

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2019

Vol.40 No.7

第40卷 第7期

目次

《大气污染防治行动计划》实施的环境健康效果评估	武卫玲, 薛文博, 王燕丽, 雷宇, 冯涛, 蔡泽林 (2961)
基于达标约束的南京市环境空气质量情景模拟	谢放尖, 史之浩, 李婧祎, 郑新梅, 胡建林, 刘春蕾, 杨峰 (2967)
郑州市 PM _{2.5} 中水溶性离子特征及来源分析	杨留明, 王申博, 郝祺, 韩士杰, 李晨, 赵庆炎, 燕启社, 张瑞芹 (2977)
能见度与 PM _{2.5} 浓度关系及其分布特征	王继康, 张恒德, 桂海林, 饶晓琴, 张碧辉 (2985)
基于扩散模式反演的橡胶轮胎制造行业 VOCs 排放特征	白红祥, 魏巍, 王雅婷, 任云婷, 臧佳欣, 程水源 (2994)
太原市环境空气中挥发性芳香烃碳同位素组成及来源	李颖慧, 闫雨龙, 李志生, 郝爱胜, 李如梅, 杨帆, 彭林 (3001)
办公楼聚集区空气中 PBDEs 谱分布与污染特征	王琳, 邓雅佳, 廖晓勇, 曹红英, 焦杏春 (3008)
南北水调东线中游枢纽湖泊有色可溶性有机物来源组成特征	张柳青, 彭凯, 周蕾, 石玉, 李元鹏, 周永强, 龚志军, 张运林, 杨艳 (3018)
黄土丘陵区小流域不同水体氢氧同位素特征	张荷惠子, 于坤霞, 李占斌, 李鹏, 赵宾华, 柯浩成, 蒋凯鑫 (3030)
基于碳氮同位素的澜沧江水库 TOC 来源差异性分析	王从锋, 胡子龙, 杨正健, 丹勇, 赵萍, 郝文超, 聂小芬, 聂睿, 徐刘得, 刘德富 (3039)
李家河水库污染物来源及水体分层对水质的影响	徐进, 黄廷林, 李凯, 杨尚业, 温成成, 林子深, 李衍庆, 刘雪晴 (3049)
水库淹没带土壤有机氯农药分布特征及风险评价	王霞, 张青琢, 赵高峰, 王晓燕 (3058)
银川市湿地表层水中多环芳烃的分布、来源及生态风险评价	田大年, 党丽慧, 丁润梅, 蔡倩, 张鹏举, 汪岭, 杨慧芳 (3068)
人类活动影响下的垂直气候带岩溶泉地球化学特征对比: 以重庆金佛山水房泉、碧潭泉为例	谢国文, 杨平恒, 盛婷, 邓书金, 洪爱花 (3078)
漓江冲洪积扇地下水化学特征及控制因素分析	唐金平, 张强, 胡漾, 张宇, 聂保伟 (3089)
三峡库区蓄水期和非蓄水期附石藻类群落变化及其影响因子分析	付君珂, 刘黎, 贺新宇, 张红波, 董聪聪, 杨燕君, 施军琼, 吴忠兴 (3099)
降雨对香溪河库湾主要藻种原位生长的影响	翁传松, 刘德富, 张佳磊, 龚川, 沈旭舟 (3108)
绿狐尾藻分解及其氮磷释放特征	童雄, 罗沛, 刘锋, 黄敏, 陈哲, 肖润林, 吴金水 (3118)
微藻固定化条件优化及其污水氨氮去除潜力分析	刘祥, 王婧瑶, 吴娟娟, 彭飞, 王凯军 (3126)
钛酸盐纳米管对水中氨氮的吸附特性	张政, 冯长生, 张晓瑞, 郑建奎, 蒋彩云, 李攀杰, 王玉萍 (3135)
基于缺陷重构的类芬顿光催化剂在降解染料废水中的应用	唐清文, 安晓强, 兰华春, 刘会娟, 李海翔 (3146)
N 原子杂化石墨烯高效活化过一硫酸盐降解 RBK5 染料废水	于永波, 黄湾, 董正玉, 吴丽颖, 张倩, 洪俊明 (3154)
Cu ²⁺ 对以 NO ₃ ⁻ 为电子受体反硝化过程的影响	买文可, 彭永臻, 吉建涛 (3162)
CANON 中试反应器启动及性能优化	孙庆花, 吴迪, 周家中, 郑志佳 (3169)
好氧段碳源浓度对同步去除和富集磷酸盐生物膜的影响	徐林建, 潘杨, 章豪, 冯鑫, 魏攀龙, 尤星怡 (3179)
有机物特性对 AAO 系统污泥沉降性能的影响	刘小博, 袁林江, 陈希, 薛欢婷 (3186)
不同污泥浓度下缺氧 FNA 对硝化菌活性的影响	吕心涛, 周桐, 田夏迪, 谷鹏超, 杨岸明, 王佳伟, 张树军 (3195)
ANAMMOX 菌铁自养反硝化工艺的稳定性	张文静, 黄勇, 毕贞, 胡羽婷, 董石语 (3201)
在线 NaClO 反洗对倒置 A ² O-MBR 系统微生物群落的影响	王旭东, 高森, 王莹莹, 杨永哲, 刚家斌, 符国力, 王磊 (3208)
基于有机物释放和经济性的污泥预处理方法评价	袁悦, 谭学军, 郑舍予 (3216)
北京市清水与再生水协同利用优化模型	张田媛, 谭倩, 王淑萍 (3223)
N-亚硝胺在不同处理工艺污水处理厂中的分布及其去除	柳王荣, 赵建亮, 杨愿愿, 姚理, 刘有胜, 应光国 (3233)
北京市生活污水中曲马多和芬太尼的赋存	周子雷, 杜鹏, 白雅, 韩胜, 黄红梅, 徐泽琼, 李喜青 (3242)
贵阳市污水处理厂中典型抗生素的污染水平及生态风险	杨钊, 李江, 张圣虎, 向福亮, 唐涛涛, 杨娅红 (3249)
紫色土丘陵区畜禽养殖场土壤中抗生素抗性基因分布特征	程建华, 唐翔宇, 刘琛 (3257)
四环素对污泥蚯蚓粪中微生物种群和抗性基因的影响	陈景阳, 夏慧, 黄魁, 吴颖 (3263)
热水解污泥厌氧消化过程中肠球菌抗生素抗性基因与毒力基因的转归	李慧莉, 裴媛玫, 李姗, 何芙蓉, 杨月婷, 魏源送, 佟娟 (3270)
鸡粪与中药渣共堆肥对抗生素抗性基因的影响	武晋萍, 陈建文, 刘勇, 张红, 李君剑 (3276)
宁武亚高山湖泊细菌群落的时空格局及驱动机制	王雪, 刘晋仙, 柴宝峰, 罗正明, 赵鹏宇, 暴家兵 (3285)
石家庄市春季景观水体 nirS 型反硝化细菌群落特征分析	张艺冉, 李再兴, 孙悦, 霍然, 孟文茹, 王凌霄, 申邵恒, 杨子程, 周石磊 (3295)
磷差异性调控水稻根际 nirK/nirS 型反硝化菌组成与丰度	湛钰, 高丹丹, 盛荣, 魏文学, 秦红灵, 张文钊, 侯海军, 汤亚芳 (3304)
会仙岩溶湿地、稻田与旱地土壤细菌群落结构特征比较	贾远航, 靳振江, 袁武, 程跃扬, 邱江梅, 梁锦桃, 潘复静, 刘德深 (3313)
湘中典型稻田系统 Cd 平衡分析	蒋凯, 邓潇, 周航, 龙坚, 李欣阳, 董霞, 王树兵, 刘文辉, 侯红波, 彭佩钦, 廖柏寒 (3324)
改良剂对根际土壤-水稻系统中镉运移的影响	李义纯, 王艳红, 唐明灯, 巫彬芳, 李林峰, 艾绍英, 凌志祥 (3331)
重金属固定植物促生细菌的筛选及其阻控小麦富集重金属效应	韩辉, 王晓宇, 蔡红, 姚伦广, 蔡倩迪, 王逸雪, 陈兆进 (3339)
不同品种辣椒镉亚细胞分布和化学形态特征差异	彭秋, 李桃, 徐卫红, 焦璐琛, 邓继宝 (3347)
添加磷对水稻-油菜轮作土壤 N ₂ O 排放影响	孙正, 苏荣琳, 徐鹏, 吴宏涛, 胡金丽, 赵劲松, 胡荣桂 (3355)
渭北旱原土地利用方式对土壤团聚体稳定性及其有机碳的影响	刘杰, 马艳婷, 王宪玲, Sompouviset Thongsouk, 李利敏, 秦亚旭, 赵志远, 郑伟, 翟丙年 (3361)
不同土地利用类型的土壤中多环芳烃的纵向迁移特征	鲁垠涛, 向鑫鑫, 张士超, 刘明丽, 王静, 李爽, 姚宏, 孙绍斌 (3369)
西湖景区土壤中邻苯二甲酸酯污染水平、来源分析和空间分布特征	廖健, 邓超, 陈怡, 周文钊, 林春绵, 张辉 (3378)
生物炭对壤土土壤容重和团聚体的影响	李倩倩, 许晨阳, 耿增超, 张久成, 陈树兰, 王慧玲, 张妍, 负方悦, 杨林, 董胜虎 (3388)
《环境科学》征订启事 (3194) 《环境科学》征稿简则 (3222) 信息 (3256, 3284, 3323)	

