

## 重金属污染对土壤微生物生态特征的影响研究进展

刘沙沙<sup>1,2</sup>, 付建平<sup>1\*</sup>, 蔡信德<sup>1</sup>, 周建民<sup>1</sup>, 党志<sup>3</sup>, 朱润良<sup>2</sup>

1. 环境保护部华南环境科学研究所, 广东 广州 510655; 2. 中国科学院广州地球化学研究所, 广东 广州 510640;

3. 华南理工大学环境与能源学院, 广东 广州 510006

**摘要:** 土壤中微生物对重金属胁迫的敏感程度大于动物和植物, 因此, 可以利用土壤微生物生态特征的变化来预测土壤环境质量的变化, 将其作为评估土壤污染状况的重要指标。论文归纳了重金属污染对土壤微生物的影响及作用机制的研究现状, 主要从微生物生物量、微生物群落结构/功能和多样性、微生物耐性基因/蛋白质和代谢能力、土壤呼吸强度和酶活性等几个方面进行了评述。研究表明, 重金属污染对土壤微生物生态特征的影响结果存在差异, 有促进作用、抑制作用或无明显影响。这是由于土壤微生物体系比较复杂、重金属种类和浓度以及土壤理化性质的差异引起的。近年来, 分子生物学的快速发展, 使重金属污染胁迫与土壤微生物生态特征变化的关系的研究不断取得新的进展, 尤其是在对微生物群落的功能基因、蛋白质及相关代谢途径的影响方面。然而, 由于重金属污染与土壤微生物之间关系十分复杂, 对其影响因素进行综合并定量化分析是明确重金属对土壤微生物生态特性的影响及相关机理的关键。另外, 还需加强分子生物学新技术的应用, 明确微生物种群对重金属胁迫的响应机制。重点开展重金属剂量及暴露时间对土壤微生物生态特征的影响研究, 并在此基础上确定重金属对土壤微生物的毒害浓度临界值, 针对不同的土壤类型和重金属种类建立相应的微生物评价指标体系, 以期评估土壤的重金属污染状况和治理修复提供理论依据。

**关键词:** 重金属; 土壤微生物; 生态特征

**DOI:** 10.16258/j.cnki.1674-5906.2018.06.024

**中图分类号:** X171.5

**文献标志码:** A

**文章编号:** 1674-5906 (2018) 06-1173-06

**引用格式:** 刘沙沙, 付建平, 蔡信德, 周建民, 党志, 朱润良. 2018. 重金属污染对土壤微生物生态特征的影响研究进展[J]. 生态环境学报, 27(6): 1173-1178.

LIU Shasha, FU Jianping, CAI Xinde, ZHOU Jianmin, DANG Zhi, ZHU Runliang. 2018. Effect of heavy metals pollution on ecological characteristics of soil microbes: a Review [J]. Ecology and Environmental Sciences, 27(6): 1173-1178.

随着全球经济的迅速发展和工业化进程的加快, 农用化学品种类和数量急剧增加, 导致土壤中的重金属污染日益严重。重金属是一种难降解的有害有毒污染物, 其进入土壤后不仅会造成土壤质量退化, 导致农作物产量和质量降低, 还可以通过直接接触或食物链进入人体, 对生态环境及人类的健康造成严重的威胁 (Mahar et al., 2016)。因此, 需要了解和评估土壤的重金属污染程度和环境质量状况, 以便及时地对其进行治理和修复。

近年来, 学者们逐渐认识到重金属对生物介导的生态过程的影响 (Wickramasinghe et al., 2017; Wang et al., 2018)。大量的研究表明, 土壤微生物对于重金属胁迫的敏感程度大于动物和植物, 故其能够用于预测土壤生态系统及环境质量的变化, 及时地反映土壤污染状况。因此, 土壤微生物的生态特征被认为是最具潜力的评价土壤污染程度的指

