郑小俊,王紫琴,李 奇,等.改良剂通过改变细菌群落多样性以增强钨尾矿的土壤多功能指数——以生物炭和鸡粪肥为例 [J]. 中国环境科学, 2025,45(9):5048-5061.

Zheng X J, Wang Z Q, Li Q, et al. Amendments enhance soil multifunctionality of tungsten tailings by changing bacterial community diversity —— in case of biochar and chicken manure [J]. China Environmental Science, 2025,45(9):5048-5061.

改良剂通过改变细菌群落多样性以增强钨尾矿的土壤多功能指数

——以生物炭和鸡粪肥为例

郑小俊[1,2],王紫琴[1,2],李 奇[2,3],陈 明[1,2*] (1.矿冶环境污染防控江西省重点实验室,江西 赣州 341000；2.江西理工大学资源与环境工程学院,江西 赣州 341000；3.江西环境工程职业学院,江西 赣州 341000)

摘要：以高羊茅为先锋植物在钨尾矿上进行了植物定植,以恢复尾矿的土壤多功能指数(SMF).结果表明:鸡粪肥和生物炭施用增加了尾矿中的速效氮(61.15%~61.48%和23.55%~24.82%),速效磷(116.07%~143.50%和171.32%~179.71%)和有机质含量(55.46%~59.80%和255.36%~263.27%),鸡粪肥增加了尾矿中的脲酶(95.97%~117.03%)、β-葡萄糖苷酶(97.28%~112.59%)和磷酸酶活性(31.11%~49.35%),这些变化导致尾矿 SMF 增加,且 SMF 与高羊茅定植时间显著性相关(R^2=0.4260,P<0.05).改良剂改变了细菌的群落结构,处理间的群落相异性指数从 0.5437 增加至 0.7696 随后降至 0.3496,尾矿细菌的群落发展具有趋同性归因于 SMF 指数的增加.OUT 共现网络分析表明改良剂处理后正相关边的比例从 65.39%降低至 56.96%~61.85%,增强了细菌间的竞争关系,并导致了细菌网络的复杂性和敏感性.结构方程模型解释了 89.1%的土壤多功能变化,其中改良剂施用的直接效应为 0.502,还通过影响高羊茅鲜重、细菌多样性和 OUT 共现网络产生间接效应.

关键词：钨尾矿；有机改良剂；植物修复；土壤多功能指数

中图分类号：X53 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)09-5048-14

Amendments enhance soil multifunctionality of tungsten tailings by changing bacterial community diversity —— in case of biochar and chicken manure.

ZHENG Xiao-jun[1,2], WANG Zi-qin[1,2], LI Qi[2,3], CHEN Ming[1,2*] (1.Jiangxi Province Key Laboratory of Environmental Pollution Prevention and Control in Mining and Metallurgy, Ganzhou 341000, China；2.College of Resources and Environmental Engineering, Jiangxi University of Science and Technology, Ganzhou 341000, China；3.Jiangxi Environmental Engineering Vocational College, Ganzhou 341000, China). *China Environmental Science*, 2025,45(9)：5048~5061

Abstract：This study used *Festuca arundinacea* (tall fescue) as a pioneer plant for vegetation establishment on tungsten tailings to restore the tailings' soil multifunctionality index (SMF). The results showed that the application of chicken manure and biochar increased the available nitrogen (61.15%~61.48% and 23.55%~24.82%), available phosphorus (116.07%~143.50%), and organic matter content (55.46%~59.80% and 255.36%~263.27%) in the tailings. Chicken manure also increased the activities of urease (95.97%~117.03%), β-glucosidase (97.28%~112.59%), and phosphatase (31.11%~49.35%) in the tailings. These changes led to an increase in the SMF of the tailings, and the SMF was significantly correlated with the planting time of F. arundinacea (R^2 = 0.4260, P < 0.05). The amendments altered the bacterial community structure, with the community dissimilarity index between treatments increasing from 0.5437 to 0.7696 and then decreasing to 0.3496. The development of the bacterial community in the tailings showed convergence, attributed to the increase in the SMF. Co-occurrence network analysis of OUTs (operational taxonomic units) revealed that after the amendment treatments, the proportion of positively correlated edges decreased from 65.39% to 56.96%~61.85%, which enhanced the competitive relationships between bacteria and increased the complexity and sensitivity of the bacterial network. The structural equation model explained 89.1% of the changes in soil multifunctionality, with the direct effect of the amendments being 0.502. Additionally, indirect effects were generated through their impact on the fresh weight of *F. arundinacea*, bacterial diversity, and the co-occurrence network of OUTs.

Key words：tungsten tailings；organic amendments；plant restoration；soil multifunctionality

收稿日期：2025-02-06

基金项目：国家重点研发计划项目(2019YFC1805100);江西省教育厅科技课题(GJJ214407);江西省自然科学基金资助项目(20232ACB203026);赣州市科技计划项目(2023PNS27982)

* 责任作者, 教授, jxlgdx@qq.com

截至2019年,我国尾矿库保有数量达到5189个,占用土地1884km^2.钨、金等贵重金属开采过程中尾矿产率达到90%以上,现有钨尾矿存量约1600万t[1].金属资源开采产生的尾矿大量堆积,对环境造成负面影响[2-3].因此,迫切需要开展植物修复以改善此类采场地的土壤功能.传统客土覆盖技术因消耗大量土壤资源以及经济成本较高等问题而受到限制,难以达到环境修复的可持续性.因尾矿养分贫瘠在尾矿上直接进行植被恢复较为困难,若能通过尾矿改良在尾矿场直接进行植物复垦则能解决这一难题.生物炭、和鸡粪肥是常用的尾矿适生性改良剂[4-7],用于改善尾矿环境[8]、促进植物定植[9-10]以及提升尾矿的土壤功能[11-12]等具有良好效果.相关研究表明,鸡粪肥和生物炭等改良剂添加能直接改善尾矿的养分状况.

土壤微生物是退化生境发生自然演替的关键驱动力[13-14].土壤微生物,如生物降解细菌和促进植物生长的根际细菌,通过改善土壤养分、增加鲜重生产和降低重金属毒性,在退化土地的恢复中发挥着重要作用[15].蓝藻、真菌和苔藓等一些先锋微生物可以与土壤颗粒形成复杂的活皮肤,这些生物结皮显著提高了土壤肥力[16].尾矿表层的微生物结皮在促进表层土壤的稳定、养分的积累以及先锋植物的萌发和护理方面发挥着不可或缺的作用[17].细菌、真菌等在环境选择下具备重金属耐受性,其中一些微生物可以减轻污染物的毒性、改善养分状况,一些微生物在养分循环方面具有重要作用[18].土壤地下生物的多样性及其多营养网络与土壤的多功能性密切相关,这归因于其活跃的生物反应[19].土壤多养分循环受到土壤中细菌和真菌多样性的积极调节[20],较高的微生物多样性改善了土壤养分循环.然而,有研究表明土壤细菌的α多样性和土壤多功能性之间存在负相关[21].因此,需要进一步的研究以阐明微生物多样性和土壤多功能性的关系,尤其是在金属矿区的尾矿修复过程.然而,很少有研究报道微生物(如细菌、真菌)多样性与尾矿土壤多功能恢复之间的联系,需要进一步探索.

本研究在有机改良剂施用的基础上,对尾矿进行了植物定植,探究改良剂对植物生长和尾矿理化性质的影响,厘清细菌多样性与尾矿土壤多功能之间的联系,查明尾矿多功能性恢复的驱动因素,以期为钨尾矿修复提供理论依据.

1　材料与方法

1.1　试验材料

研究所用的高羊茅种子购自寿和种业有限公司,钨尾矿来自江西省赣州市某尾矿库,改良剂有鸡粪肥、稻壳生物炭.钨尾矿和有机改良剂的理化性质如表1所示,更多关于尾矿的信息可参见本文前期研究[22].采用枯草芽孢杆菌粉剂(北京启高生物科技有限公司)与有机改良剂配施,其活菌数≥10 亿 CFU/g.枯草芽孢杆菌是一种植物促生菌,在一些研究中报道了枯草芽孢杆菌能促进植物在不利的基质上定植,也被应用于促进尾矿的植被重建[23].因此,在本研究中将枯草芽孢杆菌与改良剂配施.

表1　有机改良剂和钨尾矿基本理化性质

Table 1　Basic physicochemical properties of organic amendments and tungsten tailings

材料	AN (mg/kg)	AP (mg/kg)	TN (mg/kg)	TP (mg/kg)	OM (g/kg)	pH 值
鸡粪肥	440.07	162.66	5655.00	1352.75	186.21	7.03
生物炭	26.43	212.05	1926.00	547.75	521.99	10.85
钨尾矿	27.52	5.20	180.10	229.16	5.16	7.80

1.2　实验设计

对尾矿库收集的尾矿进行风干、去除枯枝落叶并过筛(65 目)预处理,将预处理的尾矿转移到塑料盆中,每个盆中填装 1kg 尾矿.将鸡粪肥、生物炭和枯草芽孢杆菌菌剂添加到尾矿中,尾矿共分为 5 个处理:CK(尾矿),CM(尾矿+鸡粪肥),CMA(尾矿+鸡粪肥+菌剂),BC(尾矿+生物炭)和 BCA(尾矿+生物炭+菌剂),每个处理设置 3 个平行.鸡粪肥和生物炭的添加比例为3%(改良剂/尾矿),微生物菌剂的添加量1g/盆,改良剂添加后充分搅拌均匀.向所有处理中添加3g的高羊茅草种,然后置于温室中培养.培养期间用去离子水保持约 30%体积含水率以支撑植物生长,利用水分仪进行含水率测定,每3d添加一次去离子水以保持含水率.分别在生长 1,6,16 周(培养时间以高羊毛发芽后开始计算)进行尾矿和植物样品采集.对盆中的尾矿进行一次性破坏采样,将尾矿与根尽量分离,分理出的尾矿分为两部分:一部分风干用于物理化学性质分析,另一部分储存在—80℃的超低温下用于微生物群落结构和

组成分析.将高羊茅植株上的尾矿洗净后称重,记录其鲜重.

