



煤炭科学技术 COAL SCIENCE AND TECHNOLOGY

煤炭科学技术

山底河流域煤矿酸性矿井水微生物群落结构特征

唐春雷 阳文秀 梁永平 赵春红 申豪勇 王志恒 谢浩 赵一

引用本文:

唐春雷, 阳文秀, 梁永平, 等. 山底河流域煤矿酸性矿井水微生物群落结构特征[J]. 煤炭科学技术, 2025, 53(5): 437–450.
TANG Chunlei, YANG Wenxiu, LIANG Yongping. Structure characteristics of microbial community in acid mine drainage in Shandi River Basin[J]. Coal Science and Technology, 2025, 53(5): 437–450.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.12438/cst.2024-0259>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

鄂尔多斯典型煤矿不同功能区水化学与微生物群落特征及环境响应

Hydrochemistry and microbial community characteristics and environmental response in different functional zones of a typical coal mine in Ordos

煤炭科学技术. 2023, 51(12): 180–196 <https://doi.org/10.12438/cst.2023-1124>

生态脆弱煤矿区水体中微生物群落特征及矿井充水指示

Characteristics of microbial communities in water bodies of ecologically fragile coal mining areas and indications for mine water filling

煤炭科学技术. 2024, 52(1): 255–266 <https://doi.org/10.12438/cst.2023-1798>

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>

酸性矿井水对K2灰岩表面形貌影响的试验研究

Surface topography of polished K2 limestone surface based on action of acid mine drainage

煤炭科学技术. 2021, 49(7): 203–207 <http://www.mtkxjs.com.cn/article/id/f4354212-3e7b-4e4c-8804-3ebb9a12b912>

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>

煤矿酸性矿井水末端治理方法及应用研究进展

Advancements in end treatment techniques and applications of acid mine drainage in coal mines: A research review

煤炭科学技术. 2024, 52(12): 339–351 <https://doi.org/10.12438/cst.2024-0640>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息



移动扫码阅读

唐春雷, 阳文秀, 梁永平, 等. 山底河流域煤矿酸性矿井水微生物群落结构特征[J]. 煤炭科学技术, 2025, 53(5): 437-450.

TANG Chunlei, YANG Wenxiu, LIANG Yongping, *et al.* Structure characteristics of microbial community in acid mine drainage in Shandi River Basin[J]. Coal Science and Technology, 2025, 53(5): 437-450.

山底河流域煤矿酸性矿井水微生物群落结构特征

唐春雷^{1,2,3,4}, 阳文秀^{5,6}, 梁永平^{1,2,3,4}, 赵春红^{1,2,3,4}, 申豪勇^{1,2,3,4}, 王志恒^{1,2,3,4}, 谢浩^{1,2,3,4}, 赵一^{1,2,3,4}

(1. 中国地质科学院岩溶地质研究所, 广西 桂林 541004; 2. 联合国教科文组织国际岩溶研究中心, 广西 桂林 541004; 3. 自然资源部、广西岩溶动力学重点实验室, 广西 桂林 541004; 4. 广西平果喀斯特生态系统国家野外科学观测研究站, 广西 平果 531406; 5. 桂林医学院附属医院, 广西 桂林 541001; 6. 广西医科大学第一附属医院, 广西 南宁 530021)

摘要: 为了揭示不同氧化还原环境条件下酸性矿井水微生物群落结构特征及其与水环境相互作用关系, 选取娘子关泉域内典型废弃煤矿区山底河流域, 采集不同氧化还原环境的 AMD 水样, 用于水化学同位素分析和微生物 16S rRNA 基因 V4、V5 区测序。水化学同位素分析得出 AMD 水化学特征主要受 pH 和围岩水岩作用影响, 好氧和厌氧环境下 AMD 的 pH 与 Eh 呈负相关; 缺氧厌氧环境下 AMD 的 pH 与 Fe^{3+} 、Eh 呈负相关。AMD 中 Ca、Mg 离子则主要来源于围岩和煤中方解石、白云石的溶解; K、Na 主要来源于长石等硅酸岩在酸性条件下的溶解; SO_4^{2-} 、Fe 含量主要来源于含煤地层中黄铁矿氧化; AMD 的硫同位素演化特征为好氧环境下 AMD 的 $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ 较低, 缺氧厌氧环境下 AMD 的 $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ 较高。山底流域 AMD 微生物多样性影响分析, 得出 pH 越低, 样品的细菌丰度和多样性越低; 温度越高样品的细菌丰度和多样性越高。通过 AMD 的微生物群落与环境因子的相关性分析, 得出柳沟 AMD 的优势菌属为 *Ferrovum*、*Gallionella* 和 *Ferritrophicum*。庙沟露天矿 AMD 的优势菌属为 *Ferrovum*、*Gallionella* 和 *Acidithiobacillus*。榆林窑钻井 AMD 的优势菌属为 *Ferrovum* 和 *Gallionella*。山底河流域 AMD 的微生物群落受 pH、温度和降水的影响较大。

关键词: 娘子关泉域; 山底河流域; 煤矿酸性矿井水; 微生物群落特征; 环境因子

中图分类号: X826 文献标志码: A 文章编号: 0253-2336(2025)05-0437-14

Structure characteristics of microbial community in acid mine drainage in Shandi River Basin

TANG Chunlei^{1,2,3,4}, YANG Wenxiu^{5,6}, LIANG Yongping^{1,2,3,4}, ZHAO Chunhong^{1,2,3,4}, SHEN Haoyong^{1,2,3,4}, WANG Zhiheng^{1,2,3,4}, XIE Hao^{1,2,3,4}, ZHAO Yi^{1,2,3,4}

(1. Institute of Karst Geology, CAGS, Guilin 541004, China; 2. International Research Center on Karst under the Auspices of UNESCO, Guilin 541004, China; 3. Key Laboratory of Karst Dynamics, MNR & GZAR, Guilin 541004, China; 4. Pingguo Guangxi, Karst Ecosystem, National Observation and Research Station, Pingguo 531406, China; 5. Affiliated Hospital of Guilin Medical College, Guilin 541001, China; 6. The First Affiliated Hospital of Guangxi Medical University, Nanning 530021, China)

Abstract: In order to reveal the structural characteristics of microbial communities in acid mine drainage(AMD) under different redox environmental conditions and the interaction between microbial communities and groundwater environment, Select the typical abandoned coal mining area in the Shandi River basin of the Niangziguan Spring area, and collect AMD samples from different redox environments for Hydrochemical characteristics and isotope analysis and the high-throughput sequencing of the V4, V5 region of microbial 16S rRNA. The analysis of Hydrochemical characteristics and isotope indicates that the hydrochemical characteristics of AMD are mainly influenced by pH and surrounding rock. The analysis of hydrochemical isotopes shows that the hydrochemical characteristics of AMD are mainly in-

收稿日期: 2024-02-29 策划编辑: 黄小雨 责任编辑: 钱小静 DOI: 10.12438/cst.2024-0259

基金项目: 自然资源科技战略研究资助项目(2023-ZL-04); 广西自然科学基金资助项目(2021GXNSFAA220071); 中国地质调查资助项目(DD20242981)

作者简介: 唐春雷(1984—), 男, 河北邯郸人, 副研究员, 博士。E-mail: yourfriendtcl@163.com

通讯作者: 阳文秀(1988—), 女, 广西桂林人, 助理研究员, 博士研究生。E-mail: glmcywx@126.com

fluenced by pH and rock water interaction. Under aerobic and anaerobic environments, the pH of AMD is negatively correlated with Eh; The pH of AMD in anaerobic and hypoxic environments is negatively correlated with Fe^{3+} and Eh. The Ca and Mg ions in AMD mainly come from the dissolution of calcite and dolomite in the surrounding rock and coal. The K and Na ions in AMD mainly come from the dissolution of silicate rocks such as feldspar under acidic conditions; The main source of SO_4^{2-} and Fe content in AMD is the oxidation of pyrite in coal-bearing strata; The sulfur isotope evolution of AMD is characterized by lower $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ values in aerobic environments and higher $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ values in anaerobic and hypoxic environments. The analysis of the microbial diversity impact of AMD in the bottom of the mountain basin shows that the lower the pH, the lower the bacterial abundance and diversity of the sample; The higher the temperature, the higher the bacterial abundance and diversity of the sample. Through the correlation analysis between the microbial community and environmental factors of AMD, it was found that the dominant bacterial genera in the Liugou are *Ferrovum*, *Gallionella* and *Ferritrophicum*. The dominant genera of AMD in the Miaogou open-pit mine are *Ferrovum*, *Gallionella* and *Acidithiobacillus*. The dominant genera of AMD in Yulinnao drilling are *Ferrovum* and *Gallionella*. The microbial community of AMD in the Shandi River Basin is greatly affected by pH, temperature and precipitation.

Key words: Niangziguan spring area; Shandi River Basin; acid mine drainage; microbial community characteristics; environmental factor

0 引 言

酸性矿井水 (Acid Mine Drainage, AMD) 为由煤层和围岩中含有的硫化物在 O_2 、 H_2O 及微生物的共同作用下, 发生氧化反应所形成的。一般认为 AMD 的形成是氧化亚铁硫杆菌、 Fe^{3+} 和 O_2 共同作用的结果。酸性矿山环境广泛分布于全球范围内, 已有研究^[1-2]表明微生物在 AMD 的形成过程中发挥着重要作用, 它们能够氧化二价铁或还原无机硫化物来获得能量, 从而加速硫化矿物的溶解。国内外学者对酸性矿山环境水体中微生物群落特征进行了大量研究, 获得了诸多成果。

近年, 盛益之^[3]通过对 AMD 流经阶梯状含铁建造过程中发生的生物地球化学过程进行监测, 发现细菌门类 *Betaproteobacteria*、*Gammaproteobacteria*、*Alphaproteobacteria*、*Nitrospirae* 和 *Actinobacteria* 为沉积物中的优势微生物群落 (>95%), 其相对丰度主要受 pH 和二价铁离子浓度的影响。ZHANG 等^[4]对江西德兴铜矿的 AMD 样品进行宏基因组分析后发现, 群落中主要是细菌中的变形菌门, 古菌占比极低。HAO 等^[5]对安徽某铁矿微生物群落的季节变化进行高通量测序分析后发现, 真核藻类 *Chlamydomonas* 在冬季 12 月左右的含量显著上升。ETTAMIMI 等^[6]利用 16S rRNA 测序手段研究了受葡萄牙南部 São Domingos 矿区酸性废水污染水体的原核群落多样性, 在污染最严重的区域 (pH=2.3 ~ 3.1) 检测出高丰度的钩端螺旋菌 *Leptospirillum*、硫单胞菌 *Thiomonas* 和化能异养铁还原菌 *Acidiphilium* 等菌属大部分地区矿井水中存在严格自养酸硫杆菌属 (*Acidithiobacillus*) 和钩端螺旋菌属 (*Leptospirillum*), 以及

