

矿区废弃地土壤微生物特征及其影响因素： 基于Meta分析的研究

赵艳妮, 肖亚旭, 黄 富, 禹建梅, 杜杰明

云南省有色地质局三一〇队, 云南 大理

收稿日期: 2026年3月10日; 录用日期: 2026年4月22日; 发布日期: 2026年4月30日

摘 要

土壤微生物在物质循环过程中对外界环境的改变比较敏感, 是评价土壤质量的重要指标, 这对矿区废弃地恢复的研究具有重大意义。为了探索矿区废弃地土壤微生物群落特征及其影响因素, 我们使用Web of science和CNKI数据库系统进行数据收集, 直至2021年1月13日, 通过运用Meta分析的方法, 共检索了2678篇文献, 最后从24项研究中获得了2549个观测值的元数据集。研究结果表明: (1) 矿区开采后, 土壤微生物种群和数量都发生了极大变化; (2) 煤矿区、锑矿区和铜矿区微生物物种较为丰富, 相比铁矿区、锌矿区、菱镁矿区和稀土矿区更适于土壤微生物繁殖; (3) 研究中我们发现不同植被类型对土壤细菌丰度的影响表现为: 灌木 > 乔草 > 乔木 > 草本 > 乔灌; (4) 随着矿区复垦年限的延长, 矿区复垦后植被覆盖率提高, 植物分泌物和枯枝落叶可能会影响到土壤养分水平, 环境因子与菌群间合作增强, 土壤环境的稳定性明显提高, 细菌丰度显著上升。综上所述, 矿区废弃地可以通过植被恢复改善土壤微生物群落特征, 该研究结果对矿区恢复提供了一定的理论支撑。

关键词

土壤微生物, 植被类型, 矿区复垦, Meta分析

Characteristics of Soil Microorganisms and Their Influencing Factors in Mine Wasteland: A Study Based on Meta Analysis

Yanni Zhao, Yaxu Xiao, Fu Huang, Jianmei Yu, Jieming Du

No. 310 Team of Yunnan Nonferrous Metals Geology Bureau, Dali Yunnan

Received: March 10, 2026; accepted: April 22, 2026; published: April 30, 2026

Abstract

Soil microorganism is sensitive to the change of the external environment in the process of material circulation, and it is an important index to evaluate the soil quality, which is of great significance to the research on the restoration of mining wasteland. In order to explore the characteristics and driving factors of soil microbial community in mining wasteland, we used web of science and CNKI database system to collect data until January 13, 2021. A total of 2678 literatures were retrieved by using meta analysis method. In the last 24 studies, 2549 metadata sets of observation values were obtained. The results showed that: (1) the population and quantity of soil microorganism changed greatly after mining; (2) Compared with iron mine, zinc mine, magnesite mine and rare earth mine, coal mine, antimony mine and copper mine are more suitable for soil microbial reproduction; (3) In the study, we found that the effects of different vegetation types on soil bacterial abundance were as follows: Shrub > Joe grass > arbor > herb > Joe shrub; (4) With the extension of mining area reclamation years, the plant coverage increases after mining area reclamation, the flora secretion may affect the soil nutrient level, the cooperation between environmental factors and flora is enhanced, the stability of soil environment is significantly improved, and the bacterial abundance is significantly increased. In conclusion, the characteristics of soil microbial community can be improved by vegetation restoration in mining abandoned land, and the results of this study provide a certain theoretical support for mining restoration.

Keywords

Ecological Civilization, Green Mines, Mineral Resource Development, Ecological Environment Protection

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 前言

1.1. 研究背景与意义

矿产资源是人类社会发展前进的重要物质基础,在促进社会、经济发展的同时,由于大规模、低效率、高污染的开采,致使许多诸如水土流失和重金属污染等环境问题和生态系统的退化,以致矿区土壤生物多样性低,植物生长所必需的营养物质匮乏,给矿区生态重建带来负面影响[1],这在一定程度上限制了区域和国家的可持续发展。同时,随着我国社会基本矛盾的转变,人们对生活环境条件需求的不断提升,矿山的恢复和重建成为生态文明建设的重要目标和基本任务。

通过植被恢复和重建以恢复矿区土壤质量和系统物种多样性是当前矿山恢复的首要工作和重要原则。土壤微生物是矿山生态系统物种多样性的重要组成部分,直接或间接参与土壤碳、氮等营养元素的循环过程[2],对提高土壤肥力有促进作用。同时,通过调整和补偿土壤微生物群落结构和多样性,可以加快植被恢复的进程。评估矿山恢复是否成功的重要指标包括土壤微生物多样性和群落结构。因此,认识和理解矿区植被恢复对土壤微生物多样性(主要包括微生物物种组成,物种数量和微生物与土壤、植被相互作用的生态过程的多样性)和群落结构的改变是快速、有效恢复的重要前提和矿区恢复研究的热点和重点。

1.2. 研究内容

1.2.1. 植被恢复过程矿区土壤优势微生物的时空分布

在矿区植被恢复过程中, 土壤优势微生物对土壤肥力和结构起着重要作用。因此, 了解和分析恢复矿区的优势土壤微生物种类及其分布, 可以预知环境条件、特定系统功能和生态过程的变化。而且在一定条件下, 丰富优势微生物的数量和丰度通过补偿和调整, 能够有效促进矿区的恢复。然而, 对于矿区恢复土壤微生物优势物种的认识仍处于研究的初始阶段, 且国内相关研究和国外仍有差距。如 2020 年, Jing 等人对中国东北四大煤矿区进行研究, 发现不同矿区中土壤优势细菌的组成有较大差异, 阳泉、裴蓓和邹城的优势种为 Proteobacteria (变形菌门), 在大通矿区为 Actinobacteria (放线菌门) [3]。而 Zhan 等人对黑岱沟和大刘塔两个煤矿区的比较分析, 表明土壤优势细菌组成没有差异, Proteobacteria (变形菌门) 和 Actinobacteria (放线菌门) 为主要的优势种, 且不同矿区优势菌丰度差异较大[4]。除此之外, 不同类型矿区的优势微生物组成差异更明显, 如 Tong 等人的研究表明 Proteobacteria (变形菌门)、Actinobacteria (放线菌门)、Bacteroidetes (拟杆菌门) 和 Cyanobacteria (蓝细菌) 为铜矿区主要的优势细菌[5]。Jiaojiao Deng 等的调查认为铁矿区的主要优势细菌为 Actinobacteria (放线菌门)、Proteobacteria (变形菌门)、Chloroflexi (绿弯菌门)、Acidobacteria (酸杆菌门) 和 Gemmatimonadetes (芽单胞菌门, 一类革兰氏阴性细菌)[6]。因此, 我们假设在不同的矿区土壤优势微生物的组成和丰度存在显著的差异, 而某些土壤优势微生物将共同存在和适应于不同的矿区, 对恢复矿区土壤条件的改善起着重要作用。

