万方知库
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

环境科学
(HUANJING KEXUE)
ENVIRONMENTAL SCIENCE
第43卷 第9期
2022年9月15日

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，郜允兵，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，庹雄，王浥铭，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数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，黄筠钧，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，卢梦淇，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)
紫外活化过硫酸盐降解磷酸氯喹 …… 李阳，许玻珲，邓琳，罗伟(4597)
微气泡臭氧化预处理实际制药废水去除 SS 和有机物性能 …… 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，卢梦淇，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，郭俊姆，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)
稻田落干过程砷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_2O 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)

Eco-Environmental Knowledge Web
环 境 科 学
Environmental Science
第43卷第9期 2022年9月
Vol.43, No.9 Sep., 2022

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, 卢梦淇, 崔建升, 张璐璐*
(河北科技大学环境科学与工程学院, 河北省污染防治生物技术实验室, 石家庄 050000)

摘要: 微生物群落作为土壤生态系统重要组分,长期低含量抗生素干扰会影响土壤中微生物群落结构及其功能. 选取石家庄市为研究区,在2020年9月采集12个样点的表层土壤(0~25 cm),并根据空间方位将其划分为4个区(S1、S2、S3和S4);运用超高效液相色谱-质谱联用(HPLC-MS/MS)方法测定土壤中典型抗生素——喹诺酮类(quinolones,QNs)含量,明晰QNs在土壤中的空间分布特征,同时利用16S rRNA高通量测序技术对土壤中微生物群落结构及功能进行研究,识别其主要环境影响因子. 结果表明:①4个区域的QNs总含量平均值由大到小依次为:S3(313.5 $\mu g \cdot kg^{-1}$) > S4(65.54 $\mu g \cdot kg^{-1}$) > S1(46.19 $\mu g \cdot kg^{-1}$) > S2(12.63 $\mu g \cdot kg^{-1}$). 其中诺氟沙星(NOR)含量最高(平均值为91.99 $\mu g \cdot kg^{-1}$), 而噁喹草酸(OXO)含量最低(平均值为0.448 6 $\mu g \cdot kg^{-1}$); ②土壤颗粒以粉粒(2~50 μm)占比最高(66.7%~93.2%),而黏粒(小于2 μm)占比最低(2.50%~9.10%); 土壤中总磷(TP)和氨氮(NH_4^+-N)无显著空间差异,而硝氮(NO_3^--N)、亚硝氮(NO_2^--N)和土壤粒径呈现显著空间差异; ③微生物群落的优势菌门有6种,优势菌属有5种,其中放线菌门(18.3%~34.6%)和变形菌门(13.6%~34.1%)为主要优势菌门, *Arthrobacter*(3.24%~8.61%)和 *Nitrososphaeraceae*(2.93%~9.46%)为主要优势菌属; α多样性分析结果表明, Shannon值在S2区最高(6.48),而在S3区最低(5.89); ④相关性结果表明,QNs和土壤理化参数均会显著改变微生物群落的结构组成,OXO、NO_3^--N和土壤粒径会影响微生物群落多样性,而FLU、NH_4^+-N和NO_2^--N和土壤粒径会对微生物群落的功能产生影响. 因此,需进一步加强石家庄市土壤环境中抗生素的风险管控.

关键词:喹诺酮类 (QNs); 微生物群落; 土壤; 多样性; 功能基因; 空间分布; 相关性分析
中图分类号: X171.5 **文献标识码**: A **文章编号**: 0250-3301(2022)09-4684-13 **DOI**: 10.13227/j.hjkx.202112104

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, FU Yu, SONG Yuan-meng, ZHAO Bo, ZHANG Ji-yuan, LU Meng-qi, CUI Jian-sheng, ZHANG Lu-lu*
(Pollution Prevention Biotechnology Laboratory of Hebei Province, School of Environmental Science and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050000, China)

Abstract: Microbial communities are an important component of soil ecosystems. Long-term low content antibiotic pollution will affect the structure and function of microbial communities in soil. Therefore, Shijiazhuang City was selected as the study area, in which twelve sample points were set up in September 2020. These sample sites were divided into four areas (S1, S2, S3, and S4) according to spatial orientation. Ultra-high performance liquid chromatography-mass spectrometry (HPLC-MS/MS) was applied to determine the content of typical antibiotic-quinolones (QNs) in the soil. 16S rRNA high-throughput sequencing technology was used to study the microbial community structure and diversity in the soil. The results showed that: ① the total detected contents of QNs in the four areas were S3 (313.5 $\mu g \cdot kg^{-1}$) > S4 (65.54 $\mu g \cdot kg^{-1}$) > S1 (46.19 $\mu g \cdot kg^{-1}$) > S2 (12.63 $\mu g \cdot kg^{-1}$). The content of norfloxacin (NOR) was the highest (91.99 $\mu g \cdot kg^{-1}$), whereas the content of oxolinic acid (OXO) was the lowest (0.448 6 $\mu g \cdot kg^{-1}$). ② For grain size, the proportion of powder (2-50 μm) was the highest (66.7%-93.2%), whereas the proportion of clay (less than 2 μm) was the lowest (2.50%-9.10%). For physical and chemical parameters, total phosphorus (TP) and ammonia nitrogen (NH_4^+-N) showed non-significant spatial differences, whereas nitrate nitrogen (NO_3^--N), nitrite nitrogen (NO_2^--N), and grain size showed significant spatial differences. ③ For microbial community composition, there were six dominant bacteria phyla and five dominant bacteria genera, among which Actinobacteriota (18.3%-34.6%) and Proteobacteria (13.6%-34.1%) were the dominant bacteria phyla, and *Arthrobacter* (3.24%-8.61%) and *Nitrososphaeraceae* (2.93%-9.46%) were the dominant bacteria genera. The diversity results showed the highest value in the S2 area (6.48) and the lowest value in the S3 area (5.89). ④ QNs and soil physical and chemical parameters significantly changed the structural composition of microbial communities, and OXO, NO_3^--N, and soil particle size affected the diversity of microbial communities. FLU, NH_4^+-N, NO_2^--N, and soil particle size affected the function of the microbial community. Therefore, it is necessary to further strengthen the risk control of antibiotics in the soil of Shijiazhuang City.

Key words: quinolones (QNs); microbial community; soil; community diversity; functional genes; spatial distribution; correlation analysis

自1928年盘尼西林发现以来,抗生素已被广泛用于人类治疗用药、兽用药和动物生长促进剂[1~3]. 我国作为全球最大的抗生素生产和使用国,据统计, 2013年我国抗生素使用量高达16.2万t[4],而抗生素生产量高达24.8万t[5]. 然而,生物体对抗生素的吸收率较低,约40%~90%抗生素将以原药或代谢产物的形式随粪便和尿液排出体外[6,7],经直排或污水处理厂废水排放进入环境中,

收稿日期: 2021-12-10; **修订日期**: 2022-01-25
基金项目: 河北省自然科学基金项目(D2019208152); 河北省教育厅重点项目(ZD2021046)
作者简介: 赵鑫宇(1996~),女,硕士研究生,主要研究方向为土壤中抗生素污染治理及风险防控,E-mail:zhaoxinyu_1206@163.com
* 通信作者,E-mail:zhanglulu19850703@163.com

土壤因其具有较强的吸附能力成为抗生素的重要归宿[8,9]. 例如,我国农田土壤中喹诺酮类(quinolones, QNs)总量检出范围介于 ND ~ 1527 μg·kg^{-1}之间[10],部分地区高达mg·kg^{-1}级,且我国土壤中 QNs 的含量高于瑞士(环丙沙星含量为 270.0 ~ 400.0 μg·kg^{-1})[11]和澳大利亚(环丙沙星含量最高值为 450.0 μg·kg^{-1})[12]等. 然而更值得关注的是,QNs 在我国京津冀地区土壤中的污染最为严重[13],因此,需进一步加强京津冀地区土壤中 QNs 的相关研究.

QNs 进入土壤环境后,经一系列吸附、迁移转化和生物累积过程,将诱导产生抗性基因[14~17],并破坏土壤微生物群落的组成及其生态功能[18,19]. 微生物群落作为土壤生态系统中的重要组成部分,对土壤生态系统的稳定性和恢复力极其重要[20]. 目前,抗生素对微生物群落的影响主要包括 4 个方面:①微生物群落多样性:如聚乙烯多磺酸粘多糖和环丙沙星的联合负载能够显著降低土壤中微生物群落多样性[21];且随着四环素含量的增加,污泥中微生物群落活性细胞的多样性降低[22];②微生物群落丰度:如在低含量四环素和土霉素作用下,土壤细菌和真菌数量显著降低[19];通过室内实验研究发现磺胺甲恶唑能作为碳源促进微生物的繁殖,使微生物群落丰度上升[23];③微生物群落组成:如左旋氟沙星和土霉素能够在属水平上显著改变原核微生物群落结构[24];高含量抗生素选择压力显著降低了微生物多样性,改变了微生物群落结构[25];④微生物群落功能:如氧氟沙星等抗生素能增加沉积物中微生物群落的反硝化功能基因的丰度[26];恩诺沙星单一处理(0 ~ 0.80 mmol·kg^{-1})能降低微生物群落的活性[27]. 然而,此前研究较少关注其它理化环境因子对微生物群落结构、功能和多样性的共同作用. 土壤微生物群落与氮磷循环过程密切相关,有研究表明[28,29],微生物群落结构和多样性与 TP、NH_4^+-N、NO_3^--N和NO_2^--N具有显著相关性,土壤粒径也会影响微生物群落分布. 因此,本研究拟通过建立抗生素污染土壤中 TP、NH_4^+-N、NO_3^--N、NO_2^--N 和土壤粒径等理化参数与微生物群落的相关性,识别长期抗生素污染土壤中微生物群落结构组成、功能和多样性的主要环境影响因子.

