张欢欢,张心明,彭俊伟,等.不同商用钝化剂对镉-汞复合污染麦田的修复效应及根际微生物群落影响 [J]. 中国环境科学, 2026,46(1):269-278.
Zhang H H, Zhang X M, Peng J W, et al. Remediation effects of different commercial amendments in Cadmium-Mercury co-contaminated wheat fields and rhizosphere microbial communities [J]. China Environmental Science, 2026,46(1):269-278.

不同商用钝化剂对镉-汞复合污染麦田的修复效应及根际微生物群落影响

张欢欢[1,2,3],张心明[4],彭俊伟[1,2,3],董元华[1,2,3],李建刚[1,2,3*] (1.中国科学院南京土壤研究所,江苏 南京 210008；2.中国科学院大学,北京 100049；3.中国科学院大学南京学院,江苏 南京 211135；4.太仓市农业技术推广中心,江苏 太仓 215400)

摘要：选取 6 种无机商用钝化剂宁粮(NL)、天象(TX)、隆昌(LC)、沃农(WN)、格丰(GF)、百金惠(BJH)),结合 16S rRNA 基因高通量测序技术进行根际微生物组学分析,探究了施用土壤钝化剂对镉、汞复合污染土壤中,小麦各部位镉汞积累转运特征及根际细菌群落结构的影响.田间试验结果表明,钝化剂处理使小麦籽粒镉生物富集系数(BCF_{Cd})降低 20.93%~64.87%,汞生物富集系数(BCF_{Hg})下降 13.44%~34.66%,土壤有效镉占比减少 25.06%~39.58%.其中 LC 与 WN 处理对土壤镉固定及小麦镉转运抑制效果最优,且 WN 处理同步显著降低小麦汞转运.微生物分析显示,钝化剂通过富集耐镉菌群(如变形菌门、芽单胞菌门),改变根际细菌群落结构,进一步促进土壤重金属生物有效性下降.PICRUSt2 功能预测表明,根际细菌群落通过富集氨基酸代谢与碳水化合物代谢,协同缓解重金属毒性.综上所述,钝化剂可直接降低土壤中重金属生物有效性,并间接富集根际耐受重金属菌群,协同阻控小麦中镉、汞的富集.

关键词：镉；汞；复合污染；土壤钝化剂；根际微生物
中图分类号：X53 **文献标识码**：A **文章编号**：1000-6923(2026)01-0269-10

Remediation effects of different commercial amendments in Cadmium-Mercury co-contaminated wheat fields and rhizosphere microbial communities.

ZHANG Huan-huan[1,2,3], ZHANG Xin-ming[4], PENG Jun-wei[1,2,3], DONG Yuan-hua[1,2,3], LI Jian-gang[1,2,3*] (1.Institute of Soil Science, Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210008, China；2.University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China；3.University of Chinese Academy of Sciences, Nanjing, Nanjing 211135, China；4.Taicang Agricultural Technology Extension Center, Taicang 215400, China). *China Environmental Science*, 2026,46(1)：269~278

Abstract：This study evaluated six inorganic commercial amendments-Ningliang (NL), Tianxiang (TX), Longchang (LC), Wonong (WN), Gefeng (GF), and Baijinhui (BJH) using high-throughput sequencing of 16S rRNA genes to perform rhizosphere metagenomic analysis. We investigated the effects of applying soil amendments on cadmium (Cd) and mercury (Hg) accumulation, translocation characteristics in wheat (*Triticum aestivum* L.) and the structure of rhizobacterial community in Cd-Hg co-contaminated soil. The field experiment demonstrated that soil amendments significantly reduced the grain Cd enrichment (BCF_{Cd}) by 20.93%~64.87% and grain Hg enrichment (BCF_{Hg}) by 13.44%~34.66%, and the proportion of available Cd in soil decreased by 25.06%~39.58%. Notably, the treatments of LC and WN exhibited the optimal performance in immobilizing Cd and inhibiting Cd translocation in wheat, with WN concurrently suppressing Hg translocation. Microbial analysis indicated that amendments changed the rhizobacterial communities by enriching Cd-tolerant bacteria (e.g., Proteobacteria, Gemmatimonadota), thereby reducing the bioavailability of heavy metals (HMs). PICRUSt2 functional prediction indicated that rhizobacteria synergistically mitigated the toxicity of HMs through the enrichment of amino acid metabolism and carbohydrate metabolism. In summary, amendments could block Cd and Hg enrichment in wheat by direct reduction of HMs bioavailability in soil, and indirect enrichment of rhizosphere metal-tolerant bacterial microbiomes.

Key words：cadmium；mercury；combined contaminated；soil amendment；rhizosphere microbial

土壤重金属污染已成为日益严峻的全球性环境问题,其中农田土壤镉与汞污染对生态环境健康和农业安全生产构成严重威胁[1-2].《全国土壤污染状况调查公报》显示,镉、汞点位超标率分别达 7%和 1.6%[3].镉因其在麦田系统中较高的生物有效性和食物链富集能力,而汞则具有高毒性、持久性和长距离迁移性,二者对生态系统构成复合污染风险[4-5],尤以苏南地区为典型区域[2].小麦(*Triticum aestivum*

收稿日期：2025-05-28
基金项目：国家重点研发计划子课题(2023YFD1900305);江苏省科技攻关项目(BE2022301)
* 责任作者, 教授, jgli@issas.ac.cn

L)作为主要粮食作物,对镉具有较强的吸收和富集能力,因此其安全生产受到广泛关注[6-7].施用土壤钝化剂被认为是一种高效且环境友好的重金属缓解策略.研究表明,外源添加硅、锌、钙等无机成分可通过竞争土壤吸附位点,调节植物生理响应等途径,抑制小麦对镉、汞的吸收,并促进作物生长进而降低作物重金属积累[8].

根际微域是连接植物根系和土壤的动态界面,其微生物群落通过介导的生物地球化学过程,显著影响镉、汞等重金属的生物有效性和迁移性[9-11].根际细菌可通过生物吸附、生物转化、生物累积和生物矿化等多种机制固定重金属,并借助调节植物根系分泌物、改变氧化还原电位等方式参与重金属形态转化[6,12-14].此外,土壤钝化剂能够通过改善土壤性质,富集有益微生物,从而调控根际菌群结构与多样性[13,15].然而,现有研究一般多聚焦于单一重金属污染情境,关于镉汞复合污染农田中钝化剂与小麦根际微生物群落的互作机制仍缺乏充分研究.

以自然条件下典型的稻麦轮作农田土壤为研究对象,通过田间试验探究不同土壤钝化剂施用下小麦组织(根、茎和籽粒)中镉和汞的积累及其转运特征,并结合 16S rRNA 高通量测序解析根际微生物群落结构与功能响应.系统地揭示施用土壤钝化剂后根际细菌群落组成和功能变化与小麦镉和汞积累之间的内在联系.最终,基于田间试验数据,评估和确定土壤钝化剂在减少重金属积累以实现小麦安全生产方面的可行性,以及对土壤重金属复合污染修复的有效性.

