

施用改良剂对苏打盐化草甸土 土壤性状及水稻产量的影响

张明聪^{1,2}, 周伟³, 杜吉到^{1,2}, 吴耀坤⁴, 张玉先^{1*}

(1. 黑龙江八一农垦大学农学院, 黑龙江 大庆 163319; 2. 黑龙江省盐碱地改良工程技术研究中心, 黑龙江 大庆 163319;
3. 大庆市启隆农业科技有限公司, 黑龙江 大庆 163000; 4. 黑龙江省农业科学院大庆分院, 黑龙江 大庆 163319)

摘要:为改良苏打盐碱土定向开发了土壤改良剂, 探讨土壤改良剂的改良机制。本文用水稻栽培田间试验的方法, 研究改良剂改良苏打盐化草甸土的效果及机制, 并用 16S rRNA 基因 Illumina MiSeq 高通量测序技术探讨了改良剂对土壤细菌群落组成及功能多样性的影响。田间试验设常规施肥 (CK) 和常规施肥加改良剂 (T) 两个处理。与 CK 相比, T 处理水稻产量提高 124.4% ($P < 0.01$), 土壤不同粒级水稳性团聚体数量增加、代换性钠离子含量下降, 但土壤电导率上升; 测序共获得 286528 条有效序列读数, T 处理土壤 OTUs6343 个, 较 CK 的 7539 个显著降低; T 处理 Chao 和 ACE 指数显著低于 CK 处理, 而 Shannon 指数高于 CK 对照; T 处理的变形菌门 (*Proteobacteria*)、放线菌门 (*Actinobacteria*)、绿弯菌门 (*Chloroflexi*)、酸杆菌门 (*Acidobacteria*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、沙壤土杆菌 (*Ramlibacter*)、新鞘脂菌属 (*Novosphingobium*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、粉色科工委属 (*Cesiribacter*)、贪铜菌属 (*Cupriavidus*) 和慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*) 相对丰度增加, 芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、藤黄单胞菌 (*Luteimonas*) 和溶杆菌属 (*Lysobacter*) 相对丰度降低; 冗余分析结果为施用改良剂后盐化草甸土的物理性状改善, *Pseudomonas*、*Cupriavidus*、*Bradyrhizobium* 3 个属水平显著提高。挖掘和利用微生物资源有助于改良苏打盐化草甸土。

关键词:改良剂; 苏打盐化草甸土; 水稻产量; 土壤性状; 高通量测序

中图分类号: S156.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 0564-3945(2021)03-0658-12

DOI: 10.19336/j.cnki.trtb.2020050901

张明聪, 周伟, 杜吉到, 吴耀坤, 张玉先. 施用改良剂对苏打盐化草甸土土壤性状及水稻产量的影响 [J]. 土壤通报, 2021, 52(3): 658 - 669

ZHANG Ming-cong, ZHOU Wei, DU Ji-dao, WU Yao-kun, ZHANG Yu-xian. The Properties of Soda Saline-Alkali Soil and Yield of Rice in Paddy Fields Added with a Soil Ameliorant[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2021, 52(3): 658 - 669

松嫩平原是世界三大苏打盐碱土集中分布区之一^[1], 目前我国尚有 80% 左右的盐碱地尚未得到开发利用, 潜力巨大^[2]。苏打盐渍土盐基离子主要由 Na_2CO_3 和 NaHCO_3 组成, 具有浓度高、质地粘重板结、透水透气性差、养分有效性低等特点, 严重影响作物的生长发育^[3]。关于苏打盐渍土改良前人做了大量的研究工作, 在松嫩平原通过种植水稻改良盐碱土取得了较好的效果^[4-5], 但由于重度苏打盐渍土质地粘重, 水分难于下渗洗盐, 导致水稻根系生长发育受阻, 严重影响地上部器官形态建成, 种植效益低。在众多改良方法中化学改良措施相对于其他方法具有效果显著、成本低等优点。现阶段, 国内

外关于化学改良的方法已有较多报道, 如利用脱硫副产物、石膏、有机肥、糠醛渣、腐殖酸尿素、硫酸铝和粉煤灰等能有效降低土壤 pH 和碱化度^[6-8]。虽然盐碱土改良剂种类繁多, 但改良效果差别较大。笔者前期研究已证实以硫酸铵和凹凸棒土为载体, 按一定比例加入生物炭基肥、褪黑素、柠檬酸、硫酸铝、硫酸锌、硫酸亚铁、DTA-6 和肪醇聚氧乙烯醚硫酸酯盐等, 制成复合型盐碱土壤改良剂, 具有增加土壤团聚体数量、降低土壤 Na^+ 离子含量、改善土壤结构、降碱脱盐的作用, 在苏打盐渍土改良方面取得了显著效果, 但研究主要集中在作物产量和土壤理化性质等方面^[9-10]。关于盐渍土改良后土壤

收稿日期: 2020-05-09; 修订日期: 2020-10-07

基金项目: 黑龙江省省属高等学校基本科研业务费科研项目 (PTJH201901)、大庆市指导性科技计划项目 (zd-2019-78)、黑龙江省应用技术与开发计划项目 (GA19B101-02)、黑龙江省农垦总局重点科研计划项目 (HKKY190206-1) 和黑龙江八一农垦大学博士科研启动基金 (XYB2014-04) 资助

作者简介: 张明聪 (1983-), 男, 黑龙江省哈尔滨人, 博士, 副教授, 主要从事盐碱土壤改良研究。E-mail: zhangmingcong@163.com

*通讯作者: E-mail: zyx_lxy@126.com

细菌群落结构与功能的研究还十分缺乏,土壤细菌群落常被认定为土壤生态系统变化的预警指标^[1],微生物群落组成与土壤理化性状有着密切的联系,直接影响土壤改良效果^[2],因此,本文用水稻栽培田间试验的方法,验证了施用土壤改良剂对提高水稻产量、改良土壤理化性质的效果,并用 16S rDNA 高通量测序技术揭示了土壤细菌群落遗传多样性对苏打盐碱土施用改良剂的响应,以期从改善土壤理化性质和细菌群落功能多样性的角度为施用改良剂改良松嫩平原苏打盐碱土、提高土壤质量提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试作物:水稻品种 (*Oryza sativa*) 为垦稻 10; 该水稻品种 13 叶,生育期 137 d。

供试肥料:硫酸铵 (N 21%)、重过磷酸钙 (P_2O_5 46%)、硫酸钾 (K_2O 50%), 均为市场销售生产资料。

供试改良剂:以硫酸铵和凹凸棒土作为载体,按一定比例加入生物炭基肥、褪黑素、柠檬酸、硫酸铝、硫酸锌、硫酸亚铁、DTA-6 和肪醇聚氧乙烯醚硫酸酯盐等,制成复合型盐碱土壤改良剂。该改良剂由大庆市启隆农业科技有限公司生产。图 1 为该改良剂的应用效果图,左图为添加自来水处理,右图为自来水+改良剂处理,两处理所用土壤(苏打盐化草甸土)和灌水量一致。



图 1 盐碱改良剂改良苏打盐化草甸土效果

Fig.1 Effects of soil ameliorant on the improvement of soda salinized meadow soil

试验地概况:试验于 2018 年在黑龙江省大庆市杜尔伯特蒙古族自治县敖林西伯乡进行。试验地地处黑龙江省西部干旱区,属温带大陆性季风气候,年平均降水量 365 mm,年蒸发量 1830.5 mm,无霜期 155 天左右。春季多风少雨,蒸发量大,可溶性盐汇集地表;夏季前期干热,后期降水集中且变率大,地表局部水流聚集于低平洼地,形成积水内涝,使地下水位升高;秋季多寒潮,降温急剧,为本区域

土壤盐渍化的形成提供了条件。

试验地土壤为重度苏打盐化草甸土,质地为粉黏壤(国际制质地分类制)。前茬撂荒。2018 年春季泡田前采集 0~20 cm 土层土壤样品,测定土壤养分含量,土壤有机质含量 14.1 g kg^{-1} 、pH 9.15(水土比 5:1)、电导率 $1863 \mu\text{s cm}^{-1}$ (水土比 5:1)、速效磷 (P_2O_5) 和速效钾 (K_2O) 含量分别为 19.9 mg kg^{-1} 和 136.4 mg kg^{-1} 。

