赵清英,谭 昭,李文杰,等.锑尾矿中细菌群落对环境变量的差异性响应研究 [J]. 中国环境科学, 2025,45(9):5035-5047.
Zhao Q Y, Tan Z, Li W J, et al. Study on the differential responses of bacterial community in antimony tailings to environmental variables [J]. China Environmental Science, 2025,45(9):5035-5047.

锑尾矿中细菌群落对环境变量的差异性响应研究

赵清英[1,2],谭 昭[3],李文杰[1],张泽民[1],关 潇[1*],李金花[2] (1.中国环境科学研究院生态研究所,北京 100012；2.兰州大学生态学院,甘肃 兰州 730000；3.泰州市环境监测中心站,江苏 泰州 225300)

摘要：选择西北和西南两个地区具有代表性的 Sb 尾矿探究了覆土和裸露模式下 Sb 和砷(As)迁移特性及细菌群落变化.结果表明,晴隆尾矿中 Sb-As 全量显著高于西和覆土尾矿,Sb 全量为 21.90~29.35 倍,As 全量为 20.23~39.26 倍.地积累指数法(I_{geo}),次生相与原生相比值法(RSP)表明,晴隆尾矿中 Sb-As 的 I_{geo} 与 RSP 指数均大于 3,属于偏重污染程度;西和覆土尾矿中 Sb 和 As 的 I_{geo} 指数均小于 3,RSP 指数均小于 2,污染水平相对较低.Wenzel 连续提取结果表明,整体 Sb-As 形态分布为无定型铁铝氧化物结合态(F3)>残渣态(F5)>晶质铁铝氧化物结合态(F4)>专性吸附态(F2)>非专性吸附态(F1);F3 分别占 Sb-As 全量的 36.91%和 37.00%;晴隆尾矿中有效态 Sb[Sb(Bio)]和有效态 As [As(Bio)]显著高于西和覆土尾矿,而且 Sb-As 主要以 F3 赋存;西和覆土尾矿中 Sb-As 主要以 F5 赋存.主成分分析(PCoA)与相似性分析(ANOSIM)表明,不同环境介质中细菌群落结构具有异质性.晴隆尾矿的优势菌门包括 Chloroflexi 和 Firmicutes,属水平上以 *Kaistobacter*、*Pseudomonas* 和 *Rhodoplanes* 为主,西和覆土尾矿中 Gemmatimonadetes 和 Bacteroidetes 为重要组成部分,属水平以 *Thiobacillus*, *Kaistobacter* 和 *Sphingomonas* 为主;*Thiobacillus*, *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Geobacter* 和 *Sphingomonas* 为长期 Sb-As 污染环境富集的关键细菌类群,有望应用于 Sb 尾矿的原位生态修复.PICRUSt2 功能预测与偏最小二乘判别分析(PLS-DA)表明,细菌的功能类群变化主要表现为特定代谢功能的富集(约占 40.66%).Spearman 相关性,冗余分析(RDA)和随机森林(RF)分析表明,pH 值,SOM 和 WAF 是西和覆土尾矿细菌群落变化的主要驱动因素,Sb-As 及其化学形态是晴隆尾矿细菌群落结构及功能变化的主要驱动因素.

关键词：锑砷共污染；化学形态；细菌群落分析；功能预测
中图分类号：X53 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2025)09-5035-13

Study on the differential responses of bacterial community in antimony tailings to environmental variables. ZHAO Qing-ying[1,2], TAN Zhao[3], LI Wen-jie[1], ZHANG Ze-min[1], GUAN Xiao[1*], LI Jin-hua[2] (1.Institute of Ecology, Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012, China；2.College of Ecology, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China；4.Taizhou Environmental Monitoring Central Station, Taizhou 225300, China). *China Environmental Science*, 2025,45(9)：5035~5047

Abstract：Representative Sb tailings from the northwest and southwest regions were selected to investigate the migration characteristics of Sb and arsenic (As), as well as changes in microbial community under both covered and exposed conditions. The results showed that the total concentrations of Sb-As in the Qinglong tailings were significantly higher than those in the Xihe soil-covered tailings, with Sb levels being 21.90~29.35 times higher and As levels 20.23~39.26 times higher. The index of Geo-accumulation (I_{geo}) and the Ratio of secondary phase to primary phase (RSP) indicated that the Qinglong tailings Sb-As contamination index was greater than 3, which belongs to severe contamination, the exposure of Sb-As thus poses a considerable threat to the soil environment. In contrast, the I_{geo} index for Sb-As in the Xihe soil-covered tailings were both <3, and RSP values was <2, indicating a relatively low level of contamination. Using the Wenzel sequential extraction method, the distribution of Sb-As fractions was found to follow the order: amorphous iron-aluminum oxide-bound fraction (F3)>residual fraction (F5)>crystalline iron-aluminum oxide-bound fraction (F4)>specifically adsorbed fraction (F2)>non-specifically adsorbed fraction (F1). F3 accounted for 36.91% and 37.00% of the total Sb-As contents, respectively. The bioavailable forms of Sb [Sb(Bio)] and As [As (Bio)] were significantly higher in the Qinglong tailings than in the Xihe soil-covered tailings. In Qinglong, Sb-As primarily occurred in the F3fraction, whereas in Xihe, they were mainly associated with the F5fraction.Principal coordinates analysis(PCoA) revealed that bacterial community structure varied across different environmental media. The dominant bacterial phyla in the Qinglong tailings were Chloroflexi and Firmicutes, with *Kaistobacter*, *Pseudomonas*, and *Rhodoplanes* as the predominant genera. In the Xihe soil-covered tailings, Gemmatimonadetes and Bacteroidetes were significant components, and *Thiobacillus*, *Kaistobacter*, and *Sphingomonas* were the dominant genera. *Thiobacillus*, *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Geobacter*, and *Sphingomonas* were identified

收稿日期：2025-02-14
基金项目：国家重点研发计划项目(2020YFC1807704)
* 责任作者, 正高级工程师, guanxiaocynthia@126.com

as key bacterial taxa enriched in long-term Sb-As contaminated environments, indicating their potential for application in in-situ ecological restoration of Sb tailings. The functional prediction using PICRUSt2 and Partial least squares discriminant analysis(PLS-DA)suggested that bacterial functional changes were primarily characterized by the enrichment of specific metabolic functions, accounting for approximately 40.66% of the total predicted functions.Spearman correlation analysis, Redundancy analysis (RDA), and Random forest (RF) analysis revealed that pH, soil organic matter (SOM), and water content (WAF) were the main drivers of bacterial community changes in the Xihe soil- covered tailings, while Sb-As concentrations and their chemical fractions were the main drivers of bacterial community structure and functional variation in the Qinglong tailings.

Key words：atimony and arsenic co-contamination；geochemical fractions；bacterial community analysis；function prediction

锑(Sb)与砷(As)属于元素周期表中第 5 主族(第 15 组)的类(准)金属元素,具有相似的地球化学特性,以硫化物和氧化物形态共存,被欧盟和美国环境保护协会列为全球污染物和优先控制污染物[1-3].Sb−As 作为伴生元素,二者之间的相关系数高达 0.80,在绝大多数锑矿区及其周边环境中均已报道了不同程度的 Sb−As 共污染[4].我国已发现锑矿约 617 处,分别位于广西,贵州和甘肃等 18 个省[5-6].锑矿采选和冶炼过程产生的废石大量露天堆存,可能导致 Sb 及其他重(类)金属在淋溶,风化等作用下释放到环境中造成污染.据报道,Sb 矿区周边环境土壤中 Sb 污染可达 5000mg/kg 以上[7-9].我国锑尾矿目前多采取堆存方式进行处置[10],尾矿中重(类)金属和放射性元素等有毒成分的释放对生态环境造成严重危害,成为矿区生态修复面临的重大环境挑战[11-13].因此,有必要采取适当的尾矿管理措施以降低环境风险.客土覆盖可以将尾矿与外界环境隔离,防止尾矿风化并减少有毒物质向周围环境迁移,对尾矿的生态环境修复具有重要意义[14-15].然而,雨水淋滤,风化和微生物相互作用等过程也容易使复垦土壤受到来自下层重(类)金属的污染,从而给尾矿生态恢复带来不利影响[16].

微生物是生态系统中重(类)金属元素转化和迁移的关键生物,并在不利环境中形成了重(类)金属抗性,细胞内积累和胞外沉淀等一系列抗性生存策略,使其能够快速适应并在尾矿恶劣环境中存活[17-18].因此,利用原位微生物来降低有毒重(类)金属影响的生态修复策略备受关注[19].据报道,在碱性铁矿石尾矿中,Acidithiobacillus ferrooxidans 的生物地球化学功能为开发基于微生物的生态修复工程技术提供了基础[20].Sb 的生物毒性与其存在形态密切相关,通常为 Sb(III)>Sb(V)>甲基 Sb,Sb(III)的毒性是 Sb(V)的 10 倍[21].而微生物介导 Sb 转化可以降低其毒性,流动性和生物利用度[22-23].例如,从污染矿区中分离出来的 Stibiobacter senarmontii[24],Thiobacillus ferrooxidans[25]以及 Agrobacterium tumefaciens 5A[26]等 Sb 氧化菌,可将毒性较高的 Sb(III)氧化成毒性较低的 Sb(V).另外, Sb 污染会对微生物 DNA 造成损害并产生氧化应激从而导致微生物组成变化与多样性降低[27-29].同时研究指出,Sb 污染环境中富集微生物存在 Sb 转化潜能,具有 Sb 金属解毒或从环境中去除 Sb 能力的微生物逐渐发展成为优势种,这些优势菌种有望促进尾矿 Sb 固定,营养元素累积和植被定殖等生态修复过程[19].因此,有必要探索 Sb 尾矿中存在的抗性微生物,并应用于生态修复.

