

目次

加速能源转型与产业结构调整的环境健康协同效益评估:以京津冀鲁地区为例	杨玺, 孙奕生, 常世彦, 李胜悦, 郑昊天, 王书肖, 张希良 (3627)
基于不同电力需求的中国减排降碳协同增效路径	向梦宇, 王深, 吕连宏, 张楠, 白梓函 (3637)
城市碳达峰碳中和行动评估方法与应用	张保留, 白梓函, 张楠, 吕连宏, 阳平坚 (3649)
基于可解释性机器学习的城市 O ₃ 驱动因素挖掘	董佳奇, 胡冬梅, 闫雨龙, 彭林, 张辉辉, 牛月圆, 段小琳 (3660)
基于响应曲面法的臭氧生成敏感性分析	朱禹寰, 陈冰, 张雅茹, 刘晓, 李光耀, 舍静, 陈强 (3669)
基于 WRF-CMAQ/ISAM 模型的榆林市夏季 O ₃ 来源解析	王伊凡, 仝纪龙, 陈羽翔, 林鑫, 刘永乐, 敖丛杰, 刘浩天 (3676)
基于轻量级梯度提升机的南京大气臭氧浓度预测	朱珈莹, 安俊琳, 冯悦政, 贺婕, 张玉欣, 王俊秀 (3685)
2022 年广东省冬季一次臭氧污染过程的气象成因及潜在源区分析	李婷苑, 陈靖扬, 龚宇, 沈劲 (3695)
夏季对流层臭氧辐射强迫对华北地区天气和空气质量的影响	杜楠, 陈磊, 廖宏, 朱佳, 李柯 (3705)
气象、本地光化学生成和外围传输对长沙市 2018~2020 年臭氧污染趋势变化影响的识别	杨俊, 杨雷峰, 丁华, 谢丹平, 刘妍妍, 余涛, 吕明, 袁自冰 (3715)
2000~2021 年成渝城市群 PM _{2.5} 时空变化及驱动机制多维探测	徐勇, 郭振东, 郑志威, 戴强玉, 赵纯, 黄雯婷 (3724)
基于 GTWR-XGBoost 模型的四川省 PM _{2.5} 小时浓度估算	吴迪, 杜宁, 王莉, 吴宇宏, 张少磊, 周彬, 张显云 (3738)
2013~2021 年邢台 PM _{2.5} 重污染过程输送和增长特性	江琪, 盛黎, 靳雨晨, 王继康, 尤媛, 王飞 (3749)
基于高分辨率在线观测数据分析上海市城区秋冬季大气有机气溶胶化学特征及污染来源	朱书慧 (3760)
机动车尾气碳质气溶胶排放因子及其稳定碳同位素特征	于鸣媛, 王谦, 付明亮, 戈畅, 谢峰, 曹芳, 章炎麟 (3771)
沈阳工业区夏季 VOCs 组成特征及其对二次污染形成的贡献	关璐, 苏枫枫, 库盈盈, 胡建林, 于兴娜 (3779)
疫情管控期间深圳市城区 VOCs 的变化特征及减排效果评估	云龙, 林楚雄, 李成柳, 邱志诚, 古添发, 李光程, 张明棣, 郭健锋 (3788)
西安市冬季道路扬尘中有机质组成特征及其氧化潜势	王擎雯, 陈庆彩, 王超, 王瑞鹤, 刘国瑞, 李豪, 李艳广 (3797)
淮北孙疃矿区地表尘中多环芳烃类化合物的污染特征及致癌风险评价	徐振鹏, 钱雅慧, 洪秀萍, 罗钟庚, 高秀龙, 梁汉东 (3809)
雄安建设初期白洋淀水质时空差异及其对降雨和土地利用的响应	王子铭, 杨丽虎, 宋献方 (3820)
流域尺度污染溯源模拟-优化防控方法:以铜陵市顺安河流域为例	刘国王辰, 陈磊, 李佳奇, 张钰晨, 赵奕欣, 刘妍琪, 沈珍瑶 (3835)
南昌市浅层地下水水质评价及监测指标优化	郑紫吟, 储小东, 徐金英, 马志飞 (3846)
闪电河流域“三水”氢氧同位素特征及水体转换分析	杨丽娜, 贾德彬, 高瑞忠, 苏文旭, 卢方园, 郝玉胜 (3855)
金沙江丰富类和稀有类浮游真核微生物的分布特征与影响因素	燕炳成, 崔戈, 孙胜浩, 王沛芳, 王超, 吴程, 陈娟 (3864)
嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性	竹兰萍, 张拓, 李佳宁, 王佳颖, 郭伟亮, 徐飞, 张富斌 (3872)
水库水深变化对不同浮游微生物群落及网络互作关键种的影响	王洵, 廖琴, 王沛芳, 袁秋生, 胡斌, 邢小蕾, 徐浩森 (3881)
典型工业区地下水细菌群落多样性特征与环境因子响应初探	吴建强, 张书源, 王敏, 陈敏, 叶文娟, 熊丽君, 黄沈发 (3892)
太湖流域肥料施用策略调整对典型作物系统氮磷流失的影响	俞映倬, 王逸之, 杨根, 杨林章, 段婧婧, 韩雪梅, 薛利红 (3902)
基于机器学习的长江流域农田氮径流流失负荷估算	张有福, 潘哲祺, 陈丁江 (3913)
千岛湖地区上梧溪流域地表径流非点源氮污染分类识别	俞珂, 严璇, 唐张轩, 张方方, 何圣嘉, 姜培坤 (3923)
沱江和涪江水系干支流氮磷营养盐的空间分布特征	李子阳, 周明华, 徐鹏, 陈露, 刘祥龙, 林洪羽, 江南, 任兵, 张博文 (3933)
外秦淮河底泥污染及疏浚效果	张沐, 任增谊, 张曼, 赵琼, 尹洪斌 (3945)
新污染物多环芳烃衍生物的来源、分布与光化学行为	葛林科, 王子宇, 曹胜凯, 车晓佳, 朱超, 张蓬, 马宏瑞 (3957)
镉砷在针铁矿界面共吸附的相互作用机制	苏子贤, 刘赛红, 管玉峰, 陶亮 (3970)
环糊精键合 Fe-TAML 催化剂的制备及其活化 H ₂ O ₂ 氧化水中有机微污染物	刘清泉, 蔡本哲, 蔡喜运 (3978)
Co(II) 活化过一硫酸盐降解氨基三甲膦酸的性能及反应机制	朱敬林, 汪舒 (3990)
微塑料诱导下污泥造粒潜能变化及微生物富集特征	谢晴帆, 俞楠, 张妮, 谢周云, 单珂欣, 吴亦馨, 唐力, 夏静芬, 杨国靖 (3997)
中国农田土壤 Cd 累积分布特征及概率风险评价	王静, 魏恒, 潘波 (4006)
渝东南典型地质高背景区土壤重金属来源解析及污染评价	蒋玉莲, 余京, 王锐, 王佳彬, 李瑜, 余飞, 张云逸 (4017)
基于 PMF 模型的农田土壤重金属源暴露风险综合评价:以浙江省某电子垃圾拆解区为例	方嘉, 何影, 黄乃涛, 支裕优, 傅伟军 (4027)
乌鲁木齐市郊农田土壤及农作物中多环芳烃的污染特征及风险评价	范悦, 曹双瑜, 艾力江·努尔拉, 于芸云江·吗米提敏, 阿不都艾尼·阿不里, 谢宣宣, 古丽斯坦·阿不都拉, 刘河疆 (4039)
荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制	黄福义, 周曙仡, 苏建强, 朱永官 (4052)
近 15 年我国土壤抗生素污染特征与生物修复研究进展	赵晓东, 乔青青, 秦宵睿, 李晓晶, 李永涛 (4059)
改性生物炭修复砷镉复合污染土壤研究进展	吕鹏, 李莲芳, 黄晓雅 (4077)
沼液还田对土壤-作物系统重金属累积的影响:Meta 分析	赵奇志, 杨志敏, 孔凡靖, 熊海灵, 朱康文, 陈玉成 (4091)
两种铁改性生物炭对微碱性砷镉污染土壤的修复效果	梁欣冉, 何丹, 郑墨华, 付庆灵, 胡红青, 朱俊 (4100)
秸秆离田对土壤 Cd 生物有效性及水稻 Cd 积累的影响	王子钰, 周航, 周坤华, 谭文韬, 蒋毅, 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 曾鹏, 廖柏寒 (4109)
秸秆与脱硫石膏配施改良黄河三角洲盐碱地的理化性质	赵惠丽, 于金艺, 刘涛, 王丽, 赵英 (4119)
基于环境 DNA 的复合污染土壤生物评价和胁迫诊断	黄湘云, 钟文军, 刘训杰, 毕婉娟, 钱林皓, 张效伟 (4130)
地质高背景区土壤-玉米重金属综合质量评价	张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (4142)
浙江省蔬菜生产系统重金属污染生态健康风险	张述敏, 刘翠玲, 杨桂玲, 邓美华 (4151)
生物炭配施磷肥对土壤养分、酶活性及紫花苜蓿养分吸收的影响	刘鑫裕, 王冬梅, 张泽洲, 张鹏, 樊桐桐 (4162)
低密度聚乙烯微塑料对空心菜生长和生理特征的影响	周颖, 蒋文婷, 刘训悦, 朱高荻, 唐荣贵, 章海波, 蔡延江 (4170)
沼液施用对麦茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响	乔宇颖, 奚辉, 李娜, 陈喜靖, 沈阿林, 喻曼 (4179)
大同铅锌尾矿不同污染程度土壤细菌群落分析及生态功能特征	刘泽勋, 庄家尧, 刘超, 郑康, 陈玲 (4191)
马尾松采伐迹地火烧黑炭对土壤有机碳组分和碳转化酶活性的影响	姚智, 焦鹏宇, 吴晓生, 严强, 刘先, 胡亚林, 王玉哲 (4201)
《环境科学》征订启事(3648)	
《环境科学》征稿简则(3659)	
信息(3714, 4150, 4178)	

基于环境 DNA 的复合污染土壤生物评价和胁迫诊断

黄湘云¹, 钟文军¹, 刘训杰¹, 毕婉娟¹, 钱林皓¹, 张效伟^{1,2*}

(1. 南京大学环境学院, 污染控制与资源化国家重点实验室, 南京 210023; 2. 江苏省生态环境保护化学品安全与健康风险研究重点实验室, 南京 210023)

