

目 次

基于时间序列分解的京津冀区域PM _{2.5} 和O ₃ 空间分布特征	姚青, 丁净, 杨旭, 蔡子颖, 韩素芹	(2487)
基于随机森林的北京城区臭氧敏感性分析	周红, 王鸣, 柴文轩, 赵昕	(2497)
基于随机森林模型的四川盆地臭氧污染预测	杨晓彤, 康平, 王安怡, 臧增亮, 刘浪	(2507)
海口市臭氧浓度统计预报模型的构建与效果评估	符传博, 林建兴, 唐家翔, 丹利	(2516)
京津冀地区2015~2020年臭氧浓度时空分布特征及其健康效益评估	高冉, 李琴, 车飞, 张艳平, 祖永刚, 刘芬	(2525)
2022年北京市城区PM _{2.5} 水溶性离子含量及其变化特征	陈圆圆, 崔迪, 赵泽熙, 常森, 景宽, 沈秀娥, 刘保献	(2537)
郑州市冬春季PM _{2.5} 中金属元素污染特征、来源及健康风险评估	陶杰, 闫慧姣, 徐艺斐, 荆海涛	(2548)
淄博市供暖前后PM _{2.5} 中多环芳烃及其衍生物污染特征、来源及健康风险	孙港立, 吴丽萍, 徐勃, 高玉宗, 赵雪艳, 姬亚芹, 杨文	(2558)
西安市采暖季过渡期高时间分辨率细颗粒物组分特征及来源解析	李萌津, 张勇, 张倩, 田杰, 李丽, 刘卉昆, 冉伟康, 王启元	(2571)
天津冬季两个典型污染过程高浓度无机气溶胶成因及来源分析	卢苗苗, 韩素芹, 刘可欣, 唐晓, 孔磊, 丁净, 樊文雁, 王自发	(2581)
基于空间尺度效应的山东省PM _{2.5} 浓度时空变化及空间分异地理探测	徐勇, 韦梦新, 邹滨, 郭振东, 李沈鑫	(2596)
我国典型化工行业VOCs排放特征及其对臭氧生成潜势	武婷, 崔焱文, 肖威德, 翟增秀, 韩萌	(2613)
廊坊秋季大气污染过程中VOCs二次气溶胶生成潜势及来源分析	张敬巧, 刘铮, 丁文文, 朱瑶, 曹婷, 凌德印, 王淑兰, 王宏亮	(2622)
景观格局对河流水质影响的尺度效应 Meta 分析	王玉仓, 杜晶晶, 张禹, 吴昊, 胡敏敏, 陈丁江	(2631)
白洋淀夏季汛期入淀河流水体溶解性有机物的光谱特征及来源	孟佳靖, 宴红, 陈哲, 周石磊, 底怡玲, 武辰彬, 王晨光, 张家丰, 崔建升	(2640)
北京市丰台区永定河以东浅层地下水水化学演变规律及成因分析	胡昱欣, 周瑞静, 宋炜, 杨全合, 王鑫茹	(2651)
庐庐断裂带(安徽段)浅层地下水水化学特征、控制因素及水质评价	刘海, 魏伟, 宋阳, 徐洁, 管政亭, 黄健敏, 赵国红	(2665)
农药施用对兴凯湖水中农药残留的影响及其风险评价	王蔚青, 徐雄, 刘权震, 林利华, 吕婧, 王东红	(2678)
黄河兰州段河岸带土壤中微生物与耐药基因的赋存特征	韦程宸, 魏枫沂, 夏慧, 黄魁	(2686)
基于多源数据的巢湖蓝藻水华时空分布及驱动因素分析	金晓龙, 邓学良, 戴睿, 徐倩倩, 吴月, 范裕祥	(2694)
再生水构建水环境中沉水植物附着细菌群落特征	贺赞, 李雪梅, 李宏权, 魏琳琳, 姜春晖, 姜大伟, 李魁晚	(2707)
水位波动和植被恢复对三峡水库消落带土壤原核微生物群落结构的交互影响	梅渝, 黄平, 王鹏, 朱凯	(2715)
银川市典型湖泊沉积物细菌群落结构及其对重金属的响应关系	蒙俊杰, 刘双羽, 邱小琼, 周娟娟	(2727)
热水解时间对污泥厌氧消化系统微生物群落结构影响分析	张含, 张涵, 王佳伟, 高金华, 文洋, 李相昆, 任征然	(2741)
市政污水中吗啡来源辨析	邵雪婷, 赵悦彤, 蒋冰, 裴伟, 李彦莹, 谭冬芹, 王德高	(2748)
滦河流域生态环境动态遥感评价	李艳翠, 袁金国, 刘博涵, 郭豪	(2757)
黄河流域生态系统服务价值时空演化及影响因素	王奕洪, 孙学堂	(2767)
基于贝叶斯网络的生态系统服务权衡协同关系强度及其空间格局优化:以汾河流域为例	蔡进, 危小建, 江平, 梁玉琦	(2780)
贵州高原典型喀斯特县域生境质量时空演变及定量归因	李月, 冯霞, 吴路华, 罗光杰, 罗红芬	(2793)
2000~2021年黄土高原生态分区NEP时空变化及其驱动因子	周怡婷, 严俊霞, 刘菊, 王瑛	(2806)
基于SSP-RCP情景的黄土高原土地变化模拟及草原碳储量	崔伟, 董燕, 张露尹, 王荣臻	(2817)
京津冀城市群建设用地扩张多情景模拟及其对生态系统碳储量的影响	武爱彬, 陈辅国, 赵艳霞, 秦彦杰, 刘欣, 郭小平	(2828)
西南岩溶区土地利用变化对团聚体稳定性及其有机碳的影响	江可, 贾亚男, 杨琰, 陈坚淇, 禹朴家	(2840)
不同土地利用方式下土壤有机质分子组成变化的整合分析	黄世威, 赵一锴, 朱馨雨, 刘贺雷, 刘姣姣, 陈稍, 陈佳永, 张阿凤	(2848)
基于改进麻雀搜索算法优化BP神经网络的土壤有机质空间分布预测	胡志瑞, 赵万伏, 宋根先, 王芳, 林妍敏	(2859)
不同有机物料施用对菜地磷累积和转化的影响	孙凯, 崔玉涛, 李顺晋, 魏冰丽, 王媛, 杨宏博, 王孝忠, 张伟	(2871)
集约化柑橘种植抑制土壤磷循环微生物活性	周连吴, 曾全超, 梅唐英泽, 汪明霞, 谭文峰	(2881)
控释掺混肥对麦玉米轮作体系作物产量和温室气体排放的影响	高玮, 王学霞, 谢建治, 陈延华, 倪小会, 王甲辰, 董艳芳, 李子双, 曹兵	(2891)
生物炭对黄绵土中NO ₃ -N运移过程影响及模拟	白一茹, 刘旭, 张钰涵, 张睿媛, 马艳, 王幼奇	(2905)
中国农田土壤重金属污染分析与评价	杨雳, 白宗旭, 薄文浩, 林静, 杨俱佳, 陈涛	(2913)
城市土壤和地表灰尘重金属污染研究进展与展望	王晓雨, 刘恩峰, 杨祥梦, 王碧莲, 林锦阔, 颜梦霞, 毕世杰	(2926)
场地重金属污染土壤固化及MICP技术研究进展	陈玥如, 高文艳, 陈虹任, 薛生国, 吴川	(2939)
黄河流域山东段近河道煤矿区土壤重金属污染特征及源解析	戴文婷, 张晖, 吴霞, 钟鸣, 段桂兰, 董霁红, 张培培, 樊洪明	(2952)
拒马河流域河流沉积物与土壤重金属含量及风险评价	韩双宝, 袁磊, 张秋霞, 郑焰, 李甫成	(2962)
银川市黄河滩区土壤重金属污染特征、生态风险评估及来源解析	于路加, 马海军, 王翠平	(2971)
基于源导向和蒙特卡罗模型的广东省某城市土壤重金属健康风险评估	陈莲, 邹子航, 张培珍, 王雨菡, 王振江, 林森, 唐翠明, 罗国庆, 钟建武, 李智毅, 王圆	(2983)
西南典型碳酸盐岩高地背景区农田重金属化学形态、影响因素及回归模型	唐瑞玲, 徐进力, 刘彬, 杜雪苗, 顾雪, 于林松, 毕婧	(2995)
贵州省水田土壤-水稻Hg含量特征与安全种植区划	韦美溜, 周浪, 黄燕玲, 庞瑞, 王佛鹏, 宋波	(3005)
柠檬酸辅助甜高粱对南方典型母质土壤的镉修复效应	刘梦宇, 罗绪锋, 辜娇峰, 易轩韬, 周航, 曾鹏, 廖柏寒	(3016)
改性酒糟生物炭对紫色土壤镉形态及水稻吸收镉的影响	肖乃川, 王子芳, 杨文娜, 谢永红, 代文才, 高明	(3027)
生物炭对四环素和铜复合污染土壤生菜生长及污染物累积的影响	郑晨格, 裴欢欢, 张亚珊, 李嘉欣, 刘奋武, 乔星星, 秦俊梅	(3037)
基于Meta分析的蚯蚓堆肥对堆肥质量和重金属的影响效应	姜继韶, 侯睿, 崔慧林, 闫广轩, 刘栋	(3047)
微塑料对土壤N ₂ O排放及氮素转化的影响研究进展	刘一戈, 杨安琪, 陈舒欣, 牛英奕, 卢瑛, 李博	(3059)
土地利用对洱海罗时江小流域土壤微塑料污染的影响	戴柳云, 侯磊, 王化, 符立松, 王艳霞, 李晓琳, 王万宾, 梁启斌	(3069)
养殖海湾淤泥质海岸沉积物微塑料污染特征	宋可心, 贺金成, 李昌文, 解思琦, 刘宝堃, 黄伟, 冯志华	(3078)
聚乙烷微塑料对盐渍化土壤微生物群落的影响	李志超, 李哲, 李嘉晨, 屈忠义, 杨文煊, 李卫平	(3088)
鄱阳湖候鸟栖息地微塑料表面细菌群落结构特征与生态风险预测	俞锦丽, 赵俊凯, 罗思琦, 朱颖婷, 张文慧, 胡启武, 刘淑丽	(3098)
粤闽浙沿海重点城市道路交通节能减排路径	徐艺诺, 翁大维, 王硕, 胡喜生, 王占永, 张园园, 张兰怡	(3107)
电动重卡替代柴油重卡的全生命周期碳减排效益分析	徐圆圆, 龚德鸿, 黄正光, 杨浪	(3119)

