



引用格式:

宋久伟, 蔡宇涵, 季钱乾, 吴毅翀, 宋开付, 刘杏梅. 改良剂对镉铜污染土壤中微生物群落及氮循环功能的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(6): 96–102.

SONG J W, CAI Y H, JI Q Q, WU Y C, SONG K F, LIU X M. Effects of amendments on microbial communities and nitrogen cycling in cadmium-copper contaminated soil[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2025, 51(6): 96–102.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>

改良剂对镉铜污染土壤中微生物群落及氮循环功能的影响

宋久伟¹, 蔡宇涵¹, 季钱乾¹, 吴毅翀¹, 宋开付^{2*}, 刘杏梅³

(1. 盐城师范学院湿地学院, 江苏 盐城 224007; 2. 烟台职业学院建筑工程系, 山东 烟台 264670; 3. 浙江大学环境与资源学院, 浙江 杭州 310030)

摘要: 通过向镉铜复合污染土壤中添加硅酸钠、海泡石、生石灰和磷酸二氢钙等4种改良剂, 系统研究其对土壤微生物群落结构及微生物介导氮循环功能的影响。结果表明: 改良剂的添加显著提高了土壤pH, 且显著降低了土壤中有效态镉和有效态铜的含量, 其中生石灰在上述三项指标中的作用均最大, 生石灰添加使有效态镉和有效态铜质量分数分别降至0.02、0.43 mg/kg, 其土壤pH较对照提高了1.57; 改良剂的添加提高了土壤碳氮养分水平, 并增加了Cd²⁺或Cu²⁺转运相关蛋白的表达, 这可能为微生物适应镉铜复合胁迫提供了有利条件; 海泡石和硅酸钠处理降低了变形菌门的相对丰度, 提高了酸杆菌门和绿弯菌门的相对丰度, 而生石灰处理则降低了酸杆菌门的相对丰度, 增加了厚壁菌门和拟杆菌门的相对丰度; 生石灰和磷酸二氢钙同时增强了固氮和反硝化功能, 而硅酸钠与海泡石则表现出对反硝化过程的抑制作用。综上可知, 不同改良剂通过调控微生物的群落结构与功能, 从多个层面影响了镉铜污染土壤的氮循环过程。

关键词: 改良剂; 土壤修复; 镉铜复合污染; 土壤微生物; 氮循环

中图分类号: S156.2; X53

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2025)06-0096-07

Effects of amendments on microbial communities and nitrogen cycling in cadmium-copper contaminated soil

SONG Jiuwei¹, CAI Yuhan¹, JI Qianqian¹, WU Yichong¹, SONG Kaifu^{2*}, LIU Xingmei³

(1. School of Wetlands, Yancheng Teachers University, Yancheng, Jiangsu 224007, China; 2. Department of Architectural Engineering, Yantai Vocational College, Yantai, Shandong 264670, China; 3. College of Environmental and Resource Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, Zhejiang 310030, China)

Abstract: By adding four amendments, sodium silicate, sepiolite, quicklime, and monocalcium phosphate, the effects on the microbial community structure and microbially mediated nitrogen cycling functions of cadmium-copper co-contaminated soils were systematically investigated. The results showed that amendment application significantly increased soil pH while markedly reducing the contents of available cadmium and copper in the soil. Among the amendments, quicklime exhibited the strongest effect, decreasing the mass fractions of available cadmium and copper to 0.02 and 0.43 mg/kg, respectively, and increasing soil pH by 1.57 compared with the control. And, amendment application enhanced soil carbon and nitrogen nutrient levels and increased the expression of Cd²⁺- or Cu²⁺-transport-related proteins, potentially facilitating microbial adaptation to combined cadmium-copper stress. Sepiolite and sodium silicate treatments decreased the relative abundance of Proteobacteria while increasing those of Acidobacteriota and Chloroflexi, whereas quicklime treatment reduced the relative abundance of Acidobacteriota and

收稿日期: 2025-04-15

修回日期: 2025-09-04

基金项目: 国家自然科学基金项目(42307001); 江苏省高等学校自然科学研究基金项目(23KJB210014)

作者简介: 宋久伟(1992—), 男, 山东济宁人, 博士研究生, 讲师, 主要从事土壤污染与修复研究, songjw@yctu.edu.cn; *通信作者, 宋开付, 博士, 副教授, 主要从事农田氮素利用研究, songkaifu2021@163.com

increased those of Firmicutes and Bacteroidota. Both quicklime and monocalcium phosphate enhanced nitrogen fixation and denitrification functions, whereas sodium silicate and sepiolite exhibited inhibitory effects on the denitrification process. Overall, different amendments influenced nitrogen cycling processes in cadmium-copper co-contaminated soils at multiple levels by regulating microbial community structure and function.