1.3 样品分析

使用 pH 计在液/固比(去离子水/尾矿)为 2.5:1 的情况下测定尾矿土壤 pH 值.重金属生物有效性测定采用 EDTA-2Na 提取法,按液/固比 5:1 浸出 2h,用 ICP-MS 测定浸出液中 Cd 和 Pb 的含量.尾矿土壤有机质(OM)利用重铬酸钾-硫酸外加热法测定.土壤速效氮(AN)采用碱解扩散法测定,土壤速效磷(AP)采用钼锑抗比色法测定[24-25].根据土壤酶试剂盒(南京建成生物科技有限公司)中提供的说明测定土壤脲酶活性和磷酸酶活性,其中磷酸酶是酸性磷酸酶和碱性磷酸酶活性的总和.根据 Li 等[26]的方法测定了 β-葡萄糖苷酶.具体来说,向尾矿中加入 β 葡萄糖苷作为反应底物,经过一定的反应时间后用分光光度法测定反应产物的浓度,计算得到酶活性.

1.4 DNA 提取、测序和数据处理

共计 15 个样品用于微生物测序,每次样品采集后立即进行 DNA 提取与测序,最后将 3 次的检测数据汇总分析.使用 DNA 提取试剂盒(Omega Bio-tek, Norcross,GA,U.S.)提取微生物群落基因组 DNA.使用 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCA G-3')和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')引物对 V3-V4 区进行 PCR 扩增.利用高保真酶进行 PCR 扩增,扩增产物使用电泳检测再提纯,提纯后进行二轮 PCR 扩增.将二轮扩增的 PCR 产物进行电泳检测与纯化.纯化后的 PCR 产物用于上机测序分析.利用 Illumina 高通量测序平台进行微生物测序.Illumina 测序得到的 PE reads 进行样本拆分后,首先根据测序质量对双端 Reads 进行质控和过滤,同时根据双端 Reads 之间的 overlap 关系进行拼接,获得质控拼接之后的优化数据.然后使用序列降噪方法(DADA2/Deblur)处理优化数据,获得 OTU 代表序列和丰度信息.基于 OTU 代表序列及丰度信息,进行了微生物多样性分析,包括α多样性指数分析,β多样性分析和细菌群落结构和组成分析.

1.5 土壤多功能指数

本研究构建了土壤多功能指数(SMF),包括与土壤肥力(OM)、土壤养分(AN、AP)和微生物介导的养分循环(脲酶、β-葡萄糖苷酶和磷酸酶活性)相关的 6 个变量,该指数综合评价了土壤的生态功能,SMF 计算方法如下[27]:

$$Z = (X - X_{\min}) / X_{\max} - X_{\min} \quad (1)$$

$$\mathrm{SMF} = \frac{1}{n}\sum Z_i \quad (2)$$

式中:Z为指标X标准化后的数值;$X_{\min}$为指标X的最小值;$X_{\max}$为指标 X 的最大值,n 为 SMF 所纳入的指标数量(n=6).

1.6 数据处理与统计分析

在 SPSS 22.0 中通过单因素方差分析(ANOVA)和 LSD(P<0.05)检验,比较了不同处理间的植物鲜重、pH 值、重金属生物有效性、养分含量和酶活性,所有处理进行 3 次重复,均用平均值±标准偏差表示.使用 R 4.0 中的"vegan"包进行最小二乘判别分析(PLS-DA)和相似性分析(ANOSIM),以比较不同土壤中土壤微生物群落的组成.R 4.0 中的"psych"软件包进行共现网络分析,分析结果导出后用 Gephi 软件进行共现网络图形展示与网络拓扑参数提取,网络中仅保留 r>0.6 的边.通过上述方法计算了尾矿的 SMF,并采用相同的数据归一化处理方式将细菌α多样性指数中的 Sobs、Shannon、Chao 1 和 Phylogenetic 指数合并代表细菌生物多样性指数(Bacterial biodiversity).进行 Pearson 相关分析以评估 SMF 与细菌群落之间的关系.使用 R4.0 中的"randomForest"包通过随机森林分析评估了 SMF 的主要驱动因素.使用 R 4.0 中的"plspm"包,基于偏最小二乘路径模型构建了结构方程模型(SEM).

2 结果与讨论

2.1 改良剂促进植物生长

在第 1,6,16 周对高羊茅收割,并测定其鲜重,结果如图 1 所示.定植 16 周后,高羊茅在钨尾矿上生长良好,进一步说明该植物具有钨尾矿植被恢复的潜力.CK 与改良剂处理组的鲜重都呈现相同的趋势,随着时间快速增长,并在各处理间呈现差异.定植时间为 1 和 6 周时,与 CK 相比,BC 和 BCA 处理没有显著增加高羊茅的鲜重.当定植时间达到 16 周时,改良剂的加入显著促进了高羊茅生长,CM、CMA、BC 和 BCA 的添加分别使鲜重增加了 28.67%、70.58%、35.19%和 64.78%,改良剂中丰富的 C、N、P 营养元素(表 1)是其促进植物生

长的原因.枯草芽孢杆菌的施用在有机改良剂的基础上进一步增加了高羊茅的鲜重.随着时间的延长,尾矿中少量的养分被植物吸收后其含量下降,限制了植物的生长.

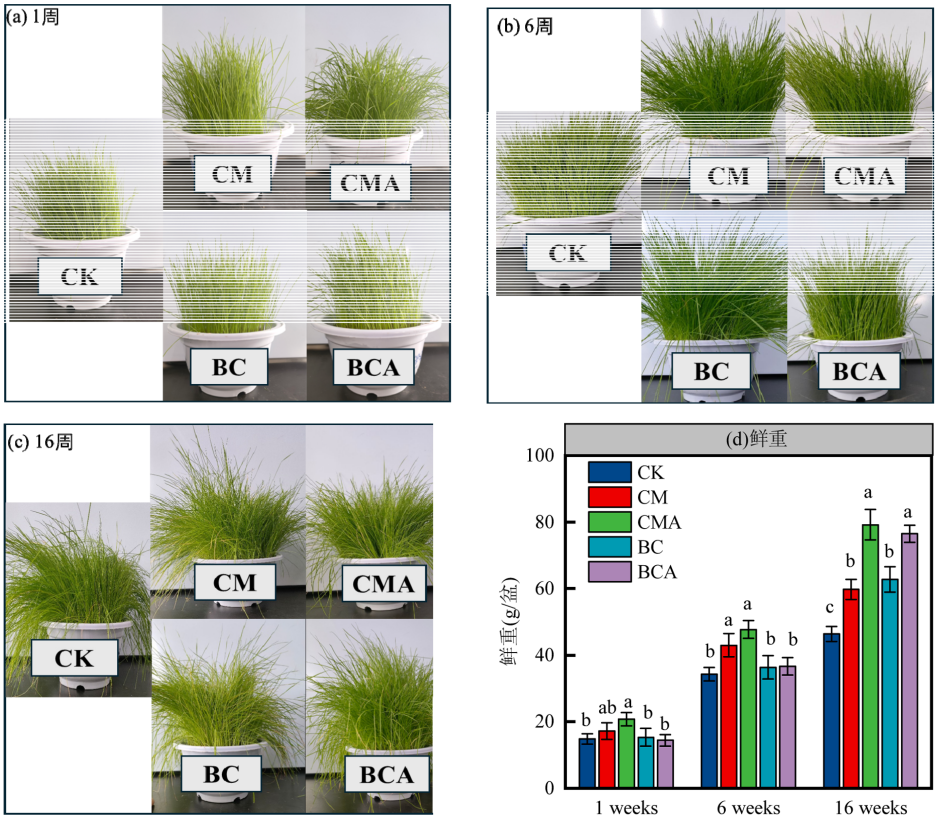


图 1　高羊茅生长照片及鲜重变

Fig.1　Growth photo and biomass changes of tall fescue

同一组直方柱上方英文字母不同表示同一时间不同处理间的差异显著(P<0.05)

2.2　钨尾矿理化性质与土壤多功能指数

2.2.1　pH 值和重金属变化　对尾矿 pH 值、生物有效性 Cd 和生物有效性 Pb 含量进行了测定,图 2 展示了这些指标随植物修复时间的动态变化.随着高羊茅定植时间增加,所有处理的尾矿 pH 呈现下降的趋势.尾矿 pH 值在无土植物修复期间降低归因于植物根系分泌小分子有机酸[23]和吸收碱性金属离子[28].植物的这些生理过程很大程度受其鲜重决定,随着生长时间的延长植物鲜重增加,对尾矿 pH 值的影响也越大.在碱性尾矿的修复过程中,pH 值降低是一个有利的演变方向.改良剂的添加改变了尾矿的 pH 值,尤其是在 BC 和 BCA 处理中,碱性生物炭的加入使尾矿的 pH 值增加至 9.79~9.58,这与先前的大部分研究报道一致[29].生物炭是生物质在限氧条件下不完全热解的产物,大多数生物炭具有碱性[30].