摘要: 健康的生物群落组成及多样性是土壤生态系统提供良好功能与服务的基础, 当前土壤污染治理技术的瓶颈问题是缺乏系统全面的生物多样性指标。因此, 对工业园区复合污染土壤进行调研, 并采用环境 DNA 技术监测分析污染土壤中生物群落组成, 构建环境 DNA-物种敏感性分布法 (eDNA-SSD), 诊断出受污染土壤的关键胁迫因子及其生态阈值。结果表明: ①复合污染对园区土壤生物 α 多样性不造成显著影响, 但导致生物群落组成及高相对丰度种发生变化。污染土壤中的优势类群为变形菌门 (25.54%)、子囊菌门 (15.65%)、放线菌门 (8.75%) 和绿弯菌门 (7.64%) 等。②环境因子对土壤生物分布差异的解释率为 51.27%, 苯胺、硫酸盐、石油烃和铅是土壤生物群落的关键胁迫因子。其中, 苯胺对细菌 ($P=0.030$), 硫酸盐对真菌 ($P=0.025$) 和后生动物 ($P=0.032$) 的群落分布产生最显著影响。③以 95% 物种为保护目标计算污染物生态风险阈值 (hazardous concentration for 5% of species, HC_5), 结果显示呈硫酸盐 ($470.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)、石油烃 ($17.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)、铅 ($13.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)、砷 ($6.20 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)、4-氯苯胺 ($0.16 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) 和苯胺 ($0.11 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$) 的梯度递减趋势。综合污染指数显示园区土壤污染为大部分轻度污染伴随个别点位重度污染的状况。基于 eDNA-SSD 的生物评价方法可以在缺乏污染物基准值的情况下实现复合污染综合评价, 同时更好区分不同污染程度下土壤生物群落结构及组成差异 ($P=0.053$)。研究开发的环境 DNA 土壤生物监测与评估方法对土壤生态系统恢复评估具有指导意义和应用价值。

关键词: 土壤污染; 群落组成; 风险阈值; 物种敏感性分布; 生物评价

中图分类号: X53 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)07-4130-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202206312

Biological Evaluation and Key Stress Factor Diagnosis of Compound Contaminated Soil Based on Environmental DNA

HUANG Xiang-yun¹, ZHONG Wen-jun¹, LIU Xun-jie¹, BI Wan-juan¹, QIAN Lin-hao¹, ZHANG Xiao-wei^{1,2*}

(1. State Key Laboratory of Pollution Control & Resource Reuse, School of the Environment, Nanjing University, Nanjing 210023, China; 2. Jiangsu Province Ecology and Environment Protection Key Laboratory of Chemical Safety and Health Risk, Nanjing 210023, China)

Abstract: Healthy biological community composition and diversity are the basis for soil ecosystems to provide complete ecological functions and services. The current technical bottleneck in soil pollution control is the lack of systematic and comprehensive biodiversity indicators. In this study, the compound-polluted soil in an industrial park was taken as the object, and environmental DNA (eDNA) technology was used to monitor and analyze the composition of the biological community in the polluted soil. The environmental DNA-species sensitivity distribution (eDNA-SSD) method was constructed to diagnose the key stress factors and their ecological threshold. The results showed that: ① compound pollution did not have a significant impact on the α -diversity of soil organisms in the park but led to changes in the composition of biological communities and dominant species with high relative abundance. The dominant groups in the polluted soil were Proteobacteria (25.54%), Ascomycota (15.65%), Actinobacteria (8.75%), and Chloroflexi (7.64%). ② Environmental factors accounted for 51.27% of the differences in soil biodistribution, and aniline, sulfate, petroleum hydrocarbon, and lead were the key stress factors for soil biomes. Among them, aniline had the most significant effect on the community distribution of bacteria ($P=0.030$), sulfate on fungi ($P=0.025$), and metazoans ($P=0.032$). ③ The ecological risk threshold (hazardous concentration for 5% of species, HC_5) of pollutants with 95% species as the protection target showed a gradient decreasing trend of sulfate ($470.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), petroleum hydrocarbon ($17.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), lead ($13.00 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), arsenic ($6.20 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), 4-chloroaniline ($0.16 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), and aniline ($0.11 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$). Nevertheless, the existing soil risk control value was significantly higher than the ecological risk value, indicating that the existing control standards targeting human health were not suitable for protecting soil health. The comprehensive pollution index showed that the soil pollution in the park was mostly mild pollution accompanied by heavy pollution at individual points. The biological evaluation method based on eDNA-SSD could achieve the comprehensive evaluation of composite pollution in the absence of the benchmark value of pollutants and at the same time better distinguish the differences in soil biological community structure and composition under different pollution levels ($P=0.053$). In conclusion, the environmental DNA soil biomonitoring and assessment method developed in this study has guiding significance and application value for soil ecosystem restoration assessment.

Key words: soil pollution; community composition; ecological risk threshold; species sensitivity distribution; biological assessment

人类世背景下, 愈发频繁的人类活动产生的污染物导致土壤生态系统遭到不同程度的破坏^[1], 引起生态系统功能和服务的退化或丧失。地球最复杂的生态系统土壤中栖息着丰富多样的生物类群^[2], 而生物之间、生物与环境之间的相互作用则给人类提供了赖以生存的多种土壤生态功能和服务^[3]。如

根瘤菌和脱硫肠状菌等微生物参与了氮、硫元素循环中的关键环节, 弹尾目等后生动物摄食细菌和真

收稿日期: 2022-06-28; 修订日期: 2022-09-11

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2019YFC1804004)

作者简介: 黄湘云 (1998 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤生物监测与评价, E-mail: xiangyun_huang@smail.nju.edu.cn

* 通信作者, E-mail: zhangxw@nju.edu.cn

菌,间接影响养分循环^[3].此外,真菌起到固定土壤结构的作用^[3],并与根系作用促进植物生长,进而实现农作物、木材等基础材料供给的生态服务作用.因此,土壤生物是土壤生态系统功能实现的关键因素,土壤生物的多样性和完整性反映了土壤生态系统功能和服务的好坏^[2](图1).同时,土壤生态系统是各种污染物的总汇和归趋之一^[4],化合物对土

壤的长期污染会通过直接或间接作用损害土壤食物链中不同层级的多种生物^[5],导致土壤生物群落与组成发生变化,引起土壤生态系统功能退化.为了恢复受损生态系统功能和服务以满足人类需求,生态系统恢复的研究应运而生^[6].现有恢复手段主要通过污染修复降低土壤污染物含量,而其生态功能是否有所改善,仍需要生物指标加以衡量.

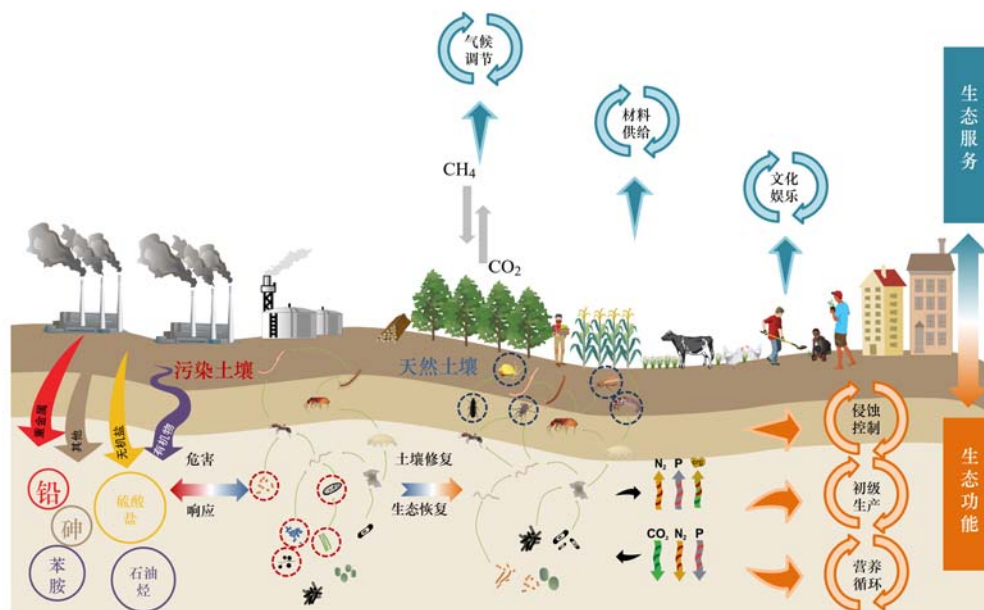


图1 土壤生物与生态功能及服务关系

Fig. 1 Relationship between soil organisms and ecological functions and services

生物多样性评价指标的缺失是当前土壤污染修复评价面临的技术难题.目前,全球土壤污染问题严重,复合污染成最主要的污染形式^[7].工业的快速发展及产业结构转型导致工业污染成为我国最严重的土壤环境问题之一.目前,土壤污染类型以复合污染为主,美国与中国分别有 76.4% 与 58.5% 的污染土壤为复合污染^[8].然而,现有的土壤污染评价主要集中于单一污染类别,如重金属^[9]和多环芳烃^[10]等,缺少复合污染研究.此外,土壤污染评价方法中生物指标的应用缺乏.由于土壤生物对外来应激因素反应敏感,能对土壤健康状况做出及时响应和指示,因此生物指标早已作为土壤评价中至关重要的部分被纳入评价体系中.21 世纪初,美国开发的 SMAF 方法首次整合了物理、化学、生物和养分等多种土壤指标用以全面评估土壤健康状况^[11].然而,由于土壤生物多样性和功能的研究工具出现较晚^[12],目前主要的土壤污染评价方法仍是以理化指标为基础的污染指数法^[13],与生物指标结合的综合评价方法涉及较少.同时,传统的土壤生物评价方法仅关注蚯蚓、线虫、弹尾目和藻类等单一少数物种^[14~17],缺乏在群落水平上系统的评估,因此有必

要开发囊括更多土壤生物物种的土壤污染及修复效果的评价方法.

环境 DNA 方法的发展为开发精准全面的土壤生物评价方法提供机遇.土壤污染评价需要结合化学、毒理学和生态学多领域数据^[18].环境基准值的建立还依赖于污染物的生态毒性数据,然而现有的生态毒性数据相对缺乏,并存在污染物涵盖较少、设计生物物种相对单一和试验方法不一致等多种问题^[19],远不能满足实际评价的需求.因此,要促进生物指标在土壤评价体系中的发展应用,需要新的方法和工具以降低生物数据获取难度和成本.近年来,环境 DNA (environmental DNA, eDNA) 技术通过检测从环境样本中提取的大量混合生物体的 DNA 进行物种鉴定和群落组成调查^[20,21],弥补了传统微生物培养鉴定方法难以检测且无法人工培养的不足.基于环境 DNA 的物种敏感性分布 (species sensitivity distribution, SSD) 法在克服以上传统技术的缺点基础上,实现了群落水平上的生态评价,并且已在水体、沉积物等不同环境介质中得到应用和验证^[22].环境 DNA-物种敏感性分布法 (eDNA-SSD) 是依据不同环境梯度下的物种组成及其对环境变化的

响应,评估污染物对生物的效应及生态风险阈值^[22]. Yang 等^[23]将其用于确立太湖特定区域的水质环境基准值以及沉积物中 Cu 对不同类群生物的危害程度和风险评估^[24],并与实验室数据对比,发现该方法具有灵敏度高、覆盖类群广泛的优点.土壤生态系统中生物类群丰富多样,涵盖微生物、无脊椎动物到爬行动物、植物等多类群生物,是该方法优良的应用环境.因此,在大多数污染物毒性效应数据未知的情况下,环境 DNA 技术可更精准快速地开展土壤生物调查与评价,并结合 SSD 法进一步评估环境因素对土壤生物群落的影响^[22].

