

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}-O₃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, 李旻, 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, 粟少丽, 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中的应用 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, 娄厦, Larisa Dorzhieva Radnaeva, Elena Nikitina, Makhinov Aleksei Nikolavich, Araruna José Tavares, 金宇辰, 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线性 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, 董慧峰, 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, 张坤锋, 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, 张妍, 黄伟, 胡鹏飞, 谭炳圆, 张磊 (282)

自然降雨下蔬菜土壤侵蚀及氮素流失特征 宁嘉丽, 黄艳芬, 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, 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, 闫星光, 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, 倪细炉, 马进福, 梁翔宇 (356)

铜冶炼场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镉、砷同步钝化 尹雪斐, 刘玉玲, 伍德, 黄蔚铭, 张朴心, 铁柏清 (436)

黄土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, 王晓娇, 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 管智鸿, 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, 王丽宇, 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)

《环境科学》征订启事(29) 《环境科学》征稿简则(57) 信息(443, 481, 530)

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¹, 喻庆国^{1,2}, 刘振亚^{1,2}, 王行^{1,2,3*}

(1. 西南林业大学云南省高原湿地保护修复与生态服务重点实验室, 昆明 650224; 2. 西南林业大学云南滇池湿地生态系统国家定位观测研究站, 昆明 650224; 3. 中国科学院城市环境研究所城市环境与健康重点实验室, 厦门 361021)

摘要: 抗生素的广泛使用导致抗生素大量进入环境中, 进而使微生物产生耐药性。近年来, 随着高原区域人类活动的加剧, 高原湿地中抗生素耐药基因(ARGs) 的赋存和迁移研究备受关注。以地处云贵高原的鹤庆草海国家湿地公园为研究区, 分析河流上游(泉眼附近原始生境) 和河流下游(居民生活污水排放口) 沉积物中的四环素类、磺胺类、喹诺酮类和大环内酯类共 4 类抗生素的含量分布, 其中四环素类抗生素检出含量为 103.65 ~ 2 185 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 是含量最高的抗生素种类。为进一步探究四环素类抗性基因的赋存特征和影响因素, 通过相关性分析和网络分析揭示了人类活动影响下环境因子、细菌群落结构和病原菌对四环素类 ARGs 的影响。结果发现, 上、下游沉积物中共检出 15 种四环素类抗性基因, 其中, 上游检出 *tetPA*、*tetD* 和 *tetPB* 等 7 种抗性基因, 下游检出 *tetPA*、*tetE*、*tetM* 和 *tetX* 等 13 种抗性基因, 下游新增的 8 种抗性基因占下游基因丰度的 43.44%; 四环素类抗生素含量及有效磷、总有机碳、硝态氮和总磷等理化指标是影响四环素类 ARGs 分布的主要环境因子; 上、下游沉积物中检出细菌分属于 64 个细菌门, 其中变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes) 和拟杆菌门(Bacteroidota) 是影响四环素类 ARGs 丰度的主要菌门; 同时, 上、下游共检出 27 种病原菌。网络分析显示下游新增的 8 种抗性基因与病原菌相关性占网络连接度的 70%, 且李斯特菌(*Listeria monocytogenes*)、粪肠球菌(*Enterococcus faecalis*) 和普通拟杆菌(*Bacteroides vulgatus*) 是四环素类 ARGs 传播的主要潜在宿主。相较于原始生境, 居民生活污水的排放在引入大量抗生素的同时也改变了河流湿地微环境和微生物群落结构, 并增加了沉积物中的 ARGs 种类, 进而促进 ARGs 在微生物甚至是病原菌之间的扩散和传播。

关键词: 高原湿地; 四环素; 抗生素抗性基因(ARGs); 微生物群落结构; 病原菌

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)01-0169-11 DOI: 10.13227/j.hjxx.202203109

Co-occurrence of Tetracycline Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in Plateau Wetlands Under the Influence of Human Activities

QIN Rong¹, YU Qing-guo^{1,2}, LIU Zhen-ya^{1,2}, WANG Hang^{1,2,3*}

(1. Yunnan Key Laboratory of Plateau Wetland Conservation, Restoration and Ecological Services, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; 2. National Wetland Ecosystem Fixed Research Station of Yunnan Dianchi, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; 3. Key Laboratory of Urban Environment and Health, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, China)

Abstract: The widespread use of antibiotics has led to a large number of antibiotics entering the environment, to which microorganisms have become resistant. In recent years, with the intensification of human activities in the plateau region, the occurrence and migration of antibiotic resistance genes (ARGs) in plateau wetlands have attracted considerable attention. Here, we selected the Caohai National Wetland Park, located in the Yunnan-Guizhou Plateau, as our study area. The contents of tetracyclines, sulfonamides, quinolones, and macrolides in sediments from the upstream (the pristine habitat near the spring eye) and downstream (the sewage discharge outlet of residents) areas of the river in the park were analyzed. Among them, the detection content of tetracycline antibiotics was 103.65-2 185 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, which was the highest antibiotic detection content. To further investigate the occurrence characteristics and influencing factors of tetracycline resistance genes, the influence of environmental factors, bacterial community structure, and pathogenic bacteria on tetracycline ARGs under the influence of human activities were revealed via correlation analysis and network analysis. The results showed that a total of 15 tetracycline resistance genes were detected in the upstream and downstream sediments. Among them, seven resistance genes including *tetPA*, *tetD*, and *tetPB* were detected in the upstream, and 13 resistance genes such as *tetPA*, *tetE*, *tetM*, and *tetX* were detected in the downstream. The abundance of eight new resistance genes in the downstream accounted for 43.44% of the downstream genes. The tetracycline-like antibiotics and soil physicochemical indicators (i. e., available phosphorus, total organic carbon, nitrate nitrogen, and total phosphorus) were the main environmental factors affecting the distribution of tetracycline ARGs. Additionally, the bacteria detected in the upstream and downstream sediments belonged to 64 bacterial phyla, among which Proteobacteria, Firmicutes, and Bacteroidota were the main phyla affecting the abundance of tetracycline ARGs; meanwhile, 27 pathogenic bacteria were detected in the upstream and downstream sediments. Network analysis showed that the correlation between the eight new resistance genes and pathogens in the downstream area accounted for 70% of the network connectivity, and *Listeria monocytogenes*, *Enterococcus faecalis*, and *Bacteroides vulgatus* were identified as potential hosts for the transmission of tetracycline ARGs. Compared to the pristine habitat, the discharge of domestic sewage introduced large amounts of antibiotics and also changed the microenvironment and microbial community structure of the river wetland. Additionally, it increased the species of ARGs in sediments, which promoted the spread and transmission of ARGs among microorganisms and even pathogens.

Key words: plateau wetlands; tetracycline; antibiotic resistance genes (ARGs); microbial community structure; pathogenic bacteria

收稿日期: 2022-03-12; 修订日期: 2022-05-03

基金项目: 云南省基础研究计划项目(202201AT070057); 国家自然科学基金项目(41877346)

作者简介: 秦荣(1996 ~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为高原湿地抗性基因赋存, E-mail: 2581043115@qq.com

* 通信作者, E-mail: hwangl7@163.com

近年来,抗生素在医疗、畜牧养殖和农业生产中的广泛使用导致环境中的细菌在抗生素的选择压力下产生耐药性^[1],并形成耐药菌^[2]. 抗生素耐药性已经成为全球公共卫生关注的焦点,一旦微生物对抗生素产生耐药性,临床上一些常见的感染性疾病将面临无药可医的境地. 鉴于这一现象的普遍性,人们将越来越多的注意力转向可能有助于抗生素抗性基因(antibiotic resistant genes, ARGs)在临床领域之外传播的环境途径^[3]. 过去数十年的研究证明,随着人类活动对环境影响强度的增加,ARGs 污染的程度也随之增加^[4],人类活动与 ARGs 环境污染之间正相关的关系也不断被证实^[5]. 因此,识别抗性基因可能的污染来源并了解人类活动与 ARGs 产生的关系就显得尤为重要. 此外,由于抗生素耐药性是一种自然现象,某些类型的抗性基因是环境中天然存在的^[6-8],因此对比研究自然产生的抗性基因与人为污染产生的抗性基因(包括类型、含量、传播和风险等)对抗性基因的溯源跟踪以及污染控制至关重要.

