

微生物复合菌剂在西北典型煤矿破损生态区修复中的应用

赵颖豪¹, 刘兴宇^{*1}, 吕莹¹, 谭泽宝², 吴昊宇¹, 边晓堃¹, 齐志雅¹, 张沥匀¹

1 中国地质大学(北京)科学研究院, 北京 100083

2 湖南农业大学植物保护学院, 湖南 长沙 410128

赵颖豪, 刘兴宇, 吕莹, 谭泽宝, 吴昊宇, 边晓堃, 齐志雅, 张沥匀. 微生物复合菌剂在西北典型煤矿破损生态区修复中的应用[J]. 微生物学通报, 2024, 51(5): 1391-1404.

ZHAO Yinghao, LIU Xingyu, LÜ Ying, TAN Zebao, WU Haoyu, BIAN Xiaolong, QI Zhiya, ZHANG Liyun. Application of a composite microbial agent in the restoration of ecologically damaged areas in typical coal mines in Northwest China[J]. Microbiology China, 2024, 51(5): 1391-1404.

摘要: 【背景】煤炭作为重要的能源物质, 在生产活动中需求量巨大, 但长期的煤炭开采会对矿区生态环境带来极大破坏。微生物修复作为一种对环境友好、操作简单、经济成本低的修复方式, 在煤矿区生态系统恢复中有广泛的应用前景。【目的】利用微生物复合菌剂对煤矿区排土场地进行修复。通过微生物的代谢活动以及与植物根系的相互作用, 实现修复煤矿破碎生态环境的目的。【方法】借助 16S rRNA 基因高通量测序技术对修复场地微生物群落结构进行分析。通过监测试验场地土壤营养成分、重金属含量以及场地荞麦植株生长状况, 评价了微生物修复效果, 并初步探究了微生物所发挥的功能。【结果】试验场地中存在有多种具有修复能力的菌种, 微生物菌剂的加入降低了试验场地微生物多样性, 但对土著微生物群落结构的影响较小。经过 150 d 的现场修复, 场地有机质含量提高 70%、总氮含量提升 20%、总钾含量提升 48.4%。速效氮、磷、钾也分别提升 40%、26.8%和 24.2%, 土壤肥力得到显著恢复。场地有机质、速效磷和速效钾含量在修复期内呈现出增长趋势, 表明功能微生物持续为植物生长提供高效的营养物质。场地砷含量降低 49%, 铜含量降低 41%, 表明微生物对场地(类)重金属起到了修复作用。微生物通过促进植株根系生长, 提高了植株对营养物质的吸收和利用, 场地荞麦株高提高 30%, 干重提升 100%, 粗蛋白含量提高 22.4%。【结论】微生物菌剂显著提高了试验场地的土壤肥力, 抑制了土壤重金属毒害作用, 并有效地促进了场地经济作物的生长。微生物修复在煤矿区破损生态系统的恢复上具有巨大的应用价值。

关键词: 煤矿区; 微生物复合菌剂; 微生物修复; 生态系统修复

资助项目: 国家自然科学基金(42330713); 国家黄河流域生态保护和高质量发展联合研究中心

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (42330713) and the National Joint Research Center for Ecological Protection and High Quality Development in the Yellow River Basin of China.

*Corresponding author. E-mail: wellwoodliu@163.com

Received: 2024-02-27; Accepted: 2024-03-09; Published online: 2024-03-19

Application of a composite microbial agent in the restoration of ecologically damaged areas in typical coal mines in Northwest China

ZHAO Yinghao¹, LIU Xingyu^{*1}, LÜ Ying¹, TAN Zebao², WU Haoyu¹, BIAN Xiaolong¹, QI Zhiya¹, ZHANG Liyun¹

1 Institute of Earth Science, China University of Geosciences (Beijing), Beijing 100083, China

2 College of Plant Protection, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, Hunan, China

Abstract: **[Background]** As an important energy resource, coal is in high demand in production activities. However, long-term coal mining causes serious damage to the eco-environment. Microbial remediation, as an environmentally friendly, simple, and low-cost remediation method, has broad application prospects in the restoration of coal mining areas. **[Objective]** We used a composite microbial agent for the remediation of spoil sites in coal mining areas, aiming to restore the fragmented eco-environment of coal mines through microbial activities and interactions of microorganisms with plant roots. **[Methods]** Utilizing 16S rRNA gene high-throughput sequencing, we analyzed the microbial community structure at the remediation site. By monitoring the soil nutrient content, heavy metal concentrations, and growth of buckwheat plants, we assessed the efficacy of microbial remediation and explored the functions of the microorganisms. **[Results]** There were diverse microbial species with remediation capabilities at the experimental area. The addition of the microbial agent reduced the microbial diversity but had a minor impact on the indigenous microbial community structure at the experimental site. The on-site restoration for 150 days increased the organic matter, total nitrogen, total potassium, available nitrogen, available phosphorus, and available potassium by 70%, 20%, 48.4%, 40%, 26.8%, and 24.2%, respectively, which indicated the significant recovery in soil fertility. The organic matter, available phosphorus, and available potassium showed an increasing trend during the restoration period, indicating that functional microorganisms continuously provided efficient nutrients for plant growth. The decrease of 49% in arsenic and 41% in copper indicated that microorganisms played a role in the remediation of heavy metals at the site. Microorganisms promoted the growth of plant roots, enhancing the absorption and utilization of nutrients by plants. They increased the buckwheat plant height, dry weight, and crude protein content by 30%, 100%, and 22.4%, respectively. **[Conclusion]** The microbial agent significantly improved the soil fertility, suppressed the toxic effects of heavy metals in the soil, and promoted the growth of economic crops at the experimental site. Microbial remediation holds a great application value in the restoration of fragmented ecosystems in coal mining areas.

Keywords: coal mining area; composite microbial agent; microbial remediation; ecosystem restoration

煤炭作为我国经济社会发展的主要能源物质^[1], 随着社会发展, 年需求总量增速将保持在 2%以上^[2]。内蒙古自治区、甘肃省和陕西省等西北地区储备着丰富的煤炭资源, 是我国煤炭的主要产地之一^[3]。目前, 我国煤炭总储量约为 1.73 万亿 t, 占据全世界煤炭总储量的 13%, 年产量超过 13 亿 t^[4]。然而, 采矿活动被认为是环境污染的主要来源之一, 会对矿区周边的生态环境造成严重危害^[5]。一方面, 采矿活动破坏了采矿区土地完整性, 对周边环境土壤原有功能造成影响, 严重抑制矿区和周边植被的生长, 降低植被覆盖度, 造成水土流失、土地荒漠化等后果^[6]。此外, 煤炭开采过程中伴随有大量煤矸石等残渣的产生, 大量废渣的堆放也难以处理^[7]。另一方面, 采矿活动也是土壤重金属污染的主要来源^[8], 煤矸石中的重金属在被水淋溶时会持续释放到环境中, 严重污染矿区周边土壤、河流和地下水^[9]。

