

DOI:10.13869/j.cnki.rswc.2023.03.009.

刘刚, 张伟龙, 宋子恒. 采煤沉陷区裂缝边缘带土壤、作物、微生物响应[J]. 水土保持研究, 2023, 30(3): 127-134, 145.

LIU Gang, ZHANG Weilong, SONG Ziheng. Response Characteristics of Soil, Crops and Microorganisms at the Fracture Edge of the Coal mining Subsidence Area[J]. Research of Soil and Water Conservation, 2023, 30(3): 127-134, 145.

采煤沉陷区裂缝边缘带土壤、作物、微生物响应

刘刚^{1,2}, 张伟龙^{1,2}, 宋子恒¹

(1.煤炭开采水资源保护与利用国家重点实验室, 北京 102209; 2.神东煤炭集团有限责任公司, 陕西 神木 719315)

摘要: [目的] 研究采煤沉陷区裂缝边缘带土壤、作物、微生物变化特征, 为开展沉陷区生态减损与自修复提供理论依据。 [方法] 以神东矿采煤沉陷区作为研究对象, 采用野外监测结合室内分析从裂缝产生初始阶段(LFC)至裂缝发育相对稳定阶段(LFW) 15 d内, 裂缝边缘带土壤、作物、微生物响应特征。 [结果] 裂缝边缘带表层 10 cm 深度范围内土壤含水率在裂缝产生 3 d 后损失殆尽且后期无法恢复, 20 cm 以下深度的土壤含水率虽受影响, 但并不显著。沉陷区裂缝对土壤理化指标及酶活性产生了扰动影响, 但并不显著。沉陷区裂缝发育对边缘带土壤微生物造成了扰动影响, 使得土壤微生物群落均匀度、相对丰度降低, 细菌相对丰度大于 1% 的优势菌门少了装甲菌门(*Armatimonadetes*)、和厚壁菌门(*Firmicutes*); 真菌相对丰度大于 1% 的优势菌门少了芽枝霉门(*Blastocladiomycota*)。RDA 分析表明, 土壤 T, OM, AK, AP, pH, AN 是驱动土壤微生物群落结构变化的核心因子。Pearson 相关性分析表明裂缝边缘带作物遭受土壤水分和温度胁迫显著, 体内可溶性糖 SS、超氧化物歧化酶 SOD、可溶性蛋白 SP、丙二醛 MAD 含量上升, 且受胁迫程度为: 玉米 > 卷心菜 > 土豆。 [结论] 沉陷区裂缝发育是推动裂缝边缘带土壤环境因子、微生物群落及作物产生联动响应的源动力。

关键词: 沉陷区裂缝; 土壤; 作物; 微生物; 响应特征

中图分类号: S154.1

文献标识码: A

文章编号: 1005-3409(2023)03-0127-08

Response Characteristics of Soil, Crops and Microorganisms at the Fracture Edge of the Coal mining Subsidence Area

LIU Gang^{1,2}, ZHANG Weilong^{1,2}, SONG Ziheng¹

(1. State Key Laboratory of Groundwater Protection and Utilization by Coal mining, Beijing 102209, China; 2. Institute of Technology, Shendong Coal Group Co., Ltd., Shenmu, Shaanxi 719315, China)

Abstract: [Objective] The response characteristics of soil, crops and microorganisms at the fracture zone of the subsidence area was studied in order to provide a theoretical basis for ecological damage reduction and self-repair in the subsidence area. [Methods] The coal mining subsidence area of Shendong was taken as the research site, the response characteristics of soil, crops and microorganisms at the fracture edge of the subsidence area within 15 days from LFC to LFW were studied by using field monitoring and indoor analysis. [Results] The surface soil moisture content within the depth of 10 cm was completely lost and could not be recovered after 3 days of subsidence and fracture generation, soil moisture was also affected within the depth of 20 cm, but not significantly. The development of fracture in the subsidence area had a disturbing effect on soil physicochemical indexes and enzyme activities, but it was not significant. The development of fracture in the subsidence area caused disturbance to soil microorganisms, which reduced the uniformity and relative abundance of soil microbial communities, the dominant phyla of bacteria with a relative abundance greater

收稿日期: 2022-03-24

修回日期: 2022-04-21

资助项目: 国家自然科学基金基础科学中心项目(72088101); 煤炭开采水资源保护与利用国家重点实验室自主研发资助项目(GJNY-18-77)

第一作者: 刘刚(1988—), 男, 陕西榆林人, 工程师, 硕士, 主要从事矿山生态修复研究。E-mail: kate0048@126.com

通信作者: 宋子恒(1989—), 男, 山东济南人, 工程师, 博士, 主要从事矿山生态修复研究。E-mail: 20047004@chnenergy.com.cn

<http://stbcyj.paperonce.org>

than 1% were lacked of *Armatimonadetes* and *Firmicutes*, the dominant phyla of fungi with a relative abundance greater than 1% was lacked of *Blastocladiomycota*. RDA analysis showed that soil T, OM, AK, AP, pH, and AN were the critical factors driving the changes of soil microbial community structure. Pearson correlation analysis showed that the crops at the fracture edge of the subsidence area were significantly stressed by soil water and temperature, and the contents of SS, SOD, SP and MAD in the crops increased significantly, and the stress degree was corn > cabbage > potato. [Conclusion] Fracture development in the area of the subsidence is the source driver of the linkage response of soil environmental factors, microbial communities and crops in the fracture margin zone.

Keywords: fracture of subsidence area; soil; crops; microorganism; response characteristics

毛乌素沙地与黄土高原边缘交错区是我国煤炭主要生产基地,该区域常年受采煤扰动影响,造成地面裂缝发育、塌陷下沉、导水裂隙带破坏,生态植被受损,土壤理化指标及微生物群落结构发生改变,对区域生态环境造成了严重威胁^[1]。关于采煤沉陷区塌陷裂缝对地表生态的破坏历来都是诸多学者关注的热点,王强民等^[2]发现采煤沉陷地,裂缝的产生使得土壤黏性颗粒减少,砂性颗粒增多,土壤有机质含量降低。骆占斌^[3]指出大面积塌陷、裂缝的产生会引起近地表土壤含水率发生显著改变,土壤微生物丰度及群落结构多样性产生显著性差异。胡海峰等^[4]指出采煤沉陷区广泛分布的地裂缝使得土壤理化性质发生了改变,使得土壤含水率下降、土壤有机质、碳氮流失严重。聂小军^[5]研究发现沉陷区地表破碎、裂缝发育使得土壤碳、氮、磷的损失加剧,对耕地与林地之间转变造成显著影响。韩煜等^[6]研究发现,地表沉陷、裂缝张开、闭合等活动过程,阻断了植物根系,导致土壤、植物之间的水分运移受阻。张静等^[7]指出采煤沉陷区土壤含水率的改变会影响土壤微生物活动群落结构的多样性发生变化。秦朝亮等^[8]研究发现采煤造成的塌陷、裂缝、下沉对地表生态产生不同的影响特征。关于西北采煤沉陷区生态问题,诸多研究者倾向于单一研究采煤沉陷区土壤理化性状或植被多样性或土壤微生物群落结构某一方面的影响结果,而对沉陷区塌陷、裂缝发育对土壤理化性状、土壤微生物、植物之间的联动响应关系研究极少且对内在的复杂响应关系尚不明确。

