

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征

陈其永, 郜允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年9月

第43卷 第9期
Vol.43 No.9

目次

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征	陈其永, 郇允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤(4413)
面向二/三维城市形态指标的PM _{2.5} 浓度调控模拟	李莎, 邹滨, 刘宁, 冯徽徽, 陈军, 张鸿辉(4425)
减排背景下成都大气PM _{2.5} 碳质组分特征	陈璐瑶, 于阳春, 黄小娟, 董贵明, 张军科(4438)
青岛秋冬季PM ₁ 中金属元素污染特征及健康风险评估	刘子杨, 张宜升, 张厚勇, 马子轸, 陶文鑫, 王娇, 薛莲, 彭倩倩, 杜金花, 赵娇娇, 彭亮, 孙英杰(4448)
港口地区大气PM _{2.5} 中多环芳烃污染特征及来源分析	王鹏程, 杨凌霄, 别淑君, 黄琦, 齐安安, 虞雄, 王滢铭, 徐鹏, 张天琪, 王文兴(4458)
天津市冬季道路颗粒物粒径分布及来源解析	张国涛, 殷宝辉, 白雯宇, 郭丽瑶, 王智宇, 张楠, 郑镇森, 张利文, 杨文, 韩斌, 白志鹏(4467)
北京市生物源一次气溶胶浓度变化特征及影响因素	梁林林, 刘畅, 刘旭艳, 徐婉筠, 张根, 程红兵, 刘雨思(4475)
北京市城区夏季VOCs变化特征分析与来源解析	孟祥来, 孙扬, 廖婷婷, 张琛, 张成影(4484)
东莞工业集中区夏季臭氧污染与非污染期间VOCs组分特征及其来源	周振, 肖林海, 费蕾蕾, 余纬, 林满, 黄筠筠, 张智胜, 陶俊(4497)
生活垃圾填埋场恶臭污染的时空变化与膜阻隔效果	何品晶, 李健晨, 吕凡, 章骅, 邵立明(4506)
不同年份太湖水域全氟化合物健康风险源解析对比	武婷, 孙善伟, 樊境朴, 鲁富蕾, 郭昌胜, 徐建(4513)
沱江流域典型及新兴全氟/多氟化合物的污染特征及来源解析	宋娇娇, 汪艺梅, 孙静, 方淑红(4522)
白洋淀不同类型水体表层沉积物重金属的赋存形态及风险	许梦雅, 张超, 单保庆, 刘操(4532)
喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子	剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 陈慧, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐(4543)
石家庄地下水中喹诺酮类抗生素生态风险及其与环境因子的相关性	陈慧, 剧泽佳, 赵鑫宇, 付雨, 崔建升, 张璐璐(4556)
不同淹水环境下湖泊沉积物DOM的特征与来源	陈佳, 李忠武, 金昌盛, 文佳骏, 聂小东, 王磊(4566)
晋城市沁河流域秋季浮游植物群落结构特征及其与环境因子的关系	高梦蝶, 李艳粉, 李艳利, 孙昂, 田爽, 张春晖, 耿亚平, 李林霞(4576)
不同配置绿色屋顶径流水质特征及综合评价	章孙逊, 张守红, 闫婧, 王任重远, 杨航(4587)
紫外光化过硫酸盐降解磷酸氯喹	李阳, 许玻琨, 邓琳, 罗伟(4597)
微气泡臭氧氧化预处理实际制药废水去除SS和有机物性能	刘春, 陈蕊, 张静, 杨旭, 陈晓轩, 郭延凯, 武明泽, 庞勃(4608)
废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响	陈嘉瑜, 苏志国, 姚鹏城, 黄备, 张永明, 温东辉(4616)
生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响	郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟(4625)
有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含 $phoD$ 基因细菌群落的影响	夏鑫, 乔航, 孙琪, 刘坤平, 陈香碧, 何寻阳, 胡亚军, 苏以荣(4636)
煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响	宁岳伟, 刘勇, 张红, 李君剑(4647)
生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响	袁访, 李开钰, 杨慧, 邓承佳, 梁红, 宋理洪(4655)
黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化	孙华方, 李希来, 金立群, 赵玉蓉, 李成一, 张静, 宋梓涵, 苏晓雪, 刘凯(4662)
模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤微生物碳源利用能力的影响	翁晓虹, 隋心, 李梦莎, 刘赢男, 张荣涛, 杨立宾(4674)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素空间分布特征及其与微生物群落相关性	赵鑫宇, 剧泽佳, 陈慧, 付雨, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐(4684)
典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制	龚志伟, 马杰, 苏趋, 林亚楠, 董鑫磊, 周立昌, 王宗平, 郭刚(4697)
作物秸秆材料处理养殖废水中氮的周年去除效果及其对氮循环微生物丰度的影响	刘铭羽, 夏梦华, 蒋磊, 彭健, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 孟岑, 曾睿, 王栋, 李裕元, 吴金水(4706)
不同外碳源对尾水极限脱氮性能及微生物群落结构的影响	王伟, 赵中原, 张鑫, 由志鹏, 黄子晋, 彭永臻(4717)
总氮提标改造工程的微生物群落结构分析	李海松, 王柯丹, 陈晓蕾, 阎登科, 许子聪, 胡培基(4727)
IFAS工艺处理南方低碳源污水的泥膜微生物互作规律分析	赫俊国, 江伟勋, 何卓义, 刘新平, 吴世华, 储昭瑞, 冯杰(4736)
黄土高原土地利用方式对微塑料丰度和形态分布的影响	郝永丽, 胡亚鲜, 白晓雄, 郭胜利(4748)
南方丘陵区土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价	王玉, 辛存林, 于爽, 薛红蕾, 曾鹏, 孙平安, 刘凡(4756)
兰州市耕地“五毒”重金属的风险评价与归因分析	张利瑞, 彭鑫波, 马延龙, 康乐, 张妍娥, 王泉灵, 张松林(4767)
石家庄市栾城区农田土壤重金属分布特征及作物风险评价	孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 郑国砥, 陈同斌, 刘杰(4779)
典型城市土壤中重金属锑(Sb)的含量分布特征及风险评价	沈城, 叶文娟, 钱诗颖, 吴健, 朱旭东, 王敏(4791)
有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析	汪峰, 黄言欢, 李如忠, 吴鸿飞(4800)
柠檬酸及刈割强化象草修复镉污染土壤的效应	唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 周航, 曾鹏, 廖柏寒(4810)
稻田干湿过程甲基化效率变化与关键影响因素分析	张玥, 李令仪, 文炯, 曾希柏, 苏世鸣(4820)
外源茉莉酸对水稻幼苗根系砷积累及抗逆应答效应	李颜, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠(4831)
秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响	宋佳杰, 徐郁阳, 白金泽, 于琦, 程伯豪, 冯永忠, 任广鑫(4839)
冬季绿肥对黄土高原旱作春玉米农田土壤温室气体排放的影响	张少宏, 王俊, 方震文, 付鑫(4848)
庞泉沟自然保护区土壤呼吸空间分异性影响因素探测	李晓敏, 严俊霞, 杜自强, 王琰(4858)
小型养殖塘水体中CH ₄ 、CO ₂ 和N ₂ O浓度的时空变化特征及影响因素	石婕, 张弥, 邱吉丽, 万梓文, 赵若男, 谢燕红, 陈明健, 赵佳玉, 肖薇, 刘寿东(4867)
丁基黄药对选矿区土壤吸附铅镉的影响	胡志浩, 郭朝晖, 冉洪珍, 肖细元, 彭驰, 李钰滢(4878)
秸秆生物炭吸附对乙酰氨基酚的机制及其位能分布特征	商岑尧, 顾若婷, 张强, 谢慧芳, 王冰玉(4888)
黄土高原地区生态脆弱性时空变化及其驱动因子分析	张良侠, 樊江文, 张海燕, 周德成(4902)
植物促生菌在重金属生物修复中的作用机制及应用	马莹, 王玥, 石孝均, 陈新平, 李振轮(4911)
《环境科学》征订启事(4512)	《环境科学》征稿简则(4735)
信息(4696, 4790, 4887)	

