

目次

中国省域差异化碳达峰评价方法与应用	刘润璞, 彭栓, 陈玉烁, 陈民, 张楠, Nihed Benani, 吕连宏, 阳平坚 (1233)
全生命周期视角下中国建筑碳排放空间关联网络演化及影响因素分析	任晓松, 李昭睿 (1243)
京津冀地区城市三生空间碳代谢效率特征及演进模式	田超, 程琳琳, 邵盈钊 (1254)
太原市“十四五”规划大气污染防治政策的 CO ₂ 协同效益评估	肖婷玉, 束赕, 李慧, 王涵, 李俊宏, 严沁, 张文杰, 姜华 (1265)
湖南省工业领域碳减排与空气质量改善协同	李楠, 刘弯弯, 朱书涵, 邢晓雯, 汤克勤, 王松伟, 白露 (1274)
“双碳”背景下河南省电力行业中长期控煤降碳路径	张静, 杨萌, 张伟, 曹东, 赵静, 李勃, 薛英岚, 蒋洪强 (1285)
郑州市公交车队电动化减排降碳环境效益	邹超, 汪亚男, 吴琳, 何敬, 倪经纬, 毛洪钧 (1293)
长江中游城市群城市化对 PM _{2.5} 浓度的多尺度驱动机制	张政, 周廷刚, 周志衡, 昌悦 (1304)
天山北坡城市群 PM _{2.5} 浓度时空分布特征及影响因素分析	王相男, 张喆, 刘方青 (1315)
天津市 PM _{2.5} 碳组分空间差异性来源解析	武甫亮, 吴建会, 戴启立, 肖致美, 冯银厂 (1328)
贵阳市花溪城区大气 PM _{2.5} 中碳质气溶胶的变化特征及来源解析	桂佳群, 杨员, 王显钦, 李云武, 闫广轩, 徐鹏 (1337)
新乡市大气 PM _{2.5} 中水溶性离子的污染特征、来源解析及气象影响分析	刘恒嘉, 李岚清, 李焕莉, 任言, 许梦源, 贾梦珂, 刘恒志, 杨莹, 宋天颂, 洪启航 (1349)
2017~2018 年冬季菏泽大气 PM _{2.5} 中金属元素特征及健康风险评估	杜虹萱, 任丽红, 赵明升, 韩慧霞, 徐义生 (1361)
北京市臭氧污染跳变型特征及影响因素分析	潘锦秀, 安欣欣, 刘保献, 李云婷, 李倩, 孙峰, 张章, 邱启鸿, 陈阳 (1371)
南京夏季大气臭氧光化学特征与敏感性分析	罗丽彤, 章炎麟, 林煜棋, Ahsan Mozaffar, 曹梦瑶 (1382)
苏州市初夏臭氧污染成因及年际变化	吴也正, 张鑫, 顾钧, 缪青, 魏恒, 熊宇, 杨倩, 吴斌, 沈文渊, 马强 (1392)
长江中游典型湖泊沉积物重金属分布特征、生态风险评估及溯源	卢洪斌, 卢少勇, 李响, 张森霖, 黄张根 (1402)
基于 PCA-APCS-MLR 模型的乌梁素海表层沉积物重金属时空分布及来源解析	崔志谋, 史小红, 赵胜男, 卢俊平, 张昊, 刘莹慧, 郭鑫, 王彦隽 (1415)
重庆市长寿湖水表层水体重金属时空分布及风险评价	张瑞溪, 刘娅君, 罗泳楠, 李杰芹, 李彩霞, 李佳佳, 张成 (1428)
长江流域微塑料污染特征及生态风险评估	李思琼, 王华, 储林佑, 曾一川, 闫雨婷 (1439)
宜昌市东山运河微塑料污染评估及年排放量估算	丁爽, 李卫明, 张续同, 刘子健, 高雅坤, 李映成, 王芳炜 (1448)
汜水河(荥阳段)入河排污口水体微塑料赋存特征及风险评估	赵长民, 和兵, 李和通, 张瑞琪, 李银月, 张发文, 桂新, 马丽 (1457)
宁夏入黄排水沟中药物和个人护理品的污染特征与生态风险评价	高礼, 李凌云, 郑兰香, 吴海娟, 陶红, 刘邓超 (1468)
浙南瓯江流域水体抗生素污染特征及风险评价	钟奕昕, 李立湘, 吴鑫, 周施阳, 姚飞延, 董好刚 (1480)
鄱阳湖沉积物中多环芳烃的时空分布及源解析	马妍, 孙晨, 毕茹乐, 张波涛, 刘艳, 邵鹏, 刘统, 王圣瑞, 钟文军 (1492)
杭州湾南岸 20 a 水质净化功能变化及预测	王珊珊, 曹公平, 徐明伟, 黄君宝, 曾剑 (1502)
不同缓冲区的土地利用方式对地表水水质的影响:以海河流域天津段为例	代孟均, 张兵, 杜倩倩, 孙季琰, 田蕾, 王义东 (1512)
长江流域安庆段浅层地下水水化学特征及控制因素	刘海, 宋阳, 李迎春, 魏伟, 赵国红, 王旭东, 黄健敏 (1525)
富营养化湖泊藻华降解产生的溶解性有机质动态变化及其环境效应	张瑾, 陈明滢, 郝智能, 钟寰, 何欢, 雷沛杰 (1539)
紫外光活化亚硫酸盐降解水中卡马西平	林涛, 苑宇杰 (1553)
再生水消毒副产物的检测、生成与控制	廖雨枫, 王正, 潘旸, 李爱民 (1561)
3 种人工湿地基质材料对氨氮的吸附特性	何强, 陈博文, 杨雨静, 周全, 刘彦君, 王志刚, 程呈 (1577)
基于改进遥感生态指数的青藏公路那(曲)安(多)段生态环境评估及驱动机制分析	傅楷翔, 贾国栋, 余新晓, 王旭 (1586)
基于 AWRSEI 的岱海流域生态环境质量时空演变及驱动因子分析	赵嘉丽, 李兴, 孙冰 (1598)
定量评估气候变化对长江中下游地区植被 GPP _{GS} 变化的影响	徐勇, 盘钰春, 邹滨, 郑志成, 郭振东 (1615)
基于 Meta 分析的煤矿区植被恢复对土壤有机碳储量的影响	李健明, 康雨欣, 蒋福祯, 宋明丹, 祁凯斌, 卢素锦, 李正鹏 (1629)
连续周年轮作休耕对土壤团聚体稳定性及有机碳的影响	鲁泽让, 李永梅, 杨春怀, 夏梓泰, 程伟威, 王自林, 赵吉霞, 范茂攀 (1644)
4 种改良剂对酸性紫色土肥力及活性有机碳组分的影响	丁馨茹, 严宁珍, 王子芳, 李志琦, 黄容, 王洋, 代文才, 高明 (1655)
不同植茶年限土壤氮素组分变化及其与环境因子关系	邵奇, 吴涛, 解雪峰, 徐梓晴, 李文琦, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞 (1665)
黄河下游典型湿地土壤养分及其生态化学计量特征	王传盈, 王凯月, 王浩然, 张梦迪, 周云凯 (1674)
覆膜年限和有机肥施用对花生田耕层土壤微塑料赋存特征的影响	宋宁宁, 李梦佳, 王学霞, 刘君, 王芳丽, 宗海英, 黄小丽, 王斌, 梁丽娜 (1684)
秸秆还田和添加生物炭对热带地区稻菜轮作体系中淹水后土壤温室气体排放的影响	胡天怡, 车佳玥, 胡煜杰, 陈琦琦, 张冬明, 雷菲, 曾建华, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (1692)
耕作深度调控秸秆还田对农田土壤呼吸的影响	陈曦, 张彦军, 邹俊亮, 李天姿, 于媛, 李晶 (1702)
基于遥感时-空-谱特征及随机森林模型的土壤重金属空间分布预测	王泽强, 张冬有, 徐夕博, 王兆鹏, 杨东宇, 宋晓宁 (1713)
黄河流域农田土壤重金属污染特征及其优先控制源分析	李军, 李旭, 李开明, 焦亮, 台喜生, 臧飞, 曹素珍 (1724)
广西贺州市典型矿区周边耕层土壤 Cd 通量特征	杨烨宇, 李程, 杨忠芳, 张起钻, 邹胜章, 宋淑娥, 蔡贺清 (1739)
基于信息扩散模型的沔东地区土壤重金属潜在生态风险评估	杨楠楠, 韩玲, 刘明 (1749)
湘西地区土壤重金属污染溯源分析及环境质量评价	肖凯琦, 徐宏根, 甘杰, 戴亮亮, 李毅, 李凯, 许青阳, 张俊, 邓世民, 李颖 (1760)
典型行业再利用土壤重金属含量分布、来源解析及生态风险评估	沈城, 王文娟, 沙晨燕, 谢雨晴, 王敏, 吴健 (1769)
省级尺度土壤 As 迁移转化与水稻安全种植区划:以贵州省为例	董心月, 吴勇, 周子寒, 王佛鹏, 张云霞, 宋波 (1781)
谷壳灰硅肥改善土壤质量降低水稻镉砷累积的效应	易轩韬, 欧阳坤, 辜娇峰, 李倩, 游萍, 周航, 廖柏寒 (1793)
EDDS 对土壤铜镉有效性及蓖麻吸收转运的影响	刘文英, 吴刚, 胡红青 (1803)
叶面调理剂对复合污染农田小麦籽粒 Cd、As 和 Pb 累积的阻控效应	肖冰, 王秋实, 高培培, 赵全利, 杨威, 王钊, 刘文菊, 薛培英 (1812)
民勤绿洲退耕地土壤微生物群落结构与功能多样性特征	李常乐, 张富, 王理德, 赵赫然, 赵学成, 张恒平 (1821)
宏基因组揭示紫色土中邻苯二甲酸酯去除的微生物学机制	李雨桐, 余海, 刘坤, 柏宏成, 汪军, 朱正杰 (1830)
养鸡场空气微生物污染及工人呼吸暴露风险	白渔樵, 孙兴滨, 仇天雷, 郭雅杰, 高敏, 王旭明 (1840)
玛瑙河多环境介质和铜锈环螺体内微塑料的赋存特征	高雅坤, 李卫明, 张续同, 刘子健, 李映成, 丁爽, 王芳炜, 刘流 (1849)
不同官能团微塑料对斑马鱼胚胎菌群和代谢功能的胁迫效应	闫振华, 张燕, 包旭辉, 朱培元, 陈玉芳 (1859)

