

环境科学

(HUANJING KEXUE)

ENVIRONMENTAL SCIENCE

第37卷 第11期

Vol.37 No.11

2016

中国科学院生态环境研究中心 主办
科学出版社 出版



目次

承德市大气污染源排放清单及典型行业对 PM _{2.5} 的影响	陈国磊, 周颖, 程水源, 杨孝文, 王晓琦 (4069)
浙江省木制品行业挥发性有机物排放特征及排放系数	姚轶, 王浙明, 何志桥, 徐志荣, 顾震宇 (4080)
山西省人为源 VOCs 排放清单及其对臭氧生成贡献	闫雨龙, 彭林 (4086)
某化工区典型高污染过程 VOCs 污染特征及来源解析	高松, 崔虎雄, 伏晴艳, 高爽, 田新愿, 方方, 衣学文 (4094)
加油 VOCs 排放因子测试方法研究与应用	黄玉虎, 常耀卿, 任碧琪, 秦建平, 胡玮, 刘明宇 (4103)
北京市生活垃圾填埋场氨排放特征研究	崔彤, 李金香, 杨妍研, 程刚 (4110)
西安市人为源大气氨排放清单及特征	苏航, 闫东杰, 黄学敏, 宋文斌, 王惠琴, 宋雪娟 (4117)
佛山市冬夏季非甲烷烃污染特征研究	周雪明, 项萍, 段菁春, 贺克斌, 马永亮, 邓思欣, 司徒淑婷, 谭吉华 (4124)
天津市道路环境大气颗粒物水溶性无机离子分析	赵梦雪, 吴琳, 方小珍, 杨志文, 李凤华, 毛洪钧 (4133)
戴云山国家级自然保护区大气氮沉降特点	袁磊, 李文周, 陈文伟, 张金波, 蔡祖聪 (4142)
青岛近海冬季大气生物气溶胶中微生物活性研究	孟祥斌, 李孟哲, 李鸿涛, 高冬梅, 祁建华 (4147)
玉米秸秆烟尘中正构脂肪酸的分子与碳同位素组成	刘刚, 孙丽娜, 徐慧, 李久海, 李中平, 李立武 (4156)
极低风速条件下水-气界面甲烷气体传输速率分析	张成, 吕新彪, 龙丽, 张军伟, 穆晓辉, 李迎晨, 王圣瑞, 张文丽, 肖尚斌 (4162)
典型水库型湖泊中 CDOM 吸收及荧光光谱变化特征: 基于沿岸生态系统分析	陈雪霜, 江韬, 卢松, 白薇扬, 张成, 王定勇, 魏世强 (4168)
西苕溪支流河口水体营养盐的特征及源贡献分析	陈诗文, 袁旭音, 金晶, 李正阳, 许海燕 (4179)
周村水库主库区热分层初期氮素降低的驱动因子分析	张春华, 黄廷林, 方开凯, 周石磊, 夏超 (4187)
太湖湖泛易发区沉积物中有机磷形态分布特征	董丹萍, 章婷曦, 张丁予, 王巧云, 李德芳, 王国祥 (4194)
多重扰动对湖泊内源磷迁移转化的影响	蔡顺智, 李大鹏, 王忍, 刘焱见, 徐垚, 于胜楠, 黄勇 (4203)
丹江口库区覆膜耕作土壤氮素淋失随夏玉米生长期的变化	王伟, 于兴修, 汉强, 刘航, 徐苗苗, 任瑞, 张家鹏 (4212)
营养盐恢复对氮磷饥饿铜绿微囊藻生长的影响	岳冬梅, 李洁, 肖琳 (4220)
氯灭活地下水源中 3 种优势真菌的效能与机制	文刚, 朱红, 黄廷林, 赵建超, 任巍, 徐向前 (4228)
净水工艺对饮用水中微生物多重耐药性的影响与分析	马晓琳, 陆洋, 王钰, 侯誉, 白晓慧 (4235)
单过硫酸氢钾复合粉在饮用水消毒过程中的副产物生成特性及遗传毒性变化	敖秀玮, 李豪杰, 刘文君, 余京儒 (4241)
三维有序介孔 Co ₃ O ₄ 非均相活化单过硫酸氢钾降解罗丹明 B	冯善方, 邓思萍, 杜嘉雯, 马晓雁, 卢遇安, 高乃云, 邓靖 (4247)
调控絮体形态强化电絮凝减缓膜污染	赵凯, 杨春风, 孙境求, 李静, 胡承志 (4255)
