

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

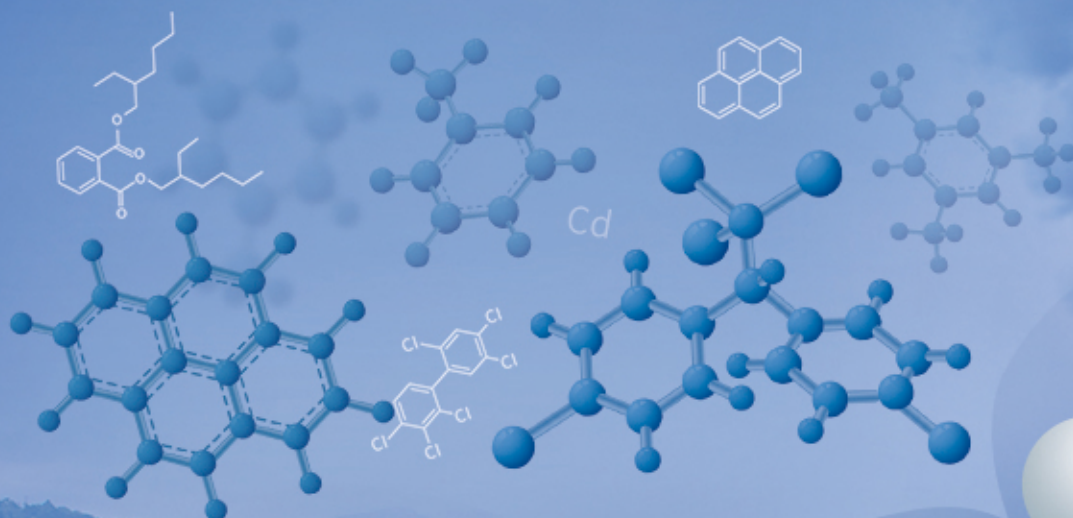
环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

升金湖水体优先污染物筛选与风险评价

龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华



PAHs

VOCs

HMs

PCBs

PAEs

OCPs

ANTs

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年10月

第42卷 第10期
Vol.42 No.10

目次

PM _{2.5} 化学组分连续观测在污染事件源解析中的应用	蔡凡涛, 尚玥, 戴维, 谢鸣捷 (4575)
汾渭平原 PM _{2.5} 空间分布的地形效应	黄小刚, 赵景波, 孙从建, 汤慧玲, 梁旭琦 (4582)
华中地区冬季灰霾天气下 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价: 以湖北黄冈为例	李星谕, 毛瑶, 陈展乐, 刘威杰, 程铖, 石明明, 许安, 苏业旺, 胡天鹏, 祁士华, 邢新丽 (4593)
华北区域大气中羰基化合物体积分数水平及化学反应活性	黄禹, 陈曦, 王迎红, 刘子锐, 唐贵谦, 李杏茹 (4602)
成都市春季 O ₃ 污染特征及关键前体物识别	韩丽, 陈军辉, 姜涛, 徐晨曦, 李英杰, 王成辉, 王波, 钱骏, 刘政 (4611)
基于边界观测的长三角某工业区 O ₃ 来源特征	黄晴, 黄银芝, 张珊, 金丹, 高松, 修光利 (4621)
廊坊开发区 8~9 月 O ₃ 污染过程 VOCs 污染特征及来源分析	张敬巧, 王宏亮, 方小云, 刘锐泽, 丁文文, 凌德印, 王淑兰 (4632)
广东省家具行业基于涂料类型的 VOCs 排放特征及其环境影响	曾春玲, 邵霞, 刘锐源, 姚懿娟, 李银松, 侯墨, 刘洋, 范丽雅, 叶代启 (4641)
厦门湾空气质量对新冠疫情管控的响应	徐超, 吴水平, 刘怡靖, 钟雪芬 (4650)
北京平原和延庆地区山谷风异同及对污染的影响	吴进, 李琛, 马志强, 孙兆彬, 韩婷婷, 邱雨露, 马小会, 李颖若, 朱晓娟 (4660)
两湖盆地冬季区域大气颗粒物污染特征及独特的风场和下垫面影响	朱燕, 赵天良, 白永清, 徐家平, 孙晓芸, 胡未央, 常嘉成, 杨婕, 朱从祯 (4669)
燃煤电厂颗粒物中硫酸根与硝酸根离子的转化规律	杨柳, 何晴, 盛重义 (4678)
长江流域主要干/支流化学特征及外源酸的影响	王琪, 于爽, 蒋萍萍, 孙平安 (4687)
土地利用对太湖入流河道营养盐的影响	连心桥, 朱广伟, 杨文斌, 康丽娟, 朱梦圆, 许海 (4698)
基于 eDNA 技术的渭河浮游动物多样性及关键种生态位特征	梁东, 夏军, 宋进喜, 常剑波, 吴琼, 程丹东, 张怡恒, 孔飞鹤, 任源鑫 (4708)
三亚市水体中 PPCPs 的污染水平、分布特征及生态风险评价	任丙南, 耿静 (4717)
升金湖水体优先污染物筛选与风险评价	龚雄虎, 丁琪琪, 金苗, 薛滨, 张路, 姚书春, 王兆德, 卢少勇, 赵中华 (4727)
天目湖沙河水库水生态安全状况长期变化及影响因素	杨文斌, 段文秀, 崔扬, 朱广伟, 吴天浩, 许海, 朱梦圆 (4739)
华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素	张凯, 辛蕊, 李观家, 王倩, 王亚南, 许智恒, 崔向超, 魏巍 (4753)
快速城镇化进程中珠江三角洲硝酸型地下水赋存特征及驱动因素	吕晓立, 刘景涛, 韩占涛, 朱亮, 张玉玺 (4761)
盐城地区地表水化学空间特征及控制因素分析	王建, 张华兵, 许君利, 彭俊 (4772)
基于沉积物中总氮和总磷垂向分布与吸附解吸特征的白洋淀清淤深度	周亚婷, 陈兴宏, 李立青, 张伟军, 张美一, 王东升, 王洪杰 (4781)
硼酸和磷酸对 PMS/Co ²⁺ 均相催化氧化有机物的影响因素与机制	万琪琪, 陈铸昊, 曹瑞华, 王静怡, 文刚 (4789)
磁性生物炭负载 α-MnO ₂ 活化过一硫酸盐降解 2,2',4,4'-四溴联苯醚	李鑫, 尹华, 罗昊昱, 欧阳晓芳, 刘航, 祝铭韩 (4798)
紫外活化过硫酸钠灭活水中噬菌体 MS2 的特性及机制	张崇森, 杨昊明, 王真 (4807)
铈改性水葫芦生物炭对磷酸盐的吸附特性	王光泽, 曾薇, 李帅帅 (4815)
低温地下水净化工艺中氨氮去除性能及机制	李冬, 刘孟浩, 张瑞苗, 曾辉平, 张杰 (4826)
我国城市污泥中重金属的赋存形态与生态风险评价	耿源濂, 张传兵, 张勇, 黄豆豆, 闫姝晓, 孙腾飞, 程柳, 王静, 毛宇翔 (4834)
不同气候类型下污水厂活性污泥中微生物群落比较	杨思航, 秦泽生, 梁漫春 (4844)
部分亚硝化-厌氧氨氧化协同反硝化处理生活污水脱氮除碳	秦彦荣, 袁忠玲, 张明, 张民安, 刘安迪, 付雪, 马娟, 陈永志 (4853)
同步短程硝化-厌氧氨氧化-短程反硝化颗粒污泥培育过程及其性能	周峰, 刘勇弟, 厉巍 (4864)
多种微塑料提取方法在中国典型土壤中的应用	赵小丽, 刘子涵, 从辰宇, 韩剑桥 (4872)
柴达木盆地表土重金属污染与来源分析	陈亮, 张西营, 唐启亮, 耿盛, 王二龙, 李姜瑶 (4880)
快速城市化区域不同用地类型土壤重金属含量分布特征及生态风险	李梦婷, 沈城, 吴健, 黄沈发, 李大雁, 王敏 (4889)
广西都安县典型水田晒地球化学特征及影响因素	刘飞, 杨柯, 徐仁廷, 唐世琪 (4897)
炭化苹果枝通过减少土壤 DTPA-Cd 降低苹果砷木镉积累和镉伤害	邓波, 荀咪, 张玮玮, 杨洪强 (4908)
海南省集约化种植园中谷物、蔬菜和水果中重金属累积程度及健康风险	杨剑洲, 王振亮, 高健翁, 严慧, 胡树起, 唐世新, 龚晶晶 (4916)
环境中抗生素抗性基因丰度与抗生素和重金属含量的相关性分析: 基于 Web of Science 数据库检索	苗荪, 陈磊, 左剑恶 (4925)
银川市农田土壤中四环素类抗生素的污染特征及生态风险评估	张小红, 陶红, 王亚娟, 马志义, 周泽英 (4933)
施用不同来源粪肥对土壤中抗生素淋溶的影响	李斌绪, 朱昌雄, 宋婷婷, 马金莲, 张治国, 李红娜 (4942)
我国典型森林土壤微生物驱动的氮代谢途径特征解析	吕雪丽, 赵永鹏, 林清火, 彭显龙, 尹云锋, 蒋先军 (4951)
青藏高原高寒湿地春夏两季根际与非根际土壤反硝化速率及 nirS 型反硝化细菌群落特征分析	李玉倩, 马俊伟, 高超, 霍守亮, 夏星辉 (4959)
松嫩平原芦苇湿地退化与修复过程中土壤细菌和甲烷代谢微生物的群落结构	王秋颖, 王娜, 刘颖, 陈功, 何辉, 高婕, 庄绪亮, 庄国强 (4968)
不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征	南镇武, 刘柱, 代红翠, 张磊, 王娜, 徐杰, 刘开昌, 孟维伟, 王旭清 (4977)
稻田土壤光合细菌群落对镉污染的响应	罗路云, 金德才, 王殿东, 陈昂, 张德咏, 曾军, 匡炜, 张卓, 刘勇 (4988)
铁尾矿芦苇根际微生物和根内生菌群落分布及其限制性因子解析	曹曼曼, 王飞, 周北海, 陈辉伦, 袁蓉芳 (4998)
有机无机氮配施对不同程度盐渍土硝化和反硝化作用的影响	周慧, 史海滨, 张文聪, 王维刚, 苏永德, 闫妍 (5010)
水稻产量、稻田 CH ₄ 和 N ₂ O 排放对长期大气 CO ₂ 浓度升高的响应	于海洋, 宋开付, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (5021)
原料和热解温度对生物炭中可溶性有机质的影响	闫代红, 马亚培, 宋凯悦, 马红亮, 高人, 尹云锋 (5030)
中国 84 个主要城市大气热岛效应的时空变化特征及影响因素	李宇, 周德成, 闫章美 (5037)
室内建筑装饰装修材料气味物质及其释放研究进展	张万众, 张彭义 (5046)
《环境科学》征订启事 (4814) 《环境科学》征稿简则 (4871) 信息 (4907, 5009, 5029)	