典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制

龚志伟¹, 马杰^{1*}, 苏趋², 林亚楠³, 董鑫磊¹, 周立昌¹, 王宗平¹, 郭刚^{1*}

(1. 华中科技大学环境科学与工程学院, 武汉 430074; 2. 湖北省环境科学研究院, 武汉 430079; 3. 中铁第四勘察设计院集团有限公司, 武汉 430063)

摘要: 微塑料广泛分布在微生物驱动的生物地球化学循环中, 其表面会富集独特特征的微生物群落, 构成微塑料圈(plastisphere)。自然环境中广泛存在的多种氧化还原环境不仅会影响微塑料圈中微生物群落的组成, 还会影响微塑料的最终归宿。为探究典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制, 将3种微塑料 PHA(聚羟基脂肪酸酯)、PLA(聚乳酸)和 PVC(聚氯乙烯)放置于好氧、硝酸盐还原、铁氧化物还原、硫酸盐还原和产甲烷这5种典型氧化还原环境中, 利用污泥作为接种物, 进行微宇宙模拟培养实验。结果表明, 在分类学和系统发育学上, 微塑料因子分别影响了微塑料表面18.94%和46.67%的微生物群落, 氧化还原环境因子分别影响了微塑料表面31.04%和90.00%的微生物群落。与污泥相比较, 3种微塑料表面富集的微生物群落丰富度和均匀度均降低, 其中降低最明显的是更易降解的PHA微塑料, 而难降解的PLA和PVC微塑料表面的微生物群落变化特征相似。PHA微塑料表面富集的微生物中, *Anaerocolumna* (26.44%)为其优势菌种, 较少富集与氧化还原反应相关的特征菌群; PLA和PVC中, *Clostridium_sensu_stricto_7* (15.49%和11.87%)为其优势菌种, 且显著富集与氧化还原反应相关的特征菌群, 表明与氧化还原反应相关的特征菌群更易于富集在难降解的微塑料表面, 进而可能对生物地球化学循环速率造成影响。

关键词: 氧化还原环境; 微塑料; 微生物群落; 构建机制; 地球化学循环

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)09-4697-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202111314

Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments

GONG Zhi-wei¹, MA Jie^{1*}, SU Qu², LIN Ya-nan³, DONG Xin-lei¹, ZHOU Li-chang¹, WANG Zong-ping¹, GUO Gang^{1*}

(1. School of Environmental Science and Engineering, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430074, China; 2. Hubei Academy of Environmental Sciences, Wuhan 430079, China; 3. China Railway Siyuan Survey and Design Group Co., Ltd., Wuhan 430063, China)

Abstract: Microplastics are widely distributed in the biogeochemical cycle driven by microbes. Their surface is enriched with unique microbial communities, called plastispheres. Various redox environments that exist widely in the natural environment can affect the microbial composition in the plastisphere and the fate of the microplastics. To explore the microbial community composition and construction mechanism on the surface of microplastics in typical redox environments, three microplastics, PHA (polyhydroxyalkanoates), PLA (polylactic acid), and PVC (polyvinyl chloride), were placed in five specific redox environments: aerobic, nitrate reduction, iron oxide reduction, sulfate reduction, and methane production. The culture experiment simulated the microcosm, which was inoculum by sludge. The results showed that microplastic factors affected 18.94% and 46.67% of the microbial communities on the plastisphere in taxonomy and phylogeny, respectively. Redox factors affected 31.04% and 90.00% of the microbial communities on the plastisphere in taxonomy and phylogeny, respectively. Compared with that in sludge, the microbial community richness and diversity were reduced on the three microplastics. The most apparent reduction was found on the plastisphere of more degradable PHA. At the same time, microbial communities on the refractory PLA and PVC surfaces remained similar. *Anaerocolumna* (26.44%) was the dominant genus on the surface of PHA microplastics, whereas microbes related to the redox reaction were less enriched. *Clostridium_sensu_stricto_7* (15.49% and 11.87%) was the dominant strain on PLA and PVC microplastics, and the microbes related to the redox reaction were significantly enriched. Thus, characteristic microbes involved in the redox reaction will be enriched in the surface of refractory microplastics, and microplastics may affect the rate of biogeochemical cycling.

Key words: redox environment; microplastic; microbial community; construction mechanism; biogeochemical cycling

微塑料泛指直径小于5 mm的塑料颗粒, 是当前国际上重点关注的新型污染物之一^[1,2]。随着人类活动的影响, 微塑料正在不断地进入生态环境系统中, 通过沉积、优先流和生物扰动等作用, 微塑料污染可深达70~100 cm的深层沉积物中^[1]。在这个过程中, 微塑料表面会富集具有独特特征的微生物群落, 包括好氧菌、厌氧菌和极端微生物等, 形成微塑料圈(plastisphere)^[3]。有研究表明, 多种氧化还原环境在生物地球化学循环中普遍存在, 如在垃圾填埋

场和潜流带中均存在好氧、硝酸盐还原、铁氧化物还原、硫酸盐还原和产甲烷等多种典型氧化还原环境^[4,5]; 它们通过提供不同的电子受体, 进而对塑料

收稿日期: 2021-11-30; 修订日期: 2022-01-10

基金项目: 国家重点研发计划项目(2019YFC1904000); 国家自然科学基金青年科学基金项目(52100040); 湖北省自然科学基金项目(2020CFB403)

作者简介: 龚志伟(1998~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为典型氧化还原环境中微塑料降解机制探究, E-mail: 2697035780@qq.com

* 通信作者, E-mail: jiema@hust.edu.cn; ceguogang@hust.edu.cn

圈内的微生物群落组成和环境中的微塑料的最终归宿产生影响^[1]。然而,目前没有研究报道以上多种典型氧化还原环境如何影响不同微塑料表面的微生物群落组成特征。

学者们发现在微塑料表面富集的微生物群落有可能会因环境和基质的不同而形成差异,即微生物可能因喜好特定的环境和基质而富集在微塑料表面,但目前并未形成统一的认识^[1,2]。例如,Wright等^[6]和Oberbeckmann等^[7]认为不存在因喜好特定的基质而富集在微塑料表面的微生物;而周曙仡等^[8]、周昕原等^[9]和黄福义等^[10]却发现抗生素抗性基因更容易在可溶性微塑料表面积累,进而相较于其它基质,因抗生素抗性基因存在的特定菌群容易富集在可溶性微塑料表面;Tagg等^[11]也发现硫酸盐还原菌 *Desulfatitalea tepidiphilia* 更容易富集在微塑料表面。一般而言,微塑料表面的微生物群落构建需要经历两种生态学过程,即确定性过程和随机性过程^[12]。若确定性过程占比较高,则说明环境影响较大,微生物菌群会因喜好特定环境或基质而富集在微塑料表面,从而与其它环境和基质呈现差异^[13,14],反之则不会呈现明显差异。然而,截至目前没有相关研究对上述确定性过程和随机性过程的贡献占比进行量化,导致很难判断微塑料表面富集的微生物群落是否会因环境和基质的不同而形成差异。