近年来, 煤炭区环境污染问题备受关注, 对开采场地环境修复的重视日益增强^[10-11]。我国面临着艰巨的矿山修复任务。一方面, 历史遗留污染场地规模巨大, 近一半的矿山需要进行生态环境修复; 另一方面, 每年新增的损毁场地中有超过一半未得到有效治理, 更加剧了生态修复的艰巨性^[12]。目前, 已有多种方法应用于矿山生态修复中, 包括物理法、化学法和生物法等^[13-14]。物理方法是通过工程实施的方式进行场地修复, 包括客土、电动修复和电热修复等形式。化学法主要利用各种化学试剂, 通过钝化、溶解或降解等方式去除土壤污染, 包括化学淋洗、化学钝化以及生物-化学联合修复等方法。生物法则是利用植物和微生物的新陈代谢和生命活动, 对土壤中的有害物质进行吸附、富集、转化和降解, 最终通过修复土壤生态系统使环境恢复到良好状态^[15]。在选择修

复方法时, 需要考虑土壤受损程度、受损范围以及日后的利用方式, 同时经济因素也是影响选择的重要因素。我国矿山生态修复工作量巨大、修复成本高昂, 因此推进进程相对缓慢。

土壤微生物在生态系统中发挥着重要作用, 在矿区生态恢复中具有巨大的应用潜力^[16]。一方面, 通过微生物的代谢作用可以降低土壤环境中有害物质的活性, 或将其降解为无害物质, 达到修复环境的目的; 另一方面, 微生物可以通过调节土壤营养物质循环过程加速场地生态系统的恢复^[17]。与传统的化学和物理修复技术相比, 微生物修复技术因操作简单、成本低廉和对环境友好等特点受到广泛关注。目前, 已有多种微生物被分离筛选出来并应用于环境修复当中, 可以通过生物固氮^[18]、固碳^[19]、解磷^[20]等形式为场地补充肥力, 或通过产生植物激素^[21]、抑制场地病原菌^[22]和降低污染物浓度^[23]等形式起到修复污染场地和促进植被恢复的功能。但是, 目前对于环境微生物的研究还集中在实验室阶段, 对场地实际修复的研究还较为缺少。

接种功能微生物是一种经济、环保的促进植被生长的方式^[24]。固氮菌、固碳菌、解磷菌、解钾菌和硫酸盐还原菌等功能微生物在土壤生态系统中发挥着重要的作用, 已被广泛应用于农业生产中^[25]。解磷菌和解钾菌是一类能够将土壤中的磷、钾化合物转化为可被植物吸收利用形式的微生物^[26], 可以促进土壤营养物质循环, 提高土壤肥力, 提高植物对营养物质的吸收利用。硫酸盐还原菌(sulfate reducing bacteria, SRB)是一类利用硫酸盐作为电子受体进行能量代谢的微生物, 将硫酸盐还原为硫化物, 同时产生能量来维持生存^[27]。产生的硫化物会与土壤中的重金属离子结合形成稳定的硫化物, 从而降低重金属离子的毒害作用。也可以通过微生物的吸附作用将重金属离子吸收到微生物

体内进行储存和转化,从而降低土壤环境中重金属浓度。同时,硫酸盐还原菌也在地球生态系统的硫循环中发挥着重要作用,参与了有机物的分解和转化过程,为植物生长提供硫元素。

目前,对于微生物修复的研究较多集中于实验室阶段,在实际场地的应用较为缺少。采用微生物技术对西北矿产开采区进行生态环境修复,在我国环境修复领域还缺少研究实例。本研究利用前期筛选的多种功能微生物菌种构建微生物复合菌剂,并将其应用于西北典型煤矿破损失态区的修复过程中。旨在通过激活场地原位微生物群落结构达到恢复场地生态的目的。采用宏基因组技术对土壤微生物群落结构进行分析,并监测土壤营养物质变化和作物生长情况,以评估场地修复效果。通过分析,希望深入揭示微生物修复煤矿破碎生态区过程中微生物、土壤环境及植物之间的相互作用,为微生物修复技术的推广提供更多的数据基础与理论依据。

1 材料与amp;方法

1.1 微生物菌剂

微生物菌剂由实验室前期筛选得到的多种功能微生物菌种搭配组成,包括节杆菌属(*Arthrobacter*)、芽孢杆菌属(*Bacillus*)、不动杆菌属(*Acinetobacter*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)^[28]。通过功能检验发现该微生物菌剂可以发挥解磷、解钾、产植物生长激素、降解纤维素和产铁载体等功能,在沙漠化场地微生物修复中能够发挥优越的功能^[28]。针对煤矿区场地中潜在的重金属污染问题,增加了脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)微生物。该菌作为硫酸盐还原菌,具有固化土壤中金属、降低金属有害性的功能,也可以为植物生长提供必要的硫元素^[29]。

1.2 培养基

胰蛋白胨大豆肉汤(tryptic soy broth, TSB)

培养基(g/L):胰酪胨 17.0,大豆木瓜蛋白酶水解物 3.0, K_2HPO_4 2.5, NaCl 5.0, 葡萄糖 2.5。调节 pH 值至 7.0, 121 °C 灭菌 20 min。

菌液扩大培养基(g/L):酵母提取物 1.0, 葡萄糖 0.2, KH_2PO_4 0.5, NaCl 1.0, $MgSO_4$ 1.0 和 60%乳酸钠溶液 1 mL。将各成分按比例分别加入到 0.5 m³ 和 3 m³ PE 材质储水桶中,注入清水并充分溶解后使用。

1.3 主要试剂和仪器

菌液扩大培养基原材料,北京茂泰恒林环保科技有限公司。PE 卧式储水桶,玉田县胜亚塑料制品有限公司;增压潜水泵,佳普工业设备(上海)有限公司;电子天平,上海菁海仪器有限公司;恒温培养摇床,上海智城仪器制造有限公司;高压灭菌锅,上海申安医疗器械厂。

1.4 场地概况

修复场地位于陕西省某典型露天煤矿排土场,矿区东西宽约 3.2 km,南北长约 16.5 km,面积约为 53.3 km²,开采深度为 55–190 m,资源储量超过 8.1 亿 t。该煤矿区位于黄土高原与毛乌素沙漠的交界地带,属于中温带半干旱大陆性气候。场地气候特点包括干燥少雨、昼夜温差大、季节性变化明显、风大干燥等。场地受水力侵蚀和风力侵蚀较为严重,土壤成分以风沙土、栗钙土等为主。场区周围植被稀疏,主要植被类型有沙柳、紫花苜蓿和梭梭等。

1.5 试验场地划分

在煤矿区排土场地选择 6 000 m² 区域作为微生物修复的研究场地,将其划分为 5 400 m² 试验区和 600 m² 对照区,通过田垄和警戒线进行分割。对试验场地进行平整,去除场地内石块、杂草等杂物。

1.6 菌液的扩大培养

微生物菌剂采用阶梯扩大培养的方式进行培养。

在实验室进行第一步扩大培养。将 5 种保藏菌种分别接种于 300 mL 无菌 TSB 液体培养基中, 在 30 °C、160 r/min 摇床中培养, 待菌液 OD_{600} 生长至 1.0 时, 在 4 °C、8 000 r/min 条件下离心 30 min 后收集菌体。将 5 种微生物菌体等比例混合, 重悬于新的 500 mL 无菌 TSB 液体培养基中, 用作试验现场菌剂种子液。

试验场地配备多个 3 m³ 和 0.5 m³ PE 材质储水桶, 根据储水桶体积加入固体菌液扩大培养基, 注满清水使培养基充分溶解, 用作微生物培养装置。第二步扩大培养在 0.5 m³ 培养桶中进行, 培养 3 d 后将培养液平均加入到多个 3 m³ 培养桶中, 进行第三步扩大培养。待 3 m³ 培养桶中微生物菌剂 OD_{600} 生长至约 0.5 时, 可用于现场菌液喷淋。每次喷淋后桶中剩余约 1/5 菌液可作为种子液, 补加液体培养基后进行重复扩大培养。