石家庄市作为我国典型的制药城市,生物医药企业占全省药企总数的 80% 以上,包括华北制药、以岭药业、神威药业、石药和四药等多家制药企业. 在 2016 年,全市化学原料药占全国市场近 45%,而抗生素、半合成抗生素等产量均处于全国领先地位[30]. 此前相关研究表明石家庄市水环境中的抗生素含量较高[31],而有关石家庄市土壤中抗生素污染特征及微生物群落的研究却仍未见报道. 因此,选择石家庄市为研究区,分析石家庄市表层土壤中典型抗生素——喹诺酮类(QNs)抗生素含量及其空间分布特征,并利用 16S rRNA 高通量测序技术,探讨抗生素污染土壤中微生物群落结构组成、功能和多样性,识别 QNs 污染土壤中微生物群落结构组成、功能和多样性的主要环境影响因子,以期为石家庄市生态修复和抗生素污染管控提供科学的理论依据和数据支撑.

1　材料与方法

1.1　样品采集

本研究根据石家庄市的土地利用类型及地形等因素,共选取 12 个代表性采样点(见表 1). 并根据东部、北部、南部和中部这 4 个方位将其分为 4 个区,即 S1 区(MQ,MLC,ST)、S2 区(XS,ZM,LJZ)、S3 区(FT,SY,GY)和 S4 区(NQH,BWL,GYCG). 在 2020 年 9 月进行土壤样品采集,除去表层杂质(如石子和动植物残骸)后,用铁铲采取(0 ~ 25 cm)表层土壤样品,每个采样点取 3 个平行样品(最终以 3 个样品的均值作为样点检测值). 每个样品分为 3 份,一份用于测定 QNs 含量,一份用于测定粒径和 TP 等理化指标,另一份用于微生物群落组成和多样性分析. 运送回实验室后将样品进行低温冷冻保存直至分析. 各区取 3 个样点的均值作为该区指标值.

表 1　石家庄市 12 个采样点的空间位置

Table 1　Spatial location of 12 sampling sites in Shijiazhuang City

采样区域	采样点	经度,纬度
S1	木邱(MQ)	115.162 224°E, 37.839 839°N
	木连城(MLC)	114.822 108°E, 37.928 370°N
	寺头(ST)	115.187 237°E, 38.059 593°N
S2	协神(XS)	114.548 915°E, 38.356 786°N
	正莫(ZM)	114.756 412°E, 38.442 131°N
	连家庄(LJZ)	114.630 449°E, 38.406 088°N
S3	方台(FT)	114.364 156°E, 38.065 789°N
	宋营(SY)	114.630 788°E, 38.018 835°N
	固营(GY)	114.656 251°E, 38.113 970°N
S4	南清河(NQH)	114.389 553°E, 37.779 320°N
	北王里(BWL)	114.638 838°E, 37.763 509°N
	高邑城关(GYCG)	114.614 774°E, 37.619 037°N

1.2　样品的前处理及理化指标的测定

用于测定 QNs 抗生素的样品经冷冻干燥后进行粉碎过筛,称取 2.0 g 过筛后的土壤样品,同时称取 2.0 g 硅藻土(用 Na_2EDTA 处理后),将硅藻土与样品 1∶1混合均匀后装入(36 mL)萃取池,以乙腈-磷酸盐缓冲液(pH = 3)作为萃取液,使用 ASE 350 快速溶剂萃取仪(Thermo,Germany)进行萃取. 萃取

后使用平行浓缩蒸发仪(Buchi,Switzerland)将萃取液浓缩至小于 1 mL,将浓缩后的溶液过 0.45 μm 滤膜并将其转移至锥形瓶中,用超纯水稀释 200 倍制成试料.

用于理化指标测定的样品经解冻后,进行自然风干并研磨过筛,使用粒径分析仪 LE400-05(USA)(以超纯水作为流动相)测定(过 40 目筛)土壤粒径.根据标准 HJ 634-2012 测定土壤样品中的 NH_4^+-N、NO_3^--N 和 NO_2^--N 含量,根据标准 HJ 632-2011 测定土壤样品中的 TP 含量.

1.3 QNs 的含量测定方法

使用 1 mol·L^{-1} H_2SO_4 溶液将 QNs 测定所需试料调节为酸性(pH = 3),其中一份样品加入含 14 种目标 QNs 的混合标准溶液(含量为 100 ng·L^{-1}),用以测定加标回收率.依次用 6 mL 甲醇和 6 mL 超纯水将 InertSep HLB 固相萃取柱(500 mg,6 mL)充分活化后进行固相萃取,萃取后在负压下抽真空干燥 30 min,然后依次用 6 mL(体积比为 2%)氨水:甲醇溶液及6 mL 纯甲醇溶液进行洗脱,洗脱液经氮吹至近干后,用甲醇水溶液(甲醇:水 = 1:1,体积比)定容至 1 mL,使用高效液相色谱-三重四极杆质谱联用仪(HPLC-MS/MS)测定样品中 QNs 的含量.实验所需标准品均购自 Sigma-Aldrich(Steinheim,Germany),所有试剂均属分析纯(纯度大于 95%).

1.4 微生物群落分析方法

将适量新鲜土壤样品(过 40 目筛)转移至 50 mL 聚乙烯离心管内($V_{土壤样品}$ > 30 mL),送至上海美吉生物有限公司进行 16S rRNA 基因测序(Illumina MiSeq).使用 A.E.Z.N.A.TM 土壤 DNA 试剂盒提取样品中 DNA,用引物 341F(5′-CCTACGGGNGGCWGCAG-3′)和 806R(5′-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3′)进行 PCR 扩增,并用 2% 的琼脂糖凝胶电泳检测扩增产物,然后经切胶、回收、建立文库并使用 Illumina MiSeq 平台进行基因测序,采用 Trimmomatic 软件对原始 DNA 序列质控,用 FLASH 软件拼接得到优质序列[32].通过美吉生信云分析平台进行微生物群落 α 多样性分析、微生物群落组成分析和 PICRUSt 功能基因预测.

1.5 质量控制

实验采用外标法进行定量.利用甲醇水溶液(甲醇:水 = 1:1,体积比)通过逐级稀释将标准储备液(1.0 mg·L^{-1})制备成含量依次为 0.1、0.5、1.0、5.0、10.0 和 100.0 mg·L^{-1} 的标准系列,经超高效液相色谱-质谱联用仪(HPLC-MS/MS)分析测定后,得到基于 QNs 质量含量与峰面积的标准曲线(相关系数大于或等于 0.99).各 QNs 的加标回收率介于 71.3% ~ 110.7% 之间.

1.6 数据统计与分析

利用 IBM SPSS Statistics 25 软件进行数据处理与统计,并利用单因素方差分析和 Pearson 相关性分析以进行差异显著性检验和环境因子(QNs 和理化参数)与微生物群落间相关性分析.使用 ArcGis 软件绘制 QNs 含量空间分布.通过美吉生信云分析平台进行 OTU(operational taxonamic unit)聚类分析(序列相似度为 97%)和微生物群落物种组成分析、α 多样性分析和 PICRUSt 功能预测分析,得到土壤中微生物群落组成、多样性指数和 COG 功能水平的基因丰度;同时利用 Kruskal-Wallis 秩和检验进行微生物物种组间差异显著性检验.使用 Origin 2018 软件绘制土壤理化参数及微生物多样性指数的柱状分布图和功能基因丰度的条形图.利用 Canoco 5 软件进行 PCA 主成分分析.

2 结果与分析

2.1 QNs 的空间分布特征及残留水平

就检出率而言,检出率较高的 6 种 QNs 分别为氧氟沙星(ofloxacin, OFL, 100%)、诺氟沙星(norfloxacin, NOR, 75.0%)、环丙沙星(ciprofloxacin,CIP, 91.7%)、恩诺沙星(enroxacin, ENR, 58.3%)、噁喹草酸(oxolinic acid, OXO, 75.0%)和氟甲喹(flumequine,FLU, 91.7%),而其它几种 QNs 的检出率均小于或等于 50.0%.其中 OFL 在 S1、S2、S3 和 S4 区的检出率均达到了 100%;NOR 在 S3 和 S4 区的检出率最高(均为 100%),而在 S2 区检出率最低(33.3%);CIP 在 S1、S2 和 S4 区的检出率最高(均为 100%),而在 S3 区的检出率最低(66.7%);NOR 和 OXO 均在 S1 和 S3 区的检出率最高(均为 100%),而在 S2 区检出率最低(33.3%);FLU 在 S2、S3 和 S4 区的检出率最高(均为 100%),而在 S3 区检出率最低(66.7%).就检出含量而言,其中 ω(OFL)、ω(NOR)、ω(CIP)、ω(ENR)和 ω(FLU)平均值分别为 16.17、91.99、9.156、4.476 和 6.457 μg·kg^{-1},其它各 QNs 的含量见表 2.

就主要 QNs(检出率大于 50%)的空间分布特征而言(图 1),ω(OFL)、ω(NOR)、ω(FLU)和 ω(OXO)在 S3 区平均值最高(55.72、224.5、13.17 和 0.623 2 μg·kg^{-1}),而在 S2 区最低(0.367 4、0.585 4、0.088 2 和 1.224 μg·kg^{-1}).ω(CIP)在 S2 区平均值最高(10.15 μg·kg^{-1}),而在 S3 区最低(6.449 μg·kg^{-1}).ω(ENR)在 S4 区平均值最高(11.75

