

目次

“大气十条”实施期间南京市 PM _{2.5} 化学组成与来源的演变特征	陈培林, 郭蓉, 王勤耕 (1)
河南省北部区域霾污染过程中城市和农村点位 PM _{2.5} 组分差异	王申博, 王玲玲, 范相阁, 王楠, 马双良, 张瑞芹 (11)
廊坊市秋冬季大气细颗粒物污染特征及来源解析	朱淑贞, 佟洁, 鲍丰, 孙浩 (20)
天津市采暖季不同气团来向 PM _{2.5} 中重金属污染特征及健康风险评价	李立伟, 邓小文, 肖致美, 元洁, 杨宁, 郭小龙, 白宇 (30)
基于多属性决策方法的太原市冬季街道尘土中潜在有害元素关键来源解析	邓文博, 刘文娟 (38)
北京市 PM _{2.5} -O ₃ 复合污染数值响应解析	刘添强 (48)
长三角区域人为源活性挥发性有机物高分辨率排放清单	田俊杰, 丁祥, 安静宇, 李曼, 王鑫, 黄成 (58)
南京北郊工业乡村混合区秋季边界层 VOCs 垂直分布特征	王泰, 朱彬, 施双双, 安俊琳, 唐贵谦, 徐家平 (66)
广西柳城县 VOCs 组分特征、来源及其对臭氧生成的敏感性	吴影, 莫招育, 吴琴琴, 陆嘉晖, 毛敬英, 陈雪梅, 栗少丽, 覃纹, 刘慧琳, 韦敏 (75)
城市臭氧污染特征与高影响气象因子:以苏州为例	何琰, 林惠娟, 曹舒娅, 宋璟璐, 孙伟, 熊宇 (85)
华北平原周县人为源氨排放清单及分布特征	康嘉慧, 孟凡磊, 刘学军, 许稳 (94)
WRF 模式最优参数化方案在不同空气质量模式的应用	杨景朝, 蒋兴文, 伯鑫, 王刚, 冯勇 (104)
西安市春季生物气溶胶的分布特征和健康影响	魏军强, 杨柳, 沈振兴, 王秀茹 (118)
青岛近海不同天气下生物气溶胶中细菌浓度及存活率分布特征	魏文淑, 祁建华, 常成 (127)
中国沉积物多环芳烃的时空分布及驱动因子	黄柱良, 蔡家伟, 王儒威 (138)
长江口近岸地区抗生素抗性基因与微生物群落分布特征	徐秋鸿, 刘曙光, 姜厦, Larisa Dorzhieva Radnaeva, Elena Nikitina, Makhinov Aleksei Nikolavich, Araruna José Tavares, 金字辰, 李鑫 (158)
人类活动影响下的高原湿地四环素类抗生素抗性基因赋存与微生物群落共现性	秦荣, 喻庆国, 刘振亚, 王行 (169)
我国东南地区饮用水源地多种农药的赋存特征及健康风险评估	何姝, 董慧岭, 任南琪 (180)
珠海市中部主要供水水库沉积物重金属时空分布与风险评价	王思瑞, 张坤峰, 昌盛, 张茉莉, 付青 (189)
苏州水网地区河道底泥的重金属分布特征与污染风险	郑敏慧, 白冬锐, 张涛, 陈坦, 王洪涛, 杨婷, 张冰, 金军 (198)
长三角典型城郊流域生物可降解性有机质的分布及影响因素	吴文雨, 马菁晨, 杨磊, 李敏, 唐剑锋 (210)
过水性湖泊水质长期演变趋势及驱动因素:以骆马湖为例	黄雪滢, 高鸣远, 王金东, 王明明, 陈思恩, 龚志军, 王腊春, 蔡永久 (219)
渭河微塑料污染现状与风险评价	山泽萱, 张妍, 张成前, 时鹏, 张鑫 (231)
不同颜色聚碳酸酯塑料对附着藻类生长和群落结构的影响	王梦雪, 尹思成, 王振方, 陈锦贤, 张玮, 王丽卿 (243)
苦草叶表附和和水体浮游细菌群落多样性格局及其影响因素	张梅婷, 刘晋仙, 苏嘉贺, 柴宝峰 (252)
基于 16S rRNA 测序技术的青藏高原河流细菌群落多样性	璩伟卿, 张博美, 黄雪, 任泽, 高红凯 (262)
基于 eDNA 的硅藻群落时空异质性及生态健康评价	姜山, 张颜, 李飞龙, 张效伟 (272)
三峡库区澎溪河河段间水华程度差异及其机制	罗晓佼, 张钊, 黄伟, 胡鹏飞, 谭炳圆, 张磊 (282)
自然降雨下蔬菜地土壤侵蚀及氮素流失特征	宁嘉丽, 黄艳芸, 李桂芳, 陈钊柱, 王坚桦 (293)
绿色、蓝色和蓝-绿屋顶径流水质特征	章孙逊, 张守红, 闫婧, 王恺, 杨航, 王任重远, 张文龙, 李华林 (303)
基于地理探测器的山西省 2000 ~ 2020 年 NPP 时空变化特征及驱动力分析	邵嘉豪, 李晶, 闻星光, 马天跃, 张瑞 (312)
2000 ~ 2020 年西南地区植被 NDVI 时空变化及驱动机制探究	徐勇, 戴强玉, 黄雯婷, 盘钰春, 郑志威, 郭振东 (323)
青海湖周边地区表层土壤重金属含量和抗性基因丰度及相关性	胡石磊, 瞿剑里, 章丽, 赵美蓉 (336)
四川盆地典型农耕地土壤重金属含量、污染及其影响因素	刘属灵, 吴梅, 刘志远, 刘双燕, 刘永林, 赵家宇, 刘怡 (347)
宁夏引黄灌区农田土壤重金属生态风险评价及来源解析	陈林, 马琨, 马建军, 王金保, 李虹, 贾彪, 倪锦炉, 马进鹏, 梁翔宇 (356)
铜冶炼场地周边土壤重金属污染特征与风险评价	彭驰, 刘旭, 周子若, 姜智超, 郭朝晖, 肖细元 (367)
西南地区典型土壤酸化特征及其与重金属形态活性的耦合关系	凌云, 刘汉燧, 张小婷, 魏世强 (376)
外源 Cd 在不同类型土壤中的稳定化特征	王港, 余海英, 黄化刚, 张路, 左洪菊 (387)
基于有效硒的富硒土壤阈值及有效硒的影响因素	王莹, 马彦斌, 王泽晶 (395)
基于成土母质分区的土壤-作物系统重金属累积特征与健康风险评价	陈子万, 许晶, 侯召雷, 彭敏, 杨帆, 陈杰, 徐永强, 杨树云, 李家云, 于林松 (405)
贵州省旱地土壤和玉米 As 含量特征及其种植安全性评估	黄凤艳, 周浪, 宋波, 虎瑞, 吴勇, 王佛鹏, 张云霞 (415)
象草与苦楝/构树间作修复矿区重金属污染土壤潜力	王小慧, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 王小燕 (426)
1 株高耐性肠杆菌的筛选及对铜、砷同步钝化	尹雪斐, 刘玉玲, 伍德, 黄薪铭, 张朴心, 铁柏清 (436)
黄土丘陵区人工刺槐林土壤有机碳矿化特征及其与有机碳组分的关系	朱玉帆, 刘伟超, 李佳欣, 苏玉博, 简俊楠, 杨改河, 任成杰, 冯永忠, 任广鑫, 王晓妍, 韩新辉 (444)
设施农业土壤磷素累积迁移转化及影响因素	方兵, 陈林, 王阳, 祝亚飞, 王瑞, 宋桂芳, 刘俊, 杨斌, 张世文 (452)
优化秸秆管理提高玉米农田碳氮效率与经济效益	王良, 钱欣, 高英波, 张慧, 刘开昌, 陈国庆, 李宗新 (463)
缓控释肥深施对黏性土壤麦田氮素去向的影响	侯朋福, 薛利祥, 袁文胜, 曹帅, 刘颖多, 薛利红, 杨林章 (473)
黄河下游冲积平原轮作休耕农田土壤真菌群落结构与功能	南镇武, 刘柱, 孟维伟, 代红翠, 徐杰, 王娜, 刘灵艳, 王旭清, 刘开昌 (482)
红壤区退化林地表土真菌群落结构对土壤改良措施的响应	管鸿智, 黄荣珍, 王金平, 朱丽琴, 邹显花, 姬绍晖, 林丽靖, 房焕英, 杨梦佳, 廖迎春 (494)
半干旱-亚湿润干旱沙区樟子松根内真菌群落结构和功能时空动态特征	赵珮杉, 郭米山, 高广磊, 丁国栋, 张英, 任悦 (502)
基于 QMEC 分析的青藏高原不同类型冰川前缘地土壤微生物功能潜力	张洁洁, Anders Priemé, 陈显轲, 周汉昌, 张沁唯, 庄绪亮, 秦翔, 庄国强, 马安周 (512)
中国主粮作物生物炭产量效应的 Meta 分析	于滨杭, 姬建梅, 王丽学, 刘静, 高欢, 刘丹 (520)
生物炭影响抗生素在土壤中环境行为的 Meta 分析	李经涵, 张建强, 夏丽琼, 郑世界, 杨红薇, 何杨 (531)
不同农作物秸秆原料制备生物炭特性及重金属浸出行为	李家康, 邱春生, 赵佳奇, 王晨晨, 刘楠楠, 王栋, 王少坡, 孙力平 (540)
中国县城碳排放时空演变与异质性	宋苑震, 曾坚, 王森, 梁晨 (549)
近 20 年重庆市主城区碳排放的时空动态演进及其重心迁移	向书江, 杨春梅, 谢雨琦, 王丹, 王子芳, 高明 (560)
中国 1991 ~ 2018 年突发环境事件时空特征及影响因素	余光辉, 王非凡, 刘贤赵, 李文慧, 向云波 (572)
季铵盐抗菌剂在环境中的迁移转化行为及其毒性效应	张利兰, 覃存立, 钱瑶, 易美玲 (583)

长江口近岸地区抗生素抗性基因与微生物群落分布特征

徐秋鸿¹, 刘曙光^{1,2}, 娄厦^{1,2*}, Larisa Dorzhievna Radnaeva³, Elena Nikitina³, Makhinov Aleksei Nikolavich⁴, Araruna José Tavares⁵, 金宇辰¹, 李鑫¹

(1. 同济大学水利工程系, 上海 200092; 2. 长江水环境教育部重点实验室, 上海 200092; 3. Laboratory of Chemistry of Natural Systems, Baikal Institute of Nature Management of Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Republic of Buryatia, Republic of Buryatia 670000, Russian; 4. Institute of Water and Ecology Problems, Far East Branch, Russian Academy of Sciences, Khabarovsk 680000, Russia; 5. Pontifical Catholic University of Rio de Janeiro, Rio de Janeiro 999074, Brazil)

