

目次

加速能源转型与产业结构调整的环境健康协同效益评估:以京津冀鲁地区为例 杨玺, 孙奕生, 常世彦, 李胜悦, 郑昊天, 王书肖, 张希良 (3627)

基于不同电力需求的中国减污降碳协同增效路径 向梦宇, 王深, 吕连宏, 张楠, 白梓函 (3637)

城市碳达峰碳中和行动评估方法与应用 张保留, 白梓函, 张楠, 吕连宏, 阳平坚 (3649)

基于可解释性机器学习的城市 O₃ 驱动因素挖掘 董佳奇, 胡冬梅, 闫雨龙, 彭林, 张辉辉, 牛月圆, 段小琳 (3660)

基于响应曲面法的臭氧生成敏感性分析 朱禹寰, 陈冰, 张雅茹, 刘晓, 李光耀, 舍静, 陈强 (3669)

基于 WRF-CMAQ/ISAM 模型的榆林市夏季 O₃ 来源解析 王伊凡, 仝纪龙, 陈羽翔, 林鑫, 刘永乐, 敖丛杰, 刘浩天 (3676)

基于轻量级梯度提升机的南京大气臭氧浓度预测 朱珈莹, 安俊琳, 冯悦政, 贺婕, 张玉欣, 王俊秀 (3685)

2022 年广东省冬季一次臭氧污染过程的气象成因及潜在源区分析 李婉苑, 陈靖扬, 龚宇, 沈劲 (3695)

夏季对流层臭氧辐射强迫对华北地区天气和空气质量的影响 杜楠, 陈磊, 廖宏, 朱佳, 李柯 (3705)

气象、本地光化学生成和外围传输对长沙市 2018~2020 年臭氧污染趋势变化影响的识别 杨俊, 杨雷峰, 丁华, 谢丹平, 刘妍妍, 余涛, 吕明, 袁自冰 (3715)

2000~2021 年成渝城市群 PM_{2.5} 时空变化及驱动机制多维探测 徐勇, 郭振东, 郑志威, 戴强玉, 赵纯, 黄雯婷 (3724)

基于 GTWR-XGBoost 模型的四川省 PM_{2.5} 小时浓度估算 吴迪, 杜宁, 王莉, 吴宇宏, 张少磊, 周彬, 张显云 (3738)

2013~2021 年邢台 PM_{2.5} 重污染过程输送和增长特性 江琪, 盛黎, 靳雨晨, 王继康, 尤媛, 王飞 (3749)

基于高分辨率在线观测数据分析上海市城区秋冬季大气有机气溶胶化学特征及污染来源 朱书慧 (3760)

机动车尾气碳质气溶胶排放因子及其稳定碳同位素特征 于鸣媛, 王谦, 付明亮, 戈畅, 谢锋, 曹芳, 章炎麟 (3771)

沈阳工业区夏季 VOCs 组成特征及其对二次污染形成的贡献 关璐, 苏枫枫, 库盈盈, 胡建林, 于兴娜 (3779)

疫情管控期间深圳市城区 VOCs 的变化特征及减排效果评估 云龙, 林楚雄, 李成柳, 邱志诚, 古添发, 李光程, 张明棣, 郭健锋 (3788)

西安市冬季道路扬尘中有机质组成特征及其氧化潜势 王擎雯, 陈庆彩, 王超, 王瑞鹤, 刘国瑞, 李豪, 李艳广 (3797)

淮北孙疃矿区地表尘中多环芳烃类化合物的污染特征及致癌风险评价 徐振鹏, 钱雅慧, 洪秀萍, 罗钟庚, 高秀龙, 梁汉东 (3809)

雄安建设初期白洋淀水质时空差异及其对降雨和土地利用的响应 王子铭, 杨丽虎, 宋献方 (3820)

流域尺度污染溯源模拟-优化防控方法:以铜陵市顺安河流域为例 刘国王辰, 陈磊, 李佳奇, 张钰晨, 赵奕欣, 刘妍琪, 沈珍瑶 (3835)

南昌市浅层地下水水质评价及监测指标优化 郑紫吟, 储小东, 徐金英, 马志飞 (3846)

闪电河流域“三水”氢氧同位素特征及水体转换分析 杨丽娜, 贾德彬, 高瑞忠, 苏文旭, 卢方园, 郝玉胜 (3855)

金沙江丰富类和稀有类浮游真核微生物的分布特征与影响因素 燕炳成, 崔戈, 孙胜浩, 王沛芳, 王超, 吴程, 陈娟 (3864)

嘉陵江不同干扰断面河道沉积物细菌群落多样性 竹兰萍, 张拓, 李佳宁, 王佳颖, 郑伟亮, 徐飞, 张富斌 (3872)

水库水深变化对不同浮游微生物群落及网络互作关键种的影响 王洵, 廖琴, 王沛芳, 袁秋生, 胡斌, 邢小蕾, 徐浩森 (3881)

典型工业区地下水细菌群落多样性特征与环境因子响应初探 吴建强, 张书源, 王敏, 陈敏, 叶文娟, 熊丽君, 黄沈发 (3892)

太湖流域肥料施用策略调整对典型作物系统氮磷流失的影响 俞映倬, 王逸之, 杨根, 杨林章, 段婧婧, 韩雪梅, 薛利红 (3902)

基于机器学习的长江流域农田氮径流流失负荷估算 张育福, 潘哲祺, 陈丁江 (3913)

千岛湖地区上梧溪流域地表径流非点源氮污染分类识别 俞珂, 严璇, 唐张轩, 张方方, 何圣嘉, 姜培坤 (3923)

沱江和涪江水系干支流氮磷营养盐的空间分布特征 李子阳, 周明华, 徐鹏, 陈露, 刘祥龙, 林洪羽, 江南, 任兵, 张博文 (3933)

外秦淮河底泥污染及疏浚效果 张沐, 任增谊, 张曼, 赵琼, 尹洪斌 (3945)

新污染物多环芳烃衍生物的来源、分布与光化学行为 葛林科, 王子宇, 曹胜凯, 车晓佳, 朱超, 张蓬, 马宏瑞 (3957)

镉在针铁矿界面共吸附的相互作用机制 苏子贤, 刘赛红, 管玉峰, 陶亮 (3970)

环糊精键合 Fe-TAML 催化剂的制备及其活化 H₂O₂ 氧化水中有机微污染物 刘清泉, 蔡本哲, 蔡喜运 (3978)

Co(II) 活化过一硫酸盐降解氨基三甲膦酸的性能及反应机制 朱敬林, 汪舒 (3990)

微塑料诱导下污泥造粒潜能变化及微生物富集特征 谢晴帆, 俞楠, 张妮, 谢周云, 单珂欣, 吴亦馨, 唐力, 夏静芬, 杨国靖 (3997)

中国农田土壤 Cd 累积分布特征及概率风险评价 王静, 魏恒, 潘波 (4006)

渝东南典型地质高背景区土壤重金属来源解析及污染评价 蒋玉莲, 余京, 王锐, 王佳彬, 李瑜, 余飞, 张云逸 (4017)

基于 PMF 模型的农田土壤重金属源暴露风险综合评价:以浙江省某电子垃圾拆解区为例 方嘉, 何影, 黄乃涛, 支裕优, 傅伟军 (4027)

乌鲁木齐市郊农田土壤及农作物中多环芳烃的污染特征及风险评价 范悦, 曹双瑜, 艾力江·努尔拉, 于芸云江·吗米提敏, 阿不都艾尼·阿不里, 谢宣宣, 古丽斯坦·阿不都拉, 刘河疆 (4039)

荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制 黄福义, 周曙仡, 苏建强, 朱永官 (4052)

近 15 年我国土壤抗生素污染特征与生物修复研究进展 赵晓东, 乔青青, 秦宵睿, 李晓晶, 李永涛 (4059)

改性生物炭修复砷镉复合污染土壤研究进展 吕鹏, 李莲芳, 黄晓雅 (4077)

沼液还田对土壤-作物系统重金属累积的影响:Meta 分析 赵奇志, 杨志敏, 孔凡靖, 熊海灵, 朱康文, 陈玉成 (4091)

两种铁改性生物炭对微碱性砷镉污染土壤的修复效果 梁成冉, 何丹, 郑墨华, 付庆灵, 胡红青, 朱俊 (4100)

