

目次(卷终)

基于气象条件指数的我国重点区域 PM<sub>2.5</sub> 和臭氧复合污染气象影响评估 ..... 杨欣, 杨元琴, 李红, 高健, 牛军捷, 储王辉, 刘世杰, 陈义珍, 何友江, 赵好希 (6433)

“2+26”城市 PM<sub>2.5</sub> 与气象因子的尺度依存关系及影响因素分析 ..... 吴舒祺, 金团团, 郑冬阳, 顾杨吻, 赵文吉 (6441)

武汉军运会前后大气 PM<sub>2.5</sub> 化学组分和来源 ..... 刘世豪, 孔少飞, 郑煌, 陈楠, 祝波, 祁士华 (6452)

2016~2020年邯郸市冬季 PM<sub>2.5</sub> 污染特征与来源解析 ..... 牛红亚, 高娜娜, 鲍晓磊, 胡伟, 胡偲豪, 吴春苗, 马心怡, 纪晓腾, 樊景森, 王金喜 (6463)

渭南市冬季 PM<sub>2.5</sub> 化学组成及来源解析 ..... 郭景宁, 李小飞, 余锋, 张蕊, 高月, 杨雯 (6474)

长三角城郊冬季 PM<sub>2.5</sub> 中铵盐的形成过程及来源解析 ..... 项妍琨, 曹芳, 张雯淇, 范美益, 章炎麟 (6486)

上海城区硝基芳香族化合物的化学组成及特征分析 ..... 杨露, 马英歌, 郁建珍, 吴宇航, 乔利平, 周敏, 朱书慧, 黄成, 童张法 (6495)

吕梁市 PM<sub>2.5</sub> 中多环芳烃的来源解析及健康风险评估 ..... 车玲, 刘紫叶, 李杨勇, 李雪梅, 李晓帆, 刘添, 冯传阳, 姜辛 (6508)

广西背景大气中生物质燃烧对碳质气溶胶组成和吸光性的影响 ..... 吴星麒, 曹芳, 洪一航, 邢佳莉 (6518)

南京北郊大气棕碳吸光特性、来源及其季节变化特征 ..... 陈星州, 崔世杰, 张运江, 先久坤, 王镜雯, 汪俊峰, 盖鑫磊 (6529)

京津冀地区“煤改电”对 PM<sub>2.5</sub> 污染的健康效益评估 ..... 张茹婷, 陈传敏, 刘松涛, 吴华成, 周卫青, 李朋 (6541)

基于化学损耗修正的青岛胶州市环境 VOCs 来源解析 ..... 孔翠丽, 吴雨彤, 顾瑶, 宋江邦, 孟赫, 石来元, 刘保双 (6551)

聊城市城区夏季 VOCs 污染特征及来源解析 ..... 李万勇, 黄浩瑜, 王艳振, 朱子博, 王一秋, 高艳珊, 彭娜娜, 伦小秀, 黄亮, 冯如帆, 菅月诚, 王强 (6564)

基于三维空气质量模型的淄博市臭氧及前体物来源解析 ..... 张馨心, 赵秀颖, 黄凌, 薛金, 卞锦婷, 王杨君, 李莉 (6576)

中国高温下臭氧抑制事件的时空特征及其影响因素 ..... 欧林冲, 陈伟华, 伍永康, 吴乐敏, 王雪梅 (6586)

基于无人机的城市大气细颗粒物与臭氧污染探测与溯源研究进展 ..... 曲雅微, 王体健, 袁成, 吴昊 (6598)

京津冀地区机动车细颗粒物污染的健康影响分析 ..... 郝永佩, 宋晓伟, 朱晓东, 王京伟, 程鹏 (6610)

中国水泥行业通过 CCUS 技术的减排潜力评估 ..... 魏宁, 刘胜男, 魏凤, 李小春 (6621)

钢铁行业生命周期碳排放核算及减排潜力评估 ..... 宋晓聪, 杜帅, 邓陈宁, 谢明辉, 沈鹏, 赵慈, 陈忱, 刘晓宇 (6630)

珠江三角洲二氧化碳源汇演变特征及驱动因素 ..... 胡景心, 沙青娥, 刘慧琳, 张雪驰, 郑君瑜 (6643)

东莞市低碳路径下加速电气化对 CO<sub>2</sub> 和污染物协同减排影响 ..... 吴乐敏, 陈丙寅, 欧林冲, 白玉洁, 刘可旋, 王伟文, 彭勃, 王雪梅 (6653)

县域尺度下长株潭地区城市化与碳排放的关系 ..... 刘贤赵, 李阳 (6664)

城市草坪温室气体排放特征及影响因素 ..... 陈丽涵, 刘硕, 林溢, 郭娜, 臧昆鹏, 陈圆圆, 李嘉鑫, 邱珊珊, 卿雪梅, 洪海祥, 蒋凯, 熊浩宇, 方双喜 (6680)

双视角下中国畜牧业甲烷排放的温室效应 ..... 刘舒乐, 严薇, 高庆先, 马占云 (6692)

中国典型流域有机磷酸酯的污染特征与风险评估 ..... 赵江陆, 路海健, 吕佳佩, 杨江涛, 罗莹, 曹渺, 孙善伟, 郭昌胜, 徐建 (6700)

黄河下游悬河段饮用水源地土壤重金属污染、来源及健康风险 ..... 彭超月, 任翀, 申浩欣, 王艳锋, 段海静, 王玉龙, 李旭辉, 刘德新, 马建华 (6710)

黄河干流沉积物重金属的赋存形态特征及污染评价 ..... 王依滴, 欧阳威, 刘连华, 陆中桂 (6720)

土地利用结构与空间格局对鄱阳湖流域中小河流水质的影响 ..... 温嘉伟, 王鹏, 黄高翔, 张华, 聂明华, 丁明军, 折远洋 (6728)

内蒙古典型湖泊水环境特征及水质评价 ..... 王欣远, 潘保柱, 王立新, 刘铁军, 廖梓龙, 韩语, 杨子杰 (6744)

锡林河上游雨季降水、河水和地下水转化关系 ..... 孙金, 王怡璇, 杨璐, 段利民, 褚少杰, 张桂馨, 张波, 刘廷杰 (6754)

西北盐湖流域地下水水化学特征及控制因素 ..... 艳艳, 高瑞忠, 刘廷玺, 房丽晶, 王银龙 (6767)

巴里坤-伊吾盆地平原区地下水污染风险评价 ..... 刘钰, 曾妍妍, 周金龙, 闫志云, 白凡 (6778)

亚硫酸氢盐强化微量 Fe<sup>2+</sup> 活化过二硫酸盐降解扑热息痛 ..... 莫苗婷, 聂淑华, 晏彩霞, 丁明军, 陈诗瑶, 聂明华 (6790)

污泥生物炭活化过一硫酸盐降解环丙沙星 ..... 郑大洋, 邹佳丽, 徐皓, 王滕, 石宇翔, 陈永健, 李彬阳, 王亚宜, 冯沁, 吴敏 (6801)

NaHCO<sub>3</sub> 活化荞麦皮生物炭对碘酚的吸附 ..... 魏红, 赵江娟, 景立明, 钮金芬, 付冉, 董莹 (6811)

竹基 N、P 共掺杂活性炭的制备及其锂离子吸附性能 ..... 王贵龙, 刘艳艳, 江荣源, 李思敏, 林冠峰, 卢贝丽, 黄彪, 陈燕丹 (6823)

西南高山峡谷区植被变化及影响因素分析 ..... 赖金林, 齐实, 崔冉冉, 廖瑞恩, 唐颖, 李鹏 (6833)

生物炭施用对农田土壤团聚体及有机碳影响的整合分析 ..... 孟艳, 沈亚文, 孟维伟, 王旭清, 李宗新, 刘开昌, 代红翠 (6847)

农田土壤碳循环过程及其量化方法 ..... 孙昭安, 朱彪 (6857)

生物炭施用 5 a 后对桂北桉树人工林土壤有机碳组分的影响 ..... 牟芝熠, 沈育伊, 曹杨, 王紫卉, 陈运霖, 滕秋梅, 黄科朝, 毛馨月, 徐广平 (6869)

喀斯特地区植被恢复下土壤活性有机碳与碳库管理指数的演变特征 ..... 蔡华, 舒英格, 王昌敏, 廖远行, 罗秀龙, 龙慧, 李雪梅 (6880)

