

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

长江经济带PM_{2.5}空间异质性和驱动因素的地理探测

王丽丽, 刘笑杰, 李丁, 孙颖琦



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年3月

第43卷 第3期
Vol.43 No.3

目次

2000~2020年天津PM _{2.5} 质量浓度演变及驱动因子分析	蔡子颖,郝国,韩素芹,唐颖潇,杨旭,樊文雁,姚青,邱晓滨(1129)
天津市PM _{2.5} -O ₃ 复合污染特征及来源分析	肖致美,徐虹,高璟,蔡子颖,毕温凯,李鹏,杨宁,邓小文,戴运峰(1140)
基于随机森林模型的武汉市城区大气PM _{2.5} 来源解析	张志豪,陈楠,祝波,陶卉婷,成海容(1151)
华北南部重污染城市周边区域二次气溶胶的化学特征及来源解析	任秀龙,胡伟,吴春苗,胡偲豪,高娜娜,张崇崇,岳亮,王金喜,樊景森,牛红亚(1159)
“大气十条”实施结束川南城市群秋季霾污染过程中水溶性离子特征	吴安南,黄小娟,何仁江,李金建,叶林麟,吴涛,肖智丹,刘子锐,王跃思,张小玲,张军科(1170)
郑州市典型污染过程PM ₁₀ 中重金属浓度、来源及健康风险评估	翟诗婷,王申博,张栋,赵孝因,杨洁茹,刘洋,陈红阳,张瑞芹(1180)
长江经济带PM _{2.5} 空间异质性和驱动因素的地理探测	王丽丽,刘笑杰,李丁,孙颖琦(1190)
长三角地区PM _{2.5} 浓度对土地利用/覆盖转换的空间异质性响应	周丽霞,吴涛,蒋国俊,张建珍,濮励杰,徐飞,解雪峰(1201)
“2+26”城市春节和元宵节期间污染特征、气象影响和预报回顾分析	朱媛媛,王晓斐,汪巍,刀语,王帅,陈善荣(1212)
基于小波变换的山西省PM _{2.5} 污染特征及影响因素	张可可,胡冬梅,闫雨龙,彭林,段小琳,尹浩,王凯,邓萌杰(1226)
中国地表臭氧浓度估算及健康影响评估	赵楠,卢毅敏(1235)
湖南省臭氧污染基本特征分析及长期趋势变化主控因素识别	刘妍妍,杨雷峰,谢丹平,泽仁央宗,黄志烟,杨俊,赵鹏,韩静磊,贾文超,袁自冰(1246)
山东半岛近地面O ₃ 浓度时空变化及潜在源区解析	李乐,刘旻霞,肖仕锐,王思远,米佳乐(1256)
COVID-19疫情期间雄安新区VOCs的变化特征、臭氧生成潜势及来源解析	刘新军,王淑娟,刘程,范莉茹,付翠轻,齐堃,宿文康(1268)
淄博市城区臭氧超标期间的VOCs污染特征与来源解析	王帅,王秀艳,杨文,王雨燕,白瑾丰,程颖(1277)
淄博市夏季城区与背景点VOCs污染特征比较	秦涛,徐勃,王信梧,李丽明,杨文,王晓丽,耿春梅(1286)
四川省餐饮源挥发性有机物组分特征和清单	钱骏,韩丽,陈军辉,王斌,姜涛,徐晨曦,李英杰,王成辉,王波(1296)
餐饮源气相与颗粒相多环芳烃排放特征	李源,吴爱华,童梦雪,栾胜基,李骞(1307)
堆肥厂不同工作区空气真菌的多样性与群落结构	于奥园,邢礼军,孙兴滨,仇天雷,王旭明,高敏(1315)
城市扬尘污染主要成因与精准治尘思路	李廷昆,冯银厂,毕晓辉,张裕芬,吴建会(1323)
黄河干流水质评价与时空变化分析	刘彦龙,郑易安(1332)
典型山地城市河流营养元素空间分布特征及影响因素分析:以重庆市清水溪为例	王超,叶秋,贾伯阳,何文战,党超军,黄焱,杜浪(1346)
三峡库区支流的河-湖两态及其对沉积物不同形态磷含量的影响	黄伟,张研,罗晓佼,张磊(1356)
派河及其支流溶解性有机质分子组成特征	詹亚,尹浩,冯景伟,冯艾荣,胡艳云,张刘,郑刘根(1365)
粤港澳大湾区典型潮间带环境多介质中Cd形态空间分布特征及其影响因素	崔新月,莫武秋,廖建波(1375)
骆马湖及主要入湖河流表层水体中抗生素的赋存特征及风险评价	龚润强,赵华璋,高占欣,胡冠九,卜元卿,张圣虎,邱慧(1384)
宁夏第三排水沟中抗生素的污染特征与生态风险评估	李富娟,高礼,李凌云,郑兰香,陶红,杨桂钦(1394)
百年以来北方湖泊沉积物PAHs的变化特征及其对人类活动的响应	龚雄虎,赵中华,丁琪琪,张路,姚书春,薛滨(1404)
长江流域河流和湖库的浮游细菌群落差异	胡愈忻,张静,黄杰,段春建,李天翠,刘威,王英才,胡圣(1414)
河套平原灌溉间歇期乌梁素海水体细菌群落结构特征	史玉娇,李文宝,张博尧,姚国旺,史小红(1424)
不同空间尺度的景观结构对袁河浮游细菌群落的影响	舒旺,王鹏,丁明军,张华,黄高翔,聂明华(1434)
鄱阳湖白鹤保护区微塑料表面微生物群落结构特征	刘淑丽,简敏菲,邹龙,胡启武(1447)
微塑料对变形杆菌生物膜生长发育的影响	陶辉,戚怡婷,于多,杨兰,顾颖,厉彦辉(1455)
乌梁素海低密度微塑料聚合物沉降规律	刘禹,史小红,张生,郝若男,孙标,赵胜男(1463)
老化前后微塑料对富里酸的吸附	宋亚丽,俞娅,郝磊,汪华,朱文芳(1472)
天津市滨海河流N、O ₃ 扩散通量及控制因子	汤梦瑶,胡晓康,王洪伟,王云仓,常素云,王松庆,钟继承(1481)
铁矿石和生物炭添加对潜流人工湿地污水处理效果和温室气体排放及微生物群落的影响	陈鑫童,郝庆菊,熊艳芳,胡剑,江长胜(1492)
降雨径流污染风险等级识别与优化方法	齐小天,张质明,赵鑫,胡文翰,刘迪(1500)
基于贝叶斯网络的给水管网消毒副产物生成因素分析	江杉杉,王臻宇,高权,杨愿愿,高方舟,胡佩,应光国(1512)
聚硫代酰胺修饰活性炭对Au(Ⅲ)的选择性吸附效果与机制	赵文金,张顺,安晓强,兰华春,刘会娟,曲久辉(1521)
F/M对活性污泥微生物生态网络的影响	张冰,孙展翔,文湘华(1529)
城乡融合区土壤元素地球化学特征与源解析:以天府新区青龙片区为例	刘书准,王德伟,施泽明,唐亮,章凤英,廖程,李晓雨,徐文斌(1535)
基于总量与形态的矿区周边土壤重金属生态风险与健康风险评估	王蕊,陈楠,张二喜(1546)
湖南锡矿山周边土壤-农作物系统镉迁移转化特征及污染评价	张龙,宋波,黄凤艳,肖乃川,顿梦杰(1558)
生物炭负载氧化石墨烯对离子型稀土土壤中重金属的阻控效应	杨士,刘祖文,龙培,毕永顺,林苑,左华伟(1567)
溶解性有机质强化棉花修复镉污染土壤	闵涛,罗彤,陈丽丽,茹思博,李俊华(1577)
铁锰氧化物-微生物负载生物炭材料对镉和砷的吸附机制	连斌,吴骥子,赵科理,叶正钱,袁峰(1584)
不同冬小麦品种镉富集转运及离子组特征差异	刘畅,徐应明,黄青青,陶雪莹,王林,孙约兵,赵立杰(1596)
镉胁迫下不同小麦品种对镉的积累特性	任超,任成仲,王浩,朱利文,李竞天,杜倩倩,李萍(1606)
嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响	刘坤和,薛玉琴,竹兰萍,徐飞,朱志豪,张拓,张富斌(1620)
蚯蚓/钾锰改性生物炭对As污染红壤中细菌多样性和群落结构的影响	苏倩倩,李莲芳,朱昌雄,叶婧,刘雪,耿兵,田云龙,黄晓雅(1630)
DA-6和EDDS施用对龙葵生长、Cd吸收和土壤细菌群落结构的影响	罗洋,孙丽,刘方,任军,郭金梅,闫修民(1641)
地膜覆盖对农田土壤养分和生态酶计量学特征的影响	胡志娥,肖谋良,王双,童瑶瑶,鲁顺保,陈剑平,葛体达(1649)
增温和增雨对黄土丘陵区撂荒地土壤呼吸的影响	王兴,钟泽坤,朱玉帆,王佳懿,杨改河,任成杰,韩新辉(1657)
秸秆还田、地膜覆盖及施氮对冬小麦田N ₂ O和N ₂ 排放的影响	彭毅,李惠通,张少维,阳婷,王筱斐,周春菊,王林权(1668)
基于Meta分析的不同生产条件下秸秆还田对土壤氮挥发的影响	赵政鑫,王晓云,田雅洁,王锐,赵青,蔡焕杰(1678)
施肥对农田土壤抗生素抗性基因影响的整合分析	冉继伟,肖琼,黄敏,蔡岸冬,张文菊(1688)

蚯蚓/铈锰改性生物炭对 As 污染红壤中细菌多样性和群落结构的影响

苏倩倩, 李莲芳*, 朱昌雄, 叶婧, 刘雪, 耿兵, 田云龙, 黄晓雅

(中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 农业农村部农业环境重点实验室, 北京 100081)

摘要:在明确铈锰改性生物炭(MBC)和赤子爱胜蚓(*Eisenia foetida*)联合修复可有效固定红壤 As 的前提下,采用高通量测序技术,探讨 MBC 与赤子爱胜蚓联合作用对 As 污染红壤中细菌多样性和群落结构的影响.结果表明,蚯蚓与生物炭/MBC 单一和联合处理中,细菌多样性指数均以单一蚯蚓处理下最高,而单一生物炭、MBC 的施用均导致土壤中细菌多样性下降;相较于单一生物炭和 MBC 处理,蚯蚓-生物炭和蚯蚓-MBC 联合处理下细菌多样性指数均有不同程度增加;在细菌群落结构方面,各处理中土壤变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidetes)相对丰度均明显增加,以蚯蚓-MBC 联合处理增加最为明显,较对照 CK 增幅分别达 17.08% 和 329.47%,同时该处理中酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi)相对丰度则下降最明显,较对照 CK 的降幅达 19.18% 和 48.76%.相关分析结果表明,土壤水溶态 As(WSAs)的含量与变形菌门和拟杆菌门的相对丰度均呈显著负相关($P < 0.05$),而与酸杆菌门和绿弯菌门细菌呈显著正相关($P < 0.05$),即随着土壤中 WSAs 含量降低的同时,细菌群落中的变形菌门和拟杆菌门中细菌大量繁殖,而酸杆菌门和绿弯菌门中细菌生长受到抑制.与此同时,不同处理诱导细菌群落发生选择性变化,其中蚯蚓显著促进了 γ -变形菌纲、黄杆菌目、气单胞菌目和贪食菌属细菌的繁殖,蚯蚓主要通过促进这 4 种菌的生长而致其对土壤 As 的固定效应增加.

