

目次

2018~2020年北京市大气PM _{2.5} 污染特征及改善原因	刘保献, 李倩, 孙瑞雯, 董瑞, 王书肖, 郝吉明	(2409)
京津冀城市群冬季二次PM _{2.5} 的时空分布特征	姚青, 杨旭, 唐颖潇, 樊文雁, 蔡子颖, 韩素芹	(2421)
COVID-19管控前后不同污染阶段PM _{2.5} 中二次无机离子变化特征	姜楠, 郝雪新, 郝祺, 魏云飞, 张瑜, 吕政卿, 张瑞芹	(2430)
基于在线观测的太原市冬季PM _{2.5} 中金属元素污染水平及来源解析	崔阳, 郭利利, 李宏艳, 李永麒, 李滨, 何秋生, 王新明	(2441)
青藏高原东缘黑碳气溶胶变化特征及其来源	王红磊, 刘思吟, 赵天良, 卢文, 夏俊荣, 施双双	(2450)
湛江市夏季大气挥发性有机物污染特征及来源解析	虎晓蝶, 高博, 陈来国, 刘明, 陆海涛, 王硕, 赵伟, 梁小雅, 郭送军	(2461)
2021年夏季新乡市城区臭氧超标日污染特征及敏感性	侯墨, 蒋小梅, 赵文鹏, 马琳, 黄皓旻, 范丽雅, 叶代启	(2472)
台风“浪卡”过程对海南岛臭氧污染的影响分析	符传博, 丹利, 佟金鹤, 徐文帅	(2481)
天津市空气污染的健康影响分析	华琨, 罗忠伟, 贾斌, 薛倩倩, 李亚菲, 肖致美, 吴建会, 张裕芬, 冯银厂	(2492)
2002~2020年中国河流环境质量演变及驱动因子分析	杨传玺, 薛岩, 高畅, 万孜恒, 王小宁, 刘永林, 刘琳, 刘长青, 王炜亮	(2502)
1990~2020年黄河流域典型生态区生态环境质量时空格局及驱动力分析	王芳, 李文慧, 林妍敏, 南雄雄, 胡志瑞	(2518)
长江上游小型水库枯水期水质对景观组成、配置和水库特征的响应	钟泳林, 冉娇娇, 文雯, 张名瑶, 吕明权, 吴胜军	(2528)
宁夏入黄排水沟中典型内分泌干扰物的污染特征与风险评价	李凌云, 高礼, 郑兰香, 李富娟, 陶红, 马兰	(2539)
微塑料及金属在黄浦江地表水环境的赋存特征及与金属抗性基因的相关性分析	陆嘉玮, 徐晨辉, 胡纯, 刘树仁, 李方	(2551)
黄河兰州段城市河道表层沉积物重金属空间分布特征及来源解析	李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 臧飞, 毛满萱, 潘文惠, 米璇	(2562)
三峡库区支流库湾消落带土壤磷形态赋存特征及其释放风险	张雪, 朱波	(2574)
霍邱县城湖泊沉积物营养盐分布及污染评价	刘海, 赵国红	(2583)
基于贝叶斯网络的太湖叶绿素a影响因素分析	刘杰, 何云川, 邓建明, 汤祥明	(2592)
河北省顺平县地下水化学特征及其成因分析	刘元晴, 周乐, 吕琳, 李伟, 王新峰, 路小慧, 郑一迪, 孟顺祥	(2601)
饮用水处理过程中全氟化合物的分布、转化及去向	钟婷婷, 林涛, 刘威	(2613)
镍铁氧体@活性炭复合材料去除六价铬的表征、性能及机制	张华, 李荣华, 陈金雄, 曾鸿鹄, 黄海艺, Asfandiyar Shahab	(2622)
纳米核壳Co@NC催化剂活化过氧乙酸降解磺胺甲噁唑	郑婷露, 张龙龙, 陈家斌, 张亚雷, 周雪飞	(2635)
富里酸改性FeMnNi-LDH复合材料对水中砷的吸附性能与机制	何雅馨, 柯心怡, 魏世强, 蒋珍茂	(2646)
富含钙/铝的污泥生物炭复合材料对水溶液中磷酸盐的吸附机制	欧阳铸, 曹露, 王炳乾, 丁丽, 黄海明, 祝采莹, 卞晓彤	(2661)
污泥生物炭掺杂改性及其对水中1,2-二氯乙烷吸附行为和机制	周佳伟, 施维林, 许伟, 魏晨军, 吴建生, 孟宪荣	(2671)
森林生态系统对大气氮沉降降低的响应	谢丹妮, 仰东星, 段雷	(2681)
气候变化和人类活动对我国典型草原区植被恢复的影响	张良侠, 岳笑, 周德成, 樊江文, 李愈哲	(2694)
西南地区陆地植被生态系统NPP时空演变及驱动力分析	徐勇, 黄海艳, 戴强玉, 郭振东, 郑志威, 盘钰春	(2704)
不同碳输入对天山雪岭云杉林土壤化学计量特征的影响	马鑫钰, 贡璐, 朱海强, 张甜, 殷珂洁, 陆星宇	(2715)
氮磷添加对荒漠草原土壤养分含量及生态化学计量特征的影响	刘姝萱, 安慧, 张馨文, 邢彬彬, 文志林, 王波	(2724)
互花米草入侵对杭州湾滨海湿地土壤碳氮磷生态化学计量特征的影响	李文琦, 项琦, 解雪峰, 吴涛, 蒋国俊, 张建珍, 濮励杰, 徐飞	(2735)
黄土旱塬24 a不同秸秆还田土壤碳、氮、磷和胞外酶计量特征	姚志霞, 周怀平, 解文艳, 杨振兴, 陈浩宁, 文永莉, 程曼	(2746)
黄土高原子午岭植被自然恢复下的固碳特征	许小明, 张晓萍, 王浩嘉, 贺洁, 王妙倩, 易海杰, 薛帆, 邹亚东, 田起隆, 何亮	(2756)
短期氮添加对黄土高原人工刺槐林土壤有机碳组分的影响	简俊楠, 刘伟超, 朱玉帆, 李佳欣, 温宇豪, 刘付和, 任成杰, 韩新辉	(2767)
福建省水田土壤有机碳积累对未来温度升高的响应	车燕, 邱龙霞, 吴凌云, 龙军, 毋亭, 李晶, 邢世和, 张黎明	(2775)
中国镉超富集植物的物种、生境特征和筛选建议	赵晓峰, 雷梅, 陈同斌	(2786)
基于地理探测器的土壤重金属空间分异及其影响因素分析研究进展	龚仓, 王顺祥, 陆海川, 陈勇, 刘玖芬	(2799)
河北省土壤化学元素的背景值与基准值	张丽婷, 成杭新, 谢伟明, 齐全强, 谢晓阳, 于文龙, 王俊达	(2817)
非粮化利用下耕地土壤重金属分布特征、生态风险和来源解析	邱乐丰, 祝锦霞, 潘艺, 党云晓, 吴绍华	(2829)
基于乡镇尺度的地质高背景区耕地土壤重金属来源分析与风险评价	余飞, 王佳彬, 王锐, 王宇, 宁墨奂, 张云逸, 苏黎明, 董金秀	(2838)
长株潭地区土壤Cd和Pb固液分配特征与环境风险	李钰滢, 彭驰, 刘乐乐, 张严, 何亚磊, 郭朝晖, 肖细元	(2849)
贵州铅锌矿区土壤和作物重金属生态风险与迁移特征	马宏宏, 张利, 郭飞, 杨峰, 王惠艳, 彭敏, 张富贵	(2856)
贵州省旱地土壤Hg污染状况与玉米安全生产评估	马丽钧, 周浪, 宋波, 王佛鹏, 张云霞, 吴勇	(2868)
山西野生连翘生长地土壤PAHs污染特征及风险评价	郭佳佳, 王琦, 康敏捷, 焦海华, 茹文明, 白志辉	(2879)
P对小麦Cd和As吸收与转运的影响	王云, 赵鹏, 李广鑫, 胡彩霞, 王俊, 刘红恩, 高巍, 秦世玉, 睢福庆, 李畅	(2889)
施硅对水稻铁膜砷固定和体内砷转运的影响	李林峰, 文伟发, 徐梓盛, 陈勇, 李奇, 李义纯	(2899)
广东海丰湿地生态恢复进程中不同生境的土壤微生物特征分析	马姣娇, 高常军, 易小青, 吴琰, 李佳鸿, 曾向武, 蔡坚	(2908)
五台山不同退化程度亚高山草甸土壤微生物群落分类与功能多样性特征	罗正明, 刘晋仙, 胡砚秋, 赫磊, 周妍英, 郑庆荣, 柴宝峰	(2918)
天然高寒草地转变为混播人工草地对土壤微生物群落特征的影响	于皓, 刘悦, 邓晔, 芦光新, 颜琿璘, 王英成	(2928)
紫云英还田与化肥减量施肥对稻田土壤细菌群落组成和功能的影响	张济世, 刘春增, 郑春风, 张琳, 张香凝, 吕玉虎, 曹卫东, 张玉亭	(2936)
长期生草栽培对山核桃人工林土壤真菌群落和酶活性的影响	胡颖榕, 梁辰飞, 金锦, 王潇璇, 叶子豪, 吴家森	(2945)
高密度聚乙烯微塑料胁迫对棉花生长、枯萎病发生和根际细菌群落的影响	张浩, 孙洁, 杨慧颖, 董联政, 滑紫微, 韩辉, 陈兆进	(2955)
菌藻复合体系氮代谢性能及菌群特征	赵志瑞, 吴海森, 马超, 李书缘, 李晴, 袁凯倪, 孟祥源, 刘硕, 方晓峰	(2965)
中国碳排放及影响因素的市域尺度分析	吴健生, 晋雪茹, 王晗, 冯喆, 张丹妮, 李雪尘	(2974)
碳交易政策如何影响工业碳生产率:来自中国省级数据的准自然实验	房琪, 李绍萍	(2983)
垃圾分类对碳减排的影响分析:以青岛市为例	陈纪宏, 卞荣星, 张昕雪, 高晨琦, 孙英杰, 李卫华, 张国栋, 占美丽	(2995)
1950~2019年中国季节平均最高气温时空演变特征及其大气环流影响定量化分析	苏越, 路春燕, 黄雨菲, 苏艳琳, 王自立, 雷依凡	(3003)
《环境科学》征订启事(2480)	《环境科学》征稿简则(2538)	信息(2766, 2798, 2927)