在 3 个采样时期分别测定了各处理的生物有效性 Cd 和 Pb 含量,在本文前期研究中指出这是钨尾矿中重金属污染等级最高的两种金属[22].在 CK 处理中,高羊茅定植使生物有效性 Cd 和 Pb 分别增加了 136.75%和 19.00%.与 CK 相比,CM 和 CMA 使生物有效性 Cd 增加了 32.49%和 57.94%,Pb 增加了 13.35%和 30.58%.鸡粪肥在尾矿中添加可能通过促进高羊茅定植及根系分泌间接提高生物有效性 Cd 和 Pb 的含量[31],鸡粪肥中的可溶性有机质可能通过形成络合物直接使重金属离子从尾矿中溶出[32].BC 和 BCA 处理后生物有效性 Cd 和 Pb 呈现不同程度的下降,BC 使生物有效性 Cd 和 Pb 分别降低了 27.31%~48.57%和 39.52%~49.89%,BCA 使 Cd 和 Pb 分别降低了 28.57%~51.81%和 35.12%~48.87%.生物

炭因其独特的物理结构及化学性质而对重金属离子具有较强的吸附能力,广泛被用于重金属污染土壤的修复.

2.2.2 养分及酶活性 与 CK 相比,改良剂的添加显著改变了尾矿的养分含量及其循环能力(图 3).CM 和 CMA 处理显著增加了尾矿中的 AN (61.15%~61.48%)、AP(116.07%~143.50%)和 OM (55.46%~59.80%).BC 和 BCA 处理显著增加了尾矿中的 AN(23.55%~24.82%)、AP(171.32%~ 179.71%)和 OM(255.36%~263.27%).改良剂对 OM、AN 和 AP 这些养分含量的影响主要受改良剂组分直接影响,与 CK 相比,BC 导致的 AP 和 OM 增幅显著大于 CM,但 AN 增幅小于 CM,这取决于生物炭和鸡粪肥的养分组成(表 1).速效养分(AN 和 AP)除了受改良剂中固有的 AN 和 AP 影响外,总氮(TN)和总磷(TP)会分别向 AN 和 AP 转变.例如, CMA 和 BCA 处理中观察到比 CM 和 BC 更高的 AP 含量,这可能归因于枯草芽孢杆菌的解磷功能,能将不溶性磷活化而被植物吸收利用[33].CM 和 CMA 处理显著增加了尾矿中的脲酶(95.97%~117.03%)、β-葡萄糖苷酶(97.28%~112.59%)和磷酸酶活性(31.11%~49.35%).BC 和 BCA 对上述 3 种酶活性的影响并不显著,仅 BCA 显著增加了脲酶活性(平均 32.55%).枯草芽孢杆菌配施在有机肥改良的基础上可以进一步提高 3 种酶活性,但是无显著性差异.

2.2.3 土壤多功能指数 观测了在不同处理下尾矿 SMF 指数随着高羊茅种植阶段的变化(图 4).从时间维度来看,随着高羊茅的定植,尾矿 SMF 指数呈增加的趋势,并与时间显著相关(R^2=0.4260,P<0.05).随着演替时间的延长尾矿逐渐具有更高的养分含量、酶活性以及植物鲜重,从而具有更高的 SMF.CK 明显区别于其他处理,其 SMF 指数在植物定植的前期呈现轻微的下降趋势.这是因为 SMF 指数涵盖了养分含量和养分循环能力,在植物定植的初级阶段消耗了尾矿中的养分(AN 和 AP),这导致尾矿 SMF 指数降低.这意味着在贫瘠尾矿上的植被恢复可能会因为消耗为数不多的养分而出现“养分空缺期”,改良剂添加能有助于植被度过该阶段.本研究采用的高羊茅是一种耐贫瘠植物[34],选用其他植物可能养分匮乏对植物生长的限制作用会被进一步放大.不同改良剂作用下尾矿 SMF 的大小关系如下:CMA > CM>BCA>BC>CK.尽管鸡粪肥中 AP 含量略低于生物炭,但鸡粪肥中 AN、TN 和 TP 的含量远高于生物炭,这导致 CMA 和 CM 具有更高的 SMF 水平.受生物炭碱性影响,BC 和 BCA 处理中 β-葡萄糖苷酶、脲酶和磷酸酶活性受到抑制,解释了 BC 和 BCA 处理的 SMF 更低的原因.BC 被选择用做尾矿改良剂的原因更多的是因为其对重金属具有固定能力,而不是提供养分.在配施相同有机肥改良剂的前提下,枯草芽孢杆菌的加入能提高 SMF,这可能归因于养分循环酶活性增强.

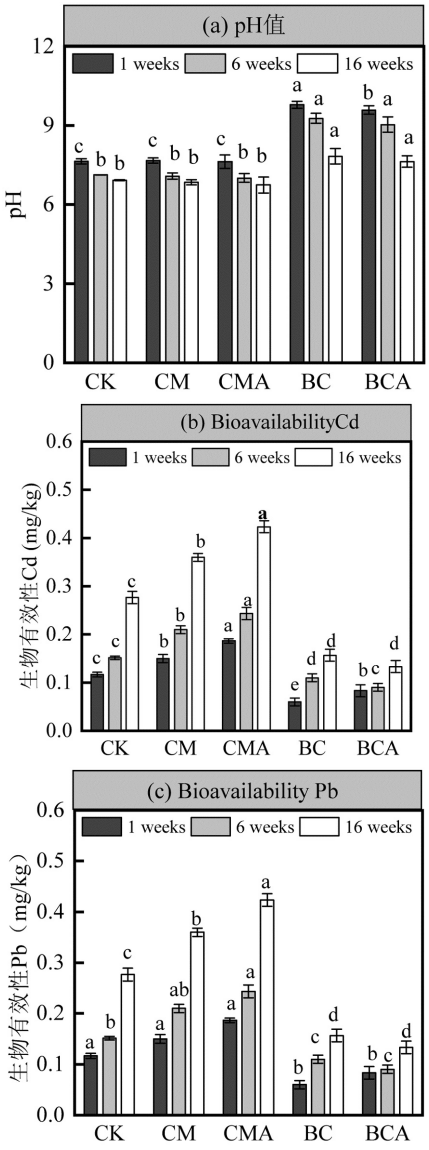


图 2 尾矿 pH 值和重金属生物有效性变化

Fig. 2The variation of tailings pH and heavy metal bioavailability

同一组直方柱上方英文字母不同表示同一时间不同处理间的差异显著(P<0.05)

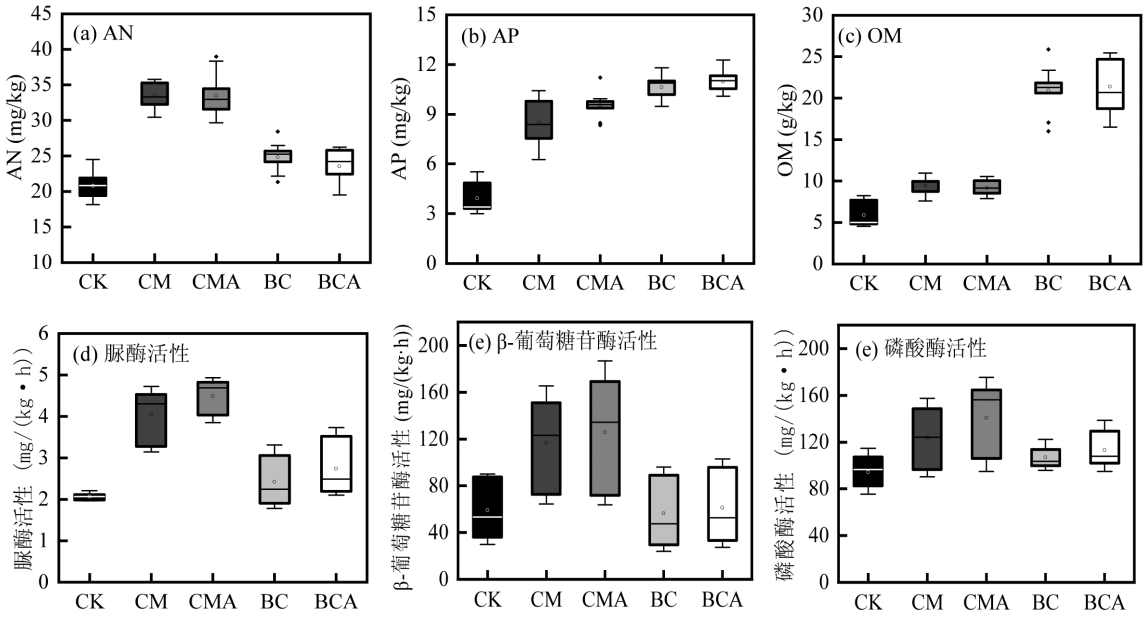


图 3　改良剂对尾矿养分及养分循环酶活性的影响

Fig.3　The effect of amendments on tailings nutrients and nutrient cycling enzyme activity

不同英文字母不同表示不同处理间的差异显著(P<0.05)

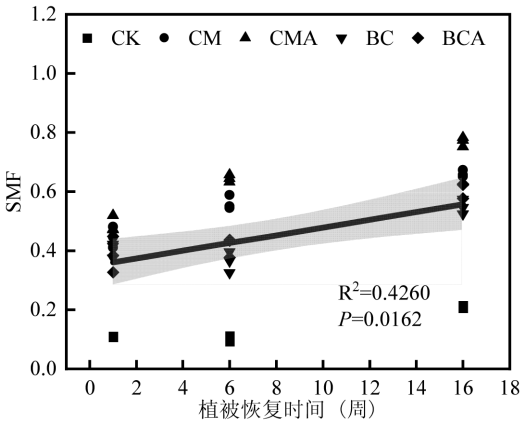


图 4　尾矿的土壤多功能指数随时间变化

Fig.4　Change in soil multifunctional of tailings

2.3　钨尾矿细菌群落结构变化

2.3.1　细菌测序结果分析　所有样品细菌的稀释曲线趋于平坦,且所有样品的数据饱和度都在 0.90 以上,这表明测序数据的合理性.根据不同尾矿样品中细菌 OTU 数量绘制了 Venn 图(图 5),其中图 5(d)是各样品中 OTU 数量.5 个处理中共有的 OTU 数量随时间延长也呈增加的趋势,但是在 OTU 总数中所占的比例降低.CK、BCA 和 CMA 处理的特有 OTU 数量随着时间延长呈增加的趋势.5 个处理尾矿在 1 周、6 周和 16 周进行细菌多样性测序得到的 OTU 总数分别为 3373,3688 和 4029 条.