中国典型抗生素在环境介质中的污染特征与生态风险评估 ..... 陈丽红, 曹莹, 李强, 孟甜, 张森 (6894)

基于 MGWR 的土壤 pH 值空间建模及其影响因素分析 ..... 赵明松, 陈宣强, 徐少杰, 邱士其, 王世航 (6909)

某燃煤电厂周边农田土壤重金属污染特征及源解析 ..... 张军, 李旭, 刘磊玉, 李雨茹 (6921)

重庆典型在产石化场地土壤污染特征及来源解析 ..... 张渝蓉, 罗帅, 陈媛, 曹军, 刘斌, 刘元元 (6933)

高垦殖丘陵区不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因分布特征 ..... 陈瑞, 程建华, 唐翔宇 (6947)

有机肥配施生物炭对果园土壤反硝化微生物和酶活性的影响 ..... 邓正昕, 高明, 熊子怡, 王莹燕, 谢军, 王子芳 (6955)

有机肥处理对旱地土壤细菌群落及玉米生产力的影响 ..... 林婷婷, 郑洁, 朱国繁, 梁璐, 杨叶钰萍, 刘佳, 徐勤松, 孙波, 蒋瑞霖 (6965)

微塑料和镉复合污染对狼尾草根际土壤微生物群落结构和功能的影响 ..... 段莉阳, 张玉, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (6973)

设施番茄种植年限对土壤理化性质及微生物群落的影响 ..... 赵阳阳, 刘银双, 宋瑶, 张晓旭, 贾振华, 黄亚丽 (6982)

3 种氧化剂对焦化场地多环芳烃的修复效果与土著微生物的响应关系 ..... 李伟, 王伟伟, 孟祥宇, 孙英杰, 王亚楠, 李书鹏, 杨乐巍, 刘鹏, 刘渊文 (6992)

河北省不同盐渍化土壤类型的微生物多样性与种群结构 ..... 刘银双, 牛宏进, 赵阳阳, 孙宏勇, 陈晓波, 黄亚丽 (7004)

玉米根际微生物氮磷转化的功能基因组学分析 ..... 汪香君, 姜美彤, 李森, 倪浩为, 孙波, 梁玉婷 (7014)

外源菌剂联合柠檬酸强化龙葵修复土壤镉污染 ..... 王楷, 王丽, 王一钰, 游梦, 梁婷, 邹茸, 范洪黎 (7024)

1 株肠杆菌与硫酸联合施用对水稻积累镉的影响 ..... 张朴心, 姚俊帆, 刘玉玲, 张威宇, 尹雪斐, 铁柏清 (7036)

《环境科学》第 44 卷(2023 年)总目录 ..... (7045)

《环境科学》征订启事(6507) 《环境科学》征稿简则(6620) 信息(6743, 6846, 6856)

# 高垦殖丘陵区不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因分布特征

陈瑞<sup>1</sup>, 程建华<sup>1,2\*</sup>, 唐翔宇<sup>1,2</sup>

(1. 浙江农林大学林业与生物技术学院, 省部共建亚热带森林培育国家重点实验室, 杭州 311300; 2. 中国科学院、水利部成都山地灾害与环境研究所, 山地表生过程与生态调控重点实验室, 成都 610041)

**摘要:** 为揭示高垦殖丘陵区不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因分布特征, 分析了抗生素抗性基因在菜地、果园和耕地土壤中的丰度和多样性。结果表明, 所有土壤样品中共检出 70 种抗生素抗性基因和 4 种可移动基因元件, 其中  $\beta$ -内酰胺类 *cphA-01* 抗性基因是农用地土壤中相对丰度最高的耐药基因。在菜地和果园土壤中, 主要的抗性基因亚型为 *cphA-01* 和 *cmx(A)*, 而耕地土壤以 *mexF* 和 *aacC* 基因为主。土壤中抗生素抗性基因的相对丰度和多样性均表现为: 耕地 < 菜地 < 果园, 这与不同农用地土壤的养分条件差异有关。类似地, 土壤中可移动基因元件的相对丰度和多样性均以耕地土壤为最低, 而其最高值分别出现在菜地和果园样品中。高垦殖丘陵区农用地土壤环境中可移动基因元件与抗生素抗性基因丰度呈显著正相关关系 ( $P < 0.05$ ), 表明基因水平迁移可能促进抗生素抗性基因在高垦殖丘陵区农用地土壤环境中扩散。

**关键词:** 高垦殖丘陵区; 农用地; 抗生素抗性基因 (ARGs); 可移动基因元件 (MGEs); 高通量荧光定量 PCR (HT-QPCR)

中图分类号: X53 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2023)12-6947-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202210109

## Characteristics of Antibiotic Resistance Genes Distribution in Different Types of Agricultural Land Soils in Highly Cultivated Hilly Areas

CHEN Rui<sup>1</sup>, CHENG Jian-hua<sup>1,2\*</sup>, TANG Xiang-yu<sup>1,2</sup>

(1. State Key Laboratory of Subtropical Silviculture, School of Forestry and Biotechnology, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, China; 2. Key Laboratory of Mountain Surface Processes and Ecological Regulation, Institute of Mountain Hazards and Environment, Chinese Academy of Sciences and Ministry of Water Resources, Chengdu 610041, China)

**Abstract:** To characterize the distribution of antibiotic resistance genes (ARGs) in different types of agricultural soil in highly cultivated hilly areas, the abundance and diversity of ARGs in vegetable, orchard, and arable soils were analyzed in this study. The results showed that 70 ARGs and four mobile genetic elements (MGEs) were detected in all soil samples, with  $\beta$ -lactam *cphA-01* being the most abundant genes in the agricultural soils. In vegetable and orchard soils, the main ARG subtypes were *cphA-01* and *cmx(A)* genes, whereas the *mexF* and *aacC* genes were predominant in cropland soils. The relative abundance and diversity of soil ARGs showed that cropland < vegetable land < orchard, which was related to the nutrient conditions of different agricultural soils. Similarly, the relative abundance and diversity of MGEs were lowest in cropland, whereas their highest values were detected in vegetable and orchard soils, respectively. The significant positive correlation ( $P < 0.05$ ) between the abundance of soil MGEs and ARGs suggests that horizontal gene transfer may facilitate the spread of antibiotic resistance in the agricultural soils in highly cultivated hilly areas.

**Key words:** highly cultivated hilly areas; agricultural land; antibiotic resistance genes (ARGs); mobile genetic elements (MGEs); high-throughput QPCR (HT-QPCR)

抗生素因其高效的抑菌功能而在临床上被广泛运用, 被认为是人类医学上的伟大革命<sup>[1]</sup>。但随着抗生素的大规模使用, 带来的问题也愈发严重, 其中最突出的便是抗生素耐药性问题<sup>[2]</sup>。残留在环境中的抗生素会诱导细菌产生耐药性, 促使抗生素抗性基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 在不同环境中传播与扩散<sup>[3,4]</sup>。环境微生物中的 ARGs 能借助整合子、转座子和质粒进行水平迁移<sup>[5]</sup>, 甚至转移到一些致病菌中, 进而对公众健康造成威胁<sup>[6]</sup>。ARGs 已被认为是一种新型的环境污染物<sup>[7,8]</sup>。

土壤是 ARGs 重要的储存库, 同时也是 ARGs 传播的主要媒介<sup>[9,10]</sup>。ARGs 可以通过含 ARGs 的有机肥施用和污水灌溉等方式进入土壤环境中<sup>[11~14]</sup>。例如, 对宁夏某养牛场施用牛粪土壤的研究发现, ARGs 的相对丰度显著高于养牛场周边

土壤<sup>[15]</sup>。然而, 土壤中抗性基因并不完全来自于外源输入。有学者在 3 万年前的冻土中检测到  $\beta$ -内酰胺类、四环素类和万古霉素类抗性基因<sup>[16]</sup>。在北极土壤中也检测到了 131 种抗性基因<sup>[17]</sup>。在受人为活动影响较弱的林地土壤中检测到 160 个抗性基因<sup>[18]</sup>。在基本无人活动干扰的冻土层中也可检测到多种新型  $\beta$ -内酰胺类抗性基因<sup>[19]</sup>。以上结果都表明 ARGs 天然存在于土壤中, 称之为固有抗性<sup>[20]</sup>。土壤中固有 ARGs 的存在证明耐药性并非是由于现代临床使用抗生素而产生, 这也使得人们对