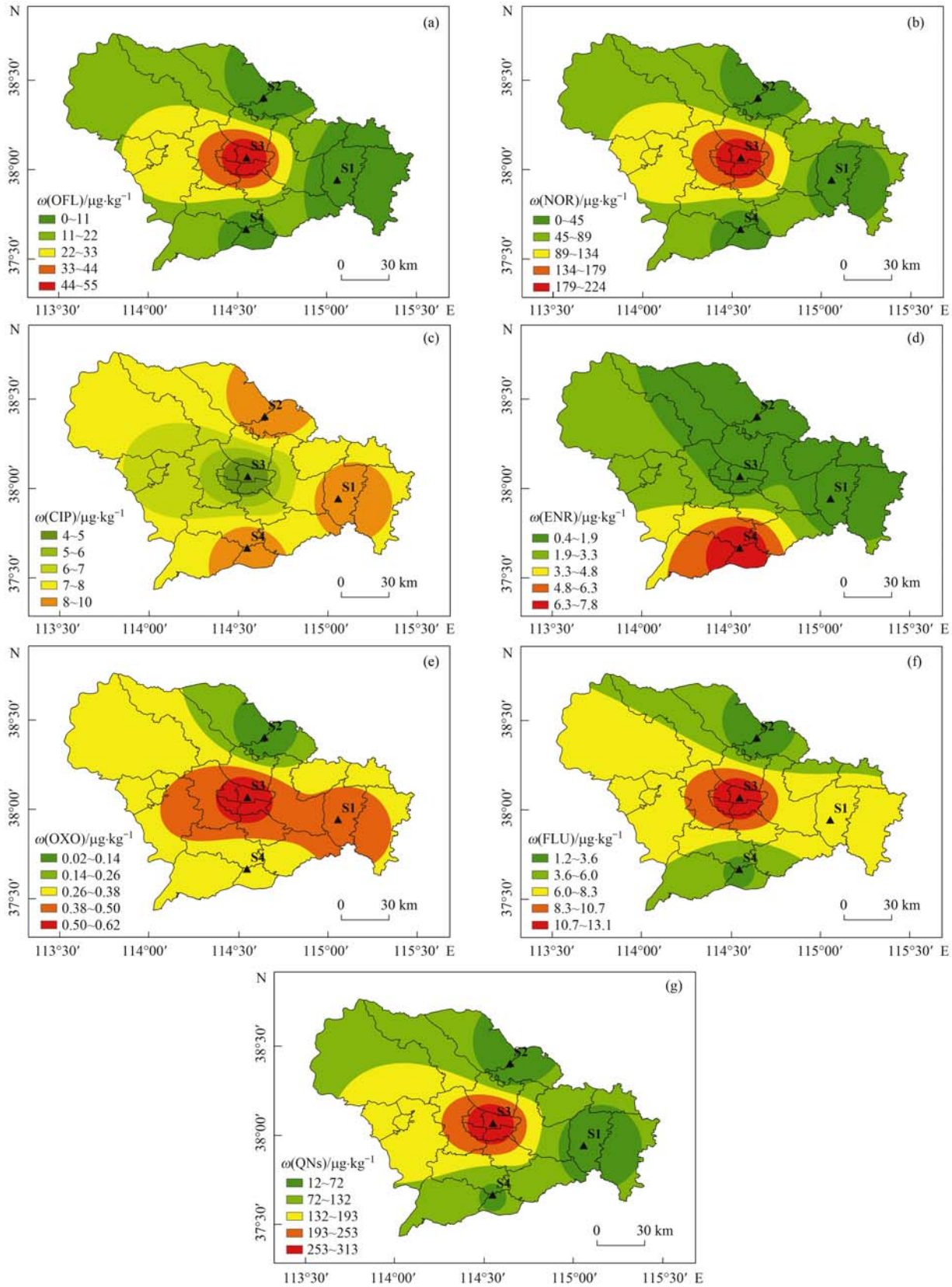


图 1　石家庄市土壤中主要 QNs 的空间分布特征

Fig. 1　Spatial distribution of main QNs in soil of Shijiazhuang City

μg·kg^{-1})，而在 S2 区最低(0.4215 μg·kg^{-1})．总而言之，ω(总 QNs)在 S3 区平均值最大(313.5 μg·kg^{-1})，而在 S2 区最低(12.63 μg·kg^{-1})，各区 ω(总 QNs)平均值分别为：S3(313.5 μg·kg^{-1}) > S4 (65.54 μg·kg^{-1}) > S1(46.19 μg·kg^{-1}) > S2(12.63 μg·kg^{-1})．整体而言，石家庄各区域土壤中 QNs 含量差异显著($P < 0.01$)，整体呈现出中部含量高，而北部、东部和南部含量低的趋势．

表 2 石家庄市土壤中 QNs 检出率及含量

Table 2 Detection rate and content of QNs in soil of Shijiazhuang City

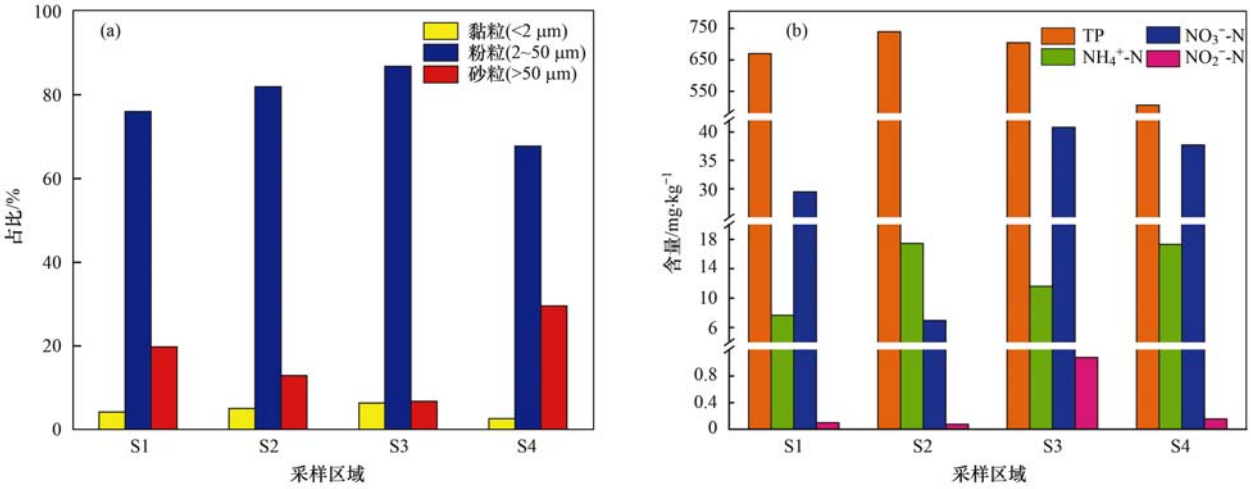
QNs	检出限(LOQ) /ng·L^{-1}	检出率/%	检出含量/μg·kg^{-1}		
			最小值	最大值	平均值
OFL	0.12	100	0.081	163.7	16.17
PIP	0.98	41.7	0.300	35.59	8.516
MAR	0.46	8.33	—	30.19	30.19
FLE	0.10	16.7	0.213	0.545	0.379
ENO	0.04	50.0	0.136	4.832	1.403
NOR	0.33	75.0	0.585	380.3	91.99
CIP	0.20	91.7	1.263	25.50	9.156
DIF	0.25	50.0	0.050	1.300	0.637
OXO	0.32	75.0	0.088	0.906	0.449
FLU	0.23	91.7	0.636	18.72	6.457
SAR	0.15	8.33	0.240	0.240	0.240
SPA	0.18	8.33	0.182	0.182	0.182
ENR	0.15	58.3	0.056	23.29	4.476
ORB	0.19	—	—	—	—

1)“—”表示未检出

2.2 土壤理化参数的空间分布特征

就土壤(过 40 目筛)粒径范围而言[图 2(a)],石家庄市土壤中粉粒(2 ~ 50 μm)的占比最高(66.7%~93.2%),而黏粒(小于 2 μm)的占比最低(2.50%~9.10%).就粒径空间分布特征而言,黏粒和粉粒的占比在 S3 区最高(分别为 6.40% 和 86.8%),而在 S4 区占比最低(分别为 2.67% 和 67.8%);砂粒(大于 50μm)在 S4 区占比最高(29.6%),而在 S3 区占比最低(6.77%).整体而言,各区之间的土壤粒径组成差异显著($P<0.05$).

就土壤其它理化参数分布特征而言[图 2(b)],ω(TP)范围为 348.9 ~ 1 062 mg·kg^{-1},其含量在 S2 区最高(739.5 mg·kg^{-1}),而在 S4 区最低(505.5 mg·kg^{-1}). ω(NH_4^+-N)范围为 2.489 ~ 39.55 mg·kg^{-1},其含量在 S2 区最高(17.43 mg·kg^{-1}),而在 S1 区最低(7.666 mg·kg^{-1}). ω(NO_3^--N)和 ω(NO_2^--N)均在 S3 区最高(40.82 mg·kg^{-1}和 1.080 mg·kg^{-1}),而在 S2 区最低(1.975 mg·kg^{-1}和 0.074 mg·kg^{-1}),其范围分别介于 3.383 ~ 59.33 mg·kg^{-1}和 0.011 ~ 1.398 mg·kg^{-1}之间.整体而言,TP 和NH_4^+-N并无显著空间差异,而NO_3^--N 和NO_2^--N空间差异显著($P<0.05$ 和 $P<0.01$).



