

吴 玲. 水稻土中土著细菌群落对重金属 Cd 的响应[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(22): 233–238.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.22.032

水稻土中土著细菌群落对重金属 Cd 的响应

吴 玲^{1,2}

(1. 常州工程职业技术学院检验检测认证学院, 江苏常州 213164;

2. 南京师范大学地理科学学院江苏省物质循环与污染控制重点实验室, 江苏南京 210023)

摘要:为探究不同镉(Cd)浓度对水稻土中细菌群落分布的影响,设置不同 Cd²⁺ 浓度梯度(0、20、40、80、160 mg/kg)的盆栽水稻土,采集水稻成熟期的根际土与非根际土,测定土壤样品的 pH 值、总氮(TN)、总有机碳(TOC)、铵态氮(NH₄⁺ - N)与硝态氮(NO₃⁻ - N),并利用基于 16S rRNA 基因的高通量测序技术研究水稻土样品中的细菌群落结构以及细菌群落结构与 Cd 含量等理化因子的潜在关系。结果显示,不同 Cd 含量的水稻土样品中原核微生物主要为细菌界(Bacteria),共有 35 个门 94 个纲,变形菌门(Proteobacteria)和 γ -变形菌纲(γ -Proteobacteria)细菌在不同 Cd 含量的水稻土样品中均表现出优势。研究表明,水稻土中 Cd 和 NO₃⁻ - N 含量显著影响水稻土中纲水平细菌群落丰度。

关键词:水稻土;细菌群落;镉;高通量测序

中图分类号:S154.3;X53 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2022)22-0233-06

随着工农业的发展以及在人类活动的影响下,重金属引起的土壤污染问题越来越严重。重金属污染物易积累、难降解且毒性大,能够破坏土壤生态环境及土壤结构,使土壤变得贫瘠,并导致土壤肥力下降^[1]。土壤中的重金属主要来源于风化作用、工业废水、农业化学物的排放以及空气中有毒气体在雨水冲刷下与土壤的混合作用^[2];同时,土

壤中的重金属还能通过渗透作用回到周围的大气与水体中^[3]。我国是水稻种植大国,水稻土遭受不同程度及不同种类的重金属污染,其中,镉生物毒性极强,是土壤中较为常见的重金属污染元素,能够被稻米富集,因此受到广泛关注^[4-5]。

土壤微生物能够参与 C、N 等多种营养元素的循环过程,在维持土壤结构中发挥了重要的作用,高丰度的土壤微生物群落对于维持土壤功能具有重要的作用^[6]。在重金属的胁迫下,土壤中微生物量及活菌菌落数量明显下降,且土壤微生物群落结构和功能均发生变化^[7-8]。研究表明,与其他生物相比,土壤微生物对重金属更加敏感,重金属污染能够干扰土壤微生物的生长、形态和代谢^[9]。Ros 等研究证实,Cd 污染能影响半干旱土壤中的微生物

收稿日期:2021-11-15

基金项目:国家自然科学基金(编号:41771286、41271255);常州市科技支撑计划(农业)项目(编号:CE20192017);武进区科技支撑计划(社会发展)项目(编号:WS202036);2021 年江苏省青蓝工程项目。

作者简介:吴 玲(1981—),女,江苏常州人,博士,副教授,主要从事土壤与水体沉积物污染及 N 循环微生物的生态功能及代谢多样性研究。E-mail:lwu@czie.edu.cn。

[52] Wang Y T, O'Halloran I, Zhang T Q, et al. Phosphorus sorption parameters of soils and their relationships with soil test phosphorus [J]. Soil Science Society of America Journal, 2015, 79: 672–680.

[53] 王新民,侯彦林. 有机物料对石灰性土壤磷素形态转化及吸附特性的影响研究[J]. 环境科学学报, 2004, 24(3): 440–443.

[54] 刘建玲,廖文华,张作新,等. 磷肥和有机肥的产量效应与土壤积累磷的环境风险评价[J]. 中国农业科学, 2007, 40(5): 959–965.

[55] 戚瑞生,党廷辉,杨绍琼,等. 长期轮作与施肥对农田土壤磷素形态和吸持特性的影响[J]. 土壤学报, 2012, 49(6): 1136–1146

[56] 刘 京. 长期施肥下紫色土磷素累积特征及其环境风险[D]. 重庆:西南大学, 2015.