摘要: 由于抗生素的大量使用, 环境中微生物对抗生素的抗性不断增加, 抗生素抗性基因 (ARGs) 问题越来越严重, 严重威胁生态安全和人类健康。为研究长江口近岸地区水体和底泥沉积物中的 ARGs 和微生物群落的分布特征, 通过野外调查采集了 8 个站点的水样和沉积物样本, 对 2 种磺胺类抗性基因 (*sulI*、*sul2*)、6 种四环素类抗性基因 (*tetM*、*tetC*、*tetX*、*tetA*、*tetO*、*tetQ*)、1 种整合子基因 *intI1*、16S rRNA 基因和微生物群落进行检测分析。结果表明, 长江口近岸地区 10 种抗性基因的检出率为 100%。其中, 整合子基因 *intI1* 和水样中多种 ARGs 呈显著正相关关系。变形菌门 (Proteobacteria) 和拟杆菌门 (Bacteroidota) 是长江口近岸地区水环境中的优势菌门; *Chloroplast* 为水体中的主要菌属, *Chloroplast* 和 *Nitrospira* 为沉积物中的主要菌属。在水体中, 硝化螺旋菌门 (Nitrospirota) 是 4 种四环素类抗性基因 (*tetX*、*tetA*、*tetO* 和 *tetQ*) 共同的潜在宿主; 在沉积物中, Sva0485 是 *sulI* 和 *intI1* 的共同潜在宿主。微生物群落的分布是长江口近岸地区 ARGs 迁移转化的重要影响因素。

关键词: 抗生素抗性基因 (ARGs); 荧光定量 PCR (qPCR); 16S 扩增子测序; 长江口近岸地区; 微生物群落
中图分类号: X52; X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)01-0158-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202203160

Distributions of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in the Nearshore Area of the Yangtze River Estuary

XU Qiu-hong¹, LIU Shu-guang^{1,2}, LOU Sha^{1,2*}, Larisa Dorzhievna Radnaeva³, Elena Nikitina³, Makhinov Aleksei Nikolavich⁴, Araruna José Tavares⁵, JIN Yu-chen¹, LI Xin¹

(1. Department of Hydraulic Engineering, Tongji University, Shanghai 200092, China; 2. Key Laboratory of Yangtze River Water Environment, Ministry of Education, Shanghai 200092, China; 3. Laboratory of Chemistry of Natural Systems, Baikal Institute of Nature Management of Siberian Branch of the Russian Academy of Sciences, Republic of Buryatia, Republic of Buryatia 670000, Russian; 4. Institute of Water and Ecology Problems, Far East Branch, Russian Academy of Sciences, Khabarovsk 680000, Russia; 5. Pontifical Catholic University of Rio de Janeiro, Rio de Janeiro 999074, Brazil)

Abstract: Due to the extensive use of antibiotics, the resistance of microorganisms to antibiotics in the environment is increasing, and the problem of antibiotic resistance genes (ARGs) is becoming more and more severe, which seriously threatens ecological security and human health. In order to study the distribution characteristics of ARGs and the microbial community in different media in the coastal area of the Yangtze River Estuary, water and sediment samples from eight sites were collected through a field investigation. Two sulfonamide resistance genes (*sulI*, *sul2*) and six tetracycline resistance genes (*tetM*, *tetC*, *tetX*, *tetA*, *tetO*, and *tetQ*), one integrase gene *intI1*, 16S rRNA gene, and the microbial community were detected and analyzed. The results showed that the detection rate of 10 resistance genes in the coastal area of the Yangtze River Estuary was 100%. *intI1* was significantly positively correlated with various ARGs in the water samples. Proteobacteria and Bacteroidota were the dominant bacteria phyla in the water environment of the Yangtze River Estuary. *Chloroplast* was the main bacteria genus in water, and *Chloroplast* and *Nitrospira* were the main bacteria genera in sediment. In water, Nitrospirota was the common potential host of four tetracycline resistance genes (*tetX*, *tetA*, *tetO*, and *tetQ*). In sediments, Sva0485 was a potential host community shared by *sulI* and *intI1*. The distribution of the microbial community was an important factor affecting the migration and transformation of ARGs in the nearshore area of the Yangtze River Estuary.

Key words: antibiotics resistance genes (ARGs); quantitative-polymerase chain reaction (qPCR); 16S amplicon sequencing; nearshore area of the Yangtze River Estuary; microbial communities

2006 年, Pruden 等^[1]提出将抗生素抗性基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 作为一种新型的环境污染物, 世界卫生组织也于 2015 年明确提出将微生物抗性作为全球健康风险。全世界范围内越来越多的研究人员开始关注 ARGs 诱发的相关问题。近年来, 抗生素的滥用导致微生物 (包括病原菌和

收稿日期: 2022-03-17; 修订日期: 2022-05-07

基金项目: 国家自然科学基金项目 (51961145106, 42072281); 上海市创新行动计划项目 (20230742500, 22ZR1464200, 22230712900); 中央高校基本科研业务费专项 (22120210576); 土木工程 I 类高峰学科建设项目 (2022-3-YB-03)

作者简介: 徐秋鸿 (1995 ~), 男, 博士研究生, 主要研究方向为长江口水环境污染治理, E-mail: 2010291@tongji.edu.cn

* 通信作者, E-mail: lousha@tongji.edu.cn

非病原菌)对抗生素的抗性逐年增加,环境中的细菌可以通过基因突变和代系遗传等方式获得抗性基因,也可以通过转导、接合和转化等方式获得外源存在的抗性基因^[2].也有研究表明,环境中较低浓度的抗生素可以作为微生物种间或者种内的信号分子,从而调控微生物群落对抗生素进行选择适应^[3].抗生素的存在会加速上述过程的发生,增加环境中抗生素抗性出现的频率,对环境安全和人类健康造成潜在威胁.近年来,我国各大流域都已存在不同程度的 ARGs 污染^[4~7].

海岸带尤其是河口地区,是连接陆地与海洋的重要过渡区域^[8],接纳了大量来自河流径流和污水排放的污染物,包括多环芳烃^[9]、重金属^[10]、抗生素^[11]和 ARGs^[12].含有 ARGs 的污水最终会通过河口排入海洋环境,并在人类活动和水文气象等多种因素的耦合影响下^[13,14],发生一系列复杂的物理-化学-生物作用过程.抗生素抗性基因导致细菌产生耐药性,并可通过水平转移在细菌间传播扩散^[15],严重威胁生态系统安全和人类健康^[16].因此,厘清河口区域水环境中 ARGs 和微生物群落的分布特征至关重要.

本文选取长江口近岸地区作为研究区域,采用荧光定量 PCR (quantitative-polymerase chain reaction, qPCR) 分析水体和沉积物中共 10 种 ARGs 的分布规律,包括 2 种磺胺类抗性基因 (*sulI*、*sul2*)、6 种四环素类抗性基因 (*tetM*、*tetC*、*tetX*、

tetA、*tetO*、*tetQ*) 以及 1 种整合子基因 *intI1* 和 16S rRNA 基因,并采用 16S 扩增子测序技术分析水环境中微生物群落的分布特征,揭示长江口近岸地区 ARGs 与微生物群落间的影响机制,以期为控制长江口近岸地区水环境中 ARGs 污染提供数据支持和科学依据,并为长江口近岸地区 ARGs 生态风险评估提供参考.

1 材料与方法

1.1 样品采集

本文采集了长江口近岸地区 8 个采样点的表层水和沉积物样品,具体采样点分布如图 1 所示.自北向南分别是浏河口(1)、石洞口(2)、吴淞口(3)、竹园排污口(4)、三甲港水闸(5)、朝阳农场(6)、大治河(7)和南汇东滩(8).其中浏河口(1)是浏河与长江的交汇地,吴淞口(3)是黄浦江与长江的交汇地,大治河(7)是大治河与长江交汇地,石洞口(2)和竹园(4)位于城市污水处理厂的排污口,朝阳农场(6)属于滩涂环境,三甲港水闸(5)位于九段沙湿地国家自然保护区的下游断面,南汇东滩(8)属于湿地保护区.

有研究表明,温度对 ARGs 的传播扩散起着重要的作用^[17].因此本次采样时间为 2021 年 7 月 14 日.每个采样点采集表层水(2 L)并装入超纯水洗过的聚乙烯瓶中,同时采集 100 g 沉积物(0~5 cm),并转移至灭菌的塑料袋中.每个采样点采集 3

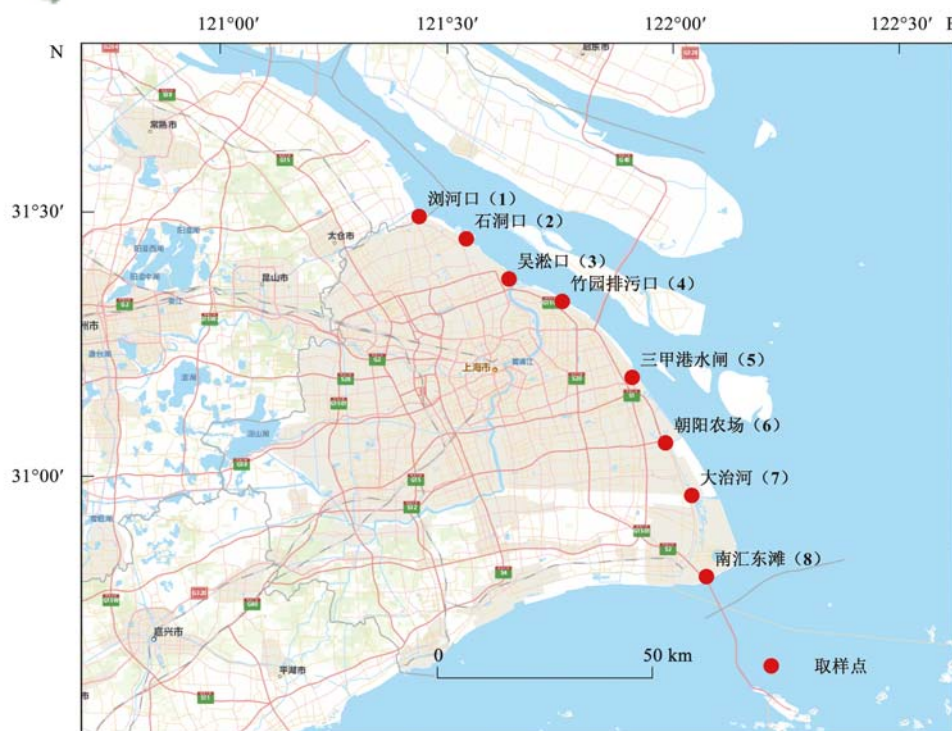


图 1 采样点分布示意

Fig. 1 Location of sampling sites

个平行样品,所有样品均用冰袋保存直至运送到实验室.