高密度聚乙烯微塑料胁迫对棉花生长、枯萎病发生和根际细菌群落的影响

张浩¹, 孙洁¹, 杨慧颖¹, 董联政¹, 滑紫微¹, 韩辉¹, 陈兆进^{2*}

(1. 南阳师范学院生命科学与农业工程学院, 农业生物质资源化河南省高校工程技术研究中心, 南水北调中线水源区水安全河南省协同创新中心, 南阳 473061; 2. 南阳师范学院水资源与环境工程学院, 南阳 473061)

摘要: 塑料地膜, 尤其是聚乙烯地膜, 在我国农业生产中广泛使用, 而其降解形成的微塑料也逐渐在土壤中累积, 带来诸多环境问题。目前, 农田土壤中微塑料的环境生物学效应已有诸多报道, 但微塑料对作物生长、病害发生和根际土壤细菌群落的影响研究较少。前期研究发现 1% 高密度聚乙烯微塑料 (HDPE, 500 目) 处理土壤会提高棉花枯萎病发病率 (33.3%), 并且抑制棉花生长, 而土壤灭菌处理后未发现此现象, 推测 HDPE 通过改变土壤微生物群落, 影响棉花生长和枯萎病发生。因此, 拟通过高通量测序技术, 结合网络分析和 FAPROTAX 功能分析, 探究 HDPE 对棉花根际土壤细菌群落结构、互作网络和功能的影响, 解析 HDPE 的作用机制。NovaSeq 测序显示 HDPE 处理的棉花根际细菌群落由 54 个门, 472 个属组成, 门与属组成数量均少于无菌水处理土壤。 α 、 β 多样性和 ANOSIM/Adonis 分析表明, HDPE 显著降低细菌群落的丰富度, 并改变群落结构组成。基于 *T*-test 分析差异物种, HDPE 显著降低土壤中具有潜在生物防治、污染物降解和抗真菌药物合成功能菌属的相对丰度, 如 *Kribbella*、*Massilia*、*Hailiangium* 和 *Ramlibacter* 等。细菌群落的改变导致土壤细菌功能的变化, 进一步通过 FAPROTAX 功能分析可知, HDPE 弱化棉花根际土壤细菌部分生物化学功能, 如化能异养、发酵和硝酸盐还原等。属水平物种相关性网络分析表明 HDPE 处理减弱了根际细菌间的相互作用, 减少正相关连接数, 增加负相关连接数, 简化网络结构, 改变关键菌群。以上结果表明 HDPE 可通过改变棉花根际细菌群落、相互作用与功能代谢, 影响棉花的生长与枯萎病发生, 可为评价聚乙烯微塑料生态风险与污染土壤修复提供指导。

关键词: 高密度聚乙烯; 棉花; 高通量测序; 网络分析; FAPROTAX 功能分析

中图分类号: X171.5 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)05-2955-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202205332

Effects of Microplastic High-density Polyethylene on Cotton Growth, Occurrence of *Fusarium* wilt, and Rhizosphere Soil Bacterial Community

ZHANG Hao¹, SUN Jie¹, YANG Hui-ying¹, DONG Lian-zheng¹, HUA Zi-wei¹, HAN Hui¹, CHEN Zhao-jin^{2*}

(1. Research Center of Henan Provincial Agricultural Biomass Resource Engineering and Technology, Innovation Center of Water Security for Water Source Region of Mid-route Project of South-North Water Diversion of Henan Province, School of Life Science and Agricultural Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China; 2. School of Water Resources and Environmental Engineering, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China)

Abstract: Plastic mulch, especially polyethylene mulch, is widely used in agricultural production in China, but the microplastics formed by its degradation gradually have accumulated in soil, causing a series of environmental problems. At present, there have been many reports on the environmental biological effects of microplastics in farmland soil, but studies on the effects of microplastics on crop growth, disease occurrence, and rhizosphere soil bacterial communities are still lacking. In the previous study, it was found that 1% high-density polyethylene (HDPE, 500 mesh) could increase the incidence rate of cotton *Fusarium* wilt (33.3%) and inhibit growth, but this phenomenon was not found after soil sterilization. It was speculated that HDPE could affect the growth and occurrence of *Fusarium* wilt by regulating the soil microbial community. Therefore, high-throughput sequencing technology, combined with network and FAPROTAX function analysis, were used to investigate the effects of HDPE on the bacterial community structure, interaction network, and soil function in cotton rhizosphere in order to analyze the mechanism of HDPE. NovaSeq sequencing showed that the bacterial community of HDPE-treated cotton rhizosphere soil was composed of 54 phyla and 472 genera; the number of phyla and genera was higher than that in untreated soil. The α and β diversity and ANOSIM/Adonis analyses showed that HDPE significantly reduced the richness of the bacterial community and changed the composition of the community structure. Based on a *T*-test species difference analysis, HDPE significantly reduced the relative abundance of bacteria with biological control, pollutant degradation, and antifungal drug synthesis (such as *Kribbella*, *Massilia*, *Hailiangium*, and *Ramlibacter*). The change in the bacterial community will lead to the change in soil bacterial function. Further analysis of FAPROTAX function revealed that HDPE weakened some biochemical functions of bacteria in the cotton rhizosphere soil, such as aerobic chemoheterotrophy, fermentation, and nitrate reduction. The correlation network at the genus level showed that HDPE treatment weakened the interaction between rhizosphere bacteria, reduced the number of positive correlation connections, increased the number of negative correlation connections, simplified network structure, and changed the key flora. The above results showed that HDPE could reduce the cotton growth and the occurrence of *Fusarium* wilt by changing the bacterial community, interaction, and functional metabolism in rhizosphere soil, which can provide guidance for evaluating the ecological risk of polyethylene microplastics and the remediation of contaminated soil.

Key words: high-density polyethylene; cotton; high-throughput sequencing; network analysis; FAPROTAX function analysis

收稿日期: 2022-05-30; 修订日期: 2022-07-13

基金项目: 河南省自然科学基金项目(212300410215); 国家自然科学基金项目(U2004145)

作者简介: 张浩(1988~), 男, 博士, 讲师, 主要研究方向为土壤微生物生态, E-mail: zhanghao660@nynu.edu.cn

* 通信作者, E-mail: zhaojin_chen@163.com

伴随着塑料制品在日常生产生活中的大量使用,微米级甚至纳米级的塑料颗粒随之产生并进入环境中.有学者在 20 世纪 70 年代撰写文章指出塑料碎片对生态环境的潜在危害,目前微塑料污染已经成为全球要面对的一个新的问题和挑战^[1].塑料垃圾在物理作用、生物降解和光降解等过程影响下逐渐分解为微小颗粒,通常将直径小于 5 mm 的塑料颗粒称为微塑料^[2],种类主要包括聚乙烯 (polyethylene, PE)、聚丙烯 (polypropylene, PP)、聚苯乙烯 (polystyrene, PS) 和聚氯乙烯 (polyvinyl chloride, PVC) 等^[3].陆地生态系统中的微塑料主要来源于农用地膜的降解^[4],中国作为世界上地膜覆盖栽培面积最大的国家,其中聚乙烯地膜被广泛使用,而土壤中的聚乙烯微塑料残留也显著增加,带来了诸多污染问题^[5].

有研究表明聚乙烯微塑料会干扰水-植物-沉积物系统的养分循环^[6],也会增加海水抗生素抗性基因种类与丰度,造成污染^[7].土壤中的聚乙烯微塑料会对农作物(如小麦等)的幼苗产生毒性,影响其农艺形状^[8],对土壤理化性质也有显著影响^[9],并能改变土壤微生物群落结构,导致土壤细菌群落演替差异加剧^[3].聚乙烯中含碳量相对较高,在土壤中残留会导致土壤碳氮比(C/N)增加,影响微生物的固定,产生不利影响^[10].此外,聚乙烯具有表面粗糙,比表面积大和疏水性强等特点,对疏水性有机污染物具有较强的吸附作用^[11].被吸附的有机污染物会随微塑料在环境中迁移进入水体或植物体内^[12],从而造成潜在的环境和健康风险.虽然农田土壤中微塑料的环境生物学效应有诸多报道,但关于其对作物根际土壤微生物影响的研究相对较少,并且现有研究关注点在于微生物群落组成与变化趋势,土壤微生物间相互作用和功能等仍不明确,而土壤中微生物种类丰富,功能多样,与植物生长和抗逆息息相关^[13],研究微塑料对根际土壤微生态的影响是十分必要的.目前,基于高通量测序技术的网络分析与 FAPROTAX 功能分析已广泛应用于土壤微生物互作、生态功能预测和关键菌群鉴定等方面^[14~17],可为本研究开展提供技术支撑.

棉花是我国重要的经济作物之一,棉花质量水平对我国制造业及化工业的影响巨大,逐渐成为我国国民经济的重要组成部分.地膜覆盖是我国农业应用最为广泛的农艺技术之一,极大地促进了我国棉花产业的发展,推动了我国棉花主产区的变化^[18].聚乙烯地膜因其具有生产成本低、保持地表温度、保障粮食增产等优点,被广泛运用^[19],其中高密度聚乙烯(HDPE)是农业地膜中最常使用的塑

料.但随之而来的聚乙烯地膜塑料风化分解而成的微塑料污染问题也不容小觑.本研究检测高密度聚乙烯处理条件下对棉花生长和枯萎病发病率的影响,并利用高通量测序技术与网络分析棉花根际细菌群落结构组成差异和互作关系,通过 FAPROTAX 功能分析土壤细菌功能变化,阐明聚乙烯微塑料改变细菌群落影响棉花生长与枯萎病发生的机制,以期评价聚乙烯生态风险以及后续污染土壤修复提供指导.

