

目次

基于机器学习的珠三角秋季臭氧浓度预测	陈镇, 刘润, 罗征, 薛鑫, 汪瑶, 赵志军 (1)
粤港澳大湾区大气PM _{2.5} 浓度的遥感估算模型	代园园, 龚绍琦, 张存杰, 闵爱莲, 王海君 (8)
典型输送通道城市冬季PM _{2.5} 污染与传输变化特征	代武俊, 周颖, 王晓琦, 齐鹏 (23)
郑州市夏季PM _{2.5} 中二次无机组分污染特征及其影响因素	和兵, 杨洁茹, 徐艺斐, 袁明浩, 翟诗婷, 赵长民, 王申博, 张瑞芹 (36)
重庆典型城区冬季碳质气溶胶的污染特征及来源解析	彭超, 李振亮, 向英, 王晓宸, 汪凌韬, 张晟, 翟崇治, 陈阳, 杨复沐, 翟天宇 (48)
2022年8月成渝两地臭氧污染差异影响因素分析	陈木兰, 李振亮, 彭超, 邓也, 宋丹林, 谭钦文 (61)
2020年“三连击”台风对我国东部地区O ₃ 污染的影响分析	花丛, 尤媛, 王峰, 张碧辉 (71)
北京城区夏季VOCs初始体积分数特征及来源解析	张博韬, 景宽, 王琴, 安欣欣, 鹿海峰, 王陈婧, 王友峰, 刘保献 (81)
机动车减排降碳综合评价体系综述	范朝阳, 佟惠, 梁晓宇, 彭剑飞 (93)
基于LEAP模型的长三角某市碳达峰情景	杨峰, 张贵驰, 孙佑, 谢放尖, 揣小伟, 孙瑞玲 (104)
广东省船舶二氧化碳排放驱动因素与减排潜力	翁淑娟, 刘颖颖, 唐凤, 沙青娥, 彭勃, 王辉嘉, 陈诚, 张雪驰, 李京洁, 陈豪琪, 郑君瑜, 宋献中 (115)
给水厂典型工艺碳排放特征与影响因素	张翔宇, 胡建坤, 马凯, 高欣慰, 魏月华, 韩宏大, 李克勋 (123)
中国饮用水中砷的分布特征及基于伤残调整寿命年的健康风险评价	窦殿程, 齐媛, 肖淑敏, 苏高新, 郭宇新 (131)
太湖水体和沉积物中有机磷酸酯的时空分布和风险评价	张成诺, 钟琴, 栾博文, 周涛, 顾帆, 李伟飞, 邹华 (140)
水产养殖环境中农兽药物的污染暴露水平及其风险影响评价	张楷文, 张海燕, 孔聪, 顾润润, 田良良, 杨光昕, 王媛, 陈凤, 沈晓盛 (151)
长江朱沱断面磷浓度与通量变化及来源解析	姜保峰, 谢卫民, 黄波, 刘旻璇 (159)
珠江河口地表水锰氧化物对磷的“载-卸”作用	李睿, 梁作兵, 伍祺瑞, 杨晨晨, 田帝, 高磊, 陈建耀 (173)
富春江水库浮游植物功能群变化的成因	张萍, 王炜, 朱梦圆, 国超旋, 邹伟, 许海, 朱广伟 (181)
合浦盆地西部地区地下水水化学特征及形成机制	陈雯, 吴亚, 张宏鑫, 刘怀庆 (194)
新疆车尔臣河流域绿洲带地下水咸化与污染主控因素	李军, 欧阳宏涛, 周金龙 (207)
京津冀地区生态系统健康时空演变及其影响因素	李魁明, 王婉燕, 姚罗兰 (218)
近30年辽河三角洲生态系统服务价值时空演变及影响因素分析	王耕, 张芙蓉 (228)
光伏电站建设对陆地生态环境的影响: 研究进展与展望	田政卿, 张勇, 刘向, 陈生云, 柳本立, 吴纪华 (239)
大兴安岭林草交错带植被NDVI时空演变及定量归因	石淞, 李文, 曲琛, 杨子仪 (248)
西南地区不同类型植被NPP时空演变及影响因素探究	徐勇, 郑志威, 孟禹弛, 盘钰春, 郭振东, 张炎 (262)
不同海拔梯度下极端气候事件对松花江流域植被NPP的影响	崔嵩, 贾朝阳, 郭亮, 付强, 刘东 (275)
基于InVEST与CA-Markov模型的昆明市碳储量时空演变与预测	帕茹克·吾斯曼江, 艾东, 方一舒, 张益宾, 李牧, 郝晋琨 (287)
基于PLUS-InVEST模型的酒泉市生态系统碳储量时空演变与预测	石晶, 石培基, 王梓洋, 程番苑 (300)
长江下游沿江平原土壤发育过程中碳库分配动态	胡丹阳, 张欢, 宿宝巍, 张娅璐, 王永宏, 纪佳辰, 杨洁, 高超 (314)
漓江流域喀斯特森林土壤有机碳空间分布格局及其驱动因子	申楷慧, 魏识广, 李林, 储小雪, 钟建军, 周景钢, 赵毅 (323)
不同土地利用方式对岩溶区土壤有机碳组分稳定性的影响	陈坚淇, 贾亚男, 贺秋芳, 江可, 陈畅, 叶凯 (335)
紫色土丘陵区坡地柑橘园土壤碳氮的空间分布特征	李子阳, 陈露, 赵鹏, 周明华, 郑静, 朱波 (343)
氮添加与凋落物处理对橡胶林砖红壤有机碳组分及酶活性的影响	薛欣欣, 任常琦, 罗雪华, 王文斌, 赵春梅, 张永发 (354)
重庆化肥投入驱动因素、减量潜力及环境效应分析	梁涛, 赵敬坤, 李红梅, 王妍, 曹中华, 张务帅, 王孝忠, 郭超仪, 石孝均, 陈新平 (364)
中国土壤中全氟和多氟烷基物质的分布、迁移及管控研究进展	刘浩然, 邢静怡, 任文杰 (376)
基于多源辅助变量和随机森林模型的耕地土壤重金属含量空间分布预测	解雪峰, 郭炜炜, 濮励杰, 缪源卿, 蒋国俊, 张建珍, 徐飞, 吴涛 (386)
基于源导向的农用地土壤重金属健康风险评估及优先控制因子分析	马杰, 葛森, 王胜蓝, 邓力, 孙静, 蒋月, 周林 (396)
铜陵某废弃疏铁矿区土壤重金属污染特征及来源解析	李如忠, 刘宇昊, 黄言欢, 吴鸿飞 (407)
天水市主城区公交站地表灰尘重金属来源解析及污染评价	李春艳, 王新民, 王海, 吕晓斌 (417)
基于大田试验的土壤-水稻镉对不同调理剂的响应	唐乐斌, 刘新彩, 宋波, 马丽钧, 黄凤艳 (429)
腐殖质活性组分对土壤镉有效性的调控效应与水稻安全临界阈值	胡秀芝, 宋毅, 王天雨, 蒋珍芬, 魏世强 (439)
生物炭与铁钙材料对镉砷复合污染农田土壤的修复	吴秋产, 吴骥子, 赵科理, 连斌, 袁峰, 孙洪, 田欣 (450)
人体微塑料污染特征及健康风险研究进展	马敏东, 赵洋尘, 朱龙, 王伟平, 康玉麟, 安立会 (459)
聚苯乙烯微塑料联合镉污染对土壤理化性质和生菜(<i>Lactuca sativa</i>)生理生态的影响	牛佳瑞, 邹勇军, 简敏菲, 黄楚红, 李金燕, 穆霞, 刘淑丽 (470)
转录组分析植物促生细菌缓解高粱微塑料和重金属复合污染胁迫机制	刘泳岐, 赵超禹, 任学敏, 李玉英, 张英君, 张浩, 韩辉, 陈兆进 (480)
微塑料对土壤中养分和镉淋失的影响	赵群芳, 褚龙威, 丁原红, 王发园 (489)
微塑料和非对土壤化学性质、酶活性及微生物群落的影响	刘沙沙, 秦建桥, 吴贤格 (496)
民勤荒漠绿洲过渡带人工梭梭林土壤细菌群落结构及功能预测	王安林, 马瑞, 马彦军, 吕彦勋 (508)
不同灌溉水盐度下土壤真菌群落对生物炭施用的响应	郑志玉, 郭晓雯, 闵伟 (520)
厨余垃圾有机肥对土壤微生物活性及功能的影响	刘美灵, 汪益民, 金文豪, 王永冉, 王嘉和, 柴一博, 彭丽媛, 秦华 (530)
土壤真菌群落结构对辣椒长期连作的响应特征	陈芬, 余高, 王谢丰, 李廷亮, 孙约兵 (543)
叶面喷施硅肥对再生水灌溉水稻叶际细菌群落结构及功能基因的影响	梁胜贤, 刘春成, 胡超, 崔二苹, 李中阳, 樊向阳, 崔丙健 (555)
昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析	王秋水, 程波, 刘悦, 邓婕, 徐岩, 孙朝徽, 袁立艳, 左嘉, 司飞, 高丽娟 (567)
基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征	黄福义, 周曙屹, 潘婷, 周昕原, 苏建强, 张炯 (576)
城区第四系沉积柱中抗生素的垂向分布特征及环境影响因素	刘可, 童蕾, 甘翠, 王逸文, 张嘉越, 何军 (584)
氢氧化钾改性玉米秸秆生物炭对水中土霉素的吸附特性及机制	刘总堂, 孙玉凤, 费正皓, 沙新龙, 温小菊, 钱彬彬, 陈建, 谷成刚 (594)
CO ₂ 气氛热解与硝酸改性的生物炭Pb ²⁺ 吸附性能对比	江豪, 陈瑞芝, 朱自洋, 王琳, 段文斌, 陈芳媛 (606)