华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素

张凯¹, 辛蕊², 李颀家³, 王倩¹, 王亚南¹, 许智恒¹, 崔向超¹, 魏巍¹

(1. 信阳师范学院地理科学学院, 河南省水土污染协同防治重点实验室, 信阳 464000; 2. 天津大学海洋科学与技术学院, 天津 300350; 3. 水利部发展研究中心, 北京 100038)

摘要:为明确华中地区饮用水水源地抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)的赋存特征,本研究选取了11个大型饮用水水源地,分别于2019年秋季和2020年夏季对整合子基因 *intI1* 和19个 ARGs 进行了定量.结果表明,水库环境中 ARGs 的丰度并不随时间产生明显变化.四环素类、磺胺类及 β -内酰胺类耐药基因是华中地区供水水库的优势基因.选取的2种磺胺类 ARGs *sul1* 及 *sul2* 丰度和检出率均处于较高水平,表明这两种基因是水库环境的优势基因.耐多粘菌素基因 *mcr-1* 并未检出,表明我国抗生素限用政策已取得一定效果.与其他环境介质相比,水库环境中 ARGs 丰度处于较低水平.相关性分析结果显示水质指标与 ARGs 有一定相关性,表明水质指标可以成为水库环境中 ARGs 污染的指示指标.由于碳青霉烯类抗生素用量受到严格限制及其易降解的特性,其相应 ARGs 丰度及检出率均较低;四环素类耐药基因与其他类耐药基因关系密切,基因的水平转移可能是导致该现象的重要因素; *intI1* 虽然整体上与 ARGs 相关性不强,但仍可能是导致水库环境中个别基因传播扩散的重要因素.

关键词:供水水库; 抗生素抗性基因; 季节变化; 影响因素; 华中地区

中图分类号: X524 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4753-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202102127

Seasonal Variation and Influencing Factor Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Water Supply Reservoirs of Central China

ZHANG Kai¹, XIN Rui², LI Kuang-jia³, WANG Qian¹, WANG Ya-nan¹, XU Zhi-heng¹, CUI Xiang-chao¹, WEI Wei¹

(1. Henan Key Laboratory for Synergistic Prevention of Water and Soil Environmental Pollution, School of Geographic Sciences, Xinyang Normal University, Xinyang 464000, China; 2. School of Marine Science and Technology, Tianjin University, Tianjin 300350, China; 3. Development Research Center, Ministry of Water Resources, Beijing 100038, China)

Abstract: This study quantified an integron gene *intI1* and 19 antibiotic resistance genes(ARGs) to identify the ARGs pollution characteristics in 11 drinking water reservoirs of central China. The results indicated that the ARGs abundance did not change significantly over time in the studied reservoir waterbodies. Tetracycline, sulfonamide, and β -lactam ARGs were dominant. The high abundance and detection rate of two sulfonamide ARGs(*sul1* and *sul2*) suggested that they were the predominant ARGs. No polymyxin resistance genes(*mcr-1*) were detected, which indicated that the antibiotic restriction policy of China has achieved positive outcomes. Compared with that in other environmental media, the ARGs abundance in the reservoir environment was low. The correlation analysis showed relevance between the water quality indicators and the ARGs, which suggested that the water quality indexes can be used as ARGs pollution indicators in the reservoir environment. The abundance and detection rate of carbapenem ARGs were low owing to their dosage restriction and high degradability. Tetracycline ARGs were closely related to the other resistance gene types, which might have been due to horizontal gene transfer. Although the overall correlation between *intI1* and ARGs was modest, it might be the main reason for the spread of several individual ARGs in the reservoir environment.

Key words: water supply reservoir; antibiotic resistance genes; seasonal variation; influencing factors; central China

抗生素在医疗及畜牧业等领域的广泛应用加剧了抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)的发展^[1]. ARGs 能够使用于临床治疗的抗生素失效,从而对人体健康产生威胁.2019年,中国工程院战略咨询中心发布的全球工程前沿中明确指出 ARGs 是一种新污染物,环境中 ARGs 的迁移转化属于生态环境领域的重要研究内容^[2].不同于其他污染物,环境中的 ARGs 能够通过借助水平转移途径扩散到病原菌中^[3,4].因此,环境是 ARGs 的天然储存库.德国“毒黄瓜”事件的发生和碳青霉烯类耐药细菌的检出引发了人们对自然环境中 ARGs 赋存现状的极大关注^[5].我国是抗生素的使用大国,

ARGs 在我国各个环境介质中的赋存特征一直是 ARGs 研究领域的重点内容.有研究表明,我国水、空气和土壤等环境介质中均有不同程度的 ARGs 污染^[6-8],人类活动是导致环境中 ARGs 广泛存在的重要因素^[9].

湖库环境作为最重要的环境介质之一,在防洪、发电和灌溉等方面具有不可替代的作用.供水水库

收稿日期: 2021-02-20; 修订日期: 2021-04-14

基金项目: 国家自然科学基金项目(42007209, 51808477, 41807038); 信阳师范学院“南湖学者奖励计划”青年项目

作者简介: 张凯(1987~),男,博士,讲师,主要研究方向为环境微生物, E-mail: kaizhang@xynu.edu.cn

作为我国重要的饮用水来源,其水质状况对人体健康具有直接的影响.近年来,我国供水水库中 ARGs 的污染特征受到越来越多的关注.丹江口水库、溪东水库和枫树坝水库均有不同程度的 ARGs 污染^[10~12].近年来,有研究开始关注多个湖库环境 ARGs 的赋存情况.如王龙飞等^[13]的研究分析了江苏省的一些代表性水源地 ARGs 的赋存特征,发现 *sul1* 及 *sul2* 是其中丰度最高的 ARGs.上述研究表明湖库型水源地 ARGs 的赋存状况及影响因素已逐渐成为研究热点.

