

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第38卷 第2期

Vol.38 No.2

2017

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

北京大气颗粒物和重金属铅干沉降通量及季节变化 姚利, 刘进, 潘月鹏, 田世丽, 王振波, 韦霞, 张国忠, 周保华, 王跃思 (423)

海西城市群 PM_{2.5} 中重金属元素的污染特征及健康风险评估 陈衍婷, 杜文娇, 陈进生, 徐玲玲 (429)

岷泗地区大气 PM_{2.5} 中汞形态污染及其与碳组分的关系 程娜, 钱冠磊, 段炼, 赵梦飞, 修光利 (438)

泰山夏季 PM_{2.5} 中二元羧酸类 SOA 的分子组成及来源 孟静静, 侯战方, 刘晓迪, 邢继钊 (445)

南京北郊大气 BTEX 变化特征和健康风险评估 张玉欣, 安俊琳, 王健宇, 王俊秀, 师远哲, 刘静达, 梁静舒 (453)

长株潭城市群人为源 VOCs 排放清单及其对环境的影响 尤翔宇, 罗达通, 刘湛, 苏艳蓉 (461)

南京城市交通甲烷排放特征 张雪, 胡凝, 刘寿东, 王淑敏, 高韵秋, 赵佳玉, 张圳, 胡勇博, 李旭辉, 张国君 (469)

2003~2014年东北三省气溶胶光学厚度变化分析 张宸赫, 赵天良, 王富, 徐祥德, 苏航, 程兴宏, 谭成好 (476)

基于增强回归树的城市 PM_{2.5} 日均值变化分析: 以常州为例 葛跃, 王明新, 孙向武, 齐今笛 (485)

重庆市燃煤电厂汞排放特征及排放量 张成, 张雅惠, 王永敏, 王定勇, 徐凤, 杨熹, 何秀清 (495)

几种可能来源对广东某地空气中二噁英的影响 付建平, 韩静磊, 于晓巍, 杨艳艳, 尹文华, 冯桂贤, 张素坤, 黄锦琼, 任明忠 (502)

养鸡场空气中抗性基因和条件致病菌污染特征 高敏, 仇天雷, 秦玉成, 王旭明 (510)

百年来滇池沉积物中不同形态氮分布及埋藏特征 吴亚林, 李帅东, 江俊武, 沈胤胤, 黄昌春, 黄涛, 杨浩, 余艳红, 罗玉 (517)

岩溶地下河补给的地表溪流溶解无机碳及其稳定同位素组成的时空变化 李丽, 蒲俊兵, 李建鸿, 张陶 (527)

三峡水库大宁河支流浮游植物演变过程及其驱动因素 张佳磊, 郑丙辉, 刘德富, 王丽婧, 谭纤茹 (535)

分层型水库夏季水质对极端厄尔尼诺事件的响应 邱晓鹏, 黄廷林, 曾明正, 史建超, 曹占辉 (547)

淹水-落干与季节性温度升高耦合过程对消落带沉积物氮矿化影响 林俊杰, 刘丹, 张帅, 于志国, 何立平, 余顺慧 (555)

湖泊水体中铁(III)-草酸络合物驱动有机磷光解释放磷酸根 蒋永参, 彭云霄, 刘广龙, 周易勇, 朱端卫 (563)

高效磷吸附剂 Mg/Al-LDO 的制备及除磷机制 王卫东, 郝瑞霞, 张晓娴, 万京京, 钟丽燕 (572)

改性沸石湿地脱氮除磷效能及机制 吴鹏, 陆爽君, 徐乐中, 梁奇奇, 沈耀良 (580)

几种水陆交错带植物对底质氮磷释放的抑制作用 姚程, 胡小贞, 卢少勇, 耿荣妹 (589)

模拟三峡库区消落带优势植物根系低分子量有机酸对土壤中铅的解吸动力学 何沅洁, 刘江, 江韬, 黄京晶, 成晴, 陈宏 (600)

TiO₂/膨润土复合材料对 Hg²⁺ 的吸附性能研究 唐兴萍, 周雄, 张金洋, 张成, 王定勇 (608)

氨氮及 H₂O₂ 对溴酸盐和消毒副产物控制的影响 王永京, 杜旭, 金萌, 冯思捷, 杨凯, 张明露, 于建伟 (616)

配水管网细菌活性影响因素 王晓丹, 赵新华 (622)

施氏矿物的化学合成及其对含 Cr(VI) 地下水吸附修复 朱立超, 刘元元, 李伟民, 牟海燕, 王婉玉, 石德智, 王涛 (629)

臭氧-混凝耦合工艺污水深度处理特性及其机制 侯瑞, 金鑫, 金鹏康, 王晓昌 (640)

单级和多级 A/O 工艺中氮的去除效果及 N₂O 的产生特性 郭昌梓, 张凤燕, 刘富宇, 朱超, 裴立影 (647)

有机碳源作用下厌氧氨氧化系统的脱氮效能 管勇杰, 于德爽, 李津, 齐泮晴, 魏思佳 (654)

完全混合式曝气系统运行特性及微生物群落结构解析 王硕, 徐巧, 张光生, 李激 (665)

颗粒+絮体污泥 CANON 工艺的启动与 SRT 影响研究 孙延芳, 韩晓宇, 张树军, 李星, 曹相生 (672)

游离氨调控对污泥高含固厌氧消化反应器性能的影响 戴晓虎, 何进, 严寒, 李宁, 丁月玲, 董滨, 戴翎翎 (679)

利用卷枝毛霉成球特性高效收获微藻 顾琼, 金文标, 陈远清, 郭仕达, 万超凡 (688)

零价铁对污泥高温厌氧消化过程中四环素抗性基因及第一类整合子的消减影响 魏欣, 薛顺利, 杨帆, 李响, 刘振鸿, 薛罡, 高品 (697)

沈抚新城不同土地利用类型多环芳烃含量、来源及人体健康风险评估 王静, 刘明丽, 张士超, 鲁垠涛, 姚宏 (703)

河南某市驾校地表灰尘多环芳烃组成、来源与健康风险 陈轶楠, 马建华, 段海静, 魏林恒 (711)

外源微生物对植物根系修复十溴联苯醚污染底泥的强化作用 杨雷峰, 尹华, 彭辉, 李跃鹏 (721)

微生物修复油污土壤过程中氮素的变化及菌群生态效应 叶茜琼, 吴蔓莉, 陈凯丽, 李炜, 袁婧 (728)

沼泽红假单胞菌 PSB06 对辣椒根际微生物群落结构的影响 罗路云, 金德才, 左晖, 张卓, 谭新球, 张德咏, 卢向阳, 刘勇 (735)

再生水补水对河道底泥细菌群落组成与功能的影响 邱琰茗, 王广煊, 黄兴如, 郭道宇 (743)

矿区不同植被复垦模式对土壤细菌群落结构的影响 贺龙, 李艳琴, 李彬春, 李君剑 (752)

稻田土壤固碳功能微生物群落结构和数量特征 刘琼, 魏晓梦, 吴小红, 袁红朝, 王久荣, 李裕元, 葛体达, 吴金水 (760)

不同温度制备的生物质炭对土壤有机碳及其组分的影响: 对土壤腐殖物质组成及性质的影响 赵世翔, 于小玲, 李忠徽, 杨艳, 张霞, 王旭东, 张阿凤 (769)

复合菌剂秸秆堆肥对土壤碳氮含量和酶活性的影响 聂文翰, 戚志萍, 冯海玮, 孙玉静, 支月娥, 张进忠, 张丹 (783)

秸秆/生物炭施用对关中地区小麦-玉米轮作系统净增温潜势影响的对比分析 成功, 陈静, 刘晶晶, 张阿凤, 王旭东, 冯浩, 赵英 (792)