基于高通量定量PCR与高通量测序技术研究城市湿地公园抗生素抗性基因污染特征

黄福义^{1,2}, 周曙仡³, 潘婷^{1,2}, 周昕原^{1,2}, 苏建强^{1,2}, 张娴^{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, 福建省流域生态重点实验室, 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: 城市湿地公园是城市湿地保护与利用的重要实践, 具有重要的生态系统服务价值. 抗生素抗性基因(ARGs)作为一种新污染物, 在水体环境中普遍存在, 是当前环境研究和公众关注热点. 基于高通量定量PCR与16S rRNA基因高通量测序技术, 深入研究了厦门城市湿地公园水体环境中抗生素抗性基因的种类、丰度水平和分布特征. 结合微生物群落特征和水质理化性质, 阐释了城市湿地公园抗生素抗性基因污染的影响因子和驱动机制. 结果表明, 城市湿地公园水体环境总共发现了217种抗生素抗性基因, 丰度水平高达 6.48×10^9 copies·L⁻¹, 抗性基因呈现出丰度较高、种类多样以及普遍共存的特点, 城市湿地公园是抗生素抗性基因分布的重要热区和存储库; *Marivivens*、*NS5_marine_group*和*Planktomarina*等9种微生物是41种抗生素抗性基因的潜在携带者, 微生物群落结构对城市湿地公园水体环境抗性基因变化的单独解释量达到了51%, 因此微生物群落是城市湿地抗生素抗性基因赋存和演化最重要的驱动力. 基于研究结果, 暗示着城市湿地公园水体环境抗生素抗性基因具有潜在水生态安全及人类健康风险, 应该加强城市湿地公园水体环境微生物污染研究与控制.

关键词: 高通量; 城市湿地; 抗生素抗性基因(ARGs); 水环境; 新污染物

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)01-0576-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202302194

High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks

HUANG Fu-yi^{1,2}, ZHOU Shu-yi-dan³, PAN Ting^{1,2}, ZHOU Xin-yuan^{1,2}, SU Jian-qiang^{1,2}, ZHANG Xian^{1,2*}

(1. Fujian Key Laboratory of Watershed Ecology, 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: Urban wetland parks are an important practice for urban wetland protection and utilization due to the vast ecosystem service value. As emerging contaminants, antibiotic resistance genes (ARGs) are great attractions for environmental research and public concerns. Based on high-throughput qPCR and high-throughput amplicon sequencing techniques, we investigated the occurrence, abundance, and distribution profiles of antibiotic resistance genes in the aquatic environment of Xiamen urban wetland parks (five sites). The influencing factors and driving mechanisms of antibiotic resistance genes were deciphered on the basis of microbial community structure and water quality. Diverse and abundant ARGs were observed and coexisted in urban wet parks. A total of 217 ARGs were detected in the water body of urban wetland parks, with an abundance up to 6.48×10^9 copies·L⁻¹. Urban wetland parks were important hotspots and repositories of the antibiotic resistome. A total of nine bacterial genera, including *Marivivens*, *NS5_marine_group*, and *Planktomarina*, were identified as the potential carriers of diverse resistance genes (41 ARGs). The microbial communities could alone explain 51% of alterations in the antibiotic resistome in the aquatic environment of the urban wetland parks. Therefore, the microbial community was the key driving force for the occurrence and evolution of ARGs in urban wetland parks. Based on the results, with the presence of ARGs and antibiotic resistance bacteria, it is suggested that the water environments of urban wetland parks have potential risks of water ecological security and human health, and it is necessary to further enhance the research and control of microbial contaminants in the aquatic environment of urban wetland parks.

Key words: high-throughput; urban wetlands; antibiotic resistance genes (ARGs); aquatic environment; emerging contaminants

湿地广泛分布于全球各地, 是地球上生物多样性和生产力都比较高的生态环境系统. 湿地可以吸纳并消减环境污染物, 调节径流, 改善水质, 调节小气候, 维护生物多样性, 具有显著的生态系统服务价值. 城市湿地是存在于城市区域之内的湿地, 生态服务功能与乡野湿地有着明显不同, 其受人为活动干扰强烈^[1]. 我国城市湿地存在面积缩小、功能退化和污染严重等特点, 特别是富营养化现象突出^[2]. 城市湿地是城市生态环境的重要组成部分, 是重要的生态基础设施或绿色基础设施. 进一步地, 城市湿地公

园是指被纳入城市绿地系统规划, 并且适宜作为公园的天然或人工改造的湿地, 通过合理的保护利用, 形成集保护、科普和休闲等功能于一体的公园^[3], 是城市居民的公共开放空间和亲水平台环境, 人口承

收稿日期: 2023-02-23; 修订日期: 2023-04-11

基金项目: 国家自然科学基金项目(42021005, 42207158); 中国科学院仪器设备功能开发技术创新项目(2021g007); 中国科学院技术支撑人才项目(2022)

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多样性与抗生素抗性, E-mail: fhyuang@iue.ac.cn

* 通信作者, E-mail: xzhang@iue.ac.cn

载量和流动性较大,集中体现了湿地的生态效益、经济效益和社会效益,综合效益显著,增进了社会与环境福祉。

抗生素抗性基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 被认为是一种环境新污染物^[4,5],携带抗生素抗性基因的耐药菌和致病菌等微生物引发了人类健康和城市生物安全问题^[6]。抗生素抗性基因在地球环境中虽然属于古老的存在^[7,8],但是人类活动(抗生素不合理使用、畜牧水产养殖、城市污水排放、人口迁徙和全球物流等)强化了抗生素抗性基因的选择压力,促进了抗性微生物在更大的时空尺度的迁移传播^[9,10]。基于单细胞水平拉曼结合靶向宏基因组的方法,还发现环境中原位活性耐药菌携带了大量抗性基因、毒力因子和可移动遗传元件(MGEs)^[11],表明抗性基因与微生物及其携带的其它功能基因紧密相关。特别需要注意的是,一些具有多重耐药性或者突破最新抗生素的“超级细菌”也不断有研究报导^[12,13],这些致病菌可能会引发无法治疗的传染病。在过去的几十年间,基于常规筛选分离培养手段,没有发现新的抗生素药物,与此同时,原有的部分抗生素医疗效用不断降低(使用剂量还需不断增大)。因此,环境抗生素抗性基因的传播和扩散态势日趋复杂,环境微生物安全不容乐观^[14,15]。

环境微生物是抗生素抗性基因的重要来源和存储库,水体环境具有种类繁多且数量巨大的微生物,其中的致病菌、耐药菌和病毒等可能造成水体微生物污染^[16],影响水生态健康。近年来,针对城市河流、河口沉积物和地下水等环境中的微生物抗生素抗性基因的赋存特征和迁移扩散机制开展了相关研究,表明人类活动与抗生素抗性有着密切的关系^[17~20]。有研究表明,环境微生物抗生素抗性组与城市化水平显著相关^[21,22]。当前,基于实验室中的构筑模拟湿地 (constructed wetland) 开展了很多湿地抗性基因分布与去除的相关研究^[23,24],但是对城市湿地环境,特别是滨海城市湿地公园水体环境抗生素抗性基因的分布特征和影响因素仍不甚清楚。城市湿地公园不仅与城市居民关系密切,而且具有重要的水源涵养和生态功能,与人群健康福祉紧密相关。本文基于全健康 (one health) 概念框架和微生物安全视角,研究了厦门城市湿地公园水体环境中的抗性基因分布规律和微生物群落结构特征,结合水环境质量,深入探究了抗生素抗性基因与微生物的关系,阐释了城市湿地水体环境抗生素抗性基因变化的驱动机制,以期量化评估城市湿地公园水体环境抗生素抗性风险和城市微生物安全监管提供数据支持及理论支撑。

