

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

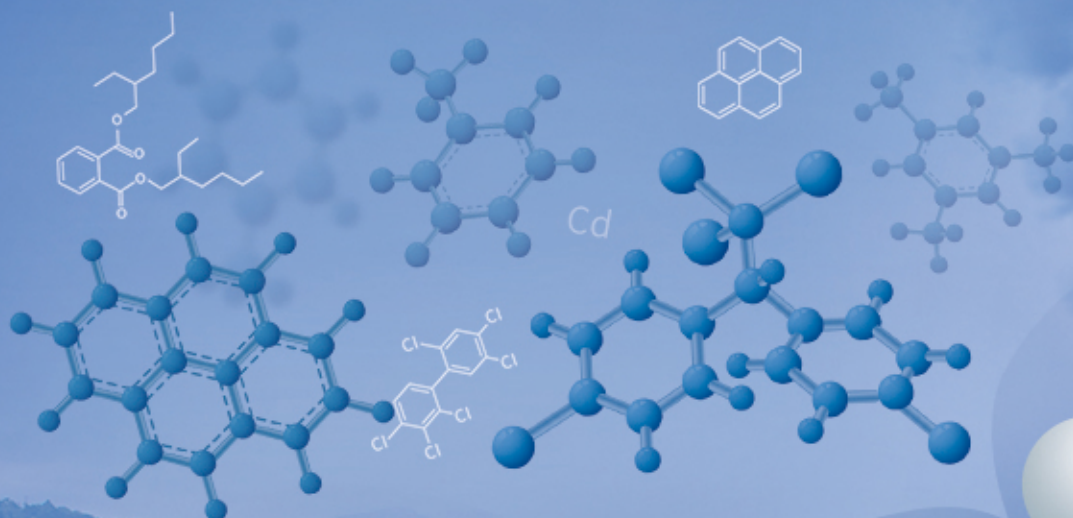
环境科学

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)	

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*

(清华大学环境学院, 环境模拟与污染控制国家重点联合实验室, 北京 100084)

摘要: 抗生素和重金属是两种重要的环境污染物和耐药性选择压力源, 但低含量水平下其对环境微生物种群耐药性水平的影响尚不明确. 本文全面检索了截至 2020 年 1 月 1 日发表在 Web of Science 数据库中同时监测了抗生素抗性基因(ARGs) 丰度、抗生素含量或重金属含量的研究文献, 提取相关数据, 利用统计回归方法调查环境介质中 3 个参数的相关关系. 结果表明, 除废水外, 地表水、沉积物和土壤等环境介质中, 即使在非常低的抗生素含量水平下, 抗生素选择压力也会对 ARGs 丰度的增加产生显著的统计效应 ($P < 0.05$). 不同类别抗生素对耐药基因表现出不同程度的选择和富集作用. 重金属含量以及抗生素含量和重金属含量的交互作用对 ARGs 的传播也具有显著影响 ($P < 0.05$). 水相和固相环境样本的多变量统计回归模型的最终 R^2 分别为 0.482 和 0.707, 比单变量回归的 R^2 更高, 能更好地解释 ARGs 丰度的差异, 但环境中还存在其他可能影响 ARGs 丰度的因素. 本文的研究结果可为环境中抗生素耐药性风险评估及传播控制提供支撑.

关键词: 抗生素抗性基因(ARGs); 抗生素; 重金属; 相关分析; 文献检索

中图分类号: X171.5 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)10-4925-08 DOI: 10.13227/j.hjks.202101043

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*

(State Key Joint Laboratory of Environmental Simulation and Pollution Control, School of Environment, Tsinghua University, Beijing 100084, China)

Abstract: Antibiotics and heavy metals are both important environmental pollutants and selective stressors for antibiotic resistance. However, the impact of their environmental concentrations on antibiotic resistance levels is still unclear. In this paper, research published before 2019 reporting the abundance of antibiotic resistance genes (ARGs), antibiotics concentrations, or heavy metal concentrations were extracted from the Web of Science database, and then statistical regression was used to investigate their correlative association. The results show that antibiotic selection pressure has a statistically significant effect on the increase in the abundance of ARGs in environmental media such as surface water, sediment, and soil, even at very low antibiotic concentrations ($P < 0.05$). Different classes of antibiotics show different potential to select and enrich ARGs. Heavy metals and the interaction between antibiotics and heavy metals also have significant effects on ARG transmission ($P < 0.05$). Multivariate statistical regression models can better explain the variance of ARG abundance, with R^2 values for the water phase and solid phase environmental samples of 0.482 and 0.707 respectively, which are much higher than those achieved using univariate regression models. However, additional environmental factors not included may also affect ARG abundance. The results of this work provide a basis for the evaluation and control of environmental antibiotic resistance.

Key words: antibiotic resistance genes(ARGs); antibiotics; heavy metals; correlation analysis; literature search

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)是可使微生物在暴露于抗生素的条件下能够生长和繁殖的基因片段. 由于其复杂的抗性产生机制, ARGs 的传播扩散是一个多维度和多机制联合作用的过程^[1]. 这一过程受多种因素的影响, 除抗生素残留外, 还包括重金属^[2]、消毒剂及其副产物^[3]、抗生素抗性菌^[4]、可移动遗传元件^[5,6]以及环境参数(TN、TP、 NH_4^+ 、有机物和 pH 等)^[7,8]等. 其中, 抗生素和重金属是影响环境中 ARGs 传播重要的选择性压力. 抗生素可以杀死或者抑制敏感细菌的生长, 使得少数耐药菌获得生存空间而大量繁殖, 是 ARGs 传播的直接压力源^[9]. 重金属具有和抗生素相似的抗性产生机制, 可以通过共抗性、交叉抗性和共调控这 3 种方式对 ARGs 产生选择压

力^[10]. 目前抗生素和重金属对 ARGs 的影响机制及其环境赋存特征已有大量研究, 然而这些参数常常是在特定的时空背景下被单独评估, 目前只有少数研究同时量化了特定位点的环境介质中 ARGs、抗生素和重金属的丰度, 且不同研究的相关结果并不一致, 缺乏汇总分析, 妨碍了对三者因果关系的识别、判断、量化和表征^[11].