本文以南京市某退役化工园区为研究区域,采用 eDNA 宏条形码技术获取不同区域的群落组成生物数据,结合测定的环境污染数据进行生态响应评估;同时基于物种的相对丰度(relative abundance)

变化计算环境污染因子半数效应浓度(median effect concentration, EC_{50});通过物种敏感性分布评估土壤中不同污染物的生态阈值及其环境风险^[25,26].

从而①评估复合污染对土壤生物多样性和生物群落组成及优势类群的影响;②识别园区土壤中的关键胁迫因子及对应的敏感和耐受性物种;③构建物种敏感性分布曲线并计算关键胁迫因子的生态风险阈值,进而评价园区土壤综合污染程度,以期快速评价土壤生态风险、制定土壤风险管控政策提供可行方案和科学依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集

某退役化工园区原具有依附少数大中型石油化工企业(图 2),伴生小型精细化工、能源和机械制

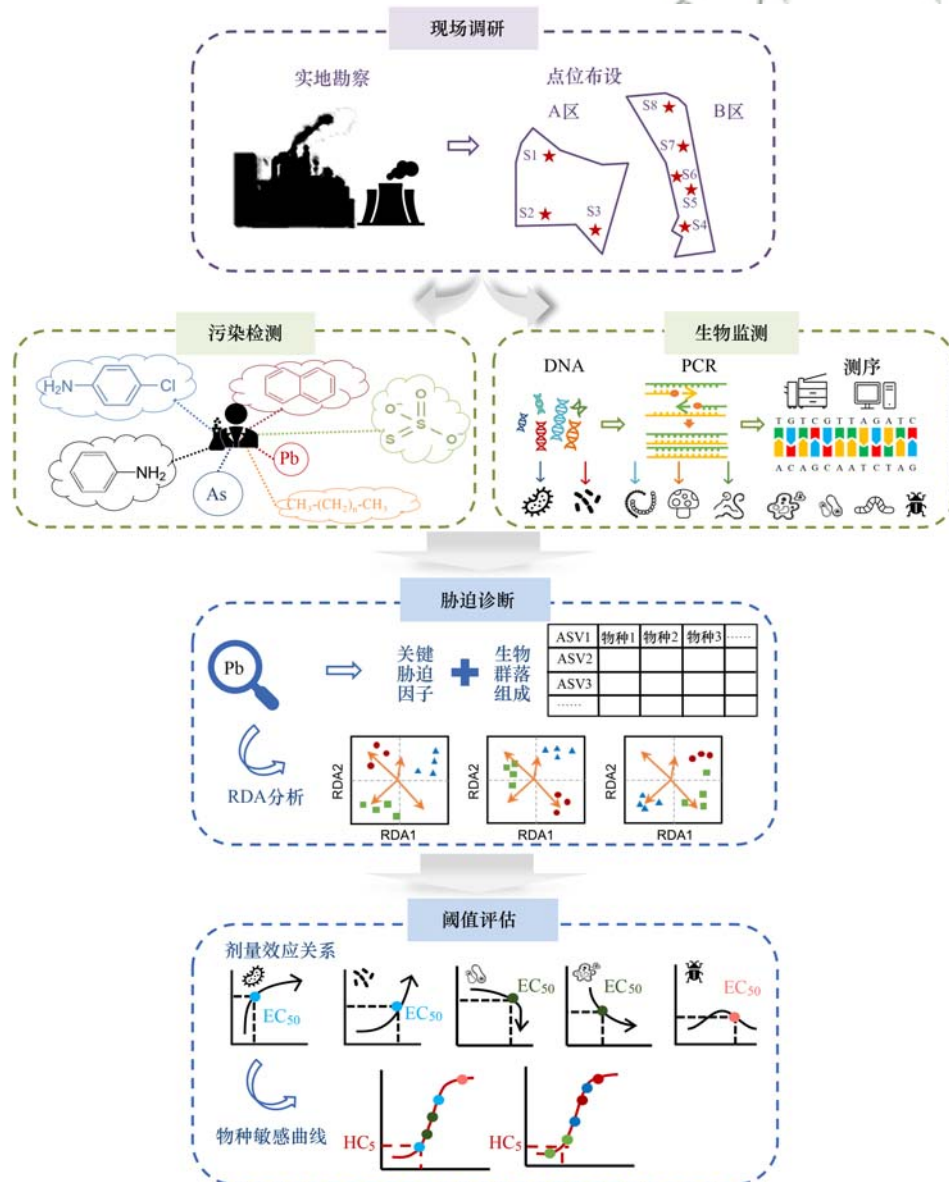


图 2 研究技术路线与流程

Fig. 2 Work flow of this study

造企业聚集的产业格局,有较高的石油及重金属污染风险.本研究在园区内共设置 A 和 B 两个小型研究地块,共布设 8 个采样点(图 2),使用土壤采集器采集表层土壤,每个采样点位采集两份土壤,每份土壤包括 3 个生物学重复,其中一份用塑封袋保存后运回实验室于 -80°C 条件下贮存,待后续处理.另一份用于土壤化学分析,根据初步调研结果和土壤修复目标,对其中常见的不同类别污染物进行分析检测[主要包括硫酸盐、铅、砷和石油烃($\text{C}_{10} \sim \text{C}_{40}$);半挥发性有机物苯胺、萘、4-氯苯胺和 4-硝基苯酚;挥发性有机物氯仿、苯和 1,4-二氯苯].

1.2 生物监测流程

1.2.1 DNA 提取与 PCR 扩增

DNA 提取前首先将土样置于真空冷冻干燥机内脱水冻干,待完全冻干后,充分研磨混匀.取混匀后的 250 mg 样品,使用 DNeasy PowerSoil Kit 试剂盒(QIAGEN,德国)提取 DNA,使用 Qubit 2.0 测定 DNA 浓度.针对不同生物类群,选择引物 341F (5'-ACC TACGGGRCGCGWGCAG-3') 和 518R (5'-GGTDTTAC CGCGGCKGCTG-3')^[27,28] 及 1380F (5'-TCCCTGCC HTTTGTACACAC-3') 和 1510R (5'-CCITTCYGCAGG TTCACCTAC-3')^[29],分别扩增 16S rDNA 的 V3 和 18S rDNA 的 V9 目标区段.PCR 反应体系为 30 μL ,由 15 μL 的 2 $\times$ Taq Master Mix II 聚合酶(诺唯赞,中国),各 1 μL 上下游引物,2 μL 模板 DNA,11 μL 无核酸酶水组成.16S rDNA 的 V3 区段的反应条件为:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min,95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 15 s,64 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 15 s,共进行 28 个循环,最终延伸 5 min.18S rDNA 的 V9 区段扩增时设置退火温度为 62 $^{\circ}\text{C}$,其余条件同上.扩增完成后使用 2% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增效果,确保成功扩增出目标条带且阴性对照无条带后进行下游分析.

1.2.2 文库构建与高通量测序

扩增产物等体积混合后使用 VAHTS DNA Clean Beads(诺唯赞,中国)对产物进行纯化,用 Qubit 2.0 测定纯化后的文库浓度.然后使用 VAHTS Universal DNA Library Prep Kit for Ion Torrent(诺唯赞,中国)建库试剂盒进行文库构建.将待测序文库浓度稀释至 100 pmol $\cdot\text{L}^{-1}$,使用 Ion Torrent S5(Life Technologies,美国)测序平台进行测序.

1.2.3 生物信息学分析

原始数据使用 QIIME 程序包进行质控,移除低质量序列.基于 Python 脚本将 FASTQ 文件转化为 FASTA 文件.使用 VSEARCH 算法对序列去冗余,然后基于 USEARCH 的去噪算法“unoise3”获得单碱基精度的扩增子序列变体(amplicon sequence

variants, ASVs)^[30].最后使用 VSEARCH 算法去嵌合,使用 SILVA(<https://www.arb-silva.de>) 和 PR2 数据库分别对属于 16S rDNA V3 区段和 18S rDNA V9 区段的 ASVs 进行物种注释^[31],生成用于后续数据分析的 ASVs 特征表.

1.3 数据分析与统计

1.3.1 生物数据处理及绘图

使用 R 语言 vegan 包进行生物数据处理和分析,计算 α 生物多样性,进行主坐标分析(PCoA)、冗余分析(RDA)、Kruskal-Wallis 检验(K-W 检验)和置换检验等.采用 R 语言 ggplot2 包和 Graphpad Prism 9 绘图.

1.3.2 敏感及耐受种筛选

敏感及耐受物种表示随土壤中污染物含量变化其相对丰度随之明显降低/升高的物种.根据物种相对丰度及污染物含量变化关系,使用 R 语言进行一元线性回归,计算并采用 $P < 0.1$ 作为敏感/耐受种筛选的标准.其中, $R > 0$ 时表示该物种为耐受种, $R < 0$ 则为敏感种.

1.3.3 SSD 曲线构建及生态风险阈值计算

eDNA-SSD 法是基于生物相对丰度数据的变化,构建 SSD 曲线,最后计算不同污染物的生态风险阈值(HC_5).首先,使用 GraphPad Prism 9 中的 4 参数 Logistic 回归模型拟合物种在不同污染物下的剂量-效应曲线,并计算出 EC_{50} .

其次,采用澳大利亚联邦科学和工业研究组织(CSIRO)开发的 Burrlioz 2.0 软件进行 SSD 曲线拟合,拟合模型为 Burr III,其参数方程为:

$$F_{\text{Burr III}}(x) = \frac{1}{[1 + (b/x)^c]^k} \quad (1)$$

式中, x 为污染物在土壤中的含量, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$; b 、 c 和 k 为函数的 3 个不同参数.

最后,根据拟合的物种敏感性分布曲线,计算 5% 的生态风险阈值(HC_5),其公式为:

$$\text{HC}(q) = \frac{b}{[(1/q)^{1/k} - 1]^{1/c}} \quad (2)$$

式中, $\text{HC}(q)$ 为对 $q\%$ 的物种造成生态风险的污染物含量, $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ (本文采用 HC_5).根据此式计算不同污染物的相应生态风险阈值.

1.3.4 污染指数计算

根据单一污染指数评价方法计算各污染物单一污染指数(PI),然后采用内梅罗指数法($\text{PI}_{\text{Nemerow}}$)计算点位的综合污染指数^[32].在保证所有因子总权重不变的前提下,将识别出的关键胁迫因子权重升高,非关键胁迫因子的权重降低,计算修正后的综合污染指数.采用置换多元方差分析(PerMANOVA)检验

不同污染程度下土壤生物群落组成的差异性.

$$PI_i = C_i/B_i \tag{3}$$

$$PI_{Nemerow} = \sqrt{\left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n PI_i + PI_{i\max}^2\right)/2} \tag{4}$$

式中, C_i 为土壤中污染物 i 的含量, B_i 为土壤污染物 i 的背景值(本研究采用计算出的 HC_5), n 为污染物的种类总数; $PI_{i\max}$ 为点位上单一污染指数最高的值.

