

计楚柠, 卞正富, 胡振琪, 沈仁芳, 陈保冬, 黄赳, 朱晓芳. 煤矸石山复垦表土建植受限因素及细菌群落结构响应[J]. 土壤学报, 2027,

Ji Chuning, BIAN Zhengfu, HU Zhenqi, SHEN Renfang, CHEN Baodong, HUANG Jiu, ZHU Xiaofang. Limiting Factors for Revegetation and Bacterial Community Structure Responses in Reclaimed Topsoil of Coal Gangue Dumps [J]. Acta Pedologica Sinica, 2027,

煤矸石山复垦表土建植受限因素及细菌群落结构响应*

计楚柠^{1,2}, 卞正富², 胡振琪², 沈仁芳³, 陈保冬⁴, 黄赳^{2†}, 朱晓芳^{3†}

(1. 中国矿业大学矿业工程学院, 江苏徐州 221116; 2. 中国矿业大学环境与测绘学院, 江苏徐州 221116; 3. 中国科学院南京土壤研究所, 南京 211135; 4. 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085)

摘要: 煤矸石山复垦通常采用表土覆盖与人工建植的方式, 但复垦后部分区域仍难以形成稳定植被, 识别其受限因素是科学指导煤矸石山生态修复工程的重要基础。以山西阳泉四座分别在 1990、2005、2012 和 2018 年完成复垦的煤矸石山为对象, 对同一矸石山内部已建植样地与建植受限样地配对采样, 探究表土理化性质、结构稳定性、酶活性、细菌丰度与群落组成差异, 并结合响应比、分组曼特尔 (Mantel) 检验和偏最小二乘路径模型 (PLS-PM) 解析建植受限的表征因素及潜在作用路径。结果表明: 硫组分累积与水分、养分不足是建植受限表土最突出的特征, 建植受限样地在四个复垦年份中总硫分别为 2.40、3.63、5.08 和 7.65 g·kg⁻¹, 硫酸盐硫分别为 337.2、528.8、863.7 和 1 947 mg·kg⁻¹; 已建植样地容重在四个复垦年份中均显著低于建植受限样地, 结构稳定性高; 酶活性和细菌 α 多样性响应方向不稳定, 而 16S rRNA 基因拷贝数在四个复垦年份中均显著高于建植受限样地, 表明细菌丰度对建植状态分化具有稳定响应; 各样地均以 Micrococcaceae 为优势类群, 主坐标分析 (PCoA) 和置换多元方差分析 (PERMANOVA) 表明细菌群落结构分异显著; 细菌群落 Bray-Curtis 距离与硫盐约束相关性最强; 硫盐约束对水分、养分、结构稳定性和细菌响应均为显著负效应, PLS-PM 揭示了表土限制因子间的相关关系。综上, 硫盐累积、结构压实、水分和养分不足及细菌丰度降低共同构成建植受限表土障碍因素, 总硫、硫酸盐硫、容重和 16S rRNA 基因拷贝数可作为优先诊断指标。研究结果可为煤矸石山表土质量诊断与生态修复调控提供参考。

关键词: 煤矸石山; 矿区生态修复; 复垦; 表土; 细菌群落

中图分类号: S154.3 **文献标志码:** A

Limiting Factors for Revegetation and Bacterial Community Structure Responses in Reclaimed Topsoil of Coal Gangue Dumps

Ji Chuning^{1,2}, BIAN Zhengfu², HU Zhenqi², SHEN Renfang³, CHEN Baodong⁴, HUANG Jiu^{2†}, ZHU Xiaofang^{3†}

(1. School of Mines, China University of Mining and Technology, Xuzhou, Jiangsu 221116, China; 2. School of Environment and Spatial Informatics, China University of Mining and Technology, Xuzhou, Jiangsu 221116, China; 3. Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 211135, China; 4. Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China)

* 国家重点研发计划项目 (2023YFC3804203) 和国家自然科学基金项目 (52504193, 52474198) 资助 Supported by the National Key Research and Development Program of China (No. 2023YFC3804203) and the National Natural Science Foundation of China (Nos. 52504193 and 52474198)

† 通讯作者 Corresponding author, E-mail: jhuang@cumt.edu.cn; xiaofangzhu@issas.ac.cn

作者简介: 计楚柠 (1997—), 女, 安徽宿州人, 博士后, 从事矿山生态修复方向研究。E-mail: jichuning@cumt.edu.cn

收稿日期: 2026-04-21; 收到修改稿日期: 2026-07-21; 网络首发日期 (www.cnki.net): 2026 - -

Abstract: 【Objective】 Coal gangue dumps are commonly reclaimed through topsoil covering and artificial planting, yet stable vegetation remains difficult to establish in some reclaimed areas. Identifying the associated constraints is essential for facilitating ecological restoration. 【Method】 Four coal gangue dumps reclaimed in 1990, 2005, 2012, and 2018 in Yangquan, Shanxi Province, were investigated. Well-vegetated and revegetation-limited sites within each dump were sampled in pairs. Topsoil physicochemical properties, structural stability, enzyme activities, bacterial abundance, and community composition were analyzed. Response ratios, grouped Mantel tests, and partial least squares path modeling (PLS-PM) were used to identify stable indicators and potential pathways of vegetation limitation. 【Result】 Sulfur accumulation and insufficient water and nutrient supply were the most prominent characteristics of vegetation-limited topsoil. In the revegetation-limited sites of the four reclamation years, total sulfur contents were 2.40, 3.63, 5.08, and 7.65 g·kg⁻¹, and sulfate sulfur contents were 337.2, 528.8, 863.7, and 1 947 mg·kg⁻¹, respectively. Bulk density in well-vegetated sites was significantly lower than that in revegetation-limited sites across all four reclamation years, indicating higher structural stability. Enzyme activities and bacterial alpha diversity showed unstable response directions, whereas 16S rRNA gene copy numbers were significantly higher in well-vegetated sites than in revegetation-limited sites across all four reclamation years, indicating that bacterial abundance showed a stable response to revegetation-status differentiation. Micrococcaceae was the dominant taxon in all sites. Principal coordinates analysis (PCoA) and permutational multivariate analysis of variance (PERMANOVA) showed significant differentiation in bacterial community structure. Bacterial Bray-Curtis dissimilarity was most strongly correlated with sulfur-salinity constraints. Sulfur-salinity constraints had significant negative effects on water supply, nutrient supply, structural stability, and bacterial response. The PLS-PM further revealed correlations among topsoil limiting factors.

【Conclusion】 Sulfur-salinity accumulation, structural compaction, insufficient water and nutrient supply, and reduced bacterial abundance jointly formed the topsoil barrier to revegetation establishment. Total sulfur, sulfate sulfur, bulk density, and 16S rRNA gene copy number can serve as priority diagnostic indicators. These findings provide a scientific basis for topsoil quality diagnosis and ecological restoration of coal gangue dumps.

Key words: Coal gangue dump; Mining ecological restoration; Reclamation; Topsoil; Bacterial community

煤炭是我国的主体能源, 煤矸石是煤炭开发过程中排放量最大的固体废弃物。据统计, 2024 年全国煤矸石排放逾 8.25 亿 t, 历史堆存总量突破 70 亿 t^[1], 已形成超 2 600 座大型煤矸石山^[2], 累计侵占土地约 150 km², 并以约 2 km²·a⁻¹ 的速度持续增长^[3]。近年来, 高值化利用、井下充填和生态回填等规模化消纳技术持续推进^[4], 但受历史堆存规模大、区域消纳能力不均衡及低利用价值煤矸石处置需求影响, 存量矸石山治理和煤矸石回填复垦仍是矿区生态修复的重要内容^[5-6]。无论是传统矸石山治理, 还是采煤沉陷区、采坑或沟谷生态回填, 均涉及煤矸石堆填体表层的生态修复工程^[7], 覆土建植是此类固废堆填地表生态重建中常用且直接的工程措施^[8]。然而, 许多复垦后的煤矸石山局部区域仍会出现植被覆盖稀疏或长期建植受限等现象^[9]。例如, 山西阳泉复垦矸石山植被盖度指标差异超 30%^[10], 局部区域甚至在覆土后 3~5 年内仍无植被定植^[11], 表明表土中仍存在制约植物定植和持续生长的因素^[12]。因此, 识别这些限制因素是提高复垦针对性和分区调控能力的必要前提。

