

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

长江经济带PM_{2.5}空间异质性和驱动因素的地理探测

王丽丽, 刘笑杰, 李丁, 孙颖琦



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年3月

第43卷 第3期
Vol.43 No.3

目次

2000~2020年天津PM _{2.5} 质量浓度演变及驱动因子分析	蔡子颖,郝国,韩素芹,唐颖潇,杨旭,樊文雁,姚青,邱晓滨(1129)
天津市PM _{2.5} -O ₃ 复合污染特征及来源分析	肖致美,徐虹,高璟,蔡子颖,毕温凯,李鹏,杨宁,邓小文,戴运峰(1140)
基于随机森林模型的武汉市城区大气PM _{2.5} 来源解析	张志豪,陈楠,祝波,陶卉婷,成海容(1151)
华北南部重污染城市周边区域二次气溶胶的化学特征及来源解析	任秀龙,胡伟,吴春苗,胡偲豪,高娜娜,张崇崇,岳亮,王金喜,樊景森,牛红亚(1159)
“大气十条”实施结束川南城市群秋季霾污染过程中水溶性离子特征	吴安南,黄小娟,何仁江,李金建,叶林麟,吴涛,肖智丹,刘子锐,王跃思,张小玲,张军科(1170)
郑州市典型污染过程PM ₁₀ 中重金属浓度、来源及健康风险评估	翟诗婷,王申博,张栋,赵孝因,杨洁茹,刘洋,陈红阳,张瑞芹(1180)
长江经济带PM _{2.5} 空间异质性和驱动因素的地理探测	王丽丽,刘笑杰,李丁,孙颖琦(1190)
长三角地区PM _{2.5} 浓度对土地利用/覆盖转换的空间异质性响应	周丽霞,吴涛,蒋国俊,张建珍,濮励杰,徐飞,解雪峰(1201)
“2+26”城市春节和元宵节期间污染特征、气象影响和预报回顾分析	朱媛媛,王晓斐,汪巍,刀语,王帅,陈善荣(1212)
基于小波变换的山西省PM _{2.5} 污染特征及影响因素	张可可,胡冬梅,闫雨龙,彭林,段小琳,尹浩,王凯,邓萌杰(1226)
中国地表臭氧浓度估算及健康影响评估	赵楠,卢毅敏(1235)
湖南省臭氧污染基本特征分析及长期趋势变化主控因素识别	刘妍妍,杨雷峰,谢丹平,泽仁央宗,黄志烟,杨俊,赵鹏,韩静磊,贾文超,袁自冰(1246)
山东半岛近地面O ₃ 浓度时空变化及潜在源区解析	李乐,刘旻霞,肖仕锐,王思远,米佳乐(1256)
COVID-19疫情期间雄安新区VOCs的变化特征、臭氧生成潜势及来源解析	刘新军,王淑娟,刘程,范莉茹,付翠轻,齐堃,宿文康(1268)
淄博市城区臭氧超标期间的VOCs污染特征与来源解析	王帅,王秀艳,杨文,王雨燕,白瑾丰,程颖(1277)
淄博市夏季城区与背景点VOCs污染特征比较	秦涛,徐勃,王信梧,李丽明,杨文,王晓丽,耿春梅(1286)
四川省餐饮源挥发性有机物组分特征和清单	钱骏,韩丽,陈军辉,王斌,姜涛,徐晨曦,李英杰,王成辉,王波(1296)
餐饮源气相与颗粒相多环芳烃排放特征	李源,吴爱华,童梦雪,栾胜基,李骞(1307)
堆肥厂不同工作区空气真菌的多样性与群落结构	于奥园,邢礼军,孙兴滨,仇天雷,王旭明,高敏(1315)
城市扬尘污染主要成因与精准治尘思路	李廷昆,冯银厂,毕晓辉,张裕芬,吴建会(1323)
黄河干流水质评价与时空变化分析	刘彦龙,郑易安(1332)
典型山地城市河流营养元素空间分布特征及影响因素分析:以重庆市清水溪为例	王超,叶秋,贾伯阳,何文战,党超军,黄焱,杜浪(1346)
三峡库区支流的河-湖两态及其对沉积物不同形态磷含量的影响	黄伟,张研,罗晓佼,张磊(1356)
派河及其支流溶解性有机质分子组成特征	詹亚,尹浩,冯景伟,冯艾荣,胡艳云,张刘,郑刘根(1365)
粤港澳大湾区典型潮间带环境多介质中Cd形态空间分布特征及其影响因素	崔新月,莫武秋,廖建波(1375)
骆马湖及主要入湖河流表层水体中抗生素的赋存特征及风险评价	龚润强,赵华璋,高占欣,胡冠九,卜元卿,张圣虎,邱慧(1384)
宁夏第三排水沟中抗生素的污染特征与生态风险评估	李富娟,高礼,李凌云,郑兰香,陶红,杨桂钦(1394)
百年以来北方湖泊沉积物PAHs的变化特征及其对人类活动的响应	龚雄虎,赵中华,丁琪琪,张路,姚书春,薛滨(1404)
长江流域河流和湖库的浮游细菌群落差异	胡愈忻,张静,黄杰,段春建,李天翠,刘威,王英才,胡圣(1414)
河套平原灌溉间隙期乌梁素海水体细菌群落结构特征	史玉娇,李文宝,张博尧,姚国旺,史小红(1424)
不同空间尺度的景观结构对袁河浮游细菌群落的影响	舒旺,王鹏,丁明军,张华,黄高翔,聂明华(1434)
鄱阳湖白鹤保护区微塑料表面微生物群落结构特征	刘淑丽,简敏菲,邹龙,胡启武(1447)
微塑料对变形杆菌生物膜生长发育的影响	陶辉,戚怡婷,于多,杨兰,顾颖,厉彦辉(1455)
乌梁素海低密度微塑料聚合物沉降规律	刘禹,史小红,张生,郝若男,孙标,赵胜男(1463)
老化前后微塑料对富里酸的吸附	宋亚丽,俞娅,郝磊,汪华,朱文芳(1472)
天津市滨海河流N、O ₃ 扩散通量及控制因子	汤梦瑶,胡晓康,王洪伟,王云仓,常素云,王松庆,钟继承(1481)
铁矿石和生物炭添加对潜流人工湿地污水处理效果和温室气体排放及微生物群落的影响	陈鑫童,郝庆菊,熊艳芳,胡剑,江长胜(1492)
降雨径流污染风险等级识别与优化方法	齐小天,张质明,赵鑫,胡文翰,刘迪(1500)
基于贝叶斯网络的给水管网消毒副产物生成因素分析	江杉杉,王臻宇,高权,杨愿愿,高方舟,胡佩,应光国(1512)
聚硫代酰胺修饰活性炭对Au(Ⅲ)的选择性吸附效果与机制	赵文金,张顺,安晓强,兰华春,刘会娟,曲久辉(1521)
F/M对活性污泥微生物生态网络的影响	张冰,孙展翔,文湘华(1529)
城乡融合区土壤元素地球化学特征与源解析:以天府新区青龙片区为例	刘书准,王德伟,施泽明,唐亮,章凤英,廖程,李晓雨,徐文斌(1535)
基于总量与形态的矿区周边土壤重金属生态风险与健康风险评估	王蕊,陈楠,张二喜(1546)
湖南锡矿山周边土壤-农作物系统镉迁移转化特征及污染评价	张龙,宋波,黄凤艳,肖乃川,顿梦杰(1558)
生物炭负载氧化石墨烯对离子型稀土土壤中重金属的阻控效应	杨士,刘祖文,龙培,毕永顺,林苑,左华伟(1567)
溶解性有机质强化棉花修复镉污染土壤	闵涛,罗彤,陈丽丽,茹思博,李俊华(1577)
铁锰氧化物-微生物负载生物炭材料对镉和砷的吸附机制	连斌,吴骥子,赵科理,叶正钱,袁峰(1584)
不同冬小麦品种镉富集转运及离子组特征差异	刘畅,徐应明,黄青青,陶雪莹,王林,孙约兵,赵立杰(1596)
镉胁迫下不同小麦品种对镉的积累特性	任超,任成仲,王浩,朱利文,李竞天,杜倩倩,李萍(1606)
嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响	刘坤和,薛玉琴,竹兰萍,徐飞,朱志豪,张拓,张富斌(1620)
蚯蚓/钾锰改性生物炭对As污染红壤中细菌多样性和群落结构的影响	苏倩倩,李莲芳,朱昌雄,叶婧,刘雪,耿兵,田云龙,黄晓雅(1630)
DA-6和EDDS施用对龙葵生长、Cd吸收和土壤细菌群落结构的影响	罗洋,孙丽,刘方,任军,郭金梅,闫修民(1641)
地膜覆盖对农田土壤养分和生态酶计量学特征的影响	胡志娥,肖谋良,王双,童瑶瑶,鲁顺保,陈剑平,葛体达(1649)
增温和增雨对黄土丘陵区撂荒地土壤呼吸的影响	王兴,钟泽坤,朱玉帆,王佳懿,杨改河,任成杰,韩新辉(1657)
秸秆还田、地膜覆盖及施氮对冬小麦田N ₂ O和N ₂ 排放的影响	彭毅,李惠通,张少维,阳婷,王筱斐,周春菊,王林权(1668)
基于Meta分析的不同生产条件下秸秆还田对土壤氮挥发的影响	赵政鑫,王晓云,田雅洁,王锐,赵青,蔡焕杰(1678)
施肥对农田土壤抗生素抗性基因影响的整合分析	冉继伟,肖琼,黄敏,蔡岸冬,张文菊(1688)

