

石文静,徐浩然,刘轶哲,等.冰封期乌梁素海沉积物微生物群落对砷形态的影响 [J]. 中国环境科学, 2025,45(5):2724-2734.

Shi W J, Xu H R, Liu Y Z, et al. Effect of microbial community on arsenic speciation in sediments of Wuliangsohai Lake during the ice-bound period [J]. China Environmental Science, 2025,45(5):2724-2734.

冰封期乌梁素海沉积物微生物群落对砷形态的影响

石文静,徐浩然,刘轶哲,李卫平* (黄河流域内蒙古段生态保护与综合利用自治区协同创新中心,内蒙古科技大学能源与环境学院,内蒙古 包头 014010)

摘要: 为探究冰封期内蒙古河套盆地湖泊沉积物微生物群落对砷赋存形态的影响,以乌梁素海沉积物为研究对象,利用 16S rRNA 高通量测序技术,研究了冰封期乌梁素海沉积物微生物群落结构特征,结合 RDA、相关性分析和共线性网络分析等方法探讨了冰封期沉积物微生物群落与砷形态的响应关系.结果显示,冰封期乌梁素海沉积物中的砷除残渣态外,强吸附态砷和与 AVS(沉积物中能够被酸提取的硫化物)、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的砷占比较高,冰封期当沉积环境不稳定时乌梁素海沉积物中的砷存在二次释放的风险.冰封期乌梁素海沉积物微生物群落结构多样性较为丰富,微生物群落物种的丰富度和多样性呈现出明显的空间分布特征.冰封期微生物群落与砷形态之间存在显著的共线性关系,其中以硫杆菌属、芽孢杆菌、类固醇杆菌属、脱硫弧菌属和厌氧绳菌属对砷形态的影响最为显著.并且冰封期时吸附态 As、与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As 和黄铁矿中的 As 可以相互转化,而硫杆菌属和类固醇杆菌属在这个转化过程中起重要作用.

关键词: 冰封期; 砷形态; 沉积物; 微生物群落; 共线性网络

中图分类号: X524 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2025)05-2724-11

Effect of microbial community on arsenic speciation in sediments of Wuliangsohai Lake during the ice-bound period. SHI Wen-jing, XU Hao-ran, LIU Yi-zhe, LI Wei-ping* (Collaborative Innovation Center of Autonomous Region for Ecological Protection and Comprehensive Utilization in the Inner Mongolia Section of the Yellow River Basin, School of Energy and Environment, Inner Mongolia University of Science and Technology, Baotou 014010, China). *China Environmental Science*, 2025,45(5): 2724-2734

Abstract: To investigate the influence of microbial communities on arsenic speciation in lake sediments of the Hetao Basin in Inner Mongolia during the ice-bound period, the sediments from Wuliangsohai (WLSH) were taken as the research object. Using 16SrRNA high-throughput sequencing technology, the structural characteristics of microbial communities in WLSH sediments during the ice-bound period were studied. Additionally, methods such as redundancy analysis (RDA), correlation analysis, and co-occurrence network analysis were employed to explore the response relationship between sediment microbial communities and arsenic speciation during the ice-bound period. The results indicated that, apart from the residual arsenic, strongly adsorbed arsenic and arsenic co-precipitated with AVS(Acid-extractable sulfides in sediment), carbonates, manganese oxides, and poorly crystalline Fe hydroxides accounted for a relatively high proportion in the sediments of WLSH during the ice-bound period. When the sedimentary environment was unstable during the ice-bound period, there was a risk of secondary release of arsenic in the sediments of WLSH. The microbial community in the WLSH sediments during the ice-bound period exhibited abundant diversity, and the richness and diversity of microbial community species showed obvious spatial distribution characteristics. There was a significant collinear relationship between microbial communities and arsenic speciation during the ice-bound period, with *Thiobacillus*, *Bacillus*, *Steroidobacter*, *Desulfosarcinaceae*, and *Anaerolinea* exhibiting the most pronounced effects on arsenic speciation. Furthermore, adsorbed As, As co-precipitated with AVS, carbonates, manganese oxides, and poorly crystalline Fe hydroxides, as well as As in pyrite, could mutually transform during the ice-bound period, and *Thiobacillus* and *Steroidobacter* played crucial roles in this transformation process. This study aims to explore the impact of microbial communities on arsenic speciation in sediments of WLSH during the ice-bound period, providing a microbial theoretical basis and scientific evidence for lake arsenic pollution control. It provides significant implications for the rational development and utilization of water resources, as well as the protection and restoration of aquatic ecological environments.

Key words: ice-bound period; arsenic speciation; sediment; microbiological population; co-occurrence network

收稿日期: 2024-09-24

基金项目: 内蒙古自治区自然科学基金资助项目(2022QN03009);内蒙古自治区直属高校基本科研业务费项目(2022063);内蒙古科技大学科研启动专项项目;内蒙古自治区事业单位引进高层次人才科研支持项目(2021)

* 责任作者, 教授, sjlwp@163.com

砷(As)主要以化合物形式存在于水体中,其中无机态的 As(III)毒性远大于 As(V)^[1-2],甚至可达后者的 60 倍^[3].全球范围内,约有 1.4 亿人的饮用水砷含量超过世界卫生组织允许浓度 10 $\mu\text{g/L}$ ^[4],直接威胁人类健康.砷的毒性、致癌性和致畸性使其成为世界关注的热点环境问题.

As 在湖泊等天然水体中的分布受到水和沉积物相互作用的显著影响^[5-6].沉积物不仅是污染物的“源”与“汇”,更是微生物的聚集地,尤其是处于次好氧-厌氧状态的表层沉积物是多种营养物质转化的重要场所^[7].水环境中大量的 As 会富集在沉积物中^[8],但受氧化还原条件、pH 值、铁矿物、含 As 铁(氢)氧化物、微生物及其他环境因素等的影响^[9-10],As 又会重新进入上覆水中,造成二次污染,危害生态健康.

As 在沉积物中通常与 Fe-Al-Mn 的(氢)氧化物、硫化物、碳酸盐矿物以及有机质等形成不同结合形态的 As.沉积物中 As 的赋存形态不同,其迁移转化行为和毒性也不同,从而具有不同的环境生物效应^[11].因此,基于总量的常规评价方法难以准确阐明 As 污染的实际危害程度,对沉积物中 As 赋存形态的分析显得尤为重要,这有助于更准确地反映出湖泊沉积物-水环境中的受污染情况.针对湖泊沉积物中 As 赋存形态的研究具有至关重要的实际意义.

特别值得关注的是,北方寒旱区湖泊具有冰封时间较长的特点.乌梁素海地处蒙新高原寒旱区,是黄河流域内蒙古段的典型代表性湖泊,每年的冰封期时间长达 5 个月,湖面结冰对水体中的污染物有一定的浓聚效应^[12],使得水体中的 TAs 含量上升,且在结冰情况下太阳辐射仍然可以穿透冰体,在内部形成良好的“保温作用”,从而加强沉积物-水界面的厌氧环境,这种环境条件易造成铁与硫等还原过程的发生,导致铁氢氧化物等的还原溶解^[13],使得吸附在 Fe 氧化物表面或与其共沉淀的 As 从沉积物中释放到水体,增加了环境中 As 的潜在生态风险.然而,目前我国对湖泊 As 污染的相关研究多集中于南方湖泊,对于北方寒区湖泊的相关研究相对较少,北方寒区湖泊冰封期时沉积物中 As 的赋存形态及其对 As 迁移转化和归趋的影响尚需探讨.

越来越多的研究证明,微生物在 As 的迁移转化等方面起重要作用,甚至起主导作用^[14].微生物介导的 As 形态转化,不仅速度上远远超越了化学过程,

而且在程度上也表现得更为强烈.这主要是因为微生物具有高度的代谢活性和适应性,能够通过各种酶系统和代谢途径来促进 As 等元素的形态转化^[15-17].有研究表明,As 在缺氧环境下会还原释放,但在厌氧微生物活动的作用下又会被硫化物再次固定^[18].当沉积物的性质发生变化时,微生物将成为控制 As 形态的主导因素.因此,沉积物中微生物群落对 As 赋存形态的影响在 As 的迁移、转化和毒性等方面具有至关重要的作用.此外,冰封期由于冰盖的阻碍,造成湖泊与外界环境接触较少,对微生物群落结构也会产生显著的影响,从而影响 As 的形态、转化和归趋.然而,目前关于湖泊沉积物中微生物群落对 As 赋存形态的影响仍有待进一步探讨,特别是冰封期时湖泊沉积物微生物群落与 As 形态之间的响应关系尚不明晰.

