张变华,靳东升,薄慧娟,等.复垦地玉米根际土壤真菌群落对覆土厚度的响应[J].山西农业大学学报(自然科学版),2025,45(6):151-160.
Zhang B H, Jin D S, Bo H J, et al. Response of maize rhizosphere soil fungal community on soil cover thickness in reclaimed land[J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2025,45(6):151-160.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202508003

复垦地玉米根际土壤真菌群落对覆土厚度的响应

张变华[1],靳东升[2*],薄慧娟[2],王伟[1,2]

(1.忻州师范学院 地理系,山西 忻州 034000;2.山西农业大学 资源环境学院,山西 太原 030031)

摘　要:[目的]煤矸石填埋区的土壤生态恢复是矿区复垦的关键环节,探究覆土厚度对煤矸石复垦区土壤微生物群落及功能的影响机制,可为复垦区土壤生态修复提供科学依据。[方法]以山西省古交市煤矸石复垦区40、80和120 cm 3种覆土厚度下的玉米根际与非根际土壤为对象,通过高通量测序技术测定土壤真菌ITS1区,结合Galaxy平台及相关统计软件分析真菌群落对覆土厚度的响应。[结果]各覆土厚度下玉米根际与非根际土壤子囊菌门为优势菌门,相对丰度为73.63%~95.84%,真菌代谢功能以生物合成、降解、利用、同化和前体代谢物和能量的产生为主,无论根际还是非根际,84条代谢通路在80 cm的覆土厚度下得分值最高,为0.71,S40最小,为-0.39,顺序为R80>R40>R120>S80>S120>S40;80 cm相较于40和120 cm的覆土厚度提高了玉米根际与非根际真菌群落chao1指数和Shannon指数,且根际高于非根际,显著增加了独有的ASV数量,提高了被孢霉门的相对丰度,该覆土厚度下根际有显著差异的真菌标志物数量最多,有24个,占总体的77%,有2个门,3个纲,3个目,5个科,11个属,根际与非根际土壤真菌群落差异最显著,且粪壳菌纲的相对丰度显著提高;真菌群落结构与有机质、全氮和有效磷含量密切相关。[结论]80 cm覆土厚度更利于促进土壤真菌多样性及功能活性,优化根际微生态。

关键词:根际; 覆土厚度; 真菌; 复垦地
中图分类号:S154.3　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2025)06-0151-10

Response of maize rhizosphere soil fungal community on soil cover thickness in reclaimed land

Zhang Bianhua[1], Jin Dongsheng[2*], Bo Huijuan[2], Wang Wei[1,2]

(*1.Department of Geography, Xinzhou Normal University, Xinzhou 034000, China; 2.College of Resources and Environment, Shanxi Agricultural University, Taiyuan 030031, China*)

Abstract: [Objective] The ecological restoration of soil in coal gangue landfill areas is a critical step in mine reclamation. To investigate the mechanisms by which soil cover thickness affects the soil microbial community and its functions in reclamation areas, and to provide a scientific basis for improving soil fertility and ecological restoration in coal gangue reclamation areas. [Methods] This study focused on maize rhizosphere and non-rhizosphere soils under three different soil cover thicknesses including 40, 80 and 120 cm in the coal gangue reclamation area of Gujiao City, Shanxi Province, High-throughput sequencing was used to analyze the fungal ITS1 region of the soil, and the Galaxy platform along with relevant statistical software were employed to examine the response of fungal communities to varying soil cover thicknesses. [Results] The results showed that the *Ascomycota* in maize rhizosphere and non-rhizosphere soil were the dominant phylum under each soil covered thickness, with a relative abundance of about 73.63%~95.84%, and the fungal metabolic functions were mainly based on biosynthesis, degradation, utilization, assimilation and the generation of precursor metabolites and energy, regardless of rhizosphere or non-rhizosphere, the 84 metabolic pathways had the highest score of 0.71 under 80 cm soil covered thickness, and the smallest was

收稿日期:2025-08-01　　**修回日期**:2025-09-12
基金项目:山西省科技重大专项计划"揭榜挂帅"项目(202201140601028);山西省基础研究计划资助项目(202203021221223);忻州市科技局重点研发计划项目(20240301)。
作者简介:张变华(ORCID:0000-0002-4457-6736),副教授,博士,研究方向:农业资源与环境,E-mail:sxdxzbh@126.com
*通信作者:靳东升(ORCID:0009-0004-3309-977X),研究员,硕士生导师,E-mail:sxdxjds@126.com

-0.39 under 40 cm, and the order was R80>R40> R120>S80>S120>S40; Compared with 40 and 120 cm, the soil covered thickness of 80 cm increased the diversity of fungal communities in the rhizosphere and non-rhizosphere of maize, and the rhizosphere was higher than that of the non-rhizosphere; increased the number of unique ASVs significantly, reduced the relative abundance of *Ascomycota*, but increased the relative abundance of *Mortierellomycota*. showed that there were the largest number of fungal markers with significant differences in the rhizosphere, about 24 fungal markers in the rhizosphere under 80 cm soil covered thickness, accounting for 77% of the total, with 2 phyla, 3 classes, 3 orders, 5 families and 11 genera. Moreover, the difference between the rhizosphere and the non-rhizosphere soil fungal community was the most significant, which could significantly increase the relative abundance of *Sordariomycetes*. The fungal community structure was closely correlated with the contents of organic matter, total nitrogen, and available phosphorus. [Conclusion] Overall, 80 cm soil cover thickness was more conducive to enhancing soil fungal diversity and functional activity, optimizing the rhizosphere microecology.