华中地区包括河南、湖北和湖南这 3 个省,总面积约 $56 \times 10^4 \text{ km}^2$.近年来,该地区经济发展日益迅速,其社会经济地位也日益重要.然而,越来越多的研究表明,经济的迅速发展导致了该地区各环境介质均受到不同程度的污染^[14~16].供水水库作为该地区最重要的饮用水来源,在保障人民生活安全和经济发展方面的作用不可替代.因此,明确华中地区供水水库 ARGs 的赋存特征,识别影响该地区 ARGs 污染的环境因子,具有重要的理论及实际意义.但目前为止,针对整个华中地区 ARGs 赋存现状及影响因素的研究尚不多见.因此,亟需相关研究补充该地区 ARGs 的丰度水平,为华中地区抗生素及 ARGs 污染的控制提供数据支撑及理论依据.本研究选取了该地区 11 个大型水库,分别对其秋季和夏季的水样中 16S rDNA、19 个 ARGs 和一个整合子基因(*int11*)进行了定量.本研究的目的主要包括:① 确定华中地区供水水库 6 类共 19 种 ARGs 的污染水平;② 分析华中地区供水水库 ARGs 随时间的变化特征;③ 识别常规水质指标在 ARGs 传播扩散过程中的作用.

1 材料与方法

1.1 样品采集

本研究选取了华中地区 11 个大型水库,其中 4 个位于河南(HN1、HN2、HN3 和 HN4),3 个位于湖北(HB1、HB2 和 HB3),4 个位于湖南(HU1、HU2、HU3 和 HU4).样品采集工作分别与于秋季(2019 年 10~11 月)及夏季(2020 年 7~8 月)进行.采集样品时,于每个水库分别设置一个 $10\,000 \text{ m}^2$ 的正方形区域,在该区域的 4 个顶点和中心位置各取 1 L 水样,混合均匀后放置于 5 L 采样瓶中,存放于带有冰盒的保温箱内并立即运往实验室.

1.2 水质指标监测

本研究选取了 4 种水质指标,分别为总氮(TN, HJ 636-2012)、总磷(TP, GB 11893-89)、高锰酸盐

指数(GB 11892-89)以及 pH(GB 6920-86).所有指标测定前样品均放置于 4℃ 冰箱中,且指标均于 24 h 之内测定完成.

1.3 DNA 提取

将 2 L 水样于 $0.22 \mu\text{m}$ 滤膜(Millipore, USA)上真空抽滤.抽滤结束后,将滤膜尽量剪碎后放置于 10 mL 灭菌离心管中,用水样 DNA 提取试剂盒(Omega, USA)提取其中的 DNA.提取的 DNA 与 $6 \times \text{Load buffer}$ (Transgen, 中国)混合后于 1.5% 的琼脂糖凝胶孔中点样,电泳 30 min 后于紫外凝胶成像仪(Tanon 1600, 中国)中显色,定性观察 DNA 的提取结果.采用超微量核酸蛋白定量仪(Nanodrop 2000, USA)对 DNA 的提取浓度及纯度进行定量检测.

1.4 实时荧光定量 PCR

本研究采用实时荧光定量 PCR 仪(ABI QuantStudio® 3, Thermo Fisher Scientific, USA)对 *int11* 及 19 个 ARGs 进行定量分析.定量反应体系为 20 μL .包括 10.0 μL TB Green Premix Ex Taq (Tli RNase H Plus, Takara)、0.4 μL 上游引物、0.4 μL 下游引物、0.4 μL ROX Reference Dye II、6.8 μL ddH₂O 以及 2 μL 水样 DNA. PCR 扩增程序为:预变性(95℃, 30 s),变性(95℃, 5 s, 40 个循环),退火/延伸(60℃, 34 s).PCR 扩增引物及标曲制作过程见文献[17,18].

1.5 数据分析

采用 SPSS 25.0 进行独立样本 *t*-检验分析(*t*-test)、描述统计分析及 Spearman 相关性分析.采用 R 软件 3.5.3 版本的 ggplot2 绘制箱型图,采用 pheatmap 包绘制热图.

2 结果与讨论

2.1 华中地区供水水库 ARGs 的时空分布特征

华中地区供水水库各类 ARGs 分布特征如图 1 所示.从中可知,各类别中绝对丰度和相对丰度位于前 3 位的基因均是四环素类、磺胺类以及 β -内酰胺类.独立样本 *t*-检验结果表明,平均丰度较高的四环素类 ARGs 与处于后 3 位的基因(氨基糖苷类、大环内酯类以及喹诺酮类)均无显著性差异($P > 0.05$),这可能是由于四环素类 ARGs 在个别采样点的高值造成的.四环素类 ARGs 在 HB2 和 HB3 的秋季定量结果中的相对丰度(以 16S rRNA 计,下同)分别高达 1.76×10^{-2} 及 1.43×10^{-2} ,绝对丰度中也有类似的结果出现.个别的高值拉高了四环素类 ARGs 的整体平均值,造成了四环素类 ARGs 平均丰度偏高.磺胺类 ARGs 的丰度显著高于后 3 位 ARGs

耐药基因的平均丰度($P < 0.05$),表明磺胺类 ARGs 是华中地区供水水库中的优势耐药基因. 上述结果与以往针对其他介质的研究结果相似^[19,20],这可能是由华中地区养殖业较为发达导致的. 2016 年华中地区猪、牛和羊的总量分别占全国总量的 23.5%、

17.3% 和 11.2%^[21]. 磺胺类抗生素作为使用最为广泛的饲料添加剂之一在畜牧业长期大量使用^[22]. 大部分进入动物肠道的磺胺类抗生素最终以原药的形式排放到环境中,这势必会导致华中地区各个环境介质中磺胺类 ARGs 的污染.

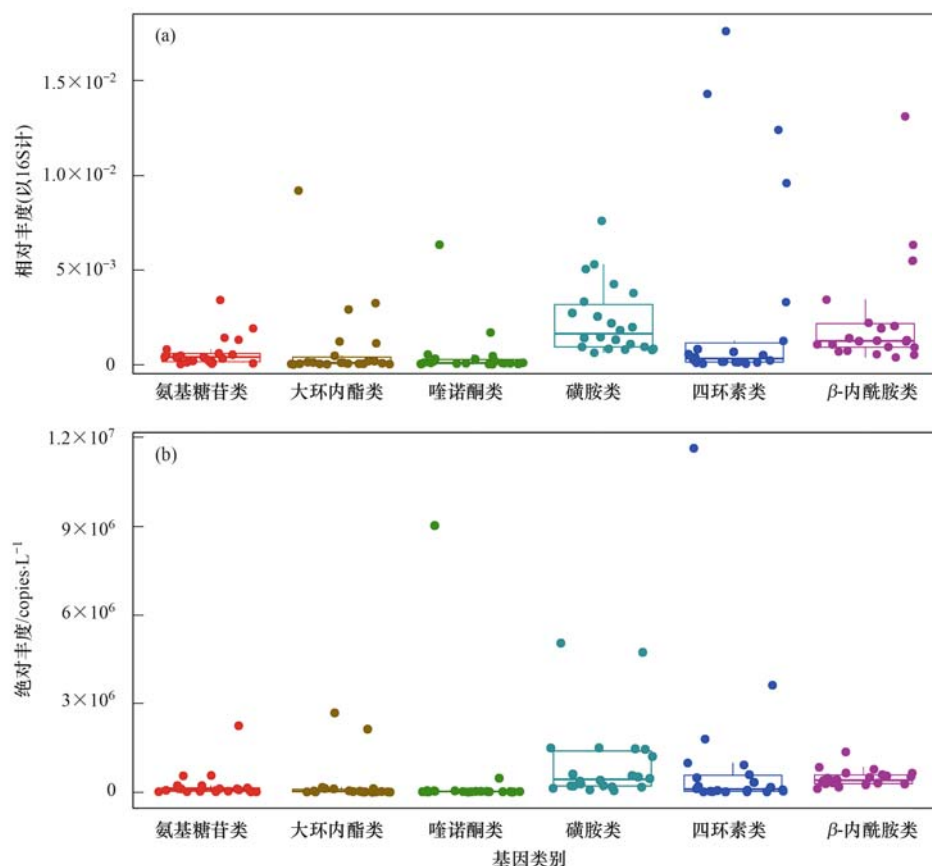


图1 各类抗生素抗性基因的分布特征

Fig. 1 Distribution pattern of each ARGs type

独立样本 t -检验的结果表明,秋季和夏季华中地区供水水库 ARGs 相对和绝对丰度之间均无显著性差异($P > 0.05$),表明水库环境 ARGs 丰度较为稳定,这与以往的研究结果相一致^[23]. 供水水库水质与人体健康密切相关,因此供水水库向来受人类活动影响较小,这可能是导致供水水库 ARGs 丰度较为稳定的重要原因. 湖北地区总基因(TARGs)的平均绝对基因和相对基因丰度高于河南及湖南地区 TARGs 的平均丰度,表明华中地区供水水库 ARGs 呈现区域差异. 四环素类 ARGs 在湖北地区供水水库均呈现较高丰度. 湖北省作为千湖之省,水产养殖业普遍较为发达. 四环素是目前水产养殖业中普遍使用的抗生素,这可能是导致湖北省四环素类 ARGs 普遍较高的主要原因.

