

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV

HUANJING KEXUE

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征

陈其永, 郜允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年9月

第43卷 第9期
Vol.43 No.9

目次

2000~2018年我国大气重金属沉降通量时空变化特征	陈其永, 郇允兵, 倪润祥, 潘瑜春, 阎跃观, 杨晶, 刘孝阳, 顾晓鹤(4413)
面向二/三维城市形态指标的PM _{2.5} 浓度调控模拟	李莎, 邹滨, 刘宁, 冯徽徽, 陈军, 张鸿辉(4425)
减排背景下成都大气PM _{2.5} 碳质组分特征	陈璐瑶, 于阳春, 黄小娟, 董贵明, 张军科(4438)
青岛秋冬季PM ₁ 中金属元素污染特征及健康风险评估	刘子杨, 张宜升, 张厚勇, 马子轸, 陶文鑫, 王娇, 薛莲, 彭倩倩, 杜金花, 赵娇娇, 彭亮, 孙英杰(4448)
港口地区大气PM _{2.5} 中多环芳烃污染特征及来源分析	王鹏程, 杨凌霄, 别淑君, 黄琦, 齐安安, 虞雄, 王滢铭, 徐鹏, 张天琪, 王文兴(4458)
天津市冬季道路颗粒物粒径分布及来源解析	张国涛, 殷宝辉, 白雯宇, 郭丽瑶, 王智宇, 张楠, 郑镇森, 张利文, 杨文, 韩斌, 白志鹏(4467)
北京市生物源一次气溶胶浓度变化特征及影响因素	梁林林, 刘畅, 刘旭艳, 徐婉筠, 张根, 程红兵, 刘雨思(4475)
北京市城区夏季VOCs变化特征分析与来源解析	孟祥来, 孙扬, 廖婷婷, 张琛, 张成影(4484)
东莞工业集中区夏季臭氧污染与非污染期间VOCs组分特征及其来源	周振, 肖林海, 费蕾蕾, 余纬, 林满, 黄筠筠, 张智胜, 陶俊(4497)
生活垃圾填埋场恶臭污染的时空变化与膜阻隔效果	何品晶, 李健晨, 吕凡, 章骅, 邵立明(4506)
不同年份太湖水域全氟化合物健康风险源解析对比	武婷, 孙善伟, 樊境朴, 鲁富蕾, 郭昌胜, 徐建(4513)
沱江流域典型及新兴全氟/多氟化合物的污染特征及来源解析	宋娇娇, 汪艺梅, 孙静, 方淑红(4522)
白洋淀不同类型水体表层沉积物重金属的赋存形态及风险	许梦雅, 张超, 单保庆, 刘操(4532)
喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子	剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 陈慧, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐(4543)
石家庄地下水中喹诺酮类抗生素生态风险及其与环境因子的相关性	陈慧, 剧泽佳, 赵鑫宇, 付雨, 崔建升, 张璐璐(4556)
不同淹水环境下湖泊沉积物DOM的特征与来源	陈佳, 李忠武, 金昌盛, 文佳骏, 聂小东, 王磊(4566)
晋城市沁河流域秋季浮游植物群落结构特征及其与环境因子的关系	高梦蝶, 李艳粉, 李艳利, 孙昂, 田爽, 张春晖, 耿亚平, 李林霞(4576)
不同配置绿色屋顶径流水质特征及综合评价	章孙逊, 张守红, 闫婧, 王任重远, 杨航(4587)
紫外光化过硫酸盐降解磷酸氯喹	李阳, 许玻琨, 邓琳, 罗伟(4597)
微气泡臭氧氧化预处理实际制药废水去除SS和有机性能	刘春, 陈蕊, 张静, 杨旭, 陈晓轩, 郭延凯, 武明泽, 庞勃(4608)
废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响	陈嘉瑜, 苏志国, 姚鹏城, 黄备, 张永明, 温东辉(4616)
生物炭和秸秆还田对微咸水滴灌棉田土壤真菌群落结构多样性的影响	郭晓雯, 陈静, 鲁晓宇, 李远, 陶一凡, 闵伟(4625)
有机物料投入对喀斯特地区土壤磷素赋存形态与含 $phoD$ 基因细菌群落的影响	夏鑫, 乔航, 孙琪, 刘坤平, 陈香碧, 何寻阳, 胡亚军, 苏以荣(4636)
煤矿矿区复垦植被类型对土壤微生物功能基因和酶活的影响	宁岳伟, 刘勇, 张红, 李君剑(4647)
生物炭施用对黄壤土壤养分及酶活性的影响	袁访, 李开钰, 杨慧, 邓承佳, 梁红, 宋理洪(4655)
黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤细菌群落多样性变化	孙华方, 李希来, 金立群, 赵玉蓉, 李成一, 张静, 宋梓涵, 苏晓雪, 刘凯(4662)
模拟氮沉降对三江平原小叶章湿地土壤微生物碳源利用能力的影响	翁晓虹, 隋心, 李梦莎, 刘赢男, 张荣涛, 杨立宾(4674)
石家庄市土壤中喹诺酮类抗生素空间分布特征及其与微生物群落相关性	赵鑫宇, 剧泽佳, 陈慧, 付雨, 宋圆梦, 赵波, 张纪媛, 卢梦洪, 崔建升, 张璐璐(4684)
典型氧化还原环境中微塑料表面的微生物群落组成特征与构建机制	龚志伟, 马杰, 苏趋, 林亚楠, 董鑫磊, 周立昌, 王宗平, 郭刚(4697)
作物秸秆材料处理养殖废水中氮的周年去除效果及其对氮循环微生物丰度的影响	刘铭羽, 夏梦华, 蒋磊, 彭健, 陈坤, 赵聪芳, 李希, 孟岑, 曾睿, 王栋, 李裕元, 吴金水(4706)
不同外碳源对尾水极限脱氮性能及微生物群落结构的影响	王伟, 赵中原, 张鑫, 由志鹏, 黄子晋, 彭永臻(4717)
总氮提标改造工程的微生物群落结构分析	李海松, 王柯丹, 陈晓蕾, 阎登科, 许子聪, 胡培基(4727)
IFAS工艺处理南方低碳源污水的泥膜微生物互作规律分析	赫俊国, 江伟勋, 何卓义, 刘新平, 吴世华, 储昭瑞, 冯杰(4736)
黄土高原土地利用方式对微塑料丰度和形态分布的影响	郝永丽, 胡亚鲜, 白晓雄, 郭胜利(4748)
南方丘陵区土壤重金属含量、来源及潜在生态风险评价	王玉, 辛存林, 于爽, 薛红蕾, 曾鹏, 孙平安, 刘凡(4756)
兰州市耕地“五毒”重金属的风险评价与归因分析	张利瑞, 彭鑫波, 马延龙, 康乐, 张妍娥, 王泉灵, 张松林(4767)
石家庄市栾城区农田土壤重金属分布特征及作物风险评价	孟晓飞, 郭俊梅, 杨俊兴, 郑国砥, 陈同斌, 刘杰(4779)
典型城市土壤中重金属锑(Sb)的含量分布特征及风险评价	沈城, 叶文娟, 钱诗颖, 吴健, 朱旭东, 王敏(4791)
有色金属矿业城市典型村镇土壤重金属污染评价及来源解析	汪峰, 黄言欢, 李如忠, 吴鸿飞(4800)
柠檬酸及刈割强化象草修复镉污染土壤的效应	唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 周航, 曾鹏, 廖柏寒(4810)
稻田干湿过程甲基化效率变化与关键影响因素分析	张玥, 李令仪, 文炯, 曾希柏, 苏世鸣(4820)
外源茉莉酸对水稻幼苗根系砷积累及抗逆应答效应	李颜, 黄益宗, 保琼莉, 黄永春, 张盛楠(4831)
秸秆还田配施化肥对土壤养分及冬小麦产量的影响	宋佳杰, 徐郗阳, 白金泽, 于琦, 程伯豪, 冯永忠, 任广鑫(4839)
冬季绿肥对黄土高原旱作春玉米农田土壤温室气体排放的影响	张少宏, 王俊, 方震文, 付鑫(4848)
庞泉沟自然保护区土壤呼吸空间分异性影响因素探测	李晓敏, 严俊霞, 杜自强, 王琰(4858)
小型养殖塘水体中CH ₄ 、CO ₂ 和N ₂ O浓度的时空变化特征及影响因素	石婕, 张弥, 邱吉丽, 万梓文, 赵若男, 谢燕红, 陈明健, 赵佳玉, 肖薇, 刘寿东(4867)
丁基黄药对选矿区土壤吸附铅镉的影响	胡志浩, 郭朝晖, 冉洪珍, 肖细元, 彭驰, 李钰滢(4878)
秸秆生物炭吸附对乙酰氨基酚的机制及其位能分布特征	商岑尧, 顾若婷, 张强, 谢慧芳, 王冰玉(4888)
黄土高原地区生态脆弱性时空变化及其驱动因子分析	张良侠, 樊江文, 张海燕, 周德成(4902)
植物促生菌在重金属生物修复中的作用机制及应用	马莹, 王玥, 石孝均, 陈新平, 李振轮(4911)
《环境科学》征订启事(4512)	《环境科学》征稿简则(4735)
信息(4696, 4790, 4887)	