初始 pH 值对序批式 CANON 工艺脱氮效果和 N ₂ O 释放的影响	付昆明, 王会芳, 苏雪莹, 周厚田 (4261)
3DBER-S-Fe 同步脱氮除磷及去除邻苯二甲酸酯的工艺特性	张娅, 郝瑞霞, 徐鹏程, 徐忠强 (4268)
基于反硝化脱氮的硫铁复合填料除磷机制	范军辉, 郝瑞霞, 李萌, 朱晚霞, 万京京 (4275)
基于 ABR-MBR 组合工艺优化反硝化除磷性能的研究	程朝阳, 赵诗惠, 吕亮, 吴鹏, 沈耀良 (4282)
中常温变化对 PN-ANAMMOX 联合工艺脱氮效果的影响	袁砚, 朱亮 (4289)
生物活性炭对不同 C/N 比废水同步硝化反硝化脱氮效果的影响	崔延瑞, 邱鑫, 张庆荣, 王琦, 吴青, 孙剑辉 (4296)
ANAMMOX 菌利用零价铁还原硝酸盐脱氮研究	周健, 完颜德卿, 黄勇, 刘忻, 袁怡, 李祥, 姚鹏程, 杨朋兵, 薛鹏程 (4302)
间歇曝气 SBR 与传统 SBR 处理养猪沼液的比较研究	董宝刚, 宋小燕, 刘锐, 川岸朋树, 张永明, 陈吕军 (4309)
应用解蛋白菌生物预水解剩余污泥	何晶晶, 王颖, 胡洁, 吕凡, 邵立明 (4317)
应用环境多介质逸度模型研究废旧电器拆解区多溴联苯醚的迁移及归趋	薛南冬, 陈宣宇, 杨兵, 秦普丰, 龙雨 (4326)
南宁市多环境介质中多环芳烃分布特征	苗迎, 孔祥胜 (4333)
杭州城区室内灰尘中多溴联苯醚的含量及人体暴露水平	金漫彤, 滕丹丹, 郑艳霞, 胡张璇, 沈学优, 金赞芳 (4341)
应用线性自由能关系估算药用活性化合物的生物碳质-水吸附系数	王佳怡, 毕二平 (4349)
表流湿地细菌群落结构特征	魏佳明, 崔丽娟, 李伟, 雷茵茹, 于菁菁, 秦鹏, 穆泳林, 梁钊瑞 (4357)
城市污水中硝化菌群落结构与性能分析	于莉芳, 杜倩倩, 傅学焘, 张茹, 李文江, 彭党聪 (4366)
DNA 和 cDNA 水平对比研究施肥对稻田土壤细菌多样性的影响	王聪, 吴讷, 侯海军, 汤亚芳, 沈健林, 秦红灵 (4372)
培养条件下双酚 A 对稻田土壤微生物群落特征的影响	刘畅, 黄雅丹, 张莹, 靳振江, 梁月明, 宋昂, 王腾, 郭佳怡, 李强 (4380)
1 株兼具好、厌氧汞甲基化能力细菌的分离鉴定	陶兰兰, 向玉萍, 王定勇, 黄曼琳, 申鸿 (4389)
北京地区菜田土壤抗生素抗性基因的分布特征	张兰河, 王佳佳, 哈雪姣, 邱孟超, 高敏, 仇天雷, 王旭明 (4395)
梅花鹿养殖场抗生素抗性基因分布特征	黄福义, 安新丽, 陈青林, 任红云, 苏建强 (4402)
几种高硅质矿物细颗粒的 A549 细胞毒性对比	霍婷婷, 董发勤, 邓建军, 张青碧, 贺小春, 孙东平 (4410)
添加复合吸附剂对土壤吸附菲和 Cr(VI) 的影响	李文斌, 孟昭福, 吴琼, 许绍娥, 刘泽 (4419)
生物炭对西北黄土吸附壬基酚的影响	张振国, 蒋煜峰, 慕仲锋, 孙航, 周琦, 展惠英 (4428)
集雨种植下不同沟垄比对土壤呼吸的影响及其对水热因子的响应	王昌江, 施成晓, 冯帆, 陈婷, 张磊, 吕晓康, 吴伟, 廖允成 (4437)
秸秆还田与化肥减量配施对稻-菜轮作下土壤养分及酶活性的影响	黄容, 高明, 万毅林, 田冬, 陶睿, 王芳丽 (4446)
《环境科学》征稿简则 (4161) 《环境科学》征订启事 (4365) 信息 (4123, 4132, 4409)	

