

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

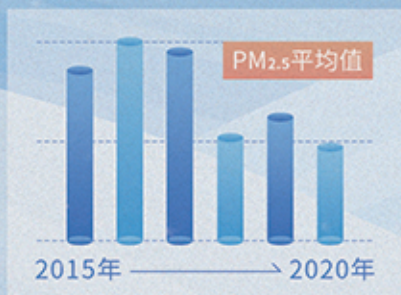
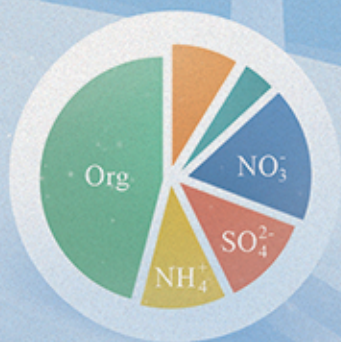
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

北京冬季奥运会历史同期大气PM_{2.5}污染特征分析

刘玥晨, 满睿琪, 裴彦挺, 杨佳炜, 王均睿, 谭瑞, 汤丽姿, 俞颖, 宋锴, 郭松, 陈仕意,
曾立民, 吴志军, 胡敏



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2022年8月

第43卷 第8期
Vol.43 No.8

目次

北京冬季奥运会历史同期大气 PM _{2.5} 污染特征分析·····	刘玥晨, 满睿琪, 袁彦挺, 杨佳炜, 王均睿, 谭瑞, 汤丽姿, 俞颖, 宋锴, 郭松, 陈仕意, 曾立民, 吴志军, 胡敏 (3895)
天津城区 2019 年 2~3 月气溶胶粒径分布特征观测分析·····	郝团, 蔡子颖, 刘敬乐, 王晓佳, 姚青 (3903)
长江中游地区 PM _{2.5} 重污染过程的典型天气环流分型及区域传输影响·····	王莹, 智协飞, 白永清, 董甫, 张玲 (3913)
滇中典型工矿城市大气干湿沉降重金属等元素特征及健康风险评价·····	范晨子, 刘永兵, 袁继海, 郭威, 孙冬阳, 刘成海 (3923)
典型工业城市夏季 VOCs 污染特征及反应活性·····	秦涛, 李丽明, 王信梧, 杨文, 王晓丽, 徐勃, 耿春梅 (3934)
大连市夏季 VOCs 化学反应活性及来源·····	朱轲欣, 刘立忠, 刘焕武, 罗静期, 高冉冉 (3944)
河南省 18 个城市大气污染物分布特征、区域来源和传输路径·····	刘光瑾, 苏方成, 徐起翔, 张瑞芹, 王克 (3953)
京津冀臭氧污染特征、气象影响及基于神经网络的预报效果评估·····	朱媛媛, 刘冰, 桂海林, 李健军, 汪巍 (3966)
2006~2020 年中国大气本底站 BC 气溶胶的时空分布特征·····	王红磊, 颜雪, 沈利娟, 柳竞先, 赵天良, 管小彬, 赵德龙 (3977)
钢铁生产行业二噁英污染特征变化及其排放因子·····	杨艳艳, 谢丹平, 付建平, 陈晓燕, 尹文华, 韩静磊, 张素坤, 张璐, 肖滔 (3990)
长江流域着生藻类群落结构的格局及其生态评价·····	胡愈忻, 曹亮, 屈仁超, 黄杰, 胡圣, 周正, 王英才, 张静 (3998)
基于蒙特卡罗模拟与 PMF 模型的黄河流域沉积物重金属污染评价及源解析·····	庞阔, 李敏, 刘璐, 杨璐, 赵洪军 (4008)
梯级拦河堰对典型山地城市河流重金属元素的滞留效应: 以重庆市梁滩河为例·····	王超, 贾伯阳, 潘成勇, 何文战, 叶秋, 罗杉山, 张夏武 (4018)
基于土壤流失的农业面源 TN 和 TP 排海系数估算·····	王有霄, 黄翀, 刘高焕, 赵忠贺, 李贺, 刘庆生 (4032)
河湟谷地不同时空尺度下土地利用及空间格局对水质的影响·····	李好好, 黄懿梅, 郭威, 侯宏洋, 范梦苑, 齐照平, 贾鹏辉, 郭庆波 (4042)
联合 PMF 模型与稳定同位素的地下水污染溯源·····	张涵, 杜昕宇, 高菲, 曾卓, 程思茜, 许懿 (4054)
江西锦江流域抗生素污染特征与生态风险评价·····	李佳乐, 王萌, 胡发旺, 董一慧, 孙占学, 王瑶, 卫承芳, 燕雯 (4064)
天津市地表水中新型优先污染物筛选与管控对策·····	吴颜岐, 宋帅, 史雅娟, 刘莹, 杨胜杰 (4074)
宁夏第三排水沟中药物和个人护理品 (PPCPs) 的污染特征与生态风险评估·····	李富娟, 高礼, 李凌云, 郑兰香, 马兰, 杨桂钦 (4087)
再生水河道浮游生物多样性季节变化分析: 以北运河为例·····	袁训超, 王敏, 郭道宇, 吴东丽 (4097)
太湖草、藻湖区沉积物 WSOM 组成和分子结构分析·····	杜瑛珣, 戴家如, 张巧颖, 刘静静, 黄秀琳, 安世林, 文帅龙 (4108)
太湖氧化亚氮 (N ₂ O) 排放特征及潜在驱动因素·····	刘朝荣, 朱俊羽, 李宇阳, 俞晓琴, 陈慧敏, 杨艳, 周永强 (4118)
海绵城市生物滞留带重金属污染特征及风险评价·····	雷晓玲, 邱丽娜, 魏泽军, 杨程, 何博 (4127)
玉米芯和稻草秸秆强化潜流人工湿地对低 C/N 污水的处理效果·····	胡曼利, 郝庆菊, 马容真, 陈柯沁, 罗师旭, 江长胜 (4136)
环境 pH 条件下 Fe ²⁺ 活化过二硫酸盐降解有机污染物的效能与影响因素·····	刘颖, 郭依玮, 乔俊莲, 孙远奎 (4146)
新疆沙雅县不同植物类型农田环境中典型农药残留及其风险评价·····	谢宣宣, 艾力江·努尔拉, 买合木提·巴拉提, 仲乃福, 李南鑫 (4154)
宁夏养鸡场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征·····	沈聪, 张俊华, 刘吉利, 韩新宁, 尚天浩, 代金霞 (4166)
宁夏石嘴山市农用地土壤硒的富集因素·····	王莹, 刘海燕, 王泽晶, 张晓东, 王登红 (4179)
地块尺度重金属污染风险耕地安全利用区划方法·····	王锐, 余京, 李瑜, 周蛟, 贾中民, 余飞, 张云逸, 蒋玉莲 (4190)
姜湖贡米产地土壤重金属空间分布、源解析及生态风险评价·····	于林松, 万方, 范海印, 康桂玲, 刘辉, 王东平, 徐佳 (4199)
基于特定源风险评估模型的小麦籽粒铅超标风险预测·····	杨阳, 李艳玲, 牛硕, 陈卫平, 王天齐, 王美娥 (4212)
柳州地源性镉异常区稻米重金属累积效应与健康风险·····	朱亮亮, 王佛鹏, 唐乐斌, 肖乃川, 董心月, 韦美溜, 宋波 (4219)
不同玉米品种 Cd、Pb、Zn 和 As 积累与转运特性·····	任超, 肖建辉, 李竞天, 杜倩倩, 朱利文, 王浩, 朱瑞颖, 赵海洋 (4232)
橡胶草 (TKS) 对铅镉污染农田土壤的修复潜力·····	张恒, 熊明彪, 王乾鑫, 孙博文, 饶逸驰, 程章, 徐小逊, 杨占彪, 鲜骏仁, 朱雪梅, 杨绍平, 杨远祥 (4253)
3 种地被竹对重金属复合污染农田土壤的修复潜力·····	张颖, 赵欣, 张圣虎, 漆丹, 王博, 陈引, 陆建刚 (4262)
连续施肥对双季稻镉硅累积效应的影响·····	彭华, 邓凯, 石宇, 魏维, 柳赛花, 纪雄辉 (4271)
改性壳聚糖负载氧化硅调控水稻对砷吸收与转运的影响·····	杨嘉仪, 孙梦强, 肖羽堂, 韦行, 张建强, 陈志良 (4282)
不同螯合剂和有机酸对苍耳修复镉复合污染土壤的影响·····	张雅睿, 黄益宗, 保琼莉, 魏祥东, 铁柏清, 张盛楠, 韩甘, 黄永春 (4292)
水分管理对稻田土壤铁氧化物形态转化的影响及其与酶活性变化的耦合关系·····	李明远, 张小婷, 刘汉斌, 魏世强 (4301)
外源 Fe 调控根系微生物群落结构和功能对水稻 Cd 积累的影响·····	郑沈, 黄道友, 李波, 马天池, 许超, 朱奇宏, 朱捍华, 张泉 (4313)
不同降水下覆盖与缓释肥减量对油菜土壤微生物群落结构的影响·····	冯军, 石超, Hafiz Athar Hussain, 刘永波, 刘天朋, 李永洪, 刘俊峰, 王龙昌 (4322)
基于高通量测序和代谢组学解析重金属污染对农田微生物群落组成和功能的影响·····	庞发虎, 李晓琦, 段莉阳, 陈彦, 姬明飞, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (4333)
汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子·····	陈芬, 余高, 孙约兵, 张红丽, 田霞, 夏蓓 (4342)
岩溶湿地与稻田土壤团聚体细菌群落结构的比较·····	冷蒙, 靳振江, 肖筱怡, 熊丽媛, 李雪松 (4353)
戴云山土壤微生物碳源利用效率的海拔变异规律及影响因素·····	吕坤, 王晶晶, 吴国朋, 林思诺, 苏延桂, 黄刚 (4364)
长期秸秆还田对水稻根系碳矿化与激发效应的影响·····	刘峰, 王云秋, 张昀, 祝贞科, 吴金水, 葛体达, 李宇虹 (4372)
秸秆还田配施生物炭对关中平原夏玉米产量和土壤 N ₂ O 排放的影响·····	白金泽, 刘镇远, 宋佳杰, 李娜, 于琦, 郝嘉琪, 许宏伟, 程博豪, 王兴, 冯永忠 (4379)
聚苯乙烯纳米塑料对大蒜生长生理的影响·····	邱陈陈, 李国新, 李青松, 颜昌宙 (4387)
微塑料对土壤水分入渗和蒸发的影响·····	王志超, 张博文, 倪嘉轩, 杨文焕, 李卫平 (4394)
氢燃料电池汽车动力系统生命周期评价及关键参数对比·····	陈轶嵩, 兰利波, 郝卓, 付佩 (4402)
《环境科学》征订启事 (4211) 《环境科学》征稿简则 (4312) 信息 (3922, 4031, 4107)	

汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其环境驱动因子

陈芬¹, 余高¹, 孙约兵^{2*}, 张红丽³, 田霞¹, 夏蓓¹

(1. 铜仁学院贵州省梵净山地区生物多样性保护与利用重点实验室, 铜仁 554300; 2. 农业农村部产地环境污染防治重点实验室, 天津市农业环境与农产品安全重点实验室, 天津 300191; 3. 国信司南(北京)地理信息技术有限公司, 北京 100089)

