



煤矿区土壤细菌群落结构及其对不同复垦模式的响应

张世文 蔡慧珍 张燕海 董祥林 刘俊 俞静

引用本文:

张世文, 蔡慧珍, 张燕海, 等. 煤矿区土壤细菌群落结构及其对不同复垦模式的响应[J]. 煤炭科学技术, 2024, 52(2): 338–349.

ZHANG Shiwen, CAI Huizhen, ZHANG Yanhai. Soil bacterial community structure in coal mining area and its response to different reclamation patterns[J]. Coal Science and Technology, 2024, 52(2): 338–349.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.12438/cst.2023-1117>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

黄淮平原矿区土地复垦对微生物群落结构和功能的影响

Effects of land reclamation on soil microbial community structure and function in the Huang–Huai plain mining area
煤炭科学技术. 2023, 51(11): 223–233 <https://doi.org/10.13199/j.cnki.cst.2023-0036>

采煤沉陷区复垦对土壤细菌群落组装及固碳功能的影响

Effects of land reclamation on soil bacterial community assembly and carbon sequestration function in coal mine subsidence area:
taking Dongtan Mining Area as an example
煤炭科学技术. 2024, 52(1): 345–354 <https://doi.org/10.12438/cst.2023-1221>

露天采煤区不同复垦处理下植物多样性及其与土壤酶活性和养分的关系

Plant diversity and its relationship with soil enzyme activities and nutrients under different reclamation treatments in open-pit coal
mining area
煤炭科学技术. 2023, 51(S2): 316–327 <https://doi.org/10.13199/j.cnki.cst.2022-2224>

土壤微生物及酶活性对露天矿不同土壤重构方式的响应特征

Response characteristics of soil microorganisms and enzyme activities to different soil remodeling modes in open-pit mine
煤炭科学技术. 2022, 50(9): 249–260 <http://www.mtkxjs.com.cn/article/id/a8308372-8744-4b78-abd7-7d4297133260>

煤矿区复垦土壤的生物改良研究进展

Research progress of biological improvement of reclaimed soil in coal mining area
煤炭科学技术. 2020, 48(4) <http://www.mtkxjs.com.cn/article/id/d826881c-0a94-4ffa-813f-243f87a03a9e>

植被恢复类型对露采矿山复垦土壤丰富和稀有微生物类群的影响

Impacts of vegetation restoration type on abundant and rare microflora in reclaimed soil of open-pit mining area
煤炭科学技术. 2024, 52(2): 363–377 <https://doi.org/10.12438/cst.2023-1882>



关注微信公众号，获得更多资讯信息



移动扫码阅读

张世文,蔡慧珍,张燕海,等.煤矿区土壤细菌群落结构及其对不同复垦模式的响应[J].煤炭科学技术,2024,52(2):338-349.

ZHANG Shiwen, CAI Huizhen, ZHANG Yanhai, et al. Soil bacterial community structure in coal mining area and its response to different reclamation patterns[J]. Coal Science and Technology, 2024, 52(2): 338-349.

煤矿区土壤细菌群落结构及其对不同复垦模式的响应

张世文¹,蔡慧珍¹,张燕海²,董祥林²,刘俊³,俞静¹

(1.安徽理工大学 地球与环境学院,安徽淮南 232001;2.淮北矿业集团有限责任公司,安徽淮北 235000;

3.平安煤炭开采工程技术研究院有限责任公司,安徽淮南 232001)

摘要:科学揭示不同复垦模式土壤细菌群落稳定性及其潜在互作关系对于复垦土地差异化管理及可持续利用至关重要。本文以挖深垫浅、煤矸石充填和粉煤灰充填3种模式复垦土壤为研究对象,基于高通量 Illumina Miseq 16S rRNA 测序技术,采用方差分析、Spearman 相关性等分析方法,研究不同复垦模式下的土壤细菌群落结构和多样性。通过构建分子生态网络模型,揭示不同复垦模式下土壤细菌群落的稳定性及菌群间潜在互作关系,明晰对细菌群落结构稳定性起关键作用的微生物种群。结果表明:①不同复垦模式土壤细菌群落的多样性与丰富度水平有显著差异($P<0.05$),均表现为挖深垫浅>煤矸石充填>粉煤灰充填;不同复垦模式土壤细菌群落组成相似,变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和拟杆菌门是所有模式土壤中的优势菌门,在各复垦模式土壤细菌群落中的占比之和均达70%以上。②不同复垦模式下土壤细菌群落的显著影响因子不同,部分优势细菌门与影响因子间的变化趋势不同,有机质含量是影响挖深垫浅复垦土壤细菌群落组成的主要影响因素,pH是影响煤矸石与粉煤灰充填复垦土壤细菌群落组成的主要影响因素。③挖深垫浅复垦土壤细菌网络复杂,群落联系紧密,能更好地传递物质、能量和信息;煤矸石充填复垦土壤细菌网络内部节点间的连通度低,但菌群信息交换速度慢,拥有4个关键节点,网络相对稳定;粉煤灰充填复垦的土壤细菌网络规模最小,节点连通度不高,在外界环境发生变化时反应快,网络稳定性最差。3种复垦模式土壤细菌群落间关系均以协同合作为主导,煤矸石充填复垦土壤细菌群落间的协同合作关系占比最高。本文揭示了3种不同复垦模式下土壤细菌群落结构与分子生态网络差异,研究结果可为高潜水位采煤塌陷区土地复垦模式的优选以及人为干预方式的选择提供支撑。

关键词:土地复垦;微生物多样性;分子生态网络;采煤沉陷区

中图分类号:TD88; S154.3 文献标志码:A 文章编号:0253-2336(2024)02-0338-12

Soil bacterial community structure in coal mining area and its response to different reclamation patterns

ZHANG Shiwen¹, CAI Huizhen¹, ZHANG Yanhai², DONG Xianglin², LIU Jun³, YU Jing¹

(1. School of Earth and Environment, Anhui University of Science and Technology, Huainan 232001, China; 2. Huabei Mining Group Co., Ltd., Huabei 235000, China; 3. Ping An Coal Mining Engineering Technology Research Institute Co., Ltd., Huainan 232001, China)

Abstract: Scientific revelation of soil bacterial community stability and potential interactions between different reclamation models is essential for differentiated management and sustainable use of reclamation land. The diversity of soil bacterial communities under different reclamation modes was studied by analysis of variance and Spearman correlation based on high-throughput Illumina Miseq 16S rRNA sequencing technology. By constructing a molecular ecological network model, the stability of soil bacterial communities and the potential interaction relationships between microbiota under different reclamation modes were revealed, and the microbial populations that play a key role in the stability of bacterial community structure were clarified. The results showed that: ① There were significant differences in

收稿日期:2023-08-01 责任编辑:黄小雨 DOI:10.12438/cst.2023-1117

基金项目:国家重点研发计划资助项目(2020YFC1908601);淮北矿业集团科技研发资助项目(2022-103, 2023-209)

作者简介:张世文(1978—),男,安徽合肥人,教授,博士生导师。E-mail: mamin1190@126.com

the diversity and richness of soil bacterial communities in different reclamation models ($P<0.05$), which were manifested as deep digging of shallow > gangue filling > fly ash filling. The composition of soil bacterial communities in different reclamation models was similar, Proteobacteria, Acidobacteria Actinomycetes and Bacteroides were the dominant phylum in all model soils, with their combined proportions accounting for over 70% of the soil bacterial communities in each reclamation mode. ②The significant influencing factors on soil bacterial communities varied among different reclamation models, and the change trend between some dominant bacterial phyla and influencing factors was different. Organic matter content was identified as the main influencing factor for deep digging and shallow reclaimed soil bacterial community composition, while pH played a major role in the composition of soil bacterial communities in reclaimed soil filled with gangue and fly ash. ③The soil bacterial networks in the deep digging and shallow reclamation models are complex, with closely connected communities that facilitate the transmission of substances, energy, and information. In contrast, the connectivity between nodes in the bacterial network of gangue filling soil is low, but the exchange of information within the network is slow. It has four key nodes and relatively stable network structure. The soil bacterial network of fly ash filling reclamation is the smallest, with low node connectivity. However, it responds quickly to changes in the external environment, but has the poorest network stability. The relationships between soil bacterial communities in the three reclamation models are characterized by collaborative cooperation, with the highest proportion of synergistic cooperation observed in gangue filling reclamation. This study reveals the differences in soil bacterial community structure and molecular ecological networks under different reclamation modes, providing support for the optimization of land reclamation strategies and the selection of intervention methods in areas with high groundwater levels caused by coal mining subsidence.

