

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

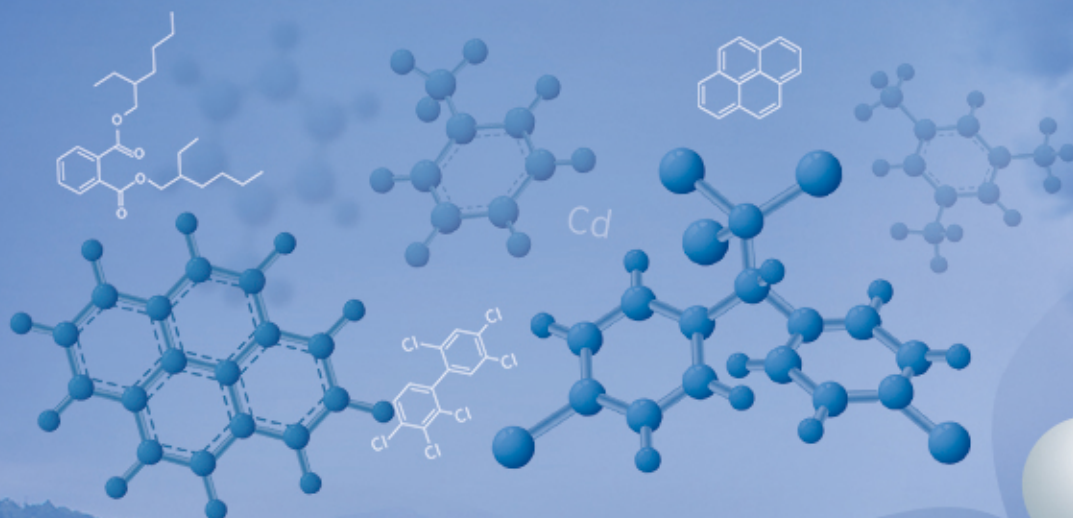
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

升金湖水体优先污染物筛选与风险评价

龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华



PAHs

VOCs

HMs

PCBs

PAEs

OCPs

ANTs

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年10月

第42卷 第10期
Vol.42 No.10

目次

PM _{2.5} 化学组分连续观测在污染事件源解析中的应用	蔡凡涛, 尚玥, 戴维, 谢鸣捷 (4575)
汾渭平原 PM _{2.5} 空间分布的地形效应	黄小刚, 赵景波, 孙从建, 汤慧玲, 梁旭琦 (4582)
华中地区冬季灰霾天气下 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价: 以湖北黄冈为例	李星谕, 毛瑶, 陈展乐, 刘威杰, 程铖, 石明明, 许安, 苏业旺, 胡天鹏, 祁士华, 邢新丽 (4593)
华北区域大气中羰基化合物体积分数水平及化学反应活性	黄禹, 陈曦, 王迎红, 刘子锐, 唐贵谦, 李杏茹 (4602)
成都市春季 O ₃ 污染特征及关键前体物识别	韩丽, 陈军辉, 姜涛, 徐晨曦, 李英杰, 王成辉, 王波, 钱骏, 刘政 (4611)
基于边界观测的长三角某工业区 O ₃ 来源特征	黄晴, 黄银芝, 张珊, 金丹, 高松, 修光利 (4621)
廊坊开发区 8~9 月 O ₃ 污染过程 VOCs 污染特征及来源分析	张敬巧, 王宏亮, 方小云, 刘锐泽, 丁文文, 凌德印, 王淑兰 (4632)
广东省家具行业基于涂料类型的 VOCs 排放特征及其环境影响	曾春玲, 邵霞, 刘锐源, 姚懿娟, 李银松, 侯墨, 刘洋, 范丽雅, 叶代启 (4641)
厦门湾空气质量对新冠疫情管控的响应	徐超, 吴水平, 刘怡靖, 钟雪芬 (4650)
北京平原和延庆地区山谷风异同及对污染的影响	吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 韩婷婷, 邱雨露, 马小会, 李颖若, 朱晓娟 (4660)
两湖盆地冬季区域大气颗粒物污染特征及独特的风场和下垫面影响	朱燕, 赵天良, 白永清, 徐家平, 孙晓芸, 胡未央, 常嘉成, 杨婕, 朱从祯 (4669)
燃煤电厂颗粒物中硫酸根与硝酸根离子的转化规律	杨柳, 何晴, 盛重义 (4678)
长江流域主要干/支流化学特征及外源酸的影响	王琪, 于爽, 蒋萍萍, 孙平安 (4687)
土地利用对太湖入湖河道营养盐的影响	连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 康丽娟, 朱梦圆, 许海 (4698)
基于 eDNA 技术的渭河浮游动物多样性及关键种生态位特征	梁东, 夏军, 宋进喜, 常剑波, 吴琼, 程丹东, 张怡恒, 孔飞鹤, 任源鑫 (4708)
三亚市水体中 PPCPs 的污染水平、分布特征及生态风险评价	任丙南, 耿静 (4717)
升金湖水体优先污染物筛选与风险评价	龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华 (4727)
天目湖沙河水库水生态安全状况长期变化及影响因素	杨文斌, 段文秀, 崔扬, 朱广伟, 吴天浩, 许海, 朱梦圆 (4739)
华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素	张凯, 辛蕊, 李观家, 王倩, 王亚南, 许智恒, 崔向超, 魏巍 (4753)
快速城镇化进程中珠江三角洲硝酸型地下水赋存特征及驱动因素	吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 朱亮, 张玉玺 (4761)
盐城地区地表水化学空间特征及控制因素分析	王建, 张华兵, 许君利, 彭俊 (4772)
基于沉积物中总氮和总磷垂向分布与吸附解吸特征的白洋淀清淤深度	周亚婷, 陈兴宏, 李立青, 张伟军, 张美一, 王东升, 王洪杰 (4781)
硼酸和磷酸对 PMS/Co ²⁺ 均相催化氧化有机物的影响因素与机制	万琪琪, 陈铸昊, 曹瑞华, 王静怡, 文刚 (4789)
磁性生物炭负载 α-MnO ₂ 活化过一硫酸盐降解 2,2',4,4'-四溴联苯醚	李鑫, 尹华, 罗昊昱, 欧阳晓芳, 刘航, 祝铭韩 (4798)
紫外活化过硫酸钠灭活水中噬菌体 MS2 的特性及机制	张崇森, 杨昊明, 王真 (4807)
铈改性水葫芦生物炭对磷酸盐的吸附特性	王光泽, 曾薇, 李帅帅 (4815)
低温地下水净化工艺中氨氮去除性能及机制	李冬, 刘孟浩, 张瑞苗, 曾辉平, 张杰 (4826)
我国城市污泥中重金属的赋存形态与生态风险评价	耿源濂, 张传兵, 张勇, 黄豆豆, 闫姝晓, 孙腾飞, 程柳, 王静, 毛宇翔 (4834)
不同气候类型下污水厂活性污泥中微生物群落比较	杨思航, 秦泽生, 梁漫春 (4844)
部分亚硝化-厌氧氨氧化协同反硝化处理生活污水脱氮除碳	秦彦荣, 袁忠玲, 张明, 张民安, 刘安迪, 付雪, 马娟, 陈永志 (4853)
同步短程硝化-厌氧氨氧化-短程反硝化颗粒污泥培育过程及其性能	周峰, 刘勇弟, 厉巍 (4864)
多种微塑料提取方法在中国典型土壤中的应用	赵小丽, 刘子涵, 从辰宇, 韩剑桥 (4872)
柴达木盆地表土重金属污染与来源分析	陈亮, 张西营, 唐启亮, 耿盛, 王二龙, 李姜瑶 (4880)
快速城市化区域不同用地类型土壤重金属含量分布特征及生态风险	李梦婷, 沈城, 吴健, 黄沈发, 李大雁, 王敏 (4889)
广西都安县典型水田土壤地球化学特征及影响因素	刘飞, 杨柯, 徐仁廷, 唐世琪 (4897)
炭化苹果枝通过减少土壤 DTPA-Cd 降低苹果砷木镉积累和镉伤害	邓波, 荀咪, 张玮玮, 杨洪强 (4908)
海南省集约化种植园中谷物、蔬菜和水果中重金属累积程度及健康风险	杨剑洲, 王振亮, 高健翁, 严慧, 胡树起, 唐世新, 龚晶晶 (4916)
环境中抗生素抗性基因丰度与抗生素和重金属含量的相关性分析: 基于 Web of Science 数据库检索	苗荪, 陈磊, 左剑恶 (4925)
银川市农田土壤中四环素类抗生素的污染特征及生态风险评估	张小红, 陶红, 王亚娟, 马志义, 周泽英 (4933)
施用不同来源粪肥对土壤中抗生素淋溶的影响	李斌绪, 朱昌雄, 宋婷婷, 马金莲, 张治国, 李红娜 (4942)
我国典型森林土壤微生物驱动的氮代谢途径特征解析	吕雪丽, 赵永鹏, 林清火, 彭显龙, 尹云锋, 蒋先军 (4951)
青藏高原高寒湿地春夏两季根际与非根际土壤反硝化速率及 nirS 型反硝化细菌群落特征分析	李玉倩, 马俊伟, 高超, 霍守亮, 夏星辉 (4959)
松嫩平原芦苇湿地退化与修复过程中土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落结构	王秋颖, 王娜, 刘颖, 陈功, 何辉, 高婕, 庄绪亮, 庄国强 (4968)
不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征	南镇武, 刘柱, 代红翠, 张磊, 王娜, 徐杰, 刘开昌, 孟维伟, 王旭清 (4977)
稻田土壤光合细菌群落对镉污染的响应	罗路云, 金德才, 王殿东, 陈昂, 张德咏, 曾军, 匡炜, 张卓, 刘勇 (4988)
铁尾矿芦苇根际微生物和根内生菌群落分布及其限制性因子解析	曹曼曼, 王飞, 周北海, 陈辉伦, 袁蓉芳 (4998)
有机无机氮配施对不同程度盐渍土硝化和反硝化作用的影响	周慧, 史海滨, 张文聪, 王维刚, 苏永德, 闫妍 (5010)
水稻产量、稻田 CH ₄ 和 N ₂ O 排放对长期大气 CO ₂ 浓度升高的响应	于海洋, 宋开付, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (5021)
原料和热解温度对生物炭中可溶性有机质的影响	闫代红, 马亚培, 宋凯悦, 马红亮, 高人, 尹云锋 (5030)
中国 84 个主要城市大气热岛效应的时空变化特征及影响因素	李宇, 周德成, 闫章美 (5037)
室内建筑装饰装修材料气味物质及其释放研究进展	张万众, 张彭义 (5046)
《环境科学》征订启事 (4814) 《环境科学》征稿简则 (4871) 信息 (4907, 5009, 5029)	

