2025, 65(10): 4579-4592
CSTR: 32112.14.j.AMS.20250223
DOI: 10.13343/j.cnki.wsxb.20250223

微生物学报
Acta Microbiologica Sinica
http://journals.im.ac.cn/actamicrocn

Research Article 研究报告

植物多样性和土壤改良剂对铅锌矿废弃地土壤微生物群落的影响

温元婷，晏和滇，龚梦珏，陈建军，李博*，李元

云南农业大学 资源与环境学院，云南 昆明

温元婷, 晏和滇, 龚梦珏, 陈建军, 李博, 李元. 植物多样性和土壤改良剂对铅锌矿废弃地土壤微生物群落的影响[J]. 微生物学报, 2025, 65(10): 4579-4592.

WEN Yuanting, YAN Hedian, GONG Mengjue, CHEN Jianjun, LI Bo, LI Yuan. Plant diversity and soil amendments affect the soil microbial community in lead-zinc mine wasteland[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2025, 65(10): 4579-4592.

摘　要：【目的】探究植物多样性和土壤改良对铅锌矿废弃地土壤微生物群落的影响。【方法】以 9 种矿区生态恢复常用植物为研究对象，设置不同植物多样性水平(S1−S5)，每种植物多样性水平下均设置对照组(Y：不添加改良剂)和改良组(G：添加有机肥和聚丙烯酰胺)开展盆栽试验，研究植物多样性和土壤改良对土壤微生物群落的影响。【结果】改良组植物株高普遍高于对照组；土壤改良后碱解氮、速效磷和速效钾含量均明显升高；而重金属 Cd、Pb 含量在物种丰富度为 9(S5)时降幅最大，分别下降 37.20% 和 14.85%。土壤微生物多样性随植物多样性的增加而提高；改良剂对真菌群落的丰富度及多样性具有抑制作用，对细菌群落的丰富度与多样性具有促进作用。改良组中土壤真菌群落的丰度在 GS4 配置时达到最高，其中 Observed 指数和 Chao1 指数分别为 110.50、169.23；细菌群落丰度在 GS2 时达到最高，其中 Observed 指数和 Chao1 指数分别为 1 081.59、1 116.79。在真菌群落中，子囊菌在门和属 2 个分类学水平上改良组较对照组丰度均有不同程度升高，且子囊菌门的丰度随植物多样性的增加而提高；土壤改良后降低了毛霉菌门和根霉属的丰度，但增加了粪壳菌在属分类学水平上的丰度，且随着植物多样性升高，毛霉菌和根霉菌的丰度会降低。在细菌群落中，土壤改良后增加了鞘氨醇单胞菌和出芽单胞菌在属水平上的丰度。【结论】土壤微生物多样性随植物多样性的增加而提高，土壤改良剂的施加抑制土壤真菌群落丰富度和多样性，促进细菌群落丰富度与多样性；随着植物多样性水平的提高，子囊菌门的丰度提高，毛霉菌门和根霉属的丰度降低。

关键词：铅锌矿废弃地；植物多样性；土壤改良剂；微生物群落

资助项目：云南省农业联合专项(202301BD070001-103)；云南省专家工作站项目(202305AF150042)
This work was supported by the Agricultural Joint Project of Yunnan Province (202301BD070001-103) and the Expert Workstation Project of Yunnan Province (202305AF150042).
*Corresponding author. E-mail: libo@ynau.edu.cn
Received: 2025-03-20; Accepted: 2025-07-03; Published online: 2025-07-25

Plant diversity and soil amendments affect the soil microbial community in lead-zinc mine wasteland

WEN Yuanting, YAN Hedian, GONG Mengjue, CHEN Jianjun, LI Bo*, LI Yuan

College of Resources and Environment, Yunnan Agricultural University, Kunming, Yunnan, China

Abstract: [Objective] To explore the effects of plant diversity and soil improvement on the soil microbial community in abandoned lead-zinc mine wasteland. **[Methods]** A pot experiment was conducted with nine commonly used plants for ecological restoration in mining areas. Different plant diversity levels (S1 to S5) were set up, and for each level, a control group (Y: without soil amendment) and an improvement group (G: with organic fertilizer and polyacrylamide) were established. **[Results]** The plant height of the improvement group was generally higher than that of the control group. After soil improvement, the content of available nitrogen, available phosphorus, and available potassium all significantly increased, while that of heavy metals Cd and Pb decreased the most when the species richness was 9 (S5), dropping by 37.20% and 14.85% respectively. The diversity of soil microorganisms increased with the increase in plant diversity. The application of soil amendments reduced the richness and diversity of the fungal community, while enhancing the richness and diversity of the bacterial community. In the improvement group, the soil fungal abundance reached the highest level when GS4 configuration was adopted, with the Observed index and Chao1 index being 110.50 and 169.23, respectively. The soil bacterial abundance reached the highest level when GS2 was adopted, with the Observed index and Chao1 index being 1 081.59 and 1 116.79, respectively. In the fungal community, the abundance of ascomycetes at both the phylum and genus levels increased to varying degrees in the improvement group compared with the control group, and the abundance of *Ascomycota* increased with the increase in plant diversity. Soil improvement reduced the abundance of *Mucoromycota* and *Rhizopus*, but increased the abundance of *Sordaria*. Moreover, the abundance of *Mucoromycota* and *Rhizopus* decreased with the increase in plant diversity. In the bacterial community, soil improvement increased the abundance of *Sphingomonas* and *Gemmatimonas*. **[Conclusion]** Soil microbial diversity increases as the plant diversity increases. The application of soil amendments reduces the richness and diversity of soil fungi and improves the richness and diversity of soil bacteria. As the plant diversity increases, the abundance of *Ascomycota* increases, while that of *Mucoromycota* and *Rhizopus* decreases.

Keywords: lead-zinc mine wasteland; plant diversity; soil amendments; microbial communities

随着我国铅锌矿产业的快速发展，矿产资源开采力度逐渐加大，铅锌矿废弃地周边环境问题日益严峻[1-3]。研究表明铅锌矿废弃地重金属含量较高，土壤保水保肥能力差[4]。此外，在矿山开采过程中含量较高的有毒重金属不断发生迁移和转化，土壤中重金属元素含量的变化破坏了土壤微生物的生存环境，导致土壤中微生物群落多样性降低[5]。Zou 等[6]在研究 Pb-Zn 矿区微生物群落对重金属污染响应的空间变化时发现，Pb 污染会降低微生物生物量，影响微

✉ actamicro@im.ac.cn, ☏ 010-64807516

生物群落结构。云南省兰坪县铅锌矿作为中国重要的铅锌矿产资源基地之一，长期大规模的开采活动以及废渣堆积引发的重金属迁移问题已对周边土壤环境造成显著破坏[7]。

植物多样性显著影响微生物群落的组成、结构和功能。研究表明随着植物丰度的增加，土壤微生物的多样性、生物量及其生态功能均得到显著提升[8]。植物种类的变化会使根际土壤环境发生改变，微生物之间的竞争与协作关系也随之变化，适应新环境的微生物种群逐渐成为优势种，进而改变微生物群落的优势格局[9]。禾本科、菊科、豆科植物常用于重金属污染土壤修复。禾本科植物根系发达，具有较强的重金属耐性，易成为铅锌矿地区植被恢复进程中的先锋种[10]；菊科植物适应能力强、分布广泛、生长速度快[11]，有利于快速适应铅锌矿区贫瘠的土壤条件；而豆科植物凭借与根瘤菌的共生关系固氮，可提高土壤养分含量，与豆科植物共生的根瘤菌还能固定并改变土壤中重金属的形态[12]。

大量研究表明，有机肥和改良剂协同施用对重金属污染土壤的修复效果显著优于单一改良剂[13-15]。有机肥通过增加土壤阳离子交换量，提高土壤环境容量，改变土壤中细菌与真菌的比例，从而影响微生物群落多样性[16]。在农业上，聚丙烯酰胺(polyacrylamide, PAM)具有高吸水性，常被用作土壤保湿剂，可提高土壤透水性，为植物根系生长提供必需的水分[17]；同时，阴离子型 PAM 通常被用作土壤结构调理剂，能改善土壤性质，提升土壤透气性和保水保肥能力[18]。蒋美佳等[19]通过研究有机肥配施保水剂对土壤氮素流失的影响发现，有机肥配施 PAM 时土壤的保水保肥效果最好。因此科学配施有机肥和土壤改良剂可以调节土壤的 pH，改善土壤结构，增加土壤肥力[20]。