1 材料与方法

1.1 试验设计

本试验地位于江苏省华东地区某镉-汞复合污染的中性至偏弱碱性的典型稻麦轮作农田.试验前背景土壤的pH值为7.23±0.24,土壤中镉汞含量存在一定的空间差异,镉和汞的总浓度分别为(1.46±0.37)mg/kg 和(0.89±0.06)mg/kg.本试验共设置 7 个处理组(表 1),土壤钝化剂(NL、TX、LC、WN、GF、BJH)中有效成分主要为硅、钙、锌和镁等氧化物,以往文献表明,此类金属氧化物具有降低土壤镉有效性和促进植物生长的作用,钝化剂理化性质见表 2.每个处理重复 3 次,共计 21 个小区,每个小区面积为 72m^2(9m×8m),采用完全随机区组设计,每个小区之间设有 50cm 田埂,并用黑色塑料膜覆盖.种植当地的主栽品种扬麦 25(YM25)于 2022 年 11 月中旬种植,土壤钝化剂在同年 10 月中旬提前施用,并通过人工犁耕至 0~20cm 深与耕作层土壤充分混合,于 2023 年 6 月初收获小麦.施肥和灌溉等农艺措施均按照当地农户习惯管理.

表 1 土壤钝化剂试验设计

Table 1 Experimental design of soil amendments

序号	处理	缩写	试验用量 (kg/hm^2)	来源
1	对照	CK	4500	/
2	宁粮	NL	4500	购自南京宁粮生物工程有限公司
3	天象	TX	4500	购自江苏天象生物科技有限公司
4	隆昌	LC	4500	购自江苏隆昌化工有限公司
5	沃农	WN	1500	购自武汉市沃农有限公司
6	格丰	GF	4500	购自格丰科技材料有限公司
7	百金惠	BJH	4500	购自淮安百金惠农业科技有限公司

表 2 钝化剂理化性质

Table 2 Physicochemical properties of soil amendments

项目	NL	TX	LC	WN	GF	BJH
pH 值	10.97	11.04	10.43	9.35	10.06	9.96
Cd (mg/kg)	—	0.3	—	1.63	1.10	0.30
Hg (μg/kg)	4.00	32.00	1.50	10.97	62.24	5.77
N (%)	0.36	0.36	0.74	0.12	0.07	0.06
P (%)	0.01	0.05	0.03	0.03	0.01	0.08
K (%)	0.35	0.51	0.04	5.98	0.42	3.51
As (mg/kg)	1.08	3.00	0.64	1.75	1.65	1.47
Ni (mg/kg)	6.15	3.00	5.07	4.90	20.00	4.76
Cu (mg/kg)	7.22	12.60	2.92	8.45	9.03	12.65
Pb (mg/kg)	0.21	0.24	0.09	3.20	7.16	5.89
Zn (mg/kg)	56.10	55.40	10.50	127.50	24.90	77.67
Mn (mg/kg)	1.45	16.24	1.71	2.88	0.33	0.37
Ca (mg/kg)	222.66	128.33	305.23	197.47	256.30	7.95
Mg (mg/kg)	29.63	15.01	4.98	22.18	16.97	8.48
Si (g/kg)	184.40	133.00	103.80	160.20	97.50	424.90

注:“—”表示该含量低于检出限值.

1.2 样品采集

五点取样法采集 0~20cm 非根际土壤样品,通过 2mm 筛去除植物根和其他杂质,每个小区土样混合均匀后为该小区的土壤分析样品.前处理后的土壤样品室温储存,用于测定土壤理化性质指标.每个试验小区中随机收获 8 株小麦,并轻摇去除松散附着在根部的土壤,将根部附近 1mm 的土壤用刷子轻轻刷下后收集起来,并去除脱落的根系,作为根

际土壤[16].将根际土壤低温保存在冰盒中,随后带回实验室储存于−80℃条件下,用于后续提取土壤DNA.使用EDTA溶液(0.1mmol/L)冲洗新鲜的小麦根部和茎部,以去除表面附着的镉和汞,将植株分成根部、茎部和籽粒三部分,测定小麦各部位的镉和汞含量,所有植物样本都用去离子水清洗干净,在60℃下烘干至恒重.

1.3　项目测定及方法

土壤 pH 值测定采用土壤:水的质量比为 1:2.5 浸提;土壤总镉采用 HNO_3−HCl−$HClO_4$ 混酸消解,使用ICP−MS测定溶液浓度.土壤总汞采用HNO_3−HCl混酸(1:3,体积比)消解,土壤有效汞采用 $C_2H_4O_2S$ 和 Na_2HPO_4 萃取,使用原子荧光光谱仪测定.土壤电导率采用电极法测定;土壤有机质采用 H_2SO_4−$K_2Cr_2O_7$ 湿氧化法测定;土壤全氮采用凯氏定氮法测定;土壤碱解氮采用扩散吸收法测定;土壤全磷和有效磷分别用H_2SO_4−$HClO_4$和$NaHCO_3$萃取用紫外分光光度计以钼锑比色法测定;土壤全钾和有效钾分别用HF和$HClO_4$消解并用乙酸铵萃取后,采用火焰分光光度法测定.土壤有效镉使用二乙烯三胺五乙酸(DTPA)浸提,采用 Tessier 顺序提取法测定土壤中镉的存在形态,分为可交换态镉(F1)、碳酸盐结合态镉(F2)、铁和锰氧化物结合态镉(F3)、有机结合态镉(F4)和残渣态镉(F5)[17].前4种镉形态(F1−F4)浸提后采用ICP−MS测定,残渣态镉(F5)则通过土壤中总镉含量减去其他4种后计算得出.

烘干后的小麦籽粒样品研磨成粉末并充分混匀,采用HNO_3−H_2SO_4消解后,0.45μm滤膜过滤,使用ICP−MS 仪器(iCAP7400,Thermo Scientific,美国)测定溶液中重金属含量.镉和汞生物富集系数(BCF_{Cd}和 BCF_{Hg})和转运系数(TF)是量化小麦在不同器官间转运、吸收镉和汞的重要参数[18],计算公式如下:

$$TF_{i-j}=\frac{C_j}{C_i} \tag{1}$$

$$BCF=\frac{C_{籽粒}}{C_{土壤}} \tag{2}$$

式中:C_i 和 C_j 指土壤和小麦根、茎、籽粒等部位中镉和汞的浓度(mg/kg);$C_{土壤}$表示各小区土壤中的总镉含量.

1.4　小麦根际土壤 DNA 提取和测序

16S rRNA 测序旨在进一步了解镉和汞复合污染农田中,施用土壤钝化剂后小麦根际细菌群落的特征和差异.使用土壤快速 DNA 提取试剂盒从 0.5g 根际土壤中提取土壤 DNA.引物序列为 338F(5'−ACTCCTACGGAGGCAG−3')和 806R(5'−GGACTA−CHVGGGTWTCTAAT−3'),对细菌16S rRNA基因的V3−V4区域进行扩增.使用Illumina HiSeq平台对群落DNA片段进行成对测序,并用QIIME2软件包分析序列[19].剔除低质量序列和噪声后,将剩余序列聚类为相似度≥97%的操作分类单元(ASV),并使用RDP分类器注释分类信息[20].剔除单个ASV后,ASV数量和分类信息用于后续分析.