目前关于水环境中抗性基因的污染研究多集中于经济发达和人口稠密地区^[9],而对于经济发展相对落后,人口密度较小的高原湿地的研究则相对较少. 湿地被称为“地球之肾”,发挥着蓄水保土、净化水质、调节气候和维护生物多样性等重要的生态功能. 其中,高原湿地面积占据全国湿地资源的一半,高原湿地独特的地理环境及较高的海拔使其较少受人类活动的干扰,是相对原始的生境^[10]. 然而,近年来,随着高原人类活动的加剧,高原湿地呈现变异敏感度高、稳定性差等一系列生态脆弱性特征,是典型的生态脆弱带和敏感地区^[11],人类活动对高原湿地中 ARGs 赋存和传播的影响备受关注^[12,13]. 高原湿地中的河流湿地在为生态系统和人类社会提供重要资源的同时也是各种生物污染物的蓄水池^[14],这些生物污染物不可避免地来自不同的污水来源汇集,可引起微生物群落发生变化,甚至导致 ARGs 向病原体传播^[15],降低对病原体的治疗潜力,引发人

类健康高风险^[16]. 为了准确识别由自然以外的人类活动导致的 ARGs 污染,首先必须排除本土环境中原生 ARGs 的干扰.

本文选取云贵高原的鹤庆草海国家湿地公园为研究区,该区域因地壳在差异抬升过程中断裂形成诸多泉眼,这些泉眼发源自地下水,水质天然洁净,汇集成河流的源头,是重要的饮用水源;然而在河流下游,因流经村庄,大量居民生活污水在下游汇集,该段河流不可避免地成为各种污水来源的蓄积池. 为对比研究自然生境及人类活动干扰下的 ARGs 的赋存与传播,沿河流梯度分别等距采集上游水源地(泉眼)和下游(受污水排放影响的纳污河流段)河流中的沉积物样品,对河流中的抗生素及四环素类抗性基因进行检测,并对其赋存和分布特征与环境因子、微生物群落和病原菌进行分析,以期为高原湿地生态系统中 ARGs 的溯源跟踪和污染控制提供基础数据.

1 材料与方法

1.1 样品采集

研究区位于云南省大理市鹤庆草海国家湿地公园,以距离村庄远近将河流湿地划分为上游(upstream, US)和下游(downstream, DS),上、下游相距 250 m. 上游位于国家湿地公园内,平均海拔为 2 206 m,该段河流发源于凤凰山脚下的一处泉眼,受国家和政府严格保护,且距离村庄距离较远,水质天然洁净无污染,排除了养殖、放牧和污水排放等直接人类活动的干扰,可看作是原始生境. 下游位于排污口下方,平均海拔为 2 199 m,主要污染源来自当地居民生活污水排放,为主要的纳污河流段. 利用土壤取样器沿河流梯度分别于上游(间距为 3 m)和下游(间距为 10 m)各等距采集 3 个沉积物样本,每个样品由 5 个质量为 100 g 的子样本均匀混合而成. 上游样品标记为 US1、US2 和 US3,下游样品标记为 DS1、DS2 和 DS3(图 1). 样品剔除大块砂砾和生物

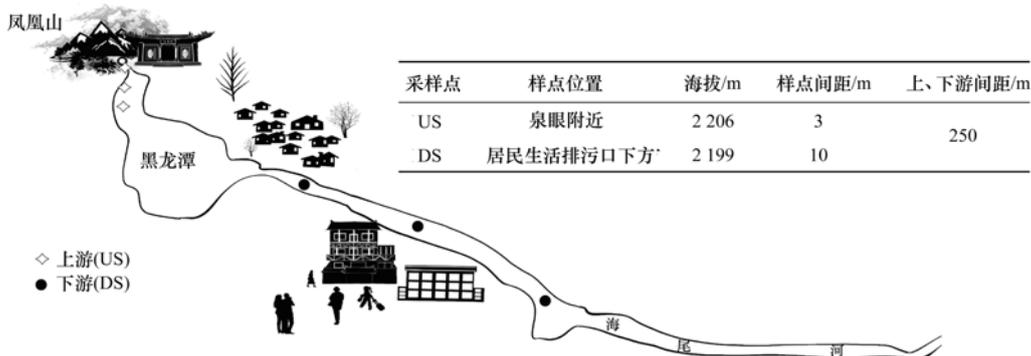


图 1 采样点示意

Fig. 1 Sampling sites

残体后装于密封袋中用于基础理化指标的测定,同时取约 5 g 样品装入 5 mL 无菌离心管中,封口后立即放入盛有冰袋的采样箱中,用液氮保存运至实验室预处理.将离心管中的样品储存于 -80°C 冰箱中,用于分子生物学实验及沉积物中微生物 DNA 提取.

1.2 基础理化指标及抗生素含量测定

共进行 9 项基本理化指标和 16 种抗生素的测定.土壤含水率(SWC)采用烘干称重法;pH 值采用酸度计电位法;土壤有效磷(Olsen-P)采用钼锑抗比色法;土壤总有机碳(TOC)采用总有机碳分析仪(vario TOC,德国)测定;土壤总氮(TN)和总磷(TP)用浓硫酸消煮后用连续流动分析仪(AA3, Bran + LuebbeCrop, 德国)测定;土壤硝态氮(NO_3^- -N)和铵态氮(NH_4^+ -N)用氯化钾浸提法,然后使用连续流动分析仪(德国 SEAL Analytical AA3)测定;阳离子交换量(CEC)采用三氯化六氨合钴浸提-分光光度法.参照之前使用的研究方法^[17],使用 HPLC-MS/MS 系统(LCMS-8040 系统,日本岛津)对 4 类共 16 种抗生素进行定量测定,包括四环素类:四环素(TC)、土霉素(OTC)、金霉素(CTC)和强力霉素(DOC);磺胺类:磺胺嘧啶(SDZ)、磺胺甲噁唑(SMX)、磺胺二甲嘧啶(SMZ)、磺胺间甲氧嘧啶(SMM)、磺胺噻恶啉(SCX)、磺胺地索辛(SCZ)和磺胺氯吡嗪(SDM);喹诺酮类:诺氟沙星(NFC)、氧氟沙星(OFX)、环丙沙星(CFC)和恩诺沙星(EFC);大环内酯类:罗红霉素(RTM).

1.3 DNA 提取及 PCR 定量

根据制造商的说明,使用 MoBio PowerSoil DNA 提取试剂盒(MoBio Carlsbad, CA, USA)提取土壤 DNA,然后使用 1% 的琼脂糖凝胶检测 DNA 完整性以确定质量,提取后的 DNA 样品于 -80°C 下保存备用.采用 SYBR Green 法对土样中的四环素类抗生素抗性基因进行检测,共使用 26 条引物^[18]扩增沉积物 DNA 中的靶基因,包括四环素类抗生素的抗性基因(25 条引物)和 16S rRNA 基因,每一套引物都包括一个非模板阴性对照.PCR 反应条件为: 95°C 下热变性 10 min,随后进行 40 个循环,每个循环包括 95°C 下变性 30 s, 60°C 退火温度下反应 30 s, 72°C 下延伸 10 s,自动生成扩增曲线,后冷却至 40°C ,并维持 30 s.反应结束后获得 Ct 值(目标扩增产物达到设定阈值的扩增循环数).所有的 PCR 定量都进行 3 次技术重复,而只有在 3 个技术重复中均被检出的基因,才将该基因判定为阳性.先计算扩增的基因数,然后根据下式计算每个扩增基因的相对基因拷贝数.

$$N = 10^{(31 - Ct) / (10/3)}$$

式中,Ct 为 PCR 定量结果, N 为相对基因拷贝数,31 为检测限.然后通过归一化 16S rRNA 基因拷贝数,将每个基因的相对拷贝数转化为绝对拷贝数($\text{copies} \cdot \text{g}^{-1}$).在定量 16S rRNA 基因拷贝数时,需考虑 DNA 提取效率和可能的 PCR 反应抑制,采用适当的稀释步骤.

1.4 细菌群落分析

利用引物 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3') 对 16S rRNA 基因 V3 ~ V4 可变区进行 PCR 扩增,使用 NEXTFLEXRapid DNA-Seq Kit 进行建库,用 Illumina-MiSeq 高通量测序平台进行测序.MiSeq 测序得到的 PE reads 首先根据 overlap 关系进行拼接,同时对序列质量进行质控和过滤,然后采用 RDP classifier 贝叶斯算法以 97% 相似水平对 OTU 进行聚类分析,细菌和病原菌分别基于 Silva 数据库、Human_HPB 数据库进行比对注释,而后进行相应的物种分类学分析.

