

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

经济快速发展区场地污染特征、源-汇关系与管控对策专辑

我国经济快速发展区工业VOCs排放特征及管控对策

孟博文, 李永波, 孟晶, 李倩倩, 史斌, 周喜斌, 李金灵, 苏贵金

VOCs



制药



喷涂



橡胶

京津冀 •

• 长三角

珠三角 •

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年3月

第42卷 第3期
Vol.42 No.3

目次

经济快速发展区场地污染特征、源-汇关系与管控对策专辑

我国经济快速发展区工业 VOCs 排放特征及管控对策	孟博文, 李永波, 孟晶, 李倩倩, 史斌, 周喜斌, 李金灵, 苏贵金 (1023)
长江经济带湖北省人为源 VOCs 排放清单及变化特征	代伶文, 孟晶, 李倩倩, 史斌, 苏贵金, 黄利宏 (1039)
经济快速发展区六氯丁二烯的来源与分布特征	陶誉铭, 孟晶, 李倩倩, 史斌, 苏贵金, 郭立新 (1053)
近 20 年中国表层土壤中多环芳烃时空分布特征及源解析	马妍, 程芦, 阮子渊, 史鹏飞, 路超君, 运晓彤, 李璐嫣, 徐雁秋, 史怡 (1065)
电子废物拆解区微塑料与周围土壤环境之间的关系	柴炳文, 尹华, 魏强, 卢桂宁, 党志 (1073)
焦化场地内外土壤重金属空间分布及驱动因子差异分析	顾高铨, 万小铭, 曾伟斌, 雷梅 (1081)
典型石化工业城市土壤重金属源解析及空间分布模拟	孙雪菲, 张丽霞, 董玉龙, 朱林宇, 王政, 吕建树 (1093)
多功能区工业园土壤和地表灰尘重金属污染及生态风险差异分析	曾伟斌, 顾高铨, 万小铭, 雷梅 (1105)
龙岩市某铁锰矿区土壤重金属地球化学空间分布特征与来源分析	王蕊, 陈楠, 张二喜, 李小赛 (1114)
基于全周期场地概念模型的场地环境精准调查应用案例	李培中, 吴乃瑾, 王海见, 张骥, 荣立明, 李翔, 魏文侠, 宋云 (1123)
造纸厂土壤中短链和中链氯化石蜡的污染特征和风险评估	张佩萱, 高丽荣, 宋世杰, 乔林, 徐驰, 黄帝, 王爽, 蒋思静, 郝明辉 (1131)
典型再生铜冶炼厂周边土壤中 PCDD/Fs、PCBs 和 PCNs 的污染特征及健康风险评估	胡吉成, 郭静, 许晨阳, 金军 (1141)
柠檬酸与磷共存对土壤吸附镉的影响	宋子腾, 左继超, 胡红青 (1152)
两种能源草田间条件下对镉和锌的吸收累积	郑瑞伦, 石东, 刘文菊, 孙国新, 侯新村, 胡艳霞, 朱毅, 武菊英 (1158)
钒钛磁铁矿尾矿库复垦土地及周边土壤-玉米重金属迁移富集特征	孙厚云, 卫晓峰, 孙晓明, 贾凤超, 李多杰, 李健 (1166)
盐胁迫下八宝景天不同生态型对土壤中 Cd 积累特征	郭俊梅, 杨俊兴, 杨军, 万小铭, 孟晓飞, 陈同斌, 何孟轲, 周小勇, 徐铁兵 (1177)
水分条件对生物炭钝化水稻土铅镉复合污染的影响	汤家庆, 张绪, 黄国勇, 胡红青 (1185)
壳聚糖改性生物炭对水稻土甲基汞生成及其稻米积累的影响	杨雪玲, 王明星, 徐国敏, 王定勇 (1191)
铬污染对土壤细菌群落结构及其构建机制的影响	于皓, 安益君, 金德才, 靳拓, 王兴润 (1197)
研究报告	
COVID-19 疫情期间京津冀大气污染物变化及影响因素分析	赵雪, 沈楠驰, 李令军, 武高峰, 陶静, 赵文吉 (1205)
2020 年初疫情管控对山东省空气质量影响的模拟	刘厚凤, 徐薇, 魏敏, 隋潇, 许鹏举, 李明燕, 张美根 (1215)
南京北郊 PM _{2.5} 中有机组分的吸光性质及来源	尚玥, 余欢, 茅宇豪, 王成, 谢鸣捷 (1228)
西安市大气棕碳污染特性及发色团种类	陈前, 陈庆彩 (1236)
淄博市道路尘细粒子携带金属元素的来源与健康风险评价	郭清源, 白雯宇, 赵雪艳, 郭丽瑶, 王敬华, 耿春梅, 王晓丽, 王静, 杨文, 白志鹏 (1245)
北京市控制 PM _{2.5} 污染的健康效益评估	杜沛, 王建州 (1255)
西宁市大气污染来源和输送季节特征	刘娜, 余晔, 马学谦 (1268)
青岛近海不同污染过程下大气颗粒态氮磷浓度分布特征	袁刚, 祁建华, 丁雪 (1280)
基于走航监测的长三角工业园区周边大气挥发性有机物污染特征	王红丽, 高雅琴, 景盛翱, 楼晟荣, 胡馨遥, 安静宇, 吴宇航, 高伟, 朱亮, 黄成 (1298)
山地型城市冬季大气重污染过程特征及成因分析	刘伟诚, 牛月圆, 吴婧, 闫雨龙, 胡冬梅, 邱雄辉, 彭林 (1306)
兰-白城市群主要大气污染物网格化排放清单及来源贡献	王文鹏, 王占祥, 李继祥, 高宏, 黄韬, 毛蒲萱, 马建民 (1315)
2012~2019 年北京市储油库 VOCs 去除及排放水平变化监测分析	华岚英, 崔彤, 李金香, 邹本东, 杨妍妍, 程刚 (1328)
生活垃圾无害化处理大气污染物排放清单	马占云, 姜昱聪, 任佳雪, 张阳, 冯鹏, 高庆先, 孟丹 (1333)
长江口邻近海域表层沉积物中的细菌霍多醇及对低氧区的响应判别	尹美玲, 段丽琴, 宋金明, 张乃星 (1343)
鄱阳湖流域水体和水产品中苯酚的暴露特征及人体健康风险评估	徐倩云, 艾舜豪, 高祥云, 王晓南, 刘征涛, 赵师晴, 葛刚, 李霖 (1354)
衡水湖湿地水环境质量时空变化特征及污染源分析	刘魏魏, 郭子良, 王大安, 张曼胤, 张余广 (1361)
丹江口水库及其入库支流水体中微塑料组成与分布特征	潘雄, 林莉, 张胜, 翟文亮, 陶晶祥, 李丹文 (1372)
金盆水库暴雨径流时空演变过程及水质评价	黄诚, 黄廷林, 李扬, 李楠, 齐允之, 司凡, 华逢耀, 赵凌云 (1380)
汛期暴雨径流对饮用水水库溶解性有机质 (DOM) 光谱特征的影响	李程遥, 黄廷林, 温成成, 梁伟光, 林子深, 杨尚业, 李凯, 蔡晓春 (1391)
苏州古城区河道碳氮磷类污染物的分布特征	白冬锐, 张涛, 陈坦, 王洪涛, 金曦, 郑凯旋, 李忠磊, 杨婷, 金军 (1403)
娘子关泉群水化学特征及成因	唐春雷, 赵春红, 申豪勇, 梁永平, 王志恒 (1416)
过氧化钙重塑底泥对水中磷酸盐的吸附作用	徐楚天, 李大鹏, 王子良, 吴宇涵, 许鑫澎, 黄勇 (1424)
亚热带丘陵区绿狐尾藻人工湿地处理养猪废水氮磷去向	王丽莎, 李希, 李裕元, 张满谔, 吴金水 (1433)
紫外/亚硫酸盐高级还原工艺加速降解水中难降解含碘造影剂	刘子奇, 仇付国, 赖曼婷, 李津, 董慧岭, 强志民 (1443)
太阳能热活化过硫酸盐降解染料罗丹明 B 的效能	马萌, 许路, 金鑫, 金鹏康 (1451)
一步法 La@MgFe ₂ O ₄ 的制备及其吸附水中磷的性能	白润英, 宋博文, 张戎, 郝俊峰, 刘建明, 刘宇红 (1461)
工程规模长填龄渗滤液膜生物-纳滤组合设施各单元污染物去除效能	邵立明, 邓樱桃, 仇俊杰, 吕凡, 章骅, 何品晶 (1469)
ANAMMOX 培养物中硫酸盐型氨氧化生物转化机制	毕贞, 董石语, 黄勇 (1477)
不同季节城市污水处理厂微生物群落特性	贺赞, 李魁晓, 王佳伟, 王慰, 樊鹏超, 陈行行, 王军静 (1488)
麻黄碱在斑马鱼体内的器官特异性蓄积及毒代动力学	殷行行, 郭昌胜, 邓洋慧, 邱紫雯, 张艳, 滕彦国, 徐建 (1496)
内蒙古白云鄂博矿区土壤稀土元素污染特征及评价	王哲, 赵莹晨, 骆逸飞, 郑春丽, 卞园, 张光宇 (1503)
广西典型岩溶区农田土壤-作物系统 Cd 迁移富集影响因素	马宏宏, 彭敏, 郭飞, 刘飞, 唐世琪, 杨峰, 张富贵, 周亚龙, 杨柯, 李括, 刘秀金 (1514)
超顺磁性纳米材料对镉污染稻田土壤微生物和酶的影响	方丹丹, 张立志, 王强 (1523)
水分管理与施硅对水稻根表铁膜及砷镉吸收的影响	陈佳, 赵秀兰 (1535)
四环素类抗生素对土壤-生菜系统的生物效应及其迁移降解特性	王卫中, 迟苏琳, 徐卫红 (1545)
地膜覆盖对菜地垄沟 CH ₄ 和 N ₂ O 排放的影响	熊维霞, 江长胜, 赵仲婧, 曾唯, 胡曼利, 涂婷婷, 陈俊江, 郝庆菊 (1559)
对比研究生物炭和秸秆对麦玉米轮作系统 N ₂ O 排放的影响	唐占明, 刘杏认, 张晴雯, 李贵春 (1569)
流域生态空间管控下生境监测方法概述	阴琨, 刘海江, 王光, 金小伟 (1581)
《环境科学》征订启事 (1151) 《环境科学》征稿简则 (1342) 信息 (1402, 1415, 1580)	

