

目次

2013~2020年天津市PM_{2.5}-O₃污染变化趋势和影响因素分析 肖致美, 李亚菲, 高璟赞, 李鹏, 蔡子颖, 郑乃源, 张裕芬, 戴运峰 (4211)

2015~2020年济南市O₃污染趋势及敏感性变化分析 孙晓艳, 孙军, 郭萌萌, 刘杨, 王宝琳, 范国兰, 许宏宇, 姜腾龙 (4220)

南京市南部地区O₃污染特征、生成敏感性及传输影响分析 郑新梅, 胡崑, 王鸣, 谢放尖, 王艳 (4231)

天津市“十三五”期间O₃污染特征和驱动因子 李源, 肖致美, 毕晓辉, 蔡子颖, 徐虹, 高璟赞, 郑乃源, 杨宁 (4241)

基于随机森林的南京市PM_{2.5}和O₃对减排的响应 尚永杰, 茅宇豪, 廖宏, 胡建林, 邹泽庸 (4250)

基于四维通量法的佛山臭氧污染输送量化 吴莉萍, 莫海华, 杨丽婷, 蔡梓桐, 吴国彤, 白玉洁, 邓思欣, 司徒淑婷, 常鸣, 王雪梅 (4262)

污染地块VOCs源衰减对室内蒸气入侵风险的影响 钟茂生, 汪洋, 姜林, 张丽娜, 马琳, 张瑞环, 赵莹, 李吉鸿 (4271)

2017~2020年长江流域水体污染物通量时空变化特征分析 郭朝臣, 雷坤, 李晓光, 周波, 吕旭波 (4279)

滹沱河流域山区地表水-地下水水化学空间变化特征、影响因素及其来源 孔晓乐, 常玉儒, 刘夏, 赵小宁, 沈彦军 (4292)

重庆东南部岩溶水金属元素空间分布、源解析及健康风险评价 谢浩, 邹胜章, 李军, 申豪勇, 林永生, 周长松, 朱丹尼, 王志恒 (4304)

衡水市桃城区浅层地下水咸化成因 何锦, 张怀胜, 蔡五田, 王雨山 (4314)

吐鲁番南盆地平原区地下水污染风险评价 白凡, 周金龙, 周殿竹, 韩双宝, 孙英 (4325)

金属硫化物矿山水系统中微生物群落组成及多样性 丁聪聪, 朱旭炎, 赵兴青, 陆金, 周宇斌, 张欣怡, 王霄鹏 (4334)

白洋淀上覆水及沉积物中微塑料赋存特征 程昕煜, 杨丽虎, 宋献方 (4344)

基于溶解性有机物分子指纹特征解析城市河道污染来源与机制 朱奕, 叶建锋, 孙晓楠, 胡曙煜, 陈勋, 唐建飞, 陈浩 (4353)

甾体激素在污水处理厂中的赋存特征和行为归趋 刘媛媛, 冯慧, 张云, 叶亮, 钟琴, 邹华 (4364)

博鳌近岸海域表层沉积物中持久性有机污染物的分布、来源与生态风险评价 郝润波, 符国伟, 宋艳伟, 傅开哲, 袁坤 (4374)

太原市耕地土壤PAHs的含量、分布、源解析与风险评价 吴张伟, 段永红, 刘立文, 徐立帅, 陈香玲, 姚旭红 (4387)

雄安新区土壤氟地球化学特征及健康风险评价 郭志娟, 刘飞, 周亚龙, 王乔林, 王成文 (4397)

基于APCS-MLR和PMF模型解析黄河下游文化公园土壤重金属污染特征及来源分析 段海静, 马嘉玉, 彭超月, 刘德新, 王玉龙, 李旭辉, 马建华 (4406)

锰矿区周边农田土壤重金属污染特征、来源解析及风险评价 余高, 陈芬, 张晓东, 孙约兵 (4416)

老工业城市土壤-作物系统重金属的迁移累积及风险协同评价 王莹, 董爱俊, 杨建锋, 马彦斌, 王泽晶, 杨凡燕 (4429)

畜禽粪肥还田四环素类抗生素(TCs)在土壤-蔬菜系统的分布特征及风险评估 丁丹, 黄晓依, 顾静仪, 陈澄宇, 龙新亮, 曾巧云 (4440)

地质高背景区外源污染叠加条件下大白菜对Cd、Pb、Zn累积途径探究 简槐良, 刘鸿雁, 梅雪, 毛诗佳, 刘芳, 张秋野, 敬鹏 (4448)

微塑料与铅复合污染对玉米种子萌发与生长的影响 马贵, 廖彩云, 周悦, 丁家富, 周炎炎, 王展, 马燕 (4458)

施加Fe₃O₄/桑秸秆生物炭对土壤团形态和水稻砷含量的影响 阮麟乔, 梁美娜, 丁艳梅, 曹海燕, 刘崇敏, 成官文, 朱义年, 王敦球 (4468)

生物炭与氮肥配施对镉污染水稻土修复效应及机制 张丽, 李如霞, 何玉玺, 姚彦坡, 林大松 (4479)

不同氮肥配施生物炭对镉污染土壤青菜镉吸收的影响 李平, 聂浩, 郎漫, 朱燕菊, 姜海波, 李楠 (4489)

椰纤维生物炭及其硝酸改性对稻田土壤中Pb钝化的影响 侯正伟, 李建宏, 李财生, 张婧旻, 林清火, 赵庆杰, 吴治澎, 王禹 (4497)

生物炭施用对微塑料污染石灰性土壤理化性质和细菌群落的影响 冉泰山, 龙健, 廖洪凯, 李娟, 杨国梅, 赵雨鑫 (4507)

改性生物炭负载零价铁对土壤中三氯乙烯的去除及微生物响应 陆海楠, 理鹏, 郭琳, 徐佳成, 杨洁, 黄沈发, 柯天英 (4519)

改性酒糟生物炭对紫色土养分及酶活性的影响 由乐林, 谢永红, 王子芳, 杨文娜, 高明 (4530)

化肥减量配施生物炭和秸秆增加了坡耕地土壤中流磷流失风险 赖佳鑫, 邓华, 朱浩宇, 黄容, 龙翼, 王子芳, 高明 (4541)

污泥和鸡粪生物炭制备及其老化过程中的碳损失 张滢, 张长浩, 张秀芳, 段文焱, 陈芳媛 (4554)

化肥和有机肥配施生物炭对根际土壤反硝化势和反硝化细菌群落的影响 谢军, 王子芳, 王莹燕, 熊子怡, 高明 (4565)

黄河下游谷子花生间作农田土壤细菌群落结构与功能预测 刘柱, 南镇武, 林松明, 孟维伟, 于海秋, 谢立勇, 张正, 万书波 (4575)

微咸水灌溉下微生物菌肥对盐渍土壤理化性质和细菌群落的影响 刘月, 杨树青, 张万锋, 姜帅 (4585)

高效石油降解菌修复石油污染土壤与强化机制分析 姚贞先, 王丽萍, 李丹, 李亚平, 何士龙, 赵雅琴 (4599)

土地集约利用程度对华北潮土农田土壤微生物群落丰度和死生物物质积累的影响 李胜君, 盛美君, 李刚, 王蕊, 李洁, 张贵龙, 修伟明 (4611)

中国省域碳达峰路径与政策 苗安康, 袁越, 吴涵, 马欣, 邵辰宇 (4623)

基于碳减排成本的我国省域碳补偿机制 钟诗雨, 张晓敏, 吴佳, 郭娜, 封强, 傅泽强 (4637)

不同施肥措施下长江经济带地区农田土壤有机碳含量的变化分析 刘欣宇, 卢江, 孟璇, 刘铮, 宋鹏, 李季, 田光明 (4647)

中国西北地区多情景土地利用优化与碳储量评估 陈宁, 辛存林, 唐道斌, 张亮, 辛顺杰 (4655)

陕西渭北旱塬区生境质量及碳储量时空演变分析与模拟 古圳威, 刘京, 陈怡, 户新冉, 王思轶 (4666)

气候变暖对四川盆地水稻土有机碳含量变化的影响 李艾雯, 宋靛颖, 冉敏, 李文丹, 张元媛, 李呈吉, 史文娇, 李启权 (4679)

降水改变下撂荒草地的化学计量失衡改变调节土壤呼吸 王佳懿, 王兴, 王源苗, 房景博, 夏开拉·阿克拜, 祖丽皮耶·居热艾提, 杨改河, 任成杰, 韩新辉 (4689)

水盐环境对黄河口淡水湿地土壤碳、氮、磷生态化学计量特征的影响 秦纪法, 张佳彭, 桑奕, 杨云斐, 杨继松, 王志康, 栗云召, 周迪, 于君宝 (4698)

中国省域土壤重金属空间分布特征及分区管控对策 石航源, 王鹏, 郑家桐, 肖荣波, 邓一荣, 庄长伟 (4706)

壬基酚的环境生物地球化学研究进展及对新污染物管理的建议 洪亚军, 冯承莲, 徐大勇, 吴丰昌 (4717)

微塑料的形成机制及其环境分布特征研究进展 张龙飞, 刘玉环, 阮榕生, 赵蓝天, 王允圃, 张琦, 曹雷鹏, 崔宪, 巫小丹, 郑洪立 (4728)

生物炭添加对土壤温室气体排放影响的长短期效应研究进展 周咏春, 吴柳林, 李丹阳, 郭思伯, 陈志敏, 李正龙, 赵研 (4742)

铁基双金属催化剂活化过硫酸盐去除水中抗生素研究进展 魏健, 张新怡, 郭壮, 宋永会 (4751)

畜禽粪便污染的环境风险与资源化治理技术分析 安婧, 丁子明, 高程程, 胡芳雨, 魏树和 (4764)

《环境科学》征订启事(4230) 《环境科学》征稿简则(4303) 信息(4506, 4678, 4741)

金属硫化物矿山水系统中微生物群落组成及多样性

丁聪聪, 朱旭炎, 赵兴青*, 陆金, 周宇诚, 张欣怡, 王霄鹏

(常州大学环境科学与工程学院, 常州 213164)