Key words: land reclamation; microbial diversity; molecular ecological networks; coal mining subsidence area

0 引言

煤炭产业是我国最大的能源产业^[1],伴随着煤炭工业的发展以及开采程度的加大,采矿所造成地表沉陷、裂缝等问题频繁产生,同时,植被衰减、土地功能退化与生物多样性锐减使得粮煤矛盾日益尖锐^[2-5]。针对高潜水位粮煤复合区域,国内外提出并实践了多种沉陷区复垦模式,如挖深垫浅、粉煤灰和煤矸石充填等。不同复垦模式效果不同,土地复垦的关键在于合理重构一个新土体,使复垦土壤的物理、化学和生物(微生物)条件达到稳定、合理的水平^[6-7],模式的优选和后期合理人为干预对于实现矿区复垦土地的可持续高效利用意义重大。

作为土壤生态系统的重要组分,微生物对环境变化的反应极其灵敏,是土壤重构的核心^[8]。近年来,基于高通量测序技术,针对正常土壤、扰动土壤和新构土壤,围绕着微生物群落结构、功能以及多样性等方面开展了广泛研究。如樊文华等^[9]对不同种植年限的复垦土壤进行了研究,发现随着年限的增长微生物总量增加,复垦 13 a 土壤微生物总数高达 $1\,448.19 \times 10^5$ CFU/g, 和正常土壤相当。ZHANG 等^[10]认为复垦对土壤细菌群落的丰富度具有提高作用,随着时间的推移,细菌群落发育的愈加成熟,多样性和均匀度增加。侯湖平等^[11]对比不同复垦年限煤矸石充填土壤发现,随着年限的增加,土壤优势菌群的类型不变,但是数量结构在变。微生物种群间的相互作用通常形成复杂的互作网络,从而影响整个群落的结构与功能。分子生态网络为阐明微生物群落的物种

共发生模式提供了强大工具。CHEN 等^[12]研究了土壤真菌与细菌群落对露天煤矿开采扰动的差异发现,真菌的物种多样性较低,但真菌群落比细菌群落更稳定。马静等^[13]研究东部平原矿区土壤环境因子、固碳基因和固碳菌门的互作网络发现,长时间复垦活动增强了三者间互作关系,且随着复垦时长的增加,网络趋于复杂、紧密,干扰耐受性更高。GUO 等^[14]对比了采煤沉陷区不同生态修复类型下土壤微生物分子生态网络发现自然恢复区的网络规模最小,但模块化高,微生物群落稳定性较好。杨贤房等^[15]研究稀土矿区不同生境下土壤细菌群落,发现耕地种植使得分子生态网络规模增大、路径长度减小。由此可见,从不同复垦年限到不同土地利用类型的复垦土壤细菌群落结构以及生态网络广受关注,但对于采煤沉陷区不同复垦模式土壤微生物互作机制的差异研究相对偏少。

不同复垦模式下土壤生境差异明显。重构土壤的物理结构与化学属性不同,使得微生物的组成、多样性和功能不同,因此,有必要科学全面地揭示微生物种群特征。分子生态网络方法可进一步揭示微生物种群间的潜在互作关系、发现关键功能类群。当前,针对同一模式不同复垦时间、不同复垦方向以及不同管理条件下的微生物多样性开展了大量研究,但针对不同复垦模式土壤微生物群落多样性以及种群互作机制差异知之甚少。针对当前的研究现状与不足,以不同复垦模式下的复垦土壤为研究对象,基于高通量测序技术,结合分子生态网络等分析方法,探索不同复垦模式对土壤微

生物群落结构与种群互作关系的影响,寻找对群落生态稳定性起关键作用的微生物种群,以期为高潜水位采煤沉陷区复垦模式的优选提供一定科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

两淮采煤沉陷区是我国东部高潜水位采煤沉陷区的典型代表之一。该区地形以平原为主,属暖温带半湿润季风气候,四季分明,雨水适中,农作物种

类以小麦、玉米为主,是我国重要的粮食产区。因长期的井工开采导致了农田大面积沉陷,土地损伤严重的同时,对当地的农业生产也造成了不利影响。选择区域内挖深垫浅(DP)、煤矸石充填(GS)和粉煤灰充填(FH)三种典型采煤沉陷区复垦模式作为研究对象。选定3个复垦地块,复垦方向均为耕地,种植模式均为小麦—玉米轮作,覆土厚度为60 cm左右,复垦年限为10年,DP、GS和FH三个复垦地分别位于两淮矿区的海孜煤矿、新庄孜煤矿以及平圩电厂粉煤灰堆放场(图1)。

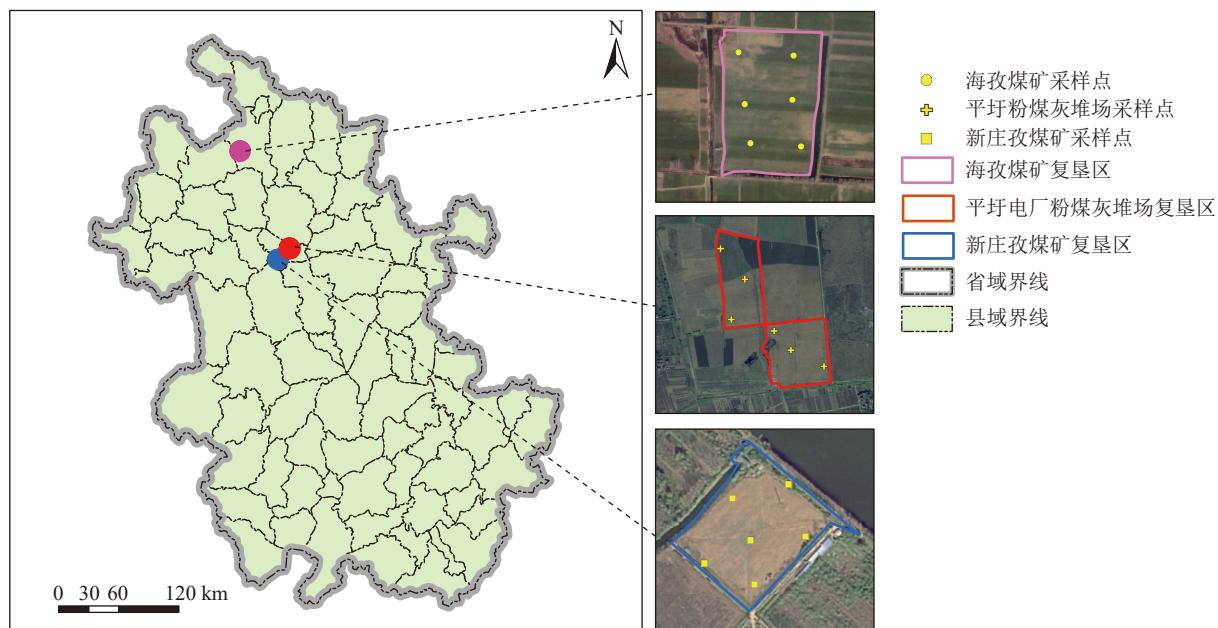


图1 研究区位置和采样点分布

Fig.1 Study area location and sampling point distribution map

1.2 样品采集

采样工作完成于2019年6月,从每块复垦样地内各采集6份去除表面凋落物的耕层(0~20 cm)土壤样品,每份样品为3个点的混合。将所采回土样中的石块与动植物残体等杂质去除并混匀后分成2份:一份平铺在盘中于阴凉通风的房间内自然风干,待半干时将大土块碾碎,全部风干后保留300 g左右用于理化指标的测定;另一份于-80 °C冰箱中保存用于后续高通量测序。

1.3 理化指标测定

土壤pH、土壤有机质、有效磷、速效钾和全氮含量的试验方法如下^[16]: pH用pH计(BPH-252)测定(1:2.5土/水质量比);有机质(Soil Organic Matter, SOM)的测定采用重铬酸钾容量法-外加热法;有效磷(Available Phosphorus, AP)的测定采用0.5 mol/L NaHCO₃浸提-钼锑抗比色法;速效钾

(Available Kalium, AK)的测定采用1 mol/L NH₄OAc浸提-火焰光度法;全氮(Total Nitrogen, TN)采用Vario MAXRO Cube元素分析仪测定,结果见表1。

