

# 盐碱地及其改良过程中土壤微生物生态特征研究进展<sup>①</sup>

孔 涛<sup>1,2</sup>, 张德胜<sup>3</sup>, 徐 慧<sup>2</sup>, 王力华<sup>2</sup>

(1 辽宁工程技术大学理学院, 辽宁阜新 123000; 2 中国科学院沈阳应用生态研究所, 沈阳 110016; 3 东北大学理学院, 沈阳 110004)

**摘 要:** 盐碱地由于土壤质量差、作物产量低, 在全球分布广泛, 已成为土壤退化中的世界性难题, 土壤微生物可作为评价盐碱地土壤质量变化的一个重要指标。本文在系统分析、归纳总结国内外相关领域研究成果的基础上, 综述了盐碱地及其改良过程中土壤微生物生态特征的研究进展, 主要包括: 盐碱地土壤微生物的种类和数量, 土壤酶活性特征, 微生物在盐碱地改良中的作用, 盐碱地改良对土壤微生物的影响, 以及用分子生态学手段研究盐碱地土壤微生物的进展情况等。在此基础上, 提出了盐碱地土壤微生物未来应重点研究的几个方向。

**关键词:** 盐碱地; 土壤微生物; 土壤酶; 改良; 分子生态学手段

**中图分类号:** Q938.1+3

盐碱土是在各种自然环境因素和人为活动因素综合作用下, 发生盐(碱)化过程而形成的、具有盐化层或碱化层、含有大量可溶盐类、抑制植物正常生长的土壤。国内外常把盐碱土作为各种盐土和碱土, 以及其他不同程度盐化和碱化土壤的泛称。土地盐碱化属于土地荒漠化的一种, 是土地退化中的最大难题, 致使土壤肥力下降, 植物根系吸水困难, 甚至不能生长, 导致了作物减产, 甚至弃耕, 严重影响了畜牧业和农业的发展。据统计, 全球盐碱地面积为 9.5 亿  $\text{hm}^2$ <sup>[1]</sup>, 每年以  $1 \times 10^6 \sim 1.5 \times 10^6 \text{ hm}^2$  的速度在增长<sup>[2]</sup>。我国盐渍土总面积约为 0.36 亿  $\text{hm}^2$ , 占全国可利用土地面积的 4.88%, 并以每年 1% 的速度增加<sup>[3]</sup>。世界各国一直都在积极地进行盐碱地治理和改良方面的研究和实践工作, 目前盐碱地改良的方式主要包括修建排水网、种植耐盐植物、培肥以及添加化学物质等途径<sup>[4]</sup>。

盐碱地的改良效果可以用土壤质量来表示。土壤微生物是土壤系统中极其重要和最为活跃的部分, 在土壤有机物的降解、矿化释放无机元素供其他生物吸收, 营养物质转化如碳氮循环, 系统稳定性及抗干扰能力中居于支配地位, 控制着土壤生态系统功能的关键过程<sup>[5]</sup>, 被认为是表征土壤质量变化最敏感、最有潜力的指标<sup>[6-7]</sup>。土壤酶活性在土壤养分循环中起着重要作用且对土壤管理措施变化反应敏感, 已被用作微生物的活性指标<sup>[8]</sup>。本文综述了近年来盐碱地及其

改良过程中土壤微生物的数量、酶活性、微生物群落结构变化及微生物在改良中所起的作用, 并对未来的发展方向进行了展望。

## 1 盐碱地土壤微生物的种类和数量

土壤微生物种群的数量和分布是反映生物稳定性的一个显著特征并在一定程度上代表了土壤有机质的活性<sup>[9]</sup>。盐碱地的微生物数量一般要少于普通农用土壤, 原因一般认为是由于盐度导致的微生物生存适宜环境改变的结果<sup>[10]</sup>, 但也有研究认为是盐度导致的植物生长的减少间接影响了微生物生物量的差异, 而并非是盐度直接对微生物产生的负面效应<sup>[11]</sup>。盐碱地中土壤微生物量碳、氮, 基础呼吸都比普通农用土壤有较大幅度下降, 土壤盐碱度的降低会增加微生物对有机质的分解作用, 意味着在改良盐碱地时应及时补充有机质<sup>[12]</sup>。我国学者在研究滨海和内陆盐碱地的微生物数量时发现, 随着土壤盐碱化程度的加重, 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<sup>[13-15]</sup>。盐碱地中细菌数量占绝对优势, 其次是放线菌和真菌, 其中天津滨海盐碱地土壤中细菌以乳杆菌属 (*Lactobacilli*)、芽孢杆菌属 (*Bacilli*) 为主, 放线菌以链霉菌属 (*Streptomyces*) 占优势, 真菌以青霉菌属 (*Penicillium*) 为主<sup>[15]</sup>。新疆内陆盐碱地土壤微生物的优势菌群主要属于黏球菌目 (*Myxococcales*)、假单胞菌目 (*Pseudomonadales*)、根瘤菌目 (*Rhizobiales*)、

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2011BAD38B0603、2012BAD32B08)资助。

作者简介: 孔涛(1981—), 男, 陕西华县人, 博士, 讲师, 主要从事环境微生物研究。E-mail: kongtao2005@126.com

芽孢杆菌目 (Bacillales)、伯克氏菌目 (Burkholderiales)、放线菌目 (Actinomycetales)、海洋螺菌目 (Oceanospirillales)、黄杆菌目 (Flavobacteriales)、交替单胞菌目 (Alteromonadales)<sup>[16]</sup>。Shi 等<sup>[17]</sup>报道了我国东北地区极端盐碱土中细菌的特征,分离并鉴定了 20 株,分别属于硬壁菌门 (Firmicutes)、放线菌门 (Actinobacteria)、变形杆菌门 (Proteobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidetes)。