Keywords: amendments; soil remediation; cadmium-copper co-contamination; soil microbe; nitrogen cycle

微生物在土壤氮循环中发挥着核心作用，涉及固氮、硝化和反硝化等关键步骤^[1-3]。有研究^[4-5]表明，土壤中有效态镉和有效态铜等重金属含量的升高，增加了土壤微生物的硝化和反硝化相关功能基因的丰度，同时抑制了固氮功能基因的表达。这不仅影响土壤中氮素的可利用性^[1]，还可能引发氮素流失和环境污染问题^[2]。特别是在反硝化过程中，不完全反应会释放强效温室气体一氧化二氮，加剧臭氧层的破坏^[6]。这说明重金属通过影响关键微生物功能群，进一步扰乱土壤氮循环过程，威胁农业可持续发展和全球环境安全^[7]。

为缓解土壤重金属污染，常用的修复材料包括硅酸钠、海泡石、生石灰和磷酸二氢钙等^[8-10]。这些改良剂不仅能吸附和固定游离重金属离子，改善土壤理化性质，还能提高土壤养分含量，调节pH，从而有利于微生物的生存与功能恢复^[9,11]。已有研究^[6]指出，改良剂的添加可通过调控氮素供应和微生物活性，影响氮代谢相关功能基因的表达。

目前，关于不同改良剂对镉铜复合污染土壤中微生物介导氮循环功能影响的研究仍较为缺乏。系统评估不同类型改良剂对微生物群落结构及其氮循环功能的调控作用，对于揭示污染土壤的生态修复机制具有重要意义。本研究中，通过向镉铜复合污染土壤中添加硅酸钠、海泡石、生石灰和磷酸二氢钙等4种改良剂，系统探讨其对土壤微生物群落结构及微生物介导氮循环功能的影响，以期为重金属复合污染土壤的生态功能提升及全球氮循环的可持续调控提供依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试土壤采自浙江省温岭市受镉和铜污染影响的非淹水稻田表层，去除根系和碎石，并过孔径为2 mm的筛后备用。土壤pH为 5.79 ± 0.09 ，镉、铜、有效磷、有效钾质量分数分别为 (2.44 ± 0.12) 、 (183.0 ± 0.5) 、 (15.6 ± 0.6) 、 (169.0 ± 3.4) mg/kg，总碳、

总氮质量分数分别为 (17.30 ± 0.11) 、 (1.71 ± 0.00) g/kg，C、N比为 10.1 ± 0.09 。硅酸钠、海泡石、生石灰和磷酸二氢钙均过孔径为0.15 mm的筛后备用。不同改良剂中镉、铜、碳和氮的质量分数列于表1。

表1 不同改良剂中镉、铜、碳和氮的质量分数

Table 1 Mass fractions of cadmium, copper, carbon, and nitrogen of different amendments

改良剂	质量分数/(mg·kg ⁻¹)			
	镉	铜	碳	氮
硅酸钠	0.13±0.00	3.2±0.01	3.3±0.06	0.45±0.00
海泡石	0.18±0.00	5.1±0.02	4.2±0.08	0.58±0.00
生石灰	0.09±0.00	2.3±0.01	2.6±0.07	0.49±0.00
磷酸二氢钙	0.12±0.00	4.5±0.01	3.5±0.05	0.39±0.00

1.2 试验设计

按照质量分数0.5%的比例向土壤中分别添加硅酸钠、海泡石、生石灰、磷酸二氢钙，并以不添加改良剂的土壤为对照(CK)，共5个处理，每个处理重复3次。在25 °C黑暗条件下培养90 d，采集培养结束后的土壤测定相关指标。土壤样品分为2部分：一部分经风干、研磨和筛分后用于土壤理化性质和重金属测定；另一部分新鲜样本保存于-20 °C冰箱，用于土壤微生物量碳测定和DNA提取。

1.3 测定指标及方法

采用氯仿熏蒸萃取法^[12]测定微生物量碳。采用pH计测定土壤pH，其中土壤和水质量比为1:2.5。使用元素分析仪(Elementar Analysensysteme GmbH)测定土壤总碳和总氮质量分数。参照文献[13]的方法，使用0.01 mol/L氯化钙(与土壤溶液中Ca²⁺和Cl⁻的浓度相似)提取土壤，并采用Agilent 7500A ICP-MS测定提取液中有效态镉、铜的量。

