



高寒煤矿渣山植被恢复过程中土壤生物化学性质与真菌多样性变异特征研究

道日娜, 张英*, 李强, 马林雄, 铁晓龙

青海大学农牧学院, 青海 西宁 810016

道日娜, 张英, 李强, 马林雄, 铁晓龙. 高寒煤矿渣山植被恢复过程中土壤生物化学性质与真菌多样性变异特征研究[J]. 微生物学报, 2024, 64(6): 2025-2041.

Daorina, ZHANG Ying, LI Qiang, MA Linxiong, TIE Xiaolong. Variations of soil biochemical properties and fungal diversity in alpine coal mine residue hills during vegetation restoration[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2024, 64(6): 2025-2041.

摘要: 【目的】探究不同恢复年限煤矿渣山土壤真菌多样性的变化规律。【方法】选取江仓矿区渣山不同建植年限(2、4、6年)草地土壤为研究对象,测定土壤化学性质及酶活性,并利用高通量测序方法测定土壤真菌多样性。【结果】随着恢复年限的增长,土壤pH、土壤全钾和有机质含量呈现差异显著性,蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶以及磷酸酶含量逐渐上升,并提高了真菌群落的丰富度与多样性,其中复绿4年的效果最为明显。各样地主要以子囊菌门、担子菌门为主;腐生营养型真菌占43.2%–89.7%。氮素、土壤酶活性是影响江仓煤矿区草地土壤真菌多样性的主要因素。【结论】复绿能够改善土壤化学性质以及土壤真菌群落多样性。

关键词: 矿区修复; 高寒矿区; 植被恢复; 土壤性质; 真菌多样性

资助项目: 国家重点研发计划(2021YFC3201604); 青海大学生态学世界一流学科生态系统演替与管理方向自主课题(2023-ZZ-01)

This work was supported by the National Key Research and Development Program of China (2021YFC3201604) and the Independent Project of Ecosystem Succession and Management, the World-class Discipline of Ecology in Qinghai University (2023-ZZ-01).

*Corresponding author. E-mail: zhangying2019@126.com

Received: 2023-11-30; Accepted: 2024-03-21; Published online: 2024-03-26

Variations of soil biochemical properties and fungal diversity in alpine coal mine residue hills during vegetation restoration

Daorina, ZHANG Ying*, LI Qiang, MA Linxiong, TIE Xiaolong

College of Agriculture and Animal Husbandry, Qinghai University, Xining 810016, Qinghai, China

Abstract: [Objective] To study the variations of soil fungal diversity in the coal mine residue hills with vegetation restored for different years. **[Methods]** We selected the soil on the coal mine residue hills of Jiangcang Mine with different planting years (2, 4, and 6 years) as the research object, measured the soil chemical property and enzyme activity, and used high-throughput sequencing methods to measure the soil fungal diversity. **[Results]** As the duration of restoration increased, significant differences were observed in soil pH, total potassium, and organic matter. The activities of enzymes such as sucrase, urease, catalase, and phosphatase gradually increased, which enhanced the fungal richness and diversity in soil. The variations were more obvious after four years of restoration. The fungi were primarily dominated by *Ascomycota* and *Basidiomycota*, with saprophytic fungi accounting for 43.2%–89.7%. Nitrogen content and soil enzyme activity were the key factors influencing fungal diversity in the grasslands of the coal mine area in Jiangcang. **[Conclusion]** Vegetation restoration can improve the chemical properties and fungal diversity in soil.

Keywords: mine area restoration; alpine mines; vegetation restoration; soil properties; fungal diversity

青藏高原的矿区大多数位于高寒生态脆弱区。其中，江仓煤矿区分布于高海拔、气候寒冷的高寒草甸草地带，采煤的矿坑、堆积的矿渣、煤场、选矿区占据的草场面积约为2 000–3 300 hm²[1]。矿区废弃地处于一种植被稀少、水土大量流失、土壤结构被严重破坏的状态，短时间内受损的生态系统很难完成正向演替，而青藏高原高寒矿区因所处环境恶劣，对其进行植被恢复时受到的环境限制更为严峻，仅依靠其自然恢复可能需要上百年的时间。因此，针对高寒矿区的生态系统，当前较为有效的修复手段是通过人工干预措施来加速其恢复进程，其中，建植人工草地的措施能快速实现草地植被的初步恢复，进而通过群落演替的方式来实现受损生态系统的修复，更有利于高寒

矿区植被的快速恢复[2]。鉴于高寒矿区特殊的气候及地理位置，本研究主要选用冷地早熟禾(*Poa crymophila*)、垂穗披碱草(*Elymus nutans*)及星星草(*Puccinellia tenuiflora*)等植物进行人工植被建植，分析草地恢复过程中植被与土壤的变化规律。植被特征的研究对解释矿区恢复地植物物种共存和维持生物多样性至关重要。土壤全氮含量可以作为土壤肥力的指示指标；碱解氮、速效磷等与植被的生长发育、生理代谢相关；土壤有机质的高低影响碳素固定、营养储存，进而影响土壤真菌多样性及群落结构。土壤脲酶在促进土壤氮循环方面有重要意义；蔗糖酶参与土壤有机质的代谢过程，其含量高能够作为土壤肥力水平的指标；淀粉酶含量能够表征土壤质量优劣；过氧化氢酶活性与土

壤微生物活性相关, 以上均可作为评价土壤质量的指标^[3]。然而, 仅靠良好的植被和土壤养分可能无法确保长期的植被恢复, 还需要土壤微生物通过调节土壤生理生化过程、生态系统功能来维持植被恢复、稳定土壤性质, 其多样性可以准确地反映退化土地的恢复情况。其中, 真菌对土壤矿物质分解、养分循环与能量流动具有重要的作用, 也是评价土壤生态系统的重要指标之一^[4-5], 并对矿山恢复具有重要作用^[6]。不同真菌的适应性对微小生境的响应机制不同, 因此真菌对环境具有很强的敏感性^[7]。研究发现土壤真菌多样性与土壤扰动、肥力等生境条件紧密相关, 如 Liu 等^[8]发现土壤扰动可以降低土壤真菌多样性, 丁建莉^[9]研究发现硝态氮、速效钾与速效磷是影响黑土土壤真菌群落结构的主要环境因子。

我国关于土壤真菌多样性的研究主要见于农田和丛林生态系统^[6], 对高寒矿区生态系统的研究较少, 基本是在黄土丘陵区与低海拔区^[10]。对江仓煤矿渣山植被恢复的研究主要集中在施肥、覆土等措施, 分析其植被与土壤的恢复情况, 但缺乏从恢复年限角度分析植被、土壤特性以及真菌多样性等揭示矿区恢复土壤状况, 导致高寒矿区修复过程中的土壤真菌调控机制尚不明确^[11]。因此, 本研究以青海省祁连山西段木里煤矿江仓矿区不同恢复年限渣山草地为研究对象, 分析土壤养分、土壤酶活性以及土壤真菌多样性对植被建植年限的响应特征, 旨在探究不同恢复年限下木里煤矿渣山高寒草甸的修复效果, 以为高寒煤矿渣山植被恢复与生态重建工作提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于青海省海北州刚察县江仓煤矿区, 海拔 3 800–4 200 m, 年平均气温 2.8 °C。

坡面基质均由煤矸石与机械堆积的渣土组成, 坡向为阳坡, 坡度小于 25°, 沿渣山底部边缘砌筑围堰, 以增加坡面的稳定性。不同恢复年份样地植被恢复方法一致, 均采用人工种植垂穗碱草 (*Elymus nutans*)、冷地早熟禾 (*Poa crymophila*) 和星星草 (*Puccinellia tenuiflora*), 混合播种比例为 2:1:1, 于 2011 年至 2019 年每年 5 月下旬播种, 播种量为 8.094 3 kg/hm², 播种后覆盖无纺布。在此期间, 无施肥、浇水、放牧等情况。矿区无干扰原生植被的海拔 3 788 m, 坡向为阳坡, 坡度小于 25°, 优势种为小嵩草 (*Kobresia pygmaea*)、矮嵩草 (*Kobresia humilis*) 和细叶苔草 (*Carex rigescens*)。

1.2 土壤样品采集

在试验区选取 2014 年(Y14、恢复 6 年)、2016 年(Y16、恢复 4 年)、2018 年(Y18、恢复 2 年)建植复绿草地为试验样地(图 1), 每个样地面积为 10 m×50 m, 采集试验区无干扰的原生植被土壤(YS)为对照。2020 年 8 月份进行野外观测和采样样品, 每个样地中随机取 3 个采样点, 每个采样点以对角线取样法(取样点分布在一条直线上)等距离(间隔 5 m)取样, 用消过毒的无菌铲取 0–20 cm 的土壤样品, 去除石块和植物

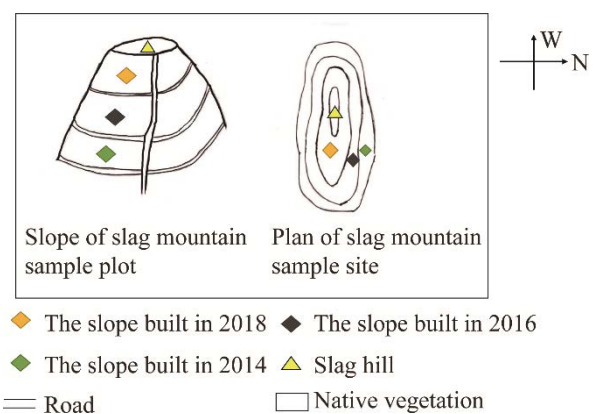


图 1 试验区样地布局图

Figure 1 The geographical location of the layout of the sample plot.