复垦煤矸石堆体仍含黄铁矿、白铁矿及其他含硫矿物^[13], 风化后可持续释放 H⁺、SO₄²⁻、Fe²⁺/Fe³⁺ 及多种可溶性盐分^[14]。已有研究报道, 煤矸石淋滤液 pH 可低至 2.5^[15]; 局部风化生境中, 浸提液 SO₄²⁻ 浓度可达 5 982 mg·L⁻¹, Fe、Mn 释放浓度超过常规水质标准数十至上千倍^[16]。Zhang 等^[17]测得废矸石基质电导率为 1 878~2 274 μS·cm⁻¹, 显示出强烈盐分约束; Li 等^[18]进一步证实, 黄铁矿硫和噻吩硫的生物氧化分别贡献总产酸量的 70% 和 30%, 加速了下伏基质酸化与硫酸盐释放。在降雨入渗和蒸发交替作用下, 风化产物可经毛管上升、溶质扩散和界面再分配持续影响覆土层。盐分和硫组分积累会降低土壤溶液渗透势, 引发植物生理性干旱^[19-20], 并削弱养分转化与有效性。例如陈浮等^[21]发现, 复垦受限区土壤有机碳、有效磷和硝态氮随微生境退化显著下降。此外, 理化生境劣变还会抑制生物化学过程, 如 Ezeokoli 等^[22]报道, 对照土壤 β-葡萄糖苷酶、酸性磷酸酶和脲酶活性分别约为受限复垦土壤的 4 倍、14 倍和 3 倍。

土壤微生物对这些环境变化极为敏感, 是识别生境分化的重要生物学窗口。相比于真菌, 细菌具有世代周期短、代谢途径灵活的特点。大量研究表明, 在矿区复垦土壤^[23]、煤矸石堆场^[24]土壤中, 细菌群落通常早于植被群落表现出可识别的结构分异, 且与养分有效性、盐离子组成和酶活性紧密相关^[25]。Hou 等^[26]研究发现, 煤矸石充填复垦地表土的细菌香农指数较对照区降低了 33.39%~66.94%; 焦赫和李新举^[27]进一步证实, 煤矸石充填降低了细菌多样性与丰富度, 且这种抑制效应随土壤深度的增加而显著加剧。此外, 特定的细菌类群还能直接映射下伏基质的化学驱动力。

Ruan 等^[28]发现, 风化矸石中硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 的丰度随风化程度显著上升。Li 等^[18]的研究揭示, 随酸化程度加深, 硫化芽孢杆菌属 (*Sulfobacillus*) 和酸性杆菌属 (*Acidibacillus*) 等铁硫氧化菌可占据群落总量的约 1/3, 成为生境劣化的微生态信号。*Gemmatimonadaceae* 常出现于矿区干旱和低养分环境, 是重要的环境胁迫指示物种^[29]。此外, 时间维度是土壤生境重建过程中不可忽略的因素。Brooks 等^[30]通过年代序列研究发现, 虽然复垦表土的细菌丰富度和多样性能逐步恢复至参照水平, 但群落结构在数十年后仍难以完全复归; Dong 等^[31]的研究进一步显示, 随复垦年限增加, 虽然细菌群落丰富度有所提高, 但硝态氮、有效磷等关键功能性养分储备却呈现下降趋势。魏媛等^[32]在喀斯特植被恢复序列中发现, 每克土壤细菌数量随恢复年限变化可由 3.6×10^6 增至 7.1×10^6 个。上述研究表明, 细菌群落不仅能够敏感响应煤矸石山表土环境分化, 且有望作为识别不同复垦阶段建植约束特征的重要生物学指标。

煤矸石山植被通常由草本、灌木和少量乔木组成, 植物组成及空间分布具有异质性, 因此, 建植受限斑块的诊断应聚焦覆土质量、硫酸盐积累、结构及水分养分供给等表土条件。基于以上, 本文拟回答三个问题: 建植受限主要对应哪些表土环境特征? 这些特征在不同复垦年限煤矸石山中是否具有共性? 细菌群落能否对这种表土分化作出稳定响应? 为此, 本研究选取山西阳泉四座复垦年份不同且覆土背景明确的煤矸石山, 在同一矸石山内部对建植良好区域与建植受限区域进行配对采样, 比较表土理化性质、结构稳定性、酶活性、细菌丰度及群落组成差异。研究结果可为煤矸石山表土质量评价、建植障碍识别及后续精准调控提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计与采样

采样区位于山西省阳泉市 4 座隶属同一矿业企业、已闭库并完成复垦的煤矸石山, 复垦年份分别为 1990 年、2005 年、2012 年和 2018 年。各矸石山来源明确, 复垦工程措施总体一致。采用同一矸石山内配对采样设计, 在中坡且坡向相近、覆土连续的区域分别设置已建植样地和建植受限样地。前者植被连续生长、地表覆盖完整, 后者已完成覆土但植被稀疏或建植明显受限。根据复垦年份和建植状态编号, “R” 表示复垦年份, “L” 和 “V” 分别表示建植受限样地和已建植样地, 8 个样地编号为 R1990-L、R1990-V、R2005-L、R2005-V、R2012-L、R2012-V、R2018-L 和 R2018-V。

各样地选择建植状态均一、面积约 50 ~ 100 m² 的覆土斑块, 设置 3 个空间独立采样点及 3 个 1 m×1 m 植被样方。采样避开人为扰动、车辆碾压、道路边缘、积水、冲沟和斑块过渡带。鉴于建植区植物组成和分布存在差异, 本研究采集整体表土, 而非单株根际或特定植物斑块土壤。各采样点采集 0 ~ 20 cm 表土, 混匀、剔除石块和根系后采用四分法缩分。植被覆盖度通过 1 m×1 m 样方照片数字判读, 覆土厚度依据邻近裸露剖面测定, 样地背景信息见表 1。新鲜样品采集后以干冰低温保存, 并尽快带回实验室, 用于酶活性测定和 DNA 提取; 其余样品自然风干后用于土壤理化性质测定。

表 1 不同复垦年份煤矸石山配对样地的现场背景特征

Table 1 Field background characteristics of paired sampling patches on coal gangue dumps with different reclamation years						
样地编号 Site ID	建植状态 Vegetation status	坡向 Aspect	坡度 Slope angle / °	覆土厚度 Cover-soil thickness / cm	植被覆盖度 Vegetation cover / %	主要植物类型 Main plant species
R1990-L	受限 Limited	东南 Southeast	22	43.8 ± 4.6	/	狗尾草、马唐、牛筋草、蒿类和零星灌木 ^①
R1990-V	已建植 Vegetated	东南 Southeast	20	46.2 ± 4.8	74.6 ± 7.5	狗尾草、马唐、牛筋草、白羊草、蒿类、杠柳和臭椿 ^②

R2005-L	受限 Limited	南 South	18	44.1 ± 5.2	/	狗尾草、马唐、牛筋草、碱菀、 蒿类和少量灌木 ^①
R2005-V	已建植 Vegetated	南 South	17	45.6 ± 4.5	68.9 ± 6.8	狗尾草、马唐、牛筋草、白羊草、 杠柳、臭椿和蒿类 ^②
R2012-L	受限 Limited	南 South	24	42.7 ± 4.9	/	狗尾草、马唐、多裂骆驼蓬、碱 菀、蒿类和零星灌木 ^③
R2012-V	已建植 Vegetated	南 South	23	45.3 ± 5.1	64.8 ± 7.2	狗尾草、马唐、牛筋草、白羊草、 杠柳、臭椿和蒿类 ^④
R2018-L	受限 Limited	南 South	25	43.5 ± 5.4	/	狗尾草、马唐、多裂骆驼蓬、碱 菀和零星灌木 ^⑤
R2018-V	已建植 Vegetated	南 South	27	46.0 ± 4.7	68.5 ± 6.9	狗尾草、马唐、牛筋草、芦苇、 印加孔雀草、杠柳、臭椿和蒿类 ^⑥

① *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Eleusine indica*, *Artemisia* spp., and scattered shrubs, ② *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Eleusine indica*, *Bothriochloa ischaemum*, *Artemisia* spp., *Periploca sepium*, and *Ailanthus altissima*, ③ *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Eleusine indica*, *Tripolium vulgare*, *Artemisia* spp., and sparse shrubs, ④ *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Eleusine indica*, *Bothriochloa ischaemum*, *Periploca sepium*, *Ailanthus altissima*, and *Artemisia* spp., ⑤ *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Peganum multisectum*, *Tripolium vulgare*, *Artemisia* spp., and scattered shrubs, ⑥ *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Eleusine indica*, *Bothriochloa ischaemum*, *Periploca sepium*, *Ailanthus altissima*, and *Artemisia* spp., ⑦ *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Peganum multisectum*, *Tripolium vulgare*, and scattered shrubs, ⑧ *Setaria viridis*, *Digitaria sanguinalis*, *Eleusine indica*, *Phragmites australis*, *Tagetes minuta*, *Periploca sepium*, *Ailanthus altissima*, and *Artemisia* spp.