稻田土壤光合细菌群落对镉污染的响应

罗路云¹, 金德才², 王殿东¹, 陈昂³, 张德咏⁴, 曾军⁵, 匡炜⁶, 张卓^{3*}, 刘勇^{3*}

(1. 长江师范学院现代农业与生物工程学院, 重庆 408100; 2. 中国科学院生态环境研究中心环境生物技术重点实验室, 北京 100085; 3. 湖南省农业科学院植物保护研究所园艺作物病虫害治理湖南省重点实验室, 长沙 410125; 4. 湖南省农业科学院杂交水稻研究中心, 长沙 410125; 5. 新疆农业科学院微生物应用研究所, 乌鲁木齐 830091; 6. 湖南省农业科学院水稻研究所, 长沙 410125)

摘要: 稻田重金属污染每年造成水稻产量的巨大损失, 重金属污染问题日益受到人们的关注. 因此, 了解不同镉污染水平下水稻土微生态及理化性质的变化具有重要意义. 本研究通过 16S 测序技术探讨稻田土壤光合细菌群落对不同镉污染水平的响应. 结果表明, 随着镉污染程度升高, pH 值、总镉和有效镉含量逐渐降低. 高镉组、中镉组和低镉组的土壤 α 多样性差异较小, 富集的光合细菌种群具有显著差异, 光合细菌群落之间也均具有显著差异. 高镉组光合细菌物种之间有效连接明显多于中镉和低镉组, 连接更紧密且密度更高. 碱性氮、pH、有效磷、有效钾、总氮、总磷、有机质、总镉和有效镉是影响光合细菌群落的重要因素, 与光合细菌群落显著相关, 解释了 59.90% 的光合细菌群落变异, 其中有效镉含量与 *Methylobacterium populi*、*Methylobacterium extorquens*、*Methylobacterium* sp. Leaf125 和 *Rhodospseudomonas* sp. AAP120 显著正相关 ($R > 0.05$, $P < 0.05$). 本研究对了解镉污染对稻田土壤特定功能微生物种群的影响具有重要意义.

关键词: 水稻土; 镉污染; 紫色光合细菌; 16S 测序; 微生物群落分布

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4988-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202104349

Response of Photosynthetic Bacterial Community to Cadmium Contamination in Paddy Soil

LUO Lu-yun¹, JIN De-cai², WANG Dian-dong¹, CHEN Ang³, ZHANG De-yong⁴, ZENG Jun⁵, KUANG Wei⁶, ZHANG Zhuo^{3*}, LIU Yong^{3*}

(1. School of Advanced Agriculture and Bioengineering, Yangtze Normal University, Chongqing 408100, China; 2. Key Laboratory of Environmental Biotechnology, Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 3. Key Laboratory of Pest Management of Horticultural Crop of Hunan Province, Institute of Plant Protection, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China; 4. Hunan Hybrid Rice Research Center, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China; 5. Institute of Microbiology, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091, China; 6. Rice Research Institute, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Changsha 410125, China)

Abstract: Heavy metal pollution in rice fields leads to huge losses in rice yield every year and is thus of increasing concern. Therefore, it is important to understand the changes in the microecology and physicochemical properties of paddy soil under different levels of cadmium pollution. The purpose of this study was to investigate the response of the photosynthetic bacterial community in paddy soil to different cadmium pollution levels using 16S sequencing technology. The results showed that pH, total cadmium, and available cadmium content decreased gradually with the increase in cadmium pollution. The soil α diversity was slightly different in the high cadmium (Cd), medium Cd, and low Cd groups; however, the enriched photosynthetic populations and photosynthetic bacterial communities were significantly different among these groups. The effective connections between photosynthetic bacterial species in the high Cd group were significantly greater than those in the medium and low Cd groups, the connections were closer, and the density was higher. Alkaline nitrogen, pH, available (P/K), total (N/P), organic matter, total cadmium, and available cadmium were important factors affecting the photosynthetic bacterial community and were significantly correlated with the photosynthetic bacterial community, explaining 59.90% of the variation in the photosynthetic bacterial community. Effective Cd content was significantly positively correlated with *Methylobacterium populi*, *Methylobacterium extorquens*, *Methylobacterium* sp. Leaf125, and *Rhodospseudomonas* sp. AAP120 ($R > 0.05$, $P < 0.05$). This study will provide a theoretical basis for the microbial remediation of cadmium contamination in paddy fields. This study is important for understanding the effects of cadmium pollution on specific functional microbial populations in paddy soils.

Key words: paddy soil; cadmium pollution; purple photosynthetic bacteria; 16S sequencing; microbial community distribution

由于近几十年来人类活动的加剧, 土壤重金属污染已成为我国土壤污染的一个严重而普遍的问题^[1]. 中国的土壤污染主要是由工业、采矿和农业部门的人类活动造成的, 农业土壤尤其受到这些活动的影响^[2,3]. 我国农田土壤重金属污染形势严峻, 已对粮食安全构成威胁. 近年来, 大量文献对全国不同地区农田土壤重金属污染特征和风险进行评估^[4-6]. 孟敏等^[7]的研究发现我国设施农田土壤重金属含量呈现一定的空间分布规律, 南部地区土壤

Cd、Pb 和 Hg 含量最高, 北部地区土壤 As、Cu、Zn 和 Cr 含量最高, 西北部地区土壤 Ni 含量最高. 徐建明等^[8]针对我国农田土壤和粮食作物重金属超标现状, 强调把粮食作物区域划分为禁产、限产和宜产

收稿日期: 2021-04-30; 修订日期: 2021-05-13

基金项目: 国家重点研发计划项目(2018YFE0112600); 农业科研杰出人才培养计划项目(13190200); 新疆农业科学院科技创新重点培育专项(xjkcpy-2020005)

作者简介: 罗路云(1992~), 男, 博士, 讲师, 主要研究方向为植物保护和环境微生物, E-mail: luoluoyun1992@163.com

* 通信作者, E-mail: lionkingno.1@163.com; haoasliu@163.com

3 种类型;通过采用重金属低积累粮食作物品种、重金属钝化与阻隔技术及农艺管理等措施,实现中轻度重金属污染农田的安全利用。镉(Cd)是常见的几种重金属之一,已被用于各种工业应用,如电镀和塑料制造,导致陆地和海洋环境污染^[3]。镉含量超标严重危害生命健康,还会对周围的生态环境造成危害,污染土壤和饮用水,对人类和动物造成严重危害^[9,10]。

使用微生物清理重金属污染环境比传统的方法提供了一种更加廉价、可持续发展的替代方法。化学处理和生物处理是从环境中去除这些污染物主要采用的技术。生物法的优势在于它可以在现场进行,从而消除了运输成本,通过选择具有去除复合污染物潜力的微生物,可以提高消除效率。光合细菌是已知可以去除这些污染物的一组微生物,在自然界中广泛存在,包括紫色硫细菌和紫色非硫细菌^[11]。它们广泛分布于土壤和水田等生态系统中,具有极其多样的碳源代谢能力并成为碳循环的主要参与者和推动者,同时具有固氮能力和产生生长素能力,可以给生态系统提供氮素,进而促进植物生长^[12~14]。有研究表明光合细菌与植物存在一种互惠的共生关系,它能够通过固氮和溶解磷酸盐显著提高土壤中的有效养分^[15~17]。光合细菌也作为一种生态友好且廉价的生物修复工具应用于废水处理、重金属去除和农药降解等方面^[11,18]。光合细菌对各种重金属和过渡金属氧阴离子表现出特别的抗性。这种抗性归因于生物体将金属氧阴离子还原为基本基态的能力,这种基态难溶,因此毒性比最初的氧阴离子小。有研究表明光合细菌 *Rhodospirillum rubrum*^[19] 和 *Rhodobacter sphaeroides* 能吸附环境中重金属离子镉^[20]。

土壤镉污染会对污染环境中的细菌的生长造成严重损害,同时人类又通过食用含有镉污染的水稻而危害生命安全。在镉胁迫条件下,镉对光合细菌 *Rhodobacter capsulatus* B10 细胞增殖有抑制作用,但在低镉浓度下,细胞在长滞期或停滞期后能够适应并恢复生长^[21]。白红娟等^[22]和负妮等^[23]的研究发现沼泽红假单胞菌具有较强的金属抗性,可以降低其生物有效性。研究表明水稻土中紫色光合细菌具有丰度多样性,但其分布呈显著空间变异性^[24]。目前,对于研究土壤中光合细菌的方法主要是土壤中的光合细菌在土壤中有分解有机物和促进生物循环的作用等方面,缺乏对重金属方面的研究。因此,本研究的目的是利用 16S 测序技术来评估水稻土壤光合细菌对不同程度镉污染的响应,并进一步确定稻田镉污染程度与土壤特性之间的相关性。

1 材料与方法

1.1 实验设计

在中国湖南省湘潭市某矿区附近的 5 个不同稻田(27.75°~27.87°N,112.53°~112.90°E)采集了 6 个生物重复样品。对农业环境中重金属污染的早期监测显示,该地区的农业稻田长期受到重金属污染。5 个相邻的取样点种植同一类型的水稻,取样前进行了相同的田间管理。选取 5 个不同镉污染程度的水田,分别将其归类为高镉组 [H: TZ, $\omega(\text{Cd}) > 3.0 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$]、中镉组 [M: HX 和 HX1, $\omega(\text{Cd}): 0.3 \sim 3.0 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$] 和低镉组 [L: SA 和 QN, $\omega(\text{Cd}) < 0.3 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$]。2016 年 4 月,本研究对 5 个地点的土壤进行了采样,每个点选取 6 个小区,每个小区采用 5 点抽样方法,每个点分别采集 100 g 土壤样品,并混合形成一个复合样品作为一个重复样品。在移除植物材料、沙子和石头之后,将这些合成的样品放在一个 4℃ 冷藏器里运送到实验室。筛选和均质化后的样品,每个土壤样本进一步分为两组,一组风干用于理化性质测定,一组储存在 -80℃ 用于随后的 DNA 提取。