堆肥厂不同工作区空气真菌的多样性与群落结构

于奥园^{1,2}, 邢礼军³, 孙兴滨^{1*}, 仇天雷², 王旭明², 高敏^{2*}

(1. 东北林业大学林学院, 哈尔滨 150040; 2. 北京农业生物技术研究中心, 北京 100097; 3. 北京市农林科学院植物营养与资源研究所, 北京 100097)

摘要: 动物粪便堆肥厂是空气中真菌的重要来源。目前对其不同工作区逸散真菌的种类和丰度差异尚无相关报道, 无法全面评估堆肥厂空气真菌的生态健康风险。针对这一问题, 对动物粪便堆肥厂的堆肥区、包装区、办公区和下风向区空气样本进行采集, 利用高通量测序技术对4个区域空气中真菌的生物多样性和群落结构进行分析, 并进一步对办公区及下风向区空气真菌的来源进行研究。结果表明, 所调查堆肥厂的包装区和堆肥区空气中真菌的丰富度和多样性均为最高。4个工作区相对丰度最高的2个真菌菌门相同, 均为 Ascomycota 和 Basidiomycota。整体上, 厂内外不同区域空气中优势真菌菌属分布规律有所差异, *Trichocomaceae* 和 *Davidiella* 为厂内3个工作区的优势菌属。在所检测到的136个真菌菌属中, 堆肥区和包装区空气中特有菌属数量最多, 其中52.94%的菌属为4个区域共有。在真菌属水平上, 堆肥厂内3个区域空气中群落结构更为相似。不同工作区关键菌属的分析结果表明, 下风向区与包装区和堆肥区之间的差异性菌属数量最多, 而包装区与堆肥区空气中未检测到具有统计学差异的菌属。溯源分析结果显示, 包装区和堆肥区对办公区和下风向区空气中真菌菌属的贡献率在9.52%~15.85%之间。结果将为评估堆肥厂不同工作区空气真菌暴露与人类健康的关系, 以及其对周围空气环境的生态影响提供基础数据。

关键词: 堆肥厂; 空气真菌; 生物多样性; 群落结构; 溯源分析

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)03-1315-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202107116

Diversity and Community Structure of Airborne Fungi in Different Working Areas of Composting Plants

YU Ao-yuan^{1,2}, XING Li-jun³, SUN Xing-bin^{1*}, QIU Tian-lei², WANG Xu-ming², GAO Min^{2*}

(1. College of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China; 2. Beijing Agricultural Biotechnology Research Center, Beijing 100097, China; 3. Institute of Plant Nutrition and Resources, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100097, China)

Abstract: Composting plants are an important source of airborne fungi. At present, no research has been reported on differences in the types and abundance of escaped fungi in different working areas, which makes it very difficult to comprehensively assess the ecological health risks of the air in composting plants. In light of this situation, this study collected air samples from the composting, packaging, office, and downwind areas of the composting plants and used high-throughput sequencing technology to analyze and compare the biological diversity and community structure of airborne fungi in the four areas. The source of airborne fungi in offices and downwind areas was further traced. The results showed that the highest abundance and diversity of airborne fungi were found in the packing and composting areas of the composting plants. Ascomycota and Basidiomycota were two fungal phyla with the highest relative abundance in the four regions. Overall, the distribution of dominant fungal genera differed; *Trichocomaceae* and *Davidiella* were the dominant genera in three areas of the composting plants. Among the 136 detected fungal genera, the number of endemic airborne fungal genera in the composting and packaging area was the largest, and 52.94% of the fungal genera was shared by the four areas. At the level of fungal genera, the community structures in the air in three areas of the composting plants were similar. The statistical difference analysis results of the key genera in different areas of the composting plants showed that the number of different fungal genera between the downwind, packaging, and composting areas was the largest, and no statistically different fungal genera were detected in the air between the packaging and composting areas. The Source Tracker analysis results showed that the contribution percentage of the packaging and composting areas to the airborne fungi in the office and downwind areas was between 9.52%~15.85%. The results of this study will provide basic data for evaluating the relationship between airborne fungal exposure and human health in different areas of the composting plant, as well as its ecological impact on the surrounding air environment.

Key words: composting plant; airborne fungi; biological diversity; community structure; source tracker analysis

好氧堆肥是目前世界上使用最为广泛的有机固体废物废弃物处理技术之一^[1]。然而,堆肥处理过程的相关机械操作,包括输送、破碎、翻堆和筛选等,均可促使原料或成品肥中的微生物发生气溶胶化^[2],导致堆肥厂内空气的微生物污染。堆肥厂所引起的相关环境和健康问题一直备受关注^[3~5]。已有研究表明,工人长期暴露在生物气溶胶中可诱发多种职业健康问题,最常见的包括呼吸道疾病^[6]和粘膜刺激综合征^[7~10]。此外,空气微生物还会通过气体流动参与到大气循环运动中,进行远距离传输,对其他空气环境造成污染^[11,12]。因此,对堆肥厂空气中微

生物的详细研究不仅有助于探索其与工人职业健康的关系,还有助于人们理解堆肥厂作为生物气溶胶污染来源对空气生态环境造成的潜在影响。

近些年来,真菌感染所导致的发病率和死亡率逐年上升,其对人类健康的影响日益严重^[13~15]。真

收稿日期: 2021-07-14; 修订日期: 2021-08-24

基金项目: 国家自然科学基金项目(51878053, 41961134033); 北京市农林科学院科技创新能力建设专项(KJCX20200402); 家禽产业技术体系北京市创新团队专项(BAIC04-2021); 北京市拔尖人才项目(2018000021223ZK13)

作者简介: 于奥园(1996~),女,硕士研究生,主要研究方向为空气微生物污染, E-mail: 3241173847@qq.com

* 通信作者, E-mail: sunxingbin1025@163.com; gm_baafs@126.com

菌在堆肥厂空气环境中普遍存在,部分致病真菌可引发工人呼吸道疾病.不仅如此,多种真菌的次生代谢产物也与工人的哮喘、过敏性肺炎和慢性支气管炎相关^[3,16,17].目前为止,国内外学者利用传统培养方法和分子生物学方法,对堆肥厂空气中某些特定致病性和致敏性真菌展开了详尽研究^[1,18].然而,目前对空气中真菌微生物的群落组成以及丰度均缺乏系统研究,导致真菌暴露与人类健康关系等问题无法被全面和准确评估^[19,20].

高通量测序技术和生物信息学的快速发展加快了人们对堆肥厂空气环境中真菌生物特性理解的进程,国内外研究人员已经利用上述方法对堆肥厂空气真菌开展了部分研究. DNA 文库被最早应用于分析堆肥厂中空气真菌组成^[21,22].加拿大学者利用二代测序技术对堆肥厂空气真菌群落结构和生物多样性等开展了一系列研究^[3,19],较为系统地揭示了堆肥厂空气中真菌的整体生物学特征.本课题组前期对堆肥厂空气细菌的研究结果显示,4个工作区(堆肥区、包装区、办公室区和下风向)逸散细菌的群落结构和生物多样性存在差异,这可能导致其对人类和环境造成的影响有所不同^[23].但是,堆肥厂空气真菌的群落结构和多样性是否也存在类似的区域性差异,还没有相关研究报道.

针对以上问题,本研究对动物粪便堆肥厂内不同工作区域和厂外下风向的空气样本进行采集,对其中真菌的多样性、优势菌群以及关键性差异菌属进行分析.在此基础上,进一步评估了堆肥区和包装区对办公区和下风向空气真菌的贡献率,以期阐明堆肥厂空气真菌在不同工作区的分布特征,以及全面评估堆肥厂的健康和环境风险提供有价值的信息.