1.2 土壤理化性质测定方法

土壤容重 (BD) 采用环刀法测定。土壤含水量 (SWC) 采用烘干法测定。土壤水稳性团聚体采用湿筛法测定, 将风干土样充分浸润后依次通过不同孔径筛网, 收集并烘干各粒级团聚体, 根据质量比例计算大于 0.25 mm 水稳性团聚体含量 (WSA) 和平均重量直径 (MWD)。土壤 pH 采用电位法测定, 土水质量比为 1:5。土壤电导率 (EC) 采用水浸提—电导率法测定, 土水质量比为 1:5。土壤全氮 (TN) 采用元素分析仪 (vario PYRO cube, elemental, 德国) 测定。土壤全磷 (TP) 和全钾 (TK) 经消煮后, 分别采用钼锑抗比色法和火焰光度法测定。土壤有机质 (OM) 采用重铬酸钾氧化—加热法测定, 土壤有机碳 (SOC) 根据有机质含量按 $SOC = OM / 1.724$ 换算, 土壤全碳 (TC) 采用元素分析仪干燃烧法测定。土壤硝态氮 (NO_3^- -N) 和铵态氮 (NH_4^+ -N) 采用 $2 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ KCl 浸提法测定。土壤有效磷 (AP) 采用 $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ $NaHCO_3$ (pH 8.5) 浸提—钼锑抗比色法测定, 速效钾 (AK) 采用 $1 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ NH_4OAc 浸提—火焰光度法测定。土壤全硫 (TS) 采用元素分析仪干燃烧法测定, 硫酸盐硫 (SO_4^{2-} -S) 采用水浸提—离子色谱法测定。

1.3 土壤细菌丰度测定与 16S rRNA 基因扩增子测序

土壤总 DNA 采用 FastDNA™ Spin Kit for Soil 提取, 经 1% 琼脂糖凝胶电泳和 NanoDrop One (Thermo Fisher Scientific, 美国) 检测完整性、浓度和纯度。细菌丰度以 16S rRNA 基因拷贝数表征, 采用 338F/518R 引物进行实时荧光定量 PCR (qPCR)。qPCR 在 Bio-Rad CFX96 Touch™ 仪器 (Bio-Rad, 美国) 进行, $20 \mu\text{L}$ 体系包括 $10 \mu\text{L}$ TB Green® Premix Ex Taq™ II (TaKaRa, 日本)、正反向引物 ($10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 各 $0.4 \mu\text{L}$ 、DNA 模板 $2.0 \mu\text{L}$ 和灭菌超纯水 $7.2 \mu\text{L}$ 。扩增程序为: 95°C 3 min; 40 个循环, 包括 95°C 15 s、 53°C 30 s 和 72°C 30 s, 扩增后进行熔解曲线分析。以含目标片段的重组质粒建立标准曲线, $R^2 > 0.995$, 扩增效率为 95% ~ 105%; 每个样品设置 3 个技术重复, 结果换算为 $\text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$ (干土)。

细菌群落采用 16S rRNA 基因扩增子测序分析。以带 barcode 的特异引物扩增目标片段, PCR 产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳检测、等质量混合和切胶纯化后, 使用 ALFA-SEQ DNA 文库制备试剂盒

建库,并在 Illumina 平台进行 PE250 双端测序。文库片段长度和浓度分别采用 Qsep400 和 Qubit 4.0 检测。原始序列经 fastp 质控、cutadapt 去除引物和 usearch-fastq_mergepairs 拼接后,在 QIIME2 (v2020.11.0) 中采用 DADA2 去噪并构建特征序列,基于 SILVA 数据库进行物种注释,置信度阈值为 0.8。

1.4 土壤酶活性测定方法

土壤脲酶活性(URE)采用苯酚钠-次氯酸钠比色法测定,以尿素为底物,结果以 $\text{mg} \cdot (\text{g} \cdot 24 \text{ h})^{-1}$ (以 $\text{NH}_3\text{-N}$ 计)表示。土壤中性磷酸酶(后文简称磷酸酶, NPA)活性采用磷酸苯二钠比色法测定,以生成酚量表征,结果以 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24 \text{ h})^{-1}$ 表示。土壤蔗糖酶活性(SUC)采用 3, 5-二硝基水杨酸比色法测定,以蔗糖为底物,结果以 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24 \text{ h})^{-1}$ 表示。

1.5 数据统计与生物信息学分析

同一复垦年份内,建植受限样地与已建植样地的土壤性质、酶活性、丰富度(Richness)及 16S rRNA 基因拷贝数采用 Welch 独立样本 t 检验,显著性水平为 $P < 0.05$ 。扩增子序列经质控、去噪、拼接和去除嵌合体后获得特征序列,并基于 SILVA 数据库进行物种注释。 α 多样性以 Richness 表征; β 多样性基于 Bray-Curtis 距离进行主坐标分析(PCoA),并采用置换多元方差分析(PERMANOVA)检验群落结构差异。采用去趋势对应分析(DCA)确定排序模型,当梯度长度小于 3.0 时采用冗余分析(RDA),分析细菌群落结构与主要环境因子的关系。进一步将环境因子划分为硫组分约束、水分养分、结构和酶活性 4 组,组内变量标准化后计算欧氏距离,并与细菌群落 Bray-Curtis 距离进行曼特尔(Mantel)检验,置换 999 次。为比较各指标在建植状态转换中的响应方向和稳定性,计算同一复垦年份内已建植样地相对于建植受限样地的响应比 $\log_2(V/L)$,其中 V 和 L 分别为两类样地的均值。响应比大于 0 表示已建植样地较高,小于 0 表示建植受限样地较高;组间差异仍采用 Welch 独立样本 t 检验。因 pH 为对数尺度,不参与响应比计算。采用探索性偏最小二乘路径模型(Partial least squares path modeling, PLS-PM)解析表土环境约束与生物响应的潜在路径。模型设置 5 个潜变量:硫组分约束由 TS 和 $\text{SO}_4^{2-}\text{-S}$ 表征;水分养分供给由 SWC、TN、 $\text{NO}_3\text{-N}$ 、 $\text{NH}_4\text{-N}$ 、SOC、AP 和 AK 表征;结构稳定性由标准化后的 BD、WSA 和 MWD 表征;酶活性由 URE、NPA 和 SUC 表征;细菌响应由 lg 转换后的 16S rRNA 基因拷贝数表征。路径显著性采用 bootstrap 检验。扩增子数据处理、群落多样性、排序及环境关联分析在 R(v3.5.1)中完成,主要使用 vegan 包;其余统计分析在 R(v3.5.1)中完成,部分图形采用 Origin 2021 绘制。

2 结 果

2.1 已建植样地与受限样地表土环境因子及养分特征

表 2 显示,已建植样地表土整体具有更好的水分与氮素条件。除 R1990 样地外,其余复垦年份中 R-V 的 SWC 均显著高于对应的 R-L,2005、2012 和 2018 样地分别由 $168.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 升至 $198.5 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 、 $141.1 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 升至 $218.7 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $96.0 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 升至 $192.3 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 。TN 和 $\text{NO}_3\text{-N}$ 在四个复垦年份中均表现为 R-V 显著高于 R-L。AK 总体也呈现相同趋势,而 OM、SOC 和 TC 的升高主要见于 R1990 和 R2012 样地。与养分提升相对应,硫组分富集是受限样地最突出的环境特征。四个复垦年份中,R-L 的 TS 分别为 2.40、3.63、5.08 和 $7.65 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, $\text{SO}_4^{2-}\text{-S}$ 分别为 337.2、528.8、863.7 和 $1947 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,均显著高于对应的 R-V。此外,pH、TP 和 EC 的变化规律不一致,其对样地建植状态的指示作用弱于水分、氮素及硫组分。总体而言,R-V 表现为水分改善、氮素积累增强和硫胁迫减弱,R-L 则呈现养分不足与硫组分偏高并存的表土环境特征。

表 2 不同复垦年份矸石山已建植样地与受限样地表土环境因子及养分特征

Table 2 Topsoil environmental factors and nutrient characteristics of well-vegetated and revegetation-limited sites on coal gangue dumps with different reclamation years

复垦年份 Reclamation year	样地类型 Site type	pH	SWC/ (g·kg ⁻¹)	TN/ (g·kg ⁻¹)	OM/ (g·kg ⁻¹)	TP/ (g·kg ⁻¹)	TK/ (g·kg ⁻¹)	EC/ (mS·cm ⁻¹)	NO ₃ -N/ (mg·kg ⁻¹)
R1990	受限 ^①	8.51±0.09a	116.9±12.3a	1.67±0.13b	96.77±6.19b	0.34±0.01b	9.83±0.35b	0.39±0.03a	19.11±1.35b
	已建植 ^②	8.36±0.11a	116.5±3.0a	5.71±0.55a	278.4±14.27a	0.41±0.01a	16.59±0.47a	0.33±0.02b	49.79±4.51a
R2005	受限 ^①	6.74±0.02a	168.0±4.0b	1.38±0.19b	54.06±14.30a	0.30±0.01b	15.90±2.00a	0.32±0.04a	11.65±1.91b
	已建植 ^②	7.44±0.44a	198.5±5.7a	2.26±0.23a	53.14±5.04a	0.33±0.02a	16.91±0.22a	0.26±0.03a	21.35±2.89a
R2012	受限 ^①	7.28±0.01b	141.1±3.8b	0.39±0.12b	6.10±0.54b	0.39±0.01a	17.36±0.81a	0.22±0.02a	3.30±0.50b
	已建植 ^②	8.54±0.30a	218.7±3.1a	0.92±0.03a	17.42±0.62a	0.35±0.01b	18.36±0.73a	0.22±0.03a	7.49±0.84a
R2018	受限 ^①	5.05±0.34b	96.0±2.9b	0.19±0.05b	7.76±1.46a	0.32±0.01a	17.19±1.29a	0.99±0.08a	1.88±0.40b
	已建植 ^②	8.57±0.10a	192.3±12.4a	0.32±0.05a	5.36±0.88a	0.28±0.02b	17.67±0.42a	0.42±0.04b	4.36±0.55a

