

盐碱处理对高羊茅根际土壤微生物多样性和网络复杂性的影响

唐慧敏, 倪晓臻, 王颖超, 张雅洁, 刘 慧*

(德州学院生命科学学院, 山东 德州 253023)

摘要: 【目的】以高羊茅 (*Festuca elata* 'Crossfire II') 为试材, 研究不同程度盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌和真菌群落多样性、组成和网络复杂性的影响。【方法】按 9:1:1:9 摩尔比例混合 NaCl、Na₂SO₄、NaHCO₃ 和 Na₂CO₃ 四种盐, 配制 0、200、400 和 600 mmol L⁻¹ 4 个浓度盐溶液, 分别为 S₀、S₁、S₂ 和 S₃ 处理。不同浓度盐溶液定时定量浇入种植高羊茅盆栽土壤中, 90 天后采用高通量测序技术检测土壤微生物群落。【结果】与 S₀ 处理相比, S₁ 和 S₂ 盐碱处理对土壤真菌多样性和网络复杂性无显著影响, S₃ 处理显著降低了土壤真菌多样性和网络复杂性。盐碱处理也改变了土壤真菌群落组成, 随盐碱处理程度的增加, 优势门子囊菌门真菌相对多度逐渐增加, 壶菌门真菌相对多度逐渐降低。与细菌相比, 盐碱处理对土壤细菌群落影响较小, 仅 S₃ 处理降低了土壤细菌网络复杂性, 但对细菌多样性和群落组成无显著影响。结构方程模型结果显示, 盐碱处理通过影响有机碳和有效磷对土壤真菌群落产生间接影响。【结论】高浓度盐碱处理降低了高羊茅根际土壤真菌多样性和网络复杂性, 改变了真菌群落组成, 但对细菌群落影响较小。

关键词: 盐碱处理; 细菌群落; 真菌群落; 土壤理化性质; 高通量测序

中图分类号: Q948.113 **文献标识码:** A **文章编号:** 0564-3945(2024)02-0428-09

DOI: 10.19336/j.cnki.trtb.2022090401

唐慧敏, 倪晓臻, 王颖超, 张雅洁, 刘 慧. 盐碱处理对高羊茅根际土壤微生物多样性和网络复杂性的影响 [J]. 土壤通报, 2024, 55(2): 428 - 436

TANG Hui-min, NI Xiao-zhen, WANG Ying-chao, ZHANG Ya-jie, LIU Hui. Effects of Saline-alkali Treatment on Rhizosphere Soil Microbial Community and Network Complexity of Tall Fescue[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2024, 55(2): 428 - 436

【研究意义】在全世界大多数干旱和半干旱地区, 土壤盐碱化是一个严重的农业、生态和社会经济问题^[1-2]。这一问题在中国尤其严重, 我国有盐碱地总面积约 1.0×10^8 hm², 随着生态环境的恶化和不合理地开发利用, 盐碱地面积仍在进一步增加^[3]。植物根际是土壤中最活跃的微生物生境, 也是植物获取养分的主要区域。在这块区域里, 细菌、真菌和其他微生物通过合作和竞争形成稳定的群落结构, 对植物生长发育、抗病性和抗逆性至关重要^[4]。土壤盐碱化可以改变土壤的一些理化性质, 可直接影响微生物的生存^[5], 也可间接影响土壤微生物的生境, 使微生物的种群、数量和活性等方面受到损害, 导致土壤微生态失衡, 从而影响植物生长^[6]。因此, 研究盐碱条件下土壤微生物的变化对筛选有益植物生长的菌种具有重要意义。【前人研究进展】起初多采用

传统方法, 如土壤呼吸、微生物生物量和土壤酶活性研究盐碱对土壤微生物的影响, 且多关注盐碱对土壤细菌的影响^[7]。郭潇潇等^[8]设计不同程度盐碱处理, 发现一定量的盐碱可以增加芸豆 (*Phaseolus vulgaris*) 根际土壤微生物数量和酶活性。Morrissey 等^[9]使用 qPCR 定量土壤细菌多度和末端限制性片段长度多态性分析 (T-RFLP) 细菌群落组成, 发现盐碱和土壤细菌多度呈正相关, 与细菌群落组成仅有微弱联系。然而, Baumann 和 Marschner^[10]采用磷脂脂肪酸 (PLFA) 法测定土壤微生物生物量, 发现土壤总生物量和细菌生物量不受盐碱影响。盐碱可能通过影响植物生长、土壤理化性质和微生物生存环境对土壤微生物产生影响^[11]。Yousuf 等^[12]研究印度沿海 3 个盐碱样地细菌多样性和群落结构, 发现样地间细菌群落的差异可能是由土壤盐度、有机碳

收稿日期: 2022-09-04; 修订日期: 2023-02-21

基金项目: 国家自然科学基金 (32001103)、德州学院科学研究基金项目 (2019xjrc317)、德州学院横向科研项目 (HXKT2023070) 和山东省属普通本科高校教师访学研修经费资助

作者简介: 唐慧敏 (2001-), 女, 山东日照人, 大学本科, 主要植物生理生态学研究。E-mail: Tanghuimin19@163.com

*通讯作者: E-mail: zhangxiushuang522@163.com

含量和全硫含量驱动的。Canfora 等^[13]和 Zhang 等^[14]研究发现土壤细菌多样性和群落组成受土壤盐度和 pH 的影响。因此, 弄清楚盐碱与土壤微生物多样性之间的联系, 对开发和利用盐碱土壤微生物资源以及治理盐碱土壤有重要意义。【本研究切入点】许多学者已经从小麦、玉米和其他粮食作物中分离和筛选出优秀的耐盐碱菌株, 并将其用于后续接种剂的开发^[15-17]。然而, 对草地牧草根际耐盐碱微生物群落结构和优势种群的研究相对较少。此外, 基于缺少盐碱同时对细菌和真菌群落影响的相应研究, 微生物在治理盐碱土壤的潜力有待开发。【拟解决问题】本文采用高通量测序的方法, 通过对盐碱处理下的高羊茅 (*Festuca elata* ‘Crossfire II’) 根际土壤微生物群落和土壤理化性质的变化进行研究, 探讨盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌和真菌多样性、群落组成和网络复杂性的影响, 并检验微生物群落特征与盐碱处理、土壤理化性质间关系。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料为高羊茅 (*Festuca elata* ‘Crossfire II’)。