1.5 数据分析

用 Origin 绘制抗生素含量分布图,Student t 检验(Student's t test)对基础理化指标进行差异性检验.为明确抗性基因的检出及丰度,分别用 R 语言、Origin 绘制韦恩图和柱形图;采用 R 语言中的 Vegan 包和 ggplot2 包进行主坐标轴分析(principal coordinates analysis, PCoA),以考察抗性基因的分布差异.细菌 16S rRNA 原始测序数据基于 QIIME (Version 1.7.0) 进行处理,在进行微生物分析之前,reads 首先被归一化到等序深度;通过香农指数、辛普森指数、艾斯指数、赵氏指数和覆盖度来计算微生物的 α 多样性;同时以河流梯度为约束条件,基于 Bray-Curtis 距离,使用 R 语言 vegan 包中的 Capscale 函数对微生物 β 多样性进行 CAP 分析(canonical analysis of principal coordinates),此处使用约束排序的目的是为了评估河流污染梯度对微生物群落的约束效应的重要性.为进一步考察 ARGs 与环境因子、微生物之间的关系,使用 R 语言中的 pleatmap 和 ggplot2 包绘制理化指标、抗生素含量和 ARGs 的相关性热图,Psych 包计算 ARGs 与微生物之间的 Spearman 相关性系数,基于相关性数据采用 Gephi 软件进行网络可视化.以上所有统计分析及绘图均在 SPSS 25.0、Origin 2018、Gephi 和 R 语言中完成.

2 结果与分析

2.1 理化指标及抗生素含量分布特征

由表 1 可知,下游与上游相比,pH 和铵态氮含

量呈下降趋势,但差异不显著,而含水率、总有机碳、总氮、总磷、硝态氮、有效磷和阳离子交换量均呈上升趋势,其中,总氮和硝态氮在上、下游差异极显著

($P < 0.01$),总氮在下游较上游增加了 2.16 倍,硝态氮增加了 12.26 倍;总有机碳在上、下游差异显著 ($P < 0.05$),在下游较上游增加了 2.81 倍。

表 1 上、下游沉积物基本理化指标及差异比较¹⁾

Table 1 Comparison of soil physical and chemical indexes between upstream and downstream

项目	pH	$\omega(\text{SWC})$ /%	$\omega(\text{TOC})$ /mg·g ⁻¹	$\omega(\text{TN})$ /mg·g ⁻¹	$\omega(\text{TP})$ /mg·g ⁻¹	$\omega(\text{NO}_3^- \text{-N})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{NH}_4^+ \text{-N})$ /mg·kg ⁻¹	$\omega(\text{Olsen-P})$ /mg·kg ⁻¹	CEC /cmol·kg ⁻¹
US	8.18	38.9	14.5	1.62	5.18	1.72	21.2	0.07	23.0
DS	8.00	46.3	55.3	5.12	11.1	22.8	16.3	0.08	25.2
P 值	0.175	0.580	0.049*	0.008**	0.256	0.007**	0.732	0.792	0.540

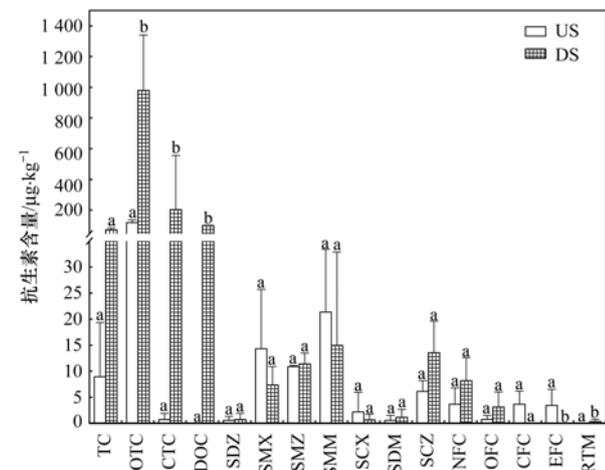
1) 上游和下游之间的差异通过 Mann-Whitney U 进行检验, * 表示 $P < 0.05$, 差异显著, ** 表示 $P < 0.01$, 差异极显著

上、下游沉积物中共检出 4 类 16 种抗生素(图 2), 包括 4 环素类 (TC、OTC、CTC、DOC)、磺胺类 (SDZ、SMX、SMZ、SMM、SCX、SDM、SCZ)、喹诺酮类 (NFC、OFC、CFC、EFC) 和大环内酯类 (RTM). 上、下游抗生素含量差异明显, 上游抗生素总含量为 195.01 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 下游抗生素总含量为 1 415.89 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 下游沉积物中的抗生素含量约为上游的 7 倍, 远高于上游. 从检出率来看, 磺胺类抗生素检出率为 73.8%, 四环素类抗生素检出率为 71%, 两类抗生素是沉积物中检出最为频繁的抗生素种类. 四环素类抗生素总含量为 103.65 ~ 2 185 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 磺胺类抗生素总含量为 17.45 ~ 105.12 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 喹诺酮类抗生素总含量为 0 ~ 31.25 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 大环内酯类抗生素总含量为 0 ~ 0.85 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 四环素类抗生素是检出含量最高的抗生素种类. 此外, 四环素类抗生素在上、下游含量差异最明显, 上游的含量为 127.80 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 下游的含量为 1 354.67 $\mu\text{g}\cdot\text{kg}^{-1}$, 下游约为上游的 10 倍. 从显著性检验结果来看, 除 OTC、CTC、DOC、EFC 和 RTM 这 5 种抗生素在上、下

游差异显著 ($P < 0.05$) 外, 其余均不显著.

2.2 四环素类 ARGs 的丰度变化

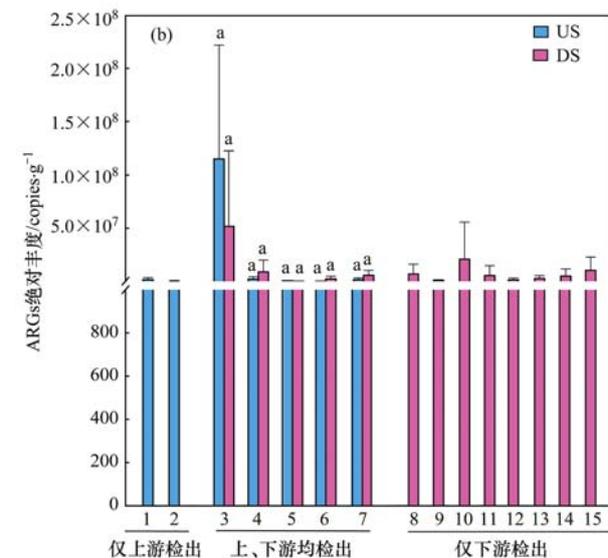
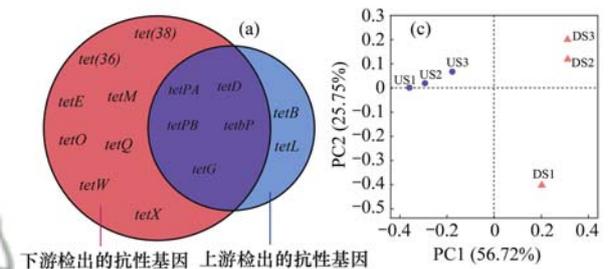
由图 3(a) 可知, 上、下游沉积物中共检出 15 种四环素类 ARGs. 上游检出 7 种 ARGs, 分别是 *tetB*、*tetbP*、*tetD*、*tetG*、*tetL*、*tetPA* 和 *tetPB*; 下游检出 13 种 ARGs, 分别是 *tet(36)*、*tet(38)*、*tetbP*、*tetD*、*tetE*、*tetG*、*tetM*、*tetO*、*tetPA*、*tetPB*、*tetQ*、*tetW* 和



相同小写字母表示无显著差异, 不同小写字母表示在 0.05 水平下差异性显著

图 2 抗生素在上、下游沉积物含量

Fig. 2 Contents of antibiotics in upstream and downstream sediments



(a) 四环素类 ARGs 在上、下游沉积物中的分布; (b) 四环素类 ARGs 在上、下游沉积物中的绝对丰度; (c) 四环素类 ARGs 在上、下游沉积物中的主成分分析; 1. *tetB*, 2. *tetL*, 3. *tetPA*, 4. *tetD*, 5. *tetPB*, 6. *tetbP*, 7. *tetG*, 8. *tet(36)*, 9. *tet(38)*, 10. *tetE*, 11. *tetM*, 12. *tetO*, 13. *tetQ*, 14. *tetW*, 15. *tetX*; 相同小写字母表示无显著差异, 不同小写字母表示在 0.05 水平下差异性显著