1株氯苯高效降解菌的分离鉴定及降解特性 叶杰旭, 林彤晖, 骆煜昊, 陈东之, 陈建孟 (802)

1株异养反硝化硫细菌的分离鉴定及代谢特性 谭文勃, 马晓丹, 黄聪, 陈川, 王爱杰 (809)

连续施用污泥堆肥土壤剖面中重金属积累迁移特征及对小麦吸收重金属的影响 孙娜, 商和平, 茹淑华, 苏德纯 (815)

施氮对小麦(Ⅵ)吸收、转运和分配的影响 陈玉鹏, 彭琴, 梁东丽, 宋卫卫, 雷凌明, 喻大松 (825)

长期暴露下纳米二氧化钛对典型淡水藻体增殖与生物转化的影响 李金丽, 王振红, 严雅萌, 黄兵, 罗专溪 (832)

不同热解温度制备的玉米芯生物炭对对硝基苯酚的吸附作用 马锋锋, 赵保卫 (837)

《环境科学》征稿简则(526) 《环境科学》征订启事(720) 信息(678, 696, 844)

养鸡场空气中抗性基因和条件致病菌污染特征

高敏¹, 仇天雷¹, 秦玉成², 王旭明^{1,3*}

(1. 北京市农林科学院生物技术研究中心, 农业基因资源与生物技术北京市重点实验室, 北京 100097; 2. 北京市平谷区动物卫生监督所, 北京 101200; 3. 农业部都市农业(北方)重点实验室, 北京 100097)

摘要: 集约化养殖场被认为是空气环境中抗性基因和致病菌的重要来源. 本研究采集了养鸡场粪便和舍内外空气样本, 对其抗生素抗性基因和条件致病菌的种类进行分析, 包括五类抗生素(β -内酰胺类的 23 个基因、四环素 23 个基因、喹诺酮 5 个基因、磺胺类 5 个基因和红霉素 2 个基因)抗性基因、5 种条件致病菌(肠球菌属、大肠杆菌属、葡萄球菌属、弯曲杆菌属和产气荚膜梭状芽胞杆菌属各 1 个基因)以及一类整合子(*intI1*)特异基因; 并利用荧光定量 PCR 对检出率较高的典型基因浓度进行检测. 结果显示, 空气中 5 类抗生素抗性基因分别检出 8、7、2、3 和 2 个, 同时检测到两种致病菌. 目标基因在舍内空气中的检出率小于等于粪便样本. 蛋鸡和肉鸡舍内空气中总细菌基因(16S rDNA)浓度为 10^6 copies·m⁻³, 其他典型基因浓度约 10^4 copies·m⁻³, 且在舍外的浓度要远低于舍内. 抗生素抗性基因和条件致病菌基因在空气中所占比例高于粪便, 舍内高于舍外. 初步研究结果表明, 粪便可能是舍内抗生素抗性基因、条件致病菌基因以及一类整合子的重要来源. 本研究结果将为集约化养殖场抗生素抗性基因和致病菌的来源分析, 以及养殖场对周边空气环境污染的风险评估提供基础数据.

关键词: 蛋鸡场; 肉鸡场; 生物气溶胶; 抗生素抗性基因; 条件致病菌

中图分类号: X51 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2017)02-0510-07 DOI: 10.13227/j.hjxx.201606162

Sources and Pollution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes and Conditional Pathogenic Bacteria in Concentrated Poultry Feeding Operations

GAO Min¹, QIU Tian-lei¹, QIN Yu-cheng², WANG Xu-ming^{1,3*}

(1. Beijing Key Laboratory of Agricultural Genetic Resources and Biotechnology, Beijing Agro-Biotechnology Research Center, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100097, China; 2. Pinggu Animal Health Inspection of Beijing, Beijing 101200, China; 3. Key Laboratory of Urban Agriculture (North), Ministry of Agriculture, Beijing 100097, China)

Abstract: Concentrated animal feeding operations (CAFOs) is considered a source of airborne human pathogens and antibiotic resistance genes. This study collected fecal samples and corresponding air samples from inside and outside atmospheric environments of layer and broiler feeding operations. We detected the types of 61 genes including five classes of antibiotics antibiotic resistance genes (23 genes of ampicillin, 23 genes of tetracycline, 5 genes of quinolones, 5 genes of sulfonamides and 2 genes of erythromycin), five conditional pathogenic bacteria (*Enterococcus*, *Escherichia coli*, *Staphylococcus*, *Campylobacter* and *Clostridium perfringens*) and class1 integron. Quantitative real time PCR was used to analyze concentrations of typical genes with relatively high detection rates. The results indicated that the detection rates of antibiotic resistance genes were 8, 7, 2, 3 and 2. At the same time, two kinds of pathogenic bacteria were detected. The detection rates of the target genes in the air were lower than those of the fecal sample. The total bacterial gene (16S rDNA) concentration in the air of layer and broiler was 10^6 copies·m⁻³, and that of the other typical genes was about 10^4 copies·m⁻³. And the outdoor concentration was much lower than the indoor concentration. The proportions of antibiotic resistance genes and conditional pathogenic bacteria in the air were higher than those in the fecal samples and the outdoor proportions were lower than the indoor proportions. Preliminary results of this study indicated that feces was an important source of antibiotic resistance genes, conditional pathogenic bacteria and class1 integron. Aerosolization degrees of genes in feces were different. This study will provide the basic data for both source tracking of antibiotic resistance genes and pathogens from CAFOs and risk assessment of pollution of CAFOs in the surrounding air environment.

Key words: layer feeding operation; broiler feeding operation; bioaerosol; antibiotic resistance genes; opportunistic pathogens

作为一个拥有 14 亿人口的国家,我国对肉蛋的需求量持续递增. 截止到 2010 年,禽蛋产量达 2 762.7 万 t,连续 26 年居世界第一^[1]. 集约化养殖方式因其效率高、成本低等优点被广泛应用于养殖行业. 然而,近年来集约化养殖场引发的环境污染问题受到越来越多的关注.

集约化养殖场被认为是空气环境污染物的重

要来源^[2,3]. 在集约化养殖过程中,动物聚集在狭小

收稿日期: 2016-06-23; 修订日期: 2016-09-14

基金项目: 国家自然科学基金项目(51308047); 家禽产业技术体系北京市创新团队专项(BAIC04-2016); 北京市农林科学院科技创新能力建设专项(KJCX20151204); 北京市科技新星项目(Z151100000315058); 北京市优秀人才项目(2014000020060G178)

作者简介: 高敏(1980~),女,博士,主要研究方向为环境生物技术与生物气溶胶, E-mail: gm_baafs@126.com

* 通信作者, E-mail: wangxuming@baafs.net.cn

空间内,每天产生大量粪便。其中大量微生物,包括条件致病菌,在动物活动和粪便处置过程中很容易被气溶胶化,逸散到空气中生成生物气溶胶^[4]。工人长期处于生物气溶胶污染环境会引发诸多健康问题^[5]。据报道,养鸡场工人眼部、呼吸系统和皮肤疾病的发生率要远大于其他农业工人^[6]。除此之外,舍内空气中的生物气溶胶能够经由通风系统传播至舍外,对周边空气环境造成污染,对居民健康造成潜在危害^[2]。

为了明确养殖场生物气溶胶对人类和环境可能造成的危害,国内外研究人员对养鸡场空气中微生物的群落结构展开相关研究^[6~8]。近些年,随着抗生素在养殖业中的大量不规范使用,导致抗性基因在养殖环境中出现^[9]。国外研究人员分别在养鸡场内^[2, 10, 11]和养牛场周边的空气中检测到抗性基因^[12]。目前,国内相关研究多集中于对养鸡场抗生素耐药菌^[13~15]和条件致病菌^[15~17],对空气中抗性基因和条件致病菌特异性基因的研究未见报道。