关键词:蚯蚓;铈锰改性生物炭(MBC);砷(As);高通量测序;细菌多样性;群落结构

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)03-1630-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202106028

Effects of Earthworms/Biochar on Bacterial Diversity and Community in As-contaminated Red Soil

SU Qian-qian, LI Lian-fang*, ZHU Chang-xiong, YE Jing, LIU Xue, GENG Bing, TIAN Yun-long, HUANG Xiao-ya

(Key Laboratory of Agro-Environment, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Cerium-manganese modified biochar (MBC) combined with earthworms (*Eisenia foetida*) can immobilize arsenic (As) in red soils. In this study, high-throughput sequencing technology was used to explore the combined effects of MBC and *E. foetida* on bacterial diversity and community structure in As-contaminated red soils. The results showed that the single earthworm treatment had the highest diversity index, whereas the diversity index decreased in the single biochar or MBC treatment, indicating that earthworms can boost the growth of bacteria in the soil, and the addition of biochar/MBC all decreased the bacterial diversity of soils. When biochar/MBC was combined with earthworms, the diversity index increased to some degree. In terms of bacterial community structure, the relative abundance of Proteobacteria and Bacteroidetes increased significantly in each treatment, especially for MBC-earthworm treated soil, in which the relative abundance was increased by 17.08% and 329.47% for Proteobacteria and Bacteroidetes, respectively, compared to that in the control (CK). Otherwise, those abundances were decreased by 19.18% and 48.76%, respectively, for Acidobacteria and Chloroflexi. Correlation analysis results showed that the soil water-soluble As (WSAs) was negatively correlated with the relative abundances of Proteobacteria and Bacteroidetes ($P < 0.05$) but was positively correlated with Acidobacteria and Chloroflexi ($P < 0.05$), which indicated that with the decrease in WSAs in soils, the bacteria of Proteobacteria and Bacteroidetes reproduced rapidly, whereas the Acidobacteria and Chloroflexi were inhibited. Moreover, different treatments induced selective changes in the bacterial community, in which earthworms significantly promoted the proliferation of γ -Proteobacteria, Flavobacteriales, Aeromonadales, and *Variovorax* and earthworms improved the immobilization effect of As by promoting the growth of these bacteria.

Key words: earthworm; cerium-manganese modified biochar (MBC); arsenic (As); high-throughput sequencing; bacterial diversity; community structure

近年来,由于工矿业活动、污水灌溉、污泥农用和含重金属畜禽粪便有机肥的施用等,导致重金属向环境中的输入量不断增加,重金属在土壤中不断累积甚至超标现象愈加明显,其中,砷(As)污染已经成为全球性的环境问题.如南亚国家(孟加拉国和印度等^[1,2])地下水 As 污染严重;在我国的湖南石门、湖南株洲、湖南郴州、云南文山、广西河池和贵州独山等地^[3~5]也发生过多起群体性 As 污染事件. As 是一种毒性极强且具有致癌作用的类金属,土壤中过量的 As 可减少土壤微生物的数量和多

样性,并导致植物生物学特性的异常变化^[6],在降低农作物产量和品质的同时,As 还可通过食物链的传递累积而威胁人类健康安全.实施 As 污染农田修复与安全生产迫在眉睫,而原位钝化修复则是实现重金属超标农田安全利用的合理选择之一.

收稿日期: 2021-06-02; 修订日期: 2021-08-13

基金项目: 国家重点研发计划项目(2020YFC1806401); 国家基础性工作专项(2015FY111300)

作者简介: 苏倩倩(1991~),女,硕士研究生,主要研究方向为砷污染土壤修复及其微生物调控机制, E-mail: 15234170575@163.com

* 通信作者, E-mail: lilianfang@caas.cn

生物炭作为土壤钝化修复材料,近年来对其研究和应用正被国际社会广泛关注^[7,8],利用对生物炭表面修饰及改性的方式以提高其对土壤重金属钝化效率的报道也不断增多^[9].目前多数研究集中于生物炭和其改性材料对土壤重金属的固定效应以及其对重金属在土壤-植物系统中迁移转化的影响等方面,而关于改性生物炭对土壤微生物的影响方面研究甚少.土壤微生物群落对土壤质量变化最为敏感,是涉及土壤质量变化的关键功能指标^[10],钝化材料的施用可显著影响土壤微生物群落结构和多样性^[11~14].据报道,向土壤中施用海泡石、石灰和秸秆生物炭后,土壤微生物多样性和丰度均增加,并改变了土壤微生物群落组成,且证实 pH 和重金属是影响微生物群落的关键因素^[15].有研究还表明,在 As 污染土壤中,微生物活动也是介导 As 有效性变化的主要驱动力之一,多种微生物谱系和 As 相关^[16],微生物可通过对 As 氧化还原等作用改变其在土壤中移动性和毒性^[17].据 Kataoka 等^[18]的研究结果,在 Sb 和 As 污染土壤的细菌群落中以变形菌门相对丰度较高,且变形菌门细菌中存在亚砷酸氧化酶序列^[19],通过影响土壤 As 形态转化而改变 As 的可利用性.因而,探究钝化剂对土壤微生物的影响及其与微生物群落之间的相互作用关系显得至关

重要.

前期研究已明确 MBC 能有效固定土壤 As 而降低 As 的移动性^[20],蚯蚓是土壤中生物量最大且对土壤污染具有强耐受力的典型无脊椎动物^[21,22],其生理活动和生活习性可导致土壤性质和土壤重金属活性发生改变^[23].MBC 和赤子爱胜蚓 (*Eisenia foetida*) 联合作用可使土壤中 As 的移动性能和环境风险大大降低,将两者联合应用于 As 污染土壤修复效果更佳^[24].但蚯蚓与生物炭/MBC 单一或联合作用于土壤中后会对土壤微生物群落产生怎样的影响,以及微生物群落变化和土壤中 As 转化之间的作用关系尚未可知.因此,在前期研究的基础上,本文拟探讨蚯蚓与生物炭/MBC 单一或联合作用对土壤细菌多样性和群落结构的影响,以期为 As 污染土壤修复提供一定的科学支撑.

1 材料与方法

1.1 供试土壤

供试红壤采集于湖南石门雄黄矿周边 500 m 范围内的 As 污染菜地土壤.经自然风干后研磨、过 2 mm 尼龙筛,经测定分析,土壤的 ω (总 As) 为 141.80 mg·kg⁻¹,土壤 ω (As 水提取态) 为 0.41 mg·kg⁻¹.土壤其他基本性质如表 1 所示.

表 1 土壤的基本性质

Table 1 Characteristics of the soil

试验土壤	pH	ω (全 N)/g·kg ⁻¹	ω (全 K)/g·kg ⁻¹	ω (全 P)/g·kg ⁻¹	ω (总 As)/mg·kg ⁻¹
As 污染土	6.30	0.54	14.56	0.73	141.80

1.2 铈锰改性生物炭(MBC)的制备

小麦秸秆生物炭(biochar, BC)采用小麦秸秆制备而成,具体制备过程如下:将小麦秸秆粉碎后过 100 目筛,然后置于马弗炉内,设置温度为 600℃ 无氧热解 2 h,冷却至室温后研磨过 100 目筛备用. BC 的基本性质见表 2.

MBC 的制备采用文献[20]的制备方法.其具体制备过程如下:称取 10 g 制备的 BC 置于烧杯中,用 1

mol·L⁻¹ 的盐酸浸泡 12 h 以去除杂质,然后用去离子水清洗至中性.将该处理后的 BC 放入 70~80℃ 烘箱中烘干,研磨过 100 目筛后依次加入浓度为 0.2 mol·L⁻¹ 的高锰酸钾溶液 50 mL 和浓度为 0.5 mol·L⁻¹ 的氯化铈溶液 50 mL,搅拌均匀,超声分散 2 h 后,将其放入水浴锅 95℃ 恒温水浴蒸干,然后于 600℃ 的马弗炉内无氧热解 2 h,冷却至室温,所得产物即为 MBC.其基本理化性质如表 2 所示.

表 2 BC 和 MBC 的基本性质

Table 2 Characteristics of the BC and MBC

项目	pH	ω (全 N)/g·kg ⁻¹	ω (全 K)/g·kg ⁻¹	ω (全 P)/g·kg ⁻¹	ω (OC)/g·kg ⁻¹	ω (总 As)/g·kg ⁻¹	ω (Mn)/g·kg ⁻¹	ω (Ce)/g·kg ⁻¹
BC	9.26	7.41	19.34	2.64	358	0.11	0.20	0.07
MBC	6.06	3.96	22.05	1.00	233	0.10	31.57	223.13

1.3 试验设计

蚯蚓培养:试验用蚯蚓为赤子爱胜蚓 (*Eisenia foetida*),购于北京大地聚龙生物科技有限公司.试验前先将蚯蚓置于试验环境中预培养 2 周,使蚯蚓

适应环境的变化.试验前需要将蚯蚓清肠,选取大小基本一致的成年蚯蚓,用去离子水洗净后置于烧杯中,烧杯底部放置被去离子水湿润的滤纸,室温下清肠 48 h,其间更换滤纸并保持滤纸湿润.

试验处理:准确称取 1.2 kg 的 As 污染土壤置于每个花盆(上部内径×底部内径×高依次为 23 cm×11 cm×18 cm)中,按照 MBC、BC 以及和蚯蚓的不同组合,共设置 6 个试验处理,每个处理 3 次重复,共 18 盆,蚯蚓处理每盆添加 35 条[生物量为 $(8.23 \pm 0.54 \text{ g})$]. 具体处理如下:① 污染土壤(CK);② 污染土壤+蚯蚓(AE);③ 污染土壤+0.3% BC(AB);④ 污染土壤+蚯蚓+0.3% BC(AEB);⑤ 污染土壤+0.3% MBC(AMB);⑥ 污染土壤+蚯蚓+0.3% MBC(AEMB),本试验周期为 60 d.