目前针对微生物群落对 As 赋存形态的影响研究多集中在矿区、地下含水层和农田等区域环境^[19-20],而关于湖泊中沉积物的微生物群落与 As 形态的关系研究报道尚少.由于高原湖泊生态系统的特殊性,其沉积物微生物群落结构和功能也与其他地区有着明显的不同^[21].本研究以蒙新高原寒旱区湖泊乌梁素海为研究对象,分析沉积物微生物群落结构和 As 的赋存形态,探究冰封期时沉积物中微生物群落对 As 赋存形态的影响,对于理解微生物在 As 迁移转化中的主导作用具有重要意义.本研究以期高原寒旱区湖泊 As 污染防治提供理论基础和科学依据,对黄河流域内蒙古段水生态环境保护和水生态安全具有重要的现实意义.通过深入研究冰封期沉积物微生物群落对 As 形态的影响,将能够更好地理解 As 的环境行为,为制定有效的 As 污染控制策略提供科学支持.

1 材料与方法

1.1 研究区域概况

乌梁素海(40°36'~41°03'N,108°43'~108°57'E)位于黄河“几字弯”顶部的内蒙古巴彦淖尔市乌拉特前旗境内,是历史上黄河改道南移后,北支乌加河和河套地区灌渠排水汇流而成的河迹湖^[22].湖水每年于 11 月初开始结冰,到第二年 3 月末到 4 月初开始融化,冰封期约为 5 个月^[23].内蒙古河套平原的地下水砷污染问题较为严重^[24],乌梁素海位于河套平原东边,是河套灌区农田退水的受体,且农田退水是该

湖最主要的补给源,因此易造成砷的污染与富集^[25]。

1.2 样品采集与处理

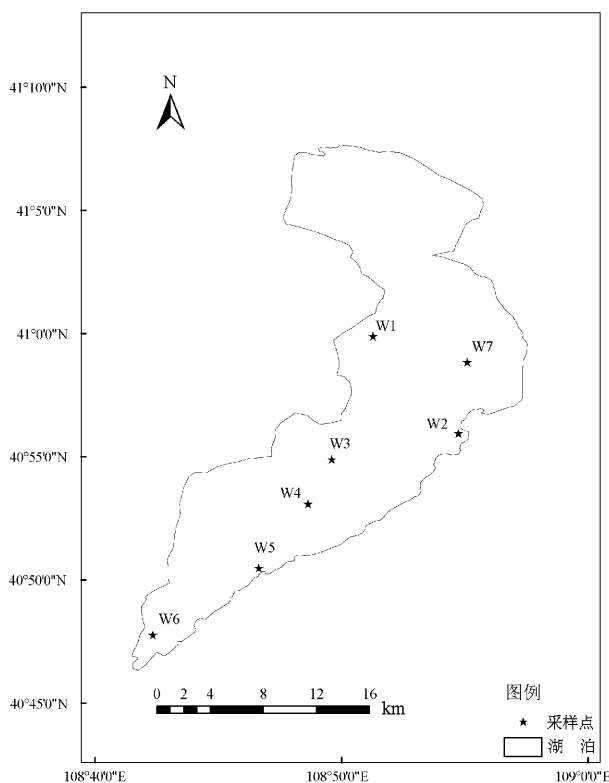


图1 乌梁素海采样点分布

Fig.1 Distribution of sampling points in WLSH Lake

本研究于 2022 年 1 月进行样品采集工作,经实地考察并结合区域环境,根据乌梁素海的支流位置、水文特征等实际情况,设置了如图 1 所示的 7 个代表

性采样点(其编号分别为 W1~W7).W1 位于总排干处,是湖泊的入水口;W2 是芦苇区,生长较多以芦苇为主的水生植物,且无沉水植物;W3 为湖心区,周围有芦苇生长,水面下有沉水植物;W4 和 W5 位于南部明水区(旅游区),水面以下均有水草生长;W6 位于退水渠附近,是湖泊的出水口;而 W7 位于北部明水区. 取样点使用 GPS 定位.沉积物样品视湖泊深度用 Swedaq KC mod B 型无扰动采样器采集表层沉积物样品.为了提高实验的准确性和可靠性,减少误差,并更好地了解样本的性质和特征.每个点位会采集 3 个平行样,混合放入无菌的自封袋内,低温避光保存运回实验室.沉积物样品经过自然风干后,去除石头、泥沙和动植物残体等杂质,再进行研磨过 100 目筛后,备用待测.

1.3 理化指标的测定

沉积物总砷的含量采用电感耦合等离子体质谱法(ICP-MS)测定^[26],砷的形态的提取采用 Keon 等人^[27]的八步连续提取法测定(表 1).为了确保实验结果的准确性,实验设置空白对照组和平行组,所有分析方法的标准偏差均在 5%以内.为最大限度避免实验过程中所存在的外部潜在污染,实验与取样前所使用的玻璃器皿均用 1:3(体积比)硝酸浸泡 24h 以上,用超纯水洗净后放入烘干箱干燥.实验使用所有试剂均为分析纯或优级纯,实验用水均为超纯水 (Milli-Q, Millipore, $\geq 18.2\text{M}\Omega\cdot\text{cm}$).

表 1 沉积物中砷形态的连续提取

Table 1 Sequential extraction procedure for As in sediments

砷形态	提取剂和提取条件
S1 弱吸附态	1mol/L MgCl ₂ 溶液,用 NaOH 调 pH 值到 8, 加入离心管振荡 2h
S2 强吸附态	1mol/L NaH ₂ PO ₄ 用 NaOH 调 pH 值到 5, 加入离心管中振荡 24h
S3 与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As	1mol/L HCl 加入离心管振荡 1h
S4 与无定型的 Fe 氧化物共沉淀的 As	0.2mol/L 草酸/草酸铵加入离心管用锡箔纸包裹, 避光振荡 3h
S5 与结晶 Fe 氧化物共沉淀的 As	0.1mol/L 抗坏血酸和 0.2mol/L 草酸/草酸铵加入离心管用锡箔纸包裹, 避光振荡 3h
S6 砷的氧化物及硅酸盐矿物中的砷	10mol/L HF 加入离心管振荡 24h, 其中在振荡 16h 的时候加入 5g 硼酸, 残渣洗涤需用热水
S7 黄铁矿中的砷	16N HNO ₃ 加入离心管振荡 2h
S8 结晶的砷的硫化物、残留不分解的含砷矿物和有机质	用热 HNO ₃ 与 30%H ₂ O ₂ 在 95℃ 水浴中提取(EPA 法 3050B)

1.4 沉积物微生物多样性分析

使用 Power Soil@DNA 提取试剂盒 (Mo BioLaboratories)提取 0.5g 沉积物中的细菌.使用携带 Barcode 序列的上游引物 338F (5'-ACTCCTA-

CGGGAGGCAGCAG-3')和下游引物 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3')^[28]对 16S rRNA 基因 V3-V4 可变区进行 PCR 扩增,PCR 反应体系为 :5×TransStart FastPfu 缓冲液 4μL,2.5mmol/L

dNTPs 2 μ L, 上游引物(5 μ mol/L)0.8 μ L, 下游引物(5 μ mol/L)0.8 μ L, TransStart FastPfu DNA 聚合酶 0.4 μ L, 模板 DNA 10ng, 补足至 20 μ L. 扩增程序如下: 95 $^{\circ}$ C 预变性 3min, 27 个循环(95 $^{\circ}$ C 变性 30s, 55 $^{\circ}$ C 退火 30s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 30s), 然后 72 $^{\circ}$ C 稳定延伸 10min, 最后在 4 $^{\circ}$ C 进行保存(PCR 仪: ABI GeneAmp $^{\circledR}$ 9700 型). 将同一样本的 PCR 产物混合后使用 2% 琼脂糖凝胶回收 PCR 产物, 利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行回收产物纯化, 2% 琼脂糖凝胶电泳检测, 并用 QuantusTM Fluorometer (Promega, USA) 对回收产物进行检测定量.