针对以上情况,本研究分别对集约化蛋鸡和肉鸡场空气和粪便中的抗生素抗性基因及条件致病菌的种类进行检测,对典型抗性基因和条件致病菌的浓度及比率进行分析,以期对养鸡场生物气溶胶中抗性基因和条件致病菌的来源,及其对人体健康和环境污染的危害评估提供基础数据。

1 材料与方法

1.1 采样方法

我国集约化养鸡场主要分为两种类型:笼养和网上养殖,分别用于饲养蛋鸡和肉鸡。本研究于2015年8~10月间,对北京地区两种类型的养鸡场取样。其中,蛋鸡和肉鸡养殖场各4家,每家取样一次。样本包括鸡舍内、舍外(舍外5 m处)的空气样本和相应舍内粪便,共计24个样本。蛋鸡舍内外空气样本,肉鸡舍内外空气样本,蛋鸡粪便样本和肉鸡粪便样本分别用EI、EO、MI、MO、EF和MF表示。两种养殖类型的粪便清理方式相同,清粪周期为2~3 d。肉鸡和蛋鸡的存栏时间分别40~50 d和400~500 d。在采样期间,所调查的8个养殖场均没有疫病暴发。鸡舍内温度在22~28℃之间(平均温度24.8℃),相对湿度在32%~63%之间(平均湿度44%)。由于两种类型养殖场在采样期间均开启了通风换气系统,其鸡舍内温度和湿度没有统计学差异。每个鸡舍中蛋鸡和肉鸡的数量分别在4500和

7000只左右,密度分别为9只·m⁻²和12只·m⁻²。鸡龄分别为25~34 d和198~400 d。

生物气溶胶的采集使用中流量TSP采样器(崂应,中国)。采样高度1.5 m,采集时间分别为48 h,气体流量100 L·min⁻¹,每个采样点3个仪器同时采集,作为平行样本。空气温度和相对湿度用温湿度计(WD-35612, OAKTON, Germany)检测。鸡舍内的粪便采集采用五点法,之后将5个粪便样品混合均匀作为一个样本。粪便样品的含水率采用称重法测定。采集后的空气和粪便样本放置于-80℃冰箱中保存,用于后续DNA提取。

1.2 DNA提取

本研究样本的DNA提取采用PowerMax土壤提取试剂盒(Mobio Laboratory, 美国),按照试剂盒说明书提供方法提取样品的总DNA。其中空气样本的提取方法根据以往研究进行了改进^[18]。基于同种养殖类型养殖场的粪便和空气中生物群落结构相似^[2]的研究结果,本研究将4种蛋鸡和肉鸡的样本分别混合后进行DNA提取。用1%的琼脂糖凝胶进行电泳验证。所得DNA置于-20℃冰箱保存。

1.3 PCR和荧光定量PCR

首先,利用普通PCR对粪便和空气中的抗性基因、条件致病菌基因和*intI1*进行检测。基因引物序列和PCR条件详见表1。在此基础上,利用荧光定量PCR(ABI7500, 美国)测定养鸡场空气和粪便中的总基因拷贝数(16S rDNA)、3类抗生素:四环素(*tetW*、*tetL*和*tetX*)、红霉素(*ermB*)和磺胺类(*sul1*)、一类整合子(*intI1*)和两种条件致病菌(*Staphylococcus*和*E. coli*)的基因浓度。并采用标准质粒外标法对样品的丰度进行绝对定量^[19]。所制备的标准质粒浓度为 $1.75 \times 10^{10} \sim 1.83 \times 10^{11}$ copies·L⁻¹。选取5个点,通过预实验选取标准品的 $10^{-3} \sim 10^{-7}$ 稀释液用于制备标准曲线。PCR反应体系为25 μL, 12.5 μL的SybrGreen qPCR Master Mix (Applied Biosystems, USA), 2 μL的DNA模板, 0.5 μL的 $10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 上下游引物和9.5 μL灭菌超纯水。扩增效率在97.27%~117.17%之间, R²值在0.9925~0.9993之间。每个样品做3次重复,每次设置阴性对照实验。

1.4 数据统计分析

采用SPSS 21.0软件中的Spearman相关系数分析,对蛋鸡和肉鸡粪便与舍内空气样本及舍内外空气样本中目标基因的相关性进行分析。当P值小于0.05时,表明在95%的置信区间内具有统计学意义

上的显著差异;当 P 值小于 0.01 时,表明在 99% 的置信区间内具有统计学意义上的显著差异。

表 1 本研究所检测的基因种类及参考文献

Table 1 Gene types detected in this research and related references

抗性基因种类	抗性基因名称
β -内酰胺类	bla_{CARB-4} 、 bla_{OXA-18} 、 bla_{OXA-20} 、 bla_{OXAV} 、 bla_{OXA1} 、 $bla_{OXA II}$ 、 $bla_{OXA III}$ 、 bla_{LCR-1} 、 $bla_{PSE}^{[20]}$ 、 $bla_{CTX-M}^{[21]}$ 、 $bla_{ampC}^{[22]}$ 、 bla_{CTX-M}^* 、 $bla_{SHV}^{[23]}$ 、 bla_{GIM-1} 、 bla_{IMP-1} 、 bla_{SIM-1} 、 bla_{SPM-1} 、 $bla_{VIMgen-2}^{[24]}$ 、 bla_{IMP}^* 、 bla_{KPC-m}^* 、 bla_{NDM-1}^* 、 bla_{OXA-48}^* 、 $bla_{VIM}^*^{[25]}$ 、 $bla_{TEM}^*^{[26]}$
四环素	$tetA$ 、 $tetA/P$ 、 $tetB$ 、 $tetC$ 、 $tetE$ 、 $tetK$ 、 $tetL^{[30]}$ 、 $tetB/P$ 、 $tetM$ 、 $tetO$ 、 $OtrA$ 、 $tetQ$ 、 $tetS$ 、 $tetT$ 、 $tetW$ 、 $tetG$ 、 $tetX$ 、 $tetY$ 、 $tetZ^{[31]}$ 、 $TetA$ 、 $tetC^{[11]}$
喹诺酮	$qnrA$ 、 $qnrB$ 、 $qnrS^{[27]}$ 、 $gyrA$ 、 $parC^{[28]}$
磺胺类	$sulI$ 、 $sul2$ 、 $sul3^{[29]}$ 、 $dfrA1$ 、 $dfrA7^{[30]}$
红霉素	$ermA$ 、 $ermB^{[10]}$
条件致病菌	<i>Enterococcus</i> spp.、 <i>Escherichia coli</i> 、 <i>Staphylococcus</i> spp.、 <i>Campylobacter</i> spp.、 <i>Clostridium perfringens</i> ^[10]
整合子	<i>intII</i> ^[32]

2 结果与讨论

2.1 蛋鸡养殖场粪便和空气中抗生素抗性基因及条件致病菌种类

首先,本研究对蛋鸡粪便以及相应鸡舍内空气样本中 61 种基因的种类进行检测,包括五类抗生素

(β -内酰胺类、喹诺酮、四环素、磺胺类及红霉素)抗性基因、5 种条件致病菌(肠球菌属、大肠杆菌属、葡萄球菌属、弯曲杆菌属和产气荚膜梭状芽胞杆菌属)以及一类整合子(*intII*)特异基因。对比分析以上基因在蛋鸡粪和蛋鸡舍内空气样本的种类差异,结果如表 2 所示。

表 2 蛋鸡粪便和空气中抗生素抗性基因、条件致病菌及一类整合子种类检出率¹⁾
Table 2 Detection rates of antibiotic resistance genes, pathogenic bacteria and class I integron in the fecal and air samples from layer feeding operation