摘要: 为探索矿山水系统中因采矿活动引起的重金属污染特征和理化性质, 以及微生物群落对不同污染水平生境的响应, 以中国安徽铜陵狮子山矿区水系统(采矿区废水、堆矿区渗流水、选矿区废水、矿山渗透水和生活池塘水等)为研究对象, 通过对水体的理化性质及重金属污染特征分析, 并利用 Illumina HiSeq 2500 测序技术对不同类型废水中微生物群落组成丰度及结构多样性进行了研究, 探讨了矿山废水污染特征与微生物群落结构和多样性的相关性。结果表明, 水体 pH 在采矿区(MW1、MW2)、堆矿区(HW)和选矿区(DW)呈强酸性, 矿山水体污染主要来自于采矿活动。不同功能类型废水中微生物群落结构差异显著, 其中重金属污染最重的 DW 的微生物群落多样性和丰度均比其他 4 个区域弱。高通量测序得到门水平上 15 门细菌和 3 门古菌, 其中优势细菌群为 Proteobacteria、Bacteroidetes、Nitrospirae 和 OD1, 优势古菌为 Euryarchaeota。PCoA 分析表明相似的水体类型的样本聚类相似。相关性热图和典型相关分析(CCA)得到该区域矿山废水中的微生物群落主要受到了 pH、电导率(EC)、 SO_4^{2-} 、化学需氧量(COD)和重金属的综合影响。通过全面了解矿山水系统中水体理化性质及污染特征, 并探索极端环境中的功能菌株, 可为矿山废水的管理、排放和生物修复提供菌种以及理论依据。

关键词: 金属硫化物矿山; 矿山废水; 重金属污染; 微生物群落组成; 高通量测序

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)08-4334-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202209015

Microbial Community Composition and Diversity in Metal Sulfide Mine Water Systems

DING Cong-cong, ZHU Xu-yan, ZHAO Xing-qing*, LU Jin, ZHOU Yu-cheng, ZHANG Xin-yi, WANG Xiao-peng

(School of Environmental Science & Engineering, Changzhou University, Changzhou 213164, China)

Abstract: To understand the characteristics of heavy metal pollution and physicochemical properties caused by mining activities in mine water systems and the response of the microbial community to habitats with different contamination levels, this study selected different types of water (mining area wastewater, spoil heap area wastewater, dressing area wastewater, mine seepage water, and pond water) as the variables related to the mining activities in the water system of the Shizishan mining area in Tongling, Anhui Province. The pollution characteristics and physicochemical properties were compared, and the relationship between environmental factors and the microbial communities were analyzed. The results showed that the content of heavy metals, the physicochemical properties, and the structure and diversity of the microbial community of different types of water were significantly different in different mine areas, among which the most seriously polluted areas were the mining area, the spoil heap area, and the dressing area. There were significant differences in microbial community structure among different functional types of wastewaters, and the diversity and abundance of the microbial community in DW with the heaviest heavy metal pollution were weaker than those in the other four regions. PcoA analysis showed that samples of similar water types had similar clustering. Spearman correlation heat map analysis and canonical correlation analysis (CCA) indicated that heavy metal pollution, pH, electrical conductivity (EC), SO_4^{2-} , and chemical oxygen demand (COD) had the greatest effect on the microbial communities in the mine water systems. Moreover, this study found that Proteobacteria, Euryarchaeota, and Bacteroidetes dominated in mine water systems, and their potential use could be explored in the future. Our results provide a better understanding of the different types of water pollution characteristics in mine water systems and the key factors that determine the microbial community structure.

Key words: metal sulfide mine; mine wastewater; heavy metal pollution; microbial community composition; high-throughput sequencing

矿山开采、矿物富集分离和尾矿堆积等过程都会产生大量的废水, 矿山废水含有大量的重金属离子、酸、碱、固体悬浮物和各种选矿药剂等。其特点是排放量大、持续性强, 对周围环境产生了巨大的危害。还会通过食物链进入人体, 极大程度地危害人类的生命健康^[1]。微生物担负着调控生态系统、维持地球物质循环、缓冲和净化污染等多方面的功能。微生物对环境胁迫的响应要比同一环境中的动物和植物更加灵敏。所以, 微生物活动的改变通常被认为是生态影响的一个重要指标^[2]。

矿山排水中的重金属污染被认为是不同类型生境中微生物群落组成的重要环境因素^[3]。pH 值是酸性矿山废水 (acid mine drainage, AMD) 中嗜酸生物群落组成的最强预测因子, 在不同地区具有广泛

的时空尺度^[4]。许多研究发现微生物结构及多样性与地球化学参数之间的关系, 证明了环境变量如金属浓度、电导率、pH、硫酸盐、温度、硫化物和盐度等都对环境中微生物群落有较强的影响^[5], 从而使得生物多样性和结构特征也发生调整, 以适应不同生境。这些研究初步洞悉了影响微生物群落结构以及多样性的物理和化学因素, 并增加了对微生物如何应对环境变化作出反应的理解。

矿山水体中的微生物影响整个矿山生物地球化学过程, 但大多数研究者专注于酸矿水^[6], 对矿区

收稿日期: 2022-09-02; 修订日期: 2022-10-31

基金项目: 国家自然科学基金项目(41302025, 41541016); 国家自然科学基金重大研究计划项目(92062213)

作者简介: 丁聪聪(1996~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: 276152057@qq.com

* 通信作者, E-mail: zhaoxq@cczu.edu.cn

水系统中不同类型废水中的微生物群落结构变化及差异了解不多. 矿山废水伴随矿产资源开发的全过程, 每一过程都呈现不同的污染特性, 笼统地对其进行研究不利于充分掌握整个矿山水体污染信息. 不同过程产生的废水中的理化性质差异显著, 从而使得微生物群落结构也在不断地调整以适应生境. 因此, 深入研究矿山水系统中不同类型废水的生态效应对于整个矿山废水的管理、排放和修复具有重要的意义.

安徽铜陵地区是长江中、下游典型的多金属矿集区之一. 铜陵狮子山矿区在长期的开采过程中, 产生了大量废水, 对周边生态环境有严重影响. 因此, 选择铜陵狮子山矿区水系统开展一项综合研究, 通过对矿山水系统中产生的不同类型的废水(露天采矿区废水、堆矿区渗流水、选矿区选矿井废水、矿山渗透水和生活池塘水等)为研究对象, 对矿区水体理化特征及重金属污染特征进行分析, 使用高通量测序对微生物群落组成及多样性进行研究. 本研究的主要目的是: ① 表征矿山水系统不同类型水体污染分布特征; ② 提供一个与采矿活动相关的区域水系统中微生物群组成和多样性的新的见解; ③ 量化参数与微生物群落组成之间的关系. 这项调查通过深入了解矿山水系统中微环境, 探讨环境因子对微生物在矿山水环境中地理分布所起的作用, 以期揭示微生物群落对环境因子的胁迫响应.

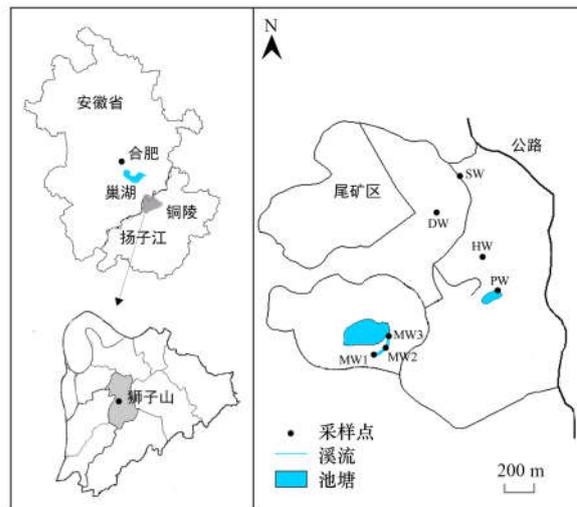
1 材料与方法

1.1 样品采集和保存

狮子山矿区位于铜陵市东郊约 7 km 处, 是铜陵地区 Cu、Ag、Fe 和 S 等矿产较为集中的区域之一. 本研究采样点设在狮子山杨山冲尾矿库及周边, 根据矿山总平面布置(图 1), 针对不同水体类型, 选取露天采矿区废水(采矿区有一自上而下的溪流, 分别在山顶、山腰和山脚下选取了 3 个采样点 MW1、MW2 和 MW3, 其中 MW3 是溪流、地下水、雨水等汇聚在采矿坑内形成的一个大水塘, 水深约 2 m)、堆矿区废水(堆矿区淋溶渗流水, HW)、选矿区废水(选矿井废水, DW)、矿山岩石层的裂隙渗透水(矿山渗透水, SW)和山脚下生活池塘水(PW, 作为参考点), 每个采样点采集 5 份水样充分混匀, 分别放置于经过灭菌处理的血清瓶中, 获得 7 个混合样, 标记后放入冰盒中, 快速带回实验室. 将每个血清瓶的水样一分为二, 一份用于理化性质测定, 一份用于分子生物学分析.

1.2 水样重金属测定及理化性质分析

水样 pH 值采用 PHS-3C 型实验室 pH 计测定,



MW1、MW2 和 MW3 表示采矿区废水、堆矿区废水(HW)、选矿区废水(DW)、矿山渗透水(SW)和生活池塘水(PW)

图 1 采样位置示意

Fig. 1 Sampling locations

水样电导率采用 DDS-307 电导率仪测定, 水样中二价铁离子(Fe^{2+})采用邻菲罗啉比色法(GB code)测定, 水样中的 COD 采用重铬酸钾法(GB code)测定, 水样中阴离子(Cl^- 、 SO_4^{2-} 和 NO_3^-)在中国江苏省常州市环境监测中心采用离子色谱法测定. 水样中的重金属浓度(Cu、Pb、Zn 和 Cd)采用火焰原子分光光度法测定, 测定精度 $0.0001 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ [7]. 矿山水体重金属综合污染状况由重金属污染指数法(HPI)评价, 当 $\text{HPI} < 100$ 时, 则可认为该水体的重金属污染程度在最高可接受水平范围内, 反之则不在可接受范围内.

$$W_i = k/S_i$$

$$Q_i = 100 \times (C_i/S_i)$$

$$\text{HPI} = \frac{\sum_{i=1}^n (Q_i W_i)}{\sum_{i=1}^n W_i}$$

式中, S_i 为污染物 i 在水域中允许的最高浓度($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$) [以《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002) V 类水域标准限值]; k 为比例常数, 通常取 1; C_i 为水体中污染物 i 的检测浓度($\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$).