使用DNA试剂盒(MP Biomedicals)从新鲜土壤中提取DNA。提取的DNA样本由上海美吉生物医药科技有限公司进行基因组测序。采用引物338F(5'-ACTCCTACGGAGGCAGCAGCAG-3')和806R(5'-GGACTTACHVGGTWTCTAAT-3')^[14]扩增细菌

16S rRNA基因。扩增后,用FLASH(v1.2.11)^[15]合并得到的序列,并用fastp(0.19.6)进行质量过滤^[16]。然后使用QIIME 2(2020.2版本)^[17]的DADA2^[18]插件对高质量序列进行降噪,并使用推荐参数,根据样本内的错误分布获得单核苷酸分辨率。16S rRNA基因在NCBI上的序列号为PRJNA733315。

1.4 数据处理

所有土壤理化性质和生物量碳数据均采用IBM SPSS Statistics 22进行单因素方差分析(ANOVA),并选用Tukey HSD进行事后检验,当P<0.05时认为差异具有统计学意义。利用FAPROTAX预测不同改良剂添加下与氮代谢相关的微生物功能群数,参照文献[19],通过PICRUSt2确认不同基因家族的表达信息,并将其与KEGG功能数据库进行比对,获得不同处理土壤中Cd²⁺、Cu²⁺转运蛋白的相对表达强度、DNA复制及相关酶功能基因的相对表达强度以及氮循环相关功能基因的相对表达强度。

表2 添加改良剂后土壤的有效态镉铜质量分数和理化性质

Table 2 Available cadmium and copper mass fractions and physicochemical properties of soils after amendments application

处理	有效态镉质量分数/(mg·kg ⁻¹)	有效态铜质量分数/(mg·kg ⁻¹)	总碳质量分数/(g·kg ⁻¹)	总氮质量分数/(g·kg ⁻¹)	pH
对照	(0.67±0.03)a	(1.37±0.17)a	(17.3±0.11)c	(1.71±0.00)c	(5.79±0.09)e
硅酸钠	(0.56±0.00)b	(0.82±0.02)b	(22.5±0.06)b	(2.13±0.00)b	(6.69±0.04)b
海泡石	(0.30±0.03)d	(0.56±0.05)c	(26.2±0.04)a	(2.39±0.00)a	(6.40±0.01)c
生石灰	(0.02±0.00)e	(0.43±0.04)c	(18.2±0.06)c	(1.77±0.01)c	(7.36±0.04)a
磷酸二氢钙	(0.44±0.02)c	(1.24±0.03)a	(21.7±0.16)b	(2.04±0.01)b	(6.14±0.01)d

注:同列不同字母表示不同处理间的差异有统计学意义(P<0.05)。

2.2 不同改良剂添加下土壤微生物群落的变化

2.2.1 土壤微生物量碳质量分数的变化

从图1可知,与CK相比,添加硅酸钠和海泡石后,土壤中的微生物量碳质量分数升高,添加生石灰后,土壤中微生物量碳质量分数降低,且硅酸钠和海泡石处理的微生物量碳质量分数显著高于生石灰处理的。

2.2.2 土壤细菌门相对丰度的变化

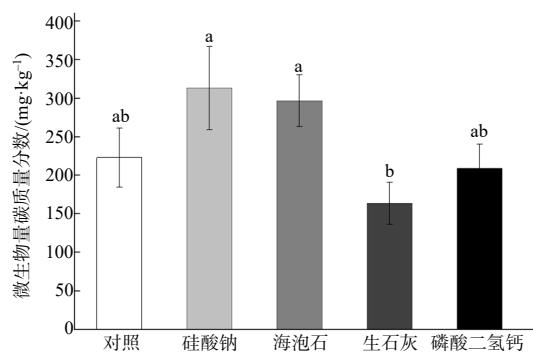
从图2可知,镉铜复合污染土壤中的优势菌门主要是变形菌门、放线菌门、酸杆菌门、绿弯菌门和厚壁菌门;与CK相比,添加海泡石和硅酸钠降低了土壤中变形菌门的相对丰度,但增加了酸杆菌门