1.2 DNA 提取

1 L 水样经 0.22 μm 孔径的玻璃纤维滤膜过滤并收集滤膜,沉积物称取 5 mg 湿样,然后根据 DNA 提取试剂盒 (Fast DNA Spin Kit for Soil, MP Biomedicals, 美国) 说明书提取水样和沉积物样的总 DNA. 提取的 DNA 质量和完整性通过 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳进行验证,并通过超微量分光光度计 (NanoDrop2000, 美国) 进一步定量 DNA 的浓度. 所有 DNA 样品存放于 -20℃ 冰箱备用.

1.3 荧光定量 PCR

本文通过荧光定量 PCR 技术 (qPCR) 定量分析

了 2 类 8 种目标抗性基因和 I 类整合子基因. 本文使用的 ARGs 片段对应的引物序列、片段大小、退火温度和文献如表 1 所示. 荧光定量 PCR 反应体系 (20 μL) 为: 2 × Taq Pro Universal SYBR qPCR Master Mix 10 μL, 上下游引物各 0.4 μL, DNA 模板 2 μL, ddH₂O 7.2 μL. 基因扩增的热循环反应程序为: 95℃ 预变性 30 s; 40 个循环 (每个循环 95℃ 10 s, 退火 30 s, 退火温度见表 1); 溶解曲线温度设置为由 60℃ 增加到 95℃.

为了生成用于测定提取 DNA 中每 ng 基因丰度的 qPCR 标准曲线, 将目标基因克隆到质粒 (*E. coli* DH5a) 中. 使用 NanoDrop2000 测量质粒浓度, 并根据质粒长度和靶序列计算每毫升溶液中靶基因的丰

表 1 目的基因的 qPCR 引物信息和反应条件

Table 1 Primers, product lengths, and annealing temperatures of qPCR for target genes				
目的基因	引物序列(5'-3')	片段大小/bp	退火温度/℃	文献
<i>sulI</i>	F-CACCGGAAACATCGGTGCA	158	60	[18]
	R-AAGTTCCGCCGCAAGGCT			
<i>sul2</i>	F-TCCGGTGGAGGCCGTATCTGG	191	55	[19]
	R-CGGGAATGCCATCTGCCTTGAG			
<i>tetM</i>	F-CCGTGGGAAGTGGAAATGC	196	57	[20]
	R-TCCGAAAATCTGCTGGGGTA			
<i>tetC</i>	F-TGCAACTCGTAGGACAGGTG	140	60	[21]
	R-ACCACTGACGAAGGCTTGAG			
<i>tetX</i>	F-AGCCTTAGCAATGGGTGTA	278	60	[22]
	R-TTCTTACCTTGACATCCCG			
<i>tetA</i>	F-GCTACATCTGCTTGCCTTC	210	60	[20]
	R-CATAGATGCCCGTGAAGAGG			
<i>tetO</i>	F-GATGGCATAACGCACAGACG	172	57	[20]
	R-GCCCAACCTTTTGCTTCACTA			
<i>tetQ</i>	F-AGAATCTGCTGTTTGCCAGTG	167	53	[23]
	R-CGGAGTGCAATGATATTGCA			
<i>intI1</i>	F-CCTCCCGCACGATGATC	280	60	[22]
	R-TCCACGCATCGTCAGGC			
16S rRNA	341F-CCTACGGGAGGCAGCAG	193	60	[24]
	534R-TTACCGCGCTGCTGCAC			

度. 通过对携带目的基因的质粒进行 10 倍的连续梯度稀释, 构建 qPCR 标准曲线. 目的基因的标准曲线和扩增效率如表 2 所示.

表 2 ARGs 定量所需标准曲线和扩增效率¹⁾

Table 2 Standard curve and amplification efficiency of target genes			
基因名称	标准曲线	R ²	扩增效率/%
<i>sulI</i>	$y = -3.5738x + 41.395$	0.9986	91
<i>sul2</i>	$y = -3.4855x + 47.301$	0.9940	94
<i>tetM</i>	$y = -3.1425x + 37.189$	0.9950	108
<i>tetC</i>	$y = -3.4005x + 39.997$	0.9982	97
<i>tetX</i>	$y = -3.5007x + 38.934$	0.9978	93
<i>tetA</i>	$y = -3.3743x + 37.905$	0.9984	98
<i>tetO</i>	$y = -3.4573x + 40.483$	0.9996	95
<i>tetQ</i>	$y = -3.8476x + 43.346$	0.9978	82
<i>intI1</i>	$y = -3.822x + 43.46$	0.9992	83
16S rRNA	$y = -3.2269x + 37.564$	0.9993	104

1) y 为 qPCR 检测的 Ct 值, x 为计算后的基因拷贝数经 lg 转化的值

1.4 16S 扩增子测序

为了研究长江口近岸地区水环境的细菌群落多样性, 使用上游引物 341F (ACTCCTACGGGAGGC AGCA) 和下游引物 805R (GGACTACHVGGGTWTC TAAT) 对 16S rRNA 基因 V3/V4 区域进行扩增. 扩增产物送至上海伟寰生物科技有限公司, 采用 Illumina NovaSeq PE250 平台进行 16S 扩增子测序.

1.5 数据分析

本文使用 Origin 软件对所有数据进行汇总分析, 绘制柱状图、相关性热图和聚类分析热图, 用 Spearman 法进行相关性分析 ($P < 0.05$ 表示显著相关), 使用 R 语言包 “Hmisc” 计算 ARGs 与微生物群落的相关系数. ARGs 丰度变化的主成分分析采用免费的在线数据分析平台 Tutools 进行分析 (<https://www.cloudtutu.com>), ARGs 与微生物群落

网络分析图的绘制采用生科云在线数据分析平台 (<https://www.bioincloud.tech/>).

2 长江口近岸地区 ARGs 的赋存

2.1 ARGs 的分布特征

图 2 为长江口近岸地区水环境中 ARGs 相对丰度分布柱状图, W1 ~ W8 表示长江口近岸地区 1 ~ 8 号采样点的水样, S1 ~ S8 表示 1 ~ 8 号采样点的沉积物样. 本文利用 16S rRNA 基因的丰度对其余目的基因的丰度进行标准化处理, 用来表征单一细菌 ARGs 的相对丰度(基因拷贝数与 16S rRNA 拷贝数的比值)^[18, 25], 以减少 DNA 提取效率以及水环境中微生物背景值干扰所造成的误差^[26, 27]. 本文选择的 10 种 ARGs 在长江口近岸地区 8 个采样点的水样和沉积物中的检出率是 100%.

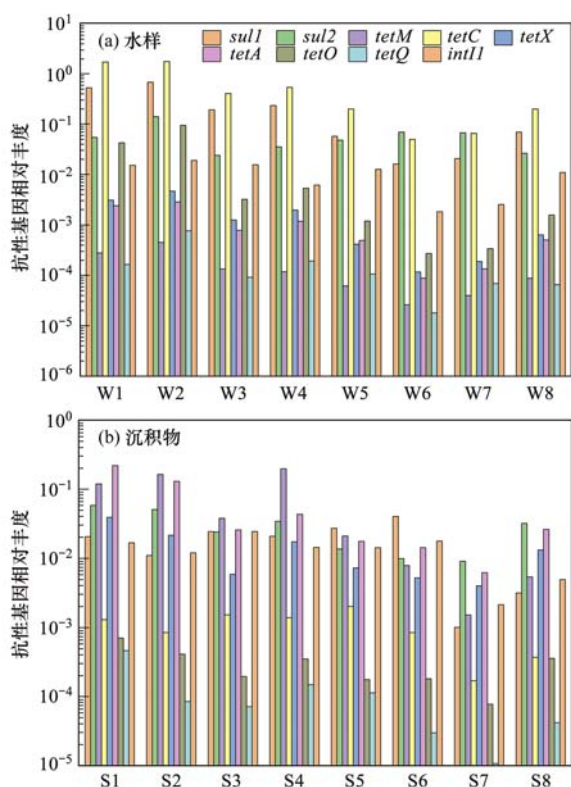


图 2 水样和沉积物样中 ARGs 的相对丰度

Fig. 2 Relative abundance of ARGs in water and sediment samples

如图 2 所示, 在水样中, 9 种目标抗性基因中 *tetC* 的总相对丰度最高, 其相对丰度范围在 $5.01 \times 10^{-2} \sim 1.76$ 之间, 为长江口近岸地区表层水中的优势基因. 在沉积物中, *tetM* 和 *tetA* 的总相对丰度处于较高的水平, 相对丰度范围分别在 $1.51 \times 10^{-3} \sim 1.96 \times 10^{-1}$ 及 $6.19 \times 10^{-3} \sim 2.19 \times 10^{-1}$ 之间, 为长江口近岸地区沉积物中的优势基因. 不同采样点中 ARGs 的总相对丰度大小分布规律为: W2 > W1 > W4 > W3 > W5 > W8 > W7 > W6 (水样中); S1 > S2

> S4 > S3 > S5 > S6 > S8 > S7 (沉积物中). 在水样中, W2 和 W1 的 ARGs 相对丰度显著高于其他采样点; 在沉积物中, S1、S2 和 S4 的 ARGs 相对丰度显著高于其他采样点. 石洞口和竹园采样点位于大型污水处理厂及其邻近水域, 而浏河口采样点位于城市内河与长江下游交汇处. 本文分析结果表明 ARGs 在长江口近岸地区水环境中的富集与污水处理厂的污水排放以及受人类活动影响的城市内河径流有关. 该结论与前人研究该区域的结论相似^[28, 29].

本文长江口近岸地区水样和沉积物中 ARGs 的绝对丰度平均值分别为 $2.32 \times 10^4 \sim 7.66 \times 10^4$ copies·mL⁻¹ 和 $1.41 \times 10^7 \sim 6.59 \times 10^7$ copies·g⁻¹. Lu 等^[30]研究了 ARGs 在渤海和黄海的空间分布, 结果表明在渤海, 目的基因的总绝对丰度范围在 $2.05 \times 10^2 \sim 7.25 \times 10^3$ copies·mL⁻¹ 之间, 而在黄海中, 目的基因的总绝对丰度范围在 $21.1 \sim 8 \times 10^3$ copies·mL⁻¹ 之间. 在渤海和黄海的河口区域, 目的基因的总绝对丰度范围分别在 $1.23 \times 10^4 \sim 3.94 \times 10^5$ copies·mL⁻¹ 和 $8.91 \times 10^4 \sim 3.67 \times 10^5$ copies·mL⁻¹ 之间. Chen 等^[31]对东海海湾沉积物中的 27 个目的基因进行了研究, 在杭州湾和象山湾河口区域, 目的基因的总绝对丰度范围分别在 $8.39 \times 10^6 \sim 2.33 \times 10^7$ copies·g⁻¹ 和 $1.25 \times 10^7 \sim 2.08 \times 10^7$ copies·g⁻¹ 之间. Lu 等^[25]对辽河口和大辽河口磺胺类抗性基因(*sul1*、*sul2* 和 *sul3*)进行了表征, 辽河和大辽河口水样 ARGs 的绝对丰度平均值 < 1×10^3 copies·mL⁻¹. 杨颖^[32]调查了北江流域四环素抗性基因的污染情况, 发现在所检出的四环素抗性基因中, 含量最高的是 *tetC*, 与 16S rRNA 拷贝数比值范围在 $8.3 \times 10^{-2} \sim 13.2$ 之间. 范长征等^[5]分析了湘江长沙河段水体及底泥中 4 种常见四环素类抗生素的含量特征及其季节变化, 其优势基因 *tetC* 和 *tetA* 的相对丰度范围在 $8.2 \times 10^{-5} \sim 7.3 \times 10^{-3}$ 之间. 长江口近岸地区 ARGs 的污染情况在全国处于较高的水平.