1.2 试验设计

试验设置 2 个处理,分别为(1)CK 处理:当地农民习惯施肥处理;(2)T 处理:在 CK 基础上,基肥、返青肥、促花肥和保花肥分别增施 50 kg hm^{-2} 、 40 kg hm^{-2} 、 15 kg hm^{-2} 、 15 kg hm^{-2} 的盐碱土改良剂(前期试验结果总结出改良剂施用量),改良剂与肥料掺混后随肥料一起施用,其它栽培管理方式同 CK 处理。采用常规育苗,插秧密度 $30 \text{ cm} \times 13.2 \text{ cm}$ (25 穴 m^{-2})。每个处理 3 次重复,随机排列,共 6 个试验区,每个试验区面积约 1000 m^2 (根据 GPS 测量面积,计算施肥量),各区单排单灌。于 5 月 20 日插秧,10 月 3 日收获。当地习惯施肥 N 150 kg hm^{-2} , P_2O_5 70 kg hm^{-2} , K_2O 50 kg hm^{-2} ,氮肥按基肥:返青肥:促花肥(7.5 叶):保花肥(10.0 叶) = 45:70:15:20 比例施用,全部磷肥于基肥一次性施用,钾肥于基肥和促花肥施用,前后两次的比例为 1:1;基肥于秋整地时施用,返青肥、促花肥和保花肥采用撒施的施用方式。

1.3 土壤样品的采集与测试方法

1.3.1 土壤样品的采集 于水稻施保花肥(10.0 叶)后 10 天取 0~20 cm 耕层土壤样品,取样前 5 天不灌水,每个处理 3 次重复,每个重复在田间随机选取 10 点后混合,剔除石砂和植物残渣等杂物,混合均匀,一部分用锡箔纸包裹于液氮中保存,转移至 $-80 \text{ }^\circ\text{C}$ 冰箱,用于土壤细菌多样性分析;另一部分置于室内自然风干研磨后,测定土壤电导率(雷磁 DDS-307)、质量含水量(烘干法)、代换性钠含量、pH (Sartorius PB-10)^[3] 和水稳性团聚体 (TPF-100)^[4]。

1.3.2 土壤 DNA 提取及 16S rRNA 基因高通量测序

土壤样品送到上海派森诺生物科技股份有限公司进行 16S rRNA 基因高通量测序。土壤细菌 16S rRNA V3-V4 可变区 PCR 扩增以提取的土壤微生物 DNA 为模板,341F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAG

CA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 为引物, PCR 扩增细菌 16S rRNA 基因序列的 V3-V4 区。PCR 扩增程序: 95 °C 5 min, 95 °C 1 min, 55 °C 1 min, 72 °C 30 s, 15 个循环; 72 °C 延伸 7 min。PCR 产物经 1.8% 琼脂糖凝胶电泳检测后, 对 16S rRNA 基因序列 V4-V5 区通过 Illumina MiSeq 平台对群落 DNA 片段进行双端 (Paired-end) 测序。

1.4 数据分析

用 Excel 2019 进行数据处理, 用 SPSS 17.0 软件在 $P \leq 0.05$ 水平上进行单因素方差分析, 用 Origin 2018、STAMP (Statistical analysis of metagenomic

profiles) 和 Canoco5 软件作图。

2 结果与分析

2.1 不同处理对水稻产量及产量构成的影响

从表 1 可以看出, 施用改良剂处理 (T) 较对照田 (CK) 平方米穴数、每穴分蘖数和穗粒数分别增加 39.2%、30.3% 和 9.60% ($P < 0.01$), 由于改善了水稻生长的土壤环境, 使水稻结实率和产量均有显著提高, 其中结实率和产量分别增加 10.7% 和 124.4% ($P < 0.01$)。

表 1 土壤改良剂对水稻产量及产量构成的影响
Table 1 Effects of soil modifiers on rice yield and yield composition

处理 Treatment	平方米穴数 Hills per m ²	每穴分蘖数 Tillers per hill	穗粒数 Grains per panicle	千粒重 (g) 1000-grain weight	结实率 (%) Seed setting rate	产量 (t km ⁻²) Yield
CK	17.1 ± 1.16 Bb	15.2 ± 1.65 Bb	69.8 ± 2.31 Bb	19.9 ± 0.02 Aa	71.9 ± 1.89 Bb	2.60 ± 0.31 Bb
T	23.8 ± 1.34 Aa	19.8 ± 1.43 Aa	76.5 ± 2.45 Aa	20.3 ± 0.01 Aa	79.6 ± 2.17 Aa	5.83 ± 0.24 Aa

注: 同列不同字母表示达到差异显著水平, 大写字母表示差异达到极显著 ($P < 0.01$), 小写字母表示差异达到显著 ($P < 0.05$), 下同。

2.2 不同处理对土壤理化性质的影响

2.2.1 对土壤电导率、pH 和交换性钠的影响 苏打盐化草甸土土壤盐基离子含量多, T 处理增加土壤电导率 (表 2), 与 CK 处理相比, T 处理增加 24.3% ($P < 0.05$), 可见施用改良剂可显著增加土壤中的

盐基离子含量; 而从土壤代换性钠含量可以看出, CK 处理土壤代换性钠含量显著高于 T 处理, 与 CK 处理相比, T 处理降低 81.4% ($P < 0.01$), 表明施用改良剂虽然增加了土壤中的盐基离子, 但增加的主要是非钠离子的矿质元素。

表 2 改良剂对土壤电导率、pH 和代换性钠的影响
Table 2 Effects of soil ameliorant on electric conductivity, pH, exchangeable sodium of soil

处理 Treatment	电导率 ($\mu\text{s cm}^{-1}$) Soil electric conductivity	pH	代换性钠 (cmol kg^{-1}) Soil exchangeable sodium
CK	562.0 ± 20.3 Bb	9.02 ± 0.11 Aa	8.73 ± 0.51 Aa
T	698.5 ± 30.6 Aa	7.66 ± 0.20 Bb	1.62 ± 0.11 Bb

2.2.2 对各粒级水稳性团聚体的影响 土壤水稳性团聚体数量和分布状况反映了土壤结构的稳定性、持水性和抗侵蚀能力。T 处理提高了不同粒级水稳性

团聚体的质量百分比 (表 3), 与 CK 处理相比, T 处理 ≥ 0.25 mm 粒级的团聚体含量提高 652.8 个百分点, 表明施用改良剂可明显改善土壤结构和微环境。

表 3 改良剂对各粒级水稳性团聚体的影响
Table 3 Effects of soil ameliorant on the proportions of different water stable aggregate size of soil

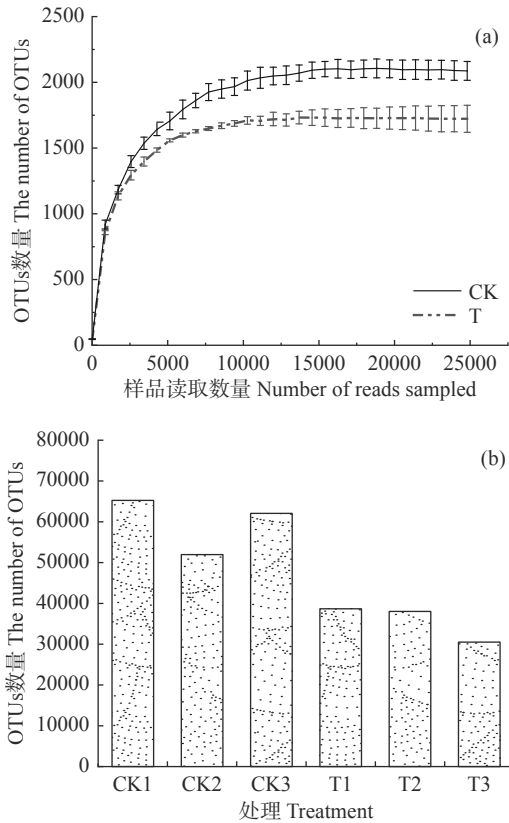
处理 Treatment	各粒级水稳性团聚体的质量百分比 (%) The proportion of different water stable aggregate size					
	> 5 mm	2 ~ 5 mm	1 ~ 2 mm	0.5 ~ 1.0 mm	0.25 ~ 0.50 mm	≥ 0.25 mm 的总和
CK	1.27 ± 0.33 Bb	2.44 ± 0.69 Bb	2.26 ± 0.39 Bb	2.21 ± 0.21 Bb	1.80 ± 0.69 Bb	9.99 ± 1.39 Bb
T	21.9 ± 2.33 Aa	4.05 ± 1.01 Aa	15.9 ± 2.33 Aa	14.8 ± 2.33 Aa	19.4 ± 1.69 Aa	75.2 ± 6.99 Aa