鸡粪与中药渣共堆肥对抗生素抗性基因的影响

武晋萍, 陈建文, 刘勇, 张红, 李君剑*

(山西大学黄土高原研究所, 太原 030006)

摘要: 畜禽粪便是抗生素抗性基因(antibiotic resistant genes, ARGs)进入环境的重要途径, 为了削减畜禽粪便中的 ARGs, 在为期 46 d 的鸡粪与中药渣共堆肥后, 对不同阶段 ARGs 和可移动基因元件(mobile gene elements, MGEs)的丰度通过实时定量 PCR 进行检测。100 种 ARGs 中检测到 21 种, 以及 2 种整合酶基因(*intI1* 和 *intI2*)和 3 种转座酶基因(*tnpA-01*、*tnpA-02* 和 *tnpA-03*)。结果表明, 在堆肥过程中 5 种 MGEs 均显著降低, 其中 *tnpA-01* 和 *tnpA-02* 去除效果最好, 减少了两个数量级; 氨基糖苷类抗性基因 *aacA/aphD* 和 *aadE* 显著性降低($P < 0.05$); β -内酰胺类抗性基因 *blaOXA1* 与堆肥天数显著相关($P = 0.016$), 其去除率为 78.63%; 林可酰胺类抗性基因均随堆肥时间显著降低, 平均去除率为 90.39%; 四环素类抗性基因的去除效果相差较大, *tetG* 降低了 99.77%, *tetR* 仅降低了 31.72%; 喹诺酮类抗性基因 *qnrD* 去除率最高为 99.89%; 磺胺类中 *sulIII* 的去除率高达 99.88%, 而 *sulI* 呈增长趋势。ARGs 与 MGEs 相关性表明 *tnpA-01* 与 ARGs 之间具有显著相关性($P < 0.05$)。ARGs 随堆肥时间的变化趋势表明, 中药渣与鸡粪共堆肥可显著降低 ARGs 丰度, 从而降低畜禽粪便在农田施用中 ARGs 扩散的风险。

关键词: 抗生素抗性基因(ARGs); 共堆肥; 中药渣; 鸡粪; 实时定量 PCR

中图分类号: X171.5 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2019)07-3276-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.201812089

Effect of Co-composting of Chicken Manure with Chinese Medicinal Herbal Residues on Antibiotic Resistance Genes

WU Jin-ping, CHEN Jian-wen, LIU Yong, ZHANG Hong, LI Jun-jian*

(Institute of Loess Plateau, Shanxi University, Taiyuan 030006, China)

Abstract: Livestock manure is an important pathway by which antibiotic resistance genes (ARGs) enter the environment. To reduce the occurrence of antibiotic resistance genes in manures, we studied the variations of ARGs and mobile gene elements (MGEs) during the 46-day co-composting of chicken manure with Chinese medicinal herbal residues. The abundance of 100 ARGs and 5 MGEs were measured by Real-Time Quantitative PCR with 0, 3, 7, 14, 28, and 46 d co-composting. We detected 21 ARGs, 2 integrase genes (*intI1* and *intI2*), and 3 transposase genes (*tnpA-01*, *tnpA-02*, and *tnpA-03*). The abundance of 5 MGEs significantly declined with co-composting time, particularly *tnpA-01* and *tnpA-02*, which were reduced by two orders of magnitude. The abundance of *aacA/aphD* and *aadE* were significantly reduced ($P < 0.05$) in aminoglycoside resistance genes. In β -lactam resistance genes, the strongest relationships were demonstrated between *blaOXA1* and compost days ($P = 0.016$), and the removal rate was 78.63%. The average removal rate was 90.39% for amide resistance genes, which decreased significantly with composting time. The removal ratios were different among tetracycline resistance genes. For example, the removal ratios of *tetG* and *tetR* were 99.77% and 31.72%, respectively. The highest removal rate of *qnrD* was 99.89%. The removal rate of *sulIII* was as high as 99.88%, while *sulI* showed an increasing trend. Correlations between ARGs and MGEs were significant correlation for *tnpA-01* and ARGs ($P < 0.05$). The trend of ARGs with composting time indicates that the composting of Chinese medicine residues and chicken manure can significantly reduce the abundance of ARGs, thus reducing the risk of ARGs being distributed via livestock manure application.

Key words: antibiotic resistance genes (ARGs); co-composting; Chinese medicinal herbal residues; chicken manure; real-time quantitative PCR

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)作为一种新型环境污染物在环境研究领域受关注的程度日益增加^[1,2], 它们的主要传播方式是水平基因转移(horizontal gene transfer, HGT)。ARGs 可以整合到一些可移动基因元件(mobile gene elements, MGEs; 比如质粒、整合子和转座子等)上, 进而在菌株之间进行传播^[3-5]。由于兽用抗生素具有防治动物疫病和促进生长的双重功效, 在养殖业中以亚治疗剂量长期添加于动物饲料中^[6]。有研究对施用了多年猪粪、鸡粪和牛粪的农业土壤进行了各种微观及田间实验, 发现施用粪肥后土壤

ARGs 的水平显著提高^[7-9]。此外, 也有研究证实, 畜禽粪便促进了 ARGs 在土壤中的横向转移。畜禽粪便中的 ARGs 可进一步通过食物链, 从环境向人体转移, 从而增加人类治愈细菌感染性疾病的风险, 严重威胁到人类健康^[10]。

堆肥不仅能够使畜禽粪便资源利用更加合理化, 还能利用堆肥过程中产生的高温有效去除

收稿日期: 2018-12-10; 修订日期: 2019-01-17

基金项目: 国家自然科学基金项目(41771548)

作者简介: 武晋萍(1993~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物, E-mail: pingziking@163.com

* 通信作者, E-mail: lijunjian@sxu.edu.cn

ARGs, 并迅速降解粪便中残留的抗生素, 防止堆肥过程中再次诱导产生 ARGs, 最终降低畜禽粪便中 ARGs 对生态环境造成的危害^[11]. 在猪粪堆肥过程中, Cui 等^[12]研究了四环素类、磺胺类和氟喹诺酮类抗性基因, 并发现在堆肥 56 d 后, 被选中的目标 ARGs, 除了 *parC*, 在堆肥结束后均没有被检测到. 王晓慧^[13]发现在鸡粪堆肥之后, 相比于新鲜鸡粪 *tetA* 和 *tetC* 基因的含量都有所降低, 去除率分别为 98.8% 和 69.6%. 郑宁国等^[14]进行了猪粪与锯末共堆肥的实验, 在堆肥结束时 *blaTEM* 去除率达 99.9%, *qnrS* 的去除率达 99.7%. Cui 等^[12]将水稻秸秆与蘑菇渣作为堆肥填充料添加到鸡粪堆肥过程中, 在实验结束时, ARGs 的平均去除率为 86%, 比不添加填充料的对照组有更高的去除率.

随着我国医药行业的发展, 中药厂在生产过程中产生大量中药废渣. 中药渣的传统处理方式如焚烧、填埋、固定区域堆放等不仅要投入大量资金, 而且也造成了资源浪费以及环境污染^[15, 16]. 有研究发现中药渣成分复杂, 存在一定的活性物质, 是一种无公害有机肥料^[17, 18]. 而堆肥化处理成本较低、无害化程度较高, 利用好氧高温堆肥技术处理中药渣是一种可行途径^[16, 19]. 鸡粪在畜禽粪便中占有较大比例, 且鸡粪中 ARGs 的相对丰度高于猪粪^[20], 目前针对鸡粪堆肥中 ARGs 变化的研究相对较少, 因此, 本实验将鸡粪与中药渣进行高温好氧共堆肥, 采用实时荧光定量 PCR 法检测堆肥过程中不同堆肥阶段样品中 ARGs 和 MGEs 的丰度, 探究添加中药渣的高温好氧堆肥对不同 ARGs 的影响, 寻求一种更加高效的畜禽粪便中 ARGs 的去除方法.

1 材料与方法

1.1 实验设计

本实验所用鸡粪取自山西省太原市畜牧养殖场, 中药渣来自制药厂废渣. 堆肥实验在矩形泡沫箱中进行 (53 cm × 37 cm × 27 cm), 箱体四壁上分别留一个小孔 ($d = 2$ cm), 用于通风. 鸡粪与中药渣按照体积比堆置, 设置 3 个重复, 调节碳氮比为 25, 含水量控制在 60% 左右, 定期进行翻堆通风, 自然堆置 46 d. 每天于上午 08:00 使用温度计测量堆体中心的温度, 同时记录当天气温.

1.2 样品采集

以第 0 d 收集的样品作为对照, 在堆肥的第 3、7、14、28 和 46 d 进行取样 (取样时间对应堆肥的不同阶段, 即升温阶段、高温阶段、降温阶段和腐熟阶段), 取样点位于箱体四周和中间, 将样品混

匀后存放于 -80°C 为后续实验用.

1.3 DNA 提取

样品的基因组提取使用 E. Z. N. A[®] Soil DNA Kit (Omega Bio-Tek, USA), 按照生产商的说明操作, 用多功能读版机 Infinite 200 PRO (TECAN, Sweden) 测定 DNA 浓度和纯度. 每个样品提取 3 份, 然后将 3 份 DNA 提取物合并在一起于 -20°C 保存待用.