1.4 土壤细菌16S rRNA基因测序

1.4.1 DNA提取、纯化及PCR扩增

使用1%琼脂糖凝胶电泳对DNA的完整性与纯度进行检测,同时利用Nano Drop One对DNA的浓度和纯度进行检测^[17]。将DNA组作为模板进行PCR扩增和产物电泳检测,使用Gene Tools Analysis Software(版本4.03.05.0, Syn Gene)比较PCR产物浓度后,按等质量原理计算出各样品所需的体积,并将PCR产物进行混合。采用的引物序列为5'-GT-GCCAGCMGCCGCGGTAA-3'和5'-GGACTACHV-GGGTWTCTAAT-3',扩增样品中原核生物V4可变区构建高通量测序文库,用E.Z.N.A.Gel Extraction Kit回收试剂盒对PCR混合产物进行回收,并用TE

表1 不同复垦模式土壤理化性质

Table 1 Basic physical and chemical properties of soils with different reclamation models

| 复垦模式 | pH | 有效磷含量/(mg·kg ⁻¹) | 速效钾含量/(mg·kg ⁻¹) | 全氮含量/(g·kg ⁻¹) | 有机质含量/(g·kg ⁻¹) |
|------|------------|------------------------------|------------------------------|----------------------------|-----------------------------|
| DP | 8.13±0.17a | 27.46±9.43a | 303.65±16.27ab | 0.90±0.18a | 21.34±6.50a |
| FH | 7.64±0.87a | 28.55±10.31a | 271.40±20.33b | 1.25±0.46a | 17.25±3.91a |
| GS | 7.82±0.10a | 17.65±6.38a | 388.00±85.67a | 1.40±0.21a | 20.23±3.04a |

注: 数值=平均值±标准误差, 每列后缀小写字母不同代表组间差异达到显著水平($P<0.05$)。

缓冲液洗脱、回收目标 DNA 片段。

1.4.2 文库构建及高通量测序

按照 NEB Next Ultra DNA Library Prep Kit DNA Library Prep Kit for Illumina 标准流程进行建库操作, 完成后在高通量测序平台 Miseq 上进行上机测序^[18]。测序得到的原始图像数据文件, 经碱基识别(Base Calling)后分析转化为原始测序序列(Raw Reads), 将结果以 FASTQ 文件格式存储, 其中包含测序序列(Reads)信息及其对应的测序质量信息。

1.5 数据处理与分析

1.5.1 生物信息学分析

对采集的所有样品拼接过滤后的 clean tags 进行聚类, 生成 OTU(Operational Taxonomic Unit), 同时将嵌合体清除^[19]。选择具有代表性的序列(OUT), 以 0.8 为其置信度阈值, 与 SILVA 数据库对比获得物种注释信息, 分别统计界、门、纲、属、种水平的群落组成^[20], 将所得数据统一记录在 excel 表中。Alpha 多样性指数(Chao1、ACE、Shannon、Simpson 和 Richness)、群落物种组成与影响因子的 Mantel Test 相关性检验及菌群与影响因子间 Spearman 相关性分析在 R studio 软件中利用 R vegan 包计算完成, 所得结果用 R ggplot2 包制图。用 SPSS 20.0 对 Alpha 指数进行单因素方差分析(ANOVA, analysis of variance), 在 Origin9.0 中绘制 Alpha 指数柱状图。

1.5.2 网络构建与分析

首先对高通量测序获得的 OTU 进行标准化处理, 对序列总数加和位于前(80%)的 OTU 按 1g 转换后, 以随机矩阵理论(Random Matrix Theory, RMT)算法为基础, 计算出不同相似阈值条件下的相关矩阵所对应的邻接矩阵, 对阈值进行调整, 直至该邻接矩阵的特征值近似于 Poisson 分布, 相关系数超过此阈值则认为其种间相关性显著, 然后得出节点的连接强度, 以此构成邻接矩阵确定分子生态网络的节点与边。基于此, 计算(节点数、连接数、平均路径长度、平均聚类系数)等网络特征参数, 采用 Fast greedy 算法进行模块优化, 对模块聚类计算, 一个网络包括若

干模块, 每个模块都是一个功能单位^[21]。节点特征参数(模块内连通度 Z_i 、模块间连通度 P_i), 模块特征向量的计算、网络的构建与分析在 Molecular Ecological Network Analysis Pipeline 平台进行, 输出结果的可视化在 Gephi0.9.2 中完成。

2 结果与分析

2.1 不同复垦模式土壤细菌群落结构分析

2.1.1 不同复垦模式土壤细菌群落组成分析(门水平、科水平)

采集土壤样品共检出 49 个门, 763 个科, 将相对丰度<1% 的门类合并为其他, 微生物群落相对丰度(门水平)如图 2 所示。不同复垦模式土壤中的优势细菌门大致相同, 但相对丰度有明显差异。共有的优势菌门包括: 变形菌门(*Proteobacteria*)、酸杆菌门(*Acidobacteria*)、放线菌门(*Actinobacteria*)和拟杆菌门(*Bacteroidetes*), 四者的相对丰度总和在各模式土壤中均占 70% 以上, 是复垦土壤中常见的优势菌群。其中变形菌门最为丰富, 在 DP、FH 和 GS 土壤中占比范围分别为(25.1%~40.9%)、(40.8%~53.5%)和(30.0%~38.6%), 酸杆菌门其次, 在 DP、FH 和 GS 土壤中所占比例范围分别为(9.6%~23.0%)、(13.1%~22.2%)和(9.3%~17.6%)。从结果来看, DP 土壤中浮霉菌门(*Planctomycetes*)与拟杆菌门占比较高。酸杆菌门与变形菌门在 FH 土壤中的占比较高; GS 土壤中的芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)占比较高。

为进一步区分不同模式土壤细菌群落组成差异, 选取相对丰度>1% 的优势科合并后绘制堆叠图(如图 3)。结果显示, 拟杆菌门下的鞘氨醇单胞菌科(*Pyrinomonadaceae*)与噬几丁质菌科(*Chitinophagaceae*)、变形菌门下的伯克氏菌科(*Burkholderiaceae*)是总占比排名前 3 的科, 在 DP、FH 和 GS 土壤样品中占比之和分别为 10.98%、23.53% 和 16.94%。鞘脂单胞菌科(*Sphingomonadaceae*)在 FH 土壤群落中的占比高达 13.01%, 在 DP 与 GS 中的占比不超

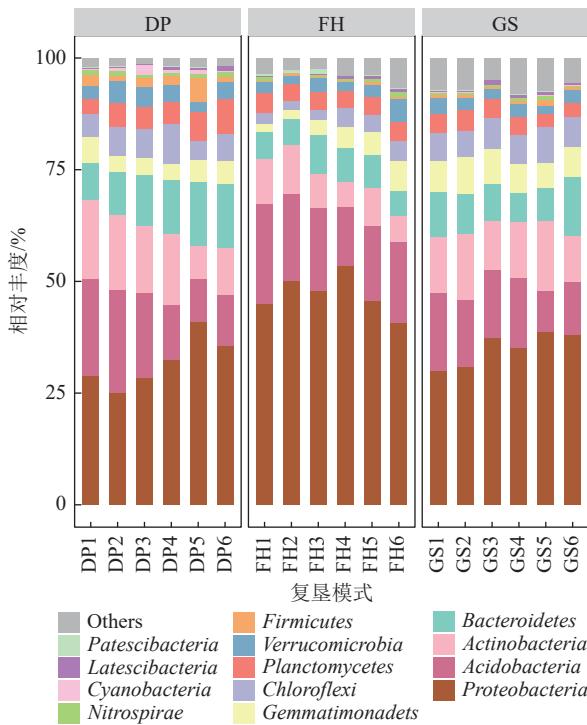


图2 不同复垦模式土壤细菌优势门相对丰度
Fig.2 Relative abundance of soil bacterial dominance phylum in different reclamation modes

过3%, *Microscillaceae*科在FH微生物群落中的占比为0.37%,而在其他样品中占比均在2%以上。与其他样品相比,鞘氨醇单胞菌科在DP微生物群落中的丰度较高(5.18%),噬几丁质菌科(*Chitinophagaceae*)与芽单胞菌科(*Gemmatimonadaceae*)在GS微生物群落中的丰度较高,分别为7.07%和6.44%。

2.1.2 不同复垦模式土壤细菌群落 α 多样性指数

多样性指数可较好地反映微生物群落的丰富度与多样性^[22],高通量测序结果显示,土壤样品的覆盖率(good's coverage)均大于97%,表明测序数据量合理。ANOVA分析表明(图4),3种复垦模式土壤样品的细菌多样性指数(Richness、Shannon、Simpson、Chao1和ACE)均存在显著差异($P<0.05$),对复垦模式有明显响应,且均表现为挖深垫浅最高,其次是煤矸石充填,粉煤灰充填最低。其中,挖深垫浅的Richness指数比粉煤灰充填和煤矸石充填高出25%以上。