可异养生长的硫化杆菌属 (*Sulfobacillus*)、铁质菌属 (*Ferroplasma*) 和嗜酸菌属 (*Acidiphilium*) 等^[7]。由于微生物的生长代谢与环境因素密切相关^[8], 因此, 各废弃矿山所处环境的不同会改变水中的无机和有机组分、氧化还原环境以及微生物的赋存与生长等条件^[9], 进而诱发矿井内微生物群落的重新分布与演替^[10]。环境条件和微生物群落结构的改变, 将进一步影响水-微生物-矿物的相互作用^[11], 控制酸性矿井水的产生^[12]。

目前对典型废弃矿井的矿井水以及尾矿周边地下水微生物群落结构组成和演替规律的研究较多^[13-14], 但对废弃煤矿井水在不同氧化还原条件下微生物群落结构的研究较少。

选取娘子关泉域内的山底河流域, 分别对不同氧化还原条件下的 AMD 进行采样, 分析不同氧化还原条件下 AMD 水化学特征基础上, 选取微生物 16S rRNA 基因 V4、V5 区进行高通量测序, 分析不同氧化还原条件下微生物群落结构特征及其与水化学之间相关性, 以期深入了解研究区不同氧化还原条件下 AMD 微生物群落结构特征, 为 AMD 源头防治提供微生物基础依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况与采样

山底河流域位于娘子关泉域东北部, 地理坐标为东经 $113^{\circ}27'21'' \sim 113^{\circ}32'47''$, 北纬 $37^{\circ}56'16'' \sim 38^{\circ}02'31''$, 流域面积 58.4 km^2 。流域内主采煤层为石炭系太原组的 15 号、12 号、9 号和 8 号煤层, 在 15 号煤层上部稳定分布有一层厚度 $5 \sim 10 \text{ cm}$ 的黄铁矿层, 且在太原组的砂岩裂隙中存在有大量黄铁矿

结晶体^[15]。2008年流域内的煤矿经过资源整合后,部分煤矿关闭,留下了许多巷道和采空区。大气降水与地表水通过断裂、坍塌裂隙补给地下水,水位回弹后将淹没废弃的矿坑、巷道和采空区。采空区内的煤层及其围岩中的硫铁矿在氧气、水和微生物作用下形成酸性矿井水。在2009—2010年期间,有部分闭坑煤矿的酸性矿井水开始溢出。随着生产矿井的进一步开采,目前采空区各含水层间已全部沟通,地下水从西南向东北方向径流,由于地层切割,地下水在山底村柳沟一带出露成泉,柳沟是AMD的集中排泄区(图1)。山底河流域内原有的煤矿开采方式既有井工开采又有露天开采,AMD的氧化还原环境可分为缺氧、厌氧和好氧型。

微生物的生长代谢与环境因素密切相关,水体所处环境的不同则微生物群落结构组成和演替规律不同。因此,为了探究山底河流域中不同氧化还原环境下AMD中微生物群落结构,以及各种群在群落

中所占的比例,确定不同还原环境下AMD的优势菌属及丰度变化。本次微生物采样根据AMD的氧化还原环境结合地下水的补、径、排条件进行采样点选择(图2,表1),其中柳沟样点(AMD01)为山底河流域AMD的主要的集中排泄点,是山底村废弃煤矿15号煤层的采空区矿井水溢出口。庙沟露天矿采样点(AMD02)为露天矿坑水,含水层位于12号煤层。小沟露天矿采样点主要为露天矿渣淋滤水。榆林窑钻井主要揭露采空区的石炭系太原组地层,钻孔水位在山西组15号煤层和本溪组长石砂岩层波动,榆林窑钻井样点(AMD04)为关闭废弃煤矿的坑道矿井水。

1.2 检测项目

采集水化学样品同时进行现场测试和实验室测试。现场测试的指标有pH、温度、电导率等指标。pH、温度和电导率用美国Eureka Manta4.0多参数水质仪现场测定。实验室测试的指标包括pH、电导率、

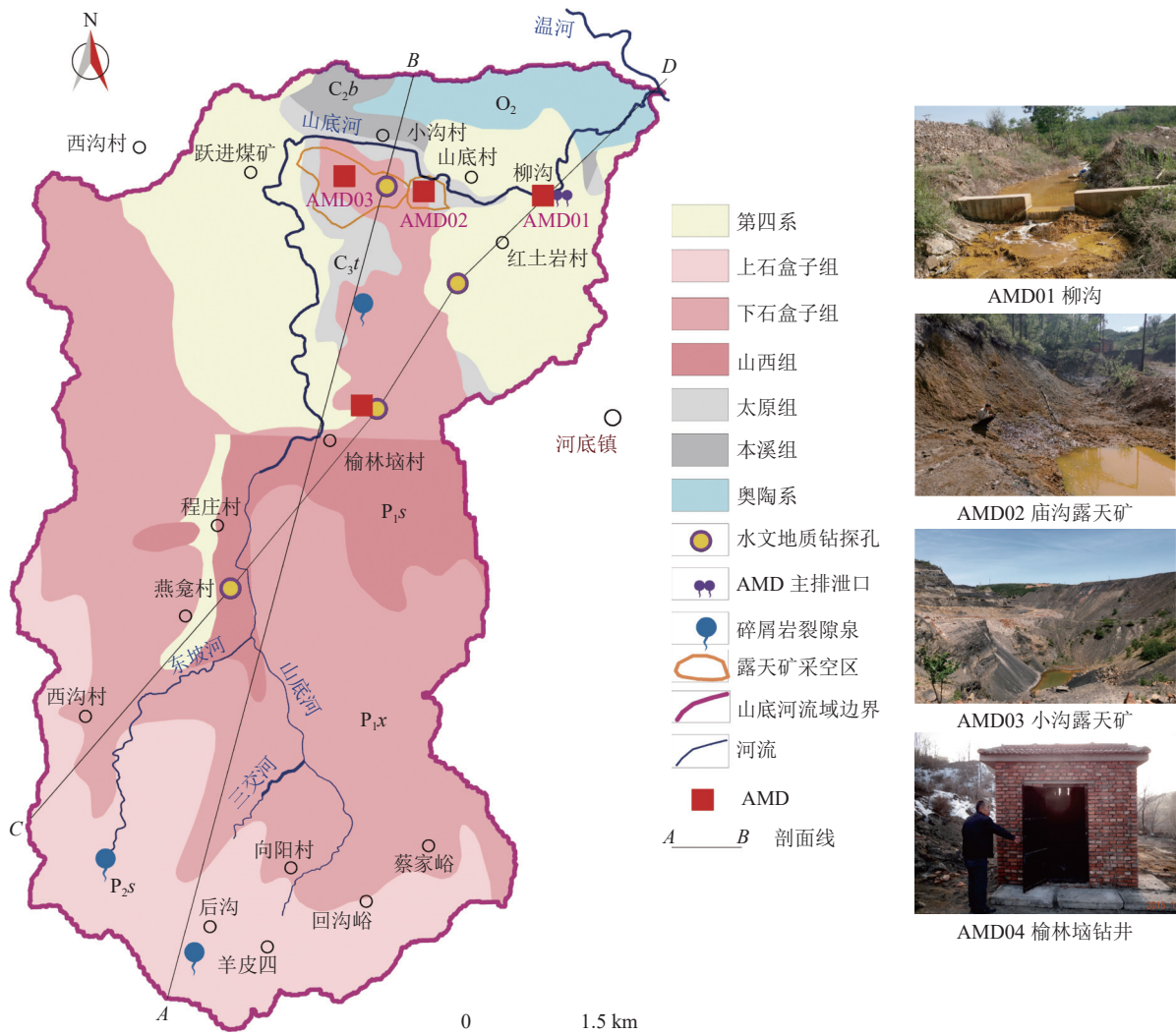


图1 山底河流域水文地质图和采样点

Fig.1 Hydrogeological map and sampling sites of Shandi River Basin

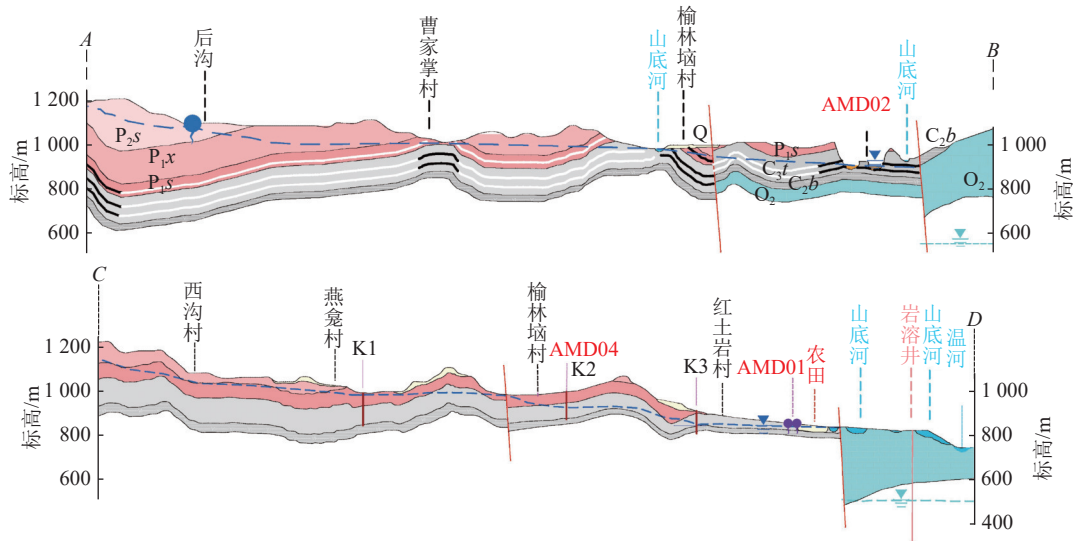


图 2 山底河流域水文地质剖面图

Fig.2 Hydrogeological Profile of Shandi River Basin

表 1 山底河流域 AMD 取样点基本情况

Table 1 Basic situation of AMD sampling sites in Shandi River Basin

样品	样品数量(组)	监测点类别	采空区煤层	氧化还原环境	水位标高/m
裂隙水	3	石炭二叠裂隙水	未开采		935.0 ~ 1 002.5
AMD01	12	采空区矿井溢出水	15号	缺氧	827.8
AMD02	12	露天矿坑水	12号	好氧	857.6
AMD03	12	露天矿渣淋滤水	15号	好氧	875.4
AMD04	12	采空区矿井水	15号	厌氧或缺氧	863.1

溶解氧、 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 、 K^{+} 、 Na^{+} 、 NH_4^{+} 、 Fe^{2+} 、 Fe^{3+} 、 Cl^{-} 、 SO_4^{2-} 、 CO_3^{2-} 、 HCO_3^{-} 、 NO_3^{-} 、 NO_2^{-} 、Mn、耗氧量、总溶解固体 (Total Dissolved Solids, TDS)、总硬度和硫同位素 ($\delta^{34}\text{S}$) 等 22 项, 测试项目由国土资源部太原矿产资源监督检测中心实验室完成, 测试仪器为 PHS-3C pH 计、可见光光度计和离子色谱仪等测定。水质测试中对所有样品进行了阴阳离子平衡计算, 相对误差均小于 5%。硫同位素 ($\delta^{34}\text{S}$) 由中国地质调查局武汉地质调查中心实验室测试完成, 测试仪器为德国赛默飞热电质谱仪 (TIMS), 标准采用 CDT, 测试精度 ($\pm 0.05\%$)。

