

研究报告

鄂尔多斯台地盐沼滩地微生物群落与土壤条件分析

何玉实, 何彤慧*, 赵明涛, 陈向全, 崔乔

宁夏大学生态环境学院, 宁夏 银川 750021

何玉实, 何彤慧, 赵明涛, 陈向全, 崔乔. 鄂尔多斯台地盐沼滩地微生物群落与土壤条件分析[J]. 微生物学通报, 2022, 49(3): 911-923

He Yushi, He Tonghui, Zhao Mingtao, Chen Xiangquan, Cui Qiao. Microbial communities and soil conditions in the salt marshes of Ordos platform[J]. Microbiology China, 2022, 49(3): 911-923

摘要:【背景】我国北方内陆区与平原区土地盐碱化问题严重, 针对微生物如何在极端盐碱地植被演替过程中发挥作用的研究鲜有报道。【目的】研究鄂尔多斯台地 5 种不同植被类型的盐沼湿地微生物群落与土壤条件的关系, 筛选出耐盐碱菌群及影响耐盐碱菌群的土壤环境因子。【方法】采用高通量测序技术, 对其微生物细菌群落组成进行了比对分析。【结果】鄂尔多斯盐沼湿地 5 种植被类型土壤细菌群落丰度为: 苔草草甸>杂类草草甸>禾草草甸>肉质耐盐草甸>盐沼裸地; 多样性的排序为: 苔草草甸>杂类草草甸>肉质耐盐草甸>禾草草甸>盐沼裸地; 变形菌门均为 5 种植被类型样地土壤细菌群落丰度最高的菌种, 随 4 种盐沼滩涂湿地的演替, 变形菌门相对丰度存在先增大后减小的趋势, 与异常球菌-栖热菌门的变化趋势相反; 土壤黏粒与芽单胞菌门呈极显著正相关关系, 随土壤粒径增大, 厚壁菌门与其相关性也逐渐增加; 鄂尔多斯台地盐沼滩地的土壤化学指标与细菌群落相关性大小排序是 AK>TP>SOC>TN>AN>AP>pH。【结论】变形菌门为鄂尔多斯盐沼湿地各植被演替阶段丰度最高的菌群, 放线菌纲、 α -变形菌纲、芽单胞菌纲为其纲水平最耐盐菌群; 苔草草甸细菌多样性及丰度最高, 盐碱地区细菌群落对粒径大小的适应性各不相同, 鄂尔多斯台地盐沼湿地细菌群落结构影响最大的土壤环境因子是 AK。

关键词: 盐沼湿地; 土壤理化性质; 高通量测序; 土壤粒径

基金项目: 国家自然科学基金(41761102)

Supported by: National Natural Science Foundation of China (41761102)

*Corresponding author: E-mail: hetonghui@163.com

Received: 2021-09-11; Accepted: 2021-11-01; Published online: 2021-12-07

Microbial communities and soil conditions in the salt marshes of Ordos platform

HE Yushi, HE Tonghui*, ZHAO Mingtao, CHEN Xiangquan, CUI Qiao

School of Ecology and Environment, Ningxia University, Yinchuan 750021, Ningxia, China

Abstract: [Background] Land salinization is serious in inland and plain areas of north China, and the role of microorganisms in the vegetation succession of extreme saline-alkali land has been seldom reported. [Objective] To study the relationship between soil conditions and microbial community in the salt marshes with five types of vegetation (S1: bare; S2: succulent; S3: carex; S4: grass; S5: weeds) on the Ordos plateau, and screen out salt-tolerant bacteria and the soil factors affecting salt-tolerant bacteria. [Methods] Illumina MiSeq high-throughput sequencing was performed to analyze the microbial community composition. [Results] The soil bacterial abundance and diversity in the Ordos salt marshes with 5 different types of vegetation ranked in the order of S3>S5>S4>S2>S1 and S3>S5>S2>S4>S1, respectively. *Proteobacteria* was the most abundant phylum in the soil bacteria of the 5 vegetation types, and its relative abundance first increased and then decreased with the succession of the 4 salt marshes, which was contrary to the trend of *Deinococcus-Thermus*. Soil clay particle had a significantly positive correlation with *Gemmatimonadetes*, and its correlation with *Firmicutes* increased gradually with the increase in soil particle size. The soil chemical properties showing high correlations with bacterial community were in the order of AK>TP>SOC>TN>AN>AP>pH. [Conclusion] *Proteobacteria* was the most abundant bacterial phylum in Ordos salt marshes experiencing vegetation succession, and *Actinomycetes*, *Alphaproteobacteria*, and *Blastomonas* were the classes with stronger salt tolerance. The diversity and abundance of bacteria in S3 were the highest, and the adaptability of bacterial community varied regarding the soil particle size in salt-alkali areas. AK was the most significant soil factor affecting the bacterial community structure in the salt marshes of Ordos platform.

Keywords: salt marsh; soil physical and chemical properties; high-throughput sequencing; soil particle size

土壤盐碱化是生态环境的一种恶化表征,同时也是土地退化的一种主要现象,其严重影响农业的发展^[1]。目前,我国盐碱土总面积约0.33亿hm²,占可利用土地面积的4.88%^[2]。盐碱地生态环境独特,具有特殊的土壤理化特性^[3],具体表现为土壤结构性差、营养匮乏和土壤含盐量高等特点^[4]。鄂尔多斯台地作为我国两大盐碱湖泊分布群之一,其独特的地理位置和特殊的水热组合^[5]使其成为敏感、特殊的生态过渡带,是我国干旱-半干旱区相对独立的自然单元^[6],其盐沼对区域水资源和生态环境保护具有

重要意义。在该地区,盐沼裸地周边的肉质耐盐草甸、苔草草甸、禾草草甸、杂类草草甸有着鲜明的分布格局,其相互间存在一定的演化关系。然而微生物对盐碱湖泊湿地的土壤修复具有重要作用,具体表现为:有效促进植物生长发育和提高水肥的利用效率^[7];通过能量代谢^[8]改善植物根系微环境;形成“低盐、低pH、高有机质”的优质环境^[9]。

目前关于土壤条件与微生物群落之间的关系研究各不相同。许多研究者认为土壤pH是影响土壤细菌群落结构最主要的因素^[10],其次是

氮^[11]、土壤有机碳的含量^[12]和温度^[13]等。大多数科学家认为,多种环境因素共同影响土壤微生物群落结构^[14]。因此深入了解盐碱地区土壤条件和土壤微生物群落结构关系、分离筛选出耐盐碱菌群以及影响耐盐碱菌群的土壤环境因子,对改善盐碱土理化性质及促进植物生长发育具有重要意义^[15]。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区主要位于鄂尔多斯高原,其位于黄河流域中游,海拔 1 100–1 300 m, 37°36′–40°7′N, 107°26′–108°25′E。地处半干旱气候区^[16],年降水量约为 250–440 mm,降水多集中于 7–9 月,占全年降水量的 70%。年平均蒸发量 2 100–2 600 mm。地表径流极少,降水入渗主要以地下水的形式存在,地下水资源丰富,在低洼地区溢出成为湖沼^[17],并且多为浅水型湖泊,是我国两大盐碱湖泊分布群之一^[6]。布设样点包括北大池、菠萝池、烂泥池、苟池、查干淖尔、察汗淖尔、纳林卓尔、达楞图如卓尔、巴彦淖尔、大克泊湖、浩通音查干淖尔和巴嘎淖尔^[18]等 24 个盐碱湖,共 73 组样点。

