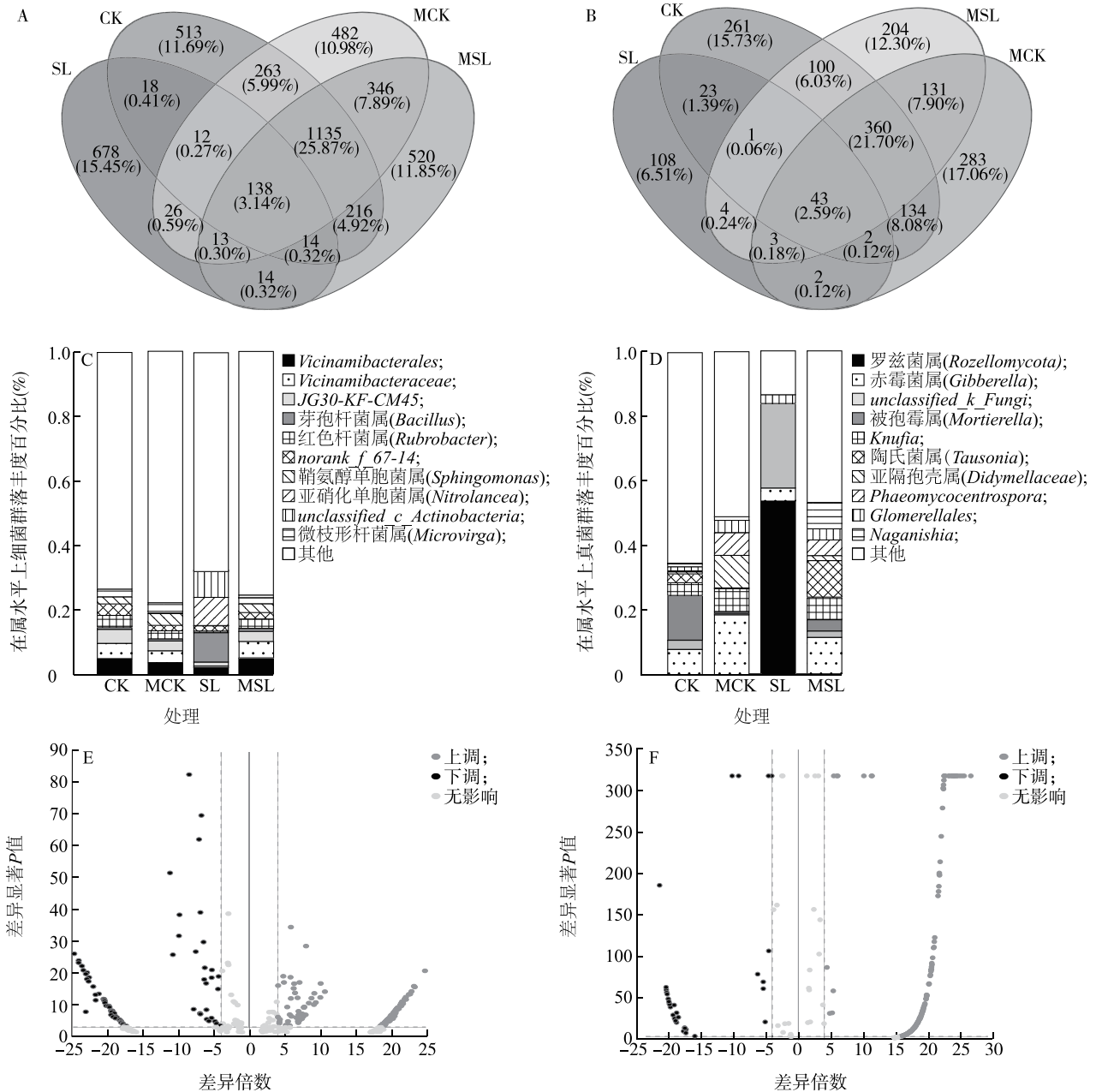
2.3 紫花苜蓿对土壤动物群落的影响

本研究共采集到土壤动物 243 只,隶属于 15 个目。如图 3 所示, MCK 处理土壤动物群落香农多样性指数显著高于 CK ($P<0.05$),MSL 处理土壤动物群落香农多样性指数显著高于 SL 处理($P<0.05$)。主成分分析结果表明,在第一主成分坐标轴(PC1)上,SL 处理样本点与 MCK 处理、MSL 处理、CK 相距较远;在第二主成分坐标轴(PC2)上,MSL 处理样本点与 SL 处理、MCK 处理、CK 相距较远。表明在盐碱地种植紫花苜蓿对土壤动物群落结构的影响程度高于在正常地种植紫花苜蓿。