1.4 实时荧光定量 PCR

在检测的 100 种 ARGs 中共检测出 21 种, 其中包括 6 种常见的四环素类抗性基因 (*tetG*、*tetH*、*tetM*、*tetQ*、*tetR* 和 *tetW*), 4 种氨基糖苷类抗性基因 (*aacA/aphD*、*aacC2*、*aadE* 和 *aphA3*), 4 种大环内酯-林可酰胺类抗性基因 (*lnuA-01*、*lnuB-01*、*lnuB-02* 和 *mel*), 4 种 β -内酰胺类抗性基因 (*blaPSE*、*blaTEM*、*blaOXA1* 和 *blaOXA1/blaOXA30*), 1 种喹诺酮类抗性基因 (*qnrD*), 2 种磺胺类抗性基因 (*sul I* 和 *sulIII*) 以及 2 种整合酶基因 (*intI1* 和 *intI2*) 和 3 种转座酶基因 (*tnpA-01*、*tnpA-02* 和 *tnpA-03*). 同时对细菌 16S rRNA 基因进行 qPCR 检测. 这些 ARGs 在 qPCR 检测中所用引物序列、目标基因片段大小及退火温度主要来源于已发表的文献. 含有这些特定基因的质粒由浙江天科生物技术有限公司 (浙江, 中国) 生产, 作为 qPCR 标准曲线 10 倍稀释的标准品, 并以无菌水作为阴性对照. 将标准品与待测样品一起在 StepOnePlus[™] 实时荧光定量 PCR 仪 (Life Technologies, USA) 上进行 qPCR 检测. 所有样品 3 个平行, 最终计算平均值.

qPCR 反应体系采用 10 μL 体系, 包括 TB Green Premix Ex Taq II (Tli RNaseH Plus) ($2 \times$) 5 μL , 上下游引物各 0.4 μL , ROX Reference Dye ($50 \times$) 0.2 μL , DNA Sample, 1 μL , ddH₂O, 3 μL . 反应热循环步骤如下: ① 95°C , 30s, 1 cycle; ② 95°C , 5s, 40cycles; ③ 60°C , 30s, 40cycles. CT 检测限为 40 个循环, 通过溶解曲线和凝胶电泳验证引物特异性.

1.5 数据分析

数据采用 Microsoft Excel 2013 和 SPSS 13.0 进行处理和分析, 作图采用 Microsoft Excel 2013、SigmaPlot 14.0、R 3.5.1 及 Gephi 等完成. 用 Pearson 线性相关分析确定 MGEs 和 ARGs 丰度之间是否具有显著相关性, 用单因素方差分析 (one-way ANOVA) 对 MGEs 不同天数之间的差异性进行分析, 用线性方程模拟堆肥过程中 ARGs 丰度随着堆肥天数的变化情况.

2 结果与分析

2.1 堆肥过程中温度变化

图 1 为堆肥过程中堆体及环境温度变化. 在堆置前 4 d, 堆体处于升温阶段, 堆体连续 8 d 的温度达到 55℃ 以上, 达到无害化腐熟标准. 堆体从第 12 d 开始温度低于 50℃, 33 d 之后堆体温度趋于稳定在 16℃ 左右, 略高于环境温度.

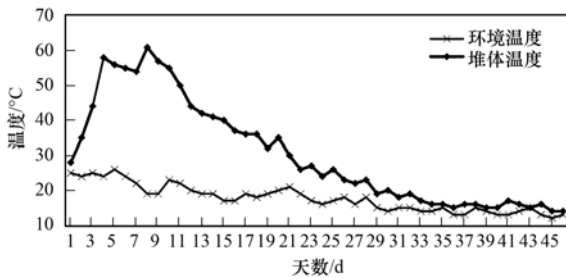


图 1 堆肥过程中温度变化

Fig. 1 Change of temperature during composting

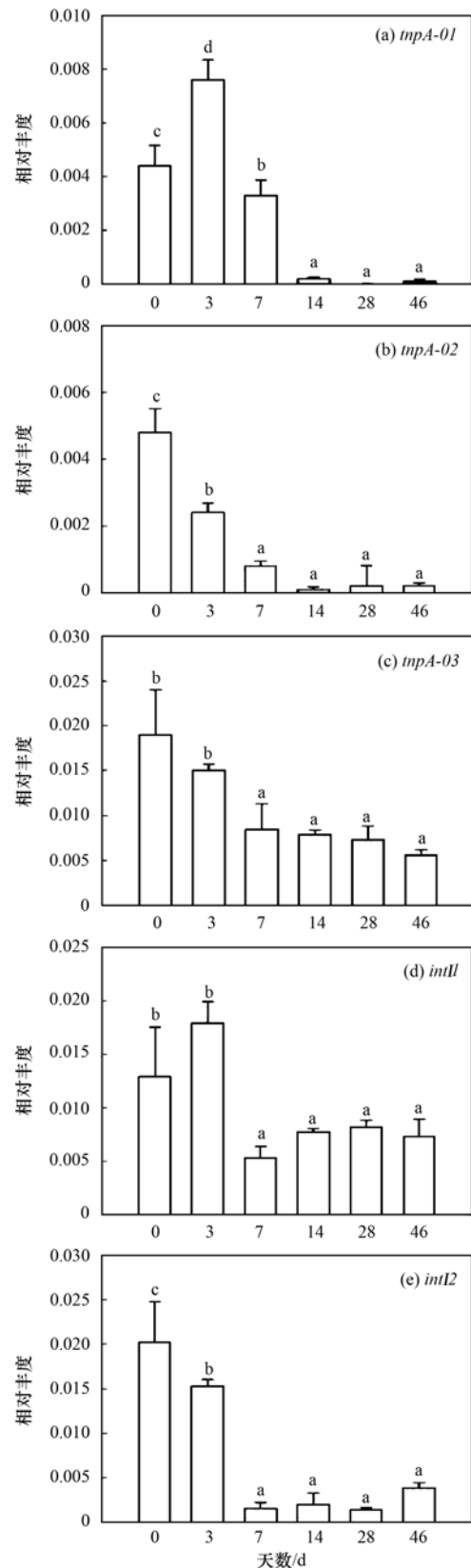
2.2 堆肥过程中 MGEs 相对丰度的变化

堆肥过程中 MGEs 的相对丰度变化及差异性比较如图 2 所示. 在初始样品中整合酶基因 *int I2* 的相对丰度高于 *int I1*, 转座酶基因中 *tnpA-03* 的相对丰度最高. 堆肥结束后整合酶基因 (*int I1* 和 *int I2*) 与转座酶基因 (*tnpA-01*、*tnpA-02* 和 *tnpA-03*) 的相对丰度都得到有效降低, 其中 *tnpA-01* 减少了两个数量级. *int I1* 和 *tnpA-03* 的第 0、3 d 和第 7、14、28、46 d 具有显著性差异 ($P < 0.05$). 除 *tnpA-01* 外, 在堆肥过程中第 7、14、28 d 和 46 d 之间没有显著性差异. *int I1* 和 *tnpA-01* 在堆肥过程中表现出相似的趋势, 在第 3 d 其相对丰度值升高, 随后其相对丰度值逐渐下降. 转座酶基因 *tnpA-01* 和 *tnpA-02* 分别在堆肥第 28 d 和第 14 d 降到最低.

2.3 堆肥过程中 ARGs 相对丰度的变化

在对照鸡粪鲜样中, 检测到的 ARGs 相对丰度如图 3 所示. 其中相对丰度最高的 ARGs 是 *tetM* (0.148 4), 丰度最低的为 *sul III* (0.001 8). 这些 ARGs 按照分子机制主要分为三大类, 包括细胞保护机制、泵外排机制和抗生素失活机制, 三类机制中抗生素失活类机制占比最高.

在堆肥结束后添加中药渣的各类 ARGs 的相对丰度都有明显降低, 并且在堆肥过程中整体上是随着堆肥天数呈线性式降低 (除 *sul I*), 见图 4 ~ 8. 氨基糖苷类抗性基因整体呈现先增长后降低的趋势 (图 4), *aphA3* 基因在第 3 d 出现突然增长, 第 14 d 又急剧下降. 其中 *aacA/aphD* 的去除率最高, 达到 93.83%. *aacA/aphD* 和 *aadE* 在堆肥天数内呈显著性线性减少 ($R^2 = 0.6983$, $P = 0.038$, $R^2 =$



数值为 3 个重复的平均值, 竖线显示的是标准偏差, 相同字母表明处理之间差异不显著 ($P < 0.05$)

图 2 堆肥过程中 MGEs 相对丰度的变化

Fig. 2 Variations of the relative abundances of MGEs during co-composting

0.792 0, $P = 0.018$).

β -内酰胺类抗性基因整体呈线性减少 (图 5).