Keywords: Rhizosphere, Covered thickness, Fungus, Reclamed land

大量煤矸石长期露天堆存不仅侵占土地资源,还可能因自燃、淋溶等方式释放重金属和酸性物质污染周边水、土及大气环境,严重威胁矿区及周边生态安全[1],实现煤矸石的无害化处理和资源化利用已成为矿区生态修复的关键任务。目前填埋复垦是矿区进行生态重建的主要手段,即直接在煤矸石表层覆盖一定厚度土壤,重构植物生长基质,以恢复矿区生态功能[2]。覆土厚度作为复垦工程中的重要参数,直接影响土壤水分运移[3]、土壤团聚体及养分[4]、土壤微生物活性[5]、土壤微生物量碳的积累[6]、作物生物量[7]及对水分的利用[8],同时也关系到复垦的经济成本以及资源投入[9]。因此,科学确定覆土厚度对协调生态修复效果与经济可行性具有重要意义。

土壤微生物多样性作为评价土壤质量与生态功能的重要指标,其变化与生境条件密切相关[10]。在植物根区,因受根系分泌物影响,根际与非根际土壤微生物群落往往存在显著差异[11]。目前对根际与非根际的研究大多集中于外源性物料施入对细菌群落的影响,如有研究表明生物炭施用对玉米非根际土壤细菌群落多样性的增加效果显著,而对根际土壤细菌多样性的影响不大[12];土壤有机碳累积矿化量与玉米根际和非根际土壤细菌微多样性显著相关[13]。相比之下,土壤真菌虽然在土壤微生物中数量占比少,却在土壤有机物质分解[14]及土壤碳氮循环中发挥着重要作用,是土壤生态系统功能的重要驱动者。然而,目前关于覆土厚度如何影响煤矸石复垦区土壤真菌群落及其生态功能的研究仍较缺乏,尤其是不同覆土处理下真菌代谢功能与土壤养分的耦合机制尚不明确。

基于此,本研究提出如下假设:覆土厚度通过改变煤矸石填埋区复垦土壤的理化性质,进而影响土壤真菌群落的多样性、组成结构及其代谢功能,并存在一个最优厚度,能有效地促进根际微生态功能优化。为此,以山西省屯兰矿区煤矸石填埋复垦地为对象,分析不同覆土厚度下玉米根际和非根际土壤真菌群落结构、多样性及代谢功能变化,并结合土壤养分指标,揭示影响真菌群落构建的关键环境因子,以期为煤矸石复垦地土壤重构提供理论依据,促进矿区生态系统的可持续恢复。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

本试验中矿区复垦地位于山西省古交市南梁上村(37°52′59"N,112°6′32"E),属温带大陆性气候,年均气温9.5 ℃,年均降水量460 mm。该矿曾经的排矸方式为倾倒于附近天然沟壑中,该区域煤矸石中重金属含量(表1)均低于《GB15618-2018 土壤环境质量农用地土壤污染风险管控标准》,因此可利用附近山地黄土进行覆土复垦。该复垦地覆盖的黄土呈碱性,pH值为8.43,有机质含量低,仅为5.51 g/kg,氮磷钾全量分别为0.45、0.66和16.09 g/kg,有效磷、速效钾及碱解氮含量分别为17.35、92.32和9.68 mg/kg。本试验各覆土厚度(40、80和120 cm)下的试验样地均长5 m,宽4 m。本研究玉米种植试验播种与施肥分别采用人工点播与人工撒施方式,株距30 cm、行距55 cm,有机肥(7500 kg/hm²)配施无机肥(600 kg/hm²)。

1.2 样品采集

样品于玉米拔节期采集,在各覆土处理区选取3株长势一致的玉米,挖出植株根系后,采用抖根法轻抖去除附着在根系的大块土,用无菌软毛

表1　煤矸石中重金属含量

Table1　Contents of heavy metal in coal gangue

mg/kg

重金属 Heavy metal	铜 Cu	锌 Zn	镉 Cd	铅 Pb	砷 As
国家标准 National standards	100	300	0.60	170	25
区域实测值 Regional measurements	17	58	0.07	33	6

刷将附着在根系的0～2 mm土壤轻轻刷下后立即装入灭菌袋并密封,作为玉米根际土壤样品;采用对角线布点法,使用土钻获取株间0～20 cm土层土壤样品,放入灭菌袋并密封,作为非根际土壤样品。密封后的根际与非根际土壤样品均迅速放入4 ℃保温箱及时带回室内进行测定分析,所有的根际与非根际土壤样品均分为两部分,一部分用于真菌多样性分析,一部分用于土壤化学性质测定。未能及时做真菌试验的土样带回实验室后放在-80 ℃冰箱冷冻保存。用于测定化学性质的土壤样品需经自然风干,研磨并过筛后进行测定。每处理均设置3次重复。

1.3　实验方法与数据处理

土壤基础化学性质测定参照鲍士旦[15]方法,真菌高通量测序试验包括真菌DNA提取、PCR扩增(ITS1区)、建库测序、质量控制、序列单元ASV(Amplicon Sequence Variant)测定等环节均在上海派森诺生物公司进行。

利用SPSS 26.0软件对不同处理下的土壤真菌多样性进行方差分析与LSD事后多重检验($P<0.05$),利用Origin 2021软件进行绘图,使用R语言及其MetagenomeSeq包分析不同处理下有显著差异的真菌、利用Galaxy平台对不同处理下的真菌群落进行LEfSe(LAD Effect Size)分析,根据LAD默认值(LAD=2)确定有显著差异的标志性物种及数量;基于物种丰度矩阵(欧式距离)对不同处理下真菌群落差异与功能进行主成分分析(PCA,Principal component analysis);使用Canoco 5软件对真菌群落与土壤养分进行RDA(Redundancy Analysis)冗余分析。

2　结果与分析

2.1　玉米根际与非根际土壤养分

从表2中可见,不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤pH值及全氮、有机质、有效磷和速效钾含量差异显著。对于根际土壤,80 cm覆土厚度下玉米根际土壤有机质、有效磷、速效钾含量明显高于40和120 cm,碱解氮与全氮含量与120 cm之间差异不大,但是显著高于40 cm。对于非根际土壤,40 cm覆土厚度下土壤中全氮、有机质、碱解氮、有效磷、速效钾含量均显著低于80和120 cm,而80 cm和120 cm覆土厚度之间全氮、有机质和速效钾含量差异不显著($P>0.05$)。

表2　不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤养分

Table 2　Nutrient content in the maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