1.7 经济作物播种

在场地中播种荞麦作为研究植物, 荞麦 (*Fagopyrum esculentum moench*) 是蓼科 (*Polygonaceae*) 荞麦属 (*Fagopyrum*) 植物, 作为一种常见的经济作物可以用作牛、羊等牲畜饲料。同时, 荞麦具有一定的重金属吸收能力, 可作为先锋植物用于场地修复。

1.8 菌液喷淋

自 2023 年 6 月初开始喷淋微生物菌剂, 按照每周 2 次的喷淋频率共计喷淋 8 次, 每 100 m² 场地总计喷淋 0.1 m³ 微生物菌液, 对照区喷淋同样量的清水。不喷淋菌液时, 喷淋清水为场地植物生长提供水分。

1.9 修复监测和样品采集

在试验场地进行为期 150 d 的修复效果监测, 分别在第 0、90 和 150 天进行了取样检测。在每个区域内按照五点取样法选取 5 个位点采集土壤样本, 初始场地采集 0–5、5–10 和 10–20 cm 这 3 个深度样本, 后续检测采集 0–10 cm 深度的

土壤样本, 每个位点采集 500 g 土壤用于后续分析。在 150 d, 每个位点附近随机采集一株荞麦测量株高和根长, 并设置 20 cm×20 cm 样方用于计算荞麦的植被密度。为了更好地反映微生物修复对场地植物的促进效果, 还采集了附近常规修复场地的植株样本进行分析比较。该场地采用施加肥料的方式进行修复, 每平方米场地施加 0.2 kg 腐熟有机农家肥, 经过翻耕后再施加 0.2 kg 复合肥。所有采集到的土壤样本和植株样本以低温运输的方式送至实验室进行后续处理。

采集到的土壤样本经过预处理后, 一部分用于土壤营养物质和重金属污染物分析; 另一部分用于土壤微生物群落结构检测。植株样本进行植株干重和粗蛋白含量的检测^[30]。土壤营养物质和重金属成分分析交由国合通用测试评价认证股份公司、国家有色金属及电子材料分析测试中心进行。微生物群落分析由美格生物科技有限公司进行。植物样本总氮含量由上海三泰生物科技有限公司进行检测。剩余样本储存于 -20 °C 环境中留存。

1.10 数据分析

微生物群落结构利用美格云平台 (<http://cloud.magigene.com>) 进行数据分析和绘制图表。土壤营养物质、重金属分析数据和植株分析数据采用 Excel 2022 进行统计整理, GraphPad Prism 8 软件进行作图, 所有数据以平均值±标准误差表示。每项检测均设定 5 次平行。

2 结果与分析

2.1 场地修复情况

选择 6 000 m² 排土场区域进行场地试验, 其中 5 400 m² 为微生物修复区, 600 m² 为对照区。图 1 显示了微生物修复后场地植被的生长恢复情况。图 1A 展示了未经人为干扰时试验场地的原始状态, 场地中植被稀疏, 只有少量本地植物和场地遗留的作物生长。在图 1B 和图 1C 中, 分别展

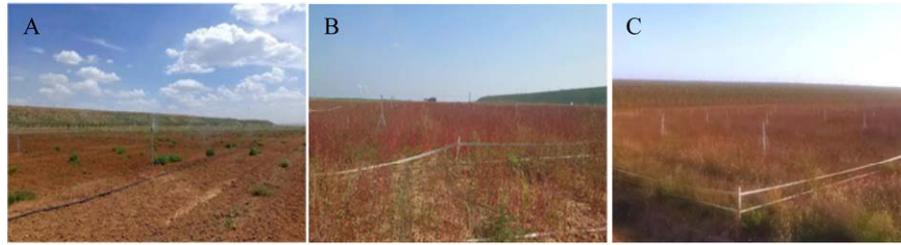


图 1 试验场地修复情况图 A: 修复场地原始情况. B: 场地 90 d 修复情况. C: 场地 150 d 修复情况.

Figure 1 Experimental area restoration status. A: Original condition of the experimental area. B: Restoration status of the experimental area after 90 d. C: Restoration status of the experimental area after 150 d.

示了试验区进行微生物修复后 90 d 和 150 d 的植物生长情况。可以看到，试验区的经济作物整体生长情况良好，150 d 场地植被覆盖率可以超过 95%。除荞麦外，场地中的土著植物和之前遗留的植物也得到了生长。这表明微生物培养液的加入促进了场地植被的生长。

2.2 场地微生物群落结构分析

图 2A 为原始试验场地 0–5、5–10 和 10–20 cm 这 3 个深度土壤样本微生物群落结构分析结果。0–5 cm 深度土壤中占比较高的 3 个属为鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*) 10.45%、黄色土壤杆菌属(*Flavisolibacter*) 4.96%、旱土杆菌属(*Aridibacter*) 4.50%。5–10 cm 深度土壤中占比较高的 3 个属是鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*) 7.41%、沙壤土杆菌属(*Ramlibacter*) 2.16%、旱土杆菌属(*Aridibacter*) 1.93%。10–20 cm 深度土壤中占比较高的 3 个属是鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*) 7.10%、罗尔斯通氏菌属(*Ralstonia*) 5.67%、伯克霍尔德菌属(*Burkholderia*) 3.57%。土壤中鞘氨醇单胞菌属和黄色土壤杆菌属在场地土壤中含量较高，是试验场地的优势微生物菌属。

图 2B 和图 2C 为对照区和修复区在 0、90 和 150 d 修复过程微生物群落结构变化。从图 2 中可以看出，场地土壤中优势微生物仍为土壤中原有的微生物种类，微生物菌剂中的功能微生物并未成为土壤中的优势物种。喷洒菌剂后，修复

场地土壤微生物多样性变化总体呈现出多样性降低的趋势，场地微生物 OTU 丰富度未发生明显变化(图 3A)，而辛普森指数出现明显下降(图 3B)，韦恩图(图 3C)也反映出场地特有和共有 OTU 物种数量呈现降低趋势。结果表明，微生物菌剂的添加改变了场地微生物群落结构，但这种改变是否是有利的，还需要进一步分析。

2.3 场地土壤样本成分分析

2.3.1 营养物质含量分析

表 1 列举了经过 150 d 修复后各场地营养物质含量情况。与对照区相比，试验区各项数据中除了总钾含量有所降低外，其余各项数据均有明显的提升。相较于对照区，有机质含量由(3.45±1.29) g/kg 提升至(5.89±1.06) g/kg，提高 70%；总氮含量由(293.80±7.73) mg/kg 提升至(360.20±48.59) mg/kg，增长 20%；总磷含量由(275.00±27.57) mg/kg 提升至(408.00±55.76) mg/kg，增长 48.4%；总钾含量有所降低，由(2 226.00±149.77) mg/kg 下降至(2 022.00±112.56) mg/kg，降低 9.2%。相邻施肥区场地有机质含量为(5.79±1.17) g/kg，总氮含量为(405.20±54.75) mg/kg，总磷含量为(431.20±45.09) mg/kg，总钾含量为(2 118.00±57.18) mg/kg。施肥区土壤总氮、磷、钾含量均要高于微生物修复区域，但有机质含量要低于修复区。