土壤动物中,后孔寡毛目(*Opisthoptera*)动物相对丰度最高,其次为蜘蛛目(*Araneida*)、鞘翅目(*Coleoptera*)、石蜈蚣目(*Lithobiomorpha*)、膜翅目(*Hymenoptera*)动物。SL 处理土壤中后孔寡毛目(*Opisthoptera*)、蜚蠊目(*Blattaria*)动物相对丰度高于 CK、MCK 处理、MSL 处理,MSL 处理土壤中姬马陆目(*Jul-*

iformia)、蜘蛛目(Araneida)动物相对丰度高于CK、MCK处理、SL处理。相关性分析结果表明,等翅目(Isoptera)动物相对丰度与SL处理呈显著负相关

($P < 0.05$),蜚蠊目(Blattaria)动物相对丰度与MSL处理呈显著负相关($P < 0.05$)。



A:土壤细菌群落操作分类单元 Venn 图;B:土壤真菌群落操作分类单元 Venn 图;C:不同处理土壤细菌群落组成;D:不同处理土壤真菌群落组成;E:土壤细菌群落表达差异火山图;F:土壤真菌群落表达差异火山图。CK:未种植紫花苜蓿的正常地;SL:未种植紫花苜蓿的盐碱地;MCK:种植紫花苜蓿的正常地;MSL:种植紫花苜蓿的盐碱地。