2.2 不同复垦模式土壤细菌群落影响因素分析

为探明细菌群落物种组成与影响因子间的相关性,将细菌群落组成与各理化指标进行Mantel Test相关性检验,结果见表2: DP土壤细菌群落物种组成受SOM影响最大,呈显著正相关($p<0.05$),且随着物种差异的增大,pH、AP、AK、TN和SOM的值均增大($r>0$)。FH土壤细菌群落物种组成受

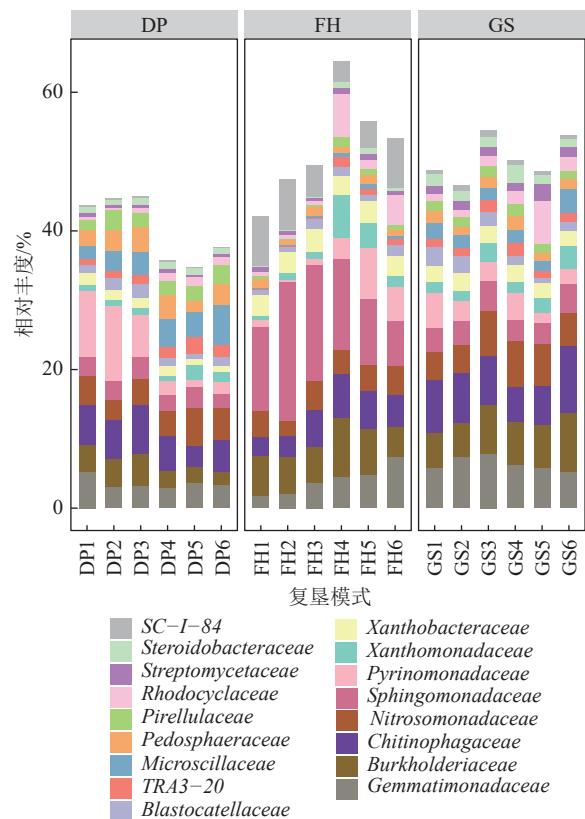
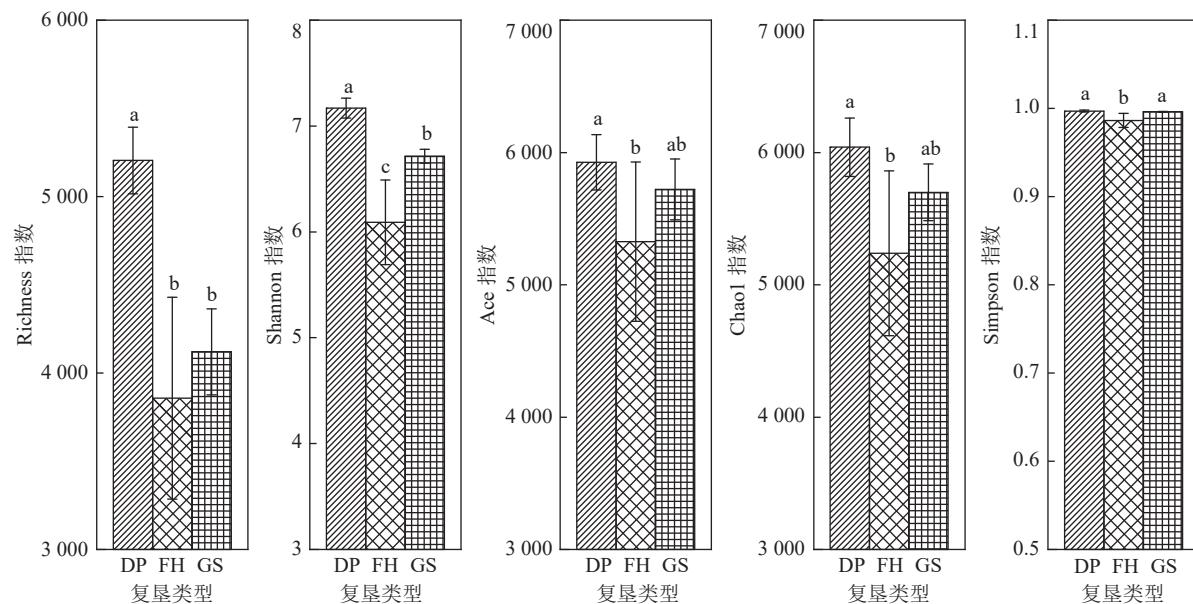


图3 不同复垦模式土壤细菌优势科相对丰度
Fig.3 Relative abundance of soil bacterial dominance in different reclamation modes

pH影响最大($r=0.021, p<0.05$),除AP以外($r<0$),其他四项因子的数值大小均随着细菌群落物种组成差异的增大而增大。pH是造成GS土壤细菌群落物种组成差异的显著影响因素,与TN和SOM值大小呈反比,pH、与AP和AK值大小呈正比。由此可见,不同复垦模式下土壤细菌群落组成的显著影响因子不同,与影响因子间的正负相关性也有所不同。

为明晰在与土壤的互作关系中起作用的细菌种群,将各模式土壤优势细菌门与各影响因子间进行spearman相关性分析,并将结果绘制成热图。由图5所示具有显著关系的有: DP土壤中AP与拟杆菌门(*Bacteroidetes*)呈显著正相关($P<0.05$),与浮霉菌门(*Planctomycetes*)呈极显著正相关($P<0.01$);AK与装甲菌门(*Armatimonadetes*)呈显著($P<0.05$)负相关,与放线菌门(*Actinobacteria*)呈极显著($P<0.05$)的负相关;SOM与匿杆菌门(*Latescibacteria*)存在极显著正相关($P<0.01$)。FH土壤中pH与放线菌门、匿杆菌门呈显著正相关;AP与酸杆菌门(*Acidobacteria*)呈极显著负相关,与蓝细菌门呈显著负相关;AK与绿弯菌门(*Chloroflexi*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)



注: 误差棒代表标准误差, 不同小写字母代表组间差异达到显著水平($P<0.05$)

图 4 不同复垦模式土壤细菌群落 α 多样性指数

Fig.4 Diversity index α soil bacteria in different reclamation modes

表 2 Mantel 检验细菌群落与影响因子的相关性

Table 2 Mantel examines the correlation between bacterial community species composition and impact factors

| 影响因子 | DP | | FH | | GS | |
|------|-------|--------|--------|--------|--------|--------|
| | r | p | r | p | r | p |
| pH | 0.021 | 0.457 | 0.721 | 0.025* | 0.691 | 0.047* |
| AP | 0.200 | 0.182 | -0.064 | 0.492 | 0.051 | 0.400 |
| AK | 0.075 | 0.308 | 0.468 | 0.101 | 0.025 | 0.417 |
| TN | 0.657 | 0.056 | 0.504 | 0.085 | -0.050 | 0.518 |
| SOM | 0.743 | 0.024* | 0.132 | 0.240 | -0.089 | 0.597 |

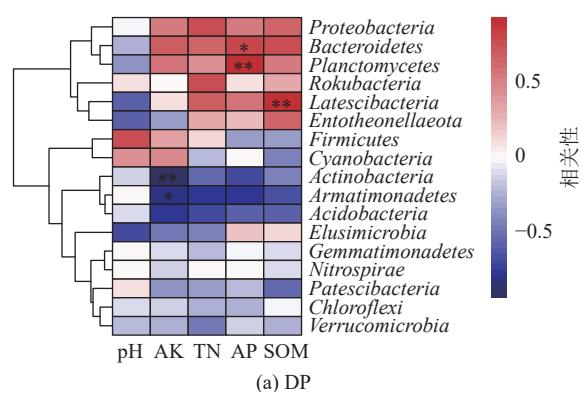
注: *和**分别表示 $P<0.05$ 和 $P<0.01$, 根据两组变量矩阵分别计算获得Bray-Curtis距离后, 用距离测度矩阵进行Mantel tests检验。

和硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)存在显著负相关, 与厚壁菌门(*Firmicutes*)呈显著正相关; TN与绿弯菌门、疣微菌门和放线菌门间存在显著负相关, 与拟杆菌门呈显著正相关。GS土壤中AP与厚壁菌门(*Firmicutes*)呈显著正相关, pH与浮霉菌门呈显著正相关, 与变形菌门呈极显著正相关。