标和依据 (Azarbad et al., 2015)。关于重金属污染对土壤微生物生态特征影响的研究, 国内外学者们已经做了大量的工作 (Chodak et al., 2013; Abdu et al., 2016; Caporale et al., 2016; Wang et al., 2017; 张雪晴等, 2016; 韩文辉等, 2016; Zhang et al., 2015; Huang et al., 2017), 对这些研究成果进行总结, 发现重金属能引起土壤微生物生物量和活性、微生物群落结构/功能和多样性、土壤酶活性、土壤呼吸强度等生态特征的变化。随着分子生物学技术 (微阵列、基因芯片技术、16S rRNA、DGGE、宏基因组、宏转录组和宏蛋白组) 的广泛应用 (Zhang et al., 2014; Yin et al., 2015), 关于重金属污染与土壤微生物变化的关系的研究进展迅速, 并不断有新的研究成果出现, 尤其是在微生物群落的功能基因/蛋白质、水平基因转移、种群间相互作用等方面 (Aydin et al., 2015; Azarbad et al., 2015; Hemme et

**基金项目:** 国家重点研发计划项目 (2017YFD0801300)

**作者简介:** 刘沙沙 (1986年生), 女, 工程师, 博士, 主要从事土壤重金属污染控制与生态修复研究。E-mail: lss.1986.10@163.com

\*通信作者

**收稿日期:** 2018-02-03

al., 2016; Martínez et al., 2017)。然而,目前对于该领域的研究缺乏详细系统的综述。本文对重金属污染引起的微生物特征变化(微生物生物量、微生物群落结构/功能和多样性、微生物的耐性功能基因/蛋白质和代谢能力、土壤酶活性和土壤呼吸强度)的研究现状进行了综述,指出了目前研究中存在的问题,对未来的研究方向进行了总结和展望。

## 1 重金属对土壤微生物的影响

### 1.1 土壤微生物量

微生物对重金属污染的反应有所不同,大量的研究表明高浓度的重金属能够对土壤微生物产生胁迫,降低其生物量(刁展, 2016; Zhang et al., 2016)。一方面,高浓度的重金属能够破坏细胞的结构和功能,加快细胞的死亡,抑制微生物的活性或竞争能力从而降低生物量;另一方面,在重金属胁迫下,土壤中微生物需要过度消耗能量以抵御环境胁迫而抑制了其生物量生长。Tayebi et al. (2014) 研究发现,重金属对微生物所产生的毒性大小表现为镉>铜>锌>铅,同一种重金属的毒性大小随着土壤中有机物质含量的升高而降低。张雪晴等(2016) 研究发现,铜矿区附近土壤中微生物的生物量随着重金属污染程度的增加而明显下降,群落多样性也降低。但是,也有研究指出低浓度的重金属污染能够促进微生物的生长,提高细胞活性和增加生物量(刁展, 2016; 郑涵等, 2017)。实际的重金属污染环境多以复合污染为主,自然状态的土壤体系中复合重金属污染对微生物生态功能的影响尤其是在较大区域范围内的研究仍较欠缺。由于不同类型土壤中的微生物有所差异,同一重金属对微生物生物量也会产生不同的影响(聂双, 2016)。因此,在分析和调查实地重金属污染土壤性状的基础上研究重金属对微生物生态功能的影响是十分必要的。

### 1.2 土壤微生物群落

土壤微生物群落是反映土壤稳定性和生态机制的重要敏感性指标,良好的微生物种群是适应外界因素和维持土壤肥力的必要因素。大多数情况下,重金属污染会对微生物固有的群落结构和活性造成不利影响(Zhang et al., 2015)。长期受重金属污染的环境中的微生物群落结构会发生改变,物种多样性发生大规模的减少,大部分敏感的物种逐渐消失甚至灭绝,而关键代谢活动(反硝化和重金属抗性)较强的耐性物种存活下来形成新的群落,数量增多并积累(Xie et al., 2016)。不同种类的微生物对重金属的敏感程度不同而产生不同的耐性,刁展(2016) 研究发现,土壤微生物对铅、镉、汞、镉和砷的耐受程度均表现为真菌>放线菌>细菌。锌、镉和铅的长期污染没有降低森林土壤中微生物

的多样性,只是改变了群落组成。在污染土壤中变形菌门占据明显优势,绿弯菌门和芽单胞菌门的丰度增加(Azarbad et al., 2015),说明这些微生物种群能够较好地适应重金属胁迫而在维持土壤生态平衡过程中起重要作用。低浓度的 As 促使部分耐菌迅速积累成为优势菌群,从而导致土壤微生物总量有所增加,PLFA 分析显示,革兰氏阳性细菌/阴性细菌的比值升高(汪峰等, 2014)。但是也有研究发现,土壤微生物群落结构与重金属污染没有明显的关系,Grandlic et al. (2006) 研究了湖泊沉积物中细菌对砷污染的反应,结果表明砷未对这些细菌群落的结构产生影响。