盐碱地土壤微生物受到土层深度、季节、植被类型、盐碱土壤类型的影响。微生物数量随着土层深度的增加而减少,原因在于表层土壤环境由于受植被的影响,可供微生物利用的各种资源极为充足,加上由于植物根系存在而导致的空间异质性,可以满足各种微生物的生存需求;不同类群微生物数量随深度降低幅度并不一致,真菌数量的降低幅度较细菌高<sup>[18]</sup>。盐碱地中不同类群微生物数量出现峰值的季节并不一致,细菌和放线菌数量在夏季出现峰值,真菌数量在秋季和冬季出现峰值,且不同微生物功能群基本上只有一个峰值且峰值出现的季节不同,与碳循环相关的纤维素分解菌功能群的峰值出现在冬季,与氮循环相关的微生物功能群一般在夏季或秋季出现峰值<sup>[19]</sup>。植被类型会影响盐碱土壤微生物的代谢功能,罗倩等<sup>[20]</sup>发现在新疆盐碱地梭梭植被下的土壤微生物对碳水化合物、羧酸、氨基酸、酚类、胺类类型的碳源有更好的利用,琵琶柴和隐子草植被下的土壤微生物群落能较好地利用氨基酸类碳源。盐渍化土壤类型的不同也会使土壤微生物的功能群落出现明显差异,卢鑫萍等<sup>[21]</sup>在研究宁夏 3 种类型盐碱土时发现,草甸盐土上微生物优势群落为氨基酸代谢类群,盐化灌淤土为多聚化合物代谢群,碱化龟裂土为碳水化合物代谢群,同时,3 种盐碱土对芳香类化合物的代谢能力整体都较弱。

放线菌的数量、种类与土壤肥力有着极为密切的关系,是土壤肥力高低的标志之一<sup>[22]</sup>。土壤放线菌对决定土壤肥力水平的土壤团聚体的形成与稳定性有着重要作用。乔正良<sup>[23]</sup>调查了盐渍土中的放线菌资源,发现放线菌对土壤盐分含量和 pH 有很强的耐受性,重度盐化土壤中分布的耐盐放线菌最多。盐渍土中放线菌的数量和种类比农田土壤要少,包含了链霉菌属和单孢丝菌属,盐渍土放线菌的一个特点是由能在 pH 8~9 和 NaCl 浓度接近 50 g/kg 的环境下生长的嗜盐、嗜碱、嗜盐碱链霉菌占支配地位,1 g 土中菌丝长度可达 140 m<sup>[24]</sup>。

## 2 盐碱地土壤酶活性特征

土壤酶活性体现了土壤总生物学活性,表征了

土壤的综合肥力特征及土壤养分转化进程,可以作为衡量生态系统土壤质量变化的预警和敏感指标,主要来源于微生物<sup>[25]</sup>。盐碱地中与肥力相关的酶包括脲酶、磷酸酶、多酚氧化酶、过氧化氢酶、蛋白酶等。

盐碱地土壤酶活性随季节、植被盖度、盐含量变化而异。松嫩平原盐碱草地中土壤过氧化氢酶、多酚氧化酶、碱性磷酸酶的活性在生长季内随月份而变化,峰值出现在 8 月或 9 月<sup>[26]</sup>。滨海盐碱林地磷酸酶活性季节变化的趋势是逐渐升高的,10 月最高;多酚氧化酶含量的季节变化均呈现上升-下降-再上升的趋势,都在 6 月达最高峰;从 4 月到 10 月,过氧化氢酶的活性均逐渐下降,10 月份达最低值;脲酶活性 8—10 月份最高,蛋白酶在 6—8 月出现高峰<sup>[27-28]</sup>。随着植被盖度的增加,酶活性呈现逐渐降低的趋势,过氧化氢酶、多酚氧化酶等都表现出了在碱斑裸地及植被生长较差的地段活性较高,在植被生长茂盛的地段活性较低的特点,这对于盐碱草地土壤肥力的恢复具有一定意义,因为过氧化物酶能够加强土壤有机质分解,在植被生长较差地段过氧化物酶活性高,有机质分解过程加强,即使微生物活动降低,土壤代谢仍能在一定程度上继续进行<sup>[29]</sup>。土壤盐度会抑制土壤酶活性,随着盐化程度的增加,土壤转化酶、碱性磷酸酶、过氧化氢酶和脲酶活性逐渐降低<sup>[30]</sup>;由于磷酸酶活性与植物根生物量之间有显著的正相关性,所以磷酸酶活力的降低可归因于在盐环境下根生物量的减少<sup>[31]</sup>。

盐碱地不同改良方式会影响土壤酶活性。清水-造纸废水轮灌下,盐碱地脲酶、磷酸酶和脱氢酶活性显著提高<sup>[32]</sup>。通过滴水灌溉及种植作物来改良重度盐碱土,0~40 cm 土层的盐度和 pH 在开垦 3 年后下降明显,细菌、放线菌和真菌数量大幅增加,脲酶和碱性磷酸酶活性增加,蔗糖酶活性变化不大<sup>[33]</sup>。覆膜滴灌能促进盐碱地土壤碱性磷酸酶、脲酶和蔗糖酶活性的提高,土壤酶活性自滴头向四周径向减小,等值线呈椭圆形分布<sup>[34]</sup>。盐渍稻田土中施用猪粪肥可显著增加碱性磷酸酶活性及土壤呼吸率,在水稻分蘖期施用猪粪肥可提高脲酶活性 96%<sup>[35]</sup>。Liang 等<sup>[36]</sup>模拟次生盐渍土,加入有机肥改善土壤质量,发现有机肥的加入显著增加了脲酶、碱性磷酸酶、脱氢酶活性及呼吸速率,其中稻米秸秆+猪粪肥处理对酶活性、微生物活性及作物干重有最显著的促进效果。Tejada 等<sup>[37]</sup>比较了碎棉花籽堆肥和畜肥对改良盐碱土 5 年期的影响,发现两种肥对土壤的物理、化学和生物性质都有着积极的影响,而畜肥处理的土壤酶活性显著高于棉花籽堆肥。

