

花垣铅锌尾矿废弃地地枇杷斑块不同演替阶段土壤微生物群落变化

吕定红¹, 李朝阳^{1,2*}

¹植物资源保护与利用湖南省高校重点实验室, 湖南 吉首

²吉首大学生物资源与环境科学学院, 湖南 吉首

收稿日期: 2023年1月16日; 录用日期: 2023年2月16日; 发布日期: 2023年2月23日

摘要

本研究以花垣铅锌尾矿废弃地的裸尾矿地为对照CK, 地枇杷斑块不同演替阶段(地枇杷斑块Y、地枇杷 + 草本植物斑块M和地枇杷 + 草本 + 木本植物斑块O)为研究对象, 测定不同演替阶段地枇杷斑块的土壤理化性质, 采用土壤细菌16S rDNA和真菌ITS高通量测序方法分析了不同演替斑块的土壤细菌和真菌群落多样性和结构变化, 探讨了细菌和真菌群落结构和多样性与土壤养分的相关性。结果表明: 与裸尾矿(CK)相比, 随地枇杷斑块演替的正向进行, 1) 尾矿的总磷(TP)、有效磷(AP)、总氮(TN)、氨态氮(AN)、有机质(OM)和含水量均显著增加, 土壤容重则表现为先增后降; 2) 尾矿废弃地土壤细菌和真菌群落多样性逐渐增加, 但不同演替阶段之间无显著差异; 3) 土壤细菌优势门主要为变形菌门、蓝细菌门、放线菌门、绿弯菌门、酸杆菌门、拟杆菌门、芽单胞菌门、Saccharibacteria、栖热菌门(相对丰度 > 10%), 真菌优势门为子囊菌门和担子菌门, 酸杆菌门和变形菌门相对丰度增加, 蓝细菌门和疣微菌门相对丰度逐渐降低, 子囊菌门虽然呈现先降后升趋势, 但不同演替阶段之间并无显著差异。4) Pearson相关性分析表明, 细菌群落多样性和真菌群落物种数是影响尾矿土壤养分累积的主要因素, 变形菌门尤其是 α -变形菌纲以及被孢霉门是尾矿土壤养分累积的关键类群。结论: 随着地枇杷斑块的正向演替, 尾矿土壤微生物群落结构产生了显著变化, 蓝细菌门和疣微菌门相对丰度逐渐降低, 变形菌门相对丰度增加, 在演替后期产生了新的真菌类群球囊菌门和壶菌门, 从而有效地促进了尾矿废弃地土壤养分的累积。本研究结果可进一步为利用地枇杷进行铅锌尾矿废弃地的生态恢复提供实验数据支持。

关键词

铅锌尾矿废弃地, 地枇杷斑块, 土壤养分, 微生物群落结构, 微生物群落多样性

Changes of Soil Microbial Community in *Ficus tikoua* Patch at Different Succession Stages in Huayuan Lead-Zinc Tailings Wasteland

*通讯作者。

Dinghong Lv¹, Zhaoyang Li^{1,2*}

¹Key Laboratory of Plant Resources Conservation and Utilization (Jishou University), College of Hunan Province, Jishou Hunan

²College of Biology and Environmental Sciences, Jishou University, Jishou Hunan

Received: Jan. 16th, 2023; accepted: Feb. 16th, 2023; published: Feb. 23rd, 2023

Abstract

Ficus tikoua patch at different successional stages (*Ficus tikoua* Bur. patch + Y, *Ficus tikoua* Bur. + Herbaceous patch M, *Ficus tikoua* Bur. + herb + Woody plant patch O) were studied as the research object in the present study, while the bare tailings in lead-zinc tailings wasteland in Huayuan County were used as the control. In order to explore the relationship between community structure and diversity of bacteria and fungi and soil nutrient, soil physicochemical properties of *Ficus tikoua* patch at different successional stages were determined, while also using high-throughput sequencing methods of soil bacterial 16S rDNA and fungal ITS to evaluate the community diversity and structure changes of bacteria and fungi in soil. The findings revealed that: compared with the bare tailings (CK), 1) The total phosphorus (TP), available phosphorus (AP), total nitrogen (TN), ammonia nitrogen (AN), organic matter (OM) and water content of tailings increased over succession, and the soil bulk density increased first and decreased lately. 2) The diversity of bacterial and fungal communities in tailings wasteland increased gradually, while there was no significant difference between different successional stages. 3) Proteobacteria, Cyanobacteria, Actinomycetes, Chloroflexi, Acidobacteria, Bacteroidetes, Gemmatimonadetes, Saccharibacteria and Deinococcus-Thermus (relative abundance > 10%) were the most dominant bacteriophyta, Ascomycota and Basidiomycota were the most dominant eumycophyta in soils. and Acidobacteria and Proteobacteria increased, Cyanobacteria and Verrucobacteria decreased gradually, while Ascomycetes decreased first and increased lately, relative abundance of dominant phyla was no significant difference at different successional stages. 4) Pearson correlation analysis showed that the nutrient accumulation was mainly affected by the diversity of bacterial community and the species number of fungal community, α -Proteobacteria and Sporinomycetes were the key groups of nutrient accumulation in tailings soil. Thus, along the positive succession of *Ficus tikoua* patch, significant differences in the tailings soil microbial community structure were observed, and the relative abundance of Cyanobacteria and Verrucobacteria decreased gradually, while Proteobacteria increased. New fungal groups such as Spheroidia and Chytridomycetes were generated later in succession, which effectively promoted the accumulation of soil nutrients in tailings wasteland. Based on this, it can further provide experimental data support for ecological restoration of lead-zinc tailings wasteland by *Ficus tikoua* Bur.

