

DOI: 10.13376/j.cbls/2018079

文章编号: 1004-0374(2018)06-0667-06

重金属污染对土壤微生物生态的影响

陈 静¹, 刘荣辉¹, 陈岩贇², 王 炜², 温 勇², 刘晓文^{2*}, 周洪波^{1*}

(1 中南大学资源加工与生物工程学院生物冶金教育部重点实验室,
长沙 410083; 2 环境保护部华南环境科学研究所, 广州 510655)

摘 要: 土壤重金属污染面积大, 波及范围广, 是一个全球性的环境问题。重金属的大量积累会降低土壤中微生物的生物量和活性, 甚至会影响微生物群落的结构和多样性。土壤微生物由于其高灵敏度和及时对环境因素作出变化而越来越多地被用作监控土壤质量的生物指标。现主要针对土壤中重金属污染在土壤微生物活性、生物量、微生物群落结构等方面的影响进行综述。结合现有研究因素综合考虑, 对微生物生态学研究指标在重金属土壤修复领域进行展望, 为重金属污染土壤研究提供更为全面的质量评价和有效指标。

关键词: 重金属污染; 土壤微生物; 生态; 群落结构

中图分类号: Q938.1; X171.5 文献标志码: A

Effect of heavy metal pollution on soil microbial ecology

CHEN Jing¹, LIU Rong-Hui¹, CHEN Yan-Zhi², WANG Wei², WEN Yong², LIU Xiao-Wen^{2*}, ZHOU Hong-Bo^{1*}

(1 Key Laboratory of Biometallurgy of Ministry of Education, School of Minerals Processing and Bioengineering,
Central South University, Changsha 410083, China;

2 South China Institute of Environmental Science, Guangzhou 510655, China)

Abstract: Soil heavy metal pollution is a global environmental problem because the pollution area is large and spreads widely. The accumulation of heavy metals will reduce the biomass and activity of microorganisms in the soil, and even affect the structure and diversity of microbial communities. Soil microbial properties are increasingly being used as biological indicators of soil quality due to their high sensitivity, and timely response to environmental factors. This article focuses on the impact of heavy metal pollution in soil on microbial activity, biomass, microbial community structure and other aspects. Combined with the comprehensive consideration of existing research factors, the indicators for microbial ecology will be prospected in the field of heavy metal soil remediation, providing a more comprehensive quality assessment and effective indicators for the study of heavy metal-contaminated soil.

Key words: heavy metal pollution; soil microorganisms; microbial ecology; community structure

随着工业化进程的加快, 尤其是矿产资源的大量开发利用, 各种化学产品、重金属、农药及化肥的过量使用给环境造成了大量污染, 尤其是对土壤环境。据统计, 我国总的土壤点位超标率为 16.1%, 其中以重金属污染为代表的无机型污染占全部超标点位的 82.8%^[1]。我国受重金属污染耕地面积约占全部耕地的 1/5, 其中每年因重金属污染而损失的粮食作物达 1 200 万吨, 造成经济损失 200 亿人民币以上, 严重影响粮食安全^[2]。

重金属一旦进入土壤环境中就会慢慢积累, 破坏土壤的生理机构、微生物组成和群落结构等土壤生态系统^[3]。不同于其他污染, 重金属污染不能降

收稿日期: 2017-12-19; 修回日期: 2018-02-02

基金项目: 清远市电子废弃物拆解重金属污染治理项目(PM-hx020-201610-0309); 国家重点研发计划(2017YFD0801304)

*通信作者: E-mail: l-xwen@163.com(刘晓文);
zhouhb@csu.edu.cn(周洪波)

解, 持续性强, 破坏性大, 不仅造成粮食减产, 而且被生物体吸收进入食物链后危及人类健康, 因此, 重金属土壤修复变得尤为重要。近年来, 重金属污染问题成为了研究热点, 国内外学者对污染土壤中的微生物进行了大量的研究^[4]。微生物在土壤生理类群中数量是最多的, 是土壤形成的主要推动者, 对土壤营养物质的转化、迁移以及土壤肥力具有重要作用, 同时能够分解、转化土壤中的污染物, 可以说在一定程度上决定着土壤的基本性质^[5]。微生物的变化能够反映土壤污染和土壤养分的变化情况, 受重金属胁迫的微生物反应远比动植物要敏感^[6], 是表征土壤质量的敏感性指标之一, 也是土壤环境质量评价非常有潜力和价值的指标之一^[7]。因此, 研究微生物生态特性对深入了解土壤的生态系统功能、重金属土壤的修复工作和建立以微生物为主要指标的研究有重要意义。本文主要从生物量、酶的生物活性和群落结构等方面综述重金属污染对土壤微生物生态的影响。

