

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污降碳协同增效路径 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 O₃ 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 O₃ 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 李婉苑, 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, 谢锋, 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, 郑伟亮, 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 张育福, 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 H₂O₂ 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, 蔡廷江 (4170)

沼液施用对麦茬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)

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

(南京林业大学林学院, 南京 210000)

摘要: 随着工业化飞速发展, 矿山开采滞留大量废弃物严重破坏了生态环境, 造成的污染亟待解决. 以不同污染区为对象, 利用 Illumina 高通量测序技术分析土壤细菌群落的变化, 结合土壤理化因子探究土壤细菌群落主要影响因素, 并对其潜在生态学功能进行预测. 结果表明, 受尾矿污染加剧影响, 土壤养分流失严重. 土壤样品共获得细菌操作分类单元 (OTU) 14 253 个, 重度污染区 (W1)、中度污染区 (W2)、轻度污染区 (W3) 和清洁区 (CK) 的 OTU 数分别为 3 240、3 330、3 813 和 3 870 个, 随着污染加剧, 土壤 OTU 值下降. 在土壤细菌群落 α 多样性分析中, 与 CK 相比, W1 显著降低了 Chao1、ACE 和 Shannon 指数 ($P < 0.05$), W3 无显著差异. 土壤细菌群落的优势菌门是放线菌门 (β -Actinobacteria)、变形菌门 (β -Proteobacteria) 和绿弯菌门 (β -Chloroflexi), 污染区 (W1 ~ W3) 提高了放线菌门和变形菌门的相对丰度, 降低了绿弯菌门的相对丰度, W1 优势菌门的相对丰度与 CK 差异性显著 ($P < 0.05$). RDA 分析表明土壤理化性质与土壤细菌群落的总变异数为 93.35%; Spearman 分析表明, 放线菌门与氮源和有机质呈显著负相关, 与 pH 呈显著正相关; 变形菌门与氮源、磷源、有效钾和有机质呈显著负相关, 与全钾和 pH 呈显著正相关; 绿弯菌门与氮源、磷源、有效钾和有机质呈极显著正相关, 与 pH 呈极显著负相关. 利用 Tax4 Fun 进行了生物代谢通路分析, 土壤重金属污染影响土壤细菌群落, 改变了其参与的主要生物代谢类型. FAPROTAX 预测结果表明, W1 显著增加了塑性降解、尿素分解和木质素分解代谢相关的基因丰度 ($P < 0.05$), CK 参与的代谢模式的基因丰度要高于污染区, 不仅参与降解代谢还与氧化代谢有关, 表明尾矿污染影响改变了土壤细菌群落能量代谢和功能潜力. 研究结果揭示了尾矿不同污染区土壤细菌分类和功能多样性的变化及驱动机制, 为矿区植物恢复和生态修复提供了理论依据.

关键词: 尾矿; 土壤理化因子; 高通量测序; 细菌群落结构; 生态功能预测

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)07-4191-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202209160

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, ZHENG Kang, CHEN Ling

(College of Forestry, Nanjing Forestry University, Nanjing 210000, China)

Abstract: A rapid rise in industrialization has led to the accumulation of copious mining waste, which has caused serious destruction of the ecological environment, resulting in severe pollution problems that need to be addressed urgently. In this study, altered soil bacterial communities in different polluted areas were analyzed using the Illumina high-throughput sequencing technique. The primary factors along with physical and chemical factors influencing the soil bacterial communities were also investigated, and the associated potential ecological functions were predicted. The results of these analyses indicated that aggravated pollution caused severe loss of tailing soil nutrients. A total of 14 253 bacterial OTU was obtained from the soil samples. The total numbers of OTU in the heavily polluted area (W1), moderately polluted area (W2), lightly polluted area (W3), and clean area (CK) were 3 240, 3 330, 3 813, and 3 870, respectively. However, the soil OTUs decreased gradually with increasing pollution. In the α -diversity index analysis, the richness and evenness of the soil bacterial community were significantly decreased in the W1 group. A significant decrease in the Chao1, ACE, and Shannon indexes was also observed in the W1 group, whereas no significant difference was observed in the W3 group compared to the control. The dominant bacterial phyla identified in the soil were β -Actinobacteria, β -Proteobacteria, and β -Chloroflexi. Further, the relative abundance of β -Actinobacteria and β -Proteobacteria was high, whereas relative abundance of β -Chloroflexi in the W1-W3 groups was low compared to that in the control. The relative abundance of the dominant phylum in the W1 group was significantly different than that in the CK group ($P < 0.05$). RDA showed that the soil physical and chemical properties selected in this study explained the total variation in soil bacterial community by 93.35%. Spearman analysis showed that β -Actinobacteria was negatively correlated with nitrogen source and organic matter and positively correlated with pH; β -Proteobacteria was negatively correlated with nitrogen source, phosphorus source, available potassium, and organic matter and positively correlated with total potassium and pH; and β -Chloroflexi was positively correlated with nitrogen source, phosphorus source, available potassium, and organic matter and negatively correlated with pH. Tax4 Fun was used to analyze the biological metabolic pathway. Heavy metal pollution in the soil affected the soil bacterial community and changed the main types of biological metabolism. The ecological functions of soil bacteria groups in different polluted areas were predicted by FAPROTAX. The results showed that the dominant metabolic patterns were affected by the pollution degree, and the metabolic patterns of soil bacteria in polluted areas were relatively single. The functional abundance of metabolic patterns of soil bacteria communities in CK was higher than that in polluted areas, which not only participated in degradation metabolism but also related to oxidation metabolism.

Key words: tail mining area; soil physical and chemical factors; high-throughput sequencing; bacterial community structure; ecological function prediction

收稿日期: 2022-09-17; 修订日期: 2022-10-01

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2017YFC0505500); 江苏省教育厅项目 (2019JSJG247); 江苏省高等学校林学优势学科建设项目 (164010641)

作者简介: 刘泽勋 (1997 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为矿山修复及土壤微生物生态, E-mail: LZX-NJFU@outlook.com

* 通信作者, E-mail: nlzjiayao@njfu.edu.cn

随着工业化的飞速发展,矿山开采伴随着大量废弃物的堆积,不但占用了大量的土地资源,而且对周边生态环境带来了难以修复甚至不可修复的严重后果^[1,2].尾矿作为矿山开采过程中的废弃堆积物,尾矿区作为矿区废弃物的主要储存点,其种类复杂多样、分布广泛且数量繁多.目前,尽管对矿区土壤的修复治理研究进行了几十年,但尾矿和其周边污染治理仍然是一个巨大的挑战^[3].2019年重点调查工业企业显示,目前我国尾矿产生废物量高达10.3亿t^[4],尾矿中含有的废气、废水、固体废弃物等污染物易渗入土壤造成污染,并对人类健康构成潜在危害^[5-7].土壤作为植物生长发育的养分供给站,土壤微生物作为土壤中最活跃的生命组分之一,在有机质分解、养分循环和土壤肥力维持等方面有着重要的作用^[8-10],同时被认为是评价土壤质量和指示生产力的重要指标^[11].因此,关于土壤微生物群落变化以及环境因子对其调控机制的研究是当前生态学家重点研究的方向之一.

土壤微生物作为土壤生态系统的重要组成部分^[12].土壤中含有地球上最丰富的微生物群落,参与多种重要的生态功能,在调节地球生物化学过程中往往对土壤环境因子变化十分敏感^[13,14].有研究指出,特定生境中的微生物群落结构能够在一定程度上反映出环境的健康状态,地上植被通过代谢过程也能侧面响应微生物丰富度变化,最终影响生态系统^[15-17].景炬辉等^[18]对中条山十八河尾矿废弃地不同恢复阶段(1~45 a)的土壤细菌群落结构进行研究,发现不同恢复年限的土壤中微生物群落结构差异显著,而土壤理化因子和重金属含量是群落结构变化的关键因素;李艺等^[19]发现土壤钾、钙和钠含量变化影响了矿区剖层土固氮微生物群落结构和多样性;目前,已有研究关注扰动矿区土壤微生物群落及多样性的影响,但是关于尾矿对周边土壤微生物群落和功能特征的系统性研究较少.因此,研究尾矿不同污染程度土壤微生物群落结构变化以及了解生态功能特征对后期尾矿生态环境恢复和可持续经营具有重要意义.