2.3 不同处理对土壤生物学性质的影响

2.3.1 土壤样本细菌的测序取样深度及测序结果 采用随机抽样的方法抽取数据, 以抽到的序列数与代表 OTU 构建稀释曲线 (图 2)。稀释曲线反映了样品的取样深度, 用来评价测序量是否足以覆盖所有类群。稀释曲线是由 97% 相似性水平下划分的

OTU 进行绘制, 从图中可以看出 (图 2a), 样品曲线较平坦, 更多的数据量对发现 OTU 的边际贡献很小, 表明样本 OTU 的覆盖度已基本饱和, 说明测序数据量合理, 能够完整反映样品的菌群种类, 取样深度满足分析要求。对 CK 处理和 T 处理土壤样本细菌 16S rRNA 的 V3 ~ V4 区测序, 过滤掉样本原始

序列中低质量序列, 2个样品 6个土样共获得 286528 条有效序列读数 (图 2b), 平均每个样品的序列数为 47755 条, 序列的平均长度为 314 bp, 其中 CK 处理测序量 59762, 远高于 T 处理的 35747。



注:图中 CK1、CK2、CK3 代表常规施肥处理 (CK) 的三次重复, CK 为 CK1、CK2 和 CK3 处理 OTUs 数量的平均值; T1、T2 和 T3 代表施用土壤改良剂处理 (T) 的三次重复, T 为 T1、T2 和 T3 处理 OTUs 数量的平均值, 下同。

图 2 土壤样品细菌的稀释曲线(相似度 97%)

Fig.2 Rarefaction curves of soil bacteria in different treatments (97% sequence identity)

采用 Greengenes 数据库^[15]作为 OTU 分类地位鉴定的模板序列, 参照 BOKULICH 方法^[16]将丰富度低于全样本测序总量 0.001% 的 OTU 去除, 进行分类地位鉴定 (图 3)。CK 处理分类单元数量高于 T 处理, 较 CK 处理相比, T 处理门、纲、目、科、属和种的 OTUs 数量分别降低 13.18%、12.33%、17.33%、19.46%、20.57% 和 23.68% ($P < 0.05$), 表明施用改良剂降低了土壤细菌各分类单元的数目, 进而降

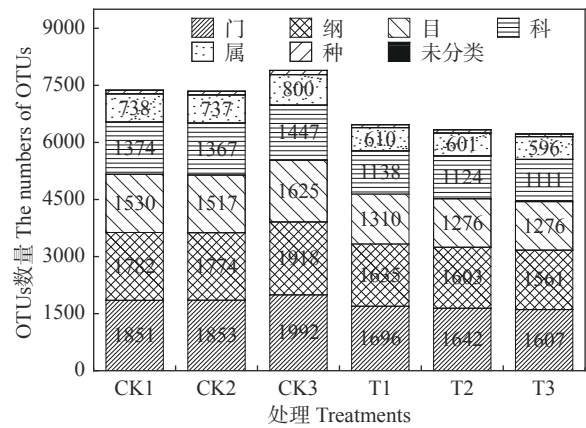


图 3 不同处理土壤样品的分类单元

Fig.3 Taxon of soil samples in different treatments

低了土壤细菌群落数。

2.3.2 土壤样品细菌 Alpha 多样性和丰富度分析

对原始序列进行抽平获得有效序列, 对样品 OTUs 进行多样性分析, 结果见表 4。Alpha 多样性指数主要关注局域均匀生物环境下的物种数目。ACE 和 Chao 指数主要用于衡量微生物群落的丰富度, 指数越大, 群落丰富度越高^[17]; Shannon 和 Simpson 指数用于估计微生物多样性, Shannon 指数越大表明微生物多样性越高, Simpson 指数越大表明群落优势度越高。不同处理土壤样本间 Simpson 指数无显著差异, 而 CK 处理 Chao 和 ACE 指数显著高于 T 处理 ($P < 0.05$), 表明施用改良剂对细菌种群丰度具有抑制作用, 降低细菌的物种数目; T 处理土壤样本 Shannon 指数高于 CK 处理, 表明施用改良剂增加了群落种类多样性, 促进细菌群落的进化。

2.3.3 基于分类地位的样品土壤细菌群落分析

统计各类水平的群落组成, 苏打盐渍土细菌种群的 OTUs 分布在 22 个门类中。由图 4a 可以看出, 土壤细菌门类主要包括: 变形菌门 (*Proteobacteria*)、酸杆菌门 (*Actinobacteria*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*)、拟杆菌门 (*Bacteroidetes*) 和绿弯菌门 (*Chloroflexi*), 所占比例为 89.2%; 而放线菌门 (*Acidobacteria*)、螺旋体菌门 (*Saccharibacteria*)、蓝藻门 (*Cyanobacteria*)、俭菌总门 (*Parcubacteria*)、硝化螺旋菌门 (*Nitrospirae*) 等菌门所占比例较少, 仅为 8.9%。分类结果表明,

表 4 样品的 Alpha 多样性指数
Table 4 The Alpha diversity index of the sample

处理 Treatment	Chao 指数 Chao index	ACE 指数 ACE index	Simpson 指数 Simpson index	Shannon 指数 Shannon index
CK	2082 ± 55.0 Aa	2184 ± 53.9 Aa	0.9910 ± 0.0007 Aa	8.547 ± 0.024 Ab
T	1721 ± 80.2 Bb	1744 ± 80.4 Bb	0.9907 ± 0.0031 Aa	8.687 ± 0.053 Aa

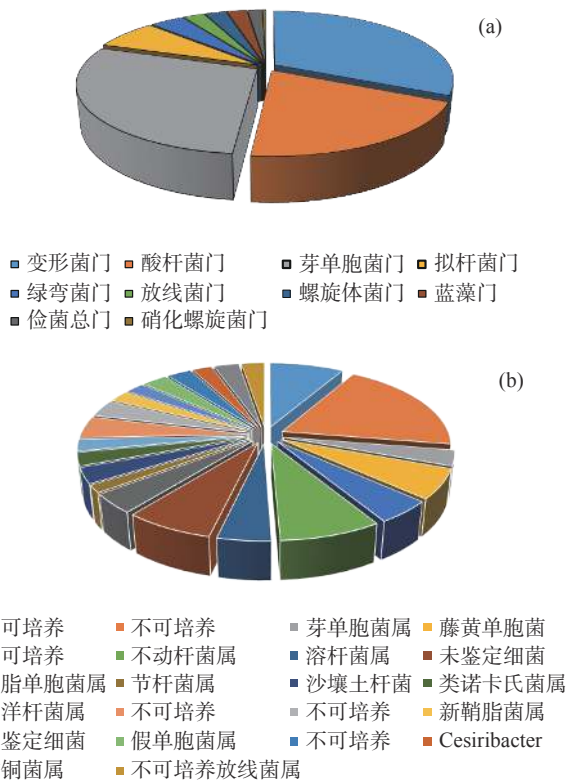


图 4 土壤优势细菌在门和属水平上的分布(a:门; b:属)
 Fig.4 The proportion of the dominant bacterial phyla and genera in soils (a: phylum; b: genus)

在优势菌门中, *Proteobacteria* 在各样品中所占比例 31.3 ~ 36.8%、*Actinobacteria* 在各样品中所占比例 19.1 ~ 26.8%、*Gemmatimonadetes* 在各样品中所占比例 11.2 ~ 28.0%, 三个细菌门类在样本群落结构中占主导地位; *Proteobacteria* 在全部样本中的丰度最大, 检测到了 alpha-、gamma-、beta-、delta-、epsilon 5 类变形菌, 其中以 *Alphaproteobacteria* (Alpha 变形菌纲) 和 *Gammaproteobacteria* (Gamma 变形菌纲) 最为丰富, 分别占 *Proteobacteria* 序列总数的 35.2% 和 33.2%。