2.2 水库环境中各种 ARGs 赋存状况分析

华中地区供水水库各 ARGs 的赋存状况如图 2 所示. 在本研究选取的 19 种 ARGs 中,仅有一种(*mcr-1*)在所有品中均未被检出,其余 ARGs 均有

不同程度地检出. *mcr-1* 能对多粘菌素表达抗性,从而加剧用于临床治疗的该类抗生素的难度. 以往的研究在其他水源地中发现了该基因的存在,且该基因能够从水源地进入供水系统中^[24]. 本研究的结果表明华中地区供水水库无该基因的威胁. 这与我国逐渐加大抗生素的管控力度有关. 农业部于 2016 年颁布了禁令,规定自 2017 年 5 月 1 日起停用粘菌素作为饲料添加剂. 有研究表明,该措施显著降低了食源性动物(猪)粪便样本中 *mcr-1* 的检出率^[25].

所有能被检出的基因在不同季节的丰度均无显著性差异(t -检验, $P < 0.05$),表明水库环境中各基因的丰度受季节因素影响很小,这与 2.1 节的结论相同. 有 7 种(*sul1*、*sul2*、*qnrS*、*strA*、*strB*、*bla_{ampC}* 和 *bla_{TEM1}*) ARGs 的检出率为 100%,表明这些基因是华中地区供水水库最为普遍的耐药基因. 所有耐药基因中,平均绝对丰度和相对丰度均位于前 5 位的 ARGs 分别是 *sul1*、*sul2* 以及 *tetQ*. 相比于其他基因,

两种磺胺类耐药基因 *sul1* 和 *sul2* 的丰度与检出率在所有 ARGs 中均具有一定优势,表明这两种基因是华中地区供水水库环境中的优势基因,该结果与其他环境介质中的结果类似^[26,27]. 除磺胺类抗生素

的大量使用外,基因本身的特性可能是造成这种情况的另一重要原因. *sul1*、*sul2* 可以位于 *int11*、*int12* 等可移动遗传元件上,从而促进这两种基因的广泛传播^[28].

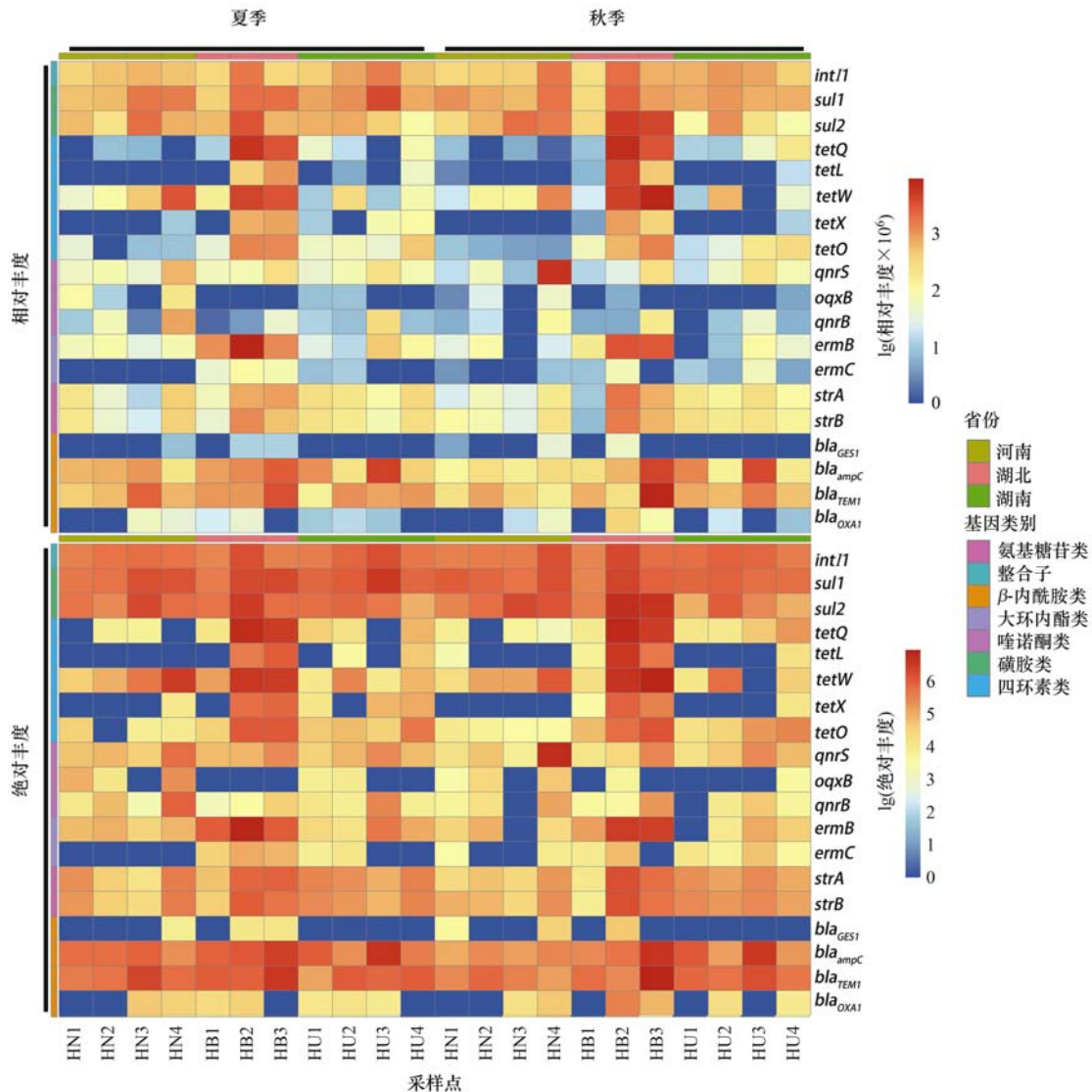


图2 各采样点抗生素抗性基因的赋存状况

Fig. 2 Content of each detected ARG in reservoirs of central China

为明确水库环境中高风险 ARGs 的赋存特征,本研究选取了 4 种 β -内酰胺类 ARGs. 其中, *bla_{TEM1}* 的丰度在所有 ARGs 中为最高. *bla_{TEM1}* 广泛存在于革兰氏阴性菌中,其能够对盘尼西林和第一代头孢菌素表达出耐药性. 此外,该基因是最为常见的 β -内酰胺类耐药基因^[18]. 以往针对饮用水的文章显示 *bla_{TEM1}* 是我国饮用水环境中丰度较高的抗生素抗性基因^[18], 饮用水源地中较高的 *bla_{TEM1}* 丰度可能是导致这一现象的重要原因. 此外,本研究检出了对碳青霉烯类耐药基因具有抗性的 *bla_{GES1}*, 其最早分离自肺炎克雷伯氏菌,其能够通过抗生素失活机制对青霉素、碳青霉烯类及头孢菌素等多种抗生素表达抗性^[29]. 以往针对自来水中的研究中并未发现碳青

霉烯类 ARGs^[18]. 华中地区供水水库 *bla_{GES1}* 的检出率(27.3%)及丰度(5.70×10^{-6})均处于较低水平,这可能是由于碳青霉烯类抗生素用量受到严格控制的结果. 饮用水中的处理工艺能够在一定程度上去除 ARGs^[30], 因此供水水库低水平的 *bla_{GES1}* 不会对人体产生影响. 但考虑到碳青霉烯类 ARGs 抗药的广谱性,其在水库环境的检出仍需一定程度地重视.

王龙飞等^[13]和 Zhang 等^[31]的研究分别总结了世界不同供水水源地的饮用水 ARGs 的赋存状况. 其中,王龙飞等的研究发现江苏省代表性水源地的 ARGs 相对于其他水源地处于较低水平. 本研究的结论与之类似,无论是相对丰度($5.70 \times 10^{-6} \sim 1.23 \times 10^{-3}$)还是绝对丰度($5.25 \times 10^3 \sim 1.15 \times 10^6$)

copies·L⁻¹), 湖库型水源地的 ARGs 均处于较低水平.

2.3 影响 ARGs 传播扩散中的因素

2.3.1 *intI1* 对 ARGs 传播扩散的影响

本研究评估了 *intI1* 与 18 种耐药基因的相关性 (Spearman), 结果如表 1 所示. 在 18 种基因中, 仅有 4 种基因 (*sul1*、*sul2*、*strB* 和 *bla_{OXA1}*) 与 *intI1* 有显著性正相关. 上述结果表明, 华中地区供水水库环境中, *intI1* 能够促进水库少数基因的传播扩散.