近年来，国内外学者对部分铅锌尾矿、铜尾矿区土壤的重金属污染及生态恢复，包括重金属含量、形态以及对矿区植被的毒害等方面进行了一些研究，并取得了一定成果[21-25]。目前，国内外研究主要集中在施加不同土壤改良剂，探究不同改良剂对土壤微生物的影响。为进一步探究植物多样性水平和土壤改良剂是否会对铅锌矿废弃地土壤微生物群落结构造成影响，本研究通过分析不同植物配置模式及有机肥与 PAM 联合改良措施对微生物群落的调控机制，构建以微生物群落恢复为核心的铅锌矿废弃地生态恢复优化模式，旨在为促进铅锌矿废弃地土壤修复、平衡矿山废弃地土壤微生物群落的稳定性提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试土壤采自云南省怒江州兰坪县金顶镇来龙村某铅锌矿废弃地(26°45′39.9″N，99°47′40.0″E)，海拔 2 945 m。该地区干湿季节分明，属于典型温带季风气候，年均气温为 12.6 ℃，年均降水量达 847 mm，降雨主要集中在每年的 6–10 月，无霜期 202 d。供试土壤理化性质如表 1 所示。根据文献[26]及实地考察，本研究选取了 9 种常见的耐受型草本植物，分别隶属于禾本科、菊科和豆科，具体如表 2 所示。这 9 种植物均购自昆明源树花园产品专营商店。

1.2 盆栽试验设计

根据重金属的富集互补作用，兼顾禾本科、豆科和菊科植物，设计了不同的植物组合。例如，豆科植物胡枝子可通过根系分泌物与重金属结合形成难溶性化合物，降低其活性而作为重金属污染土壤的主要修复植物[27]；狗尾草是禾本科植物，其种子产量高且繁殖扩散快，易成为铅锌矿地区植被恢复进程中的先锋种[28]；黑麦草、早熟禾和高羊茅均属于禾本科植物，在铅锌矿修复方面表现出良好潜力，常作为铅锌矿区耐性栽培植物[29]；紫花苜蓿具有高产生物量、抗旱能力强、生长迅速及根系发达等优

表1　供试土壤背景值

Table 1　Background value of test soil

Measured indicators	Soil background value
pH	7.79
Organic matter (g/kg)	10.97
Alkali-hydrolyzable nitrogen (mg/kg)	23.28
Available phosphorus (mg/kg)	7.84
Available potassium (mg/kg)	84.71
Total nitrogen (g/kg)	0.36
Total potassium (g/kg)	26.43
Total phosphorus (g/kg)	7.52
Cd (mg/kg)	120.55
Pb (g/kg)	5.11
As (mg/kg)	275.21

表2　本研究所用种植物

Table 2　Plants used in this study

Classification	Plant names
Poaceae	*Setaria viridis* L. Beauv.
	Lolium perenne L.
	Poa annua L.
	Festuca elata Keng ex E. Alexeev
Asteraceae	*Festuca rubra* L.
	Tagetes erecta L.
	Cosmos bipinnata Cav.
Fabaceae	*Lespedeza bicolor* Turcz.
	Medicago sativa L.

势，其野生型在重金属污染土壤的植物修复中发挥重要作用[30]；Zhu 等[11]在研究菊科植物对铅锌尾矿污染土壤植物修复的比较潜力时发现，波斯菊可能是修复重金属污染土壤的重要植物物种，而紫羊茅和万寿菊能在体内积累一定量的 Pb、Zn 等土壤重金属离子[31]。

本研究设置了 3 个植物多样性水平(*S*=1, 5, 9)和 5 种植物配置模式，并设置对照组和改良组，共 10 种处理(表 3)，每组 4 次重复，共 40 盆(57 cm×33 cm×18 cm)，每盆装 10 kg 原生污染土壤。于 2021 年 3 月在野外调查并采集土壤，完成各植物的种植。改良组(G)施用有机肥料(2.5%)和聚丙烯酰胺(0.009 405%)，有机肥购自兰坪科创农业开发有限公司，其中有机质含量≥50%，总养分(N+P_2O_5+K_2O)≥5%。有机质充分混合后，在水中溶解聚丙烯酰胺，并将其均匀施用于盆栽中。每盆的种子剂量均为 2 g，各植物的相对丰度均等，按照单一靶种均匀分布。种子采用撒播方式播种，再覆盖 1 cm 厚的土壤。为避免盆栽间的边界影响，盆栽间距设为 10 cm，且不定期随机更换盆栽位置。根据兰坪县年均降水量约为 850 mm，为模拟野外降水条件并结合花盆面积和蒸发量，试验过程中每 2 d 浇水 500 mL，若叶片萎蔫或发黄则调整水量。在植物成熟期(约 75 d)后采集植物样并进行分类，采用五点取样法采集各处理下的土壤样品，用于测定微生物群落多样性和结构。

1.3　植株性状和土壤化学性质测定

在植物生长至成熟期时连根挖出全部植物。用清水洗净后将植物分类，再用最小刻度为 1 mm 的卷尺测定株高。采用凯氏定氮法测定全氮；采用浓 H_2SO_4-$HClO_4$ 消解钼锑抗比色法测定全磷；采用氢氧化钠熔融-火焰光度计法测全钾；采用碱解扩散法测定碱解氮；采用 H_2SO_4-HCl 浸提钼锑抗比色法测定速效磷含量；采用乙酸铵浸提原子吸收分光光度法测定速效钾；采用酸度计测定 pH；采用重铬酸钾外加热法测定有机质含量；依据行业标准《生态地球化学评价动植物样品分析方法 第 1 部分：锂、硼、钒等 19 个元素量的测定 电感耦合等离子体质谱(ICP-MS)法》(DZ/T 0253.1—2004)测定 Cd、Pb 含量[32]。

1.4　土壤微生物群落的测定

采集植物根际土壤，置于冰盒中保存。本次实验数据委托上海美吉生物医药科技有限公司进行测序，测序方法为 16S rRNA 基因测序。16S rRNA 基因鉴定是指利用细菌 16S rRNA 基因序列测序的方法对细菌进行种属鉴定。通过提取细菌基因组 DNA、使用 16S rRNA 基因特异性引物进行 PCR 扩增、纯化产物、测序和序

表3 不同处理的植物配置

Table 3 Plant configuration for different treatment

Treatment	Code number	Plant configuration
Y	YS1	*L. bicolor*
	YS2	*S. viridis*, *L. perenne*, *F. rubra*, *T. erecta*, *M. sativa*
	YS3	*S. viridis*, *P. annua*, *F. rubra*, *C. bipinnata*, *M. sativa*
	YS4	S. *viridis*, *F. elata*, *C. bipinnata*, *T. erecta*, *M. sativa*
	YS5	*S. viridis*, *L. perenne*, *P. annua*, *F. elata*, *F. rubra*, *T. erecta*, *C. bipinnata*, *M. sativa*, *L. bicolor*
G	GS1	*L. bicolor*
	GS2	*S. viridis*, *L. perenne*, *F. rubra*, *T. erecta*, *M. sativa*
	GS3	*S. viridis*, *P. annua*, *F. rubra*, *C. bipinnata*, *M. sativa*
	GS4	T. *viridis*, *F. elata*, *C. bipinnata*, *T. erecta*, *M. sativa*
	GS5	*S. viridis*, *L. perenne*, *P. annua*, *F. elata*, *F. rubra*, *T. erecta*, *C. bipinnata*, *M. sativa*, *L. bicolor*

Y表示对照组，不加改良剂；G表示改良组，加入有机肥和聚丙烯酰胺。

Y denotes the control group without amendments; G represents the amended group treated with organic fertilizer and PAM.