如图 4b 可知, 全部样品中丰度较高的细菌属为 *Gemmatimonas*、*Luteimonas*、*Acinetobacter*、*Lysobacter*、*Sphingomonas*、*Ramlibacter*、*Nocardioideis*、*Pontibacter*、*Pseudomonas*、*Cesiribacter*、*Cupriavidus*。另外检测到不可培养菌种类群 (uncultured bacterium) 所占比例为 41.7%, 表明土壤环境中存在大量不可培养微生物; 未归入到任何菌属的序列比例为 34.0% (others and ambiguous), 表明试验区域土壤还保存未被认知的菌种资源。

2.3.4 处理间土壤优势菌群分布 细菌门水平: 图 5 反映了不同样品在细菌门水平上菌群的相对丰

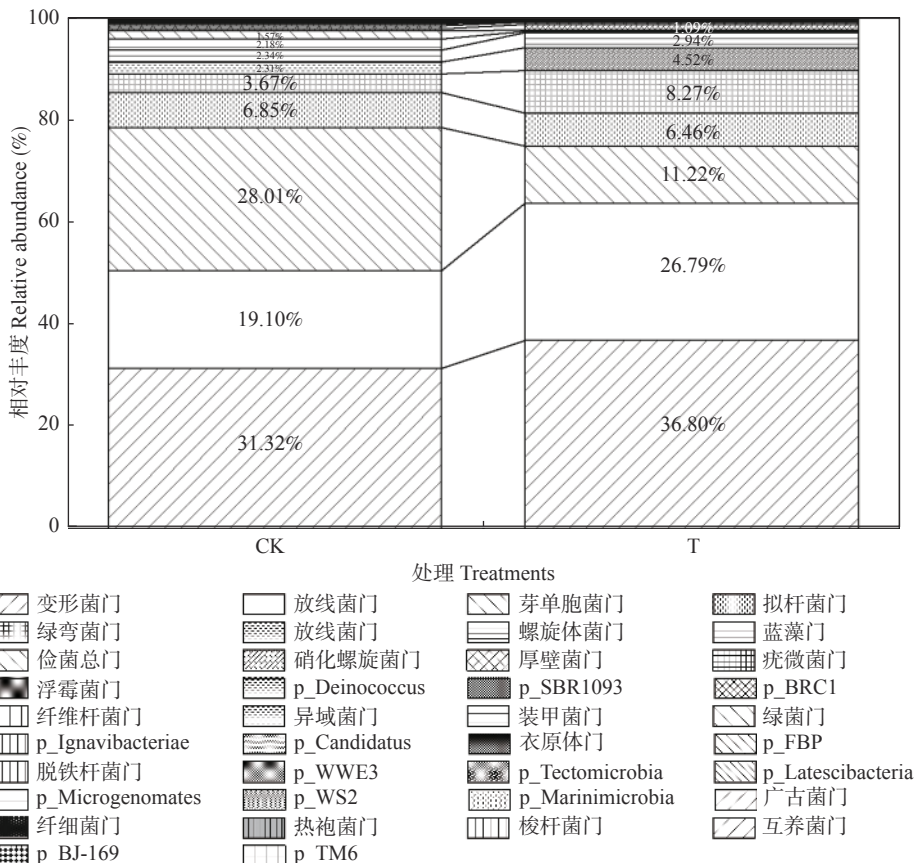


图 5 不同处理土壤门类水平的细菌群落比较
 Fig.5 Comparison of soil bacteria group at phylum level among different treatments

度。2个处理分布于34个细菌门类,其中CK和T处理土壤样品含量大于1.0%的细菌优势门分别有9个和8个、相对丰度之和分别占土壤细菌总量的97.3%和98.1%。在土壤样品大于1.0%的细菌优势门类中,与CK相比,T处理的*Proteobacteria*、*Actinobacteria*、*Chloroflexi*、*Acidobacteria*、*Nitrospirae*的相对丰度分别增加17.5%、40.3%、125.5%、96.0%和185.2% ($P < 0.05$),*Gemmatimonadetes*、*Cyanobacteria*和*Parcubacteria*相对丰度分别降低60.0%、88.2%和84.1% ($P < 0.05$),而*Bacteroidetes*和*Saccharibacteria*相对丰度无显著差异。

进一步对2个处理主要微生物群落*Proteobacteria*、*Actinobacteria*、*Chloroflexi*、*Acidobacteria*、*Nitrospirae*、*Gemmatimonadetes*、*Cyanobacteria*和*Parcubacteria*在细菌纲水平分布特征进行分析,结果见图6, α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*)是*Proteobacteria*中最大的菌群,其次为 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*)和 δ -变形菌纲(*Deltaproteobacteria*),其中T处理较CK处理分别增加19.2%、29.9%和58.5% ($P < 0.05$),而 β -变形菌纲(*Betaproteobacteria*)降低82.8% ($P < 0.05$)。组成*Actinobacteria* > 1.0%的菌群有5个纲,与CK相比,T处理酸微菌纲(*Acidimicrobiia*)、Subgroup_6、*Thermoleophilia*分别增加69.0%、84.7%和91.7% ($P < 0.05$),而*Actinobacteria*降低35.2% ($P < 0.05$)。组成*Chloroflexi* > 1.0%的菌群有6个菌纲,T处理均显著高于CK处理 ($P < 0.05$)。组成*Acidobacteria* > 1.0%的菌群有6个纲,与CK相比,T处理*Acidimicrobiia*、Subgroup_6、*Thermoleophilia*、*Nitriliruptoria*、MB-A2-108均显著增加 ($P < 0.05$),而*Actinobacteria*降低26.0% ($P < 0.05$)。组成*Nitrospirae* > 1.0%的菌群有1个纲,与CK相比,T处理*Nitrospira*增加186.8% ($P < 0.05$)。组成*Gemmatimonadetes* > 1%的菌群有5个纲,与CK相比,T处理*Longimicrobia*、S0134_terrestrial_group、*Gemmatimonadetes*分别降低240.2%、56.5%和218.9% ($P < 0.05$),而BD2-11_terrestrial_group和AKAU4049分别增加212.0%和200.0% ($P < 0.05$)。组成蓝藻门(*Cyanobacteria*)的菌群有2个纲,与CK相比,T处理Chloroplast显著降低3077.9% ($P < 0.01$)。组成俭菌总门(*Cyanobacteria*)菌门的菌群有4个纲,与CK相比,T处理Candidatus_