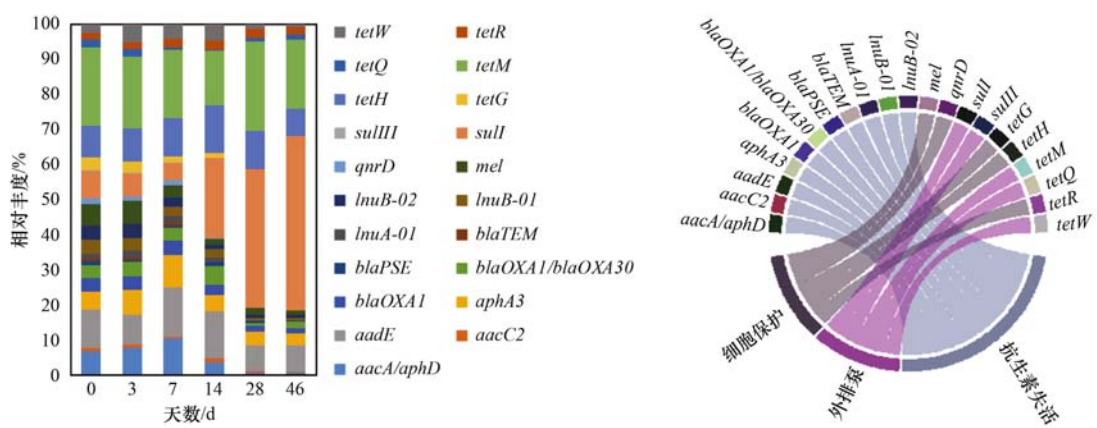


图3 堆肥过程中 ARGs 相对丰度和作用机制

Fig. 3 Relative abundance and the mechanism of ARGs during co-composting

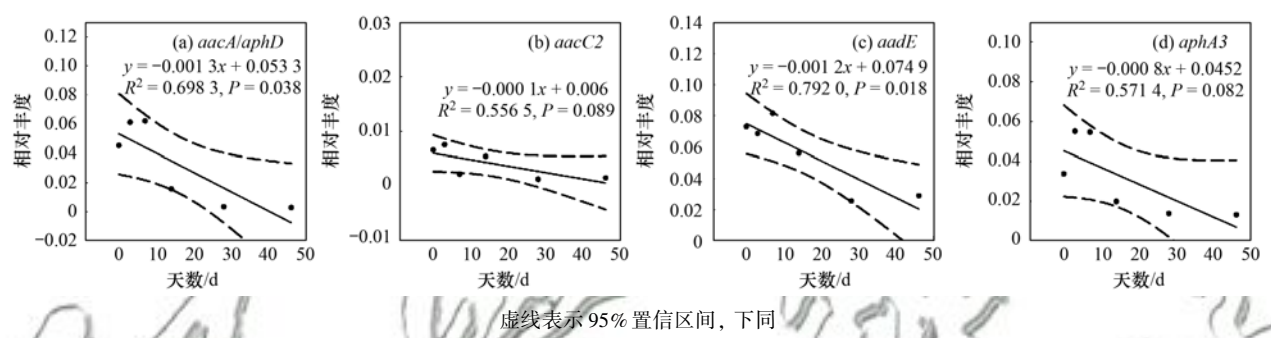


图4 堆肥过程中氨基糖苷类抗性基因相对丰度的变化

Fig. 4 Variations in the relative abundances of aminoglycosides during co-composting

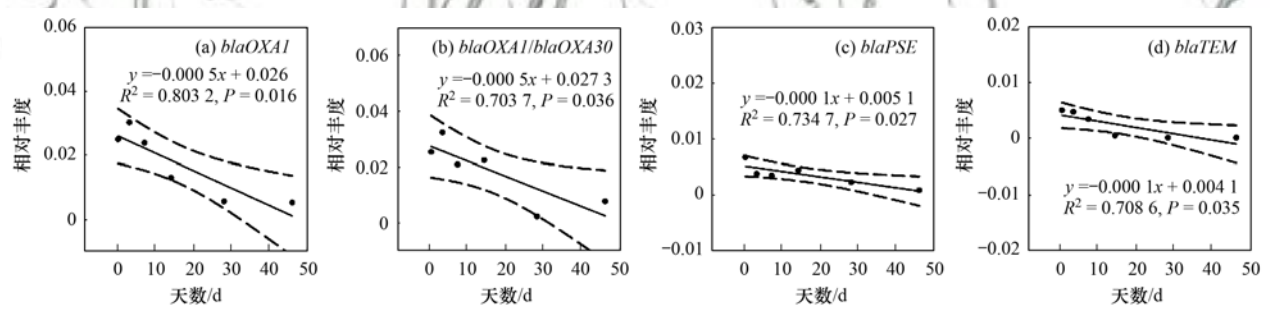


图5 堆肥过程中β-内酰胺类抗性基因相对丰度的变化

Fig. 5 Variations in the relative abundances of beta lactamases during co-composting

就增减趋势而言, *blaOXA1* 和 *blaOXA1/blaOXA30* 基因的增长趋势相同, 都是在第 3 d 出现增长, 随后逐渐降低. ARGs 随堆肥天数变化拟合程度最佳的是 *blaOXA1* ($R^2 = 0.8032$, $P = 0.016$), 去除率最高的是 *blaTEM*, 达到 97.02%.

大环内酯-林可酰胺类抗性基因在堆肥结束后整体减少, 去除率最高的是 *lnuA-01*, 达到 94.48%. *mel* 基因在堆肥结束后相对丰度减少了一个数量级(图 6), 但是并没有表现出显著性的线性下降趋势($R^2 = 0.5575$, $P = 0.088$).

四环素类抗性基因在堆肥天数内其相对丰度随时间的线性关系如图 7 所示. 在检出的 6 种四环素类抗性基因中 *tetG*、*tetH*、*tetR* 和 *tetW* 在堆肥过程中

表现出相似的变化, 在第 3 d 短暂的增长后又逐渐降低. 而 *tetM* 和 *tetQ* 在第 28 d 再次出现了增长, 其中 *tetH* 下降的线性拟合程度最优($R^2 = 0.8498$, $P = 0.009$), 但其去除率仅为 49.60%. *tetM* 检出时其相对丰度最高(0.1484), 但去除率最低仅为 49.11%, *tetG* 的去除率最高, 达到 99.77%.

堆肥过程中喹诺酮类和磺胺类抗性基因相对丰度随堆肥天数的变化如图 8 所示. 样品中检出的 *sulI* 的相对丰度值(0.0513)高于 *sulIII* (0.0018), 随着堆肥天数的增加其相对丰度呈线性增加的趋势($R^2 = 0.9241$, $P = 0.002$), 堆肥结束后其相对丰度值达到最大(0.1895), 而 *sulIII* 在堆肥结束时得到有效去除, 去除率为 99.88%. 喹诺酮类抗性基

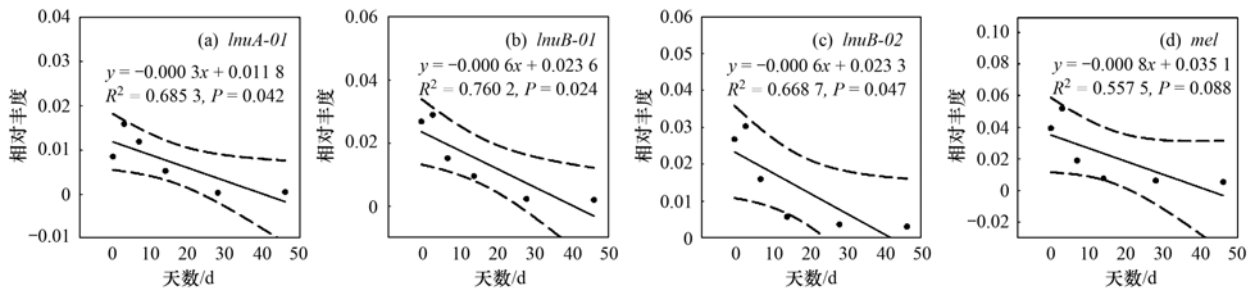


图6 堆肥过程中大环内酯-林可酰胺类抗性基因相对丰度的变化

Fig. 6 Variations in the relative abundances of macrolide-lincomamides during co-composting

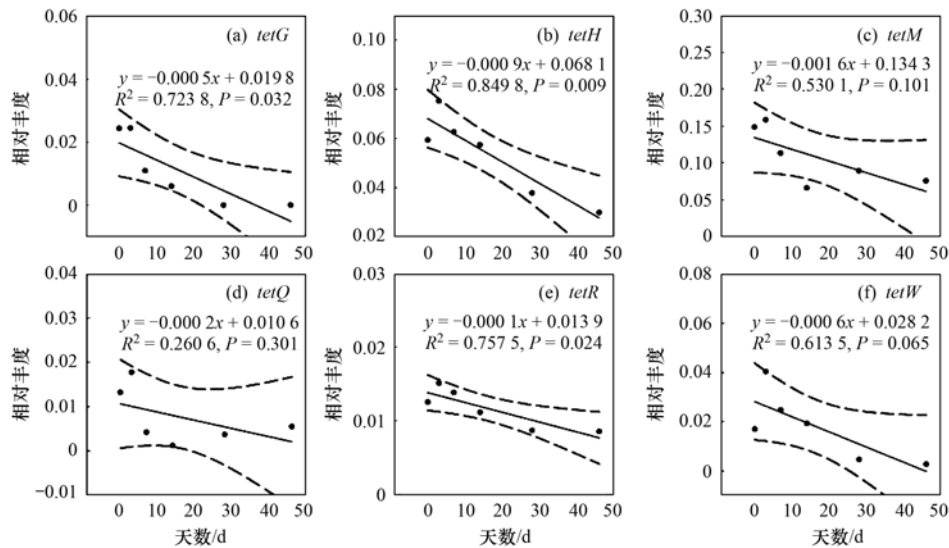


图7 堆肥过程中四环素类抗性基因相对丰度的变化

Fig. 7 Variations in the relative abundances of tetracyclines during co-composting