净水工艺对饮用水中微生物多重耐药性的影响与分析

马晓琳, 陆洋, 王钰, 侯誉, 白晓慧*

(上海交通大学生命科学技术学院, 微生物代谢国家重点实验室, 上海 200240)

摘要: 由于抗生素过量使用已导致我国部分水源受到多种抗生素和耐药基因的污染, 抗生素及其耐药基因可能通过饮用水对人体健康造成严重威胁。对上海某水厂供水系统可培养微生物进行了分离鉴定; 使用 5 种抗生素: 氨苄青霉素 (Amp)、卡那霉素 (Kan)、利福平 (Rif)、氯霉素 (Cm) 以及链霉素 (Str) 对饮用水中可培养微生物多重耐药性及其在供水系统中的变化规律和耐药机制进行了分析。结果表明: 所分离可培养微生物主要属于 16 个属, 其中芽孢杆菌属 (*Bacillus* sp.)、噬纤维菌属 (*Arcicella rosea* sp.)、鞘酯菌属 (*Sphingomonas* sp.) 在所有工艺单元中都可分离获得; 经过生物活性炭滤池和管网输配后 3 种菌的多重耐药能力均有增强, 其中芽孢杆菌属 (*Bacillus* sp.) 耐药能力最强。采用实时荧光定量 PCR 对供水系统中 3 种整合子及 9 种转座子进行定量检测, 发现经过生物活性炭滤池和管网输配后, 可移动基因元件绝对数量增加明显, 生物活性炭滤池和输配管网对饮用水中微生物耐药能力具有重要影响。

关键词: 饮用水; 净水工艺; 耐药细菌; 多重耐药; 活性炭

中图分类号: X172; TU991 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2016)11-4235-06 DOI: 10.13227/j.hjks.201604083

Effect of Water Treatment Process on the Bacterial Multidrug Resistance in Drinking Water

MA Xiao-lin, LU Yang, WANG Yu, HOU Yu, BAI Xiao-hui*

(State Key Laboratory of Microbial Metabolism, School of Life Sciences and Biotechnology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China)

Abstract: The overuse of antibiotics has resulted in contamination of antibiotics and genes encoding multidrug resistance in some water sources in China. Antibiotics and the antibiotic resistance genes may cause severe hazards to human health via drinking water. Cultivable bacteria in one of the water supply systems in Shanghai were isolated and identified. The multidrug resistance in drinking water for cultivable bacteria and their change and mechanism in water supply system was analyzed using ampicillin (Amp), kanamycin (Kan), rifampicin (Rif), chloramphenicol (Cm) and streptomycin (Str). The results showed that, the isolated microorganisms mainly belonged to 16 genera. *Bacillus* sp., *Arcicella rosea* sp. and *Sphingomonas* sp. existed in the whole process. The multidrug resistances of these three bacteria were enhanced after flowing carbon filtration and water distribution system. *Bacillus* sp. showed the strongest antibiotic resistance. Real-time PCR was used to quantitatively evaluate the concentration of three integrons and 9 transposons in the water supply system. The results showed that, after BAC filtration and water distribution system, the absolute concentrations of mobile genetic elements increased obviously, which meant that BAC filtration and water distribution system played an important role in influencing antibiotic resistance in the water treatment process.