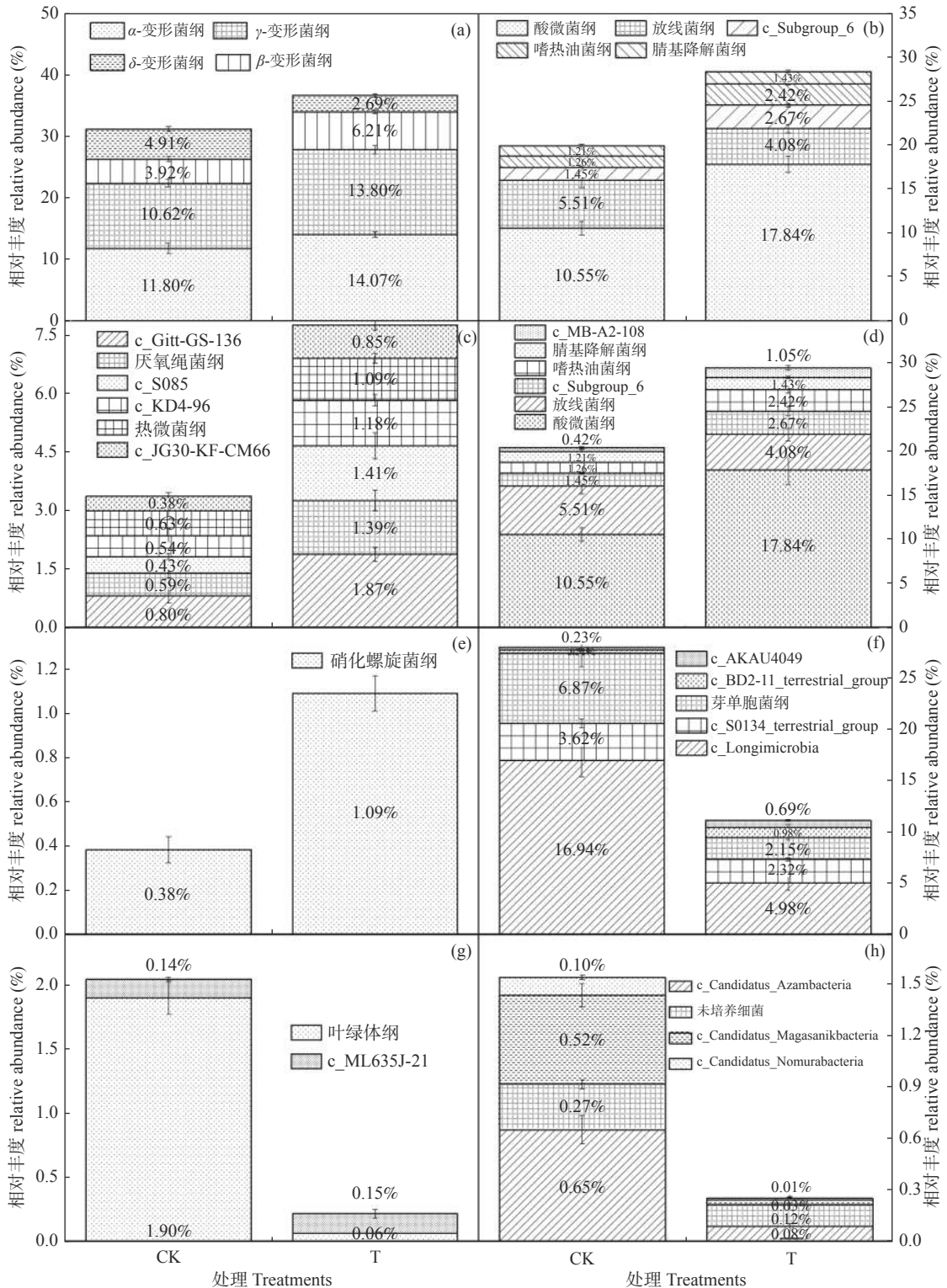
Azambacteria、uncultured_bacterium、Candidatus_Magasanikbacteria和Candidatus_Nomurabacteria显著降低667.0%、113.1%、1714.7%和886.3% ($P < 0.01$)。

细菌属水平:2个处理土壤样品细菌属分类水平相对丰度差异表现更为突出(图7),土壤菌群丰度大于0.1%共有31个细菌在属分类水平上属于不可培养(uncultured)或未能划分归类类型,其中CK和T处理不可培养(uncultured)或未能划分归类类型相对丰度占细菌总数分别为43.1%和39.8%。T处理土壤样品含量大于1.0%的细菌优势属有23个,而CK处理仅有15个,与CK相比,T处理土壤样品大于1.0%的细菌优势属*Acinetobacter*、*Ramlibacter*、*Novosphingobium*、*Pseudomonas*、*Cesiribacter*、*Cupriavidus*和*Bradyrhizobium*分别增加356.7%、11.92%、>25.22%、132.0%、34.99%、182.3%和70.31%,*Gemmatimonas*、*Luteimonas*、*Lysobacter*、鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)、节杆菌属(*Arthrobacter*)、类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)和海洋杆菌属(*Pontibacter*)分别降低76.72%、21.0%、22.48%、8.45%、63.87%、27.87%和18.25%。

进一步将优势菌群中的未知菌群进行归类,由图8可知,CK和T处理优势菌群属水平上的未知菌群主要隶属f_Longimicrobiaceae(CK:16.36%;T:4.7%)、f_OM1_clade(CK:8.10%;T:14.27%)、c_S0134_terrestrial_group(CK:3.54%;T:2.26%)、p_Saccharibacteria(CK:2.03%;T:2.70%)、o_Acidimicrobiales(CK:1.68%;T:1.92%)、f_JG34-KF-161(CK:1.34%;T:0.43)和c_Subgroup_6(CK:1.21%;T:1.96%)。

上述结果表明,施用改良剂处理(T)可调控苏打盐渍土已知和未知细菌群落及土壤微生物多样性,与CK处理相比,达到差异显著水平。

2.3.5 优势细菌类群生态功能及细菌类群组成影响因素 微生物群落的鲁棒性是微生物群落最主要的特性之一,主要表现为结构鲁棒性和功能鲁棒性,其中功能鲁棒性是指微生物群落发挥着其固有的功能,不会因为外界环境的变化而发生改变。如表5,15个优势菌群中,有10种具有脱氮或固氮功能的微生物,其中*Gemmatimonas*、类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)



注:a: 变形菌门 (*Proteobacteria*), b: 放线菌门 (*Actinobacteria*), c: 绿弯菌门 (*Chloroflexi*), d: 酸杆菌门 (*Acidobacteria*), e: 硝化螺旋菌门 (*Nitrospirae*), f: 芽单胞菌门 (*Gemmatimonadetes*), g: 蓝藻门 (*Cyanobacteria*), h: 俭菌总门 (*Parcubacteria*)

图 6 主要细菌门类水平群落结构及分布

Fig.6 Community structure and distribution of main bacterial phyla

是反硝化细菌, 较 CK 处理相比, T 处理显著降低了反硝化细菌的相对丰度; 异养硝化—好氧反硝化菌除节杆菌属 (*Arthrobacter*) 外, T 处理 *Acinetobacter*、

Pseudomonas、*Cupriavidus* 相对丰度均高于 CK 处理; 与 CK 处理相比, T 处理提高了与固氮有关的 *Bradyrhizobium* 相对丰度, 降低了与盐分有关的嗜盐

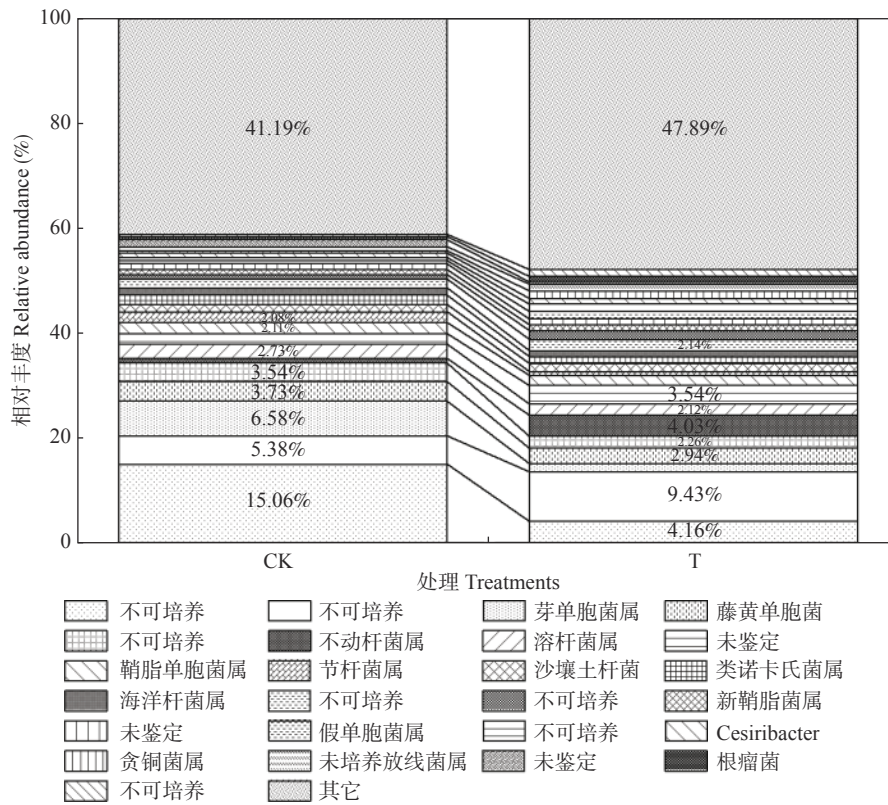


图 7 属水平的优势菌群分布特征

Fig.7 Bacterial community structure and distribution of the Dominant bacteria at genus level