宏基因组揭示紫色土中邻苯二甲酸酯去除的微生物学机制

李雨桐^{1,2}, 余海^{1,2}, 刘坤^{1,2}, 柏宏成³, 汪军^{4*}, 朱正杰⁴

(1. 重庆市生态环境科学研究院污染场地土壤与地下水环境可持续修复工程技术研究中心, 重庆 401147; 2. 中国环境科学研究院西南分院, 重庆 401147; 3. 成都大学建筑与土木工程学院, 成都 610106; 4. 百色学院农业与食品工程学院, 百色 533000)

摘要: 邻苯二甲酸酯具有内分泌干扰特性, 在环境中持久存在, 其去除机制备受关注. 为探究邻苯二甲酸酯在紫色农田土壤中的去除机制、关键微生物及功能基因, 以邻苯二甲酸二正丁酯(DBP)和邻苯二甲酸二(2-乙基己基)酯(DEHP)为目标污染物, 分别设置含量为0、5、10和20 mg·kg⁻¹的单一污染土壤, 避光培养90 d, 利用宏基因组技术探究其去除的微生物生态学机制. 结果表明, DBP和DEHP在土壤中的降解动态均符合一级动力学降解模型, 半衰期介于17.0~38.2 d之间, 5 mg·kg⁻¹的DBP降解速率最快, 依次快于10 mg·kg⁻¹的DEHP、5 mg·kg⁻¹的DBP、5 mg·kg⁻¹的DEHP以及20 mg·kg⁻¹的DBP和DEHP. 第7 d和15 d的土壤样品间细菌群落结构存在显著差异, 放线菌门相对丰度随时间不断提升, 且与DBP或DEHP半衰期呈反比. 物种共现网络分析筛选出变形菌门的*Pandoraea*属为群落中的关键物种, 可以用来指示DBP和DEHP污染程度. KEGG功能注释结果表明, *Pandoraea*在群落中负责酯键水解、苯甲酸降解、群体感应、ABC转运和双组分系统等功能, 可以促进邻苯二甲酸酯上下游降解、细胞通讯和其它降解菌的生长繁殖, 以此维持群落结构的稳定. 由此可见, 紫色土中, DBP和DEHP的去除效率取决于初始含量和自身性质, 放线菌门的细菌在降解中扮演重要角色, *Pandoraea*在促进邻苯二甲酸酯降解和调节降解菌群结构和功能的稳定中均发挥关键作用.

关键词: 宏基因组; 邻苯二甲酸酯(PAEs); 细菌群落; 网络分析; 关键物种

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)03-1830-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202303127

Microbial Mechanisms of Removal of Phthalic Acid Esters in Purple Soils Revealed Using Metagenomic Analysis

LI Yu-tong^{1,2}, YU Hai^{1,2}, LIU Kun^{1,2}, BAI Hong-cheng³, WANG Jun^{4*}, ZHU Zheng-jie⁴

(1. Soil and Groundwater Green Sustainable Remediation Center, Chongqing Academy of Eco-Environmental Science, Chongqing 401147, China; 2. Southwest Branch of Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Chongqing 401147, China; 3. School of Architecture and Civil Engineering, Chengdu University, Chengdu 610106, China; 4. Faculty of Agriculture and Food Engineering, Baise University, Baise 533000, China)

Abstract: The removal mechanisms of phthalic acid esters (PAEs) have attracted much attention because of their endocrine-disrupting properties and persistence in environmental media. In order to reveal the removal mechanism of PAEs and involved keystone taxa and functional genes, purple soils were polluted by di-*n*-butyl phthalate (DBP) and di-2-ethylhexyl phthalate (DEHP), respectively, along a gradient of 0, 5, 10, and 20 mg·kg⁻¹ and cultured for 90 days in the dark. The results showed that the degradation dynamics of DBP and DEHP were well-fitted by the first-order kinetic model, and the half-life of DBP and DEHP ranged from 17.0 to 38.2 days. The degradation rate of DBP (5 mg·kg⁻¹) was the fastest, and that of DEHP (20 mg·kg⁻¹) was the slowest. The soil samples of the seventh day and the fifteenth day were analyzed using metagenomic sequencing. NMDS and cluster analysis showed that there was a significant difference between the bacterial community structure of soil samples from the seventh day and the fifteenth day. The relative abundance of *Actinobacteria* increased from the seventh day to the fifteenth day. The smaller the half-life of DBP or DEHP, the higher the relative abundance of *Actinobacteria* in the different treatments. In addition, *Streptomyces* was the dominant genus in all polluted soils. Co-occurrence network analysis elucidated that *Pandoraea* was a keystone genus of the soil bacterial communities, which could be used to indicate the pollution levels of DBP and DEHP. The results of KEGG annotation demonstrated that *Pandoraea* was responsible for benzoate degradation, quorum sensing, ABC transporters, and the two-component system and could promote the intercellular communications and the microbial growth and proliferation and maintain the stability of the community structure. Therefore, the degradation rate of DBP and DEHP in purple soils depended on their initial content and their own properties. *Actinobacteria* played an important role in the PAEs degradation, and *Pandoraea* played a major part in promoting PAEs degradation and regulating the stability of the structure and function of degrading bacterial communities.

Key words: metagenome; phthalic acid esters(PAEs); bacterial community; network analysis; keystone taxa

邻苯二甲酸酯(phthalic acid esters, PAEs)生产成本低, 缺乏廉价的替代品, 长期作为增塑剂等被添加到塑料农膜、食品包装、装修材料、化妆品、玩具、医用口罩和手套等产品中^[1-3]. 在以上产品生产、使用和废物处置过程中, PAEs与聚合物高分子之间的氢键易断裂, 从而被释放到环境中并持久存在^[1]. 人

收稿日期: 2023-03-15; 修订日期: 2023-05-07

基金项目: 国家自然科学基金项目(41877141); 重庆市科研机构绩效激励引导专项(cstc2021jxjlx0004); 广西科技基地和人才专项(桂科AD22080069和AD22035015); 广西一流学科建设项目(农业资源与环境)

作者简介: 李雨桐(1994~), 女, 博士研究生, 工程师, 主要研究方向为新污染物治理, E-mail: liyutonglyt@126.com

* 通信作者, E-mail: flypigging@hotmail.com

类通过日常消费塑料产品直接接触 PAEs^[2,3],也可通过饮食途径摄入土壤中的 PAEs^[4],长期暴露会导致内分泌、呼吸和生殖系统疾病,甚至引发癌症^[4]. PAEs 作为高关注的新污染物,其使用受到限制,但塑料农膜的不合理回收和再生利用等仍造成我国农田土壤和作物中 PAEs 含量有增无减^[4,5],其中邻苯二甲酸正丁酯(DBP)和邻苯二甲酸二(2-乙基己基)酯(DEHP)检出率和含量均最高,是主要的 PAEs 污染物^[6~9]. 因此,面对我国新污染物治理和污染土壤精准修复的迫切需求,强化农田土壤中 PAEs 的风险管控和去除具有重要基础意义和支撑作用.

土壤微生物是土壤生态系统物质循环和能量流动的驱动者^[10]. 当土壤暴露在有机污染中,土壤微生物群落迅速对环境扰动进行调节和适应,并降解污染物,从而维持生态系统的稳定^[11,12]. 有研究表明,PAEs 污染会改变土壤微生物群落结构和功能,并扰乱土壤生态系统:DBP 会降低土壤细菌群落多样性、碳代谢和氮代谢等功能活性,导致土著微生物群落朝着不可逆的方向演替^[13~15];DEHP 同样会降低细菌群落多样性,但能显著提升降解菌丰度以及编码酯酶和羧酸酯酶等降解酶的基因丰度^[16,17]. 然而,先前研究过多关注土壤微生物群落结构的改变,未深入探究群落中关键种的核心作用及其潜在的代谢功能. 有研究表明识别关键物种并重建其代谢潜力,可以揭示生态系统的物质循环过程^[18];也可以利用关键种丰度的变化指示污染程度^[19]. 关于 PAEs 修复机制的研究大多只关注某种污染物,且剂量较高. 因此,厘清土壤中微生物群落对 PAEs 污染的去除机制及关键物种的作用,对农田合理利用和保护十分重要,也是拓展农业微生物资源的重要方法,探寻不同类型 PAEs 在低剂量下修复机制的共性对于 PAEs 治理修复技术的推广也十分迫切.

紫色土富含矿物质,是我国川渝丘陵地区重要的农业土壤资源^[20]. 本文以紫色土为环境介质,选取 DEHP 和 DBP 为研究对象,利用宏基因组学技术揭示

土壤土著微生物群落结构与功能对低剂量下不同程度 PAEs 污染的响应机制,并识别 PAEs 降解过程的关键细菌及其代谢潜力,通过揭示紫色土中不同类型 PAEs 去除中的共性机制,以期为保护紫色土和相关环境基准的制定提供基础数据支撑.

1 材料与方法

1.1 样品采集

供试土壤采自重庆市某农田(105°49' E,28°28' N)表层土壤(0~20 cm),去除石砾和植物残根等杂物,研磨过 2 mm 筛备用. 土壤类型为紫色湿润雏形土,土壤质地(美国制)为粉砂壤土,土壤 pH 为 6.89,含水量为 15.73%, ω (总有机碳)为 8.32 g·kg⁻¹, ω (溶解性有机碳)为 14.37 mg·kg⁻¹, ω (全氮)为 0.81 g·kg⁻¹, ω (全磷)为 0.85 g·kg⁻¹, ω ($\sum$ PAEs)为 0.14 mg·kg⁻¹(只有 DEHP 检出).

