

目次

疫情期间人为源减排对城市大气氧化性的影响	朱剑蓝, 秦墨梅, 朱嫣红, 胡建林 (617)
不同天气形势对南京地区双高污染的输送及潜在源区分析	秦阳, 胡建林, 孔海江 (626)
不同方法判定南京臭氧生成敏感区的差异	陈柑羽, 李勋, 李琳, 秦墨梅, 谢鸣捷, 王鸣, 李婧伟, 胡建林 (635)
2006~2021年夏半年上海臭氧浓度特征及其大气环流背景分析	郑庆峰, 梁萍, 段玉森, 林燕芬, 张宋嘉, 徐卫忠 (645)
基于大气成分观测网的山西省近地面O ₃ 体积分数分布特征	李莹, 王淑敏, 裴坤宁, 闫世明, 孙鸿博, 张逢生, 高兴艾 (655)
伊宁市夏季大气臭氧生成机制及减排策略	王文婷, 谷超, 李丽明, 李新琪, 郑镇森, 耿春梅, 王晓丽, 杨文 (668)
运城市四季VOCs特征、来源及臭氧形成敏感物种	阴世杰, 刘新翌, 刘亚非, 李晨露, 张晨, 张欢, 王正, 程强 (678)
郑州市秋冬季污染过程中大气VOCs污染特征、来源解析及活性分析	赖梦洁, 张栋, 于世杰, 宋鑫帅, 李晚, 张瑞芹 (689)
郑州市PM _{2.5} 中有机酸的污染特征、来源解析及二次生成	李子涵, 董喆, 尚瑞琪, 孔梓涵, 李晚, 张瑞芹 (700)
中国三大城市群PM _{2.5} 浓度非线性变化分析	吴舒祺, 顾杨旸, 张天岳, 赵文吉 (709)
基于LEAP模型的临港新片区中长期碳排放预测及减排潜力分析	吴琰, 马昊, 任洪波, 郭明星, 陈鹏, 李琦芬 (721)
碳交易背景下中国华北地区碳代谢格局变化	郑宏媚, 沈方, 许光耀, 关欣 (732)
考虑区域特点和车型差异的氢燃料电池汽车全生命周期减碳预测分析	马菁, 蔡旭, 张春梅, 兰利波, 陈轶嵩, 付佩 (744)
我国主要河流水系硝态氮污染特征及定量源解析	韦英怀, 胡敏鹏, 陈丁江 (755)
不同时空尺度下土地利用结构与空间格局对苏州河水质的影响	谭娟, 熊丽君, 王卿, 任志文, 朱丹丹, 王敏 (768)
深圳市2015~2021年雨源型河流水质时空变化及其对降雨的响应	韦必颖, 成建梅, 苏晓煜, 程天舜 (780)
河南黄河改道区浅层地下水化学特征与主控污染源解析	王帅, 任宇, 郭红, 曹文庚, 李祥志, 肖舜禹 (792)
北京西山岩溶地下水化学特征及成因分析	郭高轩, 代垠东, 许亮, 朱琳, 欧志亮, 戚琦, 辛宝东 (802)
店埠河流域地表水-地下水水化学特征及其成因分析	郑涛, 秦先燕, 吴剑雄 (813)
张家口地区枯水期地下水水化学特征及其成因机制分析	金爱芳, 殷秀兰, 李长青, 李文娟, 庞菊梅, 金晓媚 (826)
黄河中下游典型抗性细菌及抗性基因污染分布	闵威, 高明昌, 孙绍芳, 宋茜茜, 邱立平 (837)
制药废水中抗生素抗性的污染特征、检测手段和控制方法	彭安萍, 高虎, 张新波 (844)
水体组分对聚苯乙烯纳米颗粒聚沉行为的影响	汤端阳, 郑文丽, 陈关潼一, 陈思莉, 陈尧, 赵晓丽, 汪浩 (854)
富磷废弃钙基生物炭对水体中铅的去除	刘天, 吕思璐, 杜兴国, 程敏, 谢燕华 (862)
壳聚糖改性生物炭的制备及其对水溶液中Cd ²⁺ 的吸附机制	姜凌, 安靖玥, 岳小琼, 李亚雄, 夏秋乐, 祝婷文佳, 柴丽红 (873)
硼掺杂介孔炭吸附四环素的效能与机制	邹震, 许路, 乔伟, 唐茂森, 金鹏康 (885)
磁性含磷油茶壳生物炭对水中磺胺甲噁唑的吸附特性	韩帅鹏, 唐李文, 刘勤, 林家亮, 李晚慢, 程建华, 胡勇有 (898)
广东省高分辨率温室气体排放清单及特征	卢清, 唐明双, 廖彤, 黄志炯, 钟庄敏, 宋佩珊, 沈劲, 张智胜, 梁小明, 孙家仁, 陈来国 (909)
辽河口“退塘还湿”修复区生态系统CO ₂ 交换及其环境调控	刘思琪, 陈虹, 邢庆会, 程浩, 韩建波, 徐雪梅 (920)
生物炭施用两年后对热带地区稻菜轮作土壤N ₂ O和CH ₄ 排放的影响	胡煜杰, 唐瑞杰, 胡天怡, 陈琦琦, 汤水荣, 阮延正, 孟磊 (929)
生物炭改良盐碱地研究与应用进展	魏盈, 焦乐, 张鹏, 刘福德, 肖辉, 董昱辰, 代红文 (940)
免耕对农田土壤团聚体的影响研究: Meta分析	徐艺萍, 饶越悦, 孟艳, 温媛, 孟维伟, 王旭清, 李宗新, 刘开昌, 代红翠 (952)
黔中喀斯特地区典型县域碳储量时空演变及多情景模拟预测: 以普定县为例	李月, 罗红芬 (961)
不同改良剂对酸性紫色土团聚体和有机碳的影响	李越, 徐曼, 谢永红, 王颖, 黄容, 谢军, 王子芳, 高明 (974)
Ca改性生物炭对土壤磷赋存形态影响及稳定化机制	张超, 翟付杰, 单保庆 (983)
秦岭中段不同恢复阶段弃耕农田植物多样性变化及其驱动因素	闫成龙, 薛悦, 王艺菲, 康海斌, 王得祥 (992)
我国典型制药厂污染场地中抗生素的污染特征及生态风险	杨炯彬, 黄争, 赵建亮, 何良英, 刘有胜, 胡立新, 石义静, 应光国 (1004)
广州市土壤多环芳烃污染特征及风险评估	邹子航, 陈莲, 张培珍, 王雨茜, 王振江, 林森, 唐翠明, 罗国庆, 钟建武, 李智毅, 王圆 (1015)
基于源导向的土壤重金属风险评价及管控因子分析	潘泳兴, 陈盟, 王楠楠 (1026)
基于Monte-Carlo模拟的湖南省典型工厂周边农田土壤重金属区域潜在生态风险特征及来源解析	罗豪杰, 潘俊, 陈小霞, 张敏, 沈良辰, 李歆, 丁平, 蔡丹, 蔡立梅, 胡国成 (1038)
基于参数优化和蒙特卡罗模拟的砷污染地块健康风险评估	袁贝, 刘虎鹏, 杜平, 陈娟, 张云慧, 张昊 (1049)
基于APCS-MLR和PMF模型的赤泥堆场周边耕地土壤重金属污染源解析	沈智杰, 李杰芹, 李彩霞, 廖泽源, 梅楠, 罗程钟, 王定勇, 张成 (1058)
PE-Cd复合污染土壤中Cd释放迁移特征及机制	王迪, 徐绍辉, 邵明艳, 林青 (1069)
氯代乙烯的厌氧微生物还原脱氯特性	李伟, 刘贵平, 刘峻, 吕良华, 乔文静, 余欣, 张晚晓, 蒋建东 (1080)
昭通市农田土壤和蔬菜重金属污染评价及相关性分析	张好, 董春雨, 杨海婵, 孙思静, 韩宇, 黄祖志, 张乃明, 包立 (1090)
钝化剂对轻中度镉污染农田的安全利用效果	王晓晶, 张东明, 曹阳, 吕家琰, 代允超 (1098)
氧化石墨烯负载铁锰复合材料对镉污染土壤的钝化修复	袁婧, 吴骥子, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣, 赵科理 (1107)
关键生育期施加外源灌溉水对水稻镉吸收转运的影响	周霞, 胡雨丹, 周航, 陈琼, 谭文韬, 曾鹏, 辜娇峰, 廖柏寒 (1118)
外源锌对镉胁迫下玉米幼苗生长及根系构型分级的影响	张辉红, 魏畅, 柳海涛, 张静静, 刘芳, 赵颖, 张雪海, 李鸽子, 姜瑛 (1128)
稀土元素铈对镉胁迫下小麦幼苗生长的缓解效应	张静静, 徐正阳, 焦秋娟, 范丽娜, 刘芳, 赵颖, 宋佳, 化党领, 李鸽子, 柳海涛 (1141)
根施伯克氏菌对小麦镉吸收转运的两段式阻控作用	郭佳佳, 王常荣, 刘仲齐, 黄青青, 张长波, 黄永春, 薛卫杰, 孙约兵 (1150)
高密度聚乙烯微塑料与氯噻磺隆对大豆生长和根际细菌群落的复合胁迫效应	胡晓玥, 滑紫微, 姚伦广, 杜丽, 牛秋红, 李玉英, 闫路, 陈兆进, 张浩 (1161)
微塑料的人体富集及毒性机制研究进展	包亚博, 王成尘, 彭吾光, 依代倩, 向萍 (1173)
机器学习在微塑料识别与环境风险评估中的应用研究进展	白润昊, 范瑞琪, 刘琪, 刘勤, 严昌荣, 崔吉晓, 何文清 (1185)
微塑料与农田土壤中典型污染物的复合污染研究进展	侯宇晴, 李冰, 王金花, 宋文慧, 王兰君, 王军, 朱鲁生 (1196)
水中微/纳塑料电化学检测及去除的研究进展	郑伟康, 刘振中, 项晓方 (1210)
基于分布式认知理论的农户面源污染治理支付意愿影响因素	郭晨浩, 李林霏, 夏显力 (1222)

高密度聚乙烯微塑料与氯嘧磺隆对大豆生长和根际细菌群落的复合胁迫效应

胡晓玥¹, 滑紫微¹, 姚伦广¹, 杜丽², 牛秋红¹, 李玉英², 闫路², 陈兆进^{2*}, 张浩^{1*}

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

摘要: 随着我国农业的大力发展, 塑料地膜和农药被广泛投入到农业生产中, 而塑料地膜降解形成的微塑料和农药在土壤中累积也带来诸多环境问题。目前微塑料与农药单一作用的环境生物学效应已有报道, 但两者复合胁迫对作物生长和根际土壤细菌群落的影响研究较少。因此, 设计高密度聚乙烯微塑料(HDPE, 500目)与磺酰脲类除草剂代表品种氯嘧磺隆共处理, 研究其对大豆生长的影响, 并通过高通量测序技术、互作网络和PICRUST2功能分析, 探究HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫对大豆根际土壤细菌群落多样性、结构组成、菌群网络和土壤功能的影响, 阐明HDPE和氯嘧磺隆对大豆的复合毒性。结果表明1% HDPE处理延长氯嘧磺隆在土壤中的半衰期(由11.5 d升至14.3 d), 并且HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫较单一污染物对大豆生长的影响更为明显。HiSeq 2500测序表明复合胁迫下的大豆根际细菌群落由20个门、312个属组成, 门和属的组成数量显著少于对照和单一处理, 并降低具有潜在生物防治特性、植物促生特性等功能菌属的相对丰度(如 *Nocardioides* 和 *Sphingomonas* 等)。Alpha多样性表明复合胁迫显著降低大豆根际细菌群落的丰富度与多样性, Beta多样性则表明复合胁迫显著改变大豆根际细菌群落结构。组间样品LEfSe和PICRUST2功能分析表明复合胁迫调控根际细菌群落的优势菌群, 并减弱土壤氨基酸代谢、能量代谢和脂质代谢等二级功能层的丰度占比。由属水平网络分析推测复合胁迫降低土壤细菌间的总连接数和网络密度, 使网络结构简单化, 维持网络稳定的重要菌群种类也发生变化。研究结果表明HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫显著影响大豆生长, 并改变大豆根际细菌群落结构、土壤功能和网络结构, 相较于单一处理, 复合胁迫的潜在危害更大。研究结果可为评价聚乙烯微塑料和氯嘧磺隆生态风险, 以及污染土壤修复提供指导。