向土壤中放入蚯蚓前,调节土壤含水量为最大田间持水量的 70% (70% MWHC),并在 $(25 \pm 2)^\circ\text{C}$ 条件下孵育 48 h,孵育结束后按各处理放入蚯蚓. 恒重法每隔 1 d 补充去离子水以保持土壤含水量不变,土壤培养温度为 $(25 \pm 2)^\circ\text{C}$. 分别在培养的 1、15、30 和 60 d 取土样分析土壤中的 WSAs 含量和土壤 As 赋存形态,同时测定土壤 pH 值,将部分第 60 d 土样置于 -80°C 条件下保存,用于土壤细菌 DNA 提取和测序.

1.4 分析方法

1.4.1 土壤、BC 和 MBC 理化性质的测定

土壤、BC 和 MBC 理化性质的分析采用文献[25]的方法. 土壤 As 赋存形态采用 Wenzel 连续提取法^[26],WSAs 采用 1:10 土水比提取分析,pH 采用 1:5 土水比-电位法测定,全 N 采用凯氏定氮法,全 P 采用钼锑抗比色法,全 K 采用火焰原子吸收法,土壤有机碳采用 $\text{K}_2\text{Cr}_2\text{O}_7$ 外加热法,MBC 中锰和钪含量的测定采用型号为 Optima 8300 的电感耦合等离子体光谱仪(PerkinElmer 公司,USA)分析,检出限为 $0.01 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$.

1.4.2 土壤中细菌群落高通量分析

(1) 基因组 DNA 提取 使用 PowerSoil DNA Isolation Kit(MoBio Laboratories, Carlsbad, CA)试剂盒提取基因组 DNA.

(2) 基因组 DNA 质检 使用 Nanodrop 检验 DNA 质量和浓度.

(3) PCR 扩增 选择引物 338F (5'-ACTCCTA CCGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVG GGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 的 V3~V4 区进行 PCR 扩增,PCR 扩增总体积为 25 μL (表 3).

(4) PCR 产物电泳检测 用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测扩增目的条带大小,电泳电压为 170 V,时间为 30 min.

(5) PCR 产物纯化 PCR 产物使用磁珠法进行自动化纯化. 使用 Caliper LabChip GX Touch HT

(PerkinElmer, USA) 检测 PCR 产物浓度、片段大小.

(6) MiSeq 文库构建 按照混池比例,对每一个样本的 PCR 产物取一定体积混合成一个上机文库,并使用 2% 琼脂糖凝胶对文库片段进行筛选、纯化回收和 PCR 富集,完成文库构建,PCR 富集反应程序: 94°C 5 min, 94°C 30 s, 55°C 30 s, 72°C 60 s, 28 个循环; 72°C 7 min, 4°C 保存. 最后,构建完成的 MiSeq 文库使用磁珠法进行纯化.

表 3 PCR 扩增总体系

Table 3 Total PCR amplification system

试剂成分	体积
DNA 样品	1 μL (30 ng)
Forward Primer ($5 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$)	1 μL
Reverse Primer ($5 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$)	1 μL
BSA ($2 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$)	3 μL
$2 \times \text{Taq Plus Master Mix}$	12.5 μL
ddH ₂ O	6.5 μL
总和	25 μL

(7) 上机测序 最后文库在 Illumina MiSeq 平台上机测序,由北京奥维森基因科技有限公司提供技术支持.

1.5 数据处理与统计分析

数据处理和统计分析采用 SPSS 22 软件和 Origin 9.5 完成;土壤微生物多样性分析使用 QIIME 软件和 R 软件等完成.

2 结果与分析

2.1 样品中所含 OUT 数目分析

通过对蚯蚓、BC 和 MBC 单一及其两者联合作用的 6 个处理共 18 个样品进行高通量测序,共获得 466 452 条高质量序列,样本平均条带数为 25 914. 各处理的稀释曲线斜率均已接近饱和(图 1),表明其测序深度基本满足要求,对各组样品的独特 OTUs

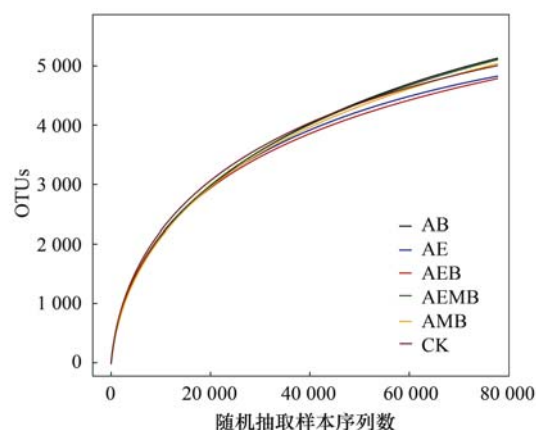


图 1 土壤样品细菌群落稀释曲线

Fig. 1 Rarefaction curve of bacterial community in soil samples

和组间样品的重叠 OTUs 进行 Venn 图分析发现(图 2),CK、AE、AB、AEB、AMB 和 AEMB 这 6 个处理的 OTUs 总数分别为 2 962、3 085、2 999、2 971、2 950 和 2 814 个,蚯蚓处理下 OTUs 最多,蚯蚓-MBC 联合处理下 OTUs 较少,而不同处理下特有的 OTU 的数目分别是 847、988、1 063、461、853 和 1 197 个,各处理下特有的 OTUs 按高低排序为: AEMB > AB > AE > AMB > CK > AEB, 各组样品中检测到共有的 OTUs 为 2 014 个(表 4). 各组样品中细菌群落共包含 38 个门、96 个纲、140 个目、269 个科和 438 个属.

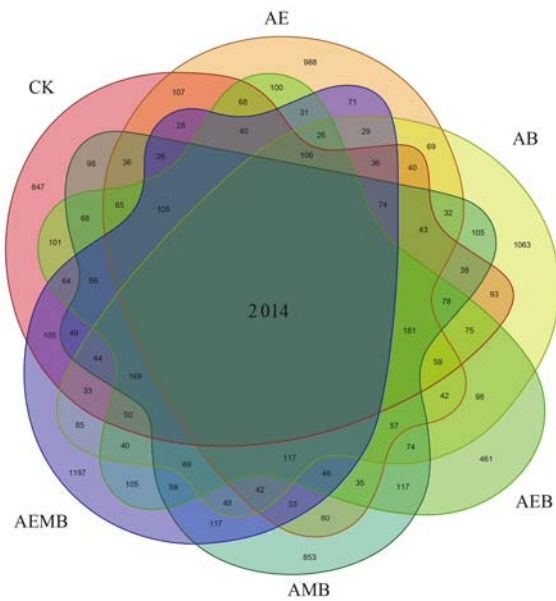


图 2 不同处理中土壤细菌群落的 OTUs 数量 Venn 图
Fig. 2 Venn diagram of OTUs numbers of bacterial communities of soils in different treatments

表 4 不同处理中土壤细菌群落的 OTUs 数量
Table 4 OTUs numbers of bacterial communities of soils in different treatments

试验处理	OTUs 总数	特有 OUT 数	共有 OUT 数
CK	2 962	847	2 014
AE	3 085	988	
AB	2 999	1 063	
AEB	2 971	461	
AMB	2 950	853	
AEMB	2 814	1 197	

2.2 土壤细菌多样性的变化

Chao1、PD_whole_tree 和 Shannon 指数为表征微生物群落丰富度和多样性的指标^[27],数值越大表示丰富度和多样性越高. 不同处理比较,发现此 3 种多样性指数均表现为大致相似的规律(表 5). 其中,以蚯蚓处理(AE)的 Chao1、PD_whole_tree 和 Shannon 指数最高,相较于 CK 分别增加了 15.81%、14.22% 和 1.34%,蚯蚓的加入显著增加了 As 污染

土壤中细菌的丰富度和多样性($P < 0.05$);而单一的 BC 和 MBC 处理 AB 和 AMB 中 Chao1、PD_whole_tree 和 Shannon 指数则降低,说明 BC 和 MBC 均可在一定程度上导致土壤微生物多样性和丰富度的下降,但两处理间及其和对照间均无显著差异($P > 0.05$);相较于 AB 和 AMB 处理而言,蚯蚓/BC(MBC)联合的 AEB 和 AEMB 这 2 个处理中,Chao1、PD_whole_tree、Shannon 指数分别增加了 11.61% 和 3.8%、0.11% 和 0.70%、1.71% 和 2.38%,表明 BC(MBC)和蚯蚓的联合作用有利于增加土壤微生物多样性,但多样性指数在 AEB 和 AEMB 两处理间及其和对照间均无显著差异($P > 0.05$).

表 5 不同处理对细菌群落 α 多样性的影响¹⁾
Table 5 Effect of different treats on α diversity of bacterial community

试验处理	Chao1 指数	PD_whole_tree 指数	Shannon 指数
CK	4 071.33 ± 178bc	190.57 ± 6.84b	9.71 ± 0.01ab
AE	4 715.18 ± 10.41a	217.67 ± 0.78a	9.84 ± 0.03a
AB	3 819.85 ± 80.57c	189.48 ± 4.50b	9.35 ± 0.27ab
AEB	4 263.34 ± 329.62b	189.68 ± 9.77b	9.51 ± 0.23ab
AMB	3 727.56 ± 35.72c	182.43 ± 11.05b	9.24 ± 0.36b
AEMB	3 869.39 ± 2.55bc	183.71 ± 11.77b	9.46 ± 0.24ab

1) 不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

2.3 土壤细菌群落结构的变化

在相对丰度上,细菌门水平的结果如图 3(a)所示. 将相对丰度大于 0.5% 的细菌门选为优势细菌门,可以发现,本研究土壤中的细菌优势菌门为变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、放线菌门(Actinobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、芽孢杆菌门(Gemmatimonadetes)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、浮霉菌门(Planctomycetes)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、糖杆菌门(Saccharibacteria),这 10 种菌门占了总丰度的 98% 以上,不同处理的 As 污染土壤中细菌组成基本相似.

