

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.12
第41卷 第12期

目次(卷终)

我国地级及以上城市臭氧污染来源及控制区划分	闫慧, 张维, 侯墨, 李银松, 高平, 夏青, 孟晓艳, 范丽雅, 叶代启 (5215)
2015~2018年我国PM _{2.5} 健康损害价值的动态评估	李惠娟, 周德群, 魏永杰 (5225)
2011~2017年中国PM _{2.5} 多尺度时空分异特征分析	杨文涛, 谯鹏, 刘贤赵, 雷雨亮 (5236)
关中地区PM _{2.5} 时空演化及人口暴露风险	黄晓军, 祁明月, 李艳雨, 王森, 黄馨 (5245)
中原城市冬季两次重污染形成机制及来源	贾佳, 丛怡, 高清敏, 王玲玲, 杨静静, 张国辉 (5256)
西北工业城市冬季PM _{2.5} 污染特征及理化性质	杨燕萍, 陈强, 王莉娜, 杨丽丽 (5267)
基于PMF模型的PM _{2.5} 中金属元素污染及来源的区域特征分析	邓林俐, 张凯山, 殷子渊, 李欣悦, 武文琪, 向铎鹏 (5276)
重庆主城区降尘中重金属污染特征及评价	张夏, 刘斌, 肖柏林, 王佳, 万达 (5288)
鄂尔多斯市夏秋季气溶胶新粒子生成过程影响因素分析	孔祥晨, 王红磊, 张连霞, 呼群, 李瑞峰, 许彩琴 (5295)
杭州市城区挥发性有机物污染特征及反应活性	景盛翱, 高雅琴, 沈建东, 王倩, 彭亚荣, 李英杰, 王红丽 (5306)
成都市区夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	徐晨曦, 陈军辉, 姜涛, 韩丽, 王波, 李英杰, 王成辉, 刘政, 钱骏 (5316)
石家庄市挥发性有机物和臭氧的污染特征及源解析	王帅, 崔建升, 冯亚平, 刘大喜, 陈静, 田亮, 冯超, 王梦璇, 王学臣, 王婷婷 (5325)
厦门市工业源VOCs排放清单及控制对策分析	吴冬阳, 庄马展, 吴艳聪, 金磊, 吴义诚, 高攀峰, 刘建福, 金月正, 潘亚雷, 傅海燕 (5336)
建筑胶黏剂使用VOCs排放系数与排放清单	梁小明, 孙西勃, 苏燕花, 黄礼海, 陈锋, 任璐, 卢清, 赖君怡, 陈朋龙, 陈来国 (5345)
我国西北工业城市大气多氯联苯来源及健康风险	毛潇萱, 李子璇, 宋世杰, 章晓冬, 高宏, 李春新, 黄韬, 马建民 (5352)
基于广州塔观测的城市近地面甲醛垂直分布特征	黄山, 裴成磊, 张莹, 宋奇聪, 齐吉朋, 赵一鸣, 王鸣, 邵敏 (5362)
新水沙条件下长江中下游干流水体总磷时空变化分析	卓海华, 姜保峰, 吴云丽, 王瑞琳, 陈杰, 兰静 (5371)
三峡库区汉丰湖水体氮磷及化学计量比季节变化特征	钱田, 黄祺, 何丙辉, 李天阳, 刘淑婧, 付适, 曾荣昌, 向可翠 (5381)
衡水湖沉积物营养盐形态分布特征及污染评价	张嘉雯, 魏健, 刘利, 王俭, 朱元荣, 段亮 (5389)
宜兴市横山水库底泥内源污染及释放特征	崔会芳, 陈淑云, 杨春晖, 唐婉莹, 殷鹏, 尹洪斌 (5400)
梅江流域清凉山水库沉积物重金属污染、生态风险评价及来源解析	江涛, 林伟稳, 曹英杰, 黎坤, 翟映雪, 李睿, 陈建耀 (5410)
汉江流域金水河与淇河潜在硝化速率及硝化功能基因的影响因子	赵彬洁, 王旭, 张健, 谭香, 何睿, 周全, 史航, 张全发 (5419)
山东省滨海旅游度假区水体环境典型全氟化合物污染特征及潜在生态风险	王世亮, 曹雪雅 (5428)
太湖重点区域多介质水体中有机磷酸酯的分布特征及来源解析	吕佳佩, 张振飞, 刘杨, 张恒, 王春英, 罗莹, 郭昌胜, 徐建 (5438)
岩溶地下水水体中有机氯农药和多氯联苯的残留特征及健康风险评价	叶凯, 孙玉川, 贾亚男, 朱琳跃, 徐昕 (5448)
澜沧江硅藻的地理分布模式与关键驱动因素	孙胜浩, 陈娟, 王沛芳, 王超, 王洵, 苗令占, 刘胜, 袁秋生 (5458)
白洋淀优势鱼类中喹诺酮类抗生素的生物累积特征及其与环境因子相关性	申立娜, 付雨, 张璐璐, 秦珊, 剧泽佳, 姚波, 崔建升 (5470)
生物炭粒径对负载MgO生物炭吸附水体中磷的影响	王鹏飞, 甄蒙蒙, 储昭升, 崔冠楠 (5480)
Bi ₂ MoO ₆ /Bi ₂ S ₃ 异质结光催化降解四环素-铜复合物	黄文鑫, 魏虎, 蒋彩云, 王玉萍 (5488)
超滤膜负载UiO-66@Fe ₃ O ₄ @UiO-66强化PPCPs去除和膜污染控制	尹越, 吴道文, 孙梦瑶, 吕路, 张炜铭 (5500)
低温季节水平潜流和垂直潜流人工湿地尾水深度处理中试	廖雪珂, 严晗璐, 王智源, 陈诚, 何东, 吴月龙, 陈求稳 (5509)
盐度渐增对水解微生物群落结构与功能的影响	高京, 张少华, 王锐, 金鹏康 (5518)
限NH ₄ ⁺ 和限NO ₂ ⁻ 厌氧氨氧化系统的运行特性及微生物种群特征	宋家俊, 朱明奕, 郭凯成, 汪倩, 刘文如, 沈耀良 (5527)
厌氧氨氧化菌富集培养过程微生物群落结构及多样性	闫冰, 夏嵩, 桂双林, 付嘉琦, 吴九九, 熊继海, 魏源送 (5535)
二价铁活化过氧化钙提高剩余活性污泥的脱水性能	毕薇薇, 阮书瑜, 陈昊傲啸, 梁方艺, 陈智文, 谢松儒, 唐晶, 邓靖 (5544)
中国北方某城市绿地土壤重金属空间分布特征、污染评价及来源解析	赵靓, 梁云平, 陈倩, 徐谦, 荆红卫 (5552)
我国南方水稻产地镉环境质量类别划分技术	窦韦强, 安毅, 秦莉, 林大松, 董明明 (5562)
硒在土壤-农作物系统中的分布特征及富硒土壤阈值	王锐, 邓海, 贾中民, 严明书, 周皎, 何忠庠, 梁绍标, 董金秀, 苏黎明 (5571)
广东鼻咽癌高发区土壤-作物系统重金属迁移特征及健康风险评价	叶脉, 张景茹, 张路路, 李朝晖, 李兴远, 周永章 (5579)
胺鲜酯与螯合剂GLDA联合强化柳枝稷吸收积累镉效果	王正, 孙兆军, SAMEH Mohamed, 王珍, 何俊, 韩磊 (5589)
毛竹遗态Fe/C复合材料对As(V)污染土壤的钝化修复性能	赵宁宁, 何豪, 冯国杰, 朱宗强, 方雅莉, 李超, 朱义年, 张立浩 (5600)
大麦虫幼虫肠道菌群对聚苯乙烯泡沫塑料降解	杨莉, 刘颖, 高婕, 彭霞薇, 白志辉, 庄绪亮 (5609)
1株耐油甲醛降解菌的分离鉴定及降解特性	韩茜, 王蓉蓉, 史纯珍 (5617)
铜尾矿白羊草叶际和根际细菌群落特征	贾彤, 姚玉珊, 王瑞宏 (5628)
生物炭施用对再生水灌溉空心菜根际微生物群落结构及多样性的影响	崔丙健, 崔二革, 胡超, 樊向阳, 高峰 (5636)
废弃物基水热炭改良对水稻产量及氮素吸收的影响	侯朋福, 薛利红, 冯彦房, 余嫻, 杨林章 (5648)
基于GIS和PMF模型的石嘴山市土壤多环芳烃空间分布及来源解析	夏子书, 王玉玉, 钟艳霞, 白一茹, 王幼奇, 杨帆, 李鸣骥 (5656)
氮肥和秸秆还田方式对麦玉轮作土壤N ₂ O排放的影响	许宏伟, 李娜, 冯永忠, 任广鑫, 谢呈辉, 吕宏菲, 马星霞, 郝嘉琪 (5668)
《环境科学》第41卷(2020年)总目录	(5677)
《环境科学》征订启事(5344)	
《环境科学》征稿简则(5361)	
信息(5287, 5499, 5508)	