关键词: 高密度聚乙烯(HDPE); 氯嘧磺隆; 大豆; 高通量测序; 网络分析; PICRUST2功能分析

中图分类号: X171.5 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)02-1161-12 DOI: 10.13227/j.hjxx.202304023

Effects of Combined Stress of High Density Polyethylene Microplastics and Chlorimuron-ethyl on Soybean Growth and Rhizosphere Bacterial Community

HU Xiao-yue¹, HUA Zi-wei¹, YAO Lun-guang¹, DU Li², NIU Qiu-hong¹, LI Yu-ying², YAN Lu², CHEN Zhao-jin^{2*}, ZHANG Hao^{1*}

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

Abstract: With the vigorous development of agriculture in China, plastic mulch film and pesticides are widely used in agricultural production. However, the accumulation of microplastics (formed by the degradation of plastic mulch film) and pesticides in soil has also caused many environmental problems. At present, the environmental biological effects of microplastics or pesticides have been reported, but there are few studies on the combined effects on crop growth and the rhizosphere soil bacterial community. Therefore, in this study, the high density polyethylene microplastics (HDPE, 500 mesh) were designed to be co-treated with sulfonyleurea herbicide chlorimuron-ethyl to study their effects on soybean growth. In addition, the effects of the combined stress of HDPE and chlorimuron-ethyl on soybean rhizosphere soil bacterial community diversity, structure composition, microbial community network, and soil function were investigated using high-throughput sequencing technology, interaction network, and PICRUST2 function analysis to clarify the combined toxicity of HDPE and chlorimuron-ethyl to soybean. The results showed that the half-life of chlorimuron-ethyl in soil was prolonged by the 1% HDPE treatment (from 11.5 d to 14.3 d), and the combined stress of HDPE and chlorimuron-ethyl had more obvious inhibition effects on soybean growth than that of the single pollutant or control. The HiSeq 2500 sequencing showed that the rhizosphere bacterial community of soybean was composed of 20 phyla and 312 genera under combined stress, the number of phyla and genera was significantly less than that of the control and single pollutant treatment, and the relative abundances of bacteria with potential biological control and plant growth-promoting characteristics (such as *Nocardioides* and *Sphingomonas*) were reduced. Alpha diversity analysis showed that the combined stress significantly reduced the richness and diversity of the soybean rhizosphere bacterial community, and Beta diversity analysis showed that the combined stress significantly changed the structure of the bacterial community. The

收稿日期: 2023-04-03; 修订日期: 2023-05-04

基金项目: 南水北调中线水源区流域生态安全高等学校学科创新引智基地项目(D23015); 河南省重大科技专项(221100320200); 国家自然科学基金项目(U2004145); 河南省研究生联合培养基地项目(YJS2022JD35); 河南省研究生教育创新培养基地项目(YJS2021JD17); 河南省重点研发专项(2211111520600); 河南省科技厅高等学校学科创新引智基地项目(CXJD2019001)

作者简介: 胡晓玥(1998~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为微塑料生态毒性, E-mail: huxiaoyue1103@126.com

* 通信作者, E-mail: zhaojin_chen@163.com; zhanghao660@nynu.edu.cn

dominant flora of the rhizosphere bacterial community were regulated, and the abundances of secondary functional layers such as amino acid metabolism, energy metabolism, and lipid metabolism were reduced under combined stress by the analysis of LEfSe and PICRUST2. It was inferred from the network analysis that the combined stress of HDPE and chlorimuron-ethyl reduced the total number of connections and network density of soil bacteria, simplified the network structure, and changed the important flora species to maintain the stability of the network. The results above indicated that the combined stress of HDPE and chlorimuron-ethyl significantly affected the growth of soybean and changed the rhizosphere bacterial community structure, soil function, and network structure. Compared with that of the single pollutant treatment, the potential risk of combined stress was greater. The results of this study can provide guidance for evaluating the ecological risks of polyethylene microplastics and chlorimuron-ethyl and for the remediation of contaminated soil.

Key words: high density polyethylene (HDPE); chlorimuron-ethyl; soybean; high-throughput sequencing; network analysis; PICRUST2 function analysis

自从 20 世纪 40 年代人类生活中出现第一种塑料以来,全球塑料工业开始兴起。据估计,到 2050 年,大约有 1.2 亿 t 塑料废物将被埋在垃圾填埋场或存在自然环境中。塑料废物会通过太阳辐射、风、环境温度变化、水浸泡和砂砾研磨等过程进一步降解,形成微塑料(直径 5 mm 以下)^[1],其种类主要包括聚乙烯(PE)、聚丙烯(PP)、聚苯乙烯(PS)和聚氯乙烯(PVC)等^[2]。微塑料作为一种新兴的全球范围的环境污染物,在淡水、土壤、公海,甚至极地地区的地表水和沉积物中均被检测到,影响着全球的海洋、淡水和陆地生态系统^[3,4],也受到科学界的广泛关注。陆地生态系统中的微塑料主要来源于农田塑料地膜的降解,以聚乙烯(polyethylene, PE)为主要成分的塑料地膜在我国已经广泛应用 40 多年,其产量和用量均居世界首位,而高密度聚乙烯(high density polyethylene, HDPE)是农业地膜中最常使用的塑料。在我国农业生产中,农户大量使用 HDPE 农用地膜以达到提高作物产量目的,但由于环保意识淡薄以及农膜回收技术欠缺导致覆膜回收率较低,风化分解而成的微塑料带来严重的环境污染问题^[5]。HDPE 农用地膜残留会提高耐受性微生物群落丰度,并改变土壤结构和理化性质,损害作物生长。此外,微塑料具有较大的比表面积和较强的疏水性,可吸附多种农药,影响其生态效应^[6~8]。

氯嘧磺隆是美国杜邦公司开发的磺酰脲类除草剂代表品种之一^[9],因其高效、杀草谱广和针对性强等特点,在 20 世纪 90 年代初期,氯嘧磺隆及其复配制剂在我国得到广泛应用。但其不易挥发、不易光解且半衰期长,土壤中较低残留便会对后茬敏感作物产生药害,导致农作物产量减少,并且氯嘧磺隆易随降水渗透至地表及地下,引发地下水及局部饮用水源的污染,从而造成潜在的环境和健康风险^[10]。此外,氯嘧磺隆喷施以后进入土壤,影响土壤微生物及其活性,改变群落结构和土壤生物学功能,且在短期内很难恢复^[11]。

土壤是储存和供应养分、进行碳周转和元素生物地球化学循环的介质。土壤微生物是土壤最活跃的组成,是评价土壤健康的关键生物指标^[12]。在土壤

系统中,根际是土壤中植物根系和微生物相互作用的生物活性区,而根际微生物是其中的重要组成成分,可以活化土壤中难溶的营养物质,促进植物的营养吸收,合成或降解植物激素,促进植物生长,协助植物抵抗病害和非生物胁迫(干旱、重金属等),而根际土壤微生物群落结构与功能多样性的改变均能反映土壤质量和健康状况^[13,14]。目前关于单一污染物,如微塑料、有机农药等对作物根际土壤微生物的影响已有报道^[15,16],但关于两者的复合胁迫效应研究较少。

大豆是我国重要的粮食作物和油料作物,也是我国重要的进口农产品。在我国的种植面积占主要作物播种面积的 8% 左右。大豆覆膜栽培是一项有效的高产栽培技术,可增加作物干物质的积累,提高产量^[17]。而氯嘧磺隆作为一种选择性芽前和芽后除草剂,主要用于大豆田防除阔叶杂草^[18]。但随之而来的微塑料与氯嘧磺隆在农田土壤中的复合胁迫问题也不容小觑。因此,本文以大豆作为供试植物,以高密度聚乙烯微塑料(HDPE)和氯嘧磺隆为研究对象,分析复合胁迫下对大豆生长的影响,并通过高通量测序技术和网络分析,探究 HDPE 和氯嘧磺隆复合胁迫对大豆根际土壤细菌群落多样性、结构组成和互作网络的影响,结合 PICRUST2 功能分析土壤功能的变化,阐明 HDPE 和氯嘧磺隆对大豆的复合毒性,以期评价 HDPE 与氯嘧磺隆复合胁迫下生态环境风险以及为后续污染土壤的修复提供指导。

1 材料与方法

1.1 实验材料

氯嘧磺隆购自南京格雷福斯生物科技有限公司,纯度 97%。高密度聚乙烯(HDPE, 500 目)购自东莞鑫森新材料有限公司,无毒,无味,密度为 $0.941 \sim 0.960 \text{ g} \cdot \text{cm}^{-3}$,结晶度为 80%~90%,软化点为 $125 \sim 135^\circ\text{C}$ 。实验土壤采集地点为河南省南阳市的大豆种植基地($32^\circ 59' \text{N}$, $112^\circ 32' \text{E}$),土壤类型为黄棕壤,自然风干后过 2 mm 筛,待用。理化性质为: ω (有机质) $19.6 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, ω (总氮) $1.07 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, ω (总磷) $0.89 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, ω (总钾) $15.16 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$, pH 7.2。

1.2 大豆种子处理

大豆品种为中黄 37, 购自南京雷克顿生物科技有限公司. 将大豆种子置于无菌水中并浸泡 12 h 后, 转移至 8% 的 NaClO 中振荡消毒 5 min, 无菌水清洗 5 次, 置于湿润的无菌纱布上, 25℃ 避光萌发 2 d. 挑选萌发良好的种子接种至霍格兰营养液中, 以 25℃, 11 h 光照, 18℃, 13 h 黑暗为一周期, 培养 3 d 待用.

1.3 HDPE 和氯嘧磺隆对大豆生长的影响

取过筛后的供试土壤装入盆钵中 (1.0 kg·盆⁻¹), 并设置 4 个处理, 分别为: 不添加 HDPE 和氯嘧磺隆 (CK), 添加 1% HDPE (质量分数, PE), 添加 1 mg·kg⁻¹ 氯嘧磺隆 (L), 添加 1% HDPE 和 1 mg·kg⁻¹ 氯嘧磺隆 (LP). 选取长势一致的大豆幼苗转移至上述 4 种不同处理的土壤中生长, 设置培养箱条件为 35℃, 16 h 光照, 25℃, 8 h 黑暗, 连续培养 20 d 后, 将各处理中的幼苗拔出, 测定茎叶鲜重、干重、根系鲜重和干重, 并利用抖落法收集根际土^[19], 每组处理设置 3 个重复.

1.4 HDPE 对土壤中氯嘧磺隆半衰期的影响

本实验方法如 1.3 节, 其中针对 1 mg·kg⁻¹ 氯嘧磺隆 (L)、1% HDPE 和 1 mg·kg⁻¹ 氯嘧磺隆 (LP) 的处理, 分别于 0、1、3、5、7、9、14、18 和 20 d 取大豆根际土, 测定土壤中氯嘧磺隆残留含量, 每个处理设置 3 个重复.