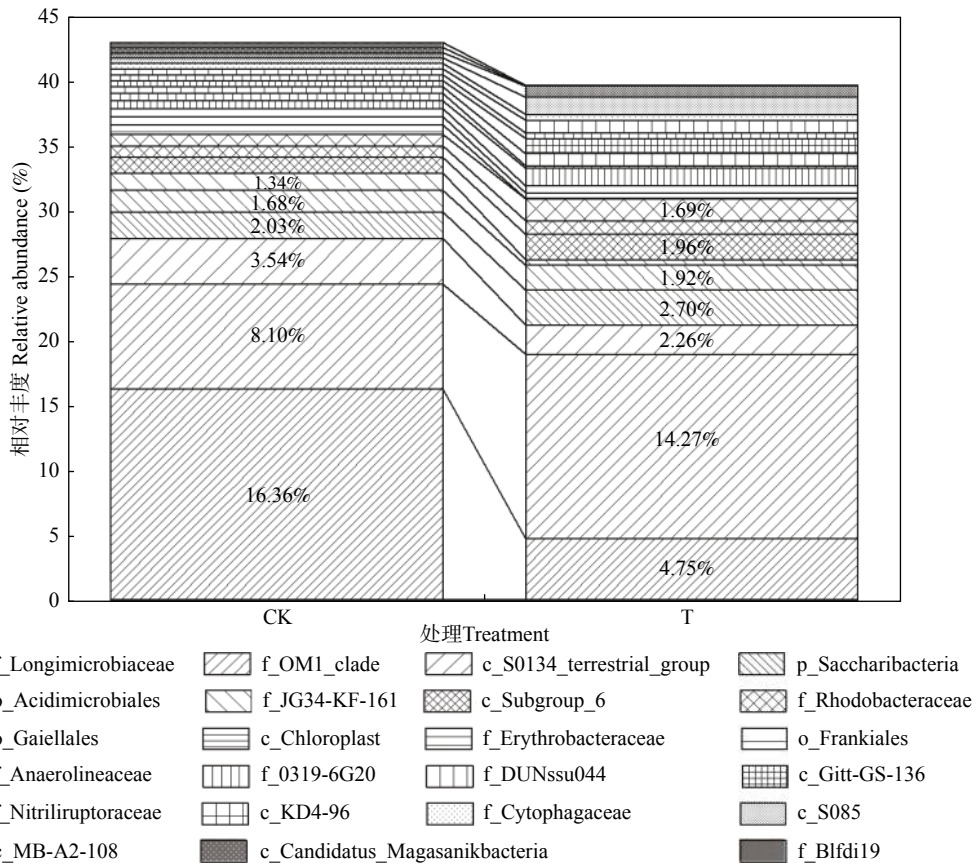


图 8 属水平的未知菌群结构及分布

Fig.8 Bacterial community structure and distribution of the unclassified bacteria at genus level

表 5 土壤样品优势菌及功能菌分布特征
Table 5 Characteristics of dominant and functional bacteria in the soil samples

菌种 Bacteria	主要功能 Main function	相对丰度 (%) Relative abundance	
		CK	T
芽单胞菌属 (<i>Gemmatimonas</i>)	脱氮 ^[18]	6.58	1.53
藤黄单胞菌 (<i>Luteimonas</i>)	参与环境中的碳和氮的循环 ^[19]	3.73	2.94
溶杆菌属 (<i>Lysobacter</i>)	固氮作用 ^[20]	2.73	2.12
鞘脂单胞菌属 (<i>Sphingomonas</i>)	好氧反硝化作用 ^[21]	2.11	1.93
节杆菌属 (<i>Arthrobacter</i>)	异养硝化—好氧反硝化菌 ^[22]	2.08	0.75
类诺卡氏菌属 (<i>Nocardioideis</i>)	反硝化作用 ^[23]	1.79	1.29
海洋杆菌属 (<i>Pontibacter</i>)	嗜盐特性 ^[24]	1.40	1.14
新鞘脂菌属 (<i>Novosphingobium</i>)	降解碳化合物作用 ^[25]	0.91	1.14
不动杆菌属 (<i>Acinetobacter</i>)	异养硝化—好氧反硝化菌 ^[26]	0.88	4.03
假单胞菌属 (<i>Pseudomonas</i>)	异养硝化—好氧反硝化菌 ^[26]	0.61	1.42
慢生根瘤菌属 (<i>Bradyrhizobium</i>)	固氮作用 ^[27]	0.59	1.01
贪铜菌属 (<i>Cupriavidus</i>)	异养硝化—好氧反硝化菌 ^[28]	0.50	1.41
嗜盐海洋粘菌属 (<i>Haliangium</i>)	嗜盐特性 ^[29]	0.49	0.18

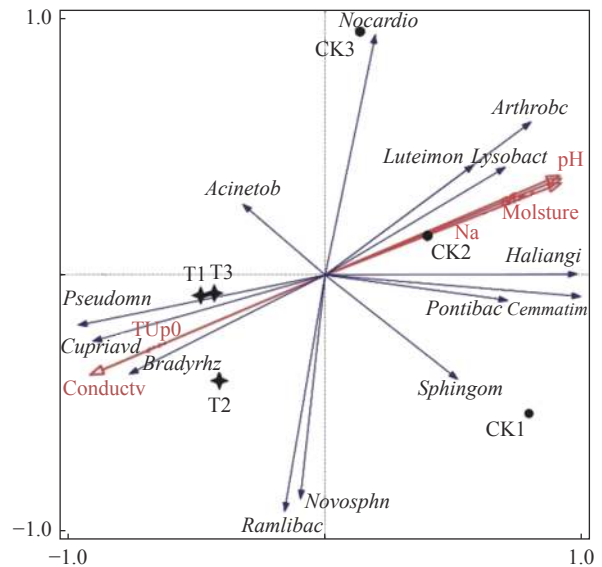
海洋粘细菌 (*Haliangium*) 相对丰度。

2.4 不同处理土壤理化性质与土壤优势菌属的 RDA 分析

为检测土壤理化性质与土壤细菌群落变化的对应关系, 将土壤理化性质与土壤优势属进行 RDA 分析 (图 9)。2 个处理土壤样品指标分布差异较大, 其中 *Pseudomonas*、*Cupriavidus*、*Bradyrhizobium* 与土壤总团聚体数量 (TUp0) 和电导率 (Conductivity) 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与 pH、土壤质量含水量 (Moisture) 和交换性 Na 呈显著负相关 ($P < 0.05$); *Nacaradio*、*Arthrobacter*、*Lysobacter*、藤黄单胞菌属 (*Luteimonas*)、*Haliangium*、*Gemmatimonas*、海洋杆菌属 (*Pontibacter*) 与 pH、土壤质量含水量 (Moisture) 和交换性钠呈显著正相关。表明施用改良剂调控细菌群落结构的土壤因子有 pH、有机质含量和土壤交换性钠, 影响细菌属水平因子有 *Pseudomonas*、*Cupriavidus*、*Bradyrhizobium*。

3 讨论

本课题组结合多年研究与示范成果, 研制出一种苏打盐渍化土壤的改良剂, 在田间显著降低 0~20 cm 土层交换性 Na^+ 和 pH, 增加土壤水稳性团聚体数量和土壤孔隙度, 提高土壤通透性, 解决因 Na^+ 高度分散而引起的土壤透性差等问题, 改善土壤微生物生长繁殖环境, 促进土壤微生物活动, 提高土壤细菌多样性, 在本研究中得到了证实; 其次土壤电导率变化是由于土壤盐基离子组成的改变所引起的, 赵金星和石礼文等^[9-10] 研究认为施用改良剂处理土壤电导率显著增加, 而交换性 Na^+ 显著降低, 本研