收稿日期: 2022-10-11; 修订日期: 2023-02-22

基金项目: 国家自然科学基金项目 (42007361); 浙江省自然科学基金项目 (LD21D010001); 浙江农林大学校科研发展基金项目 (2020FR040, 2021LFR045)

作者简介: 陈瑞 (1998 ~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为土壤微生物学, E-mail: 2020102021002@stu.zafu.edu.cn

\* 通信作者, E-mail: chengjh@zafu.edu.cn

抗生素和抗生素耐药性之间相互关系的理解更加复杂<sup>[21]</sup>。因此,开展土壤固有抗性研究有助于深入认识抗生素耐药性的形成和发展。农用地土壤中的 ARGs 与人类健康和食品安全息息相关,因而受到广泛关注<sup>[22-24]</sup>。目前,对施用粪肥和中水回用的土壤中 ARGs 的分布特征已有大量研究。然而,对于农用地中,特别是不同类型农用地土壤中抗性基因的背景水平还鲜见报道。

本文选取高垦殖丘陵区长期施用化肥或农作物秸秆的农用地作为研究对象,采用高通量荧光定量 PCR 技术分析 3 种不同类型农用地土壤中固有 ARGs 的丰度和多样性,比较抗性基因间的差异,并评估土地利用类型对土壤中 ARGs 的影响,以期 ARGs 在土壤中的分布和传播研究提供基础依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样点及样品采集

研究区位于四川省绵阳市盐亭县,根据当地的土地利用情况,选取 3 种常见的农用地类型(菜地、果园以及耕地)作为研究对象,每种农用地选择 3

块样地采集土壤样品。菜地和果园均为当地农户的土地,种植年限均超过 6 a。菜地以施用草木灰和化肥为主,几乎不施用粪肥。果园为柚子林,施肥方式为树间填埋玉米秸秆。耕地为中国科学院盐亭紫色土生态试验站内长期施用化肥样地(始于 2013 年)。研究区以雨养农业为主<sup>[25,26]</sup>,果园与耕地不另行灌溉,采样菜地的主要灌溉用水为井水。在每处样地,随机选取 5 个样点采集 0~10 cm 的表层土壤样品,充分混合作为该样地的代表样品,置于冰盒内带回实验室。土壤样品分为两份,一份风干后用于理化性质分析,另一份保存于 -20℃ 冰箱中用于基因组 DNA 提取。

### 1.2 土壤理化性质测定

样品的 pH 值使用 pH 计测定(土壤:水 = 1:5)。铵态氮( $\text{NH}_4^+$ -N)和硝态氮( $\text{NO}_3^-$ -N)含量采用氯化钾浸提,分光光度法测定。有效磷(AP)含量采用碳酸氢钠浸提,钼锑抗比色法测定。总磷(TP)含量采用硫酸-高氯酸消煮,钼锑抗比色法测定。总氮(TN)含量采用凯氏定氮法测定。土壤有机质(SOM)含量采用重铬酸钾氧化法测定。每个样品均做 3 次重复实验。土壤基本理化性质见表 1。

表 1 土壤样品的基本理化性质<sup>1)</sup>

Table 1 Basic properties of soil samples

农用地类型	pH	$\omega(\text{NH}_4^+ \text{-N})$ /mg·kg <sup>-1</sup>	$\omega(\text{NO}_3^- \text{-N})$ /mg·kg <sup>-1</sup>	$\omega(\text{AP})$ /mg·kg <sup>-1</sup>	$\omega(\text{SOM})$ /%	$\omega(\text{TN})$ /mg·g <sup>-1</sup>	$\omega(\text{TP})$ /mg·g <sup>-1</sup>
菜地	8.03 ± 0.03b	5.20 ± 0.24b	10.23 ± 0.25b	22.17 ± 1.26b	0.75 ± 0.05a	0.46 ± 0.08b	0.56 ± 0.01b
果园	7.35 ± 0.02a	4.12 ± 0.22a	21.70 ± 1.15c	78.23 ± 0.53c	2.09 ± 0.06c	0.63 ± 0.14b	0.90 ± 0.04c
耕地	7.99 ± 0.03b	4.41 ± 0.53a	4.76 ± 0.54a	7.95 ± 1.10a	1.18 ± 0.05b	1.23 ± 0.39a	0.48 ± 0.05a

1) 同列相同小写字母表示无显著差异,不同小写字母表示差异显著( $P < 0.05$ )

### 1.3 DNA 提取

称取 0.25 g 土壤,选用 Power Soil DNA Kit 试剂盒(Mo Bio Laboratories, USA)按照说明书的步骤提取样品的基因组 DNA,并用 1% 的琼脂糖凝胶进行电泳检测。采用超微量分光光度计(ND-1000, NanoDrop Technologies Inc., DE, 美国)检测 DNA 的浓度。将 DNA 样品用无菌水统一稀释至 20 ng·μL<sup>-1</sup>后置于 -20℃ 冰箱冷冻保存待测。

### 1.4 抗生素抗性基因检测

采用高通量荧光定量 PCR (high-throughput QPCR, HT-QPCR) 反应平台(SmartChip Real-time PCR system, Wafergen Inc., 美国)检测样品中 ARGs 的多样性和丰度。共选取 296 对引物,包括 285 对用于检测 ARGs, 10 对检测 MGEs 和 1 对检测 16S rRNA 的引物<sup>[27]</sup>。扩增程序为: 95℃ 预变性 10 min; 95℃ 变性 30 s, 60℃ 退火 30 s, 共 40 个循环; 熔解曲线由 Wafergen 软件自动运行生成。反

应结束后,通过 Cyclex 预设的筛选条件为: 扩增效率 90%~110% 及熔解曲线单峰,将 QPCR 的数据进行导出。根据仪器的性能,设定 CT 值 31 为仪器的检测限。每个样品进行 3 次技术重复,当 3 次重复的 CT 值均被有效检出时认定样品是有效的阳性扩增。

### 1.5 数据分析

样品中 ARGs 相对丰度的计算公式如下:

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

$$\text{ARGs 相对丰度} = \frac{\text{抗性基因相对拷贝数}}{16\text{S rRNA 基因相对拷贝数}}$$

HT-QPCR 的数据通过 Excel 2010 进行计算。采用 R 3.6.3 的 vegan 数据包进行主坐标分析(principal coordinate analysis, PCoA)。采用 IBM SPSS 23.0 进行相关分析和单因素方差分析。图片采用 R 软件的 ggplot2 包和 pheatmap 包,以及 Origin 2021 软件进行绘制。

## 2 结果与讨论

### 2.1 高垦殖丘陵区农用地土壤中抗生素抗性基因的赋存特征

3 种农用地土壤中 ARGs 的相对丰度如图 1(a) 所示. 样品中各类型基因的相对丰度(以 copies/16S rRNA 计, 下同)范围为 0.000 1 ~ 0.041 2. 在所有样品中,  $\beta$ -内酰胺类抗性基因的相对丰度最高,

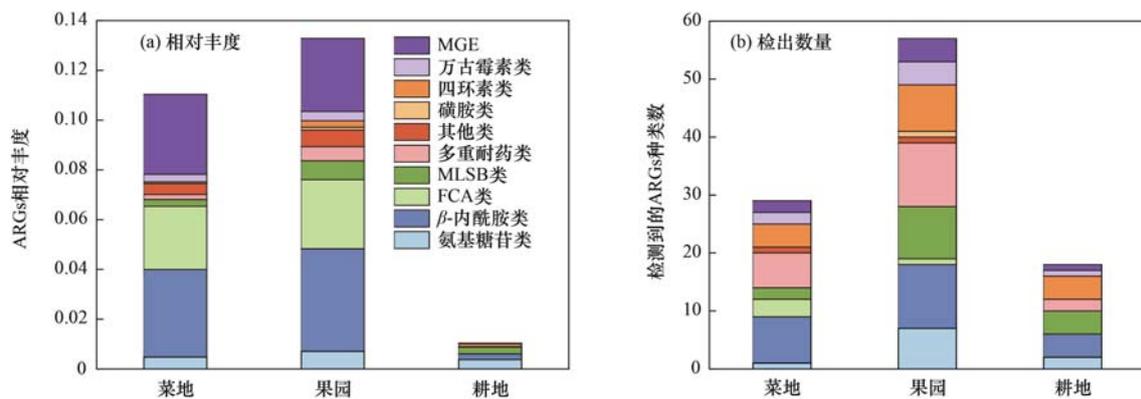


图 1 不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因和可移动基因元件的相对丰度和种类数

Fig. 1 Relative abundances and numbers of ARGs and MGEs in different types of agricultural soil