1.5 大豆根际土壤细菌总 DNA 的提取、高通量测序和数据分析

利用土壤 DNA 提取试剂盒 (FastDNA[®] SPIN Kit for Soil, MP Biomedicals[™]) 提取 4 个处理培养 20 d 的根际土壤总 DNA. 利用 NanoDrop OneC 超微量紫外分光光度计测定 DNA 浓度与纯度, 合格样品寄送至北京百迈客生物科技有限公司. 根据 16S rRNA 基因 V3-V4 区序列设计引物, 在引物末端加上测序接头, 进行 PCR 扩增并对其产物进行纯化、定量和均一化, 形成测序文库, 同时进行文库质检, 质检合格后用 Illumina HiSeq 2500 进行测序, 每组处理设置 3 个重复.

高通量测序所得的原始数据 (raw reads) 首先通过 Trimmomatic v0.33 软件, 进行过滤, 然后利用 cutadapt 1.9.1 软件进行引物序列的识别与去除, 得到不包含引物序列的 clean reads, 利用 FLASH v1.2.7 软件, 通过 overlap 对每个样品的 reads 进行拼接, 得到 clean reads. 再利用 UCHIME v4.2 软件鉴定并去除嵌合体序列, 得到最终有效数据 (effective reads). 为研究各样本的物种组成, 对所有样本的有效数据, 通过 Usearch 软件对 OTUs (operational taxonomic units) 进行聚类 (97% 的一致性), 并对 OTUs 的序列进行物种注释. 根据物种注释结果, 选取不同样本在门

(phylum) 和属 (genus) 水平相对丰度较高的物种, 生成物种相对丰度柱形累加图, 以便直观查看各样本在不同分类水平上的物种及其比例. 基于 OTU 进行 Alpha 多样性分析 (丰富度指数 Chao1、ACE 和多样性指数 Shannon 和 Simpson), 通过 QIIME 计算 Beta 多样性距离矩阵, 并利用 R 语言工具对样品进行层次聚类 (UPGMA, unweighted pair-group method with arithmetic mean), 以判断各样品间物种组成的相似性. 同时进行 PCoA (principal co-ordinates analysis) 统计分析, 可视化呈现不同样本群落组成的差异程度. 通过 R 语言工具, 基于 weighted unifracs 距离算法得到样品间的距离矩阵, 绘制样品热图 (heatmap), 可根据颜色梯度的变化判断样品间的差异性, 通过 PERMANOVA/Anosim 对样品差异进行显著性分析. 利用 LEfSe 检验, 分析属水平下组间具有显著差异的物种 ($P < 0.05$). 利用 PICRUST2 软件将待预测的特征序列与软件中已有的系统发育树进行物种注释, 使用 IMG 微生物基因组数据进行功能信息的输出, 进而推测样本中的功能基因组成, 从而分析不同样品之间在功能上的差异. 根据不同物种在各个样品中的丰度以及变化情况, 进行斯皮尔曼 (Spearman) 秩相关分析并筛选相关性大于 0.1 且 P 值小于 0.05 的数据构建相关性网络. 基于网络图的分析, 可以获得物种在环境样本中的共存关系, 推测物种在同一环境下的相互作用情况及重要的模式信息.

2 结果与分析

2.1 HDPE 与氯嘧磺隆对大豆生长的影响

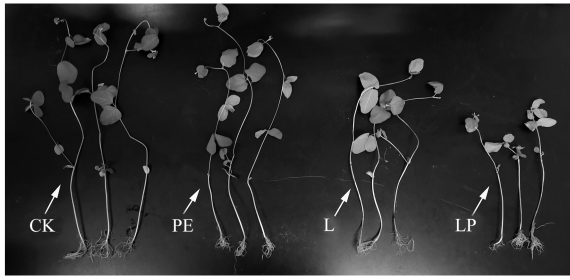
与对照 (CK) 相比, HDPE (PE)、氯嘧磺隆 (L) 单一及两者复合处理 (LP) 均能抑制大豆的生长 (表 1 和图 1), 其中 PE 处理对茎叶鲜重、根鲜重和茎叶干重的抑制率分别为 22.4%、20.0% 和 23.5%, L 处理的抑制率分别为 25.1%、26.7% 和 26.5%, LP 处理的抑制率最高, 分别为 61.0%、46.7% 和 61.8%, 对根干重的抑制率也达到 33.3%, 均达到显著差异水平 ($P < 0.05$).

表 1 大豆根茎叶第 20 d 生长情况¹⁾/g

处理	茎叶鲜重	根鲜重	茎叶干重	根干重
CK	2.23±0.11a	0.15±0.04a	0.34±0.02a	0.03±0.00a
PE	1.73±0.58a	0.12±0.01ab	0.26±0.03b	0.03±0.01ab
L	1.67±0.11a	0.11±0.01ab	0.25±0.04b	0.03±0.01ab
LP	0.87±0.22b	0.08±0.01b	0.13±0.06c	0.02±0.01b

2.2 土壤中氯嘧磺隆残留动态

大豆根际土壤中氯嘧磺隆的残留动态如图 2 所示, 氯嘧磺隆土壤中的降解规律符合化学一级动力



1) CK: 添加无菌水处理的土壤, PE: 添加 1% HDPE 处理的土壤, L: 添加 $1 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 氯嘧磺隆处理的土壤, LP: 添加 1% HDPE 和 $1 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$ 氯嘧磺隆处理的土壤; 同列不同小写字母表示在 $P < 0.05$ 水平差异显著

图1 大豆根茎叶生长情况

Fig. 1 Growth of soybean roots, stems, and leaves

学反应:

$$R = C_0 e^{-Kt}$$

$$T_{0.5} = \ln(2/K)$$

式中, C_0 为土壤中的初始氯嘧磺隆含量 ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), R 为 t 时土壤中的氯嘧磺隆含量 ($\text{mg} \cdot \text{kg}^{-1}$), t 为培养时间 (d), K 为农药的降解速率常数, $T_{0.5}$ 为氯嘧磺隆降解半衰期. 未添加 HDPE 的处理中, 初始 ω (氯嘧磺隆) 为 $0.83 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 20 d 后降为 $0.25 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 降解速率常数为 0.060 3, 半衰期为 11.5 d. 加入 HDPE 后, 初始 ω (氯嘧磺隆) 为 $0.79 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 20 d 后降为 $0.30 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 降解速率常数为 0.048 5, 半衰期增加至 14.3 d. 由此可知, HDPE 的存在降低土壤中氯嘧磺隆的降解速率, 延长其在土壤中的半衰期, 表明 HDPE 与氯嘧磺隆复合胁迫所造成的潜在危害更大, 与大豆生长结果一致.

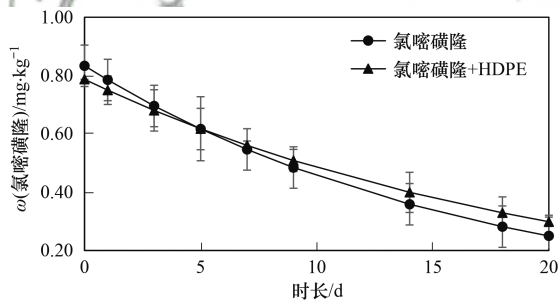


图2 氯嘧磺隆在不同处理下的残留动态

Fig. 2 Degradation of chlorimuron-ethyl in different treatments

2.3 大豆根际土壤细菌群落物种组成和 Alpha、Beta 多样性分析

大豆根际土壤细菌群落在门与属水平上的组成差异如图 3 和图 4 所示, CK 条件下土壤细菌群落由 23 个门, 408 个属组成, PE 处理土壤由 22 个门, 389 个属组成, L 处理土壤由 23 个门, 390 个属组成, 三者门与属水平上的组成数量差别不大, 但 LP 处理土壤则由 20 个门, 312 个属组成, 属水平组成数量上显著降低. 各处理在门水平上 ($>1\%$) 主要由厚壁菌门

(Firmicutes, CK: 27.7%, L: 3.7%, LP: 39.0%, PE: 49.7%)、变形菌门 (Proteobacteria, CK: 16.8%, L: 33.5%, LP: 16.7%, PE: 13.5%)、放线菌门 (Actinobacteria, CK: 21.8%, L: 30.8%, LP: 2.8%, PE: 6.4%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes, CK: 14.9%, L: 4.8%, LP: 18.8%, PE: 20.7%)、疣微菌门 (Verrucomicrobia, CK: 8.8%, L: 3.9%, LP: 19.5%, PE: 6.1%)、酸杆菌门 (Acidobacteria, CK: 1.7%, L: 7.0%, LP: 1.1%, PE: 0.8%)、芽单胞菌门 (Gemmatimonadetes, CK: 1.9%, L: 5.5%, LP: 0.2%, PE: 0.5%)、蓝藻门 (Cyanobacteria, CK: 3.6%, L: 1.1%, LP: 0.7%, PE: 0.8%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, CK: 1.5%, L: 4.1%, LP: 0.2%, PE: 0.3%) 和酸骨细菌门 (Patescibacteria, CK: 0.5%, L: 4.0%, LP: 0.2%, PE: 0.3%) 等组成. 厚壁菌门、变形菌门、变形菌门和拟杆菌门为各条件下的优势菌群, 但各物种的相对丰度存在差异. 与 CK 相比, L 处理显著降低厚壁菌门 (由 27.7% 降至 3.7%) 和拟杆菌门的相对丰度 (由 14.9% 降至 4.8%), 但提高变形菌门 (由 16.8% 升至 33.5%) 和放线菌门的相对丰度 (由 21.8% 升至 30.8%). PE 处理降低变形菌门的相对丰度 (由 16.8% 降至 13.5%), 但显著提高厚壁菌门的相对丰度 (由 27.7% 升至 49.7%). LP 则显著降低放线菌门的相对丰度 (由 21.8% 降至 2.8%), 提高厚壁菌门 (由 27.7% 升至 39.0%)、疣微菌门 (由 8.8% 升至 19.5%) 和拟杆菌门 (由 14.9% 升至 18.8%) 的相对丰度. 此外, LP 处理也降低变形菌门、酸杆菌门、芽单胞菌门、蓝藻门、绿弯菌门和酸骨细菌门的相对丰度.

各处理在属水平上 ($>0.5\%$) 主要由阿克曼氏菌属 (*Akkermansia*, CK: 8.6%, PE: 6.0%, L: 2.7%, LP: 19.3%)、乳杆菌属 (*Lactobacillus*, CK: 4.7%, PE: 4.8%, L: 0.8%, LP: 7.4%)、脱硫弧菌属 (*Desulfovibrio*, CK: 3.2%, PE: 2.8%, L: 0.8%, LP: 8.0%)、类诺卡氏菌属 (*Nocardioide*s, CK: 5.4%, PE: 1.3%, L: 8.0%, LP: 0.2%)、鞘氨醇单胞菌属 (*Sphingomonas*, CK: 2.1%, PE: 0.4%, L: 6.6%, LP: 0.2%) 等组成. 与 CK 相比, LP 显著提高阿克曼氏菌属、乳杆菌属和脱硫弧菌属的相对丰度, PE 和 L 处理则降低其相对丰度. LP 处理显著降低类诺卡氏菌属和鞘氨醇单胞菌属的相对丰度, PE 处理同样降低其相对丰度, 但抑制效果不如 LP 处理, L 处理则提高类诺卡氏菌属和鞘氨醇单胞菌属的相对丰度. 结果表明 L 和 PE 处理对上述菌群的相对丰度均有影响, 但 LP 处理的影响更为明显, 并且变化不一致.

