

目次

气候变化对中国夏季臭氧影响	胡安琪, 谢晓栋, 龚康佳, 侯宇晖, 胡建林 (1801)
基于 EOF 分解和 KZ 滤波的 2019~2021 年中国臭氧时空变化及驱动因素分析	王浩琪, 张裕芬, 罗忠伟, 王艳阳, 戴启立, 毕晓辉, 吴建会, 冯银厂 (1811)
华北工业城市夏季大气臭氧生成机制及减排策略	郑镇森, 窦建平, 张国涛, 李丽明, 徐勃, 杨文, 白志鹏 (1821)
2015~2020 年中国城市 $PM_{2.5}$ - O_3 复合污染时空演变特征	牛笑笑, 钟艳梅, 杨璐, 易嘉慧, 慕航, 吴倩, 洪松, 何超 (1830)
2015~2021 年京津冀及周边地区 $PM_{2.5}$ 和臭氧复合污染时空特征分析	宋小涵, 燕丽, 刘伟, 贺晋瑜, 王亚晨, 黄同林, 李园园, 陈敏, 孟静静, 侯战方 (1841)
2000~2020 年中国典型经济区 $PM_{2.5}$ 时空变化及其与植被景观格局的关系	徐勇, 李欣怡, 黄雯婷, 郭振东, 盘钰春, 郑志威, 戴强玉 (1852)
北京市核心区冬春季大气离子沉降量特征及来源解析	赵宇, 李贝贝, 黄玉虎, 梁静, 杨洪玲, 秦建平, 朱玲 (1865)
南京近郊农田大气颗粒物及金属干沉降输入特征	刘翠英, 靳浩, 樊建凌 (1873)
西安冬季 $PM_{2.5}$ 中不同极性水溶性有机物的污染特征及氧化潜势	罗玉, 黄沙沙, 张甜, 孙健, 沈振兴 (1882)
机动车源和民用燃料源颗粒物中有机碳和元素碳的排放特征	王红磊, 刘思略, 孙杰娟, 刘煥武, 赵天良, 裴宇僊, 可玥, 武自豪, 刘诗云 (1890)
伊犁河谷核心区春季 $PM_{2.5}$ 组分特征及来源解析	谷超, 徐涛, 马超, 伊布提哈尔·加帕尔, 郭丽瑶, 李新琪, 杨文 (1899)
基于高分辨率网格的郑州市城镇居民 $PM_{2.5}$ 暴露浓度与健康风险变化评估	李媛, 徐艺斐, 袁明浩, 苏方成, 王申博, 王克, 张瑞芹 (1911)
基于多源数据融合的河南省建材行业排放清单	刘晓, 胡京南, 王红梅, 杨丽, 张皓 (1924)
开封市城区冬季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	施雨其, 郑凯允, 丁玮婷, 刘金平, 陈洪光, 高光, 王玲玲, 王楠, 马双良, 郑瑶, 谢绍东 (1933)
2020 年和 2021 年南京城区臭氧生成敏感性和 VOCs 来源变化分析	陆晓波, 王鸣, 丁峰, 喻义勇, 张哲海, 胡崑 (1943)
北京市城区夏季大气 VOCs 变化特征及臭氧生成潜势	张蕊, 孙雪松, 王裕, 王飞, 罗志云 (1954)
青岛市臭氧污染与非污染期间 VOCs 化学特征及来源解析	贾智海, 顾瑶, 孔翠丽, 宋江邦, 孟赫, 石来元, 吴建会, 刘保双 (1962)
基于总过氧自由基观测研究合肥市西郊夏季 O_3 生成特征	俞辉, 韦娜娜, 徐学哲, 刘芊芊, 姚易辰, 赵卫雄, 张为俊 (1974)
“大气十条”政策的节能降碳效果评估与创新中介效应	李少林, 王齐齐 (1985)
北京市减污降碳协同控制情景模拟和效应评估	俞珊, 张双, 张增杰, 翟艳芝, 刘桐坤 (1998)
基于不同排放清单的长三角人为 CO_2 排放模拟	马心怡, 黄文晶, 胡凝, 肖薇, 胡诚, 张弥, 曹畅, 赵佳玉 (2009)
武汉汉江水源水质变化趋势及风险分析	卓海华, 姜保峰, 徐杰, 陈洁, 陈杰, 兰秀薇, 范文重, 欧阳雪姣, 兰静 (2022)
长江武汉段水源地典型抗生素及抗性基因污染特征与生态风险评价	李柏林, 张贺, 王俊, 沙雪妮, 陈晓飞, 卓海华 (2032)
陕北矿区典型河流多环芳烃的赋存特征、来源及毒性风险分析	吴喜军, 董颖, 赵健, 刘静, 张亚宁 (2040)
典型湖泊有机聚集体时空特征及驱动因子	谢贵娟, 龚伊, 朱富成, 刘昌利, 卢宝伟, 邓辉, 汤祥明 (2052)
桂林市不同功能型公园水体微塑料的分布特征及风险评估	李沛钊, 吴莉, 黄菲菲, 林才霞, 舒小华, 张倩 (2062)
长江流域浮游植物群落的环境驱动及生态评价	张静, 胡愈圻, 胡圣, 黄杰 (2072)
环境异质性对三峡库区支流香溪河附石硅藻群落的影响及驱动作用	纪璐璐, 赵璐, 欧阳添, 杨宋琪, 郑保海, 杜雨欣, 李玉鑫, 李佳欣, 施军琼, 吴忠兴 (2083)
武汉市 3 种类型湖泊浮游植物群落特点及关键影响因素	张浩坤, 闵奋力, 崔慧荣, 彭雪, 张心怡, 张淑烟, 李竹栖, 葛芳杰, 张璐, 吴振斌, 刘碧云 (2093)
重金属污染对不同生境中微生物群落结构的影响	何一凡, 肖新宗, 王佳文 (2103)
毫清河水体细菌群落的结构和分布特征	王森, 陈建文, 张红, 李君剑 (2113)
微塑料暴露对小棒指软珊瑚 (<i>Sinularia microclavata</i>) 共生细菌群落结构和功能的影响	刘敏, 车文学, 曾映旭, 边伟杰, 吕淑果, 穆军 (2122)
上海市从源头到龙头的饮用水新型污染物分布特征及健康风险评价	严棋 (2136)
铝改性生物炭对水体低浓度氟的吸附特性	刘艳芳, 高玮, 刘蕊, 尹思婕, 张妙雨, 刘晓帅, 李再兴 (2147)
典型雌激素在微塑料上的吸附特征及位点能量分布	刘姜艳, 郑密密, 胡嘉梧, 柳玉荣, 贺德春, 潘杰 (2158)
面向工业园区废水臭氧氧化深度处理性能评价的模型污染物选择与评估	辛勃, 单超, 吕路 (2168)
基于地理探测器和多源数据的耕地土壤重金属来源驱动因子及其交互作用识别	张宏泽, 崔文刚, 刘绥华, 崔瀚文, 黄月美 (2177)
基于 APCS-MLR 和 PMF 模型的煤矸山周边耕地土壤重金属污染特征及源解析	马杰, 沈智杰, 张萍萍, 刘萍, 刘今朝, 孙静, 王玲灵 (2192)
基于蒙特卡罗模拟的铅锌冶炼厂周边农田土壤重金属健康风险评估	黄剑波, 姜登登, 温冰, 王磊, 石佳奇, 周艳 (2204)
基于 BP 神经网络预测北京市加油站周边土壤多环芳烃含量	马赛炎, 魏海英, 马瑾, 刘奇缘, 吴颐杭, 屈雅静, 田雨欣, 赵文浩 (2215)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素时空分布及其风险评估	赵鑫宇, 陈慧, 赵波, 宋圆梦, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐, 李双江 (2223)
典型黑色岩系地质高背景区土壤和农产品重金属富集特征与污染风险	邓帅, 段佳辉, 宁墨兔, 谭林, 蒲刚, 陈际行, 齐小兵, 蒋尚智, 谢桃园, 刘意章 (2234)
岩溶区不同母质土壤 Cd 地球化学特征及玉米籽实 Cd 含量预测	戴亮亮, 徐宏根, 巩浩, 彭志刚, 肖凯琦, 吴欢欢, 许青阳, 郭军, 汤媛媛, 张俊 (2243)
龙岩市不同利用类型土壤及农作物 Pb、Cd 和 As 污染风险与贡献分析	王蕊, 陈楠, 张二喜 (2252)
小麦籽粒镉含量影响因素 Meta 分析和决策树分析	刘娜, 张少斌, 郭欣宇, 宁瑞艳 (2265)
黄土高原次生林演替过程土壤有机碳库及其化学组成响应特征	刘涵宇, 刘颖异, 张琦, 封伦, 高起乾, 任成杰, 韩新辉 (2275)
短期氮磷添加对祁连山亚高山草地土壤呼吸组分的影响	江原, 甘小玲, 曹丰丰, 赵传燕, 李伟斌 (2283)
黄河源区斑块退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应	杨鹏年, 李希来, 李成一, 段成伟 (2293)
不同海拔箭筈锦鸡儿根际和非根际土壤细菌群落多样性及 PICRUSt 功能预测	李媛媛, 徐婷婷, 艾喆, 魏庐璐, 马飞 (2304)
模拟酸雨及氮沉降对马尾松林土壤细菌群落结构及其多样性的影响	王楠, 钱少郁, 潘小承, 陈一磊, 白尚斌, 徐飞 (2315)
磷石膏和碱蓬对盐渍化土壤水盐及细菌群落结构的影响	刘月, 杨树青, 张万峰, 姜帅 (2325)
菌渣与化肥配施对稻田土壤微生物群落组成及多样性的影响	耿和田, 王旭东, 石思博, 叶正钱, 周文晶 (2338)
增氧对不同秸秆还田稻田田面水养分动态及温室气体排放的影响	胡锦涛, 薛利红, 钱聪, 魏利祥, 曹帅 (2348)
外源褪黑素对胁迫下水稻幼苗生长和抗氧化系统的影响	储玉檀, 李颜, 黄益宗, 保琼莉, 孙红羽, 黄永春 (2356)
面向 2035 的节能与新能源汽车全生命周期碳排放预测评价	付佩, 兰利波, 陈颖, 郝卓, 邢云翔, 蔡旭, 张春梅, 陈轶嵩 (2365)
农田土壤微塑料分布、来源和行为特征	薄录吉, 李冰, 张凯, 马荣辉, 李彦, 王艳芹, 孙斌, 刘月岩 (2375)
农田土壤除草剂污染的修复技术研究进展	胡芳雨, 安婧, 王宝玉, 徐明恺, 张惠文, 魏树和 (2384)
我国黑土地农田土壤除草剂残留特征研究及展望	李睿, 吴秋梅, 赵归梅, 胡文友, 田康, 黄标, 吴祥为, 刘峰, 赵永存 (2395)
《环境科学》征订启事(1910)	《环境科学》征稿简则(1984)
信息	(2167, 2191, 2324)

微塑料暴露对小棒短指软珊瑚 (*Sinularia microclavata*) 共附生细菌群落结构和功能的影响

刘敏¹, 车文学¹, 曾映旭¹, 边伟杰¹, 吕淑果^{2*}, 穆军^{1*}

(1. 海南热带海洋学院, 崖州湾创新研究院/海南省近岸海洋生态环境过程与碳汇重点实验室/海南省现代化海洋牧场工程研究中心/生态环境学院, 三亚 572022; 2. 海南省环境科学研究院, 海口 571126)

摘要: 微塑料在海洋环境中分布广泛, 对海洋生物 (包括珊瑚) 健康产生危害, 然而, 目前有关微塑料对珊瑚影响的研究非常有限, 其造成影响的具体机制还不清楚. 因此, 选取海洋环境中常见的微塑料 PA, 对小棒短指软珊瑚 (*Sinularia microclavata*) 进行 7 d 的微塑料暴露模拟实验, 利用扩增子高通量测序技术分析微塑料暴露不同时间对珊瑚共附生细菌多样性、群落结构和功能的影响. α -多样性随微塑料暴露时间的变化先降低后上升, β -多样性和群落组成分析表明: 微塑料暴露引起珊瑚共附生细菌群落结构发生改变, 并且随着暴露时间不同, 细菌群落组成也随之变化. 共检测到 49 个门、152 个纲、363 个目、634 个科和 1390 个属. 在门水平上, Proteobacteria 在所有样品中都是优势类群, 但在各样品的相对丰度不同; 微塑料暴露使 Proteobacteria、Chloroflexi、Firmicutes、Actinobacteriota、Bacteroidota 和 Acidobacteriota 丰度增加; 在属水平上, *Ralstonia*、*Acinetobacter* 和 *Delftia* 是微塑料暴露后珊瑚共附生细菌的优势类群. PICRUS1 功能预测表明, 微塑料暴露使菌群的信号转导、细胞群落-原核生物、外源物质生物降解及代谢和细胞运动功能降低. BugBase 表型预测表明, 微塑料暴露使珊瑚共附生菌群的 3 种表型 (致病性、厌氧和氧化胁迫耐受) 发生变化. FAPROTAX 功能预测表明, 微塑料暴露导致珊瑚共附生细菌与宿主的共生关系、碳和氮的循环及光合作用等功能发生显著变化. 研究可为微塑料对珊瑚影响的机制和微塑料生态毒理学提供基础数据.

