

刘 健,牛少勋,黄恩惠,等.酸性矿山废水灌溉对稻田土壤铁碳的影响及微生物群落结构响应 [J]. 中国环境科学, 2025,45(5):2654-2663.

Liu J, Niu S X, Huang E H, et al. Effects of acid mine drainage irrigation on iron and carbon in paddy soils and the response of microbial community structure [J]. China Environmental Science, 2025,45(5):2654-2663.

## 酸性矿山废水灌溉对稻田土壤铁碳的影响及微生物群落结构响应

刘 健<sup>1</sup>,牛少勋<sup>1</sup>,黄恩惠<sup>1</sup>,刘振聪<sup>1</sup>,李晓飞<sup>1</sup>,吴小莲<sup>1</sup>,柯常栋<sup>2</sup>,包艳萍<sup>1\*</sup> (1.佛山大学环境与化工学院,广东 佛山 528000; 2.生态环境部华南环境科学研究所,广东省水与大气污染防治重点实验室,广东 广州 510655)

**摘要:** 以广东大宝山矿区酸性矿山废水(AMD)长期灌溉的稻田土壤为研究对象进行铁形态及铁碳结合特征分析,结合高通量测序技术,揭示 AMD 灌溉铁输入对稻田土壤有机碳固定的影响及微生物群落结构响应.结果表明:①AMD 灌溉导致稻田土壤酸化,铁硫元素及重金属在土壤中积累,土壤总有机碳(TOC)与总铁(TFe)、铁结合态有机碳(OC<sub>Fe</sub>)呈极显著正相关.②AMD 灌溉导致土壤微生物丰度和多样性降低,AMD 污染土壤 *Geobacter* 相对丰度下降,形成了以耐酸的铁硫代谢菌 *Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 等为主要优势属的微生物群落结构.③RDA 分析表明影响稻田土壤微生物群落结构组成的主要环境因子为络合态铁(Fe<sub>p</sub>)、TOC 和 TFe.研究显示,AMD 灌溉引入的铁有利于稻田土壤有机碳的保存,同时 AMD 灌溉导致稻田土壤形成了与污染程度、铁碳形态及含量紧密相关联的微生物群落结构.

**关键词:** 稻田土壤; 酸性矿山废水; 微生物群落结构; 活性铁; 有机碳

中图分类号: X53 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2025)05-2654-10

### Effects of acid mine drainage irrigation on iron and carbon in paddy soils and the response of microbial community structure.

LIU Jian<sup>1</sup>, NIU Shao-xun<sup>1</sup>, HUANG En-hui<sup>1</sup>, LIU Zheng-cong<sup>1</sup>, LI Xiao-fei<sup>1</sup>, WU Xiao-lian<sup>1</sup>, KE Chang-dong<sup>2</sup>, BAO Yan-ping<sup>1\*</sup> (1.School of Environment and Chemical Engineering, Foshan University, Foshan 528000, China; 2.The Key Laboratory of Water and Air Pollution Control of Guangdong Province, South China Institute of Environmental Sciences, Ministry of Ecology and Environment of the People's Republic of China, Guangzhou 510655, China). *China Environmental Science*, 2025,45(5): 2654-2663

**Abstract:** This study focused on the long-term AMD-contaminated paddy soils in the Dabaoshan mining area of Guangdong Province. The distribution characteristics of soil iron phases and iron-bound organic carbon were analysed, combining with high-throughput sequencing to examine the effects of AMD irrigation on soil organic carbon sequestration and the response of soil microbial community structure. The results indicated that: ① AMD irrigation led to soil acidification, with accumulation of iron, sulfur and heavy metals in paddy soils. The contents of TOC in paddy soils showed significant positive correlation with TFe, and OC<sub>Fe</sub>. ② AMD irrigation resulted in decreases of soil microbial abundance and diversity. AMD irrigation led to a decrease in the relative abundance of *Geobacter* in paddy soils, whereas acid tolerant iron and/or sulfur metabolizing bacteria such as *Thiobacillus* and *Thioifustis* became the dominant bacteria in paddy soils with the most heavily AMD pollution. ③ RDA analysis identified Fe<sub>p</sub>, TOC, and TFe were the most crucial factors influencing microbial community structure. In conclusion, AMD irrigation brought dissolved iron into paddy soils which was beneficial to soil organic carbon preservation. In addition, AMD irrigation resulted in the formation of microbial community structure that closely related to AMD pollution gradient, the form and content of iron and carbon.

**Key words:** paddy soil; acid mine drainage; microbial community structure; active iron; organic carbon

酸性矿山废水(AMD)是目前全球采矿业面临的最为严重的环境问题之一<sup>[1]</sup>.硫铁矿如黄铁矿、磁黄铁矿等,是硫化矿系矿山(硫铁矿、煤矿和多金属硫化矿等)尾矿中最为常见且分布很广的硫化物矿物<sup>[1-2]</sup>,常随矿山的开采而暴露.暴露的硫铁矿在水、大气及微生物的共同作用下氧化,形成 pH 值低,并富含可溶性 Fe、SO<sub>4</sub><sup>2-</sup>及多种重(类)金属离子的 AMD<sup>[3-4]</sup>.铁离子是 AMD 中主要的金属离子,含量最高可达 8000mg/L 以上<sup>[5]</sup>.由于水资源缺乏和人们对

污染认识的不足,AMD 污染的河水在很多地区被用作灌溉水<sup>[6-7]</sup>,AMD 中携带的大量铁离子由此进入农田土壤.

土壤有机碳作为陆地生态系统中最大的碳库<sup>[8]</sup>,土壤有机碳的微小变化就能够对大气中 CO<sub>2</sub> 浓度产

收稿日期: 2024-09-30

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(42207302,42307278);广东省基础与应用基础研究基金(2019A151110811,2022A151110918)

\* 责任作者, 副教授, byp3048@163.com

生显著影响,所以保持土壤有机碳的稳定性对于处理温室效应,解决当下环境热点问题具有关键作用。活性铁矿物是土壤环境中的重要矿物,其可通过多种方式与有机碳相互作用,形成稳定的铁-有机复合物(Fe-OC)<sup>[9-10]</sup>,被认为是土壤有机碳长期稳定的关键地球化学机制<sup>[11]</sup>。土壤铁矿物对有机碳的固持效应是近年来有机碳研究的热点。

大宝山矿开采产生大量 AMD,其可溶性 Fe(Fe(II)和 Fe(III))含量高达 550mg/L<sup>[12]</sup>,AMD 中丰富的铁随河水灌溉进入稻田土壤<sup>[7]</sup>。进入土壤的活性铁可通过其矿物学特征及氧化还原敏感性影响有机碳的固持和矿化,改变土壤有机碳的动态平衡<sup>[13-14]</sup>。目前关于 AMD 灌溉引起的活性铁输入对土壤有机碳的影响关注较少。同时,试验稻田由于长期受 AMD 灌溉的影响,形成了独特的微生物种群结构<sup>[6,15]</sup>。有关 AMD 污染土壤的研究表明,AMD 灌溉不仅导致土壤酸化,酸化的土壤耐酸菌的相对丰度增加,而且 AMD 中大量的铁元素随灌溉在土壤中积累,导致土壤铁代谢菌群活性及丰度增加<sup>[16-18]</sup>。土壤微生物作为土壤生态系统中不可或缺的一部分,它们能够参与有机质的分解与转化,对维持土壤肥力和保持生物活性起着关键作用<sup>[19]</sup>,同时参与土壤铁碳循环。因此,认识 AMD 灌溉土壤中微生物群落结构的组成特别是铁碳循环相关微生物的组成和分布,对于理解 AMD 灌溉引入的活性铁对土壤有机碳固定的影响有重要意义。