1 重金属污染对微生物的影响概述

微生物在土壤中进行氧化、硝化、固氮、硫化等过程, 促进土壤有机质的分解和养分的转化, 维持土壤质量。重金属一般指相对密度在 4.5 g/cm^3 以上的金属, 包括金 (Au)、银 (Ag)、铜 (Cu)、铅 (Pb)、镉 (Cd)、镍 (Ni)、钴 (Co)、锡 (Sn) 等, 在生物体内有不同的作用, 如铬 (Cr)、锰 (Mn)、铜 (Cu)、镍 (Ni)、锌 (Zn)、砷 (As)、汞 (Hg) 等在细胞代谢过程中有重要作用^[8]。但对土壤来说, 重金属超标会影响甚至抑制微生物的生长及代谢活动, 如 Cd^{2+} 、 Ag^{2+} 和 Hg^{2+} 等与细胞体内相关代谢酶 SH 基团结合而抑制其活性。大多数情况下, 重金属的累积对微生物有不利影响^[9]。重金属离子可以通过抑制微生物的各种代谢, 使蛋白质变性, 抑制细胞分裂或使细胞膜破裂, 改变酶的特异性, 破坏细胞功能并破坏 DNA 的结构。当重金属浓度较高时, 微生物会对其产生更多的耐受性或抗性, 破坏其群落结构, 对微生物生态系统造成严重后果。Stratton 等^[10] 在研究 Hg 污染时发现, Hg 在环境中与组氨酸的结合是汞毒性作用的重要因素, 在凝乳蛋白酶中添加 Hg 后发现酶活降低, 蛋白质变性聚集。刘小莉^[11] 结合代谢组学和蛋白质组学方法研究 Pb 对盐地碱蓬 (*Suaeda salsa*) 的毒理效应时发现, Pb 胁迫干扰盐地碱蓬的代谢途径, 迫使其体内多种蛋白质变性, 直接影响其物质代谢、光合作用等。在模拟自然条

件下, 重金属 Pb、Ni 抑制苦菜根尖细胞的有丝分裂, 并随 Pb、Ni 浓度的升高抑制程度加重^[12-13]。长时间研究发现, 在受重金属 Cu、Cd、Pb 复合污染的土壤、矿山等区域, 过氧化氢酶、脲酶等酶活与之前相比有不同程度的抑制^[13-15]。重金属对细胞的抑制更为严重的表现为抑制其转录及蛋白质的表达。盐地碱蓬在受到 Hg 胁迫时, 植物体内多种蛋白质发生丰度变化, 影响信号转导、蛋白质合成及折叠等生物过程^[11]。蛋白质的变化是微生物对重金属污染产生的生理响应, 研究 *Escherichia coil*、*Bacillus subtilis*、*Streptomycetaceae* 中的蛋白质在不同 Hg、Cd、Pb 浓度胁迫下作用机制时发现, 随着 Hg、Cd、Pb 浓度的增加, 微生物蛋白质的合成均受到不同程度的抑制^[16]。图 1 展示了重金属污染过程中, 重金属污染对土壤中微生物的抑制机制^[17]。

2 重金属污染对土壤微生物量的影响

土壤微生物量是指土壤中体积小于 $5 \times 10^3 \mu\text{m}$ 的生物总量, 包括细菌、真菌、放线菌和原生动物等, 参与调控土壤中能量和养分循环以及有机质的转化。