2.3.2　细菌多样性变化　基于 16S rRNA 基因 V3+V4 区的测序结果,对各处理尾矿三个采样时间点的细菌 α 多样性进行了分析,比较了不同样品的 Chao l、Phylogenetic、Sobs 和 Shannon 指数,结果如表 2 所示.随着植物定植时间增加,尾矿细菌的 α 多样性指数发生了变化,Chao l、Phylogenetic、Sobs 和 Shannon 都呈增加的趋势,即细菌的丰富度、多样性和生态系统的复杂性增加.与 CK 相比,改良剂处理尾矿的 Chao l、Sobs 和 Shannon 指数变化幅度更小,即改良剂细菌群落 α 多样性的影响比植物定植更小.以 Sobs 指数为例,在 16 周的植物定植作用下,CK 的 Sobs 指数从 452.33 增加至 723.67(增加 59.99%),而 CM、CMA 处理的增幅分别仅有 13.82% 和 13.38%.与 CM 和 CMA 处理不同,BC 和 CBA 处理后尾矿细菌的 Chao l、Phylogenetic、Sobs 和 Shannon 指数都呈现降低的趋势.因 α 多样性指数种类繁多,侧重方面各有偏差,为了在后续的研究中量化各样品中尾矿细菌多样性,将上述 4 个指数进行归一化处理并计算其均值,将其作为一个综合性指标——Bacterial biodiversity.如表 2 所示,Bacterial biodiversity 随植物定植时间延长而增加,各处理的 Bacterial biodiversity 大小关系如下:CMA > CM > CK > BC > BCA.

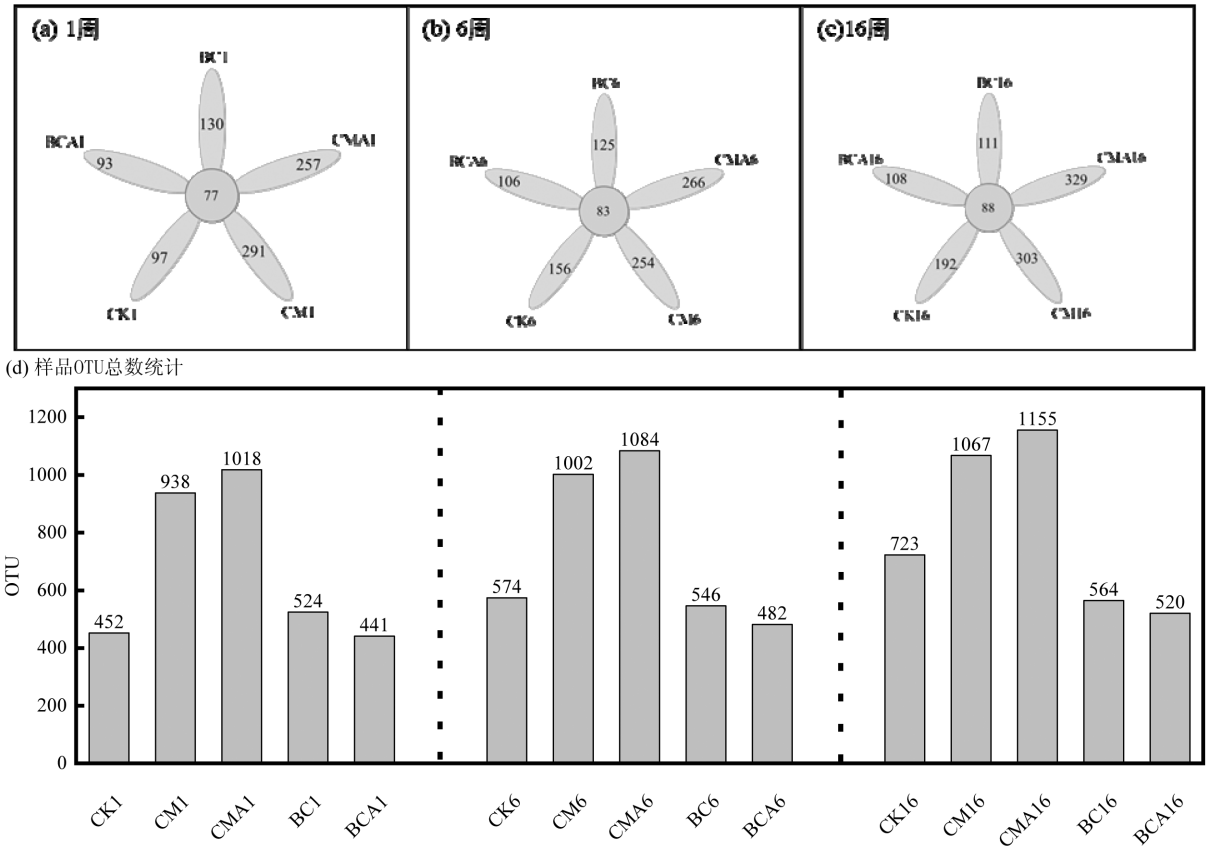


图 5 不同培养时间尾矿中细菌 OTUs 花瓣图及 OTU 总数统计柱状图

Fig.5 The OTUs petal diagram of bacteria in tailings at different culture times and total OTU count statistics in tailings

表 2 不同处理钨尾矿中细菌群落的微生物 α 多样性变化

Table 2 The microbial α diversity of bacterial communities in tungsten tailings

样品	Chao 1	Phylogenetic	Sobs	Shannon	Bacterial biodiversity
CK1	453.12±25.85Cc	35.49±5.29Cc	452.33±25.77Cc	6.13±0.27Bb	0.19±0.04Ccd
CK6	578.23±23.85Bb	42.32±1.36Bbc	574.43±24.32Bb	6.51±0.28Bb	0.32±0.03Bc
CK16	731.14±48.23Ab	50.67±3.63Ab	723.67±49.14Bb	6.98±0.30Ab	0.47±0.06Ab
CM1	950.32±118.48Ba	61.50±4.58Cb	938.00±120.30Aa	7.18±0.46Aa	0.62±0.06Ab
CM6	1009.66±129.06ABa	68.94±6.30Aba	1002.83±130.10Aa	7.37±0.33Aa	0.69±0.07Ab
CM16	1069.01±139.65Aa	76.38±11.51Aa	1067.67±139.98Aa	7.55±0.35Aa	0.78±0.11Aa
CMA1	1029.54±42.30Ca	70.70±5.58Ca	1018.67±38.96Aa	7.68±0.27Aa	0.88±0.01Ba
CMA6	1090.29±9.75Ba	74.07±1.27Ba	1084.77±8.98Aa	7.66±0.06Aa	0.82±0.01Aba
CMA16	1158.11±9.57Aa	79.59±5.19Aa	1155.00±9.80Aa	7.70±0.11Aa	0.77±0.04Aa
BC1	525.82±32.83Bb	42.42±4.31Ac	524.00±31.16Bb	6.06±0.16Ab	0.26±0.02Ac
BC6	551.11±10.37Abb	43.01±1.46Ab	546.18±10.55Cb	6.18±0.06Ac	0.28±0.01Ac
BC16	571.80±34.62Ac	43.49±4.44Ac	564.33±36.72Cc	6.28±0.10Ac	0.30±0.04Ac
BCA1	442.83±41.46Cc	35.97±4.27Bc	441.00±42.81Cc	5.14±0.67Bc	0.12±0.08Bcd
BCA6	486.23±12.06Bc	38.98±2.36ABc	482.25±12.05Dc	5.53±0.35Abd	0.18±0.03ABd
BCA16	526.30±16.12Ad	41.76±3.16Ac	520.33±17.31Cc	5.89±0.06Ad	0.24±0.02Ac

注:不同大写字母表示同一处理不同时间之间的差异显著(P<0.05);不同小写字母表示同一时间不同处理之间的差异显著(P<0.05).

为了研究细菌多样性与尾矿 SMF 变化的相关性,对细菌多样性指数和尾矿 SMF 进行了线性回归分析,结果表明 5 个细菌多样性指数均与 SMF 呈显著正相关(图 6).该结果意味着微生物多样性可能驱动尾矿 SMF 增加,Bacterial biodiversity 代表了细菌生物多样性,并用于后续分析.在先前的报道中,Li 等[11]发现先锋植物在稀土矿废弃地上定植导致土壤多功能增加和细菌多样性降低.该实验结果与本

研究呈现相反的变化可能是因为植物生长基质不同,该研究是在稀土废弃地上进行的,生长基质是因氨氮富集和水土流失导致 的退化土壤,特殊的环境导致独特的微生物类群,从而在对照组中可能有较高的微生物多样性.与之不同的是,本研究是在新鲜尾矿上进行的植物定植,微生物种类和数量都处在较低的水平,故而先锋植物作用可能增加微生物多样性并提高尾矿的 SMF[35].