基于此, 本文系统收集和汇总了现有环境介质中抗生素、重金属含量和 ARGs 丰度的数据, 利用统计回归方法, 调查地表水、沉积物、废水和土壤等环境介质中 ARGs 的丰度同抗生素和重金属的含

收稿日期: 2021-01-06; 修订日期: 2021-03-18

作者简介: 苗荪(1999~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为抗生素耐药性, E-mail: miao20@mails.tsinghua.edu.cn

* 通信作者, E-mail: jiane.zuo@mail.tsinghua.edu.cn

量是否存在相关关系,以期为评估抗生素和重金属污染对抗生素耐药性传播的影响以及抗生素耐药性控制提供支撑.

1 材料与方法

1.1 文献检索策略

在常用期刊数据库 ISI Web of Science 中,以“resistance gene”和“distribution/prevalence/occurrence/hotspot/reservoir/contamination/pollution/character */correlation/dissemination/accumulation/source/abundance/presence/metagenom */qPCR/monitor/evaluation/quantification”为关键词对 1990 年 1 月 1 日到 2020 年 1 月 1 日公开发表的文献进行检索,共检索出抗性基因相关文献 5 213 篇.

1.2 文献和数据纳入标准

对检索文献的题目和摘要逐一进行阅读,剔除实验设计、培养菌株 ARGs 检测和耐药机制研究等文章,只纳入有关自然环境介质中 ARGs 检出情况的文献,保留原始研究,剔除综述或二次研究,剔除重复报告,共筛选出 310 篇相关文献.

经阅读全文后,筛选出同时检测了 ARGs 丰度以及抗生素或重金属含量,且在文献或补充材料中提供有一次或二次图表数据的文章共 47 篇,其中 8 篇使用宏基因组检测 ARGs 丰度,39 篇使用实时定量基因扩增荧光检测方法(real-time fluorescent quantitative polymerase chain reaction, qPCR)检测 ARGs 丰度. qPCR 是此前研究中 ARGs 定量检测的最常用方法,只纳入使用 qPCR 方法的文章,最终 39 篇文献的数据被收集和进一步处理.其中,27 篇文献的采样点位于中国,另外 12 篇文献的采样点分布在美国、越南、瑞士和罗马尼亚等 8 个国家.

1.3 数据提取

从所纳入文献中依次提取和整理以下信息:采样年份、采样地区、环境基质类型、抗生素含量、重金属含量和 ARGs 丰度,制成信息提取表.其中图表形式表示的数据使用 WebPlotDigitizer 4.2 软件提取.低于检测限或定量限的数据没有收集进行分析,同一样本的重复数据收集平均值(优先选择)或中值.最后,共收集和分析了 465 份环境样本的数据.对所纳入样本根据环境基质类型分类为地表水、废水、沉积物和土壤这 4 类.

1.4 数据转化

地表水和废水中抗生素的浓度均转化到以 $\text{ng}\cdot\text{L}^{-1}$ 为单位,沉积物和土壤中抗生素的含量(以 dw 计,下同)均转化到以 $\text{ng}\cdot\text{g}^{-1}$ 为单位.抗生素含

量的计算见式(1):

$$\text{TA}_y = \sum_{x \in y} A_x \quad (1)$$

式中, A_x 表示样本中抗生素 x 的含量, TA_y 表示属于 y 类抗生素的抗生素 x 含量之和. 抗生素按照解剖学、治疗学及化学分类(ATC)系统进行分类.

地表水和废水中重金属的浓度均转化到以 $\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ 为单位,沉积物和土壤中重金属的含量均转化到以 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$ 为单位. 重金属含量的计算见式(2):

$$\text{TM} = \sum M_x \quad (2)$$

式中, M_x 表示样本中重金属 x 的含量, TM 表示样本中重金属的总含量.

为消除生物量的影响, ARGs 的绝对丰度使用 16S rRNA 基因的绝对丰度进行归一化, ARGs 相对丰度的计算见式(3)和式(4):

$$\text{rARG}_x = \text{ARG}_x / 16\text{S rRNA} \quad (3)$$

$$\text{TARG}_y = \sum_{x \in y} \text{rARG}_x \quad (4)$$

式中, ARG_x 表示样本中抗生素抗性基因 x 的拷贝数, 16S rRNA 是该样本中基因 16S rRNA 的拷贝数, rARG_x 表示该样本中抗性基因 x 的相对丰度. TARG_y 是对 y 类抗生素产生耐药性的所有抗性基因 x 相对丰度之和. 根据 McArthur 等^[12]的整理结果对应抗生素及相应的抗性基因. 除抗性基因外,整合子 *intl1*、*intl2* 和 *intl3* 作为 ARGs 动员和传播的重要媒介,其丰度数据也被整理并对应所有种类的抗生素.

1.5 统计分析

使用 SPSS 18.0 软件对环境介质中 ARGs 丰度、抗生素含量和重金属含量数据进行单变量和多变量线性回归分析.