1.2 土壤采集与分类

于 2019 年 5–6 月在研究区进行样地调查和土壤采集,将研究区 73 组样点划分出肉质耐盐草甸(S2)、苔草草甸(S3)、禾草草甸(S4)和杂类草草甸(S5)等 4 个植被亚型,并以盐沼裸地(S1)为对照样地。使用土钻钻取 0–20 cm 土层,3 次重复,各重复间相距至少 10 m,并剔除土壤样品中石块及植物残体,将土壤样品放在便携式冰盒中带回实验室,过 1 mm 筛,用于 16S rRNA 基因测序,其余土样风干测定土壤理化性质及粒径。

1.3 土壤粒径及理化性质的测定

通过激光衍射粒度分析仪测定土壤粒径,划

分出黏粒(CP<0.002 mm)、粉粒(0.002 mm<S<0.05 mm)、细砂粒(0.05 mm<Fs<0.25 mm)、粗砂粒(0.25 mm<Csg<1 mm)。

土壤总氮(total nitrogen, TN)经过浓硫酸-高氯酸消解后,采用氯化钾溶液提取-分光光度法测定;总磷(total phosphorus, TP)采用碱熔-钼锑抗分光光度法测定;碱解氮(ammonium nitrate, AN)采用纳氏比色法测定;土壤有机碳(soil organic carbon, SOC)采用重铬酸钾容量法测定;速效钾(available potassium, AK)采用火焰光度法测定;有效磷(available phosphorus, AP)采用 0.5 mol/L NaHCO₃ 钼锑抗比色,紫外分光光度计测定;pH 计测定土壤 pH;土壤容重采用环刀法测定^[19]。

1.4 微生物测序

土壤总 DNA 的提取按照 MOBIO PowerSoil[®] DNA Isolation Kit 操作方法提取。在上海美吉生物公司进行测序,采用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')扩增土壤微生物 16S rRNA 基因 V3–V4 区。PCR 产物用 2%琼脂糖凝胶电泳检测,使用 AxyPrep DNA 凝胶回收试剂盒回收 PCR 产物,Tris-HCl 洗脱,2%琼脂糖凝胶电泳检测。将 PCR 产物用 QuantiFluorTM-ST 蓝色荧光定量系统检测,进行相应比例混合^[20],采用 TruSeqTM DNA Sample Prep Kit 进行 MiSeq 文库构建并储存,最终进行 Illumina 测序。

1.5 统计分析

数据采用 Microsoft Excel 2013 进行统计。原始 DNA 测序数据在 USEARCH (V7.0.1090)上处理^[21],采用 RDP Classifier 贝叶斯算法对 97%相似水平的 OTU 代表序列进行分类学分析,运用 Mothur (V1.30.2)得到优化序列,并对序列进行 α 多样性分析,计算丰度指数(Chao1、ACE)和多样性指数(Shannon、Simpson),NMDS 分析

各样本间 OTU 相似性。运用 R 软件计算土壤粒径与所选物种之间的相关性系数,并绘制 Heatmap 图,利用冗余分析(RDA)研究土壤理化性质与细菌群落的关系。

2 结果与分析

2.1 土壤条件

2.1.1 土壤物理指标

通过土壤细菌群落结构差异性分析发现,不同植被演替阶段其样地土壤细菌群落结构不同,推测这可能与其生存的土壤环境有关,因此进一步对土壤物理、化学指标与细菌群落的关系进行研究。表 1 为不同植被群落演替阶段的土壤物理指标。5 种不同植被类型盐沼湿地的土壤含水量大小依次为: S3>S1>S4>S5>S2, 并且与粗砂粒

变化规律相同;土壤黏粒在 S2 中占比最高,在 S3 中占比最小,分别为 46.90%和 26.11%;粉粒在 5 种不同植被类型土壤中差异显著, S2 中占比最高,达到 27.47%;细砂粒在 S1、S3、S4、S5 中占比均超过 40%,并且为各植被类型土壤中占比最高的土壤。

2.1.2 土壤化学指标

不同植被群落演替阶段的土壤化学指标如表 2 所示。TN 在植被演替过程中大致呈逐渐增加的趋势,与 AP 的发展趋势相反;TP 在 S1、S3、S4、S5 中变化不显著,在 S2 中出现最大值;SOC 大小依次为: S5>S3>S4>S2>S1; AK 的组间差异性最小,平均值为 0.250 4 g/kg; AN 的最大值出现在 S5,最小值出现在 S1,分别为 0.069 g/kg 和 0.014 g/kg; pH 在植被演替的过程中呈波状变化,不稳定。

表 1 不同植被群落根际土壤物理指标

Table 1 Rhizosphere soil physical indexes of different vegetation communities

Sampling point	Water content (%)	Cosmid (%)	Sand (%)	Fine sand (%)	Coarse sand (%)
S1	21.33±2.10ab	34.73±3.50b	21.84±1.80ab	40.07±3.40b	3.35±0.80a
S2	13.04±3.20c	46.90±6.30a	27.47±2.60a	25.20±4.10c	0.41±0.03c
S3	25.42±4.20a	26.11±4.20c	14.04±3.00c	56.14±6.80a	3.70±0.90a
S4	17.87±8.60b	38.63±5.30b	17.09±2.10bc	42.49±8.00b	1.78±0.05b
S5	17.42±7.70b	35.39±4.10b	19.88±4.60b	43.81±7.10b	0.91±0.04c

注: 同列不同小写字母表示样本间差异显著($P<0.05$)

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences between samples ($P<0.05$).

表 2 不同植被群落根际土壤化学指标

Table 2 Rhizosphere soil chemical indices of different vegetation communities

Sampling point	Total nitrogen (g/kg)	Total phosphorus (g/kg)	Soil organic carbon (g/kg)	Available potassium (g/kg)	Available phosphorus (g/kg)	Ammonium nitrate (g/kg)	pH
S1	0.200±0.020c	0.304±0.010bc	287.000±5.000c	0.206±0.040c	0.015±0.005a	0.014±0.001c	10.160±0.860a
S2	0.428±0.060bc	0.459±0.060a	507.000±8.000bc	0.244±0.006bc	0.018±0.004a	0.028±0.006c	8.830±0.005b
S3	0.562±0.040b	0.322±0.001b	740.000±9.000b	0.263±0.010b	0.013±0.003b	0.043±0.005b	9.510±0.130ab
S4	0.464±0.009bc	0.357±0.012b	605.000±3.000b	0.298±0.050a	0.007±0.001c	0.023±0.003c	9.110±0.084ab
S5	0.955±0.090a	0.377±0.050b	939.000±9.000a	0.241±0.003bc	0.004±0.001c	0.069±0.008a	9.160±0.250ab

注: 同列不同小写字母表示样本间差异显著($P<0.05$)

Note: Different lowercase letters in the same column indicate significant differences between samples ($P<0.05$).