残根，装入自封袋，4 °C 低温下带回实验室进行后续处理。一部分室内风干，磨碎过筛，测定土壤养分和酶活性；另一部分新鲜土壤保存于-80 °C 冰箱，进行微生物多样性数据测定。

1.3 土壤化学性质测定^[12-13]

土壤全氮(total nitrogen, TN)采用半微量凯氏定氮法，全磷(total phosphorus, TP)采用氢氧化钠熔融法，全钾(total potassium, TK)采用氢氧化钠熔融法，碱解氮(available nitrogen, AN)采用碱解扩散法，速效磷(available phosphorus, AP)采用碳酸氢钠浸提法，速效钾(available potassium, AK)采用醋酸铵浸提法，pH 采用电极法(水土比 2.5:1)，土壤有机质(organic matter, OM)采用重铬酸钾容量法测定。

1.4 土壤酶活性测定^[14]

土壤蔗糖酶采用 3,5-二硝基水杨酸比色法，淀粉酶采用二硝基水杨酸比色法，脲酶采用靛酚蓝比色法，磷酸酶采用磷酸苯二钠比色法，过氧化氢酶采用高锰酸钾滴定法测定。

1.5 土壤真菌多样性的测定^[15-18]

使用 Tguide S96 磁珠法土壤基因组 DNA 提取试剂盒完成核酸的提取[天根生化科技(北京)有限公司]。使用酶标仪(BioTek 公司)对于提取的核酸进行浓度检测，根据检测结果进行扩增，引物为 ITS1F (5'-CTTGGTCATTAGAGGAAG

TAA-3')和 ITS2 (5'-GCTGCGTTCTTCATCGATG C-3')。PCR 反应体系(25 μL): 2×Phanta Max Mix (p515) 12.5 μL, 上、下游引物(10 μmol/L)各 1 μL, DNA 模板 0.5 μL, ddH₂O 10 μL。PCR 反应条件: 95 °C 预变性 5 min; 95 °C 变性 30 s, 50 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 40 s, 25 个循环; 72 °C 最终延伸 7 min, 降温至 4 °C。扩增后 PCR 产物使用浓度 1.8%的琼脂糖进行电泳对完整性进行检测,用 DNA 胶回收试剂盒(Monarch 公司)进行胶回收。通过 Qsep-400 方法进行文库质检,对于构建好的文库使用 Illumina NovaSeq 6000 (Illumina 公司)进行上机测序。此过程委托北京百迈客生物科技有限公司完成。

1.6 数据统计分析

采用 Excel 2007 进行数据整理,运用 SPSS 对土壤养分进行单因素方差分析(one-way ANOVA), Duncan 复极差法进行差异显著性检验($P < 0.05$)。土壤酶活性图利用 Origin 2022 软件进行操作,真菌多样性图均用北京百迈客生物科技有限公司云平台生成。真菌多样性使用 Unite (真菌)数据库比对,用 BLAST 软件物种比对注释。

2 结果与分析

2.1 不同恢复年限草地土壤化学性质变化

从不同恢复年限草地土壤性质变化(表 1)中

表 1 不同恢复年限草地土壤性质变化

Table 1 Changes of soil property in grassland with different greening years

Item	Y18	Y16	Y14	YS
Total nitrogen (g/kg)	1.41±0.10b	1.62±0.14b	1.32±0.04b	3.95±0.42a
Total phosphorus (g/kg)	0.89±0.13a	0.80±0.08a	1.12±0.09a	1.63±0.53a
Total potassium (g/kg)	23.32±0.52ab	24.59±0.77a	19.65±0.51bc	18.76±2.28c
Available nitrogen (mg/kg)	35.33±5.46a	27.00±6.00a	42.33±7.45a	26.00±6.66a
Available phosphorus (mg/kg)	21.23±6.47a	13.90±2.31a	11.83±1.37a	13.17±2.49a
Available potassium (mg/kg)	153.67±4.41a	127.67±31.01a	143.00±13.89a	164.33±14.90a
Organic matter (g/kg)	80.68±3.35c	158.93±28.62b	52.55±11.62c	328.68±15.75a
pH	8.14±0.01d	8.42±0.00a	8.31±0.01b	8.25±0.00c

Y18 indicates construction for 2 years; Y16 indicates construction for 4 years; Y14 indicates construction green for 6 years; YS indicates un-greened soil of native vegetation. Different lowercase letters indicate significant differences at the 0.05 level, the same as below.

可以发现,各样地的土壤均呈弱碱性,相互之间差异显著($P<0.05$)。各样地的土壤全磷、速效氮、速效磷和速效钾含量之间无显著性差异。全氮含量在恢复样地(Y18、Y16、Y14)之间无显著差异;恢复样地与原生样地之间差异显著($P<0.05$)。YS的全钾含量与Y14之间无显著差