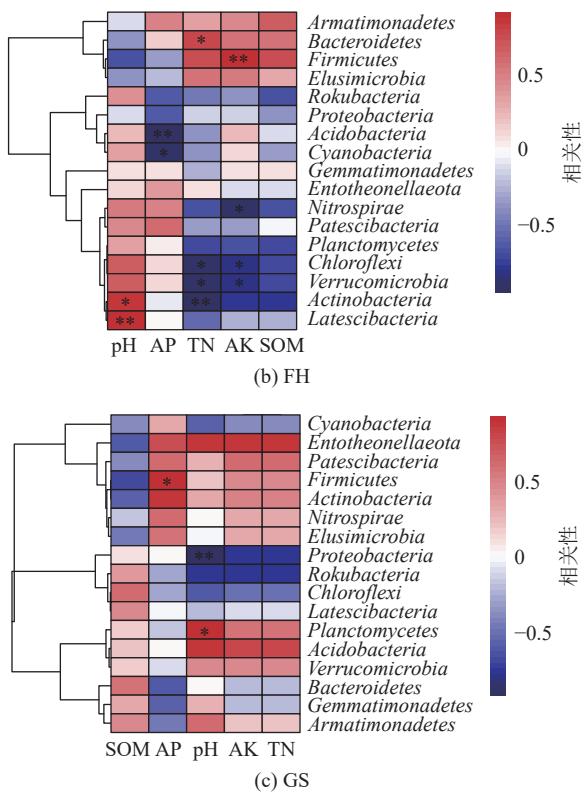
2.3 不同复垦模式土壤细菌分子生态网络分析

分子生态网络具有可视化表达种群间互作关系、发现关键功能类群的作用, 对于探索微生物种群共发生模式与群落的生态稳定性具有重大意义^[23]。取平行样本中OTU丰度数加和大于等于80%的为输入项构建网络, 并计算主要特征参数来描述网络结构(图6)。由表3可知, 3个网络的阈值相似, 分别为0.98、0.98和0.96, 网络的模块性值分别为0.83、0.90、0.90, 均大于随机网络的模块性值, 说明网络具有模块化特征^[24]。

菌群间相互作用对维持网络稳定具有重要作用, 与FH和GS相比, DP细菌网络的总节点数、总连接数、模块数和平均连通度明显较高。DP细菌网络的规模更大, 节点间连接强度更高, 物种丰富度与相互作用关系更为复杂。相较GS(10.42), DP(6.14)与FH(6.85)的网络具有较短的路径距离, 路径距离代



(a) DP



注: *、**分别表示 $P<0.05$ 、 $P<0.01$

图5 菌门与土壤影响因子的 spearman 相关性分析

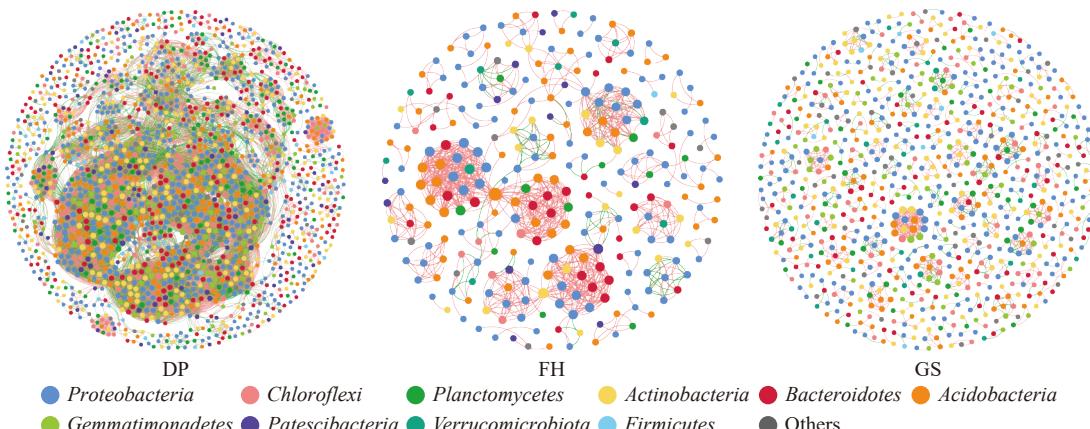
Fig.5 Heat of spearman correlation between phylum and soil environmental factors

表物种之间传递物质、能量与信息的速率^[25],说明 GS 土壤细菌间信息、能量等传递速度较慢,但外界

环境发生变化的情况下,细菌群落可以保持相对稳定,DP 和 FH 土壤的细菌网络对环境变化的响应速度较快。网络平均聚类系数代表节点的聚合紧密程度,DP 土壤细菌网络的聚类系数远大于 FH 和 GS。分子生态网络节点间作用存在正相关和负相关,正相关代表两者存在共生、协作关系,负相关代表竞争、捕食关系,构建的 3 个网络节点间关系均为正相关占优,不同模式正相关占比大小为: GS>FH>DP。

总的来看,DP 模式的细菌网络规模庞大,关系复杂,信息传递速度较快,菌群间连接紧密;FH 模式的细菌网络规模小,菌群间联通度低,网络的平均路径距离短,对环境变化响应速度快,稳定性最差;GS 模式的网络规模处于 DP 与 FH 之间,菌群间联系不紧密,路径距离长,物质能量与信息等输送较慢,网络稳定性一般。3 种复垦模式的细菌网络菌群间作用关系均为正相关占优,GS 模式的正相关占比最高,DP 模式最低。

网络共包含 2097 个节点 OTU(如图 7),其中关键节点 6 个,DP 细菌网络含 OTU2027(拟杆菌门)1 个连接节点;FH 细菌网络含 OTU381(酸杆菌门)1 个模块枢纽;GS 细菌网络含 4 个连接节点,分别是:OTU159(变形菌门)、OTU34(酸杆菌门)、OTU104(酸杆菌门)、OTU581(变形菌门)。酸杆菌门所占的关键节点最多,其门下的 OTU381 作为模块枢纽起着维持网络稳定的作用,变形菌门与拟杆菌门的



注: 红色线条表示负相关,绿色线条表示正相关;节点大小代表度中心性大小

图6 不同复垦模式土壤细菌群落的共现网络

Fig.6 Interaction networks between reclaimed soil microflora molecular ecological network reclamation

表3 不同复垦模式土壤微生物分子生态网络特征参数

Table 3 Characteristic parameters of soil microbial molecular ecological network in different reclamation modes

| 分组 | 相似度阈值 | 总节点数 | 总连接数 | 平均连通度 | 平均路径距离 | 平均聚类系数 | 模块数 | 模块性 |
|----|-------|------|------|--------|--------|--------|-----|-------|
| DP | 0.98 | 920 | 8121 | 22.076 | 6.135 | 0.819 | 167 | 0.831 |
| FH | 0.98 | 224 | 230 | 2.054 | 6.854 | 0.227 | 54 | 0.9 |
| GS | 0.96 | 555 | 677 | 2.44 | 10.415 | 0.209 | 93 | 0.9 |

部分菌群作为连接节点在网络连接上发挥着重要作用。

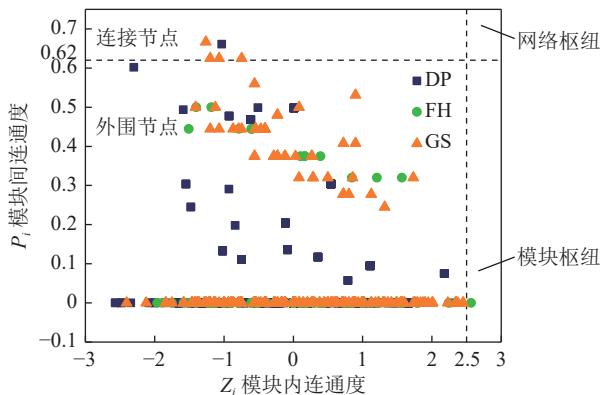


图 7 微生物分子生态网络的 Z_i 、 P_i 拓扑分布

Fig.7 Topological distribution of Z_i and P_i of soil microbial

3 讨 论

微生物在矿区土壤生态系统的重建中发挥着重要作用^[26]。从各多样性指数来看,不同复垦模式下土壤细菌群落的多样性水平存在显著差异,且均表现为挖深垫浅最高,煤矸石充填复垦高于粉煤灰充填复垦(图 4)。相较于充填复垦,挖深垫浅的 Richness 指数更有大幅度提高,说明挖深垫浅更有利于土壤细菌群落多样性的提升。水分含量高的土壤更有利于细菌群落多样性发展^[27]。由于淹水厌氧环境限制了有机质的分解消耗,可利用微生物能量增加,且水体连通性使得土壤内部物质周转缓和,可缓解外部环境扰动对微生物的影响,从而呈现出水分参与的土壤生态细菌群落多样性水平较高^[28]。王卓理等^[29]研究平顶山复垦地发现充填复垦土壤的含水量普遍较低,而挖深垫浅复垦土壤尤其底部含水量较高。因此,可能是挖深垫浅复垦土壤水分条件的独特有利于细菌群落多样性的发展,且环境复杂程度的增加使得土壤细菌群落有了更多样的发展方向,从而呈现较高的多样性水平。而煤矸石和粉煤灰与土壤本质不同,填充后的复垦土壤剖面通常形成明显的二(土壤-煤矸石/粉煤灰)界面特征,在一定程度上阻碍了物质能量交换的连续性^[30-31]。且蒸发时,地下水分难以通过充填层向上迁移,上覆土壤会发生较强的蒸腾,水分流失较快,最终导致水分条件不佳^[32]。此外,物质能量交换的连续性受阻也可造成细菌生长繁殖所需的养分供给不足,从而导致充填复垦土壤的细菌多样性水平较低^[33]。