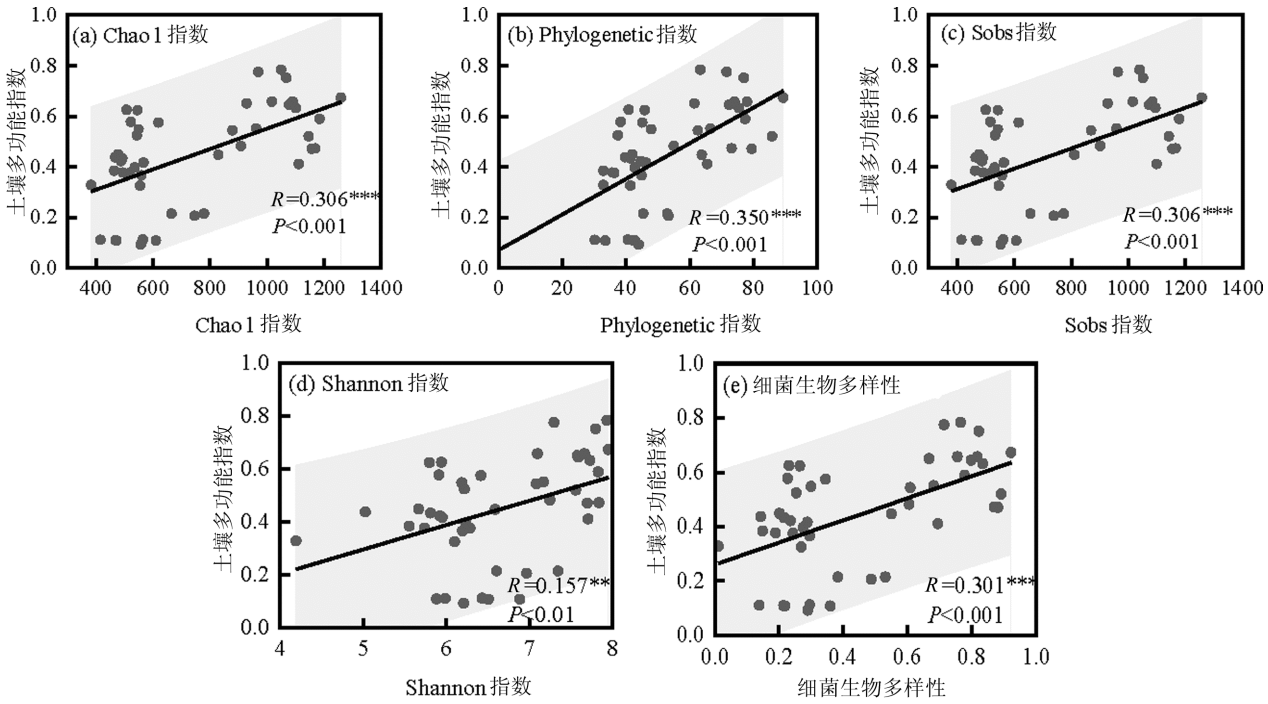


图 6　尾矿 SMF 与 Chao、Phylogenetic、Sobs、Shannon α 多样性指数和细菌生物多样性 z 指数之间的线性回归分析

Fig.6　Linear regression analysis between tailings SMF and Chao, Phylogenetic, Sobs, Shannon alpha diversity index, and Bacterial biodiversity

表示 P<0.01,*表示 P<0.001

表 3　尾矿 SMF 和相对丰度前 10 细菌门的相关性分析

Table 3　Correlation analysis between tailings SMF and the top 10bacterial phylum in relative abundance

细菌门	R	P
Proteobacteria	−0.050	0.573
Actinobacteriota	**−0.448**	**0.004****
Bacteroidota	**0.237**	**0.038***
Firmicutes	0.095	0.140
Acidobacteriota	0.040	0.231
Gemmatimonadota	**0.263**	**0.029***
Cyanobacteria	0.031	0.251
Verrucomicrobia	0.187	0.061
Chloroflexota	0.131	0.101
Other	**−0.238**	**0.038***

注:*表示P<0.05, **表示P<0.01.

2.3.3　细菌群落结构与组成　图 7 显示了改良剂对尾矿中细菌群落组成的影响以及不同采样时间的群落变化.在 15 个样品中(5 个处理,3 个时期), Proteobacteria(65.67%~83.62%) 、 Actinobacteriota (2.82%~20.83%)和 Bacteroidota(4.69%~5.62%)是优势门细菌.从植物定植 1~16 周期间,细菌门水平相对丰度前 10 的物种发生了变化.具体来说,1 周时的特有(相对丰度前 10)细菌门是 Patescibactena、Deinococcota,在 6 周和 16 周都出现了 *Cyanobacteria* 和 Verrucomicrobia. 其中 Cyanobacteria 和 Verrucomicrobia 的相对丰度都随着植物定植时间从 6 周延长至 16 周而增加.*Proteobacteria* 的相对丰度与植物定植时间呈负相关,从平均 73.44%增加至 78.37%;Actinobacteriota 则从 14.72%降至 9.47%. Bacteroidota 在不同处理中呈现不同的变化规律,在 CK、BC 和 BCA 中其相对丰度呈增加的趋势.与之不同的是 CM 和 CMA 中的 *Bacteroidota* 相对丰度随植物定植而降低.ANOSIM 分析显示,在 3 个时期的尾矿中,各处理尾矿的相异性先增加后降低,R 从 0.5437 增至 0.7696,随后降低至 0.3496.ANOSIM 分

析中 R 代表的是各处理的相异度, R 值介于 0.3496~0.7696 之间(P<0.05)证明了各处理间相异性具有统计学意义,R 越大说明处理间的差异越大.在植物定植初期,施加改良剂显著提高了不同处理组尾矿细菌群落结构的异质性.改良剂的添加不仅有效促进了各处理组植物的生长发育,还改善了尾矿基质环境.随着植物定植进入后期阶段,由于所有处理组采用相同基质类型,其土壤功能化进程呈现趋同特征,导致不同处理间的微生物群落结构差异性逐渐减弱.PLS-DA 分析显示土壤微生物群落分为两组:CK、BC 和 BCA 为一组,CM 和 CMA 为一组,归因于改良剂添加改变了尾矿环境并对细菌群落结构产生影响.不同处理尾矿的细菌群落出现差异,与 CK 相比,CM 和 CMA 处理使 Actinobacteriota 相对丰度从 10.63%分别降至 8.13%和 2.82%,BC(13.01%)和 BCA(11.85%)处理增加了其相对丰度.此外,Pearson 相关分析显示,一些土壤细菌门的相对丰度与尾矿 SMF 显著正相关或负相关(表 3).

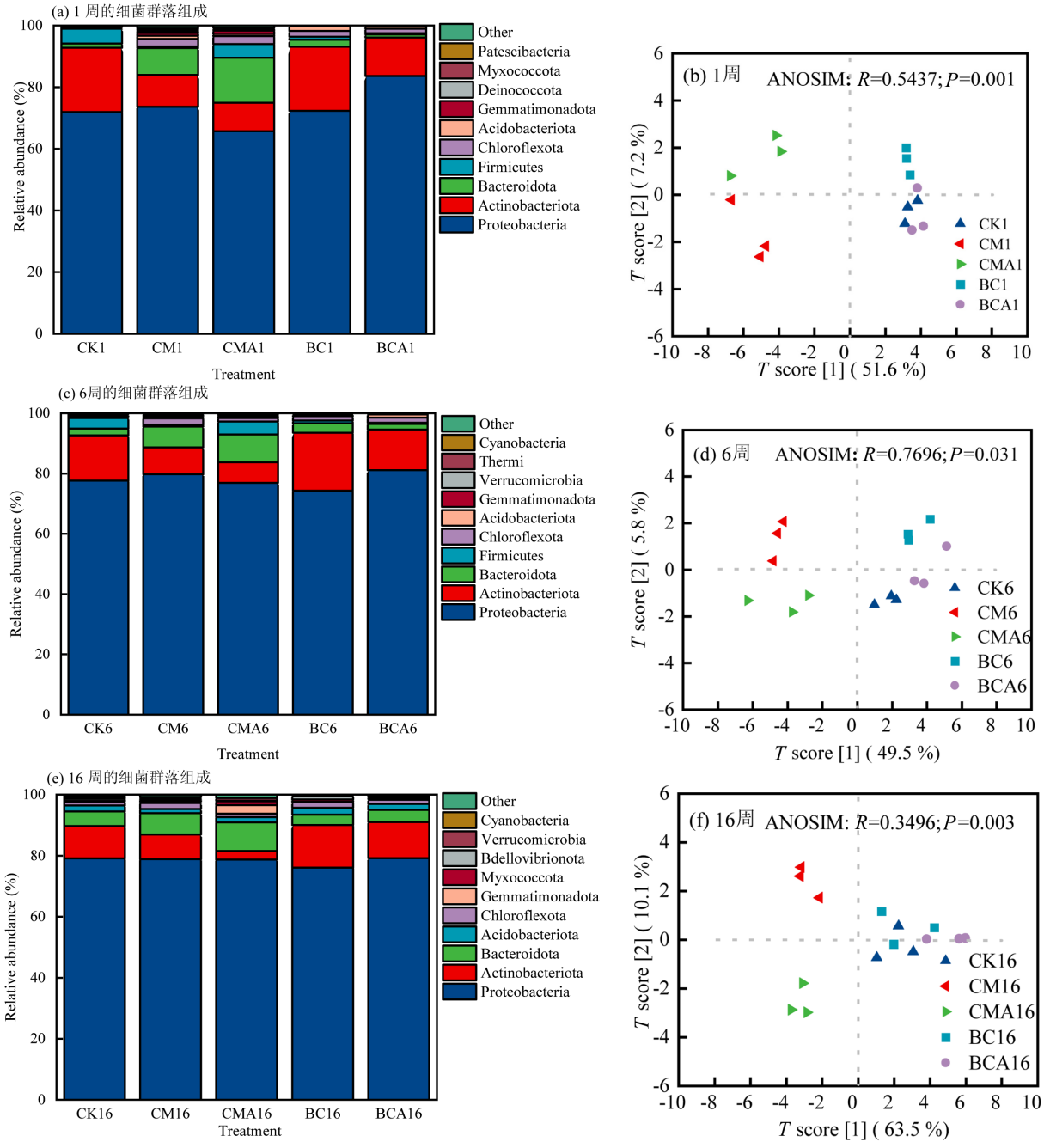


图 7 植物定植不同时间后尾矿的细菌的群落组成和 PLS-DA 分析

Fig.7 Bacterial community composition and PLS-DA analysis of tailings after different plant colonization times

2.4　钨尾矿细菌共现性网络分析

2.4.1　改良剂作用下的细菌共现网络模式　图 8 显示了不同改良剂处理后尾矿细菌 OTU 的共现网络模式,结果表明 Proteobacteria (49.50%~53.02%)、Actinobacteriota (13.17%~17.56%) 和 Bacteroidota (9.92%~17.73%)在尾矿细菌的 OTU 网络中占主导地位.CM 和 CMA 处理降低了 Proteobacteria 的优势,但增加了 Actinobacteriota 和 Bacteroidota 的优势.BC 和 BCA 处理增加了 Actinobacteriota 的优势,且二者相差不大,但降低了 Bacteroidota 的优势.与 CK 相比,4 种处理都降低了 Firmicutes 的优势,且 CM 和 CMA 的降幅大于 BC 和 BCA.