### 3 微生物在盐碱地改良中的作用

菌根真菌可促进宿主植物根系在土壤中吸收养分,并可以提高宿主植物对生物和非生物胁迫的抗性。丛枝菌根真菌可增加作物粗根的数量,增加根的活力,促进植物根对 N、P、K、Ca 的吸收,减少植物中 Na 含量,减轻作物在盐碱地中所受到的盐胁迫,也可促进盐碱地植被恢复到原生状态<sup>[38-39]</sup>。Abdel-Fattah 等<sup>[40]</sup>应用丛枝菌根真菌提高了小麦在盐渍土中的生长及耐受性,在盐渍状态下,接种菌根真菌可以增加小麦植株的生长量、碱性磷酸酶及可溶性蛋白质含量,菌根植株中的 N、P、K、Mg 含量增加而 Na 含量下降,有助于减轻植物生长的盐害,小麦植株在盐渍土中表现出了对菌根真菌的高度依赖性。Wang 等<sup>[41]</sup>对黄河三角洲植物多样性较低的盐碱土的丛枝菌根真菌进行了调查,发现 5 种优势野生植株柎柳、芦苇、碱蓬、獐茅、刺儿菜根部都侵染了菌根真菌,侵染率从 0.2%~9.5% 不等,表明丛枝菌根真菌促进了支配植株优势地位的建立,显示了其在盐碱土植物中的重要性。Ishida 等<sup>[42]</sup>研究了我国东北地区松嫩平原盐碱土中的外生菌根真菌群落,发现外生菌根真菌中最丰富的属为地孔菌属,系统进化分析表明此属主要在盐碱地中存在,表明它是适合高 pH 土壤环境的,因此认为外生菌根真菌在盐碱地的修复方面是有帮助的。

除菌根真菌外,某些细菌对盐碱地的改良也有一定的作用。硫氧化细菌可将单质硫、硫化氢及其他硫化物氧化成硫酸,使土壤的 pH 降低。张静等<sup>[43]</sup>将氧化硫硫杆菌、排硫硫杆菌和硫磺粉加入到盐碱土样中,土壤 pH 由 7.5 降低到 7.2,对改良碱土具有一定作用。一些细菌也可通过增加土壤团聚体含量来改善盐碱土的土壤结构,包括 3 种作用方式:自身带有的电荷借助静电引力使土壤颗粒彼此连接、细菌残体分解物对土壤颗粒的黏结作用、对有机残留物分解过程中产生的胞外聚合物的黏结作用。刘彩霞和黄为一<sup>[44]</sup>研究发现盐碱土中接种既分解秸秆又产胞外聚合物的耐盐碱细菌配施未腐熟秸秆,直接在盐碱土中腐熟分解,团聚体形成效果最好,大团聚体含量增加 60% 以上。生态友好型耐盐性生物菌种可以很好替代滨海盐碱地化学肥料,Barua 等<sup>[45]</sup>从滨海盐碱地中分离出了固氮菌,并应用于大田中以观察其对水稻生产的影响,发现固氮细菌配施有机肥能够显著增加作物对氮的吸收、植物高度、叶片数量及大米产量。

固氮蓝藻是一类能进行光合作用和固氮作用的低等原核生物,表现出了很好的耐盐性和调节渗透压

的能力,采用固氮蓝藻对盐碱化土地进行生态修复已经取得了一些成功。印度学者 Kaushik 等<sup>[46]</sup>研究了固氮眉藻 (*Calothrix braunii*)、软管藻 (*Hapalosiphon intricatus*)、双歧藻 (*Scytonema tolypothrichoides*)、单歧藻 (*Tolypothrix ceylonica*) 对稻田盐碱土的影响,将蓝藻混合液分 3 次加入到试验田中,随后采用合理的灌溉程序,分析改良前后的土壤样品表明:土壤的 pH 从 9.2 降到 8.3,可交换性钠降低了 39.41%,土壤的孔隙度提高了 12%,碳含量从 0.99% 升高到 1.31%,氮含量从 0.034% 提高到 0.045%,磷含量提高了 68.31%,因此,蓝藻的有效利用可以提高盐碱土的物理、化学和营养特性。张巍<sup>[47]</sup>将固氮鱼腥藻 (*Anabaena azotica* Ley) 用于松嫩平原盐碱土中,通过盆栽试验发现使土壤 pH 由 10.0 以上降低到 8.0 以下,交换性钠降低了 86.14%,使羊草增高 30%,土壤有机质提高了 9.95%,土壤氮含量提高了 104.04%,土壤微生物数量由  $5.92 \times 10^7$  cfu/g 干土增加到  $7.91 \times 10^7$  cfu/g 干土,说明固氮蓝藻可以改善土质,促进植物生长,这对于生态修复盐碱化土壤具有一定的作用。