本文以广东大宝山矿区长期受 AMD 灌溉影响的稻田土壤为研究对象,通过分析土壤理化性质、不同形态铁碳含量、微生物群落结构组成及其与环境因子间的相关性,其中特别探讨了铁碳循环相关微生物的组成与不同形态铁碳含量间的关系,从而探究 AMD 灌溉对稻田土壤铁碳含量和组成的影响及微生物群落结构响应,为揭示外源铁输入条件下土壤的铁-碳耦合机制提供参考,为理解人为因素导致的土壤环境条件改变对碳循环的影响提供支撑。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验地概况

试验地位于广东省韶关市,属于亚热带季风性气候,年均降水量 1700mm,年平均气温 21℃,当地农作物以甘蔗和水稻为主,由于地势为西高东低,横石

河由西北向东南穿镇而过。横石河源头位于大宝山,由于大宝山矿区的开采,加上大量的降雨,非常有利于 AMD 的形成。采矿形成的 AMD 汇入横石河,利用 AMD 污染的河水进行灌溉导致 AMD 中丰富的铁随着灌溉进入稻田,对稻田土壤有机碳的动态平衡产生影响。

### 1.2 土壤采集及样品预处理

土壤样品采集于 2023 年夏季,研究选择了从横石河流域上游到下游沿岸的五处受 AMD 影响不同的水稻田作为采样点记为 S1~S4 及 C(图 1),其中采样点 C 未受 AMD 影响,每个采样点按稻田的进水-田间-出水方向布设共计 3 个采样点,采集表层(0~20cm)土壤样品,共计 15 个。

用于微生物分析的样品收集在灭菌的离心管中,采样结束后直接送微生物测序公司检测。用于理化性质分析的土壤返回实验室后,放置在通风避雨处晾晒一周左右自然风干,去除其中的碎石、动植物残体等杂质,按四分法取样,研磨后,土壤样品过 100 目筛。

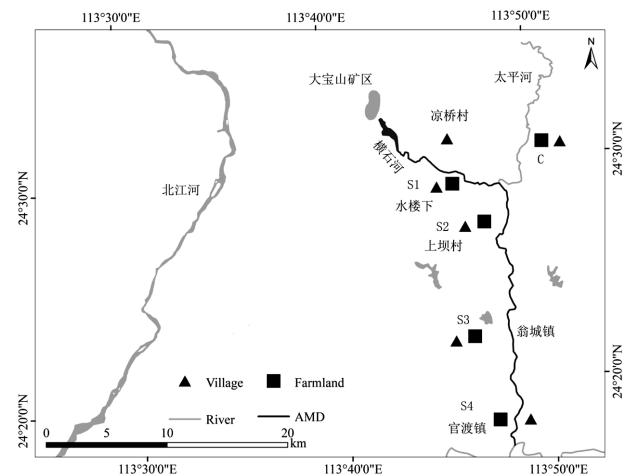


图 1 采样地位置

Fig.1 Sampling sites

### 1.3 分析测定及数据处理

**1.3.1 土壤 pH 值测定及重金属含量分析** 取过 100 目筛的土壤,按照 5:1 的水土比加入蒸馏水,用雷磁 PHS-3E 型 pH 计测定土壤 pH 值。参照汪涵<sup>[18]</sup>的方法利用四酸消解法溶解土壤,采用石墨炉-原子吸收分光光度计(AA-6880G)测定消解液中 Cu、Zn、Pb 和 Cd 的浓度。

**1.3.2 土壤中 Fe 形态和有机碳含量的测定** 土壤

中无定型铁氧化物( $Fe_o$ )、和络合态  $Fe(Fe_p)$ 的分析参考 Bhattacharyya 等<sup>[20]</sup>的方法进行提取.提取  $Fe_p$  将 0.3g 干燥土壤与 30mL 0.1mol/L 焦磷酸钠混合,振荡 14h.提取  $Fe_o$  将 0.6g 干燥土壤与 30mL 0.2mol/L 草酸铵混合,避光振荡 4h.铁碳结合态( $Fe-OC$ )参考李一等<sup>[21]</sup>改进的连二亚硫酸钠-盐酸(Dithionite-HCl,DH)法进行提取.称取 0.5g 土壤样品,先用 57.4mmol/L 的连二亚硫酸钠溶液 (pH=3~4) 震荡 16h,离心收集上清液;再用 0.05mol/L 的 HCl 进行震荡提取,离心收集上清液,最后将两次上清液合并过滤.采用石墨炉-原子吸收分光光度计(AA-6880G)测定滤液中的 Fe 含量.同时,将收集的滤液经 2mol/L 盐酸酸化后用总有机碳分析仪(Multi N/C 3100)测定滤液中 TOC 浓度.

总有机碳(TOC)测定前先用盐酸将土壤酸化,再进行测定.称取过 100 目筛的土壤样品 200~300mg 于玉舟中,加入过量 2mol/L 的盐酸使土壤浸润,过夜反应以去除土壤中的碳酸盐,105℃烘干后用总有机碳分析仪(Multi N/C 3100)测定土壤样品的总 TOC.总氮(TN)和总硫(TS)采用元素分析仪(Elementar vario MACRO cube)进行测定.

**1.3.3 DNA 提取及测序分析** 按照 MOBIO PowerSoil<sup>®</sup> DNA 提取试剂盒说明书对土壤样品总基因组 DNA 进行提取,利用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完整性和纯度,同时利用 NanoDropOne 检测 DNA 的浓度和纯度.将提取的总 DNA 为模板,以 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGGTAA-3') 和 806R(5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 为引物对 V4 区进行 PCR 扩增.回收 PCR 混合产物,洗脱回收目标 DNA 片段,并构建文库.最后在 Miseq 高通量测序平台完成上机测序.DNA 提取和测序由广东美格基因科技有限公司完成.

测序得到的原始数据首先需进行初步的筛选.用 Flash 进行拼接,获得一条完整的目的片段.利用 Mothur 对拼接后的片段进行质控,并去除嵌合体.最后在 QIIME 中进行流程化分析,分析流程参考 QIIME 进行 454amplicons 序列分析的标准流程.

为了研究样品微生物组成的多样性,对所有样品的 Effective tags 进行聚类,然后以 97%的一致性 (Identity) 将序列聚类成为 OTUs(Operational taxonomic units),并利用 Greengene 数据库进行物种

注释.通过对 OTUs 进行丰度、Alpha 多样性、Beta 多样性以及物种在各个分类水平上的群落结构统计分析,得到微生物群落结构组成.

**1.3.4 数据分析** 利用 SPSS 27.0 对土壤理化参数、微生物丰度和  $\alpha$  多样性指数进行单因素方差分析,表中数据为平均值 $\pm$ 标准差,字母表示不同采样点之间差异的显著性;利用 Pearson 相关性分析法检验土壤理化参数间的相关性.使用美格基因云平台(<http://cloud.magigene.com/login>)进行 PCoA 分析、冗余分析,绘制相关性热图.