1.2.2. 土壤微生物群落结构和多样性对植被恢复的响应

植被恢复能有效改变矿区土壤微生物群落的结构和功能[7][8]。例如, 张蓉等研究煤矿区不同植被模式, 发现草地恢复模式下土壤微生物多样性丰富度高于林地恢复模式[9]。Yang 等分析了黄土高原煤矿区林地和草地恢复对细菌、真菌群落的影响, 结果表明林地恢复模式更有利于改变土壤真菌群落的多样性, 而草地恢复模式更有利于改变土壤细菌群落结构与多样性[10]。同时, 土壤优势微生物对复垦模式的响应也十分明显。如: Chen Hong 对铁矿区的研究表明, 与草本和未复垦地相比, 乔木恢复模式更能提高 Proteobacteria (变形菌门) 和 Bacteroidetes (拟杆菌门) 的丰度, 而 Acidobacteria (酸杆菌门) 的丰度较低[11]。Xiaolong Hou 等表明, Proteobacteria (变形菌门) 的丰度表现为: 乔木恢复模式 > 灌木恢复模式 > 草本恢复模式, 而乔木中的 Acidobacteria (酸杆菌门) 和 Actinobacteria (放线菌门) 的丰度比在草本中更高[12]。此外, Youfa Luo 等对铅锌矿草本和乔木恢复模式土壤微生物的结构进行研究, 结果表明草本和乔木恢复模式中 Alphaproteobacteria (α -变形菌) 和 Actinobacteria (放线菌门) 丰度没有显著差异, 但是, 乔木提高了 Acidobacteria (酸杆菌门) 的丰度[13]。综上所述, 不同恢复模式对土壤微生物群落的影响的研究结果仍存在分歧。因此, 我们假设不同的恢复模式会对土壤微生物群落的结构和丰度产生不同的影响, 而植被恢复模式的选择将可能会定向地改变土壤优势微生物丰度。

另外, 随植被恢复时间的延长, 不同土壤微生物的组成和多样性会有不同的响应[14]。如于亚军等的研究证明土壤细菌和土壤真菌随植被的恢复逐渐增加, 但土壤放线菌在恢复的前五年没有显著变化[15]。同时, 陈来红和侯湖平等在煤矿废弃地进一步地揭示了植被恢复过程土壤细菌群落结构的变化, 结果表明在植被恢复前期, 土壤细菌丰度及多样性随复垦年限的增加而增加, 而到了后期开始逐渐减少[16][17]。李启艳等对稀土矿区细菌群落的研究也得出了类似的结果, 即土壤细菌群落的多样性和丰富度随恢复时间的延长而降低[18]。此外, Li Yuanyuan 等对煤矿山的研究表明, 恢复时间较早的样地中优势细菌 Proteobacteria (变形菌门) 丰度最高, 而 Actinobacteria (放线菌门) 和 Chloroflexi (绿弯菌门) 随着复垦年限的增加而减少[19]。而 Li Junjian 等表明, 在恢复初始阶段, 土壤中 Proteobacteria (变形菌门) 的丰度随着复垦年限的增加而逐渐提高, Actinobacteria (放线菌门) 和 Acidobacteria (酸杆菌门) 的丰度波动无规律, 且丰度

分别在恢复 25 年和 20 年达到最高[20]。此外, Jia Tong 对铜矿区的研究表明, Actinobacteria (放线菌门) 会随复垦年限的增加而增加, 而复垦 1 年 Betaproteobacteria (β -变形菌, 变形菌门的一种类型, 变形菌门是细菌中最大的一门)和 Gammaproteobacteria (γ -变形菌)丰度分别占比 9.88%和 9.96%, 但是在恢复 11 年后分别降低至 6.42%和 3.38% [21]。因此, 我们假设随着复垦年限的增长, 土壤微生物群落结构、优势菌丰度和多样性将会发生不同程度地变化。其中优势微生物丰富的变化能够更好地反应土壤环境条件和复垦的成效。

1.2.3. 土壤微生物群落结构变化的主要影响因素

土壤微生物群落对外界环境的变化较为敏感, 在物质循环和能量流动过程中发挥着必不可少的作用, 是衡量土壤质量的重要指标, 在恢复生态学中具有重大意义。土壤环境中土壤养分含量是土壤微生物进行生命活动的重要保证, 在小尺度环境胁迫条件下, 土壤环境因子是微生物群落结构动态变化的主要驱动因子。然而, 李春等人以昆阳磷矿作为研究对象, 结果表明不同植被恢复模式下磷矿区土壤理化性质和细菌群落都有差异, 不同的植被恢复模式和土壤碱解氮含量是分别造成土壤细菌群落多样性差异和物种组成差异的主要原因, 而植被恢复模式不同是次要因素[22]。

但是, 迄今为止, 对恢复矿区土壤微生物群落和多样性的认识仍不充分。本研究, 我们利用收集到的中国矿山实测数据, 进行数据整合和 Meta 分析。Meta 分析, 在中文中被称为“荟萃分析”, 用于分析来自不同研究的汇总数据, 可以作为提供定量信息和定性信息的简明扼要的最新信息的主要来源[23]。基于此, 通过分析方法可以确定: (1) 植被恢复过程中矿区土壤优势微生物的时空分布; (2) 土壤微生物群落结构和多样性对植被恢复的响应; (3) 土壤微生物群落结构变化的主要影响因素。