[57] 李冬初,王伯仁,黄 晶,等. 长期不同施肥红壤磷素变化及其对产量的影响[J]. 中国农业科学, 2019, 52(21): 3830–3841.

[58] 陈波浪,盛建东,文启凯,等. 不同施肥制度对红壤耕层磷的吸持特性影响的研究[J]. 新疆农业大学学报, 2005, 28(1): 22–26.

[59] 石 宁,李 彦,井永苹,等. 长期施肥对设施菜田土壤氮、磷时空变化及流失风险的影响[J]. 农业环境科学学报, 2018, 37(11): 2434–2442.

[60] 颜 晓,王德建,张 刚,等. 长期施磷的产量效应及其环境风险评价[J]. 环境科学, 2013, 34(8): 3205–3210.

活性、群落丰度与群落结构^[10];大量的室内与野外试验证实,重金属 Cd 能够影响土壤微生物,并对土壤微生物产生最强烈的副作用,且不同的微生物对重金属 Cd 具有不同的耐受性,微生物群落结构同时也是指示土壤重金属污染的重要指标^[11-12]。水稻土是具有干湿交替特征的特殊的农田土壤,研究不同浓度 Cd 对水稻土中土著细菌群落的影响是筛选土著耐 Cd 细菌的前提和基础,而耐重金属菌株的筛选是研究土壤微生物修复的重要环节。因此,本研究结果对当地土壤重金属修复具有重要意义^[13]。

1 材料与方法

1.1 样品采集

采集 0~15 cm 深度的自然生态系统土壤作为供试土,去除表面落叶、植被及颗粒物后,将土壤置于室内自然风干后研磨过筛,备用。

1.2 水稻盆栽试验设置

在 15 cm × 20 cm (R × H) 的塑料盆中装土约 2 kg,将一定浓度的 CdCl₂ · 2.5H₂O 溶液加入盆中与土混合均匀,配制成 Cd 终浓度分别为 0、20、40、80、160 mg/kg 的土壤,每个浓度设置 6 个平行。在土壤中以 1:1:1 (质量比)施入 N-P₂O₅-K₂O 肥料并浇水使土润湿,放置平衡 2 周。2019 年 5 月初在江苏武进水稻研究所(中国常州)实验室进行水稻育苗,选取苗龄 2 周,生长一致的秧苗移栽至塑料盆,放置于常州工程职业学院(中国常州)知行楼顶楼露台,接受自然光照,用自来水浇灌,盆中保持 3~5 cm 水层,模拟水稻 150 d 左右的生长周期。

1.3 水稻根际与非根际土的采集

在水稻生长的成熟期进行破坏性采样,采集不同 Cd 含量(0、20、40、80、160 mg/kg)的根际与非根系水稻土共 10 个样品,每个样品采集 3 个平行样。根据文献,采用抖落法收集区分根际土和非根际土^[14]。将采集的水稻根际与非根际土壤一部分用于土壤理化指标分析,一部分用于分子生态学研究。

1.4 水稻土理化性质的测定

pH 值的测定:按 2.5:1 的水土比用蒸馏水浸提水稻土,振荡 10 min 并静置 30 min,用 Mettler-Toledo S220-K-CN 台式 pH 计测定悬浊液 pH 值;无机氮的测定:按 5:1 的水土比用 2 mol/L KCl 提取,并用 Skalar San Plus 连续流动分析仪(荷兰 Skalar 分析仪器公司)测定无机氮的浓度;采用凯氏(Micro-Kjeldahl)定氮法测定总氮(total nitrogen,

TN)含量;采用重铬酸钾氧化-分光光度法测定总有机碳(total organic carbon, TOC)含量^[15]。

1.5 宏基因组 DNA 的提取

采用 FastDNA® SPIN Kit for Soil 试剂盒(MP Biomedicals,美国),参照使用说明书,将新鲜的水稻土样品混匀,提取宏基因组 DNA,并测定其浓度与纯度。

1.6 高通量测序

使用通用引物 515F(5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3')和 907R(5'-CCGTC AATTCMTTTRAGTTT-3')对水稻土中原核微生物 16S rRNA 基因进行扩增,对 PCR 扩增产物进行切胶分离,委托上海美吉生物(中国上海)进行高通量测序。