1 材料与方法

1.1 微塑料与供试土壤

高密度聚乙烯(HDPE, 500 目)购自东莞鑫森新材料有限公司,密度为 $0.941 \sim 0.960 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-3}$,结晶度为 80%~90%,软化点为 $125 \sim 135^\circ\text{C}$.实验土壤采集地点为河南省南阳市卧龙区的棉花种植基地($32^\circ59'\text{N}$, $112^\circ32'\text{E}$,发生过枯萎病,已 1 a 未种植棉花),土壤类型为黄棕壤.所有土壤充分混匀后,自然风干并过 2 mm 筛,待用.理化性质: pH 6.7, ω (有机质)为 $16.1 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, ω (总氮)为 $0.81 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, ω (总磷)为 $0.47 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, ω (总钾)为 $11.31 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$.

1.2 棉花种子处理

棉花品种为金科棉 98,购自安徽瑞达金农业科技有限公司.将棉花种子置于装有无菌水的无菌培养皿中,浸泡过夜后,将种子转移至 8% 的 NaClO 中振荡消毒 5 min,随即用无菌水反复清洗 5 次,置于湿润的无菌纱布上, 25°C 避光萌发 2 d.挑选萌发良好的种子接种至霍格兰营养液中,以 28°C 、12 h 光照, 18°C 、12 h 黑暗为一周期,培养 5 d 待用.

1.3 HDPE 对棉花生长和枯萎病发生的影响

取过筛后的实验土壤装入盆钵中,每盆 1.0 kg,土壤容重为 $1.21 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-3}$.依据前期实验结果与前人研究^[2],当土壤中 HDPE 添加比例达到 1% 以上,棉花生长受到抑制.因此,本研究中设置 HDPE 处理土壤的添加量为 1%,混匀,编号为 PE-1,另设添加等量无菌水为对照,编号为 CK.此外,为明确土壤微生物在 HDPE 影响棉花生长和枯萎病发生过程中的作用,将供试土壤灭菌处理,并另行设置添加 HDPE(编号为 PE-1S)与无菌水处理(编号为 CK-S).挑选在霍格兰营养液中培养且长势一致的棉花幼苗种植于上述 4 种不同处理土壤中,置于温室中培养,每天称重补水.

培养 50 d 后,将各处理中的幼苗拔出,测定棉花株高、根长、植株鲜重和植株干重,并利用抖落法收集根际土,每组样品设置 6 个重复.计算枯萎病

发病率,根据病害症状分为 5 个水平^[20]. 0: 无叶片萎焉; 1: <25.0% 的叶片枯萎; 2: 25.0%~50.0% 的叶片枯萎; 3: 50.0%~75.0% 的叶片枯萎; 4: >75.0% 的叶片枯萎,根据以下公式计算每个处理的发病指数:

发病指数 = [∑ (评级 × 该评级植株数量) × (总植物数量 × 最高评级)⁻¹] × 100

1.4 根际土壤细菌总 DNA 的提取检测与高通量测序
利用土壤 DNA 提取试剂盒 (FastDNA® SPIN Kit for Soil, MP Biomedicals™) 完成处理 PE-1 与 CK 根际土壤总 DNA 的提取,提取方法参照说明书稍微改动:加均质化试剂之前,先加入 200 μL 含 100 mg·mL⁻¹溶菌酶的磷酸缓冲液,37℃ 水浴 6 h,再进行后续操作,土壤 DNA 于 -20℃ 保存. 利用 NanoDrop 2000 微量紫外分光光度计测定 DNA 浓度与纯度. DNA 样品寄送北京诺禾致源生物科技有限公司,利用 338F (5'-ACTCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 基因 V3-V4 区进行 PCR 扩增. 利用 AxyPrep DNAGel Extraction Kit (Axygen Biosciences, Union City, CA, USA) 进行回收产物纯化,2% 琼脂糖凝胶电泳检测,并用 Quantus™ Fluorometer (Promega, USA) 对回收产物进行检测定量. 使用 NEXTFLEX Rapid DNA-Seq Kit 进行建库,利用 Illumina 公司的 NovaSeqPE250 平台进行测序.

1.5 高通量测序数据分析

NovaSeq 测序得到的原始数据 (raw data), 存在一定比例的干扰数据 (dirty data), 为了使信息分析的结果更加准确、可靠,需对原始数据进行拼接、过滤,得到有效数据 (clean data), 再进行嵌合体过滤,得到可用于后续分析的有效数据 (effective tags). 为研究各样本的物种组成,对所有样本的有效数据 (effective tags), 以 97% 的一致性 (identity) 进行 OTUs (operational taxonomic units) 聚类,并对 OTUs 的序列进行物种注释. 根据物种注释结果,选取不同样本在门 (phylum) 和属 (genus) 水平相对丰度较高的物种,生成物种相对丰度柱形累加图,以便

直观查看各样本在不同分类水平上,相对丰度较高的物种及其比例. 基于 OTU 进行 α 多样性分析 (Chao1、Shannon、ACE 和 Simpson 指数等),反映微生物群落的丰富度和多样性. QIIME 计算 β 多样性距离矩阵,利用 R 语言 (version 3.3.1) 通过 UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetic mean) 算法构建树状结构,并进行 PCoA (principal co-ordinates analysis) 统计分析,可视化呈现不同样本群落组成的差异程度. 利用 T-test 检验,分析属水平下组间的具有显著差异的物种 (P < 0.05). 土壤细菌功能预测通过 FAPROTAX 软件完成,分析不同样品中生物化学循环功能. 通过对样本进行相关性指数 (斯皮尔曼相关系数, Spearman) 计算,得到物种相关系数矩阵后,去除相关性系数小于 0.6 的连接,过滤掉节点自连接,去掉节点丰度小于 0.005% 的连接,从而得到网络图,并通过计算网络直径 (network diameter)、模块化 (modularity)、聚类系数 (clustering coefficient)、图形密度 (graph density)、平均度数 (average degree) 和平均路径长度 (average path length) 等属性,获得不同样品的网络信息.

2 结果与分析

2.1 HDPE 对棉花生长及枯萎病发生的影响

将 HDPE 施加于棉花种植土壤中,对棉花生长和枯萎病发生的影响如表 1 所示 (PE-1 和 CK). 供试土壤种植棉花 50 d,添加无菌水处理的枯萎病发病率为 25.0%,而添加 HDPE 处理的发病率达到 33.3%,发病率提高 33.2%. 枯萎病的发生也影响棉花的生长,对比根长和植株鲜重 2 项生长指标,HDPE 处理的棉花均显著弱于无菌水处理,抑制率分别为 47.8% 和 12.8%,而株高和植株干重 2 项指标对比中,无菌水处理的棉花长势也优于 HDPE 处理,HDPE 的抑制率达到 8.5% 和 23.3%. 测定不同处理土壤理化性质,无菌水处理土壤 pH 为 6.6, ω (有机质) 为 17.30 g·kg⁻¹, ω (总氮) 为 0.90 g·kg⁻¹, ω (总磷) 为 0.44 g·kg⁻¹, ω (总钾) 为 10.88 g·kg⁻¹. 而 HDPE 处理土壤 pH 为 6.4, ω (有

表 1 棉花枯萎病发病率和棉花生长情况 (50 d)¹⁾
Table 1 Disease incidences and growth of cotton (50 d)

处理	发病率/%	株高/cm	根长/cm	植株鲜重/g	植株干重/g
PE-1	33.3	34.2 ± 2.3a	13.4 ± 1.7a	6.98 ± 0.38a	0.90 ± 0.08a
CK	25.0	37.1 ± 2.8a	19.8 ± 2.3b	7.87 ± 0.54b	1.11 ± 0.18a
PE-1S	16.7	33.4 ± 1.8a	16.0 ± 3.2a	7.33 ± 0.22a	0.98 ± 0.15a
CK-S	16.7	35.1 ± 2.3a	17.3 ± 1.6a	7.52 ± 0.21a	1.01 ± 0.11a

1) PE-1:添加 1% PE 处理的土壤,CK:添加无菌水处理的土壤,PE-1S:添加 1% PE 处理的灭菌土壤,CK-S:添加无菌水处理的灭菌土壤; PE-1 与 CK 和 PE-1S 与 CK-S 分别进行显著性差异分析,不同小写字母表示在 P<0.05 水平差异显著

机质)为 $14.80\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (总氮)为 $0.78\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (总磷)为 $0.43\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$, ω (总钾)为 $10.36\text{ g}\cdot\text{kg}^{-1}$,表明 HDPE 有使土壤发生酸化的趋势,降低土壤有机质含量、氮、磷和钾等营养元素含量,影响土壤肥力.

此外,将供试土壤灭菌并添加 HDPE,再种植棉花幼苗,培育 50 d,结果如表 1 所示(PE-1S 和 CK-S). HDPE 和无菌水处理无菌土壤,棉花枯萎病发病率均为 16.7%,HDPE 处理的棉花各项生长指标和无菌水处理不存在显著差异,表明 HDPE 可通过改变土壤微生物群落结构,影响棉花生长和枯萎病发

生.后续则针对 PE-1 和 CK 条件下细菌群落结构的变化进行分析.

2.2 土壤细菌群落 α 、 β 多样性与 ANOSIM/Adonis 分析群落组成差异

土壤细菌群落 α 多样性指数分析结果如表 2 所示,HDPE 处理土壤的细菌群落结构丰富度指数(ACE、Chao1)和多样性指数(Shannon)均低于添加无菌水处理的土壤,其中 ACE 指数和 Chao1 指数的差异达到显著水平($P < 0.05$),表明 HDPE 的添加降低了棉花根际土壤细菌丰富度和多样性.