2 结果与分析

2.1 不同改良剂添加下土壤有效态镉铜质量分数和理化性质的变化

从表2可知,与CK相比,4种改良剂的添加均显著提高了土壤的pH;硅酸钠、海泡石和生石灰的添加显著降低了土壤中有效态镉和有效态铜质量分数;硅酸钠、海泡石和磷酸二氢钙的添加显著提高了土壤中的总碳、总氮质量分数。其中,生石灰对有效态镉、有效态铜质量分数的降低作用和对土壤pH的提高作用均最大,其施用使有效态镉和有效态铜质量分数分别降至0.02和0.43 mg/kg,其土壤pH较对照提高了1.57;添加磷酸二氢钙的土壤pH显著小于其他3种改良剂处理的;海泡石处理土壤中有效态镉、有效态铜质量分数的降幅虽然小于生石灰的,但其对土壤中总碳、总氮质量分数的提升作用最大。

和绿弯菌门的相对丰度;生石灰的添加主要降低了



图柱上不同字母表示不同处理间差异有统计学意义(P<0.05)。

图1 添加改良剂后土壤微生物量碳质量分数

Fig. 1 Microbial biomass carbon mass fractions after amendments application

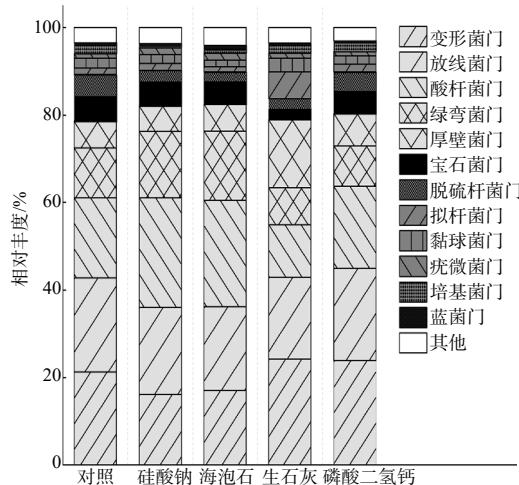
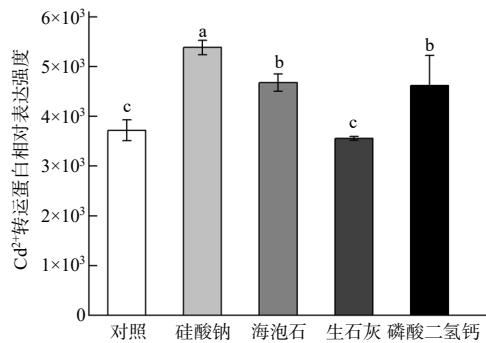


图2 添加改良剂后土壤细菌门相对丰度

Fig. 2 Relative abundances of soil bacterial phyla after amendments application

图3 添加改良剂后土壤微生物Cd²⁺转运蛋白的相对表达强度Fig. 3 Relative expression intensities of microbial Cd²⁺ and Cu²⁺ transport proteins in soil after amendments application

2.3.2 土壤中微生物DNA复制及相关酶功能基因相对表达强度的变化

从图4可知,与CK相比,添加海泡石的土壤微生物DNA复制及相关酶功能基因的相对表达强度均无显著变化;而添加生石灰显著增加了DNA复制

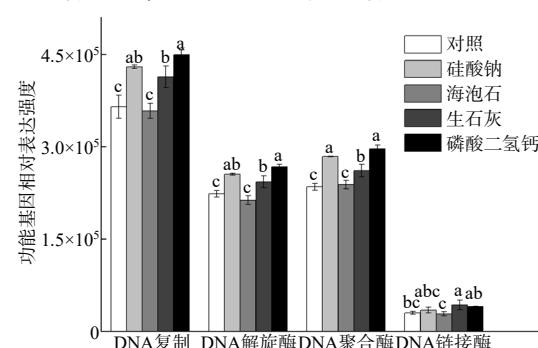
图柱上不同字母表示同类基因不同处理间差异有统计学意义($P<0.05$)。

图4 添加改良剂后土壤微生物DNA复制及相关酶的基因相对表达强度

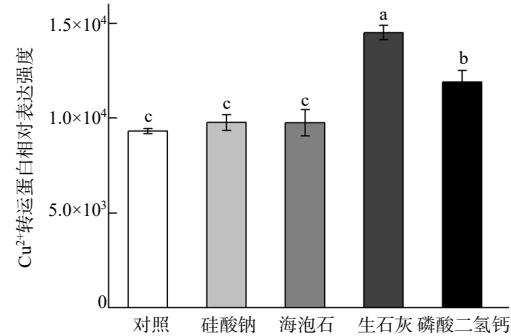
Fig. 4 Relative expression intensities of soil microbial genes involved in DNA replication and related enzymes after amendments application