使用 NEXTFLEX $^{\circledR}$ Rapid DNA-Seq Kit 对纯化后的 PCR 产物进行建库: (1) 接头链接; (2) 使用磁珠筛选去除接头自连片段; (3) 利用 PCR 扩增进行文库模板的富集; (4) 磁珠回收 PCR 产物得到最终的文库. 利用 Illumina 公司的 Miseq PE300/NovaSeq PE250 平台进行测序(上海美吉生物医药科技有限公司).

1.5 数据分析

利用 Excel2018 和 SPSS25.0 进行数据统计与分析处理, 用 Origin 2022 和 ArcGIS 10.8 完成作图. 采用 Canoco5.0 完成冗余分析(RDA), 利用 Gephi0.9.2 软件基于 Pearson 相关性系数进行计算, 选择 0.5 作为相关系数阈值完成沉积物微生物群落和砷形态的共线性网络分析.

2 结果与讨论

2.1 乌梁素海沉积物中微生物群落组成

本研究中冰封期时样品共获得有效序列 335369 条, 平均序列长度为 419bp. 经过优化筛选后, 将相似水平达到 97% 的分为一个 OTU, 共聚类 4635 OTUs. Coverage 可以反映测序结果中微生物样本库的覆盖范围, 本次测序结果的覆盖度均为 0.977 以上, 表明测序结果可以代表样本中微生物的真实情况. 利用多样性指数对研究区冰封期沉积物样本的微生物多样性进行分析. Chao 和 Ace 指数反映沉积物微生物群落丰富度, Shannon、Simpson 指数评价微生物群落的多样性. 结果显示, W3 点微生物丰富度和多样性均为最高, W1 和 W2 点相对较低(表 2). 这可能是由于 W3 位于湖心区, 人为影响因素较少, 且该点有芦苇等多种水生植物, 生态系统较为复

杂, 而 W1 和 W2 点位于研究区总排干进水口附近, 易沉降的矿物和重金属等对微生物生长产生胁迫和毒害. Shannon 指数均值为(5.85 \pm 0.61), 且 Chao 指数高达(2668 \pm 466.08)(表 2), 表明冰封期时乌梁素海沉积物微生物群落结构多样性较为丰富.

表 2 冰封期/非冰封期微生物群落的 Alpha 多样性指数
Table 2 Alpha diversity index of microbial community during the ice-bound and non-freezing periods

采样点	Chao	ace	shannon	simpson
W1	2067	2078	4.89	0.0632
W2	1920	1909	5.05	0.0398
W3	3261	3317	6.75	0.0035
W4	3040	2968	5.87	0.0170
W5	2934	2992	6.12	0.0106
W6	2853	2851	5.99	0.0112
W7	2598	2676	6.25	0.0057
平均值	2668	2684	5.85	0.0216
标准差	466.08	473.89	0.61	0.02

为了对不同采样点水域沉积物的微生物组成进行比较, 对各点沉积物微生物群落进行 β 多样性聚类分析, 结果显示, 除 W2 点外, 其余点位基本上都聚类在一起, 其中 W4 点和 W5 点相似最高, W1 和 W2 较为相似, 聚为一组(图 2). 这可能是因为湖泊处于非冰封状态时, 水体流动性相对较好, 且乌梁素海的生态补水次数一般每年不少于 1~2 次, 受生态补水的影响, 水体流动性加强, 可能增强了各个区域间的微生物互换, 使得相邻区域的微生物组成极为相似. 而冰封期时, 水体及沉积物状态相对稳定, 不同区域表现出不同的微生物组成, 但总体上细菌群落结构还是可以分为两大类. 冰封期, 研究区微生物群落物种的丰富度和多样性以 W3 点湖心区为最高, 向南或向北区域均呈现逐渐降低的趋势. 不同采样点间的微生物群落生物多样性存在一定差异. W1 和 W2 两点的 TAs 污染浓度高于其他点位^[29], 但微生物群落物种的多样性和丰富度最低(表 2), 表明位于总排干附近处的点位受到 As 等重金属沉降和污染物的毒害, 造成微生物群落的多样性和丰富度降低. 同时, W1 点是湖泊输入区域, 其 As 污染程度最高^[29], 而微生物群落的多样性和丰富度最低(表 2). W3 位于湖心区, 受到人类活动影响较小, 且由于多种水生植物的生长和较为稳定的水面环境, 该点表现出了最高的微生物多样性和丰富度(表 2). W4 和 W5 两点

受沉水植物的影响,微生物群落的相似性最高(图 2), 这两点的微生物群落结构和各个 As 形态含量几乎没有差异.这种一致性可能是由沉水植物释放的根

际化合物所驱动的^[30].因为受到沉水植物的影响,这两点的微生物物种的多样性和丰富度也在平均水平之上(表 2).

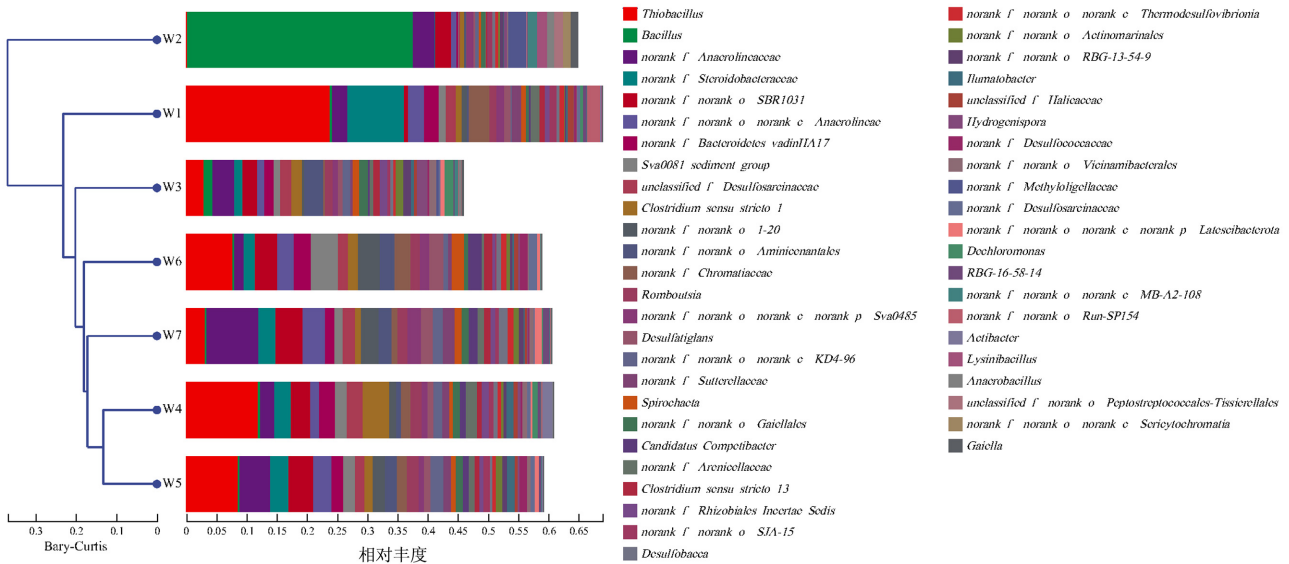


图 2 冰封期沉积物样本微生物层级分类

Fig.2 Hierarchical classification of sediment samples during the ice-bound period