复垦年份 Reclamation year	样地类型 Site type	NH ₄ ⁺ -N/ (mg·kg ⁻¹)	SOC/ (g·kg ⁻¹)	TC/ (g·kg ⁻¹)	AP/ (mg·kg ⁻¹)	AK/ (mg·kg ⁻¹)	TS/ (g·kg ⁻¹)	SO ₄ ²⁻ -S/ (mg·kg ⁻¹)
R1990	受限 ^①	4.54±0.27b	56.13±3.59b	72.47±3.93b	17.63±1.02b	152.1±5.77b	2.40±0.48a	337.2±62.80a
	已建植 ^②	10.02±1.22a	161.5±8.28a	186.5±9.18a	33.55±2.53a	235.8±6.81a	0.91±0.25b	128.1±38.66b
R2005	受限 ^①	3.27±0.45b	31.36±8.30a	34.17±8.58a	8.92±2.06a	211.4±11.70a	3.63±0.73a	528.8±112.7a
	已建植 ^②	5.13±0.74a	30.82±2.93a	35.00±2.88a	12.78±1.33a	229.4±2.65a	1.67±0.43b	233.9±72.31b
R2012	受限 ^①	1.49±0.12b	3.54±0.31b	6.13±0.42b	3.93±0.80b	182.5±6.30b	5.08±0.75a	863.7±122.3a
	已建植 ^②	2.21±0.21a	10.10±0.35a	18.43±0.50a	7.88±0.26a	214.9±6.30a	2.17±0.58b	310.5±95.30b
R2018	受限 ^①	5.54±0.66a	4.50±0.85a	4.83±0.90b	3.88±0.68a	156.3±7.26b	7.65±1.15a	1947±339.4a
	已建植 ^②	1.98±0.15b	3.11±0.50a	11.10±0.53a	3.97±0.23a	180.8±4.10a	2.87±0.95b	473.8±188.3b

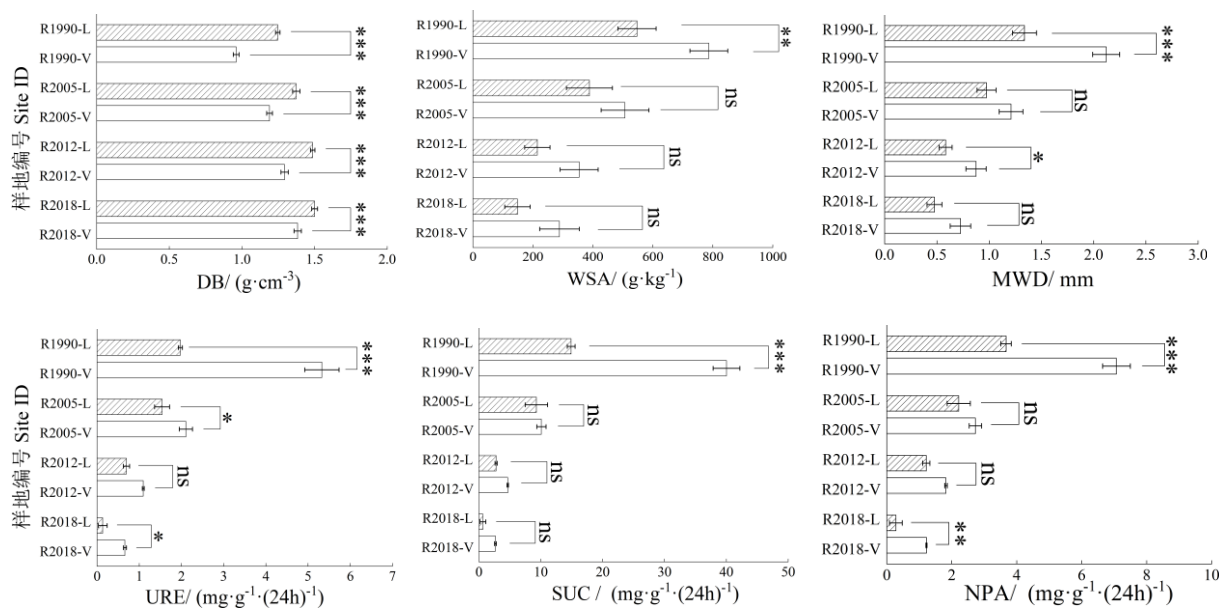
注: SWC, 土壤含水量; TN, 全氮; OM, 有机质; TP, 全磷; TK, 全钾; EC, 电导率; NO₃-N, 硝态氮; NH₄⁺-N, 铵态氮; SOC, 土壤有机碳; TC, 全碳; AP, 有效磷; AK, 速效钾; TS, 总硫; SO₄²⁻-S, 硫酸盐硫。各指标基于 3 个独立重复, 结果表示为均值 ± 标准差 (mean ± SD)。同一复垦年份内, 受限样地与已建植样地之间采用 Welch 独立样本 *t* 检验; 同一指标同一年份内不同小写字母表示差异显著 (*P* < 0.05), 相同字母表示差异不显著。R1990 等代表复垦年份。下同。Note: SWC, soil water content; TN, total nitrogen; OM, organic matter; TP, total phosphorus; TK, total potassium; EC, electrical conductivity; NO₃-N, nitrate nitrogen; NH₄⁺-N, ammonium nitrogen; SOC, soil organic carbon; TC, total carbon; AP, available phosphorus; AK, available potassium; TS, total sulfur; SO₄²⁻-S, sulfate sulfur. All variables were based on three independent replicates and are expressed as mean ± standard deviation (mean ± SD). Differences between revegetation-limited and well-vegetated

sites within the same reclamation year were tested using Welch's independent-samples *t*-test. Different lowercase letters indicate significant differences within the same variable and reclamation year ($P < 0.05$), whereas the same letter indicates no significant difference. R1990 and similar labels indicate reclamation years. The same below. ①Limited, ②Vegetated.

2.2 已建植样地与建植受限样地表土结构稳定性差异与酶活性

在四个复垦年份中, R-V 的 BD 均显著低于对应 R-L ($P < 0.001$) (图 1)。与之相应, R-V 的 WSA 和 MWD 整体高于 R-L, 但不同年限的响应强度存在差异。R1990 样地差异最显著, WSA 由 54.70% 升至 78.67%, MWD 由 1.34 升至 2.12 mm ($P < 0.001$); R2012 样地中, MWD 由 0.58 升至 0.87 mm ($P < 0.05$)。总体而言, 植被建立对表土结构的影响最稳定地表现为容重下降, 而对团聚体形成和稳定性的促进则主要出现在复垦时间较长的样地中。

三种土壤酶活性中, R-V 的均值均高于对应 R-L (图 1)。URE 和 NPA 在 R1990 和 R2018 样地差异显著。SUC 仅在 R1990 样地显著升高, 由 14.90 升至 40.01 $\text{mg} \cdot \text{g}^{-1} \cdot (24 \text{ h})^{-1}$ ($P < 0.001$)。与表土结构指标相比, 酶活性对植被建立的影响相对较弱。



注: 已建植样地以 V 表示, 建植受限样地以 L 表示。数据表示为平均值 $\pm$ 标准差 ($n = 3$)。同一复垦年份内 V 与 L 之间采用 Welch 独立样本 *t* 检验进行两两比较; *, **, *** 分别表示在 0.05、0.01、0.001 水平差异显著, ns 表示差异不显著。BD 为容重; WSA 为水稳性团聚体; MWD 为平均重量直径; URE 为土壤脲酶活性; SUC 为土壤蔗糖酶活性; NPA 为土壤磷酸酶活性。下同。Note: V indicates well-vegetated sites, and L indicates revegetation-limited sites. Data are presented as mean $\pm$ standard deviation ($n = 3$). Within the same reclamation year, pairwise comparisons between V and L were performed using Welch's independent-samples *t*-test. *, ** and *** indicate significant differences at the 0.05, 0.01 and 0.001 levels, respectively, and ns indicates no significant difference. BD, bulk density; WSA, water-stable aggregates; MWD, mean weight diameter; URE, soil urease activity; SUC, soil sucrose activity; NPA, soil phosphatase activity. The same below.

