

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	李源速,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)

长江流域河流和湖库的浮游细菌群落差异

胡愈忻¹, 张静¹, 黄杰¹, 段春建², 李天翠¹, 刘威¹, 王英才¹, 胡圣^{1*}

(1. 生态环境部长江流域生态环境监督管理局生态环境监测与科学研究中心, 武汉 430010; 2. 南水北调中线干线工程建设管理局河南分局, 郑州 450018)

摘要: 在长江流域自江源区至入海口的干流重点区域、八大一级支流和多个重点湖库设置了 177 个样点开展浮游细菌调查, 采用基于细菌 16S rRNA 基因的单分子实时测序技术研究浮游细菌群落的空间分布差异, 期望在更广的调查范围和更高的物种注释精度上阐明长江流域浮游细菌群落结构的分布特征. 首先分析了各采样点浮游细菌的 α 多样性状况, 发现长江流域河流区域具有更高的物种丰富度, 在多样性上与湖库区域差异显著. 在此基础上开展了长江流域各采样点的 β 多样性分析, 发现长江流域河流区域和湖库区域的浮游细菌群落组成差异显著, 其中温度是河流浮游细菌群落分布的最大影响因素, 湖库的 pH 是浮游细菌群落分布的最大影响因素. 为探究河流区域和湖库区域浮游细菌群落结构差异在生态环境上的影响, 在物种差异、功能差异和群落结构差异上开展了进一步研究. 结果表明, 对于河流区域而言, 长江干流自西向东营养盐水平逐渐升高导致了部分物种相对丰度的逐渐增加; 而湖库较河流有更高的蓝藻水华暴发风险, 其中条件致病菌不动杆菌属在丹江口水库(南水北调水源区)具有较高相对丰度, 存在着一定的生态风险, 需要加强关注. 物种组成上, 河流区域和湖库区域绝大多数的物种(84%的 OTU)为共有物种, 同时两个区域均含有一些相对丰度较高但无法培养的细菌, 因此仍需对长江流域作进一步的调查研究. 综上所述, 长江流域河流区域和湖库区域的浮游细菌存在着多样性、群落组成和富集物种的差异, 这使得影响长江流域河流和湖库浮游细菌群落的最关键水质指标是不同的, 同时也造成了二者在生态功能上的显著差异.

关键词: 长江流域; 浮游细菌; 宏条形码; 单分子实时测序; 16S rRNA

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)03-1414-10 DOI: 10.13227/j.hjxx.202106173

Characteristics of Bacterioplankton Community Between River and Lake/Reservoir in the Yangtze River Basin

HU Yu-xin¹, ZHANG Jing¹, HUANG Jie¹, DUAN Chun-jian², LI Tian-cui¹, LIU Wei¹, WANG Ying-cai¹, HU Sheng^{1*}

(1. Yangtze River Basin Ecological Environment Monitoring and Scientific Research Center, Yangtze River Basin Ecological Environment Supervision and Administration Bureau, Ministry of Ecology and Environment, Wuhan 430010, China; 2. Henan Branch of the South-to-North Water Diversion Middle Route Project Construction Administration Bureau, Zhengzhou 450018, China)

Abstract: To explore the bacterioplankton community structure in the Yangtze River basin, water samples were collected from 177 sampling sites, including the source to the estuary along the mainstream of the Yangtze River, eight primary tributaries, and several lakes and reservoirs. The 16S rRNA genes were used to explore the bacterioplankton communities based on single molecule real-time sequencing, with the aim to study the diversity and community characteristics in a border sampling area and higher species annotation accuracy. Based on α -diversity analysis, the river area had higher species richness than that of the lake/reservoir area, resulting in these two areas having different bacterioplankton community diversities. Based on the β diversity analysis, the bacterioplankton showed different community compositions between the river and lake/reservoir areas; temperature was the key environmental factor for the river area, and pH was the key environmental factor for the lake/reservoir area. In order to study the influence of different bacterioplankton communities, this study further investigated the species, function, and community differences between the river and lake/reservoir areas. The results were as follows; for the river area, the eutrophication level gradually increased from west to east along the mainstream of the Yangtze River, resulting in a gradually increased relative abundance of specific species. The lake/reservoir area had a higher risk of cyanobacteria bloom, and the opportunistic pathogen had a high relative abundance in the Danjiangkou Reservoir, indicating a higher ecological risk. For species composition, the river and lake/reservoir areas shared most OTUs (84%); however, some uncultured bacteria showed a high relative abundance in the Yangtze River, meaning the bacterioplankton of the Yangtze River basin still requires further study. In general, the river and lake/reservoir shared most species; however, the different bacterioplankton diversity, community composition, and enriched species made the river and lake/reservoir have different key environmental factors, and they also showed differences in ecological functions.

Key words: Yangtze River basin; bacterioplankton; metabarcoding; single molecule real-time sequencing; 16S rRNA

长江流域横跨我国西部、中部和东部三大地理区, 气候跨越热带、亚热带和暖温带, 自西向东流经 19 个省市(自治区、直辖市), 地貌类型复杂, 生态系统类型多样, 是我国重要的生态安全屏障区. 长江干流发源于青藏高原唐古拉山主峰各拉丹冬雪山的西南侧, 干流根据水文和地势差异, 可以分为主要位于青海省的长江源区、青海省至四川宜宾的金沙江、四川宜宾至湖北宜昌的长江上游和宜昌至上海入海口

的长江中下游^[1]. 长江水系发达, 干流沿途有成千上万条大小支流汇入, 其中最主要的是 8 条一级支流, 分别为雅砻江、岷江、嘉陵江、乌江、汉江、沅江、湘江

收稿日期: 2021-06-22; 修订日期: 2021-08-02

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项(2017ZX071108-001)

作者简介: 胡愈忻(1993~), 男, 博士, 工程师, 主要研究方向为长江流域水生生物的分子生态学, E-mail: ssshyx@163.com

* 通信作者, E-mail: husheng329@163.com

和赣江; 长江流域湖库众多, 其中生态和社会意义较重要湖库包括鄱阳湖、洞庭湖、太湖、巢湖、丹江口水库和三峡库区等, 这些支流和湖库极大地丰富了长江流域生态系统的多样性, 在各地的社会、经济和文化发展中也发挥了积极作用。

长江流域的经济社会发展对水生态环境带来了一定程度的影响, 由于浮游细菌的群落组成和水体生态环境关系密切^[2], 近年来, 越来越多的研究通过水体浮游细菌群落结构变化推断水体生态环境的演替状况。例如吴晓冰等^[3]的研究通过扩增 16S rRNA 基因的 V3 ~ V4 高变区以探究长江干流浮游细菌的空间分布规律, 发现了不同区域对浮游细菌群落结构影响较大的环境因子。同期也有针对长江支流的浮游细菌群落结构研究^[4,5], 以及针对长江流域湖库的浮游细菌群落研究^[6~8]。在整个流域尺度上, Liu 等^[9]在长江流域布设 50 个样点以分析细菌的多样性, 但其研究的主要内容是浮游细菌和底泥中细菌的群落组成差异, 研究的区域也主要集中在三峡库区和长江中下游区域。因此, 仍然缺乏从整个流域层面开展大尺度的浮游细菌群落结构差异研究。