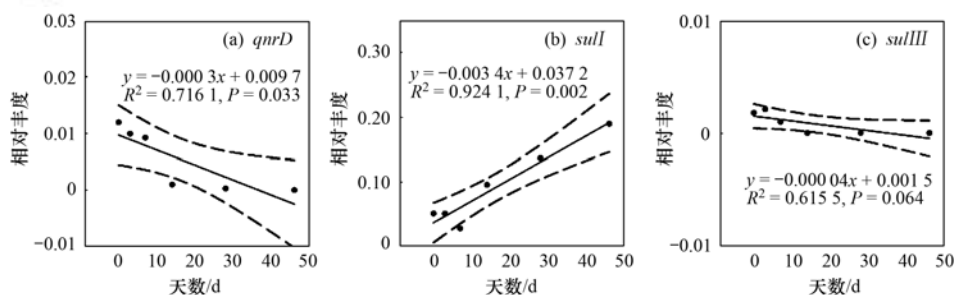


图8 堆肥过程中喹诺酮类和磺胺类抗性基因相对丰度的变化

Fig. 8 Variations in the relative abundances of quinolones and sulfonamides during co-composting

因(*qnrD*)在堆肥期间呈线性下降($R^2 = 0.7161$, $P = 0.033$),其相对丰度降低了3个数量级,去除率达99.89%,是检测到的ARGs中去除率最高的。

2.4 ARGs与MGEs的相关性分析

抗生素抗性基因和可移动基因元件之间的相关关系如表1所示。在结果检测到的6类ARGs中,*tnpA-01*与氨基糖苷类、 β -内酰胺类和喹诺酮类抗性基因具有显著正相关($P < 0.05$),与大环内酯-林可酰胺类和四环素类抗性基因具有极显著正相关($P < 0.01$)。*tnpA-02*只与喹诺酮类具有显著正相关

($P < 0.05$)。*int11*和*tnpA-03*与几类抗性基因之间不具有相关性。氨基糖苷类和 β -内酰胺类与其他类别的抗性基因之间具有显著相关性。 β -内酰胺类与大环内酯-林可酰胺类及四环素类抗性基因之间呈现极显著正相关($P < 0.01$),与磺胺类呈显著负相关($P < 0.05$)。

抗生素抗性基因之间共选择模式网络分析的结果包括了20个节点,44条边(图9)。同时表明不仅相同种类ARGs之间存在显著相关性,不同种类之间也存在显著相关性。 β -内酰胺类抗性基因不仅

表 1 抗生素抗性基因和可移动基因元件之间的相关关系¹⁾

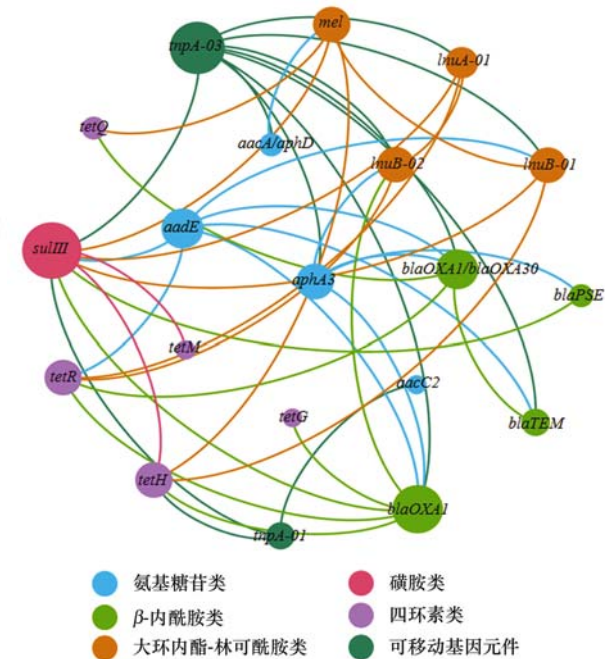
	Table 1 Correlations among the abundance of antibiotic resistant genes and mobile gene elements									
	<i>int I1</i>	<i>int I2</i>	<i>tnpA-01</i>	<i>tnpA-02</i>	<i>tnpA-03</i>	氨基糖苷类	β -内酰胺类	大环内酯-林可酰胺类	喹诺酮类	磺胺类
<i>int I2</i>	-0.081									
<i>tnpA-01</i>	-0.186	0.757								
<i>tnpA-02</i>	-0.166	0.955 **	0.692							
<i>tnpA-03</i>	0.896 *	-0.078	-0.455	-0.126						
氨基糖苷类	-0.327	0.497	0.850 *	0.553	-0.604					
β -内酰胺类	-0.107	0.707	0.893 *	0.705	-0.348	0.926 **				
大环内酯-林可酰胺类	-0.127	0.839 *	0.979 **	0.801	-0.352	0.852 *	0.939 **			
喹诺酮类	-0.370	0.752	0.875 *	0.829 *	-0.522	0.912 *	0.896 *	0.915 *		
磺胺类	0.092	-0.429	-0.723	-0.543	0.361	-0.935 **	-0.876 *	-0.767	-0.859 *	
四环素类	-0.106	0.783	0.984 **	0.752	-0.367	0.878 *	0.938 **	0.994 **	0.914 *	-0.807

1) * * 表示在 $P < 0.01$ 水平显著相关(双边检验); * 表示在 $P < 0.05$ 水平显著相关(双边检验)

自身存在相关性,如 *blaOXA1/blaOXA30* 与 *blaTEM* 具有显著相关性($P < 0.05$),它也与大环内酯-林可酰胺类、磺胺类和四环素类抗性基因具有相关性,如 *blaOXA1* 与 *tetG*、*tetR*、*sulIII* 及 *lnuB-02* 都具有显著相关性($P < 0.05$).

堆肥结束时,堆体中的微生物群落发生了很大变化^[21],也有研究证实细菌群落的变化与 ARGs 的变化密切相关^[22].有研究发现高温对可移动基因元件整合子等有消减作用^[23, 24].堆肥过程中部分 MGEs 的丰度降低可能是因为堆肥过程产生的高温对其产生了影响.Zhang 等^[25]的研究发现 *intI1* 在污泥堆肥中占主导地位,并且在堆肥的最后阶段,*intI1* 的丰度显著增加.Zhang 等^[26]在添加不同表面活性剂的鸡粪堆肥后 *intI1* 的丰度降低了两倍.在本实验中,*intI1* 的丰度在堆肥结束时也减少,但是没有转座酶基因减少得多.

Wright^[27]认为 ARGs 的变化与其不同的机制和不同的环境压力有关,这可以用来解释不同种类 ARGs 在不同堆肥阶段的变化趋势不同.高温有效地减少了 ARGs 的丰度.在本实验中,喹诺酮类抗性基因的去除率高达 99.89%,是检测到的 ARGs 中去除率最高的.有研究表明高温堆肥对鸡粪中喹诺酮类抗性基因去除效果最好,对部分抗性基因的去除效果有待提高^[28].Selvam 等^[29]研究了高温堆肥过程对于四环素类及磺胺类抗性基因的影响,发现四环素类抗性基因 *tetW* 及 *intI1* 在堆肥过程中出现了增殖,而本实验 *tetW* 的去除率达到 83.95%,这可能是在添加了中药渣之后,对 *tetW* 的宿主菌产生了影响.在畜禽养殖中不同的饲料等因素也会对 ARGs 产生影响,Li 等^[30]的研究表明 ARGs 的丰度与土壤中残留的抗生素浓度具有强烈的相关性.崔二苹^[31]在鸡粪肥堆肥过程中,发现抗生素抗性基因的增减与致病菌的增减顺序一致,这些致病菌上可能携带着某些特定的抗生素抗性基因.在堆肥过程中的高温阶段能杀死一些 ARGs 低温宿主菌,很多病原菌都是 ARGs 的携带者,但是他们都不能在高温下生存^[22, 32],而环境温度也会对 ARGs 的消除



不同颜色的节点代表不同类型的抗性基因,而边缘表示相邻节点之间显著性的相互关系;每个节点的大小与节点间显著相关性的数量成正比

图 9 抗生素抗性基因之间共选择模式的网络分析

Fig. 9 Network analysis showing the co-occurrence patterns among the ARGs

3 讨论

本实验表明在添加了中药渣的鸡粪堆肥后,ARGs 与 MGEs(除 *sulI*) 的相对丰度都减少,这可能是因为中药渣的添加消除了一些 ARGs 的潜在宿主细菌.相关研究表明加入中药渣的污泥堆肥,在

产生影响. 鸡粪与中药渣共堆肥后 ARGs 丰度降低的另一个原因可能是在堆肥过程中抗生素大量降解, 之前有研究表明, 残留抗生素对于 ARGs 的多样性及丰度的提高具有潜在的促进作用^[33]. *sul I* 的含量高于四环素类抗性基因, 这与 Cui 等^[12]的研究一致. 也有其他研究表明, 磺胺类抗性基因在鸡粪中的含量高于其他粪便, 说明鸡粪可能是磺胺类抗性基因的一个储存库. *sul I* 的丰度显著高于 *sul III*, 这是因为 *sul I* 的宿主范围广, 并且 *sul I* 基因位于 *int I1* 的 3' 端保守区域内, 这种联系可能有利于 *sul I* 基因在自然环境中的存在^[34, 35].