摘要: 为探究汞矿区周边农田土壤微生物群落结构特征及其与环境驱动因子关系, 以铜仁汞(Hg)矿区周边(碧江区坝黄镇、石阡县花桥镇、江口县凯德镇和碧江区川硐镇, 分别用 BJ、SQ、JK 和 TR 表示)农田土壤为研究对象, 分析了土壤理化性质、Hg 污染状况、酶活性以及微生物群落结构特征。采用冗余分析(RDA)和相关性网络分析了土壤微生物群落结构与环境因子互作关系。结果表明, 研究区土壤存在一定程度的 Hg 污染, 其中, JK 和 TR 属于轻度污染, SQ 和 BJ 属于偏中度污染; TR 存在中等潜在生态风险, BJ 和 JK 存在强潜在生态风险, SQ 存在很强潜在生态风险。研究区土壤的主要细菌优势菌群包括: 变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi); 主要真菌优势菌群包括: 子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota)和被孢霉门(Mortierellomycota)。RDA 分析表明, pH、蔗糖酶(SC)和过氧化氢酶(CAT)活性是土壤细菌群落结构组成的主要环境因子, pH、碱解氮(AN)、速效钾(AK)、HCl-Hg、酸性磷酸酶(ACP)和脲酶(URE)活性是土壤真菌群落结构组成的主要环境因子。相关性网络分析表明, pH、AP、HCl-Hg、SC、ACP 和 CAT 是影响土壤 Proteobacteria、Acidobacteria、Actinobacteria、Chloroflexi、厚壁菌门(Firmicutes)、棒状杆菌门(Rokubacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes)等细菌群落结构的主要环境因子; 而 AK、pH、TN、AP、AN、ACP、URE 和 SC 活性是影响土壤 Ascomycota、Basidiomycota、Mortierellomycota、球囊菌门(Glomeromycota)、壶菌门(Chytridiomycota)、红藻门(Rozellomycota)、梳霉门(Kickxellomycota)和 Mucoromycota(毛霉门)等真菌群落结构的主要环境因子。

关键词: 汞矿; 土壤; 微生物群落结构; 环境因子; 冗余分析(RAD); 相关性网络分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)08-4342-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202111245

Characteristics of Microbial Community Structure in the Surrounding Farmlands of a Mercury Mining Area and Its Environmental Driving Factors

CHEN Fen¹, YU Gao¹, SUN Yue-bing^{2*}, ZHANG Hong-li³, TIAN Xia¹, XIA Bei¹

(1. Guizhou Provincial Key Laboratory for Biodiversity Conservation and Utilization in the Fanjing Mountain Region, Tongren University, Tongren 554300, China; 2. Key Laboratory of Original Agro-Environmental Pollution Prevention and Control, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianjin Key Laboratory of Agro-Environment and Safe-Product, Tianjin 300191, China; 3. Geo-Compass Information Technology Co., Ltd., Beijing 100089, China)

Abstract: In order to investigate the characteristics of soil microbial community structure and their relationships with environmental factors in the surrounding farmlands of a mercury mining region, we analyzed soil physical and chemical properties, Hg pollution, enzyme activity, and microbial community structure characteristics in the surrounding farmlands of a mercury mining region in Tong Ren (Bahuang Town, Bijiang District; Huaqiao Town, Shiqian County; Kaide Town, Jiangkou County; and Chuantong town, Bijiang District; referred to as BJ, SQ, JK, and TR, respectively). The relationships between the characteristics of soil microbial community structure and environmental factors were determined using redundancy analysis (RDA) and correlation network analysis. The results showed that the degree of soil Hg contamination varied depending on the sampling locations in the study region. The soils in JK and TR were categorized as having light-level Hg contamination, whereas those in SQ and BJ were at moderate-level Hg contamination. The potential ecological risk indicated that the soil suffered different degrees of Hg contamination (TR was at a medium level, BJ and JK were at a serious level, and SQ was at a high severe level of pollution). The dominant bacteria flora were Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, and Chloroflexi, whereas the dominant flora of fungi included Ascomycota, Basidiomycota, and Mortierellomycota. RDA analysis showed that pH, sucrase (SC), and catalase (CAT) activities were the key environmental factors of soil bacterial community structure. Soil pH, available nitrogen (AN), available potassium (AK), HCl-Hg, acid phosphatase (ACP), and urease (URE) activities were the key environmental factors that affected soil fungal community structure. Correlation network analysis indicated that pH, available phosphorus (AP), HCl-Hg, SC, ACP, and CAT were the key environmental factors affecting soil bacterial community structure, including Proteobacteria, Acidobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Rokubacteria, and Planctomycetes. AK, pH, total nitrogen (TN), AP, AN, ACP, URE, and SC activities were the key environmental factors affecting soil fungal community structure, such as Ascomycota, Basidiomycota, Mortierellomycota, Glomeromycota, Chytridiomycota, Rozellomycota, Kickxellomycota, and Mucoromycota.

Key words: mercury mine; soil; microbial community structure; environmental factors; redundancy analysis (RDA); correlation network analysis

收稿日期: 2021-11-23; 修订日期: 2021-12-22

基金项目: 贵州省梵净山地区生物多样性保护与利用重点实验室项目(黔科合平台人才[2020]2003); 农业农村部产地环境污染防治重点实验室开放基金项目(19cdhj-5); 铜仁市科技局产学研合作平台项目(铜市科研[2021]33号)

作者简介: 陈芬(1987~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为环境微生物和环境修复, E-mail: chenfen2018@126.com

* 通信作者, E-mail: sunyuebing@apei.org.cn

汞(mercury, Hg)是一种毒性强,且可以通过大气进行长距离和跨区域传输的全球性污染物^[1],被联合国环境规划署、世界卫生组织、中国、欧盟和美国环保署等列为优先控制污染物^[2]. 贵州铜仁市是我国涉 Hg 资源产业规模最大的集散地,被称为“中国汞都”^[3]. 然而,由于长期金属采矿和冶炼,向周围环境中排放了大量的含 Hg“三废”^[4]. 据报道^[5],截至 2002 年,矿山活动共排放含 Hg 废气 202.4 亿 m³、废水 5 192 万 m³ 和废渣 426 万 m³,对当地农田环境造成了极其严重的污染. 苟体忠等^[6]对矿坑、冶炼厂及遗址和冶炼废渣堆等重点区域附近土壤进行了调查,结果显示土壤 $\omega(\text{Hg})$ 高达 3.37 ~ 149 mg·kg⁻¹,均值为 29.00 mg·kg⁻¹,是贵州省土壤背景值的 263.61 倍,属于严重污染水平,存在极强潜在生态风险. 高令健等^[7]的研究表明, Hg 矿周边稻田土壤 $\omega(\text{总 Hg})$ 和 $\omega(\text{HgCH}_3)$ 分别为 0.21 ~ 207 mg·kg⁻¹ 和 0.42 ~ 13 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 59% 的稻田土壤处于重度 Hg 污染, 75% 的稻田土壤存在极强的 Hg 潜在生态风险. Tang 等^[8]的研究发现, Hg 矿周边农田土壤 $\omega(\text{总 Hg})$ 为 0.12 ~ 21.7 mg·kg⁻¹,均值为 6.00 mg·kg⁻¹,是贵州省土壤背景值的 54.55 倍,达到我国农用地污染风险管控标准值(GB 15618-2018)的 2.5 倍.

微生物是土壤生态系统的重要组成部分,对于重金属胁迫响应十分敏感^[9]. Li 等^[10]的研究发现,重金属暴露期间土壤中的敏感种群会逐渐减少,可忍受高浓度重金属的菌种逐步占主导地位,从而限制了其他敏感性细菌的繁殖. Liu 等^[11]研究了长期土壤 Hg 污染对土壤微生物群落与功能基因的影响机制,并基于微生物群落网络分析解释了土壤 Hg 污染对主要微生物生态类群的影响,发现土壤 Hg 在很大程度上影响了微生物群落的分类和功能属性. Frossard 等^[12]研究了长期和短期 Hg 污染对土壤微生物组的影响,发现长期 Hg 污染对土壤细菌和真菌群落结构和多样性具有明显的影响. 此外,土壤环境因素的变化也是影响土壤微生物群落结构组成的重要因素. Jiang 等^[13]研究了铜(Cu)矿区耐 Cu 植物根际土壤细菌群落结构,发现影响细菌群落的

最重要的环境因子是土壤 pH 而不是 Cu 浓度. 黄健等^[14]的研究表明, pH 和重金属浓度是铜陵狮子山矿区土壤微生物群落结构的主要影响因素. Kenarova 等^[15]和 Stemmer 等^[16]的研究表明土壤含水率(WC)、有机质(OM)、pH 和速效钾(AK)等理化性质会明显影响重金属毒性,进而影响土壤微生物群落结构. 综合以上研究结果发现,影响土壤微生物的环境因素具有多样性,其群落结构的变化不仅与重金属浓度有关,还取决于土壤中的理化性质等参数,是最具潜力的敏感生物指标,并且能及时预测土壤养分及土壤环境质量的变化^[17].

微生物群落结构组成及其环境影响因子不同,其在环境中的生态功能也不同. 朱永官等^[18]认为土壤健康与微生物组密切相关,细菌和古菌等构成的土壤微生物组可以作为土壤健康的关键性评价指标,揭示微生物群落结构及其与环境因子的关系已经成为近年来微生物生态领域的研究热点. 然而,国内外研究大多集中于矿区周边土壤重金属污染现状调查以及生态风险评估,但对于矿区农田土壤微生物群落结构特征与环境因子关系的报道却较少,尤其是受污染土壤健康的生物学指标确定的研究. 基于此,本文以铜仁 Hg 矿区周边受污染农田土壤为研究对象,分析了土壤基本环境因子(理化性质、Hg 含量、酶活性)和微生物(细菌、真菌)群落结构特征,采用冗余分析(RDA)和相关性网络分析探究 Hg 矿区周边农田土壤微生物群落结构与环境因子的互作关系,以期为 Hg 矿区周边农田土壤健康评价和受污染土壤修复治理提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

铜仁市位于贵州省东北部,武陵山区腹地,东临湖南省怀化市,北与重庆市接壤,西北高,东南低,全境以山地为主,大多数地域属中亚热带季风湿润气候区. 本文选择采样点涉及铜仁市境内 3 个区县,分别为碧江区、石阡县和江口县,当年种植作物均为凉粉草,作物种植年限 1 a. 采样点自然概况如表 1.