微生物生物量在土壤受到污染后发生不同程度的变化。重金属种类和浓度不同, 对微生物生物量的影响也不同。长期使用污水灌溉会对土壤造成重金属污染, 微生物量随 Cd、Pb、Zn 含量的增加而下降^[18]。Patel 等^[19] 研究发现, 当重金属的浓度达到标准限定的土壤重金属环境容量的 2~3 倍, 就会对微生物产生抑制作用, 如当土壤中 Cu 和 Zn 浓度分别达到标准值的 2.5 倍时, 会使微生物生物量下降 40%。不同土壤类型的重金属污染对微生物量的影响也不同, 如连续施用含重金属的污泥, 土壤微生物量比施用粪肥的土壤微生物量低^[20]。

微生物生物量碳 (MBC)、生物量氮 (MBN) 的变化能表示出重金属的污染程度。生物量碳、生物量氮是土壤中易于利用的养分库及有机物分解和矿化的动力, 与土壤中 C、N、P、S 等养分循环密切相关。研究表明, 生物量碳随重金属含量的增加而降低。张涪平等^[21] 研究发现, 藏中矿区随着 Cu、Zn、Cd、Pb 污染含量的增加, 土壤中的生物量碳、生物量氮逐渐降低, 这与污染重金属全量和有效态存在显著的相关性, 但重金属对微生物生物碳的影响具有选择性。吴建军等^[22] 研究发现, 土壤微生物生物量碳随 Cd、Zn、Cu、Pb 污染程度的增加表现出先降后升的变化趋势, 但 Cd 和 Cu 对微生物生物量氮的抑制作用则随着培养时间的增加

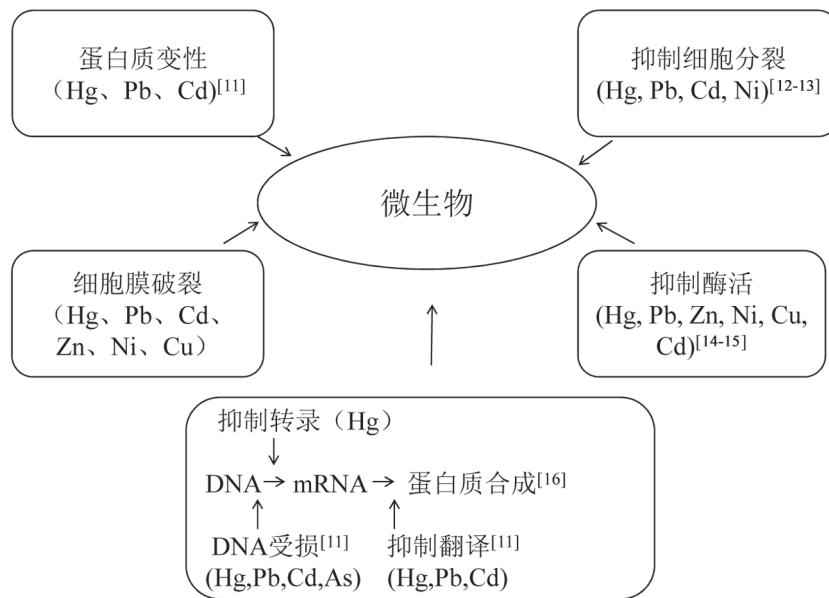


图1 重金属污染土壤对微生物的抑制作用^[17]

而增强。

土壤砷污染现已成为严重的环境和公共健康问题, 砷在土壤中含量较少时可以刺激微生物生物量的增加, 超过一定量后微生物生物量就会明显减少, 不利于微生物的生长。Ghosh 等^[23]研究发现, 砷污染土壤 (35 mg/kg) 中生物量碳 / 有机碳、生物量氮 / 总氮的比值与没有砷污染的土壤相比分别降低 2.0% 和 3.5%; Edvantoro 等^[24]研究发现砷污染土壤的生物量碳与未污染的相比, 有不同程度的降低, 平均含量为未污染土壤生物量碳的 45%。砷污染对土壤中微生物个体的影响会引起生物量碳、氮的变化, 进而影响群落等结构变化。总之, 重金属污染会引起土壤微生物生物量的改变, 不同的重金属种类、浓度会引起不同的效应。