ARGs 之间的相关性表明, 这些基因可能携带某些特定的微生物种群或者某些特定的 MGEs^[36, 37]. 本实验结果显示氨基糖苷类与磺胺类呈显著负相关 ($P < 0.01$), 这可能跟他们的宿主菌间存在竞争或抑制作用有关^[38]. *tnpA-01* 与四环素类抗性基因之间的显著相关性在 Zhu 等^[39]的研究结果中也出现. 在堆肥结束后, 转座酶基因 *tnpA-01* 的丰度降低了两个数量级, *tnpA-02* 降低了一个数量级, 由此可见, 转座子可能是影响堆肥前后 ARGs 差异的一个重要因素. *int I1* 广泛存在于革兰氏阳性细菌中, 有研究发现在没有抗生素的选择压力下 *int I1* 的检出率很低^[40]. Wang 等^[41]的研究表明, *int I1* 与所研究的抗生素抗性基因 (*tetG*、*tetW*、*sul I* 和 *sul III*) 显著相关, 说明 *int I1* 在 ARGs 横向转移起到非常重要的作用, 也进一步证明了 *I* 类整合子是在 ARGs 传播中的一个重要途径^[42]. 但是, 本实验中 *I* 类整合子和 ARGs 之间并没有表现出显著相关性, 而 *tnpA-01* 与 ARGs 表现出显著相关性. 也有研究发现 ARGs 与 *I* 类整合子之间并没有相关性, 这个结果表明 ARGs 的横向转移潜能是非常低的. 所以探究在粪肥中两者的关系以及进一步了解 ARGs 的转移机制, 是今后研究的一个方向. 有研究发现 ARGs 与非同源 ARGs 之间存在一定的相关性, 一个整合子可以通过位点特异性重组捕获多个外源基因盒, 从而使多种抗性基因表现出共现现象^[43]. Li 等^[44]发现氯霉素抗性基因 *catB3* 与磺胺类抗性基因 *dfrAI* 共现概率达 100%. 共选择网络分析表明, 多种 ARGs (同源或非同源) 在环境中可能常常同时出现, *blaOXA1/blaOXA30* 与其他 ARGs 的关系最密切, 它们可能存在于相同的整合子-基因盒或宿主菌中, 这为将其中某种 ARGs 作为指示基因来预测其他相关基因的丰度提供了可能性.

4 结论

(1) 鸡粪与中药渣共堆肥结束后, 有效降低了

整合酶基因 *int I1* 和 *int I2*, 转座酶基因 *tnp-01*、*tnpA-02* 和 *tnpA-03* 的相对丰度.

(2) 堆肥结束后检测到的抗生素抗性基因 (除 *sul I*) 的相对丰度普遍减少, 其中 *blaTEM*、*qnrD*、*sul III* 和 *tetG* 的去除率在 95% 以上, *aadE*、*tetH*、*tetM* 和 *tetR* 的去除率较低.

(3) 转座酶基因 *tnpA-01* 与抗生素抗性基因具有显著相关性, 不同抗生素抗性基因之间也具有相关性.

参考文献:

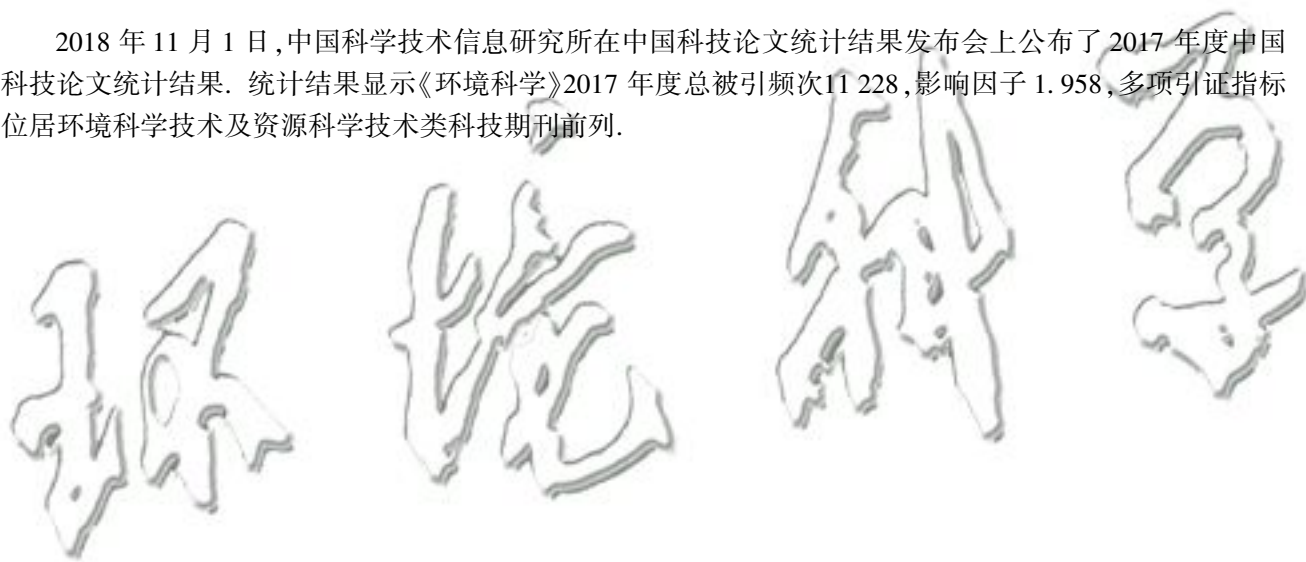
- [1] Pruden A, Pei R T, Storteboom H, et al. Antibiotic resistance genes as emerging contaminants; studies in northern Colorado [J]. Environmental Science & Technology, 2006, 40 (23): 7445-7450.
- [2] Knapp C W, Engemann C A, Hanson M L, et al. Indirect evidence of transposon-mediated selection of antibiotic resistance genes in aquatic systems at low-level oxytetracycline exposures [J]. Environmental Science & Technology, 2008, 42 (14): 5348-5353.
- [3] Ash R J, Mauck B, Morgan M. Antibiotic resistance of gram-negative bacteria in rivers, United States [J]. Emerging Infectious Diseases, 2002, 8 (7): 713-716.
- [4] Gogarten J P, Townsend J P. Horizontal gene transfer, genome innovation and evolution [J]. Nature Reviews Microbiology, 2005, 3 (9): 679-687.
- [5] Fouace J. Transfer of resistance plasmids in staphylococcus aureus [J]. Annales de Microbiologie, 1974, 125 (4): 517-520.
- [6] 罗义, 周启星. 抗生素抗性基因 (ARGs)——一种新型环境污染[J]. 环境科学学报, 2008, 28 (8): 1499-1505.
Luo Y, Zhou Q X. Antibiotic resistance genes (ARGs) as emerging pollutants [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2008, 28 (8): 1499-1505.
- [7] Marti R, Scott A, Tien Y C, et al. Impact of manure fertilization on the abundance of antibiotic-resistant bacteria and frequency of detection of antibiotic resistance genes in soil and on vegetables at harvest [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79 (18): 5701-5709.
- [8] Udikovic-Kolic N, Wichmann F, Broderick N A, et al. Bloom of resident antibiotic-resistant bacteria in soil following manure fertilization [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2014, 111 (42): 15202-15207.
- [9] Seyfried E E, Newton R J, Rubert K F, et al. Occurrence of tetracycline resistance genes in aquaculture facilities with varying use of oxytetracycline [J]. Microbial Ecology, 2010, 59 (4): 799-807.
- [10] 周启星, 罗义, 王美娥. 抗生素的环境残留、生态毒性及抗性基因污染 [J]. 生态毒理学报, 2007, 2 (3): 243-251.
Zhou Q X, Luo Y, Wang M E. Environmental residues and ecotoxicity of antibiotics and their resistance gene pollution; a review [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2007, 2 (3): 243-251.
- [11] 邹威, 罗义, 周启星. 畜禽粪便中抗生素抗性基因 (ARGs) 污染问题及环境调控 [J]. 农业环境科学学报, 2014, 33 (12): 2281-2287.
Zou W, Luo Y, Zhou Q X. Pollution and environmental regulation of antibiotic resistance genes (ARGs) in livestock manure [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2014, 33