表 2 不同土壤样品细菌群落 α 多样性指数分析¹⁾

Table 2 The α diversity analysis of bacterial community in different soil samples

处理	Chao1 指数	ACE 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
PE-1	$1\ 639 \pm 44\text{a}$	$1\ 659 \pm 50\text{a}$	$7.16 \pm 0.15\text{a}$	$0.97 \pm 0.01\text{a}$
CK	$1\ 746 \pm 121\text{b}$	$1\ 775 \pm 115\text{b}$	$7.34 \pm 0.16\text{a}$	$0.97 \pm 0.01\text{a}$

1) PE-1:添加 1% PE 处理的棉花根际土壤,CK:未经处理的棉花根际土壤;不同小写字母表示组间差异达到显著水平($P < 0.05$)

HDPE 处理的棉花根际细菌群落由 54 个门,472 个属组成,无菌水处理土壤样品中细菌由 55 个门,492 个属组成,HDPE 处理土壤细菌门和属组成数量均少于无菌水处理土壤,其主要组成如图 1 和图 2 所示.门水平上($> 1\%$)主要由:放线菌门(Actinobacteriota, PE-1:38.7%,CK:41.3%)、变形菌门(Proteobacteria, PE-1:35.1%,CK:33.0%)、厚壁菌门(Firmicutes, PE-1:6.6%,CK:8.1%)、芽单胞菌门(Gemmatimonadetes, PE-1:3.1%,CK:2.6%)、绿弯菌门(Chloroflexi, PE-1:1.7%,CK:1.8%)、拟杆菌门(Bacteroidota, PE-1:1.5%,CK:1.8%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, PE-1:1.4%,CK:1.7%)和蓝藻门(Cyanobacteria, PE-1:1.2%,CK:0.8%)组成. HDPE 的添加降低了放线菌门、厚壁菌门、绿弯菌门、拟杆菌门和酸杆菌门的相

对丰度,但变形菌门和蓝藻门的相对丰度有所提高.属水平上,共有 27 个属相对丰度超过 0.5%,包括:鞘脂单胞菌属(*Sphingomonas*, PE-1:12.9%,CK:12.0%)、类诺卡氏菌属(*Nocardioides*, PE-1:12.6%,CK:12.3%)、大理石雕菌属(*Marmoricola*, PE-1:2.9%,CK:2.8%)、诺尔氏菌属(*Knoellia*, PE-1:2.6%,CK:3.0%)、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*, PE-1:2.5%,CK:2.0%)、马赛菌属(*Massilia*, PE-1:1.6%,CK:2.8%)和嗜甲基菌属(*Methylophilus*, PE-1:1.4%,CK:0.9%)等.结果表明 HDPE 对棉花根际土壤细菌组成中主要属的相对丰度均有影响,降低诺尔氏菌属和马赛菌属等的相对丰度,但提高了其他主要属的相对丰度,如鞘脂单胞菌属、类诺卡氏菌属和芽单胞菌属等.

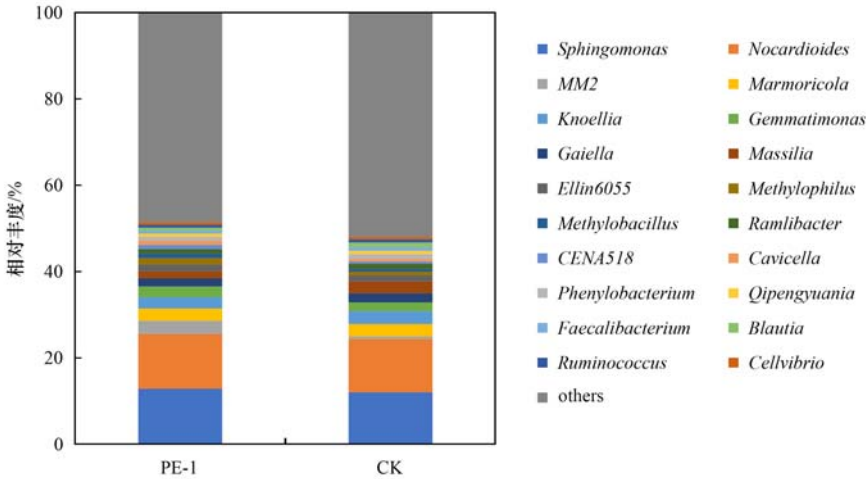


图 1 不同土壤细菌属水平的相对丰度

Fig. 1 Relative abundance of bacterial community at genus level in soil with different treatments

利用UPGMA、PCoA 和 ANOSIM/Adonis 分析分组差异情况,结果如图 3 所示. PCoA 结果表明 PE-1 和 CK 样品分布在两个不交叉的区域内,并且类似结果同样出现在 UPGMA 分析中,PE-1 和 CK 样品分布在不同的两支上,表明两者细菌群落存在差异. 根据 ANOSIM/Adonis 分析结果,可知 HDPE 处理对细菌群落结构的改变达到显著水平($P < 0.05$).

2.3 基于 FAPROTAX 分析土壤细菌功能

FAPROTAX 功能预测 HDPE 处理土壤共得到 70 种功能,少于无菌水处理的土壤功能数量(74

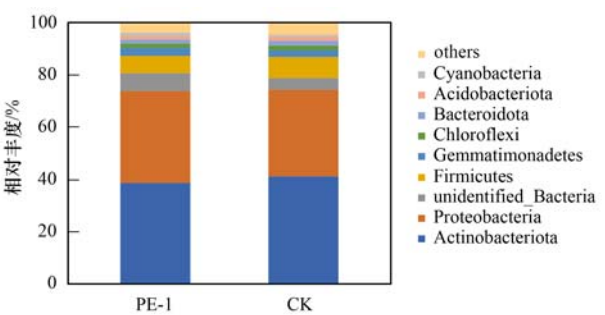


图 2 不同土壤细菌门水平的相对丰度
Fig. 2 Relative abundance of bacterial community at phylum level in soil with different treatments

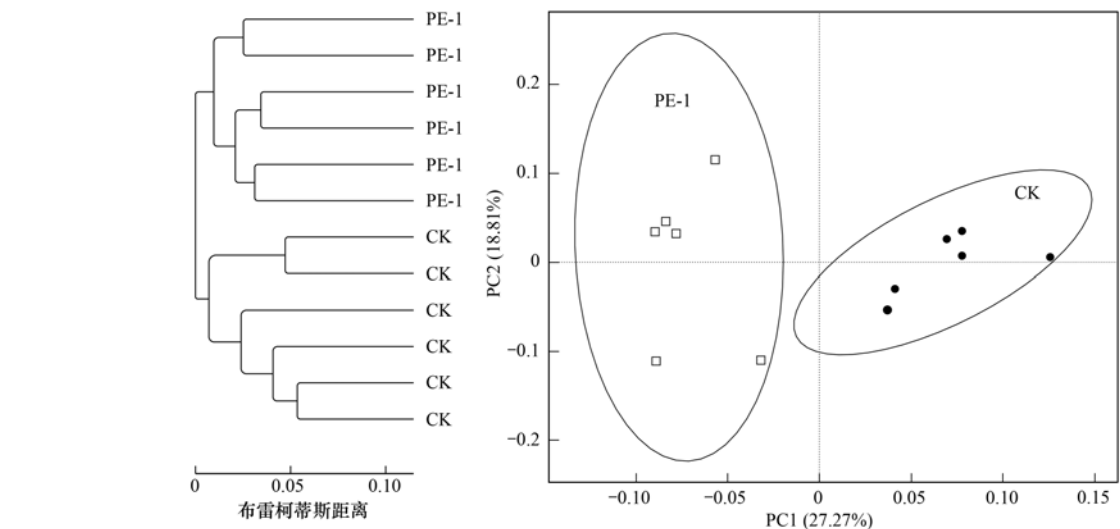
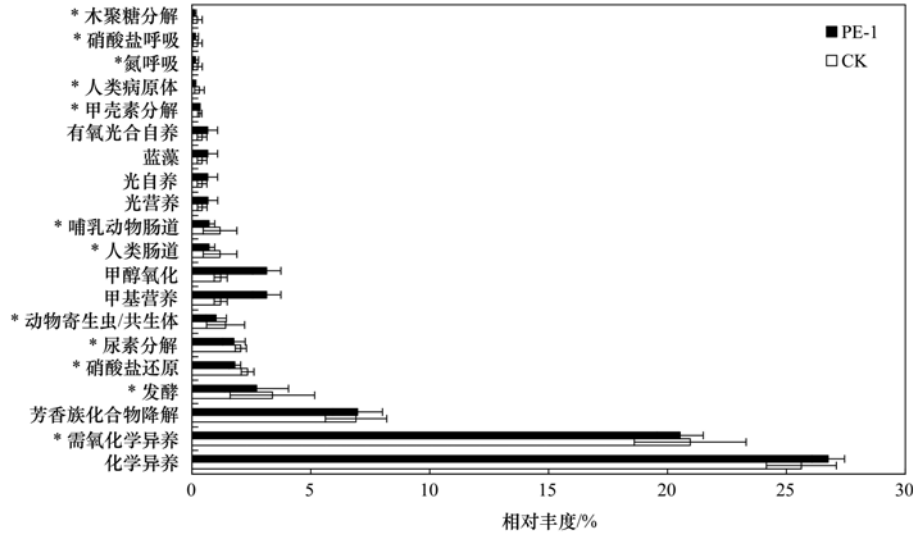


图 3 不同土壤样品 UPGMA 和 PCoA 分析
Fig. 3 UPGMA and PCoA analysis in soil with different treatments

种). 以相对丰度前 20 的功能种类作图并比较相对丰度,结果如图 4 所示,主要功能包括化学异养 (chemoheterotrophy, PE-1:26.8%, CK:25.6%)、需

氧化学异养 (aerobicchemoheterotrophy, PE-1: 20.5%, CK:21.0%)、芳香族化合物降解 (aromatic compound degradation, PE-1:6.9%, CK:6.9%)、发



* 表示 HDPE 处理土壤中相对丰度小于无菌水处理的功能种类

图 4 不同土壤样品细菌功能预测

Fig. 4 Prediction of bacterial function in different soil samples

酵(fermentation, PE-1:2.7%, CK:3.4%)、硝酸盐还原(nitrate_reduction, PE-1:1.8%, CK:2.3%)、尿素分解(ureolysis, PE-1:1.8%, CK:2.1%)、甲基营养(methylotrophy, PE-1:3.1%, CK:1.2%)、甲醇氧化(methanol_oxidation, PE-1:3.1%, CK:1.2%)、光营养(phototrophy, PE-1:0.7%, CK:0.4%)、光自养(photoautotrophy, PE-1:0.7%, CK:0.4%)、有氧光合自养(oxygenicphotoautotrophy, PE-1:0.7%, CK:0.4%)、几丁质分解(chitinolysis, PE-1:0.3%, CK:0.4%)、氮呼吸(nitrogenrespiration, PE-1:0.1%, CK:0.2%)、硝酸盐呼吸(nitraterespiration, PE-1:0.1%, CK:0.2%)和木聚糖分解(xylanolysis, PE-1:0.1%, CK:0.2%)等,其中 HDPE 处理后化学异养、甲基营养和甲醇氧化等功能的相对丰度高于无菌水处理,