1.5　统计分析

使用 Microsoft Excel 2024 和 SPSS 27.0 对所有数据进行处理和单因素方差分析(ANOVA),并使用 Duncan 显著性差异检验来确定处理间数据在 95% 置信区间的显著差异.使用GraphPad Prism 10.2和R studio 2023 进行图表绘制.细菌群落分析,包括细菌群落的组成、多样性(alpha 和 beta 多样性)分析和 PICRUSt2 功能预测,均在云平台(https://www.genescloud.cn/home)上进行. PICRUSt2 用于从 16S rRNA 测序数据中推测潜在的微生物代谢途径.其中在物种组成门水平丰度与籽粒镉含量进行 Pearson 相关性分析.使用“vegan”和“ggcor ”软件包进行门水平丰度与环境因子的冗余分析(RDA)和曼特尔检验(Mantel−test).

2　结果与分析

2.1　土壤钝化剂对土壤理化性质的影响

试验后土壤 pH 值在 6.69~7.45 之间,土壤总镉和有效镉(DTPA 提取态)的含量分别为 1.02~2.05mg/kg 和 0.64~1.24mg/kg.总汞及其有效汞浓度分别为 0.84~1.09mg/kg 和 0.020~0.028mg/kg(表 3).基于 Tessier 连续提取法分析确定土壤中镉的不同存在形态.如图 1 所示,土壤镉形态以可交换态(40.75%~52.16%)为主,NL、TX、GF 和 BJH 处理组中的可交换态镉占比均低于 CK.其次是残渣态(10.40%~36.92%)、铁锰氧化结合态(10.37%~19.09%)、碳酸盐结合态(9.18%~16.16%)和有机结合态镉(1.77%~3.44%).各处理组土壤有效镉占比下降25.06%~39.58%,其中 LC 和 WN 处理组分别降低39.58%和37.25%,降幅最为显著;施用钝化剂均显著

的降低土壤有效镉比例,起到固定土壤中镉的作用,但对汞的固定效果不显著.此外,NL 处理组土壤电导率值最高,超出对照组 24.83mS/cm,各处理组间土壤养分含量无明显差异.

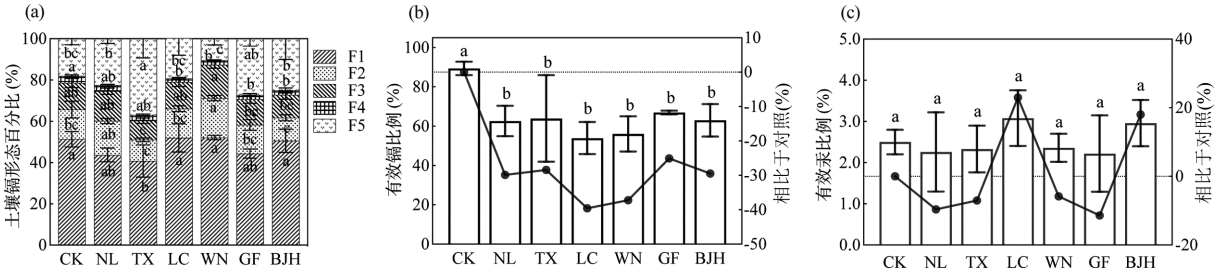


图 1 不同处理对土壤中镉、汞存在形态的影响

Fig.1 Effect of different treatments on the speciation of Cd and Hg in soil

其中 F1、F2、F3、F4 和 F5 分别代表可交换态镉、碳酸盐结合态镉、铁锰氧化结合态镉、有机结合态镉和残渣态镉;不同小写字母表示不同处理组间具有显著差异(P<0.05),下同;折线为相比于对照变化率

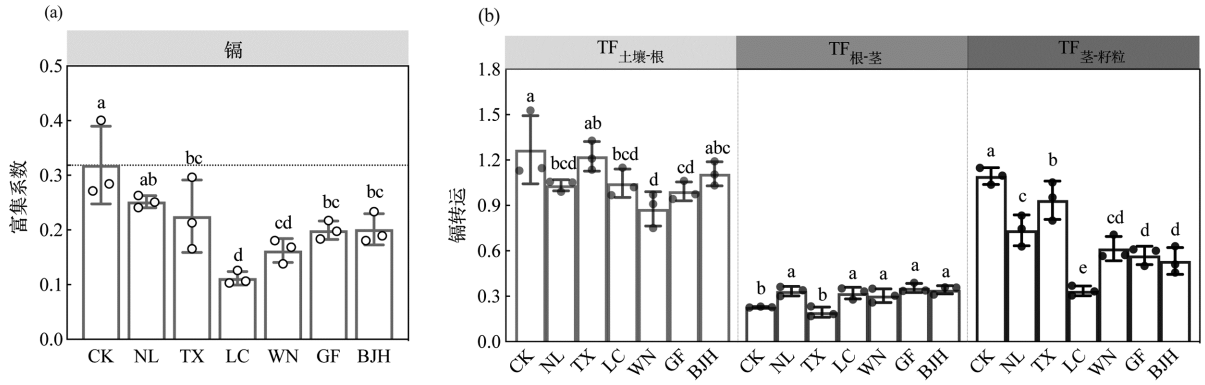
表 3 试验后土壤理化性质

Table 3 Physicochemical properties of soil after experiment

项目	最大值	最小值	均值±标准差	变异系数
pH 值	7.45	6.69	7.07±0.25	0.04
总镉(mg/kg)	2.05	1.02	1.45±0.46	0.32
有效镉 (mg/kg)	1.24	0.64	0.92±0.28	0.31
总汞(mg/kg)	1.09	0.84	0.95±0.20	0.21
有效汞(mg/kg)	0.028	0.020	0.020±0.004	0.16
电导率 (mS/cm)	191.53	120.80	160.08±26.92	0.17
有机质 (g/kg)	53.44	48.79	50.50±3.65	0.07
总氮(g/kg)	2.75	2.56	2.69±0.14	0.05
总磷(g/kg)	0.96	0.92	0.94±0.04	0.05
总钾 (g/kg)	18.87	17.90	18.42±0.75	0.04
碱解氮(mg/kg)	167.83	150.68	159.08±10.07	0.06
速效磷 (mg/kg)	20.00	15.97	17.79±2.76	0.16
速效钾(mg/kg)	126.67	100.00	116.67±15.36	0.13