2.2 土壤细菌群落丰度和多样性差异

5 种植被类型土壤样品的高通量测序以 97%相似度划分, 共得到 29 939 个 OTU。表 3 为 5 种植被类型土壤样品 OTU 数量及多样性指数。Shannon 与 Simpson 指数代表细菌群落 α 多样性指数, 值越大细菌群落多样性越高; Chao1 指数和 ACE 指数用于计算样本中 OTU 总数, Chao1 值越大细菌群落丰度越高。由表 3 可知, 5 种植被类型土壤细菌群落 Chao1 指数和 ACE 指数结果均为 $S3>S5>S4>S2>S1$; Shannon 指数的排序为: $S3>S5>S2>S4>S1$, 而 Simpson 指数表现为 S1 最大, 其余草甸 Simpson 指数变化不明显。

2.3 土壤细菌门水平和纲水平分类

图 1 为鄂尔多斯台地盐沼湿地 5 种不同植被类型样地细菌门水平分类, 将平均丰度低于 1% 的部分合并为 others 在图中显示, 得到总样地丰度前 13 的物种。5 种不同植被类型样地中相对丰度最高的均为变形菌门(*Proteobacteria*)。同

表 3 样地土壤细菌丰度与多样性

Table 3 Abundance and diversity of soil bacteria in sample plots

Sampling 97% similarity					
sites	OTUs	Shannon index	Simpson index	Chao1 index	ACE index
S1	3 014	4.931	0.023	1 417.699	1 400.205
S2	7 254	6.016	0.008	2 491.903	2 498.731
S3	5 434	6.126	0.007	2 945.433	2 943.634
S4	7 350	5.955	0.008	2 558.914	2 589.189
S5	6 887	6.103	0.008	2 889.784	2 933.192

时, 随 4 种盐沼滩涂湿地的更替, 其土壤细菌门分类相对丰度存在一定变化趋势。变形菌门相对丰度存在先增大后减小的趋势, 在 S3 达到最大, 与异常球菌-栖热菌门(*Deinococcus-Thermus*)的变化趋势相反。除变形菌门外, S1 相对丰度最高的是拟杆菌门(*Bacteroidetes*, 17.83%); S2、S3、S4 相对丰度较高的均为放线菌门(*Actinobacteria*); S5 相对丰度最高的是绿弯菌门(*Chloroflexi*, 17.36%)。

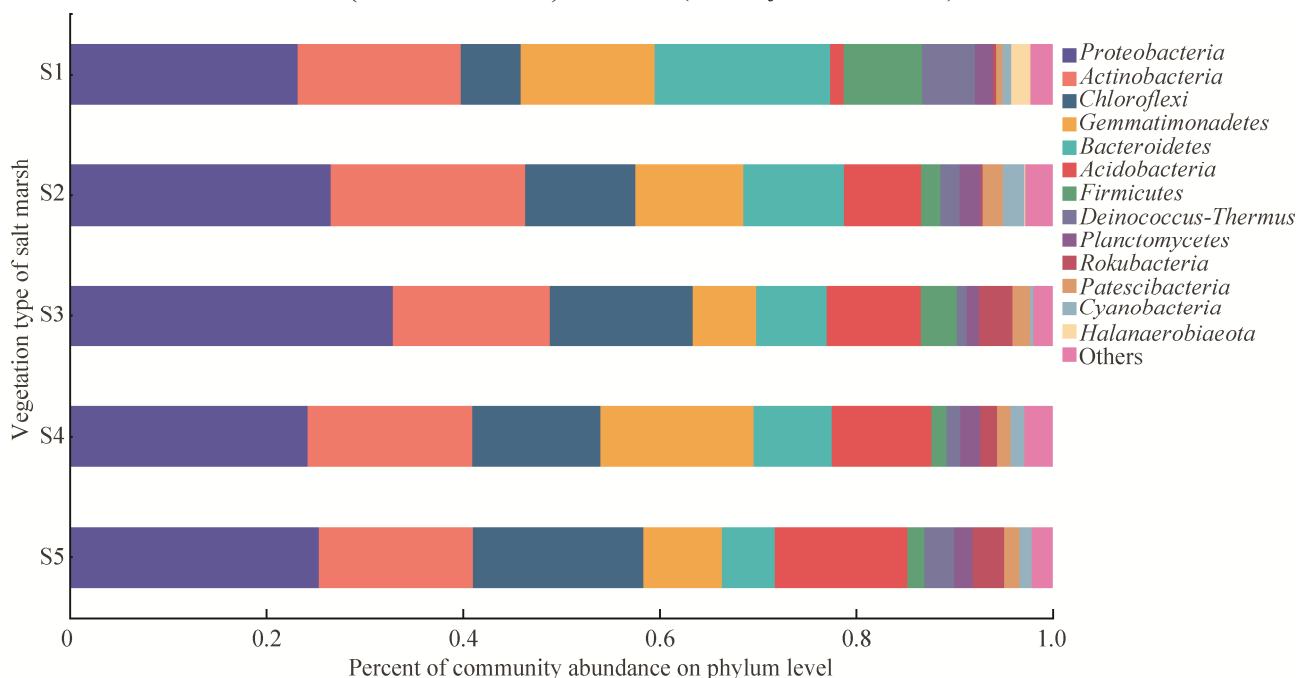


图 1 5 种不同植被类型样地土壤细菌(门水平)群落分类

Figure 1 Classification of soil bacterial communities at phylum level in five different vegetation types.

图 2 为不同植被类型盐沼湿地土壤细菌群落水平分类, 将平均丰度低于 2.5% 的部分合并为 others 在图中显示。各植被类型中的优势纲类均为放线菌纲(*Actinobacteria*)、 α -变形菌纲(*Alphaproteobacteria*)、芽单胞菌纲(*Gemmatimonadetes*)、 γ -变形菌纲(*Gammaproteobacteria*)和拟杆菌纲(*Bacteroidetes*)。然而不同植被类型下各细菌群落优势种相对丰度也存在差异, 放线菌纲的相对丰度变化范围为 15.7%–19.8% (S2>S4>S1>S3>S5), α -变形菌纲为 10.4%–15.4% (S3>S2>S5>S4>S1), 芽单胞菌纲为 6.4%–15.6% (S4>S1>S2>S5>S3), γ -变形菌纲为 7.2%–12.5% (S3>S1>S2>S4>S5), 拟杆菌纲为 3.7%–6.6% (S1>S3>S2>S4>S5)。厌氧绳菌纲(*Anaerolineae*)相对丰度变化为 S5>S3>S4>