2 结果与分析

2.1 园区化学污染及生物分布状况

2.1.1 土壤化学污染特征

园区呈现有机、无机复合污染状况,主要污染

因子为石油烃和苯胺等有机污染物,S4 和 S7 点位受污染程度最重. 土壤检出的高污染因子为硫酸盐、铅、砷、石油烃、苯胺、萘和 4-氯苯胺共 7 种(表 1). 硫酸盐、铅、砷、石油烃和苯胺在各点位均有检出,萘和 4-氯苯胺仅在部分点位检出. S2 的 ω (砷)最高, $27.780\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$. S4 的 ω (硫酸盐)为 $4.416\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 ω (铅)为 $144.186\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 ω (石油烃)为 $449.600\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$. S7 的主要污染为苯胺($41.120\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、萘($0.474\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)和 4-氯苯胺($4.440\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)这 3 种有机物. 综合而言,A 和 B 两区的化学污染特征没有显著差异($P=0.131$, $R=0.272$),整体呈现有机-无机复合污染状况.

表 1 土壤化学污染物含量¹⁾

Table 1 Content of chemical pollutants in soil

采样点	硫酸盐	铅	砷	石油烃	苯胺	萘	4-氯苯胺
A	S1	2.636	25.089	17.574	191.200	0.700	ND
	S2	7.440	51.490	27.780	280.800	0.100	ND
	S3	1.439	35.775	18.615	220.040	0.600	0.334
B	S4	4.416	144.186	20.673	449.600	2.240	0.126
	S5	2.844	49.685	11.316	126.600	10.040	ND
	S6	3.642	37.516	10.846	58.400	1.120	ND
	S7	2.172	29.778	11.790	122.600	41.120	0.474
	S8	2.144	35.492	15.059	119.000	1.720	0.180

1) ND 表示含量低于检测限,无法检出;硫酸盐单位为 $\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$,其余污染因子单位均为 $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$

2.1.2 生物群落组成和多样性

土壤生物群落组成中的高相对丰度优势生物类群为变形菌门、子囊菌门、放线菌门和绿弯菌门等. 对测序数据过滤处理后获得 17 785 个高质量 ASVs,其中 10 790 个可注释,分属于 53 门 141 纲 204 目 250 科 301 属 86 种土壤生物. 细菌的序列丰度水平最高,占总 ASVs 数的 80.82%. 其中变形菌门(Proteobacteria)占 22.55%,放线菌门(Actinobacteria)占 14.14%,酸杆菌门(Acidobacteria)占 10.08%[图 3(a)]. 此外,子囊菌门(Ascomycota)、原生动物门(Protozoa)分别占比 4.09%、3.87%,是除细菌以外其他生物类群中 ASVs 最多的门类. 变形菌门(77 358, reads 数,下同)、子囊菌门(47 417)、放线菌门(26 502)和绿弯菌门(Chloroflexi, 23 150)分别占总 reads 数的 25.54%、15.65%、8.75% 和 7.64%[图 3(b)],为序列 reads 数最高的生物类群. 各点位的生物群落组成中,高相对丰度物种组成相似,而低相对丰度的稀有物种柔膜菌门、黏胶球形菌门等仅在部分点位检出[图 3(c)].

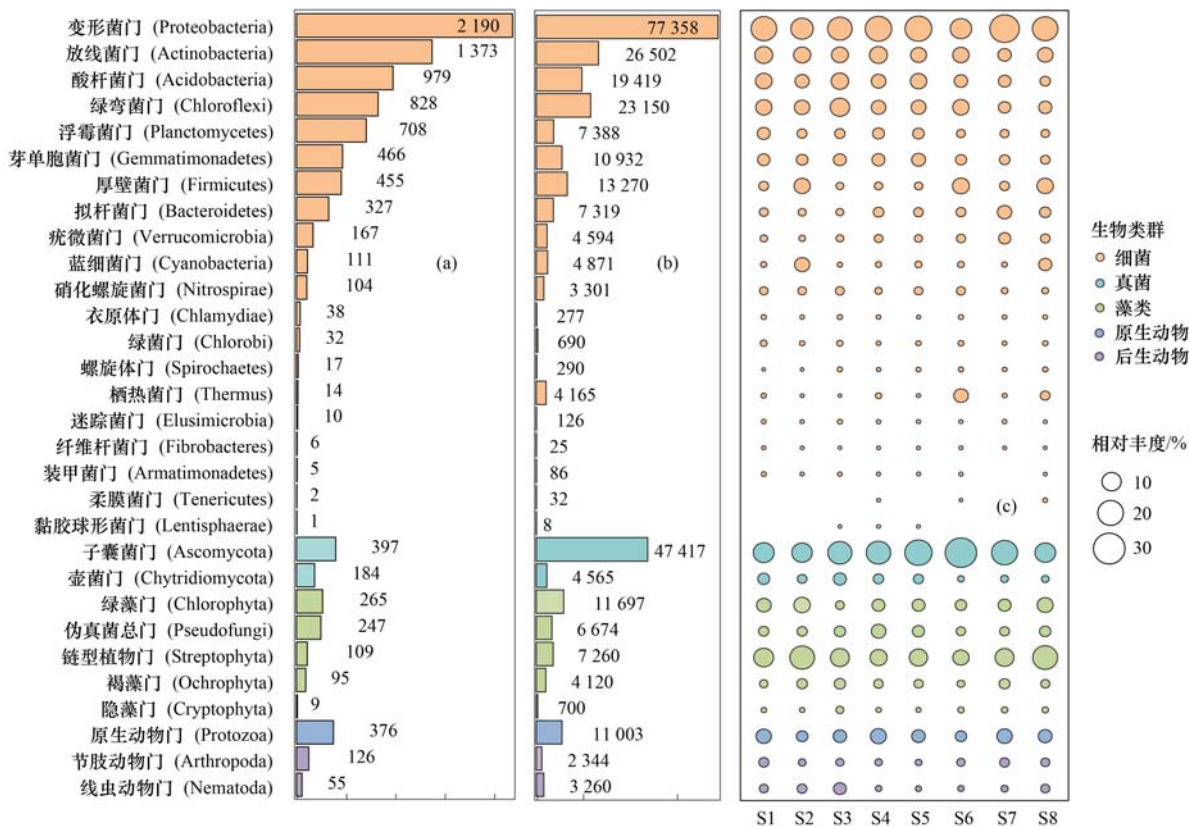
污染不影响土壤生物群落的 α 多样性,但造成 A 区与 B 区之间的 β 多样性存在显著差异,同时影

响点位的生物群落组成. 各点位的丰富度指数(Chao1、ACE)和多样性指数(Shannon、Simpson)不同. K-W 检验结果显示各点位之间($P=0.954$)、A 区与 B 区之间($P=0.907$)的 4 个 α 多样性指数均无显著差异[图 4(a)],表明污染物的存在对土壤生物群落 α 多样性未造成显著影响. PCoA 分析表明 A 和 B 区之间的 β 多样性差异显著($P=0.029$),A 区点位在 PCoA2(15.89%)轴上明显分散,B 区点位在 PCoA1(25.83%)上区分程度更好[图 4(b)]. 此外,PCoA 图中不同点位分布在 4 个象限中,且间隔较远,未形成明显聚类,表明污染导致不同点位间土壤生物群落组成发生变化,从而使其在 PCoA 图上离散分布.

2.2 关键胁迫因子与对应敏感耐受种识别

2.2.1 关键胁迫因子识别

对土壤生物群落产生高影响的关键胁迫因子为苯胺、硫酸盐、石油烃和铅. 环境污染因子中部分污染物存在显著线性相关关系,石油烃和铅($P<0.01$, $R=0.840$)、砷($P<0.05$, $R=0.731$)的含量显著正相关,4-氯苯胺和苯胺($P<0.001$, $R=0.985$)、萘($P<0.05$, $R=0.733$)显著正相关. 冗余分析(RDA)结果显示,5 个环境因子对土壤全类群



(a) 不同门检出的 ASVs 数, 横坐标为 ASVs 数量; (b) 不同门检出的 reads 数, 横坐标为序列 reads 数量; (c) 各点位的土壤生物群落组成及其相对丰度

图 3 土壤生物群落组成和分布

Fig. 3 Composition and distribution of soil biological community

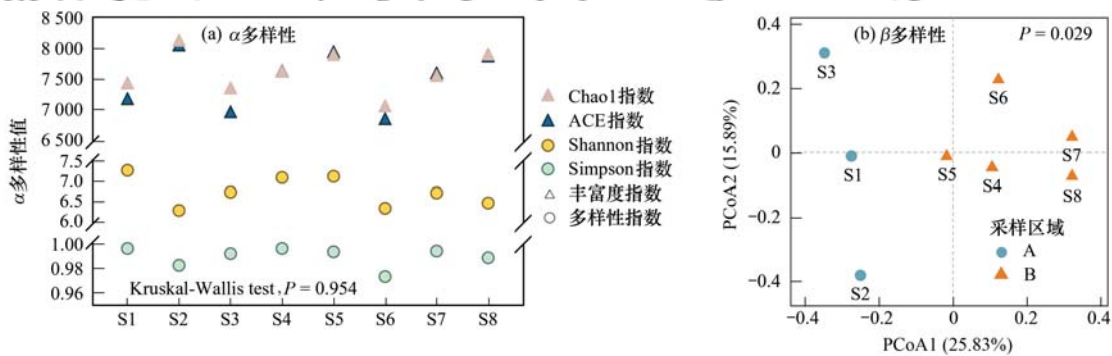


图 4 土壤生物群落多样性

Fig. 4 Diversity of soil biota community

生物分布差异的总解释率为 51.27%, 表明硫酸盐、铅、石油烃、苯胺和萘这 5 个环境因子可以很好解释土壤生物分布的差异. 其中, RDA1 和 RDA2 分别解释了 21.04% 和 14.45% 的变异 (图 5). 不同类群生物受到不同胁迫因子影响的程度存在差异. 细菌受苯胺、萘、石油烃影响明显, 真菌主要受硫酸盐、铅和石油烃影响, 藻类主要受萘和铅影响, 原生动物则受铅和硫酸盐影响较大, 后生动物受硫酸盐和石油烃影响最大. 显著性检验表明苯胺是显著影响细菌群落结构和分布的关键胁迫因子 ($P = 0.030$, 表 2), 硫酸盐对真菌 ($P = 0.025$) 和后生动物 ($P =$

0.032) 造成显著影响.