铬污染对土壤细菌群落结构及其构建机制的影响

于皓^{1,2}, 安益君^{1,2}, 金德才^{2*}, 靳拓³, 王兴润⁴

(1. 辽宁工程技术大学环境科学与工程学院, 阜新 123000; 2. 中国科学院生态环境研究中心, 北京 100085; 3. 农业农村部农业生态与资源保护总站, 北京 100125; 4. 中国环境科学研究院, 北京 100012)

摘要: 随着工业的快速发展铬 (Cr) 已经成为我国主要的土壤重金属污染物之一, 严重地影响了土壤生态环境以及居民的健康。本研究以河北省某制革工厂污泥堆周边污染土壤为研究对象, 采用 Illumina MiSeq 高通量测序技术对不同污染程度土壤样品中的细菌群落结构及其群落构建机制进行分析。结果表明, 铬污染显著地影响了土壤理化性质以及微生物群落。不同铬污染程度的土壤样品中, 细菌群落结构与组成差异显著。高浓度的铬污染能降低土壤细菌群落的 α 多样性。铬污染土壤样品中的细菌共分为 55 个门, 其中变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 为优势菌门 (相对丰度 > 5%)。铬污染土壤中, 细菌群落在构建过程中以决定性过程为主, 随机性比例随着铬含量的升高而降低, 并且均为同质性选择过程。土壤中总铬含量、含水率、pH、有机质与细菌群落显著 ($P < 0.05$) 相关, 是影响细菌群落结构的主要驱动因子。

关键词: 铬污染; 细菌群落; 高通量测序; 群落结构; 群落构建

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)03-1197-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202010209

Effects of Chromium Pollution on Soil Bacterial Community Structure and Assembly Processes

YU Hao^{1,2}, AN Yi-jun^{1,2}, JIN De-cai^{2*}, JIN Tuo³, WANG Xing-run⁴

(1. College of Environmental Science and Engineering, Liaoning Technical University, Fuxin 123000, China; 2. Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100085, China; 3. Rural Energy and Environment Agency, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Beijing 100125, China; 4. Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012, China)

Abstract: With the rapid development of industry, chromium (Cr) has become one of the main soil heavy metal pollutants in China, seriously affecting the soil ecological environment and health of residents. In this study, contaminated soil samples were taken around the tannery sludge yard area in Heibei Province. The Illumina MiSeq high-throughput sequencing technology was employed to analyze the structure and assembly processes of soil bacterial communities at different pollution levels. Results showed that chromium pollution significantly influences soil properties and soil bacterial communities. The composition and structure of bacterial communities were significantly shifted at different pollution levels. Furthermore, the α diversity of bacterial communities may decrease with relatively high concentrations of chromium. Bacterial communities in chromium polluted soil can be divided into 55 phyla, where Proteobacteria, Actinobacteria, Acidobacteria, Chloroflexi, and Firmicutes are the dominant phyla (relative abundance > 5%). Moreover, the soil bacterial communities were dominated by the deterministic assembly process (homogeneous selection) and the stochastic ratios decreased with increases in the concentration of chromium in soil. The total concentration of chromium, soil moisture, pH, and organic matter were significantly correlated ($P < 0.05$) with the bacterial communities. Therefore, these soil properties might be the driving factors affecting the structure of bacterial communities.

Key words: chromium pollution; bacterial community; high throughput sequencing; community structure; assembly processes

铬 (Cr) 是我国主要的土壤重金属污染物之一。工业污染是土壤中重金属铬的主要源, 其中铬化工、电镀和制革是我国涉铬的主要行业。据调查统计, 全国历史遗留的铬渣约 410.38 万 t, 这些铬渣经长期堆放后会形成铬污染场地^[1]。铬具有一定的生物毒性, 对生物危害极大, 可引起细胞的突变和癌变, 对人体具有致癌作用^[2]。植物体内的 Cr 主要来自根系吸收, 从而对植物产生毒害, 使其生长受到抑制直至枯死^[3]。环境中的 Cr 浓度达到一定程度时, 也会对微生物的生长代谢产生抑制作用, 有研究表明当土壤中 Cr 含量达到 80 mg·kg⁻¹ 时, 可使蓝绿藻

的数量显著减少, 生物活性降低 50%^[4]。

微生物作为土壤生态系统的重要组成部分, 能直接参与土壤物质的循环过程, 对外界环境十分敏感。当生存环境发生改变时, 微生物群落能快速地反映出土壤环境质量的变化情况, 是衡量土壤污染与

收稿日期: 2020-10-27; 修订日期: 2020-11-29

基金项目: 国家自然科学基金项目 (41971122); 中国科学院环境生物技术重点实验室开放课题项目 (kf2020005); 江苏省食品质量安全重点实验室开放课题项目 (028074911709); 辽宁省教育厅基金项目 (LJ2020JCL011)

作者简介: 于皓 (1976 ~), 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为环境微生物, E-mail: micro_yh@126.com

* 通信作者, E-mail: dcjin@cees.ac.cn

恢复程度的重要指标^[5]. 目前关于重金属污染土壤中微生物群落的研究逐渐增多. 如 Patel 等^[6]的研究发现, 当土壤中重金属 Cu 和 Zn 的浓度分别达到环境容量标准的 2.5 倍时, 会使土壤微生物的生物量减少 40%. 处于长期重金属污染环境中的微生物群落结构及多样性会发生改变, 耐受性较弱的物种会逐渐减少甚至消失, 而耐受性强的物种会存活下来组成新的群落, 丰度也逐渐增加^[7]. 目前, 铬污染对微生物群落的影响仍不清楚, 尤其是对于微生物群落构建的机制不清楚. 群落的构建过程直接影响着微生物群落的组成与多样性, 并且还能影响其在环境中的生态功能^[8]. 因此, 揭示微生物群落结构及其构建过程已经成为近年来微生物生态领域的研究热点.

本文以某皮革厂铬污染土壤为研究对象, 采用 16S rRNA 高通量测序技术分析不同污染浓度土壤样品中微生物群落的结构、组成、多样性以及群落构建过程, 探讨不同铬污染程度对微生物群落特征影响的规律, 揭示微生物群落在铬污染土壤环境下的构建过程以及影响微生物群落结构的主要环境驱动因子, 以期深入了解不同浓度铬胁迫下土壤微生物群落特征以及铬污染土壤的生物修复提供理论基础.

1 材料与方法

1.1 土壤样品采集与理化性质检测

本实验所用的土壤样品来自于河北省某牛皮制革厂区污泥堆场周边的铬污染土壤, 在以污泥堆为中心, 距离为 10、50 和 100 m 的范围内分别设置 5 个 1 m × 1 m 的重复样方, 每个样方取 2 个土壤样品, 共计 30 个, 分为 3 组, 将距离污泥堆场 10 m 的采样点所采集的 10 个样本设为 C 组; 距离 50 m 所采集的 10 个样本设为 B 组; 距离 100 m 所采集的 10 个样本设为 A 组. 样本采集后除去草根及石块, 并置入无菌采样袋中带回实验室 -80℃ 保存.