铜尾矿白羊草叶际和根际细菌群落特征

贾彤, 姚玉珊, 王瑞宏

(山西大学黄土高原研究所, 黄土高原生态恢复山西省重点实验室, 太原 030006)

摘要: 植物叶际、根际微生物及其生存环境共同形成复杂的生态系统, 其中, 根际微生物也是土壤物质循环的主要动力, 可以为植物的生长发育提供基础。叶际和根际微生物也可作为生态学指标, 在矿区生态稳定与生态恢复中具有显著作用。本研究选择铜尾矿优势禾草白羊草为研究对象, 采用高通量测序的方法, 研究白羊草叶际和根际细菌群落特征, 探究影响白羊草叶际和根际微生物群落结构与多样性的关键生态因子。结果表明, 白羊草叶际和根际细菌群落结构具有显著差异。其中, 白羊草叶际细菌优势属包括假单胞菌属、肠杆菌属和鞘脂单胞菌属, 根际细菌优势属为 *Solirubrobacter* 和酸杆菌属。白羊草根际细菌群落的香农指数、ACE 指数和 Chao1 指数均显著高于叶际细菌。土壤水分含量、pH、土壤砷和锌含量, 白羊草总氮和总硫, 及叶片和根内的镉和铬是影响白羊草叶际和根际优势细菌属的主要生态因子。此外, 根际细菌群落香农指数与根内铜含量显著负相关, 辛普森指数与根的总氮含量显著正相关, 叶际细菌群落 ACE 指数与叶片总硫含量显著正相关。本研究结果可为铜尾矿生态恢复中发掘和利用叶际或根际细菌资源及提高矿区生态修复效率提供科学依据。

关键词: 铜尾矿; 叶际; 根际; 细菌群落; 结构与多样性

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)12-5628-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202005006

Characteristics of Phyllosphere and Rhizosphere Bacterial Communities in *Bothriochloa ischaemum* in Copper Tailings

JIA Tong, YAO Yu-shan, WANG Rui-hong

(Shanxi Key Laboratory of Ecological Restoration on Loess Plateau, Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: The phyllosphere and rhizosphere of plants and their living environment jointly form a complex ecosystem. Rhizosphere microorganisms are also the main driving force of the circulation of soil materials, which can provide a basis for the growth and development of plants. Phyllosphere and rhizosphere microorganisms can also be used as ecological indicators, and play significant roles in the ecological stability and recovery of mining areas. In this study, we selected a dominant species, *Bothriochloa ischaemum*, as the research object. We studied the characteristics of phyllosphere and rhizosphere bacterial communities in *B. ischaemum* from copper tailings with high-throughput sequencing methods. We explored the key ecological factors affecting the structure and diversity of phyllosphere and rhizosphere bacterial communities in *B. ischaemum*. The results showed that there were significant differences in the bacterial community structures between the rhizosphere and phyllosphere. The dominant phyllosphere bacterial genera of *B. ischaemum* included *Pseudomonas*, *Enterobacter*, and *Sphingomonas*. The dominant rhizosphere bacterial genera were *Acidibacter* and *Solirubrobacter*. Moreover, the Shannon diversity, abundance-based coverage estimator (ACE), and Chao1 indices of rhizosphere bacterial communities were significantly higher than those of phyllosphere communities. The key ecological factors affecting the dominant phyllosphere and rhizosphere bacterial genera included soil water content, pH, soil arsenic and zinc, total nitrogen, and sulfur of *B. ischaemum*, as well as plant cadmium and chromium. Furthermore, the Shannon diversity indices of rhizosphere bacterial communities were negatively correlated with root copper contents, and Simpson indices were positively correlated with root total nitrogen. There was a significant positive correlation between the ACE index and leaf total sculpture. These results provide a scientific basis for the exploration and utilization of phyllosphere and rhizosphere bacterial resources, and could improve the efficiency of ecological restoration in copper tailings.

Key words: copper tailing; phyllosphere; rhizosphere; bacterial community; structure and diversity

我国矿产资源种类多、储量大、价值高, 随着经济的发展, 高强度矿产资源开采和不适当的土地利用方式, 导致生态环境被破坏。山西省运城市垣曲县的北方铜业铜矿峪矿, 是我国北方最大的铜业生产基地, 全国最大的非煤地下开采矿山。该区域矿产资源以铜为主, 伴生有钴、钼、金和银等多种金属^[1,2]。然而, 矿山开采过程中产生废石、废渣等破坏周边生态环境, 铜尾矿产生的大量尾矿砂不断堆积形成尾矿坝^[3,4]。目前, 对矿区生态修复的方法和

技术众多, 并且从物理学、化学、生物学和生态学等多种学科相结合的角度, 对矿区生态系统进行修

收稿日期: 2020-05-01; 修订日期: 2020-05-28

基金项目: 国家自然科学基金项目(31600308); 山西省应用基础研究优秀青年基金项目(201901D211196); 山西省高等学校科技创新项目(2019L0005); 山西省回国留学人员科研项目(2016-006); 山西省教育厅研究生创新计划项目(2019SY029); 山西省“1331工程”重点创新团队建设计划“受损土壤系统生态修复创新团队”项目; 高等学校服务产业创新学科建设计划“土壤污染生态修复学科群”项目(20181401)

作者简介: 贾彤(1985~), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为微生物生态学, E-mail: jiatong@sxu.edu.cn

复^[1]. 其中,植物-微生物联合修复技术,因其高效、安全和可行性强等优点,受到广泛关注^[5]. 基于前期调查,十八河尾矿坝已形成固有植被类群,优势种白羊草(*Bothriochloa ischaemum*)对矿砂贫瘠养分及重金属污染等胁迫均有较高耐受性^[6,7]. 因此,探究与白羊草相关的微生物群落特征,对矿区受损生态系统修复过程发掘和利用微生物资源,提高矿区生态修复效率具有重要意义.

叶际和根际微生物是植物微生物类群的两个重要组成部分^[3,8,9]. 叶际微生物是附生或寄生于植物叶片表面生境的微生物^[4],包括细菌、古菌、真菌和原生生物等,其中,细菌是叶际微生物中数量最多的一种^[10]. 有研究发现,不同季节辽东栎叶际微生物的细菌群落存在差异^[11]. Redford 等^[12]对松树叶际细菌群落组成的分析发现,即使同一物种相距地理距离较大,但种内的细菌群落分化极小. 此外,除了植物种类、空间位置和季节变化等能够影响叶际细菌群落结构外,不同的叶片结构,化学组成和分泌物也会影响叶际微生物群落结构^[13].

根际是连接植物、土壤和微生物的纽带,植物根系通过分泌物、脱落物与植物残体等影响根际土壤微生物群落代谢与种群结构,进而改变根际土壤环境^[14]. 根际微生物主要包括细菌、真菌和放线菌,其中,细菌在生境中数量最多^[15]. 根际微生物一方面受非生物因素的影响,如气候条件、环境条件(如干旱、高温、高盐和缺磷等)、化肥农药和病虫害感染等^[16]. 另一方面也受生物因素影响,植物根际环境中各种微生物相互作用,既有互利共生,又有竞争制约和互相排斥^[12,17]. 此外,植物发育阶段也是决定根际微生物群落结构的关键因素^[16].

目前,大多数研究主要集中在自然生境下植物相关微生物类群的研究,对矿区受损生态系统中植物叶际和根际细菌群落特征的比较研究仍相对较少. 本试验选择铜尾矿区主要恢复植被白羊草为研究对象,分析重金属污染环境下,白羊草中叶际和根际细菌群落结构与多样性特征,拟回答以下科学问题:①何为影响白羊草叶际和根际细菌群落的主要环境因子? ②植物叶片和根内重金属对白羊草叶际和根际细菌结构和多样性有何影响? 本研究通过发掘铜尾矿生态修复过程中可利用微生物资源,以期对矿区植物-微生物修复技术的应用提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 试验地概况

十八河尾矿坝(35°15′~35°17′N, 111°38′~111°39′E)位于山西省运城市垣曲县,于1969年建

坝. 选矿产生的废弃物以矿砂的形式逐年堆积,并且以每3~5 a 形成一个新子坝的速度增长,尾矿坝初期坝底标高486 m,坝顶标高509 m,截至2019年,该尾矿坝堆筑16道子坝,堆积高度84 m,总坡比1:6. 该区域年均降雨量为780 mm,年均气温14℃,属大陆性季风气候,四季分明,春季干旱多风,夏季雨量集中,冬季少雪干燥^[6].