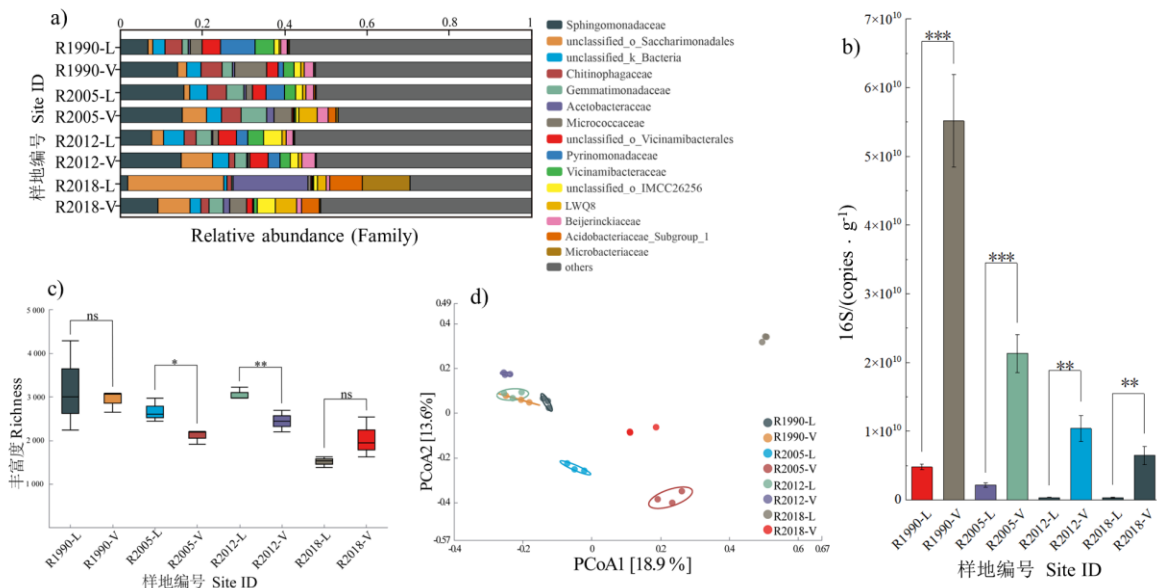
图 1 不同复垦年份煤矸石山已建植样地与建植受限样地表土结构稳定性和酶活性差异

Fig. 1 Differences in topsoil structural stability and enzyme activities between well-vegetated and revegetation-limited sites on coal gangue dumps with different reclamation years

2.3 已建植样地与受限样地细菌丰度与群落结构

四个复垦年份中, R-V 的 16S rRNA 基因拷贝数平均值均显著高于对应 R-L, 其中 R1990 和 R2005 差异达到 $P < 0.001$, R2012 和 R2018 差异达到 $P < 0.01$ (图 2b)。以 R2018 样地为例, 由 3.23×10^8 升至 $6.50 \times 10^9 \text{ copies} \cdot \text{g}^{-1}$ 。Richness 在 R2005 和 R2012 样地中, R-V 均低于对应 R-L, 且差异达到显著水平 (图 2c)。在科 (Family) 水平上, 群落组成显示, 各样地均以 Micrococcaceae 为优势类群,

同时伴随 Sphingomonadaceae、unclassified_o_Saccharimonadales、unclassified_k_Bacteria、Chitinophagaceae 和 Gemmatimonadaceae 等类群共同构成群落主体,但不同样地间各优势菌的相对丰度分配存在明显差异(图 2a)。PCoA 排序结果表明,8 组样点分布明显分离,PERMANOVA 检验 $R^2 = 0.71$, $F = 5.586$, $P = 0.001$,证实组间群落结构差异显著(图 2d)。



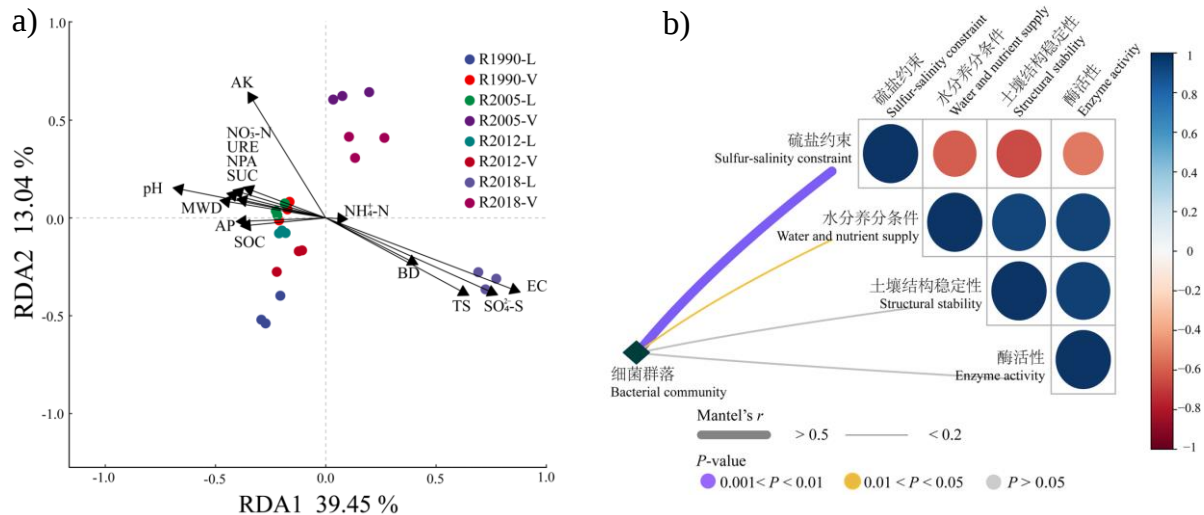
注: a) 科水平细菌群落组成; b) 16S rRNA 基因拷贝数; c) 群落丰富度指数; d) 基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA)。16S rRNA 基因拷贝数结果表示为平均值 ± 标准差 ($n = 3$)。Note: a) Bacterial community composition at the family level; b) 16S rRNA gene copy number; c) community richness index, Observed richness; d) principal coordinates analysis (PCoA) based on Bray-Curtis distance. Results of 16S rRNA gene copy number are presented as mean ± standard deviation ($n = 3$).

图 2 不同复垦年份煤矸石山已建植样地与建植受限样地细菌群落组成、 α 多样性及丰度差异

Fig. 2 Differences in bacterial community composition, alpha diversity, and abundance between well-vegetated and revegetation-limited sites on coal gangue dumps with different reclamation years

2.4 表土环境因子与细菌群落结构的关联

为明确表土环境因子变化与细菌群落结构分异之间的对应关系,采用冗余分析 (RDA) 对细菌群落组成与主要土壤理化性质及酶活性指标进行排序分析。该方法能够在排序空间中同时表征群落分布格局及环境变量作用方向,适用于解析本研究中多环境因子共同作用下的细菌群落响应特征。RDA 前两轴共解释细菌群落变异的 52.49% (图 3a),样地在排序空间中呈现出较明显的分离格局。R2018-L 分布于 RDA1 正向,与 EC、TS、SO₄²⁻-S 和 BD 方向一致;R2005-V 和 R2018-V 偏向 RDA2 正向区域,与 AK、NO₃⁻-N 及酶活性指标方向较为接近;其余样地多分布于原点附近或 RDA1 负向区域,与 pH、SOC、AP 和 MWD 等指标方向更为接近。为进一步从因子组层面检验表土环境梯度与细菌群落结构的整体对应关系,将环境因子划分为硫盐约束组 (TS、SO₄²⁻-S)、水分养分组 (SWC、SOC、TN、NH₄⁺-N、NO₃⁻-N、AP、AK)、结构组 (BD、WSA、MWD) 和酶活性组 (URE、NPA、SUC),并开展分组 Mantel 检验。结果显示,细菌群落 Bray-Curtis 距离与硫盐约束组显著相关 (Mantel's $r = 0.50$, $P = 0.001$),与水分养分组也达到显著相关 (Mantel's $r = 0.18$, $P = 0.021$);结构组与细菌群落距离表现出一定相关趋势 (Mantel's $r = 0.13$, $P = 0.065$),酶活性组相关性较弱 (Mantel's $r = 0.09$, $P = 0.249$) (图 3b)。组间相关矩阵显示,硫盐约束组与水分养分组、结构组和酶活性组总体呈负相关,而水分养分、结构和酶活性组之间呈较强正相关。



注: 图 3a 中箭头表示环境因子在排序空间中的变化方向和相对贡献, 样点间距离反映细菌群落组成差异; 图 3b 中连线粗细表示 Mantel's *r* 大小, 颜色表示显著性水平。Note: In Fig. 3a, arrows indicate the direction of environmental gradients and their relative contributions in the ordination space, and the distances among samples reflect differences in bacterial community composition. In Fig. 3b, line thickness represents the magnitude of Mantel's *r*, and line color indicates the significance level.