微生物肥料可通过微生物的生命活动增加植物营养元素的供应量,同时抑制有害微生物的活动,改善土壤物理性状,如降低土壤体积质量、增加土壤孔隙度等,增进了肥力并改善了微生态环境,提高作物产量。严慧峻等<sup>[48]</sup>在盐碱地种植蔬菜中施用微生物肥料,结果表明,施用微生物肥料对盐碱土微生物量、土壤体积质量、土壤盐分有一定的影响,与不施肥、化肥和基质处理相比,施用微生物肥处理的土壤细菌总数大幅度增加,土壤体积质量下降,耕层土壤含盐量明显降低。宋玉珍等<sup>[49]</sup>在松嫩平原苏打盐碱地土壤造林中施用微生物肥料的试验表明,施用活性微生物菌肥的乔木、灌木在成活率、保存率、生物量等各个方面均明显优于对照树木,pH 有所降低但并不明显。

### 4 盐碱地改良对土壤微生物的影响

改良方式不同,微生物各指标的反应速度及程度是不同的。客土法在短期内最能改善微生物各指标,置换 2/5 盐碱土 30 天后细菌数量与良田土已无明显差异,然而此法具有需要大量搬运良田土这样费时费力的缺点<sup>[50]</sup>。排水法虽对土壤脱盐有较好的作用,但因处理中多次干湿交替,土壤的表层土反而更易板结,这对土壤微生物生态状况不利,一个适度的灌溉量是微生物数量增长的必要条件,过少和过多的灌溉量均不利于微生物繁殖<sup>[51]</sup>。生物法改善速度慢,但

其克服了客土法需大量搬运良田土,排水法浪费水源等缺点,同时植物根系可以分泌可溶性糖类、氨基酸、有机酸等物质,有利于降低土壤 pH,改善根际生境,减轻外界胁迫,相对有更好的应用前景。在新疆盐碱地种植耐盐植物芨芨草后,随着种植年限的增加,细菌和放线菌的总数升高,并且细菌和放线菌数量的垂直分布表现出向上层移动的趋势,说明种植芨芨草对土壤环境的改善起到一定作用<sup>[52]</sup>。耐盐植物怪柳、苇状羊茅、油葵在内陆盐碱地连续种植 3 年之后,改善了盐碱地土壤微生物特征,将土壤微生物数量增加了 4.1~7.0 倍<sup>[53]</sup>。蓖麻在滨海盐碱地种植两个生长季后,土壤盐度下降了 2.86%,微生物群落的活性和多样性显著增加,功能性微生物如解磷细菌、溶钾细菌、纤维素分解菌、氨化细菌及固氮细菌数量也显著增加<sup>[54]</sup>。还有学者研究了接种蚯蚓对盐碱地的改良效果,发现在接种蚯蚓 6 个月之后,土壤微生物量碳、线虫丰富度、螨虫丰富度及土壤速效磷和速效钾的含量都显著增加<sup>[55]</sup>。

在用改良剂修复盐碱地过程中,盐碱地土壤微生物各类群的数量也会发生变化。盐碱土施入硫磺后微生物活性显著提高,微生物数量和种类均明显增加,pH 降低,电导率增加,改良效果明显,且对碱性较大的盐碱土的改良效果尤佳<sup>[56]</sup>。Singh 等<sup>[57]</sup>将农家肥和黄铁矿应用于改良稻田盐碱土,并测定了甲烷氧化菌数量和稻米产量,两者均在农家肥+黄铁矿的处理中最高(分别为  $79.0 \times 10^5$  cfu/g 干土和  $828 \text{ kg/hm}^2$ ),在未处理土壤中最低(分别为  $23.0 \times 10^5$  cfu/g 干土和  $530 \text{ kg/hm}^2$ ),原因在于农家肥与黄铁矿复合处理使得土壤盐度降低,植物生长增加,吸收的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  增加,而土壤中存在的  $\text{NH}_4^+\text{-N}$  量减少,进而对土壤甲烷单加氧酶的抑制减少,导致甲烷氧化菌增多。Wong 等<sup>[58]</sup>在盐碱土中加入粉碎的菅草(kangaroo grass),发现土壤的累积呼吸率和土壤微生物生物量在未加入菅草时最低,原因在于盐碱土上生长的植被稀疏,导致土壤中碳的输入减少,土壤有机碳含量低,一旦加入有机物质后土壤的累积呼吸率和土壤微生物生物量都变高,反映了盐碱土中很多微生物是处于休眠状态的,一旦基质可利用时就会随着时间推移逐渐适应新环境并大量繁殖。López-Valdez 等<sup>[59]</sup>研究了用污水处理厂的剩余污泥改良盐碱土,盐碱土中反硝化作用是  $\text{N}_2\text{O}$  的主源, $\text{N}_2\text{O}$  还原为  $\text{N}_2$  是污泥中的微生物而非土壤微生物作用的结果,污泥微生物还加速了有机物的降解,增加了  $\text{NH}_4^+$  的固定,表明加入剩余污泥可提高农田土壤肥力,有助于盐碱地植被的恢复。有机-无机复混肥施用于盐碱地对土壤微生物数量的影

响最为显著,由于有机-无机复混肥既能有效增加土壤中养分又可以改善土壤结构,增加团聚体含量,降低盐度,土壤环境有利于微生物生长繁殖,因此可显著提高土壤中细菌、真菌及放线菌的数量及微生物量碳<sup>[60]</sup>。