注:CK1、CK2、CK3 为当地农民习惯施肥处理; T1、T2、T3 为农民习惯施肥处理 + 盐碱土改良剂; TUp0: 土壤团聚体数量; Conductiv: 电导率; Moisture: 土壤质量含水量; Na: 交换性 Na; Pseudomn: 假单胞菌属 (*Pseudomonas*); Cupriavd: 贪铜菌属 (*Cupriavidus*); Bradyrhz: 慢生根瘤菌属 (*Bradyrhizobium*); Ramlibac: 沙壤土杆菌 (*Ramlibacter*); Novosphn: 新鞘脂菌属 (*Novosphingobium*); Acinetob: 不动杆菌属 (*Acinetobacter*); Sphingom: 鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*); Nocardio: 溶杆菌属 (*Lysobacter*); Luteimon: 藤黄单胞菌 (*Luteimonas*); Arthrobc: 节杆菌属 (*Arthrobacter*); Haliangi: 嗜盐海洋粘菌属 (*Haliangium*); Pontibac: 海洋杆菌属 (*Pontibacter*); Gemmatim: 芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)。

图 9 土壤优势菌属与土壤理化性质的 RDA 分析

Fig.9 RDA analysis of environmental factors and microbial community structure

究在田间也表现相一致的结果, 原因可能是土壤胶体发生了离子置换和水解反应, 对植物和微生物毒害较多的 Na^+ 被置换和淋失, 胶体吸附多为高价阳离子。

微生物多样性指数是评价土壤微生物群落多样性有效的方法之一。本研究结果表明,施用改良剂土壤细菌群落结构发生显著变化,较CK相比,Shannon 指数增加,而Chao 和ACE 指数降低,表明施用改良剂增加了菌群的多样性,但降低了土壤细菌的物种数目,与李新^[30]和孙慧^[31]在内蒙古河套平原和余姚滨海地区关于微生物多样性随着盐碱程度增加而降低的结果相一致。通过RDA 分析表明苏打盐渍土细菌群落的变化与土壤pH、Na⁺、质量含水量、电导率和水稳性团聚体呈显著相关。pH 是影响土壤细菌群落多样性的重要环境因子之一,本研究中施用改良剂土壤pH 值降低有利于细菌的生长繁殖。另外,研究表明土壤的基础呼吸随着盐分的增加而下降^[32]。在本研究中,T 处理与水稳性团聚体数量呈显著正相关,与土壤质量含水量呈显著负相关(图9),因此施用改良剂降低了土壤盐渍化程度,改善土壤的通气状况,进而提高了细菌菌群的多样性。

对比施用改良剂和对照处理细菌门水平群落发现,优势菌群为 *Proteobacteria*、*Actinobacteria* 和 *Gemmatimonadetes*, 相对丰度所占比例高于 70%, 与其他学者认为的 *Proteobacteria*、*Bacteroidetes* 和 *Actinobacteria* 有所不同^[33]。本试验中, *Proteobacteria* 在土壤中丰度最高, 相关研究表明, *Proteobacteria* 能以复杂的有机物和植物残体作为氮源与碳源^[34], 与植物根标环境呈显著正相关^[35], *Proteobacteria* 中的 *Alphaproteobacteria*、*Gammaproteobacteria* 和 *Deltaproteobacteria* 是非常重要的亚类, 研究表明在土壤环境和肥力因素较好的土壤中 α -、 γ -和 δ -变形菌具有相对较高丰度, 尤其是 α -变形菌在土壤肥力较高时丰度高, 并对植物根标土壤养分循环起作用^[36]。本研究中 T 处理 *Proteobacteria* 丰度高于 CK, 利于改善盐渍土的土壤环境。*Actinobacteria* 一般在偏碱性土壤中占优势, 可分解植物残体转变为土壤有机质, *Acidimicrobiales* 是放线菌门的主要优势菌群, 与残体的分解和氮素循环密切相关^[37], 本研究中 T 处理显著提高 *Acidimicrobiales* 相对丰度, 可能与施用改良剂提高土壤有效养分有关。*Gemmatimonadetes* 一般认为与反硝化作用密切相关^[18], 本试验结果中, T 处理增加了土壤团聚体数量, 改善了土壤三相比, 土壤反硝化作用显著降低。*Nitrospirae* 能在盐碱土壤中产生酸性物质^[38]、*Chloroflexi* 属于光能自养型细菌^[39], 参与碳循环过程, 也是施用改良剂改善盐碱性

土壤的重要组成部分。

苏打盐化草甸土环境条件下, 具有较特殊的土壤微生物结构和代谢产物。现阶段利用耐盐碱的微生物修复或改良盐碱土壤已成为改良盐渍化土壤的重要方法。赵飞等^[40]和付健等^[34]通过施用微生物菌肥, 降低了土壤盐渍化程度, 改良土壤结构, 增加植株干重和产量。为了获得高效菌株, 首先要获得耐盐碱且对盐碱有去除作用的微生物菌株, 本研究中属水平差异较大的为未知属, 通过分析 T 处理显著降低了 *Gemmatimonadetes* 中的 *Longimicrobiaceae*, 增加了 *Acidimicrobiales* 中的 OM1_clade, 此方面内容有待进一步深度挖掘与研究。在其他优势属中, 在属水平条件下可以初步判断, 改良剂通过改善盐渍化土壤的物理性状, 改变土壤中 *Pseudomonas*、*Cupriavidus*、*Bradyrhizobium* 3 个属水平, 也为下一步培养降盐降碱菌株提供依据。

4 结论

与CK 处理相比, 施用改良剂处理(T) 显著提高水稻产量 ($P < 0.01$) ; 增加了不同粒级水稳性团聚体的质量百分比、降低了土壤代换性钠含量和 pH ; 提高了 Shannon 指数, 降低了 Chao 和 ACE 指数, 提高了门水平 *Proteobacteria*、*Actinobacteria*、*Chloroflexi* 和 *Acidobacteria* 相对丰度, 降低了 *Gemmatimonadetes* 相对丰度, 提高了属水平 *Acinetobacter*、*Ramlibacter*、*Novosphingobium*、*Pseudomonas*、*Cesiribacter*、*Cupriavidus*、*Bradyrhizobium* 相对丰度, 降低了 *Gemmatimonas*、*Luteimonas*、*Lysobacter* 相对丰度; RDA 分析表明, T 处理通过改善盐渍化土壤的物理性状, 改变土壤中 *Pseudomonas*、*Cupriavidus*、*Bradyrhizobium* 3 个属水平。

参考文献:

- [1] 赵兰坡. 松嫩平原盐碱地改良利用[M]. 北京: 科学出版社, 2013.
- [2] 张海欧. 浅谈不同材料在盐渍化土壤改良中的应用[J]. 农学学报, 2019, 9(12): 39 - 42.
- [3] 黄昌勇, 徐建明. 土壤学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2010.
- [4] 马玉涛, 苑佰飞, 张 鹏, 等. 硫酸铝对新开垦苏打盐碱水田的快速改良和培肥效果[J]. 水土保持学报, 2020, 34(2): 325 - 330+339.
- [5] 尹志荣, 黄建成, 桂林国. 稻作条件下不同施肥模式对原土盐碱地的改良培肥效应[J]. 土壤通报, 2016, 47(2): 414 - 418.
- [6] 秦 萍, 张俊华, 孙兆军. 降碱抑盐改良剂对重度盐化碱土的改良效果[J]. 干旱地区农业研究, 2019, 37(4): 269 - 283.