2 结果与讨论

2.1 ARGs 丰度与抗生素含量的相关性

2.1.1 总 ARGs 丰度与总抗生素含量的相关性

本文共收集到同时检测抗生素含量和 ARGs 丰度的水相环境样本数据 203 个,其中 127 个为地表水样品,76 个为废水样品,固相环境样本数据有 223 个,其中 168 个为沉积物样品,55 个为土壤样品(图 1). 对总 ARGs 丰度和总抗生素含量数据的线性回归结果表明(表 1),地表水、沉积物和土壤样本中总 ARGs 丰度与总抗生素含量之间均存在显著正相关关系($P < 0.05$),随抗生素含量增加,ARGs 丰度提高.这与大多数研究的结果一致,一方面,抗生素能够选择性地抑制敏感菌的生长,使得少数耐药菌获得生存空间而大量繁殖,加速 ARGs 的

扩增^[13]. 另一方面, 一些杀菌类的抗生素, 如 β -内酰胺类 (β -lactams, β -Ls) 和氟喹诺酮类抗生素, 也可刺激细胞产生活性氧 (reactive oxygen species, ROS), 激活 SOS 反应进而诱导耐药突变和 ARGs 重组, 促进 ARGs 的传播^[14,15]. 因此, 抗生素的使用和污染是影响 ARGs 传播的主要原因^[16,17]. 同时, 本研究中总 ARGs 丰度和总抗生素含量之间为对数相关关系, 说明 ARGs 增速随抗生素含量增加而不断降低. 与此相似, Kohanski 等^[15]的研究发现与抑菌浓度的抗生素相比, 亚抑制浓度抗生素暴露条件下更有利于抗生素耐药菌的生长和富集, 因为亚抑制浓度环境中大多数种群都可存活, 可连续积累多个小的表型效应突变, 渐进性地选择抗生素耐药菌^[14,18]. 然而废水中没有发现总 ARGs 丰度与总抗生素残留浓度之间的显著相关关系 ($P < 0.05$), 可能是因为废水中抗生素和其他污染物的浓度和毒性水平较高, 主要表现为毒性选择作用, 抗生素的选择压力不再凸显, 因此高浓度抗生素污染废水中 ARB 和 ARGs 丰度与抗生素浓度的相关性较弱.

虽然地表水、沉积物和土壤样本中总 ARGs 丰度与总抗生素含量均存在显著正相关关系, 但 R^2 只

有 0.035 ~ 0.295, 抗生素含量只能解释一小部分 ARGs 丰度的方差, 大部分方差不能解释. 抗生素和 ARGs 之间较差的相关性可以归因为以下几个因素: 首先, 抗生素和 ARGs 的环境命运不同. 抗生素的半衰期较短, 在环境中容易发生降解, 而环境选择压力产生的 ARGs 却会在环境中持久存在, 难以消除^[19]. 抗生素发生降解或者 ARGs 是由之前的环境压力选择产生并在种群中保存下来的, 都会影响相关分析结果. 此外, 环境中还存在其他可能影响 ARGs 丰度的因素. 例如, 有研究发现重金属^[20]、消毒剂及其副产物^[21]、杀菌剂季铵盐^[22]、防腐剂三氯生^[23]、纳米材料^[24]和离子液体^[25]等都可能影响水平基因转移, 进而影响 ARGs 的传播. 由于不同研究样本中物理化学因素的复杂性和差异性, 较低的 R^2 不难被解释. 同时, 固相样本的回归 R^2 远大于水相环境样本的回归 R^2 . 一种可能的解释是因为水文条件的影响, 水相环境中生物地球化学因素随时间和采样地点变化存在较大的不稳定性, 而固相环境样本中的生物地球化学因素较为稳定, 因此水相环境样本测量结果存在更大比例不能解释的误差^[26].