综上所述,当不同微塑料进入典型氧化还原环境中,本文提出两种假设^[15]:一方面,部分微生物喜欢附着在微塑料表面,不同微塑料环境会导致特异性微生物的富集;另一方面,在不同的典型氧化还原环境中,由于微塑料被降解的代谢机制不同,微塑料表面富集的氧化还原特征菌群会存在差异。基于以上两个假设,本文将3种微塑料[传统石油基微塑料聚氯乙烯(PVC,工业活动和日常生活中使用最广泛的塑料之一^[16])和新兴生物基微塑料聚羟基脂肪酸酯和聚乳酸(PHA和PLA,已大量生产并应用于市场^[17])]放置于5种典型氧化还原环境(好氧、硝酸盐还原、铁氧化物还原、硫酸盐还原和产甲烷环境)中,利用污泥作为接种物,进行微宇宙模拟培养。首先采用16S rRNA高通量测序技术对微塑料表面的微生物群落进行测定,探究微塑料表面的微生物群落组成特征;再通过典范对应分析(CCA)、方差分解分析(VPA)和零模型分析,从分类学角度和系统发育学角度,共同探究确定性过程和随机性过程各自的相对贡献占比。本研究揭示了典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征,并对构建机制进行了量化分析,从而有助于预测塑料

圈内微生物的生态规律及其对元素地球化学循环的影响。

1 材料与方法

1.1 供试材料

本研究选择了3种目前广泛使用的塑料,分别为PVC、PHA和PLA,均来自佛山市苏宇塑料制品有限公司。3种塑料均为直径3~4 mm的球状颗粒,因此可被认定为微塑料,供本研究使用;微塑料颗粒在使用前均用75%乙醇和紫外线进行灭菌处理。武汉三金潭污水处理厂的厌氧消化罐污泥经历了好氧到厌氧的微生物演化过程,包含了好氧、缺氧和厌氧微生物,可为5种氧化还原环境提供相应的氧化还原菌群^[18,19],且同一来源的接种物有利于排除其本身微生物差异对研究结果的影响,故将其作为本研究微生物的提供者。使用无菌玻璃瓶采集污泥样品,并用橡胶塞密封,置于4℃下的环境中冷藏储存(≤1周)。

1.2 实验室模拟培养

不同氧化还原环境构建的具体方法和电子受体投加量具体如下:在厌氧手套箱中,取50 mL厌氧消化污泥和250 mL除氧超纯水于5个350 mL的西林瓶中,使5个西林瓶顶空/液-沉积物相的体积比均为1:6;向前4个西林瓶中依次加入氧气[注入10 mL O₂并摇匀,保证O₂在液体和气体间的平衡;瓶中溶解氧(DO)含量即可从0增加至6.58 mg·L⁻¹,与标准条件下水中饱和溶解氧浓度8 mg·L⁻¹相当;氧化还原电位(ORP)可从-232 mV增加至186 mV^[20]]、无氧硝酸钠溶液(定容NO₃⁻浓度为1 mmol·L⁻¹^[21])、无氧氯化铁溶液(定容Fe³⁺浓度为1 mmol·L⁻¹^[22])和无氧硫酸钠溶液(定容SO₄²⁻浓度为1 mmol·L⁻¹^[23]),使它们分别形成好氧、硝酸盐还原、铁氧化物还原和硫酸盐还原环境。由于所取污泥为厌氧消化罐污泥,故第5个西林瓶已形成了产甲烷环境。在5种氧化还原环境形成后,向5个西林瓶中分别加入3种微塑料样品(各6 g),并用NaOH(10 mmol·L⁻¹)将pH值调至7.0,随后用橡胶塞密封和锡箔纸包裹,放置于35℃的培养箱中培养43 d,5个西林瓶依次命名为Red1、Red2、Red3、Red4和Red5(分别对应好氧、硝酸盐还原、铁氧化物还原、硫酸盐还原和产甲烷环境)。培养过程中通过电子受体浓度检测和含量补充,保证5种氧化还原环境始终维持。

1.3 DNA提取和16S rRNA基因分析

在厌氧手套箱中,从Red1~5中取出微塑料和污泥样品(用无菌超纯水洗涤微塑料3次以去除表

面的污泥),放置于灭菌的密封袋中,并立即保存至 -20°C 的干冰中,用于 DNA 的提取. 根据试剂盒的操作说明,使用 PowerSoil[®] DNA 分离试剂盒提取 DNA. 引物 338F (5-ACTCCTACGGGAGGCAGCA-3) 和 806R (5-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3) 进行 PCR 扩增细菌 16S rRNA 的 V3-V4 区^[24],并在中国的上海派森诺生物科技有限公司的 Illumina MiSeq (MiSeq, Illumina, 美国)平台对纯化的扩增子进行高通量测序. 在完成质量控制后,数据在 QIIME 平台 (1.9.1 版, 美国) 上进行进一步处理. 使用软件 Mothur (版本 1.35.1, 美国) 估计微生物多样性和丰富度. 根据 Louca 等^[25]的研究,首先在 QIIME (版本 1, 美国) 中转换物种丰度表格式为 Biom 格式,然后在 FAPROTAX (版本 1.2, 美国) 中利用 collapse_table.py 脚本将物种名称对比 Greengene、Silva 和 RDP 数据库,最后完成对微生物的功能注释,相关参数均按照默认推荐值. 对注释结果按照氧气还原、硝酸盐还原、铁氧化物还原、硫酸盐还原和发酵功能提取相关微生物组成和丰度,与环境因子(见 1.4 节)一起导入上海派森诺生物科技有限公司的在线数据分析平台 (<https://www.genesccloud.cn>),进行和弦图和关联热图分析^[26],探究氧化还原特征菌群与环境因子的相关性.

1.4 微生物群落构建机制分析

为了揭示典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落构建机制,本研究首先对氧化还原环境和微塑料选取了不同的评价因子. 不同的电子受体浓度[氧气浓度、硝酸盐浓度、铁离子浓度、硫酸盐浓度和甲烷浓度(产甲烷环境没有外加电子受体,故选取了反应结束时不同氧化还原环境中的甲烷浓度作为评价因子)]作为不同氧化还原环境对微生物群落影响的评价因子;微塑料种类(PHA、PLA 和 PVC)作为不同微塑料对微生物群落影响的评价因子. 为了量化不同环境(氧化还原环境和微塑料环境)条件下两种生态学过程在微生物群落构建过程中的贡献占比,本研究先从分类学角度,根据上述的评价因子文件和 16S rRNA 测序生成的样本 OTU 结果文件,在免费的数据分析 Tutools 平台上 (<http://www.cloudtutu.com>) 进行了典范对应分析(CCA,可用于分析不同环境因子与细菌群落构建的相关性)和方差分解分析(VPA,被广泛用于评估确定性与随机过程对群落构建的重要性,可用于定量环境因子对微生物群落的确定性影响比例);再从系统发育多样性角度,采用了随机性理论分析[计算最近物种指数 βNTI ($|\beta\text{NTI}| < 2$ 表示随机性过程占主导地位, $|\beta\text{NTI}| > 2$ 表示确定性过程占主导地位)和

基于 Bray-Curtis 距离观测值和零模型的随机性之间差异的指数 RCbray ($|\text{RCbray}| > 0.95$ 表示观测值与零模型预期间存在显著差异)]^[27,28],于在线分析工作站 (<http://ieg3.rccc.ou.edu:8080/>) 上计算了 βNTI 指数和 RCbray 指数^[28].