土壤的理化性质(土壤类型、有机质含量、含水率、pH 值等)会影响重金属的毒性和生物可利用性。因此,微生物群落的变化可能是由重金属浓度和土壤性质共同决定的(Kenarova et al., 2014),而土壤理化性质与微生物群落的变化具有更强的相关性(Zhang et al., 2016)。例如,Chodak et al. (2013) 研究发现森林土壤中微生物对重金属的敏感程度大于湿地土壤中的微生物。目前,关于重金属对微生物影响的研究主要是在微生物群落整体变化水平上进行的,不同的微生物种群或个体在应对重金属胁迫时所发挥的作用及其机理还不明确。鉴于微生物种群间的相互作用对生物适应重金属污染环境的重要性,有关微生物间相互作用的研究工作有待进一步开展。此外,为了保证和实现土壤生态系统的可持续发展,在研究中不能只关注种群的结构和多样性等,更重要的是明确关键的微生物与土壤生态功能和过程之间的关系。因此,需要加强重金属对种群的生理功能及相关基因、遗传多样性和种群动态变化的影响等方面的研究。

### 1.3 土壤微生物功能基因/蛋白质和代谢活动

土壤微生物通过细胞内的基因、蛋白质和酶参与一系列的代谢活动,这成为了解微生物功能多样性与土壤功能之间关系的纽带,为从功能蛋白质和基因角度了解土壤环境变化和微生物生态效应之间的关系提供一个新的途径。随着分子生物学技术的快速发展,应用先进的基因芯片技术、微阵列技术和组学技术(宏基因组、宏转录组和宏蛋白组学)等检测方法从分子水平上来探索土壤微生物的基因、蛋白质和代谢功能/途径的信息成为研究热点。

在不同浓度的镉、铅和锌污染的土壤中,微生物群落功能多样性的差异较小。宏转录组学分析结果表明,差异基因主要是与重金属抗性机制相关的基因(如编码金属硫蛋白、金属运输酶和透性酶的基因),实现其对重金属的外排与解毒作用。另外,

参与到遗传物质转移过程的基因在高浓度重金属污染土壤中的表达最显著,说明该机制在微生物适应重金属污染的过程中也发挥了重要作用。在低浓度时,与应激和饥饿反应相关的基因表达量最高,这可能是由于在低浓度重金属污染土壤中的微生物生物量与中、高浓度污染的土壤中相比相对较高,对生长所需要的营养物质存在竞争(Epelde et al., 2015)。在受重金属严重污染的土壤中,从微生物群落的整体水平上看,基因的多样性较低,但是其中一些功能基因(重金属稳态基因和硫酸盐还原基因等)的表达量明显偏高。Yin et al. (2015) 研究发现与碳代谢、重金属稳态(*chrR*、*metC* 和 *merB* 等)、有机物降解和次级代谢等相关的功能基因表达明显上调而增强了微生物群落的某些功能,不同微生物之间的相互作用也相应增强,从而对重金属污染环境具有更高的耐受和适应能力。

水平基因转移作为不同菌株或单个细胞内部细胞器之间进行遗传物质交流的重要方式,是促使微生物形成多重耐性的重要驱动力(Hemme et al., 2016; Martínez et al., 2017)。另外,水平基因转移还加快了微生物进化的速度,与重金属耐性相关的功能基因通过水平基因转移进入受体菌中,不仅能通过自身的基因表型作用改变微生物的生理特征,还可作用于受体菌的染色体或质粒使微生物的多样性发生变化,进而改变微生物的群落结构。因此,水平基因转移可能是土壤微生物种群应对重金属污染并维持多样性的主要分子机制。然而,目前关于重金属污染土壤中功能基因水平转移的研究严重欠缺,还没有关于这些基因的水平转移扩散方式和分子机制的研究,应该引起学者们的足够重视。