目前对于覆土和裸露模式下尾矿中 Sb−As 迁移特性及细菌群落变化的影响尚不清楚.因此,在本研究中选择西北和西南两个地区具有代表性的 Sb 尾矿作为研究对象,探究覆土和裸露模式下 Sb−As 在尾矿中的分布特征及污染状况,对比分析覆土和裸露模式下尾矿中的细菌群落结构及功能特征,识别与 Sb 尾矿细菌群落变化相关的主导环境因素.本研究结果将为 Sb 矿尾矿细菌修复研究提供更有针对性的科学参考.

材料与方法

1.1 研究区概况与样品采集

选择西北和西南两个地区具有代表性的 Sb 尾矿作为研究区.西北西和县锑矿 Sb 储量 14.9 万 t,占全国储量 8%,境内平均海拔 1692m,年平均降水量 533mm,年平均气温 8.4℃.西南晴隆县锑矿是世界三大锑矿之一,因企业改制等原因从 2005 年起停产至今.境内平均海拔 1812.49m,年平均降雨量 1460.00mm,年平均气温 14.10℃.现场调查发现,尾矿堆积区未采取防渗,固化等有效防护措施.依据《矿山生态环境保护与恢复治理技术规范(试行)》(HJ 651−2013)[30]与《土壤环境监测技术规范》(HJ/T

166−2004)[31]要求,结合研究区域地形共布设采样点位(图 1),每个点位采用五点法取样,取 0~20cm 的表层土壤均匀混合,共采集 12 个土壤样品.一部分土壤样品用自封袋装好放入 4℃保温箱,带回实验室放在−80℃冰箱保存用于 16S rDNA 高通量测序,另外一部分土壤样品经过筛后测定土壤物理化学性质和 Sb−As 化学形态.在采样过程中,使用 GPS 精确记录样点位置.

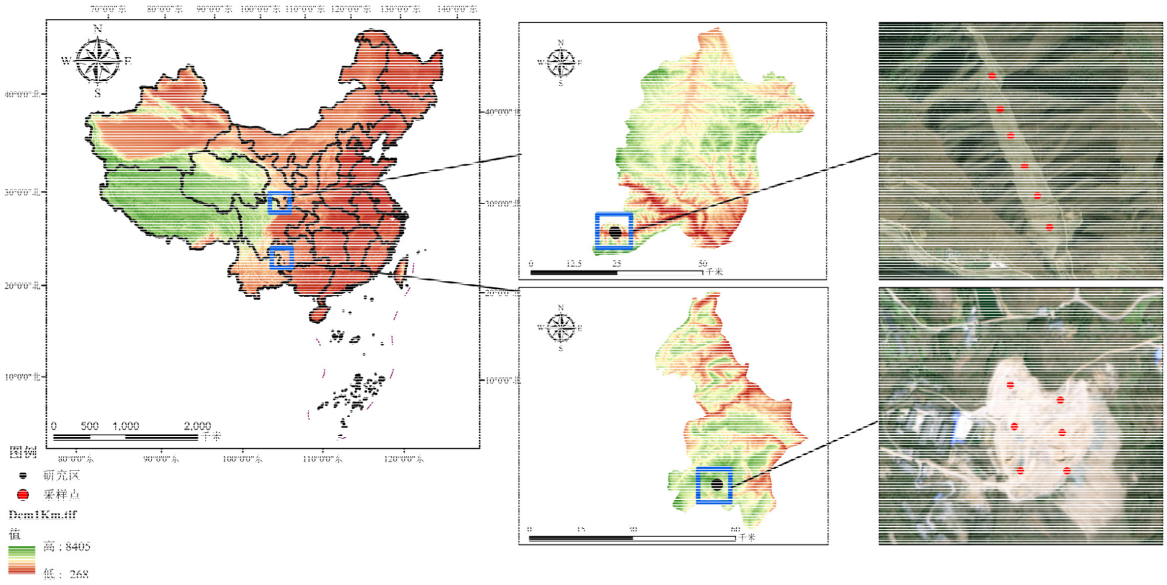


图 1　研究区地理位置及采样点空间分布

Fig.1　Geographical location of the study area and spatial distribution of sampling points

审图号 GS(2019)1882

1.2　物理化学性质测定

土壤 pH 值,氧化还原电位(Eh)和电导率(EC)用电位法测定[32],含水率(WAF)用重量法测定[33],阳离子交换容量(CEC)用分光光度法测定[34],有机质(SOM)用高温灼烧法测定[35],全氮(TN),全磷(TP)和全钾(TK)由自动元素分析仪法进行测定[36],锑[Sb(tot)]和砷[As(tot)]全量由原子荧光法测定(HJ 680−2013)[37].

1.3　Wenzel 连续提取法

通过 Wenzel 连续提取法获得[Sb(F1)](非专性吸附态 Sb),[Sb(F2)](专性吸附态 Sb),[Sb(F3)](无定型铁铝氧化物结合态 Sb),[Sb(F4)](晶质铁铝氧化物结合态 Sb)和[Sb(F5)](残渣态 Sb);[As(F1)](非专性吸附态 As),[As(F2)](专性吸附态 As),[As(F3)](无定型铁铝氧化物结合态 As),[As(F4)](晶质铁铝氧化物结合态 As)和[As(F5)](残渣态 As)[38-39].

1.4　DNA 提取及高通量测序

样本基因组 DNA 提取采用 CTAB 法,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度和浓度,取适量的样品于离心管中,使用无菌水稀释样品至 1ng/μL[40].采用 341F(5’−CCTAYGGGRBGCASCAG−3’),806R(5’−GGACTACNNGGGTATCTAAT−3’)引物对细菌 V3+V4 可变区进行 PCR 扩增,用 341F(5’AICCATTCAATCGGTAIT−3’)[40].根据 PCR 产物浓度进行等量混样,充分混匀后使用 1xTAE 2%浓度的琼脂糖凝胶电泳纯化 PCR 产物,对目的条带使用 Universal DNA(TianGen, China)纯化回收试剂盒进行回收[41].使用 NEB Next® Ultra DNA Library Prep Kit 建库试剂盒进行文库构建,将构建好的文库使用安捷伦 5400 进行检测和 Q−PCR 定量;待文库合格后,使用 NovaSeq 6000 进行上机测序运用 QIIME2dada2 插件进行质控,修剪,去噪,拼接以及去除嵌合体后得到最终的特征序列表格[40-42].

1.5　Sb−As 污染程度评价方法

1.5.1　地积累指数法(I_{geo})　主要利用重(类)金属浓度与背景值的关系来描述污染程度[43-46].计算公式如下:

$$I_{geo}=\log_2\left[\frac{C_n}{k}\times B_n\right] \tag{1}$$

式中:I_{geo} 为重(类)金属元素的地积累指数,无量纲;

Cn 为某测量元素的含量,mg/kg;Bn 为土壤中该元素的背景值,mg/kg;k 为岩石成因效应,无量纲,取值为 1.5.

1.5.2 次生相与原生相比值法(RSP) 次生相即除残渣态以外的形态,原生相即残渣态[47].计算公式如下:

$$RSP=\frac{M_{sec}}{M_{prim}} \quad (2)$$

式中:RSP 为污染程度;Msec 为次生相重(类)金属含量,以可提取态(F1+F2+F3+F4)计算,mg/kg;M_{prim} 为原生相重(类)金属含量,原生相以残渣态(F5)计算,mg/kg.

地积累指数法(I_{geo})和次生相与原生相比值法(RSP)分级标准如表 1 所示.

表 1 I_{geo} 和 RSP 分级标准

Table 1 Classification standards of I_{geo} and RSP

地积累指数法			次生相与原生相比值法	
I_{geo}	污染等级	污染程度	RSP	污染程度
≤0	0	清洁	<1	无污染
0~1	1	轻度污染	1~2	低污染
1~2	2	偏中污染	2~3	中度污染
2~3	3	中度污染	≥3	严重污染
3~4	4	偏重污染	–	–
4~5	5	重度污染	–	–
>5	6	严重污染	–	–

注:–为无具体数值.

1.6 数据处理与分析

采用 Kruskal–Wallis 检验(K–W 检验),Stamp 分析和单因素方差分析(ANOVA)评估西和(XH)与晴隆(QL)尾矿各环境变量以及细菌群落参数的差异.用 PICRUSt2 对细菌代谢功能进行预测.使用主成分分析(PCoA)和偏最小二乘判别分析(PLS–DA)分析细菌群落的 β 多样性与功能差异,并使用相似性分析(ANOSIM)检验显著性.使用 Spearman 相关分析,冗余分析(RDA)和随机森林分析(RF)确定细菌群落与环境变量之间的关系.图由 ArcGIS 10.2.2, Origin2022 和 R–3.6.2 软件绘制.

2 结果与分析

2.1 Sb–As 污染及其化学形态分布特征

西和与晴隆尾矿的物理化性质统计分析如表 1 所示.尾矿区整体土壤 pH 值,SOM,EC,CEC,Eh, WAF,TN,TP 和 TK 的平均值分别为(7.36±1.47), (17.82 ± 7.57)g/kg,(280.80 ± 122.32)μS/cm,(13.94 ± 5.99)cmol/kg,(380.21 ± 125.17)mV,(16.99 ± 7.70)%, (1.12 ± 0.44)g/kg,(1.29 ± 1.08)g/kg 和 (14.07±5.96) g/kg.西和与晴隆尾矿 pH 值, SOM, EC,CEC,Eh,WAF, TN,TP 和 TK 值均存在显著差异 (P<0.05).

表 2 研究区土壤物理化学性质

Table 2 Physicochemical properties of samples in different functional areas

尾矿区	pH 值	SOM(g/kg)	EC(μS/cm)	CEC(cmol/kg)	Eh(mV)	WAF(%)	TN(g/kg)	TP(g/kg)	TK(g/kg)
QL	6.48±1.65a	21.69±9.19a	317.42±84.98a	16.05±3.27a	495.42±67.08a	25.02±2.27a	1.18±0.55a	2.07±1.06a	14.07±7.44a
XH	8.52±0.24b	13.95±0.51	244.17±141.49b	15.33±3.40b	265.00±17.03b	12.80±3.11b	1.07±0.29b	0.51±0.05b	14.06±3.97b

注:同小写字母表示两个尾矿之间存在显著差异(P<0.05).