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究于2014年10月至2015年10月对北京市平谷、怀柔 and 门头沟3个郊区的4家商业堆肥厂进行空气样本采样.所调查的4家堆肥厂主要利用鸡粪和蘑菇渣为原料生产商品有机肥.整个堆肥过程持续约1个月,嗜热阶段(温度55~65℃)约为15 d.本研究在堆肥区(C)、包装区(P)、办公区(O)和下风向区(D)分别采集9、7、8和4个空气样本,其中,D距离堆肥厂约250 m.使用撞击式采样器(中国辽阳应用技术研究所有)对空气中总颗粒物(TSP)进行采集,流量为100 L·min⁻¹,采样时间为24 h.将空气中的颗粒收集到90 mm(直径)灭菌石英滤膜上(Ahlstrom Munktell, NO.420065,瑞典).具体采样方法,采样时间和空气环境气象参数见本课题组

发表文章^[23].样本采集完成后,将滤膜取下,置于保温箱中,返回实验室,于-80℃冰箱保存至后续分析.样本采集前,滤膜在马弗炉中处理5 h(500℃),灭菌后的滤膜保存在无菌塑膜盒中.在使用前,采样和实验所涉及的其他器具均经过紫外杀菌和75%乙醇冲洗.

1.2 DNA 提取和真菌 SSU 测序

本研究使用 DNA 提取试剂盒 FastDNA™ SPIN Kit (MP Biomedicals, CA, USA) 配合 MP Fastprep-24TM 5G 样本裂解仪提取样本 DNA.核酸样本送往上海美吉生物医药科技有限公司进行序列分析.使用正向引物 5'-GCCTCCCTCGCGCCATCAG (10-bp MID) CAGCCGCGGTAATTCCAGCT-3' 和反向引物 5'-GCCTTGCCAGCCCGCTCAGGTTTCCCGTAAGCCGCCGAA-3' 对核糖体 DNA (rDNA) 小亚基 (SSU) 区进行扩增,应用 Illumina MiSeq 平台进行测序分析^[24].测序完成后,首先提取优化序列中的非重复序列,降低分析过程中的冗余计算量(<http://drive5.com/usearch/manual/dereplication.html>),去除没有重复的单序列(<http://drive5.com/usearch/manual/singletons.html>),按照 97% 相似性对非重复序列进行 optical transform unit (OTU) 聚类,在聚类过程中去除嵌合体,得到 OTU 的代表序列,将所有优化序列 map 至 OTU 代表序列,选出与代表序列相似性大于 97% 序列,生成 OTU 表.利用以上信息进行本文中相关分析.原始测序数据上传至 NCBI Sequence Read Archive (SRA),登录号为 SRP079950.

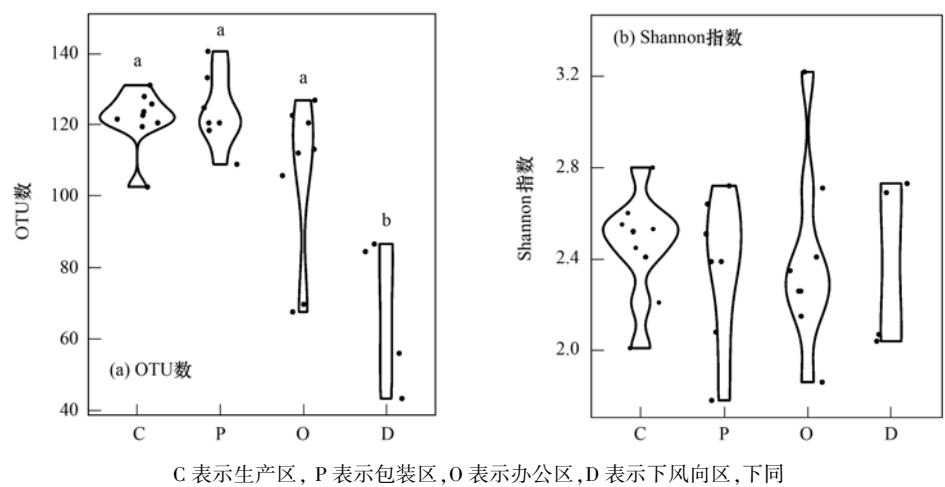
1.3 数据分析和统计分析

采用 R3.6.1 绘制小提琴图、热图及 CPCoA 图,分析不同工作区中空气真菌丰度和群落关系.利用单因素方差分析(ANOVA)计算各区域之间空气真菌 α 多样性的统计学差异. R3.6.1 和 Gephi 分别绘制维恩图和网络图,确定 4 个区域共有和特有真菌属.利用 STAMP (ANOVA 和 Kruskal-Wallis h 检验) 检验出区域之间的差异性真菌属种类,及其显著性,统计学意义通过 Tukey-Kramer 进一步检验^[25].利用 Python 计算 C 区和 P 区空气中真菌逸散到 O 区和 D 区的比例数据, R 语言 Riverplot 包绘制桑基图^[26].

2 结果与讨论

2.1 堆肥厂不同工作区空气环境中真菌生物多样性

首先,对堆肥厂 4 个工作区域空气中真菌的 OTU 数量和多样性 (Shannon 指数) 分布规律进行了分别描述,结果如图 1 所示.



C 表示生产区, P 表示包装区, O 表示办公区, D 表示下风向区,下同

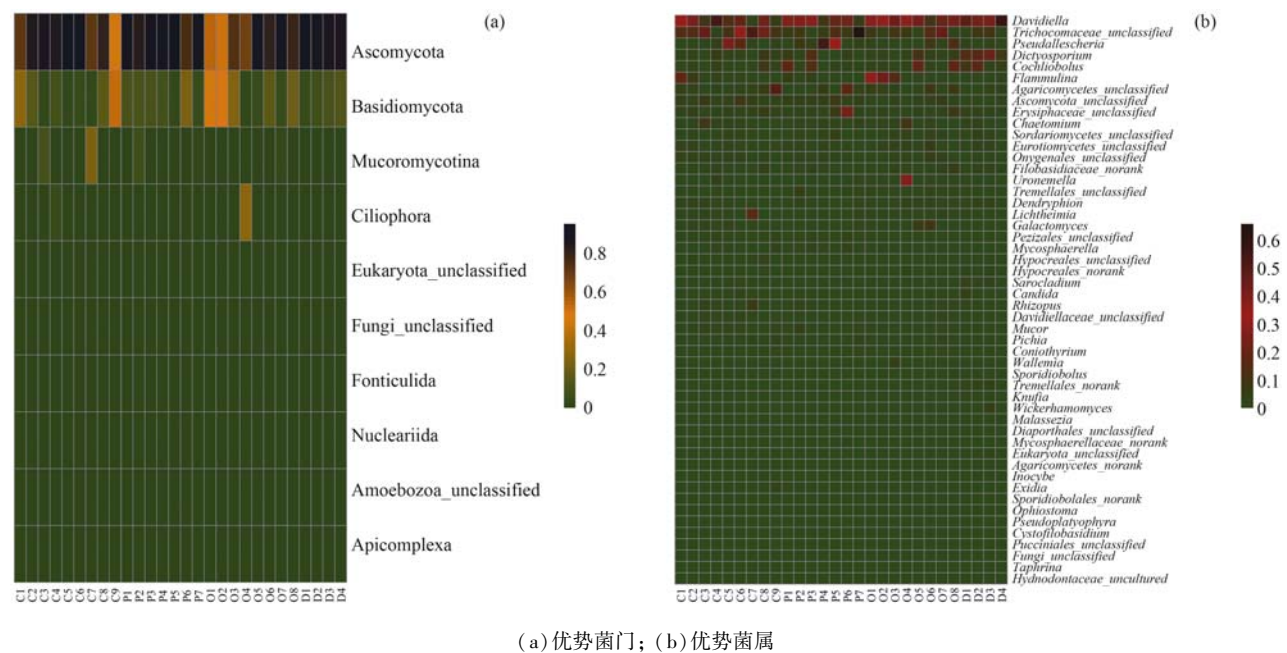
图 1 堆肥厂不同工作区空气中真菌的 OTU 数和多样性

Fig. 1 OTU number and biodiversity of fungal aerosol in different work areas of composting plants

C、P、O 和 D 区的 OTU 数的变化范围分别为 99 ~ 126、105 ~ 135、66 ~ 122 和 43 ~ 84。其中, D 区空气中真菌 OTU 数显著低于其他 3 个区域 ($P < 0.001$ 、 $P < 0.001$ 和 $P = 0.006$)。目前, 关于堆肥厂不同工作区域空气真菌差异的研究鲜有报道。以往关于堆体中真菌变化特性的研究表明, 真菌相对浓度在堆肥处理后期显著减少, 丰富度也相应降低^[27~29]。本研究对 P 区和 C 区空气中真菌的 OTU 数比较结果显示, 进行堆肥发酵的 C 区与进行成品有机肥包装的 P 区的真菌 OTU 数量之间并无显著差异 ($P > 0.05$)。这与对堆肥厂不同区域空气细菌丰度的研究结果一致^[23]。本研究并未检测到 4 个区域空气真菌多样性之间的显著性差异。其中, C 区空气中真菌的 Shannon 指数最高 ($2.45 \pm$