2 结果与讨论

2.1 典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征

2.1.1 α 多样性分析

α 多样性指数表征物种在生境内的多样性,以综合评价其总体丰度(Chao1、Faith's PD)和均匀度(Shannon、Simpson)^[29]. 对 16S rRNA 测定结果进行了 α 多样性分析,具体如图 1 所示. Chao1、Faith's PD、Shannon 和 Simpson 指数的 P 值分别为 0.009、0.005 3、0.004 2 和 0.006 8 < 0.05 ,因此典型氧化还原环境中微塑料表面和污泥中的微生物群落在丰富度和均匀度上均表现出显著差异. 前人研究一般认为微塑料表面的微生物群落丰富度低于周围的基质,但是均匀度会高于周围基质^[30],而本研究中,微塑料表面的微生物群落丰富度和均匀度均低于污泥,丰富度规律与前人研究的结果一致,均匀度规律却与前者相反. 推测是因为微塑料表面部分物质溶出或者降解(43 d 后,Red1 ~ 5 中 PHA 质量损失均可达 50% 左右),导致微塑料表面出现了特异性菌种,从而降低了其均匀度. 此外,与前人研究的结果

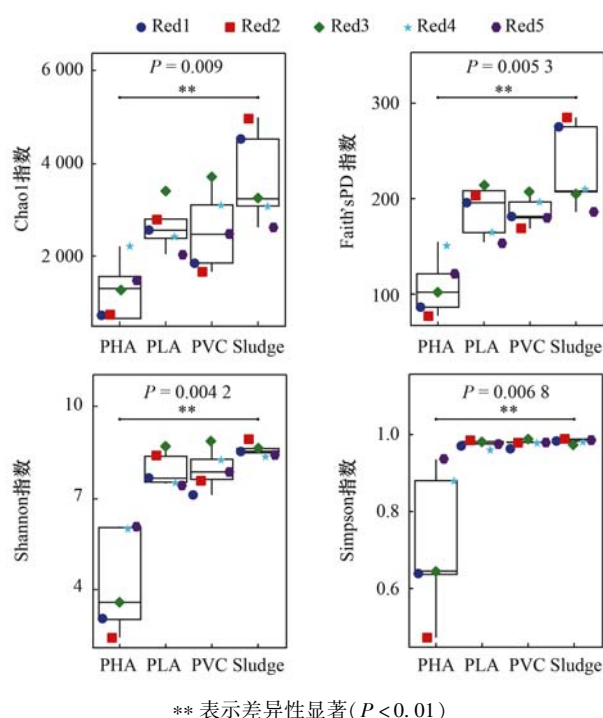


图1 不同微塑料表面微生物群落的 α 多样性分析

Fig. 1 Analysis of α diversity of microbial communities on different microplastic surfaces

一致,好氧/缺氧环境下(好氧和硝酸盐还原环境)污泥中微生物群落的丰富度高于厌氧环境(铁氧化物还原、硫酸盐还原和产甲烷环境),多样性低于厌氧环境^[31]. 3种微塑料均不同于污泥,具体表现为:好氧/缺氧环境下 PHA 表面的微生物群落丰富度和多样性均明显低于厌氧环境,推测是因为在厌氧环境下利用 PHA 为碳源的微生物种类更多,丰富度得到提高;PLA 和 PVC 表面的微生物群落变化特征相似,丰富度和均匀度从好氧环境向铁氧化物还原环境变化时逐渐增加,从铁氧化物还原环境向产甲烷环境变化时逐渐降低,推测是因为 PLA 和 PVC 表面出现了不同于 PHA 和污泥的特异性菌种,2.1.2 节的分析结果可以证明这一推测.

2.1.2 微生物群落组成分析

在 5 种典型氧化还原环境中,不同微塑料表面和污泥中属水平上丰度最高的前 20 种微生物如图 2 所示. 在污泥中会富集: *Aminicenantales*、*Acetothermii*、*Acinetobacter*、*Clostridium_sensu_stricto_7*、*Clostridium_sensu_stricto_12*、*SC103*、*Aquabacterium*、*OLB14*、*Candidatus_Cloacimonas*、*Syntrophomonas*、*Dechloromonas* 和 *SC-I-84*, 这 12 种菌种也同时在 3 种微塑料表面富集,但丰度存在差异;部分特有菌种如 *JG30-KF-CM45* (1.63%)、*c5LKS83* (0.73%)、*SBR1031* (0.69%)、*67-14* (0.66%) 和 *IMCC26207* (0.64%) 在污泥中富集但并未在微塑料表面被发现. 在 PHA 微塑料表面,除了上述的 12 种菌种外, *Anaerocolumna* (26.44%) 成为了优势菌种,这与前人研究的结果一致^[1],而且相比于厌氧环境(铁氧化物、硫酸盐和产甲烷还原环境),其更喜好在好氧/缺氧环境下(好氧和硝酸盐还原环境)富集. 在 PLA 微塑料表面, *Clostridium_sensu_stricto_7* (26.44%) 为优势菌种,研究发现其为专性厌氧菌^[32],容易在严格厌氧的环境中富集^[33];另外,还发现了 *Dechlorobacter* (0.62%) 和 *Syntrophus* (0.60%) 的特异性富集,表明部分 PLA 微塑料衍生的碳源可被用作厌氧消化产气^[34]. 在 PVC 微塑料表面,与 PLA 微塑料相同, *Clostridium_sensu_stricto_7* (11.87%) 为优势菌种,但 PVC 微塑料特有菌群为 *BD1-7_clade* (1.08%) 和 *Pseudomonas* (0.83%), 其中 *Pseudomonas* 是革兰氏阴性需氧菌,广泛存在于各种环境中,携带多种病原体^[35],需要对其引起一定的重视.

综上所述,与前人研究的结果一致,不同微塑料表面的微生物群落会与污泥呈现差异^[1,2];而且与污泥相比,PHA 微塑料表面上的微生物群落变化最明显,PLA 和 PVC 微塑料表面上的微生物群落虽有

差异,但整体变化特征相似.