抗生素	基因	EF	EI	抗生素	基因	EF	EI	抗生素	基因	EF	EI
β -内酰胺类	bla_{CARB-4}	+	+	四环素	$tetA$	+	+	喹诺酮	$qnrA$	+	-
	bla_{CTX-M}	+	+		$tetA/P$	+	+		$qnrB$	+	-
	bla_{ampC}	+	+		$tetB$	+	-		$qnrS$	+	+
	bla_{GIM-1}	-	-		$tetB/P$	-	-		$gyrA$	-	-
	bla_{IMP}^*	-	-		$tetC$	+	-		$parC$	+	+
	bla_{IMP-1}	-	-		$tetE$	-	-	合计/个	5	4	2
	bla_{KPC-m}	-	-		$tetK$	-	-	磺胺类	$sulI$	+	-
	bla_{NDM-1}	-	-		$tetL$	+	+		$sul2$	+	+
	bla_{OXA-18}	+	+		$tetM$	+	-		$sul3$	+	+
	bla_{OXA-20}	-	-		$tetO$	-	-		$dfrA1$	+	+
	bla_{OXA-48}	-	-	$OtrA$	-	-	$dfrA7$		-	-	
	bla_{OXAV}	-	-	$tetQ$	+	-	合计/个	5	4	3	
	$bla_{OXA I}$	+	+	$tetS$	+	-	条件致病菌	肠球菌	+	+	
	$bla_{OXA II}$	+	+	$tetT$	+	-		大肠杆菌	+	-	
	$bla_{OXA III}$	+	-	$tetW$	+	+		葡萄球菌	+	+	
	bla_{LCR-1}	-	-	$tetX$	+	+		弯曲杆菌	-	-	
	bla_{PSE}	+	+	$tetY$	+	+		产气荚膜梭状芽胞杆菌	-	-	
	bla_{SHV}	-	-	$tetZ$	+	-	合计/个	5	3	2	
	bla_{SIM-1}	-	-	$TetA/C$	+	-	整合子	<i>intII</i>	+	+	
	bla_{SPM-1}	-	-	合计/个	20	15		7	合计/个	1	1
bla_{TEM}^*	+	+	红霉素	$ermA$	+	+					
bla_{VIM}^*	-	-		$ermB$	+	+					
$bla_{VIMgen-2}$	-	-	合计/个	2	2	2					
合计/个	23	9	8	合计/个	2	2	2				

1) + 表示有检出; - 表示无检出

根据表 2 可知,在所调查的 61 种基因中,5 类抗生素抗性基因: β -内酰胺类、四环素、喹诺酮、磺

胺类和红霉素在蛋鸡粪便中的检出率分别为 9/23、15/20、4/5、4/5 和 2/2(检出基因数目/检测基因数

目). 在所检测的 5 种条件致病菌属中, 蛋鸡粪便中检测出 3 种, 分别为肠球菌、葡萄球菌和大肠杆菌属. 磺胺类抗生素作为一种广谱抗生素在养殖业中的广泛使用^[33], 可能导致多种磺胺类抗性基因在蛋鸡粪便中被检出.

整体上, 目标基因在蛋鸡舍内空气中的检出率小于等于粪便中相应基因的检出率. β -内酰胺类、四环素、喹诺酮、磺胺类和红霉素抗性基因的检出率分别为 8/23、7/20、2/5、3/5 和 2/2. 空气中检测到的两种致病菌气溶胶分别是肠球菌和葡萄球菌. 其中, 所有在蛋鸡舍内空气中检测到的基因均在蛋鸡粪便中检出. Hong 等^[2]在对猪舍空气和粪便中微生物的群落结构进行对比分析后发现, 猪舍空气中微生物可能来自于猪粪便. 目前, 对于鸡舍空气中抗生素抗性基因来源的研究鲜见报道. 基于抗性基因和致病菌基因

的分布规律, 本研究结果初步证明蛋鸡舍内空气中的抗生素耐药基因可能来自于粪便. 整合子 (class1 integron) 被认为是抗性基因发生水平转移的一个指示基因. 集约化养鸡场鸡粪和空气中多种抗性基因、致病菌和一类整合子的检出, 表明养殖环境中存在抗性基因向致病菌水平转移的可能性.

2.2 蛋鸡和肉鸡养殖场粪便和空气中抗生素抗性基因和条件致病菌浓度

利用荧光定量 PCR 技术, 本文对集约化养鸡场粪便及舍内外空气中的几种检出率较高的基因进行定量分析, 包括总细菌基因拷贝数 (16S rDNA), 三类抗生素抗性基因: 四环素 (*tetW*、*tetL* 和 *tetX*)、红霉素 (*ermB*) 和磺胺类 (*sulI*), 一类整合子 (*intI1*) 以及两种条件致病菌 (*Staphylococcus* 和 *E. coli*) 基因. 结果如图 1 所示.

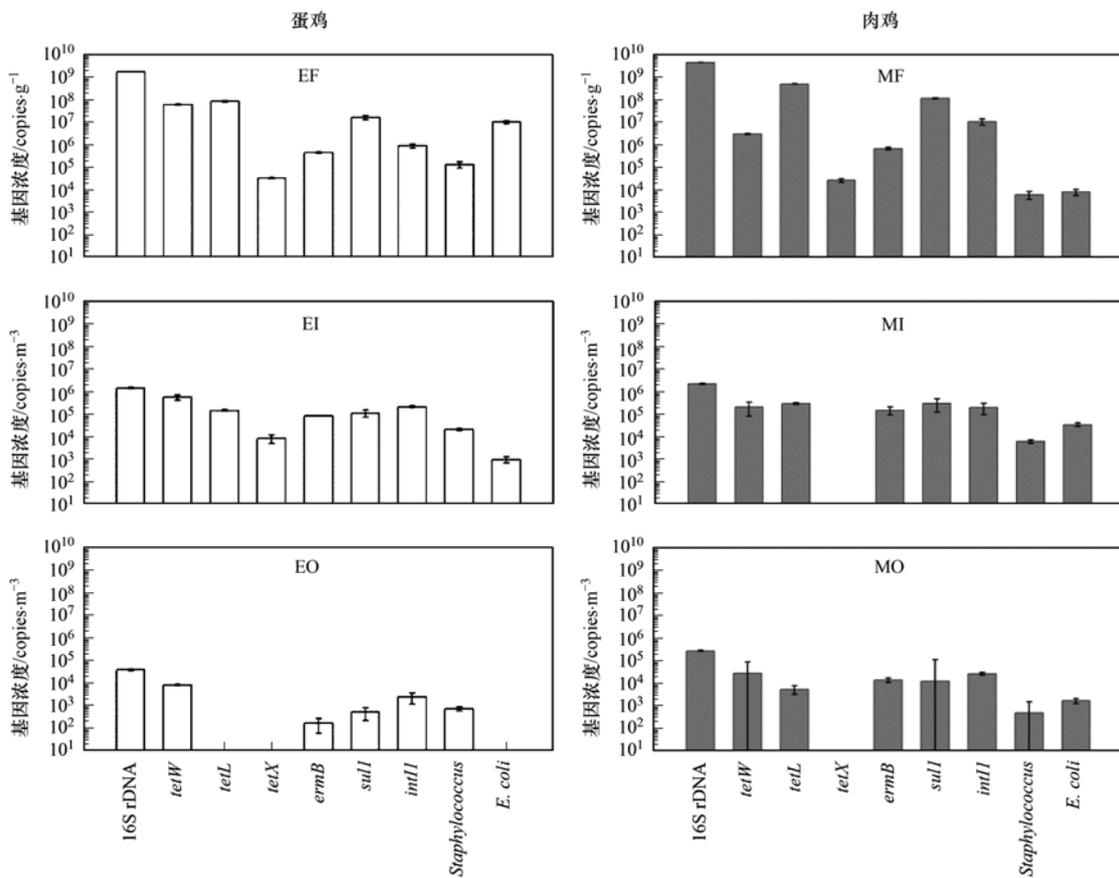


图 1 蛋鸡和肉鸡养殖场粪便和舍内外空气中抗生素抗性基因、一类整合子及条件致病菌浓度

Fig. 1 Concentrations of antibiotic resistance genes, genes of pathogenic bacteria and class1 integron in the fecal and air samples from layer and broiler feeding operations

