

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

■ 主办 中国科学院生态环境研究中心
■ 出版 科学出版社



2020

Vol.41 No.2
第41卷 第2期

目次

基于GAM模型分析中国典型区域网格化PM _{2.5} 长期变化影响因素	南洋, 张倩倩, 张碧辉 (499)
我国PCDD/Fs网格化大气排放清单	陈露露, 黄韬, 陈凯杰, 宋世杰, 高宏, 马建民 (510)
成都平原PM _{2.5} 中碳质组分时空分布特征与来源	史芳天, 罗彬, 张巍, 刘培川, 郝宇放, 杨文文, 谢绍东 (520)
南京江北新区冬季PM _{2.5} 中化学组分的昼夜变化特征及其来源解析	邱晨晨, 于兴娜, 丁铨, 时政, 张瑞芳, 侯思宇, 侯新红 (529)
南京北郊四季PM _{2.5} 中有机胺的污染特征及来源解析	李栩婕, 施晓雯, 马嫣, 郑军 (537)
长三角背景点夏季大气PM _{2.5} 中正构烷烃和多环芳烃的污染特征和来源解析	薛国艳, 王格慧, 吴灿, 谢郁宁, 陈玉宝, 李杏茹, 王心培, 李大鹏, 张思, 葛双双, 丁志健 (554)
2017年秋季长春市PM _{2.5} 中多环芳烃的污染来源及健康风险评价	张艺璇, 曹芳, 郑涵, 张东东, 翟晓瑶, 范美益, 章炎麟 (564)
京津冀及周边区域PM _{2.5} 叠加沙尘重污染过程特征及预报效果分析	朱媛媛, 高愈霄, 柴文轩, 王帅, 李亮, 王威, 王光, 刘冰, 王晓彦, 李健军 (574)
河南省臭氧污染特征与气象因子影响分析	齐艳杰, 于世杰, 杨健, 尹沙沙, 程家合, 张瑞芹 (587)
河南省气溶胶光学特性的时空变化特征	张瑞芳, 于兴娜 (600)
黑炭气溶胶质谱仪(SP-AMS)分析春季PM _{2.5} 中水溶性有机气溶胶	黄雯倩, 陈彦彤, 李旭东, 赵竹子, 马帅帅, 叶招莲, 盖鑫磊 (609)
南京市黑碳气溶胶时间演变特征及其主要影响因素	杨晓旻, 施双双, 张晨, 王红磊, 王振彬, 朱彬 (620)
连云港不同功能区挥发性有机物污染特征及臭氧生成潜势	乔月珍, 陈凤, 李慧鹏, 赵秋月 (630)
挥发性有机物污染控制方案的运行费用效能比较	羌宁, 史天哲, 缪海超 (638)
西安市大气降水污染和沉降特征及其来源解析	丁铨, 于兴娜, 侯思宇 (647)
4种动物养殖场空气中抗生素耐药菌的生物多样性及群落结构	沙云菲, 孙兴滨, 辛文鹏, 高浩泽, 程首涛, 高敏, 王旭明 (656)
辽宁省2000~2030年机动车排放清单及情景分析	金嘉欣, 孙世达, 王芃, 林应超, 王婷, 吴琳, 魏宁, 常俊雨, 毛洪钧 (665)
国六柴油机DPF再生时VOCs排放特性	钱枫, 薛常鑫, 许小伟, 马东, 李朋, 祝能 (674)
南小河流域地表水和地下水的稳定同位素和水化学特征及其指示意义	郭亚文, 田富强, 胡宏昌, 刘亚平, 赵思晗 (682)
乐安河中下游重金属时空分布特征及风险评价	余杨, 吕雅宁, 王伟杰, 渠晓东, 刘聚涛, 温春云 (691)
温榆河水环境质量与浮游植物群落结构的时空变化及其相互关系	朱利英, 陈媛媛, 刘静, 王亚炜, 王春荣, 魏源送, 张育新 (702)
新安江水库河口区水质及藻类群落结构高频变化	宣文怡, 朱广伟, 黎云祥, 吴志旭, 郑文婷, 兰佳, 王裕成, 许海, 朱梦圆 (713)
环渤海芦苇湿地磷的吸附容量及释放风险评估	宋佳伟, 徐刚, 张扬, 吕迎春 (728)
洱海藻类水华高风险期沉积物氮磷释放通量时空变化	刘思儒, 赵继东, 肖尚斌, 倪兆奎, 王圣瑞 (734)
西安市降雪中DOM荧光特性和来源分析	杨毅, 韩丽媛, 刘焕武, 雷颖, 李兢, 徐会宁 (743)
透水砖铺装的设施构造对运行效果的影响	张佳炜, 刘勇, 金建荣, 李田 (750)
微米SiC/石墨烯复合物光催化降解罗丹明B	朱红庆, 杨兵, 魏世强, 杨静静, 张进忠 (756)
锰铁改性针簇莫来石对水中BPA和EE2的去除	周秋红, 龙天渝, 何靖, 郭劲松, 高俊敏 (763)
载钼磁性水热生物炭的制备及其除磷性能	宋小宝, 何世颖, 冯彦房, 花昀, 唐婉莹, 朱秋蓉, 薛利红, 杨林章 (773)
复合金属改性生物炭对水体中低浓度磷的吸附性能	孙婷婷, 高菲, 小莉, 黎睿, 董磊 (784)
磁性硅藻土负载纳米过氧化钙对水中磷酸盐吸附	徐楚天, 李大鹏, 张帅, 耿雪, 陈丽媛, 宋小君, 郭超然, 黄勇 (792)
污水厂尾水受纳河段沉积物磷形态及释放风险效应	汤宁, 李如忠, 王丰庆, 何瑞亮, 刘超 (801)
生物膜生态浮床对城市尾水净化特征分析	赵志瑞, 张佳瑶, 李铎, 李方红 (809)
磁凝凝对市政污水中抗生素抗性基因和重金属抗性基因的削减效能	于雯超, 郑利兵, 魏源送, 王哲晓, 张鹤清, 黄光华, 焦赞仪, 吴振军 (815)
四环素抗生素对污泥中四环素抗性基因丰度和表达水平的作用影响	阮晓慧, 钱雅洁, 薛罡, 高品 (823)
异养硝化细菌Pseudomonas aeruginosa YL的脱氮过程及N ₂ O产生特性	杨垒, 崔坤, 任勇翔, 郭淋凯, 张志昊, 肖倩, 陈宁, 汪旭晖 (831)
包埋厌氧氨氧化菌的环境因子影响特性及群落结构分析	王晓瞳, 杨宏, 苏杨, 刘旭妍 (839)
包埋反硝化填料强化二级出水深度脱氮性能研究及中试应用	周亚坤, 杨宏, 王少伦, 何海超, 刘宗跃, 苏扬, 张辉 (849)
厌氧时间对间歇进水-间歇曝气的好氧颗粒污泥系统影响	张杰, 王玉颖, 李冬, 曹思雨, 李帅 (856)
除磷颗粒诱导的同步短程硝化反硝化除磷颗粒污泥工艺	李冬, 刘博, 王文琪, 张杰 (867)
桂西南地区地球化学异常区农田重金属空间分布特征及污染评价	王佛鹏, 肖乃川, 周浪, 虎瑞, 宋波 (876)
青藏高原表土重金属污染评价与来源解析	杨安, 王艺涵, 胡健, 刘小龙, 李军 (886)
黄河三角洲不同植物群落土壤酶活性特征及影响因子分析	莫雪, 陈斐杰, 游冲, 刘福德 (895)
管理措施对黄土高原油松人工林土壤水溶性碳氮及其三维荧光特征的影响	宋亚辉, 张娇阳, 刘鸿飞, 薛蕊, 李秧秧 (905)
生物炭输入对不同滨岸带土壤营养元素有效态变化的影响	周慧华, 袁旭音, 熊钰婷, 韩年, 叶宏萌, 陈耀祖 (914)
水热炭减少稻田氨挥发损失的效果与机制	余姗, 薛利红, 花昀, 李德天, 谢斐, 冯彦房, 孙庆业, 杨林章 (922)
接种菌根真菌对湿生植物根际土壤硝化反硝化活性的影响及其微生物机制	刘猷, 王磊, 曹湛波, 段灏 (932)
基于漂浮箱法和扩散模型测定淡水养殖鱼塘甲烷排放通量的比较	胡涛, 黄健, 丁颖, 孙志荣, 徐梦凡, 刘树伟, 邹建文, 吴双 (941)
超高效液相色谱串联质谱法同时测定叶菜中13种抗生素	陈乾, 刘洋, 肖丽君, 邹德玉, 刘海学, 吴惠惠 (952)
青菜中镉的吸收和累积对硒的响应规律	余焱, 罗丽韵, 刘哲, 付平南, 李花粉 (962)
两种不同镉富集能力油菜品种耐性机制	卞建林, 郭俊梅, 王学东, 杨俊兴, 杨军, 陈同斌, 曹柳, 成永霞, 任战红, 王杰, 周小勇 (970)
可生物降解螯合剂GLDA强化三叶草修复镉污染土壤	贺玉龙, 余江, 谢世前, 李佩柔, 周宽, 何欢 (979)
我国畜禽粪便重金属含量特征及土壤累积风险分析	穆虹宇, 庄重, 李彦明, 乔玉辉, 陈清, 熊静, 郭丽莉, 江荣凤, 李花粉 (986)
畜禽粪便和桃树枝工业化堆肥过程中微生物群落演替及其与环境因子的关系	蔡涵冰, 冯雯雯, 董永华, 马中良, 曹慧锦, 孙俊松, 张保国 (997)
4种粪便堆肥过程中抗生素的降解特性	朱为静, 朱凤香, 王卫平, 洪春来, 姚燕来 (1005)
《环境科学》征订启事	(553)
《环境科学》征稿简则	(655)
信息	(664, 755, 885)