2. 材料和研究方法

2.1. 数据收集

我们使用 Web of science 和 CNKI 数据库系统搜索了所有同行评审的期刊论文, 这些论文研究了矿区植被恢复对细菌群落结构和功能等特征的影响。直至 2021 年 1 月 13 日, 文献检索是按照 PRISMA 的指南进行的(如图 1)。多种关键词组合用于文献的检索, 以确保研究的可重复性。例如: 在 Web of science 的检索式如下: TS = (mine OR mining) TS = (vegetation) AND TS = (restoration OR recover * OR rehabilitation OR restore * OR resume) AND TS = (microorganism OR microbe OR microbial OR microbiological OR bacteria OR bacterial OR bacterium OR germ OR fungi OR fungus OR fungal)。CNKI 检索式如下: SU = (植被恢复 + 植物恢复 + 复垦 + 还林 + 还草 + 生态恢复) AND SU = (微生物 + 细菌 + 真菌 + 酶活性) AND SU = (矿区 + 矿山 + 采石场 + 矿)。共检索到 2678 篇文献, 我们对每篇文献进行阅读和筛选, 以确定是否符合下列条件: 第一, 是否为废弃矿山; 第二, 是否是野外试验调查; 第三, 研究是否包含土壤微生物群落; 第四, 研究是否包含空白对照。

此外, 当不同的出版物包含一项研究的相同数据时, 我们仅记录一次数据。当一项研究包括不同数量物种的植物混合物时, 我们认为它们是不同的观察结果。同样, 当出版物中包含在不同生物条件下的几个实验时, 例如不同的位置, 处理方式, 林分年龄和土壤层, 我们认为它们是不同的观察结果。当以图形方式报告结果时, 我们采用 Getdata 2.0 版, 从图形中以数字方式来提取数据。我们从 24 项研究中获得了 2549 个观测值的元数据集。

对于每项研究, 我们提取了微生物属性, 包括细菌物种占比、微生物多样性等。测定土壤微生物群落多样性的方法包括 DGGE 分析、Biolog 微平板培养法、Illumina Miseq 测序、变性梯度凝胶电泳等。此外, 我们从原始文献中获得植被的生长模型。对于未给出生长型的文献, 我们提取了植物物种名称, 使

用中国植物志数据库，获取植被特征和生长型。在每一原始文献中，我们还获取了其所报告的地理信息和气候状况及恢复年龄。

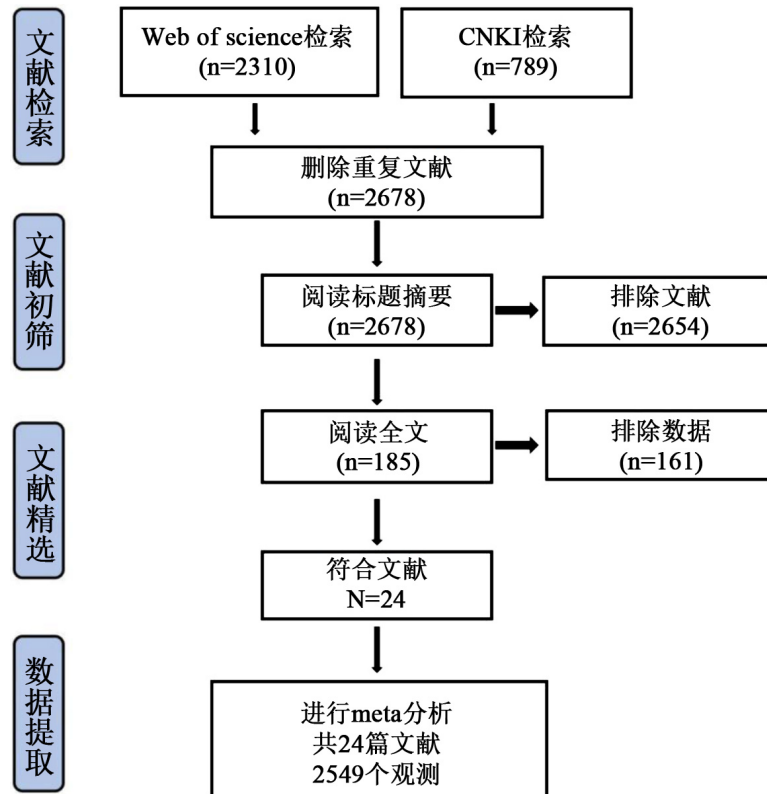


Figure 1. Flow chart of Meta analysis
图 1. Meta 分析流程图

2.2. 数据分析

我们使用自然对数反应比来评估各研究的效应值大小：

$$\ln RR = \ln(X_i/X_c) \quad (1)$$

式中 X_i 和 X_c 分别表示研究对象的处理组和对照组的观察值。同时，我们认为不同的研究具有不同的实验误差。因此，我们将会给每个研究赋予不同的权重。与大多数 Meta 分析类似，我们将使用各观测不同的研究方差和试验重复次数来确定其权重的大小。

$$V_i = \frac{S_e^2}{N_e Y_e^2} + \frac{S_c^2}{N_c Y_c^2} \quad (2)$$

式中： Y_e 和 Y_c 分别表示处理组合对照组观测值得方差， N 表示实验重复次数。由该公式可知，研究的变异越大，则其研究内方差越大，所拥有的权重就越小。

我们使用混合效应模型来评估微生物物种、矿区类型、植被类型及恢复年限对微生物生态群落结构和土壤细菌丰度的贡献。

$$\ln RR = \beta_0 + \beta_1 \cdot R + \beta_2 \cdot A + \beta_3 \cdot R \times A + \beta_4 \cdot E + \beta_5 \cdot R \times E + \beta_6 \cdot A \times E + \beta_7 \cdot R \times A \times E + \pi_{\text{study}} + \epsilon \quad (3)$$

其中 β 是要估计的系数；study 是研究的随机影响因素，说明每个研究中观察值之间的自相关； ϵ 为采样

误差。我们使用 metafor 软件包和限制性最大似然估计对模型进行了分析，其中 Wras 的权重为每个相应观察值。为了防止过度拟合，我们在所有备选方案中选择了最简约的模型，条件是保留 R 和 A，因为它们是我们检验的核心假设的一部分。此外，我们还检查了对植被恢复中微生物生物量、微生物多样性的观测结果是否会因技术方法不同而产生不同的结果及是否随土壤深度而变化，来排除其所带来的研究误差。所有分析均在 R 4.0 中进行。