1.2 研究方法

1.2.1 白羊草和土壤样品采集

2017年7月在536号子坝^[6](恢复20 a)进行叶片采集,通过随机取样选取相距50 m以上的1 m×1 m样方,选择健康的白羊草植株进行叶片和根系的采集,将白羊草的叶片和根分装于无菌塑封袋内. 同时,对536子坝的土壤进行采集. 白羊草叶际、根际及根际土壤样品各3个重复,总共采集9个样本. 其中,白羊草叶际和根际样本各分为两份,一份用于理化性质的测定,另一份置于-80℃冰箱保存,用于DNA提取和高通量测序.

1.2.2 白羊草叶片和根的理化性质测定

土壤pH(土水比为1:2.5)用电位法测定. 土壤含水量(SWC)的测定采用烘干法. 白羊草叶片和根在混合冷冻研磨仪(MM400, China)粉碎,土壤和植物叶片、根系重金属[砷(As)、铬(Cr)、镉(Cd)、铜(Cu)、铅(Pb)和锌(Zn)]含量用ICP-AES(Icap6000, Thermo Fisher, UK)测定. 白羊草和土壤样品的全氮(TN)、全碳(TC)和全硫(TS)用vario MACRO cube 元素分析仪(德国)测定.

1.2.3 白羊草叶际和根际细菌群落的测定

采集后用于高通量测序的叶片,首先使用无菌磷酸缓冲盐溶液(PBS: NaCl、KCl、Na₂HPO₄和KH₂PO₄)进行洗涤3次,将收集的清洗液于0.2 μm的滤膜中进行过滤,收集滤膜置于塑封袋内干冰保存. PCR所用的引物选用515F(5′-GTGCCAGCMGC CGCGG-3′)和907R(5′-CCGTCAATTCMTTTRAG TTT-3′). 使用2%琼脂糖凝胶回收PCR产物,利用Illumina公司的MiSeq PE300平台进行测序. 白羊草根际样品没有经过前处理,低温保存后与叶际样品送到上海美吉生物医药科技有限公司完成高通量测序.

1.3 数据分析

首先对原始序列进行数据去杂和质控过滤,得到优化数据. 然后,使用UPARSE软件对高通量序列按照97%的相似度进行操作分类单元(operational taxonomic units, OTU)聚类. 对OTU代表序列进行物种注释,用Qiime软件(Version1.7.0)中的blast方法与Unit数据库进行物种注释分析,并分别在各个分类水平进行统计叶际和根际细菌群落

组成. 用 SPSS 13.0 软件对微生物群落结构与环境因子间的线性关系进行 Pearson 相关性分析. 用 R 软件来分析微生物群落组成差异和绘制韦恩图. 冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 分析在软件 Canoco 5.0 中完成.

2 结果与分析

2.1 白羊草的叶片、根及土壤理化性质

白羊草地上与地下部分重金属含量结果表明, Cr 在植物中的含量较高, 并且主要富集在根内. 土壤中的 Cu 含量显著高于植物叶片和根内 Cu 的含

量. 白羊草叶片中总氮含量显著高于根内和土壤中的氮含量. 土壤理化性质表明, 该地区土壤为碱性 (pH = 8.9, 表 1).

2.2 白羊草叶际和根际细菌群落结构

通过高通量测序, 白羊草叶际细菌群落共得到 20 门、48 纲、120 目、221 科和 411 属. 根际细菌群落共得到 28 门、67 纲、143 目、254 科和 434 属. 其中, 在 OTU 水平上, 白羊草叶际和根际细菌共有的 OTU 数为 699 个, 白羊草根际细菌特有的 OTU 数显著高于叶际细菌特有的 OTU 数, 是叶际细菌特有 OTU 数的 4.97 倍 (图 1).

表 1 白羊草和土壤理化性质及重金属分配情况¹⁾

Table 1 Physicochemical properties and heavy metal contents in aboveground and belowground of *B. ischaemum* and soils

理化指标	土壤	叶片	根
Cd/mg·kg ⁻¹	7.580 ± 0.833a	2.803 ± 0.594b	3.821 ± 1.101b
Cu/mg·kg ⁻¹	347.032 ± 18.937a	43.004 ± 4.554b	59.788 ± 8.267b
Pb/mg·kg ⁻¹	173.073 ± 37.910	186.632 ± 29.863	177.388 ± 42.813
Zn/mg·kg ⁻¹	72.359 ± 10.873a	53.112 ± 6.854b	63.559 ± 4.600ab
Cr/mg·kg ⁻¹	—	410.106 ± 82.442b	819.745 ± 320.651a
As/mg·kg ⁻¹	25.441 ± 9.495	—	—
TN/%	0.031 ± 0.004b	9.375 ± 0.858a	0.939 ± 0.540b
TC/%	0.662 ± 0.050b	4.532 ± 0.054a	4.483 ± 0.166a
TS/%	0.064 ± 0.004a	0.016 ± 0.002c	0.024 ± 0.002b
SWC/%	15.453 ± 2.155	—	—
pH	8.937 ± 0.032	—	—

1) 不同小写字母代表差异显著, $P < 0.05$, “—”表示未检测到该指标, 表内数值为平均值 ± 标准差

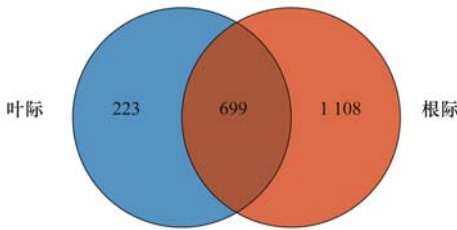


图 1 白羊草叶际和根际细菌群落的 OTU 数

Fig. 1 OTU numbers of phyllosphere and rhizosphere bacterial communities in *B. ischaemum*

由图 2 可知, 白羊草叶际和根际细菌群落结构具有显著差异. 在门水平, 白羊草叶际细菌的优势细菌门包括: 变形菌门 (50.20%)、蓝藻门 (23.96%) 和放线菌门 (5.72%). 白羊草根际细菌的优势门为变形菌门 (36.42%)、酸杆菌门 (20.88%)、放线菌门 (16.02%) 以及浮霉菌门 (8.78%) [图 2(a)]. 在属水平, 白羊草叶际细菌优势属包括: *norank_c_Cyanobacteria* (22.08%)、*unclassified_k_norank* (13.90%)、*norank_f_Mitochondria* (6.88%)、假单胞菌属 (5.39%)、肠杆菌属 (5.09%)、鞘脂单胞菌属 (5.04%) 和芽单胞菌属 (4.63%). 白羊草根际细菌的优势属为: *norank_c_Acidobacteria*、