1 材料与方法

1.1 研究区域与样品采集

研究区域位于福建省厦门市,选取了厦门市岛内外共计5个海湾型城市湿地公园(图1),具体分别是:厦门园博苑湿地公园(YBY)、马銮湾湿地公园(MLW)、白鹭洲湿地公园(BLZ)、五缘湾湿地公园(WYW)和下潭尾湿地公园(XTW)。本研究对5个公园同时采样,时间为2022年3月23日16:00,此时超过日间高潮时刻38 min,湿地公园中来自陆地和海洋的水体经过充分混合,水环境样本具有较好代表性,能够体现海湾型城市湿地公园的水环境特征。每个公园样点重复采集3瓶水样(550 mL, 无菌聚乙烯瓶),置于4℃冷藏箱,运回实验室进行预处理和后续实验。



图1 研究区域及城市公园湿地位置示意

Fig. 1 Sampling sites of urban wetland parks

1.2 水体理化性质分析

采用微孔径为0.45 μm水系聚醚砜针筒式滤头(津隆,天津),对采集回实验室的新鲜水样进行过滤,获得35mL左右清澈水样。一部分过滤后水样(约12 mL)直接上机(总有机碳分析仪,TOC-L,日立)测定水中的总有机碳(TOC)和总氮(TN),另一部分水样(12 mL)用电感耦合等离子体质谱仪(ICP-MS, 7500 series, Agilent Technologies)对砷(As)、锰(Mn)、镍(Ni)和铅(Pb)等元素进行检测。

1.3 水体微生物总DNA提取与高通量测序分析

采集回实验室的新鲜水样用0.22 μm孔径的混

合纤维素酯滤膜(半岛实业,上海)基于负压多联过滤器(津腾,天津)分别过滤 0.3 L 体积,获得含有水体微生物的滤膜,对折后剪碎(约 1 mm × 1 mm),装入 DNA 提取试剂盒的振荡破碎管(FastDNA Spin Kit, MP Bio, 美国),后续水体微生物组 DNA 提取过程根据试剂盒的说明步骤进行. 使用微量分光光度计 NanoDrop 1000(Thermo Scientific, 美国)对水体微生物 DNA 的浓度和纯度进行检测和评估.

基于细菌核糖体 16S rRNA 基因 V4-V5 可变区片段,对城市湿地水体微生物进行了高通量测序(广州基迪奥生物科技有限公司完成). 测序所获得的数据用 QIIME 进一步进行数据过滤、序列拼接和聚类处理,按照 97% 的相似度水平,聚类分析获得操作分类单元(operational taxonomic units, OTUs). 根据基因数据库 Greengene database(V13.8),基于微生物 OTUs 涵盖的序列信息进行物种注释,能在不同分类水平对微生物组成进行归类划分^[25, 26].

1.4 荧光定量 PCR 和高通量定量 PCR 检测方法

荧光定量 PCR (qPCR) 在 Roche LightCycler 480 II 仪器上完成. 微生物 16S rRNA 基因的绝对丰度可以用于评价微生物的总体丰度水平. 具体的 16S rRNA 基因标准质粒的浓度梯度范围为 $1.92 \times 10^2 \sim 1.92 \times 10^8 \text{ copies} \cdot \mu\text{L}^{-1}$. qPCR 实验反应体系: PCR 体积 20 μL , Roche SYBR Master I Mix 预混试剂 10 μL , PCR 级超纯水 7 μL , 上游(forward)和下游(reverse)引物各 1 μL , DNA 模板(样本和标准质粒)为 1 μL .

抗生素抗性基因的分析测试在 WaferGen SmartChip 系统高通量 PCR 平台(TaKaRa, WaferGen, 美国)进行. 研究中具体选择的功能基因(抗性基因)、高通量 PCR 反应扩增条件及合格数据筛选分析依据文献[19, 27]. WaferGen SmartChip 高通量 PCR 系统平台具有分析通量高(5 184 array)、加样自动化(MSND)和节约试剂等优势. 基于 PCR 检测通量高的特点,特别适用于环境微生物的功能基因谱集(抗生素抗性基因、毒力因子基因、病原菌基因和重金属抗性基因)的高通量定性定量分析^[15, 28~30]. 根据引物和仪器的特点, Ct 值为 31 时, 定义为检测的检出限. 实验过程中, 每个样品设置了 3 个 PCR 技术平行, 当 Ct 值都有效时, 认为该样品为有效检出. 抗生素抗性基因的绝对丰度(A_{ARGs})的计算过程与方法, 根据如下公式进行:

$$\text{基因的算术拷贝数} = 10^{[(31-\text{Ct})/(10/3)]} \quad (1)$$

$$R_{\text{ARGs}} = \frac{\text{抗性基因的算术拷贝数}}{16\text{S rRNA 基因的算术拷贝数}} \quad (2)$$

$$A_{\text{ARGs}} = R_{\text{ARGs}} \times 16\text{S rRNA 基因的绝对丰度} \quad (3)$$

1.5 数据分析与统计

本研究中所涉及到的统计与计算, 如平均值和标准差等皆采用 Excel 2016 版本(Microsoft, 美国)进行分析. 样品的显著性和相关性分析基于软件 SPSS V18.0 (IBM, 美国)完成. 微生物多样性结果的分析主要基于 R (version 3.6.3) 软件的各个软件包工具进行作图展示与绘制, 例如用 cluster 包进行抗性基因的聚类树分析等. 抗性基因与微生物共现性网络分析与数据统计亦是基于 R (version 3.6.3) 软件来实现, 根据获得的统计分析结果, 采用 Gephi (V 0.9.2) 进行共现性网络相互关系的绘制. 文中相关的柱状图等则是由 Origin 9 (OriginLab, 美国)进行绘制完成.

2 结果与分析

2.1 湿地公园水体微生物 ARGs 的种类多样性

高通量 PCR 结果显示(图 2), YBY、MLW、BLZ、WYW 和 XTW 这 5 个城市湿地公园水体环境中检测出 ARGs 分别为 120、152、104、132 和 120 种, MGEs 分别为 10、11、10、8 和 10 种. 检测出的抗生素抗性基因按照其所对应的抗生素类型, 可以具体归类为 8 大类型, 具体为: 氨基糖苷类(aminoglycoside)、 β -内酰胺类(β -lactamase)、氯霉素类(chloramphenicol)、MLSb、多重耐药类(multidrug)、磺胺类(sulfonamide)、四环素类(tetracycline)和万古霉素类(vancomycin). 图 2 可以看出, 5 个城市湿地公园水体环境 ARGs 具有很高的多样性, 多重耐药类、氨基糖苷类和 β -内酰胺类是湿地公园水体环境最主要的 3 大类抗性基因. 其中, MLW 城市湿地公园具有最多种类的抗性基因(152 种), MGEs 种类也是最多(11 种). 从抗生素抗性的具体耐药机制来分析, 可以发现, 抗生素失活机制是水体环境微生物主导的耐药机制策略(42% ~ 49%), 其次是抗生素主动外排机制(29% ~ 38%), 再次是微生物细胞保护机制(16% ~ 18%). 总体上看, 5 个城市湿地公园水体微生物的 3 种耐药机制的相对比例比较相似[图 2(b)], 差异不大.