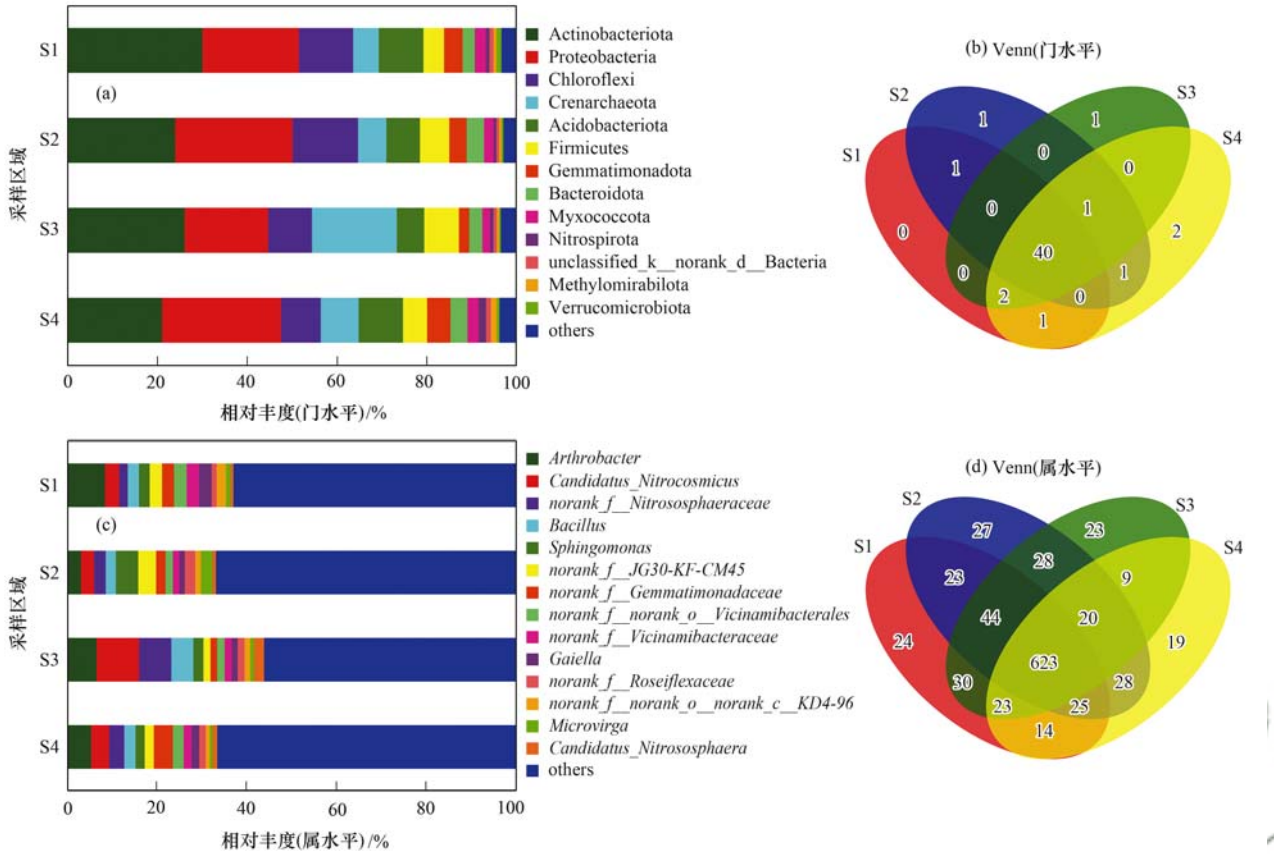
(a)石家庄市土壤中粒径的空间分布;(b)石家庄市土壤中主要理化参数的空间分布

图 2 石家庄市土壤理化参数的空间分布特征

Fig. 2 Spatial distribution characteristics of soil physical and chemical parameters in Shijiazhuang City

2.3 土壤中微生物群落结构组成与多样性的空间分异特征

就微生物群落组成而言[图 3(a)和 3(c)],优势菌门及相对丰度分别为放线菌门(Actinobacteriota, 18.3%~34.6%)、变形菌门(Proteobacteria, 13.6%~34.1%)、绿弯曲菌门(Chloroflexi, 7.21%~16.0%)、泉古菌门(Crenarchaeota, 2.28% ~ 23.1%)、酸杆菌门(Acidobacteriota, 3.45%~



(a)门水平微生物群落组成及相对丰度；(b)土壤中门水平物种组成 Venn 图；
(c)属水平微生物群落组成及相对丰度；(d)属水平物种组成 Venn 图

图 3　石家庄市土壤中微生物群落结构组成

Fig. 3　Microbial community structure composition in soil of Shijiazhuang City

13.9%)和厚壁菌门(Firmicutes, 2.03%~15.2%). 优势菌属及相对丰度分别为阿吉利斯节肢杆菌(*Arthrobacter*, 3.24%~8.61%)、嗜油性硝基海绵体(*Candidatus-Nitrocosmicus*, 2.93%~9.46%)、亚硝基草科古菌(*Nitrososphaeraceae*, 1.93%~7.19%)、深海芽孢杆菌(*Bacillus*, 2.26%~4.89%)和鞘翅目(*Sphingomonas*, 2.03%~4.98%),其中放线菌门和变形菌门为主要优势菌门, *Arthrobacter* 和 *Nitrososphaeraceae* 为主要优势菌属. 放线菌门在 S1 区丰度最高(30.1%),而在 S4 区丰度最低(21.1%); 变形菌门在 S4 区丰度最高(24.0%), 而在 S3 区丰度最低(18.6%). *Arthrobacter* 在 S2 区最高, 而在 S1 区丰度最低(3.24%); *Candidatus_Nitrocosmicus* 在 S3 区丰度最高(2.93%),而在 S2 区最低(9.46%). Venn 图分析及 Kruskal-Wallis 秩和显著性检验结果表明,门水平微生物群落并无显著空间差异,而属水平空间差异显著($P<0.05$).

就微生物多样性而言,本研究进行了 α 多样性分析和 OTU 聚类分析,得到 4 个区域的 4 种多样性指数(Chao 1、Coverage、Shannon 和 Simpsoneven)和 OTU 数量(图 4). 其中 Coverage 指数值大于 0.98, 表明此次测序结果可以较好代表样品中微生物的真实情况. Chao 1 指数均值为3 332,其值在 S2 区最大(3 456),而在 S4 区最小(3 182). Shannon 指数均值为 6.20,大小顺序依次为:S2(6.48) > S1(6.22) > S4(6.18) > S3(5.89). Simpsoneven 指数均值为

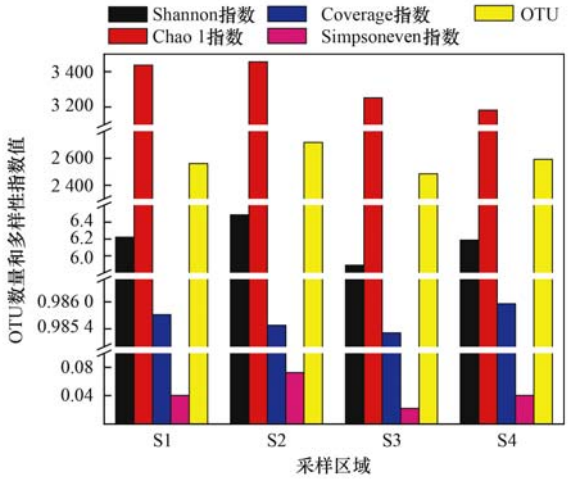


图 4　石家庄市土壤中 OTU 数量和多样性指数空间分布

Fig. 4　Spatial distribution of diversity index and OTU quantity in soil of Shijiazhuang City

0.044,其值在 S2 区最大(0.072),而在 S3 区最小(0.022). OTU 数量均值为2 589,其值在 S2 区最高(2 713),而在 S3 区最低(2 485). 总而言之,石家庄市土壤中多样性指数(Shannon 和 Simpsoneven)空间差异显著($P<0.05$),而 OTU 数量并无显著空间差异.

2.4 土壤中微生物群落 COG 功能基因空间分异特征

经 PICRUSt 功能预测分析得到 COG 功能水平的 10 种功能基因的相对丰度(图 5),其中丰度最高的分类为通用功能预测类基因(19.9%~20.3%),其次是能源生产与转换类(17.6%~18.6%)、信号转导机制类(12.0%~15.5%)、翻译、核糖体结构与生物发生类(12.7%~14.4%)和复制、重组与修复类(12.7%~13.0%)功能基因. 其中,能源生产与转换类功能基因在 S3 区丰度最高(18.6%),而在 S4 区丰度最低(17.6%);信号转导机制类功能基因在 S4 区丰度最高(15.5%),而在 S3 区丰度最低(12.0%);翻译、核糖体结构与生物发生类功能基因在 S3 区丰度最高(14.4%),而在 S1 区丰度最低(12.7%);复制、重组与修复类功能基因在 S1 区丰度最高(13.0%),而在 S4 区丰度最低(12.7%). 且单因素方差分析结果表明,各区的功能基因丰度并无显著空间差异.

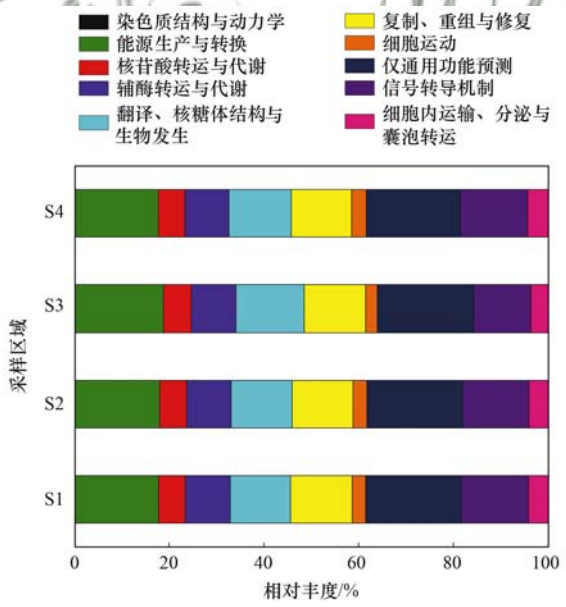


图 5 石家庄市土壤中微生物群落的 COG 功能基因相对丰度

Fig. 5 Relative abundance of main COG functional genes in soil microbial communities in Shijiazhuang City