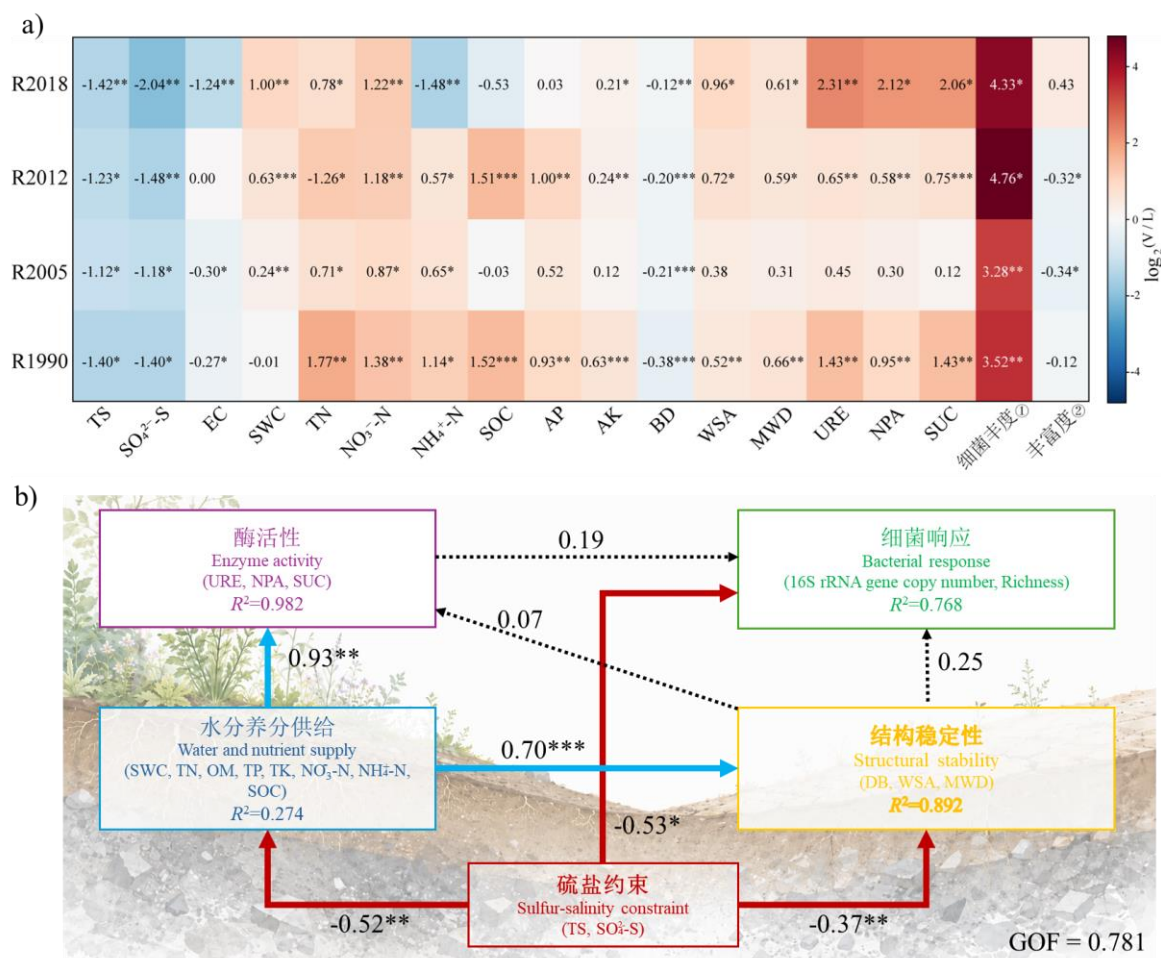
图 3 表土环境因子与细菌群落结构关系的冗余分析 (RDA) 排序 (a) 和分组曼特 (Mantel) 分析 (b)

Fig. 3 Redundancy analysis (RDA) ordination (a) and grouped Mantel analysis (b) of the relationships between topsoil environmental factors and bacterial community structure

2.5 不同建植状态下表土综合响应模式及潜在作用路径

为从多指标结果中提取建植受限的稳定表征, 计算了同一复垦年份内已建植样地相对于建植受限样地的响应比。结果显示, TS 和 SO₄-S 在 4 个复垦年份中均表现为负响应; EC 除 R2012 外, 总体表现为已建植样地低于建植受限样地。与此相反, NO₃-N、AK、WSA、MWD 及 16S rRNA 基因拷贝数在不同复垦年份中整体表现为显著正响应; 容重在 4 个复垦年份中均表现为负响应。Richness 及部分酶活性指标在不同复垦年份间响应方向不一致 (图 4a)。

为解析表土环境约束与生物响应之间的潜在作用路径, 构建了基于综合指标的探索性 PLS-PM 模型 (图 4b)。模型整体拟合度较好 (模型拟合优度 GOF = 0.781)。硫盐约束对水分养分供给、结构稳定性和细菌响应均表现为显著负效应, 路径系数分别为 -0.52、-0.37 和 -0.53; 水分养分供给对结构稳定性和酶活性表现为显著正效应, 路径系数分别为 0.70 和 0.93。结构稳定性和酶活性对细菌响应的直接路径未达到显著水平。模型解释了水分养分供给、结构稳定性、酶活性和细菌响应变异的 27.4%、89.2%、98.2% 和 76.8%。



注: a) 已建植样地相对于建植受限样地的响应比热图。显著性基于同一年份内已建植样地与建植受限样地之间的 Welch 独立样本 t 检验。b) 表土环境约束与生物响应的探索性偏最小二乘路径模型 (PLS-PM) 模型。箭头数字表示标准化路径系数, 实线表示显著路径, 虚线表示不显著路径; R^2 表示内生变量解释率, GOF 表示模型拟合优度。①16S rRNA 基因拷贝数, ②丰富度指数 Richness。Note: a) Response ratio heatmap of well-vegetated sites relative to revegetation-limited sites. Significance was tested using Welch's independent-samples t -test between V and L within the same reclamation year. b) Exploratory partial least squares path model (PLS-PM) linking topsoil environmental constraints and biological responses. Numbers on arrows indicate standardized path coefficients. Solid arrows indicate significant paths, and dashed arrows indicate non-significant paths. R^2 indicates the explained variance of endogenous variables, and GOF indicates model goodness of fit. ①16S rRNA gene copy number, ②Richness.

图 4 不同建植状态表土多指标响应模式及潜在作用路径

Fig. 4 Multi-indicator response patterns and potential pathways of topsoil under vegetation status transition

3 讨论

3.1 复垦煤矸石山建植受限表土的约束特征

本研究通过跨四个复垦年限的样地比较表明, 复垦煤矸石山建植受限表土特征主要表现为 TS 和 SO₄²⁻-S 高, 以及水分、氮素和 AK 水平低。在四个复垦年份中, 受限样地 TS 和 SO₄²⁻-S 均高于已建植样地, 说明硫组分累积是建植受限表土最稳定的化学约束信号之一; 而已建植样地总体具有较高的 SWC、TN、NO₃⁻-N 和 AK (表 2, 图 4a)。以 R2018 样地为例, 受限样地 TS 和 SO₄²⁻-S 分别为 7.65 g·kg⁻¹ 和 1947 mg·kg⁻¹, 显著高于已建植样地; 同时, 其 SWC 仅为 96.0 g·kg⁻¹, 约为已建植样

地的 1/2 (表 2), 说明复垦时间较短的矸石山表土更易积累较强的硫胁迫信号。已有研究表明, 煤矸石山中煤矸石及含硫矿物氧化会持续释放 H^+ 和硫酸盐^[31], 并通过淋滤-迁移-再分配过程影响上覆土层^[33]。本研究进一步表明, 这种影响在完成覆土后仍可造成同一矸石山内部的表土分化。

表土的结构指标进一步支持上述判断。四个复垦年份中, 已建植样地容重均显著低于受限样地, 水稳性团聚体含量和平均重量直径总体较高, 但不同年份间差异程度不同 (图 1)。R1990 样地表现最明显, WSA 由 54.70% 升至 78.67%, MWD 由 1.34 mm 升至 2.12 mm (图 1)。已有研究表明, 容重下降和团聚体恢复是复垦土壤结构改善的重要标志^[34-35]。本研究中, 容重在各复垦年份均保持稳定响应, 而团聚体指标仅在部分年份差异显著 (图 1), 说明容重对建植状态的指示作用更稳定, 团聚体恢复则可能需要更长时间。