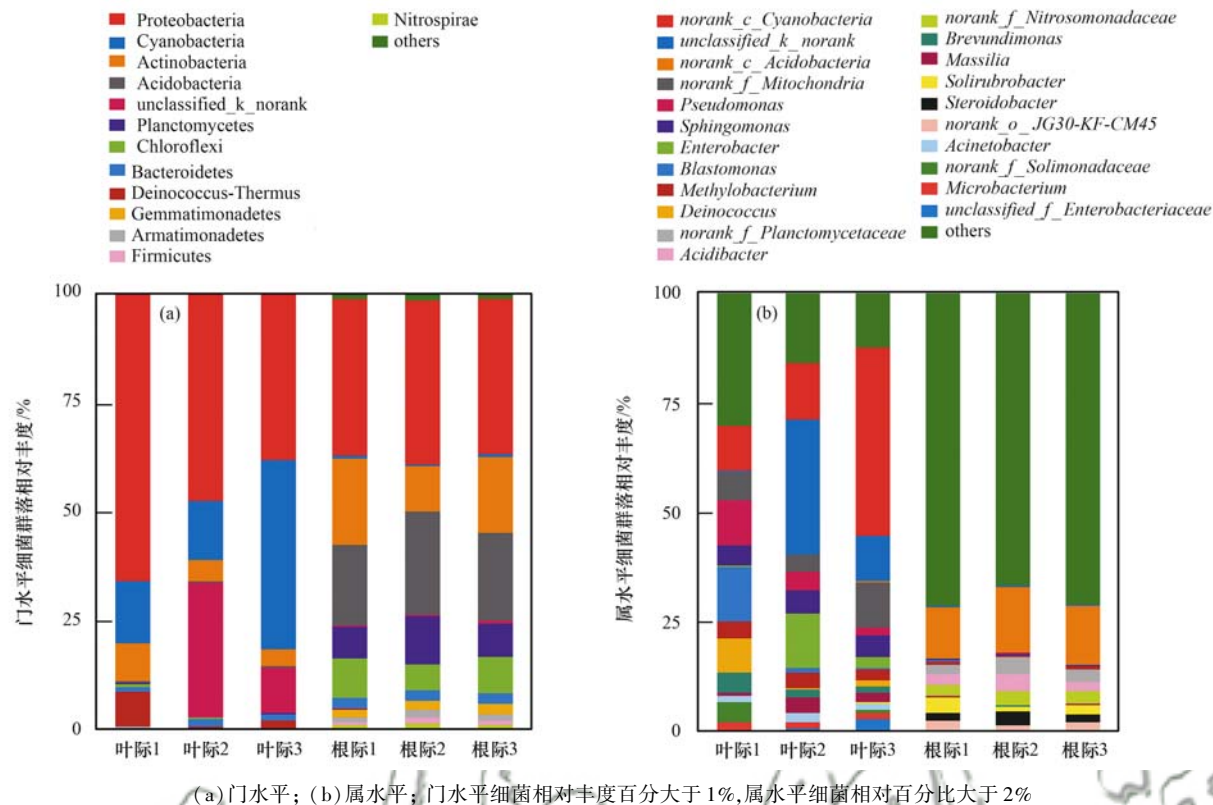
norank_f_Planctomycetaceae、*Solirubrobacter* 和酸杆菌属 [图 2(b)].

2.3 白羊草叶际和根际细菌群落差异性

通过对白羊草叶际和根际细菌群落进行差异分析结果表明, 在门水平, 叶际和根际细菌放线菌门具有显著差异 ($P < 0.05$), 酸杆菌门、芽单胞菌门和 Tectomicrobia 门具有极显著差异 ($P < 0.001$), 浮霉菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、装甲菌门和硝化螺旋菌门也呈现出极显著差异 ($P < 0.01$) [图 3(a)]. 在科水平上, 叶际和根际细菌 *norank_c_Acidobacteria*、丛毛单胞菌科、亚硝化单胞菌科具有极显著差异 ($P < 0.001$), 此外, 浮霉菌科 ($P < 0.01$)、草酸杆菌科 ($P < 0.05$) 也具有差异 [图 3(b)].

2.4 白羊草叶际和根际细菌群落多样性

所有白羊草叶际和根际样本的测序文库的覆盖率均达到 98.8% 以上, 说明绝大部分细菌序列可以被测出, 测序结果具有较好的代表性. 白羊草叶际和根际细菌群落的香农指数具有极显著差异, 并且根际细菌群落的香农指数显著高于叶际细菌. ACE 指数和 Chao1 指数趋势与香农指数一致, 根际细菌的丰富度指数均表现为根际细菌群落显著高于叶际细菌 (表 2).



(a)门水平；(b)属水平；门水平细菌相对丰度百分大于1%,属水平细菌相对百分比大于2%

图2 白羊草叶际和根际细菌群落在门水平和属水平的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of phyllosphere and rhizosphere bacterial communities of *B. ischaemum* in phylum level and genus level

表2 白羊草叶际和根际细菌群落丰富度与多样性指数¹⁾

细菌	97% 相似水平				
	香农指数	辛普森指数	ACE 指数	Chao1 指数	覆盖度/%
叶际	3.459	0.122	888	806	0.991 **
根际	6.235 **	0.004	1 756 ***	1 751 ***	0.988

1) ** 表示差异极显著, $P < 0.01$, *** 表示差异极显著, $P < 0.001$

2.5 植物与土壤特性对叶际和根际细菌群落结构与多样性的影响

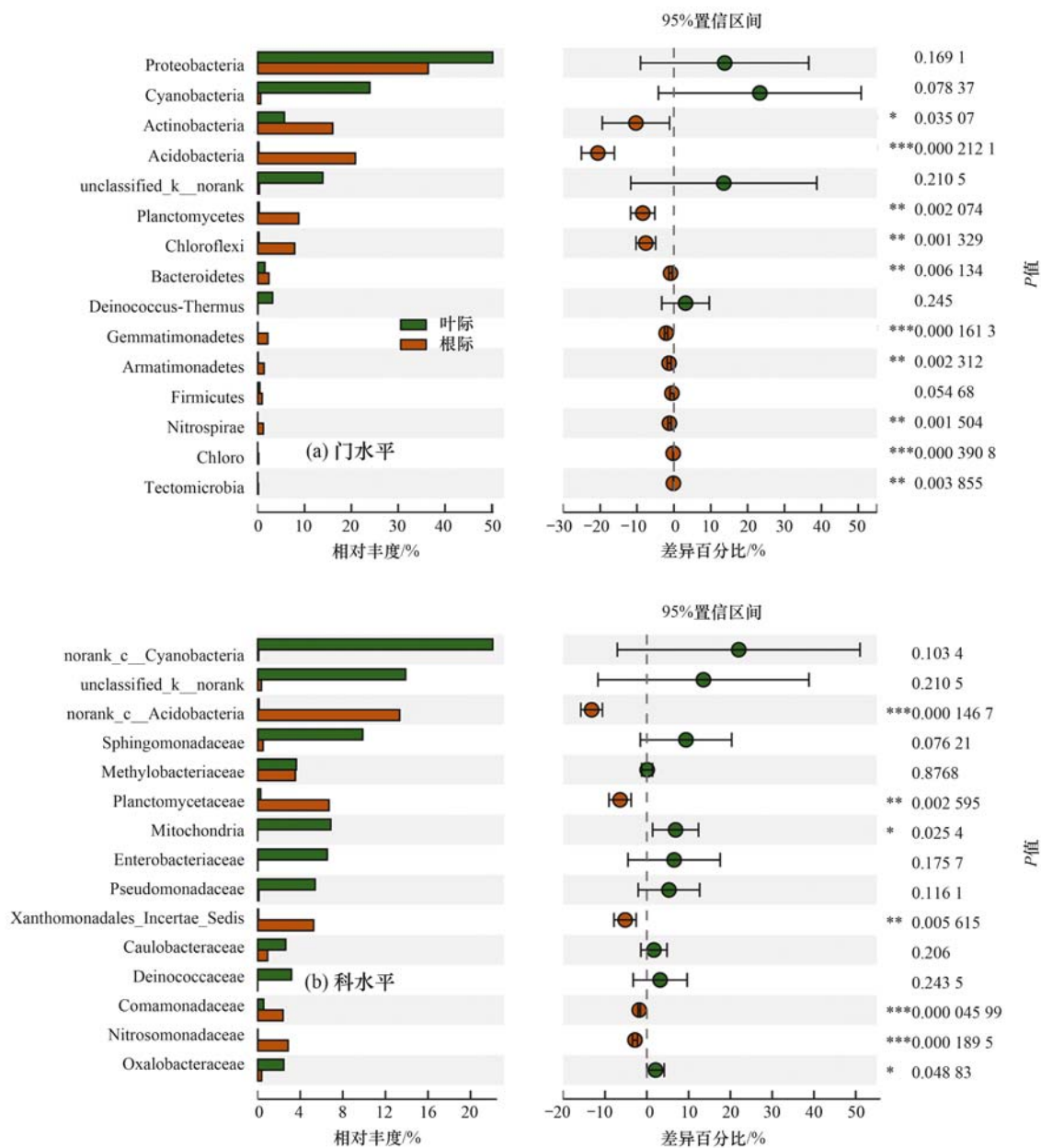
白羊草叶际和根际细菌群落结构均受到叶片和土壤理化性质及重金属的影响(图4和图5),为研究这些生态因子对白羊草细菌落结构的影响大小及影响因子,对试验数据进行RDA约束排序分析,得到在属水平上叶际和根际细菌群落中优势属细菌与4种土壤理化性质及4种叶片特性之间的关系.对于叶际细菌而言,第一排序轴解释了50.36%的信息,第二排序轴解释了47.64%的信息(图4).根际细菌第一排序轴解释了83.09%的信息,第二排序轴解释了14.81%的信息(图5).土壤因子中,土壤SWC、pH、As和Zn显著影响叶际和根际优势细菌属(图4和图5).植物属性中,影响叶际优势细菌属的主要生态因子为叶片TS、叶片TN、叶片Cd和Cr,根际优势细菌属的主要影响因子为根TS、根N、根Cd和Cr(图4和图5).