表 1 研究区概况¹⁾
Table 1 Study area survey

编号	研究点位	年平均降水量 /mm	年平均日照时数 /h	年平均气温 /℃	海拔 /m	东经	北纬	距 Hg 矿距离 /km
BJ	碧江区坝黄镇坝黄村	1 337	1 170	16.8	293	109°01'21.59"	27°42'58.32"	28.54
TR	碧江区川硐镇	1 100	1 403	15.3	458	109°12'46.1"	27°47'16.25"	29.67
JK	江口县凯德镇明星村凉亭坡组	1 369.6	1 257.3	16.2	506	108°48'05"	27°39'39.34"	43.92
SQ	石阡县花桥镇冷水坝村大坪组	1 073.2	870.7	17.1	879	108°19'50"	27°39'39.34"	87.88

1) “Hg 矿”指铜仁最大的 Hg 矿——万山汞矿

1.2 样地设置与土样采集

2020 年 10 月,在每个研究区域随机设置 5 个采样点,相邻样点间距为 20 m,每个采样点设置 2 m × 2 m 的样方,每个样方去掉枯落物层后采用五点法采集 0 ~ 20 cm 的耕层土壤,剔除土样中的植物根系、石块等杂物后,将同一研究区域的土样充分混合均匀,装入密封袋,迅速带回实验室,一部分保存于 -20℃ 冰箱,用于高通量测序;一部分样品风干,用于土壤理化指标的测定。

1.3 土壤基本理化指标的测定

土壤 pH、有机质(OM)、全氮(TN)、碱解氮(AN)、有效磷(AP)和速效钾(AK)的测定参照文献[19]的测定方法;土壤蔗糖酶(SC)、酸性磷酸酶(ACP)、过氧化氢酶(CAT)和脲酶(URE)活性的测定参照文献[20]的测定方法;土壤总 Hg(THg)和有效态 Hg(HCl-Hg)分别采用王水(1+1)消解和 0.1 mol·L⁻¹ HCl 浸提,并用原子荧光光度法进行测定^[21]。

1.4 土壤微生物测定

1.4.1 高通量测序

土壤微生物高通量测序由上海派森诺生物科技股份有限公司完成,方法如下。

(1)DNA 提取 采用 E. Z. N. ATM Mag-Bind 土壤试剂盒(OMEGA M5635-02,美国)提取土壤总 DNA,同时采用 Quantifluor-ST fluorometer 荧光分光光度计(E6090,美国)和 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度及质量。

(2)PCR 扩增 细菌的 16S rRNA 基因 V3-V4 区域采用引物(338F:5'-ACTCCTACGGGAGGCAGC A-3'; 806R:5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')进行扩增;真菌的 ITS1 基因 280bp 区域采用引物(ITS5F GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG; ITS2RGC TGCCTTCTTCATCGATGC)进行扩增。

(3)测序 基于 16S rDNA 序列对 PCR 产物进行纯化、定量和均一化构建文库并在 LabChip 上进行质检,质检合格的文库用 Illumina MiSeq 进行高通量测序。

1.4.2 序列处理与分析

采用 DADA2 方法对原始测序序列进行引物去除,质量过滤,去噪(denoise),拼接和去嵌合体等步骤。对前述获得的序列构建 ASV 表(amplicon sequence variant),得到 ASV 代表序列(DADA2 不以相似度聚类,只进行去重即相当于以 100% 相似度聚类,使用 DADA2 质控后产生的每个去重序列称为 ASV)。对于不同类别的序列,分别采用各自特定的数据库作为 ASV 分类地位鉴定的模板序列,如针

对细菌的 16S rRNA 基因,选用 Silva 数据库(Release132,http://www.arb-silva.de);针对真菌 ITS 序列,选用 Unite 数据库(Release 8.0,https://unite.ut.ee/).

1.5 数据处理

采用地积累指数法(I_{geo})^[22]及 Hakanson 潜在生态风险指数法(E_i)^[23]评价土壤 Hg 的污染状况,具体计算公式如下:

$$I_{geo} = \log_2 \left(\frac{C_i}{KB_i} \right) \quad (1)$$

$$E_i = T_i (C_i/B_i) \quad (2)$$

式中: C_i 为土壤样品中重金属 i 的实测含量(mg·kg⁻¹); B_i 为贵州省土壤重金属 i 的背景值(mg·kg⁻¹); $K = 1.5$,为地壳运动引起的背景值变动系数; T_i 为重金属 i 的毒性系数($T_{Hg} = 40.0$)。

采用 Excel 2013、SPSS 25.0 对土壤理化性质和微生物群落组成数据进行处理,采用单因素方差分析(ANOVA)和多重比较法(Duncan)进行差异显著性分析;采用 RDA 分析以及关联网络分析土壤微生物群落与环境因子间的关系;采用派森诺云平台对相关数据进行作图。

2 结果与讨论

2.1 农田土壤理化因子与 Hg 污染状况

2.1.1 土壤基本理化指标

土壤理化性质是土壤、植被以及周围环境共同作用的结果,是土壤质量变化与土壤发育最基本的表征和核心研究内容^[24]。由表 2 可知,4 个研究区域土壤 pH 值差异显著($P < 0.05$),其中,BJ 和 JK 的 pH 值为 7.10 ~ 7.54,为弱碱性;SQ 和 TR 的 pH 值为 5.08 ~ 5.98,为弱酸性。TR 的 OM 含量分别较 BJ、SQ 和 JK 提高 4.34%、5.52% 和 1.04%,但各区域之间差异不显著($P < 0.05$)。BJ 的 TN 含量分别较 SQ 和 JK 提高 15.67% 和 9.93%,且差异显著($P < 0.05$),与 TR 之间差异不显著,但仍提高 1.97%。JK 的 AN 含量较 SQ 提高 54.33%,且差异显著($P < 0.05$),与 BJ 和 TR 之间差异不显著,但仍提高 8.70% 和 4.17%。TR 的 AP 含量分别较 BJ 和 SQ 提高 268.86% 和 100.50%,且差异显著($P < 0.05$),与 JK 之间差异不显著,但仍提高 10.76%。4 个区域土壤 AK 含量差异均达显著水平,其中,JK 的 AK 含量分别较 BJ、SQ 和 TR 提高 32.00%、53.33% 和 9.97% ($P < 0.05$)。根据全国第 2 次土壤普查的养分分级标准发现^[25],研究区域土壤 ω (OM) 介于 20 ~ 30 g·kg⁻¹,达到 3 级标准,为适量水平; ω (TN) 介于 1 ~ 2 g·kg⁻¹,达到 3 级或 2 级标准,为适量和丰富水平;

$\omega(\text{AN})$ 介于 $30 \sim 90 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 达到 5 级或 4 级标准, 为很缺乏和缺乏水平; $\omega(\text{AP})$ 大于 $20 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 达到 2 级或 1 级标准, 为丰富和很丰富水平, $\omega(\text{AK})$ 大于 $200 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 达到 1 级标准, 为很丰富水平. 根据土壤肥力综合评价标准 (integrated fertility index, IFI)^[26], BJ 和 JK 的 IFI 分别为 0.76 和 0.77, 均大于 0.75, 属于 I 级水平; SQ 和 TR 的 IFI 分别为 0.64 和 0.74, 介于 0.50 ~ 0.75, 属于 II 级水平.

表 2 土壤基本理化特性¹⁾

Table 2 Physical and chemical properties of experimental soil				
样地	BJ	SQ	JK	TR
pH	7.54 ± 0.02a	5.08 ± 0.03d	7.10 ± 0.02b	5.98 ± 0.02c
$\omega(\text{OM})/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	20.52 ± 0.41a	20.29 ± 0.67a	21.19 ± 0.16a	21.41 ± 0.51a
$\omega(\text{TN})/\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	1.55 ± 0.03a	1.34 ± 0.03b	1.41 ± 0.02b	1.52 ± 0.05a
$\omega(\text{AN})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	82.11 ± 5.16a	57.83 ± 6.35b	89.25 ± 5.50a	85.68 ± 4.36a
$\omega(\text{AP})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	39.85 ± 2.58c	73.31 ± 5.51b	132.71 ± 8.19a	146.99 ± 12.78a
$\omega(\text{AK})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	490.17 ± 34.57c	421.97 ± 26.72d	647.02 ± 37.66a	582.54 ± 29.24b

1) 同行不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著, 下同

2.1.2 土壤 Hg 污染特征与环境风险

由表 3 可知, 研究区域土壤 $\omega(\text{总 Hg})$ 为 $0.22 \sim 0.52 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 较贵州省土壤背景值 ($0.11 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) 高 100% ~ 136.36%, 均低于土壤环境质量标准中的风险筛选值和风险管控值 (GB 15618-2018). 不同区域土壤 THg 和 HCl-Hg 含量均存在一定差异, 且土壤总 Hg 和 HCl-Hg 含量从高到低均为: $\text{SQ} > \text{BJ} > \text{JK} > \text{TR}$. 可见, 土壤 HCl-Hg 与总 Hg 含量密切相关, 总 Hg 的污染状况亦可反映 HCl-Hg 的污染状况, 明确研究区域土壤 Hg 的污染状况, 可为当地农作物食品安全生产提供一定的理论支撑. 由表 3 可以看出, 不同区域土壤 Hg 的 I_{geo} 和 E_i 指数差异均达显著水平 ($P < 0.05$). 根据 I_{geo} 分级标准^[22], JK 和 TR 的 I_{geo} 指数介于 0 ~ 1, 属于轻度污染; SQ 和 BJ 的 I_{geo} 指数介于 1 ~ 2, 属于偏中度污染. 根据 E_i 分级标准^[23], TR 的 E_i 指数介于 40

~ 80, 存在中等潜在生态风险; BJ 和 JK 的 E_i 指数介于 80 ~ 160, 存在强潜在生态风险; SQ 的 E_i 指数介于 160 ~ 320, 存在很强潜在生态风险. Yu 等^[4]和 Tang 等^[8]调查了 Hg 矿附近农田土壤 Hg 的污染状况, 结果均表明, Hg 属于极强污染范畴 ($I_{\text{geo}} > 5$), 存在强或很强潜在生态风险 ($E_i > 160$). 对比以上研究结果发现, 距离 Hg 矿区较远的土壤, I_{geo} 指数虽有所降低, 但仍存在一定程度的污染. 因此, 建议当地农业及环保部门制定科学合理的土地规划政策和监督机制, 因地制宜建立土壤污染监测、预测和评价系统, 以保证当地农田土壤生态结构、功能稳定性及可持续生产能力. 采取必要的钝化修复技术 (含硫材料、生物炭等)、叶面阻控技术 (含硒叶面剂) 和农艺调控 (水分调节、深翻) 措施等来抑制土壤 Hg 生物有效性或降低农产品超标风险.