## 5 以分子生态学手段研究盐碱地的微生物群落结构

近年来学者们从原来的形态和生理方面研究微生物群落结构转向到利用分子生态学以及高通量测序的方法,使得人们能够更加深入分析土壤微生物的各种功能、分布以及在碳氮循环方面的作用。分析土壤微生物群落结构的分子生态学方法有以下两类:以 PCR 为基础的 rRNA 和 rDNA 的分析方法,包括变性梯度凝胶电泳(DGGE)和温度梯度凝胶电泳(TGGE),16S rDNA 的限制性片段长度多态性(RFLP)分析(ARDRA),16S rDNA 末端标记限制性片段长度多态性分析(T-RFLPs)等;生物标志物法,包括磷脂脂肪酸(PLFA)图谱分析,脂肪酸(MFA)谱图,甲基脂肪酸酯(FAME)谱图分析等方法,其中磷脂脂肪酸图谱法可用于表征在数量上占优势的土壤微生物群落,包括不可培养微生物,该方法最适合用作总微生物群落分析。学者们用新技术在盐碱地土壤微生物方面进行了一定的工作。

根瘤菌是与豆科植物结瘤的共生固氮细菌的总称。学者们通过高通量测序方法分析了新疆盐碱地大豆根瘤菌的群落结构和生物地理学,得出了新疆的优势大豆根瘤菌为费氏中华根瘤菌(*Sinorhizobium fredii*)和辽宁慢生根瘤菌(*Bradyrhizobium liaoningense*),它们可能从中国其他区域传入新疆,被自然选择作为盐碱土的根瘤菌,高 pH、盐度、磷酸含量可能是这些细菌生物地理学的决定因素<sup>[61]</sup>。新疆主要的鹰嘴豆产区的盐碱地中的根瘤菌属于华葵中生根瘤菌属(*Mesorhizobium*),但是与华葵中生根瘤菌属下已知的种不同,有着与两种鹰嘴豆根瘤菌-鹰嘴豆中慢生根瘤菌(*Mesorhizobium ciceri*)和地中海中慢生根瘤菌(*Mesorhizobium mediterraneum*)高度相似的共生基因,表明在不同的根瘤菌种类间共生基因可能发生了横向转移,另一方面,鹰嘴豆在独特的共生基因背景下对根瘤菌也有强烈的选择作用<sup>[62]</sup>。不同盐碱度的土地所特有的根瘤菌是不同的,大豆根瘤杆菌(*Bradyrhizobium japonicum*)、埃氏慢生根瘤菌(*Bradyrhizobium elkanii*)仅在中性到微碱性土壤中发现,圆明慢生根瘤菌(*Bradyrhizobium yuanmingense*)、辽宁慢生根瘤菌(*Bradyrhizobium liaoningense*)相关

菌株、中华根瘤菌属 (*Sinorhizobium*) 的数种菌株在盐碱土中分布广泛,在埃氏慢生根瘤菌、大豆根瘤杆菌、圆明慢生根瘤菌和中华根瘤菌属的菌株中发现了它们的共生基因(*nifH* 和 *nodC*)谱系,表明垂直基因转移是维持大豆根瘤菌共生基因的主要机制<sup>[63]</sup>。Thrall 等<sup>[64]</sup>从生长于盐渍土的刺槐根中分离出了一些根瘤菌株,经过遗传图谱和进化树分析,与普通土中的根瘤菌株显著不同,基因鉴定也表明从盐渍土的刺槐分离的根瘤菌的多样性比以前报道的大很多,表明一些共生的高效耐盐菌株在帮助植株在盐碱土上重建是有希望的。

在墨西哥城郊的 Texcoco 湖由于日益枯竭萎缩,现已成为稳定的极端盐碱地,是学者们研究盐碱土各类性质和理论的很好的试验地。Valenzuela-Encinas 等<sup>[65]</sup>研究了 Texcoco 的高、中、低 3 种盐碱度条件下土壤细菌群落结构变化,通过构建 16s rDNA 文库并测序,绘制系统发育树得知,变形菌纲 (Proteobacteria) 的  $\alpha$  亚纲和  $\gamma$  亚纲的根瘤菌目、红色菌目、黄杆菌目的属和种在 3 种条件下都有分布,3 种条件都有自己独特的菌的存在,其中中等盐度的细菌群落最丰富;并从 Texcoco 盐碱土中提取了古菌的总 DNA,通过 PCR 扩增 16s rDNA,构建基因文库,经过序列比对发现古菌包括了嗜盐球菌属(*Natronococcus*)、盐碱湖菌属(*Natronolimnobi*)、盐碱杆菌属(*Natronobacterium*)、钠线菌属(*Natrinema*)、盐碱单胞菌属(*Natronomonas*)、盐长命菌属(*Halovivax*)、盐碱球菌属(*Halalkalicoccus*)和盐细菌科(Halobacteriaceae)的一个新分支,盐碱土的古菌多样性比较低<sup>[66]</sup>;这些古菌大多数属于嗜中温泉古菌门,且不可培养<sup>[67]</sup>。

## 6 展望

由于世界范围内人口增长和耕地减少带来的粮食压力,近年来对盐碱地改良以提高作物产量的实践活动在不断进行,同时通过微生物学手段来评价盐碱地及其改良过程中土壤质量变化的研究也越来越多。基于国内外盐碱地土壤微生物生态特征研究现状,结合我国的实际情况,盐碱地土壤微生物应加强以下几方面的研究:开展盐碱地尤其是极端环境盐碱地中资源微生物(嗜盐及嗜碱菌)的发掘和利用工作,扩展我国的资源微生物种类及质量,发挥其在工农业生产中的作用。利用分子生态学手段研究不同改良方式下盐碱土的微生物群落结构变异特征的空间及时间属性,深入了解盐碱土在改良中各功能群微生物群的消长态势。寻找盐碱土改良程度的指示菌,确定一