3 重金属污染对土壤微生物活性的影响

土壤微生物活性是指土壤微生物 (包括细菌、真菌、放线菌和藻类) 总的代谢活性, 反映了土壤中全部或者部分微生物种群的功能^[25], 它的变化能直接反映土壤中各种生化反应的强度和趋势^[26]。重金属污染会影响微生物的呼吸和代谢途径以及土壤的物质循环和能量流动, 进而影响生态系统的稳定性。大量研究表明, 重金属的污染可以降低微生物活性^[27], 较低浓度的重金属含量可能会刺激微生物酶活^[28], 而高浓度的则表现为抑制作用^[29]。现主要研究的微生物活性包括微生物酶活、微生物碳、氮循环等^[30]。

3.1 酶活

微生物分泌大量的酶, 它们和微生物一起参与土壤中物质和能量的循环过程^[31]。土壤酶的抑制效应更为敏感, 且活性变化直接反映土壤肥力的改变, 直接影响作物的生长。重金属可以抑制微生物生长繁殖, 减少微生物酶的合成和代谢。这些酶中既包括脱氢酶等胞内酶, 也包括脲酶、磷酸酶、蛋白酶等多种胞外酶^[32]。Kandeler 等^[33]探讨了重金属对土壤中 13 种酶的影响, 结果显示与土壤碳循环有关的酶 (脲酶、芳基硫酸酯酶) 受重金属胁迫较小; 与土壤氮、磷和硫等循环有关的酶, 如碱性磷酸酶等受重金属胁迫影响十分显著。Mikanova 等^[14]研究发现, Cu、Pb、Zn、Cd 复合重金属污染可降低土壤脱氢酶、酸性磷酸酶和脲酶的活性。张涪平^[21]研究藏中矿区重金属污染土壤发现, 不同地段的土壤酶活存在显著差异, 矿区土壤蔗糖酶、脲酶、脱氢酶和酸性磷酸酶活性分别是对照土壤的 19%~84%、24%~72%、0.4%~84% 和 19%~92%。

重金属对土壤酶的影响与重金属种类有关。Zhang 等^[9]研究发现, Cu 对蔗糖酶和磷酸酶具有明显的抑制作用, Zn 抑制蔗糖酶和脲酶活性, Cd 对上述三种酶均有明显抑制作用, 而 Pb 只抑制蔗糖酶活性, 对其他两种酶的作用不明显。但低浓度的重金属对酶活有促进作用, 荆延德等^[34]用不同 Hg 处理土壤酶时发现, 在汞浓度 <2 mg/kg 时, 土壤中脲酶、酸性磷酸酶和脱氢酶酶活升高, 而在浓度 >2 mg/kg 时则下降。Ghosh 等^[35]发现砷污染土

壤中的蛋白酶、脂肪酶明显受到抑制,脱氢酶活性大幅度降低,其中荧光素双乙酸盐的水解活性(FDAH)显著低于未污染土壤,并且发现水溶性的砷对FDAH的抑制性更强。杨居荣等^[36]在模拟实验中研究外来添加砷元素对土壤中氧化还原酶和水解酶类活性影响时发现,砷的投加使土壤中水解酶类的蛋白酶、碱性磷酸酶和脲酶的活性均有不同程度的下降。

综上所述,脱氢酶、脲酶、过氧化氢酶、磷酸酶、蛋白酶等常作为研究对象,其酶活的高低可以综合反映重金属含量的变化大小情况,可作为预测和评价土壤重金属污染程度的指标。

3.2 碳、氮的循环

在土壤生态系统中,微生物是土壤中最活跃的因素,起着转化和储存各种营养物质的重要作用。土壤物质循环的核心是有机碳的矿化和氮素的转化,如果这两个过程受到抑制,整个土壤物质循环过程会受到影响。

众多的研究显示土壤如果长期遭受重金属污染,碳有机质矿化作用下降。当As、Pb、Cu和Zn的浓度范围分别在8~22 992 mg/L、31~1 845 mg/L、27~162 mg/L和81~4 218 mg/L时,碳矿化与重金属浓度呈极显著负相关^[37]。微生物的代谢熵反映其活性,表示单位生物量的微生物在单位时间里的呼吸强度。受污染的环境中,微生物需要更多的能量来维持自身的代谢活动。土壤微生物的代谢熵通常随着重金属污染程度的增加而上升。但也有研究发现,微生物的基础呼吸与土壤重金属的输入量呈负相关。Ellen等^[38]研究发现,土壤呼吸作用强度随着砷浓度的增大而明显减小,呼吸作用和砷含量呈显著负相关,即砷对呼吸作用有强烈的抑制作用,土壤中砷含量为100 mg/kg时,土壤呼吸作用下降一半。