采回的水样首先经过滤纸过滤除去泥沙等不溶物, 其次让滤液通过 $0.22 \mu\text{m}$ 微孔滤膜进行真空抽滤, 使微生物截留在滤膜上, 而后取出滤膜放于无菌离心管中, 完成 DNA 抽提、PCR 扩增及 Miseq 测序等工作, 而后分析云平台提供的微生物群落信息。

1.3 数据分析

利用 OriginPro 统计分析研究区 AMD 水化学分布差异和变化规律。使用 QIIME 软件包对 Illumina Miseq 测序平台所获得的双端序列数据进行处理。

并通过 FLASH 软件进行拼接和测序方向校正。按照 97% 的相似度, 用 UPARSE 软件对序列进行 OTU 聚类。并 70% 比对阈值的条件下, 用 RDP classifier 对每条序列的物种进行分类注释, 同时通过与 Silva 16S rRNA 数据库的对比, 确定每个 16S rRNA 基因序列的分类。MOTHU 软件计算稀释曲线, 利用 OTU 数量 (Sobs)、ACE、Chao 1、Shannon 和 Simpson 指数估算细菌群落丰度和多样性。利用 Welch's T 检验对样品组间 α 多样性指数进行差异分析。利用 CCA 分析 (Canonical Correlation Analysis) 或 RDA 分析 (Redundancy Analysis) 方法分析样品环境因子和物种的相关性。

2 结果与分析

2.1 AMD 水化学特征

2.1.1 AMD 水化学分析

如图 2 所示, 裂隙泉的 pH 为 7.60 ~ 7.80, 均值为 7.70。 $\rho(\text{Ca}^{2+})$ 为 76.6 ~ 84.6 mg/L, 均值为 81.4 mg/L。 $\rho(\text{Mg}^{2+})$ 为 9.1 ~ 12.7 mg/L, 均值为 10.3 mg/L。 $\rho(\text{Na}^{+})$ 为 13.0 ~ 21.4 mg/L, 均值为

17.1 mg/L。 $\rho(\text{Cl}^-)$ 为 7.9 ~ 12.4 mg/L, 均值为 10.0 mg/L。 $\rho(\text{SO}_4^{2-})$ 为 81.3 ~ 109.6 mg/L, 均值为 97.2 mg/L。 $\rho(\text{HCO}_3^-)$ 为 254.8 ~ 256.1 mg/L, 均值为 255.5 mg/L。 $\rho(\text{Fe}^{3+} + \text{Fe}^{2+})$ 为 0.03 ~ 0.05 mg/L, 均值为 0.04 mg/L。 $\rho(\text{Mn}^{2+})$ 为 2.4 ~ 13.8 mg/L, 均值为 8.1 mg/L。

AMD 的 pH 为 2.32 ~ 7.68, 均值为 4.97。 $\rho(\text{Ca}^{2+})$ 为 119.0 ~ 571.0 mg/L, 均值为 397.4 mg/L。 $\rho(\text{Mg}^{2+})$ 为 53.1 ~ 1 246.0 mg/L, 均值为 480.9 mg/L。 $\rho(\text{Na}^+)$ 为 27.0 ~ 568.0 mg/L, 均值为 229.6 mg/L。 $\rho(\text{Cl}^-)$ 为 3.2 ~ 103.0 mg/L, 均值为 27.4 mg/L。 $\rho(\text{SO}_4^{2-})$ 为 1 194.0 ~ 14 500.0 mg/L, 均值为 4 932.5 mg/L。 $\rho(\text{HCO}_3^-)$ 为 0 ~ 441.0 mg/L, 均值为 163.5 mg/L。 $\rho(\text{Fe}^{3+} + \text{Fe}^{2+})$ 为 0.6 ~ 1 984.0 mg/L, 均值为 294.0 mg/L。 $\rho(\text{Mn}^{2+})$ 为 0.2 ~ 87.6 mg/L, 均值为 19.7 mg/L。

榆林窑钻井样品 pH 均值为 7.30, $\rho(\text{SO}_4^{2-})$ 均值为 1 428.0 mg/L; 柳沟样品 pH 均值为 2.89, $\rho(\text{SO}_4^{2-})$ 均值为 4 839.4 mg/L; 庙沟样品 pH 均值为 2.57, $\rho(\text{SO}_4^{2-})$ 均值为 10 764.8 mg/L。

2.1.2 Durov 图

Durov 图能够清楚的表达 pH、TDS、各种离子的毫克当量百分比和水化学类型。由图 3 可知, 山底河流域 AMD 的水化学类型主要为 $\text{SO}_4\text{-Ca} \cdot \text{Mg}$ 型, $\text{SO}_4\text{-Mg}$ 型和 $\text{SO}_4\text{-Na}$ 型。其中柳沟和小沟露天矿的 AMD 水化学类型为 $\text{SO}_4\text{-Mg} \cdot \text{Ca}$ 型, 庙沟露天矿为 $\text{SO}_4\text{-Mg}$ 型, 榆林窑钻井为 $\text{SO}_4\text{-Na}$ 型。榆林窑钻井和柳沟的 $\rho(\text{Na}^+)$ 均值分别为 350.3 和 388.4 mg/L, 榆林窑钻井和柳沟的 $\rho(\text{Na}^+)$ 远高于小沟露天矿、庙沟露天矿, 推测榆林窑钻井和柳沟的 AMD 径流通道主要为 15 号煤层下伏的钠长石石英砂岩, Na^+ 主要来源是由 AMD 与围岩水岩作用形成的。

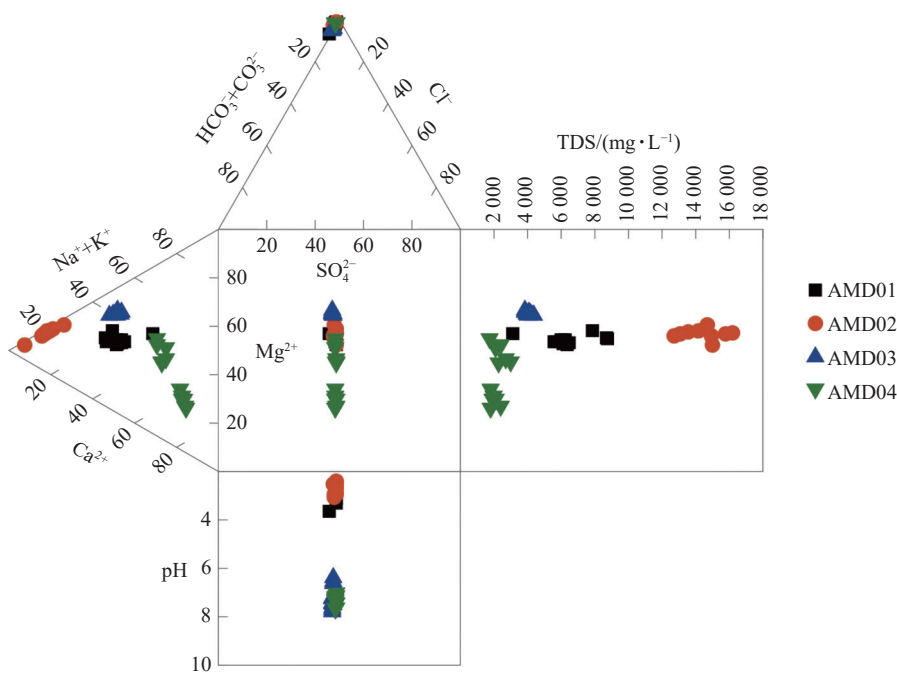


图 3 AMD 的 Durov 图

Fig.3 Durov graph of AMD

2.1.3 氧化还原电位、pH、温度 (T) 和降水

Eh, 也称作氧化还原电位, 是衡量氧化还原反应强度的重要指标。Eh 越高, 氧化性越强, Eh 越低, 还原性越强。电位为正表示溶液具有一定的氧化性, 电位为负则表示溶液具有一定的还原性。由表 1 可知, 位于榆林窑钻井处的 Eh 均为 -97.2 V, 表明此处的 AMD 具有还原性。庙沟露天矿、小沟露天矿和柳沟的 Eh 分别为 440.3、473.9 和 142.8 V, 均为正值,

表明这几个地方的 AMD 具有氧化性, 且庙沟露天矿和小沟露天矿的 Eh 达到了 400 V 以上, 它们的 AMD 氧化性强, 其中小沟露天矿 AMD 的氧化性最强。

pH 表达的是水体酸碱性的强弱, 它是影响水体中水化学组成及 (重) 金属沉淀或溶解的重要因素之一, 对 AMD 的水质有重要指示作用。由图 3 可知, 位于榆林窑钻井的 pH 均值为 7.30, 表明缺氧厌氧环

境下的 AMD 接近于中性; 庙沟露天矿和柳沟 AMD 的 pH 都小于 4, 表明这 2 处水体均呈现较强的酸性。

T 为影响微生物生长和生物反应的最重要因素之一。AMD01、AMD02 和 AMD03 为地下水溢出点, 其 T 受气温的影响波动较大, 其微生物生长受 T 影响较大; AMD04 为地下水, 其 T 较为稳定, 微生物生长受 T 影响较小。山底河流域 2021 年降雨量为 479.2 mm; 6~10 月为雨季, 降雨量约为 414.4 mm。

2.1.4 Mg^{2+} 与 Ca^{2+} 的比例

研究表明, Mg^{2+}/Ca^{2+} 毫克当量浓度比值可以作为“老窑水”及其酸化程度的一项特征性指标, 可有效地应用于矿坑突水水源判别和污染溯源^[16]。 Mg^{2+}/Ca^{2+} 毫克当量浓度比值反映了地下水水岩作用的强弱, 值越大说明水岩作用越强, 值小说明水岩作用越弱^[17-18]。各样点的 Mg^{2+} 、 Ca^{2+} 毫克当量浓度及比值如图 4 所示。由图 4 可以看出, 庙沟露天矿 AMD 的比值最大, 表明此处的 AMD 水岩作用最强。榆林窑钻井 AMD 的比值最小, 表明榆林窑钻井 AMD 的水岩作用相对较弱。