Keywords

Lead-Zinc Tailings Wasteland, *Ficus tikoua* Patch, Soil Nutrient, Microbial Community Structure, Microbial Community Diversity

Copyright © 2023 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. 引言

灌木被认为是干旱生态系统土壤肥力和生物活动的热点[1]。它们通过增强地下的相互作用，在灌木

冠层下形成了有利于其他植物物种建立的微生境条件, 从而促进了抗逆性弱的植物物种在其冠层下的生长, 这种促进作用常被称为看护效应。在过去 30 年里, 大量经验证据证实了看护效应在干旱和半干旱生态系统中的关键作用[2], 利用看护植物的促进作用已成为干旱半干旱退化生态系统重要的生态修复工具[3][4]。近年来研究发现, 看护效应也常常发生在尾矿废弃地的生态恢复过程中[5][6][7], 看护植物是尾矿废弃地植物群落发育的关键物种, 因为它们通常构成植物群落[7][8]。由看护植物介导的群落修复不但可以加速群落结构和属性的恢复, 其促进驱动的植物群落还可以对生态系统功能产生一系列的效益, 包括土壤中的有机碳及养分的积累、土壤中金属浓度的减少和生态体系稳定度等[9]。

在退化生态系统恢复演替过程中, 自然土壤养分累积是一个非常缓慢的过程, 依赖于地上与地下组分的彼此相互影响[10], 土壤微生物群落在此过程中承担着土壤有机质分解和养分循环等关键过程, 而植物则可通过其代谢活动(如根沉积、凋落物生产等)来影响土壤微生物活动, 从而改变它们生长的土壤条件, 包括土壤化学性质的变化以及微生物群落的丰度和组成的变化[11]。灌丛可有效地富集干旱环境下的水分和养分资源, 形成利于植物生长的微生境, 其根系活动以及凋落物的产生, 进一步推动灌丛下土壤微生物的生长, 与空地比较, 灌丛下具有更高的有机质、养分含量, 因而灌丛能够影响土壤微生物的组成和多样性[12][13]。然而当前研究主要关注于灌丛内外的差异, 或者不同优势灌丛之间的变化, 而有关看护植物(灌丛)驱动的群落演替对土壤微生物群落的影响以及土壤养分累积的微生物机制在整个生态系统中却几乎没有被评估过。

地枇杷(*Ficus tikoua* Bur.)为桑科榕属的常绿匍匐木质藤本, 与其他灌木相比, 地枇杷具有最佳的蓄水减流效应、坡地减沙效应、有效根密度, 地枇杷灌木的存在对地表极端气候起到缓冲作用[14]。野外调查发现, 尾矿废弃地的地枇杷根密度显著高于附近山地的, 且其不定根的长度和深度高达 2 m 以上(未发表数据), 有利于找到尾矿废弃地中有限的水分, 从而提高了尾矿废弃地水分有效性。由于对重金属 Cd、Pb 和 Cu 等具有耐受性[15], 因此地枇杷能在铅锌尾矿废弃地建立, 并成为该区域优势植物。前期研究发现地枇杷对尾矿废弃地植物群落和土壤微生物群落均具有明显的促进效应, 在尾矿生态系统中表现出巨大的看护潜力[16]。

鉴于此, 本研究在前期研究的基础上, 于花垣猫儿乡洞里铅锌尾矿库, 选取无植被铅锌尾矿废弃地、单地枇杷斑块、地枇杷加草本植物斑块和地枇杷加草本加木本植物斑块, 进一步研究了地枇杷斑块不同演替阶段的土壤细菌群落、真菌群落组成及多样性变化, 探讨 1) 这种看护效应是否也与地枇杷灌丛下土壤肥力增加有关; 2) 尾矿土壤肥力增加的微生物机制。以期对铅锌尾矿废弃地生态恢复提供理论依据。

2. 材料与方法

2.1. 研究区域

本研究选择的是湘西地区花垣县(109°15'~109°38'E, 28°10'~28°38'N)猫儿乡洞里村铅锌尾矿库, 该尾矿库仍在使用, 但早前堆积的尾矿表面已经有成片的地枇杷斑块出现, 并呈现出演替特征。演替初期的地枇杷斑块无其他植物生长, 演替中期的地枇杷斑块着生的植物主要是一年生草本植物, 优势种主要为狗尾巴草(*Setaria viridis*)和风轮菜(*Clinopodium chinense*), 演替后期的地枇杷斑块中的优势植物有千里光(*Senecio scandens* Buch.-Ham. ex D. Don)、魁蒿(*Artemisia princeps* Pamp.)、插田泡(*Rubus coreanus* Miq.)和马刺(*Indigofera pseudotinctoria* Matsum.)。

2.2. 研究方法

2.2.1. 土壤样品采集

于 2021 年 9 月选取裸尾矿地(CK)、演替初期地枇杷斑块(Y)、演替中期地枇杷斑块(M)和演替后期地

枇杷斑块(O) 4 种不同演替阶段地枇杷斑块。每个演替阶段各随机选择 3 个斑块, 按梅花点采集法用环刀采集斑块内 0~10 cm 表层土样, 然后将 5 个点的小样在塑料布上混合后摊平, 用四分法取 500 g 混合土样分装于塑料袋中, 贴好样品标签。另取 100 g 混合样用灭菌的 50 mL 离心管封装, 放入冰盒中, 运回实验室。袋装土样自然风干后过 100 目尼龙筛, 用于理化性质分析。冰盒装样品立即保存于-80℃用于微生物群落结构分析。