3. 结果和分析

我国各类矿产开采矿区在空间分布上呈现明显的区域集聚特征，主要集中于中国东部及中部地区。从全国矿区生态修复工作布局与治理重点来看，中国矿区的恢复以煤矿区为重点，南方地区以稀土矿区和铜矿区为重点[24] [25]。

3.1. 植被恢复过程矿区土壤优势微生物的时空分布

在植被恢复过程中，土壤微生物是必不可少的成员之一，本研究中对煤矿区、镓矿区、铜矿区、铁矿区、锌矿区、菱镁矿区和稀土矿区中的土壤微生物物种进行统计(如表 1)，其中，统计的 6 种主要微生物绿弯菌门、蓝细菌、硝化螺旋菌门、厚壁菌门、芽单胞菌门(一类革兰氏阴性细菌)、浮霉菌门(Chloroflexi、Cyanobacteria、Nitrospirae、Firmicutes、Gemmatimonadetes、Planctomycetes)均存在于煤矿区、镓矿区和铜矿区中；而锌矿区中没有蓝细菌，稀土矿区中没有芽单胞菌；菱镁矿区中有绿弯菌门、芽单胞菌门两种微生物。值得注意的是，铁矿区中仅有芽单胞菌门生存，因此，芽单胞菌门在铁矿区中表现为优势微生物物种。

Table 1. Distribution of microbial species in different mining areas

表 1. 微生物物种在不同矿区中的分布

微生物(门)	矿区类型						
	煤矿区	镓矿区	铜矿区	铁矿区	锌矿区	菱镁矿区	稀土矿区
Chloroflexi (绿弯菌门)	1	1	1	-	1	1	1
Cyanobacteria (蓝细菌)	1	1	1	-	-	-	1
Nitrospirae (硝化螺旋菌门)	1	1	1	-	1	-	1
Firmicutes (厚壁菌门)	1	1	1	-	1	-	1
Gemmatimonadetes (芽单胞菌门)	1	1	1	1	1	1	-
Planctomycetes (浮霉菌门)	1	1	1	-	1	-	1

注：1 表示存在；-表示不存在。

3.2. 不同复垦年限下土壤微生物的变化

不同复垦年限下土壤微生物的变化是不同的。结合图 2、图 3 可以得出，复垦年限对绿弯菌门、蓝藻细菌、厚壁菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门的影响呈下降趋势，相反，对硝化螺旋菌门的影响呈上升趋势。本研究中，我们分别计算复垦 20 年时对绿弯菌门、蓝藻细菌、硝化螺旋菌门、厚壁菌门、芽单胞菌门(一类革兰氏阴性细菌)、浮霉菌门的丰度，以未复垦(0 年)作为对照，如图 4 所示，由此可以说明随着复垦年限的延长，土壤微生物对外界环境的抗干扰能力逐渐增强，其生存能力和繁殖能力逐渐提升，土壤微生物群落结构越来越复杂。

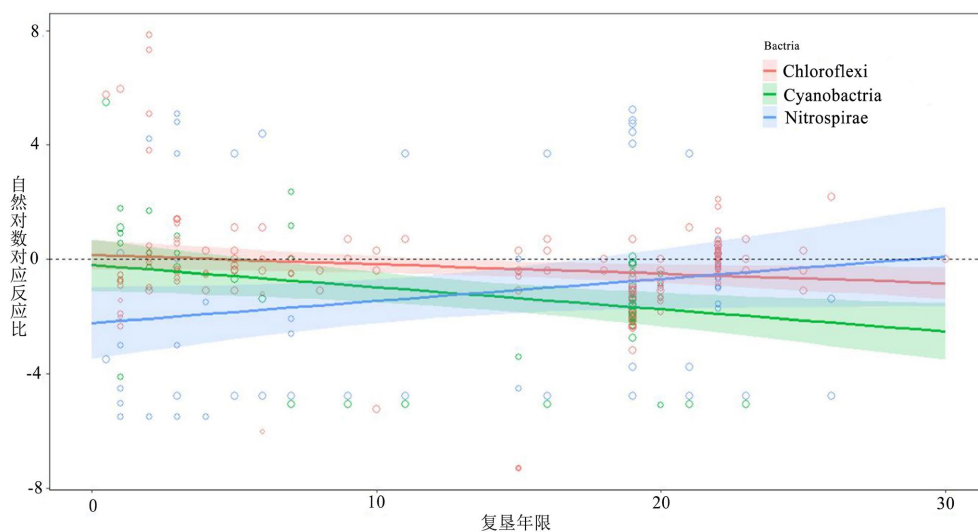


Figure 2. Influence of reclamation years on Chloroflexi, Cyanobacteria, Nitrospirae
图 2. 复垦年限对绿弯菌门、蓝细菌、硝化螺旋菌门的影响

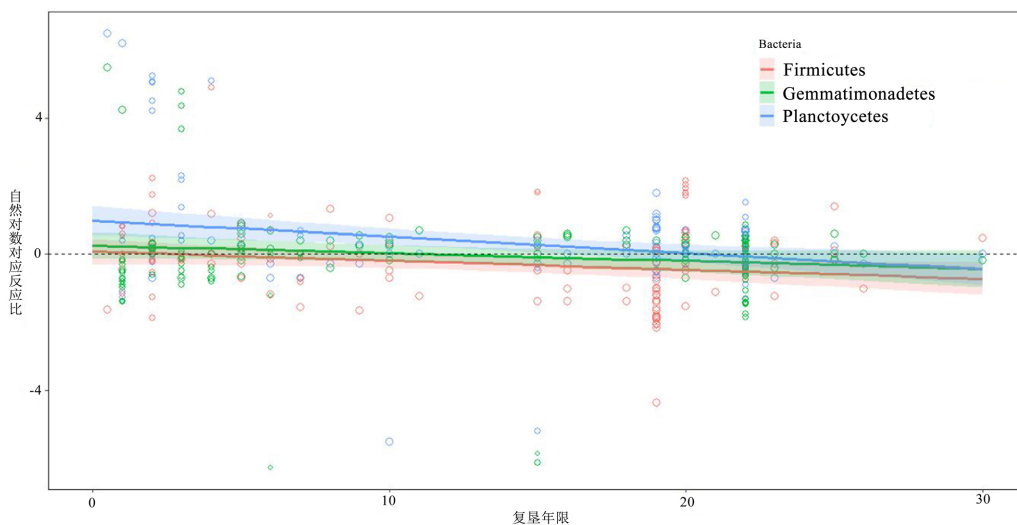


Figure 3. Influence of reclamation years on Firmicutes, Gemmatimonadetes, Planctomycetes
图 3 复垦年限对厚壁菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门的影响