秸秆离田对土壤 Cd 生物有效性及水稻 Cd 积累的影响 王子钰, 周航, 周坤华, 谭文韬, 蒋毅, 唐棋, 伍港繁, 辜娇峰, 曾鹏, 廖柏寒 (4109)

秸秆与脱硫石膏配施改良黄河三角洲盐碱地的理化性质 赵惠丽, 于金艺, 刘涛, 王丽, 赵英 (4119)

基于环境 DNA 的复合污染土壤生物评价和胁迫诊断 黄湘云, 钟文军, 刘训杰, 毕婉娟, 钱林皓, 张效伟 (4130)

地质高背景区土壤-玉米重金属综合质量评价 张传华, 王钟书, 刘力, 刘燕 (4142)

浙江省蔬菜生产系统重金属污染生态健康风险 张述敏, 刘翠玲, 杨桂玲, 邓美华 (4151)

生物炭配施磷肥对土壤养分、酶活性及紫花苜蓿养分吸收的影响 刘鑫裕, 王冬梅, 张泽洲, 张鹏, 樊桐桐 (4162)

低密度聚乙烯微塑料对空心菜生长和生理特征的影响 周颖, 蒋文婷, 刘训悦, 朱高荻, 唐荣贵, 章海波, 蔡廷江 (4170)

沼液施用对麦茬茬口期土壤微生物群落结构特征及功能的影响 乔宇颖, 奚辉, 李娜, 陈喜靖, 沈阿林, 喻曼 (4179)

大同铅锌尾矿不同污染程度土壤细菌群落分析及生态功能特征 刘泽勋, 庄家尧, 刘超, 郑康, 陈玲 (4191)

马尾松采伐迹地火烧黑炭对土壤有机碳组分和碳转化酶活性的影响 姚智, 焦鹏宇, 吴晓生, 严强, 刘先, 胡亚林, 王玉哲 (4201)

《环境科学》征订启事(3648) 《环境科学》征稿简则(3659) 信息(3714, 4150, 4178)

荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制

黄福义^{1,2}, 周曙仡^{2,3*}, 苏建强^{1,2}, 朱永官^{1,2}

(1. 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; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 中国科学院华南植物园退化生态系统植被恢复与管理重点实验室, 广州 510650)

摘要: 荒漠绿洲农田生态系统是干旱区环境下人类活动显著的复合生态系统. 土壤微生物抗生素抗性与人类健康和生态平衡关系密切. 研究荒漠绿洲环境不同土地利用类型模式下土壤抗生素抗性基因的多样性、分布特征和影响因素, 对于评估干旱区土壤环境健康风险, 促进绿洲农业生态的发展具有重要意义. 采用高通量测序和高通量定量 PCR 技术对荒漠绿洲土壤微生物的群落结构和抗生素抗性基因多样性开展了研究, 旨在探究干旱区土壤抗性基因的分布特征及其驱动机制. 结果表明, 从沙漠边缘到绿洲, 荒漠沙生植物土壤、棉花地土壤、玉米地土壤、芦苇地土壤和湖泊沉积物中抗生素抗性的种类和丰度显著增加, 与土地利用变化关系密切, 农田土壤是抗性基因的重要存储库; 荒漠绿洲土壤微生物群落与抗生素抗性基因显著相关, 硫杆菌属 (*Thiobacillus*)、沙漠细菌属 (*Pontibacter*)、诺卡氏菌属 (*Nocardioideis*)、耐盐微杆菌属 (*Salinimicrobium*)、土壤红杆菌属 (*Solirubrobacter*) 和链霉菌属 (*Streptomyces*) 等是各类抗性基因重要的潜在携带者; 干旱区土壤中重(类)金属元素和可移动基因元件, 与微生物群落共同塑造了抗生素抗性基因的分布格局, 这些影响因素单独或者共同的作用, 对抗性基因变化解释率总共达到了 70%, 驱动了荒漠绿洲土壤抗性基因赋存与演化.

关键词: 绿洲; 土壤; 高通量 PCR; 抗生素抗性基因(ARGs); 土地利用

中图分类号: X53 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)07-4052-07 DOI: 10.13227/j.hjkk.202208108

Distribution and Driving Mechanisms of Antibiotic Resistance Genes in Desert-Oasis Continuum

HUANG Fu-yi^{1,2}, ZHOU Shu-yidan^{2,3*}, SU Jian-qiang^{1,2}, ZHU Yong-guan^{1,2}

(1. Key Laboratory of Urban Environment and Health, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 3. Key Laboratory of Vegetation Restoration and Management of Degraded Ecosystems, South China Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China)

Abstract: The oasis agro-ecosystem is a complex ecosystem with intensive human activities in arid areas. Microbial antibiotic resistance is posing threats to human health and ecological balance. It is of great importance to investigate the diversity, distribution profiles, and driving factors of soil antibiotic resistance genes under different land use patterns in a desert-oasis continuum, especially for assessing soil environmental and human health risks in arid regions. In this study, high throughput sequencing combined with high throughput quantitative PCR were used to investigate the microbial community structure and patterns of antibiotic resistance genes in a desert-oasis continuum, aiming to explore the distribution characteristics and driving mechanisms of soil resistance genes. The results showed that the diversity and abundance of antibiotic resistance increased significantly from the edge of desert to the central oasis, along with Dest, Cotn, Maiz, Reed, and Sedt, consecutively, implying that farmland soil was an important reservoir of resistance genes, which was closely related to land use and land cover change. Soil microbial communities were significantly correlated with antibiotic resistance genes. *Thiobacillus*, *Pontibacter*, *Nocardioideis*, *Salinimicrobium*, *Solirubrobacter*, and *Streptomyces* were important potential hosts of various resistance genes. The patterns of antibiotic resistance genes were shaped by heavy metal elements, MGEs, and microbial communities in arid soil, which accumulatively accounted for 70% of the variations in resistance genes alone or together and therefore drove the occurrence, enrichment, and evolution of resistance genes in agricultural soil of the desert-oasis continuum.

Key words: oasis; soil; high throughput PCR; antibiotic resistance genes(ARGs); land use

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)是一种环境新污染物,广泛存在于环境微生物及环境介质上^[1,2].与常规化学污染物不同,环境中抗生素抗性基因能够随着微生物的增殖而复制增加(污染倍增);并且微生物之间存在结合、转化和转导等机制使得 ARGs 能够在不同微生物之间迁移传播(污染扩散),因此抗生素抗性基因具有独特的生物学特征^[3,4],抗性基因的类型和抗性机制也因具体环境而有所不同,能够直接或间接影响生态安全和人类健康.当前,针对农田土壤、森林土壤和河口湖泊沉积物等土壤环境,关于微生物抗生素抗性基因的分布特征和迁移传播机制已经有不少研究报

道^[3,5,6],世界卫生组织和全球公众也非常关注环境抗生素抗性基因问题.近年来,抗生素抗性基因和耐药微生物污染态势越来越严重,使得自然环境和人类健康面临着复杂严峻的挑战.

涵盖全球 40% 土地和 30% 以上人口的干旱区总体生态环境比较脆弱.过去几十年,全球旱区经历了快速的城市扩张过程,对自然生境和土地利用产

收稿日期: 2022-08-12; 修订日期: 2022-09-19

基金项目: 国家自然科学基金项目(42207158, 41807460, 42021005)

作者简介: 黄福义(1987~),男,博士,高级工程师,主要研究方向为环境微生物生态学与抗生素抗性, E-mail: fyuang@iue.ac.cn

* 通信作者, E-mail: sydzhou@scbg.ac.cn

生了强烈的影响^[7]. 在人类的改造下, 荒漠绿洲土壤肥沃, 灌溉条件便利, 通常是干旱区农业发达的区域, 一般分布在河流、地下水储藏丰富的地方, 以及有冰雪覆盖的山麓地区. 农田土壤微生物抗性基因受到植物种植类型、耕作模式和地理环境条件的影响^[8,9]. 有研究认为农田土壤与人类病原体能够交换抗生素抗性基因, 增加了土壤环境微生物耐药性对生态和人类的危险^[10]. 化肥或有机肥中存在一些金属元素, 农田土壤微生物在重(类)金属元素协同选择压力下, 产生了更多种类和更高丰度的抗生素抗性基因^[3,11]. 此外, 可移动基因元件 (mobile genetic elements, MGEs) 对于加快抗性基因在微生物群落中的横向转移和扩散也扮演着重要角色^[12,13]. 抗生素抗性基因和耐药菌还可以在土壤-植物-微生物系统中迁移传播, 并可能经由食物链对人类健康造成危害^[14].