2.2.2. 土壤养分测定

参照文献[17]进行, 土壤含水量测定采用国家标准 GB7172-87; 土壤容重采用环刀法测定; 土壤有机质采用高温外热重铬酸钾氧化-容量法进行测定; 总氮采用凯氏定氮法测定, 铵态氮采用靛酚蓝比色法测定; 总磷和有效磷采用钼锑抗比色法测定。

2.2.3. 土壤微生物群落结构分析

采用 FastDNA 试剂盒提取土壤总 DNA, 具体步骤如下: (1) 取 0.3~0.4 g 土壤样品, 加入到 Lysing Matrix E Tube 中, 同时加入 978 μ L SPB 和 122 μ L MT Buffer, 盖紧盖子后置于涡旋混合仪上振荡破碎均质化 30 s, 取出后离心 5 min (8000 rpm); (2) 将上清液转移至 1.5 mL EP 管中, 加入 250 μ L PPS, 手持 EP 管晃动 10 次混匀, 继续离心 5 min (8000 rpm); (3) 将上清转移至 5 mL 离心管中, 然后向离心管中加入 1.0 mL Binding Matrix, 上下颠倒混匀 2 min, 静置 3 min; (4) 将上清液小心移除 600 μ L, 注意不要吸出沉淀物; (5) 将剩余上清和沉淀混匀, 吸取 600 μ L 混合液, 移入 SPIN Filter, 离心 1 min (8000 rpm); (6) 倒掉收集管中的液体, 重复第(5)步骤, 直到 5 mL 离心管中的液体吸尽; (7) 加入 500 μ L SEWS-M 溶液混匀, 再次离心 2 min (8000 rpm), 弃去收集管中的液体, 然后再重复操作一次, 以更好地去除杂离子, 更换为 1.5 mL EP 管; (8) 室温下将 SPIN Filter 风干 5 min 后加入 80 μ L DES 溶液, 然后混匀, 于 65℃水浴 15 min 后离心 2 min (8000 rpm), 可得到约 50 μ L 的 DNA 溶液, 再加入 80 μ L DES 溶液重复此操作, 一共可得到约 100 μ L DNA 溶液。采用 Nanodrop 2000 分光光度计(Thermo Scientific, USA)测定提取到的 DNA 浓度。参考文献[16]方法采用通用引物 806R 和 338F 扩增 16S rDNA 的 V3V4 (a)区(包括细菌和放线菌), 采用通用引物 ITS2 和 ITS5 对真菌 ITS1 (a)区域进行扩增。每个样品扩增 3 个平行样, 混合成一管后再将所有样品的 PCR 产物等摩尔体积混合均匀, 并用 QIAquick Gel Extraction Kit (Qiagen, USA)试剂盒进行纯化, 然后送上海派森诺生物科技有限公司进行高通量测序, 测序结果经 GenBank 数据库比对分析后鉴定到属水平。

2.3. 数据处理和图表绘制

采用 SPSS 19.0 对数据进行统计分析, 单因素方差分析法对不同演替阶段之间进行差异性分析(duncan), 利用 Pearson 相关系数分析土壤养分与土壤微生物之间的相关性。利用 WPS 表格制表和作图。

3. 结果与讨论

3.1. 不同演替阶段地枇杷斑块土壤养分变化

本研究中, 尾矿废弃地基质营养非常贫瘠, 随地枇杷斑块演替的进行, 基质含水量和养分含量(TP、AP、TN、AN 以及 OM)均呈现为极显著增加(表 1), 其大小依次为 O > M > Y > CK。土壤含水量的变化趋势与土壤养分一致, 但 CK 与 Y 之间无明显差异。相反, 土壤容重则表现为随地枇杷斑块演替进行呈现先降后增再降的趋势。Navarro-Cano 等[18]研究发现, 在严重胁迫状态下, 灌丛在短短 20 年内显著提高了贫瘠石膏土的肥力, 有机碳总量增加了 6 倍, 本研究与该结果相似, 与裸尾矿地相比, 单地枇杷斑

块 Y 的 TP、AP、TN、AN 和 OM 分别增加了 3.46、1.47、0.43、0.49 和 2.36 倍, 而 O 斑块则分别增加了 5.93、2.23、3.39、3.79 和 7.03 倍。因此, 我们可以确定地枇杷是花垣铅锌尾矿废弃地土壤肥力的初始促进因子, 且与其促进的植物群落具有协同效应。因为该物种是该废弃地的早期殖民者, 对尾矿基质上的植物群落和土壤微生物群落均有明显的促进作用[16]。

Table 1. Changes of soil nutrient at different successional stages of *Ficus tikoua* in lead-zinc tailings wasteland
表 1. 铅锌尾矿废弃地地枇杷不同演替阶段土壤养分变化