如图 2(a) 结果显示, 高垦殖丘陵区农用地土壤中共检测到 70 种抗性基因, 主要由多重耐药类 (24.29%)、 $\beta$ -内酰胺类 (21.43%)、MLSB 类 (15.71%)、四环素类 (12.86%) 和氨基糖苷类 (11.43%) 抗性基因组成. 从抗性机制来看, 抗生素失活机制 (38.57%) 和外排泵机制 (41.43%) 是农用地土壤中 ARGs 主要的抗性机制 [图 2(b)]. 对于外排泵机制, 多重耐药类抗性基因占绝大多

数. 对湖南祁阳红壤中 ARGs 的调查发现<sup>[28]</sup>, 多重耐药类抗性基因分别占不施肥处理土壤和施化肥与秸秆土壤抗性基因总丰度的 83.50% 和 55.20%. 未受污染的南极冻土层中检测到的 177 种固有 ARGs 中大部分为多重耐药类抗性基因<sup>[29]</sup>. 通过外排泵机制, 微生物可以将细胞内的多种抗生素排出胞外, 因此是适应抗生素胁迫下的最直接有效的途径<sup>[30]</sup>.

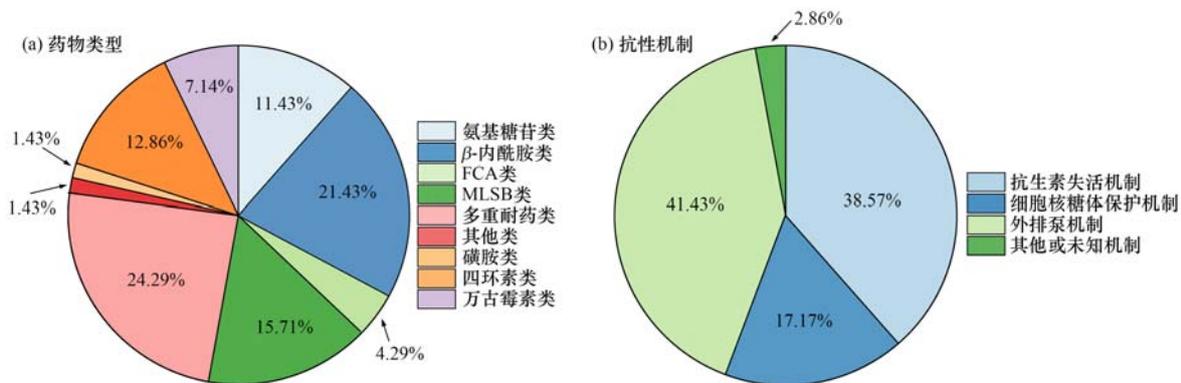


图 2 抗生素抗性基因种类类型

Fig. 2 Profile of detected antibiotic resistance genes

有研究发现, 长期施用猪粪、鸡粪和牛粪土壤中 ARGs 的多样性 (140 种 ARGs) 和丰度 (最高 0.369) 保持在较高水平<sup>[31]</sup>. 对长江三角洲农田土壤的调查指出, 土壤中 ARGs 的相对丰度最高可达 0.231, 主要来源是污水灌溉及粪肥施用<sup>[32]</sup>. 这些结果均高于本研究中的数值, 其原因可能有两方面. 首先, 粪肥

和污水的土地利用会将残留在其中的抗生素和 ARGs 引入土壤, 增加土壤微生物的选择压力<sup>[1]</sup>. 其次, 粪肥和污水改善土壤的养分条件, 促进土著微生物的生长, 从而提升土壤固有抗性基因的水平<sup>[33~35]</sup>. 因此, 本研究与已有研究农用地土壤施肥类型的不同可能是造成上述结果差别的主要原因.

2.2 农用地类型对土壤中抗生素抗性基因的影响

3 个样地中, 果园土壤的 ARGs 相对丰度最高, 达到0.132 9, 其次是菜地(0.110 4)和耕地(0.010 3). 从基因相对丰度占比来看, 菜地和果

园土壤中  $\beta$ -内酰胺类抗性基因占比最高, 而在耕地中则以氨基糖苷类抗性基因占比最高. 不同土壤中抗性基因的检出数量变化趋势与其相对丰度相似, 也表现为: 果园(57) > 菜地(29) > 耕地

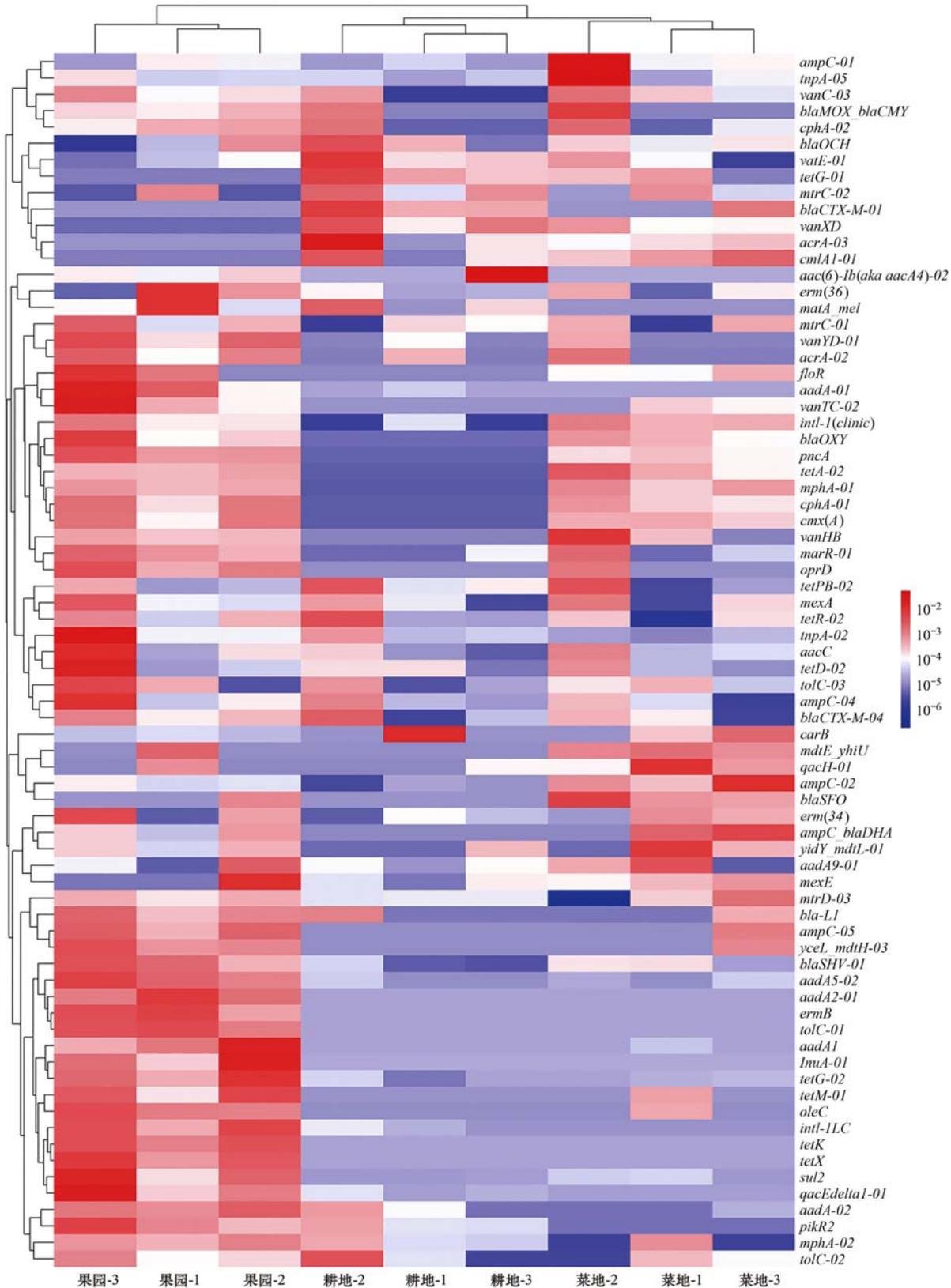


图3 不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因亚型的相对丰度热图

Fig. 3 Heatmap showing the relative abundance of ARGs subtypes in different types of agricultural soil samples

(18) [图 1(b)]. 有研究发现, 作物种类会对农田土壤的 ARGs 的赋存特征产生影响<sup>[36]</sup>. 相似地, 对太湖流域不同农用地的调查结果表明, 果园土壤中 ARGs 的数量和丰度明显高于稻-麦轮作的耕地土壤<sup>[37]</sup>.