0.23), 其后依次为 O 区 (2.40 ± 0.38)、D 区 (2.38 ± 0.33) 和 P 区 (2.36 ± 0.30)。有研究表明, 较高的 Shannon 指数通常在堆肥的中后期检测到^[27]。堆肥原料以及堆体内的微生物被认为是堆肥厂生物气溶胶的主要来源, 但本研究对空气真菌的 OTU 数和多样性研究结果与以往关于堆体内真菌的研究结果并不一致。造成该现象的主要原因是堆肥过程和气溶胶化过程分别受到多种环境因素影响, 以上因素的综合作用导致气相和固相中生物多样性变化规律存在差异^[3]。

本研究对堆肥厂 4 个区域 28 个采样点的优势真菌菌门和菌属展开分析, 分布规律分别如图 2 所示。其中, 前 10 个优势真菌菌门占总真菌菌门的 99.90% ~ 99.99%。图 2(a) 显示, 与堆肥生产相关的



(a) 优势菌门; (b) 优势菌属

图 2 堆肥厂不同工作区空气中优势真菌的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of dominant airborne fungi in different work areas of composting plants

C 区和 P 区, 相对丰度最高的前 3 个真菌门均为 Ascomycota、Basidiomycota 和 Mucoromycotina, 其相对丰度平均值分别为 $(83.00 \pm 12.28)\%$ 、 $(12.92 \pm 12.67)\%$ 和 $(3.21 \pm 6.17)\%$ 。O 区与 D 区丰度最高的前 3 个真菌门依次为 Ascomycota、Basidiomycota 和 Ciliophora, 平均相对丰度分别为 $(79.63 \pm 14.20)\%$ 、 $(16.80 \pm 14.81)\%$ 和 $(2.71 \pm 7.63)\%$ 。整体上, 所调查堆肥厂空气中的优势菌门主要为 Ascomycota 和 Basidiomycota, 这与已报道研究结果一致^[21,30]。对堆肥样本的研究结果也显示, 以上 2 个真菌菌门在以牛粪^[28]和猪粪^[29]为原料的堆体中丰度较高。Ascomycota 在 P 区的相对丰度较 C 区并没有显著降低, 而在 D 区 Ascomycota 丰度达到最高 $(90.15 \pm 3.35)\%$ 。

本研究在堆肥厂空气中共检测出 136 个真菌菌属, 其中前 50 个优势真菌属丰度占总真菌属丰度的 99.15%~99.52%。根据图 2(b), 4 个区域的优势真菌属分布规律整体上有差异。Trichocomaceae_unclassified 和 Davidiella 为场内 3 个工作区域(C、P 和 O 区)的优势菌属。而 O 区丰度前 3 的优势菌属分别为 Davidiella $(28.58 \pm 10.36)\%$ 、Flammulina $(12.04 \pm 16.54)\%$ 和 Trichocomaceae_unclassified $(11.76 \pm 13.42)\%$ 。通常, Mycothermus、Orpinomyces、Candida、Debaryomyces、Talaromyces 和

Kernia 是以牛粪、猪粪和奶牛粪为原料堆肥过程中逸散的高丰度真菌属^[28,29,31], 这与本研究堆肥厂空气中优势真菌属有所差异。造成该现象的原因包括堆肥原料、操作工艺、环境因素以及测序引物的差异等^[32~34]。其中, Pseudallescheri 作为一种含条件致病真菌的菌属, 在 P 区丰度高于其他区域, 在以往关于城市空气的研究中对该菌也有报道^[35]。值得注意的是, D 区的 3 个优势真菌菌属(Davidiella、Dictyosporium 和 Cochliobolus)的丰度均高于堆肥厂内 3 个区域。其中, Davidiella 在 C、P、O 和 D 区的相对丰度逐渐升高, 依次为 22.04%、24.88%、28.58% 和 38.57%。Davidiella 是一种耐极端环境真菌, 可在极地冰川中生存。该菌的强抗逆特性导致其在高温堆肥后相对丰度有所上升^[36], 以及在堆肥厂空气样品中的相对丰度较高^[3]。Cochliobolus 在 D 区的高丰度也需要引起关注, 该菌属包括多种植物病原菌, 可在全世界范围内对作物造成严重危害^[37]。Dictyosporium 在叶片等多种自然环境中检出^[38,39], 其在 D 区较高的丰度可能是受到其他来源的影响。

2.2 堆肥厂不同工作区域空气环境中真菌群落

本研究利用 CPCoA (基于 Bray-Curtis 距离) 分析了真菌门和菌属水平上 4 个区域内空气真菌群落之间的关系, 结果如图 3 所示。

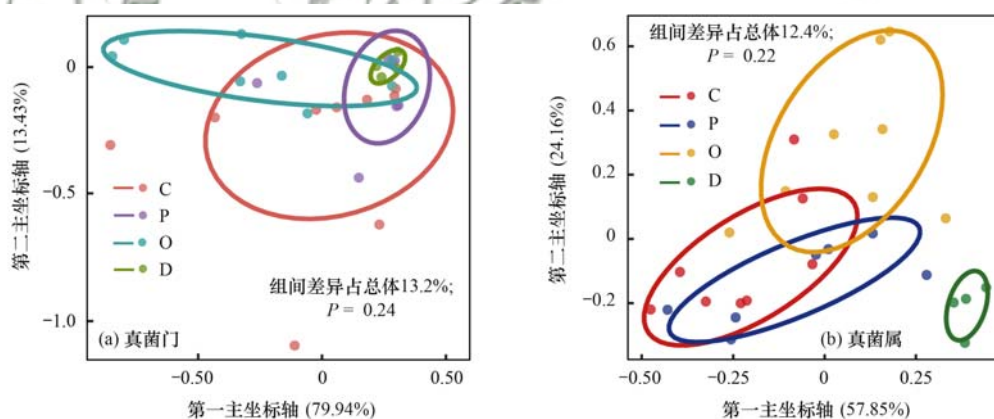


图 3 堆肥厂不同工作区空气中真菌的群落关系分析

Fig. 3 Community relations of airborne fungi in different work areas of composting plants

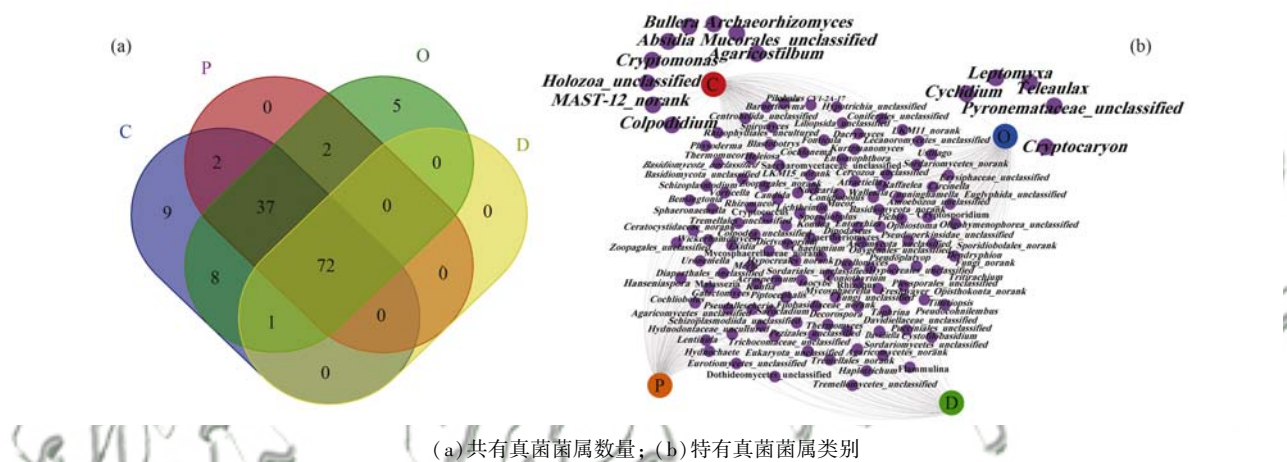
图 3(a) 中, 第一轴解释了真菌门水平上 79.94% × 13.2% 的变化, 而第二轴解释了门水平 13.43% × 13.2% 的变化。本研究结果表明, 在菌门水平上, 各个区域的真菌群落结构并无显著差异, 其原因可能是不同工作区空气中优势真菌门较为相近(图 2)。图 3(b) 展示了 4 个区域空气真菌菌属的群落结构关系。其中, 第一轴解释了 57.85% × 12.4% 的变化, 而第二轴解释了 24.16% × 12.4% 的变化。整体上, 本研究并没有检测到不同区域空气真菌群