2.2 城市湿地公园水体微生物抗性基因的丰度

基于高通量定量 PCR 和普通 16S 定量 PCR 的结果计算显示(图 3), 5 个城市湿地公园水体环境抗生素抗性基因在丰度水平上的分布特征具有显著差异($P < 0.05$). 整体上看, 水体中抗性基因丰度范围为 $8.56 \times 10^8 \sim 6.48 \times 10^9 \text{ copies} \cdot \text{L}^{-1}$. 其中, 丰度最高的是 YBY 城市湿地公园, 可能与该湿地氮素和总有机碳含量最为丰富有关; 最低的是 BLZ 湿地公园. 多重耐药类、氨基糖苷类和 MLSb 类是丰度最高的 3 大类抗性基因, 与抗性基因种类分布基本一致(图 2). 此

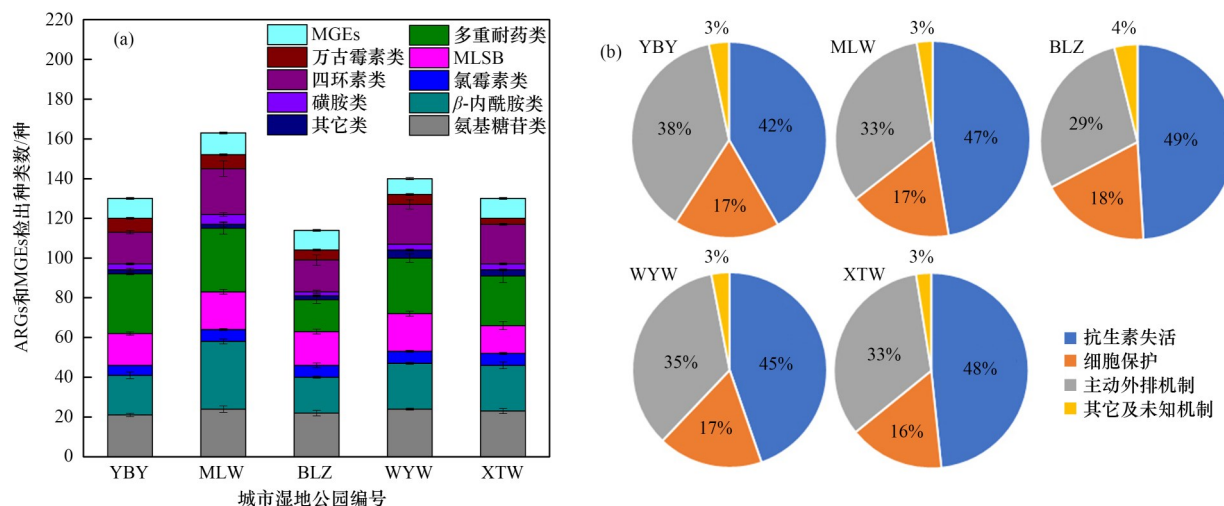
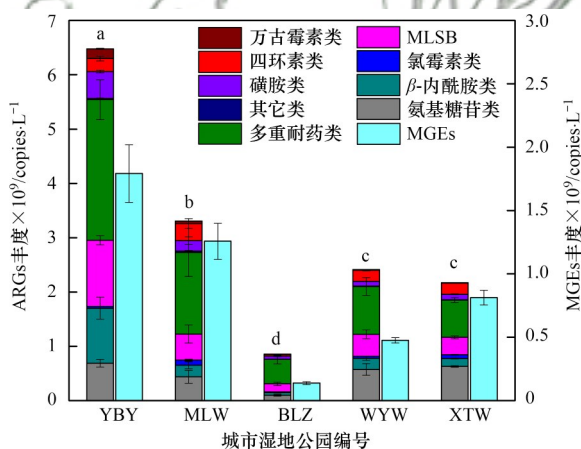


图2 抗生素抗性基因种类及其耐药机制

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

外,各个城市湿地公园点位 MGEs 都低于抗生素抗性基因总的丰度,并具有相似分布趋势特征,暗示着 MGEs 与抗性基因存在紧密的关系,表明微生物间可能存在抗生素抗性基因水平转移现象,并与丰度水平一致. WYW 和 XTW 城市湿地公园在抗生素抗性基因丰度水平整体比较接近,没有显著差异 ($P > 0.05$),与抗性基因种类分布特点相似.



不同小写字母表示抗性基因在不同湿地公园间的统计差异水平

图3 ARGs与MGEs丰度水平

Fig. 3 Absolute abundance of ARGs and MGEs

2.3 湿地公园水体微生物群落结构特征

水环境样品经过 16S rRNA 基因高通量测序及 97% 相似性聚类归并后,共得到 21 555 个 OTUs. 因此根据 OTUs 的序列信息进行注释,城市湿地公园的水体微生物群落组成及结构如图 4 所示. 在门分类水平上,相对丰度前 5 的是:蓝藻门(Cyanobacteria)、变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidetes)、放线菌门(Actinobacteria)和浮霉菌门(Planctomycetes),共占总微生物组成的 97.1%. 在属分类水平上,可以进一步测得微生物的具体组成和相对丰度,其中

Cyanobium_PCC-6307、*HIMB11*、*Lentibacter*、*Mycobacterium* 和 *NS3a_marine_group* 为前 5 的优势菌属,占全部样品相对丰度的 32.5%,未归类的菌属的比例介于 33.1%~48.9%.

基于 Bray-Curtis 距离的非加权组平均法(UPGMA)的聚类分析,能够展示厦门市岛内外 5 个不同湿地公园水体之间微生物的相互关系,结果显示[图 4(c)],位于厦门岛外的城市-工业综合开发区的 MLW 和 XTW 湿地公园的分布特征比较接近,关系最为密切,微生物群落结构和组成相似,而位于岛内城市人口稠密区的 BLZ 和 WYW 湿地公园之间的微生物群落结构比较接近. 此外,YBY 的水域面积巨大,兼有自然和城市特点,其微生物群落结构与组成相对独立,有着独特的群落组成特征.

2.4 水体理化性质

湿地城市公园水质标准评价可以参考地表水环境质量标准(GB 3838-2002). 由表 1 可以看出,各湿地公园水体环境的(类)重金属元素浓度都较低,达到了地表水 I 类水的标准. 而整体 ρ [总氮(TN)] 大于 $1 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$,其中 BLZ、WYW 和 XTW 为 IV 类水标准,YBY 和 MLW 属于劣 V 类水. 从氮素污染角度来看,湿地公园水体处于一定程度的富营养状态,特别是位于厦门岛外的城市湿地公园受到快速城市化和工业化的双重影响. 因此,研究区域水体氮素水平较高会导致微生物大量繁殖,并受到滨海水力环境的影响.

2.5 微生物组与抗生素抗性组的关系

基于环境微生物与抗性基因组整体关联角度,采用普式分析(procrustes analysis),结果表明环境微生物组与抗生素抗性组有极显著的关联映射关系(图 5),具有良好的一致性(两组数据坐标之