1.3 微生物群落结构及多样性分析

按照 MOBIO PowerSoil® DNA Isolation Kit 试剂盒操作方法提取水体样品宏基因组 DNA, 提取后于 -80°C 冰箱保存. 以提取的样品宏基因组 DNA 为模板针对微生物 16S rRNA 基因 V4 区进行 PCR 扩增. PCR 扩增产物用 1.0% 的琼脂糖进行电泳验证, 此时对 PCR 扩增产物采用纯化试剂盒进行纯化, 使用 EZNA Gel Extraction Kit 凝胶回收试剂盒回收 PCR 混合产物. 最后采用 Illumina HiSeq 2500 (Magigene, Guangdong) 平台进行高通量测序[8].

1.4 统计与数据处理

数据采用 Microsoft Excel 2013 进行统计,包括变异系数(CV)的计算^[9].通过 QIIME 平台去除原始序列中的低质量序列,根据标签序列分开来自不同样品的序列.利用 Uchimie 软件去除在 PCR 过程中形成的嵌合体,获得的高质量序列用 Usearch 方法进行聚类,以 16S rRNA 基因序列 97% 相似度作为分类操作单元 OTUs (operational taxonomic units) 的划分标准. Chao1 和 Shannon 多样性指数的计算利用 QIIME 平台完成,通过 RDP Classifier 鉴定 OTU 代表性序列的微生物分类地位. Spearman 相关性分析用 SPSS Statistics 25.0 完成^[10].用 R 软件(版本 3.6.1)中的各种数据包可以完成 Heatmap 和 PCoA 等图并进行分析检验.另外,用 Canoco 软件(version 4.5, Microcomputer Power, USA)进行 CCA 分析来揭示环境理化因子与微生物群落以及环境因子之间的相关性.

$$\alpha = \sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}$$

$$\beta = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n x_t \quad (t = 1, 2, \dots, n)$$

$$CV = \frac{\alpha}{\beta} \times 100\%$$

式中, α 表示 STEDV 函数, β 表示 AVERAGE 函数.

2 结果与分析

2.1 水的理化性质和重金属污染

矿山水系统中不同生境水体(采矿区废水、堆矿区废水、选矿区废水、矿山渗透水和生活池塘水)理化性质及重金属污染特征见表 1. 结果显示大部分采样点(MW1、MW2、HW 和 DW)水样理化性质的检出值远高于《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002) V 类水域标准限值. 水体 pH 除 MW3、PW 和 SW 的大致呈现中性(6.96 ~ 7.38), 其他 4 个采样点(MW1、MW2、HW 和 DW)均表现为强酸性(2.32 ~ 3.73), 狮子山矿区酸矿水的酸化程度较高. 水体 COD(55.72 ~ 472.88 mg·L⁻¹)、EC(75.2 ~ 569.8 mS·cm⁻¹)、Cl⁻(9.7 ~ 26.4 mg·L⁻¹)、SO₄²⁻(273.8 ~ 10 879 mg·L⁻¹)和 NO₃⁻(ND ~ 27.60 mg·L⁻¹)均表现为 PW 和 MW3 样品中的数值显著低于其他采样点. DW 的 COD 最高(472.88 mg·L⁻¹), HW 的 EC 及 Cl⁻和 SO₄²⁻数值均最高, 所有采样点 ρ (SO₄²⁻)均超过地表水环境质量标准(250 mg·L⁻¹). 此外, 本研究中的矿山废水与其他寡营养环境不同的是, 水体中的 N 浓度较高, NO₃⁻除 SW 和 PW 未被检测到, 其他采样点的 NO₃⁻浓度远超水体富营养化评价指标中 N 浓度 [ρ (TN): 0.2 ~ 0.3 mg·L⁻¹].

表 1 矿山水理化性质及重金属污染评价¹⁾

Table 1 Mine water physicochemical properties and evaluation of heavy metal pollution

项目	采样点							α	β	CV
	MW1	MW2	MW3	HW	DW	SW	PW			
pH	2.96 ± 0.04	2.99 ± 0.14	7.33 ± 0.32	2.32 ± 0.14	3.73 ± 0.34	6.96 ± 0.35	7.38 ± 0.29	2.30	4.81	47.77
EC	521.0 ± 13.3	481.0 ± 18.3	83.8 ± 10.4	569.8 ± 18.3	564.1 ± 23.1	238.7 ± 14.8	75.2 ± 11.3	222.98	361.94	61.61
COD	257.53 ± 6.53	254.51 ± 8.39	55.72 ± 3.19	144.58 ± 5.29	472.88 ± 13.43	91.87 ± 4.22	67.77 ± 2.49	149.09	192.12	77.60
Cl ⁻	11.4 ± 0.85	12.9 ± 1.31	9.7 ± 1.35	26.4 ± 1.79	10.0 ± 1.57	16.1 ± 1.02	11.5 ± 1.93	5.87	14	41.94
SO ₄ ²⁻	5 595 ± 84.53	5 891 ± 87.21	428.9 ± 29.35	10 879 ± 184.29	9 177 ± 148.38	1 366 ± 23.59	273.8 ± 18.39	4 268.49	4 801.53	88.90
NO ₃ ⁻	25.0 ± 1.70	26.2 ± 1.48	24.5 ± 2.87	25.00 ± 3.24	27.60 ± 4.28	ND(0.010)	ND(0.010)	12.56	18.33	68.50
Fe ²⁺	1.50 ± 0.18	1.41 ± 0.26	0.12 ± 0.09	7.15 ± 1.39	4.92 ± 1.47	0.12 ± 0.06	0.19 ± 0.07	2.76	2.20	125.38
Cu	17.82 ± 1.61	20.28 ± 3.28	0.14 ± 0.11	70.92 ± 6.18	1 338.91 ± 46.27	2.60 ± 1.27	6.55 ± 2.48	499.19	208.17	239.79
Pb	0.35 ± 0.12	0.32 ± 0.17	0.20 ± 0.11	0.45 ± 0.17	0.39 ± 0.17	0.23 ± 0.14	0.12 ± 0.08	0.12	0.29	39.38
Zn	25.12 ± 2.93	35.22 ± 4.14	0.39 ± 0.18	32.35 ± 4.28	47.55 ± 9.18	0.58 ± 0.21	0.40 ± 0.26	19.64	20.23	97.09
Cd	0.49 ± 0.13	0.48 ± 0.23	ND(0.010)	0.66 ± 0.31	0.47 ± 0.16	ND(0.010)	ND(0.010)	0.28	0.30	92.87
HPI	4 333.03	4 246.81	105.87	5 924.63	5 350.77	110.66	105.16	—	—	—

1) pH 和 HPI 无量纲, EC 单位为 mS·cm⁻¹, CV 单位为%, 其余单位为 mg·L⁻¹; ND 表示未检出, 括号内数值表示检出限为 0.010; “—”表示文中没有相关数据

以《地表水环境质量标准》(GB 3838-2002) V 类水域标准限值 [ρ (Fe²⁺)、 ρ (Cu)、 ρ (Pb)、 ρ (Zn)和 ρ (Cd) 分别为 0.3、1.0、0.1、2.0 和 0.01 mg·L⁻¹]作为评价标准. 与之相比, 重金属 Cu、Zn 在 DW 点污染最严重, 超标值达到 1 338.91 倍和 23.78 倍, 重金属 Cd 和 Pb 在 HW 点超标标准值达到 66 倍和 4.5 倍. 由重金属污染指

数 HPI 分析得出, 7 个采样点水体重金属污染指数依次为: HW(5 924.63) > DW(5 350.77) > MW1(4 333.03) > MW2(4 246.81) > SW(110.66) > MW3(105.87) > PW(105.16), 采样点 HW、DW、MW1 和 MW2 的 HPI 值(6 030.5 ~ 4 246.81) 远远超过最高可接受值 100, 可知 MW1、MW2、HW 和 DW 的排水重金属污染高, 其余 3 个采样点(SW、

MW3、PW)的 HPI 值均在 100 左右, PW 污染指数最低(105.16), 矿山水系统不同区域废水污染特征差异显著。

CV 可以反映总体样本中各采样点平均变异程度. 变异系数越大, 说明环境参数的可变化性增加^[9], 因此矿区水系统中因水功能不同而排放的废水受外界干扰较大, 在空间上的分布有较大的差异. 通过计算各种理化参数的变异系数, 发现变异系数值普遍高于 39%. 其中变异程度最小的为重金属 Pb (39.38%), 最大的为重金属 Cu, 达到了 239.79%.

2.2 微生物组结构和多样性

通过对矿山水系统不同类型水体样品进行 Illumina HiSeq 2500 测序, 得到了该矿区水系统中微

生物群落的多样性. 由表 2 可知各采样点在构建的 OTUs 数量为: SW (5 547) > MW1 (5 220) > MW2 (4 868) > PW (3 683) > MW3 (2 737) > HW (2 317) > DW (2 541). 同时, 表 2 中的 Shannon、Chao1 和 Observed species 指数也验证了上述物种丰富度排名. Shannon 指数表征物种多样性的均匀性, SW (Shannon 指数为 9.50) 具有最大多样性和均匀性, DW (Shannon 指数为 6.70) 则最少. 在物种丰富度上, 由 Chao1 指数和 Observed species 指数得出, Chao1 指数的最大值为 MW2 (7 262), Observed species 指数的最大值为 SW (4 664), 而这两者的最小值均在 DW, Chao1 和 Observed species 指数分别为 3 255 和 2 005.