本研究在长江全流域采集样品, 采样范围自西向东涵盖了长江源区、金沙江和长江上、中、下游, 同时也涵盖了长江的八大一级支流和多个重点湖库, 研究结果能够从全流域层面对浮游细菌群落进行分析。本文基于单分子实时测序技术开展浮游细菌

16S rRNA 的宏条形码研究, 使用的测序技术能够保证更长的读长, 从而获取更为准确的物种注释水平^[10], 有利于深入探讨长江流域浮游细菌群落结构组成和差异, 以为长江流域的水生态状况调查和评估提供本底资料。

1 材料与方法

2020 年 6 月到 2020 年 10 月在长江流域进行样品采集, 从长江源头至下游入海口共布设了 177 个采样点, 采样范围自西向东涵盖了长江干流的源区、金沙江、上游、中游和下游, 长江的八大一级支流包括雅砻江、岷江、乌江、嘉陵江、湘江、沅江、汉江和赣江, 同时也涵盖了滇池、洞庭湖、鄱阳湖、巢湖、太湖、丹江口水库和三峡库区等多个重点湖库。具体点位设置如图 1 所示。在每个样点采样人员佩戴一次性手套后使用高压灭菌后的采水器采集 1.5 L 表层水样, 使用 0.2 μm 聚碳酸酯滤膜 (Whatman) 抽滤, 每次抽滤前使用次氯酸钠对抽滤装置进行浸泡消毒。抽滤后将滤膜装于液氮中运输至实验室, 使用 DNA 提取试剂盒 (Mobio) 提取滤膜上的 DNA 后扩增并测序。

利用 YSI 多参数水质测量仪 (Xylem) 现场测量各样点的水温 (Temp)、pH、溶解氧 (DO) 和电导率 (SPC) 等水质参数。水体叶绿素 (Chla) 的测定参照环境保护标准^[11]。二氧化硅 (SiO_2) 的测定参照行业标准^[12]。

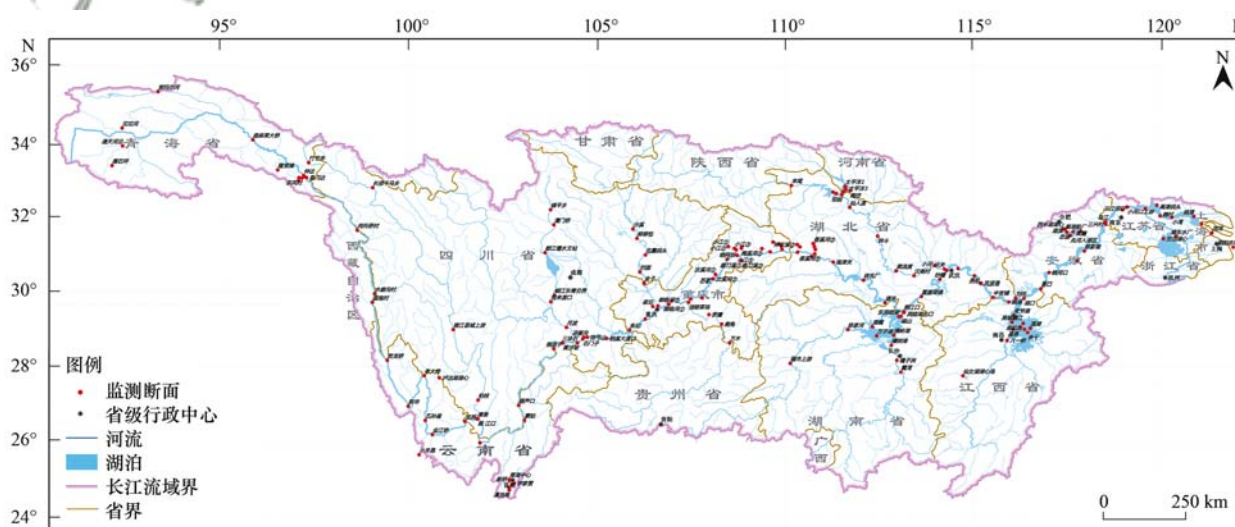


图 1 采样点分布示意

Fig. 1 Location of the sampling sites in the Yangtze River basin

使用 16S 分子标记对 DNA 样品进行目标片段扩增, 采用引物为 pA (AGAGTTTGATCCTGGCTCAG) 和 B23S (CTTCGCCTCTGTGTGCCTAGGT)^[13]。总体积 20 μL 的反应体系包括 10 μL 的 2 $\times$ PCR Buffer、4 μL 的 dNTP、正向和反向引物各 1 μL , 5

μL 的 DNA 模板, 然后使用 ddH₂O 补足。反应条件为 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s、50 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s、72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 3 min (25 个循环); 最后延伸 7 min。每个样品进行 3 次 PCR 技术重复, 以无菌水作为阴性对照, 确保阴性对照无可见扩增产物, 将 3 份产物混

合后使用 AxyPrep DNA Gel Extraction Kit 试剂盒 (Axygen) 进行纯化回收。

使用 SMRT 建库试剂盒 (DNA Template Prep kit 1.0) 进行文库的构建, 通过 Qubit 荧光定量仪 (ThermoFisher) 和 FEMTO Pulse 自动化脉冲场凝胶电泳系统 (Bio-red) 检测片段大小和质量, 文库质检合格后使用 PacBio Sequel 平台 (Pacific Biosciences) 进行上机测序。使用 lima v1.7.0 (<https://github.com/pacificbiosciences/barcoding>) 软件通过 Barcode 序列拆分出各样本数据。使用 SMRT link v8 (<https://www.pacb.com/products-and-services/analytical-software/smrt-analysis/>) 软件获取环状一致性序列 (Circular Consensus Sequencing, CCS)。使用 cutadapt v1.9.1^[14] 进行引物序列的识别和去除并且进行长度过滤。使用 UCHIME v4.2^[15] 软件鉴定并去除嵌合体序列。使用 USEARCH v10^[16] 在 97% 的相似度水平下对质控后的 CCS 序列进行聚类, 获取 OTU 序列和 OTU 表格, 过滤丰度小于 0.005% 的 OTU 序列^[17], 使用 R 语言中的 vegan 包对 OTU 表根据样本序列最低数量进行抽平后进行多样性分析^[18]。使用朴素贝叶斯分类器将 OTU 序列比对到 SILVA 数据库 (SILVA_132_SSURef)^[19]。CCA 分析使用 R 语言中的 vegan 包。不同分组间的物种差异使用 LEfSe 分析 (<http://huttenhower.sph.harvard.edu/lefse/>)。不同分组间的浮游细菌的功能差异使用 FAPROTAX 软件分析^[20]。