列比对等步骤，可快速获取细菌种属的相关信息[33]。16S rRNA 基因序列分为 9 个高变区及 10 个保守区。保守区是所有细菌共同存在的区域，细菌之间无明显差异，能够反映生物体之间的亲缘关系；可变区具有特异性，通过对可变区序列进行 PCR 扩增、建库后测序，可揭示微生物之间的特异性核酸序列。

根据不同样品的提取方法，抽取不同样品的 DNA，然后用超微量紫外分光光度计(赛默飞世尔科技公司)测定 DNA 的纯度和浓度。以基因组 DNA 为模板，通过对测序区域的筛选，利用 Premix *Taq* (TaKaRa 公司)及带 barcode 的引物对其进行 PCR 扩增。用 1% 的琼脂糖凝胶电泳法测定 PCR 产物的片段长度、密度，在正常范围内的样品可进行后续试验。利用基因工具分析软件(version 4.0，Syngene 公司)比对 PCR 产物浓度，按等质量原则计算各样品所需体积，将各 PCR 产物进行混合。使用凝胶回收试剂盒(广州飞扬生物工程有限公司)回收 PCR 混合产物，用 TE 缓冲液洗脱回收目标 DNA 片段。按照 NEBNext® Ultra™ DNA Library Prep Kit for Illumina®建库试剂盒标准流程进行建库操作。使用 Illumina HiSeq 2500 平台对构建的扩增子文库进行 PE250 模式测序。

1.5 菌群丰富度的指数计算

操作分类单元(operational taxonomic unit, OTU)是通过给某个分类单元设置相同的标志，按照一定相似性，对所测得的核酸序列进行划分归类[34]，形成不同的分类单元，每 1 个分类单元即为 1 个 OTU。通常会拟定一个相似性阈值，在微生物研究中，这个阈值为 97%。若 2 个 OTU 的测序结果相似性小于这个阈值，则可认为这 2 个 OTU (即 2 个微生物物种)不属于同一种；相似度小于 93%–95% 的，属于不同的属[35]。运用 OTU 分析测定样本中微生物的丰度和多样性，这种方法在群体遗传学及系统发生学的研究中较为常用。本研究中对于微生物丰度的研究是基于 OTU 的分析。

Observed OTUs 指数指从取样中实际测量所得的 OTU 数目，可间接地反映样品中的物种丰富程度。Chao1 算法是基于稀有种的一种估算方法，用于估算样品中 OTU 的数量，如公式(1)所示。

$$S_{\mathrm{Chao1}} = S_{\mathrm{Obs}} + \frac{n_1(n_1-1)}{2(n_2+1)} \tag{1}$$

式中：S_{Chao1} 为 OTU 的估算值；S_{Obs} 为 OTU 的实际观测值；n_1 为仅含 1 个序列的 OTU 的数量；n_2 为仅含 2 个序列的 OTU 的数目；以此类

推。观测到的物种丰度与实际不同，Chao1 指数比 OTU 实际观测值更大，更接近真实值，实际丰度比观测值大，稀有种越多对 Chao1 指数的影响越大。

1.6 菌群多样性指数

香农-威纳(Shannon)指数是一种常用于描述生物群落多样性，包括物种的丰富度和均匀度的重要指标。其结果包括 2 个组分：种数和均匀度，值与多样性成正比，如公式(2)所示。

$$H_{\text{Shannon}}=-\sum_{i=1}^{S_{\text{Obs}}}\frac{n_i}{N}\ln\frac{n_i}{N} \tag{2}$$

式中：S_{Obs}为 OTU 的实际测量值；n_i为包含 i 个序列的 OTU 个数；N为所有的序列。

辛普森(Simpson)指数是衡量物种多样性的重要依据，是生态系统中常用的一种量化指标。其值与多样性成正比，如公式(3)所示。

$$D_{\text{Simpson}}=1-\frac{\sum_{i=1}^{S_{\text{Obs}}}n_i(n_i-1)}{N(N-1)} \tag{3}$$

式中：S_{Obs}为实际测出的 OTU 数目；n_i为含有 i 条序列的 OTU 数目；N为全部序列数。

2 结果与分析

2.1 不同处理下植物株高及土壤理化性质变化

由图 1 可知，改良组植物株高普遍高于对

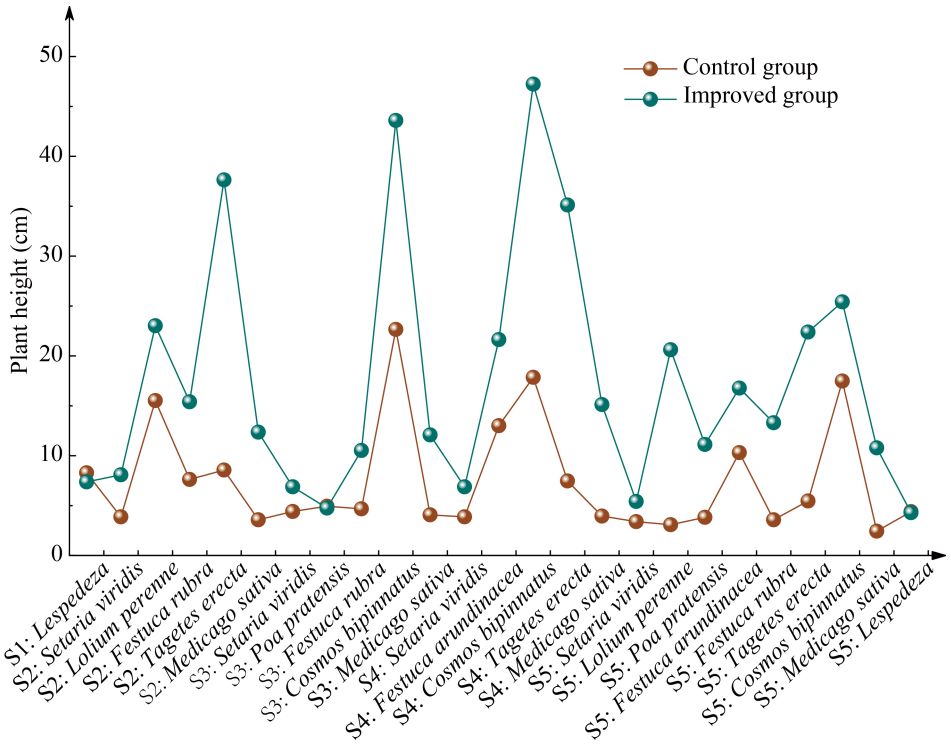

图1 植物株高。S1：胡枝子；S2：狗尾草+黑麦草+紫羊茅+万寿菊+紫花苜蓿；S3：狗尾草+早熟禾+紫羊茅+波斯菊+紫花苜蓿；S4：狗尾草+高羊茅+波斯菊+万寿菊+紫花苜蓿；S5：狗尾草+黑麦草+早熟禾+高羊茅+紫羊茅+万寿菊+波斯菊+紫花苜蓿+胡枝子。

Figure 1 Plant height. S1: *Lespedeza*; S2: *Setaria viridis+Lolium perenne+Festuca rubra+Tagetes erecta+Medicago sativa*; S3: *Setaria viridis+Poa pratensis+Festuca rubra+Cosmos bipinnatus+Medicago sativa*; S4: *Setaria viridis+Festuca arundinacea+Cosmos bipinnatus+Tagetes erecta+Medicago sativa*; S5: *Setaria viridis+Lolium perenne+Poa pratensis+Festuca arundinacea+Festuca rubra+Tagetes erecta+Cosmos bipinnatus+Medicago sativa+Lespedeza*.