4种动物养殖场空气中抗生素耐药菌的生物多样性及群落结构

沙云菲^{1,2}, 孙兴滨^{1*}, 辛文鹏³, 高浩泽², 程首涛², 高敏^{2*}, 王旭明²

(1. 东北林业大学林学院, 哈尔滨 150040; 2. 北京市农林科学院北京农业生物技术研究中心, 北京 100097; 3. 北京正大蛋业有限公司, 北京 101206)

摘要: 动物集约化养殖场可向空气环境释放大量微生物, 包括抗生素耐药菌甚至是耐药致病菌, 危害动物和工人健康并污染周边空气环境. 针对以上问题, 本研究以四环素和红霉素耐药菌为例, 对动物养殖场空气颗粒物负载抗生素耐药菌的生物多样性以及群落结构展开研究. 基于高通量测序技术, 对比分析动物舍内与舍外颗粒物, 以及粪便样品中抗生素耐药菌的生物学差异, 并研究驱动以上差异的关键菌属. 结果表明, 整体上养殖场空气颗粒物负载红霉素耐药菌的生物多样性高于四环素耐药菌, 舍内空气颗粒物负载生物多样性高于粪便样品. 细颗粒物和粗颗粒物负载抗生素耐药菌的生物多样性和群落结构均无显著差异. *Actinobacteria* 是导致红霉素耐药菌和其他细菌群落差异的关键菌门之一, *Staphylococcus* 是四环素耐药菌区别于红霉素耐药菌和全部细菌菌群的关键菌属之一. 群落结构研究结果显示, 四环素和红霉素耐药菌的优势菌群和群落结构没有显著差异. 但粪便和空气颗粒物负载生物的群落结构在属水平上差异显著, 优势菌门也有所不同. 本研究结果将为准确评估动物养殖场空气环境中抗生素耐药菌污染现状及其生态风险提供基础数据.

关键词: 生物气溶胶; 四环素耐药菌; 红霉素耐药菌; 生物多样性; 动物养殖场

中图分类号: X172; X513 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2020)02-0656-09 DOI: 10.13227/j.hjxx.201907049

Bacterial Diversity and Community Structure Antibiotic-resistant Bacteria in Bioaerosol of Animal Farms

SHA Yun-fei^{1,2}, SUN Xing-bin^{1*}, XIN Wen-peng³, GAO Hao-ze², CHENG Shou-tao², GAO Min^{2*}, WANG Xu-ming²

(1. College of Forestry, Northeast Forestry University, Harbin 150040, China; 2. Beijing Agricultural Biotechnology Research Center, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100097, China; 3. Beijing CP Egg Industry Co., Ltd., Beijing 101206, China)

Abstract: Confined animal feeding operations generate high concentrations of airborne antibiotic-resistant bacteria, including pathogenic strains that may pose a health risk to both animals and farm workers and pollute the local air environment. In this study, tetracycline and erythromycin-resistant bacteria were used as examples to study the biodiversity and community structure of airborne antibiotic-resistant bacteria in animal farms. The Anderson sampler was used to collect bioaerosols samples from the inside environment and outside atmospheric environments. A comparative analysis of biological differences of antibiotic-resistant bacteria was conducted on fine and coarse particles, bioaerosol samples inside the house, fecal samples, and inside and outside bioaerosol samples based on the result of the Illumina MiSeq sequencing. The key genus that drives the above differences was also studied. Results showed that the biodiversity of airborne erythromycin-resistant bacteria was higher than that of airborne tetracycline-resistant bacteria, and the biodiversity of bioaerosol samples in the house was higher than that in fecal samples. There were no significant differences in the biodiversity and community structure of airborne antibiotic-resistant bacteria between fine and coarse particles. *Actinobacteria* is one of the key bacteria responsible for the differences between erythromycin-resistant bacteria and other bacterial populations. *Staphylococcus* is one of the key genera of tetracycline-resistant flora that is distinguished from erythromycin resistance and all bacterial flora. The results of the community structure showed that there was no significant difference in the dominant flora and the community structure of tetracycline and erythromycin-resistant bacteria. The community structure of feces and bioaerosol samples is different at the genus level, and the dominant bacteria are likewise different. The results of this study provide basic data for the accurate assessment of the current status of antibiotic-resistant bacteria in animal farms and their ecological risks.

Key words: bioaerosol; tetracycline-resistant bacteria; erythromycin-resistant bacteria; biodiversity; animal farms

目前,集约化养殖方式被广泛应用于动物养殖业.然而,集约化养殖过程可产生高浓度的气体污染物,如氨、硫化物^[1]以及微生物等.空气中的微生物通常以颗粒物为载体,其中含有多种微生物,甚至包括链球菌、肠球菌和大肠杆菌等人类条件致病菌^[2].在养殖动物和工人的活动、场内设备的运转、

收稿日期: 2019-07-05; 修订日期: 2019-09-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(51878053); 家禽产业技术体系北京市创新团队专项(BAIC04-2019); 北京市农林科学院青年基金项目(QNJ201905); 国家重点研发计划项目(2016YFD0800205, 2017YFD0801402)

作者简介: 沙云菲(1994~),女,硕士研究生,主要研究方向为环境抗生素耐药菌与耐药基因, E-mail: fei2010520@qq.com

* 通信作者, E-mail: sunxingbin1025@163.com; gm_baafs@126.com

风化和腐蚀等作用下,动物粪便,垫料以及饲料中的微生物很容易经气溶胶化过程逸散至空气中. 动物粪便被认为是养殖场空气环境中微生物的主要来源^[3].

中国是世界上最大的抗生素生产国和消费国, 2013 年中国抗生素消费量高达 92 700 t^[4], 其中约 48% 用于畜牧业、农业和水产养殖^[5]. 目前, 用于治疗疾病的抗生素在动物养殖场已经得到了严格监控. 而非治疗性用途的抗生素, 如促进动物生长和提高饲料转化率, 则没有得到有效监管^[6]. 过量抗生素因无法被动物吸收而通过粪便排入到环境中^[7,8], 导致耐药菌和多重耐药细菌的产生^[9]. 最终, 这些耐药菌中的抗生素抗性基因可能通过水平转移传播给环境中的其他微生物^[10].

空气为养殖场和环境之间污染物的传播提供了有效途径^[9,11]. 导致养殖场空气中的抗生素耐药菌不仅危害动物和工人健康, 还会对周边空气环境造成生态风险^[12]. 已有研究结果表明, 养殖场空气中含有浓度较高的抗生素耐药菌, 其中不乏抗生素耐药性的人类条件致病菌. 例如, 北京周边肉鸡和生猪舍内空气中的红霉素和四环素耐药菌分别高达 10^3 和 10^4 CFU·m⁻³^[13]. 98% 的养猪场舍内空气中的 *Staphylococcus* 和 *Streptococcus* 对 2 种以上的抗生素具有抗药性^[14]. 其中, *Staphylococcus aureus* 作为一种常见人畜共患条件致病性菌, 空气中该菌被检测出具有广泛的多重耐药性. 67% 的猪场空气以及养殖工人鼻腔内都检出了 *Staphylococcus aureus*^[15, 16]. 利用抗生素选择性培养法和高通量测序技术, 研究人员掌握了鸡粪和猪粪中主要抗生素耐药菌的组成^[17], 但目前并没有关于养殖空气中的抗生素耐药菌组成的研究报道, 其与动物粪便中抗生素耐药菌的关系也有待说明.

针对以上情况, 本研究对生猪、肉牛、蛋鸡和肉鸡这 4 种动物养殖场的颗粒物和粪便样品进行采集, 利用选择性培养基对其中的红霉素和四环素耐药菌进行筛选和富集. 在此基础上系统分析了动物种类, 抗生素选择性, 粒径分布对抗生素耐药菌优势菌群以及生物多样性的影响, 以期评估动物养殖场空气的生物污染现状, 解析其主要来源提供研究基础.