套评价盐碱土壤改良程度的微生物学指标最小参数集,与土壤物理、化学指标相结合,对盐碱土的改良质量进行评价。加强对现有的可改良盐碱地的微生物(如菌根真菌、固氮蓝藻等)的研究,通过筛选、基因重组等方式提高其改造效率,同时发掘新的微生物资源。研究人类活动及不同耕作方式对盐碱地土壤微生物群落结构的影响。

## 参考文献:

- [1] Sumner ME, Naidu R. Sodic Soils: Distribution, Properties, Management and Environmental Consequences[M]. New York: Oxford University Press, 1998: 22-24
- [2] Kovda VA. Loss of productive land due to salinization[J]. Ambio-A Journal of the Human Environment, 1983, 12(2): 91-93
- [3] 杨劲松. 中国盐渍土研究的发展历程与展望[J]. 土壤学报, 2008, 45(5): 837-845
- [4] 牛东玲, 王启基. 盐碱地治理研究进展[J]. 土壤通报, 2002, 33(6): 449-455
- [5] 孙波, 赵其国, 张桃林, 俞慎. 土壤质量与持续环境: 土壤质量评价的生物学指标[J]. 土壤, 1997, 29(5): 225-234
- [6] Stenberg B. Monitoring soil quality of arable land: Microbiological indicators[J]. Acta Agriculturae Scandinavica, Section B-Soil and Plant Science, 1999, 49(1): 1-24
- [7] Winding A, Hund-Rinke K, Rutgers M. The use of microorganisms in ecological soil classification and assessment concepts[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2005, 62(2): 230-248
- [8] 刘占锋, 傅伯杰, 刘国华, 朱永官. 土壤质量与土壤质量指标及其评价[J]. 生态学报, 2006, 26(3): 901-913
- [9] 杨瑞吉, 杨祁峰, 牛俊义. 表征土壤肥力主要指标的研究进展[J]. 甘肃农业大学学报, 2004, 39(1): 86-91
- [10] 张瑜斌, 林鹏, 魏小勇, 庄铁诚. 盐度对稀释平板法研究红树林区土壤微生物数量的影响[J]. 生态学报, 2008, 28: 1 288-1 296
- [11] Khan KS, Gattinger A, Buegger F, Schlöter M, Joergensen RG. Microbial use of organic amendments in saline soils monitored by changes in the  $^{13}\text{C}/^{12}\text{C}$  ratio[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(5): 1 217-1 224
- [12] Muhammada S, Muller T, Joergensen RG. Relationships between soil biological and other soil properties in saline and alkaline arable soils from the Pakistani Punjab[J]. Journal of Arid Environments, 2008, 72(4): 448-457
- [13] 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[J]. 水土保持学报, 2011, 25(5): 107-111
- [14] 牛世全, 杨建文, 胡磊, 景彩虹, 达文燕, 杨婷婷, 李君锋, 姚健. 河西走廊春季不同盐碱土壤中微生物数量、酶活性与理化因子的关系[J]. 微生物学通报, 2012, 39(3): 416-427
- [15] 孙佳杰, 尹建道, 解玉红, 杨永利, 舒晓武, 刘保东. 天津滨海盐碱土壤微生物生态特性研究[J]. 南京林业大学学报(自然科学版), 2010, 34(3): 57-61