2 结果与讨论

2.1 长江流域浮游细菌的 α 多样性

首先计算各样点的 α 多样性, 基于秩和检验统计长江流域河流和湖库之间的差异。其中河流区域的 Shannon 指数 [图 2(a)] 和物种数目 [图 2(c)] 显著高于湖库区域, 但二者之间的 Pielou 指数没有显著差异 [图 2(b)]。Shannon 指数能够兼顾群落的丰富度和均匀度, Pielou 指数能够反映群落内物种的均匀程度, 物种数目则反映了群落中物种数量的多寡。因此长江流域河流区域的浮游细菌群落多样性显著高于湖库区域, 但两个区域的浮游细菌群落均匀度无显著差异, 其主要原因在于河流区域含有的浮游细菌种类更多。推测其原因可能是本次采样采集的均为表层水体, 而河流区域流速明显高于湖泊区域, 河流的水动力学特征导致水体更强烈地搅动和混合作用, 导致底层和沿岸带大量的细菌被搅动到水体中, 使河流水体中浮游细菌的丰富度更高^[21]。

分别分析河流和湖库区域的 Shannon 指数 [图

2(d) 和 2(e)], 对于河流区域而言 [图 2(d)]: 长江干流中长江上游、中下游的浮游细菌群落多样性要高于长江源区和金沙江; 长江的八大一级支流中, 嘉陵江 (长江上游支流) 具有最高的浮游细菌多样性, 而雅砻江的浮游细菌多样性最低。根据 Kruskal-Wallis 检验, 长江流域河流各区域差异显著 ($P = 0.0002$), Nemenyi 检验结果显示, 干流中金沙江和长江上游、长江中下游在浮游细菌多样性上存在显著的差异 [图 3(a)]; 支流各区域在统计学上差异不显著 [图 3(b)]。

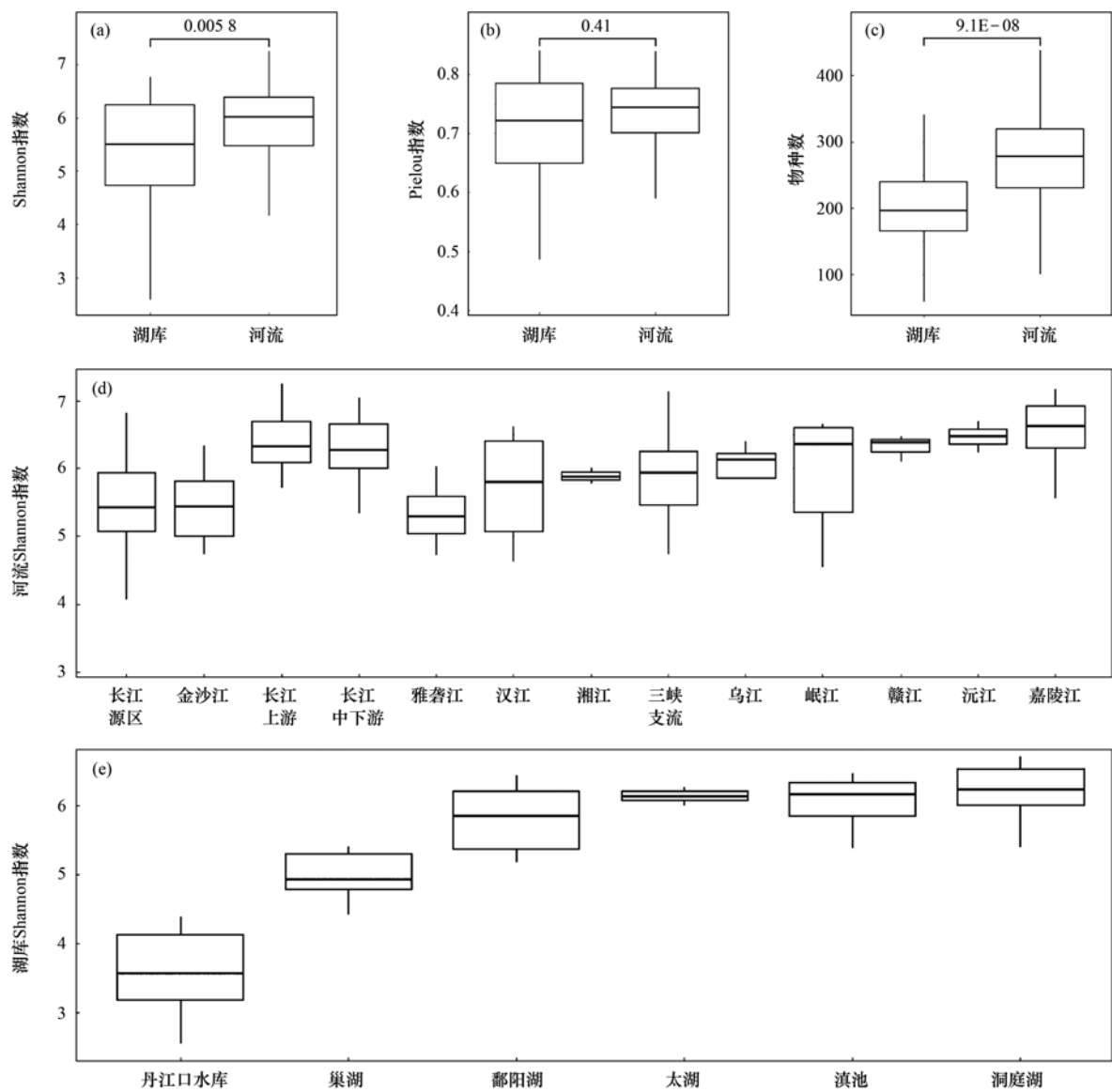
对于湖库区域而言 [图 2(e)], 洞庭湖和滇池等具有相对较高的浮游细菌多样性, 而丹江口水库具有相对较低的多样性。根据 Kruskal-Wallis 检验, 长江流域湖库各区域差异显著 ($P = 0.0013$), Nemenyi 检验结果显示, 湖库区域中丹江口和滇池、洞庭湖差异显著 [图 3(c)]。

有研究认为浮游细菌的多样性状况和水体营养水平呈正相关关系^[8], 本研究发现营养水平较低的区域 (金沙江和丹江口水库等) 具有相对较低的多样性, 营养水平较高的区域 (长江中下游、滇池和洞庭湖等) 多样性则相对较高, 研究结果再次验证了上述结论。

2.2 长江流域浮游细菌的 β 多样性及其与环境因子的关系

基于长江流域浮游细菌群落数据开展 NMDS 分析以探究其空间异质性情况, 结果如图 4(a) 所示。NMDS 结果显示, 河流区域各样点之间群落组成更为相近, 湖库区域的样点之间群落组成更为相近。但由于长江流域涵盖范围大, 样点间异质性较强, 也存在着部分河流区域和湖库区域浮游细菌群落组成更为相似的情况。为进一步探究河流区域和湖库区域的异质性, 使用 PERMANOVA 分析组间差异 [图 4(b)], 结果 P 值为 0.001, 说明河流区域和湖库区域的浮游细菌群落组成差异显著。综上所述, 长江流域浮游细菌群落的空间异质性较强, 虽然部分河流区域和湖库区域的群落结构相似, 但总体上长江流域河流区域和湖库区域的浮游细菌群落的组间差异大于组内差异, 且差异显著。