## 2 结果与分析

### 2.1 稻田土壤理化性质及铁碳结合特征

各采样点土壤理化性质如表 1 所示,不同采样点稻田土壤的理化性质差异显著.横石河上游区域引用 AMD 进行灌溉的稻田土壤 pH 值相对较低,特别是 S2 采样点 pH 值最低,为 5.06,其次为 S1,pH 值为 5.51.从土壤 TFe 含量及提取的各种不同铁形态含量来看,受 AMD 灌溉影响的稻田土壤 TFe 含量和有机碳结合的活性铁  $Fe_{OC}$  含量显著高于对照点 C,其中 S2 采样点含量最高,总铁含量高达 62.71mg/g,  $Fe_{OC}$  为 35.40mg/g;同时受 AMD 灌溉影响的稻田土壤中活性铁  $Fe_{OC}$ (45.34%以上)占总铁的比例远高于对照点 C(33.68%).此外,受 AMD 灌溉影响的稻田土壤(除 S3 以外)无定型铁  $Fe_o$  含量普遍高于对照点 C;但络合态  $Fe_p$  含量没有明显的规律.

从土壤有机碳含量来看,受 AMD 污染最严重的 S2 采样点总有机碳的含量最高;同样地,S2 采样点铁结合态有机碳的含量也最高,显著高于对照点;除 S2 以外,其余受 AMD 影响的采样点  $OC_{Fe}$  在 TOC 中的占比也远高于对照点.此外,受 AMD 灌溉影响的稻田土壤 TS 及重金属含量也明显高于对照点.其中 S2 采样点 TS 含量和四种重金属的含量最高,TS 含量为 733.07mg/kg,Cu、Zn、Pb 和 Cd 的含量依次为 626.05, 618.13, 408.95 和 1.10mg/kg,显著高于对照点;其次为 S1,TS 及四种重金属含量也较高,同时 S3 和 S4 的 TS 及四种重金属含量也明显高于对照点 C.

对土壤各理化参数进行相关性分析,结果如表 2 所示,TFe 与  $Fe_{OC}$ 、 $Fe_p$ 、TOC、 $OC_{Fe}$ 、TS、TN 及四种重金属呈极显著正相关,TOC 与  $OC_{Fe}$ 、TN、TFe 呈极显著正相关, $OC_{Fe}$  与 TFe、 $Fe_{OC}$ 、 $Fe_o$ 、TOC、

TS、TN 呈极显著正相关,四种重金属之间呈极显著 正相关.

表 1 理化参数

Table 1 Physicochemical parameters

参数	S1	S2	S3	S4	C
pH 值	5.51±0.23bc	5.06±0.02c	5.58±0.10b	6.09±0.21a	5.89±0.05ab
TFe (mg/g)	35.76±0.70b	62.71±12.86a	26.31±4.90b	33.48±2.16b	29.32±0.50b
Fe <sub>OC</sub> (mg/g)	17.53±1.91ab	35.40±9.08a	13.32±4.48b	17.92±3.84ab	9.87±1.27b
Fe <sub>OC</sub> /TFe (%)	48.98±0.05a	49.36±7.27a	45.34±8.34a	53.04±7.97a	33.68±4.48a
Fe <sub>o</sub> (mg/g)	5.05±0.11abc	5.29±0.65ab	3.67±0.52c	5.35±0.73a	3.73±0.15bc
Fe <sub>p</sub> (mg/g)	0.90±0.18a	0.49±0.04b	0.79±0.14ab	0.92±0.06a	0.91±0.01a
TOC (g/kg)	13.54±0.99c	26.00±1.82a	9.06±0.34d	13.01±1.54c	20.05±0.55b
OC <sub>Fe</sub> (mg/g)	3.97±0.06ab	4.33±0.14a	3.28±0.07c	3.66±0.28bc	3.73±0.03bc
OC <sub>Fe</sub> /TOC (%)	29.47±2.04b	16.76±1.66c	36.23±1.94a	28.31±1.35b	18.59±0.35c
TS (mg/kg)	482.20±49.26b	733.07±46.74a	457.27±13.36b	338.73±20.77c	282.67±8.40c
TN (g/kg)	2.10±0.14c	3.15±0.03a	1.20±0.12d	1.79±0.25c	2.24±0.18b
Cu (mg/kg)	229.77±9.85b	626.05±53.05a	66.33±1.58b	103.53±12.76b	29.27±0.66b
Zn (mg/kg)	342.10±19.18b	618.13±68.43a	145.33±31.25c	167.23±15.85c	66.33±1.65d
Pd (mg/kg)	118.60±46.64b	408.95±54.85a	54.80±3.40b	92.97±11.21b	27.60±1.87b
Cd (mg/kg)	0.84±0.08a	1.10±0.40a	0.66±0.09ab	0.73±0.08a	0.26±0.06b

注: 数据为平均值±标准差,同一行中不同小写字母表示不同采样点之间差异显著( $P<0.05$ );pH值:酸碱度,TFe:总铁,Fe<sub>OC</sub>:有机碳结合态铁,Fe<sub>OC</sub>/TFe:Fe<sub>OC</sub>在TFe中的占比,Fe<sub>o</sub>:无定型铁氧化物,Fe<sub>p</sub>:络合态Fe, TOC:总有机碳,OC<sub>Fe</sub>:铁结合态有机碳, OC<sub>Fe</sub>/TOC:OC<sub>Fe</sub>在TOC中的占比,TS:总硫,TN:总氮,Cu:铜,Zn:锌,Pb:铅,Cd:镉.

表 2 理化参数间的相关性

Table 2 Correlation matrix for physicochemical parameters

参数	pH 值	TFe	Fe <sub>OC</sub>	Fe <sub>o</sub>	Fe <sub>p</sub>	TOC	OC <sub>Fe</sub>	TS	TN	Cu	Zn	Pb
TFe	-0.640*											
Fe <sub>OC</sub>	-0.651**	0.894**										
Fe <sub>o</sub>	-0.260	0.516*	0.613*									
Fe <sub>p</sub>	0.657**	-0.729**	-0.690**	-0.105								
TOC	-0.476	0.662**	0.566*	0.265	-0.511							
OC <sub>Fe</sub>	-0.612*	0.791**	0.719**	0.695**	-0.414	0.768**						
TS	-0.872**	0.820**	0.854**	0.370	-0.746**	0.458	0.605*					
TN	-0.476	0.743**	0.640*	0.437	-0.482	0.962**	0.840**	0.517*				
Cu	-0.793**	0.918**	0.891**	0.535*	-0.766**	0.692**	0.808**	0.923**	0.759**			
Zn	-0.783**	0.909**	0.877**	0.553*	-0.749**	0.580*	0.790**	0.928**	0.663**	0.981**		
Pb	-0.722**	0.934**	0.896**	0.542*	-0.712**	0.698**	0.781**	0.895**	0.794**	0.976**	0.944**	
Cd	-0.514	0.777**	0.786**	0.582*	-0.606*	0.133	0.513	0.762**	0.278	0.731**	0.811**	0.717**

注: \* 代表在0.05水平上差异显著,\*\*代表在0.01水平上差异显著.