1.2 实验设计

DBP、DEHP、同位素内标 DBP-D4 和色谱级丙酮等有机试剂购自德国 Merck 公司. 本实验开始前,将 DBP 和 DEHP 分别溶于丙酮中制备成 250、500 和 1 000 mg·L⁻¹的工作液,于 4℃冰箱内避光保存备用. 向每个干净的玻璃烧杯中装入称好的 1 kg 土壤,加入适当去离子水,调整土壤湿度到田间最大持水量的 60%,在恒温恒湿培养箱(温度 25℃,相对湿度 70%)避光培养 7 d,以恢复并稳定土壤微生物活性. 分别将 0.02 L 的 3 种浓度的 DBP 工作液添加到土壤中,混合均匀,制备梯度为 5、10 和 20 mg·kg⁻¹的 DBP 污染土壤,并用同样的方法制备 DEHP 污染土壤. 另将 0.02 L 丙酮加入土壤,制备未污染土壤,作为空白对照. 每个处理设置 3 个平行. 将每个样品于空气中放置 3 h,使丙酮挥发. 用保鲜膜封口以减少水分散失,并用针刺约 20 个小孔,保持通气,置于恒温恒湿培养箱避光培养,于第 7、15、30、60 和 90 d 取样测定 PAEs. 参考先前文献中两种物质的半衰期^[13~17,21],同时考虑测序成本,选取 7 d 和 15 d 的样品分别混合均匀后进行宏基因组测序,样品名称见表 1.

表 1 实验设计
Table 1 Experiment design

处理方式	污染物	含量/mg·kg ⁻¹	样品名称		
			0 d	7 d	15 d
未做污染处理	无	0	CK	CK-1	CK-2
		5		DBP5-1	DBP5-2
		10		DBP10-1	DBP10-2
污染处理	DBP	20		DBP20-1	DBP20-2
		5		DEHP5-1	DEHP5-2
		10		DEHP10-1	DEHP10-2
	DEHP	20		DEHP20-1	DEHP20-2

1.3 土壤 PAEs 测定

使用美国 Thermo fisher 公司的 Trace 1300/TSQ 9000 气相色谱-三重四极杆质谱联用仪测定 PAEs, 样品前处理方法参考 GB/T 39234-2020^[22]. 毛细管色谱柱类型为 TG-17(30 m×0.25 mm×0.25 μm), 载气为高纯氮气, 流速为 1.2 mL·min⁻¹, 采用选择性离子检测器模式, 无脉冲不分流进样, 进样体积为 1 μL, 程序升温设置如下: 50℃ 保持 1 min, 以 15℃·min⁻¹ 升温至 200℃ 保持 1 min, 再以 8℃·min⁻¹ 升至 280℃ 保持 3 min.

测定前, 所有玻璃器皿浸在重铬酸钾洗液中过夜, 用自来水和去离子水重复洗 3 次, 烘干, 再用丙酮冲洗, 测定时没有使用塑料物品. 实验前检查仪器空白和试剂空白, 每 10 个样品添加 1 个空白样品, 并测定样品平行样, 最终得到的每个样品含量, 取平行样的均值减去空白值, 处理组样品再减去空白对照样品的含量. 实验前进行空白基质加标, 方法回收率为 82.6%~112.3%, 内标回收率为 86.5%~107.2%, 实验过程中样品加标回收率为 78.3%~109.1%, 仪器检出限(3 倍信噪比)为 0.13~0.51 μg·L⁻¹, 方法检出限定义为平行空白样品中 DBP 和 DEHP 的均值加上 3 倍标准偏差, 分别为 0.21 μg·kg⁻¹ 和 0.39 μg·kg⁻¹.

1.4 土壤 DNA 提取和序列拼装

土壤宏基因组 DNA 的提取和测序委托上海美吉生物医药科技有限公司, 采用 QIAamp DNA 试剂盒(Qiagen, 德国)提取 DNA, 随后利用 TBS-380 微型荧光计(Turner biosystems, 德国)、NanoDrop 2000 分光光度计(Thermo fisher, 美国)和 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 浓度和质量. 检测合格的 DNA 样品使用 NovaSeq 平台(Illumina, 美国)进行 PE150 双端测序, 每个样品获得不少于 12 GB 的数据量.

使用 FASTP^[23] (<https://github.com/OpenGene/fastp>)对 reads 的 3'端和 5'端进行质量剪切, 去除剪切后长度<50 bp、平均碱基质量值<20 以及含 N 碱基的 reads, 获得 Clean reads. 使用 MEGAHIT V1.1.2^[24] (<https://github.com/voutcn/megahit>)对 Clean reads 进行拼接和组装, 然后根据长度为 k 的核苷酸序列(kmer 值设定为 47~97)之间的重叠关系, 构建德布鲁因图, 获取重叠群(contigs), 把 reads 映射到 contigs, 根据 reads 之间的双末端关系把 contigs 拼接成 scaffolds. 将 scaffolds 打断成新的 contigs, 优选长度≥300 bp 的 contigs 作为最终的组装结果. 使用 MetaGene^[25] (<http://metagene.cb.k.u-tokyo.ac.jp/>)对 contigs 进行开放阅读框预测, 将长度≥100bp 的基因序列翻译为氨基酸序列. 采用 CD-HIT V4.6.1^[26] (<http://www.bioinformatics.org/cd-hit/>)进行基因聚类, 每类取最长

的基因作为代表序列, 构建非冗余基因集. 使用 SOAPaligner V2.21^[27] (<http://soap.genomics.org.cn/>), 将每个样品的 Clean reads 与非冗余基因集进行比对(相似度 95% 以上), 统计基因在对应样品中的丰度信息. 使用 BLASTP (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, $evalue \leq 1 \times 10^{-5}$)将非冗余基因集序列分别与 NCBI-NR 和 KEGG 数据库进行比对, 分别获得物种和功能注释. 测序数据已提交至国家微生物科技数据中心.

1.5 数据分析

利用 Origin 2018 软件对 PAEs 测定数据进行一级动力学拟合, 方程如下:

$$C_t = C_0 e^{-kt} \quad (1)$$

$$t_{0.5} = \ln(2/k) \quad (2)$$

式中, C_t 为时间 t 时土壤中 PAEs 残留量($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), C_0 为 PAEs 初始含量($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), k 为降解速率常数, t 为降解时间(d), $t_{0.5}$ 为降解半衰期(d).

使用 R V4.1.2 软件的“vegan”包计算两两样本间 Bray-Curtis 距离, 进行 UPGMA (unweighted pair group method with arithmetic mean) 聚类分析和非度量多维尺度(nonmetric multidimensional scaling, NMDS)分析, 并利用 ANOSIM 相似性分析 (analysis of similarities) 评估样本间微生物群落组成的差异. Origin 软件用于单因素方差分析、普通最小二乘回归 (ordinary least squares, OLS)、Mann-Whitney U 和 Kruskal-Wallis 非参数检验等, 显著性水平 $P < 0.05$ 和 $P < 0.01$ 作为显著性和极显著性判断标准. 群落中关键物种/功能的筛选基于 Python 软件的 Networkx 工具包, 为了避免虚假相关性, 选择属水平上相对丰度前 50 的物种/功能进行网络分析, 使用 Spearman 相关性来评估物种/功能之间的关联 ($|R| \geq 0.5$, $P < 0.05$), 并使用错误发现率对 P 值多重检验校正, 以网络节点的度中心性 (degree centrality)、紧密中心性 (closeness centrality) 和介数中心性 (betweenness centrality) 这 3 个指标的总和作为定义关键物种/功能的阈值^[28].

2 结果与讨论

2.1 PAEs 在土壤中的降解特征

PAEs 在土壤中的降解特征如表 2 所示, 紫色土中 DEHP 和 DBP 降解动态均符合一级动力学降解模型, 半衰期介于 17.0~38.2 d 之间, 60 d 基本达到平台期, 90 d 时仍未完全降解. 5 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 20 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 处理组中, DBP 半衰期均快于 DEHP, 60 d 后 DEHP 残留量显著高于 DBP. 10 $\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 处理组中, 二者残留量没有显著差异, DBP 半衰期慢于 DEHP. 另一方面, DBP 的降解速率会随初始含量的增加而降低. 而 DEHP 处

理后,初始含量为 $10\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 自然降解速率最快, $20\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 自然降解速率最慢.

有研究表明, $20\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ DBP 在潮土和红壤中自然降解迅速,其半衰期分别为 0.3 d 和 1.2 d ^[13],远远快于本研究. $40\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的 DBP 的半衰期也小于 5 d ^[19]. 此外,红壤中 DBP 降解速率会随初始含量的增加而降低,这与本研究的结果一致,在潮土中相反^[13]. 由于 DEHP 的高疏水性,其自然降解速率通常较慢, $5\sim 40\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的 DEHP 在培养 35 d 后降

解量均不到一半^[29], $200\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 的 DEHP 半衰期也超过 35 d ^[30], 本研究中 DEHP 降解速率同样较慢. 由此可推断出, PAEs 降解速率的差异可能是由于土壤性质、PAEs 类型和剂量的不同,导致土壤微生物群落发生不同的响应变化. 此外,本研究紫色土中腐殖酸含量高,会导致 PAEs 的生物有效性降低^[21],并且土壤本身 PAEs 残留水平低,土壤微生物群落未经驯化,因此生物降解能力相比其它研究较低.