对不同 ARGs 亚型相对丰度进行分析, 结果表明, 不同土壤样品中 ARGs 组成各有差异(图 3). 3 种类型土壤中共有的优势 ARGs 亚型为 *aacC*(氨基糖苷类)、*ampC-04*( $\beta$ -内酰胺类)、*blaSHV-01*( $\beta$ -内酰胺类)、*tetD-02*(四环素类)和 *tetPB-02*(四环素类)基因. 菜地和果园土壤中, 以 *cphA-01* 和 *cmx(A)* 基因的相对丰度最高, 分别占 ARGs 总丰度的 47.04% 和 46.15%. 而在耕地土壤中, 优势 ARGs 则主要以 *aacC* 基因为主, 其丰度达到 0.003 7, 占 ARGs 总丰度的 35.58%.

相比菜地和耕地土壤, 本研究中果园土壤检出

了更丰富的 ARGs, 这可能与不同土壤的养分条件差异有关. 例如, 对美国某长期添加牛粪草地的研究发现, 动物是否饲喂抗生素对施用其粪便的土壤中抗性基因的组成没有影响<sup>[21]</sup>. 此外, 有研究发现  $\text{NH}_4^+$ -N 和  $\text{NO}_3^-$ -N 含量升高会引起土壤中 ARGs 丰度的增加<sup>[38]</sup>. 以上结果表明土壤养分条件可能是影响土壤 ARGs 水平的重要因子<sup>[39]</sup>. Pearson 相关分析的结果表明(表 2), 土壤中不同类型抗性基因的相对丰度及其总丰度与土壤生源要素含量之间存在显著的正相关关系 ( $P < 0.05$ ), 而与土壤 pH 值显著负相关 ( $P < 0.05$ ). 方差分析的结果表明(表 1), 果园土壤的 pH 值显著低于其他两种土壤, 而不同土壤的  $\text{NO}_3^-$ -N、AP、SOM 和 TP 含量呈现相反的趋势 ( $P < 0.05$ ). 因此, 果园土壤中较高的养分含量可能是果园土壤中 ARGs 水平高于菜地和耕地土壤的原因之一.

表 2 抗生素抗性基因与土壤基本理化性质和可移动基因元件的相关关系<sup>1)</sup>

Table 2 Correlation of ARGs with basic properties of soil samples and MGEs

	pH	$\text{NH}_4^+$ -N	$\text{NO}_3^-$ -N	AP	SOM	TN	TP	MGEs 相对丰度
氨基糖苷类	-0.683 *	-0.340	0.700 *	0.707 *	0.614	-0.384	0.705 *	0.637
$\beta$ -内酰胺类	-0.534	0.071	0.771 *	0.708 *	0.337	-0.785 *	0.692 *	0.955 **
FCA 类	-0.492	0.100	0.737 *	0.675 *	0.279	-0.823 **	0.645	0.947 **
大环内酯类	-0.963 **	-0.620	0.898 **	0.935 **	0.913 **	-0.271	0.920 **	0.446
多重耐药类	-0.876 **	-0.397	0.935 **	0.937 **	0.760 *	-0.547	0.926 **	0.709 *
其他类	-0.704 *	-0.078	0.903 **	0.852 **	0.515	-0.730 *	0.843 **	0.901 **
磺胺类	-0.908 **	-0.614	0.838 **	0.885 **	0.876 **	-0.315	0.877 **	0.464
四环素类	-0.905 **	-0.716 *	0.740 *	0.821 **	0.916 **	-0.099	0.781 *	0.238
万古霉素类	-0.544	0.076	0.786 *	0.716 *	0.358	-0.756 *	0.717 *	0.955
ARGs 总和	-0.631	-0.038	0.831 **	0.783 *	0.443	-0.757 *	0.763 *	0.927 **

1) \* 表示  $P < 0.05$ , \*\* 表示  $P < 0.01$

采用主坐标分析法分析本研究中 3 种农用地土壤的 ARGs 分布情况, 结果显示, 第一轴和第二轴的解解释量分别为 84.22% 和 6.61% [图 4 (a)]. 3 种农用地土壤在排序图上按照农用地类型有明显的聚类. 此外, 在排序图上耕地土壤与

菜地和果园土壤距离较远, 说明耕地土壤 ARGs 的分布特征与其他两种土壤具有明显差别. 为了进一步探明 3 种农用地土壤中抗性基因的关系, 绘制了韦恩图, 如图 4(b) 所示, 结果表明在所有检测到的 ARGs 中 3 种农用地的共有基

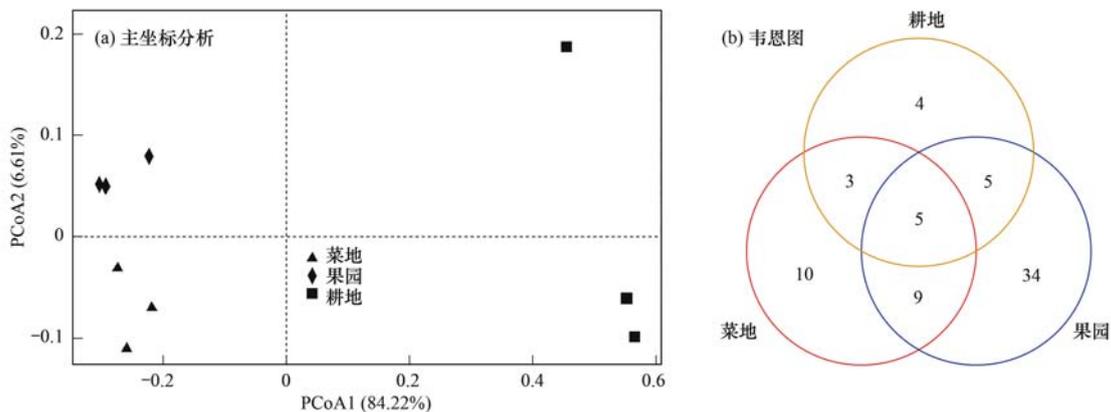


图 4 不同类型农用地土壤中抗生素抗性基因的主坐标分析和韦恩图分析

Fig. 4 PCoA analysis and Venn diagram analysis of ARGs in the soil samples of different types of agricultural land

因只有 5 种, 果园独有的基因最多, 占果园检出数的 64.15%.

### 2.3 农用地土壤中抗生素抗性基因的风险评估

目前, 环境中 ARGs 风险评估尚未有成熟的方法. 本研究参考已报道的方法<sup>[40]</sup>, 以 ARGs 的可移动性来评估其风险性. 有研究发现<sup>[41-43]</sup>, 土壤环境中 ARGs 与 MGEs 之间存在着较强的相关性, 表明 ARGs 存在水平转移的可能<sup>[44,45]</sup>. 因此, 本研究采用 ARGs 与 MGEs 之间的相关关系来评估不同土

壤中 ARGs 的迁移风险. 为了在同一水平上表征不同农用地土壤 ARGs 的风险性, 本文选取 5 种共有 ARGs 亚型进行分析. 如表 3 所示, 菜地和耕地土壤中 5 种 ARGs 与 MGEs 之间均无显著的相关关系. 而在果园土壤样品中, *ampC-04* 基因和转座子 *tnpA-05* 基因呈显著正相关. 此外, *tnpA-05* 基因还与 *tetD-02* 和 *tetPB-02* 基因呈极显著正相关 ( $P < 0.01$ ). 这些结果说明果园土壤中 ARGs 的风险性强于菜地和耕地土壤.