- (12): 2281-2287.
- [12] Cui E P, Wu Y, Zuo Y R, *et al.* Effect of different biochars on antibiotic resistance genes and bacterial community during chicken manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2016, **203**: 11-17.
- [13] 王晓慧. 禽畜粪便堆肥过程中耐药基因变化的研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2017. 8-12.
Wang X H. Study on the change of ARGs in composting of livestock and poultry manure[D]. Shanghai: East China Normal University, 2017. 8-12.
- [14] 郑宁国, 黄南, 王卫卫, 等. 高温堆肥过程对猪粪来源抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2016, **37**(5): 1986-1992.
Zheng N G, Huang N, Wang W W, *et al.* Effects of thermophilic composting on antibiotic resistance genes (ARGs) of swine manure source [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(5): 1986-1992.
- [15] 杨冰, 丁斐, 李伟东, 等. 中药渣综合利用研究进展及生态化综合利用模式[J]. *中草药*, 2017, **48**(2): 377-383.
Yang B, Ding F, Li W D, *et al.* Research progress on comprehensive utilization of Chinese medicine residue and ecological comprehensive utilization pattern [J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2017, **48**(2): 377-383.
- [16] 王引权, 吴小琴, 朱田田, 等. 中药固渣堆肥利用研究[J]. *中药材*, 2008, **31**(11): 1622-1624.
Wang Y Q, Wu X Q, Zhu T T, *et al.* Study on utilization of solid slag compost of Chinese medicinal herbal [J]. *Journal of Chinese Medicinal Materials*, 2008, **31**(11): 1622-1624.
- [17] 张红刚, 滕婧, 李顺祥, 等. 资源节约-中药渣高效综合利用研究进展[J]. *广州化工*, 2013, **41**(12): 16-18.
Zhang H G, Teng J, Li S X, *et al.* Research progress of comprehensive utilization of Chinese medicine residue for resources conservation [J]. *Guangzhou Chemical Industry*, 2013, **41**(12): 16-18.
- [18] 肖琰琼, 叶发兵. 中药渣生物有机肥的制备及检测[J]. *湖北师范大学学报: 自然科学版*, 2017, **37**(3): 37-42.
Xiao Y Q, Ye F B. Preparation and analysis of biological organic fertilizer with the residue of Chinese medicine [J]. *Journal of Hubei Normal University (Natural Science)*, 2017, **37**(3): 37-42.
- [19] 王引权, Schuchardt F, 陈晖, 等. 翻堆频率对中药渣堆肥过程及其理化性质的影响[J]. *中国农学通报*, 2012, **28**(29): 247-252.
Wang Y Q, Schuchardt F, Chen H, *et al.* Effects of turning frequency on chemical and physical properties in windrow composting of spent Chinese herbal medicine [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, **28**(29): 247-252.
- [20] Han X M, Hu H W, Chen Q L, *et al.* Antibiotic resistance genes and associated bacterial communities in agricultural soils amended with different sources of animal manures [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **126**: 91-102.
- [21] 宿程远, 郑鹏, 阮祁华, 等. 中药渣与城市污泥好氧共堆肥的效能[J]. *环境科学*, 2016, **37**(10): 4062-4068.
Su C Y, Zhen P, Ruan Q H, *et al.* Efficiency of aerobic co-composting of urban sludge and Chinese medicinal herbal residues [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(10): 4062-4068.
- [22] Qian X, Sun W, Gu J, *et al.* Reducing antibiotic resistance genes, integrons, and pathogens in dairy manure by continuous thermophilic composting [J]. *Bioresource Technology*, 2016, **220**: 425-432.
- [23] Ghosh S, Ramsden S J, LaPara T M. The role of anaerobic digestion in controlling the release of tetracycline resistance genes and class I integrons from municipal wastewater treatment plants [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2009, **84**(4): 791-796.
- [24] Ma Y J, Wilson C A, Novak J T, *et al.* Effect of various sludge digestion conditions on sulfonamide, macrolide, and tetracycline resistance genes and class I integrons [J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, **45**(18): 7855-7861.
- [25] Zhang J Y, Chen M X, Sui Q W, *et al.* Impacts of addition of natural zeolite or a nitrification inhibitor on antibiotic resistance genes during sludge composting [J]. *Water Research*, 2016, **91**: 339-349.
- [26] Zhang L, Gu J, Wang X J, *et al.* Behavior of antibiotic resistance genes during co-composting of swine manure with Chinese medicinal herbal residues [J]. *Bioresource Technology*, 2017, **244**: 252-260.
- [27] Wright G D. The antibiotic resistome: the nexus of chemical and genetic diversity [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, **5**(3): 175-186.
- [28] Yang B, Meng L, Xue N D. Removal of five fluoroquinolone antibiotics during broiler manure composting [J]. *Environmental Technology*, 2018, **39**(3): 373-381.
- [29] Selvam A, Xu D L, Zhao Z Y, *et al.* Fate of tetracycline, sulfonamide and fluoroquinolone resistance genes and the changes in bacterial diversity during composting of swine manure [J]. *Bioresource Technology*, 2012, **126**: 383-390.
- [30] Li J J, Xin Z H, Zhang Y Z, *et al.* Long-term manure application increased the levels of antibiotics and antibiotic resistance genes in a greenhouse soil [J]. *Applied Soil Ecology*, 2017, **121**: 193-200.
- [31] 崔二辛. 生物质炭对粪肥堆肥过程中抗生素抗性基因行为特征的影响[D]. 杭州: 浙江大学, 2016. 38-43.
Cui E P. The effect of biochar addition on antibiotic resistance genes during manure composting [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2016. 38-43.
- [32] Erickson M C, Liao J, Boyhan G, *et al.* Fate of manure-borne pathogen surrogates in static composting piles of chicken litter and peanut hulls [J]. *Bioresource Technology*, 2010, **101**(3): 1014-1020.
- [33] Fang H, Wang H F, Cai L, *et al.* Prevalence of antibiotic resistance genes and bacterial pathogens in long-term manured greenhouse soils as revealed by metagenomic survey [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(2): 1095-1104.
- [34] Sköld O. Sulfonamide resistance: mechanisms and trends [J]. *Drug Resistance Updates*, 2000, **3**(3): 155-160.
- [35] Partridge S R, Tsafnat G, Coiera E, *et al.* Gene cassettes and cassette arrays in mobile resistance integrons [J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2009, **33**(4): 757-784.
- [36] Hu H W, Wang J T, Li J, *et al.* Field-based evidence for copper contamination induced changes of antibiotic resistance in agricultural soils [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(11): 3896-3909.
- [37] Han X M, Hu H W, Shi X Z, *et al.* Impacts of reclaimed water irrigation on soil antibiotic resistome in urban parks of Victoria, Australia. [J]. *Environmental Pollution*, 2016, **211**: 48-57.
- [38] Wang F H, Qiao M, Chen Z, *et al.* Antibiotic resistance genes in manure-amended soil and vegetables at harvest [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2015, **299**: 215-221.
- [39] Zhu Y G, Johnson T A, Su J Q, *et al.* Diverse and abundant antibiotic resistance genes in Chinese swine farms [J].

- Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2013, **110**(9): 3435-3440.
- [40] Rosser S J, Young H K. Identification and characterization of class 1 integrons in bacteria from an aquatic environment [J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 1999, **44**(1): 11-18.
- [41] Wang F H, Qiao M, Lv Z E, *et al.* Impact of reclaimed water irrigation on antibiotic resistance in public parks, Beijing, China [J]. Environmental Pollution, 2014, **184**: 247-253.
- [42] Gillings M R, Krishnan S, Worden P J, *et al.* Recovery of diverse genes for class 1 integron-integrases from environmental DNA samples [J]. FEMS Microbiology Letters, 2008, **287**(1): 56-62.
- [43] He L Y, Liu Y S, Su H C, *et al.* Dissemination of antibiotic resistance genes in representative broiler feedlots environments: Identification of indicator ARGs and correlations with environmental variables [J]. Environmental Science & Technology, 2014, **48**(22): 13120-13129.
- [44] Li X L, Shi L, Yang W Q, *et al.* New array of *aacA4-catB3-dfrA1* gene cassettes and a noncoding cassette from a class-1-integron-positive clinical strain of *Pseudomonas aeruginosa* [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2006, **50**(6): 2278-2279.

《环境科学》多项引证指标名列前茅

2018年11月1日,中国科学技术信息研究所在中国科技论文统计结果发布会上公布了2017年度中国科技论文统计结果.统计结果显示《环境科学》2017年度总被引频次11 228,影响因子1.958,多项引证指标位居环境科学技术及资源科学技术类科技期刊前列.