白羊草叶际和根际细菌群落多样性与叶片和根

属性的相关性结果表明,根际细菌群落香农指数与根Cu含量显著负相关,辛普森指数与根TN显著正相关.叶际细菌群落ACE指数与叶片TS含量显著正相关(表3).这表明植物属性对叶际和根际细菌群落多样性的影响具有一定差异性.

3 讨论

叶际和根际微生物是植物微生物的重要组成部分.有研究表明,变形菌门、放线菌门和酸杆菌门是叶际微生物的优势类群^[11,18].这与本研究部分结果一致,白羊草叶际和根际细菌的优势细菌门均包含变形菌门和放线菌门.此外,白羊草根际优势细菌还包括酸杆菌门和浮霉菌门.类似地,有研究发现,棉花的根际优势细菌包含变形菌门、酸杆菌门、厚壁菌门、蓝细菌门、放线菌门和浮霉菌门^[19].这些微生物对生态系统的结构和功能具有重要影响^[9].例如,变形菌门为革兰氏阴性菌,外膜主要由脂多糖组成,保护内部遗传物质不受外部干扰,因此,变形菌



相对丰度排前 15 的细菌门和细菌科; * 表示差异显著, $P < 0.05$, ** 表示差异极显著, $P < 0.01$, *** 表示差异极显著, $P < 0.001$

图 3 白羊草叶际和根际细菌群落相对丰度在门水平和科水平优势细菌的差异性

Fig. 3 Differences in the relative abundances of dominant bacterial in phyllosphere and rhizosphere of *B. ischaemum* at phylum and family level

门可以在大多数环境条件下生存并繁殖,成为优势菌^[20,21]. 有研究发现,变形菌对重金属铜有耐受作用^[22]. 放线菌对根际细菌群落具有明显的抑制与拮抗作用,放线菌在生长过程中分泌的抗生素可以抑制其他有害病原微生物的生长^[23]. 因此,矿区受损生态系统中,白羊草叶际和根际上的放线菌对于植被适应胁迫环境具有重要潜能. 本研究发现,白羊草叶际和根际细菌群落组成具有显著差异,其中,放线菌门,酸杆菌门、芽单胞菌门、浮霉菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、装甲菌门和硝化螺旋菌门差异极显著. 这可能与叶际和根际细菌对铜污染的不同响应机制有关,使得叶际和根际细菌群落导致差异性^[24].

植物叶际微生物的生物多样性受多种生态因子的影响^[3,9]. 叶际微生物的生存环境不稳定,受环境变化影响较大,如光照、温度和湿度等^[25]. 刘利玲等^[26]的研究发现,青杨叶际微生物多样性在雌雄株间无显著差异,可能是由于青杨雌雄叶片的理化性质相似. 本研究中,白羊草根际细菌特有 OTU 数显著高于叶际细菌特有 OTU 数,且白羊草根际细菌群落的香农指数、ACE 指数和 Chao1 指数均显著高于叶际细菌. 导致这一结果的原因,一方面是由于白羊草叶片属性与土壤理化性质具有显著差异,另一方面是叶际环境面临着紫外线照射、温差过大等条件不利于叶际微生物生存,而根系可以通过改变土壤保水性^[27]、酸碱度^[22]和营养物质^[28]等,改善土壤

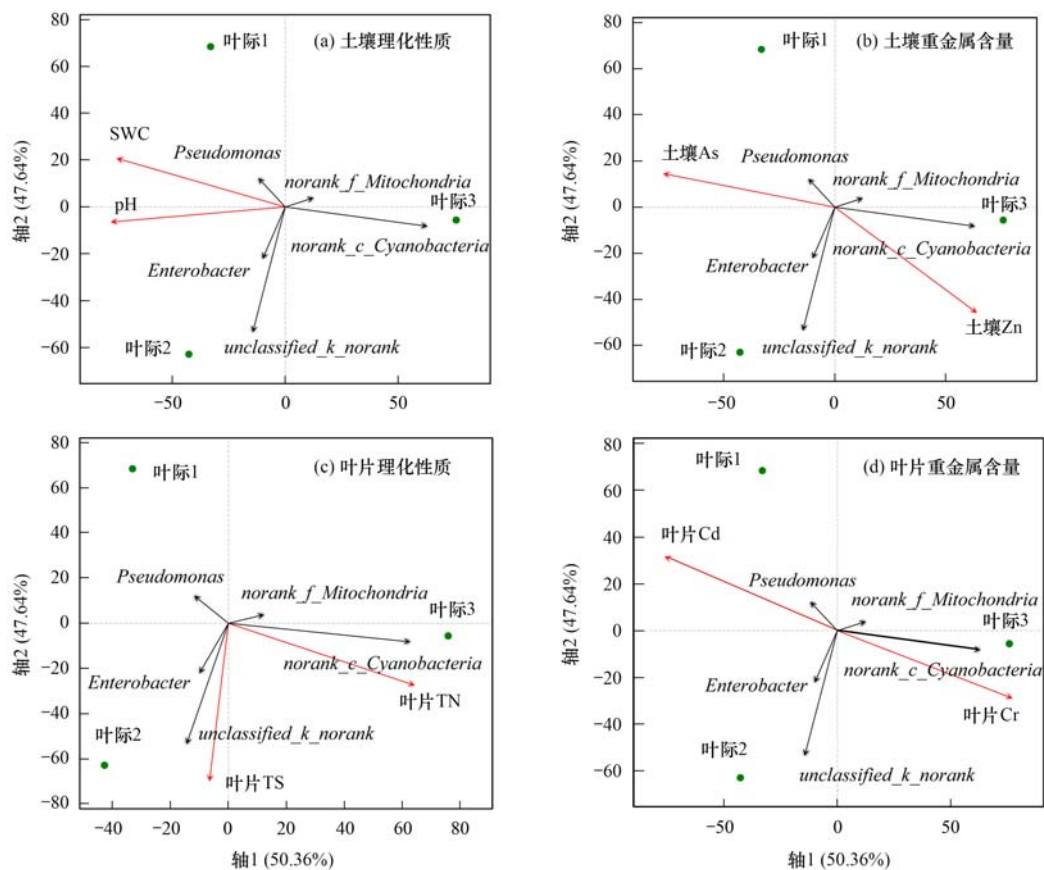


图4 白羊草叶际细菌群落优势属与生态因子的冗余分析

Fig. 4 RDA analysis of dominant bacterial genera and ecological factors in the phyllosphere bacterial community of *B. ischaemum*

表3 白羊草叶际和根际细菌群落多样性与叶片和根属性的相关性¹⁾

Table 3 Correlations among the phyllosphere and rhizosphere bacterial community diversities of *B. ischaemum* and leaf and root properties

位置	理化指标	香农指数	辛普森指数	ACE 指数	Chao1 指数
叶片	TN	0.980	-0.904	-0.886	-0.901
	TC	-0.873	0.965	0.371	0.967
	TS	-0.731	0.544	0.998 *	0.540
	Cd	0.869	-0.963	-0.363	-0.964
	Cr	-0.851	0.952	0.329	0.954
	Cu	-0.577	0.757	-0.067	0.761
	Pb	0.894	-0.760	-0.976	-0.756
	Zn	0.997	-0.947	-0.826	-0.945
根	TN	-0.987	0.999 *	0.483	0.503
	TC	0.888	-0.790	0.135	0.112
	TS	-0.580	0.717	0.962	0.968
	Cd	-0.555	0.696	0.970	0.975
	Cr	-0.935	0.855	-0.021	0.003
	Cu	-0.997 *	0.985	0.342	0.364
	Pb	0.767	-0.639	0.346	0.324
	Zn	-0.176	0.351	0.986	0.982

1) * 表示差异显著, $P < 0.05$

环境,促进植物对特有微生物的选择.