1.7 数据分析

利用 SPSS 18.0 软件通过单因素方差分析(One-way analysis of variance)和 Tukey 多重比较评估不同 Cd 含量的水稻土理化指标之间的差异, $P < 0.05$ 表示数据之间有显著差异。利用美吉生信云平台(<http://cloud.majorbio.com>)将测序得到的 OTU 序列进行在线分析,主要包括微生物群落结构分析,香农指数(Shannon index)、Sobs 指数及文库覆盖率(Coverage)的计算,水稻土 Cd 含量、理化指标与纲水平主要细菌类群丰度的 Spearman 相关性分析。

2 结果与分析

2.1 不同 Cd 含量的水稻土理化指标分析

由表 1 可知,不同 Cd 浓度的水稻土中 NO₃⁻-N 含量无显著差异;NRS-40 水稻土样品中的 NH₄⁺-N 含量高于其他 Cd 含量的水稻土样品,而 RS-160 样品中的 NH₄⁺-N 含量低于其他水稻土;NRS-80 水稻土样品的 pH 值显著高于其他水稻土($P < 0.05$),RS-0 显著低于其他组($P < 0.05$);除了 RS-160 样品,Cd 含量较高(80 和 160)的水稻土中的 TN 含量显著高于其他组($P < 0.05$);不同 Cd 含量的水稻根系与非根系土中的 TOC 有显著差异($P < 0.05$)。根据单因素方差分析可知,Cd 添加量对水稻土 pH 值($P < 0.05$)与 TN($P < 0.001$)影响显著。

2.2 不同 Cd 含量的水稻土高通量测序结果初步分析

不同 Cd 含量的水稻土中微生物 16S rRNA 基因 Illumina 高通量测序结果如表 2 所示,10 个水稻

表 1 水稻根际与非根际土壤理化指标

样品	pH 值	TN (mg/kg)	TOC (%)	NO ₃ ⁻ - N (mg/kg)	NH ₄ ⁺ - N (mg/kg)
RS - 0	7.53 ± 0.02c	960 ± 2.65d	1.03 ± 0.08ab	4.60 ± 0.78a	4.43 ± 0.42ab
NRS - 0	8.15 ± 0.04b	715 ± 7.00gh	0.67 ± 0.10bcd	7.71 ± 3.10a	4.44 ± 0.79ab
RS - 20	7.92 ± 0.01b	422 ± 1.02i	0.72 ± 0.08bcd	5.10 ± 1.07a	3.96 ± 0.63ab
NRS - 20	8.06 ± 0.04b	766 ± 2.73ef	1.35 ± 0.24a	3.93 ± 0.45a	4.95 ± 0.58ab
RS - 40	8.01 ± 0.02b	734 ± 4.36fg	0.45 ± 0.07d	7.84 ± 1.78a	4.54 ± 0.32ab
NRS - 40	8.16 ± 0.02b	694 ± 2.65h	0.91 ± 0.16bc	7.96 ± 3.60a	6.41 ± 1.54a
RS - 80	8.08 ± 0.02b	985 ± 1.35c	0.66 ± 0.07cd	9.62 ± 3.59a	4.00 ± 0.67ab
NRS - 80	8.28 ± 0.02a	1 140 ± 5.68a	0.74 ± 0.11bcd	3.51 ± 0.08a	4.99 ± 0.43ab
RS - 160	8.07 ± 0.03b	796 ± 1.78e	0.54 ± 0.16cd	10.55 ± 4.43a	3.40 ± 0.42b
NRS - 160	8.17 ± 0.04b	1 060 ± 2.00b	0.83 ± 0.08bc	5.90 ± 0.44a	4.05 ± 0.07ab
F 值					
镉添加量 (A)	2.909 *	12.600 ***	2.284	0.513	1.124

注:RS 和 NRS 表示根际和非根际土,0、20、40、80、160 分别表示 Cd 浓度,单位为 mg/kg。表中数据为平均值 ± 标准误差(n=3),同列数据后不同小写字母表示处理之间具有显著差异(单因素方差分析,Tukey 多重比较,P<0.05);*、**和***分别表示 P<0.05、P<0.01 和 P<0.001。