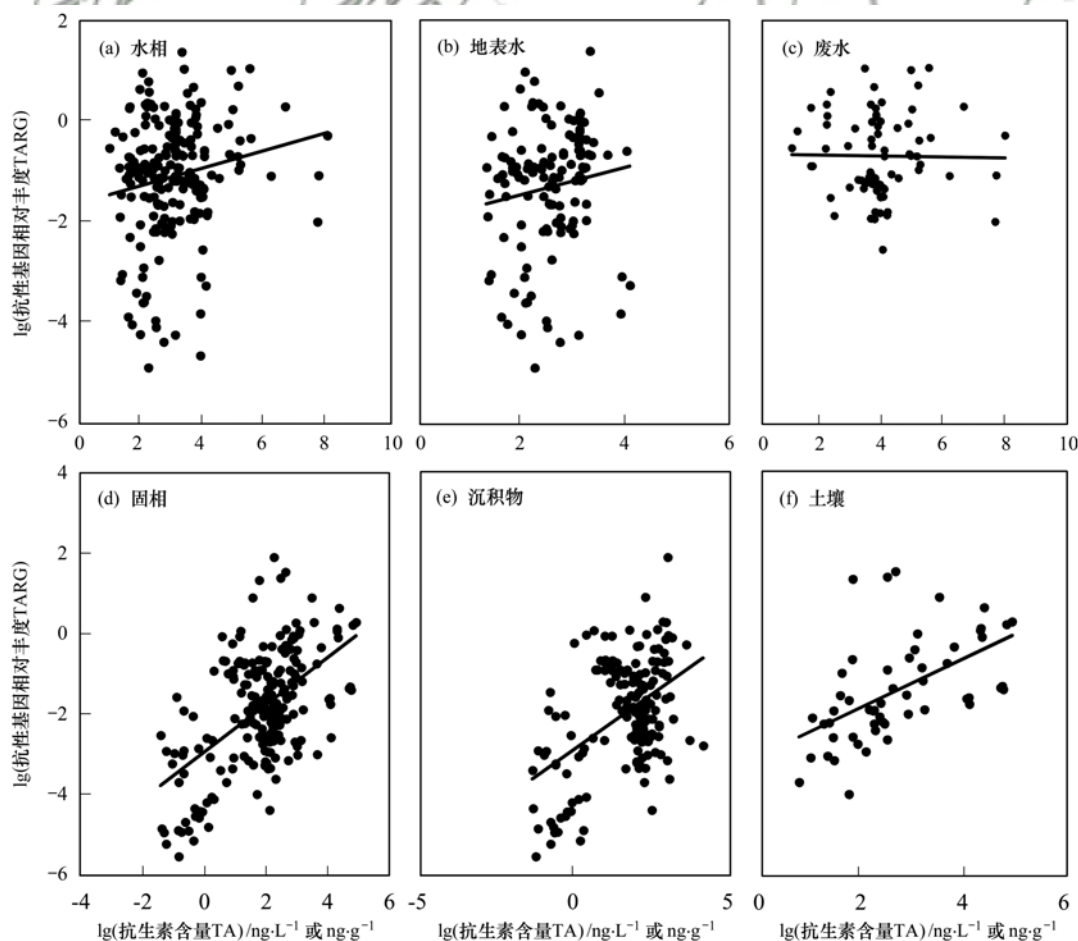


图1 环境样本中总 ARGs 丰度和总抗生素含量

Fig. 1 Total ARGs and total antibiotics in environmental samples

表 1 环境样本中总 ARGs 丰度与总抗生素含量线性回归结果¹⁾

Table 1 Linear regression results of total ARGs and total antibiotics in environmental samples						
环境介质	样本数	斜率	截距	<i>R</i>	<i>R</i> ²	Sig.
水相	203	0.265	-1.898	0.261	0.068	0.000 *
地表水	127	0.386	-2.308	0.188	0.035	0.035 *
废水	76	0.082	-1.010	0.135	0.018	0.246
固相	223	0.589	-2.941	0.551	0.304	0.000 *
沉积物	168	0.593	-2.939	0.519	0.269	0.000 *
土壤	55	0.598	-2.991	0.543	0.295	0.000 *

1) * 表示 $P < 0.05$,下同

2.1.2 不同种类抗生素含量与配对 ARGs 丰度的相关性

本文共收集到 10 大类抗生素及配对 ARGs 的数据,其中四环素类(tetracyclines, TCs)、磺胺类(sulfonamides, SAs)、氟喹诺酮类(fluoroquinolones, FQs)和大环内酯类(macrolides, MLs)抗生素及配对 ARGs(TRGs、SRGs、FRGs 和 MRGs)的数据占总样本数据量的 95%.这 4 大类抗生素是常见的抗细菌感染药物,被广泛用于人类和牲畜疾病的治疗和预防^[27],因此常通过动物排泄进入环境,在环境中的检出率较高^[28,29].不同环境介质中 4 大类抗生素及配对 ARGs 的丰度如图 2 所示. TCs 和 TRGs 在地表水、沉积物和土壤中均有大量检出,这与 TCs 在医疗、兽药和水产养殖中的广泛使用有关^[30]. SAs 的使用量虽然相对较低,但在环境中不易降解,在各种环境中均有较高检出率.地表水中 SAs 和 SRGs 的平均水平和检出频率要高于沉积物,因为 SAs 的水溶性较高,对土壤和沉积物的吸附亲和力较低^[28]. MLs 在地表水中也表现出比沉积物中更高的检出水

平.然而, FQs 和 FRGs 表现出相反趋势,沉积物的检出水平更高,这与 FQs 倾向于吸附沉积物和悬浮颗粒的趋势一致^[31].

对不同种类抗生素及配对 ARGs 的丰度数据进行线性回归(表 2),地表水中 4 类抗生素及配对 ARGs 丰度之间均存在显著正相关关系($P < 0.05$),废水中只有 FQs 和 FRGs 丰度呈正相关,沉积物中 MLs 和 TCs 与配对 ARGs 的丰度呈正相关,土壤中 FQs 和 FRGs 的丰度呈正相关,而沉积物和土壤中 SAs 与 SRGs 的丰度是负相关关系.其余样本抗生素与 ARGs 丰度的回归中没有发现显著相关关系.同一环境介质中,不同种类的抗生素及配对 ARGs 丰度的相关关系和回归斜率不同,虽然有其他环境因素的干扰,但结果在一定程度上表明不同种类的抗生素对 ARB 和 ARGs 产生的选择作用和富集能力不同,可能是因为它们不同的作用机制和抗性产生机制^[13].与此相似, He 等^[32]在 TCs、SAs 和 β -Ls 的污染模拟实验中发现, ARGs 的发生顺序为 TRGs、SRGs 和 β -RGs,说明 TRGs 相比于 SRGs、 β -RGs 可