1 材料与方法

1.1 采样地点

本研究的采样时间为 2017 年 8 ~ 10 月, 地点为北京市平谷、密云和怀柔这 3 个区的 16 家养殖场, 具体包括 4 个猪场(存栏量: 50 ~ 400 头)、4 个牛场

(存栏量: 30 ~ 400 头)、4 个蛋鸡场(存栏量: 4000 ~ 10000 只)和 4 个肉鸡场(存栏量: 4 500 ~ 18 000 只). 其中, 每个养殖场采样 1 次, 3 个生物学重复. 共采集包括动物粪便, 舍内气溶胶和舍外气溶胶在内的 192 个样品. 采用 WD-35612 温湿计(OAKTON, Germany)对采样时的空气温度和相对湿度进行测量, 数值范围分别为 21 ~ 31℃ 和 41% ~ 61%.

1.2 样品收集与细菌培养

采用六级撞击式采样器(辽阳, 中国)采集空气中生物粒子, 采集高度距地面 1.5 m. 该采样器可采集 6 个粒径范围的生物粒子, 分别为 I 级: > 7.0 μm, II 级: 4.7 ~ 7.0 μm, III 级: 3.3 ~ 4.7 μm, IV 级: 2.1 ~ 3.3 μm, V 级: 1.1 ~ 2.1 μm, VI 级: 0.65 ~ 1.1 μm. 根据以往文献报道, I ~ III 级收集的粒子被定义为粗颗粒, IV ~ VI 级收集的粒子被定义为细颗粒^[18]. 经前期优化, 总细菌和抗生素耐药菌的采样时间分别为 1 min 和 2 min, 空气采集流量为 28.3 L·min⁻¹. 每次采样前利用流量计对采样泵流量进行校准(余姚, 浙江). 每个采样点采集全细菌、四环素耐药和红霉素耐药菌这 3 种空气微生物, 每种微生物设置 3 次重复. 分别使用无抗生素的 LB 营养琼脂培养基, 以及含有一定浓度红霉素和四环素的选择性 LB 营养琼脂培养基. 其中, 四环素和红霉素在 LB 营养琼脂中的终浓度分别为 16 μg·mL⁻¹ 和 48 μg·mL⁻¹^[19]. 气体样品采集完成后, 立即将培养皿密封送至实验室培养, 培养条件为 28℃, 48 h. 粪便样品采集依照 5 点法, 完成后将样品放入冰盒中迅速送至实验室.

1.3 DNA 提取与 PCR 扩增

将每个采样点的 3 个重复中的菌落刮下后转移至含有 1.5 mL 缓冲液的无菌离心管中, 振荡混匀后利用试剂盒提取 DNA (MoBio Laboratories, Carlsbad, CA), 并对 DNA 浓度进行检测 (QuantiFluor™-ST, Promega, USA). 利用 PCR 对细菌 16S rRNA 的 V3-V4 区扩增, 引物为 338F (5'-ACTCCTACGGGAGGCAGCAG-3') 和 806R (5'-GGACTACHVGGGTWTCTAAT-3'). 反应条件为: 98℃ 预变性 3 min, 95℃ 变性 30 s, 55℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 45 s (27 个循环), 72℃ 延伸 10 min. PCR 产物用 2% 的琼脂糖进行电泳检测.

1.4 Illumina MiSeq 测序与数据处理

根据已有报道对 Illumina MiSeq 测序数据进行处理^[2]. 序列结果上传至 NCBI 数据库中, 登录号为 SRP 079945. OTU 分析具体步骤如下: ①对优化序列提取非重复序列, 便于降低分析中间过程冗余计

算量 (<http://drive5.com/usearch/manual/dereplication.html>); ②去除没有重复的单序列 (<http://drive5.com/usearch/manual/singletons.html>); ③按照 97% 相似性对非重复序列(不含单序列)进行 OTU 聚类,在聚类过程中去除嵌合体,得到 OTU 的代表序列; ④将所有优化序列 map 至 OTU 代表序列,选出与代表序列相似性在 97% 以上的序列,生成 OTU 表格. 本研究中箱型图和柱形图在 Origin (8.5) 中生成. LEfSe (linear discriminant analysis effect size) 和热图在 I-Sanger (<http://www.i-sanger.com/tool/index.html>) 中分析和构建. Procrustes analysis(基于 Bray-Curtis 算法)和 ANOVA 分析通过 vegan v. 2.3-0 完成. P 值 <0.05 被认为在统计学上具有显著性.

2 结果与讨论

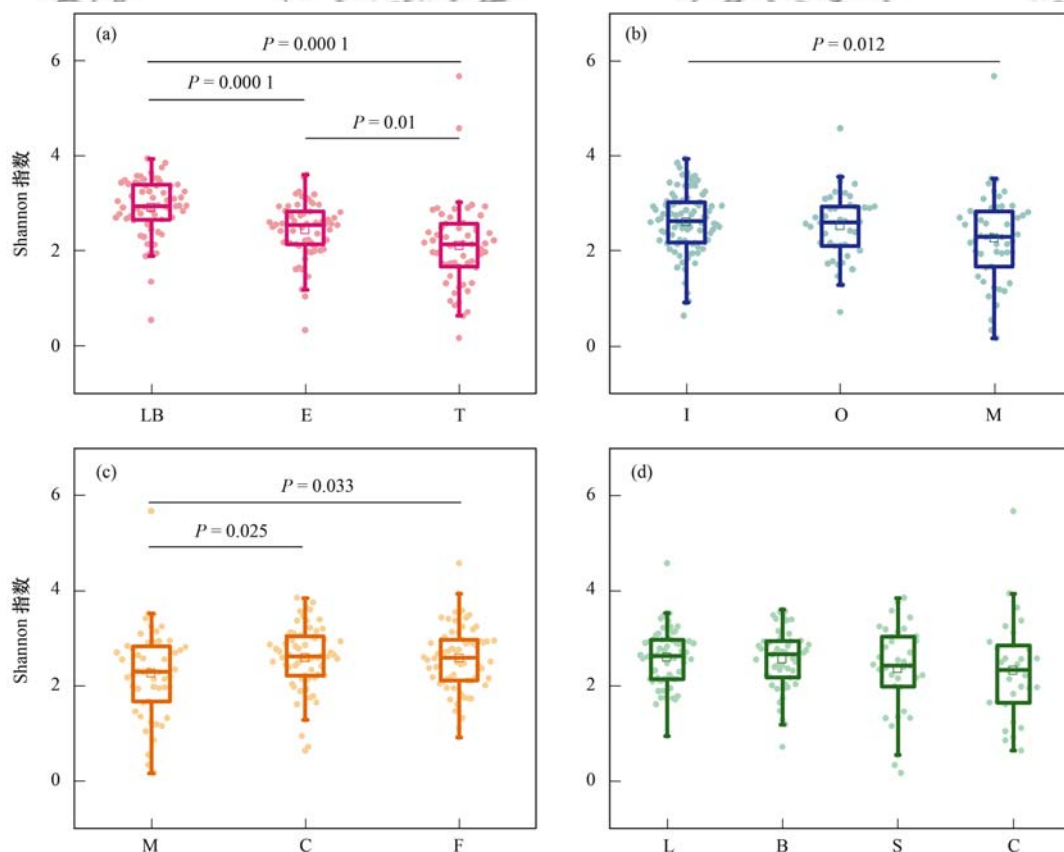
2.1 养殖场空气和粪便中抗生素耐药菌的生物多样性研究

首先对所采集样品细菌群落的生物多样性指数 (Shannon 指数) 进行分析,结果如图 1 所示. 为了分别考察抗生素耐药性,空气颗粒物粒径以及动物种

类对生物多样性指数的影响,对数据进行分组分析,相应的 Shannon 数值和差异显著性分析结果分别如图 1 所示.

空气颗粒物负载总细菌,红霉素和四环素耐药菌的生物多样性差异结果如图 1(a) 所示. 整体上总细菌的生物多样性显著高于红霉素耐药菌和四环素耐药菌 ($P=0.0001$, ANOVA),这是由于全部细菌中只有部分微生物对抗生素有耐药性. 2 种耐药菌的对比分析结果显示,红霉素耐药菌群的 Shannon 指数显著高于四环素耐药菌群 ($P=0.01$). 目前关于空气中抗生素耐药菌生物多样性的相关研究尚未见相关报道. Yang 等^[17]对我国鸡场和猪场粪便样品中抗生素耐药菌展开研究,发现红霉素耐药菌的检出率最高 (96.97%, 32/33),且高于四环素耐药菌的检出率 (78.79%, 26/33),该研究结果与本文一致,综合分析可知动物养殖环境中粪便和空气中红霉素耐药菌群的生物多样性普遍较为丰富.