研究区土壤中 Sb 和 As 全量如图 2a 所示.Sb(tot) (168.03~13558.77mg/kg) 和 As(tot)(20.37~1571.50mg/kg)总量均超过《土壤环境质量建设用地土壤环境污染风险管理标准(试行)》(GB 36600–2008)中的第二类管制值(Sb:360.00mg/kg,As: 140.00mg/kg)[48].晴隆尾矿 Sb 和 As 全量分别为 4932.51~13558.77mg/kg 和 799.74~1571.50mg/kg,西和覆土尾矿 Sb 和 As 全量分别为 168.03~ 619.05mg/kg 和 20.37~77.68mg/kg. 利用 Wenzel 法连续提取测定 Sb–As 的化学形态.整体上,尾矿中 Sb–As 形态主要分布为 F3>F5>F4> F2>F1,F3 分别占 Sb–As 总含量的 36.91%和 37.00%, F5 分别为 36.92%和 34.60%,F4 分别为 30.51%和 22.91%,F2 分别为 0.71%和 3.10%,F1 分别为 0.16%和 0.24%(图 2b).有毒(类)金属的环境风险取决于其生物有效性,确定(类)金属在不同化学形态中的分布特征至关重要.因此,根据各化学形态的特征将 F1 与 F2 定义为有效态[有效态锑:Sb(Bio);有效态砷 As(Bio)],分析了 Sb–As 在尾矿中的迁移性和生物有效性特征.西和覆土尾矿中 Sb 形态分布为 Sb(F5)> Sb(F3)>Sb(F4)>Sb(Bio), As 形态分布为 As(F5)> As(F3)>As(F4)>As(Bio);晴隆尾矿中 Sb 形态分布为 Sb(F3)>Sb(F4)>Sb(F5)>Sb(Bio),As 形态分布为

As(F3)>As(F5)>As(F4)>As (Bio)(P<0.05)(图 2a).

进一步利用地积累指数法(I_{geo})和次生相与原生相比值法(RSP)评估其污染程度,结果如图 2c 所示.晴隆尾矿 I_{geo} 与 RSP 指数均大于 3,属于偏重污染程度,其中 Sb 因其较强的生态效应发挥了最重要的作用(各采样点 RSP 指数均大于 5).西和覆土尾矿 Sb 和 As 的 I_{geo} 指数均小于 3,RSP 指数均小于 2,污染水平较低.

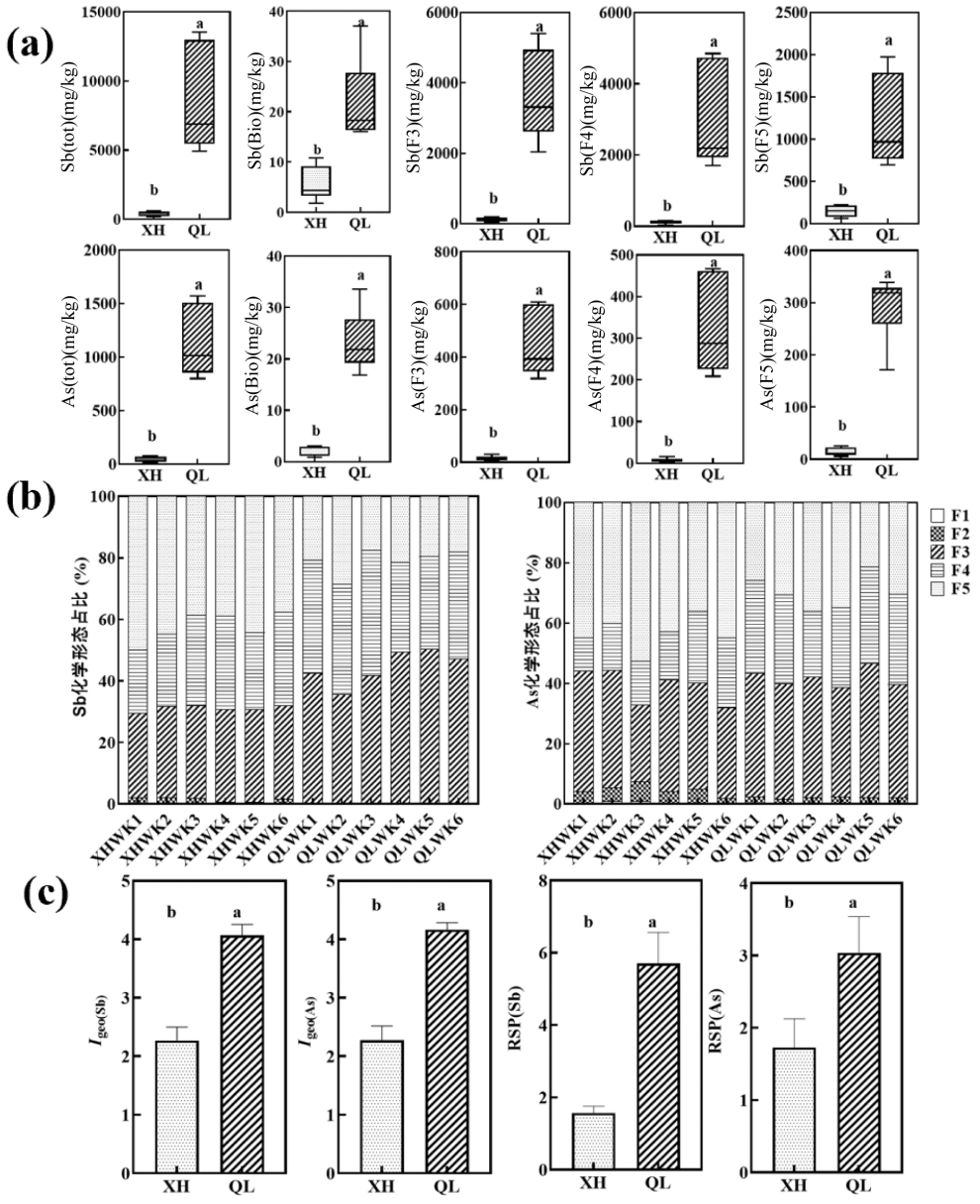


图 2　Sb−As 全量化学形态分布及污染程度

Fig.2　Geochemical fractions distribution and contamination degree of Sb−As

(a)Sb−As 全量与化学形态分布;(b)Sb−As 化学形态分布占比;(c)Sb−As 污染程度;不同小写字母表示两个尾矿之间存在显著差异(P<0.05)

2.2　细菌群落多样性与功能类群特征

利用 Illumina MiSeq 平台对土壤细菌 16S rRNA 基因进行高通量测序,以确定土壤细菌群落对 Sb−As 暴露的响应.由稀释曲线可以看出(图 3(a)),随随机抽样的测序深度增大各样品的稀释曲线趋向平缓,表明本次试验测序量充足.为了探索尾矿之间细菌群落的异同,分析了所有样品中的特有和共有 OTUs.维恩图(图 3(b))西和尾矿中的特有 OTUs(9303)数量高于晴隆尾矿(8866),两个尾矿中存在 1238 个共有 OTUs.Chao1 指数,Faith'PD 指数,Shannon 和 Simpson 指数表明西和覆土尾矿的细菌多样性普遍高于晴隆尾矿(图 3d).在晴隆尾矿中,Sb−As 可能是决定细菌群落多样性的主

导因素.基于 Bray-Curtis 距离的 PCoA 分析表征了细菌群落的β多样性,结果表明两个尾矿之间存在不同的细菌群落组成,其中 45.46%的方差由轴 PC1 解释,19.16%由 PC2 解释(图 3c).晴隆和西和覆土尾矿的细菌群落距离明显较远,表明 Sb-As 污染水平与客土覆盖对尾矿细菌群落产生了显著影响.

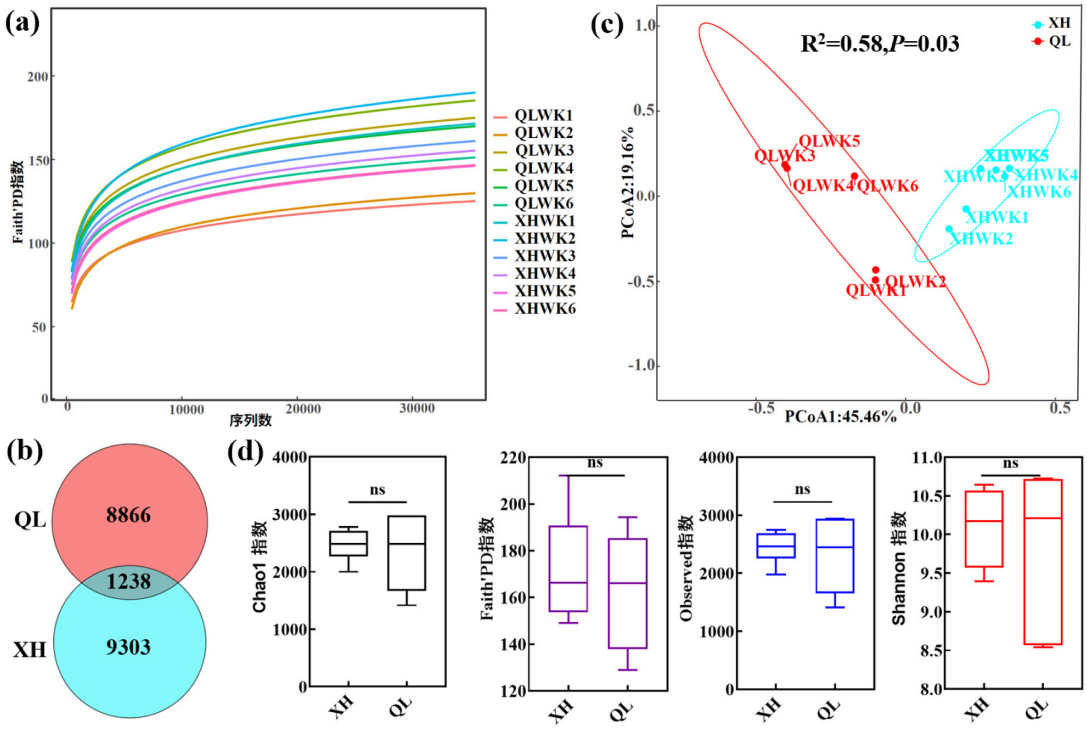


图 3 土壤细菌群落的丰富度和多样性特征

Fig.3 The richness and diversity characteristics of soil bacterial community

(a)相似度为 100%条件下各样本的稀释曲线;(b)共有或特有物种韦恩图;(c)基于 Bray Curtis 距离的细菌群落结构 PCoA 分析,显著性由相似性分析(ANOSIM)检验;(d)细菌群落 Alpha 多样性分析,ns 表示无显著差异