供试土壤为山东省德州市区自然草甸土。土壤有机碳 5.70 g kg^{-1} 、全氮 0.60 g kg^{-1} 、全磷 0.62 g kg^{-1} 、速效磷 11.20 mg kg^{-1} 、pH 值 7.54、全盐量 0.885 g kg^{-1} 。

1.2 试验设计

本试验于 2021 年 10 ~ 2022 年 2 月在德州学院生命科学学院温室进行。试验采用盆栽法, 每盆 (直径 $18 \text{ cm} \times$ 高度 16 cm) 装土 1.2 kg 。将 20 粒高羊茅种子播在塑料盆中, 发芽后, 间苗至每盆 12 株长势基本一致的幼苗。以 9 : 1 : 1 : 9 摩尔比例混合四种盐 NaCl 、 Na_2SO_4 、 NaHCO_3 和 Na_2CO_3 , 设置 0、200、400 和 600 mmol L^{-1} 4 个盐碱处理梯度, 分别记作 S_0 、 S_1 、 S_2 和 S_3 ^[18]。高羊茅生长 1 个月后进行盐碱胁迫处理, 每种处理 5 个重复, 共计 20 盆, 随机摆放。为避免渗透性休克, 每 2 天一次性加入 100 ml, 逐步共加入 300 ml 的盐碱溶液; 向对照组中加入等量的蒸馏水。每天通过 ECH_2O 土壤含水量监测系统 (Decagon) 控制土壤含水量, 并用蒸馏水补充散失的水分。

盐碱处理 90 d 后, 用小刷子将高羊茅根上附着的土壤轻轻剥离作为根际土。将收集到的样品分成两部分: 一部分自然风干, 过 2 mm 筛后用于土壤化学性质的测定; 另一部分于 $-80 \text{ }^\circ\text{C}$ 下储存用于土壤微生物群落组成的测定。

1.3 土壤化学性质测定

将土壤样品风干, 并通过 2 mm 的筛子。土壤有机碳 (SOC) 含量测定采用 $\text{K}_2\text{CrO}_7\text{-H}_2\text{SO}_4$ 氧化法^[19]。土壤全氮 (TN) 含量采用元素分析仪 (Vario EL/micro cube, Elementar, Hanau, Germany) 测定。土壤全磷 (TP) 含量采用 9 : 1 (体积比) HNO_3 : HCl 混合物在微波消解仪中高温消化, 钼锑钒比色法测定^[20]。土壤有效磷 (AP) 含量采用碳酸氢钠浸提-钼锑钒比色法^[21]。

1.4 土壤微生物群落结构测定

按照 E.Z.N.A.® soil 试剂盒 (Omega Bio-tek, Norcross, GA, U.S.) 的说明提取土壤总 DNA, DNA 浓度和纯度利用 NanoDrop 2000 进行检测, 利用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 提取质量; 采用 799F 和 1193R 引物扩增细菌 16S V5-V7 区片段, 采用 ITS1F 和 ITS2R 引物扩增 ITS1 可变区, PCR 扩增程序和扩增体系参考于少鹏等^[22]。PCR 产物的回收、纯化、洗脱和检测方法同张梦阳等^[23]。利用 QuantiFluor™-ST (Promega, USA) 进行检测定量。根据 Illumina MiSeq 平台 (Illumina, San Diego, USA) 标准操作规程将纯化后的扩增片段构建 PE 2×300 的文库。

原始测序序列的质控和拼接分别使用软件 Trimmomatic 和 FLASH。使用 UPARSE 软件以 97% 的相似度对序列进行 OTU 聚类。OTU 的分类注释使用 RDP 软件以细菌 16S rRNA Silva 数据库和真菌 ITS UNITE 数据库为参考。将所有样品基于细菌序列数 12139 和真菌序列数 33907 进行抽平, 以抽平后的 OTU 多度表进行后续所有分析计算。

1.5 数据分析

使用 SPSS 软件 (version 20.0, SPSS, Chicago, USA) 单因素方差分析不同程度盐碱处理对土壤化学指标 (SOC、TN、TP 和 AP) 和微生物 α -多样性指标 (Sobs 指数、Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数) 的影响。采用 R 语言统计包基于 Unweighted_unifrac 距离法对细菌和真菌群落组成进行非度量多维尺度 (NMDS) 分析和非参数多元方差分析 (PerMANOVA), 阐述盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌和真菌群落组成的影响。使用总多度前 100 的 OTU 构建单因素相关性网络, 阐述不同程度盐碱处理对微生物群落结构和微生物网络复杂性的影响。使用 SPSS Amos v. 21.0 构建结构方程模型 (SEM) 确定盐碱处理对高羊茅根际土壤真菌群落组成 (真

菌群落组成采用 NMDS 排序第二轴的得分值代替) 的直接和间接影响。

2 结果与分析

2.1 土壤化学性质

盐碱处理显著影响土壤有机碳 ($F_{3,4} = 7.284$,

$P = 0.003$)、全氮 ($F_{3,4} = 13.576, P < 0.001$)、全磷 ($F_{3,4} = 12.884, P < 0.001$) 和有效磷 ($F_{3,4} = 13.486, P < 0.001$) 含量。与对照相比 (S_0)， S_1 和 S_2 盐碱处理对土壤有机碳、全氮、全磷和有效磷含量均无显著影响，而 S_3 盐碱处理显著降低了上述土壤化学指标含量 (表 1)。

表 1 不同盐碱处理对高羊茅根际土壤化学指标的影响

Table 1 Effects of different levels of saline-alkali treatment on soil chemical parameters