而好氧化学异养、发酵、硝酸盐还原和尿素分解等功能的相对丰度低于无菌水处理。

2.4 T-test 物种差异分析

通过 R 软件对两种处理土壤进行 T-test 物种差异分析,结果如图 5 所示.两种土壤中共有 12 个属存在显著差异($P < 0.05$),其中 HDPE 处理土壤中有 5 个属,无菌水处理土壤中有 7 个属. HDPE 处理土壤中存在显著差异的物种有甲基杆菌属(*Methylobacillus*)、鞘氨醇杆菌属(*Sphingosinicella*)、*Methylothera*、MM2 和 TM7a,主要分布在变形菌门.无菌水土壤中存在显著差异的物种有马赛菌属(*Massilia*)、拉姆利氏杆菌属(*Ramlibacter*)、*Ellin6067*、芽生球菌属(*Blastococcus*)、*Haliangium*、克里布所菌属(*Kribbella*)和 Subgroup_10,主要分布在变形菌门、粘菌门、放线菌门和酸杆菌门。

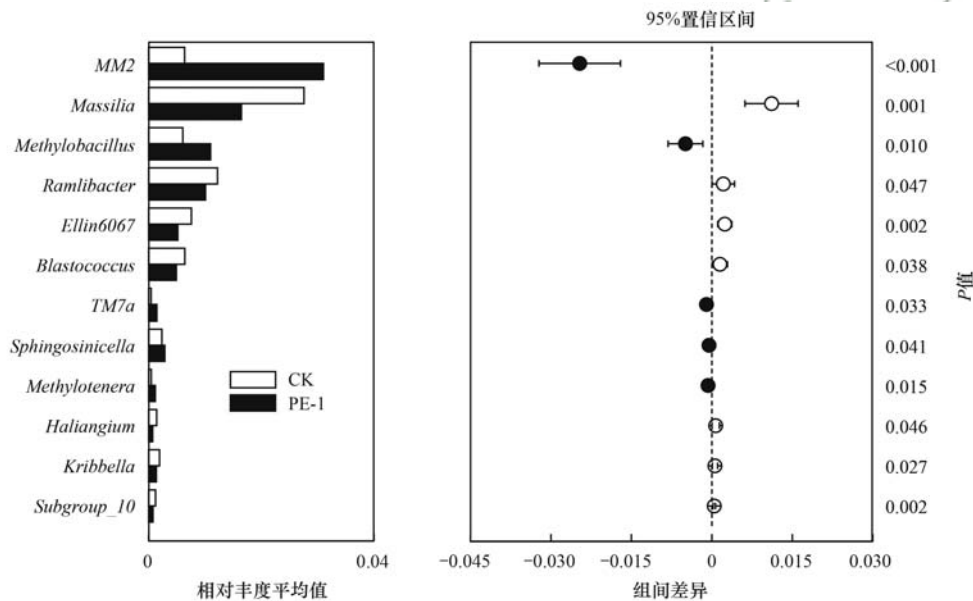


图 5 T-test 分析不同土壤中的差异菌属

Fig. 5 The T-test analysis of differential bacteria in soils

2.5 Network 网络分析

以 Spearman 为相关性指标类型,设置显著性阈值 0.05,相关性阈值 0.6,最大物种数目 100 构建网络,结果如图 6 所示.无菌水处理(CK)的土壤细菌网络图中显著相关的总连接数(total links)为 621 个,正相关(positive links)412 个,负相关(negative links)209 个,HDPE 处理(PE-1)总连接数 625 个,其中正相关 399 个,负相关 226 个. CK 网络的图形密度(graph density, 0.052)和平均度(average degree, 10.5)与 HDPE 网络一致,而网络直径(diameter, PE-1:12, CK:20)、模块化(modularity, PE-1:0.402, CK:0.458)和平均路径长度(average path length, PE-1:4.057, CK:5.127)大于 HDPE 网络,聚类系数(clustering coefficient, PE-1:0.578,

CK:0.560)则小于 HDPE 网络。

通过计算物种的总连接数,推断不同处理条件下细菌网络中的关键菌群.无菌水处理的土壤中,连接数最高的有:空洞菌属(*Cavicella*,总连接数:26,正相关:19,负相关:7),毛梭菌属(*Lachnoclostridium*,总连接数:26,正相关:19,负相关:7),原囊粘菌属(*Archangium*,总连接数:26,正相关:5,负相关:21),链霉菌属(*Streptomyces*,总连接数:24,正相关:6,负相关:18),拟普雷沃氏菌属(*Alloprevotella*,总连接数:23,正相关:15,负相关:8),芽生球菌属(*Blastococcus*,总连接数:23,正相关:8,负相关:15),无杆菌属(*Agathobacter*,总连接数:21,正相关:14,负相关:7),另枝杆菌(*Alistipes*,总连接数:21,正相关:14,负相关:7),副杆菌属

(*Parabacteroides*, 总连接数:21, 正相关:14, 负相关:7), 普雷沃菌属(*Prevotella*, 总连接数:21, 正相关:14, 负相关:7)等, 主要分布在变形菌门、厚壁菌门、黏菌门、放线菌门和拟杆菌门. 而 HDPE 处理土壤细菌网络中连接数最高的有: *Caenimonas*(总连接数:27, 正相关:19, 负相关:8), 拉姆利氏杆菌属(*Ramlibacter*, 总连接数:27, 正相关:19, 负相关:8), 假诺卡氏菌属(*Pseudonocardia*, 总连接数:25, 正相关:17, 负相关:8), *Qipengyuania*(总连接数:25, 正相关:17, 负相关:8), 水杆菌属(*Aquabacterium*, 总连接数:24, 正相关:17, 负相关:

7), *Bryobacter*(总连接数:24, 正相关:17, 负相关:7), 空洞菌属(*Cavicella*, 总连接数:24, 正相关:17, 负相关:7), 副杆菌属(*Parasegetibacter*, 总连接数:24, 正相关:17, 负相关:7), 红球菌属(*Rhodococcus*, 总连接数:24, 正相关:16, 负相关:8), 嗜甲基菌属(*Methylophilus*, 总连接数:24, 正相关:15, 负相关:9)等, 主要分布在变形菌门、酸杆菌门、拟杆菌门和放线菌门. 结合网络参数, HDPE 处理减弱了棉花根际细菌间的相互作用, 减少正相关连接数, 增加负相关连接数, 网络结构更为简单, 并造成网络关键菌群发生显著变化.

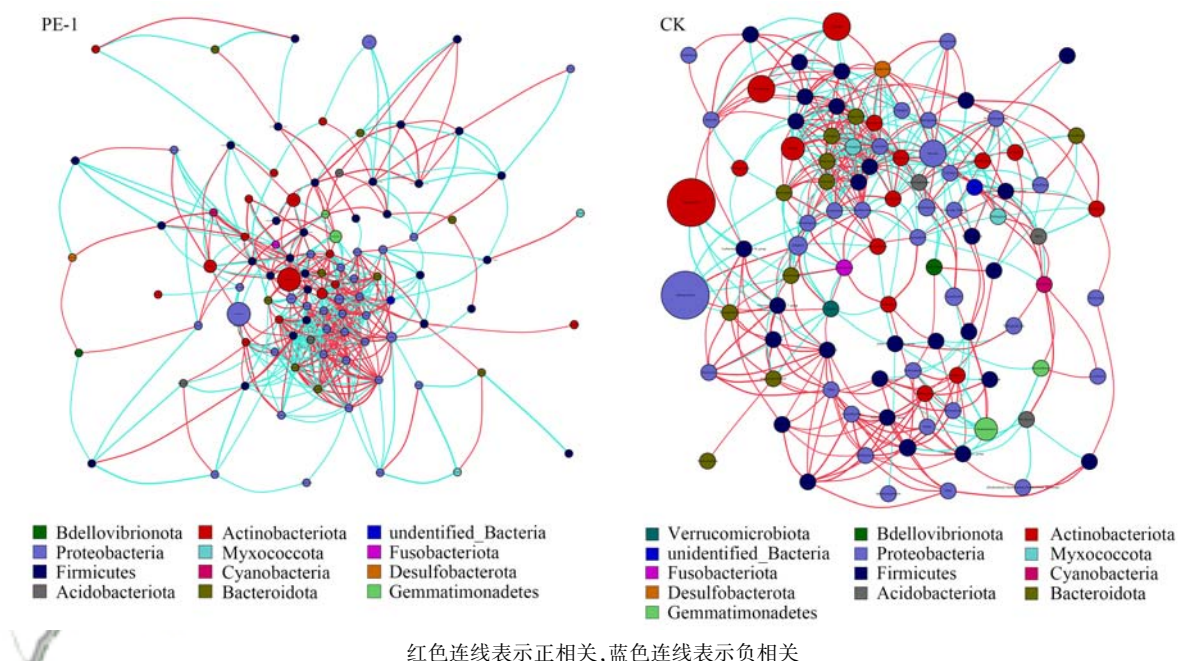


Fig. 6 Network analysis of bacteria in soil with different treatments

3 讨论

3.1 HDPE 胁迫下棉花根际土壤细菌群落组成差异

根际微生物组被认为是植物的“第二大基因组”, 在污染物毒理和修复过程中起着至关重要的指示作用. 聚乙烯微塑料对植物生长、土壤理化性质和微生物群落结构的影响已有报道, 但聚乙烯微塑料尤其是 HDPE 对植物根际土壤微生物组(如细菌群落)的影响却鲜有报道. 有研究表明土壤细菌群落与植物土传病害和生长之间有着重要的关联^[3]. 本研究中高通量测序结果表明 HDPE 处理土壤样品细菌由 54 个门, 472 个属组成, 门和属组成数量均少于无菌水处理土壤, 并且丰富度的指数(ACE、Chao1)和多样性的指数(Shannon)均低于无菌水处理土壤. 正常情况下, 微生物群落多样性和丰富度指数越高, 群落结构越复杂, 稳定性越好^[21], HDPE 则会影响细菌群落的组成和结构, 这与 Shi 等