作为最为常见的可移动遗传元件之一, *intI1* 能够捕获耐药基因并携带其进行水平转移. 河流、土壤等环境介质中, 其产生的作用也得到广泛证

实^[32, 33]. 但自然界中还广泛存在其他可移动遗传元件, 包括整合子、插入序列、转座子以及质粒等^[34]. 此外, 环境因素如重金属、多环芳烃、离子液体等也在 ARGs 的传播扩散过程中起着重要作用^[35~37]. 因此, 水库环境中其他因素可能扮演着更为重要的角色. 此外, 以往的研究结果表明, 在营养成分较高或污染相对较重的地区, 水平转移是造成耐药基因污染的主要因素; 而在污染相对较轻的地区, 菌落结构的演变则在耐药基因传播扩散中起主导作用^[38]. 本次调查的饮用水水源地水质常年在地表水水质标准 3 类标准以上, 污染相对较轻, 因此, *intI1* 仅仅能够在少数 ARGs 的传播扩散中起到作用.

表 1 *intI1* 与耐药基因的 Spearman 的相关性结果¹⁾

	<i>sul1</i>	<i>sul2</i>	<i>tetQ</i>	<i>tetW</i>	<i>tetX</i>	<i>tetL</i>	<i>tetO</i>	<i>qnrS</i>	<i>oqxB</i>	<i>qnrB</i>	<i>ermB</i>	<i>ermC</i>	<i>strA</i>	<i>strB</i>	<i>bla_{GES1}</i>	<i>bla_{ampC}</i>	<i>bla_{TEM1}</i>	<i>bla_{OXA1}</i>
<i>intI1</i>	0.622	0.485	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	0.423	—	—	—	0.564

1) “—”表示无显著相关性

2.3.2 环境因子对水库 ARGs 传播扩散的影响

本研究选取的水质参数结果如图 3 所示. 由于 TP 浓度相对较低, 因此在图中显示为很小的一部分. 在本研究选取的 5 种指标中, 所有时间点 pH 均达到我国地表水环境质量标准 1 类水体标准, 高锰酸盐指数均符合地表水环境质量标准的 3 类水体标准, 大部分 TN (90.9%) 和 TP (86.4%) 符合地表水环境质量标准 3 类水体标准. 上述结果表明, 华中地区供水水库水质状况整体处于良好状态.

水库环境因子与 ARGs 的 Spearman 相关性分析结果如图 4 所示. 本研究参与分析的 3 个环境因子均与 ARGs 呈现出正相关关系 ($P < 0.05$). 在参与分析的 18 个 ARGs 中, 有 11 个与水质指标显示出相关性, 且这 11 个基因涵盖了本研究选区的所有

耐药基因类别. 此外, 每种水质指标均与至少 4 种 ARGs 呈现出相关性, TP 和高锰酸盐指数均与 7 种基因有相关关系. 上述研究结果表明环境因子能够对水库 ARGs 丰度分布产生影响. 这与以往针对其他环境介质中的研究相一致^[39].

高锰酸盐指数、TP 和 TN 都是重要的水质理化指标, 它们能够反映人类活动对水库环境的影响. 人类活动被认为是导致环境中 ARGs 污染的重要因素, 因此理化指标与 ARGs 丰度有一定相关关系. 此外, 高锰酸盐指数在一定程度上能反映水体被有机物污染的程度, TN 以及 TP 也是表征水体富营养化程度的重要指标, 它们都与水环境的营养状态密切相关. 以往研究表明富营养状态下 ARGs 的水平转移更加活跃^[38]. 因此, 高锰酸盐指数、TN 以及 TP

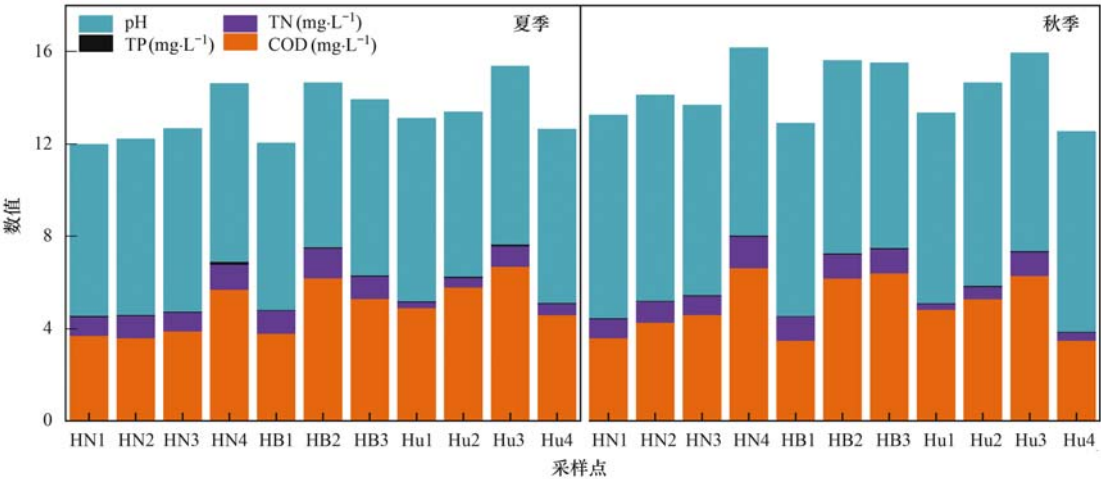
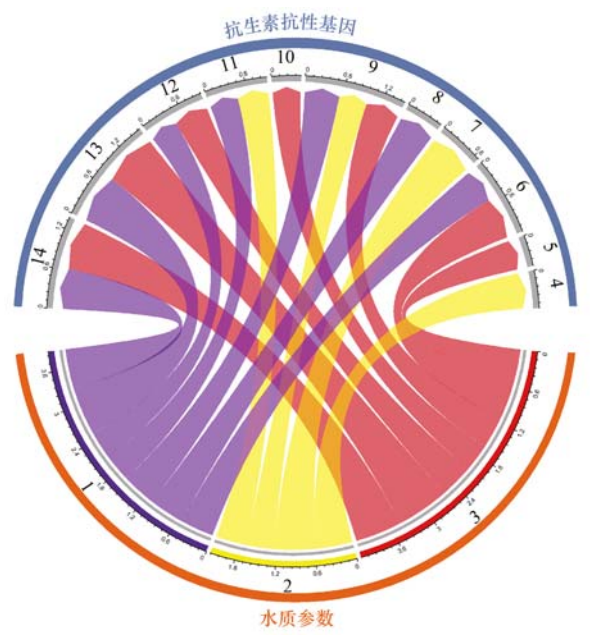


图 3 华中地区供水水库常规水质参数

Fig. 3 Chemical parameters of reservoirs in central China



1. TP, 2. TN, 3. 高锰酸盐指数, 4. *bla_{ampC}*, 5. *bla_{GES1}*, 6. *strB*, 7. *ermC*,
8. *ermB*, 9. *oqx_B*, 10. *qnrS*, 11. *tetL*, 12. *tetQ*, 13. *sul2*, 14. *sul1*

图 4 水质指标与抗生素抗性基因的联系

Fig. 4 Correlation between water quality parameters and ARGs

可以考虑成为水库 ARGs 污染程度的指示指标.

2.4 水库环境 ARGs 之间的相关性分析

本研究探讨了水库环境 ARGs 之间的相关性, 结果如表 2 所示. 在参与分析的 18 种基因中, 有 17 种与至少 1 种其他基因体现出相关性. 喹诺酮类 ARGs (*oqx_B*) 与其他基因均无显著性正相关. *oqx_B* 为外排泵机制基因, 其常常位于染色体上, 因此与其他基因相关性较弱^[40]. 本研究选取的 5 种四环素类 ARGs 均与至少 2 种其他类别的基因有相关性, 且这 5 种基因之间的联系也比较密切. 四环素类 ARGs 是环境中最为常见的 ARGs 之一, 其在环境中的宿主菌非常广泛, 且借助质粒等可移动遗传元件上进行水平转移. 以往研究结果表明, 相关性较强的基因很可能位于同一种可移动遗传元件上^[41]. 因此, 基因的水平转移可能是造成四环素类 ARGs 与其他类 ARGs 联系密切的重要因素.