本文以沉陷区裂缝边缘带土壤含水率变化为切入点,研究裂缝从产生、发育至稳定阶段,裂缝边缘带土壤理化指标、土壤微生物、地表作物的联动响应过程,揭示采煤沉陷区裂缝发育对土壤理化指标、微生物、地表作物之间的影响关系^[9],以期对开展采煤沉陷区生态减损和自修复及黄河流域生态修复高质量发展提供理论科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究区概况

神东矿区位于鄂尔多斯高原东南部及陕北土高原北部边缘和毛乌素沙地东南边缘,地处毛乌素沙地与黄土高原丘陵沟壑过渡带。海拔高度介于1 050~1 240 m,该区地势多以黄土梁卯、沟谷、剥蚀丘陵地貌为主^[10]。气候属于中温带高原大陆性季风气候,昼夜温差大,1月份最低气温可达-26.48℃;7月份最高温度可达32.78℃^[11]。日光充足,年均日照时数可达3 200 h,年潜在蒸发量约1 346.56 mm,近十年降水量年均356.25 mm,蒸发量约是降水量的4倍^[12]。土壤多以黄土、栗钙土、风沙土为主,容重1.06~1.68 g/cm³,孔隙度20.0%~55.0%左右,pH值介于6.2~8.9。该区植被类型多以乔木、灌木、草本植被为主,以小叶杨(*Populus simonii* Carr)、柠条(*Caragana korshinskii* Kom)、黑沙蒿(*Artemisia ordosica* Krasch)、沙大旺(*Astragalus adsurgens* Pall)、针茅(*Stipa capillata* L)、狗尾草(*Setaria viridis* (L.) Beauv)等一年或多年生植物为主^[13]。

1.2 采样观测设计

选择东经110°01'16"—110°11'07",北纬39°13'54"—39°20'04"神东矿区52 560工作面为研究区。该区域煤层埋深89~120 m,属于典型的浅埋深煤层,区域范围内地表土壤以黄土和风沙土为主,质地疏松,容易形成宽度10~30 cm不等的交错式裂缝。2021年9月初,在52 560工作面切眼处提前布设了5个面积为10 m×30 m的研究观测区,用于捕捉切眼附近产生的沉陷、裂缝。同时该区域附近设置了小型气象观测站,实时监测研究区范围内温度、降雨、空气湿度、风速等气象参数。

1.3 样品采集与测试

在捕捉到的沉陷裂缝观测区内,选择宽度10—30 cm的交错式裂缝作为研究对象,采用环刀分别采集裂缝初始阶段(LFC)和裂缝相对稳定阶段(LFW)边缘带

5—50 cm 不同深度土壤样品,每层深度取 4 组样,其中 3 组平行样用于土壤理化性质测试分析,1 组装入离心管并放入-80℃ 的液氮箱内保鲜带回,用于土壤微生物测定分析。同时分别采集 LFC 和 LFW 边缘带玉米、卷心菜、土豆叶片用于生理指标测试分析。此外,在 LFC 至 LFW 发育过程中,每天上午 9 点现场测定 1 次 5—50 cm 不同深度土壤含水率 W ,连续追踪测定 15 d。

土壤 pH 采用电位法测定;土壤含水率 W 及电导率 EC 采用手持 TDR-350 快速测定;土壤有机质 OM 采用重铬酸钾氧化稀释热法测定;土壤有效磷 AP 采用盐酸—氯化铵—比色法;速效钾 AK 采用乙酸铵浸提—火焰光度计法;硝态氮 NN 采用氯化钙浸提—紫外分光光度法;铵态氮 AN 采用酸溶—钼锑抗比色法;脲酶 URE 采用靛酚比色法;纤维素酶 CEL 和蔗糖酶 SUC 采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定;过氧化氢酶 CAT 采用高锰酸钾滴定法测定;磷酸酶 PHO 采用磷酸苯二钠比色法测定;硝酸还原酶 NR 采用酚二磺酸比色法;植物体内 SP 采用考马斯亮蓝法;SS 采用蒽酮法;MDA 采用硫代巴比妥法;SOD 活性采用氮蓝四唑法。

土壤微生物测定采用冻融预处理再结合 SDS 和溶菌酶化学裂解法,对样品内 DNA 提取、纯化处理,选取 Illumina Miseq 标准细菌 16S rRNA V3-V4 区域通用引物对微生物目标片段进行 PCR 扩增,采用 2% 琼脂糖凝胶电泳对扩增物检测,并对目标片段切胶回收、荧光定量,制成测序文库由苏州态和生物科技有限公司完成测序,分别得到 675 376,621 568 条序列,裂缝初始阶段单个土壤样品序列数介于 29 647~49 517,裂缝稳定阶段单个土壤样品序列数介于 27 116~43 649,经分类、去杂、拼接及嵌合处理后分别得到 437 837,407 986 条有效序列。

2 结果与分析

2.1 沉陷区裂缝边缘土壤含水率时空变化关系

分析图 1 可知,裂缝边缘带近地表 20 cm 深度范围内,土壤含水率随着深度的增加而增加,表层 5 cm 深度土壤含水率最低测定值为 2.20%,随着测定深度的增加,深度为 16 cm 处测得土壤含水率最大值达到 26.16%,且深度为 10—25 cm 范围内土壤含水率变化差异性最显著。当测定深度延伸至 40 cm 左右时,土壤含水率趋于稳定状态,维持在 9.12%~11.35%。裂缝边缘带地表 50 cm 深度范围内土壤含水率变化趋势呈现先增高后降低,最后趋向于稳定状态。裂缝边缘带土壤含水率垂直分布趋势与常规土壤含水率纵向分布趋势无明显差异。

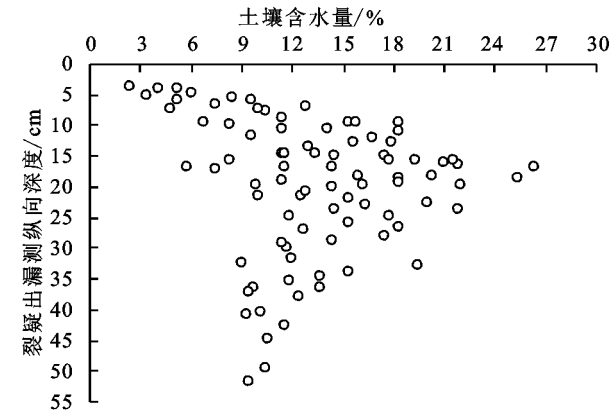


图 1 裂缝边缘地带不同深度土壤含水率空间分布特征

裂缝产生的第 1 天起,连续 15 d 追踪观测裂缝边缘带不同深度土壤含水率变化状况,见图 2。裂缝导通发育到地表后,由于产生的是新鲜裂缝,第 1 天测定的土壤含水率最接近于本底值。第 2 天、第 3 天连续测定后发现,近表层 5 cm 至 10 cm 深度的土壤含水率下降显著,表层 5 cm 深度土壤含水率下降了 4.72%,10 cm 深度土壤含水率下降了 8.11%,20 cm 深度的土壤含水率下降了 2.27%,30 cm 深度下降了 1.03%,50 cm 深度基本未发生明显变化。第 5 天测得近表层 5 cm 和 10 cm 深度土壤含水率分别下降了 5.86% 和 10.67% 后,趋于稳定变化,20 cm 和 30 cm 深度的土壤含水率分别下降了 2.81% 和 2.04%,但在后期处于波动性变化且比较明显,50 cm 深度土壤含水率从头至尾基本未明显改变。在后续的第 6 天至第 15 天的测定显示,不同深度的土壤含水率虽有波动,但变化趋于稳定。