黄河兰州段河岸带土壤中微生物与耐药基因的赋存特征

韦程宸¹, 魏枫沂¹, 夏慧^{1,2}, 黄魁^{1,2*}

(1. 兰州交通大学环境与市政工程学院, 兰州 730070; 2. 甘肃省黄河重点实验室, 兰州 730070)

摘要: 河岸带土壤是流域的重要组成部分, 生物污染物赋存特性影响了流域水环境的污染治理. 以农田、周山和工业用地为代表性土壤, 探究黄河兰州段河岸带土壤中微生物群落结构、抗生素抗性基因(ARGs)及其遗传原件(MGEs)的赋存特征. 结果表明, 变形菌门、拟杆菌门和放线菌门为黄河兰州段河岸带土壤的优势菌门. 河岸带土壤的微生物种群结构与土地利用类型存在相关性($P < 0.05$). 细菌群落的 α 多样性指数由大到小依次为: 农田 > 周山 > 工业. 定量PCR结果表明, 磺胺类 ARGs 为黄河流域兰州段土壤中的优势基因, 其中 *sulI* 丰度最高, 为其它检测 ARGs 的 20~36 000 倍. 工业类型土壤的 ARGs 中的总绝对丰度最高. 主坐标分析(PCoA)显示 ARGs 的赋存特性与土地类型也有显著性关联($P < 0.05$), 并且 *intI1* 与 *tnpA-04* 分别对磺胺类 ARGs 和四环素类 ARGs 的传播具有驱动效果. 冗余分析(RDA)表明, 黄河兰州段河岸带土壤中的无机盐离子和总磷的含量是改变微生物结构的主要理化因子, 盐杆菌门和酸杆菌门是驱动 ARGs 结构变化的主要微生物菌群.

关键词: 河岸带; 抗生素抗性基因(ARGs); 流域; 微生物群落; 土地利用类型

中图分类号: X172 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2024)05-2686-08 DOI: 10.13227/j.hjxx.202306223

Characteristics of Microorganisms and Antibiotic Resistance Genes of the Riparian Soil in the Lanzhou Section of the Yellow River

WEI Cheng-chen¹, WEI Feng-yi¹, XIA Hui^{1,2}, HUANG Kui^{1,2*}

(1. School of Environmental and Municipal Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China; 2. Key Laboratory of Yellow River Water Environment in Gansu Province, Lanzhou 730070, China)

Abstract: Riparian soil is a critical area of watersheds. The characteristics of biological contaminants in riparian soil affect the pollution control of the watershed water environment. Thus, the microbial community structure, antibiotic resistance genes (ARGs), and mobile genetic elements (MGEs) in the riparian soil of the Lanzhou section of the Yellow River were investigated by analyzing the characteristics of soil samples collected from farmland, mountains, and industrial land. The results showed that the Proteobacteria, Bacteroidetes, and Actinobacteria were the dominant phyla in the riparian soil of Lanzhou section of the Yellow River. The microbial structure in the riparian soil was significantly correlated with the land use type ($P < 0.05$). The α diversity index of bacterial communities in land types was in the order of farmland > mountain > industry. Sulfonamide-typed ARGs were the most dominant genes in the soil of the Lanzhou section of the Yellow River Basin, among which the *sulI* gene had the highest abundance, 20~36 000 times that of other detected ARGs. Moreover, the total absolute abundance of ARGs in industrial soil was the highest. Principal coordinate analysis (PCoA) displayed that the ARGs characteristics had a significant correlation with land types ($P < 0.05$), and *intI1* and *tnpA-04* drove the diffuseness of sulfonamide and tetracycline ARGs, respectively. Redundancy analysis (RDA) demonstrated that the content of inorganic salt ions and total phosphorus in the soil of the riparian zone of the Yellow River Lanzhou section were the main environmental factors, modifying the distribution of the microbial structure. Halobacterota and Acidobacteriota were the main microflora that drove the structural change in ARGs.

Key words: riparian zone; antibiotic resistance genes(ARGs); river basin; microbial community; land use types

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)是在生物体内表达耐药性的基因片段, 其广泛存在于水体、沉积物和土壤中^[1]. 在我国不同的流域内都检测其存在^[2~4]. 土壤含有丰富的微生物多样性被认为是重要的 ARGs 库, 是 ARGs 转移和传播的理想场所^[5]. 一方面, ARGs 可通过微生物增殖的方式进行垂直转移(vertical gene transfer, VGT), 另一方面也可通过可移动遗传原件(mobile genetic elements, MGEs)在不同微生物群落之间进行水平转移(horizontal gene transfer, HGT)^[6]进而重塑 ARGs 的结构^[7]. 携带有 ARGs 的耐药菌可通过食物链传播到人类, 严重威胁人类健康^[8]. 因此, 明确 MGEs 与 ARGs 在土壤中的赋存特性, 显得尤为重要.

河岸带是水域向陆域过渡的水陆交错生态系统, 承担着河流与陆地之间的物质、能量与信息传输的功能^[9]. 作为水陆交汇的中介, 河岸带极易成为 ARGs 污染的扩散带, 从而威胁整个流域生态安全. 土壤生态系统作为河岸带中最活跃的部分, 对外界干扰如农业、工业和旅游等有不同的敏感响应^[10~12]. 虽 ARGs 在土壤中的赋存已有大量的研究, 但河岸带的土壤类型与 ARGs 的关联却鲜见报道.

黄河流域是我国北方重要的生态安全屏障. 黄

收稿日期: 2023-06-28; 修订日期: 2023-08-13

基金项目: 甘肃省科技厅科技计划项目(22JR5RA335, 22JR9KA034)

作者简介: 韦程宸(1996~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向流域中生物污染物的归趋与控制, E-mail: 742647468@qq.com

* 通信作者, E-mail: huangk1199@hotmail.com

河兰州段作为重要的水源涵养区和补给区, 担负着黄河上游的生态修复和污染防治的重任. 本研究以黄河兰州段为研究区域, 分析河岸带典型土壤类型中细菌群落与 ARGs 的分布特征, 探明不同类型河岸带土壤性质、微生物和 MGEs 对 ARGs 赋存的影响, 旨在为黄河流域水生态文明建设提供理论依据.

1 材料与方法

1.1 样品采集

黄河兰州段位于兰州盆地 (N36° 04', E103° 40'), 全长 152 km, 东西走向, 由西固区流入经兰州城区流经榆中县北部至乌金峡出境. 本研究的样品采集区域位于黄河上游兰州段, 2021 年 7 月(夏季)采集了 7 个土壤样本, 采样点包括河岸带内农田(a、b、d)、工业园区(c)和黄河两侧周山土壤(e、f、g). 样品采集区域及采样点信息见图 1. 土壤采用五点取样法, 采集 3~4 个混合土样, 取样深度为 0~20 cm, 每个混合样品约 1 kg, “四分法”弃去多余土壤后用聚乙烯袋封装. 所采样品运回实验室进行预处理.

1.2 测定方法

1.2.1 理化性质分析和 DNA 提取

将采集到的土壤样品一式两份, 一份自然风干后除去杂质研磨, 过 60 目筛, 用棕色密封玻璃瓶避光保存. 取 40 g 研磨土样加入 200 mL 氯化钾浸提液 (1 mol·L⁻¹), 在 25℃ 恒温水浴下振荡 1 h, 经 3 000 r·min⁻¹ 离心 10 min, 后取上清液 50 mL, 置于 4℃ 冰

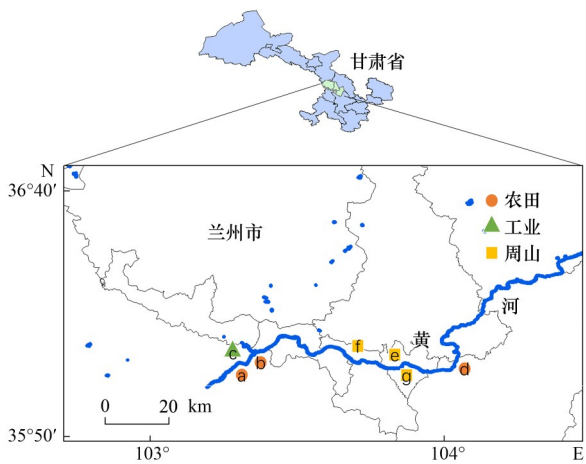


图 1 采样点分布示意

Fig. 1 Location of sampling sites

箱中保存, 用于氮磷含量分析. 另一份新鲜样品直接置于 -20℃ 冰箱中冷冻保存, 用于 DNA 相关分析.