基于浮游细菌群落数据进行 tb-CCA 分析, 分别研究影响河流区域和湖泊区域的关键环境因子, 方差因子膨胀分析显示各环境因子 VIF 值均小于 10, 不存在多重共线性情况。分析所使用环境因子的空间差异如图 5 所示, 根据秩和检验发现, 长江流域河湖区域的 pH 和 DO 不具显著差异; 湖库区域的 Temp 和 Chla 要显著高于河流区域, 二者均和浮游植物密度密切相关^[22]; 河流区域的 SPC 和 SiO_2 显



(a) 河流和湖库 Shannon 指数差异 (横线上为秩和检验 P 值); (b) 河流和湖库均匀度指数差异;
(c) 河流和湖库物种数差异; (d) 长江流域河流区域 Shannon 指数情况; (e) 长江流域湖库区域 Shannon 指数情况

图 2 长江流域各区域浮游细菌的 α 多样性

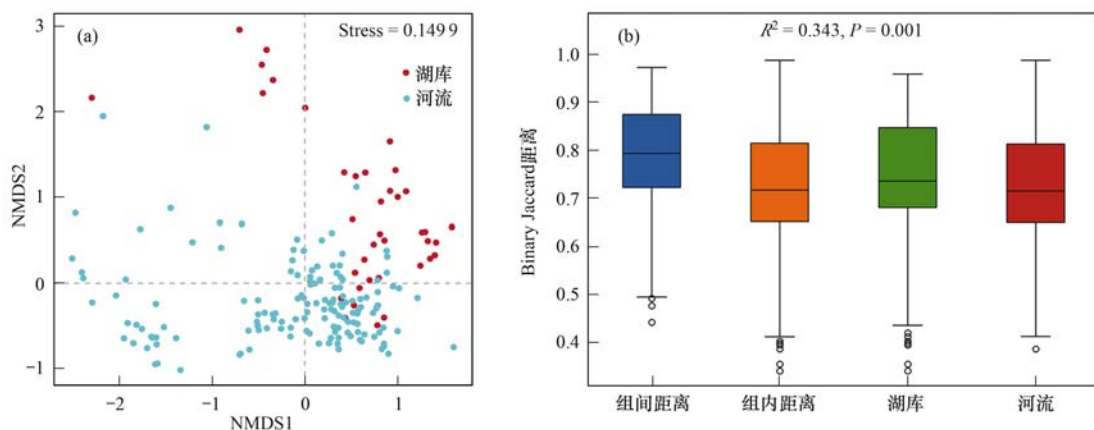
Fig. 2 The α diversity of bacterioplankton in the Yangtze River basin



(a) 长江干流各区域; (b) 长江支流各区域; (c) 长江流域湖库各区域

图 3 长江流域各区域浮游细菌 Shannon 指数 Nemenyi 检验的 P 值

Fig. 3 The P value of Nemenyi test based on Shannon index of bacterioplankton in the Yangtze River basin



(a) 河流和湖库区域 NMDS 分析; (b) 河流和湖库区域 PERMANOVA 分析

图 4 长江流域浮游细菌 β 多样性情况

Fig. 4 The β diversity of bacterioplankton in the Yangtze River basin

著高于湖库区域,其中 SiO_2 和细菌、硅藻的代谢活动密切相关^[23].

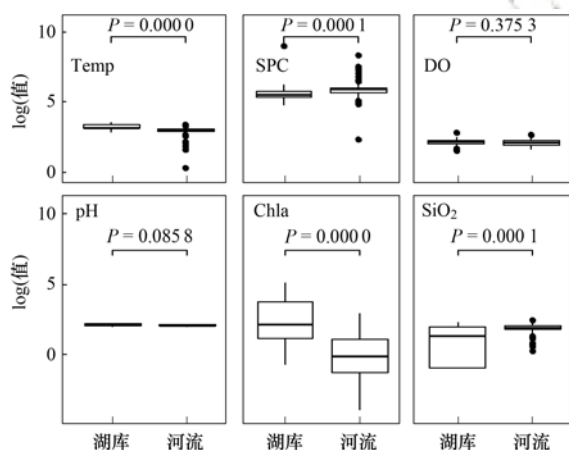


图 5 长江流域环境因子的空间分布差异

Fig. 5 Distribution of environmental factors in the Yangtze River basin

由于长江流域不同采样点之间异质性较大,因此各环境因子的影响对河流区域和湖库区域存在着不一致的情况(图 6),基于置换检验对所有约束轴

进行检验,同时分析环境因子对细菌群落的重要性^[24].对于河流区域而言,CCA 所有约束轴的全模型置换检验 P 值为 0.001,说明 CCA 分析结果可信.分析使用的所有环境因子置换检验 P 值均小于 0.01,其中温度(Temp)的 R^2 为所有因子中最大的(表 1),因此温度是河流浮游细菌群落分布的最大影响因素.温度是细菌生长繁殖的重要影响因素,长江流域跨越气候带多,干支流落差大,因此不同区域水温差异大,在大尺度上温度对浮游细菌的影响得以体现^[25,26].对于湖库而言,CCA 所有约束轴的全模型置换检验 P 值为 0.001,说明 CCA 分析结果可信.分析使用的所有环境因子置换检验 P 值均小于 0.01,其中 pH 的 R^2 为所有因子中最大的(表 1),因此 pH 是大尺度上对湖库浮游细菌群落分布影响最大的因素^[25,26].

2.3 长江流域河流区域和湖库区域浮游细菌的物种及功能差异

使用 LEfSe 分析探讨长江流域河流区域和湖泊区域的物种差异程度,不同组间物种的相对丰度差

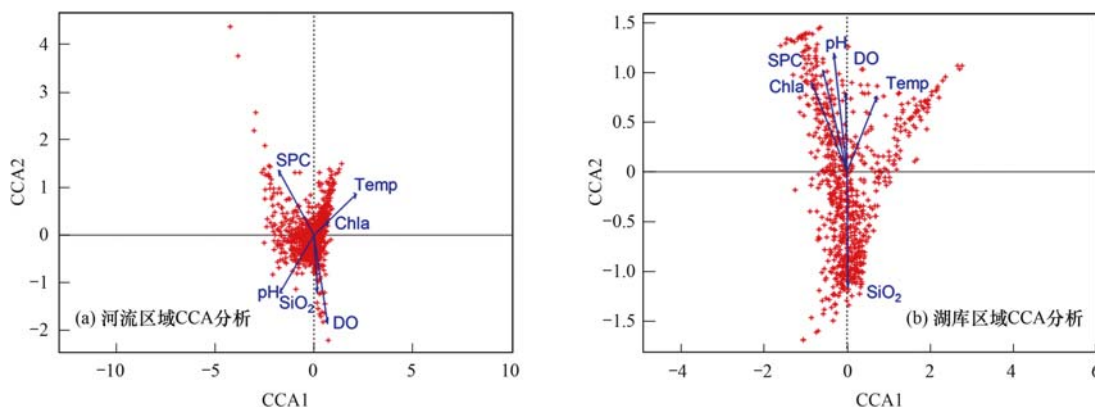


图 6 长江流域浮游细菌 β 多样性情况

Fig. 6 The β diversity of bacterioplankton in the Yangtze River basin

表 1 河流和湖库区域环境因子的置换检验

Table 1 ANOVA like permutation test of environmental factors in river and lake/reservoir areas