为了更深入地研究长江口近岸地区水环境中 ARGs 的分布特征以及水体和沉积物 ARGs 分布的相关性, 本文采用主成分分析法 (PCA)^[33] 对长江口近岸地区 8 个采样点不同介质中 ARGs 的变化特征进行聚类分析. 如图 3 所示, X 轴表示第一主成分 (PC1), Y 轴表示第二主成分 (PC2). 点与点之间的距离表示差异程度. PC1 和 PC2 总共解释了基因丰度变异的 85.2%, 其中, PC1 的值为 54.6%. 可以得出, 表层水样品在 PC1 上聚集, 沉积物样品在 PC2 上聚集. 说明不同采样点不同介质中的 ARGs 分别聚类在一起, 而且水样与沉积物样之间没有关联性.

只有个别采样点的 ARGs 分布超出了 95% 置信椭圆的范围,分别是水样中的 W2 和沉积物样中的 S1. 水样中 ARGs 的分布变化可能是由于石洞口污水处理厂的污水排放提供了大量的营养物质,促进了当地的细菌生长. 沉积物样中 ARGs 的分布变化可能是由于浏河口接纳了大量来自城市内河径流和人类活动引起的陆源排放的污染物,包括重金属、抗生素、抗性细菌等. 浏河口和石洞口样点中 ARGs 的相对丰度平均值分别为: 2.62×10^{-1} 和 4.50×10^{-1} (水样中), 5.27×10^{-2} 和 4.32×10^{-2} (沉积物中). 这两个样点的 ARGs 污染水平处于同一数量级,其差异很小,而且这两个样点以及吴淞口和竹园排污口的污染水平显著高于其他 4 个样点,所以污水处理厂的污水排放和城市内河径流带来的陆源污染物是 ARGs 污染的主要来源. Proia 等^[34]通过研究比利时 Zenne 河中 ARGs 的分布规律,发现污水处理厂处理水的排放会增加 ARGs 的丰度. Guo 等^[35]研究了 ARGs 在长江口的赋存特征,结果表明,污水影响区域和内河交汇

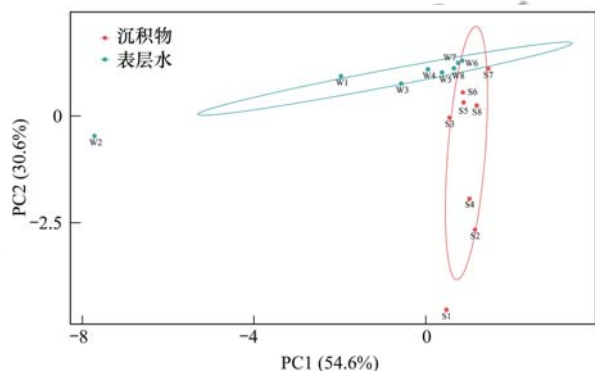


图 3 不同介质中 ARGs 丰度的聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of ARGs abundance in different media

区域会对 ARGs 的丰度造成较大的影响.

2.2 *intI1* 整合子基因与 ARGs 的相关性

水平转移是 ARGs 在环境介质以及微生物中扩散传播的主要途径,而整合子 (integrans) 是促进水环境中 ARGs 水平转移的重要移动基因元件^[36~38].

长江口近岸地区 8 个采样点的 *intI1* 的相对丰度从高到低为: $W2 > W3 > W1 > W5 > W8 > W4 > W7 > W6$ (水样中); $S3 > S6 > S1 > S4 > S5 > S2 > S8 > S7$ (沉积物中). 采用 Spearman 等级相关性检验^[39]分析了 *intI1* 与其他 ARGs 的相关关系 (如表 3),说明 *intI1* 与多种 ARGs 都存在显著的相关关系,尤其是在水样中. *sul1* 基因在水样和沉积物中都与 *intI1* 呈显著相关性 ($P < 0.05$),这可能是由于 *sul1* 的基因序列通常与 *intI1* 的基因序列重叠所导致,前人的研究也证实了这一点^[40~43]. 然而,在沉积物中,四环素类抗性基因和 *intI1* 无显著相关性 ($P > 0.05$),与前人的研究结论不符^[44]. Yang 等^[44]以长江中下游的 15 个淡水湖泊为研究区域,对 18 种不同的 ARGs 进行检测分析. 本研究结果证明四环素类抗性基因 *tetG* 与 *intI1* 之间存在显著的相关关系 ($P < 0.05$). 这说明不同种抗性基因的抗性机制不同,导致其传播扩散的影响因子不同. 虽然 *intI1* 是促进水环境中 ARGs 水平转移的重要移动基因元件,但自然界中还广泛存在其他可移动遗传元件,包括整合子、转座子、噬菌体、质粒和基因岛等^[45,46]. 而且,其他的环境因素包括抗生素、重金属和多环芳烃等也可能影响表层沉积物中 ARGs 的传播扩散^[47,48].

表 3 表层水和沉积物中 *intI1* 与其余 ARGs 的相关性分析¹⁾

Table 3 Correlation analysis between *intI1* and other ARGs in water and sediment samples

类型		<i>sul1</i>	<i>sul2</i>	<i>tetM</i>	<i>tetC</i>	<i>tetX</i>	<i>tetA</i>	<i>tetO</i>	<i>tetQ</i>
表层水	<i>r</i>	0.881 **	0.048	0.881 **	0.881 **	0.786 *	0.786 *	0.786 *	0.690
	<i>P</i>	<0.01	0.911	<0.01	<0.01	0.021	0.021	0.021	0.058
沉积物	<i>r</i>	0.786 *	0.143	0.405	0.667	0.048	0.143	0.143	0.310
	<i>P</i>	0.021	0.736	0.320	0.071	0.911	0.736	0.736	0.456

1) *r* 表示相关系数; * 表示显著性差异, $P < 0.05$; ** 表示极显著性差异, $P < 0.01$

3 长江口近岸地区微生物群落分布

3.1 微生物群落多样性分析

本文采用 16S 扩增子测序技术对长江口近岸地区 8 个采样点的微生物群落多样性进行分析. 细菌群落丰富度指数 (Chao1) 以及多样性指数 (Shannon 和 Simpson)^[49] 计算公式如下:

$$\text{Chao1} = S_{\text{obs}} + n_1(n_1 - 1)/2(n_2 + 1) \quad (1)$$

式中, S_{obs} 为观测到的 OTU (操作分类单元) 数, n_1 为只有一条序列的 OTU 数, n_2 为只有两条序列的 OTU 数.

$$H_{\text{Shannon}} = - \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} \frac{n_i}{N} \ln \frac{n_i}{N} \quad (2)$$

$$D_{\text{Simpson}} = \sum_{i=1}^{S_{\text{obs}}} n_i(n_i - 1) / (N(N - 1)) \quad (3)$$

式中, S_{obs} 为观测到的 OTU 数, n_i 为第 i 个 OTU 中所含的序列数, N 为所有序列数.

如表 4 所示,沉积物的 Chao1、Shannon 和 Simpson 指数都高于表层水,这说明长江口近岸地区沉积物的细菌丰富度和生物多样性要远高于表层水.竹园采样点表层水的 Shannon 指数在 8 个采样点中最高(6.80),沉积物中的 Shannon (7.36) 指数仅次于吴淞口采样点(7.38),这可能是因为污水处理厂的污水排放促进了细菌的繁殖,增加了竹园周围水环境的微生物群落多样性.吴淞口采样点表层水中 Simpson 指数远远低于其他采样点,这说明吴

淞口水样中的群落物种多样性和均匀度偏低,其他采样点的 Simpson 指数都比较接近,表明物种多样性程度较均匀.

3.2 微生物群落结构分析

本文对长江口近岸地区 8 个采样点的微生物群落结构特征进行分析.总体而言,长江口水环境中的微生物群落由 81 个门、231 个纲、569 个目、961 个科、1 960 个属和 4 788 个种组成.在门分类水平上,不同介质中微生物群落的相对丰度如图 4 所示.

在水样中,变形菌门(Proteobacteria)、放线菌门(Actinobacteriota)、拟杆菌门(Bacteroidota)和蓝菌门(Cyanobacteria)为主要菌群,其总相对丰度平均值为 85.87%,其相对丰度平均值占比分别为 46%、13.03%、13.00% 和 13.84%.经过石洞口污水处理厂处理水排放后的下游吴淞口采样点中变形菌门(Proteobacteria)占比显著提高,占总比例的 83.27%,为绝对优势菌群,污水处理厂对变形菌门(Proteobacteria)有着显著的影响^[50].在沉积物中,变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、疣微菌门(Verrucomicrobiota)和酸杆菌门(Acidobacteriota)为主要菌群,其总相对丰度平均值为 64.06%,其相对丰度平均值占比分别为 36.03%、10.72%、9.23% 和 8.08%.并且,变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)作为长江口水环境中的优势菌群,可能参与众多物质的生物化学循环过程^[51].