土壤含水率 (MC) 采用重量分析法测定; 土壤 pH 值使用赛多利斯科学仪器 (北京) 有限公司生产的土壤 pH 计来测定; 土壤有机质含量 (OM) 采用重铬酸盐消解法测定^[9]; 土壤总铬含量采用火焰原子吸收分光光度法测定^[10]; 土壤六价铬含量采用二苯碳酰二肼分光光度法测定^[11].

1.2 DNA 提取与高通量测序

1.2.1 细菌 DNA 的提取

称取 0.5 g 土壤样本, 采用 FastDNA® SPIN Kit for soil (MP Biomedicals, LLC, 美国) 试剂盒提取样本中的细菌 DNA, 利用琼脂糖凝胶电泳检测是否降解, 经 Nanodrop2000 测定其浓度后^[12], 放置于

-20℃ 冰箱保存用于后续的 16S rRNA 基因测序.

1.2.2 PCR 扩增及高通量测序

采用 16S rRNA 通用引物 515F (5'-GTGCCAGC MGCCGCGGTAA-3') 和 806R (5'-GGACTACHVG GGTWTCTAAT-3') 对样品 DNA 进行扩增. PCR 反应体系 (50 μL): Taq DNA 聚合酶 (5 U·μL⁻¹) 0.5 μL, 10 × PCR 缓冲液 5 μL, dNTP MIX 溶液 4 μL, 正、反向引物 (10 μmol·L⁻¹) 各 1 μL, 模板 DNA (20 ~ 30 ng·μL⁻¹) 1 μL, 再用超纯水补至 50 μL. PCR 反应条件: 94℃ 1 min; 94℃ 20 s, 57℃ 25 s, 68℃ 45 s, 30 个循环; 68℃ 10 min, 4℃ 保存^[13,14]. PCR 反应结束后取全部反应体系进行琼脂糖凝胶电泳. 用 E. Z. N. A. TM Gel Extraction Kit (OMEGA) 对 PCR 产物进行胶回收^[15]. 纯化后的 PCR 产物采用高通量测序仪 Illumina MiSeq 2000 (美国 Illumina 公司) 进行测序, 测序后的数据上传到实验室分析平台进行处理.

1.2.3 测序数据分析

所有测序的原始数据处理以及后续的数据分析均在本实验室的 Galaxy 分析平台上 (<http://mem.rcees.ac.cn:8080>) 完成^[16], 下载运行结果后对其进行筛选. 将保留下来的序列通过 UPARSE 方法^[17]按照 97% 的序列相似度进行 OTU 的划分, 生成 OTU 表, 对原始的 OTU 进行重抽, 最终使得每个样品的序列数目相同, 之后基于重抽 OTU 表进行后续多种生物统计分析^[18,19]. 本文采用香农指数 (Shannon)、辛普森指数 (Simpson) 和群落丰度指数 (Chao1) 来研究细菌群落的 α 多样性; 通过韦恩图、优势物种相对丰度分析和主坐标分析 (PCoA) 来揭示细菌群落组成与结构的变化规律; 通过典型关联分析 (CCA) 来探讨影响细菌群落的主要驱动因子; 通过 R 软件 (V 3.6)^[20] 计算最近物种指数 β_{NTI} 的值来反映样品间的系统发育多样性 ($|\beta_{NTI}| < 2$ 表示随机过程占主导地位, $|\beta_{NTI}| > 2$ 表示确定性过程占主导地位); 基于 Bray-Curtis 距离观测值和零模型的随机性之间差异的 RC_{bray} 指数来计算细菌群落的构建过程 ($|RC_{bray}| > 0.95$ 表示观测值与零模型预期间存在显著差异)^[21], 结合所得数据分析细菌群落构建机制.

2 结果与分析

2.1 土壤理化性质分析

铬污染土壤的理化性质如表 1 所示. 本研究表明, 随着采样点和污泥堆之间距离的增加, C、B 和 A 这 3 组样品中总铬和六价铬含量显著下降 ($P < 0.05$), 而各组样品中 pH 值则随着距离的增加显著

增大.此外,随着土壤样品中总铬含量的增加,有机质的含量逐渐增加,C组与A、B组样品之间的差异显著($P<0.05$).土壤含水率则随总铬含量的升高先下降而后升高.

从土壤理化性质结果可以看出,实验采集的3组土壤样本A、B、C的总铬与六价铬的含量差异显

著,并且六价铬浓度远低于总铬的含量.这可能是因为土壤中的Cr主要以Cr(Ⅲ)的价态存在,且相对稳定,大部分Cr(Ⅲ)的化合物被土壤吸附固定,土壤中的Cr(Ⅵ)具有流动性,仅有8.5%~36.2%能被土壤所吸附^[22],所以土壤样本中的Cr(Ⅵ)含量较低.

表 1 土壤理化性质¹⁾

Table 1 Physical and chemical properties of soil					
样品	pH	含水率 MC/%	有机质 OM/g·kg ⁻¹	总铬 Cr/mg·kg ⁻¹	Cr(Ⅵ)/mg·kg ⁻¹
A	8.50±0.10a	11.41±0.01a	6.33±0.26b	108.34±1.37c	8.35±0.52c
B	7.71±0.08b	10.84±0.03b	6.75±0.85b	535.26±4.84b	17.38±4.66b
C	6.94±0.06c	11.25±0.04ab	8.36±0.39a	1206.25±2.20a	28.10±3.82a

1)数据为平均值±标准差($n=10$),不同小写字母表示各组分间的差异显著($P<0.05$)

2.2 细菌群落组成与结构分析

通过对3组共30个样品进行高通量测序,共获得5 811 098条高质量序列,样本平均条带数为193 703.如图1所示,各样品的稀释曲线斜率均已接近饱和,表明样品的测序深度基本满足要求.对各组样品的独特OTUs以及组间样品的重叠OTUs进行Venn图可视化分析发现(图2),A、B和C这3组样本的OTUs总数分别为12 726、12 184和11 568个,特有的OTU的数目分别是3 377、1 852和2 396个,各组样品中共同检测到OTUs为6 547个.

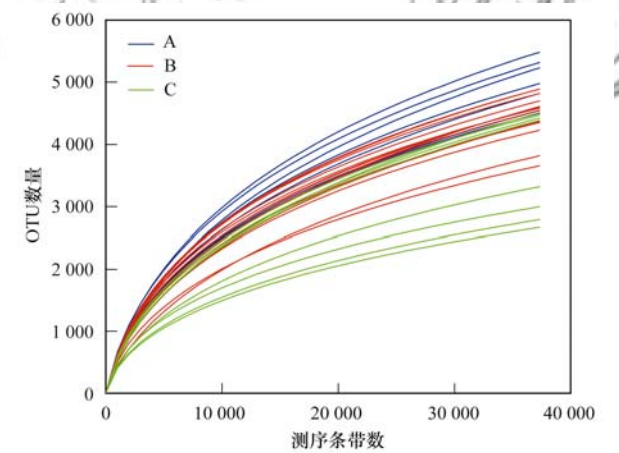


图 1 土壤样品细菌群落稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curve of bacterial community in soil samples

各组样品中细菌群落共包含55个门、121个纲、212个目、440个科和1375个属(图3与图4).其中优势菌门(相对丰度>5%)为变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、奇古菌门(Thaumarchaeota)和厚壁菌门(Firmicutes),优势菌属为亚硝化螺菌属(Nitrososphaera)、芽单胞菌属(Gemmatimonas)、节杆菌属(Arthrobacter)、鞘脂单胞菌属(Sphingomonas)和小梨形菌属(Pirellula).