土壤中酸杆菌门的相对丰度并增加了厚壁菌门和拟杆菌门的相对丰度;而添加磷酸二氢钙对土壤微生物群落结构的影响较小。

2.3 不同改良剂添加下土壤微生物功能的变化

2.3.1 土壤中微生物Cd²⁺和Cu²⁺转运蛋白相对表达强度的变化

从图3可知,与CK相比,硅酸钠、海泡石和磷酸二氢钙的添加均显著提升了土壤微生物Cd²⁺转运蛋白的相对表达强度,且硅酸钠对Cd²⁺转运蛋白相对表达强度的提升作用最强;生石灰和磷酸二氢钙的添加均显著提高了土壤微生物Cu²⁺转运蛋白的相对表达强度,且生石灰的提升作用最大。

图柱上不同字母表示不同处理间差异有统计学意义($P<0.05$)。

及相关酶功能基因的相对表达强度;添加硅酸钠和磷酸二氢钙均显著增加了DNA复制、解旋酶和聚合酶基因的相对表达强度。

2.3.3 土壤微生物氮代谢相关功能的变化

从图5可知,添加生石灰和磷酸二氢钙的土壤

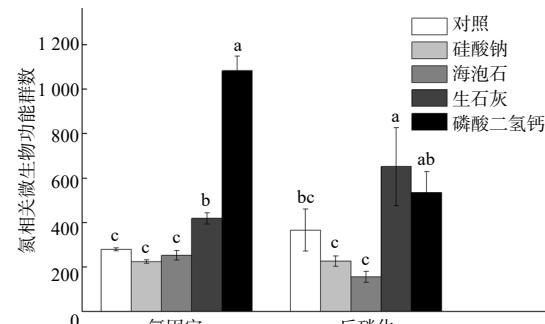
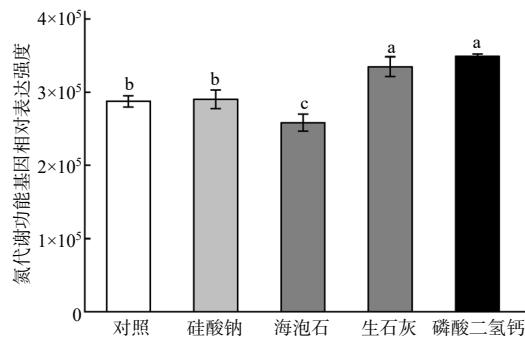
图柱上不同字母表示同一微生物功能群不同处理间差异有统计学意义($P<0.05$)。

图5 添加改良剂后土壤中氮相关的微生物功能群数

Fig. 5 Numbers of nitrogen-related microbial functional groups in soils after amendments application

微生物氮固定功能群数显著高于添加硅酸钠、海泡石和CK的,且磷酸二氢钙处理的土壤微生物功能群数最多;添加生石灰的土壤微生物反硝化功能群数显著高于添加硅酸钠、海泡石和CK的;添加硅酸钠、海泡石的2种氮相关土壤微生物功能群数与CK的差异均无统计学意义。

从图6可知,与CK相比,添加生石灰和磷酸二氢钙均显著提升了氮代谢功能基因的相对表达强



图柱上不同字母表示同类基因不同处理间差异有统计学意义($P<0.05$)。

图6 添加改良剂后土壤微生物氮代谢和氮代谢相关酶功能基因的相对表达强度

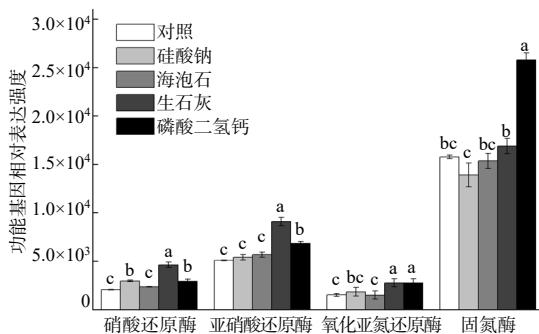
Fig. 6 Relative expression intensities of microbial nitrogen metabolism and nitrogen metabolism-related enzyme functional genes in soils after amendments application