1.2 土壤理化性质测定

总镉(TCd)和有效镉(ACd)测定采用国家标准 GB/T 17141-1997 (土壤质量 铅、镉的测定 石墨炉原子吸收分光光度法)和 GB/T 23739-2009 (土壤质量 有效态铅和镉的测定 原子吸收法)。用玻璃电极法测定土壤 pH 值,土壤水分比为 1:2.5。土壤总氮(TN)、总磷(TP)和总钾(TK),有效磷(AP)和有效钾(AK)采用 Jiang 等^[25]的方法进行测定。土壤有机质(SOM)含量测定采用 Nelson 等^[26]的湿氧化法,土壤碱性水解氮(AHN)测定采用碱性水解氮法^[27]。

1.3 土壤样品 DNA 提取、PCR 扩增和测序

每个样品准确称取 0.5 g,使用 Fast DNA SPIN Kit for Soil 试剂盒(MP Biomedicals, USA)提取样品总 DNA,详细步骤参见试剂盒说明书。样品总 DNA 浓度和纯度使用 NanoDrop 2000 测定,纯度的 A_{260}/A_{280} 值要求在 1.8~2.0 之间。所有的样品基因组 DNA 浓度在进行扩增前被定量到 $30 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$, -20℃ 冰箱保存。以样品 DNA 为模板,选用正向引物 PufMF (5'-TACGSAACCTGTWCTAC-3') 和反向引物 PufM_WAW (5'-AYNGCRAACCACCANG CCCA-3')^[28,29] 对样品进行扩增。50 μL PCR 反应体系:2 μL PufMF, 2 μL PufM_WAW, 25 μL Mix, 19 μL 灭菌 ddH₂O 和 2 μL cDNA。PCR 反应体系:94℃ 预变性 5 min, 94℃ 变性 30 s, 60℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 循环 35 次,最后 72℃ 延伸 10 min, 4℃ 保

存. PCR 扩增产物用 1% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测, 将目的条带切胶回收后 PCR 纯化产物送至南京普维康生物科技有限公司(中国, 南京)进行测序.

1.4 数据分析

原始数据的处理通过 Galaxy 平台及其集成软件 (<http://recc.ou.edu>) 完成. 通过 barcode 标记将序列分配到每个单独的样品上, 小于 200 bp 的序列使用 Brim^[30] 去除. 通过使用 FLASH v1.2.5^[31] 对所得到的序列进行拼接. 然后使用 Uchime (usearch v5.2.3)^[32] 软件参照参考序列去除序列中的内嵌子. 接下来调用 UPARSE^[33] 程序对 OTU 划分, 在 97% 的序列相似度水平下对序列进行归并, 产生 OTU 表. 通过 NCBI 网站构建 PufM 功能基因参考数据库^[28,29]. 使用 RDP-Classifer 软件通过 PufM 功能基因数据库对 OTU 序列进行物种注释, 置信度参数设置为 50%. 最后以样本中数据量最少的 OTU 数为标准对样品序列数进行均一化处理, 得到标准化 OTU 表, 然后进行后续的 α 多样性分析和 β 多样性分析. 本研究中不同土壤样品之间的 α 多样性通过香农指数 (Shannon)、辛普森指数 (Inv-simpson)、丰富度 (Observed richness) 和菌种丰富度指数 (Chao1) 来评估. 主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA) 非度量多维尺度分析 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) 以及多重响应置换程序 (MRPP)、相似性分析 (Anosim) 和非参数检验方法 (Adonis) 等不相似性分析方法被使用来评估两组间光合细菌群落的光合细菌群落差异. 使用曼特尔分析 (Mantel test)、典型对应分析 (canonical correspondence analysis, CCA) 和变分分析 (variation partition analysis, VPA) 来分析环境因子与光合细菌群落之间的相关性.

1.5 网络共发生分析

分别对 5 个采样点样品中所有光合细菌种群进行基于 Pearson 相关系数的相关性分析, 选取 Pearson 相关系数绝对值大于 0.5 以及显著值低于 0.05 的节点为有效节点, 使用 Cytoscape 软件对不

同采样点进行共发生网络图绘制, 以便更加清晰地看出不同样品组中某个微生物属和其它微生物的关联状况.

1.6 LEfSe 分析

LEfSe (LDA effect size) 是一种用于发现和解释高维度生物标识 (基因、通路和分类单元) 的分析工具, 它强调统计意义和生物相关性, 能够在组与组之间寻找具有统计学差异的 Biomarker, 让研究人员能够识别不同丰度的特征以及相关类别. 本研究以 3 作为 LDA Score 的筛选值对高镉组 (TZ)、中镉组 (HX 和 HX1) 和低镉组 (SA 和 QN) 测序数据进行 LEfSe 分析并绘制进化分支图. 在进化分支图中, 由内至外辐射的圆圈代表了由门至种的分类级别. 在不同分类级别上的每一个小圆圈代表该水平下的一个分类, 小圆圈直径大小与相对丰度大小呈正比.

1.7 统计分析

对 5 个水稻田之间土壤样品 α 多样性指数、理化性质通过基于 Duncan 算法的多重比较后的单因素方差分析进行评估检验, 数据展示使用均值 $\pm$ 标准误, 统计分析操作使用 IBM SPSS for Windows (v. 22.0) 软件完成. Pearson 相关性分析被用来分析镉含量与物种之间、物种与物种间的相关性.

2 结果与分析

2.1 不同镉污染程度下理化性质分析

对 5 个采样点水稻土壤的理化性质进行分析 (表 1). 结果表明, 高镉组 (TZ) 的 pH 值最低, 总镉有效镉含量最高, 低镉组 (SA 和 QN) 的 pH 值最高, 总镉和有效镉含量最低. 随着镉污染程度升高, pH 值逐渐降低, 总镉和有效镉含量逐渐升高. 碱性氮和总氮含量在 SA 点最高, QN 点最低; 有效磷、总磷和有机质含量在中镉组 (HX 和 HX1) 含量最高, 低镉组 (SA 和 QN) 含量次之, 高镉组 (TZ) 含量最低; 有效钾含量在 SA 点含量最高, TZ 和 QN 点含量次之, 中镉组 (HX 和 HX1) 含量最低; 3 个镉污染组采样点的总钾含量无显著差异 (表 1).

表 1 不同镉污染程度下土壤理化性质

Table 1 Soil physicochemical properties under different cadmium pollution levels

环境因子	TZ	HX1	HX	SA	QN
pH	4.76 $\pm$ 0.03d ¹⁾	5.03 $\pm$ 0.02c	5.23 $\pm$ 0.03b	5.33 $\pm$ 0.03b	5.5 $\pm$ 0.08a
ω (碱性氮)/mg·kg ⁻¹	142.13 $\pm$ 0.37c	139.52 $\pm$ 0.29d	158.23 $\pm$ 0.39b	190.10 $\pm$ 0.41a	138.97 $\pm$ 0.32d
ω (有效磷)/mg·kg ⁻¹	3.46 $\pm$ 0.05d	37.97 $\pm$ 0.41a	29.50 $\pm$ 0.36b	7.65 $\pm$ 0.06c	7.51 $\pm$ 0.03c
ω (有效钾)/mg·kg ⁻¹	118.72 $\pm$ 2.23b	76.08 $\pm$ 1.53d	99.53 $\pm$ 2.72c	156.82 $\pm$ 2.38a	104.43 $\pm$ 0.92c
ω (总氮)/g·kg ⁻¹	1.67 $\pm$ 0.02b	1.61 $\pm$ 0.06bc	1.50 $\pm$ 0.04cd	2.09 $\pm$ 0.04a	1.43 $\pm$ 0.05d
ω (总磷)/g·kg ⁻¹	0.46 $\pm$ 0.03d	0.88 $\pm$ 0.04a	0.77 $\pm$ 0.05b	0.58 $\pm$ 0.02c	0.57 $\pm$ 0.02c
ω (总钾)/g·kg ⁻¹	9.98 $\pm$ 0.45a	10.15 $\pm$ 0.55a	10.85 $\pm$ 0.36a	10.68 $\pm$ 0.52a	10.60 $\pm$ 0.37a
ω (有机质)/g·kg ⁻¹	35.97 $\pm$ 0.52b	43.25 $\pm$ 1.43a	42.67 $\pm$ 0.84a	34.12 $\pm$ 1.14b	28.23 $\pm$ 0.52c
ω (总镉)/mg·kg ⁻¹	4.61 $\pm$ 0.18a	2.77 $\pm$ 0.07b	2.43 $\pm$ 0.09c	0.36 $\pm$ 0d	0.34 $\pm$ 0d
ω (有效镉)/mg·kg ⁻¹	2.27 $\pm$ 0.09a	1.28 $\pm$ 0.08b	1.10 $\pm$ 0.06c	0.16 $\pm$ 0.01d	0.26 $\pm$ 0d

1) 每行不同字母表示在 $P < 0.05$ 条件下两组间具有显著差异

2.2 不同镉污染程度下紫色光合细菌群落结构和多样性分析

对 5 组土壤样品的紫色光合细菌 α 多样性指数进行多组间单因素方差分析,结果如表 2. QN 点的 α 多样性指数(香农指数、辛普森指数、丰富度

和 Chao1 值)最高,HX1 点 α 多样性指数最低; HX 和 HX1 点的 α 多样性指数差异不显著,QN 和 SA 的 α 多样性指数之间具有显著差异(表 2). 综上所述,高镉组、中镉组和低镉组的土壤 α 多样性差异较小.