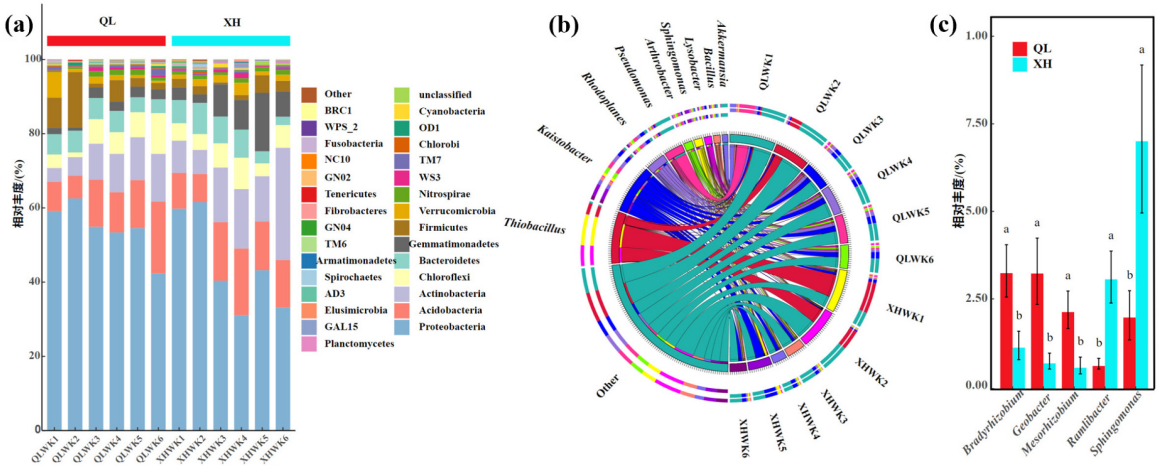


图 4 土壤细菌群落组成与分布特征

Fig.4 Soil bacterial community composition and distribution traits

细菌群落在门水平(a)和属水平(b)的组成与分布;细菌群落组成差异(c);不同小写字母表示两个尾矿之间存在显著差异(P<0.05)

在尾矿土壤中 Proteobacteria(44.84%~54.48%)是相对丰度最高的门,其次是 Acidobacteria (11.62%~12.82%), Actinobacteria (8.87%~14.72%), Chloroflexi(5.59%~5.84%),Firmicutes(2.32%~5.65%),

Bacteroidetes (5.08%~5.82%), Gemmatimonadetes (2.26%~7.51%), Verrucomicrobia (1.82%~2.05%)和 Nitrospirae(1.04%~1.06%)(图 4a).土壤优势细菌属包括 *Thiobacillus*(7.13%~35.86%),*Kaistobacter*(16.97%~20.36%),*Rhodoplanes*(4.14%~10.06%),*Pseudomonas*(1.27%~11.77%),*Arthrobacter*(3.81%~2.72%),*Sphingomonas*(1.77%~5.23%),*Lysobacter*(3.51%~2.01%),*Bacillus*(2.47%~2.92%),*Perlucidibaca*(0.40%~3.67%) 和 *Akkermansia* (0.04%~3.97%) (图 4b). *Bradyrhizobium*, *Geobacter*, *Mesorhizobium*, *Ramlibacter* 和 *Sphingomonas* 显示出对 Sb−As 水平的显著响应(图 4c). *Bradyrhizobium*, *Geobacter* 和 *Mesorhizobium* 在晴隆尾矿的相对丰度增加,高 Sb−As 水平进一步加强了西和与晴隆尾矿之间的差异.

基于 16S rRNA 测序基因序列通过 PICRUSt2 进一步预测由 Sb−As 引起的细菌功能变化,结果如图 5 所示.与 KEGG 代谢通路分析数据库进行比对,获得包括代谢 (Metabolism), 遗传信息处理 (Genetic Information Processing),环境信息处理(Environmental Information Processing)等六大类生物代谢途径(图 5a). 其他次级代谢产物的生物合成(Biosynthesis of other secondary metabolites), 异生素生物降解与代谢 (Xenobiotics biodegradation and metabolism),脂类代谢 (Lipid metabolism), Carbohydrate metabolism(碳水化合物代谢)和 Amino acid metabolism(氨基酸代谢)等代谢相关功能类群最为丰富,约占 40.66%(图 5a).在晴隆尾矿中其他次级代谢物的生物合成(Biosynthesis of other secondary metabolites)受到抑制,异生素生物降解与代谢(Xenobiotics biodegradation and metabolism)得到促进(图 5b).PLS−DA 分析显示,晴隆和西和覆土尾矿之间的各种代谢物存在显著差异,表明 Sb−As 污染水平和客土覆土显著干扰了土壤细菌代谢(VIP>1, P<0.05)(图 5c),为了应对环境胁迫,土壤细菌会调节其代谢过程.

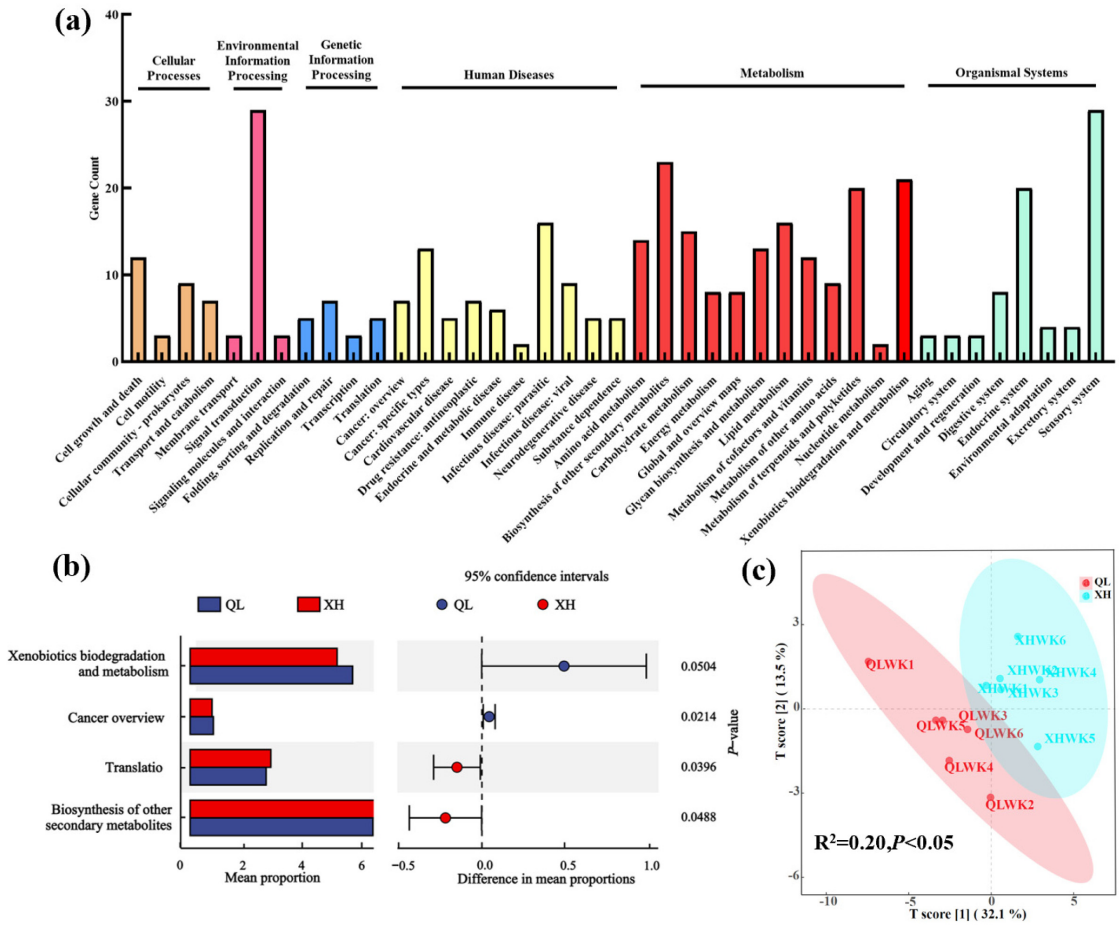


图 5　基于 PICRUSt 预测的细菌群落 KEGG 代谢通路分布特征与差异分析

Fig.5　PICRUSt−predicted KEGG metabolic pathway profiling and differential analysis of the bacterial community