关键词: 微塑料; 共附生细菌; 群落结构; 功能预测; 软珊瑚

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)04-2122-14 DOI: 10.13227/j.hjxx.202203081

Effects of Microplastic Exposure on the Community Structure and Function of Symbiotic Bacteria in *Sinularia microclavata*

LIU Min¹, CHE Wen-xue¹, ZENG Ying-xu¹, BIAN Wei-jie¹, LÜ Shu-guo^{2*}, MU Jun^{1*}

(1. Yazhou Bay Innovation Institute/Key Laboratory for Coastal Marine Eco-environment Process and Carbon Sink of Hainan Province/Modern Marine Ranching Engineering Research Center of Hainan/College of Ecology and Environment, Hainan Tropical Ocean University, Sanya 572022, China; 2. Hainan Provincial Academy of Environmental Sciences, Haikou 571126, China)

Abstract: Microplastics are widely distributed in the marine environment and are harmful to the health of marine organisms (including corals). However, studies on the impact of microplastics on coral have been very limited, and the specific mechanism of their impact is not clear. Therefore, in this study, microplastic PA, which is common in the marine environment, was selected to conduct a 7-day microplastic exposure experiment on *Sinularia microclavata*. The effects of microplastic exposure at different times on the diversity, community structure, and function of the symbiotic bacterial community of coral were analyzed using high-throughput sequencing technology. The α -diversity of the symbiotic bacterial community of coral first decreased and then increased with the exposure time of microplastics. The analysis of β -diversity and microbial community composition showed that microplastic exposure caused significant changes in the symbiotic bacterial community of coral, and the bacterial community composition also changed with the exposure time. A total of 49 phyla, 152 classes, 363 orders, 634 families, and 1390 genera were detected. At the phylum level, Proteobacteria was the dominant taxa in all samples, but the relative abundance varied among samples. Microplastic exposure increased the abundance of Proteobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Actinobacteriota, Bacteroidota, and Acidobacteriota. At the genus level, *Ralstonia*, *Acinetobacter*, and *Delftia* were the dominant taxa of symbiotic bacteria of coral after microplastic exposure. PICRUS1 functional prediction indicated that functions of the coral symbiotic bacterial community, including signal transduction, cellular community prokaryotes, xenobiotics biodegradation and metabolism, and cell motility, decreased after microplastic exposure on coral. BugBase phenotype predictions indicated that microplastic exposure altered three phenotypes (pathogenic, anaerobic, and oxidative stress-tolerant) of the coral symbiotic bacterial community. FAPROTAX functional predictions indicated that microplastic exposure caused significant changes in functions such as the symbiotic relationship between coral symbiotic bacteria and the host, carbon and nitrogen cycling, and photosynthesis. This study provided basic data on the mechanism of microplastic impacts on corals and microplastics ecotoxicology.

Key words: microplastics; symbiotic bacteria; community structure; function predictions; soft coral

微塑料是直径小于 5 mm 的塑料碎片^[1], 通过 养殖、渔业活动) 等方式进入海洋环境^[2~4], 是全球 陆地输入、大气沉降和海上活动 (航运、旅游、海水 海洋生态系统中广泛存在的新兴污染物. 受环境因

收稿日期: 2022-03-09; 修订日期: 2022-07-08

基金项目: 海南省自然科学基金项目 (2019RC241); 海南热带海洋学院 2019 年引进人才科研启动项目 (RHDR201901); 海南省重点研发计划项目 (ZDYF2020178); 海南热带海洋学院崖州湾创新研究院重大科技计划项目 (2022CXYZD002); 海南省研究生创新科研课题项目 (Hys2020-392)

作者简介: 刘敏 (1982~), 女, 博士, 副研究员, 主要研究方向为环境胁迫对海洋微生物的影响及其响应机制, E-mail: minliu@hntou.edu.cn

* 通信作者, E-mail: shuguoLv@163.com; 2240254374@qq.com

素和当地污染事件的影响,海水中微塑料的浓度变化很大^[5],在污染严重的沿海地区,浓度可达 $150 \text{ n} \cdot \text{L}^{-1}$ ^[6]. 海洋中常见的微塑料类型主要为聚氯乙烯 (polyvinyl chloride, PVC)、聚乙烯 (polyethylene terephthalate, PE) 和聚酰胺 (polyamide, PA) 等^[7~9]. 微塑料可被浮游动物、双壳类、甲壳类和鱼类等海洋生物摄入^[10,11],从而进入海洋食物链^[12~15],并在食物链中进行生物积累^[16,17]. 由于微塑料化学成分稳定,被海洋生物摄取后难以消化^[18],造成一系列负面影响,如胃肠道阻塞、炎症、组织损伤和生长受限等^[13,19]. 此外,微塑料还可以作为其他污染物(如重金属、抗生素和持久性有机污染物)的载体^[20~23],还可能积聚病原细菌^[24]. 由此可见,微塑料作为新兴污染物会对海洋生物的生长和健康带来巨大的威胁和危害.

目前,在世界范围内的一些珊瑚礁生态系统中已检测到微塑料,如拉姆斯瓦拉姆珊瑚岛 (Rameswaram Coral Island)^[25]、大堡礁^[26]、马尔代夫^[27,28]和南海^[23,29,30],因此,微塑料会给珊瑚带来怎样的影响引起密切关注. 相关研究表明珊瑚可摄食微塑料并包裹在珊瑚肠腔膜组织中^[31],微塑料颗粒可长时间滞留在珊瑚组织中,对珊瑚的免疫系统和生长发育产生影响^[32,33]. 微塑料附着在触手或肠系膜丝上,导致珊瑚白化和组织坏死^[34],显著增加珊瑚患病概率^[35]. 微塑料还会降低珊瑚骨骼的生长速度,影响珊瑚钙化^[36]. 由此可见,微塑料会对珊瑚的健康产生负面影响. 然而,目前有关微塑料对珊瑚影响的研究非常有限,其造成影响的具体机制还不清楚.

众所周知,在珊瑚共生体的表面黏液层、组织和骨架内都生活着大量的细菌和古菌^[37,38],这些微生物对珊瑚的生长和健康起着重要作用^[39]. 微生物是对环境变化做出响应的先行者,在珊瑚礁生态系统中,微塑料作为新的环境压力,珊瑚共附生微生物是如何响应,进而影响珊瑚本身的健康状态的,这些仍是未知. 因此,本研究选用海洋环境中常见的微塑料 PA,利用高通量测序技术对微塑料暴露对小棒短指软珊瑚(*Sinularia microclavata*)共附生细菌多样性及其群落结构的影响进行分析,对于弄清微塑料对珊瑚的影响机制至关重要,以期微塑料生态毒理学提供基础数据,也为阐明珊瑚白化病害机制及珊瑚的保护提供新的视角.

1 材料与方法

1.1 样本采集

珊瑚样本采自海南省三亚市西岛 ($18^{\circ}15'N$,

$109^{\circ}22'E$) 珊瑚礁区,2 h 内运回实验室并暂养在流通式水族箱内. 暂养条件参考 Liao 等^[8]和晁华等^[40]的方法[水温 (26.0 ± 1.0) $^{\circ}C$,盐度 (35.0 ± 0.3)‰,光暗比 12 h: 12 h,水流循环 $2000 \text{ L} \cdot \text{h}^{-1}$],暂养两周后,待珊瑚状态恢复和适应环境后,整个珊瑚被分成 30 个大小相等 (2 cm^2) 的个体,继续暂养 4 周,待珊瑚状态恢复正常后开展后续实验.

1.2 微塑料暴露

本研究选取海洋环境中常见的微塑料类型之一 PA,购于银能电镀材料有限公司(东莞,中国). 根据 Liao 等^[8]的方法在实验组中添加 PA,微塑料浓度为 $300 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$. 为了使微塑料能悬浮于海水中,实验周期内进行少量曝气. 将 30 个珊瑚个体分别放置于对照组(未添加 PA,样品命名为 DZ)和实验组(命名为 PA)水族箱中,且条件和暂养条件一致,分别在第 0、2、3 和 7 d 从两个水族箱中随机挑选 3 个珊瑚个体(对照组命名为 DZ0、DZ2、DZ3 和 DZ7,实验组命名为 PA2、PA3 和 PA7),置于液氮中保存备用.

1.3 珊瑚共附生细菌高通量测序

选用 FastDNA[®] Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, 美国)试剂盒提取珊瑚样品 DNA. 采用通用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 基因 V3 ~ V4 可变区进行 PCR 扩增. 利用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit (Axygen Biosciences, 美国)试剂盒对产物进行纯化,用 Quantus[™] Fluorometer (Promega, 美国)检测试剂盒进行定量. 利用 MiSeq PE300 平台 (Illumina) 进行高通量测序 (上海美吉生物医药科技有限公司).

1.4 数据处理与分析

生物信息在美吉实时交互平台 (<http://www.majorbio.com/>) 进行分析. 利用 Uparse^[41] 软件 (<http://drive5.com/uparse/>, version 7.1) 对序列进行聚类,以 97% 的一致性将序列聚类成为操作分类单位 (operational taxonomic unit, OTU). 随后进行 OTU 分析、 α -多样性分析、 β -多样性分析、物种组成分析(在门水平上的群落组成分析和在属水平上的 Circos 样本与物种关系分析)、组间群落差异分析[线性判别分析 (linear discriminant analysis, LDA)]和功能分析. 利用 R 语言 (version 3.3.1) 进行主坐标分析 (principal co-ordinates analysis, PCoA) 和绘图; 对于 Bray-Curtis 距离的不相似性检验,利用 R 语言 vegan 包进行 ANOSIM 分析和 PERMANOVA 分析,利用 RStudio 进行 MRPP 分析. 根据 OTU 的物种注释和丰度信息,使用 PICRUST2 软件 (<https://github.com/picrust/picrust2/>)、微生

物组分析工具 BugBase (<https://bugbase.cs.umn.edu/index.html>) 和 FAPROTAX 数据库 (<http://www.loucalab.com/archive/FAPROTAX>) 来进行相关功能预测.

2 结果与分析

2.1 α-多样性和β-多样性分析

微塑料暴露后,小棒短指软珊瑚个体未出现死亡现象,在外观上和对照组没有明显差别.高通量测序结果分析表明,去除嵌合体后,测序共获得优化序列994 977条,平均序列长度 423 bp. Sobs 指数稀释曲线趋向平坦,表明测序数据量合理,检测到大多数细菌种类,可以反映细菌多样性.

通过 α-多样性分析可反映微生物群落的多样

性(Shannon 指数)、丰富度(Ace 指数和 Chao1 指数)和覆盖度(Coverage 指数).所有样本的 Coverage 指数均 >0.99,说明有效数据量充足,测序结果能反映样本的真实性.微塑料暴露后,实验组的 Shannon 指数和对照组相比,除暴露第 2 d 的 PA2 组低于 DZ2 组外,其余实验组均高于对照组;实验组 Ace 指数和 Chao1 指数与对照组相比,除微塑料暴露第 2 d (PA2 组和 DZ2 组相似)外,其余实验组均高于对照组;但各组间 α-多样性无显著性差异(表 1).以上结果表明,微塑料暴露对珊瑚共附生细菌群落 α-多样性产生影响.从时间水平上来看,微塑料暴露后第 3 d 和第 7 d 的珊瑚共附生细菌 Shannon、Ace 和 Chao1 指数均高于第 2 d,说明微塑料暴露后珊瑚共附生细菌 α-多样性先降低,后有上升趋势.