异,与Y18、Y16之间差异显著($P<0.05$)。Y18的有机质含量与Y14之间无显著差异,与Y16、YS之间差异显著($P<0.05$)。

2.2 不同恢复年限草地土壤酶活性变化

不同恢复年限草地土壤酶活性变化如图2所示。随着恢复年限的增长,土壤脲酶、过氧

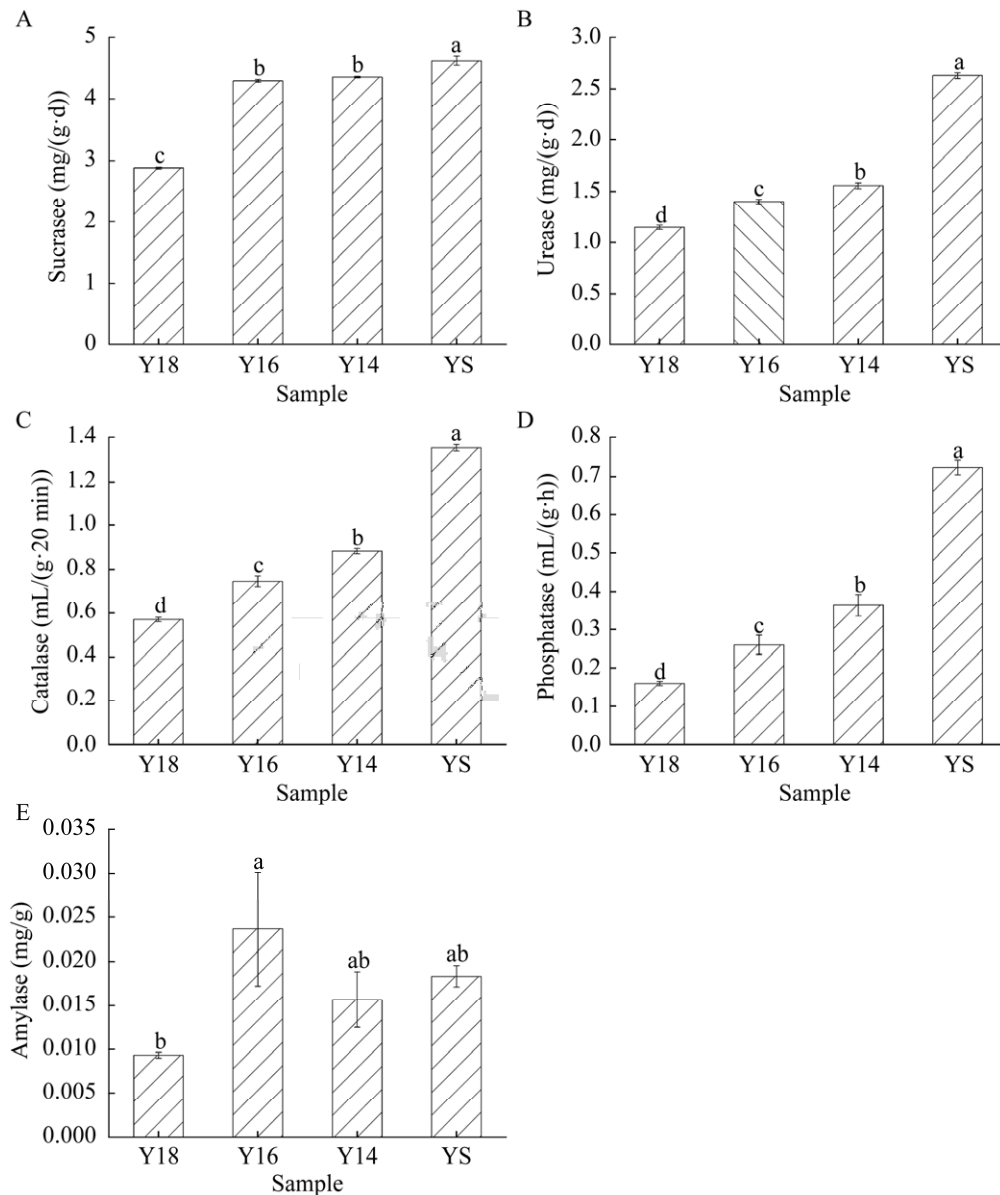


图2 不同恢复年限草地土壤酶活性变化 A: 蔗糖酶. B: 脲酶. C: 过氧化氢酶. D: 磷酸酶. E: 淀粉酶. 不同字母表示各组之间在 $P<0.05$ 水平上有显著性差异

Figure 2 Changes of soil enzyme activities in grassland with different greening years. A: Sucrase. B: Urease. C: Catalase. D: Phosphatase. E: Amylase. Different letters means significant difference between the treatments ($P<0.05$). The same below.

化氢酶与磷酸酶均呈上升趋势, 各样地之间差异显著 ($P < 0.05$)。淀粉酶活性在恢复第 6 年 (Y14) 时, 呈下降趋势, 但与其他样地之间无显著差异。

2.3 不同恢复年限草地土壤真菌多样性分析

2.3.1 真菌群落 α 多样性分析

表 2 为真菌群落 α 多样性数据。从 ACE 指数来看, Y14 的值最高, 为 300.66 ± 15.11 ; YS 的值最低, 为 219.51 ± 22.01 。从 Chao1 指数来看, Y14 的值最高, 为 300.91 ± 2.65 ; YS 的值最低, 为 230.66 ± 22.79 。YS 的 ACE 指数、Chao1 指数均低于恢复样地。由此说明, 恢复样地中 Y14 的群落丰富度较高, Y18 的较低; YS 的群

落丰富度低于恢复样地, 而且恢复样地与 YS 之间无显著差异。从 Simpson 指数看, YS 的值最高, 为 0.89 ± 0.04 ; Y14 的值最低, 为 0.80 ± 0.06 。从 Shannon 指数看, YS 的值最高, 为 4.32 ± 0.54 ; Y16 的值最低, 为 3.96 ± 0.22 。由此可见, YS 的群落多样性较高, Y14、Y16 的较低。总之, 各样地之间无显著差异, Y14 的群落丰富度较高, YS 的群落多样性较高。从韦恩图(图 3)可以看到, 各样地共有的分类操作单元(operational taxonomic unit, OTU)数为 30, Y18 独有的 OTU 数为 75, Y16 独有的 OTU 数为 67, Y14 独有的 OTU 数为 66, YS 独有的 OTU 数为 46。

表 2 真菌群落 α 多样性

Table 2 Alpha diversity of fungal community

Sample	ACE index	Chao1 index	Simpson index	Shannon index
Y18	$244.97 \pm 7.52a$	$246.98 \pm 7.19a$	$0.85 \pm 0.01a$	$3.99 \pm 0.09a$
Y16	$266.96 \pm 4.92a$	$291.45 \pm 20.01a$	$0.85 \pm 0.02a$	$3.96 \pm 0.22a$
Y14	$300.66 \pm 15.11a$	$300.91 \pm 2.65a$	$0.80 \pm 0.06a$	$4.21 \pm 0.55a$
YS	$219.51 \pm 22.01a$	$230.66 \pm 22.79a$	$0.89 \pm 0.04a$	$4.32 \pm 0.54a$

The values in the table are mean \pm standard deviation. Single-factor variance LSD method was used to analyze the differences of bacterial richness and diversity index in the same soil among different sites ($P < 0.05$).

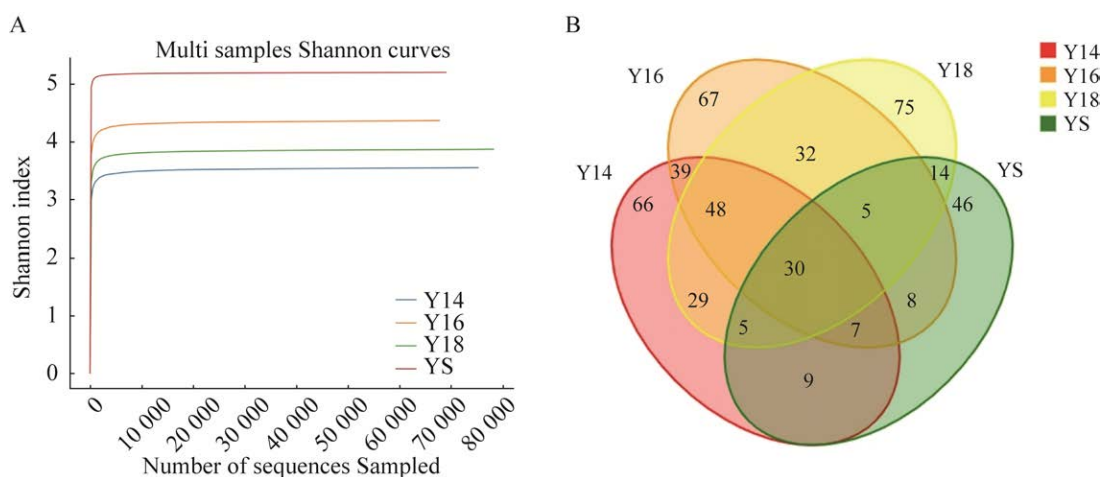


图 3 真菌群落 α 多样性 A: Shannon 稀释曲线. B: 韦恩图

Figure 3 Alpha diversity of fungal communities. A: Shannon curves. B: Venn plot.

2.3.2 土壤真菌群落组成成分

从图 4A 可以看出, 各样地的物种分布差异较大, 无明显规律。各样地的优势菌门为子囊菌门(*Ascomycota*)和担子菌门(*Basidiomycota*)。子囊菌门在恢复样本中占到 80.58%–89.20%, 其中 Y14 最高, Y16 最低。恢复样地的担子菌门占到 0.76%–12.25%, 其中 Y14 最低, Y18 最高。毛霉门(*Mucoromycota*)的相对丰度在 YS 中占到了 2.79%, 而在恢复样地中只占到 1.31%以下。毛霉门多为腐生菌, 有时能引起植物病害。随着恢复年限的增长, 毛霉门的丰度有逐渐增加的趋势, 因此要及时地进行病虫害防治。Y16 中芽枝霉门(*Blastocladiomycota*)占到 5.73%, 而在其他样地中只占到 0.03%以下, 甚至更少。在 YS 中, 子囊菌门、担子菌门分别占到 46.65%、28.74%, 有 4.81%的被孢菌门(*Mortierellomycota*)。

从图 4B 中可以看到, 在属水平上各样地之间在物种分布上差异较大, 无明显的变化规律。在 Y16 中, 优势属为小孢霉属(*Myrmecridium*, 38.56%)和蚰霉属(*Lecanicillium*, 21.21%)。Y18 的优势菌属为 *Graphium* (39.30%) 和核盘菌属

(*Tricharina*, 16.38%)。Y14 的优势菌属为裂壳菌属(*Schizothecium*), 丰度为 38.55% YS 的优势菌属镰孢菌属(*Fusarium*, 8.21%)和被孢霉属(*Mortierella*, 7.61%)。

2.3.3 土壤真菌 β 多样性分析

为研究高寒煤矿渣山植被恢复过程中草地土壤真菌群落 β 多样性, 基于 Bray-Curtis 距离, 利用非度量多维排列(non-metric multidimensional scaling, NMDS)方法对不同恢复年限草地土壤真菌群落 β 多样性进行分析, 结果表明不同样地之间的土壤真菌群落之间存在差异。基于 Bray-Curtis 距离的真菌群落 NMDS 图中(图 5A), 恢复样地与原生植被样地可以明显区分, 而且恢复样地真菌群落内部更加聚集, 其中 Y14 真菌群落内部较为分散。原生植被草地土壤真菌群落内部较分散, 与恢复样地之间的距离较远。利用 PERMANOVA 方法进行不同恢复年限草地土壤真菌群落结构分异的显著性分析。图 5B 中显示, 总体上, 土壤真菌群落结构在不同恢复年限之间差异极显著($P \leq 0.001$)。植被不同恢复年限对样地真菌群落结构差异的解释度 R^2 为 0.437。