按照《土壤环境监测技术规范》(HJ/T 166-2004) 的国家标准方法测定理化性质 (表 1). 将 10 g 研磨土样与 25 mL 去离子水混匀, 磁力搅拌 10 min 后采用电极法测定其 pH 值 (雷磁, PHS-3C, 上海) 和电导率 (雷磁, DDS-307, 上海). 随后将上述混合液稀释 10 倍后, 用 0.45 μm 滤膜抽滤, 用碳氮分析仪 (耶拿 MULTI N/C, 2100, 德国) 测定溶解性有机碳. 硝酸盐氮采用紫外分光光度法 (HJ/T 346-2007) [13], 总磷采用钼酸铵分光光度法 (GB 11893-89) [14] 测定. 采用重量法和灼烧减量法测定样品含水率与有机质 (HJ761-2015) [15]. 具体理化测试参照黄魁等 [16] 的方法进行.

表 1 土壤理化性质

Table 1 Physicochemical properties of the collected soil

采样点	电导率 /μS·cm ⁻¹	pH	ω(有机质) /%	ω(硝态氮) /mg·g ⁻¹	ω(总磷) /mg·g ⁻¹	ω(溶解性有机碳) /mg·g ⁻¹	含水率/%
a	616	7.81	8.04	0.12	0.47	10.89	18.21
b	89	7.70	12.41	0.01	0.98	12.64	13.95
c	3 310	8.65	9.45	0.16	0.42	4.47	11.77
d	113	8.52	10.11	0.02	0.96	5.21	18.39
e	150	8.40	11.66	0.02	0.63	10.22	13.99
f	103	8.39	14.50	0.04	0.58	19.63	15.73
g	94	8.37	10.52	0.02	0.47	12.45	13.58

1.2.2 荧光定量 PCR 和高通量测序

采用荧光定量 PCR 仪 (Takara, TP700, 日本) 对细菌 16S rDNA (V3~V4 区)、大环内酯类 ARGs (*ermB*、*ermF*、*ermA*)、磺胺类 ARGs (*sulI*、*sul2*)、四环素类 ARGs (*tetM*、*tetX*) 以及 MGEs 整合酶基因 (*intI1*) 和转座酶基因 (*tnpA-04*) 进行定量. 引物序列及 PCR 扩增条件参照文献 [17] 的方法进行. 所用引物均购置于生工生物工程 (上海) 股份有限公司. 25

μL 的定量 PCR 反应体系为: TB Green II (Takara, 日本) 12.5 μL, 20 μmol 上下游引物各 0.5 μL, DNA 模板 1 μL, DNA-free 超纯水 10.5 μL. 扩增效率控制在 90%~110% 之间. 然后通过 Ct 值 (扩增循环次数) 和标准曲线对样品中 DNA 的起始浓度进行定量检测. 其中绘制标准曲线的标准品为携带目的基因的质粒 (Takara, pMD20-T, 大连), 详细制备过程见文献 [18].

PCR 扩增使用 Phusion® High-Fidelity PCR Master Mix with GC Buffer(New England Biolabs)的高效高保真酶进行,反应条件为:98℃预变性 30 s;30 个循环包括 98℃变性 15 s,58℃退火 15 s,72℃延伸 15 s;72℃终延伸 1 min.之后将所得扩增产物用 2% 浓度琼脂糖凝胶进行电泳检测,并利用 Thermo Scientific 公司的 GeneJET 胶回收试剂盒进行纯化.使用 Illumina 公司 TruSeq DNA PCR-Free Library Preparation Kit 建库试剂盒进行文库构建,通过 Qubit 定量和文库检测之后在 NovaSeq 6000 平台进行上机测序(诺禾致源生物信息科技有限公司,北京).所得到的序列用 FLASH(v1.2.7)进行拼接,之后采用 QIIME(v2)进行质控过滤.Tags 序列通过 (<https://github.com/torognes/vsearch/>)与物种注释数据库进行比对检测并筛选嵌合体序列,得到有效 Clean reads.使用 Uparse (v7.0.1001)对序列进行聚类,随后通过 MUSCLE 3.8.31 与 Silva 138 数据库(<http://www.arb-silva.de/>)比对分类,最终得到有效的测序数据.测序结果已上传至 NCBI,序列号为 SAMN35720336.

1.3 统计分析

使用 SPSS 26 统计软件进行相关性分析,显著性水平 $P < 0.05$.使用 MEGA 7.0 软件对 DNA 测序数据进行聚类,并用 HemI 1.0 软件绘制热图.使用 Origin 2021 绘图.用 RStudio 对 3 种类型土壤做 PCoA 分析.采用 Spearman 相关性检验分析 2 种 MGEs (*intH1*、*tnpA-04*)与 ARGs 的相关性.采用 CANOCO 5.0 软件对环境因素、微生物和 ARGs 之间的关系进行冗余分析.

2 结果与讨论

2.1 细菌群落分布特征

本研究用 α 多样性中的 Chao1、Shannon 与 Simpson 指数分别表征细菌群落的丰富度和均匀度^[19].由表 2 可知,农田类型土壤细菌的平均 Chao1 指数与 Shannon 指数分别是工业类型的 1.96 倍和 1.17 倍;周山类型土壤细菌的平均 Chao1 指数与 Shannon 指数分别是工业类型的 1.73 倍和 1.10 倍.

表 2 细菌 α 多样性指数的变化

Table 2 Change in α diversity indexes of bacterial community

采样点	Chao1 指数	Shannon 指数	Simpson 指数
a	2 033.67	10.21	0.998
b	2 101.16	10.26	0.999
c	1 007.00	8.81	0.990
d	2 183.79	10.40	0.999
e	2 093.85	10.11	0.998
f	1 885.47	9.78	0.996
g	1 621.14	9.25	0.994

上述结果显示工业类型土壤中细菌丰富度和均匀度低于其他类型的土壤,这可能是由于 c 采样点是废弃工业园区,其有害污染物的排放降低了土壤环境中细菌群落的多样性.邢志林等^[20]同样研究发现工业土壤中微生物丰富度和多样性较其他土壤类型低.农田类土壤较高的细菌多样性归结于禽畜粪肥等有机肥的施用给土壤带来了大量的有机质与肠道微生物,增加了其细菌的多样性^[21].此外,不同土壤下垫面类型的植被特征区别造成的根系分泌物差异会显著改变细菌群落结构^[21-23].这也是导致不同土壤类型细菌多样性差异的原因.整体而言,黄河兰州河岸带土壤细菌的 α 多样性指数从高到低依次为:农田 > 周山 > 工业.

由图 2 可知,黄河河岸带土壤中变形菌门(Proteobacteria)、拟杆菌门(Bacteroidota)、放线菌门(Actinobacteriota)为采样点的主要菌门.与黄河上游三江源土壤的研究结果相比,变形菌门和放线菌门是相同的优势菌门;而其土壤的优势菌门疣微菌门(Verrucomicrobiota)在兰州段土壤中并没有表现出优势性^[24].变形菌门(Proteobacteria)平均相对丰度占比为 30.02%,是所检测样品中最占优势的门类.与其他土壤相比,农田土壤中厚壁菌门(Firmicutes)的丰度显著较高($P < 0.05$).可能与农田中大量的粪肥施用显著增加厚壁菌门的丰度有关^[25].土壤中盐杆菌门(Halobacterota)的相对丰度为 17.07%,显著高出其它采样点.是由于 c 采样点中高含盐量和高渗透压的土壤环境适宜盐杆菌门类微生物生存.而酸杆菌门(Acidobacteriota)在工业土壤的相对丰度为 0.77%,较其它类型土壤低.研究表明,酸杆菌门宜生存在偏酸性的土壤^[26],但 c 采样点的土壤偏碱性致使酸杆菌门丰度较低.周山土壤中放线菌门的平均相对丰度分别是农田类与工业类的 2.23 倍和 3.35 倍.放线菌门作为腐生菌是植

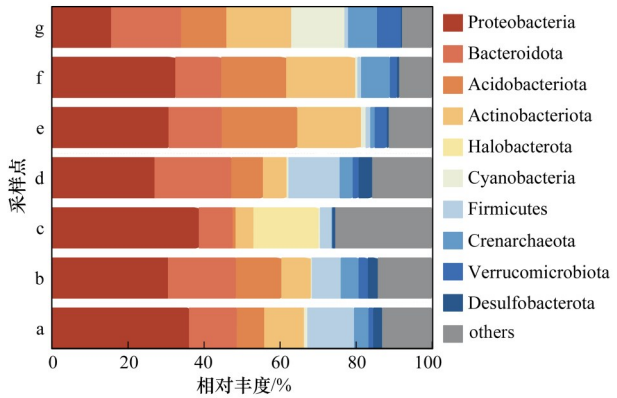
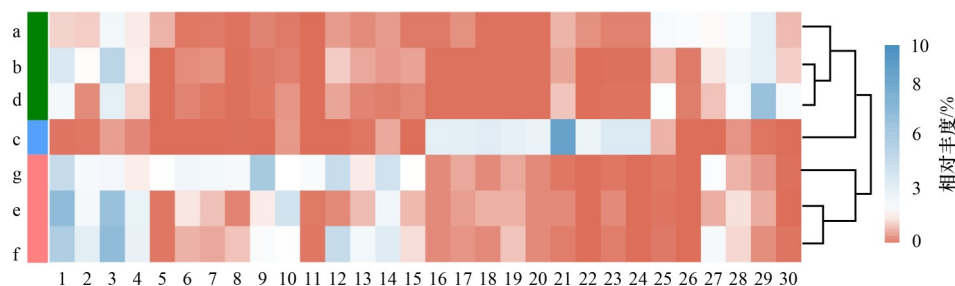


图 2 土壤中细菌群落在门水平上的相对丰度
Fig. 2 Relative abundance of bacterial communities in soil at the phylum level

物残体分解者与土壤生态系统固碳的主要驱动者^[27].周山放线菌门含量较高可能与丰富的植被残体有关.而周山土壤类型的溶解性有机碳分布是农田与工业土壤的1.47倍和3.15倍,这也需要较多的放线菌门来参与降解.值得注意的是g采样点蓝藻门(Cyanobacteria)的相对丰度比其他采样点显著高出16.48~63.02倍($P < 0.01$).但具体原因有待于进一步研究.