表 1 微塑料暴露前后珊瑚共附生细菌群落 α-多样性¹⁾

分组	Shannon 指数	Ace 指数	Chao1 指数	Coverage 指数
DZ0	3.70 ± 0.28	1 109.90 ± 100.29	1 120.60 ± 105.75	0.995
DZ2	2.73 ± 1.20	413.04 ± 119.98	413.51 ± 122.43	0.999
PA2	1.65 ± 0.45	409.29 ± 169.52	415.30 ± 175.90	0.998
DZ3	4.25 ± 0.56	970.07 ± 116.85	982.62 ± 119.73	0.997
PA3	4.99 ± 0.05	1 133.50 ± 40.04	1 140.10 ± 33.34	0.996
DZ7	3.12 ± 1.02	368.27 ± 135.98	369.70 ± 133.92	0.999
PA7	4.74 ± 0.92	604.67 ± 216.52	615.48 ± 214.11	0.999

1) 数值为平均值 ± 标准偏差 (n = 3)

通过 β-多样性分析可反映样本间的细菌群落差异(图 1).由 PCoA 结果可知,第一轴和第二轴累

计解释 59.62% 的样本间群落组成差异,其中 PC1 和 PC2 分别能解释 40.81% 和 18.81% 的细菌群落

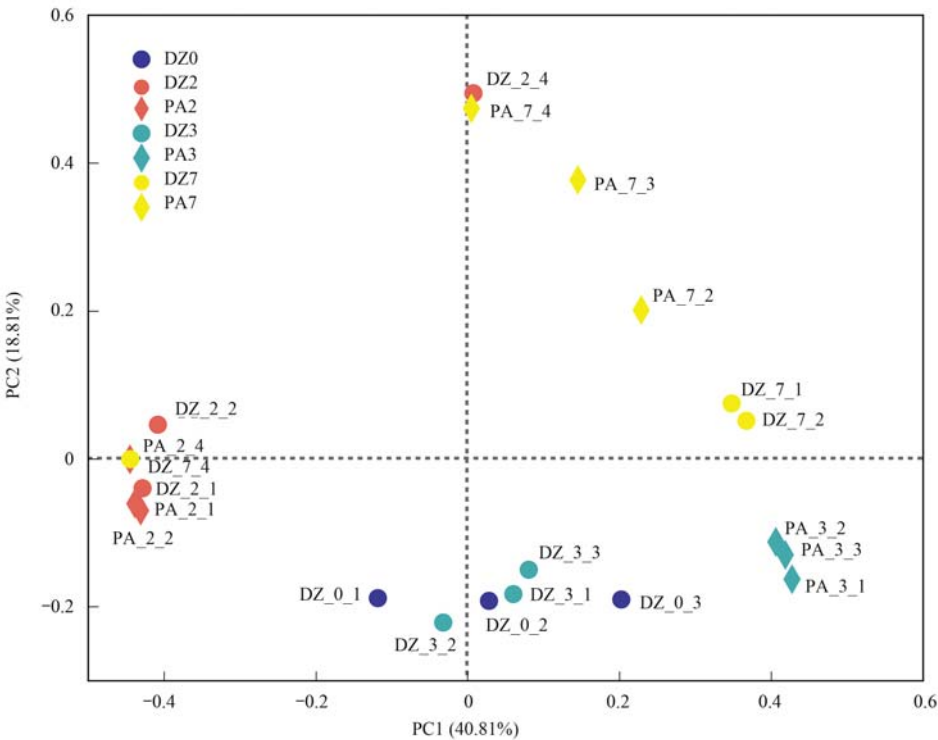


图 1 微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌群落 PCoA 分析

Fig. 1 PCoA analysis of symbiotic bacterial communities of coral at different microplastic exposure times

组成差异. 组内 3 个平行样基本聚在一起,重复性较高,组间差异明显大于组内差异. 对于实验组样本来说,大部分聚集在右上和右下象限,但在 PC1 维度上,PA2 组的样品和其他样品不同,说明微塑料暴露第 2 d 和其他暴露时间的细菌群落组成有差异. 基于以上结果可知,微塑料暴露前后珊瑚共附生细菌

群落有差异,且不同暴露时间的珊瑚共附生细菌群落也不同.

对微塑料暴露不同时间后珊瑚共附生细菌群落间进行不相似性检验(表 2),以便进一步验证珊瑚共附生细菌群落之间的差异是否显著. 结果表明,各处理组与对照组间的差异均不显著.

表 2 珊瑚共附生细菌群落 Bray-Curtis 距离的不相似性检验

Table 2 Dissimilarity test of symbiotic bacterial community of coral based on Bray-Curtis distance

项目	ANOSIM		MRPP		PERMANOVA	
	<i>R</i>	<i>P</i>	δ	<i>P</i>	<i>F</i>	<i>P</i>
DZ0 组与 DZ2 组	0.39	0.1	0.54	0.1	2.61	0.1
DZ0 组与 PA2 组	0.63	0.1	0.31	0.1	7.00	0.1
DZ0 组与 DZ3 组	0.16	0.7	0.34	0.1	0.76	0.7
DZ0 组与 PA3 组	0.47	0.1	0.04	0.2	3.60	0.1
DZ0 组与 DZ7 组	0.22	0.3	0.37	0.1	1.16	0.3
DZ0 组与 PA7 组	0.38	0.1	0.20	0.3	2.50	0.1
DZ2 组与 PA2 组	0.26	0.2	0.17	0.1	1.44	0.2
DZ2 组与 DZ3 组	0.41	0.1	0.19	0.1	2.80	0.1
DZ2 组与 PA3 组	0.62	0.1	0.33	0.1	6.62	0.1
DZ2 组与 DZ7 组	0.26	0.4	0.19	0.1	1.38	0.4
DZ2 组与 PA7 组	0.27	0.4	0.12	0.1	1.50	0.4
PA2 组与 DZ3 组	0.67	0.1	0.15	0.1	8.17	0.1
PA2 组与 PA3 组	0.84	0.1	0.07	0.4	20.88	0.1
PA2 组与 DZ7 组	0.44	0.3	0.15	0.1	3.20	0.3
PA2 组与 PA7 组	0.53	0.1	0.03	0.3	4.58	0.1
DZ3 组与 PA3 组	0.49	0.1	0.16	0.1	3.87	0.1
DZ3 组与 DZ7 组	0.28	0.4	-0.03	0.7	1.58	0.4
DZ3 组与 PA7 组	0.39	0.1	0.05	0.3	2.58	0.1
PA3 组与 DZ7 组	0.35	0.1	0.17	0.1	2.11	0.1
PA3 组与 PA7 组	0.41	0.1	0.05	0.3	2.83	0.1
DZ7 组与 PA7 组	0.22	0.3	0.09	0.2	1.10	0.3

2.2 珊瑚共附生细菌群落结构分析

微塑料暴露后珊瑚共附生细菌群落组成分析结果显示,在所有样品中共检测到 49 个门、152 个纲、363 个目、634 个科和1 390个属. 不同样品在门水平上的细菌群落组成如图 2 所示,相对丰度>1%的细菌门有 8 个,分别为: Proteobacteria (53.11% ~ 93.14%)、Firmicutes (1.32% ~ 19.91%)、Actinobacteriota (2.20% ~ 10.74%)、Bacteroidota (0.75% ~ 10.79%)、Chloroflexi (0.56% ~ 2.40%)、Cyanobacteria (0.26% ~ 2.33%)、Acidobacteriota (0.49% ~ 1.55%) 和 Deferribacterota (0.32% ~ 1.13%); 相对丰度<1%的细菌门有 41 个,归为其他分类(others). 由图 2 可知,微塑料暴露不同时间后,Proteobacteria 在各组样本中都是优势类群,但在各组内的相对丰度不同. 微塑料暴露第 2 d,实验组中 Proteobacteria 相对丰度增加,而 Actinobacteriota、Bacteroidota、Chloroflexi 和 Acidobacteriota 相对丰度降低. 微塑料暴露第 3 d,和对照组相比,Chloroflexi 在实验组中的相对丰度增加,Deferribacterota 在实验组中的相对丰度降低. 微塑料暴露第 7 d,实验组中

Firmicutes、Actinobacteriota、Bacteroidota、Chloroflexi 和 Acidobacteriota 的相对丰度较对照组显著增加,但 Cyanobacteria 相对丰度降低. 以上结果表明,和对照组相比,微塑料暴露导致珊瑚共附生细菌群落发生改变,并且随着微塑料暴露时间的变化,珊瑚共附

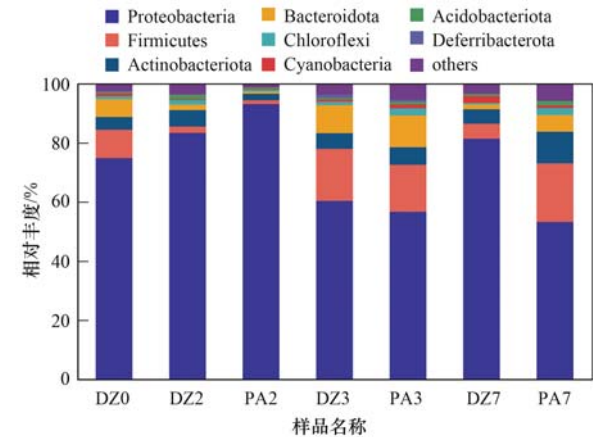


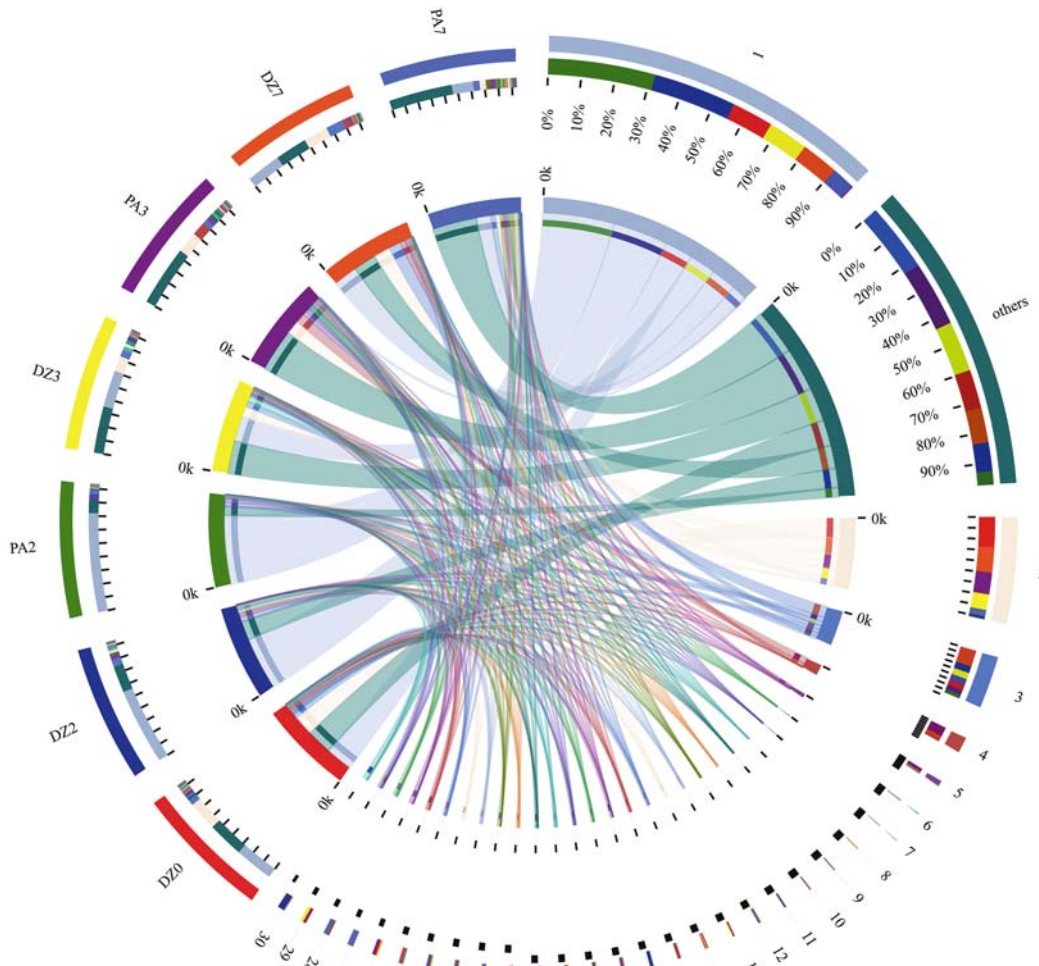
图 2 微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌群落组成(在门水平)

Fig. 2 Symbiotic bacterial community composition (at the phylum level) of coral at different microplastic exposure times

生细菌群落也随之变化。

通过 Circos 样本与物种关系图可以反映微塑料暴露不同时间后珊瑚共附生细菌群落在属水平上的分布和各属在不同样本中的分布。微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌群落在属水平上的分布如图 3 所示, 相对丰度 > 1% 的属共 30 个, 主要包括 *Ralstonia*、*Acinetobacter*、*Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*、*Delftia*、*Pseudomonas*、*Bacteroides*、*Endozoicomonas*、*Lachnospiraceae_NK4A136_group*、*Paracoccus*、*Brevundimonas*、*Citrobacter*、*Reyranella*、*Trichococcus*、*Methyloceanibacter*、*Pelomonas*、*Blautia*、*Klebsiella*、*Comomamonas*、*Megamonas*、*Sphingomonas*、*Dyella*、*Corynebacterium*、*Candidatus_Competibacter*、*Geobacillus*、*Enterococcus*、