表 4 细菌群落丰富度指数和多样性指数

Table 4 Bacterial community richness and diversity index

样品	类型	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
浏河口(1)	表层水	1 554	6.18	0.993
	沉积物	2 431	7.06	0.998
石洞口(2)	表层水	928	5.42	0.985
	沉积物	2 521	7.31	0.999
吴淞口(3)	表层水	427	2.40	0.709
	沉积物	3 166	7.38	0.998
竹园排污口(4)	表层水	1 929	6.80	0.997
	沉积物	2 838	7.36	0.999
三甲港水闸(5)	表层水	1 066	5.81	0.992
	沉积物	2 534	7.10	0.998
朝阳农场(6)	表层水	818	4.96	0.969
	沉积物	2 272	6.70	0.995
大治河(7)	表层水	885	5.20	0.982
	沉积物	2 304	7.28	0.999
南汇东滩(8)	表层水	727	4.84	0.979
	沉积物	1 735	6.90	0.997

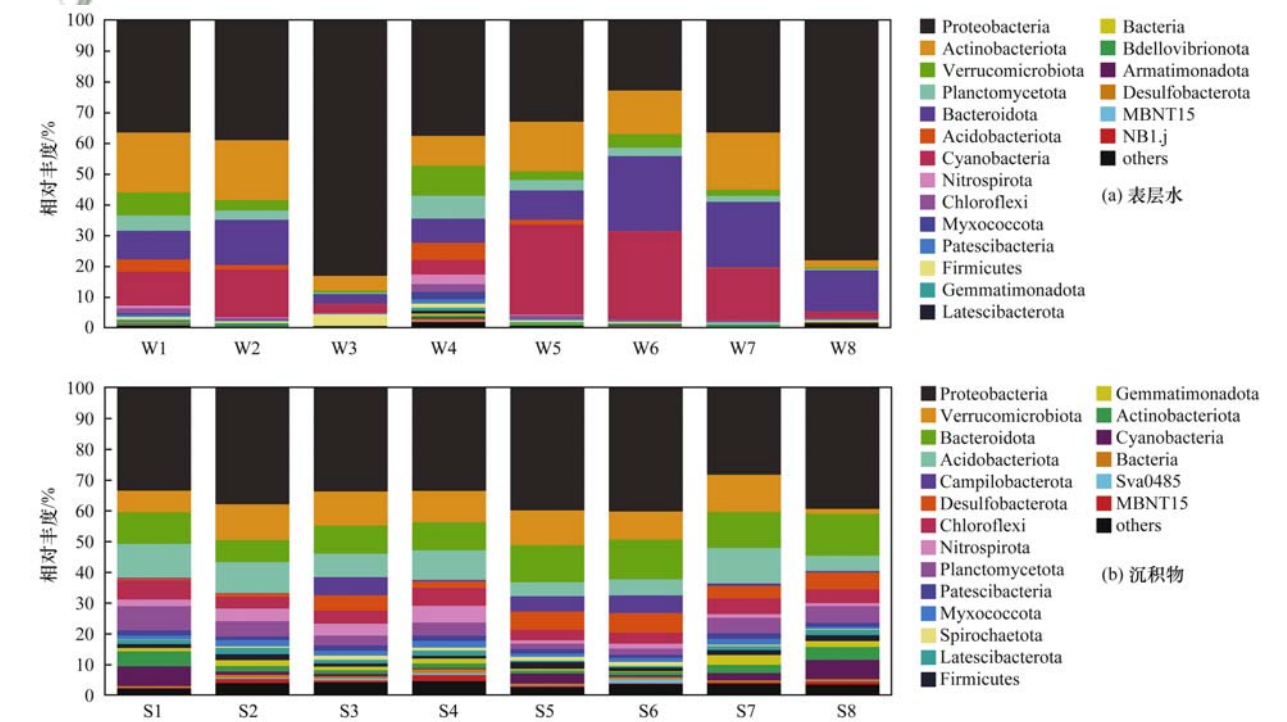


图 4 长江口近岸地区水环境中微生物群落在门水平上的相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of microbial communities in the nearshore area of the Yangtze River Estuary at the phylum level

本文在属分类水平上对样品及其菌属进行了聚类分析,并根据各样品中微生物菌属的相对丰度绘制热图,如图 5 所示. 在水体中, W1 和 W5 采样点之间的菌属差异较小,其中相对丰度较高的菌属是 *Chloroplast*、*Flavobacterium* 和 *Rheinheimera*. 而 W2 和 W3 以及 W4 和 W5 采样点之间的菌属差异较大.

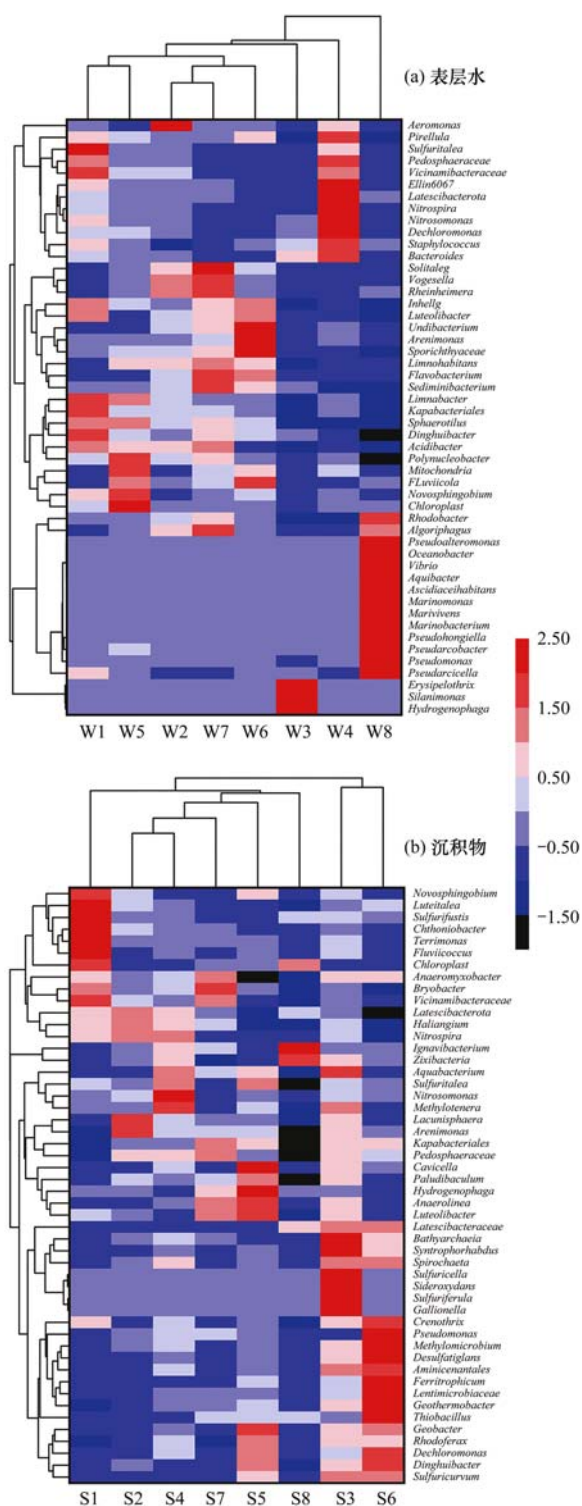


图 5 长江口近岸地区属水平下的聚类分析热图

Fig. 5 Cluster analysis heat map of the nearshore area of the Yangtze River Estuary at the genus level

W2 采样点相对丰度较高的是 *Rheinheimera* 和 *Flavobacterium*, 分别占总量的 31.62% 和 19.87%; W3 采样点的主导菌属为 *Hydrogenophaga*, 其相对丰度占总量的 87.17%, 且显著高于其他采样点. 在 W4 采样点相对丰度较高的是 *Chloroplast* 和 *Nitrospira*, 分别占总量的 14.84% 和 12.83%; 而 W5 采样点主导菌属是 *Chloroplast*, 其相对丰度占总量的 45.50%. W4 和 W5 采样点之间的微生物菌属存在显著差异, 说明污水处理厂的污水排放对水环境中微生物群落结构变化有较大的影响. 有研究发现, 污水处理厂可以直接将微生物释放到环境中^[52,53]. 在沉积物中, S2 和 S4 采样点微生物分布的相似性较高, 差异较小, 其主导菌属均是硝化螺菌属 (*Nitrospira*), 相对丰度分别占总量的 12.46% 和 11.75%, 这可能是由于污水处理厂的厌氧生物处理工艺增加了水环境中污泥富集硝化螺菌属的风险. 硝化螺菌属 (*Nitrospira*) 通常是污水处理厂活性污泥体系中的优势菌属^[54].

3.3 长江口近岸地区 ARGs 与微生物相关性分析

选取相对丰度前 20 的菌门与 ARGs 进行 Spearman 相关性分析, 相关性热图如图 6 所示. 20 种菌门与 10 种 ARGs 之间有 200 种对应关系. 在水样中, 菌门与部分 ARGs 间 (29/200) 呈显著相关 ($P < 0.05$), 放线菌门 (*Actinobacteriota*)、拟杆菌门 (*Bacteroidota*) 和蓝菌门 (*Cyanobacteria*) 与大部分 ARGs 呈正相关. 硝化螺旋菌门 (*Nitrospirota*)、骸骨门 (*Patescibacteria*)、厚壁菌门 (*Firmicutes*)、*Latescibacterota*、*Bacteria*、*Desulfobacterota*、MBNT15 和 NB1.j 与 ARGs 呈显著负相关. 在沉积物中, 菌门与部分 ARGs 间 (25/200) 呈显著相关 ($P < 0.05$), 变形菌门 (*Proteobacteria*)、*Campilobacterota*、*Desulfobacterota*、硝化螺旋菌门 (*Nitrospirota*)、*Spirochaetota*、Sva0485 和 MBNT15 与多种 ARGs 呈显著正相关关系. 拟杆菌门 (*Bacteroidota*)、浮霉菌门 (*Planctomycetota*)、芽单胞菌门 (*Gemmatimonadota*) 和放线菌门 (*Actinobacteriota*) 与多种 ARGs 呈显著负相关关系. 当微生物菌门与目的 ARGs 呈显著正相关关系时, 这些菌门可能是 ARGs 的潜在宿主. Wang 等^[55]研究了洪湖中微生物群落和 6 种目的 ARGs 之间的相关关系, 发现厚壁菌门 (*Firmicutes*)、变形菌门 (*Proteobacteria*) 和芽单胞菌门 (*Gemmatimonadota*) 丰度与 ARGs 丰度呈显著正相关, 表明所属这些门的细菌可能是 ARGs 的宿主. 微生物菌门与目的 ARGs 呈负相关关系可能意味着该菌门的丰度变化会影响 ARGs 的丰度和水平转移. Chen 等^[56]的研究表明, 硫杆菌属

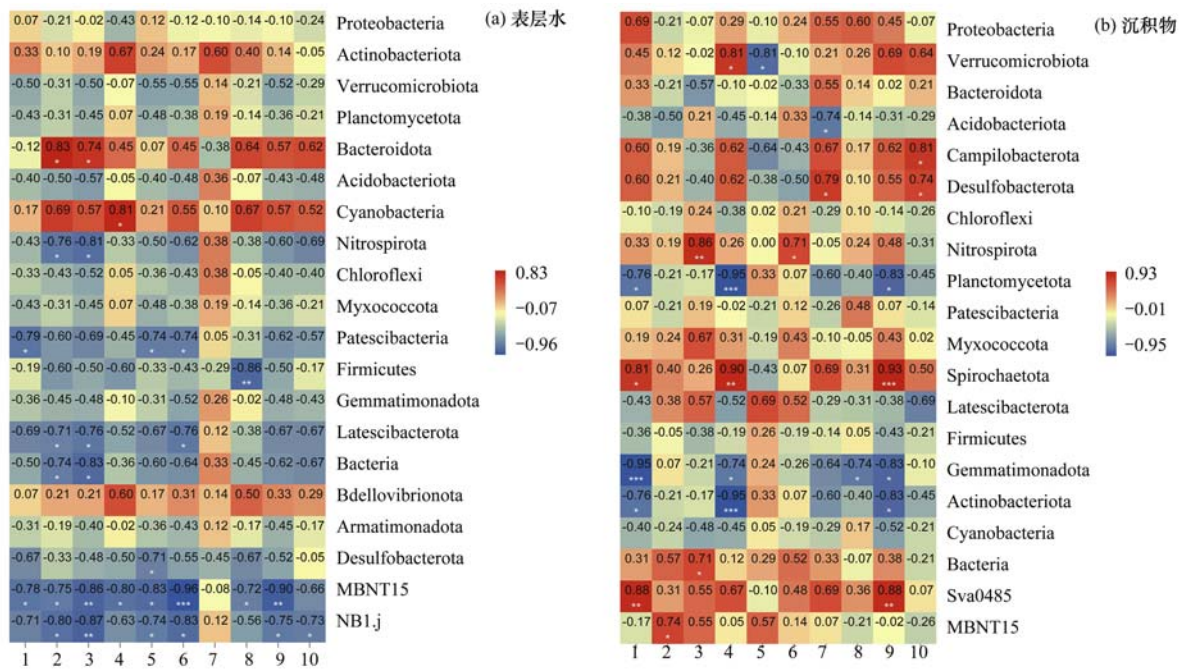


图6 ARGs与微生物菌门相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis between ARGs and microbial phylum