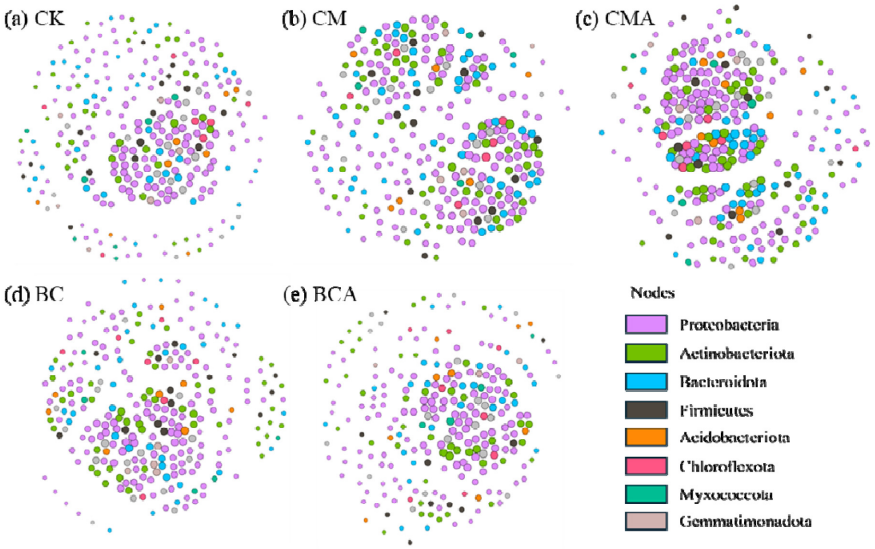


图 8　各处理尾矿样品中 OTU 的共现网络

Fig.8　Co-occurrence network of OTU in tailings samples treated with different treatment

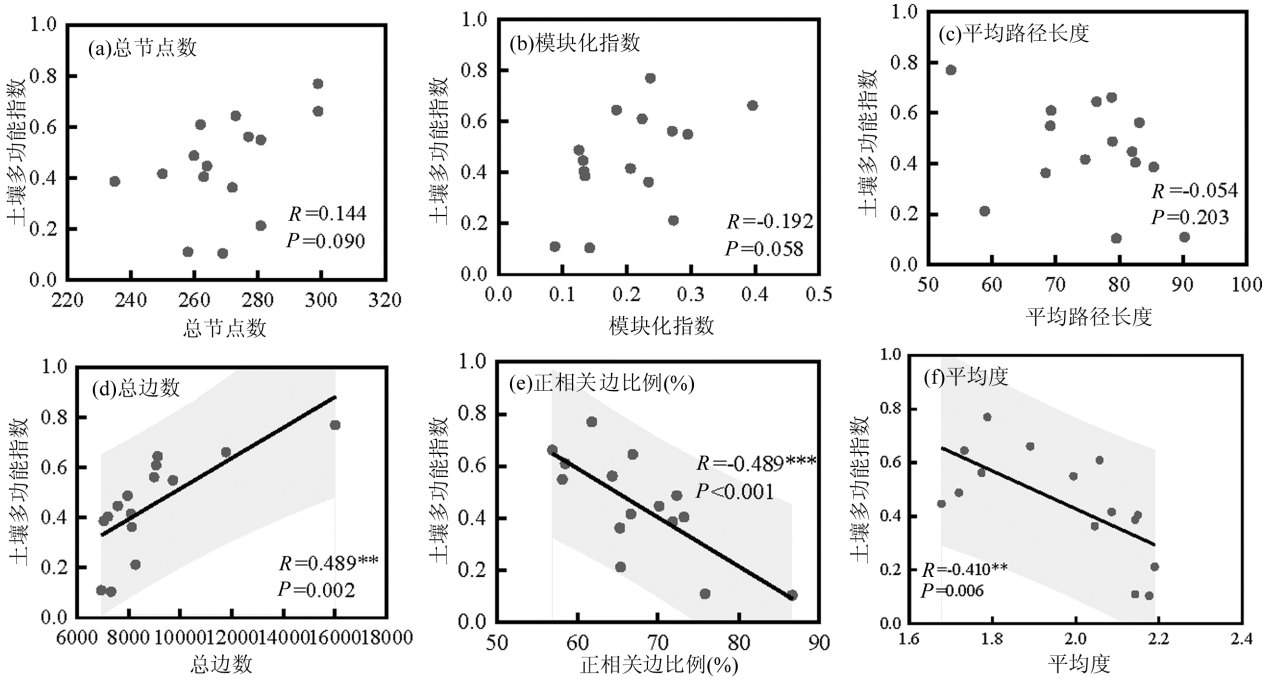


图 9　尾矿 SMF 与细菌 OTU 网络关键拓扑参数之间的线性回归分析

Fig.9　near regression analysis between key topological parameters of tailings SMF and bacterial OTU network

$^{**}P<0.01$,$^{***}P<0.001$

细菌之间的相互作用发生了变化,表 4 显示了改良剂添加对细菌 OTU 网络拓扑参数的影响.与

CK 相比,CM 和 CMA 处理的节点(单个 OTU)数量略有增加,BCA 处理后节点数量降低.共现网络中的边(edges)代表了 OTU 之间的相互作用,所有改良处理都增加了细菌 OTU 之间的相互作用.CMA 和 CM 具有相同的节点数,但边数量增加了 35.96%,这意味着相互作用增强不仅来自于节点数的增加,还直接增加了节点之间的相互作用,即改良剂添加导致了更加复杂的网络模式,BC 和 BCA 具有较低的节点数和更多的边数量也证明了该结论.CK 中正相关边的比例高达 65.39%,在改良剂处理后降低至 56.96%~61.85%.正相关边意味着细菌间的合作,而负相关表明细菌间的竞争关系,在改良剂处理后细菌的竞争关系增强.面对污染物胁迫、养分匮乏等环境时,细菌更倾向于加强合作来抵抗环境中的不利因素[36].尾矿中残留的选矿药剂一般是难降解的复杂有机化合物,微生物对复杂有机化合物的有效共代谢可能是这种合作的另一个原因[37].在处理中,有机肥加入导致尾矿中养分含量增加,缓解了养分压力,细菌不再需要通过协作来抵抗养分匮乏,导致正相关边的比例降低.Li 等[38]报道了森林土壤中的微生物群落演替规律,随着演替发生,微生物相互作用从合作转向竞争,有机质积累在重塑微生物群落和影响其生长策略中起着关键作用.在所有处理中正相关边的比例都超过了 50%,尾矿样品中细菌的主要关系仍是合作.度表示的是OTU与其他OTU之间的连接性,较高的平均度反映了 OTU 之间更多的共现关系,可以反映细菌的多样性和复杂性.平均路径长度反映了网络的连通性和信息传递效率.与CK相比,处理组的平均度增加,平均路径降低,改良剂处理导致了细菌网络的复杂性和敏感性.从模块化指标来说,5 个处理中细菌群落的稳定性由大到小依次是:CM > BC > CK > CMA > BCA,即微生物菌剂对细菌群落的稳定性具有负面影响.

2.4.2 细菌共现网络参数的相关性分析 为了探究尾矿 SMF 变化与细菌 OTU 网络的关系,将网络中的主要参数与 SMF 进行线性回归分析(图 9).在选定的 6 个参数中,节点数、模块化和平均路径长度没有观察到与 SMF 相关,边数、正连接边比例和平均度分别在 $P<0.05$,$P<0.001$ 和 $P<0.01$ 的水平上具有线性关系,即细菌共线网络与 SMF 显著相关,该结论与已有研究一致[12].边数与 SMF 呈正相关,边数量越多则意味着网络的复杂性.SMF 是囊括养分含量和养分循环能力的综合性指标,尾矿 SMF 指数增加的原因可能来自有机肥的施用及与植物的根系作用,足够的养分使尾矿细菌的多样性和丰富度增加,细菌间以抵抗环境胁迫的的合作关系降低,因此 SMF 与正连接边的比例呈负相关[36].高的平均度值意味着相互作用更强、网络更稳定,但也代表了物种间的相互竞争.植物定植以及改良剂添加带来的养分增加而导致 SMF 增加,同时因为养分增加导致物种间的竞争作用减弱和平均度降低,因此导致 SMF 与平均度呈负相关.