2.5 QNs 及理化参数与微生物之间相关性分析

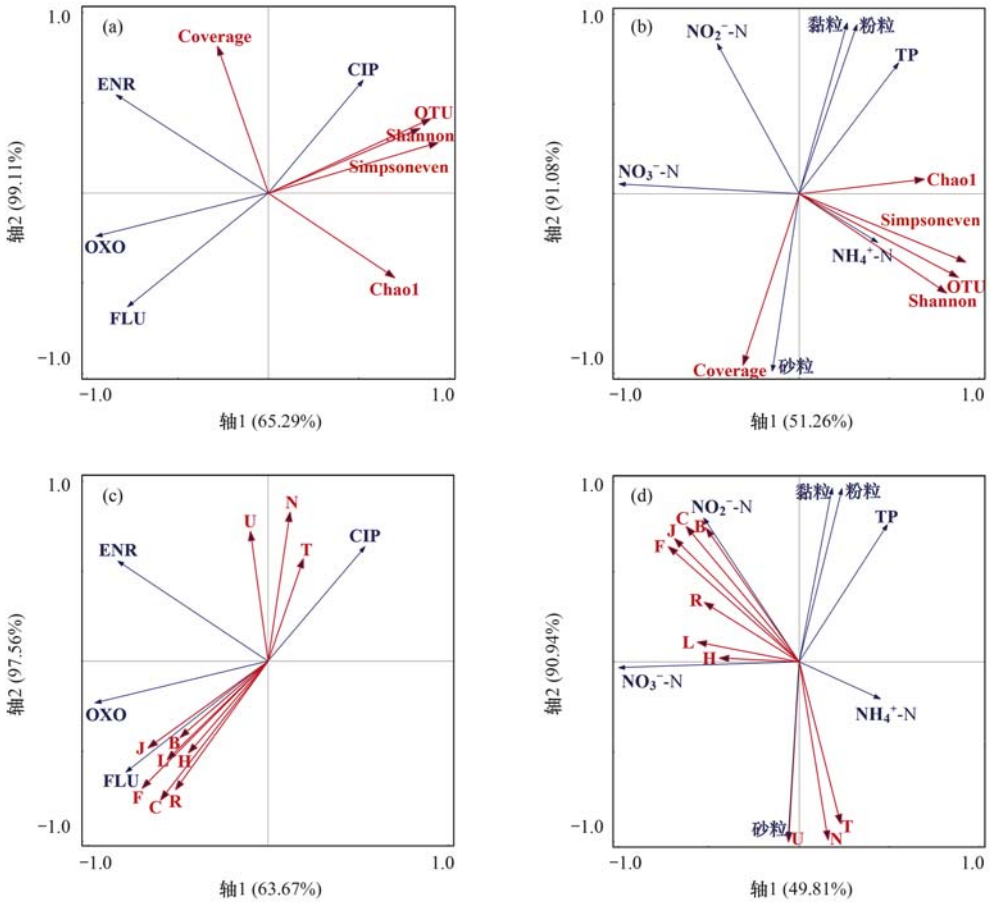
为研究 QNs 及主要理化参数对微生物群落多样性及功能的影响,将主要 QNs 和理化参数进行 VIF 方差膨胀系数筛选后进行 PCA 主成分分析(图 6). 结果表明,QNs 和土壤理化参数与微生物群落多样性指数及功能基因存在显著相关性. 图 6 中的百分比分别为轴 1 和轴 2 的解释变量. 就 QNs 和土壤理化参数与微生物群落多样性相关性而言,其中 OXO 与 Shannon 和 OTU 呈显著负相关($P<0.01$, $r=-0.980$ 和 $r=-0.987$),与 Simpsoneven 呈极显著负相关($P<0.01$, $r=-0.999$); NO_3^--N 与 Simpsoneven 指数呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.958$); Coverage 指数与黏粒和粉粒呈极显著负相关($P<0.01$, $r=-0.992$ 和 $r=-0.998$),而与砂粒呈显著正相关($P<0.05$, $r=-0.998$). 就 QNs 和理化参数与微生物群落功能基因相关性而言,其中染色质结构与动力学类和翻译、核糖体结构与生物发生类功能基因与 CIP 呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.954$ 和 $r=-0.983$),与NO_2^--N呈显著正相关($P<0.01$, $r=0.995$ 和 $P<0.05$, $r=0.971$);信号转导机制类功能基因与NO_2^--N呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.957$);能源生产和转换类和核苷酸转运与代谢类功能基因与 FLU 呈极显著正相关($P<0.01$, $r=0.997$);NH_4^+-N与辅酶转运与代谢类和复制、重组和修复类功能基因呈显著负相关($P<0.05$, $r=0.963$ 和 $r=0.983$);黏粒与细胞运动类和细胞内运输、分泌与囊泡转运类功能基因呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.964$ 和 $r=-0.979$).

为建立 QNs 含量和主要理化参数等环境因子与土壤微生物群落组成的相关性,将进行 VIF 方差膨胀系数筛选后的环境因子与微生物群落进行 Pearson 相关性分析(图 7). 结果表明,QNs、TP 和土壤粒径与土壤中门水平微生物群落具有显著相关性. 其中 CIP 与髌骨细菌门(Patescibacteria)和厚壁菌门呈显著正相关($P<0.05$, $r=0.601$ 和 $r=0.580$),而与疣微菌门(Verrucomicrobiota)呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.653$);TP 与变形菌门和类杆菌门(Bacteroidota)呈显著正相关($P<0.05$, $r=0.582$ 和 $r=0.608$);砂粒与芽单胞菌门(Gemmatimonadota)呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.601$),而粉粒与其呈显著正相关($P<0.05$, $r=0.612$). 此外,QNs、TP、NH_4^+-N、NO_3^--N、NO_2^--N和土壤粒径均与属水平微生物群落存在广泛相关性,如 OXO、FLU、NO_3^--N和NO_2^--N均与 *Roseiflexaceae* 呈显著负相关($P<0.05$, $r=-0.645$, $r=-0.831$, $r=-0.762$和 $r=-0.654$),详见图 7(b).

3 讨论

3.1 我国城市土壤中 QNs 污染水平与种类

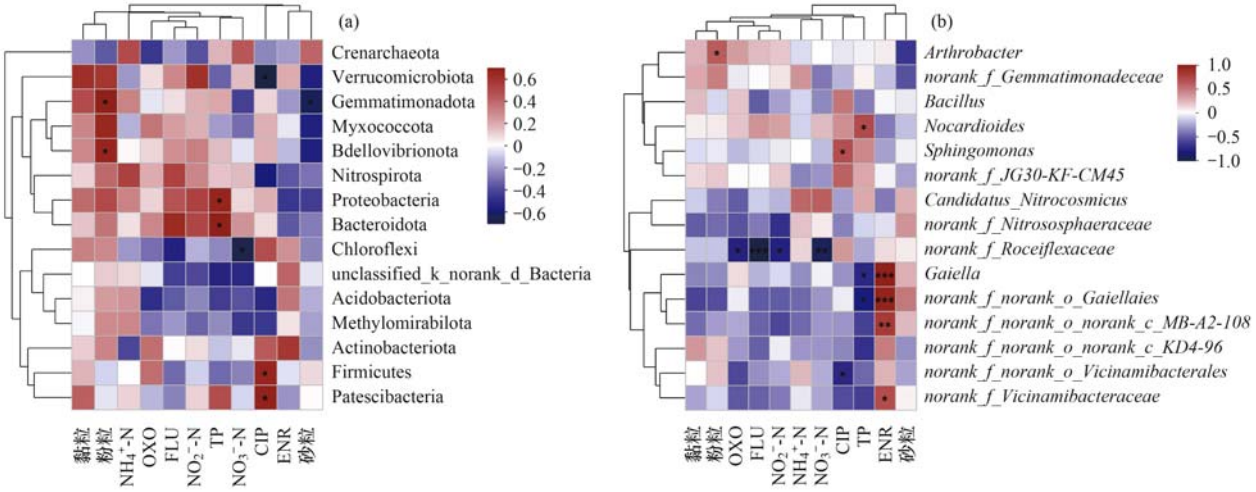
就具体的 QNs 而言,石家庄市土壤中以 ω(NOR)最高(平均值为 91.99 $\mu g \cdot kg^{-1}$),其次为



(a)QNs 与微生物多样性指数相关性,(b)理化参数与微生物多样性指数相关性,(c)QNs 与功能基因丰度相关性,(d)土壤理化参数与功能基因丰度相关性;红色箭头表示多样性指数、OTU 和功能基因,蓝色箭头表示 QNs 和土壤理化参数等环境因子,两箭头夹角为锐角则表示存在正相关性,夹角为钝角则表示存在负相关性;(c)和(d)中 B 表示染色质结构与动力学类功能基因,C 表示能源生产与转换类功能基因,F 表示核苷酸转运与代谢类功能基因,H 表示辅酶转运与代谢类功能基因,J 表示翻译、核糖体结构与生物发生类功能基因,L 表示复制、重组与修复类功能基因,N 表示细胞运动类功能基因,R 表示仅通用功能预测类基因,T 表示信号转导机制类功能基因,U 表示细胞内运输、分泌与囊泡转运类功能基因

图 6　石家庄市土壤中 QNs 及理化参数与微生物多样性指数及功能基因之间 PCA 主成分分析

Fig. 6　Principal component analysis (PCA) among QNs, physicochemical parameters, microbial diversity index, and functional genes in soil of Shijiazhuang City



(a)环境因子与门水平微生物群落相关性,(b)环境因子与属水平微生物群落相关性;横坐标表示 QNs 和理化参数等环境因子,纵坐标表示微生物群落的物种组成;* 表示 $P<0.05$, ** 表示 $P<0.01$, *** 表示 $P<0.001$

图 7　石家庄市土壤中 QNs 和主要理化参数与微生物群落组成相关性分析

Fig. 7　Correlation analysis between QNs, main physicochemical parameters, and microbial community composition in soil of Shijiazhuang City

ENR 和 CIP,这与已有的研究结果一致[10],可能与 NOR 在土壤中较高的吸附性和累积能力有关[33,34]. 此外,Ghirardini 等[35]的研究表明,ENR 是生粪肥和处理粪肥中含量最高的 QNs,而本研究中 ω(ENR)较低(平均值为 4.476 $\mu g \cdot kg^{-1}$),说明石家庄市农业生产活动中粪肥的施用较少. 此外,S3 区的 ω(QNs)平均值大于 300.0 $\mu g \cdot kg^{-1}$,且石家庄市的制药企业集中分布于 S3 区域,说明 QNs 的含量分布可能与制药企业有关.

整体而言,石家庄市中部地区的 ω(总 QNs)最高(平均值为 313.5 $\mu g \cdot kg^{-1}$),含量水平高于同处华北地区的北京和天津等城市[36~40],同时也高于华东、华南及西南等地城市[10,41~47](见表 3),如南京某设施菜地 ω(总 QNs)平均值为 169.3 $\mu g \cdot kg^{-1}$[42],上海某菜田土壤中 ω(总 QNs)平均值为 62.50 $\mu g \cdot kg^{-1}$[41],广东惠州蔬菜基地土壤中 ω(总 QNs)平均值为 50.06 $\mu g \cdot kg^{-1}$[46],而西南地区城市土壤中 QNs 总含量更低,如昆明某菜地土壤中 ω(总 QNs)平均值仅为 15.20 $\mu g \cdot kg^{-1}$[10]. QNs 在我国土壤中的空间差异可能与当地抗生素的使用量有关,如 2013 年我国华北(6 700 t)和华东(7 290 t)地区的 QNs 使用量远高于华南地区(1 970 t)和西南地区(3 850 t)[48],而石家庄市作为华北地区典型制药城市,造成抗生素等抗菌类药物的大量生产及使用,引起部分区域的抗生素含量显著高于其它地区.