表 3 不同土壤中 MGEs 亚型与共有 ARGs 亚型的相关性<sup>1)</sup>

Table 3 Relationships between MGEs and shared ARG subtypes

农用地类型	MGEs 亚型	<i>aacC</i>	<i>ampC-04</i>	<i>blaSHV-01</i>	<i>tetD-02</i>	<i>tetPB-02</i>
菜地	<i>tnpA-02</i>	—	—	—	—	—
	<i>intI-1clinic</i>	—	—	—	—	—
果园	<i>tnpA-02</i>	—	—	—	—	—
	<i>tnpA-05</i>	—	0.998 *	—	1.000 **	1.000 **
	<i>intI-1clinic</i>	—	—	—	—	—
耕地	<i>intI-1LC</i>	—	—	—	—	—
	<i>tnpA-02</i>	—	—	—	—	—

1) “—”表示不显著, \*表示  $P < 0.05$ , \*\*表示  $P < 0.01$

进一步的相关分析表明, 土壤中 MGEs 的相对丰度与  $\beta$ -内酰胺类、FCA 类、多重耐药类、其他类耐药基因相对丰度以及耐药基因总丰度存在显著的正相关关系(表 2), 这说明高垦殖丘陵区农用地土壤中 ARGs 发生水平迁移的潜在可能性较大. 然而考虑到所取样点较少, 以及不同类型的农用地土壤的养分条件、细菌群落组成和人为干预程度不同, 上述结果是否具有普遍性需以更多类型的农用地为研究对象加以验证.

### 3 结论

(1) 高垦殖丘陵区农用地土壤中抗生素抗性基因主要类型为多重耐药类、 $\beta$ -内酰胺类、MLSB 类、四环素类和氨基糖苷类抗性基因, 抗生素失活和外排泵机制是其主要的抗性机制.

(2) 果园土壤中抗生素抗性基因丰度和数量均高于菜地和耕地, 可能与土壤本身养分条件有关. 同时, 果园土壤中抗生素抗性基因的迁移风险性也高于其他两种农用地.

(4) 可移动基因元件与抗生素抗性基因之间有显著的正相关关系, 高垦殖丘陵区农用地土壤中较高的可移动基因元件丰度可能促进了抗生素抗性基因的水平转移.

#### 参考文献:

[1] 朱永官, 欧阳纬莹, 吴楠, 等. 抗生素耐药性的来源与控制对策[J]. 中国科学院院刊, 2015, **30**(4): 509-516.  
Zhu Y G, Ouyang W Y, Wu N, et al. Antibiotic resistance: sources and mitigation [J]. Bulletin of Chinese Academy of

Sciences, 2015, **30**(4): 509-516.

- [2] 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.
- [3] Mahner A, Moissl-Eichinger C, Zoje M, et al. Man-made microbial resistances in built environments [J]. Nature Communications, 2019, **10**(1), doi: 10.1038/s41467-019-08864-0.
- [4] Lax S, Sangwan N, Smith D, et al. Bacterial colonization and succession in a newly opened hospital [J]. Science Translational Medicine, 2017, **9**(391), doi: 10.1126/scitranslmed.aah6500.
- [5] Zhu Y G, Johnson T A, Su J Q, et al. Diverse and abundant antibiotic resistance genes in Chinese swine farms [J]. Proceedings of the National Academy of Science of the America, 2013, **110**(9): 3435-3440.
- [6] 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.
- [7] 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.
- [8] 罗义, 周启星. 抗生素抗性基因(ARGs)——一种新型环境污染[J]. 环境科学学报, 2008, **28**(8): 1499-1505.  
Luo Y, Zhou Q X. Antibiotic resistance genes (ARGs) as emerging pollutants [J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2008, **28**(8): 1499-1505.
- [9] Hu H W, Wang J T, Li J, et al. Field-based evidence for copper contamination induced changes of antibiotic resistance in agricultural soils [J]. Environmental Microbiology, 2016, **18**(11): 3896-3909.
- [10] 左金龙, 孙宇琪, 郭雅杰, 等. 不同施肥处理对蔬菜土壤中抗生素抗性基因多样性与丰度的影响[J]. 环境污染与防治, 2021, **43**(5): 553-556, 561.

- Zuo J L, Sun Y Q, Guo Y J, *et al.* Effects of different fertilization treatments on the diversity and abundance of antibiotic resistance genes in vegetable soil[J]. *Environmental Pollution & Control*, 2021, **43**(5): 553-556, 561.
- [11] Tien Y C, Li B, Zhang T, *et al.* Impact of dairy manure pre-application treatment on manure composition, soil dynamics of antibiotic resistance genes, and abundance of antibiotic-resistance genes on vegetables at harvest [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, **581-582**: 32-39.
- [12] Rizzo L, Manaia C, Merlin C, *et al.* Urban wastewater treatment plants as hotspots for antibiotic resistant bacteria and genes spread into the environment; a review [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **447**: 345-360.
- [13] 张毓森, 叶军, 苏建强. 农田生态系统抗生素抗性研究进展与挑战[J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2017, **43**(6): 691-699.  
Zhang Y S, Ye J, Su J Q. Antibiotic resistance in agroecosystem: progress and challenges[J]. *Journal of Zhejiang University(Agriculture & Life Sciences)*, 2017, **43**(6): 691-699.
- [14] Thebo A L, Drechsel P, Lambin E F, *et al.* A global, spatially-explicit assessment of irrigated croplands influenced by urban wastewater flows[J]. *Environmental Research Letters*, 2017, **12**(7), doi: 10.1088/1748-9326/aa75d1.
- [15] 张俊华, 陈睿华, 刘吉利, 等. 宁夏养牛场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征[J]. *环境科学*, 2021, **42**(6): 2981-2991.  
Zhang J H, Chen R H, Liu J L, *et al.* Distribution characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in manure and surrounding soil of cattle farms in Ningxia [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(6): 2981-2991.
- [16] D'Costa V M, King C E, Kalan L, *et al.* Antibiotic resistance is ancient[J]. *Nature*, 2011, **477**(7365): 457-461.
- [17] McCann C M, Christgen B, Roberts J A, *et al.* Understanding drivers of antibiotic resistance genes in high arctic soil ecosystems [J]. *Environment International*, 2019, **125**: 497-504.
- [18] Hu H W, Wang J T, Singh B K, *et al.* Diversity of herbaceous plants and bacterial communities regulates soil resistome across forest biomes[J]. *Environmental Microbiology*, 2018, **20**(9): 3186-3200.
- [19] Allen H K, Moe L A, Rodbumer J, *et al.* Functional metagenomics reveals diverse  $\beta$ -lactamases in a remote Alaskan soil[J]. *The ISME Journal*, 2009, **3**(2): 243-251.
- [20] 安新丽, 苏建强. 土壤抗生素抗性组: 来源、扩散和驱动因子[J]. *科技导报*, 2022, **40**(3): 64-74.  
An X L, Su J Q. The soil resistome: origin, dissemination and driving factor [J]. *Science & Technology Review*, 2022, **40**(3): 64-74.
- [21] Shawver S, Wepking C, Ishii S, *et al.* Application of manure from cattle administered antibiotics has sustained multi-year impacts on soil resistome and microbial community structure[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2021, **157**, doi: 10.1016/j.soilbio.2021.108252.
- [22] 朱冬, 陈青林, 丁晶, 等. 土壤生态系统中抗生素抗性基因与星球健康: 进展与展望[J]. *中国科学: 生命科学*, 2019, **49**(12): 1652-1663.  
Zhu D, Chen Q L, Ding J, *et al.* Antibiotic resistance genes in the soil ecosystem and planetary health: progress and prospect [J]. *Scientia Sinica Vitae*, 2019, **49**(12): 1652-1663.
- [23] Blau K, Bettermann A, Jechalke S, *et al.* The transferable resistome of produce[J]. *mBio*, 2018, **9**(6), doi: 10.1128/mBio.01300-18.
- [24] Zhu Y G, Gillings M, Simonet P, *et al.* Microbial mass movements[J]. *Science*, 2017, **357**(6356): 1099-1100.
- [25] Cao X C, Wang Y B, Wu P T, *et al.* An evaluation of the water utilization and grain production of irrigated and rain-fed croplands in China[J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **529**: 10-20.
- [26] Zhou M H, Zhu B, Butterbach-Bahl K, *et al.* Nitrous oxide emissions and nitrate leaching from a rain-fed wheat-maize rotation in the Sichuan Basin, China[J]. *Plant and Soil*, 2013, **362**(1-2): 149-159.
- [27] Cheng J H, Tang X Y, Cui J F. Effect of long-term manure slurry application on the occurrence of antibiotic resistance genes in arable purple soil (entisol) [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **647**: 853-861.
- [28] Xie W Y, Yuan S T, Xu M G, *et al.* Long-term effects of manure and chemical fertilizers on soil antibiotic resistome [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **122**: 111-119.
- [29] 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**(1), doi: 10.1186/s40168-018-0424-5.
- [30] Chen B W, Lin L, Fang L, *et al.* Complex pollution of antibiotic resistance genes due to  $\beta$ -lactam and aminoglycoside use in aquaculture farming [J]. *Water Research*, 2018, **134**: 200-208.
- [31] Liu W B, Ling N, Guo J J, *et al.* Dynamics of the antibiotic resistome in agricultural soils amended with different sources of animal manures over three consecutive years [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **401**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.123399.
- [32] Sun J T, Jin L, He T T, *et al.* Antibiotic resistance genes (ARGs) in agricultural soils from the Yangtze River Delta, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **740**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.140001.
- [33] Liu W B, Cheng Y F, Guo J J, *et al.* Long-term manure inputs induce a deep selection on agroecosystem soil antibiotic resistome [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **436**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2022.129163.
- [34] Fahrenfeld N, Ma Y J, O'Brien M, *et al.* Reclaimed water as a reservoir of antibiotic resistance genes: Distribution system and irrigation implications[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, **4**, doi: 10.3389/fmicb.2013.00130.
- [35] Lu J, Zhang Y X, Wu J, *et al.* Fate of antibiotic resistance genes in reclaimed water reuse system with integrated membrane process[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, **382**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2019.121025.
- [36] 黄福义, 周曙仡, 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.
- [37] Zhang W G, Wen T, Liu L Z, *et al.* Agricultural land-use change and rotation system exert considerable influences on the soil antibiotic resistome in Lake Tai Basin[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, **771**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.144848.
- [38] Sun S L, Lu C, Liu J, *et al.* Antibiotic resistance gene abundance and bacterial community structure in soils altered by ammonium and nitrate concentrations [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2020, **149**, doi: 10.1016/j.soilbio.2020.