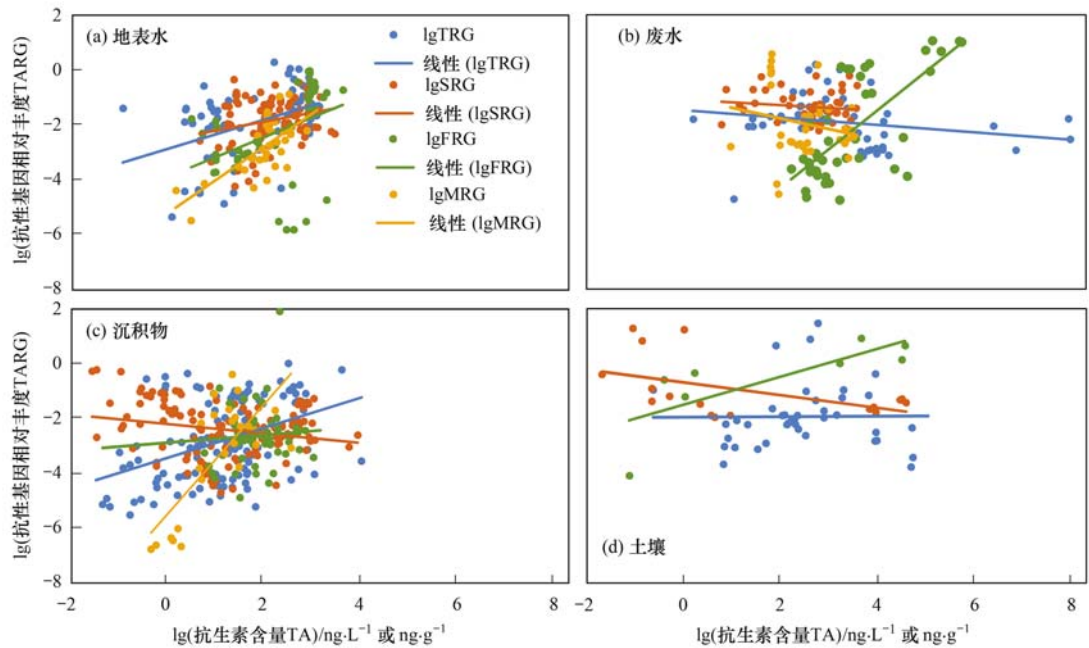


图 2 环境样本中不同种类抗生素的含量和配对 ARGs 的丰度

Fig. 2 Different classes of antibiotics and corresponding ARGs in environmental samples

能对抗生素更加敏感,更容易被诱导产生和富集. 不同环境介质中,同类抗生素与配对 ARGs 丰度的相关关系也不相同,这主要是因为抗生素在不同环境中的吸附、传输和转化等环境行为存在差异,可能导致环境中直接与微生物接触的抗生素实际浓度(生物有效浓度)不同^[33],进而对微生物产生不同程

度的实际影响^[34,35]. 固相样本中 SAs 与 SRGs 的负相关性可能与部分文献中其他因素而非抗生素对 ARGs 丰度的影响更为显著、以及样本性质与其他文献的样本性质差异较大有关,其他文献样本点回归以及每单篇文献的样本点回归中两者均表现为正相关关系或不显著相关关系.

表 2 不同种类抗生素含量与配对 ARGs 丰度线性回归结果

Table 2 Linear regression results of different classes of antibiotics and corresponding ARGs in environmental samples							
环境介质	分析对象	样本数	斜率	截距	R	R ²	Sig.
地表水	TRG/TCs	70	0.547	-2.824	0.430	0.185	0.000 *
	SRG/SAs	82	0.340	-2.506	0.247	0.061	0.025 *
	FRG/FQs	51	0.744	-3.827	0.408	0.166	0.003 *
	MRG/MLs	33	1.250	-5.112	0.697	0.485	0.000 *
废水	TRG/TCs	49	-0.138	-1.484	0.214	0.046	0.140
	SRG/SAs	50	-0.105	-1.090	0.134	0.018	0.354
	FRG/FQs	43	1.456	-7.047	0.716	0.513	0.000 *
	MRG/MLs	36	-0.399	-1.026	0.197	0.039	0.250
沉积物	TRG/TCs	121	0.565	-3.393	0.406	0.164	0.000 *
	SRG/SAs	127	-0.177	-2.207	0.219	0.048	0.013 *
	FRG/FQs	69	0.148	-2.866	0.075	0.006	0.543
	MRG/MLs	25	2.067	-5.344	0.750	0.563	0.000 *
土壤	TRG/TCs	39	0.009	-1.958	0.009	0.000	0.957
	SRG/SAs	17	-0.239	-0.706	0.497	0.247	0.042 *
	FRG/FQs	8	0.524	-1.472	0.765	0.585	0.027 *

2.2 ARGs 丰度与重金属含量的相关性

本文共收集到 112 个同时监测了 ARGs 丰度和重金属含量的环境样本数据,其中 52 个为水相环境样本, 60 个为固相环境样本(图 3). 水相和固相环境样本中的重金属含量范围分别为 1.75 ~ 22 577.6 $\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$ 和 20.15 ~ 804.1 $\mu\text{g}\cdot\text{g}^{-1}$. 近年来,工业三废排放、机动车尾气排放、化肥农药使用和矿山开发,大大加速了重金属在环境中的释放^[36],重金属已经成为环境中一种重要的污染物和选择压力源.

对环境样本中 ARGs 丰度和重金属含量的线性回归结果表明(表 3),水相环境和固相环境中, ARGs 丰度和重金属含量之间均存在显著正相关关系($P<0.01$), R^2 分别为 0.171 和 0.213,说明重金属对细菌抗生素耐药性传播具有显著影响^[37,38]. 大多数研究的结果与本文相似,Knapp 等^[39]对 90 份苏格兰土壤样品的研究发现,重金属含量与耐药基因水平之间存在显著的正相关关系($R>0.70$),除 Se 和 Co 之外的大多数金属都与部分耐药基因相