氮循环的过程也是由微生物推动的,重金属污染会影响土壤氮的矿化、硝化、反硝化作用以及固氮等多个化学过程。Hassen等^[39]在研究中发现,向土壤中加入肥料等营养物质会导致Zn、Cu、Cd的累积,继续添加Zn、Cu、Cd的硫酸盐,土壤中氮的矿化作用受到抑制。多数室内实验结果表明,氮的硝化作用对重金属毒性的敏感性比矿化作用更大^[40]。氮的矿化作用与重金属的浓度呈负相关,而硝化作用受到的影响不明显。对反硝化作用而言,几种重金属抑制效应依次为 $Cd^{2+} > As^{5+} > Cu^{2+} > Pb^{2+}$ ^[41]。固氮作用受土壤重金属的影响情况存在差异,与重金属的浓度有很大的关系。Brookes等^[42]的研究结

果则显示Cd浓度只有2 mg/kg时,土壤中蓝绿藻的固氮能力减弱一半,且高浓度重金属污染土壤中微生物的固氮量是低浓度污染土壤的10%。总之,微生物的生物量及其活性可以作为研究指标对重金属的污染水平进行评价。

4 重金属污染对土壤微生物群落结构的影响

土壤微生物群落在生态系统中的能量流动、元素循环和有机物转换中起着重要的作用。微生物群落结构的变化能预测土壤养分及土壤环境质量的变化,是研究土壤污染过程中一个重要指标。一般而言,重金属在土壤中的积累必然会造成土壤中原始微生物群落结构的改变^[43],减弱微生物的作用,最终使得土壤肥力和质量降低,特别是重金属含量的增加会减少土壤中微生物的多样性^[44]。但是也有研究表明,重金属污染对土壤微生物群落结构影响较少。Niklinska等^[45]发现受Zn、Pb、Cd长期污染的森林土壤微生物群落,其结构变化较小。

微生物类群间对重金属的敏感性存在着差异,通常认为最敏感的是古菌,耐性最强的是真菌。Gremion等^[46]发现受Zn、Cd污染的土壤中,微生物群落受到显著影响,氨氧化细菌完全被抑制。相比于细菌和真菌,古菌对重金属污染更为敏感,重金属污染能大大抑制古菌的生长,降低其数量^[47]。放线菌也对土壤重金属污染极其敏感。Epelde等^[48]对长期受到重金属污染的矿区土壤的微生物群落进行了研究,结果显示纤维杆菌纲和绿弯菌门的相对丰度随着污染浓度增高而增大,门放线菌和酸杆菌门的相对丰度则呈现相反趋势,而微生物群落结构随着污染程度的增强而增大。

微生物群落也受重金属种类的影响。滕应等^[47]通过添加外源4种重金属(Cu、Zn、Pb、Cd)元素来探究红壤微生物群落功能多样性的变化,结果表明,Cd、Cu对微生物群落功能多样性的影响均达极显著水平,而Zn则对其达显著水平影响,Pb元素似乎没有明显的毒性作用。Wang等^[49]发现微生物对重金属敏感性依次为 $Cr > Pb > As > Co > Zn > Cd > Cu$ 。不同价态的重金属对微生物群落结构也有不同的影响,As(III)和As(V)有不同的毒性,其对不同种类土壤的微生物影响也存在差异。一般认为,As(III)和As(V)对真菌和放线菌的影响不大,而对于细菌来说,As(III)对细菌抑制作用强烈,但适量的As(V)却能刺激细菌的生长。除此之外,重金属对微生物的毒性除了与重金属本身的特性有关,还与土壤的类型