的研究一致^[22]. HDPE 处理也导致根际土壤中 12 个属存在显著差异, HDPE 处理显著降低了马赛菌属(*Massilia*)、拉姆利氏杆菌属(*Ramlibacter*)、芽生球菌属(*Blastococcus*)、*Haliangium* 和克里布所菌属(*Kribbella*)等的相对丰度, 推测原因是聚乙烯中所含的增塑剂、稳定剂等有害物质释放到土壤中, 使细菌生长活动受抑^[23]. 而 HDPE 可显著提高土壤中甲基杆菌属(*Methylobacillus*)、鞘氨醇杆菌属(*Sphingosinicella*)和 *Methylotenera* 等的相对丰度. 土壤中高分子量聚乙烯微塑料由于分子链较大不能直接穿过细胞膜进入微生物体内, 经过一系列的非生物因素如光、温度以及生物因素等的作用下, 逐步转化成小分子, 经过降解的小分子或者乙烯单体被细菌菌体细胞吸收降解, 促进其生长^[24]. 对棉花根际土壤中相对丰度前 30 的细菌进行潜在功能分析, 发现菌群分布在不同门水平下, 并且功能多样化. 类诺卡氏菌属(*Nocardioides*)具有生物防治特性^[25], 鞘

脂单胞菌属 (*Sphingomonas*) 具有植物促生特性^[26], 马赛菌属 (*Massilia*) 具有降解污染物特性^[27], 拉姆利氏杆菌属 (*Ramlibacter*) 可用于生产具有特定功能的酶^[28]等, 表明棉花根际土壤也是分离功能菌株的良好资源。此外, 甲基杆菌属、鞘氨醇杆菌属和 *Methylobacter* 属菌株已被证实具有污染物降解功能^[29~32], HDPE 对该菌群有明显的富集作用, 可为聚乙烯塑料降解菌群的分离提供指导。

3.2 HDPE 胁迫影响棉花根际土壤细菌网络与功能

土壤细菌群落的变化必然导致土壤菌群功能的改变, 了解土壤菌群功能有助于土壤改良与修复。基于 FAPROTAX 预测细菌群落功能已有相关报道^[33]。本研究 HDPE 处理土壤中, 相对比例前 20 的细菌功能中, 有 12 种功能相对比例低于无菌水处理, 如硝酸盐还原和尿素分解功能。硝酸盐还原功能可将土壤中硝酸盐还原为铵态氮, 减少土壤氮的流失, 尿素分解则是通过细菌作用将尿素分解成氨之后才可被植物吸收利用, HDPE 破坏土壤相关细菌功能, 间接导致棉花生长受阻。在复杂的土壤环境中, 细菌往往不是单一存在或独立作用, 而是菌群间的复合作用^[34]。Network 网络分析可以获得物种在环境样本中的共存关系, 得到物种在同一环境下的相互作用的情况, 进一步解释样本间表型差异的形成机制^[35]。网络中正相关可表示细菌间的共生关系, 负相关表示细菌间存在竞争或者捕食关系^[17]。本研究中的网络分析可知, HDPE 处理土壤改变了棉花根际土壤细菌网络结构, 减少正相关连接数, 增加负相关连接数, 网络结构更为简单, 因此在 HDPE 胁迫下, 土壤中关键细菌菌群发生变化。无菌水处理土壤中的关键菌群如原囊粘菌属 (*Archangium*)、链霉菌属 (*Streptomyces*) 和芽生球菌属 (*Blastococcus*) 具有潜在生物防治或者促生功能^[36~39], 而 HDPE 处理土壤中关键菌群转变为具有潜在污染物降解功能的菌群, 如假诺卡氏菌属 (*Pseudonocardia*)、水杆菌属 (*Aquabacterium*)、红球菌属 (*Rhodococcus*) 和嗜甲基菌属 (*Methylophilus*) 等^[40~44], 这些菌群在维持生态系统稳定, 棉花根际土壤功能发挥中起着至关重要的作用。此外, 可将细菌网络与物种差异分析相结合, 有针对性地分离 HDPE 降解菌, 例如嗜甲基菌属 (*Methylophilus*) 在 HDPE 处理土壤中相对丰度 (1.42%) 高于无菌水处理 (0.80%), 其在 HDPE 处理土壤细菌网络中占据重要地位, 为潜在的 HDPE 降解菌株, 并且原位土壤分离的菌群与土著微生物之间形成稳定的互作关系, 更有利于降解菌群的存活。该功能菌群分离思路已在相关研究有所报道^[45], 也可为本研究后续功能菌株分离提供保障。

4 结论

(1) NovaSeq 测序结果显示 HDPE 处理降低棉花根际土壤细菌在门和属水平上的组成数量, 主要由放线菌门、变形菌门、厚壁菌门等 54 个门, 鞘脂单胞菌属、类诺卡氏菌属和大理石雕菌属等 472 个属组成。

(2) 结合 α 多样性指数、UPGMA 与 PCoA 分析可知, HDPE 处理降低根际细菌群落的丰富度与多样性, 并显著改变细菌群落结构。T-test 物种差异分析显示 HDPE 处理显著提高根际土壤中甲基杆菌属、鞘氨醇杆菌属等 5 个属的相对丰度, 其可能与 HDPE 降解有关。

(3) FAPROTAX 功能预测显示 HDPE 胁迫减少土壤细菌功能种类。Network 网络分析表明 HDPE 处理减弱了棉花根际土壤细菌间的相互作用, 减少正相关连接数, 增加负相关连接数, 简化网络结构, 改变关键菌。

参考文献:

- [1] 张秀玲, 鄢紫薇, 王峰, 等. 微塑料添加对橘园土壤有机碳矿化的影响[J]. 环境科学, 2021, 42(9): 4558-4565.
Zhang X L, Yan Z W, Wang F, et al. Effects of microplastics addition on soil organic carbon mineralization in citrus orchard [J]. Environmental Science, 2021, 42(9): 4558-4565.
- [2] Zhang S W, Han B, Sun Y H, et al. Microplastics influence the adsorption and desorption characteristics of Cd in an agricultural soil[J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 388, doi: 10.1016/j.jhazmat.2019.121775.
- [3] 丁峰, 赖金龙, 季晓晖, 等. 聚乙烯微塑料对玉米根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, 29(6): 970-978.
Ding F, Lai J L, Ji X H, et al. Effects of polyethylene microplastics on the microbial community structure of maize rhizosphere soil[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2021, 29(6): 970-978.
- [4] 朱永官, 朱冬, 许通, 等. (微)塑料污染对土壤生态系统的影响: 进展与思考[J]. 农业环境科学学报, 2019, 38(1): 1-6.
Zhu Y G, Zhu D, Xu T, et al. Impacts of (micro)plastics on soil ecosystem: Progress and perspective [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2019, 38(1): 1-6.
- [5] Fajardo C, Martín C, Costa G, et al. Assessing the role of polyethylene microplastics as a vector for organic pollutants in soil: Ecotoxicological and molecular approaches [J]. Chemosphere, 2022, 288, doi: 10.1016/J.CHEMOSPHERE.2021.132460.
- [6] Yu H W, Liu M M, Gang D G, et al. Polyethylene microplastics interfere with the nutrient cycle in water-plant-sediment systems [J]. Water Research, 2022, 214, doi: 10.1016/J.WATRES.2022.118191.
- [7] 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.