处理 Treatment	有机碳 (g kg ⁻¹) Soil organic carbon	全氮 (g kg ⁻¹) Total nitrogen	全磷 (g kg ⁻¹) Total phosphorus	有效磷 (mg kg ⁻¹) Soil available phosphorus
S_0	5.70 ± 0.30 a	0.60 ± 0.00 a	0.62 ± 0.03 a	11.20 ± 0.54 a
S_1	5.60 ± 0.20 a	0.60 ± 0.00 a	0.60 ± 0.01 a	10.84 ± 0.20 a
S_2	5.60 ± 0.10 a	0.60 ± 0.00 a	0.59 ± 0.01 a	10.55 ± 0.25 a
S_3	4.60 ± 0.20 b	0.40 ± 0.00 b	0.47 ± 0.01 b	8.50 ± 0.14 b

注：同列不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

2.2 土壤微生物多样性

盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌多样性无显著影响。不同盐碱处理间 Sobs 指数、Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数均无显著差异 (表 2)。对于

真菌群落，与 S_0 处理相比， S_1 和 S_2 盐碱处理对土壤真菌 Sobs 指数、Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数均无显著影响，而 S_3 盐碱处理显著降低了上述土壤真菌多样性指标 (图 1)。

表 2 不同盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌多样性的影响

Table 2 Effects of different levels of saline-alkali treatments on soil bacterial diversity

处理 Treatment	Sobs 指数 Sobs index	Shannon 指数 Shannon index	Ace 指数 Ace index	Chao 指数 Chao index
S_0	233.40 ± 4.55 a	3.90 ± 0.05 a	280.45 ± 6.73 a	293.01 ± 15.68 a
S_1	230.80 ± 4.26 a	3.86 ± 0.06 a	268.54 ± 7.68 a	273.13 ± 8.16 a
S_2	237.40 ± 7.19 a	3.90 ± 0.06 a	275.36 ± 8.98 a	279.94 ± 10.26 a
S_3	236.00 ± 3.74 a	3.94 ± 0.04 a	276.27 ± 7.29 a	276.50 ± 7.19 a

注：同列不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

2.3 土壤微生物群落组成

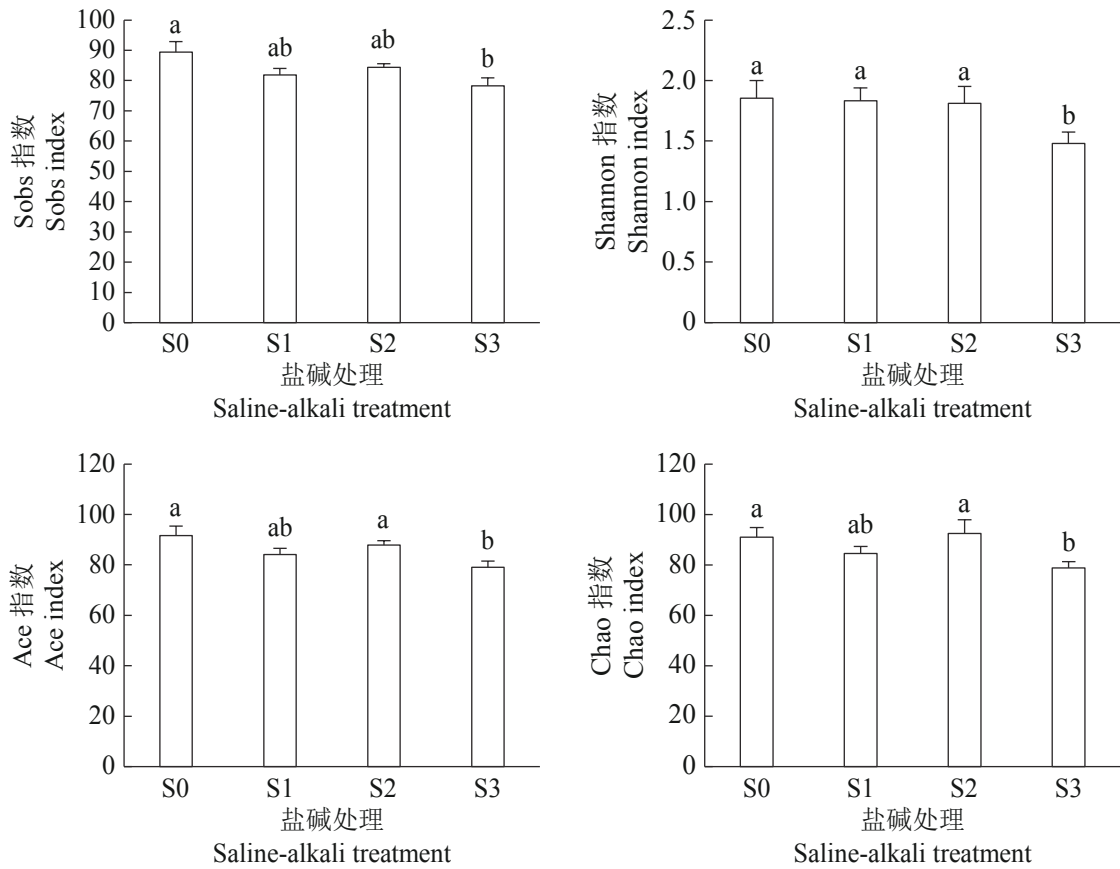
在门分类水平上，所有处理均以变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteriota) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 为优势细菌门，平均分别占 36%、30% 和 16%。除变形菌门外，不同盐碱处理间的上述优势细菌门相对多度均无显著差异 (图 2a)。土壤真菌群落主要由子囊菌门 (Ascomycota)、壶菌门 (Chytridiomycota)、被孢霉门 (Mortierellomycota) 和担子菌门 (Basidiomycota) 组成，占有已鉴定真菌相对多度的 99%。随盐碱处理程度的增加，子囊菌门真菌相对多度逐渐增加，壶菌门真菌相对多度逐渐降低 (图 2b)。