演替阶段	CK	Y	M	O	p 值	F 值
有效磷 AP (mg/kg)	0.140 ± 0.0009c	0.346 ± 0.0012b	0.368 ± 0.0024b	0.452 ± 0.0171a	<0.01	235.2
全磷 TP (mg/kg)	0.883 ± 0.121d	3.937 ± 0.116c	5.414 ± 0.146b	6.118 ± 0.089a	<0.01	375.45
全氮 TN (g/kg)	0.145 ± 0.009d	0.207 ± 0.006c	0.456 ± 0.006b	0.636 ± 0.012a	<0.01	749.93
氨态氮 AN (g/kg)	0.139 ± 0.014d	0.207 ± 0.006c	0.446 ± 0.003b	0.666 ± 0.002a	<0.01	953.35
有机质 OM (g/kg)	1.912 ± 0.059d	6.428 ± 0.098c	7.059 ± 0.064b	15.36 ± 0.134a	<0.01	3571.5
含水量 SM %	0.107 ± 0.014c	0.119 ± 0.008c	0.193 ± 0.002b	0.271 ± 0.007a	<0.01	72.24
容重 BD (g·cm ⁻¹)	3.585 ± 0.040a	3.255 ± 0.039b	3.526 ± 0.070a	2.353 ± 0.043c	<0.01	131.21

注: 小写字母表示不同演替阶段之间差异极显著($p < 0.01$)。

3.2. 不同演替阶段地枇杷斑块土壤微生物多样性

3.2.1. 土壤微生物群落 α 多样性

不同演替阶段地枇杷斑块的土壤微生物群落 α 多样性分析结果见表 2。与裸尾矿地相比, 随地枇杷斑块演替的进行, 土壤细菌和真菌群落的 Chao1、Pielou、Shannon 和 Simpson 指数均逐渐增加, 但未达到显著水平($p > 0.05$), 该结果与于洁[19]的研究结果相一致。事实上, 不同演替阶段的地枇杷斑块中, 地枇杷是主要的植物种类, 不定根发达且密集, M 和 O 斑块植物的差别除了前者主要以禾本科植物为主, 后者虽然多了很多双子叶植物, 且有木本植物出现, 但仍以地枇杷为绝对优势种, 这表明除了土壤原生微生物类群对演替阶段的土壤微生物群落构建产生强烈影响外, 植物物种的种类也是强烈影响土壤微生物群落多样性的重要因子之一[20] [21]。Pearson 相关性分析表明细菌微生物群落 α 多样性中的 Pielou 和 Shannon 指数与所测土壤肥力指标均显著正相关($p < 0.05$), Simpson 指数则与 TP 和 AP 显著正相关($p < 0.05$), 真菌群落的 Chao1 指数与所有肥力指标均显著正相关($p < 0.05$), 且与 TN、AN 和 OM 极显著正相关($p < 0.01$), Shannon 指数除与 AP 有一定正相关外, 与其余肥力指标均为显著正相关($p < 0.05$), 真菌的 Simpson 指数与 TP 显著正相关($p < 0.05$) (表 3)。表明真菌的物种丰富度对演替具有较高的敏感性。

Table 2. Changes of microbial alpha diversity index in soil at different successional stages of *Ficus tikoua*
表 2. 地枇杷不同演替阶段土壤微生物群落 α 多样性指数变化

演替阶段	细菌				真菌			
	Chao1	Pielou	Shannon	Simpson	Chao1	Pielou	Shannon	Simpson
CK	1412 ± 116a	0.707 ± 0.05a	7.34 ± 0.62b	0.96 ± 0.02a	105 ± 2.15b	0.468 ± 0.10a	3.14 ± 0.68a	0.71 ± 0.07a
Y	1988 ± 267a	0.729 ± 0.00a	7.90 ± 0.15ab	0.98 ± 0.00a	108 ± 15.4b	0.562 ± 0.06a	3.77 ± 0.41a	0.79 ± 0.06a
M	1652 ± 267a	0.772 ± 0.03a	8.18 ± 0.28ab	0.99 ± 0.00a	122 ± 7.88b	0.627 ± 0.02a	4.34 ± 0.11a	0.84 ± 0.02a

Continued

O	2674 ± 858a	0.823 ± 0.04a	9.20 ± 0.81a	0.99 ± 0.01a	246 ± 29.1a	0.611 ± 0.09a	4.82 ± 0.72a	0.87 ± 0.06a
p value	>0.05	>0.05	>0.05	>0.05	=0.001	>0.05	>0.05	>0.05
F value	1.35	2.06	2.13	1.38	15.81	0.89	1.81	1.45

Table 3. Pearson correlation analysis between soil microbial community diversity index and soil nutrients
表 3. 土壤微生物群落多样性指数与土壤养分的 Pearson 相关性分析

	细菌				真菌			
	Chao1	Pielou	Shannon	Simpson	Chao1	Pielou	Shannon	Simpson
AP	0.547	0.615*	0.658*	0.596*	0.628*	0.413	0.550	0.544
TP	0.432	0.611*	0.608*	0.606*	0.594*	0.489	0.612*	0.583*
TN	0.461	0.683*	0.662*	0.502	0.797**	0.400	0.603*	0.540
AN	0.455	0.684*	0.661*	0.502	0.818**	0.419	0.628*	0.559
OM	0.545	0.635*	0.665*	0.481	0.860**	0.367	0.592*	0.537

注: **: 在 0.01 水平(双侧)上显著相关。*: 在 0.05 水平(双侧)上显著相关。下同。

3.2.2. 地枇杷不同演替阶段土壤微生物群落结构特征

土壤生态系统的重要成分之一是土壤微生物, 它承担着土壤有机质的分解、腐殖质的形成以及土壤养分的转化和循环, 是 C、N、P 等关键元素生物地球化学循环的引擎, 在土壤肥力的形成和改善生态环境等方面发挥着重要作用[22]。