- [8] 廖苑辰, 娜孜依古丽·加合甫别克, 李梅, 等. 微塑料对小麦生长及生理生化特性的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(10): 4661-4667.
Liao Y C, Nazygul J, Li M, *et al.* Effects of microplastics on the growth, physiology, and biochemical characteristics of wheat (*Triticum aestivum*) [J]. Environmental Science, 2019, **40**(10): 4661-4667.
- [9] Wang F L, Wang X X, Song N N. Polyethylene microplastics increase cadmium uptake in lettuce (*Lactuca sativa* L.) by altering the soil microenvironment [J]. Science of the Total Environment, 2021, **784**, doi: 10.1016/J.SCITOTENV.2021.147133.
- [10] 杨玲, 张玉兰, 康世昌, 等. 中国土壤微塑料污染[J]. 自然杂志, 2021, **43**(4): 267-273.
Yang L, Zhang Y L, Kang S C, *et al.* Microplastic pollution in soil in China [J]. Chinese Journal of Nature, 2021, **43**(4): 267-273.
- [11] Li J, Zhang K N, Zhang H. Adsorption of antibiotics on microplastics [J]. Environmental Pollution, 2018, **237**: 460-467.
- [12] Wang W F, Yuan W K, Xu E G, *et al.* Uptake, translocation, and biological impacts of micro (nano) plastics in terrestrial plants: Progress and prospects [J]. Environmental Research, 2022, **203**, doi: 10.1016/J.ENVRES.2021.111867.
- [13] Wood J L, Tang C X, Franks A E. Microbial associated plant growth and heavy metal accumulation to improve phytoextraction of contaminated soils [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2016, **103**: 131-137.
- [14] Chen Z J, Xu G, Ding C Y, *et al.* Illumina MiSeq sequencing and network analysis the distribution and co-occurrence of bacterioplankton in Danjiangkou Reservoir, China [J]. Archives of Microbiology, 2020, **202**(4): 859-873.
- [15] Wang M, Chen S B, Chen L, *et al.* Responses of soil microbial communities and their network interactions to saline-alkaline stress in Cd-contaminated soils [J]. Environmental Pollution, 2019, **252**: 1609-1621.
- [16] 李冰, 李玉双, 魏建兵, 等. 不同土地利用方式对土壤细菌分子生态网络的影响 [J]. 环境科学, 2020, **41**(3): 1456-1465.
Li B, Li Y S, Wei J B, *et al.* Effects of different land use types on the molecular ecological network of soil bacteria [J]. Environmental Science, 2020, **41**(3): 1456-1465.
- [17] 陈兆进, 林立安, 李英军, 等. 镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响 [J]. 环境科学, 2021, **42**(8): 3997-4004.
Chen Z J, Lin L A, Li Y J, *et al.* Shifts in rhizosphere bacterial community structure, co-occurrence network, and function of *Miscanthus* following Cadmium exposure [J]. Environmental Science, 2021, **42**(8): 3997-4004.
- [18] 丁凡, 吕军, 刘勤, 等. 我国棉花主产区变化与地膜残留污染研究 [J]. 华中农业大学学报, 2021, **40**(6): 60-67.
Ding F, Lv J, Liu Q, *et al.* Migration of cotton planting regions and residual pollution of mulch film in China [J]. Journal of Huazhong Agricultural University, 2021, **40**(6): 60-67.
- [19] 胡亚楠, 贺旭, 亚森·沙力, 等. 大蜡螟和黄粉虫肠道菌中聚乙烯地膜降解细菌的筛选及其降解性能 [J]. 微生物学通报, 2020, **47**(12): 4029-4041.
Hu Y N, He X, Yassen S L, *et al.* Screening of polyethylene film-degrading bacteria from gut microbiota of *Galleria mellonella* and *Tenebrio molitor* [J]. Microbiology China, 2020, **47**(12): 4029-4041.
- [20] Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, *et al.* Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota [J]. Nature, 2012, **488**(7409): 91-95.
- [21] Zhang M J, Zhao Y R, Qin X, *et al.* Microplastics from mulching film is a distinct habitat for bacteria in farmland soil [J]. Science of the Total Environment, 2019, **688**: 470-478.
- [22] Shi Z, Xiong L, Liu T, *et al.* Alteration of bacterial communities and co-occurrence networks as a legacy effect upon exposure to polyethylene residues under field environment [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, **426**, doi: 10.1016/J.JHAZMAT.2021.128126.
- [23] Machado A A D S, Kloas W, Zarfl C, *et al.* Microplastics as an emerging threat to terrestrial ecosystems [J]. Global Change Biology, 2018, **24**(4): 1405-1416.
- [24] 康秦宝, 郭见誉, 阮艳军. 低密度聚乙烯生物降解的研究进展 [J]. 神华科技, 2016, **14**(6): 75-77.
Kang Q B, Guo J Y, Ruan Y J. Research progress in microbial degradation of low density polyethylene [J]. Energy Science and Technology, 2016, **14**(6): 75-77.
- [25] Morimura H, Ito M, Yoshida S, *et al.* In vitro assessment of biocontrol effects on *Fusarium* head blight and deoxynivalenol (DON) accumulation by DON-degrading bacteria [J]. Toxins, 2020, **12**(6), doi: 10.3390/toxins12060399.
- [26] Khan A L, Waqas M, Asaf S, *et al.* Plant growth-promoting endophyte *Sphingomonas* sp. LK11 alleviates salinity stress in *Solanum pimpinellifolium* [J]. Environmental and Experimental Botany, 2017, **133**: 58-69.
- [27] Gu H P, Yan K, You Q, *et al.* Soil indigenous microorganisms weaken the synergy of *Massilia* sp. WF1 and *Phanerochaete chrysosporium* in phenanthrene biodegradation [J]. Science of the Total Environment, 2021, **781**, doi: 10.1016/J.SCITOTENV.2021.146655.
- [28] Dahal R H, Kim J, Chaudhary D K, *et al.* Genome mining revealed polyhydroxybutyrate biosynthesis by *Ramlibacter agri* sp. nov., isolated from agriculture soil in Korea [J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2022, **115**(5): 563-572.
- [29] Kumar V, Maitra S S. Biodegradation of endocrine disruptor dibutyl phthalate (DBP) by a newly isolated *Methylobacillus* sp. V29b and the DBP degradation pathway [J]. 3 Biotech, 2016, **6**(2), doi: 10.1007/s13205-016-0524-5.
- [30] Maruyama T, Park H D, Ozawa K, *et al.* *Sphingosinicella microcystinivorans* gen. nov., sp. nov., a microcystin-degrading bacterium [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2006, **56**(1): 85-89.
- [31] Li X Y, Ma M S, Rene E R, *et al.* Changes in microbial communities during the removal of natural and synthetic glucocorticoids in three types of river-based aquifer media [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2019, **26**(33): 33953-33962.
- [32] Zhang J Y, Li X Y, Lei H X, *et al.* New insights into thiamphenicol biodegradation mechanism by *Sphingomonas* sp. CL5.1 deciphered through metabolic and proteomic analysis [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, **426**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.128101.
- [33] Yang Z C, Peng C Y, Cao H M, *et al.* Microbial functional assemblages predicted by the FAPROTAX analysis are impacted by physicochemical properties, but C, N and S cycling genes are not in mangrove soil in the Beibu Gulf, China [J]. Ecological Indicators, 2022, **139**, doi: 10.1016/J.ECOLIND.2022.108887.
- [34] Coyte K Z, Schluter J, Foster K R. The ecology of the

- microbiome: Networks, competition, and stability[J]. Science, 2015, **350**(6261): 663-666.
- [35] Pérez-Jaramillo J E, DeHollander M, Ramírez C A, *et al.* Deciphering rhizosphere microbiome assembly of wild and modern common bean (*Phaseolus vulgaris*) in native and agricultural soils from Colombia[J]. Microbiome, 2019, **7**(1), doi: 10.1186/s40168-019-0727-1.
- [36] 王军, 闫立昆, 李宏铎, 等. 一株黏细菌 *Archangium gephyra* 的鉴定及其代谢产物抑菌活性的研究[J]. 西北大学学报(自然科学版), 2013, **43**(3): 437-441.
Wang J, Yan L K, Li H D, *et al.* Identification of *Archangium gephyra* NX0045 (Myxobacteria) and study on antimicrobial activities of its metabolites[J]. Journal of Northwest University (Natural Science Edition), 2013, **43**(3): 437-441.
- [37] Zhao H M, Yang A P, Zhang N, *et al.* Insecticidal endostemonines A-J produced by endophytic *Streptomyces* from *Stemona sessilifolia* [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2020, **68**(6): 1588-1595.
- [38] Zhou X, Wang J T, Zhang Z F, *et al.* Microbiota in the rhizosphere and seed of rice from China, with reference to their transmission and biogeography [J]. Frontiers in Microbiology, 2020, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.00995.
- [39] Sharma M, Manhas R K. Purification and characterization of salvianolic acid B from *Streptomyces* sp. M4 possessing antifungal activity against fungal phytopathogens [J]. Microbiological Research, 2020, **237**, doi: 10.1016/j.micres.2020.126478.
- [40] Yamamoto N, Saito Y, Inoue D, *et al.* Characterization of newly isolated *Pseudonocardia* sp. N23 with high 1, 4-dioxane-degrading ability[J]. Journal of Bioscience and Bioengineering, 2018, **125**(5): 552-558.
- [41] Pham V H T, Jeong S W, Kim J. *Aquabacterium olei* sp. nov., an oil-degrading bacterium isolated from oil-contaminated soil [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2015, **65**: 3597-3602.
- [42] Wang Y, Nie M Q, Diwu Z J, *et al.* Toxicity evaluation of the metabolites derived from the degradation of phenanthrene by one of a soil ubiquitous PAHs-degrading strain *Rhodococcus qingshengii* FF[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, **415**, doi: 10.1016/J.JHAZMAT.2021.125657.
- [43] Li C Y, Sun Y L, Sun G J, *et al.* An amidase and a novel phenol hydroxylase catalyze the degradation of the antibacterial agent triclocarban by *Rhodococcus rhodochrous* [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, **430**, doi: 10.1016/J.JHAZMAT.2022.128444.
- [44] Jin C, Geng Z L, Pang X T, *et al.* Isolation and characterization of a novel benzophenone-3-degrading bacterium *Methylophilus* sp. strain FP-6[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019, **186**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.109780.
- [45] Zhang H, Liu C Y, Zhang X, *et al.* The key sulfometuron-methyl degrading bacteria isolation based on soil bacterial phylogenetic molecular ecological networks and application for bioremediation of contaminated soil by immobilization [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022, **238**, doi: 10.1016/J.ECOENV.2022.113605.