如图3所示,黄河河岸带土壤细菌属水平上,a、b和d采样点聚为一类,g、e和f采样点是一

类,而c采样点为单独一类.聚类结果表明,微生物种属多样性与河岸带土壤类型密切相关.分别为:农田土壤中*Bacillus*(3.73%)和*Sphingomonas*(3.86%)菌属相对丰度较高.工业土壤中则以*Pseudomonas*(8.36%)、*Halomonas*(3.03%)与*Halorubrum*(2.83%)为主.而周山土壤中*Chloroplast*(8.87%)、*RB41*(5.21%)、*Sphingomonas*(4.87%)和*Adhaeribacter*(2.85%)为主要菌属.可见,黄河兰州段河岸带土壤属水平细菌群落结构因土壤类型而异.



1. *RB41*, 2. *Skermanella*, 3. *Sphingomonas*, 4. *Vicinamibacteraceae*, 5. *Tychonema*, 6. *Candidatus Udaeobacter*, 7. *Chthoniobacter*, 8. *Rubrobacter*, 9. *Adhaeribacter*, 10. *Chloroplast*, 11. *Microcoleus*, 12. *Nitrososphaera*, 13. *Microvirga*, 14. *Pseudarthrobacter*, 15. *Flavisolibacter*, 16. *Halolanina*, 17. *Natronomonas*, 18. *Halomicrobium*, 19. *Halorubrum*, 20. *Gallibacterium*, 21. *Pseudomonas*, 22. *Marinobacter*, 23. *Idiomarina*, 24. *Halomonas*, 25. *Rhodospirillum rubrum*, 26. *Planococcus*, 27. *Nitrososphaera*, 28. *Nitrospira*, 29. *Bacillus*, 30. *Flavobacterium*

图3 黄河兰州段河岸带土壤属水平下的聚类分析热图

Fig. 3 Cluster analysis of the riparian soil bacterial genes in the Lanzhou section of the Yellow River

2.2 黄河兰州段河岸带土壤中 ARGs 和 MGEs 的分布

intI1 和 *tnpA-04* 是 ARGs 在 HGT 转移过程中的载体,可揭示 ARGs 在 HGT 中转移频率^[28].如图4可知,*intI1* 和 *tnpA-04* 在黄河兰州段河岸带土壤中的绝对丰度范围分别为 $8.40 \times 10^9 \sim 8.53 \times 10^{10}$ copies·g⁻¹ 和 $6.82 \times 10^6 \sim 3.51 \times 10^8$ copies·g⁻¹. *intI1* 平均绝对丰度为 *tnpA-04* 的 525 倍.表明 *intI1* 是黄河兰州段河岸带土壤中的主导 MGEs. Yu 等^[29] 研究发现,在黄河兰州段与河岸带土壤存在物质交换的水体中同样发现 *intI1* 是主导的 MGEs.周山土壤中的 *intI1* 绝对丰度最高,其可能是在周山的游客的肠道细菌携带较多的 *intI1*.这表明,黄河流域兰州段河岸带土壤中 *intI1* 是影响 ARGs 转移的重要因素之一.

如图4所示,黄河兰州段土壤中大环内酯类 ARGs、四环素类 ARGs 和磺胺类 ARGs 的平均绝对丰度分别为 $1.92 \times 10^8 \sim 8.21 \times 10^8$ 、 $3.01 \times 10^8 \sim 1.79 \times 10^9$ 和 $5.85 \times 10^{10} \sim 5.10 \times 10^{12}$ copies·g⁻¹.结果显示所有采样点中磺胺类 ARGs 的绝对丰度显著较高($P < 0.01$),其中 *sul1* 为土壤中绝对丰度最高的 ARGs,是其它 ARGs 丰度的 20~36 000 倍.磺胺类抗生素难以被肠道降解^[30],可通过粪便排泄到环境中,从而导致土壤环境的磺胺类 ARGs 污染^[31].此外,本研究

发现 *sul1* 的含量与 *intI1* 呈显著性正相关($P < 0.01$),暗示着 *intI1* 是加速黄河流域兰州段河岸带土壤中 *sul1* 传播的重要因素.这可能是由于 *intI1* 与 *sul1* 的基因序列重叠,整合子 *intI1* 基因能够捕获 *sul1* 基因并携带它在水体和土壤等环境介质中传播^[32-34].

如图4可见,黄河兰州段河岸带土壤中 ARGs 的绝对丰度平均值为 $1.57 \times 10^{11} \sim 5.12 \times 10^{12}$ copies·g⁻¹. 3 种土壤类型的总 ARGs 绝对丰度由大到小为:农田 > 工业 > 周山,其中采样点的 ARGs 总绝对丰度从高到低为: d > a > b > c > g > f > e.图5的分析(PCoA)揭示了黄河兰州段河岸带 ARGs 在不同土壤类型的差异性.证明 3 种土壤类型存在的 ARGs 分布具有显著差异($R^2 = 0.42$, $P < 0.01$);其中农田和周山二者间的差异性最为显著($R^2 = 0.45$, $P < 0.01$),其次是工业和周山也具有显著差异性($R^2 = 0.35$, $P < 0.01$).本研究中,农田中 ARGs 绝对丰度维持在了较高水平,可能与当地土壤中粪肥的施用有关.诸多相关研究证实,畜禽粪便是土壤环境中 ARGs 的主要来源^[32],粪肥含有的大量抗生素可胁迫细菌在环境压力下富集 ARGs.此外,农田较高的微生物多样性指数增加了 ARGs 水平转移几率,亦是 ARGs 丰度较高的原因.工业土壤中 ARGs 总绝对丰度较高是 *sul1* 的绝对丰度较高所致.磺胺类 ARGs 通过获得