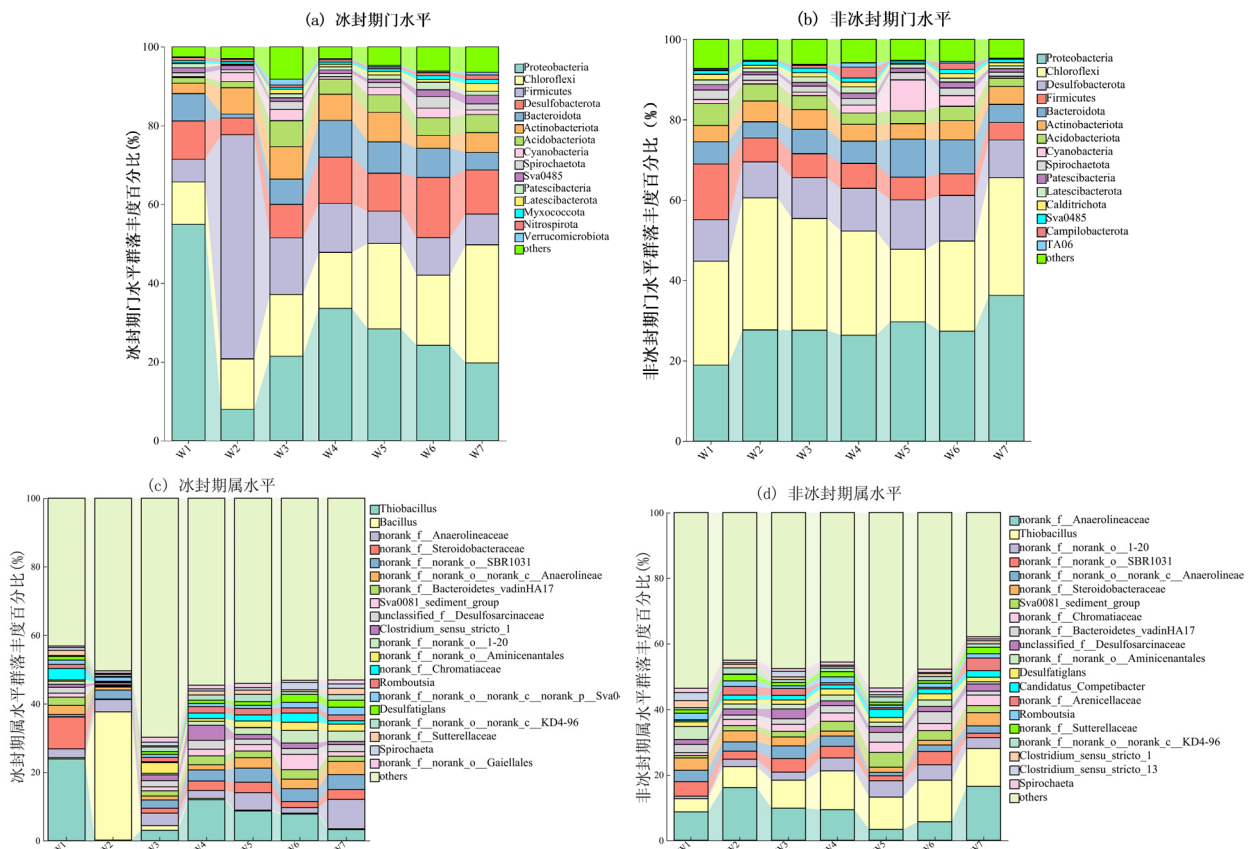


图 3 冰封期和非冰封期乌梁素海沉积物微生物群落门属水平上的相对丰度分布

Fig.3 Relative abundance distribution of microbial community at phylum and genus level in WLSH lake sediments during the ice-bound and non-freezing periods

冰封期时乌梁素海的沉积物细菌群落共含有 65 门、183 纲、403 目、610 科、996 属、1920 种。在门水平中,变形菌门(Proteobacteria)占主导部分(21.1%~38.1%)(图 3a),很多研究表明,变形菌门在湖泊沉积物中具有较高比例^[31],在砷污染土壤中也具有较强的耐受性,因而在砷污染沉积物中依然表现为优势细菌群落。其次相对丰度较高是绿弯菌门(Chloroflexi)、厚壁菌门(Firmicutes)、脱硫杆菌门(Desulfobacterota)、拟杆菌门(Bacteroidota)、放线菌门(Actinobacteriota)、酸杆菌门(Acidobacteria)、螺旋体门(Spirochaetota)、Sva0485、蓝菌门(Cyanobacteria)、鬍骨细菌门(Patescibacteria)、Latescibacterota 门、硝化螺旋菌门(Nitrospirota)、粘菌门(Myxococcota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)15 门,它们的相对丰度都大于 1%(图 3a)。在属水平上,硫杆菌属(*Thiobacillus*)的丰度占比最多,其次是芽孢杆菌属(*Bacillus*)、厌氧菌属(*Anaerolineaceae*)、类固醇杆菌属(*Steroidobacteraceae*)、*norank_f_norank_no_SBR1031* 厌氧绳菌属(*Anaerolineae*)、拟杆菌属(*Bacteroidetes_vadinHA17*)等(图 3c)。本研究将细菌群落平均丰度低于 1%的微生物合并标记为 others 在图中显示(图 3)。从属水平微生物相对丰度图中可以看出(图 3c),W2 点位的微生物群落与其他点均不相同,这一结果与样本聚类层次分析(图 2)结果一致。这可能是因为 W2 点位于芦苇区,该区域水生植物较多以芦苇为主,芦苇通过凋落物的分解和根系分泌物的释放,将大气中的二氧化碳转化为可供根际微生物利用的有机碳。这些有机碳是微生物生长和代谢的重要能源和碳源,因此芦苇的生长能够显著影响沉积物中微生物的丰度和群落结构。如芽孢杆菌(*Bacillus*),它们能够利用芦苇根系分泌的有机物作为营养来源,从而在芦苇根际沉积物中占据优势地位。而这也与本研究的测序结果相对应,芽孢杆菌在 W2 点也表现出了最高的相对丰度,占据了样本中鉴定微生物总数的 37.26%(图 3c)。冰封期时各采样点间微生物群落生物多样性的差异比非冰封期时大,而非冰封期微生物群落结构的组成相对较为均匀和稳定(图 3)。季节性冻融会显著改变微生物之间的相互作用,物种多样性和丰富度差异通过影响细菌群落的组成、结构和相互作用,而影响群落的均匀性。此外,冰封期时微生物群落的多样

性和丰富度的变化也可能是由于低温会影响微生物的生长速率、繁殖能力、群落结构和代谢活动等,同时冰封期湖面冰盖的生成会影响湖泊沉积物与外界环境的交流,降低光照强度以及溶解氧的含量等。

2.2 冰封期乌梁素海沉积物砷的赋存形态特征

冰封期乌梁素海表层沉积物的 TAs 含量范围为 8.03~17.50mg/kg,均高于河套平原背景值^[32],平均含量为 10.65mg/kg,是河套平原背景值的 1.7 倍。表层沉积物中 As 含量较高的原因可能是冰封期时,低温以及冰盖形成导致的光照减弱可能抑制了微生物活动,使得更多的 As 以非生物形式被沉积物吸附和富集。冰封期水体的静止状态,会导致沉积物颗粒和 As 的相互作用增强,增加了 As 的沉积与富集,在低流速环境中,沉积物能够更有效地捕集和吸附水中的 As,从而使其富集至表层沉积物中^[33]。

冰封期乌梁素海沉积物中各砷形态含量百分比范围如下:S1 为 0.09%~1.69%、S2 为 7.72%~15.81%、S3 为 1.28%~2.90%、S4 为 0.16%~0.67%、S5 为 0.48%~3.42%、S6 为 74.72%~86.68%、S7 为 0.53%~1.87%、S8 为 0.67%~1.89%(表 3)。As 赋存形态含量分布表现为 S6>S2>S3>S7>S8>S5>S4>S1。其中 S6(砷的氧化物及硅酸盐矿物中的砷)是砷形态中含量占比最高的形态成分,但 S6 中的金属与硅矿物的晶体密切相关,具有相当高的稳定性,大部分提取方法将它与 S8(结晶的砷的硫化物、残留不分解的含砷矿物和有机质)划分到残渣态,微生物对其迁移能力等的影响相对较弱,故本研究不对 S6 与 S8 进行过多分析。

其次冰封期乌梁素海沉积物中 As 形态含量占比较高的是 S2 和 S3,这表明冰封期,当沉积环境不稳定时乌梁素海沉积物中的 As 存在二次释放的风险。特别是冰封期时,冰盖的形成导致冰下水环境处于缺氧/厌氧状态,还原过程显著影响 As 的吸附-解吸,氧化-还原等界面过程,沉积物中吸附在铁/铝/锰等矿物表面的 As 极易释放出来,造成 As 的二次污染。S2(强吸附态 As),主要吸附在沉积物颗粒中的铁锰氧化物表面,形成内层吸附,且不能通过离子交换而发生解吸^[34],有研究发现该部分 As 可与铁/锰/铝的氧化物和氢氧化物形成内层单核或双核的单齿或双齿的络合物,被强烈吸

附^[35].S3(与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As),受环境条件的影响,在厌氧条件下,特别是富含有机质的沉积物中,硫酸盐还原菌可以将硫酸盐还原为硫化物,这些硫化物可以与 As 结合形成硫化砷,然而这种结合并不稳定,该结合态砷稳定性较铁铝结合态砷(S4 和 S5)差^[36],且硫化砷的释放与 AVS 的存在密切相关.在冰封期,尽管环境温度降低,但沉积物中的微生物活动仍然存在.受到微生物活动的影响,可促进硫化物的生成和 As 的释放,S3 中结合的 As 在冰封期时也极易释放出来.