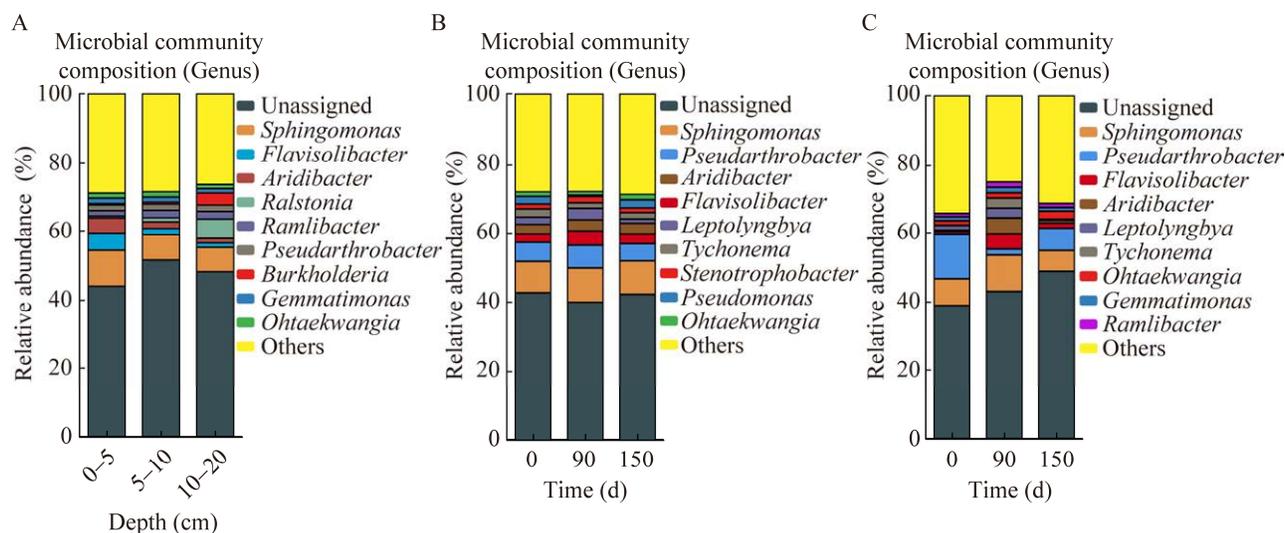


图2 修复场地微生物群落结构分析 A: 修复前场地 0–5、5–10 和 10–20 cm 这三个深度微生物群落组成. B: 不同修复时间对照区. C: 修复区微生物群落结构. 每项指标设置 5 份生物学平行, 菌种占比取平均数

Figure 2 The analysis of microbial community structure. A: The microbial community structure at depths of 0–5 cm, 5–10 cm and 10–20 cm at the original site. B: Microbial community structure in the control area at 0 d, 90 d and 150 d. C: Microbial community structure in the experimental area at 0 d, 90 d and 150 d. Each indicator is set with five biological replicates, and the microbial community structure was the average of the five samples.

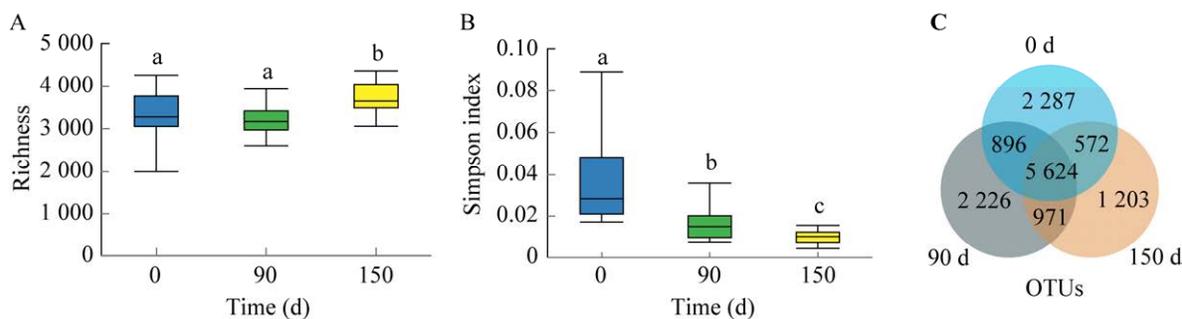


图3 场地修复前后 OTU 丰富度(A)、辛普森指数(B)和韦恩图(C)变化情况 不同小写字母表示不同处理差异显著($P < 0.05$). 误差条表示标准差

Figure 3 The analysis of OTU richness (A), Simpson index (B) and Venn diagrams (C) before and after microbial remediation in the experimental area. Different lowercase letters indicate significant differences ($P < 0.05$) among treatments. Error bars indicate standard deviation.

表1 修复 150 d 后试验区、对照区和施肥区土壤营养物质含量

Table 1 Soil nutrient content in control area, experimental area and fertilizing area after 150 d of restoration

区域	有机质	总氮	总磷	总钾
Area	Organic matter (g/kg)	Total nitrogen (mg/kg)	Total phosphorus (mg/kg)	Total potassium (mg/kg)
Control area	3.45±1.29	293.80±7.73	275.00±27.57	2 226.00±149.77
Experimental area	5.89±1.06	360.20±48.59	408.00±55.76	2 022.00±112.56
Fertilizing area	5.79±1.17	405.20±54.75	431.20±45.09	2 118.00±57.18

微生物菌液中包含部分未被利用的营养物质,会随着菌液的喷淋进入场地,所以有机质和总氮、磷、钾含量的提升并不能完全体现功能微生物的作用。速效氮、磷、钾含量的提升,在一定程度上说明了场地物质循环活跃程度的提高,菌剂中的功能微生物在这一过程中发挥出一定功能。通过探究微生物功能在时间维度上的发挥效果,进一步分析微生物菌剂的应用价值。

图4显示了在0、90和150 d土壤中有有机质、总氮、速效磷和速效钾4种营养元素随着修复时间的变化情况。其中土壤有机质、速效磷和速效钾含量呈现上升趋势,而总氮含量呈现先增长后降低的趋势。有机质含量由(0.78±0.20) g/kg提升至(1.27±0.25) g/kg并最终达到

(5.89±1.06) g/kg。总氮含量由(184.4±44.28) mg/kg提升至(707.8±128.63) mg/kg,但最终回落到(360.2±48.59) mg/kg。速效磷含量由(2.42±0.64) mg/kg提升至(4.94±2.34) mg/kg,最终达到(7.46±1.51) mg/kg。速效钾含量由(118.32±24.08) mg/kg提升至(142.80±34.13) mg/kg,最终达到(246.4±15.65) mg/kg。

土壤中总氮含量先增高后降低的情况表明,随着植物和微生物生长,菌剂所带入的氮元素被持续消耗,在缺乏补充来源的情况下,导致修复后期总氮含量持续减少。速效磷和速效钾含量呈现上升趋势,表明菌液中的功能微生物在修复过程中持续发挥作用,为植物提供高效的营养供给。土壤有机质是土壤所含有的有机物质的总和,包括植物、动物、微生物残体和腐殖质等有