土样品共获得 1 313 418 条有效序列,且序列平均长度分别为 376 bp。

表 2 基于 16S rRNA 基因的水稻土样品高通量测序结果

样品	有效 序列数	OTU	序列平 均长度 (bp)	Shannon 指数	Sobs 指数	Coverage
RS - 0	45 485	27 855	376	6.31	2 238	0.98
NRS - 0	40 670	23 612	376	6.27	2 145	0.97
RS - 20	54 460	34 170	376	6.40	2 468	0.98
NRS - 20	39 843	28 110	376	6.39	2 299	0.98
RS - 40	42 238	25 843	376	6.38	2 250	0.97
NRS - 40	38 638	25 291	376	6.39	2 198	0.97
RS - 80	42 405	25 756	376	6.23	2 193	0.97
NRS - 80	50 883	30 270	376	6.26	2 319	0.98
RS - 160	39 736	24 845	376	4.69	1 496	0.98
NRS - 160	43 448	24 122	376	6.13	2 003	0.97

注:表格中的值为平均值(n=3)。

由 OUT 水平的 Sobs 稀释曲线可得,水稻土样品中的 16S rRNA 基因高通量测序所得的 Sobs 指数平均值在 1 496 ~ 2 468 之间,稀释曲线趋向平坦,说明测序数据量合理(图 1 - a);Shannon 指数表示菌群多样性指数,数值越大,微生物多样性越高,基于 16S rRNA 基因测序结果的 Shannon 指数在 4.69 ~ 6.40 之间,曲线趋向平坦,说明测序数据量足以反映水稻土样品中大部分微生物的多样性信息(图 1 - b),且随着水稻土中 Cd 浓度的上升,RS - 160

水稻样品 Shannon 指数明显低于其他组。Coverage 值在 0.97 ~ 0.98 之间,说明测得的 OTU 基本能够反映水稻土样品中微生物群落结构组成(表 2)。

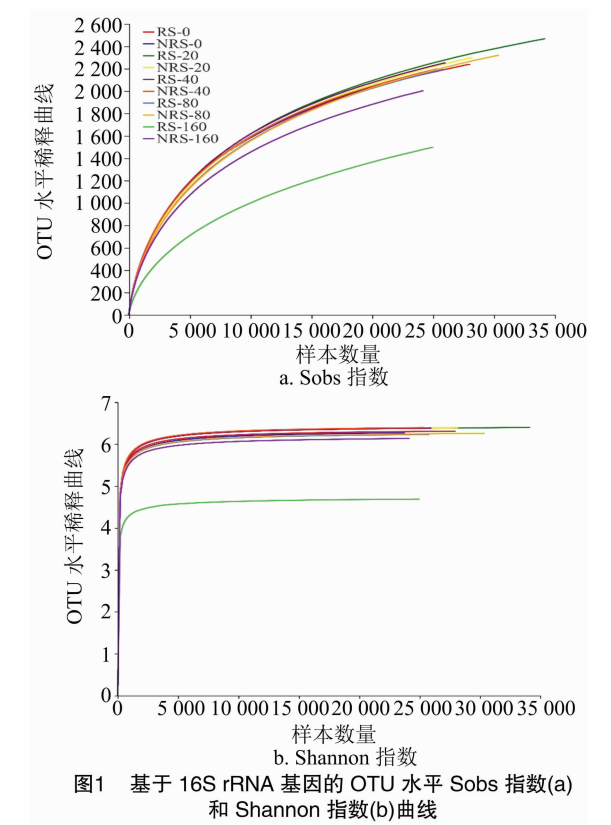


图1 基于 16S rRNA 基因的 OTU 水平 Sobs 指数(a)和 Shannon 指数(b)曲线

2.3 不同 Cd 含量的水稻土中微生物群落结构变化与多样性分析

对高通量测序获得的所有 OUT 序列进行界

(Kingdom)、门(Phylum)、纲(Class)、目(Order)、科(Family)、属(Genus)、种(Species)水平上的物种分类。通过 16S rRNA 基因测序结果可知,不同 Cd 含量的水稻土样品中的原核微生物主要为细菌界,共有 35 个门,相对丰度前 11 位的细菌类群包括变形菌门、酸杆菌门、放线菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、蓝细菌门、厚壁菌门、浮霉菌门、芽单胞菌门、己科河

菌门、匿杆菌门,其中变形菌门在各水稻土样品中均表现出优势,其在水稻土样品中的相对丰度平均值在 32.1% ~ 41.9% 之间;共有 94 个纲,相对丰度前 10 位优势菌群包括 γ -变形菌纲、放线菌纲、subgroup-6、 α -变形菌纲、拟杆菌纲、厌氧绳菌纲、 δ -变形菌纲、生氧光细菌纲、梭菌纲、芽单胞菌纲(图 2)。