处理 Treatments	全氮/(g/kg) TN	有机质/(g/kg) OM	碱解氮/(mg/kg) AN	有效磷/(mg/kg) AP	速效钾/(mg/kg) AK	pH
R40	0.80±0.01b	10.72±0.28c	22.93±0.91b	14.63±0.49c	146.67±2.52b	8.41±0.01b
R80	0.87±0.02a	15.34±0.30a	28.59±1.82a	19.20±0.20a	154.33±3.06a	8.41±0.02b
R120	0.86±0.00a	12.49±0.11b	27.97±2.29a	15.73±0.43b	147.00±2.65b	8.40±0.01b
S40	0.60±0.01d	6.36±0.18e	12.69±0.34d	10.93±0.77e	123.33±4.93d	8.51±0.02a
S80	0.63±0.01c	7.27±0.14d	16.20±0.49c	14.93±0.41bc	139.67±0.58c	8.51±0.03a
S120	0.63±0.01c	7.20±0.15d	11.56±1.05d	13.33±0.09d	139.00±1.73c	8.52±0.01a

注:同列不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$);R40、R80、R120分别表示40、80和120 cm厚度下玉米根际土壤;S40、S80、S120分别表示40、80和120 cm厚度下非根际土壤。下同。

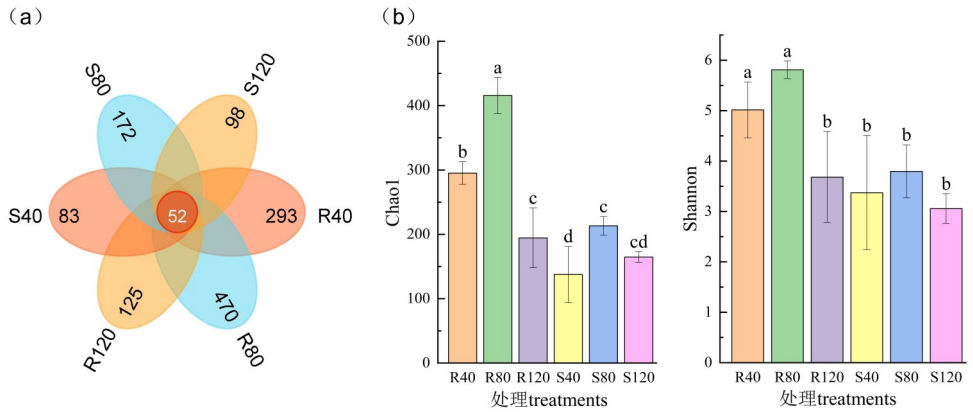
Note: Different lowercase letters show significant difference in the same column among different treaments ($P<0.05$); R40, R80 and R120 represent maize rhizosphere soil at thickness of 40, 80 and 120 cm, respectively; S40, S80 and S120 represent non-rhizosphere soils at 40, 80 and 120 cm thickness respectively. The same applies hereinafter.

2.2　玉米根际与非根际土壤真菌Alpha多样性

从图1a可见,不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤中独有的真菌ASV数量为83～470个,且根际数量均高于非根际。根际土壤中的ASV数量在80 cm覆土厚度下最多,为522,非根际土壤在40 cm的覆土厚度下数量最少,为135。玉米根际

与非根际土壤中真菌ASV数量顺序分别为R80>R40>R120和S80>S120>S40。

从图1b可以看出,对于玉米根际,80 cm厚度下Chao 1指数显著高于40和120 cm($P<0.05$),而Shannon指数在80与40 cm厚度间无显著差异($P>0.05$),但显著高于120 cm厚度($P<0.05$)。对于非根际,80 cm厚度下Chao1指数显著高于40 cm厚度($P<0.05$),但与120 cm厚度无显著差异($P>0.05$);而Shannon指数在不同覆土厚度下无显著差异($P>0.05$)。玉米根际土壤真菌群落在40和80 cm覆土厚度下Chao1指数相对于非根际增加115%和95%,Shannon多样性增加49%和53%,而120 cm厚度下根际与非根际间多样性指数差异不大($P>0.05$)。总体来看,80 cm的覆土厚度较40、120 cm更利于提高复垦土壤真菌多样性。



a: ASV的Venn图; b: 真菌多样性指数图;不同小写字母表示处理间差异显著($P<0.05$)

a: Venn of ASV; b:Fungal diversity index;different letters indicate significant difference among treatments($P<0.05$)

图1 不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌多样性

Fig.1 Fungal diversity of maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

2.3 玉米根际与非根际土壤真菌群落组成

对不同覆土厚度下玉米根际与非根际真菌群落差异进行PCA主成分分析,从图2可见,PC1与PC2分别解释48.8%和21.7%,总解释率为70.5%。对非根际土壤真菌群落,PC1将40 cm厚度与80、120 cm厚度处理分隔开,80和120 cm厚度处理间差异不大,均分布在第一象限,与40 cm厚度处理差异较大;根际土壤真菌群落80 cm和40、120 cm间差异较大,80 cm厚度处理位于第四象限,40 cm厚度处理位于二三象限,120 cm厚度处理位于第一二象限。由此可见,不同覆土厚度可以改变玉米根际与非根际真菌群落,尤其80与40 cm厚度间真菌群落组成差异显著。