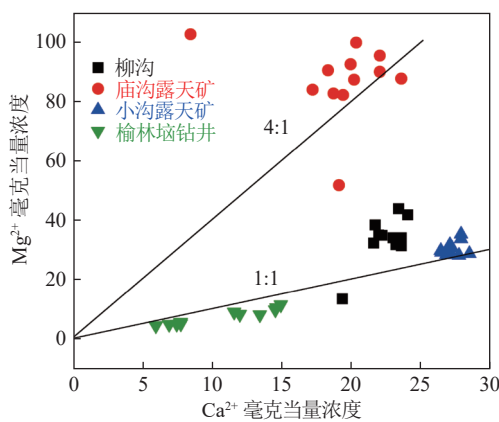


图 4 山底河流域 AMD 中 Ca^{2+} 与 Mg^{2+} 关系

Fig.4 Relationship between Ca^{2+} and Mg^{2+} in AMD in Shanxi River Basin

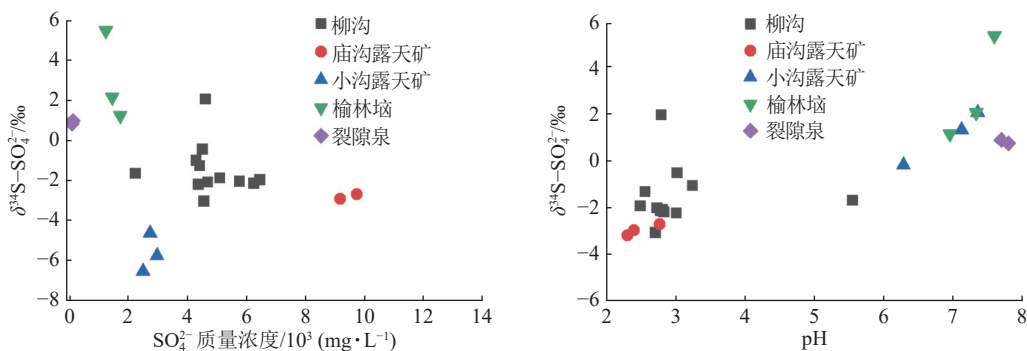


图 5 山底河流域 SO_4^{2-} 质量浓度和 pH 随 $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ 的变化

Fig.5 Changes of SO_4^{2-} and pH with $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ in Shanxi River Basin

2.1.5 AMD 水化学同位素特征

中国北方岩溶地下水中 SO_4^{2-} 主要来自地层中的石膏夹层^[19], 此外还有一部分来自于黄铁矿。通常来说石膏的 $\delta^{34}S$ 值较高, 而黄铁矿 $\delta^{34}S$ 值小于石膏 $\delta^{34}S$ 值。所以不少学者^[20-23] 常常利用硫酸盐中的 $\delta^{34}S$ 示踪岩溶水中硫酸盐的物质来源, 判断采矿活动对岩溶水的污染程度不同来源的硫同位素不同, 大气沉降的 $\delta^{34}S$ 为 2‰~9‰, 蒸发岩的 $\delta^{34}S$ 值为 -14‰~10‰, 化肥的 $\delta^{34}S$ 值为 -3.9‰~3.7‰, 煤的 $\delta^{34}S$ 值为 -5.9‰~10‰^[24], 黄铁矿氧化物中 $\delta^{34}S$ 值为 -15‰~4‰^[25]。

图 5 为山底河流域 AMD 样点 SO_4^{2-} 和 pH 随 $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ 变化的关系。由图 5 可知, 位于榆林窑钻井处 AMD 的 $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ 均值最大, 其次为柳沟, 庙沟露天矿。小沟露天矿的 $\delta^{34}S$ 均值最小。山底河流域 AMD 的 $\delta^{34}S-SO_4^{2-}$ 与 pH 相关性较好, 与 SO_4^{2-} 质量浓度相关性较差。

2.2 AMD 微生物群落结构

2.2.1 AMD 微生物多样性分析

研究环境中微生物的多样性, 可以通过单样本的 Alpha(α) 多样性分析微生物群落的丰富度和多样性, 它可以通过一系列统计学分析指数来估计环境群落的物种丰度和多样性。其中 Chao1 指数和 ACE 指数用于评估群落的丰度, Chao1 和 ACE 的指数越大, OTU 数目越多, 说明测试样本的物种数越多。Shannon 指数和 Simpson 指数可用于评估群落的多样性, Shannon 指数越大、Simpson 指数越小, 说明群落的多样性越高。Coverage 指数主要反映微生物群落的覆盖度。

如图 6 所示, 按照样品统计得出: 柳沟和庙沟露天矿的细菌丰度和多样性较低, 榆林窑钻井的细菌丰度和多样性较高。按照时间月统计得出: 7 月份细菌丰度高, 1 月份细菌丰度最低; 7 月多样性高, 4 月

份多样性最低。这主要是因为 pH 为影响 AMD 中的细菌丰度和多样性的主要因素，测试结果表明 pH

越低，样品的细菌丰度和多样性越低，T 越高样品的细菌丰度和多样性越高。

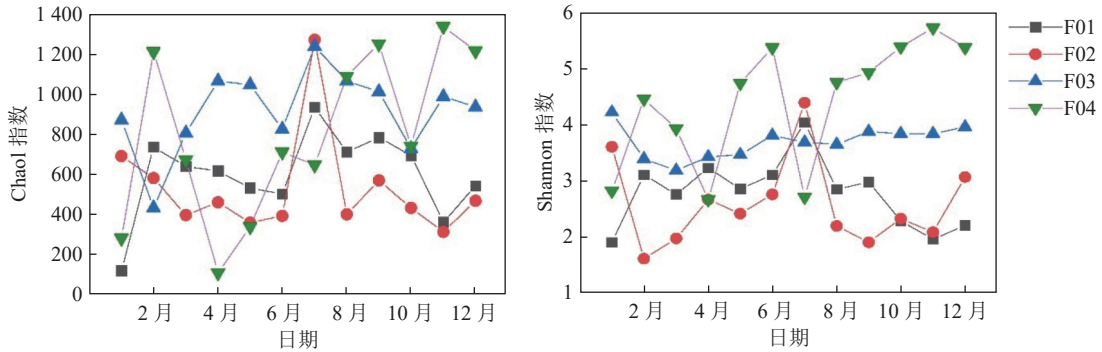


图 6 样品 α 多样性的 Chao1 和 Shannon 指数曲线
Fig.6 Chao1 and Shannon index curves of Alpha diversity of samples

α 多样性随时间的变化特征主要以单个样品的月变化情况进行统计分析。此处利用 Chao1 指数和 Shannon 指数从生物群落的丰度和多样性研究生物多样性的变化特征。由图 6 可知，柳沟 7 月份细菌丰度最高，1 月份细菌丰度最低；7 月多样性高，1 月份多样性最低，柳沟的细菌丰度和多样性受气温影响较大。庙沟露天矿 7 月份细菌丰度最高，11 月份细菌丰度最低；7 月份多样性高，2 月份多样性最低。庙沟露天矿样品细菌丰度和多样性受降水影响较大。小沟露天矿 7 月份细菌丰度最高，2 月份细菌丰度最

低；1 月份多样性高，3 月份多样性最低。小沟露天矿细菌丰度和多样性受降水影响较大。榆林垱钻井 11 月份细菌丰度最高，4 月份细菌丰度最低；6 月份多样性高，4 月份多样性最低。

2.2.2 AMD 微生物群落分布特征

1) 柳沟 AMD 主要菌属及丰度变化

在柳沟 AMD 的 1~12 月的样品中，平均相对丰度 >2% 的优势菌属的丰度变化如图 7 所示。可归类的菌属有 *Ferrovum*、*Ferrirophicum*、*Gallionella*、*Burkholderia- Caballeronia- Paraburkholderia*、*Acid-*

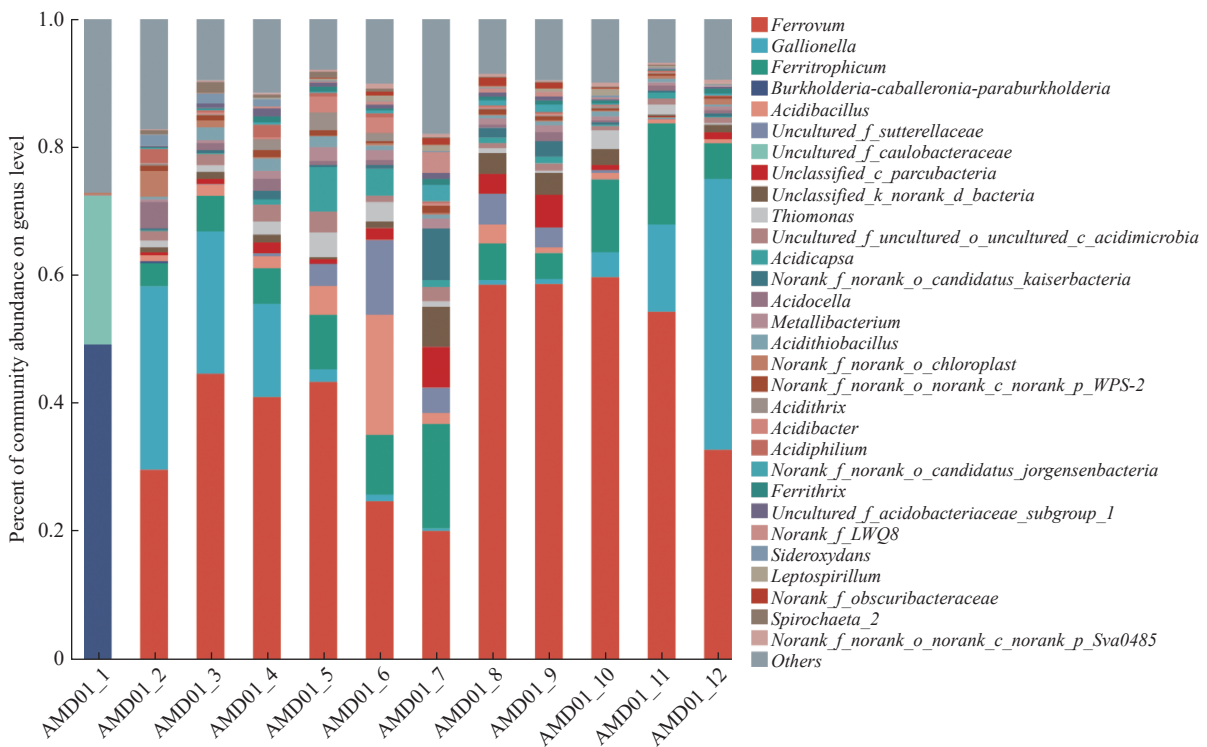


图 7 柳沟 AMD 样品优势菌属及丰度变化
Fig.7 Changes of dominant genera and abundance of bacteria in AMD samples from Liugou

ibacillus、*Bradyrhizobium*。其中 *Ferrovum* 为嗜酸自养、有铁氧化能力的菌属^[26], 适宜生活在酸性低温环境^[27]。*Gallionella* 为微需氧和化能自养属, 利用分子氧把 Fe^{2+} 氧化成 Fe^{3+} ^[28]。*Ferritrophicum* 为微需氧和化能自养菌, 可把 Fe^{2+} 氧化成 Fe^{3+} ^[29-30]。*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* 广泛存在植物和动物的粪便内, 常用于环境污染修复^[31]。*Acidibacillus* 广泛存在于酸性矿山水及含铁或硫的酸性环境中, 能够将 Fe^{2+} 氧化为 Fe^{3+} ^[32]。*Thiomonas* 可促进 $S_2O_3^{2-}$ 、 $S_3O_6^{2-}$ 、 $S_4O_6^{2-}$ 、 $S_5O_6^{2-}$ 和 SO_3^{2-} 等转化为 SO_4^{2-} ^[33]。*Bradyrhizobium* 的主要作用是参与固氮^[34]。