基于地球关键带 (earth critical zone) 概念和全健康 (one health) 视角下, 目前针对干旱区, 特别是人类活动影响和生态足迹比较大的荒漠绿洲地区的微生物抗生素抗性研究比较少, 抗生素抗性基因及耐药微生物的分布特征、影响因素和生态环境健康风险不甚明确. 本文采用高通量 PCR 技术和高通量测序方法, 对新疆天山北麓的荒漠绿洲 5 种不同土地利用类型土壤的微生物多样性和抗性基因的污染特征开展了研究, 全面阐释了抗性基因的分布格局及其变化的驱动机制. 基于本研究, 能够对荒漠绿洲地区的农田土壤生态健康评估、土壤微生物潜在风险防控和土地合理利用等提供科学理论支持, 对可持续农业实践也有重要启示.

1 材料与方法

1.1 研究区域地理环境和样品采集

本研究中的样本采集于新疆石河子市及周边地区, 位于天山北麓, 古尔班通古特沙漠南缘. 该地区农业发达, 属于典型的绿洲农业, 主要种植有棉花、玉米、小麦和番茄等农作物. 如图 1 所示, 2021 年 9 月 2 日, 从沙漠边缘往石河子市 (绿洲中心) 方向依次采集了荒漠沙生植物土壤 (Dest)、棉花地土壤 (Cotn)、玉米地土壤 (Maiz)、湖边芦苇地土壤 (Reed) 和湖泊沉积物 (Sedt), 其中 Dest 为研究对照点 (人类活动干扰最小). 每个采样点收集附近 5 处的土壤或沉积物, 混合并去除小碎石、植物枯枝、根际残体等, 然后取 3 份 (每份约 2 kg) 为该点的 3 个平行样本. 所采集的土壤及沉积物样本保存在低温采样箱并在 36 h 内运回实验, 一部分常温晾干, 用于重金属等理化性质分析; 另一部分于 -20°C 冰



图 1 荒漠绿洲的典型土地利用类型

Fig. 1 Land use pattern in desert-oasis continuum

箱保存, 用于微生物组总 DNA 的提取.

1.2 土壤及沉积物微生物组 DNA 提取

取出低温冰箱的样品, 在室温解冻后, 每个样本称取约 0.5 g, 放入 FastDNA spin kit for soil (MP Biomedicals, 美国) 土壤 DNA 提取专用试剂盒中配套的裂解管中. 后续微生物 DNA 提取步骤, 按照试剂盒中的说明书的流程方法进行, 最后所提取获得的 DNA 溶解在 80 μL 的 DES 溶液中. 采用超微量分光光度计 NanoDrop 1000 (Thermo Scientific, 美国) 测定 DNA 样本的浓度和纯度. 提取的 DNA 样本置于 -80°C 超低温冰箱保存.

1.3 样品的含水率和金属元素分析

每个样品称取约 50 g, 根据称重法, 测定含水率. 样品在实验室自然通风条件下晾干并在冷冻干燥机 (FreeZone Freeze Dryers, LABCONCO, 美国) 冻干 24 h 后, 用玛瑙研钵进行充分研磨, 后用 100 目尼龙网筛过滤得到土壤粉末样品约 50 g, 装入自封袋并干燥保存. 每个土壤粉末样品称重约 4g, 添加硼酸粉末进行压片制作成为上机测试的土壤样品, 采用 X 射线荧光光谱仪 (XRF, PANalytical, 荷兰) 测定土壤和沉积物中的 As、Cr、Cu、Mn、Ni、Pb 和 Zn 等重(类)金属元素的含量.

1.4 普通 16S rDNA 定量 PCR 和抗性基因高通量定量 PCR

微生物 16S rDNA 定量 PCR 分析是基于 16S rRNA 基因短片段 PCR 扩增过程中 SYBR 荧光信号的变化进行^[15]. 定量 PCR 型号是 LightCycler 480 II (Roche, 瑞士). 对应的标准质粒浓度范围是 $1.63 \times 10^3 \sim 1.63 \times 10^9 \text{ copies} \cdot \mu\text{L}$, 扩增效率范围为 1.9 ~ 2.1, PCR 效率良好. 具体的定量 PCR 反应体积及组成为: 总体积 20 μL , SYBR Master Mix 试剂 10 μL , 无菌超纯水 7 μL , 正反向引物各 1 μL , DNA 样本为 1 μL .

抗生素抗性基因的种类及丰度的分析测试基于 WaferGen SmartChip 系统平台 (TaKaRa, WaferGen, 美国). 具体选择的功能基因 (抗性基因)、高通量

PCR 扩增条件和数据筛选分析依据参考文献 [16, 17]. WaferGen SmartChip 高通量 PCR 系统平台具有分析通量高、加样自动化和节约试剂样品的优势,适用于环境微生物功能基因谱集的定性和定量的高通量分析.

1.5 细菌 16S rDNA 扩增与测序分析

细菌的核糖体 16S rDNA 为特征编码序列,常用于物种分类以及进化关系研究. 基于可变区 V4-V5 片段进行 PCR 扩增,并对获得的扩增子进行高通量测序^[18]. 测序所获得的数据用 QIIME 进一步处理,细菌分类操作单元 (operational taxonomic unit, OTU) 的获得和基于 OTU 的不同分类水平归类按照相关研究中的方法进行分析^[19].

1.6 数据统计分析

本研究所涉及的统计分析,如平均值和标准方差等均采用 Excel 2016 版本 (Microsoft, 美国) 进行分析. 样品的显著性分析和相关性均采用软件 SPSS V18.0 (IBM, 美国). 微生物测序数据的分析主要基于 R (version 3.6.3) 软件的各种特定的软件包工具进行绘制作图,比如 heatmap 包进行抗性基因的热图分析等. 各种柱状图等的数据绘图由 Origin 9

(OriginLab, 美国) 完成. 抗性基因与微生物共发生网络关系的数据计算也是基于上述 R 软件,并采用 Gephi V0.9.2 软件进行绘图.

2 结果与分析

2.1 抗生素抗性基因的种类

土壤和沉积物总共检测到 127 种抗生素抗性基因. 图 2 (a) 结果显示, Dest、Cotn、Maiz、Reed 和 Sedt 分别检测到了 59、64、73、75 和 81 种,可以看出随着土地利用形式的变化,ARGs 的种类总体上呈现增加的趋势. 这些检测出的 ARGs 根据对应的抗生素的具体类型,可以归并成 8 大类:氨基糖苷类、 β -内酰胺类、氯霉素类、MLSB 类、多重耐药类、磺胺类、四环素类和万古霉素类抗性基因. 可移动基因遗传元件 (MGEs) 包含了转座子 (transposon) 和整合子 (integron),在荒漠绿洲 5 种环境样品中分别检测出 2、3、7、5 和 7 种. 此外,检测到的 ARGs 涵盖了 3 种主要的抗生素抗性机制: 抗生素失活、细胞保护和主动外排机制 [图 2 (b)],所占的相对比例平均分别为 37.27%、15.50% 和 40.20%.