图 3 上、下游沉积物中 ARGs 的分布

Fig. 3 Distribution of ARGs in upstream and downstream sediments

tetX, 其中, *tetPA*、*tetD*、*tetG*、*tetPB* 和 *tetbP* 这 5 种抗性基因在上、下游均有检出. 由图 3(b) 可知, 上游四环素类 ARGs 绝对丰度为 1.20×10^8 copies·g⁻¹, 检出率为 46.67%; 下游四环素类 ARGs 绝对丰度为 7.94×10^7 copies·g⁻¹, 检出率为 86.67%. 其中丰度最高的抗性基因是 *tetPA*, 占有检出抗性基因绝对丰度的 73.5%, 其在上、下游的丰度均为最高, 且上游高于下游, 占上游检出基因丰度的 95.83%, 占下游检出基因丰度的 39.29%, 是引起下游基因总丰度低于上游的关键基因; 除此之外, 其余抗性基因的丰度在下游较上游均明显增加. 对上、下游共同检出的 5 种抗性基因进行差异性检验, 结果均无显著性差异 ($P > 0.05$), 而下游新增的 8 种基因占下游总丰度的 43.44%. 对上、下游沉积物中的抗性基因进行主成分分析 [图 3(c)], 结果表明: PC1 (主成分 1) 可以解释 ARGs 丰度变异的 56.72%, PC2 (主成分 2) 可以解释 ARGs 丰度变异的 25.75%, PC1 和 PC2 两轴共同解释了 82.47%. 抗性基因自上游至下游依次沿 PC1 轴分布, 上游与下游的抗性基因组成有明显的差异性, 且上游各个样品的抗性基因组成较下游更为相似.

2.3 微生物群落演替规律

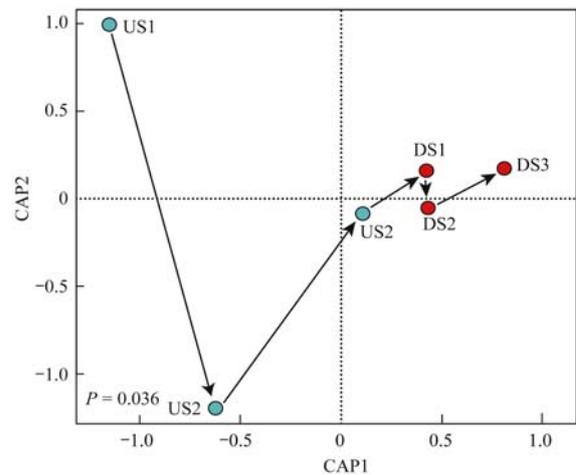
由表 2 可知, 在 97% 相似水平上, Coverage 指数均在 98% 以上, 说明本次测序结果可充分反映微生物的真实情况. 从各个多样性指数的差异性比较结果来看, 香农指数、辛普森指数、艾斯指数和赵氏指数在上、下游均无显著性差异.

表 2 上、下游沉积物中细菌丰富度和多样性指数

Table 2 Index table of bacterial abundance and diversity in upstream and downstream sediments

项目	香农指数	辛普森指数	艾斯指数	赵氏指数	覆盖度
US	6.527	0.009	3 886	3 836	0.984
DS	6.389	0.012	3 602	3 611	0.982
P 值	0.646	0.482	0.741	0.777	0.837

上、下游沉积物样品共获得了 361 068 条高质量的 16S rRNA 基因序列, 平均每个样本有 60 178 条序列, 按照 97% 的相似性对非重复序列 (不含单序列) 进行 OTU 聚类, 在聚类过程中去除嵌合体, 得到 8 529 个 OTU 代表序列. 首先基于 OTU 进行 CAP 分析, 结果表明样点自上游至下游依次沿 CAP1 轴分布 (图 4), 上、下游微生物群落组成差异显著 ($P < 0.05$). 上游样点之间的距离较远, 微生物群落组成较为分散, β 多样性差异较大; 下游样点之间的距离较小, 微生物群落组成较为集中, β 多样性差异较小. 说明随着污染源的输入, 河流下游的微生物群落组成越来越相似.

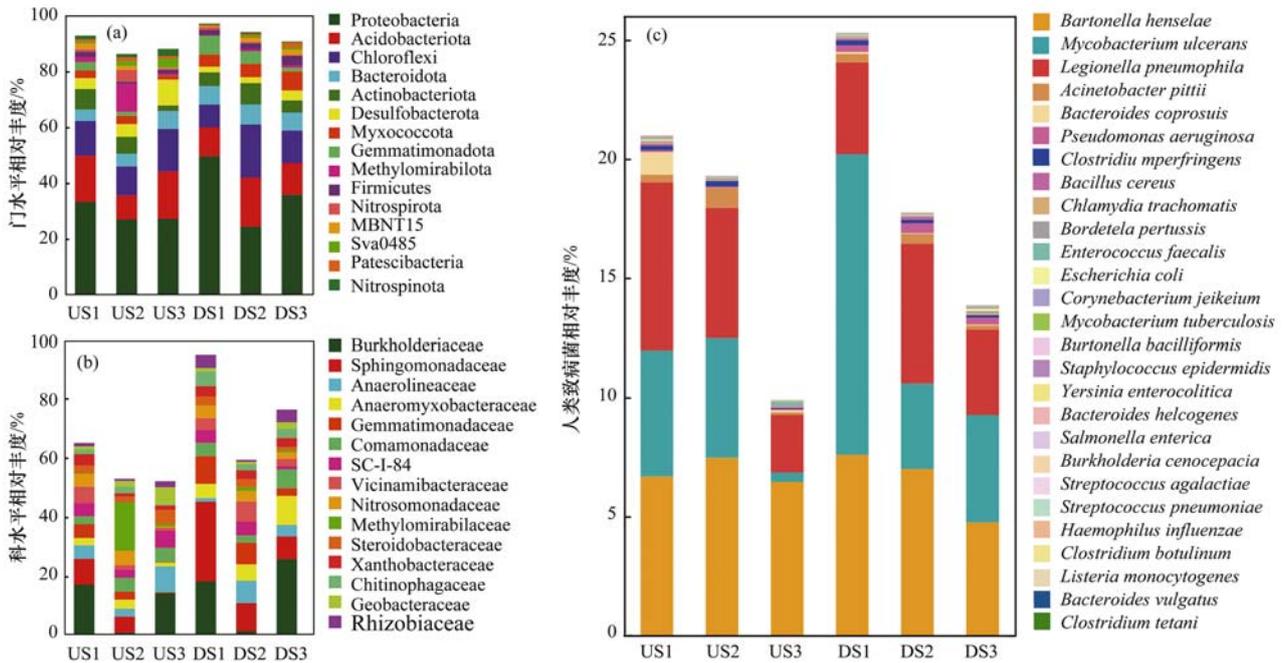


采样梯度以箭头方向指示, 箭头长短表示各个采样点之间微生物群落组成的差异大小

图 4 采样梯度约束下的细菌群落在 OTU 水平上的排序

Fig. 4 OTU-based bacterial community difference distribution between upstream and downstream using canonical analysis of principal coordinates

对沉积物中的细菌进行注释, 8 529 个可操作分类单元 (OTUs) 分属: 64 门、189 纲、436 目、686 科、1 178 属和 2 615 种. 在门水平上 [图 5(a)], 丰度排名前 10 的细菌门类分别是: 变形菌门 (Proteobacteria)、酸杆菌门 (Acidobacteriota)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门 (Bacteroidota)、Actinobacteriota、Desulfobacterota、粘菌门 (Myxococcota)、Gemmatimonadota、Methylomirabilota 和厚壁菌门 (Firmicutes). 上、下游的沉积物细菌组成在门水平上具有一定的差异性, 在丰度排名前 10 的门类群中, 酸杆菌门 (Acidobacteriota) 和 Desulfobacterota 的相对丰度在上游中高于下游, 其余均低于下游. 在科水平上 [图 5(b)], 丰度排名前 10 的科分别是: 伯克氏菌科 (Burkholderiaceae)、鞘脂单胞菌科 (Sphingomonadaceae)、厌氧绳菌科 (Anaerolineaceae)、Anaeromyxobacteraceae、芽单胞菌科 (Gemmatimonadaceae)、丛毛单胞菌科 (Comamonadaceae)、SC-I-84、Viciniabacteraceae、亚硝化单胞菌科 (Nitrosomonadaceae) 和 Methylomirabilaceae. 上、下游的沉积物细菌组成在科水平上具有一定的差异性, 其中, 厌氧绳菌科 (Anaerolineaceae)、SC-I-84 和 Methylomirabilaceae 在上游的相对丰度高于下游, 其余均低于下游. 基于 HPB 数据库进行比对注释, 上、下游共检出 27 种病原菌 [图 5(c)], 总丰度为 25.21%, 其中上游检出 23 种病原菌, 丰度为 12.05%; 下游检出 25 种病原菌, 丰度为 13.16%, 下游较上游病原菌种类和数量均增加. 这些病原菌分属于放线菌门