表 4 不同处理下尾矿细菌 OTU 共现网络的拓扑参数

Table 4 Topological parameters of OTU co-occurrence network of tailings bacteria

网络参数	不同处理的尾矿				
	CK	CM	CMA	BC	BCA
总节点数	281	299	299	281	262
总边数	8269	11783	16020	9722	9078
正相关边比例 (%)	65.39	56.96	61.85	58.19	58.52
负相关边比例 (%)	34.61	43.04	38.15	41.81	41.48
模块化指数	0.273	0.396	0.237	0.295	0.224
平均度	58.854	78.816	53.579	69.196	69.298
平均路径长度	2.190	1.891	1.788	1.995	2.058
连通度	0.556	0.640	0.705	0.616	0.600

2.5 钨尾矿土壤功能恢复的驱动机制

为了说明土壤多功能指数(SMF)、细菌群落和植物生长(鲜重)之间的相互作用关系,进行了随机森林分析,并构建了结构方程模型.随机森林分析结果表明细菌生物多样性、鲜重以及网络拓扑参数,包括节点数、边数量、正连接边比例是尾矿土壤多功能恢复的关键驱动因素(图 10).基于 pls-pm 算法构建的 SEM 解释了 89.1%的土壤多功能变化,GOF 值>0.5 和 SRMR< 0.08 表示拟合结果较好.如图 11(a)所示,有机改良剂添加直接地增加了尾矿 SMF(路径系数 0.502,$P<0.05$).改良剂添加还间接地通过影响植物鲜重、细菌生物多样性和细菌来驱动尾矿 SMF 增加.各驱动因子对 SMF 变化的直接/间接影响如图 11(b,c)所示.

改良剂的添加显著提高了尾矿的养分含量(OM、AN 和 AP)及 C/N/P 循环相关酶活性(脲酶、磷酸酶和β-葡萄糖苷酶),表明微生物活性增强,这可能是尾矿土壤多功能性(SMF)恢复的直接原因.与 Liu 等[39]研究相似,细菌的多样性对 SMF 的影响呈

现负效应,负效应可能来源于细菌多样性(包括细菌数量)的增加导致养分消耗.该结果与线性回归的结果不同,SMF 与细菌多样性呈正相关(图 5),这是因为细菌多样性对 SMF 的影响不仅是直接影响,还通过影响细菌 OTU 共现网络,间接地改变尾矿 SMF.网络分析显示微生物网络中有很强的正相关性,表明微生物之间具有更高的生态和功能相似性[40].细菌 OUT 共现网络也影响了尾矿土壤多功能恢复,该结果与已有研究一致[41].改良剂施用改变了细菌的群落组成和多样性,进一步影响了尾矿 SMF.改良剂通过两种途径改变细菌多样性:一是直接改变尾矿的养分和理化性质[42];二是通过促进植物生长(鲜重增加)扩大根际效应[43-44].改良剂添加促进植物生长提高了其鲜重,这也影响了尾矿的 SMF.植物生长是消耗养分的过程,因此植物鲜重对 SMF 呈现负效应.总的来说,这些数据表明尾矿 SMF 的恢复受到细菌生物多样性、细菌 OTU 共现网络、以及植物生长状况的显著影响,这有助于我们理解如何通过改良剂配施来加速和维持尾矿土壤功能的建立.

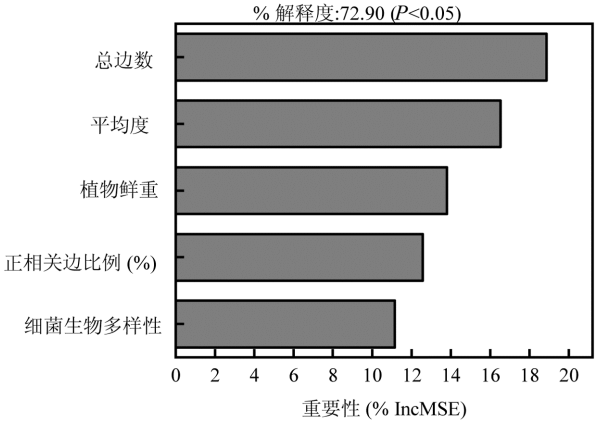


图 10　基于随机森林回归模型的钨尾矿土壤功能恢复的关键驱动因素

Fig.10　Key driving factors for tailings soil functional restoration based on random forest regression model

图中仅显示 $P<0.05$ 的因素

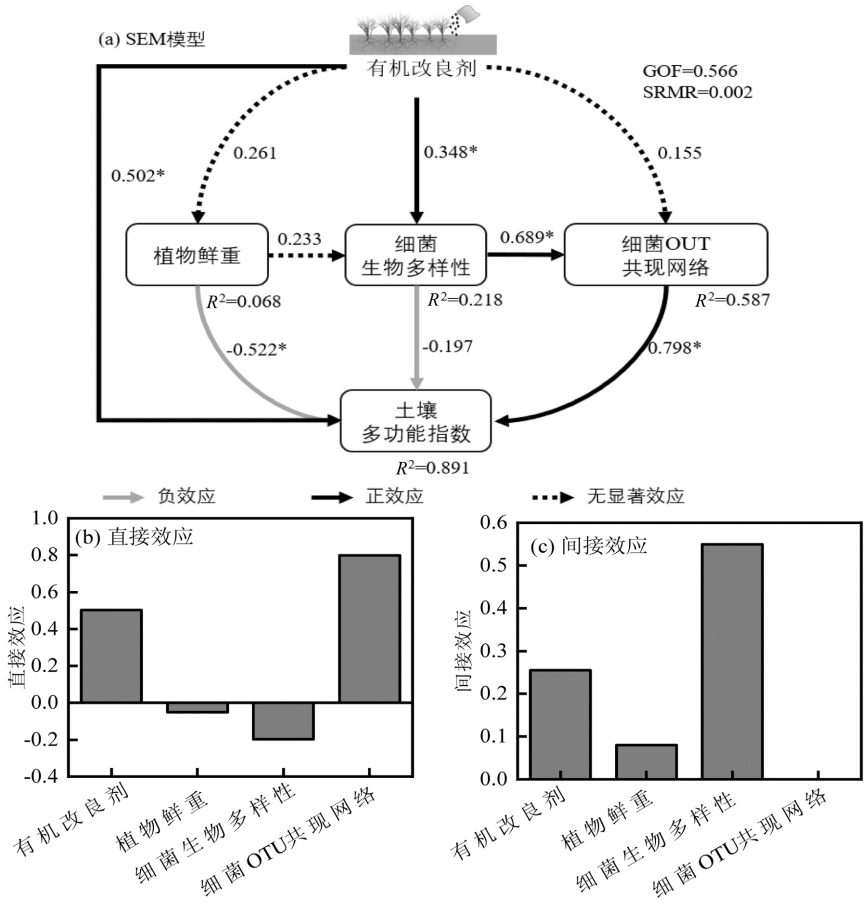


图 11　基于结构方程模型的有机剂对钨尾矿土壤多功能指数的影响机制及各驱动因子对钨尾矿土壤多功能质的直接和间接影响

Fig.11　The impact mechanism of organic agents on the multifunctionality of tailings soil based on structural equation modeling, and the direct and indirect effects of various driving factors on the multifunctionality of tailings soil

*$P<0.05$

3 结论

以高羊茅为先锋植物在钨尾矿上进行了植被恢复,研究了典型改良剂作用下高羊茅生长、尾矿理化性质和细菌群落结构变化.结果表明:鸡粪肥和生物炭施用增加了尾矿中的速效氮(61.15%~61.48%和 23.55%~24.82%),速效磷(116.07%~143.50%和171.32%~179.71%)和有机质含量(55.46%~59.80%和 255.36%~263.27%),鸡粪肥增加了尾矿中的脲酶(95.97%~117.03%)、β-葡萄糖苷酶(97.28%~112.59%)和磷酸酶活性(31.11%~49.35%),这些变化导致尾矿土壤多功能指数(SMF)增加,且 SMF 与高羊茅定植时间显著性相关(R^2=0.4260, P<0.05).改良剂改变了细菌的群落结构,处理间的群落相异性指数从0.5437 增加至 0.7696 随后降至 0.3496,尾矿细菌的群落发展具有趋同性归因于 SMF 指数的增加.OUT 共现网络分析表明改良剂处理后正相关边的比例从 65.39%降低至 56.96%~ 61.85%,增强了细菌间的竞争关系,并导致了细菌网络的复杂性和敏感性.结构方程模型解释了 89.1%的土壤多功能变化,其中改良剂施用的直接效应为 0.502,还通过影响高羊茅鲜重、细菌多样性和 OUT 共现网络产生间接效应.

参考文献:

[1] Wang X, Qin W, Jiao F, et al. Review of tungsten resource reserves, tungsten concentrate production and tungsten beneficiation technology in China [J]. Transactions of Nonferrous Metals Society of China, 2022,32(7):2318–2338.

[2] 苟 瑜.钨业之变 [J]. 中国有色金属, 2018,(7):27–28.
Gou Y. Changes in tungsten industry [J]. China Nonferrous Metals, 2018,(7):27–28.

[3] 肖俊杰,匡敬忠,于明明,等.钨尾矿综合利用的研究进展 [J]. 矿产综合利用, 2023,(5):120–126.
Xiao J, Kuang J, Yu M, et al. Research progress on comprehensive utilization of tungsten tailings [J]. Multipurpose Utilization of Mineral Resources, 2023,(5):120–126.

[4] Dong M, Hu S, Lv S, et al. Recovery of microbial community in strongly alkaline bauxite residues after amending biomass residue [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022,232:113281.