柳沟 AMD 的优势菌属为 *Ferrovum*、*Gallionella* 和 *Ferritrophicum*, 其 2~12 月份的相对丰度之和分别为 65.46%、73.64%、62.04%、54.12%、35.65%、38.03%、65.85%、64.23%、76.45%、84.60% 和 81.80%, 有 9 个月的丰度之和大于 50%。其中, *Ferrovum* 在 2~5 月的丰度维持在 30%~45%, 6~7 月丰度下降到 20%~25%; 8~10 月份相对丰度又上升至 54%~60%, 12 月份相对丰度维持在 33.07% 左右, 其年内平均丰度为 43.21%。在 2~4 月份 *Gallionella* 丰度维持在 14%~30%, 5~10 月份丰度下降至 0.30%~3.79%, 11~12 月份丰度又上升至 13.82%~43.04%, 其年内平均丰度为 12.06%。*Ferritrophicum* 在 2~6 月份相对丰度维持在 3.85%~9.39%; 7 月份突然升高, 相丰度值为 17.04%; 8~9 月份又降

低, 相对丰度维持在 3.99%~5.84%; 10~11 月份又升高, 丰度维持在 11.49%~16.08%; 12 月份又降低, 丰度为 5.69%。其年内平均丰度为 8.54%。

2) 庙沟露天矿 AMD 主要菌属及丰度变化

庙沟露天矿 AMD 检测的 12 个样品中, 平均相对丰度 >2% 的优势菌属随时间变化的丰度如图 8 所示。可归类的菌属有 *Ferrovum*、*Gallionella*、*Acidithiobacillus*、*Leptospirillum*、*Ferrithrix*、*Acidiphilium*、*Metallibacterium*、*Sphingomonas*、*Acidibacillus* 和 *Sphingobium*。庙沟露天矿 AMD 样品的优势菌属为 *Ferrovum*、*Gallionella* 和 *Acidithiobacillus*, 1~12 月份优势菌属相对丰度之和分别为 50.32%、84.81%、85.86%、58.02%、54.05%、42.64%、0.93%、62.70%、67.92%、70.51%、73.86% 和 53.39%。*Ferrovum* 在 1 月份相对丰度为 26.05%, 2 月份降至 3.63%, 3 月份又升高到 29.57%, 在 4~6 月份相对丰度维持在 41%~50%, 7 月相对丰度仅有 0.65%, 在 8~11 月份相对丰度维持在 53%~70%, 12 月份降低为 36.52%, 其年内平均丰度为 41.33%。*Gallionella* 在 1 月份相对丰度为 7.37%, 2 月份升至 74.35%, 3 月份降至 37.31%, 4 月又降至 2.36%, 在 5~12 月份相对丰度维持在 0.05%~0.13%, 其年内平均丰度为 15.17%。*Acidithiobacillus* 在 1 月份相对丰度为 16.91%, 2 月份降低至 6.83%, 3 月份升至 18.98%, 在 4 月份相对丰度为 13.26%, 在 5~8 月份相对丰度维持在

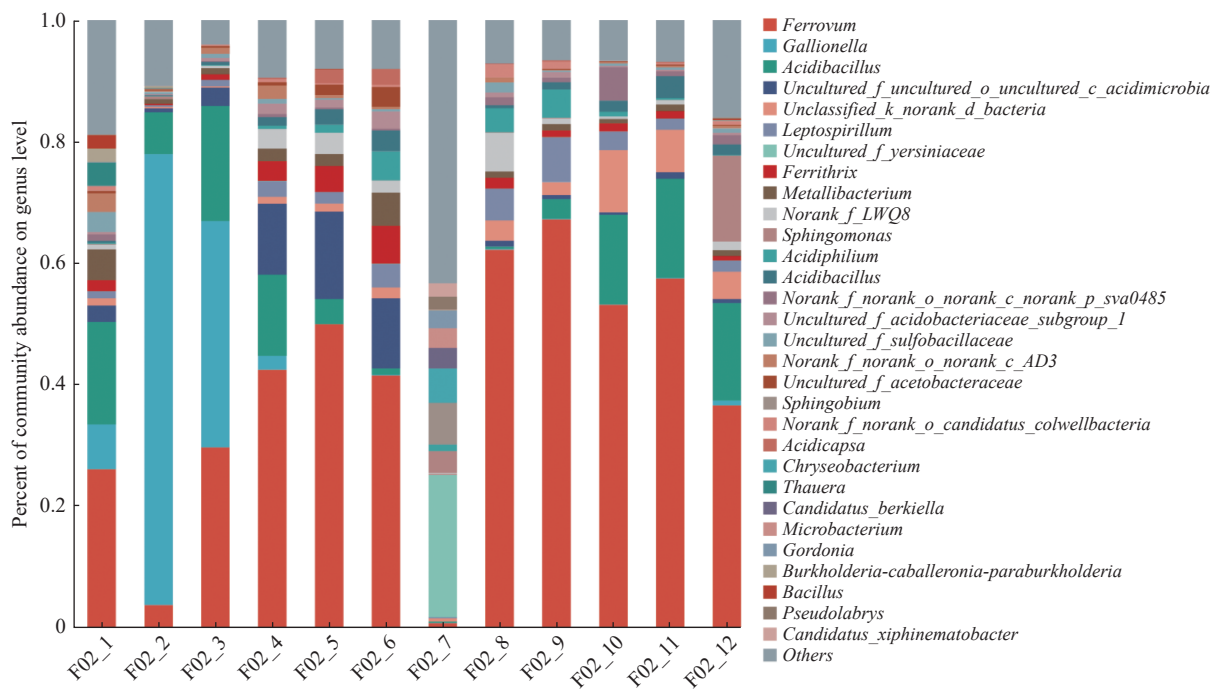


图 8 庙沟露天矿 AMD 样品优势菌属及丰度变化

Fig.8 Changes of dominant genera and abundance of bacteria in AMD samples from Miaogou open-pit mine

0.23%~0.41%，9 月份又升至 14.75%，10 月份相对丰度为 3.16%，在 11~12 月份相对丰度维持在 16.30%~16.05%，其年内平均丰度为 10.08%。

3) 小沟露天矿 AMD 主要菌属及丰度变化

在小沟露天矿 AMD 的 1~12 月的样品中，平均相对丰度>2% 的优势菌属的丰度变化如图 9 所示。可归类的菌属有 *Pseudorhodobacter*、*unclassified_f_Microbacteriaceae*、*Candidatus_Aquirestis*、*Porphyrobacter*、*norank_f_Sporichthyaceae*、*uncultured_f_Cryomorphaceae*、*Sideroxydans*、*Sediminibacterium*。其中 *Pseudorhodobacter* 为革兰氏阴性菌，好氧，

最佳温度为 20~25 ℃，pH 为 6.0~7.5(最佳 pH 7.0)广泛存在工业污水中^[35]。*Sideroxydans* 为革兰氏阴性，中性嗜酸菌的铁氧化细菌^[36]。小沟露天矿 AMD 样品的优势菌属为 *Pseudorhodobacter*、*unclassified_f_Microbacteriaceae* 和 *Candidatus_Aquirestis*。样品 1~12 月份优势菌属相对丰度之和分别为 30.17%、33.54%、51.57%、46.17%、52.11%、32.70%、33.99%、49.74%、48.35%、20.33%、29.40% 和 32.44%。*Pseudorhodobacter* 年内平均丰度为 12.87%。*unclassified_f_Microbacteriaceae* 年内平均丰度为 9.27%。*Candidatus_Aquirestis* 年内平均丰度为 6.78%。

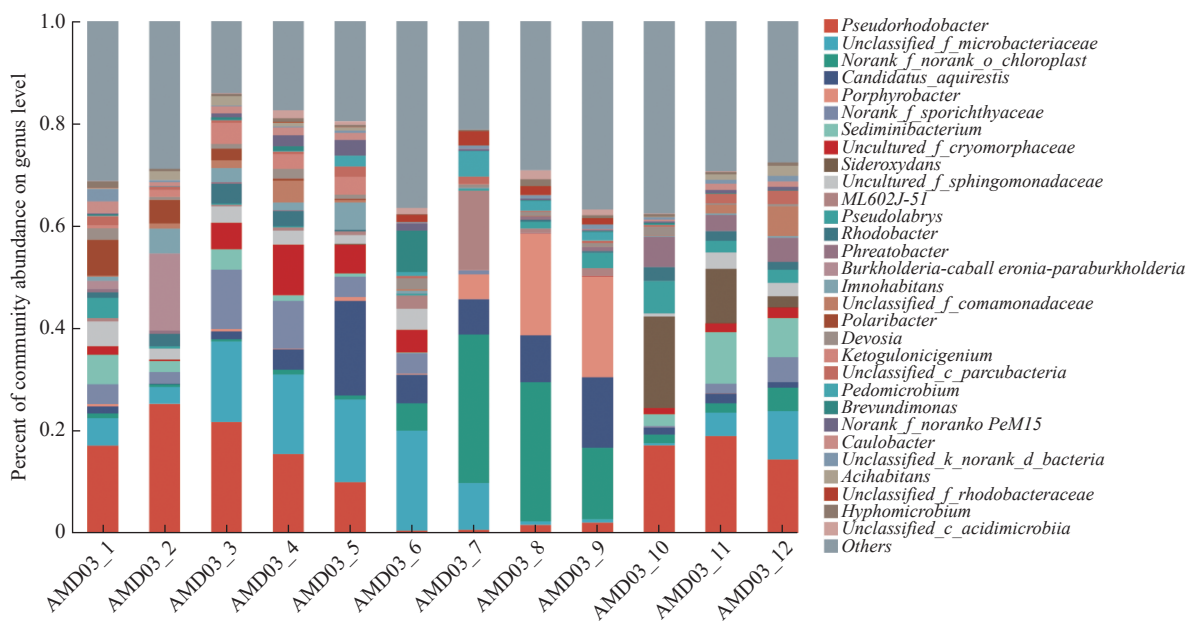


图 9 小沟露天矿 AMD 样品优势菌属及丰度变化

Fig.9 Changes of dominant genera and abundance of bacteria in AMD samples from Xiaogou open-pit mine

4) 榆林窑钻井 AMD 主要菌属及丰度变化

榆林窑钻井 AMD 的 12 个样品中，相对丰度>2% 的优势菌属在随时间变化的丰度如图 10 所示。可归类的菌属有 *Ferrovum*、*unclassified_f_Enterobacteriaceae*、*Gallionella*、*unclassified_f_Yersiniaceae*、*Pseudomonas*、*Acinetobacter*、*Sphingomonas*、*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* 和 *Pseudolabrys*。*Sphingomonas* 为非发酵革兰氏阴性，自养、兼性厌氧的嗜酸菌，在厌氧条件下能够还原铁、氧化硫。