表 2 不同镉污染程度下土壤 α 多样性¹⁾

多样性指数	TZ	HX	HX1	QN	SA
香农指数	4.65 ± 0.23bc	4.93 ± 0.13b	4.31 ± 0.13c	5.47 ± 0.19a	4.72 ± 0.12bc
辛普森指数	32.10 ± 9.44b	47.83 ± 6.06b	30.36 ± 5b	106.96 ± 16.75a	51.17 ± 5.44b
丰富度	792.83 ± 70.63b	960.83 ± 82.24ab	693.33 ± 60.04b	1 226.83 ± 169.65a	657.33 ± 46.64b
Chao1 指数	942.92 ± 80.17b	1 164.7 ± 102.93ab	830.21 ± 72.06b	1 465.51 ± 191.76a	827.61 ± 43.23b

1) 同一行不同字母表示在 $P < 0.05$ 条件下两组间具有显著差异

对不同镉含量下土壤样品光合细菌群落进行不相似性分析,结果如表 3. 多重响应置换程序(MRPP)、相似性分析(Anosim)和非参数检验方法

(Adonis) 结果表明,高镉组(TZ)、中镉组(HX、HX1)和低镉组(QN、SA)土壤样品光合细菌群落之间均具有显著差异(表 3).

表 3 不同地点间基于 Bray-Curtis 矩阵的不相似分析

分组	MRPP		Anosim		Adonis	
	δ	P	R	P	F	P
HX-HX1	0.753 7	0.006	0.339 8	0.039	3.549 1	0.003
HX-QN	0.736 1	0.002	0.985 1	0.006	3.872 5	0.002
HX-SA	0.814 9	0.005	0.752 7	0.005	2.813 7	0.001
HX-TZ	0.729 3	0.002	0.542 5	0.003	4.111 9	0.002
HX1-QN	0.625 2	0.003	1	0.002	5.841 4	0.003
HX1-SA	0.704 1	0.002	0.886 1	0.004	4.301 5	0.001
HX1-TZ	0.618 4	0.004	0.718 5	0.005	6.296 2	0.001
QN-SA	0.686 5	0.006	0.584 2	0.004	4.414 6	0.007
QN-TZ	0.600 8	0.004	1	0.002	6.685 2	0.004
SA-TZ	0.679 7	0.001	0.814 8	0.003	4.899 8	0.003

除此之外,通过基于 Bray-Curtis 距离矩阵的主坐标分析(PCoA)也发现,不同镉污染程度下的光合细菌群落显著分离开来,表明不同镉污染程度下的光合细菌群落之间具有显著差异(图 1). PCoA1 和 PCoA2 总共解释了 31.19% 的变异,其中 PCoA1 解释了 13.54% 的变异,PCoA2 解释了 17.65% 的变异.

2.3 不同镉污染程度下紫色光合细菌群落组成

将 5 组水稻田土壤样品的原始数据通过一系列质控后共获得 288 521 条高质量序列,序列条数在 49 452 ~ 90 082 之间,每组样品在 97% 相似度下聚类共得到 9 543 条 OTU 序列. 这些紫色光合细菌属于变形菌门,在纲水平上,这些 OTU 主要属于 α -和 β -变形菌纲.

在属水平上,分别对不同采样点的优势属(相对丰度 $> 1\%$) 进行分析,结果表明:高镉组(TZ)的优势属是 *Bradyrhizobium*、*Methylobacterium*、*Methylobacterium*、*Rhodopseudomonas* 和 *Novosphingobium*; 中镉组(HX 和 HX1)的优势属是 *Bradyrhizobium*、*Methylobacterium*、*Burkholderiales* 和

Methylobacterium; 低镉组(QN 和 SA)的优势属是 *Bradyrhizobium* 和 *Burkholderiales*. 分别对紫色光合细菌优势属进行多组间差异分析,结果如图 2. 结果表明,高镉组(TZ) *Methylobacterium*、*Rhodopseudomonas*、*Methylobacterium* 属相对丰度最高,

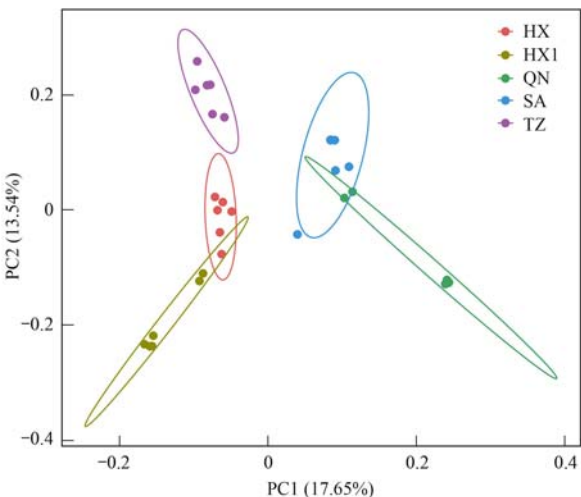
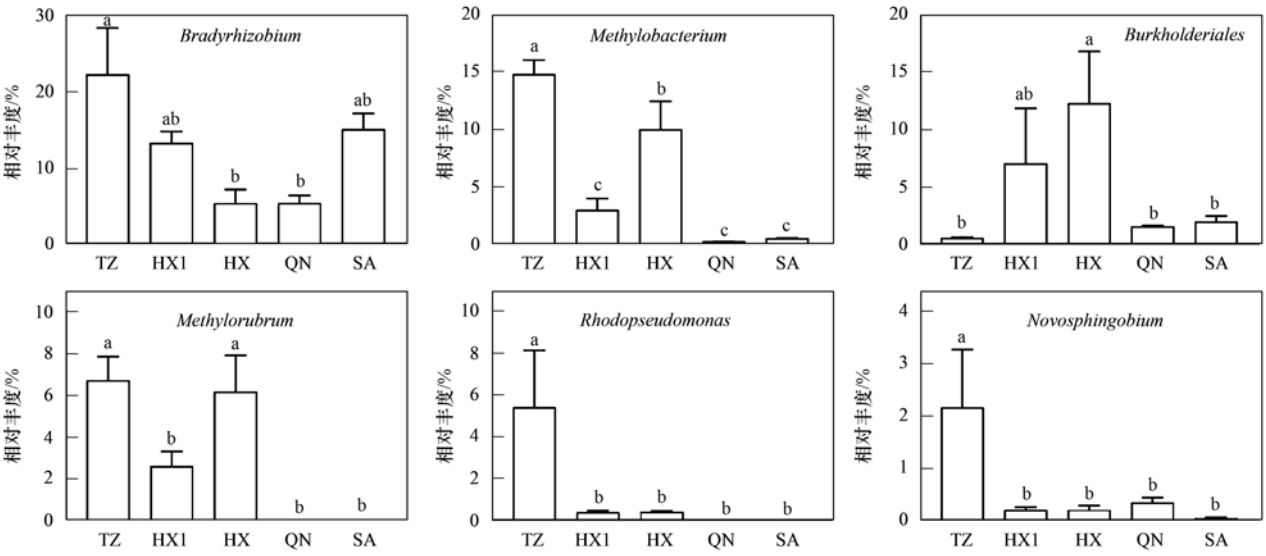


图 1 不同采样点基于 Bray-Curtis 距离矩阵的主坐标分析

Fig. 1 Principal co-ordinates analysis (PCoA) based on the Bray-Curtis distance matrix of different sampling points

中镉组(HX 和 HX1)次之,低镉组(QN 和 SA)最低;高镉组(TZ) *Novosphingobium* 属相对丰度显著高于其他点;中镉组(HX 和 HX1) *Burkholderiales* 属相对

丰度最高,低镉组(QN 和 SA)次之,高镉组(TZ)最低; TZ 点 *Bradyrhizobium* 属相对丰度最高,其次是 HX1 和 SA, HX 和 QN 点最低.



不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 条件下两组间具有显著差异

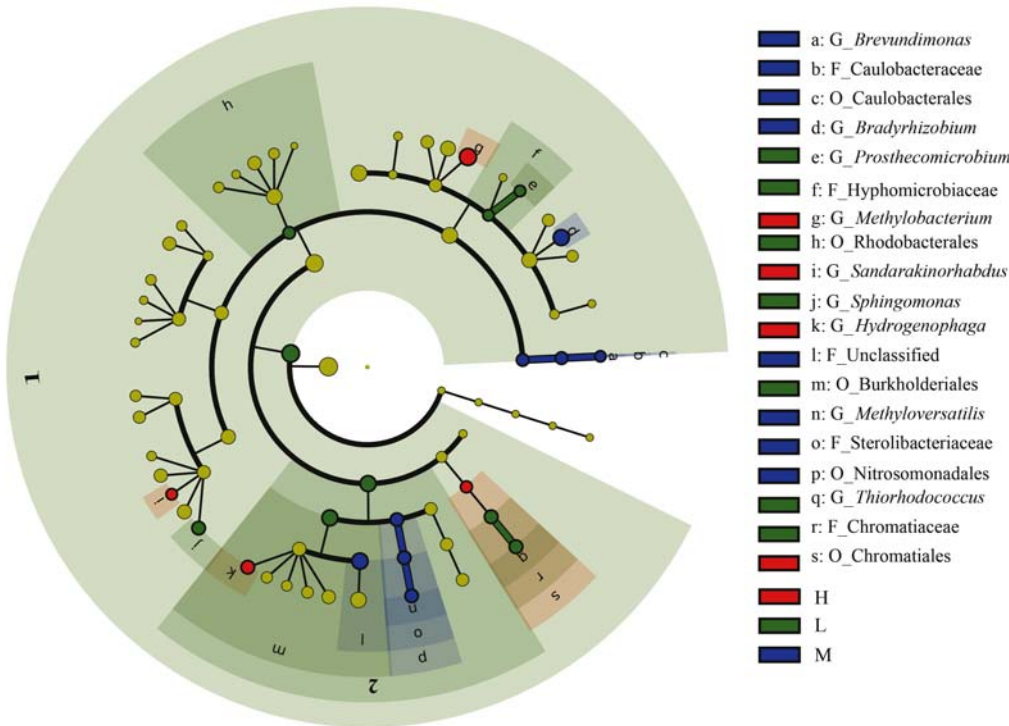
图 2 不同采样点光合细菌优势属

Fig. 2 Dominant genus of photosynthetic bacteria at different sampling sites

2.4 LEfSe 分析

LEfSe 统计分析结果以进化分支图的形式呈现:红色节点表示在高镉样品组中起到重要作用的

细菌类群,蓝色节点表示在中镉样品组中起到重要作用的细菌类群,绿色节点表示在低镉土壤样品组中起到重要作用的细菌类群,如图 3. 结果表明,在



1. P_Proteobacteria, 2. C_Betaproteobacteria; P_、C_、O_、F_和 G_分别表示含有 PufM 功能基因的种群所在类别分别为: 门、纲、目、科和属; 红色节点表示在高镉样品组中起到重要作用的细菌类群, 蓝色节点表示在中镉样品组中起到重要作用的细菌类群, 绿色节点表示在低镉土壤样品组中起到重要作用的细菌类群