项目	河流区域		湖库区域	
	R^2	P	R^2	P
Temp	0.606 1	0.001	0.386 5	0.001
SPC	0.543 5	0.001	0.627 5	0.001
DO	0.439 7	0.001	0.277 6	0.003
pH	0.512 6	0.001	0.684 5	0.001
Chla	0.072 5	0.01	0.678 3	0.001
SiO ₂	0.172 5	0.001	0.574	0.001

异随着 LDA 值的增大而变大,本研究列出了 LDA 大于 4 以上的差异显著类群,在门(p_)、纲(c_)、目(o_)、科(f_)、属(g_)和种(s_)这 6 个分类水平上进行比较,结果如图 7 所示。

河流区域在门水平上显著富集类群主要为拟杆菌门(Bacteroidetes)和变形菌门(Proteobacteria)

物种,在属水平上主要富集类群为隶属于 *Limnohabitans* 的物种,该属物种和氮循环密切相关^[27],说明长江流域河流区域在氮循环上较湖库区域具有相对优势,能够更高效地将有机氮转变为无机氮。湖库区域在门水平上主要富集类群为放线菌门(Actinobacteria)和疣微菌门(Verrucomicrobia)物种,值得注意的是,湖库区域在属水平上显著富集了微囊藻(*Microcystis*)和 *hgcI*_clade,微囊藻能够引起蓝藻水华,而 *hgcI*_clade 和蓝藻关系密切^[28],说明长江流域湖库区域相对河流区域具有更高的蓝藻水华风险。

长江流域河流区域和湖库区域浮游细菌群落具有显著差异的生物学功能(图 8)。河流区域浮游细菌的功能主要包括光能异养(photoheterotrophy)、化能异养(chemoheterotrophy)和需氧化能异养(aerobic chemoheterotrophy)等,异养是大多数细菌的主要营养方式。湖库区域浮游细菌的功能主要包括光能自养(photoautotrophy)、含氧光能自养(oxygenic photoautotrophy)和蓝藻相关功能(cyanobacteria),其中水体中的光能自养往往和浮游藻类密切相关。河流区域水体流速较快而湖库区域水体流速较缓,之前的研究认为蓝藻的生长繁殖和水动力条件密切相关^[29,30],因此湖库区域可能由于较缓的水流从而更适合蓝藻生长,因此其富集的功能多和蓝藻相关;而河流区域更快的流速会影响浮游细菌的运动、空间分布甚至生长,使得河流区域富集的功能多和更适宜流速较快水体的细菌相关,因此流速可能是导致河流区域和湖库区域浮游细菌功能差异的原因^[31]。同时河流区域和湖库区域的功能差异分析也说明湖库区域蓝藻在群落中发挥着重要的作用。

2.4 长江流域河流和湖库区域浮游细菌的群落组成差异

长江流域河流区域和湖库区域浮游细菌的群落组成差异如图 9 所示。在此次调查中,通过生物信息分析得到1 260条 OTU[图 9(a)],其中河流和湖库

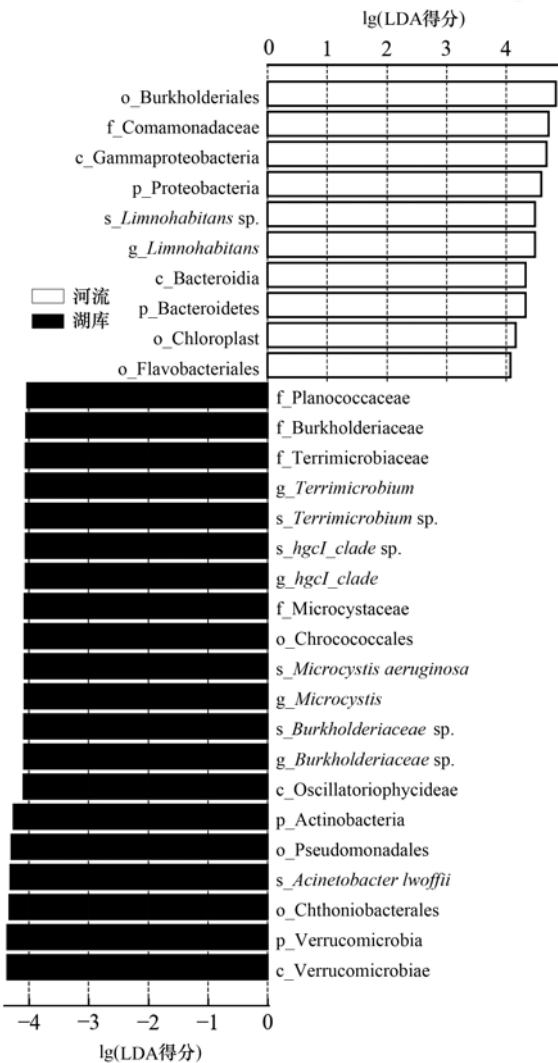


图 7 基于 LEfSe 分析的长江流域浮游细菌
河流和湖库区域物种差异比较

Fig. 7 LEfSe analysis showing the different enriched species between the river and lake/reservoir area in the Yangtze River basin