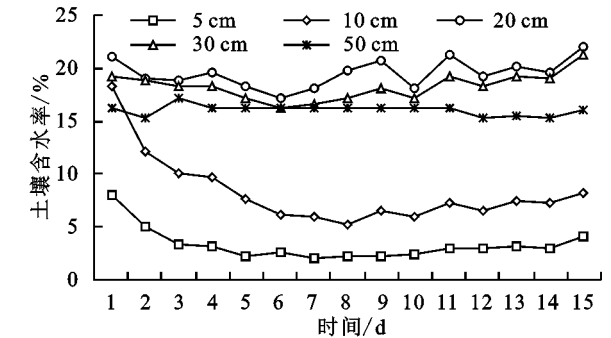


图 2 裂缝边缘不同深度土壤含水率随着时间的变化关系

2.2 沉陷区裂缝对土壤理化性质的影响

采集 LFC 和 LFW 的土壤样品,测试结果见表 1, LFC 表层 5 cm 深度土壤温度与 50 cm 深度温度相差 10.76℃,土壤 pH 值变幅为 7.72~7.88, LFW 后表层 5 cm 深度土壤温度与 50 cm 深度温度相差 8.9℃,土壤 pH 值变幅为 7.72~7.85,两个阶段测试结果无显著性差异。土壤电导率 EC 在 LFC 深度 20 cm 处达到了峰值,15 d 后测得 30 cm 处土壤电导率达到峰值。LFC 和 LFW 边缘区土壤有机质 OM 和有效磷 AP 均在同深

度 10 cm 处测得最大值,且分别为 7.65 g/kg 和 143.52 mg/kg,6.77 g/kg 和 144.43 mg/kg;LFC 土壤速效钾 AK 在深度为 10 cm 处最大值为 124.37 mg/kg,而 LFW 则在深度为 30 cm 测得最大值为 118.44 mg/kg;LFC 土壤硝态氮 NN 最大为 27.62 mg/kg,而 LFW 硝态氮 NN 最大为 29.65 mg/kg,也均出现在同深度 10 cm 左右。LFC 表层 5 cm 深度处土壤 OM 含量小于 LFW 同深度含量,随着深度的增加,LFC 与 LFW 土壤 OM 均出现相应变

化,二者变化差异并不显著。LFC 土层深度 5 cm 处 AP 均值 135.67 mg/kg 明显高于 LFW 均值 10.32 mg/kg,而 LFC 土层深度为 10 cm 处 AP 均值 143.52 mg/kg 与 LFW 土层深度为 10 cm 处 144.43 mg/kg 含量相近,LFC 表层 5—20 cm 范围内硝态氮 NN 低于 LFW,20—50 cm 范围却高于 LFW。LFC 表层 5 cm 深度的土壤铵态氮 AN 为 19.31 mg/kg,略低于 LFW 的 3.34 mg/kg,而 LFC 土层深度为 10—50 cm 的 AN 均值高于 LFW。

表 1 LFC 与 LFW 土壤理化性状对比分析

土壤理化指标	LFC					LFW				
	5 cm	10 cm	20 cm	30 cm	50 cm	5 cm	10 cm	20 cm	30 cm	50 cm
土壤温度/℃	24.65±0.64a	17.32±0.42b	15.68±0.58bc	14.76±0.52c	14.59±0.28c	23.35±0.58a	17.64±0.52b	15.78±0.23b	15.06±0.22b	14.45±0.25c
土壤/pH	7.82±0.02a	7.84±0.01a	7.88±0.01a	7.72±0.02b	7.79±0.02ab	7.85±0.01a	7.77±0.03ab	7.82±0.03a	7.72±0.01b	7.76±0.04b
电导率/(mS·cm ⁻¹)	16.12±4.68a	15.27±6.45b	16.35±4.23a	15.83±3.18ab	14.63±2.68c	15.68±2.34b	16.69±4.68a	15.11±3.47bc	17.25±4.52a	14.62±3.12c
有机质/(g·kg ⁻¹)	4.63±0.51d	7.65±0.78a	6.45±0.69b	5.75±0.47c	4.75±0.52d	5.15±0.54c	6.77±0.87a	6.18±0.61b	5.83±0.42b	5.64±0.29bc
有效磷/(mg·kg ⁻¹)	135.67±12.56b	143.52±17.32a	121.69±9.21c	123.31±4.75c	89.46±8.39d	125.35±9.56b	144.43±12.32a	121.24±7.43b	113.63±5.65c	92.45±3.39d
速效钾/(mg·kg ⁻¹)	97.26±14.65b	124.37±16.53a	98.95±18.38b	103.53±8.68b	67.78±5.47c	72.82±9.45c	113.67±11.34a	103.61±9.34b	118.44±9.34a	98.83±7.62b
硝态氮/(mg·kg ⁻¹)	12.63±2.18b	27.62±3.53a	24.63±4.42a	26.65±6.32a	15.49±7.42b	13.35±7.37b	29.65±4.28a	27.65±4.26a	28.31±6.78a	15.66±5.19b
铵态氮/(mg·kg ⁻¹)	19.31±4.27b	24.47±3.83a	22.62±3.73a	24.21±2.52a	14.65±5.35c	22.65±5.38a	20.65±4.56a	18.82±4.71b	19.38±5.27a	14.77±4.60c
脲酶/(mg·kg ⁻¹ ·h ⁻¹)	0.15±0.01c	0.26±0.05b	0.22±0.06bc	0.30±0.04a	0.21±0.05bc	0.27±0.02ab	0.33±0.03a	0.34±0.04a	0.18±0.01b	0.21±0.05b
过氧化氢酶/(mg·kg ⁻¹ ·h ⁻¹)	0.27±0.02b	0.32±0.05a	0.34±0.03a	0.28±0.01b	0.21±0.02c	0.21±0.05b	0.34±0.04a	0.37±0.06a	0.25±0.02b	0.13±0.03c
蔗糖酶/(mg·kg ⁻¹ ·h ⁻¹)	6.58±0.22b	5.98±0.13bc	7.69±0.43a	6.38±0.25b	5.12±0.34c	5.59±0.25c	6.89±0.46bc	7.28±0.34b	8.39±0.42a	6.12±0.33c
磷酸酶/(mg·kg ⁻¹ ·h ⁻¹)	1.26±0.13c	2.36±0.26ab	2.89±0.22a	2.15±0.11b	1.98±0.13b	2.36±0.15b	3.21±0.27a	2.95±0.18a	2.22±0.24b	2.01±0.22b
硝酸还原酶/(mg·kg ⁻¹ ·h ⁻¹)	2.65±0.22c	4.39±0.36a	3.95±0.67b	2.57±0.45c	1.94±0.33d	3.62±0.42a	2.98±0.23b	2.28±0.44c	2.49±0.33bc	1.97±0.13d
纤维素酶/(mg·kg ⁻¹ ·h ⁻¹)	2.49±0.13ab	3.35±0.31a	3.89±0.22a	2.15±0.11b	1.17±0.13c	2.56±0.15b	4.21±0.27a	3.95±0.14a	2.22±0.24b	1.21±0.22c