- [7] 汪顺义, 冯浩杰, 王克英, 等. 盐碱地土壤微生物生态特性研究进展[J]. 土壤通报, 2019, 50(1): 0233 – 0239.
- [8] 杨祥波. 改良剂与有机物料结合对新开碱地稻田土壤性状的优化[J]. 河南农业科学, 2020, 49(5): 88 – 96.
- [9] 赵金星, 周 伟, 战英策, 等. 土壤改良剂对盐化草甸土壤物理性质及水稻产量的影响[J]. 作物杂志, 2018, (6): 138 – 143.
- [10] 石礼文, 王承浩, 周 伟, 等. 改良剂对盐化草甸土不同土层理化性质及大豆产量的影响[J]. 大豆科学, 2020, 39(2): 269 – 276.
- [11] 唐玉姝, 魏朝富, 颜廷梅, 等. 土壤质量生物学指标研究进展[J]. 土壤, 2007, 39(2): 157 – 163.
- [12] 林耀奔, 叶艳妹, 杨建辉, 等. 土地整治对土壤微生物多样性的影响分析[J]. 环境科学学报, 2019, 39(8): 2644 – 2653.
- [13] 鲍士旦. 土壤农化分析(第三版)[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [14] 牛 浩, 罗万清, 王晋峰, 等. 冻融对东北黑土风干团聚体与水稳性团聚体组成及稳定性的影响[J]. 土壤通报, 2020, 51(4): 841 – 847.
- [15] Desantis T Z, Hugenholtz P, Larsen N, et al. Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB[J]. Applied & Environmental Microbiology, 2006, 72(7): 5069 – 5072.
- [16] Bokulich N A, Subramanian S, Faith J J, et al. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing[J]. Nature Methods, 2012, 10(1): 57 – 59.
- [17] Chao A, Shen T J. Nonparametric prediction in species sampling[J]. Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics, 2004, 9(3): 253 – 269.
- [18] Hani H, Siegenthaler A, Candinas T. Soil effects due to sewage sludge application in agriculture[J]. Fertilizer Research, 1995, 43(1-3): 149 – 156.
- [19] 董艳辉, 于宇风, 温 鑫. 基于高通量测序的藜麦连作根际土壤微生物多样性研究[J]. 华北农学报, 2019, 34(2): 205 – 211.
- [20] Christensen P, Cook F D. Lysobacter, a new genus of nonfruiting, gliding bacteria with a high base ratio[J]. International Journal of Systematic Bacteriology, 1978, 28(3): 367 – 393.
- [21] Patureau D, Zumstein E, Delgenes J P, et al. Aerobic denitrifiers isolated from diverse natural and managed ecosystems[J]. Microbial Ecology, 2000, 39(2): 145 – 152.
- [22] 蔡 茜. 2019. 铁与铜离子对 *Arthrobacter nicotianae* D51 异养硝化和好氧反硝化作用的影响[D]. 重庆, 西南大学, 2019.
- [23] 张 健, 董星晨, 张 鹤, 等. 长期施氮对马铃薯田土壤剖面硝态氮积累及细菌群落结构的影响[J]. 甘肃农业大学学报, 2019, 54(1): 30 – 41.
- [24] 萨如拉, 杨恒山, 范 富, 等. 玉米秸秆还田对盐碱地土壤细菌多样性的影响[J]. 玉米科学, 2017, 25(2): 106 – 111.
- [25] Eichorst S A, Kuske C R. Identification of cellulose-responsive bacterial and fungal communities in geographically and edaphically different soils by using stable isotope probing[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2012, 78: 2316 – 2327.
- [26] 孙庆花, 于德爽, 张培玉, 等. 1株海洋异养硝化-好氧反硝化菌的分离鉴定及其脱氮特性[J]. 环境科学, 2016, 37(2): 647 – 654.
- [27] 方文生. 土壤熏蒸对氮循环功能微生物及 N₂O 生成的影响与机制[D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.
- [28] 孙智毅. 一株异养硝化-好氧反硝化菌 *Cupriavidus sp.* S1 的筛选及降解特性研究[D]. 太原: 太原理工大学, 2017.
- [29] Fudou R, Jojima Y, Lizuka T, et al. Haliangium ochraceum gen. nov., sp. nov. and Haliangium tepidum sp. nov. : Novel moderately halophilic myxobacteria isolated from coastal saline environments[J]. Journal of General & Applied Microbiology, 2002, 48(2): 109 – 115.
- [30] 李 新. 不同盐碱程度盐碱土壤微生物多样性研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古师范大学, 2015.
- [31] 孙 慧, 张建锋, 许华森, 等. 余姚滨海不同盐碱度土壤微生物群落组成及土壤酶活性的变化[J]. 应用生态学报, 2016, 27(10): 3361 – 3370.
- [32] 景宇鹏. 土默川平原盐渍化土壤改良前后土壤特性及玉米品种耐盐性研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2014.
- [33] 王巍琦, 李变变, 张 军, 等. 干旱区不同类型盐碱土壤细菌群落多样性[J]. 干旱区研究, 2019, 36(5): 1202 – 1211.
- [34] 付 健. 木霉菌提高玉米耐盐碱机理及其对根际土壤微生物多样性的影响[D]. 大庆: 黑龙江八一农垦大学, 2017.
- [35] Deangelis K M, Brodie E L, Desantis T Z. Selective progressive response of soil microbial community to wild oat roots[J]. International Society for Microbial Ecology Journal, 2009, 3(2): 168 – 178.
- [36] Smit E, Leeflang P, Gommans S, et al. Diversity and seasonal fluctuations of the dominant members of the bacterial soil community in a wheat field as determined by cultivation and molecular methods[J]. Applied & Environmental Microbiology, 2001, 67(5): 2284 – 2291.
- [37] Jones R T, Robeson M S, Lauber C L, et al. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses[J]. The ISME Journal, 2009, 3(4): 442 – 453.
- [38] Canfora L, Bacci G, Pinzari F, et al. Salinity and bacterial diversity: to what extent does the concentration of salt affect the bacterial community in a saline soil[J]. PLoS One, 2014, 9(9): e106662.
- [39] 郑 勇, 郑袁明, 张丽梅, 等. 极端环境下嗜热酸甲烷营养细菌研究进展[J]. 生态学报, 2009, 29(7): 3864 – 3871.
- [40] 赵 飞, 刘 畅, 朱昌玲, 等. 功能微生物与生物炭对海滨锦葵生长及滨海盐土地力的影响[J]. 中国土壤与肥料, 2020, (05): 161 – 168.

The Properties of Soda Saline-Alkali Soil and Yield of Rice in Paddy Fields Added with a Soil Ameliorant

ZHANG Ming-cong^{1,2}, ZHOU Wei³, DU Ji-dao^{1,2}, WU Yao-kun⁴, ZHANG Yu-xian^{1*}

(1. College of Agronomy, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing 163319, China; 2. Research Center of Saline and Alkali Land Improvement Engineering Technology in Heilongjiang Province, Daqing 163319, China; 3. Qilong Agricultural Science and Technology Limited Company, Daqing 163000, China; 4. Daqing Branch of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Daqing 163316, China)

Abstract: 【 Objective 】 Understanding the relationship between the application of a soil ameliorant to paddy fields and soda salinized meadow soil is crucial to investigate the mechanism of improving soda salinization meadow soil in paddy field. 【 Method 】 The effect and mechanism of the modified soda salinized meadow soil were studied by rice cultivation field experiment. The bacterial diversity and community composition of soil were analyzed with the MiSeq high-throughput sequencing method. The conventional fertilization (CK) and CK + soil ameliorant (T) were used in field experiments. 【 Result 】 The T treatment enhanced the yield of rice by 124.4% ($P < 0.01$), increased the proportion of different water stable aggregate size, reduced soil exchangeable sodium, however, increased soil electric conductivity compared with the CK. The results showed that a total of 286, 528 effective readings were obtained. The number of OTUs was 7, 539 and 6, 343 in the conventional fertilization (CK) treatment and in the soil ameliorant (T) treatment, respectively. The T treatment substantially reduced the Chao and ACA indices, but increased the Shannon index. The relative abundances of *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Chloroflexi*, *Acidobacteria*, *Acinetobacter*, *Ramlibacter*, *Novosphingobium*, *Pseudomonas*, *Cesiribacter*, *Cupriavidus*, *Bradyrhizobium*, were higher in the T treatment than those in the CK treatment, while T treatment significantly decreased the abundance of *Gemmatimonadetes*, *Gemmatimonas*, *Luteimonas* and *Lysobacter* compared with CK treatment. The result of RDA showed that the application of soil ameliorant improved the physical properties of salinization soil, increased the relative abundances of *Pseudomonas*, *Cupriavidus* and *Bradyrhizobium*. 【 Conclusion 】 This study deeply understood the excavation and utilization of microbial resources were helpful to the improvement of soda salinized meadow soil.

Key words: Soil ameliorant; Soda saline-alkali soil; The yield of rice; The Properties of soil; High-throughput sequencing

[责任编辑: 孙福军]