表 2 微生物群落多样性指数(97%序列相似性)

Table 2 Microbial community diversity index (97% sequence similarity)

测序信息	MW1	MW2	MW3	HW	DW	SW	PW
序列数	41 121	34 862	21 999	27 410	37 147	34 879	35 241
OTUs	5 220	4 868	2 737	2 317	2 541	5 547	3 683
Shannon 指数	8.63	8.58	7.80	6.91	6.70	9.50	7.93
Chao1 指数	7 078	7 262	3 762	3 348	3 255	6 448	4 607
Observed species 指数	3 787	3 789	2 737	2 098	2 005	4 664	3 009

通过 Venn 图可以直观地表明环境样本的 OTUs 数目组成相似性及重叠情况^[11]. 图 2 显示了 7 个采样点的 OTUs 重叠数量为 177 个, 且每个采样点都有自己独特的微生物物种。

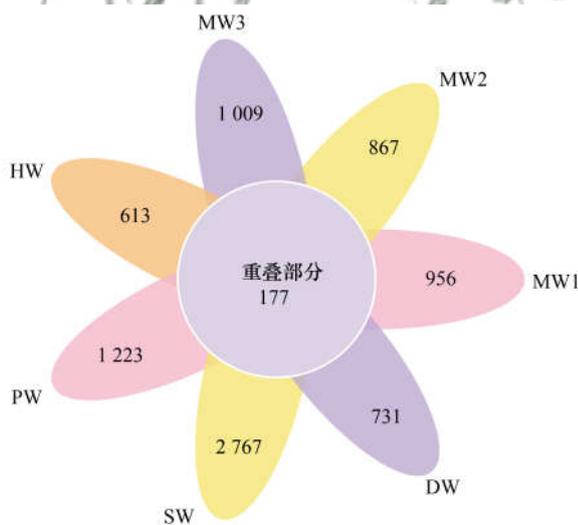


图 2 OTU 维恩图

Fig. 2 OTU Venn diagram

为了获得更好的可视化和探索物种组成相似性的数据, 基于 Weighted Unifrac 距离的主坐标分析 (PCoA) 显示了不同水体的理化性质对微生物群落 β -多样性的综合影响(图 3). 约有 77.73% 的微生物群落组成变异得到解释(第一维第二维分别是 55.71% 和 22.02%), 这表明本次选取研究的水体

的环境参数对分布和组成有显著影响. PCoA 结果显示, 理化性质相近的样本常是聚类成簇的, 例如 MW1 和 MW2 聚类相似, MW3 和 PW 聚类相似, 这从相似性度量热图也能得到相似的结果(图 4).

OTUs 序列条数可以分成不同的类别, 各水体中的微生物群落在门(1%)水平上的相对丰度总共 18

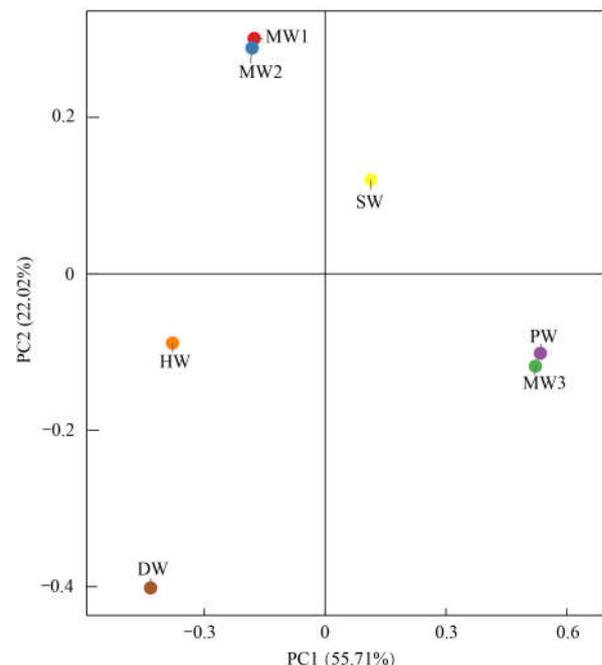


图 3 铜陵矿区采样点及相关环境变量的主成分分析 (PCoA)

Fig. 3 Principal co-ordinates analysis (PCoA) of sampling sites and related environmental variables in Tongling Mining area

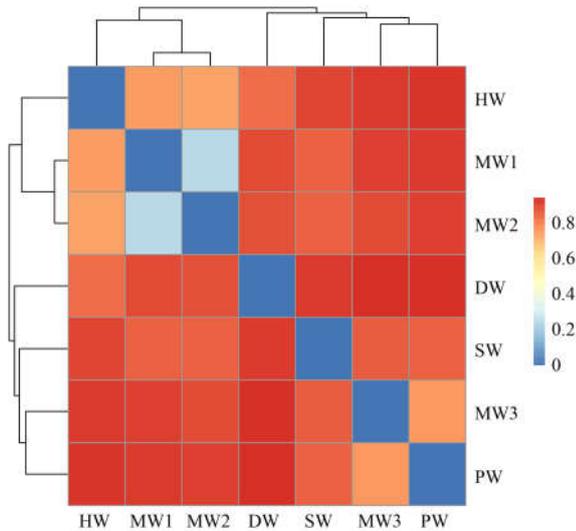
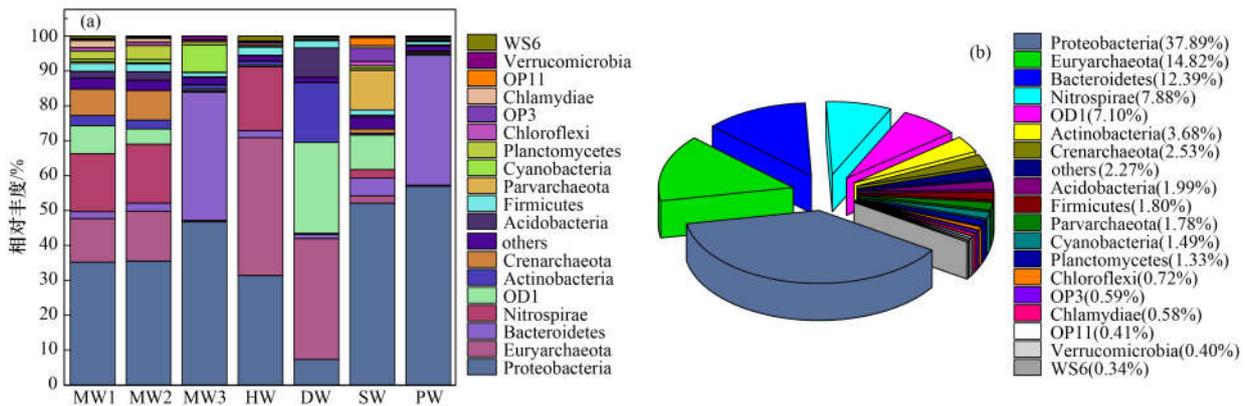


图4 基于 Bray-Curtis 距离计算出相似性度量热图

Fig. 4 Calculating thermal map of similarity measurement based on Bray-Curtis distance

门[图5(a)]. 主要由细菌(80.87%)和古菌(19.13%)组成. 其中古菌3门,包括 Crenarchaeota、Euryarchaeota 和 Parvarchaeota; 细菌15门,包括 Acidobacteria、Actinobacteria、Bacteroidetes、Chlamydiae、Chloroflexi、Cyanobacteria、Firmicutes、Nitrospirae、OD1、OP11、OP3、Planctomycetes、Proteobacteria、Verrucomicrobia 和 WS6. 其中 Proteobacteria、Euryarchaeota、Bacteroidetes、

Nitrospirae 和 OD1 为优势菌群[图5(b)], 分别占总序列的 37.89%、14.82%、12.39%、7.88% 和 7.10% (相对丰度 > 5%), 优势菌群占总菌群的 80.08%. 其他一些菌群丰富度比较少, 但仍在大部分样品中检测到. 其中包括 Crenarchaeota(2.53%)、Acidobacteria (1.99%)、Firmicutes (1.80%)、Parvarchaeota (1.78%)、Cyanobacteria (1.49%) 和 Planctomycetes(1.33%). 由微生物种类在门水平上的分类揭示了所有矿山水系统水样中的微生物群落组成差异明显[图5(a)]. 最优势菌 Proteobacteria 在 PW 中占该区域微生物群落丰富度比例最高(56.95%), 其次在 MW1、MW2、MW3、HW 和 SW 中占比为 31.35%~52.10%; Proteobacteria 占比最低的区域在 DW, 为 7.35%. 另外, Bacteroidetes 在 MW3 和 PW 中较为优势, 在其他 5 个采样点中占比均较弱. Nitrospirae 在 MW1、MW2 和 HW 中较为优势, 而 OD1 则在 SW、DW 中较为优势. 此外, 古菌中的 Euryarchaeota 也在 MW1、MW2、HW 和 DW 中为优势菌门, 占比分别为 12.50%、14.31%、39.52% 和 34.60%, 其在 MW3 和 PW 中占比最少分别为 0.40% 和 0.30%. 相反, Crenarchaeota 在 MW1 和 MW2 分别占比只有 7.55% 和 8.49%, Parvarchaeota 在 SW 的占比也仅为 11.35%. 从中可以看出不同微生物在不同类型水体中的分布情况也不相同.



(a) 不同类型水样中微生物相对丰度, (b) 整个水样中微生物相对丰度

图5 矿区水样中微生物在门水平的相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of microorganisms at the phylum level in water samples from mining areas

2.3 环境因子对微生物多样性的影响

由各采样点酸矿山水理化性质、重金属浓度与微生物在门水平上相对丰度之间的 Spearman 相关性热图可知[图6(a)], 在门水平上, 除去 Cl^- 与微生物相关性不明显之外, 其余 10 个环境因子均与微生物有显著相关性, 尤其是与 Proteobacteria、Bacteroidetes、Firmicutes 和 Verrucomicrobia 呈显著相关性[图6(a)]. pH 值与 Firmicutes 和 WS6 呈极显著负相关 ($P <$