土壤微生物群落的 PerMANOVA 表明，盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌群落组成无显著影响 ($F_{3,4} = 1.388, P = 0.098$)，但显著影响土壤真菌群落组成 ($F_{3,4} = 2.934, P = 0.046$)。从 NMDS 排序结果可以

看出：不同盐碱处理之间的高羊茅根际土壤细菌群落组成差异比较小，样本彼此间无法明确分开 (图 3a)；对于真菌群落，盐碱处理和对照之间的土壤真菌群落组成存在差异，以 S_0 和 S_3 处理间土壤真菌群落组成的差异最明显 (图 3b)。

2.4 土壤微生物网络复杂性

不同程度盐碱处理的高羊茅根际土壤细菌和真菌网络显示出不同的网络模式，以 S_0 和 S_3 处理间差异最明显。本文采用节点度、节点中心系数值 (度中心性和紧密中心度) 和平均节点聚类系数网络拓扑结构参数来评估土壤微生物网络的复杂性，上述参数值越高，说明土壤微生物网络复杂性越大 (表 3)。不论对于细菌还是真菌， S_3 处理的节点度、节点中心系数值和平均节点聚类系数基本均低于 S_0 处理，这意味着盐碱处理影响了微生物群落，从而降低了土壤包括细菌 (图 4a 和 b) 和真菌 (图 4c 和 d) 网



注: 不同小写字母表示处理间差异显著 ($P < 0.05$)。

图1 不同盐碱处理对高羊茅根际土壤真菌多样性的影响

Fig.1 Effects of different levels of saline-alkali treatment on fungal diversity of tall fescue rhizosphere soil

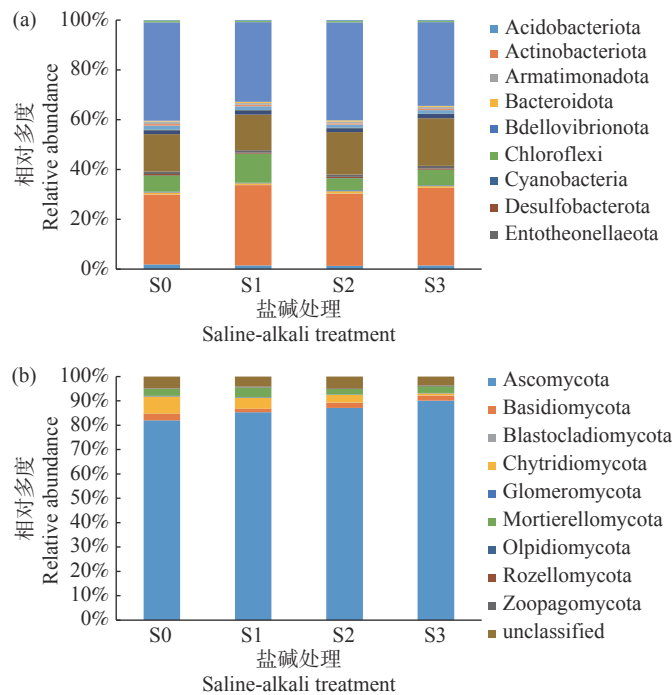


图2 不同盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌(a)和真菌(b)在门分类水平上相对多度的影响

Fig.2 Effects of different levels of saline-alkali treatment on the relative abundance of bacteria (a) and fungi (b) of tall fescue rhizosphere soil at phyla level

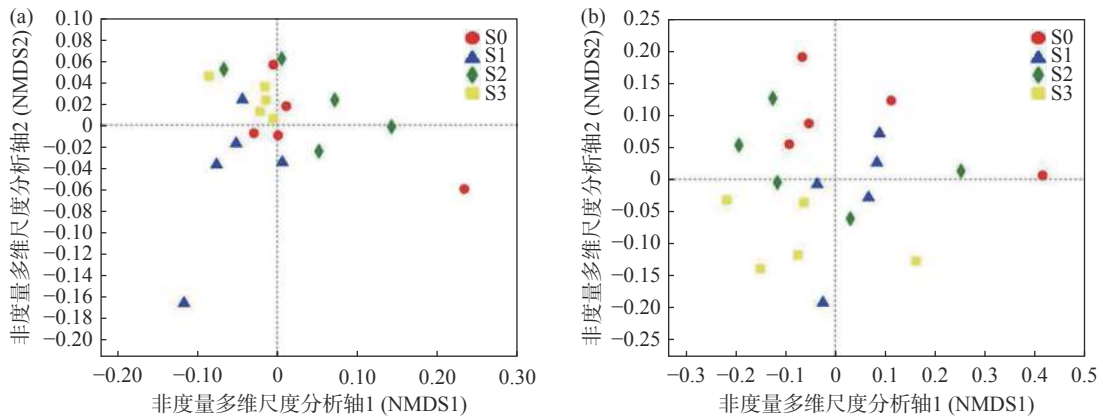


图 3 不同盐碱处理条件下的高羊茅根际土壤细菌(a)和真菌(b)群落组成的非度量多维尺度分析

Fig.3 Non-metric multidimensional scaling (NMDS) ordination of the community composition of bacteria (a) and fungi (b) of tall fescue rhizosphere soil under different levels of saline-alkali treatment