图 2 不同处理土壤微生物群落

Fig.2 Soil microbial communities under different treatments

2.4 土壤微生物群落与土壤环境因子的相关性

如图 4 所示,RDA1 轴和 RDA2 轴分别解释了

土壤细菌群落变异的 84.82%和 6.35%,能较全面反映土壤细菌群落信息。土壤全盐含量和 pH 值是影

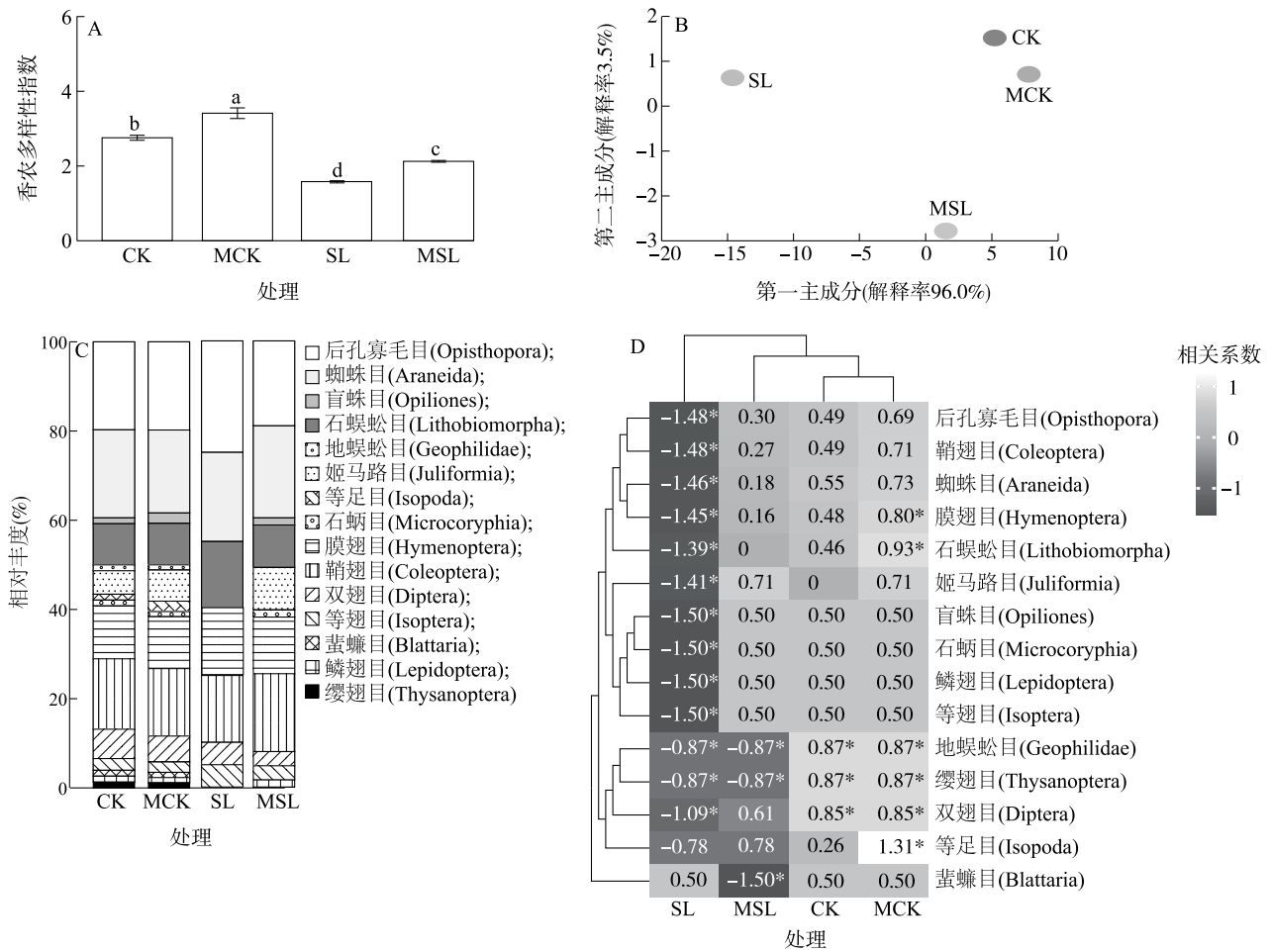


图3 不同处理土壤动物群落
A:不同处理 Shannon 指数;B:土壤动物群落主成分分析,C:不同处理土壤动物群落组成;D:不同处理与土壤动物相对丰度相关性热图。CK:未种植紫花苜蓿的正常地;SL:未种植紫花苜蓿的盐碱地;MCK:种植紫花苜蓿的正常地;MSL:种植紫花苜蓿的盐碱地。*表示相关性显著($P<0.05$)。

图3 不同处理土壤动物群落

Fig.3 Soil animal communities under different treatments

响紫花苜蓿根际土壤细菌群落的主要环境因子。相关性分析结果表明,黄色土源菌属(*Flavisolibacter*)细菌相对丰度与土壤有机质含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量、土壤 pH 值呈显著正相关($P<0.05$)。*RB41* 细菌相对丰度与土壤有机质含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量、土壤 pH 值呈显著正相关($P<0.05$)。类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)细菌相对丰度与土壤全盐含量呈显著正相关($P<0.05$)。图 5A 显示,类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)细菌相对丰度与土壤脱氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$)。

RDA1 轴和 RDA2 的分别解释了土壤真菌群落变异的 60.43%和 15.44%,能较全面反映土壤真菌群落信息。土壤全盐含量和 pH 值是影响苜蓿

根际土壤真菌群落的主要环境因子。相关性分析结果表明,弯孢属(*Curvularia*)真菌相对丰度与土壤有机质含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量、土壤 pH 值呈显著正相关($P<0.05$)。*Phaeomycoentrospora* 真菌相对丰度与土壤有机质含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量、pH 值呈显著正相关($P<0.05$)。图 5B 显示,*Sodiomyces*、黄囊伞菌属(*Deconica*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、*Robillarda* 真菌相对丰度与土壤脱氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$),弯孢菌属(*Curvularia*)、*Knufia* 真菌相对丰度与土壤脱氢酶活性呈显著正相关($P<0.05$)。弯孢属(*Curvularia*)、*Phaeomycoentrospora* 真菌相对丰度与土壤多酚氧化酶活性、转化酶活性呈显著正相关($P<0.05$)。