2.2 土壤钝化剂对小麦镉和汞吸收及转运的影响

小麦籽粒镉、汞含量分别为 0.21~0.39mg/kg 和 1.01~1.33μg/kg,处理组籽粒中镉、汞含量分别相对于对照组减少 0.05~0.18mg/kg 和 0.16~0.32μg/kg (表 4).处理组的镉生物富集系数(BCF_{Cd})为 0.11~0.32,较 CK 组显著下降了 20.93%~64.87%;汞生物富集系数(BCF_{Hg})为 0.0010~0.0015,降幅为 13.44%~34.66%(图 2(a~b)),但与 CK 组相比不显著.其中 LC 处理对小麦籽粒镉富集的抑制作用最显著,而 TX 处理对籽粒汞富集的降低效果较好.如图 2(c~d)所示,通过测定小麦根部对土壤中镉汞的吸收($TF_{土壤-根}$)、根至茎部($TF_{根-茎}$)以及茎部至籽粒的转运($TF_{茎-籽粒}$)发现,镉的转运系数分别为 0.88~1.27、0.19~0.35 和 0.53~1.09,即 $TF_{土壤-根}$> $TF_{茎-籽粒}$>$TF_{根-茎}$.汞的转运系数则分别为 0.11~0.15、0.59~0.91 和 0.010~0.014,即 $TF_{根-茎}$>$TF_{土壤-根}$>$TF_{茎-籽粒}$,呈现与镉相反的转运模式.与 CK 组相比,钝化剂使小麦中 $TF_{土壤-根}$镉和 $TF_{茎-籽粒}$镉分别下降了 3.47%~ 30.84%和 14.58%~69.34%.其中,WN 处理对根部的镉吸收(较 CK 降低 30.84%)和 LC 处理对茎至籽粒的镉转运(较 CK 降低 69.34%)有较强的抑制作用.此外,施用钝化剂使汞在根至茎($TF_{根-茎}$汞)的转运下降 3.10%~34.80%,以 BJH(降幅 34.80%)和 WN(降幅 30.13%)处理效果最优.



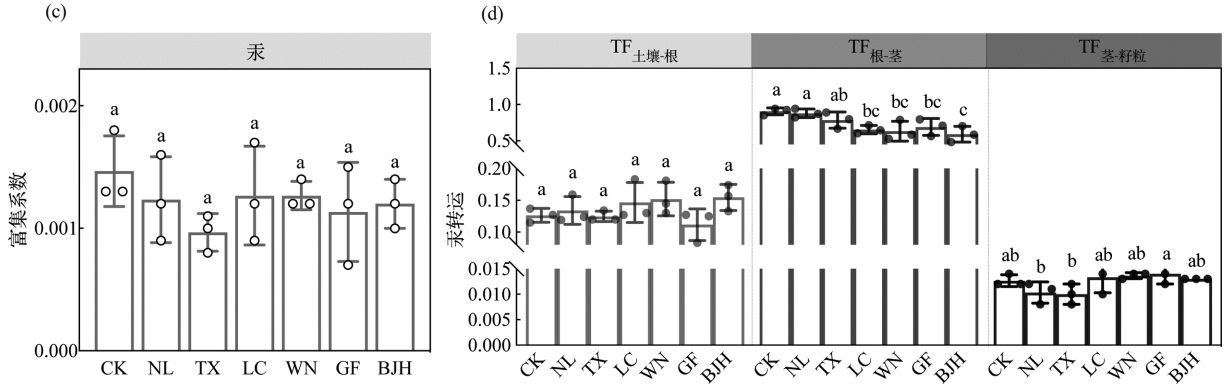


图 2　不同处理对小麦镉、汞转运和富集的影响

Fig.2　Effects of different treatments on the translocation and enrichment of Cd and Hg in wheat

表 4　不同处理下小麦各部位镉、汞的分布特征

Table 4　Distribution characteristics of Cd and Hg in different parts of wheat under different treatments

处理	镉			汞		
	根 (mg/kg)	茎 (mg/kg)	籽粒 (mg/kg)	根 (mg/kg)	茎 (mg/kg)	籽粒 (μg/kg)
CK	1.58±0.19abc	0.36±0.05c	0.39±0.03a	0.11±0.01a	0.10±0.01ab	1.33±0.23a
NL	1.05±0.07d	0.35±0.06c	0.26±0.01bc	0.13±0.01a	0.12±0.00a	1.17±0.25a
TX	1.31±0.29bcd	0.26±0.08c	0.24±0.08bc	0.13±0.01a	0.11±0.02ab	1.04±0.20a
LC	1.95±0.26a	0.63±0.13a	0.21±0.06c	0.13±0.02a	0.09±0.01bc	1.14±0.24a
WN	1.85±0.26a	0.61±0.15ab	0.34±0.08ab	0.13±0.02a	0.08±0.01c	1.06±0.12a
GF	1.68±0.32ab	0.59±0.07ab	0.34±0.07ab	0.11±0.02a	0.08±0.00c	1.08±0.13a
BJH	1.24±0.16cd	0.43±0.09bc	0.22±0.01c	0.13±0.01a	0.08±0.01c	1.01±0.15a

2.3　土壤钝化剂对小麦根际细菌群落的影响

为探究钝化剂对土壤微生物群落的影响,基于 16S rRNA 基因测序对小麦根际细菌群落进行表征.如图 3 所示,各处理组根际细菌群落的组成存在显著差异,前十优势菌门相对丰度为总群落的 91.05%~93.06%, 其中变形菌门 (Proteobacteria 28.89%~36.80%)、放线菌门(Actinobacteriota 9.61%~18.93%)、酸杆菌门(Acidobacteriota 11.82%~15.62%)、绿弯菌门(Chloroflexi 7.45%~9.59%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadota 6.66%~9.04%)、拟杆菌门 (Bacteroidota 5.24%~7.23%)、黏球菌门(Myxococcota 1.75%~3.25%) 和疣微菌门(Verrucomicrobiota 1.02%~2.40%)为主要类群.主成分分析(PCA)显示,CK 和处理组的根际细菌群落结构差异明显,第一和第二轴分别解释了根际细菌群落总变异的 67.7%和 21.8%,共解释了总变异的 89.5%.我们进一步通过 Pielou_e, Shannon, Simpson 指数评估细菌群落的 alpha 多样性.如图 4 所示,与 CK 相比,施加钝化剂均导致小麦根际细菌群落的丰富度和均匀度下且 BJH 处理组降幅更为明显.处理组显著提高了变形菌门和芽单胞菌门的相对丰度,而绿弯菌门的丰度则显著降低.GF 处理组的变形菌门相对丰度最高,达 36.80%,LC 处理组中的芽单胞菌门相对丰度较高为 9.04%.变形菌门和芽单胞菌门的相对丰度与籽粒镉含量呈显著负相关(r=−0.44, P<0.05; r=−0.47, P<0.05).相反,绿弯菌门的相对丰度与籽粒镉含量则呈正相关(r=0.47, P<0.05.基于 PICRUSt2 的功能潜力预测显示,根际微生物代谢注释途径主要富集于氨基酸代谢、碳水化合物代谢以及辅助因子和维生代谢、碳水化合物代谢以及辅助因子和维生素代谢(图 5).