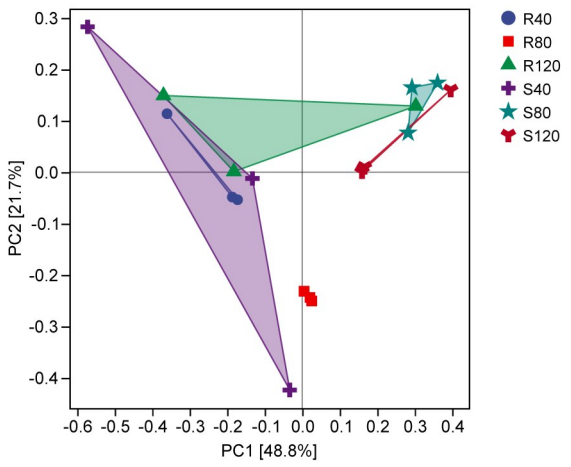
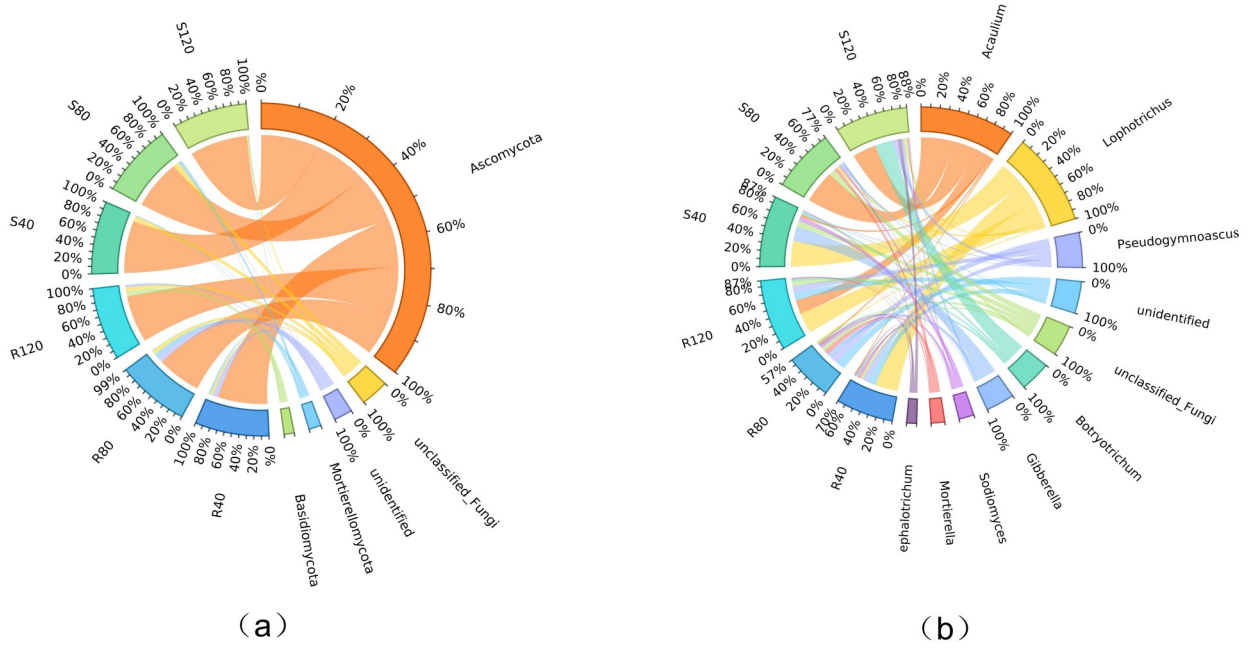


图2 PCA分析不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌群落

Fig.2 PCA of fungal community in the maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

从图3a可以看出,玉米根际与非根际土壤中子囊菌门(Ascomycota,73.63%~95.84%)为该复垦地的优势真菌门,其相对丰度在同一覆土厚度下均表现为根际低于非根际,且无论根际还是非根际的相对丰度在80 cm覆土厚度下最低,分别为73.63%和83.87%;而被孢霉门(Mortierellomycota,0.88%~6.51%)的相对丰度在80 cm厚度下最高,且同一覆土厚度下玉米根际中被孢霉门的相对丰度高于非根际。从图3b可发现,不同

覆土厚度下玉米根际与非根际真菌中丰度较高的属有无茎真菌属(*Acaulium*,1.6%～49.68%),瓶毛壳属(*Lophotrichus*,1.62%～38.76%),被毛枝葡萄孢属(*Botryotrichum*,0.41%～26.86%),赤霉属(*Gibberella*,0.26%～21.98%),假裸囊菌属(*Pseudogymnoascus*,1.24%～12.25%)等。在玉米根际土壤中,80 cm覆土厚度明显降低了瓶毛壳属的相对丰度,而提高了赤霉属的相对丰度;在非根际土壤中,80和120 cm覆土厚度相较于40 cm显著提高了无茎真菌属的丰度,降低了瓶毛壳属和赤霉属的丰度;各覆土厚度下玉米根际假裸囊菌属的相对丰度均大于非根际,而无茎真菌属却相反。总体来看,不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤中真菌门与属结构差异较大。



a:真菌门;b:真菌属

a: Fungal phylum; b: Fungal genus

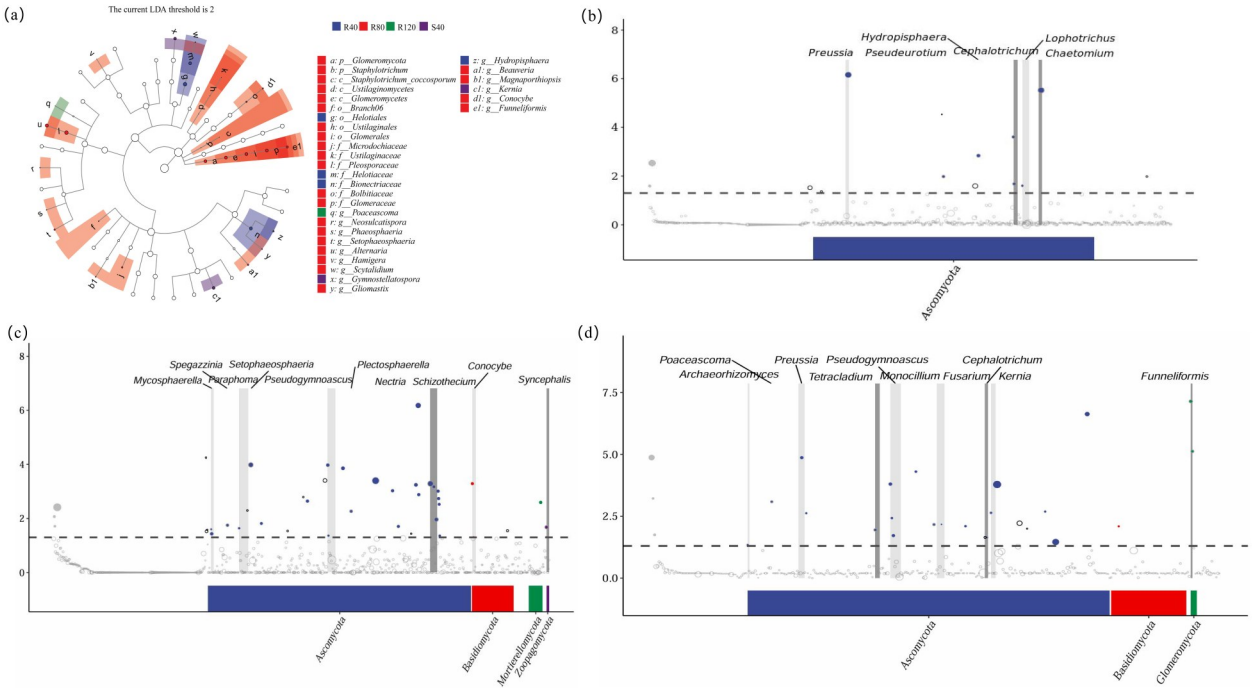
图3　不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌群落组成