CONTENTS

Health Benefit Evaluation for Air Pollution Prevention and Control Action Plan in China	WU Wei-ling, XUE Wen-bo, WANG Yan-li, <i>et al.</i> (2961)
Scenario Simulation Study Constrained by the Ambient Air Quality Standards in Nanjing	XIE Fang-jian, SHI Zhi-hao, LI Jing-yi, <i>et al.</i> (2967)
Characteristics and Source Analysis of Water-Soluble Ions in PM _{2.5} in Zhengzhou	YANG Liu-ming, WANG Shen-bo, HAO Qi, <i>et al.</i> (2977)
Relationship Between Atmospheric Visibility and PM _{2.5} Concentrations and Distributions	WANG Ji-kang, ZHANG Heng-de, GUI Hai-lin, <i>et al.</i> (2985)
Characteristics of VOCs Emitted from the Rubber Tire Manufacturing Industry Based on the Inverse-Dispersion Calculation Method	BAI Hong-xiang, WEI Wei, WANG Ya-ting, <i>et al.</i> (2994)
Stable Carbon Isotope Compositions and Source Apportionments of Volatile Aromatic Compounds in the Urban Atmosphere of Taiyuan, China	LI Ying-hui, YAN Yu-long, LI Zhi-sheng, <i>et al.</i> (3001)
Spectral Distribution and Pollution Characteristics of Polybrominated Diphenyl Ethers in the Air of an Office Building Clustered Area	WANG Lin, DENG Ya-jia, LIAO Xiao-yong, <i>et al.</i> (3008)
Characterizing Chromophoric Dissolved Organic Matter in Key Lakes in the Middle Reaches of the East Route of the South-North Water Diversion Project	ZHANG Liu-qing, PENG Kai, ZHOU Lei, <i>et al.</i> (3018)
Characteristics of Hydrogen and Oxygen Isotopes in Different Water Bodies in Hilly and Gully Regions of the Loess Plateau	ZHANG He-hui-zi, YU Kun-xia, LI Zhan-bin, <i>et al.</i> (3030)
Analysis of Total Organic Carbon Source Differences Between New and Old Cascade Reservoirs using Carbon and Nitrogen Isotopes	WANG Cong-feng, HU Zi-long, YANG Zheng-jian, <i>et al.</i> (3039)
Pollution Sources and the Stratification Effects on Water Quality in Lijiahe Reservoir	XU Jin, HUANG Ting-lin, LI Kai, <i>et al.</i> (3049)
Distribution and Potential Risk of Organochlorine Pesticides in the Soil of a Submerged Area Around Miyun Reservoir	WANG Xia, ZHANG Qing-zhuo, ZHAO Gao-feng, <i>et al.</i> (3058)
Distribution, Sources, and Ecological Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in the Surface Waters of the Yinchuan Wetlands	TIAN Da-nian, DANG Li-hui, DING Run-mei, <i>et al.</i> (3068)
Comparison of the Geochemical Characteristics of Karst Springs of a Vertically Zoned Climate Region under Human Activity: A Case of Shuifang Spring and Bitan Spring in the Jinfo Mountain Area, Chongqing	XIE Guo-wen, YANG Ping-heng, SHENG Ting, <i>et al.</i> (3078)
Groundwater Chemical Characteristics and Analysis of Their Controlling Factors in an Alluvial Fan of Jianjiang River	TANG Jin-ping, ZHANG Qiang, HU Yang, <i>et al.</i> (3089)
Dynamics of Epilithic Algae Communities and Their Relationship with Environmental Factors During Storage and Non-storage Periods in the Three Gorges Reservoir	FU Jun-ke, LIU Li, HE Xin-yu, <i>et al.</i> (3099)
Influence of Rainfall on the <i>in situ</i> Growth of Dominant Algae Species in Xiangxi River	WENG Chuan-song, LIU De-fu, ZHANG Jia-lei, <i>et al.</i> (3108)
Decomposition of <i>Myriophyllum aquaticum</i> and the Associated Release of Nitrogen and Phosphorus	TONG Xiong, LUO Pei, LIU Feng, <i>et al.</i> (3118)
Optimization of the Parameters for Microalgae Immobilization and Analysis of Its Recovery Potential for Ammonia Nitrogen in Wastewater	LIU Xiang, WANG Jing-yao, WU Juan-juan, <i>et al.</i> (3126)
Ammonium Adsorption Characteristics in Aqueous Solution by Titanate Nanotubes	ZHANG Zheng, FENG Chang-sheng, ZHANG Xiao-nui, <i>et al.</i> (3135)
Application of Fenton-like Photocatalysts Based on Defect Reconstruction in Degradation of Dye Wastewater	TANG Qing-wen, AN Xiao-qiang, LAN Hua-chun, <i>et al.</i> (3146)
Degradation of RBK5 with Peroxymonosulfate Efficiently Activated by N-Doped Graphene	YU Yong-bo, HUANG Wan, DONG Zheng-yu, <i>et al.</i> (3154)
Effect of Cu ²⁺ on Denitrification Using NO ₂ ⁻ as an Electron Acceptor	MAI Wen-ke, PENG Yong-zhen, JI Jian-tao (3162)
Start-up and Performance Optimization of a CANON Pilot Reactor	SUN Qing-hua, WU Di, ZHOU Jia-zhong, <i>et al.</i> (3169)
Effects of Aerobic Carbon Sources on Biofilm with Simultaneous Phosphate Removal and Enrichment	XU Lin-jian, PAN Yang, ZHANG Hao, <i>et al.</i> (3179)
Effect of Organic Characteristics on Sludge Settability in an AAO System	LIU Xiao-bo, YUAN Lin-jiang, CHEN Xi, <i>et al.</i> (3186)
Effect of Free Nitrous Acid on the Activity of Nitrifying Bacteria in Different Sludge Concentrations Under Anoxic Conditions	LÜ Xin-tao, ZHOU Tong, TIAN Xia-di, <i>et al.</i> (3195)
Stability of ZVI-dependent Autotrophic Denitrification by ANAMMOX Bacteria	ZHANG Wen-jing, HUANG Yong, BI Zhen, <i>et al.</i> (3201)
Effect of On-line NaClO Backwashing on Microbial Communities in an Inverted A ² O-MBR System	WANG Xu-dong, GAO Miao, WANG Ying-ying, <i>et al.</i> (3208)
Evaluation of Organic Matter Release and Economy for Various Pretreatments of Sewage Sludge	YUAN Yue, TAN Xue-jun, ZHENG She-yu (3216)
Model-based Optimization for the Coordinated Supply of Clear and Reclaimed Water in the Central Districts of Beijing, China	ZHANG Tian-yuan, TAN Qian, WANG Shu-ping (3223)
Occurrence and Removal of N-nitrosamines in the Wastewater Treatment Plants Using Different Treatment Processes	LIU Wang-rong, ZHAO Jiang-liang, YANG Yuan-yuan, <i>et al.</i> (3233)
Occurrence of Tramadol and Fentanyl Use in Domestic Wastewater in Beijing	ZHOU Zi-lei, DU Peng, BAI Ya, <i>et al.</i> (3242)
Pollution Level and Ecological Risk of Typical Antibiotics in Guiyang Wastewater Treatment Plants	YANG Zhao, LI Jiang, ZHANG Sheng-hu, <i>et al.</i> (3249)
Characteristics of Antibiotic Resistance Genes in Various Livestock Feedlot Soils of the Hilly Purple Soil Region	CHENG Jian-hua, TANG Xiang-yu, LIU Chen (3257)
Effects of Tetracycline on Microbial Communities and Antibiotic Resistance Genes of Vermicompost from Dewatered Sludge	CHEN Jing-yang, XIA Hui, HUANG Kui, <i>et al.</i> (3263)
Fate of Antibiotic Resistance Genes and Virulence Genes in Enterococci During Anaerobic Digestion Process of Thermal Hydrolyzed Sludge	LI Hui-li, PEI Yuan-mei, LI Shan, <i>et al.</i> (3270)
Effect of Co-composting of Chicken Manure with Chinese Medicinal Herbal Residues on Antibiotic Resistance Genes	WU Jin-ping, CHEN Jian-wen, LIU Yong, <i>et al.</i> (3276)
Spatio-temporal Patterns of Microbial Communities and Their Driving Mechanisms in Subalpine Lakes, Ningwu, Shanxi	WANG Xue, LIU Jin-xian, CHAI Bao-feng, <i>et al.</i> (3285)
Community Structure Characteristics of <i>nirS</i> Denitrifying Bacteria of Spring Typical Parkland Waterbodies in Shijiazhuang City	ZHANG Yi-ran, LI Zai-xing, SUN Yue, <i>et al.</i> (3295)
Differential Responses of Rhizospheric <i>nirK</i> - and <i>nirS</i> -type Denitrifier Communities to Different Phosphorus Levels in Paddy Soil	ZHAN Yu, GAO Dan-dan, SHENG Rong, <i>et al.</i> (3304)
Comparison of Soil Bacterial Community Structure Between Paddy Fields and Dry Land in the Huixian Karst Wetland, China	JIA Yuan-hang, JIN Zhen-jiang, YUAN Wu, <i>et al.</i> (3313)
Cd Balance Analysis of a Typical Rice Paddy System in Central Hunan	JIANG Kai, DENG Xiao, ZHOU Hang, <i>et al.</i> (3324)
Effects of an Amendment on Cadmium Transportation in the Rhizosphere Soil-Rice System	LI Yi-chun, WANG Yan-hong, TANG Ming-deng, <i>et al.</i> (3331)
Isolation of Heavy Metal Immobilizing and Plant Growth-Promoting Bacteria and Its Effects on Reducing Heavy Metal Accumulation in Wheat	HAN Hui, WANG Xiao-yu, CAI Hong, <i>et al.</i> (3339)
Differences in the Cadmium-Enrichment Capacity and Subcellular Distribution and Chemical Form of Cadmium in Different Varieties of Pepper	PENG Qiu, LI Tao, XU Wei-hong, <i>et al.</i> (3347)
Effect of Phosphorus Addition on N ₂ O Emissions from Rice-Rapeseed Rotation Soils	SUN Zheng, SU Rong-lin, XU Peng, <i>et al.</i> (3355)
Impact of Land Use Type on the Stability and Organic Carbon Content of Soil Aggregates in the Weibei Dryland	LIU Jie, MA Yan-ting, WANG Xian-ling, <i>et al.</i> (3361)
Vertical Distribution Characteristics of PAHs in Soils with Different Land Use Types During Rapid Urbanization	LU Yin-tao, XIANG Xin-xin, ZHANG Shi-chao, <i>et al.</i> (3369)
Pollution Levels, Sources, and Spatial Distribution of Phthalate Esters in Soils of the West Lake Scenic Area	LIAO Jian, DENG Chao, CHEN Yi, <i>et al.</i> (3378)
Impact of Biochar on Soil Bulk Density and Aggregates of Lou Soil	LI Qian-qian, XU Chen-yang, GENG Zeng-chao, <i>et al.</i> (3388)