图 3 不同样品组土壤细菌微生物组 LEfSe 统计分析进化分支

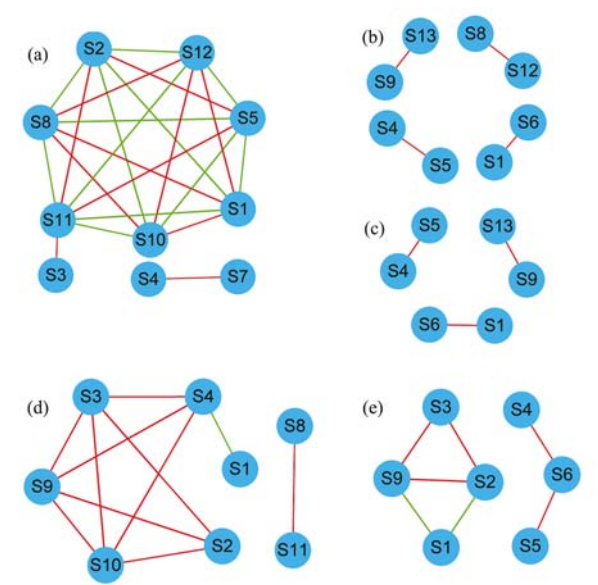
Fig. 3 LEfSe analysis cladogram of bacteria in soil from different sample groups

含有 PufM 功能基因的种群中,高镉组土壤样品中目水平上 Chromatiales 显著富集,属水平上 *Methylobacterium*、*Sandarakinorhabdus* 和 *Hydrogenophaga* 显著富集;中镉组土壤样品中,目水平上 Caulobacterales 和 Nitrosomonadales 显著富集,科水平上 Caulobacteraceae 和 Sterolibacteriaceae 显著富集,属水平上 *Brevundimonas*、*Bradyrhizobium* 和 *Methyloversatilis* 显著富集.低镉组目水平上 Burkholderiales 和 Rhodobacterales 显著富集,科水平上 Hyphomicrobiaceae 和 Chromatiaceae 显著富集,属水平上 *Prosthecomicrobium*、*Sphingomonas* 和 *Thiorhodococcus* 显著富集.

2.5 共发生网络分析

共线性网络分析展示了在不同镉污染程度下相互关联的信息,其对不同镉含量下光合细菌物种相对丰度进行相关性分析 ($R > 0.5, P < 0.05$),如图 4.物种之间的节点越多,说明物种之间的联系越紧密,关系越复杂.结果表明,不同镉含量下光合细菌物种之间相关性发生了显著变化,其中高镉组(TZ)光合细菌物种之间具有最多的节点,而在中镉和低镉组(HX,HX1,SA 和 QN)光合细菌物种之间只有少量节点.比较分析各组样品的核心菌种(物种之间显著关联数较多)发现:高镉组中 *Rhizobacter*、*Methyloversatilis universalis*、*Novosphingobium subterraneum*、*Methylorubrum extorquens*、*Burkholderiales bacterium* RIFCSPHIGHO2 12 FULL 69 20、*Rhodopseudomonas* sp. AAP120 和 *Bradyrhizobium* sp. S23321 属于互作主导地位的优势物种,与其他物种的显著关联数均大于 5,连接更紧密且密度更高.而中镉和低镉组与其他菌属的显著关联数均少于 5,相对较为发散.高镉组物种之间有效连接明显多于中镉和低镉组,连接更紧密且密度更高,而中镉和低镉组网络边缘相对较为发散.

将有效镉含量与光合细菌优势物种进行



S1: *Rhizobacter*, S2: *Bradyrhizobium* sp. S23321, S3: *Bradyrhizobium* sp. BTAi1, S4: *Methylorubrum populi*, S5: *Methylorubrum extorquens*, S6: *Methylibium*, S7: *Methylobacterium* sp. Leaf125, S8: *Novosphingobium subterraneum*, S9: *Bradyrhizobium* sp. ORS 278, S10: *Rhodopseudomonas* sp. AAP120, S11: *Burkholderiales bacterium* RIFCSPHIGHO2 12 FULL 69 20, S12: *Methyloversatilis universalis*, S13: *Rubrivivax*; (a) TZ 点样品; (b) HX 点样品; (c) HX1 点样品; (d) SA 点样品; (e) QN 点样品; 红线表示两个种群之间为正相关关系,绿线表示两个种群之间为负相关关系

图 4 不同镉含量下 top30 光合细菌物种相对丰度相关性分析
Fig. 4 Correlation analysis of the relative abundance of the top 30 photosynthetic bacteria species under different cadmium concentrations

Pearson 相关性分析,结果表明,有效镉含量与 *Bradyrhizobium* sp. BTAi1、*Methylorubrum populi*、*Methylorubrum extorquens*、*Methylobacterium* sp. Leaf125、*Novosphingobium subterraneum*、*Rhodopseudomonas* sp. AAP120 和 *Methyloversatilis universalis* 显著正相关,其中 *Methylorubrum populi*、*Methylorubrum extorquens*、*Methylobacterium* sp. Leaf125 和 *Rhodopseudomonas* sp. AAP120 相关性较强 ($R > 0.5, P < 0.05$,表 4).

表 4 有效镉含量与光合细菌优势物种基于 Pearson 相关系数的相关性分析
Table 4 Correlation analysis between available cadmium content and dominant species of photosynthetic bacteria based on Pearson correlation coefficient

分组	R	P
有效镉 vs. <i>Rhizobacter</i>	0.058	0.761
有效镉 vs. <i>Bradyrhizobium</i> sp. S23321	-0.357	0.053
有效镉 vs. <i>Bradyrhizobium</i> sp. BTAi1	0.411	0.024
有效镉 vs. <i>Methylorubrum populi</i>	0.594	0.000 537
有效镉 vs. <i>Methylorubrum extorquens</i>	0.579	8.00E - 04
有效镉 vs. <i>Methylibium</i>	-0.068	0.723
有效镉 vs. <i>Methylobacterium</i> sp. Leaf125	0.622	0.000 245
有效镉 vs. <i>Novosphingobium subterraneum</i>	0.450	0.012 5
有效镉 vs. <i>Bradyrhizobium</i> sp. ORS 278	-0.297	0.111
有效镉 vs. <i>Rhodopseudomonas</i> sp. AAP120	0.534	0.002 37
有效镉 vs. <i>Burkholderiales bacterium</i> RIFCSPHIGHO2 12 FULL 69 20	0.132	0.488
有效镉 vs. <i>Methyloversatilis universalis</i>	0.409	0.025
有效镉 vs. <i>Rubrivivax</i>	0.021	0.911

2.6 理化因子和光合细菌群落相关性分析

分别对光合细菌群落和理化因子进行曼特尔分析(Mantel test)和典型对应分析(CCA),结果如表5和图5.曼特尔分析结果表明,pH、碱性氮、有效磷、有效钾、总氮、总磷、有机质、总镉和有效镉是影响光合细菌群落的重要因素(表5).

表5 基于 bray-curtis 和 Jaccard 距离矩阵的曼特尔分析¹⁾

Table 5 Mantel test based on bray-curtis and Jaccard distance matrices

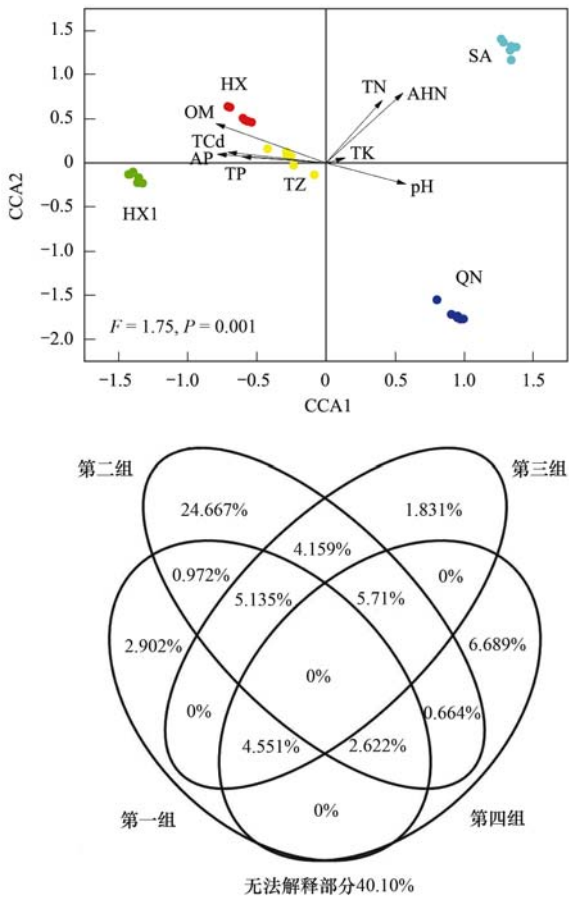
因子	<i>r</i> (BC)	<i>P</i> (BC)	<i>r</i> (JC)	<i>P</i> (JC)
pH	0.247	0.001	0.299 9	0.001
碱性氮	0.269 3	0.001	0.285 5	0.001
有效磷	0.308 2	0.001	0.366 5	0.001
有效钾	0.303 9	0.001	0.329 9	0.001
总氮	0.191 8	0.001	0.218 6	0.001
总磷	0.216 9	0.001	0.244 7	0.001
总钾	-0.002 5	0.517	-0.028 9	0.75
有机质	0.248 8	0.001	0.330 7	0.001
总镉	0.313	0.001	0.397 2	0.001
有效镉	0.299 3	0.001	0.371 8	0.001

1) BC 和 JC 分别表示基于 bray-curtis 和 Jaccard 距离矩阵的曼特尔分析; *r* 表示环境因子和光合细菌群落的相关性值, *P* 表示显著性值

典型对应分析结果表明,pH、碱性氮、有效磷、总氮、总磷、有机质和总镉与光合细菌群落显著相关.碱性氮、总氮和 pH 对光合细菌的影响一致,与有机质、有效磷、总磷和总镉对光合细菌的影响相反(图5).除此之外,将理化因子分为4组进行变分分析,如图5.结果表明,pH 和有机质单独解释了2.90%和1.83%的光合细菌变异,总(氮、磷、钾)和有效(氮、磷、钾)解释了24.67%的光合细菌变异,总镉和有效镉解释了6.69%的变异,无法解释部分40.10%(图5).