## 2.2 微生物群落多样性

稻田土壤微生物丰度及  $\alpha$  多样性指数如表 3 所示.从微生物丰度上来看,4 个受 AMD 影响的采样点和 1 个对照点的微生物测序所得的序列数无显著差异,但 OTU 个数差异显著,横石河上游两个受 AMD 影响较大的采样点(S1 和 S2)稻田土壤微

生物 OTU 数量显著小于对照点,而横石河下游两个受 AMD 影响较小的采样点(S3 和 S4)稻田土壤微生物 OTU 数量与对照点差异较小. $\alpha$  多样性指数也有类似的现象,横石河上游两个受 AMD 影响较大的采样点(S1 和 S2)稻田土壤微生物的 Chao1 指数和 Shannon 指数显著小于对照点,横石河下游

两个受 AMD 影响较小的采样点(S3 和 S4)稻田土壤微生物 Chao1 指数和 Shannon 指数与对照点差异较小。

基于 Bray-Curtis 距离矩阵对采集的 15 个稻田土壤样品进行主坐标分析(PCoA),如图 2 所示,总体上,各个采样点采集的 3 个土壤样品微生物群落在 PCoA 图上聚集在一起,表明同一采样地块土壤微生物群落结构组成相似.S3 和 S4 在 PCoA 图上分

布最为接近,主要分布在 PCoA 图的中心位置附近,表明 S3 和 S4 土壤微生物群落结构组成相似;S1 分布在 PCoA1 右轴,与 S3、S4 较为接近.S2 土壤微生物群落在 PCoA 图上均分布于 PCoA2 正轴,对照点 C 土壤微生物群落在 PCoA 图上均分布于 PCoA2 负轴,且 S2 和 C 均远离其他 3 个采样点,表明 S2 和 C 与其他几个采样点土壤微生物群落结构组成差异较大。

表 3 不同采样点稻田土壤微生物丰度及 α 多样性指数  
Table 3 Microbial abundance and α diversity of paddy soils

参数	S1	S2	S3	S4	C
seqs	73318±2244a	74368±4237a	73833±3340a	71977±1681a	74259±1703a
OTUS	5558±438cd	5229±206d	6598±456ab	6063±367bc	6873±289a
chao1	5560±438cd	5231±206d	6600±455ab	6065±366bc	6875±289a
shannon	9.60±0.15bc	8.77±0.27d	10.00±0.20ab	9.34±0.37c	10.17±0.12a
Ace	7541±494c	7443±223c	8880±378ab	8418±397b	9373±343a
Simpson	0.008±0.004a	0.015±0.003a	0.006±0.002a	0.017±0.014a	0.005±0.001a

注:数据为平均值±标准差,同一行中不同小写字母表示不同样地之间差异显著(P<0.05)。

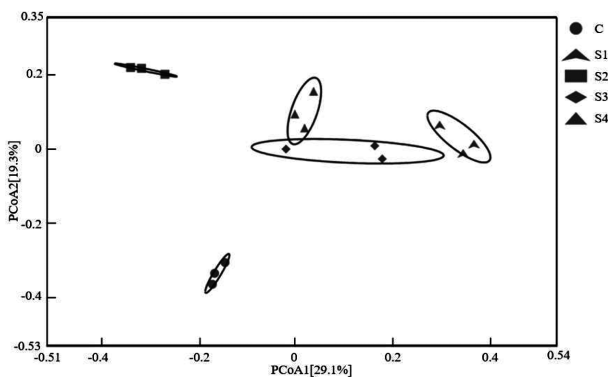


图 2 基于 Bray-Curtis 距离矩阵的土壤微生物群落的主坐标分析(PCoA)

Fig.2 Principal coordinate analysis (PCoA) of soil microbial communities based on Bray-Curtis distance

### 2.3 微生物群落结构组成

从横石河流域 5 个采样点采集的 15 个稻田土壤样品,经 16S rRNA 高通量测序共得到 1103263 条有效序列,分析出超过 60 个门和 600 个属,取相对丰度≥1%的丰度前 14 的物种进行分析,如图 3a 所示,在门水分类平上,相对丰度大小依次为:变形菌门(Proteobacteria)、酸杆菌门(Acidobacteria)、绿弯菌门(Chloroflexi)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、疣微菌门(Verrucomicrobia)、奇古菌门(Thaumarchaeota)、泉

古菌门(Crenarchaeota)、厚壁菌门(Firmicutes)、浮霉菌门(Planctomycetes)、帕特斯菌门(Patescibacteria)、硝化螺旋菌门(Nitrospirae)、广古菌门(Euryarchaeota)和肠杆菌门(Epsilonbacteraeota).其中,变形菌门的相对丰度最高,占总菌门的 32.45%,其次是酸杆菌门,占总菌门的 12.11%.此外,测序还发现了两个相对丰度较高的古菌门,即奇古菌门(Thaumarchaeota)、泉古菌门(Crenarchaeota)。

在属分类水平上,存在大量未命名的属,占总丰度的 50%以上,能命名到属的占总丰度的 21.60%~45.70%。如图 3b 所示,总体上各个采样点采集的 3 个样品间属水平上的物种组成较为相似,不同采样点间的物种组成差异较明显.主要优势属的相对丰度大小由高到低依次为:Geobacter、Thiobacillus、Sulfurifustis、Candidatus Solibacter、Candidatus Udaeobacter、Sulfuricurvum、Acidovorax。其中 Geobacter 是大部分土壤样品中最主要的优势属,其在每个土壤样品中的相对丰度均超过 1%,但与对照点 C 相比,受 AMD 影响的各采样点(S1、S2、S3 和 S4)土壤中 Geobacter 相对丰度均明显更低.此外,S2 土壤微生物属水平上组成较为特殊,以 Thiobacillus 和 Sulfurifustis 为最主要的优势属。

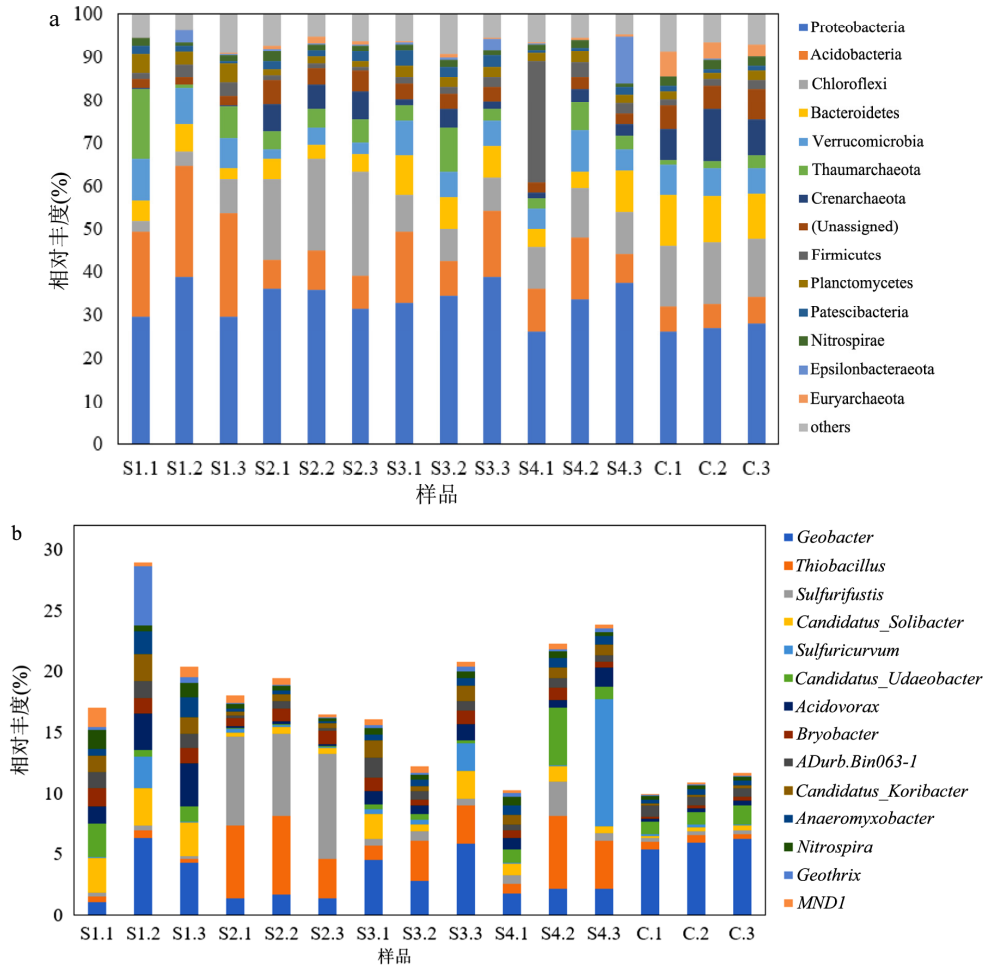


图 3 稻田土壤微生物门类(a)和属水平(b)上优势物种相对丰度

Fig.3 Relative abundance of dominant species of microbial communities at the phylum (a) and genus levels (b) in paddy soils