在门水平上,不同污染程度铬污染土壤中的细

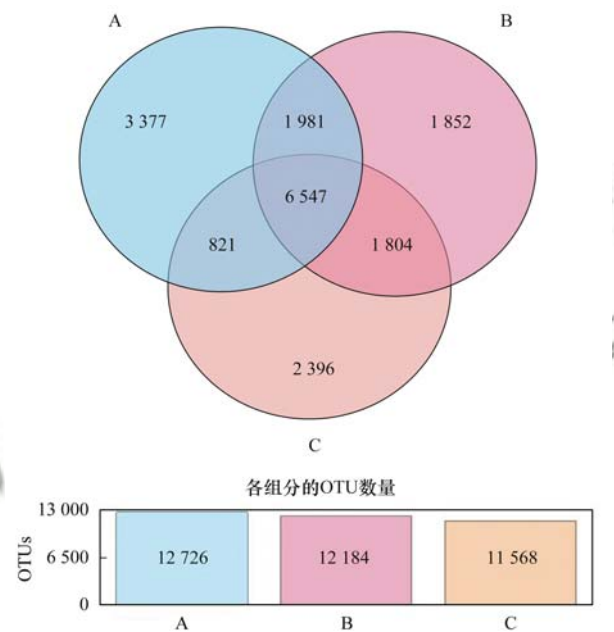


图 2 不同铬含量组分中细菌群落的 OTUs 数量 Venn 图

Fig. 2 Venn diagram of OTUs number of bacterial communities in different chromium concentration components

菌组成基本相似,其中放线菌门(Actinobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)和厚壁菌门(Firmicutes)丰度随着铬浓度的升高而显著增加,绿弯菌门(Chloroflexi)丰度随铬含量的升高而显著下降,变形菌门(Proteobacteria)细菌丰度随铬含量的上升呈先升高后下降的趋势,奇古菌门(Thaumarchaeota)丰度变化趋势则是先下降后升高;属水平上,亚硝化螺菌属(Nitrososphaera)和节杆菌属(Arthrobacter)丰度随铬含量升高先下降而后显著增加,鞘脂单胞菌属(Sphingomonas)、小梨形菌属(Pirellula)和类诺卡氏属(Nocardioide)s丰度随铬含量的升高而显著增大,芽单胞菌属(Gemmatimonas)丰度随铬含量的升高而显著减小.

为了进一步了解不同程度铬污染下细菌群落结构的差异,对各组样品在 OTU 水平上进行主坐标分

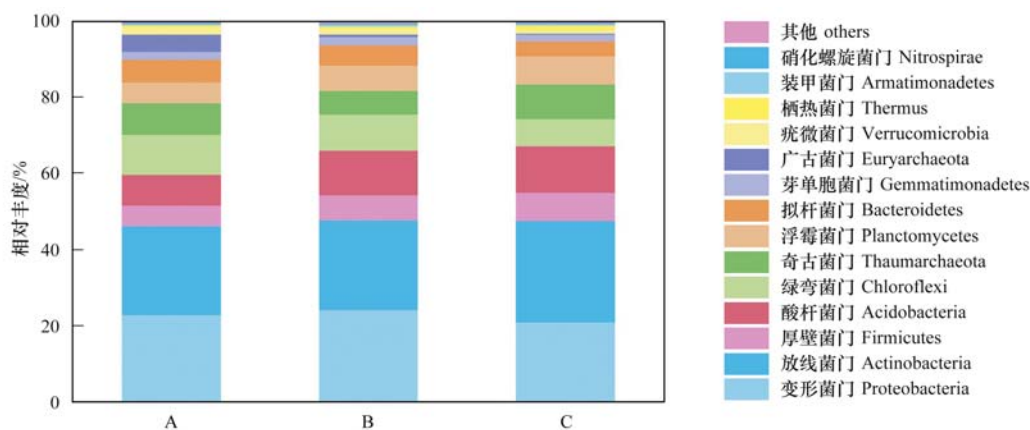


图3 土壤样品中细菌群落在门水平上的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of bacterial community at the phylum level in soil samples

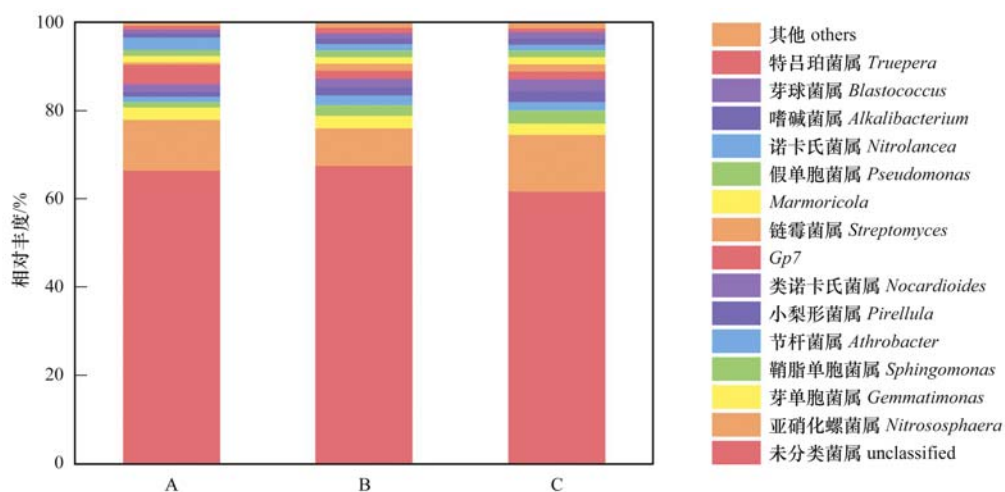


图4 土壤样品中细菌群落在属水平上的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of bacterial community at the genus level in soil samples

析. 如图5所示, 第一主成分 (PCoA1) 和第二主成分 (PCoA2) 的差异解释率分别为 26.10% 和 22.12%. 不同含量的铬污染土壤样品明显分开, 尤其是 A 组 (低污染含量) 与 B (中污染含量)、C (高污染含量) 两组样品相距较远, 表明随着铬含量的增加细菌群落的结构发生了较大的变化. 对所有样品进行相似性分析 (ANOSIM), 发现铬污染对土壤细菌群落结构影响显著 ($R = 0.4585, P < 0.05$).

为进一步验证细菌群落之间的差异是否显著, 对不同铬污染程度土壤细菌群落间进行基于 Bray-Curtis 距离 (表2) 的不相似性检验^[23,24]. 3 种不相似性分析结果均表明低浓度 A 组与中含量 B 组以及高含量 C 组土壤细菌群落之间的差异性显著 ($P < 0.05$), 而 B 组与 C 组之间的差异仅通过 MRPP 方法检验显著^[25]. 该结果与前面细菌群落的 PCoA 分析结果相吻合, 说明与低含量 (A 组) 样品中的细菌群落相比, 中含量 (B 组) 以及高含量 (C 组) 样品中的细菌群落结构发生了显著变化, 而中含量与高含量样品中的细菌群落结构差异相对较小.

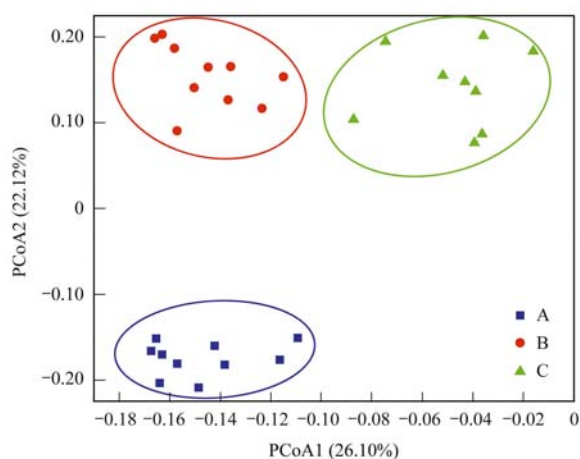


图5 不同铬含量土壤样品中细菌群落 PCoA 图

Fig. 5 PCoA diagram of bacterial community in soil samples with different chromium concentrations

比较不同污染程度土壤样品中细菌群落的 α 多样性发现 (表3), Shannon、Simpson、Observed_richness、Pielou_evenness 和 Chao1 指数的变化趋势一致, 即中含量 (B 组) 样品的 α 多样性指数最大,

高污染(C组)样品的多样性指数低于低污染(A组)与中污染(B组)样品,但差异并不显著。

表2 细菌群落 Bray-Curtis 距离的不相似性检验
Table 2 Dissimilarity test of soil bacterial community

项目	based on Bray-Curtis distance					
	ANOSIM		MRPP		PERMANOVA	
	R	P	δ	P	F	P
A组与B组	0.179	0.014	0.593	0.013	2.726	0.010
A组与C组	0.290	0.002	0.635	0.002	3.342	0.001
B组与C组	0.084	0.088	0.570	0.048	1.631	0.074

表3 铬污染土壤细菌群落 α 多样性指数

Table 3 The α diversity indexes of bacteria communities in chromium pollution soil

组号	Shannon 指数	Simpson 指数	Observed_richness 指数	Pielou_evenness 指数	Chao1 指数
A	6.70 $\pm$ 0.65	0.09 $\pm$ 0.10	4 266.00 $\pm$ 1 107.31	0.80 $\pm$ 0.06	6 419.83 $\pm$ 1 594.00
B	7.05 $\pm$ 0.25	0.04 $\pm$ 0.03	4 532.60 $\pm$ 342.45	0.84 $\pm$ 0.02	6 780.81 $\pm$ 465.97
C	6.46 $\pm$ 0.97	0.13 $\pm$ 0.19	3 997.90 $\pm$ 1 151.85	0.78 $\pm$ 0.08	6 172.19 $\pm$ 1 734.04

素所占的比例不断增加,从而进一步影响细菌的群落结构.通过计算遗传多样性的 β_{NTI} 指数与 RC_{bray} 指数,进一步验证了随机性比例的结果^[27].