废水排放对近海环境中抗生素抗性基因和微生物群落的影响

陈嘉瑜¹, 苏志国², 姚鹏城¹, 黄备³, 张永明^{1*}, 温东辉^{2*}

(1. 上海师范大学环境与地理科学学院, 上海 200234; 2. 北京大学环境科学与工程学院, 北京 100871; 3. 浙江省海洋生态环境监测中心, 舟山 316021)

摘要: 污水处理厂是水环境中抗生素抗性基因(ARGs)的重要来源. 可移动遗传元件(MGEs)和微生物群落是影响 ARGs 增殖扩散的关键因素. 为探究污水处理厂废水排放对近海环境中 ARGs 和微生物群落的影响, 采用高通量荧光定量 PCR (HT-qPCR) 和高通量 16S rRNA 扩增子测序技术, 对杭州湾上虞(SY) 和嘉兴(JX) 两个近岸纳污区(ERAs) 及远岸湾区表层沉积物中 ARGs、MGEs 和微生物群落的组成和分布进行调查. 结果表明, 多重耐药类 ARGs 是所有样点中丰度最高的 ARGs 类型. 纳污区沉积物中 ARGs 和 MGEs 多样性和丰度远远高于远岸湾区沉积物. JX 纳污区沉积物中微生物群落丰富度和多样性高于 SY 纳污区及远岸湾区沉积物. PCoA 结果显示, 纳污区与远岸湾区沉积物中 ARGs、MGEs 和微生物群落分布存在显著的差异, 说明长期的废水排放对近海环境中 ARGs、MGEs 和微生物群落影响较大. ARGs、MGEs 和细菌属的共现网络显示, 嗜冷杆菌属、假单胞菌属、亚硫酸杆菌属、假交替单胞菌属和芽孢杆菌属等 12 种菌属与 ARGs 和 MGEs 存在显著正相关. 多重耐药类和 β -内酰胺类 ARGs 的潜在宿主最多.

关键词: 近海环境; 废水排放; 抗生素抗性基因(ARGs); 可移动遗传元件(MGEs); 微生物群落

中图分类号: X171.5 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)09-4616-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.202112272

Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area

CHEN Jia-yu¹, SU Zhi-guo², YAO Peng-cheng¹, HUANG Bei³, ZHANG Yong-ming^{1*}, WEN Dong-hui^{2*}

(1. School of Environmental and Geographical Sciences, Shanghai Normal University, Shanghai 200234, China; 2. College of Environmental Sciences and Engineering, Peking University, Beijing 100871, China; 3. Zhejiang Marine Ecology and Environment Monitoring Center, Zhoushan 316021, China)

Abstract: Wastewater treatment plants (WWTPs) are important sources of antibiotic resistance genes (ARGs) in aquatic environments. Mobile genetic elements (MGEs) and microbial communities are key factors that affect the proliferation of ARGs. To reveal the effects of WWTPs effluent discharge on the ARGs and microbial community in a coastal area, the structure and distribution of ARGs, MGEs, and microbial community in Shangyu (SY) and Jiaxing (JX) effluent receiving areas (ERAs) and the offshore area of Hangzhou Bay (HB) were investigated via high-throughput quantitative PCR and 16S rRNA high-throughput sequencing. The results showed that multidrug resistance genes were the most abundant ARGs across all the sampling sites. The diversity and abundance of ARGs and MGEs in the ERAs were much higher than those in the HB. Additionally, the diversities of the microbial community in the JX-ERA were higher than those in the SY-ERA and HB. PCoA showed that the distribution of ARGs, MGEs, and microbial communities in the ERAs and HB were significantly different, indicating that the long-term wastewater discharge could alter the distribution of ARGs, MGEs, and microbial communities in the coastal area. The co-occurrence pattern among ARGs, MGEs, and microbial communities revealed that 12 bacterial genera, such as *Psychrobacter*, *Pseudomonas*, *Sulfitobacter*, *Pseudoalteromonas*, and *Bacillus*, showed strong positive correlations with ARGs and MGEs. Most potential hosts carried multidrug and β -lactamase resistance genes.

Key words: coastal area; wastewater discharge; antibiotic resistance genes (ARGs); mobile genetic elements (MGEs); microbial community

近年来, 抗生素在医疗和养殖等领域的大量使用甚至滥用, 导致环境中的抗生素污染问题日益严重^[1]. 尤其是抗生素会诱导产生抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs), 使其在各种环境介质中广泛分布, 大大增加了环境细菌获得耐药性的可能性, 从而使耐药细菌感染成为威胁人类健康的全球性问题^[2,3].

作为连接人类活动和自然环境的纽带, 污水处理厂接收了各种来源的污水, 其丰富的营养物质和高密度的细菌为 ARGs 的繁殖提供了适宜的环境, 因此污水处理厂被视作 ARGs 的储存库^[4,5]. 然而现有的污水处理技术对 ARGs 的去除作用有限, 污水

处理厂出水中仍含有较高丰度的 ARGs^[6,7], 是环境中 ARGs 的重要来源^[8]. 目前污水处理厂尾水通常直接排放到河流和近海等水环境中, 这一长期排放行为对受纳水体中 ARGs 组成和分布的影响还不甚清楚. ARGs 在环境中的传播扩散受到多种因素的影响. 转座子、整合子和质粒等可移动遗传元件(mobile genetic elements, MGEs)介导的水平基因转移(horizontal gene transfer, HGT)是 ARGs 在不同细

收稿日期: 2021-12-27; 修订日期: 2022-01-17

基金项目: 国家自然科学基金项目(51938001, 52170185)

作者简介: 陈嘉瑜(1993~), 女, 博士研究生, 主要研究方向为环境中抗生素抗性基因, E-mail: jiayul217@163.com

* 通信作者, E-mail: zhym@shnu.edu.cn; dhwen@pku.edu.cn

菌间广泛传播的主要途径^[9]. 此外, 环境中 ARGs 的传播扩散还易受到抗生素、重金属、营养盐和微生物群落等因素的影响^[10,11]. 尤其是微生物群落之间复杂的相互关系, 可能对 ARGs 的水平转移产生促进或抑制的作用, 因此对微生物群落与 ARGs 共存关系的研究近年来备受关注^[12,13]. 有研究表明, 废水排放能够引起受纳水体中微生物群落结构的显著变化^[14]. 为深入探究废水排放对受纳水体中 ARGs 的影响, 进一步解析环境样本中 MGEs 和微生物群落的组成至关重要.