整体上, 两种粪便中 16S rDNA 基因浓度均在 10^9 copies \cdot g⁻¹ 干粪左右. 其他所检测基因的浓度远小于总的细菌基因浓度 (以干粪计, 下同), 且浓度

范围波动较大, 在 $10^3 \sim 10^8$ copies \cdot g⁻¹ 之间. 其中, 四环素两种抗性基因 (*tetW*、*tetL*) 和磺胺类抗性基因 (*sulI*) 浓度较高, 均在 $10^6 \sim 10^8$ copies \cdot g⁻¹ 干粪左

右,而红霉素抗性基因(*ermB*)浓度只有 10^5 copies·g⁻¹. 值得注意的是,肉鸡粪便中一类整合子(*intI1*)浓度(1.04×10^8 copies·g⁻¹)较蛋鸡粪便高两个数量级. 调查中发现虽然肉鸡存栏期较短,但在整个饲养过程中饲料中均添加抗生素,可能导致一类整合子浓度较高.

蛋鸡和肉鸡舍内空气中总细菌浓度研究结果显示,二者浓度处于同一数量级,分别为 1.34×10^6 copies·m⁻³和 2.09×10^6 copies·m⁻³. 其中,除了蛋鸡舍内 *tetX* 和 *E. coli*、肉鸡舍内的 *Staphylococcus*, 所考察目的基因在鸡舍内空气中浓度均高于 10^4 copies·m⁻³. Just 等^[10]在2012年对加拿大肉鸡和蛋鸡舍内空气中 *Staphylococcus* 和 *E. coli* 的浓度进行检测,分别为 1.3×10^7 copies·m⁻³和 3.7×10^5 copies·m⁻³及 9.2×10^4 copies·m⁻³和 1.2×10^4 copies·m⁻³,其浓度较本研究高2~3个数量级. 养殖场舍内生物气溶胶的种类和浓度受多种因素影响,如温度、湿度、粪便处理方式^[34]及管理方式等^[35]. 由于现阶段关于国内养殖场舍内抗性基因和条件致病菌的研究鲜见报道,上述原因均可能导致检测浓度差异. 目前,关于集约化养殖场空气中

一类整合子(*intI1*)的研究仅限于养猪和牛场,其浓度在 10^2 copies·m⁻³左右^[3],远低于本研究对鸡舍的研究结果.

如图1所示,本研究所考察的目标基因在舍外的浓度低于舍内,其中部分基因(*tetX* 和 *E. coli*)在蛋舍外未检出. 这与国内外关于抗生素抗性菌的研究结果相似^[15, 35]. 然而,部分舍外抗性基因和条件致病菌基因浓度仍高达 $10^2 \sim 10^4$ copies·m⁻³. 以往研究通过对猪和牛场空气中的 *tetX*、*tetW* 和 *intI1* 检测得出集约化养殖场是环境中抗生素和一类整合子重要来源^[3]. 基于对不同类型鸡场空气样本研究结果,本研究初步证明集约化养鸡场是环境中抗生素抗性基因,一类整合子及条件致病菌的重要来源.

如图2所示,除 *E. coli* (蛋鸡)和 *tetL* (肉鸡),目标基因在16S rDNA中所占比例,空气均高于粪便. 整体上,在所调查的蛋鸡和肉鸡舍内外空气中,2种四环素抗性基因(*tetW* 和 *tetL*)、红霉素抗性基因(*ermB*)、磺胺类抗性基因(*sulI*)和一类整合子(*intI1*)所占比例较高,2种条件致病菌所占比率较低. 除了蛋鸡场的 *Staphylococcus*、肉鸡场的 *tetW* 和 *intI1* 外,舍外空气中目标基因的比率均低于舍内.

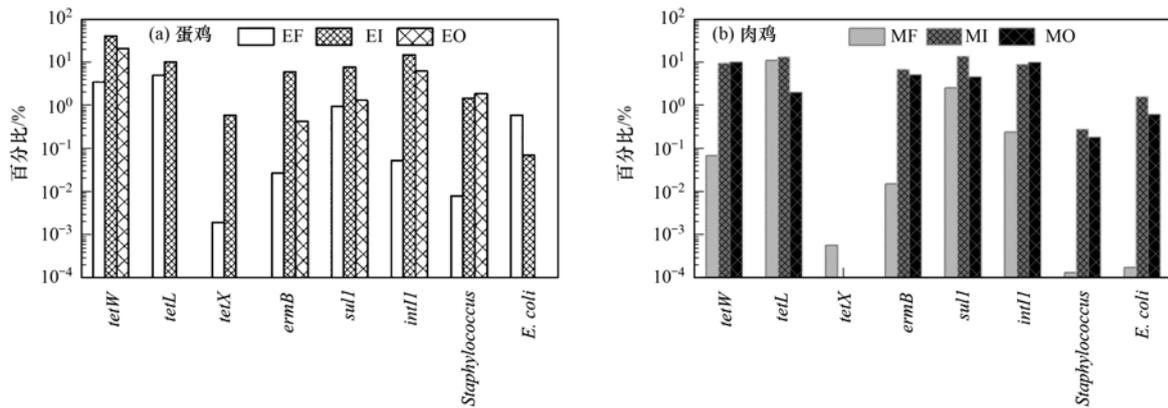


图2 蛋鸡和肉鸡养殖场粪便和舍内外空气中抗生素抗性基因、一类整合子及条件致病菌特异基因在16S rDNA的百分比

Fig. 2 Proportions of antibiotic resistance genes, pathogenic bacteria and class I integron in 16S rDNA in the fecal and air samples from layer and broiler feeding operations

为了进一步研究粪便、舍内外空气中抗性基因及条件致病菌的关系,对以上3种样本中目标基因的浓度和在总细菌基因所占百分比的相关性进行分析(表3). 浓度相关性分析结果显示,蛋鸡和肉鸡粪便同相应舍内空气样本,舍内与相应舍外空气样本中目标基因的浓度均呈显著正相关. 该部分研究结果进一步表明鸡舍粪便可能是舍内抗生素抗性基因、条件致病基因以及一类整合子的重要来源. 这与以往关于生物气溶胶来源分析研究结果相一

表3 蛋鸡和肉鸡粪便与舍内空气样本及舍内外空气样本中目标基因的相关性分析

Table 3 Correlation analysis of target genes between fecal and indoor air samples or indoor and outdoor air samples from layer and broiler feeding operations

项目(浓度)	P 值	项目(百分比)	P 值
EF-EI	0.002 0 **	EF-EI	0.078
EI-EO	0.000 15 **	EI-EO	0.069
MF-MI	0.022 *	MF-MI	0.013 *
MI-MO	0.000 014 **	MI-MO	0.15

1) * 表示 $P < 0.05$; ** 表示 $P < 0.01$

致^[8, 14]. 对百分比相关性的考察结果显示,除了肉鸡粪便样本和肉鸡舍内空气样本中目标基因呈显著正相关之外,其他样本之间的相关性均无统计学意义,与图2的结论相同.