S7 为黄铁矿中的砷,黄铁矿是常见的硫化物矿物,其主要成分是 FeS₂,但往往也含有一定量的 As 等杂质元素.沉积物中的 FeS 可以转化为黄铁矿,而 FeS 是在含砷铁(氢)氧化物硫化过程中快速沉淀生成的第一种自生矿物^[37],可以吸附释放出的 As^[38],同时可以结合到黄铁矿结构中而导致 As 的再固定.硫酸盐还原过程会影响 S7 的含量,而铁也参与这个过程.厌氧条件下,硫酸盐还原菌诱导的硫酸盐还原过程能够将硫酸盐还原为硫化氢,而硫化氢可以与黄铁矿(FeS₂)中的 Fe(III)反应,导致 Fe(III)还原并释放出 Fe(II),同时促进硫化亚铁(FeS)的生成.FeS 与黄铁矿表面的 As(III)或 As(V)结合,形成不稳定的 As 硫化物复合物,从而促进 As 的释放.而 Fe(II)的生成和 As 的释放进一步促进了 FeS 的形成,从而可以进一步转化为磁铁矿或黄钾铁矾等矿物,将 As 再次固定在新的矿物相中.此外,在 Fe(III)还原过程中,As 可以被释放到水相中,这是因为硫化物与 Fe(III)的反应导致 Fe(III)氧化物的溶解,从而使原本与 Fe(III)氧化物紧密结合的 As 被释放出来.冰封期乌梁素海沉积物中 As 形态 S4(与无定形的铁、铝氧化物共存的砷)和 S5(与结晶的氢氧化铁结合的砷)的含量占比相比于 S2 和 S3 相对较小,S4 和 S5 可以统称为铁铝氧化物结合态砷,也可被称为可还原态^[39].S4 和 S5 相较于 S1、S2、S3 而言较为稳定,只有当沉积物的氧化还原条件改变时,沉积物中的 Fe(III)被还原成 Fe(II),铁(氢)氧化物发生还原溶解,与之结合的 As 才会随之进入水中,所以 S4 和 S5 中的 As 具有潜在的迁移性.而且 S4 和 S5 在异化铁还原微生物的作用下,两者之间会相互转化,从而影响沉积物中 As 形态的再分配^[40].S1(弱吸附态砷)也称为非专性吸附态

砷,是冰封期时所有 As 形态中含量占比最小的,但大量研究表明弱吸附态的 As 生物可利用性和迁移能力较强^[41],其可以通过竞争解吸附或者弱碱条件下的解吸附释放进入上覆水中.

表 3 冰封期乌梁素海沉积物中各形态砷含量百分比(%)
Table 3 Percentages of arsenic species in sediments(%)

采样点	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7	S8
W1	1.69	15.81	2.90	0.50	0.72	74.72	1.78	1.89
W2	0.48	10.69	1.66	0.63	1.27	82.56	1.16	1.56
W3	0.47	9.84	2.04	0.67	1.08	83.25	1.71	0.94
W4	0.30	10.85	2.00	0.38	0.58	83.68	1.43	0.78
W5	0.24	9.80	1.72	0.60	3.42	83.01	0.53	0.67
W6	0.11	7.72	1.29	0.16	0.68	86.61	1.87	1.58
W7	0.09	8.70	1.28	0.41	0.48	86.68	1.45	0.91

2.3 冰封期乌梁素海沉积物微生物群落与砷形态之间的响应关系

为了更好的了解冰封期沉积物微生物群落与砷形态的响应关系,本文采用 RDA、相关性分析和共现性网络分析等方法对其进行探讨.本研究选取了冰封期时研究区沉积物微生物群落中丰度最高的前 10 个菌属结合 RDA 分析和相关性分析探讨其对不同砷形态的影响.RDA 结果表明,冰封期时这 10 个主要菌属解释了 94.56%的砷形态,RDA1 和 RDA2 的累积贡献率可达 94.56%.冰封期时硫杆菌属(*Thiobacillus*)、芽孢杆菌(*Bacillus*)、类固醇菌属(*Steroidobacteraceae*)、脱硫弧菌属(*Desulfosarcinacea*)和厌氧绳菌属(*SBR1031*、*Anaerolineae*和*Anaerolineaceae*)对多个 As 形态的影响均较为显著(图 4).

冰封期时,沉积物中的硫杆菌属相对丰度占比最多(图 3).RDA 和相关性结果表明硫杆菌属和类固醇菌属均显著影响 S1、S2 和 S3(图 4 和图 5),同时,研究区 W1 点的硫杆菌属和类固醇菌属丰度占比均高于其他采样点(图 3),且 W1 点的 S1、S2 和 S3 的含量百分比也高于其他采样点.这表明硫杆菌属和类固醇菌属显著影响沉积物中的吸附态 As 和与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As.研究表明,硫杆菌属能将硫单质以及还原性硫化物氧化为硫酸盐^[42],而硫化物可以和 As 竞争与铁(III)氧化物的结合位点,导致铁(III)结合态中的砷活化,进而影响吸附态的 As 以及 AVS、结

晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As,使 S1、S2 和 S3 含量增多.而类固醇菌属具有反硝化功能且参与氮的循环过程,而氮循环过程与 As 形态转化的多个过程耦合进而影响 As 的迁移转化^[43].在厌氧条件下,反硝化的过程可能会促进铁(氢)氧化物的还原溶解,导致吸附在铁(氢)氧化物上的 As 被释放.

硫杆菌属和类固醇菌属除影响 S1、S2 和 S3 外,对 S7 也有显著影响(图 4 和图 5),并且相关性结果显示 S7 与 S1、S2 和 S3 存在明显的正相关关系($P<0.05$)(图 5),即冰封期时吸附态 As、与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As 和黄铁矿中的 As 可以相互转化.硫杆菌属除了可以通过其硫酸化作用驱动硫化矿物的溶解外,还可将辉锑矿、雄黄矿、雌黄矿中的 As(III)转化成 As(V)^[44],并且可以通过有机物氧化与铁还原耦合来获得生长能量,酶促还原 Fe(III)^[45].硫杆菌属还原过程中形成的 S^{2-} 可以调控 As 行为,其诱导的还原过程显著影响黄铁矿共沉淀的 As 的转化.类固醇菌属作为反硝化细菌,可以将硝酸盐通过反硝化作用或异化硝酸盐还原作用还原为氨,其中反硝化作用主要为硝酸盐的还原过程^[46].有研究表明,黄铁矿在微生物的作用下,能够伴随硝酸盐的还原过程而被氧化.当黄铁矿以硝酸盐为电子受体进行氧化时,便会伴随着 As 的释放,释放出的 As 受环境影响便会向其他形态进行转化^[47].虽然目前的研究中,没有直接的证据表明这个特定的菌属能够直接作用于 As 的形态转化,但有证据表明,在厌氧条件下,沉积物中砷、铅等重金属迁移转化确实与类固醇菌属有密切关系^[48].不同的微生物群体之间存在竞争和协同作用,类固醇菌属可能与其他参与 As 转化的微生物竞争资源,或者与它们协同作用,共同影响 As 的形态和迁移.而本研究也发现冰封期类固醇菌属显著影响 S1、S2、S3 和 S7 间的相互转化.因而,冰封期时黄铁矿中的 As、吸附态 As、与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的 As 可以相互转化,而硫杆菌属和类固醇菌属可能在这个转化过程中起重要作用.除硫杆菌属和类固醇菌属外,脱硫弧菌属也与 S7 呈正相关(图 4 和图 5).这类细菌能通过硫酸盐还原作用促进黄铁矿的形成,而它们的代谢活动可以影响黄铁矿的沉淀和溶解,进而影响黄铁矿中的 As.在某些情况下,这类菌可以通过还

原溶解黄铁矿进而释放 As 到上覆水中.