已建植样地的酶活性总体较高, 但多数年份差异不显著 (图 1)。已有研究表明, 脲酶、蔗糖酶和磷酸酶通常随水分和养分改善而升高, 随土壤压实增强而降低^[36-37]。本研究中, 乔、灌、草混合植被造成根系分布、枯落物输入和遮阴条件差异, 可能削弱酶活性对建植状态的一致响应。PLS-PM 结果显示, 水分养分供给对酶活性具有显著正效应 (图 4b), 说明酶活性主要反映水分和养分改善后的功能响应。

3.2 表土细菌群落特征对煤矸石山复垦建植受限的响应

四个复垦年份中, 已建植样地的 16S rRNA 基因拷贝数均高于受限样地 (图 2b), 而群落丰富度未呈一致变化, 在 R2005 和 R2012 样地中反而较低 (图 2c)。因此, 细菌丰度较群落丰富度更能稳定反映建植状态。PCoA 结果进一步表明, 不同建植状态对应显著的群落结构分化 (图 2d)。大量研究证实, 矿区复垦土壤细菌群落对环境分化具有较高敏感性^[38], 群落组成变化通常早于地表植被^[39]。本研究在煤矸石山内部也观察到同类现象, 说明细菌群落可作为识别建植分化表土的重要生物学响应指标。

RDA 和分组 Mantel 检验进一步揭示了细菌群落与表土环境之间的关系。R2018-L 与电导率、总硫、硫酸盐硫和容重方向一致, 而已建植样地更接近有效钾、硝态氮和酶活性方向 (图 3a)。Mantel 检验显示, 细菌群落与硫盐约束组的相关性最强, 水分养分组次之, 结构组和酶活性组较弱 (图 3b)。这表明, 硫盐累积是建植受限表土的重要背景约束, 水分、养分、结构和酶活性共同参与群落分化。该对应关系在 R2018 样地中最突出, 说明复垦时间较短的煤矸石山更易形成清晰的硫盐胁迫和细菌响应信号。

3.3 煤矸石山覆土后建植受限的潜在形成机制

本研究综合响应比分析、分组 Mantel 检验和探索性 PLS-PM 结果, 认为煤矸石山覆土复垦后的建植受限可归纳为硫盐约束、容重、水分养分不足及细菌响应减弱共同形成的复合表土障碍 (图 4)。已有研究表明, 下伏煤矸石中含硫矿物持续氧化可释放硫酸盐和可溶性盐分, 并伴随酸化及局部水热波动^[40]; 当覆土层缓冲能力不足或局部结构退化时, 上述影响可在表土层中表现为硫盐累积、含水率降低和养分有效性下降^[41]。本研究中, 总硫和硫酸盐硫在四个复垦年份中均稳定富集于建植受限样地 (表 2), 分组 Mantel 检验也显示硫盐约束组与细菌群落结构的相关性最强 (图 3b), 表明硫盐累积是识别煤矸石山建植受限表土的关键源头信号。PLS-PM 结果显示, 硫盐约束对水分养分供给和结构稳定性均具有显著负效应, 路径系数分别为 -0.52 和 -0.37; 水分养分供给对结构稳定性和酶活性具有显著正效应, 路径系数分别为 0.70 和 0.93 (图 4b)。这说明硫盐累积通常伴随保水能力下降、养分不足和结构稳定性减弱。硫盐约束对细菌响应还具有显著负效应, 路径系数为 -0.53, 模型对细菌响应的解释率为 76.8%。结合响应比分析, 本研究指出 16S rRNA 基因拷贝数、总硫、硫酸盐硫和容重可作为识别建植受限表土的优先指标。

研究结果提示, 工程诊断应优先关注覆土层质量及下伏矸石层影响。对于已完成覆土但植被仍稀疏的斑块, 可先通过总硫、硫酸盐硫和容重识别主要约束, 再结合含水率、氮素和有效钾判断资源供给状况, 并以 16S rRNA 基因拷贝数和酶活性评价表土生物功能。修复措施应重点围绕硫盐迁移控制、表土结构改良、有机质补充和保水保肥能力提升展开。需要指出的是, 本研究基于典型煤

矸石山的一次性配对采样,探索性 PLS-PM 主要用于识别表土约束因子与细菌响应之间的潜在关联,尚不能判定严格因果关系。后续可扩大样地范围,并结合多季节地温、水分和硫盐迁移监测及功能验证试验^[42-43],进一步量化下伏矸石对覆土层建植过程的持续影响。

4 结 论

不同复垦年份煤矸石山的同山内配对比较表明,建植受限斑块呈现一致的表土退化特征,主要表现为硫组分富集、容重升高以及水分和氮素供给不足。细菌群落结构随建植状态显著分化,16S rRNA 基因拷贝数在四个复垦年份中均于已建植样地显著升高,其指示稳定性高于 α 多样性和酶活性。综合 RDA 排序、分组 Mantel 检验和 PLS-PM 结果,硫盐约束与细菌群落整体分异联系最为密切,并与覆土层水分养分供给和结构稳定性下降显著关联,表明下伏矸石持续影响可能通过重塑表土生境限制植被建立。研究结果表明,总硫、硫酸盐硫、容重和 16S rRNA 基因拷贝数可作为复垦煤矸石山建植受限斑块的优先诊断指标,并据此开展硫盐迁移阻控、覆土结构改良和保水保肥等分区修复。

参考文献 (References)

- [1] Hu Z Q, Zhao Y L, Mao Z. Principles and key technologies for the large-scale ecological utilization of coal gangue[J]. Journal of China Coal Society, 2024, 49(2): 978-987. [胡振琪, 赵艳玲, 毛镇. 煤矸石规模化生态利用原理与关键技术[J]. 煤炭学报, 2024, 49(2): 978-987.]
- [2] China Coal Industry Association. China coal industry development report 2024[R]. Beijing: China Coal Industry Press, 2024. [中国煤炭工业协会. 中国煤炭工业发展报告 2024[R]. 北京: 中国煤炭工业出版社, 2024.]
- [3] Jiang Y D. Promoting green development of coal and building a clean beautiful homeland[J]. China Scholars Abroad, 2023(8): 21-23. [姜耀东. 促进煤炭绿色开发 共建清美丽家园[J]. 神州学人, 2023(8): 21-23.]
- [4] Liu C Y, Gu W Z, Cui F, et al. Research progress and prospects on resource utilization of coal gangue for soil remediation in China[J]. Coal Science and Technology, 2025, 53(6): 125-140. [刘成勇, 古文哲, 崔峰, 等. 中国煤矸石土壤修复资源化利用研究进展与展望[J]. 煤炭科学技术, 2025, 53(6): 125-140.]
- [5] Li M M, Xing D Q, Zhou F Z. Theoretical framework and ecological restoration technology of gangue backfilling in subsidence areas for land reclamation[J]. Coal Mine Modernization, 2025, 34(3): 39-44. [李明明, 邢大千, 周法政. 煤矸石回填塌陷区复垦技术体系研究与应用[J]. 煤矿现代化, 2025, 34(3): 39-44.]
- [6] Li Q H, Gao Z W. Turning gangue into treasure, barren slopes turning green: Dual-path solutions to coal gangue governance by China Coal Pingshuo Group[N]. Shanxi Daily, 2026-04-07. [李全宏, 高志文. 矸石变宝荒坡披绿: ——中煤平朔集团双路径破解煤矸石治理难题[N]. 山西日报, 2026-04-07.]
- [7] Yuan Y, Song H P, Zhang Y Y, et al. Recent developments in coal gangue comprehensive utilization policies and ecological backfilling technology[J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2025, 15(3): 788-797. [原野, 宋慧平, 张圆圆, 等. 煤矸石综合利用政策及生态回填技术进展[J]. 环境工程技术学报, 2025, 15(3): 788-797.]
- [8] Hu Z Q, Guo J X, Zhao Y L, et al. Survey and analysis of the implementation of key policies on land reclamation in mining areas in China[J]. China Land Science, 2024, 38(5): 1-11. [胡振琪, 郭家新, 赵艳玲, 等. 我国矿区土地复垦关键政策实施情况调查分析[J]. 中国土地科学, 2024, 38(5): 1-11.]
- [9] Misebo A M, Woś B, Gruba P, et al. Reclamation and vegetation effects on labile and stable soil organic carbon fractions in a spoil heap of coal mining waste[J]. Pedosphere, 2026, 36(3): 738-748.
- [10] Wang W, Zhang H J, Zhang C L, et al. Influencing factors of vegetation restoration in coal waste piles-A case study of 280 coal waste piles in Yangquan City, Shanxi Province[J]. Bulletin of Soil and Water Conservation, 2008, 28(2): 147-152. [王伟, 张洪江, 张成梁, 等. 煤矸石山植被恢复影响因子初探——以山西省阳泉市 280 煤矸石山为例[J]. 水土保持通报, 2008, 28(2): 147-152.]