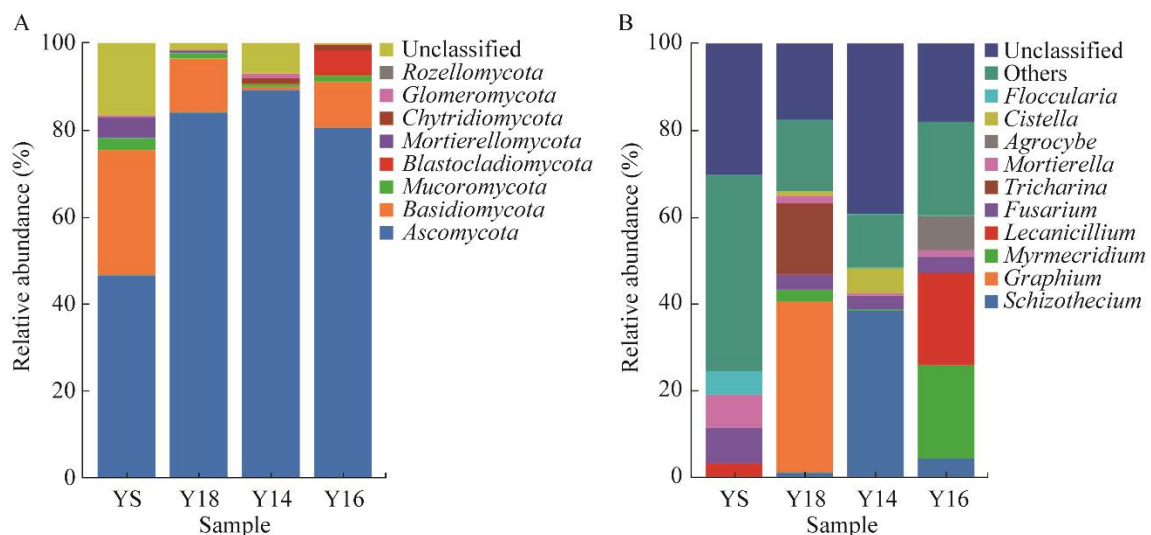


图 4 真菌群落组成成分 A: 真菌门水平. B: 真菌属水平

Figure 4 Composition of fungal community. A: Fungal phylum level. B: Fungal genus level.

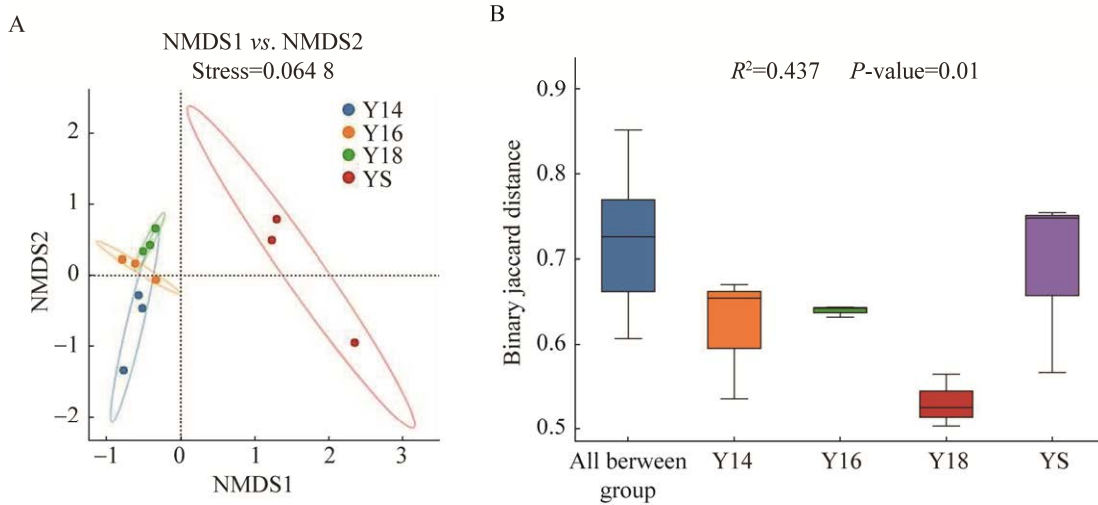


图5 土壤真菌 β 多样性 A: 群落 NMDS 图. B: PERMANOVA 图

Figure 5 Beta diversity of soil fungi. A: Community NMDS plot. B: PERMANOVA plot.

2.3.4 土壤真菌功能预测

使用 FunGuild 对样本进行功能注释并结合丰度信息, 从功能组成层面进行聚类, 结果如图 6 所示。恢复样地当中, 腐生营养型 (saprotroph, 通过降解死亡的宿主细胞来获取营养) 相关的真菌丰度在 43.2%–89.7% 之间。其中, Y14 最高, YS 最低。病理营养型 (pathotroph, 通过损害宿主细胞而获取营养) 相关的真菌丰度

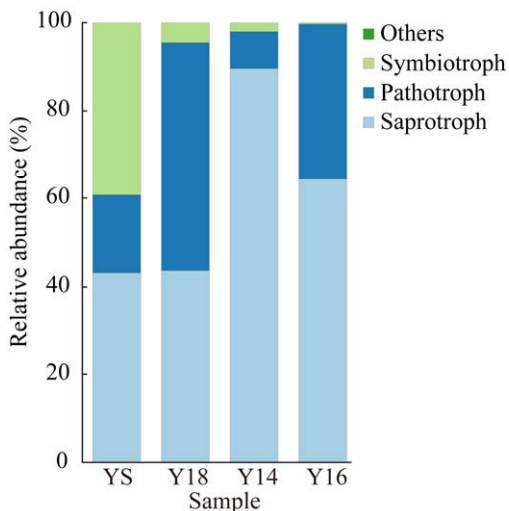


图6 土壤真菌功能预测图

Figure 6 Predicted soil fungal function.

在 8.29%–51.8% 之间, 其中, Y18 最高, Y14 最低。共生营养型 (symbiotroph, 通过与宿主细胞交换资源来获取营养) 相关的真菌丰度在 0.34%–39.29% 之间, 其中 YS 最高, Y16 最低。

2.4 不同建植年限草地土壤化学性质、酶活性与真菌多样性

2.4.1 真菌群落多样性的影响因子

为进一步确认不同的环境因子对高寒煤矿渣山植被恢复过程中草地土壤微生物的不同影响, 采用皮尔逊 (Pearson) 算法进行植被、土壤养分、土壤酶活性对草地土壤真菌群落的检验分析 (表 3), 结果表明不同的环境因子对土壤真菌群落多样性产生不同程度的影响。土壤 TN、AN、AP、pH、土壤过氧化氢酶 (catalase, Cat)、脲酶 (urease, Ure)、磷酸酶 (phosphatase, Pho) 与群落丰富度与多样性之间显著相关。土壤真菌群落多样性与环境因子的 Mantel test 分析 (表 4) 显示, 土壤全氮、土壤有机质、土壤脲酶、土壤过氧化氢酶的 P 值相对较低, 对真菌群落影响较大; 速效养分的 P 值相对较高, 对真菌群落影响较小。

表 3 土壤真菌群落多样性与环境因子的相关关系

Table 3 Relationship between soil fungal community diversity and environmental factors

Item	Shannon index	Simpson index	ACE index	Chao1 index
Total nitrogen	-0.067	0.056	-0.267	-0.346
Total phosphorus	0.040*	0.027*	-0.015**	-0.127
Total potassium	0.195	0.138	0.191	0.192
Available nitrogen	0.133	0.003**	0.021*	0.016*
Available phosphorus	-0.078	-0.030*	-0.148	-0.012*
Available potassium	0.199	0.261	-0.118	-0.212
Organic matter	-0.068	0.085	-0.300	-0.340
pH	-0.042*	0.000	-0.049*	-0.069
Sucrase	0.255	0.125	0.179	0.089
Urease	0.214	0.149	-0.022*	-0.129
Catalase	0.198	0.150	-0.004**	-0.155
Phosphatase	0.232	0.174	-0.036*	-0.059
Amylase	0.150	0.062	0.174	0.143

* means significant ($P<0.05$); ** means significant ($P<0.01$); *** means very significant ($P<0.001$). The same as below.