3 结论与讨论

本研究中,不同类型的改良剂可通过多种机制共同作用,降低了土壤中有效态重金属的含量(表2)。海泡石主要依赖表面吸附、离子交换、共沉淀和化学吸附等机制,有效改变 Cd^{2+} 和 Cu^{2+} 的存在状态,降低其活性,实现重金属的钝化作用^[20]。硅酸钠则主要通过形成稳定硅酸盐矿物以及增强土壤胶体吸附与有机质络合等综合机制,降低有效态重金属的含量^[21]。在几种改良剂中,生石灰对有效态镉和有效态铜的降低作用最强。其主要机制在于显著提升土壤pH(表2),从而促使 Cd^{2+} 和 Cu^{2+} 以氢氧化物形式沉淀,降低其迁移性和生物有效性^[22],该结果与已有研究^[23]中生石灰对 Cd^{2+} 的固定效果一致。相比之下,磷酸二氢钙则主要通过提供磷酸根离子,与 Cd^{2+} 等二价重金属形成难溶的磷酸盐矿物,实现重金属的固定与稳定化^[24-25]。这一过程不仅降低了镉的生物有效性,还可能通过促进其在土壤颗粒表面的吸附与沉积,进一步增强其在土壤中的固定能力。

本研究表明,不同类型土壤改良剂通过调节土壤理化性质,诱导了微生物量、微生物群落结构、重金属转运、DNA复制与氮循环功能在内的一系列

度,而添加海泡石显著降低了氮代谢功能基因的相对表达强度;添加磷酸二氢钙能显著提高硝酸还原酶、亚硝酸还原酶、氧化亚氮还原酶和固氮酶功能基因的相对表达强度;添加生石灰显著提高了硝酸还原酶、亚硝酸还原酶和氧化亚氮还原酶功能基因的相对表达强度;添加硅酸钠显著提高了硝酸还原酶功能基因的相对表达强度。



微生物生态过程的联动响应。首先,微生物量碳含量在硅酸钠和海泡石处理中较高(图1),且这2种处理中的碳氮含量也较高(表2),表明碳氮资源的增加是驱动微生物生物量增强的关键因素^[26]。土壤pH和有效态重金属含量是影响土壤微生物群落组成的重要因素^[13]。本研究中,4种改良剂均不同程度地提升了土壤pH,并降低了有效态镉铜含量,这种生存环境改变进一步引发了微生物群落结构的再组装。生石灰通过提高pH抑制了偏好酸性的酸杆菌门的丰度增加,同时促进了厚壁菌门与拟杆菌门的丰度增加,硅酸钠和海泡石的施用降低了在重金属污染环境中具有优势的变形菌门的相对丰度(图2)。微生物群落结构的演替不仅体现了环境胁迫的缓解过程,也暗示了群落功能的重构方向。进一步分析表明,不同改良剂诱导的重金属胁迫响应差异明显。硅酸钠和海泡石处理增强了 Cd^{2+} 转运蛋白的表达(图3),有助于微生物通过排出或隔离机制维持胞内金属离子稳态^[27],进而缓解镉毒性并改变土壤微生物的组成和丰度,间接促进了微生物量碳含量增加^[28]。而生石灰和磷酸二氢钙处理则主要激活了 Cu^{2+} 转运蛋白,但对应处理下微生物量碳含量未见

提升, 提示在镉铜复合污染体系中, Cd^{2+} 可能是导致微生物毒性的主要因子。研究表明, 高浓度的铜会破坏膜的完整性^[29], 从而导致细胞失活; 高浓度的镉会降低污泥中脱氢酶、碱性和酸性磷酸酶的活性^[30], 镉铜污染对微生物的毒性机制还有待进一步研究。此外, 微生物的胁迫响应不仅限于群落组成和金属转运机制, 还体现在核心代谢功能的调节上^[31]。本研究发现, 硅酸钠、生石灰及磷酸二氢钙均显著增强了与DNA复制及相关酶功能基因的表达(图4), 显示出改良剂可能通过促进微生物细胞增殖与修复能力, 加速其群体恢复与功能稳定性建立^[32]。

上述微生物结构与功能变化进一步体现在氮循环过程的调控中。本研究结果表明, 生石灰和磷酸二氢钙显著增强了土壤固氮与反硝化功能, 从而有效提升了氮素转化效率。其促进作用主要体现在两个方面: 一是提高了固氮菌群和反硝化菌群数量(图5), 二是增强了固氮酶和反硝化相关酶的表达水平(图6)。该结果与前人的研究结论一致^[33-34]。进一步分析发现, 其促进效应与土壤pH升高及重金属有效态浓度降低密切相关(图6), 这表明土壤理化性质的改善可为功能微生物的生长与代谢活动提供有利条件^[35]。相比之下, 硅酸钠和海泡石的添加则对反硝化过程产生了抑制效应, 主要表现为反硝化功能菌群数量的下降(图5)。其可能机制包括: 一方面, 硅酸钠释放可溶性硅, 并吸附 Zn^{2+} 、 Fe^{3+} 等微量元素^[36], 抑制反硝化细菌繁殖; 另一方面, 海泡石的高吸附性可能减少土壤中可溶性有机碳的供应^[37], 限制反硝化菌对碳源的获取。这种反硝化抑制作用有助于提升土壤氮素保留能力。