本研究发现,不同复垦模式土壤的优势细菌门基本一致,变形菌门、酸杆菌门、放线菌门和拟杆菌

门是排名前 4 的菌门,在各样本土壤中相对丰度总和均占 70% 以上(图 2),与朱奕豪^[34]和 LIU^[35]等在不同类型土壤中的优势菌群结果相似。陈来红等^[36]发现准格尔露天矿区复垦土壤中优势细菌门为厚壁菌门、拟杆菌门、放线菌门等,与本文有一定差异,可能是地区、气候与农田耕作方式等,导致了差异,说明细菌群落对特定土壤环境做出了适应性改变。变形菌门的环境适应能力强,可代谢多种有机物,参与土壤中氮素转化以及能量循环,广泛存在于各种环境,是环境中数量最多、代谢多样性最丰富的细菌门^[37-38]。酸杆菌门作为农田土壤中的第二大细菌类群,即使在寡营养的环境中仍能存活,还可以改善土壤的酸性条件,更能适应矿区复垦土壤的复杂环境^[39]。放线菌门可促使土壤中动植物残体腐烂,对有机物的矿化有重要作用,有利于土壤养分提高^[40]。拟杆菌门的大多数菌种具有降解土壤污染物,改善土壤环境的作用^[41]。芽单胞菌门的生理结构特殊,是典型的旱地优势菌门,可以适应缺水等极端环境^[42-43],其在煤矸石充填复垦土壤中的丰度较高,也印证了煤矸石充填复垦土壤的水分条件较差,影响了微生物区系发育。鞘脂单胞菌科(*Sphingomonadaceae*)在粉煤灰与煤矸石充填复垦土壤中占比较高,其大多数菌种可降解结构复杂的多环芳烃环境污染物,在受污染土壤中受到青睐^[44-45],高潜水位采煤沉陷区地势低洼,下层充填物中含有的可溶盐与重金属离子可能会随季节性水份变化迁移到上层土壤,影响微生物群落组成。由此可见,微生物可通过调整自身结构适应特定的土壤环境,显示出了应对多种恶劣环境的巨大潜力。

研究微生物与各影响因子的适应机制有利于更好理解其与土壤之间的相互作用过程。Mantel test 结果显示(表 2),对整个微生物群落组成有显著影响的有土壤有机质与 pH,优势细菌门与影响因子的相关性分析显示(图 5),土壤有效磷、速效钾和全氮含量也出现显著相关,与以往研究中土壤微生物群落结构受土壤 pH、有机质、速效钾、速效磷与氮等因素影响的结果类似^[46-48]。说明特定复垦区域土壤微生物群落结构受到该区土壤因素的叠加影响,难以用单一因素表征。不同复垦模式土壤细菌群落结构的显著影响因子不同,DP 模式中,土壤有机质含量是土壤细菌群落组成的主要影响因子,有机质为微生物提供养分来源,能促使团粒结构形成,提高土壤的吸收和缓冲性能,改善土壤的物理、化学及生物条件^[49]。GS 与 FH 模式中, pH 是主要的影响因子,可

能因研究区地处高潜水位采煤沉陷区,煤矸石与粉煤灰中的部分重金属离子会随水分迁移,发生碱金属反应,从而影响上层土壤 pH^[50]。随着土壤细菌群落组成差异的增大,3个复垦模式土壤 pH 的值均增大,说明 pH 的升高可能有利于细菌群落的多样发展。不同复垦模式影响因子与菌门丰度的变化趋势存在差异,如 GS 土壤 pH 与酸杆菌门的丰度呈显著正相关,丰度随着 pH 的增大而增大,而 DP 土壤 pH 与酸杆菌门的丰度呈负相关,丰度随着 pH 的增大而减小,GS 土壤全氮含量与放线菌门丰度呈正相关,但 FH 土壤全氮含量与放线菌门丰度呈显著负相关等,有时,同一细菌门下的不同亚群与影响因子的响应关系不同(如酸杆菌门^[51]),也会产生相互抵消或协同,从而掩盖了影响因子与细菌群落间的真实关系。特定影响因子的选择性固然重要,但很多情况下,土壤细菌群落的构建过程是具有随机性的自然生态过程^[52-53]。

DP 土壤细菌网络规模庞大,节点连接强度与聚类程度高,说明细菌群落相互作用的关系复杂、联系紧密,FH 土壤细菌网络规模最小,节点间联系强度最低,稳定性最差,DP 与 GS 网络平均路径距离较短,说明对环境变化的响应速度较快。GS 土壤的网络规模介于挖深垫浅与粉煤灰充填之间,但平均路径距离较长,细菌网络相对较稳定。网络的拓扑分析(图 7)显示,GS 拥有 4 个关键节点,DP 和 FH 均有 1 个关键节点,一般拥有连接器和模块枢纽较多的细菌网络抵御环境扰动的能力更强^[54]。结果表明,3 种复垦模式土壤细菌网络的节点间关系均为正相关占优,复垦后的土壤菌群关系趋向于合作,与李肖肖等^[55]研究结果一致,DP 网络复杂,协作关系占比最低,可能是因为该地块土壤有机质含量较高^[56]。有研究表明环境扰动将使微生物群落结构变化迟缓^[57],本文中 GS 网络的平均路径长度远大于 DP 和 FH,说明 GS 细菌群落响应环境变化的速度缓慢,可能是煤矸石粒径较大,充填效果差,且煤矸石及其淋溶产物会抑制生物活性^[58],影响了土壤微生物间的物质输送。基于网络拓扑结构识别出的关键菌群分别属于酸杆菌门、变形菌门和拟杆菌门,酸杆菌门所占的关键节点数量最多,其门下的 Subgroup_6 作为网络枢纽,在网络的连接中发挥重要作用。

4 结 论

1) 不同复垦模式土壤细菌群落的多样性和丰富度水平有显著差异,挖深垫浅土壤细菌多样性与丰

富度水平更高。不同复垦模式土壤中的优势菌门大致相同,但所占比例有差异,变形菌门、酸杆菌门、放线菌门与拟杆菌门在 3 种复垦模式的土壤样品中均为优势菌门,在各模式土壤细菌群落中的占比之和均达 70% 以上。

2) 不同复垦模式下影响细菌群落组成的主控影响因子不同,影响因子与菌群间的变化趋势存在差异。有机质含量是挖深垫浅复垦土壤细菌群落组成的主要影响因素,煤矸石与粉煤灰充填复垦土壤中 pH 是主要影响因素。优势细菌门与影响因子的相关性分析显示,土壤有效磷、速效钾和全氮含量也出现了显著相关。部分优势细菌门对土壤 pH、全氮、有机质、有效磷和速效钾无明显响应。

3) 挖深垫浅土壤细菌网络复杂,节点联系紧密,细菌群落对环境变化的反应速度快;煤矸石充填土壤菌群间信息与物质传递速率较慢,拥有的关键节点最多,结构更加稳定,且菌群协作关系的占比最高;粉煤灰充填土壤细菌联系不紧密,网络规模小,稳定性差。

参考文献(References):