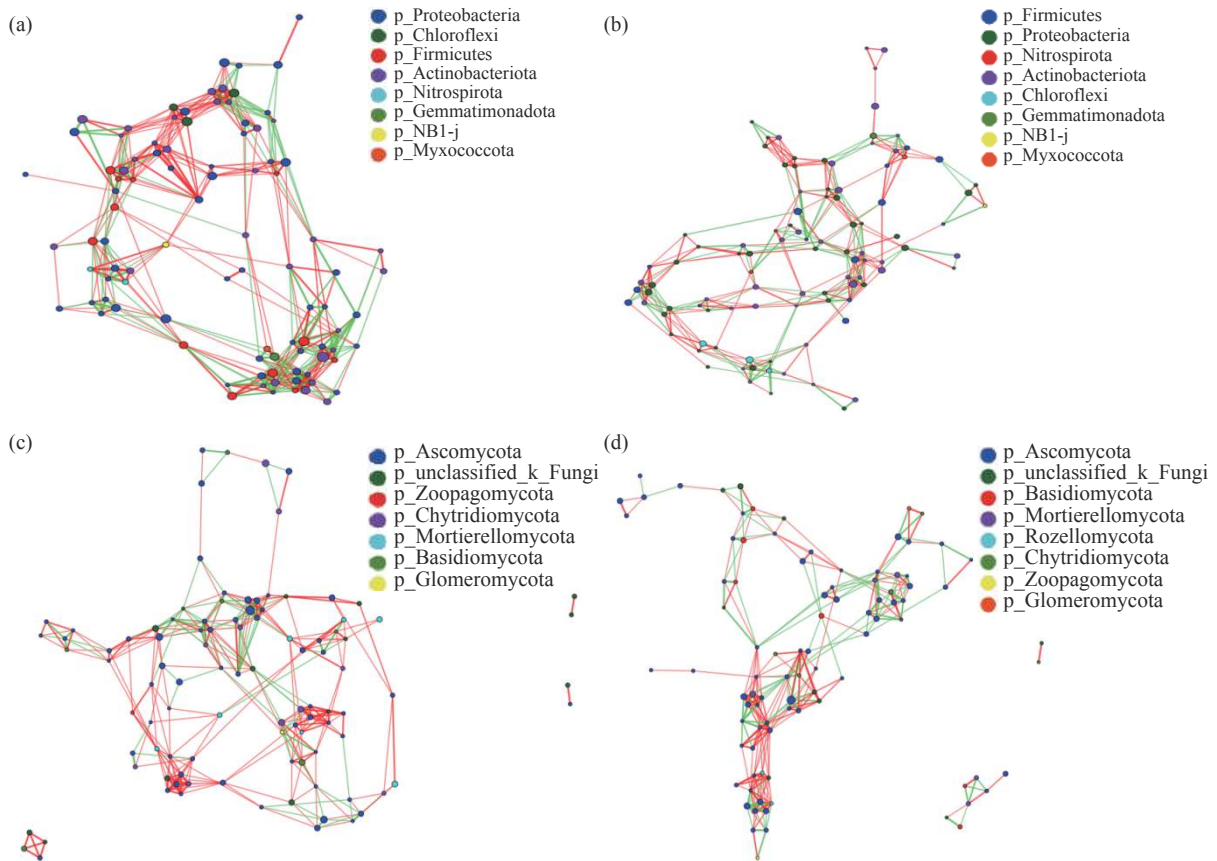


图 4 盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌(S₀, a 和 S₃, b)和真菌(S₀, c 和 S₃, d)网络复杂性的影响

Fig.4 Effects of saline-alkali treatment on tall fescue rhizosphere soil bacterial (S₀, a; S₃, b) and fungal (S₀, c; S₃, d) network complexity of the complexity.

2.5 盐碱处理对土壤真菌群落组成的直接和间接影响

通过 SEM 的构建评价盐碱胁迫对高羊茅根际土壤真菌群落组成的直接和间接影响。盐碱处理对土壤真菌群落组成无直接影响，但可通过影响土壤有机碳 (SOC) 和有效磷 (AP) 间接对土壤真菌群落

组成产生影响 (图 5)。

3 讨论

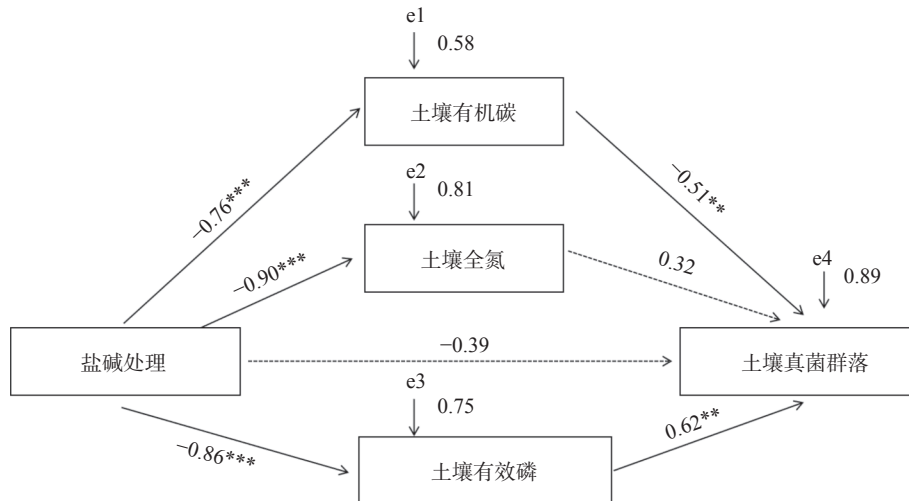
3.1 盐碱处理对土壤微生物群落多样性的影响

在土壤生态系统中，土壤微生物是重要组成部分之一，它是生态系统功能和土壤生态过程的基础，调节能量流量、物质循环及土壤生态系统对人为干

表 3 盐碱处理对高羊茅根际土壤细菌和真菌网络拓扑结构参数的影响

Table 3 Effects of saline-alkali treatment on topological parameters of bacterial and fungal networks of tall fescue rhizosphere soil

		节点度 Degree	度中心性 Degree Centrality	紧密中心度 Closeness Centrality	平均节点聚类系数 Average clustering coefficient
细菌	S ₀	1008	10.39	26.99	0.57
	S ₃	694	7.01	23.22	0.57
真菌	S ₀	728	7.51	24.55	0.57
	S ₃	628	6.47	17.49	0.56



注: 实线和虚线分别指示显著和非显著路径 (***) $P < 0.001$; (**) $P < 0.01$ 。

图 5 盐碱处理对高羊茅根际土壤真菌群落组成的直接和间接影响

Fig.5 The structural equation model showing the hypothesized causal relationships between soil properties and fungal community composition of tall fescue rhizosphere soil