注:LFC 表示裂缝产生初始阶段;LFW 表示裂缝发育相对稳定阶段;同行不同小写字母代表显著性差异($p<0.05$)。

LFC 表层深度 5 cm 处 URE 均值 0.15 mg/kg·h, 低于 LFW 的 0.27 mg/kg·h,10—20 cm 深度的 URE 明显低于 LFW,但 30 cm 深度处 URE 的均值 0.30 mg/(kg·h),远高于稳定阶段 0.18 mg/(kg·h)。LFC 表层 5 cm 深度 CAT 较同深度 LFW 高 0.07 mg/(kg·h);10 cm,20 cm 深度处 CAT 较同深度 LFW 分别低 0.02,0.03 mg/(kg·h);30 cm,50 cm 深度处 CAT 较同深度 LFW 分别高 0.03,0.08 mg/(kg·h)。LFC 表层 5 cm 深度处 SUC 均值比同深度 LFW 高 0.59 mg/(kg·h),10 cm 处 SUC 比 LFW 低 0.91 mg/(kg·h),LFC 约 20 cm 深度 SUC 比 LFW 高 0.41 mg/(kg·h),而 30 cm,50 cm 处 SUC 均值,均比 LFW 分别低 2.01,1.0 mg/(kg·h)。LFC 对应的 5—50 cm 深度 PHO 均值均低于 LFW,且分别低 1.1,0.85,0.06,0.07,0.03 mg/(kg·h)。LFC 表层 5 cm 深度土壤 NR 比 LFW 表层 5 cm 深度低 0.97 mg/(kg·h),10 cm,20 cm 深度处比 LFW 分别高 1.41,1.67 mg/(kg·h),30 cm,50 cm 处深度土壤内 NR 与 LFW 相近。LFC 土壤内表层 CEL 与 LFW 相近,LFW 深度 10 cm 处土壤 CEL 比 LFC 高 0.86 mg/(kg·h),20—50 cm 处深度土壤内含量 CEL 相近。

2.3 沉陷区裂缝边缘带土壤微生物群落响应特征分析

采用 Pearson 相关性系数分析法分析 LFC 与 LFW 之间的差异性(表 2),LFC 采集的土壤表层 5 cm,20 cm 深度细菌序列数与 LFW 同深度土壤细菌序列数呈显著性差异 $p<0.05$,10 cm 深度细菌序列数呈极显著差异 $p<0.01$;除了 30 cm 深度土壤真菌序列数 LFC 与 LFW 变化不显著外,其余不同深度土壤真菌序列数呈显著性差异 $p<0.05$ 。

采用 97%相似水平对 OTU 代表序列进行归类划分,所得土壤微生物 Alpha 多样性计算结果见表 3。超 1 指数显示 LFC 土壤微生物群落丰富度高于 LFW,香农(Shannon)指数值相差较小,表明微生物群落结构多样性相近。皮洛均匀度(Pielou-evenness)指数、反辛普森(Inv-Simpson)指数以及辛普森均匀度(Simpson-evenness)指数表明 LFC 不同深度土壤微生物群落均匀度高于 LFW。

LFC 和 LFW 采集的土壤样品中微生物分别可归类为 33,36 个菌门,细菌的相对丰度约 75%~85%,真菌相对丰度约 15%~25%。其中相对丰度大于 1%的细菌和真菌相对丰度见图 3 所示,其中放线菌门(*Actinobac-*

teria)最丰富,LFC 和 LFW 占比分别为 21.4%~28.0%和 15.3%~31.0%,其次变形菌门(*Proteobacteria*)相对丰度分别为 13.1%~24.5%和 9.3%~28.9%;酸杆菌门(*Acidobacteria*)相对丰度占比分别为 8.7%~18.0%和 9.70%~16.3%。其中真菌相对丰度类别里,子囊菌门(*Ascomycota*)最丰富,占比分别为 1.7%~8.1%和 1.6%~3.8%,其次是担子菌门(*Basidiomycota*)相对丰度占比分别为 1.5%~6.7%和 1.4%~2.6%,结合菌门

(*Zygomycota*)相对丰度占比分别为 0.9%~2.1%和 0.4%~2.7%。总体上,LFC 所有样本中细菌相对丰度大于 1%的优势菌门为 11 个,真菌有 6 个;而 LFW 所有样本中细菌相对丰度大于 1%的优势菌门为 9 个,真菌有 5 个。二者土壤优势菌门丰度相似,细菌相对丰度大于 1%的菌门少了装甲菌门(*Armatimonadetes*)、和厚壁菌门(*Firmicutes*);真菌相对丰度大于 1%的菌门少了芽枝霉门(*Blastocladiomycota*)。

表 2 LFC 与 LFW 不同深度的土壤样本真菌和细菌平均序列数

土层 深度/cm	细菌序列数				真菌平均序列数			
	LFC	LFW	F	P	LFC	LFW	F	P
5	25959	22089	$F=4.585$	$p<0.046$	12026	10712	$F=1.214$	$p<0.032$
10	35992	30860	$F=2.132$	$p<0.001$	14025	12789	$F=2.633$	$p<0.049$
20	27658	33129	$F=5.262$	$p<0.039$	9659	8195	$F=3.672$	$p<0.017$
30	28025	25965	$F=1.105$	$p<0.135$	8562	8956	$F=0.217$	$p<0.243$
50	20862	19660	$F=0.832$	$p<0.077$	8785	7456	$F=1.438$	$p<0.038$

表 3 裂缝初始阶段与稳定阶段土壤微生物 Alpha 多样性指数对比分析

项目	OTUs	超 1 指数	香农指数	反辛普森指数	皮洛均匀度	辛普森均匀度
LFC	28922±4456**	5282±334*	7.23±0.04	465±40.25	0.8696±0.0057*	0.0978±0.0054*
LFW	22239±3389	5386±116	7.57±0.02	524±32.56	0.8725±0.0032	0.1136±0.0043