Mucispirillum 和 *Ruegeria* 等; 相对丰度 < 1% 的属归为其他分类 (others)。微塑料暴露第 2 d, 对照组的珊瑚共附生细菌群落主要包括 *Ralstonia* (59.45%) 和 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* (5.57%), 实验组主要包括 *Ralstonia* (76.98%) 和 *Lachnospiraceae_NK4A136_group* (5.00%), 且实验组 *Ralstonia* 的相对丰度高于对照组。微塑料暴露第 3 d, 对照组的珊瑚共附生细菌群落主要包括 *Ralstonia* (28.73%)、*Acinetobacter* (11.99%) 和 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* (5.30%), 实验组的主要包括 *Acinetobacter* (16.60%) 和 *Delftia* (10.57%)。微塑料暴露第 7 d, 对照组的珊瑚共附生细菌群落的主要类群同第 3 d 对照组类似, 也是包括 *Ralstonia* (27.05%)、*Acinetobacter* (19.15%) 和 *Burkholderia-*



1. *Ralstonia*; 2. *Acinetobacter*; 3. *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia*; 4. *Delftia*; 5. *Pseudomonas*; 6. *Bacteroides*; 7. *Endozoicomonas*; 8. *Lachnospiraceae_NK4A136_group*; 9. *Paracoccus*; 10. *Brevundimonas*; 11. *Citrobacter*; 12. *Reyranella*; 13. *norank_f_Muribaculaceae*; 14. *Trichococcus*; 15. *norank_f_norank_o_Chloroplast*; 16. *Methyloceanibacter*; 17. *Allorhizobium-Neorhizobium-Pararhizobium-Rhizobium*; 18. *Pelomonas*; 19. *Blautia*; 20. *Klebsiella*; 21. *Comomamonas*; 22. *Megamonas*; 23. *Sphingomonas*; 24. *Dyella*; 25. *Corynebacterium*; 26. *Candidatus_Competibacter*; 27. *Geobacillus*; 28. *Enterococcus*; 29. *Mucispirillum*; 30. *Ruegeria*

图 3 微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌群落在属水平上的分布

Fig. 3 Distribution of symbiotic bacterial community composition (at the genus level) of coral at different microplastic exposure times

Caballeronia-Paraburkholderia (13.55%), 实验组的主要包括 *Ralstonia* (16.51%) 和 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* (5.03%)。由此可见, 微塑料暴露导致珊瑚共附生细菌在属水平上的群落组成也发生显著变化。从时间角度来看, 微塑料暴露后第 2~7 d, 珊瑚共附生细菌随着暴露时间的加长, 群落组成发生变化。

2.3 珊瑚共附生细菌群落的组间差异分析

通过线性判别分析 (LDA) 可比较微塑料暴露后对照组和实验组珊瑚共附生细菌的差异类群 (图 4~6)。由图 4 可知, 微塑料暴露第 2 d, 对照组和实验组之间珊瑚共附生细菌的差异类群共有 4 个细菌类群, 分别为 2 个纲、1 个目和 1 个属; 对照组与实验组相比: α -Proteobacteria 纲及其 Rhizobiales 目,

Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia 属在对照组中富集; 在实验组中观察到的差异类群为 γ -Proteobacteria 纲。微塑料暴露第 3 d, 对照组和实验组珊瑚共附生细菌在目、科和属这 3 个分类水平上都存在着显著优势物种; 和实验组相比, 对照组中 Burkholderiaceae 科及其 *Ralstonia* 属、Burkholderiales 目的相对丰度明显较高; 而 Comamonadaceae 科及其 *Delftia* 属, Pseudomonadales 目及其 Pseudomonadaceae 科和 *Pseudomonas* 属, Enterobacterales 目及其 Enterobacteriaceae 科在实验组中富集 (图 5)。微塑料暴露第 7 d, 对照组和实验组之间珊瑚共附生细菌的差异类群共有 8 个细菌类群, 分别为 3 个门、3 个纲和 2 个目; 对照组和实验组相比, Proteobacteria 门及其 γ -Proteobacteria 纲在

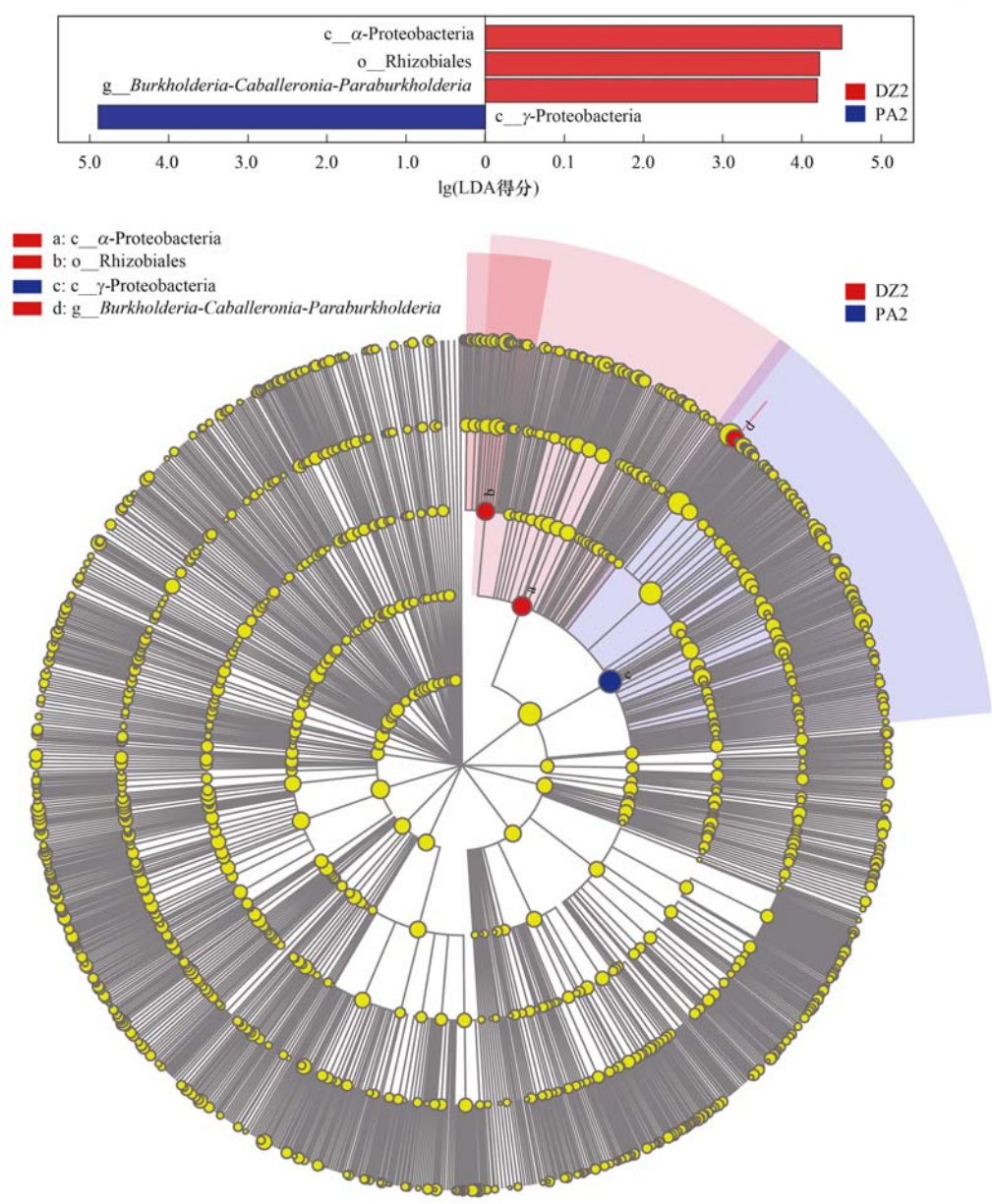


图 4 微塑料暴露第 2 d 对照组和实验组的珊瑚共附生细菌差异类群的 LDA 分析

Fig. 4 Comparison on different symbiotic bacterial populations of coral on 2nd day of microplastic exposure by linear discriminant analysis (LDA)

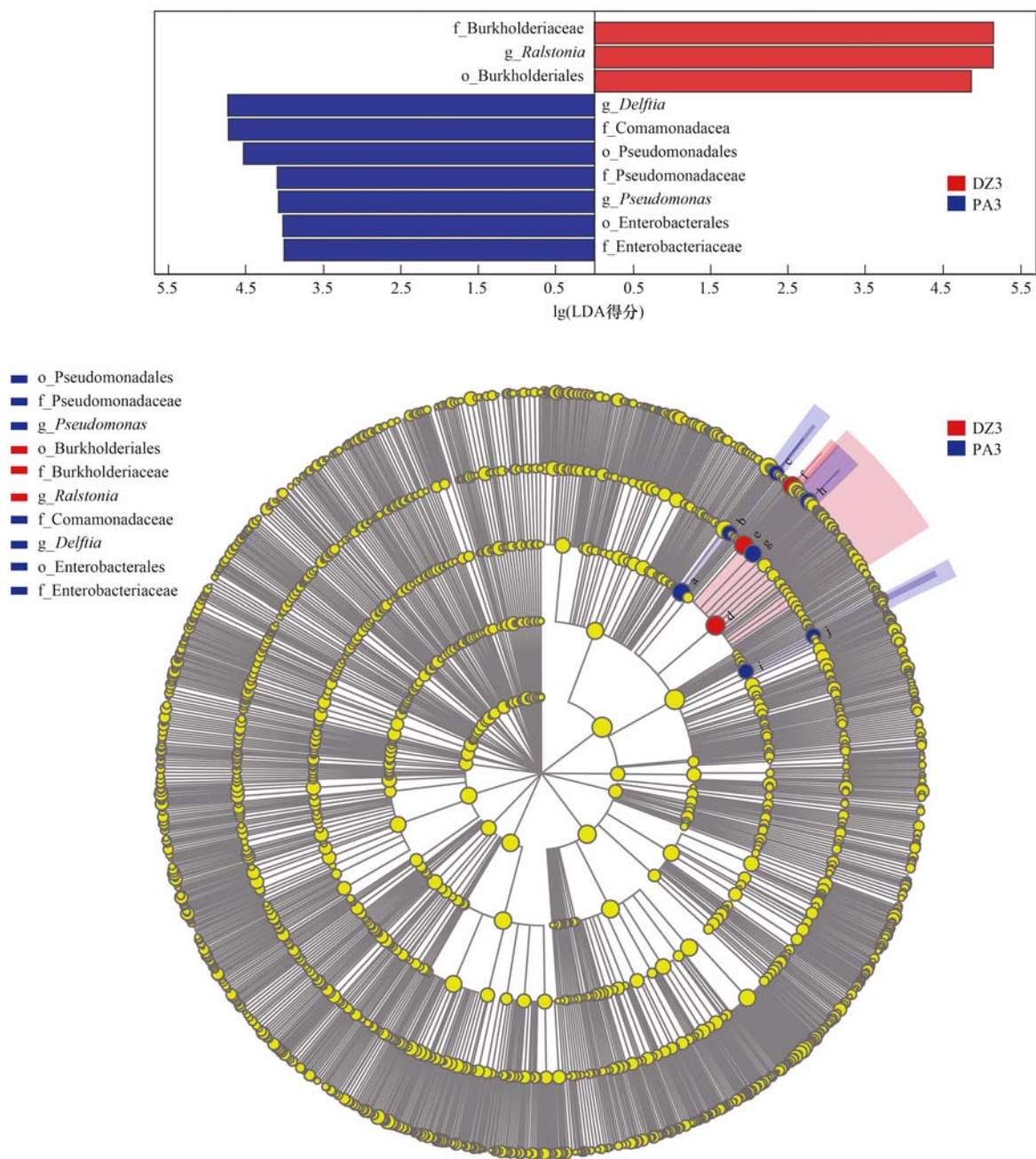


图5 微塑料暴露第3 d 对照组和实验组的珊瑚共附生细菌差异类群的 LDA 分析

Fig. 5 Comparison on different symbiotic bacterial populations of coral on 3rd day of microplastic exposure by Linear discriminant analysis (LDA)

对照组中富集；在实验组中观察到差异类群包括 Firmicutes 门, Bacteroidota 门及其 Bacteroidia 纲、Bacteroidales 目、Rhizobiales 目和 Thermoleophilia 科 (图 6). 以上结果表明,微塑料暴露导致珊瑚共附生细菌群落发生显著差异,并且不同微塑料暴露时间下的差异细菌类群也不同.

2.4 珊瑚共附生细菌群落功能预测

2.4.1 PICRUST 功能预测

通过 PICRUST 功能预测分析,获得六类一级功能层生物代谢通路,分别为:代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机系统. KEGG 二级通路显示,共检测到 46 个二级功能基

因,和代谢相关的功能基因占比最大,例如全局及概要图 (37.92% ~ 39.44%)、碳水化合物代谢 (7.87% ~ 8.99%)、氨基酸代谢 (7.73% ~ 7.97%)、能量代谢 (4.27% ~ 4.40%)、辅助因子和维生素代谢 (3.95% ~ 4.12%) 等,但微塑料暴露后它们的相对丰度变化不大 (图 7). 在信号转导、细胞群落-原核生物、外源物质生物降解及代谢和细胞运动功能方面,实验组中这些功能的相对丰度在微塑料暴露后第 2 d 高于对照组;在暴露后第 3 d 和第 7 d,实验组中这些功能的相对丰度均低于对照组. 由此可见,微塑料暴露,导致珊瑚共附生细菌群落部分潜在功能发生改变.