扰和环境变化的响应^[24-26]。微生物种类和数量对土壤环境的变化非常敏感^[27-29]。关于盐碱胁迫对土壤微生物多样性的影响, 一般认为盐碱处理条件下, 根际微生物的生长受到抑制, 群落的丰富度显著降低^[30]。本试验发现, 随盐碱处理浓度的增加, 高羊茅根际土壤细菌 Sobs 指数、Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数均无显著变化, 说明不同浓度盐碱处理对高羊茅根际土壤多样性无显著影响。然而, 低浓度盐碱胁迫处理 (S₁ 和 S₂) 对上述高羊茅根际土壤真菌多样性指标无显著影响, 高浓度盐碱处理 (S₃) 显著降低了高羊茅根际土壤真菌多样性指数。因此, 与真菌相比, 大多数细菌都耐盐碱, 真菌较细菌对盐碱环境更敏感。Liu 等^[31] 研究羊草 (*Leymus chinensis*) 根际土壤微生物多样性, 得出与我们类似的结论, 发现随盐碱处理浓度的增加, 羊草根际土壤细菌多样性增加, 真菌多样性降低。郭潇潇等^[8] 发现土壤细菌、放线菌和真菌数量随盐碱胁迫程度的增加出现低促高抑的现象。

3.2 盐碱处理对土壤微生物群落组成和结构的影响

所有处理高羊茅根际土壤均以变形菌门、放线

菌门和厚壁菌门为优势门细菌, 不同程度盐碱处理对其相对多度影响不大。此外不同盐碱处理间的细菌群落结构也无显著差异。张智猛等^[32] 和李岩等^[33] 同样发现盐碱处理下植物根际土壤细菌以变形菌门、放线菌门、厚壁菌门为优势门细菌。许多变形菌门细菌具有相对较快的生长速度和利用各种底物的能力^[34-35], 能适应较强的盐碱环境^[36-37]。厚壁菌门中有些种类可以产生内生孢子使其能够在恶劣的环境下生存^[38]。土壤真菌主要由子囊菌门、壶菌门、被孢霉门和担子菌门真菌组成, 随盐碱处理程度的增加, 处于绝对优势地位的子囊菌门真菌相对多度逐渐增加, 壶菌门真菌相对含量逐渐减少。而且盐碱和非盐碱处理土壤真菌群落结构有差异, 以 S₀ 和 S₃ 处理之间差异最显著。与本文结果一致, 李明源等^[39] 发现盐碱处理下花花柴 (*Karelinia caspia*) 根际土壤真菌以子囊菌门真菌为绝对优势门真菌, 占 94.8%。盐碱处理下高羊茅根际土壤细菌变形菌门、放线菌门、厚壁菌门和真菌子囊菌门高的相对多度意味着其对盐碱土壤环境有很强的适应能力^[31]。

关于盐碱处理对土壤微生物群落的影响,

Canfora 等^[13] 研究认为盐度对细菌群落结构有着非常强烈的影响,但也有研究发现土壤理化性质如有机碳、全磷和 pH 等与土壤微生物群落有显著相关性^[40-41]。本研究发现 S₃ 盐碱处理显著降低了高羊茅根际土壤的有机碳、全氮和有效磷含量,盐碱环境下高 pH 影响植物根系分泌物的释放,减少有机碳;另外使磷酸盐阴离子被一些阳离子 (Ca²⁺、Mg²⁺、Fe³⁺ 和 Al³⁺) 固定,成为不溶性磷酸盐^[42-43],盐碱环境下减少的有机碳和有效磷可能会影响土壤微生物群落。本文通过结构方程模型的构建分析这些土壤化学指标与高羊茅根际土壤微生物群落的关系,发现盐碱处理对高羊茅根际土壤真菌群落组成无直接影响,但可通过影响土壤有机碳和有效磷间接作用于高羊茅根际土壤真菌群落。

3.3 盐碱处理对微生物群落网络复杂性的影响

有研究发现盐碱处理条件下细菌的网络复杂性比真菌的网络复杂性要高^[44]。与之类似,我们的研究也发现盐碱处理条件下高羊茅根际土壤细菌比真菌的网络复杂性高,此外,与 S₀ 处理相比, S₃ 处理降低了包括细菌和真菌在内的网络复杂性。网络复杂性的降低可能是由于资源限制的增加,盐碱胁迫导致高羊茅根际土壤有机碳、全氮和有效磷含量的降低,加剧了资源限制,这降低了微生物多样性和网络复杂性^[45-47]。这些结果与先前的研究结果一致,即土壤微生物网络的复杂性随着土壤肥力^[48] 和 CO₂^[49] 的增加等资源可用性的增加而增加,但随着土壤肥力^[50] 和水分可用性^[51] 的降低而降低。

4 结论

本研究表明,盐碱处理降低了高羊茅根际土壤的有机碳、全氮和有效磷含量,改变了高羊茅根际土壤的微生物多样性、群落组成和网络复杂性。从多样性指标 (Sobs 指数、Shannon 指数、Ace 指数和 Chao 指数) 看出真菌较细菌对盐碱处理更加敏感。不同盐碱处理之间高羊茅根际土壤细菌多样性和群落组成均无显著差异。然而盐碱处理降低了高羊茅根际土壤真菌的多样性并且改变了其群落组成。因此,建议从土壤细菌的角度筛选促进耐盐植物高羊茅生长的根际细菌。

参考文献:

[1] Munns R, Tester M. Mechanisms of salinity tolerance[J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2008, 59: 651 – 681.