(a) 丰度排名前 15 的细菌在门水平上的群落组成; (b) 丰度排名前 15 的细菌在科水平上的群落组成; (c) 病原菌在上、下游沉积物中的丰度

图 5 上、下游沉积物中的细菌及病原菌群落组成

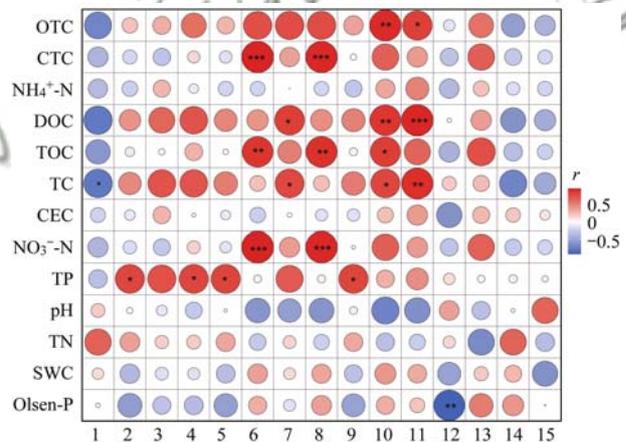
Fig. 5 Composition of bacterial and pathogenic bacteria communities in upstream and downstream sediments

(Actinobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、厚壁菌门(Firmicutes)、变形菌门(Proteobacteria)和衣原体门(Chlamydiae)这 5 个菌门,巴东氏菌(*Bartonella henselae*)和溃疡分枝杆菌(*Mycobacterium ulcerans*)的丰度分别为 13.32% 和 6.45%,为主要的优势病原菌.

2.4 抗生素含量及理化指标与 ARGs 相关性

4 种四环素类抗生素和 9 项理化指标与 ARGs 的相关性热图如图 6 所示. *tet(36)* 与 OTC 呈极显著正相关($P < 0.01$), *tetW* 与 OTC 呈显著正相关($P < 0.05$); *tetM*、*tetG* 与 CTC 呈极显著正相关($P < 0.001$); *tetD* 与 DOC 呈显著正相关($P < 0.05$), *tet(36)*、*tetW* 与 DOC 呈极显著正相关,其显著性结果分别为 $P < 0.01$ 和 $P < 0.001$; *tetPA* 与 TC 呈显著负相关($P < 0.05$), *tetD*、*tet(36)* 与 TC 呈显著正相关($P < 0.05$), *tetW* 与之呈极显著正相关($P < 0.01$). 以上结果表明,四环素类抗生素含量的积累会诱导四环素类 ARGs 的扩散和转移.

就理化指标来看,pH、含水率、总氮、铵态氮和阳离子交换量均与四环素类 ARGs 无显著相关性,有效磷、总有机碳、硝态氮和总磷与四环素类 ARGs 存在一定程度的相关性.有效磷与 *tetPB* 呈显著负相关($P < 0.05$);总有机碳与 *tetM* 和 *tetG* 呈极显著正相关($P < 0.01$),与 *tet(36)* 呈显著正相关($P < 0.05$);硝态氮与 *tetM* 和 *tetG* 均呈极显著正相关($P < 0.001$);总磷与 *tetO*、*tetX*、*tetQ* 和 *tet(38)* 均呈



1. *tetPA*, 2. *tetO*, 3. *tetE*, 4. *tetX*, 5. *tetQ*, 6. *tetM*, 7. *tetD*, 8. *tetG*, 9. *tet(38)*, 10. *tet(36)*, 11. *tetW*, 12. *tetPB*, 13. *tetbP*, 14. *tetB*, 15. *tetL*; * 表示 $P < 0.05$, ** 表示 $P < 0.01$, *** 表示 $P < 0.001$

图 6 抗生素含量、理化指标和 ARGs 相关性

Fig. 6 Correlation between antibiotic content, physical, and chemical indexes and ARGs

显著正相关($P < 0.05$).

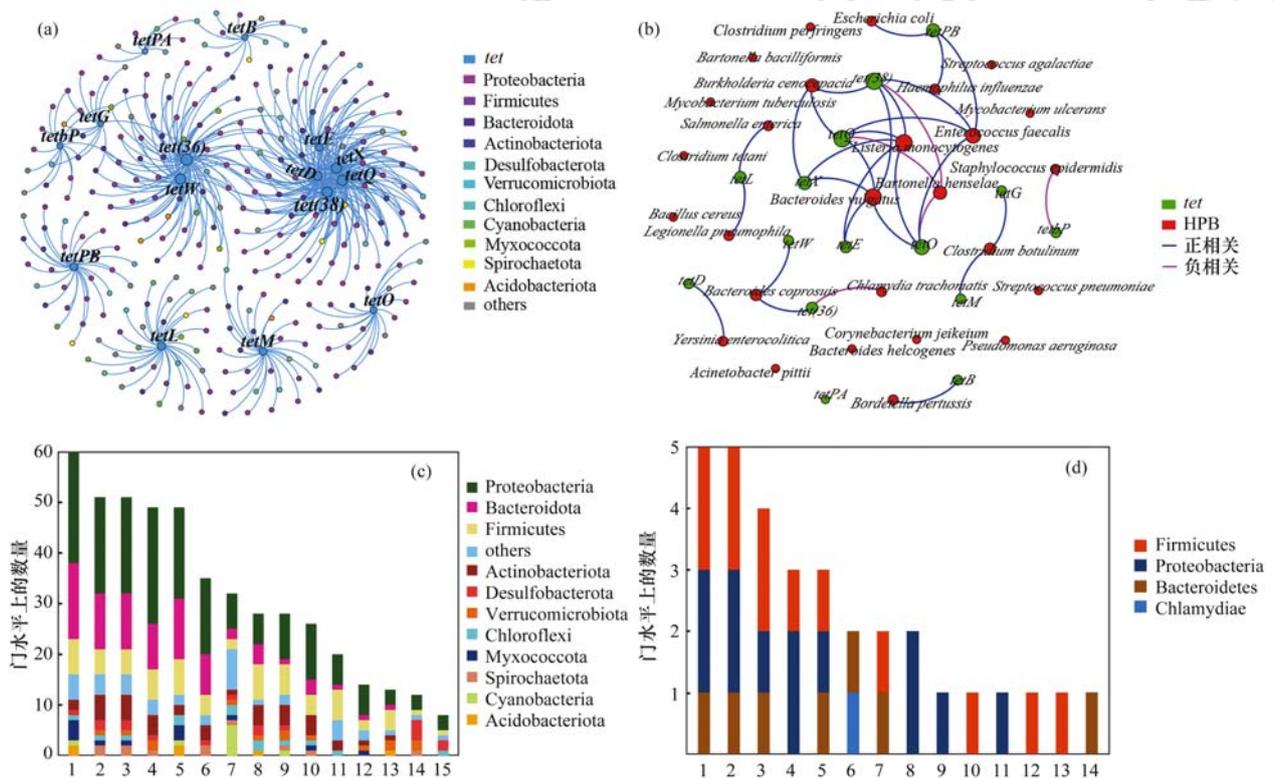
2.5 微生物群落与 ARGs 相关性

为探究微生物群落结构和 ARGs 之间的关系,基于微生物相对丰度(属水平)和四环素类 ARGs 相对丰度计算 ARGs 和微生物之间所有可能成对的 Spearman 相关系数来构建相关性矩阵,探索 ARGs 和微生物之间的共现性,并进行可视化[图 7(a)],详细网络图参数见表 3. *tet(36)*、*tetQ*、*tetX*、

tet(38) 和 *tetW* 是连接度较高的 ARGs,其分别与 60、51、51、49 和 49 个菌属呈显著正相关,表明这些抗性基因可能有多个潜在宿主;变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门是连接度较高的微生物菌门,其中变形菌门的相对丰度为 35.6%、厚壁菌门的相对丰度为 15.1%、拟杆菌门的相对丰度为 13.2%,这些菌门可能是多个 ARGs 的潜在宿主. 图 7(c) 为四环素类 ARGs 及其对应的相关性的微生物丰度,其展示了不同四环素类 ARGs 与不同的微生物(门水平)具有不同的相关性.