2.4 微生物群落组成与铁碳的相关性

环境因子是影响稻田土壤微生物群落结构的重要因素,因此将环境因子和微生物群落结构(属水平)进行冗余分析,由图 4 可知,影响微生物群落结构组成的最主要的因素为  $Fe_p$ 、TOC 和 TFe.

进一步采用热图对稻田土壤优势菌和理化因子的相关性进行分析.如图 5 所示,土壤各环境因子对属水平微生物的丰度有着重要的影响,大致分为正相关、无关、负相关三种.以本研究所关注的几种优势属为例,图 5 中与 *Geobacter* 所对应环境因子多为白色,特别是 TFe、 $Fe_{OC}$  及四种重金属所显示的白色明显,说明 *Geobacter* 与这些因子呈较强的负相关;但  $Fe_p$  所显示的黑色较深,说明 *Geobacter* 与  $Fe_p$  呈较强的正相关,此外,*Geobacter* 与 pH 值也呈现正相关.同时,*Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 在图 5 中显示与 pH 值呈负相关,与 TS、TFe、 $Fe_{OC}$  及四种重金属呈较强的正相关.此外,图 5 显示包括 *Candidatus\_*

*Solibacter*、*Candidatus\_Koribacter*、*Candidatus\_Nitrososphaera*、*Anaeromyxobacter*、*Geobacter*、*Geothrix* 等在内的大部分菌属与 TOC 呈负相关,但 *Methanobacterium* 与 TOC 呈正相关.

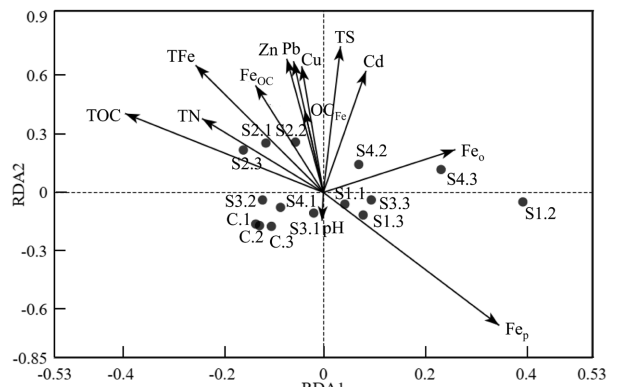


图 4 土壤环境因子与采样点属水平微生物群落组成的 RDA 分析

Fig.4 Redundancy analysis (RDA) of soil physicochemical parameters and microbial community composition at genus levels

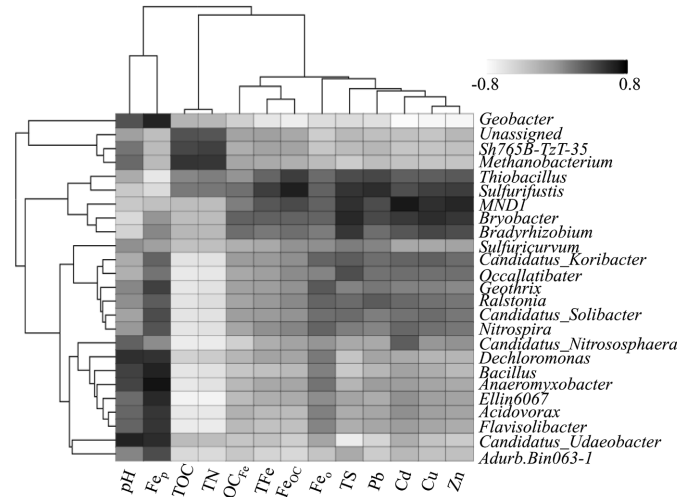


图5 优势菌与环境因子的相关性

Fig.5 Correlation-heatmap between soil physicochemical factor and the abundance of dominant microbial groups

### 3 讨论

#### 3.1 AMD灌溉对稻田土壤理化性质及铁碳的影响

研究发现横石河上游受 AMD 污染较严重的稻田土壤 pH 值显著低于下游及对照点,可见 AMD 灌溉导致了稻田土壤的酸化.大宝山采矿产生的酸性矿山废水 pH 值低,横石河上游 AMD 拦泥坝 pH 值最低可达 2.5<sup>[22]</sup>.本研究发现 S2 采样点稻田土壤 pH 值最低,为 5.06,但与汪涵<sup>[18]</sup>(因汪涵论文中的 S1 稻田被填土改造,本研究从水楼下开始采样,本研究 S1 对应汪涵论文中的 S2,采样点依次编号)的研究结果相比,pH 值相对 2015 年 12 月的稻田土壤 pH 值 4.34 有较大程度上升.与汪涵<sup>[18]</sup>的研究结果相比,除 S2 外其余几个采样点样品中重金属含量变化不大,而 S2 变化明显.汪涵<sup>[18]</sup>的研究表明 S2 土壤中 Cu、Zn 和 Pb 的含量分别为(249.89±19.73), (278.67±4.26)和(144.50±2.89) mg/kg,明显低于本研究的(626.05±53.05), (618.13±68.43)和(408.95±54.85) mg/kg,这可能是因为该采样地近年来持续使用 AMD 污染的河水进行灌溉,也可能是因为选取的采样田块不同所导致.大宝山矿的采矿历史悠久,可追溯到上个世纪七八十年代,早期出现的民采热潮,民选民洗、废渣、废水的随意排放让大宝山下游出现了震惊全国的癌症村——上坝村<sup>[23]</sup>,即本次研究的 S2 采样点.采矿产生的 AMD 进入横石河,河流周边农田使用 AMD 污染的河水进行灌溉,导致稻田土壤长期遭受 AMD 污染.自 2009 年起,大宝山矿业斥资进行大规模环境治理,至 2016 年在拦泥坝

下游建立了大规模污水处理厂,横石河的 AMD 污染逐渐得到缓解<sup>[6,12]</sup>,这也就导致本次研究采集的土壤样品 pH 值高于汪涵<sup>[18]</sup>的研究结果.