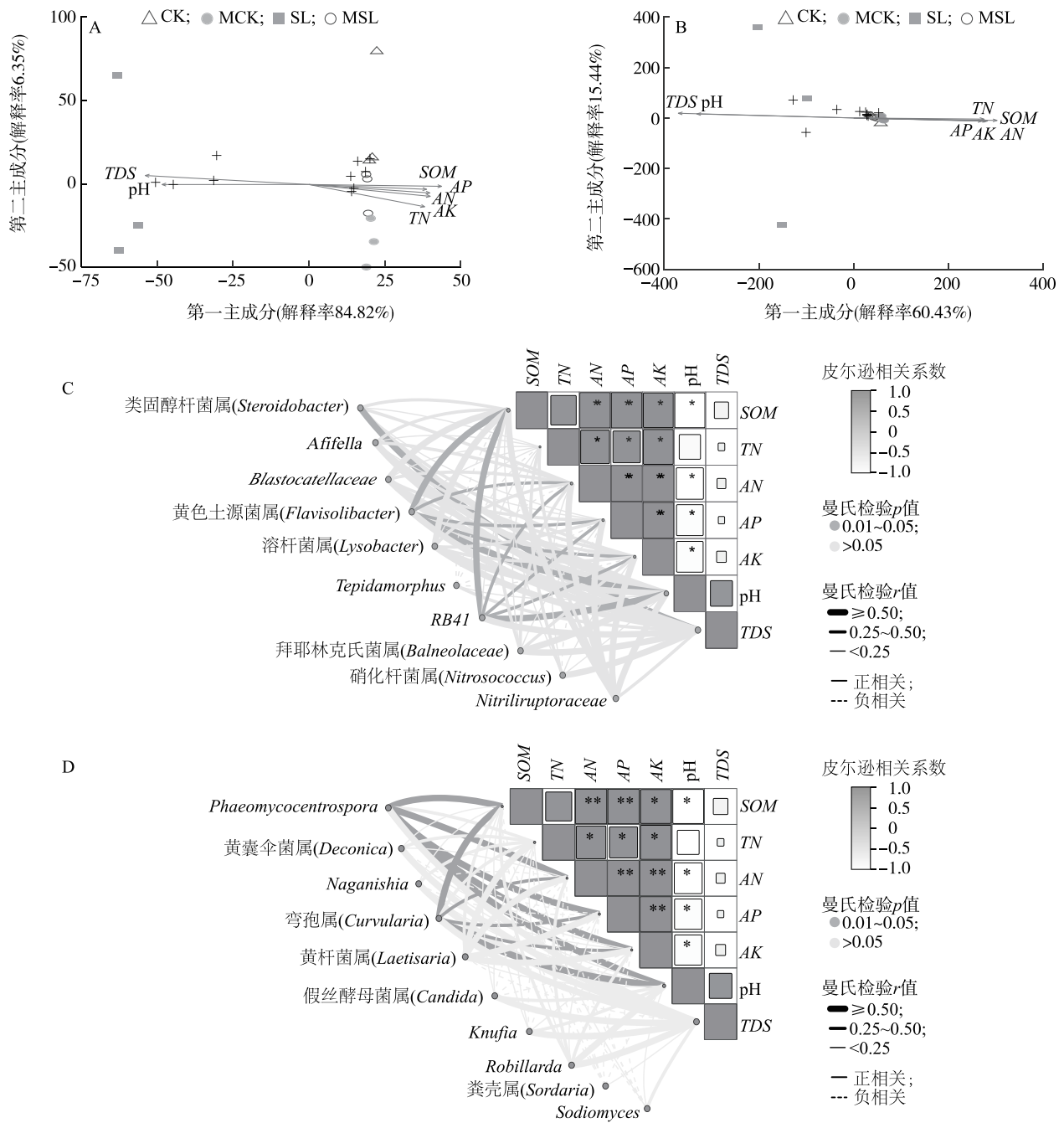


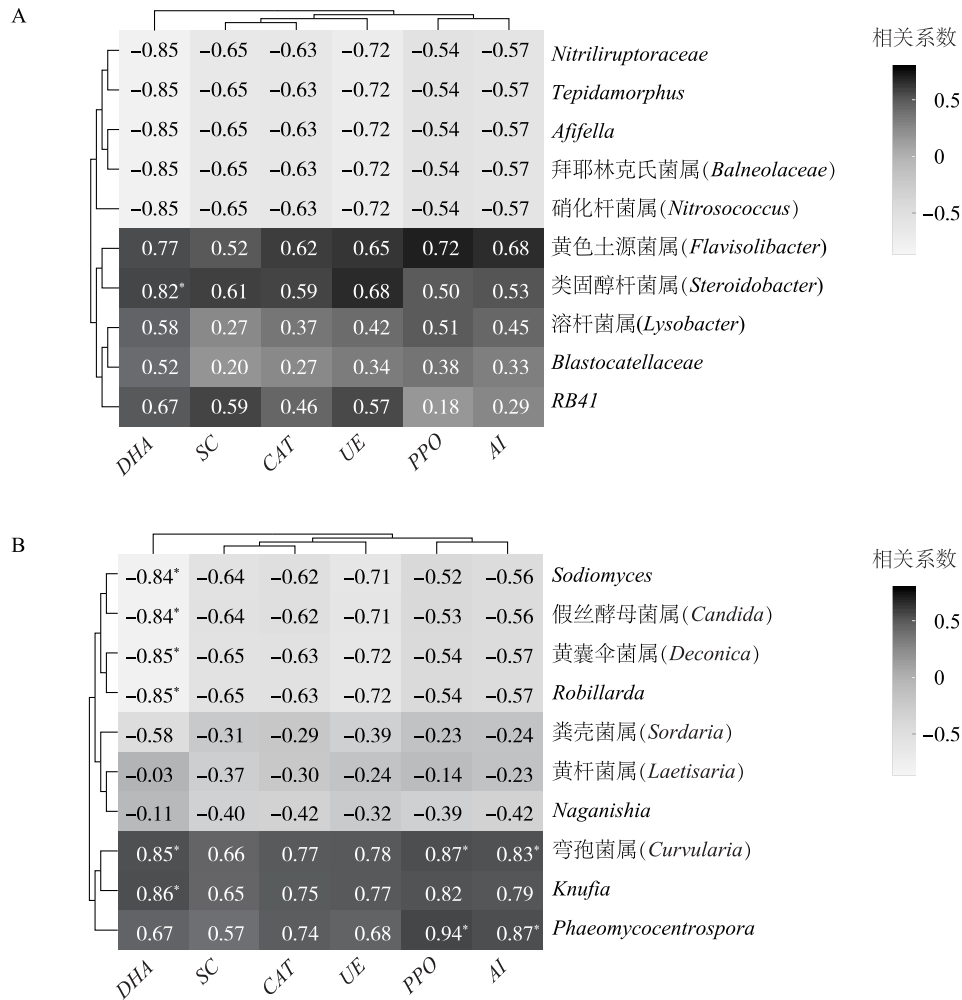
图 4 土壤微生物群落与土壤理化性质的相关性

Fig.4 Correlation between soil microbial communities and soil physicochemical properties

2.5 土壤动物、土壤微生物与土壤环境因子的相关性分析

如图 6 所示, RDA1 轴和 RDA2 轴分别解释了土壤动物群落变异的 97.59% 和 2.79%, 能较全面