芽孢杆菌显著影响 S4 和 S5(图 4 和图 5),S4 和 S5 是与铁结合态相关的 As,在 S4 和 S5 含量分布最高的区域(W2 点),芽孢杆菌也表现出了最高的相对丰度(图 3).研究证实,芽孢杆菌是具有铁还原能力的菌属,特别是某些特定的种类,如枯草芽孢杆菌(*Bacillus subtilis*),被证实具有强大的铁还原能力.它通过其代谢活动产生还原性物质,如电子或还原酶等,这些还原性物质与 Fe(III)发生氧化还原反应,将 Fe(III)还原为 Fe(II).因而芽孢杆菌诱导的含砷 Fe(III)(氢)氧化物的还原溶解过程会影响 As 的迁移和转化.沉积物中的铁(氢)氧化物尤其是无定型的铁(氢)氧化物对 As 有较强的吸附作用,并且结晶 Fe 氧化物与无定型 Fe 氧化物之间的转化也会影响 As 的再分配^[40].因此冰封期时芽孢杆菌显著影响铁氧化物结合态 As,即影响与无定型的 Fe 氧化物共沉淀的 As 以及与结晶 Fe 氧化物共沉淀的 As.

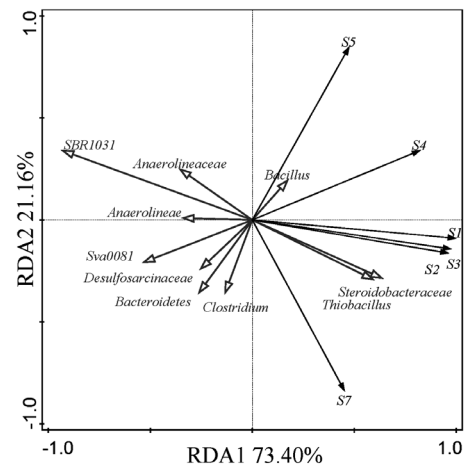


图 4 冰封期沉积物砷形态与微生物群落的 RDA 分析
Fig.4 RDA analysis of arsenic speciation and microbial community in sediments during ice-bound period

Anaerolineae、*Anaerolineaceae* 和 *SBR1031* 均属于厌氧绳菌属,RDA 和相关性分析结果表明 *Anaerolineae*、*Anaerolineaceae* 和 *SBR1031* 与 S1、S2 和 S3 呈负相关关系(图 4 和图 5),这表明冰封期时厌氧绳菌属驱动的还原过程更多的对 As 起固定作用.研究表明厌氧绳菌属具有利用有机物作为电子供体进行铁异化还原的功能,这一过程不仅促进了 Fe(III)还原为 Fe(II),而且影响了沉积物中 As 的形态和分布.虽然沉积物的潮湿缺氧环境中铁多以

Fe(II)的形式存在于沉积物中,但同时存在的 Fe(III)通常以铁氧复合物的形式发生沉淀,并对沉积物中的 As 具有强烈的吸附和固定作用.此外,在厌氧微生物的驱动下,除了铁的异化还原过程,同时还伴随着的硫酸盐还原过程.Fe(II)可以与沉积物中的硫化物反应生成硫化铁,进而吸附和固定 As.并且形成的硫化亚铁在沉淀时也可以同时沉淀或共沉淀体系中释放的砷酸盐和亚砷酸盐^[49].

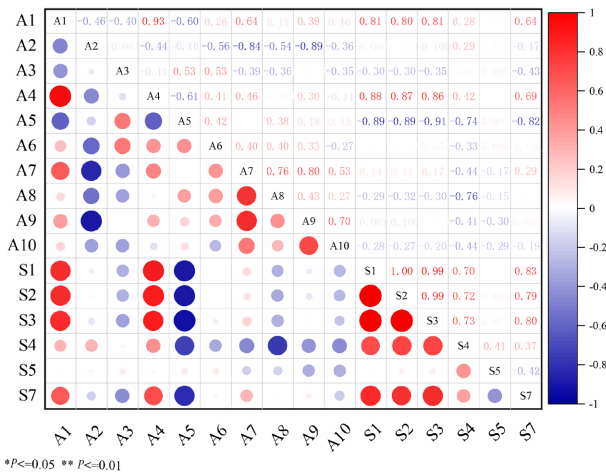


图 5 冰封期沉积物属水平微生物与砷形态的相关性热图
Fig.5 Heatmap of correlation between sediment genus-level microorganisms and As speciation during the ice-bound period
S1~S7 代表 As 的不同赋存形态,A1~A10 代表微生物,A1 为 *Thiobacillus*; A2 为 *Bacillus*;A3 为 *norank_f_Anaerolineaceae*;A4 为 *norank_f_Steroidbacteraceae*;A5 为 *norank_f_norank_o_SBR1031*;A6 为 *norank_f_norank_o_norank_c_Anaerolineae*;A7 为 *norank_f_Bacteroidetes_vadinHA17*;A8 为 *Sva0081*;A9 为 *unclassified_f_Desulfosarcinaceae*;A10 为 *Clostridium_sensu_stricto_1*.

综上,冰封期时硫杆菌属、芽孢杆菌、类固醇菌属、脱硫弧菌属和厌氧绳菌属(*SBR1031*、*Anaerolineae* 和 *Anaerolineaceae*)显著影响沉积物中 As 的形态及其转化,在 As 的迁移转化中扮演重要角色.这些微生物活动共同作用,影响着沉积物中 As 的形态和分布,进而影响 As 的环境行为和生态风险.

为了更好地探究沉积物微生物群落与 As 形态的相互关系,进一步构建了沉积物微生物与 As 形态的共线性网络从而有效分析沉积物 As 形态与微生物的共线性关系(图 6).结果表明,样本中丰度较高的微生物与多个形态的 As 存在不同程度的正负效应.*Thiobacillus* 和 *norank_f_Steroidbacteraceae* 对 S1、S2、S3 呈显著正效应,且对 S1 的正效应更高.而 *norank_f_norank_o_SBR1031*、*norank_f_norank_o_norank_c_Anaerolineae*、*Anorank_f_Anaerolineaceae* 对 S1、S2、S3 呈负效应,即 *Anaerolineae*、*Anaerolineaceae* 和 *SBR1031* 与 S1、S2 和 S3 呈负相关关系.相比于其他 As 形态,S1、S2、S3 受微生物影响程度最深,且样本中丰度较高的微生物多与 S1、S2、S3 呈现负效应.对于 S7 而言,微生物代谢分别会与其产生不同程度的正负效应,但正效应程度要高于负效应.这一结论与前面 RDA 分析和相关性分析的结果一致.

norank_f_norank_o_norank_c_Anaerolineae、*Anorank_f_Anaerolineaceae* 对 S1、S2、S3 呈负效应,即 *Anaerolineae*、*Anaerolineaceae* 和 *SBR1031* 与 S1、S2 和 S3 呈负相关关系.相比于其他 As 形态,S1、S2、S3 受微生物影响程度最深,且样本中丰度较高的微生物多与 S1、S2、S3 呈现负效应.对于 S7 而言,微生物代谢分别会与其产生不同程度的正负效应,但正效应程度要高于负效应.这一结论与前面 RDA 分析和相关性分析的结果一致.

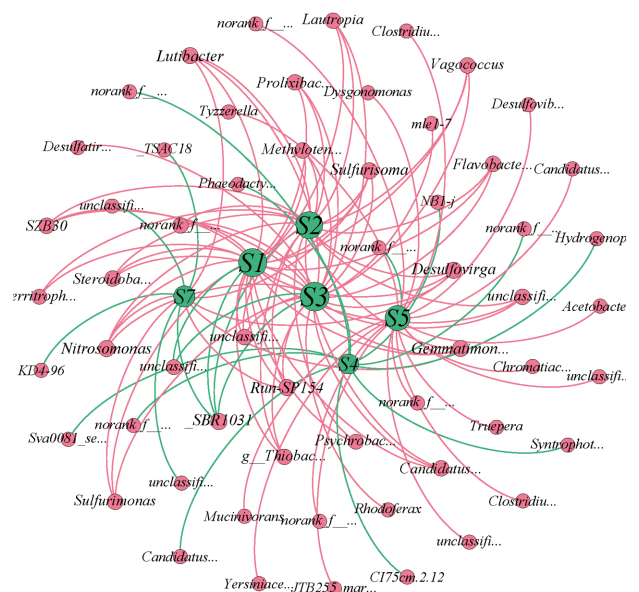


图 6 冰封期沉积物微生物及砷形态共线性网络图
Fig.6 Sediment microbial and As species collinearity network diagram during the ice-bound period
节点的颜色表示不同的分类;线条颜色表示正负相关性,红色表示正相关,绿色表示负相关;线条粗细表示相关性的大小

3 结论

3.1 冰封期乌梁素海沉积物微生物群落物种的丰富度和多样性呈现出明显的空间分布特征,以 W3 点湖心区为最高,向南及向北区域均呈现逐渐降低的趋势,不同采样点间的微生物群落生物多样性也存在一定差异.总排干附近处的 W1 和 W2 点微生物群落的多样性和丰富度最低,湖心区 W3 的微生物多样性和丰富度最高.