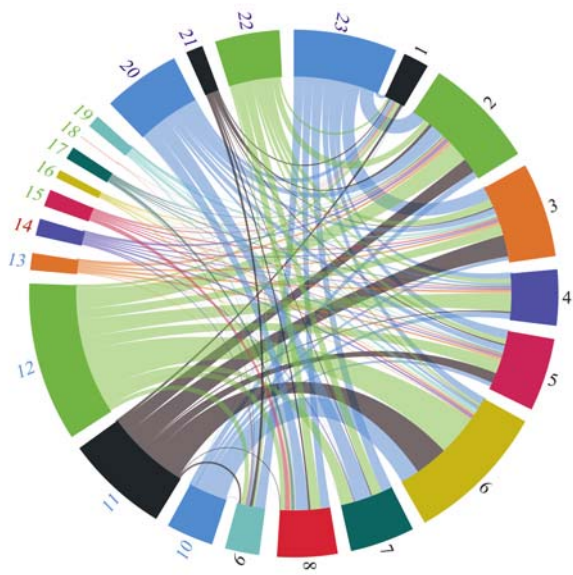
2.1.3 氧化还原特征菌群在微塑料表面的分布规律

微生物功能注释结果表明^[25], *Comamonas*、*Pseudomonas*、*Thauera* 和 *Zoogloea* 是典型的氧还原菌和硝酸盐还原菌; *Geobacter* 是典型的铁还原菌; *Desulfomicrobium*、*Desulforegula*、*Desulforhabdus*、*Desulfosporosonus* 和 *Desulfobivibro* 是典型的硫酸盐还原菌; *Anaerovorax*、*Anoxybacillus*、*Syntrophomonas* 和 *Syntrophus* 是典型的代谢有机物的发酵菌.

将以上参与氧化还原的特征菌群与环境因子进行和弦图分析,结果表明(图 3),不同的氧化还原菌群已在对应的氧化还原环境中高度富集(此时,产甲烷环境对其它氧化还原环境影响较小),具体如下:由于在 Red1 ~ 2 中补充 O_2 和 NO_3^- 作为电子受体, *Comamonas*、*Pseudomonas*、*Thauera* 和 *Zoogloea* 会在 Red1 ~ 2 中显著富集(在 Red1 ~ 2 中总丰度平均值分别为 0.46%、0.87%、1.10% 和 0.07%,而在 Red3 ~ 5 中的总丰度平均值分别为 0.01%、0.03%、0.31% 和 0.01%);虽然在 Red3 中补充 Fe^{3+} 作为电子受体,但 *Geobacter* 并未在 Red3 中显著富集,推测是因为 *Geobacter* 并非专性铁还原菌^[36],也可以利用氧气和硝酸盐作电子受体,所以其在 Red1 ~ 3 中均较 Red4 ~ 5 中富集(Red1 ~ 3 总丰度平均值为 0.08%, Red4 ~ 5 总丰度平均值为 0.04%);由于在 Red4 中补充 SO_4^{2-} 作为电子受体, *Desulfomicrobium*、*Desulforegula*、*Desulforhabdus*、*Desulfosporosonus* 和 *Desulfobivibro* 会在 Red4 中显著富集(在 Red4 中总丰度平均值分别为 0.18%、0.06%、0.12%、0.01% 和 0.05%,而在其它 Red 中总丰度平均值分别为 0.03%、0.02%、0.02%、0.0006% 和 0.05%);在 Red5 中,虽然微生物以有机物为电子受体进行厌氧发酵,但 *Anaerovorax*、*Anoxybacillus*、*Syntrophomonas* 和 *Syntrophus* 并没有在 Red5 中显著富集,因为在其它 Red 中特别是 Red3 ~ 4 中微生物也会代谢有机物进行厌氧发酵,所以其在 Red3 ~ 5 中均较 Red1 ~ 2 中富集(在 Red3 ~ 5 中总丰度平均值分别为 0.39%、0.09%、0.30% 和 0.42%, Red1 ~ 2 总丰度平均值为 0.19%、0.04%、0.17% 和 0.34%). 此外,有趣的是,相比于污泥,无论是氧还原菌和硝酸盐还原菌,还是铁还原菌、硫酸盐还原菌和发酵菌均更容易富集在难降解的 PLA (PLA 虽然为生物基微塑料,但它不会在人工堆肥条件之外发生生物降解,其解聚酶活性的最适温度为 60℃^[37]) 和 PVC 微塑料表面. 氧还原菌和硝酸盐还原菌在 PLA 和 PVC 微塑料表面的丰度为 1.85% 和 1.59%,在污泥中的丰度为 1.17%,而在



Fig. 2 Community composition at the genus level on different microplastic surfaces and sludge



1. PHA, 2. PLA, 3. PVC, 4. 污泥, 5. 氧气浓度, 6. 硝酸盐浓度, 7. 铁离子浓度, 8. 硫酸盐浓度, 9. 甲烷浓度, 10. *Comamonas*, 11. *Pseudomonas*, 12. *Thauera*, 13. *Zoogloea*, 14. *Geobacter*, 15. *Desulfomicrobium*, 16. *Desulforegula*, 17. *Desulforhabdus*, 18. *Desulfosporosinus*, 19. *Desulfobivbro*, 20. *Anaerovorax*, 21. *Anoxybacillus*, 22. *Syntrophomonas*, 23. *Syntrophus*; 其中 10~13 为氧气和硝酸盐还原菌, 14 为铁还原菌, 15~19 为硫酸盐还原菌, 20~23 为发酵菌

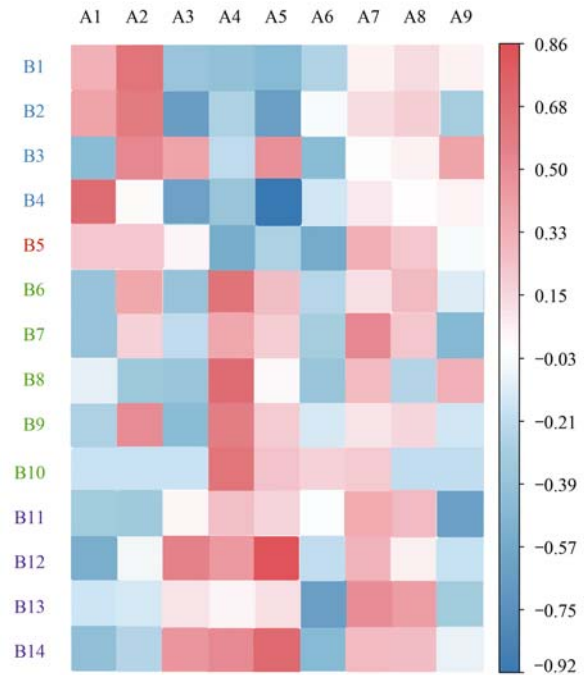
图3 微生物与环境因子和弦分析

Fig. 3 Chord analysis of microbial and environmental factors

PHA 微塑料表面的丰度为 0.34%; 铁还原菌在 PLA 和 PVC 微塑料表面的丰度为 0.08% 和 0.13%, 在污泥中的丰度为 0.06%, 而在 PHA 微塑料表面的丰度为 0.02%; 硫酸盐还原菌在 PLA 和 PVC 微塑料表面的丰度为 0.23% 和 0.27%, 在污泥中的丰度为 0.12%, 而在 PHA 微塑料表面的丰度为 0.08%; 发酵菌在 PLA 和 PVC 微塑料表面的丰度为 1.50% 和 1.18%, 在污泥中的丰度为 0.53%, 而在 PHA 微塑料表面的丰度为 0.41%。这与 Seeley 等^[38]发现硫酸盐还原菌 *Desulfobacteraceae*、*Desulfobulbaceae* 和 *Deltaproteobacteria* 更容易富集在沉积物中 PVC 微塑料表面的结果一致。随后, 本研究将参与氧化还原的特征菌群与环境因子进一步进行了关联热图分析, 结果表明(图 4), 不同氧化还原特征菌群与对应电子受体呈显著的相关性, 这与前人研究的结果一致^[31]; 此外, 相比于污泥, 5 种氧化还原特征菌群均与 PLA 和 PVC 微塑料呈显著的正相关关系, 而与 PHA 微塑料呈显著的负相关关系。