近年来,土壤宏蛋白质组学作为在蛋白质水平上对土壤质量和功能进行定性和定量评价的强有力的工具,逐渐被应用于重金属污染土壤中微生物群落的研究。Lacrtida et al. (2007) 利用宏蛋白质组学技术研究了微生物群落对镉污染的响应机制,结果表明,镉能够抑制甲基化酶活性引起 DNA 损伤,进而增强 DNA 修复蛋白的表达和核糖体蛋白(蛋白质合成)的表达。镉污染还增强了与重金属外排和转运相关的蛋白质(ATP 合成酶、ABC 转运蛋白和分泌系统蛋白)的表达,这将有利于及时地将镉排除至细胞外而降低其对微生物的毒性。另外,重金属胁迫还能够诱导微生物细胞的其他解毒机制,例如通过合成热休克蛋白以维持正常的生理活动,促进氧化蛋白的再活化来阻止重金属胁迫对其他生物大分子的损害而有利于氨基酸的合成/分解(Hall, 2002)。Hodson (2013) 研究发现,重金属胁迫下一些真核微生物会产生金属硫蛋白,其可以

与多种重金属络合,但是一般在镉胁迫下才会大量表达。张曦(2013)研究了重金属对土壤蛋白质表达的影响,结果表明随着重金属浓度增加,土壤中分子量大于 35 KD 的蛋白质逐渐减少,而分子量相对较小(约 15 KD)的蛋白质的表达增加,这可能与土壤微生物在重金属胁迫下细胞代谢水平改变有关,重金属会刺激微生物合成低分子量的蛋白质(如金属硫蛋白、热激蛋白)。由于不同重金属胁迫可能会诱导微生物产生不同的蛋白质,因此在今后的研究中应加强对这些小分子蛋白质的分析,这将有助于进一步了解微生物对重金属的耐受机制。另外,还需将土壤蛋白质组学与稳定同位素探针技术相结合,明确重金属污染引起的土壤中微生物蛋白质或者酶变化的情况,以便能更准确地获得与具体的调控过程相关的蛋白质并确定其来源。

关于重金属污染对微生物群落代谢影响的研究较少,短期的砷污染会降低土壤中微生物的代谢多样性,进而对微生物群落产生一定的影响(Xiong et al., 2010)。历史遗留砷污染场地中的微生物代谢多样性几乎没有改变(Costa et al., 2015)。但是长期的镉污染导致土壤微生物代谢结构由碳水化合物代谢转向氨基酸代谢为主(Bérard et al., 2014)。郭星亮等(2012)研究发现陕西铜川矿区铜、锌、铅和镉的污染程度与土壤微生物群落的代谢特性密切相关。轻度和中度的重金属污染增强了土壤微生物群落对糖类和氨基酸类碳源的利用,而重度污染抑制了微生物群落对碳源的利用。

## 2 土壤中重金属对微生物活动的影响

### 2.1 土壤呼吸强度

土壤呼吸强度能够反映微生物的代谢能力和活性,不仅与土壤环境质量密切相关,而且对重金属的敏感性高。到目前为止,重金属污染对土壤呼吸的影响一直存在争议。土壤呼吸强度与重金属之间的关系随着时间的变化而改变,与土壤中有机质的含量、有机碳矿化速率和微生物数量呈正相关,但是与 pH 和含水率没有直接关系。镉、铜、铅和锌的长期污染显著降低了土壤的呼吸强度,尤其对粗砂土的影响比粘粒土更明显(Chen et al., 2014)。在砂土中添加  $375 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  铅时,土壤呼吸速率降低了 15%,向粘粒土和泥炭土中分别加入  $1500 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  和  $7500 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$  铅才能对土壤呼吸产生同等程度的抑制(Yang et al., 2007)。然而,Zhang et al. (2010) 研究发现重金属污染增强了水稻土壤的呼吸强度,这可能是因为重金属胁迫下微生物代谢活动从生物合成转向了能量释放的分解代谢过程。

### 2.2 重金属对土壤酶活性的影响

土壤酶主要来自于土壤微生物的分泌物,它们

和微生物一起参与到土壤的物质循环和能量代谢过程中。土壤微生物也是控制土壤酶分解转化的主体,对土壤酶的种类和活性起着决定作用(Burns et al., 2013)。另外,土壤微生物及其生物化学过程同样受控于土壤酶的活性,这说明土壤酶活性与土壤微生物之间有着非常密切的关系。因此土壤酶活性可以作为反映土壤中微生物活力的一个重要指标。土壤酶活性的变化会影响土壤养分的循环,而土壤酶几乎参与所有的生态反应和活动。蔗糖酶能够催化蔗糖分解生成葡萄糖和果糖并为土壤微生物提供能量。脲酶将尿素水解后释放铵到土壤中,酸性和中性磷酸酶能将有机磷化合物水解为无机磷(Hu et al., 2014)。脱氢酶是一类参与到氧化磷酸化过程的胞内酶,并且与微生物的呼吸过程密切相关(马宁等, 2018)。过氧化氢酶与好氧微生物的代谢活性有关,是土壤肥力的重要指标(盛海君等, 2016)。