(a)细菌群落 KEGG 代谢通路分布特征;(b)KEGG 代谢通路分布差异;(c)代谢通路偏最小二乘判别分析,显著性由相似性分析(ANOSIM)检验

2.3 环境变量与细菌群落的相关性

冗余分析(RDA)表明各环境变量解释了细菌群落总变异的 45.22%(门水平,图 6a)和 51.58%(属水平,图 6b). 其中 Sb(Bio),Sb(F3),Sb(F4),Sb(F5),Sb(tot),As(Bio),As(F3),As(F4),As(F5)和 Eh 对晴隆尾矿细菌群落变异有重要影响,pH 值对西和覆土尾矿细菌群落变异有重要影响.Spearman 相关性热图进一步证实了尾矿环境变量对特定细菌的贡献.结果表明,pH 值,TK,TP,Eh,WAF,SOM,Sb(tot)及其化学形态等变量与细菌群落的相关性最强(图 6b).具体而言,*Akkermansia*,*Pseudomonas* 与 Sb(tot),As(tot)及其化学形态呈显著正相关,*Lactobacillus* 与 Sb(Bio)呈显著正相关;*Acinetobacter*,*Devosia* 与 As(Bio)呈显著正相关;*Ramlibacter*,*Skermanella* 与 Sb(tot),As(tot)及其化学形态呈显著负相关(P<0.05).*Mycobacterium*, *Lysobacter*, *Rhizobium* 与 SOM 呈显著正相关(P<0.05).这些观察结果表明,尾矿中的细菌类群对环境变量表现出不同的反应,不同的细菌类群对 Sb−As 污染的敏感程度不同.细菌潜在功能与 Sb−As 之间的关系如图 6d 所示,Sb−As 对细菌的代谢功能(Metabolism)以及遗传信息过程(Geneticinformation processes)有负面影响.

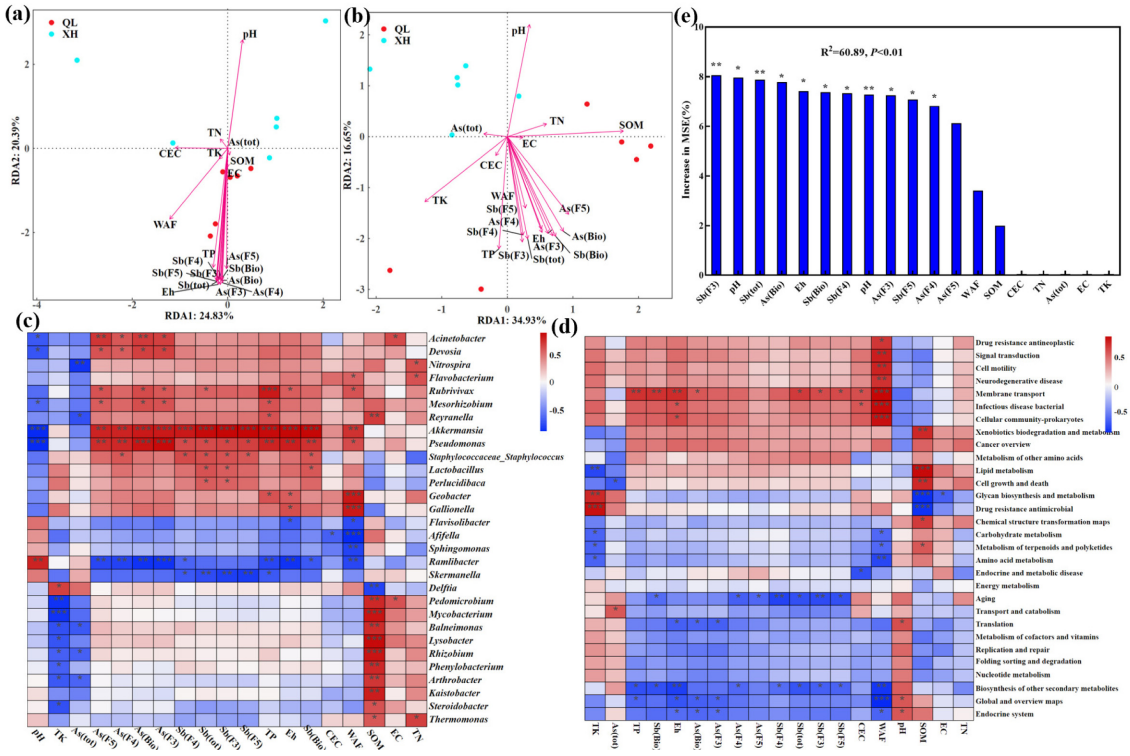


图 6 环境变量对土壤细菌群落组成与代谢功能的影响

Fig.6 The impact of environmental variables on the composition and metabolic functions of soil bacterial community

环境变量对门水平(a)和属水平(b)土壤细菌群落影响的 RDA 分析;环境变量对细菌群落结构(c)和代谢功能影响(d)的 Spearman 相关性分析;RF 分析评估环境变量对细菌群落 Chao1 指数的相对影响(%)(e);*表示 P<0.05,**表示 P<0.01,***表示 P<0.001

3 讨论

3.1 Sb−As 污染程度及形态迁移转化

本研究中西和尾矿的 pH 值为(8.25±0.24)覆盖表土的 pH 值为碱性,晴隆尾矿 pH 值为(6.48±1.65),存在弱酸性条件(表 2).这可能覆土措施可能有助于延缓下层尾矿的风化,氧化和雨水淋失,西和尾矿 pH 值略高于晴隆尾矿.所有尾矿样品的营养成分含量均较低,反映出尾矿的贫营养特性(表 2).两个不同尾矿样品中 Sb−As 全量存在显著差异.具体而言,晴隆尾矿中的 Sb 全量是西和覆土尾矿的 21.90~29.35 倍,As 全量为 20.23~39.26 倍.而且相比于西和覆土尾矿,Sb−As 在晴隆尾矿中的 F3 态占比较为显著(图 2b),F3 态在草酸等有机酸作用下可以通过与铁铝氧化物表面的 Sb 发生配位交换,促进 Sb 的解吸和溶解.另外,Sb−As 有效态部分作为一种生物可利用形式,

可能直接威胁当地的生态安全,晴隆尾矿有效态 Sb−As 的含量也高于西和覆土尾矿(图 2a).因此,Sb−As 在晴隆尾矿中具有更高的迁移性与生物可利用性(图 2).总体而言,西和覆土尾矿中 Sb−As 的全量,F3 态和有效态均低于晴隆尾矿,这可能是由于覆土措施改变了下层尾矿的氧化水平,WAF 和 pH 值等因素,从而避免了雨水和空气对尾矿的直接侵蚀,有利于减缓尾矿的风化及 Sb−As 污染物的有效性和迁移性.此外,晴隆尾矿土壤 I_{geo}(Sb)与 I_{geo}(As)指数均大于 3,各采样点 RSP 指数均大于 5,属于严重污染程度(图 2c).这表明 Sb−As 暴露对所选区域的土壤环境构成严重威胁,这与复杂的矿物组成和采矿工艺(矿物提取,加工,堆存方式等)密切相关,特别是尾矿中 Sb−As 的高全量与原始 Sb 矿中的类金属全量有关[51-52].之前有报道称 Cd,Pb 和 Zn 等重金属会随着毛细作用力和蒸腾作用向上迁移至覆土层[53],来自下层尾矿的重金属向上迁移可能会给表层土壤带来潜在生态环境风险.与这些重金属不同,自然界中的 Sb 较为稳定,其动员和释放通常由风化和氧化还原过程驱动.而且在进行客土覆盖后,西和尾矿中 Sb−As 的整体 I_{geo} 指数均小于 3,RSP 指数均小于 2,污染水平相对较低,土壤中 Sb(Bio)(5.60mg/kg)和 As(Bio) (1.76mg/kg)较低(图 2a,图 2c),主要以残渣态 F5 为主.因此,土壤和尾矿中的 Sb−As 难以活化和迁移,也难以通过雨水的淋滤对周边环境造成威胁.另外,尾矿区整体 RSP(Sb)指数大于 3,RSP(As)指数大于 2(图 2c),表明与 As 相比 Sb 更能进行长距离迁移,在研究区周围土壤中存在更大的生态风险,这与已有研究结果相似[54].

3.2　细菌群落结构及功能类群分布

多项研究均报道 Proteobacteria,Acidobacteria,Bacteroidetes,Chloroflexi 和 Firmicutes 在 Sb 污染相关土壤中属于优势菌门[55-57],表明这些细菌可能在抵抗 Sb 污染胁迫中具有重要的作用[58](图 4a).Proteobacteria 是细菌群落中主要的 Sb 耐受菌,具有 Sb(III) 氧化能力.Actinobacteriota 也被报道对 Sb(III)具有较高耐受性,同时其相关成员具有 Sb(III)氧化能力或参与 Sb 生物转化[57].在尾矿中富集了 *Thiobacillus*,*Kaistobacter*,*Rhodoplanes*,*Pseudomonas*,*Arthrobacter* 等细菌属(图 4b),其中 *Thiobacillus* 在整体体系中占比较大,表明其对 Sb 胁迫存在一定抗性,能在 Sb 环境中广泛存在.有研究证实 *Thiobacillus* 拥有抗锑操纵子,可以将 Sb_2S_3 氧化成 Sb(III)或将 Sb(III)氧化成 Sb(V),从而在 Sb 环境下保持高丰度[59],将 Sb(III)氧化成 Sb(V)降低了锑的生物毒性.*Pseudomonas* 为 Sb 氧化菌属有较高的 Sb 耐受性(图 4b),其抗性机制主要是以转运机制为主的浓度平衡体系和以氧化,还原和锑甲基化为主的形态转化的解毒体系[60].尾矿中可能在 Sb 生物地球化学中发挥重要作用细菌还包括 Firmicutes 中的 *Bacillus*(图 4b).*Bacillus* 对重(类)金属的吸收涉及多个作用机制,*Bacillus* 具有与细胞壁中的肽聚糖层相关的潜在活性化学吸附位点(如磷壁酸和羧基),是吸收重金属(类)的主要媒介[61].