不同处理比较而言,相对丰度变化较明显的为变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、酸杆菌门(Acidobacteria)和绿弯菌门(Chloroflexi). 从变形菌门看,除 CK 处理外,在其他各处理中的相对丰度均超过了 40%,试验处理 AE、AB、AEB、AMB 和 AEMB 中变形菌门相对丰度均比对照 CK 明显增加,相应的增幅为 8.69% ~ 17.08%,即在 As 污染土壤中加入蚯蚓、BC(改性)及蚯蚓和 BC(改性)联合处理均增加了变形菌门的相对丰度,其中以 AEMB 联合处理增幅最大,AB 处理变化最小;从拟杆菌门的变化看,各处理下其相对丰度按高低排序为: AEMB > AE > AEB > AB > AMB > CK,可见,蚯蚓、BC(改性)及蚯蚓和 BC(改

性)联合处理均增加了拟杆菌门的丰度,增幅为 3.13%~329.47%,其中 AEMB 处理相对丰度增幅最大,其次为 AE 处理,增幅为 218.47%,以 AB 和 AMB 增幅较小,分别为 36.20% 和 3.13%;而酸杆菌门的相对丰度在各处理中明显下降,相对丰度从高至低排序为:CK > AB > AMB > AE > AEB > AEMB,和对照 CK 比较,AEMB、AEB、AE、AMB 和 AB 处理的相对丰度依次下降了 19.18%、17.85%、16.23%、14.09% 和 8.43%,即加入蚯蚓、BC 和 MBC 均导致酸杆菌门相对丰度降低,且蚯蚓和 BC (改性)联合处理降幅最大;与此相似,蚯蚓、BC 和 MBC 的添加也降低了绿弯菌门的相对丰度,其中以 AEMB 联合处理下的相对丰度最低。

从变形菌门的主要 3 个纲情况看[图 3(b)],可以发现蚯蚓、BC 和 MBC 均促进了 α -变形菌纲(α -Proteobacteria)、 β -变形菌纲(β -Proteobacteria)和

γ -变形菌纲(γ -Proteobacteria)的生长.其中所有加入蚯蚓的处理组(AE、AEB 和 AEMB)中, γ -变形菌纲的相对丰度均明显高于未加入蚯蚓的处理组(CK、AB 和 AMB),AE、AB、AEB、AMB 和 AEMB 的相对丰度比对照 CK 增加 270.07%、57.89%、248.11%、35.79% 和 524.41%,蚯蚓/MBC 的联合处理 AEMB 对 γ -变形菌纲细菌生长的促进作用最为明显.从拟杆菌门 2 个主要纲的情况看,黄杆菌纲(Flavobacteria)在加入蚯蚓的 3 个处理 AE、AEB 和 AEMB 中相对丰度依次为 5.27%、4.00% 和 7.31%,显著高于 CK (0.02%)、AB(0.02%) 和 AMB(0.03%),相对丰度相比 CK 增加了 199.2~364.5 倍,其中 AEMB 联合处理下的相对丰度最高;与此同时,鞘脂杆菌纲(Sphingobacteria)在加入蚯蚓、BC 和加入 MBC 的处理下,其相对丰度均增加,其中尤以 AEMB 联合处理最为显著,增幅为 73.78%.

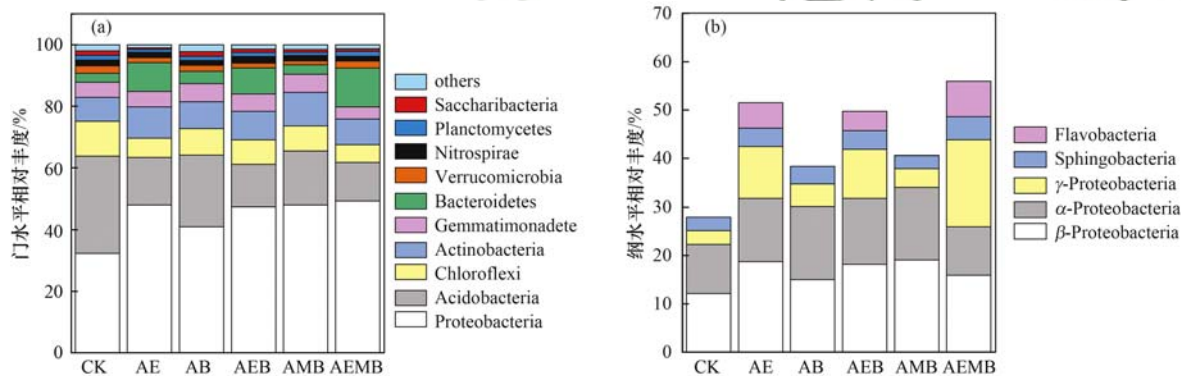


图 3 各处理中细菌门和纲水平的相对丰度

Fig. 3 Relative abundance at phylum and class levels in different treatments

从最大优势菌变形菌门目水平看(表 6),黄杆菌目(Flavobacteriales)和气单胞菌目(Aeromonadales)在所有加入蚯蚓的试验组中含量分别为 4.00%~9.21% 和 1.37%~5.50%,均明显高于未加入蚯蚓的处理组,各处理中,AEMB 处理相对丰度最大;属水平上,贪食菌属(Variovorax)在 CK、AB 和 AMB 所占丰度很低,分别为 0.23%、0.42% 和 0.55%,而在 AE、AEB 和 AEMB 所占丰度为 3.70%、2.59% 和 5.13%,分别为 CK 的 16.09、11.26 和 22.30 倍,其中以 AEMB 联合处理的相对丰度最高。

选取所有样本绝对丰度前 20 个属进行相互关联性分析($P < 0.05$, $|R| > 0.6$),绘制成微生物属间共现性关系网络(图 4),表现为属间高度联系组成的复杂关系.本研究分析发现,有 19 个菌属(顶点数是 19)间丰度显著相关,分别是属于酸杆菌门的 11_24 和 RB41 菌属,属于拟杆菌门的 Flavisolibacter 和黄杆菌属(Flavobacterium),属于放

表 6 各处理中细菌目水平和属水平平均相对丰度¹⁾/%

Table 6 Relative abundance at order and genera levels in different treatments/%

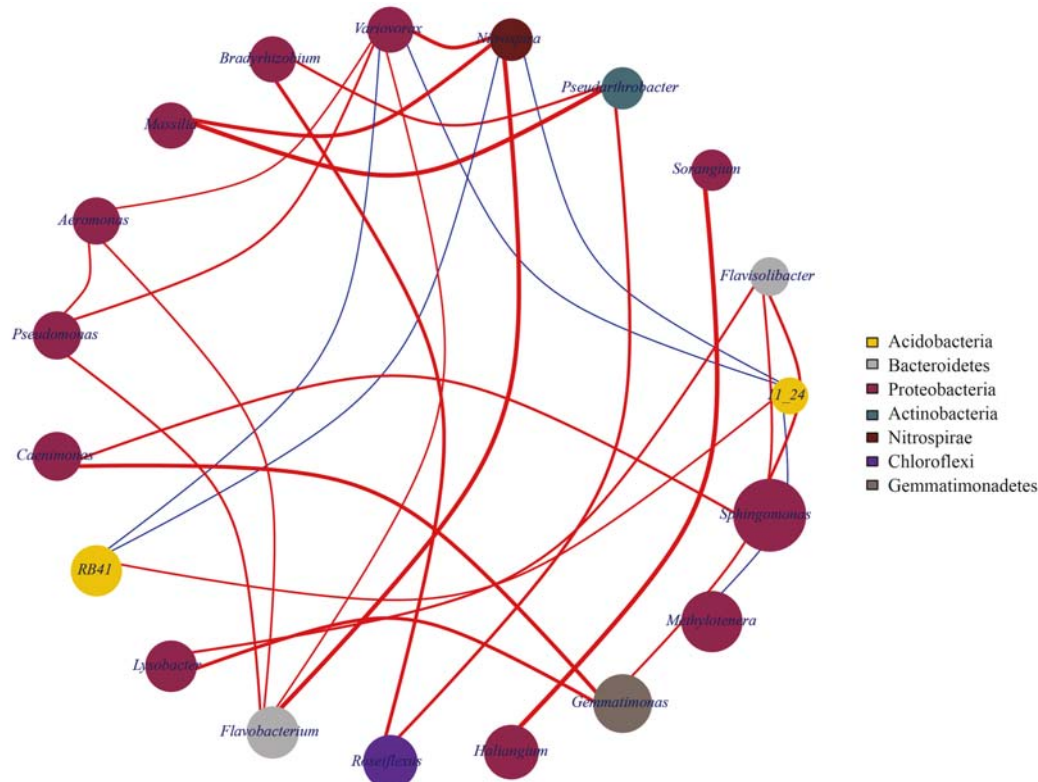
试验处理	黄杆菌目 (Flavobacteriales)	气单胞菌目 (Aeromonadales)	贪食菌属 (Variovorax)
CK	0.01 ± 0c	0.00 ± 0d	0.23 ± 0.03c
AE	6.87 ± 1.96a	2.44 ± 0.19b	3.70 ± 1.36ab
AB	0.02 ± 0.01c	0.00 ± 0d	0.42 ± 0.13c
AEB	4.00 ± 1.46b	1.37 ± 0.42c	2.59 ± 1.40b
AMB	0.03 ± 0.02c	0.00 ± 0d	0.55 ± 0.30c
AEMB	9.21 ± 3.04a	5.50 ± 1.48a	5.13 ± 0.15a

1) 不同小写字母表示处理间差异显著($P < 0.05$)

线菌门的 Pseudarthrobacter, 属于绿弯菌门的玫瑰弯菌属(Roseiflexus), 属于硝化螺旋菌门的硝化螺旋菌属(Nitrospira), 属于芽孢杆菌门的芽单胞菌属(Gemmatimonas)以及属于变形菌门的 Burkholderia_Paraburkholderia、堆囊菌属(Sorangium)、贪食菌属(Variovorax)、慢生根瘤菌属(Bradyrhizobium)、马赛菌属(Massilia)、气单胞菌属(Aeromonas)、假单胞菌属(Pseudomonas)、Caenimonas、溶杆菌属

(*Lysobacter*)、*Haliangium*、*Methylobacter* 和鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*)。其中,除酸杆菌门的 11_24 和 RB41 这 2 个菌属的丰度与硝化螺旋菌门的硝化螺菌属(*Nitrospira*)和变形菌门的贪食菌属(*Variovorax*)的丰度显著负相关外,其余菌属丰度

均为显著正相关。本研究网络分析中细菌菌属来源于酸杆菌门、拟杆菌门、放线菌门、绿弯菌门、硝化螺旋菌门、芽孢杆菌门和变形菌门,均为优势菌门,其中,大部分的细菌菌属来源于变形菌门。