表 4 土壤真菌群落多样性与环境因子的 Mantel test 分析

Table 4 Mantel test analysis of soil fungal community diversity and environmental factors

Item	R value	P-value
Total nitrogen	0.429	0.001***
Organic matter	0.425	0.001***
Urease	0.352	0.001***
Catalase	0.443	0.001***
Phosphatase	0.303	0.002**
Total phosphorus	0.315	0.007**
Total potassium	0.161	0.056
Sucrase	0.141	0.080
Amylase	0.113	0.142
pH	0.083	0.220
Available potassium	0.060	0.252
Available phosphorus	0.027	0.368
Available nitrogen	0.018	0.381

2.4.2 真菌群落结构的影响因子

从图 7 中可以看出, 环境因子对土壤真菌群落结构的前 2 个排序轴的解解释变量分别为 8.59%和 7.76%。根据箭头长度可以看出, OM、TN、Cat、Ure、Pho 和 pH 与真菌种类分布相关性较好。采用 envfit 函数检验每个环境因子的显著性, 结果(表 5)显示 Urease ($R^2=0.590$, $P=0.001$)、Catalase ($R^2=0.687$, $P=0.001$)、Phosphatase ($R^2=0.634$, $P=0.001$)、OM ($R^2=$

0.525, $P=0.006$)、TN ($R^2=0.547$, $P=0.008$)、pH ($R^2=0.342$, $P=0.016$)和土壤蔗糖酶(sucrase, Suc) ($R^2=0.281$, $P=0.036$)对真菌群落结构组成的影响达到显著水平($P<0.05$)。以上结果表明, Phosphatase、Catalase 和 Urease 是土壤真菌群落结构的主要驱动因子。土壤养分、土壤酶活性与

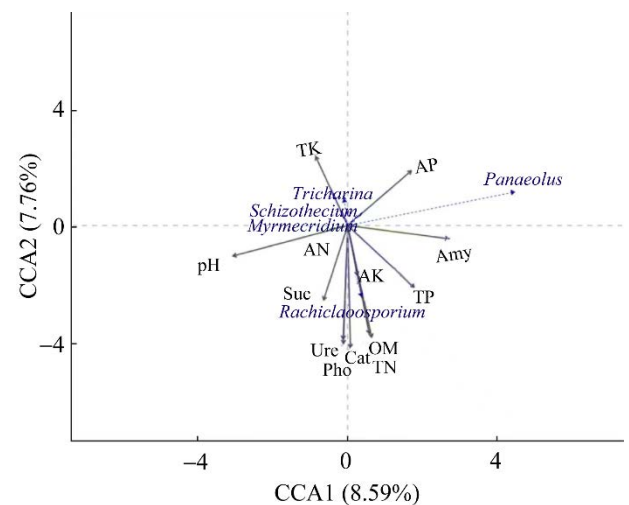


图 7 土壤真菌规范对应分析(CCA)

Figure 7 Canonical correspondence analysis of soil fungal. The black arrow indicates environmental factors, and the length of the arrow indicates the strength of the correlation between environmental factors and bacterial community structure. The blue arrow indicates the type of bacteria, and the arrow pointing in the same direction as the environmental factor arrow indicates a high positive correlation.

表 5 土壤真菌群落结构与环境因子的 envfit 函数

Table 5 Envfit of soil fungal community structure and environmental factors

Item	CCA1	CCA2	R ²	P-value
Total nitrogen	0.210	-0.978	0.547	0.008 **
Total phosphorus	0.671	-0.741	0.254	0.074
Total potassium	-0.394	0.919	0.220	0.074
Available nitrogen	-1.000	-0.007	0.004	0.942
Available phosphorus	0.594	0.804	0.233	0.057
Available potassium	0.091	-0.996	0.095	0.339
Organic matter	0.206	-0.979	0.525	0.006**
pH	-0.918	-0.396	0.342	0.016**
Sucrase	-0.102	-0.995	0.281	0.036*
Urease	0.036	-0.999	0.590	0.001***
Catalase	0.093	-0.996	0.687	0.001***
Phosphatase	0.042	-0.999	0.634	0.001***
Amylase	0.981	-0.192	0.339	0.007**

核盘菌属(*Tricharina*)、小孢霉属(*Myrmecridium*)、裂壳菌属(*Schizothecium*)真菌属之间相关性较强。

3 讨论

3.1 不同建植年限草地土壤化学性质与酶活性

土壤 pH 值的变化会影响土壤肥力及植物的生长发育^[19]。孙羽丰等和 Berthrong 等研究结果表明, 土壤 pH 值随着恢复年限的增长而降低^[19-20]。原因可能是根和外生菌根渗出物质发生了改变^[21]; 根对阳离子的吸收增加以及土壤有机质的积累^[22]。在本研究中, 矿区渣山人工草地的土壤 pH 值均在 8.14-8.42 之间, 呈弱碱性。造成差异的原因可能有两点: 第一是植被恢复时间较短, 养分循环缓慢, 植被生长损耗大量养分而得不到及时的补充, 使得土壤养分贫瘠, 持续碱性; 第二可能是由于高寒条件下, 人工草地的植物种类、数量、盖度等相对较低, 导致土壤分解作用降低, 使得土壤呈弱碱性。

有研究表明, 土壤中的氮元素与植物的生长发育相关, 氮元素的缺乏会导致根系生长弱, 植物的生长发育缓慢^[23]。本研究中, 随着恢复时间的增长, 全氮含量无显著变化, 但与原生植被样地相比, 恢复样地的全氮含量相对低 33.42%-41.01%。在原生植被样地中, 由于无任何人为干扰, 其物种多样性较高, 根系发育较好, 使其全氮含量最高。郭李凯^[24]研究发现, 煤矸山重构土壤随着不同复垦年限的增长, 土壤中的速效磷含量呈显著差异 ($P<0.05$), 这与本研究结果不一致。本研究中, 速效磷含量各年限之间无显著差异。这主要是由于研究地区、矿渣的组成以及种植植物的不同造成土壤化学性质中个别指标的差异。土壤有机质含量能够反映土壤养分潜力和对植物有效养分的供应程度^[25]。有些研究结果表明, 随植被恢复时间的增长, 土壤有机质含量显著增加^[26-27]。本研究中, 高寒煤矿渣山植被恢复后, 由于气候寒冷, 地上植物凋落物不断积累, 使得土壤

有机质分解缓慢, 在恢复第 4 年(Y16)时土壤有机质有较大幅度的增加, 而后又呈现出下降的趋势。在原生植被草地中, 土壤有机质含量达到 328.68 g/kg, 是恢复样地的 2.07 倍。高寒矿区周围的原生植被地表植物多样性较为丰富, 根系发育良好, 水土保持能力较强, 枯枝落叶等凋落物可以有效积累, 导致原生植被草地的土壤有机质含量显著高于植被恢复样地。虽然高寒煤矿渣山植被恢复过程中, 草地土壤有机质分解转化过程较缓慢, 但减少土壤有机质的损失也是矿区生态恢复的重要指标^[28]。因此, 要加强提高矿区渣山植物群落多样性, 提高植物群落的自我修复能力, 从而达到矿区生态环境的长久稳定。

植物根系向土壤中分泌各种有机物、生长激素等物质, 这些物质有助于改善土壤中微生物的生长和活性, 进而影响土壤酶活性^[29-30]。土壤酶的积累是土壤微生物、土壤动植物相互作用的结果^[31-32]。植被恢复促进植物根系的活动, 释放大量酶类; 其次, 通过促进土壤有机质的积累, 为酶类提供碳源, 从而提高土壤酶活性。因此, 土壤酶活性能代表土壤肥力以及养分转化, 可作为评价土壤质量的指标^[32-33]。其中, 土壤过氧化氢酶活性与土壤微生物活性相关, 能反映土壤微生物的强度^[34-35]; 脲酶在促进土壤氮循环方面有重要意义, 它的活性通常用于反映土壤生产力和氮状况^[36]。本研究中, 高寒煤矿渣山植被随着恢复年限的增长, 土壤蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶、磷酸酶及淀粉酶均呈增长趋势。Yan 等^[37]研究结果表明, 植被恢复能够促进土壤碳供应和氮保持, 从而增加各种土壤酶的活性, 这与本研究结果一致。虽然土壤酶活性从植被恢复第 2 年开始均有不同程度的增加, 但与原生植被土壤酶活性相比差异显著($P < 0.05$)。造成差异的原因可能是