- 107965.
- [39] 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**: 1-10.
- [40] Zhang Z Y, Zhang Q, Wang T Z, *et al.* Assessment of global health risk of antibiotic resistance genes [ J ]. *Nature Communications*, 2022, **13** ( 1 ), doi: 10.1038/s41467-022-29283-8.
- [41] Wu N, Zhang W Y, Xie S Y, *et al.* Increasing prevalence of antibiotic resistance genes in manured agricultural soils in northern China [ J ]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2020, **14**(1), doi: 10.1007/s11783-019-1180-x.
- [42] 沈聪, 张俊华, 刘吉利, 等. 宁夏养鸡场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征[J]. *环境科学*, 2022, **43**(8): 4166-4178.
- Shen C, Zhang J H, Liu J L, *et al.* Distribution characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in manure and surrounding soil of poultry farm in Ningxia[J]. *Environmental Science*, 2022, **43**(8): 4166-4178.
- [43] 刘菲, 许霞, 屠博文, 等. 某集约化肉鸡饲养场 PM<sub>2.5</sub> 中抗生素抗性基因的分布特征[J]. *环境科学*, 2019, **40**(2): 567-572.
- Liu F, Xu X, Tu B W, *et al.* Distribution characteristics of antibiotic resistance genes in PM<sub>2.5</sub> of a concentrated broiler feeding operation [ J ]. *Environmental Science*, 2019, **40**(2): 567-572.
- [44] 何燕, 朱冬, 王东, 等. 四川省稻田土壤的抗生素抗性基因多样性研究[J]. *农业环境科学学报*, 2020, **39**(6): 1249-1258.
- He Y, Zhu D, Wang D, *et al.* Diversity of antibiotic resistance genes in paddy soils in Sichuan province, China [ J ]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2020, **39**(6): 1249-1258.
- [45] 张凯, 辛蕊, 李颀家, 等. 华中地区供水水库抗生素抗性基因的季节变化及影响因素[J]. *环境科学*, 2021, **42**(10): 4753-4760.
- Zhang K, Xin R, Li K J, *et al.* Seasonal variation and influencing factor analysis of antibiotic resistance genes in water supply reservoirs of central China [ J ]. *Environmental Science*, 2021, **42**(10): 4753-4760.