3.2 总体上,冰封期乌梁素海沉积物中硫杆菌属(*Thiobacillus*)的丰度占比最多,其次是芽孢杆菌属(*Bacillus*)、厌氧菌属(*Anaerolineaceae*)、类固醇杆菌属(*Steroidbacteraceae*)、*norank_f_norank_o_norank_c_Anaerolineae*、*Anorank_f_Anaerolineaceae* 对 S1、S2、S3 呈负效应,即 *Anaerolineae*、*Anaerolineaceae* 和 *SBR1031* 与 S1、S2 和 S3 呈负相关关系.相比于其他 As 形态,S1、S2、S3 受微生物影响程度最深,且样本中丰度较高的微生物多与 S1、S2、S3 呈现负效应.对于 S7 而言,微生物代谢分别会与其产生不同程度的正负效应,但正效应程度要高于负效应.这一结论与前面 RDA 分析和相关性分析的结果一致.

SBR1031、厌氧绳菌属(*Anaerolineae*)、拟杆菌属(*Bacteroidetes_vadinHA17*)等。

3.3 冰封期乌梁素海沉积物中的砷除残渣态外, 强吸附态砷(S2)、与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的砷(S3)含量占比最高, 冰封期间融冰、冰盖厚度与氧化还原条件变化、微生物群落的变化等会使沉积物中 S2 与 S3 等不稳定结合态的 As 存在二次释放的风险。

3.4 冰封期乌梁素海沉积物中微生物群落与砷形态之间存在显著的共线性关系, 其中硫杆菌属、芽孢杆菌、类固醇菌属、脱硫弧菌属和厌氧绳菌属对砷形态的影响最为显著。吸附态砷、与 AVS、碳酸盐、锰氧化物及结晶性极差的 Fe 氢氧化物共沉淀的砷和黄铁矿中的砷可以相互转化, 而硫杆菌属和类固醇菌属在这个过程中起重要作用。同时, 脱硫弧菌属对黄铁矿中的砷也有显著影响。而芽孢杆菌属则显著影响铁氧化物结合态砷。此外, 冰封期时厌氧绳菌属驱动的铁还原过程更多的对砷起固定作用。

参考文献:

- [1] Rahaman M S, Rahman M M, Mise N et al. Environmental arsenic exposure and its contribution to human diseases, toxicity mechanism and management [J]. *Environmental Pollution*, 2021,289:117940.
- [2] 张真, 董俊秀, 刘晓雯, 等. 东平湖表层沉积物中砷赋存特征及风险评估 [J]. *环境化学*, 2020,39(11):3190-3199.
Zhang Z, Dong J X, Liu X W, et al. Arsenic speciation characteristics and risk assessment of surface sediment in Dongping Lake [J]. *Environmental Chemistry*, 2020,39(11):3190-3199.
- [3] Yan X P, Kerrich R, Hendry M J, et al. Distribution of arsenic(III), arsenic(V) and total inorganic arsenic in porewaters from a thick till and clay-rich aquitard sequence, Saskatchewan, Canada [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2000,64(1):2637-2648.
- [4] Meharg, A A, Scrimgeour C, Hossain S A, et al. Co-deposition of organic carbon and arsenic in Bengal Delta Aquifers [J]. *Environmental Science and Technology*, 2006,40(16):4928-4935.
- [5] 刘碧君, 吴丰昌, 邓秋静, 等. 锡矿山矿区和贵阳市人发中锑、砷和汞的污染特征 [J]. *环境科学*, 2009,30(3):907-912.
Liu B J, Wu F C, Deng Q J, et al. Pollution characteristics of antimony, arsenic and mercury in human hair at Xikuangshan Antimony Mining Area and Guiyang City, China [J]. *Environmental Science*, 2009,30(3):907-912.
- [6] Jain C K, Ali I. Arsenic: occurrence, toxicity and speciation techniques [J]. *Water Research*, 2000,34(17):4304-4312.
- [7] 曹洋, 孙鹤铭, 刘利, 等. 冬季衡水湖沉积物微生物群落结构特征及影响因素 [J]. *环境工程技术学报*, 2023,13(1):154-163.
Cao Y, Sun H M, Liu L, et al. Microbial community structure characteristics and influencing factors in sediments of Hengshui Lake in winter [J]. *Journal of Environmental Engineering Technology*, 2023,13(1):154-163.
- [8] Yu R L, Yuan X, Zhao Y H, et al. Heavy metal pollution in intertidal sediments from Quanzhou Bay, China [J]. *Acta Sedimentologica Sinica*, 2008,20(6):664-669.
- [9] Cheng Y, Zhao F X, Wu J K, et al. Migration characteristics of arsenic in sediments under the influence of cascade reservoirs in Lancang River basin [J]. *Journal of Hydrology*, 2022,606:127424.
- [10] Guo T, Li L G, Zhai W W, et al. Distribution of arsenic and its biotransformation genes in sediments from the East China Sea [J]. *Environmental Pollution*, 2019,253:949-958.
- [11] Pongratz R. Arsenic speciation in environmental samples of contaminated soil [J]. *Science of the Total Environment*, 1998,224(1):133-141.
- [12] 车霏霏, 君珊, 陈俊伊, 等. 呼伦湖砷的时空分布特征及成因分析 [J]. *环境科学研究*, 2021,34(4):831-840.
Che F F, Jun S, Chen J Y, et al. Spatio-temporal distribution and cause analysis of Arsenic in Lake Hulun [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2021,34(4):831-840.
- [13] 毛凌晨, 叶华. 氧化还原电位对土壤中重金属环境行为的影响研究进展 [J]. *环境科学研究*, 2018,31(10):1669-1676.
Mao L C, Ye H. Influence of redox potential on heavy metal behavior in soils: A review [J]. *Research of Environmental Sciences*, 2018,31(10):1669-1676.
- [14] 马晟, 杨晓莉, 刘朝柱, 等. 三种含钙物质对土壤砷植物有效性的影响 [J]. *中国环境科学*, 2022,42(12):5785-5795.
Ma S, Yang X L, Liu C Z, et al. Effects of three calcium substances on plant bioavailability of arsenic in soil [J]. *China Environmental Science*, 2022,42(12):5785-5795.
- [15] Zhang Z, Moon H S, Seb M, et al. Phosphate enhanced abiotic and biotic arsenic mobilization in the wetland rhizosphere [J]. *Chemosphere*, 2017,187:130-139.
- [16] 韩永和, 王珊珊. 微生物耐砷机理及其在砷地球化学循环中的作用 [J]. *微生物学报*, 2016,56(6):901-910.
Han Y H, Wang S S. Arsenic resistance mechanisms in microbes and their roles in arsenic geochemical cycling-A review [J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2016,56(6):901-910.
- [17] 朱永官, 段桂兰, 陈保冬, 等. 土壤-微生物-植物系统中矿物风化与元素循环 [J]. *中国科学:地球科学*, 2014,1(6):1107-1116.
Zhu Y G, Duan G L, Chen B D, et al. Mineral weathering and element cycling in soil-microorganism-plant system [J]. *Science China: Earth Sciences*, 2014,57:888-896.
- [18] Xu L Y, Zhao Z X, et al. Transformation of arsenic in offshore sediment under the impact of anaerobic microbial activities [J]. *Water Research*, 2011,45:6781-6788.
- [19] 郑景华, 巴楚明, 王志宏, 等. 矿区土壤中砷污染对微生物群落的影响研究 [J]. *地球与环境*, 2016,44(5):506-512.
Zheng J H, Ba C M, Wang Z H, et al. Influence of arsenic pollution on soil microbial community of mining area [J]. *Earth and Environment*, 2016,44(5):506-512.
- [20] Li C M, Lei C X, Liang Y T, et al. As contamination alters rhizosphere microbial community composition with soil type dependency during the rice growing season [J]. *Paddy & Water Environment*, 2016,15(3):1-12.
- [21] Long Y, Jiang J, Hu X, et al. The response of microbial community structure and sediment properties to anthropogenic activities in Caohai wetland sediments [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2021,211:111936.
- [22] 全栋, 史小红, 赵胜男, 等. 2006-2017 年乌梁素海夏季水体营养状态及影响因子 [J]. *湖泊科学*, 2019,31(5):1259-1267.