表 3 土壤 Hg 污染特征与环境风险

Table 3 Soil Hg pollution characteristics and environmental risks				
项目	BJ	SQ	JK	TR
$\omega(\text{THg})/\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	0.35 ± 0.01b	0.52 ± 0.01a	0.28 ± 0.02c	0.22 ± 0.02d
$\omega(\text{HCl-Hg})/\mu\text{g} \cdot \text{kg}^{-1}$	1.24 ± 0.01b	1.65 ± 0.03a	1.20 ± 0.03b	1.17 ± 0.02b
pH	pH ≤ 5.5	5.5 < pH ≤ 6.5	6.5 < pH ≤ 7.5	pH > 7.5
风险筛选值/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	1.3	1.8	2.4	3.4
风险管控值/ $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$	2	2.5	4	6
I_{geo}	1.08 ± 0.04b	1.66 ± 0.07a	0.76 ± 0.03c	0.42 ± 0.01d
E_i	127.27 ± 6.34b	189.09 ± 9.27a	101.82 ± 7.58c	80.00 ± 6.14d

2.1.3 土壤酶活性

土壤酶活性是土壤生物活性和土壤肥力的重要指标, 对土壤养分溶解和生物化学过程反应速率等都具有显著促进作用^[27], 对重金属污染十分敏感, 常用作判断污染物对生物潜在毒性的手段^[28]. 土壤 SC 活性表征了土壤有机碳累积与分解转化规律^[29]; ACP 活性是评价土壤磷素生物转化方向与强度的指标^[27]; CAT 活性与土壤呼吸作用强度和

土壤微生物的生命活动相关, 它在一定程度上反映了土壤微生物学过程的强度^[28]; URE 活性可以用来表征土壤有机态氮向有效态氮的转化能力和土壤无机氮的供应能力^[29]. 由表 4 可知, 不同区域土壤 CAT 活性差异不显著, SC 和 ACP 活性差异均达显著水平, 其中, BJ 的 SC 和 ACP 活性均达最大值, SC 活性分别较 SQ、JK 和 TR 提高 127.01%、212.56% 和 389.71% ($P < 0.05$); ACP 活性分别较 SQ、JK

和 TR 提高 221.43%、688.14% 和 97.03% ($P < 0.05$). JK 的 URE 活性分别较 BJ、SQ 和 TR 提高 33.33%、88.24% 和 40.35%, 且差异显著 ($P < 0.05$). 结合表 3 和表 4 发现, 当土壤中 Hg 污染程度较高时, 酶活性反而有一定程度地下降. 如 SQ 的 Hg 污染程度最高, 而酶活性却不是最大值, 说明高

浓度的 Hg 会对土壤酶活性产生抑制效应. 其机制可能包括: ①Hg 与酶分子中的活性部位配位结合, 形成比较稳定的络合物, 产生了与底物的竞争性抑制作用^[30]; ②Hg 通过抑制土壤微生物的生长和繁殖, 减少其体内酶的合成和分泌, 进而导致土壤酶活性下降^[30].

表 4 土壤酶活性
Table 4 Soil enzyme activity

项目	BJ	SQ	JK	TR
SC/ $\text{mg} \cdot (\text{g} \cdot \text{d})^{-1}$	$6.22 \pm 0.32\text{a}$	$2.74 \pm 0.06\text{b}$	$1.99 \pm 0.03\text{c}$	$1.1 \pm 0.09\text{d}$
ACP/ $\mu\text{mol} \cdot (\text{h} \cdot \text{g})^{-1}$	$13.95 \pm 0.29\text{a}$	$4.34 \pm 0.08\text{c}$	$1.77 \pm 0.02\text{d}$	$7.08 \pm 0.06\text{b}$
CAT/ $\text{mL} \cdot \text{kg}^{-1}$	$1.87 \pm 0.07\text{a}$	$1.96 \pm 0.02\text{a}$	$1.97 \pm 0.04\text{a}$	$1.92 \pm 0.04\text{a}$
URE/ $\text{mg} \cdot (\text{g} \cdot \text{d})^{-1}$	$1.20 \pm 0.03\text{b}$	$0.85 \pm 0.02\text{c}$	$1.60 \pm 0.05\text{a}$	$1.14 \pm 0.03\text{b}$

2.2 调查区土壤微生物群落结构特征

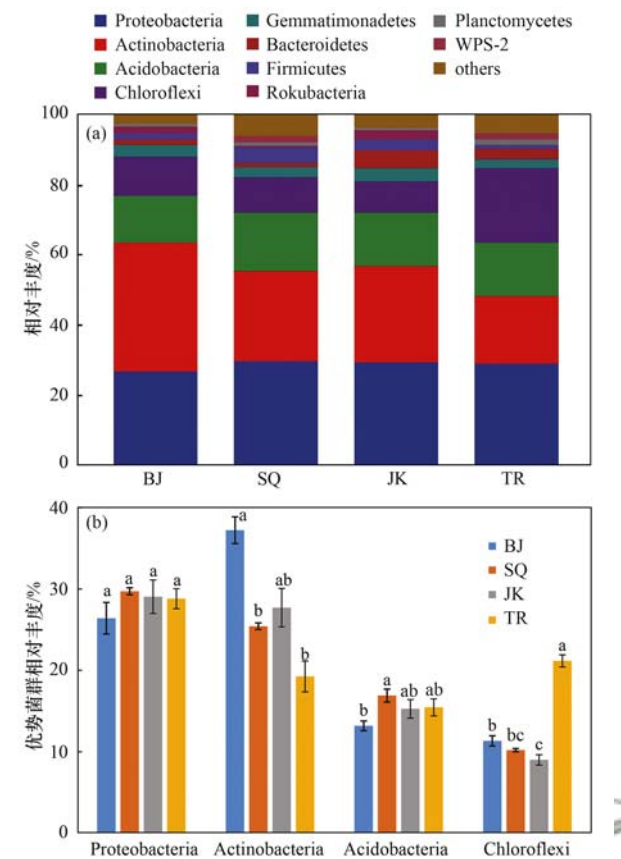
2.2.1 细菌群落结构特征

群落柱形图可直观反映不同区域土壤优势菌群分布比例, 以及各优势菌群在不同区域土壤中的分布比例. 本研究所有供试土壤样品共检测到细菌 19 门、83 纲、330 目、714 科和 2 657 属. 从门水平的分类来看[图 1(a)], 土壤细菌主要来自变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、棒状杆菌门(Rokubacteria)、浮霉菌门(Planctomycetes) 和 WPS-2. 其中, Proteobacteria、Actinobacteria、Acidobacteria 和 Chloroflexi 占有微生物总数的 84.01%, 是所测土壤的优势菌群, 这与多数重金属污染环境中观察到的细菌群落组成一致. Frossard 等^[12] 也研究发现, Proteobacteria、浮霉菌门(Planctomycetes)、Actinobacteria 和 Bacteroidetes 是长期 Hg 污染土壤中的优势菌群. Li 等^[10]、Ma 等^[31] 和 Zhao 等^[32] 的调查发现在铅锌冶炼厂周边农田土壤中, 微生物群落通常以 Proteobacteria、Actinobacteria、Firmicutes、Acidobacteria 和 Bacteroidetes 为优势菌群. Zeng 等^[33]、Jacquiod 等^[34] 和 Schneider 等^[35] 的研究发现重金属污染土壤中最主要的菌群为 Proteobacteria、Actinobacteria、Firmicutes 和 Chloroflexi, 它们可以耐受高含量的重金属, 如 Cd 和 Zn 等. 在金矿和铅锌矿开采区周边农田土壤中, Proteobacteria、Bacteroidetes、Acidobacteria、Firmicutes、Gemmatimonadetes 和 Actinobacteria 的分布比例均比较高^[36]. 在本研究中, Gemmatimonadetes、Bacteroidetes 和 Firmicutes 的相对丰度均超过 1%, 也是主要的土壤细菌门类, 与上述研究结果一致. 在 BJ、JK 和 TR 的土壤中, 检测

出 Rokubacteria, 在 SQ 和 TR 的土壤中, 检测出 WPS-2. 整体而言, 在门分类水平上, 4 个区域之间土壤细菌群落的相对丰度存在差异性. 针对优势菌群, Proteobacteria 差异不明显 ($P < 0.05$); BJ 的 Actinobacteria 显著高于 SQ 和 TR, 但与 JK 差异不显著 ($P < 0.05$); SQ 的 Acidobacteria 显著高于 BJ, 但与 JK 和 TR 之间差异不显著 ($P < 0.05$); TR 的 Chloroflexi 显著高于 BJ、SQ 和 JK ($P < 0.05$) [图 1(b)]. Proteobacteria 的相对丰度变化为 26.40% ~ 29.71% (SQ > JK > TR > BJ), Actinobacteria 为 19.25% ~ 37.22% (BJ > JK > SQ > TR), Acidobacteria 为 13.18% ~ 16.90% (SQ > TR > JK > SQ), Chloroflexi 为 9.00% ~ 21.16% (TR > BJ > SQ > JK).

2.2.2 真菌群落结构特征

本研究所有供试土壤样品共检测到真菌 15 门、27 纲、30 目、25 科和 65 属. 从门水平的分类来看[图 2(a)], 土壤真菌主要来自子囊菌门(Ascomycota)、担子菌门(Basidiomycota) 和被孢霉门(Mortierellomycota), 且这 3 种菌群占有微生物总数的 75.60%, 是土壤中优势菌群, 这与多数重金属污染环境中观察到的真菌群落组成一致. Frossard 等^[12] 的研究发现, Ascomycota 和 Basidiomycota 是长期 Hg 污染土壤中的优势真菌菌群. Chun 等^[37] 的研究发现, Mortierellomycota 和镰刀霉(Fusarium) 是废弃矿场周围土壤中的优势真菌菌群. Lin 等^[38] 的研究发现, Ascomycota、Basidiomycota、壶菌门(Chytridiomycota)、球囊菌门(Glomeromycota)、接合菌门(Zygomycota) 和红藻门(Rozellomycota) 在混合重金属污染(Cu、Zn、Cd、Pb、Ni 和 Cr)土壤中含有较高的比例. 陈建文等^[39] 的研究表明, Ascomycota、Basidiomycota 和 Mortierellomycota 是铜尾矿坝及其周边土壤中的优势真菌菌群. 在 JK 和



不同小写字母表示不同采样点同一物种间的显著性差异 ($P < 0.05$)

图1 不同采样点土壤细菌门水平上群落结构特征

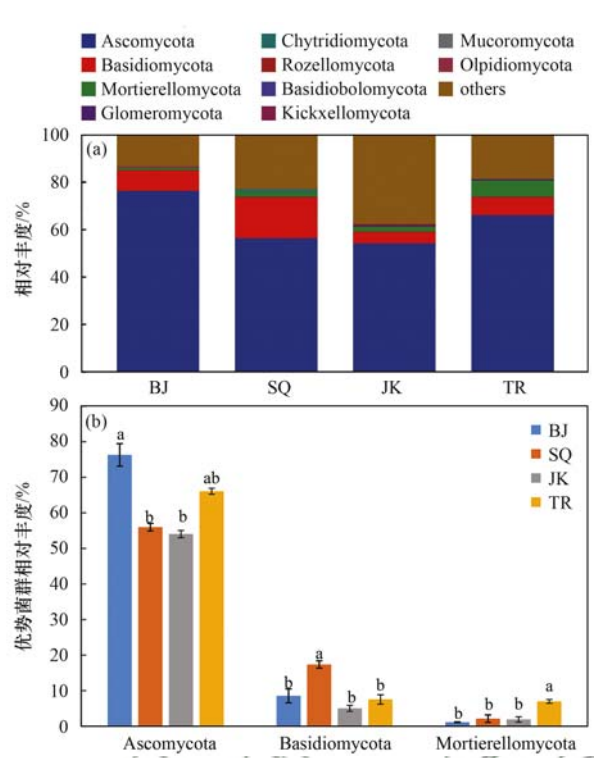
Fig. 1 Soil bacterial community structure at the phylum level in different sampling soils

TR 的土壤中,检测出 Glomeromycota,在 SQ 的土壤中,检测出 Chytridiomycota 和 梳 霉 门 (Kickxellomycota). 不同区域土壤真菌优势菌群相对丰度存在差异,其中,BJ 的 Ascomycota 显著高于 SQ 和 JK,但与 TR 差异不显著 ($P < 0.05$); SQ 的 Basidiomycota 显著高于 BJ、JK 和 TR ($P < 0.05$); TR 的 Mortierellomycota 显著高于 BJ、SQ 和 JK ($P < 0.05$) [图 2 (b)]. Ascomycota 的相对丰度变化为 54.04% ~ 76.29% (BJ > TR > SQ > JK); Basidiomycota 为 5.04% ~ 17.38% (SQ > BJ > TR > JK); Mortierellomycota 为 1.16% ~ 7.00% (TR > SQ > JK > BJ).