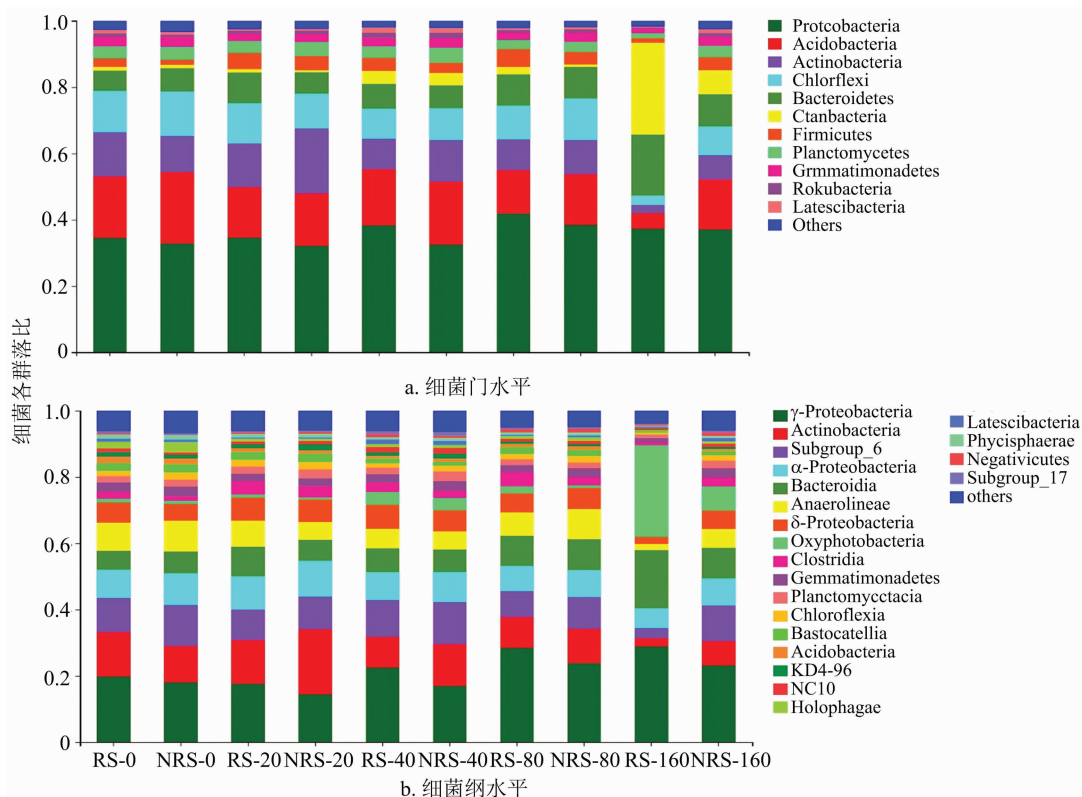


图2 水稻土中基于 16S rRNA 基因的细菌类群门(a)和纲(b)水平分布

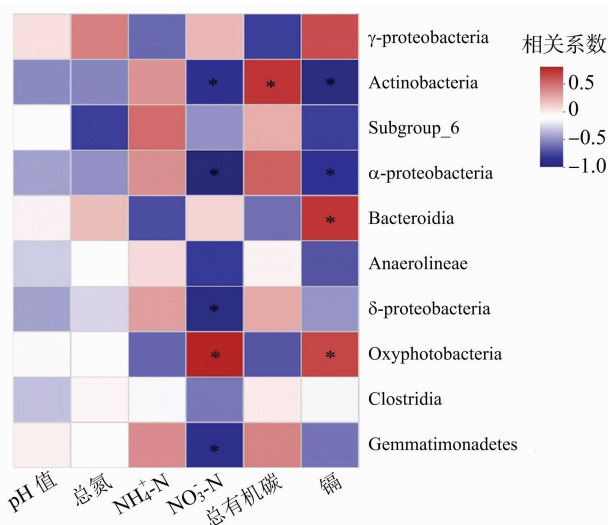
2.4 不同 Cd 含量的水稻土中微生物群落结构变化影响因素

对水稻土中 Cd 的含量、理化因子和纲水平相对丰度前 10 位细菌群落进行 Spearman 相关性分析,结果如图 3 所示。受水稻土中 Cd 含量影响的主要细菌类群包括放线菌纲($r = -0.648$)、 α -变形菌纲($r = -0.758$)、生氧光细菌纲($r = 0.758$)、拟杆菌纲($r = -0.689$)($P < 0.05$);受水稻土中 $\text{NO}_3^- - \text{N}$ 含量显著影响的细菌类群为放线菌纲($r = -0.714$)、 α -变形菌纲($r = -0.640$)、生氧光细菌