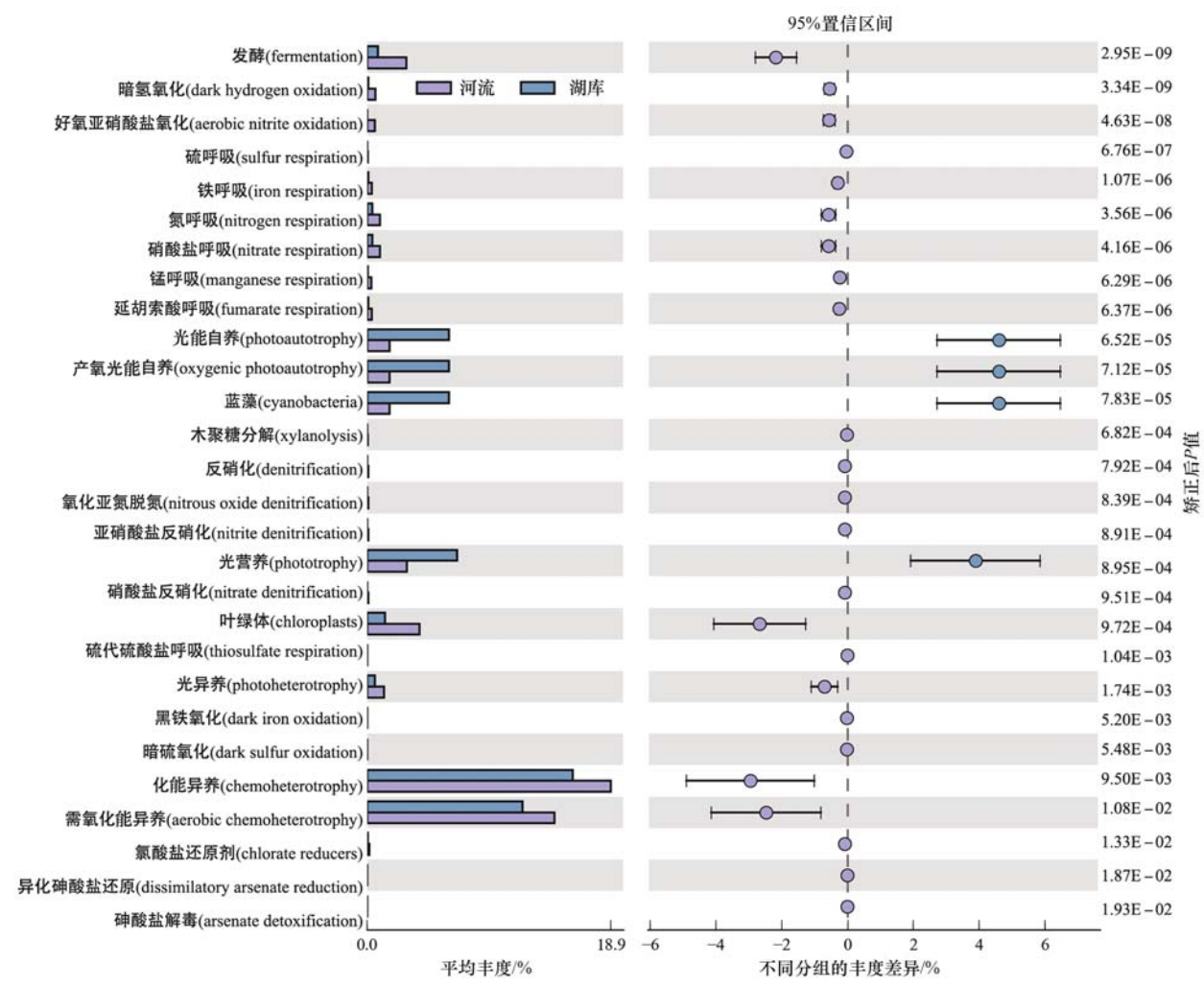


图 8 长江流域河流区域和湖库区域浮游细菌功能差异分析

Fig. 8 Different function of bacterioplankton between the river and lake/reservoir area in the Yangtze River basin

共有 OTU 为 1 064 条, 占比为 84.4%; 河流区域特有 OTU 为 186 条, 占比为 14.8%; 湖库区域特有 OTU 为 10 条, 占比为 0.8%; 说明绝大多数浮游细菌在长江流域的河流和湖库区域均有分布, 各区域特有的种类相对较少, 浮游细菌在长江流域分布较为均匀。

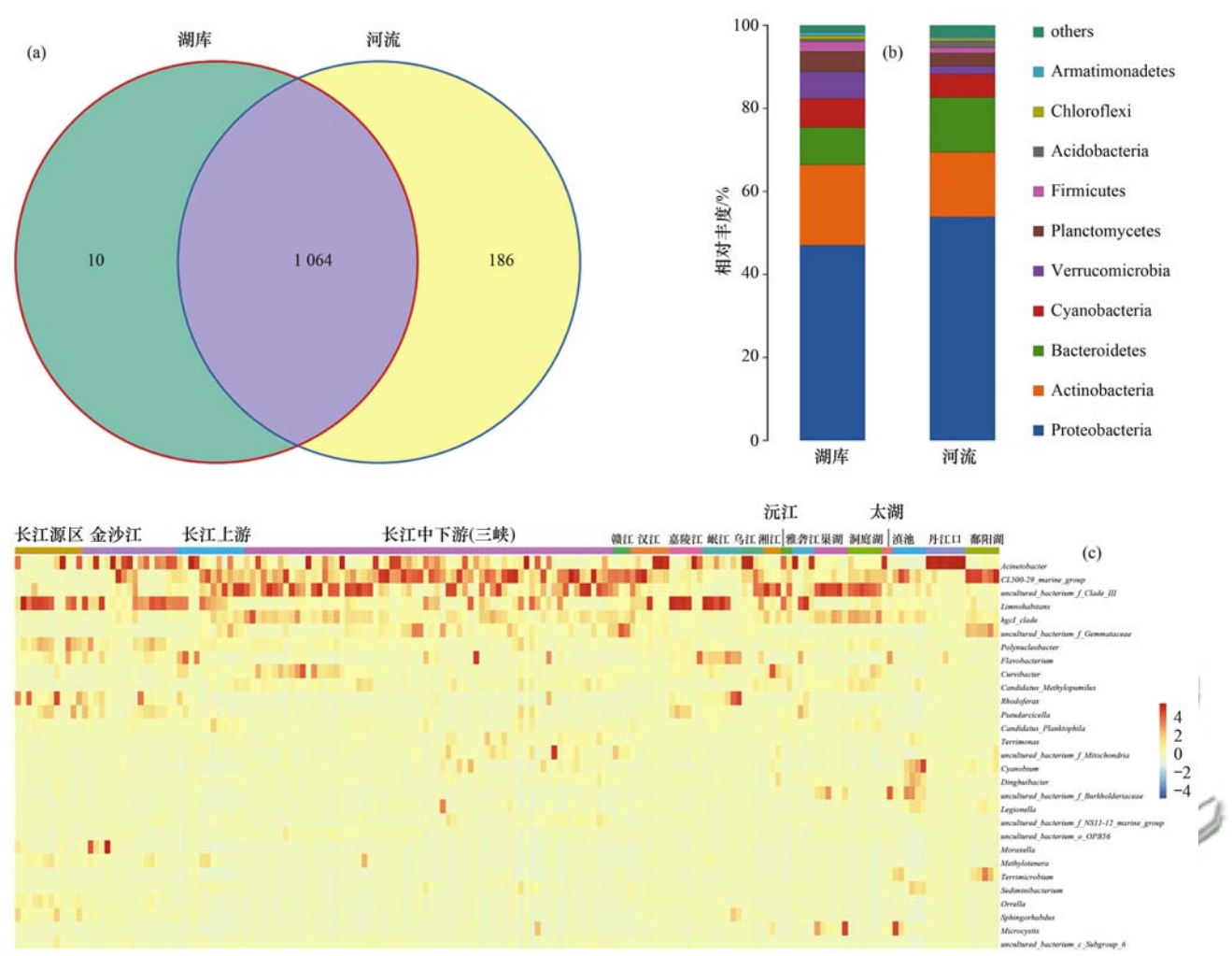
对河流和湖库区域的浮游细菌群落结构进行分析, 结果如图 9(b) 所示。两个区域具有相似的群落组成, 两个区域相对丰度最大的类群均为变形菌门 (Proteobacteria), 原因可能在于变形菌门是细菌中涵盖物种最多的门。两个区域其他相对丰度较高的类群为放线菌门 (Actinobacteria)、拟杆菌门 (Bacteroidetes) 和蓝藻门 (Cyanobacteria) 等, 其中拟杆菌门和蓝藻与水体富营养化密切相关^[32,33], 蓝藻门中的部分物种在特定条件下可引起水华, 需要引起关注。