照组。土壤改良后，菊科植物株高明显上升。改良组中波斯菊在 *S*=4 时最高达 47.24 cm；在 *S*=2 时，万寿菊最高达 37.64 cm，而其在对照组中仅有 8.56 cm。随着植物多样性上升，植物株高无明显变化规律。

土壤改良后，土壤中全氮、全磷和全钾含量均有不同程度的上升(表 4)。全氮含量随植物多样性的增加而增加，而全钾含量在 GS1 时最高，随后下降。改良土壤中碱解氮、速效磷和速效钾含量相对于对照组均明显上升，但随植物多样性上升，对照组中土壤速效钾含量呈下降趋势。在 3 种物种丰度相同的植物配置中，S3 配置下改良组土壤中有机质、碱解氮、速效磷和速效钾含量均为最高。不同处理下土壤 pH 均有升高，但基本稳定在中性偏碱性状态。土壤改良后会增加土壤有机质含量，但经植物吸收后土壤有机质含量呈下降趋势。不同处理下土壤中重金属 Cd、Pb 全量均有不同程度的降低。在物种丰富度为 1 (S1)时，Cd、Pb 含量分别下降 9.88% 和 8.10%；在物种丰富度为 5 (S2−S4)时，Cd、Pb 含量分别下降 22.33%−31.76% 和 6.78%−12.82%；在物种丰富度为 9 (S5)时，Cd、Pb 含量分别下降 37.20% 和 14.85%。

2.2 土壤微生物 α 多样性指数

如表 5 所示，土壤真菌群落 Observed、Chao1、Simpson 和 Shannon 指数显著下降，说明施加有机肥显著抑制了土壤真菌群落的丰度和多样性。改良组中土壤真菌群落丰度在 GS4 配置时达到最高，其中 Observed 指数和 Chao1 指数分别是 110.50、169.23；土壤真菌群落丰度在 GS1 配置时最低，其中 Observed 指数和 Chao1 指数分别是 66.67、95.20。土壤细菌群落

表4 土壤化学性质

Table 4 Chemical properties of soil

Item	Treat ment	S1	S2	S3	S4	S5
TN (g/kg)	Y	0.16±0.02	0.16±0.02	0.16±0.02	0.19±0.02	0.22±0.05
	G	0.34±0.07	0.43±0.08	0.43±0.06	0.37±0.04	0.42±0.08
TP (g/kg)	Y	5.49±0.39	5.44±0.40	5.48±0.43	6.07±0.76	5.84±0.43
	G	8.28±3.37	7.25±2.89	9.83±0.80	6.89±4.00	7.84±2.32
TK (g/kg)	Y	21.68±1.77	21.06±0.54	21.06±1.52	26.14±3.21	23.53±1.55
	G	32.22±2.49	28.07±1.71	26.92±2.76	29.70±1.39	26.36±2.45
AN (mg/kg)	Y	6.77±1.40	5.43±1.77	7.93±2.14	10.15±3.12	19.13±3.86
	G	36.75±4.52	40.25±9.88	52.50±6.63	27.65±3.73	42.35±2.94
AP (mg/kg)	Y	2.16±0.64	2.32±0.40	1.87±0.28	2.21±0.61	2.35±0.53
	G	45.63±3.66	44.38±4.99	51.93±9.38	49.65±9.12	58.74±4.39
AK (mg/kg)	Y	54.41±4.61	49.84±6.69	49.91±4.75	43.56±4.24	40.70±6.68
	G	247.12±21.40	253.90±49.37	310.11±39.85	273.33±45.99	350.83±33.18
pH	Y	7.77±0.01	7.81±0.05	7.90±0.04	7.91±0.04	7.89±0.03
	G	7.89±0.01	7.89±0.02	7.89±0.02	7.95±0.05	7.94±0.04
SOM (g/kg)	Y	7.01±1.21	8.54±1.35	9.75±1.89	13.52±2.26	9.06±1.10
	G	11.75±1.67	2.52±2.34	13.97±2.08	10.42±1.83	11.68±1.15
Cd (mg/kg)	Y	69.84±5.56	79.43±8.63	78.83±8.51	96.91±28.95	104.10±5.31
	G	62.94±7.73	61.69±8.40	60.79±6.89	66.13±9.73	65.38±15.50
Pb (g/kg)	Y	7.65±1.74	8.63±0.46	8.55±0.43	8.50±0.86	9.09±1.01
	G	7.03±0.29	7.47±0.66	7.97±1.19	7.41±0.73	7.74±0.76

Observed、Chao1、Simpson 和 Shannon 指数显著上升，说明施加有机肥显著促进了土壤细菌群落丰度和多样性。改良组中土壤细菌群落丰度在 GS2 时达到最高，其中 Observed 指数和 Chao1 指数分别高达 1 081.59、1 116.79。

2.3 土壤微生物群落结构组成

2.3.1 不同处理对门分类水平下微生物群落结构的影响

如图 2A 所示，在门水平上，土壤中丰度较高的门类为子囊菌门(*Ascomycota*)。改良组中未知真菌门(unidentified)的丰度相较于对照组大幅上升，最高可达 54% (GS1)，而毛霉菌门(*Mucoromycota*)的丰度则大幅下降，在 GS3 处理下最高时仅为 3%。在改良组中，随着植物多样性的提高，子囊菌门(*Ascomycota*)的丰度呈上升趋势，在 GS5 处理下占比最高可达 84%，在 GS1 处理下占比最低为 31%，而未知真菌门(unidentified)的丰度呈下降趋势。如图 2B 所示，在门水平上，假单胞菌门(*Pseudomonadota*)的丰度在改良组和对照组中均高于 50%。各种处理下土壤中细菌丰度无明显变化，植物多样性变化和土壤改良对门水平下土壤中细菌丰度无较大影响。

2.3.2 不同处理对属分类水平下微生物群落结构的影响

如图 3A 所示，在属水平上与对照组相比，改良土壤中未分类属(*f_o_c_p*)和粪壳菌属(*Sordaria*)的丰度显著升高，最高分别达到 54% (GS1)、

表5 土壤真菌和细菌群落结构α多样性指数

Table 5 Alpha diversity index of soil fungal community structure

Category	Treatment	Observed index	Chao1 index	Simpson index	Shannon index
Fungi	YS1	145.33±7.51a	185.08±21.68ab	0.90±0.02a	4.50±0.40ab
	YS2	138.67±14.19a	180.45±13.77ab	0.89±0.04ab	4.74±0.43a
	YS3	106.67±10.26bc	142.91±7.21c	0.81±0.02cd	3.80±0.20cd
	YS4	94.00±4.00c	131.58±4.58cd	0.85±0.04abc	4.17±0.47bc
	YS5	144.00±8.72a	194.05±11.70a	0.91±0.01a	4.59±0.23ab
	GS1	66.67±7.09d	95.20±10.41e	0.78±0.03d	3.39±0.05d
	GS2	73.67±4.51d	122.79±6.38ce	0.84±0.03bc	3.28±0.22d
	GS3	72.33±9.07d	110.77±11.14de	0.82±0.05cd	3.47±0.14d
	GS4	110.50±1.50b	169.23±0.25b	0.77±0.03d	3.44±0.22d
	GS5	100.00±8.00bc	123.90±13.95cd	0.80±0.01cd	3.35±0.10d
Bacteria	YS1	894.00±25.71e	984.55±9.01d	0.94±0.01cd	6.35±0.23e
	YS2	961.89±19.48d	1 065.30±22.74c	0.94±0.01c	6.46±0.19de
	YS3	902.00±29.00e	932.52±23.60e	0.96±0.01ab	6.92±0.24bc
	YS4	1 004.67±24.79c	1 060.83±14.72c	0.95±0.01bc	6.81±0.23cd
	YS5	1 015.67±12.58c	1 073.10±11.06c	0.92±0.01d	6.35±0.19e
	GS1	1 037.67±15.89bc	1 086.04±3.97bc	0.98±0.01a	7.45±0.01a
	GS2	1 081.59±10.12a	1 116.79±10.77a	0.98±0.01a	7.43±0.20a
	GS3	1 064.33±4.62ab	1 099.35±7.13ab	0.97±0.01a	7.50±0.18a
	GS4	1 037.00±20.07bc	1 083.36±11.86bc	0.96±0.01a	7.23±0.33ab
	GS5	1 067.00±14.53ab	1 106.50±14.25ab	0.97±0.01a	7.32±0.15a

不同小写字母表示处理间在P<0.05水平上差异显著(Duncan法)，相同字母标记表示组间差异无统计学意义(P>0.05)。

Different lowercase letters indicate significant differences between treatments at the P<0.05 level (Duncan’s multiple range test), while the same letter labels denote no statistically significant differences among groups (P>0.05).