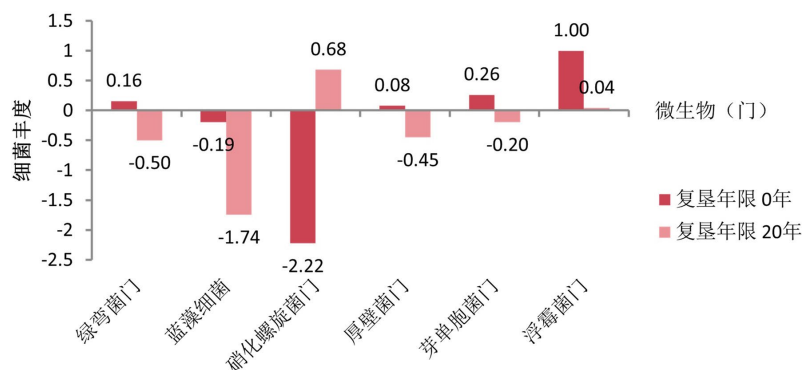


Table 4. Changes of soil microorganism after 0 and 20 years of reclamation
图 4. 复垦 0 年、20 年土壤微生物的变化

3.3. 不同植被类型下土壤微生物群落的变化

不同植物对土壤微生物群落的影响不同。对矿区废弃地进行人工恢复过程中，可将不同植被类型进行多样化组合，从而形成不同的复垦方式。不同复垦方式具有不同的恢复植被和凋落物成分，因此，复垦方式对土壤有机质的形成产生一定影响。

该研究中涉及的植被类型有草本、灌木、乔木、乔草、乔灌五种，各植被类型对土壤细菌丰度的影响如图 5 所示，由此可以得出草本、乔草、乔木相对灌木和乔木对微生物群落的影响程度表现更为显著，且草本、乔草、乔木和土壤微生物群落之间的关系呈正相关，而灌木和乔木对土壤微生物群落的影响幅度则无明显变化。

在所有的矿区恢复中，种植草本、乔灌植物的复垦方式土壤细菌丰度降低了 0.99% [95% CI (置信区间): -0.17, 0.16%] 和 8.60% (95% CI: 0.55, 0.36%)，可以说明草本植物与乔灌植物相比对土壤细菌丰度的影响程度更小。种植灌木、乔草、乔木植物的复垦方式土壤细菌丰度提高了 89.65% (95% CI: 0.34, 0.95%)、30.10% (95% CI: 0.11, 0.55) 和 20.92% (95% CI: -0.02, 0.41%)。值得注意的是，五种植被类型中灌木能更有效地影响土壤微生物群落变化。

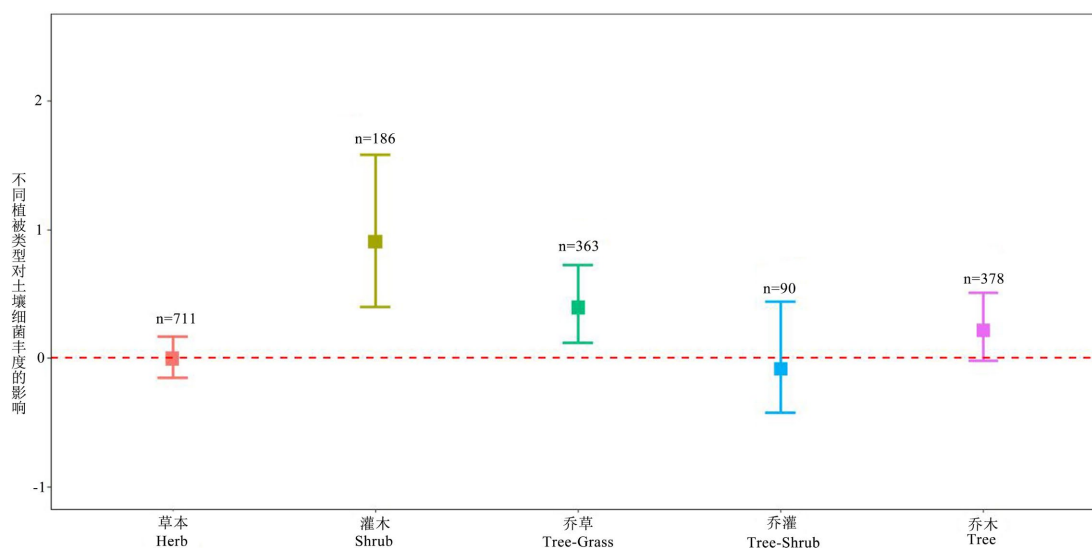


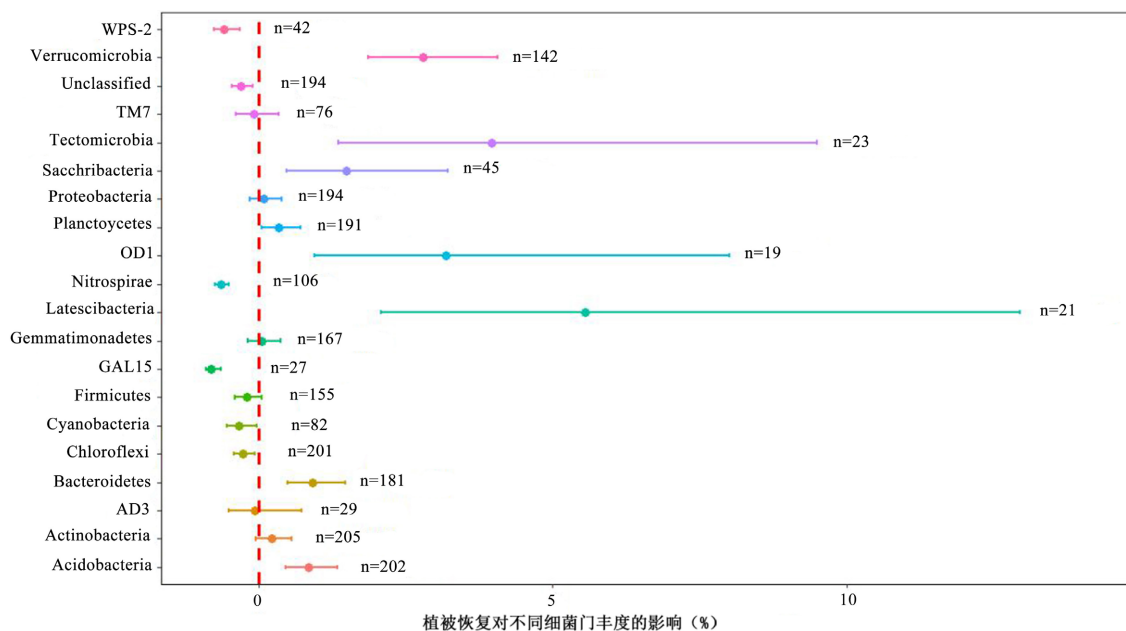
Figure 5. Effects of vegetation restoration on different bacteria phyla