本文选择山西省大同支家地铅锌矿区尾矿作为研究对象,以尾矿作为污染源,采集重度污染区(W1)、中度污染区(W2)、轻度污染区(W3)和清洁区(CK)0~20 cm表层土壤,通过Illumina高通量测序技术^[20],探究不同污染程度土壤细菌多样性及群落结构的影响,揭示尾矿污染源周边功能变化以及预测其生态学功能分析,以期尾矿恢复治理以及后期可持续经营提供基础数据和理论支持,并为尾矿环境管理政策的制定奠定基础.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

支家地铅锌矿位于山西省灵丘县城南高家庄乡(114°12'41"E、39°21'30"N).该地区属于温带季风大陆性气候,气候特征为冬长夏短,寒冷期长,雨热同季、气温变化较大,昼夜温差大.年平均气温7℃,年降水量432.4 mm,蒸发量1500~2000 mm,无霜冻期平均在145 d左右.大部分降雨集中在6~9月,但分布不均匀.矿区地形海拔高度为1577~1892 m,相对高差315 m.土壤以褐土为主,呈中性或弱碱性.

1.2 实验设计

本研究以尾矿为污染源,将尾矿边缘作为起点,分别采集尾矿坡上(离尾矿边缘直线距离5 m)、坡中(离尾矿边缘直线距离45 m)、坡底(离尾矿边缘直线距离90 m),并以未受扰动土壤为背景点,分别取0~20 cm表层土壤,每个地块面积为5 m×10 m,每个区3个重复地块,共12个地块.并对每个坡位地块进行重金属污染风险程度评定.

1.3 土壤取样

取样时间为2021年10月,在各个区使用内径7 cm的根钻在每个地块以“S”形五点混合采样法收集0~20 cm土层的土壤并装入自封袋,每个地块取土混合作为一个样,共采取12分样,筛选土壤样品分成2份保存,一份放在4℃冰盒中带回实验室用于土壤生物高通量测定,另一份风干后用于土壤理化性质指标的测定.

1.4 土壤微生物DNA提取及测序

DNA提取和高通量测序参考文献[21]报道进行,可简述为:采用PowerSoil DNA分离试剂盒(MOBIO, CA, USA)提取土壤样品DNA;为减少土壤异质性对测试结果的影响,避免单次DNA提取的偏差,并避免样品中DNA含量较低对测试结果的影响,每个采样点土壤样品多次提取DNA混合后开展后续检测.采用NanoDrop 1000分光光度计法(Thermo Scientific, DE, USA)、Picogreen法(Quantus, PA, USA)和琼脂糖凝胶电泳方法^[22]分别检测DNA的纯度、浓度和完整性.通过测试后,以提取的基因组DNA为模板,以338F(5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')为引物,扩增16S rDNA序列的V3和V4区域,经PCR扩增后,进行Illumina HiSeq高通量测序^[23].测序完成后,对原始数据进行剪切、过滤、拼接得到有效数据用于后续分析,在97%水平下将优质序列聚类成为OTU(operational taxonomic unit),

然后对 OTU 序列进行物种注释. 计算 Chao1、ACE 和 Shannon 指数用于评估土壤细菌群落丰富度和均匀度^[24].

1.5 土壤理化性质测定

土壤 pH 值用电位法测定; 土壤有机质使用重铬酸钾容量法测定; 土壤全氮使用元素分析仪测定; 土壤全磷采用钼锑抗比色法测定; 土壤全钾采用 NaOH 碱熔-火焰光度计法测定; 土壤碱解氮含量用碱解扩散法测定; 有效磷含量用钼锑抗比色-紫外分光光度法测定; 速效钾含量经乙酸铵提取后用火焰光度法测定. 以上指标均严格按照土壤农化分析手册中的实验步骤测定^[25].

1.6 土壤重金属污染风险程度评定

Nemerow 综合污染指数法 (P_N) 是指对土壤中多种重金属的污染情况进行综合评定的方法, 计算公式如下:

$$P_N = \{ [(C_i/D_i)_{\max}^2 + (C_i/D_i)_{\text{ave}}^2] / 2 \}^{1/2}$$

式中, P_N 为土壤重金属综合污染指数值, C_i 为第 i 种土壤重金属的实测浓度值 ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$), D_i 为第 i 种土壤重金属对应的大同市土壤背景值

($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$)^[26]. 根据 P_N 值的大小可将土壤重金属污染水平分为 5 级, $P_N \leq 0.7$ (清洁)、 $0.7 < P_N \leq 1$ (警戒值)、 $1 < P_N \leq 2$ (轻度污染)、 $2 < P_N \leq 3$ (中度污染) 和 $P_N > 3$ (重度污染).

1.7 数据分析

使用 Excel 2019 初步整理数据, 使用 SPSS 20.0 对实验数据进行正态分布检验和方差齐性检验样本实验, 数据均符合正态分布且通过了方差齐性检验, 对数据进行差异显著性检验 (Duncan 法, $\alpha = 0.05$), 使用 Origin 2019 作图, 使用 canoco 5.0 软件进行冗余分析. 土壤细菌群落结构和功能预测分析借助广州基迪奥科技服务公司开发的 Omicsmart 软件.

2 结果与分析

2.1 重金属污染风险程度评定

由表 1 可知, CK 的 P_N 值为 0.68, 为清洁区; W3 的 P_N 值为 1.82, 为轻度污染区; W2 的 P_N 值为 2.23, 为中度污染区; W1 的 P_N 值为 4.45, 为重度污染区.

表 1 大同尾矿不同坡位土壤重金属污染风险评定¹⁾

Table 1 Risk assessment of heavy metal pollution in different slope positions of Datong tailings

项目	背景值	坡上(W1)	坡中(W2)	坡低(W3)	背景点(CK)
$\omega(\text{Pb})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	22.3	110.49 ± 2.34d	55.06 ± 0.98c	39.06 ± 2.12b	10.3 ± 1.03a
$\omega(\text{Zn})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	62.5	180.62 ± 5.26d	123.62 ± 5.12c	93.75 ± 4.33b	52.0 ± 6.26a
综合污染指数(P_N)	—	4.45	2.23	1.82	0.68
土壤重金属污染程度	—	重度污染	中度污染	轻度污染	清洁

1) 同行不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平上差异性显著, 下同; “—”表示无数据

2.2 土壤理化性质

由表 2 可以看出, 受尾矿影响的污染区对土壤养分有显著影响, 与 CK 相比, 污染区显著降低了土壤 TN、AN、TP、AP、AK 和 OM 含量, 显著增加了土壤 TK 含量和 pH 值 ($P < 0.05$). 同时, 随着污染程度的减缓, 土壤 TN、AN、TP、AP、

AK 和 OM 含量表现逐步上升的变化趋势, W1 与 CK 相比分别降低了 $1.22 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $103.73 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $0.57 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $141.68 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $408.80 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $14.52 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$. 说明受尾矿影响的污染区严重影响土壤养分的积累, 是导致土壤养分的流失的原因之一.