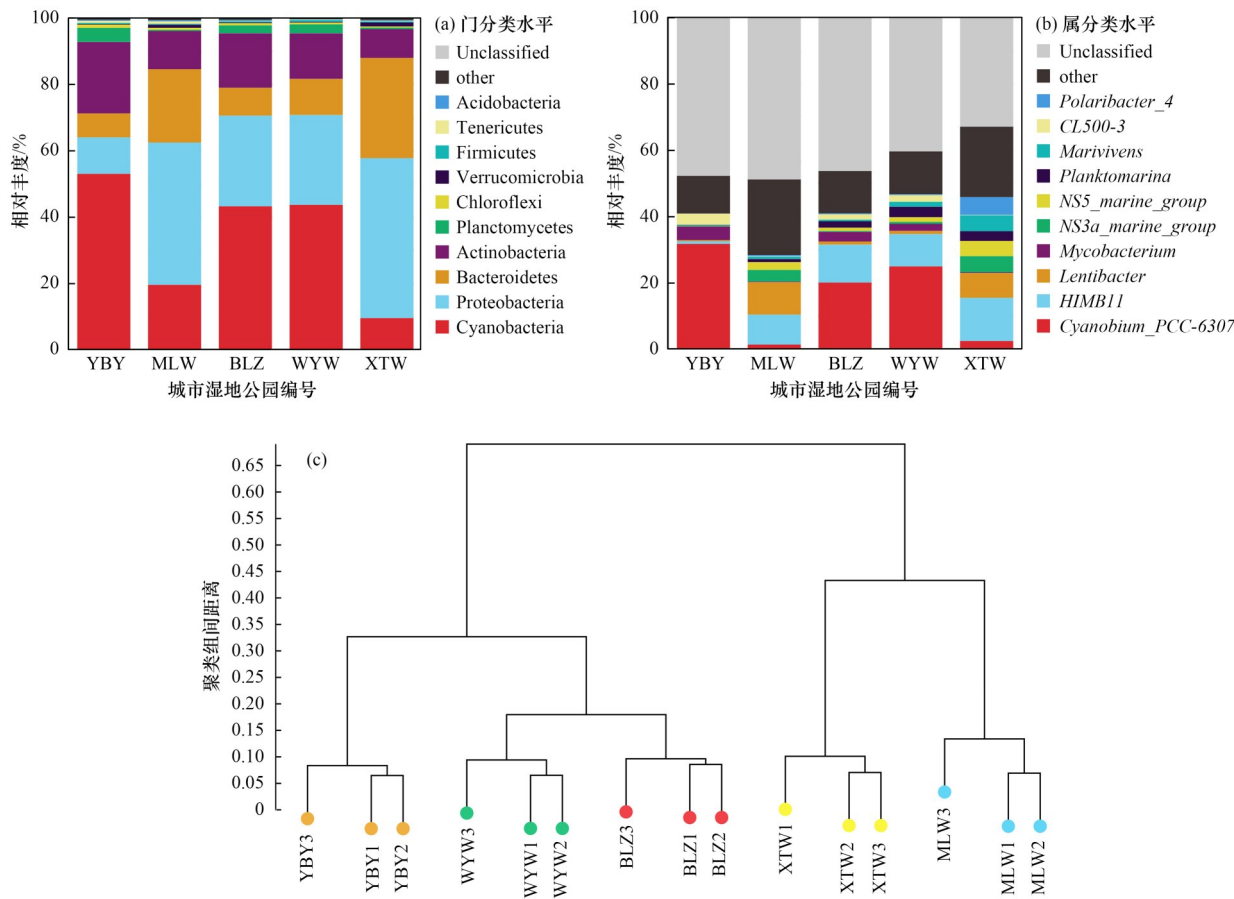


图 4 微生物群落结构及聚类树状关系
Fig. 4 Bacterial composition and phylogenetic analysis

表 1 水体理化性质

Table 1 Physicochemical properties in water of wetland parks

公园编号	$\rho(\text{TOC})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	$\rho(\text{TN})/\text{mg}\cdot\text{L}^{-1}$	$\rho(\text{Mn})/\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	$\rho(\text{Ni})/\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	$\rho(\text{As})/\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$	$\rho(\text{Pb})/\mu\text{g}\cdot\text{L}^{-1}$
YBY	14.46±0.28	3.20±0.22	2.89±0.11	2.30±0.09	2.86±0.17	1.57±0.11
MLW	9.19±0.09	2.21±0.03	101.47±4.70	2.70±0.14	1.96±0.03	0.97±0.06
BLZ	7.22±0.11	1.28±0.01	6.45±0.89	0.85±0.01	1.81±0.08	0.75±0.04
WYW	7.30±0.11	1.01±0.05	2.19±0.76	0.40±0.01	1.84±0.04	0.62±0.02
XTW	7.80±0.57	1.39±0.02	28.67±2.81	1.00±0.06	1.74±0.05	0.61±0.02

间的偏差平方和 $M^2 = 0.57$, $P = 0.0012$), 证明微生物对于抗性基因的赋存和演变有着直接的密切关系. Mantel test 检验计算也证明了上述两者的极显著相关性 ($P = 0.004$). 此外, 普式分析也证明了 MLW 和 XTW 在微生物组和抗生素抗性组的分布组成都比较相似; BLZ 与 WYW 聚在相对更集中的区域, 因此这两个湿地公园的微生物组和抗性组最为接近; 而 YBY 则有着相对独立于其它 4 个湿地公园的分布特点. 以上分析结果, 与对图 4(c) 的分析相一致.

进一步地, 基于共现性网络分析 (co-occurrence network analysis) 方法, 在微生物菌属的分类水平深入探究了微生物与抗生素抗性基因的共现性特征与规律, 基于两者的相关特点, 识别发现了多种抗生素抗

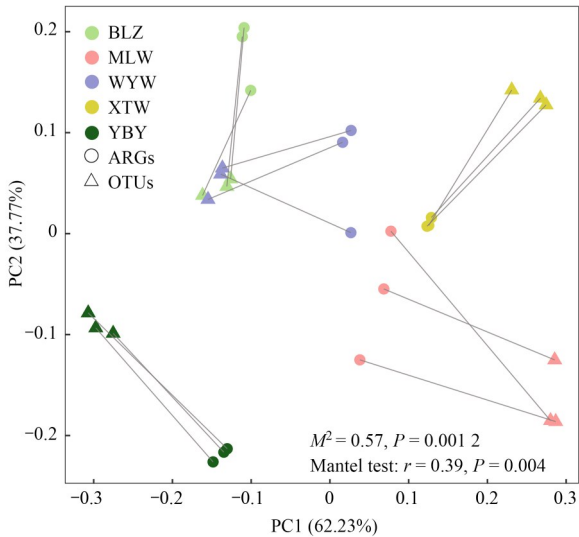


图 5 细菌微生物组与抗生素抗性组的整体相互关系
Fig. 5 Procrustes analysis among ARGs and OTUs

性基因的潜在携带者(图6). 结果显示,从城市湿地公园的整体角度,有9个属水平的细菌(涵盖了5个门)是湿地水体中41种抗生素抗性基因(分属7大类 ARGs)的携带者. 具体从微生物菌属的水平进行分析, *Marivivens* 和 *NS5_marine_group* 都含有10种抗生素抗性基因, *Planktomarina* 和 *CL500-3* 则各具有8种

抗性基因, *Polaribacter_4* 含有7种抗生素抗性基因, *Lentibacter* 有4种不同类别的抗性基因, *NS3a_marine_group* 携带有3种抗生素抗性基因, *Cyanobium_PCC-6307* 和 *Mycobacterium* 则各含有2种抗性基因. 这些结果表明,微生物细菌能够同时携带多种不同的抗生素抗性基因.

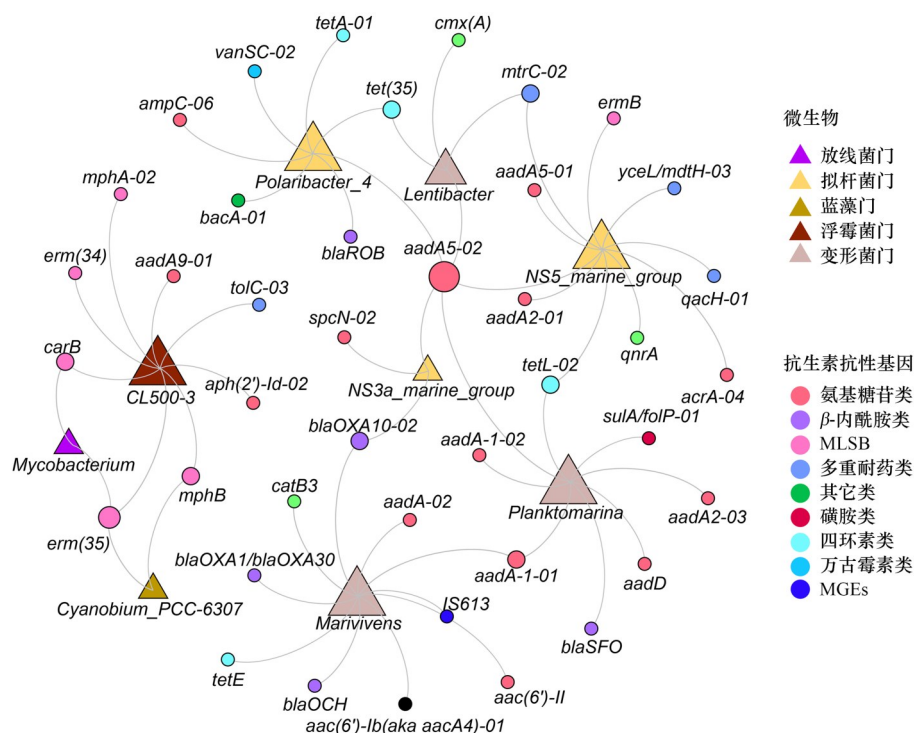


图6 菌属水平的微生物与抗性基因的共现性网络关系

Fig. 6 Co-occurrence network analysis between bacterial genus and antibiotic resistance genes

3 讨论

3.1 湿地水环境抗生素抗性基因的分布特征

城市湿地公园水环境中总共检测到104~152种抗生素抗性基因,总计检出217种抗性基因,总体检出率为76.7%. 抗生素抗性基因丰度介于 $8.56 \times 10^8 \sim 6.48 \times 10^9$ copies·L⁻¹,城市湿地公园水环境中抗性基因呈现种类多样和丰度较高的分布特征(图1和图2),因此城市湿地湖泊水体环境是抗生素抗性基因的重要存储库^[31, 32],有些城市湿地湖泊甚至检测出含有抗性基因和毒力基因的病原菌^[16, 33]. 有研究表明,城市湿地等景观水体抗生素抗性基因丰度仅次于污水厂进水,处于较高的污染水平^[31]. 本研究中,这些丰度高且种类多样的抗生素抗性基因在5个城市湿地公园的广泛分布,且相互关系非常紧密(图7),其中181种抗性基因是城市湿地公园所共有的(shared ARGs),YBY、MLW、BLZ、WYW和XTW分别单独检测出8、10、4、5和9种独有抗性基因. 此外,有12种MGEs也是在至少2个湿地公园水体中检出,表明ARGs和MGEs在城市湿地公园环境是普

遍存在,并且抗性基因在水体微生物中存在水平基因转移的潜在关联. 因此,抗生素抗性基因在城市湿地公园水体分布特征受到多种因素影响,形成了相互关系复杂的分布态势.