图 5. 不同植被类型对土壤细菌丰度的影响

3.4. 土壤微生物群落结构和多样性对植被恢复的响应

3.4.1. 植被恢复对不同细菌门的影响

植被恢复对不同细菌门的影响是不同的。如图 6 可以明显得出，植被恢复对 Acidobacteria (酸杆菌门)、Actinobacteria (放线菌门)、Bacteroidetes (拟杆菌门)、Latescibacteria (迟杆菌门)、OD1、Planctomycetes (浮霉菌门)、Saccharibacteria、Tectomicrobia、Verrucomicrobia (疣微菌门) 10 种细菌门呈现正相关影响，对 Chloroflexi (绿弯菌门)、Cyanobacteria (蓝细菌)、Firmicutes (厚壁菌门)、GAL 15、Nitrospirae (硝化螺旋菌门)、Unclassified (在微生物分类中没有明确分类信息的细菌或微生物群体)、WPS_2 这 7 种细菌门呈现负相关影响，对 AD3、Gemmatimonadetes (芽单胞菌门)、Proteobacteria (变形菌门)、TM7 这 4 种细菌影响较小，可视为基本无影响。这些结果表明，为了适应矿区环境土壤细菌群落自身作出了相应的变化。



注:按照纵坐标从上往下的顺序依次为 WPS-2 (是一类尚未获得纯培养的候选细菌门,广泛分布于极端/寡营养环境)、Verrucomicrobia (疣微菌门)、Unclassified (在微生物分类中没有明确分类信息的细菌或微生物群体)、TM7 (是组成一个主要的未培养细菌谱系的 73 门之一,被称为候选门辐射)、Tectomicrobia (构造菌门)、Saccharibacteria (糖菌门)、Proteobacteria (变形菌门)、Planctomycetes (浮霉菌门)、OD1 (是候选细菌门 Parcubacteria (小袋菌门)的旧代号)、Nitrospirae (硝化螺旋菌门)、Latescibacteria (迟杆菌门)、Gemmatimonadetes (芽单胞菌门)、GAL15 (候选细菌门)、Firmicutes (厚壁菌门)、Cyanobacteria (蓝细菌)、Chloroflexi (绿弯菌门)、Bacteroidetes (拟杆菌门)、AD3 ((多菌株代号,非单一菌门))、Actinobacteria (放线菌门)、Acidobacteria (酸杆菌门)。

Figure 6. Effects of vegetation restoration on bacterial abundance
图 6. 植被恢复对不同细菌门的影响

3.4.2. 植被恢复对细菌丰度的影响

经过土地复垦能显著改善土壤的微生态环境,土壤细菌丰度显著提高,经过植被修复等措施后,细菌群落结构改变,从而恢复了细菌群落的功能。如图 7,植被恢复对细菌丰度的影响总体呈上升趋势,且上升了 20.48% ($P = 0.001$)。

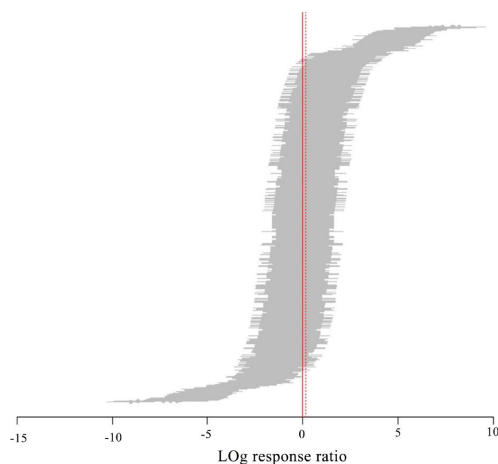


Figure 7. Effects of vegetation restoration on bacterial abundance
图 7. 植被恢复对细菌丰度的影响

4. 讨论

4.1. 矿区类型与土壤微生物群落特征的关系

土壤微生物在物质循环中起重要作用, 微生物群落结构的变化能敏感地反映土壤质量[26][27]。不同类型矿山废弃地土壤微生物群落组成不同, 本研究煤矿区、铋矿区和铜矿区土壤微生物种类相对较为丰富, 且微生物种类相同, 其原因主要有: 矿区中生存的微生物种类繁多, 不止包括本研究中表 1 所列出的几种, 土壤是微生物的集中营, 1 g 肥沃的土壤中含有数亿甚至数十亿的微生物[28], 而现今由于收集的数据有限, 研究的矿区类型及微生物物种涉及面较为狭窄, 导致本研究中煤矿区、铋矿区和铜矿区包含微生物物种最为丰富。但是, 安徽铜陵地研究表明, 随着尾矿废弃和堆放时间的延长, pH 值逐渐降低, 由于酸化程度的加深, 形成了铜污染和酸性废水污染, 导致土壤极端板结、贫瘠、含盐量高, 且 N、P、K 含量不足[29], 一方面可以说明在铜矿区中生存的土壤微生物能够感应到外界环境的变化, 从而可以通过提高自身抗性来适应环境变化; 另一方面表明这些细菌对重金属具有抗性, 可以通过各种途径来降低重金属的毒害[30]。滕应等研究发现放线菌门、厚壁菌门和变形菌门中的部分细菌能够通过生物转化作用降低重金属的毒害[31]。而铁矿区中芽单胞菌门表现为优势微生物物种, 这与 Deng 等人的研究结果有细微差别, 笔者的结果中优势种还包括放线菌门、变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门[6], 其中, 硝化螺旋菌门为专性化能自养型, 可以将氨氧化为亚硝酸盐, 加入氮循环, 固定 CO₂ 以满足自身能量和碳需求[32], 上述微生物分布特征的形成可能是相关样地不同植被恢复类型形成的不同养分与生态环境条件造成的, 这将直接影响微生物的生长, 导致微生物种群数量和分布的变化, 且各有特点[33]。