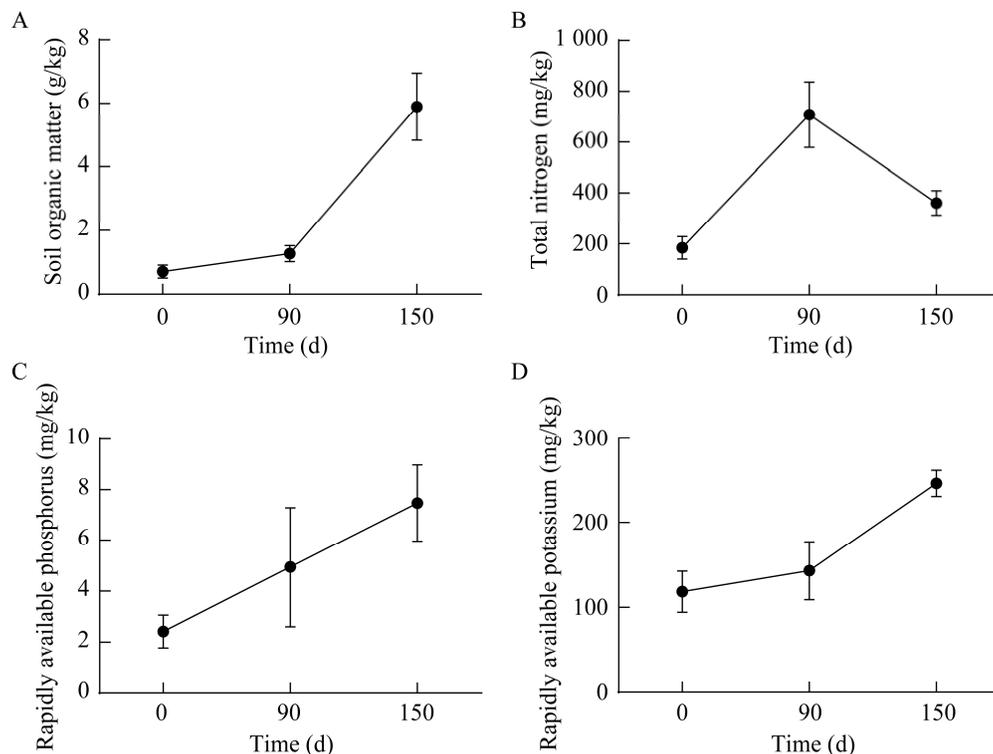


图4 场地营养物质含量随时间变化情况 A: 土壤有机质含量. B: 总氮含量. C: 速效磷含量. D: 速效钾含量. 误差条表示标准差

Figure 4 The variation of nutrient content in the field over time. A: The content of soil organic matter. B: The content of total nitrogen. C: The content of rapidly available phosphorus. D: The content of rapidly available potassium. Error bars indicate standard deviation.

机物质残留物。作为土壤的重要组成部分,土壤有机质在供给植物生长、保持土壤肥力和改善土壤理化性质方面发挥着重要作用。有机质含量的持续提升也表明,除了微生物菌剂所带入的营养物质外,土壤肥力在功能微生物的作用下保持持续上升趋势,这也在一定程度上反映了功能微生物持续不断地发挥作用。

2.3.2 土壤重金属含量分析

选择汞、六价铬、砷、镉、铜、铅、镍和镉作为目标重金属和类重金属进行检测,以判断微生物菌剂修复土壤重金属的能力。其中汞、六价铬、镉和镉在土壤中含量低于检测下限,而砷、铜、铅和镍在场地中检出。图5反映了场地4种重金属在0 d和150 d的含量,试验区砷和铜含量要低于原始场地和对照区,铅含量未发生明显变化,镍含量呈现出上升趋势。砷含量由原始状态下(32.45±4.85) mg/kg降低至(14.64±1.17) mg/kg,相较于对照区域(28.60±4.03) mg/kg降低了49%。铜含量由原始状态下(42.45±11.09) mg/kg降低至(22.08±2.70) mg/kg,相较于对照区域(32.18±4.75) mg/kg降低了31%。该现象说明,微生物菌剂的加入缓解了试验场地部分重金属污染状况。镍含量由原始状态下(22.62±3.16) mg/kg提

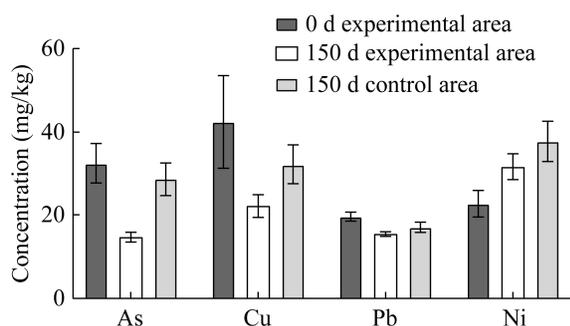


图5 试验区和对照区场地重金属含量变化情况
Figure 5 The variation of soil heavy metal concentration at the control area and experimental area.

升至(31.60±3.21) mg/kg,相较于对照区域(37.80±4.82) mg/kg降低了16.4%,这一现象表明,微生物菌剂的加入会减缓场地重金属淋溶过程,对场地重金属污染的治理具有积极意义。

2.4 场地荞麦植株分析

采集试验区、对照区和常规施肥区3个区域的荞麦植株,对株高、根长、生长密度、干重和粗蛋白含量进行检测,结果如表2所示。对照区植株株高为(1.00±0.18) m,试验区植株株高为(1.30±0.09) m,株高提高30%,但略低于施肥区的(1.37±0.09) m。相较于对照区,试验区植株株高提高,说明微生物菌剂的加入对于植株的生长具有一定的促进作用,但尚不能排除菌剂营养物质的因素。对照区根长为(13.80±1.30) cm,试验区为(14.40±1.14) cm,施肥区为(12.40±1.82) cm,三者无明显差异。植株样方统计结果表明,对照区域植株密度为35株/m²,试验区域为150株/m²,施肥区为120株/m²。植株密度的提高表明微生物菌剂在种子萌发和植株抗逆性方面发挥了促进作用。对照区植株干重为(18.15±3.69) g,试验区植株干重为(36.30±10.65) g,提高了100%,相对于施肥区(24.76±4.08) g也提高了46.6%。植物干重的提升说明了植物对营养物质吸收能力较强,微生物修复区相较于施肥区域干重提升,说明在微生物的作用下植物吸收了更多的营养物质,这对于植物生长和提高抗逆性都有着极大的作用。粗蛋白含量能够反映植株的生长和健康状况。试验区植株根、茎粗蛋白含量相较于对照区有了一定提升,从(17.50±4.92) g/kg提升至(21.42±2.88) g/kg,提高22.4%,但低于施肥区(31.04±5.31) g/kg。粗蛋白含量通常与氮元素有关,试验区植株的粗蛋白含量低于施肥区,可能与场地缺乏土壤氮元素有关。试验区植株粗蛋白含量的提高也表明微生物菌剂的加入对植物吸收营养物质的促进作用。

通过对植株根系生长情况的分析(图6),发

表 2 修复 150 d 后对照区、试验区与施肥区荞麦植株生长情况

Table 2 The growth of buckwheat plants in control area, experimental area and fertilizing area after 150 d of restoration

测试项目 Item	对照区 Control area	试验区 Experimental area	施肥区 Fertilizing area
Plant height (m)	1.00±0.18	1.30±0.09	1.37±0.09
Root length (cm)	13.80±1.30	14.40±1.14	12.40±1.82
Plant density (m ⁻²)	35.00±13.69	150.00±20.92	120.00±20.92
Dry weight (g)	18.15±3.69	36.30±10.65	24.76±4.08
Crude protein content (g/kg)	17.50±4.92	21.42±2.88	31.04±5.31



图 6 荞麦根系生长情况 A: 对照区. B: 试验区. C: 施肥区

Figure 6 The growth conditions of the buckwheat root system. A: Control area. B: Experimental area. C: Fertilization area.