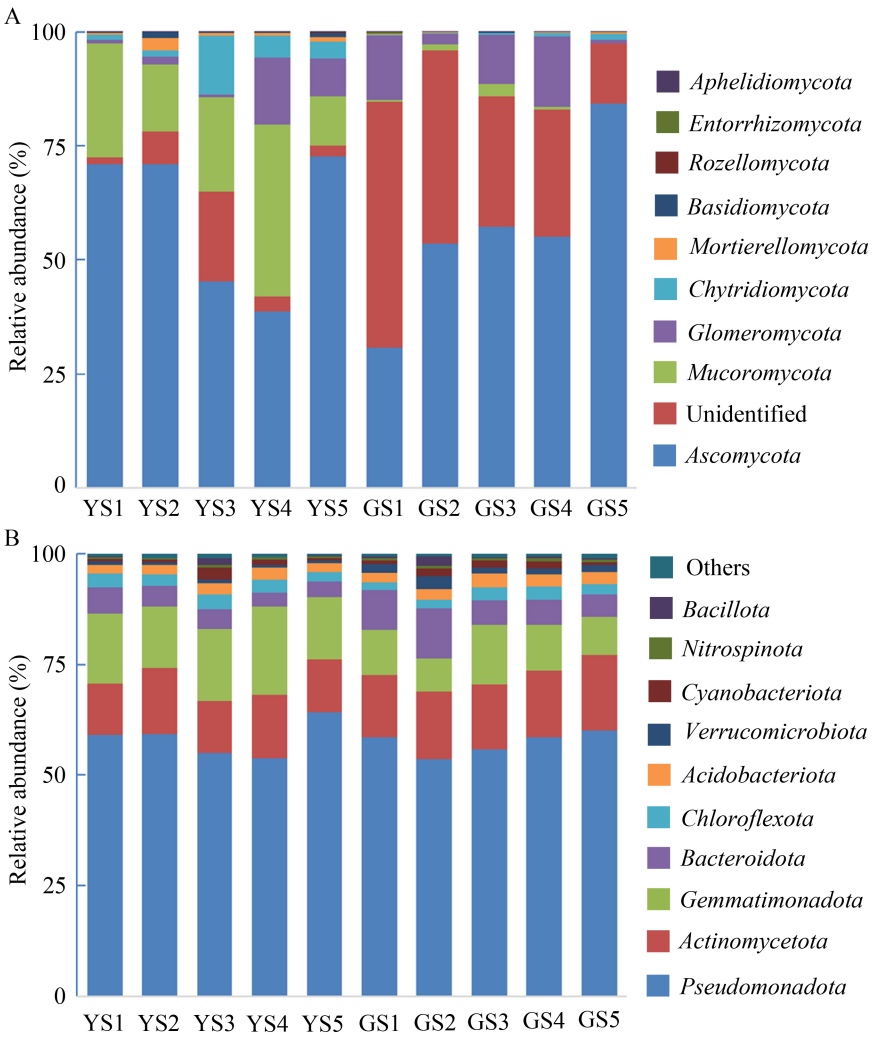

图2 门分类水平下微生物相对丰度。A：门分类水平下真菌相对丰度；B：门分类水平下细菌相对丰度。
Figure 2 Relative abundance of microorganisms at phylum level. A: Relative abundance chart of fungi (phylum); B: Relative abundance chart of bacteria (phylum).

25% (GS2)，而根霉属(*Rhizopus*)和其他属(Others)的丰度均显著降低。随着植物多样性的升高，未分类属(*f_o_c_p*)真菌的丰度在改良组中呈下降趋势，但子囊菌属(*Ascomycota*)的丰度呈上升趋势。如图 3B 所示，在属水平上与对照组比较，改良组中鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和出芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)的丰度相对于对照组呈上升趋势，而其他属细菌(Others)的丰度呈下降趋势；植物多样性的变化对属水平下细菌的相对丰度无较大影响。

3 讨论

3.1 土壤化学性质对植物多样性和土壤改良剂的响应

土壤改良剂通过增加土壤有机质以及氮、磷、钾等营养元素的含量，为植物正常的生理代谢活动提供了重要的物质基础，使得改良组植物的株高普遍更高，这一结果与 Wang 等[36]的研究结果一致。随着植物多样性的增加，全氮含量总体呈上升趋势，其原因可能是在 3 个物

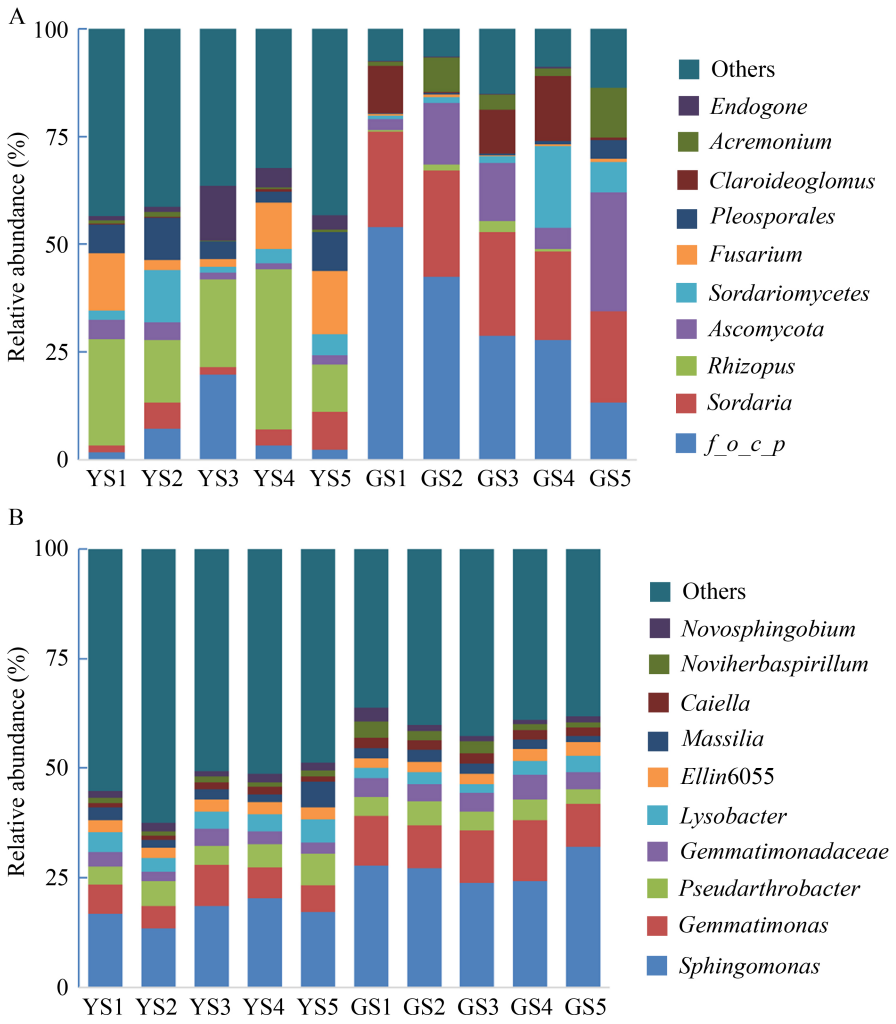

图3　属分类水平下微生物相对丰度。A：属分类水平下真菌相对丰度；B：属分类水平下细菌相对丰度。

Figure 3　Relative abundance of microorganisms at genus level. A: Relative abundance chart of fungi (genus); B: Relative abundance chart of bacteria (genus).