沿海地区人口密度高、工业发达, 沿岸市政污水处理厂和工业废水处理厂众多, 持续的废水排放活动使得近岸海域污染已成为全球范围内的环境问题. 为探究废水排放对近海环境中 ARGs 和微生物群落的影响, 本文选择我国受陆源废水排放负荷最重和污染形势最严峻的杭州湾地区为研究区域, 采用高通量荧光定量 PCR (HT-qPCR) 和高通量 16S rRNA 扩增子测序技术对杭州湾中典型近岸纳污区和远岸湾区中表层沉积物的 ARGs、MGEs 和微生物群落进行分析, 并识别近海沉积物中 ARGs 的潜在宿主.

1 材料与方法

1.1 样品采集

选取我国东海杭州湾中两个典型的污水处理厂排放区及远离排放区的海湾作为研究区域. 采样点 SY1、SY2、JX1 和 JX2 位于上虞 (SY) 和嘉兴 (JX) 纳污区 (effluent receiving areas, ERAs, 图 1). 其中, SY1 和 JX1 位于污水处理厂排放口, 长期接收污水厂尾水的直接干扰. 杭州湾的样点 HB1 ~ HB6 与 SY、JX 污水处理厂的距离分别为 32.1 ~ 216.9 km 和 18.0 ~ 209.0 km, 远离污水处理厂排放的干扰. 用抓泥斗 (Van Veen, Germany) 在各样点重复采集 3 份表层 (0 ~ 5 cm) 沉积物样品, 存放于无菌塑料袋中, 并立刻运回实验室, 置于 -80℃ 冰箱中保存.

1.2 沉积物 DNA 提取

称取 0.25 g 冻干后的沉积物, 根据标准方法使用 Power Soil DNA 分离试剂盒 (MoBio Laboratories, USA) 提取沉积物样品 DNA. 并使用 NanoDrop 分光光度计 (Thermo Fisher, USA) 检测提取的 DNA 的浓度与纯度.

1.3 ARGs 和 MGEs 的高通量检测

使用 WaferGen SmartChip Real-time PCR (Warfergen Inc, USA) 技术平台, 对样品中 ARGs 和 MGEs 进行高通量 qPCR 分析^[15]. 使用 296 对引物检测目的基因, 包括 285 对 ARGs、10 对 MGEs 和 1

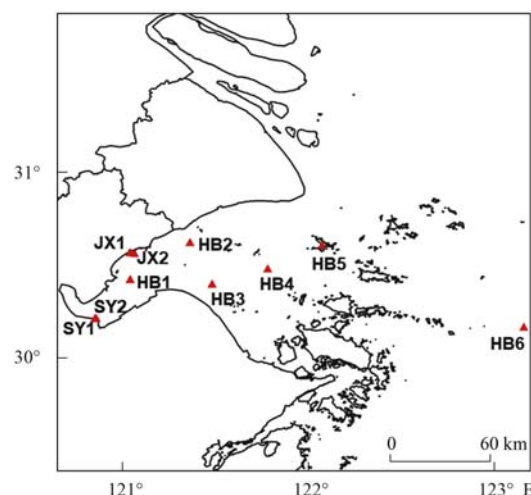


图 1 采样点分布示意

Fig. 1 Location of sampling sites

对 16S rRNA 基因引物^[16]. HT-qPCR 体系包括 $1 \times$ LightCycler 480 SYBR Green I Master, $500 \text{ nmol} \cdot \text{L}^{-1}$ 引物以及 $2 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ DNA 模板 (100 nL). 反应程序为预变性 95°C , 10 min; 95°C , 30 s 和 60°C , 30 s (40 个循环); 最终采用熔融曲线估算扩增反应产物, 扩增效率在 1.8 ~ 2.2 之间^[17]. 检测阈值 (CT) 设为 31. 如果目的基因在大于或等于两个重复样本中均被检出, 且具有较小的偏差 ($< 20\%$) 和较好的拟合度, 将被视为阳性检出. 根据 CT 值计算目的基因的相对丰度 [式 (1)]^[18]. 使用实时荧光定量 PCR (qPCR) 测定 16S rRNA 的绝对丰度^[11]. 根据 16S rRNA 的绝对丰度与 ΔCT 值 [式 (2)] 计算 ARGs 和 MGEs 的绝对丰度.

$$\text{拷贝数} = 10^{(31 - \text{CT}) / (10/3)}$$

$$\text{基因相对丰度} = \frac{\text{基因拷贝数 (ARG)}}{16\text{S rRNA 拷贝数}} \quad (1)$$

$$\Delta\text{CT} = \text{CT (目的基因)} - \text{CT (16S rRNA)}$$

$$\text{目的基因绝对丰度} = 16\text{S rRNA 绝对丰度} \times 2^{-\Delta\text{CT}} \quad (2)$$

1.4 16S rRNA 基因的高通量测序

使用上游引物 515F (GTGCCAGCMGCCGCGTAA) 和下游引物 806R (GGACTACHVGGGTWTCTAAT) 对 16S rRNA 基因高变区 (V4) 进行扩增. 纯化后的扩增产物在 Illumina MiSeq 2500 平台 (MAGIGENE, China) 进行测序. 使用 Trimmomatic (v0.33, <http://www.usadellab.org/cms/?page=trimmomatic>) 对原始序列进行质控, 获得双端干净序列. 采用 FLASH 合并后 (v1.2.11, <https://ceb.jhu.edu/software/FLASH/>), 使用 UCHIME 对嵌合序列进行检查和过滤^[19]. 根据 97% 的相似度, 通过 UPARSE 将获得的序列聚类为相同的操作分类单元 (OTUs)^[20]. 最后, 通过核糖体数据库 (ribosomal

database project, RDP) 分类器 (<https://sourceforge.net/projects/rdp-classifier/>) 以 80% 阈值对 OTUs 进行分类^[21].

1.5 数据分析

ARGs、MGEs 和微生物群落分布柱状图以及 ARGs 和 MGEs 相关性由 Excel 绘制. ARGs 和 MGEs 丰度热图由 R 语言 (v1.4, <https://www.r-project.org/>) 中的 phatmap 软件包完成. 使用 R 语言中的 vegan 软件包计算微生物群落的 α 多样性指数 (Chao1、ACE、Richness、Shannon、Simpson 和 PD 指数). ARGs、MGEs 和微生物群落分布的主坐标分析 (PCoA) 由 R 语言中的 vegan 软件包和 OmicStudio 工具 (<https://www.omicstudio.cn/tool>) 共同完成. 使用 MENA (<https://ieg4.rccc.ou.edu/mena/>) 和 Gephi (v0.9.2, <https://gephi.org/>) 实现 ARGs、MGEs 和细菌属的共现网络分析 (cutoff = 0.8, $P < 0.05$)^[22,23].

2 结果与讨论

2.1 近海环境中 ARGs 的多样性和组成

2.1.1 ARGs 的多样性

如图 2 所示,所有沉积物样品共检出氨基糖苷类、 β -内酰胺类、氯霉素类、磺胺类、四环素类、万古霉素类、MLSB 类 (大环内酯类、林可胺类、链阳菌素类)、多重耐药类和其它类这 9 种 ARGs 类型. 其中,SY 纳污区中 SY1 样点 (检出 83 种 ARGs 亚型) 的 ARGs 多样性最高,说明长期的尾水排放可能导致环境中 ARGs 多样性增加. 除了 HB4 (1 种 ARGs 亚型) 和 HB5 (9 种 ARGs 亚型) 外,其他样点中 ARGs 多样性水平相似,检出 ARGs 介于 34 (HB6) ~ 42 (HB2) 之间.