CONTENTS

Pollution Characteristics and Factors Influencing the Reduction in Ambient PM _{2.5} in Beijing from 2018 to 2020	LIU Bao-xian, LI Qian, SUN Rui-wen, <i>et al.</i>	(2409)
Spatio-temporal Distribution Characteristics of Secondary Aerosol in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration in Winter	YAO Qing, YANG Xu, TANG Ying-xiao, <i>et al.</i>	(2421)
Changes in Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} at Different Pollution Stages Before and After COVID-19 Control	JIANG Nan, HAO Xue-xin, HAO Qi, <i>et al.</i>	(2430)
On-line Measurement of Trace Elements in PM _{2.5} in Winter in Urban Taiyuan, China: Levels and Source Apportionment	CUI Yang, GUO Li-li, LI Hong-yan, <i>et al.</i>	(2441)
Characteristics and Source Apportionment of Black Carbon Over the Eastern Tibetan Plateau	WANG Hong-lei, LIU Si-han, ZHAO Tian-liang, <i>et al.</i>	(2450)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds in Zhanjiang in Summer	PANG Xiao-die, GAO Bo, CHEN Lai-guo, <i>et al.</i>	(2461)
Ozone Pollution Characteristics and Sensitivity During the Ozone Pollution Days in Summer 2021 of Xinxiang City	HOU Mo, JIANG Xiao-mei, ZHAO Wen-peng, <i>et al.</i>	(2472)
Influence of Typhoon Nangka Process on Ozone Pollution in Hainan Island	FU Chuan-bo, DAN Li, TONG Jin-he, <i>et al.</i>	(2481)
Health Impacts of Air Pollution in Tianjin	HUA Kun, LUO Zhong-wei, JIA Bin, <i>et al.</i>	(2492)
Analysis of Change and Driving Factors of River Environmental Quality in China from 2002 to 2020	YANG Chuan-xi, XUE Yan, GAO Chang, <i>et al.</i>	(2502)
Spatiotemporal Pattern and Driving Force Analysis of Ecological Environmental Quality in Typical Ecological Areas of the Yellow River Basin from 1990 to 2020	WANG Fang, LI Wen-hui, LIN Yan-min, <i>et al.</i>	(2518)
Response of Water Quality in Small Reservoirs to Landscape Composition, Landscape Configuration, and Reservoir Characteristics in the Upper Reaches of the Yangtze River During Dry Season	ZHONG Yong-lin, RAN Jiao-jiao, WEN Wen, <i>et al.</i>	(2528)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Typical Endocrine Disrupting Chemicals in Drains Flowing into the Yellow River of Ningxia	LI Ling-yun, GAO Li, ZHENG Lan-xiang, <i>et al.</i>	(2539)
Occurrence Characteristics of Microplastics and Metal Elements in the Surface Water of Huangpu River and Their Associations with Metal Resistance Genes	LU Jia-wei, XU Chen-ye, HU Chun, <i>et al.</i>	(2551)
Spatial Distribution Characteristics and Source Analysis of Heavy Metals in Urban River Surface Sediments from the Lanzhou Reach of the Yellow River	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i>	(2562)
Distribution and Release Potential of Soil Phosphorus Fractions in Water-level Fluctuation Zone of the Tributary Bay, Three Gorges Reservoir	ZHANG Xue, ZHU Bo, <i>et al.</i>	(2574)
Distribution and Pollution Assessment of Nutrients in the Surface Sediments of Lake in Huoqiu County	LIU Hai, ZHAO Guo-hong, <i>et al.</i>	(2583)
Analysis of Influencing Factors of Chlorophyll-a in Lake Taihu Based on Bayesian Network	LIU Jie, HE Yun-chuan, DENG Jian-ming, <i>et al.</i>	(2592)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in Shunping County, Hebei Province	LIU Yuan-qing, ZHOU Le, LÜ Lin, <i>et al.</i>	(2601)
Distribution, Transformation, and Fate of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Drinking Water Treatment	ZHONG Ting-ting, LIN Tao, LIU Wei, <i>et al.</i>	(2613)
Removal of Cr(VI) via a Nickel Ferrite/Activated Carbon Composite Under Batch Experiments: Study of Characterization, Performance, and Mechanism	ZHANG Hua, LI Rong-hua, CHEN Jin-xiong, <i>et al.</i>	(2622)
Degradation of SMX with Peracetic Acid Activated by Nano Core-shell Co@NC Catalyst	ZHENG Ting-lu, ZHANG Long-long, CHEN Jia-bin, <i>et al.</i>	(2635)
Adsorption Characteristics of Arsenic and Cadmium by FeMnNi-LDH Composite Modified by Fulvic Acid and Its Mechanisms	HE Ya-xin, KE Xin-yi, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i>	(2646)
Adsorption Mechanism for Phosphate in Aqueous Solutions of Calcium/Aluminum-rich Sludge Biochar Composite	OUYANG Zhu, CAO Lu, WANG Bing-qian, <i>et al.</i>	(2661)
Sludge Biochar Modified by B-doped and Its Adsorption Behavior and Mechanism of 1,2-DCA in Water	ZHOU Jia-wei, SHI Wei-lin, XU Wei, <i>et al.</i>	(2671)
Response of Forest Ecosystems to Decreasing Atmospheric Nitrogen Deposition	XIE Dan-ni, YANG Dong-xing, DUAN Lei, <i>et al.</i>	(2681)
Impacts of Climate Change and Human Activities on Vegetation Restoration in Typical Grasslands of China	ZHANG Liang-xia, YUE Xiao, ZHOU De-cheng, <i>et al.</i>	(2694)
Spatial-temporal Variation in Net Primary Productivity in Terrestrial Vegetation Ecosystems and Its Driving Forces in Southwest China	XU Yong, HUANG Hai-yan, DAI Qiang-yu, <i>et al.</i>	(2704)
Effects of Different Carbon Inputs on Soil Stoichiometry in Tianshan Mountains	MA Xin-yu, GONG Lu, ZHU Hai-qiang, <i>et al.</i>	(2715)
Effects of Nitrogen and Phosphorus Addition on Soil Nutrient Content and Stoichiometry in Desert Grassland	LIU Shu-xuan, AN Hui, ZHANG Xin-wen, <i>et al.</i>	(2724)
Effect of <i>Spartina alterniflora</i> Invasion on Soil C:N:P Stoichiometry in Coastal Wetland of Hangzhou Bay	LI Wen-qi, XIANG Qi, XIE Xue-feng, <i>et al.</i>	(2735)
Effects of 24 Years Different Straw Return on Soil Carbon, Nitrogen, Phosphorus, and Extracellular Enzymatic Stoichiometry in Dryland of the Loess Plateau, China	YAO Zhi-xia, ZHOU Huai-ping, XIE Wen-yan, <i>et al.</i>	(2746)
Carbon Sequestration Characteristics Under Natural Vegetation Restoration in Ziwuling Area of the Loess Plateau	XU Xiao-ming, ZHANG Xiao-ping, WANG Hao-jia, <i>et al.</i>	(2756)
Effects of Short-term Nitrogen Addition on Soil Organic Carbon Components in <i>Robinia pseudoacacia</i> L. Plantation	JIAN Jun-nan, LIU Wei-chao, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i>	(2767)
Response of Soil Organic Carbon Accumulation in Paddy Fields in Fujian Province to Future Temperature Increases	CHE Yan, QIU Long-xia, WU Ling-yun, <i>et al.</i>	(2775)
Species, Habitat Characteristics, and Screening Suggestions of Cadmium Hyperaccumulators in China	ZHAO Xiao-feng, LEI Mei, CHEN Tong-bin, <i>et al.</i>	(2786)
Research Progress on Spatial Differentiation and Influencing Factors of Soil Heavy Metals Based on Geographical Detector	GONG Cang, WANG Shun-xiang, LU Hai-chuan, <i>et al.</i>	(2799)
Geochemical Background and Baseline Value of Soil Chemical Elements in Hebei Province	ZHANG Li-ting, CHENG Hang-xin, XIE Wei-ming, <i>et al.</i>	(2817)
Distribution Characteristics, Ecological Risks, and Source Identification of Heavy Metals in Cultivated Land Under Non-grain Production	QIU Le-feng, ZHU Jin-xia, PAN Yi, <i>et al.</i>	(2829)
Source Analysis and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in the Arable Soil at the Geological High Background, Based on the Township Scale	YU Fei, WANG Jia-bin, WANG Rui, <i>et al.</i>	(2838)
Solid-solution Partitioning Coefficients and Environmental Risk of Cd and Pb in Soil in Chang-Zhu-Tan Area	LI Yu-ying, PENG Chi, LIU Le-le, <i>et al.</i>	(2849)
Ecological Risk and Migration Patterns of Heavy Metals in Soil and Crops in the Lead-Zinc Mining Area in Guizhou, China	MA Hong-hong, ZHANG Li, GUO Fei, <i>et al.</i>	(2856)
Mercury Pollution in Dryland Soil and Evaluation of Maize Safety Production in Guizhou Province	MA Li-jun, ZHOU Lang, SONG Bo, <i>et al.</i>	(2868)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of PAHs in the Soil of Wild <i>Forsythia Suspensa</i> in Shanxi	GUO Jia-jia, WANG Qi, KANG Min-jie, <i>et al.</i>	(2879)
Effects of P on the Uptake and Transport of Cd and As in Wheat Seedlings	WANG Yun, ZHAO Peng, LI Guang-xin, <i>et al.</i>	(2889)
Effects of Silicon Application on Arsenic Sequestration in Iron Plaque and Arsenic Translocation in Rice	LI Lin-feng, WEN Wei-fa, XU Zi-sheng, <i>et al.</i>	(2899)
Characteristics of Soil Microbial Community in Different Habitats in the Process of Ecological Restoration of Haifeng Wetland in Guangdong	MA Jiao-jiao, GAO Chang-jun, YI Xiao-qing, <i>et al.</i>	(2908)
Taxonomic and Functional Diversity of Soil Microbial Communities in Subalpine Meadow with Different Degradation Degrees in Mount Wutai	LUO Zheng-ming, LIU Jin-xian, HU Yan-qiu, <i>et al.</i>	(2918)
Effects of the Transformation from Natural Alpine Grassland to Mixed Artificial Grassland on the Characteristics of Soil Microbial Community	YU Hao, LIU Yue, DENG Ye, <i>et al.</i>	(2928)
Effects of Chinese Milk Vetch Returning Incorporated with Chemical Fertilizer Reduction on the Composition and Function of Soil Bacterial Communities in Paddy Fields	ZHANG Ji-shi, LIU Chun-zeng, ZHENG Chun-feng, <i>et al.</i>	(2936)
Effects of Long-term Sod Cultivation on Chinese Hickory Plantation Soil Fungal Community and Enzyme Activities	HU Ying-bing, LIANG Chen-fei, JIN Jin, <i>et al.</i>	(2945)
Effects of Microplastic High-density Polyethylene on Cotton Growth, Occurrence of <i>Fusarium</i> wilt, and Rhizosphere Soil Bacterial Community	ZHANG Hao, SUN Jie, YANG Hui-ying, <i>et al.</i>	(2955)
Nitrogen Metabolism and Flora Characteristics of Bacteria Algae Complex System	ZHAO Zhi-rui, WU Hai-miao, MA Chao, <i>et al.</i>	(2965)
Analysis of Carbon Emissions and Influencing Factors in China Based on City Scale	WU Jian-sheng, JIN Xue-ru, WANG Han, <i>et al.</i>	(2974)
How Do Carbon Trading Policies Affect Industrial Carbon Productivity: Quasi-natural Experiments from Chinese Provincial Data	FANG Qi, LI Shao-ping, <i>et al.</i>	(2983)
Influence of the Classification of Municipal Solid Wastes on the Reduction of Greenhouse Gas Emissions: A Case Study of Qingdao City, China	CHEN Ji-hong, BIAN Rong-xing, ZHANG Ting-xue, <i>et al.</i>	(2995)
Quantitative Analysis of Spatio-temporal Evolution Characteristics of Seasonal Average Maximum Temperature and Its Influence by Atmospheric Circulation in China from 1950 to 2019	SU Yue, LU Chun-yan, HUANG Yu-fei, <i>et al.</i>	(3003)