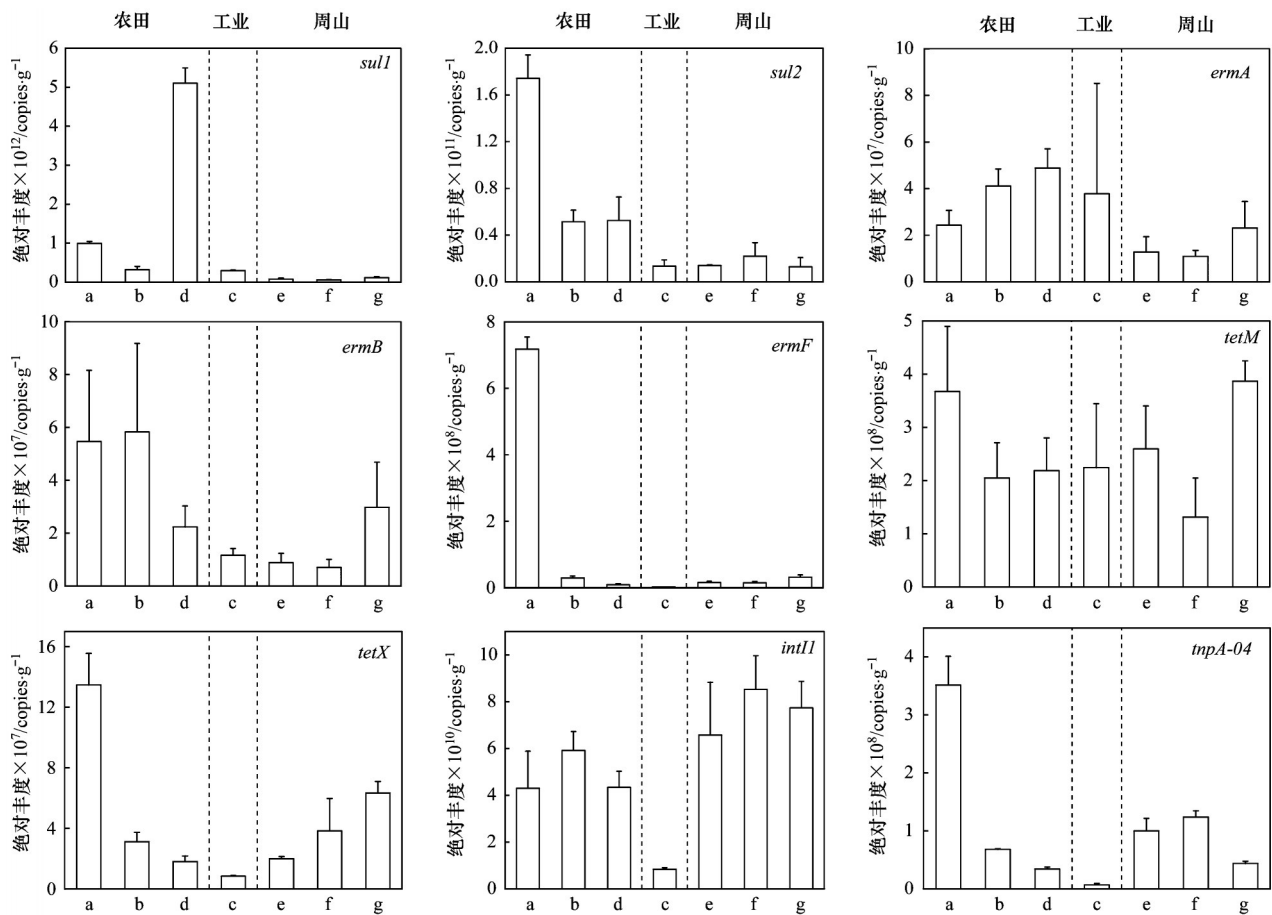


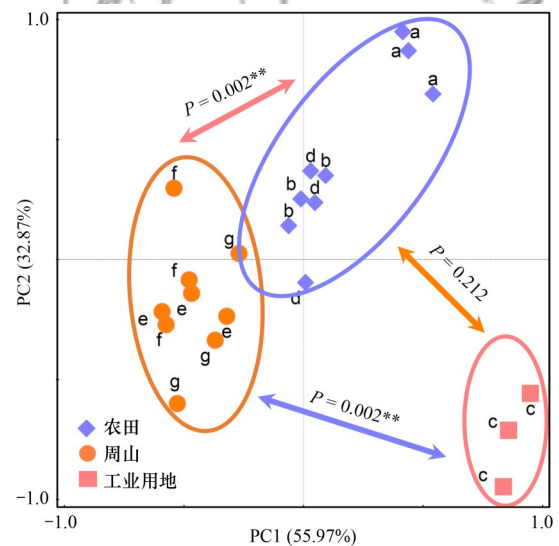
图4 黄河兰州段河岸带土壤中 ARG 和 MGEs 的绝对丰度

Fig. 4 Absolute abundance of ARGs and MGEs in the riparian soil of the Lanzhou section of the Yellow River

(基因突变或水平转移)替代二氢叶酸合成酶(DHPS)基因表达来实现耐药性^[35].工业土壤丰富的 *int11* 携带 *sul1* 基因在细菌间传播扩散,导致 *sul1* 丰度较高.在周山类型下,其作为游览景区 ARGs 污染来源少且单一,主要为游客粪便排放所致.另外,周山表面丰富的植被可吸附土壤中 ARGs^[36].这可能是周山相较于其他类型土壤 ARGs 丰度较少的原因.基于黄河兰州段河岸带不同土壤类型下 ARGs 分布的显著差异,表明典型的人类活动对 ARGs 赋存有重要影响.有研究发现无论在何种类型土壤中,人类活动都是加快土壤中 ARGs 的富集和扩散的主要原因^[37].因此,在黄河兰州段河岸带土壤中如何平衡不同土壤的可持续利用与 ARGs 赋存的关系,达到生态健康值得进一步研究.

2.3 MGEs 与 ARGs 的相关性

由表 3 可知,整合子 *int11* 分别与 *sul1*、*sul2*、*ermF* 和 *ermA* 呈显著性正相关 ($P < 0.01$).转座子 *tnpA-04* 与大环内酯类基因 *ermB* ($P < 0.05$) 具有显著正相关,与四环素类基因 *tetM*、*ermA* 和 *tetX* 具有极显著正相关性 ($P < 0.01$).上述结果表明,整合子 *int11* 与转座子 *tnpA-04* 是黄河兰州段河岸带土壤中



**表示极显著性差异, $P < 0.01$

图5 不同土壤中 ARGs 的主坐标分析

Fig. 5 PERMANOVA of ARGs abundance in different soil

微生物细胞之间 ARGs 水平扩散的重要参与者.已有研究表明^[38], *int11* 同样也是黄河兰州段水体中 ARGs 传播的重要因素,而水体与河岸带土壤密切相关. *tnpA-04* 与四环素类 ARGs 极显著的正相关关系暗示着 *tnpA-04* 是四环素类 ARGs 的重要遗传元

件. 这 2 种 MGEs 和大环内酯类 ARGs 都具有相关性, 表明 *int11* 和 *tnpA-04* 对大环内酯类 ARGs 传播可能具有协同作用. 此外, 土壤含水率与 ARGs 丰度变化趋势相同(表 1 和图 4), 湿润的土壤类型其

微生物多样性较高, 导致 ARGs 水平转移的几率增加. 因此, MGEs 作为 ARGs 的水平转移中的驱动因子, 在黄河流域河岸带土壤中的 ARGs 传播发挥了重要的作用.

表 3 可移动遗传元件与 ARGs 相关性分析¹⁾
Table 3 Correlation analysis of mobile genetic elements and ARGs

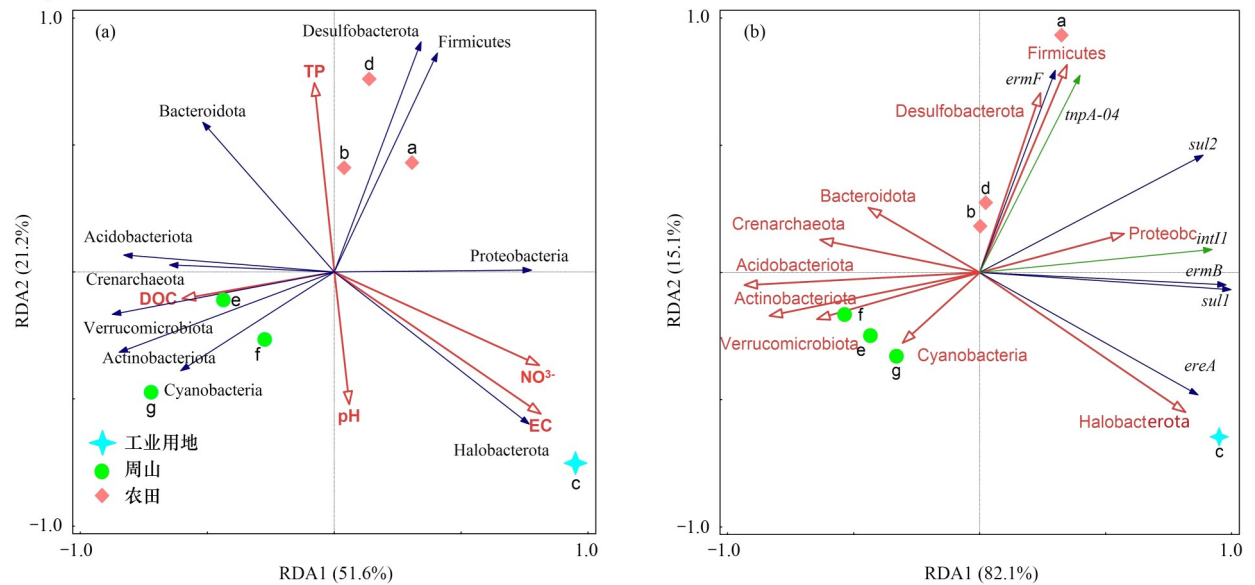
类型	参数	<i>sul1</i>	<i>sul2</i>	<i>ermB</i>	<i>ermF</i>	<i>ermA</i>	<i>tetM</i>	<i>tetX</i>
<i>int11</i>	<i>r</i>	0.765**	0.929**	0.323	0.929**	0.857**	0.07	0.426
	<i>P</i>	< 0.01	< 0.01	0.153	< 0.01	< 0.01	0.763	0.054
<i>tnpA-04</i>	<i>r</i>	0.714	0.378	0.606*	0.643	0.929**	0.893**	0.656**
	<i>P</i>	0.098	0.092	< 0.05	0.051	< 0.01	< 0.01	< 0.01

1) *r* 表示相关系数; *表示显著性差异, *P* < 0. 05, **表示极显著性差异, *P* < 0. 01

2.4 环境因子、微生物、ARGs 和 MGEs 之间的关系

如图 6(a)所示, 前两个 RDA 成分可以解释理化性质驱动细菌变化的 72.8%, 表明细菌的结构受土壤理化性质的影响较大. 其中 EC (electrical conductivity) 和 TP (total phosphorus) 对微生物的分布贡献率分别为 48.7% 和 23.7%. EC 可表征土壤含盐量的程度, 且不同种类的细菌对含盐量的响应不同. 以马兰黄土为主的兰州地区, 较其他地方土质的含盐量高^[39], 这决定了黄河兰州段河岸带土壤中无机盐离子的含量是驱动细菌群落结构变化的主要影响因素. 另外, 细菌的生长发育需要大量的磷^[42], 同样解释了 TP 对土壤细菌结构有显著影响, 特别是对农田土壤类型. Sui 等^[40]的研究结果也发现 TP 浓度是影响细菌群落变化的主要驱动因素. 此外, 从图 6(a)中同样可以印证 DOC 与周山中的微生物结构有着密切的关联. 图 6(b)显示微生物结构对 ARGs 丰度变化的贡献. 前两个 RDA 成分可以解释细菌驱动