表 3 我国不同地区土壤中 QNs 的含量

Table 3 Detection content of QNs in soil from different regions of China

地区	城市	检出范围 /$\mu g \cdot kg^{-1}$	总含量平均值 /$\mu g \cdot kg^{-1}$	土壤类型	文献
华北	北京	42.63 ~ 62.96	49.70	农田	[36]
	北京	ND ~ 37.03	5.920	设施菜地	[37]
	北京	ND ~ 649.0	86.00	设施菜地	[38]
	天津	—	187.7	农田	[39]
	天津	ND ~ 274.8	33.56	农田	[40]
华东	江苏南京	—	50.88	菜地	[41]
	江苏南京	49.20 ~ 484.7	169.3	设施菜地	[42]
	上海	—	62.50	菜地	[41]
	上海	19.10 ~ 802.0	144.0	菜地	[10]
	浙江宁波	0.270 0 ~ 45.70	8.970	农田	[43]
华南	广东广州	ND ~ 209.6	49.77	农田	[44]
	广东广州	0.460 0 ~ 55.20	14.00	菜地	[45]
	广东惠州	5.110 ~ 272.9	50.06	菜地	[46]
	广东东莞	0 ~ 554.1	50.23	菜地	[10, 47]
西南	贵州贵阳	0.310 0 ~ 32.75	5.130	农田	[41]
	云南昆明	—	15.20	菜地	[10]

1)"ND"表示未检出,"—"表示未提及

3.2 土壤中微生物群落组成和多样性特征及其主要影响因素

本研究土壤中最优势菌门为放线菌门和变形菌门. 在不同地区土壤中最优势菌门并无显著差异[49~52]. 如湖北、上海、浙江、四川施用有机肥的土壤中及欧亚大草原(放牧、未放牧)和北方农牧交错带的土壤中的最优势菌门均为放线菌门和变形菌门[53~55],与本研究的结果一致. 然而不同地区的优势菌属具有显著空间差异,且本研究中微生物群落多样性指数(Shannon 和 Simpsoneven)呈显著空间分布差异,可能与土地利用类型及土壤理化性质有关[56~61]. 此外,地理位置及气候条件的不同也会导致微生物群落组成的差异[32,62].

就具体影响因素而言,本研究结果表明,土壤中微生物群落结构组成和多样性受 QNs、TP、NO_3^--N 和土壤粒径等理化参数的共同影响. 就 QNs 对微生物群落多样性和结构组成的影响而言,本研究中的 QNs 对微生物群落多样性具有抑制作用[63],与多数室内培养研究结果一致,如:单独施用 CIP(1 ~ 10 $mg \cdot kg^{-1}$)能降低微生物群落多样性[64];且 NOR(1 ~ 10 $mg \cdot kg^{-1}$)在第 7 d 开始对微生物群落多样性具有明显的抑制作用[65]. 此外,本研究中 ENR 含量虽低,但随着其含量升高,Chao 1 指数逐渐降低,说明低含量 QNs 也可能降低微生物群落的丰度[66]. 同时,QNs 能显著影响土壤中微生物群落结构组成[63],可能与不同菌群对不同含量 QNs 的响应差异有关. 此外,本研究结果表明,NO_3^--N和土壤粒径会显著影响微生物群落的多样性指数,同时 TP、NH_4^+-N、NO_3^--N、NO_2^--N和土壤粒径均会对微生物群落结构组成产生影响,如:粉粒对芽单胞菌门表现为促进作用,而砂粒对其表现为抑制作用,说明粒径越小越有利于部分微生物群落的生长繁殖.

3.3　土壤中微生物群落的功能基因分布特征及其主要影响因素

整体而言，石家庄市土壤中各类功能基因并无显著空间分布差异. 其中染色质结构与动力学类、能源生产与转换类、核苷酸转运与代谢类和翻译、核糖体结构与生物发生类功能基因与 QNs 存在广泛相关性，说明 QNs 会影响土壤中微生物群落的相关遗传及代谢功能[67]. 此外，信号转导机制类功能基因对于微生物群落应对外界环境条件变化至关重要[68]，而该类功能基因在 S3 区丰度最低，同时 QNs 含量在 S3 区最高，说明 QNs 可能作为一种信号分子干扰微生物群落的信号转导功能[67]，从而影响其应对外界条件变化的能力. 就土壤理化参数对微生物群落功能影响而言，其中NO_2^--N与染色质结构与动力学类功能基因和翻译、核糖体结构与生物发生类功能基因呈显著正相关，而与信号转导机制类功能基因呈显著负相关，说明NO_2^--N可能对微生物群落的遗传功能具有促进作用，而对其信号转导功能具有抑制作用. 此外，复制、重组与修复类功能基因作为微生物群落抵抗抗生素等抗菌剂的影响的重要基因分类[68]，本研究结果表明该类功能基因与NH_4^+-N存在负相关关系，而 S2 区较高的NH_4^+-N含量可能导致该区微生物群落抵抗抗生素等外界干扰能力的降低. 此外，土壤粒径与微生物群落功能基因存在显著相关性，说明粒径的差异也会对微生物群落的功能产生影响. 总而言之，微生物群落的功能受 QNs 和土壤理化参数的共同影响.

4　结论

（1）就空间分布而言，QNs 整体呈中部含量高，而其余区域含量低的特征. 整体而言，石家庄市土壤中以 OFL 检出率最高，而 NOR 检出含量最高.

（2）石家庄市土壤粒径以粉粒占比最高，而黏粒占比最低. 就理化参数空间分布特征而言，NO_3^--N、NO_2^--N和土壤粒径空间差异显著.

（3）土壤中微生物群落的主要优势菌门为放线菌门和变形菌门，主要优势菌属为 *Arthrobacter* 和 *Nitrososphaeraceae*. 不同地区属水平微生物群落组成差异显著，且多样性存在显著空间差异.

（4）石家庄市土壤中微生物群落结构组成、多样性和功能受 QNs 和土壤理化参数的共同影响. 其中 QNs、TP、NH_4^+-N、NO_3^--N、NO_2^--N和土壤粒径均会对微生物群落组成产生影响，OXO、NO_3^--N和土壤粒径是微生物群落多样性的主要影响因子，而 FLU、NO_2^--N、NH_4^+-N和土壤粒径是微生物群落功能基因的主要影响因子.

参考文献：

[1] Qiao M, Ying G G, Singer A C, *et al*. Review of antibiotic resistance in China and its environment [J]. Environment International, 2018, **110**: 160-172.

[2] 韩昊男. 养殖业中抗生素使用状况研究及解决对策[J]. 绿色环保建材, 2020, (2): 246-247.

[3] Rodriguez-Mozaz S, Chamorro S, Marti E, *et al*. Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in hospital and urban wastewaters and their impact on the receiving river[J]. Water Research, 2015, **69**: 234-242.

[4] 张君, 封丽, 田隽, 等. 氟喹诺酮类在环境中的分布及去除研究进展[J]. 环境科学与技术, 2019, **42**(S1): 77-84.
Zhang J, Feng L, Tian J, *et al*. Distribution characteristics in the environment and research progress treatment technology of fluoroquinolone antibiotics [J]. Environmental Science & Technology, 2019, **42**(S1): 77-84.

[5] Liu X, Lu S, Wei G, *et al*. Antibiotics in the aquatic environments: A review of lakes, China[J]. Science of the Total Environment, 2018, **627**: 1195-1208.

[6] Carvalho I T, Santos L. Antibiotics in the aquatic environments: a review of the European scenario [J]. Environment International, 2016, **94**: 736-757.

[7] Yang S F, Lin C F, Lin A Y C, *et al*. Sorption and biodegradation of sulfonamide antibiotics by activated sludge: experimental assessment using batch data obtained under aerobic conditions[J]. Water Research, 2011, **45**(11): 3389-3397.

[8] 秦晓鹏, 刘菲, 王广才, 等. 抗生素在土壤/沉积物中吸附行为的研究进展[J]. 水文地质工程地质, 2015, **42**(3): 142-148.
Qin X P, Liu F, Wang G C, *et al*. Adsorption of antibiotics in soils/sediments: a review [J]. Hydrogeology and Engineering Geology, 2015, **42**(3): 142-148.

[9] Peruchi L M, Fostier A H, Rath S. Sorption of norfloxacin in soils: analytical method, kinetics and Freundlich isotherms[J]. Chemosphere, 2015, **119**: 310-317.

[10] 蓝贤瑾, 刘益仁, 吕真真, 等. 氟喹诺酮类抗生素在我国农田土壤中残留及其风险研究进展[J]. 江西农业学报, 2019, **31**(9): 108-115.
Lan X J, Liu Y R, Lv Z Z, *et al*. Research advance in residues and ecological risks of fluoroquinolone antibiotics in agricultural soil in China[J]. Acta Agriculturae Jiangxi, 2019, **31**(9): 108-115.

[11] Golet E M, Strehler A, Alder A C, *et al*. Determination of fluoroquinolone antibacterial agents in sewage sludge and sludge-treated soil using accelerated solvent extraction followed by solid-phase extraction [J]. Analytical Chemistry, 2002, **74**(21): 5455-5462.

[12] Martínez-Carballo E, González-Barreiro C, Scharf S, *et al*. Environmental monitoring study of selected veterinary antibiotics in animal manure and soils in Austria [J]. Environmental Pollution, 2007, **148**(2): 570-579.

[13] Lyu J, Yang L S, Zhang L, *et al*. Antibiotics in soil and water in China systematic review and source analysis[J]. Environmental Pollution, 2020, **266**(Pt 1), doi: 10.1016/j.envpol.2020.115147.

[14] Guo T, Lou C L, Zhai W W, *et al*. Increased occurrence of heavy metals, antibiotics and resistance genes in surface soil after long-term application of manure [J]. Science of the Total Environment, 2018, **635**: 995-1003.