土壤细菌群落 Alpha 多样性指数分析结果如表 2

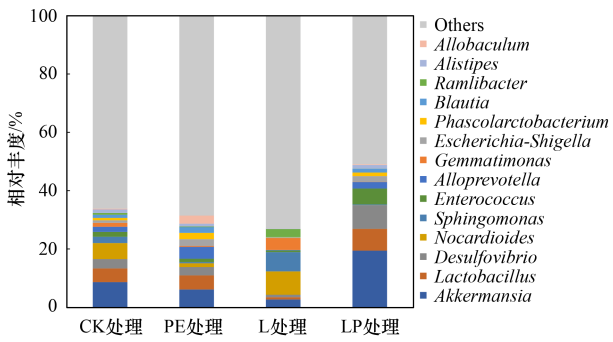


图3 不同处理土壤细菌属水平的相对丰度
Fig. 3 Relative abundance of bacterial community at genus level in soil with different treatments

所示,CK条件下,大豆根际细菌群落丰富度指数(ACE、Chao1)和多样性指数(Simpson、Shannon)最高,而L、PE和LP处理均会降低细菌群落的丰富度

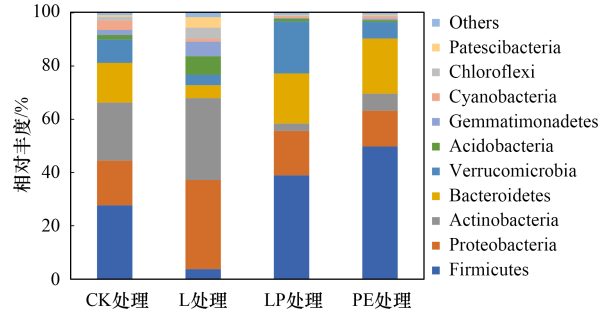


图4 不同处理土壤细菌门水平的相对丰度
Fig. 4 Relative abundance of bacterial community at phylum level in soil with different treatments

指数和多样性指数.显著性分析表明PE和L处理土壤的丰富度与多样性指数与CK无显著差异,而LP处理下土壤细菌群落的丰富度和多样性指数均显著低于CK以及另外两种处理($P < 0.05$)

表2 不同土壤样品细菌群落Alpha多样性指数分析¹⁾

Table 2 Alpha diversity analysis of bacterial community in different soil samples

处理	ACE 指数	Chao1 指数	Simpson 指数	Shannon 指数
CK	1 245±43a	1 258±37a	0.98±0.01a	7.75±0.23a
PE	1 193±41a	1 206±46a	0.98±0.01a	7.62±0.07a
L	1 191±29a	1 192±28a	0.98±0.01a	7.67±0.48a
LP	867±49b	907±72b	0.95±0.01b	6.72±0.22b

1)CK:未经处理的大豆根际土壤,PE:添加1% HDPE处理的大豆根际土壤,L:添加1 mg·kg⁻¹氯噻磺隆处理的大豆根际土壤,LP:添加1% HDPE和1 mg·kg⁻¹氯噻磺隆处理的大豆根际土壤;同列不同小写字母表示组间差异达到显著水平($P < 0.05$)

利用UPGMA和PCoA分析样品差异情况,结果如图5所示.UPGMA分析可知CK和L、PE处理的样品分布在同一个支上,而LP处理样品独立在一个分支上且分支长度相对较长,说明LP处理相较于其他

处理在细菌群落结构上存在较大差异.类似结果同样出现在PCoA分析和样品聚类热图分析中(图6).PERMANOVA/Anosim分析表明不同分组间细菌群落差异达到显著水平($P < 0.05$).

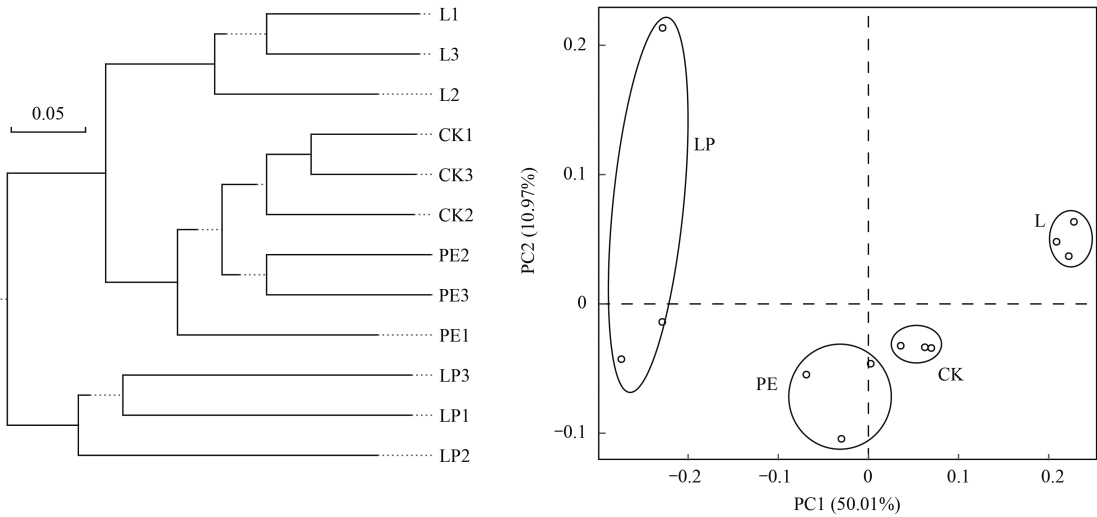


图5 不同处理土壤样品UPGMA和PCoA分析
Fig. 5 UPGMA and PCoA analysis in soil with different treatments

2.4 基于PICRUST2分析土壤细菌功能

利用PICRUST2对不同处理的细菌群落功能进行预测,共得到代谢(metabolism)、环境信息处理(environmental information processing)、遗传信息处

理(genetic information processing)、人类疾病(human diseases)、有机体系统(organismal systems)和细胞进程(cellular processes)6种一级功能生物代谢通路,其中代谢的相对丰度显著高于其他5种功能.

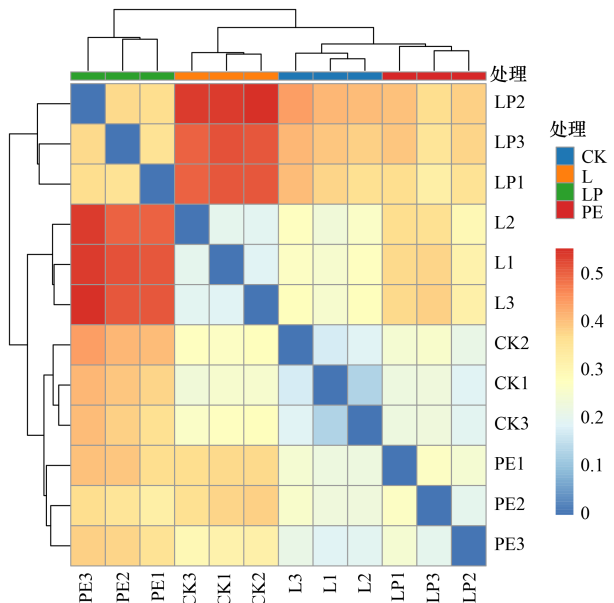


图6 不同处理土壤样品细菌根际群落差异性分析

Fig. 6 Difference analysis of bacterial rhizosphere community in different soil samples

在6种一级功能生物代谢通路下,可分为43种二级功能生物代谢通路.相对丰度前20的二级功能种类中,11种归于代谢,如碳水化合物代谢、氨基酸代谢和能量代谢等,3种归于遗传信息处理,如翻译、复制和修复等,2种归于环境信息处理,如

信号转导等,2种归于细胞进程,如细胞运动等,1种归于有机体系统(内分泌系统),1种归于人类疾病(耐药性)(图7).在此20种二级功能中,与CK相比,LP处理提高大豆根际土壤细菌膜运输、核苷酸代谢、信号转导和翻译等功能的相对丰度,降低氨基酸代谢、能量代谢和脂质代谢等功能的相对丰度,对土壤细菌功能的影响幅度大于L和PE处理.

2.5 组间样品 LEfSe 分析

LEfSe [line discriminant analysis (LDA) effect size] 分析并展示组间在丰度上有显著差异的物种.从图8中可以看出,在不同水平上共发现40个差异菌群(LDA>4.0, $P < 0.05$),其中L处理中有19个差异菌群,属水平上的有类诺卡氏菌属(*Nocardioide*)、沙壤土杆菌属(*Ramlibacter*)和芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)等.LP有11个,属水平上的有脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)、阿克曼氏菌属(*Akkermansia*)、肠球菌属(*Enterococcus*)和乳杆菌属(*Lactobacillus*).PE有10个,属水平上的有志贺氏菌(*Escherichia Shigella*)和别样棒菌属(*Allobaculum*)等.CK条件下不存在显著差异的菌群,不同处理调控不同细菌群落的相对丰度,导致物种组成与结构功能上有所差异.

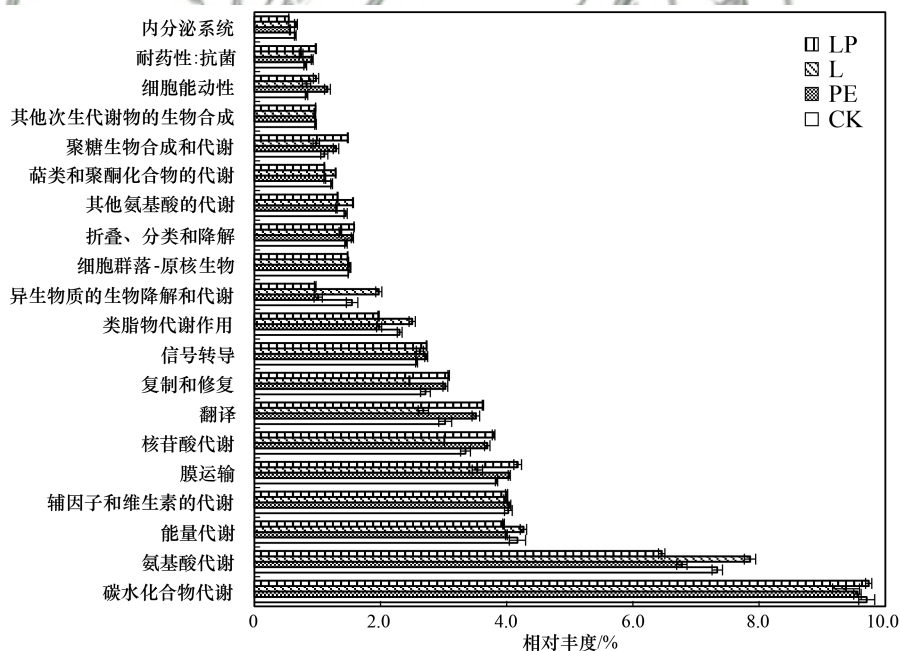


图7 不同土壤样品细菌功能预测

Fig. 7 Prediction of bacterial function in different soil samples

2.6 Network 网络分析

通过斯皮尔曼(Spearman)秩相关分析并筛选相关性大于0.1且 P 值小于0.05的数据构建细菌相关性网络,结果如图9所示.CK条件下,土壤细菌网络

图中的总连接数(total links)为1436个,其中正相关(positive links)736个,负相关(negative links)700个,PE处理的总连接数1236个,其中正相关727个,负相关509个,L处理的总连接数1230个,其中正相关