2.4　微生物和土壤特性对小麦镉和汞积累转运的影响

为探究环境因子与小麦根际细菌群落之间的潜在联系,本研究采用冗余分析和曼特尔检验解析了土壤理化性质、小麦镉、汞积累和根际细菌群落之间的关系.RDA 分析结果显示,土壤有效镉、小麦镉汞富集系数均与变形菌门、芽单胞菌门呈显著负相关,而与绿弯菌门呈正相关;土壤有效汞则与蛋白菌门、放线菌门呈显著正相关(图 6(a)).进一步通过

曼特尔检验量化环境因子于微生物群落的关联性,发现土壤有效镉、籽粒镉含量与根际细菌群落组成(门水平),如绿弯菌门(r=0.20~0.22, P<0.05)显著正相关性,籽粒镉富集和根部至茎部的转运与芽单胞菌门丰度呈正相关(r=0.22~0.47, P<0.05).此外,土壤总汞、籽粒汞含量和根部至茎部的汞转运与细菌群落多样性(Shannon 和 MDS1)显著正相关(r=0.20~0.27, P<0.05)(图 6(b)).

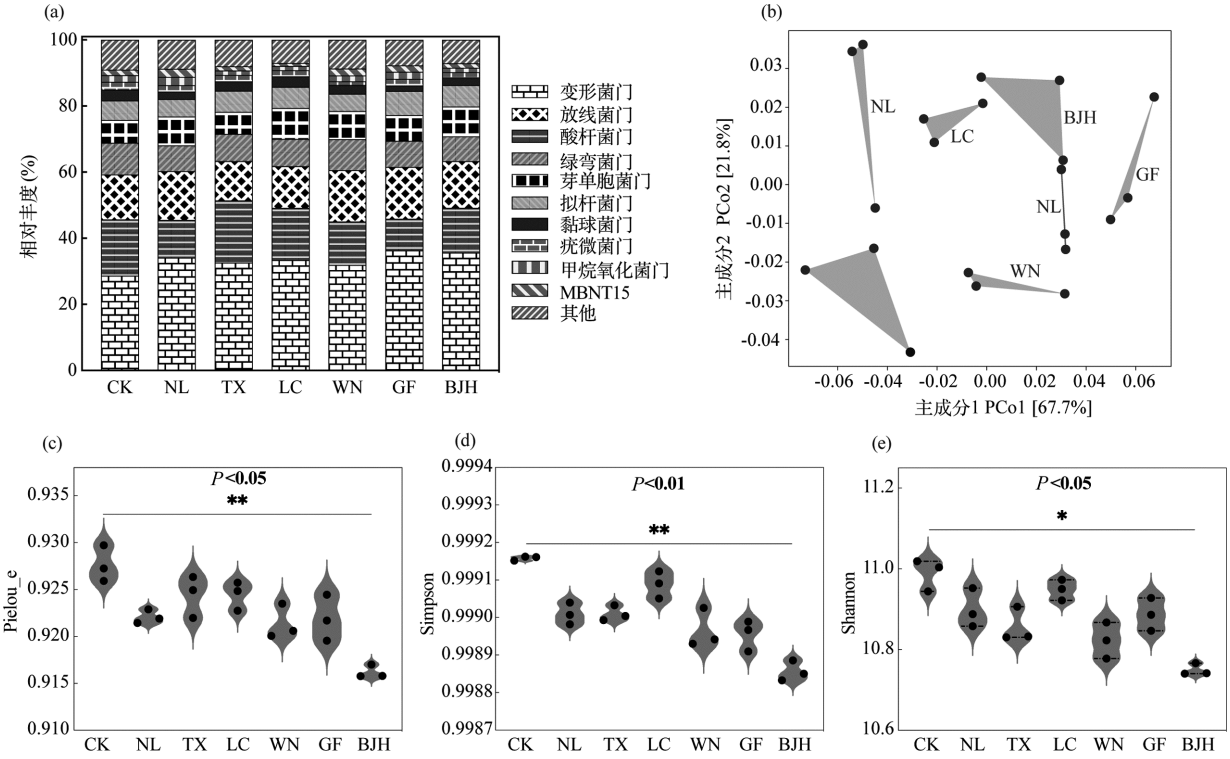


图 3 不同处理下小麦根际微生物群落结构与多样性

Fig.3 Soil microbial community structure and diversity in the wheat Rhizosphere under different treatments

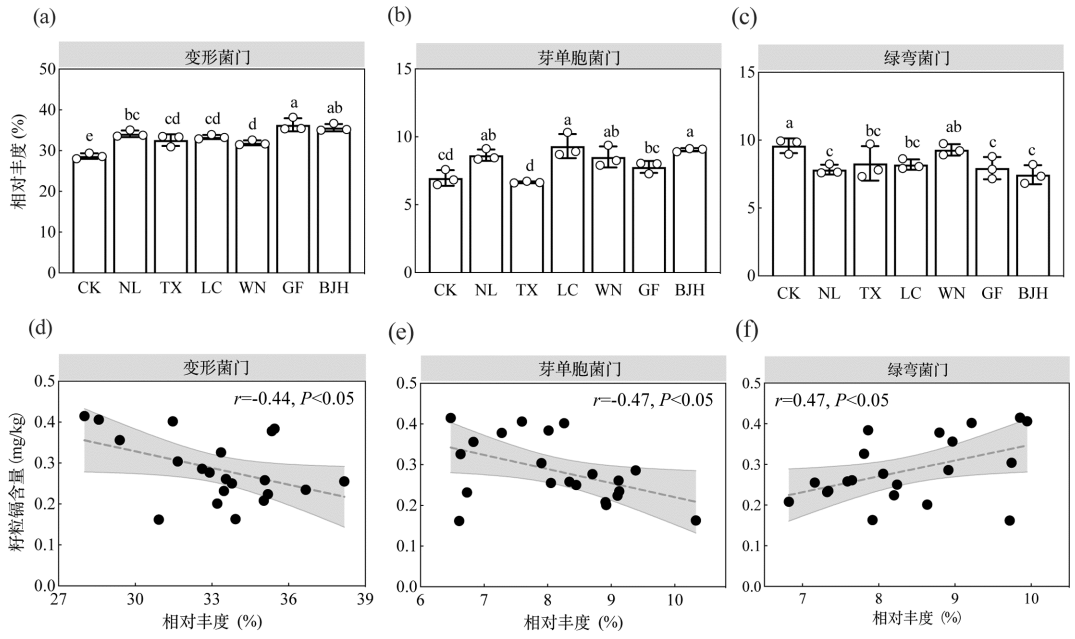


图 4 三种关键菌门的相对丰度及其与籽粒镉含量的线性回归分析

Fig.4 The relative abundance of three key bacterial phyla, and their linear regression analysis with Cd content in wheat grains