12 份土壤样品经聚类分析得到的 942,409 个细菌 OTU 可归属到 25 个门(图 1), 以变形菌门(Proteobacteria)、蓝细菌门(Cyanobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、酸杆菌门(Acidobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、Saccharibacteria、栖热菌门(Deinococcus-Thermus)和疣微菌门(Verrucomicrobia) 10 个门为研究样地的主要优势细菌类群, 该结果与荒漠草原白刺灌丛堆不同演化阶段土壤微生物群落结构相类似[19] [23], 表明尾矿废弃地具备荒漠属性[5]。变形菌门中有许多参与碳、氮、磷循环的类群, 如参与固氮和脱氢功能的鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*), 参与碳氮代谢的亚硝化单胞菌科(Nitrosomonadaceae), 以及包含许多解磷菌、在土壤磷代谢中发挥重要作用的硫杆菌属(*Thiobacillus*)等[12] [16]。本研究中, 变形菌门是所分析样品中的绝对优势类群, 占比高达 56.7%, 其丰度随地枇杷斑块演替进行呈现为先降后增趋势, 且在 M 和 O 两个阶段中表现为显著增加, 该结果与刘兴等人[20] [24]的研究结果相一致。蓝细菌门和疣微菌门表现为逐渐降低, 且疣微菌门的降幅在不同演替阶段之间存在显著差异($p < 0.05$), 有研究表明蓝细菌是冰川前部生态系统植物定殖前土壤有机 C 的主要提供者[21] [25], 在本研究中, 蓝细菌门是裸尾矿地仅次于变形菌门的优势类群, 因此可推测蓝细菌可能是尾矿废弃地土壤有机 C 的主要来源。放线菌门表现为先增后降再增的趋势, 但不同演替阶段之间无显著差异, 酸杆菌门在不同演替阶段的地枇杷斑块均表现为增加, 但增幅并不显著。

12 份土壤样品经聚类分析得到的 1,159,422 个真菌 OTU 归属到 7 个门(图 2(a)), 包括子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、被孢霉门(Mortierellomycota)、毛霉门(Mucoromycota)、隐真菌门(Rozellomycota)。子囊菌门和担子菌门是尾矿废弃地主要真菌类群, 存在于所有样品中, 其中子囊菌门随演替进行表现为先显著下降, 随后有所增加的趋势, 担子菌门与子囊菌门的变化趋势一致, 但差异不显著; 被孢霉门、毛霉门和隐真菌门只出现在 Y

和 O 两个阶段, 前两者表现为随演替进行逐渐增加趋势, 而隐真菌门则相反; 球囊菌门和壶菌门是 O 阶段特有的类群。此外, 在 12 份土壤样品中检测到大量未知真菌, 其中只分类到真菌界的未知类群为仅次于子囊菌门(47.9%)的优势类群, 其丰度高达 47.6%, 而且在属水平上, 未知类群占比为 32.55%, 总丰度却高达 89.3%, 这些未知类群中, 子囊菌纲未知类群(Ascomycota)、柔膜菌目未知类群(Helotiales)和炭化菌目未知类群(Xylariales)均随地枇杷斑块演替进行出现显著增加, 而散囊菌目未知类群(Eurotiomycetes)则表现为显著下降, 同时呈显著增加的类群还有青霉菌属(*Penicillium*)和白粉病菌属(*Blumeria*) (图 2(b))。