3 结论

本研究对集约化蛋鸡和肉鸡养殖场的粪便和舍内空气样本中抗性基因和条件致病菌基因种类进行检测,对典型目的基因浓度进行分析. 结果表明,所考察 61 种基因在蛋鸡舍内空气中的检出率小于等于粪便. 蛋鸡和肉鸡舍内空气中总细菌基因浓度相似,约为 10^6 copies·m⁻³,其他所考察目的基因浓度大多高于 10^4 copies·m⁻³,且舍外的浓度要远低于舍内. 抗性基因和条件致病菌基因在空气中所占比例均高于粪便,且舍外比率整体上低于舍内.

参考文献:

- [1] 农业部. 全国畜牧业发展第十二个五年规划(2011-2015 年) [M]. 农牧发[2011]8 号. 北京: 农业部, 2011.
- [2] Hong P Y, Li X Z, Yang X F, *et al.* Monitoring airborne biotic contaminants in the indoor environment of pig and poultry confinement buildings [J]. *Environmental Microbiology*, 2012, **14**(6): 1420-1431.
- [3] Ling A L, Pace N R, Hernandez M T, *et al.* Tetracycline resistance and class 1 integron genes associated with indoor and outdoor aerosols [J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, **47**(9): 4046-4052.
- [4] Dungan R S. BOARD-INVITED REVIEW: fate and transport of bioaerosols associated with livestock operations and manures [J]. *Journal of Animal Science*, 2010, **88**(11): 3693-3706.
- [5] Ko G, Simmons III O D, Likirdopoulos C A, *et al.* Investigation of bioaerosols released from swine farms using conventional and alternative waste treatment and management technologies [J]. *Environmental Science & Technology*, 2008, **42**(23): 8849-8857.
- [6] Just N, Kirychuk S, Gilbert Y, *et al.* Bacterial diversity characterization of bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations [J]. *Environmental Research*, 2011, **111**(4): 492-498.
- [7] Just N, Blais Lecours P, Marcoux-Voiselle M, *et al.* Archaeal characterization of bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations [J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2013, **59**(1): 46-50.
- [8] Nehme B, Létourneau V, Forster R J, *et al.* Culture-independent approach of the bacterial bioaerosol diversity in the standard swine confinement buildings, and assessment of the seasonal effect [J]. *Environmental Microbiology*, 2008, **10**(3): 665-675.
- [9] 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 Sciences of the United States of America*, 2013, **110**(9): 3435-3440.
- [10] Just N A, Létourneau V, Kirychuk S P, *et al.* Potentially pathogenic bacteria and antimicrobial resistance in bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations [J]. *Annals of Occupational Hygiene*, 2012, **56**(4): 440-449.
- [11] Létourneau V, Nehmé B, Mériaux A, *et al.* Human pathogens and tetracycline-resistant bacteria in bioaerosols of swine confinement buildings and in nasal flora of hog producers [J]. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 2010, **213**(6): 444-449.
- [12] McEachran A D, Blackwell B R, Hanson J D, *et al.* Antibiotics, bacteria, and antibiotic resistance genes: aerial transport from cattle feed yards via particulate matter [J]. *Environmental Health Perspectives*, 2015, **123**(4): 337-343.
- [13] 姚美玲, 张彬, 柴同杰. 鸡兔舍耐药大肠杆菌气溶胶向环境扩散的研究 [J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2007, **35**(8): 60-64.
Yao M L, Zhang B, Chai T J. Antibiotic resistance of airborne *Escherichia coli* from hen house and rabbitry and their spreading to surroundings [J]. *Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition)*, 2007, **35**(8): 60-64.
- [14] 柴同杰, 赵云玲, 刘文波, 等. 鸡舍环境耐药细菌气溶胶及其向环境传播的研究 [J]. *中国预防兽医学报*, 2003, **25**(3): 209-214.
Chai T J, Zhao Y L, Liu W B, *et al.* The resistance against antibiotics of bacteria from a poultry house and their spreading to surroundings of the house [J]. *Chinese Journal of Preventive Veterinary Medicine*, 2003, **25**(3): 209-214.
- [15] 高敏, 贾瑞志, 仇天雷, 等. 集约化养鸡场空气环境中生物气溶胶特点研究 [J]. *农业环境科学学报*, 2015, **34**(4): 787-794.
Gao M, Jia R Z, Qiu T L, *et al.* Characteristics of bioaerosols in air environment of confined poultry feeding operations [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2015, **34**(4): 787-794.
- [16] 段会勇, 柴同杰. 鸡舍内外环境中气载大肠杆菌同源性的分子鉴定 [J]. *畜牧兽医学报*, 2008, **39**(5): 614-620.
Duan H Y, Chai T J. The homology molecular identification of airborne *Escherichia coli* isolated from indoor and outdoor air of chicken houses [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2008, **39**(5): 614-620.
- [17] 钟召兵, 柴同杰, 段会勇, 等. 鸡舍环境金黄色葡萄球菌气溶胶产生及其传播的 REP-PCR 鉴定 [J]. *畜牧兽医学报*, 2008, **39**(10): 1395-1401.
Zhong Z B, Chai T J, Duan H Y, *et al.* REP-PCR identification of airborne *Staphylococcus aureus* isolated from chicken houses and their spreading around the Farms [J]. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*, 2008, **39**(10): 1395-1401.
- [18] Jiang W J, Liang P, Wang B Y, *et al.* Optimized DNA extraction and metagenomic sequencing of airborne microbial communities [J]. *Nature Protocols*, 2015, **10**(5): 768-779.
- [19] 李丽, 赵成萍, 李宏, 等. 质粒制备绝对定量 PCR 标准曲线方法的建立 [J]. *农业生物技术学报*, 2011, **19**(6): 1157-1162.
Li L, Zhao C P, Li H, *et al.* Establishment of the plasmid standard curve generation method for absolute quantification PCR [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2011, **19**(6): 1157-1162.
- [20] Bert F, Branger C, Lambert-Zechovsky N. Identification of PSE and OXA β -lactamase genes in *Pseudomonas aeruginosa* using