表4 不同铬污染程度土壤细菌群落的相似度¹⁾

Table 4 Similarity of bacterial communities in soil with different levels of chromium pollution

组号	观测相似度 平均值	零期望相似度 平均值	随机性 估计值	F	P	β_{NTI}	RC_{bray}
A	0.236	0.107	0.453	5.760	0.008	-2.124	0.274
B	0.320	0.123	0.384	21.830	0.012	-2.375	0.044
C	0.259	0.093	0.359	5.262	<0.001	-2.431	-0.179

1) 细菌群落构建过程:确定性,同质选择

2.4 细菌群落与环境因子关系分析

为了进一步了解影响细菌群落结构以及构建过程的环境因子,对各组样本的细菌群落与环境因子之间关系进行 CCA 分析,结果如图 6 所示,第一轴与第二轴分别能解释 41.94% 与 38.32% 的细菌群落差异,两个轴累积解释变异量达到 80.26%,能够较好地反映出影响细菌群落的主要环境因子.土壤样品按照污染程度明显分开,并且排列方向与环境因子总 Cr 箭头所指的方向一致,表明土壤中 Cr 的含量可能是驱动微生物群落变化与构建机制的重要因素之一.此外,Mantel 检验结果表明^[28],土壤铬含量(Cr, $r^2=0.598$, $P=0.001$)、pH ($r^2=0.335$, $P=0.001$)、有机质(OM, $r^2=0.374$, $P=0.006$)和含水率(MC, $r^2=0.590$, $P=0.001$)均与细菌群落显著相关,说明以上因素均可以显著影响细菌群落.环境因子和丰度较高的前 5 个优势菌门细菌群落的 Mental 分析显示(表 5),变形菌门(Proteobacteria)与土壤的铬含量、pH 和 OM 显著相关,放线菌门(Actinobacteria)与土壤的铬含量、MC 和 pH 显著相

2.3 细菌群落构建机制分析

细菌群落构建是一个较为复杂的过程,本研究首先基于零模型计算了 A、B 和 C 这 3 组的零期望相似度平均值以及实际观测相似度平均值,并估算了细菌群落构建过程中的随机性比例(表 4)^[26].A、B、C 3 组的随机性比例分别为 0.453、0.384 和 0.359,模型的 P 值均小于 0.05,这说明在铬污染土壤中细菌群落的构建基本上都以决定性因素为主,而随着铬污染含量的增加决定性因

如表 4 所示,3 组样品的 β_{NTI} 值均小于 -2,表明铬污染土壤中细菌群落构建是决定性因素占主导,且为同质选择.

关,酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)与土壤的铬含量和 MC 之间显著相关,厚壁菌门(Firmicutes)与土壤的铬含量、OM 显著相关.这些结果进一步说明土壤中 Cr 含量是影响优势菌门细菌群落的驱动因子.

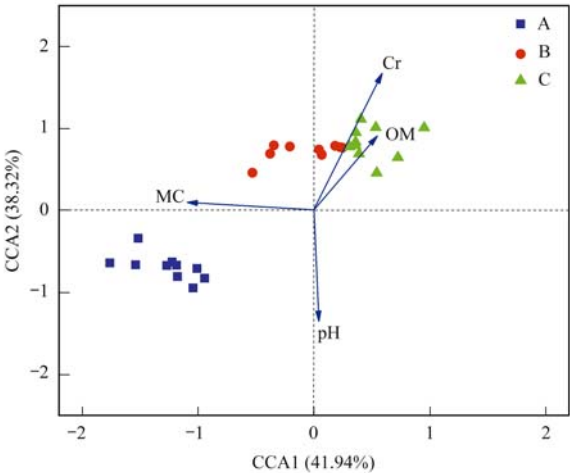


图6 不同铬含量土壤样品中细菌群落 CCA 分析
Fig. 6 CCA analysis of bacterial community in soil samples with different chromium concentrations

表 5 优势菌门和环境因子的 Mantel 检验

Table 5 Mantel test of dominant bacterial phyla and environmental factors

项目	Proteobacteria	Actinobacteria	Acidobacteria	Firmicutes	Chloroflexi
Cr	0.001	0.024	0.044	0.021	0.005
MC	0.652	0.001	0.002	0.148	0.004
pH	0.045	0.001	0.054	0.653	0.487
OM	0.001	0.322	0.325	0.077	0.419

3 讨论

3.1 铬污染对土壤细菌群落结构与组成影响

通过上述实验结果发现 Cr 含量显著地影响了细菌群落的结构与组成. 有研究表明, 土壤细菌在低含量的重金属环境下无反应或反应较弱, 当超过土壤细菌的耐受含量时, 将对细菌的生长产生抑制效果, 降低细菌的活性^[29]. 在铬污染土壤样品中发现放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 丰度随着铬污染程度的上升而增大, 可能是在铬污染过程中这些种类的细菌得到了富集. 属水平上, 节杆菌属 (*Arthrobacter*)、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 和亚硝化菌属 (*Nitrolancea*) 丰度随着铬污染程度的增加而下降, 可能是因为这些细菌不能够抵抗高含量的铬^[30]. 这可能是由于铬对土壤中酶活性的抑制作用导致的, 如张雪晴等^[30]在研究铜矿重金属污染对酶活力的影响时发现, 土壤中磷酸酶和脱氢酶的活性随着 Cd、Zn 和 Pb 含量的升高而明显下降. 据相关报道, 变形菌门 (Proteobacteria) 中的假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、盐单胞菌属 (*Halomonas*)、鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*); 厚壁菌门 (Firmicutes) 中的芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、肠球菌属 (*Enterococcus*); 放线菌门 (Actinobacteria) 中的节杆菌属 (*Arthrobacter*)、链霉菌属 (*Streptomyces*) 均具有较强的耐铬能力, 同时能够还原六价铬, 在修复铬污染方面有着巨大的潜力^[31].

其中变形菌门 (Proteobacteria) 的丰度随铬含量的上升先升高后减小, 亚硝化螺菌属 (*Nitrososphaera*) 和节杆菌属 (*Arthrobacter*) 丰度随铬含量升高先下降而后显著增大. 谢学辉等^[32]在德兴铜矿尾矿库重金属污染对细菌群落多样性影响研究中发现, 各地土壤样品中, 细菌群落的香农指数在距离尾矿中等距离时最大; Wakelin 等^[33]将不同浓度梯度的 Cu 投放到土壤中, 细菌群落的 α 多样性指数随着重金属 Cu 含量的增加呈先升高后下降的趋势, 这些研究也验证了本文所得到的结论. 李政红等^[34]在耐铬菌群特性的研究中发现, 耐铬菌群在 pH 为 5.5 ~ 8.5, 温度 20 ~ 50℃ 的环境条件下均能

生长, 最适宜的生长环境是在 pH 为 7.5, 温度为 30℃. 由此可以推测, 高含量的铬可能抑制了较为敏感细菌的生长, 同时使耐受性强的细菌富集, 土壤 pH 随铬含量的上升而逐渐下降, 在下降过程中逐渐达到细菌最佳生长的 pH 值, 所以铬含量较低或较高时细菌群落的生物多样性及丰度均低于中含量, 中等含量的铬污染土壤中细菌群落变化及多样性更为丰富.

3.2 铬含量对土壤细菌群落构建影响

在生态系统中研究复杂的群落构建机制对于维持生物多样性以及调控群落十分重要. 微生物群落构建过程不仅决定了群落的组成和多样性, 还对系统的生态功能产生影响. 土壤细菌能在不同环境因子的影响下, 呈现出特征性的群落结构差异, 从而适应外界环境变化^[35]. 本研究结果表明, 铬污染土壤细菌群落的构建过程主要受到确定性因素的影响. 由此可以推测, 在不同铬含量的污染土壤中, 铬含量是土壤环境中变化最为显著的, 所以在铬污染土壤中, 细菌群落的构建是以确定性因素为主导, 且为同质选择; 随机性过程则在外界环境干扰较小的环境中发挥主导作用^[36]. 以上结论表明, 确定性因素会对铬污染土壤中细菌的群落构建存在影响, 随着铬含量的升高, 细菌群落构建过程的随机性过程下降, 确定性过程增加, 导致群落的物种多样性呈现先升高后降低的变化趋势, 这一结论与细菌群落多样性变化的结果一致.