表 2 不同污染区土壤理化性质¹⁾

Table 2 Physical and chemical properties of soil in different pollution areas

土壤理化因子	重度污染区(W1)	中度污染区(W2)	轻度污染区(W3)	清洁区(CK)
$\omega(\text{TN})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.41 ± 0.04a	0.59 ± 0.02b	0.80 ± 0.02c	1.63 ± 0.03d
$\omega(\text{AN})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	27.85 ± 2.27a	41.59 ± 1.72b	56.81 ± 2.28c	131.58 ± 1.03d
$\omega(\text{TP})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	0.82 ± 0.01b	1.04 ± 0.04c	0.75 ± 0.06a	1.39 ± 0.03d
$\omega(\text{AP})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	1.88 ± 0.14a	2.80 ± 0.15b	5.08 ± 0.21c	143.56 ± 0.66d
$\omega(\text{TK})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	25.51 ± 0.64b	28.77 ± 0.19c	29.50 ± 0.65c	20.93 ± 0.31a
$\omega(\text{AK})/\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	105.64 ± 3.95a	121.36 ± 3.57b	162.07 ± 4.33c	514.44 ± 1.71d
$\omega(\text{OM})/\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$	5.01 ± 0.33a	7.19 ± 0.47b	9.62 ± 0.50c	19.53 ± 0.42d
pH	8.47 ± 0.02d	8.35 ± 0.02c	8.22 ± 0.04b	7.16 ± 0.06a

1) TN 表示全氮; TP 表示全磷; TK 表示全钾; AN 表示碱解氮; AP 表示有效磷; AK 表示有效钾; OM 表示有机物

2.3 OTU 数量分析

根据尾矿不同污染区土壤细菌 OTU 数量绘制 Venn 和 Upset 图. 由图 1 可知, W1、W2、W3 和 CK 的 OTU 总数均值分别为 3 240、3 330、3 813 和 3 870 个, 随着污染程度加剧, OTU 值呈逐渐减少的趋势; 同时, 从表 3 可以看出, W1、W2 与 CK 相比 OTU 总数差异性显著 ($P < 0.05$), W3 与 CK 差异性不显著, 说明受尾矿污染越大对土壤细菌群落影响越大, 尤其是中度污染程度以上的污染区能显著影响土壤

细菌数量 ($P < 0.05$). 此外, 不同污染区土壤细菌特有 OTU 数也不同. W1、W2、W3 和 CK 特有 OTU 数分别为 456、544、601 和 1 291 个, 且污染区与 CK 相比差异性显著 ($P < 0.05$), 可以看出尾矿对周边土壤细菌影响呈逐级减弱的线性关系, 离尾矿越近, 污染风险程度越大, 土壤特有的细菌群落越少. 可以看出, CK 土壤细菌 OTU 数和特有细菌 OTU 数最大, 而 W1 土壤细菌 OTU 数和特有细菌 OTU 数最小, 说明土壤细菌数的多少与土壤污染程度有关.

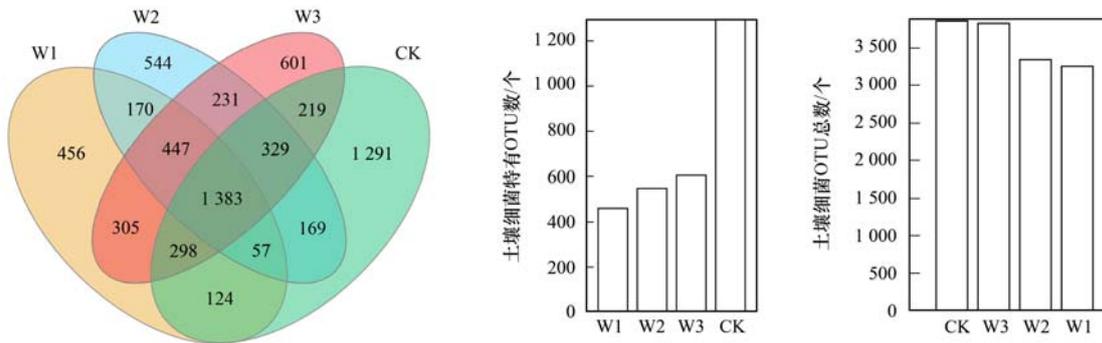


图 1 土壤样品细菌 OTU Venn 图和 Upset 图

Fig. 1 Venn diagram and Upset diagram of OTU number of soil bacteria

表 3 不同污染区土壤细菌 OTU 数与特有 OTU 数

Table 3 OTU number and unique OTU number of soil bacteria in different polluted areas

项目	重度污染区 (W1)	中度污染区 (W2)	轻度污染区 (W3)	清洁区 (CK)
总 OTU 数	3 240 ± 45c	3 330 ± 51b	3 813 ± 18a	3 870 ± 55a
特有 OTU 数	456 ± 12c	544 ± 17b	601 ± 41b	1 291 ± 18a

2.4 不同污染区土壤细菌多样性比较

通过对尾矿 12 份样品的 16S rRNA 基因 V3 + V4 区序列进行测定, 每个样品均获得 65 190 条高质量的序列, 每个样品至少产生 60 125 条高质量的有效序列, 这些有效序列的长度大都分布在 200 ~ 490 bp, 且所有检测样品的数据饱和度都在 0.93 以上, 证明测序结果有效且准确.

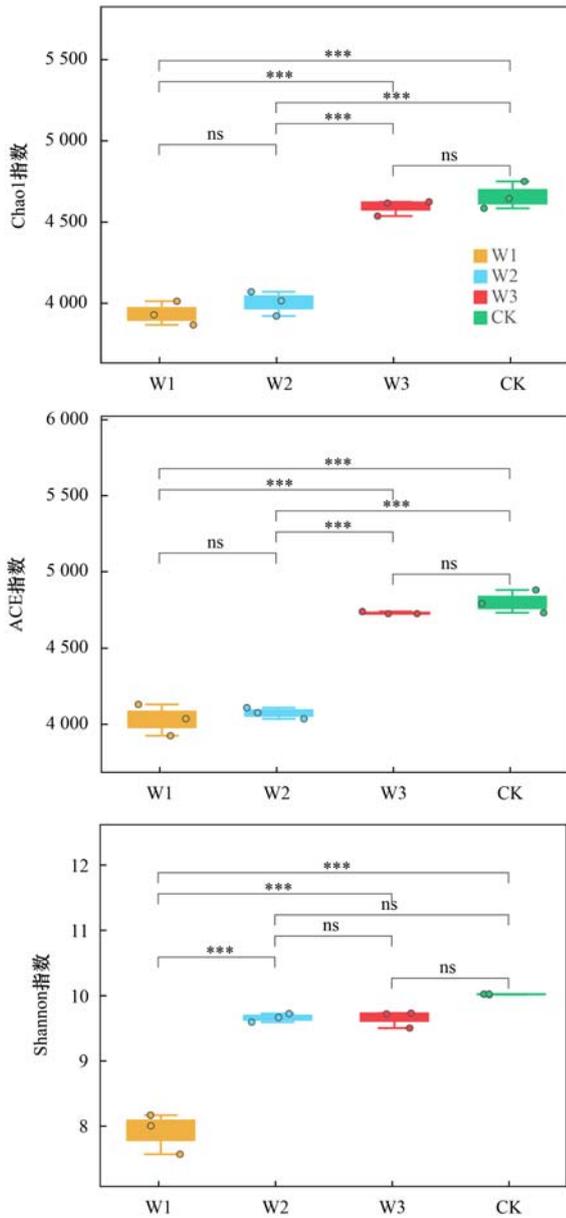
本研究通过分析 α 多样性, 比较 ACE、Chao1 和 Shannon 指数, 反映尾矿污染区土壤细菌群落多样性的变化趋势. 从图 2 可以看出, Chao1、ACE 和 Shannon 指数的变化趋势一致, 随着远离尾矿土壤细菌群落丰富度逐渐增加. 与 CK 相比, 污染区降低了土壤细菌群落的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数, W1 分别降低了 16.03%、15.54% 和 20.98%, W2 分别降低了 15.14%、14.11% 和 3.59%, W1 与 CK 相比土壤细菌 α 多样性差异性极显著 ($P < 0.01$), W2 中 ACE 指数和 Chao1 指数与 CK 相比差异性极显著 ($P < 0.01$). 从 Shannon 指数来看, 只有 W1 与 CK 呈极显著差异 ($P < 0.01$), W2、W3 与 CK 相比差异性不显著. 总体来说, 受尾矿污染程度越大对土壤细菌群落丰富度和均匀度的影响较大, 随着远离尾矿,

对土壤细菌 α 多样性的影响逐渐减小.