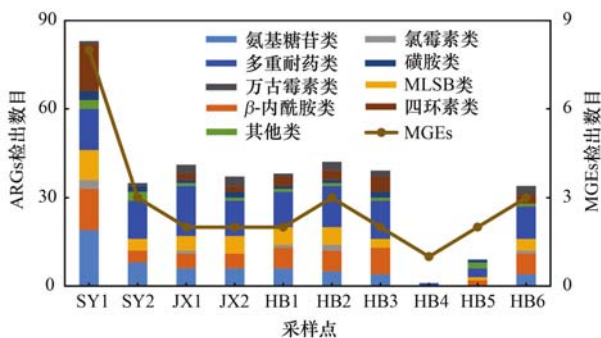


图 2 近海环境中 ARGs 和 MGEs 多样性分布

Fig. 2 Diversity of ARGs and MGEs in the coastal environment

2.1.2 ARGs 的丰度分布

沉积物中 ARGs 的相对丰度为 8.07×10^{-4} (HB5) ~ 5.96×10^{-2} (SY2) $\text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$, 绝对丰度为 4.52×10^6 (HB5) ~ 1.23×10^{10} (JX1) $\text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$ (图 3). SY 和 JX 纳污区沉积物中的

ARGs 丰度明显高于杭州湾沉积物,尤其是位于污水处理厂排放口的样点 (SY1 和 JX1). 说明长期的污水处理厂排放行为不仅增加了近岸环境中 ARGs 的多样性,而且提高了 ARGs 的丰度水平. 实际上,污水处理厂的加工工艺、污水来源和污泥絮凝及沉淀等特性是尾水释放 ARGs 的关键^[24,25]. 因此,以上特定因素可能是导致 SY 和 JX 纳污区 ARGs 组成差异的原因.

所有样点中,多重耐药类 ARGs 的多样性和丰度最高 [平均值分别为 $2.24 \times 10^{-2} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ (相对丰度,下同) 和 $2.03 \times 10^9 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$ (绝对丰度,下同)], 其次是氨基糖苷类 ($1.93 \times 10^{-3} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $2.80 \times 10^8 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$)、MLSB 类 ($1.27 \times 10^{-3} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $1.34 \times 10^8 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$) 和 β -内酰胺类 ARGs ($1.13 \times 10^{-3} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $1.24 \times 10^8 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$). 多重耐药类 ARGs 能够编码对多种抗生素的耐药性,因此对人类健康构成的威胁可能更大^[26,27]. 有研究表明,多重耐药细菌更多是由人为污染造成的^[28]. 环杭州湾地区频繁的人类活动可能是其环境中多重耐药类 ARGs 丰度水平高的原因,尤其是在近岸纳污区环境.

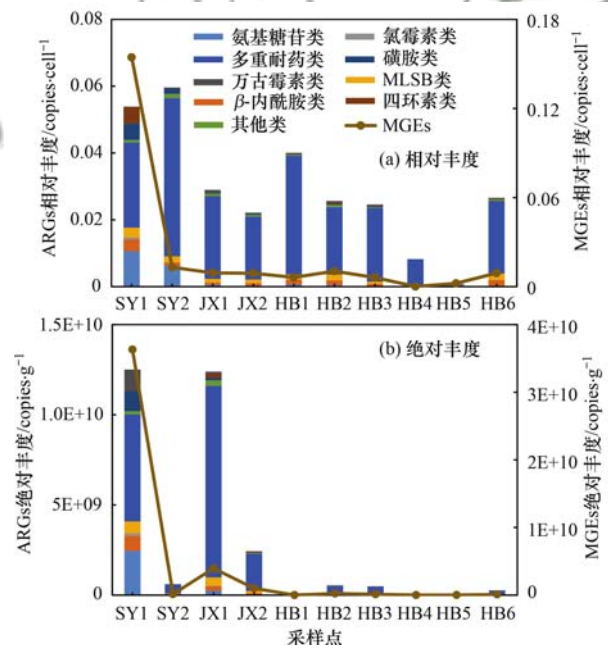


图 3 近海环境中 ARGs 和 MGEs 的丰度

Fig. 3 Abundances of ARGs and MGEs in the coastal environment

所有样点中共检出 122 种 ARGs 亚型,图 4 为杭州湾沉积物中占优势地位的 ARGs. 其中, *mexF* [平均值分别为 $1.66 \times 10^{-2} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ (相对丰度,下同) 和 $1.52 \times 10^9 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$ (绝对丰度,下同)], *pncA* ($3.16 \times 10^{-4} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $4.08 \times 10^7 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$)、*qacEdelta1-01* ($3.92 \times 10^{-4} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $1.55 \times 10^8 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$)、*sul2* (1.18

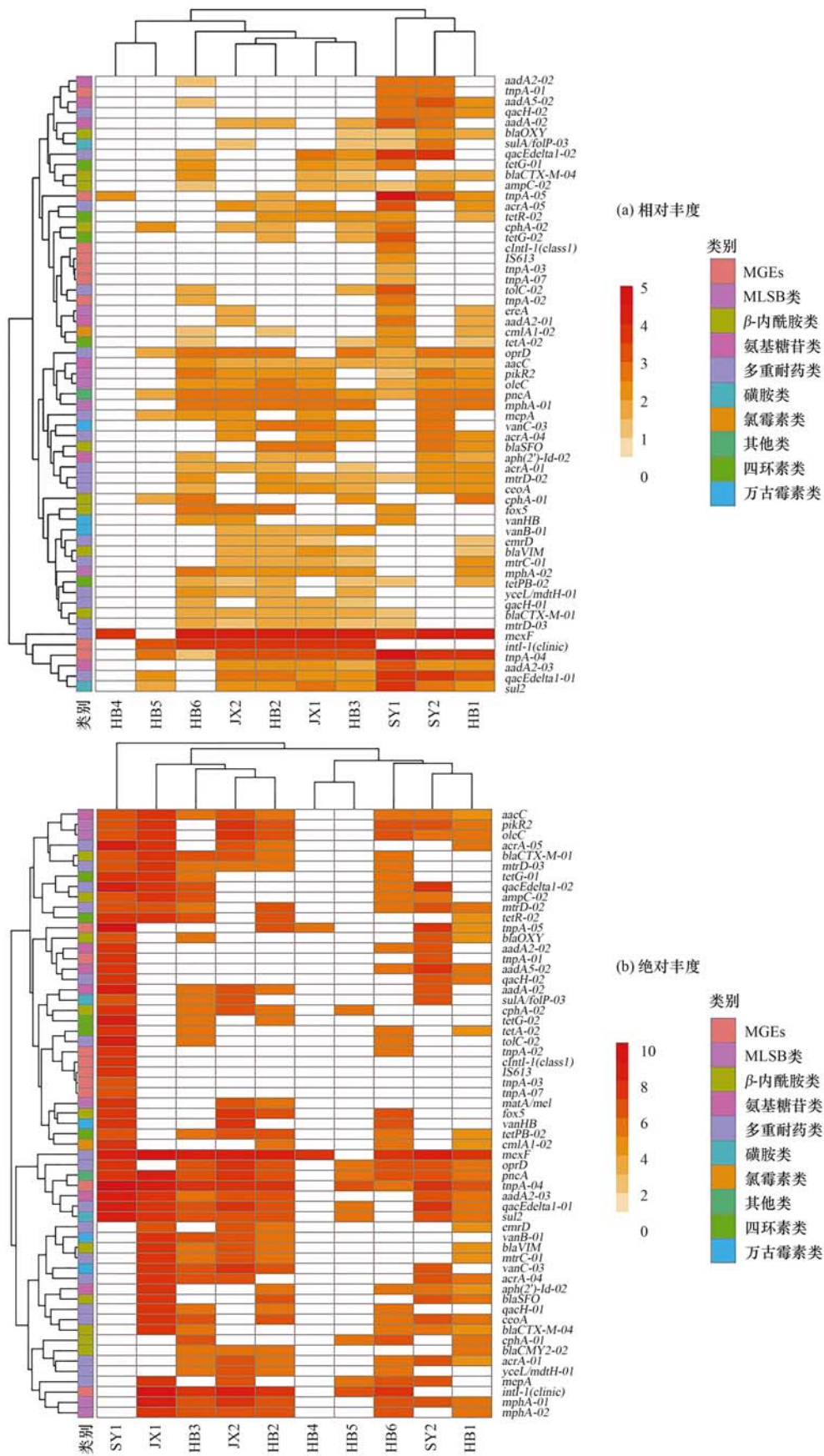


图 4 近海环境中 ARGs 和 MGEs 亚型的组成和分布

Fig. 4 Compositions and distributions of ARGs and MGEs in the coastal environment