- [2] Estrada B, Aroca R, Azcón-Aguilar C, et al. Importance of native arbuscular mycorrhizal inoculation in the halophyte *Asteriscus maritimus* for successful establishment and growth under saline conditions[J]. *Plant Soil*, 2013, 370: 175 – 185.
- [3] Huang R D. Research progress on plant tolerance to soil salinity and alkalinity in sorghum[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2018, 17: 21 – 28.
- [4] Berendsen R L, Pieterse C, Bakker P. The rhizosphere microbiome and plant health[J]. *Trends in Plant Science*, 2012, 17(8): 478 – 486.
- [5] 莫俊杰, 彭诗春, 叶昌辉, 等. 盐胁迫下甘蔗根际土壤微生物量及其酶活性的效应分析[J]. *广东农业科学*, 2016, 43(6): 103 – 108
- [6] Chen G C, He Z L, Wang Y J. Impact of pH on microbial biomass carbon and microbial biomass phosphorus in red soils[J]. *Pedosphere*, 2004, 14(1): 9-15.
- [7] Rath K M, Rousk J. Salt effects on the soil microbial decomposer community and their role in organic carbon cycling: a review[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, 81: 108 – 123.
- [8] 郭潇潇, 王雪莱, 梁海芸, 等. 盐碱胁迫对芸豆根际土壤微生物数量及酶活性的影响[J]. *华北农学报*, 2019, 34(4): 148 – 157.
- [9] Morrissey E M, Gillespie J L, Morina J C, et al. Salinity affects microbial activity and soil organic matter content in tidal wetlands[J]. *Global Change Biology*, 2014, 20: 1351 – 1362.
- [10] Baumann K, Marschner P. Effects of salinity on microbial tolerance to drying and rewetting[J]. *Biogeochemistry*, 2013, 112: 71 – 80.
- [11] 迪力热巴·阿不都肉苏力, 穆耶赛尔·奥斯曼, 祖力胡玛尔·肉孜, 等. 盐碱土壤微生物多样性与生物改良研究进展[J]. *生物技术通报*, 2021, 37(10): 225 – 233.
- [12] Yousuf B, Sanadhya P, Keshri J, et al. Comparative molecular analysis of chemolithoautotrophic bacterial diversity and community structure from coastal saline soils, Gujarat, India[J]. *BMC Microbiology*, 2012, 12(1): 150.
- [13] 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.
- [14] Zhang K, Shi Y, Cui X, et al. Salinity is a key determinant for soil microbial communities in a desert ecosystem[J]. *mSystems*, 2019, 4: e00225 – 18.
- [15] Wichern J, Wichern F, Joergensen R G. Impact of salinity on soil microbial communities and the decomposition of maize in acidic soils[J]. *Geoderma*, 2006, 137: 100 – 108.
- [16] Kamble P N, Gaikwad V B, Kuchekar S R et al. Microbial growth, biomass, community structure and nutrient limitation in high pH and salinity soils from Pravaranagar (India)[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2014, 65: 87 – 95.
- [17] Li X Z, Sun P, Zhang Y N et al. A novel pgpr strain kocu-ria rhizophila y1 enhances salt stress tolerance in maize by regulating phytohormone levels, nutrient acquisition, redox potential, ion homeostasis, photosynthetic capacity and stress responsive genes