环境因子被认为是影响细菌群落变化的主要驱动力, 土壤 pH 值、有机碳、土壤质地和温度等都可以显著影响细菌群落的构建^[37]. 本实验所采集的 3 组不同铬含量污染土壤 pH 值之间的差异也较为显著, pH 值在 6.34 ~ 8.60 的范围内, 且与细菌群落多样性呈显著的相关关系, 说明土壤 pH 的改变也影响了铬污染土壤细菌群落的构建过程. 此外, 在分析过程中发现了多种耐铬和六价铬还原菌种以及未命名的耐铬细菌, 可以在后续研究中进行种属的鉴定, 为研究细菌修复铬污染土壤提供参考依据.

4 结论

(1) 不同铬污染程度土壤样品中共包含 55 个

门、121 个纲、212 个目、440 个科和1 375 个属. 优势菌门 (相对丰度 > 5%) 为变形菌门 (Proteobacteria)、放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、奇古菌门 (Thaumarchaeota) 和厚壁菌门 (Firmicutes), 优势菌属为亚硝化螺菌属 (*Nitrososphaera*)、芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*)、节杆菌属 (*Arthrobacter*)、鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 和小梨形菌属 (*Pirellula*)。

(2) 铬污染能显著地影响土壤细菌群落的结构与多样性, 放线菌门 (Actinobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 丰度随着铬含量的升高而显著增加, 绿弯菌门 (Chloroflexi) 丰度随铬含量的升高而显著下降, 变形菌门 (Proteobacteria) 丰度随铬含量的上升呈先升高后下降的趋势, 奇古菌门 (Thaumarchaeota) 丰度随铬含量的升高呈先下降后升高的趋势; 属水平上, 亚硝化螺菌属 (*Nitrososphaera*) 和节杆菌属 (*Arthrobacter*) 丰度随铬含量升高先下降而后显著增大, 鞘脂单胞菌属 (*Sphingomonas*)、小梨形菌属 (*Pirellula*) 和类诺卡氏属 (*Nocardioideae*) 丰度随铬含量的升高而显著增大, 芽单胞菌属 (*Gemmatimonas*) 丰度随铬含量的升高而显著减小。

(3) 铬污染土壤中细菌群落的构建以决定性过程为主, 并且随着铬污染程度的增加, 随机性过程逐渐下降, 确定性过程逐渐增加. 环境因子中铬含量、有机质、含水率、pH 对铬污染土壤的细菌群落影响显著, 总铬含量为影响细菌群落以及各优势门水平微生物群落的主要影响因素。

参考文献:

- [1] 王兴润, 李磊, 颜湘华, 等. 铬污染场地修复技术进展[J]. 环境工程, 2020, **38**(6): 1-8, 23.
Wang X R, Li L, Yan X H, *et al.* Progress in remediation of chromium contaminated sites[J]. Environmental Engineering, 2020, **38**(6): 1-8, 23.
- [2] 崔倩倩, 刘朝阳. 六价铬污染土壤生物修复研究进展[J]. 污染防治技术, 2020, **33**(3): 16-20.
Cui Q Q, Liu C Y. Research progress on bioremediation technology of Cr(VI) contaminated soils[J]. Pollution Control Technology, 2020, **33**(3): 16-20.
- [3] 彭叶棉, 杨阳, 侯素霞, 等. 外源六价铬在土壤中的有效性及其小麦毒性效应[J]. 生态环境学报, 2020, **29**(2): 369-377.
Peng Y M, Yang Y, Hou S X, *et al.* The bioavailability of exogenous Cr(VI) in soils and its toxic effect on wheat[J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, **29**(2): 369-377.
- [4] 王凤花, 罗小三, 林爱军, 等. 土壤铬(VI)污染及微生物修复研究进展[J]. 生态毒理学报, 2010, **5**(2): 153-161.
Wang F H, Luo X S, Lin A J, *et al.* Progress on microbial remediation of chromium-contaminated soil[J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2010, **5**(2): 153-161.
- [5] 王甜甜, 赵伟, 王利明, 等. 不同土地利用类型土壤微生物群落特征及其影响因素[J]. 环境污染与防治, 2019, **41**(9): 1082-1087.
Wang T T, Zhao W, Wang L M, *et al.* Microbial community characteristics and its influence under different land types[J]. Environmental Pollution & Control, 2019, **41**(9): 1082-1087.
- [6] Patel K S, Sharma R, Dahariya N S, *et al.* Black carbon and heavy metal contamination of soil[J]. Polish Journal of Environmental Studies, 2016, **25**(2): 717-724.
- [7] 邓琳静. 重金属胁迫下农业土壤根际微生物的群落结构和多样性的变化[D]. 长沙: 湖南大学, 2016.
Deng L J. Changes of rhizosphere microbial community structure and diversity in farming lands under heavy metal stress[D]. Changsha: Hunan University, 2016.
- [8] 刘文静, 张建伟, 邱崇文, 等. 水旱轮作对土壤微生物群落构建过程的影响机制[J]. 土壤, 2020, **52**(4): 710-717.
Liu W J, Zhang J W, Qiu C W, *et al.* Study on community assembly processes under paddy upland rotation[J]. Soils, 2020, **52**(4): 710-717.
- [9] 周伟峰, 朱岩岩, 张喜凤. 土壤有机质含量测定方法研究[J]. 河南科学, 2019, **37**(2): 270-274.
Zhou W F, Zhu Y Y, Zhang X F. Determination of organic matter content in soil[J]. Henan Science, 2019, **37**(2): 270-274.
- [10] 字润祥, 周思辰, 冯文波, 等. 土壤样品中总铬测定方法的改进[J]. 中国环境监测, 2016, **32**(1): 104-107.
Zi R X, Zhou S C, Feng W B, *et al.* The research on a new method to determine total chromium in soil[J]. Environmental Monitoring in China, 2016, **32**(1): 104-107.
- [11] 陈泽成, 庄清雅. 分光光度法测定土壤中六价铬方法优化[J]. 中国环保产业, 2018, (4): 66-68.
Chen Z C, Zhuang Q Y. Optimization for determination of hexavalent chrome in soil by spectrophotometric methods[J]. China Environmental Protection Industry, 2018, (4): 66-68.
- [12] 杜雄峰, 厉舒祯, 冯凯, 等. 农牧交错带草地土壤剖面微生物总量、多样性和互作网络的垂直分布特征[J]. 微生物学通报, 2020, **47**(9): 2789-2806.
Du X F, Li S Z, Feng K, *et al.* Vertical distribution features of microbial quantity, diversity and interactions along soil profiles in an agropasture grassland[J]. Microbiology China, 2020, **47**(9): 2789-2806.
- [13] 杜雄峰, 于皓, 王尚, 等. 宏基因组方法揭示草地土壤微生物群落响应全球变化[J]. 生态学杂志, 2019, **38**(11): 3516-3526.
Du X F, Yu H, Wang S, *et al.* Metagenomics reveal responses of soil microbial community in grassland to global changes[J]. Chinese Journal of Ecology, 2019, **38**(11): 3516-3526.
- [14] Zhang Z J, Deng Y, Feng K, *et al.* Deterministic assembly and diversity gradient altered the biofilm community performances of bioreactors[J]. Environmental Science & Technology, 2019, **53**(3): 1315-1324.
- [15] Zhang Z J, Qu Y Y, Li S Z, *et al.* Soil bacterial quantification approaches coupling with relative abundances reflecting the changes of taxa[J]. Scientific Reports, 2017, **7**(1), doi: 10.1038/s41598-017-05260-w.
- [16] Feng K, Zhang Z J, Cai W W, *et al.* Biodiversity and species competition regulate the resilience of microbial biofilm community[J]. Molecular Ecology, 2017, **26**(21): 6170-6182.
- [17] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. Nature Methods, 2013, **10**(10): 996-998.