对粪便,舍内空气和舍外空气样品中 Shannon 指数进行对比分析[图 1(b)],结果显示舍内和舍外空气中生物气溶胶的 Shannon 指数分别为 $2.61 \pm$



(a) LB 表示总细菌;E 表示红霉素耐药菌;T 表示四环素耐药菌;(b) I 表示舍内空气;O 表示舍外空气;M 表示粪便;(c) M 表示粪便;C 表示粗颗粒物;F 表示细颗粒物;(d) L 表示蛋鸡;B 表示肉鸡;S 表示猪;C 表示牛; $P < 0.05$ 表示差异显著

图 1 不同种类样品之间生物多样性指数 (Shannon 指数) 对比分析

Fig. 1 Difference of Shannon indices among different samples

0.67 和 2.52 ± 0.72 , 二者数值接近且无统计学差异 ($P > 0.05$). 其中, 舍内空气样品的 Shannon 指数显著高于粪便样品 ($P = 0.012$, 2.27 ± 0.95), 说明舍内空气微生物的多样性较粪便样品更为丰富. 虽然动物粪便一直被认为是空气中微生物的主要来源^[3, 17], 本研究关于生物多样性的结果显示舍内空气中抗生素耐药菌除了动物粪便以外, 可能还存在其他来源.

鉴于细颗粒物和粗颗粒物沉降在人体肺部的位置不同^[20], 本研究对舍内空气中两种不同粒径颗粒物负载细菌的生物多样性进行对比分析. 结果显示, 2 种粒径空气样品的多样性指数均高于粪便样品 ($P = 0.025$, $P = 0.033$), 但细颗粒和粗颗粒的 Shannon 指数之间并没有统计学上的差异[图 1(c)]. 同时, 本研究也没有检测出动物种类对空气和粪便样品(细菌以及 2 种抗生素耐药菌总和)的显著影响, 这与以往关于粪便中抗生素耐药菌的研究结果相似^[17].

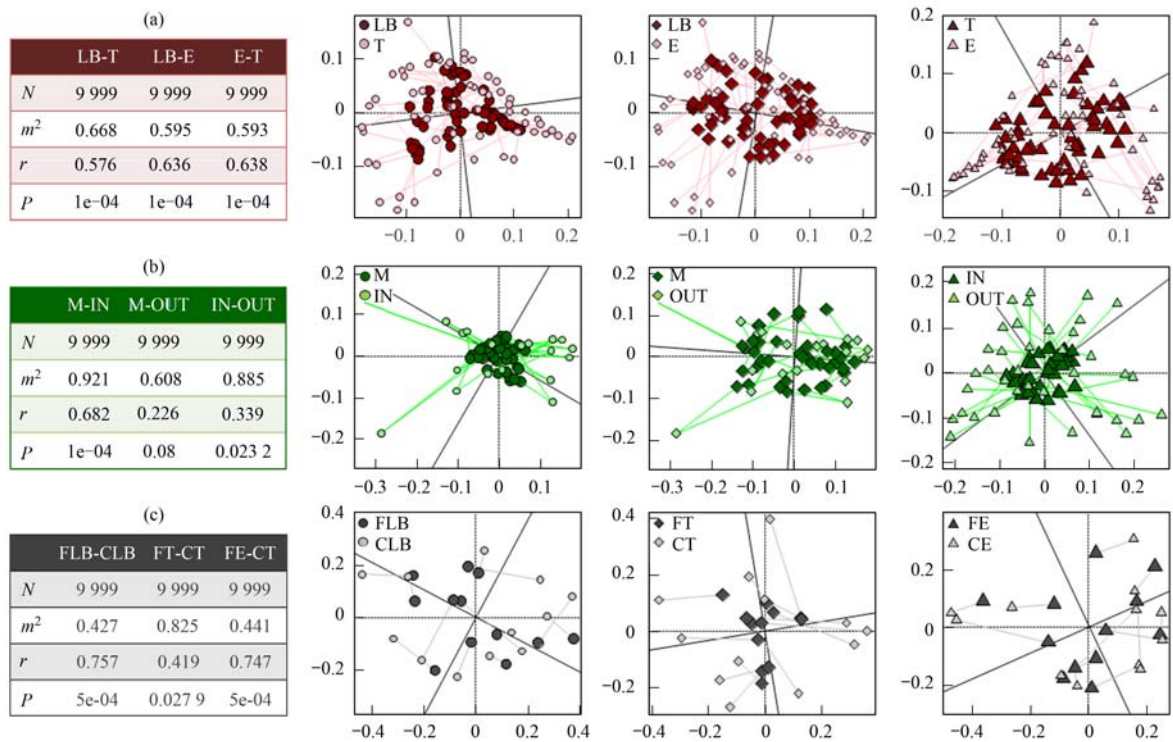
2.2 养殖场空气和粪便中抗生素耐药菌的群落结构研究

基于生物多样性的研究结果, 本研究利用 Procrustes 进一步对比分析了不同抗生素耐药菌, 空气和粪便样品, 以及不同粒径颗粒物负载细菌群落

结构在门水平和属水平上差异, 结果分别如图 2 和图 3 所示.

由图 2 结果可知总细菌与红霉素耐药菌($r = 0.576$, $P = 1e - 04$), 总细菌与四环素耐药菌($r = 0.636$, $P = 1e - 04$)以及红霉素耐药菌与四环素耐药菌($r = 0.638$, $P = 1e - 04$)的群落结构在细菌门水平上均显著相关. 结果显示具有抗生素耐药性的细菌群落结构与总细菌的群落结构在门水平上无显著差异. 分析原因, 主要是抗生素耐药菌在总细菌中所占比较高^[13, 17], 且养殖环境中抗生素耐药菌通常对多种抗生素同时具有耐药性, 即红霉素耐药菌很可能对四环素也具有耐药性. 以往研究对空气中分离的 *Staphylococcus* 和 *Streptococcus* 抗生素耐药性进行分析, 结果表明养猪场舍内空气中高达 98% 的以上菌属对至少 2 种抗生素具有耐药性^[14]. 同时, 前人对动物粪便的研究结果也显示, 18.18% 抗生素耐药菌对 11 种抗生素耐药, 高达 93.94% 的耐药菌对至少 5 种抗生素同时具有耐药性^[17].

对粪便和舍内外样品的相关性研究结果见图 2 (b), 粪便中细菌群落结构(包括总细菌, 四环素和红霉素耐药菌)与舍内空气中细菌群落结构呈显著相关($r = 0.682$, $P = 1e - 04$), 粪便与舍外空气中细



(a) LB:总细菌,E:红霉素耐药菌,T:四环素耐药菌之间的显著相关性;(b) I:舍内气体,O:室外气体,M:粪便样品之间的显著相关性;(c) FLB:细颗粒物样品中的总细菌,CLB:粗颗粒物样品中的总细菌,FT:细颗粒物样品中的四环素耐药菌,CT:粗颗粒物样品中的四环素耐药菌,FE:细颗粒物样品中的红霉素耐药菌,CE:粗颗粒物样品中的红霉素耐药菌之间的显著相关性;其中,表格显示 Procrustes 分析计算结果;N 表示计算的排列组合数; m^2 、 r 和 P 均表示计算结果的统计学显著性程度,下同

图2 细菌群落在门水平上的差异分析

Fig. 2 Procrustes analysis of bacterial composition at phylum level

菌群落的相关性并无统计学意义($r=0.226$, $P=0.08$). 值得注意的是,本研究在舍内外空气细菌的群落结构之间检测到了显著相关性($r=0.339$, $P=0.0232$). 综合分析,本研究结果说明舍内空气中抗生素耐药菌部分来自于动物粪便^[3,21],且舍内的颗粒物负载的生物(包括抗生素耐药菌)可以逸散到舍外,污染周边空气环境.

为深入考察细颗粒物和粗颗粒物群落结构之间的差异,本研究分别对细颗粒物和粗颗粒物负载的总细菌,四环素以及红霉素耐药菌的群落结构之间的相关性进行分析. 由图 2(c)可知,细颗粒和粗颗粒负载的总细菌($r=0.757$, $P=5e-04$)、红霉素耐药菌($r=0.419$, $P=0.0279$)和四环素耐药菌($r=0.747$, $P=5e-04$)群落结构之间均具有显著相关性. 这说明虽然细颗粒物和粗颗粒物可以沉降在人体肺部的不同位置,但 2 种粒径颗粒物携带的细菌和抗生素耐药菌的群落结构在门水平上均无显著差异.

样品间生物群落结构在菌属水平上的差异分析结果如图 3 所示. 与门水平 Procrustes 分析的结果相似,本研究也没有检测到总细菌与红霉素耐药菌($r=0.667$, $P=1e-04$),总细菌和四环素耐药菌($r=0.754$, $P=1e-04$)以及红霉素耐药菌和四环素耐药菌($r=0.731$, $P=1e-04$)的生物群落结构在属水平上的显著差异. 尽管动物养殖场空气中红霉素耐药菌的浓度^[13]和生物多样性[图 3(a)]均高于四环素耐药菌,但是 2 种抗生素耐药菌的群落结构在

属水平[图 3(a)]和门水平上[图 2(a)]均无显著差异. 这与以往对粪便中筛选的抗生素耐药菌群落结构分析结果一致^[17]. 同时,细颗粒和粗颗粒负载微生物(总细菌,红霉素和四环素耐药菌)的群落结构在属水平上也无统计学差异[图 3(c)]. 以往对于不同粒径负载抗生素抗性基因和细菌的群落结构研究也有类似发现^[2],这说明养殖场空气中颗粒物粒径对抗生素耐药菌的群落结构和生物多样性影响并不显著.