S2>S1 与己科河菌纲(*Rhodothermia*)变化相反; δ -变形菌纲(*Deltaproteobacteria*)的相对丰富变化为 S3>S5>S4>S2>S1, 与 NC-10、KD4-96 的丰度变化趋势相同; subgroup_6 与 *Blastocatellia*_subgroup_4 的变化趋势相同, 与梭菌纲(*Clostridia*)、*Ignaribacteria* 的相对丰度变化趋势相反。

2.4 结构差异分析

基于 NMDS 分析显示了不同盐沼滩涂湿地及土壤条件等相关参数对微生物群落 β 多样性的综合影响(图 3)。结果显示 S2、S3、S4 和 S5 的土壤 OTU 置信区间均相交, 表明其细菌群落结构相近; 其中 S1 仅与 S2 的距离相近, 与其他 3 种盐沼滩涂湿地土壤 OTU 组成的差异都较大。空间位置相近的土壤细菌群落结构也相近。

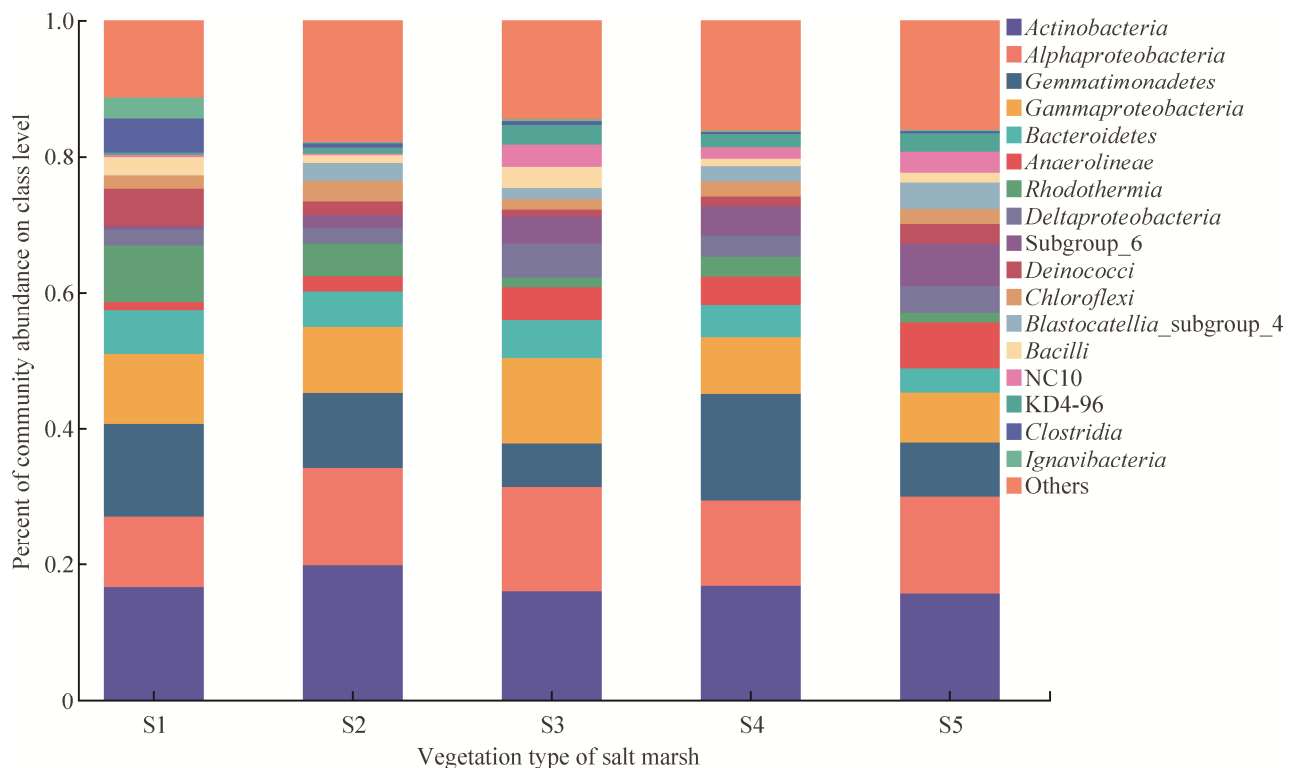


图 2 5 种不同植被类型样地土壤细菌(纲水平)群落分类

Figure 2 Classification of soil bacterial community at class level in five different vegetation types.

2.5 土壤细菌群落与土壤物理、化学指标的关系

2.5.1 土壤细菌群落与土壤物理指标的关系

在已知各植被群落演替阶段的土壤物理指标的基础上,选择丰度前十的细菌群落与土壤各项物理指标建立 Heatmap 图。如图 4 所示, WC 与己科河菌门正相关, 与放线菌门呈显著负相关; 黏粒与芽单胞菌门极显著正相关, 与变形菌门负相关; 粉粒与异常球菌-栖热菌门负相关; 细砂粒与厚壁菌门呈正相关, 与芽单胞菌门负相关; 粗砂粒与厚壁菌门显著正相关, 与芽单胞菌门负相关; 随着黏粒至粗砂粒的粒径转变, 与厚壁菌门的相关性越来越大。

2.5.2 土壤细菌群落与土壤化学指标的关系

图 5 为鄂尔多斯台地土壤细菌门水平群落与土壤化学指标的冗余分析(RDA)结果图, 第一主轴对细菌群落相对丰度方差的解释度为 24.38%, 第二主轴对细菌群落相对丰度方差的

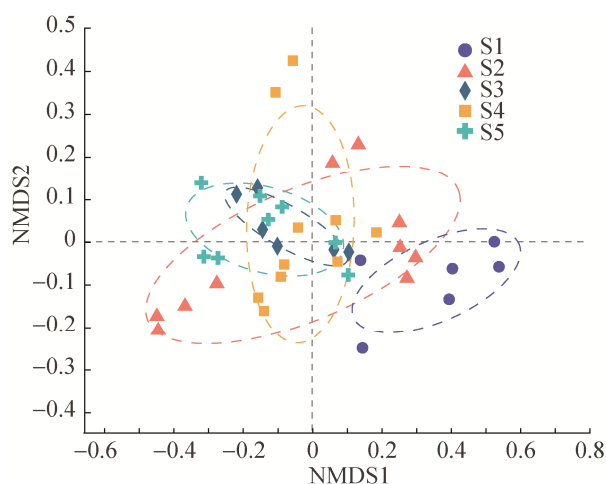


图 3 群落结构差异分析(NMDS)

Figure 3 Analysis of community structure differences (NMDS).