- expression[J]. *Environmental and Experimental Botany*, 2020, 174: 104023.
- [18] Liu H, Tang H M, Ni X Z, et al. Effects of the endophyte *Epichloë coenophiala* on the root microbial community and growth performance of tall fescue in different saline-alkali soils[J]. *Fungal Ecology*, 2022, 57-58: 101159.
- [19] Tanveer S K, Zhang J L, Lu X L, et al. Effect of corn residue mulch and N fertilizer application on nitrous oxide (N₂O) emission and wheat crop productivity under rain-fed condition of Loess Plateau China[J]. *International Journal of Agriculture and Biology*, 2014, 16: 505 – 512.
- [20] Chen Y L, Deng Y, Ding J Z, et al. Distinct microbial communities in the active and permafrost layers on the Tibetan Plateau[J]. *Molecular Ecology*, 2017, 26: 6608 – 6620.
- [21] Robertson G, Coleman D, Bledsoe C, et al. Standard soil methods for long-term ecological research[M]. Oxford University Press, New York, 1999.
- [22] 于少鹏, 史传奇, 胡宝忠, 等. 古大湖湿地盐碱土壤微生物群落结构及多样性分析[J]. *生态学报*, 2020, 40(11): 3764 – 3775.
- [23] 张梦阳, 夏 浩, 吕 波, 等. 姜存仓短期生物炭添加对不同类型土壤细菌和氨氧化微生物的影响[J]. *中国农业科学*, 2019, 52: 1260 – 1271.
- [24] Fierer N. Embracing the unknown: disentangling the complexities of the soil microbiome[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, 15: 579 – 590.
- [25] Crowther T W, Van Den Hoogen J, Wan J, et al. The global soil community and its influence on biogeochemistry[J]. *Science*, 2019, 365: eaav0550.
- [26] Saleem M, Hu J, Jousset A. More than the sum of its parts: microbiome biodiversity as a driver of plant growth and soil health[J]. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics*, 2019, 50: 145 – 168.
- [27] Maestre F T, Delgado-Baquerizo M, Jeffries T C, et al. Increasing aridity reduces soil microbial diversity and abundance in global drylands[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States*, 2015, 112: 15684 – 15689.
- [28] Guo X, Feng J J, Shi Z, et al. Climate warming leads to divergent succession of grassland microbial communities[J]. *Nature Climate Change*, 2018, 8: 813 – 818.
- [29] Wang K B, Zhang Y W, Tang Z S, et al. Effects of grassland afforestation on structure and function of soil bacterial and fungal communities[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 676: 396 – 406.
- [30] Baumann K, Dignac M F, Rumpel C, et al. Soil microbial diversity affects soil organic matter decomposition in a silty grass land soil[J]. *Biogeochemistry*, 2013, 114: 201 – 212.
- [31] Liu B S, Hu Y H, Wang Y, et al. Effects of saline-alkali stress on bacterial and fungal community diversity in *Leymus chinensis* rhizosphere soil[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29: 70000 – 70013.
- [32] 张智猛, 慈敦伟, 张冠初, 等. 山东地区盐碱花生种子际土壤微生物群落结构的研究[J]. *微生物学报*, 2017, 57(4): 582 – 596.
- [33] 李 岩, 杨晓东, 秦 璐, 等. 两种盐生植物根际土壤细菌多样性和群落结构[J]. *生态学报*, 2018, 38(9): 3118 – 3131.
- [34] Spain A M, Krumholz L R, Elshahed M S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria[J]. *The ISME Journal*, 2009, 3: 992 – 1000.
- [35] Zhang C, Liu G, Xue S, et al. Soil bacterial community dynamics reflect changes in plant community and soil properties during the secondary succession of abandoned farmland in the Loess Plateau[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, 97: 40 – 49.
- [36] Kersters K, De Vos P, Gillis M, et al. Introduction to the Proteobacteria[J]. *Prokaryotes*, 2006, 5: 3 – 37.
- [37] Brito-Echeverria J, Lucio M, Lopez-Lopez A, et al. Response to adverse conditions in two strains of the extremely halophilic species *Salinibacter ruber*[J]. *Extremophiles*, 2011, 15: 379 – 389.
- [38] Filippidou S, Junier T, Wunderlin T, et al. Under-detection of endospore-forming Firmicutes, in metagenomic data[J]. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 2015, 13: 299 – 306.
- [39] 李明源, 王继莲, 周 茜, 等. 新疆四种盐生植物根际土壤真菌群落结构特征[J]. *生态学报*, 2021, 41(21): 8484 – 8495.
- [40] Hollister E B, Engledow A S, Hammett A J M, et al. Shifts in microbial community structure along an ecological gradient of hypersaline soils and sediments[J]. *The ISME Journal*, 2010, 4(6): 829 – 838.
- [41] Li N, Shao T Y, Zhou Y J, et al. Effects of planting *Melia azedarach* L. on soil properties and microbial community in saline-alkali soil[J]. *Land Degradation and Development*, 2021, 32: 2951 – 2961.
- [42] Singh P, Chauhan P K, Upadhyay S K, et al. Mechanistic insights and potential use of siderophores producing microbes in rhizosphere for mitigation of stress in plants grown in degraded land[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 898979.
- [43] Upadhyay S K, Chauhan P K. Optimization of eco-friendly amendments as sustainable asset for salt-tolerant plant growth-promoting bacteria mediated maize (*Zea Mays* L.) plant growth, Na uptake reduction and saline soil restoration[J]. *Environmental Research*, 2022, 211: 113081.
- [44] Zhang Z C, Feng S C, Luo J Q, et al. Evaluation of microbial assemblages in various saline-alkaline soils driven by soluble salt ion components[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69: 3390 – 3400.
- [45] Qiu L P, Zhang Q, Zhu H S, et al. Erosion reduces soil microbial diversity, network complexity and multifunctionality[J]. *The ISME Journal*, 2021, 15: 2474 – 2489.
- [46] Banerjee S, Walder F, Büchi L, et al. Agricultural intensification reduces microbial network complexity and the abundance of keystone taxa in roots[J]. *ISME Journal*, 2019, 13: 1722 – 1736.
- [47] Barberán A, Bates S T, Casamayor E O, et al. Using network analysis

- to explore co-occurrence patterns in soil microbial communities[J]. *ISME Journal*, 2012, 6: 343 – 351.
- [48] Guo J, Ling N, Chen Z, et al. Soil fungal assemblage complexity is dependent on soil fertility and dominated by deterministic processes[J]. *New Phytologist*, 2020, 226: 232 – 243.
- [49] Zhou J, Deng Y, Luo F, et al. Phylogenetic molecular ecological network of soil microbial communities in response to elevated CO₂[J]. *mBio*, 2011, 2: e00122 – 11.
- [50] Qi G, Ma G, Chen S, et al. Microbial network and soil properties are changed in bacterial wilt-susceptible soil[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2019, 85: e00162 – 19.
- [51] de Vries F T, Griffiths R I, Bailey M, et al. Soil bacterial networks are less stable under drought than fungal networks[J]. *Nature Communication*, 2018, 9: 3033.

Effects of Saline-alkali Treatment on Rhizosphere Soil Microbial Community and Network Complexity of Tall Fescue

TANG Hui-min, NI Xiao-zhen, WANG Ying-chao, ZHANG Ya-jie, LIU Hui*

(College of Life Sciences, Dezhou University, Dezhou 253023, China)

Abstract: [Objective] Tall fescue (*Festuca elata* ‘crossfire II’) was used as the test material to study the effects of different levels of saline-alkali treatment on the diversity, composition and network complexity of bacterial and fungal communities in the rhizosphere soil of tall fescue. [Method] Four salts (NaCl, Na₂SO₄, NaHCO₃, and Na₂CO₃) were mixed in a 9 : 1 : 1 : 9 M ratio, and four treatments of 0 (S₀), 200 (S₁), 400 (S₂) and 600 mmol/L (S₃) were set. Illumina MiSeq high-throughput sequencing was used to measure soil microbial community. [Result] S₁ and S₂ saline-alkali treatments had no significant effect on soil fungal diversity and network complexity compared with S₀ treatment, while S₃ treatment significantly reduced soil fungal diversity and network complexity. Saline-alkali treatment also shifted fungal community composition, with increased relative abundances of dominant phyla Ascomycota and decreased relative abundances of Chytridiomycota. Compared with fungal community, saline-alkali treatment had less effect on soil bacterial community. S₃ saline-alkali treatment reduced the complexity of soil bacterial network, but had no significant effect on bacterial diversity and community composition. SEM showed that the saline-alkali effects on soil fungal community composition were primarily mediated by soil organic carbon and soil available phosphorus). [Conclusion] High concentration saline-alkali treatment reduced the diversity and network complexity of fungi in rhizosphere soil of tall fescue, and changed the composition of fungal community, but had little effect on bacterial community.

Key words: Saline-alkali treatment; Fungal community; Bacterial community; Soil physicochemical property; High-throughput sequencing

[责任编辑：张玉玲]