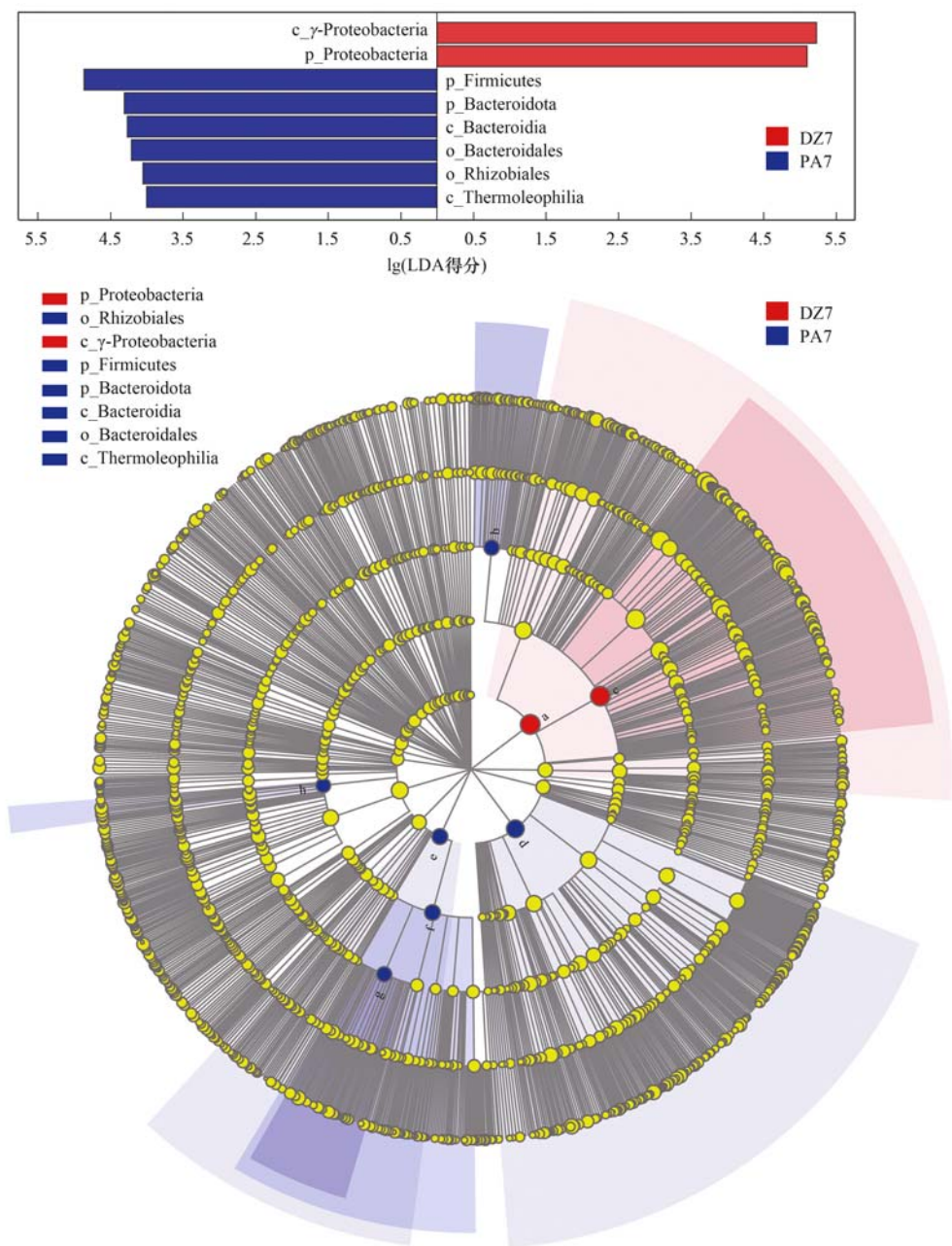


图 6 微塑料暴露第 7 d 对照组和实验组的珊瑚共附生细菌差异类群的 LDA 分析

Fig. 6 Comparison on different symbiotic bacterial populations of coral on 7th day of microplastic exposure by linear discriminant analysis (LDA)

2.4.2 BugBase 表型预测

BugBase 分析可以预测环境样本中原核微生物的表型,其中表型类型包括革兰氏阳性、革兰氏阴性、生物膜形成、致病性、移动元件含量、氧需求(包括好氧、厌氧、兼性厌氧)和氧化胁迫耐受七大类.微塑料暴露前后不同珊瑚样本的微生物表型分布如图 8 所示,所有珊瑚样本的共附生细菌表型主要是生物膜形成和革兰氏阴性表型.从整体来看,珊瑚共附生微生物的革兰氏阴性表型的相对丰度高于革兰氏阳性;微塑料暴露后,对照组和实验组革兰氏阴性表型的相对丰度变化不大,但是革兰氏阳性表型的相对丰度变化在暴露后第 3 d 和第 7 d 变化较大.对生物膜形成表型来说,微塑料暴露前后的相

对丰度变化不大.在致病性表型方面,微塑料暴露后第 2 d 和 3 d,在实验组中的相对丰度均高于对照组,但暴露第 7 d 其相对丰度降低.在氧需求表型方面,所有珊瑚样品的共附生微生物表型均以好氧型细菌为主;微塑料暴露后,对照组和实验组好氧和兼性厌氧表型的相对丰度变化不大,但是厌氧表型变化显著;在暴露后第 2 d 和第 7 d,在实验组中的相对丰度高于对照组,第 3 d,呈相反趋势.在氧化胁迫耐受表型方面,除 PA3 以外,实验组较对照组均有不同程度的上升.

2.4.3 FAPROTAX 功能预测

FAPROTAX 功能预测结果表明,在 TOP20 的功能中,化能异养、好氧化能异养、芳香化合物降解、

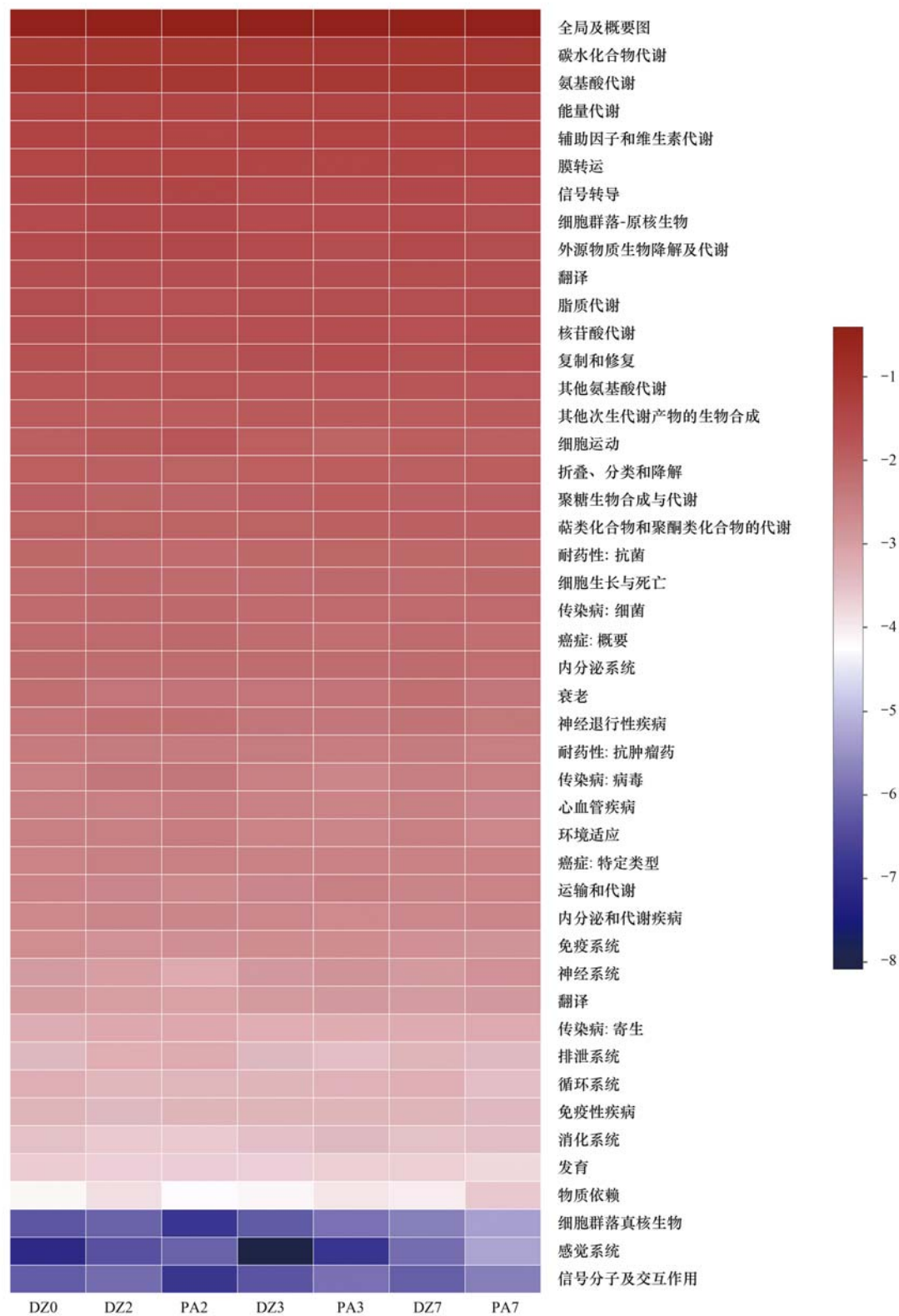


图 7 微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌 PICRUSt 功能预测(二级功能层)

Fig. 7 PICRUSt function prediction of symbiotic bacterial community of coral at different microplastic exposure times (secondary functional layer)

动物寄生虫或共生体和人类病原体是微塑料暴露前后所有珊瑚样本中共附生细菌的主要功能[图 9(a)]. 从 FAPROTAX 功能预测的组间差异分析(只显示显著性差异)来看[图 9(b)], 组间差异显著($P < 0.05$)的功能共 9 种: 动物寄生虫或共生体、尿素分解、烃类降解、芳香烃降解、甲基营养、亚硝酸

盐氨化、甲醇氧化、固氮和叶绿体, 说明微塑料暴露导致珊瑚共附生细菌与宿主的共生关系、碳和氮的循环及光合作用等功能发生显著变化. 其中, 微塑料暴露后, 尿素分解、烃类和芳香烃降解功能的变化趋势相同, 在微塑料暴露第 2 d 和 3 d 中实验组相对丰度均低于对照组, 且呈下降趋势; 微塑料暴露

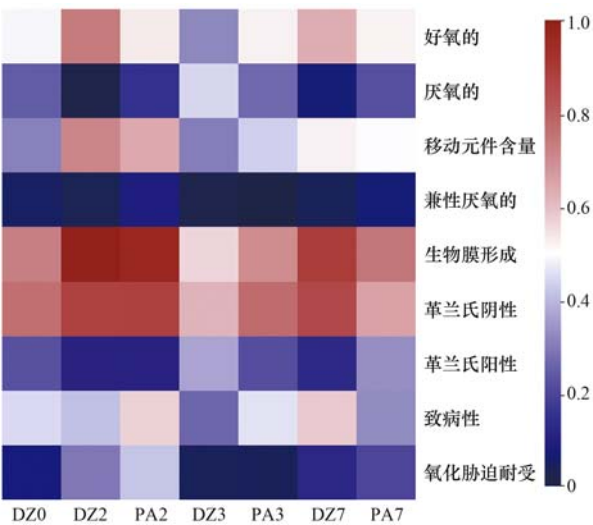


图8 微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌 BugBase 表型预测

Fig. 8 BugBase phenotype prediction of symbiotic bacterial community of coral at different microplastic exposure times

第7 d 开始上升,且实验组相对丰度高于对照组. 对于动物寄生虫或共生体和人类病原体功能在微塑料暴露后的相对丰度,实验组均低于对照组. 在微塑料暴露第2 d,实验组中和氮循环相关的氮呼吸、硝酸盐呼吸和亚硝酸盐呼吸等功能的相对丰度均低于对照组;第3 d 和7 d,在实验组和对照组中的相对丰度变化不大.

3 讨论

目前关于微塑料对珊瑚影响的研究,主要集中在微塑料对珊瑚的摄食、生长发育、应激能力、免疫系统和共生虫黄藻密度等方面的影响,结果表明微塑料污染已经对珊瑚健康带来了新的威胁,而珊瑚共附生微生物对于珊瑚的能量供给、物质转化和生理健康至关重要. 然而,对于微塑料污染会对珊瑚共附生微生物带来怎样的影响? 微生物作为第一道缓冲带,如何通过种群更替和分布变化等来应对微塑料污染? 进而对珊瑚又带来怎样的影响? 针对这些重要的科学问题,目前还未见研究报道. 本研究在微塑料暴露下,从微生物的角度探究微塑料对珊瑚共附生细菌多样性、群落结构及其功能的影响,有助于更加深入地认识微塑料对珊瑚造成危害的具体机制,为微塑料的生态毒理学提供理论依据.