对叶际微生物而言,植物种类、季节变化、宿主植物基因型以及环境等均可对叶际微生物群落结构

产生影响^[29-31]. 对根际微生物而言,土壤是其赖以生存的场所,土壤复杂的物理化学性质、土壤肥力等因素能够影响植物的生理特性和根际沉积组成,从而影响植物根际微生物群落^[16]. 本研究发现,除土壤含水量和 pH 对白羊草细菌群落有显著影响外,白羊草总氮和总硫也是影响白羊草叶际和根际优势细菌属的主要生态因子. 这可能是因为植物根系分泌物决定宿主植物根系周围定殖的土壤微生物类群,从而间接影响根际微生物群落的结构^[16]. 此外,重金属对植物叶际和根际微生物群落也有重要影响,例如,根际微生物受铜含量的影响,且对铜胁迫具有较高耐受性^[32]. 本研究中,土壤砷和锌、叶片和根内镉和铬的含量对白羊草叶际和根际细菌群落具有显著影响. 微生物对重金属的高耐受性包含两种机制,一方面,植物能够通过吸收重金属离子的方式,直接降低根际土壤中重金属浓度^[24],另一方面,可以通过分泌可溶性有机碳螯合重金属离子,从而降低重金属的毒性^[32]. 有研究表明,铜胁迫对沙柳根际微生物群落组成和多样性具有显著影响,高浓度铜显著降低细菌群落的丰富度和多样性^[33]. 这与本研究结果相类似,白羊草根际细菌群落香农指数与根内铜含量显著负相关. 这可能由于重金属

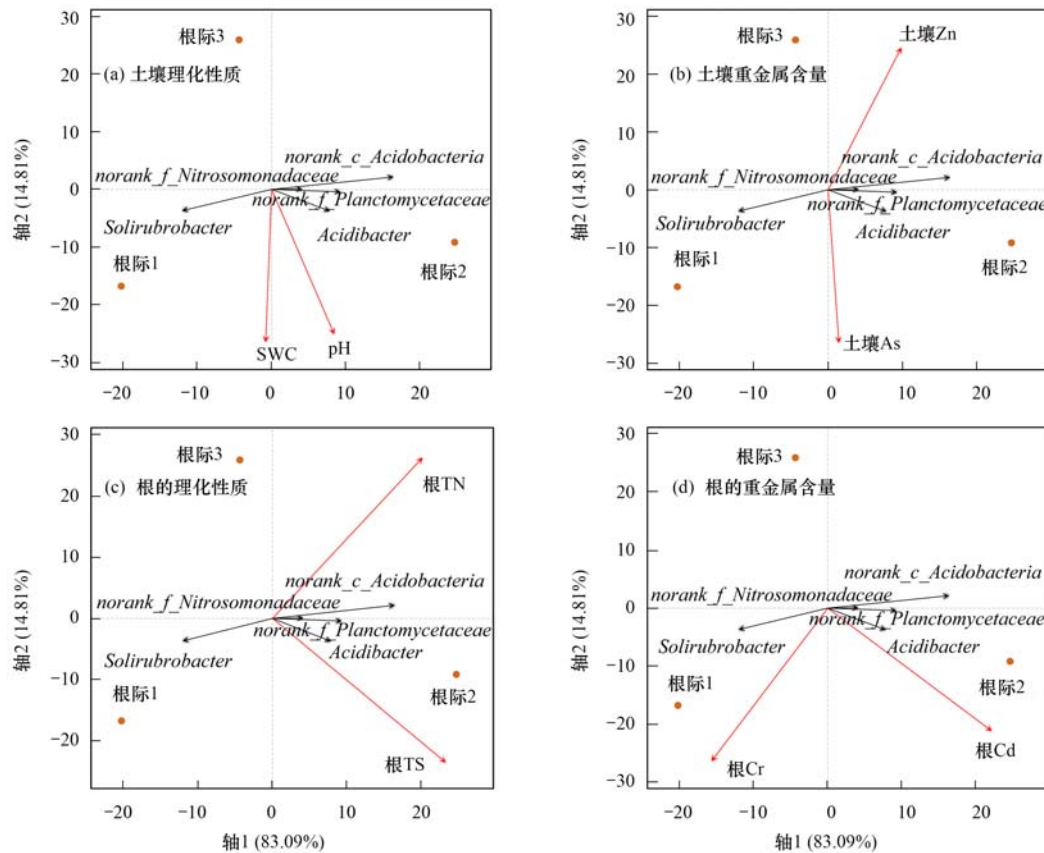


图5 白羊草根际细菌优势属与生态因子的冗余分析

Fig. 5 RDA analysis of dominant bacterial genera and ecological factors in the rhizosphere bacterial community of *B. ischaemum*

种类、重金属形态与细菌群落相互作用,并且不同细菌与重金属的相互关系具有差异性,例如,有研究报道,地杆菌属、黄杆菌属、单胞菌属与铜和铬呈现正相关,与锌呈现负相关^[34]。这些研究结果为铜尾矿生态修复过程中,开发可利用的植物与微生物资源,提高矿区生态修复效率提供科学依据。

4 结论

(1) 白羊草根际细菌特有 OTU 数、多样性指数和丰富度指数显著高于叶际细菌群落。

(2) 变形菌门和放线菌门在白羊草叶际和根际细菌群落中均为优势细菌。

(3) 白羊草叶际和根际细菌之间具有极显著差异的细菌包括:放线菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门和 Tectomicrobia 门,浮霉菌门、绿弯菌门、拟杆菌门、装甲菌门和硝化螺旋菌门。

(4) 土壤水分含量、pH、土壤砷和锌、白羊草总氮和总硫,及叶片和根的镉和铬是影响白羊草叶际和根际优势细菌属的主要生态因子。

(5) 根际细菌群落香农指数与根内铜含量显著负相关,辛普森指数与根的总氮含量显著正相关,叶际细菌群落 ACE 指数与叶片总硫含量显著正相关。

参考文献:

- [1] 刘晋仙,李鑫,景炬辉,等. 中条山十八河铜尾矿库微生物群落组成与环境适应性[J]. 环境科学, 2017, 38(1): 318-326.
Liu J X, Li C, Jing J H, et al. Composition and environmental adaptation of microbial community in Shibaohe copper tailing in Zhongtiao Mountain in Shanxi [J]. Environmental Science, 2017, 38(1): 318-326.
- [2] Liu J X, Li C, Jing J H, et al. Ecological patterns and adaptability of bacterial communities in alkaline copper mine drainage[J]. Water Research, 2018, 133: 99-109.
- [3] Jia T, Guo T Y, Cao M W, et al. Effects of heavy metals on phyllosphere and rhizosphere microbial community of *Bothriochloa ischaemum*[J]. Applied Sciences, 2018, 8(9): 1419.
- [4] Jia T, Wang R H, Fan X H, et al. A comparative study of fungal community structure, diversity and richness between the soil and the phyllosphere of native grass species in a copper tailings dam in Shanxi province, China[J]. Applied Sciences, 2018, 8(8): 1297.
- [5] 张仪平,黄国贤,程明. 矿区土壤重金属污染植物修复研究概述[J]. 内蒙古林业调查设计, 2019, 42(6): 78-80, 86.
Zhang Y P, Huang G X, Cheng M. Overview of phytoremediation of heavy metal contaminated soils in mining areas[J]. Inner Mongolia Forestry Investigation and Design, 2019, 42(6): 78-80, 86.
- [6] Jia T, Wang R, Chai B. Effects of heavy metal pollution on soil physicochemical properties and microbial diversity over different reclamation years in a copper tailings dam[J]. Journal of Soil and Water Conservation, 2019, 74(5): 439-448.
- [7] Jia T, Cao M W, Jing J H, et al. Endophytic fungi and soil microbial community characteristics over different years of