ARGs 和 MGEs 变化的 97.2%, 表明微生物是驱动 ARGs 和 MGEs 变化的主要影响因素. 其中盐杆菌门和酸杆菌门对 ARGs 和 MGEs 分布的贡献率分别为 37.6% 和 60.9%. 盐杆菌门耐盐的特性造成其适宜生存在兰州地区的土壤中. 而酸杆菌门是一类抗逆性强的细菌, 在不同土壤中广泛存在^[41]. 因而, 这两种菌群是调控黄河兰州段河岸带土壤中 ARGs 赋存的主要菌群. 此外, 由图 6(b)中可见, 黄河兰州段土壤微生物主要调控的是磺胺类和大环内酯类 ARGs, 并且 *int11* 与磺胺类 ARGs 紧密相关. 这表明 MGEs 水平转移机制对于 ARGs 在土壤中的扩散传播也有促进作用^[42]. 已有研究表明, 不同微生物结构对 ARGs 有着不尽相同的赋存特征和驱动机制^[38], 微生物可以直接或间接通过 MGEs 来改变黄河兰州段河岸带 ARGs 的赋存格局. 总之, 环境因子、微生物和 MGEs 共同决定土壤中 ARGs 的分布. 此外, 河岸带的土壤理化性质与黄河的水文情势、地貌特征



(a) 土壤理化因子与门水平微生物的冗余分析(红色表示理化因子, 蓝色表示门水平微生物); (b) 门水平微生物与 ARGs 和 MGEs 的冗余分析(红色表示门水平微生物, 黑色表示 ARGs 和 MGEs)

图 6 环境因子、微生物、ARGs 和 MGEs 的冗余分析

Fig. 6 Redundancy analysis revealing the relationship among bacterial communities, environmental factors, ARGs, and MGEs

和人类活动密切相关,关于环境因子如何驱动 ARGs 在河岸带土壤中的传播,影响其赋存仍有待于进一步研究。

3 结论

(1) 黄河流域兰州段河岸的微生物种群结构与土壤类型(农田、周山和工业)密切相关.农田类土壤微生物种群多样性最高.土壤含盐量和 TP 主导了黄河兰州段河岸带土壤中微生物分布。

(2) 黄河流域兰州段河岸带土壤是 ARGs 重要的储存库.农业生产活动对 ARGs 赋存影响最显著.遗传元件 *intI1* 和 *tnpA-04* 是调控黄河兰州段河岸带土壤中 ARGs 传播的重要影响因子。

(3) 黄河流域兰州段河岸带土壤中微生物主导着 ARGs 的赋存.盐杆菌门和酸杆菌门是黄河流域兰州段河岸带土壤中驱动 ARGs 赋存变化的主要微生物门类.人类活动是改变 ARGs 在黄河兰州段河岸带土壤中赋存格局主要因素。

参考文献:

- [1] 张宁,李森,刘翔.土壤中抗生素抗性基因的分布及迁移转化[J].中国环境科学,2018,38(7):2609-2617.
Zhang N, Li M, Liu X. Distribution and transformation of antibiotic resistance genes in Soil[J]. China Environmental Science, 2018, 38(7): 2609-2617.
- [2] 潘文进,邱志刚,杨栋,等.鄱阳湖流域抗生素耐药基因分布特征及其与新型指示菌相关性研究[J].环境与健康杂志,2018,35(2):170-174.
Pan W J, Qiu Z G, Yang D, et al. Distribution of antibiotic resistance genes and indicator bacteria in Poyang Lake basin[J]. Journal of Environment and Health, 2018, 35(2): 170-174.
- [3] 杨继平,邱志刚,袁兆康,等.天津海河流域抗生素抗性基因分布特征及与指示微生物的关系[J].环境与健康杂志,2017,34(4):313-316.
Yang J P, Qiu Z G, Yuan Z K, et al. Distribution of antibiotic resistance genes and their relationship with indicator microorganisms in Haihe River Basin, Tianjin[J]. Journal of Environment and Health, 2017, 34(4): 313-316.
- [4] 范长征,王聪,鲁伦慧,等.湘江四环素及抗性基因含量特征及其季节变化[J].湖南大学学报(自然科学版),2015,42(6):107-112.
Fan C Z, Wang C, Lu L H, et al. Occurrence and seasonal changes of tetracycline antibiotics and antibiotic resistance genes in the Xiang River[J]. Journal of Hunan University (Natural Sciences), 2015, 42(6): 107-112.
- [5] Chen J F, Yang Y W, Liu Y Y, et al. Bacterial community shift and antibiotics resistant genes analysis in response to biodegradation of oxytetracycline in dual graphene modified bioelectrode microbial fuel cell[J]. Bioresource Technology, 2019, 276: 236-243.
- [6] Alekshun M N, Levy S B. Molecular mechanisms of antibacterial multidrug resistance[J]. Cell, 2007, 128(6): 1037-1050.
- [7] Hou L Y, Zhang L P, Li F R, et al. Urban ponds as hotspots of antibiotic resistance in the urban environment[J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 403, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.124008.
- [8] Shao S C, Hu Y Y, Cheng J H, et al. Research progress on distribution, migration, transformation of antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) in aquatic environment[J]. Critical Reviews in Biotechnology, 2018, 38(8): 1195-1208.
- [9] 董哲仁,赵进勇,张晶.3流4D连通性生态模型[J].水利水电技术,2019,50(6):134-141.
Dong Z R, Zhao J Y, Zhang J. Three types flows via four dimensional connectivity ecological model[J]. Water Resources and Hydropower Engineering, 2019, 50(6): 134-141.
- [10] 宁璐,崔向新,刘艳萍,等.两种旅游扰动模式对荒漠草原植被及土壤的影响研究[J].干旱区资源与环境,2023,37(2):120-127.
Ning L, Cui X X, Liu Y P, et al. Effects of two tourism disturbance models on vegetation and soil in desert steppe[J]. Journal of Arid Land Resources and Environment, 2023, 37(2): 120-127.
- [11] 刘坤和,薛玉琴,竹兰萍,等.嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响[J].环境科学,2022,43(3):1620-1629.
Liu K H, Xue Y Q, Zhu L P, et al. Effect of different land use types on the diversity of soil bacterial community in the coastal zone of Jialing River[J]. Environmental Science, 2022, 43(3): 1620-1629.
- [12] 南镇武,刘柱,代红翠,等.不同轮作休耕下潮土细菌群落结构特征[J].环境科学,2021,42(10):4977-4987.
Nan Z W, Liu Z, Dai H C, et al. Characteristics of bacterial community structure in fluvo-aquic soil under different rotation fallow[J]. Environmental Science, 2021, 42(10): 4977-4987.
- [13] HJ/T 346-2007,水质 硝酸盐氮的测定 紫外分光光度法(试行)[S].
- [14] GB 11893-1989,水质 总磷的测定 钼酸铵分光光度法[S].
- [15] HJ 761-2015,固体废物 有机质的测定 灼烧减量法[S].
- [16] 黄魁,夏慧,陈景阳,等.蚯蚓对城市污泥蚯蚓堆肥过程中微生物特征变化的影响[J].环境科学学报,2018,38(8):3146-3152.
Huang K, Xia H, Chen J Y, et al. Effects of earthworms on changes of microbial characteristics during vermicomposting of municipal sludge[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2018, 38(8): 3146-3152.
- [17] 关孟彭,彭兰生,陈景阳,等.玉米芯生物炭对污泥蚯蚓粪中微生物种群及 ARGs 的影响[J].中国环境科学,2021,41(6):2744-2751.
Guan M X, Peng L S, Chen J Y, et al. Effects of corncob biochar on the microbial communities and ARGs during vermicomposting of dewatered sludge[J]. China Environmental Science, 2021, 41(6): 2744-2751.
- [18] Cui G Y, Bhat S A, Li W J, et al. Gut digestion of earthworms significantly attenuates cell-free and -associated antibiotic resistance genes in excess activated sludge by affecting bacterial profiles[J]. Science of the Total Environment, 2019, 691: 644-653.
- [19] Finotello F, Mastrorilli E, Di Camillo B. Measuring the diversity of the human microbiota with targeted next-generation sequencing[J]. Briefings in Bioinformatics, 2018, 19(4): 679-692.
- [20] 邢志林,袁山林,郭江枫,等.重庆工业园区土壤微生物群落结构及功能分析——以焦化厂土壤为例[J].环境影响评价,2020,42(2):74-78.
Xing Z L, Yuan S L, Guo J F, et al. Evaluation of microbial community structure and functional characteristics in industrial park soil-a case study of coking plant soil[J]. Environmental