2.5 不同污染区土壤细菌群落结构分析

不同污染区土壤细菌群落相对丰度在门水平上排名前 3 的菌群依次为: 放线菌门 (β -Actinobacteria)、变形菌门 (β -Proteobacteria) 和绿弯菌门 (β -Chloroflexi), 占土壤细菌总 OUT 数的 68% 以上, 因此, 只针对土壤细菌相对丰度在门、目、科排名前 3 的细菌进行 Tukey HSD 差异性分析.

从图 3 可以看出, 在土壤细菌门水平上, 污染区中放线菌门和变形菌门的相对丰度均高于 CK. 与 CK 相比, W1 极显著提高了放线菌门的相对丰度 ($P < 0.01$), 极显著降低了绿弯菌门的相对丰度 ($P < 0.01$), 但对变形菌门的相对丰度影响不显著. W1 中放线菌门相对丰度最高为 51.95%, 与 CK 相比丰度增加了 63.41%, 为 W1 的优势菌种; 变形菌门次之. 相反, 绿弯菌门在 W1 丰度最低, 在 CK 中的丰度为 19.08% 仅低于放线菌门. 与 CK 相比, W3 极显著降低了绿弯菌门的相对丰度 ($P < 0.01$), 显著提高了变形菌门的相对丰度 ($P < 0.05$), 但对放线菌门的影响不大. 整体来看, 污染区显著影响了放线菌门和绿弯菌门的相对丰度, 且污染程度越大对其相

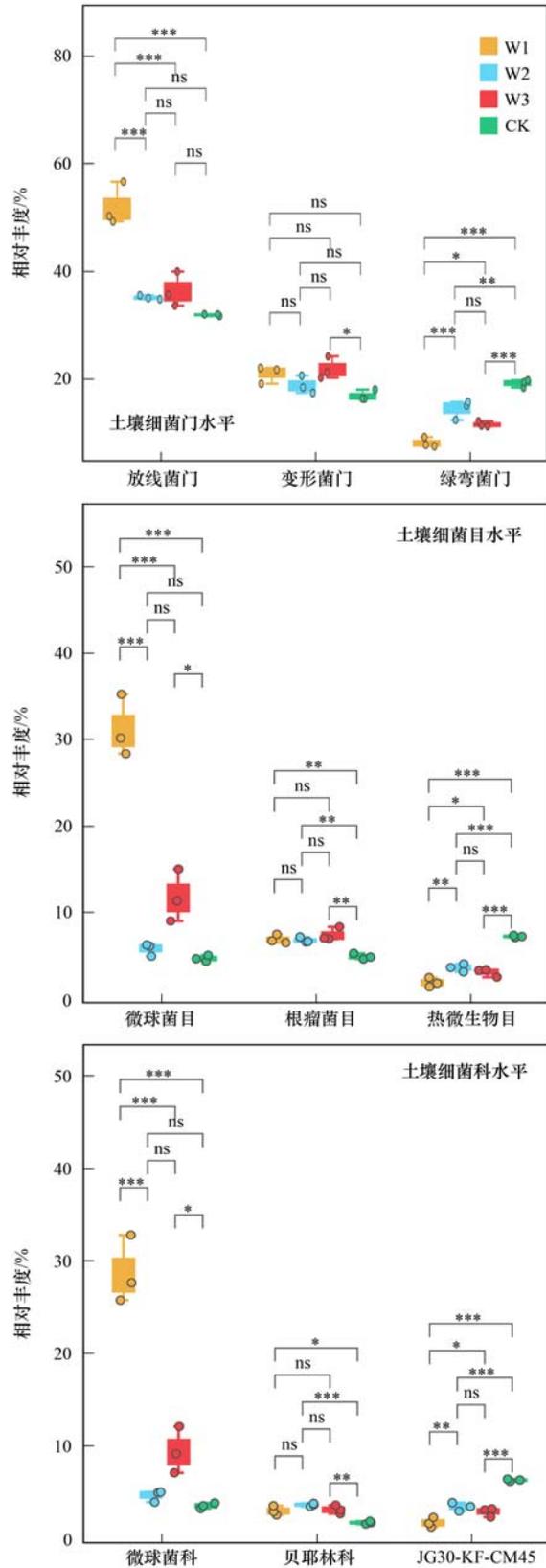


Chao1 指数和 ACE 指数反映土壤物种丰度程度,即数值越大,土壤物种丰度程度越高;Shannon 指数重点反映土壤物种均匀度,即数值越大,物种越均匀;ns 表示差异性不显著 ($P > 0.05$), * 表示差异性显著 $P < 0.05$, ** 表示差异极较显著 $P < 0.01$, *** 表示差异性极显著 $P < 0.001$

图2 尾矿不同污染区土壤细菌 α 多样性 (Chao1、ACE 和 Shannon 指数) 比较

Fig. 2 Comparison of bacterial α diversity (Chao1, ACE, and Shannon index) in soils with different pollution areas of tailings

对丰度的影响越大,但污染程度对放线菌门和绿弯菌门相对丰度的影响表现出相反的趋势;相反,对变形菌门的影响不显著.在目水平上排名前3的菌群为微球菌目 (γ -Micrococcales)、根瘤菌目 (γ -Rhizobiales)、热微生物目 (γ -Thermomicrobiales),分别属于放线菌门、变形菌门、绿弯菌门. W1 和 W2 中微球菌目和根瘤菌目相对丰度均高于 CK; 与 CK 相比, W1 中微球菌目、根瘤菌目和热微生物目差异



ns 表示差异性不显著 ($P > 0.05$), * 表示差异性显著 $P < 0.05$, ** 表示差异性极显著 $P < 0.01$, *** 表示差异性极显著 $P < 0.001$

图3 不同污染区土壤细菌门、目和科水平相对丰度方差分析

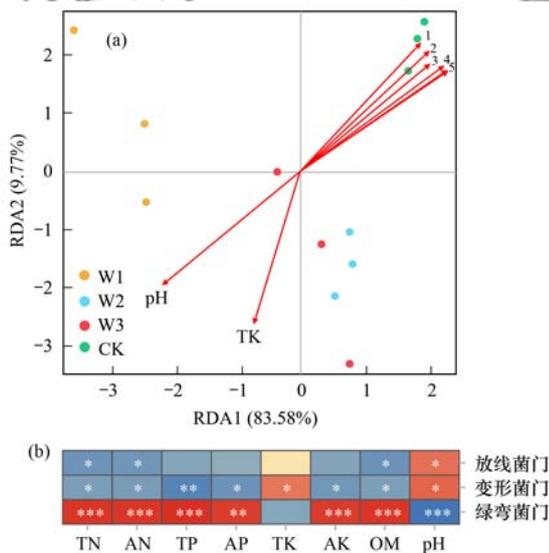
Fig. 3 Variance analysis of relative abundance of main bacteria at the levels of phylum, order, and family in different polluted areas

性极显著 ($P < 0.01$),其中微球菌目与 CK 相比相对

丰度增加了 26.6%。土壤微球菌目相对丰度与污染程度呈正相关,热微生物目与污染程度呈负相关。污染区中热微生物与 CK 差异性极显著($P < 0.01$)。在科水平上排名前 3 的菌群为微球菌科(δ -Micrococcaceae)、贝耶林科(δ -Beijerinckiaceae)、JG30-KF-CM45, 分别属于微球菌目、根瘤菌目和热微生物目。污染区中微球菌科和贝耶林科的相对丰度高于对照组 CK; 其中, W1 中微球菌科相对丰度极显著高于 CK ($P < 0.01$), 其相对丰度增加了 25.2%; W1 中贝耶林科相对丰度显著高于 CK ($P < 0.05$)。相反, 随着污染程度加剧, 污染区中 JG30-KF-CM45 相对丰度差异性极显著($P < 0.01$)。