## CONTENTS

Meteorological Impact Assessment of PM <sub>2.5</sub> and O <sub>3</sub> Complex Pollution in Key Regions of China Based on Meteorological Conditions Index	YANG Xin, YANG Yuan-qin, LI Hong, <i>et al.</i>	(6433)
Scale Dependence Between PM <sub>2.5</sub> and Meteorological Factors and Its Influencing Factors in "2+26" Cities	WU Shu-qi, JIN Jian-nan, ZHENG Dong-yang, <i>et al.</i>	(6441)
Chemical Constituents and Sources of PM <sub>2.5</sub> Around the Wuhan Military Games Period	LIU Shi-hao, KONG Shao-fei, ZHENG Huang, <i>et al.</i>	(6452)
Characteristics and Sources of PM <sub>2.5</sub> Pollution During Winter in Handan City from 2016 to 2020	NIU Hong-ya, GAO Na-na, BAO Xiao-lei, <i>et al.</i>	(6463)
Chemical Compositions and Sources of PM <sub>2.5</sub> in Weinan City	GUO Jing-ning, LI Xiao-fei, YU Feng, <i>et al.</i>	(6474)
Analysis of Formation Processes and Sources of PM <sub>2.5</sub> Ammonium During Winter and Summer in Suburban Area of the Yangtze River Delta	XIANG Yan-kun, CAO Fang, ZHANG Wen-qi, <i>et al.</i>	(6486)
Chemical Composition and Characterization of Nitroaromatic Compounds in Urban Areas of Shanghai	YANG Lu, MA Ying-ge, YU Jian-zhen, <i>et al.</i>	(6495)
Source Analysis and Health Risk Assessment of PAHs in PM <sub>2.5</sub> , Liliang City	MU Ling, LIU Zi-ye, LI Yang-yong, <i>et al.</i>	(6508)
Effect of Biomass Burning on Carbonaceous Aerosol Composition and Light Absorption in Guangxi Regional Background Site	WU Xing-qi, CAO Fang, HONG Yi-hang, <i>et al.</i>	(6518)
Characteristics of Light Absorption, Sources, and Seasonal Variation of Atmospheric Brown Carbon in Northern Nanjing	CHEN Xing-zhou, CUI Shi-jie, ZHANG Yun-jiang, <i>et al.</i>	(6529)
Health Benefit Assessment of Coal-to-electricity Policy on PM <sub>2.5</sub> Pollution in Beijing-Tianjin-Hebei Region	ZHANG Ru-ting, CHEN Chuan-min, LIU Song-tao, <i>et al.</i>	(6541)
Source Apportionment of Ambient VOCs in Qingdao Based on Photochemical Loss Correction	KONG Cui-li, WU Yu-tong, GU Yao, <i>et al.</i>	(6551)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of VOCs in Urban Areas of Liaocheng in Summer	LI Wan-yong, HUANG Hao-yu, WANG Yan-zhen, <i>et al.</i>	(6564)
Source Analysis of Ozone and Its Precursors in Zibo Based on 3-D Air Quality Model	ZHANG Xin-xin, ZHAO Xiu-ying, HUANG Ling, <i>et al.</i>	(6576)
Spatio-temporal Characteristics and Influencing Factors of Ozone Suppression Events Under High Temperature in China	OU Lin-chong, CHEN Wei-hua, WU Yong-kang, <i>et al.</i>	(6586)
Review of UAV-based Atmospheric Fine Particulate Matter and Ozone Pollution Detection and Source Localization	QU Ya-wei, WANG Ti-jian, YUAN Cheng, <i>et al.</i>	(6598)
Health Impact Analysis of Fine Particulate Pollution from Vehicles in the Beijing-Tianjin-Hebei Region	HAO Yong-pei, SONG Xiao-wei, ZHU Xiao-dong, <i>et al.</i>	(6610)
Assessment of Emission Reduction Potential of CO <sub>2</sub> Capture, Geological Utilization, and Storage in Cement Industry of China	WEI Ning, LIU Sheng-nan, WEI Feng, <i>et al.</i>	(6621)
Life Cycle Carbon Emission Accounting and Emission Reduction Potential Assessment of Steel Industry	SONG Xiao-cong, DU Shuai, DENG Chen-ning, <i>et al.</i>	(6630)
Evolution Characteristics and Driving Forces of Carbon Dioxide Emissions and Sinks in the Pearl River Delta Region, China	HU Jing-xin, SHA Qing-e, LIU Hui-lin, <i>et al.</i>	(6643)
Impact of Accelerated Electrification Under the Low Carbon Path in Dongguan City on the Coordinated Emission Reduction of CO <sub>2</sub> and Pollutants	WU Le-min, CHEN Bing-yin, OU Lin-chong, <i>et al.</i>	(6653)
Relationship Between Urbanization and Carbon Emissions in the Chang-Zhu-Tan Region at the County Level	LIU Xian-zhao, LI Yang, <i>et al.</i>	(6664)
Characteristics and Influencing Factors of Greenhouse Fluxes from Urban Lawn	CHEN Li-han, LIU Shuo, LIN Yi, <i>et al.</i>	(6680)
Dual-Perspective Analysis of the Warming Effect of the Methane Emissions from Animal Husbandry in China	LIU Shu-le, YAN Wei, CAO Qing-xian, <i>et al.</i>	(6692)
Pollution Level and Risk Assessment of OPEs in Typical River Basins of China	ZHAO Jiang-lu, LU Hai-jian, LÜ Jia-pei, <i>et al.</i>	(6700)
Soil Heavy Metal Contamination, Sources, and Health Risk of Typical Drinking Water Sources in the Suspended Reach of the Lower Yellow River	PENG Chao-yue, REN Chong, SHEN Hao-xin, <i>et al.</i>	(6710)
Fraction Characteristic and Risk Assessment of Heavy Metals in Surface Sediments of the Yellow River Mainstream	WANG Yi-di, OUYANG Wei, LIU Lian-hua, <i>et al.</i>	(6720)
Influence of Land Use Structure and Spatial Pattern on Water Quality of Small and Medium-sized Rivers in Poyang Lake Basin	WEN Jia-wei, WANG Peng, HUANG Gao-xiang, <i>et al.</i>	(6728)
Water Environment Characteristics and Water Quality Assessment of Typical Lakes in Inner Mongolia	WANG Xin-yuan, PAN Bao-zhu, WANG Li-xin, <i>et al.</i>	(6744)
Relationship Between Precipitation, River Water, and Groundwater Conversion in the Upper Reaches of Xilin River During the Rainy Season	SUN Jin, WANG Yi-xuan, YANG Lu, <i>et al.</i>	(6754)
Hydrochemical Characteristics and Control Factors of Groundwater in the Northwest Salt Lake Basin	YAN Yan, GAO Rui-zhong, LIU Ting-xi, <i>et al.</i>	(6767)
Groundwater Pollution Risk Assessment in Plain Area of Barkol-Yiwu Basin	LIU Yu, ZENG Yan-yan, ZHOU Jin-long, <i>et al.</i>	(6778)
Bisulfite Promoted Minute Fe <sup>2+</sup> -Activated Peroxydisulfate for Paracetamol Degradation	MO Xi-ting, NIE Shu-hua, YAN Cai-xia, <i>et al.</i>	(6790)
Degradation of Ciprofloxacin by Activating Peroxymonosulfate with Sludge Biochar	ZHENG Da-yang, ZOU Jia-li, XU Hao, <i>et al.</i>	(6801)
Adsorption of Iopamidol by NaHCO <sub>3</sub> -activated Buckwheat Biochar	WEI Hong, ZHAO Jiang-juan, JING Li-ming, <i>et al.</i>	(6811)
Preparation of Bamboo-based N, P Co-doped Activated Carbon and Its Lanthanum Ion Adsorption Performance	WANG Gui-long, LIU Yan-yan, JIANG Rong-yuan, <i>et al.</i>	(6823)
Analysis of Vegetation Change and Influencing Factors in Southwest Alpine Canyon Area	LAI Jin-lin, QI Shi, CUI Ran-ran, <i>et al.</i>	(6833)
Effect of Biochar on Agricultural Soil Aggregates and Organic Carbon: A Meta-analysis	MENG Yan, SHEN Ya-wen, MENG Wei-wei, <i>et al.</i>	(6847)
Carbon Cycling Processes in Croplands and Their Quantification Methods	SUN Zhao-an, ZHU Biao, <i>et al.</i>	(6857)
Effects of Biochar Application on Soil Organic Carbon Component in <i>Eucalyptus</i> Plantations After Five Years in Northern Guangxi	MOU Zhi-yi, SHEN Yu-yi, CAO Yang, <i>et al.</i>	(6869)
Evolution Characteristics of Soil Active Organic Carbon and Carbon Pool Management Index Under Vegetation Restoration in Karst Area	CAI Hua, SHU Ying-ge, WANG Chang-min, <i>et al.</i>	(6880)
Pollution Characteristics and Ecological Risk Assessment of Typical Antibiotics in Environmental Media in China	CHEN Li-hong, CAO Ying, LI Qiang, <i>et al.</i>	(6894)
Spatial Prediction Modeling for Soil pH Based on Multiscale Geographical Weighted Regression (MGWR) and Its Influencing Factors	ZHAO Ming-song, CHEN Xuan-qiang, XU Shao-jie, <i>et al.</i>	(6909)
Characteristics and Source Analysis of Heavy Metal Pollution in Farmland Around a Coal-fired Power Plant	ZHANG Jun, LI Xu, LIU Lei-yu, <i>et al.</i>	(6921)
Characteristics of Soil Pollution and Source Analysis of Typical Pollutants in the Petrochemical Site	ZHANG Yu-rong, LUO Shuai, CHEN Yuan, <i>et al.</i>	(6933)
Characteristics of Antibiotic Resistance Genes Distribution in Different Types of Agricultural Land Soils in Highly Cultivated Hilly Areas	CHEN Rui, CHENG Jian-hua, TANG Xiang-yu, <i>et al.</i>	(6947)
Effects of Organic Fertilizer Combined with Biochar on Denitrifying Microorganisms and Enzyme Activities in Orchard Soil	DENG Zheng-xin, GAO Ming, XIONG Zi-yi, <i>et al.</i>	(6955)
Effects of Organic Fertilization on Bacterial Community and Maize Productivity in Dryland Red Soil	LIN Ting-ting, ZHENG Jie, ZHU Guo-fan, <i>et al.</i>	(6965)
Effects of Combined Pollution of Microplastics and Cadmium on Microbial Community Structure and Function of <i>Pennisetum hybridum</i> Rhizosphere Soil	DUAN Li-yang, ZHANG Yu, REN Xue-min, <i>et al.</i>	(6973)
Effects of Tomato Planting Years on Soil Physical and Chemical Properties and Microbial Communities	ZHAO Yang-yang, LIU Yin-shuang, SONG Yao, <i>et al.</i>	(6982)
Remediation of Three Oxidants on Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Coking Contaminated Soil and Its Response to Indigenous Microorganisms	LI Wei, WANG Hua-wei, MENG Xiang-yu, <i>et al.</i>	(6992)
Microbial Diversity and Population Structure of Different Salinized Soil Types in Hebei Province	LIU Yin-shuang, NIU Hong-jin, ZHAO Yang-yang, <i>et al.</i>	(7004)
Functional Genomics Analysis of Nitrogen and Phosphorus Transformation in Maize Rhizosphere Microorganisms	WANG Xiang-jun, JIANG Mei-tong, LI Sen, <i>et al.</i>	(7014)
Remediation of Soil Cadmium Contamination by <i>Solanum nigrum</i> L. Enhanced by the Combination of Exogenous Bacteria and Citric Acid	WANG Kai, WANG Li, WANG Yi-kun, <i>et al.</i>	(7024)
Effect of Combined Application of an <i>Enterobacter</i> and Sulfur Fertilizer on Cadmium and Arsenic Accumulation in Rice	ZHANG Pu-xin, YAO Jun-fan, LIU Yu-ling, <i>et al.</i>	(7036)