3 讨论

微生物多样性是评估生态系统功能的重要指标^[34~36].前期研究表明,重金属的存在不仅会导致微生物多样性的显著丧失^[37],还会改变群落组成和功能^[38~40].本研究对不同镉污染程度下紫色光合细菌α多样性进行分析,发现QN点的α多样性指数最高,而HX1点多样性指数最低,HX和HX1点的α多样性指数无显著差异,而QN点和SA点的α多样性指数之间差异明显,表明不同镉污染程度下紫色光合细菌α多样性指数差异不显著(表2),表明镉污染程度对紫色光合细菌α多样性影响较小.通过对不同镉污染下土壤样品光合细菌群落进行不相似性分析,发现不同程度镉污染组的光合细菌群落显著分离开(表3),表明不同镉污染程度显著改变了紫色光合细菌群落结构.因此,尽管镉污染程度对紫色光合细菌α多样性影响较小,但对紫色光合细



第一组:pH(酸碱度);第二组:AP(有效磷)、AK(有效钾)、TN(总氮)、TP(总磷)、TK(总钾)和AN(碱性氮);第三组:OM(有机质);第四组:TCd(总镉)、ACd(有效镉)

图5 不同采样点光合细菌群落和环境因子典型对应分析和变分分析

Fig. 5 Canonical correspondence analysis (CCA) and variation partition analysis (VPA) between photosynthetic bacterial communities and environmental factors at different sampling points

菌种群丰度影响较大,表明重金属镉污染程度可能在塑造光合细菌群落方面发挥了重要作用.

土壤生态系统的功能严重依赖土壤微生物,因为它们促进物质循环、能量流动、养分转化、有机质分解以及其他与生态系统相关的生化过程^[41~43].土壤微生物也是土壤肥力和养分资源质量和数量的有效生物指标^[42,44].许多研究利用这一点来评价土壤重金属污染的生态状况^[45,46].pH是影响土壤中微量元素沉淀-溶解平衡的关键决定因素. H^+ 与溶解金属对配体的竞争增加了重金属的迁移率和生物利用度.本研究对不同镉污染程度下水稻土壤理化性质的分析,发现低镉组(SA和QN)的pH值、总镉、有效镉含量会随着镉污染程度的增强而降低,表明酸性条件促进了土壤中重金属离子态镉的积累,有机质和pH在土壤中重金属的积累、影响重金属离子的溶解性和流动性等方面发挥重要作用,决定了土壤养分的生物有效性.土壤酸碱度为镉生物有效

性的主要控制因素,酸性条件下生物有效性更高^[47]. 分别对光合细菌群落和理化分子进行曼特尔反应分析和典型对应分析,发现土壤的理化性质如 pH、碱性氮和有效磷等是影响光合细菌群落的重要因素(图 5). 本研究中土壤理化性质的改变可能造成了光合细菌群落组成的改变. 尽管 pH、碱性氮、有效磷、总氮、总磷、有机质和总镉与光合细菌群落显著相关. 但是碱性氮、总氮、pH 与有机质、有效磷、总磷和总镉对光合细菌的影响作用相反. 表明了光合细菌群落和不同理化性质之间的作用机制存在较大差异. 重金属对土壤微生物群落结构的影响可能与重金属类型、化学形态及土壤理化性质密切相关^[48].

LEfSe 数据清晰展示了不同时期不同处理的土壤样品中优势微生物群落不同分类水平上的显著富集,表明这些存在显著差异的光合细菌菌群极有可能参与了对镉污染的反应. 共线性网络分析展示了光合细菌类群间在不同镉污染程度下相互关联相关作用的信息. 高镉组光合细菌物种之间有效连接明显多于其他组, *Rhizobacter*、*Methyloversatilis universalis* 和 *Novosphingobium subterraneum* 等属于互动主导地位的优势菌种之间连接更紧密且密度更高,且正相关和负相关连接数相差不大,而中镉组和低镉组网络边缘相对较为发散. 该结果表明,在污染较为严重的水稻土壤中光合细菌物种之间的竞争和拮抗作用更加激烈,说明这些光合细菌对镉污染作出了响应. 识别可能响应镉污染的关键金属抗性和金属敏感菌群是至关重要的,因为这种特性可能与土壤生态系统中的生态位有关,影响镉污染敏感性^[49]. 在本研究中,将有效镉含量与优势光合细菌物种相对丰度进行相关性分析,发现 *Methylobacterium populi*、*Methylobacterium extorquens*、*Methylobacterium* sp. Leaf 125 和 *Rhodopseudomonas* sp. AAP 120 相对丰度与有效镉含量显著正相关且相关性较强 ($R > 0.5$, $P < 0.05$). 结果表明 *Methylobacterium populi*、*Methylobacterium extorquens*、*Methylobacterium* sp. Leaf 125 和 *Rhodopseudomonas* sp. AAP120 对重金属镉可能具有一定的金属抗性,对研究镉降解具有一定的价值.

对不同镉含量组优势属进行单因素方差分析,发现镉含量组优势属相对丰度具有较大差异,高镉组的优势属是 *Bradyrhizobium*、*Methylobacterium*、*Methylobacterium*、*Rhodopseudomonas* 和 *Novosphingobium*; 中镉组的优势属是 *Bradyrhizobium*、*Methylobacterium*、*Burkholderiales* 和 *Methylobacterium*; 低镉组的优势属是 *Bradyrhizobium* 和

Burkholderiales, 该结果表明镉含量梯度引起了光合细菌群落组成类群数量和优势物种的变化(图 2). 这可能是由于土壤中镉的引入导致了群落的重新调整,因此,在重金属长期富集的地区,耐金属微生物成为优势类群^[50]. 土壤中金属敏感生物的数量减少,而耐金属微生物的数量增加,导致了群落组成的变化. 这些类群的适应机制可能与微生物生命活动的不同有关. 这些趋势可能是由于重金属的存在抑制了大量的金属敏感物种,这可能会刺激耐金属物种的生长^[51]. 对于微生物群落来说,金属抗性物种可以弥补金属敏感物种的损失,确保一个稳定的群落^[52]. 进一步地镉胁迫可能导致敏感物种大量死亡,细菌总数减少,并导致微生物遗传多样性减少^[50].

4 结论

不同镉污染程度下光合细菌群落结构具有显著差异,但 α 多样性差异不显著,推测土壤中镉污染程度的变化可能造成了光合细菌群落种群丰度的变化. 高镉组土壤样品中光合细菌物种之间联系比中、低镉组光合细菌物种关系更加紧密,关系更复杂,其中耐镉微生物显著富集. pH、碱性氮和有效磷等是影响光合细菌群落的重要因素,且土壤理化性质的变化解释了 59.90% 的光合细菌变异.

参考文献:

- [1] 陈文轩, 李茜, 王珍, 等. 中国农田土壤重金属空间分布特征及污染评价[J]. 环境科学, 2020, 41(6): 2822-2833.
Cheng W X, Li Q, Wang Z, et al. Spatial distribution characteristics and pollution evaluation of heavy metals in arable land soil of China[J]. Environmental Science, 2020, 41(6): 2822-2833.
- [2] Li Z Y, Ma Z W, van der Kuip T J, et al. A review of soil heavy metal pollution from mines in China: pollution and health risk assessment[J]. Science of the Total Environment, 2014, 468-469: 843-853.
- [3] Yang Q Q, Li Z Y, Lu X N, et al. A review of soil heavy metal pollution from industrial and agricultural regions in China: pollution and risk assessment[J]. Science of the Total Environment, 2018, 642: 690-700.
- [4] 戴彬, 吕建树, 战金成, 等. 山东省典型工业城市土壤重金属来源、空间分布及潜在生态风险评价[J]. 环境科学, 2015, 36(2): 507-515.
Dai B, Lü J S, Zhan J C, et al. Assessment of sources, spatial distribution and ecological risk of heavy metals in soils in a typical industry-based city of Shandong province, Eastern China[J]. Environmental Science, 2015, 36(2): 507-515.
- [5] 宋波, 杨子杰, 张云霞, 等. 广西西江流域土壤镉含量特征及风险评估[J]. 环境科学, 2018, 39(4): 1888-1900.
Song B, Yang Z J, Zhang Y X, et al. Accumulation of Cd and its risks in the soils of the Xijiang River drainage basin in Guangxi[J]. Environmental Science, 2018, 39(4): 1888-1900.
- [6] Gu Q B, Yu T, Yang Z F, et al. Prediction and risk assessment