$\times 10^{-4}$ copies $\cdot$ cell $^{-1}$ 和 1.28×10^8 copies $\cdot$ g $^{-1}$)、*oprD* 和 *mphA-01* (4.52×10^{-4} copies $\cdot$ cell $^{-1}$ 和 3.59×10^7 copies $\cdot$ g $^{-1}$) 的丰度最高, 比其他 ARGs 亚型高 2 ~ 4

个数量级. 这些 ARGs 亚型在垃圾填埋场、养鸡场和污水处理系统等不同的人为环境被频繁检出^[29~31].

2.2 近海环境中 MGEs 的组成和分布

在所有样品中共检测到 9 个 MGEs, 包括 7 个转座子 (*tnpA-01*、*tnpA-02*、*tnpA-03*、*tnpA-04*、*tnpA-05*、*tnpA-06*、*tnpA-07*) 和 2 个整合子 (*cIntI-1*、*intI-1*) (图 2 和图 3). 其中, *tnpA-05* [平均值分别为 $1.02 \times 10^{-2} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ (相对丰度, 下同) 和 $2.42 \times 10^9 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$ (绝对丰度, 下同)] 的丰度最高, *tnpA-07* ($5.72 \times 10^{-6} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $1.31 \times 10^6 \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$) 的丰度最低. 与 ARGs 分布类似, MGEs 在纳污区中的丰度高于远岸湾区 (图 3). 尤其是 SY1 样点, MGEs 总丰度 ($1.54 \times 10^{-1} \text{copies} \cdot \text{cell}^{-1}$ 和 $3.63 \times 10^{10} \text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$) 高于其他取样点 1~4 个数量级. 这表明污水处理厂也是 MGEs 的热点, 且能够将 MGEs 释放到环境中^[32,33]. 更重要的是, 纳污区和远岸湾区沉积物中的 ARGs 与 MGEs 呈显著正相关 (图 5). 高丰度的 MGEs 能够驱动 ARGs 在微生物群落中发生水平转移, 从而加快了 ARGs 在环境中的传播扩散^[34].

2.3 近海环境中的微生物群落分析

2.3.1 微生物群落的物种多样性

对所有样品的序列进行聚类, 共得到 19 931 个

表 1 微生物群落 α 多样性指数

Table 1 The α -diversity of microbial community

样点	覆盖度	Chao1 指数	ACE 指数	Richness 指数	Shannon 指数	Simpson 指数	PD 指数
SY1	0.99 $\pm$ 0	5 652.20 $\pm$ 144.3	5 900.17 $\pm$ 147.64	4 268.33 $\pm$ 93.70	5.45 $\pm$ 0.15	0.89 $\pm$ 0.01	213.34 $\pm$ 6.20
SY2	0.99 $\pm$ 0	5 073.61 $\pm$ 496.3	5 221.04 $\pm$ 458.95	4 005.67 $\pm$ 548.22	5.75 $\pm$ 0.25	0.93 $\pm$ 0.01	204.08 $\pm$ 21.61
JX1	0.99 $\pm$ 0	7 864.65 $\pm$ 359.3	8 151.34 $\pm$ 395.05	6 296.00 $\pm$ 303.71	7.66 $\pm$ 0.45	0.96 $\pm$ 0.01	291.41 $\pm$ 10.42
JX2	0.99 $\pm$ 0	6 441.80 $\pm$ 511.5	6 642.57 $\pm$ 489.50	5 160.00 $\pm$ 604.19	6.32 $\pm$ 0.88	0.9 $\pm$ 0.06	249.32 $\pm$ 22.39
HB1	0.99 $\pm$ 0	3 646.03 $\pm$ 372.2	3 736.11 $\pm$ 410.42	2 810.33 $\pm$ 220.35	4.67 $\pm$ 0.21	0.89 $\pm$ 0.03	150.47 $\pm$ 9.86
HB2	0.99 $\pm$ 0	7 047.92 $\pm$ 268.49	7 201.57 $\pm$ 280.17	5 562.67 $\pm$ 135.19	5.88 $\pm$ 0.10	0.85 $\pm$ 0.02	257.91 $\pm$ 5.03
HB3	0.99 $\pm$ 0	6 332.22 $\pm$ 80.04	6 557.14 $\pm$ 42.28	4 944.67 $\pm$ 97.41	5.43 $\pm$ 0.13	0.79 $\pm$ 0.04	233.66 $\pm$ 5.76
HB4	0.99 $\pm$ 0	5 036.23 $\pm$ 510.56	5 032.75 $\pm$ 536.91	4 029.33 $\pm$ 388.19	5.85 $\pm$ 0.28	0.86 $\pm$ 0.02	201.67 $\pm$ 15.18
HB5	0.99 $\pm$ 0	4 315.37 $\pm$ 429.66	4 446.46 $\pm$ 425.22	3 225.33 $\pm$ 398.19	4.06 $\pm$ 0.83	0.76 $\pm$ 0.08	168.51 $\pm$ 14.65
HB6	0.99 $\pm$ 0	4 763.81 $\pm$ 474.97	4 933.97 $\pm$ 483.58	3 547.00 $\pm$ 434.61	4.01 $\pm$ 0.85	0.72 $\pm$ 0.11	173.68 $\pm$ 16.71

2.3.2 微生物群落的物种组成

本研究共识别到细菌的 76 个门、214 个纲、471 个目、971 个科和 1 102 个属. 门水平上, 11 个细菌门的相对丰度均超过 0.1% [图 6(a)]. 绝对优势菌门包括变形菌门 (Proteobacteria, 44.9%)、厚壁菌门 (Firmicutes, 27.9%)、拟杆菌门 (Bacteroidetes, 12.1%)、绿弯菌门 (Chloroflexi, 3.0%)、酸杆菌门 (Acidobacteria, 2.2%)、放线菌门 (Actinobacteria, 1.7%) 和浮霉菌门 (Planctomycetes, 1.6%), 相对丰度均超过 1%. 之前的研究发现, 变形菌门和拟杆菌

OTUs. 各样点的覆盖度均为 0.99, 表明测序结果能够较好地反映沉积物样品中微生物群落的真实情况 (表 1). 各个多样性指数表明 JX 纳污区表层沉积物中微生物群落的物种丰富度和多样性均高于 SY 纳污区和远岸湾区, 尾水排放可能释放了大量人为源的微生物, 从而影响其受纳环境中微生物群落^[35]. 值得注意的是, 杭州湾沉积物中微生物群落物种丰富度与多样性沿湾内至湾外逐渐降低. 这表明环杭州湾区域废水排放等人类活动剧烈, 杭州湾海水水质一直处于富营养状态^[36]. 这为微生物生长提供了营养和能量, 从而提升杭州湾沉积物中微生物群落的多样性^[37,38].