植被恢复年限较短, 种植植物较为单一, 植物群落多样性较低, 以及植物凋落物、微生物、根系及其分泌物的不同, 导致土壤酶活性的差异。

3.2 不同建植年限草地土壤真菌多样性

在土壤生态系统中, 真菌群落是最为敏感的生物群落, 因此真菌群落多样性可以揭示土壤生态系统多样性的变化规律。江仓高寒煤矿渣山复绿土壤真菌主要门类为子囊菌门和担子菌门, 这与云南茶园酸性土壤^[38]、黄土高原矿区重构土壤^[39]、黄河三角洲地区污染土壤^[40]以及黄土高原梯田土壤^[41]的真菌优势门类相似, 说明这 2 种真菌门在土壤中广泛存在, 并非该研究地区特有的。子囊菌有较高的基因替代速率, 人为干扰环境下更适合子囊菌生存; 然而担子菌主要依赖木质组分腐化来获得营养或者与植物共生^[42]。因此担子菌在原生植被土壤中的丰度较高, 而在植被恢复土壤中较低。这是由于原生植被当中, 植物种类丰富、植被盖度大、地上凋落物大量积累、植物根系分泌物增加; 而研究样地主要由垂穗披碱草、冷地早熟禾与星星草进行复绿, 植物种类单一、并未及时进行补播, 导致植被有退化趋势。相对于原生植被来说, 复绿土壤下无法培养或无法识别的真菌属类相对丰度有增加的趋势^[43], 有研究发现, 全球真菌种类的正式描述不超过 10%^[44], 因此深入研究无法识别真菌种类的意义重大。金立群等^[11]的研究结果中, 真菌的丰富度与多样性随着年限的增长而降低。在本文中真菌的丰富度与多样性随着年限的增长总体上呈降低趋势。这是由于随着植被恢复年限的增长, 土壤 pH 呈降低趋势, 从而引起真菌数量及多样性降低^[45]。尽管真菌群落多样性有降低的趋势, 但真菌依然在复绿土壤中占有一定的地位。虽然复绿对真菌多样性产生了一定的影响, 但要恢复到原有的自然状态, 仍是一个漫长的过程。

3.3 影响土壤真菌多样性的关键因子

土壤真菌群落结构与环境因子密切相关,不同的环境因子产生不同的影响,从而各生境的土壤微生物群落产生差异^[45-46]。有研究发现,土壤微生物多样性主要受 pH、有机质等众多因素的影响^[47-50],表明化学性质的差异会导致土壤真菌产生一定程度的差别。土壤有机质含量、速效磷等都是影响真菌群落结构的主要驱动因子^[51-52]。薛凯等^[53]、齐文娟等^[54]和杨希智等^[55]的研究表明,速效磷与土壤微生物的多样性有显著的相关性。本研究对不同恢复年限的土壤真菌群落与植物群落特征、土壤养分和土壤酶活性进行皮尔逊相关性分析、*envfit* 函数检验发现,过氧化氢和脲酶是影响真菌群落结构的主要因子。CCA 分析发现,土壤有机质、全氮、过氧化氢、脲酶、磷酸酶和 pH 与真菌种类分布相关性较好,而速效磷并未与真菌群落有显著的相关性。出现这种差异的原因可能是由于矿区的气候条件、植被丰富度的不同等所造成。因为真菌主要是通过分解地上枯落物获得养分。

本研究还发现土壤养分、土壤酶活性与核盘菌属(*Tricharina*)、小孢霉属(*Myrmecridium*)、裂壳菌属(*Schizothecium*)等真菌属之间相关性较强。这与张旭升等^[56]、吕江等^[57]的研究结果不一致。不同植被恢复方式、恢复年限的土壤具有不同的土壤养分,而不同的土壤养分又影响土壤微生物及酶活性。相关研究表明,土壤酶活性、土壤微生物不仅与植被特征、土壤养分有关,还与土壤含水量、容重等因素相关^[58]。正是由于高寒煤矿渣山土壤的特殊性,与其他生境的土壤微生物及环境因子产生较大差异。矿区在复绿过程中土壤真菌多样性的变化不仅由复绿时间决定,可能还有其他方面的影响因素,这种复杂性还需进一步地深入研究。通常,植被

通过根系分泌和凋落物等众多因素为土壤微生物提供了资源异质性,因此,分析高寒煤矿渣山植被恢复过程中土壤微生物多样性的特征,进一步开展植被恢复过程中土壤微生物多样性与土壤养分、酶活性等环境因子的探讨显得十分重要。

土壤恢复的周期是漫长的,虽然随年限的增长个别指标指数接近于原生植被,但从整体相关性上看,仍未建立起完整的、系统的相关性联系,探索土壤恢复过程中的物质循环机理,将有助于更好地加快土壤恢复速度。因此,可以将土壤各指标间的相关性联系作为评价煤矿渣山植被恢复的重要方法。

4 结论

本文主要以高寒煤矿渣山不同恢复年限(2、4、6年)的植被为研究对象,以渣山周围的原生植被为对照,比较分析土壤养分、土壤酶活性、土壤真菌的 α 多样性、群落组成、 β 多样性、功能预测及土壤真菌群落多样性、群落组成的影响因子,基于这些研究,得出如下结论:样地 pH 值为 8.14–8.42,为弱碱性土壤;随着恢复年限的增长,土壤 pH、土壤全钾和有机质含量呈现差异显著性,蔗糖酶、脲酶、过氧化氢酶以及磷酸酶含量逐渐上升;土壤真菌群落结构在不同恢复年限之间差异极显著($P \leq 0.001$);各样地主要以子囊菌门(*Ascomycota*)、担子菌门(*Basidiomycota*)为主;腐生营养型(*saprotroph*)真菌占 43.2%–89.7%,土壤全氮、有机质、土壤脲酶、过氧化氢酶对真菌群落影响较大;高寒煤矿渣山植被恢复过程中土壤变化以及土壤真菌多样性特征能够在短时间内反映植被恢复过程中土壤质量的变化,可及时采取有效措施提高土壤质量,促进高寒矿区生态恢复。

参考文献

- [1] LU ZX, WANG P, OU HB, WEI SX, WU LC, JIANG Y, WANG RJ, LIU XS, WANG ZH, CHEN LJ, LIU ZM. Effects of different vegetation restoration on soil nutrients, enzyme activities, and microbial communities in degraded karst landscapes in Southwest China[J]. *Forest Ecology and Management*, 2022, 508: 120002.
- [2] AHIRWAL J, MAITI SK, SINGH AK. Ecological restoration of coal mine-degraded lands in dry tropical climate: what has been done and what needs to be done?[J]. *Environmental Quality Management*, 2016, 26(1): 25-36.
- [3] IZQUIERDO I, CARAVACA F, ALGUACIL MM, HERNÁNDEZ G, ROLDÁN A. Use of microbiological indicators for evaluating success in soil restoration after revegetation of a mining area under subtropical conditions[J]. *Applied Soil Ecology*, 2005, 30(1): 3-10.
- [4] 赵吉, 廖仰南. 羊草草原分解者亚系统的特性及作用[J]. *生态学报*, 1995, 15(4): 359-364.
ZHAO J, LIAO YN. Characteristics and functions of decomposer subsystem in *Leymus chinensis* grassland[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 1995, 15(4): 359-364 (in Chinese).
- [5] 王芳, 图力古尔. 土壤真菌多样性研究进展[J]. *菌物研究*, 2014, 12(3): 178-186.
WANG F, BAU Tolgor. Research advances in the diversity of soil fungi[J]. *Journal of Fungal Research*, 2014, 12(3): 178-186 (in Chinese).
- [6] 张振佳, 曹银贵, 王舒菲, 郭春燕, 王翔, 卢宁, 周伟, 白中科. 平朔黄土露天矿区复垦地表层土壤微生物与酶活性分析[J]. *生态学报*, 2021, 41(1): 110-123.
ZHANG ZJ, CAO YG, WANG SF, GUO CY, WANG X, LU N, ZHOU W, BAI ZK. Characteristics and differences of surface soil microbial population and enzyme activities in opencast mining area of Pingshuo[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021, 41(1): 110-123 (in Chinese).
- [7] CICCOLINI V, BONARI E, PELLEGRINO E. Land-use intensity and soil properties shape the composition of fungal communities in Mediterranean peaty soils drained for agricultural purposes[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2015, 51(6): 719-731.
- [8] LIU X, LINDEMANN WC, WHITFORD WG, STEINER RL. Microbial diversity and activity of disturbed soil in the northern Chihuahuan Desert[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2000, 32(3): 243-249.
- [9] 丁建莉. 长期施肥对黑土微生物群落结构及其碳代谢的影响[D]. 北京: 中国农业科学院博士学位论文, 2017.
DING JL. Black soil microbial community structure and carbon metabolism in response to long-term fertilization[D]. Beijing: Doctoral Dissertation of Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2017 (in Chinese).
- [10] 孙良杰, 齐玉春, 董云社, 彭琴, 何亚婷, 刘欣超, 贾军强, 曹丛丛. 全球变化对草地土壤微生物群落多样性的影响研究进展[J]. *地理科学进展*, 2012, 31(12): 1715-1723.
SUN LJ, QI YC, DONG YS, PENG Q, HE YT, LIU XC, JIA JQ, CAO CC. Research progresses on the effects of global change on microbial community diversity of grassland soils[J]. *Progress in Geography*, 2012, 31(12): 1715-1723 (in Chinese).
- [11] 金立群, 李希来, 孙华方, 杨鑫光, 张静. 不同恢复年限对高寒露天煤矿区渣山植被和土壤特性的影响[J]. *生态学杂志*, 2019, 38(1): 121-128.
JIN LQ, LI XL, SUN HF, YANG XG, ZHANG J. Effects of different years of recovery on vegetation and soil characteristics of open-pit coal mine dumps in alpine region[J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2019, 38(1): 121-128 (in Chinese).
- [12] 陈文新. 土壤和环境微生物学[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 1990.
CHEN WX. *Soil and Environmental Microbiology*[M]. Beijing: China Agricultural University Press, 1990 (in Chinese).
- [13] 鲁如坤. 土壤农业化学分析方法[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2000.
LU RK. *Methods of Soil Agrochemical Analysis*[M]. Beijing: China Agriculture Sciencetech Press, 2000 (in Chinese).