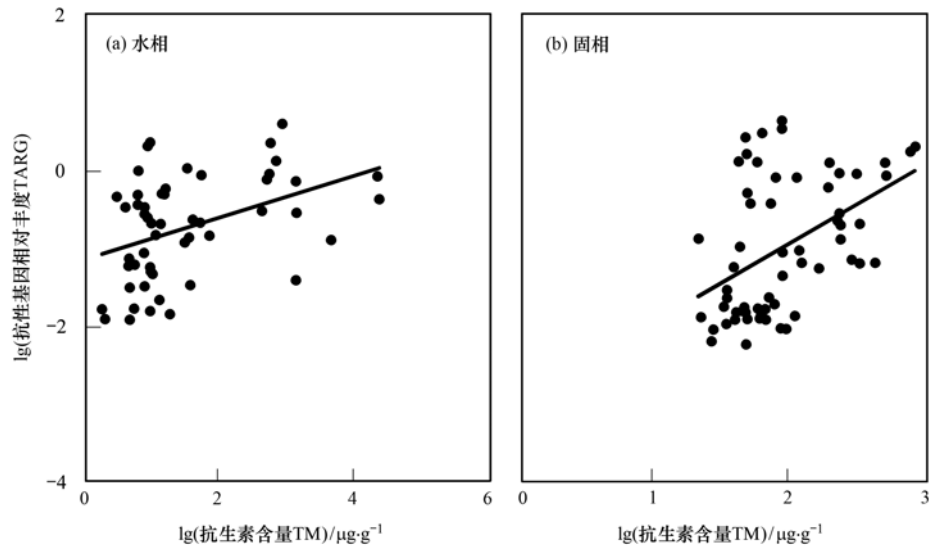


图 3 环境样本中总 ARGs 丰度和重金属含量

Fig. 3 Total ARGs and total heavy metals in environmental samples

关. Xu 等^[40]对接近金属矿区、重金属污染严重的湘江下游研究发现,部分重金属与某些 ARG 亚型显著正相关($P < 0.05$),重金属的选择性压力而非抗生素源排放对湘江中 ARGs 的分布格局有显著影响. 耐药机制研究也表明,一方面,重金属具有和抗生素相似的抗性产生机制,如外排泵过表达、细胞膜通透性改变和作用靶标改变等,这些相似的抗性

机制可能导致细菌对抗生素和重金属的交叉抗性或共抗性耐药^[41]. 另一方面,有研究报道,重金属暴露条件下,细胞内会产生过量的 ROS,促进基因的抗性突变和抗性基因的水平转移^[42],ROS 的生成也会刺激细胞产生应激反应,改变细胞膜的通透性,从而促进抗性基因的水平转移^[43]. 因此,重金属已被认为是影响 ARGs 传播的重要因素.

表 3 环境样本中总 ARGs 丰度与重金属含量线性回归结果

Table 3 Linear regression results of total ARGs and total heavy metals in environmental samples

环境介质	样本数	斜率	截距	R	R ²	Sig.
水相	52	0.269	-1.152	0.414	0.171	0.002 *
固相	60	1.006	-2.938	0.462	0.213	0.000 *

2.3 ARGs 丰度对抗生素和重金属含量的线性回归

抗生素和重金属均为影响环境中 ARGs 分布的重要选择压力,并且两者之间可能存在协同作用. 因此,对同时监测了 3 个参数的 44 个水相环境样本和 41 个固相环境样本数据,以重金属含量、抗生素含量以及抗生素含量和重金属含量的交互项为自变量对 ARGs 丰度进行多元线性回归,剔除不显著项,回归结果如表 4.

对抗生素和重金属两个变量进行多变量回归,水相环境和固相环境样本最终回归模型的 R^2 分别为 0.482 和 0.707,比只用单变量回归的 R^2 更高. Mao 等^[44]对东海海湾沉积物中 ARGs 丰度的逐步回归模型中也发现,最终回归模型中抗生素和重金属均在统计学意义上显著,两个因素能够更好地解释环境样本中 ARGs 丰度的差异,两者均为影响 ARGs 分布的重要因素^[45,46]. 但最终模型只解释了方差的一部分,说明仍有影响 ARGs 传播的环境因素未包含在模型内. 水相样本的单变量和最终回归模型中,变量抗生素含量的斜率为负值,这与水相环境样本的主要来源是废水有关($n = 30$). 而其它单

变量回归的斜率均为正值,与前面的研究结果一致. 在水相和固相环境样本的最终回归模型中,抗生素含量和重金属含量的交互项对 ARGs 的传播均存在显著的正效应($P < 0.05$),说明抗生素和重金属的交互作用对 ARGs 的传播也具有显著影响^[44]. 与此相似,He 等^[32]通过鱼缸内 SAs、TCs 和 Cu、Zn 污染的模拟实验发现,抗生素和重金属污染的综合效应大于个体选择效应的总和,且协同效应随共选择因子(污染物种类)的增加而增加^[47]. 抗生素和重金属协同效应的存在一方面是因为细菌可能通过同一机制对抗生素和重金属产生抗性,两者施加的环境选择压力,均可能会诱导细胞通过共调控作用产生多重抗性^[41]. 另一方面,通常发现 ARGs 和重金属抗性基因经常同时出现在可移动遗传元件上^[48],抗生素和重金属施加的选择压力会共同促进可移动遗传元件及其上 ARGs 在微生物间的传播^[49]. 由于动物养殖和水产养殖中多种抗生素和重金属的长期交叉使用,畜禽粪便和周边土壤、粪肥施用农田以及水产养殖水体和沉积物中重金属和抗生素的复合污染现象普遍存在^[2,50],两者的协同作用可能导致更为严重的耐药性传播风险.

表 4 总 ARGs 丰度与抗生素和重金属含量线性回归结果

Table 4 Linear regression results of total ARGs with antibiotics and heavy metals

环境介质	样本数	回归模型	回归项	斜率	Sig.	截距	R ²
水相	44	式(1)	抗生素	-0.456	0.000 *	0.771	0.337
		式(2)	重金属	0.518	0.000 *	-1.383	0.282
		式(3)	抗生素	-0.889	0.002 *	1.638	0.506
			重金属	-0.663	0.167		
			抗生素 × 重金属	0.358	0.032 *		
		式(4)	抗生素	-0.542	0.000 *	0.519	0.482
			抗生素 × 重金属	0.138	0.002 *		
固相	41	式(1)	抗生素	0.600	0.000 *	-2.749	0.643
		式(2)	重金属	1.164	0.000 *	-3.648	0.605
		式(3)	抗生素	-1.065	0.048 *	-0.801	0.740
			重金属	-0.337	0.383		
			抗生素 × 重金属	0.523	0.007 *		
		式(4)	抗生素 × 重金属	0.180	0.000 *	-2.239	0.707

3 结论

本文整理了现有的同时检测了环境介质中抗生素含量、重金属含量和 ARGs 丰度的文献数据, 通过单变量和多变量线性回归模型分析发现: 抗生素和重金属含量均为影响环境中 ARGs 丰度的重要因素, 两者的交互作用与 ARGs 的传播也有显著相关关系 ($P < 0.05$). 引入两个变量的统计回归模型的最终 R^2 分别为 0.482 和 0.707, 比单变量模型的 R^2 更高, 能够更好地解释环境样本中 ARGs 丰度的差异, 但也只能解释方差的一部分. 抗生素诱导产生和富集 ARGs 的能力与抗生素种类和环境基质类型有很大关系.