- Impact Assessment, 2020, **42**(2): 74-78.
- [21] 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.
- [22] Hartmann A, Schmid M, van Tuinen D, *et al.* Plant-driven selection of microbes[J]. Plant and Soil, 2009, **321** (1-2): 235-257.
- [23] Berg G, Smalla K. Plant species and soil type cooperatively shape the structure and function of microbial communities in the rhizosphere[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2009, **68**(1): 1-13.
- [24] 杨鹏年, 李希来, 李成一, 等. 黄河源区斑块化退化高寒草甸土壤微生物多样性对长期封育的响应[J]. 环境科学, 2023, **44** (4): 2293-2303.
- Yang P N, Li X L, Li C Y, *et al.* Response of soil microbial diversity to long-term enclosure in degraded patches of alpine meadow in the source zone of the yellow river[J]. Environmental Science, 2023, **44**(4): 2293-2303.
- [25] 张兰河, 王佳佳, 高敏, 等. 施用畜禽粪便有机肥土壤抗生素抗性基因污染状况[J]. 生态与农村环境学报, 2016, **32**(4): 664-669.
- Zhang L H, Wang J J, Gao M, *et al.* Pollution of antibiotics resistant genes in farmland amended with livestock organic manure[J]. Journal of Ecology and Rural Environment, 2016, **32** (4): 664-669.
- [26] 王光华, 刘俊杰, 于镇华, 等. 土壤酸杆菌门细菌生态学研究进展[J]. 生物技术通报, 2016, **32**(2): 14-20.
- Wang G H, Liu J J, Yu Z H, *et al.* Research progress of acidobacteria ecology in soils[J]. Biotechnology Bulletin, 2016, **32** (2): 14-20.
- [27] Bao Y Y, Dolfing J, Guo Z Y, *et al.* Important ecophysiological roles of non-dominant *Actinobacteria* in plant residue decomposition, especially in less fertile soils[J]. Microbiome, 2021, **9**(1), doi: 10.1186/s40168-021-01032-x.
- [28] 杨凤霞, 毛大庆, 罗义, 等. 环境中抗生素抗性基因的水平传播扩散[J]. 应用生态学报, 2013, **24**(10): 2993-3002.
- Yang F X, Mao D Q, Luo Y, *et al.* Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in the environment[J]. Chinese Journal of Applied Ecology, 2013, **24**(10): 2993-3002.
- [29] Yu Q L, Feng T S, Yang J W, *et al.* Seasonal distribution of antibiotic resistance genes in the Yellow River water and tap water, and their potential transmission from water to human[J]. Environmental Pollution, 2022, **292**: 118304, doi: 10.1016/j.envpol.2021.118304.
- [30] 綦崢, 杨红, 胡扬, 等. 磺胺类抗性基因污染控制及其作用机制[J]. 食品安全质量检测学报, 2020, **11**(20): 7502-7507.
- Qi Z, Yang H, Hu Y, *et al.* Pollution control and its mechanism of sulfonamides resistance genes[J]. Journal of Food Safety Quality, 2020, **11**(20): 7502-7507.
- [31] Braun G, Braun M, Kruse J, *et al.* Pesticides and antibiotics in permanent rice, alternating rice-shrimp and permanent shrimp systems of the coastal Mekong Delta, Vietnam[J]. Environment International, 2019, **127**: 442-451.
- [32] 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.
- [33] Stalder T, Barraud O, Casellas M, *et al.* Integron involvement in environmental spread of antibiotic resistance[J]. Frontiers in Microbiology, 2012, **3**, doi: 10.3389/fmicb.2012.00119.
- [34] 张秀, 宋建宇, 高欢, 等. 我国不同利用方式土壤的磺胺类和大环内酯类抗生素抗性基因积累[J]. 环境科学, 2023, **44** (10): 5610-5621.
- Zhang X, Song J Y, Gao H, *et al.* Accumulation of sulfonamides and macrolides antibiotic resistance genes in soils with different utilization patterns in China[J]. Environmental Science, 2023, **44** (10): 5610-5621.
- [35] Blair J M A, Webber M A, Baylay A J, *et al.* Molecular mechanisms of antibiotic resistance[J]. Nature Reviews Microbiology, 2015, **13**(1): 42-51.
- [36] Zhang Y, Zhou J, Wu J, *et al.* Distribution and transfer of antibiotic resistance genes in different soil-plant systems[J]. Environmental Science and Pollution Research, 2022, **29** (39): 59159-59172.
- [37] 黄福义, 周曙屹, 苏建强, 等. 荒漠绿洲土壤抗生素抗性基因分布特征及驱动机制[J]. 环境科学, 2023, **44**(7): 4052-4058.
- Huang F Y, Zhou S Y D, Su J Q, *et al.* Distribution and driving mechanisms of antibiotic resistance genes in desert-oasis continuum[J]. Environmental Science, 2023, **44**(7): 4052-4058.
- [38] 俞巧玲. 兰州市黄河水和饮用水中抗生素抗性基因的季节分布以及与人体肠道抗生素抗性基因的比较[D]. 兰州: 兰州大学, 2022.
- [39] 张建旗, 张继娜, 杨虎德, 等. 兰州地区土壤电导率与盐分含量关系研究[J]. 甘肃林业科技, 2009, **34**(2): 21-24, 30.
- Zhang J Q, Zhang J N, Yang H D, *et al.* Research on the relationship between conductivity and salinity content of soil in suburb of Lanzhou[J]. Journal of Gansu Forestry Science and Technology, 2009, **34**(2): 21-24, 30.
- [40] Sui X, Zhang R T, Frey B, *et al.* Land use change effects on diversity of soil bacterial, acidobacterial and fungal communities in wetlands of the Sanjiang Plain, northeastern China[J]. Scientific Reports, 2019, **9**(1), doi: 10.1038/s41598-019-55063-4.
- [41] 杨安娜, 陆云峰, 张俊红, 等. 杉木人工林土壤养分及酸杆菌群落结构变化[J]. 林业科学, 2019, **55**(1): 119-127.
- Yang A N, Lu Y F, Zhang J H, *et al.* Changes in soil nutrients and acidobacteria community structure in cunninghamia lanceolata plantations[J]. Scientia Silvae Sinicae, 2019, **55**(1): 119-127.
- [42] 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.