图 3(b)显示了粪便样品,舍内和舍外气体样品群落结构之间的差异关系. 本研究在粪便和舍内空气样品的群落结构之间检测到了显著差异($r=0.244$, $P=0.163$). 综合生物多样性(图 1)及门水平群落结构(图 2)分析结果可知,舍内空气和粪便中微生物在门水平上结构相似,但在属水平上存在差异. 这可能由于粪便中微生物在气溶胶化过程,选择性地逸散至空气中. 同时,除动物粪便外,养殖舍内空气中生物可能还有其他来源. 同样,本研究也在舍内外空气细菌群落结构之间检测到了显著相关性($r=0.547$, $P=0.015$),这与蛋鸡和肉鸡舍内外空气样品中抗生素抗性基因的相关性分析结果一致^[22]. 并进一步说明舍内的空气中抗生素耐药菌气溶胶是环境空气中抗生素耐药菌的重要来源. 根据图 3(c)可知细颗粒物和粗颗粒物负载的全部细菌以及 2 种抗生素耐药菌群落结构在属水平上无统计学差异($r=0.761$, $P=1e-04$; $r=0.635$, $P=6e-$

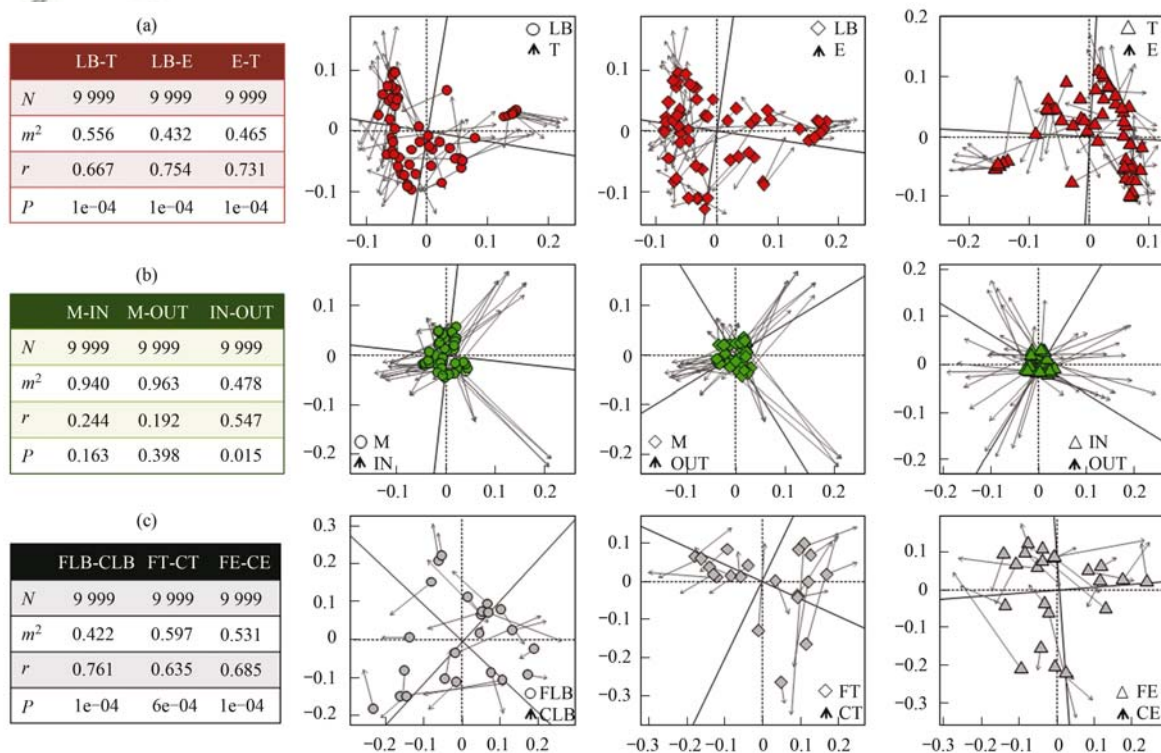


图 3 细菌群落在属水平上的差异分析

Fig. 3 Procrustes analysis of correlations in genera based on Bray-Curtis dissimilarity metrics

04; $r = 0.685$, $P = 1e - 04$).

2.3 动物养殖场粪便和空气中抗生素耐药菌的优势菌群

本研究对动物养殖场中粪便和空气样品中总细

菌、红霉素耐药菌和四环素耐药菌的微生物组成展开研究,对比分析样品间优势门和属的相对丰度差异,以期得到导致样品间生物多样性和群落结构差异性的关键微生物,结果分别如图 4 和 5 所示.

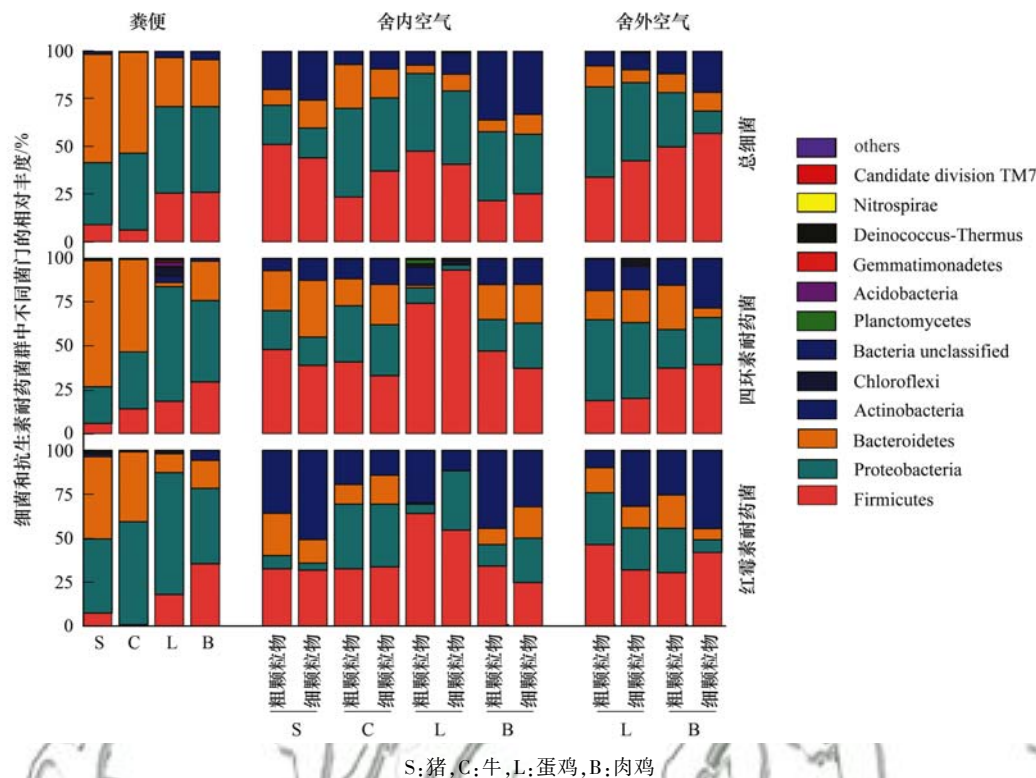


图 4 动物养殖场粪便和空气中总细菌、四环素耐药菌和红霉素耐药菌门水平物种相对丰度

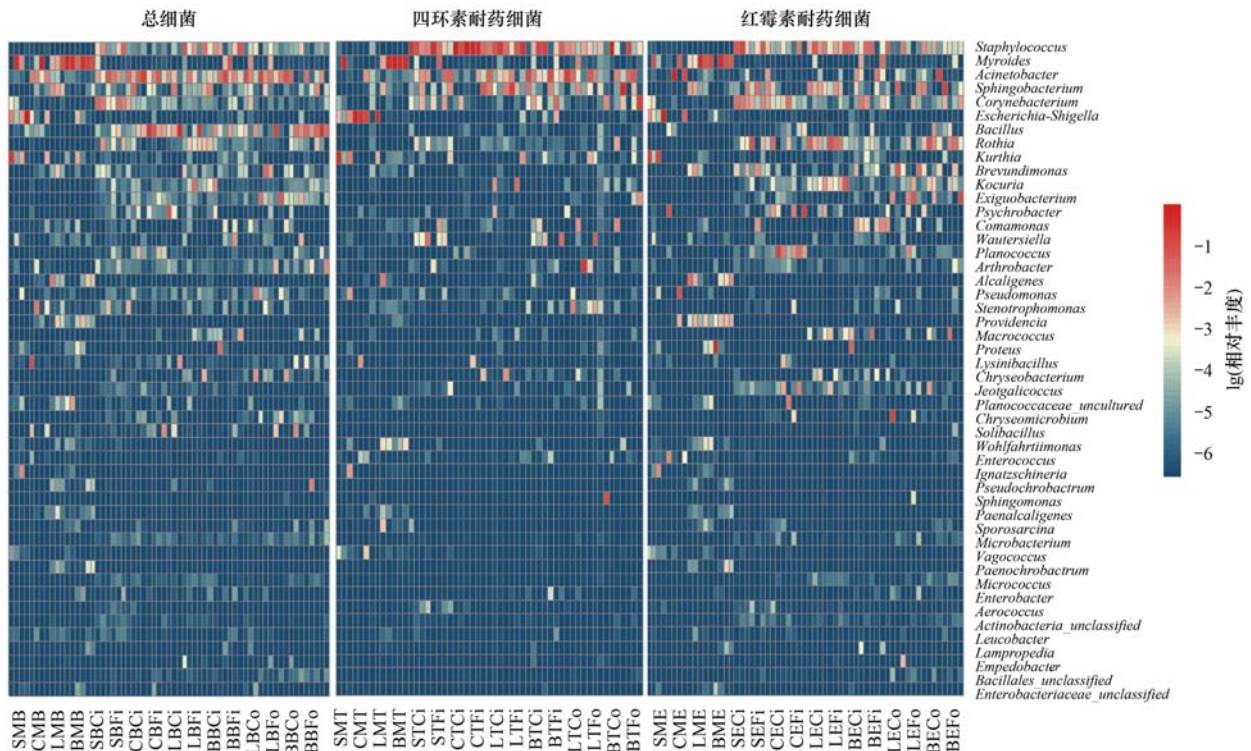
Fig. 4 Relative abundance of phyla in total, erythromycin- and tetracycline-resistant bacteria in fecal and aerosol samples, as assessed by high-throughput sequencing of 16S rRNA genes