Fig. 3　Fungal community composition in maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

进一步分析造成不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤中真菌群落组成差异的原因(图4),发现不同覆土厚度下玉米根际与非根际有显著组间差异的分类单元有31个,其中R80有24个,占总体的77%,有2个门,3个纲,3个目,5个科,11个属;R40有4个,分别为Bionectriaceae科、Helotiaceae科、Helotiales目和*Hydropisphaera*属;S40有2个为*Gymnostellatospor*a和*Kernia*,R120有1个为*Poaceascoma*,而S80和S120均为0,没有表现显著差异的物种,说明覆土厚度对玉米根际真菌的影响较大,80 cm厚度下的根际土壤真菌群落的响应最强,可以使某些真菌的相对丰度显著增强。MetagenomeSeq分析表明各覆土厚度下根际相对于非根际上调的ASV数量在40、80和120 cm覆土厚度下分别有9、32和25个,这些ASV均以粪壳菌纲为主,在40、80和120 cm的厚度下其数量分别为5、14和8个。总体来看,80 cm覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌群落差异最显著,且能显著增加粪壳菌纲丰度。

2.4　不同覆土厚度下根际与非根际土壤真菌代谢功能

不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌群落一级功能单元表现为生物合成、降解、利用、同化和前体代谢物和能量的产生。二级功能主要为氨基酸的生物合成,碳水化合物生物合成,辅因子、假体基团、电子载体和维生素生物合成,核苷和核苷酸生物合成、脂肪酸和脂质生物合成、电子转移与呼吸(图5)。不同样本共有84种代谢功能类群,对其进行因子分析后发现特征值大于1的有7个主成分,第1、2主成分总解释率为75.55%,大部分的代谢通路位于第一和第四象限,35条代谢



a: LEfSe 结果图;b、c 和 d 分别为 40、80 和 120 cm 覆土厚度下根际与非根际间真菌群落差异,虚线分隔差异显著与不显著的 ASV,不显著的用灰色圆环表示,组内显著上调的用实心圆点显示,颜色代表不同门

a: analysis results of LEfSe; b, c, and d show fungal community differences between rhizosphere and non-rhizosphere at soil cover thicknesses of 40, 80, and 120 cm, respectively, dashed lines separate significant and non-significant ASVs, non-significant ones are represented by gray rings, and significant up-adjustments within groups are indicated by solid dots, colors for different phylum

图 4 不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌群落组成差异

Fig.4 Fungal community in the maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

通路对第 1 主成分的贡献较大,其中生物合成通路占比最大;对主成分 2 贡献率较大的为前体代谢物和能量的产生通路,如氮化合物代谢通路(D13)和辅酶 Q-7(B21)等通路。从表 3 可见,不同覆土厚度下根际真菌代谢功能均高于非根际,无论根际还是非根际,80 cm 厚度下真菌代谢功能得分值最大,为 0.71,S40 得分最小,为-0.39,顺序为 R80>R40>R120>S80>S120>S40,说明 80 cm 覆土厚度下土壤真菌代谢功能最强。

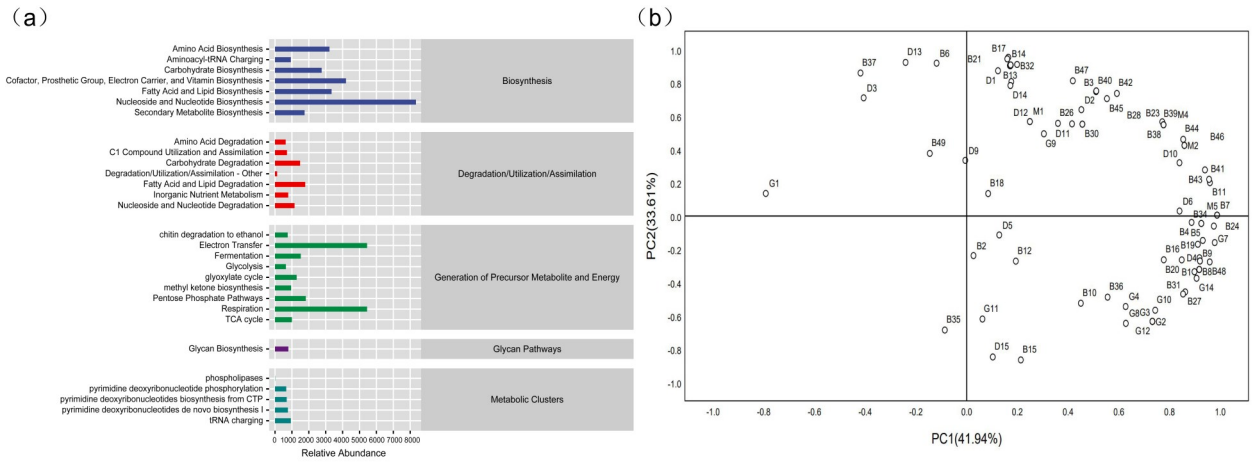
表 3 不同覆土厚度下根际与非根际真菌代谢功能得分表

Table 3 Fungal metabolic function score in the maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

处理 Treatments	F1	F2	F3	F4	F5	F6	得分 Score	排序 Order
R40	0.88	−0.02	−0.62	−0.85	0.83	0.16	0.30	2
R80	0.20	1.80	0.34	0.02	−0.43	0.01	0.71	1
R120	0.41	−0.60	−0.34	−0.35	−0.85	−0.53	−0.12	3
S40	−1.11	0.02	−0.19	0.85	0.51	0.31	−0.39	6
S80	−0.12	−0.46	−0.60	0.46	−0.17	−0.09	−0.24	4
S120	−0.25	−0.74	1.41	−0.13	0.10	0.14	−0.26	5