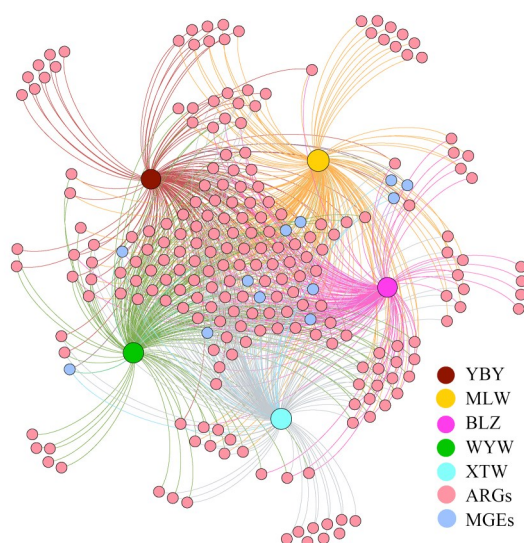


图7 城市湿地公园之间抗生素抗性基因的分布特征

Fig. 7 Patterns and shared ARGs of urban wetland parks

3.2 湿地水体抗生素抗性基因的驱动机制

城市湿地水体环境抗生素抗性基因的分布情况与微生物、水体理化性质和周边土地利用类型等紧密相关. 冗余分析 (redundancy analysis) 结果显示, TOC、TN、*Cyanobium_PCC - 6307*、*HIMB11* 和 *Lentibacter* 这 5 个影响因子, 对于抗性基因整体特征在第一轴和第二轴的解釋量分别达到了 33.14% 和 14.20%, 其中前三者对于 YBY 湿地水体呈现正相关关系, 红细菌科的 *HIMB11* 属与 WYW 和 XTW 的抗性基因组都是显著正相关的关系, 红细菌科的 *Lentibacter* 属则与 MLW 水环境抗性基因关系密切[图

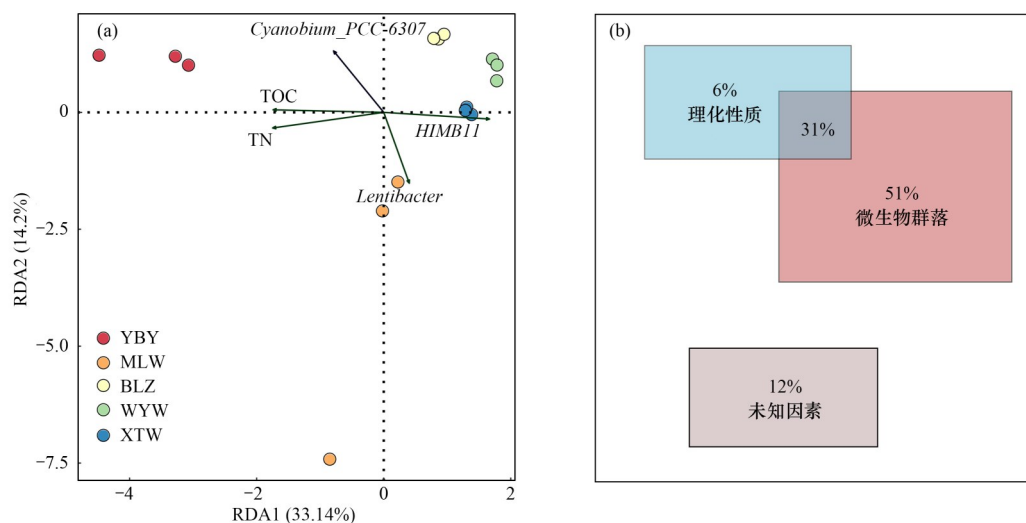


图8 抗生素抗性基因分布的影响因子及定量化解释分析

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

4 结论

基于高通量PCR和16S rRNA基因高通量测序技术, 本文深入研究了厦门城市湿地公园水体环境抗生素抗性基因污染特征及其驱动影响因子. 人类活动背景下的城市湿地水环境质量变化和微生物群落结构动态等共同塑造了城市湿地公园抗性基因的整体分布格局. 本研究显示, 城市湿地公园水体环境具有丰度较高、种类多样以及大量共有的抗生素抗性基因, 微生物菌属间可能存在抗性基因水平转移现象, 城市湿地是抗生素抗性基因的重要分布热区和存储库. 在菌属分类水平上, *Marivivens*、*NS5_marine_group* 和 *Planktomarina* 等9种微生物是多种抗生素抗性基因的潜在携带者, 微生物群落结构对城市湿地公园水体环境抗性基因变化的单独解释量达到了51%, 微生物群落是城市湿地公园抗生素抗性基因赋存和演化最主要的驱动力.

参考文献:

[1] 马炜, 周天元, 蒋亚芳, 等. 中国湿地保护状况和未来湿地保护的目標和重点[J]. 湿地科学, 2021, 19(4): 435-441.

8(a)]. 本研究显示, 微生物群落能够独立解释51%湿地水体抗生素抗性基因的分布态势, 而水体理化性质(TOC、TN和重金属)则能够解释6%, 前述两者还能够共同阐释抗生素抗性基因变化的31%, 这两者的总计解释量达到了88%. 因此, 微生物自身的增殖与传播是抗性基因存续的最重要驱动力^[20,34]. 有研究表明, 城市景观水体是抗生素抗性基因的分布热区, 而且微生物群落及其随机过程具有指示环境抗生素抗性基因传播强度与进化的潜力^[35,36]. 因此, 水质状况直接影响微生物的群落结构及其组成, 进而影响城市湿地水体抗生素抗性基因的赋存特征和演变过程.

Ma W, Zhou T Y, Jiang Y F, *et al.* Protection status and future protection objectives of the wetlands in China [J]. Wetland Science, 2021, 19(4): 435-441.

[2] 王建华, 吕宪国. 城市湿地概念和功能及中国城市湿地保护[J]. 生态学杂志, 2007, 26(4): 555-560.

Wang J H, Lv X G. Urban wetland: its concept, ecological services and protection [J]. Chinese Journal of Ecology, 2007, 26(4): 555-560.

[3] 张庆辉, 赵捷, 朱晋, 等. 中国城市湿地公园研究现状[J]. 湿地科学, 2013, 11(1): 129-135.

Zhang Q H, Zhao J, Zhu J, *et al.* Current status of studies on urban wetland park in China [J]. Wetland Science, 2013, 11(1): 129-135.

[4] 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.

[5] Vikesland P J, Pruden A, Alvarez P J J, *et al.* Toward a comprehensive strategy to mitigate dissemination of environmental sources of antibiotic resistance [J]. Environmental Science & Technology, 2017, 51(22): 13061-13069.

[6] 苏建强, 安新丽, 胡安谊, 等. 城市环境生物安全研究的进展与挑战[J]. 环境科学, 2021, 42(6): 2565-2572.

Su J Q, An X L, Hu A Y, *et al.* Advances and challenges in biosafety research for urban environments [J]. Environmental Science, 2021, 42(6): 2565-2572.