随着土壤重金属污染问题的日益严重,土壤酶活性对重金属污染的指示作用逐渐受到关注。国内外已开展了大量的研究,结果表明重金属污染会对土壤酶活性产生促进或者抑制作用。微生物胞外酶(脲酶、酸性磷酸酶等)对重金属污染的耐性明显大于胞内酶(脱氢酶、过氧化氢酶等),在多数情况下,脲酶对重金属污染的敏感程度大于酸性磷酸酶,脱氢酶的敏感性大于过氧化氢酶。过氧化氢酶、脲酶、磷酸酶和蔗糖酶活性与重金属(镉、锌、铅、铜、砷、铬)浓度呈负相关(赵牧秋等, 2016; Li et al., 2017)。Tayebi et al. (2014)研究指出,重金属污染引起的酶活性降低是因为重金属降低了酶的生物合成而抑制了微生物生长,并不是直接对酶的抑制作用引起的。赵永红等(2015)研究发现重金属污染对脲酶、蔗糖酶和过氧化氢酶的活性无明显影响。但是有一些研究发现在重金属污染越严重的土壤中,微生物的酶活性越高(Hagmann et al., 2015)。然而,关于重金属污染增强土壤酶活性的作用机制目前还不清楚,今后应加强该方面研究。

土壤酶活性对重金属浓度变化的响应程度与土壤pH、有机质和粘土含量等性质密切相关。芳香基硫酸酯酶对铅( $500 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ )、砷( $50 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ )和镉( $1 \text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ )污染最为敏感,其活性与重金属浓度呈负相关并随着土壤中有有机质含量的降低而降低(Xian et al., 2015)。另外,重金属复合污染与单一重金属对土壤酶的作用也不同,Khan et al. (2007)指出,镉和铅共存时对土壤酶活性的抑制作用大于单一重金属;而Wyszkowski et al. (2006)研究表明,单一重金属铜对土壤酶的毒性作用大于铜与锌、镍、铅、镉和铬的复合污染。其他环境因

素也会对酶活性产生影响。综上所述,重金属污染对土壤酶活性的影响是十分复杂的,利用酶活性作为重金属污染的生态学评价指标还存在一定的限制,需要结合污染环境的实际情况。

### 3 结论

重金属污染胁迫能够影响土壤微生物的生态特性,例如,土壤微生物生物量、群落结构和多样性、微生物活动等,但是所得的结果不尽相同,有促进作用、抑制作用或无明显影响。这不仅与重金属种类和浓度有关,还与土壤的理化性质(pH、含水率和质地)有关,但是这些因素与重金属污染引起的微生物生态特征变化的定性/定量关系目前尚未得到统一的定论。目前,大部分的研究是在实验室可控条件下进行的,结果揭示的是短期重金属污染对土壤中微生物的影响,可以较清晰地明确单个因素所产生的影响。自然环境土壤中的重金属污染存在长期积累效应,土壤体系复杂多变,并易受到外界环境因素的干扰,虽然实验周期较长但能充分反映实际情况。因此,需结合室内及自然环境下的实验结果以更准确地表征重金属污染与土壤微生物特征之间的关系。针对不同的土壤类型和重金属种类筛选出相应的微生物指标,为土壤的重金属污染状况评估提供理论基础和科学依据。

### 4 展望

鉴于土壤-重金属-微生物生态系统具有复杂性、多样性及不确定性的特点,为了更全面、系统地认识重金属污染对土壤微生物及其生态过程的影响,未来还需从以下几个方面开展进一步的研究:

(1) 土壤pH值、粘粒结构和含水率等性质的变化都会改变重金属对土壤微生物所参与的生态活动的影响,在研究重金属污染与土壤微生物生态特征的关系的基础上,对这些因素进行综合并定量化分析将是明确重金属对土壤微生物生态特性的影响及相关机理的关键。

(2) 加强分子生物学新技术的综合运用,更准确地反映重金属污染土壤中微生物群落结构、功能及多样性的变化,明确微生物间的相互作用机制。重点关注重金属耐性微生物的筛选。运用生物信息学和荧光定量PCR等方法分析相关抗性基因的表达和变化,并加强对这些基因的水平转移扩散方式和分子机制的研究,为控制和优化土壤微生物群落结构,强化其代谢功能以及提高微生物多样性提供理论指导。