注: * 表示 $p<0.05$ 差异显著, ** 表示 $p<0.01$ 差异极显著。

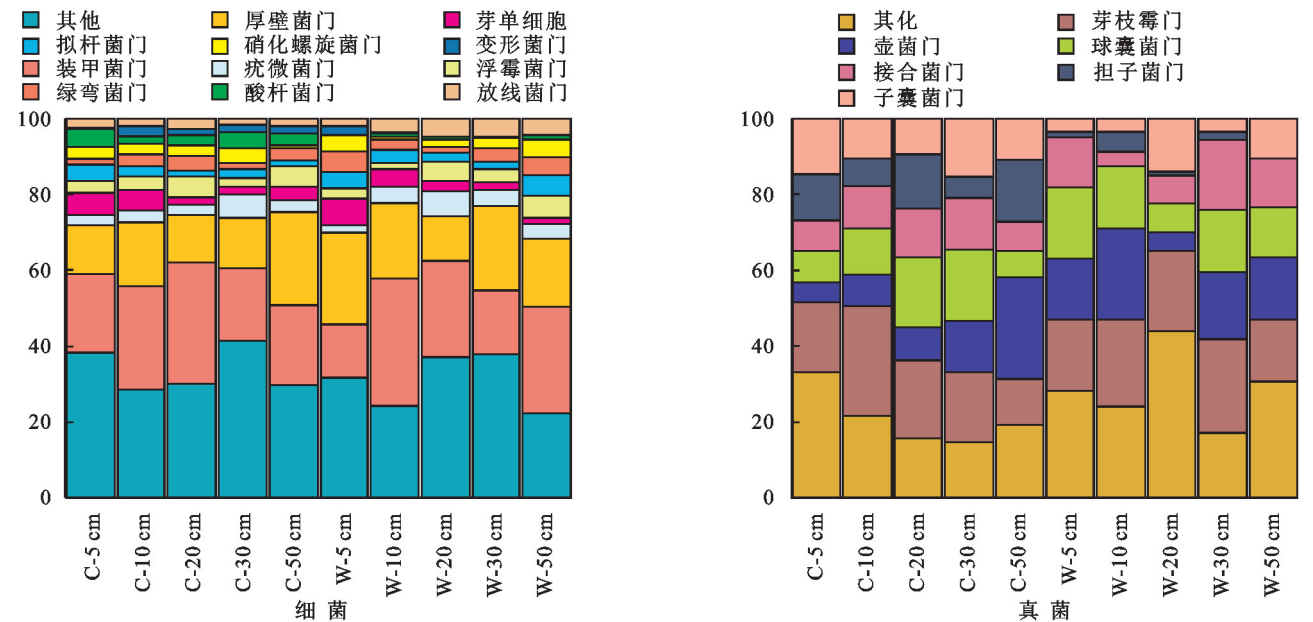


图 3 裂缝边缘不同深度的土壤微生物在门水平上真菌和细菌的相对丰度

采用 RDA 分析土壤理化性状的改变对细菌和真菌的影响特征,结果表明沉陷区裂缝发育引起的土壤理化性状的改变在一定程度上能很好解释土壤微生物的群落结构特征变化。其中绿弯菌(*Chloroflexi*)、浮霉菌门(*Planctomycetes*)、疣微菌门(*Verrucomicrobia*)、厚壁菌门(*Firmicutes*)与 AP, T, EC 呈显著正相关。变形菌门(*Proteobacteria*)、绿弯菌门(*Chloroflexi*)与 pH 呈显著正相关性,放线菌门(*Actinobacteria*)、拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、

硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)受土壤环境因子 AK, EC, AP, T 的扰动干扰较小,呈弱相关性。酸杆菌门(*Acidobacteria*)、装甲菌门(*Armatimonadetes*)与 AP, T, EC 呈显著负相关,硝化螺旋菌门(*Nitrospirae*)与 pH 呈显著负相关。土壤内 OM 与拟杆菌门(*Bacteroidetes*)、芽单胞菌门(*Gemmatimonadetes*)、变形菌门(*Proteobacteria*)呈正相关性,但不显著。其他(*others*)细菌门受 pH 值影响最显著,与 OM, AK, EC, AP, T 呈正相关性。真菌的 RDA 分析结果

显示,担子菌门(*Basidiomycota*)、芽枝霉门(*Blastocladiomycota*)、接合菌门(*Zygomycota*)主要受土壤环境因子 AP, AK, OM 扰动影响明显,呈极显著正相关性,同时也受土壤环境因子 AN, NN 影响,呈显著正相关性。子囊菌门(*Ascomycota*)受土壤 pH 值影响最大,与 pH 变化呈显著正相关性。球囊菌门(*Glomeromycota*)主要对土壤内 T 的变化影响比较敏感,与 T 呈显著正相关性。

2.4 裂缝边缘带作物生理响应特征分析

植物体内 SS 能够有效提升植物根系抗脱水能力,表征植物渗透调节能力的大小,叶片中 SS 含量的高低,不仅反映植物氮素代谢水平,且常常被用来作为衡量植物叶片衰老程度的重要指标^[14]。SOD 能清除植物体内自由基,它在提高植物的抗旱性方面的功效已得到证实^[15]。SP 是植物体内氮素存在的主要形式,其含量与植物体代谢和衰老有密切关系^[16]。MDA 是植物膜脂过氧化程度的常用指标,其含量客观反映植物遭受逆境胁迫的程度^[17]。对比新鲜裂缝产生初始阶段与裂缝发育至相对稳定阶段植物的生理指标变化见图 4。

玉米体内 SS 从初始阶段的组内均值 0.64 mg/g,到第 15 天上升至组内均值 3.39 mg/g,组间变幅呈极显著差异 $p=0.001$; SOD 从初期组内均值 120.79 U/(g·FW),第 15 天上升至 282.29 U/(g·FW),组间变幅呈显著差异 $p=0.005$; SP 从组内均值 7.41 mg/(g·FW) 在 15 d 内上升至 12.08 mg/(g·FW),组间变幅呈显著差异 $p=0.012$ 显著差异; MDA 从初始阶段组内均值 17.72 nmol/(g·FW) 在 15 d 内上升至均值 54.16 nmol/(g·FW),变幅呈 $p=0.009$ 显著性差异。卷心菜从初始阶段到稳定阶段体内 SS 均值增高了 0.79 mg/(g·FW),SOD 均值增高了 51.72 U/(g·FW),组间变幅城 $p=0.005$ 显著差异,相较于初始阶段 SP 组内均值增高了 1.45 mg/(g·FW),MDA 增加了 12.65 nmol/(g·FW),变幅呈 $p=0.016$ 显著差异。土豆体内 SS 均值增高了 0.06 mg/g, SOD 上升了 7.62 U/(g·FW),SP 升高 0.66 mg/(g·FW),MDA 升高 12.65 nmol/(g·FW),组间各生理生化指标变幅差异不显著。总体可知,裂缝产生初始阶段,裂缝边缘带植物体内 SS, SOD, SP, MDA 指标均相对稳定,变幅差异小,当经过一定时间地表沉陷、裂缝发育至稳定阶段,植物体内 SS, SOD, SP, MDA 各项生理指标变化差异最显著,其中玉米受影响最明显,卷心菜次之,土豆受影响最小。

采用 Pearson 相关性分析法分析作物生理响应与土壤环境因子之间的相关性(表 4 所示),玉米体内 SS 分别与土壤含水率 W 呈 -0.95 ($p<0.01$)极显著