尽管所有尾矿中最主要的门是一致的,但在不同 Sb−As 污染水平及覆土措施下,其他代表性门的相对丰度发生了变化.除 Proteobacteria, Acidobacteria 和 Actinobacteria 之外, Gemmatimonadetes 和 Bacteroidetes 是西和覆土尾矿的重要组成部分,Chloroflexi 和 Firmicutes 则是晴隆尾矿中的优势菌门.在属水平群落组成上, *Thiobacillus*, *Kaistobacter* 和 *Sphingomonas* 在西和覆土尾矿中占据主导地位,*Kaistobacter*, *Pseudomonas* 和 *Rhodoplanes* 则是晴隆尾矿中的优势细菌属.两个尾矿优势门与属的差异可能与细菌对不同 pH 值,客土覆土和 Sb−As 胁迫的适应能力不同有关.Li 等[62]发现,长期重(类)金属污染(Cd,As,Zn 和 Pb)会改变土壤细菌群落结构,这种变化主要表现为物种迭代.进一步 ANOVA 分析也表明细菌群落组成有较大差异,*Bradyrhizobium*,*Geobacter* 和 *Mesorhizobium* 菌属在晴隆尾矿相对丰度增加,而 *Sphingomonas* 在西和覆土尾矿中有较高的相对丰度(图 4c).研究表明,*Geobacter* 是一类由异养厌氧菌组成的属,*Geobacter* 能够参与 Sb(V),As (V),Cr (VI)和 Fe (III)等多种金属还原过程[63],基于 *Geobacter* 的微生物特性,探索尾矿中的 Sb 还原菌将有助于开发细菌修复技术.*Sphingomonas* 具有与 Sb−As 抗性相关的基因,对土壤重(类)金属污染具有修复作用[64-65].综上所述,Sb−As 污染水平及覆土措施引起尾矿细菌群落组成变化在门和属水平上均具有显著差异.

西和覆土尾矿细菌群落的 OTUs 数量和 α 多样性指数显著高于晴隆尾矿(图 3b,d).在晴隆尾矿

中,Sb−As 无疑是决定细菌群落多样性的主导因素,而且也缺乏温度,pH 值,营养物质和氧气等良好的生存条件.基于 Bray−Curtis 距离的 PCoA 可视化 β 多样性结果表明 Sb−As 水平及覆土措施显著改变了尾矿中的细菌群落结构(图 3c)这一观察结果与α多样性结果一致,表明不同环境介质中细菌群落结构具有异质性.在 Sb−As 污染土壤中,细菌的功能变化主要体现在代谢途径的调整和微生物群落的适应机制上,具体表现为特定代谢功能的富集(约占 40.66%),关键细菌类群的变化以及细菌对 Sb−As 胁迫的适应策略(图 5a).Sb 可以抑制细菌中关键酶的活性,这些酶在其他次级代谢物的生物合成(Biosynthesis of other secondary metabolites)的过程中起到重要作用,酶活性的抑制导致其他次级代谢物的生物合成 (Biosynthesis of other secondary metabolites)效率降低[66](图 5b).另外,Sb 污染会改变土壤细菌的群落结构,导致一些具有合成能力的细菌数量减少,从而抑制其他次级代谢物的生物合成(Biosynthesis of other secondary metabolites)[67].异生素的生物降解(Xenobiotics biodegradation and metabolism)生物降解和代谢可以增强细菌对重(类)金属胁迫的抗逆性,在一定程度上提高其在污染环境中的生存能力[68].根据以上结果,可以推测尾矿 Sb−As 全量,pH 值和客土覆盖形成的特殊环境等均可能影响细菌群落结构与功能的变化.

3.3 环境变量对土壤细菌群落的影响

pH 值,Eh,Sb−As 及其化学形态是尾矿细菌群落结构变化有重要影响,这与 RF 预测结果一致(R^2=60.89,P<0.01)(图 6e).Sb−As 的生物毒性不仅与其总量有关,而且在很大程度上取决于其生物有效性.在属水平上,Sb(Bio)和 As(Bio)对细菌群落结构的影响相似(图 6b).另外,Sb(F3)对细菌群落组成有重要影响,这可能是由于尾矿中 Sb−As 主要以 F3 存在有关(图 6e).此前的研究表明,pH 值在塑造细菌群落中起着至关重要的作用,pH 值可以调节有毒金属的浸出及营养物质的转化.*Akkermansia*,*Pseudomonas* 等菌属与 pH 值呈显著负相关关系(图 6c),这可能与这些细菌对尾矿 pH 值的偏好有关.土壤 pH 值能够调控土壤细菌的种群结构和组成(图 6),进而影响 Sb 的形态.另外,pH 值也影响着铁锰氧化物和腐殖酸等对 Sb(Ⅲ)形态的氧化速度[50].*Akkermansia*, *Pseudomonas*, *Lactobacillus*, *Staphylococcaceae_Staphylococcus* 与 Sb(Bio)呈显著正相关,*Acinetobacter*, *Devosia* 与 As(Bio)呈显著正相关(P<0.05).表明这些细菌属能在高 Sb 污染环境下富集,同时这些细菌可能具有 Sb−As 抗性或在其生物地球化学循环中具有潜在关键作用.值得注意的是,*Pseudomonas* 不仅与 Sb(tot),As(tot)及其各种化学形态呈极为显著正相关,而且还是晴隆尾矿中的优势菌属(图 4C).目前已有报道在不同矿区土壤样品中分离得到 *Pseudomonas* 等 36 株耐 Sb 菌,能通过氧化作用降低 Sb 的毒性,迁移性和生物利用度[67].另外,*Pseudomonas* 也含有 *Pseudomonas arsenitoxidans*[68]和 *Pseudomonas putida*[69]等能够氧化 As(III)的物种.*Lactobacillus* 与 Sb(Bio)呈显著正相关(图 6c),这与黄博聪等[70]研究结果一致.在典型 Sb 矿区土壤中 *Lactobacillus* 可以通过降低 Sb 的生物有效性,从而减少水稻对重金属的吸收与积累[71].*Ramlibacter* 与 As(tot)及其化学形态呈显著负相关,*Skermanella* 与 Sb(tot)及其化学形态呈显著负相关(P<0.05)(图 6c),这可能归因于这些 Sb−As 对该菌属的毒性作用.研究显示重(类)金属污染显著影响微生物群落功能基因的相对丰度[72].PICRUSt 预测结果表明,土壤中细菌的活性生物过程和脂类代谢,碳水化合物代以及谢氨基酸代谢有关(图 5a),并且这些代谢过程受到土壤环境因素的影响,这与前人的研究结果一致[73].细菌在应对重(类)金属胁迫的过程中,细胞内的碳水化合物代谢,脂质和氨基酸代谢,金属结合特性蛋白和细胞转运蛋白等有关基因的表达量和代谢过程会增多,还会关闭碳水化合物转运体并增加疏水性氨基酸的比例[74].微生物在应对重(类)金属胁迫的过程中涉及碳代谢和有机修复功能的基因有较高的丰度,这意味着细菌群落可能在高重(类)金属环境中通过调整能量消耗和有机修复能力来适应不利环境[75].Sb−As 污染对细菌代谢功能多为抑制作用,Sb(Bio)与其他次级代谢物的生物合成 (Biosynthesis of other secondary metabolites)呈显著负相关(图 6d),这与 ANOVA 分析结果一致(图 6c).Sb 抑制细胞代谢功能和遗传信息传递的机制可能是因为有效态的类金属元素可以穿透细胞膜,与酶上的氨基酸结合或取代细胞中的必需金属离子,从而抑制参与细胞代谢的酶活性或诱导 DNA 和蛋白质损伤[76-77].

Sb(Bio)和 As(Bio)与环境信息处理功能(包括膜转运)之间的显著正相关(图 6d),进一步表明细菌可能会产生抗性,并通过增加类金属离子的转运和排泄机制适应 Sb−As 污染环境.这些发现揭示了 Sb−As 对细菌多样性和功能类群的毒性压力,但同时细菌形成的多种抗性生存策略能够快速适应尾矿环境.

4　结论

4.1　晴隆尾矿中 Sb−As 全量显著高于西和覆土尾矿.晴隆尾矿中 Sb−As 的 I_{geo} 与 RSP 指数均大于 3,其中 Sb 因其较强的生态效应发挥了重要作用;西和覆土尾矿中 Sb 和 As 的 I_{geo} 指数均小于 3,RSP 指数均小于 2,污染水平较低.

4.2　尾矿覆土有助于降低 Sb−As 有效态和迁移性.晴隆尾矿 Sb(Bio)与 As(Bio)显著高于西和覆土尾矿,而且 Sb−As 主要以 F3 赋存;西和覆土尾矿中 Sb−As 主要以 F5 赋存.

4.3　PCoA 分析表明两个尾矿具有明显不同的微生物群落组成.晴隆尾矿的优势菌门包括 Chloroflexi 和 Firmicutes,属水平上以 *Kaistobacter*, *Pseudomonas* 和 *Rhodoplanes* 为主,西和覆土尾矿中 Gemmatimonadetes 和 Bacteroidetes 为重要组成部分,属水平以 *Thiobacillus*,*Kaistobacter* 和 *Sphingomonas* 为主.西和覆土尾矿细菌群落 OTUs 数量和 α 多样性指数高于晴隆尾矿.*Akkermansia*, *Pseudomonas*, *Lactobacillus* 为长期 Sb−As 污染环境富集的关键细菌类群.细菌的功能变化主要表现为特定代谢功能的富集(约占 40.66%)和关键微生物类群的变化,Sb−As 对细菌的代谢功能有显著负面影响.

4.4　pH 值 SOM 和 WAF 是西和覆土尾矿细菌群落变化的主要驱动因素,pH 值,Eh,Sb−As 及其化学形态是晴隆尾矿细菌群落结构及功能变化的主要驱动因素;Sb−As 的生物毒性不仅与其全量有关,而且在很大程度上取决于其生物有效性.