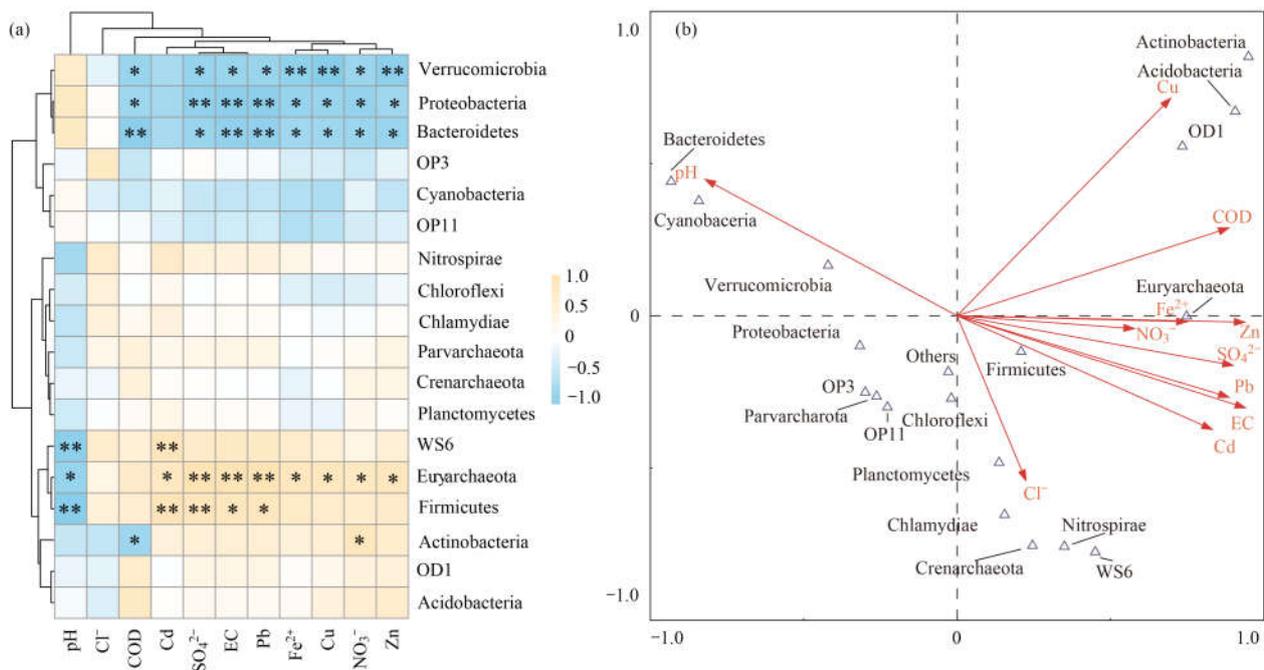
0.01). 优势细菌群中, Proteobacteria 和 Bacteroidetes 与重金属 (Fe^{2+} 、Cu、Pb、Zn 和 Cd)、EC 和 COD 等物理化学参数呈负相关. 但是 Nitrospirae 和 OD1 则相反, 其与重金属 (Fe^{2+} 、Cu、Pb、Zn 和 Cd)、EC、 SO_4^{2-} 和 NO_3^- 等呈正相关. 另外, Firmicutes 与 EC、Pb 呈显著正相关 ($P < 0.05$), 与 SO_4^{2-} 、Cd 呈极显著正相关 ($P < 0.01$). Verrucomicrobia 则与 COD、EC、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 和 Pb 呈显著负相关 ($P < 0.05$), 与 Fe^{2+} 、

Cu 和 Zn 呈极显著负相关 ($P < 0.01$). 其余门类微生物与各环境因子的相关性均不显著.

通过量化环境变量对微生物群落的组成和分布影响, 得到了典型对应分析 [图 6(b)]. CCA 分析结果显示, 微生物群落结构与环境理化性质之间存在明显的关联, 箭头代表不同的环境因子, 射线越长表示该环境因子的影响越大. 本研究中共有 11 个环境变量 (pH、COD、EC、 Cl^- 、 SO_4^{2-} 、 NO_3^- 、 Fe^{2+} 、Cu、Pb、Zn 和 Cd) 与微生物群落结构相关. 重金属 (Cu、Pb、Zn 和 Cd) 和 pH、EC、 SO_4^{2-} 、COD 等均是重要影响因素. 图 6(b) 中, Euryarchaeota、Actinobacteria、Acidobacteria 和 OD1 等微生物与重金属 Cu、Pb、Zn

和 Cd 均呈正相关, Bacteroidetes、Cyanobacteria 和 Verrucomicrobia 等微生物与重金属 Cu、Pb、Zn、Cd 和 EC 呈负相关, 与 pH 呈正相关. OP3、OP11 和 Chloroflexi 等微生物与 11 个环境因子呈不明显的关联性.

环境因子对 3 种古菌的影响有较大的差异 (图 6). 古菌 Euryarchaeota 与 pH 值呈显著负相关, Crenarchaeota 和 Parvarchaeota 与 pH 值呈负相关. 此外, Euryarchaeota 还与 Cd、 Fe^{2+} 、Cu、Zn 和 NO_3^- 呈显著正相关, 与 SO_4^{2-} 、EC 和 Pb 呈极显著正相关. 相反的是, 其他两种古菌与环境因子并未表现出较显著的关联性.



(a) 相关性热图, (b) 典型对应分析; * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, P 值为相关性检验结果; (a) 横坐标表示水的理化性质和重金属信息, 纵坐标表示微生物群落丰度信息; 蓝色表示负相关, 棕色表示正相关, 颜色越深, 相关性越高

图 6 理化性质和重金属与微生物群落的相关性热图和典型相关性分析

Fig. 6 Heat map and canonical correlation analysis of physicochemical properties, heavy metals, and microbial communities

3 讨论

3.1 水的理化性质及重金属污染特性

本研究中, 铜陵狮子山矿区水系统中不同类型废水 (采矿区废水、堆矿区废水、选矿区废水、矿山渗透水和生活池塘水) 的理化性质表现出明显的异质性 (表 1). pH 值在 MW1、MW2、HW 和 DW 呈强酸性. 这可能是 MW1、MW2 和 HW 裸露堆积的大量硫化物矿石表面不断被氧化分解, 经过雨水的淋溶后产生了大量的 H^+ , 导致了水体 pH 的降低^[12]. DW 的 pH 呈强酸性, 可能是由于选矿区水样受选矿药剂的影响. SW 主要来源于矿山废水通过土壤及岩石层的裂隙渗透而进入含水层, 或者透过防水墙. SW 的 pH 值大致呈中性, 这与其距离采矿区较远,

受到矿山排放废水影响较少及经土壤层过滤后等有关^[13]. 另外, MW3 和作为对照样品的 PW 的 pH 值也大致呈中性. MW3 和 PW 这两处的 COD、EC、COD、 SO_4^{2-} 和 NO_3^- 也明显低于其他 5 个采样点, 可能矿山废水未直接排入矿坑和生活池塘水, 加上这两处受地下水及雨水的稀释作用. 另外, HW 和 DW 中的 SO_4^{2-} 浓度远远高出 PW 数十倍甚至达到了数百倍, 这可能是由于 HW 矿石中的硫化物会被氧化溶解于水中, DW 选矿药剂的作用, 而导致水中的 SO_4^{2-} 浓度增加^[14].

矿山废水中的重金属对周边环境的影响一直被认为是一个严重的问题^[15]. 本研究中, 对矿区水系统中不同水体的重金属浓度进行了分析, 发现 MW1、MW2、HW 和 DW 水体污染严重, 排水所含

重金属主要来自采矿活动. 这主要归因于矿石裸露风化、矿石处置、选矿药剂、当地空气和水的可用性等^[16,17]. 其中, HW 重金属污染最为严重 (HPI = 5 924.63), 主要是由于 HW 堆放的大量矿石经过不断地氧化以及雨水的淋溶而导致重金属浓度较高^[18], 这点从 pH 值的强酸性也可以得到验证. 其中 HW 的 Fe^{2+} 浓度较高可能是来源于金属硫化矿的持续氧化所致^[19]. 从整体来看, 该地区 Cd 污染普遍严重, 超过 V 类水域标准限值的 47 ~ 66 倍, 对农业灌溉、生产以及生态环境的影响较大, 并且其生产出来的农产品对人体健康危害也较大^[20]. 这从以前的研究可以得知铜陵矿区不同土地利用类型中 Cd 的污染严重^[21]. 另外, 重金属 Cu 对该地区的影响也较为严重, DW 中 $\rho(\text{Cu})$ 甚至达到了 $1\ 338.91\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$, 这主要是由于狮子山是铜矿产地, 并且在选矿池中主要是筛选铜, 而且酸性排水对矿石的持续溶解也有重要影响.

3.2 重金属污染对水细菌群落组成和多样性的影响

由 7 个采样点 OTUs 的 Venn 图分布 (图 2)、重金属污染情况表 (表 1) 和微生物群落指数表 (表 2), 了解到了微生物群落受环境因素和重金属污染的分布情况, 还发现微生物会通过改变自身丰度和结构来适应生境的改变^[22]. 不同类型的废水所具有的环境不同, 因此存在于其中的微生物种类有明显的差异 [图 5(a)]. 特别是, 当水体微生物群落暴露于极端环境下时, 敏感的微生物种类和丰度会消亡减少, 而抗性微生物则由于适应新的生境而增多, 从而导致微生物群落的组成结构发生改变, 同时这些不太多样化的微生物种群的活性和对附加干扰的抵抗力可能也会降低. 本研究中重金属污染最重的 DW 的微生物群落多样性和丰度均比其他 4 个区域弱 (表 2), 如 Bacteroidetes 和 Cyanobacteria 在重金属污染较重的水体中几乎没有分布或者分布很少 [表 1 和图 5(a)], 这表明这些微生物对重金属的耐受性较差, 无法适应此类重污染的环境. 相反的是, Nitrospirae、Actinobacteria 和 Euryarchaeota 却能在重金属污染程度严重的水体 (MW1、MW2、HW 和 DW) 中分布丰富, 这表明这些微生物对重金属有良好的抗性 [表 1 和图 5(a)]. 同时, 从相关性热图中也可以发现相同的结果 [图 6(a)], 即 Nitrospirae 等微生物与重金属呈正相关. 这也从另一方面阐释了在长期酸化及重金属污染下, 重金属能够诱导特定微生物群落的建立^[23], 水体中微生物群落结构多样性和丰度也会因此受到改变^[24].

在所研究的矿山废水系统中得到了两类最优势的门 Proteobacteria 和 Euryarchaeota [图 5(b)], 其将

近占总微生物群落一半, 而敏感的种系则比较少. 一般来说, Proteobacteria 对重金属的耐受力很强^[25], 在重金属污染土壤中也为优势菌群^[26]. 但是在本研究中, Proteobacteria 与重金属 (Fe^{2+} 、Cu、Pb 和 Zn) 呈显著负相关 [图 6(a)]. Proteobacteria 在 DW 中的丰富度最低. Yin 等^[27] 也发现在重金属高污染沉积物中, Proteobacteria 的丰度相对降低. Jose 等^[28] 的研究发现在重金属 $\rho(\text{Cu})$ 、 $\rho(\text{Zn})$ 和 $\rho(\text{Cd})$ 分别为 97、1 159 和 $50\ \text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 的 Eloor 水样中, Proteobacteria 的丰富度达到了 78.3%. 因此推测可能是 DW 中极高的 Cu 浓度才导致了 Proteobacteria 丰度的降低. 有研究表明, 在重金属 Cu 浓度较高区域中 Proteobacteria 丰度会明显降低^[29]. 这也说明了 Proteobacteria 生活方式的复杂性.