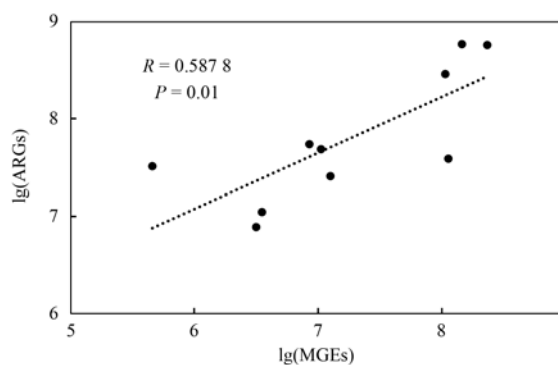


图 5 近海环境中 ARGs 和 MGEs 的相关性

Fig. 5 Correlation between ARGs and MGEs in the coastal environment

门等细菌在污水处理厂污泥中高度富集^[39]. SY、JX 纳污区样点高丰度的拟杆菌门 (21.5%) 有可能是长期废水排放行为导致的. 而厚壁菌门在杭州湾远岸湾区沉积物中所占比例 (35.9%) 大于近岸纳污区沉积物 (16%). 这与 Dai 等^[40] 对杭州湾沉积物微生物群落的研究结果一致, 厚壁菌门在杭州湾沉积物中占有很大的比例.

属水平上 [图 6(b)], 共有 13 个菌属的丰度在所有样点中高于 0.1%, 其余 201 个菌属的丰度均小于 0.1%, 被归类为其它类菌属. 其中, 优势菌属 (相

对丰度大于1%)为:芽孢杆菌属(*Paenisporosarcina*, 17.6%)、假单胞菌属(*Pseudomonas*, 15.4%)和嗜冷杆菌属(*Psychrobacter*, 4.7%)。芽孢杆菌属和假单胞菌属在杭州湾沉积物(22.0%和15.9%)中所

占比例高于SY和JX纳污区(11.1%和15.2%)。而201个其它类菌属(相对丰度小于0.1%)在近岸纳污区沉积物(41.1%)中所占比例远远高于杭州湾远岸湾区(18.8%)。

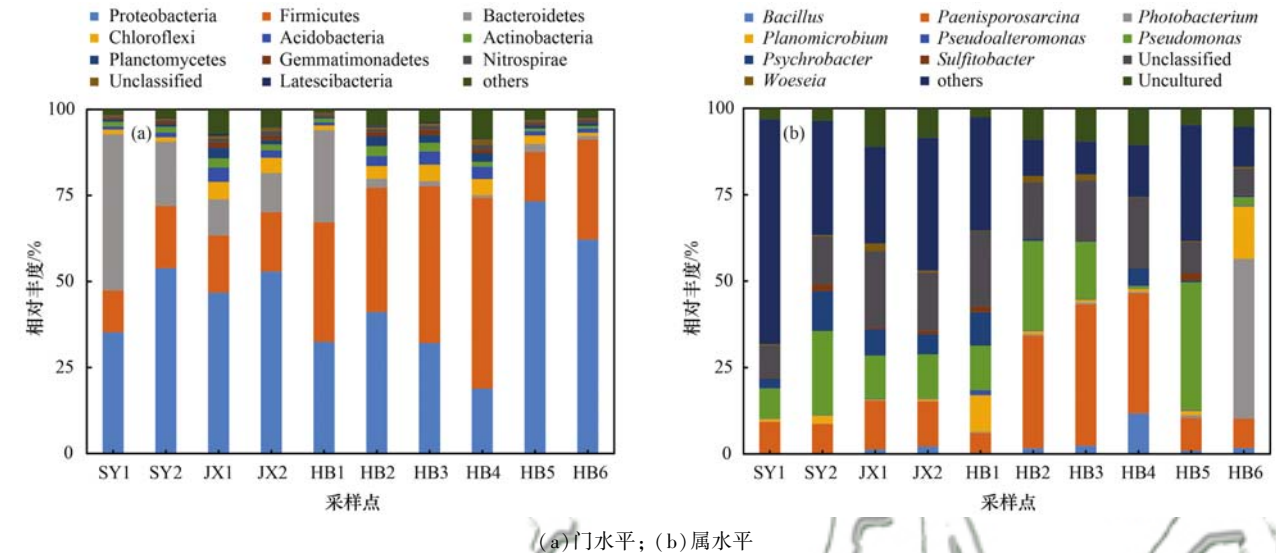


图6 微生物群落相对丰度
Fig. 6 Relative abundance of microbial community

2.4 杭州湾近岸纳污区与远岸湾区中 ARGs、MGEs 和微生物群落的分布差异

如图7(a)所示,SY和JX纳污区样点(SY1、SY2、JX1和JX2)与远岸湾区(HB)样点(HB1~HB6)分别聚集,说明杭州湾近岸纳污区与远岸湾区沉积物中ARGs和MGEs分布差异显著($R=0.4448$, $P=0.001$)。有研究发现污水处理厂能够影响环境中ARGs的分布。Marti等^[41]通过对污水处理厂下游河流中ARGs分布的调查发现,污水处理厂排放行为可能将ARGs释放到环境。Su等^[42]发现废水排放还能够驱动ARGs在近海环境中的传播扩散。

此外,SY和JX纳污区与远岸湾区沉积物中微生物群落分布与其ARGs和MGEs分布模式相似

[图7(b)],即纳污区沉积物与杭州湾沉积物中微生物群落具有显著差异($R=0.2984$, $P=0.001$)。有研究发现,废水排放对微生物群落有直接或间接的影响^[43]。一方面,污水处理厂可以直接将人为源的微生物释放到环境中^[44]。另一方面,污水处理厂通过输入有机或无机污染物改变微生物群落的生存环境^[45]。因此,污水处理厂的排放行为不仅对近海环境ARGs和MGEs的分布有显著影响,而且对环境中微生物群落也能产生作用。

2.5 ARGs、MGEs 和微生物群落的相关性

在环境中,ARGs可被某些细菌所携带,因此ARGs的分布在一定程度上会受微生物群落的影响^[46]。ARGs、MGEs和细菌属的共现网络如图8所示。其中,与ARGs或MGEs呈强烈正相关的细菌被

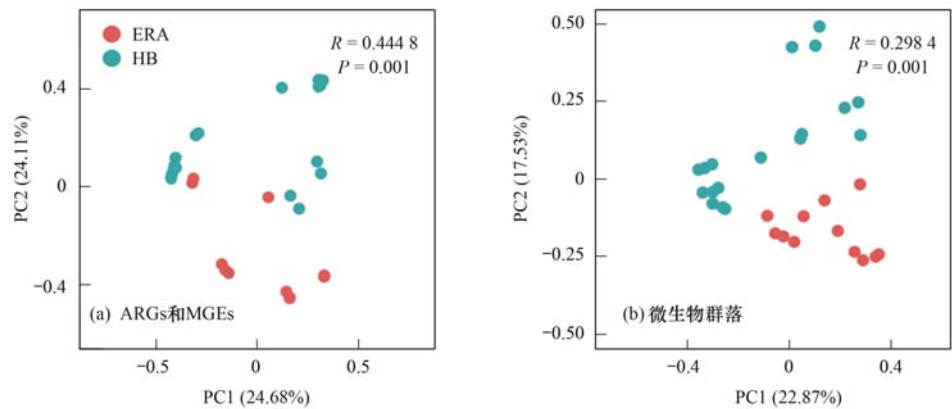


图7 基于 Bray-Curtis 距离的主坐标分析 (PCoA)
Fig. 7 Principal coordinate analysis (PCoA) based on the Bray-Curtis distance