- [16] 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[J]. 微生物学通报, 2012, 39(7): 1 031–1 043
- [17] Shi W, Takano T, Liu SK. Isolation and characterization of novel bacterial taxa from extreme alkali-saline soil[J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2012, 28(5): 2 147–2 157
- [18] 黄明勇, 杨剑芳, 王怀锋, 张小平. 天津滨海盐碱土地地区城市绿地土壤微生物特性研究[J]. 土壤通报, 2007, 38(6): 1 131–1 135
- [19] 牛世全, 杨婷婷, 李君锋, 达文燕, 李建文. 盐碱土微生物功能群季节动态与土壤理化因子的关系[J]. 干旱区研究, 2011, 28(2): 328–334
- [20] 罗倩, 黄宝灵, 唐治喜, 来利明, 魏伟, 郑元谟. 新疆盐渍土 3 种植被类型土壤微生物碳源利用[J]. 应用与环境生物学报, 2013, 19(1): 96–104
- [21] 卢鑫萍, 杜茜, 闫永利, 马琨, 王占军, 蒋齐. 盐渍化土壤根际微生物群落及土壤因子对 AM 真菌的影响[J]. 生态学报, 2012, 32(13): 4 071–4 078
- [22] 罗安程, 孙儀. 施肥红壤中微生物区系和无机磷溶解及有机磷矿化的影响[J]. 土壤通报, 1995, 26(2): 73–75
- [23] 乔正良. 陕西盐渍土微生物生态及放线菌资源的研究[D]. 西安: 西北农林科技大学, 2005: 51–59
- [24] Zvyagintsev DG, Zenova GM, Oborotov GV. Mycelial bacteria of saline soils[J]. Eurasian Soil Science, 2008, 41(10): 1 107–1 114
- [25] Zornoza R, Guerrero C, Mataix-Solera J, Arcenegui V. Assessing air-drying and rewetting pretreatment effect on some soil enzyme activities under Mediterranean conditions[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(8): 2 125–2 134
- [26] 岳中辉, 王博文, 王洪峰, 阎秀峰, 陈红艳. 松嫩草原盐碱土过氧化物酶活性及其与肥力因素的关系[J]. 水土保持学报, 2008, 22(6): 162–165
- [27] 吴丽云, 曹帮华, 黄彦新, 邵伟, 解文科, 李涛. 滨海盐碱地刺槐臭椿混交林土壤酶活性季节动态研究[J]. 林业科学研究, 2010, 23(6): 889–894
- [28] 曹帮华, 吴丽云. 滨海盐碱地刺槐白蜡混交林土壤酶与养分相关性研究[J]. 水土保持学报, 2008, 22(1): 128–133
- [29] 岳中辉, 王博文, 王洪峰, 阎秀峰, 陈红艳. 松嫩草原盐碱土过氧化物酶活性及其与肥力因素的关系[J]. 草地学报, 2009, 17(3): 294–297
- [30] 李凤霞, 王学琴, 郭永忠, 许兴. 宁夏引黄灌区不同盐化程度土壤酶活性及微生物多样性研究[J]. 水土保持研究, 2013, 20(1): 61–65
- [31] Ghollarata M, Raiesi F. The adverse effects of soil salinization on the growth of *Trifolium exandrinum* L. and associated microbial and biochemical properties in a soil from Iran[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2007, 39(7): 1 699–1 702
- [32] 董丽洁, 陆兆华, 贾琼, 裴定宇, 佟海荣, 李伟, 朱金方, 夏孟婧. 造纸废水灌溉对黄河三角洲盐碱地土壤酶活性的影响[J]. 生态学报, 2010, 30(24): 6 821–6 827
- [33] Tan JL, Kang YH. Changes in soil properties under the influences of cropping and drip irrigation during the reclamation of severe salt-affected soils[J]. Agricultural Sciences in China, 2009, 8(10): 1 228–1 237
- [34] 窦超银, 康跃虎, 万书勤, 吕国华. 覆膜滴灌对地下水浅埋区重度盐碱地土壤酶活性的影响[J]. 农业工程学报, 2010, 26(3): 44–50
- [35] Liang YC, Yang YF, Yang CG, Shen QR, Zhou JM, Yang LZ. Soil enzymatic activity and growth of rice and barley as influenced by organic manure in an anthropogenic soil[J]. Geoderma, 2003, 115(1): 149–160
- [36] Liang YC, Si J, Nikolic M, Peng Y, Chen W, Jiang Y. Organic manure stimulates biological activity and barley growth in soil subject to secondary salinization[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2005, 37(6): 1 185–1 195
- [37] Tejada M, Garcia C, Gonzalez JL, Hernandez MT. Use of organic amendment as a strategy for saline soil remediation: Influence on the physical, chemical and biological properties of soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(6): 1 413–1 421
- [38] Sheng M, Tang M, Chen H, Yang B, Zhang F, Huang Y. Influence of arbuscular mycorrhizae on the root system of maize plants under salt stress[J]. Canadian Journal of Microbiology, 2009, 55(7): 879–886
- [39] Zhang YF, Wang P, Yang YF, Bi Q, Tian SY, Shi XW. Arbuscular mycorrhizal fungi improve reestablishment of *Leymus chinensis* in bare saline-alkaline soil: Implication on vegetation restoration of extremely degraded land[J]. Journal of Arid Environments, 2011, 75(9): 773–778
- [40] Abdel-Fattah GM, Abdul-Wasea AA. Arbuscular mycorrhizal fungal application to improve growth and tolerance of wheat (*Triticum aestivum* L.) plants grown in saline soil[J]. Acta Physiologiae Plantarum, 2012, 34(1): 267–277
- [41] Wang FY, Liu RJ, Lin XG, Zhou JM. Arbuscular mycorrhizal status of wild plants in saline-alkaline soils of the Yellow River Delta[J]. Mycorrhiza, 2004, 14(2): 133–137
- [42] Ishida TA, Nara K, Ma SR, Takano T, Liu S. Ectomycorrhizal fungal community in alkaline-saline soil in northeastern China[J]. Mycorrhiza, 2009, 19(5): 329–335
- [43] 张静, 王清, 李晓茹, 孙铁, 戚倩颖. 利用硫酸化细菌改良盐碱土[J]. 吉林大学学报(地球科学版), 2009, 39(1): 147–151
- [44] 刘彩霞, 黄为一. 耐盐碱细菌与有机物料对盐碱土团聚体形成的影响[J]. 土壤, 2010, 42 (1): 111–116
- [45] Barua S, Tripathi S, Chakraborty A, Ghosh, S, Chakrabarti, K. Characterization and crop production efficiency of diazotrophic bacterial isolates from coastal saline soils[J]. Microbiological Research, 2012, 167(2): 95–102
- [46] Kaushik BD, Subhashini D. Amelioration of salt-affected soils with blue-green algae: Improvement in soil properties. Proceedings of Indian National Science Academy, 1985, 51(3): 386–389
- [47] 张巍. 固氮蓝藻在松嫩平原盐碱土生态修复中作用的研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2008: 88–97