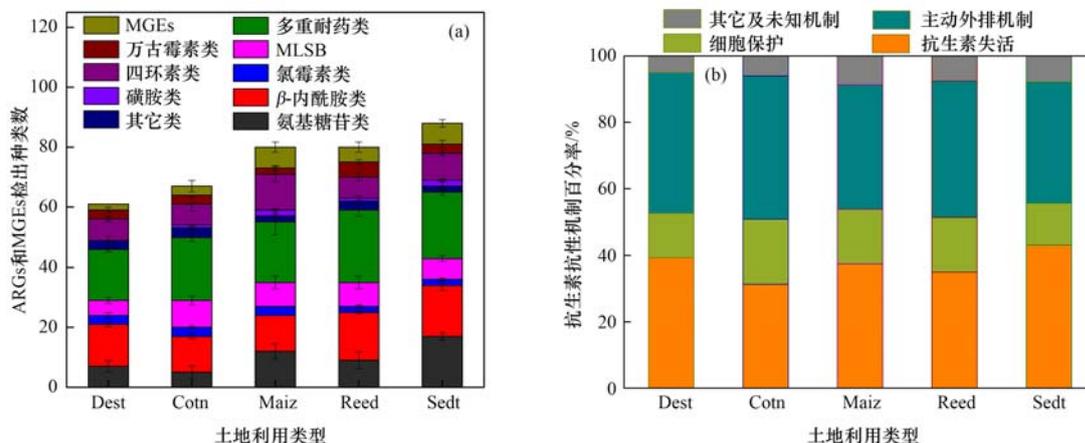


图 2 检测出的基因种类及其抗性机制类型

Fig. 2 Number of ARGs/MGEs and the resistance mechanisms

2.2 环境抗生素抗性基因的丰度

荒漠绿洲中的土壤和湖泊沉积物中总抗性基因的丰度变化范围为 $3.84 \times 10^8 \sim 3.77 \times 10^9$ copies \cdot g⁻¹,随着人类农业活动的增强,抗性基因丰度在 Dest、Cotn、Maiz、Reed 和 Sedt 呈现增高趋势 (图 3). 具体来说,多重耐药类抗性基因呈现出最高丰度 ($3.38 \times 10^8 \sim 3.29 \times 10^9$ copies \cdot g⁻¹),是总抗性基因中最重要的组成部分. β -内酰胺类和 MLSB 类抗性基因的丰度水平也比较高 ($1.56 \times 10^7 \sim 1.40 \times 10^8$ copies \cdot g⁻¹),MGEs 的基因丰度水平与这二者相近 ($1.75 \times 10^7 \sim 1.23 \times 10^8$ copies \cdot g⁻¹). 其余种类抗性基因丰度比上述抗性基因低,其中磺胺类抗性基

因在荒漠沙生植物土壤中未检出 (图 2 和图 3).

2.3 环境微生物的多样性与组成

微生物的 Chao1 指数主要关注物种丰富度信息,数值越大,表明环境微生物的物种丰富度和多样性越高. 图 4 (a) 显示,随着荒漠绿洲土地利用类型的变化 (Dest、Cotn、Maiz、Reed 和 Sedt) 和含水率的提高 (0.41% ~ 36.32%),5 种不同土壤样品的细菌 Chao1 指数呈现总体增加的趋势,证明土壤环境微生物的物种组成和多样性显著增加. 荒漠绿洲环境中土壤和湖泊沉积物中细菌相对丰度前 5 的组成是: 放线菌门 (Actinobacteria)、变形菌门 (Proteobacteria)、绿弯菌门 (Chloroflexi)、拟杆菌门

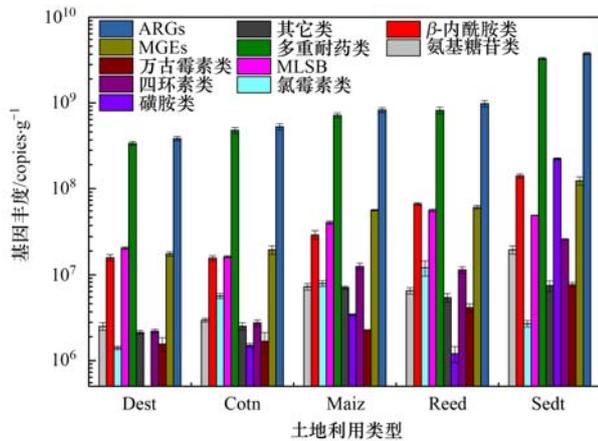


图3 检测出的抗性基因丰度

Fig. 3 Abundance of ARGs and MGEs

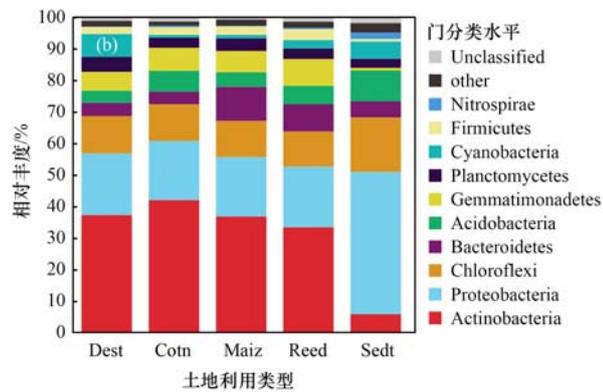
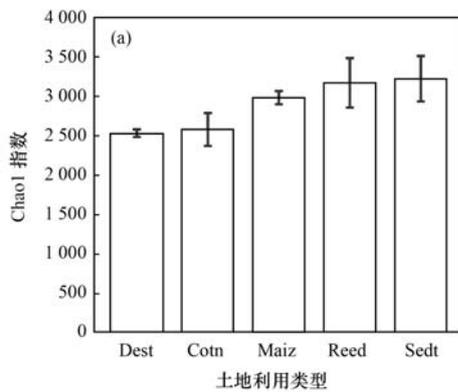


图4 微生物 Chao1 指数、细菌组成和相对丰度

Fig. 4 Chao1 index, bacterial composition, and relative abundance

量. 其中 $\omega(\text{Mn})$ 范围为 $571.75 \sim 920.82 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 平均值为 $782.03 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 农田土壤中 Mn 的主要来源是岩石风化输入和化肥输入, 而且背景值含量比较高. 图 5 可以看出, 相较于荒漠背景土壤, 受人类互动影响剧烈的农田土壤锰元素显著增加 ($P < 0.05$). $\omega(\text{Cr})$ 范围为 $36.92 \sim 60.11 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 平均值为 $52.03 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$; $\omega(\text{Ni})$ 范围为 $13.41 \sim 44.15 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 平均值为 $30.74 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$; $\omega(\text{As})$ 范围为 $5.85 \sim 17.99 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$, 平均值为 $52.03 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$. 其余金属元素含量见图 5. 总体上, 相较于荒漠土壤, 农田土壤重(类)金属元素含量都增加了. 根据《土壤环境质量 农用地土壤污染风险管控标准》(GB 15618-2018), 本研究重点关注的 7 种重(类)金属元素的含量都没有超过对应的土壤污染风险筛选值, 土壤污染风险小, 但是也不能忽略人类活动(化肥施用和地下水灌溉等引入)对于污染累积导致的潜在长期影响.

2.5 微生物与抗性基因的共现性关系

环境微生物是各类抗生素抗性基因的重要存续和演化载体. 基于普氏分析(procrustes analysis)结果表明, 抗生素抗性基因(ARGs)与细菌分类操作单

(Bacteroidetes) 和酸杆菌门(Acidobacteria), 占据总体丰度的 80.62%, 是细菌微生物群落最主要的组成结构[图 4(b)]. 此外, 湖泊沉积物中芽单胞菌门(Gemmatimonadetes)和厚壁菌门(Firmicutes)丰度相对较低, 而在其余 4 种相对干燥的土壤中则丰度较高, 可能与这两类微生物在干旱区环境的生存策略和适应性有关. 另外, 湖泊沉积物中硝化螺旋菌门(Nitrospirae)也是显著高于其它环境土壤[图 4(b)], 表明沉积物环境可能存在氮素微生物循环的特异性生境.