相关性、与温度 T 呈 0.91 ($p<0.05$)显著相关性; SOD 与 W 呈 -0.98 ($p<0.01$)极显著相关性; SP 与 W, T 分别呈 $-0.91, 0.82$ ($p<0.05$)显著相关性; MAD 与 W 呈 -0.91 ($p<0.05$)显著相关性、与 T 呈 0.96 ($p<0.01$)极显著相关性。卷心菜体内 SS 与 W, T 分别呈 $-0.87, 0.92$ ($p<0.05$)显著相关性; SOD 与 W, pH 值分别呈 $-0.93, 0.87$ ($p<0.05$)显著相关性; SP 与 W 呈 -0.98 ($p<0.01$)极显著相关性,与 T, OM, AK, NN 分别呈 $0.75, -0.74, 0.76, 0.77$ ($p<0.05$)显著相关性; MAD 与 W, T, AK, AN 分别呈 $-0.91, 0.90, 0.77, 0.79$ 显著相关性。土豆体内 SS 与 NN 呈 0.79 ($p<0.05$)显著相关性; SOD 与 W 呈 -0.94 ($p<0.01$)极显著相关性,与 T, OM 分别呈 $0.84, -0.78$ ($p<0.05$)显著相关性; SP 与 W, T 分别呈 $-0.82, 0.86$ ($p<0.05$)显著相关性。

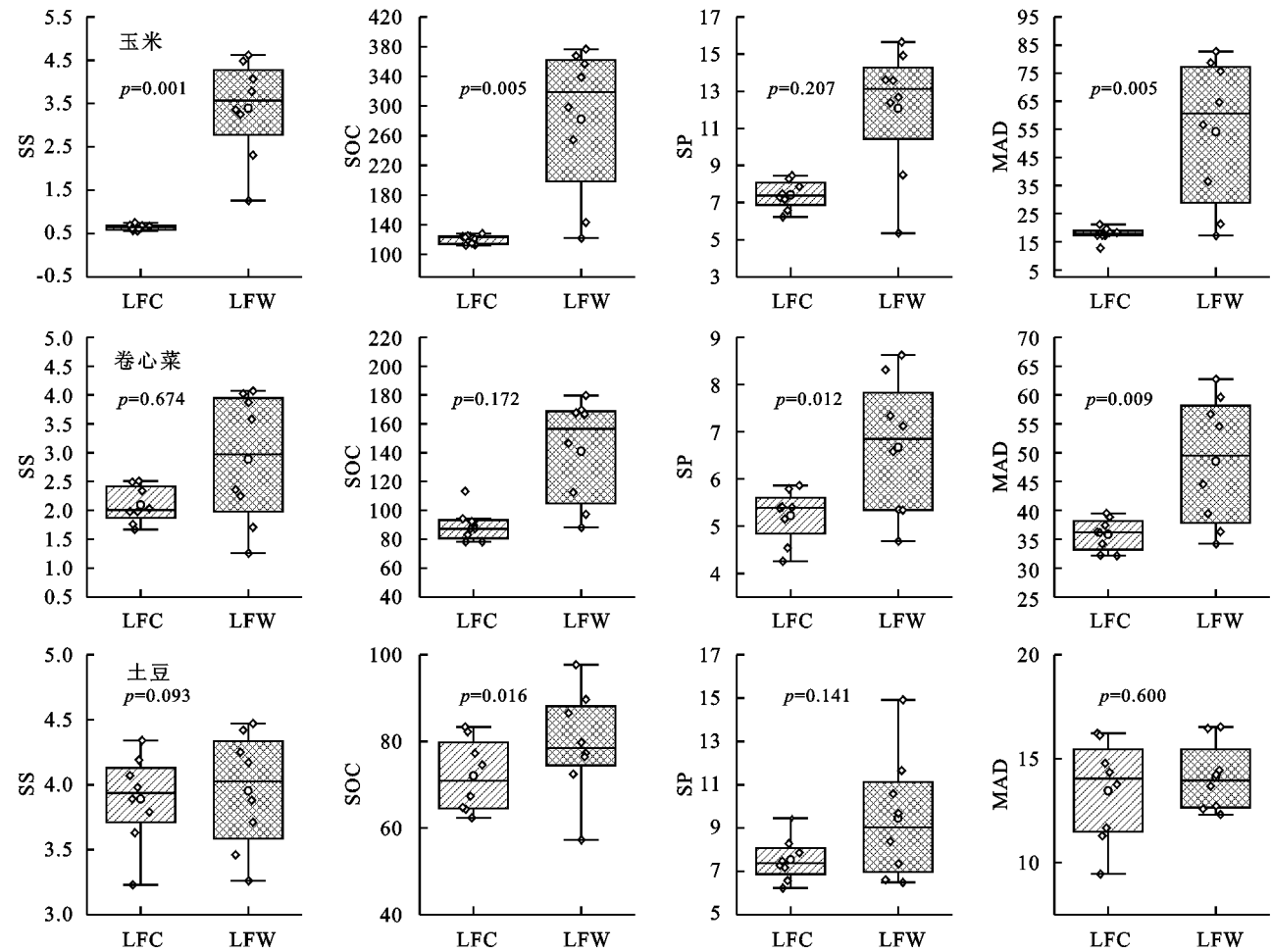
3 讨论

土壤水分是驱动西部干旱地区实现生态自修复的核心因子^[18]。裂缝边缘带土壤含水率空间分布研究表明,裂缝从产生至稳定阶段,土壤含水率空间垂直分布规律遵循随着土层深度增加呈现先增高后降低的分布趋势,土壤水分梯度垂直走向的空间分布规律不受沉陷裂缝的干扰而发生改变。沉陷裂缝边缘带土壤含水率随时间的增加产生了明显变化,裂缝边缘带表层 10 cm 深度范围内土壤含水率从裂缝产生 3 d 内迅速降低并在后期无法恢复至至原有水平,而表层 20 cm 以下土壤含水率前期有损失但经过一段时间后基本恢复至原有水平。原因可能是土壤结构撕裂受损,土壤水运移内在牵引力中断,表层土壤含水率一旦被蒸发抽离,相邻区域虽然存在补给,但补给量有限。此外,近表层土壤含水率下降受沉陷裂缝发育影响,导致土壤结皮受损,土壤结构疏松且紧实度下降,在干旱、高温、风力侵蚀影响下,加大了土壤与空气相界面处水气蒸发,导致表层土壤水分损失且无法恢复^[19]。

土壤水分的改变可能会引起土壤理化性状发生相应改变^[20]。对 LFC 与 LFW 不同深度的土壤样品进行理化性状作对比分析,结果发现沉陷裂缝对土壤理化性状造成了扰动影响,不同深度土壤温度 T , pH, OM, AP, AK, NN, AN 等指标有明显变化,但差异性并不显著。个别深度土壤电导率 EC 存在显著差异,但引起这种差异性可能与采样扰动有关,也可能与微生物自身活动有关。土壤内酶活性与微生物活动息息相关^[21],对 LFC 与 LFW 不同深度的土壤酶活性分析显示,土壤酶活性有明显的变化特征。原