Key words: drinking water; water treatment process; antibiotic resistant bacteria (ARB); multidrug resistance; biological activated carbon

由于抗生素过量使用造成的细菌耐药性增强以及耐药机制多样化正对当前整个世界范围内的公共健康造成深刻影响^[1,2]。我国部分地表水源和地下水已受到抗生素和抗生素耐药基因的污染^[3~6], 受抗生素污染水环境已成为微生物获得和传播耐药性的理想场所^[7]。水环境中的抗生素、耐药基因和携带耐药基因的微生物能穿透传统净水工艺进入配水系统^[8~12]。人类饮水健康面临巨大风险。

有研究表明, 抗生素耐药基因 (antibiotic resistance genes, ARGs) 可以在环境中持续性残留, 并且可通过基因水平转移机制与质粒、转座子、整合子等可移动基因元件结合, 在种间甚至属间进行

迁移^[13,14]。因此, ARGs 在环境中的迁移、转化和传播比抗生素残留本身对生态环境的危害更大^[15~17]。自 2006 年 Pruden 等^[15]将 ARGs 作为一种新型的环境污染物提出后, 国内外有关其在各种介质中传播和污染的研究与报道日益增多。Xi 等^[9]研究表明在饮用水中可以检测到耐药细菌 (antibiotic resistant bacteria, ARB) 及耐药基因的存在, 可能对人类及动

收稿日期: 2016-04-11; 修订日期: 2016-06-01

基金项目: 上海市科技攻关重点项目 (13231202904, 12231201703); 国家自然科学基金项目 (1210047)

作者简介: 马晓琳 (1990~), 女, 硕士研究生, 主要研究方向为水质生物学, E-mail: xlm0510@sjtu.edu.cn

* 通讯联系人, E-mail: xhbai@sjtu.edu.cn

物健康具有潜在风险. Farkas 等^[10]研究表明整合子家族存在于净水工艺中,且生物膜可作为其传播媒介. Xu 等^[11]通过高通量 q-PCR 技术使用 285 种不同耐药基因检测浙江某净水工艺对耐药基因的影响,结果表明耐药基因在净水工艺中大量存在并受净水工艺影响. 梁惜梅等^[6]研究结果表明 *int1* 相对含量和 ARGs 总量之间存在显著相关性 ($P < 0.05$), *int1* 在 ARGs 的水平传播中起着非常重要的作用. 本实验室研究表明在经过生物活性炭滤池后,可培养微生物的耐药率会出现明显增强^[8]. 目前,有关净水工艺过程中耐药细菌的多重耐药性研究甚少. 本研究选取氨苄青霉素 (Amp)、卡那霉素 (Kan)、利福平 (Rif)、氯霉素 (Cm) 以及链霉素 (Str) 这 5 种抗生素,通过分离鉴定的可培养微生物的多重耐药性,探究净水工艺对可培养微生物多重耐药能力的影响. 通过检测 3 种整合子 (Integron)、9 种转座子 (Transposon) 绝对含量随工艺变化规律,探讨净水工艺对基因水平转移元件的影响和耐药基因在净水工艺过程中发生基因水平转移的可能机制.

1 材料与方法

1.1 样品的采集与处理

以上海黄浦江水源某水厂供水系统为研究对象,其净水工艺包括原水、絮凝沉淀、臭氧生物活性炭过滤、砂滤、氯胺消毒. 在原水、每个单元工艺后及用户龙头处设置采样点,使用已灭菌的容器进行取样,取样体积为 10 L,样品采集时间为 2015 年 5 月.

1.2 微生物的分离、纯化与鉴定

将采集水样使用 0.22 μm 醋酸纤维素膜进行抽滤浓缩,然后将滤膜剪碎投入 50 mL 离心管中,使用 10 mL PBS 缓冲液进行洗脱,涡旋振荡 15 min.

(1) 使用普通无抗生素 R2A 平板,接种涂布上述振荡后水样 1 mL, 28℃ 培养 7 d.

(2) 根据细菌菌落是否凸起、是否透明、边缘是否光滑等菌落特征挑取优势菌株,多次划线后获得纯培养.