2.2.2 关键胁迫因子的敏感耐受种

eDNA-SSD 方法分别筛选出苯胺敏感种 3 种, 耐受种 6 种; 铅敏感种 1 种, 耐受种 6 种; 石油烃敏感种 7 种, 耐受种 1 种; 硫酸盐敏感种 6 种, 耐受种 5 种. 苯胺敏感种为 3 种芽孢杆菌 (*Bacillus flexus*、*Bacillus foraminis* 和 *Bacillus selenatarsenatis*), 其相对丰度均与苯胺含量呈现明显负相关 [图 6(a), $P < 0.1$]. 在细菌、真菌、藻类和原生动物等不同类群中均筛选出苯胺耐受种. 主要包括真菌的炭疽菌属 (*Colletotrichum* sp.)、黑酵母菌属 (*Aureobasidium*

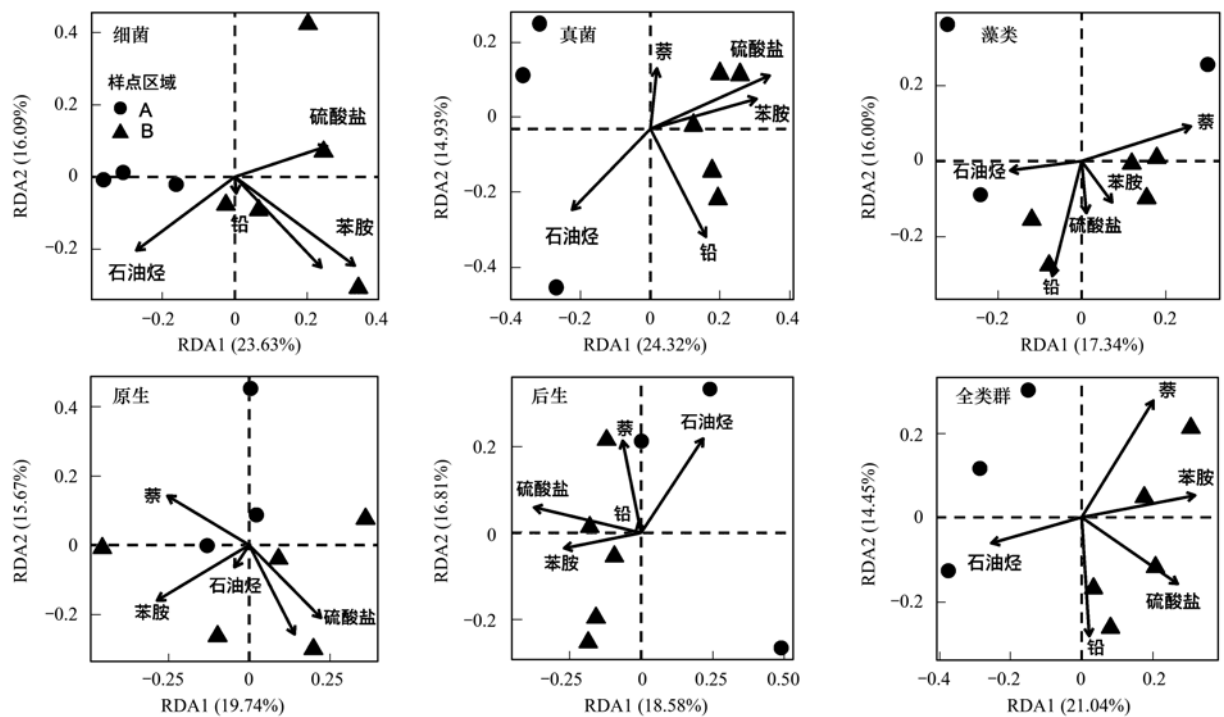


图 5 环境因子对不同类群土壤生物影响的 RDA 分析

Fig. 5 Redundancy analysis of the effects of environmental factors on different groups of soil organisms

表 2 胁迫因子显著性检验¹⁾

Table 2 Permutation test for significance of stress factors

项目	细菌	真菌	藻类	原生	后生	全类群
硫酸盐	0.410	0.025 *	0.702	0.183	0.032 *	0.187
铅	0.954	0.990	0.136	0.220	0.986	0.124
石油烃	0.171	0.165	0.613	0.937	0.163	0.37
苯胺	0.030 *	0.301	0.758	0.147	0.290	0.176

1) * 表示 $P < 0.05$; 由于萘的污染物数据检出点位较少,因此不纳入显著性检验和后续分析

pullulans), 藻类的鞘毛藻属 (*Coleochaete* sp.) 和原生动物中的线虫 (*Stenamoeba* sp.) 等. 节肢动物门下的 *Mesoperlina pecircai* 是铅的敏感种, 而其耐受种为不同属的 6 类细菌. 对石油烃敏感的物种共 7 种, 包含 6 种细菌和 1 种真菌 (*Xylariales* sp.); *Streptomyces radiopugnans* 是唯一 1 种与石油烃含量正相关的细菌, 表明其对石油烃具有较高的耐受性. 6 个物种对硫酸盐含量变化敏感, 5 个物种对其变化耐受, 敏感种包括 1 种体型较大的常见土壤后生动物长针线虫 (*Longidorus fragilis*).

2.3 土壤生态风险阈值与综合污染评价

2.3.1 胁迫因子的生态风险阈值

污染因子的生态风险阈值 (HC_5) 呈现梯度变化趋势, 从低到高依次为苯胺 ($0.11\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、4-氯苯胺 ($0.16\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、砷 ($6.20\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、铅 ($13.00\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、石油烃 ($17.00\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) 和硫酸盐 ($470\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) [图 6 (b)]. 同类别污染物的阈值较为接近, 有机类污染物的 HC_5 明显低于重金属和

类金属, 显著低于无机盐类污染物, 表明有机污染、重金属和无机盐对土壤生物的危害和毒性程度依次递减.

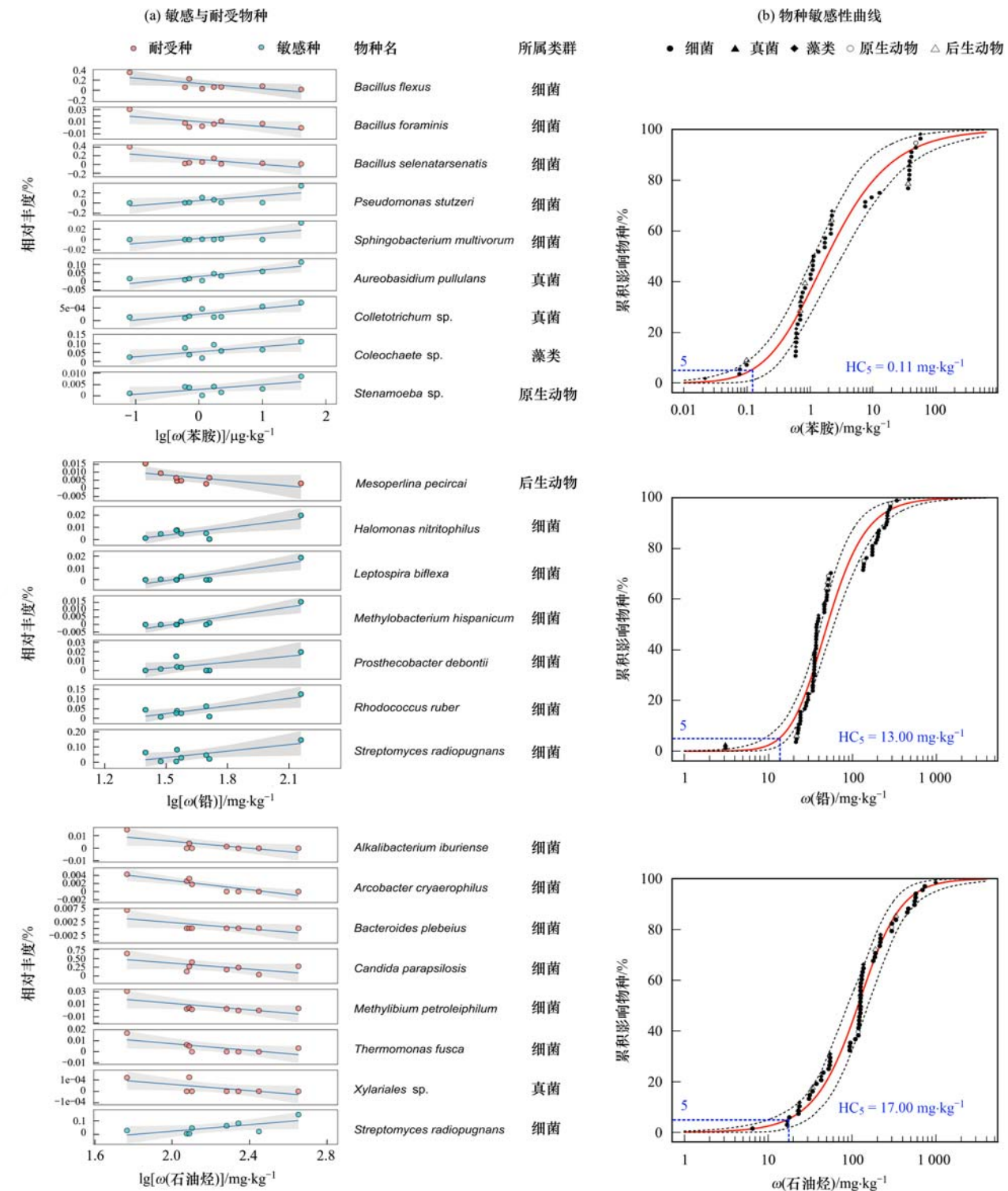
2.3.2 土壤污染程度评价

研究区复合污染土壤呈现大部分区域轻度污染, S6 中度污染, S7 重度污染的特征. S1、S2、S3、S3、S4 和 S8 的污染程度相近, 为轻度污染状况 (表 3). S7 污染指数 ($PI_{修正} = 322.27$) 最高, 为重度污染; S2 为中度污染, 污染指数 $PI_{修正} = 79.03$. 为了验证污染等级划分的合理性, 使用 PerMANOVA 检验不同污染程度下的生物群落组成差异. 结果表明, 不同污染程度间生物群落差异较为显著 ($P = 0.053$), 表明修正后的内梅罗指数法划分的不同污染等级的土壤生物群落组成存在差异. 因此, 基于生物指标的土壤污染综合评价结果显示原化工园区对土壤造成的污染整体较低, 修正的内梅罗指数法对污染等级的评价可以更精准区分土壤生物群落变化.