不同种类动物养殖场中粪便和空气样品的优势菌群(门水平)分析结果如图 4 所示,从中可知粪便样品和舍内气体样品中优势细菌组成在门水平上存在差异.整体上,粪便样品主要由 Proteobacteria (40.73% ± 5.98%)、Bacteroidetes (40.08% ± 17.23%) 和 Firmicutes (16.69% ± 10.54%) 组成,而颗粒物负载生物样品主要由 Firmicutes (39.46% ± 11.49%), Proteobacteria (32.98% ± 11.71%), Actinobacteria (16.53% ± 10.37%) 和 Bacteroidetes (10.71% ± 4.98%) 组成.结合前部分群落结构分析结果可以发现,虽然粪便和空气样品在门水平上的优势菌群有所不同,但该差异并没有影响二者群落结构.以往研究利用分子生物学方法对家禽养殖场^[2,23]和猪场^[12,24]空气中微生物进行分析,也得到了类似结果,即 Proteobacteria、Firmicutes 和 Actinobacteria 为优势菌门.本研究对动物粪便和养殖场空气中细菌优势菌门的相对丰度进行对比分析,结果显示气体中检测到的 Actinobacteria ($P = 0.023$) 和 Firmicutes ($P = 0.017$) 的相对丰度高于粪便样品.分析原因可能是粪便中微生物的气溶胶

化过程具有选择性,而且某些菌株因其可形成孢子而在空气中存活较长时间^[25].同时本研究发现空气中 Bacteroidetes 相对丰度低于粪便样品 ($P = 0.001$),以往对蛋鸡和肉鸡养殖场的气溶胶的研究也发现类似情况,其中的相对丰度分别为 14.9% 和 4.2%^[12].

利用 LEfSe (linear discriminant analysis effect size),本研究分析了驱动样品群落结构间差异的关键门.线性判别分数(linear discriminant scores)分析结果显示,Actinobacteria 是决定红霉素耐药菌和其他群落差异的一个关键门.这可能是由于该菌门中包含多种具有多重耐药性或能够自身产生抗生素抗性的细菌菌属^[26].Deinococcus-Thermus 菌门是舍内外空气样品区别于舍内和粪便样品的关键门类.在分析粗颗粒物和细颗粒物样品群落结构的门水平差异时,Firmicutes 和 Actinobacteria 是两个关键的菌门.

本研究通过热图对前 50 个优势菌属的相对丰度进行分析(图 5),整体上抗生素耐药菌和全部细菌的优势菌属种类和相对丰度没有明显差别,2 种抗生素



每张图的前 4 列是粪便样品,名称的缩写由 3 个字母组成,分别代表动物类型、样品类型和抗生素耐药类型,第 1 个字母 S、C、L 和 B 分别代表猪、牛、蛋鸡和肉鸡,第 2 个字母 M 和 B 分别代表粪便和气体,第 3 个字母表示 B、T 和 E 分别代表总菌、四环素和红霉素;每张图其余 12 列为气体样品,第 2 个字母 F 和 C 分别代表细颗粒和粗颗粒物,第 4 个字母 I 和 O 分别代表舍内和舍外样品

图 5 动物养殖场粪便和空气样品中前 50 个优势细菌种属的相对丰度分布

Fig. 5 Relative abundance of top 50 bacteria in aerosols and manures from four types of animal farms

耐药菌之间也无显著不同,而粪便和空气样品的优势菌属之间存在明显差异.其中,粪便样品中以 *Myroides* ($0.32\% \pm 0.32\%$)、*Escherichia-Shigella* ($0.14\% \pm 0.26\%$)、*Kurthia* ($0.08\% \pm 0.17\%$)、*Acinetobacter* ($0.05\% \pm 0.14\%$) 和 *Alcaligenes* ($0.04\% \pm 0.08\%$) 为优势菌属,而空气颗粒物负载生物中以 *Staphylococcus* ($0.19\% \pm 0.22\%$)、*Acinetobacter* ($0.13\% \pm 0.15\%$)、*Sphingobacterium* ($0.08\% \pm 0.12\%$)、*Corynebacterium* ($0.07\% \pm 0.09\%$) 和 *Bacillus* ($0.06\% \pm 0.13\%$) 为优势菌属.以往研究在养鸡场空气中同样检测到以上优势属^[27],这说明不同动物空气中的优势菌属存在相似性.

利用 LEfSe 对驱动不同样品群落结构差异的关键菌属进行分析,结果显示粪便样品中 *Myroides* ($P < 0.001$)、*Escherichia-Shigella* ($P < 0.001$) 和 *Kurthia* ($P < 0.001$) 丰度较高,其中 *Myroides* 和 *Escherichia-Shigella* 也是鸡粪和猪粪中可培养耐药菌中的优势菌属^[17]. *Staphylococcus* ($P < 0.001$)、*Acinetobacter* ($P < 0.001$)、*Bacillus* ($P = 0.002$) 和 *Rothia* ($P < 0.001$) 是导致空气样品与粪便样品之间差异的 4 个关键菌属,他们在空气中的相对丰度显著高于粪便.值得注意的是, *Staphylococcus* 可以通过养殖场工人鼻黏膜携带而传播,具有很高的环境健

康风险^[16],因此舍内空气中该菌属的检出需引起关注.舍外气溶胶中 *Brevundimonas* ($P < 0.05$)、*Planococcus* ($P = 0.01$) 和 *Arthrobacter* ($P < 0.05$) 的相对丰度高于舍内.细颗粒物和粗颗粒物负载微生物的 LEfSe 结果显示, *Staphylococcus* 是养殖场空气中粗颗粒物负载微生物的关键菌属.作为一种与人类致病菌相关的菌属, *Sphingobacterium* 被鉴定为细颗粒负载微生物的关键属.

同时本研究还发现 *Staphylococcus* 也是四环素耐药菌区别于红霉素耐药菌和全部细菌的关键菌属.该发现证实了已有研究结果,鸡场^[20]和猪场^[12]空气环境中 *Staphylococcus* 的相对丰度最高,其中对甲氧西林具有耐药性的丰度高达 41.99%^[28].同时,图 5 结果显示在抗生素耐药菌中也存在其他多种与人类条件致病菌相关的菌属,如 *Acinetobacter*、*Sphingobacterium*、*Corynebacterium*、*Bacillus*、*Escherichia-Shigella* 和 *Enterococcus*.综合本研究结果,发现所调查 4 种动物养殖场空气中抗生素耐药菌污染严重,并且富含大量具有抗生素耐药菌性的人类条件致病菌.