本研究中,微塑料暴露后珊瑚共附生细菌 α -多样性发生变化(先降低,后上升),说明微塑料这种环境压力对珊瑚共附生细菌多样性产生影响. 环境的变化会导致珊瑚共附生细菌多样性的变化,例如 Yu 等^[42]指出高纬度珊瑚共生细菌丰富度和多样性在不同季节均有显著变化,Chao1 指数和 Ace 指数显示夏季群落丰富度最高,春季最低,Shannon 指数

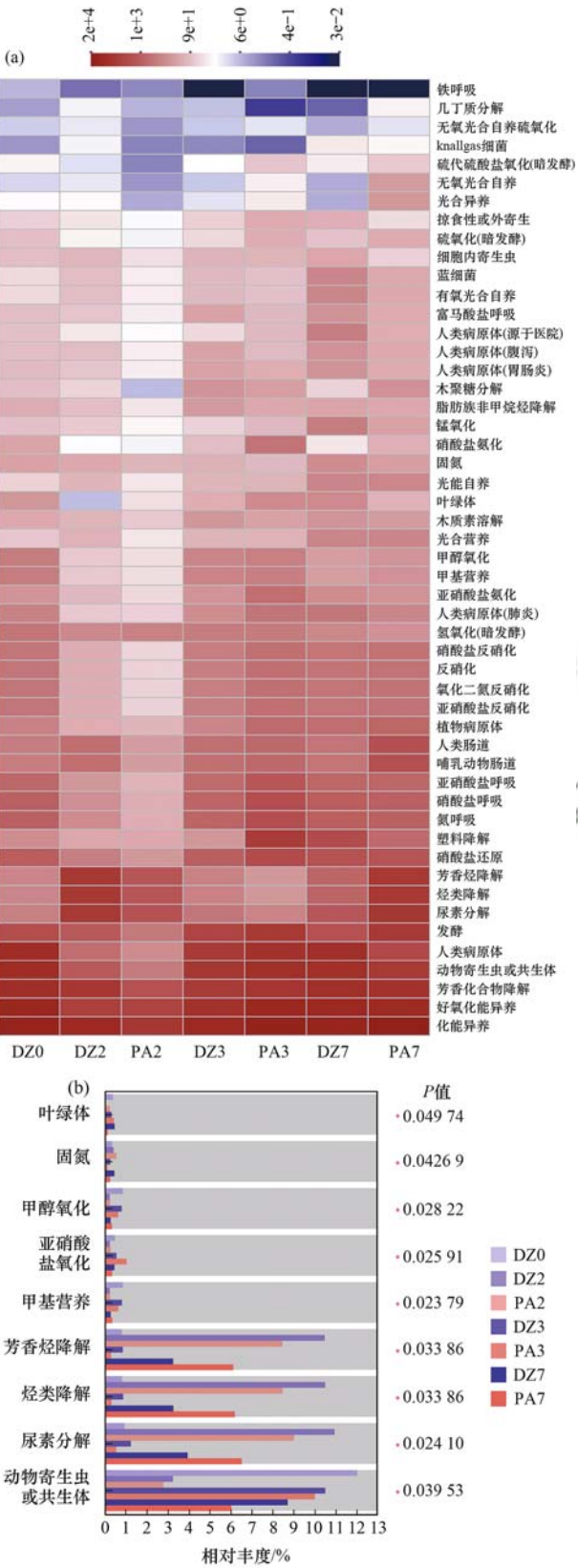


图9 微塑料暴露不同时间珊瑚共附生细菌 FAPROTAX 功能预测

Fig. 9 FAPROTAX function prediction of symbiotic bacterial community of coral at different microplastic exposure times

显示夏季群落多样性最高,春季最低;Lu 等^[43]发现珊瑚微生物组成和多样性均受到温度的影响,进行冷处理时,珊瑚微生物群落的 Simpson 指数范围为 $(0.09 \pm 0.02) \sim (0.32 \pm 0.09)$,Chao1 指数范围为 $(506.5 \pm 73.41) \sim (328.4 \pm 33.39)$. Woo 等^[44]发现来自不同地理位置(中国台湾、日本和韩国)的 *Scleronephthya gracillimum* 软珊瑚样本的细菌多样性明显不同,Shannon 指数为 $0.92 \sim 2.67$. 在本研究中,Shannon 指数为 $1.65 \sim 4.99$,Ace 指数为 $368.27 \sim 1133.50$,Chao1 指数为 $369.70 \sim 1140.10$,本研究与上述研究的 α -多样性均存在差异,这可能与研究的珊瑚种类和环境压力不同有关,但是环境因子确实对珊瑚共附生细菌多样性产生影响.

在本研究中,*Ralstonia* 是珊瑚共附生细菌群落的优势类群,已有研究表明 *Ralstonia* 是珊瑚共生细菌群落的类群之一,和珊瑚其他共生生物体共同组成了珊瑚共生体^[45];但本研究中 *Ralstonia* 的相对丰度变化较大,特别是在实验组中,微塑料暴露第 2 d 时, *Ralstonia* 的相对丰度为 76.98%,高于对照组,但到暴露第 7 d 时,实验组的相对丰度为 16.51%,低于对照组,可见,微塑料暴露使优势类群 *Ralstonia* 的相对丰度发生变化,总体呈下降趋势,说明微塑料暴露对细菌类群与珊瑚的共生关系产生影响. *Acinetobacter* 类群在本研究珊瑚共附生细菌群落中的相对丰度也较高. *Acinetobacter* 被认为是珊瑚的第一道有效防线^[46,47];从本研究中 *Acinetobacter* 类群的相对丰度变化来看,微塑料暴露第 3 d 该类群为实验组(16.60%)的优势类群,但是到暴露第 7 d 时,其在实验组中的相对丰度降为 4.89%,可见,随着微塑料暴露时间的加长, *Acinetobacter* 类群的相对丰度降低,说明微塑料暴露后导致参与珊瑚防御体系的细菌类群遭到破坏.此外,在本研究中 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* 在珊瑚共附生细菌群落中的相对丰度为第三,但在各样品中的变化不大.文献[48]指出 *Burkholderia-Caballeronia-Paraburkholderia* 是机会致病菌且有抗生素耐药性, Daniels 等^[49]曾在患病的珊瑚样本中发现 *Burkholderiaceae* 的存在,且 mRNA 序列丰度较高.根据报道, *Delftia* 具有降解聚乙烯^[50]和外源物的能力^[51],在本研究中,微塑料暴露第 3 d 时 *Delftia* 的相对丰度高达 10.57%,成为优势类群之一,可见微塑料暴露可引起降解外源物相关微生物相对丰度的变化.

在本研究中,微塑料暴露前后所有样品的珊瑚共附生细菌群落均以 *Proteobacteria* 占优势(53.11%~93.14%). Yu 等^[42]对广西涠洲岛石珊

瑚共生细菌的研究表明,春季、秋季和冬季的优势门均为 *Proteobacteria*,分别占 95.42%、80.13% 和 93.75%,夏季的优势门为 *Bacteroidota*,占 49.68%,但 *Proteobacteria* 仍为第二大优势门,占 35.71%; Lu 等^[43]对恒温和非恒温培养条件下的软珊瑚 *Sarcophyton trocheliophorum* 进行快速冷却处理,结果显示非恒温培养条件下的对照组和实验组共生细菌群落优势门均为 *Tenericutes* (54.76% 和 55.86%,相对丰度,下同)和 *Proteobacteria* (25.68% 和 27.59%),而恒温培养条件下的对照组优势门为 *Tenericutes* (36.3%)、*Firmicutes* (23.53%) 和 *Proteobacteria* (15.24%),实验组优势门为 *Proteobacteria* (53.21%) 和 *Bacteroidetes* (38.06%); Woo 等^[44]对来自中国、日本和韩国的软珊瑚 *Scleronephthya gracillimum* 细菌群落结构进行比较分析,结果显示 γ -*Proteobacteria* 在 3 个区域的样本中均占主导地位; *Proteobacteria* 是来自深海、热带和冷水环境石珊瑚的典型优势门^[52,53],基于以上研究可知, *Proteobacteria* 是珊瑚共附生细菌群落的核心优势类群,对珊瑚基本生命的维持是必需的.属于 *Actinobacteriota* 的 *Microbacterium awajiense*、*Rhodococcus jostii*、*Mycobacterium vanbaalenii* 和 *Streptomyces fulvissimus* 能够降解微塑料聚合物,可显著减小 PE 微塑料的尺寸^[54]; *Bacteroidota* 常定殖在微塑料表面^[55],并且可利用多种聚合物^[56],在本研究中,微塑料暴露第 7 d,与对照组相比,实验组 *Actinobacteriota* 和 *Bacteroidota* 的相对丰度显著增加,推测 *Actinobacteriota* 和 *Bacteroidota* 这两个类群相对丰度的增加可能与 PA 的添加有关.

微塑料暴露后,珊瑚共附生细菌必需的代谢途径,如氨基酸代谢、碳水化合物代谢和能量代谢等相对丰度变化不大,说明 PA 的添加并没有影响珊瑚共附生细菌群落基本的代谢功能.然而,微塑料 PA 暴露第 3 d 和第 7 d 后,珊瑚共附生细菌的信号转导、外源物质生物降解及代谢和细胞运动均低于对照组; Ziegler 等^[37]曾报道珊瑚可以通过调整共附生细菌群落来快速地适应环境压力,但是本研究结果表明微塑料暴露后,珊瑚共附生细菌群落的信号转导功能相对丰度降低,信号转导是与环境信息处理相关的功能,其相对丰度的降低,说明微塑料的添加导致珊瑚共附生微生物的环境信息处理能力减弱,进而无法快速适应环境的变化.微塑料含有稳定剂、阻燃剂和增塑剂等各种化学添加剂,外源物质生物降解及代谢功能相对丰度降低,即对这些有毒有害物质的降解代谢能力降低;细胞运动与细胞向营养物质运动和躲避有毒物质以适应多变的环境有

关,细胞运动功能相对丰度降低,即对有毒有害物质的躲避能力下降,因此微塑料的添加导致珊瑚共附生细菌对有毒有害物质的降解能力和躲避能力下降,一定程度上影响其相关代谢功能,这与已有报道一致^[57,58]。

FAPROTAX 功能组间差异检验表明,动物寄生虫或共生体功能的相对丰度在微塑料暴露后均显著低于对照组($P < 0.05$)。对于健康的珊瑚而言,珊瑚与共附生微生物之间处于互利共生的状态,但对环境扰动敏感^[59],因而微塑料会带来新的环境压力,引起动物寄生虫或共生体功能的相对丰度下降。此外,氮循环相关的氮呼吸、硝酸盐呼吸和亚硝酸盐呼吸等功能的相对丰度在微塑料暴露第2 d急剧下降,之后又恢复到正常水平,说明微塑料的添加影响珊瑚共附生细菌参与氮循环的相关功能。已有研究报道硝酸盐还原细菌在能量利用、维护生态系统的功能和减缓珊瑚白化方面发挥了作用^[60]; *Ralstonia* 可与珊瑚宿主共生,具有固氮功能^[45]; 与珊瑚共生的反硝化菌参与的反硝化作用是珊瑚中相对活跃的代谢途径^[61],这些都表明珊瑚共附生细菌在氮循环中发挥着重要作用^[62]。

4 结论

(1)珊瑚共附生细菌群落 α -多样性随微塑料暴露时间的不同先降低后上升。

(2)微塑料暴露使珊瑚共附生细菌群落发生显著变化,且暴露不同时间的细菌群落也不同,使 Proteobacteria、Chloroflexi、Firmicutes、Actinobacteriota、Bacteroidota 和 Acidobacteriota 的相对丰度增加。

(3)微塑料暴露后珊瑚共附生细菌的优势类群主要包括 *Ralstonia*、*Acinetobacter* 和 *Delftia*。

(4)微塑料暴露后菌群的信号转导、细胞群落-原核生物、外源物质生物降解及代谢和细胞运动功能降低,致使共附生细菌与宿主的共生关系、碳和氮的循环及光合作用功能发生显著变化。

参考文献:

- [1] Thompson R C, Olsen Y, Mitchell R P, et al. Lost at sea: where is all the plastic? [J]. Science, 2004, **304** (5672): 838.
- [2] Eriksen M, Lebreton L C M, Carson H S, et al. Plastic pollution in the world's oceans: more than 5 trillion plastic pieces weighing over 250,000 tons afloat at sea[J]. PLoS One, 2014, **9** (12), doi: 10.1371/journal.pone.0111913.
- [3] Lebreton L C M, van der Zwet J, Damsteeg J W, et al. River plastic emissions to the world's oceans [J]. Nature Communications, 2017, **8** (1), doi: 10.1038/ncomms15611.
- [4] Min K, Cuiffi J D, Mathers R T. Ranking environmental degradation trends of plastic marine debris based on physical