和弦图和关联热图表明, 参与氧化还原反应的特征菌群由于电子受体的改变, 会显著富集到对应的氧化还原环境中; 此外, 5 种氧化还原菌群在 PLA 和 PVC 微塑料上的丰度(3.71% 和 3.11%) 高于污泥(1.88%) 2 倍左右, 高于 PHA 微塑料

(0.84%) 4 倍左右。前人研究发现抗性基因在难降解微塑料表面显著富集^[8,9], 可能造成潜在的环境危害, 本研究发现与氧化还原反应相关的特征菌群会在难降解微塑料表面显著富集, 进而可能造成生物地球化学循环速率的改变。



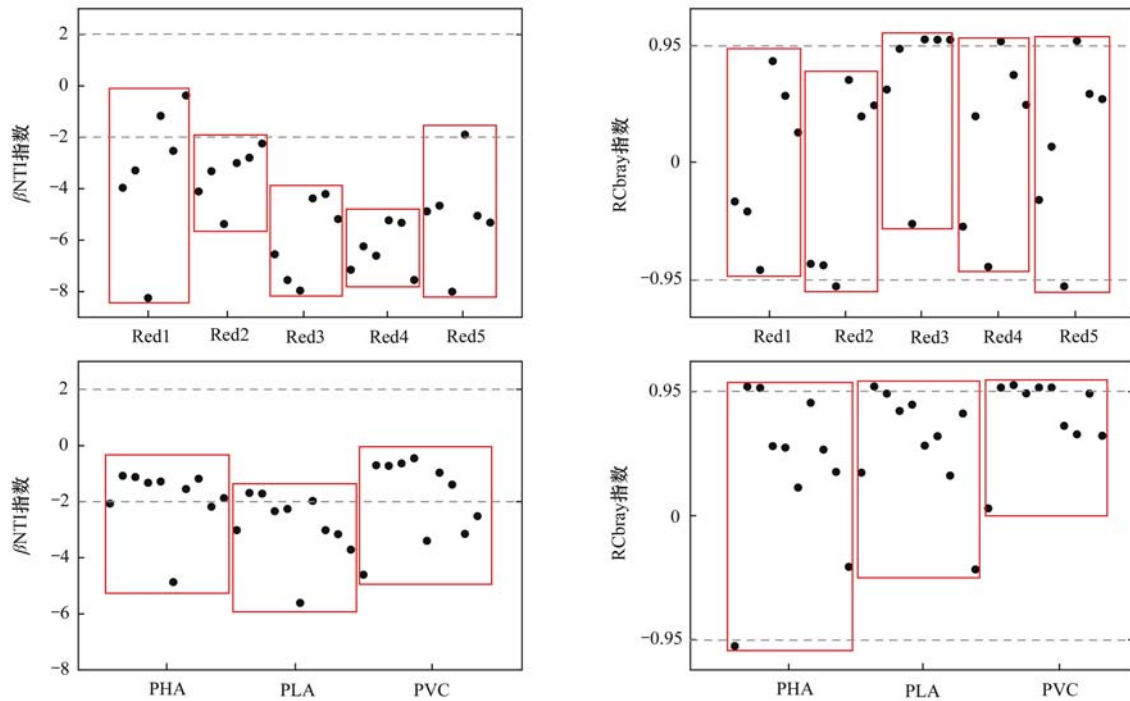
A1. PHA, A2. PLA, A3. PVC, A4. 污泥, A5. 氧气浓度, A6. 硝酸盐浓度, A7. 铁离子浓度, A8. 硫酸盐浓度, A9. 甲烷浓度, B1. *Comamonas*, B2. *Pseudomonas*, B3. *Thauera*, B4. *Zoogloea*, B5. *Geobacter*, B6. *Desulfomicrobium*, B7. *Desulforegula*, B8. *Desulforhabdus*, B9. *Desulfosporosinus*, B10. *Desulfobivbro*, B11. *Anaerovorax*, B12. *Anoxybacillus*, B13. *Syntrophomonas*, B14. *Syntrophus*; 其中 B1~B4 为好氧和硝酸盐还原菌, B5 为铁还原菌, B6~B10 为硫酸盐还原菌, B11~B14 为发酵菌

图4 微生物与环境因子相关性分析

Fig. 4 Correlation analysis between microorganisms and environmental factors

2.2 典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落构建机制

确定性过程(如种间竞争和环境过滤)和随机性过程(如物种扩散和生态漂变)在维持生物多样性中的相对重要性一直是生态学研究的核心问题之一, 定量计算它们各自在微生物群落构建过程中贡献占比的方法也有多种^[2]。目前来说, 大多数方法需要基于 16S rRNA 的测序技术^[39], 本研究也是基于 16S rRNA 的测序结果, 再从分类学角度和系统发育学角度, 量化确定性过程和随机性过程的贡献占比。从分类学角度, 对不同的环境因子和测序结果进行了 CCA 分析和 VPA 分析(VPA 分析结果中若环境变量可高比例解释群落结构变异, 则可以定量该环境变量对微生物群落的确切影响



虚线用于确定 $|\beta NTI|$ 小于 2 和 $|RCbray|$ 小于 0.95 的数据占比,从而判断随机性过程与确定性过程的主导地位

图 7 βNTI 指数和 $RCbray$ 指数在不同氧化还原环境和不同微塑料上的分布

Fig. 7 Distribution of βNTI index and $RCbray$ index in different redox environments and different microplastics

3 结论

(1)与污泥相比较,微塑料表面的微生物群落特征会根据微塑料的种类发生改变;其中更易降解的 PHA 微塑料表面的微生物群落丰富度和均匀度均最低, *Anaerocolumna* (26.44%) 为优势菌种,难降解的 PLA 和 PVC 微塑料表面的微生物群落变化特征接近, *Clostridium_sensu_stricto_7* (15.49% 和 11.87%) 为优势菌种。

(2)参与氧化还原反应的特征菌群更易在难降解的 PLA 和 PVC 微塑料(3.71% 和 3.11%) 表面富集,在易降解的 PHA 微塑料和污泥(1.88% 和 0.84%) 中较少富集,因此难降解塑料可能促进生物地球化学循环速率。

(3)在微塑料表面的微生物群落构建过程中,微塑料因子在分类学和系统发育学上分别影响了微塑料表面 18.94% 和 46.67% 的微生物群落,氧化还原环境因子在分类学和系统发育学上分别影响了微塑料表面 31.04% 和 90.00% 的微生物群落。

参考文献:

- [1] Rogers K L, Carreres-Calabuig J A, Gorokhova E, *et al.* Microby-micro interactions: how microorganisms influence the fate of marine microplastics[J]. *Limnology and Oceanography Letters*, 2020, **5**(1): 18-36.
- [2] 李汶璐,王志超,杨文焕,等. 微塑料对沉积物细菌群落组成和多样性的影响[J]. *环境科学*, 2022, **43**(5): 2606-2613.