(3) 重点开展重金属剂量及暴露时间对土壤微生物生态特征的影响研究,并在此基础上确定重金属对土壤微生物的毒害浓度临界值,并针对不同的

土壤类型和重金属种类建立相应的微生物评价指标体系, 为调整土壤生态功能和重金属污染土壤的修复和治理提供理论依据。

### 参考文献:

- ABDU N, ABDULLAHI A A, ABDULKADIR A. 2016. Heavy metals and soil microbes [J]. *Environmental Chemistry Letters*, 15(1): 1-20.
- AYDIN S, SHAHI A, OZBAYRAM E G, et al. 2015. Use of PCR-DGGE based molecular methods to assessment of microbial diversity during anaerobic treatment of antibiotic combinations [J]. *Bioresource Technology*, 192: 735-740.
- AZARBAD H, NIKLINSKA M, LASKOWSKIR, et al. 2015. Microbial community composition and functions are resilient to metal pollution along two forest soil gradients [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 91(1): 1-11.
- BÉRARD A, MAZZIA C, SAPPIN-DIDIER V, et al. 2014. Use of the MicroResp™ method to assess pollution-induced community tolerance in the context of metal soil contamination [J]. *Ecological Indicators*, 40: 27-33.
- BURNS R G, DEFOREST J L, MARXSEN J, et al. 2013. Soil enzymes in a changing environment: Current knowledge and future directions [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 58: 216-234.
- CAPORALE A G, VIOLANTEA A. 2016. Chemical Processes Affecting the Mobility of Heavy Metals and Metalloids in Soil Environments [J]. *Current Pollution Reports*, 2(1): 15-27.
- CHEN J H, HE F, ZHANG X H, et al. 2014. Heavy metal pollution decreases microbial abundance, diversity and activity within particle-size fractions of a paddy soil [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 87(1): 164-181.
- CHODAK M, GOŁĘBIEWSKI M, MORAWSKA-PŁOSKONKA J, et al. 2013. Diversity of microorganisms from forest soils differently polluted with heavy metals [J]. *Applied Soil Ecology*, 64: 7-14.
- COSTA P S, REIS M P, ÁVILA M P, et al. 2015. Metagenome of a microbial community inhabiting a metal-rich tropical stream sediment [J]. *PLOS One*, 10(3): e0119465.
- EPELDEL, LANZÉN A, BLANCO F, et al. 2015. Adaptation of soil microbial community structure and function to chronic metal contamination at an abandoned Pb-Zn mine [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 91(1): 1-11.
- GRANDLIC C J, GEIB I, PILON R, et al. 2006. Lead pollution in a large, prairie-pothole lake (Rush Lake, WI, USA): Effects on abundance and community structure of indigenous sediment bacteria [J]. *Environmental Pollution*, 144(1): 119-126.
- HAGMANN D F, GOODEY N M, Mathieu C, et al. 2015. Effect of metal contamination on microbial enzymatic activity in soil [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 91: 291-297.
- HALL J L. 2002. Cellular mechanisms for heavy metal detoxification and tolerance [J]. *Journal of Experimental Botany*, 53(366): 1-11.
- HEMME C L, GREEN S J, RISHISHWAR L, et al. 2016. Lateral gene transfer in a heavy metal-contaminated-groundwater microbial community [J]. *MBio*, 7(2): e02234-15.
- HODSON M E. 2013. Effects of heavy metals and metalloids on soil organisms [M]//*Heavy Metals in Soils*. Netherlands: Springer: 141-160.
- HU X F, JIANG Y, SHU Y, et al. 2014. Effects of mining wastewater discharges on heavy metal pollution and soil enzyme activity of the paddy fields [J]. *Journal of Geochemical Exploration*, 147(Part B): 139-150.
- HUANG D, LIU L, ZENG G, et al. 2017. The effects of rice straw biochar on indigenous microbial community and enzymes activity in heavy metal-contaminated sediment [J]. *Chemosphere*, 174: 545-553.
- KENAROVA A, RADEVA G, TRAYKOV I, et al. 2014. Community level physiological profiles of bacterial communities inhabiting uranium mining impacted sites [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 100: 226-232.
- KHAN S, CAO Q, HESHAM A E L, et al. 2007. Soil enzymatic activities and microbial community structure with different application rates of Cd and Pb [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 19(7): 834-840.
- LACRTDA C M R, CHO E L H, REARDON K F. 2007. Metaproteomic analysis of a bacterial community response to cadmium exposure [J]. *Journal of Proteome Research*, 6(3): 1145-1152.
- LI Y, LI H G, LIU F C. 2017. Pollution in the urban soils of Lianyungang, China, evaluated using a pollution index, mobility of heavy metals, and enzymatic activities [J]. *Environmental Monitoring & Assessment*, 189(1): 34.
- MAHAR A, WANG P, ALI A, et al. 2016. Challenges and opportunities in the phytoremediation of heavy metals contaminated soils: a review [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 126: 111-121.
- MARTÍNEZ-BUSSENIUS C, NAVARRO C A, JEREZ C A. 2017. Microbial copper resistance: importance in biohydrometallurgy [J]. *Microbial Biotechnology*, 10(2): 279-295.
- TAYEBI B, AHANGAR A G. 2014. The influence of heavy metals on the development and activity of soil microorganisms [J]. *International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences*, 4: 74-85.
- WANG C, LI W, GUO M X, et al. 2017. Ecological risk assessment on heavy metals in soils: Use of soil diffuse reflectance mid-infrared Fourier-transform spectroscopy [J]. *Scientific Reports*, 7: 40709.
- WANG M, TONG Y, CHEN C, et al. 2018. Ecological risk assessment to marine organisms induced by heavy metals in China's coastal waters [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 126: 349-356.
- WICKRAMASINGHE W A A D L, MUBIANA V K, BLUST R. 2017. The effects of heavy metal concentration on bio-accumulation, productivity and pigment content of two species of marine macro algae [J]. *Sri Lanka Journal of Aquatic Sciences*, 22(1): 1-8.
- WYSZKOWSK J, KUCHARSKI J, LAJSZNER W. 2006. The Effects of Copper on Soil Biochemical Properties and Its Interaction with Other Heavy Metals [J]. *Polish Journal of Environmental Studies*, 15(6): 927-934.
- XIAN Y, WANG M, CHEN W. 2015. Quantitative assessment on soil enzyme activities of heavy metal contaminated soils with various soil properties [J]. *Chemosphere*, 139: 604-608.
- XIE Y, FAN J B, ZHU W X, et al. 2016. Effect of Heavy Metals Pollution on Soil Microbial Diversity and Bermudagrass Genetic Variation [J]. *Frontiers in Plant Science*, DOI: 10.3389/fpls.2016.00755.
- XIONG J B, WU L Y, TU S X, et al. 2010. Microbial communities and functional genes associated with soil arsenic contamination and the rhizosphere of the arsenic-hyperaccumulating plant *Pteris vittata* L. [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 76(21): 7277-7284.
- XU Z Y, TANG M, CHEN H, et al. 2012. Microbial community structure in the rhizosphere of *Sophora viciifolia* grown at a lead and zinc mine of northwest China [J]. *Science of the Total Environment*, 435-436: 453-464.
- YANG R Y, TANG J J, CHEN X, et al. 2007. Effects of coexisting plant species on soil microbes and soil enzymes in metal lead contaminated soils [J]. *Applied Soil Ecology*, 37(3): 240-246.
- YIN H Q, NIU J J, REN Y H, et al. 2015. An integrated insight into the response of sedimentary microbial communities to heavy metal