[15] 杜妮妮. 粪肥和污水还田对土壤微生物群落及抗生素抗性基因分布的影响[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2019.

Du N N. Effects of livestock manure or sewage on soil microbial community and antibiotic resistance gene in farms [D]. Yangling: Northwest University of Agriculture and Forestry Science and Technology, 2019.

[16] 张俊华, 陈睿华, 刘吉利, 等. 宁夏养牛场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征[J]. 环境科学, 2021, **42**(6): 2981-2991.
Zhang J H, Chen R H, Liu J L, *et al*. Distribution characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in manure and surrounding soil of cattle farms in Ningxia [J]. Environmental Science, 2021, **42**(6): 2981-2991.

[17] 黄福义, 周曙仡聃, 王佳妮, 等. 不同作物农田土壤抗生素抗性基因多样性[J]. 环境科学, 2021, **42**(6): 2975-2980.
Huang F Y, Zhou S Y D, Wang J N, *et al*. Profiling of antibiotic resistance genes in different croplands [J]. Environmental Science, 2021, **42**(6): 2975-2980.

[18] 于晓雯, 索全义, 史李萍. 外源四环素类抗生素对土壤微生物多样性的影响[J]. 北方园艺, 2021, (2): 91-96.
Yu X W, Suo Q Y, Shi L P. Effects of exogenous tetracycline antibiotics on soil microbial diversity[J]. Northern Horticulture, 2021, (2): 91-96.

[19] 陈敏杰, 钱懿宏, 于青燕, 等. 典型四环素类抗生素对土壤微生物及植物生长的影响[J]. 生态毒理学报, 2019, **14**(6): 276-283.
Chen M J, Qian Y H, Yu Q Y, *et al*. Effects of typical tetracycline antibiotics on soil microorganisms and plant growth [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2019, **14**(6): 276-283.

[20] 邹沈娟. 湖北省三座湖泊水体和沉积物微生物群落特征的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2019.
Zou S J. Study on microbial community characteristics of water and sediments in three lakes of Hubei Province[D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2019.

[21] Wang J, Liu X H, Dai Y X, *et al*. Effects of co-loading of polyethylene microplastics and ciprofloxacin on the antibiotic degradation efficiency and microbial community structure in soil [J]. Science of the Total Environment, 2020, **741**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140463.

[22] Xia H, Chen J Y, Chen X M, *et al*. Effects of tetracycline residuals on humification, microbial profile and antibiotic resistance genes during vermicomposting of dewatered sludge[J]. Environmental Pollution, 2019, **252**, doi: 10.1016/j.envpol.2019.06.048.

[23] 王永强. 艾比湖流域典型抗生素、抗性基因及微生物群落的分布特征[D]. 济南: 山东师范大学, 2020.
Wang Y Q. Distribution characteristics of typical antibiotics, antibiotic resistance genes and microbial community in Ebinur Lake Basin[D]. Jinan: Shandong Normal University, 2020.

[24] Zhou Z G, Zhang Z Y, Feng L, *et al*. Adverse effects of levofloxacin and oxytetracycline on aquatic microbial communities [J]. Science of the Total Environment, 2020, **734**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.139499.

[25] Zhao R X, Feng J, Huang J, *et al*. Reponses of microbial community and antibiotic resistance genes to the selection pressures of ampicillin, cephalexin and chloramphenicol in activated sludge reactors[J]. Science of the Total Environment, 2021, **755**(Pt 2), doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.142632.

[26] Zhang R J, Xu X M, Jia D T, *et al*. Sediments alleviate the inhibition effects of antibiotics on denitrification: functional gene, microbial community, and antibiotic resistance gene analysis[J]. Science of the Total Environment, 2022, **804**, doi: 10.1016/J.scitotenv.2021.150092.

[27] 毛书帅. 三种抗生素和铜单一及复合污染对土壤酶和微生物群落功能多样性的影响[D]. 泰安: 山东农业大学, 2016.
Mao S S. Single and joint toxicity of three kinds of antibiotics and copper on soil enzyme activity and microbial community function diversity[D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2016.

[28] 赵河. 太行山南麓主要植被恢复类型土壤微生物群落特征及分布机制研究[D]. 郑州: 河南农业大学, 2019.
Zhao H. Distributed mechanisms and assemblies of soil microbes among main vegetation restoration types in the southern Taihang Mountain [D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2019.

[29] 王华林. 湖泊底泥微生物群落结构与氮磷的相互作用机制研究[D]. 北京: 华北电力大学, 2019.
Wang H L. Research on the interaction mechanism of microbial community structure and nitrogen and phosphorus in lake sediment[D]. Beijing: North China Electric Power University, 2019.

[30] 高银珍. 石家庄市生物医药产业集群竞争力评价与提升研究[D]. 石家庄: 河北科技大学, 2018.
Gao Y Z. Research on evaluation and promotion of the cluster competitiveness of bio-medicine industry in Shijiazhuang[D]. Shjiazhuang: Hebei University of Science & Technology, 2018.

[31] Jiang Y H, Li M X, Guo C S, *et al*. Distribution and ecological risk of antibiotics in a typical effluent-receiving river (Wangyang River) in North China[J]. Chemosphere, 2014, **112**: 267-274.

[32] Blau K, Casadevall L, Wolters B, *et al*. Soil texture-depending effects of doxycycline and streptomycin applied with manure on the bacterial community composition and resistome[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2018, **94**(2), doi: 10.1093/femsec/fix145.

[33] Yang L, Wu L H, Liu W X, *et al*. Dissipation of antibiotics in three different agricultural soils after repeated application of biosolids[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2018, **25**: 104-114.

[34] Pan M, Chu L M. Adsorption and degradation of five selected antibiotics in agricultural soil [J]. Science of the Total Environment, 2016, **545-546**: 48-56.

[35] Ghirardini A, Grillini V, Verlicchi P. A review of the occurrence of selected micropollutants and microorganisms in different raw and treated manure-environmental risk due to antibiotics after application to soil[J]. Science of the Total Environment, 2020, **707**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.136118.

[36] 苏思慧, 何江涛, 杨蕾, 等. 北京东南郊土壤剖面氟喹诺酮类抗生素分布特征[J]. 环境科学, 2014, **35**(11): 4257-4266.
Su S H, He J T, Yang L, *et al*. Contamination characteristics of fluoroquinolones in different kinds of soil profiles in southeast suburb of Beijing[J]. Environmental Science, 2014, **35**(11): 4257-4266.

[37] 张兰河, 王佳佳, 哈雪姣, 等. 北京地区菜田土壤抗生素抗性基因的分布特征[J]. 环境科学, 2016, **37**(11): 4395-4401.
Zhang L H, Wang J J, Ha X J, *et al*. Distribution characteristics of antibiotic resistance genes in vegetable soils in Beijing[J]. Environmental Science, 2016, **37**(11): 4395-4401.

[38] Li C, Chen J Y, Wang J H, *et al*. Occurrence of antibiotics in soils and manures from greenhouse vegetable production bases of Beijing, China and an associated risk assessment[J]. Science of the Total Environment, 2015, **521-522**: 101-107.

[39] 胡伟. 天津城市水、土环境中典型药物与个人护理品

(PPCPs)分布及其复合雌激素效应研究[D]. 天津：南开大学，2011.
Hu W. The study on occurrence and distribution of typical pharmaceuticals and personal care products (PPCPS) in Tianjin urban aqueous and soil environment and the combined estrogenic effects[D]. Tianjin：Nankai University，2011.

[40] Shi Y L，Gao L H，Li W H，*et al*. Investigation of fluoroquinolones，sulfonamides and macrolides in long-term wastewater irrigation soil in Tianjin，China[J]. Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology，2012，**89**(4)：857-861.

[41] Zhang H B，Zhou Y，Huang Y J，*et al*. Residues and risks of veterinary antibiotics in protected vegetable soils following application of different manures[J]. Chemosphere，2016，**152**：229-237.

[42] Fang H，Wang H F，Cai L，*et al*. Prevalence of antibiotic resistance genes and bacterial pathogens in long-term manured greenhouse soils as revealed by metagenomic survey[J]. Environmental Science & Technology，2015，**49**(2)：1095-1104.

[43] 赵方凯，陈利顶，杨磊，等. 长三角典型城郊不同土地利用土壤抗生素组成及分布特征[J]. 环境科学，2017，**38**(12)：5237-5246.
Zhao F K，Chen L D，Yang L，*et al*. Composition and distribution of antibiotics in soils with different land use types in a typical peri-urban area of the Yangtze River Delta[J]. Environmental Science，2017，**38**(12)：5237-5246.

[44] 国彬，姚丽贤，刘忠珍，等. 广州市兽用抗生素的环境残留研究[J]. 农业环境科学学报，2011，**30**(5)：938-945.
Guo B，Yao L X，Liu Z Z，*et al*. Environmental residues of veterinary antibiotics in Guangzhou City，China[J]. Journal of Agro-Environment Science，2011，**30**(5)：938-945.

[45] Wu X L，Xiang L，Yan Q Y，*et al*. Distribution and risk assessment of quinolone antibiotics in the soils from organic vegetable farms of a subtropical city，Southern China[J]. Science of the Total Environment，2014，**487**：399-406.

[46] 段夏珍. 惠州市蔬菜基地抗生素污染特征的初步研究[D]. 广州：暨南大学，2011.
Duan X Z. The preliminary studies on pollution characteristics of antibiotics from Huizhou vegetable base[D]. Guangzhou：Jinan University，2011.

[47] 邰义萍，莫测辉，吴小莲，等. 东莞市蔬菜基地土壤中喹诺酮类抗生素的污染特征研究[J]. 环境科学学报，2011，**31**(4)：839-845.
Tai Y P，Mo C H，Wu X L，*et al*. Occurrence of quinolone antibiotics in soils from vegetable fields of Dongguan city[J]. Acta Scientiae Circumstantiae，2011，**31**(4)：839-845.

[48] 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，2015，**49**(11)：6772-6782.