表 2 土壤中 DBP 和 DEHP 含量和降解参数¹⁾

Table 2 Content and degradation parameters of DBP 和 DEHP in soils after different treatments

污染物	初始含量 / $\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$	7 d	15 d	30 d	60 d	90 d	降解方程	相关系数 (r^2)	半衰期 /d
DBP	5	$4.5\pm 0.2\text{c}$	$2.8\pm 0.1\text{d}$	$1.3\pm 0.1\text{d}$	$0.3\pm 0.1\text{d}$	$0.1\pm 0.0\text{d}$	$C_t = 5.3\text{e}^{-0.041t}$	0.96	17.0
DEHP	5	$4.3\pm 0.4\text{c}$	$3.7\pm 0.2\text{cd}$	$1.6\pm 0.1\text{d}$	$0.8\pm 0.0\text{c}$	$0.8\pm 0.1\text{c}$	$C_t = 5.1\text{e}^{-0.028t}$	0.94	24.4
DBP	10	$8.9\pm 0.8\text{b}$	$6.7\pm 1.2\text{bc}$	$4.2\pm 1.1\text{bc}$	$1.3\pm 0.8\text{c}$	$1.1\pm 0.1\text{c}$	$C_t = 10.3\text{e}^{-0.029t}$	0.98	23.6
DEHP	10	$7.4\pm 0.5\text{b}$	$4.7\pm 1.1\text{c}$	$3.3\pm 0.9\text{c}$	$1.3\pm 0.6\text{c}$	$1.1\pm 0.2\text{c}$	$C_t = 9.7\text{e}^{-0.039t}$	0.96	17.9
DBP	20	$16.3\pm 1.3\text{a}$	$13.2\pm 1.8\text{b}$	$9.0\pm 1.0\text{b}$	$3.8\pm 1.4\text{b}$	$1.9\pm 0.1\text{b}$	$C_t = 19.8\text{e}^{-0.025t}$	0.96	27.9
DEHP	20	$19.1\pm 0.5\text{a}$	$17.8\pm 1.0\text{a}$	$10.8\pm 1.1\text{a}$	$6.0\pm 0.7\text{a}$	$4.2\pm 0.5\text{a}$	$C_t = 21.1\text{e}^{-0.018t}$	0.94	38.2

1)同列不同小写字母表示不同处理之间差异显著 ($P<0.05$)

2.2 土壤细菌群落结构对 PAEs 污染的响应

各个样品质控后获得了 $5.2\times 10^7\sim 6.8\times 10^7$ 条 clean reads, 拼装获得 $3.4\times 10^5\sim 5.8\times 10^5$ 条 contigs, 总长度为 $2.3\times 10^8\sim 3.8\times 10^8\text{ bp}$, 对 contigs 进行评估, N50 值介于 $526\sim 862\text{ bp}$, 表明 contigs 组装结果较好. 根据种水平物种丰度进行 UPGMA 聚类分析和 NMDS 分析 (图 1). UPGMA 聚类分析发现, PAEs 残留量越相近的样品中, 群落结构相似度越高, 表明 PAEs 对土壤细菌群落的影响与其残留量有关. NMDS 排序的胁强系数为 0.05 , 排序结果较好. 未污染空白样本位于图左侧, PAEs 污染处理样本多位于图右侧, 两种 PAEs 处

理的样本间距离较近, 群落相似度较高, 但第 7 d 和 15 d 样本的分布相对分离 (ANOSIM 检验: $R=0.64$, $P<0.001$), 表明 PAEs 残留量对土壤细菌群落结构差异的贡献大于其类型.

物种注释后发现, 门水平上的细菌主要包括放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、酸杆菌门 (Acidobacteria) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 等. 初始土壤 (CK) 中, 变形菌门 (48.2%) 为优势门, 其次为放线菌门 (32.2%). DBP 染毒第 7 d 时 [图 2(a)], 5 、 10 和 $20\text{ mg}\cdot\text{kg}^{-1}$ 处理后放线菌门相对丰度分别提升到 74.2% 、 63.9% 和

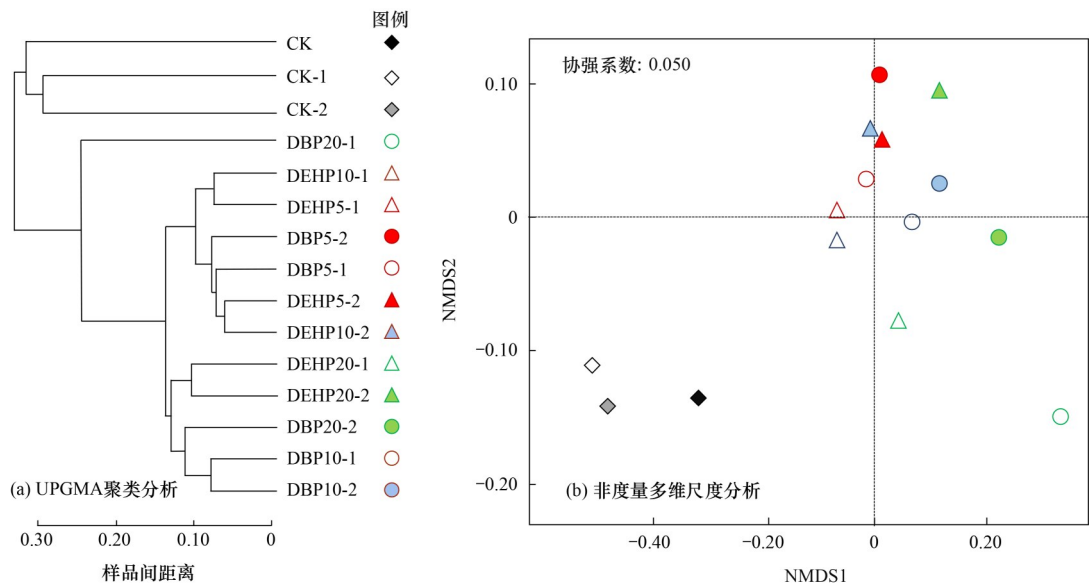
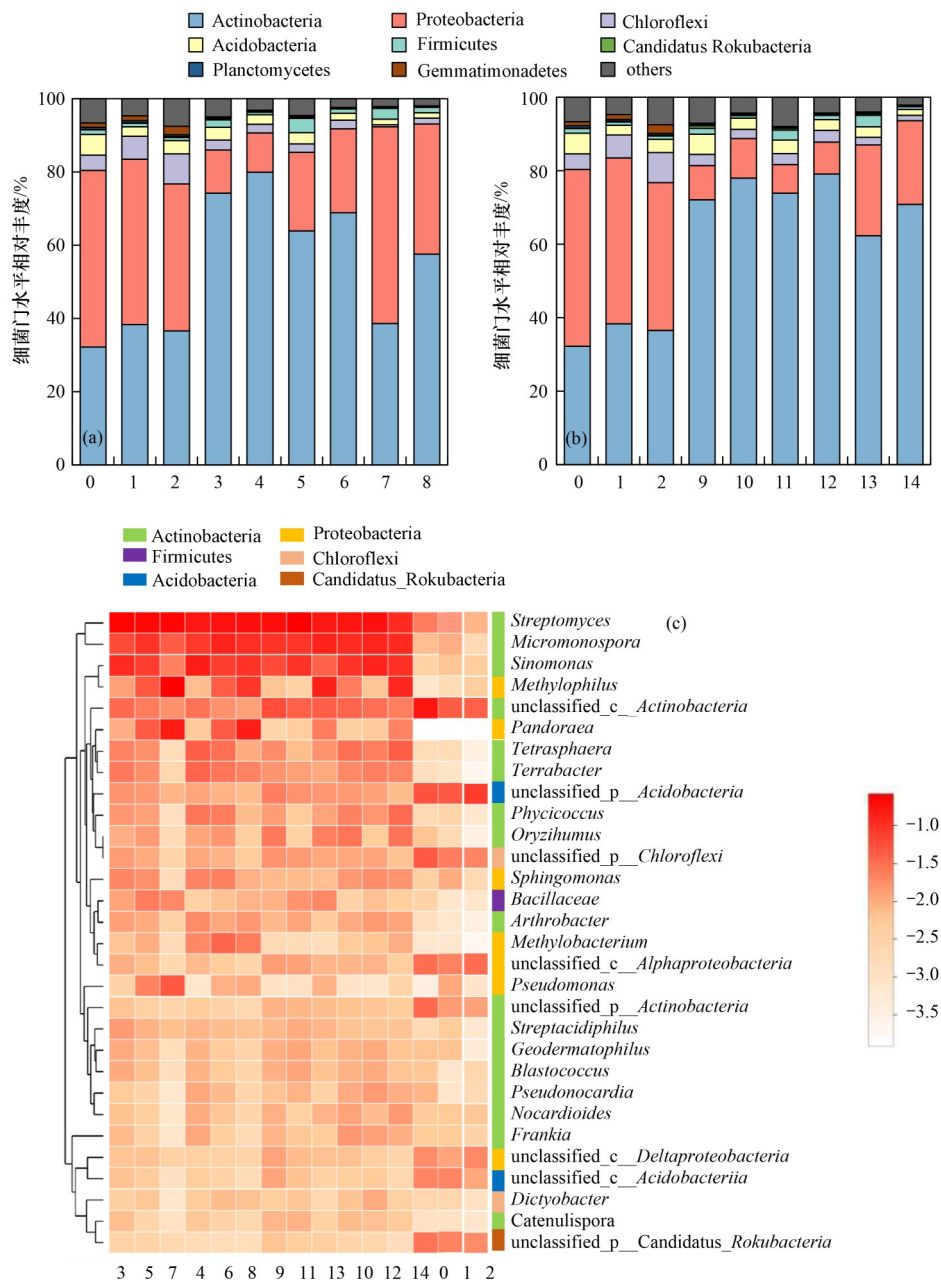


图 1 基于种分类水平的 UPGMA 聚类分析和 NMDS 分析

Fig. 1 UPGMA clustering analysis and NMDS analysis of bacterial community structure at species levels

39.0%,第15 d时继续增加到79.9%、68.8%和57.6%,成为优势门,且相对丰度随DBP残留量的减少而增加.同样,5、10和20 mg·kg⁻¹的DEHP染毒7 d后[图2(b)],放线菌门相对丰度依次提高到72.1%、73.9%和62.3%,第15 d增加到78.0%、79.1%和70.9%,且相对丰度大小与其降解速率的高低顺序一致.因此,放线菌门可能在PAEs自然降解中扮演重要角色.相对丰度前30的细菌属中[图2(c)],污染样品中放线菌门的*Streptomyces*、*Micromonospora*和*Sinomonas*以及变形菌门的*Methylophilus*和*Pandora*等细菌相对丰度均高于未污染样品.由此可见,DBP