另外, 本研究中较为优势的门是古菌 Euryarchaeota, 其在多种环境中均为优势菌群, 如农田^[30,31], 铅锌尾矿^[32]. Euryarchaeota 与重金属 Cu、Pb、Zn、Cd 和 Fe^{2+} 呈显著正相关, 特别与重金属 Pb 呈极显著正相关 [图 6(a)], 同时在 HW 和 DW 中具有分布优势 [图 5(a)], 以上都说明了 Euryarchaeota 对重金属具有高耐受性. 本研究发现, 另外两门古菌 Crenarchaeota 和 Parvarchaeota 在所有样本中均表现出低丰富度 [图 5(a)]. Wang 等^[33] 的研究发现 Crenarchaeota 在酸矿水灌溉的农田中为最优势古菌门. 但是在本研究中, Crenarchaeota 仅少量出现在 MW1 和 MW2 中, 而且在其他同样为重金属污染严重的 HW 和 DW 中几乎没有, 这可能与 Crenarchaeota 对重金属 Cu 呈负相关有关. 另外, 发现 Parvarchaeota 除了在 SW 中有少量占比外, 在其他 6 个采样点中几乎不存在, 这可能与活性相对较低有关^[34], 并且其生态作用尚未得到清晰揭示^[35].

此外, 本研究认为 Fe^{2+} 与微生物群落的相关性很可能是由于 Fe^{2+} 是铁氧化剂的主要能源来源, 它是原核生态系统的主要生产者, 将二氧化碳固定在有机物中, 这种有机碳随后支持大量的异养嗜酸菌. Fe^{2+} 也经常在酸矿水中被检测到^[36]. Fe^{2+} 在酸矿水中常常被化能自养的嗜酸微生物氧化, 并且为其提供能量, 而嗜酸微生物则起到了高效催化剂的作用, 其促进了 Fe^{2+} 向 Fe^{3+} 的转化.

3.3 影响水微生物结构和多样性的环境变量

从矿山 7 个采样点中, 发现有 5 种相似的微生物群落聚集 (图 3 和图 4), 根据分析得其聚集成簇的成因主要有以下两点: 首先是对 pH、 SO_4^{2-} 、EC 等理化性质较相似 (表 1), 其次是重金属污染状况相似 (表 1). 正如先前的研究表明^[37], 系统进化聚

类经常是由于生存环境的筛选. 有研究表明微生物群落是由多种因素综合作用驱动的^[38-40].

通过进一步研究发现, pH 值对酸矿水中的微生物群落结构以及多样性有很大影响(图 6). 有研究也表明微生物群落的变化与 pH 值的变化有很强的相关性^[41]. Tan 等^[42]研究 Richmond 矿山时也发现, 季节的变化使得酸矿水的 pH 值下降, 古细菌的相对丰度也因此升高, 同时 Jiang 等^[43]的研究发现 pH 值对电子垃圾场的微生物群落多样性起重要影响. Proteobacteria 和 Bacteroidetes 与 pH 值呈正相关, 这些微生物在 pH 值较低的区域中占比明显降低甚至几乎没有[图 5(a)]. Korehi 等^[44]的研究也发现在 pH 值为 3 以下时, Proteobacteria 相对丰度会显著降低. 这可能是由于低 pH 会使细胞内很多酶失去活性, 抑制一些微生物的生长. 相反的是, Euryarchaeota 和 Firmicutes 则与 pH 值呈负相关, 其在 pH 值较高的区域中占比很低. 另外 Liu 等^[45]的研究也发现 Euryarchaeota 的相对丰度是随着 pH 的增加而降低, 与 pH 呈负相关. 这可能是由于在 pH 值为 3~4 时, 耐酸微生物细胞膜上的脂质体能够形成有规则的囊泡结构, 而这种结构对 H⁺ 有较低的渗透性, 并且无法在 pH 值为 7 时形成. 因此在选择用于修复酸矿水的微生物时, pH 值不容忽视, 而且 pH 值对微生物群落的具体影响机制仍需要更深入的研究.

水体电导率也是影响微生物群落结构的另一个参数. Guo 等^[46]的研究也发现电导率与微生物群落结构有一定的相关性. 电导率决定着水体盐度, 而由电导率所引起的盐度的变化也影响着微生物群落^[47]. 本研究中[图 6(a)], Proteobacteria、Bacteroidetes 和 Verrucomicrobia 与电导率呈显著负相关. 在 Kim 等^[48]的研究中, Proteobacteria 与电导率呈负相关, 但是 Bacteroidetes 与电导率呈正相关. 这与本研究结果的不同可能是在该矿区中 Bacteroidetes 绝大部分分布在 pH 值较高的水体区域中, 其主要还是受到 pH 值的影响. Verrucomicrobia 在矿山废水中的占比极少, Keshri 等^[49]的研究也发现 Verrucomicrobia 仅少量存在于南非矿井水中. 另外, Euryarchaeota 和 Firmicutes 与电导率呈显著正相关. 张玥等^[50]的研究也发现 Euryarchaeota 与电导率呈正相关.

另外几种环境因子(SO₄²⁻、COD、NO₃⁻和 Cl⁻)对微生物群落结构以及多样性也有影响. 与 Cl⁻和 NO₃⁻相比较, SO₄²⁻和 COD 对微生物群落的影响也较显著[图 6(b)]. 之前提到, 硫化物矿石的氧化过程会产生大量的 SO₄²⁻, 同时还会导致水体 pH 值的

下降. 因此推测 SO₄²⁻与 pH 值的联系较为密切, 并且这两者在本研究中呈负相关[图 6(b)], 而且绝大多数微生物对 SO₄²⁻和 pH 值所作出的胁迫反应都相反[图 6(a)]. 但是 SO₄²⁻对微生物的具体机制仍有待深入了解. 此外, Chen 等^[51]的研究结果表明 COD 浓度是调节细菌群落结构的重要因素. Guo 等^[52]的研究也发现较高的 COD 会导致微生物多样性的丰富性.

总体而言, 从本研究对矿区水体理化性质与微生物群落结构及多样性分析可以看出, pH、EC、SO₄²⁻和 COD 等对微生物群落结构均有显著影响. 此外, 还发现整个矿区中的微生物群落结构变化呈现区域性.

4 结论

(1) 矿山不同区域产生的废水的重金属浓度及理化性质差异显著, 其中采矿区(MW1, MW2)、选矿区(DW)和堆矿区废水(HW)的 pH 呈强酸性, 污染最严重. 矿山开采过程中形成的大量废水, 不同功能类型废水, 微生物群落结构显著不同, 其中重金属污染最重的 DW 的微生物群落多样性和丰度均比其他 4 个区域弱, 水体中重金属污染和理化性质严重影响着微生物群落丰富度及组成.

(2) 通过 PCoA 结果显示, 理化性质相近的样本常是聚类成簇的. 相关性热图和典型性相关分析(CCA)结果表明, 矿山水体中微生物群落主要受到 pH、EC、SO₄²⁻、COD 和重金属综合污染的影响. 本研究的矿山废水系统中, Euryarchaeot 和 Nitrospirae 是最优势菌, 占总微生物群落一半, 对重金属的耐受力强且生活方式复杂.

参考文献:

- [1] Mahar A, Wang P, Ali A, *et al.* Challenges and opportunities in the phytoremediation of heavy metals contaminated soils; a review [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2016, **126**: 111-121.
- [2] 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.
- [3] Fan M C, Lin Y B, Huo H B, *et al.* Microbial communities in riparian soils of a settling pond for mine drainage treatment [J]. *Water Research*, 2016, **96**: 198-207.
- [4] 张浙, 卢然, 伍思扬, 等. 长江经济带矿山土壤重金属污染及健康风险评估 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(7): 3763-3772. Zhang Z, Lu R, Wu S Y, *et al.* Heavy metal pollution and health risk assessment of mine soil in Yangtze River Economic Belt [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(7): 3763-3772.
- [5] Auld R R, Mykytczuk N C S, Leduc L G, *et al.* Seasonal variation in an acid mine drainage microbial community [J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2017, **63**(2): 137-152.
- [6] Fu S F, He S, Shi X S, *et al.* The chemical properties and