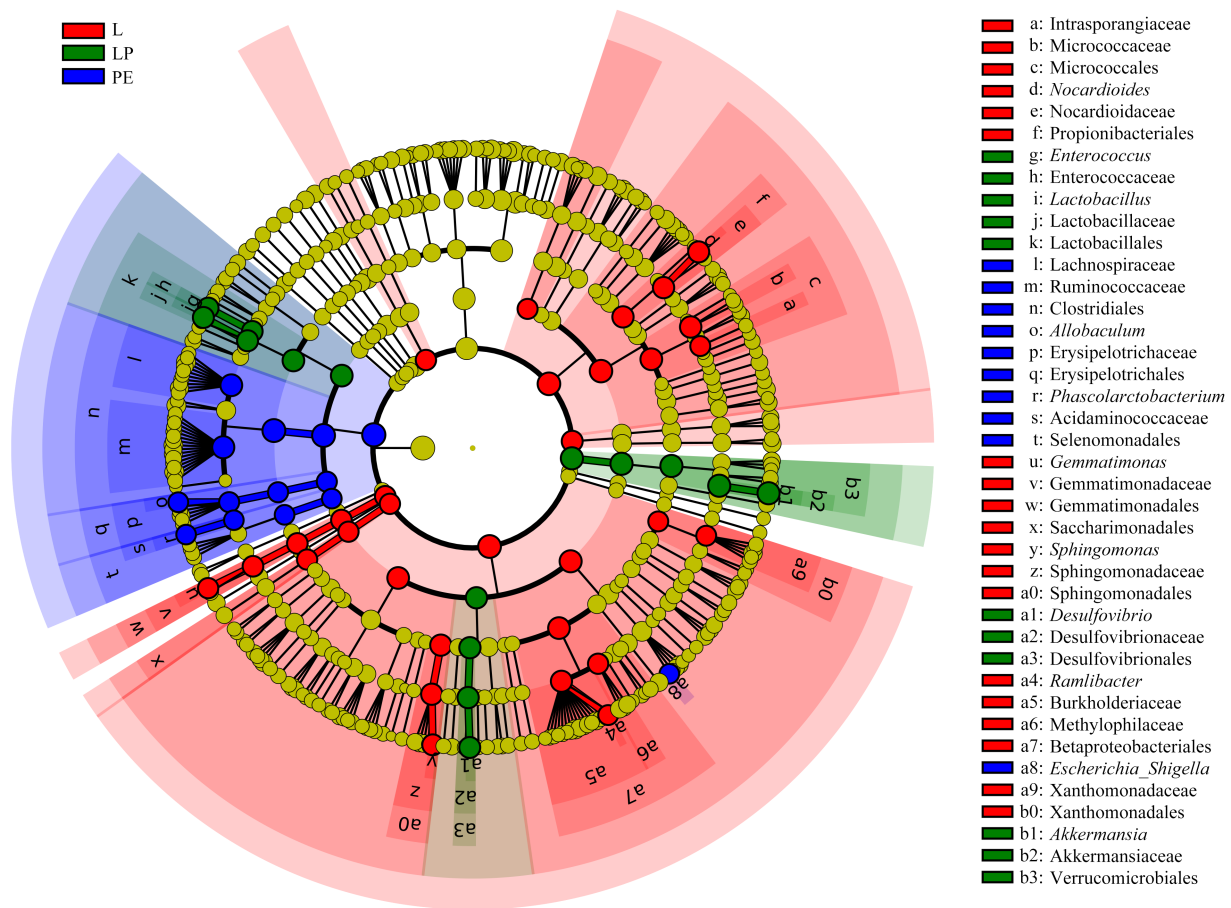


图8 LEfSe分析不同处理土壤中的差异菌属
Fig. 8 LEfSe analysis evolutionary branching diagram

700个,负相关530个,LP处理的总连接数1 031个,其中正相关539个,负相关492个. PE、L、LP处理下土壤细菌网络图中的总连接数、正相关、负相关相较于CK均呈现减少趋势,其中LP处理细菌网络结构最为简单. 在其他参数中,4组不同处理的网络模块数量(number of communities, 3)、网络直径(network diameter, 1)、平均最短路径(average shortest path length, 1)和平均聚类系数(average clustering coefficient, 1)均一致. 而LP处理的网络密度(network density, LP: 0. 326, CK: 0. 454, L: 0. 399, PE: 0. 391)最小,模块性(modularity, LP: 0. 661, CK: 0. 261, L: 0. 522, PE: 0. 533)最大.

根据相关性网络中物种的总连接数,推断不同处理条件下细菌网络中的关键菌群. 如表3所示,CK条件下的网络中,连接数最高的有类诺卡氏菌属(*Nocardioide*s)、异普雷沃菌属(*Alloprevotella*)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)和芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)等,主要分布在厚壁菌门、拟杆菌门、变形菌门和芽单胞菌门. LP处理土壤细菌网络中,连接数最高的有阿克曼氏菌属(*Akkermansia*)、脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)、乳杆菌属(*Lactobacillus*)和异

表3 不同处理土壤样品细菌相关性网络结构分析
Table 3 Analysis of bacterial correlation network structure of soil samples with different treatments

处理	属名	所属门类	总连接数	正相关	负相关
CK	类诺卡氏菌属	厚壁菌门	49	25	24
	异普雷沃菌属	拟杆菌门	44	24	20
	鞘氨醇单胞菌属	变形菌门	43	23	20
	芽单胞菌属	芽单胞菌门	40	22	18
LP	阿克曼氏菌属	疣微菌门	25	11	14
	脱硫弧菌属	变形菌门	28	7	21
	乳杆菌属	厚壁菌门	27	6	21
	异普雷沃菌属	拟杆菌门	26	6	20
L	类诺卡氏菌属	放线菌门	32	6	26
	鞘氨醇单胞菌属	变形菌门	31	25	6
	芽单胞菌属	芽单胞菌门	36	21	15
	嗜甲基菌属	变形菌门	33	19	14
PE	阿克曼氏菌属	疣微菌门	35	10	25
	异普雷沃菌属	拟杆菌门	34	23	11
	脱硫弧菌属	变形菌门	33	23	10
	别样棒菌属	厚壁菌门	31	21	10

普雷沃菌属(*Alloprevotella*)等,主要分布在疣微菌门、变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门. L处理土壤细菌网络中连接数最高的有类诺卡氏菌属(*Nocardioide*s)、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)、芽单胞菌属

(*Gemmatimonas*)和嗜甲基菌属(*Methylophilus*)等,主要分布在放线菌门、变形菌门和芽单胞菌门. PE处理土壤细菌网络中连接数最高的有阿克曼氏菌属(*Akkermansia*)、异普雷沃菌属(*Alloprevotella*)、脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)和别样棒菌属(*Allobaculum*)等,主要分布在疣微菌门、厚壁菌门、变形菌门和拟杆菌门. 由此推测,不同条件下细菌网络中关键菌群种类与分布各不相同,结合网络参数,HDPE与氯噻磺隆复合胁迫(LP)较单一处理(L和PE)对网络结构的简化作用更为明显,与此同时关键菌群也发生显著变化.

3 讨论

3.1 HDPE与氯噻磺隆对大豆生长的影响

土壤在生态系统的可持续发展中起着非常重要的作用,洁净土壤是农业生态系统健康和稳定的基础^[20],而土壤中氯噻磺隆的残留会导致后茬敏感作

物生长受阻^[21],如影响大豆的根系结瘤,严重干扰土壤氮素转化,影响大豆土壤生物质量和大豆生长^[22, 23],这与本研究的结果是一致的. 微塑料被认为是环境污染物的重要载体,对诸多物质具有很强的吸附能力^[24, 25]. 有研究表明聚乙烯等微塑料能通过吸附农药而改变其半衰期^[22]. 本实验结果表明HDPE存在的情况下,氯噻磺隆在供试土壤中的半衰期由11.5 d延长至14.3 d,并且相较于HDPE与氯噻磺隆单一处理,两者复合胁迫显著降低大豆的茎叶鲜重和干重、根部鲜重和干重,抑制效果更为强烈,表明HDPE与氯噻磺隆复合胁迫所造成的潜在危害更大.