和DEHP污染改变了紫色土土著细菌群落结构,*Streptomyces*和*Pandora*等细菌随PAEs残留量的减少在群落中的优势地位不断提高,具有指示PAEs污染程度的潜力.*Streptomyces*等放线菌被报道在DBP^[31]和DEHP^[17]污染环境中具有显著生存优势,这类细菌能降解纤维素和几丁质等高分子聚合物,为土壤提供养分,因此在极端环境下保持较高的活性和DNA修复能力.变形菌门是细菌域数量和种类最大的一个门,在不同环境中均能占据生态位^[32].*Methylophilus*可以利用含碳有机物作为碳源生长繁殖,通过去甲基化减少PAEs侧链长度^[33].*Pandora*



(a)DBP 污染后,(b)DEHP 污染后,(c)属水平细菌群落结果;0. CK, 1. CK-1, 2. CK-2, 3. DBP5-1, 4. DBP5-2, 5. DBP10-1, 6. DBP10-2, 7. DBP20-1, 8. DBP20-2, 9. DEHP5-1, 10. DEHP5-2, 11. DEHP10-1, 12. DEHP10-2, 13. DEHP20-1, 14. DEHP20-2; 热图按相对丰度对数值显示颜色

图2 土壤细菌群落结构柱状图和热图

Fig. 2 Histogram and heatmap of soil bacterial community structure

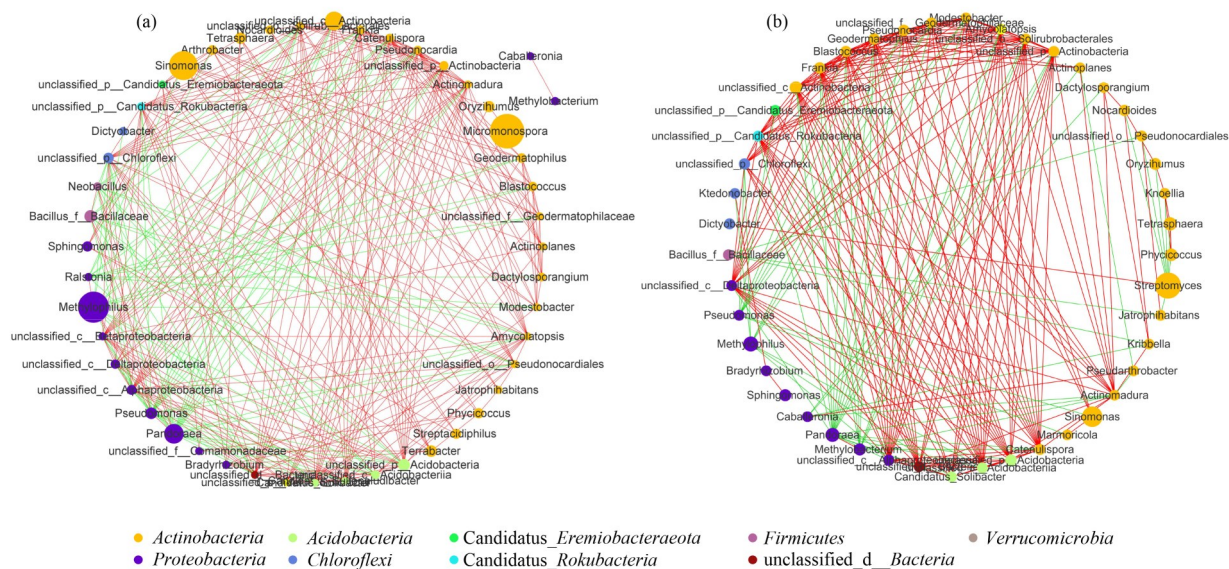
属是一种革兰氏阴性菌,可以降解农药和苯系物等有机物^[34~37].因此,这些物种在土壤细菌群落去除PAEs过程中扮演重要角色,可能直接参与PAEs降解或者调节物种互作网络从而影响群落构建,进而导致PAEs降解效率的差异.

2.3 土壤细菌群落关键物种筛选

基于样本间群落结构相似度,分为第7 d和15 d两组进行网络分析,以确定PAEs不同降解阶段的关键物种.如图3和表3所示,第7 d时,*Pandoraea*、*Pseudomonas*、*unclassified_c_Alphaproteobacteria*、*unclassified_d_Bacteria*、*unclassified_p_Acidobacteria*和*unclassified_p_Chloroflexi*这6个属位于共现网络的中心位置,其综合得分最高,同时拥有高度中心性(0.48)、高紧密中心性(0.53)和低介数中心性(0.02),表明这些物种通过与其它物种之间紧密的合作关系或激烈的竞争关系,形成复杂的互作网络,这些物种的缺失可能会造成整个群落互作网络稳定性的下降.同样地,*Pandoraea*、*Amiclatopsis*、*Catenulispota*、*Frankia*、*unclassified_c_Acidobacteria*、*unclassified_c_Actinobacteria*和*unclassified_o_Solirubrobacterales*这7个属被确定为第15 d时细菌群落的关键物种.

*Pandoraea*是两组样本中共有的关键物种.如图3所示,7 d时,*Pandoraea*与*Methylophilus*和

*Pseudomonas*等4个物种有显著的正相关关系,与其余19个节点显著负相关,在15 d时,仅与*Methylobacterium*显著正相关,与其它19个属显著负相关,表明*Pandoraea*与其他物种主要存在竞争关系,从而维持互作网络的稳定^[38].OLS回归模型进一步表明(图4),*Pandoraea*的相对丰度与DBP和DEHP均呈现显著的线性正相关关系($R^2>0.80$, $P<0.05$),暗示*Pandoraea*可用于预测紫色土中DBP或DEHP污染趋势.关键类群作为污染指示剂正在引起国内外学者的关注^[39,40],但少有研究报道PAEs污染土壤核心菌及其生态作用.Kong等^[19]认为放线菌门的*Arthrobacter*和*Sphingomonas*等是40 mg·kg⁻¹DBP污染农田中细菌群落的关键菌,可以用于预测细菌群落对DBP污染的响应.不同的是,本研究中*Pandoraea*来自变形菌门,并且可以指示两种污染物.尽管*Pandoraea*不是丰度最高的类群,但占据网络枢纽位置,其存在或灭绝均会影响群落功能^[41~43].有研究表明,污染胁迫下,核心菌会分泌抗生素、毒素或代谢物等与中间类群或有效类群强烈相互作用,调节土壤细菌群落结构使其适应环境胁迫^[41].DBP或DEHP的添加或降解,使得*Pandoraea*的丰度相应地增加或减少,导致网络中与之协作的物种发生类似的变化,与之互斥的物种得以灭亡或繁殖,从而维持网络的稳定和PAEs降解等生态系统功能.



(a)第7 d样品优势细菌互作网络,(b)第15 d样品优势细菌互作网络;节点颜色反映门分类水平,节点大小反映物种丰度,红色连线表示节点之间正相关,绿色连线表示负相关,线越粗,表示相关性越高

图3 属水平优势物种共现网络

Fig. 3 Co-occurrence network at the genus level

2.4 土壤细菌群落及关键物种代谢通路分析

将基因序列与KEGG数据库进行比对注释,并分类为不同层级的代谢通路.对第三层级上代谢通路的基因丰度进行UPGMA聚类分析[图5(a)],结果显

示,污染样品间排序距离短,表明不同程度PAEs污染后的土壤细菌群落功能较为相似,群落中大部分基因被注释到代谢途径(16.1%~18.6%)、次级代谢物的生物合成(7.3%~8.3%)和不同环境的微生物代谢

表3 物种共现网络特征参数¹⁾
Table 3 Characteristic parameters of co-occurrence network

培养时间/d	节点名称	度	度中心性	紧密中心性	介数中心性
7	<i>Pandoraea</i>	23	0.48	0.53	0.02
	<i>Pseudomonas</i>	23	0.48	0.53	0.02
	unclassified_c__Alphaproteobacteria	23	0.48	0.53	0.02
	unclassified_d__Bacteria	23	0.48	0.53	0.02
	unclassified_p__Acidobacteria	23	0.48	0.53	0.02
	unclassified_p__Chloroflexi	23	0.48	0.53	0.02
15	<i>Pandoraea</i>	20	0.45	0.45	0.02
	<i>Amycolatopsis</i>	20	0.45	0.45	0.02
	<i>Catenulispora</i>	20	0.45	0.45	0.02
	<i>Frankia</i>	20	0.45	0.45	0.02
	unclassified_c__Acidobacteriia	20	0.45	0.45	0.02
	unclassified_c__Actinobacteria	20	0.45	0.45	0.02
	unclassified_o__Solirubrobacterales	20	0.45	0.45	0.02

1)度为每个节点的链接数,表示网络中有多少其他节点与给定节点相连

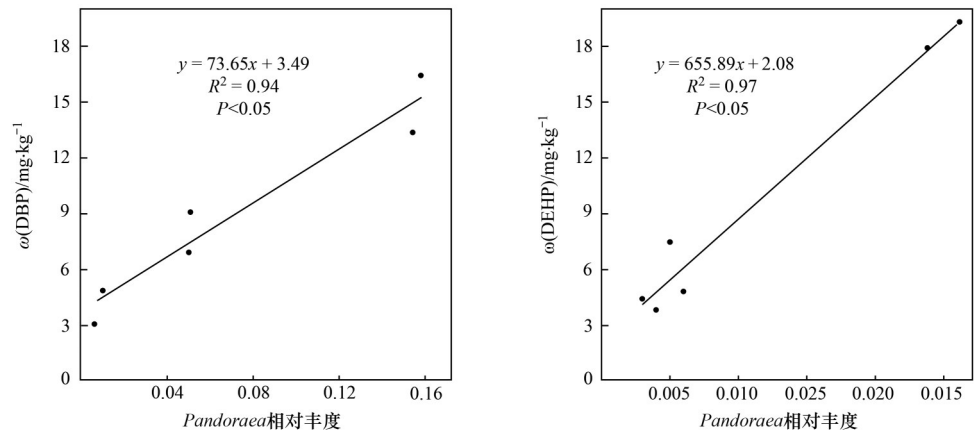


图4 普通最小二乘回归
Fig. 4 Ordinary least squares regression

(5.6%~6.4%)等通路上.