落在属水平上聚类的显著性。但在第一坐标轴上, D 区与堆肥厂内其他 3 个区域空气真菌群落的进化距离较远, 同时, 在第二坐标轴上, C 区和 P 区之间的群落进化距离最近。结合以上结果, CPCoA 分析结果表明, D 区空气真菌群落与其他 3 个区域真菌群落有所差异。该现象可能由 D 区的 OTU 值较低(图 1)、以及 4 个区域优势菌属的种类和相对丰度的不同(图 2)所导致。在真菌菌属水平上, 场内的 3 个区域空气群落结构更为相似。目前, 关于堆肥厂不同工

作区空气中真菌群落间的分析未见报道.已有对堆肥厂堆体中真菌的主成分分析显示,堆肥期和成品肥的样本中真菌门的群落结构差异明显^[30],且堆体内真菌菌属的群落结构存在差异^[28,29,40].这与本研究关于空气真菌的分析结果并不相同.这可能是堆肥堆体样本和空气样本中群落结构的变化规律并不同步所导致^[3].为明确气相和固相的真菌群落差异的原因以及影响因素,今后研究需要对 C 区和 P 区的空气和堆肥样本同时采集和分析.

为了深入理解真菌群落结构的区域性差异,本研究利用 Venn 和 Network 对 4 个区域所共有真菌属数量和每个区域特有的真菌属类别进行分析,结果分别如图 4 所示.所检测到的 136 个真菌菌属中,

有 72 个为 4 个区域共有,占总真菌属的 52.94%. C 区与 O 区共有菌属数量(118)高于 C 区与 D 区的共有菌属数量(73),P 区与 O 区及 D 区的共有菌属数量显示出类似趋势,数值分别为 111 和 72.场内 3 个区共有菌属数量较多,表明 C 区和 P 区对于 O 区空气中真菌可能具有很大影响. C 区和 O 区分别有 9 种和 5 种特有真菌属,分别占总真菌属的 6.62% 和 3.68%. 空气作为一种微生物传播途径得到了越来越多的关注,其不断地流动性使得负载的真菌在不同区域之间自由传输,传输距离的差异可能是影响不同工作区域间空气共有真菌菌属数量差异的原因.该结果也解释了厂内 3 个区域空气真菌群落结构相似性的原因[图 3(b)].



(a) 共有真菌菌属数量; (b) 特有真菌菌属类别
图 4 堆肥厂不同工作区空气中共有和特有真菌菌属

Fig. 4 Common and endemic airborne fungal genera in the different work areas of the composting plants

4 个工作区共有菌属的研究结果如图 4(b) 所示. *Lentinula* 是伞菌目小皮伞科的一个真菌属^[41], 为 C、O 和 D 区这 3 个区共有,其模式种为卷木菇. *Lentinula* 可能来源于堆肥辅料中的菌渣,在堆肥过程中逸散至 O 区和 D 区.该研究结果表明,堆肥过程中辅料中含有的微生物也可被气溶胶化,对空气环境造成影响.图 4 显示了 4 个区域共有的真菌属和区域特有的真菌属种类. C 区有 9 种特有真菌属,但是总丰度小于 0.001%, C 区空气中其他真菌属均为 2 个区域以上所共有,说明 C 区空气中真菌可能大部分逸散到了其他区域.值得注意的是,本研究在 O 区检出 5 个特有的真菌属,说明办公区可能受到了其他来源空气真菌的影响.

本研究利用 STAMP 分析了堆肥厂不同区域空气真菌群落中具有统计学差异的关键属.根据图 5 的结果,在 C 区与 D 区、O 区与 D 区、C 区与 O 区和 P 区与 D 区分别检测出 6、2、1 和 3 个具有统计学差异的关键属.其中,在 C 区和 D 区之间,所识别出的 6 个差异真菌属中,差异最大的真菌属是

Dictyosporium. 其在 D 区中所占相对丰度最高,导致其与 C 区存在显著差异,这与图 2 中优势菌属的结论相一致.其他 5 种差异真菌属在 C 区所占比例较高. *Wallemia* 是一种活跃于高盐环境中的真菌菌属^[42],该属中包含多种丝状食源性致病真菌^[43].在室内外空气中均有检出,与人类多种健康问题有关,如变态反应性疾病(农民肺部疾病)或罕见的皮下/皮肤感染.在 C 区另一种值得注意的真菌菌属为 *Raffaelea*,它包含植物病原菌(*R. quercivora*),可导致橡树大量死亡^[44].同样,由于 *Dictyosporium* 在 D 区的高相对丰度,使其成为 O 区与 D 区具有统计学差异真菌属之一. P 区与 O 区检出一个差异菌属 *Sporidiobolus*,其在 O 区的占比更高.在 P 区与 D 区的 3 个差异真菌属中, *Dictyosporium* 在 D 区所占比例较高, *Thermomyces* 和 *Piptopezalis* 在 P 区所占比例较高. *Piptopezalis* 是一种在土壤与粪便样品普遍存在的真菌菌属^[45],而 *Thermomyces* 所含的 *Thermomyces lanuginosus* 是一种致敏真菌^[35], P 区空气中条件致敏真菌的相对高比例值得关注.整体

上,D、C 和 P 区检出的差异真菌属较多,而 C 区和 P 区之间没有差异菌属检出. STAMP 研究结果从菌属相对丰度差异性角度解释了区域间群落结构的分

布规律(图 3). 同时,该部分对于不同区域之间差异性真菌菌属的鉴别,也为针对性的评估堆肥厂不同区域空气真菌的健康风险提供数据支撑.

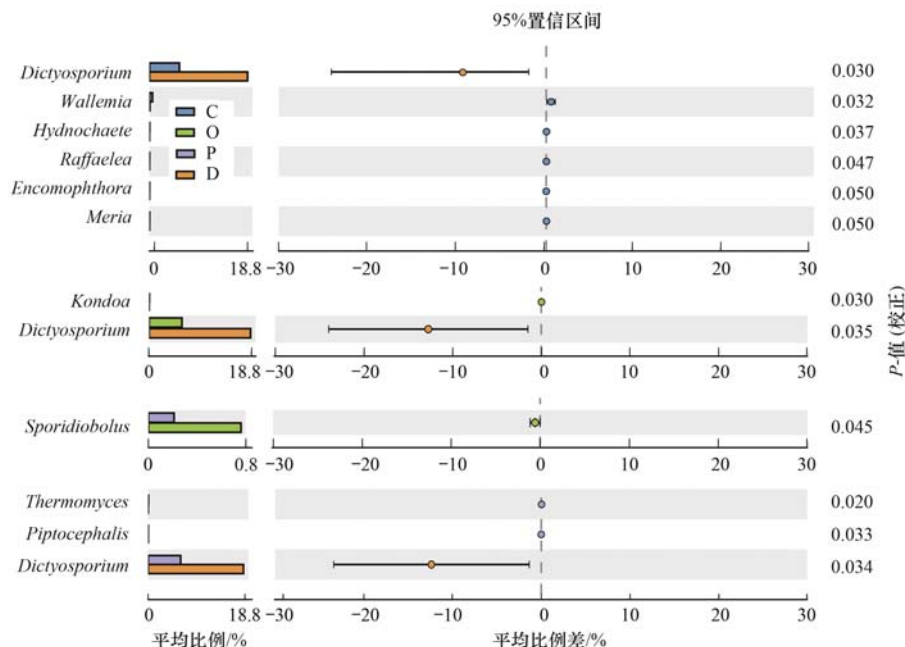


图 5 堆肥厂不同工作区空气中关键真菌菌属差异性分析

Fig. 5 Difference analysis of key airborne fungi genera in different work areas of composting plants

2.3 堆肥区和包装区空气中真菌对办公室和下风区空气环境的贡献

本研究中将堆肥厂的 P 区和 C 区作为空气真菌的预设污染源,利用 Source Tracker (Bayesian approach)来评估其对目标区域(O 区和 D 区)空气真菌的贡献比例,结果如图 6 所示.近些年来,Source Tracker 已经被用于评估水体逸散细菌气溶胶的浓度和群落结构^[46,47],以及城市空气中真菌的可能来源分析^[48],但目前该研究方法还没有被应用于堆肥厂真菌的溯源研究.