2.3 土壤微生物群落与环境因子的关系

土壤微生物的群落结构组成与其所处的土壤环境有关,微生物对土壤环境因子的适应能力决定了其群落结构组成状况^[40]. 土壤微生物群落结构与环境因子间的 RDA 分析以及关联网络可以预测土壤微生物群落结构与环境因子之间的关系.

由图 3 可以看出,环境因子对土壤细菌群落结构的解释量为 93.6%,其中,前两个排序轴的解释变量分别为 43.84% 和 26.41%. 根据箭头长度可以看

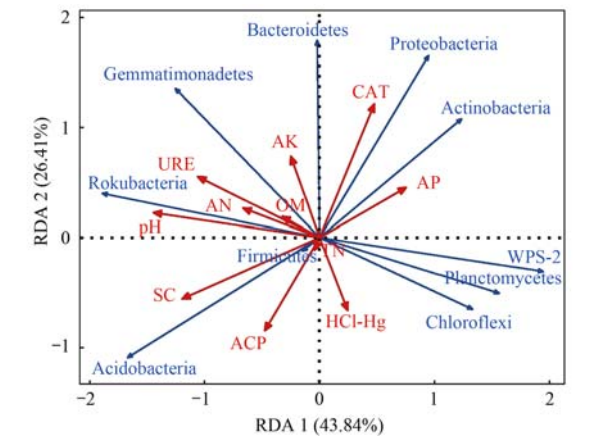


不同小写字母表示不同采样点同一物种间的显著性差异 ($P < 0.05$)

图2 不同采样点土壤真菌门水平上群落结构特征

Fig. 2 Soil fungal community structure at the phylum level in different sampling soils

出,pH、URE、SC 和 CAT 与细菌种类分布相关性较好. 采用 envfit 函数检验每个环境因子的显著性,结果显示 pH ($r^2 = 0.637$, $Pr = 0.003$)、SC ($r^2 = 0.609$, $Pr = 0.014$) 和 CAT ($r^2 = 0.518$, $Pr = 0.047$) 对土壤细菌群落结构组成的影响达显著水平 ($P < 0.05$). 以上结果说明,pH 是土壤细菌群落结构的主要驱动因子,这与我国长白山^[41]和英国农田^[42]土壤微生物



红色箭头表示环境因子,箭头长度表示环境因子与细菌群落结构相关性的强弱;蓝色箭头表示细菌类型,箭头指向与环境因子箭头同向表示高度正相关

图3 土壤细菌群落结构与环境因子间的 RDA 分析

Fig. 3 RDA analysis of soil bacterial community structure and environmental factors

群落结构的主要驱动因子一致. 其原因是 pH 可以直接或间接地和其它土壤变量, 如土壤含水量、养分有效性等相关作用, 从而影响土壤微生物群落结构的组成和分布状况^[43]. 此外, 以上结果还说明 SC 和 CAT 活性是土壤细菌群落结构的主要环境因子. 程济南等^[44]的研究发现, 土壤 URE、SC、ACP 活性是甘肃典型高寒草原土壤细菌群落结构的主要环境因子, SC 活性是真菌群落结构的主要环境因子. 姚兰等^[43]的研究发现, 土壤 URE 和 SC 活性是安徽黄山不同海拔梯度土壤细菌群落结构的主要环境因子. Xiao 等^[45]的研究发现, 土壤 ACP 活性是福建省天宝岩国家级自然保护区长苞铁杉林土壤细菌群落结构的主要环境因子. 综上所述, 生态环境不同, 土壤微生物群落结构与酶活性之间的关系也不同, 其主要与气候、植被和土壤理化性质的变化有关.

利用相关性网络进一步分析不同环境因子与丰富度前 10 土壤细菌群落结构之间的关系, 结果发现 (图 4), Proteobacteria 与 CAT、Acidobacteria 与 SC、

Rokubacteria 与 pH 和 URE 呈极显著正相关 ($P < 0.01$); Bacteroidetes 与 AK 呈显著正相关 ($P < 0.05$); WPS-2 与 pH 和 URE 呈极显著负相关 ($P < 0.01$); Acidobacteria 与 AP、Actinobacteria 与 pH、SC 和 ACP、Bacteroidetes 与 HCl-Hg、Planctomycetes 与 pH 呈显著负相关 ($P < 0.05$). 对相关性网络分析结果进行关系对去重和数据筛选后发现, pH 是 Acidobacteria、Rokubacteria、WPS-2 和 Planctomycetes 群落结构的主要驱动因子, 这与 Rousk 等^[42]和 Guo 等^[46]的研究结果相符. AP 和 SC 活性均是 Acidobacteria 和 WPS-2 群落结构的主要环境因子, 这与 Shen 等^[41]和姚兰等^[43]的研究结果一致. ACP 活性是 Chloroflexi 群落结构的主要环境因子. CAT 活性是 Proteobacteria 群落结构的主要环境因子, 这与刘爽等^[40]的研究结果相符. HCl-Hg 是 Firmicutes 群落结构的主要环境因子, 这与 Liu 等^[11]的研究结果一致, 其原因主要是 Firmicutes 具有高繁殖能力, 从而能够在受到 Hg 的干扰后, 快速占据生态位.

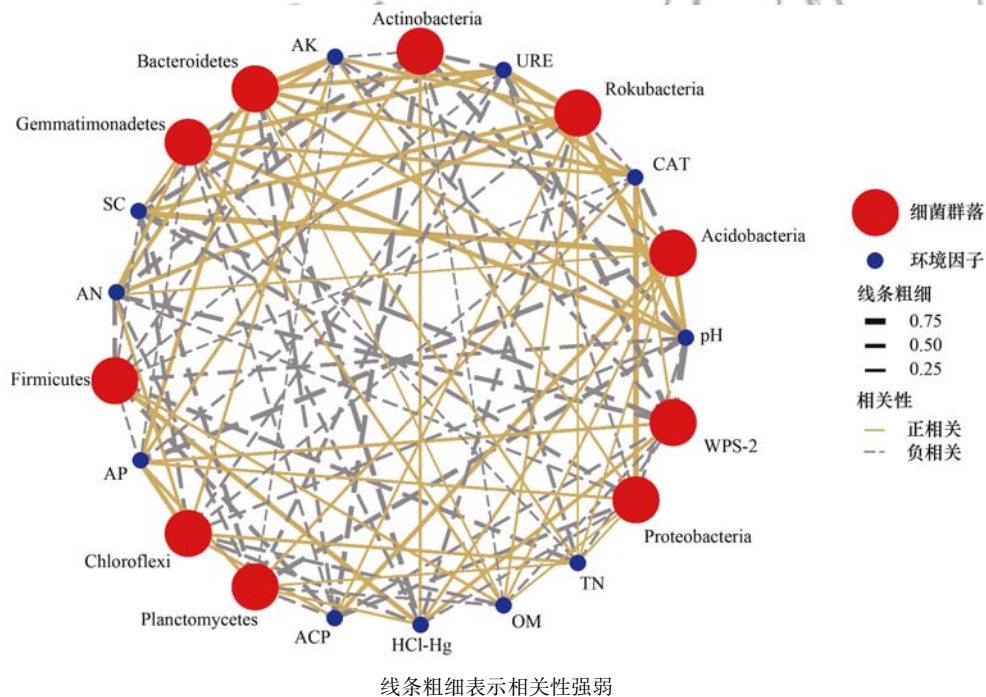


图 4 土壤细菌群落结构与环境因子间的相关性网络分析

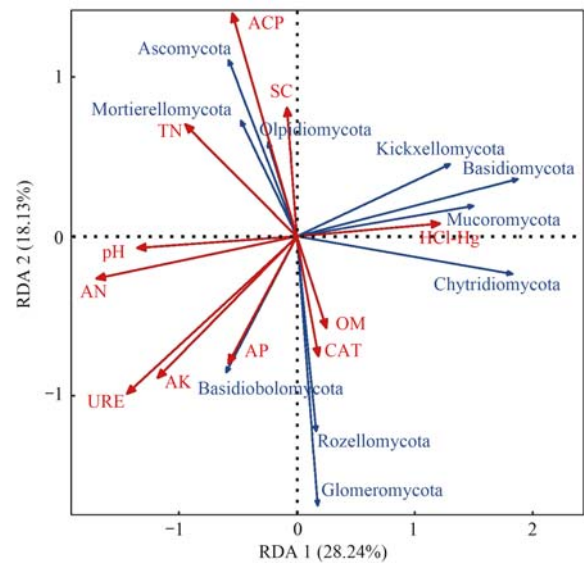
Fig. 4 Correlation network analysis of soil bacterial community structure and environmental factors

由图 5 可以看出, 环境因子对土壤真菌群落结构的解释量为 81.7%, 其中, 前两个排序轴的解释变量分别为 28.24% 和 18.13%. 根据箭头长度可以看出, AN、ACP、pH、URE、HCl-Hg、TN、AK 和 AP 与真菌种群分布相关性较好. Envfit 函数检验结果显示 AN ($r^2 = 0.804$, $Pr = 0.002$)、ACP ($r^2 = 0.658$, $Pr = 0.005$)、URE ($r^2 = 0.603$, $Pr = 0.012$)、AK ($r^2 = 0.506$, $Pr = 0.039$)、pH ($r^2 = 0.491$, $Pr = 0.044$) 和 HCl-Hg ($r^2 = 0.486$, $Pr = 0.046$) 对土壤真菌群落结

构组成的影响达显著水平 ($P < 0.05$). 以上分析结果说明 pH、AN、AK、HCl-Hg、ACP 和 URE 活性是土壤真菌群落结构的主要环境因子. 针对土壤 pH, Högberg 等^[47]的研究发现, pH 是瑞典北部森林土壤真菌群落结构的主要驱动因子; Zhang 等^[48]的研究发现, pH 是北极圈群岛土壤真菌群落结构的主要驱动因子, 与本研究结果一致. 其原因是 pH 可以通过改变土壤环境因子而影响真菌群落结构. 针对土壤 AN 和 AK, 代红翠等^[49]的研究发现, AN 和 AK 是病理

营养型真菌群落结构变化的主要驱动因子；裴振等^[50]的研究表明,AN 是黄河三角洲盐碱地土壤真菌群落结构的主要驱动因子；Zhang 等^[51]的研究发现,AK 是高寒地区土壤真菌群落组成的主要驱动因子.其原因可能是：①有机肥或化肥的施用提高了土壤中 AN 和 AK 的含量,为真菌的生存和繁殖提供了所需的营养和能源物质.②真菌在土壤 N 元素循环中具有重要的作用,N 素的添加会影响微生物 N 循环过程,如硝化作用和固氮；同时,土壤中 N 含量的变化也会通过影响地上作物的多样性和优势度而对土壤真菌群落结构产生影响^[52].针对土壤 HCl-Hg,其可表征土壤 Hg 的生物有效性,主要包括生物可利用性和迁移能力,了解 Hg 矿周边农田土壤 HCl-Hg 与微生物群落结构的关系,可为当地土壤重金属环境风险管控和土壤修复策略的制定等提供理论参考. Frossard 等^[12]的研究结果显示,长期 Hg 污染会对土壤细菌和真菌群落结构产生明显的影响；Liu 等^[53]的研究也表明,土壤 Hg 的积累会显著影响土壤微生物群落结构,其原因是在长期 Hg 污染的情况下,土壤微生物群落对其生存环境做出了相应的变化,已经进化出在不利环境中生存的策略.在本研究中,土壤真菌对 Hg 污染响应优于土壤细菌.