[7] D'Costa V M, King C E, Kalan L, *et al.* Antibiotic resistance is

- ancient[J]. *Nature*, 2011, **477**(7365): 457-461.
- [8] 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.
- [9] Zhu Y G, Penuelas J. Changes in the environmental microbiome in the Anthropocene[J]. *Global Change Biology*, 2020, **26**(6): 3175-3177.
- [10] Zhu Y G, Gillings M, Simonet P, *et al.* Microbial mass movements[J]. *Science*, 2017, **357**(6356): 1099-1100.
- [11] Li H Z, Yang K, Liao H, *et al.* Active antibiotic resistome in soils unraveled by single-cell isotope probing and targeted metagenomics[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2022, **119**(40), doi: 10.1073/pnas.2201473119.
- [12] Oyejobi G K, Sule W F, Akinde S B, *et al.* Multidrug-resistant enteric bacteria in Nigeria and potential use of bacteriophages as biocontrol[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, **824**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2022.153842.
- [13] Teixeira P, Tacão M, Henriques I. Occurrence and distribution of Carbapenem-resistant *Enterobacterales* and carbapenemase genes along a highly polluted hydrographic basin[J]. *Environmental Pollution*, 2022, **300**, doi: 10.1016/j.envpol.2022.118958.
- [14] Lewis K. The science of antibiotic discovery[J]. *Cell*, 2020, **181**(1): 29-45.
- [15] 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.
- [16] 庄芳芳, 苏建强, 陈辉煌, 等. 基于高通量定量 PCR 研究城市化小流域微生物污染特征[J]. *生态毒理学报*, 2017, **12**(5): 141-152.
- Zhuang F F, Su J Q, Chen H H, *et al.* Characterization of microbial contaminants using high-throughput quantitative PCR in a small urbanizing catchment[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2017, **12**(5): 141-152.
- [17] 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.
- [18] 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.
- [19] 黄福义, 杨凯, 张子兴, 等. 微塑料对河口沉积物抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2234-2239.
- Huang F Y, Yang K, Zhang Z X, *et al.* Effects of Microplastics on antibiotic resistance genes in estuarine sediments[J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2234-2239.
- [20] Huang F Y, Zhao Y, Neilson R, *et al.* Antibiotic resistome in groundwater and its association with mountain springs and river[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2023, **252**, doi: 10.1016/j.ecoenv.2023.114603.
- [21] 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.
- [22] Rajput V, Yadav R, Dharne M S. Metagenomic exploration reveals a differential patterning of antibiotic resistance genes in urban and peri-urban stretches of a riverine system[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, **28**(46): 66477-66484.
- [23] Ohore O E, Qin Z R, Sanganyado E, *et al.* Ecological impact of antibiotics on bioremediation performance of constructed wetlands: microbial and plant dynamics, and potential antibiotic resistance genes hotspots[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, **424**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.127495.
- [24] Zhang L, Yan C Z, Wang D P, *et al.* Spatiotemporal dynamic changes of antibiotic resistance genes in constructed wetlands and associated influencing factors[J]. *Environmental Pollution*, 2022, **303**, doi: 10.1016/j.envpol.2022.119176.
- [25] Caporaso J G, Kuczynski J, Stombaugh J, *et al.* QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data[J]. *Nature Methods*, 2010, **7**(5): 335-336.
- [26] Hall M, Beiko R G. 16S rRNA gene analysis with QIIME2[A]. In: Beiko R, Hsiao W, Parkinson J (Eds.). *Microbiome Analysis: Methods and Protocols*. New York: Humana Press, 2018. 113-129.
- [27] 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.
- [28] Zhu J J, Huang Q, Peng X Y, *et al.* MRG Chip: A high-throughput qPCR-based tool for assessment of the heavy metal (loid) resistome[J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, **56**(15): 10656-10667.
- [29] An X L, Wang J Y, Pu Q, *et al.* High-throughput diagnosis of human pathogens and fecal contamination in marine recreational water[J]. *Environmental Research*, 2020, **190**, doi: 10.1016/j.envres.2020.109982.
- [30] Xie S T, Ding L J, Huang F Y, *et al.* VFC-Chip: a high-throughput qPCR microarray for profiling virulence factor genes from the environment[J]. *Environment International*, 2023, **172**, doi: 10.1016/j.envint.2023.107761.
- [31] Hou L Y, Li J W, Wang H J, *et al.* Storm promotes the dissemination of antibiotic resistome in an urban lagoon through enhancing bio-interactions[J]. *Environment International*, 2022, **168**, doi: 10.1016/j.envint.2022.107457.
- [32] Ding C S, Gong Z, Zhang K, *et al.* Distribution and model prediction of antibiotic resistance genes in Weishan Lake based on the indication of Chironomidae larvae[J]. *Water Research*, 2022, **222**, doi: 10.1016/j.watres.2022.118862.
- [33] Quillaguamán J, Guzmán D, Campero M, *et al.* The microbiome of a polluted urban lake harbors pathogens with diverse antimicrobial resistance and virulence genes[J]. *Environmental Pollution*, 2021, **273**, doi: 10.1016/j.envpol.2021.116488.
- [34] Wang H J, Hou L Y, Liu Y Q, *et al.* Horizontal and vertical gene transfer drive sediment antibiotic resistome in an urban lagoon system[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2021, **102**: 11-23.
- [35] Hou L Y, Wang H J, Chen Q F, *et al.* Fecal pollution mediates the dominance of stochastic assembly of antibiotic resistome in an urban lagoon (Yundang lagoon), China[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, **417**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2021.126083.
- [36] Yang K, Xu F, Zhu L J, *et al.* An isotope-labeled single-cell raman spectroscopy approach for tracking the physiological evolution trajectory of bacteria toward antibiotic resistance[J]. *Angewandte Chemie International Edition*, 2023, **62**(14), doi: 10.1002/anie.202217412.