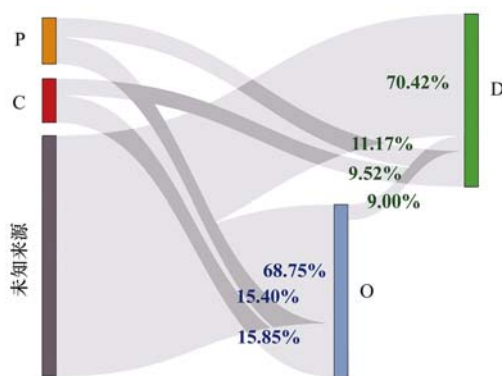


图 6 生产区和包装区空气中真菌属对办公室和下风区的贡献

Fig. 6 Contribution of airborne fungi genera of composting and packaging areas to office and downwind areas

根据桑基图结果显示(图 6),P 区和 C 区对 O 区空气真菌的可能贡献比率分别为 15.40% 和

15.85%,而对 D 区的贡献比率相对较低,分别为 11.17% 和 9.52%. 该研究结果表明,P 区和 C 区对厂内的 O 区贡献率更高,这可能是由于 O 区的传输距离较近^[49]. 整体上,溯源的结果表明预设污染源(P 区和 C 区)对目标(O 区和 D 区)空气真菌的总体贡献率在 9.52%~15.85%之间. 已有研究利用溯源分析对垃圾填埋场下风向微生物 OTU 来源进行了分析,结果显示其大部分微生物来源于上风向与未知来源,垃圾填埋场贡献率相对较小^[50],与本研究结果相似. 本研究所采用的溯源分析是基于贝叶斯算法,通过分析污染源样本和污染目标样本的群落结构分布差异,来预测各个污染源样本对不同目标样本微生物的贡献比例^[26]. 该分析方法是通过对真菌群落的种类和相对丰度两个指标进行综合分析. 虽然,4 个区域具有相对高比例的共有真菌属(图 4, 占总真菌属的 52.94%),但溯源结果表明大部分 O 区和 D 区与 P 区和 D 区共有的真菌来源未知(68.75%~70.42%). 这说明 4 个区的部分共有真菌属具有其他来源. 同时,也表明仅通过共有菌属数量以及菌群落结构相似性来判断不同样本之间的来源关系是不全面的. 结合图 2,D 区空气中高丰度与自然环境相关菌属(如 *Dictyosporium*)的检出也可说明,堆肥厂内空气真菌对下风向空气环境存在影响,但大部分来源于其他环境. 尽管如此,考虑到 P 区和 C 区所检测到的多种与致病菌相关的菌属,其对

周边空气环境可能造成的风险仍不容忽视。

3 结论

研究堆肥厂不同工作区空气中真菌的丰度与多样性,对于综合评估其对工作人员和附近居民的潜在健康风险以及环境污染至关重要。本研究结果显示,堆肥厂的包装区与堆肥区真菌的 OTU 值和多样性高,且两区域优势真菌门和菌属相似。包装区作为真菌逸散的一个重要工作区,其对空气污染的贡献应给与更多关注。相对于下风向区,堆肥过程对办公区空气污染影响较大。虽然堆肥区和包装区对办公区和下风向区的真菌污染贡献比率较低,但鉴于以上区域空气中富含多种致病菌相关的菌属,其对人类和环境可能造成的风险还需进一步研究。

参考文献:

- [1] Sánchez-Monedero M A, Stentiford E I, Urpilainen S T. Bioaerosol generation at large-scale green waste composting plants [J]. *Journal of the Air & Waste Management Association*, 2005, **55**(5): 612-618.
- [2] Bonifait L, Marchand G, Veillette M, *et al.* Workers' exposure to bioaerosols from three different types of composting facilities [J]. *Journal of Occupational and Environmental Hygiene*, 2017, **14**(10): 815-822.
- [3] Mbareche H, Veillette M, Bonifait L, *et al.* A next generation sequencing approach with a suitable bioinformatics workflow to study fungal diversity in bioaerosols released from two different types of composting plants [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **601-602**: 1306-1314.
- [4] Adewumi K, Adewumi I K, Ogedengbe M O, *et al.* Aerobic composting of municipal solid wastes and poultry manure [J]. *Journal of Applied Sciences Research*, 2005, **1**(3): 292-297.
- [5] 高敏,贾瑞志,仇天雷,等. 畜禽养殖中逸散生物气溶胶特征的研究进展[J]. *生态与农村环境学报*, 2015, **31**(1): 12-21.
- [6] Domingo J L, Nadal M. Domestic waste composting facilities: a review of human health risks [J]. *Environment International*, 2009, **35**(2): 382-389.
- [7] Persoons R, Parat S, Stoklov M, *et al.* Critical working tasks and determinants of exposure to bioaerosols and MVOC at composting facilities [J]. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 2010, **213**(5): 338-347.
- [8] Khan A A H, Karuppaiyl S M. Fungal pollution of indoor environments and its management [J]. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 2012, **19**(4): 405-426.
- [9] Van Kampen V, Hoffmeyer F, Deckert A, *et al.* Effects of bioaerosol exposure on respiratory health in compost workers: a 13-year follow-up study [J]. *Occupational and Environmental Medicine*, 2016, **73**(12): 829-837.
- [10] Bünger J, Schappler-Scheele B, Hilgers R, *et al.* A 5-year follow-up study on respiratory disorders and lung function in workers exposed to organic dust from composting plants [J]. *International Archives of Occupational and Environmental Health*, 2007, **80**(4): 306-312.
- [11] Smith D J, Timonen H J, Jaffe D A, *et al.* Intercontinental dispersal of bacteria and archaea by transpacific winds [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, **79**(4): 1134-1139.
- [12] Weil T, De Filippo C, Albanese D, *et al.* Legal immigrants: invasion of alien microbial communities during winter occurring desert dust storms [J]. *Microbiome*, 2017, **5**(1), doi: 10.1186/s40168-017-0249-7.
- [13] Fisher M C, Hawkins N J, Sanglard D, *et al.* Worldwide emergence of resistance to antifungal drugs challenges human health and food security [J]. *Science*, 2018, **360**(6390): 739-742.
- [14] Fisher M C, Henk D A, Briggs C J, *et al.* Emerging fungal threats to animal, plant and ecosystem health [J]. *Nature*, 2012, **484**(7393): 186-194.
- [15] Brown G D, Denning D W, Gow N A R, *et al.* Hidden killers: human fungal infections [J]. *Science Translational Medicine*, 2012, **4**(165), doi: 10.1126/scitranslmed.3004404.
- [16] Fung F, Clark R F. Health effects of mycotoxins: a toxicological overview [J]. *Journal of Toxicology: Clinical Toxicology*, 2004, **42**(2): 217-234.
- [17] Pearson C, Littlewood E, Douglas P, *et al.* Exposures and health outcomes in relation to bioaerosol emissions from composting facilities: a systematic review of occupational and community studies [J]. *Journal of Toxicology and Environmental Health, Part B*, 2015, **18**(1): 43-69.
- [18] Taha M P M, Pollard S J T, Sarkar U, *et al.* Estimating fugitive bioaerosol releases from static compost windrows: feasibility of a portable wind tunnel approach [J]. *Waste Management*, 2005, **25**(4): 445-450.
- [19] Mbareche H, Dumont-Leblond N, Bilodeau G J, *et al.* An overview of bioinformatics tools for DNA meta-barcoding analysis of microbial communities of bioaerosols; digest for microbiologists [J]. *Life*, 2020, **10**(9), doi: 10.3390/life10090185.
- [20] Findley K, Oh J, Yang J, *et al.* Topographic diversity of fungal and bacterial communities in human skin [J]. *Nature*, 2013, **498**(7454): 367-370.
- [21] Bru-Adan V, Wéry N, Moletta-Denat M, *et al.* Diversity of bacteria and fungi in aerosols during screening in a green waste composting plant [J]. *Current Microbiology*, 2009, **59**(3): 326-335.
- [22] Le Goff O, Bru-Adan V, Bacheley H, *et al.* The microbial signature of aerosols produced during the thermophilic phase of composting [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2010, **108**(1): 325-340.
- [23] Gao M, Qiu T L, Sun Y M, *et al.* The abundance and diversity of antibiotic resistance genes in the atmospheric environment of composting plants [J]. *Environment International*, 2018, **116**: 229-238.
- [24] Gao M, Jia R Z, Qiu T L, *et al.* Size-related bacterial diversity and tetracycline resistance gene abundance in the air of concentrated poultry feeding operations [J]. *Environmental Pollution*, 2017, **220**: 1342-1348.
- [25] Parks D H, Tyson G W, Hugenholtz P, *et al.* STAMP: statistical analysis of taxonomic and functional profiles [J]. *Bioinformatics*, 2014, **30**(21): 3123-3124.
- [26] Knights D, Kuczynski J, Charlson E S, *et al.* Bayesian community-wide culture-independent microbial source tracking [J]. *Nature Methods*, 2011, **8**(9): 761-763.
- [27] Gu W J, Lu Y S, Tan Z Y, *et al.* Fungi diversity from different