和理化性质, 土壤颗粒组成、湿度、pH、土壤 C、N 含量等有关。Epelde 等^[48] 研究废弃的铅锌矿污染土壤时发现, pH 是影响矿区土壤微生物群落结构的关键因素之一。Frey 等^[50] 探讨了阔叶林和松树林土壤氮的长期积累对微生物群落结构和功能的影响, 结果表明, 相对于不施氮肥处理, 施氮肥处理的阔叶林和松树林的活跃真菌生物量分别降低了 27%~61% 和 42%~69%。土壤类型不同, 重金属污染对微生物群落多样性及组成的影响呈现明显差异。

因此, 土壤微生物群落结构特征也可以从侧面反映土壤重金属的污染程度, 不只是微生物物种的改变, 还有微生物功能多样性、遗传多样性、生态特征多样性等^[51], 预测土壤养分和重金属环境质量的改变。在传统生物学的基础上(微生物平板纯培养、磷脂脂肪酸法等), 结合高通量测序手段, 对土壤微生物群落结构进行深度测序分析, 并将其数字具体化, 与微生物的相关参数联系起来, 建立完善的土壤微生物指示重金属污染状况评估体系, 更好地研究重金属污染对土壤的影响。

5 总结与展望

综上所述, 重金属的长期积累会造成: 土壤中微生物生物量的减少; 大部分土壤酶活性的降低; 破坏微生物群落结构, 造成土壤肥力的降低, 影响植物生长。土壤微生物可作为稳定生态系统、监测土壤质量变化的重要指标, 其生物量、酶活变化及群落生态多样性研究在重金属污染土壤评价和维护生态平衡中发挥重要作用。

鉴于前期的研究进展, 今后的研究可以更多地关注以下两个方面。(1) 加强深层次的机理研究, 利用新型生态学技术从分子、基因等层次开展微生物生态研究; 开发新型适用于不同重金属污染的微生物菌剂用于土壤修复; 加强微生物生态理论研究和应用研究相结合, 健全以微生物为主的重金属污染指标。(2) 当前的研究存在一定的局限性, 主要是室内模拟, 侧重于单一的重金属或土壤理化性质对微生物的影响, 在实际土壤修复过程中, 环境更为复杂, 重金属含量和土壤理化性质等具有明显的空间差异性, 要从多角度多因素综合考虑, 更全面客观地反映重金属污染对微生物的影响。

参 考 文 献

- [1] 环境保护部, 国土资源部. 全国土壤污染状况调查公报. 中国环保产业, 2014, 5: 10-1
- [2] Xia X, Chen X, Liu R, et al. Heavy metals in urban soils with various types of land use in Beijing, China. *J Hazard Mater*, 2011, 186: 2043-50
- [3] Perveen I, Raza MA, Sehar S, et al. Heavy metal contamination in water, soil and milk of the industrial area adjacent to Swan River, Islamabad, Pakistan. *Hum Ecol Risk Assess*, 2017, 23: 1564-72
- [4] Liu L, Zhang X, Zhong T. Pollution and health risk assessment of heavy metals in urban soil in China. *Hum Ecol Risk Assess*, 2016, 22: 424-34
- [5] Yu Z. Microbial remediation of heavy metal(loid) contaminated soil: A review. *Agric Sci Tech*, 2016, 17: 85-91
- [6] Xie Y, Fan J, Zhu W, et al. Effect of heavy metals pollution on soil microbial diversity and bermudagrass genetic variation. *Front Plant Sci*, 2016, 7: 245-57
- [7] Gómez-Sagasti MT, Alkorta I, Becerril JM, et al. Microbial monitoring of the recovery of soil quality during heavy metal phytoremediation. *Water Air Soil Pollut*, 2012, 223: 3249-62
- [8] Adams GO, Tawari-Fufeyin P, Igelenyah E, et al. Assessment of heavy metals bioremediation potential of microbial consortia from poultry litter and spent oil contaminated site. *Int J Environ Biorem Biodegrad*, 2014, 2: 84-92
- [9] Zhang J, Wang LH, Yang JC, et al. Health risk to residents and stimulation to inherent bacteria of various heavy metals in soil. *Sci Total Environ*, 2015, 508: 29-36
- [10] Stratton A, Ericksen M, Harris TV, et al. Mercury(II) binds to both of chymotrypsin's histidines, causing inhibition followed by irreversible denaturation/aggregation. *Protein Sci*, 2016, 26: 292
- [11] 刘小莉. 重金属污染物对盐地碱蓬毒理效应的代谢组学与蛋白质组学研究[D]. 北京: 中国科学院大学, 2013
- [12] 郭爱华, 辛高伟, 任静宇. 重金属铅、镍对苦菜根尖细胞分裂的影响. *天津农业科学*, 2015, 21: 21-3,8
- [13] Zou JH, Wang M, Jiang WS, et al. Effects of hexavalent chromium (VI) on root growth and cell division in root tip cells of *Amaranthus viridis* L. *Pakistan J Bot*, 2006, 38: 673-681
- [14] Michalke K, Wickenheiser EB, Mehring M, et al. Production of volatile derivatives of metal(loid)s by microflora involved in anaerobic digestion of sewage sludge. *Appl Environ Microb*, 2000, 66: 2791-96
- [15] Cui H, Yang X, Xu L, et al. Effects of goethite on the fractions of Cu, Cd, Pb, P and soil enzyme activity with hydroxyapatite in heavy metal-contaminated soil. *Rsc Adv*, 2017, 7: 45869-77
- [16] 李淑英, 董诗浩, 苏亚丽, 等. 重金属胁迫培养对微生物蛋白质含量的影响. *安徽农业科学*, 2011, 39: 19051-3
- [17] Ahemad M. Implications of bacterial resistance against heavy metals in bioremediation: a review. *Environ Biotechnol*, 2012, 3: 39-46
- [18] 张晗, 靳青文, 黄仁龙, 等. 大宝山矿区农田土壤重金属污染及其植物累积特征. *土壤*, 2017, 49: 141-9
- [19] Patel K, Sharma R, Dahariya N, et al. Black carbon and heavy metal contamination of soil. *Pol J Environ Stud*,