- contamination [J]. *Scientific Reports*, 5: 14266.
- ZHANG C, NIE S, LIANG J, et al. 2016. Effects of heavy metals and soil physicochemical properties on wetland soil microbial biomass and bacterial community structure [J]. *Science of the Total Environment*, 557-558: 785-790.
- ZHANG F P, LI C F, TONG L G, et al. 2010. Response of microbial characteristics to heavy metal pollution of mining soils in central Tibet, China [J]. *Applied Soil Ecology*, 45(3): 144-151.
- ZHANG J, WANG L H, YANG J C, et al. 2015. Health risk to residents and stimulation to inherent bacteria of various heavy metals in soil [J]. *Science of the Total Environment*, 508: 29-36.
- ZHANG Y G, CONG J, LU H, et al. 2014. An integrated study to analyze soil microbial community structure and metabolic potential in two forest types [J]. *Plos One*, 9(4): e93773.
- 刁展. 2016. 外源重金属对不同土壤类型土壤养分及微生物活性的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学.
- 郭星亮, 谷洁, 陈智学, 等. 2012. 铜川煤矿区重金属污染对土壤微生物群落代谢和酶活性的影响[J]. *应用生态学报*, 23(3): 798-806.
- 韩文辉, 党晋华, 赵颖. 2016. 污灌区重金属和多环芳烃复合污染及其对农田土壤微生物数量的影响[J]. *生态环境学报*, 25(9): 1562-1568.
- 马宁, 齐继薇, 刘长发, 等. 2018. 辽河口潮滩湿地不同植被土壤4种碳代谢酶活性及其与有机碳含量、pH值关系[J]. *中国农学通报*, 34(1): 90-97.
- 聂双. 2016. 重金属和土壤理化性质与湿地土壤微生物量和细菌群落结构的关系研究 [D]. 长沙: 湖南大学.
- 盛海君, 牛东, 孙光佑, 等. 2016. 秸秆直接还田对土壤微生物、理化特性和酶活性的影响研究进展 [J]. *土壤科学*, 4(2): 19-26.
- 汪峰, 类成霞, 蒋瑞霖, 等. 2014. 长江中下游两种典型水稻土微生物对砷污染的响应[J]. *中国环境科学*, 34(11): 2931-2941.
- 张曦. 2013. 蛋白质在污染土壤生物学评价中应用的可行性研究[D]. 杭州: 浙江大学.
- 张雪晴, 张琴, 程园园, 等. 2016. 铜矿重金属污染对土壤微生物群落多样性和酶活性的影响[J]. *生态环境学报*, 25(3): 517-522.
- 赵牧秋, 车志伟, 史云峰. 2016. 外源重金属 Cu、Cd 对红树林沉积物酶活性的影响[J]. *环境科学与管理*, 41(7): 42-46.
- 赵永红, 张静, 周丹, 等. 2015. 赣南某钨矿区土壤重金属污染状况研究 [J]. *中国环境科学*, 35(8): 2477-2484.
- 郑涵, 田昕竹, 王学东, 等. 2017. 锌胁迫对土壤中微生物群落变化的影响[J]. *中国环境科学*, 37(4): 1458-1465.