为进一步明确病原菌与四环素类 ARGs 间的内在联系,将病原菌(种水平)的相对丰度和四环素类 ARGs 的相对丰度进行网络分析,探索 ARGs 和病原菌之间的共现性,并进行可视化[图 7(b)],相关网络图参数见表 3. 在检出的 27 种病原菌中有 15 种与 ARGs 呈显著相关(Spearman 相关系数 $r > 0.8$; $P < 0.05$),其中,巴尔通体氏(*Bartonella henselae*)与

tetO、*tetQ* 和 *tet(38)* 呈显著负相关,砂眼批衣菌(*Chlamydia trachomatis*)与 *tet(36)* 呈显著负相关,皮面葡萄球菌(*Staphylococcus epidermidis*)与 *tetP* 呈显著负相关,其余均与四环素类 ARGs 呈显著正相关. 连接度较高的病原菌有普通拟杆菌(*Bacteroides vulgatus*)、粪肠球菌(*Enterococcus faecalis*)和李斯特菌(*Listeria monocytogenes*),说明这些病原菌可能是多种四环素类 ARGs 的潜在病原菌宿主. 下游新增加的 *tet(38)*、*tetO* 和 *tetQ* 等 8 个基因均与病原菌有不同程度的相关性,在网络图 33 个相关关系中有 23 个均与下游新增的基因有关,占据网络连接度的 70%,说明这些四环素类 ARGs 可能有多个潜在的微生物宿主. 图 7(d) 表明不同四环素类 ARGs 与不同的病原菌(门水平)具有不同的相关性,与四环素类 ARGs 相关的病原菌主要分属于 Bacteroidetes、Chlamydiae、Firmicutes 和 Proteobacteria 这 4 个菌门,其中 Firmicutes 和 Proteobacteria 是相关性最高的两个菌门.



(a) 四环素类抗性基因与细菌群落(属)相关性分析($r > 0.8$, $P < 0.05$), (b) 四环素类抗性基因与病原菌相关性分析($r > 0.8$, $P < 0.05$), (c) 与四环素类抗性基因显著相关的细菌属在门水平上的分布, (d) 与四环素类抗性基因显著相关的病原菌在门水平上的分布; c1. *tet(36)*, c2. *tetQ*, c3. *tetX*, c4. *tet(38)*, c5. *tetW*, c6. *tetD*, c7. *tetL*, c8. *tetM*, c9. *tetPB*, c10. *tetE*, c11. *tetO*, c12. *tetP*, c13. *tetG*, c14. *tetB*, c15. *tetPA*; d1. *tet(38)*, d2. *tetQ*, d3. *tetO*, d4. *tetPB*, d5. *tetX*, d6. *tet(36)*, d7. *tetE*, d8. *tetL*, d9. *tetB*, d10. *tetP*, d11. *tetD*, d12. *tetG*, d13. *tetM*, d14. *tetW*

图 7 微生物群落结构和 ARGs 的关系

Fig. 7 Relationship between microbial community structure and ARGs

表 3 网络图参数

Table 3 Network diagram parameters

项目	节点数	边数量	平均加权度	平均路径长度	网络直径	图密度	模块化
Bacteria	299	476	3.184	4.085	8	0.011	0.680
HPB	42	32	1.524	2.183	5	0.037	0.568

3 讨论

3.1 四环素类 ARGs 分布特征分析

四环素类抗生素因使用量大、较为稳定的化学性质以及较强的自我扩增能力,在环境中广泛分布^[19,20],目前在地表水、土壤和地下水等环境中均有检出^[21].本研究中,四环素类抗生素是检出含量最高的抗生素种类,与检出的其他3类抗生素相比,四环素类抗生素结构复杂,极易吸附在沉积物中,从而增加了降解的难度^[22].抗生素含量的积累必然会诱导微生物产生相应的抗性基因,抗性基因是一种新型生物污染物^[23],对环境的危害远比抗生素本身还要大^[24].基于此,本文针对25种目标四环素类 ARGs 进行检测,结果有15种四环素类 ARGs 被检出,相较于上游,下游检出的 ARGs 种类更为丰富. Chen 等^[25]采用宏基因组方法比较分析南海深层海床和华南珠江口沉积物中抗生素耐药基因的分布特征,发现被污染的珠江口沉积物中抗性基因在基因型和耐药性机制方面都比深海中的多样性更高,说明 ARGs 自然起源于原始环境,而人类活动加速了 ARGs 的传播^[26],使微生物能够耐受选择性环境应激,以应对人类活动的影响.特别地,本研究中丰度最高的抗性基因为 *tetPA*,其在上、下游的含量均为最高,占检出抗性基因总丰度的 73.5%,除此之外,其余共同检出的抗性基因均为下游高于上游, *tetPA* 是造成上游绝对丰度高于下游的主要优势基因,推测可能是 *tetPA* 这种抗性基因在某些微生物中天然存在.当前已经在自然原生环境中发现了具有临床重要性的 ARGs^[27],在自然土壤^[28]甚至3万年前的永久冻土沉积物中^[7],已经发现了编码 β -内酰胺、四环素和糖肽抗生素抗性的基因;在一项跨地理梯度的污染区域研究中发现背景环境中存在一个本底 *tet* 基因库,同时维持这些库的生态压力并不完全来源于人类活动^[29],表明原始生境中存在的 ARGs 是自然进化的产物,在不同环境选择压力下呈现不同程度的富集.

3.2 抗生素含量及理化指标对四环素类 ARGs 的影响

细菌是土壤生态系统的重要组成成分,对生态环境健康有重要的指示作用.抗生素进入土壤后,通常会对土壤微生态系统产生破坏,抑制土壤微生物的生长与繁殖^[30].四环素类抗生素对微生物的生态毒性体现在:四环素类抗生素通过同细菌核糖体 30S 亚基 A 位点结合,从而阻止酰胺 tRNA 与该位点的结合,抑制细菌翻译过程进而影响菌体蛋白质的合成,进而抑制细菌的生长繁殖^[31].环境中外源

抗生素的输入会直接诱导、加速环境中抗生素抗性基因的产生和传播^[32],增加土壤中抗生素抗性基因亚型.本研究的相关性分析表明,沉积物中抗性基因的含量和丰度与对应的抗生素含量之间存在正相关关系.尤新新^[33]在垃圾填埋场渗滤液中发现,四环素类抗生素(OTC、TC 和 DC)与四环素类 ARGs 呈显著相关关系;Wu 等^[34]研究填埋场滤液中的抗性基因,发现四环素类抗生素与抗性基因 *tetQ* 和 *tetW* 存在相关性;Xu 等^[35]研究污水处理厂及其周围水环境,发现四环素类抗生素与抗性基因 *tetW* 相关;赵赛^[36]研究长江口滨岸沉积物,发现土霉素(OTC)和强力霉素(DXC)与对应的四环素类 ARGs 显著相关.以上研究说明,四环素类抗生素的输入会引起四环素类 ARGs 丰度的增加.

除了抗生素的诱导会对 ARGs 产生影响外,环境因子(碳、氮、磷、营养物和电子受体)对 ARGs 的分布也起到了重要作用^[37].本研究中抗性基因的分布与 pH、含水率、总氮、铵态氮和阳离子交换量均无显著相关性,与有效磷、总有机碳、硝态氮和总磷存在一定程度的相关性. Di Cesare 等^[38]研究表明, *tetA*、*tetB* 的赋存和分布与微生物总量、总磷和总氮等有关;McKinney 等^[39]研究也发现废水中四环素类 ARGs 与总氮、硝态氮和铵态氮有显著相关性.这些环境因子与 ARGs 的正相关性,表明碳、氮、磷等营养元素的浓度越高,越有利于环境微生物的生长,从而促进 ARGs 的繁殖与扩增^[40].综上所述,沉积物中四环素类 ARGs 的浓度分布与污水排放有关,且污染源中携带的四环素类抗生素是沉积物中 ARGs 的重要来源,同时水体中的碳、氮、磷元素能够促进微生物的繁殖,间接促进 ARGs 的传播,因此需要对污染源向河流的排放加以控制与治理,以降低河流水体中微生物对 ARGs 的传播和扩散作用.