反映土壤动物群落信息。土壤全盐含量和 pH 值是影响苜蓿根际土壤动物群落的主要环境因子。相关性分析结果表明, 后孔寡毛目 (Opisthopora) 动物相对丰度与土壤有机质含量、速效氮含量、速效磷含



A:土壤酶活性与细菌群落的相关性热图;B:土壤酶活性与真菌群落的相关性热图。DHA:脱氢酶活性;SC:蔗糖酶活性;CAT:过氧化氢酶活性;UE:脲酶活性;PPO:多酚氧化酶活性;AI:转化酶活性。*:显著相关。

图5 土壤微生物群落与土壤酶活性的相关性

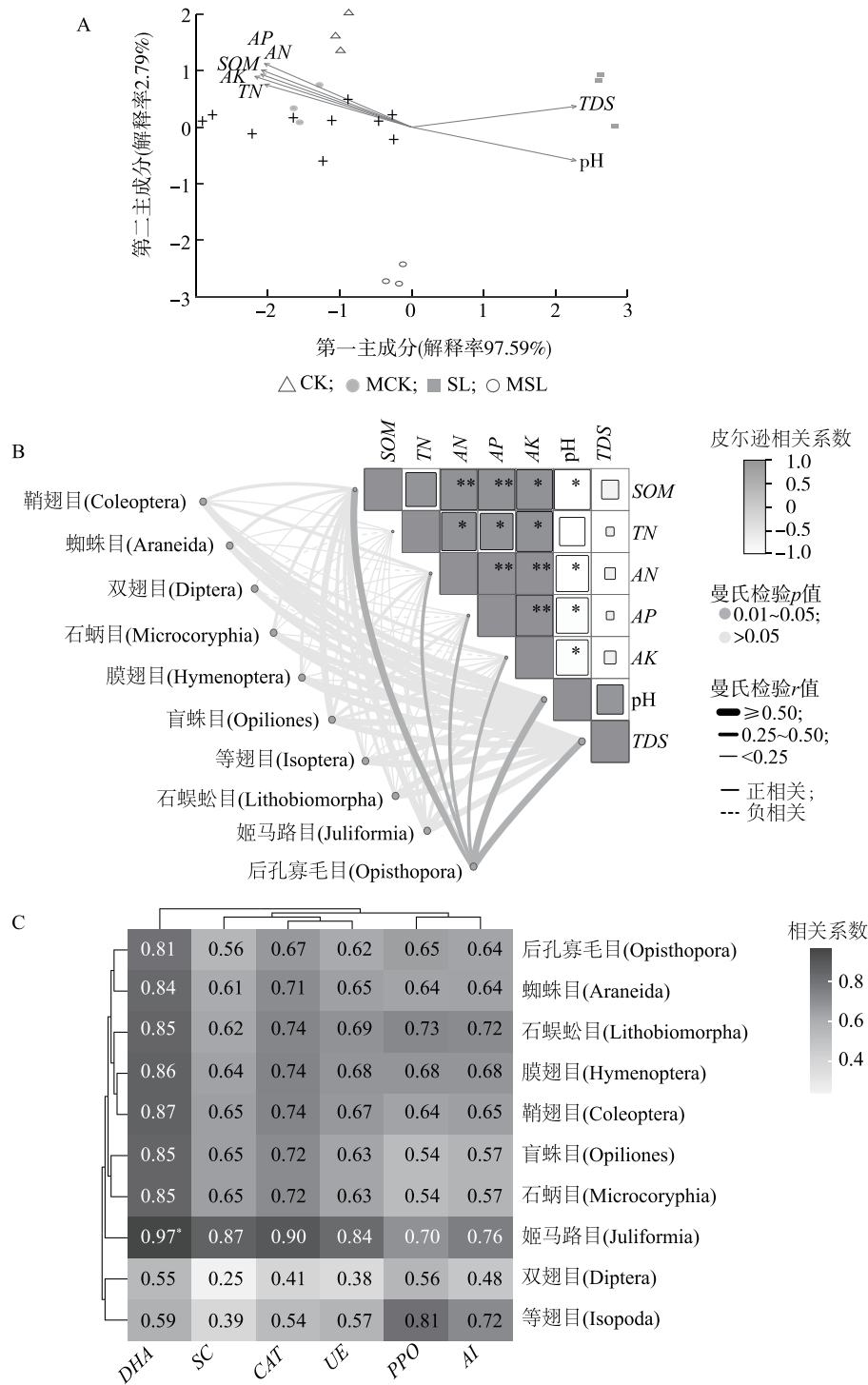
Fig.5 Correlation between soil microbial communities and soil enzyme activities