(*Thiobacillus*) 对土霉素具有一定的生物降解作用, 从而可能间接抑制 ARGs 的水平基因转移, 降低 ARGs 的相对丰度。

为了分析长江口近岸地区 ARGs 潜在的宿主信息, 本文采用网络共现图挖掘了 ARGs 与微生物群落的共现模式(图7)。基于 Spearman 相关性系数计算结果($r > 0.7$, $P < 0.05$), 选取 ARGs 与相对丰度排名前 20 的微生物菌门做网络共现分析。结果如图 7 所示, 其中的连接线表示节点之间的相关系数大于 0.7, 显著性小于 0.05 的相关关系, 红线表示正

相关, 蓝线表示负相关。水样中共检测到 5 个潜在宿主, 沉积物中共检测到 3 个潜在宿主。在水样中, 磺胺类抗性基因 *sul1* 未检测到宿主信息, *sul2* 只有 1 个宿主信息(放线菌门), 四环素类抗性基因(*tetX*、*tetA*、*tetO* 和 *tetQ*) 的潜在宿主较多。在水样中, 硝化螺旋菌门(Nitrospirata)是 *tetX*、*tetA*、*tetO* 和 *tetQ* 共同的潜在宿主。微生物氮循环的频繁发生会产生硝化螺旋菌门(Nitrospirata)^[8], 因此, 微生物氮的循环可能会间接影响水体中四环素类抗性基因的分布。在沉积物样品中, 只有 *sul1*、*tetC* 和 *intI1* 存在潜在

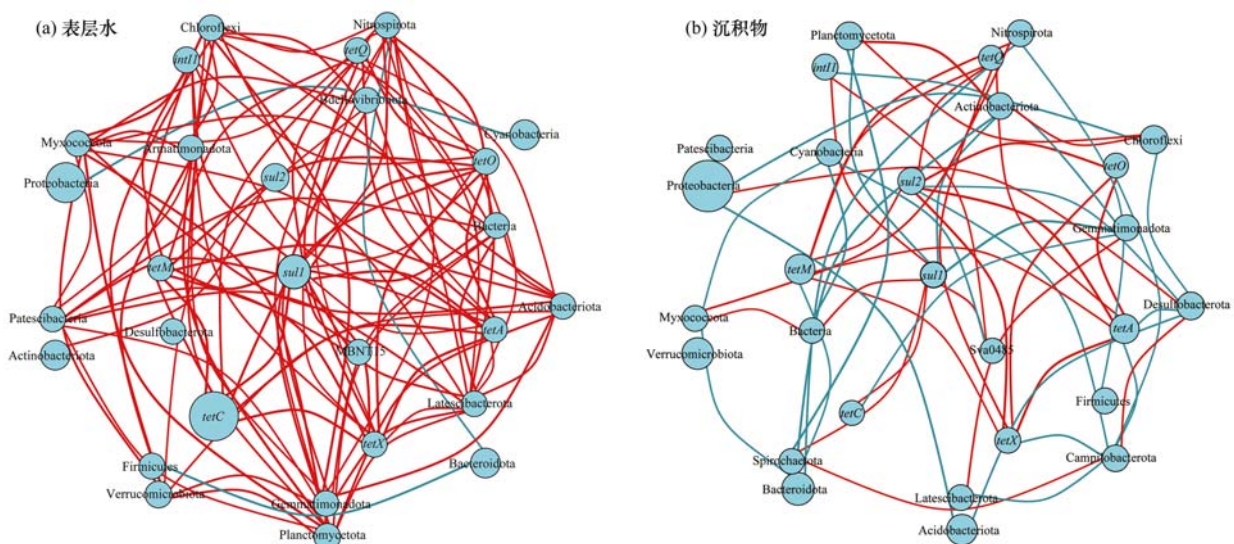


图7 不同介质中 ARGs 与微生物群落网络分析

Fig. 7 Network analysis of the relationship among ARGs and microbial communities in different media

宿主菌门. 磺胺类抗性基因 *sulI* 的潜在宿主较多(2个),说明在沉积物中 *sulI* 受微生物群落变化的影响较大. *sulI* 的潜在宿主分别为 Spirochaetota 和 Sva0485. 硝化螺旋菌门(Nitrospirota)是 *tetC* 的潜在宿主. Sva0485 是 *sulI* 和 *intI1* 的共同潜在宿主. 由于不同介质中微生物群落结构不同, ARGs 的分布和诱导的潜在机制可能有所不同,从而导致 ARGs 与微生物群落的相关性以及 ARGs 的潜在宿主菌存在差异. 共同潜在宿主的存在可能会对 ARGs 的分布特征和水平转移产生影响,会导致细菌获得多重耐药性,在一定程度上加速细菌的产生,生态安全和人类健康可能遭到威胁^[57]. 长江口近岸地区多重耐药菌对 ARGs 的影响机制值得进一步研究和探索.

4 结论

(1) 2 种磺胺类抗性基因(*sulI*、*sul2*)、6 种四环素类抗性基因(*tetM*、*tetC*、*tetX*、*tetA*、*tetO*、*tetQ*)以及 1 种整合子基因 *intI1* 和 16S rRNA 基因在长江口近岸地区水环境中均有检出. 城市内河径流和污水处理厂的污水排放对长江口近岸地区 ARGs 的分布有较大的影响.

(2) 在水体中,整合子基因 *intI1* 与 7 种 ARGs(*sulI*、*sul2*、*tetM*、*tetC*、*tetX*、*tetA*、*tetO*)存在显著正相关关系($P < 0.05$);在沉积物中整合子基因 *intI1* 只与一个磺胺类抗性基因 *sulI* 存在显著正相关关系. 整合子基因 *intI1* 可能已经不是沉积物中调控 ARGs 迁移转化的重要影响因素.

(3) 微生物群落多样性分析上,长江口近岸地区沉积物中细菌的丰富度和多样性要远高于表层水体. 微生物群落结构上,变形菌门(Proteobacteria)和拟杆菌门(Bacteroidota)是长江口近岸地区水环境中的优势菌门; *Chloroplast* 为水体中的主要菌属, *Chloroplast* 和 *Nitrospira* 为沉积物中的主要菌属. 微生物群落多样性以及群落结构变化与污水处理厂的污水排放有关.

(4) 在水体中,硝化螺旋菌门(Nitrospirota)是 4 种四环素类抗性基因(*tetX*、*tetA*、*tetO* 和 *tetQ*)共同的潜在宿主;在沉积物中, Sva0485 是 *sulI* 和 *intI1* 的共同潜在宿主. 微生物群落的丰度变化对长江口近岸地区大部分 ARGs 的迁移转化有较大影响.

参考文献:

- [1] Pruden A, Pei R T, Storteboom H, et al. Antibiotic resistance genes as emerging contaminants: studies in northern Colorado [J]. Environmental Science & Technology, 2006, 40(23): 7445-7450.
- [2] Alekshun M N, Levy S B. Molecular mechanisms of antibacterial multidrug resistance[J]. Cell, 2007, 128(6): 1037-1050.
- [3] Aminov R I. The role of antibiotics and antibiotic resistance in nature[J]. Environmental Microbiology, 2009, 11(12): 2970-2988.
- [4] 杨继平, 邱志刚, 袁兆康, 等. 天津海河流域抗生素抗性基因分布特征及与指示微生物的关系[J]. 环境与健康杂志, 2017, 34(4): 313-316.
Yang J P, Qiu Z G, Yuan Z K, et al. Distribution of antibiotic resistance genes and their relationship with indicator microorganisms in Haihe River basin, Tianjin [J]. Journal of Environment and Health, 2017, 34(4): 313-316.
- [5] 范长征, 王聪, 鲁伦慧, 等. 湘江四环素及抗性基因含量特征及其季节变化[J]. 湖南大学学报(自然科学版), 2015, 42(6): 107-112.
Fan C Z, Wang C, Lu L H, et al. Occurrence and seasonal changes of tetracycline antibiotics and antibiotic resistance genes in the Xiang River [J]. Journal of Hunan University (Natural Sciences), 2015, 42(6): 107-112.
- [6] 房平, 代鹤峰, 庄僊, 等. 东江下游典型饮用水源地抗生素抗性基因分布研究[J]. 生态环境学报, 2019, 28(3): 548-554.
Fang P, Dai H F, Zhuang X, et al. Distribution of antibiotic resistance genes in typical drinking water sources in the lower Dongjiang River [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2019, 28(3): 548-554.
- [7] 沈群辉, 冀秀玲, 傅淑珺, 等. 黄浦江水域抗生素及抗性基因污染初步研究[J]. 生态环境学报, 2012, 21(10): 1717-1723.
Shen Q H, Ji X L, Fu S J, et al. Preliminary studies on the pollution levels of antibiotic and antibiotic resistance genes in Huangpu River, China [J]. Ecology and Environmental Sciences, 2012, 21(10): 1717-1723.
- [8] 郭行馨. 长江口滨岸水环境中抗生素抗性基因的赋存特征[D]. 上海: 华东师范大学, 2019.
Guo X P. Occurrence and abundance of antibiotic resistance genes in aquatic environments along the Yangtze estuary [D]. Shanghai: East China Normal University, 2019.
- [9] Liu M, Hou L J, Yang Y, et al. Distribution and sources of polycyclic aromatic hydrocarbons in intertidal flat surface sediments from the Yangtze estuary, China [J]. Environmental Geology, 2001, 41(1-2): 90-95.
- [10] Lin S, Hsieh I J, Huang K M, et al. Influence of the Yangtze River and grain size on the spatial variations of heavy metals and organic carbon in the East China Sea continental shelf sediments [J]. Chemical Geology, 2002, 182(2-4): 377-394.
- [11] Hao S, Yi Y, Min L, et al. Occurrence and distribution of antibiotics in the surface sediments of the Yangtze Estuary and nearby coastal areas [J]. Marine Pollution Bulletin, 2014, 83(1): 317-323.
- [12] Xu T, Zhao W T, Guo X P, et al. Characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in Qingcaosha Reservoir in Yangtze River Delta, China [J]. Environmental Sciences Europe, 2020, doi: 10.21203/rs.2.19989/v2.
- [13] Zhang J, Zhang Z F, Liu S M, et al. Human impacts on the large world rivers: would the Changjiang (Yangtze River) be an illustration? [J]. Global Biogeochemical Cycles, 1999, 13(4): 1099-1105.
- [14] Jiao N Z, Zhang Y, Zeng Y H, et al. Ecological anomalies in the East China Sea: impacts of the three gorges dam? [J]. Water Research, 2007, 41(6): 1287-1293.
- [15] 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.
- [16] 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.
- [17] Pu C J, Yu Y, Diao J X, *et al.* Exploring the persistence and spreading of antibiotic resistance from manure to biocompost, soils and vegetables [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **688**: 262-269.
- [18] Luo Y, Mao D Q, Rysz M, *et al.* Trends in antibiotic resistance genes occurrence in the Haihe River, China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(19): 7220-7225.
- [19] Pei R T, Kim S C, Carlson K H, *et al.* Effect of River Landscape on the sediment concentrations of antibiotics and corresponding antibiotic resistance genes (ARG) [J]. *Water Research*, 2006, **40**(12): 2427-2435.
- [20] Ng L K, Martin I, Alfa M, *et al.* Multiplex PCR for the detection of tetracycline resistant genes [J]. *Molecular and Cellular Probes*, 2001, **15**(4): 209-215.
- [21] Huang M H, Zhang W, Liu C, *et al.* Fate of trace tetracycline with resistant bacteria and resistance genes in an improved AAO wastewater treatment plant[J]. *Process Safety and Environmental Protection*, 2015, **93**: 68-74.
- [22] Schmitt H, Stooß K, Hamscher G, *et al.* Tetracyclines and tetracycline resistance in agricultural soils: microcosm and field studies[J]. *Microbial Ecology*, 2006, **51**(3): 267-276.
- [23] Aminov R I, Chee-Sanford J C, Garrigues N, *et al.* Development, validation, and application of PCR primers for detection of tetracycline efflux genes of gram-negative bacteria [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002, **68**(4): 1786-1793.
- [24] Koike S, Krapac I G, Oliver H D, *et al.* Monitoring and source tracking of tetracycline resistance genes in lagoons and groundwater adjacent to swine production facilities over a 3-year period[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2007, **73**(15): 4813-4823.
- [25] Lu Z H, Na G S, Hui G, *et al.* Fate of sulfonamide resistance genes in estuary environment and effect of anthropogenic activities [J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **527-528**: 429-438.
- [26] Guo X P, Li J, Yang F, *et al.* Prevalence of sulfonamide and tetracycline resistance genes in drinking water treatment plants in the Yangtze River Delta, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2014, **493**: 626-631.
- [27] 赵婉婷, 黄智峰, 郭雪萍, 等. 太湖周边饮用水处理厂中抗生素抗性基因污染分布特征[J]. *环境化学*, 2020, **39**(12): 3271-3278.
- Zhao W T, Huang Z F, Guo X P, *et al.* Pollution and distribution characteristics of antibiotic resistance genes in drinking water treatment plants around Taihu Lake [J]. *Environmental Chemistry*, 2020, **39**(12): 3271-3278.
- [28] 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.
- [29] Lin L, Yuan K, Liang X M, *et al.* Occurrences and distribution of sulfonamide and tetracycline resistance genes in the Yangtze River Estuary and nearby coastal area [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2015, **100**(1): 304-310.
- [30] Lu J, Zhang Y X, Wu J, *et al.* Occurrence and spatial distribution of antibiotic resistance genes in the Bohai Sea and Yellow Sea areas, China[J]. *Environmental Pollution*, 2019, **252**: 450-460.
- [31] 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.
- [32] 杨颖. 北江水环境中抗生素抗性基因污染分析[D]. 广州: 中山大学, 2010.
- Yang Y. Characterizing the pollution by the representative antibiotic resistance genes (ARGs) in the Beijiang River, South China[D]. Guangzhou: Sun Yat-Sen University, 2010.
- [33] Guo X P, Zhao S, Chen Y R, *et al.* Antibiotic resistance genes in sediments of the Yangtze Estuary: from 2007 to 2019 [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **744**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140713.
- [34] Proia L, Anzil A, Subirats J, *et al.* Antibiotic resistance along an urban river impacted by treated wastewaters[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **628-629**: 453-466.
- [35] Guo X P, Yang Y, Lu D P, *et al.* Biofilms as a sink for antibiotic resistance genes (ARGs) in the Yangtze Estuary [J]. *Water Research*, 2018, **129**: 277-286.
- [36] Stalder T, Barraud O, Casellas M, *et al.* Integron involvement in environmental spread of antibiotic resistance [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2012, **3**, doi: 10.3389/fmicb.2012.00119.
- [37] Stedtfeld R D, Stedtfeld T M, Waseem H, *et al.* Isothermal assay targeting class 1 integrase gene for environmental surveillance of antibiotic resistance markers [J]. *Journal of Environmental Management*, 2017, **198**: 213-220.
- [38] Stokes H W, Hall R M. A novel family of potentially mobile DNA elements encoding site-specific gene-integration functions: integrons [J]. *Molecular Microbiology*, 1989, **3**(12): 1669-1683.
- [39] 程森, 路平, 冯启言. 渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落[J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2541-2549.
- Cheng S, Lu P, Feng Q Y. Distribution of antibiotic resistance genes and microbial communities in a fishery reclamation mining subsidence area [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2541-2549.
- [40] Bennett P M. Plasmid encoded antibiotic resistance: acquisition and transfer of antibiotic resistance genes in bacteria[J]. *British Journal of Pharmacology*, 2008, **153**(S1): S347-S357.
- [41] Chee-Sanford J C, Mackie R I, Koike S, *et al.* Fate and transport of antibiotic residues and antibiotic resistance genes following land application of manure waste [J]. *Journal of Environmental Quality*, 2009, **38**(3): 1086-1108.
- [42] Nigro S J, Farrugia D N, Paulsen I T, *et al.* A novel family of genomic resistance islands, AbGRI2, contributing to aminoglycoside resistance in *Acinetobacter baumannii* isolates belonging to global clone 2 [J]. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 2013, **68**(3): 554-557.
- [43] 江月, 陈奕涵, 何义亮. 长江下游某水源型水库抗生素抗性基因污染研究[J]. *环境科学学报*, 2018, **38**(3): 884-891.
- Jiang Y, Chen Y H, He Y L. Study on antibiotic resistance genes contamination in a reservoir located at Yangtze River downstream[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2018, **38**(3): 884-891.
- [44] Yang Y Y, Liu W Z, Xu C, *et al.* Antibiotic resistance genes in lakes from middle and lower reaches of the Yangtze River, China: effect of land use and sediment characteristics [J]. *Chemosphere*, 2017, **178**: 19-25.

- [45] van Elsas J D, Bailey M J. The ecology of transfer of mobile genetic elements [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2002, **42** (2): 187-197.
- [46] Zhang M, He L Y, Liu Y S, *et al.* Variation of antibiotic resistome during commercial livestock manure composting [J]. *Environment International*, 2020, **136**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105458.
- [47] Nguyen C C, Hugie C N, Kile M L, *et al.* Association between heavy metals and antibiotic-resistant human pathogens in environmental reservoirs; a review [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2019, **13**(3), doi: 10.1007/s11783-019-1129-0.
- [48] Das N, Kotoky R, Maurya A P, *et al.* Paradigm shift in antibiotic-resistome of petroleum hydrocarbon contaminated soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **757**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.143777.
- [49] Finotello F, Mastrorilli E, Di Camillo B. Measuring the diversity of the human microbiota with targeted next-generation sequencing [J]. *Briefings in Bioinformatics*, 2018, **19**(4): 679-692.
- [50] 罗晓, 张文丽, 袁立霞, 等. 纳污河流抗性基因和微生物群落相关性[J]. *中国环境科学*, 2019, **39**(6): 2606-2613.
Luo X, Zhang W L, Yuan L X, *et al.* Correlation between resistance genes and microbial community in polluted rivers [J]. *China Environmental Science*, 2019, **39**(6): 2606-2613.
- [51] Guo X P, Lu D P, Niu Z S, *et al.* Bacterial community structure in response to environmental impacts in the intertidal sediments along the Yangtze Estuary, China [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2018, **126**: 141-149.
- [52] 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.
- [53] 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.
- [54] Yao Q, Peng D C. Nitrite oxidizing bacteria (NOB) dominating in nitrifying community in full-scale biological nutrient removal wastewater treatment plants [J]. *AMB Express*, 2017, **7**(1), doi: 10.1186/s13568-017-0328-y.
- [55] Wang Z, Han M Z, Li E H, *et al.* Distribution of antibiotic resistance genes in an agriculturally disturbed lake in China: their links with microbial communities, antibiotics, and water quality [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, **393**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.122426.
- [56] Chen J F, Yang Y W, Liu Y Y, *et al.* Bacterial community shift and antibiotics resistant genes analysis in response to biodegradation of oxytetracycline in dual graphene modified bioelectrode-microbial fuel cell [J]. *Bioresource Technology*, 2019, **276**: 236-243.
- [57] 王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 等. 江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(2): 749-760.
Wang L F, Cheng Y Q, Hu X D, *et al.* Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in representative drinking water resources in Jiangsu province [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(2): 749-760.