4.2. 土壤微生物群落结构变化的驱动因子

通过对部分文献的研究可以发现, 对土壤微生物群落结构变化的主要驱动因子可以归纳为以下几种: 土壤物理和化学性质、气候、所处地理条件、人为影响、微生物间的相互作用及土壤动植物的多样性。

土壤性质是土壤微生物群落的直接影响因素。有机碳含量是最关键的因素, 土壤结构(容重)对微生物的影响随垂直深度的增加而增大[33]。另一个因素是对土壤理化性质的间接调控, 从而影响土壤微生物的结构变化。同时, 微生物间存在相互作用, 它们之间的关系也会影响微生物群落结构, 土壤动植物也是通过影响土壤物理和化学性质间接影响微生物群落[34]。除此之外, 在选择模型时, 我们还发现植被类型以及恢复年限也是影响土壤微生物群落结构变化的重要因素, 本探究揭示了随着复垦年限的增加土壤微生物群落结构日趋复杂, 植被恢复能使土壤微生物群落丰度呈上升趋势, 这是因为土地复垦可以极大地改善土壤微生态环境, 土壤细菌多样性指数明显提高, 通过植被恢复等措施, 细菌群落结构改变, 细菌群落功能得到恢复[35]。Helingerová 等研究表明, 复垦与未复垦土壤的微生物生物量随时间的推移而增加[36], 而植被生长使土壤细菌种类越发丰富, 群落多样性更高[37]。马建军、姚红等人研究又表明种植灌木林能显著增加土壤微生物的种类和数量, 提高“植被-微生物-土壤”系统的物质循环能力和生态功能, 从而加快植被生长和植被恢复的进程[33], 这与本研究结果相一致, 灌木林对土壤细菌丰度的影响最大, 这可能是因为灌木林随着植物的定居、生长, 植物的基质结构和养分状况不断改善, 保水保肥的能力逐渐增强, 从而为微生物创造了良好的生存环境[34]。

5. 结论及展望

通过对植被恢复过程矿区土壤优势微生物的时空分布、不同复垦年限下土壤微生物的变化与群落结构和多样性对植被恢复的响应的研究, 以及 Meta 分析可以得出:

(1) 经过开采的矿区, 人为改变了土壤原来的结构和理化性质, 土壤微生物种群和数量都发生了极大变化, 虽然采取多种复垦措施以及经过多年复垦进行恢复, 但到目前依然不能恢复到采矿前的程度。

(2) 煤矿区、锑矿区和铜矿区微生物物种较为丰富, 相比铁矿区、锌矿区、菱镁矿区和稀土矿区更适于土壤微生物繁殖。

(3) 不同植被类型对土壤微生物群落的影响不同。研究中我们发现不同植被类型对土壤细菌丰度的影响从高到低依次表现为: 灌木 > 乔草 > 乔木 > 草本 > 乔灌。

(4) 矿区复垦后植被覆盖率提高, 植物分泌物和枯枝落叶可能影响土壤养分水平, 环境因子与微生物群落合作加强, 土壤环境稳定性明显提高。一般来说, 稳定良好的生态环境有利于细菌数量和种群丰富度的增加。

参考文献

- [1] 樊文华, 白中科, 李慧峰, 等. 不同复垦模式及复垦年限对土壤微生物的影响[J]. 农业工程学报, 2011, 27(2): 330-336.
- [2] 从怀军, 成毅, 安韶山, 等. 黄土丘陵区不同植被恢复措施对土壤养分和微生物量 C、N、P 的影响[J]. 水土保持学报, 2010, 24(4): 217-221.
- [3] Ma, J., Lu, Y.Q., Chen, F., *et al.* (2020) Molecular Ecological Network Complexity Drives Stand Resilience of Soil Bacteria to Mining Disturbances among Typical Damaged Ecosystems in China. *Microorganisms*, **8**, Article 433. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030433>
- [4] Luo, Z.B., Ma, J., Chen, F., *et al.* (2019) Cracks Reinforce the Interactions among Soil Bacterial Communities in the Coal Mining Area of Loess Plateau, China. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, **16**, Article 4892. <https://doi.org/10.3390/ijerph16244892>
- [5] Jia, T., Yao, Y.S., Wang, R.H., *et al.* (2020) Dynamics Relationship of Phyllosphere and Rhizosphere Bacterial Communities during the Development of Bothriochloa Ischaemum in Copper Tailings. *Frontiers in Microbiology*, **11**, Article 869. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00869>
- [6] Deng, J.J., Bai, X.J., Zhou, Y.B., *et al.* (2020) Variations of Soil Microbial Communities Accompanied by Different Vegetation Restoration in an Open-Cut Iron Mining Area. *Science of the Total Environment*, **704**, Article 135243. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.135243>
- [7] Guo, D.C., Fan, Z.Z., Lu, S.Y., *et al.* (2019) Changes in Rhizosphere Bacterial Communities during Remediation of Heavy Metal-Accumulating Plants around the Xikuangshan Mine in Southern China. *Scientific Reports*, **9**, Article No. 1947. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-38360-2>
- [8] Zhang, J., Yang, S.Y., Yang, H.F., *et al.* (2018) Comparative Study on Effects of Four Energy Plants Growth on Chemical Fractions of Heavy Metals and Activity of Soil Enzymes in Copper Mine Tailings. *International Journal of Phytoremediation*, **20**, 616-623. <https://doi.org/10.1080/15226514.2017.1413328>
- [9] 张蓉, 于亚军. 煤矸山复垦林地和草地土壤微生物多样性和群落组成的差异及其影响因素[J]. 生态学杂志, 2018, 37(6): 1662-1668.
- [10] Mi, J.X., Hou, H.P., Raval, S., *et al.* (2020) Effect of Crop Cultivation on the Soil Carbon Stock in Mine Dumps of the Loess Plateau, China. *Science of the Total Environment*, **741**, Article 139809. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139809>
- [11] Hong, H., Si, Y.X., Xing, Y. and Li, Y. (2015) Illumina MiSeq Sequencing Investigation on the Contrasting Soil Bacterial Community Structures in Different Iron Mining Areas. *Environmental Science and Pollution Research*, **22**, 10788-10799. <https://doi.org/10.1007/s11356-015-4186-3>
- [12] Hou, X.L., Han, H., Tigabu, M., *et al.* (2019) Changes in Soil Physico-Chemical Properties Following Vegetation Restoration Mediate Bacterial Community Composition and Diversity in Changting, China. *Ecological Engineering*, **138**, 171-179. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2019.07.031>
- [13] Luo, Y.F., Wu, Y.G., Wang, H., *et al.* (2018) Bacterial Community Structure and Diversity Responses to the Direct Revegetation of an Artisanal Zinc Smelting Slag after 5 Years. *Environmental Science and Pollution Research*, **25**, 14773-14788. <https://doi.org/10.1007/s11356-018-1573-6>
- [14] 金立群, 李希来, 孙华方, 等. 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.
- [15] 于亚军, 王继萍. 不同复垦年限煤矸山土壤微生物群落和酶活性及其影响因子[J]. 生态学杂志, 2018, 37(4): 1120-1126.
- [16] 陈来红, 乔光华, 董红丽, 等. 准格尔露天矿区复垦对土壤细菌多样性的影响研究[J]. 干旱区资源与环境, 2012,