综上所述, 不同改良剂通过特异性理化机制显著降低了有效态镉铜的含量。土壤理化条件的改变引发了微生物群落结构的重组, 进而改变了金属转运蛋白表达、DNA复制与氮循环功能。生石灰和磷酸二氢钙增强了固氮与反硝化过程, 而硅酸钠和海泡石则通过抑制反硝化菌群数量表现出一定的反硝化抑制效应, 有助于氮素的保留。土壤改良剂通过影响土壤理化性质、微生物群落结构、功能基因表达、生态功能的多层联动机制, 驱动了微生物对重金属胁迫的适应性响应, 并在此基础上重塑了土壤氮循环过程, 体现出污染修复与功能重建的协同效应。

参考文献:

- [1] TIAN J H, DUNFIELD K, CONDRON L. Biological cycling of nitrogen and phosphorus in soils[J]. Plant and Soil, 2024, 498(1): 1-4.
- [2] ELRYS A S, UWIRAGIYE Y, ZHANG Y H, et al. Expanding agroforestry can increase nitrate retention and mitigate the global impact of a leaky nitrogen cycle in croplands[J]. Nature Food, 2023, 4(1): 109-121.
- [3] VITOUSEK P M, CASSMAN K, CLEVELAND C, et al. Towards an ecological understanding of biological nitrogen fixation[J]. Biogeochemistry, 2002, 57(1): 1-45.
- [4] MA S Y, QIAO L K, LIU X X, et al. Microbial community succession in soils under long-term heavy metal stress from community diversity-structure to KEGG function pathways[J]. Environmental Research, 2022, 214: 113822.
- [5] GUO Y F, CHENG S L, FANG H J, et al. Copper and cadmium co-contamination affects soil bacterial taxonomic and functional attributes in paddy soils[J]. Environmental Pollution, 2023, 329: 121724.
- [6] LI Z L, TANG Z, SONG Z P, et al. Variations and controlling factors of soil denitrification rate[J]. Global Change Biology, 2022, 28(6): 2133-2145.
- [7] GUO Y F, CHENG S L, FANG H J, et al. Copper and cadmium co-contamination increases the risk of nitrogen loss in red paddy soils[J]. Journal of Hazardous Materials, 2024, 479: 135626.
- [8] 赵梦婕, 魏祥东, 吴锦标, 等. 铁锰改性海泡石的表征及其对锑污染土壤的修复效果[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2023, 49(1): 86-93.
- [9] 高佳, 李奇洳, 杨富淋, 等. 不同碳源对金属矿山废弃地土壤微生物群落及修复效应的影响[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(3): 79-89.
- [10] CAI T, LIU X L, ZHANG J C, et al. Silicate-modified oiltea camellia shell-derived biochar: a novel and cost-effective sorbent for cadmium removal[J]. Journal of Cleaner Production, 2021, 281: 125390.
- [11] GRIFFITHS B S, PHILIPPOT L. Insights into the resistance and resilience of the soil microbial community[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2013, 37(2): 112-129.
- [12] VANCE E D, BROOKES P C, JENKINSON D S. An extraction method for measuring soil microbial biomass C[J]. Soil Biology and Biochemistry, 1987, 19(6): 703-707.
- [13] SONG J W, SHEN Q L, WANG L, et al. Effects of Cd, Cu, Zn and their combined action on microbial biomass and bacterial community structure[J]. Environmental Pollution, 2018, 243: 510-518.
- [14] ZHANG M P, WANG Z J, HUANG J C, et al. Salinity-driven nitrogen removal and its quantitative molecular mechanisms in artificial tidal wetlands[J]. Water