参考文献:

- [1] Bengtsson-Palme J, Kristiansson E, Larsson D G J. Environmental factors influencing the development and spread of antibiotic resistance[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2018, **42** (1), doi: 10.1093/femsre/fux053.
- [2] Gorovtsov A V, Sazykin I S, Sazykina M A. The influence of heavy metals, polyaromatic hydrocarbons, and polychlorinated biphenyls pollution on the development of antibiotic resistance in soils[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, **25**(10): 9283-9292.
- [3] Zhang Y, Gu A Z, He M, et al. Subinhibitory concentrations of disinfectants promote the horizontal transfer of multidrug resistance genes within and across genera[J]. Environmental Science & Technology, 2017, **51**(1): 570-580.
- [4] Shao S C, Hu Y Y, Cheng J H, et al. Research progress on distribution, migration, transformation of antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) in aquatic environment[J]. Critical Reviews in Biotechnology, 2018, **38**(8): 1195-1208.
- [5] Guo J H, Li J, Chen H, et al. Metagenomic analysis reveals wastewater treatment plants as hotspots of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements[J]. Water Research, 2017, **123**: 468-478.
- [6] Yuan W, Tian T T, Yang Q X, et al. Transfer potentials of antibiotic resistance genes in *Escherichia* spp. strains from different sources[J]. Chemosphere, 2020, **246**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.125736.
- [7] Sun W, Qian X, Gu J, et al. Mechanism and effect of temperature on variations in antibiotic resistance genes during anaerobic digestion of dairy manure[J]. Scientific Reports, 2016, **6**, doi: 10.1038/srep30237.
- [8] Zhao W X, Wang B, Yu G. Antibiotic resistance genes in China: occurrence, risk, and correlation among different parameters[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, **25**(22): 21467-21482.
- [9] Andersson D I, Hughes D. Microbiological effects of sublethal levels of antibiotics[J]. Nature Reviews Microbiology, 2014, **12** (7): 465-478.
- [10] Wright M S, Peltier G L, Stepanauskas R, et al. Bacterial tolerances to metals and antibiotics in metal-contaminated and reference streams[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2006, **58** (2): 293-302.
- [11] Larsson D G J, Andreumont A, Bengtsson-Palme J, et al. Critical knowledge gaps and research needs related to the environmental dimensions of antibiotic resistance [J]. Environment International, 2018, **117**: 132-138.
- [12] McArthur A G, Waglehner N, Nizam F, et al. The comprehensive antibiotic resistance database [J]. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 2013, **57**(7): 3348-3357.
- [13] Gullberg E, Cao S, Berg O G, et al. Selection of resistant bacteria at very low antibiotic concentrations [J]. PLoS Pathogens, 2011, **7**(7), doi: 10.1371/journal.ppat.1002158.
- [14] Hughes D, Andersson D I. Selection of resistance at lethal and non-lethal antibiotic concentrations [J]. Current Opinion in Microbiology, 2012, **15**(5): 555-560.
- [15] Kohanski M A, DePristo M A, Collins J J. Sublethal antibiotic treatment leads to multidrug resistance via radical-induced mutagenesis[J]. Molecular Cell, 2010, **37**(3): 311-320.
- [16] Ben W W, Wang J, Cao R K, et al. Distribution of antibiotic resistance in the effluents of ten municipal wastewater treatment plants in China and the effect of treatment processes [J]. Chemosphere, 2017, **172**: 392-398.
- [17] Ben W W, Wang J, Pan X, et al. Dissemination of antibiotic resistance genes and their potential removal by on-farm treatment processes in nine swine feedlots in Shandong Province, China [J]. Chemosphere, 2017, **167**: 262-268.
- [18] Sandegren L, Andersson D I. Bacterial gene amplification: implications for the evolution of antibiotic resistance[J]. Nature Reviews Microbiology, 2009, **7**(8): 578-588.
- [19] Bean D C, Livermore D M, Papa I, et al. Resistance among *Escherichia coli* to sulphonamides and other antimicrobials now little used in man[J]. Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 2005, **56**(5): 962-964.
- [20] 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.
- [21] Li D, Zeng S Y, He M, et al. Water disinfection byproducts induce antibiotic resistance-role of environmental pollutants in resistance phenomena[J]. Environmental Science & Technology, 2016, **50**(6): 3193-3201.
- [22] 魏媛媛. 季铵化合物对抗生素抗性基因传播扩散的影响和机理探究[D]. 杭州: 浙江大学, 2018.
- [23] Wei Y Y. The effect and mechanism of quaternary ammonium compound on the distribution of antibiotic resistant genes [D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2018.
- [24] Jutkina J, Marathe N P, Flach C F, et al. Antibiotics and common antibacterial biocides stimulate horizontal transfer of resistance at low concentrations [J]. Science of the Total Environment, 2018, **616-617**: 172-178.
- [25] Wang X L, Yang F X, Zhao J, et al. Bacterial exposure to ZnO nanoparticles facilitates horizontal transfer of antibiotic resistance genes[J]. NanoImpact, 2018, **10**: 61-67.
- [26] Luo Y, Wang Q, Lu Q, et al. An Ionic liquid facilitates the proliferation of antibiotic resistance genes mediated by class I integrons [J]. Environmental Science & Technology Letters, 2014, **1**(5): 266-270.
- [27] Duarte D J, Oldenkamp R, Ragas A M J. Modelling environmental antibiotic-resistance gene abundance: a meta-analysis[J]. Science of the Total Environment, 2019, **659**: 335-341.
- [28] Zhang Q Q, Ying G G, Pan C G, et al. Comprehensive evaluation of antibiotics emission and fate in the river basins of China: source analysis, multimedia modeling, and linkage to bacterial resistance[J]. Environmental Science & Technology, 2012, **46**(12): 7305-7312.