因是沉陷裂缝扰动作用下土壤微生物的活动使得土

壤酶活性发生相应的改变。



注:采用 Kruskal-Wallis 单因素 ANOVA 检验。

图 4 裂缝边缘带植物生理指标差异性分析

表 4 裂缝边缘带作物的生理响应与土壤环境因子的相关性分析

参数		W	T	pH	EC	OM	AP	AK	NN	AN
玉米	SS	-0.95 **	0.91 *	0.41	0.11	0.27	0.49	0.35	-0.31	-0.23
	SOD	-0.98 **	-0.52	0.08	-0.46	0.25	0.42	-0.24	0.3	-0.40
	SP	-0.91 *	0.82 *	-0.34	-0.24	0.43	-0.27	0.08	0.45	0.54
	MAD	-0.88 *	0.96 **	-0.64	0.75 *	0.20	0.55	0.00	0.14	-0.15
卷心菜	SS	-0.87 *	0.92 *	0.43	0.20	-0.40	0.63	0.64	-0.45	-0.34
	SOD	-0.93 *	-0.62	0.87 *	0.55	0.63	0.42	-0.22	0.37	0.47
	SP	-0.98 **	0.75 *	-0.08	0.00	-0.74 *	-0.22	0.76 *	0.77 *	0.66
	MAD	-0.91 *	0.90 *	0.25	-0.14	-0.45	0.37	0.77 *	0.43	0.79 *
土豆	SS	-0.63	-0.30	0.34	0.15	-0.34	0.47	0.66	0.79 *	-0.34
	SOD	-0.94 **	0.84 *	0.00	-0.50	-0.78 *	-0.45	0.56	0.48	0.47
	SP	-0.82 *	0.86 *	0.43	0.71	0.62	-0.72	-0.16	0.26	0.30
	MAD	0.60	-0.38	-0.51	-0.53	-0.15	0.14	0.34	0.14	0.05

注: * 表示 $p<0.05$; ** 表示 $p<0.01$ 。

沉陷裂缝发育扰动对土壤微生物的多样性、均匀度产生了一定程度破坏和干扰,打破原有群落结构关系使得微生物因生境的变化而发生改变^[22]。当土壤微生物的种类、相对丰度及比例结构发生改变,微生

物群落结构多样性呈现显著性差异^[23]。对比前后两个阶段不同深度土壤微生物样本相对丰度可知,裂缝发育扰动导致土壤内细菌少了装甲菌门(*Armatimonadetes*)和厚壁菌门(*Firmicutes*),真菌少了芽枝霉

門(*Blastocladiomycota*),分析原因可能是装甲菌門(*Armatimonadetes*)和厚壁菌門(*Firmicutes*)虽然是大于1%的优势菌属,但相对丰度占比低,受扰动破坏影响,使其退出优势菌属范畴。此外,也与土壤环境因子的改变有关,当沉陷裂缝发育导致裂缝边缘带地表开裂、土壤紧实度及含水率下降,势必会引起土壤微生态环境发生改变,进而引发优势菌属群落分布发生相应改变^[24]。真菌属芽枝霉門(*Blastocladiomycota*)与土壤环境因子 AP, AK, AN, OM 呈显著正相关,当土壤环境因子发生改变,产生了不利于芽枝霉門(*Blastocladiomycota*)的生境,导致其变成非优势菌属,而产生这种变化当然也不能完全排除人工采样扰动破坏有关。土壤环境因子与微生物的 RDA 分析结果证明土壤 OM, AK, AP, pH, AN, T 的变化是驱动沉陷裂缝边缘带土壤微生物细菌及真菌群落结构变化的核心环境因子,二者之间存在紧密的相关性。相关研究也表明土壤环境因子的改变会促使土壤微生物种群、结构、类别发生改变,土壤微生物的活动的反作用使得土壤环境理化性质产生响应,二者之间存在紧密关系^[25]。

沉陷区裂缝边缘带作物的生理响应结果表明,地表沉陷裂缝发育导致地表破碎,土壤含水率下降,玉米、卷心菜在沉陷裂缝侵扰下,根系阻断,使得根系获取水分、养分来源不足。此外,玉米和卷心菜地上部分叶片较大,蒸发量大于根系供给量,在逆境胁迫下,为了调节细胞渗透压,清除体内活性自由基,提高细胞抗保水能力,维持蛋白质的稳定性^[26],导致作物体内 SS, SOD, SP 含量上升。MAD 含量的同步上升则进一步表明了虽然 SS, SOD, SP 的上升对玉米、卷心菜在应对逆境胁迫时起到保护作用,但玉米、卷心菜膜系统遭受的损伤在加重。土豆受胁迫影响比较小,除了 SP 含量明显上升外, SOD, SP, MAD 组间生理指标变化并不显著,这说明土豆本身具备较强的耐旱性,并且根系、块茎相对发达,叶片面积小抗蒸发能力强,虽然部分根系受损但并未对土豆整体生长发育造成严重影响。玉米、卷心菜、土豆与土壤环境因子之间的 Pearson 相关性分析结果表明, W 和 T 是导致玉米、卷心菜、土豆产生胁迫响应的主要因素,此外引起玉米、卷心菜、土豆生理指标的变化也与 EC, OM, AK, AP, pH, AN 等理化指标影响有关,但不是主要影响因素。

4 结论

沉陷区裂缝边缘带土壤、作物、微生物之间进行联动响应研究发现,沉陷区裂缝边缘带表层土壤含水

率受损后,无法恢复至初始状态,表层 20 cm 以下的土壤含水率可在内部水分牵引力作用下逐渐恢复,沉陷区裂缝边缘带土壤含水率纵向空间分布遵循随着深度增加呈现先增高后降低的趋势。沉陷区裂缝边缘带除土壤含水率外,其他理化指标 pH, OM, EC, AK, AP 以及 URE 等也发生相应改变,但并不显著。土壤理化性质的改变主要与微生物活动有关,沉陷裂缝发育对土壤内在结构造成了扰动影响,在一定程度上破坏了原有土壤微生物群落结构,使得土壤微生物种群结构及均匀度、多样性发生相应变化,进而影响土壤理化性质发生变化。RDA 分析结果表明土壤环境因子的改变是驱动裂缝边缘带微生物群落结构发生变化的核心因子。沉陷区裂缝发育对裂缝边缘带作物产生不同程度影响和破坏,阻断了作物根系,破坏了作物获取土壤水分来源,使得玉米、卷心菜主要遭受了来自土壤含水率和温度的胁迫,并且玉米受影响最严重,卷心菜次之,土豆受影响最小。

参考文献:

- [1] 党晓宏,刘阳,蒙仲举,等.风沙采煤沉陷区地表生物结皮土壤碳排放对水热因子变化的响应[J].煤炭学报,2021,46(5):1498-1507.
- [2] 王强民,董书宁,王皓,等.西部风沙区采煤塌陷地裂缝影响下的土壤水分运移规律及调控方法[J].煤炭学报,2021,46(5):1532-1540.
- [3] 骆占斌.黄土高原矿区采煤扰动后土壤微生物群落结构变化及驱动机制研究[D].江苏徐州:中国矿业大学,2019.
- [4] 胡海峰,廉旭刚,蔡音飞,等.山西黄土丘陵采煤沉陷区生态环境破坏与修复研究[J].煤炭科学技术,2020,48(4):70-79.
- [5] 聂小军,吕洋,刘昌华,等.土地利用与裂缝对采煤沉陷土壤养分的影响[J].河南理工大学学报:自然科学版,2017,36(3):73-78.
- [6] 韩煜,肖能文,赵伟,等.呼伦贝尔草原采煤沉陷对土壤—植物系统的影响及评价[J].环境科学研究,2021,34(3):687-697.
- [7] 张静,可文静,刘娟,等.不同深度土壤控水对稻田土壤微生物区系及细菌群落多样性的影响[J].中国生态农业学报(中英文),2019,27(2):277-285.
- [8] 秦朝亮,龙建辉,经明,等.采煤塌陷区内地质灾害与生态环境的综合治理方案[J].煤炭技术,2015,34(3):320-323.
- [9] 刘哲荣,燕玲,贺晓,等.采煤沉陷干扰下土壤理化性质的演变:以大柳塔矿采区为例[J].干旱区资源与环境,2014,28(11):133-138.
- [10] 毕银丽,申慧慧.西部采煤沉陷地微生物复垦植被种群自我演变规律[J].煤炭学报,2019,44(1):307-315.