- [12] Qiu W H, Sun J, Fang M J, *et al.* Occurrence of antibiotics in the main rivers of Shenzhen, China; association with antibiotic resistance genes and microbial community [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **653**: 334-341.
- [13] Zhang R R, Gu J, Wang X J, *et al.* Contributions of the microbial community and environmental variables to antibiotic resistance genes during co-composting with swine manure and cotton stalks [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, **358**: 82-91.
- [14] Tao Y L, Dai T J, Huang B, *et al.* The impact of wastewater treatment effluent on microbial biomasses and diversities in coastal sediment microcosms of Hangzhou Bay [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2017, **114**(1): 355-363.
- [15] An X L, Su J Q, Li B, *et al.* Tracking antibiotic resistome during wastewater treatment using high throughput quantitative PCR [J]. *Environment International*, 2018, **117**: 146-153.
- [16] 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.
- [17] Chen Q L, An X L, Li H, *et al.* Do manure-borne or indigenous soil microorganisms influence the spread of antibiotic resistance genes in manured soil? [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **114**: 229-237.
- [18] Looft T, Johnson T A, Allen H K, *et al.* In-feed antibiotic effects on the swine intestinal microbiome [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, **109**(5): 1691-1696.
- [19] Edgar R C, Haas B J, Clemente J C, *et al.* UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection [J]. *Bioinformatics*, 2011, **27**(16): 2194-2200.
- [20] Edgar R C. UPARSE: highly accurate OTU sequences from microbial amplicon reads [J]. *Nature Methods*, 2013, **10**(10): 996-998.
- [21] Dai T J, Zhao Y N, Ning D L, *et al.* Dynamics of coastal bacterial community average ribosomal RNA operon copy number reflect its response and sensitivity to ammonium and phosphate [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **260**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.113971.
- [22] Li B, Yang Y, Ma L P, *et al.* Metagenomic and network analysis reveal wide distribution and co-occurrence of environmental antibiotic resistance genes [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(11): 2490-2502.
- [23] Bard J. Analysis of biological networks [J]. *Journal of Anatomy*, 2009, **215**(4): 473-473.
- [24] Quintela-Baluja M, Abouelnaga M, Romalde J, *et al.* Spatial ecology of a wastewater network defines the antibiotic resistance genes in downstream receiving waters [J]. *Water Research*, 2019, **162**: 347-357.
- [25] Pallares-Vega R, Blaak H, van der Plaats R, *et al.* Determinants of presence and removal of antibiotic resistance genes during WWTP treatment; a cross-sectional study [J]. *Water Research*, 2019, **161**: 319-328.
- [26] Cazares A, Moore M P, Hall J P J, *et al.* A megaplasmid family driving dissemination of multidrug resistance in *Pseudomonas* [J]. *Nature Communications*, 2020, **11**(1): 1370.
- [27] Tanwar J, Das S, Fatima Z, *et al.* Multidrug resistance: an emerging crisis [J]. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 2014, **2014**, doi: 10.1155/2014/541340.
- [28] Czekalski N, Berthold T, Caucci S, *et al.* Increased levels of multiresistant bacteria and resistance genes after wastewater treatment and their dissemination into Lake Geneva, Switzerland [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2012, **3**, doi: 10.3389/fmicb.2012.00106.
- [29] Xu S, Lu W J, Qasim M Z. High-throughput characterization of the expressed antibiotic resistance genes in sewage sludge with transcriptional analysis [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2020, **205**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2020.111377.
- [30] Wang P L, Wu D, You X X, *et al.* Distribution of antibiotics, metals and antibiotic resistance genes during landfilling process in major municipal solid waste landfills [J]. *Environmental Pollution*, 2019, **255**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.113222.
- [31] Yang F, Gao Y L, Zhao H C, *et al.* Revealing the distribution characteristics of antibiotic resistance genes and bacterial communities in animal-aerosol-human in a chicken farm; From One-Health perspective [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2021, **224**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2021.112687.
- [32] 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.
- [33] 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.
- [34] 黄福义, 朱永官, 苏建强. 尾矿库水体环境抗生素抗性基因的分布特征 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(2): 761-765.
- [34] Huang F Y, Zhu Y G, Su J Q. Diversity and abundance of antibiotic resistance genes in tailings ponds [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(2): 761-765.
- [35] Saarenheimo J, Aalto S L, Rissanen A J, *et al.* Microbial community response on wastewater discharge in boreal lake sediments [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, **8**, doi: 10.3389/fmicb.2017.00750.
- [36] Zhu G H, Noman M A, Narale D D, *et al.* Evaluation of ecosystem health and potential human health hazards in the Hangzhou Bay and Qiantang Estuary region through multiple assessment approaches [J]. *Environmental Pollution*, 2020, **264**, doi: 10.1016/j.envpol.2020.114791.
- [37] Chase J M, Leibold M A. Spatial scale dictates the productivity-biodiversity relationship [J]. *Nature*, 2002, **416**(6879): 427-430.
- [38] Sawall Y, Richter C, Ramette A. Effects of eutrophication, seasonality and macrofouling on the diversity of bacterial biofilms in equatorial coral reefs [J]. *PLoS One*, 2012, **7**(7), doi: 10.1371/journal.pone.0039951.
- [39] 彭永臻, 钱雯婷, 王琦, 等. 基于宏基因组的城市污水处理厂生物脱氮污泥菌群结构分析 [J]. *北京工业大学学报*, 2019, **45**(1): 95-102.
- [39] Peng Y Z, Qian W T, Wang Q, *et al.* Unraveling microbial structure of activated sludge in a full-scale nitrogen removal plant using metagenomic Sequencing [J]. *Journal of Beijing University of Technology*, 2019, **45**(1): 95-102.
- [40] Dai T J, Zhang Y, Tang Y S, *et al.* Identifying the key taxonomic categories that characterize microbial community diversity using full-scale classification: a case study of microbial communities in the sediments of Hangzhou Bay [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, **93**(10), doi: 10.1093/femsec/fiw150.
- [41] Marti E, Jofre J, Balcazar J L, *et al.* Prevalence of antibiotic resistance genes and bacterial community composition in a river

- influenced by a wastewater treatment plant [J]. PLoS One, 2013, **8**(10), doi: 10.1371/journal.pone.0078906.
- [42] Su Z G, Li A L, Chen J Y, *et al.* Wastewater discharge drives ARGs spread in the coastal area: a case study in Hangzhou Bay, China [J]. Marine Pollution Bulletin, 2020, **151**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2019.110856.
- [43] Zhang Y, Chen L J, Sun R H, *et al.* Effect of wastewater disposal on the bacterial and archaeal community of sea sediment in an industrial area in China [J]. FEMS Microbiology Ecology, 2014, **88**(2): 320-332.
- [44] Kim S, Aga D S. Potential ecological and human health impacts of antibiotics and antibiotic-resistant bacteria from wastewater treatment plants [J]. Journal of Toxicology and Environmental Health, Part B, 2007, **10**(8): 559-573.
- [45] Yu M D, Liu S J, Li G W, *et al.* Municipal wastewater effluent influences dissolved organic matter quality and microbial community composition in an urbanized stream [J]. Science of the Total Environment, 2020, **705**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.135952.
- [46] Su Z G, Huang B, Mu Q L, *et al.* Evaluating the potential antibiotic resistance status in environment based on the trait of microbial community [J]. Frontiers in Microbiology, 2020, **11**, doi: 10.3389/fmicb.2020.575707.
- [47] 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.
- [48] Wu J J, Su Y L, Deng Y Q, *et al.* Prevalence and distribution of antibiotic resistance in marine fish farming areas in Hainan, China [J]. Science of the Total Environment, 2019, **653**: 605-611.
- [49] Guo W, Huang C H, Xi B D, *et al.* The maturity period is the main stage of antibiotic resistance genes reduction in aerobic composting process of swine manure in sub-scale farms [J]. Bioresource Technology, 2021, **319**, doi: 10.1016/j.biortech.2020.124139.