- 26(2): 11-125.
- [17] 侯湖平, 王琛, 李金融, 等. 煤矸石充填不同复垦年限土壤细菌群落结构及其酶活性[J]. 中国环境科学, 2017, 37(11): 4230-4240.
- [18] 李启艳, 翁炳霖, 李宗勋, 等. 稀土矿废弃地植被恢复过程中土壤微生物演变[J]. 中国环境科学, 2019, 39(10): 4360-4368.
- [19] Li, Y.Y., Wen, H.Y., Chen, L.Q., *et al.* (2014) Succession of Bacterial Community Structure and Diversity in Soil along a Chronosequence of Reclamation and Re-Vegetation on Coal Mine Spoils in China. *PLOS ONE*, **9**, e115024. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0115024>
- [20] Li, J.J., Zhou, X.M., Yan, J.X., *et al.* (2015) Effects of Regenerating Vegetation on Soil Enzyme Activity and Microbial Structure in Reclaimed Soils on a Surface Coal Mine Site. *Applied Soil Ecology*, **87**, 56-62. <https://doi.org/10.1016/j.apsoil.2014.11.010>
- [21] Tong, J., Cao, M.W., Jing, J.H., *et al.* (2017) Endophytic Fungi and Soil Microbial Community Characteristics over Different Years of Phytoremediation in a Copper Tailings Dam of Shanxi, China. *Science of the Total Environment*, **574**, 881-888. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2016.09.161>
- [22] 李春, 李云驹, 许建初, 等. 昆阳磷矿不同植被恢复模式对土壤理化性质和细菌群落的影响[J]. 植物分类与资源学报, 2014, 36(4): 514-522.
- [23] Nakagawa, S., Noble, D.W.A., Senior, A.M. and Lagisz, M. (2017) Meta-Evaluation of Meta-Analysis: Ten Appraisal Questions for Biologists. *BMC Biology*, **15**, Article No. 18. <https://doi.org/10.1186/s12915-017-0357-7>
- [24] 卞正富, 于昊辰, 雷少刚, 等. 黄河流域煤炭资源开发战略研判与生态修复策略思考[J]. 煤炭学报, 2021, 46(5): 1378-1391.
- [25] 李海东, 胡国长, 燕守广. 矿区生态修复目标与模式研究[J]. 生态与农村环境学报, 2022, 38(8): 963-971.
- [26] 姚斌, 汪海珍, 徐建民, 等. 除草剂对水稻土微生物的影响[J]. 环境科学学报, 2004, 24(2): 349-354.
- [27] 滕应, 黄昌勇, 骆永明, 等. 铅锌银尾矿区土壤微生物活性及其群落功能多样性研究[J]. 土壤学报, 2004, 41(1): 113-119.
- [28] 高均海, 李树志, 郭友红, 等. 复垦方法对矿区土壤微生物的影响[J]. 矿山测量, 2010(1): 10-12.
- [29] 刘爱民, 黄为一. 铜尾矿复垦后土壤微生物活性及其群落功能多样性研究[J]. 生态环境, 2005, 14(6): 876-879.
- [30] Mounaouer, B., Nesrine, A. and Abdennaceur, H. (2014) Identification and Characterization of Heavy Metal-Resistant Bacteria Selected from Different Polluted Sources. *Desalination and Water Treatment*, **52**, 7037-7052. <https://doi.org/10.1080/19443994.2013.823565>
- [31] 滕应, 黄昌勇. 重金属污染土壤的微生物生态效应及其修复研究进展[J]. 土壤与环境, 2002, 11(1): 85-89.
- [32] Buchanan, R.E. 伯杰细菌鉴定手册[M]. 第8版. 北京: 科学出版社, 1984.
- [33] 马建军, 姚虹, 张树礼. 黄土高原区煤矿复垦地乔灌木根区土壤特性研究[J]. 安徽农业科学, 2010, 38(24): 13197-13199.
- [34] 尚文勤, 朱利平, 孙庆业, 等. 自然生态恢复过程中尾矿废弃地土壤微生物变化[J]. 生态环境, 2008, 17(2): 713-717.
- [35] 岳辉, 毕银丽. 基于主成分分析的矿区微生物复垦生态效应评价[J]. 干旱区资源与环境, 2017, 31(4): 113-117.
- [36] Helingerová, M., Frouz, J. and Šantrůčková, H. (2010) Microbial Activity in Reclaimed and Unreclaimed Post-Mining Sites near Sokolov (Czech Republic). *Ecological Engineering*, **36**, 768-776. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2010.01.007>
- [37] 夏北成, Zhou, J., Tiedje, J.M. 土壤细菌类克隆群落及其结构的生态学特征[J]. 生态学报, 2001, 21(4): 514-578.