- 2016, 25: 2
- [20] Li H, Zhang X, Liu X, et al. Effect of rhizodeposition on alterations of soil structure and microbial community in pyrene-lead co-contaminated soils. *Environ Earth Sci*, 2016, 75: 169
- [21] 张涪平, 曹湊贵, 李苹, 等. 藏中矿区重金属污染对土壤微生物学特性的影响. *农业环境科学学报*, 2010, 29: 698-704
- [22] 吴建军, 蒋艳梅, 吴愉萍, 等. 重金属复合污染对水稻土微生物生物量和群落结构的影响. *土壤学报*, 2008, 45: 1102-9
- [23] Ghosh A, Das S, Jean JS, et al. Effect of arsenic contamination on bacterial and fungal biomass and enzyme activities in tropical arsenic-contaminated soils. *Biol Fert Soils*, 2013, 49: 757-65
- [24] Edvantoro BB, Naidu R, Megharaj M, et al. Changes in microbial properties associated with long-term arsenic and DDT contaminated soils at disused cattle dip sites. *Ecotoxicol Environ Saf*, 2003, 55: 344-51
- [25] Abdu N, Abdullahi AA, Abdulkadir A. Heavy metals and soil microbes. *Environ Chem Lett*, 2017: 1-20
- [26] Shi W, Ma X. Effects of heavy metal Cd pollution on microbial activities in soil. *Ann Agric Environ Med*, 2017, 24: 722
- [27] Kandeler F, Kampichler C, Horak O. Influence of heavy metals on the functional diversity of soil microbial communities. *Biol Fert Soils*, 1996, 23: 299-306
- [28] Markowicz A, Plaza G, Piotrowskaseget Z. Activity and functional diversity of microbial communities in long-term hydrocarbon and heavy metal contaminated soils. *Arch Environ Prot*, 2016, 42: 3-11
- [29] Yang G, Pei Z, Liang M, et al. Assessment of effects of heavy metals combined pollution on soil enzyme activities and microbial community structure: modified ecological dose-response model and PCR-RAPD. *Environ Earth Sci*, 2010, 60: 603-12
- [30] Vig K, Megharaj M, Sethunathan N. et al. Bioavailability and toxicity of cadmium to microorganisms and their activities in soil: a review. *Adv Environ Res*, 2003, 1: 121-35
- [31] Song FM, Ge HG, Li C, et al. Heavy metals pollution in iron tailing soil and its effects on microbial communities metabolism and enzyme activities. *J Mines Metals Fuels*, 2017, 65: 319-27
- [32] Tripathy S, Bhattacharyya P, Mohapatra R, et al. Influence of different fractions of heavy metals on microbial ecophysiological indicators and enzyme activities in century old municipal solid waste amended soil. *Ecol Eng*, 2014, 70: 25-34
- [33] Kandeler E, Tschirko D, Bruce KD, et al. Structure and function of the soil microbial community in microhabitats of a heavy metal polluted soil. *Biol Fert Soils*, 2000, 32: 390-400
- [34] 荆延德, 何振立, 杨肖娥. 汞污染对水稻土微生物和酶活性的影响. *应用生态学报*, 2009, 20: 218-22
- [35] Ghosh AK, Bhattacharyya P, Pal R. Effect of arsenic contamination on microbial biomass and its activities in arsenic contaminated soils of Gangetic West Bengal, India. *Environ Int*, 2004, 30: 491-9