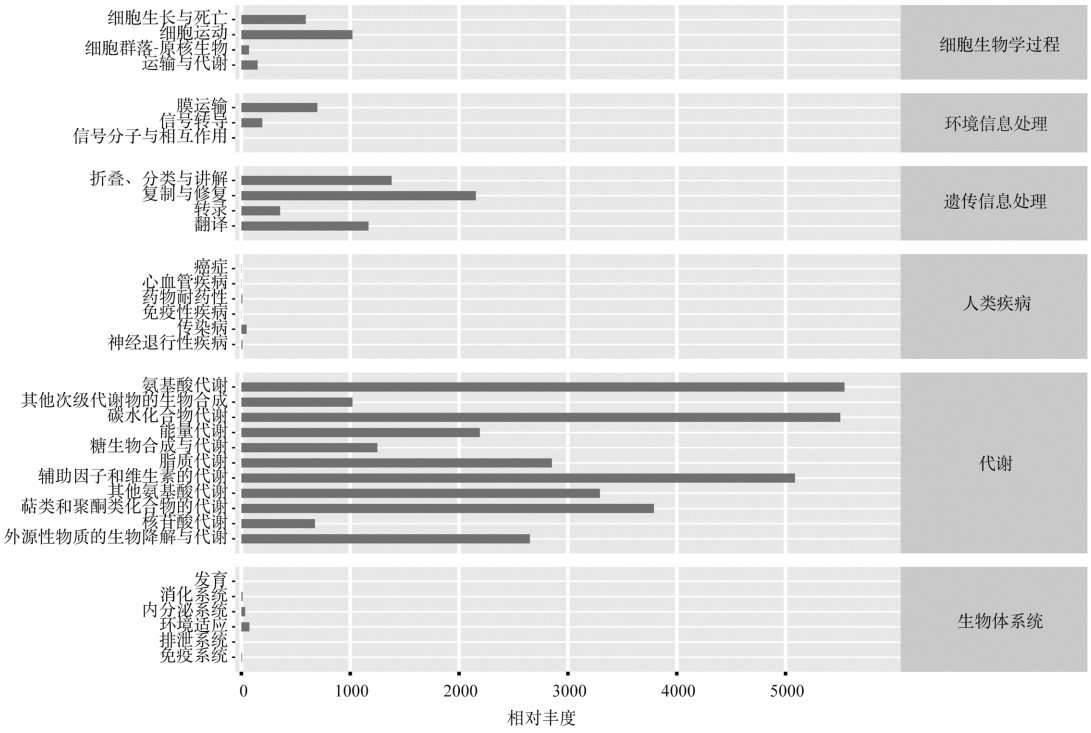


图 5　基于 PICRUSt2 预测的小麦根际细菌代谢通路功能丰度

Fig.5　Functional abundance of metabolic pathways in the wheat rhizosphere bacterial community predicted by PICRUSt2

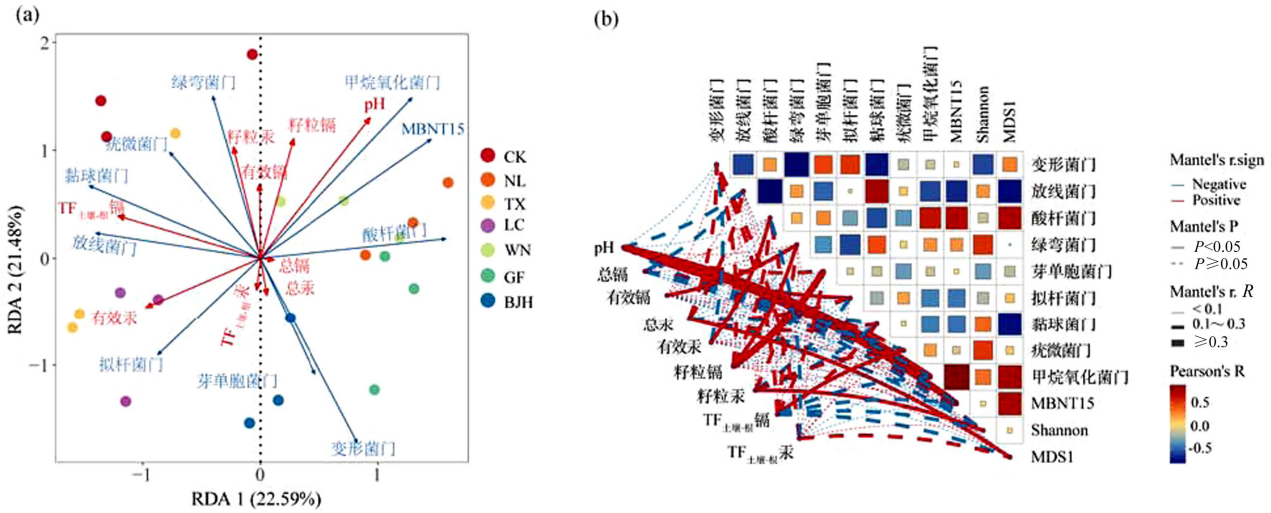


图 6　环境因子与根际细菌群落关联的冗余分析和曼特尔检验

Fig.6　Redundancy analysis and Mantel−test examining the relationship between environmental factors and rhizosphere bacterial community

3　讨论

3.1　施用钝化剂降低土壤中镉、汞生物有效性

施用钝化剂显著降低了土壤中有效镉的比例,其中 WN 和 LC 处理组效果尤为突出.土壤钝化剂主要通过沉淀、吸附、络合及氧化还原等方式固定重金属,降低其生物有效性和土壤中的迁移性[21-22].氧化钙(CaO)作为碱性添加剂,可通过提高土壤 pH 值,促进 $Cd(OH)_2$ 与碳酸盐复合物的生成,从而实现重金属的固定化[23],其中 LC 钝化剂中钙含量较高,在固定土壤镉中发挥作用.镁(Mg)是植物必需的营养元素,除维持植物正常生理功能外,还可促进根系共生微生物群的活动[24].锌和镁具有与镉相似的物理和化学特性,可在土壤−植物根系界面与镉竞争结合

位点,抑制镉的活化与吸收[25-28].除此之外,钝化剂中的硅元素,能够减少氧化应激以提高小麦对重金属的耐受性,并促进小麦生长,达到降低籽粒中的镉积累的目的[8,29].上述钝化剂通过多途径协同作用降低土壤中镉的迁移性,最终阻控镉向小麦籽粒的转运.

3.2 钝化剂降低小麦中镉、汞积累和转运

镉和汞在小麦中的积累和转运模式表现出明显的差异.小麦根系吸收的元素通过木质部转运到节上,然后转移到韧皮部,最终在籽粒中积累[30].镉在小麦茎部和籽粒中的积累相似,但明显低于在根中的积累,并且远远高于汞在各部位的积累量.一方面可能是,试验区土壤镉污染更为严重;另一方面,在碱性土壤中,汞与黏土和有机物等化学成分结合,比其他大数潜在有毒元素更容易被固定,这决定了其环境流动性和生物利用率的降低[31].根据以往的研究,小麦籽粒中重金属的积累量排序为镉>汞,小麦倾向于累积更多的镉,而汞的累积量和分布在不同的小麦栽培品种中差异很大[32];一般情况下,镉和汞在小麦组织中的平均浓度为根部>茎部>籽粒,以前的研究也是这样对镉、汞在小麦不同组织中的积累浓度进行排序[4,32].小麦根部镉浓度较高的原因可能是镉进入皮层细胞后,形成不溶性有机大分子,与蛋白质、多糖、核糖、核酸等发生化学结合,形成持久的大分子复合物[30].镉和汞在小麦不同部位的转运存在明显差异,我们的实验结果表明,根部镉吸收和镉从茎部到籽粒的转运能力分别是汞的 5.87~11.55 倍和 37.86~109.00 倍,这表明高镉转运是小麦的特征之一[7].镉在植物体内主要通过二价阳离子(铁(II)、锰和锌等)的转运蛋白进行吸收和迁移,这也增加了镉在小麦体内的转运[33].在根的细胞质中,汞与细胞壁成分(如果胶)紧密结合,而 Hg^{2+}与巯基有很高的亲和力,易与细胞内半胱氨酸和谷胱甘肽等含巯基化合物结合,形成螯合态复合物,从而减少汞的转运[33-34].