3.3 微生物群落结构对 ARGs 分布的影响

微生物群落结构是影响抗生素抗性基因的重要因素^[41],已有研究发现 ARGs 易在 Proteobacteria、Firmicutes 和 Bacteroidetes 之间转移,尤其在 Proteobacteria 中,其检测丰度较高^[42].本研究通过网络分析发现,与四环素类 ARGs 相关性较高的菌门主要是 Proteobacteria、Firmicutes 和 Bacteroidota,说明作为主要的与抗性基因相关的细菌门类,这些门类的细菌可能是携带四环素类 ARGs 潜在宿主细菌的门类,并且不同细菌门在共现性关系中起到了不同作用.其他学者也有相关发现,如 Awasthi 等^[43]研究发现 Firmicutes 和 Proteobacteria 是 ARGs 的宿主;有研究通过宏基因组学方法,分析揭示了

Firmicutes 和 Proteobacteria 是较为常见的、潜在携带抗性基因的细菌宿主^[44]; 以前的研究也揭示了在污水处理厂中一些常见的抗性微生物主要分属于 Proteobacteria, 其次是 Firmicutes 和 Bacteroidetes^[45]. 除此之外, 本研究还发现一些节点数相对较少的门类, 如 Acidobacteriota、Cyanobacteria、Spirochaetota 和 Myxococcota 等, 尽管这些菌门在沉积物样品中丰度相对较低, 但是仍然发现与四环素类 ARGs 存在不同程度的共现性。

病原菌耐药性的传播, 使许多抗生素在治疗过程中失效, 继而引发人们过量用药的错误行为, 加重了病原菌耐药性的传播, 对人们的健康构成了严重威胁. 病原菌通过基因水平转移获得 ARGs 是河流湿地生态系统安全最重要的风险因素之一, ARGs 很容易被人类致病菌捕获, 从而形成超级细菌, 如沙门氏菌、拟杆菌、弯曲杆菌、志贺菌和大肠杆菌等^[46]. 已有证据表明, 来自土壤的环境细菌与临床病原体之间存在 ARGs 交换, 例如两种高风险病原菌: 肺炎克雷伯菌 (*Klebsiella pneumoniae*) 和鲍曼不动杆菌 (*Acinetobacter baumannii*)^[28,47]; Ju 等^[48] 利用宏基因组分析, 在 140 个污水处理厂中观察到 20 种人类致病菌与 ARGs 共存. 本研究中, 在检测到的 27 种病原菌中, 下游病原菌的丰度较上游增加了 1.11%, 种类也更丰富. 同时, 网络分析显示与病原菌显著相关的抗性基因主要来自下游新增的 8 种抗性基因, 占据了网络连接度的 70%, 说明随着污染的输入, 下游沉积物中抗生素耐药基因在病原菌中的水平传播潜势要远远高于上游. 同时, Liu 等^[13] 研究也表明, 人类活动对携带 ARGs 的病原菌的相对丰度有显著影响, 城市化和大坝控制区携带 ARGs 的病原菌的相对丰度分别是原生环境的 3.54 倍和 1.55 倍. 此外, 巴东氏菌 (*Bartonella henselae*)、粪肠球菌 (*Enterococcus faecalis*)、伯克氏菌 (*Burkholderia cenocepacia*)、李斯特菌 (*Listeria monocytogenes*) 和普通拟杆菌 (*Bacteroides vulgatus*) 与四环素类 ARGs 相关性较高 (同时与 3 个 ARGs 都相关), 表明这些病原菌可能是多个 ARGs 的潜在宿主; 而百日咳博德特氏菌 (*Bordetella pertussis*)、沙眼衣原体 (*Chlamydia trachomatis*) 和嗜肺军团菌 (*Legionella pneumophila*) 等与 ARGs 连接度较低的病原菌可能只携带单一 ARGs. 这些 ARGs 与病原菌之间可能存在转移和交换, 从而引发 ARGs 在病原菌之间的传播和扩散, 一旦抗性菌和 ARGs 与环境细菌、野生动物、家畜和人类接触, 通过 HGT 将 ARGs 转移给共生细菌和病原体, 将会引发高生态风险。

4 结论

(1) 上、下游共检出 15 种四环素类 ARGs, 其中上游检出 7 种, 下游检出 13 种, 上游沉积物中的四环素类 ARGs 含量约为下游的 1.5 倍。

(2) 四环素类抗生素与部分理化指标 (如有效磷、总有机碳、硝态氮和总磷等) 是影响四环素类 ARGs 分布的重要因素。

(3) 河流沉积物中共检出 8 529 条细菌 OTUs 序列, 分属 64 门、189 纲、436 目、686 科、1 178 属和 2 615 种. 其中, 变形菌门 (Proteobacteria)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和拟杆菌门 (Bacteroidota) 是影响四环素类 ARGs 丰度的主要菌门。

(4) 共检出 27 种病原菌, 下游新增加的 8 种四环素类 ARGs 与病原菌有很高的相关性, 其中, 巴东氏菌 (*Bartonella henselae*)、粪肠球菌 (*Enterococcus faecalis*)、伯克氏菌 (*Burkholderia cenocepacia*)、李斯特菌 (*Listeria monocytogenes*) 和普通拟杆菌 (*Bacteroides vulgatus*) 是影响四环素类 ARGs 传播的主要病原菌。

参考文献:

- [1] 李奥林, 陈吕军, 张衍, 等. 抗生素抗性基因在两级废水处理系统中的分布和去除 [J]. 环境科学, 2018, **39** (10): 4593-4600.
Li A L, Chen L J, Zhang Y, et al. Distribution and removal of antibiotic resistance genes in two sequential wastewater treatment plants [J]. Environmental Science, 2018, **39** (10): 4593-4600.
- [2] Su Y L, Wang J X, Xia H P, et al. Comparative network analysis revealing the mechanisms of antibiotic resistance genes removal by leachate recirculation under different hydraulic loadings [J]. Science of the Total Environment, 2019, **649**: 318-326.
- [3] Li L G, Huang Q, Yin X L, et al. Source tracking of antibiotic resistance genes in the environment—Challenges, progress, and prospects [J]. Water Research, 2020, **185**, doi: 10.1016/j.watres.2020.116127.
- [4] 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.
- [5] Chee-Sanford J C, Aminov R I, Krapac I J, et al. Occurrence and diversity of tetracycline resistance genes in lagoons and groundwater underlying two swine production facilities [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001, **67** (4): 1494-1502.
- [6] Allen H K, Donato J, Wang H H, et al. Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments [J]. Nature Reviews Microbiology, 2010, **8** (4): 251-259.
- [7] D'Costa V M, King C E, Kalan L, et al. Antibiotic resistance is ancient [J]. Nature, 2011, **477** (7365): 457-461.
- [8] Martínez J L. Antibiotics and antibiotic resistance genes in natural environments [J]. Science, 2008, **321** (5887): 365-367.
- [9] 林岚, 林琳, 陈恩中, 等. 宏基因组方法比较分析深海和珠