种丰富度水平下豆科植物的配置不同。大量研究表明，豆科植物对土壤氮素积累起着十分重要的作用[37]。土壤中的氮、磷、钾养分根据其存在形态和植物可利用性可分为全量养分和速效养分。氮、磷、钾全量养分指土壤中氮、磷、钾的总量，反映土壤的长期供肥潜力；而速效养分包括碱解氮、速效磷和速效钾，是能被植物直接吸收或短期内吸收利用的形态[38]。对照组由于未施加有机肥，且植物生长过程需要吸收大量的氮、磷、钾，导致土壤中氮、磷、钾含量相对较低；改良土壤后，氮、磷、钾含量均有不同程度的提高，PAM 也可减少土壤中养分的流失[39]。Jin 等[40]研究表明，有机肥等土壤改良剂有助于调节土壤 pH，使土壤 pH 保持在中性偏碱性环境，这与本研究结果一致。

3.2　土壤微生物群落丰度和多样性

微生物在铅锌尾矿的修复中发挥着重要作用，其多样性水平能够敏感地指示土壤健康状况并影响植物生长[41]。本研究基于 OTU 分析测定样本中微生物的丰度和多样性。通过测定土壤微生物 α 多样性指数发现，其基本呈现种植

单一植物时最小、9 种植物配置时最大的情况，这是由于微生物多样性随植物多样性的增加而增加。土壤改良对土壤微生物真菌群落的丰富度及多样性有抑制作用。马建华等[42]研究发现，施用有机肥后降低了土壤真菌的 Chao1 指数，而 Shannon 指数有所增加，说明增施有机肥能够提高土壤真菌群落的多样性、降低真菌群落丰富度，这与本研究结果有一定差异。这可能是由于土壤改良后导致根际功能微生物群的特定子集富集，如子囊菌门大量繁殖，这与胡玉达[43]的研究结果一致，从而抑制了其他真菌的生长。本研究中土壤细菌群落结构 α 多样性指数显著下降，说明土壤改良后对微生物细菌群落的丰富度与多样性有促进作用。原因可能是有机肥能有效提升表层土壤酶活性[44]，其分解也有助于调节土壤 pH，而 PAM 能够改良土壤结构，减少土壤中水分和养分的流失[45]，为大多数细菌创造了适宜的生存环境，这与余高等[46]的研究结果一致。土壤细菌 α 多样性指数的变化主要与土壤 pH、SOM 和养分含量的变化有关。

3.3 植物多样性和土壤改良剂对土壤微生物群落结构的影响

本研究利用 Illumina HiSeq2500 平台进行 16S rRNA 基因扩增子测序，分析不同植物配置和土壤改良下土壤微生物群落结构组成和多样性。真菌多样性分析结果表明：在门水平上，子囊菌门为土壤真菌群落中的优势菌门，这与 Guo 等[47]的研究结果一致。此外，改良组中子囊菌门也呈现出植物多样性越高丰度越高的趋势，王永宏等[48]的研究同样证明了子囊菌门的丰度与植物多样性呈正相关。毛霉菌是典型的富营养型微生物[49]，但土壤改良后降低了毛霉菌门的丰度，其原因可能是子囊菌门等其他真菌占据了大量的生态位，从而限制了其生长和繁殖。此外，改良组中根霉属的丰度相对于对照组呈下降趋势，根霉菌的菌株最适 pH 较低，可达 4.0–4.5[50]，而供试土壤 pH 为 7.79，这可能是导致根霉菌丰度下降的主要因素。土壤改良提高了粪壳菌在属分类水平上的丰度，鲁桂栋[49]研究也表明，施用有机肥可以促进粪壳菌这类富营养型微生物的富集。细菌多样性分析结果表明：在门水平上，假单胞菌门为土壤细菌群落的优势菌门。燕树杰等[51]研究表明，假单胞菌门对环境因子的适应范围极广，并能在不同植物根系中快速增长。在属水平上，土壤改良后提高了芽单胞菌属和鞘脂单胞菌属的丰度。研究表明土壤铵态氮(NH_4^+-N)含量与鞘氨醇单胞菌属和出芽单胞菌属相对丰度呈现显著正相关[52]，Wang 等[53]研究表明，施用有机肥极显著提高了土壤铵态氮含量，这可能是导致鞘氨醇单胞菌属和出芽单胞菌属丰度上升的关键因素。

4 结论

不同处理下，土壤中重金属 Cd、Pb 全量均有不同程度的降低；土壤微生物多样性随植物多样性的增加而增加；施加改良剂(有机肥+PAM)抑制了土壤真菌群落丰度和多样性，但促进了土壤细菌群落丰度和多样性。

在真菌的门和属 2 个分类学水平上，改良组中子囊菌(*Ascomycota*)的丰度相对于对照组均有不同程度的提高，且子囊菌门的丰度随植物多样性的增加而增加。土壤改良后，抑制了毛霉菌门(*Mucoromycota*)和根霉属(*Rhizopus*)的丰度，但促进了粪壳属(*Sordaria*)的丰度；且随着植物多样性升高，毛霉菌门和根霉属的丰度会降低。在细菌群落中，假单胞菌门(*Pseudomonadota*)为土壤的优势菌门，土壤改良促进了鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和出芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)的丰度。此外，植物多样性变化在细菌的门和属 2 个分类学水平上无显著影响。

作者贡献声明

温元婷：数据收集与监管，微生物数据分

析，编辑，撰写正文；晏和滇：植物和土壤数据分析，完成呈现，撰写中英文摘要；龚梦珏：执行调研，微生物数据收集与监管；陈建军：提出概念，监督管理；李博：获取基金，验证，审阅；李元：项目管理，方法论。

作者利益冲突公开声明

作者声明不存在任何可能会影响本文所报告工作的已知经济利益或个人关系。

参考文献

[1] HAN W, ZHAO RF, LIU WR, WANG YJ, ZHANG S, ZHAO K, NIE JL. Environmental contamination characteristics of heavy metals from abandoned lead-zinc mine tailings in China[J]. Frontiers in Earth Science, 2023, 11: 1082714.

[2] DONG YR, GAO ZQ, DI JZ, WANG D, YANG ZH, WANG YF, GUO XY, LI KF. Experimental study on solidification and remediation of lead-zinc tailings based on microbially induced calcium carbonate precipitation (MICP) [J]. Construction and Building Materials, 2023, 369: 130611.

[3] 李国政. 新时代矿山地质修复模式的升级与重塑: 基于“地质修复3.0”的概念分析[J]. 西北地质, 2019, 52(4): 270-278.
LI GZ. Upgrading and reshaping of mine geological restoration model in new era: conceptual analysis based on “geological restoration 3.0” [J]. Northwestern Geology, 2019, 52(4): 270-278 (in Chinese).

[4] DU YB, TIAN ZJ, ZHAO YF, WANG XR, MA ZZ, YU CH. Exploring the accumulation capacity of dominant plants based on soil heavy metals forms and assessing heavy metals contamination characteristics near gold tailings ponds[J]. Journal of Environmental Management, 2024, 351: 119838.

[5] 任广明, 张琦, 曲娟娟, 闫立龙, 孙兴滨. 铅锌矿区土壤细菌群落多样性分析[J]. 东北林业大学学报, 2012, 40(1): 58-61.
REN GM, ZHANG Q, QU JJ, YAN LL, SUN XB. Bacterial community diversity in mining area polluted by lead and zinc[J]. Journal of Northeast Forestry University, 2012, 40(1): 58-61 (in Chinese).

[6] ZOU LN, LU YH, DAI YX, KHAN MI, GUSTAVE W, NIE J, LIAO YL, TANG XJ, SHI JY, XU JM. Spatial variation in microbial community in response to as and Pb contamination in paddy soils near a Pb-Zn mining site[J]. Frontiers in Environmental Science, 2021, 9: 630668.

[7] 温绍福, 江润海, 朱城强, 张梅, 王春雪, 侯秀丽. 解磷菌对玉米生长及根际土壤微生物群落结构的影响研究[J]. 生态与农村环境学报, 2025, 41(5): 651-661.
WEN SF, JIANG RH, ZHU CQ, ZHANG M, WANG CX, HOU XL. Effects of phosphate-solubilizing bacteria on maize growth and rhizosphere soil microbial community structure[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2025, 41(5): 651-661 (in Chinese).

[8] ZHOU T, LIANG GP, REICH PB, DELGADO-BAQUERIZO M, WANG CK, ZHOU ZH. Promoting effect of plant diversity on soil microbial functionality is amplified over time[J]. One Earth, 2024, 7(12): 2139-2148.

[9] SCHREITER S, DING GC, HEUER H, NEUMANN G, SANDMANN M, GROSCH R, KROPF S, SMALLA K. Effect of the soil type on the microbiome in the rhizosphere of field-grown lettuce[J]. Frontiers in Microbiology, 2014, 5: 144.