3.3 施用钝化剂改变了小麦根际微生物群落结构

钝化剂处理显著提升小麦根际土壤中变形菌门和芽单胞菌门的相对丰度.变形菌门作为环境中普遍存在的门类,对土壤中镉污染具有耐受性,能够络合和吸附土壤中重金属,抵抗重金属的毒性[35],从而降低籽粒中镉的积累.此外,变形菌门还可以利用多种有机物作为碳源、氮源和能源,提供与生物地球化学循环相关的多种基本功能,这使得它们可以适应不同的环境变化[36].芽单胞菌门已被证明具有抵抗重金属、酸性环境和其他极端环境的能力[37-38].钝化剂富集变形菌和芽单胞菌等功能菌群,维持了群落的稳定性并且可通过胞外沉淀、细胞壁吸附、酶氧化和胞内复合等方式钝化重金属,从而重塑根际微生态,并降低重金属的生物毒性[35,37,39].

结果表明在钝化剂处理下根际细菌群落的 alpha 多样性均低于对照,其中 BJH 处理组细菌多样性最低.先前研究证实,土壤镉污染和施用钝化剂对细菌群落的 alpha 和 beta 多样性都有显著影响,并且随着镉污染的加剧,小麦根际土壤中的微生物多样性降低[40-41].暴露于重金属污染下的土壤微生物群落,耐镉物种的相对丰度有所增加,而敏感微生物物种的多样性和丰度下降,这导致细菌群落多样性骤减和结构的改变[38].基于 PICRUSt2 的功能预测表明,镉胁迫下根际微生物代谢通路主要富集于氨基酸代谢、碳水化合物代谢及辅助因子与维生素代谢.其中,氨基酸代谢对螯合镉起着关键作用,碳水化合物是生物体活动的储能物质,在重金属性质之间的相互作用主导了长期污染土壤中的微生物群落组成[42-43].土壤中镉污染增强了细菌对环境胁迫的反应,富集耐镉微生物,改变了微生物群落和土壤功能[35,39].相比之下,汞污染对微生物群落的影响呈现差异化特征:低汞污染区的细菌丰度(OTU 数量)和 alpha 多样性低于高污染区[44].此外,小麦组织中镉、汞的转运与根际细菌群落的组成密切相关.例如,接种根际土壤中的抗镉菌株 WRS8 可使小麦镉的生物富集系数与转运系数分别降低 78%~85%和 46%~58%,微生物可以诱导改善植物中重金属的积累[13,45].这表明根际微生物群通过调控重金属的固定,影响镉从土壤向食物链的迁移过程.本研究进一步证实,钝化剂可以通过调节土壤-根系界面的微生物群落结构以降低镉和汞的浓度.

4 结论

4.1 施用六种无机商业钝化剂均有效降低了小麦籽粒镉、汞富集,与对照组相比,籽粒中镉、汞富集系数分别降低了 20.93%~64.87%和 13.44%~34.66%.

4.2 施用钝化剂降低了小麦根际细菌群落的 alpha

多样性,并富集了变形菌门等耐镉微生物类群,微生物群落的改变降低了重金属对小麦的生物毒性,并促进了土壤中重金属生物有效性的降低.

4.3　钝化剂可通过直接降低土壤中重金属生物有效性和富集根际耐受重金属菌群,协同阻控小麦对镉、汞的积累.本次田间试验弥补了以往研究仅关注单一污染物的局限性,全面评估了镉、汞复合污染土壤中施用钝化剂对土壤−植物−微生物系统的影响.

参考文献：

[1] Wang P, Chen H, Kopittke P M, et al. Cadmium contamination in agricultural soils of China and the impact on food safety [J]. Environmental Pollution, 2019,249:1038−1048.

[2] 张梓良,林　健,冬明月,等.苏南某区污染耕地农产品镉汞状况调查及健康风险评价 [J]. 土壤, 2022,54(1):206−210.
Zhang Z L, Lin J, Dong M Y, et al. Survey of cadmium and mercury pollution and assessment of health risk of crops in polluted farmland in southern Jiangsu [J]. Soils, 2022,54(1):206−210.

[3] 徐双圆,朱家辉,王栋茹,等.植物套作系统修复镉污染农田土壤的效应——以苏南地区为例 [J]. 中国环境科学, 2024,44(6):3289−3300.
Xu S Y, Zhu J H, Wang D R, et al. Effect of plant intercropping system on remediation of cadmium contaminated farmland soil—A case study on the southern Jiangsu province area [J]. China Environmental Science, 2024,44(6):3289−3300.

[4] Hussain S, Yang J, Hussain J, et al. Mercury fractionation, bioavailability, and the major factors predicting its transfer and accumulation in soil−wheat systems [J]. Science of the Total Environment, 2022,847:157432.

[5] 王祖波,何天容.不同硒化修复剂对稻田汞污染修复效果研究 [J]. 中国环境科学, 2019,39(10):4254−4261.
Wang Z B, He T R. Effect of different selenization remediation agents on remediation of mercury pollution in paddy field [J]. China Environmental Science, 2019,39(10):4254−4261.

[6] Zhang X, Zhou R, Teng L, et al. Genotypic variation in grain cadmium concentration in wheat: Insights into soil pollution, agronomic characteristics, and rhizosphere microbial communities [J]. Environmental Pollution, 2024,340:122792.

[7] Li Y, Fan G, Gao Y, et al. Wheat tends to accumulate higher levels of cadmium in the grains than rice under a wide range of soil pH and Cd concentrations: A field study on rice−wheat rotation farmland [J]. Environmental Pollution, 2025,367:125574.

[8] Jiang Y, Wei C, Jiao Q, et al. Interactive effect of silicon and zinc on cadmium toxicity alleviation in wheat plants [J]. Journal of Hazardous Materials, 2023,458:131933.

[9] Hou D, Wang K, Liu T, et al. Unique rhizosphere micro−characteristics facilitate phytoextraction of multiple metals in soil by the hyperaccumulating plant *Sedum alfredii* [J]. Environmental Science & Technology, 2017,51:5675−5684.

[10] Guo P, Du H, Mao Q, et al. The duality of sulfate−reducing bacteria: reducing methylmercury production in rhizosphere but enhancing accumulation in rice plants [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024,476:135049.