利用关联网络进一步分析不同环境因子与丰富度前 10 土壤真菌群落结构之间的关系.结果发现(图 6)：Ascomycota 与 ACP,Basidiomycota 与 HCl-

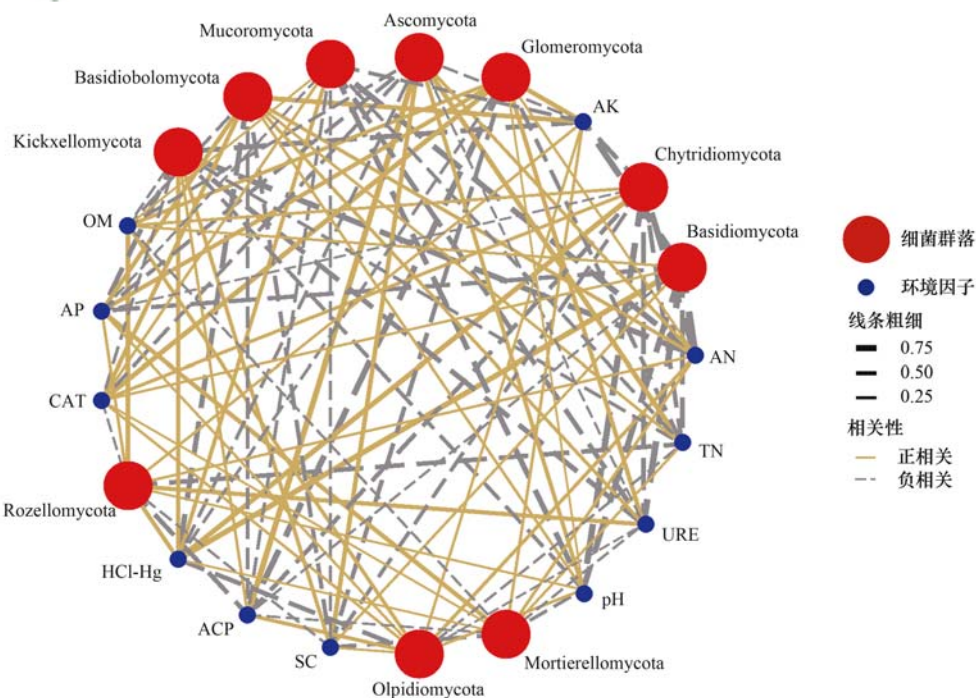


红色箭头表示环境因子,箭头长度表示环境因子与真菌群落结构相关性的强弱,蓝色箭头表示真菌类型,箭头指向与环境因子箭头同向表示高度正相关

图 5 土壤真菌群落结构与环境因子间的 RDA 分析

Fig. 5 RDA analysis of soil fungal community structure and environmental factors

Hg 呈显著正相关($P < 0.05$)；Basidiomycota 与 pH、AK、AN 和 URE, Glomeromycota 与 ACP, Chytridiomycota 与 pH 和 AN 呈极显著负相关($P < 0.01$)；Chytridiomycota 与 URE, Basidiobolomycota 与 HCl-Hg, Kickxellomycota 与 AK 和 AN, Mucoromycota 与 pH 和 AN 呈显著负相关($P <$



线条粗细表示相关性强弱

图 6 土壤真菌群落结构与环境因子间的相关性网络分析

Fig. 6 Correlation network analysis of soil fungal community structure and environmental factors

0.05). 对相关性网络分析结果进行关系对去重和数据筛选后发现, pH 是 Chytridiomycota、Mucoromycota、Basidiomycota 和 Ascomycota 群落结构的主要驱动因子, 这与 Liu 等^[11]的研究结果相符. TN 是 Rozellomycota 群落结构的主要驱动因子; URE 活性是 Kickxellomycota、Chytridiomycota、Mucoromycota 和 Basidiomycota 群落结构的主要环境因子, 这与韩士昌^[54]的研究结果相符. AP 是 Kickxellomycota 和 Mortierellomycota 群落结构的主要驱动因子, 这与 Liu 等^[55]的研究结果相符, 可能是因为 P 是微生物细胞结构的重要组成元素, 从而导致微生物表现出对 P 养分的依赖. AN、AK 和 SC 活性均是 Kickxellomycota 群落结构的主要环境因子, 这与程济南等^[44]和代红翠等^[49]的研究结果相符. ACP 是 Ascomycota、Glomeromycota 和 Rozellomycota 群落结构的主要环境因子. 以上结果说明土壤真菌群落结构变化与土壤基本理化性质、酶活性和 HCl-Hg 含量密切相关.

3 结论

(1) 研究区农田土壤存在一定程度的 Hg 污染, 其中, JK 和 TR 属于轻度污染, SQ 和 BJ 属于偏中度污染; TR 存在中等潜在生态风险, BJ 和 JK 存在强潜在生态风险, SQ 存在很强潜在生态风险.

(2) 研究区农田土壤细菌优势菌群主要包括 Proteobacteria、Actinobacteria、Acidobacteria 和 Chloroflexi; 真菌优势菌群主要包括 Ascomycota、Basidiomycota 和 Mortierellomycota.

(3) pH、SC 和 CAT 活性是土壤细菌群落结构组成的主要环境因子, 影响 Proteobacteria、Acidobacteria、Actinobacteria、Chloroflexi、Firmicutes、Rokubacteria 和 Planctomycetes 分布; pH、AN、AK、HCl-Hg、ACP 和 URE 活性是土壤真菌群落结构组成的主要环境因子, 影响土壤 Ascomycota、Basidiomycota、Mortierellomycota、Glomeromycota、Chytridiomycota、Rozellomycota、Kickxellomycota 和 Mucoromycota 分布.

参考文献:

- [1] Yuan C S, Jhang Y M, Ie I R, *et al.* Exploratory investigation on spatiotemporal variation and source identification of atmospheric speciated mercury surrounding the Taiwan Strait [J]. *Atmospheric Pollution Research*, 2021, **12**(3): 54-64.
- [2] Liu Y, Lin C J, Yuan W, *et al.* Translocation and distribution of mercury in biomasses from subtropical forest ecosystems: evidence from stable mercury isotopes [J]. *Acta Geochimica*, 2021, **40**(1): 42-50.
- [3] Wu Z Y, Zhang L N, Xia T X, *et al.* Heavy metal pollution and human health risk assessment at mercury smelting sites in Wanshan district of Guizhou Province, China [J]. *RSC Advances*, 2020, **10**(39): 23066-23079.
- [4] Yu G, Chen F, Zhang H L, *et al.* Pollution and health risk assessment of heavy metals in soils of Guizhou, China [J]. *Ecosystem Health and Sustainability*, 2021, **7**(1), doi: 10.1080/20964129.2020.1859948.
- [5] 尹德良, 何天容, 罗光俊, 等. 汞矿区土壤汞的影响因素及修复技术进展[J]. *环境科学导刊*, 2014, **33**(1): 62-67.
- [6] Yin D L, He T R, Luo G J, *et al.* The affecting factors of mercury in soil and progress of remediation technologies in mercury mines [J]. *Environmental Science Survey*, 2014, **33**(1): 62-67.
- [7] 苟体忠, 阮运飞. 万山汞矿区土壤重金属污染特征及来源解析[J]. *化工环保*, 2020, **40**(3): 336-341.
- [8] Gou T Z, Ruan Y F. Characteristics and source of heavy metals in contaminated soil in Wanshan mercury mine area [J]. *Environmental Protection of Chemical Industry*, 2020, **40**(3): 336-341.
- [9] 高令健, 毛康, 张伟, 等. 贵州万山汞矿区稻田土壤汞的分布及污染特征[J]. *矿物岩石地球化学通报*, 2021, **40**(1): 148-154.
- [10] Gao L J, Mao K, Zhang W, *et al.* Temporal and spatial distribution and pollution characteristics of mercury in paddy soils of the Wanshan mercury mining area, Guizhou Province [J]. *Bulletin of Mineralogy, Petrology and Geochemistry*, 2021, **40**(1): 148-154.
- [11] Tang X C, Wu X L, Xia P H, *et al.* Health risk assessment of heavy metals in soils and screening of accumulating plants around the Wanshan mercury mine in Northeast Guizhou Province, China [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, **28**(35): 48837-48850.
- [12] Shuaib M, Azam N, Bahadur S, *et al.* Variation and succession of microbial communities under the conditions of persistent heavy metal and their survival mechanism [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2021, **150**, doi: 10.1016/j.micpath.2020.104713.
- [13] Li B Q, Xu R, Sun X X, *et al.* Microbiome-environment interactions in antimony-contaminated rice paddies and the correlation of core microbiome with arsenic and antimony contamination [J]. *Chemosphere*, 2021, **263**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.128227.
- [14] Liu Y R, Delgado-Baquerizo M, Bi L, *et al.* Consistent responses of soil microbial taxonomic and functional attributes to mercury pollution across China [J]. *Microbiome*, 2018, **6**(1), doi: 10.1186/s40168-018-0572-7.
- [15] Frossard A, Donhauser J, Mestrot A, *et al.* Long-and short-term effects of mercury pollution on the soil microbiome [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **120**: 191-199.
- [16] Jiang L F, Song M K, Yang L, *et al.* Exploring the influence of environmental factors on bacterial communities within the rhizosphere of the Cu-tolerant plant, *Elsholtzia splendens* [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**(1), doi: 10.1038/srep36302.
- [17] 黄健, 朱旭炎, 陆金, 等. 狮子山矿区不同土地利用类型对土壤微生物群落多样性的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(12): 5550-5560.
- [18] Huang J, Zhu X Y, Lu J, *et al.* Effects of different land use types on microbial community diversity in the Shizishan Mining area [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(12): 5550-5560.
- [19] Kenarova A, Radeva G, Traykov I, *et al.* Community level physiological profiles of bacterial communities inhabiting uranium mining impacted sites [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2014, **100**: 226-232.