[10] PATRA DK, ACHARYA S, PRADHAN C, PATRA HK. Poaceae plants as potential phytoremediators of heavy metals and eco-restoration in contaminated mining sites[J]. Environmental Technology & Innovation, 2021, 21: 101293.

[11] ZHU GX, ZHAO JJ, CHEN Q, GUO QJ, CHENG DD, BIJAYA GCD, LI WJ. The comparative potential of four compositae plants for phytoremediation of karst lead/zinc mine tailings contaminated soil[J]. BioResources, 2022, 17(2): 2997-3013.

[12] HAO X, TAGHAVI S, XIE P, ORBACH MJ, ALWATHNANI HA, RENSING C, WEI G. Phytoremediation of heavy and transition metals aided by legume-rhizobia symbiosis[J]. International Journal of Phytoremediation, 2014, 16(2): 179-202.

[13] GUL I, MANZOOR M, KALLERHOFF J, ARSHAD M. Enhanced phytoremediation of lead by soil applied organic and inorganic amendments: Pb phytoavailability, accumulation and metal recovery[J]. Chemosphere, 2020, 258: 127405.

[14] HONG Y, LI D, XIE C, ZHENG XX, YIN J, LI ZD, ZHANG KL, JIAO YQ, WANG BJ, HU YM, ZHU ZQ. Combined apatite, biochar, and organic fertilizer application for heavy metal co-contaminated soil remediation reduces heavy metal transport and alters soil microbial community structure[J]. Science of the Total Environment, 2022, 851: 158033.

[15] MAO ZS, LIU B, FANG XZ, MA JW, LIU D, GAO ZS, CASTILLO MM, YE ZQ. Effects of different fertilizer treatments on AC electric field-assisted phytoremediation efficiency of Cd-contaminated soil by willow and *Sedum*[J]. Journal of Soils and Sediments, 2022, 22(5): 1460-1468.

[16] 黄颖博, 罗凡, 龚雪蛟, 王迎春, 李兰英, 刘东娜, 尧渝. 有机肥对土壤微生物群落特征影响的研究进展[J]. 中国农学通报, 2023, 39(3): 88-96.
HUANG YB, LUO F, GONG XJ, WANG YC, LI LY, LIU DN, YAO Y. Effects of organic fertilizers on soil microbial community characteristics: research progress[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2023, 39(3): 88-96 (in Chinese).

[17] KEBEDE B, TSUNEKAWA A, HAREGEWEYN N, MAMEDOV AI, TSUBO M, FENTA AA, MESHESHA DT, MASUNAGA T, ADGO E, ABEBE G, BERIHUN ML. Effectiveness of polyacrylamide in reducing runoff and soil loss under consecutive rainfall storms[J]. Sustainability, 2020, 12(4): 1597.

[18] WU L, OK YS, XU XL, KUZYAKOV Y. Effects of anionic polyacrylamide on maize growth: a short term ^{14}C labeling study[J]. Plant and Soil, 2012, 350(1): 311-322.
[19] 蒋美佳, 刘晓林, 冯钰梅, 李凡, 何秀琴, 邓晓悦, 李玉义, 孔凡磊. 有机肥配施保水剂对紫色土水分入渗及氮素淋溶的影响[J]. 水土保持学报, 2019, 33(5): 99-104.
JIANG MJ, LIU XL, FENG YM, LI F, HE XQ, DENG XY, LI YY, KONG FL. Effect of organic fertilizer combined with water-retaining agent on water infiltration and nitrogen leaching of purple soil[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2019, 33(5): 99-104 (in Chinese).
[20] 罗和清, 邹康康, 吴鹏, 袁朗月, 陈笑扬. 作物施肥的基本原则[J]. 农村经济与科技, 2024, 35(9): 65-67, 81.
[21] JIA T, WANG XR, GUO TY, CHAI BF. Litter decomposition of *Imperata cylindrica* in a copper tailing areas with different restoration history: fungal community dynamics and driving factors[J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 780015.
[22] 杨涛涛, 毛喆, 廖斌, 陈涛, 李健. 重金属尾矿生态修复的基质改良和植被重建研究进展[J]. 能源与节能, 2024(11): 6-9.
YANG TT, MAO Z, LIAO B, CHEN T, LI J. Research progress on matrix improvement and vegetation reconstruction for ecological restoration of heavy metal tailings[J]. Energy and Energy Conservation, 2024(11): 6-9 (in Chinese).
[23] TANG B, XU HP, SONG FM, GE HG, YUE SY. Effects of heavy metals on microorganisms and enzymes in soils of lead-zinc tailing ponds[J]. Environmental Research, 2022, 207: 112174.
[24] LI YL, WANG CQ, YAN CW, LIU SW, CHEN XT, ZENG MS, DONG YH, JIAO RZ. Heavy metal concentrations and accumulation characteristics of dominant woody plants in iron and lead-zinc tailing areas in Jiangxi, southeast China[J]. Forests, 2023, 14(4): 846.
[25] WANG QL, CAI JN, GAO F, LI ZJ, ZHANG MS. Pollution level, ecological risk assessment and vertical distribution pattern analysis of heavy metals in the tailings dam of an abandon lead-zinc mine[J]. Sustainability, 2023, 15(15): 11987.
[26] 邓江堤, 张灿, 李宇, 李博, 祖艳群, 李元, 陈建军, 张洲. 河岸缓冲带对采矿废弃地水土流失及其重金属污染扩散的消减效应[J]. 农业环境科学学报, 2022, 41(2): 325-335.
DENG JD, ZHANG C, LI Y, LI B, ZU YQ, LI Y, CHEN JJ, ZHANG Z. Effect of ecological buffer patterns on abating soil erosion and heavy metal diffusion in riverbanks near mining waste catchments[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2022, 41(2): 325-335 (in Chinese).
[27] 黑泽文, 向慧敏, 章家恩, 梁开明. 豆科植物修复土壤重金属污染研究进展[J]. 生态科学, 2019, 38(3): 218-224.
HEI ZW, XIANG HM, ZHANG JE, LIANG KM. Advances in legumes-based remediation of heavy metals contaminated soil[J]. Ecological Science, 2019, 38(3): 218-224 (in Chinese).
[28] 宋红艳. 赫章县典型铅锌废渣场草本植物群落结构及土壤环境解释[D]. 贵阳: 贵州大学, 2023.
SONG HY. Herbaceous plant community structure in a typical lead and zinc waste site in Hezhang county and soil environment interpretation[D]. Guiyang: Guizhou University, 2023 (in Chinese).
[29] 董馨岚, 白哲, 李铭红, 朱剑飞. 铜铅胁迫下水分、温度和施肥对黑麦草富集能力的影响[J]. 生态学报, 2020, 40(21): 7721-7732.
DONG XL, BAI Z, LI MH, ZHU JF. Effects of water, temperature and fertilization on accumulation ability of ryegrass under Cu and Pb stress[J]. Acta Ecologica Sinica, 2020, 40(21): 7721-7732 (in Chinese).
[30] TUSSIPKAN D, MANABAYEVA SA. Alfalfa (*Medicago sativa* L.): genotypic diversity and transgenic alfalfa for phytoremediation[J]. Frontiers in Environmental Science, 2022, 10: 828257.
[31] BARDIYA-BHURAT K, SHARMA S, MISHRA Y, PATANKAR C. *Tagetes erecta* (marigold), a phytoremediant for Ni- and Pb-contaminated area: a hydroponic analysis and factors involved[J]. Rendiconti Lincei, 2017, 28(4): 673-678.
[32] 中华人民共和国国土资源部. 生态地球化学评价动植物样品分析方法 第1部分: 锂、硼、钒等19个元素量的测定 电感耦合等离子体质谱(ICP-MS)法: DZ/T 0253.1—2014[S]. 北京: 中国标准出版社, 2014.
Ministry of Land and Resources of the People's Republic of China. Analytic methods for biologic samples in eco-geochemistry assessment. part 1: determination of the content of 19 elements including lithium, boron, vanadium, etc.. inductively coupled plasma mass spectrometry (ICP-MS): DZ/T 0253.1—2014[S]. Beijing: Standards Press of China, 2014 (in Chinese).
[33] 何磊, 张乃方, 程磊, 陈欣. 基于16S rRNA高通量测序技术的生态学实验教学[J]. 实验室研究与探索, 2021, 40(3): 167-171.
HE L, ZHANG NF, CHENG L, CHEN X. Ecology experimental teaching based on the 16S rRNA high-throughput sequencing[J]. Research and Exploration in Laboratory, 2021, 40(3): 167-171 (in Chinese).
[34] 谢计平. 矿山废弃地分析及生态环境修复技术研究进展[J]. 环境保护与循环经济, 2017, 37(6): 41-45, 53.
[35] 颜晓霞. MS-SOD对化疗致肠黏膜损伤的保护作用及机制研究[D]. 上海: 中国科学院大学(中国科学院上海药物研究所), 2019.
YAN XX. Study on the protective effect and mechanism of MS-SOD on intestinal mucosal injury induced by chemotherapy[D]. Shanghai: Shanghai Institute of Materia Medica, Chinese Academy of Sciences, 2019 (in Chinese).
[36] WANG ZH, YANG H, MA YW, JIANG GF, MEI XL, LI XG, YANG QS, KAN JL, XU YC, YANG TJ, LIN J, DONG CX. WGCNA analysis revealing molecular mechanism that bio-organic fertilizer improves pear fruit quality by increasing sucrose accumulation and reducing citric acid metabolism[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 1039671.
[37] 侯献飞, 李强, 苗昊翠, 贾东海, 顾元国, 买买提依明·斯马依, 崔福洋. 棉花-花生轮作模式对土壤养分及其产量的影响[J]. 新疆农业科学, 2024, 61(7): 1657-1665.
HOU XF, LI Q, MIAO HC, JIA DH, GU YG,