- phytoremediation in a copper tailings dam of Shanxi, China[J]. Science of the Total Environment, 2017, **574**: 881-888.
- [8] 陆雅海, 张福锁. 根际微生物研究进展[J]. 土壤, 2006, **38**(2): 113-121.
- Lu Y H, Zhang F S. The advances in rhizosphere microbiology[J]. Soils, 2006, **38**(2): 113-121.
- [9] 潘建刚, 呼庆, 齐鸿雁, 等. 叶际微生物研究进展[J]. 生态学报, 2011, **31**(2): 583-592.
- Pan J G, Hu Q, Qi H Y, *et al.* Advance in the research of phyllospheric microorganism[J]. Acta Ecologica Sinica, 2011, **31**(2): 583-592.
- [10] 高爽, 刘笑尘, 董铮, 等. 叶际微生物及其与外界互作的研究进展[J]. 植物科学学报, 2016, **34**(4): 654-661.
- Gao S, Liu X C, Dong Z, *et al.* Advance of phyllosphere microorganisms and their interaction with the outside environment[J]. Plant Science Journal, 2016, **34**(4): 654-661.
- [11] Delmotte N, Knief C, Chaffron S, *et al.* Community proteogenomics reveals insights into the physiology of phyllosphere bacteria[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2009, **106**(38): 16428-16433.
- [12] Redford A J, Bowers R M, Knight R, *et al.* The ecology of the phyllosphere: geographic and phylogenetic variability in the distribution of bacteria on tree leaves[J]. Environmental Microbiology, 2010, **12**(11): 2885-2893.
- [13] Yang C H, Crowley D E, Borneman J, *et al.* Microbial phyllosphere populations are more complex than previously realized[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2001, **98**(7): 3889-3894.
- [14] 柴阳阳. DBP对蔬菜叶际、根际微生物和内生菌群落结构的影响[D]. 青岛: 青岛科技大学, 2018.
- Chai Y Y. Effects of DBP on the community structure of phyllosphere, rhizosphere microorganisms and endophytes of vegetables[D]. Qingdao: Qingdao University of Science & Technology, 2018.
- [15] Yadav R K P, Karamanoli K, Vokou D. Bacterial colonization of the phyllosphere of Mediterranean perennial species as influenced by leaf structural and chemical features[J]. Microbial Ecology, 2005, **50**(2): 185-196.
- [16] 葛艺, 徐绍辉, 徐艳. 根际微生物组构建的影响因素研究进展[J]. 浙江农业学报, 2019, **31**(12): 2120-2130.
- Ge Y, Xu S H, Xu Y. Review on influencing factors of rhizosphere microbiome assemblage[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2019, **31**(12): 2120-2130.
- [17] Hunter P J, Hand P, Pink D, *et al.* Both leaf properties and microbe-microbe interactions influence within-species variation in bacterial population diversity and structure in the lettuce (*Lactuca* species) phyllosphere[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2010, **76**(24): 8117-8125.
- [18] 张海鑫. 辽东栎枯落叶养分原位释放及叶际微生物群落变化研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2018.
- Zhang H X. *Quercus wutaishanica* leaf litter nutrients release in situ and phyllospheric microorganism change during degradation[D]. Yangling: Northwest A&F University, 2018.
- [19] 刘珊珊, 韦鑫, 盛福瑞, 等. 棉花不同发育时期根际微生物的动态变化[J]. 浙江农业学报, 2019, **31**(8): 1361-1371.
- Liu S S, Wei X, Sheng F R, *et al.* Variations of cotton rhizosphere microbial community in different growth stages[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2019, **31**(8): 1361-1371.
- [20] Song H G, Kim O S, Yoo J J, *et al.* Monitoring of soil bacterial community and some inoculated bacteria after prescribed fire in microcosm[J]. Journal of Microbiology, 2004, **42**(4): 285-291.
- [21] Whalley W R, Riseley B, Leeds-Harrison P B, *et al.* Structural differences between bulk and rhizosphere soil[J]. European Journal of Soil Science, 2005, **56**(3): 353-360.
- [22] 谢冰. 分子生物学技术研究铜锌重金属离子对活性污泥微生物的影响[D]. 上海: 东华大学, 2002.
- Xie B. The effect of copper and zinc ions on activated sludge microbes and its analysis with molecular biological technique[D]. Shanghai: Donghua University, 2002.
- [23] 苗则彦, 赵奎华, 刘长远, 等. 不同抗、感枯萎病黄瓜品种不同生育时期根际微生物数量消长动态分析[J]. 沈阳农业大学学报, 2004, **35**(1): 13-15.
- Miao Z Y, Zhao K H, Liu C Y, *et al.* Analysis on the population fluctuation of rhizosphere microorganism of different disease resistant cucumber varieties[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2004, **35**(1): 13-15.
- [24] Jiang L Y, Yang X E, He Z L. Growth response and phytoextraction of copper at different levels in soils by *Elsholtzia splendens*[J]. Chemosphere, 2004, **55**(9): 1179-1187.
- [25] Verma S C, Ladha J K, Tripathi A K. Evaluation of plant growth promoting and colonization ability of endophytic diazotrophs from deep water rice[J]. Journal of Biotechnology, 2001, **91**(2-3): 127-141.
- [26] 刘利玲, 李会琳, 蒙振思, 等. 青杨雌雄株叶际微生物群落多样性和结构的差异[J]. 微生物学报, 2020, **60**(3): 556-569.
- Liu L L, Li H L, Meng Z S, *et al.* Differences in phyllosphere microbial communities between female and male *Populus cathayana*[J]. Acta Microbiologica Sinica, 2020, **60**(3): 556-569.
- [27] 赵悦, 席瑞泽, 付庆灵, 等. 不同生育期转 Bt 基因棉根分泌物中氨基酸、有机酸等组分特征[J]. 湖北农业科学, 2018, **57**(4): 26-30.
- Zhao Y, Xi R Z, Fu Q L, *et al.* Component characteristics of amino acids and organic acids in root exudates from transgenic Bt cotton at different growth stages[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2018, **57**(4): 26-30.
- [28] 叶协锋, 张友杰, 鲁喜梅, 等. 土壤微生物与土壤营养关系研究进展[J]. 土壤通报, 2010, **41**(1): 237-241.
- Ye X F, Zhang Y J, Lu X M, *et al.* Research advance on relationship between the soil microbes and soil nutrition[J]. Chinese Journal of Soil Science, 2010, **41**(1): 237-241.
- [29] Leveau J H J. A brief from the leaf: latest research to inform our understanding of the phyllosphere microbiome[J]. Current Opinion in Microbiology, 2019, **49**: 41-49.
- [30] Schlechter R O, Miebach M, Remus-Emsermann M N P. Driving factors of epiphytic bacterial communities: a review[J]. Journal of Advanced Research, 2019, **19**: 57-65.
- [31] Espenshade J, Thijs S, Gawronski S, *et al.* Influence of urbanization on epiphytic bacterial communities of the *Platanus* × *Hispanica* tree leaves in a biennial study[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, **10**: 675.
- [32] Song J, Zhao F J, Luo Y M, *et al.* Copper uptake by *Elsholtzia splendens* and *Silene vulgaris* and assessment of copper phytoavailability in contaminated soils[J]. Environmental Pollution, 2004, **128**(3): 307-315.
- [33] Cao Y N, Ma C X, Chen H J, *et al.* Copper stress in flooded soil: impact on enzyme activities, microbial community composition and diversity in the rhizosphere of *Salix integra*[J]. Science of the Total Environment, 2020, **704**: doi: 10.1016/j.scitotenv. 2019.135350.
- [34] Bell T H, Cloutier-Hurteau B, Al-Otaibi F, *et al.* Early rhizosphere microbiome composition is related to the growth and Zn uptake of willows introduced to a former landfill[J]. Environmental Microbiology, 2015, **17**(8): 3025-3038.