3 讨论

复合污染对土壤生物 α 多样性不产生显著影响,但土壤生物群落组成及优势生物类群发生变化. 本研究中,4 个 α 多样性指数 (Chao1、ACE、Shannon 和 Simpson) 的显著性检验结果显示污染未

对土壤生物 α 多样性造成显著影响. 有研究表明高含量重金属污染^[33] 和石油污染^[34] 不会显著降低微生物的 α 多样性,且一定程度的污染胁迫还能提高微生物多样性. 因此,污染胁迫只是影响土壤生物多样性的多种因素之一,并不能直接决定土壤生物多样性高低. 然而,污染会对土壤生物群落组成和相对



(a) 土壤生物对关键胁迫因子的响应 (线性拟合, 阴影部分表示 95% 的置信区间);
(b) 关键胁迫因子的物种敏感性分布曲线 (红色曲线为模型拟合的 SSD 曲线, 黑色虚线为 95% 的置信区间)

图 6 关键胁迫因子的生态风险阈值及土壤生物响应

Fig. 6 Ecological risk thresholds of key stress factors and responses of soil organisms

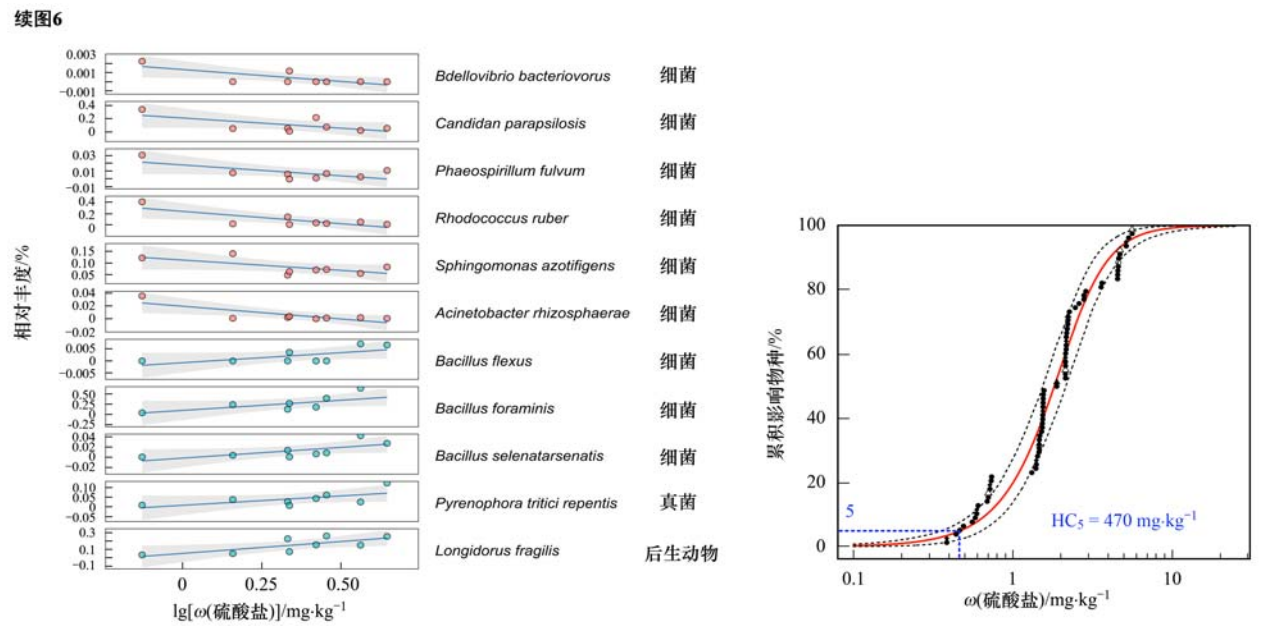


表 3 研究区土壤污染指数和污染程度¹⁾

Table 3 Soil comprehensive pollution index and pollution degree in the study area

点位	单一污染指数						综合污染指数 (PI _{修正})	污染程度
	硫酸盐	铅	砷	石油烃	苯胺	4-氯苯胺		
S1	5.61	1.93	2.83	11.25	6.36	—	10.26	轻度污染
S2	3.06	2.75	3.00	12.94	5.45	—	11.57	轻度污染
S3	1.58	3.96	4.48	16.52	0.91	—	14.46	轻度污染
S4	9.40	11.09	3.33	26.45	20.36	2.83	24.55	轻度污染
S5	4.56	2.73	2.43	7.00	15.64	3.66	14.06	轻度污染
S6	6.05	3.82	1.83	7.45	91.27	3.63	79.03	中度污染
S7	4.62	2.29	1.90	7.21	373.82	27.75	322.27	重度污染
S8	7.75	2.89	1.75	3.44	10.18	1.49	9.38	轻度污染

1) “—”表示该污染物浓度低于检测限,无法检出;轻度、中度和重度污染的划分依据为:PI_{修正} ≤ 50, 50 < PI_{修正} ≤ 100, PI_{修正} > 100

丰度最高的优势生物类群产生影响. 与未污染土壤相比,本研究的土壤中变形菌、放线菌和绿弯菌等污染耐受细菌相对丰度更高. 有研究表明有机污染对土壤微生物群落组成造成显著影响,导致其放线菌和厚壁菌门^[35]等细菌相对丰度增加,拟杆菌门相对丰度减少^[34]. 石油污染土壤中的主要优势类群为变形菌门、厚壁菌门、放线菌门、酸杆菌门和绿弯菌门等细菌^[36,37],重金属污染土壤中高相对丰度微生物为变形菌门、放线菌门、绿弯菌门和酸杆菌门^[38],与本研究结果高度一致. 因此,在有机-无机复合污染胁迫下,具有抗性和降解作用的土壤生物如放线菌、变形菌和子囊菌^[39]等成为高相对丰度优势菌群.

eDNA-SSD 法高准确度地识别出假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*)、鞘氨醇杆菌属 (*Sphingobacterium*) 和红球菌属 (*Rhodococcus*) 等多种对芳香族和石油烃类有机物含量变化敏感的物种. 有研究表明,假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和

鞘氨醇杆菌属 (*Sphingobacterium*) 对降解芳香族和石油烃类化合物有显著效果^[40-42]. 本研究检出的鞘氨醇单胞菌 *Sphingomonas azotifigens* 在高含量石油烃和苯胺污染点位 S4 ~ S7 的 reads 数明显升高,与该细菌实际环境指示效果一致. 假单胞菌 *Pseudomonas stutzeri* 和鞘氨醇杆菌 *Sphingobacterium multivorum* 与苯胺含量显著正相关,表明该类细菌除对多环芳烃和石油烃等烃类物质有较好的降解效果外,对于苯胺等芳香族化合物的衍生物也具备较高的耐受程度和降解效果. 此外,红球菌属 (*Rhodococcus*) 也是常用的石油降解菌,对苯胺、石油烃和酚类^[43]等有机物有良好的降解效果,在低含量 Pb 的协同作用下还能增强对苯胺的降解效果,适用于复合污染土壤的修复^[44]. 本研究结果显示, *Rhodococcus ruber* 菌在石油烃污染含量最高的 S4 点位具有最高的 reads 数检出,并且与 Pb 和硫酸盐含量显著正相关,表明在多重污染胁迫下, Pb 和硫酸盐协同促进细菌对石油类污染物的降解. 此外, *Streptomyces radiopugnans* 菌为抗辐射链霉菌属放线

菌^[45],在 S4 检出 reads 数最高,其含量变化与石油烃和 Pb 含量呈现显著正相关,表明其可能对有机物和重金属均有较高的耐受性和抗性。

本研究实现了本土化土壤条件下苯胺、铅、石油烃和硫酸盐等污染物的生态风险阈值计算,发现关键胁迫因子的生态风险阈值显著低于现行土壤污染风险管控标准。与现行标准《土壤环境质量 建设用地土壤污染风险管控标准》(GB 36600-2018)中苯胺($92 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、砷($20 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、铅($400 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)和石油烃($826 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)一类用地的土壤筛选值对比而言,基于 eDNA-SSD 计算的生态风险阈值分别为苯胺($0.11 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、砷($6.20 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)、铅($13.00 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)和石油烃($17.00 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$),显著低于现行建设用地风险管控标准。其中,苯胺的风险管控值和生态风险值差异最大,达到 800 倍以上,其次为石油烃(40 倍)和铅(30 倍)。现行风险管控标准以人体健康风险为基准制定,与基于土壤生物的生态风险阈值评估和风险评价体系的参照物不同,因此导致二者数值出现巨大差异。Liu 等^[46]基于 11 种作物进行短期毒性试验得出 Cr(VI)的土壤质量标准为 $0.60 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$; Chae 等^[47]基于藻类、跳虫、蚯蚓和植物多类群毒性试验得出苯酚慢性 HC_5 为 $0.3 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 。以上研究均表明,现行风险管控标准并不适用于土壤生物的生态风险评价,因此开展土壤生态风险评价研究并建立响应生态阈值极其必要。因此,eDNA-SSD 方法的构建给不同土壤环境中本土化的环境基准值的建立和土壤风险评估提供了可行的方案。此外,eDNA 获取的高通量生物数据还可用于开发无生物注释的生物评价指数,可以在现有基础上扩展生物评价的适用范围、提升生物评价准确度,对生物指标的推广和应用起到极大的促进作用^[48]。

然而,由于本研究的空间尺度有限,后续需要进一步在更大尺度的森林和湿地等人为干扰强度梯度变化的土壤生态系统中开展研究,充分探究化学污染对土壤生物组成的影响及其机制。同时,可将本研究框架应用于修复后的土壤生态评价,以评估土壤修复效果,探究生态系统恢复过程中土壤生物群落和组成的动态变化情况。此外,为确保 eDNA-SSD 方法的稳健及准确性,还需将该方案应用于更多实例中加以验证,以期对我国土壤环境质量标准的建立和完善提供参考。

4 结论

(1)工业复合污染对园区土壤生物 α 多样性影响不显著,但导致生物群落组成和高相对丰度物种

发生变化。污染土壤中的优势类群为变形菌门、子囊菌门、放线菌门和绿弯菌门等,其 reads 数占比分别为 25.54%、15.65%、8.75% 及 7.64%。

(2)苯胺、硫酸盐、石油烃和铅是对土壤生物造成显著影响的关键胁迫因子。其中,苯胺影响细菌($P=0.030$)的群落组成和分布,硫酸盐对真菌($P=0.025$)和后生动物($P=0.032$)的影响最显著。

(3)关键胁迫因子的生态风险阈值随其理化性质呈现明显梯度差异,依次为:硫酸盐($470.00 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) > 石油烃($17.00 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) > 铅($13.00 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) > 砷($6.20 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) > 4-氯苯胺($0.16 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$) > 苯胺($0.11 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)。现行土壤污染风险管控标准明显高于 5% 的生态风险阈值。

(4)综合污染指数显示园区土壤污染程度主要为轻度污染。不同污染程度下的土壤生物群落组成具有明显差异($P=0.053$),表明基于生物指标的土壤评价方法更能精确区分土壤生物群落组成及其结构差异。

参考文献:

- [1] Vodyanitskii Y N, Yakovlev A S. Contamination of soils and groundwater with new organic micropollutants: a review [J]. *Eurasian Soil Science*, 2016, **49**(5): 560-569.
- [2] Haygarth P M, Ritz K. The future of soils and land use in the UK: Soil systems for the provision of land-based ecosystem services[J]. *Land Use Policy*, 2009, **26**: S187-S197.
- [3] Artz R, Anastasiou D, Arrouays D, et al. European atlas of soil biodiversity [M]. Luxembourg: European Commission, Publications Office of the European Union, 2010.
- [4] Sakshi, Singh S K, Haritash A K. Polycyclic aromatic hydrocarbons: soil pollution and remediation[J]. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2019, **16**(10): 6489-6512.
- [5] Bayabil H K, Teshome F T, Li Y C. Emerging contaminants in soil and water[J]. *Frontiers in Environmental Science*, 2022, **10**, doi: 10.3389/fenvs.2022.873499.
- [6] Benayas J M R, Newton A C, Diaz A, et al. Enhancement of biodiversity and ecosystem services by ecological restoration: a meta-analysis[J]. *Science*, 2009, **325**(5944): 1121-1124.
- [7] Geisen S, Wall D H, van der Putten W H. Challenges and opportunities for soil biodiversity in the anthropocene [J]. *Current Biology*, 2019, **29**(19): R1036-R1044.
- [8] 葛锋, 张转霞, 扶恒, 等. 我国有机污染场地现状分析及展望[J]. *土壤*, 2021, **53**(6): 1132-1141.
Ge F, Zhang Z X, Fu H, et al. Distribution of organic contaminated sites in China: statu quo and prospect[J]. *Soils*, 2021, **53**(6): 1132-1141.
- [9] Li Z Y, Ma Z W, van der Kuijp 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.
- [10] 朱媛媛, 田靖, 魏恩琪, 等. 天津市土壤多环芳烃污染特征、源解析和生态风险评价[J]. *环境化学*, 2014, **33**(2): 248-255.
Zhu Y Y, Tian J, Wei E Q, et al. Characteristics, sources apportionment and ecological risks assessment of polycyclic

- aromatic hydrocarbons in soils of Tianjin, China [J]. *Environmental Chemistry*, 2014, **33**(2): 248-255.
- [11] Andrews S S, Karlen D L, Cambardella C A. The soil management assessment framework [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2004, **68**(6): 1945-1962.
- [12] Orgiazzi A, Dunbar M B, Panagos P, *et al.* Soil biodiversity and DNA barcodes: opportunities and challenges [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **80**: 244-250.
- [13] Weissmannová H D, Pavlovsky J. Indices of soil contamination by heavy metals-methodology of calculation for pollution assessment (minireview) [J]. *Environmental Monitoring and Assessment*, 2017, **189**(12), doi: 10.1007/s10661-017-6340-5.
- [14] Römbke J, Jänsch S, Didden W. The use of earthworms in ecological soil classification and assessment concepts [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2005, **62**(2): 249-265.
- [15] Pan F J, Yan R R, Zhao J L, *et al.* Effects of grazing intensity on soil nematode community structure and function in different soil layers in a meadow steppe [J]. *Plant and Soil*, 2022, **471**(1): 33-46.
- [16] Cole E J, Barker A V, Zandvakili O R, *et al.* Soil nutrient and nematode community changes in response to hardwood charcoal application [J]. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 2021, **52**(9): 917-925.
- [17] Chae Y, Cui R X, Moon J, *et al.* Ecological hazard assessment of methyl ethyl ketone using the species sensitivity distribution approach in a soil ecosystem [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, **360**: 490-497.
- [18] Brand E, Lijzen J, Peijnenburg W, *et al.* Possibilities of implementation of bioavailability methods for organic contaminants in the Dutch soil quality assessment framework [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2013, **261**: 833-839.
- [19] 罗晶晶, 吴凡, 张加文, 等. 我国土壤受试植物筛选与毒性预测 [J]. *中国环境科学*, 2022, **42**(7): 3295-3305.
- Luo J J, Wu F, Zhang J W, *et al.* Screening of soil test plants and developing of their toxicity prediction models in China [J]. *China Environmental Science*, 2022, **42**(7): 3295-3305.
- [20] Deiner K, Bik H M, Mächler E, *et al.* Environmental DNA metabarcoding: transforming how we survey animal and plant communities [J]. *Molecular Ecology*, 2017, **26**(21): 5872-5895.
- [21] Hajibabaei M, Baird D J, Fahner N A, *et al.* A new way to contemplate Darwin's tangled bank: how DNA barcodes are reconnecting biodiversity science and biomonitoring [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 2016, **371**(1702), doi: 10.1098/rstb.2015.0330.
- [22] Zhang X W, Xia P, Wang P P, *et al.* Omics advances in ecotoxicology [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(7): 3842-3851.
- [23] Yang J H, Zhang X W, Xie Y W, *et al.* Ecogenomics of zooplankton community reveals ecological threshold of ammonia nitrogen [J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, **51**(5): 3057-3064.
- [24] Yang J H, Jeppe K, Pettigrove V, *et al.* Environmental DNA metabarcoding supporting community assessment of environmental stressors in a field-based sediment microcosm study [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(24): 14469-14479.
- [25] Kwak J I, Moon J, Kim D, *et al.* Determination of the soil hazardous concentrations of bisphenol A using the species sensitivity approach [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, **344**: 390-397.
- [26] Gworek B, Baczewska-Dąbrowska A H, Kalinowski R, *et al.* Ecological risk assessment for land contaminated by petrochemical industry [J]. *PLoS One*, 2018, **13**(10), doi: 10.1371/journal.pone.0204852.
- [27] Muyzer G, de Waal E C, Uitterlinden A G. Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, **59**(3): 695-700.
- [28] Klindworth A, Pruesse E, Schweer T, *et al.* Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies [J]. *Nucleic Acids Research*, 2013, **41**(1), doi: 10.1093/nar/gks808.
- [29] Amaral-Zettler L A, McCliment E A, Ducklow H W, *et al.* A method for studying protistan diversity using massively parallel sequencing of V9 hypervariable regions of small-subunit ribosomal RNA genes [J]. *PLoS One*, 2009, **4**(7), doi: 10.1371/journal.pone.0006372.
- [30] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST [J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(19): 2460-2461.
- [31] Guillou L, Bachar D, Audic S, *et al.* The Protist Ribosomal Reference database (PR²): a catalog of unicellular eukaryote Small Sub-Unit rRNA sequences with curated taxonomy [J]. *Nucleic Acids Research*, 2012, **41**(D1): D597-D604.
- [32] Cheng J L, Shi Z, Zhu Y W. Assessment and mapping of environmental quality in agricultural soils of Zhejiang Province, China [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2007, **19**(1): 50-54.
- [33] An Q R, Li Y Y, Zheng N, *et al.* Influence of cadmium and copper mixtures to rhizosphere bacterial communities [J]. *Soil Ecology Letters*, 2022, doi: 10.1007/s42832-021-0128-9.
- [34] Galitskaya P, Biktasheva L, Blagodatsky S, *et al.* Response of bacterial and fungal communities to high petroleum pollution in different soils [J]. *Scientific Reports*, 2021, **11**(1), doi: 10.1038/s41598-020-80631-4.
- [35] 葛艺. 土壤中菲—铜复合污染对小麦根系微生物组集群的影响 [D]. 青岛: 青岛大学, 2021.
- Ge Y. Effects of phenanthrene and copper combined contamination in soil on wheat root microbiome cluster [D]. Qingdao: Qingdao University, 2021.
- [36] Sutton N B, Maphosa F, Morillo J A, *et al.* Impact of long-term diesel contamination on soil microbial community structure [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, **79**(2): 619-630.
- [37] Peng M, Zi X X, Wang Q Y. Bacterial community diversity of oil-contaminated soils assessed by high throughput sequencing of 16S rRNA genes [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2015, **12**(10): 12002-12015.
- [38] 陈凤鸣. 不同类型污染土壤中重金属及微生物群落分布特征研究 [D]. 衡阳: 南华大学, 2021.
- Chen F M. Distribution characteristics of heavy metals and microbial communities in different types of polluted soil [D]. Hengyang: University of South China, 2021.
- [39] Hassan A, Periatamby A, Ahmed A, *et al.* Effective bioremediation of heavy metal-contaminated landfill soil through bioaugmentation using consortia of fungi [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2020, **20**(1): 66-80.
- [40] Li H, Zhang Y, Kravchenko I, *et al.* Dynamic changes in microbial activity and community structure during biodegradation

- of petroleum compounds; a laboratory experiment[J]. Journal of Environmental Sciences, 2007, **19**(8): 1003-1013.
- [41] 蔡训辉, 王如意, 胡胜男, 等. 鞘氨醇杆菌的研究进展[J]. 基因组学与应用生物学, 2020, **39**(5): 2096-2102.
Cai X H, Wang R Y, Hu S N, *et al.* Research progress of *Sphingobacterium*[J]. Genomics and Applied Biology, 2020, **39**(5): 2096-2102.
- [42] 张灵利, 徐宏英, 葛晶丽. 多环芳烃污染生物修复研究进展[J]. 微生物学杂志, 2016, **36**(2): 81-86.
Zhang L L, Xu H Y, Ge J L. Advances in polycyclic aromatic hydrocarbon pollution bio-redemption [J]. Journal of Microbiology, 2016, **36**(2): 81-86.
- [43] Ghosh A, Paul D, Prakash D, *et al.* *Rhodococcus imtechensis* sp. nov., a nitrophenol-degrading actinomycete [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2006, **56**(8): 1965-1969.
- [44] 王胜涛, 卢琪, 王羽, 等. 樊庆生红球菌菌剂制备优化及其重金属修复促进效果研究[J]. 环境科学学报, 2022, **42**(4): 403-411.
Wang S T, Lu Q, Wang Y, *et al.* *Rhodococcus qingshengi* inoculant preparation and its role in promoting efficient heavy metal phytoremediation [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2022, **42**(4): 403-411.
- [45] Mao J, Tang Q Y, Zhang Z D, *et al.* *Streptomyces radiopugnans* sp. nov., a radiation-resistant actinomycete isolated from radiation-polluted soil in China [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2007, **57**(11): 2578-2582.
- [46] Liu Y X, Zhou Q X, Wang Y, *et al.* Deriving soil quality criteria of chromium based on species sensitivity distribution methodology [J]. Toxics, 2021, **9**(3), doi: 10.3390/toxics9030058.
- [47] Chae Y, Kim L, Kim D, *et al.* Deriving hazardous concentrations of phenol in soil ecosystems using a species sensitivity distribution approach [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, **399**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.123036.
- [48] 姜山, 张颜, 李飞龙, 等. 基于 eDNA 的硅藻群落时空异质性及生态健康评价[J]. 环境科学, 2023, **44**(1): 272-281.
Jiang S, Zhang Y, Li F L, *et al.* Spatial and temporal heterogeneity and ecological health evaluation of diatom community based on eDNA [J]. Environmental Science, 2023, **44**(1): 272-281.