- microbial community characterization of the thermophilic microaerobic pretreatment process[J]. *Bioresource Technology*, 2015, **198**: 497-502.
- [7] Tyson G W, Chapman J, Hugenholtz P, *et al.* Community structure and metabolism through reconstruction of microbial genomes from the environment[J]. *Nature*, 2004, **428**(6978): 37-43.
- [8] Fierer N, Hamady M, Lauber C L, *et al.* The influence of sex, handedness, and washing on the diversity of hand surface bacteria [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, **105**(46): 17994-17999.
- [9] Yeong W C, Khoo M B C, Tham L K, *et al.* Monitoring the coefficient of variation using a variable sampling interval EWMA chart[J]. *Journal of Quality Technology*, 2017, **49**(4): 380-401.
- [10] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(19): 2460-2461.
- [11] 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.
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.
- [12] 郑先坤, 冯秀娟, 王佳琪, 等. 酸性矿山废水的成因及源头控制技术[J]. *有色金属科学与工程*, 2017, **8**(4): 105-110.
Zheng X K, Feng X J, Wang J Q, *et al.* Origin and source control technologies of acid mine drainage[J]. *Nonferrous Metals Science and Engineering*, 2017, **8**(4): 105-110.
- [13] 毛玉明, 吴初平, 袁位高, 等. 钱塘江源头不同林分类型的水质效应研究[J]. *浙江林业科技*, 2013, **33**(5): 31-34.
Mao Y M, Wu C P, Yuan W G, *et al.* Study on effect of different forest type on water quality at the source of Qiantang river[J]. *Journal of Zhejiang Forestry Science & Technology*, 2013, **33**(5): 31-34.
- [14] 白润才, 李彬, 李三川, 等. 矿山酸性废水处理技术现状及进展[J]. *长江科学院院报*, 2015, **32**(2): 14-19.
Bai R C, Li B, Li S C, *et al.* Development and status of the treatment technology for acid mine drainage [J]. *Journal of Yangtze River Scientific Research Institute*, 2015, **32**(2): 14-19.
- [15] Xie Y Y, Lu G N, Yang C F, *et al.* Mineralogical characteristics of sediments and heavy metal mobilization along a river watershed affected by acid mine drainage[J]. *PLoS One*, 2018, **13**(1), doi: 10.1371/journal.pone.0190010.
- [16] 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 C, *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.
- [17] 张振飞, 曾婷, 聂云妮, 等. 赣南地区选矿药剂自然光解及光催化降解特性[J]. *有色金属工程*, 2018, **8**(5): 50-56.
Zhang Z F, Zeng T, Nie Y N, *et al.* Natural photolysis and photocatalytic degradation characteristics of reagent for beneficiation in Gannan region [J]. *Nonferrous Metals Engineering*, 2018, **8**(5): 50-56.
- [18] 周艳, 陈楠, 邓绍坡, 等. 西南某铅锌矿区农田土壤重金属空间主成分分析及生态风险评价[J]. *环境科学*, 2018, **39**(6): 2884-2892.
Zhou Y, Chen Q, Deng S P, *et al.* Principal component analysis and ecological risk assessment of heavy metals in farmland soils around a Pb-Zn mine in southwestern China[J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(6): 2884-2892.
- [19] Vera M, Schippers A, Sand W. Progress in bioleaching: fundamentals and mechanisms of bacterial metal sulfide oxidation-part A[J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2013, **97**(17): 7529-7541.
- [20] Yang Q Q, Li Z Y, Lu X N, *et al.* A review of soil heavy metal pollution from industrial and agricultural regions in China: pollution and risk assessment [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **642**: 690-700.
- [21] 汪峰, 黄言欢, 李如忠, 等. 有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析[J]. *环境科学*, 2022, **43**(9): 4800-4809.
Wang F, Huang Y H, Li R Z, *et al.* Contamination assessment and source apportionment of soil heavy metals in typical villages and towns in a nonferrous metal mining city[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(9): 4800-4809.
- [22] Jayanthi B, Emenike C U, Agamuthu P, *et al.* Selected microbial diversity of contaminated landfill soil of Peninsular Malaysia and the behavior towards heavy metal exposure [J]. *CATENA*, 2016, **147**: 25-31.
- [23] Zhang W Y, Guo R, Yang Y, *et al.* Long-term effect of heavy-metal pollution on diversity of gastrointestinal microbial community of *Bufo raddei*[J]. *Toxicology Letters*, 2016, **258**: 192-197.
- [24] Pereira L B, Vicentini R, Ottoboni L M M. Changes in the bacterial community of soil from a neutral mine drainage channel [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(5), doi: 10.1371/journal.pone.0096605.
- [25] 张紫薇, 陈召莹, 张甜娜, 等. 岗南水库沉积物好氧反硝化菌群落时空分布特征[J]. *环境科学*, 2022, **43**(1): 314-328.
Zhang Z W, Chen Z Y, Zhang T N, *et al.* Spatial and temporal distribution of aerobic denitrification bacterial community in sediments of Gangnan reservoir [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(1): 314-328.
- [26] Sinkko H, Lukkari K, Sihvonen L M, *et al.* Bacteria contribute to sediment nutrient release and reflect progressed eutrophication-driven hypoxia in an organic-rich continental sea[J]. *PLoS One*, 2013, **8**(6), doi: 10.1371/journal.pone.0067061.
- [27] Yin H Q, Niu J J, Ren Y H, *et al.* An integrated insight into the response of sedimentary microbial communities to heavy metal contamination[J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**, doi: 10.1038/srep14266.
- [28] Jose J, Giridhar R, Anas A, *et al.* Heavy metal pollution exerts reduction/adaptation in the diversity and enzyme expression profile of heterotrophic bacteria in Cochin estuary, India [J]. *Environmental Pollution*, 2011, **159**(10): 2775-2780.
- [29] 邵宗圆, 王悦, 张菊, 等. 耐铜植物茵陈蒿根际细菌群落结构及影响因素[J]. *生态学报*, 2017, **37**(22): 7679-7688.
Shao Z Y, Wang Y, Zhang J, *et al.* The bacterial community structure associated with a copper-tolerant plant, *Artemisia capillaries* Thunb., and its influencing factors [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, **37**(22): 7679-7688.
- [30] Lee H J, Jeong S E, Kim P J, *et al.* High resolution depth distribution of *Bacteria*, *Archaea*, methanotrophs, and methanogens in the bulk and rhizosphere soils of a flooded rice paddy[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.00639.

- [31] Liu Y L, Wang P, Pan G X, *et al.* Functional and structural responses of bacterial and fungal communities from paddy fields following long-term rice cultivation [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2016, **16**(5): 1460-1471.
- [32] Chen L X, Li J T, Chen Y T, *et al.* Shifts in microbial community composition and function in the acidification of a lead/zinc mine tailings[J]. *Environmental Microbiology*, 2013, **15**(9): 2431-2444.
- [33] Wang H, Zeng Y F, Guo C L, *et al.* Bacterial, archaeal, and fungal community responses to acid mine drainage-laden pollution in a rice paddy soil ecosystem [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **616-617**: 107-116.
- [34] Chen L X, Hu M, Huang L N, *et al.* Comparative metagenomic and metatranscriptomic analyses of microbial communities in acid mine drainage [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(7): 1579-1592.
- [35] Chen L X, Huang L N, Méndez-García C, *et al.* Microbial communities, processes and functions in acid mine drainage ecosystems[J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2016, **38**: 150-158.
- [36] Zhang X H, Tang S, Wang M, *et al.* Acid mine drainage affects the diversity and metal resistance gene profile of sediment bacterial community along a river [J]. *Chemosphere*, 2019, **217**: 790-799.
- [37] Amaral-Zettler L A, Zettler E R, Theroux S M, *et al.* Microbial community structure across the tree of life in the extreme Río Tinto[J]. *The ISME Journal*, 2011, **5**(1): 42-50.
- [38] Frossard A, Hartmann M, Frey B. Tolerance of the forest soil microbiome to increasing mercury concentrations [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **105**: 162-176.
- [39] Liu S, Ren H X, Shen L D, *et al.* pH levels drive bacterial community structure in sediments of the Qiantang River as determined by 454 pyrosequencing [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.00285.
- [40] Zhao Q, Li R Y, Ji M, *et al.* Organic content influences sediment microbial fuel cell performance and community structure [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **220**: 549-556.
- [41] 王瑞, 代丹, 张弛, 等. 太湖不同介质电导率时空变化特征 [J]. *环境科学*, 2019, **40**(10): 4469-4477.
Wang R, Dai D, Zhang C, *et al.* Temporal and spatial variations in the conductivity in different media in Taihu Lake, China[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(10): 4469-4477.
- [42] Tan G L, Shu W S, Zhou W H, *et al.* Seasonal and spatial variations in microbial community structure and diversity in the acid stream draining across an ongoing surface mining site[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2009, **70**(2): 277-285.
- [43] Jiang B, Adebayo A, Jia J L, *et al.* Impacts of heavy metals and soil properties at a Nigerian e-waste site on soil microbial community[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, **362**: 187-195.
- [44] Korehi H, Blöthe M, Schippers A. Microbial diversity at the moderate acidic stage in three different sulfidic mine tailings dumps generating acid mine drainage [J]. *Research in Microbiology*, 2014, **165**(9): 713-718.
- [45] Liu J, Hua Z S, Chen L X, *et al.* Correlating microbial diversity patterns with geochemistry in an extreme and heterogeneous environment of mine tailings [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, **80**(12): 3677-3686.
- [46] Guo W, Andersen M N, Qi X B, *et al.* Effects of reclaimed water irrigation and nitrogen fertilization on the chemical properties and microbial community of soil [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, **16**(3): 679-690.
- [47] 李鹏洋, 安启睿, 王新皓, 等. 辽河四平段流域河流沉积物微生物群落多样性和结构分析 [J]. *环境科学*, 2022, **43**(5): 2586-2594.
Li P Y, An Q R, Wang X H, *et al.* Analysis on diversity and structure of microbial community in river sediment of siping section of Liaohe river [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(5): 2586-2594.
- [48] Kim J M, Roh A S, Choi S C, *et al.* Soil pH and electrical conductivity are key edaphic factors shaping bacterial communities of greenhouse soils in Korea [J]. *Journal of Microbiology*, 2016, **54**(12): 838-845.
- [49] Keshri J, Mankazana B B J, Momba M N B. Profile of bacterial communities in South African mine-water samples using Illumina next-generation sequencing platform [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(7): 3233-3242.
- [50] 张玥, 孔强, 郭笃发, 等. 黄河三角洲土壤古菌群落结构对盐生植被演替的响应 [J]. *中国环境科学*, 2016, **36**(7): 2162-2168.
Zhang Y, Kong Q, Guo D F, *et al.* The response of soil archaeal community structure to halophyte vegetation succession in the Yellow River Delta [J]. *China Environmental Science*, 2016, **36**(7): 2162-2168.
- [51] Chen C J, Sun F Q, Zhang H Q, *et al.* Evaluation of COD effect on anammox process and microbial communities in the anaerobic baffled reactor (ABR) [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **216**: 571-578.
- [52] Guo X P, Pang W H, Dou C L, *et al.* Sulfamethoxazole and COD increase abundance of sulfonamide resistance genes and change bacterial community structures within sequencing batch reactors [J]. *Chemosphere*, 2017, **175**: 21-27.