- depths and times in chicken manure waste static aerobic composting[J]. *Bioresource Technology*, 2017, **239**: 447-453.
- [28] Wang K, Yin X B, Mao H L, *et al.* Changes in structure and function of fungal community in cow manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2018, **255**: 123-130.
- [29] Peng J, Wang K, Yin X B, *et al.* Trophic mode and organics metabolic characteristic of fungal community in swine manure composting [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2019, **13**(6), doi: 10.1007/s11783-019-1177-5.
- [30] Cao G T, Song T T, Shen Y Y, *et al.* Diversity of bacterial and fungal communities in wheat straw compost for *Agaricus bisporus* cultivation[J]. *HortScience*, 2019, **54**(1): 100-109.
- [31] Neher D A, Weicht T R, Bates S T, *et al.* Changes in bacterial and fungal communities across compost recipes, preparation methods, and composting times[J]. *PLoS One*, 2013, **8**(11), doi: 10.1371/journal.pone.0079512.
- [32] Ekinci K, Keener H M, Akbolat D. Effects of feedstock, airflow rate, and recirculation ratio on performance of composting systems with air recirculation [J]. *Bioresource Technology*, 2006, **97**(7): 922-932.
- [33] Wang K, Li X K, He C, *et al.* Transformation of dissolved organic matters in swine, cow and chicken manures during composting[J]. *Bioresource Technology*, 2014, **168**: 222-228.
- [34] 王伟东, 王小芬, 朴哲, 等. 堆肥化过程中微生物群落的动态[J]. *环境科学*, 2007, **28**(11): 2591-2597.
Wang W D, Wang X F, Piao Z, *et al.* Microbial dynamics during the composting process [J]. *Environmental Science*, 2007, **28**(11): 2591-2597.
- [35] Yamamoto N, Bibby K, Qian J, *et al.* Particle-size distributions and seasonal diversity of allergenic and pathogenic fungi in outdoor air[J]. *The ISME Journal*, 2012, **6**(10): 1801-1811.
- [36] Rafiq M, Nadeem S, Hassan N, *et al.* Fungal recovery and characterization from Hindu Kush mountain range, Tirich Mir glacier, and their potential for biotechnological applications[J]. *Journal of Basic Microbiology*, 2020, **60**(5): 444-457.
- [37] Manamgoda D S, Cai L, Bahkali A H, *et al.* *Cochliobolus*: an overview and current status of species [J]. *Fungal Diversity*, 2011, **51**(1): 3-42.
- [38] Alves-Barbosa M, Costa P M O, Malosso E, *et al.* Two new species of dictyosporium and helminthosporium (Ascomycota) from the brazilian atlantic forest[J]. *Nova Hedwigia*, 2017, **105**(1-2): 65-73.
- [39] Silva C R, Gusmão L F P, Castañeda-Ruiz R F. *Dictyosporium amoenum* sp. nov. from Chapada Diamantina, Bahia, Brazil [J]. *Mycotaxon*, 2015, **130**(4): 1125-1133.
- [40] 蔡涵冰, 冯雯雯, 董永华, 等. 畜禽粪便和桃树枝工业化堆肥过程中微生物群演替及其与环境因子的关系[J]. *环境科学*, 2020, **41**(2): 997-1004.
Cai H B, Feng W W, Dong Y H, *et al.* Microbial community succession in industrial composting with livestock manure and peach branches and relations with environmental factors [J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(2): 997-1004.
- [41] Pegler D. The genus *Lentinula* (Tricholomataceae tribe Collybieae) [J]. *Sydowia*, 1983, **36**: 227-239.
- [42] Kuncić M K, Kogej T, Drobne D, *et al.* Morphological response of the halophilic fungal genus *Wallemia* to high salinity [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, **76**(1): 329-337.
- [43] Zajc J, Gunde-Cimerman N. The genus *Wallemia*—from contamination of food to health threat [J]. *Microorganisms*, 2018, **6**(2), doi: 10.3390/microorganisms6020046.
- [44] Kinuura H, Kobayashi M. Death of *Quercus crispula* by inoculation with adult *Platypus quercivorus* (Coleoptera: Platypodidae)[J]. *Applied Entomology and Zoology*, 2006, **41**(1): 123-128.
- [45] Reynolds N K, Benny G L, Ho H M, *et al.* Phylogenetic and morphological analyses of the mycoparasitic genus *Piptoecephalis* [J]. *Mycologia*, 2019, **111**(1): 54-68.
- [46] O'Dea C, Zhang Q, Staley C, *et al.* Compositional and temporal stability of fecal taxon libraries for use with SourceTracker in sub-tropical catchments[J]. *Water Research*, 2019, **165**, doi: 10.1016/j.watres.2019.114967.
- [47] Yang K X, Li L, Wang Y J, *et al.* Airborne bacteria in a wastewater treatment plant: emission characterization, source analysis and health risk assessment[J]. *Water Research*, 2019, **149**: 596-606.
- [48] Qi Y Z, Li Y P, Xie W W, *et al.* Temporal-spatial variations of fungal composition in PM_{2.5} and source tracking of airborne fungi in mountainous and urban regions [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **708**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135027.
- [49] De Rooij M M T, Hoek G, Schmitt H, *et al.* Insights into livestock-related microbial concentrations in air at residential level in a livestock dense area [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **53**(13): 7746-7758.
- [50] Li L Y, Wang Q, Bi W J, *et al.* Municipal solid waste treatment system increases ambient airborne bacteria and antibiotic resistance genes [J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, **54**(7): 3900-3908.