研究发现 AMD 灌溉导致稻田土壤 TFe 及 TS 含量明显高于对照点,这是因为 AMD 中普遍存在的高浓度铁、硫随灌溉进入土壤,在土壤中积累<sup>[7,24]</sup>,导致土壤中铁、硫含量增加.同时,研究发现受 AMD 灌溉影响的稻田土壤中活性铁 Fe<sub>OC</sub> 占 TFe 的比例显著高于对照点,同时受 AMD 灌溉影响的各采样点(S2 除外)OC<sub>Fe</sub> 在 TOC 中的占比也远高于对照点,可见 AMD 灌溉引入的活性铁增加了土壤铁结合态有机质的占比,有利于有机碳的保存.活性铁包括无定型铁和晶质铁,其中无定型铁氧化物因具有比表面积大、吸附能力强以及高反应活性等特点,更容易与有机质结合<sup>[25-26]</sup>.活性铁可以通过多种方式调节土壤有机碳固定,其中铁矿物与有机质相互作用形成的铁矿物-有机质复合体增加了有机碳的稳定性,导致更高的土壤碳储量,被认为是土壤长期碳固定的主要机制<sup>[1,27]</sup>.此外,本研究还发现受 AMD 灌溉影响严重的稻田土壤,特别是采样点 S2 的稻田土壤中 TOC 含量显著高于对照组,且 OC<sub>Fe</sub> 也显著高于对照组,同时 TOC 与 OC<sub>Fe</sub>、TFe 呈极显著正相关,OC<sub>Fe</sub> 与 Fe<sub>OC</sub>、TFe 等呈极显著正相关,进一步表明 AMD 灌溉引入的活性铁有利于土壤有机碳的保存.

#### 3.2 AMD灌溉对稻田土壤微生物多样性和群落结构组成的影响

微生物多样性分析表明,上游受 AMD 灌溉影响严重的稻田土壤(S1、S2)微生物丰度和多样性(OTU 数量、Chao1 指数和 Shannon 指数)显著降低,下游受 AMD 灌溉影响较轻的稻田土壤(S3、S4)微生物丰度和多样性与对照点 C 较为接近,这主要是因为 AMD 灌溉导致的土壤酸度增加及包括重金属在内的污染物对微生物生长的毒害作用<sup>[6,28]</sup>,导致横石河上游受 AMD 灌溉影响严重的稻田土壤微生物多样性下降,AMD 灌溉导致的微生物丰度和多样性下降在其它 AMD 灌溉影响的土壤中也被发现<sup>[16,29-30]</sup>.

PCoA 分析表明同一采样点不同土壤样品的微生物群落结构组成相似,受 AMD 灌溉影响的采样点(S1、S2、S3 和 S4)和对照点 C 土壤中微生物群落结构组成差异明显;此外,受 AMD 灌溉影响最严重的 S2 和受 AMD 灌溉影响较轻的 S3 和 S4,土壤中微生物群落结构组成差异也较为明显.由此可见,引用 AMD 污染的河水对稻田进行灌溉可改变土壤的微生物群落结构组成,同时 AMD 污染程度不同对土壤微生物群落结构组成的影响不同,这是因为 AMD 灌溉改变了土壤的理化性质、有毒元素含量,影响微生物的生长和活性,从而导致土壤微生物群落结构组成发生改变<sup>[8,31]</sup>.pH 值是影响 AMD 污染土壤微生物的关键因素之一<sup>[31-32]</sup>,AMD 灌溉导致的土壤酸化可使土壤中酸性菌(如酸杆菌门 *Acidobacteria*.)丰度增加<sup>[32]</sup>.金属硫化物矿开采产生的 AMD 往往含高浓度的硫酸根,硫酸根随 AMD 灌溉进入土壤,有利于硫酸盐还原菌的生长<sup>[33]</sup>.此外,AMD 中含大量重金属,重金属的毒性效应也会导致不耐受微生物的消亡,耐受菌丰度增加,因为重金属可通过损伤核酸结构导致微生物功能紊乱,破坏微生物细胞膜、抑制酶活性等机制改变微生物的生理生化特性<sup>[16,33]</sup>.

从微生物群落结构分析结果来看,AMD 长期灌溉使各采样点群落结构发生了改变.从属水平来看,受 AMD 灌溉影响的各采样点土壤中 *Geobacter* 相对丰度与对照点相比均明显下降,推测是因为 AMD 灌溉导致的土壤酸度及有毒元素含量的增加,对 *Geobacter* 的生长产生抑制作用.*Geobacter* 广泛存在于自然界环境中,已知的 *Geobacter* 属中的大多数菌为中性环境生长的铁还原菌,对污染物特别是重金属较为敏感<sup>[34]</sup>.此外,研究发现 AMD 污染最严重的采样点 S2 土壤微生物群落结构组成与其他采样

点差异较大,S2 以 *Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 为主要优势属.*Thiobacillus* 为铁硫氧化菌<sup>[35]</sup>,已知的某些种具有嗜酸性<sup>[36]</sup>,S2 土壤中高丰度的 *Thiobacillus* 与土壤高铁含量及高酸度相对应,此外,本研究发现 S2 土壤中 TS 含量最高,可见低 pH 值及高含量铁硫是导致 S2 土壤中 *Thiobacillus* 相对丰度高的重要原因.*Sulfurifustis* 也与 S2 土壤中高的硫含量有关,*Sulfurifustis* 为硫氧化菌<sup>[37]</sup>,*Sulfurifustis* 对酸性环境也有较强的耐受性,在低 pH 值的尾矿中被检测出<sup>[38]</sup>.

### 3.3 AMD 灌溉对稻田土壤铁碳循环相关微生物的影响

RDA 分析表明影响微生物群落结构组成最主要的因素为  $Fe_p$ 、TOC 和 TFe,可见铁碳是影响该区域土壤微生物群落结构组成的主要因素.研究发现 AMD 灌溉导致的铁输入是影响 AMD 污染环境中微生物群落结构组成的主要因素之一<sup>[9,39]</sup>.其中,焦磷酸钠提取的络合态铁( $Fe_p$ )是与有机质结合的铁, $Fe_p$  通过配位键与简单有机质配合物<sup>[40]</sup>,易于被生物利用<sup>[41]</sup>,本研究发现  $Fe_p$  对属水平微生物群落结构组成影响最大,可见其对稻田土壤微生物群落有重要的影响.有机碳作为土壤微生物的碳源,有机碳含量一直是影响环境微生物群落的关键因子<sup>[42]</sup>,大量研究表明 AMD 污染环境中有机碳含量是微生物群落结构组成主要的限定因子之一<sup>[31,39]</sup>.

进一步采用热图对属水平微生物群落组成与环境因子的相关性进行分析,*Geobacter* 与 pH 值也呈现正相关,与 TFe、 $Fe_{OC}$  及几种重金属呈较强的负相关,进一步说明 *Geobacter* 受 AMD 灌溉的抑制;*Geobacter* 与  $Fe_p$  呈较强的正相关,Yao 等<sup>[43]</sup>对稻田土壤的研究也发现了类似的结论,推测  $Fe_p$  易于被铁还原菌 *Geobacter* 利用.热图显示 *Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 与 pH 值呈负相关,与 TFe、 $Fe_{OC}$  及几种重金属呈较强的正相关,说明 AMD 灌溉导致的土壤环境条件的改变更有利于 *Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 的生长,这一结论进一步说明了 *Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 对 AMD 灌溉引起的土壤酸化及铁硫含量增加的耐受性和适应性.此外,*Methanobacterium* 与 TOC 呈正相关,*Methanobacterium* 是氢型产甲烷菌<sup>[44]</sup>,氢型产甲烷菌是环境中有机质厌氧降解的重要参与者<sup>[45]</sup>,土壤