- [16] Stemmer M, Watzinger A, Blochberger K, *et al.* Linking dynamics of soil microbial phospholipid fatty acids to carbon mineralization in a ^{13}C natural abundance experiment: impact of heavy metals and acid rain[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2007, **39**(12): 3177-3186.
- [17] 尹亚丽, 王玉琴, 李世雄, 等. 三江源区退化高寒草甸土壤微生物群落季节特征研究[J]. *生态环境学报*, 2018, **27**(10): 1791-1800.
- Yin Y L, Wang Y Q, Li S X, *et al.* Study on seasonal various of characteristics of soil microbial community at degraded alpine meadows in the Three-River-Source area [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2018, **27**(10): 1791-1800.
- [18] 朱永官, 彭静静, 韦中, 等. 土壤微生物组与土壤健康[J]. *中国科学: 生命科学*, 2021, **51**(1): 1-11.
- Zhu Y G, Peng J J, Wei Z, *et al.* Linking the soil microbiome to soil health[J]. *Scientia Sinica Vitae*, 2021, **51**(1): 1-11.
- [19] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [20] 关松荫. 土壤酶及其研究法[M]. 北京: 农业出版社, 1986.
- [21] 陈芬, 余高, 吴涵茜, 等. 中药渣生物有机肥对镉-汞复合污染土壤的钝化效果[J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2020, **46**(6): 737-747.
- Chen F, Yu G, Wu H Q, *et al.* Effects of bio-organic fertilizer made from Chinese traditional herb residues on heavy metal passivation in Cd and Hg compound-contaminated soils [J]. *Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Sciences)*, 2020, **46**(6): 737-747.
- [22] Müller G. Index of geoaccumulation in sediments of the Rhine River[J]. *GeoJournal*, 1969, **2**(3): 108-118.
- [23] Hakanson L. An ecological risk index for aquatic pollution control. a sedimentological approach[J]. *Water Research*, 1980, **14**(8): 975-1001.
- [24] Nadal-Romero E, Cammeraat E, Pérez-Cardiel E, *et al.* Effects of secondary succession and afforestation practices on soil properties after cropland abandonment in humid Mediterranean mountain areas [J]. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 2016, **228**: 91-100.
- [25] 侯建伟, 邢存芳, 邓晓梅, 等. 不同秸秆生物炭对黄壤理化性质及综合肥力的影响[J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2019, **47**(11): 49-59.
- Hou J W, Xing C F, Deng X M, *et al.* Effect of straw biochar on yellow soil physicochemical properties and comprehensive fertility [J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2019, **47**(11): 49-59.
- [26] 杨皓, 胡继伟, 黄先飞, 等. 喀斯特地区金刺梨种植基地土壤肥力研究[J]. *水土保持研究*, 2015, **22**(3): 50-55.
- Yang H, Hu J W, Huang X F, *et al.* Study on soil fertility of *Rosa sterilis* S. D. Shi planting bases located in karst areas[J]. *Research of Soil and Water Conservation*, 2015, **22**(3): 50-55.
- [27] 杨思德, 常兴平, 潘政, 等. 蚯蚓对金霉素污染土壤酶活性和微生物群落的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2021, **40**(6): 1268-1280.
- Yang S D, Chang X P, Pan Z, *et al.* Effects of earthworms on soil enzyme activities and microbial communities of chlortetracycline-contaminated soils [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2021, **40**(6): 1268-1280.
- [28] 郭星亮, 谷洁, 陈智学, 等. 铜川煤矿区重金属污染对土壤微生物群落代谢和酶活性的影响[J]. *应用生态学报*, 2012, **23**(3): 798-806.
- Guo X L, Gu J, Chen Z X, *et al.* Effects of heavy metals pollution on soil microbial communities metabolism and soil enzyme activities in coal mining area of Tongchuan, Shaanxi Province of Northwest China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2012, **23**(3): 798-806.
- [29] 张丽琼, 郝明德, 臧逸飞, 等. 苜蓿和小麦长期连作对土壤酶活性及养分的影响[J]. *应用生态学报*, 2014, **25**(11): 3191-3196.
- Zhang L Q, Hao M D, Zang Y F, *et al.* Effects of continuous cropping of wheat and alfalfa on soil enzyme activities and nutrients [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2014, **25**(11): 3191-3196.
- [30] 邓霞, 崔东, 王兴磊, 等. 伊犁煤矿土壤重金属累积对土壤酶活性的影响[J]. *环境化学*, 2018, **37**(7): 1554-1564.
- Deng X, Cui D, Wang X L, *et al.* Effects of heavy metal accumulation on soil enzyme activities in Yili coal mines [J]. *Environmental Chemistry*, 2018, **37**(7): 1554-1564.
- [31] Ma Y J, Wang Y T, Chen Q, *et al.* Assessment of heavy metal pollution and the effect on bacterial community in acidic and neutral soils [J]. *Ecological Indicators*, 2020, **117**, doi: 10.1016/j.ecolind.2020.106626.
- [32] Zhao X Q, Huang J, Lu J, *et al.* Study on the influence of soil microbial community on the long-term heavy metal pollution of different land use types and depth layers in mine [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **170**: 218-226.
- [33] Zeng P, Guo Z H, Xiao X Y, *et al.* Effects of tree-herb co-planting on the bacterial community composition and the relationship between specific microorganisms and enzymatic activities in metal (loid)-contaminated soil [J]. *Chemosphere*, 2019, **220**: 237-248.
- [34] Jacquiod S, Cyriaque V, Riber L, *et al.* Long-term industrial metal contamination unexpectedly shaped diversity and activity response of sediment microbiome [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, **344**: 299-307.
- [35] Schneider A R, Gommeaux M, Duclercq J, *et al.* Response of bacterial communities to Pb smelter pollution in contrasting soils [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **605-606**: 436-444.
- [36] Guo H H, Nasir M, Lv J L, *et al.* Understanding the variation of microbial community in heavy metals contaminated soil using high throughput sequencing [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2017, **144**: 300-306.
- [37] Chun S J, Kim Y J, Cui Y S, *et al.* Ecological network analysis reveals distinctive microbial modules associated with heavy metal contamination of abandoned mine soils in Korea [J]. *Environmental Pollution*, 2021, **289**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.117851.
- [38] Lin Y B, Ye Y M, Hu Y M, *et al.* The variation in microbial community structure under different heavy metal contamination levels in paddy soils [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **180**: 557-564.
- [39] 陈建文, 张红, 李君剑, 等. 铜尾矿坝及其周边土壤真菌群落结构与功能多样性[J]. *环境科学*, 2021, **42**(4): 2056-2065.
- Chen J W, Zhang H, Li J J, *et al.* Soil fungal community structure and functional diversity in a copper tailing dam and its surrounding areas [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(4): 2056-2065.
- [40] 刘爽, 王雅, 刘兵兵, 等. 晋西北不同土地管理方式对土壤碳氮、酶活性及微生物的影响[J]. *生态学报*, 2019, **39**(12): 4376-4389.
- Liu S, Wang Y, Liu B B, *et al.* Effects of different land management practices on soil carbon and nitrogen, enzyme

- activities, and microbial diversities northwest of Shanxi[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39**(12): 4376-4389.
- [41] Shen C C, Xiong J B, Zhang H Y, *et al.* Soil pH drives the spatial distribution of bacterial communities along elevation on Changbai Mountain[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2013, **57**: 204-211.
- [42] Rousk J, Brookes P C, Bååth E. Contrasting soil pH effects on fungal and bacterial growth suggest functional redundancy in carbon mineralization [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(6): 1589-1596.
- [43] 姚兰, 胡立煌, 张焕朝, 等. 黄山土壤细菌群落和酶活性海拔分布特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(2): 859-868.
- Yao L, Hu L H, Zhang H C, *et al.* Elevational distribution characteristics of soil bacterial community and enzyme activities in Mount Huangshan[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(2): 859-868.
- [44] 程济南, 金辉, 许忠祥, 等. 甘肃典型高寒草原退化植物瑞香狼毒对根际土壤微生物群落的影响研究[J]. *微生物学报*, 2021, **61**(11): 3686-3704.
- Cheng J N, Jin H, Xu Z X, *et al.* Effects of degraded plant *Stellera chamaejasme* L. on the rhizosphere soil microbial communities in typical alpine grassland, Gansu [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2021, **61**(11): 3686-3704.
- [45] Xiao S H, You H M, You W B, *et al.* Rhizosphere and bulk soil enzyme activities in a *Nothofagus longibracteata* forest in the Tianbaoyan National Nature Reserve, Fujian Province, China [J]. *Journal of Forestry Research*, 2017, **28**(3): 521-528.
- [46] Guo Q X, Yan L J, Korpelainen H, *et al.* Plant-plant interactions and N fertilization shape soil bacterial and fungal communities[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2019, **128**: 127-138.
- [47] Höglberg M N, Yarwood S A, Myrold D D. Fungal but not bacterial soil communities recover after termination of decadal nitrogen additions to boreal forest [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **72**: 35-43.
- [48] Zhang T, Wang N F, Liu H Y, *et al.* Soil pH is a key determinant of soil fungal community composition in the Ny-Ålesund region, Svalbard (High Arctic) [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, **7**, doi: 10.3389/fmicb.2016.00227.
- [49] 代红翠, 张慧, 薛艳芳, 等. 不同耕作和秸秆还田下褐土真菌群落变化特征[J]. *中国农业科学*, 2019, **52**(13): 2280-2294.
- Dai H C, Zhang H, Xue Y F, *et al.* Response of fungal community and function to different tillage and straw returning methods[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2019, **52**(13): 2280-2294.
- [50] 裴振, 孔强, 郭笃发. 盐生植被演替对土壤微生物碳源代谢活性的影响[J]. *中国环境科学*, 2017, **37**(1): 373-380.
- Pei Z, Kong Q, Guo D F. Effect of succession of halophytic vegetation on soil microbial carbon metabolic activity[J]. *China Environmental Science*, 2017, **37**(1): 373-380.
- [51] Zhang X F, Xu S J, Li C M, *et al.* The soil carbon/nitrogen ratio and moisture affect microbial community structures in alkaline permafrost-affected soils with different vegetation types on the Tibetan plateau[J]. *Research in Microbiology*, 2014, **165**(2): 128-139.
- [52] 乔沙沙, 周永娜, 柴宝峰, 等. 关帝山森林土壤真菌群落结构与遗传多样性特征[J]. *环境科学*, 2017, **38**(6): 2502-2512.
- Qiao S S, Zhou Y N, Chai B F, *et al.* Characteristics of fungi community structure and genetic diversity of forests in Guandi Mountains[J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(6): 2502-2512.
- [53] Liu Y R, Johs A, Bi L, *et al.* Unraveling microbial communities associated with methylmercury production in paddy soils [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(22): 13110-13118.
- [54] 韩士昌. 外源碳氮添加对土壤生物学活性的影响及外生菌根真菌在氮转化中的作用[D]. 济南: 济南大学, 2017.
- Han S C. Effects of exogenous carbon and nitrogen addition on soil biological activity and the role of ectomycorrhizal fungi in nitrogen transformation[D]. Jinan: University of Jinan, 2017.
- [55] Liu Z F, Fu B J, Zheng X X, *et al.* Plant biomass, soil water content and soil N:P ratio regulating soil microbial functional diversity in a temperate steppe: a regional scale study[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2010, **42**(3): 445-450.