CONTENTS

Analysis of Change and Driving Factors of PM _{2.5} Mass Concentration in Tianjin from 2000 to 2020	CAI Zi-ying, HAO Jian, HAN Su-qin, <i>et al.</i>	(1129)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, GAO Jing-yun, <i>et al.</i>	(1140)
Source Analysis of Ambient PM _{2.5} in Wuhan City Based on Random Forest Model	ZHANG Zhi-hao, CHEN Nan, ZHU Bo, <i>et al.</i>	(1151)
Chemical Characteristics and Sources of Atmospheric Aerosols in the Surrounding District of a Heavily Polluted City in the Southern Part of North China	REN Xiu-long, HU Wei, WU Chun-miao, <i>et al.</i>	(1159)
Characteristics of Water-soluble Ions in an Autumn Haze Process in the Southern Sichuan Urban Agglomeration After the Implementation of China's Air Pollution Prevention and Control Action Plan	WU An-nan, HUANG Xiao-juan, HE Ren-jiang, <i>et al.</i>	(1170)
Concentration, Source, and Health Risk Assessment of PM ₁ Heavy Metals in Typical Pollution Processes in Zhengzhou	ZHAI Shi-ting, WANG Shen-bo, ZHANG Dong, <i>et al.</i>	(1180)
Geographical Detection of Spatial Heterogeneity and Drivers of PM _{2.5} in the Yangtze River Economic Belt	WANG Li-li, LIU Xiao-jie, LI Ding, <i>et al.</i>	(1190)
Spatial Heterogeneity of PM _{2.5} Concentration in Response to Land Use/Cover Conversion in the Yangtze River Delta Region	ZHOU Li-xia, WU Tao, JIANG Guo-jun, <i>et al.</i>	(1201)
Analysis of Pollution Characteristics, Meteorological Impact, and Forecast Retrospective During the Spring Festival and the Lantern Festival in "2+26" Cities	ZHU Yuan-yuan, WANG Xiao-fei, WANG Wei, <i>et al.</i>	(1212)
Pollution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} in Shanxi Province Based on Wavelet Transform	ZHANG Ke-ke, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i>	(1226)
Estimation of Surface Ozone Concentration and Health Impact Assessment in China	ZHAO Nan, LU Yi-min	(1235)
Analysis of Ozone Pollution Spatio-temporal Evolution Characteristics and Identification of Its Long-term Variation Driving Factor over Hunan Province	LIU Yan-yan, YANG Lei-feng, XIE Dan-ping, <i>et al.</i>	(1246)
Temporal and Spatial Variation in O ₃ Concentration Near the Surface of Shandong Peninsula and Analysis of Potential Source Areas	LI Le, LIU Min-xia, XIAO Shi-ni, <i>et al.</i>	(1256)
Characteristics, Ozone Formation Potential, and Source Apportionment of VOCs During the COVID-19 Epidemic in Xiong'an	LIU Xin-jun, WANG Shu-juan, LIU Cheng, <i>et al.</i>	(1268)
Characteristics and Source Analysis of VOCs Pollution During the Period of Ozone Exceeding the Standard in Zibo City	WANG Shuai, WANG Xiu-yan, YANG Wen, <i>et al.</i>	(1277)
Comparison of VOCs Pollution Characteristics Between an Urban Site and a Background Site in Summer in Zibo	QIN Tao, XU Bo, WANG Xin-wu, <i>et al.</i>	(1286)
Emission Characteristics and Inventory of Volatile Organic Compounds from Cooking in Sichuan Province	QIAN Jun, HAN Li, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i>	(1296)
Emission Characteristics of Gas-and Particle-Phase Polycyclic Aromatic Hydrocarbons from Cooking	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i>	(1307)
Diversity and Community Structure of Airborne Fungi in Different Working Areas of Composting Plants	YU Ao-yuan, XING Li-jun, SUN Xing-bin, <i>et al.</i>	(1315)
Main Problems and Refined Solutions of Urban Fugitive Dust Pollution in China	LI Ting-kun, FENG Yin-chang, BI Xiao-hui, <i>et al.</i>	(1323)
Water Quality Assessment and Spatial-temporal Variation Analysis in Yellow River Basin	LIU Yan-long, ZHENG Yi-an	(1332)
Spatial Distribution and Influential Factors of Nutrients in Rivers of a Typical Mountainous City: A Case Study of the Qingshuixi River in Chongqing	WANG Chao, YE Qiu, JIA Bo-yang, <i>et al.</i>	(1346)
River-Lake States in the Tributary of the Three Gorges Reservoir Area and Their Effects on the Phosphorus Content of Different Forms in the Sediment	HUANG Wei, ZHANG Xing, LUO Xiao-jiao, <i>et al.</i>	(1356)
Molecular Signatures of Dissolved Organic Matter in the Paihe River and Its Tributaries	ZHAN Ya, YIN Hao, FENG Jing-wei, <i>et al.</i>	(1365)
Multiphase Spatial Distribution Characteristics of Cd Morphology in Typical Intertidal Zones in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area and Its Influencing Factors	CUI Xin-yue, MO Wu-qiu, LIAO Jian-bo	(1375)
Occurrence Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in the Surface Water of Luoma Lake and Its Main Inflow Rivers	GONG Run-qiang, ZHAO Hua-jin, GAO Zhan-qi, <i>et al.</i>	(1384)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Third Drain of Ningxia	LI Fu-juan, GAO Li, LI Ling-yun, <i>et al.</i>	(1394)
Historical Changes and Responses to Human Activities of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Lake Sediments from Northern China During the Past 100 Years	GONG Xiong-hu, ZHAO Zhong-hua, DING Qi-qi, <i>et al.</i>	(1404)
Characteristics of Bacterioplankton Community Between River and Lake/Reservoir in the Yangtze River Basin	HU Yu-xin, ZHANG Jing, HUANG Jie, <i>et al.</i>	(1414)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Wuliangs Lake During an Irrigation Interval in Hetao Plain	SHI Yu-jiao, LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, <i>et al.</i>	(1424)
Effects of Landscape Structures on Bacterioplankton Communities at Multi-spatial Scales in the Yuanhe River	SHU Wang, WANG Peng, DING Ming-jun, <i>et al.</i>	(1434)
Microbial Community Structure on Microplastic Surface in the <i>Grus leucogeranus</i> Reserve of Poyang Lake	LIU Shu-li, JIAN Min-fei, ZOU Long, <i>et al.</i>	(1447)
Influence of Microplastics on the Development of <i>Proteus</i> Biofilm	TAO Hui, QI Yi-ting, YU Duo, <i>et al.</i>	(1455)
Deposition Law of Low-Density Microplastics Aggregation in Wuliangs Lake	LIU Yu, SHI Xiao-hong, ZHANG Sheng, <i>et al.</i>	(1463)
Adsorption of Fulvic Acid on Virgin and Aging Microplastics	SONG Ya-li, YU Ya, ZHENG Lei, <i>et al.</i>	(1472)
Diffusive Fluxes and Controls of N ₂ O from Coastal Rivers in Tianjin City	TANG Meng-yao, HU Xiao-kang, WANG Hong-wei, <i>et al.</i>	(1481)
Effects of Hematite and Biochar Addition on Wastewater Treatment Efficiency, Greenhouse Gas Emission, and Microbial Community in Subsurface Flow Constructed Wetland	CHEN Xin-tong, HAO Qing-ju, XIONG Yan-fang, <i>et al.</i>	(1492)
Identification and Optimization Method of Rainfall-Runoff Pollution Risk Level	QI Xiao-tian, ZHANG Zhi-ming, ZHAO Xin, <i>et al.</i>	(1500)
Factor Analysis of Disinfection Byproduct Formation in Drinking Water Distribution Systems Through the Bayesian Network	JIANG Shan-shan, WANG Zhen-yu, GAO Quan, <i>et al.</i>	(1512)
Selective Adsorption of Au(Ⅲ) by Activated Carbon Supported Polythioamides and Adsorption Mechanism	ZHAO Wen-jin, ZHANG Shun, AN Xiao-qi, <i>et al.</i>	(1521)
Impacts of F/M Ratio on Microbial Networks in Activated Sludge	ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, WEN Xiang-hua	(1529)
Geochemical Characteristics and Source Apportionment of Soil Elements in an Urban-rural Integration Area: A Case Study in the Qinglong Area of Tianfu New District	LIU Shu-huai, WANG De-wei, SHI Ze-ming, <i>et al.</i>	(1535)
Ecological and Health Risk Assessments Based on the Total Amount and Speciation of Heavy Metals in Soils Around Mining Areas	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi	(1546)
Characteristics of Antimony Migration and Transformation and Pollution Evaluation in a Soil-Crop System Around a Tin Mine in Hunan Province	ZHANG Long, SONG Bo, HUANG Feng-yan, <i>et al.</i>	(1558)
Effect of Controlling Heavy Metals in Soil of Rare Earth Mining Area by Biochar Supported Graphene Oxide	YANG Shi, LIU Zu-wen, LONG Bei, <i>et al.</i>	(1567)
Enhanced Remediation of Cd Contaminated Soil by Cotton with DOM	MIN Tao, LUO Tong, CHEN Li-li, <i>et al.</i>	(1577)
Novel Insight into the Adsorption Mechanism of Fe-Mn Oxide-Microbe Combined Biochar for Cd(Ⅱ) and As(Ⅲ)	LIAN Bin, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i>	(1584)
Variations in Cadmium Accumulation and Transport and Ionic Traits Among Different Winter Wheat Varieties	LIU Chang, XU Ying-ming, HUANG Qing-qing, <i>et al.</i>	(1596)
Cadmium Accumulation Characteristics of Different Heat Varieties Under Cadmium Stress	REN Chao, REN Yu-zhong, WANG Hao, <i>et al.</i>	(1606)
Effect of Different Land Use Types on the Diversity of Soil Bacterial Community in the Coastal Zone of Jialing River	LIU Kun-he, XUE Yu-qin, ZHU Lan-ping, <i>et al.</i>	(1620)
Effects of Earthworms/Biochar on Bacterial Diversity and Community in As-contaminated Red Soil	SU Qian-qian, LI Lian-fang, ZHU Chang-xiong, <i>et al.</i>	(1630)
Effects of DA-6 and EDDS on Growth and Cd Uptake by <i>Solanum nigrum</i> L. and on the Soil Bacterial Community Structure	LUO Yang, SUN Li, LIU Fang, <i>et al.</i>	(1641)
Effects of Plastic Mulch Film on Soil Nutrients and Ecological Enzyme Stoichiometry in Farmland	HU Zhi-e, XIAO Mou-liang, WANG Shuang, <i>et al.</i>	(1649)
Effects of Warming and Increased Precipitation on Soil Respiration of Abandoned Grassland in the Loess-Hilly Regions	WANG Xing, ZHONG Ze-kun, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i>	(1657)
Effect of Film Mulching, Straw Retention, and Nitrogen Fertilization on the N ₂ O and N ₂ Emission in a Winter Wheat Field	PENG Yi, LI Hui-tong, ZHANG Shao-wei, <i>et al.</i>	(1668)
Effects of Straw Returning on Soil Ammonia Volatilization Under Different Production Conditions Based on Meta-analysis	ZHAO Zheng-xin, WANG Xiao-yun, TIAN Ya-jie, <i>et al.</i>	(1678)
Impacts of Fertilization on Soil Antibiotic Resistance Genes Across Croplands: A Meta-Analysis	RAN Ji-wei, XIAO Qiong, HUANG Min, <i>et al.</i>	(1688)