点的颜色代表所属门,点的大小代表丰度的大小,线的粗细代表相关性大小,线为红色表示呈正相关,蓝色表示呈负相关

图 4 微生物属间共现性关系网络

Fig. 4 Network of co-occurrence among bacteria genera

2.4 细菌群落变化对土壤有效 As 的响应

2.4.1 细菌门水平

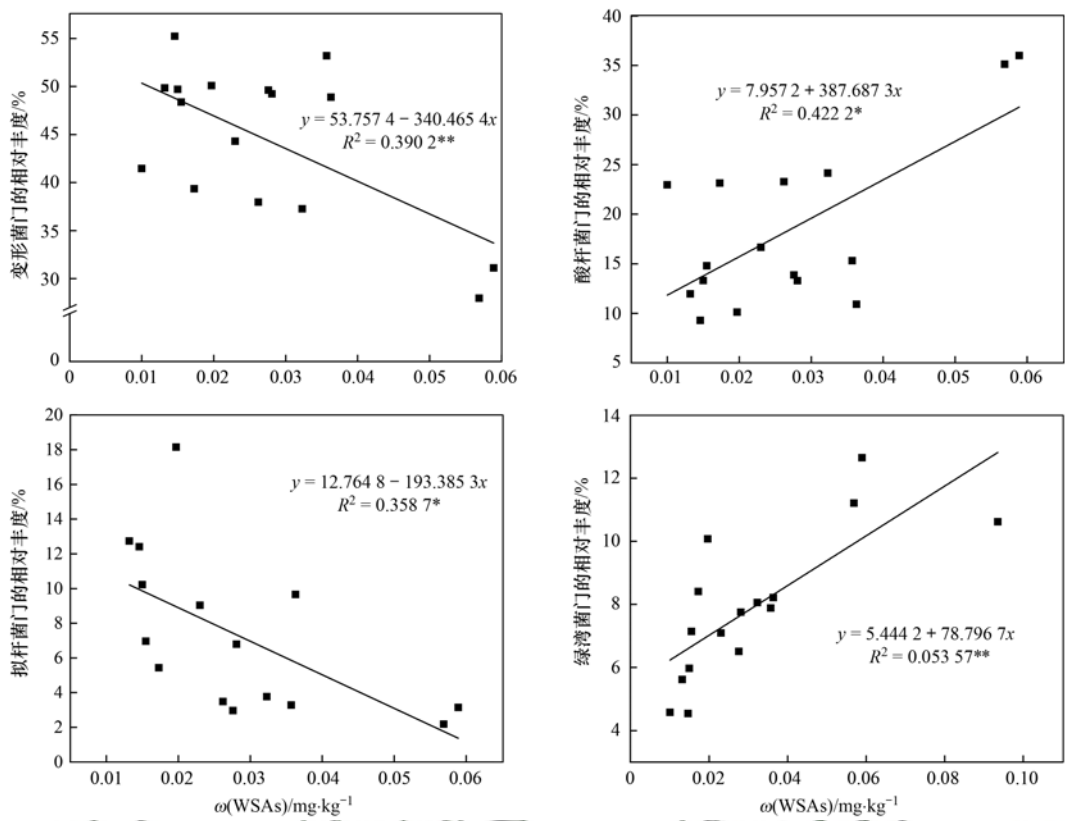
土壤中 WSAs 是易被生物吸收的主要 As 存在形式,其含量的高低决定了土壤 As 的毒性高低和风险强弱。将细菌门水平相对丰度的变化和土壤中 WSAs 含量进行相关分析(图 5),发现变形菌门和拟杆菌门细菌与 WSAs 含量为显著负相关($P < 0.05$),而酸杆菌门和绿弯菌门细菌与 WSAs 含量之间呈显著正相关($P < 0.05$),即随着 MBC、蚯蚓的单一或联合作用造成土壤中 As 固定效应增加,导致变形菌门和拟杆菌门的大量繁殖,却抑制了酸杆菌门和绿弯菌门细菌的生长。

另经 LDA Effect Size 分析,明确组间在丰度上有显著差异的菌[阈值 > 2 ,图 6(a)],对于不同的处理而言,AE、AB、AEB、AMB、AEMB 和 CK 中的差异指标分别为 9、3、10、14、7 和 6。具体而言,在与 WSAs 含量具有显著相关的 4 个菌门中,发现丰度上有显著差异的菌[图 6(b)],添加蚯蚓(AE)主要促进变形菌门中普罗卡杆菌属(*Procabacter*)和

Haliangium 属细菌的大量繁殖,蚯蚓-BC 联合(AEB)处理下以拟杆菌门中 Prevotellaceae OPB56 科细菌发挥了主要作用,在 AMB 处理下则带来变形菌门中亚硝化单胞菌科(*Nitrosomonadaceae*)、*Afipia* 属和苯基杆菌属(*Phenylobacterium*)细菌相对丰度的增加,在 AEMB 联合处理下,其种群则以变形菌门中丛毛单胞菌科(*Comamonadaceae*)和 *Ramlibacter* 属细菌为主,上述处理均和对照土壤中以变形菌门 *Undibacterium* 属为主的细菌群落呈现明显差异。细菌物种丰度上的差异正体现了细菌对蚯蚓/BC(改性)单一和联合作用的选择性适应,这些菌可能参与土壤中 As 的固定和形态转化过程。

2.4.2 细菌属水平

为进一步了解土壤 WSAs、pH 和 As 赋存形态与细菌群落结构间的关系,明确细菌菌属和土壤 As 形态转化之间的关联性,将土壤中细菌菌属和各指标进行相关分析,图 7 为 WSAs、pH 和 As 赋存形态 F1 ~ F5 (F1:非专性吸附态 As; F2:专性吸附态; F3:无定型结晶水合铁铝氧化物结合态; F4:结晶水



*表示 $P < 0.05$, **表示 $P < 0.01$
图 5 细菌门水平相对丰度与土壤水溶态 As 含量相关性分析

Fig. 5 Correlation analysis between relative abundance of bacteria at phylum level and WSAs in soils

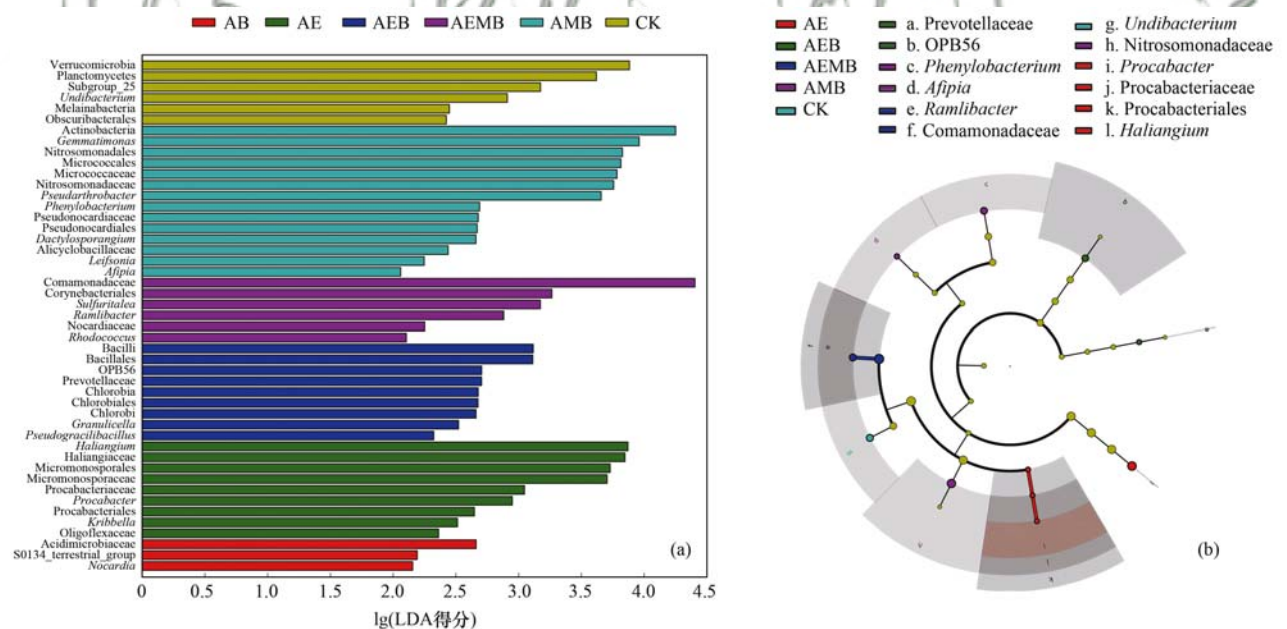


图 6 基于分类信息的 LEfSe 分析的 LDA 分布和进化分支

Fig. 6 LEfSe analysis based on the classification information of the LDA distribution and the evolutionary branch

合铁铝氧化物结合态; F5:残渣态)与不同细菌菌属间的相关性热图. 结果发现, 贪食菌属 (*Variovorax*) 与 WSAs 和土壤 pH 值间均呈显著负相关 ($P < 0.05$), 即随着土壤 pH 值降低及蚯蚓/MBC 对土壤

有效 As 固定的同时, 贪食菌属 (*Variovorax*) 则大量繁殖, 这可能与贪食菌属对 As 的吸收、吸附和转化等作用导致土壤 As 的固定有关; 从土壤 As 赋存形态看, 发现与无定形及弱结晶水合铁铝氧化物结合态 As (F3) 显著相关的菌属大量繁殖, 涉及发挥显著负相关作用的细菌 (*11_24* 属和 *RB41* 属) 与具有显著正相关作用的马赛菌属 (*Massilia*)、*Caenimonas* 属和芽孢杆菌属 (*Gemmatimonas*) 细菌, 其中 *Caenimonas* 属和 As 形态 F3 呈现极显著正相关关系。前期研究已证明一个突出事实: 蚯蚓和 MBC 的加入均促进了 F3 的形成^[24]。由此可推测, 与无定形结晶水合铁铝氧化物结合态 As (F3) 显著相关的菌属可能直接导致土壤活性 As 向无定形及弱结晶水合铁铝氧化物结合态的转化, 导致 F3 的质量分数大幅提升。

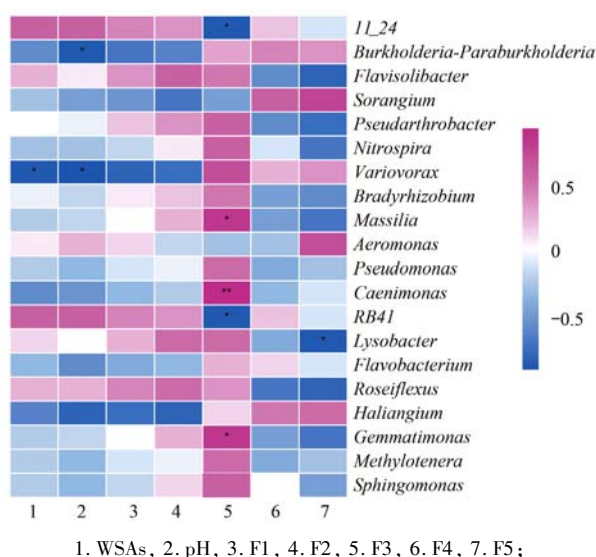


图7 菌属与 WSAs、pH 和砷赋存形态之间的相关性热图

Fig. 7 Heatmap of the correlation between bacteria genera and WSAs, pH, and As species