3 结论

本研究对 4 种动物养殖场空气颗粒物和粪便中

抗生素耐药细菌进行选择培养,对其生物多样性,群落结构以及优势菌群的差异进行对比分析。结果表明,红霉素耐药菌的生物多样性要高于四环素耐药菌,但二者群落结构无显著差异。粗颗粒物和细颗粒负载抗生素耐药菌的生物多样性和群落结构均无显著差异。粪便和空气中抗生素耐药菌的优势菌群存在差异。本研究结果表明所调查 4 种动物养殖场的空气环境均受到抗生素耐药菌包括抗生素耐药的人类病原体的污染。不同类型样品生物特性之间的关系分析结果,有助于人们全面理解畜禽养殖场空气中抗生素耐药菌细菌的来源。

参考文献:

- [1] Kumari P, Woo C, Yamamoto N, *et al.* Variations in abundance, diversity and community composition of airborne fungi in swine houses across seasons [J]. *Scientific Reports*, 2016, **6**: 37929.
- [2] Gao M, Jia R Z, Qiu T L, *et al.* Size-related bacterial diversity and tetracycline resistance gene abundance in the air of concentrated poultry feeding operations [J]. *Environmental Pollution*, 2016, **220**: 1342-1348.
- [3] Kumari P, Choi H L. Seasonal variability in airborne biotic contaminants in swine confinement buildings [J]. *PLoS One*, 2014, **9**(11): e112897, doi: 10.1371/journal.pone.0112897.
- [4] Qiao M, Ying G G, Singer A C, *et al.* Review of antibiotic resistance in China and its environment [J]. *Environment International*, 2018, **110**: 160-172.
- [5] Luo Y, Mao D Q, Rysz M, *et al.* Trends in antibiotic resistance genes occurrence in the Haihe River, China [J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, **44**(19): 7220-7225.
- [6] Wegener H C. Antibiotics in animal feed and their role in resistance development [J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2003, **6**(5): 439-445.
- [7] Fang H, Han Y L, Yin Y M, *et al.* Variations in dissipation rate, microbial function and antibiotic resistance due to repeated introductions of manure containing sulfadiazine and chlortetracycline to soil [J]. *Chemosphere*, 2014, **96**: 51-56.
- [8] 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.
- [9] 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.
- [10] Sommer M O A. Microbiology: barriers to the spread of resistance [J]. *Nature*, 2014, **509**(7502): 567-568.
- [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] 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.
- [13] 张兰河, 贺雨伟, 陈默, 等. 畜禽养殖场空气中可培养抗生素耐药菌污染特点研究 [J]. *环境科学*, 2016, **37**(12): 4531-4537.
- [14] Zhang L H, He Y W, Chen M, *et al.* Pollution characteristics of antibiotic resistant bacteria from atmospheric environment of animal feeding operations [J]. *Environmental Science*, 2016, **37**(12): 4531-4537.
- [15] Chapin A, Rule A, Gibson K, *et al.* Airborne multidrug-resistant bacteria isolated from a concentrated swine feeding operation [J]. *Environmental Health Perspectives*, 2005, **113**(2): 137-142.
- [16] Davis M F, Pisanic N, Rhodes S M, *et al.* Occurrence of *Staphylococcus aureus* in swine and swine workplace environments on industrial and antibiotic-free hog operations in North Carolina, USA: a one health pilot study [J]. *Environmental Research*, 2018, **163**: 88-96.
- [17] Hatcher S M, Rhodes S M, Stewart J R, *et al.* The prevalence of antibiotic-resistant *Staphylococcus aureus* nasal carriage among industrial hog operation workers, community residents, and children living in their households: North Carolina, USA [J]. *Environmental Health Perspectives*, 2017, **125**(4): 560-569.
- [18] Yang Q X, Tian T T, Niu T Q, *et al.* Molecular characterization of antibiotic resistance in cultivable multidrug-resistant bacteria from livestock manure [J]. *Environmental Pollution*, 2017, **229**: 188-198.
- [19] Gao M, Qiu T L, Jia R Z, *et al.* Concentration and size distribution of viable bioaerosols during non-haze and haze days in Beijing [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2015, **22**(6): 4359-4368.
- [20] Yang Q X, Zhang H, Guo Y H, *et al.* Influence of chicken manure fertilization on antibiotic-resistant bacteria in soil and the endophytic bacteria of Pakchoi [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2016, **13**(7): 662.
- [21] Kawanaka Y, Tsuchiya Y, Yun S J, *et al.* Size Distributions of polycyclic aromatic hydrocarbons in the atmosphere and estimation of the contribution of ultrafine particles to their lung deposition [J]. *Environmental Science & Technology*, 2009, **43**(17): 6851-6856.
- [22] 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.
- [23] 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.
- [24] 高敏, 仇天雷, 秦玉成, 等. 养鸡场空气中抗性基因和条件致病菌污染特征 [J]. *环境科学*, 2017, **38**(2): 510-516.
- [25] Gao M, Qiu T L, Qin Y C, *et al.* Sources and Pollution characteristics of antibiotic resistance genes and conditional pathogenic bacteria in concentrated poultry feeding operations [J]. *Environmental Science*, 2017, **38**(2): 510-516.
- [26] O'Brien K M, Chimenti M S, Farnell M, *et al.* High throughput genomic sequencing of bioaerosols in broiler chicken production facilities [J]. *Microbial Biotechnology*, 2016, **9**(6): 782-791.
- [27] Kristiansen A, Saunders A M, Hansen A A, *et al.* Community structure of bacteria and fungi in aerosols of a pig confinement building [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2012, **80**(2): 390-401.
- [28] Wéry N. Bioaerosols from composting facilities-a review [J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2014, **4**: 42.
- [29] Su J Q, Wei B, Ou-Yang W Y, *et al.* Antibiotic Resistome and its association with bacterial communities during sewage sludge composting [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**

- (12): 7356-7363.
- [27] 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.
- [28] 韩帅, 孙兴滨, 陈默, 等. 鸡场空气及粪便中耐甲氧西林金黄色葡萄球菌(MRSA)的分布特征与影响因素[J]. *农业环境科学学报*, 2018, **37**(1): 148-156.
- Han S, Sun X B, Chen M, *et al.* Methicillin-resistant staphylococcus aureus (MRSA) in the air environment and feces from poultry feeding operations[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2018, **37**(1): 148-156.

《环境科学》再获“百种中国杰出学术期刊”称号

2019年11月19日,中国科技论文统计结果发布会在北京举行,会议公布了“百种中国杰出学术期刊”获奖名单.《环境科学》连续18次荣获“百种中国杰出学术期刊”称号.“百种中国杰出学术期刊”是根据中国科技学术期刊综合评价指标体系进行评定.该体系利用总被引频次、影响因子、基金论文比、他引总引比等多个文献计量学指标进行统计分析,对期刊分学科进行评比,其评价结果客观公正,为我国科技界公认,并具有广泛影响.