2.6 土壤细菌群落结构与土壤理化性质的关系

为了进一步分析土壤理化性质对不同污染区土壤细菌群落结构的影响, 土壤细菌群落与土壤理化性质的 RDA 分析前两个轴分别解释了总方差的 83.58% 和 9.77%, 共同解释土壤细菌群落结构总变异数的 93.35%, 表明 RDA 分析结果可靠。从图 4 (a) 可以看出, W1、W2、W3 和 CK 质心明显分开, 说明土壤受不同污染程度影响导致土壤细菌群落结构出现明显变化。CK 中土壤细菌群落主要与 TN、AN、TP、AP、AK 和 OM 正相关, 且 CK 质心落在其环境因子主线上, 说明 CK 与其环境因子有较强的相关性; 污染区与 AK 和 pH 呈正相关, 与 AK、pH 的相关性大小顺序为: W3 > W2 > W1。



(a) 1. AP, 2. AK, 3. TP, 4. AN, 5. TN 和 OM; (b) X 轴和 Y 轴分别为环境因子和门水平菌群, 通过计算获得 P 值; * 表示差异性显著 $P < 0.05$, ** 表示差异性极显著 $P < 0.01$, *** 表示差异性极显著 $P < 0.001$

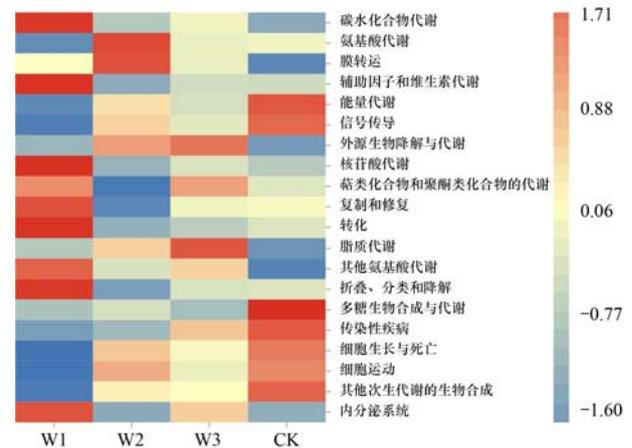
图 4 在门水平上土壤理化性质与土壤细菌群落之间的 RDA 分析和 Spearman 分析

Fig. 4 RDA analysis and Spearman analysis of soil bacterial community and soil physicochemical properties

为进一步明确土壤细菌群落与土壤理化因子间的关系, 本研究进行了 Spearman 相关分析。因微球菌科和微球菌目属于放线菌门, 贝耶林科和根瘤菌目属于变形菌门, JG30-KFCM45 和热微生物目属于绿弯菌门, 因此, 只对土壤细菌门水平上进行分析。从图 4 (b) 可以看出, 放线菌门与 pH 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与 TN、AN 和 OM 呈显著负相关 ($P < 0.05$); 变形菌门与 pH、TK 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与 TN、AN、TP、AK 和 OM 呈显著负相关 ($P < 0.05$); 绿弯菌门与 TN、AN、TP、AK 和 OM 呈极显著正相关 ($P < 0.01$), 与 pH 呈极显著负相关 ($P < 0.01$)。

2.7 基于 Tax4 Fun 的生物代谢通路分析

基于 Tax4 Fun 对图 5 进行了行归一化处理, 以便分析不同污染区土壤细菌群落的生物代谢通路。从 Tax4 Fun 的预测结果来看, 随着土壤重金属污染加剧, 土壤细菌群落所参与的生物代谢呈现显著变化。W1 主要参与碳水化合物代谢 (carbohydrate metabolism)、辅助因子和维生素的代谢 (metabolism of cofactors and vitamins)、核苷酸代谢 (nucleotide metabolism)、萜类化合物和聚酮类化合物的代谢 (metabolism of terpenoids and polyketides)、复制和修复 (replication and repair)、转化 (translation)、其他氨基酸的代谢 (metabolism of other amino acids)、折叠、分类和降解 (folding, sorting, and degradation) 和内分泌系统 (endocrine system) 等生物代谢过程; 氨基酸代谢 (amino acid metabolism) 和膜转运 (membrane transport) 为 W2 中主要代谢过程; 脂质代谢 (lipid metabolism) 为 W3 中主要代谢



X 轴和 Y 轴分别为不同风险区和生物代谢功能, 通过计算获得相关性 R 值, 色柱表示 R 值

图 5 基于 Tax4 Fun 的尾矿不同污染区土壤细菌主要生物代谢通路

Fig. 5 Main metabolic pathways of soil bacteria in different areas of tailings based on Tax4 Fun

过程;CK 主要参与能量代谢(energy metabolism)、信号传导(signal transduction)、多糖生物合成和代谢(glycan biosynthesis and metabolism)、细胞生长与死亡(cell growth and death)、细胞运动(cell motility)和其他次生代谢物的生物合成(biosynthesis of other secondary metabolites)等代谢过程. 整体而言,土壤细菌群落参与的代谢过程受土壤重金属变化的影响. 土壤受不同程度污染,各区主导的生物代谢的基因丰度差异性显著($P < 0.05$),且主导的代谢功能发生了明显的变化. 以上结果进一步表明,尾矿影响下土壤细菌群落在生物地球化学循环或代谢过程中发挥着重要作用.

2.8 基于 FAPROTAX 的微生物生态学功能预测

基于 FAPROTAX 对图 6 进行了行归一化处理,以便分析不同污染区土壤细菌的主要功能模式. 从预测结果来看,塑性降解(plastic-degradation)、尿素分解(ureolysis)和木质素分解(ligninolysis)是 W1 的主要代谢模式;亚硝酸呼吸作用(nitrite respiration)、氮呼吸作用(nitrogen respiration)、光合营养作用(phototrophy)、叶绿体合成(chloroplasts synthesis)和亚硝酸盐呼吸作用(nitrate respiration)是 W2 的主要代谢模式;而 CK 的参与的主要代谢模式较为丰富,分别硝化作用(nitrification)、好氧亚硝酸盐氧化作用(aerobic nitrite oxidation)、锰氧化(manganese oxidation)、木聚糖分解(xylanolysis)、几丁质分解(chitinolysis)、固氮作用(nitrogen fixation)、纤维素水解(cellulolysis)和硝酸盐还原

(nitrate reduction). 可以看出,受尾矿污染影响,各区参与主要代谢模式功能基因相对丰度是不同的. 与 CK 相比,W1 功能基因主要参与了一系列降解等代谢过程,而 CK 不仅参与降解的代谢过程,在土壤中还检测到一些参与有关养分代谢等生态功能的功能基因. 以上结果进一步表明,受尾矿不同污染程度影响,土壤细菌微生物所参与的主要代谢过程不同,但在生物地球化学循环中发挥着重要作用.