CONTENTS

Spatial Distribution Characteristics of PM _{2.5} and O ₃ in Beijing-Tianjin-Hebei Region Based on Time Series Decomposition	YAO Qing, DING Jing, YANG Xu, <i>et al.</i>	(2487)
Ozone Sensitivity Analysis in Urban Beijing Based on Random Forest	ZHOU Hong, WANG Ming, CHAI Wen-xuan, <i>et al.</i>	(2497)
Prediction of Ozone Pollution in Sichuan Basin Based on Random Forest Model	YANG Xiao-tong, KANG Ping, WANG An-yi, <i>et al.</i>	(2507)
Establishment and Effective Evaluation of Haikou Ozone Concentration Statistical Prediction Model	FU Chuan-bo, LIN Jian-xing, TANG Jia-xiang, <i>et al.</i>	(2516)
Spatial and Temporal Distribution Characteristics of Ozone Concentration and Health Benefit Assessment in the Beijing-Tianjin-Hebei Region from 2015 to 2020	GAO Ran, LI Qin, CHE Fei, <i>et al.</i>	(2525)
Water-soluble Inorganic Ion Content of PM _{2.5} and Its Change Characteristics in Urban Area of Beijing in 2022	CHEN Yuan-yuan, CUI Di, ZHAO Ze-xi, <i>et al.</i>	(2537)
Pollution Characteristics, Source, and Health Risk Assessment of Metal Elements in PM _{2.5} Between Winter and Spring in Zhengzhou	TAO Jie, YAN Hui-jiao, XU Yi-fei, <i>et al.</i>	(2548)
Characteristics, Sources Apportionment, and Health Risks of PM _{2.5} -bound PAHs and Their Derivatives Before and After Heating in Zibo City	SUN Gang-li, WU Li-ping, XU Bo, <i>et al.</i>	(2558)
Components Characteristic and Source Apportionment of Fine Particulate Matter in Transition Period of Heating Season in Xi'an with High Time Resolution	LI Meng-jin, ZHANG Yong, ZHANG Qian, <i>et al.</i>	(2571)
Source and Cause Analysis of High Concentration of Inorganic Aerosol During Two Typical Pollution Processes in Winter over Tianjin	LU Miao-miao, HAN Su-qin, LIU Ke-xin, <i>et al.</i>	(2581)
Spatial-temporal Variation and Spatial Differentiation Geographic Detection of PM _{2.5} Concentration in the Shandong Province Based on Spatial Scale Effect	XU Yong, WEI Meng-xin, ZOU Bin, <i>et al.</i>	(2596)
Characteristics of VOCs Emissions and Ozone Formation Potential for Typical Chemicals Industry Sources in China	WU Ting, CUI Huan-wen, XIAO Xian-de, <i>et al.</i>	(2613)
Formation Potential of Secondary Organic Aerosols and Sources of Volatile Organic Compounds During an Air Pollution Episode in Autumn, Langfang	ZHANG Jing-qiao, LIU Zheng, DING Wen-wen, <i>et al.</i>	(2622)
Scale Effects of Landscape Pattern on Impacts of River Water Quality: A Meta-analysis	WANG Yu-cang, DU Jing-jing, ZHANG Yu, <i>et al.</i>	(2631)
Spectral Characteristics and Sources of Dissolved Organic Matter in Inflow Rivers of Baiyangdian Lake Water in Summer Flood Season	MENG Jia-jing, DOU Hong, CHEN Zhe, <i>et al.</i>	(2640)
Analysis on Hydrochemical Evolution of Shallow Groundwater East of Yongding River in Fengtai District, Beijing	HU Yu-xin, ZHOU Rui-jing, SONG Wei, <i>et al.</i>	(2651)
Hydrochemical Characteristics, Controlling Factors and Water Quality Evaluation of Shallow Groundwater in Tan-Lu Fault Zone (Anhui Section)	LIU Hai, WEI Wei, SONG Yang, <i>et al.</i>	(2665)
Effects of Pesticides Use on Pesticides Residues and Its Environmental Risk Assessment in Xingkai Lake (China)	WANG Wei-qing, XU Xiong, LIU Quan-zhen, <i>et al.</i>	(2678)
Characteristics of Microorganisms and Antibiotic Resistance Genes of the Riparian Soil in the Lanzhou Section of the Yellow River	WEI Cheng-chen, WEI Feng-yi, XIA Hui, <i>et al.</i>	(2686)
Analysis of the Spatiotemporal Distribution of Algal Blooms and Its Driving Factors in Chaohu Lake Based on Multi-source Datasets	JIN Xiao-long, DENG Xue-liang, DAI Rui, <i>et al.</i>	(2694)
Characteristics of Epiphytic Bacterial Community on Submerged Macrophytes in Water Environment Supplemented with Reclaimed Water	HE Yun, LI Xue-mei, LI Hong-quan, <i>et al.</i>	(2707)
Effects of Water Level Fluctuations and Vegetation Restoration on Soil Prokaryotic Microbial Community Structure in the Riparian Zone of the Three Gorges Reservoir	MEI Yu, HUANG Ping, WANG Peng, <i>et al.</i>	(2715)
Bacterial Community Structure of Typical Lake Sediments in Yinchuan City and Its Response to Heavy Metals	MENG Jun-jie, LIU Shuang-yu, QIU Xiao-cong, <i>et al.</i>	(2727)
Effect of Thermal Hydrolysis Pretreatment Time on Microbial Community Structure in Sludge Anaerobic Digestion System	ZHANG Han, ZHANG Han, WANG Jia-wei, <i>et al.</i>	(2741)
Source Apportionment of Morphine in Wastewater	SHAO Xue-ting, ZHAO Yue-tong, JIANG Bing, <i>et al.</i>	(2748)
Ecological Environment Dynamical Evaluation of Hutuo River Basin Using Remote Sensing	LI Yan-cui, YUAN Jin-guo, LIU Bo-han, <i>et al.</i>	(2757)
Spatiotemporal Evolution and Influencing Factors of Ecosystem Service Value in the Yellow River Basin	WANG Yi-qi, SUN Xue-ying	(2767)
Ecosystem Service Trade-off Synergy Strength and Spatial Pattern Optimization Based on Bayesian Network: A Case Study of the Fenhe River Basin	CAI Jin, WEI Xiao-jian, JIANG Ping, <i>et al.</i>	(2780)
Spatial-temporal Evolution and Quantitative Attribution of Habitat Quality in Typical Karst Counties of Guizhou Plateau	LI Yue, FENG Xia, WU Lu-hua, <i>et al.</i>	(2793)
Spatio-temporal Variation in NEP in Ecological Zoning on the Loess Plateau and Its Driving Factors from 2000 to 2021	ZHOU Yi-ting, YAN Jun-xia, LIU Ju, <i>et al.</i>	(2806)
Land Change Simulation and Grassland Carbon Storage in the Loess Plateau Based on SSP-RCP Scenarios	CUI Xie, DONG Yan, ZHANG Lu-yin, <i>et al.</i>	(2817)
Multi-scenario Simulation of Construction Land Expansion and Its Impact on Ecosystem Carbon Storage in Beijing-Tianjin-Hebei Urban Agglomeration	WU Ai-bin, CHEN Fu-guo, ZHAO Yan-xia, <i>et al.</i>	(2828)
Effects of Land Use Change on Soil Aggregate Stability and Soil Aggregate Organic Carbon in Karst Area of Southwest China	JIANG Ke, JIA Ya-nan, YANG Yan, <i>et al.</i>	(2840)
Integrated Analysis of Soil Organic Matter Molecular Composition Changes Under Different Land Uses	HUANG Shi-wei, ZHAO Yi-kai, ZHU Xin-yu, <i>et al.</i>	(2848)
Prediction Spatial Distribution of Soil Organic Matter Based on Improved BP Neural Network with Optimized Sparrow Search Algorithm	HU Zhi-rui, ZHAO Wan-fu, SONG Yin-xian, <i>et al.</i>	(2859)
Effects of Application of Different Organic Materials on Phosphorus Accumulation and Transformation in Vegetable Fields	SUN Kai, CUI Yu-tao, LI Shun-jin, <i>et al.</i>	(2871)
Intensive Citrus Cultivation Suppresses Soil Phosphorus Cycling Microbial Activity	ZHOU Lian-hao, ZENG Quan-chao, MEI Tang-ying-ze, <i>et al.</i>	(2881)
Effects of Controlled-release Blended Fertilizer on Crop Yield and Greenhouse Gas Emissions in Wheat-maize Rotation System	GAO Wei, WANG Xue-xia, XIE Jian-zhi, <i>et al.</i>	(2891)
Effect of Biochar on NO ₃ ⁻ -N Transport in Loessial Soil and Its Simulation	BAI Yi-ru, LIU Xu, ZHANG Yu-han, <i>et al.</i>	(2905)
Analysis and Evaluation of Heavy Metal Pollution in Farmland Soil in China: A Meta-analysis	YANG Li, BAI Zong-xu, BO Wen-hao, <i>et al.</i>	(2913)
Critical Review on Heavy Metal Contamination in Urban Soil and Surface Dust	WANG Xiao-yu, LIU En-feng, YANG Xiang-meng, <i>et al.</i>	(2926)
Research Progress on Solidification and MICP Remediation of Soils in Heavy Metal Contaminated Site	CHEN Yue-ru, GAO Wen-yan, CHEN Hong-ren, <i>et al.</i>	(2939)
Pollution Characteristics and Source Analysis of Soil Heavy Metal in Coal Mine Area near the Yellow River in Shandong	DAI Wen-ting, ZHANG Hui, WU Xia, <i>et al.</i>	(2952)
Heavy Metal Content and Risk Assessment of Sediments and Soils in the Juma River Basin	HAN Shuang-bao, YUAN Lei, ZHANG Qiu-xia, <i>et al.</i>	(2962)
Characteristics, Ecological Risk Assessment, and Source Apportionment of Soil Heavy Metals in the Yellow River Floodplain of Yinchuan City	YU Lu-jia, MA Hai-jun, WANG Cui-ping	(2971)
Health Risk Assessment of Heavy Metals in Soils of a City in Guangdong Province Based on Source Oriented and Monte Carlo Models	CHEN Lian, ZOU Zi-hang, ZHANG Pei-zhen, <i>et al.</i>	(2983)
Chemical Speciation, Influencing Factors, and Regression Model of Heavy Metals in Farmland of Typical Carbonate Area with High Geological Background, Southwest China	TANG Rui-ling, XU Jin-li, LIU Bin, <i>et al.</i>	(2995)
Hg Content Characteristics and Safe Planting Zoning of Paddy Soil and Rice in Guizhou Province	WEI Mei-liu, ZHOU Lang, HUANG Yan-ling, <i>et al.</i>	(3005)
Cadmium Phytoremediation Effect of Sweet Sorghum Assisted with Citric Acid on Typical Parent Soil in Southern China	LIU Meng-yu, LUO Xu-feng, GU Jiao-feng, <i>et al.</i>	(3016)
Effects of Modified Distillers' Grains Biochar on Cadmium Forms in Purple Soil and Cadmium Uptake by Rice	XIAO Nai-chuan, WANG Zi-fang, YANG Wen-na, <i>et al.</i>	(3027)
Effects of Biochar on Growth and Pollutant Accumulation of Lettuce in Soil Co-contaminated with Tetracycline and Copper	ZHENG Chen-ge, PEI Huan-huan, ZHANG Ya-shan, <i>et al.</i>	(3037)
Effects of Vermicomposting on Compost Quality and Heavy Metals: A Meta-analysis	JIANG Ji-shao, HOU Rui, CUI Hui-lin, <i>et al.</i>	(3047)
Advances in the Effects of Microplastics on Soil N ₂ O Emissions and Nitrogen Transformation	LIU Yi-ge, YANG An-qi, CHEN Shu-xin, <i>et al.</i>	(3059)
Effects of Land Use Patterns on Soil Microplastic Pollution in the Luoshijiang Sub-watershed of Erhai Lake Basin	DAI Liu-yun, HOU Lei, WANG Hua, <i>et al.</i>	(3069)
Characteristics of Microplastic Pollution in Sediment of Silty Coast in Culture Bay	SONG Ke-xin, HE Jin-cheng, LI Chang-wen, <i>et al.</i>	(3078)
Effect of Polyethylene Microplastics on the Microbial Community of Saline Soils	WANG Zhi-chao, LI Zhe, LI Jia-chen, <i>et al.</i>	(3088)
Characterization of Microplastic Surface Bacterial Community Structure and Prediction of Ecological Risk in Poyang Lake, China	YU Jin-li, ZHAO Jun-kai, LUO Si-qi, <i>et al.</i>	(3098)
Energy-saving and Emission Reduction Path for Road Traffic in Key Coastal Cities of Guangdong, Fujian and Zhejiang	XU Yi-nuo, WENG Da-wei, WANG Shuo, <i>et al.</i>	(3107)
Life Cycle Carbon Reduction Benefits of Electric Heavy-duty Truck to Replace Diesel Heavy-duty Truck	XU Yuan-yuan, GONG De-hong, HUANG Zheng-guang, <i>et al.</i>	(3119)