此外,在第二层级上[图5(b)],*Pandoraea*属所包含的膜运输、信号传导、异源物质生物降解和代谢以及其它氨基酸代谢等代谢通路上的相对丰度显著高于土壤细菌群落整体水平,第三层级上[图5(c)],ABC转运、群体感应、双组分系统和苯甲酸代谢等代谢通路相对丰度也显著高于群落整体水平.ABC转运可以将糖、氨基酸和离子等通过细胞膜转运至活细胞,促进细胞对营养的吸收;双组分系统是细菌信号传导系统;群体感应是原核生物细胞间交流的重要机制;异源物质生物降解和代谢途径中,包含众多催化含苯环有机物降解途径的酶编码基因,如多环芳烃降解和苯甲酸降解等,均是PAEs生物降解的重要途径^[17].

通过构建包含 *yvaK*、*pht* 和 *pca* 家族的基因集发现,*Pandoraea* 含有 PAEs 降解的多个酶基因(图6),例如编码羧酸酯酶的 *yvaK* 基因,编码 4,5-邻苯二甲酸双加氧酶的 *pht2* 和 *pht3* 基因,以及催化原儿茶酸开环

的 *pca* 家族基因簇等,但不含 *pht4* 和 *pht5* 基因,表明 *Pandoraea* 不能独自将 PAEs 彻底矿化,与之协同合作的 *Pseudomonas* 等细菌只能催化原儿茶酸开环.然而,与 *Pandoraea* 存在显著竞争关系的 *unclassified_p__Chloroflexi* 和 *unclassified_c__Actinobacteria* 等其它关键微生物,拥有催化 PAEs 完全矿化的代谢途径.

先前研究只简单关注 PAEs 污染下群落水平上碳氮代谢、糖代谢和水解酶等功能基因的响应^[15,44,45],未深究其微生物来源及其生态作用,本研究利用宏基因组揭示了 *Pandoraea* 作为细菌群落核心物种的作用.在 PAEs 降解前期,*Pandoraea* 大量繁殖将其转化为中间代谢产物邻苯二甲酸后,其丰度随 PAEs 的降解减少,但仍可以通过分泌、扩散和交换信号分子来刺激群落中部分基因表达、物质运输和细胞通讯来调节群落密度,并开始促进其它物种利用邻苯二甲酸来生长繁殖;当邻苯二甲酸降解为原儿茶酸后,也可以反馈供 *Pandoraea* 再次利用,从而将 PAEs 彻底矿化.由此可见,*Pandoraea* 可能主导着紫

色土 PAEs 上下游的生物降解,并且通过细胞通讯来提高菌群的完全降解能力,以此抵抗不利环境并维持群落结构的稳定,保护土壤健康。由此可见,在今

后 PAEs 治理时,可以在人工构建 PAEs 高效降解菌群时考虑对 *Pandoraea* 的定向分离培养,从而提高降解菌群的效率,为新污染物的治理修复提供技术支撑。

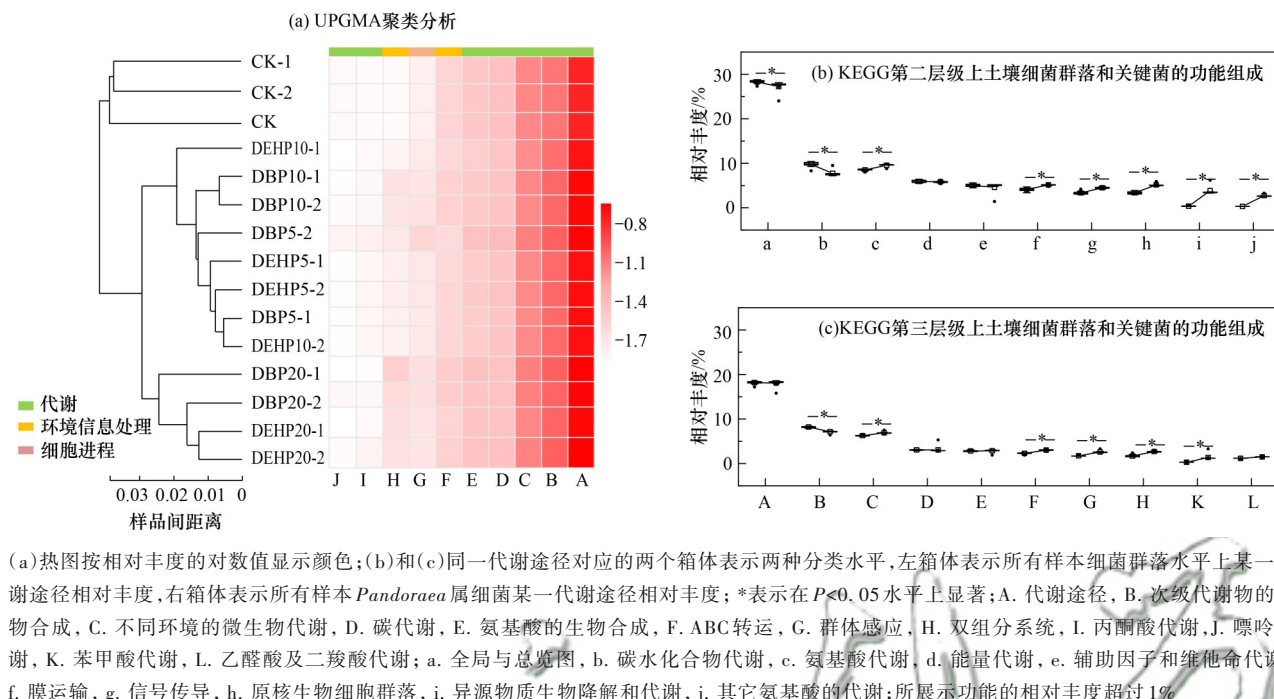
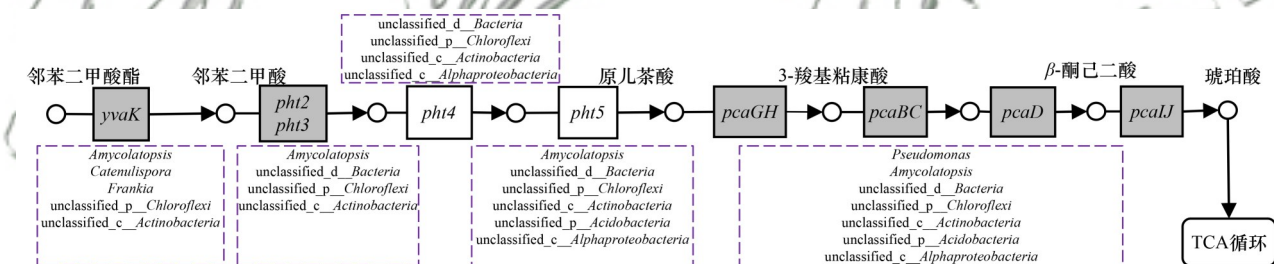


图 5 土壤细菌群落功能组成的 UPGMA 聚类分析和箱线图

Fig. 5 UPGMA clustering analysis and boxplot of bacterial community function



圆表示 PAEs 及其中间产物, 箭头表示降解方向, 灰色和白色填充方框分别表示 *Pandoraea* 中含有的和不含的催化 PAEs 降解的相关酶基因, 虚线方框表示含有对应酶基因的关键微生物; 改自 KEGG 数据库

图 6 PAEs 降解途径关键节点中涉及的酶编码基因及其来源

Fig. 6 Enzyme coding genes involved in PAEs degradation pathways and their sources

3 结论

(1) 紫色土中 DBP 和 DEHP 降解动态均符合一级动力学降解模型, 不同单体物质结构及其初始含量的差异均影响其生物降解效率。

(2) 宏基因组测序分析发现, 第 7 d 和 15 d 土壤样品间细菌群落结构存在显著差异, PAEs 对土壤细菌群落的影响主要与其残留量有关。放线菌门在污染土壤中为优势门, *Streptomyces* 等细菌为优势属。放线菌门相对丰度随时间不断提升, 不同污染条件下 DBP 或 DEHP 半衰期越小, 放线菌门相对丰度越高, 因此, 放线菌门在 PAEs 自然降解中扮演重要角色。

(3) 紫色土中不同 PAEs 污染条件下共有的关键

菌是 *Pandoraea* 属, 与大多优势物种存在竞争关系, 具有指示 DBP 和 DEHP 污染程度的潜力, 在群落中负责苯甲酸降解、群体感应、ABC 转运和双组分系统等功能, 可以促进细菌间信息交流和其它 PAEs 降解菌的繁殖, 从而将 PAEs 彻底矿化并维持群落互作网络的稳定。

参考文献:

- [1] Das M T, Kumar S S, Ghosh P, et al. Remediation strategies for mitigation of phthalate pollution: Challenges and future perspectives [J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 409, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124496.
- [2] De-la-Torre G E, Dioses-Salinas D C, Dobaradaran S, et al. Release of phthalate esters (PAEs) and microplastics (MPs) from face masks and gloves during the COVID-19 pandemic [J]. Environmental Research, 2022, 215, doi: 10.1016/j.envres.