中大量存在的有机质直接或间接地为 *Methanobacterium* 的生长提供充足的电子供体。而 *Candidatus\_Solibacter*<sup>[46]</sup>、*Candidatus\_Koribacter*<sup>[47]</sup>、*Candidatus\_Nitrososphaera*<sup>[48]</sup>、*Anaeromyxobacter*<sup>[49]</sup>、*Geobacter*<sup>[32]</sup>、*Geothrix*<sup>[50]</sup>等具有分解有机质功能的菌,则与 TOC 呈负相关,这可能是因为比起有机质含量的影响,这些菌对 AMD 污染引起的毒害作用更为敏感,这些利用有机质进行生长繁殖的异养菌因遭受 AMD 的毒害作用,在 AMD 污染的土壤环境中失去了其优势菌的地位,异养菌的生长被 AMD 污染抑制反过来减缓了土壤有机质的分解,有利于土壤有机碳的保存。

## 4 结论

**4.1 AMD 灌溉导致稻田土壤酸化,铁硫元素及重金属在土壤中积累,AMD 污染严重的稻田土壤 TFe、Fe<sub>OC</sub> 和 OC<sub>Fe</sub> 显著高于对照点,且 TOC 与 TFe、OC<sub>Fe</sub> 呈极显著正相关,表明 AMD 灌溉引入的活性铁促进了稻田土壤有机碳的保存。**

**4.2 AMD 灌溉导致稻田土壤微生物丰度和多样性降低,同时改变了土壤的微生物群落结构组成,AMD 污染导致土壤敏感菌如 *Geobacter* 相对丰度下降,形成了以耐酸的铁硫代谢菌 *Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 等为主要优势属的微生物群落结构。**

**4.3 RDA 分析表明影响稻田土壤微生物群落结构组成的主要环境因子为 Fe<sub>p</sub>、TOC 和 TFe,热图分析表明 *Geobacter* 与 Fe<sub>p</sub> 呈较强的正相关,与 TFe 和 Fe<sub>OC</sub> 呈较强的负相关,*Thiobacillus* 和 *Sulfurifustis* 与 TFe 和 Fe<sub>OC</sub> 呈较强的正相关,表明 AMD 灌溉输入的活性铁及由此引起的有机碳固定对于重构矿区污染稻田土壤微生物群落结构有重要的影响。**

### 参考文献:

[1] Tu Z, Wu Q, He H, et al. Reduction of acid mine drainage by passivation of pyrite surfaces: A review [J]. *Science of the Total Environment*, 2022,832:155116.

[2] Elghali A, Benzaazoua M, Taha Y, et al. Prediction of acid mine drainage: Where we are [J]. *Earth-Science Reviews*, 2023,241: 104421.

[3] Bao Y, Guo C, Lu G, et al. Role of microbial activity in Fe (III) hydroxysulfate mineral transformations in an acid mine drainage-impacted site from the Dabaoshan Mine [J]. *Science of the Total Environment*, 2018,616:647-657.

[4] 党志,曾宇飞,卢桂宁,等.化学与生物视角下酸性矿山废水中次生矿物的地球化学过程 [M]. 北京:科学出版社, 2021.

Dang Z, Zeng Y F, Lu G N, et al. The geochemical processes of secondary minerals in acid mine drainage: From chemical and biological perspectives [M]. Beijing: Science Press, 2021.

[5] Volant A, Bruneel O, Desoeuvre A, et al. Diversity and spatiotemporal dynamics of bacterial communities: physicochemical and other drivers along an acid mine drainage [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2014, 90(1):247-263.

[6] Pan Y, Ye H, Li X, et al. Spatial distribution characteristics of the microbial community and multi-phase distribution of toxic metals in the geochemical gradients caused by acid mine drainage, South China [J]. *Science of the Total Environment*, 2021,774:145660.

[7] Chen S, Zhang C, Qiu L, et al. Biogeochemical transformation of sulfur and its effects on arsenic mobility in paddy fields polluted by acid mine drainage [J]. *Chemosphere*, 2022,293:133605.

[8] Friedlingstein P, O'sullivan M, Jones M W, et al. Global carbon budget 2019 [J]. *Earth System Science Data*, 2022,14(11):4811-4900.

[9] Bao Y, Jin X, Guo C, et al. Sulfate-reducing bacterial community shifts in response to acid mine drainage in the sediment of the Hengshi watershed, South China [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021,28:2822-2834.

[10] Kleber M, Eusterhues K, Keilueit M, et al. Mineral-organic associations: formation, properties, and relevance in soil environments [J]. *Advances in Agronomy*, 2015,130:1-140.

[11] 宋旭昕,刘同旭.土壤铁矿物形态转化影响有机碳固定研究进展 [J]. *生态学报*, 2021,41(20):7928-7938.

Song X Z, Liu T X. Research progress on the impact of morphological transformation of soil iron minerals on organic carbon stabilization [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2021,41(20):7928-7938.

[12] 包艳萍.AMD 污染河流铁硫循环微生物多样性及其对铁硫酸盐次生矿物相转变的影响 [D]. 广州:华南理工大学, 2018.

Bao Y P. Microbial diversity of iron and sulfur cycling in AMD-contaminated rivers and its impact on the phase transformation of iron sulfate secondary minerals [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2018.

[13] 段勋,李哲,刘淼,等.铁介导的土壤有机碳固持和矿化研究进展 [J]. *地球科学进展*, 2022,37(2):202-211.

Duan X, Li Z, Liu M, et al. Research progress on iron-mediated soil organic carbon stabilization and mineralization [J]. *Advances in Earth Science*, 2022,37(2):202-211.

[14] Chen C, Hall S J, Coward E, et al. Iron-mediated organic matter decomposition in humid soils can counteract protection [J]. *Nature Communications*, 2020,11(1):2255.

[15] Wang H, Zeng Y, Guo C, et al. Soil rehabilitation shaped different patterns of bacterial and archaeal community in AMD-irrigated paddy soil [J]. *Chemosphere*, 2021,263:128259.

[16] Munyai R, Ogola H J O, Modise D M. Microbial community diversity dynamics in acid mine drainage and acid mine drainage-polluted soils: Implication on mining water irrigation agricultural sustainability [J]. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 2021,5:701870.

[17] 杨泽延,张翅鹏,黄臣臣,等.含砷酸性矿山废水对稻田土壤微生物群落结构的影响 [J]. *农业生物技术学报*, 2022,30(3):550-561.

Yang Z Y, Zhang C P, Huang C C, et al. Effects of arsenic-containing acid mine drainage on the microbial community structure of paddy soil [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2022,30(3):550-561.

[18] 汪涵.酸性矿山废水长期灌溉稻田土壤中微生物群落结构时空变化特征及其响应机制 [D]. 广州:华南理工大学, 2019.

Wang H. Temporal and spatial variation characteristics of microbial community structure in paddy soil irrigated with acid mine drainage for a long term and its response mechanisms [D]. Guangzhou: South China University of Technology, 2019.

[19] 丁翠,李琦,郭楚玲,等.酸性矿山废水对稻田土壤微生物菌群结构的影响 [J]. *环境科学学报*, 2019,39(9):10.