3.2 HDPE与氯噻磺隆对大豆根际细菌群落多样性和组成的影响

土壤细菌群落是影响土壤质量的一个重要因素^[26, 27]. 微塑料能通过改变土壤团聚体稳定性,抑制土壤酶活性,进而改变细菌群落的丰富度和多样

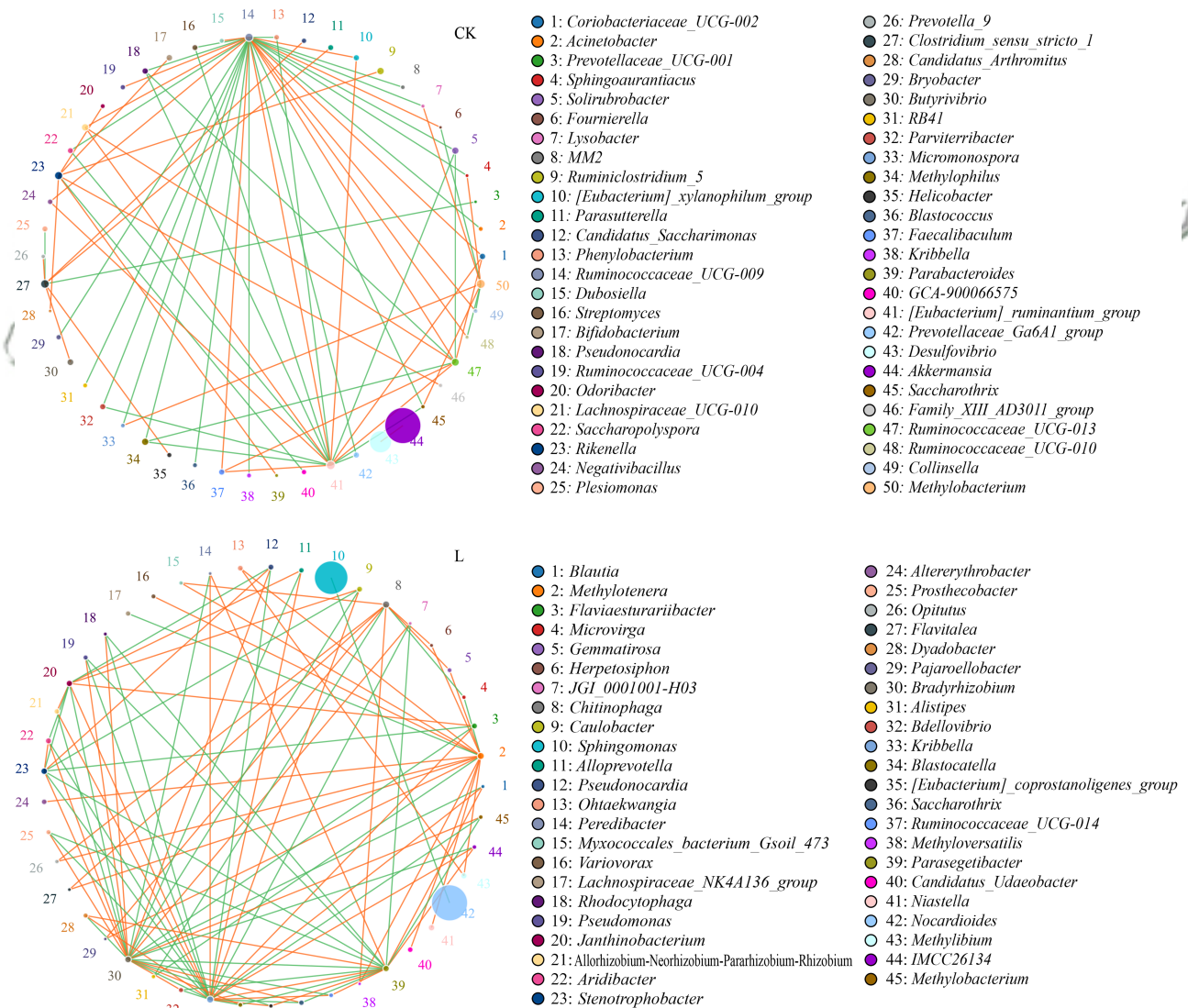
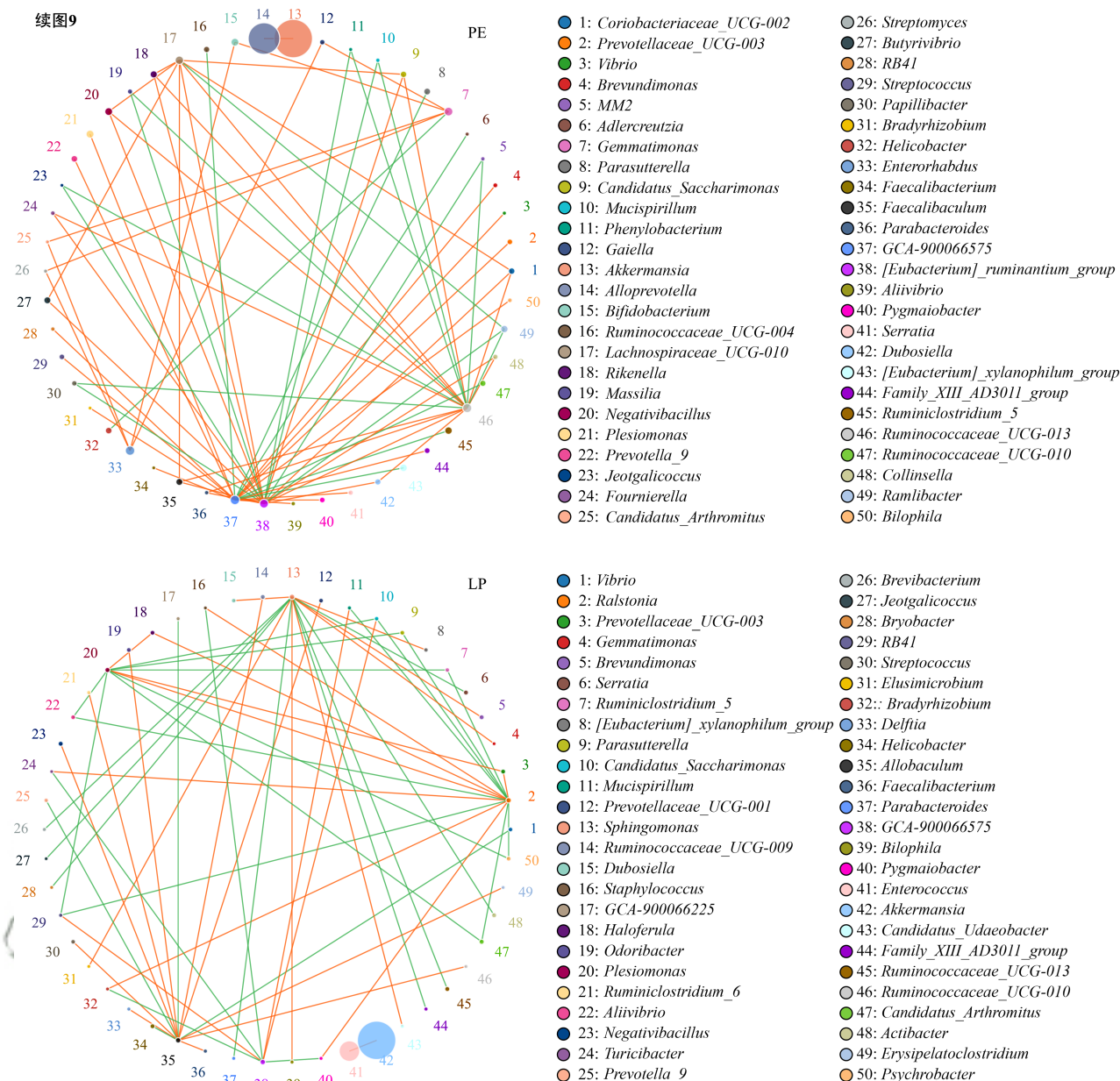


图9 不同处理土壤中的细菌相关性网络分析(相关性最高的前50个属)

Fig. 9 Network analysis of bacteria in soil with different treatments (top 50 genera with the highest correlation)

续图9



性^[28]。重复施用氯噻磺隆会降低土壤酶活性,改变土壤微生物群落结构^[29~31]。微塑料与其他物质混施会降低土壤微生物群落多样性,而单一微塑料影响较小^[32]。本实验通过高通量测序技术测得HDPE和氯噻磺隆复合胁迫的土壤样品细菌由20个门,312个属组成,门和属水平上的组成数量显著低于对照组、氯噻磺隆和HDPE单一处理组,并且细菌群落结构丰富度指数(ACE、Chao1)和多样性指数(Simpson、Shannon)均显著低于其他3组处理。推测原因为与单一处理相比,HDPE和氯噻磺隆复合胁迫使大豆根系在土壤中的分布更复杂,导致土壤细菌与大豆根系分泌物互动更频繁,从而改变土壤细菌的代谢活性,打破物种组成和比例之间的动态平衡,造成根际微生物种类和多样性的改变,并影响群落的稳定性^[33, 34]。

此外,对照条件下分析大豆根际土壤中相对丰度占比前20,并且存在显著差异细菌的潜在功能,发现:类诺卡氏菌属(*Nocardioide*s)参与生物修复有机污染物^[35]、鞘氨醇单胞菌属(*Sphingomonas*)参与生物防治^[36]、芽单胞菌属(*Gemmatimonas*)通过还原 N_2O 参与氮循环^[37]、脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)参与生物修复重金属污染^[38],表明大豆根际土壤也是分离功能菌株的良好资源。

3.3 HDPE与氯噻磺隆对大豆根际细菌群落功能的影响

HDPE和氯噻磺隆复合胁迫改变土壤细菌群落结构的同时,也使土壤细菌功能代谢通路产生差异。不同处理下大豆根际细菌共有代谢、环境信息处理、遗传信息处理、细胞过程、人类疾病和有机体系统6

种一级功能生物代谢通路,表明大豆根际土壤细菌利用这6种功能维系生态系统的稳定^[39,40],其中代谢是土壤细菌群落的核心功能。根际土壤细菌通过代谢活动来参与土壤物质循环与转化,进而影响植物生长和作物产量。因此,氨基酸代谢、碳水化合物代谢、脂质代谢和能量代谢等二级功能生物代谢通路相对丰度较高^[41]。与对照、HDPE和氯嘧磺隆单一胁迫相比,HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫降低氨基酸代谢、脂质代谢和能量代谢等代谢功能的相对丰度,从而抑制大豆生长。功能分析结果也表明大豆生长受到抑制,可能原因之一为HDPE和氯嘧磺隆两种污染物的存在,直接影响其生长,另一方面HDPE和氯嘧磺隆会影响根际土壤细菌功能,尤其是个别关键功能的相对丰度,间接影响大豆生长。

3.4 HDPE与氯嘧磺隆对大豆根际细菌互作网络的影响

细菌互作网络分析可以将微生物群落的相互作用关系可视化,并揭示物种在微生境中的共现关系及主要影响因素。模块性用来衡量一个网络能否自然地划分成模块,是生态系统结构的重要特征,可识别高度连接的分类群,反映复杂网络中的协同关系、竞争互动和生态位分化以及一些进化特性,能够体现环境变化对生物群落组成的影响^[42]。HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫模块性最大,可推测该网络具有模块结构且对生物群落组成的影响最大。本研究4种处理的网络直径和平均最短路径均相同,说明4种处理的网络的传输性能和效率相差不大。脱硫弧菌属(*Desulfovibrio*)是对照条件下的关键菌属,具有潜在生物修复重金属污染的功能^[38]。肠球菌属(*Enterococcus*)是HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫下的关键菌属,常做粪便指示菌^[43],关键菌群发生变化,功能也发生显著变化。关键类群是微生物群落中高度连接的类群,具有特殊而重要的作用,其改变可引起群落结构和功能的急剧变化^[44]。

由此推测,HDPE和氯嘧磺隆复合胁迫降低大豆根际土壤细菌互作网络间的总连接数和密度,使其结构更加简化,增加模块性,影响细菌群落组成与功能,破坏植物-微生物生态体系的平衡,抑制大豆的生长,较单一胁迫的影响更为显著^[45,46]。

4 结论

(1)HDPE处理提高氯嘧磺隆在土壤中的半衰期,由11.5 d升至14.3 d,并且HDPE与氯嘧磺隆复合胁迫显著降低大豆的茎叶鲜重、干重、根部鲜重和干重,影响大豆生长。

(2)HDPE与氯嘧磺隆复合胁迫下,大豆根际细

菌群落主要由疣微菌门、变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门等20个门,阿克曼氏菌属、脱硫弧菌属和乳杆菌属等312个属组成,其在门和属水平上的组成数量显著降低。

(3)结合Alpha、Beta多样性分析可知,HDPE与氯嘧磺隆复合胁迫显著降低大豆根际细菌群落的丰富度和多样性,改变群落结构。LEfSe物种差异分析表明HDPE与氯嘧磺隆复合胁迫的土壤中存在显著差异的物种有阿克曼氏菌属、乳杆菌属、脱硫弧菌、类诺卡氏菌属和肠球菌属等,主要分布在疣微菌门、变形菌门和厚壁菌门。

(4)PICRUS2功能分析显示HDPE与氯嘧磺隆复合胁迫影响土壤细菌各功能的相对丰度。Network互作网络分析推测复合胁迫降低大豆根际土壤细菌间的总连接数和网络密度,使网络结构更为简单,并引起关键菌群种类的改变。

参考文献:

- [1] Yu F, Li Y, Huang G Q, et al. Adsorption behavior of the antibiotic levofloxacin on microplastics in the presence of different heavy metals in an aqueous solution [J]. Chemosphere, 2020, **260**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2020.127650.
- [2] Ram B, Kumar M. Correlation appraisal of antibiotic resistance with fecal, metal and microplastic contamination in a tropical Indian river, lakes and sewage [J]. npj Clean Water, 2020, **3**(1), doi: 10.1038/s41545-020-0050-1.
- [3] Cao Y R, Lin H J, Zhang K, et al. Microplastics: a major source of phthalate esters in aquatic environments [J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, **432**, doi: 10.1016/J.JHAZMAT.2022.128731.
- [4] Walker T R. (Micro)plastics and the UN sustainable development goals [J]. Current Opinion in Green and Sustainable Chemistry, 2021, **30**, doi: 10.1016/J.COCS.2021.100497.
- [5] Wu C C, Pan S D, Shan Y P, et al. Microplastics mulch film affects the environmental behavior of adsorption and degradation of pesticide residues in soil [J]. Environmental Research, 2022, **214**, doi: 10.1016/J.ENVRES.2022.114133.
- [6] 白润昊, 崔吉晓, 范瑞琪, 等. 农田土壤地膜源微塑料分离检测方法优化 [J]. 中国环境科学, 2023, **43**(5): 2404-2412.
Bai R H, Cui J X, Fan R Q, et al. Temporal and spatial variations of sedimentary nitrogen forms in the Lancang River and Nu River [J]. China Environmental Science, 2023, **43**(5): 2404-2412.
- [7] 严昌荣, 戚瑞敏, 薛颖昊, 等. 甘肃省中东部农户地膜应用及回收现状 [J]. 农业工程学报, 2019, **35**(15): 211-216.
Yan C R, Qi R M, Xue Y H, et al. Application and recovery of plastic mulching film by farmers in central and eastern Gansu province [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering, 2019, **35**(15): 211-216.
- [8] Lan T, Cao F, Cao L C, et al. A comparative study on the adsorption behavior and mechanism of pesticides on agricultural film microplastics and straw degradation products [J]. Chemosphere, 2022, **303**, doi: 10.1016/J.CHEMOSPHERE.2022.135058.
- [9] Medo J, Hricáková N, Maková J, et al. Effects of sulfonylurea herbicides chlorsulfuron and sulfosulfuron on enzymatic activities and microbial communities in two agricultural soils [J].