- PCR-restriction fragment length polymorphism [J]. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 2002, **50**(1): 11-18.
- [21] Hartmann A, Locatelli A, Amoureux L, *et al.* Occurrence of CTX-M producing *Escherichia coli* in soils, cattle, and farm environment in France (Burgundy Region) [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2012, **3**: 83.
- [22] Shahid M. *Citrobacter* spp. simultaneously harboring *bla*_{CTX-M}, *bla*_{TEM}, *bla*_{SHV}, *bla*_{ampC}, and insertion sequences IS26 and or *β*513: an evolutionary phenomenon of recent concern for antibiotic resistance[J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2010, **48**(5): 1833-1838.
- [23] Knapp C W, Dolfing J, Ehlert P A I, *et al.* Evidence of increasing antibiotic resistance gene abundances in archived soils since 1940[J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(2): 580-587.
- [24] Mendes R E, Kiyota K A, Monteiro J, *et al.* Rapid detection and identification of metallo-β-lactamase-encoding genes by multiplex real-time PCR assay and melt curve analysis [J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2007, **45**(2): 544-547.
- [25] Poirel L, Walsh T R, Cuvillier V, *et al.* Multiplex PCR for detection of acquired carbapenemase genes [J]. *Diagnostic Microbiology & Infectious Disease*, 2011, **70**(1): 119-123.
- [26] Reinthaler F F, Feierl G, Galler H, *et al.* ESBL-producing *E. coli* in Austrian sewage sludge[J]. *Water Research*, 2010, **44**(6): 1981-1985.
- [27] Robicsek A, Strahilevitz J, Sahn D F, *et al.* *qnr* prevalence in ceftazidime-resistant *enterobacteriaceae* isolates from the United States[J]. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 2006, **50**(8): 2872-2874.
- [28] Maurin M, Abergel C, Raoult D. DNA Gyrase-mediated natural resistance to fluoroquinolones in *Ehrlichia* spp. [J]. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 2001, **45**(7): 2098-2105.
- [29] Boerlin P, Travis R, Gyles C L, *et al.* Antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolates from swine in ontario[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2005, **71**(11): 6753-6761.
- [30] Frank T, Gautier V, Talarmin A, *et al.* Characterization of sulphonamide resistance genes and class 1 integron gene cassettes in Enterobacteriaceae, Central African Republic (CAR) [J]. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 2007, **59**(4): 742-745.
- [31] Aminov R I, Garrigues-Jeanjean N, Mackie R I. Molecular ecology of tetracycline resistance: development and validation of primers for detection of tetracycline resistance genes encoding ribosomal protection proteins [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, **67**(1): 22-32.
- [32] Wang F H, Qiao M, Lv Z E, *et al.* Impact of reclaimed water irrigation on antibiotic resistance in public parks, Beijing, China [J]. *Environmental Pollution*, 2014, **184**: 247-253.
- [33] Perreten V, Boerlin P. A new sulfonamide resistance gene (*sul3*) in *Escherichia coli* is widespread in the pig population of switzerland[J]. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 2003, **47**(3): 1169-1172.
- [34] Whyte R T. Aerial pollutants and the health of poultry farmers [J]. *World's Poultry Science Journal*, 1993, **49**(2): 139-156.
- [35] Brooks J P, McLaughlin M R, Scheffler B, *et al.* Microbial and antibiotic resistant constituents associated with biological aerosols and poultry litter within a commercial poultry house[J]. *Science of the Total Environment*, 2010, **408**(20): 4770-4777.

CONTENTS

Atmospheric Dry Deposition Fluxes and Seasonal Variations of Particulate Matter and Lead in Urban Beijing	YAO Li, LIU Jin, PAN Yue-peng, <i>et al.</i> (423)
Pollution Characteristics of Heavy Metals in PM _{2.5} and Their Human Health Risks Among the Coastal City Group Along Western Taiwan Straits Region, China	CHEN Yan-ting, DU Wen-jiao, CHEN Jin-sheng, <i>et al.</i> (429)
Correlation of Speciated Mercury with Carbonaceous Components in Atmospheric PM _{2.5} in Shengsi Region	CHENG Na, QIAN Guan-lei, DUAN Lian, <i>et al.</i> (438)
Compositions and Sources of Summertime Dicarboxylic Acids and Related SOA in PM _{2.5} from Mt. Taishan	MENG Jing-jing, HOU Zhan-fang, LIU Xiao-di, <i>et al.</i> (445)
Variation Characteristics and Health Risk Assessment of BTEX in the Atmosphere of Northern Suburb of Nanjing	ZHANG Yu-xin, AN Jun-lin, WANG Jian-yu, <i>et al.</i> (453)
Inventory and Environmental Impact of VOCs Emission from Anthropogenic Source in Chang-Zhu-Tan Region	YOU Xiang-yu, LUO Da-tong, LIU Zhan, <i>et al.</i> (461)
Characteristics of Methane Emission from Urban Traffic in Nanjing	ZHANG Xue, HU Ning, LIU Shou-dong, <i>et al.</i> (469)
Variations in Aerosol Optical Depth over Three Northeastern Provinces of China, in 2003-2014	ZHANG Chen-he, ZHAO Tian-liang, WANG Fu, <i>et al.</i> (476)
Variation Analysis of Daily PM _{2.5} Concentrations Based on Boosted Regression Tree: A Case Study in Changzhou	GE Yue, WANG Ming-xin, SUN Xiang-wu, <i>et al.</i> (485)
Characteristics of Mercury Emissions from Coal-fired Power Plants in Chongqing	ZHANG Cheng, ZHANG Ya-hui, WANG Yong-min, <i>et al.</i> (495)
Possible Sources of PCDD/Fs in Atmosphere of a Certain District in Guangdong	FU Jian-ping, HAN Jing-lei, YU Xiao-wei, <i>et al.</i> (502)
Sources and Pollution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes and Conditional Pathogenic Bacteria in Concentrated Poultry Feeding Operations	GAO Min, QIU Tian-lei, QIN Yu-cheng, <i>et al.</i> (510)
Distribution and Burial Characteristics of Nitrogen Forms in Sediment of Dianchi Lake During Last Century	WU Ya-lin, LI Shuai-dong, JIANG Jun-wu, <i>et al.</i> (517)
Temporal and Spatial Variations of Dissolved Inorganic Carbon and Its Stable Isotopic Composition in the Surface Stream of Karst Groundwater Recharge	LI Li, PU Jun-bing, LI Jian-hong, <i>et al.</i> (527)
Succession Pattern of Phytoplankton of Daning River in the Three Gorges Reservoir and Its Driving Factors	ZHANG Jia-lei, ZHENG Bing-hui, LIU De-fu, <i>et al.</i> (535)
Response of the Water Quality of a Stratified Reservoir to an Extreme El Niño Event During Summer	QIU Xiao-peng, HUANG Ting-lin, ZENG Ming-zheng, <i>et al.</i> (547)
Effect of Coupling Process of Wetting-Drying Cycles and Seasonal Temperature Increasing on Sediment Nitrogen Minerization in the Water Level Fluctuating Zone	LIN Jun-jie, LIU Dan, ZHANG Shuai, <i>et al.</i> (555)
Photo-induced Phosphate Release from Organic Phosphorus Decomposition Driven by Fe(III)-oxalate Complex in Lake Water	JIANG Yong-can, PENG Yun-xiao, LIU Guang-long, <i>et al.</i> (563)
Preparation and Phosphorus Removal Mechanism of Highly Efficient Phosphorus Adsorbent Mg/Al-LDO	WANG Wei-dong, HAO Rui-xia, ZHANG Xiao-xian, <i>et al.</i> (572)
Efficiency and Mechanism of Nitrogen and Phosphorus Removal in Modified Zeolite Wetland	WU Peng, LU Shuang-jun, XU Le-zhong, <i>et al.</i> (580)
Repression of Nitrogen and Phosphorus Release from Lakeshore Sediment by Five Littoral-zone Plants	YAO Cheng, HU Xiao-zhen, LU Shao-yong, <i>et al.</i> (589)
Simulated Desorption Kinetics of Lead by the Dominant Plant Roots Released Low Molecular Weight Organic Acids from the Water-Level-Fluctuating Zone in the Three Gorges Reservoir	HE Yuan-jie, LIU Jiang, JIANG Tao, <i>et al.</i> (600)
Experimental Research of Hg ²⁺ Removal by TiO ₂ /Bentonite Composite	TANG Xing-ping, ZHOU Xiong, ZHANG Jin-yang, <i>et al.</i> (608)
Impact of Ammonia and H ₂ O ₂ on Bromate and Disinfection By-products Control	WANG Yong-jing, DU Xu, JIN Meng, <i>et al.</i> (616)
Influencing Factors of Bacterial Activity in Water Distribution Networks	WANG Xiao-dan, ZHAO Xin-hua, <i>et al.</i> (622)
Adsorptive Remediation of Cr(VI) Contaminated Groundwater with Chemically Synthesized Schwertmannite	ZHU Li-chao, LIU Yuan-yuan, LI Wei-min, <i>et al.</i> (629)
Characteristics and Mechanism of Hybrid Ozonation-Coagulation Process in Wastewater Reclamation	HOU Rui, JIN Xin, JIN Peng-kang, <i>et al.</i> (640)
Nitrogen Removal Effect and Conversion Characteristics of Nitrous Oxide in Single-stage and Multi-stage A/O Processes	GUO Chang-zi, ZHANG Feng-yan, LIU Fu-yu, <i>et al.</i> (647)
Nitrogen Removal Performance of ANAMMOX with Different Organic Carbon Sources	GUAN Yong-jie, YU De-shuang, LI Jin, <i>et al.</i> (654)
Operational Performance and Microbial Community Structure in a Completely Mixed Aeration System	WANG Shuo, XU Qiao, ZHANG Guang-sheng, <i>et al.</i> (665)
Start-up of Combined Floc-granule CANON Process and the Effects of SRT on Reactor Performance	SUN Yan-fang, HAN Xiao-yu, ZHANG Shun-jun, <i>et al.</i> (672)
Effects of Free Ammonia Regulation on the Performance of High Solid Anaerobic Digesters with Dewatered Sludge	DAI Xiao-hu, HE Jin, YAN Han, <i>et al.</i> (679)
Highly Efficient Bioflocculation of Microalgae Using <i>Mucor circinelloides</i>	GU Qiong, JIN Wen-biao, CHEN Yuan-qing, <i>et al.</i> (688)
Effect of Zero Valent Iron on the Decline of Tetracycline Resistance Genes and Class 1 Integrons During Thermophilic Anaerobic Digestion of Sludge	WEI Xin, XUE Shun-li, YANG Fan, <i>et al.</i> (697)
Concentration, Sources and Ecological Risks of PAHs of Different Land Use Types in Shenfu New City	WANG Jing, LIU Ming-li, ZHANG Shi-chao, <i>et al.</i> (703)
Compositions, Sources and Health Risks of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons (PAHs) in Surface Dusts from Driving-schools in a City of Henan Province, China	CHEN Yi-nan, MA Jian-hua, DUAN Hai-jing, <i>et al.</i> (711)
Remediation of Decabromodiphenyl Ether Contaminated Sediment Through Plant Roots Enhanced by Exogenous Microbes	YANG Lei-feng, YIN Hua, PENG Hui, <i>et al.</i> (721)
Impacts of Bioremediation on Microbial Communities and Different Forms of Nitrogen in Petroleum Contaminated Soil	YE Xi-qiong, WU Man-li, CHEN Kai-li, <i>et al.</i> (728)
Effects of <i>Rhodospseudomonas palustris</i> PSB06 on Pepper Rhizosphere Microbial Community Structure	LUO Lu-yun, JIN De-cai, ZUO Hui, <i>et al.</i> (735)
Effect of Reclaimed Water on Bacterial Community Composition and Function in Urban River Sediment	DI Yan-ming, WANG Guang-xuan, HUANG Xing-ru, <i>et al.</i> (743)
Effects of Different Vegetation Types and Reclamation Years on Soil Bacterial Community Structure in Reclaimed Mine Areas	HE Long, LI Yan-qin, LI Bin-chun, <i>et al.</i> (752)
Characteristic of Abundances and Diversity of Carbon Dioxide Fixation Microbes in Paddy Soils	LIU Qiong, WEI Xiao-meng, WU Xiao-hong, <i>et al.</i> (760)
Effects of Biochar Pyrolyzed at Varying Temperatures on Soil Organic Carbon and Its Components: Influence on the Composition and Properties of Humic Substances	ZHAO Shi-xiang, YU Xiao-ling, LI Zhong-hui, <i>et al.</i> (769)
Straw Composts with Composite Inoculants and Their Effects on Soil Carbon and Nitrogen Contents and Enzyme Activity	NIE Wen-han, QI Zhi-ping, FENG Hai-wei, <i>et al.</i> (783)
Comparative Analysis on Effect of Wheat Straw and Its Biochar Amendment on Net Global Warming Potential Under Wheat-Maize Rotation Ecosystem in the Guanzhong Plain	CHENG Gong, CHEN Jing, LIU Jing-jing, <i>et al.</i> (792)
Isolation and Identification of a Chlorobenzene-degrading Bacterium and Its Degradation Characteristics	YE Jie-xu, LIN Tong-hui, LUO Yu-hao, <i>et al.</i> (802)
Isolation, Identification and Metabolic Characteristics of a Heterotrophic Denitrifying Sulfur Bacterial Strain	TAN Wen-bo, MA Xiao-dan, HUANG Cong, <i>et al.</i> (809)
Effects of Continuous Application of Sewage Sludge Compost on Heavy Metals Accumulation and Mobility Characteristics in Soil Profile and on Heavy Metals Uptake of Wheat	SUN Na, SHANG He-ping, RU Shu-hua, <i>et al.</i> (815)
Effects of Nitrogen Application on Selenium Uptake, Translocation and Distribution in Winter Wheat	CHEN Yu-peng, PENG Qin, LIANG Dong-li, <i>et al.</i> (825)
Accumulation and Biotransformation in Typical Freshwater Algae Species Influenced by Titanium Dioxide Nanoparticles Under Long-term Exposure	LI Jin-li, WANG Zhen-hong, YAN Ya-meng, <i>et al.</i> (832)
Sorption of <i>p</i> -Nitrophenol by Biochars of Corn cob Prepared at Different Pyrolysis Temperatures	MA Feng-feng, ZHAO Bao-wei (837)