2.4 重(类)金属元素的浓度和污染态势

基于 X 射线荧光光谱仪(XRF), 笔者着重研究了 Cr、Ni、Cu、Zn、As、Pb 和 Mn 这 7 种元素的含

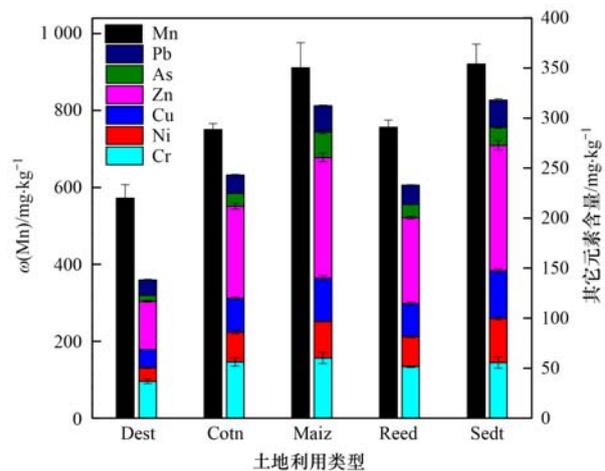


图5 重(类)金属元素含量

Fig. 5 Concentrations of seven heavy(loid) metal

元(OTU)组成具有良好的一致性 ($P = 0.001$, 偏差平方和 $M^2 = 0.49$, $r = 0.71$), 两者之间具有很强的正向关联度[图 6(a)], 表明荒漠绿洲土壤微生物与抗生素抗性基因关系非常密切. 共现性网络分析(co-occurrence network analysis)结果进一步证明[图 6(b)], 在细菌属水平(genus)上, 细菌与不同功能的抗生素抗性基因具有广泛而紧密的联结共存关系

(Spearman's $\rho > 0.7$, $P < 0.001$). 其中硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 与氨基糖苷类 (*aadA*、*aadA5*)、 β -内酰胺类 (*ampC*、*fox5*、*blaSFO*) 和多重耐药类 (*oprD*) 等 11 种抗生素抗性基因显著相关 ($P < 0.001$), 并且与一类整合子 (*int1*) 基因也呈现极显著的相关关系 ($P < 0.001$). 沙漠细菌属 (*Pontibacter*) 具有耐旱、耐盐碱和抗辐射等特点, 与多重耐药类 (*acrF*、*acrA*、*emrD* 和 *qacEdelta1*) 等 7 种抗性基因极显著相关 ($P < 0.001$). 诺卡氏菌属 (*Nocardioides*) 属于放线菌门, 与

多重耐药类 (*qacEdelta1*) 和四环素类 (*tetG*、*tetM*) 等 5 种抗性基因显著共现性相关. 此外, 耐盐微杆菌属 (*Salinimicrobium*)、土壤红杆菌属 (*Solirubrobacter*) 和链霉菌属 (*Streptomyces*) 也与较多抗性基因相互关联且关系密切 [图 6(b)]. 因此, 在不同土地利用类型模式下, 微生物组与抗生素抗性基因组紧密关联, 细菌 (属水平) 具有携带多种不同类型抗性基因的潜力, 绿洲荒漠土壤是抗生素抗性基因和抗性菌的重要存储库.

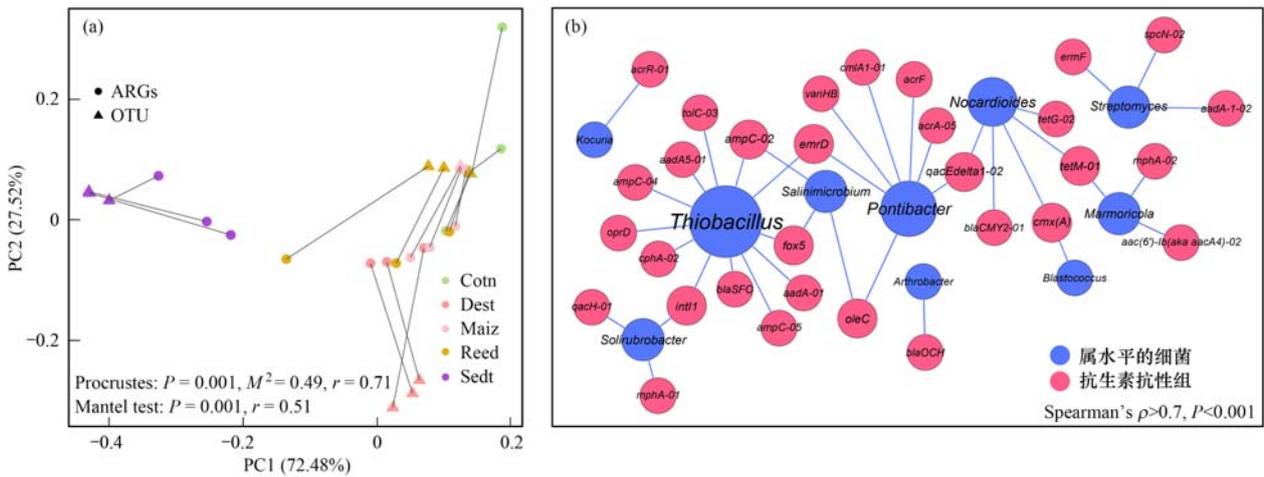


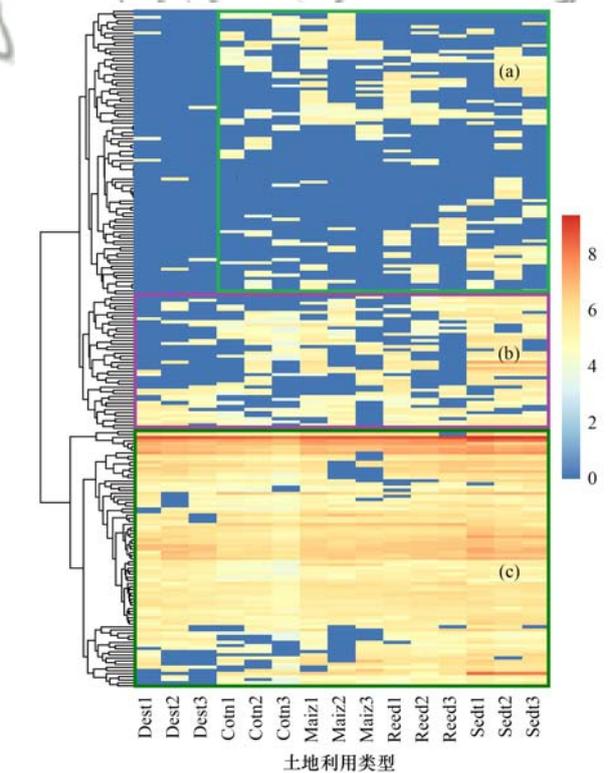
图 6 微生物和抗生素抗性基因的普氏分析和共现性网络分析

Fig. 6 Procrustes analysis between ARGs and OTU and co-occurrence network analysis among bacterial genus and antibiotic resistome

3 讨论

3.1 抗生素抗性基因的分布特征

荒漠绿洲中 Dest、Cotn、Maiz、Reed 和 Sedt 这 5 种不同土地利用类型中抗生素抗性基因的种类组成和丰度水平有显著差异, 并随着土壤含水率的增加而呈现了增加的趋势 (图 2 和图 3). 进一步用抗生素抗性基因的聚类热图来探究抗性基因分布组成差异和相互之间的关系 (图 7). 结果显示, 抗生素抗性基因总体上聚类成 3 组: c 组为抗性基因存在于所有样品当中, 并且总体丰度水平较高; b 组总体丰度水平低于 c 组, 并在这 5 种不同土地利用类型依次呈现增加趋势 (相较于荒漠土壤各类背景基因富集增加); a 组抗性基因的特征是, 相对于 Dest 对照组, 在 Cotn、Maiz、Reed 和 Sedt 这 4 种土地利用类型中有新出现的抗生素抗性基因 (化肥施用和地下水灌溉等农业活动引入的外源基因). 有研究表明, 不管是相对原始状态还是人类活动影响下的生态环境, 抗性基因都是广泛存在的, 但是人类活动促进了环境抗生素抗性基因的迁移和扩散^[13,20]. 总体上看, 基于土地利用类型变化的农业种植活动, 一些抗性基因维持在较高水平 [图 7(c)], 还出现了一些未曾出现过的抗性基因 (*vanRA*、*aadA2*、*ermT*、



每个样品 3 个重复, 色柱表示 lg(丰度)

图 7 基于 ARGs 和 MGEs 丰度的聚类热图分析

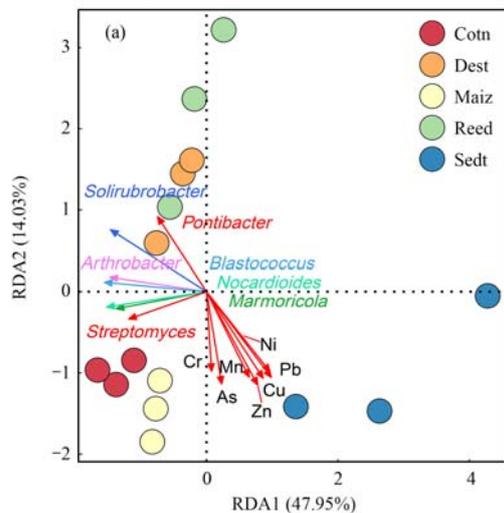
Fig. 7 Clustering heatmap showing the profiles of ARGs and MGEs

tetQ、*blaPAO*、*tolC* 和 *qacH* 等) 和可移动遗传元件

(*tnpA*), 表明人类活动是荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因赋存和变化的重要影响因素. Xiang 等^[21] 研究认为人类活动与城-郊系统不同土地利用类型的土壤抗性基因变化显著相关, 这与本研究的结果一致. Wall 等^[22] 认为可持续的土地利用模式, 能够平衡病原菌和有益微生物之间的关系, 进而基于土壤生物资源来应对环境变化, 促进土地资源可持续利用^[23]. 因此在干旱区的绿洲农业模式下, 土壤环境微生物及其抗性基因的变化格局对于人类健康和生态平衡影响还值得进一步深入研究.