解释度为 13.48%, 两者共解释 37.86% 的方差变化。第一主轴上, AK、AP 和 TP 是主要的影响因子, 相关系数分别为 -0.875、-0.889 和 -0.880。第二主轴上, TN、SOC 和 AN 是主要的影响因

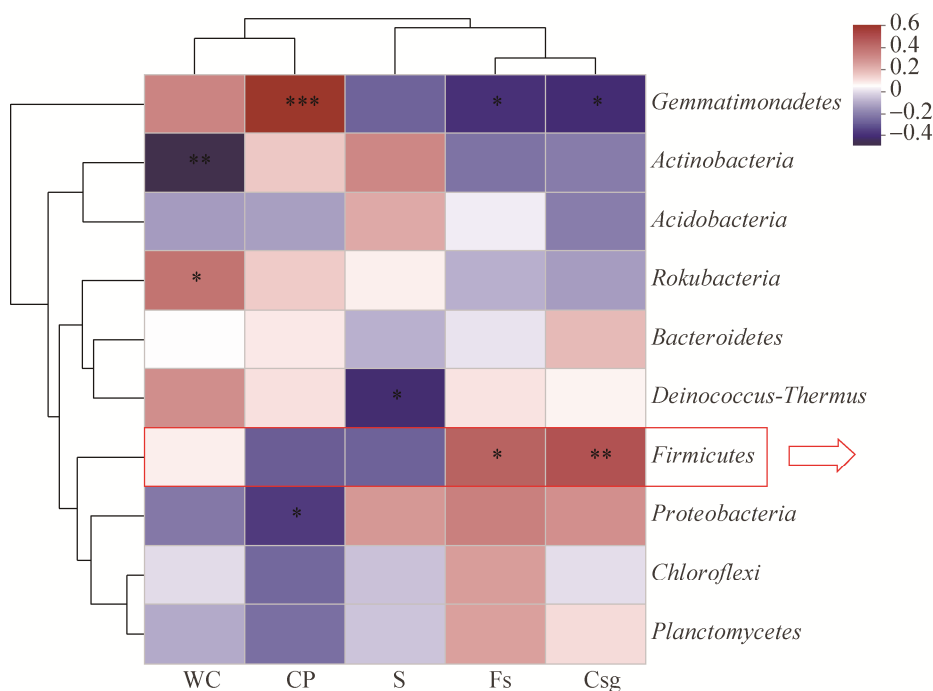


图 4 细菌与土壤物理指标关系图

Figure 4 Graph of relationship between bacteria and soil physical indexes. *: $P < 0.05$; **: $P < 0.01$; ***: $P < 0.001$.

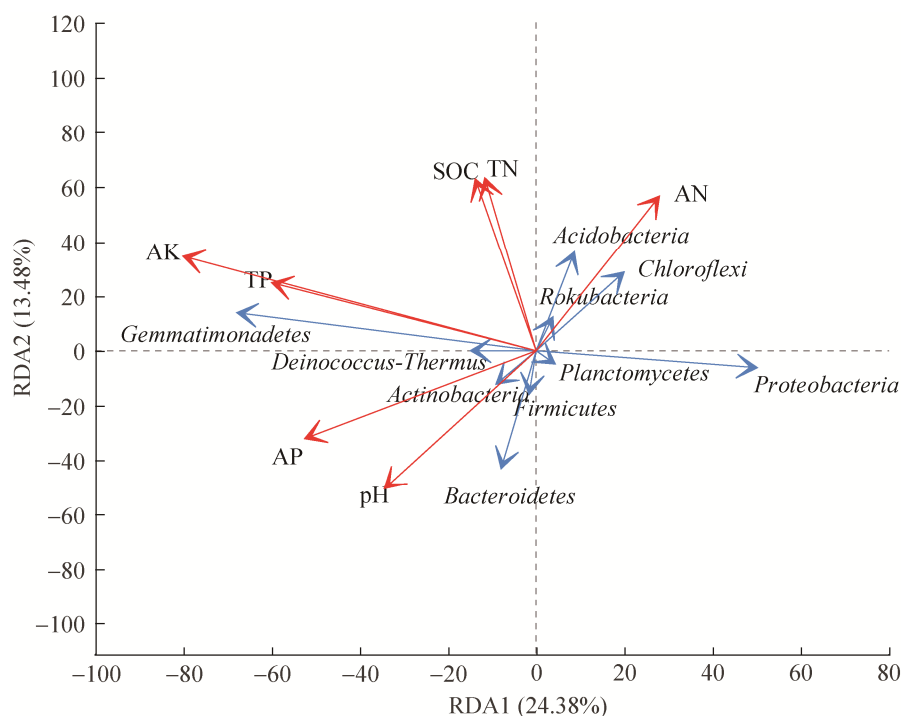


图5 细菌与土壤化学指标关系图

Figure 5 Graph of relationship between bacteria and soil chemical indexes.

子, 相关系数分别为 0.950、0.942 和 0.939。综上, 与鄂尔多斯台地盐沼湿地细菌群落相关性较大的土壤化学指标是 AK、AP、TP、SOC、TN、AN。AK、TP、AP、SOC、TN、pH 之间有较强正相关性, AK、AP 与芽单胞菌门、异常球菌-栖热菌门呈正相关关系, 与变形菌门和浮霉菌门呈显著负相关; AP、pH 与放线菌门、厚壁菌门和拟杆菌门呈正相关关系, 与酸杆菌门、绿弯菌门和己科河菌门负相关, AN 与其关系恰恰相反。

3 讨论

土壤生态系统的稳定性对生态安全具有重要意义。土壤微生物数量巨大且种类丰富, 参与完成元素的生物地球化学循环, 对植物生长、气候调节等陆地生态系统的生态功能起着不可替代的重要作用^[22]。许多研究表明^[23-24], 变形菌门的细菌参与了湖泊生态系统中生物地球化学循

环过程, 变形菌门是湖泊生态系统中的绝对优势菌群。本研究发现, 在鄂尔多斯台地盐沼滩涂湿地中, 变形菌门为丰度最高的类群, 达到 26%, 证明了这一观点。Fierer 等^[25]和 DeAngelis 等^[26]研究发现, 变形菌门在各种植被根际微生物中占优势, 是因为其在各种植被的根际环境中增长速度最快导致。同时, 变形菌门作为土壤细菌群落的一大类, 很多研究都证明了变形菌门具有最高的相对丰度^[27-30]。

在盐碱环境中变形菌门包含 α -变形菌纲、 β -变形菌纲和 δ -变形菌纲等, 它们可以提高土壤的固氮能力^[31], 并且可以利用有机物的分解作用产生氨气和甲烷等营养物质, 对湿地氮、磷等有机质循环有重要作用^[32]。在本研究中, 不同植被类型土壤细菌群落的 α -变形菌纲、 γ -变形菌纲和 δ -菌变形菌纲均是相对丰度前 8 的物种, 并且研究区土壤 pH 值在 9.11–10.16 之间, 呈碱性,

也进一步验证了变形菌门为碱性土壤中的主要优势群落。

不同物种在样地内丰度不同,一方面是因为其自身所遗传的功能特性不同;另一方面,也与所处环境中的土壤化学和物理特性有关^[33-35]。研究样地土壤细菌群落丰度和多样性均为苔草草甸最高,这可能与其含水量及植被覆盖度有关。野外调查发现,苔草草甸的植被覆盖度很高,并且其样点内植物种类丰富。不同植物根系对其周围的土壤细菌有一定的选择性,其可以利用自身根系的生理活动^[14],改变某些细菌的丰度或多样性,使其细菌群落结构更有利于植物的生长发育^[36]。覆盖度通过影响土壤含水量间接影响其土壤氮磷比等,进而对细菌群落丰度产生一定的影响,Gordon 等^[37]研究发现,较高的土壤含水量可提高土壤微生物活性,从而增加土壤微生物的丰富度及多样性。