- Environmental Science and Pollution Research, 2020, **27**(33): 41265-41278.
- [10] 杨峰山, 张瑞, 肖延臣, 等. 一株氯嘧磺隆降解菌分离鉴定及降解条件优化[J]. 生物工程学报, 2020, **36**(3): 560-568.
Yang F S, Zhang R, Xiao Y C, *et al.* Isolation and identification of a chlorimuron-ethyl-degrading bacterium and optimization of its degradation conditions [J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2020, **36**(3): 560-568.
- [11] Qin Z R, Zhao Z H, Xia L L, *et al.* Research trends and hotspots of aquatic biofilms in freshwater environment during the last three decades: a critical review and bibliometric analysis [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2022, **29**(32): 47915-47930.
- [12] Fierer N, Wood S A, Bueno de Mesquita C P. How microbes can, and cannot, be used to assess soil health [J]. Soil Biology and Biochemistry, 2021, **153**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.108111.
- [13] Zhu Y G, Lin X Y, Chu H Y. Editorial: rhizosphere microbiome special issue[J]. Plant and Soil, 2022, **470**(1-2): 1-3.
- [14] Yu Z X, Dai Y M, Li T T, *et al.* A novel pathway of chlorimuron-ethyl biodegradation by *Chenggangzhangella methanolivorans* strain CHL1 and its molecular mechanisms [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, **23**(17), doi: 10.3390/IJMS23179890.
- [15] Zhu J H, Liu S Q, Wang H Q, *et al.* Microplastic particles alter wheat rhizosphere soil microbial community composition and function[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, **436**, doi: 10.1016/J.JHAZMAT.2022.129176.
- [16] Shahid M, Khan M S. Tolerance of pesticides and antibiotics among beneficial soil microbes recovered from contaminated rhizosphere of edible crops [J]. Current Research in Microbial Sciences, 2022, **3**, doi: 10.1016/J.CRMICR.2021.100091.
- [17] 王艳丽, 王铭晨, 何芳, 等. 不同基因型大豆苗期与成熟期耐荫性探究[J]. 中国油料作物学报, 2023, **45**(3): 558-566.
Wang Y L, Wang M C, He F, *et al.* Shade tolerance at seedling and maturing stages of soybean with different genotypes [J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2023, **45**(3): 558-566.
- [18] Yu Z X, Gu W, Yang Y, *et al.* Whole-genome sequencing of a chlorimuron-ethyl-degrading strain: *Chenggangzhangella methanolivorans* CHL1 and its degrading enzymes [J]. Microbiology Spectrum, 2022, **10**(4), doi: 10.1128/SPECTRUM.01822-22.
- [19] Kang J, Peng Y F, Xu W F. Crop root responses to drought stress: molecular mechanisms, nutrient regulations, and interactions with microorganisms in the rhizosphere [J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, **23**(16), doi: 10.3390/IJMS23169310.
- [20] Pérez-Reverón R, Álvarez-Méndez S J, González-Sálamo J, *et al.* Nanoplastics in the soil environment: analytical methods, occurrence, fate and ecological implications [J]. Environmental Pollution, 2023, **317**, doi: 10.1016/J.ENVPOL.2022.120788.
- [21] Ma Q Y, Han X Y, Song J L, *et al.* Characterization of a new chlorimuron-ethyl-degrading strain *Cedecea* sp. LAM2020 and biodegradation pathway revealed by multiomics analysis [J]. Journal of Hazardous Materials, 2023, **443**, doi: 10.1016/J.JHAZMAT.2022.130197.
- [22] 纪红, 陈修文, 赵宏利, 等. 微塑料对高等植物生长发育影响研究进展[J]. 科学技术与工程, 2021, **21**(18): 7415-7424.
Ji H, Chen X W, Zhao H L, *et al.* Research advances of the influence of microplastics on the growth and development of higher plants [J]. Science Technology and Engineering, 2021, **21**(18): 7415-7424.
- [23] Wang L, Liu Y, Kaur M, *et al.* Phytotoxic effects of polyethylene microplastics on the growth of food crops soybean (*Glycine max*) and mung bean (*Vigna radiata*) [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2021, **18**(20), doi: 10.3390/IJERPH182010629.
- [24] Wang J, Liu X H, Liu G N, *et al.* Size effect of polystyrene microplastics on sorption of phenanthrene and nitrobenzene [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019, **173**: 331-338.
- [25] Budhiraja V, Urh A, Horvat P, *et al.* Synergistic adsorption of organic pollutants on weathered polyethylene microplastics [J]. Polymers, 2022, **14**(13), doi: 10.3390/polym14132674.
- [26] Mahnert A, Moissl-Eichinger C, Berg G. Microbiome interplay: plants alter microbial abundance and diversity within the built environment [J]. Frontiers in Microbiology, 2015, **6**, doi: 10.3389/fmicb.2015.00887.
- [27] Barriuso J, Marín S, Mellado R P. Effect of the herbicide glyphosate on glyphosate-tolerant maize rhizobacterial communities: a comparison with pre-emergence applied herbicide consisting of a combination of acetochlor and terbuthylazine [J]. Environmental Microbiology, 2010, **12**(4): 1021-1030.
- [28] Hou J H, Xu X J, Yu H, *et al.* Comparing the long-term responses of soil microbial structures and diversities to polyethylene microplastics in different aggregate fractions [J]. Environment International, 2021, **149**, doi: 10.1016/J.ENVINT.2021.106398.
- [29] Zang H L, Liu W J, Cheng Y, *et al.* Bioremediation of historically chlorimuron-ethyl-contaminated soil by co-culture chlorimuron-ethyl-degrading bacteria combined with the spent mushroom substrate [J]. Microorganisms, 2020, **8**(3), doi: 10.3390/microorganisms8030369.
- [30] 丁峰, 赖金龙, 季晓晖, 等. 聚乙烯微塑料对玉米根际土壤微生物群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2021, **29**(6): 970-978.
Ding F, Lai J L, Ji X H, *et al.* Effects of polyethylene microplastics on the microbial community structure of maize rhizosphere soil [J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2021, **29**(6): 970-978.
- [31] Shi J H, Dang Q L, Zhang C Y, *et al.* Insight into effects of polyethylene microplastics in anaerobic digestion systems of waste activated sludge: interactions of digestion performance, microbial communities and antibiotic resistance genes [J]. Environmental Pollution, 2022, **310**, doi: 10.1016/J.ENVPOL.2022.119859.
- [32] Liu Z Q, Li Y Z, Wang J, *et al.* Unraveling consequences of the co-exposure of polyethylene microplastics and acid rain on plant-microbe-soil system [J]. Chemosphere, 2022, **307**, doi: 10.1016/J.CHEMOSPHERE.2022.135941.
- [33] Li Q S, Wu L K, Chen J, *et al.* Biochemical and microbial properties of rhizospheres under maize/peanut intercropping [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2016, **15**(1): 101-110.
- [34] 王新, 侯佳文, 宋磊, 等. 植物-微生物联合修复化学农药污染土壤的研究进展[J]. 生物安全学报, 2022, **31**(3): 217-223.
Wang X, Hou J W, Song L, *et al.* Research progress on plant-microbe remediation of soils contaminated by chemical pesticides [J]. Journal of Biosafety, 2022, **31**(3): 217-223.
- [35] Lee J M, Jin C Z, Kang M K, *et al.* *Nocardioides humilatus* sp. nov., isolated from farmland soil in the Republic of Korea [J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology,

- 2022, **72**(2), doi: 10.1099/IJSEM.0.004928.
- [36] Wachowska U, Irzykowski W, Jędryczka M, *et al.* Biological control of winter wheat pathogens with the use of antagonistic *Sphingomonas* bacteria under greenhouse conditions[J]. Biocontrol Science and Technology, 2013, **23**(10): 1110-1122.
- [37] Oshiki M, Toyama Y, Suenaga T, *et al.* N₂O reduction by *Gemmatimonas aurantiaca* and potential involvement of *Gemmatimonadetes* bacteria in N₂O reduction in agricultural soils [J]. Microbes and Environments, 2022, **37**(2), doi: 10.1264/JSME2.ME21090.
- [38] Lu S H, Li X, Xi Y N, *et al.* Insight the roles of loosely-bound and tightly-bound extracellular polymeric substances on Cu²⁺, Zn²⁺ and Pb²⁺ biosorption process with *Desulfovibrio vulgaris* [J]. Journal of Colloid and Interface Science, 2021, **596**: 408-419.
- [39] 刘柱, 南镇武, 林松明, 等. 黄河下游谷子花生间作农田土壤细菌群落结构与功能预测[J]. 环境科学, 2023, **44**(8): 4575-4584.
- Liu Z, Nan Z W, Lin S M, *et al.* Soil bacterial community structure and function prediction of millet/peanut intercropping farmland in the lower yellow river [J]. Environmental Science, 2023, **44**(8): 4575-4584.
- [40] Deng Y, Fu S D, Sarkodie E K, *et al.* Ecological responses of bacterial assembly and functions to steep Cd gradient in a typical Cd-contaminated farmland ecosystem [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2022, **229**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2021.113067.
- [41] 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 等. 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[J]. 环境科学, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, *et al.* Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing river[J]. Environmental Science, 2022, **43**(3): 1620-1629.
- [42] 万凌琳, 陈芷凡, 郭佳, 等. 生物共现网络原理及其在淡水生态系统评估中的应用[J]. 湖泊科学, 2022, **34**(6): 1765-1787.
- Wan L L, Chen Z F, Guo J, *et al.* Principle and application of co-occurrence networks for freshwater ecosystem assessment [J]. Journal of Lake Sciences, 2022, **34**(6): 1765-1787.
- [43] Di Cesare A, Frangipani E, Citterio B, *et al.* Class 1 integron and *Enterococcus* spp. abundances in swine farms from the “Suckling piglets” to the “Fatteners” production category [J]. Veterinary Microbiology, 2022, **274**, doi: 10.1016/J.VETMIC.2022.109576.
- [44] 胡志娥, 肖谋良, 丁济娜, 等. 长期覆膜条件下农田土壤微生物群落的响应特征[J]. 环境科学, 2022, **43**(10): 4745-4754.
- Hu Z E, Xiao M L, Ding J N, *et al.* Response characteristics of soil microbial community under long-term film mulching [J]. Environmental Science, 2022, **43**(10): 4745-4754.
- [45] 张浩, 孙洁, 杨慧颖, 等. 高密度聚乙烯微塑料胁迫对棉花生长、枯萎病发生和根际细菌群落的影响[J]. 环境科学, 2023, **44**(5): 2955-2964.
- Zhang H, Sun J, Yang H Y, *et al.* Effects of microplastic high-density polyethylene on cotton growth, occurrence of *Fusarium* wilt, and rhizosphere soil bacterial community [J]. Environmental Science, 2023, **44**(5): 2955-2964.
- [46] Zhou Y, Ma J, Yang J H, *et al.* Soybean rhizosphere microorganisms alleviate Mo nanomaterials induced stress by improving soil microbial community structure [J]. Chemosphere, 2023, **310**, doi: 10.1016/J.CHEMOSPHERE.2022.136784.