- [1] 葛世荣,刘洪涛,刘金龙,等.我国煤矿生产能耗现状分析及节能思路[J].中国矿业大学学报,2018,47(1):9-14.
GE Shirong, LIU Hongtao, LIU Jinlong, et al. Current situation analysis of Coal Mine Production Energy consumption and Energy saving Ideas[J]. Journal of China University of Mining and Technology, 2018, 47(1): 9-14.
- [2] YUAN J H. The future of coal in China[J]. Resources Conservation and Recycling, 2018, 129: 290-292.
- [3] CHEN JD, LI ZW, SONG ML, et al. Economic and intensity effects of coal consumption in China[J]. JOURNAL OF ENVIRONMENTAL MANAGEMENT, 2022, 11(8): 24-28.
- [4] 陈浮,朱燕峰,马静,等.东部平原采煤沉陷区降污固碳协同修复机制与关键技术[J].煤炭学报,2023,48(7):2836-2849.
CHEN Fu, ZHU Yanfeng, MA Jing, et al. Collaborative restoration mechanism and key technology of carbon reduction and carbon sequestration in coal mining subsidence area of eastern plain[J]. Journal of China Coal Society, 2023, 48(7): 2836-2849.
- [5] 卞正富,雷少刚,金丹,等.矿区土地修复的几个基本问题[J].煤炭学报,2018,43(1):190-197.
BIAN Zhengfu, LEI Shaogang, JIN Dan, et al. Some basic problems of land restoration in mining area[J]. Journal of China Coal Society, 2018, 43(1): 190-197.
- [6] 白中科,周伟,王金满,等.再论矿区生态系统恢复重建[J].中国土地科学,2018,32(11):1-9.
BAI Zhongke, ZHOU Wei, WANG Jinman, et al. Discussion on restoration and reconstruction of mining ecosystem[J]. China Land Science, 2018, 32(11): 1-9.
- [7] 胡振琪,理源源,李根生,等.碳中和目标下矿区土地复垦与生态

- 修复的机遇与挑战[J]. 煤炭科学技术, 2023, 51(1): 474–483.
- HU Zhenqi, LI Yuanyuan, LI Gensheng, et al. Opportunities and challenges of land reclamation and ecological restoration in mining areas under the goal of carbon neutrality[J]. Coal Science and Technology, 2023, 51(1): 474–483.
- [8] 黄元仿, 张世文, 张立平, 等. 露天煤矿土地复垦生物多样性保护与恢复研究进展[J]. 农业机械学报, 2015, 46(8): 72–82.
- HUANG Yuanfang, ZHANG Shiwen, ZHANG Liping, et al. Research progress on biodiversity conservation and restoration of land reclamation in open-pit coal mine[J]. Transactions of the Chinese Society for Agricultural Machinery, 2015, 46(8): 72–82.
- [9] 樊文华, 白中科, 李慧峰, 等. 不同复垦模式及复垦年限对土壤微生物的影响[J]. 农业工程学报, 2011, 27(2): 330–336.
- FAN Wenhua, BAI Zhongke, LI Huifeng, et al. Effects of different reclamation modes and reclamation years on soil microorganisms[J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2011, 27(2): 330–336.
- [10] ZHANG Q, WEI P F, BANDA J F, et al. Succession of Microbial Communities in Waste Soils of an Iron Mine in Eastern China. Microorganisms, 2021, 9(12): 2463.
- [11] 侯湖平, 王琛, 李金融, 等. 煤矸石充填不同复垦年限土壤细菌群落结构及其酶活性[J]. 中国环境科学, 2017, 37(11): 4230–4240.
- HOU Huping, WANG Chen, LI Jinrong, et al. Soil bacterial community structure and enzyme activity of coal gangue filling with different reclamation years[J]. China Environmental Science, 2017, 37(11): 4230–4240.
- [12] Chen J, Nan J, Xu D L, et al. Response differences between soil fungal and bacterial communities under opencast coal mining disturbance conditions[J]. Catena, 2020, 194: 1–10.
- [13] 马静, 董文雪, 朱燕峰, 等. 东部平原矿区复垦对土壤微生物固碳潜力的影响[J]. 煤炭学报, 2022, 47(3): 1306–1317.
- MA Jing, DONG Wenzhe, ZHU Yanfeng, et al. Effects of mining reclamation in the eastern plains on soil microbial carbon sequestration potential[J]. Journal of China Coal Society, 2022, 47(3): 1306–1317.
- [14] GUO Yi, WU Jun, YU Ping. Differential response process of soil microbial community structure in coal mine area during different ecological remediation processes[J]. Journals, 2022, 10(10): 2013.
- [15] 杨贤房, 陈朝, 郑林, 等. 稀土矿区不同土地利用类型土壤细菌群落特征及网络分析[J]. 生态环境学报, 2022, 31(4): 793–801.
- YANG Xianfang, CHEN Chao, ZHENG Lin, et al. Soil bacterial community characteristics and network analysis of different land use types in rare earth mining area[J]. Journal of Eco-Environment, 2022, 31(4): 793–801.
- [16] 鲍士旦. 土壤农化分析. (3版)[M]. 中国农业出版社, 2000.
- [17] CHEN S F, ZHOU Y Q, CHEN Y R, et al. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34(17): 884–890.
- [18] EDGAR R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, 26(19): 2460–2461.
- [19] EDGAR R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10(10): 996.
- [20] QUAST C, PRUESSE E, YILMAZ P, et al. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools[J]. Nucleic Acids Research, 2013, 41(D1): D590–D596.
- [21] JEANBILLE M, GURY J, DURAN R, et al. Response of core microbial consortia to chronic hydrocarbon contaminations in coastal sediment habitats[J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 1637.
- [22] 黄志强, 邱景璇, 李杰, 等. 基于 16S rRNA 基因测序分析微生物群落多样性[J]. 微生物学报, 2021, 61(5): 1044–1063.
- HUANG Zhiqiang, QIU Jingxuan, LI Jie, et al. Analysis of microbial community diversity based on 16S rRNA gene sequencing[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2021, 61(5): 1044–1063.
- [23] YUAN M M, GUO X, WU L W, et al. Climate warming enhances microbial network complexity and stability[J]. Nature Climate Change, 2021, 11(4): 343–U100.
- [24] LEWIS D E, CHAUHAN A, WHITE J R, et al. Microbial and Geochemical Assessment of Bauxitic Un-mined and Post-mined Chronosequence Soils from Mocho Mountains, Jamaica[J]. Microbial Ecology, 2012, 64(3): 738–749.
- [25] SUN X, WANG S P, LIN Q Y, et al. Molecular ecological network analyses revealing the effects of livestock grazing on soil microbial community in the Tibetan grassland[J]. Microbiology China, 2015, 42(9): 1818–1831.
- [26] 毕银丽, 郭晨, 王坤. 煤矿区复垦土壤的生物改良研究进展[J]. 煤炭科学技术, 2020, 48(4): 52–59.
- BI Yinli, GUO Chen, WANG Kun. Research progress on biological improvement of reclaimed soil in coal mining area[J]. Coal Science and Technology, 2020, 48(4): 52–59.
- [27] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J]. 环境科学, 2022, 43(3): 1620–1629.
- LIU Kunhe, XUE Yuqin, ZHU Lanping, et al. Effects of different land use types on soil bacterial community diversity in Jialing River coastal zone[J]. Environmental Science, 2022, 43(3): 1620–1629.
- [28] STEGEN J C, LIN X J, KONOPKA A E, et al. Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities[J]. The ISME Journal, 2012, 6(9): 1653–1664.
- [29] 王卓理, 耿鹏旭, 刘嘉俊. 平顶山市煤矿塌陷区复垦土壤理化性质研究[J]. 河南理工大学学报(自然科学版), 2009, 28(5): 665–669.
- WANG Zhuoli, GENG Pengxu, LIU Jiajun. Study on physical and chemical properties of reclaimed soil in Coal mine subsidience area of Pingdingshan City[J]. Journal of Henan Polytechnic University (Natural Science Edition), 2009, 28(5): 665–669.
- [30] 秦倩, 王金满, 王洪丹, 等. 采煤塌陷地不同充填介质水力特性对比研究[J]. 中国煤炭, 2015, 41(2): 114–119.
- QIN Qian, WANG Jinman, WANG Hongdan, et al. Comparative study on hydraulic characteristics of different filling media in coal