CONTENTS

Prediction of Autumn Ozone Concentration in the Pearl River Delta Based on Machine Learning	CHEN Zhen, LIU Run, LUO Zheng, <i>et al.</i> (1)
Remote Sensing Model for Estimating Atmospheric PM _{2.5} Concentration in the Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DAI Yuan-yuan, GONG Shao-qi, ZHANG Cun-jie, <i>et al.</i> (8)
Variation Characteristics of PM _{2.5} Pollution and Transport in Typical Transport Channel Cities in Winter	DAI Wu-jun, ZHOU Ying, WANG Xiao-qi, <i>et al.</i> (23)
Characteristics of Secondary Inorganic Ions in PM _{2.5} and Its Influencing Factors in Summer in Zhengzhou	HE Bing, YANG Jie-ru, XU Yi-fei, <i>et al.</i> (36)
Characteristics and Source Apportionment of Carbonaceous Aerosols in the Typical Urban Areas in Chongqing During Winter	PENG Chao, LI Zhen-liang, XIANG Ying, <i>et al.</i> (48)
Analysis of Influencing Factors of Ozone Pollution Difference Between Chengdu and Chongqing in August 2022	CHEN Mu-lan, LI Zhen-liang, PENG Chao, <i>et al.</i> (61)
Analysis of O ₃ Pollution Affected by a Succession of Three Landfall Typhoons in 2020 in Eastern China	HUA Cong, YOU Yuan, WANG Qian, <i>et al.</i> (71)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs Initial Mixing Ratio in Beijing During Summer	ZHANG Bo-tao, JING Kuan, WANG Qin, <i>et al.</i> (81)
Review of Comprehensive Evaluation System of Vehicle Pollution and Carbon Synergistic Reduction	FAN Zhao-yang, TONG Hui, LIANG Xiao-yu, <i>et al.</i> (93)
Study of Peak Carbon Emission of a City in Yangtze River Delta Based on LEAP Model	YANG Feng, ZHANG Gui-chi, SUN Ji, <i>et al.</i> (104)
Driving Forces and Mitigation Potential of CO ₂ Emissions for Ship Transportation in Guangdong Province, China	WENG Shu-juan, LIU Ying-ying, TANG Feng, <i>et al.</i> (115)
Carbon Emission Characteristics and Influencing Factors of Typical Processes in Drinking Water Treatment Plant	ZHANG Xiang-yu, HU Jian-kun, MA Kai, <i>et al.</i> (123)
Distribution Characteristics of Arsenic in Drinking Water in China and Its Health Risk Based on Disability-adjusted Life Years	DOU Dian-cheng, QI Rong, XIAO Shu-min, <i>et al.</i> (131)
Spatiotemporal Occurrence of Organophosphate Esters in the Surface Water and Sediment of Taihu Lake and Relevant Risk Assessment	ZHANG Cheng-nuo, ZHONG Qin, LUAN Bo-wen, <i>et al.</i> (140)
Exposure Level and Risk Impact Assessment of Pesticides and Veterinary Drugs in Aquaculture Environment	ZHANG Kai-wen, ZHANG Hai-yan, KONG Cong, <i>et al.</i> (151)
Variation in Phosphorus Concentration and Flux at Zhutuo Section in the Yangtze River and Source Apportionment	LOU Bao-feng, XIE Wei-min, HUANG Bo, <i>et al.</i> (159)
“Load-Unload” Effect of Manganese Oxides on Phosphorus in Surface Water of the Pearl River Estuary	LI Rui, LIANG Zuo-bing, WU Qi-rui, <i>et al.</i> (173)
Factors Influencing the Variation in Phytoplankton Functional Groups in Fuchunjiang Reservoir	ZHANG Ping, WANG Wei, ZHU Meng-yuan, <i>et al.</i> (181)
Hydrochemical Characteristics and Formation Mechanism of Groundwater in the Western Region of Hepu Basin, Beihai City	CHEN Wen, WU Ya, ZHANG Hong-xin, <i>et al.</i> (194)
Controlling Factors of Groundwater Salinization and Pollution in the Oasis Zone of the Cherchen River Basin of Xinjiang	LI Jun, OUYANG Hong-tao, ZHOU Jin-long (207)
Spatial-temporal Evolution of Ecosystem Health and Its Influencing Factors in Beijing-Tianjin-Hebei Region	LI Kui-ming, WANG Xiao-yan, YAO Luo-lan (218)
Spatial and Temporal Evolution and Impact Factors Analysis of Ecosystem Service Value in the Liaohe River Delta over the Past 30 Years	WANG Geng, ZHANG Fu-rong (228)
Effects of Photovoltaic Power Station Construction on Terrestrial Environment: Retrospect and Prospect	TIAN Zheng-qing, ZHANG Yong, LIU Xiang, <i>et al.</i> (239)
Spatiotemporal Evolution and Quantitative Attribution Analysis of Vegetation NDVI in Greater Khingan Mountains Forest-Steppe Ecotone	SHI Song, LI Wen, QU Chen, <i>et al.</i> (248)
Spatio-temporal Variation in Net Primary Productivity of Different Vegetation Types and Its Influencing Factors Exploration in Southwest China	XU Yong, ZHENG Zhi-wei, MENG Yu-chi, <i>et al.</i> (262)
Impacts of Extreme Climate Events at Different Altitudinal Gradients on Vegetation NPP in Songhua River Basin	CUI Song, JIA Zhao-yang, GUO Liang, <i>et al.</i> (275)
Spatial and Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Kunming City Based on InVEST and CA-Markov Model	Paruke Wusimanjiang, AI Dong, FANG Yi-shu, <i>et al.</i> (287)
Spatial-Temporal Evolution and Prediction of Carbon Storage in Jiuquan City Ecosystem Based on PLUS-InVEST Model	SHI Jing, SHI Pei-ji, WANG Zi-yang, <i>et al.</i> (300)
Soil Carbon Pool Allocation Dynamics During Soil Development in the Lower Yangtze River Alluvial Plain	HU Dan-yang, ZHANG Huan, SU Bao-wei, <i>et al.</i> (314)
Spatial Distribution Patterns of Soil Organic Carbon in Karst Forests of the Lijiang River Basin and Its Driving Factors	SHEN Kai-hui, WEI Shi-guang, LI Lin, <i>et al.</i> (323)
Effect of Land Use on the Stability of Soil Organic Carbon in a Karst Region	CHEN Jian-qi, JIA Ya-nan, HE Qiu-fang, <i>et al.</i> (335)
Spatial Distribution Characteristics of Soil Carbon and Nitrogen in Citrus Orchards on the Slope of Purple Soil Hilly Area	LI Zi-yang, CHEN Lu, ZHAO Peng, <i>et al.</i> (343)
Effects of Experimental Nitrogen Deposition and Litter Manipulation on Soil Organic Components and Enzyme Activity of Latosol in Tropical Rubber Plantations	XUE Xin-xin, REN Chang-qi, LUO Xue-hua, <i>et al.</i> (354)
Analysis on Driving Factors, Reduction Potential, and Environmental Effect of Inorganic Fertilizer Input in Chongqing	LIANG Tao, ZHAO Jing-kun, LI Hong-mei, <i>et al.</i> (364)
Research Progress on Distribution, Transportation, and Control of Per- and Polyfluoroalkyl Substances in Chinese Soils	LIU Hao-ran, XING Jing-yi, REN Wen-jie (376)
Prediction of Spatial Distribution of Heavy Metals in Cultivated Soil Based on Multi-source Auxiliary Variables and Random Forest Model	XIE Xue-feng, GUO Wei-wei, PU Li-jie, <i>et al.</i> (386)
Health Risk Assessment and Priority Control Factors Analysis of Heavy Metals in Agricultural Soils Based on Source-oriented	MA Jie, GE Miao, WANG Sheng-lan, <i>et al.</i> (396)
Contamination Characteristics and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in an Abandoned Pyrite Mining Area of Tongling City, China	LI Ru-zhong, LIU Yu-hao, HUANG Yan-huan, <i>et al.</i> (407)
Source Appointment and Assessment of Heavy Metal Pollution in Surface Dust in the Main District Bus Stops of Tianshui City	LI Chun-yan, WANG Xin-min, WANG Hai, <i>et al.</i> (417)
Response of Cadmium in Soil-rice to Different Conditioners Based on Field Trials	TANG Le-bin, LIU Xin-cai, SONG Bo, <i>et al.</i> (429)
Regulation Effects of Humus Active Components on Soil Cadmium Availability and Critical Threshold for Rice Safety	HU Xiu-zhi, SONG Yi, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (439)
Using Biochar and Iron-calcium Material to Remediate Paddy Soil Contaminated by Cadmium and Arsenic	WU Qiu-chan, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (450)
Research Progress on Characteristics of Human Microplastic Pollution and Health Risks	MA Min-dong, ZHAO Yang-chen, ZHU Long, <i>et al.</i> (459)
Effects of Polystyrene Microplastics Combined with Cadmium Contamination on Soil Physicochemical Properties and Physiological Ecology of <i>Lactuca sativa</i>	NIU Jia-rui, ZOU Yong-jun, JIAN Min-fei, <i>et al.</i> (470)
Transcriptome Analysis of Plant Growth-promoting Bacteria Alleviating Microplastic and Heavy Metal Combined Pollution Stress in Sorghum	LIU Yong-qi, ZHAO Si-yu, REN Xue-min, <i>et al.</i> (480)
Effects of Microplastics on the Leaching of Nutrients and Cadmium from Soil	ZHAO Qun-fang, CHU Long-wei, DING Yuan-hong, <i>et al.</i> (489)
Effect of Microplastics and Phenanthrene on Soil Chemical Properties, Enzymatic Activities, and Microbial Communities	LIU Sha-sha, QIN Jian-qiao, WU Xian-ge (496)
Prediction of Soil Bacterial Community Structure and Function in Minqin Desert-oasis Ecotone Artificial <i>Haloxylon ammodendron</i> Forest	WANG An-lin, MA Rui, MA Yan-jun, <i>et al.</i> (508)
Response of Soil Fungal Community to Biochar Application Under Different Irrigation Water Salinity	ZHENG Zhi-yu, GUO Xiao-wen, MIN Wei (520)
Effects of Organic Fertilizer of Kitchen Waste on Soil Microbial Activity and Function	LIU Mei-ling, WANG Yi-min, JIN Wen-hao, <i>et al.</i> (530)
Response Characteristics of Soil Fungal Community Structure to Long-term Continuous Cropping of Pepper	CHEN Fen, YU Gao, WANG Xie-feng, <i>et al.</i> (543)
Effects of Foliar Application of Silicon Fertilizers on Phyllosphere Bacterial Community and Functional Genes of Paddy Irrigated with Reclaimed Water	LIANG Sheng-xian, LIU Chun-cheng, HU Chao, <i>et al.</i> (555)
Analysis of Bacterial Communities and Antibiotic Resistance Genes in the Aquaculture Area of Changli County	WANG Qiu-shui, CHENG Bo, LIU Yue, <i>et al.</i> (567)
High-throughput qPCR and Amplicon Sequencing as Complementary Methods for Profiling Antibiotic Resistance Genes in Urban Wetland Parks	HUANG Fu-yi, ZHOU Shu-yi-dan, PAN Ting, <i>et al.</i> (576)
Characteristics of Vertical Distribution and Environmental Factors of Antibiotics in Quaternary Sedimentary Column in Urban Areas	LIU Ke, TONG Lei, GAN Cui, <i>et al.</i> (584)
Adsorption Performance and Mechanism of Oxytetracycline in Water by KOH Modified Biochar Derived from Corn Straw	LIU Zong-tang, SUN Yu-feng, FEI Zheng-hao, <i>et al.</i> (594)
Comparison of Pb ²⁺ Adsorption Properties of Biochars Modified Through CO ₂ Atmosphere Pyrolysis and Nitric Acid	JIANG Hao, CHEN Rui-zhi, ZHU Zi-yang, <i>et al.</i> (606)