两种氨基糖苷类 ARGs (*strA* 以及 *strB*) 的 Spearman 系数高达 0.96, 表明这两种基因之间的联系非常密切. 此外, 这两种基因均能与β-内酰胺类

表 2 各抗生素抗性基因的相关性分析结果¹⁾

Table 2 Spearman's correlation among ARGs in reservoirs of central China

	<i>sul1</i>	<i>sul2</i>	<i>tetQ</i>	<i>tetW</i>	<i>tetX</i>	<i>tetL</i>	<i>tetO</i>	<i>qnrS</i>	<i>oqx_B</i>
<i>sul1</i>	1	0.509	—	—	0.46	0.46	—	—	—
<i>sul2</i>	0.509	1	—	0.293	0.724	—	—	—	—
<i>tetQ</i>	—	0.095	1	0.766	—	0.607	0.83	—	—
<i>tetW</i>	—	0.293	0.766	1	—	0.754	0.795	—	—
<i>tetX</i>	0.46	0.724	—	—	1	—	—	—	—
<i>tetL</i>	0.46	—	0.607	0.754	—	1	0.763	—	-0.407
<i>tetO</i>	—	—	0.830	0.795	—	0.763	1	—	—
<i>qnrS</i>	—	—	—	—	—	—	—	1	—
<i>oqx_B</i>	—	—	—	—	—	-0.407	—	—	1
<i>qnrB</i>	—	—	—	—	—	0.183	—	0.777	—
<i>ermB</i>	—	—	0.434	—	0.566	0.687	0.627	—	—
<i>ermC</i>	—	—	0.637	—	—	—	—	—	—
<i>strA</i>	0.438	—	0.594	—	0.432	0.491	0.654	0.452	—
<i>strB</i>	0.463	—	0.574	—	0	0.614	0.583	—	—
<i>bla_{GES1}</i>	0.648	—	—	0.544	0.544	—	—	—	—
<i>bla_{ampC}</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>bla_{TEM1}</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	-0.526
<i>bla_{OXA1}</i>	0.479	0.815	—	—	0.698	—	—	—	—

	<i>qnrB</i>	<i>ermB</i>	<i>ermC</i>	<i>strA</i>	<i>strB</i>	<i>bla_{GES1}</i>	<i>bla_{ampC}</i>	<i>bla_{TEM1}</i>	<i>bla_{OXA1}</i>
<i>sul1</i>	—	—	—	0.438	0.463	0.648	—	—	0.479
<i>sul2</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	0.815
<i>tetQ</i>	—	0.434	0.637	0.594	0.574	—	—	—	—
<i>tetW</i>	—	0	—	—	—	0.544	—	—	—
<i>tetX</i>	—	0.566	—	0.432	—	0.544	—	—	0.698
<i>tetL</i>	—	0.687	—	0.491	0.614	—	—	—	—
<i>tetO</i>	—	0.627	—	0.654	0.583	—	—	—	—
<i>qnrS</i>	0.777	—	—	0.452	0	—	—	—	—
<i>oqx_B</i>	—	—	—	—	—	—	—	-0.526	—
<i>qnrB</i>	1	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>ermB</i>	—	1	—	—	—	—	0.503	0.442	—
<i>ermC</i>	—	—	1	—	—	0.452	—	—	—
<i>strA</i>	—	—	—	1	0.957	0.466	—	—	—
<i>strB</i>	—	—	—	0.957	1	0.545	—	—	—
<i>bla_{GES1}</i>	—	—	0.452	0.466	0.545	1	—	—	—
<i>bla_{ampC}</i>	—	0.503	—	—	—	—	1	0.533	—
<i>bla_{TEM1}</i>	—	0.442	—	—	—	—	0.533	1	—
<i>bla_{OXA1}</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	1

1) “—”表示无显著相关性

基因以及多种四环素类基因表现出一定相关性. 有研究结果表明,这两种基因能够位于各种可移动遗传元件以及染色体上,且在多种病原菌中均能发现这两种基因. 在识别氨基糖苷类耐药菌携带的耐药基因时,这两种基因经常成对出现 (*strA-strB* pair)^[42,43],且与 *intI1* 联系密切. 本研究中 2.2 节发现水库环境中这两种基因普遍存在 (检出率 100%), 2.3 节发现 *strB* 基因与 *intI1* 有一定的相关性,且 *strA* 与 *intI1* 相关性系数的 *P* 值也接近 0.05 ($P=0.066$). 因此,虽然整体上 *intI1* 与 ARGs 的联系不强,但该元件仍然能够促进水库环境中个别基因的传播扩散.

3 结论

(1)华中地区水库环境中 ARGs 随时间变化特征不明显,不同省份 ARGs 丰度有一定差异;*sul1* 和 *sul2* 是华中地区水库环境中的优势 ARGs,与其他环境介质相比,华中地区供水水库 ARGs 处于较低水平,本研究未检出 *mcr-1*,表明我国抗生素控制措施已展现出一定成效.

(2)水库理化指标与 ARGs 有较强相关性,表明理化指标可以考虑成为水库环境 ARGs 污染的指示指标,相较而言,*intI1* 与 ARGs 整体相关性不强.

(3)四环素类耐药基因与其他类耐药基因关系密切,基因的水平转移可能是导致该现象的重要因素;*intI1* 虽然整体上与 ARGs 相关性不强,但仍可能是导致水库环境中个别基因传播扩散的重要因素.

参考文献:

- [1] Gu X, Zhai H Y, Cheng S Z. Fate of antibiotics and antibiotic resistance genes in home water purification systems[J]. Water Research, 2020, **190**, doi: 10.1016/j.watres.2020.116762.
- [2] 中国工程院全球工程前沿项目组. 全球工程前沿 2018[M]. 北京: 高等教育出版社, 2019.
Global Engineering Frontier Project Group, Chinese Academy of Engineering. Engineering fronts[M]. Beijing: Higher Education Press, 2019.
- [3] Marano R B M, Zolti A, Jurkevitch E, et al. Antibiotic resistance and class 1 integron gene dynamics along effluent, reclaimed wastewater irrigated soil, crop continua: elucidating potential risks and ecological constraints[J]. Water Research, 2019, **164**, doi: 10.1016/j.watres.2019.114906.
- [4] Letten A D, Hall A R, Levine J M. Using ecological coexistence theory to understand antibiotic resistance and microbial competition[J]. Nature Ecology & Evolution, 2021, **5**(4): 431-441.
- [5] Su S C, Li C Y, Yang J P, et al. Distribution of antibiotic resistance genes in three different natural water bodies-A lake, river and sea [J]. International Journal of Environmental Research and Public Health, 2020, **17**(2), doi: 10.3390/ijerph17020552.
- [6] Singh R, Singh A P, Kumar S, et al. Antibiotic resistance in major rivers in the world: a systematic review on occurrence, emergence, and management strategies [J]. Journal of Cleaner Production, 2019, **234**: 1484-1505.
- [7] Mao Y X, Ding P, Wang Y B, et al. Comparison of culturable antibiotic-resistant bacteria in polluted and non-polluted air in Beijing, China[J]. Environment International, 2019, **131**, doi: 10.1016/j.envint.2019.104936.
- [8] Wang L J, Wang J H, Wang J, et al. Soil types influence the characteristic of antibiotic resistance genes in greenhouse soil with long-term manure application [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, **392**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.122334.
- [9] Kalinowska A, Jankowska K, Fudala-Ksiazek S, et al. The microbial community, its biochemical potential, and the antimicrobial resistance of *Enterococcus* spp. in Arctic lakes under natural and anthropogenic impact (West Spitsbergen) [J]. Science of the Total Environment, 2021, **763**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142998.
- [10] Dang C Y, Xia Y, Zheng M S, et al. Metagenomic insights into the profile of antibiotic resistomes in a large drinking water reservoir[J]. Environment International, 2020, **136**, doi: 10.1016/j.envint.2019.105449.
- [11] Liu X, Xiao P, Guo Y Y, et al. The impacts of different high-throughput profiling approaches on the understanding of bacterial antibiotic resistance genes in a freshwater reservoir[J]. Science of the Total Environment, 2019, **693**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.133585.
- [12] Chen Y H, Su J Q, Zhang J Y, et al. High-throughput profiling of antibiotic resistance gene dynamic in a drinking water river-reservoir system[J]. Water Research, 2019, **149**: 179-189.
- [13] 王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 等. 江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状[J]. 环境科学, 2021, **42**(2): 749-760.
Wang L F, Cheng Y Q, Hu X D, et al. Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in representative drinking water resources in Jiangsu province[J]. Environmental Science, 2021, **42**(2): 749-760.
- [14] Yin L S, Wen X F, Du C Y, et al. Comparison of the abundance of microplastics between rural and urban areas; a case study from East Dongting Lake [J]. Chemosphere, 2020, **244**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.125486.
- [15] Zhang H, Yin S S, Bai L, et al. Establishment and evaluation of anthropogenic black and organic carbon emissions over Central Plain, China [J]. Atmospheric Environment, 2020, **226**, doi: 10.1016/j.atmosenv.2020.117406.
- [16] Hu B F, Shao S, Ni H, et al. Current status, spatial features, health risks, and potential driving factors of soil heavy metal pollution in China at province level [J]. Environmental Pollution, 2020, **266**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114961.
- [17] Gu Y R, Shen S Z, Han B J, et al. Family livestock waste: an ignored pollutant resource of antibiotic resistance genes [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, **197**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2020.110567.
- [18] Zhang K, Xin R, Zhao Z, et al. Antibiotic resistance genes in drinking water of China: occurrence, distribution and influencing factors[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, **188**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.109837.
- [19] Zhang K, Xin R, Zhao Z, et al. Mobile genetic elements are the Major driver of High antibiotic resistance genes abundance in the Upper reaches of Huaihe River basin [J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, **401**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.123271.