榆林窑钻井 AMD 样品的优势菌属为 *Ferrovum*、*unclassified_f_Enterobacteriaceae* 和 *Gallionella*。1~12 月份 3 项相对丰度和分别为 0.04%、22.18%、0.32%、47.31%、1.43%、0.10%、71.37%、0.32%、0.21%、0.30%、0.84% 和 0.42%。*Ferrovum* 年内平

均丰度为 4.72%。*unclassified_f_Enterobacteriaceae* 年内平均丰度为 4.14%。*Gallionella* 年内平均丰度为 3.21%。

2.3 AMD 微生物群落分布与环境因子关联分析

根据山底河流域 AMD 的水化学特征，流域 AMD 具有 pH 低、 Fe^{3+} 质量浓度高、Mn 质量浓度高、 SO_4^{2-} 质量浓度高的特点，因此 AMD 的 T、pH、 Fe^{3+} 质量浓度、Mn 质量浓度和 SO_4^{2-} 质量浓度为影响 AMD 微生物群落分布的主要环境因子。另外，氧化还原环境也是决定 AMD 酸性的主要因素，故选择缺氧或厌氧环境的 AMD(榆林窑钻井)、缺氧环境的 AMD(柳沟集中排泄点)、好氧环境的 AMD(小沟露天矿和庙沟露天矿)进行环境因子(T、降水、pH、 Fe^{3+} 质量浓度、Mn 质量浓度、 SO_4^{2-} 质量浓度和耗氧量(COD_{Mn})与 AMD 微生物群落的关联分析，露天

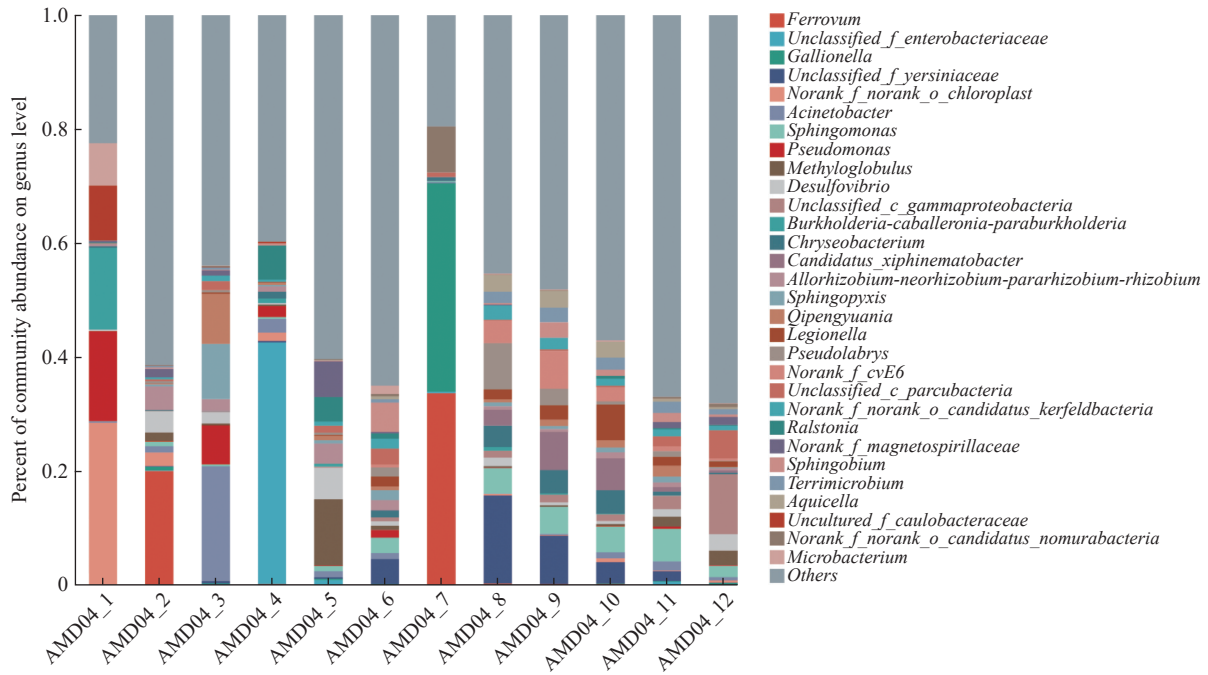


图 10 榆林埫钻井 AMD 样品优势菌属相对丰度变化

Fig.10 Changes of dominant genera and abundance of bacteria in AMD samples from Yulinnao drilling

矿中小沟露天矿原开采煤层为 15 号煤层、庙沟露天矿原开采煤层是 12 号煤层。

2.3.1 榆林埫钻井 AMD 微生物群落与环境因子关联分析

榆林埫钻井 1~12 月 AMD 的微生物群落与环境因子关联的 CCA 分析如图 11 所示。根据环境因子箭头的长短可以判断环境因子和微生物群落相关系数。T、降水、pH、Fe³⁺质量浓度、Mn 质量浓度、

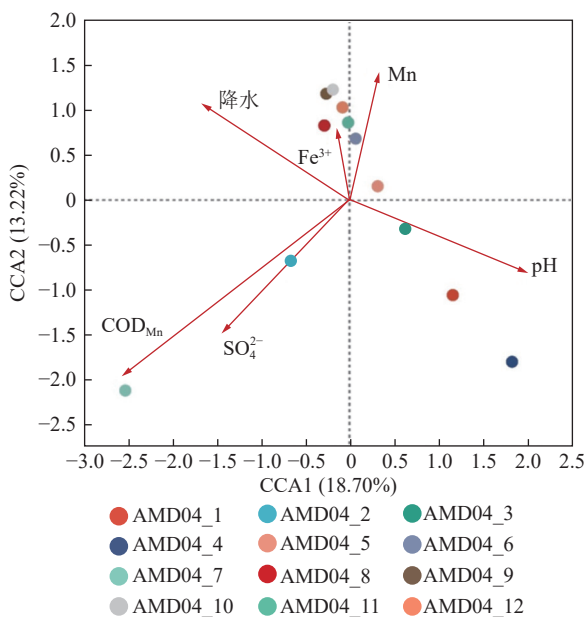


图 11 榆林埫钻井 AMD 样品微生物群落的 CCA 分析
Fig.11 CCA analysis of microbial communities of AMD samples from Yulinnao drilling

SO₄²⁻ 质量浓度和 COD_{Mn} 等环境因子与微生物群落的相关性从高到低的顺序为 pH>降水> COD_{Mn}> SO₄²⁻ 质量浓度>Mn 质量浓度>Fe³⁺质量浓度> T。相关系数分别为 94.70%, 88.44%, 85.74%, 77.58%, 26.56%, 23.92% 和 0.00%。1~12 月 AMD 样本点之间的距离可以判断样品物种分布之间的相似性和差异性, 由图可知榆林埫钻井 AMD5 月、6 月、8 月、9 月、10 月、11 月和 12 月样品微生物群落相似性高, 主要受 Mn、降水和 Fe³⁺影响。

2.3.2 柳沟 AMD 微生物群落与环境因子关联分析

柳沟 1~12 月 AMD 的微生物群落与环境因子关联的 CCA 分析如图 12 所示。环境因子与微生物群落的相关性从高到低的顺序为 pH> SO₄²⁻ 质量浓度> Mn 质量浓度>COD_{Mn}>Fe³⁺质量浓度>T>降水, 它们的相关系数分别为 98.66%, 97.53%、83.81%、63.41%、58.40%、55.32% 和 50.47%。由图 12 可知柳沟 2~12 月 AMD 样品的距离相近, 表明它们的微生物群落相似, 且影响微生物群落的主要是降水、T 和 Fe³⁺。

2.3.3 庙沟露天矿 AMD 微生物群落与环境因子关联分析

庙沟露天矿 1~2 月 AMD 的微生物群落与环境因子关联的 CCA 分析如图 13 所示。环境因子与微生物群落的相关性从高到低的顺序为 Mn 质量浓度> SO₄²⁻ 质量浓度> 降水>T>Fe³⁺质量浓度>COD_{Mn}>

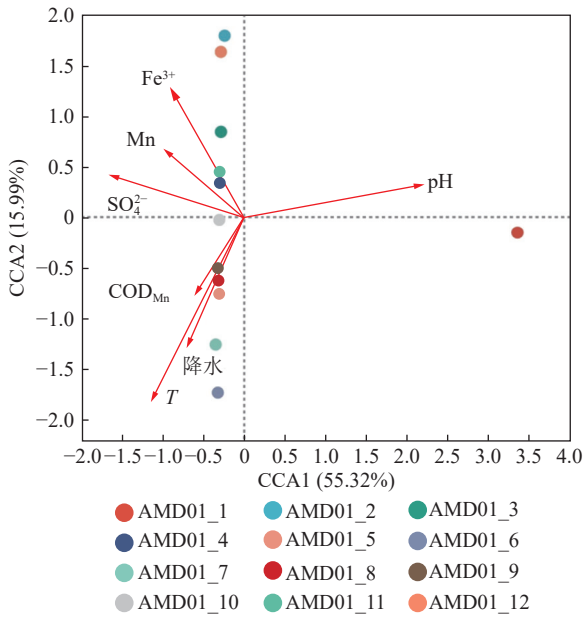


图 12 柳沟 AMD 样品微生物群落的 CCA 分析
Fig.12 CCA analysis of microbial communities of AMD samples from Liugou

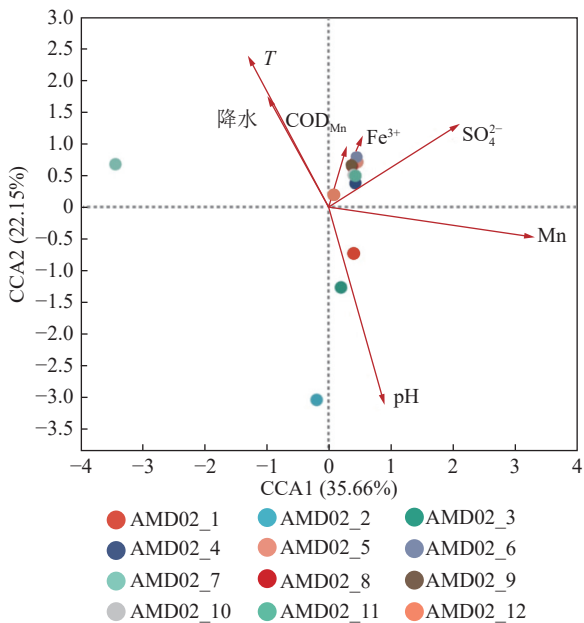


图 13 庙沟露天矿 AMD 样品微生物群落的 CCA 分析
Fig.13 CCA analysis of microbial communities of AMD samples from Miaogou open pit mine

pH, 相关系数分别为 99.54%、86.01%、51.23%、49.61%、49.09%、34.52% 和 26.89%。由图 13 可知庙沟露天矿出露点 5 月、6 月、8 月、9 月、10 月、11 月和 12 月的样品微生物群落相似性高。7 月与 2 月差异性大, 主要受 COD_{Mn} 和 pH 影响。