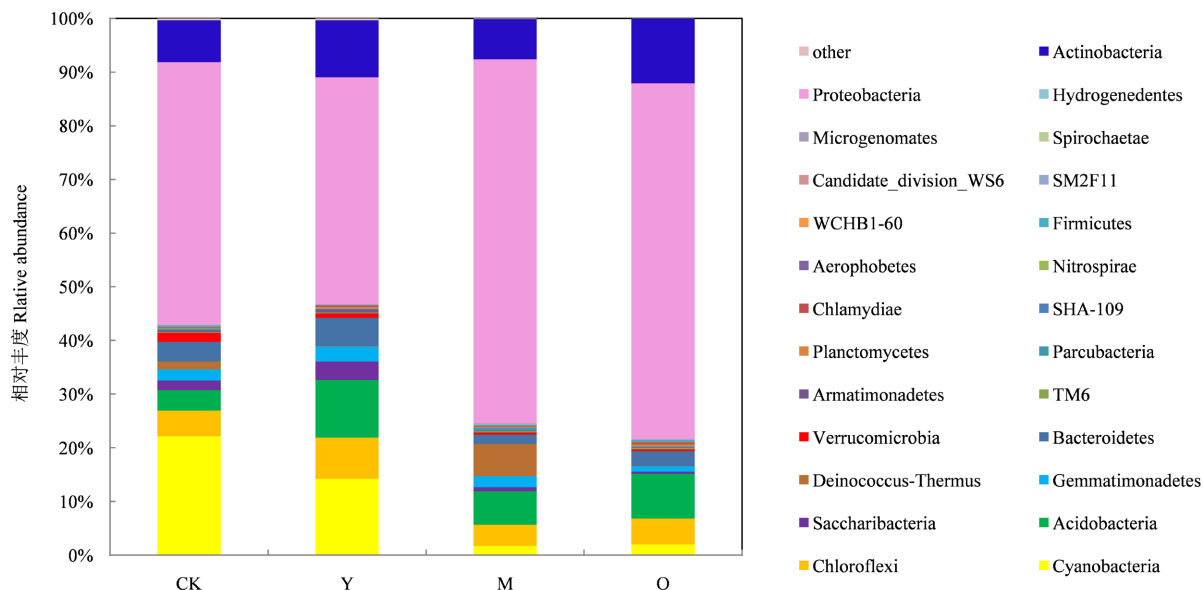
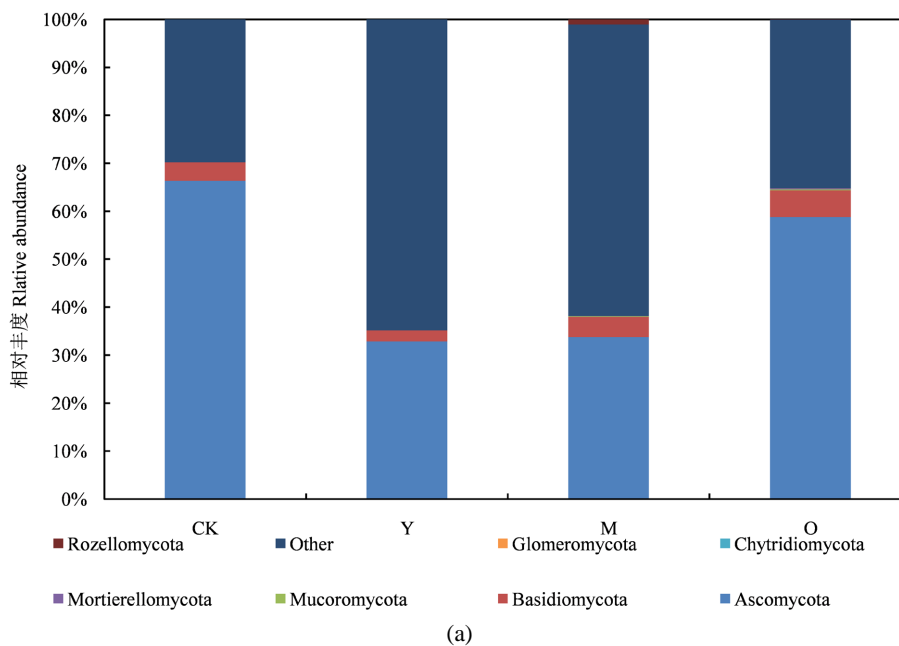


Figure 1. Changes of bacteria community structure in soil of *Ficus tikoua* at different succession stages in tailings pond (at phylum level)

图 1. 尾矿库地枇杷不同演替阶段土壤细菌群落结构变化(门水平)



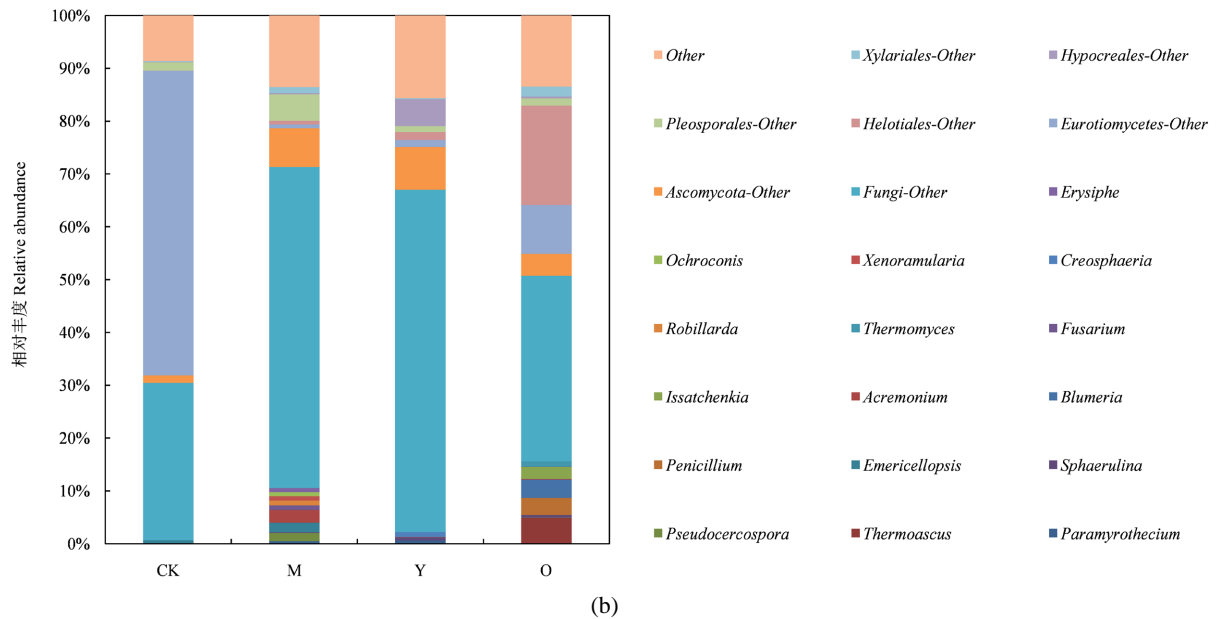


Figure 2. Changes of fungi community structure in soil of *Ficus tikoua* at different successional stages in tailings pond. (a): at phylum level; (b): at genus level