研究发现,土壤含水量与土壤细菌呈负相关,这是由于土壤含水量的减少,增加了土壤的通气性,提高了土壤有机质与养分的效应,改善了土壤水热状况与营养状况^[38],使土壤环境更适合微生物的生存与繁殖;但土壤含水量与己科河菌门呈正相关关系,可能是由于不同物种对土壤含水量的阈值不同而造成的。同时,发现黏粒与芽单胞菌门呈极显著正相关,说明芽单胞菌门更倾向在土壤粒径<20 μm 的环境中生存。值得注意的是,随着土壤粒径的增大,厚壁菌门的相关性逐渐增强,当土壤为粗砂粒时,厚壁菌门与其呈显著正相关关系,推测厚壁菌门可能更喜欢在土壤粒径更大的环境中生存。这也可能与其所处环境中的植被类型有关,在本实验中,厚壁菌门所处环境以寸草群落为优势种,寸草为中度耐盐植物,且寸草群落在研究区环境中土壤含水量最大,其粒径也最大。赵娇等^[39]也发现,中度耐盐植物根际环境中存在较多的变形菌门和厚

壁菌门细菌,而在轻度耐盐植物根际环境中,酸杆菌门和芽单胞菌门细菌丰度较高,这与物种的耐盐性有关。以上说明,土壤质地的分化对微生物群落组成差异具有指向性。

大量研究表明,土壤 pH 等理化因子是土壤细菌多样性形成的驱动因子^[40],如土壤有机碳、氮和磷含量高的生境更适合土壤细菌的生长,土壤细菌多样性也随之增加^[41]。在本研究中,土壤 AK 是影响研究区土壤细菌最大的环境因子,土壤 pH 并不是最重要的驱动因子,这与 Bryant 等^[42]的研究不一致,这可能是由于小区域尺度上,土壤 pH 变化幅度较小有关^[43]。图 4 中,酸杆菌门与土壤 pH 呈显著负相关关系,这是因为酸杆菌门具有很强的嗜酸性,这一结论与很多研究者的研究结果相同^[44-45]。同时,也有研究发现酸杆菌门不同亚群的相对丰度与土壤 pH 值有不同的相关关系^[46]。RDA 分析表明,变形菌门仅与 AN 具有一定的正相关关系,而与 AK、TP 呈显著负相关关系,与 Song 等^[47]的研究结果相同。绿弯菌门与 SOC 呈正相关,这一结果与 Kang 等^[48-49]的研究结果相似。绿弯菌门是一类通过光合作用,以 CO_2 为碳源产生能量的细菌^[50],在 SOC 含量较低的土壤中具有竞争能力^[51]。综上所述,土壤微生物虽然分布广、适应性强,但特定区域的微生物群落组成受到特定环境因素的调控^[52]。细菌的单个基因组内经常有 16S rRNA 基因的多样性^[53],本研究的 73 组样点中,共有 2 091 906 条优化细菌基因序列,并且大部分细菌具有 16S rRNA 基因多拷贝。采用细菌 16S rRNA 基因文库的方法计算细菌多样性和相对丰度,可能在一定程度上高估细菌多样性和相对丰度。本研究选择 16S rRNA 基因 V3-V4 区来评估细菌多样性,相对来说可降低对其基因多样性的高估。

4 结论

(1) 鄂尔多斯盐沼湿地 5 种植被类型土壤细菌群落丰度为：苔草草甸>杂类草草甸>禾草草甸>肉质耐盐草甸>盐沼裸地；多样性的排序为：苔草草甸>杂类草草甸>肉质耐盐草甸>禾草草甸>盐沼裸地。

(2) 变形菌门均为 5 种植被类型样地土壤细菌群落丰度最高的类群；不同植被类型的盐沼湿地其优势纲类相同，均为放线菌纲、 α -变形菌纲、芽单胞菌纲。

(3) 土壤黏粒与芽单胞菌门呈极显著正相关关系；随土壤粒径增大，厚壁菌门与其相关性也逐渐增加；鄂尔多斯湿地的土壤化学指标与细菌群落相关性大小排序是 AK>TP>SOC>TN>AN>AP>pH。

REFERENCES

- [1] 杜滢鑫, 谢宝明, 蔡洪生, 唐璐, 郭长虹. 大庆盐碱地九种植物根际土壤微生物群落结构及功能多样性[J]. 生态学报, 2016, 36(3): 740-747
Du YX, Xie BM, Cai HS, Tang L, Guo CH. Structural and functional diversity of rhizosphere microbial community of nine plant species in the Daqing saline-alkali soil region[J]. Acta Ecologica Sinica, 2016, 36(3): 740-747 (in Chinese)
- [2] Lim SJ, Shin MN, Son JK, Song JD, Cho KH, Lee SH, Ryu JH, Cho JY. Evaluation of soil pore-water salinity using a decagon GS3 sensor in saline-alkali reclaimed tidal lands[J]. Computers and Electronics in Agriculture, 2017, 132: 49-55
- [3] Zhang XJ, Yao Q, Cai ZP, Xie XL, Zhu HH. Isolation and identification of myxobacteria from saline-alkaline soils in Xinjiang, China[J]. PLoS One, 2013, 8(8): e70466
- [4] Wang WJ, He HS, Zu YG, Guan Y, Liu ZG, Zhang ZH, Xu HN, Yu XY. Addition of HPMA affects seed germination, plant growth and properties of heavy saline-alkali soil in northeastern China: comparison with other agents and determination of the mechanism[J]. Plant and Soil, 2011, 339(1/2): 177-191
- [5] 侯光才, 赵振宏, 王晓勇, 龚蓓, 尹立河. 黄河中游鄂尔多斯高原内流区与闭流区的形成机理: 基于水循环的分析[J]. 地质通报, 2008, 27(8): 1107-1114
Hou GC, Zhao ZH, Wang XY, Gong B, Yin LH. Formation mechanism of interior drainage areas and closed drainage areas of the Ordos Plateau in the middle reaches of the Yellow River, China based on an analysis of the water cycle[J]. Geological Bulletin of China, 2008, 27(8): 1107-1114 (in Chinese)
- [6] 陈晓江. 鄂尔多斯高原湖泊动态及其生态系统功能研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古大学博士学位论文, 2016
Chen XJ. Dynamic and ecosystem function research of the lakes in Ordos plateau[D]. Hohhot: Doctoral Dissertation of Inner Mongolia University, 2016 (in Chinese)
- [7] Zhao X, Zhu HS, Dong KH, Li DY. Plant community and succession in lowland grasslands under saline-alkali conditions with grazing exclusion[J]. Agronomy Journal, 2017, 109(5): 2428-2437
- [8] Chu HY, Sun HB, Tripathi BM, Adams JM, Huang R, Zhang YJ, Shi Y. Bacterial community dissimilarity between the surface and subsurface soils equals horizontal differences over several kilometers in the western Tibetan Plateau[J]. Environmental Microbiology, 2016, 18(5): 1523-1533
- [9] Fu J, Xiao Y, Wang YF, Liu ZH, Yang KJ. *Trichoderma* affects the physiochemical characteristics and bacterial community composition of saline-alkaline maize rhizosphere soils in the cold-region of Heilongjiang province[J]. Plant and Soil, 2019, 436(1/2): 211-227
- [10] Griffiths RI, Thomson BC, James P, Bell T, Bailey M, Whiteley AS. The bacterial biogeography of British soils[J]. Environmental Microbiology, 2011, 13(6): 1642-1654
- [11] Cederlund H, Wessén E, Enwall K, Jones CM, Juhanson J, Pell M, Philippot L, Hallin S. Soil carbon quality and nitrogen fertilization structure bacterial communities with predictable responses of major bacterial phyla[J]. Applied Soil Ecology, 2014, 84: 62-68
- [12] Sul WJ, Asuming-Brempong S, Wang Q, Turlousse DM, Penton CR, Deng Y, Rodrigues JLM, Adiku SGK, Jones JW, Zhou JZ, et al. Tropical agricultural land management influences on soil microbial communities through its effect on soil organic carbon[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 65: 33-38
- [13] Oliverio AM, Bradford MA, Fierer N. Identifying the microbial taxa that consistently respond to soil warming across time and space[J]. Global Change Biology, 2017, 23(5): 2117-2129