- [14] 邵文山, 李国旗. 土壤酶功能及测定方法研究进展[J]. 北方园艺, 2016(9): 188-193.
SHAO WS, LI GQ. Research progress of soil enzymes function and its determination method[J]. Northern Horticulture, 2016(9): 188-193 (in Chinese).
- [15] EDGAR RC. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, 10: 996-998.
- [16] BOKULICH NA, SUBRAMANIAN S, FAITH JJ, GEVERS D, GORDON JI, KNIGHT R, MILLS DA, CAPORASO JG. Quality-filtering vastly improves diversity estimates from Illumina amplicon sequencing[J]. Nature Methods, 2013, 10: 57-59.
- [17] AßHAUER KP, WEMHEUER B, DANIEL R, MEINICKE P. Tax4Fun: predicting functional profiles from metagenomic 16S rRNA data[J]. Bioinformatics, 2015, 31(17): 2882-2884.
- [18] NGUYEN NH, SONG ZW, BATES ST, BRANCO S, TEDERSOO L, MENKE J, SCHILLING JS, KENNEDY PG. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild[J]. Fungal Ecology, 2016, 20: 241-248.
- [19] 孙羽丰, 魏忠义, 李秀凤. 不同改良措施对铁尾矿 pH 值及速效养分含量的影响[J]. 安徽农业科学, 2007, 35(26): 8077-8078, 8080.
SUN YF, WEI ZY, LI XF. Effects of different improving measures on the pH value and available nutrients of iron tailings[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2007, 35(26): 8077-8078, 8080 (in Chinese).
- [20] BERTHRONG ST, JOBBÁGY EG, JACKSON RB. A global meta-analysis of soil exchangeable cations, pH, carbon, and nitrogen with afforestation[J]. Ecological Applications: a Publication of the Ecological Society of America, 2009, 19(8): 2228-2241.
- [21] KALININA O, BARMIN AN, CHERTOV O, DOLGIKH AV, GORYACHKIN SV, LYURI DI, GIANI L. Self-restoration of post-agrogenic soils of Calcisol-Solonetz complex: soil development, carbon stock dynamics of carbon pools[J]. Geoderma, 2015, 237/238: 117-128.
- [22] GRAYSTON SJ, VAUGHAN D, JONES D. Rhizosphere carbon flow in trees, in comparison with annual plants: the importance of root exudation and its impact on microbial activity and nutrient availability[J]. Applied Soil Ecology, 1997, 5(1): 29-56.
- [23] 刘慧敏. 氮肥的特性及使用[J]. 河南农业, 2014(11): 12.
LIU HM. Characteristics and application of nitrogen fertilizer[J]. Agriculture of Henan, 2014(11): 12 (in Chinese).
- [24] 郭李凯. 不同复垦年限煤矸山重构土壤养分和重金属污染状况研究[D]. 临汾: 山西师范大学硕士学位论文, 2017.
GUO LK. Study on soil nutrients and heavy metal pollution of coal waste pile in different reclamation years[D]. Linfen: Master's Thesis of Shanxi Normal University, 2017 (in Chinese).
- [25] 王笑峰, 蔡体久. 鸡西矿区矸石山基质改良研究[J]. 水土保持学报, 2008(5): 134-137, 216.
WANG XF, CAI TJ. Study of substrate amendment in coal gangue pile of Jixi coal mine [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2008(5): 134-137, 216 (in Chinese).
- [26] TRIPATHI N, SINGH RS, HILLS CD. Soil carbon development in rejuvenated Indian coal mine spoil[J]. Ecological Engineering, 2016, 90: 482-490.
- [27] 樊文华, 李慧峰, 白中科. 黄土区大型露天煤矿不同复垦模式和年限下土壤肥力的变化: 以平朔安太堡露天煤矿为例[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2006, 26(4): 313-316.
FAN WH, LI HF, BAI ZK. The research of the soil fertility changes in loess area large opencast coal mines different reclamation models and reclamation years: taking Pingshuo ATB opencast coal mine as example[J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition), 2006, 26(4): 313-316 (in Chinese).
- [28] SHRESTHA RK, LAL R. Changes in physical and chemical properties of soil after surface mining and reclamation[J]. Geoderma, 2011, 161(3/4): 168-176.
- [29] MKHININI M, BOUGHATTAS I, ALPHONSE V, LIVET A, Clothier BE, Dierickx W, Oster J, Wichelns D. Heavy metal accumulation and changes in soil enzymes activities and bacterial functional diversity

- under long-term treated wastewater irrigation in East Central region of Tunisia (Monastir Governorate)[J]. *Agricultural Water Management*, 2020, 235: 106150.
- [30] TOUCEDA-GONZÁLEZ M, ÁLVAREZ-LÓPEZ V, PRIETO-FERNÁNDEZ Á, RODRÍGUEZ-GARRIDO B, TRASAR-CEPEDA C, MENCH M, PUSCHENREITER M, QUINTELA-SABARÍS C, MACÍAS-GARCÍA F, KIDD PS. Aided phytostabilisation reduces metal toxicity, improves soil fertility and enhances microbial activity in Cu-rich mine tailings[J]. *Journal of Environmental Management*, 2017, 186(Pt 2): 301-313.
- [31] HUANG L, GAO X, LIU M, DU G, GUO JS, NTAKIRUTIMANA T. Correlation among soil microorganisms, soil enzyme activities, and removal rates of pollutants in three constructed wetlands purifying micro-polluted river water[J]. *Ecological Engineering*, 2012, 46: 98-106.
- [32] SHEN FF, WU JP, FAN HB, LIU WF, GUO XM, DUAN HL, HU L, LEI XM, WEI XH. Soil N/P and C/P ratio regulate the responses of soil microbial community composition and enzyme activities in a long-term nitrogen loaded Chinese fir forest[J]. *Plant and Soil*, 2019, 436(1): 91-107.
- [33] 万忠梅, 宋长春. 土壤酶活性对生态环境的响应研究进展[J]. *土壤通报*, 2009, 40(4): 951-956.
- WAN ZM, SONG CC. Advance on response of soil enzyme activity to ecological environment[J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2009, 40(4): 951-956 (in Chinese).
- [34] ZHAN J, SUN QY. Development of microbial properties and enzyme activities in copper mine wasteland during natural restoration[J]. *Catena*, 2014, 116: 86-94.
- [35] GUO PP, ZHU LS, WANG JH, WANG J, XIE H, LV DD. Enzymatic activities and microbial biomass in black soil as affected by azoxystrobin[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2015, 74(2): 1353-1361.
- [36] JIA XY, ZHONG Y, LIU J, ZHU GY, SHANGGUAN Z, YAN WM. Effects of nitrogen enrichment on soil microbial characteristics: from biomass to enzyme activities[J]. *Geoderma*, 2020, 366: 114256.
- [37] YAN BG, WANG XM, SUN Y, FAN B, SHI LT, LIU GC. Vegetation rehabilitation increases soil enzyme activities in degraded land *via* carbon supply and nitrogen retention[J]. *European Journal of Soil Biology*, 2020, 98: 103186.
- [38] 季凌飞, 倪康, 马立锋, 陈兆杰, 赵远艳, 阮建云, 郭世伟. 不同施肥方式对酸性茶园土壤真菌群落的影响[J]. *生态学报*, 2018, 38(22): 8158-8166.
- JI LF, NI K, MA LF, CHEN ZJ, ZHAO YY, RUAN JY, GUO SW. Effect of different fertilizer regimes on the fungal community of acidic tea-garden soil[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(22): 8158-8166 (in Chinese).
- [39] 李鹏飞, 张兴昌, 郝明德, 崔勇兴, 张燕江, 朱世雷. 植被恢复对黄土高原矿区重构土壤理化性质、酶活性以及真菌群落的影响[J]. *水土保持通报*, 2019, 39(5): 1-7.
- LI PF, ZHANG XC, HAO MD, CUI YX, ZHANG YJ, ZHU SL. Effects of vegetation restoration on soil physicochemical properties, enzyme activities, and fungal community of reconstructed soil in a mining area on Loess Plateau[J]. *Bulletin of Soil and Water Conservation*, 2019, 39(5): 1-7 (in Chinese).
- [40] WANG HH, KUANG SP, LANG QL, YU WJ. Effects of aged oil sludge on soil physicochemical properties and fungal diversity revealed by high-throughput sequencing analysis[J]. *Archaea*, 2018, 2018: 9264259.
- [41] BUCKLEY DH, SCHMIDT TM. The structure of microbial communities in soil and the lasting impact of cultivation[J]. *Microbial Ecology*, 2001, 42(1): 11-21.
- [42] 张露琪, 张志明, 张丽梅, 王军涛. 典型农田退耕后土壤真菌与细菌群落的演替[J]. *生态学报*, 2019, 39(8): 2715-2722.
- ZHANG LQ, ZHANG ZM, ZHANG LM, WANG JT. Succession of soil fungal and bacterial communities in a typical chronosequence of abandoned agricultural lands[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(8): 2715-2722 (in Chinese).
- [43] HAWKSWORTH DL, ROSSMAN AY. Where are all the undescribed fungi?[J]. *Phytopathology*, 1997, 87(9): 888-891.