Ding C, Li Q, Guo C L, et al. Effects of acid mine wastewater on the

- microflora structure of paddy soil [J]. *Journal of Environmental Science*, 2019,39(9):10.
- [20] Bhattacharyya A, Schmidt M P, Stavitski E, et al. Iron speciation in peats: chemical and spectroscopic evidence for the co-occurrence of ferric and ferrous iron in organic complexes and mineral precipitates [J]. *Organic Geochemistry*, 2018,115:124-137.
- [21] 李 一,林敦梅,魏 培,等.三峡库区马尾松林不同形态铁、铝矿物对土壤有机碳稳定的影响 [J]. *中国环境科学*, 2024,44(1):251-260.  
Li Y, Lin D M, Wei P, et al. Influence of different forms of Fe and Al minerals on soil organic carbon stabilization in Sargasso pine forests in the Three Gorges Reservoir Area [J]. *China Environmental Science*, 2024,44(1):251-260.
- [22] Chen M, Lu G, Wu J, et al. Migration and fate of metallic elements in a waste mud impoundment and affected river downstream: a case study in Dabaoshan Mine, South China [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2018,164:474-483.
- [23] Wang Y, Dong R, Zhou Y, et al. Characteristics of groundwater discharge to river and related heavy metal transportation in a mountain mining area of Dabaoshan, Southern China [J]. *Science of the total environment*, 2019,679:346-358.
- [24] Choudhury B U, Malang A, Webster R, et al. Acid drainage from coal mining: Effect on paddy soil and productivity of rice [J]. *Science of the Total Environment*, 2017,583:344-351.
- [25] Bao Y, Bolan N S, Lai J, et al. Interactions between organic matter and Fe (hydr) oxides and their influences on immobilization and remobilization of metal (loid) s: a review [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2022,52(22):4016-4037.
- [26] Bao Y, Lai J, Wang Y, et al. Effect of fulvic acid co-precipitation on biosynthesis of Fe (III) hydroxysulfate and its adsorption of lead [J]. *Environmental Pollution*, 2022,295:118669.
- [27] Lalonde K, Mucci A, Ouellet A, et al. Preservation of organic matter in sediments promoted by iron [J]. *Nature*, 2012,483(7388):198-200.
- [28] Bao Y, Guo C, Wang H, et al. Fe- and S-metabolizing microbial communities dominate an AMD-contaminated river ecosystem and play important roles in Fe and S cycling [J]. *Geomicrobiology Journal*, 2017,34(8):695-705.
- [29] Li Y, Yuan L, Xue S, et al. The recruitment of bacterial communities by the plant root system changed by acid mine drainage pollution in soils [J]. *FEMS Microbiology Letters*, 2020,367(15):fnaa117.
- [30] Xu R, Li B, Xiao E, et al. Uncovering microbial responses to sharp geochemical gradients in a terrace contaminated by acid mine drainage [J]. *Environmental Pollution*, 2020,261:114226.
- [31] Yuan C L, Zhang L M, Wang J T, et al. Distributions and environmental drivers of archaea and bacteria in paddy soils [J]. *Journal of Soils and Sediments*, 2019,19:23-37.
- [32] Wang H, Zeng Y, Guo C, et al. Bacterial, archaeal, and fungal community responses to acid mine drainage-laden pollution in a rice paddy soil ecosystem [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 616:107-116.
- [33] Bao Y, Jin X, Guo C, et al. Sulfate-reducing bacterial community shifts in response to acid mine drainage in the sediment of the Hengshi watershed, South China [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021,28:2822-2834.
- [34] Wang J, Yang X, Cui M, et al. A high-sensitive and durable electrochemical sensor based on *Geobacter*-dominated biofilms for heavy metal toxicity detection [J]. *Biosensors and Bioelectronics*, 2022,206:114146.
- [35] Mason L J, Rice N M. The adaptation of *Thiobacillus ferrooxidans* for the treatment of nickel-iron sulphide concentrates [J]. *Minerals Engineering*, 2002,15(11):795-808.
- [36] Wang Y, Chang X, Tao H, et al. Comparison of the capacity of biological desulfurization of *Thiobacillus ferrooxidans* from different sulfur-containing substrates with or without additional ferrous iron [J]. *International Journal of Agricultural and Biological Engineering*, 2024,17(3):140-143.
- [37] Kojima H, Shinohara A, Fukui M. *Sulfurifustis variabilis* gen. nov., sp. nov., a sulfur oxidizer isolated from a lake, and proposal of *Acidiferrobacteraceae* fam. nov. and *Acidiferrobacterales* ord. nov [J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2015,65:3709-3713.
- [38] Gupta A, Dutta A, Panigrahi M K, et al. Geomicrobiology of mine tailings from malanjkhanda copper project, India [J]. *Geomicrobiology Journal*, 2021,38(2):97-114.
- [39] Sun W, Xiao E, Krumins V, et al. Characterization of the microbial community composition and the distribution of Fe-metabolizing bacteria in a creek contaminated by acid mine drainage [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016,100(19):8523-8535.
- [40] Rezapour S, Azhah H, Momtaz H R, et al. Changes in forms and distribution pattern of soil iron oxides due to long-term cropping in the Northwest of Iran [J]. *Environmental Earth Sciences*, 2015,73: 7275-7286.
- [41] Hassler C S, Havens S M, Bullerjahn G S, et al. An evaluation of iron bioavailability and speciation in western Lake Superior with the use of combined physical, chemical, and biological assessment [J]. *Limnology and Oceanography*, 2009,54(3):987-1001.
- [42] 曾奥琪,聂小东,廖文飞,等.湖泊沉积物有机质分布变化对微生物群落结构的影响 [J]. *土壤学报*, 2024:1-15.  
Zeng A Q, Nie X D, Liao W F, et al. Effects of changes in organic matter distribution in lake sediments on microbial community structure [J]. *Journal of Soil Science*, 2024:1-15.
- [43] Yao Y, Wang L, Peduruheva J H, et al. The coupling between iron and carbon and iron reducing bacteria control carbon sequestration in paddy soils [J]. *Catena*, 2023,223:106937.
- [44] Sánchez-Salazar E A, Hernández-Jaimes L, Breton-Deval L, et al. Draft genome sequence of *Methanobacterium paludis* IBT-C12, recovered from sediments of the Apatlaco River, Mexico [J]. *Microbiology Resource Announcements*, 2022,11(2):e00906-21.
- [45] 吴 麒,陈 颖,邱凯瑞,等.产甲烷条件下岩溶湿地沉积物中古菌群落的变化规律 [J]. *微生物学通报*, 2019,46(12):3193-3204.  
WU Q, Cheng Y, Qiu K R, et al. Changing patterns of archaeal communities in karst wetland sediments under methanogenic conditions [J]. *Microbiology Bulletin*, 2019,46(12):3193-3204.
- [46] Challacombe J F, Eichorst S A, Hauser L, et al. Biological consequences of ancient gene acquisition and duplication in the large genome of *Candidatus Solibacter usitatus* Ellin6076 [J]. *PLoS One*, 2011,6(9):e24882.
- [47] Rawat S R, Männistö M K, Bromberg Y, et al. Comparative genomic and physiological analysis provides insights into the role of *Acidobacteria* in organic carbon utilization in Arctic tundra soils [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012,82(2):341-355.
- [48] Spang A, Poehlein A, Offre P, et al. The genome of the ammonia-oxidizing *Candidatus Nitrososphaera gargensis*: insights into metabolic versatility and environmental adaptations [J]. *Environmental Microbiology*, 2012,14(12):3122-3145.
- [49] Li L, Qu Z, Jia R, et al. Succession of metabolically active *Anaeromyxobacter* community in flooded paddy soil owing to organic carbon input [J]. *Soil Science Society of America Journal*, 2022,86(5): 1169-1181.
- [50] Han S, Yang S, Tang R, et al. Two novel Fe (III)-reducing bacteria, *Geothrix campi* sp. nov. and *Geothrix mesophila* sp. nov., isolated from paddy soils [J]. *Antonie van Leeuwenhoek*, 2024,117(1):1-10.

作者简介: 刘 健(2000-),男,山东潍坊人,佛山大学硕士研究生,主要研究方向为污染土壤修复技术.1229961534@qq.com.