- [20] Xu T, Zhao W T, Guo X P, *et al.* Characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in Qingcaosha Reservoir in Yangtze River Delta, China [J]. *Environmental Sciences Europe*, 2020, **32**, doi: 10.1186/s12302-020-00357-y.
- [21] 中华人民共和国农业部. 中国农业统计资料 2015 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2016.
Ministry of Agriculture of People's Republic of China. China agriculture statistical report [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2016.
- [22] 丁世敏. 磺胺类抗生素的光降解及其光致毒性研究 [D]. 重庆: 西南大学, 2019.
Ding S M. Photodegradation and phototoxicity of sulfonamide antibiotics [D]. Chongqing: Southwest University, 2019.
- [23] Huang Z F, Zhao W T, Xu T, *et al.* Occurrence and distribution of antibiotic resistance genes in the water and sediments of Qingcaosha Reservoir, Shanghai, China [J]. *Environmental Sciences Europe*, 2019, **31**, doi: 10.1186/s12302-019-0265-2.
- [24] Khan H, Miao X C, Liu M K, *et al.* Behavior of last resort antibiotic resistance genes (*mcr-1* and *bla_{NDM-1}*) in a drinking water supply system and their possible acquisition by the mouse gut flora [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **259**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.113818.
- [25] Shen C, Zhong L L, Yang Y Q, *et al.* Dynamics of *mcr-1* prevalence and *mcr-1*-positive *Escherichia coli* after the cessation of colistin use as a feed additive for animals in China: a prospective cross-sectional and whole genome sequencing-based molecular epidemiological study [J]. *The Lancet Microbe*, 2020, **1**(1): e34-43.
- [26] Hao H, Shi D Y, Yang D, *et al.* Profiling of intracellular and extracellular antibiotic resistance genes in tap water [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2019, **365**: 340-345.
- [27] Zhang G D, Lu S T, Wang Y Q, *et al.* Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes and their correlations in lower Yangtze River, China [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **257**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.113365.
- [28] Zhang H P, Chen S Y, Zhang Q K, *et al.* Fungicides enhanced the abundance of antibiotic resistance genes in greenhouse soil [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **259**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.113877.
- [29] Ballaben A S, Galetti R, Andrade L N, *et al.* Plasmid carrying *bla_{CTX-M-2}* and *bla_{GES-1}* in extensively drug-resistant *Pseudomonas aeruginosa* from cerebrospinal fluid [J]. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 2019, **63**(7), doi: 10.1128/AAC.00186-19.
- [30] Tan Q W, Li W Y, Zhang J P, *et al.* Presence, dissemination and removal of antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes in urban drinking water system; a review [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2019, **13**(3), doi: 10.1007/s11783-019-1120-9.
- [31] Zhang T Q, Lv K Y, Lu Q X, *et al.* Removal of antibiotic-resistant genes during drinking water treatment; a review [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2021, **104**: 415-429.
- [32] Poey M E, Azpiroz M F, Laviña M. On sulfonamide resistance, *sul* genes, class 1 integrons and their horizontal transfer in *Escherichia coli* [J]. *Microbial Pathogenesis*, 2019, **135**, doi: 10.1016/j.micpath.2019.103611.
- [33] Fayyazi A, Halaji M, Sadeghi A, *et al.* High frequency of integrons and efflux pump in Uropathogenic *Escherichia coli* isolated from Iranian kidney and non-kidney transplant patients [J]. *Gene Reports*, 2020, **21**, doi: 10.1016/j.genrep.2020.100873.
- [34] Zhang M, He L Y, Liu Y S, *et al.* Variation of antibiotic resistome during commercial livestock manure composting [J]. *Environment International*, 2020, **136**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105458.
- [35] Nguyen C C, Hugie C N, Kile M L, *et al.* Association between heavy metals and antibiotic-resistant human pathogens in environmental reservoirs; a review [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2019, **13**, doi: 10.1007/s11783-019-1129-0.
- [36] Wang X L, Chen Z Y, Mu Q H, *et al.* Ionic liquid enriches the antibiotic resistome, especially efflux pump genes, before significantly affecting microbial community structure [J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, **54**(7): 4305-4315.
- [37] Das N, Kotoky R, Maurya A P, *et al.* Paradigm shift in antibiotic-resistome of petroleum hydrocarbon contaminated soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **757**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.143777.
- [38] Yao L H, Li Y, Li Z Q, *et al.* Prevalence of fluoroquinolone, macrolide and sulfonamide-related resistance genes in landfills from East China, mainly driven by MGEs [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, **190**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2019.110131.
- [39] McKinney C W, Loftin K A, Meyer M T, *et al.* *tet* and *sul* antibiotic resistance genes in livestock lagoons of various operation type, configuration, and antibiotic occurrence [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(16): 6102-6109.
- [40] Xu Q Q, Sheng Z K, Hao M, *et al.* RamA upregulates multidrug resistance efflux pumps AcrAB and OqxAB in *Klebsiella pneumoniae* [J]. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 2021, **57**(2), doi: 10.1016/j.ijantimicag.2020.106251.
- [41] Zhao Z, Zhang K, Wu N, *et al.* Estuarine sediments are key hotspots of intracellular and extracellular antibiotic resistance genes: a high-throughput analysis in Haihe Estuary in China [J]. *Environment International*, 2020, **135**, doi: 10.1016/j.envint.2019.105385.
- [42] Sundin G W. Distinct recent lineages of the *strA-strB* streptomycin-resistance genes in clinical and environmental bacteria [J]. *Current Microbiology*, 2002, **45**(1): 63-69.
- [43] Ruppé E, Cherkaoui A, Charretier Y, *et al.* From genotype to antibiotic susceptibility phenotype in the order Enterobacterales: a clinical perspective [J]. *Clinical Microbiology and Infection*, 2020, **26**(5), doi: 10.1016/j.cmi.2019.09.018.