CONTENTS

Characteristics of PM _{2.5} Pollution in Beijing During the Historical Period of the 2022 Olympic Winter Games	LIU Yue-chen, MAN Rui-qi, QIU Yan-ting, <i>et al.</i>	(3895)
Observation Analyses of Aerosol Size Distribution Properties from February to March, 2019 in Tianjin Urban Area	HAO Jian, CAI Zi-ying, LIU Jing-le, <i>et al.</i>	(3903)
Analysis of Typical Weather Circulation Patterns of Heavy PM _{2.5} Pollution and the Transport Pattern in the Yangtze River Middle Basin	WANG Ying, ZHI Xie-fei, BAI Yong-qing, <i>et al.</i>	(3913)
Characteristics of Heavy Metals and Other Elements in Atmospheric Dry and Wet Deposition and Health Risk Assessment of a Typical Industrial and Mining City in Central Yunnan	FAN Chen-zi, LIU Yong-bing, YUAN Ji-hai, <i>et al.</i>	(3923)
Characteristics and Reactivity of VOCs in a Typical Industrial City in Summer	QIN Tao, LI Li-ming, WANG Xin-wu, <i>et al.</i>	(3934)
Chemical Reaction Activity and Source Apportionment of Atmospheric VOCs in Summer in Dalian	ZHU Ke-xin, LIU Li-zhong, LIU Huan-wu, <i>et al.</i>	(3944)
One-year Simulation of Air Pollution in Central China, Characteristics, Distribution, Inner Region Cross-transmission, and Pathway Research in 18 Cities	LIU Guang-jin, SU Fang-cheng, XU Qi-xiang, <i>et al.</i>	(3953)
Characteristics of Ozone Pollution, Meteorological Impact, and Evaluation of Forecasting Results Based on a Neural Network Model in Beijing-Tianjin-Hebei Region	ZHU Yuan-yuan, LIU Bing, GUI Hai-lin, <i>et al.</i>	(3966)
Temporal and Spatial Variations in Black Carbon Aerosol in Different Atmospheric Background Stations in China from 2006 to 2020	WANG Hong-lei, YAN Xue, SHEN Li-juan, <i>et al.</i>	(3977)
Pollution Characteristics and Emission Factors of PCDD/Fs from Iron and Steel Industry	YANG Yan-yan, XIE Dan-ping, FU Jian-ping, <i>et al.</i>	(3990)
Community Composition and Assessment of the Aquatic Ecosystem of Periphytic Algae in the Yangtze River Basin	HU Yu-xin, CAO Liang, QU Ren-chao, <i>et al.</i>	(3998)
Evaluation and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Sediments of the Yellow River Basin Based on Monte Carlo Simulation and PMF Model	PANG Kuo, LI Min, LIU Lu, <i>et al.</i>	(4008)
Retention Effect of Heavy Metals in Rivers of a Typical Mountainous City by Cascade Weirs; A Case Study of Liangtan River in Chongqing	WANG Chao, JIA Bo-yang, PAN Cheng-yong, <i>et al.</i>	(4018)
Estimation of Agricultural Non-point Source TN and TP Export Coefficients Based on Soil Loss	WANG You-xiao, HUANG Chong, LIU Gao-huan, <i>et al.</i>	(4032)
Influence of Land Use and Land Cover Patterns on Water Quality at Different Spatio-temporal Scales in Hehuang Valley	LI Hao-hao, HUANG Yi-mei, GUO Wei, <i>et al.</i>	(4042)
Groundwater Pollution Source Identification by Combination of PMF Model and Stable Isotope Technology	ZHANG Han, DU Xin-yu, GAO Fei, <i>et al.</i>	(4054)
Antibiotic Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment in Jinjiang River Basin, Jiangxi Province	LI Jia-le, WANG Meng, HU Fa-wang, <i>et al.</i>	(4064)
Screening and Control Measures for New Priority Pollutants in Surface Water of Tianjin	WU Yan-qi, SONG Shuai, SHI Ya-juan, <i>et al.</i>	(4074)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Pharmaceuticals and Personal Care Products (PPCPs) in the Third Drain of Ningxia	LI Fu-juan, GAO Li, LI Ling-yun, <i>et al.</i>	(4087)
Analysis of the Seasonal Changes in Planktonic Microbial Diversity in Urban River Supplied with Reclaimed Water: A Case Study of the North Canal River	YUAN Xun-chao, WANG Min, GUO Xiao-yu, <i>et al.</i>	(4097)
Spectroscopic and Molecular Characterization of Water Soluble Organic Matter from Sediments in the Macrophyte-dominated and Algae-dominated Zones of Taihu Lake	DU Ying-xun, DAI Jia-ru, ZHANG Qiao-ying, <i>et al.</i>	(4108)
Emission of Nitrous Oxide (N ₂ O) from Lake Taihu and the Corresponding Potential Driving Factors	LIU Chao-rong, ZHU Jun-yu, LI Yu-yang, <i>et al.</i>	(4118)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in the Bioretention Systems of Sponge Cities	LEI Xiao-ling, QIU Li-na, WEI Ze-jun, <i>et al.</i>	(4127)
Treatment Effect of Corncob and Rice Straw Enhanced Subsurface Flow Constructed Wetland on Low C/N Ratio Wastewater	HU Man-li, HAO Qing-ju, MA Rong-zhen, <i>et al.</i>	(4136)
Investigation of the Performance of Organic Contaminant Degradation by Fe ²⁺ /PDS Under Environmentally Relevant pH Conditions	LIU Ying, GUO Yi-wei, QIAO Jun-lian, <i>et al.</i>	(4146)
Typical Pesticide Residues and Their Risk Assessment in Farmland Environment of Different Plant Types in Shayu County, Xinjiang	XIE Xuan-xuan, NUERLA Ailijiang, BALATI Maihemuti, <i>et al.</i>	(4154)
Distribution Characteristics of Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in Manure and Surrounding Soil of Poultry Farm in Ningxia	SHEN Cong, ZHANG Jun-hua, LIU Ji-li, <i>et al.</i>	(4166)
Enrichment Factors of Soil-Se in the Farmland in Shizuishan City, Ningxia	WANG Ying, LIU Hai-yan, WANG Ze-jing, <i>et al.</i>	(4179)
Zoning and Safe Utilization Method of Heavy Metal Contaminated Cultivated Land at Block Scale	WANG Rui, YU Jing, LI Yu, <i>et al.</i>	(4190)
Spatial Distribution, Source Apportionment, and Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in Jianghugongmi Producing Area, Shandong Province	YU Lin-song, WAN Fang, FAN Hai-yin, <i>et al.</i>	(4199)
Assessing the Lead Accumulation Risks of Wheat Grain by Developing a Source-Specific Accumulation Risk Assessment Model	YANG Yang, LI Yan-ling, NIU Shuo, <i>et al.</i>	(4212)
Accumulation Effects and Health Risks of Heavy Metals in Rice in Location-based Cadmium Anomaly Area in Liuzhou	ZHU Liang-liang, WANG Fu-peng, TANG Le-bin, <i>et al.</i>	(4219)
Accumulation and Transport Characteristics of Cd, Pb, Zn, and As in Different Maize Varieties	REN Chao, XIAO Jian-hui, LI Jing-tian, <i>et al.</i>	(4232)
Remediation Potential of <i>Taraxacum kok-saghyz</i> Rodin on Lead and Cadmium Contaminated Farmland Soil	ZHANG Heng, XIONG Ming-biao, WANG Qian-xin, <i>et al.</i>	(4253)
Remediation Potential of Three Dwarf Bamboos on Farmland Soils Contaminated with Mixed Heavy Metals	ZHANG Ying, ZHAO Xin, ZHANG Sheng-hu, <i>et al.</i>	(4262)
Impacts of Uptake and Accumulation of Cd on Double Rice-Paddy Soil by Silicon Fertilizer Continuous Application	PENG Hua, DENG Kai, SHI Yu, <i>et al.</i>	(4271)
Effect of Modified Chitosan Loaded with Silica on Arsenic Uptake and Transport in Rice	YANG Jia-yi, SUN Meng-qiang, XIAO Yu-tang, <i>et al.</i>	(4282)
Effect of Chelating Agents and Organic Acids on Remediation of Cadmium and Arsenic Complex Contaminated Soil Using <i>Xanthium sibiricum</i>	ZHANG Ya-rui, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i>	(4292)
Effects of Water Management on the Transformation of Iron Oxide Forms in Paddy Soils and Its Coupling with Changes in Cadmium Activity	LI Ming-yuan, ZHANG Xiao-ting, LIU Han-yi, <i>et al.</i>	(4301)
Effects of Iron Intensity-regulated Root Microbial Community Structure and Function on Cadmium Accumulation in Rice	ZHENG Shen, HUANG Dao-you, LI Bo, <i>et al.</i>	(4313)
Effects of Mulching and Slow-release Fertilizer Application Reduction on Soil Microbial Community Structure in Rapeseed Field Under Two Different Rainfall Conditions	FENG Jun, SHI Chao, Hafiz Athar Hussain, <i>et al.</i>	(4322)
High-Throughput Sequencing Combined with Metabonomics to Analyze the Effect of Heavy Metal Contamination on Farmland Soil Microbial Community and Function	PANG Fa-hu, LI Xiao-qi, DUAN Li-yang, <i>et al.</i>	(4333)
Characteristics of Microbial Community Structure in the Surrounding Farmlands of a Mercury Mining Area and Its Environmental Driving Factors	CHEN Fen, YU Gao, SUN Yue-bing, <i>et al.</i>	(4342)
Comparison of Bacterial Community Structure in Soil Aggregates Between Natural Karst Wetland and Paddy Field	LENG Meng, JIN Zhen-jiang, XIAO Xiao-yi, <i>et al.</i>	(4353)
Elevational Pattern and Control Factors of Soil Microbial Carbon Use Efficiency in the Daiyun Mountain	LÜ Kun, WANG Jing-jing, WU Guo-peng, <i>et al.</i>	(4364)
Effect of Long-term Straw Returning on the Mineralization and Priming Effect of Rice Root-carbon	LIU Feng, WANG Yun-qiu, ZHANG Yun, <i>et al.</i>	(4372)
Effects of Straw Returning and Biochar Application on Summer Maize Yield and Soil N ₂ O Emission in Guanzhong Plain	BAI Jin-ze, LIU Zhen-yuan, SONG Jia-jie, <i>et al.</i>	(4379)
Effects of Polystyrene Nanoplastics (PS-NPs) on the Physiology of <i>Allium sativum</i> L.	QIU Chen-chen, LI Guo-xin, LI Qing-song, <i>et al.</i>	(4387)
Effect of Microplastics on Soil Water Infiltration and Evaporation	WANG Zhi-chao, ZHANG Bo-wen, NI Jia-xuan, <i>et al.</i>	(4394)
Life Cycle Assessment and Key Parameter Comparison of Hydrogen Fuel Cell Vehicles Power Systems	CHEN Yi-song, LAN Li-bo, HAO Zhuo, <i>et al.</i>	(4402)