2.3.4 小沟 AMD 微生物群落与环境因子关联分析

小沟露天矿 1~12 月 AMD 样品中微生物群落分布的 RDA 分析如图 14 所示。环境因子与微生物

群落的相关性从高到低的顺序为 SO₄²⁻ 质量浓度>T>降水>Mn 质量浓度>COD_{Mn}>pH>Fe³⁺ 质量浓度。相关系数分别为 95.55%、94.55%、88.22%、84.00%、78.20%、74.35% 和 59.79%。由图 14 可知小沟露天矿出露点 3 月和 4 月样品微生物群落相似性高, 主要受 SO₄²⁻ 影响; 5 月和 6 月样品微生物群落相似性高, 主要受 pH 影响; 2 月和 11 月样品微生物群落相似性高, 主要受 Mn 和 Fe³⁺ 影响; 12 月和 1 月样品微生物群落相似性高, 主要受 Mn 和 SO₄²⁻ 影响。

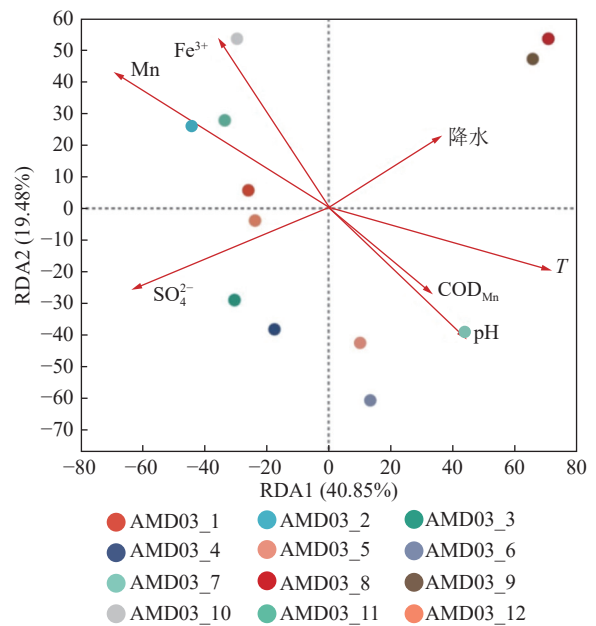


图 14 小沟露天矿 AMD 样品微生物群落的 RDA 分析
Fig.14 RDA analysis of microbial communities of AMD samples from Xiaogou open-pit mines

3 讨 论

3.1 AMD 水化学特征及成因

AMD 为由煤层和围岩中含有的硫化物、O₂、H₂O 和微生物共同作用下发生氧化反应所形成的。一般认为酸性矿井水的形成是氧化亚铁硫杆菌、Fe³⁺ 和 O₂ 共同作用的结果^[37]。AMD 的 pH 往往在 2~5, 其 SO₄²⁻、TDS、Fe、Mn 等含量高^[38]。与未采煤影响的石炭二叠系的裂隙泉水化学指标相比较, AMD 中的较高的 SO₄²⁻ 和 Fe 含量主要来源含煤地层中黄铁矿氧化, Al 和 Na 主要来源于高岭石、钠长石等硅酸岩在酸性条件下的溶解; Ca、Mg 离子则主要来源于围岩和煤中方解石、白云石的溶解, AMD 水化学特征主要受 pH 和围岩水岩作用影响。Al、Fe、Mn 等金属元素与 pH 负相关。AMD 水样的 pH 与 Eh 具有明显的负相关关系, NAICKER^[39]、赵峰华^[40] 和岳

梅等^[41]对 AMD 的研究也得出了同样的规律,该现象主要因为 AMD 中 Fe 随着 pH 增加而沉淀,因而 Eh 随之降低逐渐变为弱氧化环境。本研究得出好氧或缺氧环境下 AMD 的 pH 与降水、*T*、Eh 呈负相关,与 DO 呈正相关;厌氧环境下 AMD 的 pH 与 Fe³⁺、Eh、降水呈负相关。好氧环境下 AMD 的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 较低,厌氧环境下 AMD 的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 较高,煤矿酸性矿井水的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 受 $\delta^{34}\text{S}-\text{FeS}_2$ 控制,不同水文地质条件下 AMD 的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 也受煤矿酸性矿井水与围岩水岩作用的影响。

3.2 AMD 的微生物群落多样性及其分布特征

AMD 形成过程是铁硫元素的释放过程,是涉及溶浸、氧化和水解等一系列物理化学及生物化学过程^[42-43]。其中,硫化矿物的氧化是 AMD 形成的关键^[44-45]。微生物在 AMD 的形成过程中发挥重要作用^[46-47]。不少学者对其周边的酸性矿井水微生物群落进行研究,发现 pH<2 环境下 AMD 中微生物群落的优势菌群为 *Acidithiobacillus*^[48-49]、*ferrooxidans*^[50-51]。pH 为决定 AMD 极端环境中微生物群落结构和多样性的主要因子^[52]。AMD 污染河流中影响微生物群落组成的因子包括 pH、Fe、S、Mn 和 N 等^[53]。本研究显示山底河流域微生物群落受 pH、*T* 和降水的影响较大,AMD 中微生物群落的优势菌群为 *Ferrovum* 和 *Gallionella*。

4 结 论

1) 山底河流域 AMD 的水化学类型为 $\text{SO}_4-\text{Mg}\cdot\text{Ca}$ 型、 SO_4-Mg 型和 SO_4-Na 型。阳离子特征为 Ca^{2+} 、 Mg^{2+} 和 Na^+ 质量浓度高, K^+ 质量浓度低,阴离子特征 SO_4^{2-} 质量浓度高, Cl^- 质量浓度低。AMD 中 Ca、Mg 离子则主要来源于围岩和煤中方解石、白云石的溶解;K、Na 主要来源于长石等硅酸岩在酸性条件下的溶解; SO_4^{2-} 、Fe 含量主要来源于含煤地层中黄铁矿氧化。Fe²⁺ 含量是影响 AMD 耗氧量的主要因素, SO_4^{2-} 为影响 TDS 含量的主要因素。

2) 好氧或缺氧环境下 AMD 的 pH 与降水、*T*、Eh 呈负相关,与 DO 呈正相关;厌氧环境下 AMD 的 pH 与 Fe³⁺、Eh、降水呈负相关。好氧环境下 AMD 的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 较低,厌氧环境下 AMD 的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 较高,煤矿酸性矿井水的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 受 $\delta^{34}\text{S}-\text{FeS}_2$ 控制,不同水文地质条件下 AMD 的 $\delta^{34}\text{S}-\text{SO}_4^{2-}$ 也受煤矿酸性矿井水与围岩水岩作用的影响。

3) 山底河流域微生物群落受 pH、*T* 和降水的影响较大, *Ferrovum* 和 *Gallionella* 为影响 AMD 水化

学特征的优势菌属。柳沟 AMD 的微生物群落分布与降水、*T* 和 Fe³⁺ 相关性高。庙沟露天矿 AMD 的微生物群落分布与 Mn、 SO_4^{2-} 相关性高。小沟露天矿的微生物群落分布与 SO_4^{2-} 、*T* 相关性高。榆林沟的微生物群落分布与 pH、降水相关性高。

致谢:感谢广西医科大学吴棘教授,阳文秀博士在数据归纳统计方面的指导。

参考文献(References):

- [1] BALDI F, CLARK T, POLLACK S S, et al. Leaching of pyrites of various reactivities by thiobacillus ferrooxidans[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1992, 58(6): 1853-1856.
- [2] SASAKI K, TSUNEKAWA M, OHTSUKA T, et al. The role of sulfur-oxidizing bacteria Thiobacillus thiooxidans in pyrite weathering[J]. *Colloids and Surfaces A: Physicochemical and Engineering Aspects*, 1998, 133(3): 269-278.
- [3] 盛益之. 酸性矿井水环境中 Fe(II) 的氧化和微生物多样性研究[D]. 北京: 中国地质大学(北京), 2016.
SHENG Yizhi. Low-pH Fe(II) oxidation and microbial diversity in acid mine drainage environments[D]. Beijing: China University of Geosciences, 2016.
- [4] ZHANG X, NIU J J, LIANG Y L, et al. Metagenome-scale analysis yields insights into the structure and function of microbial communities in a copper bioleaching heap[J]. *BMC Genetics*, 2016, 17(1): 1-12.
- [5] HAO C B, WEI P F, PEI L X, et al. Significant seasonal variations of microbial community in an acid mine drainage lake in Anhui Province, China[J]. *Environmental Pollution*, 2017, 223: 507-516.
- [6] ETTAMIMI S, CARLIER J D, COX C J, et al. A meta-taxonomic investigation of the prokaryotic diversity of water bodies impacted by acid mine drainage from the São Domingos mine in southern Portugal[J]. *Extremophiles*, 2019, 23(6): 821-834.
- [7] MÉNDEZ-GARCÍA C, PELÁEZ A I, MESA V, et al. Microbial diversity and metabolic networks in acid mine drainage habitats[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, 6: 475.
- [8] 孙亚军, 张莉, 徐智敏, 等. 煤矿区矿井水水质形成与演化的多场作用机制及研究进展[J]. *煤炭学报*, 2022, 47(1): 423-437.
SUN Yajun, ZHANG Li, XU Zhimin, et al. Multi-field action mechanism and research progress of coal mine water quality formation and evolution[J]. *Journal of China Coal Society*, 2022, 47(1): 423-437.
- [9] 肖升木, 谢学辉, 柳建设, 等. 矿物培养影响微生物群落的 ERIC 研究[J]. *高校地质学报*, 2007, 13(4): 662-668.
XIAO Shengmu, XIE Xuehui, LIU Jianshe, et al. Study on the changes of microbial ecology with ERIC method after cultivation by different mineral resources[J]. *Geological Journal of China Universities*, 2007, 13(4): 662-668.
- [10] BAKER B J, LUTZ M A, DAWSON S C, et al. Metabolically active eukaryotic communities in extremely acidic mine drainage [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2004, 70(10):