CONTENTS

Sources and Control Area Division of Ozone Pollution in Cities at Prefecture Level and Above in China	YAN Hui, ZHANG Wei, HOU Mo, <i>et al.</i> (5215)
Dynamic Assessment of PM _{2.5} Health Damage Value in China from 2015 to 2018	LI Hui-juan, ZHOU De-qun, WEI Yong-jie (5225)
Analysis of Multi-scale Spatio-temporal Differentiation Characteristics of PM _{2.5} in China from 2011 to 2017	YANG Wen-tao, QIAO Peng, LIU Xian-zhao, <i>et al.</i> (5236)
Spatio-temporal Evolution and Population Exposure Risk to PM _{2.5} in the Guanzhong Area	HUANG Xiao-jun, QI Ming-yue, LI Yan-yu, <i>et al.</i> (5245)
Formation Mechanism and Source Analysis of Two Heavy Pollution Periods in Winter in a Central Plains City	JIA Jia, CONG Yi, GAO Qing-min, <i>et al.</i> (5256)
Winter Pollution Characteristics and Physicochemical Properties of PM _{2.5} in a Northwest Industrial City	YANG Yan-ping, CHEN Qiang, WANG Li-na, <i>et al.</i> (5267)
Characterization of Metal Pollution of Regional Atmospheric PM _{2.5} and Its Sources Based on the PMF Model	DENG Lin-li, ZHANG Kai-shan, YIN Zi-yuan, <i>et al.</i> (5276)
Pollution Characteristics and Assessment of Heavy Metals in Atmospheric Deposition in Core Urban Areas, Chongqing	ZHANG Xia, LIU Bin, XIAO Bo-lin, <i>et al.</i> (5288)
Factors Influencing New Atmospheric Particle Formation in Ordos During Summer and Autumn 2019	KONG Xiang-chen, WANG Hong-lei, ZHANG Lian-xia, <i>et al.</i> (5295)
Characteristics and Reactivity of Ambient VOCs in Urban Hangzhou, China	JING Sheng-ao, GAO Ya-qin, SHEN Jian-dong, <i>et al.</i> (5306)
Characteristics and Sources of Atmospheric Volatile Organic Compounds Pollution in Summer in Chengdu	XU Chen-xi, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (5316)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs and O ₃ in Shijiazhuang	WANG Shuai, CUI Jian-sheng, FENG Ya-ping, <i>et al.</i> (5325)
Analysis of Industrial VOCs Emission Inventory and Countermeasures in Xiamen	WU Dong-yang, ZHUANG Ma-zhan, WU Yan-cong, <i>et al.</i> (5336)
Emission Inventory and Emission Factors of Volatile Organic Compounds (VOCs) from Architectural Adhesives	LIANG Xiao-ming, SUN Xi-bo, SU Yan-hua, <i>et al.</i> (5345)
Sources and Health Risks of Atmospheric Polychlorinated Biphenyls in an Urban/Industrial Areas, Northwest China	MAO Xiao-xuan, LI Zi-xuan, SONG Shi-jie, <i>et al.</i> (5352)
Vertical Distribution of Surface Formaldehyde in the Pearl River Delta Urban Area Based on Observations at the Canton Tower	HUANG Shan, PEI Cheng-lei, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (5362)
Temporal and Spatial Characteristics of Total Phosphorus in the Middle and Lower Yangtze River Mainstem Under New Water and Sediment Conditions	ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, WU Yun-li, <i>et al.</i> (5371)
Seasonal Variations in Nitrogen and Phosphorus Concentration and Stoichiometry of Hanfeng Lake in the Three Gorges Reservoir Area	QIAN Tian, HUANG Qi, HE Bing-hui, <i>et al.</i> (5381)
Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Nutrients in Hengshui Lake Sediments	ZHANG Jia-wen, WEI Jian, LIU Li, <i>et al.</i> (5389)
Endogenous Pollution and Release Characteristics of Bottom Sediments of Hengshan Reservoir in Yixing City	CUI Hui-fang, CHEN Shu-yun, YANG Chun-hui, <i>et al.</i> (5400)
Pollution and Ecological Risk Assessment and Source Apportionment of Heavy Metals in Sediments of Qingliangshan Reservoir in the Meijiang Basin	JIANG Tao, LIN Wei-wen, CAO Ying-jie, <i>et al.</i> (5410)
Influence Factors of Potential Nitrification Rates and Functional Genes Abundance in the Jinshui River and the Qihe River of the Hanjiang River Basin	ZHAO Bin-jie, WANG Xu, ZHANG Jian, <i>et al.</i> (5419)
Contamination Characteristics and Potential Ecological Risks of Typical Perfluoroalkyl Substances in the Water and Sediment of Coastal Tourism Resorts in Shandong Province	WANG Shi-liang, CAO Xue-zhi (5428)
Distribution Characteristics and Source Identification of Organophosphate Esters in Key Waters Areas of Taihu Lake	LÜ Jia-pei, ZHANG Zhen-fei, LIU Yang, <i>et al.</i> (5438)
Residual Characteristics and Health Assessment Analysis of OCPs and PCBs in Karst Groundwater	YE Kai, SUN Yu-chuan, JIA Ya-nan, <i>et al.</i> (5448)
Biogeographic Distribution Patterns of Diatoms in Lancang River and Their Key Drivers	SUN Sheng-hao, CHEN Juan, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (5458)
Bioaccumulation Characteristics of Quinolones (QNs) in Dominant Fish Species and Their Correlation with Environmental Factors in Baiyangdian Lake	SHEN Li-na, FU Yu, ZHANG Lu-lu, <i>et al.</i> (5470)
Effect of Biomass Particle Size on the Adsorption of Phosphorus from Aqueous Solution by MgO-loaded Biochar	WANG Peng-fei, ZHI Meng-meng, CHU Zhao-sheng, <i>et al.</i> (5480)
Photocatalytic Degradation of Tetracycline and Copper Complex by Bi ₂ MoO ₆ /Bi ₂ S ₃ Heterojunction	HUANG Wen-xin, WEI Hu, JIANG Cai-yun, <i>et al.</i> (5488)
Enhancing PPCPs Removal and Membrane Fouling Control of Ultrafiltration Membrane by UiO-66@Fe ₃ O ₄ @UiO-66	YIN Yue, WU Dao-wen, SUN Meng-yao, <i>et al.</i> (5500)
Advanced Treatment of Tail Water Using Pilot-scale Horizontal and Vertical Subsurface Flow Constructed Wetlands in Low-temperature Seasons	LIAO Xue-ke, YAN Han-lu, WANG Zhi-yuan, <i>et al.</i> (5509)
Metagenomic Insights into Salinity Build-up in Microbial Communities and Metabolism of Hydrolytic Bioreactor Treating High-color PDWW	GAO Jing, ZHANG Shao-hua, WANG Rui, <i>et al.</i> (5518)
Performance and Microbial Characteristics of Ammonium-limited and Nitrite-limited ANAMMOX Systems	SONG Jia-jun, ZHU Ming-yi, GUO Kai-cheng, <i>et al.</i> (5527)
Microbial Community Structure and Diversity During the Enrichment of Anaerobic Ammonium Oxidation Bacteria	YAN Bing, XIA Song, GUI Shuang-lin, <i>et al.</i> (5535)
Enhanced Dewaterability of Waste-Activated Sludge in Presence of Fe(II)-Activated Calcium Peroxide	BI Wei-wei, RUAN Shu-yu, CHEN Wu-ao-xiao, <i>et al.</i> (5544)
Spatial Distribution, Contamination Assessment, and Sources of Heavy Metals in the Urban Green Space Soils of a City in North China	ZHAO Liang, LIANG Yun-ping, CHEN Qian, <i>et al.</i> (5552)
Technological Classification of Cadmium Quality in the Rice Producing Areas of South China	DOU Wei-qiang, AN Yi, QIN Li, <i>et al.</i> (5562)
Distribution Characteristics of Selenium in a Soil-Crop System and the Threshold of Selenium-Rich Soils	WANG Rui, DENG Hai, JIA Zhong-min, <i>et al.</i> (5571)
Transfer Factor and Health Risk Assessment of Heavy Metals in a Soil-Crop System in a High Incidence Area of Nasopharyngeal Carcinoma, Guangdong	YE Mai, ZHANG Jing-ru, ZHANG Lu-lu, <i>et al.</i> (5579)
DA-6 and GLDA Enhanced <i>Panicum virgatum</i> L. to Phytoextract Cd from Contaminated Soils	WANG Zheng, SUN Zhao-jun, Sameh Mohamed, <i>et al.</i> (5589)
Remediation Performance via the Passivation of a Porous Biomorph Genetic Composite of α -Fe ₂ O ₃ /Fe ₃ O ₄ /C Using a Bamboo Template on As(V) Contaminated Soils	ZHAO Ning-ning, HE Hao, FENG Guo-jie, <i>et al.</i> (5600)
Biodegradation of Expanded Polystyrene Foams in <i>Zophobas morio</i> : Effects of Gut Microbiota	YANG Li, LIU Ying, GAO Jie, <i>et al.</i> (5609)
Isolation, Identification, and Degrading Characteristics of an Oil Resistant Formaldehyde-Degrading Bacterium	HAN Xi, WANG Rong-rong, SHI Chun-zhen (5617)
Characteristics of Phyllosphere and Rhizosphere Bacterial Communities in <i>Bothriochloa ischaemum</i> in Copper Tailings	JIA Tong, YAO Yu-shan, WANG Rui-hong (5628)
Effects of Selected Biochars Application on the Microbial Community Structures and Diversities in the Rhizosphere of Water Spinach (<i>Ipomoea aquatica</i> Forssk.) Irrigated with Reclaimed Water	CUI Bing-jian, CUI Er-ping, HU Chao, <i>et al.</i> (5636)
Effects of Modified Biowaste-based Hydrochar on Rice Yield and Nitrogen Uptake	HOU Peng-fu, XUE Li-hong, FENG Yan-fang, <i>et al.</i> (5648)
Spatial Distribution Characteristics and Source Apportionment of Soil PAHs in Shizuishan City Based on GIS and PMF Model	XIA Zi-shu, WANG Yu-yu, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (5656)
Effects of Nitrogen Fertilizer and Straw Returning Methods on N ₂ O Emissions in Wheat-Maize Rotational Soils	XU Hong-wei, LI Na, FENG Yong-zhong, <i>et al.</i> (5668)