- [44] 刘晶, 赵燕, 张巧明, 徐少君. 不同利用方式对豫西黄土丘陵区土壤微生物生物量及群落结构特征的影响[J]. 草业学报, 2016, 25(8): 36-47.
LIU J, ZHAO Y, ZHANG QM, XU SJ. Effects of land use on soil microbial biomass and community structure in the loess hill region of West Henan[J]. *Acta Prataculturae Sinica*, 2016, 25(8): 36-47 (in Chinese).
- [45] 胡芳, 杜虎, 曾馥平, 宋同清, 彭晚霞, 张芳. 典型喀斯特峰丛洼地不同植被恢复对土壤养分含量和微生物多样性的影响[J]. 生态学报, 2018, 38(6): 2170-2179.
HU F, DU H, ZENG FP, SONG TQ, PENG WX, ZHANG F. Dynamics of soil nutrient content and microbial diversity following vegetation restoration in a typical Karst peak-cluster depression landscape[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2018, 38(6): 2170-2179 (in Chinese).
- [46] 朱平, 陈仁升, 宋耀选, 韩春坛, 刘光琇, 陈拓, 张威. 祁连山中部 4 种典型植被类型土壤细菌群落结构差异[J]. 生态学报, 2017, 37(10): 3505-3514.
ZHU P, CHEN RS, SONG YX, HAN CT, LIU GX, CHEN T, ZHANG W. Soil bacterial community composition and diversity of four representative vegetation types in the middle section of the Qilian Mountains, China[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, 37(10): 3505-3514 (in Chinese).
- [47] 王艳发, 魏士平, 崔鸿鹏, 苏新, 祝有海, 卢振权, 胡非, 李来鹏, 张帅, 刘晖. 青藏高原冻土区土壤垂直剖面中微生物的分布与多样性[J]. 微生物学通报, 2016, 43(9): 1902-1917.
WANG YF, WEI SP, CUI HP, SU X, ZHU YH, LU ZQ, HU F, LI LP, ZHANG S, LIU H. Distribution and diversity of microbial community along a vertical permafrost profile, Qinghai-Tibetan Plateau[J]. *Microbiology China*, 2016, 43(9): 1902-1917 (in Chinese).
- [48] 王楠, 潘小承, 王传宽, 白尚斌. 模拟酸雨对毛竹阔叶林过渡带土壤真菌结构及其多样性的影响[J]. 环境科学, 2020, 41(5): 2476-2484.
WANG N, PAN XC, WANG CK, BAI SB. Effects of simulated acid rain on soil fungi diversity in the transition zone of moso bamboo and broadleaf forest[J]. *Environmental Science*, 2020, 41(5): 2476-2484 (in Chinese).
- [49] LIU D, LIU GH, CHEN L, WANG JT, ZHANG LM. Soil pH determines fungal diversity along an elevation gradient in Southwestern China[J]. *Science China Life Sciences*, 2018, 61(6): 718-726.
- [50] CHEN C, ZHANG JN, LU M, QIN C, CHEN YH, YANG L, HUANG QW, WANG JC, SHEN ZG, SHEN QR. Microbial communities of an arable soil treated for 8 years with organic and inorganic fertilizers[J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2016, 52(4): 455-467.
- [51] 梁月明, 苏以荣, 何寻阳, 陈香碧. 岩性对喀斯特灌丛土壤固氮菌与丛枝菌根真菌群落结构及丰度的影响[J]. 环境科学, 2017, 38(3): 1253-1261.
LIANG YM, SU YR, HE XY, CHEN XB. Effects of lithology on the abundance and composition of soil nitrogen-fixing bacteria and arbuscular mycorrhizal fungal communities in Karst shrub ecosystem[J]. *Environmental Science*, 2017, 38(3): 1253-1261 (in Chinese).
- [52] 陈芬, 余高, 孙约兵, 张红丽, 田霞, 夏蓓. 汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子[J]. 环境科学, 2022, 43(8): 4342-4352.
CHEN F, YU G, SUN YB, ZHANG HL, TIAN X, XIA B. Characteristics of microbial community structure in the surrounding farmlands of a mercury mining area and its environmental driving factors[J]. *Environmental Science*, 2022, 43(8): 4342-4352 (in Chinese).
- [53] 薛凯, 张彪, 周姝彤, 冉沁蔚, 唐立, 车荣晓, 庞哲, 王芳, 王頔, 张静, 姜丽丽, 胡容海, 崔骁勇, 郝彦宾, 王艳芬. 青藏高原高寒草地土壤微生物群落及影响因子[J]. 科学通报, 2019, 64(27): 2915-2927.
XUE K, ZHANG B, ZHOU ST, RAN WR, TANG L, CHE RX, PANG Z, WANG F, WANG D, ZHANG J, JIANG LL, HU RH, CUI XY, HAO YB, WANG YF. Soil microbial communities in alpine grasslands on the Tibetan Plateau and their influencing factors[J]. *Chinese Science Bulletin*, 2019, 64(27): 2915-2927 (in Chinese).
- [54] 齐文娟, 龙瑞军, 冯瑞章, 徐松鹤, 周万海. 江河源区不同建植年限人工草地土壤微生物及酶活性研究[J]. 水土保持学报, 2007, 21(4): 145-149.
QI WJ, LONG RJ, FENG RZ, XU SH, ZHOU WH. Chinese).

- Studies of soil microorganisms and enzyme activities on artificial grassland with different cultivation years in headwater area of Yangtze and Yellow Rivers[J]. *Journal of Soil and Water Conservation*, 2007, 21(4): 145-149 (in Chinese).
- [55] 杨希智, 王长庭, 字洪标, 刘敏. 三江源区不同建植年限人工草地土壤微生物群落结构特征[J]. *应用与环境生物学报*, 2015, 21(2): 341-349.
YANG XZ, WANG CT, ZI HB, LIU M. Soil microbial community structure characteristics in artificial grassland with Soil microbial community structure characteristics in arti different cultivation years in the headwater region of Three Rivers, China[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2015, 21(2): 341-349 (in Chinese).
- [56] 张旭升, 郭鹏杰, 张瀛澜, 郭东罡, 张全喜. 不同植被恢复模式下矿区复垦土壤真菌群落组成及多样性[J]. *菌物学报*, 2022, 41(11): 1831-1844.
ZHANG XS, GUO PJ, ZHANG YL, GUO DG, ZHANG QX. Community composition and diversity of fungi in reclaimed soil in mining areas under different vegetation restoration types[J]. *Mycosystema*, 2022, 41(11): 1831-1844 (in Chinese).
- [57] 吕江, 赵晖, 袁宗浩, 潘晓东, 孙宏磊, 蔡袁强. 高速公路边坡植被修复对土壤微生物群落的影响[J]. *福建农林大学学报(自然科学版)*, 2021, 50(3): 420-426.
LÜ J, ZHAO H, YUAN ZH, PAN XD, SUN HL, CAI YQ. Effects of vegetation restoration on side slopes of highway on soil microbial community diversity[J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition)*, 2021, 50(3): 420-426 (in Chinese).
- [58] 刘爽, 王雅, 刘兵兵, 刘海龙, 刘勇. 晋西北不同土地管理方式对土壤碳氮、酶活性及微生物的影响[J]. *生态学报*, 2019, 39(12): 4376-4389.
LIU S, WANG Y, LIU BB, LIU HL, LIU Y. Effects of different land management practices on soil carbon and nitrogen, enzyme activities, and microbial diversities northwest of Shanxi[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, 39(12): 4376-4389 (in Chinese).