现微生物菌剂的加入显著促进了植株根系的生长。对照区植株的主根和一级侧根长度明显，但二级侧根及更小的根毛数量较少，这说明荞麦虽然可以在场地中扎根，但侧根数量较少导致植株对营养物质吸收能力不足。试验区的荞麦根系更为发达，虽然对根系长度无明显的促进作用，但生长了大量的侧根。侧根具有吸收营养物质、固定植物和为根际微生物提供生长环境的功能，发达的侧根对植物吸收营养物质有很大帮助。施肥区的荞麦根系相对于对照区也较为发达，但侧根数量和生长状况低于试验区。微生物菌剂的加入促进了植株根系的生长，这可能与菌剂中含有可以产生植物生长激素的功能微生物相关。更为发达的植物根系促进了对营养物质的吸收，从而促进了植物的生长。

3 讨论与结论

微生物作为土壤生态系统的重要组成部分

分，在土壤环境中扮演“分解者”和“贡献者”的双重身份，通过代谢作用在土壤物质循环过程中起着极其重要的作用^[31]。微生物修复技术利用微生物适应能力强、代谢底物范围广、生长迅速等优点对环境进行修复，使修复场地更加适宜植物生长^[32]。越来越多的功能微生物被分离筛选出来，并证明具有较好的环境修复能力^[33-34]，但目前，绝大多数微生物修复菌种的研究还停留在实验室阶段，对于修复场地实际修复的探究还较为欠缺。西北地区拥有大量的煤炭储备资源，长期的煤炭开采给当地的生态环境带来严重破坏，西北地区干旱、多风的气候特点也使得生态环境修复难度极大。微生物修复在西北矿产开采区的应用尚处于起步阶段，缺乏相关的研究为微生物修复技术的推广提供理论依据与应用实例。

在本研究中，通过喷淋功能微生物菌剂的形式对西北地区某典型煤矿区域进行修复，在 150 d 的修复期内，场地植被生长状态良好，植被覆盖

度最终能超过 95%。在微生物菌剂的作用下土地肥力得到提升,有机质、速效磷和速效钾含量持续增长。同时,微生物菌剂的加入降低了土壤重金属含量并抑制了重金属淋溶过程。功能微生物与植物根际相互作用,对植物根系生长起到明显的促进作用,提高了植株对营养物质的吸收和利用。

对场地微生物群落进行分析检测,试验场地在经过施肥和作物种植等人为干预后,微生物群落结构朝着有利于生态恢复的方向发展。场地优势微生物菌属在前人研究中有着一定的环境修复潜力。鞘氨醇单胞菌是在环境中广泛存在的一类微生物,其具有的广泛的代谢能力,可以降解很多有机污染物质,对重金属也有很好的耐受和固化作用,在环保领域有着广泛的应用^[35-36]。该菌属对于作物生长和种子萌发也有很好的促进作用,在农业生产和矿区生态恢复上也具有潜力^[37]。黄色土壤杆菌属在提供氮元素和减弱重金属胁迫方面有着很好的功能^[38]。因此,我们可以通过生物刺激的方式激活场地土著微生物,发挥场地修复的功能。在进行了微生物菌剂喷淋和修复后,场地微生物群落辛普森系数和特有 OTU 均出现显著下降,表明场地微生物物种多样性下降。微生物菌剂的加入往往会提高场地微生物多样性,这也被认为是一种提高土壤肥力的指标^[39]。然而,试验场地出现物种多样性降低可能是由于微生物间的生存竞争和生态系统改变等导致的。外源微生物会与土著微生物竞争营养资源和生存空间,导致部分土著微生物难以获取营养物质和生存环境,造成物种多样性降低。菌剂中的功能微生物进入场地后可能会对场地的理化性质产生一定的改变,从而影响原有微生物的生态环境,进而使得微生物多样性降低。对于试验场地微生物多样性降低的具体原因和功能微生物与土著微生物之间的相互作用,还需要进

一步深入地分析。

对 0、90 和 150 d 这 3 个时间段内场地有机质、总氮、速效磷和速效钾含量进行分析显示,场地经过 150 d 的修复后,土壤肥力得到了明显改善。相较于对照区域,有机质、总氮、总磷、总钾和速效氮磷钾含量均有了明显提升,这一现象表明,解磷菌和解钾菌等功能微生物在修复期内持续发挥功能。土壤有机质含量的提升,说明土壤肥力得到改善。土壤有机质含量在整个修复周期内出现持续上升趋势,0-90 d 有机质含量提升了 0.49 g/kg,而 90-150 d 有机质含量提升了 4.62 g/kg,说明除去微生物菌剂携带进入的营养物质外,在植被和微生物的共同作用下,土壤营养物质得到了持续的固定和积累。相较于对照区,修复区有机质含量提高了 2.44 g/kg,证明微生物修复在提高土壤有机质肥力方面具有极高的应用潜力。有机质含量的提升也反映出场地碳汇能力得到提高,土壤碳汇能力的增加,对于全球碳循环有着积极影响,表明微生物修复在全球碳中和的进程中可以发挥重要作用^[40]。

微生物菌剂的加入对于采矿区重金属污染防治,也有着明显的修复效果。采矿活动作为土壤重金属的主要来源之一,大量的重金属会伴随着矿产的开采和矿渣堆积而对周边土壤造成污染。微生物修复方式已被广泛运用于各种重金属污染修复应用中^[41-42]。在修复过程中,试验场地砷和铜含量降低,表明微生物菌剂起到了对重金属的吸附和转化作用。镍增长速度放缓,说明微生物菌剂对试验场地重金属淋溶过程起到了抑制作用。利用微生物技术修复煤矿区破碎生态系统,不仅能够提高场地肥力、促进植被生长,也能够控制场地重金属污染。这种多方面兼顾的修复方式,是微生物修复优于常规物理、化学修复的优势所在。

在微生物菌剂的作用下, 试验场地的荞麦植株生长得到了极大的促进, 主要体现在根系生长、植株干重和粗蛋白含量等方面。试验区的荞麦植株干重明显高于对照区和施肥区, 这表明了植物在微生物菌剂的作用下能够存储更多的营养物质, 从而增强了对不利环境的抵抗能力。通过比较植物的根系生长情况可以看出, 微生物修复区的荞麦植株根系更为发达, 侧根数量提升明显。这种根系结构的改善, 对于植物吸收营养物质和提供微生物生长环境都非常有利。施肥区各项营养物质含量要高于微生物修复区, 但植物生长状态却低于微生物修复场地植株, 这也体现出微生物-植物相互作用对生态修复的促进作用。

微生物修复技术在恢复煤矿区破碎生态系统方面表现出了良好的效果, 其因应用范围广、操作简单、环境友好等特点受到了广泛关注。通过现场试验验证, 证明了微生物修复技术在煤矿区生态系统修复中起到积极作用, 为该技术在矿山环境治理领域的应用提供了理论和实践基础, 也为污染场地破损生态区的修复提供了新思路。