- [14] 朱瑞芬, 刘杰淋, 王建丽, 韩微波, 申忠宝, 李达. 两种不同生境羊草根际土壤细菌群落多样性与环境因子的研究[J]. 草地学报, 2020, 28(3): 652-660
Zhu RF, Liu JL, Wang JL, Han WB, Shen ZB, Li D. Study on bacterial community diversity and environmental factors in rhizosphere soil of *leymuschinensis*[J]. Acta Agrestia Sinica, 2020, 28(3): 652-660 (in Chinese)
- [15] Yang F, Zhang GX, Yin XR, Liu ZJ. Field-scale spatial variation of saline-sodic soil and its relation with environmental factors in Western Songnen Plain of China[J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2011, 8(2): 374-387
- [16] 许素寒, 朱雅娟, 吴彩霞, 李蕴. 鄂尔多斯高原 3 个水土保持树种的水分利用策略[J]. 应用生态学报, 2020, 31(9): 2885-2892
Xu SH, Zhu YJ, Wu CX, Li Y. Water utilization strategy of three soil and water conservation trees on Ordos Plateau, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2020, 31(9): 2885-2892 (in Chinese)
- [17] 郑帅, 王琳, 柳长顺, 梁犁丽, 陈根发. 鄂尔多斯毛乌素沙地湖泊水环境质量特征及多元统计分析[J]. 水利水电技术: 中英文, 2021, 52(5): 129-138
Zheng S, Wang L, Liu CS, Liang LL, Chen GF. Water environment quality characteristics and multivariate statistical analysis of lakes in muus sandy land of Ordos[J]. Water Resources and Hydropower Engineering, 2021, 52(5): 129-138 (in Chinese)
- [18] 冯艳琼. 荒漠草原区盐生草甸湿地土壤理化特性、盐分阈值及微生物响应研究[D]. 银川: 宁夏大学硕士学位论文, 2020
Feng YQ. Study on soil physical and chemical properties, salinity thresholds and microbial responses of saline meadows wetlands in desert steppe[D]. Yinchuan: Master's Thesis of Ningxia University, 2020 (in Chinese)
- [19] 张蕊. 高寒草地植物氮素利用与草地退化对土壤及根系碳/糖的影响[D]. 兰州: 兰州大学硕士学位论文, 2015
Zhang R. Comparison of nitrogen utilization by alpine plants and the influence of pasture degradation on soil and root carbon/carbohydrate in alpine meadow[D]. Lanzhou: Master's Thesis of Lanzhou University, 2015 (in Chinese)
- [20] 王鹏, 肖汉玉, 张华, 刘君政. 鄱阳湖入湖河口沉积物细菌群落特征[J]. 中国环境科学, 2018, 38(4): 1481-1489
Wang P, Xiao HY, Zhang H, Liu JZ. Bacterial communities in the estuarine sediment of Poyang Lake[J]. China Environmental Science, 2018, 38(4): 1481-1489 (in Chinese)
- [21] Edgar RC. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, 26(19): 2460-2461
- [22] Gans J, Wolinsky M, Dunbar J. Computational improvements reveal great bacterial diversity and high metal toxicity in soil[J]. Science, 2005, 309(5739): 1387-1390
- [23] Zhang JX, Yang YY, Zhao L, Li YZ, Xie SG, Liu Y. Distribution of sediment bacterial and archaeal communities in plateau freshwater lakes[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, 99(7): 3291-3302
- [24] Hempel M, Blume M, Blindow I, Gross EM. Epiphytic bacterial community composition on two common submerged macrophytes in brackish water and freshwater[J]. BMC Microbiology, 2008, 8(1): 1-10
- [25] Fierer N, Bradford MA, Jackson RB. Toward an ecological classification of soil bacteria[J]. Ecology, 2007, 88(6): 1354-1364
- [26] DeAngelis KM, Brodie EL, DeSantis TZ, Andersen GL, Lindow SE, Firestone MK. Selective progressive response of soil microbial community to wild oat roots[J]. The ISME Journal, 2009, 3(2): 168-178
- [27] Yun JL, Ju YW, Deng YC, Zhang HX. Bacterial community structure in two permafrost wetlands on the Tibetan Plateau and Sanjiang plain, China[J]. Microbial Ecology, 2014, 68(2): 360-369
- [28] 刘海燕, 王敬敬, 赵维, 李晴晴, 陈云, 易正炳, 吕新, 黄志勇. 塔里木河中下游流域棉田及胡杨林土壤细菌群落结构及多样性研究[J]. 微生物学通报, 2019, 46(9): 2214-2230
Liu HY, Wang JJ, Zhao W, Li QQ, Chen Y, Yi ZB, Lyu X, Huang ZY. Structure of soil bacteria community and diversity in cotton field and *Euphrates poplar* forest in the middle and lower reaches of Tarim river basin[J]. Microbiology China, 2019, 46(9): 2214-2230 (in Chinese)
- [29] 姜雪薇, 马大龙, 臧淑英, 张冬有, 孙弘哲. 高通量测序分析大兴安岭典型森林土壤细菌和真菌群落特征[J]. 微生物学通报, 2021, 48(4): 1093-1105
Jiang XW, Ma DL, Zang SY, Zhang DY, Sun HZ. Characteristics of soil bacterial and fungal community of typical forest in the Greater Khingan Mountains based on high-throughput sequencing[J]. Microbiology China, 2021, 48(4): 1093-1105 (in Chinese)
- [30] Peng M, Jia HB, Wang QY. The effect of land use on bacterial communities in saline-alkali soil[J]. Current