- mining subsidence[J]. *China Coal*, 2015, 41(2): 114–119.
- [31] 于佳禾, 陈孝杨, 严家平, 等. 粉煤灰场复垦地层状土壤水分变化[J]. *湖北农业科学*, 2013, 52(20): 4898–4902.
- YU Jiahe, CHEN Xiaoyang, YAN Jiaping, et al. Changes of soil moisture in stratiform in fly ash reclamation field[J]. *Hubei Agricultural Sciences*, 2013, 52(20): 4898–4902.
- [32] Spain A M, Krumholz L R, Elshahed M S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil Proteobacteria[J]. *Isme Journal*, 2009, 3(8): 992–1000.
- [33] 范秉元. 长期有机肥与无机肥配施对马铃薯-玉米田土壤养分、碳组分、微生物区系及作物产量的影响[J]. *江苏农业科学*, 2023, 51(11): 233–240.
- FAN Bingyuan. Effects of long-term combined application of organic and inorganic fertilizer on soil nutrients, carbon components, microflora and crop yield in potato-maize fields[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2023, 51(11): 233–240.
- [34] 朱奕豪, 李青梅, 刘晓丽, 等. 不同土地整治类型新增耕地土壤微生物群落特征研究[J]. *生态环境学报*, 2022, 31(5): 909–917.
- ZHU Yihao, LI Qingmei, LIU Xiaoli, et al. Study on soil microbial community characteristics of newly cultivated land under different land consolidation types[J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2022, 31(5): 909–917.
- [35] LIU J A, SHU A P, SONG W F, et al. Long-term organic fertilizer substitution increases rice yield by improving soil properties and regulating soil bacteria[J]. *Geoderma*, 2021, 404.
- [36] 陈来红, 乔光华, 董红丽, 等. 准格尔露天矿区复垦对土壤细菌多样性的影响研究[J]. *干旱区资源与环境*, 2012, 26(2): 119–125.
- CHEN Laihong, QIAO Guanghua, DONG Hongli, et al. Effects of reclamation on soil bacterial diversity in Zhunge open pit mining area[J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2012, 26(2): 119–125.
- [37] 温东辉, 张楠, 于聪, 等. 环境中生物膜的菌群结构与污染物降解特性[J]. *微生物学通报*, 2014, 41(7): 1394–1401.
- WEN Donghui, ZHANG Nan, YU Cong, et al. Microbial structure and pollutant degradation characteristics of biofilms in environment[J]. *Bulletin of Microbiology*, 2014, 41(7): 1394–1401.
- [38] 林志萍, 周叶青, 张婧婧, 等. 刺参养殖池塘患病区域沉积物菌群结构与功能特征[J]. *生态学杂志*, 2023, 42(8): 1936–1943.
- LIN Zhiping, ZHOU Yeqing, ZHANG Jingjing, et al. Structure and functional characteristics of sediment flora in diseased areas of ginseng culture ponds[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2023, 42(8): 1936–1943.
- [39] WANG Y, LIU Z Y, HAO X Y, et al. Biodiversity of the beneficial soil-borne fungi steered by Trichoderma-amended biofertilizers stimulates plant production. *NPJ Biofilms and Microbiomes*, 2023, 9(1): 1–9.
- [40] ELBENDARY A A, HESSAIN A M, EL-HARIRI M D, et al. Isolation of antimicrobial producing Actinobacteria from soil samples[J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2018, 25(1): 44–46.
- [41] THOMAS F, HEHEMANN J H, REBUFFET E, et al. Environmental and gut Bacteroidetes: the food connection[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011, 2: 93.
- [42] 王润博, 王泽铭, 王红越, 等. 土壤稳定性有机碳组分与优势细菌门类随分布及相关性[J]. *微生物学报*, 2022, 62(6): 2389–2402.
- WANG Runbo, WANG Zeming, WANG Hongyue, et al. Terrestrial distribution and correlation of soil stability organic carbon components and dominant bacterial phyla[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(6): 2389–2402.
- [43] LEE S M, KONG H G, SONG G C, et al. Disruption of Firmicutes and Actinobacteria abundance in tomato rhizosphere causes the incidence of bacterial wilt disease[J]. *Isme Journal*, 2021, 15(1): 330–347.
- [44] DE VRIES H J, BEYER F, JARZEMBOWSKA M, et al. Isolation and characterization of Sphingomonadaceae from fouled membranes[J]. *NPJ Biofilms and Microbiomes*, 2019, 5(6): 1–9.
- [45] ZHANG M Y, RIAZ M, ZHANG L, et al. Biochar Induces Changes to Basic Soil Properties and Bacterial Communities of Different Soils to Varying Degrees at 25 mm Rainfall: More Effective on Acidic Soils[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1–15.
- [46] JIA H Y, MUHAE-UD-DIN G, ZHANG H, et al. Characterization of rhizosphere microbial communities for disease incidence and optimized concentration of difenoconazole fungicide for controlling of wheat dwarf bunt[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2022, 13: 1–10.
- [47] 陈丽华, 刘兰英, 吕新, 等. 不同种植年限茶树根际土壤微生物数量和肥力之间关系[J]. *福建农业学报*, 2019, 34(12): 1433–1439.
- CHEN Lihua, LIU Lanying, LYU Xin, et al. Relationship between soil microbial quantity and fertility in rhizosphere of tea plants with different planting years[J]. *Journal of Fujian Agriculture*, 2019, 34(12): 1433–1439.
- [48] 张贵云, 吕贝贝, 张丽萍, 等. 黄土高原旱地麦田26年免耕覆盖对土壤肥力及原核微生物群落多样性的影响[J]. *中国生态农业学报*, 2019, 27(3): 358–368.
- ZHANG Guiyun, LYU Beibei, ZHANG Liping, et al. Effects of 26-year no-till coverage of wheat field in dry land of the loess plateau on soil fertility and prokaryotic microbial community diversity[J]. *China Journal of Eco-Agriculture*, 2019, 27(3): 358–368.
- [49] 毕银丽, 胡晶晶, 刘京. 煤矿微生物复垦区灌木林下土壤养分的空间异质性[J]. *煤炭学报*, 2020, 45(8): 2908–2917.
- BI Yinli, HU Jingjing, LIU Jing. Spatial heterogeneity of soil nutrients under shrub forest in microbial reclamation areas of coal mines[J]. *Journal of China Coal Society*, 2020, 45(8): 2908–2917.
- [50] 刘云霞. 山西省典型矿区煤及煤灰中锂镓赋存状态与转化机制[D]. 太原: 太原理工大学, 2022.
- LIU Yunxia. Occurrence state and conversion mechanism of lithium gallium in coal and coal ash in typical mining areas of Shanxi Province[D]. Taiyuan: Taiyuan University of Technology, 2022.
- [51] AN T, SCHAEFFER S, ZHUANG J, et al. Dynamics and distri-

- bution of ^{13}C -labeled straw carbon by microorganisms as affected by soil fertility levels in the Black Soil region of Northeast China[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2015, 51(5): 605–613.
- [52] 杨永均, 赵 姣, 马 静, 等. 露采矿山复绿对土壤微生物群落及其组装过程的影响[J]. *煤炭学报*, 2023, 48(4): 1661–1672.
YANG Yongjun, ZHAO Jiao, MA Jing, et al. Effects of dew mining mountain regreening on soil microbial community and its assembly process[J]. *Journal of China Coal Society*, 2023, 48(4): 1661–1672.
- [53] NING L, YI W, PING W, et al. Causal effects of specific gut microbiota on chronic kidney diseases and renal function—a two-sample mendelian randomization study[J]. *Nutrients*, 2023, 15(2): 1–11.
- [54] 田丽君, 莉永峰, 郑卜凡, 等. 浏阳洞库陈化烟叶微生物多样性分析[J]. *中国烟草学报*, 2022, 28(1): 98–107.
TIAN Lijun, JING Yongfeng, ZHENG Bufan, et al. Analysis of microbial diversity in Liuyang Dongku aged tobacco leaves[J]. *Chinese Journal of Tobacco*, 2022, 28(1): 98–107.
- [55] 李肖肖, 骆占斌, 马 静, 等. 黄土高原矿区土壤细菌群落对地表塌陷和土地复垦的响应[J]. *环境化学*, 2020, 39(5): 1384–1394.
LI Xiaoxiao, LUO Zhanbin, MA Jing, et al. Response of soil bacterial community to surface collapse and land reclamation in mining area of Loess Plateau[J]. *Environmental Chemistry*, 2020, 39(5): 1384–1394.
- [56] HU X J, LIU J J, WEI D, et al. Effects of over 30-year of different fertilization regimes on fungal community compositions in the black soils of northeast China [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2017, 248: 113–112.
- [57] MA J, LU Y, CHEN F, et al. Molecular ecological network complexity drives stand resilience of soil bacteria to mining disturbances among typical damaged ecosystems in China[J]. *Microorganisms*, 2020, 8(3): 1–22.
- [58] 程林森, 程 伟, 卞正富, 等. 煤矸石复垦对小麦根系分泌特征和土壤氮转化的影响[J]. *生态与农村环境学报*, 2016, 32(3): 397–403.
CHENG Linsen, CHENG Wei, BIAN Zhengfu, et al. Effects of coal gangue reclamation on root secretion characteristics and soil nitrogen conversion of wheat[J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2016, 32(3): 397–403.