- of five heavy metals in maize and peanut: a case study of Guangxi, China [J]. *Environmental Toxicology and Pharmacology*, 2019, **70**, doi: 10.1016/j.etap.2019.103199.
- [7] 孟敏, 杨林生, 韦炳干, 等. 我国设施农田土壤重金属污染评价与空间分布特征[J]. *生态与农村环境学报*, 2018, **34** (11): 1019-1026.
- Meng M, Yang L S, Wei B G, *et al.* Contamination assessment and spatial distribution of heavy metals in greenhouse soils in China[J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2018, **34** (11): 1019-1026.
- [8] 徐建明, 孟俊, 刘杏梅, 等. 我国农田土壤重金属污染防治与粮食安全保障[J]. *中国科学院院刊*, 2018, **33** (2): 153-159.
- Xu J M, Meng J, Liu X M, *et al.* Control of heavy metal pollution in farmland of China in terms of food security [J]. *Bulletin of the Chinese Academy of Sciences*, 2018, **33** (2): 153-159.
- [9] Lu A X, Li B R, Li J, *et al.* Heavy metals in paddy soil-rice systems of industrial and township areas from subtropical China: levels, transfer and health risks [J]. *Journal of Geochemical Exploration*, 2018, **194**: 210-217.
- [10] Rezapour S, Atashpaz B, Moghaddam S S, *et al.* Cadmium accumulation, translocation factor, and health risk potential in a wastewater-irrigated soil-wheat (*Triticum aestivum* L.) system [J]. *Chemosphere*, 2019, **231**: 579-587.
- [11] 苏品, 张德咏, 张卓, 等. 光合细菌的农用微生物功能解读[J]. *中国生物防治学报*, 2021, **37** (1): 30-37.
- Su P, Zhang D Y, Zhang Z, *et al.* Dissection on the agronomical functions of photosynthetic bacteria [J]. *Chinese Journal of Biological Control*, 2021, **37** (1): 30-37.
- [12] Lo K J, Lin S S, Lu C W, *et al.* Whole-genome sequencing and comparative analysis of two plant-associated strains of *Rhodopseudomonas palustris* (PS3 and YSC3) [J]. *Scientific Reports*, 2018, **8** (1): 12769.
- [13] Ge H L, Zhang F L. Growth-promoting ability of *Rhodopseudomonas palustris* G5 and its effect on induced resistance in cucumber against salt stress [J]. *Journal of Plant Growth Regulation*, 2019, **38** (1): 180-188.
- [14] Lo K J, Lee S K, Liu C T. Development of a low-cost culture medium for the rapid production of plant growth-promoting *Rhodopseudomonas palustris* strain PS3 [J]. *PLoS One*, 2020, **15** (7), doi: 10.1371/journal.pone.0236739.
- [15] Ndong R K, Friedel J K, Spornberger A, *et al.* 'Effective micro-organisms' (EM): an effective plant strengthening agent for tomatoes in protected cultivation [J]. *Biological Agriculture & Horticulture*, 2011, **27** (2): 189-203.
- [16] Rana G, Meikap S, Mondol M, *et al.* Green-fertilizer, *Rhodospirillum rubrum*, for agricultural development on fly-ash without any toxic metal ion release [J]. *Basic Research Journal of Agricultural Science and Review*, 2016, **5** (8): 109-117.
- [17] Luo L Y, Wang P, Zhai Z Y, *et al.* The effects of *Rhodopseudomonas palustris* PSB06 and CGA009 with different agricultural applications on rice growth and rhizosphere bacterial communities [J]. *AMB Express*, 2019, **9** (1): 173.
- [18] Idi A, Nor M H, Wahab M F A, *et al.* Photosynthetic bacteria: an eco-friendly and cheap tool for bioremediation [J]. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, 2015, **14** (2): 271-285.
- [19] Smiejan A, Wilkinson K J, Rossier C. Cd bioaccumulation by a freshwater bacterium, *Rhodospirillum rubrum* [J]. *Environmental Science & Technology*, 2003, **37** (4): 701-706.
- [20] Watanabe M, Kawahara K, Sasaki K, *et al.* Biosorption of cadmium ions using a photosynthetic bacterium, *Rhodobacter sphaeroides* S and a marine photosynthetic bacterium, *Rhodovulum* sp. and their biosorption kinetics [J]. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 2003, **95** (4): 374-378.
- [21] El-Rab S M F G, Shoreit A A F, Fukumori Y. Effects of cadmium stress on growth, morphology, and protein expression in *Rhodobacter capsulatus* B10 [J]. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry*, 2006, **70** (10): 2394-2402.
- [22] 白红娟, 张肇铭, 负妮, 等. 沼泽红假单胞菌去除镉的研究 [J]. *微生物学通报*, 2007, **34** (4): 659-662.
- Bai H J, Zhang Z M, Yun N, *et al.* Study on removal of cadmium by *Rhodopseudomonas Palustris* [J]. *Microbiology China*, 2007, **34** (4): 659-662.
- [23] 负妮, 袁凤英, 白红娟, 等. 沼泽红假单胞菌去除镉的实验研究 [J]. *工业安全与环保*, 2007, **33** (5): 11-13.
- Yun N, Yuan F Y, Bai H J, *et al.* Study on the removal of cadmium by *Rhodopseudomonas Palustris* [J]. *Industrial Safety and Environmental Protection*, 2007, **33** (5): 11-13.
- [24] 俎千惠, 王保战, 贾仲君, 等. 水稻土中紫色光合细菌沿纬度梯度的空间分异特征 [J]. *生态学报*, 2016, **36** (21): 6730-6737.
- Zu Q H, Wang B Z, Jia Z J, *et al.* Spatial shifts in purple photosynthetic bacterial community composition in paddy soils along the latitude [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2016, **36** (21): 6730-6737.
- [25] Jiang Y J, Liang Y T, Li C M, *et al.* Crop rotations alter bacterial and fungal diversity in paddy soils across East Asia [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2016, **95**: 250-261.
- [26] Nelson D W, Sommers L E. Total carbon, organic carbon, and organic matter [A]. In: Page A L (Ed.). *Methods of Soil Analysis* [M]. Madison: American Society of Agronomy and Soil Science Society of America, 1982. 539-594.
- [27] 鲍士旦. 土壤农化分析 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2005.
- [28] B    O, Suzuki M T, Heidelberg J F, *et al.* Unsuspected diversity among marine aerobic anoxygenic phototrophs [J]. *Nature*, 2002, **415** (6872): 630-633.
- [29] Yutin N, Suzuki M T, B    O. Novel primers reveal wider diversity among marine aerobic anoxygenic phototrophs [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71** (12): 8958-8962.
- [30] Kong Y. Btrim: a fast, lightweight adapter and quality trimming program for next-generation sequencing technologies [J]. *Genomics*, 2011, **98** (2): 152-153.
- [31] Mago   T, Salzberg S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies [J]. *Bioinformatics*, 2011, **27** (21): 2957-2963.
- [32] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, *et al.* UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. *Bioinformatics*, 2011, **27** (16): 2194-2200.
- [33] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, **10** (10): 996-998.
- [34] Boshoff M, De Jonge M, Dardenne F, *et al.* The impact of metal pollution on soil faunal and microbial activity in two grassland ecosystems [J]. *Environmental Research*, 2014, **134**: 169-180.
- [35] Bowles T M, Acosta-Mart   ez V, Calder   n F, *et al.* Soil enzyme activities, microbial communities, and carbon and nitrogen availability in organic agroecosystems across an intensively-managed agricultural landscape [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **68**: 252-262.

- [36] Jiao S, Peng Z H, Qi J J, *et al.* Linking bacterial-fungal relationships to microbial diversity and soil nutrient cycling[J]. *mSystems*, 2021, **6**(2), doi: 10.1128/msystems.01052-20.
- [37] Singh B K, Quince C, Macdonald C A, *et al.* Loss of microbial diversity in soils is coincident with reductions in some specialized functions [J]. *Environmental Microbiology*, 2014, **16**(8): 2408-2420.
- [38] Macdonald C A, Clark I M, Zhao F J, *et al.* Long-term impacts of zinc and copper enriched sewage sludge additions on bacterial, archaeal and fungal communities in arable and grassland soils [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, **43**(5): 932-941.
- [39] Griffiths B S, Philippot L. Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2013, **37**(2): 112-129.
- [40] Li J, Zheng Y M, Liu Y R, *et al.* Initial copper stress strengthens the resistance of soil microorganisms to a subsequent copper stress[J]. *Microbial Ecology*, 2014, **67**(4): 931-941.
- [41] Lozupone C A, Hamady M, Kelley S T, *et al.* Quantitative and qualitative β diversity measures lead to different insights into factors that structure microbial communities [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(5): 1576-1585.
- [42] Fall D, Diouf D, Zoubeirou A M, *et al.* Effect of distance and depth on microbial biomass and mineral nitrogen content under *Acacia senegal* (L.) Willd trees[J]. *Journal of Environmental Management*, 2012, **95** Suppl: S260-S264.
- [43] Logares R, Lindström E S, Langenheder S, *et al.* Biogeography of bacterial communities exposed to progressive long-term environmental change [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(5): 937-948.
- [44] Zhang B C, Kong W D, Wu N, *et al.* Bacterial diversity and community along the succession of biological soil crusts in the gurbantunggut desert, northern China [J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2016, **56**(6): 670-679.
- [45] Gómez-Sagasti M T, Alkorta I, Becerril J M, *et al.* Microbial monitoring of the recovery of soil quality during heavy metal phytoremediation[J]. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2012, **223**(6): 3249-3262.
- [46] Burges A, Epelde L, Garbisu C. Impact of repeated single-metal and multi-metal pollution events on soil quality [J]. *Chemosphere*, 2015, **120**: 8-15.
- [47] 王锐, 胡小兰, 张永文, 等. 重庆市主要农耕地土壤 Cd 生物有效性及影响因素 [J]. *环境科学*, 2020, **41**(4): 1864-1870.
- Wang R, Hu X L, Zhang Y W, *et al.* Bioavailability and influencing factors of soil Cd in the major farming areas of Chongqing [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(4): 1864-1870.
- [48] Xia X, Wu S J, Zhou Z J, *et al.* Microbial Cd(II) and Cr(VI) resistance mechanisms and application in bioremediation [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **401**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.123685.
- [49] Giller K E, Witter E, McGrath S P. Heavy metals and soil microbes [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2009, **41**(10): 2031-2037.
- [50] Luo L Y, Xie L L, Jin D C, *et al.* Bacterial community response to cadmium contamination of agricultural paddy soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2019, **139**: 100-106.
- [51] Cui J, Wang W Q, Peng Y, *et al.* Effects of simulated Cd deposition on soil Cd availability, microbial response, and crop Cd uptake in the passivation-remediation process of Cd-contaminated purple soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **683**: 782-792.
- [52] Awasthi A, Singh M, Soni S K, *et al.* Biodiversity acts as insurance of productivity of bacterial communities under abiotic perturbations [J]. *The ISME Journal*, 2014, **8**(12): 2445-2452.