3 讨论

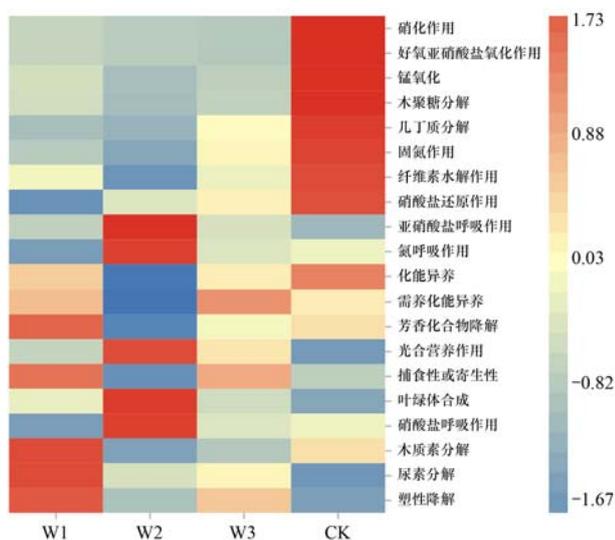
3.1 尾矿不同污染程度下土壤理化性质的影响

土壤理化性质是表征土壤养分的基本指标,土壤养分决定土壤整体肥力水平,先前研究表明,土壤养分中速效养分易受环境影响导致养分流失,速效养分含量的多少直接反映土壤质量状况^[27]. 本研究发现,随着污染程度加剧,土壤中 AN、AK、AP 和 OM 均呈现逐渐减少的趋势,表明土壤养分贫瘠和土壤质量状况越来越弱,这也与刘军等^[28]和魏卫东等^[29]研究的结果一致,其原因可能是尾矿废弃物常年堆积导致地表植被与土壤结构遭受破坏,使地表植被凋落物减少,同时地表植物受尾矿中有害物质的毒害,土壤稳定性降低对已凋落物残体的分解速度降低,导致地表向地下输送的有效养分的速率降低,土壤养分不足^[30];另一方面尾矿有害废弃物常年堆积加上无休止地向内输送,增加了有害物质与壤下有效养分发生钝化现象,破坏了壤下养分平衡,同时也是导致地表植被难以生存的原因之一. 这与潘嘉雯等^[31]和刘军等^[32]研究的结果一致.

此外,随着污染程度加剧伴随着土壤 OM 含量降低,污染区中 OM 含量显著低于 CK,这与 Soussana 等^[33]在草地-作物轮作下土壤养分变化的实验结果一致,土壤 OM 含量降低主要是通过低养分条件供应和高养分条件储存机制发挥缓冲作用,通过这种缓冲机制维持小区域生态系统的碳、氮循环,但 W1 中土壤 OM 含量显著降低主要是极端污染胁迫导致碳、氮循环失衡,短时间难以维持区域碳、氮循环. 本研究还发现,W1 土壤 pH 含量显著高于 CK,其原因可能是 CK 土壤环境受尾矿影响较小,地表植被相对丰度和壤下微生物丰富增加导致根系分泌物和土壤呼吸产生更多的碳酸和有机酸等酸性物质,导致土壤酸化,这与 Evans 等^[30]研究的结果一致. 污染条件下土壤养分损失可能会导致土壤微生物丰度和群落结构发生改变.

3.2 土壤理化因子对土壤细菌群落结构影响

本研究中,尾矿污染程度加剧显著减少了土壤细菌 OTU 数和改变土壤细菌群落丰度,一方面可能



X 轴和 Y 轴分别为不同风险区和潜在功能类型,通过计算获得相关性 R 值,色柱表示 R 值

图 6 基于 FAPROTAX 的尾矿不同污染区土壤细菌生态学功能预测

Fig. 6 Prediction of soil bacterial function in different areas of tailings based on FAPROTAX

是尾矿污染引起土壤理化因子的变化,使得土壤细菌群落生长代谢所需要的养分发生改变,尤其是碳源、氮源和磷源含量的减少,导致土壤细菌种间竞争加剧,这也与郑佳华等^[24]研究的结果一致.不同污染程度土壤细菌群落 α 多样性存在差异,土壤细菌群落相对丰度对尾矿不同污染区响应可能不一样.本研究发现,污染区中 α 多样性低于 CK,其中 W1 土壤细菌 α 多样性指数均极显著低于 CK,这与付琳等^[34]研究不同石油污染程度土壤细菌多样性实验的结果一致,其原因一方面可能是由于清洁区中土壤细菌微环境的异质性更高,使得土壤细菌多样性也更高;另一方面受尾矿污染程度加剧,地表原生植被逐渐消失,植被群落结构功能趋于单一,相应输送到土壤的腐殖质和根系分泌物多样性也会相应降低^[35]. Klappenbach 等^[36]研究发现,绿弯菌门中很大一部分细菌可以通过光合作用获取能量并固定 CO_2 ,意味着其丰度与固碳能力有关.本研究发现,受尾矿污染的影响,CK 中绿弯菌门相对丰度要显著高于污染区,且 Spearman 分析结果也表明,土壤有机碳含量与绿弯菌门呈正相关关系,说明绿弯菌门在有机物分解和养分循环中发挥重要作用,这也与 Pierson 等^[37]研究的结果一致.相反,Avidano 等^[38]研究表明,随着污染程度地加剧,个别微生物丰度要比清洁区高,可能是因为土壤微生物对污染环境的长期适应的结果.本研究中,污染区中土壤放线菌门的相对丰度均高于清洁区,且 W1 中放线菌门比 CK 相对丰度增加了 63.41%,说明外界污染胁迫可能加剧土壤细菌种间竞争并出现一些适应环境变化的优势菌种,这一结果与先前的研究结果一致,同时也为后期尾矿污染修复以及耐受性菌种提供一定帮助.

3.3 土壤细菌群落功能类群和潜在功能途径对尾矿不同风险区的响应

参与土壤养分转化过程的微生物都是通过基因连接的^[39-41].目前针对不同尾矿污染程度对土壤微生物群落功能的研究开展较少,土壤污染加剧导致地表植物和土壤环境的变化不可避免地会引起土壤微生物群落的变化,进而影响微生物群落主导的生物代谢功能的改变^[42].有研究发现,由于矿区开采影响了土壤养分输入,迫切要求参与代谢功能相关的基因丰度改变,从而影响区域微生物主导的代谢功能,这也体现了土壤微生物对逆境胁迫和干扰环境的适应性^[43-45].在本文中,W1 显著提高了碳水化合物代谢、脂质代谢和其他氨基酸代谢等代谢相关途径基因丰度,这表明受尾矿重度污染的土壤细菌参与了植物氨基酸和碳水化合物等代谢的合成,同时土壤污染导致土壤养分流失难以维持地上植被

和土壤细菌群落的生长,从而提高土壤细菌代谢功能的基因丰度,这一结论与张瑞海等^[42]研究的结果一致.本文发现,CK 中细胞生长与死亡、细胞活性、信息传导的相关基因丰度高于污染区,这可能是清洁区受污染影响较小,影响了土壤细菌群落活力从而提高了代谢功能基因丰度,促使地表植物和壤下微生物生长所需养分增加,加快了地表与壤下间的物质交换和信息传递,驱动了区域的物质循环^[46].结果表明重金属污染胁迫降低了土壤细菌群落多样性,导致主导代谢功能的基因丰度发生改变.

通过 FAPROTAX 功能预测揭示了土壤细菌群落功能对不同污染区的响应特性.有研究表明,尿素分解和木质素分解功能与土壤氮循环相关^[47].在本文中,W1 提高了塑性降解、尿素分解和木质素分解功能类群丰度,且这些功能与放线菌门呈正相关,这与 Rivett 等^[48]研究的结果类似,可能是放线菌门中的部分细菌群落参与了土壤氮循环,执行了尿素分解和木质素分解功能种群的功能.随着污染程度减弱,清洁区土壤功能类群丰度显著高于污染区,包括硝化作用、好氧亚硝酸盐氧化、锰氧化、木聚糖分解、几丁质分解、固氮、纤维素水解和硝酸还原作用,这可能是因为土壤养分的增加,提高了土壤微生物群落丰度,提高了功能性类群微生物利用光、水、热等自然资源,增加了碳、氮的固持.同时,Zhou 等^[49]研究发现,土壤中大多数细菌可以降解碳氮化合物,提高了参与氮循环功能类群的丰度,这也印证了本研究清洁区土壤细菌群落丰度增加的可靠性.综上所述,受尾矿污染影响显著改变了土壤细菌群落和功能多样性,土壤细菌群落多样性在参与地球生物生化功能方面发挥着重要作用.