3 讨论

3.1 蚯蚓/生物炭(改性)对细菌群落结构的影响

根据本研究的结果, 蚯蚓和 BC (改性) 单一与联合作用均导致细菌群落结构发生明显变化。As 污染红壤中细菌群落的变化, 一方面由于某些细菌表现出耐 As 性, 使其中具有 As 抗性的细菌相对丰度增加; 另一方面, 某些细菌因影响土壤中 As 的形态转化及其对 As 的吸附, 从而呈现相对丰度的差异。

据报道, 变形菌门是细菌中最大的门, 是全球土壤中相对丰度最高的一类细菌, 被认为是最耐胁迫的细菌^[28], 携带有绝大多数的重金属抗性基因^[29]。有研究表明, 变形菌门中的 α -、 β -和 γ -变形菌纲细菌可将 As (III) 氧化为 As (V)^[30], 降低 As 的有效

性; 其中, 气单胞菌 (属于 γ -变形菌纲)、贪食菌属 (属于 β -变形菌纲) 也被证明能够氧化 As (III)^[31]。本研究中, 土壤中变形菌门所占相对丰度最大, 蚯蚓、BC (改性) 的单一和联合各处理中变形菌门的相对丰度均比对照大大增加, 其中以蚯蚓-MBC 的联合处理增幅最大; 进一步的分析也表明, 变形菌门与土壤中 WSAs 含量呈显著负相关, 这可能与变形菌门中某些细菌具有对土壤 As 的转化固定功能有关, 在蚯蚓、BC (改性) 的单一及联合处理下, 变形菌门细菌通过吸附、转化和固定等作用降低土壤 WSAs 含量的同时大量繁殖, 因而相对丰度明显增加; 同时, 变形菌门中的 γ -变形菌纲、气单胞菌目和贪食菌属在蚯蚓参与下相对丰度也大大增加, 前期研究结果已证实蚯蚓和 MBC 联合作用对土壤 As 固定效果最优, 这可能是由于该处理在蚯蚓介导下可大大促进变形菌门中的 γ -变形菌纲、气单胞菌和贪食菌属的生长, 而这些菌均与 As 的转化有关, 因此蚯蚓通过促进这些菌的生长繁殖, 参与 As 的转化, 从而降低 As 的有效性。另据细菌菌属与 WSAs 的相关性热图分析结果, 贪食菌属和 WSAs 呈显著负相关, 这也证实了贪食菌属参与土壤 As 的固定转化作用, 而马赛菌属被证实可参与 As 的氧化还原^[32], 溶杆菌体内不仅具有 As 抗性基因, 且在洛克沙肿降解中起着重要作用^[33], 这 2 种菌分别来自于 β -和 γ -变形菌纲, 其因参与土壤 As 的形态转化而造成土壤不同赋存形态 As 与其细菌丰度间显著相关的必然联系。

有研究证实拟杆菌门、酸杆菌门和绿弯菌门均能良好适应重金属污染土壤^[34~37]。Chen 等^[37]的研究发现拟杆菌门和酸杆菌门具有较多的重金属抗性和还原基因, 而绿弯菌门在重金属污染场地中相对丰度也相应增加^[38]。拟杆菌门、酸杆菌门和绿弯菌门作为优势细菌门, 其相对丰度的变化可反映出它们对土壤 As 的响应。本研究发现拟杆菌门相对丰度和土壤中 WSAs 含量呈负相关关系, 即随着 MBC、蚯蚓的单一和联合作用造成土壤中 As 的固定效应增加的同时, 拟杆菌门细菌也大量繁殖, 其中, 尤以黄杆菌纲和鞘脂杆菌纲细菌更甚, 而这 2 种菌则具有很强的耐砷性, 前者能够将 As 甲基化, 且对亚砷酸盐的甲基化速度比砷酸盐快^[39], 从而影响土壤中 As 的有效性。此外, 酸杆菌对重金属不仅具有较强耐性^[40], 且发现酸杆菌内存在与 As 转运或转化有关的功能基因^[30]; 绿弯菌可作为电子传导受体, 将活性更强的亚砷酸盐氧化为移动性更弱的砷酸盐^[41], 这表明其参与土壤中 As 形态转化过程, 从而影响了土壤 As 的固定, 这两种菌的存在均利于降低

土壤中 As 的有效性.

3.2 蚯蚓/生物炭(改性)对土壤细菌多样性的影响和物种选择性

生物炭为微生物提供了一个独特的微环境,可以促进某些细菌的快速增长而抑制其他细菌的生长,从而导致细菌多样性降低^[42].一方面,生物炭的施用会改变土壤某些物理化学性质^[43],从而对土壤中微生物群落产生影响;另一方面,生物炭来源、颗粒直径和施用量等均可对微生物多样性构成直接影响,已有研究证实大颗粒、高施用量和高温制备的生物炭会降低细菌生物量和多样性^[44].本试验中,BC 和 MBC 的施入均导致微生物群落多样性和丰富度的下降,可能因为本研究中 BC 为高温制备(600℃),而 MBC 则经过 2 次高温热解(600℃),因而对细菌群落影响较未改性的更大.在土壤污染钝化修复技术研发过程中,生物炭设计改性方面应该注重热解温度对土壤微生物的影响而适当优化材料制备工艺.本研究中,蚯蚓和 BC(改性)联合处理下微生物群落多样性大大高于 BC/MBC 的单一处理,说明蚯蚓的加入利于缓解和恢复土壤中被 BC 和 MBC 影响的微生物群落,这可能与蚯蚓对土壤的挖掘、吞食活动及蚯蚓粪改良了土壤性能有关,包括土壤颗粒变小、表面积变大、湿度增加、有机质转化和 C/N 比的变化等^[45]土壤物理化学性质,从而更有利于微生物的繁殖;加之蚯蚓消化道中存在大量特殊微生物^[46],这些微生物可随蚯蚓粪进入土壤.因而,相对于 BC/MBC 的单一施用,其与蚯蚓的联合作用更利于 As 污染环境的恢复和改善,同时也表现了微生物对 As 污染的选择适应性.已有研究表明,在单一蚯蚓对 As 污染土壤处理下的 *Haliangium* 属细菌是土壤 As 和 Sb 污染的核心微生物群,其可直接参与 As 和 Sb 的代谢过程^[47];在本研究 MBC 处理下的土壤中存在的 *Afipia* 属细菌含有 *arsC* 基因,可参与 As 的还原过程^[48];蚯蚓-MBC(AEMB)联合作用下存在的 *Comamonadaceae* 科细菌具备氧化 As(Ⅲ)的能力^[49],而 *Ramlibacter* 属细菌和重金属浓度存在显著的相关性,被认为是土壤修复的生物指示剂^[50].这些差异性强的细菌物种可作为特异性功能微生物参与 As 的代谢转化过程,从而影响土壤中 As 的移动性和生物有效性.

4 结论

(1)小麦秸秆生物炭和铈锰改性生物炭的施用均降低了土壤中细菌的丰富度和多样性,单一蚯蚓的加入则大大提升了土壤中细菌多样性指数,其 Chao1、PD_whole_tree 和 Shannon 指数均显著高于

生物炭(改性)单一及其与蚯蚓联合处理,显著增加了 As 污染土壤中细菌的丰富度和多样性,蚯蚓的加入可缓解和恢复因生物炭(改性)施用导致的土壤细菌群落丰富度和多样性的降低.

(2)在蚯蚓、小麦秸秆生物炭(改性)及其两者联合处理下,土壤中优势菌门主要为变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和拟杆菌门等 10 种菌门,其中,相对丰度变化较大的为变形菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和拟杆菌门这 4 种菌门;在改性生物炭-蚯蚓 AEMB 联合处理下变形菌门和拟杆菌门的相对丰度均大大提升,而在各处理下绿弯菌门和酸杆菌门相对丰度均明显下降,且以 AEMB 联合处理下最低.

(3)土壤中变形菌门和拟杆菌门细菌与 WSA_s 含量为显著负相关,而酸杆菌门和绿弯菌门菌与 WSA_s 含量之间呈显著正相关,其中,蚯蚓的加入显著促进了 γ -变形菌纲、黄杆菌目、气单胞菌目和贪食菌属的生长,从而导致 As 的浓度和有效性产生变化.蚯蚓、生物炭(改性)及两者联合处理对 As 污染红壤中细菌群落具有选择性作用,并通过这种选择性作用影响土壤中 As 的有效性.

参考文献:

- [1] Halim M A, Majumder R K, Nessa S A, et al. Hydrogeochemistry and arsenic contamination of groundwater in the Ganges Delta Plain, Bangladesh [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2009, **164**(2-3): 1335-1345.
- [2] Yunus M, Sohel N, Hore S K, et al. Arsenic exposure and adverse health effects: A review of recent findings from arsenic and health studies in Matlab, Bangladesh [J]. *The Kaohsiung Journal of Medical Sciences*, 2011, **27**(9): 371-376.
- [3] 李莲芳, 曾希柏, 白玲玉, 等. 石门雄黄矿周边地区土壤砷分布及农产品健康风险评估 [J]. *应用生态学报*, 2010, **21**(11): 2946-2951.
- [4] Li L F, Zeng X B, Bai L Y, et al. Soil arsenic content and its health risk assessment for agricultural products in the region surrounding Shimen arsenic sulphide mine [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, **21**(11): 2946-2951.
- [5] 蔡保松, 陈同斌, 廖晓勇, 等. 土壤砷污染对蔬菜砷含量及食用安全性的影响 [J]. *生态学报*, 2004, **24**(4): 711-717.
- [6] Cai B S, Chen T B, Liao X Y, et al. Arsenic concentrations in soils and vegetables and their risk assessments in highly contaminated area in Hu'nan Province [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2004, **24**(4): 711-717.
- [7] 肖细元, 陈同斌, 廖晓勇, 等. 中国主要含砷矿产资源的区域分布与砷污染问题 [J]. *地理研究*, 2008, **27**(1): 201-212.
- [8] Xiao X Y, Chen T B, Liao X Y, et al. Regional distribution of arsenic contained minerals and arsenic pollution in China [J]. *Geographical Research*, 2008, **27**(1): 201-212.
- [9] Zhao F J, McGrath S P, Meharg A A. Arsenic as a food chain contaminant: mechanisms of plant uptake and metabolism and mitigation strategies [J]. *Annual Review of Plant Biology*, 2010, **61**: 535-559.
- [10] 侯欢, 李祝, 汪淑廉. 以废治废: 生物炭在环境治理中的应用研究进展 [J]. *环境科学与技术*, 2020, **43**(9): 59-66.