- 2015, **49**(11): 6772-6782.
- [28] Li S, Shi W Z, Liu W, *et al.* A duodecennial national synthesis of antibiotics in China's major rivers and seas(2005-2016) [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **615**: 906-917.
- [29] Qin Y W, Wen Q, Ma Y Q, *et al.* Antibiotics pollution in Gonghu Bay in the period of water diversion from Yangtze River to Taihu Lake[J]. *Environmental Earth Sciences*, 2018, **77**(11), doi: 10.1007/s12665-018-7558-4.
- [30] Sarmah A K, Meyer M T, Boxall A B A. A global perspective on the use, sales, exposure pathways, occurrence, fate and effects of veterinary antibiotics (VAs) in the environment [J]. *Chemosphere*, 2006, **65**(5): 725-759.
- [31] Liu X H, Lu S Y, Guo W, *et al.* Antibiotics in the aquatic environments: a review of lakes, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **627**: 1195-1208.
- [32] He X L, Xu Y B, Chen J L, *et al.* Evolution of corresponding resistance genes in the water of fish tanks with multiple stresses of antibiotics and heavy metals[J]. *Water Research*, 2017, **124**: 39-48.
- [33] Ding C, He J Z. Effect of antibiotics in the environment on microbial populations [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2010, **87**(3): 925-941.
- [34] Jia J, Guan Y J, Cheng M Q, *et al.* Occurrence and distribution of antibiotics and antibiotic resistance genes in Ba River, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **642**: 1136-1144.
- [35] Wang J, Ben W W, Yang M, *et al.* Dissemination of veterinary antibiotics and corresponding resistance genes from a concentrated swine feedlot along the waste treatment paths[J]. *Environment International*, 2016, **92-93**: 317-323.
- [36] 陈欣瑶. 重金属—抗生素单一及复合污染胁迫下土壤生态功能稳定性及其微生物调控机制研究[D]. 苏州: 苏州科技大学, 2019.
- Chen X Y. Study on stability of soil ecological function and microbial regulation mechanisms under the single and combined pollution of heavy metal and antibiotic [D]. Suzhou: Suzhou University of Science and Technology, 2019.
- [37] Devarajan N, Laffite A, Graham N D, *et al.* Accumulation of clinically relevant antibiotic-resistance genes, bacterial load, and metals in freshwater lake sediments in Central Europe [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(11): 6528-6537.
- [38] 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.
- [39] Knapp C W, McCluskey S M, Singh B K, *et al.* Antibiotic resistance gene abundances correlate with metal and geochemical conditions in archived Scottish soils [J]. *PLoS One*, 2011, **6**(11), doi: 10.1371/journal.pone.0027300.
- [40] Xu Y, Xu J, Mao D Q, *et al.* Effect of the selective pressure of sub-lethal level of heavy metals on the fate and distribution of ARGs in the catchment scale [J]. *Environmental Pollution*, 2017, **220**: 900-908.
- [41] 陈帅, 邹海燕, 高方舟, 等. 抗生素、重金属和杀生剂抗性共选择机制[J]. *生态毒理学报*, 2020, **15**(2): 1-10.
- Chen S, Zou H Y, Gao F Z, *et al.* Co-selection mechanism of antibiotic, metal and biocide resistance [J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2020, **15**(2): 1-10.
- [42] Zhang S, Wang Y, Song H L, *et al.* Copper nanoparticles and copper ions promote horizontal transfer of plasmid-mediated multi-antibiotic resistance genes across bacterial genera [J]. *Environment International*, 2019, **129**: 478-487.
- [43] Zhang Y, Gu A Z, Cen T Y, *et al.* Sub-inhibitory concentrations of heavy metals facilitate the horizontal transfer of plasmid-mediated antibiotic resistance genes in water environment [J]. *Environmental Pollution*, 2018, **237**: 74-82.
- [44] Mao D Q, Yu S, Rysz M, *et al.* Prevalence and proliferation of antibiotic resistance genes in two municipal wastewater treatment plants[J]. *Water Research*, 2015, **85**: 458-466.
- [45] Gao P, He S, Huang S L, *et al.* Impacts of coexisting antibiotics, antibacterial residues, and heavy metals on the occurrence of erythromycin resistance genes in urban wastewater [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(9): 3971-3980.
- [46] Guo X P, Liu X R, Niu Z S, *et al.* Seasonal and spatial distribution of antibiotic resistance genes in the sediments along the Yangtze Estuary, China[J]. *Environmental Pollution*, 2018, **242**: 576-584.
- [47] Chen J Y, Su Z G, Dai T J, *et al.* Occurrence and distribution of antibiotic resistance genes in the sediments of the East China Sea bays [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2019, **81**: 156-167.
- [48] Wright G D. The antibiotic resistome: the nexus of chemical and genetic diversity [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2007, **5**(3): 175-186.
- [49] Wang N, Guo X Y, Yan Z, *et al.* A comprehensive analysis on spread and distribution characteristic of antibiotic resistance genes in livestock farms of southeastern China[J]. *PLoS One*, 2016, **11**(7), doi: 10.1371/journal.pone.0156889.
- [50] Seiler C, Berendonk T U. Heavy metal driven co-selection of antibiotic resistance in soil and water bodies impacted by agriculture and aquaculture [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2012, **3**, doi: 10.3389/fmicb.2012.00399.

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)