纲($r = 0.640$)、 δ -变形菌纲($r = -0.697$)、芽单胞菌纲($r = -0.661$)($P < 0.05$)。

3 讨论与结论

土壤细菌是土壤中最重要类群,对土壤中的重金属污染物十分敏感^[16-17]。当土壤中重金属的浓度较高时,有些细菌数量会减少或绝灭,但耐重金属细菌数量会增加并累积,因此,长期遭受重金属污染的土壤细菌的群落数量与结构可能发生显著的变化^[18]。本研究通过基于 16S rRNA 基因的高



X轴和Y轴分别为环境因子和物种,通过计算获得相关性R值和P值。R值在图中以不同颜色展示,右侧图例是不同R值的颜色区间; *表示 $P < 0.05$

图3 水稻土中细菌群落丰度与环境因子 Spearman 相关性热图

通量测序技术分析可得,不同Cd含量的水稻土中原核微生物主要为细菌界以及其下35个门和94个纲,Sobs指数平均值在1 496~2 468之间,Shannon指数分布在4.69~6.40之间。由不同Cd含量的水稻土中门水平微生物群落分布图可知,变形菌门在各水稻土样品中均表现出优势,并以 γ -变形菌纲为主,其次为 α -变形菌纲与 δ -变形菌纲。变形菌门大多数兼性或者专性厌氧及异养生活,俎千惠等对不同纬度地区水稻土细菌群落的研究显示,不同纬度的8个典型地区的水稻土均以变形菌门中的 α 和 β 分支为主^[19]。

本研究证实,纲水平相对丰度前10位细菌群落主要受水稻土Cd与 NO_3^- -N含量影响。水稻土中Cd含量显著影响放线菌纲、 α -变形菌纲、生氧光细菌纲、拟杆菌纲细菌。Hou等研究发现,对Cd有不同积累能力的水稻品种根际细菌群落差异显著,相对于低Cd积累水稻品种根际土壤,高Cd积累水稻品种根际土壤中变形菌门相对丰度显著增高^[20]。放线菌门在不同Cd含量的水稻土中的群落丰度比例为2.50%~13.38%,且其丰度比例与Cd浓度呈负相关,与Zhang等的结论^[21]相反,可能是由于高浓度(160 mg/kg)的Cd对放线菌门具有抑制作用。陈晓天将放线菌剂施于土壤后发现,土壤有效Cd含量下降,放线菌剂能够对土壤起到强化修复的作用^[22]。生氧光细菌纲群落丰度与Cd浓度呈显著正相关,且在160 mg/kg的水稻根系土中蓝细菌门在各细菌群落中占比较高,是Cd污染水稻土中主要

的细菌群落。生氧光细菌纲属于蓝细菌门,Song等研究证实蓝细菌门对重金属Cd具有一定的耐受性并能在菌体中累积Cd^[23-25]。蓝细菌门是土壤微生物群落重要的组成部分,在水稻秧苗移种的过程中,水稻田为蓝细菌门的生长提供了适宜的环境^[26-28]。在水稻田中,蓝细菌门以 NH_4^+ 的形式固氮,因此能够增加水稻土肥力并担任了生物肥料的角色,光合蓝细菌可以通过胞外多糖、金属硫蛋白(mtallothioneins,MTs)等与金属离子结合,形成络合物,因此,其在重金属Cd的固定修复中有一定的作用^[29-30]。本研究中,拟杆菌纲也被证实与Cd含量显著相关。拟杆菌纲细菌主要分布于土壤、沉积物以及矿区居民的粪便中,是工业废水和污泥中的优势菌群,且拟杆菌纲的黄杆菌菌株被发现有较强的耐Cd特性,相关研究判断拟杆菌纲细菌在物质能量转换和环境治理方面发挥着重要的作用^[31-33]。