(3) 纯化后的菌株置于灭菌的 R2A 液体培养基中培养, 28℃, 200 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 于恒温振荡培养箱中培养 14 h. 在其处于对数生长期时,取菌液 5 mL, 使用天根基因组 DNA 提取试剂盒提取基因组 DNA, 使用细菌通用引物 27F 和 1492R 扩增 16S rRNA 基因序列. PCR 扩增体系为 50 μL , 其中 10 $\times$ Taq buffer

5 μL , dNTPs 4 μL , 引物各 1.5 μL (10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$), Taq 酶 1.0 μL , 模版 100 ng 左右, 超纯水补齐. 扩增长度为 1400 bp. PCR 反应条件为 95℃: 5 min; 95℃: 30 s; 56℃: 30 s; 72℃: 1.5 min, 共 30 个循环, 72℃ 延伸 10 min. PCR 扩增产物送至测序公司检测, 将测序结果在 NCBI-Blast 数据库中进行同源比对.

1.3 饮用水净水工艺中细菌耐药性分析

分别使用 Amp、Kan、Cm、Rif、Str 这 5 种抗生素配制浓度为 1、2、5、8、10 和 15 $\mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$ 的 R2A 培养基, 倒平板, 常温下过夜. 分别接种涂布饮用水中分离纯化菌株和振荡后的水样, 28℃ 培养 7 d. 根据培养结果分析微生物多重耐药性及饮用水净水工艺对选择菌株耐药性随抗生素浓度变化.

1.4 环境样品中微生物基因组 DNA 提取

将上述浓缩后的滤膜, 使用 SDS 法提取环境样品中微生物基因组 DNA, 使用 NanoDrop 2000 (NanoDrop Technologies, Wilmington, DE) 检测 DNA 含量及纯度 (A_{260}/A_{280} 值在 1.8 ~ 2.0 之间). 使用 1% 琼脂糖凝胶电泳进行 DNA 质量检测, DNA 条带单一无明显拖尾, 表明用该方法提取的 DNA 纯度较高.

1.5 实时荧光定量 PCR 对 3 种整合子及 9 种转座子进行检测

采用 SmartChip Real-time PCR System 为高通量荧光定量反应平台. 荧光定量试剂为 FastStart Universal SYBR Green Master (Roche), PCR 反应体系为 10 μL : Roche FastStart Universal SYBR Green Master (ROX) 5 μL , 超纯水 3 μL , DNA 模版 0.5 μL , 引物各 0.75 μL (1 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$). 实验所选取的引物为 3 种整合子基因 (*int1*、*int2*、*int3*) 和 9 种转座子基因 (*tnpA-ISEcp1B*、*tnpA-IS61*、*tnpA-IS62*、*tnpA-IS63*、*tnpA-IS64*、*tnpA-IS4*、*tnpA-IS21*、*IS613*、*Tp614*), 检测可移动基因元件在不同工艺单元水样中的浓度.

定量 PCR 反应程序为: 95℃ 预变性 10 min, 95℃ 变性 30 s, 60℃ 退火延伸 30 s, 40 个循环, 程序自动升温进行溶解曲线分析.

2 结果与讨论

2.1 净水工艺对饮用水中可培养微生物多样性影响

本研究从净水工艺中分离纯化出 48 株菌, 综合分析菌落菌丝形态特征以及 16S rRNA 基因测序结果, 在经过比对分析后, 各菌株鉴定结果如表 1.

其中在不同的净水工艺单元中可培养微生物种类如图 1 所示. 经分离鉴定得到 26 株菌, 属于 16 个属. 其中芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)、噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.)、鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.) 在所有的样品中都能检测到, 也反映这 3 个属的细菌对净水工艺过程较强的适应性. 在原水中可培养微生物最高为 11 种, 其中共球藻属(*Trebouxia aggregata* sp.)、鼠球菌属(*Muricoccus* sp.)、黄杆菌属(*Flavobacterium* sp.) 只在原水中分离得到, 也说明它们受到净水工艺过程各种氧化工艺的影响显著.