参考文献:

[1] Hu L L, Fu J Y, Wang S, et al. Microplastics generated under simulated fire scenarios: characteristics, antimony leaching,and toxicity [J]. Environmental Pollution, 2021,269:115905.

[2] Yan G, Mao L C, Jiang B Y, et al. The source apportionment, pollution characteristic and mobility of Sb in roadside soils affected by traffic and industrial activities [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 384:121352.

[3] 吴丰昌,郭建阳,郑　建,等.锑的环境生物地球化学循环与效应研究展望 [J]. 地球科学进展, 2008,23(4):350−356.
Wu F C, Guo J Y, Zheng J, et al. Prospect on biogeochemical cycle and environmental effect of antimony [J]. Advances in Earth Science, 2008,23(4):350−356.

[4] 熊　佳,韩志伟,吴　攀,等.独山锑冶炼厂周边土壤锑砷空间分布特征,污染评价及健康风险评估 [J]. 环境科学学报, 2020,40(2):655−664.
Xiong J, Han Z W, Wu P, et al. Spatial distribution characteristics, contamination evaluation and health risk assessment of arsenic and antimony in soil around an antimony smelter of Dushan County [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020,40(2):655−664.

[5] He M C, Wang X Q, Wu F C, et al. Antimony pollution in China [J]. Science of the Total Environment, 2012,421−422:41−50.

[6] Ding J H, Zhang Y, Ma Y B, et al. Metallogenic characteristics and resource potential of antimony in China [J]. Journal of Geochemical Exploration, 2021,230:106834.

[7] Pratas J, Prasad M N V, Freitas H, et al. Plants growing in abandoned mines of Portugal are useful for biogeochemical exploration of arsenic, antimony, tungsten and mine reclamation [J]. Journal of Geochemical Exploration, 2005,85(3):99−107.

[8] Hossain M Anawar, N Canha, I Santa−Regina, et al. Adaptation, tolerance, and evolution of plant species in a pyrite mine in response to contamination level and properties of mine tailings: sustainable rehabilitation [J]. Journal of Soils and Sediments, 2013,13:730−741.

[9] Ren W, Ran Y Y, Mou Y W, et al. Pollution characteristics and risk assessment of antimony and arsenic in a typical abandoned antimony smelter [J]. Environmental Geochemistry and Health, 2023,45(7): 5467−5480.

[10] 张　靖,仇昕昕,李南锟.锑矿尾矿库重金属污染特征分析 [J]. 有色金属(矿山部分), 2022,74(2):126−130.
Zhang J, Qiu X X, Li N K, et al. Analysis on characteristics of heavy metal pollution of antimony mine tailings pond [J]. Nonferrous Metals (Mining Section), 2022,74(2):126−130.

[11] Chen J Y, Liu J R, Hu M Q, et al. Potential and characteristics of heavy metals electrokinetic removal from the copper−zinc mine tailings: Study on the simulated and actual tailings [J]. Chemical Engineering Journal, 2024,496:154245.

[12] Kang X, Cui Y L, Shen T, et al. Changes of root microbial populations of natively grown plants during natural attenuation of V−Ti magnetite tailings [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020,201:110816.

[13] Boussen S, Soubrandcolin M, Bril H, et al. Transfer of lead, zinc and cadmium from mine tailings to wheat (*Triticum aestivum*) in carbonated Mediterranean (Northern Tunisia) soils [J]. Geoderma, 2013,192(1):227−236.

[14] 王海涛,田　玮,岳昌盛,等.金属尾矿土壤重金属污染及修复技术研究现状 [J]. 中国资源综合利用, 2022,(5):127−131.
Wang H T, Tian W, Yue C S, et al. Research status of heavy metal pollution and remediation technology in metal tailings soil [J]. China Resources Comprehensive Utilization, 2022,(5):127−131.

[15] Wong M H.Ecological restoration of mine degraded soils, with emphasis on metal contaminated soils [J]. Chemosphere, 2003,50(6):775−780.

[16] 伍松林,付　伟,陈保冬,等.尾矿成土生态工程:理论与技术 [J]. 科技导报, 2025,43(11):60−73.
Wu S L, Fu W, Chen B D, et al. Ecological engineering of soil formation in mine tailings: Theory and technology [J]. Science & Technology Review, 2025,43(11):60−73.

[17] Chen Q L, Ding J, Zhu D, et al. Rare microbial taxa as the major drivers of ecosystem multifunctionality in long−term fertilized soils [J].

Soil Biology & Biochemistry, 2020,141.

[18] Rajkumar M, Sandhya S, Prasad M N, et al. Perspectives of plant-associated microbes in heavy metal phytoremediation [J]. Biotechnology Advances, 2012,30(6):1562-1574.

[19] Jiang X W, Liu W H, Xu H, et al. Characterizations of heavy metal contamination, microbial community, and resistance genes in a tailing of the largest copper mine in China [J]. Environmental Pollution, 2021, 280:116947.

[20] Li S, Wu J L, Huo Y L, et al. Profiling multiple heavy metal contamination and bacterial communities surrounding an iron tailing pond in Northwest China [J]. Science of The Total Environment, 2020, 752(2):141827.

[21] Oorts K, Smolders E, Degryse F, et al. Solubility and toxicity of antimony trioxide (Sb_2O_3) in soil [J]. Environmental Science & Technology, 2008,42(12):4378-4383.

[22] Deng J M, Xiao T F, Fan W J, et al. Relevance of the microbial community to Sb and As biogeochemical cycling in natural wetlands [J]. Science of The Total Environment, 2022,818:151826.

[23] Yang K, Zhu Y, Shan R R, et al. Heavy metals in sludge during anaerobic sanitary landfill: Speciation transformation and phytotoxicity [J]. Journal of Environmental Management, 2017,189:58-66.

[24] Lialikova N N. Stibiobacter senarmontii--a new microorganism oxidizing antimony [J]. Mikrobiologiia, 1974,43(6):941-948.

[25] Torma A E, Gabra G G. Oxidation of stibnite by *Thiobacillus ferrooxidans* [J]. Antonie van Leeuwenhoek, 1977,43:1-6.

[26] Lehr C R, Kashyap D R, Mcdermott T R. New insights into microbial oxidation of antimony and arsenic [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007,73(7):2386-2389.

[27] Chen X L, Wang J, Pan C Y, et al. Metagenomic analysis reveals the response of microbial community in river sediment to accidental antimony contamination [J]. Science of The Total Environment, 2022,813:152484.

[28] Huang H Y, Lin K K, Lei L L, et al. Microbial response to antimony-arsenic distribution and geochemical factors at arable soil around an antimony mining site [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2023,30(16):47972-47984.

[29] Li Z Y, Wang J, She Z X, et al. Tailings particle size effects on pollution and ecological remediation: A case study of an iron tailings reservoir [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024,476:135024.

[30] HJ 651-2013 矿山生态环境保护与恢复治理技术规范(试行) [S].
HJ 651-2013 Technical specifications of eco-environmental protection and reclamation for mining [S].

[31] HJ/T 166-2004 土壤环境监测技术规范 [S].
HJ/T 166-2004 The technical specification for soil environmental monitoring [S].

[32] Tang J, Xue Q, Chen H H, et al. Mechanistic study of lead desorption during the leaching process of ion-absorbed rare earths: pH effect and the column experiment [J]. Environmental Science & Pollution Research, 2017,24(14):1-9.

[33] Oyewumi O, Schreiber M E.Using column experiments to examine transport of As and other trace elements released from poultry litter: Implications for trace element mobility in agricultural watersheds [J]. Environmental Pollution, 2017,227:223-233.

[34] Aran D, Maul A, Masfaraud J F.A spectrophotometric measurement of soil cation e-xchange capacity based on cobaltihexamine chloride absorbance [J]. Comptes rendus G-éoscience, 2008,340(12):865-871.

[35] Heiri O, André F Lotter, Lemcke GLoss on ignition as a method for estimating organic and carbonate content in sediments: reproducibility and comparability of results [J]. Journal of Paleolimnology, 2001,25(1):101-110.

[36] 陶曙华,王洁敏,苗雪雪,等.高氯酸-氢氟酸联合消解法测定土壤中全量氮磷钾 [J]. 中国测试, 2022,48(9):78-83.
Tao S H, Wang J M, Miao X X, et al. Determination the total amount of nitrogen, phosphorus and potassium in the soil by perchloric acid-hydrofluoric acid digesting system [J]. China Measurement & Test, 48(9):78-83.

[37] HJ 680-2013 土壤和沉积物汞,砷,硒,铋,锑的测定微波消解/原子荧光法 [S].
HJ 680-2013 Soil and sedimen — Determination of mercury, arsenic, selenium, bismuth, antimony — Microwave dissolution/Atomic fluorescence spectrometry [S].

[38] Wenzel W W, Kirrchbaumer N, Prohaska T, et al. Arsenic fractionation in soils using an improved sequential extraction procedure [J]. Analytica Chimica Acta, 2001,436(2):309-323.

[39] 刘冠男,陈 明,李悟庆,等.土壤中砷的形态及其连续提取方法研究进展 [J]. 农业环境科学学报, 2018,37(12):2629-2638.
Liu G N, Chen M, Li W Q, et al. A critical review on the speciation and development of sequential extraction procedures for arsenic in soils [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2018,37(12):2629-2638.

[40] Wang X F, Tsai T C, Deng F L, et al. Longitudinal investigation of the swine gut microbiome from birth to market reveals stage and growth performance associated bacteria [J]. Microbiome, 2019,7(1):109.

[41] Bokulich N A, Maldonado J, Kang D W, et al. Rapidly processed stool swabs approximate stool microbiota profiles [J]. Msphere, 2019,4(2): e00208-19.