Maimaiyiming Simayi, CUI FY. Effects of cotton-peanut rotation on the soil physicochemical properties and the yield of crop[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2024, 61(7): 1657-1665 (in Chinese).

[38] 贾蕴欢, 胡雯颖, 邓健, 赵雪, 陈子玥, 王亚楠, 李江文, 张晓曦. 氮添加对黄土丘陵区草地土壤微生物养分限制特征的影响[J]. 草业学报, 2025, 34(2): 221-232.
JIA YH, HU WY, DENG J, ZHAO X, CHEN ZY, WANG YN, LI JW, ZHANG XX. Effects of nitrogen addition on soil microbial nutrient limitation characteristics in grassland in the Loess Hilly Region[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2025, 34(2): 221-232 (in Chinese).

[39] MULUALEM T, ADGO E, MESHESHA DT, TSUNEKAWA A, HAREGEWEYN N, TSUBO M, KEBEDE B, EBABU K, BERIHUN ML, WUBET A, FEKADU G, DEMISSIE S, MASUNAGA T. Dual benefits of polyacrylamide and other soil amendments: Mitigation of soil nutrient depletion and improvement of use-efficiency in midland agro-ecology, Ethiopia[J]. Land Degradation & Development, 2022, 33(16): 2998-3009.

[40] JIN N, JIN L, WANG SY, LI JW, LIU FH, LIU ZC, LUO SL, WU Y, LYU J, YU JH. Reduced chemical fertilizer combined with bio-organic fertilizer affects the soil microbial community and yield and quality of lettuce[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 863325.

[41] NING Q, CHEN L, JIA ZJ, ZHANG CZ, MA DH, LI F, ZHANG JB, LI DM, HAN XR, CAI ZJ, HUANG SM, LIU WZ, ZHU B, LI Y. Multiple long-term observations reveal a strategy for soil pH-dependent fertilization and fungal communities in support of agricultural production[J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2020, 293: 106837.

[42] 马建华, 杨波, 刘畅, 王彦, 马琨. 基于不同有机肥施用量下土壤真菌结构和功能预测[J]. 华北农学报, 2023, 38(6): 118-126.
MA JH, YANG B, LIU C, WANG Y, MA K. The prediction of soil fungal community structure and function based on different organic fertilizer application rates[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2023, 38(6): 118-126 (in Chinese).

[43] 胡玉达. 生物炭/油茶粕对杉木幼苗生长及土壤环境的影响[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2024.
HU YD. Effects of biochar/*Camellia* meal on the growth of Chinese fir seedlings and soil environment[D]. Changsha: Central South University of Forestry & Technology, 2024 (in Chinese).

[44] LIU DY, FENG AD, LI SM, SONG B, HE YJ, LV YH, LUO JM, LIU Y, MA XF, LI XY. Response of soil absolute and specific enzyme activities to long-term application of organic fertilizer to solonetz in Northeast China[J]. Agronomy, 2023, 13(8): 1987.

[45] MAMEDOV AI, TSUNEKAWA A, HAREGEWEYN N, TSUBO M, FUJIMAKI H, KAWAI T, KEBEDE B, MULUALEM T, ABEBE G, WUBET A, LEVY GJ. Soil structure stability under different land uses in association with polyacrylamide effects[J]. Sustainability, 2021, 13(3): 1407.

[46] 余高, 赵仕龙, 冯顺梅, 孙约兵, 陈芬. 不同施肥对云贵高原黄壤细菌群落及柑橘品质的影响[J]. 环境科学, 2024, 45(12): 7337-7349.
YU G, ZHAO SL, FENG SM, SUN YB, CHEN F. Effects of different fertilization treatments on bacterial community and *Citrus* quality in yellow soils of the Yunnan-Guizhou Plateau[J]. Environmental Science, 2024, 45(12): 7337-7349 (in Chinese).

[47] GUO XH, LIU JJ, XU LQ, SUN FJ, MA YH, YIN DW, GAO Q, ZHENG GP, LV YD. Combined organic and inorganic fertilization can enhance dry direct-seeded rice yield by improving soil fungal community and structure[J]. Agronomy, 2022, 12(5): 1213.

[48] 王永宏, 田黎明, 艾鹭, 陈仕勇, 泽让东科. 短期牦牛放牧对青藏高原高寒草地土壤真菌群落的影响[J]. 草业学报, 2022, 31(10): 41-52.
WANG YH, TIAN LM, AI Y, CHEN SY, Southwest Minz. Effects of short-term yak grazing on soil fungal communities in an alpine meadow on the Qinghai-Xizang Plateau[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2022, 31(10): 41-52 (in Chinese).

[49] 鲁桂栋. 不同施肥方案对猕猴桃土壤地力和果实质量的影响[D]. 武汉: 华中农业大学, 2023.
LU GD. Effect of different fertilization schemes on soil fertility and fruit quality of kiwifruit[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2023 (in Chinese).

[50] 张秀红, 马冰, 孔健, 赵景龙. 清香型大曲淀粉水解酶系解析[J]. 酿酒科技, 2012(11): 46-50, 53.
ZHANG XH, MA B, KONG J, ZHAO JL. Analysis of starch hydrolytic enzymes of Fen-flavor daqu[J]. Liquor-Making Science & Technology, 2012(11): 46-50, 53 (in Chinese).

[51] 燕树杰, 裴鹏刚, 铁军. 漳泽湖国家城市湿地公园优势种植物根际土壤细菌群落特征[J]. 生态学杂志, 2025, 44(3): 875-883.
YAN SJ, PEI PG, TIE J. Characteristics of soil bacterial community in rhizosphere of dominant plant species in Zhangze Lake National Urban Wetland Park[J]. Chinese Journal of Ecology, 2025, 44(3): 875-883 (in Chinese).

[52] 杨雪. 生物炭对设施土壤氮素转化及黄瓜植株氮素吸收的影响[D]. 秦皇岛: 河北科技师范学院, 2024.
YANG X. Effects of biochar on nitrogen transformation of facility soils and nitrogen absorption by cucumber plants[D]. Qinhuangdao: Hebei Normal University of Science & Technology, 2024 (in Chinese).

[53] WANG J, HAN GL, DUAN YY, HAN RH, SHEN X, WANG CY, ZHAO LJ, NIE MG, DU HL, YUAN XY, DONG SQ. Effects of different organic fertilizer substitutions for chemical nitrogen fertilizer on soil fertility and nitrogen use efficiency of foxtail millet[J]. Agronomy, 2024, 14(4): 866.