- properties and molecular structure[J]. Nature Communications, 2020, **11** (1), doi: 10.1038/s41467-020-14538-z.
- [5] Critchell K, Lambrechts J. Modelling accumulation of marine plastics in the coastal zone; what are the dominant physical processes? [J]. Estuarine, Coastal and Shelf Science, 2016, **171**: 111-122.
- [6] Chae D H, Kim I S, Kim S K, et al. Abundance and distribution characteristics of microplastics in surface seawaters of the Incheon/Kyeonggi coastal region [J]. Archives of Environmental Contamination and Toxicology, 2015, **69** (3): 269-278.
- [7] 李汶璐, 王志超, 杨文煥, 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.
- [8] Liao B L, Wang J J, Xiao B H, et al. Effects of acute microplastic exposure on physiological parameters in *Tubastrea aurea* corals [J]. Marine Pollution Bulletin, 2021, **165**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2021.112173.
- [9] 邵媛媛, 张帆, 梁庆霞. 陆地-海洋生态系统微塑料污染现状研究[J]. 生态环境学报, 2020, **29** (10): 2118-2129.
Shao Y Y, Zhang F, Liang Q X. Research on microplastic pollution in terrestrial-marine ecosystems [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2020, **29** (10): 2118-2129.
- [10] Galloway T S, Cole M, Lewis C. Interactions of microplastic debris throughout the marine ecosystem[J]. Nature Ecology & Evolution, 2017, **1** (5), doi: 10.1038/s41559-017-0116.
- [11] Wright S L, Thompson R C, Galloway T S. The physical impacts of microplastics on marine organisms: a review [J]. Environmental Pollution, 2013, **178**: 483-492.
- [12] Devriese L I, van der Meulen M D, Maes T, et al. Microplastic contamination in brown shrimp (*Crangon crangon*, Linnaeus 1758) from coastal waters of the Southern North Sea and Channel area[J]. Marine Pollution Bulletin, 2015, **98** (1-2): 179-187.
- [13] Sun X X, Li Q J, Zhu M L, et al. Ingestion of microplastics by natural zooplankton groups in the northern South China Sea[J]. Marine Pollution Bulletin, 2017, **115** (1-2): 217-224.
- [14] Tanaka K, Takada H. Microplastic fragments and microbeads in digestive tracts of planktivorous fish from urban coastal waters [J]. Scientific Reports, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep34351.
- [15] Van Cauwenberghe L, Janssen C R. Microplastics in bivalves cultured for human consumption [J]. Environmental Pollution, 2014, **193**: 65-70.
- [16] Bejgarn S, Macleod M, Bogdal C, et al. Toxicity of leachate from weathering plastics: an exploratory screening study with *Nitocra spinipes* [J]. Chemosphere, 2015, **132**: 114-119.
- [17] Hamlin H J, Marciano K, Downs C A. Migration of nonylphenol from food-grade plastic is toxic to the coral reef fish species *Pseudochromis fridmani* [J]. Chemosphere, 2015, **139**: 223-228.
- [18] Xiao B H, Li D D, Liao B L, et al. Effects of microplastics exposure on the *Acropora* sp. antioxidant, immunization and energy metabolism enzyme activities [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, **12**, doi: 10.3389/fmicb.2021.666100.
- [19] Wang W F, Ge J, Yu X Y. Bioavailability and toxicity of microplastics to fish species: a review [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, **189**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.109913.
- [20] Lu L, Luo T, Zhao Y, et al. Interaction between microplastics

- and microorganism as well as gut microbiota; a consideration on environmental animal and human health[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **667**: 94-100.
- [21] Hartmann N B, Rist S, Bodin J, *et al.* Microplastics as vectors for environmental contaminants: exploring sorption, desorption, and transfer to biota[J]. *Integrated Environmental Assessment and Management*, 2017, **13**(3): 488-493.
- [22] Lo H S, Xu X Y, Wong C Y, *et al.* Comparisons of microplastic pollution between mudflats and sandy beaches in Hong Kong[J]. *Environmental Pollution*, 2018, **236**: 208-217.
- [23] Huang Y J, Yan M T, Xu K H, *et al.* Distribution characteristics of microplastics in Zhubi Reef from South China Sea[J]. *Environmental Pollution*, 2019, **255**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.113133.
- [24] Viršek M K, Lovšin M N, Koren Š, *et al.* Microplastics as a vector for the transport of the bacterial fish pathogen species *Aeromonas salmonicida*[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2017, **125**(1-2): 301-309.
- [25] Vidyasakar A, Neelavannan K, Krishnakumar S, *et al.* Macrodebris and microplastic distribution in the beaches of Rameswaram Coral Island, Gulf of Mannar, southeast coast of India; a first report[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2018, **137**: 610-616.
- [26] Jensen L H, Motti C A, Garm A L, *et al.* Sources, distribution and fate of microfibrils on the Great Barrier Reef, Australia[J]. *Scientific Reports*, 2019, **9**(1), doi: 10.1038/s41598-019-45340-7.
- [27] Imhof H K, Sigl R, Brauer E, *et al.* Spatial and temporal variation of macro-, meso- and microplastic abundance on a remote coral island of the Maldives, Indian Ocean[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2017, **116**(1-2): 340-347.
- [28] Saliu F, Montano S, Garavaglia M G, *et al.* Microplastic and charred microplastic in the Faafu Atoll, Maldives[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2018, **136**: 464-471.
- [29] Ding J F, Jiang F H, Li J X, *et al.* Microplastics in the coral reef systems from Xisha Islands of South China Sea[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **53**(14): 8036-8046.
- [30] Zhang L L, Zhang S P, Wang Y H, *et al.* The spatial distribution of microplastic in the sands of a coral reef island in the South China Sea: comparisons of the fringing reef and atoll[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **688**: 780-786.
- [31] Hall N M, Berry K L E, Rintoul L, *et al.* Microplastic ingestion by scleractinian corals[J]. *Marine Biology*, 2015, **162**(3): 725-732.
- [32] Allen A S, Seymour A C, Rittschof D. Chemoreception drives plastic consumption in a hard coral[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2017, **124**(1): 198-205.
- [33] Tang J, Ni X Z, Zhou Z, *et al.* Acute microplastic exposure raises stress response and suppresses detoxification and immune capacities in the scleractinian coral *Pocillopora damicornis*[J]. *Environmental Pollution*, 2018, **243**: 66-74.
- [34] Reichert J, Schellenberg J, Schubert P, *et al.* Responses of reef building corals to microplastic exposure[J]. *Environmental Pollution*, 2018, **237**: 955-960.
- [35] Lamb J B, Willis B L, Fiorenza E A, *et al.* Plastic waste associated with disease on coral reefs[J]. *Science*, 2018, **359**(6374): 460-462.
- [36] Chapron L, Peru E, Engler A, *et al.* Macro- and microplastics affect cold-water corals growth, feeding and behaviour[J]. *Scientific Reports*, 2018, **8**(1), doi: 10.1038/s41598-018-33683-6.
- [37] Ziegler M, Grupstra C G B, Barreto M M, *et al.* Coral bacterial community structure responds to environmental change in a host-specific manner[J]. *Nature Communications*, 2019, **10**(1), doi: 10.1038/s41467-019-10969-5.
- [38] Erler D V, Farid H T, Glaze T D, *et al.* Coral skeletons reveal the history of nitrogen cycling in the coastal Great Barrier Reef[J]. *Nature Communications*, 2020, **11**(1), doi: 10.1038/s41467-020-15278-w.
- [39] Zhang F, Jonas L, Lin H Z, *et al.* Microbially mediated nutrient cycles in marine sponges[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2019, **95**(11), doi: 10.1093/femsec/fiz155.
- [40] 晁华, 申玉春, 刘丽. 氮磷对珊瑚过氧化氢酶和超氧化物歧化酶活性的影响[J]. *中国农学通报*, 2016, **32**(17): 12-19.
- Chao H, Shen Y C, Liu L. Nitrogen and phosphorus affecting activities of catalase and superoxide dismutase in coral[J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2016, **32**(17): 12-19.
- [41] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads[J]. *Nature Methods*, 2013, **10**(10): 996-998.
- [42] Yu X P, Yu K F, Liao Z H, *et al.* Seasonal fluctuations in symbiotic bacteria and their role in environmental adaptation of the scleractinian coral *Acropora pruinosa* in high-latitude coral reef area of the South China Sea[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **792**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.148438.
- [43] Lu H, Asem A, Li W D, *et al.* Influence of temperature changes on symbiotic Symbiodiniaceae and bacterial communities' structure: an experimental study on soft coral *Sarcophyton trocheliophorum* (Anthozoa: Alcyoniidae)[J]. *Journal of Tropical Ecology*, 2021, **37**(6): 253-262.
- [44] Woo S, Yang S H, Chen H J, *et al.* Geographical variations in bacterial communities associated with soft coral *Scleronephthya gracillimum*[J]. *PLoS One*, 2017, **12**(8), doi: 10.1371/journal.pone.0183663.
- [45] Ainsworth T D, Krause L, Bridge T, *et al.* The coral core microbiome identifies rare bacterial taxa as ubiquitous endosymbionts[J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(10): 2261-2274.
- [46] Frago Ados Santos H, Duarte G A S, da Costa Rachid C T, *et al.* Impact of oil spills on coral reefs can be reduced by bioremediation using probiotic microbiota[J]. *Scientific Reports*, 2015, **5**, doi: 10.1038/srep18268.
- [47] Leite D C A, Salles J F, Calderon E N, *et al.* Coral bacterial-core abundance and network complexity as proxies for anthropogenic pollution[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, **9**, doi: 10.3389/fmicb.2018.00833.
- [48] Rhodes K A, Schweizer H P. Antibiotic resistance in *Burkholderia* species[J]. *Drug Resistance Updates*, 2016, **28**: 82-90.
- [49] Daniels C A, Baumgarten S, Yum L K, *et al.* Metatranscriptome analysis of the reef-building coral *Orbicella faveolata* indicates holobiont response to coral disease[J]. *Frontiers in Marine Science*, 2015, **2**, doi: 10.3389/fmars.2015.00062.
- [50] Peixoto J, Silva L P, Krüger R H. Brazilian Cerrado soil reveals an untapped microbial potential for unpretreated polyethylene biodegradation[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2016, **324**: 634-644.
- [51] Patil N K, Kundapur R, Shouche Y S, *et al.* Degradation of plasticizer di-*n*-butylphthalate by *Delftia* sp. TBKNP-05[J]. *Current Microbiology*, 2006, **52**(5): 369-374.

- [52] Kellogg C A, Lisle J T, Galkiewicz J P. Culture-independent characterization of bacterial communities associated with the cold-water coral *Lophelia pertusa* in the northeastern Gulf of Mexico [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2009, **75**(8), doi: 10.1128/AEM.02357-08.
- [53] Robertson V, Haltli B, McCauley E P, *et al.* Highly variable bacterial communities associated with the octocoral *Antillologorgia elisabethae* [J]. Microorganisms, 2016, **4**(3), doi: 10.3390/microorganisms4030023.
- [54] Lwanga E H, Thapa B, Yang X M, *et al.* Decay of low-density polyethylene by bacteria extracted from earthworm's guts: a potential for soil restoration [J]. Science of the Total Environment, 2018, **624**: 753-757.
- [55] Xu X Y, Wang S, Gao F L, *et al.* Marine microplastic-associated bacterial community succession in response to geography, exposure time, and plastic type in China's coastal seawaters [J]. Marine Pollution Bulletin, 2019, **145**: 278-286.
- [56] Bauer M, Kube M, Teeling H, *et al.* Whole genome analysis of the marine *Bacteroidetes* '*Gramella forsetii*' reveals adaptations to degradation of polymeric organic matter [J]. Environmental Microbiology, 2010, **8**(12): 2201-2213.
- [57] 陈玉芳, 闫振华, 张燕, 等. 城市水体微塑料垂向分布下附着细菌群落结构和功能响应 [J]. 环境科学, 2022, **43**(6): 3088-3096.
- Chen Y F, Yan Z H, Zhang Y, *et al.* Community structure and microbial function responses of biofilms colonizing on microplastics with vertical distribution in urban water [J]. Environmental Science, 2022, **43**(6): 3088-3096.
- [58] Kisand V, Valente A, Lahm A, *et al.* Phylogenetic and functional metagenomic profiling for assessing microbial biodiversity in environmental monitoring [J]. PLoS One, 2012, **7**(8), doi: 10.1371/journal.pone.0043630.
- [59] Bourne D G, Morrow K M, Webster N S. Insights into the coral microbiome: underpinning the health and resilience of reef ecosystems [J]. Annual Review of Microbiology, 2016, **70**: 317-340.
- [60] Semenova E M, Ershov A P, Sokolova D S, *et al.* Diversity and biotechnological potential of nitrate-reducing bacteria from heavy-oil reservoirs (Russia) [J]. Microbiology, 2020, **89**(6): 685-696.
- [61] Tilstra A, El-Khaled Y C, Roth F, *et al.* Publisher correction: denitrification aligns with N₂ fixation in Red Sea corals [J]. Scientific Reports, 2020, **10**(1), doi: 10.1038/s41598-020-59353-0.
- [62] Bulan D E, Wilantho A, Krainara P, *et al.* Spatial and seasonal variability of reef bacterial communities in the upper Gulf of Thailand [J]. Frontiers in Marine Science, 2018, **5**, doi: 10.3389/fmars.2018.00441.