分析相对丰度最高的 30 个属在各个采样点中的组成情况, 结果如图 9(c) 所示。不动杆菌属 (Acinetobacter) 是一类条件致病菌^[34,35], 调查发现该

类群在长江干流、支流和湖库等各区域广泛分布, 其中丹江口水库其丰度相对较高。丹江口水库是南水北调中线的输水水源地, 保障其水质安全至关重要, 本研究结果和已有研究结果一致^[36], 建议对丹江口水库水体中的病原菌作进一步监测调查。CL500-29_marine_group 是一类适宜在高营养盐水体中生长繁殖的细菌^[28], 本研究调查发现该类群沿着长江干流 (长江源区→金沙江→长江上游→长江中下游) 相对丰度呈增加趋势, 由于长江干流自西向东人类活动逐渐增强, 水体营养盐水平也逐渐升高, 因此可能引起了该类群相对丰度上的变化。uncultured_bacterium_f_clade_III 是一类无法获取准确物种注释信息的细菌, 该类群在长江的干流、部分支流和湖库也具有相对较高的丰度, 说明长江流域仍然存在着较多无法获取准确物种注释信息的细菌, 需要进一步调查研究。

3 结论

(1) 长江流域范围广阔, 其浮游细菌的群落组



(a)河流和湖库区域共有和特有的 OTU 序列数；(b)河流和湖库区域的群落组成；(c)相对丰度最高的 30 个属在采样点中的占比情况，每一列代表一个采样点，上方标注采样点所属区域。

图 9 长江流域河流和湖库区域浮游细菌群落组成差异

Fig. 9 Different bacterioplankton community composition between the river and lake/reservoir area in the Yangtze River basin

成具有较大的空间异质性。其中,河流区域由于物种丰富度显著高于湖库区域从而具有更高的多样性。 β 多样性分析显示河流区域和湖库区域的组间差异要大于组内差异,其中对河流区域影响较大的环境因子为温度,对湖库区域影响较大的环境因子为 pH。

(2)河流区域细菌的代谢活动(例如氮循环)相对湖库区域更强,其生物学功能也多和异养功能相关,其主要原因可能在于水动力条件的不同和富集的环境因子不同;

(3)湖库区域富集的环境因子和藻类密切相关,富集的物种和生物学功能均和蓝藻关系密切,种种迹象表明湖库区域相对具有更高的蓝藻水华暴发风险;

(4)对于长江流域各区域,长江干流自西向东营养盐水平存在着上升的趋势,引起了相关物种相对丰度的升高;整体上营养水平较低的区域浮游细菌群落多样性较低,营养水平较高的区域浮游细菌

群落多样性较高。

参考文献:

[1] 王琪, 于爽, 蒋萍萍, 等. 长江流域主要干/支流水化学特征及外源酸的影响[J]. 环境科学, 2021, 42(10): 4687-4697. Wang Q, Yu S, Jiang P P, et al. Water chemical characteristics and influence of exogenous acids in the Yangtze River basin[J]. Environment Science, 2021, 42(10): 4687-4697.

[2] Xuan L X, Sheng Z L, Lu J Q, et al. Bacterioplankton community responses and the potential ecological thresholds along disturbance gradients[J]. Science of the Total Environment, 2019, 696, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134015.

[3] 吴晓冰, 叶飞, 姜毅, 等. 长江干流浮游细菌群落结构及影响因素[J]. 长江流域资源与环境, 2019, 28(7): 1652-1662.

Wu X B, Ye F, Jiang Y, et al. Bacterioplankton community structure in the mainstream of Yangtze River and driving factors[J]. Resources and Environment in the Yangtze Basin, 2019, 28(7): 1652-1662.

[4] 但言, 沈子伟, 余凤琴, 等. 嘉陵江合川段秋季微生物多样性研究[J]. 淡水渔业, 2019, 49(1): 3-8.

Dan Y, Shen Z W, Yu F Q, et al. The research on microbial diversity of Hechuan reach for Jialing River in autumn[J]. Freshwater Fisheries, 2019, 49(1): 3-8.