## Effect of Heavy Metals Pollution on Ecological Characteristics of Soil Microbes: A Review

LIU Shasha<sup>1,2</sup>, FU Jianping<sup>1\*</sup>, CAI Xinde<sup>1</sup>, ZHOU Jianmin<sup>1</sup>, DANG Zhi<sup>3</sup>, ZHU Runliang<sup>2</sup>

1. South China Institute of Environmental Sciences, Ministry of Environmental Protection, Guangzhou 510655, China;

2. Guangzhou Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510640, China;

3. School of Environment and Energy, South China University of Technology, Guangzhou 510006, China

**Abstract:** Ecological characteristics of microbes are always recognized as indicators of pollution in soil ecosystem, since microbes are more susceptible to heavy metals (HMs) stress than plants and animals. This review summarized the recent advances in the effect of HMs on soil microbes. The aspects included changes of soil microbial biomass, community structure/function and diversity, metal resistance genes/proteins and metabolic ability, soil respiration and enzyme activity. Current studies gained controversial results with stimulative, negligible or inhibitive effects of HMs on soil microbes being observed. This may be owing to the complexity of soil microbial system, or the differences in species and concentrations of heavy metals, and soil properties. With the development of molecular biology, studies on the relationship between HMs and soil microbial characteristics were shifting from the macroscopic to microscopic level in recent years. In particular, many researches have revealed the impacts of HMs on the expression of functional genes and proteins of soil microbes, and the related metabolic pathways. However, due to the complex relationship between HMs and soil microbes, it is critical to quantify the role of different factors in impacts of HMs on microbial characteristics. Also, molecular mechanisms controlling the response of soil microbial community to heavy metal stress should be studied by new molecular biology techniques. Additionally, the toxicity threshold of HMs to soil microbes should be determined by exploring the effects of concentration and exposure time of HMs on soil microbes. An evaluation method based on soil microbial responses for different types of soil and HMs should be established as well. This will provide a rationale for assessing risk and remediation strategies of heavy metal contaminated soils.

**Key words:** heavy metals; soil microbes; ecological characteristics