- [48] 严慧峻, 逢焕成, 李玉义, 梁业森, 郑俊兰, 侯训波. 微生物复混肥对盐碱土及白菜品质改良的影响[J]. 中国农学通报, 2008, 24(12): 270–273
- [49] 宋玉珍, 安志刚, 张玉红, 崔晓阳, 李玉文. 活性微生物菌肥在大庆苏打盐碱地造林中的应用[J]. 东北林业大学学报, 2008, 36(7): 17–19
- [50] 康贻军, 杨小兰, 沈敏, 薛菲. 盐碱土壤微生物对不同改良方法的响应[J]. 微生物学杂志, 2008, 28(5): 102–105
- [51] 樊金萍, 张建丽, 王婧, 逢焕成, 李玉义, 李二珍, 靳存旺. 节水灌溉对盐渍土盐分调控与土壤微生物区系的影响[J]. 土壤学报, 2012, 49(4): 835–840
- [52] 胡文革, 赵亚东, 闫平, 王仲科, 程模香, 孙燕飞. 盐碱地环境下芡苳草土壤微生物群落的初步分析[J]. 生态环境, 2007, 16(1): 197–200
- [53] 肖克飏, 吴普特, 雷金银, 班乃荣. 不同类型耐盐植物对盐碱土生物改良研究[J]. 农业环境科学学报, 2012, 31(12): 2 433–2 440
- [54] Wu XH, Zhang HS, Li G, Liu XC, Qin P. Ameliorative effect of castor bean (*Ricinus communis* L.) planting on physico-chemical and biological properties of seashore saline soil[J]. Ecological Engineering, 2012, 38(1): 97–100
- [55] 伍玉鹏, 吕丽媛, 毕艳孟, 张一, 孙振钧. 接种蚯蚓对盐碱土养分、土壤生物及植被的影响[J]. 中国农业大学学报, 2013(4): 45–51
- [56] 白亚妮, 来航线, 温小玲, 李新平. 硫磺改良盐碱土的微生物效应研究[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2010, 38(2): 153–157
- [57] Singh JS, Pandey VC, Singh DP, Singh RP. Influence of pyrite and farmyard manure on population dynamics of soil methanotroph and rice yield in saline rain-fed paddy field[J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2010, 139(1): 74–79
- [58] Wong VNL, Dalal RC, Greene RSB. Carbon dynamics of sodic and saline soils following gypsum and organic material additions: A laboratory incubation[J]. Applied Soil Ecology, 2009, 41(1): 29–40
- [59] López-Valdez F, Fernández-Luqueño F, Luna-Guido ML, Marsch R, Olalde-Portugal V, Dendooven L. Microorganisms in sewage sludge added to an extreme alkaline saline soil affect carbon and nitrogen dynamics[J]. Applied Soil Ecology, 2010, 45(3): 225–231
- [60] 姬兴杰, 杨颖颖, 熊淑萍, 李春明, 马新明, 刘晓迎. 不同肥料对土壤微生物数量及全氮时空变化的影响[J]. 中国生态农业学报, 2008, 16(3): 576–582
- [61] Han LL, Wang ET, Han TX, Liu J, Sui XH, Chen WF, Chen WX. Unique community structure and biogeography of soybean rhizobia in the saline-alkaline soils of Xinjiang, China[J]. Plant and Soil, 2009, 324(1): 291–305
- [62] Zhang JJ, Lou K, Jin X, Mao PH, Wang ET, Tian CF, Chen WX. Distinctive mesorhizobium populations associated with *Cicer arietinum* L. in alkaline soils of Xinjiang, China[J]. Plant and Soil, 2012, 353(1): 123–134
- [63] Li QQ, Wang ET, Zhang YZ, Zhang YM, Tian CF, Sui XH, Chen WX. Diversity and biogeography of rhizobia isolated from root nodules of glycine max grown in Hebei Province, China[J]. Microbial Ecology, 2011, 61(4): 917–931
- [64] Thrall PH, Broadhurst LM, Hoque MS, Bagnall DJ. Diversity and salt tolerance of native *Acacia* rhizobia isolated from saline and non-saline soils[J]. Austral Ecology, 2009, 34(8): 950–963
- [65] Valenzuela-Encinas C, Neria-González I, Alcántara-Hernández RJ, Estrada-Alvarado I, Dendooven L, Marsch R. Changes in the bacterial populations of the highly alkaline saline soil of the former lake Texcoco (Mexico) following flooding[J]. Extremophiles, 2009, 13(4): 609–621
- [66] Valenzuela-Encinas C, Neria-González I, Alcántara-Hernández RJ, Enríquez-Aragón JA, Estrada-Alvarado I, Hernández-Rodríguez C, Marsch R. Phylogenetic analysis of the archaeal community in an alkaline-saline soil of the former lake Texcoco (Mexico)[J]. Extremophiles, 2008, 12(2): 247–254
- [67] Valenzuela-Encinas C, Alcántara-Hernández RJ, Estrada-Alvarado I, Zavala-Díaz FJ, Dendooven L, Marsch R. The archaeal diversity and population in a drained alkaline saline soil of the former lake Texcoco (Mexico) [J]. Geomicrobiology Journal, 2012, 29(1): 18–22

## Microbial Ecological Characteristics of Alkaline-saline Lands and Its Amelioration Process: A Review

KONG Tao<sup>1,2</sup>, ZHANG De-sheng<sup>3</sup>, XU Hui<sup>2</sup>, WANG Li-hua<sup>2</sup>

(1 *College of Sciences, Liaoning Technical University, Fuxin, Liaoning 123000, China*; 2 *Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang 110016, China*; 3 *College of Sciences, Northeastern University, Shenyang 110004, China*)

**Abstract:** Because of poor soil quality, low crop yield and wide distribution, alkaline-saline soil has become a worldwide problem of soil degradation. Soil microorganism could be used as an indicator to evaluate alkaline-saline soil quality. Based on the systematic analysis and summarization on the researches in related fields, the microbial ecological characteristics of alkaline-saline lands and its amelioration process was reviewed, which included: soil microbe species and quantity, soil enzyme activities of alkaline-saline lands, role of microbe in alkaline-saline lands amelioration, effect of amelioration on soil microbe, and current situation of research on soil microbe by means of molecular ecological methods. Based on the above, several important research directions of alkaline-saline soil microbe in the future were proposed.

**Key words:** Alkaline-saline soil, Soil microbe, Soil enzyme, Amelioration, Molecular ecological method