- [5] 吴娅, 王雨春, 胡明明, 等. 三峡库区典型支流浮游细菌的生态分布及其影响因素[J]. 生态学杂志, 2015, **34**(4): 1060-1065.
Wu Y, Wang Y C, Hu M M, *et al.* Ecological distribution and its influencing factors of bacterioplankton in the typical tributaries of three gorges reservoir[J]. Chinese Journal of Ecology, 2015, **34**(4): 1060-1065.
- [6] 张菲, 田伟, 孙峰, 等. 丹江口库区表层浮游细菌群落组成与 PICRUSt 功能预测分析[J]. 环境科学, 2019, **40**(3): 1252-1260.
Zhang F, Tian W, Sun F, *et al.* Community structure and predictive functional analysis of surface water bacterioplankton in the Danjiangkou Reservoir[J]. Environmental Science, 2019, **40**(3): 1252-1260.
- [7] 黄小兰, 简正军, 叶长盛, 等. 鄱阳湖河湖交错带枯水期水体细菌群落空间分布[J]. 微生物学通报, 2021, **48**(6): 1862-1873.
Huang X L, Jian Z J, Ye C S, *et al.* Spatial distribution of bacterial community in River-lake ecotone of Poyang Lake during dry season[J]. Microbiology China, 2021, **48**(6): 1862-1873.
- [8] 蒋莹莹, 潘晶, 王晓敏, 等. 巢湖完全氨氧化细菌的丰度、群落结构及其影响因素研究[J]. 环境科学学报, 2020, **40**(4): 1260-1268.
Jiang Y Y, Pan J, Wang X M, *et al.* Research on abundance, community structure and influencing factors of complete ammonia oxidizing (comammox) bacteria in Chaohu Lake[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2020, **40**(4): 1260-1268.
- [9] Liu T, Zhang A N, Wang J W, *et al.* Integrated biogeography of planktonic and sedimentary bacterial communities in the Yangtze River[J]. Microbiome, 2018, **6**(1), doi: 10.1186/s40168-017-0388-x.
- [10] Callahan B J, Wong J, Heiner C, *et al.* High-throughput amplicon sequencing of the full-length 16S rRNA gene with single-nucleotide resolution[J]. Nucleic Acids Research, 2019, **47**(18), doi: 10.1093/nar/gkz569.
- [11] HJ 897-2017, 水质 叶绿素 a 的测定 分光光度法[S].
HJ 897-2017, Water quality-determination of chlorophyll a-spectrophotometric method[S].
- [12] SL 91.1-1994, 二氧化硅(可溶性)的测定(硅钼黄分光光度法)[S].
SL 91.1-1994, Determination of silica (dissolver) (Heteropoly blue method)[S].
- [13] Kurobe T, Baxa D V, Mioni C E, *et al.* Identification of harmful cyanobacteria in the Sacramento-San Joaquin Delta and Clear Lake, California by DNA barcoding[J]. SpringerPlus, 2013, **2**(1), doi: 10.1186/2193-1801-2-491.
- [14] Martin M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads[J]. EMBnet Journal, 2011, **17**(1): 10-12.
- [15] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, *et al.* Uchime improves sensitivity and speed of chimera detection[J]. Bioinformatics, 2011, **27**(16): 2194-2200.
- [16] Edgar R C. Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST[J]. Bioinformatics, 2010, **26**(19): 2460-2461.
- [17] Becker C G, Longo A V, Haddad C F B, *et al.* Land cover and forest connectivity alter the interactions among host, pathogen and skin microbiome[J]. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 2017, **284**(1861), doi: 10.1098/rspb.2017.0582.
- [18] Dixon P. VEGAN, a package of R functions for community ecology[J]. Journal of Vegetation Science, 2003, **14**(6): 927-930.
- [19] Bolyen E, Rideout J R, Dillon M R, *et al.* Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2[J]. Nature Biotechnology, 2019, **37**(8): 852-857.
- [20] Louca S, Parfrey L W, Doebeli M. Decoupling function and taxonomy in the global ocean microbiome[J]. Science, 2016, **353**(6305): 1272-1277.
- [21] 郭亮, 邢鹏, 蒋伟伟, 等. 沉积物再悬浮对浮游细菌群落结构的影响[J]. 环境科学, 2010, **31**(8): 1909-1917.
Guo L, Xing P, Jiang W W, *et al.* Effects of sediment resuspension on bacterioplankton community composition[J]. Environmental Science, 2010, **31**(8): 1909-1917.
- [22] 吴东浩, 贾更华, 吴浩云. 2007—2019 年太湖藻型和草型湖区叶绿素 a 变化特征及影响因子[J]. 湖泊科学, 2021, **33**(5): 1364-1375.
Wu D H, Jia G H, Wu H Y. Chlorophyll-a concentration variation characteristics of the algae-dominant and macrophyte-dominant areas in Lake Taihu and its driving factors, 2007-2019[J]. Journal of Lake Sciences, 2021, **33**(5): 1364-1375.
- [23] Bidle K D, Azam F. Accelerated dissolution of diatom silica by marine bacterial assemblages[J]. Nature, 1999, **397**(6719): 508-512.
- [24] Meng X L, Chen J J, Li Z F, *et al.* Degraded functional structure of macroinvertebrates caused by commercial sand dredging practices in a flood plain lake[J]. Environmental Pollution, 2020, **263**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114415.
- [25] 沈烽, 赵大勇, 黄睿, 等. 南京玄武湖浮游细菌群落结构的季节变化及其与环境因子的关系[J]. 湖泊科学, 2017, **29**(3): 662-669.
Shen F, Zhao D Y, Huang R, *et al.* Seasonal variation of bacterioplankton community structure in Xuanwu Lake (Nanjing) and its relationship with environmental factors[J]. Journal of Lake Sciences, 2017, **29**(3): 662-669.
- [26] 王松鸽, 赖子尼, 麦永湛, 等. 珠江河网冬季浮游细菌群落结构及其影响因素[J]. 中国水产科学, 2019, **26**(3): 522-533.
Wang S G, Lai Z N, Mai Y Z, *et al.* Bacterioplanktonic community's composition and their environmental impact factors of the Pearl River Delta in winter[J]. Journal of Fishery Sciences of China, 2019, **26**(3): 522-533.
- [27] 朱金山, 秦海兰, 孙启耀, 等. 冬季小流域水体微生物多样性及影响因素[J]. 环境科学, 2020, **41**(11): 5016-5026.
Zhu J S, Qin H L, Sun Q Y, *et al.* Microbial diversity and influencing factors in a small watershed in winter[J]. Environmental Science, 2020, **41**(11): 5016-5026.
- [28] 陈光哲, 姜星宇, 胡洋. 不同营养程度湖泊中细菌群落组成及其分子生态网络特征[J]. 环境科学研究, 2020, **33**(2): 375-384.
Chen G Z, Jiang X Y, Hu Y. Characteristics of bacterial communities and their co-occurrence networks in lake ecosystem with different trophic states[J]. Research of Environmental Sciences, 2020, **33**(2): 375-384.
- [29] 秦伯强. 浅水湖泊湖沼学与太湖富营养化控制研究[J]. 湖泊科学, 2020, **32**(5): 1229-1243.
Qin B Q. Shallow lake limnology and control of eutrophication in Lake Taihu[J]. Journal of Lake Sciences, 2020, **32**(5): 1229-1243.
- [30] 郭赞, 潘越, 黄晓峰, 等. 水动力方式对太湖蓝藻的抑制效果研究[J]. 环境科技, 2021, **34**(2): 38-43.
Guo Y, Pan Y, Huang X F, *et al.* Study on inhibition effect of

- hydrodynamic mode on Cyanobacteria in Taihu Lake [J]. Environmental Science and Technology, 2021, **34**(2): 38-43.
- [31] 周健, 秦伯强. 风浪对湖泊浮游生物影响的研究进展[J]. 水科学进展, 2018, **29**(2): 293-300.
- Zhou J, Qin B Q. A review of the effects of wind waves on plankton in lakes [J]. Advances in Water Science, 2018, **29**(2): 293-300.
- [32] 文新宇, 谌书, 杨远坤, 等. 缓丘地带黄河镇水库微生物群落多样性特征[J]. 应用与环境生物学报, 2021, **27**(6): 1-10.
- Wen X Y, Chen S, Yang Y K, *et al.* Characteristics of microbial community diversity in the gentle hilly area-Huanghe town reservoir [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2021, **27**(6): 1-10.
- [33] Zhang Q Q, Jian S L, Li K M, *et al.* Community structure of bacterioplankton and its relationship with environmental factors in the upper reaches of the Heihe River in Qinghai Plateau [J]. Environmental Microbiology, 2021, **23**(2): 1210-1221.
- [34] 杨淑霞, 范晓华, 钟晓莉, 等. 不动杆菌属的研究进展[J]. 中国医学创新, 2010, **7**(28): 192-194.
- [35] Wang Y, Gong J Y, Li J X, *et al.* Insights into bacterial diversity in compost: Core microbiome and prevalence of potential pathogenic bacteria [J]. Science of the Total Environment, 2020, **718**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.137304.
- [36] 胡愈忻, 彭玉, 李瑞雯, 等. 基于环境 DNA 宏条形码的丹江口水库浮游生物多样性及群落特征[J]. 湖泊科学, 2021, **33**(6): 1650-1659.
- Hu Y X, Peng Y, Li R W, *et al.* Plankton diversity and community characteristics in Danjiangkou Reservoir based on environmental DNA metabarcoding [J]. Journal of Lake Sciences, 2021, **33**(6): 1650-1659.



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)