CONTENTS

Impacts of Anthropogenic Emission Reduction on Urban Atmospheric Oxidizing Capacity During the COVID-19 Lockdown	ZHU Jian-lan, QIN Mo-mei, ZHU Yan-hong, <i>et al.</i> (617)
Transport and Potential Sources Regions of Double High Pollution in Nanjing by Different Synoptic Situations	QIN Yang, HU Jian-lin, KONG Hai-jiang (626)
Differences of Three Methods in Determining Ozone Sensitivity in Nanjing	CHEN Gan-yu, LI Xun, LI Lin, <i>et al.</i> (635)
Characteristics of Ozone Concentration in Shanghai and Its Associated Atmospheric Circulation Background During Summer Half-years from 2006 to 2021	ZHENG Qing-feng, LIANG Ping, DUAN Yu-sen, <i>et al.</i> (645)
Distribution Characteristics of Near Surface Ozone Volume Fraction in Shanxi Province Based on Atmospheric Composition Observation Network	LI Ying, WANG Shu-min, PEI Kun-ning, <i>et al.</i> (655)
Photochemical Mechanism and Control Strategy Optimization for Summertime Ozone Pollution in Yining City	WANG Wen-ting, GU Chao, LI Li-ming, <i>et al.</i> (668)
Characteristics, Sources, and Ozone-sensitive Species of VOCs in Four Seasons in Yuncheng	YIN Shi-jie, LIU Xin-gang, LIU Ya-fei, <i>et al.</i> (678)
Pollution Characteristics, Source Analysis, and Activity Analysis of Atmospheric VOCs During Winter and Summer Pollution in Zhengzhou	LAI Meng-jie, ZHANG Dong, YU Shi-jie, <i>et al.</i> (689)
Pollution Characteristics, Sources, and Secondary Generation of Organic Acids in PM _{2.5} in Zhengzhou	LI Zi-han, DONG Zhe, SHANG Lu-qi, <i>et al.</i> (700)
Nonlinear Variations in PM _{2.5} Concentration in the Three Major Urban Agglomerations in China	WU Shu-qi, GU Yang-yang, ZHANG Tian-yue, <i>et al.</i> (709)
Medium and Long-term Carbon Emission Projections and Emission Reduction Potential Analysis of the Lingang Special Area Based on the LEAP Model	WU Qiong, MA Hao, REN Hong-bo, <i>et al.</i> (721)
Dynamic Analysis on Carbon Metabolism of the Northern Region of China Under the Background of Carbon Emission Trading Policy	ZHENG Hong-mei, SHEN Fang, XU Guang-yao, <i>et al.</i> (732)
Carbon Reduction Analysis of Life Cycle Prediction Assessment of Hydrogen Fuel Cell Vehicles: Considering Regional Features and Vehicle Type Differences	MA Jing, CAI Xu, ZHANG Chun-mei, <i>et al.</i> (744)
Nitrate Pollution Characteristics and Its Quantitative Source Identification of Major River Systems in China	WEI Ying-huai, HU Min-peng, CHEN Ding-jiang (755)
Effects of Land Use Structure and Spatial Pattern at Different Temporal and Spatial Scales on Water Quality in Suzhou Creek	TAN Juan, XIONG Li-jun, WANG Qing, <i>et al.</i> (768)
Spatial-temporal Variation in Water Quality of Rain-source Rivers in Shenzhen from 2015 to 2021 and Its Response to Rainfall	WEI Bi-ying, CHENG Jian-mei, SU Xiao-yu, <i>et al.</i> (780)
Chemical Characteristics of Shallow Groundwater in the Yellow River Diversion Area of Henan Province and Identification of Main Control Pollution Sources	WANG Shuai, REN Yu, GUO Hong, <i>et al.</i> (792)
Chemical Characteristics and Genetic Analysis of Karst Groundwater in the Beijing Xishan Area	GUO Gao-xuan, DAI Yin-dong, XU Liang, <i>et al.</i> (802)
Hydrochemical Characteristics and Its Origin of Surface Water and Groundwater in Dianbu River Basin	ZHENG Tao, QIN Xian-yan, WU Jian-xiong (813)
Hydrochemical Characteristics and Genesis Mechanism of Groundwater in the Dry Period in the Zhangjiakou Area	JIN Ai-fang, YIN Xiu-lan, LI Chang-qing, <i>et al.</i> (826)
Distribution of Typical Resistant Bacteria and Resistance Genes in Source Water of the Middle and Lower Reaches of the Yellow River	MIN Wei, GAO Ming-chang, SUN Shao-fang, <i>et al.</i> (837)
Contamination Characteristics, Detection Methods, and Control Methods of Antibiotic Resistance in Pharmaceutical Wastewater	PENG An-ping, GAO Hu, ZHANG Xin-bo (844)
Effect of Water Components on Aggregation and Sedimentation of Polystyrene Nano-plastics	TANG Duan-yang, ZHENG Wen-li, CHEN Guan-tong-yi, <i>et al.</i> (854)
Lead Removal from Water by Calcium-containing Biochar with Saturated Phosphate	LIU Tian, LÜ Si-lu, DU Xing-guo, <i>et al.</i> (862)
Preparation of Chitosan-modified Biochar and Its Adsorption Mechanism for Cd ²⁺ in Aqueous Solution	JIANG Ling, AN Jing-yue, YUE Xiao-qiong, <i>et al.</i> (873)
Efficacy and Mechanism of Tetracycline Adsorption by Boron-doped Mesoporous Carbon	ZOU Zhen, XU Lu, QIAO Wei, <i>et al.</i> (885)
Adsorption Properties of Magnetic Phosphorous Camellia Oleifera Shells Biochar to Sulfamethoxazole in Water	HAN Shuai-peng, TANG Li-wen, LIU Qin, <i>et al.</i> (898)
High Resolution Emission Inventory of Greenhouse Gas and Its Characteristics in Guangdong, China	LU Qing, TANG Ming-shuang, LIAO Tong, <i>et al.</i> (909)
Ecosystem CO ₂ Exchange and Its Environmental Regulation of a Restored Wetland in the Liaohe River Estuary	LIU Si-qi, CHEN Hong, XING Qing-hui, <i>et al.</i> (920)
Effects of Biochar Application Two Years Later on N ₂ O and CH ₄ Emissions from Rice-Vegetable Rotation in a Tropical Region of China	HU Yu-jie, TANG Rui-jie, HU Tian-yi, <i>et al.</i> (929)
Research and Application Progress of Biochar in Amelioration of Saline-Alkali Soil	WEI Ying, JIAO Le, ZHANG Peng, <i>et al.</i> (940)
Effect of No-tillage on Soil Aggregates in Farmland: A Meta Analysis	XU Yi-ping, RAO Yue-yue, MENG Yan, <i>et al.</i> (952)
Spatio-temporal Evolution and Multi-scenario Simulation of Carbon Storage in Karst Regions of Central Guizhou Province: Taking Puding County as An Example	LI Yue, LUO Hong-fen (961)
Effects of Different Modifiers on Aggregates and Organic Carbon in Acidic Purple Soil	LI Yue, XU Man, XIE Yong-hong, <i>et al.</i> (974)
Effect of Ca Modified Biochar on the Chemical Speciation of Soil Phosphorus and Its Stabilization Mechanism	ZHANG Chao, ZHAI Fu-jie, SHAN Bao-qing (983)
Plant Diversity Changes and Its Driving Factors of Abandoned Land at Different Restoration Stages in the Middle of the Qinling Mountains	YAN Cheng-long, XUE Yue, WANG Yi-fei, <i>et al.</i> (992)
Contamination Characteristics and Ecological Risk of Antibiotics in Contaminated Sites of Typical Pharmaceutical Factories in China	YANG Jiong-bin, HUANG Zheng, ZHAO Jian-liang, <i>et al.</i> (1004)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Soils of Guangzhou	ZOU Zi-hang, CHEN Lian, ZHANG Pei-zhen, <i>et al.</i> (1015)
Quantifying the Contribution of Soil Heavy Metals to Ecological and Health Risk Sources	PAN Yong-xing, CHEN Meng, WANG Xiao-tong (1026)
Potential Ecological Risk Characteristics and Source Apportionment of Heavy Metals in Farmland Soils around Typical Factories in Hunan Province Based on Monte-Carlo Simulation	LUO Hao-jie, PAN Jun, CHEN Xiao-xia, <i>et al.</i> (1038)
Health Risk Assessment for an Arsenic-contaminated Site Based on Monte Carlo Simulation and Parameters Optimization	YUAN Bei, LIU Hu-peng, DU Ping, <i>et al.</i> (1049)
Pollution Source Apportionment of Heavy Metals in Cultivated Soil Around a Red Mud Yard Based on APCS-MLR and PMF Models	SHEN Zhi-jie, LI Jie-qin, LI Cai-xia, <i>et al.</i> (1058)
Characteristics and Mechanism of Cd Release and Transport in Soil Contaminated with PE-Cd	WANG Di, XU Shao-hui, SHAO Ming-yan, <i>et al.</i> (1069)
Characterization of Reductive Dechlorination of Chlorinated Ethylenes by Anaerobic Consortium	LI Wei, LIU Gui-ping, LIU Jun, <i>et al.</i> (1080)
Analysis of Heavy Metal Pollution Evaluation and Correlation of Farmland Soil and Vegetables in Zhaotong City	ZHANG Hao, DONG Chun-yu, YANG Hai-chan, <i>et al.</i> (1090)
Safe Utilization Effect of Passivator on Mild to Moderate Cadmium Contaminated Farmland	WANG Xiao-jing, ZHANG Dong-ming, CAO Yang, <i>et al.</i> (1098)
Simultaneous Immobilization of Cadmium and Arsenic in Paddy Soils with Novel Fe-Mn Combined Graphene Oxide	YUAN Jing, WU Ji-zi, LIAN Bin, <i>et al.</i> (1107)
Effects of the Application of Irrigation Water Containing Zn at the Key Growth Period on the Uptake and Transport of Cd in Rice	ZHOU Xia, HU Yu-dan, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (1118)
Effects of Exogenous Zinc on Growth and Root Architecture Classification of Maize Seedlings Under Cadmium Stress	ZHANG Hui-hong, WEI Chang, LIU Hai-tao, <i>et al.</i> (1128)
Mitigative Effect of Rare Earth Element Cerium on the Growth of Zinc-stressed Wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) Seedlings	ZHANG Jing-jing, XU Zheng-yang, JIAO Qiu-juan, <i>et al.</i> (1141)
Two-stage Inhibition Effects of <i>Burkholderia</i> sp. Y4 Application on Cadmium Uptake and Transport in Wheat	GUO Jia-jia, WANG Chang-rong, LIU Zhong-qi, <i>et al.</i> (1150)
Effects of Combined Stress of High Density Polyethylene Microplastics and Chlorimuron-ethyl on Soybean Growth and Rhizosphere Bacterial Community	HU Xiao-yue, HUA Zi-wei, YAO Lun-guang, <i>et al.</i> (1161)
Human Accumulation and Toxic Effects of Microplastics: A Critical Review	BAO Ya-bo, WANG Cheng-chen, PENG Wu-guang, <i>et al.</i> (1173)
Overview of the Application of Machine Learning for Identification and Environmental Risk Assessment of Microplastics	BAI Run-hao, FAN Rui-qi, LIU Qi, <i>et al.</i> (1185)
Research Process on the Combined Pollution of Microplastics and Typical Pollutants in Agricultural Soils	HOU Yu-qing, LI Bing, WANG Jin-hua, <i>et al.</i> (1196)
Research Progress in Electrochemical Detection and Removal of Micro/Nano Plastics in Water	ZHENG Wei-kang, LIU Zhen-zhong, XIANG Xiao-fang (1210)
Factors Influencing Willingness of Farmers to Pay for Agricultural Non-point Source Pollution Control Based on Distributed Cognitive Theory	GUO Chen-hao, LI Lin-fei, XIA Xian-li (1222)