2.5 玉米根际与非根际土壤真菌群落与土壤养分

不同处理下的真菌群落与土壤基础养分 RDA 分析结果表明(表 4 和图 6),玉米根际与非根际土壤真菌群落结构对覆土厚度的响应显著,其中贡献率较高的土壤有机质含量(36.8%,$P<0.01$)、有效磷含量(27.3%,$P<0.05$)和全氮含量(16.9%,$P<0.05$)是主要驱动因子;根际与非根际间真菌群落在 80 和 120 cm 处理下差异显著;非



a：真菌代谢通路图；b：PCA分析真菌代谢功能通路结果图，B1～B49代表生物合成，D1～D15代表降解，G1～G14代表前体代谢物和能量的产生，G代表糖链代谢途径，M1～M5代表代谢簇

a：Picture of fungal metabolic pathways；b：PCA analysis results of fungal metabolic pathways，B1～B49 represent biosynthesis，D1～D15 represent degradation，G1～G14 represent generation of precursor petabolite and energy，G represents glycan Pathways and M1～M5 represent metabolic clusters

图5　不同覆土厚度下根际与非根际真菌代谢功能分析

Fig.5　Fungal metabolic function analysis in the maize rhizosphere and non-rhizosphere soil under different soil cover thickness

根际土壤在40 cm与其它2个处理间存在显著差异，而80与120 cm处理间差异不显著；根际土壤则表现为80 cm与其他处理间差异显著。总体来看，无论根际还是非根际，80与40 cm厚度处理间差异较大。

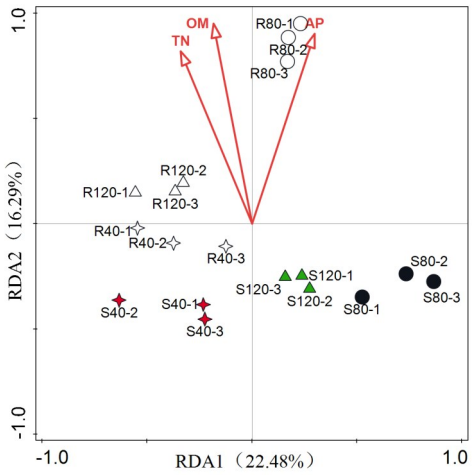


图6　RDA分析玉米根际与非根际土壤养分与真菌群落

Fig. 6　RDA about nutrients and fungal community in the maize rhizosphere and non-rhizosphere soil

3　讨论

3.1　覆土厚度与玉米根际与非根际土壤真菌多样性

根际是微生物、土壤与植物根系进行能量养分交换的场所，真菌是微生物的重要组成部分，研究根际真菌多样性对于复垦土壤质量的提升与植物生长有重要意义。对于根际与非根际真菌的研究报道结果不一[16-17]。本研究表明各覆土厚度下玉米根际土壤真菌多样性均高于非根际，且80 cm的覆土厚度下二者间的差异最显著，与孙美美等[18]和杨泽良等[19]的研究结果相似。这是因为植物通过光合作用合成的同化产物会以有机与无机分泌物的形式向根际区域释放[20]，为根际微生物提供生长所需的物质与能量，作物根系活动也可能利于根际土壤中形成一定的特异性微生物群落，使得某些特定类群增殖和丰度提高[21]，导致作物根际与非根际土壤间的微生物多样性产生明显的差异。本研究也表明无论根际还是非根际，80 cm覆土厚度下土壤真菌ASV独有的数量与总数、物种多样性指数Shannon、丰富度指数chao1均高于40和120 cm，且玉米根际与非根际间差异性物种最多，说明该覆土厚度非常有利于根际真菌群落丰富度与物种多样性增加[13]，更利于真菌群落多

表4　RDA前选择结果

Table 4　RDA forward results

名称 Name	解释率/% Explains	贡献率/% Contribution	pseudo—F	*P*
有机质 OM	21.8	36.8	5.3	0.002
有效磷 AP	16.2	27.3	3.1	0.012
全氮 TN	10.0	16.9	2.7	0.026

样性恢复和生态环境可持续发展[22]。

3.2 覆土厚度与玉米根际与非根际土壤真菌群落结构

有研究表明子囊菌门和担子菌门是矿区复垦地土壤真菌中的优势类群[23]。本研究发现子囊菌门是该复垦区各覆土厚度下玉米根际与非根际土壤中的优势真菌门,这与子囊菌门可与植物形成共生关系[24]、生存能力强的特点有关[10]。该菌门下的无茎真菌属、瓶毛壳属和假裸囊菌属为相对丰度较高的真菌属。本研究发现80 cm覆土厚度下被孢霉门相对丰度最高,原因可能与该覆土厚度下土壤有机质含量最高有关,因为该真菌门对有机质丰富的腐败物适应能力强。同时发现该覆土厚度下根际与非根际土壤真菌群落结构差异最显著,根际相对于非根际显著增加了子囊菌门下粪壳菌纲的相对丰度,原因可能是作物根系分泌物促进该类真菌在根际富集并生长发育。粪壳菌纲对土壤中纤维素的降解功能较强[25],由于土壤微生物群落多样性与土壤有机碳累积矿化量相关[13],说明该覆土厚度利于复垦土壤中碳的转化与累积。我们也发现80和120 cm覆土厚度相较于40 cm非根际土壤中无茎真菌属的相对丰度显著提高,说明覆土越厚,越利于该真菌的生长,将促进其分解土壤有机物,形成多种次生代谢产物[26]。总体来看,80 cm覆土厚度对玉米根际与非根际土壤真菌群落的影响较大,该厚度更利于复垦土壤质量的提升。