[11] 曾　鹏,蒋　毅,辜娇峰,等.多元复合调理剂对镉砷污染农田土壤微生物群落结构的影响 [J]. 中国环境科学, 2021,41(8):3740−3748.
Zeng P, Jiang Y, Gu J F, et al. Effects of the multi−composite amendment on soil microbial community structure in Cd and As−contaminated paddy soil [J]. China Environmental Science, 2021, 41(8):3740−3748.

[12] Wang Z, Teng Y, Wang X, et al. Removal of cadmium and polychlorinated biphenyls by clover and the associated microbial community in a long−term co−contaminated soil [J]. Science of the Total Environment, 2023,871:161983.

[13] Wood J L, Tang C, Franks A E. Microbial associated plant growth and heavy metal accumulation to improve phytoextraction of contaminated soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016,103:131−137.

[14] Wang X, Hu K, Xu Q, et al. Immobilization of Cd using mixed *Enterobacter* and *Comamonas* bacterial reagents in pot experiments with *Brassica rapa* L. [J]. Environmental Science & Technology, 2020,54:15731−15741.

[15] Zhao J, Qin S, Pan P, et al. Microbial driving mechanism of soil conditioner on reducing cadmium uptake by rice and improving soil environment [J]. Agriculture, Ecosystems and Environment, 2023,349: 108452.

[16] Feng J, Xu Y, Ma B, et al. Assembly of root−associated microbiomes of typical rice cultivars in response to lindane pollution [J]. Environment International, 2019,131:104975.

[17] Tessier P G C C, Bisson M. Sequential extraction procedure for the speciation of particulate trace metals [J]. Analytical Chemistry, 1979,51(7):844−851.

[18] Wang Y, Gao P P, Shang Y M, et al. Trade−offs of reproductive growth and Cd remobilization regulated Cd accumulation in wheat grains (*Triticum aestivum* L.) [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024,476: 135166.

[19] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, et al. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME2 [J]. Nature Biotechnology, 2019,37(9):1091.

[20] Wang Q, Garrity G M, Tiedje J M, et al. Naive bayesian classifier for rapid assignment of rRNA sequences into the new bacterial taxonomy [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007,73(16):5261−5267.

[21] Pei P, Sun Y, Wang L, et al. In−situ stabilization of Cd by sepiolite co−applied with organic amendments in contaminated soils [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2021,208:111600.

[22] Xu M, Ma J, Zhang X H, et al. Biochar−bacteria partnership based on microbially induced calcite precipitation improves Cd immobilization and soil function [J]. Biochar, 2023,5:20.

[23] Xu T, Xi J, Ke J, et al. Deciphering soil amendments and actinomycetes for remediation of cadmium (Cd) contaminated farmland [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2023,249: 114388.

[24] Lian J, Cheng L, Zhai X, et al. Foliar spray of combined metal−oxide nanoparticles alters the accumulation, translocation and health risk of Cd in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Journal of Hazardous Materials,

2022,440:129857.

[25] Saifullah, Sarwar N, Bibi S, et al. Effectiveness of zinc application to minimize cadmium toxicity and accumulation in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Environmental Earth Sciences, 2013,71:1663−1672.

[26] Zhao A Q, Tian X H, Lu W H, et al. Effect of zinc on cadmium toxicity in winter wheat [J]. Journal of Plant Nutrition, 2011,34:1372−1385.

[27] Lu M, Liang Y, Lakshmanan P, et al. Magnesium application reduced heavy metal−associated health risks and improved nutritional quality of field−grown Chinese cabbage [J]. Environmental Pollution, 2021, 289:117881.

[28] Huang H, Tang Z X, Qi H Y, et al. Soil amendments with $ZnSO_4$ or $MnSO_4$ are effective at reducing Cd accumulation in rice grain: An application of the voltaic cell principle [J]. Environmental Pollution, 2022,294:118650.

[29] Cooke J, Leishman M R, Hartley S. Consistent alleviation of abiotic stress with silicon addition: a meta−analysis [J]. Functional Ecology, 2016,30:1340−1357.

[30] Ma J F, Shen R F, Shao J F. Transport of cadmium from soil to grain in cereal crops: A review [J]. Pedosphere, 2021,31(1):3−10.

[31] Ding C, Zhang T, Li X, et al. Major controlling factors and prediction models for mercury transfer from soil to carrot [J]. Journal of Soils and Sediments, 2014,14:1136−1146.

[32] Wang J, Gao J, Zheng L, et al. Abscisic acid alleviates mercury toxicity in wheat (*Triticum aestivum* L.) by promoting cell wall formation [J]. Journal of Hazardous Materials, 2023,449:130947.

[33] Zhao F J, Tang Z, Song J J, et al. Toxic metals and metalloids: Uptake, transport, detoxification, phytoremediation, and crop improvement for safer food [J]. Molecular Plant, 2022,15:27−44.

[34] Carrasco−Gil S, Siebner H, Leduc D L, et al. Mercury localization and speciation in plants grown hydroponically or in a natural environment [J]. Environmental Science & Technology, 2013,47:3082−3090.

[35] Feng G, Xie T, Wang X, et al. Metagenomic analysis of microbial community and function involved in Cd−contaminated soil [J]. BMC Microbiology, 2018,18:11.

[36] Dai Z, Su W, Chen H, et al. Long−term nitrogen fertilization decreases bacterial diversity and favors the growth of Actinobacteria and Proteobacteria in agro−ecosystems across the globe [J]. Global Change Biology, 2018,24:3452−3461.

[37] Kou B, He Y, Wang Y, et al. The relationships between heavy metals and bacterial communities in a coal gangue site [J]. Environmental Pollution, 2023,322:121136.

[38] Li Y, Gao Y, Chen W, et al. Shifts in bacterial diversity, interactions and microbial elemental cycling genes under cadmium contamination in paddy soil: Implications for altered ecological function [J]. Journal of Hazardous Materials, 2024,461:132544.

[39] 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.

[40] Wang Y, Zhang F, Yang L, et al. Synergy of plastics and heavy metals weakened soil bacterial diversity by regulating microbial functions in the Qinghai−Tibet Plateau [J]. Journal of Hazardous Materials, 2025, 487:137241.

[41] Xu M, Hao X, Xiong Z, et al. Soil amendments change bacterial functional genes more than taxonomic structure in a cadmium−contaminated soil [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021,154: 108126.

[42] Song J, Shen Q, 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.

[43] Zhao X, Huang J, Lu J, et al. Study on the influence of soil microbial community on the long−term heavy metal pollution of different land use types and depth layers in mine [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019,170:218−226.

[44] Frossard A, Donhauser J, Mestrot A, et al. Long− and short−term effects of mercury pollution on the soil microbiome [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018,120:191−199.

[45] Cheng C, Wang Q, Wang Q X, et al. Wheat−associated *Pseudomonas taiwanensis* WRS8reduces cadmium uptake by increasing root surface cadmium adsorption and decreasing cadmium uptake and transport related gene expression in wheat [J]. Environmental Pollution, 2021,268:115850.

作者简介：张欢欢(1996−),女,江苏徐州人,博士研究生,从事土壤重金属污染修复研究.发表论文 1 篇.zhanghuanhuan@issas.ac.cn.