- 江口沉积物中抗生素耐药基因的特征[J]. 中山大学学报(自然科学版), 2017, **56**(2): 112-116.
- Lin L, Lin L, Chen E Z, *et al.* Metagenomic analysis on characteristics of antibiotic resistance genes in the deep ocean and Pearl River Estuary sediments[J]. *Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni*, 2017, **56**(2): 112-116.
- [10] Wang X P, Gong P, Wang C F, *et al.* A review of current knowledge and future prospects regarding persistent organic pollutants over the Tibetan Plateau[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, **573**: 139-154.
- [11] 李海萍, 王娜萍, 代宇庭. 云贵高原湿地景区人类活动强度的空间分布——以云南省拉市海流域为例[J]. *应用生态学报*, 2021, **32**(8): 2915-2922.
- Li H P, Wang N P, Dai Y T. Spatial distribution of human activity intensity in Yunnan-Guizhou Plateau Wetland scenicarea: a case study of Lashihai watershed in Yunnan Province, China [J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2021, **32**(8): 2915-2922.
- [12] 臧泉. 武汉与西藏湖泊微生物群落多样性及抗生素抗性基因分布特征[D]. 拉萨: 西藏大学, 2021.
- Zang Q. Diversity of microbial community and distribution of antibiotic resistance genes in Lakes from Wuhan and Tibet[D]. Lhasa: Tibet University, 2021.
- [13] Liu S, Wang P F, Wang C, *et al.* Anthropogenic disturbances on antibiotic resistome along the Yarlung Tsangpo River on the Tibetan Plateau: ecological dissemination mechanisms of antibiotic resistance genes to bacterial pathogens [J]. *Water Research*, 2021, **202**, doi: 10.1016/j.watres.2021.117447.
- [14] 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.
- [15] Ghernaout D, Elboughdiri N. Antibiotics resistance in water mediums; background, facts, and trends [J]. *Applied Engineering*, 2020, **4**(1): 1-6.
- [16] 张文丽. 河流抗性基因传播与菌群特征时空演进规律分析[D]. 石家庄: 河北科技大学, 2019.
- Zhang W L. Analysis of temporal and spatial evolution laws of river resistance genes and flora characteristics propagation[D]. Shijiazhuang: Hebei University of Science and Technology, 2019.
- [17] Wang H, Li H Y, Gilbert J A, *et al.* Housefly larva vermicomposting efficiently attenuates antibiotic resistance genes in swine manure, with concomitant bacterial population changes [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2015, **81**(22): 7668-7679.
- [18] Wang H, Su X X, Su J Q, *et al.* Profiling the antibiotic resistome in soils between pristine and human-affected sites on the Tibetan Plateau [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2022, **111**: 442-451.
- [19] 姚鹏城, 陈嘉瑜, 张永明, 等. 废水处理系统中抗生素抗性基因分布特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(11): 5024-5031.
- Yao P C, Chen J Y, Zhang Y M, *et al.* Distribution characteristics of antibiotic resistance genes in wastewater treatment plants [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(11): 5024-5031.
- [20] 夏飞扬, 马冬冬, 张军, 等. 会仙湿地典型河流抗生素污染特征及风险评价[J]. *桂林理工大学学报*, 2021, **41**(1): 174-182.
- Xia F Y, Ma D D, Zhang J, *et al.* Characteristics and risk assessment of typical antibiotic contamination in Huixian wetland rivers [J]. *Journal of Guilin University of Technology*, 2021, **41**(1): 174-182.
- [21] 于洁. 四环素对好氧活性污泥的抑制及对活性污泥四环素抗性的影响研究[D]. 天津: 南开大学, 2014.
- Yu J. Inhibition of tetracycline and impaction of tetracycline resistance in aerobic activated sludge [D]. Tianjin: Nankai University, 2014.
- [22] 宋现财. 四环素类抗生素在活性污泥上的吸附规律及其机理研究[D]. 天津: 南开大学, 2014.
- Song X C. Investigate the law of adsorption of tetracyclines on activated sludge and explore the mechanism [D]. Tianjin: Nankai University, 2014.
- [23] 苏建强, 黄福义, 朱永官. 环境抗生素抗性基因研究进展[J]. *生物多样性*, 2013, **21**(4): 481-487.
- Su J Q, Huang F Y, Zhu Y G. Antibiotic resistance genes in the environment [J]. *Biodiversity Science*, 2013, **21**(4): 481-487.
- [24] 杨永青, 许继飞, 董泰音, 等. 水体和土壤环境中抗生素抗性基因(ARGs)的污染特征和消除[J]. *内蒙古农业科技*, 2018, **46**(3): 76-82.
- Yang Y Q, Xu J F, Dong T Y, *et al.* Pollution property and reduction of antibiotic resistance genes (ARGs) in aquatic and soil environment [J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2018, **46**(3): 76-82.
- [25] Chen B W, Yang Y, Liang X M, *et al.* Metagenomic profiles of antibiotic resistance genes (ARGs) between human impacted estuary and deep ocean sediments [J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, **47**(22): 12753-12760.
- [26] 张丹丹, 郭亚平, 任红云, 等. 福建省敖江下游抗生素抗性基因分布特征[J]. *环境科学*, 2018, **39**(6): 2600-2606.
- Zhang D D, Guo Y P, Ren H Y, *et al.* Characteristics of antibiotic resistance genes in downstream areas of the Aojiang River, Fujian Province [J]. *Environmental Science*, 2018, **39**(6): 2600-2606.
- [27] Allen H K, Moe L A, Rodbumrer J, *et al.* Functional metagenomics reveals diverse β -lactamases in a remote Alaskan soil [J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(2): 243-251.
- [28] Forsberg K J, Reyes A, Wang B, *et al.* The shared antibiotic resistome of soil bacteria and human pathogens [J]. *Science*, 2012, **337**(6098): 1107-1111.
- [29] Storteboom H, Arabi M, Davis J G, *et al.* Tracking antibiotic resistance genes in the South Platte River basin using molecular signatures of urban, agricultural, and pristine sources [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(19): 7397-7404.
- [30] Lin H, Chapman S J, Freitag T E, *et al.* Fate of tetracycline and sulfonamide resistance genes in a grassland soil amended with different organic fertilizers [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **170**: 39-46.
- [31] 吴楠, 乔敏. 土壤环境中四环素类抗生素残留及抗性基因污染的研究进展[J]. *生态毒理学报*, 2010, **5**(5): 618-627.
- Wu N, Qiao M. Tetracycline residues and tetracycline resistance gene pollution in soil: a review [J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2010, **5**(5): 618-627.
- [32] 沈怡雯, 黄智婷, 谢冰. 抗生素及其抗性基因在环境中的污染、降解和去除研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2015, **21**(2): 181-187.
- Shen Y W, Huang Z T, Xie B. Advances in research of pollution, degradation and removal of antibiotics and antibiotic resistance genes in the environment [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2015, **21**(2): 181-187.

- [33] 尤新新. 国内城市垃圾填埋场中抗生素残留与抗性基因的地域特征及理化指标关系研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2018.
You X X. The occurrence and distribution of antibiotics, antibiotic resistance genes and their relationships among physicochemical factors in landfill sites of Chinese Mainland [D]. Shanghai: East China Normal University, 2018.
- [34] Wu D, Huang Z T, Yang K, *et al.* Relationships between antibiotics and antibiotic resistance gene levels in municipal solid waste leachates in Shanghai, China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(7): 4122-4128.
- [35] Xu J, Xu Y, Wang H M, *et al.* Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in a sewage treatment plant and its effluent-receiving river [J]. *Chemosphere*, 2015, **119**: 1379-1385.
- [36] 赵赛. 抗生素抗性基因在长江口滨岸沉积物中的赋存特征研究[D]. 上海: 华东师范大学, 2020.
Zhao S. Occurrence and abundance of antibiotic resistance genes in sediments of the Yangtze River Estuary[D]. Shanghai: East China Normal University, 2020.
- [37] Guo X P, Pang W H, Dou C L, *et al.* Sulfamethoxazole and COD increase abundance of sulfonamide resistance genes and change bacterial community structures within sequencing batch reactors[J]. *Chemosphere*, 2017, **175**: 21-27.
- [38] Di Cesare A, Eckert E M, Rogora M, *et al.* Rainfall increases the abundance of antibiotic resistance genes within a riverine microbial community[J]. *Environmental Pollution*, 2017, **226**: 473-478.
- [39] McKinney C W, Loftin K A, Meyer M T, *et al.* *tet* and *sul* antibiotic resistance genes in livestock lagoons of various operation type, configuration, and antibiotic occurrence [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(16): 6102-6109.
- [40] 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.
- [41] Zhou Z C, Zheng J, Wei Y Y, *et al.* Antibiotic resistance genes in an urban river as impacted by bacterial community and physicochemical parameters [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2017, **24**(30): 23753-23762.
- [42] Li D, Yu T, Zhang Y, *et al.* Antibiotic resistance characteristics of environmental bacteria from an oxytetracycline production wastewater treatment plant and the receiving river [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2010, **76**(11): 3444-3451.
- [43] Awasthi M K, Liu T, Chen H Y, *et al.* The behavior of antibiotic resistance genes and their associations with bacterial community during poultry manure composting [J]. *Bioresource Technology*, 2019, **280**: 70-78.
- [44] Forsberg K J, Patel S, Gibson M K, *et al.* Bacterial phylogeny structures soil resistomes across habitats[J]. *Nature*, 2014, **509**(7502): 612-616.
- [45] Liu Z B, Klümper U, Liu Y, *et al.* Metagenomic and metatranscriptomic analyses reveal activity and hosts of antibiotic resistance genes in activated sludge [J]. *Environment International*, 2019, **129**: 208-220.
- [46] Fischbach M A, Walsh C T. Antibiotics for emerging pathogens [J]. *Science*, 2009, **325**(5944): 1089-1093.
- [47] Perry J A, Wright G D. The antibiotic resistance "mobilome": searching for the link between environment and clinic [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, **4**, doi: 10.3389/fmicb.2013.00138.
- [48] Ju F, Li B, Ma L P, *et al.* Antibiotic resistance genes and human bacterial pathogens: Co-occurrence, removal, and enrichment in municipal sewage sludge digesters [J]. *Water Research*, 2016, **91**: 1-10.

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-jan, QIN Cun-li, QIAN Yao, <i>et al.</i> (583)