3.3 覆土厚度与玉米根际与非根际土壤真菌代谢功能

利用PICRUSt预测真菌群落功能,发现不同覆土厚度下真菌代谢通路主要表现为生物合成,因子分析表明玉米根际得分值高于非根际,且80 cm覆土厚度下真菌代谢功能得分值最高。这与80 cm的覆土厚度相较于40和120 cm增加了煤矸石填埋区根际土壤真菌多样性相关,因为大多数微生物在土壤中占据特有的生态位并执行不同生态功能,微生物多样性增加通常意味着生态功能增强[27]。意味着80 cm的覆土厚度不仅可以为玉米生长提供良好的土壤环境,而且对于维持和增强该复垦区土壤生态系统功能有良好的作用。在玉米根际及非根际土壤样品中,unclassified真菌类群均表现出较高的相对丰度,这一现象提示在该复垦区域不同覆土厚度条件下,可能存在大量尚未被分类鉴定的真菌新类群,这些潜在的新类群在土壤生态系统中的功能角色及其生态学意义,仍需通过后续研究深入解析。

3.4 玉米根际与非根际土壤真菌群落与养分的相关性

土壤真菌群落组成随环境变化而改变[10]。土壤养分如有机质、碳、氮、磷、钾等可能会通过对土壤真菌施加生理限制,进而改变土壤真菌群落结构[28]。如陈建文等[10]研究表明土壤有机质与土壤微生物群落组成密切相关,土壤有机质越多,微生物生物量越高,进而可以促进土壤微生物群落发展[29];孙美美等[18]的研究也表明土壤有机质是改变土壤真菌群落的关键因子;Chen等[30]的研究表明土壤中除了有机质,硝态氮含量与真菌群落多样性的相关性也较强;谭小敏等[31]的研究结果表明土壤有机质、全氮、速效钾含量及pH值是驱动农田玉米根际土壤真菌群落结构的关键环境因子。本研究表明土壤中有机质、全氮和有效磷含量对不同覆土厚度下玉米根际与非根际土壤真菌群落组成的贡献率较高,说明土壤环境资源可利用性的改变会直接导致土壤真菌群落的重组。

4 结论

各覆土厚度下玉米根际真菌ASV数量均高于非根际,子囊菌门(Ascomycota)为玉米根际与非根际土壤中的优势真菌门。80 cm的覆土厚度相较于40和120 cm增加了ASV数量,增加了被孢霉门的相对丰度,标志性差异物种最多,增加了土壤中的真菌群落物种多样性和丰富度,真菌代谢功能最强,得分最高。土壤全氮、有机质和有效磷含量是驱动该复垦地不同覆土厚度下根际与非根际土壤真菌群落变化的重要因素。未来的研究应该更加关注不同覆土厚度下的功能菌群对复垦地玉米产量、生物量等农艺指标的影响,切实提高复垦地地力水平。

参 考 文 献

[1]陈晨,陈浬,李彦澄,等. 贵州典型煤矸石堆场微生物群落结构及功能特征[J]. 微生物学通报,2023,50(12):5300-5319.
Chen C, Chen L, Li Y C, et al. Structural and functional characteristics of microbial communities of typical coal gangue dumps in Guizhou Province[J]. Microbiology China, 2023, 50(12):5300-5319.

[2]刘帆俞,宋慧平,吴海滨,等. 煤矸石土壤化利用与土壤改良剂研究进展[J]. 矿产保护与利用,2023,43(6):14-26.
Liu F Y, Song H P, Wu H B, et al. Research progress on the utilization of coal gangue for soil remediation and as soil amendment agents[J]. Conservation and Utilization of Mineral

Resources,2023,43(6):14-26.

[3]谭晓东.天山北麓块状废石回填下复垦土壤水分运移规律[D].乌鲁木齐:新疆大学,2021.
Tan X D. Law of reclaimed soil moisture movement under backfilling of massive waste rocks in the northern foot of tianshan mountains[D].Urumqi: Xinjiang University, 2021.

[4]周育智.淮南潘集矿区煤矸石充填复垦土壤有机碳分布特征研究[D].合肥:安徽理工大学,2017.
Zhou Y Z. Organic carbon distribution of reconstruction soil filled with coal gangue from Panji coal mining area in Huainan, China.[D]. Hefei: Anhui University of Science and Tchnology, 2017.

[5]Jin L Q, Li X L, Sun H F, et al. Responses of soil microbial activities to soil overburden thickness in restoring a coal gangue mound in an alpine mining area[J]. Ecological Indicators,2023,151:110294.

[6]陈孝杨,周育智,严家平,等. 覆土厚度对煤矸石充填重构土壤活性有机碳分布的影响[J]. 煤炭学报,2016,41(5):1236-1243.
Chen X Y,Zhou Y Z,Yan J P,et al. Effects of topsoil thickness on active organic carbon distribution in reconstruction soil filled with coal gangue[J]. Journal of China Coal Society,2016,41(5):1236-1243.

[7]谭格非,韩立鹤,王杰,等. 藏东南铁路弃渣场不同土壤重构模式土壤质量评价[J]. 草业科学,2023,40(3):680-691.
Tan G F, Han L H, Wang J, et al. Soil quality evaluation of different soil reconstruction models in spoil dumps of the southeastern Tibet railway[J]. Pratacultural Science, 2023, 40(3):680-691.

[8]张雅楠,吕刚. 露天煤矿排土场覆土厚度对土壤水分入渗及植物水分利用的影响[J]. 水土保持学报,2023,37(5):345-351,362.
Zhang Y N, Lü G. Effect of soil cover thickness on soil water infiltration and plant water utilization in the dump of open pit coal mine[J]. Journal of Soil and Water Conservation,2023,37(5):345-351,362.

[9]Hu Z Q, Duo L H, Shao F. Optimal thickness of soil cover for reclaiming subsided land with Yellow River sediments [J]. Sustainability,2018,10(11):3853.

[10]陈建文,张红,李君剑,等. 铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性[J]. 环境科学,2021,42(4):2056-2065.
Chen J W, Zhang H, Li J J, et al. Soil fungal community structure and functional diversity in a copper tailing dam and its surrounding areas[J]. Environmental Science, 2021, 42(4): 2056-2065.

[11]覃锋燕,杨慰贤,彭晓辉,等. 粉垄耕作木薯根际与非根际土壤的细菌群落结构多样性差异[J]. 西南农业学报,2022,35(4):729-739.
Qin F Y, Yang W X, Peng X H, et al. Difference in the diversity of bacterial community structure in rhizosphere and non-rhizosphere soil of cassava in Fenlong tillage [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2022, 35(4):729-739.