REFERENCES

- [1] MA D, ZHANG JX, DUAN HY, HUANG YL, LI M, SUN Q, ZHOU N. Reutilization of gangue wastes in underground backfilling mining: overburden aquifer protection[J]. *Chemosphere*, 2021, 264(Pt 1): 128400.
- [2] 刘具, 秦坤. 我国煤炭绿色开采技术进展[J]. *矿业安全与环保*, 2023, 50(6): 7-15.
LIU J, QIN K. Progress of green coal mining technology in China[J]. *Mining Safety & Environmental Protection*, 2023, 50(6): 7-15 (in Chinese).
- [3] WANG N, LUO YH, LIU Z, SUN YY. Spatial distribution characteristics and evaluation of soil pollution in coal mine areas in Loess Plateau of northern Shaanxi[J]. *Scientific Reports*, 2022, 12: 16440.
- [4] 王国法, 李世军, 张金虎, 庞义辉, 陈佩佩, 陈贵锋, 杜毅博. 筑牢煤炭产业安全 奠定能源安全基石[J]. *中国煤炭*, 2022, 48(7): 1-9.
WANG GF, LI SJ, ZHANG JH, PANG YH, CHEN PP, CHEN GF, DU YB. Ensuring the safety of coal industry to lay the cornerstone of energy security[J]. *China Coal*, 2022, 48(7): 1-9 (in Chinese).
- [5] HORASAN BY, OZTURK A, TUGAY O. Nb-Sr-Pb isotope analysis in soils of abandoned mercury quarry in northwest Black Sea (Turkey), soil and plant geochemistry, evaluation of ecological risk and its impact on human health[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2021, 80(15): 488.
- [6] LI J, QIN TT, ZHANG CY, ZHENG HY, GUO JT, XIE HZ, ZHANG CY, ZHANG YC. A new method for quantitative analysis of driving factors for vegetation coverage change in mining areas: GWDF-ANN[J]. *Remote Sensing*, 2022, 14(7): 1579.
- [7] ANDREOLA A, ROSINI DN, CAMPOS ML, BIASI JP, CITADINI-ZANETTE V, Da COSTA BORTOLUZZI RL, MIQUELUTTI DJ, NICOLEITE ER. Ferns and lycophytes in coal mining waste and tailing landfills[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(22): 32415-32427.
- [8] YOON S, KIM DM, YU S, BATSAIKHAN B, KIM T, YUN ST. Characteristics of soil contamination by potentially toxic elements in mine areas of Mongolia[J]. *Environmental Geochemistry and Health*, 2023, 46(1): 15.
- [9] OUYANG SY, HUANG YL, GAO HD, GUO YC, WU LW, LI JM. Study on the distribution characteristics and ecological risk of heavy metal elements in coal gangue taken from 25 mining areas of China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2022, 29(32): 48285-48300.
- [10] ALI AKBAR W, RAHIM HU, IRFAN M, SEHRISH AK, MUDASSIR M. Assessment of heavy metal distribution and bioaccumulation in soil and plants near coal mining areas: implications for environmental pollution and health risks[J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2023, 196(1): 97.
- [11] TAO M, LU DM, SHI Y, LIU K, YAN DD, MEMON MB. Life cycle assessment of coal mines of diverse scales over time in China[J]. *The Science of the Total Environment*, 2024, 912: 169236.
- [12] 姜丽丽, 李少飞, 徐洪伟. 历史遗留废弃矿山生态修复现状及治理对策研究[J]. *自然资源情报*, 2023(1): 22-27.
JIANG LL, LI SF, XU HW. Research on current situation and countermeasures of ecological restoration of abandoned mines left over by history[J]. *Natural Resources Information*, 2023(1): 22-27 (in Chinese).
- [13] 胡亮, 贺治国. 矿山生态修复技术研究进展[J]. *矿产保护与利用*, 2020, 40(4): 40-45.

- HU L, HE ZG. Research progress of ecological restoration technology in mines[J]. Conservation and Utilization of Mineral Resources, 2020, 40(4): 40-45 (in Chinese).
- [14] 朱文武. 矿山重金属污染土壤修复研究[J]. 中国资源综合利用, 2022, 40(1): 143-145.
- ZHU WW. Research on remediation of heavy metal contaminated soil in mines[J]. China Resources Comprehensive Utilization, 2022, 40(1): 143-145 (in Chinese).
- [15] HIDALGO J, ARTETXE U, BECERRIL JM, GÓMEZ-SAGASTI MT, EPELDE L, VILELA J, GARBISU C. Biological remediation treatments improve the health of a mixed contaminated soil before significantly reducing contaminant levels[J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2024, 31(4): 6010-6024.
- [16] WANG M, SUN MY, ZHAO Y, SHI YY, SUN S, WANG S, ZHOU YP, CHEN L. Seasonal changes of soil microbiota and its association with environmental factors in coal mining subsidence area[J]. AMB Express, 2023, 13(1): 147.
- [17] SHI JS, DU YB, ZOU JC, MA SY, MAO SX, LI WY, YU CH. Mechanisms of microbial-driven changes in soil ecological stoichiometry around gold mines[J]. Journal of Hazardous Materials, 2024, 465: 133239.
- [18] 杜显元, 张晗昱, 李丹丹, 李兴春, 樊金娟, 陈宏坤, 王清威, 艾绍磊, 魏炜, 王磊. 固氮微生物修复石油污染土壤研究进展[J]. 环境科学研究, 2023, 36(10): 1968-1978.
- DU XY, ZHANG HY, LI DD, LI XC, FAN JJ, CHEN HK, WANG QW, AI SL, WEI W, WANG L. Research progress of remediation of petroleum-contaminated soil by nitrogen fixing microorganisms[J]. Research of Environmental Sciences, 2023, 36(10): 1968-1978 (in Chinese).
- [19] 郭珺, 樊芳芳, 王立革, 武爱莲, 郑军. 固碳微生物菌株的分离鉴定及其固碳能力测定[J]. 生物技术通报, 2019, 35(1): 90-97.
- GUO J, FAN FF, WANG LG, WU AL, ZHENG J. Isolation, identification of carbon-fixing bacteria and determination of their carbon-fixing abilities[J]. Biotechnology Bulletin, 2019, 35(1): 90-97 (in Chinese).
- [20] TELES EAP, XAVIER JF, ARCÊNIO FS, AMAYA RL, GONÇALVES JVS, ROUWS LFM, ZONTA E, COELHO IS. Characterization and evaluation of potential halotolerant phosphate solubilizing bacteria from *Salicornia fruticosa* rhizosphere[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 14: 1324056.
- [21] YUAN Y, SHI YL, LIU ZZ, FAN YH, LIU M, NINGJING M, LI YF. Promotional properties of ACC deaminase-producing bacterial strain DY1-3 and its enhancement of maize resistance to salt and drought stresses[J]. Microorganisms, 2023, 11(11): 2654.
- [22] BIBI S, AL-GHOUTI MA, ABU-DIEYEH MH. Isolation and evaluation of Qatari soil rhizobacteria for antagonistic potential against phytopathogens and growth promotion in tomato plants[J]. Scientific Reports, 2023, 13: 22050.
- [23] 查代巧, 贝琪, 康子桐, 朱小杰, 李东晓, 和文祥, 田海霞. 高效石油降解菌的筛选及表征[J]. 环境污染与防治, 2023, 45(11): 1489-1495, 1501.
- ZHA DQ, BEI Q, KANG ZT, ZHU XJ, LI DX, HE WX, TIAN HX. Isolating and characterization of efficient petroleum degrading bacteria[J]. Environmental Pollution & Control, 2023, 45(11): 1489-1495, 1501 (in Chinese).
- [24] KHAN A, SINGH AV, GAUTAM SS, AGARWAL A, PUNETHA A, UPADHAYAY VK, KUKRETI B, BUNDELA V, JUGRAN AK, GOEL R. Microbial bioformulation: a microbial assisted biostimulating fertilization technique for sustainable agriculture[J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1270039.
- [25] WANG TT, XU JX, CHEN J, LIU P, HOU X, YANG L, ZHANG L. Progress in microbial fertilizer regulation of crop growth and soil remediation research[J]. Plants, 2024, 13(3): 346.
- [26] GHORESHIZADEH S, CALVO-PEÑA C, RUIZ-MUÑOZ M, OTERO-SUÁREZ R, COQUE JJR, COBOS R. *Pseudomonas taetrolens* ULE-PH5 and *Pseudomonas* sp. ULE-PH6 isolated from the hop rhizosphere increase phosphate assimilation by the plant[J]. Plants, 2024, 13(3): 402.
- [27] YANG YD, ZHAN CG, LI Y, ZENG JJ, LIN KY, SUN JL, JIANG F. *In-situ* reactivation and reuse of micronsized sulfidated zero-valent iron using SRB-enriched culture: a sustainable PRB technology[J]. Water Research, 2024, 253: 121270.
- [28] HAO XW, WANG X, CHEN CL, LIU RR, YIN YL, YAO J, XIAO ZB, LIU XZ, SHEN XH, LIU XY. Synthetic bacterial communities reshape microbial communities and enhance nutrient supply in desertified land of Northwest China[J]. Applied Soil Ecology, 2023, 189: 104972.
- [29] JIANG Z, QIAN L, CUI MJ, JIANG YG, SHI L, DONG YR, LI JX, WANG YX. Bacterial sulfate reduction facilitates iodine mobilization in the deep confined aquifer of the North China Plain[J]. Environmental Science & Technology, 2023, 57(40): 15277-15287.
- [30] 余忠奎, 李军国, 杨洁, 梁晓芳, 王杰, 吴秀峰, 郑银桦, 薛敏, 王昊. 畜禽饲料常用植物蛋白源理化性质比较研究[J]. 中国饲料, 2023(22): 226-232.