- [18] Caporaso J G, Bittinger K, Bushman F D, *et al.* PyNAST: a flexible tool for aligning sequences to a template alignment[J]. *Bioinformatics*, 2010, **26**(2): 266-267.
- [19] Price M N, Dehal P S, Arkin A P. FastTree: computing large minimum evolution trees with profiles instead of a distancematrix[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 2009, **26**(7): 1641-1650.
- [20] R Core Team. R: A language and environment for statistical computing[R]. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2013.
- [21] Stegen J C, Lin X J, Fredrickson J K, *et al.* Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them[J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(11): 2069-2079.
- [22] 晏晓丹, 刘卫国, 史学峰, 等. 铬污染土壤微生物修复机制及其研究进展[J]. *环境科学导刊*, 2019, **38**(S1): 1-6.
Yan X D, Liu W G, Shi X F, *et al.* Mechanism and research progress of microbial remediation of chromium contaminated soil[J]. *Environmental Science Survey*, 2019, **38**(S1): 1-6.
- [23] 郭彦青. 黄土高原退耕还草区土壤微生物群落研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
Guo Y Q. Dynamics of soil microbial communities in revegetation areas on the loess plateau of China[D]. Yangling: Northwest Agricultural and Forestry University, 2017.
- [24] Anderson M J. A new method for non-parametric multivariate analysis of variance[J]. *Austral Ecology*, 2001, **26**(1): 32-46.
- [25] 张晓, 刘世荣, 黄永涛, 等. 辽东栎林演替过程中的土壤细菌群落结构和多样性变化[J]. *林业科学*, 2019, **55**(10): 193-202.
Zhang X, Liu S R, Huang Y T, *et al.* Changes on community structure and diversity of soil bacterial community during the succession of *Quercus wutaishanica*[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2019, **55**(10): 193-202.
- [26] 邵志敏. 海州露天矿生态恢复过程中土壤真菌群落演替规律研究[D]. 阜新: 辽宁工程技术大学, 2019.
Shao Z M. Study on succession law of soil fungi community in the process of ecological restoration of Haizhou open pitmine[D]. Fuxin: Liaoning Technology University, 2019.
- [27] 肖蓉, 王媛, 聂园军, 等. 基于高通量测序技术的铬污染农田土壤菌群多样性及修复菌株的筛选[J]. *应用与环境生物学报*, 2019, **25**(4): 933-942.
Xiao R, Wang Y, Nie Y J, *et al.* Research on bacterial communities in Cr-polluted farmland soil by high-throughput sequencing and selection of Cr remediation strains[J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2019, **25**(4): 933-942.
- [28] Horner-Devine M C, Carney K M, Bohannon B J M. An ecological perspective on bacterial biodiversity[J]. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 2004, **271**(1535): 113-122.
- [29] 林耀奔, 叶艳妹, 吴次芳, 等. 水田土壤细菌群落对不同重金属污染水平的响应分析——以A县为例[J]. *环境科学学报*, 2020, **40**(1): 224-233.
- Lin Y B, Ye Y M, Wu C F, *et al.* Response analysis of soil bacterial community to different heavy metal pollution levels in paddy fields: a case study of a county[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020, **40**(1): 224-233.
- [30] 张雪晴, 张琴, 程园园, 等. 铜矿重金属污染对土壤微生物群落多样性和酶活力的影响[J]. *生态环境学报*, 2016, **25**(3): 517-522.
Zhang X Q, Zhang Q, Cheng Y Y, *et al.* The impact of heavy metal contamination on soil microbial diversity and enzyme activities in a copper mine[J]. *Ecology and Environment Sciences*, 2016, **25**(3): 517-522.
- [31] 苏少华, 张玉秀, 朱凌峰, 等. 近十年我国耐重金属细菌研究文献分析[J]. *农业图书情报学刊*, 2011, **23**(5): 63-67.
Su S H, Zhang Y X, Zhu L F, *et al.* Analysis of bibliography on heavy-metal tolerant bacteria research in China in recent ten years[J]. *Journal of Library and Information Sciences in Agriculture*, 2011, **23**(5): 63-67.
- [32] 谢学辉, 范凤霞, 袁学武, 等. 德兴铜矿尾矿重金属污染对土壤中微生物多样性的影响[J]. *微生物学通报*, 2012, **39**(5): 624-637.
Xie X H, Fan F X, Yuan X W, *et al.* Impact on microbial diversity of heavy metal pollution in soils near Dexing copper mine tailings[J]. *Microbiology China*, 2012, **39**(5): 624-637.
- [33] Wakelin S A, Chu G X, Lardner R, *et al.* A single application of Cu to field soil has long-term effects on bacterial community structure, diversity, and soil processes[J]. *Pedobiologia*, 2010, **53**(2): 149-158.
- [34] 李政红, 马琳娜, 何泽, 等. 耐铬菌群特性及其修复土壤铬污染的条件优化[J]. *安徽农业科学*, 2012, **40**(12): 7349-7353.
Li Z H, Ma L M, He Z, *et al.* The properties of chromium resistant bacteria and the optimization conditions of remediated chromium contaminated soil[J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2012, **40**(12): 7349-7353.
- [35] 孙迎韬. 我国森林土壤细菌群落地理分布及其驱动机制研究[D]. 广州: 中国科学院广州地球化学研究所, 2020.
Sun Y T. Study on the geographical distribution and driving mechanism of forest soil bacterial community in China[D]. Guangzhou: Guangzhou Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, 2020.
- [36] 赵鹏宇. 山西亚高山华北落叶松林土壤微生物群落构建机制[D]. 太原: 山西大学, 2019.
Zhao P Y. Assembly mechanism of soil microbial community in *Larix principis-rupprechtii* Mayr forest of subalpine north China in Shanxi Province[D]. Taiyuan: Shanxi University, 2019.
- [37] 孟凡凡, 胡益, 王建军. 微生物性状揭示物种分布格局、群落构建机制和生态系统功能[J]. *微生物学报*, 2020, **60**(9): 1784-1800.
Meng F F, Hu A, Wang J J. Microbial characteristics reveal species distribution pattern, community construction mechanism and ecosystem function[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2020, **60**(9): 1784-1800.