- [11] Liao C H, Liu X H. Study on vegetation restoration of the earth sheltered coal gangue dumps region in Yangquan of Shanxi[J]. Conservation and Utilization of Mineral Resources, 2010, 30(5): 40-43. [廖程浩, 刘雪华. 阳泉地区覆土煤矸石山的植被恢复研究[J]. 矿产保护与利用, 2010, 30(5): 40-43.]
- [12] Kompala-Baba A, Biera W, Sierka E, et al. The role of plants and soil properties in the enzyme activities of substrates on hard coal mine spoil heaps[J]. Scientific Reports, 2021, 11: 5155.
- [13] Lu X Y, Wang L J, Tang Y H, et al. Progress in the modification and utilization of coal gangue[J]. Minerals, 2026, 16(3): 329.
- [14] Tang T, Wang Z, Chen L Z, et al. Opportunities, challenges and modification methods of coal gangue as a sustainable soil conditioner—A review[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2024, 31(48): 58231-58251.
- [15] Dong X L, Dong S N, Wang H, et al. Antifouling property of the paleosol layer to the contaminants in the coal gangue leachate[J]. Journal of China Coal Society, 2021, 46(6): 1957-1965. [董兴玲, 董书宁, 王皓, 等. 古土壤层对煤矸石淋滤液中典型污染物的防污性能[J]. 煤炭学报, 2021, 46(6): 1957-1965.]
- [16] Zhao Z Q, Sha H Q, Huang J, et al. Study on the characteristics and causes of groundwater pollution in coal gangue dumps[J]. Journal of Environmental Engineering Technology, 2023, 13(4): 1604-1613. [赵子千, 沙浩群, 黄超, 等. 煤矸石堆场地下水污染特征及成因研究[J]. 环境工程技术学报, 2023, 13(4): 1604-1613.]
- [17] Zhang B, Ma D, Zhou X X, et al. Replacing soil with waste gangue for the ecological remediation of mining areas facilitated by plant-promoting microorganisms and porous materials[J]. Scientific Reports, 2026, 16: 7806.
- [18] Li W B, Feng Q Y, Southam G, et al. Changes in microbial community structure during the biooxidation of iron and inorganic/organic sulfur provide prediction of acid mine drainage from coal spoil[J]. Science of the Total Environment, 2023, 894: 164945.
- [19] Abbas H M M, Liu Z L, Khan M N, et al. Microbial-inoculated biochar combined with nitrogen mitigates salinity stress in rice by reducing salt accumulation and enhancing soil-plant interactions[J]. Frontiers in Plant Science, 2026, 17: 1751156.
- [20] Kamran M, Parveen A, Ahmar S, et al. An overview of hazardous impacts of soil salinity in crops, tolerance mechanisms, and amelioration through selenium supplementation[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2019, 21(1): 148.
- [21] Chen F, Song X J, Dong W X, et al. Effects of land reclamation on soil bacterial community assembly and carbon sequestration function in coal mine subsidence area: Taking Dongtan Mining Area as an example[J]. Coal Science and Technology, 2024, 52(1): 345-354. [陈浮, 宋晓君, 董文雪, 等. 采煤沉陷区复垦对土壤细菌群落组装及固碳功能的影响——以东滩矿区为例[J]. 煤炭科学技术, 2024, 52(1): 345-354.]
- [22] Ezeokoli O T, Bezuidenhout C C, Maboeta M S, et al. Structural and functional differentiation of bacterial communities in post-coal mining reclamation soils of South Africa: Bioindicators of soil ecosystem restoration[J]. Scientific Reports, 2020, 10: 1759.
- [23] Ji C N, Huang J, Yu H C, et al. Do the reclaimed fungal communities succeed toward the original structure in eco-fragile regions of coal mining disturbances? A case study in North China loess—Aeolian sand area[J]. Frontiers in Microbiology, 2022, 13: 770715.
- [24] Yin M Q, Sheng W Y, Zhang X Y, et al. Effects of long-term coal gangue dumping on soil chemical environment and microbial community in an abandoned mine[J]. Land Degradation & Development, 2024, 35(16): 4923-4934.
- [25] Hou H P, Wang C, Li J R, et al. Variation of bacterial community structure and enzyme activities in reclaimed soil filled with coal gangues along a reclamation chronosequence[J]. China Environmental Science, 2017, 37(11): 4230-4240. [侯湖平, 王琛, 李金融, 等. 煤矸石充填不同复垦年限土壤细菌群落结构及其酶活性[J]. 中国环境科学, 2017, 37(11): 4230-4240.]
- [26] Hou H P, Wang C, Ding Z Y, et al. Variation in the soil microbial community of reclaimed land over different reclamation periods[J]. Sustainability, 2018, 10(7): 2286.
- [27] Jiao H, Li X J. Variation in the soil bacterial community of reclaimed land filled with coal gangue[J]. Journal of China Coal Society, 2021, 46(10): 3332-3341. [焦赫, 李新举. 煤矸石充填复垦土壤细菌群落变化[J]. 煤炭学报, 2021, 46(10): 3332-3341.]
- [28] Ruan M Y, Hu Z Q, Zhu Q, et al. 16S rDNA sequencing-based insights into the bacterial community structure and function in co-existing soil and coal gangue[J]. Microorganisms, 2023, 11(9): 2151.
- [29] Guo Y N, Wu J L, Yu Y. Differential response of soil microbial community structure in coal mining areas during different ecological restoration processes[J]. Processes, 2022, 10(10): 2013.
- [30] Brooks J P, Adeli A, Smith R K, et al. Bacterial community structure recovery in reclaimed coal mined soil under two vegetative

- regimes[J]. *Journal of Environmental Quality*, 2019, 48(4): 1029-1037.
- [31] Dong W X, Ma J, He H, et al. Effects of land reclamation on soil microbial community structure and function in the Huang-Huai Plain mining area[J]. *Coal Science and Technology*, 2023, 51(11): 223-233.
- [32] Wei Y, Zhang J C, Yu Y C, et al. Ecological characteristics of soil microbial amount during succession of degraded karst vegetation on the Guizhou Plateau[J]. *Journal of Zhejiang Forestry College*, 2009, 26(6): 842-848. [魏媛, 张金池, 俞元春, 等. 贵州高原退化喀斯特植被恢复过程中土壤微生物数量的变化特征[J]. *浙江林学院学报*, 2009, 26(6): 842-848.]
- [33] Mahanta A, Attray B, Saikia B K. Aqueous oxidation of coal-associated pyrite and standard pyrite mineral towards understanding the depyritization kinetics and acid formations[J]. *International Journal of Coal Science & Technology*, 2024, 11(1): 85.
- [34] Song W, Liu Z, Li X J, et al. Long-term recovery of aggregate-associated organic carbon in reclaimed mine soil[J]. *Soil and Tillage Research*, 2026, 255: 106791.
- [35] Song W, Xu R P, Li X J, et al. Soil reconstruction and heavy metal pollution risk in reclaimed cultivated land with coal gangue filling in mining areas[J]. *Catena*, 2023, 228: 107147.
- [36] Ma K, Zhang Y X, Ruan M Y, et al. Land subsidence in a coal mining area reduced soil fertility and led to soil degradation in arid and semi-arid regions[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2019, 16(20): 3929.
- [37] Xu R P, Li J Y, Li X J, et al. Effect of coal mining subsidence on soil enzyme activity in mining areas with high underground water levels[J]. *Water*, 2024, 16(12): 1704.
- [38] Bi Y L, Guo C, Wang K. Research progress of biological improvement of reclaimed soil in coal mining area[J]. *Coal Science and Technology*, 2020, 48(4): 52-59. [毕银丽, 郭晨, 王坤. 煤矿区复垦土壤的生物改良研究进展[J]. *煤炭科学技术*, 2020, 48(4): 52-59.]
- [39] Mao Z, Harris J, Zhang Z Y. Responses of natural microorganisms to land reclamation and applications of functional microorganisms in bioremediation of coal mining area[J]. *Diversity*, 2024, 16(2): 86.
- [40] Zhou C C, Liu G J, Wu D, et al. Mobility behavior and environmental implications of trace elements associated with coal gangue: A case study at the Huainan Coalfield in China[J]. *Chemosphere*, 2014, 95: 193-199.
- [41] Wang G Y, Li J M, Li C Y, et al. Regulating water-salt transport in subsided soil reclamation: The mechanism of calcination-acid leaching activated coal gangue[J]. *Environmental Research*, 2026, 293: 123774.
- [42] Zhou C H, Niu H Y, Wang H Y, et al. Implications for increased risk of spontaneous combustion from hydration-dependent pore evolution in coal gangue[J]. *Fuel*, 2027, 427: 139664.
- [43] Wang P, Yang S C, Wang W C, et al. Multi-physical field coupling analysis of the spontaneous combustion process in coal gangue hills influenced by slope profiles[J]. *Advanced Powder Technology*, 2025, 36(12): 105111.

(责任编辑: 陈荣府)