- Li W L, Wang Z C, Yang W H, *et al.* Effects of microplastics on bacterial community composition and diversity in sediments [J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(5): 2606-2613.
- [3] Zettler E R, Mincer T J, Amaral-Zettler L A. Life in the "plastisphere": microbial communities on plastic marine debris [J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, **47**(13): 7137-7146.
- [4] Thorstenson D C, Fisher D W, Croft M G. The geochemistry of the Fox hills-basal hell creek aquifer in southwestern north Dakota and northwestern South Dakota[J]. *Water Resources Research*, 1979, **15**(6): 1479-1498.
- [5] Bergé A, Cladière M, Gasperi J, *et al.* Meta-analysis of environmental contamination by phthalates [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2013, **20**(11): 8057-8076.
- [6] Wright R J, Erni-Cassola G, Zadjelovic V, *et al.* Marine plastic debris: a new surface for microbial colonization [J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, **54**(19): 11657-11672.
- [7] Oberbeckmann S, Labrenz M. Marine microbial assemblages on microplastics: diversity, adaptation, and role in degradation[J]. *Annual Review of Marine Science*, 2020, **12**: 209-232.
- [8] 周曙屹, 朱永官, 黄福义. 微塑料对海水抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2021, **42**(8): 3785-3790.
- Zhou S Y D, Zhu Y G, Huang F Y. Microplastic-induced alterations to antibiotic resistance genes in seawater [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(8): 3785-3790.
- [9] 周昕原, 王言仔, 苏建强, 等. 微塑料对河水抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(9): 4076-4080.
- Zhou X Y, Wang Y Z, Su J Q, *et al.* Microplastics-induced shifts of diversity and abundance of antibiotic resistance genes in river water[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4076-4080.
- [10] 黄福义, 杨凯, 张子兴, 等. 微塑料对河口沉积物抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2234-2239.

- Huang F Y, Yang K, Zhang Z X, *et al.* Effects of microplastics on antibiotic resistance genes in estuarine sediments [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2234-2239.
- [11] Tagg A S, Oberbeckmann S, Fischer D, *et al.* Paint particles are a distinct and variable substrate for marine bacteria[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2019, **146**: 117-124.
- [12] Stegen J C, Lin X J, Konopka A E, *et al.* Stochastic and deterministic assembly processes in subsurface microbial communities[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(9): 1653-1664.
- [13] 江晓亮. 典型湿地硝化、反硝化微生物的群落特征及构建机制 [D]. 武汉: 中国科学院武汉植物园, 2021.
Jiang X L. The geographic distribution patterns and assembly mechanisms of nitrifying-and denitrifying microbial communities in the typical wetland ecosystems [D]. Wuhan: Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, 2021.
- [14] Dini-Andreote F, Stegen J C, Van Elsland J D, *et al.* Disentangling mechanisms that mediate the balance between stochastic and deterministic processes in microbial succession [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, **112**(11): E1326-E1332.
- [15] Alimi O S, Budar J F, Hernandez L M, *et al.* Microplastics and nanoplastics in aquatic environments: aggregation, deposition, and enhanced contaminant transport[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(4): 1704-1724.
- [16] Su Y L, Zhang Z J, Wu D, *et al.* Occurrence of microplastics in landfill systems and their fate with landfill age [J]. *Water Research*, 2019, **164**, doi: 10.1016/j.watres.2019.114968.
- [17] Bucknall D G. Plastics as a materials system in a circular economy[J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society A Mathematical, Physical and Engineering Sciences*, 2020, **378**(2176), doi: 10.1098/rsta.2019.0268.
- [18] Ma J, Liu H, Zhang C, *et al.* Joint response of chemistry and functional microbial community to oxygenation of the reductive confined aquifer[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **720**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137587.
- [19] Zhou J Z, Deng Y, Zhang P, *et al.* Stochasticity, succession, and environmental perturbations in a fluidic ecosystem [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, **111**(9): E836-E845.
- [20] Ma J, Gong Z W, Wang Z P, *et al.* Elucidating degradation properties, microbial community, and mechanism of microplastics in sewage sludge under different terminal electron acceptors conditions[J]. *Bioresour Technol*, 2022, **346**, doi: 10.1016/j.biortech.2021.126624.
- [21] Lv P L, Shi L D, Dong Q Y, *et al.* How nitrate affects perchlorate reduction in a methane-based biofilm batch reactor [J]. *Water Research*, 2020, **171**, doi: 10.1016/j.watres.2019.115397.
- [22] Liu S, Liu H, Wang Z, *et al.* Benzene promotes microbial Fe (III) reduction and flavins secretion [J]. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 2019, **264**: 92-104.
- [23] Flynn T M, Sanford R A, Ryu H, *et al.* Functional microbial diversity explains groundwater chemistry in a pristine aquifer[J]. *BMC Microbiology*, 2013, **13**, doi: 10.1186/1471-2180-13-146.
- [24] Walters W A, Caporaso J G, Lauber C L, *et al.* PrimerProspector: *de novo* design and taxonomic analysis of barcoded polymerase chain reaction primers[J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(8): 1159-1161.
- [25] Louca S, Parfrey L W, Doebeli M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome[J]. *Science*, 2016, **353**(6305): 1272-1277.
- [26] Li H K, Zhong Y M, Huang H, *et al.* Simultaneous nitrogen and phosphorus removal by interactions between phosphate accumulating organisms (PAOs) and denitrifying phosphate accumulating organisms (DPAOs) in a sequencing batch reactor [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **744**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140852.
- [27] Zhou J Z, Ning D L. Stochastic community assembly: does it matter in microbial ecology? [J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2017, **81**(4), doi: 10.1128/mmbr.00002-17.
- [28] Stegen J C, Lin X J, Fredrickson J K, *et al.* Quantifying community assembly processes and identifying features that impose them [J]. *The ISME Journal*, 2013, **7**(11): 2069-2079.
- [29] Whittaker R H. Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California[J]. *Ecological Monographs*, 1960, **30**(3): 279-338.
- [30] Amaral-Zettler L A, Zettler E R, Mincer T J. Ecology of the plastisphere[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2020, **18**(3): 139-151.
- [31] Ma J, Liu H, Tong L, *et al.* Relationships between microbial communities and groundwater chemistry in two pristine confined groundwater aquifers in central China [J]. *Hydrological Processes*, 2019, **33**(14): 1993-2005.
- [32] Sun Y Y, Li M, Li Y Y, *et al.* The effect of *Clostridium butyricum* on symptoms and fecal microbiota in diarrhea-dominant irritable bowel syndrome: a randomized, double-blind, placebo-controlled trial[J]. *Scientific Reports*, 2018, **8**(1), doi: 10.1038/s41598-018-21241-z.
- [33] Wüst P K, Horn M A, Drake H L. *Clostridiaceae* and *Enterobacteriaceae* as active fermenters in earthworm gut content [J]. *The ISME Journal*, 2011, **5**(1): 92-106.
- [34] Kato S, Chino K, Kamimura N, *et al.* Methanogenic degradation of lignin-derived monoaromatic compounds by microbial enrichments from rice paddy field soil [J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**, doi: 10.1038/srep14295.
- [35] Özen A I, Ussery D W. Defining the *Pseudomonas* genus; where do we draw the line with *Azotobacter*? [J]. *Microbial Ecology*, 2012, **63**(2): 239-248.
- [36] Flynn T M, Sanford R A, Santo Domingo J W, *et al.* The active bacterial community in a pristine confined aquifer [J]. *Water Resources Research*, 2012, **48**(9), doi: 10.1029/2011wr011568.
- [37] Pathak V M, Navneet. Review on the current status of polymer degradation: a microbial approach [J]. *Bioresources and Bioprocessing*, 2017, **4**(1), doi: 10.1186/s40643-017-0145-9.
- [38] Seeley M E, Song B, Passie R, *et al.* Microplastics affect sedimentary microbial communities and nitrogen cycling [J]. *Nature Communications*, 2020, **11**(1), doi: 10.1038/s41467-020-16235-3.
- [39] 方源. 基于人工微生物群落研究随机性过程对群落演替与构建的影响 [D]. 合肥: 合肥工业大学, 2020.
Fang Y. Investigating the influence of stochastic process on community assembly using synthetic microbial consortia [D]. Hefei: Hefei University of Technology, 2020.