图 2. 尾矿库地枇杷不同演替阶段土壤真菌群落结构变化。(a): 门水平; (b): 属水平

Pearson 相关性分析结果显示(表 4), 蓝细菌门与氮、磷指标均显著负相关($p < 0.05$), *Saccharibacteria* 与总氮和氨氮含量显著负相关($p < 0.05$), 疣微菌门与所有肥力指标显著负相关($p < 0.05$), 与总磷和有效磷含量极显著负相关($p < 0.01$), 变形菌门与总磷含量显著正相关($p < 0.05$), 与总氮和氨氮含量极显著正相关($p < 0.01$), 变形菌门下 4 个纲类群中, 只有 α -变形菌纲与总氮、氨氮、有机质含量呈显著正相关($p < 0.05$)。尽管子囊菌门和担子菌门是尾矿废弃地的主要真菌类群, 但土壤肥力指标却与这两个类群并无显著相关性, 仅与只出现在 Y 和 O 两个阶段的被孢霉门有正相关性, 其中与 TN 和 AN 的正相关性达到了显著性水平($p < 0.05$), 与 OM 则呈现为极显著正相关($p < 0.01$)。属水平上只有两个类群的相关性达到显著性水平, 一个是 *Eurotiomycetes-other*, 与所有土壤肥力指标均呈现为负相关性, 其中 TP 和 AP 达到了极显著负相关($p < 0.01$); 另一个类群是 *Helotiales-other*, 与所有肥力指标呈正相关性, 与 TN 和 OM 的正相关性达到了显著性水平($p < 0.05$)。

Table 4. Pearson correlation analysis between soil microbial community and soil nutrients

表 4. 土壤微生物群落与土壤养分的 Pearson 相关性分析

	AP	TP	TN	AN	OM
Cyanobacteria	-0.620*	-0.708*	-0.669*	-0.669*	-0.559
Chloroflexi	0.049	-0.024	-0.164	-0.155	-0.028
Acidobacteria	0.374	0.294	0.122	0.122	0.243
Saccharibacteria	-0.263	-0.362	-0.623*	-0.612*	-0.426
Gemmatimonadetes	-0.143	-0.147	-0.279	-0.284	-0.274
Deinococcus-Thermus	-0.013	0.102	0.082	0.049	-0.186
Bacteroidetes	-0.139	-0.297	-0.414	-0.411	-0.189
Verrucomicrobia	-0.803**	-0.813**	-0.689*	-0.683*	-0.679*

Continued

Proteobacteria	0.449	0.613*	0.766**	0.761**	0.536
Actinobacteria	0.339	0.277	0.246	0.274	0.403
Betaproteobacteria	0.119	0.292	0.29	0.257	-0.031
Alphaproteobacteria	0.324	0.367	0.595*	0.616*	0.588*
Gammaproteobacteria	0.369	0.471	0.467	0.474	0.357
Deltaproteobacteria	0.318	0.187	-0.033	-0.035	0.171
Ascomycota	-0.331	-0.359	0.003	0.023	0.009
Basidiomycota	0.112	0.24	0.373	0.394	0.305
Mucoromycota	0.251	0.383	0.408	0.412	0.318
Mortierellomycota	0.482	0.480	0.657*	0.699*	0.759**
Eurotiomycetes-other	-0.817**	-0.823**	-0.501	-0.492	-0.546
Helotiales-other	0.502	0.433	0.578*	0.569	0.600*

4. 结论

1) 随着演替的正向进行, 尾矿废弃地的土壤肥力显著增加, 表明地枇杷的看护效应与其灌丛下土壤肥力增加有关。

2) 随着地枇杷斑块演替的正向进行, 土壤细菌和真菌群落的多样性逐渐增加。其中 10 个主要优势细菌类群中, 变形菌门(Proteobacteria)属于绝对优势类群, 其相对丰度在 M 和 O 阶段呈现显著增加; 土壤中优势真菌多数为未知真菌, 在属水平上丰度高达 89.3%, 其中 Helotiales-other 类群随演替正向进行其丰度逐渐增加。

3) Pearson 相关性分析表明, 变形菌门与土壤养分显著正相关, 其中仅有 α -变形菌纲与土壤养分的正相关性达到显著水平, 因此 α -变形菌(α -Proteobacteria)可能是地枇杷驱动的尾矿废弃地生态恢复过程中土壤肥力累积的主要因子; 在所有真菌类群中, 被孢霉门与所有肥力指标呈正相关, 其中与 TN 和 AN 的正相关性达到了显著性水平, 与 OM 呈现为极显著正相关, 属水平上只有 Helotiales-other 与土壤 TN 和 OM 正相关达到了显著性水平, 表明这两个类群可能在尾矿肥力积累中同样发挥了重要作用。

基金项目

湖南省自然科学基金(2021JJ30553)。

参考文献

- [1] Domínguez, M.T., Madejón, E., López-Garrido, R., *et al.* (2016) Shrubs for the Remediation of Contaminated Mediterranean Areas: Is the Nurse Effect Mediated by Increases in Soil Enzyme Activities? *Ecological Engineering*, **97**, 577-581. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2016.10.059>
- [2] González, J., Cano-Barbacil, C., Kigel, J., *et al.* (2020) Nurse Plants Promote Taxonomic and Functional Diversity in an Arid Mediterranean Annual Plant Community. *Journal of Vegetation Science*, **31**, 658-666. <https://doi.org/10.1111/jvs.12876>
- [3] Filazzola, A. and Lortie, C.J. (2014) A Systematic Review and Conceptual Framework for the Mechanistic Pathways of Nurse Plants. *Global Ecology and Biogeography*, **23**, 1335-1345. <https://doi.org/10.1111/geb.12202>
- [4] 金钊, 齐玉春, 董云社. 干旱半干旱地区草原灌丛荒漠化及其生物地球化学循环[J]. 地理科学进展, 2007, 26(4): 23-32.
- [5] Navarro-Cano, J.A., Miguel, V. and Goberna, M. (2018) Trait-Based Selection of Nurse Plants to Restore Ecosystem