除了Cd含量, NO_3^- -N含量也显著影响各细菌群落,包括放线菌纲、 α -变形菌纲、生氧光细菌纲、 δ -变形菌纲、芽单胞菌纲。研究发现, NO_3^- 与Cd之间存在协同作用,土壤中的Cd能够胁迫 NO_3^- 转运体的活性,从而抑制植物对 NO_3^- 的吸收。在Cd的胁迫作用下,氮代谢过程中硝酸和亚硝酸还原酶的活性降低,抑制了作物对 NO_3^- 的利用率,降低了根系对 NO_3^- 的吸收率,使 NO_3^- 向地上部转运,从而使土壤中 NO_3^- 的相对浓度提高^[34-35]。因此,放线菌纲、 α -变形菌纲、生氧光细菌纲与 NO_3^- -N表现出的相关性与Cd含量的相关性一致。

研究证明,不同Cd含量的水稻土中,原核微生物以细菌界的变形菌门和 γ -变形菌纲为主。Cd和 NO_3^- -N含量是影响水稻土样品中细菌群落结构与丰度的主要因素,水稻土中Cd含量主要影响放线菌纲、 α -变形菌纲、生氧光细菌纲和拟杆菌纲, NO_3^- -N含量显著影响的细菌类群为放线菌纲、 α -变形菌纲、生氧光细菌纲、 δ -变形菌纲及芽单胞菌纲。筛选水稻土中耐Cd菌株并将其应用于水稻土重金属Cd的修复尚待进一步研究。

参考文献:

- [1]Toppi L S D, Gabbriellini R. Response to cadmium in higher plants [J]. Environmental and Experimental Botany, 1999, 41 (2): 105 - 130.
- [2]Wang Q R, Kim D, Dionysiou D D, et al. Sources and remediation for mercury contamination in aquatic systems—A literature review [J]. Environmental Pollution, 2004, 131 (2): 323 - 336.