3.2 抗生素抗性基因变化的影响因子和驱动机制

基于影响因子的冗余分析 (redundancy analysis, RDA) 和方差分解分析 (variance partitioning analysis, VPA) 来共同阐释抗生素抗性基因变化的影响因子和驱动机制 (图 8). 从图 8(a) 可以看出, 湖泊沉积物 (Sedt) 的抗性基因与重金属关系密切, 其余 4 种土壤的抗性基因与沙漠细菌属 (*Pontibacter*)、土壤红杆菌属 (*Solirubrobacter*) 和链霉菌属 (*Streptomyces*) 等紧密相关, 暗示着不同生境的微生物抗性基因赋存特征和驱动机制不尽相同.



荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因变化趋势 (图 2、图 3 和图 7) 与微生物的多样性 Chao1 指数 [图 4(a)] 和土壤及沉积物含水率相同, 这与土壤干旱造成了土壤微生物多样性和关联性下降的结果相一致^[24~27], 因此在干旱区的地理环境特征下, 微生物群落结构特征对土壤抗生素抗性基因的分布态势有重要影响^[28]. 进一步的, 有研究认为微生物是土壤微生物抗性基因赋存的最重要因素^[5,18], 并且 MGEs 基因水平转移机制^[29,30] 对于抗性基因在土壤中的增殖扩散也有促进作用, 这与本研究的结果一致 [微生物群落和 MGEs 的解释率分别为 40% 和 6%, 图 8(b)]. 此外, 重(类)金属元素对于土壤微生物压力选择作用^[31,32] 也显著改变了抗生素抗性基因的变化和分布格局, 本研究中的荒漠绿洲农田土壤/沉积物中重(类)金属对抗性基因的变化解释率达到了 22%, 表明重(类)金属的压力选择对微生物抗生素抗性赋存和适应性进化有着重要的作用. 同时, 重(类)金属元素的含量在这 5 种不同生境中也是显著增加 (图 5), 需要继续深入研究干旱区农田土壤重(类)金属的来源、长期影响和潜在生态环境风险.

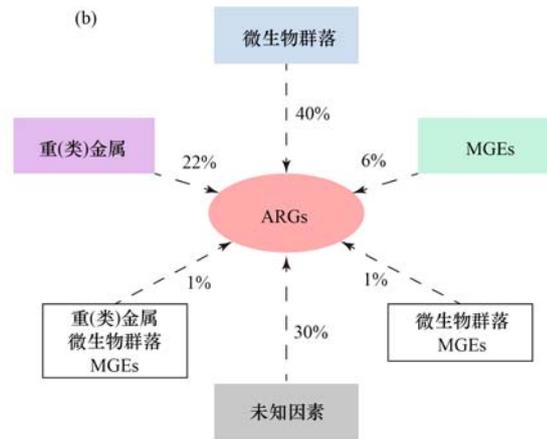


图 8 抗性基因的影响因子 RDA 分析和抗性基因变化的解释率 VPA 分析

Fig. 8 Redundancy analysis and variance partitioning analysis for alterations of ARGs

4 结论

(1) 沙漠边缘往绿洲中心方向的荒漠沙生植物土壤 (Dest)、棉花地土壤 (Cotn)、玉米地土壤 (Maiz)、芦苇地土壤 (Reed) 和湖泊沉积物 (Sedt) 中抗生素抗性基因的种类组成和丰度水平整体呈现了增加的趋势特征, 土壤是抗性基因重要的存储库; 基于土地利用类型变化的人类活动对荒漠绿洲土壤抗性基因造成了显著影响.

(2) 荒漠绿洲土壤微生物群落与抗生素抗性基因具有显著正相关的关系, 硫杆菌属 (*Thiobacillus*)、沙漠

细菌属 (*Pontibacter*)、诺卡氏菌属 (*Nocardioiodes*)、耐盐微杆菌属 (*Salinimicrobium*)、土壤红杆菌属 (*Solirubrobacter*) 和链霉菌属 (*Streptomyces*) 等微生物是各类抗性基因重要的潜在携带者.

(3) 干旱区土壤中重(类)金属元素和 MGEs, 与微生物群落共同影响和塑造了抗生素抗性基因的赋存分布特征, 基于这些影响因素单独或者共同的作用, 对抗性基因变化解释率达到了 70%; 微生物群落是荒漠绿洲土壤抗性基因赋存变化的最主要驱动力.

参考文献:

[1] MacLean R C, San Millan A. The evolution of antibiotic

- resistance[J]. *Science*, 2019, **365**(6458): 1082-1083.
- [2] Dong P Y, Wang H, Fang T T, *et al.* Assessment of extracellular antibiotic resistance genes (eARGs) in typical environmental samples and the transforming ability of eARG[J]. *Environment International*, 2019, **125**: 90-96.
- [3] 黄福义, 周曙屹, 王佳妮, 等. 不同作物农田土壤抗生素抗性基因多样性[J]. *环境科学*, 2021, **42**(6): 2975-2980. Huang F Y, Zhou S Y D, Wang J N, *et al.* Profiling of antibiotic resistance genes in different croplands [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(6): 2975-2980.
- [4] Zhu Y G, Gillings M, Simonet P, *et al.* Human dissemination of genes and microorganisms in Earth's Critical Zone[J]. *Global Change Biology*, 2018, **24**(4): 1488-1499.
- [5] Chen Q L, An X L, Li H, *et al.* Long-term field application of sewage sludge increases the abundance of antibiotic resistance genes in soil[J]. *Environment International*, 2016, **92-93**, doi: 10.1016/j.envint.2016.03.026.
- [6] Zhu Y G, Zhao Y, Li B, *et al.* Continental-scale pollution of estuaries with antibiotic resistance genes [J]. *Nature Microbiology*, 2017, **2**(4), doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.270.
- [7] Ren Q, He C Y, Huang Q X, *et al.* Impacts of urban expansion on natural habitats in global drylands[J]. *Nature Sustainability*, 2022, **5**(10): 869-878.
- [8] Cerqueira F, Matamoros V, Bayona J, *et al.* Antibiotic resistance genes distribution in microbiomes from the soil-plant-fruit continuum in commercial *Lycopersicon esculentum* fields under different agricultural practices [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **652**: 660-670.
- [9] Wu J, Wang J Y, Li Z T, *et al.* Antibiotics and antibiotic resistance genes in agricultural soils: A systematic analysis[J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2022, doi: 10.1080/10643389.2022.2094693.
- [10] 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.
- [11] Zhao Y, Hu H W, Su J Q, *et al.* Influence of legacy mercury on antibiotic resistomes: evidence from agricultural soils with different cropping systems [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, **55**(20): 13913-13922.
- [12] Gaze W H, Zhang L H, Abdoulsam N A, *et al.* Impacts of anthropogenic activity on the ecology of class 1 integrons and integron-associated genes in the environment [J]. *The ISME Journal*, 2011, **5**(8): 1253-1261.
- [13] Van Goethem M W, Pierneef R, Bezuidt O K I, *et al.* A reservoir of 'historical' antibiotic resistance genes in remote pristine Antarctic soils [J]. *Microbiome*, 2018, **6**, doi: 10.1186/s40168-018-0424-5.
- [14] Chen Q L, Cui H L, Su J Q, *et al.* Antibiotic resistomes in plant microbiomes[J]. *Trends in Plant Science*, 2019, **24**(6): 530-541.
- [15] Ouyang W Y, Huang F Y, Zhao Y, *et al.* Increased levels of antibiotic resistance in urban stream of Jiulongjiang River, China [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(13): 5697-5707.
- [16] Huang F Y, Chen Q L, Zhang X, *et al.* Dynamics of antibiotic resistance and its association with bacterial community in a drinking water treatment plant and the residential area [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, **28**(39): 55690-55699.
- [17] 黄福义, 安新丽, 陈青林, 等. 梅花鹿养殖场抗生素抗性基因分布特征[J]. *环境科学*, 2016, **37**(11): 4402-4409. Huang F Y, An X L, Chen Q L, *et al.* Distribution characteristics of antibiotic resistance genes in sika deer farm [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(11): 4402-4409.
- [18] Su J Q, Wei B, Ouyang W Y, *et al.* Antibiotic resistome and its association with bacterial communities during sewage sludge composting[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(12): 7356-7363.
- [19] Zhou S Y D, Huang F Y, Zhou X Y, *et al.* Conurbation size drives antibiotic resistance along the river [J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **823**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.153822.
- [20] Zhu Y G, Penuelas J. Changes in the environmental microbiome in the Anthropocene [J]. *Global Change Biology*, 2020, **26**(6): 3175-3177.
- [21] Xiang Q, Chen Q L, Zhu D, *et al.* Spatial and temporal distribution of antibiotic resistomes in a peri-urban area is associated significantly with anthropogenic activities [J]. *Environmental Pollution*, 2018, **235**, doi: 10.1016/j.envpol.2017.12.119.
- [22] Wall D H, Nielsen U N, Six J. Soil biodiversity and human health [J]. *Nature*, 2015, **528**(7580): 69-76.
- [23] 朱永官, 陈保冬, 付伟. 土壤生态学研究前沿 [J]. *科技导报*, 2022, **40**(3): 25-31. Zhu Y G, Chen B D, Fu W. Research frontiers in soil ecology [J]. *Science & Technology Review*, 2022, **40**(3): 25-31.
- [24] Chen Q L, Hu H W, Sun A Q, *et al.* Aridity decreases soil protistan network complexity and stability [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2022, **166**, doi: 10.1016/j.soilbio.2022.108575.
- [25] Wu L W, Zhang Y, Guo X, *et al.* Reduction of microbial diversity in grassland soil is driven by long-term climate warming [J]. *Nature Microbiology*, 2022, **7**(7): 1054-1062.
- [26] de Nijs E A, Hicks L C, Leizeaga A, *et al.* Soil microbial moisture dependences and responses to drying-rewetting: The legacy of 18 years drought [J]. *Global Change Biology*, 2019, **25**(3): 1005-1015.
- [27] Yu J L, Xia J J, Ma Q L, *et al.* Soil particle and moisture-related factors determine landward distribution of bacterial communities in a lateral riverside continuum of the Xilin River Basin [J]. *Soil Ecology Letters*, 2021, **3**(4): 303-312.
- [28] Forsberg K J, Patel S, Gibson M K, *et al.* Bacterial phylogeny structures soil resistomes across habitats [J]. *Nature*, 2014, **509**(7502): 612-616.
- [29] Klümper U, Riber L, Dechesne A, *et al.* Broad host range plasmids can invade an unexpectedly diverse fraction of a soil bacterial community [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(4): 934-945.
- [30] Nesme J, Simonet P. The soil resistome: a critical review on antibiotic resistance origins, ecology and dissemination potential in telluric bacteria [J]. *Environmental Microbiology*, 2015, **17**(4): 913-930.
- [31] Gorovtsov A V, Sazykin I S, Sazykina M A. The influence of heavy metals, polyaromatic hydrocarbons, and polychlorinated biphenyls pollution on the development of antibiotic resistance in soils [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2018, **25**(10): 9283-9292.
- [32] Zhang Y X, Chen J P, Chen H Y, *et al.* An integrated multidisciplinary-based framework for characterizing environmental risks of heavy metals and their effects on antibiotic resistomes in agricultural soils [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **426**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.128113.