量、速效钾含量、pH 值、全盐含量呈显著正相关($P < 0.05$)。姬马路目(Juliformia)动物相对丰度与土壤脱氢酶活性呈显著正相关($P < 0.05$)。

如图7所示,盲蛛目(Opiliones)、石蛎目(Microcoryphia)动物相对丰度分别与 *Nitriliruptoraceae*、*Afifella*、*Tepidamorphus*、拜耶林克氏菌属(*Balneolaceae*)、硝化杆菌属(*Nitrosococcus*)细菌相对丰度呈显著负相关($P < 0.05$),与类固醇杆菌属(*Steroidobacter*)细菌相对丰度呈显著正相关($P < 0.05$)。盲蛛目(Opiliones)、石蛎目(Microcoryphia)动物相对丰度分别与粪壳菌属(*Sodiomyces*)、黄囊伞菌属(*Deconica*)、假丝酵母菌属(*Candida*)、*Robillarda*真菌相对丰度呈显著负相关($P < 0.05$)。

3 讨论与结论

本研究揭示了紫花苜蓿通过调控土壤动物-微生物-环境因子的互作网络改良盐碱地的生态机制。研究表明,与未种植紫花苜蓿的盐碱地相比,种植紫花苜蓿盐碱地土壤脱氢酶(DHA)、蔗糖酶(SC)、脲酶(UE)、过氧化氢酶(CAT)、多酚氧化酶(PPO)、转化酶(AI)活性以及土壤全氮含量、速效氮含量、速效磷含量、速效钾含量均显著提高($P < 0.05$),土壤pH值显著降低($P < 0.05$),表明种植紫花苜蓿能够改善土壤理化性质,降低土壤全盐含量,提高土壤肥力^[24]。这种土壤环境的变化直接驱动了微生物群落的重构。具体表现为,与SL处理相