- Research, 2021, 202: 117446.
- [15] MAGOĆ T, SALZBERG S L. FLASH: fast length adjustment of short reads to improve genome assemblies[J]. Bioinformatics, 2011, 27(21): 2957–2963.
- [16] CHEN S F, ZHOU Y Q, CHEN Y R, et al. Fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor[J]. Bioinformatics, 2018, 34(17): i884–i890.
- [17] BOLYEN E, RIDEOUT J R, DILLON M R, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37: 852–857.
- [18] CALLAHAN B J, MCMURDIE P J, ROSEN M J, et al. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data[J]. Nature Methods, 2016, 13(7): 581–583.
- [19] DOUGLAS G M, MAFFEI V J, ZANEVELD J R, et al. PICRUSt2 for prediction of metagenome functions[J]. Nature Biotechnology, 2020, 38: 685–688.
- [20] 孙迪, 陈灿, 龚意辉, 等. 海泡石在农产品及水体重金属污染修复中的研究进展[J]. 生命科学研究, 2024, 28(1): 83–94.
- [21] TIAN W, LI Z X, GONG K X, et al. Sodium silicate improves cucumber seedling growth and substrate nutrients and reduces heavy metal accumulation in plants[J]. Horticulturae, 2023, 9(9): 988.
- [22] SONG B, ZENG G M, GONG J L, et al. Evaluation methods for assessing effectiveness of in situ remediation of soil and sediment contaminated with organic pollutants and heavy metals[J]. Environment International, 2017, 105: 43–55.
- [23] BOLAN N S, ADRIANO D C, MANI P A, et al. Immobilization and phytoavailability of cadmium in variable charge soils. II. Effect of lime addition[J]. Plant and Soil, 2003, 251: 187–198.
- [24] 吕高明, 陈炳睿, 徐超, 等. 两种改良剂对矿区重金属污染土壤中Pb、Cd、Zn的固定效果[J]. 中南林业科技大学学报, 2011, 31(7): 140–144.
- [25] MA Q Y, LOGAN T J, TRAINA S J. Lead immobilization from aqueous solutions and contaminated soils using phosphate rocks[J]. Environmental Science & Technology, 1995, 29(4): 1118–1126.
- [26] SONG J W, SHEN Q L, SHI J C, et al. Changes in microbial community structure due to chronic trace element concentrations in different sizes of soil aggregates[J]. Environmental Pollution, 2021, 268: 115933.
- [27] NEVERISKY D L, ABBOTT G W. Ion channel-transporter interactions[J]. Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology, 2015, 51(4): 257–267.
- [28] ZHENG X A, JIANG J R, WANG C, et al. NRAMP6c plays a key role in plant cadmium accumulation and resistance in tobacco(*Nicotiana tabacum* L.)[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2024, 271: 115885.
- [29] CAVALCANTI LUNA M A, VIEIRA E R, OKADA K, et al. Copper-induced adaptation, oxidative stress and its tolerance in *Aspergillus niger* UCP1261[J]. Electronic Journal of Biotechnology, 2015, 18(6): 418–427.
- [30] LANDI L, RENELLA G, MORENO J L, et al. Influence of cadmium on the metabolic quotient, L- : D-glutamic acid respiration ratio and enzyme activity : microbial biomass ratio under laboratory conditions[J]. Biology and Fertility of Soils, 2000, 32(1): 8–16.
- [31] FENG G, XIE T, WANG X, et al. Metagenomic analysis of microbial community and function involved in Cd-contaminated soil[J]. BMC Microbiology, 2018, 18(1): 11.
- [32] MASON-JONES K, BREIDENBACH A, DYCKMANS J, et al. Intracellular carbon storage by microorganisms is an overlooked pathway of biomass growth[J]. Nature Communications, 2023, 14: 2240.
- [33] REX D, CLOUGH T J, RICHARDS K G, et al. Impact of nitrogen compounds on fungal and bacterial contributions to denitrification in a pasture soil[J]. Scientific Reports, 2019, 9: 13371.
- [34] ZHAO Y X, ZHANG J S, CHEN Z H, et al. Bio-promoter mediated denitrification recovery from Cd(II) stress: microbial activity resilience, electron behavior enhancement and microbial community evolution[J]. Bioresource Technology, 2024, 402: 130780.
- [35] DAI L M, LI J H, ZHANG J X, et al. The Pb capture mechanism of soil prophylactic agents prepared from phosphorus tailings and the influence of phosphorus speciation on its slow-release mechanism[J]. Science of the Total Environment, 2024, 955: 176996.
- [36] VATTEM D A, MAITIN V, RICHARDSON C R. Evaluation of antibacterial and toxicological effects of a novel sodium silicate complex[J]. Research Journal of Microbiology, 2012, 7(3): 191–198.
- [37] HAMID Y, TANG L, HUSSAIN B, et al. Sepiolite clay: a review of its applications to immobilize toxic metals in contaminated soils and its implications in soil-plant system[J]. Environmental Technology & Innovation, 2021, 23: 101598.

责任编辑: 邹慧玲
英文编辑: 柳正