[42] 黄兰婷,倪浩为,李新宇,等.典型红壤水稻土剖面细菌和真菌分子生态网络特征研究 [J]. 土壤学报, 2021,58(4):1018-1027.
Huang L T, Ni H W, Li X Y, et al. Molecular ecological network of bacteria and fungi in paddy soil profile of typical red soil [J]. Acta Pedologica Sinica, 2021,58(4):1018-1027.

[43] 陈 珏,支鸣强,朱德龙,等.太湖沉积物营养物及重金属污染分布特征及风险评估 [J]. 中国环境科学, 2024,44(3):1457-1465.
Chen J, Zhi M Q, Zhu D L, et al. Distribution characteristics and risk assessment of nutrient and heavy metal pollution in sediment in Taihu Lake [J]. China Environmental Science, 2024,44(3):1457-1465.

[44] Yang Z K, Sui H L, Song Y Q, et al. Spatial distribution,sources and risk assessment of potentially toxic elements contamination in surface soils of Yellow River Delta,China [J]. Marine Pollution Bulletin, 2022,184:114213.

[45] Kim J J, Delisle K, Brown T M, et al. Sediment spatial distribution and quality assessment of metals in chinook salmon and resident killer whale marine habitat in British Columbia, Canada [J]. Archives of Environmental Contamination and Toxicology, 2023,85(1):73-91.

[46] Xue S G, Korna R, Fan J R, et al. Spatial distribution, environmental risks, and sources of potentially toxic elements in soils from a typical abandoned antimony smelting site [J]. Journal of Environmental Sciences, 2023,127:780-790.

[47] 陈江军,刘 波,蔡烈刚,等.基于多种方法的土壤重金属污染风险评价对比—以江汉平原典型场区为例 [J]. 水文地质工程地质, 2018, 45(6):164-172.
Chen J J, Liu B, Cai L G, et al. Comparison of risk assessment based on the various methods of heavy metals in soil: A case study for the typical field areas in the Jianghan Plain [J]. Hydrogeology & Engineering Geology, 2018,45(6):164-172.

[48] GB 36600-2018 土壤环境质量建设用地土壤污染风险管控标准(试行) [S].
GB 36600-2018 Soil environmental quality risk control standard for soil contamination of development land [S].

[49] 向　超,王媛媛,曾嘉庆,等.冶炼渣堆周边土壤砷锑垂向迁移分布及影响因素 [J]. 中国有色金属学报, 2024,34(8):2773-2786.
Xiang C, Wang Y Y, Zeng J Q, et al. Vertical distribution and influencing factors of arsenic-antimony pollution in soil around smelting slag area [J]. Transactions of Nonferrous Metals Society of China, 2024,34(8):2773-2786.

[50] 韩玉琳,杨丹幸,孙海涛,等.土壤中锑的形态转化及其影响因素 [J]. 南京大学学报(自然科学), 2023,59(5):877-889.
Han Y L, Yang D X, Sun H T, et al. Species transformation of antimony in soil and its influencing factors [J]. Journal of Nanjing University(Natural Sciences), 2023,59(5):877-889.

[51] Wang F, Ren X M, Qiu Y, et al. Characterization and riskassessment of heavy metals in river sediments on the western bankof Taihu Lake, China [J]. Bulletin of Environmental Contaminationand Toxicology, 2022,109(4):609-615.

[52] Tan C, Wang H, Yang Q C, et al. An integrated approach forquantifying source apportionment and source-oriented health riskof heavy metals in soils near an old industrial area [J]. Environmental Pollution, 2023,323:121271.

[53] Zhang W, Alakangas L, Wei Z Y, et al. Geochemical evaluation of heavy metal migration in Pb-Zn tailings covered by different topsoils [J]. Journal of Geochemical Exploration, 2016,165:134-142.

[54] Johnston S G, Bennett W W, Doriean N,et al.Antimony and arsenic speciation,redox-cycling and contrasting mobility in a mining- impacted river system [J]. Science of the Total Environment, 2020,710:136354.

[55] Huang H, Lin K, Lei L, et al. Microbial response to antimony-arsenic distribution and geochemical factors at arable soil around an antimony mining site [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2023, 30(16):47972-47984.

[56] Xu R, Sun X, Han F, et al. Impacts of antimony and arsenic co-contamination on the river sedimentary microbial community in an antimony-contaminated river [J]. Science of The Total Environment, 2020,713:136451.

[57] Xie X F, Gu S Y, Hao L K, et al. Rhizosphere microbial communities and geochemical constraining mechanism of antimony mine waste- adapted plants in Southwestern China [J]. Microorganisms, 2022,10(8):1507.

[58] Zhao X Q, Sun Y, Huang J, et al. Effects of soil heavy metal pollution on microbial activities and community diversity in different land use types in mining areas [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2020,27(9):20215-20226.

[59] Deng R J, Tang Z, Hou B L, et al. Microbial diversity in soils from antimony mining sites: geochemical control promotes species enrichment [J]. Environmental Chemistry Letters, 2020,18:911-922.

[60] 黄中杰.*Pseudomonas* sp. AO-1 氧化 Sb(Ⅲ)的特性及其氧化机理 [D]. 湘潭:湖南科技大学, 2021.
Huang Z J. Characteristies and oxidation mechanism of Sb(Ill)oxide in *Pseudomonas* sp.AO-1 [D]. Xiangtan: Hunan Universityof Science and Technology, 2021.

[61] Ali Fakhar, Bushra Gulb, Ali Raza Gurmanic, et al. Heavy metal remediation and resistance mechanism of *Aeromonas*, *Bacillus*, and *Pseudomonas*: A review [J]. Critical Reviews in Environmental Science and Technology, 2022,52(11):1868-1914,62.

[62] Li X, Meng D, Li J, et al. Response of soil microbial communities and microbial interactions to long-term heavy metal contamination [J]. Environmental Pollution, 2017,231:908-917.

[63] Sun W M, Sun X X, Hggblom M M, et al. Identification of antimonate reducing bacteria and their potential metabolic traits by the combination of stable isotope probing and metagenomic- pangenomic analysis [J]. Environmental Science and Technology, 2021,55(20): 13902-13912.

[64] Li Y B, Zhang M M, Xu R, et al. Arsenic and antimony co- contamination influences on soil microbial community composition and functions: Relevance to arsenic resistance and carbon, nitrogen, and sulfur cycling-ScienceDirect [J]. Environment International, 2021,153:106522.

[65] 鲁子正钢,朱立新,季宏兵,等.鞘氨醇单胞菌修复土壤重金属污染研究进展 [J]. 浙江农业学报, 2024,36(5):1208-1216.
Lu Z Z G, Zhu L X, Ji H B, et al. Research progress in remediation of soil heavy metal pollution by Sphingosinomonas [J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2024,36(5):1208-1216.

[66] Diquattro S, Garau G, Mangia N P, et al. Mobility and potential bioavailability of antimony in contaminated soils: Short-term impact on microbial community and soil biochemical functioning [J]. Ecotoxicology and environmental safety, 2020,196:110576.

[67] Shi Z J, Cao Z, Qin D, et al. Correlation models between environmental factors and bacterial resistance to antimony and copper [J]. PLoS One, 2013,8(10):e78533.

[68] Ilialetdinov A N, Abdrashitova S A. Autotrophic arsenic oxidation by a Pseudomonas arsenitoxidans culture [J]. Mikrobiologiia, 1980,50:197-204.

[69] Abdrashitova S A, Mynbaeva B N, Ilialetdinov A N. Arsenic oxidation by the heterotrophic bacteria *Pseudomonas putida* and *Alcaligenes eutrophus* [J]. Mikrobiologiia, 1981,50(1):41-45.

[70] 黄博聪,龙　健,刘灵飞,等.锑矿周边稻田土壤垂直剖面锑砷形态与细菌群落结构分布及相互关系 [J]. 环境科学学报, 2019,39(4): 1274-1283.
Huang B C, Long J, Liu L F, et al. Distribution and correlation of antimony and arsenic species and bacterial community structure in vertical profiles of paddy soils around antimony mine [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 39(4):1274-1283.

[71] 龙九妹.耐锑菌的筛选及其对水稻吸收与积累锑的影响研究 [D]. 长沙:湖南农业大学, 2019.
Long J M. The isolation of antimony resistant bacteria andthe effect on antimony uptake and accumulationin paddy rice [D]. Changsha: Hunan Agricultural University, 2019.

[72] Liu Y R, Delgado-Baquerizo M, Bi L, et al. Consistent responses of soil microbial taxonomic andfunctional attributes to mercury pollution across China [J]. Microbiome, 2018,6(1):183.

[73] Feng G, Xie T, Wang X, et al. Metagenomic analysis of microbial community and function involvedin cd-contaminated soil [J]. BMC Microbiol., 2018,18(1):11.

[74] Zhai Q X, Xiao Y, Zhao J X, et al. Identification of key proteins and pathways in cadmium tolerance of Lactobacillus plantarum strains by proteomic analysis [J]. Scientific Reports, 2017,7(1):1182.

[75] Yin H Q, Niu J J, Ren Y H, et al. An integrated insight into the response of sedimentary microbialcommunities to heavy metal contamination [J]. Scientific Reports, 2015,5(1):14266.

[76] 许　瑞,南小龙,蒋国清,等.锑污染土壤微生物修复机制研究进展 [J]. 矿产保护与利用, 2020,40(4):23-34.
Xu R, Nan X L, Jiang G Q, et al. Research progress on bioremediation mechanism of antimony contaminated soil [J]. Conservation and Utilization of Mineral Resources, 2020,40(4):23-34.

[77] Shotyk W, Krachler M, Chen B. Anthropogenic impacts on the biogeochemistry and cycling of antimony [J]. Metal Ions in Biological Systems, 2005,44(44):171.

作者简介：赵清英(1996-),女,青海海东人,硕士,主要研究方向为重金属污染防治与生态修复评估.发表论文 6 篇.zhaolqyj@163.com.