4 结论

(1)随着重金属污染程度加剧,不同污染区土壤理化性质存在显著差异($P < 0.05$),重度污染区与清洁区相比,土壤 TN、AN、TP、AP、AK 和 OM 分别降低了 $1.22 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $103.73 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $0.57 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $141.68 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 、 $408.80 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 和 $14.52 \text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,土壤养分流失严重.

(2)Illumina 测序表明,重金属污染显著减少了土壤细菌 OUT 数和特有 OUT 数,污染区(W1 ~ W3)降低了土壤细菌群落的 ACE、Chao1 和 Shannon 指数,重度污染区与清洁相比极显著降低了 ACE、Chao1 和 Shannon 指数($P < 0.01$).

(3)土壤细菌群落优势菌门为放线菌门、变形菌门和绿弯菌门.重度污染区极显著提高了放线菌门和变形菌门的相对丰度($P < 0.01$),极显著降低了绿弯

菌门的相对丰度($P < 0.01$). Spearman 分析表明,放线菌门与 pH 呈显著正相关($P < 0.05$),变形菌门与 pH、TK 呈显著正相关($P < 0.05$),绿弯菌门与 TN、AN、TP、AK 和 OM 呈极显著正相关($P < 0.01$).

(4)Tax4 Fun 功能预测结果表明,土壤重金属污染影响土壤细菌群落,改变了其参与的主要生物代谢类型,各区主导的生物代谢的基因丰度差异性显著($P < 0.05$). FAPROTAX 功能预测分析表明,重度污染区显著提高了与塑性降解、尿素分解和木质素分解代谢相关的基因丰度,随着污染减缓其相对丰度显著降低.

参考文献:

- [1] Mendez M O, Maier R M. Phytostabilization of mine tailings in arid and semiarid environments--an emerging remediation technology[J]. *Environmental Health Perspectives*, 2008, **116**(3): 278-283.
- [2] Huang J L, Wu Y Y, Sun J X, *et al.* Health risk assessment of heavy metal(loid)s in park soils of the largest megacity in China by using Monte Carlo simulation coupled with Positive matrix factorization model[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **415**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.125629.
- [3] Carpenter D, Boutin C, Allison J E, *et al.* Uptake and effects of six rare earth elements (REEs) on selected native and crop species growing in contaminated soils[J]. *PLoS One*, 2015, **10**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0129936.
- [4] 再协. 2020 年全国大、中城市固体废物污染环境防治年报[J]. *中国资源综合利用*, 2021, **39**(1): 4.
- [5] 王积才. 辽宁省建设用地土壤污染风险筛选值制定研究[D]. 北京: 中国环境科学研究院, 2019.
- Wang J C. Study on the derivation of soil screening levels of development land in Liaoning province[D]. Beijing: Chinese Research Academy of Environmental Sciences, 2019.
- [6] Sibanda T, Selvarajan R, Msagati T, *et al.* Defunct gold mine tailings are natural reservoir for unique bacterial communities revealed by high-throughput sequencing analysis[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **650**(Pt 2): 2199-2209.
- [7] Perrett M, Sivarajah B, Cheney C L, *et al.* Impacts on aquatic biota from salinization and metalloid contamination by gold mine tailings in sub-Arctic lakes[J]. *Environmental Pollution*, 2021, **278**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.116815.
- [8] 宋佳杰, 徐邵阳, 白金泽, 等. 秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(9): 4839-4847.
- Song J J, Xu X Y, Bai J Z, *et al.* Effects of straw returning and fertilizer application on soil nutrients and winter wheat yield[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(9): 4839-4847.
- [9] 罗达, 刘顺, 史作民, 等. 川西亚高山不同林龄云杉人工林土壤微生物群落结构[J]. *应用生态学报*, 2017, **28**(2): 519-527.
- Luo D, Liu S, Shi Z M, *et al.* Soil microbial community structure in *Picea asperata* plantations with different ages in subalpine of western Sichuan, Southwest China[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2017, **28**(2): 519-527.
- [10] Cui Y X, Fang L C, Guo X B, *et al.* Ecoenzymatic stoichiometry and microbial nutrient limitation in rhizosphere soil in the arid area of the northern Loess Plateau, China[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **116**: 11-21.
- [11] 蔡锰柯, 韩海荣, 程小琴, 等. 山西太岳山不同林龄华北落叶松林土壤微生物群落结构特征[J]. *北京林业大学学报*, 2022, **44**(5): 86-93.
- Cai M K, Han H R, Cheng X Q, *et al.* Characteristics of soil microbial community structure with different plantation ages in larch forest in Taiyue Mountain of Shanxi Province, northern China[J]. *Journal of Beijing Forestry University*, 2022, **44**(5): 86-93.
- [12] Wang Y, Li C Y, Tu C, *et al.* Long-term no-tillage and organic input management enhanced the diversity and stability of soil microbial community[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **609**: 341-347.
- [13] 罗正明, 赫磊, 刘晋仙, 等. 土壤真菌群落对五台山亚高山草甸退化的响应[J]. *环境科学*, 2022, **43**(6): 3328-3337.
- Luo Z M, He L, Liu J X, *et al.* Responses of soil fungal communities to subalpine meadow degradation in Mount Wutai[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(6): 3328-3337.
- [14] 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.
- [15] Chaer G, Fernandes M, Myrold D, *et al.* Comparative resistance and resilience of soil microbial communities and enzyme activities in adjacent native forest and agricultural soils[J]. *Microbial Ecology*, 2009, **58**(2): 414-424.
- [16] 张涵, 贡璐, 刘旭, 等. 氮添加影响下新疆天山雪岭云杉林土壤酶活性及其与环境因子的相关性[J]. *环境科学*, 2021, **42**(1): 403-410.
- Zhang H, Gong L, Liu X, *et al.* Soil enzyme activity in *Picea schrenkiana* and its relationship with environmental factors in the Tianshan Mountains, Xinjiang[J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(1): 403-410.
- [17] Jiang X W, Liu W H, Xu H, *et al.* Characterizations of heavy metal contamination, microbial community, and resistance genes in a tailing of the largest copper mine in China[J]. *Environmental Pollution*, 2021, **280**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.116947.
- [18] 景炬辉, 刘晋仙, 李鑫, 等. 中条山铜尾矿坝面土壤细菌群落的结构特征[J]. *应用与环境生物学报*, 2017, **23**(3): 527-534.
- Jing J H, Liu J X, Li M, *et al.* The structural characteristics of a soil bacterial community in a dam of copper mine tailings in Zhongtiaoshan mountains, Shanxi[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2017, **23**(3): 527-534.
- [19] 李艺, 张海春, 刘媛, 等. 酒顶矿区剖层土固氮微生物群落结构和丰度[J]. *中国环境科学*, 2022, **42**(4): 1819-1828.
- Li Y, Zhang H C, Liu Y, *et al.* Characteristics on the community structure and abundance of diazotrophs from the soil profile in the Siding mine area[J]. *China Environmental Science*, 2022, **42**(4): 1819-1828.
- [20] Maillet A, Bouju-Albert A, Roblin S, *et al.* Impact of DNA extraction and sampling methods on bacterial communities monitored by 16S rDNA metabarcoding in cold-smoked salmon and processing plant surfaces[J]. *Food Microbiology*, 2020, **95**, doi: 10.1016/j.fm.2020.103705.
- [21] Li J, Xu Y, Song Q W, *et al.* Polycyclic aromatic hydrocarbon and n-alkane pollution characteristics and structural and functional perturbations to the microbial community: a case-study of historically petroleum-contaminated soil[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, **28**(9): 10589-10602.
- [22] Lou J L, Liu M, Gu J L, *et al.* Metagenomic sequencing reveals microbial gene catalogue of phosphinothricin-utilized soils in South China[J]. *Gene*, 2019, **711**, doi: 10.1016/j.gene.