- Hou H, Li Z, Wang S L. Advances in application research of biochar in environmental protection[J]. Environmental Science & Technology, 2020, **43**(9): 59-66.
- [8] Mansoor S, Kour N, Manhas S, *et al.* Biochar as a tool for effective management of drought and heavy metal toxicity[J]. Chemosphere, 2021, **271**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.129458.
- [9] 张倩茹, 冀琳宇, 高程程, 等. 改性生物炭的制备及其在环境修复中的应用[J]. 农业环境科学学报, 2021, **40**(5): 913-925.
- Zhang Q R, Ji L Y, Gao C C, *et al.* Preparation of modified biochar and its application in environmental remediation[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2021, **40**(5): 913-925.
- [10] Kaschuk G, Alberton O, Hungria M. Three decades of soil microbial biomass studies in Brazilian ecosystems; lessons learned about soil quality and indications for improving sustainability[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2010, **42**(1): 1-13.
- [11] 张迪, 李婷, 方炫, 等. 钝化剂对土壤镉铅有效性和微生物群落多样性影响[J]. 农业环境科学学报, 2019, **38**(12): 2729-2737.
- Zhang D, Li T, Fang X, *et al.* Effects of passivating agents on the availability of Cd and Pb and functional diversity of the microbial community in contaminated soils[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2019, **38**(12): 2729-2737.
- [12] 周斌, 黄道友, 朱奇宏, 等. 施用钝化剂对镉污染稻田土壤微生物学特征的影响[J]. 农业现代化研究, 2012, **33**(2): 234-238.
- Zhou B, Huang D Y, Zhu Q H, *et al.* Effects of amendments on soil microbial properties in cadmium contaminated paddy soil[J]. Research of Agricultural Modernization, 2012, **33**(2): 234-238.
- [13] 冯亚. 羟基磷灰石对碱性镉污染土壤的钝化及根际微生物学效应研究[D]. 保定: 河北大学, 2020.
- [14] 杨胜香, 李凤梅, 彭禧柱, 等. 不同碳氮磷源改良剂对铅锌尾矿废弃地土壤微生物群落结构的影响[J]. 农业环境科学学报, 2019, **38**(6): 1256-1264.
- Yang S X, Li F M, Peng X Z, *et al.* Effects of amendments with different C/N/P ratios on the microbial community structure in Pb-Zn mine tailings[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2019, **38**(6): 1256-1264.
- [15] 兰玉书, 袁林, 杨刚, 等. 钝化材料对农田土壤 Cd 形态及微生物群落的影响[J]. 农业环境科学学报, 2020, **39**(12): 2743-2751.
- Lan Y S, Yuan L, Yang G, *et al.* Soil cadmium content and microbial community structure are affected by passivator application[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2020, **39**(12): 2743-2751.
- [16] Sun W M, Xiao E Z, Krumins V, *et al.* Rhizosphere microbial response to multiple metal (loid)s in different contaminated arable soils indicates crop-specific metal-microbe interactions[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2018, **84**(24), doi: 10.1128/AEM.00701-18.
- [17] Kruger M C, Bertin P N, Heipieper H J, *et al.* Bacterial metabolism of environmental arsenic—mechanisms and biotechnological applications[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2013, **97**(9): 3827-3841.
- [18] Kataoka T, Mitsunobu S, Hamamura N. Influence of the chemical form of antimony on soil microbial community structure and arsenite oxidation activity[J]. Microbes and Environments, 2018, **33**(2): 214-221.
- [19] Sultana M, Vogler S, Zargar K, *et al.* New clusters of arsenite oxidase and unusual bacterial groups in enrichments from arsenic-contaminated soil[J]. Archives of Microbiology, 2012, **194**(7): 623-635.
- [20] 梁婷, 李莲芳, 朱昌雄, 等. 钕锰改性生物炭对土壤 As 的稳定效应[J]. 环境科学, 2019, **40**(11): 5114-5123.
- Liang T, Li L F, Zhu C X, *et al.* Cerium-manganese modified biochar immobilizes arsenic in farmland soils[J]. Environmental Science, 2019, **40**(11): 5114-5123.
- [21] Sivakumar S. Effects of metals on earthworm life cycles; a review[J]. Environmental Monitoring and Assessment, 2015, **187**(8), doi: 10.1007/s10661-015-4742-9.
- [22] Leveque T, Capowiez Y, Schreck E, *et al.* Assessing ecotoxicity and uptake of metals and metalloids in relation to two different earthworm species (*Eisenia hortensis* and *Lumbricus terrestris*) [J]. Environmental Pollution, 2013, **179**: 232-241.
- [23] Sizmur T, Hodson M E. Do earthworms impact metal mobility and availability in soil? -a review[J]. Environmental Pollution, 2009, **157**(7): 1981-1989.
- [24] 苏倩倩, 李莲芳, 朱昌雄, 等. 蚯蚓/改性生物炭对 As 污染红壤的稳定化效应[J]. 农业环境科学学报, 2021, **40**(5): 999-1007.
- Su Q Q, Li L F, Zhu C X, *et al.* Immobilization effect of earthworm/modified biochar on arsenic in contaminated red soil[J]. Journal of Agro-Environment Science, 2021, **40**(5): 999-1007.
- [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] Wenzel W W, Kirchbaumer N, Prohaska T, *et al.* Arsenic fractionation in soils using an improved sequential extraction procedure[J]. Analytica Chimica Acta, 2001, **436**(2): 309-323.
- [27] Miller G E, Engen P A, Gillevet P M, *et al.* Lower neighborhood socioeconomic status associated with reduced diversity of the colonic microbiota in healthy adults[J]. PLoS One, 2016, **11**(2), doi: 10.1371/journal.pone.0148952.
- [28] Burkhardt E M, Bischoff S, Akob D M, *et al.* Heavy metal tolerance of Fe (III)-reducing microbial communities in contaminated creek bank soils[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2011, **77**(9): 3132-3136.
- [29] Yan C C, Wang F, Geng H H, *et al.* Integrating high-throughput sequencing and metagenome analysis to reveal the characteristic and resistance mechanism of microbial community in metal contaminated sediments[J]. Science of the Total Environment, 2020, **707**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.136116.
- [30] Fahy A, Giloteaux L, Bertin P, *et al.* 16S rRNA and as-related functional diversity: contrasting fingerprints in arsenic-rich sediments from an acid mine drainage[J]. Microbial Ecology, 2015, **70**(1): 154-167.
- [31] Terry L R, Kulp T R, Wiatrowski H, *et al.* Microbiological oxidation of antimony (III) with oxygen or nitrate by bacteria isolated from contaminated mine sediments[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, **81**(24): 8478-8488.
- [32] Li P, Jiang D W, Li B, *et al.* Comparative survey of bacterial and archaeal communities in high arsenic shallow aquifers using 454 pyrosequencing and traditional methods[J]. Ecotoxicology, 2014, **23**(10): 1878-1889.
- [33] Liu L, Zhang S Z, Luo M Z, *et al.* Genomic information of the arsenic-resistant bacterium *Lysobacter arsenicirestiens* type strain ZS79^T and comparison of *Lysobacter* draft genomes[J]. Standards in Genomic Sciences, 2015, **10**(1), doi: 10.1186/s40793-

- 015-0070-5.
- [34] Lin Y B, Ye Y M, Hu Y M, *et al.* The variation in microbial community structure under different heavy metal contamination levels in paddy soils [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **180**: 557-564.
- [35] So N W, Rho J Y, Lee S Y, *et al.* A lead-absorbing protein with superoxide dismutase activity from *Streptomyces subrutitus* [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2001, **194**(1): 93-98.
- [36] Barns S M, Cain E C, Sommerville L, *et al.* Acidobacteria phylum sequences in uranium-contaminated subsurface sediments greatly expand the known diversity within the phylum [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(9): 3113-3116.
- [37] Chen Y, Jiang Y M, Huang H Y, *et al.* Long-term and high-concentration heavy-metal contamination strongly influences the microbiome and functional genes in Yellow River sediments[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **637-638**: 1400-1412.
- [38] Azarbad H, Niklińska M, Laskowski R, *et al.* Microbial community composition and functions are resilient to metal pollution along two forest soil gradients[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2015, **91**(1): 1-11.
- [39] Honschopp S, Brunken N, Nehrkorn A, *et al.* Isolation and characterization of a new arsenic methylating bacterium from soil [J]. *Microbiological Research*, 1996, **151**(1): 37-41.
- [40] Wang X, Gao P, Li D P, *et al.* Risk assessment for and microbial community changes in Farmland soil contaminated with heavy metals and metalloids [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **185**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.109685.
- [41] Engel S A, Johnson L R, Porter M L. Arsenite oxidase gene diversity among *Chloroflexi* and *Proteobacteria* from El Tatio Geyser Field, Chile[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2013, **83**(3): 745-756.
- [42] Khodadad C L M, Zimmerman A R, Green S J, *et al.* Taxa-specific changes in soil microbial community composition induced by pyrogenic carbon amendments [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2011, **43**(2): 385-392.
- [43] Gundale M J, DeLuca T H. Charcoal effects on soil solution chemistry and growth of *Koeleria macrantha* in the ponderosa pine/Douglas-fir ecosystem [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2007, **43**(3): 303-311.
- [44] Li X N, Wang T, Chang S X, *et al.* Biochar increases soil microbial biomass but has variable effects on microbial diversity: a meta-analysis [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **749**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.141593.
- [45] Jirout J, Pižl V. Effects of the endemic earthworm *Allolobophora hrabei* (Černosvitov, 1935) on soil microbial communities of steppe grasslands [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **76**: 249-256.
- [46] Brown G G. How do earthworms affect microfloral and faunal community diversity? [J]. *Plant and Soil*, 1995, **170**(1): 209-231.
- [47] Li B Q, Xu R, Sun X X, *et al.* Microbiome-environment interactions in antimony-contaminated rice paddies and the correlation of core microbiome with arsenic and antimony contamination [J]. *Chemosphere*, 2021, **263**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.128227.
- [48] Guo T, Zhou Y J, Chen S C, *et al.* The influence of periphyton on the migration and transformation of arsenic in the paddy soil: rules and mechanisms [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **263**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114624.
- [49] Roy M, van Genuchten C M, Rietveld L, *et al.* Integrating biological As(III) oxidation with Fe(0) electrocoagulation for arsenic removal from groundwater [J]. *Water Research*, 2021, **188**, doi: 10.1016/j.watres.2020.116531.
- [50] Luo Z B, Ma J, Chen F, *et al.* Effects of Pb smelting on the soil bacterial community near a secondary lead plant [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2018, **15**(5), doi: 10.3390/ijerph15051030.