CONTENTS

Impact of Climate Change on Summer Ozone in China	HU An-qi, XIE Xiao-dong, GONG Kang-jia, <i>et al.</i> (1801)
Spatial-temporal Variation and Driving Factors of Ozone in China from 2019 to 2021 Based on EOF Technique and KZ Filter	WANG Hao-qì, ZHANG Yu-fen, LUO Zhong-wei, <i>et al.</i> (1811)
Photochemical Mechanism and Control Strategy Optimization for Summertime Ozone Pollution in an Industrial City in the North China Plain	ZHENG Zhen-sen, DOU Jian-ping, ZHANG Guo-tao, <i>et al.</i> (1821)
Spatiotemporal Evolution Characteristics of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Chinese Cities from 2015 to 2020	NIU Xiao-xiao, ZHONG Yan-mei, YANG Lu, <i>et al.</i> (1830)
Spatiotemporal Distribution Characteristics of Co-pollution of PM _{2.5} and Ozone over BTH with Surrounding Area from 2015 to 2021	SONG Xiao-han, YAN Li, LIU Wei, <i>et al.</i> (1841)
Spatio-temporal Variation in PM _{2.5} Concentration and Its Relationship with Vegetation Landscape Patterns in Typical Economic Zones in China from 2000 to 2020	XU Yong, LI Xin-yi, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i> (1852)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Ion Deposition During Winter and Spring in the Core Area of Beijing	ZHAO Yu, LI Bei-bei, HUANG Yu-hu, <i>et al.</i> (1865)
Input Characteristics of Dry Deposition of Atmospheric Particulates and Metals in Farmland in the Suburb of Nanjing	LIU Cui-ying, JIN Hao, FAN Jian-ling (1873)
Pollution Characterizations and Oxidative Potentials of Water-Soluble Organic Matters at Different Polarity Levels in Winter PM _{2.5} Over Xi'an	LUO Yu, HUANG Sha-sha, ZHANG Tian, <i>et al.</i> (1882)
Emission Characteristics of Organic Carbon and Elemental Carbon in PM ₁₀ and PM _{2.5} from Vehicle Exhaust and Civil Combustion Fuels	WANG Hong-lei, LIU Si-han, SUN Jie-juan, <i>et al.</i> (1890)
Characteristics and Source Apportionment of PM _{2.5} in the Core Area of Ili River Valley in Spring	GU Chao, XU Tao, MA Chao, <i>et al.</i> (1899)
Evaluation of Changes in PM _{2.5} Exposure Concentration and Health Risk for Urban Resident in Zhengzhou Based on High Spatial Resolution Grids	LI Yuan, XU Yi-fei, YUAN Ming-hao, <i>et al.</i> (1911)
Emission Inventory of Building Material Industry in Henan Province Based on Multi-source Data Integration	LIU Xiao, HU Jing-nan, WANG Hong-mei, <i>et al.</i> (1924)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Volatile Organic Compounds in Winter in Kaifeng City	SHI Yu-qi, ZHENG Kai-yun, DING Wei-ting, <i>et al.</i> (1933)
Changes in O ₃ -VOCs-NO _x Sensitivity and VOCs Sources at an Urban Site of Nanjing Between 2020 and 2021	LU Xiao-bo, WANG Ming, DING Feng, <i>et al.</i> (1943)
Variation Characteristics and Ozone Formation Potential of Ambient VOCs in Urban Beijing in Summer	ZHANG Rui, SUN Xue-song, WANG Yu, <i>et al.</i> (1954)
Chemical Characteristics and Source Apportionment for VOCs During the Ozone Pollution Episodes and Non-ozone Pollution Periods in Qingdao	JIA Zhi-hai, GU Yao, KONG Cui-li, <i>et al.</i> (1962)
Characteristics of O ₃ Production in the Western Suburb of Hefei in Summer Based on the Observation of Total Peroxy Radical	YU Hui, WEI Na-na, XU Xue-zhe, <i>et al.</i> (1974)
Evaluation of Energy Saving and Carbon Reduction Effect of Air Pollution Prevention and Control Action Plan and Innovation Intermediary Effect	LI Shao-lin, WANG Qi-qi (1985)
Scenario Simulation and Effects Assessment of Co-control on Pollution and Carbon Emission Reduction in Beijing	YU Shan, ZHANG Shuang, ZHANG Zeng-jie, <i>et al.</i> (1998)
Simulation of Anthropogenic CO ₂ Emissions in the Yangtze River Delta Based on Different Emission Inventories	MA Xin-yi, HUANG Wen-jing, HU Ning, <i>et al.</i> (2009)
Water Quality Change Trend and Risk Analysis of Wuhan Hanjiang River Water Source	ZHUO Hai-hua, LOU Bao-feng, XU Jie, <i>et al.</i> (2022)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics and Resistance Genes in Different Water Sources in the Wuhan Section of the Yangtze River	LI Bo-lin, ZHANG He, WANG Jun, <i>et al.</i> (2032)
Occurrence Characteristics, Sources, and Toxicity Risk Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Typical Rivers of Northern Shaanxi Mining Area, China	WU Xi-jun, DONG Ying, ZHAO Jian, <i>et al.</i> (2040)
Spatio-temporal Characteristics of Organic Aggregates and the Driving Factors in Typical Lakes	XIE Gui-juan, GONG Yi, ZHU Fu-cheng, <i>et al.</i> (2052)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Microplastics in Water of Different Functional Parks in Guilin	LI Pei-zhao, WU Li, HUANG Fei-fei, <i>et al.</i> (2062)
Environmental Driving Factors and Assessment on the Aquatic Ecosystem of Periphytic Algae of Six Inflow Rivers in Yangtze River Basin	ZHANG Jing, HU Yu-xin, HU Sheng, <i>et al.</i> (2072)
Influence and Driving of Environmental Heterogeneity on the Epilithic Diatom Community in Xiangxi River, a Tributary of the Three Gorges Reservoir Area	JI Lu-lu, ZHAO Lu, OUYANG Tian, <i>et al.</i> (2083)
Characteristics of Phytoplankton Communities and Key Impact Factors in Three Types of Lakes in Wuhan	ZHANG Hao-kun, MIN Fen-li, CUI Hui-rong, <i>et al.</i> (2093)
Effects of Heavy Metal Pollution on the Structure of Microbial Communities in Different Habitats	HE Yi-fan, XIAO Xin-zong, WANG Jia-wen (2103)
Structure and Distribution Characteristics of Bacterial Community in Boqing River Water	WANG Sen, CHEN Jian-wen, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (2113)
Effects of Microplastic Exposure on the Community Structure and Function of Symbiotic Bacteria in <i>Sinularia microclavata</i>	LIU Min, CHE Wen-xue, ZENG Ying-xu, <i>et al.</i> (2122)
Distribution Characteristics and Health Risk Assessment of Emerging Contaminants from Raw Water to Drinking Water in Shanghai	YAN Qi (2136)
Adsorption Characteristics of Fluoride in Low-Concentration Water by Aluminum and Zirconium-Modified Biochar	LIU Yan-fang, GAO Wei, LIU Rui, <i>et al.</i> (2147)
Sorption Characteristics and Site Energy Distribution Theory of Typical Estrogens on Microplastics	LIU Jiang-yan, ZHENG Mi-mi, HU Jia-wu, <i>et al.</i> (2158)
Selection and Evaluation of Model Pollutants for Performance Assessment of Advanced Treatment of Industrial Park Wastewater by Ozonation	XIN Bo, SHAN Chao, LÜ Lu (2168)
Identifying Driving Factors and Their Interacting Effects on Sources of Heavy Metal in Farmland Soils with Geodetector and Multi-source Data	ZHANG Hong-ze, CUI Wen-gang, LIU Sui-hua, <i>et al.</i> (2177)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils Around the Gangue Heap of Coal Mine Based on APCS-MLR and PMF Receptor Model	MA Jie, SHEN Zhi-jie, ZHANG Ping-ping, <i>et al.</i> (2192)
Contamination and Probabilistic Health Risk Assessment of Heavy Metals in Agricultural Soils Around a Lead-Zinc Smelter	HUANG Jian-bo, JIANG Deng-deng, WEN Bing, <i>et al.</i> (2204)
Prediction of PAHs Content in Soil Around Gas Stations in Beijing Based on BP Neural Network	MA Sai-yan, WEI Hai-ying, MA Jin, <i>et al.</i> (2215)
Spatial-temporal Distribution and Risk Assessment of Quinolones Antibiotics in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, CHEN Hui, ZHAO Bo, <i>et al.</i> (2223)
Accumulation and Pollution Risks of Heavy Metals in Soils and Agricultural Products from a Typical Black Shale Region with High Geological Background	DENG Shuai, DUAN Jia-hui, NING Mo-huan, <i>et al.</i> (2234)
Geochemical Characteristics of Cd in Different Parent Soils in Karst Area and Prediction of Cd Content in Maize	DAI Liang-liang, XU Hong-gen, GONG Hao, <i>et al.</i> (2243)
Pollution Risk and Contribution Analysis of Pb, Cd, and As in Soils and Crops Under Different Land Use Types in Longyan City	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi (2252)
Influencing Factors of Cadmium Content in Wheat Grain: A Meta-analysis and Decision Tree Analysis	LIU Na, ZHANG Shao-bin, GUO Xin-yu, <i>et al.</i> (2265)
Response Characteristics of Soil Organic Carbon Pool and Its Chemical Composition During Secondary Forest Succession in the Loess Plateau	LIU Han-yu, LIU Ying-yi, ZHANG Qi, <i>et al.</i> (2275)
Effects of Short-Term Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Respiration Components in a Subalpine Grassland of Qilian Mountains	JIANG Yuan, GAN Xiao-ling, CAO Feng-feng, <i>et al.</i> (2283)
Response of Soil Microbial Diversity to Long-term Enclosure in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Zone of the Yellow River	YANG Peng-nian, LI Xi-lai, LI Cheng-yi, <i>et al.</i> (2293)
Diversity and Predictive Functional of <i>Caragana jubata</i> Bacterial Community in Rhizosphere and Non-rhizosphere Soil at Different Altitudes	LI Yuan-yuan, XU Ting-ting, AI Zhe, <i>et al.</i> (2304)
Effects of Simulated Acid Rain and Nitrogen Deposition on Soil Bacterial Community Structure and Diversity in the Masson Pine Forest	WANG Nan, QIAN Shao-yu, PAN Xiao-cheng, <i>et al.</i> (2315)
Effects of Phosphogypsum and <i>Suaeda salsa</i> on the Soil Moisture, Salt, and Bacterial Community Structure of Salinized Soil	LIU Yue, YANG Shu-qing, ZHANG Wan-feng, <i>et al.</i> (2325)
Effects of Combined Application of Fungal Residue and Chemical Fertilizer on Soil Microbial Community Composition and Diversity in Paddy Soil	GENG He-tian, WANG Xu-dong, SHI Si-bo, <i>et al.</i> (2338)
Effects of Aeration on Surface Water Nutrient Dynamics and Greenhouse Gas Emission in Different Straw Returning Paddy Fields	HU Jin-hui, XUE Li-hong, QIAN Cong, <i>et al.</i> (2348)
Effects of Exogenous Melatonin Treatment on the Growth and Antioxidant System of Rice Seedlings Under Antimony Stress	CHU Yu-tan, LI Yan, HUANG Yi-zong, <i>et al.</i> (2356)
Life Cycle Prediction Assessment of Energy Saving and New Energy Vehicles for 2035	FU Pei, LAN Li-bo, CHEN Ying, <i>et al.</i> (2365)
Distribution, Sources, and Behavioral Characteristics of Microplastics in Farmland Soil	BO Lu-ji, LI Bing, ZHANG Kai, <i>et al.</i> (2375)
Research Progress on the Remediation Technology of Herbicide Contamination in Agricultural Soils	HU Fang-yu, AN Jing, WANG Bao-yu, <i>et al.</i> (2384)
Research Progress and Prospect of Herbicide Residue Characteristics in Black Soil Region of China	LI Rui, WU Qiu-mei, ZHAO Gui-mei, <i>et al.</i> (2395)