- [3] Luo Z B, Ma J, Chen F, et al. Effects of Pb smelting on the soil bacterial community near a secondary lead plant [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2018, 15 (5): 1030.
- [4] 陈 朗, 宋玉芳, 张 薇, 等. 土壤镉污染毒性效应的多指标综合评价[J]. 环境科学, 2008, 29(9): 2606–2612.
- [5] 钱春香, 王明明, 许燕波. 土壤重金属污染现状及微生物修复技术研究进展[J]. 东南大学学报(自然科学版), 2013, 43(3): 669–674.
- [6] Lehmann J, Rillig M C, Thies J, et al. Biochar effects on soil biota—A review[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2011, 43(9): 1812–1836.
- [7] Jordan M J, Lechevalier M P. Effects of zinc – smelter emissions on forest soil microflora[J]. Canadian Journal of Microbiology, 1975, 21 (11): 1855–1865.
- [8] Pennanen T, Frostegard A, Fritze H, et al. Phospholipid fatty acid composition and heavy metal tolerance of soil microbial communities along two heavy metal – polluted gradients in coniferous forests[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996, 62(2): 420–428.
- [9] Broos K, Mertens J, Smolders E. Toxicity of heavy metals in soil assessed with various soil microbial and plant growth assays: a comparative study [J]. Environmental Toxicology and Chemistry, 2005, 24(3): 634–640.
- [10] Ros M, Pascual J A, Moreno J L, et al. Evaluation of microbial community activity, abundance and structure in a semiarid soil under cadmium pollution at laboratory level [J]. Water, Air, and Soil Pollution, 2009, 203(1/2/3/4): 229–242.
- [11] Bååth E. Effects of heavy metals in soil on microbial processes and populations (a review) [J]. Water, Air, and Soil Pollution, 1989, 47(3/4): 335–379.
- [12] Vig K, Megharaj M, Sethunathan N, et al. Bioavailability and toxicity of cadmium to microorganisms and their activities in soil: a review [J]. Advances in Environmental Research, 2003, 8(1): 121–135.
- [13] 闫 敏, 秦诗洁, 崔永亮, 等. 镉吸附细菌的分离及其对土壤镉的固定[J]. 微生物学报, 2020, 60(11): 2423–2433.
- [14] 陈 希. 茶园根际土壤与植物体养分对酸沉降的响应[D]. 南昌: 南昌大学, 2015.
- [15] Wu Y C, Xiang Y, Wang J J, et al. Heterogeneity of archaeal and bacterial ammonia oxidizing communities in Lake Taihu, China[J]. Environmental Microbiology Reports, 2010, 2(4): 569–576.
- [16] 应 多. 添加玉米秸秆条件下重金属污染对水稻土有机碳矿化和微生物群落结构的影响[D]. 南京: 南京农业大学, 2018.
- [17] Zhou D N, Zhang F P, Duan Z Y, et al. Effects of heavy metal pollution on microbial communities and activities of mining soils in Central Tibet, China [J]. Journal of Food, Agriculture & Environment, 2013, 11(1): 676–681.
- [18] 滕 应, 黄昌勇. 重金属污染土壤的微生物生态效应及其修复研究进展[J]. 土壤与环境, 2002, 11(1): 85–89.
- [19] 俎千惠, 王保战, 贾仲君, 等. 水稻土中紫色光合细菌沿纬度梯度的空间分异特征[J]. 生态学报, 2016, 36(21): 6730–6737.
- [20] Hou D D, Wang R Z, Gao X Y, et al. Cultivar – specific response of bacterial community to cadmium contamination in the rhizosphere of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Environmental Pollution, 2018, 241: 63–73.
- [21] Zhang X, Yang H H, Cui Z J. Assessment on cadmium and lead in soil based on a rhizosphere microbial community [J]. Toxicology Research, 2017, 6(5): 671–677.
- [22] 陈晓天. 土壤改良剂及放线菌剂对镉(Cd)污染农田的修复作用研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2020.
- [23] Song H J, Peng L, Li Z Y, et al. Metal distribution and biological diversity of crusts in paddy fields polluted with different levels of cadmium [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019, 184: 109620.
- [24] Miranda A R L, Mendes L W, Rocha S M B, et al. Responses of soil bacterial community after seventh yearly applications of composted tannery sludge[J]. Geoderma, 2018, 318: 1–8.
- [25] Luo S L, Chen L, Chen J L, et al. Analysis and characterization of cultivable heavy metal – resistant bacterial endophytes isolated from Cd – hyperaccumulator *Solanum nigrum* L. and their potential use for phytoremediation [J]. Chemosphere, 2011, 85(7): 1130–1138.
- [26] Soo R M, Hemp J, Parks D H, et al. On the origins of oxygenic photosynthesis and aerobic respiration in Cyanobacteria [J]. Science, 2017, 355(6332): 1436–1440.
- [27] Singh J S, Kumar A, Rai A N, et al. Cyanobacteria: a precious bio – resource in agriculture, ecosystem, and environmental sustainability [J]. Frontiers in Microbiology, 2016, 7: 529.
- [28] Kuenzer C, Knauer K. Remote sensing of rice crop areas [J]. International Journal of Remote Sensing, 2013, 34(6): 2101–2139.
- [29] Zehr J P. Nitrogen fixation by marine cyanobacteria[J]. Trends in Microbiology, 2011, 19(4): 162–173.
- [30] 徐春晓. 集胞藻 PCC 6803 中基于实验室的镉离子耐受性驯化及机理研究[D]. 天津: 天津大学, 2018.
- [31] 赵军伟. 16S rRNA 高通量测序分析条锈菌侵染对小麦根部菌群影响及新种放线菌鉴定[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2016.
- [32] Shao M M, Zhu Y. Long – term metal exposure changes gut microbiota of residents surrounding a mining and smelting area[J]. Scientific Reports, 2020, 10: 4453.
- [33] Kiseleva L, Garushyants S K, Ma H W, et al. Taxonomic and functional metagenomic analysis of anodic communities in two pilot – scale microbial fuel cells treating different industrial wastewaters [J]. Journal of Integrative Bioinformatics, 2015, 12(1): 273.
- [34] Yang Y J, Xiong J, Chen R J, et al. Excessive nitrate enhances cadmium (Cd) uptake by up – regulating the expression of OsIRT1 in rice (*Oryza sativa*) [J]. Environmental and Experimental Botany, 2016, 122: 141–149.
- [35] Li J Y, Fu Y L, Pike S M, et al. The *Arabidopsis* nitrate transporter NRT1.8 functions in nitrate removal from the xylem sap and mediates cadmium tolerance [J]. The Plant Cell, 2010, 22(5): 1633–1646.