CONTENTS

Analysis of Change Trend and Influencing Factors of PM _{2.5} -O ₃ Pollution in Tianjin from 2013 to 2020	XIAO Zhi-mei, LI Ya-fei, GAO Jing-yun, <i>et al.</i> (4211)
Changes in Ozone Pollution Trend Characteristics and Sensitivity in Jinan from 2015 to 2020	SUN Xiao-yan, SUN Jun, GUO Meng-meng, <i>et al.</i> (4220)
Analysis of O ₃ Pollution Characteristics, Formation Sensitivity, and Transport Impact in Southern Nanjing	ZHENG Xin-mei, HU Kun, WANG Ming, <i>et al.</i> (4231)
Characteristics and Driving Factors of O ₃ Pollution During 13 th Five-Year Period in Tianjin	LI Yuan, XIAO Zhi-mei, BI Xiao-hui, <i>et al.</i> (4241)
Response of PM _{2.5} and O ₃ to Emission Reductions in Nanjing Based on Random Forest Algorithm	SHANG Yong-jie, MAO Yu-hao, LIAO Hong, <i>et al.</i> (4250)
Quantification of Ozone Pollution Transport Based on Four-dimensional Flux Method in Foshan, China	WU Li-ping, MO Hai-hua, YANG Li-ting, <i>et al.</i> (4262)
Effects of Source Depletion on Vapor Intrusion Risk Assessment	ZHONG Mao-sheng, WANG Yang, JIANG Lin, <i>et al.</i> (4271)
Spatiotemporal Variation Characteristics of Main Pollutant Fluxes in the Yangtze River Basin from 2017 to 2020	GUO Chao-chen, LEI Kun, LI Xiao-guang, <i>et al.</i> (4279)
Spatial Variation Characteristics, Influencing Factors, and Sources of Hydrogeochemical of Surface Water and Groundwater in Mountainous Area of Hutuo River	KONG Xiao-le, CHANG Yu-ru, LIU Xia, <i>et al.</i> (4292)
Spatial Distribution, Source Analysis, and Health Risk Assessment of Metal Elements in Karst Water in Southeastern Chongqing	XIE Hao, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (4304)
Mechanism of Salinization of Shallow Groundwater in Taocheng District, Hengshui City	HE Jin, ZHANG Huai-sheng, CAI Wu-tian, <i>et al.</i> (4314)
Assessment of Groundwater Contamination Risk in the Plain Area of Southern Turpan Basin	BAI Fan, ZHOU Jin-long, ZHOU Yin-zhu, <i>et al.</i> (4325)
Microbial Community Composition and Diversity in Metal Sulfide Mine Water Systems	DING Cong-cong, ZHU Xu-yan, ZHAO Xing-qing, <i>et al.</i> (4334)
Occurrence Characteristics of Microplastics in Baiyangdian Lake Water and Sediments	CHENG Xin-yu, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (4344)
Analyzing the Pollution Sources and Mechanisms of Urban Rivers Based on Identifying the Molecular Signature of Dissolved Organic Matter	ZHU Yi, YE Jian-feng, SUN Xiao-nan, <i>et al.</i> (4353)
Occurrence and Fate of Steroid Hormones in Sewage Treatment Plants	LIU Yuan-yuan, FENG Hui, ZHANG Hui, <i>et al.</i> (4364)
Distribution, Source, and Ecological Risk Assessment of Persistent Organic Pollutants in Surface Sediments of Boao Coastal Waters	HAO Run-bo, FU Guo-wei, SONG Yan-wei, <i>et al.</i> (4374)
Content, Distribution, Source Analysis, and Risk Assessment of PAHs in Arable Soils of Taiyuan	WU Zhang-wei, DUAN Yong-hong, LIU Li-wen, <i>et al.</i> (4387)
Potential Ecological Risk Assessment and Source Analysis of Heavy Metals in Soil-crop System in Xiong'an New District	GUO Zhi-juan, LIU Fei, ZHOU Ya-long, <i>et al.</i> (4397)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Soils in Yellow River Cultural Park Based on APCS-MLR and PMF Receptor Model	DUAN Hai-jing, MA Jia-yu, PENG Chao-yue, <i>et al.</i> (4406)
Pollution Characteristics, Source Analysis, and Risk Assessment of Heavy Metals in the Surrounding Farmlands of Manganese Mining Area	YU Gao, CHEN Fen, ZHANG Xiao-dong, <i>et al.</i> (4416)
Translocation, Accumulation, and Comprehensive Risk Assessment of Heavy Metals in Soil-Crop Systems in an Old Industrial City, Shizuishan, Ningxia, Northwest China	WANG Ying, DONG Ai-jun, YANG Jian-feng, <i>et al.</i> (4429)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics (TCs) in Soil-Vegetable System with Soil Fertilized with Animal Manure	DING Dan, HUANG Xiao-yi, GU Jing-yi, <i>et al.</i> (4440)
Accumulation Pathway of Cd, Pb, and Zn in Chinese Cabbage under the Condition of Exogenous Pollution Superposition in High Geological Background Area	JIAN Huai-liang, LIU Hong-yan, MEI Xue, <i>et al.</i> (4448)
Effects of Combined Pollution of Microplastics and Lead on Maize Seed Germination and Growth	MA Gui, LIAO Cai-yun, ZHOU Yue, <i>et al.</i> (4458)
Application of Fe ₃ O ₄ /Mulberry Stem Biochar Effects on Soil Arsenic Species and Rice Arsenic Content	RUAN Lin-qiao, LIANG Mei-na, DING Yan-mei, <i>et al.</i> (4468)
Remediation Effect and Mechanism of Biochar in Combination with Nitrogen Fertilizer on Cd-contaminated Paddy Soil	ZHANG Li, LI Ru-xia, HE Yu-lei, <i>et al.</i> (4479)
Effects of Combined Application of Different Nitrogen Fertilizers and Biochar on Cadmium Uptake by Pakchoi (<i>Brassica chinensis</i> L.) in Cadmium Contaminated Soil	LI Ping, NIE Hao, LANG Man, <i>et al.</i> (4489)
Effect of Coconut Fiber Biochar and Its Nitrate Modification on Pb Passivation in Paddy Soils	HOU Zheng-wei, LI Jian-hong, LI Cai-sheng, <i>et al.</i> (4497)
Effects of Biochar Application on Physicochemical Properties and Bacterial Communities of Microplastic-contaminated Calcareous Soil	RAN Tai-shan, LONG Jian, LIAO Hong-kai, <i>et al.</i> (4507)
Effects of Modified Biochar-Supported Zero-Valent Iron on the Removal of Trichloroethylene and Responses of Microbial Community in Soil	LU Hai-nan, LI Peng, GUO Lin, <i>et al.</i> (4519)
Effects of Modified Distiller's Lees Biochar on Nutrients and Enzyme Activities in Purple Soil	YOU Le-lin, XIE Yong-hong, WANG Zi-fang, <i>et al.</i> (4530)
Biochar or Straw Substituting Chemical Fertilizer Increase the Risk of Phosphorus Loss in Subsurface Runoff in Sloping Farmland	LAI Jia-xin, DENG Hua, ZHU Hao-yu, <i>et al.</i> (4541)
Carbon Loss During Preparation and Aging of Sludge Livestock Manure Biochars	ZHANG Ying, ZHANG Chang-hao, ZHANG Xiu-fang, <i>et al.</i> (4554)
Effect of Chemical Fertilizer and Manure Combined with Biochar on Denitrification Potential and Denitrifying Bacterial Community in Rhizosphere Soil	XIE Jun, WANG Zi-fang, WANG Ying-yan, <i>et al.</i> (4565)
Soil Bacterial Community Structure and Function Prediction of Millet/Peanut Intercropping Farmland in the Lower Yellow River	LIU Zhu, NAN Zhen-wu, LIN Song-ming, <i>et al.</i> (4575)
Effects of Microbial Fertilizer on Physicochemical Properties and Bacterial Communities of Saline Soil Under Brackish Water Irrigation	LIU Yue, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i> (4585)
Remediation of Petroleum-contaminated Soil by Highly Efficient Oil-degrading Bacteria and Analysis of Its Enhancement Mechanism	YAO Zhen-xian, WANG Li-ping, LI Dan, <i>et al.</i> (4599)
Impacts of Land Use Intensification Level on Fluvo-aquic Cropland Soil Microbial Community Abundance and Necromass Accumulation in North China	LI Sheng-jun, SHENG Mei-jun, LI Gang, <i>et al.</i> (4611)
Pathway and Policy for China's Provincial Carbon Emission Peak	MIAO An-kang, YUAN Yue, WU Han, <i>et al.</i> (4623)
Carbon Offsetting Mechanism of China Province Based on Carbon Reduction Cost	ZHONG Shi-yu, ZHANG Xiao-min, WU Jia, <i>et al.</i> (4637)
Analysis on Change in Soil Organic Carbon Content of Farmland in Yangtze River Economic Belt Under Different Fertilizing Measures	LIU Xin-yu, LU Jiang, MENG Xuan, <i>et al.</i> (4647)
Multi-scenario Land Use Optimization and Carbon Storage Assessment in Northwest China	CHEN Ning, XIN Cun-lin, TANG Dao-bin, <i>et al.</i> (4655)
Analysis and Simulation of the Spatiotemporal Evolution of Habitat Quality and Carbon Storage in the Weibei Dry Plateau Region of Shaanxi	GU Zhen-wei, LIU Jing, CHEN Yi, <i>et al.</i> (4666)
Impact of Climate Warming on Paddy Soil Organic Carbon Change in the Sichuan Basin of China	LI Ai-wen, SONG Liang-ying, RAN Min, <i>et al.</i> (4679)
Stoichiometric Imbalance of Abandoned Grassland Under Precipitation Changes Regulate Soil Respiration	WANG Jia-yi, WANG Xing, WANG Yuan-zhuo, <i>et al.</i> (4689)
Effects of Water-salt Environment on Freshwater Wetland Soil C, N, and P Ecological Stoichiometric Characteristics in the Yellow River Estuary Wetland	QIN Ji-fa, ZHANG Jia-peng, SANG Luan, <i>et al.</i> (4698)
Spatial Distribution of Soil Heavy Metals and Regional Control Strategies in China at Province Level	SHI Hang-yuan, WANG Peng, ZHENG Jia-tong, <i>et al.</i> (4706)
Comprehensive Review on Environmental Biogeochemistry of Nonylphenol and Suggestions for the Management of Emerging Contaminants	HONG Ya-jun, FENG Cheng-lian, XU Da-yong, <i>et al.</i> (4717)
Research Progress on Distribution Characteristics and Formation Mechanisms of Microplastics in the Environment	ZHANG Long-fei, LIU Yu-huan, RUAN Rong-sheng, <i>et al.</i> (4728)
Review on the Long-term and Short-term Effects of Biochar Addition on Soil Greenhouse Gas Emissions	ZHOU Yong-chun, WU Liu-lin, LI Dan-yang, <i>et al.</i> (4742)
Iron-based Bimetallic Catalysts for Persulfate Activation to Remove Antibiotics in Water: A Review	WEI Jian, ZHANG Xin-yi, GUO Zhuang, <i>et al.</i> (4751)
Analysis of the Environmental Risk of Livestock Manure Pollution and Resource Treatment Technology	AN Jing, DING Zi-ming, GAO Cheng-cheng, <i>et al.</i> (4764)