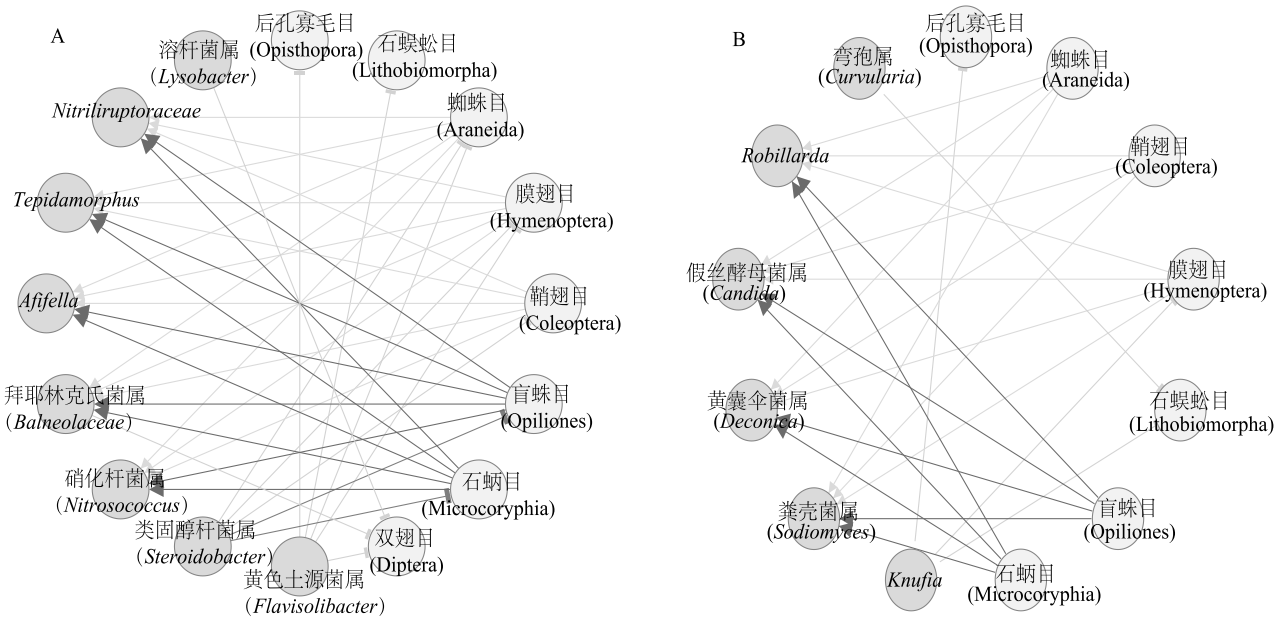


A: 土壤理化性质与土壤动物群落的冗余(RDA)分析; B: 土壤理化性质与土壤动物群落的 Mantel 检验; C: 土壤酶活性与土壤动物群落的相关性热图。SOM: 有机质含量; TN: 总氮含量; AN: 速效氮含量; AP: 速效磷含量; AK: 速效钾含量; TDS: 全盐含量; DHA: 脱氢酶活性; SC: 蔗糖酶活性; CAT: 过氧化氢酶活性; UE: 脲酶活性; PPO: 多酚氧化酶活性; AI: 转化酶活性。CK: 未种植紫花苜蓿的正常地; SL: 未种植紫花苜蓿的盐碱地; MCK: 种植紫花苜蓿的正常地; MSL: 种植紫花苜蓿的盐碱地。

图 6 土壤动物与土壤环境因子的相关性

Fig.6 Correlation between soil animals and soil environmental factors

比, MSL 处理土壤中黄色土源菌属 (*Flavisolibacter*)、溶杆菌属 (*Lysobacter*)、类固醇杆菌属 (*Steroidobact-*



A:土壤动物群落和细菌群落的相互作用网络;B:土壤动物群落和真菌群落的相互作用网络。末端为平头的黑色实线表示两者间呈显著正相关($P < 0.05$)。末端为箭头的黑色实线表示两者之间呈显著负相关($P < 0.05$)。

图7 土壤动物群落与土壤微生物的相互作用网络图

Fig.7 Interaction network between soil animals and soil microorganisms

er)、*Blastocatellaceae*、*RB41* 细菌相对丰度显著上升 ($P < 0.05$), *Nitriliruptoraceae*、*Afifella*、*Tepidamorphus*、*Balneolaceae*、硝化杆菌属 (*Nitrosococcus*) 细菌相对丰度显著下降 ($P < 0.05$)。与 SL 处理土壤相比,MSL 处理土壤中弯孢属 (*Curvularia*)、黄杆菌属 (*Laetisaria*)、*Phaeomycoentrospora*、*Naganishia*、*Knufia* 真菌相对丰度显著上升 ($P < 0.05$), *Sodiomyces*、黄囊伞菌属 (*Deconica*)、假丝酵母菌属 (*Candida*)、*Robillarda*、粪壳菌属 (*Sordaria*) 真菌相对丰度显著下降 ($P < 0.05$)。

土壤微生物群落与土壤动物群落呈现显著相关性。盲蛛目 (*Opiliones*)、石蛎目 (*Microcoryphia*) 动物相对丰度分别与 *Nitriliruptoraceae*、*Afifella*、*Tepidamorphus*、拜耶林克氏菌属 (*Balneolaceae*)、硝化杆菌属 (*Nitrosococcus*) 细菌相对丰度呈显著负相关 ($P < 0.05$), 与类固醇杆菌属 (*Steroidobacter*) 细菌相对丰度呈显著正相关 ($P < 0.05$)。盲蛛目 (*Opiliones*)、石蛎目 (*Microcoryphia*) 动物相对丰度分别与粪壳菌属 (*Sodiomyces*)、黄囊伞菌属 (*Deconic*)、假丝酵母菌属 (*Candida*)、*Robillarda* 真菌相对丰度呈显著负相关 ($P < 0.05$)。表明动物群落参与了微生物群落的调控。同时,土壤动物与微生物的互作进一

步影响环境因子。这种环境因子-微生物-动物的三元互作网络共同构成了紫花苜蓿改良盐碱地的生态基础,其中土壤微生物群落的结构变化是连接环境因子和土壤动物的关键纽带,而土壤动物则通过调控微生物功能参与土壤生态过程的调控。本研究结果为盐碱地生物改良提供了理论依据。