- 6264–6271.
- [11] 陈迪. 高硫煤废弃矿井微生物群落演替规律及铁硫代谢基因的功能预测 [D]. 徐州: 中国矿业大学, 2020.
CHEN Di. Succession rule of microbial community and functional prediction of iron-sulfur metabolic genes in high-sulfur abandoned coal mines[D]. Xuzhou: China University of Mining and Technology, 2020.
- [12] DRUSCHEL G K, BAKER B J, GIHRING T M, et al. Acid mine drainage biogeochemistry at iron mountain, California[J]. *Geochemical Transactions*, 2004, 5(2): 13.
- [13] LIU Y C, DONG Q, WU C, et al. Study of the succession of microbial communities for sulfur cycle response to ecological factors change in sediment of sewage system[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, 22(12): 9250–9259.
- [14] 吕保义, 谢建云, 郑喻, 等. 稀土尾矿库周边地下水微生物的群落多样性研究[J]. 环境工程, 2015, 33(S1): 101–104, 116.
LYU Baoyi, XIE Jianyun, ZHENG Yu, et al. Study on microbial biodiversity in the groundwater around tailings of rare earth[J]. *Environmental Engineering*, 2015, 33(S1): 101–104, 116.
- [15] 唐春雷, 梁永平, 晋华, 等. 山底河流域煤矿酸性矿井水野外监测[J]. *中国岩溶*, 2022, 41(4): 522–531.
TANG Chunlei, LIANG Yongping, JIN Hua, et al. Overview of field monitoring for acid mine water system of the coal mine in Shandi river basin[J]. *Carsologica Sinica*, 2022, 41(4): 522–531.
- [16] 石维芝, 赵春红, 梁永平, 等. 煤矿酸性“老窑水”低 Ca/Mg 成因机制[J]. *中国岩溶*, 2022, 41(4): 511–521.
SHI Weizhi, ZHAO Chunhong, LIANG Yongping, et al. Genetic mechanism analysis of low Ca/Mg value of acid goaf water in coal mine drainage[J]. *Carsologica Sinica*, 2022, 41(4): 511–521.
- [17] 唐春雷, 梁永平, 晋华, 等. 山西娘子关泉群及其水的来源[J]. *中国岩溶*, 2022, 41(2): 174–182.
TANG Chunlei, LIANG Yongping, JIN Hua, et al. Niangziguan spring group in Shanxi Province and its water source[J]. *Carsologica Sinica*, 2022, 41(2): 174–182.
- [18] 唐春雷, 申豪勇, 赵春红, 等. 古堆泉域岩溶地下水水化学特征及成因[J]. 环境科学, 2023, 44(9): 4874–4883.
TANG Chunlei, SHEN Haoyong, ZHAO Chunhong, et al. Hydrochemical characteristics and formation causes of ground karst water systems in Gudui spring catchment[J]. *Environmental Science*, 2023, 44(9): 4874–4883.
- [19] 赵春红, 梁永平, 卢海平, 等. 娘子关泉域岩溶水 SO_4^{2-} 、 $\delta^{34}\text{S}$ 特征及其环境意义[J]. *中国岩溶*, 2019, 38(6): 867–875.
ZHAO Chunhong, LIANG Yongping, LU Haiping, et al. Chemical characteristics and environmental significance of SO_4^{2-} and sulfur isotope in the karst watershed of the Niangziguan spring, Shanxi Province[J]. *Carsologica Sinica*, 2019, 38(6): 867–875.
- [20] 梁永平, 申豪勇, 赵春红, 等. 对中国北方岩溶水研究方向的思考与实践[J]. *中国岩溶*, 2021, 40(3): 363–380.
LIANG Yongping, SHEN Haoyong, ZHAO Chunhong, et al. Thinking and practice on the research direction of karst water in northern China[J]. *Carsologica Sinica*, 2021, 40(3): 363–380.
- [21] 梁永平, 赵春红, 唐春雷, 等. 山西娘子关泉水及污染成因再分析[J]. *中国岩溶*, 2017, 36(5): 633–640.
LIANG Yongping, ZHAO Chunhong, TANG Chunlei, et al. Reanalysis of spring water and its pollution causes of the Niangziguan spring in Shanxi[J]. *Carsologica Sinica*, 2017, 36(5): 633–640.
- [22] 胡晓兵, 方健聪, 翟虎威, 等. 硫氧同位素在识别辛安泉域岩溶水 SO_4^{2-} 来源中的应用[J]. 地质科技通报, 2022, 41(5): 333–340.
HU Xiaobing, FANG Jiancong, ZHAI Huwei, et al. Application of sulfur and oxygen isotopes in identifying the source of sulfate in karst water from Xinan spring area[J]. *Bulletin of Geological Science and Technology*, 2022, 41(5): 333–340.
- [23] REN K, ZENG J, LIANG J P, et al. Impacts of acid mine drainage on karst aquifers: Evidence from hydrogeochemistry, stable sulfur and oxygen isotopes[J]. *Science of The Total Environment*, 2021, 761: 143223.
- [24] 唐春雷, 梁永平, 王维泰, 等. 龙子祠泉域岩溶水水化学-同位素特征[J]. *桂林理工大学学报*, 2017, 37(1): 53–58.
TANG Chunlei, LIANG Yongping, WANG Weitai, et al. Hydrogeochemical and isotopic characteristics of the karst groundwater systems in Longzici spring basin[J]. *Journal of Guilin University of Technology*, 2017, 37(1): 53–58.
- [25] 唐春雷, 赵春红, 申豪勇, 等. 娘子关泉群水化学特征及成因[J]. 环境科学, 2021, 42(3): 1416–1423.
TANG Chunlei, ZHAO Chunhong, SHEN Haoyong, et al. Chemical characteristics and causes of groups water in Niangziguan spring[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(3): 1416–1423.
- [26] ULLRICH S R, POEHLEIN A, LEVICÁN G, et al. Iron targeted transcriptome study draws attention to novel redox protein candidates involved in ferrous iron oxidation in “Ferrofum” sp. JA12[J]. *Research in Microbiology*, 2018, 169(10): 618–627.
- [27] LIN H, TANG Y L, DONG Y B, et al. Characterization of heavy metal migration, the microbial community, and potential bioremediating Genera in a waste-rock pile field of the largest copper mine in Asia[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2022, 351: 131569.
- [28] WATANABE T, KATAYANAGI N, AGBISIT R, et al. Influence of alternate wetting and drying water-saving irrigation practice on the dynamics of Gallionella-related iron-oxidizing bacterial community in paddy field soil[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, 152: 108064.
- [29] LI Y Y, LIU L, WANG H J. Mixotrophic denitrification for enhancing nitrogen removal of municipal tailwater: Contribution of heterotrophic/sulfur autotrophic denitrification and bacterial community[J]. *Science of The Total Environment*, 2022, 814: 151940.
- [30] WANG Y F, WU G X, ZHENG X N, et al. Synergistic ammonia and nitrate removal in a novel pyrite-driven autotrophic denitrification biofilter[J]. *Bioresour Technol*, 2022, 355: 127223.
- [31] LIN Z Q, PANG S M, ZHOU Z, et al. Novel pathway of acephate degradation by the microbial consortium ZQ01 and its potential for environmental bioremediation[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 426: 127841.

- [32] MURAVYOV M, PANYUSHKINA A, FOMCHENKO N. Effect of copper/nickel ratio on the efficiency of biobeneficiation of bulk copper-nickel sulfide concentrates[J]. *Minerals Engineering*, 2022, 182: 107586.
- [33] BAO Y P, GUO C L, WANG H, et al. Fe- and S-metabolizing microbial communities dominate an AMD-contaminated river ecosystem and play important roles in Fe and S cycling[J]. *Geomicrobiology Journal*, 2017, 34(8): 695–705.
- [34] ORMEÑO-ORRILLO E, MARTÍNEZ-ROMERO E. A genotoxonomy view of the *Bradyrhizobium* genus[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1334.
- [35] LI A H, LIU H C, HOU W G, et al. *Pseudorhodobacter sinensis* sp. nov. and *Pseudorhodobacter aquaticus* sp. nov., isolated from crater lakes[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2016, 66(8): 2819–2824.
- [36] YAN Z Z, MENG H J, ZHANG Q Q, et al. Effects of cadmium and flooding on the formation of iron plaques, the rhizosphere bacterial community structure, and root exudates in *Kandelia obovata* seedlings[J]. *Science of The Total Environment*, 2022, 851: 158190.
- [37] CLYDE E J, CHAMPAGNE P, JAMIESON H E, et al. The use of a passive treatment system for the mitigation of acid mine drainage at the Williams Brothers Mine (California): Pilot-scale study[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2016, 130: 116–125.
- [38] OTHMAN A, SULAIMAN A, SULAIMAN S K. Carbide lime in acid mine drainage treatment[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2017, 15: 31–36.
- [39] NAICKER K, CUKROWSKA E, MCCARTHY T S. Acid mine drainage arising from gold mining activity in Johannesburg, South Africa and environs[J]. *Environmental Pollution*, 2003, 122(1): 29–40.
- [40] 赵峰华. 煤矿酸性水地球化学 [M]. 北京: 煤炭工业出版社, 2005.
- [41] 岳梅, 赵峰华, 任德贻. 煤矿酸性水水化学特征及其环境地球化学信息研究[J]. *煤田地质与勘探*, 2004, 32(3): 46–49.
YUE Mei, ZHAO Fenghua, REN Deyi. The environment geochemistry information of the coal mine acid mining drainage[J]. *Coal Geology & Exploration*, 2004, 32(3): 46–49.
- [42] SIMATE G S, NDLOVU S. Acid mine drainage: Challenges and opportunities[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2014, 2(3): 1785–1803.
- [43] RODRÍGUEZ-GALÁN M, BAENA-MORENO F M, VÁZQUEZ S, et al. Remediation of acid mine drainage[J]. *Environmental Chemistry Letters*, 2019, 17(4): 1529–1538.
- [44] LUO Z H, LI Q, CHEN N, et al. Genome-resolved metagenomics reveals depth-related patterns of microbial community structure and functions in a highly stratified, AMD overlaying mine tailings[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 447: 130774.
- [45] YANG D, FAN R, GREET C, et al. Microfluidic screening to study acid mine drainage[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, 54(21): 14000–14006.
- [46] HUANG Y, LI X T, JIANG Z, et al. Key factors governing microbial community in extremely acidic mine drainage (pH<3) [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, 12: 761579.
- [47] SHE Z X, PAN X, WANG J, et al. Vertical environmental gradient drives prokaryotic microbial community assembly and species coexistence in a stratified acid mine drainage lake[J]. *Water Research*, 2021, 206: 117739.
- [48] CHEN J J, LIU Y L, DIEP P, et al. Genomic analysis of a newly isolated acidithiobacillus ferridurans JAGS strain reveals its adaptation to acid mine drainage[J]. *Minerals*, 2021, 11(1): 74.
- [49] JIN D C, WANG X M, LIU L L, et al. A novel approach for treating acid mine drainage through forming schwertmannite driven by a mixed culture of *Acidiphilium multivorum* and *Acidithiobacillus ferrooxidans* prior to lime neutralization[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 400: 123108.
- [50] BOND P L, DRUSCHEL G K, BANFIELD J F. Comparison of acid mine drainage microbial communities in physically and geochemically distinct ecosystems[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2000, 66(11): 4962–4971.
- [51] 高旭波, 潘振东, 龚培俐, 等. 微生物诱导碳酸盐岩沉淀过程及作用机理[J]. *中国岩溶*, 2022, 41(3): 441–452.
GAO Xubo, PAN Zhendong, GONG Peili, et al. Process and mechanism of microbial induced carbonate precipitation[J]. *Carologica Sinica*, 2022, 41(3): 441–452.
- [52] KUANG J L, HUANG L N, CHEN L X, et al. Contemporary environmental variation determines microbial diversity patterns in acid mine drainage[J]. *The ISME Journal*, 2012, 7(5): 1038–1050.
- [53] WANG M M, WANG X N, ZHOU S N, et al. Strong succession in prokaryotic association networks and community assembly mechanisms in an acid mine drainage-impacted riverine ecosystem[J]. *Water Research*, 2023, 243: 120343.