CONTENTS

Assessing the Environmental and Health Co-benefits of Accelerated Energy Transition and Industrial Restructuring: A Case Study of the BTHS Region	YANG Xi, SUN Yi-sheng, CHANG Shi-yan, <i>et al.</i> (3627)
Synergistic Paths of Reduced Pollution and Carbon Emissions Based on Different Power Demands in China	XIANG Meng-yu, WANG Shen, LÜ Lian-hong, <i>et al.</i> (3637)
Evaluation Method and Application for Urban Carbon Peaking & Neutrality Performance	ZHANG Bao-liu, BAI Zi-han, ZHANG Nan, <i>et al.</i> (3649)
Revealing Driving Factors of Urban O ₃ Based on Explainable Machine Learning	DONG Jia-qi, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (3660)
Sensitivity Analysis of Ozone Formation Using Response Surface Methodology	ZHU Yu-huan, CHEN Bing, ZHANG Ya-ru, <i>et al.</i> (3669)
Analysis of O ₃ Sources in Yulin City in Summer Based on WRF-CMAQ/ISAM Model	WANG Yi-fan, TONG Ji-long, CHEN Yu-xiang, <i>et al.</i> (3676)
Atmospheric Ozone Concentration Prediction in Nanjing Based on LightGBM	ZHU Jia-ying, AN Jun-lin, FENG Yue-zheng, <i>et al.</i> (3685)
Meteorological Formation Mechanisms and Potential Sources of an Ozone Pollution Process in Winter of 2022 in Guangdong Province	LI Ting-yuan, CHEN Jing-yang, GONG Yu, <i>et al.</i> (3695)
Impact of Summer Tropospheric Ozone Radiative Forcing on Meteorology and Air Quality in North China	DU Nan, CHEN Lei, LIAO Hong, <i>et al.</i> (3705)
Identification of Impacts from Meteorology and Local and Transported Photochemical Generation on Ozone Trends in Changsha from 2018 to 2020	YANG Jun, YANG Lei-feng, DING Hua, <i>et al.</i> (3715)
Spatio-temporal Variation and Multi-dimensional Detection of Driving Mechanism of PM _{2.5} Concentration in the Chengdu-Chongqing Urban Agglomeration from 2000 to 2021	XU Yong, GUO Zhen-dong, ZHENG Zhi-wei, <i>et al.</i> (3724)
Estimation of PM _{2.5} Hourly Concentration in Sichuan Province Based on GTWR-XGBoost Model	WU Di, DU Ning, WANG Li, <i>et al.</i> (3738)
Transmission and Growth Characteristics of Severe PM _{2.5} Pollution Events from 2013 to 2021 in Xingtai, Hebei	JIANG Qi, SHENG Li, JIN Yu-chen, <i>et al.</i> (3749)
Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Urban Shanghai During Cold Season Based on High Time-resolution Measurements of Organic Molecular Markers	ZHU Shu-hui (3760)
Emission Factors of Carbonaceous Aerosol and Stable Carbon Isotope for In-use Vehicles	YU Ming-yuan, WANG Qian, FU Ming-liang, <i>et al.</i> (3771)
Composition Characteristics of Volatile Organic Compounds and Associated Contributions to Secondary Pollution in Shenyang Industrial Area in Summer	GUAN Lu, SU Cong-cong, KU Ying-ying, <i>et al.</i> (3779)
Characteristics of VOCs and Assessment of Emission Reduction Effect During the Epidemic Lockdown Period in Shenzhen Urban Area	YUN Long, LIN Chu-xiong, LI Cheng-liu, <i>et al.</i> (3788)
Characteristics of Organic Matter Composition and Oxidation Potential in Road Dust in Winter in Xi'an	WANG Qing-wen, CHEN Qing-cai, WANG Chao, <i>et al.</i> (3797)
Contamination Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Compounds in Surface Dust of Suntuan Mining Area in Huaibei	XU Zhen-peng, QIAN Ya-hui, HONG Xiu-ping, <i>et al.</i> (3809)
Spatial-temporal Variation in Water Quality and Its Response to Precipitation and Land Use in Baiyangdian Lake in the Early Stage of the Construction of Xiong'an New Area	WANG Zi-ming, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (3820)
Simulation of Pollution Apportionment and Optimization of Control Methods in Watershed Scale: A Case Study of the Shun'an Watershed in Tongling City	LIU Guo-wangchen, CHEN Lei, LI Jia-qi, <i>et al.</i> (3835)
Evaluation of Shallow Groundwater Quality and Optimization of Monitoring Indicators in Nanchang	ZHENG Zi-yin, CHU Xiao-dong, XU Jin-ying, <i>et al.</i> (3846)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics and Influencing Factors of "Three Waters" in Shandian River Basin	YANG Li-na, JIA De-bin, GAO Rui-zhong, <i>et al.</i> (3855)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Abundant and Rare Planktonic Microeukaryotes in Jinsha River	YAN Bing-cheng, CUI Ge, SUN Sheng-hao, <i>et al.</i> (3864)
Bacterial Community Diversity in Channel Sediments of Different Disturbance Sections of the Jialing River	ZHU Lan-ping, ZHANG Tuo, LI Jia-ning, <i>et al.</i> (3872)
Effects of Reservoir Water Depth on Different Plankton Communities and Keystone Species of Network Interaction	WANG Xun, LIAO Qin, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (3881)
Correlation Between the Diversity Characteristics of Groundwater Bacterial Community and Environmental Factors in Typical Industrial Areas	WU Jian-qiang, ZHANG Shu-yuan, WANG Min, <i>et al.</i> (3892)
Effects of Fertilizer Application Strategy Adjustments on Nitrogen and Phosphorus Loss from Typical Crop Systems in Taihu Lake Region	YU Ying-liang, WANG Yi-zhi, YANG Bei, <i>et al.</i> (3902)
Estimation of Cropland Nitrogen Runoff Loss Loads in the Yangtze River Basin Based on the Machine Learning Approaches	ZHANG Yu-fu, PAN Zhe-qi, CHEN Ding-jiang (3913)
Classification and Identification of Non-point Source Nitrogen Pollution in Surface Flow of the Shangwu River Watershed in the Qiandao Lake Region	YU Ke, YAN Yan, TANG Zhang-xuan, <i>et al.</i> (3923)
Spatial Distribution of Nitrogen and Phosphorus Nutrients in the Main Stream and Typical Tributaries of Tuojiang River and Fujiang River	LI Zi-yang, ZHOU Ming-hua, XU Peng, <i>et al.</i> (3933)
Sediment Pollution and Dredging Effect of Waqinhui River	ZHANG Mu, REN Zeng-yi, ZHANG Man, <i>et al.</i> (3945)
Critical Review on Environmental Occurrence and Photochemical Behavior of Substituted Polycyclic Aromatic Hydrocarbons	GE Lin-ke, WANG Zi-yu, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (3957)
Cadmium and Arsenic Interactions During Co-adsorption onto Goethite	SU Zi-xian, LIU Sai-hong, GUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (3970)
Preparation of Catalyst Cyclodextrin-Fe-TAML to Activate H ₂ O ₂ and Oxidize Organic Micropollutants in Water	LIU Qing-quan, CAI Ben-zhe, CAI Xi-yun (3978)
Performance and Reaction Mechanism of Co(II) Mediated Activation of Peroxymonosulfate for Degrading Nitrilotris (Methylene Phosphonic Acid)	ZHU Jing-lin, WANG Shu (3990)
Change in Granulation Potential and Microbial Enrichment Characteristics of Sludge Induced by Microplastics	XIE Qing-fan, YU Nan, ZHANG Ni, <i>et al.</i> (3997)
Accumulation Characteristics and Probabilistic Risk Assessment of Cd in Agricultural Soils Across China	WANG Jing, WEI Heng, PAN Bo (4006)
Source Analysis and Pollution Assessment of Soil Heavy Metals in Typical Geological High Background Area in Southeastern Chongqing	JIANG Yu-lian, YU Jing, WANG Rui, <i>et al.</i> (4017)
Integrated Analysis on Source-exposure Risk of Heavy Metals in Farmland Soil Based on PMF Model: A Case Study in the E-waste Dismantling Area in Zhejiang Province	FANG Jia, HE Ying, HUANG Nai-tao, <i>et al.</i> (4027)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Farmland Soil and Crops in the Suburbs of Urumqi	FAN Yue, CAO Shuang-yu, Nuerla Ailijiang, <i>et al.</i> (4039)
Distribution and Driving Mechanisms of Antibiotic Resistance Genes in Desert-Oasis Continuum	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yidan, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4052)
Characteristics of Antibiotic Contamination of Soil in China in Past Fifteen Years and the Bioremediation Technology: A Review	ZHAO Xiao-dong, QIAO Qing-qing, QIN Xiao-rui, <i>et al.</i> (4059)
Modified Biochar for Remediation of Soil Contaminated with Arsenic and Cadmium: A Review	LÜ Peng, LI Lian-fang, HUANG Xiao-ya (4077)
Effect of Biogas Slurry Return to Field on Heavy Metal Accumulation in Soil-crop System: A Meta-analysis	ZHAO Qi-zhi, YANG Zhi-min, KONG Fan-jing, <i>et al.</i> (4091)
Remediation Effect of Two Iron-modified Biochars on Slightly Alkaline Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	LIANG Xin-ran, HE Dan, ZHENG Zhao-hua, <i>et al.</i> (4100)
Effects of Straw Removal Measure on Soil Cd Bioavailability and Rice Cd Accumulation	WANG Zi-yu, ZHOU Hang, ZHOU Kun-hua, <i>et al.</i> (4109)
Application of Desulphurized Gypsum with Straw to Improve Physicochemical Properties of Saline-alkali Land in Yellow River Delta	ZHAO Hui-li, YU Jin-yi, LIU Tao, <i>et al.</i> (4119)
Biological Evaluation and Key Stress Factor Diagnosis of Compound Contaminated Soil Based on Environmental DNA	HUANG Xiang-yun, ZHONG Wen-jun, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4130)
Comprehensive Quality Assessment of Soil-Maize Heavy Metals in High Geological Background Area	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (4142)
Ecological Risk and Health Risk of Heavy Metal Pollution in Vegetable Production System of Zhejiang Province	ZHANG Shu-min, LIU Cui-ling, YANG Gui-ling, <i>et al.</i> (4151)
Effect of Biochar with Phosphorus Fertilizer on Soil Nutrients, Enzyme Activity, and Nutrient Uptake of <i>Alfalfa</i>	LIU Xin-yu, WANG Dong-mei, ZHANG Ze-zhou, <i>et al.</i> (4162)
Effects of Low-density Polyethylene Microplastics on the Growth and Physiology Characteristics of <i>Ipomoea aquatica</i> Forsk	ZHOU Ying, JIANG Wen-ting, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4170)
Effects of Biogas Slurry Application on Soil Microbial Communities Structure and Function During Wheat-rice Stubble Period	QIAO Yu-ying, XI Hui, LI Na, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Soil Bacterial Community Structure and Ecological Function Characteristics in Different Pollution Levels of Lead-zinc Tailings in Datong	LIU Ze-xun, ZHUANG Jia-yao, LIU Chao, <i>et al.</i> (4191)
Effect of Fire-deposited Charcoal on Soil Organic Carbon Pools and Associated Enzyme Activities in a Recently Harvested <i>Pinus massoniana</i> Plantation Subjected to Broadcast Burning	YAO Zhi, JIAO Peng-yu, WU Xiao-sheng, <i>et al.</i> (4201)