[49] 郭红宏. 重金属与土霉素对微生物群落及抗生素抗性基因的影响研究[D]. 杨凌：西北农林科技大学，2017.
Guo H H. Effects of heavy metals and oxytetracycline on microbial communities and antibiotic resistance genes[D]. Yangling：Northwest University of Agriculture and Forestry Science and Technology，2017.

[50] 于晓雯. 外源抗生素降解特性及对土壤微生物和养分的影响[D]. 呼和浩特：内蒙古农业大学，2019.
Yu X W. Degradation characteristics of exogenous antibiotics and effects on soil microorganisms and nutrients[D]. Hohhot：Inner Mongolia Agricultural University，2019.

[51] 田其凡，何玘霜，陆安祥，等. 农田土壤抗生素抗性基因与微生物群落的关系[J]. 环境化学，2020，**39**(5)：1346-1355.
Tian Q F，He Q S，Lu A X，*et al*. Relationship between antibiotic resistance genes and microbial communities in farmland soil[J]. Environmental Chemistry，2020，**39**(5)：1346-1355.

[52] 程建华，唐翔宇，刘琛. 紫色土丘陵区畜禽养殖场土壤中抗生素抗性基因分布特征[J]. 环境科学，2019，**40**(7)：3257-3262.
Cheng J H，Tang X Y，Liu C. Characteristics of antibiotic resistance genes in various livestock feedlot soils of the hilly purple soil region[J]. Environmental Science，2019，**40**(7)：3257-3262.

[53] Han X M，Hu H W，Chen Q L，*et al*. Antibiotic resistance genes and associated bacterial communities in agricultural soils amended with different sources of animal manures[J]. Soil Biology and Biochemistry，2018，**126**：91-102.

[54] Zhou X，Qiao M，Su J Q，*et al*. High-throughput characterization of antibiotic resistome in soil amended with commercial organic fertilizers[J]. Journal of Soils and Sediments，2019，**19**(2)：641-651.

[55] Zheng Z Z，Li L F，Makhalanyane T P，*et al*. The composition of antibiotic resistance genes is not affected by grazing but is determined by microorganisms in grassland soils[J]. Science of the Total Environment，2020，**761**，doi：10.1016/j.scitotenv.2020.143205.

[56] Wang M，Xie X Y，Wang M Z，*et al*. The bacterial microbiota in florfenicol contaminated soils：the antibiotic resistome and the nitrogen cycle[J]. Environmental Pollution，2020，**259**，doi：10.1016/j.envpol.2019.113901.

[57] Wu W C，Dong C X，Wu J H，*et al*. Ecological effects of soil properties and metal concentrations on the composition and diversity of microbial communities associated with land use patterns in an electronic waste recycling region[J]. Science of the Total Environment，2017，**601-602**：57-65.

[58] Eo J，Park K C. Long-term effects of imbalanced fertilization on the composition and diversity of soil bacterial community[J]. Agriculture，Ecosystems & Environment，2016，**231**：176-182.

[59] Yu C，Hu X M，Deng W，*et al*. Changes in soil microbial community structure and functional diversity in the rhizosphere surrounding mulberry subjected to long-term fertilization[J]. Applied Soil Ecology，2015，**86**：30-40.

[60] 理鹏，吴建强，沙晨燕，等. 粪肥和有机肥施用对稻田土壤微生物群落多样性影响[J]. 环境科学，2020，**41**(9)：4262-4272.
Li P，Wu J Q，Sha C Y，*et al*. Effects of manure and organic fertilizer application on soil microbial community diversity in paddy fields[J]. Environmental Science，2020，**41**(9)：4262-4272.

[61] Obayomi O，Seyoum M M，Ghazaryan L，*et al*. Soil texture and properties rather than irrigation water type shape the diversity and composition of soil microbial communities[J]. Applied Soil Ecology，2021，**161**，doi：10.1016/j.apsoil.2020.103834.

[62] Zhang J Y，Sui Q W，Tong J，*et al*. Soil types influence the fate of antibiotic-resistant bacteria and antibiotic resistance genes following the land application of sludge composts[J]. Environment International，2018，**118**：34-43.

[63] Zhao F K，Yang L，Chen L D，*et al*. Soil contamination with antibiotics in a typical peri-urban area in eastern China：seasonal

variation, risk assessment, and microbial responses[J]. Journal of Environmental Sciences, 2019, **79**: 200-212.

[64] Fang H, Han L X, Zhang H P, *et al*. Repeated treatments of ciprofloxacin and kresoxim-methyl alter their dissipation rates, biological function and increase antibiotic resistance in manured soil[J]. Science of the Total Environment, 2018, **628-629**: 661-671.

[65] 张杰. 诺氟沙星的土壤环境行为及生态效应研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2008.
Zhang J. Behaviors of norfloxacin in soil and its ecotoxicity[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2008.

[66] Li S M, Li J, Li Z, *et al*. Toxic effects of norfloxacin in soil on fed and unfed *Folsomia candida* (Isotomidae: Collembola) and on gut and soil microbiota[J]. Science of the Total Environment, 2021, **788**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2021.147793.

[67] Zhang L L, Zhang C, Lian K T, *et al*. Effects of chronic exposure of antibiotics on microbial community structure and functions in hyporheic zone sediments[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, **416**, doi: 10.1016/J.jhazmat.2021.126141.

[68] Eloe E A, Fadrosh D W, Novotny M, *et al*. Going deeper: metagenome of a hadopelagic microbial community[J]. PLoS ONE, 2011, **6**(5), doi: 10.1371/journal.pone.0020388.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2021 年 12 月 27 日,中国科技论文统计结果发布会在北京举行,会议发布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单.《环境科学》连续 20 次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号.“百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定.该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析,对期刊分学科进行评比,其评价结果客观公正,为我国科技界公认,并具有广泛影响.

HUANJING KEXUE Vol. 43 No. 9
Environmental Science (monthly) Sep. 15, 2022

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, *et al.* (4413)
Simulation of $PM_{2.5}$ Concentration Based on Optimized Indexes of 2D/3D Urban Form ····· LI Sha, ZOU Bin, LIU Ning, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4458)
Size Distribution and Source Appointment of Road Particles During Winter in Tianjin ····· ZHANG Guo-tao, YIN Bao-hui, BAI Wen-yu, *et al.* (4467)
Characteristics and Impact Factors of Number Concentration of Primary Biological Aerosol Particles in Beijing ····· LIANG Lin-lin, LIU Chang, LIU Xu-yan, *et al.* (4475)
Characteristic Analysis and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Beijing in Summer ····· MENG Xiang-lai, SUN Yang, LIAO Ting-ting, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4506)
Comparison of Health Risk from Sources of Perfluoroalkyl Substances in Taihu Lake for Different Years ····· WU Ting, SUN Shan-wei, FAN Jing-pu, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4532)
Distribution Coefficient of QNs in Urban Typical Water and Its Main Environmental Influencing Factors ····· JU Ze-jia, FU Yu, ZHAO Xin-yu, *et al.* (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, *et al.* (4556)
Characteristics and Sources of DOM in Lake Sediments Under Different Inundation Environments ····· CHEN Jia, LI Zhong-wu, JIN Chang-sheng, *et al.* (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, *et al.* (4576)
Integrated Assessment of Runoff Quality from Green Roofs with Different Configurations ····· ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, *et al.* (4587)
Degradation of Chloroquine Phosphate by UV-activated Persulfate ····· LI Yang, XU Bo-hui, DENG Lin, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4625)
Effects of Organic Materials on Phosphorus Fractions and *phoD*-harboring Bacterial Community in Karst Soil ····· XIA Xin, QIAO Hang, SUN Qi, *et al.* (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, *et al.* (4647)
Effects of Biochar Application on Yellow Soil Nutrients and Enzyme Activities ····· YUAN Fang, LI Kai-yu, YANG Hui, *et al.* (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, *et al.* (4662)
Effects of Simulated Nitrogen Deposition on Soil Microbial Carbon Metabolism in *Calamagrostis angustifolia* Wetland in Sanjiang Plain ····· WENG Xiao-hong, SUI Xin, LI Meng-sha, *et al.* (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, *et al.* (4684)
Composition Characteristics and Construction Mechanism of Microbial Community on Microplastic Surface in Typical Redox Environments ····· GONG Zhi-wei, MA Jie, SU Qu, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4717)
Microbial Community Structure of Activated Sludge for Total Nitrogen Upgrading Project ····· LI Hai-song, WANG Ke-dan, CHEN Xiao-lei, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4748)
Evaluation of Heavy Metal Content, Sources, and Potential Ecological Risks in Soils of Southern Hilly Areas ····· WANG Yu, XIN Cun-lin, YU Shi, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4779)
Distribution Characteristics and Risk Assessment of Antimony in Typical Urban Soil ····· SHEN Cheng, YE Wen-juan, QIAN Shi-ying, *et al.* (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, *et al.* (4800)
Effect of Citric Acid and Mowing on Enhancing the Remediation of Cadmium Contaminated Soil by Napier Grass (*Pennisetum purpureum* Schum) ····· TANG Qi, WU Gang-fan, GU Jiao-feng, *et al.* (4810)
Arsenic Methylation Efficiency Changes During Paddy Soil Drying and Its Key Influencing Factors Analysis ····· ZHANG Yue, LI Ling-yi, WEN Jiong, *et al.* (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, *et al.* (4831)
Effects of Straw Returning and Fertilizer Application on Soil Nutrients and Winter Wheat Yield ····· SONG Jia-jie, XU Xi-yang, BAI Jin-ze, *et al.* (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, *et al.* (4848)
Detection of Influencing Factors of Spatial Variability of Soil Respiration in Pangquangou Nature Reserve ····· LI Xiao-min, YAN Jun-xia, DU Zi-qiang, *et al.* (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, *et al.* (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, *et al.* (4878)
Sorption Mechanism and Site Energy Distribution of Acetaminophen on Straw-derived Biochar ····· SHANG Cen-yao, GU Ruo-ting, ZHANG Qiang, *et al.* (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, *et al.* (4902)
Mechanism and Application of Plant Growth-Promoting Bacteria in Heavy Metal Bioremediation ····· MA Ying, WANG Yue, SHI Xiao-jun, *et al.* (4911)