- Quan D, SHI X H, Zhao S N, et al. Eutrophication of Lake Ulansuhai in 2006–2017 and its main impact factors [J]. *Journal of Lake Sciences*, 2019,31(5):1259–1267.
- [23] 卢兴顺,丁晓宇,赵子闻,等.乌梁素海冰封期污染物分布及迁移特征研究 [J]. *水生态学杂志*, 2021,42(6):41–48.
Lu X S, Ding X Y, Zhao Z W, et al. Distribution and exchange of pollutants during the icebound season of Ulansuhai Lake [J]. *Journal of Hydroecology*, 2021,42(6):41–48.
- [24] Guo H, Tang X, Yang S, et al. Effect of indigenous bacteria on geochemical behavior of arsenic in aquifer sediments from the Hetao Basin, Inner Mongolia: Evidence from sediment incubations [J]. *Applied Geochemistry*, 2008,23(12):3267–3277.
- [25] Liu C, Zhao D, Ma W, et al. Denitrifying sulfide removal process on high-salinity wastewaters in the presence of *Halomonas* sp [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016,100(3):1421–1426.
- [26] Li Y, Yu C, Zhao B, et al. Spatial variation in dissolved phosphorus and interactions with arsenic in response to changing redox conditions in floodplain aquifers of the Hetao Basin, Inner Mongolia [J]. *Water Research*, 2022,209:177930.
- [27] Keon N E, Swartz C H, Brabander D J, et al. Validation of an arsenic sequential extraction method for evaluating mobility in sediments [J]. *Environmental Science & Technology*, 2001,35(13):2778–2784.
- [28] Liu C, Zhao D, Ma W, et al. Denitrifying sulfide removal process on high-salinity wastewaters in the presence of *Halomonas* sp [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2016,100(3):1421–1426.
- [29] 石文静,赵心亚,刘轶哲,等.乌梁素海冰封期砷与环境因子响应及风险评估 [J]. *中国环境科学*, 2024,44(2):972–983.
Shi W J, Zhao X Y, Liu Y Z, et al. Response between arsenic and environmental factors and risk assessment in Wuliangshai during the ice-bound period [J]. *China Environmental Science*, 2024,44(2):972–983.
- [30] Hu L, Robert C A M, Cadot S, et al. Root exudate metabolites drive plant-soil feedbacks on growth and defense by shaping the rhizosphere microbiota [J]. *Nature Communications*, 2018,9(1):2738.
- [31] 于玲红,齐璐,杨文煊,等.包头南海湖冰封期沉积物细菌群落多样性 [J]. *环境化学*, 2019,38(6):1348–1355.
Yu L H, Qi L, Yang W H, et al. Diversity of bacterial communities in the sediment of Baotou Nanhai Lake in ice period [J]. *Environmental Chemistry*, 2019,38(6):1348–1355.
- [32] 王喜宽,黄增芳,苏美霞,等.河套地区土壤基准值及背景值特征 [J]. *岩矿测试*, 2007,26(4):287–292.
Wang X K, Huang Z F, Su M X, et al. Characteristics of reference and background values of soils in Hetao Area [J]. *Rock and Mineral Analysis*, 2007,(4):287–292.
- [33] Che F F, Jiang X, Yao C, et al. Arsenic distribution and speciation in multiphase media of a lake basin, Tibet: The influences of environmental factors on arsenic biogeochemical behavior in the cold arid plateau lake [J]. *Science of the Total Environment*, 2020,714:136772.
- [34] Smith E, Naidu R, Alston A M. Chemistry of inorganic arsenic in soils [J]. *Journal of Environmental Quality*, 2002,31(2):557–563.
- [35] Kappen P, Webb J. An EXAFS study of arsenic bonding on amorphous aluminium hydroxide [J]. *Applied Geochemistry*, 2013,31:79–83.
- [36] Huang J H, Kretschmar R. Sequential extraction method for speciation of arsenate and arsenite in mineral soils [J]. *Analytical Chemistry*, 2010,82(13):5534–5540.
- [37] Wolthers M, Charlet L, Van Der Weijden C H, et al. Arsenic mobility in the ambient sulfidic environment: Sorption of arsenic (V) and arsenic (III) onto disordered mackinawite [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2005,69(14):3483–3492.
- [38] Postma D, Jessen S, Hue N T M, et al. Mobilization of arsenic and iron from Red River floodplain sediments, Vietnam [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2010,74(12):3367–3381.
- [39] 陈怀满.环境土壤学 [M]. 二版.北京:科学出版社, 2010.
Chen H M. *Environmental soil science* [M]. 2nd Edition. Beijing: Science Press, 2010.
- [40] 石文静.SRB与DFeRB对砷形态转化的影响机制研究 [D]. 呼和浩特:内蒙古大学, 2020.
Shi W J. Study on the influence mechanism of SRB and DFeRB on arsenic species transformation [D]. Hohhot: InnerMongoliaUniversity, 2020.
- [41] 武斌,廖晓勇,陈同斌,等.石灰性土壤中砷形态分级方法的比较及其最佳方案 [J]. *环境科学学报*, 2006,26(9):1467–1473.
Wu B, Liao X Y, Chen T B, et al. Comparison of five methods for fractionation of calcareous soil contaminated with arsenic [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2006,26(9):1467–1473.
- [42] Xie M, Alsina M A, Yuen J, et al. Effects of resuspension on the mobility and chemical speciation of zinc in contaminated sediments [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019,364:300–308.
- [43] 朱忆雯,尹丹,胡敏,等.稻田土壤氮循环与砷形态转化耦合的研究进展 [J]. *生态环境学报*, 2023,32(7):1344–1354.
Zhu Y W, Yin D, Hu M, et al. Research progress on coupling of nitrogen cycle and arsenic speciation transformation in paddy soil [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 32(7):1344–1354.
- [44] 李嘉义,孙蔚旻,孙晓旭,等.尾矿硫化物微生物的分离鉴定与功能验证 [J]. *生态环境学报*, 2022,31(4):785–792.
Li J Y, Sun W M, Sun X X, et al. Isolation, identification and functional verification of sulfur-oxidizing microorganisms in mine tailing [J]. *Ecology and Environmental Sciences*, 2022,31(4):785–792.
- [45] 罗文齐,徐梦卿,李丹丹,等.蓝藻暴发对太湖梅梁湾底泥中铁氧化速率的影响 [J]. *环境科学学报*, 2020,40(8):2828–2833.
Luo W Q, Xu M S, Li D D, et al. Effect of cyanobacteria outbreak on Feammox rates in the sediments of Meiliang Bay, Taihu Lake [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2020,40(8):2828–2833.
- [46] Smith R L, Kent D B, Repert D A, et al. Anoxic nitrate reduction coupled with iron oxidation and attenuation of dissolved arsenic and phosphate in a sand and gravel aquifer [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2017,196:102–120.
- [47] Asta M P, Wang Y, Fruttschi M, et al. Microbially mediated release of as from Mekong Delta Peat sediments [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019,53(17):10208–10217.
- [48] 王广焯,王鹏程,张琼琼,等.再生水补给湿地香蒲根际细菌群落多样性分析 [J]. *天津师范大学学报(自然科学版)*, 2017,37(4):46–53.
Wang G X, Wang P C, Zhang Q Q, et al. Analysis of rhizosphere bacterial diversity of *Typha orientalis* in reclaimed water river wetland [J]. *Journal of Tianjin Normal University (Natural Science Edition)*, 2017,37(4):46–53.
- [49] 杨明,许丽英,宋雨,等.厌氧微生物作用下土壤中砷的形态转化及其分配 [J]. *生态毒理学报*, 2013,8(2):178–185.
Yang M, Xu L Y, Song Y, et al. Speciation transformation and distribution of arsenic in soils under action of anaerobic microbial activities [J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2013,8(2):178–18.

作者简介:石文静(1990-),女,内蒙古包头人,博士,讲师,主要研究方向为污染生态学、环境地球化学.发表文章 12 篇.swj225@126.com.