- YU ZK, LI JG, YANG J, LIANG XF, WANG J, WU XF, ZHENG YH, XUE M, WANG H. The comparative study of physicochemical properties of plant protein sources in pellet feeds[J]. *China Feed*, 2023(22): 226-232 (in Chinese).
- [31] ACUÑA JJ, RILLING JI, INOSTROZA NG, ZHANG Q, WICK LY, SESSITSCH A, JORQUERA MA. *Variovorax* sp. strain P1R9 applied individually or as part of bacterial consortia enhances wheat germination under salt stress conditions[J]. *Scientific Reports*, 2024, 14(1): 2070.
- [32] DARAZ U, AHMAD I, LI QS, ZHU B, SAEED MF, LI Y, MA JG, WANG XB. Plant growth promoting rhizobacteria induced metal and salt stress tolerance in *Brassica juncea* through ion homeostasis[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2023, 267: 115657.
- [33] 卞超, 余瑾, 杨文兵, 秦璞, 杨波. 重金属污染土壤的微生物修复技术分析[J]. *工业微生物*, 2023, 53(2): 108-110.
- BIAN C, YU J, YANG WB, QIN P, YANG B. Analysis on microbial remediation technology for heavy metal contaminated soil[J]. *Industrial Microbiology*, 2023, 53(2): 108-110 (in Chinese).
- [34] 卢蕾. 微生物修复技术在石油烃类污染场地的应用研究[J]. *石油化工技术与经济*, 2023, 39(2): 49-52.
- LU L. Application of microbial remediation technology in petroleum hydrocarbon contaminated sites[J]. *Technology & Economics in Petrochemicals*, 2023, 39(2): 49-52 (in Chinese).
- [35] 刘辉, 韦璐璐, 朱龙发, 韦豪, 白云霞, 刘小玲, 李树波. 鞘氨醇单胞菌的研究进展[J]. *微生物学通报*, 2023, 50(6): 2738-2752.
- LIU H, WEI LL, ZHU LF, WEI H, BAI YX, LIU XL, LI SB. Research progress of *Sphingomonas*[J]. *Microbiology China*, 2023, 50(6): 2738-2752 (in Chinese).
- [36] 张云龙, 郜春花, 靳东升, 卢晋晶, 李婷婷, 李建华. 矿区复垦土壤中鞘氨醇单胞菌促进秸秆腐解性能分析[J]. *山西农业科学*, 2022, 50(1): 67-77.
- ZHANG YL, GAO CH, JIN DS, LU JJ, LI TT, LI JH. Analysis of decomposing performance of *Sphingomonas* in promoting straw decomposition in reclaimed soil of mining area[J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2022, 50(1): 67-77 (in Chinese).
- [37] LANGILL T, WÓJCIK M, VANGRONSVELD J, THIJS S. Endophyte community changes in the seeds of eight plant species following inoculation with a multi-endophytic bacterial consortium and an individual *Sphingomonas wittichii* strain obtained from *Noccaea caerulea*[J]. *Plants*, 2023, 12(20): 3660.
- [38] MEHMOOD MA, FU YP, ZHAO HZ, CHENG JS, XIE JT, JIANG DH. Enrichment of bacteria involved in the nitrogen cycle and plant growth promotion in soil by sclerotia of rice sheath blight fungus[J]. *Stress Biology*, 2022, 2(1): 32.
- [39] 朱永官, 彭静静, 韦中, 沈其荣, 张福锁. 土壤微生物组与土壤健康[J]. *中国科学: 生命科学*, 2021, 51(1): 1-11.
- ZHU GY, PENG JJ, WEI Z, SHEN QR, ZHANG FS. Linking the soil microbiome to soil health[J]. *Scientia Sinica (Vitae)*, 2021, 51(1): 1-11 (in Chinese).
- [40] TAO F, HUANG YY, HUNGATE BA, MANZONI S, FREY SD, SCHMIDT MWI, REICHSTEIN M, CARVALHAIS N, CIAIS P, JIANG LF, LEHMANN J, WANG YP, HOULTON BZ, AHRENS B, MISHRA U, HUGELIUS G, HOCKING TD, LU XJ, SHI Z, VIATKIN K, et al. Microbial carbon use efficiency promotes global soil carbon storage[J]. *Nature*, 2023, 618: 981-985.
- [41] KAYA C, UĞURLAR F, ASHRAF M, HOU DY, KIRKHAM MB, BOLAN N. Microbial consortia-mediated arsenic bioremediation in agricultural soils: current status, challenges, and solutions[J]. *The Science of the Total Environment*, 2024, 917: 170297.
- [42] ALABSSAWY AN, HASHEM AH. Bioremediation of hazardous heavy metals by marine microorganisms: a recent review[J]. *Archives of Microbiology*, 2024, 206(3): 103.