CONTENTS

Industrial Emission Characteristics and Control Countermeasures of VOCs in Chinese Rapid Economic Development Areas	MENG Bo-wen, LI Yong-bo, MENG Jing, <i>et al.</i>	(1023)
VOCs Emission Inventory and Variation Characteristics of Artificial Sources in Hubei Province in the Yangtze River Economic Belt	DAI Ling-wen, MENG Jing, LI Qian-qian, <i>et al.</i>	(1039)
Sources and Distribution Characteristics of HCBd in Rapid Economic Development Areas	TAO Yu-ming, MENG Jing, LI Qian-qian, <i>et al.</i>	(1053)
Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Surface Soil of China (2000-2020): Temporal and Spatial Distribution, Influencing Factors	MA Yan, CHENG Lu, RUAN Zi-yuan, <i>et al.</i>	(1065)
Relationships Between Microplastic and Surrounding Soil in an E-Waste Zone of China	CHAI Bing-wen, YIN Hua, WEI Qiang, <i>et al.</i>	(1073)
Analysis of the Spatial Distribution of Heavy Metals in Soil from a Coking Plant and Its Driving Factors	GU Gao-quan, WAN Xiao-ming, ZENG Wei-bin, <i>et al.</i>	(1081)
Source Apportionment and Spatial Distribution Simulation of Heavy Metals in a Typical Petrochemical Industrial City	SUN Xue-fei, ZHANG Li-xia, DONG Yu-long, <i>et al.</i>	(1093)
Heavy Metal Contents of Soil and Surface Dust and Its Ecological Risk Analysis in a Multifunctional Industrial Park	ZENG Wei-bin, GU Gao-quan, WAN Xiao-ming, <i>et al.</i>	(1105)
Geochemical Patterns and Source Analysis of Soil Heavy Metals in an Iron and Manganese Ore Area of Longyan City	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi, <i>et al.</i>	(1114)
Application Case of Accurate Site Investigation with Life-Cycle Conceptual Site Model Development	LI Pei-zhong, WU Nai-jin, WANG Hai-jian, <i>et al.</i>	(1123)
Levels and Risk Assessment of Short and Medium-Chain Chlorinated Paraffins in Soil from Paper Mill Area	ZHANG Pei-xuan, GAO Li-rong, SONG Shi-jie, <i>et al.</i>	(1131)
Characterization and Health Risks of PCDD/Fs, PCBs, and PCNs in the Soil Around a Typical Secondary Copper Smelter	HU Ji-cheng, WU Jing, XU Chen-yang, <i>et al.</i>	(1141)
Effect of Citric Acid and Phosphorus Coexistence on Cadmium Adsorption by Soil	SONG Zi-teng, ZUO Ji-chao, HU Hong-qing	(1152)
Uptake and Accumulation of Cadmium and Zinc by Two Energy Grasses: A Field Experiment	ZHENG Rui-lun, SHI Dong, LIU Wen-ju, <i>et al.</i>	(1158)
Bioaccumulation and Translocation Characteristics of Heavy Metals in a Soil-Maize System in Reclaimed Land and Surrounding Areas of Typical Vanadium-Titanium Magnetite Tailings	SUN Hou-yun, WEI Xiao-feng, SUN Xiao-ming, <i>et al.</i>	(1166)
Cd Accumulation Characteristics in Different Populations of <i>Hylotelephium spectabile</i> Under Salt Stress	GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, YANG Jun, <i>et al.</i>	(1177)
Effect of Water Regimes on Pb and Cd Immobilization by Biochar in Contaminated Paddy Soil	TANG Jia-qing, ZHANG Xu, HUANG Guo-yong, <i>et al.</i>	(1185)
Effects of Chitosan-modified Biochar on Formation of Methylmercury in Paddy Soils and Its Accumulation in Rice	YANG Xue-ling, WANG Ming-xing, XU Guo-min, <i>et al.</i>	(1191)
Effects of Chromium Pollution on Soil Bacterial Community Structure and Assembly Processes	YU Hao, AN Yi-jun, JIN De-cai, <i>et al.</i>	(1197)
Analysis of Changes and Factors Influencing Air Pollutants in the Beijing-Tianjin-Hebei Region During the COVID-19 Pandemic	ZHAO Xue, SHEN Nan-chi, LI Ling-jun, <i>et al.</i>	(1205)
Impact of Pollutant Emission Reduction on Air Quality During the COVID-19 Pandemic Control in Early 2020 Based on RAMS-CMAQ	LIU Hou-feng, XU Wei, WEI Min, <i>et al.</i>	(1215)
Light-absorbing Properties and Sources of PM _{2.5} Organic Components at a Suburban Site in Northern Nanjing	SHANG Yue, YU Huan, MAO Yu-hao, <i>et al.</i>	(1228)
Pollution Characteristics and Chromophore Types of Brown Carbon in Xi'an	CHEN Qian, CHEN Qing-cai	(1236)
Source and Health Risk Assessment of PM _{2.5} -Bound Metallic Elements in Road Dust in Zibo City	GUO Qing-yuan, BAI Wen-yu, ZHAO Xue-yun, <i>et al.</i>	(1245)
Health Benefit Assessment of PM _{2.5} Pollution Control in Beijing	DU Pei, WANG Jian-zhou	(1255)
Seasonal Characteristics of Air Pollutant Sources and Transport Pathways in Xining City	LIU Na, YU Ye, MA Xue-qian	(1268)
Concentrations and Patterns of Atmospheric Particulate Nitrogen and Phosphorus During Different Weather Conditions in Qingdao Coastal Region	YUAN Gang, QI Jian-hua, DING Xue	(1280)
Characterization of Volatile Organic Compounds (VOCs) Using Mobile Monitoring Around the Industrial Parks in the Yangtze River Delta Region of China	WANG Hong-li, GAO Ya-qin, JING Sheng-ao, <i>et al.</i>	(1298)
Characteristics and Cause Analysis of Heavy Air Pollution in a Mountainous City During Winter	LIU Zhuo-cheng, NIU Yue-yuan, WU Jing, <i>et al.</i>	(1306)
Gridded Emission Inventories of Major Criteria Air Pollutants and Source Contributions in Lan-Bai Metropolitan Area, Northwest China	WANG Wen-peng, WANG Zhan-xiang, LI Ji-xiang, <i>et al.</i>	(1315)
VOCs Removal and Emission Monitoring of Beijing Bulk Gasoline Terminals in 2012-2019	HUA Lan-ying, CUI Tong, LI Jin-xiang, <i>et al.</i>	(1328)
Emission Inventory of Air pollutants for the Harmless Treatment of Municipal Solid Waste	MA Zhan-yun, JIANG Yu-cong, REN Jia-xue, <i>et al.</i>	(1333)
Response of Bacteriophage Polys to Hypoxic Conditions in the Surface Sediments of the Yangtze Estuary and Its Adjacent Areas	YIN Mei-ling, DUAN Li-qin, SONG Jin-ming, <i>et al.</i>	(1343)
Human Health Risk Assessment of Phenol in Poyang Lake Basin	XU Qian-yun, AI Shun-hao, GAO Xiang-yun, <i>et al.</i>	(1354)
Spatial-Temporal Variation of Water Environment Quality and Pollution Source Analysis in Hengshui Lake	LIU Wei-wei, GUO Zi-liang, WANG Da-an, <i>et al.</i>	(1361)
Composition and Distribution Characteristics of Microplastics in Danjiangkou Reservoir and Its Tributaries	PAN Xiong, LIN Li, ZHANG Sheng, <i>et al.</i>	(1372)
Temporal and Spatial Evolution of Storm Runoff and Water Quality Assessment in Jinpen Reservoir	HUANG Cheng, HUANG Ting-lin, LI Yang, <i>et al.</i>	(1380)
Influence of Storm Runoff on the Spectral Characteristics of Dissolved Organic Matter (DOM) in a Drinking Water Reservoir During the Flood Season	LI Cheng-yao, HUANG Ting-lin, WEN Cheng-cheng, <i>et al.</i>	(1391)
Distribution Characteristics of Carbon, Nitrogen, and Phosphorus Bearing Pollutants in the Ancient Town Rivers of Suzhou	BAI Dong-rui, ZHANG Tao, CHEN Tan, <i>et al.</i>	(1403)
Chemical Characteristics and Causes of Groups Water in Niangziguan Spring	TANG Chun-lei, ZHAO Chun-hong, SHEN Hao-yong, <i>et al.</i>	(1416)
Adsorption Behavior of Phosphate by CaO ₂ Remolded Sediment	XU Chu-tian, LI Da-peng, WANG Zi-liang, <i>et al.</i>	(1424)
Nitrogen and Phosphorus Removal in Surface Flow Constructed Wetland Planted with <i>Myriophyllum elatinoide</i> s Treating Swine Wastewater in Subtropical Central China	WANG Li-sha, LI Xi, LI Yu-yuan, <i>et al.</i>	(1433)
Accelerated Degradation of Aqueous Recalcitrant Iodinated Contrasting Media Using a UV/SO ₃ ²⁻ Advanced Reduction Process	LIU Zi-qi, QIU Fu-guo, LAI Man-ting, <i>et al.</i>	(1443)
Degradation of Dye Rhodamine B by Solar Thermally Activated Persulfate	MA Meng, XU Lu, JIN Xin, <i>et al.</i>	(1451)
One-step Preparation of Lanthanum-Magnesium Ferrite and Its Phosphate Adsorption Capacity in Aqueous Solutions	BAI Run-ying, SONG Bo-wen, ZHANG Yu, <i>et al.</i>	(1461)
Pollutant Removal Efficiency of Different Units Along a Mature Landfill Leachate Treatment Process in a Membrane Biological Reactor-Nanofiltration Combined Facility	SHAO Li-ming, DENG Ying-tao, QIU Jun-jie, <i>et al.</i>	(1469)
Biological Conversion Mechanism of Sulfate Reduction Ammonium Oxidation in ANAMMOX Consortia	BI Zhen, DONG Shi-yu, HUANG Yong	(1477)
Microbial Community Structure of Waste Water Treatment Plants in Different Seasons	HE Yun, LI Kui-xiao, WANG Jia-wei, <i>et al.</i>	(1488)
Organ-Specific Accumulation and Toxicokinetics of Ephedrine in Adult Zebrafish (<i>Danio rerio</i>)	YIN Xing-xing, GUO Chang-sheng, DENG Yang-hui, <i>et al.</i>	(1496)
Characteristics and Evaluation of Soil Rare Earth Element Pollution in the Bayan Obo Mining Region of Inner Mongolia	WANG Zhe, ZHAO Ying-chen, LUO Yi-fei, <i>et al.</i>	(1503)
Factors Affecting the Translocation and Accumulation of Cadmium in a Soil-Crop System in a Typical Karst Area of Guangxi Province, China	MA Hong-hong, PENG Min, GUO Fei, <i>et al.</i>	(1514)
Effects of Superparamagnetic Nanomaterials on Soil Microorganisms and Enzymes in Cadmium-Contaminated Paddy Fields	FANG Dan-dan, ZHANG Li-zhi, WANG Qiang	(1523)
Effects of Water Management and Silicon Application on Iron Plaque Formation and Uptake of Arsenic and Cadmium by Rice	CHEN Jia, ZHAO Xiu-lan	(1535)
Biological Effect of Tetracycline Antibiotics on a Soil-Lettuce System and Its Migration Degradation Characteristics	WANG Wei-zhong, CHI Sun-lin, XU Wei-hong	(1545)
Effect of Plastic Film Mulching on Methane and Nitrous Oxide Emissions from the Ridges and Furrows of a Vegetable Field	XIONG Wei-xia, JIANG Chang-sheng, ZHAO Zhong-jing, <i>et al.</i>	(1559)
Effects of Biochar and Straw on Soil N ₂ O Emission from a Wheat Maize Rotation System	TANG Zhan-ming, LIU Xing-ren, ZHANG Qing-wen, <i>et al.</i>	(1569)
Overview on Habitat Monitoring Methods Under Watershed Ecological Space Management	YIN Kun, LIU Hai-jiang, WANG Guang, <i>et al.</i>	(1581)