CONTENTS

Evolution of PM _{2.5} Chemical Composition and Sources in Nanjing During the Implementation of the APPCAP	CHEN Pei-lin, GUO Rong, WANG Qin-geng (1)
Differences in PM _{2.5} Components Between Urban and Rural Sites During Heavy Haze Event in Northern Henan Province	WANG Shen-bo, WANG Ling-ling, FAN Xiang-ge, <i>et al.</i> (11)
Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric Fine Particles in Langfang in Autumn and Winter	ZHU Shu-zhen, TONG Jie, BAO Feng, <i>et al.</i> (20)
Pollution Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in PM _{2.5} of Different Air Masses During Heating Season in Tianjin	LI Li-wei, DENG Xiao-wen, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i> (30)
Analysis of Critical Source of Potentially Harmful Elements in Urban Road Dust During Winter in Taiyuan Based on Multiple Attribute Decision Making Method	DENG Wen-bo, LIU Wen-juan (38)
Numerical Response Analysis of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Beijing	LIU Tian-qiang (48)
High-resolution Emission Inventory of Reactive Volatile Organic Compounds from Anthropogenic Sources in the Yangtze River Delta Region	TIAN Jun-jie, DING Xiang, AN Jing-yu, <i>et al.</i> (58)
Vertical Distribution Characteristics of Boundary Layer Volatile Organic Compounds in Autumn in the Mixed Industrial and Rural Areas over the Northern Suburb of Nanjing	WANG Tai, ZHU Bin, SHI Shuang-shuang, <i>et al.</i> (66)
Characterization of Ambient Volatile Organic Compounds, Source Apportionment, and the Ozone-NO _x -VOC Sensitivities in Liucheng County, Guangxi	WU Ying, MO Zhao-yu, WU Qin-qin, <i>et al.</i> (75)
Characteristics of Ozone Pollution and High-impact Meteorological Factors in Urban Cities: A Case of Suzhou	HE Yan, LIN Hui-juan, CAO Shu-ya, <i>et al.</i> (85)
Emission Inventory and Distribution Characteristics of Anthropogenic Ammonia in Quzhou County, North China Plain	KANG Jia-hui, MENG Fan-lei, LIU Xue-jun, <i>et al.</i> (94)
Application of WRF Optimal Parameterization Scheme for Different Air Quality Models	YANG Jing-chao, JIANG Xing-wen, BO Xin, <i>et al.</i> (104)
Distribution Characteristics and Health Effects of Bioaerosols in Spring over Xi'an City	WEI Jun-qiang, YANG Liu, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (118)
Distribution of Bacterial Concentration and Viability in Atmospheric Bioaerosols Under Different Weather Conditions in the Coastal Region of Qingdao	WEI Wen-shu, QI Jian-hua, CHANG Cheng (127)
Spatiotemporal Distribution and Driving Factors of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Inland Sediments of China	HUANG Zhu-liang, CAI Jia-wei, WANG Ru-wei (138)
Distributions of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in the Nearshore Area of the Yangtze River Estuary	XU Qiu-hong, LIU Shu-guang, LOU Sha, <i>et al.</i> (158)
Co-occurrence of Tetracycline Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in Plateau Wetlands Under the Influence of Human Activities	QIN Rong, YU Qing-guo, LIU Zhen-ya, <i>et al.</i> (169)
Occurrence and Health Risk Assessment of Multiple Pesticides in Drinking Water Sources of Southeast China	HE Shu, DONG Hui-yu, REN Nan-qi (180)
Spatiotemporal Distribution and Pollution Risk Assessment of Heavy Metals in Sediments of Main Water Supply Reservoirs in Central Zhuhai City	WANG En-rui, ZHANG Kun-feng, CHANG Sheng, <i>et al.</i> (189)
Distribution Characteristics and Pollution Risk of Heavy Metals in River Sediment of Suzhou Water Network Area, China	ZHENG Min-hui, BAI Dong-rui, ZHANG Tao, <i>et al.</i> (198)
Distribution of Biodegradable Dissolved Organic Matter and Its Affecting Factors in a Typical Peri-urban Watershed in Yangtze River Delta	WU Wen-yu, MA Jing-sheng, YANG Lei, <i>et al.</i> (210)
Long-term Succession Patterns and Driving Factors of Water Quality in a Flood-pulse System Lake: A Case Study of Lake Luoma, Jiangsu Province	HUANG Xue-ying, GAO Ming-yuan, WANG Jin-dong, <i>et al.</i> (219)
Microplastic Pollution Status and Ecological Risk Evaluation in Weihe River	SHAN Ze-xuan, ZHANG Yan, ZHANG Cheng-qian, <i>et al.</i> (231)
Effects of Different Colored Polycarbonate Plastics on Growth and Community Structure of Periphytic Algae	WANG Meng-xue, YIN Si-cheng, WANG Zhen-fang, <i>et al.</i> (243)
Diversity Patterns and Influencing Factors of Epibiotic in <i>Vallisneria natans</i> and Planktonic Bacteria Communities	ZHANG Mei-ting, LIU Jin-xian, SU Jia-he, <i>et al.</i> (252)
Bacterial Community and Diversity of River Ecosystems on the Qinghai-Tibet Plateau Based on 16S rRNA Gene Sequencing	QU Wei-qing, ZHANG Bo-mei, HUANG Xue, <i>et al.</i> (262)
Spatial and Temporal Heterogeneity and Ecological Health Evaluation of Diatom Community Based on eDNA	JIANG Shan, ZHANG Yan, LI Fei-long, <i>et al.</i> (272)
Severity Differences and Mechanisms of Algal Blooms Among Sections in Pengxi River of the Three Gorges Reservoir	LUO Xiao-jiao, ZHANG Xing, HUANG Wei, <i>et al.</i> (282)
Characteristics of Soil Erosion and Nitrogen Loss in Vegetable Field Under Natural Rainfall	NING Jia-li, HUANG Yan-hui, LI Gui-fang, <i>et al.</i> (293)
Effects of Green, Blue, and Blue-green Roofs on Runoff Quality	ZHANG Sun-xun, ZHANG Shou-hong, YAN Jing, <i>et al.</i> (303)
Analysis of Spatiotemporal Variation Characteristics and Driving Forces of NPP in Shanxi Province from 2000 to 2020 Based on Geodetector	SHAO Jia-hao, LI Jing, YAN Xing-guang, <i>et al.</i> (312)
Spatio-temporal Variation in Vegetation Cover and Its Driving Mechanism Exploration in Southwest China from 2000 to 2020	XU Yong, DAI Qiang-yu, HUANG Wen-ting, <i>et al.</i> (323)
Heavy Metal Content and Resistance Gene Abundance and Related Properties in the Surface Soil around Qinghai Lake	HU Shi-lei, QU Jian-li, ZHANG Li, <i>et al.</i> (336)
Soil Heavy Metal Content, Pollution, and Influencing Factors in Typical Farming Area of Sichuan Basin	LIU Shu-ling, WU Mei, LIU Zhi-yuan, <i>et al.</i> (347)
Risk Assessment and Sources of Heavy Metals in Farmland Soils of Yellow River Irrigation Area of Ningxia	CHEN Lin, MA Kun, MA Jian-jun, <i>et al.</i> (356)
Characteristics and Risk Assessment of Heavy Metals in the Soil Around Copper Smelting Sites	PENG Chi, LIU Xu, ZHOU Zi-ruo, <i>et al.</i> (367)
Characteristics of Typical Soil Acidification and Effects of Heavy Metal Speciation and Availability in Southwest China	LING Yun, LIU Han-yi, ZHANG Xiao-ting, <i>et al.</i> (376)
Stabilization Characteristics of Exogenous Cd in Different Types of Soil	WANG Gang, YU Hai-ying, HUANG Hua-gang, <i>et al.</i> (387)
Threshold of Se-rich Soil Based on Available-Se and Influencing Factors of Available-Se	WANG Ying, MA Yan-bin, WANG Ze-jing (395)
Accumulation Characteristics and Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soil-Crop System Based on Soil Parent Material Zoning	CHEN Zi-wan, XU Jing, HOU Zhao-lei, <i>et al.</i> (405)
Characteristics and Planting Safety Assessment of As Content in Dryland Soil and Maize in Guizhou Province	HUANG Feng-yan, ZHOU Lang, SONG Bo, <i>et al.</i> (415)
Potential of Intercropping <i>Pennisetum purpureum</i> Schum with <i>Melia azedarach</i> L. and <i>Broussonetia papyrifera</i> for Phytoremediation of Heavy-metal Contaminated Soil around Mining Areas	WANG Xiao-hui, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (426)
Inactivation of Cd and As by an <i>Enterobacter</i> Isolated from Cd and As Contaminated Farmland Soil	YIN Xue-fei, LIU Yu-ling, WU De, <i>et al.</i> (436)
Mineralization Characteristics of Soil Organic Carbon and Its Relationship with Organic Carbon Components in Artificial <i>Robinia pseudoacacia</i> Forest in Loess Hilly Region	ZHU Yu-fan, LIU Wei-chao, LI Jia-xin, <i>et al.</i> (444)
Accumulation, Migration, and Transformation of Soil Phosphorus in Facility Agriculture and Its Influencing Factors	FANG Bing, CHEN Lin, WANG Yang, <i>et al.</i> (452)
Optimizing Straw Management to Enhance Carbon and Nitrogen Efficiency and Economic Benefit of Wheat-Maize Double Cropping System	WANG Liang, QIAN Xin, GAO Ying-bo, <i>et al.</i> (463)
Effect of Deep Fertilization with Slow/Controlled Release Fertilizer on N Fate in Clayey Soil Wheat Field	HOU Peng-fu, XUE Li-xiang, YUAN Wen-sheng, <i>et al.</i> (473)
Structure and Function of Soil Fungal Community in Rotation Fallow Farmland in Alluvial Plain of Lower Yellow River	NAN Zhen-wu, LIU Zhu, MENG Wei-wei, <i>et al.</i> (482)
Response of Topsoil Fungal Community Structure to Soil Improvement Measures in Degraded Forest of Red Soil Region	GUAN Hong-zhi, HUANG Rong-zhen, WANG Jin-ping, <i>et al.</i> (494)
Temporal and Spatial Variations in Root-associated Fungi Associated with <i>Pinus sylvestris</i> var. <i>mongolica</i> in the Semi-arid and Dry Sub-humid Desertified Regions of Northern China	ZHAO Pei-shan, GUO Mi-shan, GAO Guang-lei, <i>et al.</i> (502)
QMEC-based Analysis of the Soil Microbial Functional Potentials across Different Tibetan Plateau Glacier Forelands	ZHANG Jie-jie, Anders Priemé, CHEN Xian-ke, <i>et al.</i> (512)
Meta Analysis on Yield Effect of Biochar for Staple Crops in China	YU Bin-hang, JI Jian-mei, WANG Li-xue, <i>et al.</i> (520)
Effects of Biochar on Antibiotic Environmental Behaviors in Soil: A Meta-analysis	LI Jing-han, ZHANG Jian-qiang, XIA Li-qiong, <i>et al.</i> (531)
Properties of Biochars Prepared from Different Crop Straws and Leaching Behavior of Heavy Metals	LI Jia-kang, QIU Chun-sheng, ZHAO Jia-qi, <i>et al.</i> (540)
Spatial-temporal Evolution and Heterogeneity of Carbon Emissions at County-level in China	SONG Yuan-zhen, ZENG Jian, WANG Sen, <i>et al.</i> (549)
Spatiotemporal Dynamic Evolution and Gravity Center Migration of Carbon Emissions in the Main Urban Area of Chongqing over the Past 20 Years	XIANG Shu-jiang, YANG Chun-mei, XIE Yu-qi, <i>et al.</i> (560)
Spatiotemporal Characteristics and Influencing Factors of Environment Emergency Incident in China from 1991 to 2018	YU Guang-hui, WANG Fei-fan, LIU Xian-zhao, <i>et al.</i> (572)
Migration, Transformation, and Toxicity of Quaternary Ammonium Antimicrobial Agents in the Environment	ZHANG Li-lan, QIN Cun-li, QIAN Yao, <i>et al.</i> (583)