- Functions in Mine Tailings. *Journal of Applied Ecology*, **55**, 1195-1206. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.13094>
- [6] Choi, Y.D. and Wali, M.K. (1995) The Role of *Panicum virgatum* (Switch Grass) in the Revegetation of Iron-Mine Tailings in Northern New York. *Restoration Ecology*, **3**, 123-132. <https://doi.org/10.1111/j.1526-100X.1995.tb00085.x>
- [7] Navarro-Cano, J.A., Goberna, M. and Miguel, V. (2019) Using Plant Functional Distances to Select Species for Restoration of Mining Sites. *Journal of Applied Ecology*, **56**, 2353-2362. <https://doi.org/10.1111/1365-2664.13453>
- [8] Wang, J., Ge, Y., Chen, T., *et al.* (2014) Facilitation Drives the Positive Effects of Plant Richness on Trace Metal Removal in a Biodiversity Experiment. *PLOS ONE*, **9**, e93733. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093733>
- [9] Rey, P.J., Siles, G. and Alcántara, J.M. (2009) Community-Level Restoration Profiles in Mediterranean Vegetation: Nurse-Based vs. Traditional Reforestation. *Journal of Applied Ecology*, **46**, 937-945. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2009.01680.x>
- [10] Wardle, D.A., Bardgett, R.D., Klironomos, J.N., *et al.* (2004) Ecological Linkages between Aboveground and Belowground Biota. *Science*, **304**, 1629-1633. <https://doi.org/10.1126/science.1094875>
- [11] Kuřáková, E., Mészárošová, L., Baldrian, P., *et al.* (2020) Evaluating the Role of Biotic and Chemical Components of Plant-Soil Feedback of Primary Successional Plants. *Biology and Fertility of Soils*, **56**, 345-358. <https://doi.org/10.1007/s00374-019-01425-z>
- [12] 王冰冰, 曲来叶, 宋成军, 等. 岷江干旱河谷优势灌丛对土壤微生物群落组成的影响[J]. 生态学报, 2015, 35(8): 2481-2493.
- [13] 王德凯, 李颖, 王跃棠, 梅续芳, 解李娜, 李清芳, 马成仓. 荒漠草原中间锦鸡儿灌丛的土壤微生物多样性[J]. 天津师范大学学报: 自然科学版, 2018, 38(4): 43-49.
- [14] 张朝阳, 许桂芳, 周凤霞, 等. 10 种藤本植物边坡水土保持效应研究[J]. 中国水土保持, 2008(10): 39-41.
- [15] 杨胜香, 田启建, 梁士楚, 等. 湘西花垣矿区主要植物种类及优势植物重金属蓄积特征[J]. 环境科学, 2012, 33(6): 264-271.
- [16] 吕定红, 李朝阳, 周影茹, 等. 地枇杷灌丛对铅锌尾矿废弃地植物群落和土壤微生物群落的促进效应[J]. 世界生态学, 2022, 11(3): 341-350.
- [17] Li, Z.Y., Yang, S.X., Peng, X.Z., *et al.* (2018) Field Comparison of the Effectiveness of Agricultural and Nonagricultural Organic Wastes for Aided Phytostabilization of a Pb-Zn Mine Tailings Pond in Hunan Province, China. *International Journal of Phytoremediation*, **20**, 1264-1273. <https://doi.org/10.1080/15226514.2018.1474434>
- [18] Navarro-Cano, J.A., Miguel, V., García, *et al.* (2015) What Nurse Shrubs Can Do for Barren Soils: Rapid Productivity Shifts Associated with a 40 Years Ontogenetic Gradient. *Plant and Soil*, **388**, 197-209. <https://doi.org/10.1007/s11104-014-2323-2>
- [19] 于洁. 库布齐沙地植被演替与恢复过程中植物-土壤微生物互作研究[D]: [博士学位论文]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2022.
- [20] Tscherko, D., Hammesfahr, U., Marx, M.C., *et al.* (2004) Shifts in Rhizosphere Microbial Communities and Enzyme Activity of *Poa alpina* across an Alpine Chronosequence. *Soil Biology & Biochemistry*, **36**, 1685-1698. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2004.07.004>
- [21] Philippot, L., Raaijmakers, J.M., Lemanceau, P., *et al.* (2013) Going Back to the Roots: The Microbial Ecology of the Rhizosphere. *Nature Reviews Microbiology*, **11**, 789-799. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3109>
- [22] 马琳, 孙本华, 孙瑞, 等. 不同施肥对(土娄)土细菌群落多样性的影响[J]. 西北农业学报, 2015, 24(6): 162-170.
- [23] 潘笑笑. 荒漠草原白刺灌丛堆不同演化阶段土壤微生物群落结构及多样性特征研究[D]: [博士学位论文]. 银川: 宁夏大学, 2019.
- [24] 刘兴, 王世杰, 刘秀明, 等. 贵州喀斯特地区土壤细菌群落结构特征及变化[J]. 地球与环境, 2015(5): 490-497.
- [25] 周汉昌, 马安周, 刘国华, 等. 冰川消退带微生物群落演替及生物地球化学循环[J]. 生态学报, 2018, 38(24): 9021-9033.