2022. 114337.
- [3] Li Y Y, Zheng N, Li Y, *et al.* Exposure of childbearing-aged female to phthalates through the use of personal care products in China: An assessment of absorption via dermal and its risk characterization [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **807**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.150980.
- [4] Lü H X, Mo C H, Zhao H M, *et al.* Soil contamination and sources of phthalates and its health risk in China: a review [J]. *Environmental Research*, 2018, **164**: 417-429.
- [5] Wang Y, Wang F, Xiang L L, *et al.* Risk assessment of agricultural plastic films based on release kinetics of phthalate acid esters [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, **55**(6): 3676-3685.
- [6] Wang J, Chen G C, Christie P, *et al.* Occurrence and risk assessment of phthalate esters (PAEs) in vegetables and soils of suburban plastic film greenhouses [J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **523**: 129-137.
- [7] Zeng L J, Huang Y H, Chen X T, *et al.* Prevalent phthalates in air-soil-vegetable systems of plastic greenhouses in a subtropical city and health risk assessments [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **743**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140755.
- [8] Ma J, Lu Y G, Teng Y, *et al.* Occurrence and health risk assessment of phthalate esters in tobacco and soils in tobacco-producing areas of Guizhou province, southwest China [J]. *Chemosphere*, 2022, **303**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2022.135193.
- [9] Li Y T, Wang J, Yang S, *et al.* Occurrence, health risks and soil-air exchange of phthalate acid esters: A case study in plastic film greenhouses of Chongqing, China [J]. *Chemosphere*, 2021, **268**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.128821.
- [10] Delgado-Baquerizo M, Maestre F T, Reich P B, *et al.* Microbial diversity drives multifunctionality in terrestrial ecosystems [J]. *Nature Communications*, 2016, **7** (1), doi: 10.1038/ncomms10541.
- [11] Fierer N. Embracing the unknown: Disentangling the complexities of the soil microbiome [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2017, **15** (10): 579-590.
- [12] Tezel U, Pavlostathis S G. Quaternary ammonium disinfectants: microbial adaptation, degradation and ecology [J]. *Current Opinion in Biotechnology*, 2015, **33**: 296-304.
- [13] Cheng J J, Liu Y N, Wan Q, *et al.* Degradation of dibutyl phthalate in two contrasting agricultural soils and its long-term effects on soil microbial community [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **640-641**: 821-829.
- [14] Wang Z G, Liu S, Xu W H, *et al.* The microbiome and functions of black soils are altered by dibutyl phthalate contamination [J]. *Applied Soil Ecology*, 2016, **99**: 51-61.
- [15] Zhu F X, Yan Y Y, Doyle E, *et al.* Microplastics altered soil microbiome and nitrogen cycling: The role of phthalate plasticizer [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **427**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.127944.
- [16] Wang L, Wang L H, Chang Q, *et al.* Effects of di-(2-ethylhexyl) phthalate on microbial biomass carbon and microbial community structural diversity in a Mollisol [J]. *European Journal of Soil Science*, 2017, **68**(6): 897-908.
- [17] Zhu F X, Doyle E, Zhu C Y, *et al.* Metagenomic analysis exploring microbial assemblages and functional genes potentially involved in di (2-ethylhexyl) phthalate degradation in soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **715**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137037.
- [18] Chen Z W, Zhong X, Zheng M Y, *et al.* Indicator species drive the key ecological functions of microbiota in a river impacted by acid mine drainage generated by rare earth elements mining in South China [J]. *Environmental Microbiology*, 2022, **24** (2): 919-937.
- [19] Kong X, Bai Z B, Jin T, *et al.* *Arthrobacter* is a universal responder to di-n-butyl phthalate (DBP) contamination in soils from various geographical locations [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **422**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.126914.
- [20] 王智慧. 不同 pH 紫色土中硝化作用及硝化微生物宏基因组研究[D]. 重庆: 西南大学, 2017.
- [21] Bai H C, Lu P L, Zhang L L, *et al.* New insight into the contribution of humic substance to degradation of phthalate acid esters in soil: Link batch experiment to model study [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2022, **10** (6), doi: 10.1016/j.jece.2022.108731.
- [22] GB/T 39234-2020, 土壤中邻苯二甲酸酯测定 气相色谱-质谱法[S].
- [23] Chen S F, Zhou Y Q, Chen Y R, *et al.* fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor [J]. *Bioinformatics*, 2018, **34** (17): i884-i890.
- [24] Li D H, Liu C M, Luo R B, *et al.* MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct *de Bruijn* graph [J]. *Bioinformatics*, 2015, **31** (10): 1674-1676.
- [25] Noguchi H, Park J, Takagi T. MetaGene: prokaryotic gene finding from environmental genome shotgun sequences [J]. *Nucleic Acids Research*, 2006, **34** (19): 5623-5630.
- [26] Fu L M, Niu B F, Zhu Z W, *et al.* CD-HIT: accelerated for clustering the next-generation sequencing data [J]. *Bioinformatics*, 2012, **28** (23): 3150-352.
- [27] Li R Q, Li Y R, Kristiansen K, *et al.* SOAP: short oligonucleotide alignment program [J]. *Bioinformatics*, 2008, **24** (5): 713-714.
- [28] Banerjee S, Schlaeppi K, Van Der Heijden M G A. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2018, **16** (9): 567-576.
- [29] 王蕾, 枉靖宜, 张颖, 等. 不同添加浓度 DEHP 在黑土中的降解特点及对酶活性的影响 [J]. *土壤通报*, 2022, **53** (1): 144-151.
- Wang L, Wang J Y, Zhang Y, *et al.* Degradation characteristics of DEHP added into mollisols at different concentrations and its effect on enzyme activities [J]. *Chinese Journal of Soil Science*, 2022, **53** (1): 144-151.
- [30] Zhu F X, Zhu C Y, Doyle E, *et al.* Fate of di (2-ethylhexyl) phthalate in different soils and associated bacterial community changes [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **637-638**: 460-469.
- [31] Xu W H, You Y M, Wang Z G, *et al.* Dibutyl phthalate alters the metabolic pathways of microbes in black soils [J]. *Scientific Reports*, 2018, **8** (1), doi: 10.1038/s41598-018-21030-8.
- [32] Spain A M, Krumholz L R, Elshahed M S. Abundance, composition, diversity and novelty of soil *Proteobacteria* [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3** (8): 992-1000.
- [33] 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.
- [34] Peeters C, De Canck E, Cnockaert M, *et al.* Comparative genomics of *Pandoraea*, a genus enriched in xenobiotic

- biodegradation and metabolism [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.02556.
- [35] Okeke B C, Siddique T, Arbestain M C, *et al.* Biodegradation of γ -hexachlorocyclohexane (Lindane) and α -hexachlorocyclohexane in water and a soil slurry by a *Pandoraea* species [J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2002, **50**(9): 2548-2555.
- [36] Wang X Q, Wang Q L, Li S J, *et al.* Degradation pathway and kinetic analysis for *p*-xylene removal by a novel *Pandoraea* sp. strain WL1 and its application in a biotrickling filter [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2015, **288**: 17-24.
- [37] Yang J, Guo C L, Liu S S, *et al.* Characterization of a di-*n*-butyl phthalate-degrading bacterial consortium and its application in contaminated soil [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2018, **25**(18): 17645-17653.
- [38] Palmer J D, Foster K R. Bacterial species rarely work together [J]. *Science*, 2022, **376**(6593): 581-582.
- [39] Zhang H J, Yang L, Li Y, *et al.* Pollution gradients shape the co-occurrence networks and interactions of sedimentary bacterial communities in Taihu Lake, a shallow eutrophic lake [J]. *Journal of Environmental Management*, 2022, **305**, doi: 10.1016/j.jenvman.2021.114380.
- [40] Veloso S, Amouroux D, Lanceleur L, *et al.* Keystone microbial taxa organize micropollutant-related modules shaping the microbial community structure in estuarine sediments [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, **448**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2023.130858.
- [41] Zafra G, Taylor T D, Absalón A E, *et al.* Comparative metagenomic analysis of PAH degradation in soil by a mixed microbial consortium [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2016, **318**: 702-710.
- [42] Jiao S, Lu Y H, Wei G H. Soil multitrophic network complexity enhances the link between biodiversity and multifunctionality in agricultural systems [J]. *Global Change Biology*, 2022, **28**(1): 140-153.
- [43] Hu W G, Ran J Z, Dong L W, *et al.* Aridity-driven shift in biodiversity-soil multifunctionality relationships [J]. *Nature Communications*, 2021, **12**(1), doi: 10.1038/s41467-021-25641-0.
- [44] Chen W J, Wang Z G, Xu W H, *et al.* Dibutyl phthalate contamination accelerates the uptake and metabolism of sugars by microbes in black soil [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **262**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114332.
- [45] You Y M, Wang Z G, Xu W H, *et al.* Phthalic acid esters disturbed the genetic information processing and improved the carbon metabolism in black soils [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **653**: 212-222.