- [J].中国沙漠,2016,36(3):597-603.
- [15] 隆浩,王乃昂,马海州,等.腾格里沙漠西北缘湖泊沉积记录的区域风沙特征[J].沉积学报,2007,25(4):626-631.
- [16] 隆浩,王乃昂,李育,等.毛乌素沙地北缘泊江海子剖面粒度特征及环境意义[J].中国沙漠,2007,27(2):187-193.
- [17] 王蒙,逯军峰,付鹏,等.巴丹吉林沙漠周边地区土壤养分和粒度特征[J].中国沙漠,2022,42(5):232-244.
- [18] 梁爱民,屈建军,董治宝,等.库姆塔格沙漠沉积物粒度端元特征及其物源启示[J].中国沙漠,2020,40(2):33-42.
- [19] 王佩,马倩,朱元璞,等.新疆图开沙漠灌丛沙堆和抛物线形沙丘表层沉积物粒度特征及其沉积环境[J].干旱区地理,2021,44(6):1644-1653.
- [20] 毛东雷,吴云霞,蔡富艳,等.新疆策勒绿洲—沙漠过渡带灌丛沙堆与回涡沙丘的粒度分布特性[J].泥沙研究,2019,44(2):48-54.
- [21] 武胜利,李志忠,焦黎,等.新疆和田河流域怪柳沙堆表面沙物质粒度特征[J].干旱区研究,2008,25(5):745-751.
- [21] 李志忠,武胜利,肖晨曦,等.新疆和田河流域灌丛沙堆风洞流场的试验研究(I)[J].中国沙漠,2007,27(1):9-14.
- [23] 李志忠,武胜利,肖晨曦,等.新疆和田河流域灌丛沙堆风洞流场的试验研究(II)[J].中国沙漠,2007,27(1):15-19.
- [24] 李艳红,徐莉,陈成贺日,等.新疆罗布泊湖盆沉积物剖面粒度与磁学特征及沉积环境[J].地质通报,2014,33(10):1507-1513.
- [25] 孔凡彪,陈海涛,徐树建,等.山东章丘黄土粒度指示的粉尘堆积过程及古气候意义[J].地理科学,2021,76(5):1163-1176.
- [26] 朱元璞,马倩,吉小芳.新疆塔克尔莫乎尔沙漠表层沉积物磁化率特征及环境意义[J].干旱区资源与环境,2020,34(6):124-130.
- [27] 毛东雷,蔡富艳,方登先,等.新疆策勒绿洲—沙漠过渡带风沙运动沙尘物质粒径分形特征[J].土壤学报,2018,55(1):88-99.
- [28] 杨佐涛,戈壁与绿洲内的风向风速关系:以新疆策勒县为例[J].中国沙漠,1990,10(3):33-39.
- [29] Folk R L, Ward W C. Brazos River bar: A study in the significance of grain size parameters[J]. Journal of Sedimentary Petrology, 1957,27(1):3-26.
- [30] Udden J A. Mechanical composition of clastic sediments[J]. Bulletin of the Geological Society of America, 1914,25(1):655-744.
- [31] Wentworth C K. A scale of grade and class terms for clastic sediments[J]. Journal of Geology, 1922,30(1):377-392.
- [32] 安庆,安萍,徐汝汝,等.青藏高原不同地区沉积物的粒度特征与沉积环境判别公式适用性对比研究[J].聊城大学学报:自然科学版,2017,30(4):37-47.

(上接第134页)

- [11] 蔡凌雁,汤国安,熊礼阳,等.基于DEM的陕北黄土高原典型地貌分形特征研究[J].水土保持通报,2014,34(3):141-144.
- [12] 安琪琪,乔文英,李维军,等.灌丛化对黄土高原草地植物群落结构和地上生物量的影响[J].西北植物学报,2021,41(4):664-671.
- [13] 黄雅茹,董杰,汪季,等.神府东胜煤田沉陷区3种人工林生长状况比较研究[J].水土保持研究,2013,20(2):115-120.
- [14] 冯建雄,常静,李海平,等.外源茉莉酸诱导对油菜防御酶活性和4种物质含量及植株生长的影响[J].植物保护,2021,47(1):128-134.
- [15] 高福元,张吉立,刘振平.冬季低温对4种彩叶植物SOD, POD活性影响的研究[J].中国农学通报,2010,26(5):169-173.
- [16] 秦立刚,李雪,李韦瑶,等. PEG 干旱胁迫对3种葱属植物种子萌发期渗透调节物质及酶活性的影响[J].草地学报,2021,29(1):72-79.
- [17] 彭志红,彭克勤,胡家金,等.渗透胁迫下植物脯氨酸积累的研究进展[J].中国农学通报,2002,18(4):80-83.
- [18] 马静,卢永强,张琦,等.黄土高原采煤沉陷对土壤微生物群落的影响[J].土壤学报,2021,58(5):1278-1288.
- [19] 张艳如,李国庆,刘冠,等.陕西省延安市燕沟流域水系分形与地貌侵蚀发育研究[J].水土保持研究,2022,29(2):7-10.
- [20] 许传阳,马守臣,张合兵,等.煤矿沉陷区沉陷裂缝对土壤特性和作物生长的影响[J].中国生态农业学报,2015,23(5):597-604.
- [21] 苏贝贝,张英,道日娜.4种豆科植物根际土壤真菌群落特征与土壤理化因子间相关性分析[J].草地学报,2021,29(12):2670-2677.
- [22] 王志刚,郭洋楠,毕银丽,等.接种AM真菌对采煤沉陷区复垦植物生长及土壤化学生物性状的影响[J].北方园艺,2016(24):163-170.
- [23] Balesdent J, Chenu C, Balabane M. Relationship of soil organic matter dynamics to physical protection and tillage[J]. Soil and Tillage Research, 2000,53(3/4):215-230.
- [24] 宋世杰,张玉玲,王双明,等.陕北煤矿区采动地裂缝对土壤微生物和酶活性的影响[J].煤炭学报,2021,46(5):1630-1640.
- [25] 郭晓明,赵同谦.采煤沉陷区耕地土壤微生物数量及酶活性的空间特征[J].环境工程学报,2010,4(12):2837-2842.
- [26] 周伟伟,王雁,杜静.干旱胁迫对景天属植物生理生化特性的影响[J].林业科学研究,2009,22(6):829-834.