[12]程扬,刘子丹,沈启斌,等. 秸秆生物炭施用对玉米根际和非根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态环境学报,2018,27(10):1870-1877.
Cheng Y, Liu Z D, Shen Q B, et al. The impact of straw biochar on corn rhizospheric and non-rhizospheric soil microbial community structure [J]. Ecology and Environmental Sciences,2018,27(10):1870-1877.

[13]付先恒,李世清,岳善超,等. 玉米根际和非根际土壤细菌微多样性与土壤有机碳矿化的关系[J]. 水土保持通报,2023,43(1):323-331.
Fu X H, Li S Q, Yue S C, et al. Relationship of bacterial microdiversity of rhizosphere and bulk soil with soil organic carbon mineralization in maize fields[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation,2023,43(1):323-331.

[14]Peršoh D. Plant-associated fungal communities in the light of meta'omics[J]. Fungal Diversity,2015,75(1):1-25.

[15]鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 北京:中国农业出版社,2000(3):495.
Bao S D. Agrochemical analysis of soil [M]. Beijing: China Agriculture Press,2000(3):495.

[16]吴秋芳,侯立江,何玲敏,等. 北艾根际与非根际土壤微生物多样性的高通量测序分析[J]. 河南农业大学学报,2021,55(5):928-935.
Wu Q F, Hou L J, He L M, et al. Illumina next-generation sequencing analysis of microbial diversity in rhizosphere and non-rhizosphere soils of *Artemisia vulgaris* L[J]. Journal of Henan Agricultural University,2021,55(5):928-935.

[17]肖锐,谭璐,吴亮,等. 镉胁迫下地肤根际与非根际土壤微生物群落结构及多样性[J]. 中国农业科技导报,2023,25(8):203-215.
Xiao R, Tan L, Wu L, et al. Microbial community structure and diversity in rhizosphere and non-rhizosphere soil of *Kochia scoparia* under Cd stress[J]. Journal of Agricultural Science and Technology,2023,25(8):203-215.

[18]孙美美,田丽,乔紫薇,等. 内蒙古砒砂岩地区沙棘根际和非根际土壤理化性质及真菌群落特征[J]. 微生物学报,2024,64(6):1747-1765.
Sun M M, Tian L, Qiao Z W, et al. Physicochemical properties and fungal community characteristics of rhizosphere and non-rhizosphere soils of *Hippophae rhamnoides* in Pisha sandstone area of Inner Mongolia [J]. Acta Microbiologica Sinica,2024,64(6):1747-1765.

[19]杨泽良,李萍芳,薛涛,等. 玉米根际土壤微生物群落结构及多样性季节变化特征[J]. 西南农业学报,2020,33(5):1001-1010.
Yang Z L, Li P F, Xue T, et al. Seasonal variation characteristics of soil microbial community structure and diversity of corn in rhizosphere soil [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences,2020,33(5):1001-1010.

[20]Broeckling C D, Broz A K, Bergelson J, et al. Root exudates regulate soil fungal community composition and diversity[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2008, 74 (3): 738-744.

[21]Taschen E, Amenc L, Tournier E, et al. Cereal-legume intercropping modifies the dynamics of the active rhizospheric bacterial community[J]. Rhizosphere, 2017,3(1): 191-195.

[22]Wick A F,Merrill S D,Toy T J,et al. Effect of soil depth and topographic position on plant productivity and community development on 28-year-old reclaimed mine lands[J]. Journal of Soil and Water Conservation,2011,66(3):201-211.

[23]王晓艳.磷矿复垦区先锋植物根际真菌群落组成及部分可培养真菌的功能研究[D].昆明:云南农业大学,2023.
Wang X Y. Study on the composition of rhizosphere fungal communities and the functions of some cultivable fungi in pioneer plants in phosphate mine reclamation areas [D]. Kunming: Yunnan Agricultural University, 2023.

[24]Challacombe J F, Hesse C N, Bramer L M, et al. Genomes and secretomes of Ascomycota fungi reveal diverse functions in plant biomass decomposition and pathogenesis [J]. BMC Genomics,2019,20(1):976.

[25]王雨晴,陈香碧,董明哲,等. 红壤丘陵区旱地和水旱轮作地土壤中纤维素降解功能微生物群落特征[J]. 农业环境科学学报,2017,36(10):2071-2079.
Wang Y Q, Chen X B, Dong M Z, et al. Characteristics of cellulose-degrading microbial communities in upland and paddy-upland rotation land soils in red soil hilly region[J]. Journal of Agro-Environment Science,2017,36(10):2071-2079.

[26]Su L, Zhu H, Sun P L, et al. Species diversity in *Penicillium* and *Acaulium* from herbivore dung in China, and description of *Acaulium stercorarius* sp. nov [J]. Mycological Progress, 2021,20(12):1539-1551.

[27]Louca S, Polz M F, Mazel F, et al. Function and functional redundancy in microbial systems [J]. Nature Ecology & Evolution,2018,2(6):936-943.

[28]Zhang T, Jia R L, Yu L Y. Diversity and distribution of soil fungal communities associated with biological soil crusts in the southeastern Tengger Desert (China) as revealed by 454 pyrosequencing[J]. Fungal Ecology,2016,23:156-163.

[29]李香真,曲秋皓. 蒙古高原草原土壤微生物量碳氮特征[J]. 土壤学报,2002,39(1):97-104.
Li X Z, Qu Q H. Soil microbial biomass carbon and nitrogen in Mongolian grassland[J]. Acta Pedologica Sinica, 2002, 39 (1):97-104.

[30Chen C, Zhang J N, Lu M, et al. Microbial communities of an arable soil treated for 8years with organic and inorganic fertilizers [J]. Biology and Fertility of Soils,2016,52(4):455-467.

[31]谭小敏,吕开源,马惠,等. 秸秆还田模式下种植密度对玉米根际土壤真菌群落的影响及其驱动因素分析[J]. 中国农业气象,2024,45(3):232-244.
Tan X M, Lü K Y, Ma H, et al. Effects of planting density on fungal community in maize rhizosphere soil and its driving factors under straw returning mode [J]. Chinese Journal of Agrometeorology,2024,45(3):232-244.

(编辑:马荣博)