CONTENTS

Continuous PM _{2.5} Composition Measurements for Source Apportionment During Air Pollution Events	CAI Fan-tao, SHANG Yue, DAI Wei, <i>et al.</i> (4575)
Orographic Influences on the Spatial Distribution of PM _{2.5} on the Fen-Wei Plain	HUANG Xiao-gang, ZHAO Jing-bo, SUN Cong-jian, <i>et al.</i> (4582)
Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} Under Winter Haze Conditions in Central China: A Case Study of Huanggang, Hubei Province	LI Xing-yu, MAO Yao, CHEN Zhan-le, <i>et al.</i> (4593)
Concentration and Reactivity of Carbonyl Compounds in the Atmosphere of North China	HUANG Yu, CHEN Xi, WANG Ying-hong, <i>et al.</i> (4602)
Characteristics of O ₃ Pollution and Key Precursors in Chengdu During Spring	HAN Li, CHEN Jun-hui, JIANG Tao, <i>et al.</i> (4611)
O ₃ Source Characteristics of an Industrial Area in the Yangtze River Delta Based on Boundary Observations	HUANG Qing, HUANG Yin-zhi, ZHANG Shan, <i>et al.</i> (4621)
Characteristics and Source of VOCs During O ₃ Pollution Between August to September, Langfang Development Zones	ZHANG Jing-qiao, WANG Hong-liang, FANG Xiao-yun, <i>et al.</i> (4632)
Coating-derived VOCs Emission Characteristics and Environmental Impacts from the Furniture Industry in Guangdong Province	ZENG Chun-ling, SHAO Xia, LIU Rui-yuan, <i>et al.</i> (4641)
Response of Air Quality to COVID-19 Lockdown in Xiamen Bay	XU Chao, WU Shui-ping, LIU Yi-jing, <i>et al.</i> (4650)
Similarities and Differences of Valley Winds in the Beijing Plain and Yanqing Areas and Its Impact on Pollution	WU Jin, LI Chen, MA Zhi-qiang, <i>et al.</i> (4660)
Characteristics of Atmospheric Particulate Matter Pollution and the Unique Wind and Underlying Surface Impact in the Twain-Hu Basin in Winter	ZHU Yan, ZHAO Tian-liang, BAI Yong-qing, <i>et al.</i> (4669)
Conversion Characterizations of Sulfate Ion and Nitrate Ion in Particulate Matter from Coal-fired Power Plants	YANG Liu, HE Qing, SHENG Zhong-yi (4678)
Water Chemical Characteristics and Influence of Exogenous Acids in the Yangtze River Basin	WANG Qi, YU Shi, JIANG Ping-ping, <i>et al.</i> (4687)
Effects of Land Use on Nutrient Concentrations in the Inflow River of Lake Taihu, China	LIAN Xin-qiao, ZHU Guang-wei, YANG Wen-bin, <i>et al.</i> (4698)
Diversity of Zooplankton and Niche Characteristics of Keystone Species in the Weihe River Based on eDNA	LIANG Dong, XIA Jun, SONG Jin-xi, <i>et al.</i> (4708)
Occurrence, Distribution, and Ecological Risk Assessment of Pharmaceutical and Personal Care Products in the Aquatic Environment of Sanya City, China	REN Bing-nan, GENG Jing (4717)
Screening of Priority Pollutants and Risk Assessment for Surface Water from Shengjin Lake	GONG Xiong-hu, DING Qi-qi, JIN Miao, <i>et al.</i> (4727)
Long-term Changes and Drivers of Ecological Security in Shahe Reservoir, China	YANG Wen-bin, DUAN Wen-xiu, CUI Yang, <i>et al.</i> (4739)
Seasonal Variation and Influencing Factor Analysis of Antibiotic Resistance Genes in Water Supply Reservoirs of Central China	ZHANG Kai, XIN Rui, LI Kuang-jia, <i>et al.</i> (4753)
Geochemical Characteristics and Driving Factors of NO ₃ -Type Groundwater in the Rapidly Urbanizing Pearl River Delta	LÜ Xiao-li, LIU Jing-tao, HAN Zhan-tao, <i>et al.</i> (4761)
Spatial Hydrochemical Characteristics and Controlling Factors of Surface Water in the Yancheng Area	WANG Jian, ZHANG Hua-bing, XU Jun-li, <i>et al.</i> (4772)
Identification of Dredging Depths Based on Sediment Vertical Distribution Profiles of Total Nitrogen and Total Phosphorus and Their Adsorption-desorption Equilibria	ZHOU Ya-ting, CHEN Xing-hong, LI Li-qing, <i>et al.</i> (4781)
Role of Borate and Phosphate Buffers in the Degradation of Organic Compounds in a PMS/Co ²⁺ System: Influencing Factors and Mechanisms	WAN Qi-qi, CHEN Zhu-hao, CAO Rui-hua, <i>et al.</i> (4789)
Degradation 2,2',4,4'-Tetrabromodiphenyl Ether by Activated Peroxymonosulfate Using Magnetic Biochar Supported α -MnO ₂	LI Xin, YIN Hua, LUO Hao-yu, <i>et al.</i> (4798)
Characteristics and Mechanisms of Bacteriophage MS2 Inactivation in Water by UV Activated Sodium Persulfate	ZHANG Chong-miao, YANG Hao-ming, WANG Zhen (4807)
Adsorption Characteristics of Phosphate on Cerium Modified Water Hyacinth Biochar	WANG Guang-ze, ZENG Wei, LI Shuai-shuai (4815)
Removal Efficiency and Mechanism of Ammonia Nitrogen in a Low Temperature Groundwater Purification Process	LI Dong, LIU Meng-hao, ZHANG Rui-miao, <i>et al.</i> (4826)
Speciation and Ecological Risk Assessment of Heavy Metal(loid)s in the Municipal Sewage Sludge of China	GENG Yuan-meng, ZHANG Chuan-bing, ZHANG Yong, <i>et al.</i> (4834)
Meta-analysis of Microbial Communities in the Activated Sludge of Wastewater Treatment Plants Under Different Climate Types	YANG Si-hang, QIN Ze-sheng, LIANG Man-chun (4844)
Partial Nitrification and Anaerobic Ammonia Oxidation Synergistic Denitrification to Remove Nitrogen and Carbon from Domestic Sewage	QIN Yan-rong, YUAN Zhong-ling, ZHANG Ming, <i>et al.</i> (4853)
Cultivation and Performance Analysis of Simultaneous Partial Nitrification, ANAMMOX, and Denitrification Granular Sludge	ZHOU Feng, LIU Yong-di, LI Wei (4864)
Application of Various Methods to Extract Microplastic from Typical Soils in China	ZHAO Xiao-li, LIU Zi-han, CONG Chen-yu, <i>et al.</i> (4872)
Evaluation and Sources of Heavy Metal Pollution in the Surface Soil of the Qaidam Basin	CHEN Liang, ZHANG Xi-ying, TANG Qi-liang, <i>et al.</i> (4880)
Content and Ecological Risks of Heavy Metals in Soil with Different Land Uses in a Rapidly Urbanizing Area	LI Meng-ting, SHEN Cheng, WU Jian, <i>et al.</i> (4889)
Selenium Geochemical Characteristics and Influencing Factors of Paddy Fields in Du'an County, Guangxi	LIU Fei, YANG Ke, XU Ren-ting, <i>et al.</i> (4897)
Carbonized Apple Branches Decrease the Accumulation and Damage of Cadmium on Apple Rootstock by Reducing DTPA-Cd in Soil	DENG Bo, XUN Mi, ZHANG Wei-wei, <i>et al.</i> (4908)
Accumulation and Health Risk of Heavy Metals in Cereals, Vegetables, and Fruits of Intensive Plantations in Hainan Province	YANG Jian-zhou, WANG Zhen-liang, GAO Jian-weng, <i>et al.</i> (4916)
Correlation Analysis among Environmental Antibiotic Resistance Genes Abundance, Antibiotics Concentrations, and Heavy Metals Concentrations Based on Web of Science Searches	MIAO Sun, CHEN Lei, ZUO Jian-e (4925)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Tetracycline Antibiotics in Farmland Soil in Yinchuan	ZHANG Xiao-hong, TAO Hong, WANG Ya-juan, <i>et al.</i> (4933)
Effect of Manure from Different Sources on the Leaching of Antibiotics in Soil	LI Bin-xu, ZHU Chang-xiong, SONG Ting-ting, <i>et al.</i> (4942)
Analysis of the Traits of Nitrogen Metabolism Pathways for Several Forest Soils in Eastern China	LÜ Xue-li, ZHAO Yong-peng, LIN Qing-huo, <i>et al.</i> (4951)
Denitrification Rates and <i>nirS</i> -type Denitrifying Bacteria Community Structure Characteristics of Bulk and Rhizosphere Soil in Spring and Summer in the Alpine Wetlands of the Qinghai-Tibet Plateau	LI Yu-qian, MA Jun-wei, GAO Chao, <i>et al.</i> (4959)
Microbial Community Structure of Soil Methanogens and Methanotrophs During Degradation and Restoration of Reed Wetlands in the Songnen Plain	WANG Qiu-ying, WANG Na, LIU Ying, <i>et al.</i> (4968)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Fluvio-aquic Soil Under Different Rotation Fallow	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, DAI Hong-cui, <i>et al.</i> (4977)
Response of Photosynthetic Bacterial Community to Cadmium Contamination in Paddy Soil	LUO Lu-yun, JIN De-cai, WANG Dian-dong, <i>et al.</i> (4988)
Community Distribution of the Rhizospheric and Endophytic Bacteria of <i>Phragmites australis</i> and Their Limiting Factors in Iron Tailings	CAO Man-man, WANG Fei, ZHOU Bei-hai, <i>et al.</i> (4998)
Effects of Combination of Organic and Inorganic Nitrogen on Nitrification and Denitrification in Two Salinized Soils	ZHOU Hui, SHI Hai-bin, ZHANG Wen-cong, <i>et al.</i> (5010)
Response of Yield, CH ₄ , and N ₂ O Emissions from Paddy Fields to Long-term Elevated CO ₂ Concentrations	YU Hai-yang, SONG Kai-fu, HUANG Qiong, <i>et al.</i> (5021)
Effects of Feedstock Material and Pyrolysis Temperature on Dissolved Organic Matter in Biochars	YAN Dai-hong, MA Ya-pei, SONG Kai-yue, <i>et al.</i> (5030)
Spatiotemporal Variations in Atmospheric Urban Heat Island Effects and Their Driving Factors in 84 Major Chinese Cities	LI Yu, ZHOU De-cheng, YAN Zhang-mei (5037)
Research Progress in the Odorants and Their Emissions from Indoor Building Decoration Materials	ZHANG Wan-zhong, ZHANG Peng-yi (5046)