- Microbiology, 2017, 74(3): 325-333
- [31] Dedysh SN, Rieke P, Liesack W. NifH and NifD phylogenies: an evolutionary basis for understanding nitrogen fixation capabilities of methanotrophic bacteria[J]. Microbiology: Reading, England, 2004, 150(Pt 5): 1301-1313
- [32] Lv X, Yu JB, Fu YQ, Ma B, Qu FZ, Ning K, Wu HF. A meta-analysis of the bacterial and archaeal diversity observed in wetland soils[J]. The Scientific World Journal, 2014, 2014: 437684
- [33] Fierer N, Ladau J, Clemente JC, Leff JW, Owens SM, Pollard KS, Knight R, Gilbert JA, McCulley RL. Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States[J]. Science, 2013, 342(6158): 621-624
- [34] 白晓旭, 史荣久, 尤业明, 盛华芳, 韩斯琴, 张颖. 河南宝天曼不同林龄与林型森林土壤的细菌群落结构与多样性[J]. 应用生态学报, 2015, 26(8): 2273-2281
Bai XX, Shi RJ, You YM, Sheng HF, Han SQ, Zhang Y. Bacterial community structure and diversity in soils of different forest ages and types in Baotianman forest, Henan province, China[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2015, 26(8): 2273-2281 (in Chinese)
- [35] Fierer N, Ladau J, Clemente JC, Leff JW, Owens SM, Pollard KS, Knight R, Gilbert JA, McCulley RL. Reconstructing the microbial diversity and function of pre-agricultural tallgrass prairie soils in the United States[J]. Science, 2013, 342(6158): 621-624
- [36] Ziegler M, Engel M, Welzl G, Schlöter M. Development of a simple root model to study the effects of single exudates on the development of bacterial community structure[J]. Journal of Microbiological Methods, 2013, 94(1): 30-36
- [37] Gordon H, Haygarth PM, Bardgett RD. Drying and rewetting effects on soil microbial community composition and nutrient leaching[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2008, 40(2): 302-311
- [38] 李会科. 渭北旱地苹果园生草的生态环境效应及综合技术体系构建[D]. 杨凌: 西北农林科技大学博士学位论文, 2008
Li HK. Eco-environmental effect and integrated technical system of green cover in apple orchard in Weibei dryland farming areas[D]. Yangling: Doctoral Dissertation of Northwest A&F University, 2008 (in Chinese)
- [39] 赵娇, 谢慧君, 张建. 黄河三角洲盐碱土根际微环境的微生物多样性及理化性质分析[J]. 环境科学, 2020, 41(3): 1449-1455
- Zhao J, Xie HJ, Zhang J. Microbial diversity and physicochemical properties of rhizosphere microenvironment in saline-alkali soils of the Yellow River Delta[J]. Environmental Science, 2020, 41(3): 1449-1455 (in Chinese)
- [40] Rousk J, Brookes PC, Bååth E. The microbial PLFA composition as affected by pH in an arable soil[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, 42(3): 516-520
- [41] Delgado-Baquerizo M, Reich PB, Khachane AN, Campbell CD, Thomas N, Freitag TE, Abu Al-Soud W, Sørensen S, Bardgett RD, Singh BK. It is elemental: soil nutrient stoichiometry drives bacterial diversity[J]. Environmental Microbiology, 2017, 19(3): 1176-1188
- [42] Bryant JA, Lamanna C, Morlon H, Kerkhoff AJ, Enquist BJ, Green JL. Microbes on mountainsides: contrasting elevational patterns of bacterial and plant diversity[J]. PNAS, 2008, 105(Supplement 1): 11505-11511
- [43] Hu YJ, Xiang D, Veresoglou SD, Chen FL, Chen YL, Hao ZP, Zhang X, Chen BD. Soil organic carbon and soil structure are driving microbial abundance and community composition across the arid and semi-arid grasslands in Northern China[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2014, 77: 51-57
- [44] Shen CC, Xiong JB, Zhang HY, Feng YZ, Lin XG, Li XY, Liang WJ, Chu HY. Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2013, 57: 204-211
- [45] Jones RT, Robeson MS, Lauber CL, Hamady M, Knight R, Fierer N. A comprehensive survey of soil acidobacterial diversity using pyrosequencing and clone library analyses[J]. The ISME Journal, 2009, 3(4): 442-453
- [46] Navarrete AA, Kuramae EE, De Hollander M, Pijl AS, van Veen JA, Tsai SM. Acidobacterial community responses to agricultural management of soybean in Amazon forest soils[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013, 83(3): 607-621
- [47] Song H, Li Z, Du B, Wang G, Ding Y. Bacterial communities in sediments of the shallow Lake Dongping in China[J]. Journal of Applied Microbiology, 2012, 112(1): 79-89
- [48] Kang BT, Bowatte S, Hou FJ. Soil microbial communities and their relationships to soil properties at different depths in an alpine meadow and desert grassland in the Qilian mountain range of China[J]. Journal of Arid Environments, 2021, 184: 104316
- [49] 林春英, 李希来, 张玉欣, 孙华方, 李成一, 金立群,

- 杨鑫光, 刘凯. 黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应[J]. 环境科学, 2021, 42(8): 3971-3984
- Lin CY, Li XL, Zhang YX, Sun HF, Li CY, Jin LQ, Yang XG, Liu K. Responses of different degradation stages of alpine wetland on soil microbial community in the Yellow River source zone[J]. Environmental Science, 2021, 42(8): 3971-3984 (in Chinese)
- [50] Klatt CG, Liu ZF, Ludwig M, K hl M, Jensen SI, Bryant DA, Ward DM. Temporal metatranscriptomic patterning in phototrophic *Chloroflexi* inhabiting a microbial mat in a geothermal spring[J]. The ISME Journal, 2013, 7(9): 1775-1789
- [51] 王鹏, 陈波, 张华. 基于高通量测序的鄱阳湖典型湿地土壤细菌群落特征分析[J]. 生态学报, 2017, 37(5): 1650-1658
- Wang P, Chen B, Zhang H. High throughput sequencing analysis of bacterial communities in soils of a typical Poyang Lake wetland[J]. Acta Ecologica Sinica, 2017, 37(5): 1650-1658 (in Chinese)
- [52] 方圆, 王妮, 姚晓东, 彭晓茜. 我国北方温带草地土壤微生物群落组成及其环境影响因素[J]. 北京大学学报(自然科学版), 2017, 53(1): 142-150
- Fang Y, Wang W, Yao XD, Peng XQ. Soil microbial community composition and environmental controls in northern temperate steppe of China[J]. Journal of Peking University: Natural Sciences, 2017, 53(1): 142-150 (in Chinese)
- [53] Sun DL, Jiang X, Wu QL, Zhou NY. Intragenomic heterogeneity of 16S rRNA genes causes overestimation of prokaryotic diversity[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(19): 5962-5969