参考文献:

[1] 高攀攀. 改良剂施用对盐渍土壤碳氮转化的影响研究[D]. 泰安:山东农业大学,2023.
 [2] 朱 焯. 丛生生物改良滨海盐碱地的效应及机制研究[D]. 南京:南京农业大学,2021.
 [3] 王世平,陈 月,潘大伟,等. 盐碱地治理研究综述:现状、问题与对策[J]. 化工矿物与加工,2023,52(11):59-68.
 [4] 王艺璇,王 珂,曲鲁平,等. 中国松嫩平原盐碱土固碳潜力过程及机理研究[J]. 中国农业资源与区划,2024,45(1):129-138.
 [5] 扶海超,夏 阳,杨丹丹,等. 不同生物有机肥对土壤理化性状及烟叶生长发育的影响[J]. 安徽农业科学,2015,43(30):86-89.
 [6] 刘庚炜,高雅琪,邵泽璇,等. 土壤盐渍化修复技术研究进展[J]. 黑龙江农业科学,2024(1):99-107.
 [7] ZHU D, SUN L, MAO L N, et al. Combined effects of cropping alfalfa (*Medicago sativa* L.) on the soil pore structure, microbial communities and organic carbon fractions in saline soils[J]. Ap-

- plied Soil Ecology, 2025, 208: 105993.
- [8] 王晓春, 杨炜迪, 高 婷. 盐碱地紫花苜蓿根际土壤细菌群落多样性分析[J]. 北方园艺, 2023(23): 75-82.
- [9] 王晓春, 高 婷. 盐碱地紫花苜蓿根际土壤真菌多样性分析[J]. 农业与技术, 2023, 43(24): 9-12.
- [10] 王永珍, 冯怡琳, 赵文智, 等. 绿洲农田玉米和牧草种植对地表节肢动物群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2023, 31(11): 1721-1732.
- [11] HALLETT P D, MARIN M, BENDING G D, et al. Building soil sustainability from root-soil interface traits [J]. Trends in Plant Science, 2022, 27(7): 688-698.
- [12] 孔亚丽, 秦 华, 朱春权, 等. 土壤微生物影响土壤健康的作用机制研究进展[J]. 土壤学报, 2024, 61(2): 331-347.
- [13] 张怡洋, 刘 阳, 阮 迪, 等. 艾丁湖可培养好氧嗜盐细菌多样性及抗辐射特征初探[J]. 湖北农业科学, 2024, 63(6): 44-52.
- [14] PIROMYOU P, BURANABANYAT B, TANTASAWAT P, et al. Effect of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) inoculation on microbial community structure in rhizosphere of forage corn cultivated in Thailand [J]. European Journal of Soil Biology, 2010, 47(1): 44-54.
- [15] 李维娜, 胡庆玲, 郝 转, 等. 陕西省黄河湿地春季不同土地利用方式下中小型土壤动物多样性研究[J]. 湖北农业科学, 2020, 59(13): 47-50.
- [16] 邱柏淞, 宋 鑫, 谭智诚, 等. 蚯蚓活动下矿物对凋落物分解及腐殖化的影响[J]. 农业环境科学学报, 2024, 43(9): 2050-2059.
- [17] SHARMA M, KHURANA H, SINGH D N, et al. The genus *Sphingopyxis*: systematics, ecology, and bioremediation potential—a review [J]. Journal of Environmental Management, 2020, 280: 111744.
- [18] EDWARDS J, JOHNSON C, SANTOS-MEDELLIN C, et al. Structure, variation, and assembly of the root-associated microbiomes of rice [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2015, 112(8): 911-920.
- [19] 高 明, 周保同, 魏朝富, 等. 不同耕作方式对稻田土壤动物、微生物及酶活性的影响研究[J]. 应用生态学报, 2004(7): 1177-1181.
- [20] HARTA I, SIMON B, VINOGRADOV S, et al. Collembola communities and soil conditions in forest plantations established in an intensively managed agricultural area [J]. Journal of Forestry Research, 2021, 32: 1819-1832.
- [21] 关松荫. 土壤酶及其研究方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1986.
- [22] 尹文英. 中国土壤动物检索图鉴[M]. 北京: 科学出版社, 1998.
- [23] 魏炳传. 《昆虫分类学》(修订版)介绍[J]. 植物保护, 2018, 254(3): 217-217.
- [24] 田平雅. 耐盐植物根际细菌多样性研究及促生菌筛选和复合菌群构建[D]. 银川: 宁夏大学, 2019.

(责任编辑: 成纾寒)