环境科学

CONTENTS

Influencing Factors of Long-term Variations on Gridded PM _{2.5} of Typical Regions in China Based on GAM Model	NAN Yang, ZHANG Qian-qian, ZHANG Bi-hui (499)
Gridded Atmospheric Emission Inventory of PCDD/Fs in China	CHEN Lu-lu, HUANG Tao, CHEN Kai-jie, <i>et al.</i> (510)
Spatio-Temporal Variations and Source Apportionment of Carbonaceous Species in PM _{2.5} Across Multiple Sampling Locations in the Chengdu Plain	SHI Fang-tian, LUO Bin, ZHANG Wei, <i>et al.</i> (520)
Diurnal Variations and Source Apportionment of Water-soluble Ions in PM _{2.5} During Winter in Nanjing Jiangbei New Area	QIU Chen-chen, YU Xing-na, DING Cheng, <i>et al.</i> (529)
Characterization, Seasonal Variation, and Source Apportionments of Particulate Amines (PM _{2.5}) in Northern Suburb of Nanjing	LI Xu-jie, SHI Xiao-wen, MA Yan, <i>et al.</i> (537)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of <i>n</i> -Alkanes and PAHs in Summertime PM _{2.5} at Background Site of Yangtze River Delta	XUE Guo-yan, WANG Ge-hui, WU Can, <i>et al.</i> (554)
Source Apportionment and Health Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in PM _{2.5} in Changchun City, Autumn of 2017	ZHANG Yi-xuan, CAO Fang, ZHENG Han, <i>et al.</i> (564)
Heavy Pollution Characteristics and Assessment of PM _{2.5} Predicted Model Results in Beijing-Tianjin-Hebei Region and Surrounding Areas During November 23 to December 4, 2018	ZHU Yuan-yuan, GAO Yu-xiao, CHAI Wen-xuan, <i>et al.</i> (574)
Analysis of Characteristics and Meteorological Influence Factors of Ozone Pollution in Henan Province	QI Yan-jie, YU Shi-jie, YANG Jian, <i>et al.</i> (587)
Spatio-Temporal Distribution and Variation Characteristics of Aerosol Optical Properties in Henan Province	ZHANG Rui-fang, YU Xing-na (600)
Analysis of Water Soluble Organic Aerosol in Spring PM _{2.5} with Soot Particle Aerosol Mass Spectrometry (SP-AMS)	HUANG Wen-qian, CHEN Yan-tong, LI Xu-dong, <i>et al.</i> (609)
Temporal Evolution and Main Influencing Factors of Black Carbon Aerosol in Nanjing	YANG Xiao-min, SHI Shuang-shuang, ZHANG Chen, <i>et al.</i> (620)
Pollution Characteristics and Ozone Formation Potential of Ambient Volatile Organic Compounds(VOCs) in Summer and Autumn in Different Functional Zones of Lianyungang, China	QIAO Yue-zhen, CHEN Feng, LI Hui-peng, <i>et al.</i> (630)
Operation and Maintenance of Cost-Effective Volatile Organic Compounds Abatement Alternatives	QIANG Ning, SHI Tian-zhe, MIAO Hai-chao (638)
Pollution and Deposition Characteristics of Precipitation and Its Source Apportionment in Xi'an City	DING Cheng, YU Xing-na, HOU Si-yu (647)
Bacterial Diversity and Community Structure Antibiotic-resistant Bacteria in Bioaerosol of Animal Farms	SHA Yun-fei, SUN Xing-bin, XIN Wen-peng, <i>et al.</i> (656)
Vehicle Emission Inventory and Scenario Analysis in Liaoning from 2000 to 2030	JIN Jia-xin, SUN Shi-da, WANG Peng, <i>et al.</i> (665)
VOCs Emission Characteristics of DPF Regeneration in National VI Diesel Engine	QIAN Feng, XUE Chang-xin, XU Xiao-wei, <i>et al.</i> (674)
Characteristics and Significance of Stable Isotopes and Hydrochemistry in Surface Water and Groundwater in Nanxiaohegou Basin	GUO Ya-wen, TIAN Fu-qiang, HU Hong-chang, <i>et al.</i> (682)
Spatio-Temporal Distribution and Risk Assessment of Heavy Metals in Middle and Lower Reaches of Le'an River	YU Yang, LÜ Ya-ning, WANG Wei-jie, <i>et al.</i> (691)
Spatio-temporal Evolution and Relationship of Water Environment Quality and Phytoplankton Community in Wenyu River	ZHU Li-ying, CHEN Yuan-yuan, LIU Jing, <i>et al.</i> (702)
High-Frequency Dynamics of Water Quality and Phytoplankton Community in Inflowing River Mouth of Xin'anjiang Reservoir, China	DA Wen-yi, ZHU Guang-wei, LI Yun-xiang, <i>et al.</i> (713)
Phosphorus Storage Capacity and Loss Risk in Coastal Reed Wetland Surrounding Bohai Sea	SONG Jia-wei, XU Gang, ZHANG Yang, <i>et al.</i> (728)
Spatio-Temporal Variation of Release Flux of Sediment Nitrogen and Phosphorus in High-Risk Period of Algal Bloom in Lake Erhai	LIU Si-ru, ZHAO Ji-dong, XIAO Shang-bin, <i>et al.</i> (734)
Fluorescence Characteristics and Source Analysis of DOM in Snowfall of Xi'an	YANG Yi, HAN Li-yuan, LIU Huan-wu, <i>et al.</i> (743)
Performance Assessment of Permeable Interlocking Concrete Pavement Facility Structure	ZHANG Jia-wei, LIU Yong, JIN Jian-rong, <i>et al.</i> (750)
Photocatalytic Degradation of Rhodamine B with Micro-SiC/Graphene Composite Under Visible Light Irradiation	ZHU Hong-qing, YANG Bing, WEI Shi-qiang, <i>et al.</i> (756)
Removal of BPA and EE2 from Water by Mn-Fe Embedded in Acicular Mullite	ZHOU Qiu-hong, LONG Tian-yu, HE Jing, <i>et al.</i> (763)
Fabrication of La-MHTC Composites for Phosphate Removal; Adsorption Behavior and Mechanism	SONG Xiao-bao, HE Shi-ying, FENG Yan-fang, <i>et al.</i> (773)
Adsorption of Low-Concentration Phosphorus from Water by Composite Metal Modified Biochar	SUN Ting-ting, GAO Fei, LIN Li, <i>et al.</i> (784)
Phosphate Adsorption from Water on CaO ₂ -loaded Magnetic Diatomite	XU Chu-tian, LI Da-peng, ZHANG Shuai, <i>et al.</i> (792)
Phosphorus Forms and Release Risk of Sediments in Urban Sewage Treatment Plant Effluent and Receiving Stream Reach	TANG Ning, LI Ru-zhong, WANG Yu-qing, <i>et al.</i> (801)
Purification Characteristics of Urban Tail Water from Sewage Treatment Plant by Biofilm Ecological Floating Bed	ZHAO Zhi-rui, ZHANG Jia-yao, LI Duo, <i>et al.</i> (809)
Removal Performance of Antibiotic Resistance Genes and Heavy Metal Resistance Genes in Municipal Wastewater by Magnetic-Coagulation Process	YU Wen-chao, ZHENG Li-bing, WEI Yuan-song, <i>et al.</i> (815)
Effect of Tetracycline Antibiotic on Abundance and Transcriptional Expression Level of Tetracycline Resistance Genes in Activated Sludge	RUAN Xiao-hui, QIAN Ya-jie, XUE Gang, <i>et al.</i> (823)
Denitrification Process and N ₂ O Production Characteristics of Heterotrophic Nitrifying Bacterium <i>Pseudomonas aeruginosa</i> YL	YANG Lei, CUI Shen, REN Yong-xiang, <i>et al.</i> (831)
Environmental Factors Influence and Microbial Community Structure Analysis of Entrapped Anaerobic Ammonium Oxidizing Bacteria	WANG Xiao-tong, YANG Hong, SU Yang, <i>et al.</i> (839)
Research on Denitrification Performance of Enhanced Secondary Effluent by Embedded Denitrification Filler and Pilot Application	ZHOU Ya-kun, YANG Hong, WANG Shao-lun, <i>et al.</i> (849)
Temporal Anaerobic Effect on Aerobic Granular Sludge with Intermittent Influent-Intermittent Aeration	ZHANG Jie, WANG Yu-ying, LI Dong, <i>et al.</i> (856)
Simultaneous Short-Cut Nitrification-Denitrification Phosphorus Removal Granules Induced by Phosphorus Removal Granules	LI Dong, LIU Bo, WANG Wen-qi, <i>et al.</i> (867)
Spatial Distribution Characteristics and Pollution Assessment of Heavy Metals on Farmland of Geochemical Anomaly Area in Southwest Guangxi	WANG Fo-peng, XIAO Nai-chuan, ZHOU Lang, <i>et al.</i> (876)
Evaluation and Source of Heavy Metal Pollution in Surface Soil of Qinghai-Tibet Plateau	YANG An, WANG Yi-han, HU Jian, <i>et al.</i> (886)
Characteristics and Factors of Soil Enzyme Activity for Different Plant Communities in Yellow River Delta	MO Xue, CHEN Fei-jie, YOU Chong, <i>et al.</i> (895)
Effects of Management Measures on Soil Water-soluble Carbon and Nitrogen and Their Three-Dimensional Fluorescence Characteristics of <i>Pinus tabulaeformis</i> Plantations on Loess Plateau	SONG Ya-hui, ZHANG Jiao-yang, LIU Hong-fei, <i>et al.</i> (905)
Effects of Biochar Input on Changes of Available Nutrient Elements in Riparian Soils with Different Landuse Types	ZHOU Hui-hua, YUAN Xu-yin, XIONG Yu-ting, <i>et al.</i> (914)
Effect of Applying Hydrochar for Reduction of Ammonia Volatilization and Mechanisms in Paddy Soil	YU Shan, XUE Li-hong, HUA Yun, <i>et al.</i> (922)
Effects of Mycorrhizal Fungi on Nitrification and Denitrification in the Rhizospheric Soil of Aquatic Plants and Its Microbial Mechanism	LIU Duo, WANG Lei, CAO Zhan-bo, <i>et al.</i> (932)
Comparison of Floating Chamber and Diffusion Model Methods for Measuring Methane Emissions from Inland Fish-Aquaculture Ponds	HU Tao, HUANG Jian, DING Ying, <i>et al.</i> (941)
Simultaneous Quantitative Detection of Thirteen Common Antibiotics in Leafy Vegetables by Ultra-High Performance Liquid Chromatography-Tandem Mass Spectrometry	CHEN Qian, LIU Yang, XIAO Li-jun, <i>et al.</i> (952)
Accumulation and Translocation of Cd in <i>Brassica rapa</i> Under the Influence of Selenium	YU Yao, LUO Li-yun, LIU Zhe, <i>et al.</i> (962)
Tolerance Mechanism and Cadmium Enrichment Abilities in Two <i>Brassica napus</i> L. Cultivars	BIAN Jian-lin, GUO Jun-mei, WANG Xue-dong, <i>et al.</i> (970)
Enhanced Phytoextraction of Cadmium Contaminated Soil by <i>Trifolium Repens</i> with Biodegradable Chelate GLDA	HE Yu-long, YU Jiang, XIE Shi-qian, <i>et al.</i> (979)
Heavy Metal Contents in Animal Manure in China and the Related Soil Accumulation Risks	MU Hong-yu, ZHUANG Zhong, LI Yan-ming, <i>et al.</i> (986)
Microbial Community Succession in Industrial Composting with Livestock Manure and Peach Branches and Relations with Environmental Factors	CAI Han-bing, FENG Wen-wen, DONG Yong-hua, <i>et al.</i> (997)
Degradation Characteristics of Antibiotics During Composting of Four Types of Feces	ZHU Wei-jing, ZHU Feng-xiang, WANG Wei-ping, <i>et al.</i> (1005)