[5] Tian T, Liu Z, Zhu F, et al. Improvement of aggregate‐associated organic carbon and its stability in bauxite residue by substrate amendment addition [J]. Land Degradation & Development, 2020, 31(16):2405–2416.

[6] 王 璐,杨胜香,赵东波,等.不同有机废弃物对铅锌尾矿基质性质和植物生长的影响 [J]. 农业环境科学学报, 2020,39(9):1946–1956.
Wang L, Yang S, Zhao D, et al. Effects of different organic wastes on plant growth and tailings properties of a Pb-Zn mine [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2020,39(9):1946–1956.

[7] 杨 士,刘祖文,龙 焙,等.生物炭负载氧化石墨烯对离子型稀土矿区土壤中重金属的阻控效应 [J]. 环境科学, 2022,43(3):1567–1576.
Yang S, Liu Z, Long P, et al. Effect of controlling heavy metals in soil of rare earth mining area by biochar supported graphene oxide [J]. Environmental Science, 2022,43(3):1567-1576.

[8] 陈培江,池逸涵,蒋文平,等.利用中和渣复垦尾矿的可行性及其重金属污染特征研究 [J]. 环境科学学报, 2022,42(9):269–280.
Chen P, Chi Y, Jiang W, et al. Evaluating the feasibility and heavy metal pollution of reclaiming mine tailings using acid mine drainage neutralized sludge [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2022,42(9):269–280.

[9] Qian L, Lin H, Li B, et al. Physicochemical characteristics and microbial communities of rhizosphere in complex amendment-assisted soilless revegetation of gold mine tailings [J]. Chemosphere, 2023,320:138052.

[10] Wu S, Liu Y, Bougoure J J, et al. Organic matter amendment and plant colonization drive mineral weathering, organic carbon sequestration, and water-stable aggregation in magnetite Fe ore tailings [J]. Environmental Science & Technology, 2019,53(23):13720–13731.

[11] Li W, He E, Gestel C A M V, et al. Pioneer plants enhance soil multifunctionality by reshaping underground multitrophic community during natural succession of an abandoned rare earth mine tailing [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024,472.

[12] Jin J, Zhao D, Wang J, et al. Fungal community determines soil multifunctionality during vegetation restoration in metallic tailing reservoir [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024,478:135438.

[13] Zhu S, Zheng H, Liu W, et al. Plant-soil feedbacks for the restoration of degraded mine lands: A review [J]. Frontiers in Microbiology, 2022,12:751794.

[14] Han Y, Cui X, Wang H, et al. Recruitment of copiotrophic and autotrophic bacteria by hyperaccumulators enhances nutrient cycling to reclaim degraded soils at abandoned rare earth elements mining sites [J]. Journal of Hazardous Materials, 2025,488:137351.

[15] Wang G, Yuan Y, Morel J Louis, et al. Biological aqua crust mitigates metal(loid) pollution and the underlying immobilization mechanisms [J]. Water Research, 2021,190:116736.

[16] Nyenda T, Jacobs S M, Gwenzi W, et al. Biological crusts enhance fertility and texture of gold mine tailings [J]. Ecological Engineering, 2019,135:54–60.

[17] Guo M, Zhong X, Liu W, et al. Biogeochemical dynamics of nutrients and rare earth elements (REEs) during natural succession from biocrusts to pioneer plants in REE mine tailings in southern China [J]. Science of The Total Environment, 2022,828:154361.

[18] Chen L, Huang L, Méndez-García C, et al. Microbial communities, processes and functions in acid mine drainage ecosystems [J]. Current Opinion in Biotechnology, 2016,38:150–158.

[19] Nannipieri P, Ascher J, Ceccherini M T, et al. Microbial diversity and soil functions [J]. European Journal of Soil Science, John Wiley & Sons, Ltd, 2017,68(1):12–26.

[20] Jiao S, Peng Z, Qi J, et al. Linking bacterial-fungal relationships to microbial diversity and soil nutrient cycling [J]. mSystems, American

Society for Microbiology, 2021,6(2):10.

[21] Han S, Tan S, Wang A, et al. Bacterial rather than fungal diversity and community assembly drive soil multifunctionality in a subtropical forest ecosystem [J]. Environmental Microbiology Reports, John Wiley & Sons, Ltd, 2022,14(1):85–95.

[22] Zheng X, Qiu S, Zhou B, et al. Leaching of heavy metals from tungsten mining tailings: A case study based on static and kinetic leaching tests [J]. Environmental Pollution, 2024,342:123055.

[23] Chen X, Sun C, Zhang Q, et al. Selected rhizobacteria facilitated phytoremediation of barren and heavy metal contaminated gold mine tailings by Festuca arundinacea [J]. Chemosphere, 2023,337:139297.

[24] Liu Z, Lu B, Xiao H, et al. Effect of mixed solutions of heavy metal eluents on soil fertility and microorganisms [J]. Environmental Pollution, 2019,254:112968.

[25] Lin C, Wang Y, Liu M, et al. Effects of nitrogen deposition and phosphorus addition on arbuscular mycorrhizal fungi of Chinese fir (Cunninghamia lanceolata) [J]. Scientific Reports, 2020,10(1):12260.

[26] Li W, Zhang P, Qiu H, et al. Commonwealth of soil health: how do earthworms modify the soil microbial responses to CeO_2 nanoparticles? [J]. Environmental Science & Technology, 2022,56(2):1138–1148.

[27] Chen W, Wang J, Chen X, et al. Soil microbial network complexity predicts ecosystem function along elevation gradients on the Tibetan Plateau [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2022,172:108766.

[28] Li Z, Wu S, Liu Y, et al. Arbuscular mycorrhizal fungi regulate plant mineral nutrient uptake and partitioning in iron ore tailings undergoing eco-engineered pedogenesis [J]. Pedosphere, 2023,34(2):385–398.

[29] 盘丽珍,许中坚,伍泽广,等.大豆秸秆生物炭对铅锌尾矿污染土壤的修复作用 [J]. 水土保持学报, 2018,32(5):325-329,334.
Pan L, Xu Z, Wu Z, et al. Remediation of soil polluted by lead-zinc tailings using soybean straw biochar [J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2018,32(5):325-329,334.

[30] Xiong X, Li Y, Zhang C. Enhanced phosphorus removal from anoxic water using oxygen-carrying iron-rich biochar: Combined roles of adsorption and keystone taxa [J]. Water Research, 2024,266:122433.

[31] 吴　慧,吴程龙,张仕颖,等.施用有机-无机改良剂对锡尾矿化学属性的影响 [J]. 生态环境学报, 2021,30(11):2244.
Wu H, Wu C, Zhang S, et al. Effects of applying organic-inorganic modifiers on the chemical properties of tin tailings [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2021,30(11):2244.

[32] Yang S, Li Y, Liu G, et al. Sequential washing and eluent regeneration with agricultural waste extracts and residues for facile remediation of meta-contaminated agricultural soils [J]. The Science of the total environment, 2022,835:155548–155548.

[33] 张芮瑞,邱树毅,周少奇,等.丢糟和磷矿粉高温堆肥中耐高温解磷菌的筛选及性能分析 [J]. 生物技术通报, 2020,36(5):110–119.
Zhang R, Qiu S, Zhou S et al. Screening and performance analysis of high-temperature phosphate-solubilizing microorgams in high temperature compost with phosphate rock and discarded vinasse lost grains [J]. Biotechnology Bulletin, 2020,36(5):110–119.

[34] Esmailpourmoghadam E, Salehi H. Tall fescue is a superturfgrass: Tolerance to shade conditions under deficit irrigation [J]. Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences, 2021,20(5):290–301.

[35] Li Z, Wang J, She Z, et al. Tailings particle size effects on pollution and ecological remediation: A case study of an iron tailings reservoir [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024:476.

[36] Chen H, Wang Y, Sun X, et al. Mixing effect of polylactic acid microplastic and straw residue on soil property and ecological function [J]. Chemosphere, 2020,243:125271.

[37] Xiong Q, Liu Y, Hu L, et al. Co-metabolism of sulfamethoxazole by a freshwater microalga chlorella pyrenoidosa [J]. Water Research, 2020, 175:115656.

[38] Li J, Zhao L, Song C, et al. Forest swamp succession alters organic carbon composition and survival strategies of soil microbial communities [J]. Science of The Total Environment, 2023,904:166742.

[39] Liu Y, Havrilla C A, Jia C, et al. Litter crusts enhance soil nutrients through bacteria rather than fungi in sandy ecosystems [J]. CATENA, 2021,204:105413.

[40] Bell T, Yergeau E, Juck D, et al. Alteration of microbial community structure affects diesel biodegradation in an Arctic soil [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2013,85(1):51–61.

[41] Qiu L, Zhang Q, Zhu H, et al. Erosion reduces soil microbial diversity, network complexity and multifunctionality [J]. The ISME Journal, 2021,15(8):2474–2489.

[42] Wu H, Zhu X, Tang C, et al. Variation of humic carbon and microbial communities in bauxite residue following co-application of straw and phosphogypsum [J]. Journal of Central South University, 2024,31(2): 460–476.

[43] Lange M, Azizi-Rad M, Dittmann G, et al. Stability and carbon uptake of the soil microbial community is determined by differences between rhizosphere and bulk soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2024, 189:109280.

[44] Yang Y, Qiu K, Xie Y, et al. Geographical, climatic, and soil factors control the altitudinal pattern of rhizosphere microbial diversity and its driving effect on root zone soil multifunctionality in mountain ecosystems [J]. Science of The Total Environment, 2023,904:166932.

致谢：林久养研究员对英文摘要进行了语言润色,在此表示感谢!

作者简介：郑小俊(1996-),男,浙江衢州人,江西理工大学博士研究生,主要从事矿山生态修复研究.发表论文 11 篇.2361781397@qq.com.