CONTENTS

Research on the Evaluation Method and Application of Provincial Differentiated Carbon Peaking in China	LIU Run-pu, PENG Shuan, CHEN Yu-shuo, <i>et al.</i>	(1233)
Evolution and Influencing Factors of Spatial Correlation Network of Construction Carbon Emission in China from the Perspective of Whole Life Cycle	REN Xiao-song, LI Zhao-rui	(1243)
Efficiency Characteristics and Evolution Patterns of Urban Carbon Metabolism of Production-Living-Ecological Space in Beijing-Tianjin-Hebei Region	TIAN Chao, CHENG Lin-lin, SHAO Ying-chao	(1254)
Assessment of CO ₂ Co-benefits of Air Pollution Control Policies in Taiyuan's 14th Five-Year Plan	XIAO Ting-yu, SHU Yun, LI hui, <i>et al.</i>	(1265)
Coordinated Control of Carbon Emission Reduction and Air Quality Improvement in the Industrial Sector in Hunan Province	LI Nan, LIU Wan-wan, ZHU Shu-han, <i>et al.</i>	(1274)
Coal Control and Carbon Reduction Path in Henan Province's Power Industry Under the Carbon Peak and Neutralization Target: A Medium- and Long-term Study	ZHANG Jing, YANG Meng, ZHANG Wei, <i>et al.</i>	(1285)
Environmental Benefits of Pollution and Carbon Reduction by Bus Fleet Electrification in Zhengzhou	ZOU Chao, WANG Ya-nan, WU Lin, <i>et al.</i>	(1293)
Multi-scale Driving Mechanism of Urbanization on PM _{2.5} Concentration in Urban Agglomeration in the Middle Reaches of the Yangtze River	ZHANG Zheng, ZHOU Ting-gang, ZHOU Zhi-heng, <i>et al.</i>	(1304)
Analysis of Spatio-temporal Distribution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} Concentration in Urban Agglomerations on the Northern Slope of Tianshan Mountains	WANG Xiang-nan, ZHANG Zhe, LIU Fang-qing	(1315)
Spatial Variability and Source Apportionment of PM _{2.5} Carbon Components in Tianjin	WU Fu-liang, WU Jian-hui, DAI Qi-li, <i>et al.</i>	(1328)
Characteristics and Source Analysis of Carbonaceous Aerosols in PM _{2.5} in Huaxi District, Guiyang	GUI Jia-qun, YANG Yuan, WANG Xian-qin, <i>et al.</i>	(1337)
Pollution Characteristics, Source Apportionment, and Meteorological Response of Water-soluble Ions in PM _{2.5} in Xinxiang, North China	LIU Huan-jia, LI Lan-qing, LI Huan-li, <i>et al.</i>	(1349)
Characterization of Metal Elements in Atmospheric PM _{2.5} and Health Risk Assessment in Heze in Winter from 2017 to 2018	DU Hong-xuan, REN Li-hong, ZHAO Ming-sheng, <i>et al.</i>	(1361)
Analysis of the Jumping Characteristics and Influencing Factors of Ozone Pollution in Beijing	PAN Jin-xin, AN Xin-xin, LIU Bao-xian, <i>et al.</i>	(1371)
Analysis of Photochemical Characteristics and Sensitivity of Atmospheric Ozone in Nanjing in Summer	LUO Li-tong, ZHANG Yan-lin, LIN Yu-qi, <i>et al.</i>	(1382)
Ozone Pollution in Suzhou During Early Summertime: Formation Mechanism and Interannual Variation	WU Ye-zheng, ZHANG Xin, GU Jun, <i>et al.</i>	(1392)
Distribution Characteristics, Ecological Risk Assessment, and Source Tracing of Heavy Metals in the Sediments of Typical Lakes in the Middle Reaches of the Yangtze River	LU Hong-bin, LU Shao-yong, LI Xiang, <i>et al.</i>	(1402)
Spatiotemporal Distribution and Source Analysis of Heavy Metals in Surface Sediments in Lake Ulansuhai Based on PCA-APCS-MLR Model	CUI Zhi-mou, SHI Xiao-hong, ZHAO Sheng-nan, <i>et al.</i>	(1415)
Spatial and Temporal Distribution and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Water of Changshou Lake Reservoir, Chongqing	ZHANG Rui-xi, LIU Ya-jun, LUO Yong-nan, <i>et al.</i>	(1428)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Microplastics in the Yangtze River Basin	LI Si-qiong, WANG Hua, CHU Lin-you, <i>et al.</i>	(1439)
Assessment of Microplastic Pollution and Estimation of Annual Emission Volume in the Dongshan Canal of Yichang City	DING Shuang, LI Wei-ming, ZHANG Xu-tong, <i>et al.</i>	(1448)
Occurrence Characteristic and Risk Assessment of Microplastics in Sishui River (Xingyang Section)	ZHAO Chang-min, HE Bing, LI He-tong, <i>et al.</i>	(1457)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Pharmaceuticals and Personal Care Products in Drains Flowing into the Yellow River of Ningxia	GAO Li, LI Ling-yun, ZHENG Lan-xiang, <i>et al.</i>	(1468)
Characteristics and Risk Assessment of Antibiotic Contamination in Oujiang River Basin in Southern Zhejiang Province	ZHONG Yi-xin, LI Li-xiang, WU Xin, <i>et al.</i>	(1480)
Spatial-temporal Distribution and Source Analysis of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Sediments of Poyang Lake	MA Yan, SUN Chen, BI Jia-le, <i>et al.</i>	(1492)
Change and Prediction of Water Purification Function in the South Bank of Hangzhou Bay in the Past 20 Years	WANG Shan-shan, CAO Gong-ping, XU Ming-wei, <i>et al.</i>	(1502)
Effects of Land Use Types on Water Quality at Different Buffer Scales: Tianjin Section of the Haihe River Basin as an Example	DAI Meng-jun, ZHANG Bing, DU Qian-qian, <i>et al.</i>	(1512)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Shallow Groundwater in Anqing Section of the Yangtze River Basin	LIU Hai, SONG Yang, LI Ying-chun, <i>et al.</i>	(1525)
Dynamic Changes of Dissolved Organic Matter Derived from Algal Decomposition and the Environmental Effects in Eutrophic Lakes	ZHANG Jin, CHEN Ming-ying, HAO Zhi-neng, <i>et al.</i>	(1539)
Degradation of Carbamazepine in Water by UV-activated Sulfite Process	LIN Tao, YUAN Yu-jie	(1553)
Detection, Generation, and Control of Disinfection By-products of Reclaimed Water	LIAO Yu-feng, WANG Zheng, PAN Yang, <i>et al.</i>	(1561)
Absorption of Ammonium by Three Substrates Materials in Constructed Wetland System	HE Qiang, CHEN Bo-wen, YANG Yu-jing, <i>et al.</i>	(1577)
Ecological Environment Assessment and Driving Mechanism Analysis of Nagqu and Amdo Sections of Qinghai-Xizang Highway Based on Improved Remote Sensing Ecological Index	FU Kai-xiang, JIA Guo-dong, YU Xin-xiao, <i>et al.</i>	(1586)
Spatial-temporal Evolution and Driving Factors Analysis of Ecological Environment Quality in Daihai Basin based on AWRSEI	ZHAO Jia-li, LI Xing, SUN Bing	(1598)
Quantitative Assessment of the Impact of Climate Change on the Growing Season of Vegetation Gross Primary Productivity in the Middle and Lower Reaches of the Yangtze River	XU Yong, PAN Yu-chun, ZOU Bin, <i>et al.</i>	(1615)
Effect of Vegetation Restoration on Soil Organic Carbon Storage in Coal Mining Areas Based on Meta-analysis	LI Jian-ming, KANG Yu-xin, JIANG Fu-zhen, <i>et al.</i>	(1629)
Effects of Continuous Annual Crop Rotation and Fallow on Soil Aggregate Stability and Organic Carbon	LU Ze-rang, LI Yong-mei, YANG Chun-huai, <i>et al.</i>	(1644)
Effects of Four Amendments on Fertility and Labile Organic Carbon Fractions of Acid Purple Soil	DING Xin-ru, YAN Ning-zhen, WANG Zi-fang, <i>et al.</i>	(1655)
Changes in Soil Nitrogen Components and Their Relationship with Environmental Factors with Different Tea Plantation Ages	SHAO Qi, WU Tao, XIE Xue-feng, <i>et al.</i>	(1665)
Nutrients and Ecological Stoichiometry Characteristics of Typical Wetland Soils in the Lower Yellow River	WANG Chuan-ying, WANG Kai-yue, WANG Hao-ran, <i>et al.</i>	(1674)
Effect of Film Mulching Age and Organic Fertilizer Application on the Distribution Characteristics of Microplastics in the Soil of a Peanut Field	SONG Ning-ning, LI Meng-jia, WANG Xue-xia, <i>et al.</i>	(1684)
Effects of Straw Returning and Biochar Addition on Greenhouse Gas Emissions from High Nitrate Nitrogen Soil After Flooding in Rice-vegetable Rotation System in Tropical China	HU Tian-yi, CHE Jia-yue, HU Yu-jie, <i>et al.</i>	(1692)
Tillage Depth Regulation and the Effect of Straw Return on Soil Respiration in Farmland	CHEN Xi, ZHANG Yan-jun, ZOU Jun-lie, <i>et al.</i>	(1702)
Distribution Prediction of Soil Heavy Metals Based on Remote Sensing Temporal-Spatial-Spectral Features and Random Forest Model	WANG Ze-qiang, ZHANG Dong-you, XU Xi-bo, <i>et al.</i>	(1713)
Characteristics and Identification Priority Source of Heavy Metals Pollution in Farmland Soils in the Yellow River Basin	LI Jun, LI Xu, LI Kai-ming, <i>et al.</i>	(1724)
Characteristics of Cd Flux in Topsoil Around Typical Mining Area in Hezhou, Guangxi	YANG Ye-yu, LI Cheng, YANG Zhong-fang, <i>et al.</i>	(1739)
Potential Ecological Risk Assessment of Soil Heavy Metals in Fengdong New District Based on Information Diffusion Model	YANG Nan-nan, HAN Ling, LIU Ming	(1749)
Traceability Analysis and Environmental Quality Assessment of Soil Heavy Metal Pollution in West Hunan Province	XIAO Kai-qi, XU Hong-gen, GAN Jie, <i>et al.</i>	(1760)
Distribution Characteristics, Source Analysis and Ecological Risk Assessment of Heavy Metals in the Typical Industry Reclaimed Soil	SHEN Cheng, WANG Wen-juan, SHA Chen-yan, <i>et al.</i>	(1769)
Provincial-scale Soil As Migration and Transformation and Rice Safe Planting Zoning: A Case Study of Guizhou Province	DONG Xin-yue, WU Yong, ZHOU Zi-han, <i>et al.</i>	(1781)
Effect of Silica Fertilizer(Husk Ash) to Improve Soil Quality and Reduce Cd and As Accumulation in Rice	YI Xuan-tao, OUYANG Kun, GU Jiao-feng, <i>et al.</i>	(1793)
Effect of EDDS Application on Soil Cu/Cd Availability and Uptake/transport by Castor	LIU Wen-ying, WU Gang, HU Hong-qing	(1803)
Blocking Effects of Foliar Conditioners on Cadmium, Arsenic, and Lead Accumulation in Wheat Grain in Compound-contaminated Farmland	XIAO Bing, WANG Qiu-shi, GAO Pei-pe, <i>et al.</i>	(1812)
Soil Microbial Community Structure and Functional Diversity Character of Abandoned Farmland in Minqin Oasis	LI Chang-le, ZHANG Fu, WANG Li-de, <i>et al.</i>	(1821)
Microbial Mechanisms of Removal of Phthalic Acid Esters in Purple Soils Revealed Using Metagenomic Analysis	LI Yu-tong, YU Hai, LIU Kun, <i>et al.</i>	(1830)
Air Microbial Contamination and Risk of Respiratory Exposure of Workers in Chicken Farms	BAI Yu-qiao, SUN Xing-bin, QIU Tian-lei, <i>et al.</i>	(1840)
Occurrence Characteristics of Microplastics in Multi-environmental Media and <i>Bellamyia aeruginosa</i> of Manao River	GAO Ya-kun, LI Wei-ming, ZHANG Xu-tong, <i>et al.</i>	(1849)
Biological Effect of Microplastics with Different Functional Groups on the Bacterial Communities and Metabolic Functions of Zebrafish (<i>Danio rerio</i>) Embryos	YAN Zhen-hua, ZHANG Yan, BAO Xu-hui, <i>et al.</i>	(1859)