2019. 143942.
- [23] 李成, 孔晓雪, 余炬波, 等. 基于高通量测序分析蟹糊微生物菌群多样性[J]. 食品科学, 2020, **41**(4): 134-139.
Li C, Kong X X, Yu J B, *et al.* Analysis of microbial community diversity of crab paste by high-throughput sequencing[J]. Food Science, 2020, **41**(4): 134-139.
- [24] 郑佳华, 张峰, 杨阳, 等. 刈割留茬高度对大针茅草原土壤微生物群落结构及多样性的影响[J]. 中国草地学报, 2021, **43**(1): 68-75.
Zheng J H, Zhang F, Yang Y, *et al.* Effects of stubble height on the structure and diversity of soil microbial community in *Stipa grandis* steppe [J]. Chinese Journal of Grassland, 2021, **43**(1): 68-75.
- [25] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. (第三版). 北京: 中国农业出版社, 2000.
- [26] 成杭新, 李括, 李敏, 等. 中国城市土壤化学元素的背景值与基准值[J]. 地学前缘, 2014, **21**(3): 265-306.
Cheng H X, Li K, Li M, *et al.* Geochemical background and baseline value of chemical elements in urban soil in China[J]. Earth Science Frontiers, 2014, **21**(3): 265-306.
- [27] 周慧华, 袁旭音, 熊钰婷, 等. 生物炭输入对不同滨岸带土壤营养元素有效态变化的影响[J]. 环境科学, 2020, **41**(2): 914-921.
Zhou H H, Yuan X Y, Xiong Y T, *et al.* Effects of biochar input on changes of available nutrient elements in riparian soils with different landuse types[J]. Environmental Science, 2020, **41**(2): 914-921.
- [28] 刘军, 杨光, 丁霞, 等. 林区铁矿尾矿库对周边土壤理化性质的影响[J]. 北方园艺, 2022, (10): 76-81.
Liu J, Yang G, Ding X, *et al.* Effects of tailings reservoir on surrounding soil physical and chemical properties in forest area iron mine[J]. Northern Horticulture, 2022, (10): 76-81.
- [29] 魏卫东, 刘育红, 马辉. 高寒草甸退化草地土壤有机碳含量 Meta 分析研究[J]. 环境科学与管理, 2018, **43**(10): 53-58.
Wei W D, Liu Y H, Ma H. Meta-analysis for soil organic carbon content of degraded grassland on alpine meadow [J]. Environmental Science and Management, 2018, **43**(10): 53-58.
- [30] Evans C R W, Krzic M, Broersma K, *et al.* Long-term grazing effects on grassland soil properties in southern British Columbia [J]. Canadian Journal of Soil Science, 2012, **92**(4): 685-693.
- [31] 潘嘉雯, 李吉跃, 何茜, 等. 马尾松两种林型土壤养分特征及其与凋落物质量的关系[J]. 中南林业科技大学学报, 2020, **40**(2): 54-63.
Pan J W, Li J Y, He Q, *et al.* Study on the soil nutrient characteristics and their relationship with litter quality in two forest types of *Pinus massoniana* [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 2020, **40**(2): 54-63.
- [32] 刘军, 丁霞, 张武文. 人工沙棘林对霍林河南露天煤矿排土场边坡土壤肥力的影响[J]. 干旱区资源与环境, 2017, **31**(12): 150-154.
Liu J, Ding X, Zhang W W. Study on soil fertility of *artificial sea-buckthorn* woodlands in the waste dump of Huolinhe south-pit mine [J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2017, **31**(12): 150-154.
- [33] Soussana J F, Lemaire G. Coupling carbon and nitrogen cycles for environmentally sustainable intensification of grasslands and crop-livestock systems [J]. Agriculture, Ecosystems & Environment, 2014, **190**: 9-17.
- [34] 付琳, 张学敏, 孟杰, 等. 不同石油污染程度土壤细菌群落多样性及优势菌群分析[J]. 土壤学报, 2022, **53**(6): 1376-1385.
Fu L, Zhang X M, Meng J, *et al.* Bacterial community diversity and dominant taxa in soils with different petroleum pollution levels [J]. Acta Pedologica Sinica, 2022, **53**(6): 1376-1385.
- [35] Paredes S H, Lebeis S L. Giving back to the community: Microbial mechanisms of plant-soil interactions [J]. Functional Ecology, 2016, **30**(7): 1043-1052.
- [36] Klappenbach J A, Pierson B K. Phylogenetic and physiological characterization of a filamentous anoxygenic photoautotrophic bacterium '*Candidatus Chlorothrix halophila*' gen. nov., sp. nov., recovered from hypersaline microbial mats [J]. Archives of Microbiology, 2004, **181**(1): 17-25.
- [37] Pierson B K, Castenholz R W. A phototrophic gliding filamentous bacterium of hot springs, *Chloroflexus aurantiacus*, gen. and sp. nov [J]. Archives of Microbiology, 1974, **100**(1): 5-24.
- [38] Avidano L, Gamalero E, Cossa G P, *et al.* Characterization of soil health in an Italian polluted site by using microorganisms as bioindicators [J]. Applied Soil Ecology, 2005, **30**(1): 21-33.
- [39] Chen J, Shen W J, Xu H, *et al.* The composition of nitrogen-fixing microorganisms correlates with soil nitrogen content during reforestation; a comparison between legume and non-legume plantations [J]. Frontiers in microbiology, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.00508.
- [40] Castañeda L E, Barboşa O. Metagenomic analysis exploring taxonomic and functional diversity of soil microbial communities in Chilean vineyards and surrounding native forests [J]. PeerJ, 2017, **5**, doi: 10.7717/peerj.3098.
- [41] Srour A Y, Ammar H A, Subedi A, *et al.* Microbial communities associated with long-term tillage and fertility treatments in a corn-soybean cropping system [J]. Frontiers in Microbiology, 2020, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.01363.
- [42] 张瑞海, 宋振, 付卫东, 等. 植被恢复对刺萼龙葵根际土壤细菌群落结构与功能的影响[J]. 环境科学, 2021, **42**(1): 433-442.
Zhang R H, Song Z, Fu W D, *et al.* Effects of vegetation restoration on the structure and function of the rhizosphere soil bacterial community of *solanum rostratum* [J]. Environmental Science, 2021, **42**(1): 433-442.
- [43] Lai C M, Li C Y, Peng F, *et al.* Plant community change mediated heterotrophic respiration increase explains soil organic carbon loss before moderate degradation of alpine meadow [J]. Land Degradation & Development, 2021, **32**(18): 5322-5333.
- [44] Zhou G Y, Zhou X H, He Y H, *et al.* Grazing intensity significantly affects belowground carbon and nitrogen cycling in grassland ecosystems; a meta-analysis [J]. Global Change Biology, 2017, **23**(3): 1167-1179.
- [45] Chen J, Elsgaard L, van Groenigen K J, *et al.* Soil carbon loss with warming: New evidence from carbon-degrading enzymes [J]. Global Change Biology, 2020, **26**(4): 1944-1952.
- [46] Breidenbach A, Schleuss P M, Liu S B, *et al.* Microbial functional changes mark irreversible course of Tibetan grassland degradation [J]. Nature Communications, 2022, **13**(1), doi: 10.1038/s41467-022-30047-7.
- [47] Liang Z S, Yu Y, Ye Z K, *et al.* Pollution profiles of antibiotic resistance genes associated with airborne opportunistic pathogens from typical area, Pearl River Estuary and their exposure risk to human [J]. Environment International, 2020, **143**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105934.
- [48] Rivett D W, Bell T. Abundance determines the functional role of bacterial phylotypes in complex communities [J]. Nature Microbiology, 2018, **3**(7): 767-772.
- [49] Zhou J, Jiang X, Zhou B K, *et al.* Thirty four years of nitrogen fertilization decreases fungal diversity and alters fungal community composition in black soil in northeast China [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, **95**: 135-143.

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)
Spatio-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 Waiqinhuai 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 Desulfurized 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-yue, <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)