CONTENTS

Temporal and Spatial Variation Characteristics of Heavy Metal in Atmospheric Deposition in China from 2000 to 2018	CHEN Qi-yong, GAO Yun-bing, NI Run-xiang, <i>et al.</i> (4413)
Simulation of PM _{2.5} Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form	LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, <i>et al.</i> (4425)
Characteristics of Carbonaceous Species in PM _{2.5} in Chengdu Under the Background of Emission Reduction	CHEN Lu-yao, YU Yang-chun, HUANG Xiao-juan, <i>et al.</i> (4438)
Characteristics and Health Risk Assessment of Trace Elements in Atmospheric PM ₁ During Autumn and Winter in Qingdao	LIU Zi-yang, ZHANG Yi-sheng, ZHANG Hou-yong, <i>et al.</i> (4448)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Atmospheric PM _{2.5} -bound Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in a Port Area	WANG Peng-cheng, YANG Ling-xiao, BIE Shu-jun, <i>et al.</i> (4458)
Size Distribution and Source Apportionment of Road Particles During Winter in Tianjin	ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, <i>et al.</i> (4467)
Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing	LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, <i>et al.</i> (4475)
Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer	MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, <i>et al.</i> (4484)
Characteristics and Source Apportionment of Volatile Organic Compounds (VOCs) in a Typical Industrial Area in Dongguan During Periods of Ozone and Non-ozone Pollution in Summer	ZHOU Zhen, XIAO Lin-hai, FEI Lei-lei, <i>et al.</i> (4497)
Temporal and Spatial Variation in Odor Pollution and Membrane Barrier Effect in Municipal Solid Waste Landfill	HE Pin-jing, LI Jian-chen, LÜ Fan, <i>et al.</i> (4506)
Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years	WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, <i>et al.</i> (4513)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Typical and Emerging Per- and Polyfluoroalkylated Substances in Tuojiang River Basin	SONG Jiao-jiao, WANG Yi-mei, SUN Jing, <i>et al.</i> (4522)
Speciation and Risk of Heavy Metals in Surface Sediments of Different Types of Water Bodies in Baiyangdian Lake	XU Meng-ya, ZHANG Chao, SHAN Bao-qing, <i>et al.</i> (4532)
Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors	JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4543)
Ecological Risk Assessment of Quinolones Antibiotics and the Correlation Analysis Between QNs and Physical-Chemical Parameters in Groundwater, Shijiazhuang City	CHEN Hui, JU Ze-jia, ZHAO Xin-yu, <i>et al.</i> (4556)
Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments	CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, <i>et al.</i> (4566)
Characteristics of Phytoplankton Community Structure and Their Relationships with Environmental Factors in Autumn in Qinhe River Basin of Jincheng Region	GAO Meng-die, LI Yan-fen, LI Yan-li, <i>et al.</i> (4576)
Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (4587)
Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate	LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, <i>et al.</i> (4597)
Removal Performance of Suspended Solid (SS) and Organic Compounds in the Pre-treatment of Actual Pharmaceutical Wastewater by Microbubble Ozonation	LIU Chun, CHEN Rui, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (4608)
Effects of Wastewater Discharge on Antibiotic Resistance Genes and Microbial Community in a Coastal Area	CHEN Jia-yu, SU Zhi-guo, YAO Peng-cheng, <i>et al.</i> (4616)
Effects of Biochar and Straw Returning on Soil Fungal Community Structure Diversity in Cotton Field with Long-term Brackish Water Irrigation	GUO Xiao-wen, CHEN Jing, LU Xiao-yu, <i>et al.</i> (4625)
Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and <i>phoD</i> -harboring Bacterial Community in Karst Soil	XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, <i>et al.</i> (4636)
Effects of Different Vegetation Types on Soil Microbial Functional Genes and Enzyme Activities in Reclaimed Coal Mine	NING Yue-wei, LIU Yong, ZHANG Hong, <i>et al.</i> (4647)
Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities	YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, <i>et al.</i> (4655)
Changes in Soil Bacterial Community Diversity in Degraded Patches of Alpine Meadow in the Source Area of the Yellow River	SUN Hua-fang, LI Xi-lai, JIN Li-qun, <i>et al.</i> (4662)
Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in <i>Calamagrostis angustifolia</i> Wetland in Sanjiang Plain	WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, <i>et al.</i> (4674)
Spatial Distribution of Quinolone Antibiotics and Its Correlation Relationship with Microbial Community in Soil of Shijiazhuang City	ZHAO Xin-yu, JU Ze-jia, CHEN Hui, <i>et al.</i> (4684)
Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments	GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, <i>et al.</i> (4697)
Annual Nitrogen Removal Efficiency and Change in Abundance of Nitrogen Cycling Microorganisms in Swine Wastewater Treated by Crop Straw Materials	LIU Ming-yu, XIA Meng-hua, JIANG Lei, <i>et al.</i> (4706)
Effects of External Carbon Sources on Ultimate Nitrogen Removal Performance and Microbial Community in Secondary Effluent Treating Process	WANG Wei, ZHAO Zhong-yuan, ZHANG Xin, <i>et al.</i> (4717)
Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project	LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, <i>et al.</i> (4727)
Analysis of Microbial Interaction Law of Mud Membrane in IFAS Process for Treating Low Carbon Source Sewage in South China	HE Jun-guo, JIANG Wei-xun, HE Zhuo-yi, <i>et al.</i> (4736)
Abundances and Morphology Patterns of Microplastics Under Different Land Use Types on the Loess Plateau	HAO Yong-li, HU Ya-xian, BAI Xiao-xiong, <i>et al.</i> (4748)
Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risk in Soils of Southern Hilly Areas	WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, <i>et al.</i> (4756)
Risk Assessment and Attribution Analysis of "Five Toxic" Heavy Metals in Cultivated Land in Lanzhou	ZHANG Li-rui, PENG Xin-bo, MA Yan-long, <i>et al.</i> (4767)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metal Pollution in Farmland Soils and Crops in Luancheng, Shijiazhuang City	MENG Xiao-fei, GUO Jun-mei, YANG Jun-xing, <i>et al.</i> (4779)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil	SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, <i>et al.</i> (4791)
Contamination Assessment and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in Typical Villages and Towns in a Nonferrous Metal Mining City	WANG Feng, HUANG Yan-huan, LI Ru-zhong, <i>et al.</i> (4800)
Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (<i>Pennisetum purpureum</i> Schum)	TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, <i>et al.</i> (4810)
Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis	ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, <i>et al.</i> (4820)
Effects of Exogenous Jasmonic Acid on Arsenic Accumulation and Response to Stress in Roots of Rice Seedlings	LI Yan, HUANG Yi-zong, BAO Qiong-li, <i>et al.</i> (4831)
Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield	SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, <i>et al.</i> (4839)
Effect of Winter Cover Cropping on Soil Greenhouse Gas Emissions in a Dryland Spring Maize Field on the Loess Plateau of China	ZHANG Shao-hong, WANG Jun, FANG Zhen-wen, <i>et al.</i> (4848)
Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangqiangou Nature Reserve	LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, <i>et al.</i> (4858)
Temporal and Spatial Variation Characteristics of Methane, Carbon Dioxide, and Nitrous Oxide Concentrations and the Influencing Factors in Small Aquaculture Pond	SHI Jie, ZHANG Mi, QIU Ji-li, <i>et al.</i> (4867)
Effect of Butyl Xanthate on Pb ²⁺ and Cd ²⁺ Adsorption by Soil Around a Dressing Plant	HU Zhi-hao, GUO Zhao-hui, RAN Hong-zhen, <i>et al.</i> (4878)
Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar	SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, <i>et al.</i> (4888)
Spatial-temporal Variations and Their Driving Forces of the Ecological Vulnerability in the Loess Plateau	ZHANG Liang-xia, FAN Jiang-wen, ZHANG Hai-yan, <i>et al.</i> (4902)
Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation	MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, <i>et al.</i> (4911)