CONTENTS

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Heavy Metal in Atmospheric Deposition in China from 2000 to 2018	CHEN Qi-yong, GAO Yun-bing, NI Run-xiang, <i>et al.</i> (4413)
Simulation of PM _{2.5} Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form	LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, <i>et al.</i> (4425)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Chengdu Under the Background of Emission Reduction	CHEN Lu-yao, YU Yang-chun, HUANG Xiao-juan, <i>et al.</i> (4438)
Characteristics and Health Risk Assessment of Trace Elements in Atmospheric PM ₁ During Autumn and Winter in Qingdao	LIU Zi-yang, ZHANG Yi-sheng, ZHANG Hou-yong, <i>et al.</i> (4448)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric PM _{2.5} -bound Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Port Area	WANG Peng-cheng, YANG Ling-xiao, BIE Shu-jun, <i>et al.</i> (4458)
Size Distribution and Source Apportionment of Road Particles During Winter in Tianjin	ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, <i>et al.</i> (4467)
Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing	LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, <i>et al.</i> (4475)
Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer	MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, <i>et al.</i> (4484)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in a Typical Industrial Area in Dongguan During Periods of Ozone and Non-ozone Pollution in Summer	ZHOU Zhen, XIAO Lin-hai, FEI Lei-lei, <i>et al.</i> (4497)
Temporal and Spatial Variation in Odor Pollution and Membrane Barrier Effect in Municipal Solid Waste Landfill	HE Pin-jing, LI Jian-chen, LÜ Fan, <i>et al.</i> (4506)
Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years	WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, <i>et al.</i> (4513)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Typical and Emerging Per- and Polyfluoroalkylated Substances in Tuojiang River Basin	SONG Jiao-jiao, WANG Yi-mei, SUN Jing, <i>et al.</i> (4522)
Speciation and Risk of Heavy Metals in Surface Sediments of Different Types of Water Bodies in Baiyangdian Lake	XU Meng-ya, ZHANG Chao, SHAN Bao-qing, <i>et al.</i> (4532)
Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors	JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4543)
Ecological Risk Assessment of Quinolones Antibiotics and the Correlation Analysis Between QNs and Physical-Chemical Parameters in Groundwater, Shijiazhuang City	CHEN Hui, JU Ze-jia, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4556)
Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments	CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, <i>et al.</i> (4566)
Characteristics of Phytoplankton Community Structure and Their Relationships with Environmental Factors in Autumn in Qinhe River Basin of Jincheng Region	GAO Meng-die, LI Yan-fen, LI Yan-li, <i>et al.</i> (4576)
Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (4587)
Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate	LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, <i>et al.</i> (4597)
Removal Performance of Suspended Solid (SS) and Organic Compounds in the Pre-treatment of Actual Pharmaceutical Wastewater by Microbubble Ozonation	LIU Chun, CHEN Rui, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (4608)
Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area	CHEN Jia-yu, SU Zhi-guo, YAO Peng-cheng, <i>et al.</i> (4616)
Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation	GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, <i>et al.</i> (4625)
Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and <i>phoD</i> -harboring Bacterial Community in Karst Soil	XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, <i>et al.</i> (4636)
Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine	NING Yue-wei, LIU Yong, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (4647)
Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities	YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, <i>et al.</i> (4655)
Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River	SUN Hua-fang, LI Xi-lai, JIN Li-qun, <i>et al.</i> (4662)
Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in <i>Calamagrostis angustifolia</i> Wetland in Sanjiang Plain	WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, <i>et al.</i> (4674)
Spatial Distribution of Quinolone Antibiotics and Its Correlation Relationship with Microbial Community in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, JU Ze-jia, CHEN Hui, <i>et al.</i> (4684)
Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments	GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, <i>et al.</i> (4697)
Annual Nitrogen Removal Efficiency and Change in Abundance of Nitrogen Cycling Microorganisms in Swine Wastewater Treated by Crop Straw Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, JIANG Lei, <i>et al.</i> (4706)
Effects of External Carbon Sources on Ultimate Nitrogen Removal Performance and Microbial Community in Secondary Effluent Treating Process	WANG Wei, ZHAO Zhong-yuan, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4717)
Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project	LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, <i>et al.</i> (4727)
Analysis of Microbial Interaction Law of Mud Membrane in IFAS Process for Treating Low Carbon Source Sewage in South China	HE Jun-guo, JIANG Wei-xun, HE Zhuo-yi, <i>et al.</i> (4736)
Abundances and Morphology Patterns of Microplastics Under Different Land Use Types on the Loess Plateau	HAO Yong-li, HU Ya-xian, BAI Xiao-xiong, <i>et al.</i> (4748)
Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risk in Soils of Southern Hilly Areas	WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, <i>et al.</i> (4756)
Risk Assessment and Attribution Analysis of "Five Toxic" Heavy Metals in Cultivated Land in Lanzhou	ZHANG Li-rui, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i> (4767)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils and Crops in Luancheng, Shijiazhuang City	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (4779)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil	SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, <i>et al.</i> (4791)
Contamination Assessment and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Typical Villages and Towns in a Nonferrous Metal Mining City	WANG Feng, HUANG Yan-huan, LI Ru-zhong, <i>et al.</i> (4800)
Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (<i>Pennisetum purpureum</i> Schum)	TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4810)
Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis	ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, <i>et al.</i> (4820)
Effects of Exogenous Jasmonic Acid on Arsenic Accumulation and Response to Stress in Roots of Rice Seedlings	LI Yan, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i> (4831)
Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield	SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, <i>et al.</i> (4839)
Effect of Winter Cover Cropping on Soil Greenhouse Gas Emissions in a Dryland Spring Maize Field on the Loess Plateau of China	ZHANG Shao-hong, WANG Jun, FANG Zhen-wen, <i>et al.</i> (4848)
Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangqiangou Nature Reserve	LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, <i>et al.</i> (4858)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide Concentrations and the Influencing Factors in Small Aquaculture Pond	SHI Jie, ZHANG Mi, QIU Ji-li, <i>et al.</i> (4867)
Effect of Butyl Xanthate on Pb ²⁺ and Cd ²⁺ Adsorption by Soil Around a Dressing Plant	HU Zhi-hao, GUO Zhao-hui, RAN Hong-zhen, <i>et al.</i> (4878)
Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar	SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (4888)
Spatial-temporal Variations and Their Driving Forces of the Ecological Vulnerability in the Loess Plateau	ZHANG Liang-xia, FAN Jiang-wen, ZHANG Hai-yan, <i>et al.</i> (4902)
Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation	MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, <i>et al.</i> (4911)