CONTENTS

Assessing the Environmental and Health Co-benefits of Accelerated Energy Transition and Industrial Restructuring: A Case Study of the BTHS Region	YANG Xi, SUN Yi-sheng, CHANG Shi-yan, <i>et al.</i> (3627)
Synergistic Paths of Reduced Pollution and Carbon Emissions Based on Different Power Demands in China	XIANG Meng-yu, WANG Shen, LÜ Lian-hong, <i>et al.</i> (3637)
Evaluation Method and Application for Urban Carbon Peaking & Neutrality Performance	ZHANG Bao-liu, BAI Zi-han, ZHANG Nan, <i>et al.</i> (3649)
Revealing Driving Factors of Urban O ₃ Based on Explainable Machine Learning	DONG Jia-qi, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (3660)
Sensitivity Analysis of Ozone Formation Using Response Surface Methodology	ZHU Yu-huan, CHEN Bing, ZHANG Ya-ru, <i>et al.</i> (3669)
Analysis of O ₃ Sources in Yulin City in Summer Based on WRF-CMAQ/ISAM Model	WANG Yi-fan, TONG Ji-long, CHEN Yu-xiang, <i>et al.</i> (3676)
Atmospheric Ozone Concentration Prediction in Nanjing Based on LightGBM	ZHU Jia-ying, AN Jun-lin, FENG Yue-zheng, <i>et al.</i> (3685)
Meteorological Formation Mechanisms and Potential Sources of an Ozone Pollution Process in Winter of 2022 in Guangdong Province	LI Ting-yuan, CHEN Jing-yang, GONG Yu, <i>et al.</i> (3695)
Impact of Summer Tropospheric Ozone Radiative Forcing on Meteorology and Air Quality in North China	DU Nan, CHEN Lei, LIAO Hong, <i>et al.</i> (3705)
Identification of Impacts from Meteorology and Local and Transported Photochemical Generation on Ozone Trends in Changsha from 2018 to 2020	YANG Jun, YANG Lei-feng, DING Hua, <i>et al.</i> (3715)
Spatio-temporal Variation and Multi-dimensional Detection of Driving Mechanism of PM _{2.5} Concentration in the Chengdu-Chongqing Urban Agglomeration from 2000 to 2021	XU Yong, GUO Zhen-dong, ZHENG Zhi-wei, <i>et al.</i> (3724)
Estimation of PM _{2.5} Hourly Concentration in Sichuan Province Based on GTWR-XGBoost Model	WU Di, DU Ning, WANG Li, <i>et al.</i> (3738)
Transmission and Growth Characteristics of Severe PM _{2.5} Pollution Events from 2013 to 2021 in Xingtai, Hebei	JIANG Qi, SHENG Li, JIN Yu-chen, <i>et al.</i> (3749)
Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Urban Shanghai During Cold Season Based on High Time-resolution Measurements of Organic Molecular Markers	ZHU Shu-hui (3760)
Emission Factors of Carbonaceous Aerosol and Stable Carbon Isotope for In-use Vehicles	YU Ming-yuan, WANG Qian, FU Ming-liang, <i>et al.</i> (3771)
Composition Characteristics of Volatile Organic Compounds and Associated Contributions to Secondary Pollution in Shenyang Industrial Area in Summer	GUAN Lu, SU Cong-cong, KU Ying-ying, <i>et al.</i> (3779)
Characteristics of VOCs and Assessment of Emission Reduction Effect During the Epidemic Lockdown Period in Shenzhen Urban Area	YUN Long, LIN Chu-xiong, LI Cheng-liu, <i>et al.</i> (3788)
Characteristics of Organic Matter Composition and Oxidation Potential in Road Dust in Winter in Xi'an	WANG Qing-wen, CHEN Qing-cai, WANG Chao, <i>et al.</i> (3797)
Contamination Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Compounds in Surface Dust of Suntuan Mining Area in Huaibei	XU Zhen-peng, QIAN Ya-hui, HONG Xiu-ping, <i>et al.</i> (3809)
Spatio-temporal Variation in Water Quality and Its Response to Precipitation and Land Use in Baiyangdian Lake in the Early Stage of the Construction of Xiong'an New Area	WANG Zi-ming, YANG Li-hu, SONG Xian-fang (3820)
Simulation of Pollution Apportionment and Optimization of Control Methods in Watershed Scale: A Case Study of the Shun'an Watershed in Tongling City	LIU Guo-wangchen, CHEN Lei, LI Jia-qi, <i>et al.</i> (3835)
Evaluation of Shallow Groundwater Quality and Optimization of Monitoring Indicators in Nanchang	ZHENG Zi-yin, CHU Xiao-dong, XU Jin-ying, <i>et al.</i> (3846)
Hydrogen and Oxygen Isotopic Characteristics and Influencing Factors of "Three Waters" in Shandian River Basin	YANG Li-na, JIA De-bin, GAO Rui-zhong, <i>et al.</i> (3855)
Distribution Characteristics and Influencing Factors of Abundant and Rare Planktonic Microeukaryotes in Jinsha River	YAN Bing-cheng, CUI Ge, SUN Sheng-hao, <i>et al.</i> (3864)
Bacterial Community Diversity in Channel Sediments of Different Disturbance Sections of the Jialing River	ZHU Lan-ping, ZHANG Tuo, LI Jia-ning, <i>et al.</i> (3872)
Effects of Reservoir Water Depth on Different Plankton Communities and Keystone Species of Network Interaction	WANG Xun, LIAO Qin, WANG Pei-fang, <i>et al.</i> (3881)
Correlation Between the Diversity Characteristics of Groundwater Bacterial Community and Environmental Factors in Typical Industrial Areas	WU Jian-qiang, ZHANG Shu-yuan, WANG Min, <i>et al.</i> (3892)
Effects of Fertilizer Application Strategy Adjustments on Nitrogen and Phosphorus Loss from Typical Crop Systems in Taihu Lake Region	YU Ying-liang, WANG Yi-zhi, YANG Bei, <i>et al.</i> (3902)
Estimation of Cropland Nitrogen Runoff Loss Loads in the Yangtze River Basin Based on the Machine Learning Approaches	ZHANG Yu-fu, PAN Zhe-qi, CHEN Ding-jiang (3913)
Classification and Identification of Non-point Source Nitrogen Pollution in Surface Flow of the Shangwu River Watershed in the Qiandao Lake Region	YU Ke, YAN Yan, TANG Zhang-xuan, <i>et al.</i> (3923)
Spatial Distribution of Nitrogen and Phosphorus Nutrients in the Main Stream and Typical Tributaries of Tuojiang River and Fujiang River	LI Zi-yang, ZHOU Ming-hua, XU Peng, <i>et al.</i> (3933)
Sediment Pollution and Dredging Effect of Waiqinhuai River	ZHANG Mu, REN Zeng-yi, ZHANG Man, <i>et al.</i> (3945)
Critical Review on Environmental Occurrence and Photochemical Behavior of Substituted Polycyclic Aromatic Hydrocarbons	GE Lin-ke, WANG Zi-yu, CAO Sheng-kai, <i>et al.</i> (3957)
Cadmium and Arsenic Interactions During Co-adsorption onto Goethite	SU Zi-xian, LIU Sai-hong, GUAN Yu-feng, <i>et al.</i> (3970)
Preparation of Catalyst Cyclodextrin-Fe-TAML to Activate H ₂ O ₂ and Oxidize Organic Micropollutants in Water	LIU Qing-quan, CAI Ben-zhe, CAI Xi-yun (3978)
Performance and Reaction Mechanism of Co(II) Mediated Activation of Peroxymonosulfate for Degrading Nitrilotris (Methylene Phosphonic Acid)	ZHU Jing-lin, WANG Shu (3990)
Change in Granulation Potential and Microbial Enrichment Characteristics of Sludge Induced by Microplastics	XIE Qing-fan, YU Nan, ZHANG Ni, <i>et al.</i> (3997)
Accumulation Characteristics and Probabilistic Risk Assessment of Cd in Agricultural Soils Across China	WANG Jing, WEI Heng, PAN Bo (4006)
Source Analysis and Pollution Assessment of Soil Heavy Metals in Typical Geological High Background Area in Southeastern Chongqing	JIANG Yu-lian, YU Jing, WANG Rui, <i>et al.</i> (4017)
Integrated Analysis on Source-exposure Risk of Heavy Metals in Farmland Soil Based on PMF Model: A Case Study in the E-waste Dismantling Area in Zhejiang Province	FANG Jia, HE Ying, HUANG Nai-tao, <i>et al.</i> (4027)
Pollution Characteristics and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Farmland Soil and Crops in the Suburbs of Urumqi	FAN Yue, CAO Shuang-yu, Nuerla Ailijiang, <i>et al.</i> (4039)
Distribution and Driving Mechanisms of Antibiotic Resistance Genes in Desert-Oasis Continuum	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yidan, SU Jian-qiang, <i>et al.</i> (4052)
Characteristics of Antibiotic Contamination of Soil in China in Past Fifteen Years and the Bioremediation Technology: A Review	ZHAO Xiao-dong, QIAO Qing-qing, QIN Xiao-rui, <i>et al.</i> (4059)
Modified Biochar for Remediation of Soil Contaminated with Arsenic and Cadmium: A Review	LÜ Peng, LI Lian-fang, HUANG Xiao-ya (4077)
Effect of Biogas Slurry Return to Field on Heavy Metal Accumulation in Soil-crop System: A Meta-analysis	ZHAO Qi-zhi, YANG Zhi-min, KONG Fan-jing, <i>et al.</i> (4091)
Remediation Effect of Two Iron-modified Biochars on Slightly Alkaline Arsenic and Cadmium Contaminated Soil	LIANG Xin-ran, HE Dan, ZHENG Zhao-hua, <i>et al.</i> (4100)
Effects of Straw Removal Measure on Soil Cd Bioavailability and Rice Cd Accumulation	WANG Zi-yu, ZHOU Hang, ZHOU Kun-hua, <i>et al.</i> (4109)
Application of Desulfurized Gypsum with Straw to Improve Physicochemical Properties of Saline-alkali Land in Yellow River Delta	ZHAO Hui-li, YU Jin-yi, LIU Tao, <i>et al.</i> (4119)
Biological Evaluation and Key Stress Factor Diagnosis of Compound Contaminated Soil Based on Environmental DNA	HUANG Xiang-yun, ZHONG Wen-jun, LIU Xun-jie, <i>et al.</i> (4130)
Comprehensive Quality Assessment of Soil-Maize Heavy Metals in High Geological Background Area	ZHANG Chuan-hua, WANG Zhong-shu, LIU Li, <i>et al.</i> (4142)
Ecological Risk and Health Risk of Heavy Metal Pollution in Vegetable Production System of Zhejiang Province	ZHANG Shu-min, LIU Cui-ling, YANG Gui-ling, <i>et al.</i> (4151)
Effect of Biochar with Phosphorus Fertilizer on Soil Nutrients, Enzyme Activity, and Nutrient Uptake of <i>Alfalfa</i>	LIU Xin-yu, WANG Dong-mei, ZHANG Ze-zhou, <i>et al.</i> (4162)
Effects of Low-density Polyethylene Microplastics on the Growth and Physiology Characteristics of <i>Ipomoea aquatica</i> Forsk	ZHOU Ying, JIANG Wen-ting, LIU Xun-yue, <i>et al.</i> (4170)
Effects of Biogas Slurry Application on Soil Microbial Communities Structure and Function During Wheat-rice Stubble Period	QIAO Yu-ying, XI Hui, LI Na, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Soil Bacterial Community Structure and Ecological Function Characteristics in Different Pollution Levels of Lead-zinc Tailings in Datong	LIU Ze-xun, ZHUANG Jia-yao, LIU Chao, <i>et al.</i> (4191)
Effect of Fire-deposited Charcoal on Soil Organic Carbon Pools and Associated Enzyme Activities in a Recently Harvested <i>Pinus massoniana</i> Plantation Subjected to Broadcast Burning	YAO Zhi, JIAO Peng-yu, WU Xiao-sheng, <i>et al.</i> (4201)