《环境科学》第6届编辑委员会

主 编: 赵进才

副主编: 赵景柱 郝吉明 田 刚

编 委: (按姓氏笔画排序)

万国江 王华聪 王凯军 王绪绪 田 刚 田 静 史培军
朱永官 刘志培 刘 毅 汤鸿霄 孟 伟 周宗灿 林金明
赵进才 赵景柱 姜 林 郝郑平 郝吉明 聂永丰 黄 霞
黄 耀 鲍 强 潘 纲 潘 涛 魏复盛

环 境 科 学

(HUANJING KEXUE)

(月刊 1976年8月创刊)

2017年2月15日 第38卷 第2期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 38 No. 2 Feb. 15, 2017

主 管	中国科学院	Superintended	by	Chinese Academy of Sciences
主 办	中国科学院生态环境研究中心	Sponsored	by	Research Center for Eco-Environmental Sciences, Chinese Academy of Sciences
协 办	(以参加先后为序) 北京市环境保护科学研究院 清华大学环境学院	Co-Sponsored	by	Beijing Municipal Research Institute of Environmental Protection School of Environment, Tsinghua University
主 编	赵进才	Editor-in -Chief		ZHAO Jin-cai
编 辑	《环境科学》编辑委员会 北京市2871信箱(海淀区双清路 18号, 邮政编码:100085) 电话:010-62941102, 010-62849343 传真:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn	Edited	by	The Editorial Board of Environmental Science (HUANJING KEXUE) P. O. Box 2871, Beijing 100085, China Tel:010-62941102, 010-62849343; Fax:010-62849343 E-mail: hjkx@ rcees. ac. cn http://www. hjkx. ac. cn
出 版	科 学 出 版 社 北京东黄城根北街16号 邮政编码:100717	Published	by	Science Press 16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷 装 订	北京宝昌彩色印刷有限公司	Printed	by	Beijing Baochang Color Printing Co., Ltd.
发 行	科 学 出 版 社 电话:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com	Distributed	by	Science Press Tel:010-64017032 E-mail: journal@ mail. sciencep. com
订 购 处	全国各地邮电局	Domestic		All Local Post Offices in China
国外总发行	中国国际图书贸易集团有限公司 (北京399信箱)	Foreign		China International Book Trading Corporation (Guoji Shudian), P. O. Box 399, Beijing 100044, China

中国标准刊号: ISSN 0250-3301
CN 11-1895/X

国内邮发代号: 2-821

国内定价: 140.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行

ISSN 0250-3301



9 770250 330172