CONTENTS

Analysis of Change and Driving Factors of PM _{2.5} Mass Concentration in Tianjin from 2000 to 2020	CAI Zi-ying, HAO Jian, HAN Su-qin, <i>et al.</i> (1129)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, GAO Jing-yun, <i>et al.</i> (1140)
Source Analysis of Ambient PM _{2.5} in Wuhan City Based on Random Forest Model	ZHANG Zhi-hao, CHEN Nan, ZHU Bo, <i>et al.</i> (1151)
Chemical Characteristics and Sources of Atmospheric Aerosols in the Surrounding District of a Heavily Polluted City in the Southern Part of North China	REN Xiu-long, HU Wei, WU Chun-miao, <i>et al.</i> (1159)
Characteristics of Water-soluble Ions in an Autumn Haze Process in the Southern Sichuan Urban Agglomeration After the Implementation of China's Air Pollution Prevention and Control Action Plan	WU An-nan, HUANG Xiao-juan, HE Ren-jiang, <i>et al.</i> (1170)
Concentration, Source, and Health Risk Assessment of PM ₁ Heavy Metals in Typical Pollution Processes in Zhengzhou	ZHAI Shi-ting, WANG Shen-bo, ZHANG Dong, <i>et al.</i> (1180)
Geographical Detection of Spatial Heterogeneity and Drivers of PM _{2.5} in the Yangtze River Economic Belt	WANG Li-li, LIU Xiao-jie, LI Ding, <i>et al.</i> (1190)
Spatial Heterogeneity of PM _{2.5} Concentration in Response to Land Use/Cover Conversion in the Yangtze River Delta Region	ZHOU Li-xia, WU Tao, JIANG Guo-jun, <i>et al.</i> (1201)
Analysis of Pollution Characteristics, Meteorological Impact, and Forecast Retrospective During the Spring Festival and the Lantern Festival in "2+26" Cities	ZHU Yuan-yuan, WANG Xiao-fei, WANG Wei, <i>et al.</i> (1212)
Pollution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} in Shanxi Province Based on Wavelet Transform	ZHANG Ke-ke, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (1226)
Estimation of Surface Ozone Concentration and Health Impact Assessment in China	ZHAO Nan, LU Yi-min (1235)
Analysis of Ozone Pollution Spatio-temporal Evolution Characteristics and Identification of Its Long-term Variation Driving Factor over Hunan Province	LIU Yan-yan, YANG Lei-feng, XIE Dan-ping, <i>et al.</i> (1246)
Temporal and Spatial Variation in O ₃ Concentration Near the Surface of Shandong Peninsula and Analysis of Potential Source Areas	LI Le, LIU Min-xia, XIAO Shi-ni, <i>et al.</i> (1256)
Characteristics, Ozone Formation Potential, and Source Apportionment of VOCs During the COVID-19 Epidemic in Xiong'an	LIU Xin-jun, WANG Shu-juan, LIU Cheng, <i>et al.</i> (1268)
Characteristics and Source Analysis of VOCs Pollution During the Period of Ozone Exceeding the Standard in Zibo City	WANG Shuai, WANG Xiu-yan, YANG Wen, <i>et al.</i> (1277)
Comparison of VOCs Pollution Characteristics Between an Urban Site and a Background Site in Summer in Zibo	QIN Tao, XU Bo, WANG Xin-wu, <i>et al.</i> (1286)
Emission Characteristics and Inventory of Volatile Organic Compounds from Cooking in Sichuan Province	QIAN Jun, HAN Li, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i> (1296)
Emission Characteristics of Gas-and Particle-Phase Polycyclic Aromatic Hydrocarbons from Cooking	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i> (1307)
Diversity and Community Structure of Airborne Fungi in Different Working Areas of Composting Plants	YU Ao-yuan, XING Li-jun, SUN Xing-bin, <i>et al.</i> (1315)
Main Problems and Refined Solutions of Urban Fugitive Dust Pollution in China	LI Ting-kun, FENG Yin-chang, BI Xiao-hui, <i>et al.</i> (1323)
Water Quality Assessment and Spatial-temporal Variation Analysis in Yellow River Basin	LIU Yan-long, ZHENG Yi-an (1332)
Spatial Distribution and Influential Factors of Nutrients in Rivers of a Typical Mountainous City: A Case Study of the Qingshuixi River in Chongqing	WANG Chao, YE Qiu, JIA Bo-yang, <i>et al.</i> (1346)
River-Lake States in the Tributary of the Three Gorges Reservoir Area and Their Effects on the Phosphorus Content of Different Forms in the Sediment	HUANG Wei, ZHANG Xing, LUO Xiao-jiao, <i>et al.</i> (1356)
Molecular Signatures of Dissolved Organic Matter in the Paihe River and Its Tributaries	ZHAN Ya, YIN Hao, FENG Jing-wei, <i>et al.</i> (1365)
Multiphase Spatial Distribution Characteristics of Cd Morphology in Typical Intertidal Zones in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area and Its Influencing Factors	CUI Xin-yue, MO Wu-qiu, LIAO Jian-bo (1375)
Occurrence Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in the Surface Water of Luoma Lake and Its Main Inflow Rivers	GONG Run-qiang, ZHAO Hua-jin, GAO Zhan-qi, <i>et al.</i> (1384)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Third Drain of Ningxia	LI Fu-juan, GAO Li, LI Ling-yun, <i>et al.</i> (1394)
Historical Changes and Responses to Human Activities of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Lake Sediments from Northern China During the Past 100 Years	GONG Xiong-hu, ZHAO Zhong-hua, DING Qi-qi, <i>et al.</i> (1404)
Characteristics of Bacterioplankton Community Between River and Lake/Reservoir in the Yangtze River Basin	HU Yu-xin, ZHANG Jing, HUANG Jie, <i>et al.</i> (1414)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Wuliangs Lake During an Irrigation Interval in Hetao Plain	SHI Yu-jiao, LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, <i>et al.</i> (1424)
Effects of Landscape Structures on Bacterioplankton Communities at Multi-spatial Scales in the Yuanhe River	SHU Wang, WANG Peng, DING Ming-jun, <i>et al.</i> (1434)
Microbial Community Structure on Microplastic Surface in the <i>Grus leucogeranus</i> Reserve of Poyang Lake	LIU Shu-li, JIAN Min-fei, ZOU Long, <i>et al.</i> (1447)
Influence of Microplastics on the Development of <i>Proteus</i> Biofilm	TAO Hui, QI Yi-ting, YU Duo, <i>et al.</i> (1455)
Deposition Law of Low-Density Microplastics Aggregation in Wuliangs Lake	LIU Yu, SHI Xiao-hong, ZHANG Sheng, <i>et al.</i> (1463)
Adsorption of Fulvic Acid on Virgin and Aging Microplastics	SONG Ya-li, YU Ya, ZHENG Lei, <i>et al.</i> (1472)
Diffusive Fluxes and Controls of N ₂ O from Coastal Rivers in Tianjin City	TANG Meng-yao, HU Xiao-kang, WANG Hong-wei, <i>et al.</i> (1481)
Effects of Hematite and Biochar Addition on Wastewater Treatment Efficiency, Greenhouse Gas Emission, and Microbial Community in Subsurface Flow Constructed Wetland	CHEN Xin-tong, HAO Qing-ju, XIONG Yan-fang, <i>et al.</i> (1492)
Identification and Optimization Method of Rainfall-Runoff Pollution Risk Level	QI Xiao-tian, ZHANG Zhi-ming, ZHAO Xin, <i>et al.</i> (1500)
Factor Analysis of Disinfection Byproduct Formation in Drinking Water Distribution Systems Through the Bayesian Network	JIANG Shan-shan, WANG Zhen-yu, GAO Quan, <i>et al.</i> (1512)
Selective Adsorption of Au(Ⅲ) by Activated Carbon Supported Polythioamides and Adsorption Mechanism	ZHAO Wen-jin, ZHANG Shun, AN Xiao-qi, <i>et al.</i> (1521)
Impacts of F/M Ratio on Microbial Networks in Activated Sludge	ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, WEN Xiang-hua (1529)
Geochemical Characteristics and Source Apportionment of Soil Elements in an Urban-rural Integration Area: A Case Study in the Qinglong Area of Tianfu New District	LIU Shu-huai, WANG De-wei, SHI Ze-ming, <i>et al.</i> (1535)
Ecological and Health Risk Assessments Based on the Total Amount and Speciation of Heavy Metals in Soils Around Mining Areas	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi (1546)
Characteristics of Antimony Migration and Transformation and Pollution Evaluation in a Soil-Crop System Around a Tin Mine in Hunan Province	ZHANG Long, SONG Bo, HUANG Feng-yan, <i>et al.</i> (1558)
Effect of Controlling Heavy Metals in Soil of Rare Earth Mining Area by Biochar Supported Graphene Oxide	YANG Shi, LIU Zu-wen, LONG Bei, <i>et al.</i> (1567)
Enhanced Remediation of Cd Contaminated Soil by Cotton with DOM	MIN Tao, LUO Tong, CHEN Li-li, <i>et al.</i> (1577)
Novel Insight into the Adsorption Mechanism of Fe-Mn Oxide-Microbe Combined Biochar for Cd(Ⅱ) and As(Ⅲ)	LIAN Bin, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (1584)
Variations in Cadmium Accumulation and Transport and Ionic Traits Among Different Winter Wheat Varieties	LIU Chang, XU Ying-ming, HUANG Qing-qing, <i>et al.</i> (1596)
Cadmium Accumulation Characteristics of Different Heat Varieties Under Cadmium Stress	REN Chao, REN Yu-zhong, WANG Hao, <i>et al.</i> (1606)
Effect of Different Land Use Types on the Diversity of Soil Bacterial Community in the Coastal Zone of Jialing River	LIU Kun-he, XUE Yu-qin, ZHU Lan-ping, <i>et al.</i> (1620)
Effects of Earthworms/Biochar on Bacterial Diversity and Community in As-contaminated Red Soil	SU Qian-qian, LI Lian-fang, ZHU Chang-xiong, <i>et al.</i> (1630)
Effects of DA-6 and EDDS on Growth and Cd Uptake by <i>Solanum nigrum</i> L. and on the Soil Bacterial Community Structure	LUO Yang, SUN Li, LIU Fang, <i>et al.</i> (1641)
Effects of Plastic Mulch Film on Soil Nutrients and Ecological Enzyme Stoichiometry in Farmland	HU Zhi-e, XIAO Mou-liang, WANG Shuang, <i>et al.</i> (1649)
Effects of Warming and Increased Precipitation on Soil Respiration of Abandoned Grassland in the Loess-Hilly Regions	WANG Xing, ZHONG Ze-kun, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i> (1657)
Effect of Film Mulching, Straw Retention, and Nitrogen Fertilization on the N ₂ O and N ₂ Emission in a Winter Wheat Field	PENG Yi, LI Hui-tong, ZHANG Shao-wei, <i>et al.</i> (1668)
Effects of Straw Returning on Soil Ammonia Volatilization Under Different Production Conditions Based on Meta-analysis	ZHAO Zheng-xin, WANG Xiao-yun, TIAN Ya-jie, <i>et al.</i> (1678)
Impacts of Fertilization on Soil Antibiotic Resistance Genes Across Croplands: A Meta-Analysis	RAN Ji-wei, XIAO Qiong, HUANG Min, <i>et al.</i> (1688)