- [36] 杨居荣, 任燕, 刘虹, 等. 砷对土壤微生物及土壤生化活性的影响. *土壤*, 1996: 101-4
- [37] Usman AR, Almaroai YA, Ahmad M, et al. Toxicity of synthetic chelators and metal availability in poultry manure amended Cd, Pb and As contaminated agricultural soil. *J Hazard Mater*, 2013, 262: 1022-30
- [38] Esch EH, Lipson D, Cleland EE. Direct and indirect effects of shifting rainfall on soil microbial respiration and enzyme activity in a semi-arid system. *Plant Soil*, 2017, 411: 333-46
- [39] Hassen A, Jedidi N, Cherif M, et al. Mineralization of nitrogen in a clayey loamy soil amended with organic wastes enriched with Zn, Cu and Cd. *Bioresource Technol*, 1998, 64: 39-45
- [40] Chen J, Xiao G, Kuzyakov Y, et al. Soil nitrogen transformation responses to seasonal precipitation changes are regulated by changes in functional microbial abundance in a subtropical forest. *Biogeosciences*, 2017, 14: 2513-25
- [41] 王淑芳, 胡连生, 纪有海, 等. 重金属污染黑土中固氮菌及反硝化菌作用强度的测定. *应用生态学报*, 1991, 2: 174-7
- [42] Brookes PC, Landman A, Pruden G, et al. Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: a rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil. *Soil Biol Biochem*, 1985, 17: 837-42
- [43] Kenarova A, Radeva G, Traykov I, et al. Community level physiological profiles of bacterial communities inhabiting uranium mining impacted sites. *Ecotoxicol Environ Saf*, 2014, 100: 226-32
- [44] Faure D, Joly D. Structure and functioning of microbial mcosystems: metagenomics and integration of omics. *Insight Environ Genomics*, 2016: 101-3
- [45] Niklinska M, Chodak M, Laskowski R. Characterization of the forest humus microbial community in a heavy metal polluted area. *Soil Biol Biochem*, 2005, 37: 2185-94
- [46] Gremion F, Chatzinotas A, Kaufmann K, et al. Impacts of heavy metal contamination and phytoremediation on a microbial community during a twelve-month microcosm experiment. *FEMS Microbiol Ecol*, 2004, 48: 273-83
- [47] 滕应, 黄昌勇, 骆永明, 等. 重金属复合污染下红壤微生物活性及其群落结构的变化. *土壤学报*, 2005, 42: 819-28
- [48] Epelde L, Lanzén A, Blanco F. Adaptation of soil microbial community structure and function to chronic metal contamination at an abandoned Pb-Zn mine. *FEMS Microbiol Ecol*, 2015: 1-11
- [49] Wang F, Yao J, Si Y, et al. Short-time effect of heavy metals upon microbial community activity. *J Hazard Mater*, 2010, 173: 510-6
- [50] Frey SD, Knorr M, Parrent JL, et al. Chronic nitrogen enrichment affects the structure and function of the soil microbial community in temperate hardwood and pine forests. *Forest Ecol Manag*, 2004, 196: 159-71
- [51] 曹宏杰, 倪红伟. 土壤微生物多样性及其影响因素研究进展. *国土与自然资源研究*, 2015: 85-8