CONTENTS

Continuous PM _{2.5} Composition Measurements for Source Apportionment During Air Pollution Events	CAI Fan-tao, SHANG Yue, DAI Wei, <i>et al.</i> (4575)
Orographic Influences on the Spatial Distribution of PM _{2.5} on the Fen-Wei Plain	HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, SUN Cong-jian, <i>et al.</i> (4582)
Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Under Winter Haze Conditions in Central China: A Case Study of Huanggang, Hubei Province	LI Xing-yu, MAO Yao, CHEN Zhan-le, <i>et al.</i> (4593)
Concentration and Reactivity of Carbonyl Compounds in the Atmosphere of North China	HUANG Yu, CHEN Xi, WANG Ying-hong, <i>et al.</i> (4602)
Characteristics of O ₃ Pollution and Key Precursors in Chengdu During Spring	HAN Li, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (4611)
O ₃ Source Characteristics of an Industrial Area in the Yangtze River Delta Based on Boundary Observations	HUANG Qing, HUANG Yin-zhi, ZHANG Shan, <i>et al.</i> (4621)
Characteristics and Source of VOCs During O ₃ Pollution Between August to September, Langfang Development Zones	ZHANG Jing-qiao, WANG Hong-liang, FANG Xiao-yun, <i>et al.</i> (4632)
Coating-derived VOCs Emission Characteristics and Environmental Impacts from the Furniture Industry in Guangdong Province	ZENG Chun-ling, SHAO Xia, LIU Rui-yuan, <i>et al.</i> (4641)
Response of Air Quality to COVID-19 Lockdown in Xiamen Bay	XU Chao, WU Shui-ping, LIU Yi-jing, <i>et al.</i> (4650)
Similarities and Differences of Valley Winds in the Beijing Plain and Yanqing Areas and Its Impact on Pollution	WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, <i>et al.</i> (4660)
Characteristics of Atmospheric Particulate Matter Pollution and the Unique Wind and Underlying Surface Impact in the Twain-Hu Basin in Winter	ZHU Yan, ZHAO Tian-liang, BAI Yong-qing, <i>et al.</i> (4669)
Conversion Characterizations of Sulfate Ion and Nitrate Ion in Particulate Matter from Coal-fired Power Plants	YANG Liu, HE Qing, SHENG Zhong-yi (4678)
Water Chemical Characteristics and Influence of Exogenous Acids in the Yangtze River Basin	WANG Qi, YU Shi, JIANG Ping-ping, <i>et al.</i> (4687)
Effects of Land Use on Nutrient Concentrations in the Inflow River of Lake Taihu, China	LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (4698)
Diversity of Zooplankton and Niche Characteristics of Keystone Species in the Weihe River Based on eDNA	LIANG Dong, XIA Jun, SONG Jin-xi, <i>et al.</i> (4708)
Occurrence, Distribution, and Ecological Risk Assessment of Pharmaceutical and Personal Care Products in the Aquatic Environment of Sanya City, China	REN Bing-nan, GENG Jing (4717)
Screening of Priority Pollutants and Risk Assessment for Surface Water from Shengjin Lake	GONG Xiong-hu, DING Qi-qi, JIN Miao, <i>et al.</i> (4727)
Long-term Changes and Drivers of Ecological Security in Shahe Reservoir, China	YANG Wen-bin, DUAN Wen-xiu, CUI Yang, <i>et al.</i> (4739)
Seasonal Variation and Influencing Factor Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Water Supply Reservoirs of Central China	ZHANG Kai, XIN Rui, LI Kuang-jia, <i>et al.</i> (4753)
Geochemical Characteristics and Driving Factors of NO ₃ -Type Groundwater in the Rapidly Urbanizing Pearl River Delta	LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i> (4761)
Spatial Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water in the Yancheng Area	WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i> (4772)
Identification of Dredging Depths Based on Sediment Vertical Distribution Profiles of Total Nitrogen and Total Phosphorus and Their Adsorption-desorption Equilibria	ZHOU Ya-ting, CHEN Xing-hong, LI Li-qing, <i>et al.</i> (4781)
Role of Borate and Phosphate Buffers in the Degradation of Organic Compounds in a PMS/Co ²⁺ System: Influencing Factors and Mechanisms	WAN Qi-qi, CHEN Zhu-hao, CAO Rui-hua, <i>et al.</i> (4789)
Degradation 2,2',4,4'-Tetrabromodiphenyl Ether by Activated Peroxymonosulfate Using Magnetic Biochar Supported α -MnO ₂	LI Xin, YIN Hua, LUO Hao-yu, <i>et al.</i> (4798)
Characteristics and Mechanisms of Bacteriophage MS2 Inactivation in Water by UV Activated Sodium Persulfate	ZHANG Chong-miao, YANG Hao-ming, WANG Zhen (4807)
Adsorption Characteristics of Phosphate on Cerium Modified Water Hyacinth Biochar	WANG Guang-ze, ZENG Wei, LI Shuai-shuai (4815)
Removal Efficiency and Mechanism of Ammonia Nitrogen in a Low Temperature Groundwater Purification Process	LI Dong, LIU Meng-hao, ZHANG Rui-miao, <i>et al.</i> (4826)
Speciation and Ecological Risk Assessment of Heavy Metal(loid)s in the Municipal Sewage Sludge of China	GENG Yuan-meng, ZHANG Chuan-bing, ZHANG Yong, <i>et al.</i> (4834)
Meta-analysis of Microbial Communities in the Activated Sludge of Wastewater Treatment Plants Under Different Climate Types	YANG Si-hang, QIN Ze-sheng, LIANG Man-chun (4844)
Partial Nitrification and Anaerobic Ammonia Oxidation Synergistic Denitrification to Remove Nitrogen and Carbon from Domestic Sewage	QIN Yan-rong, YUAN Zhong-ling, ZHANG Ming, <i>et al.</i> (4853)
Cultivation and Performance Analysis of Simultaneous Partial Nitrification, ANAMMOX, and Denitrification Granular Sludge	ZHOU Feng, LIU Yong-di, LI Wei (4864)
Application of Various Methods to Extract Microplastic from Typical Soils in China	ZHAO Xiao-li, LIU Zi-han, CONG Chen-yu, <i>et al.</i> (4872)
Evaluation and Sources of Heavy Metal Pollution in the Surface Soil of the Qaidam Basin	CHEN Liang, ZHANG Xi-ying, TANG Qi-liang, <i>et al.</i> (4880)
Content and Ecological Risks of Heavy Metals in Soil with Different Land Uses in a Rapidly Urbanizing Area	LI Meng-ting, SHEN Cheng, WU Jian, <i>et al.</i> (4889)
Selenium Geochemical Characteristics and Influencing Factors of Paddy Fields in Du'an County, Guangxi	LIU Fei, YANG Ke, XU Ren-ting, <i>et al.</i> (4897)
Carbonized Apple Branches Decrease the Accumulation and Damage of Cadmium on Apple Rootstock by Reducing DTPA-Cd in Soil	DENG Bo, XUN Mi, ZHANG Wei-wei, <i>et al.</i> (4908)
Accumulation and Health Risk of Heavy Metals in Cereals, Vegetables, and Fruits of Intensive Plantations in Hainan Province	YANG Jian-zhou, WANG Zhen-liang, GAO Jian-weng, <i>et al.</i> (4916)
Correlation Analysis among Environmental Antibiotic Resistance Genes Abundance, Antibiotics Concentrations, and Heavy Metals Concentrations Based on Web of Science Searches	MIAO Sun, CHEN Lei, ZUO Jian-e (4925)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Farmland Soil in Yinchuan	ZHANG Xiao-hong, TAO Hong, WANG Ya-juan, <i>et al.</i> (4933)
Effect of Manure from Different Sources on the Leaching of Antibiotics in Soil	LI Bin-xu, ZHU Chang-xiong, SONG Ting-ting, <i>et al.</i> (4942)
Analysis of the Traits of Nitrogen Metabolism Pathways for Several Forest Soils in Eastern China	LÜ Xue-li, ZHAO Yong-peng, LIN Qing-huo, <i>et al.</i> (4951)
Denitrification Rates and <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria Community Structure Characteristics of Bulk and Rhizosphere Soil in Spring and Summer in the Alpine Wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau	LI Yu-qian, MA Jun-wei, GAO Chao, <i>et al.</i> (4959)
Microbial Community Structure of Soil Methanogens and Methanotrophs During Degradation and Restoration of Reed Wetlands in the Songnen Plain	WANG Qiu-ying, WANG Na, LIU Ying, <i>et al.</i> (4968)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Fluvio-aquic Soil Under Different Rotation Fallow	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, DAI Hong-cui, <i>et al.</i> (4977)
Response of Photosynthetic Bacterial Community to Cadmium Contamination in Paddy Soil	LUO Lu-yun, JIN De-cai, WANG Dian-dong, <i>et al.</i> (4988)
Community Distribution of the Rhizospheric and Endophytic Bacteria of <i>Phragmites australis</i> and Their Limiting Factors in Iron Tailings	CAO Man-man, WANG Fei, ZHOU Bei-hai, <i>et al.</i> (4998)
Effects of Combination of Organic and Inorganic Nitrogen on Nitrification and Denitrification in Two Salinized Soils	ZHOU Hui, SHI Hai-bin, ZHANG Wen-cong, <i>et al.</i> (5010)
Response of Yield, CH ₄ , and N ₂ O Emissions from Paddy Fields to Long-term Elevated CO ₂ Concentrations	YU Hai-yang, SONG Kai-fu, HUANG Qiong, <i>et al.</i> (5021)
Effects of Feedstock Material and Pyrolysis Temperature on Dissolved Organic Matter in Biochars	YAN Dai-hong, MA Ya-pei, SONG Kai-yue, <i>et al.</i> (5030)
Spatiotemporal Variations in Atmospheric Urban Heat Island Effects and Their Driving Factors in 84 Major Chinese Cities	LI Yu, ZHOU De-cheng, YAN Zhang-mei (5037)
Research Progress in the Odorants and Their Emissions from Indoor Building Decoration Materials	ZHANG Wan-zhong, ZHANG Peng-yi (5046)