经过絮凝沉淀之后, 共分离得到 6 种菌, 其中弯曲杆菌(*Flectobacillus roses* sp.) 只在沉淀后能够分离到. 而经过活性炭滤池之后可培养微生物的种类又增多为 9 种. 当在砂滤池投加氯胺消毒剂后, 可培养微生物的种类为芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)、鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.) 和噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.). 在分离鉴定的可培养微生物中, 鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.) 被证明具有较强的抗氧化能力^[18,19], 而芽孢杆菌属的蜡状芽孢杆菌(*Bacillus cereus*) 是一种在自然界中广泛分布的好氧、中温、产芽孢的杆菌, 是食品和化妆品中常见的污染菌. 在经过氯消毒之后, 微生物的存活可能与某些抗氧

化机制有关, 如具有硫修饰的 DNA 可作为一种抗氧化剂保护 DNA^[20]. 从出厂水到用户龙头水可培养微生物的多样性增加.

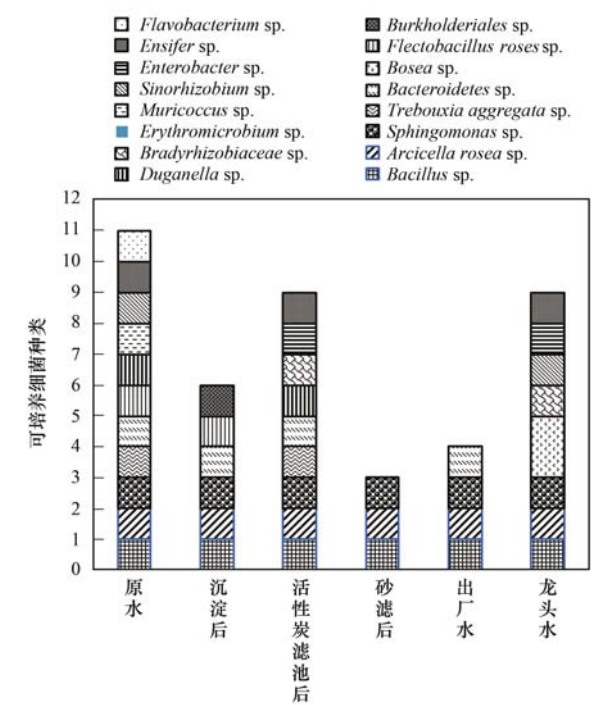


图 1 净水工艺对饮用水中可培养微生物多样性的影响
Fig. 1 Effect of water treatment process on the diversity of cultivable bacteria in drinking water

表 1 净水工艺中菌株分离鉴定结果

Table 1 Identification of the isolated bacteria in water treatment process							
编号	菌株名称	相似度 /%	登录号	编号	菌株名称	相似度 /%	登录号
1	噬纤维菌属 (<i>Arcicella rosea</i>)	98	NR_042707.1	14	剑菌属 (<i>Ensifer</i> sp.)	99	KP342396.1
2	拟杆菌 (<i>Bacteroidetes bacterium</i>)	99	EF612322.1	15	肠杆菌属 (<i>Enterobacter hormaechei</i>)	100	KP027682.1
3	蜡样芽孢杆菌 (<i>Bacillus cereus</i>)	99	KM009129.1	16	肠杆菌属 (<i>Enterobacter</i> sp.)	99	KM277458.1
4	蜡样芽孢杆菌 (<i>Bacillus cereus</i>)	99	KC692199.1	17	赤微菌属 (<i>Erythromicrobium</i> sp.)	97	KT325146.1
5	蜡样芽孢杆菌 (<i>Bacillus cereus</i>)	99	EU661712.1	18	黄杆菌属 (<i>Flavobacterium</i> sp.)	99	KJ810593.1
6	短小芽孢杆菌 (<i>Bacillus pumilus</i>)	99	GQ169785.1	19	黄杆菌属 (<i>Flectobacillus</i> sp. JC289)	99	LN810638.2
7	芽孢杆菌 (<i>Bacillus</i> sp. hb91)	100	KF863880.1	20	鼠球菌属 (<i>Muricoccus</i> sp.)	99	AJ488505.1
8	慢生根瘤属 (<i>Bosea lupine</i>)	99	NR_108514.1	21	中华根瘤菌 (<i>Sinorhizobium</i> sp.)	99	AB610603.1
9	慢生根瘤属 (<i>Bosea</i> sp.)	99	LN833232.1	22	鞘酯菌属 (<i>Sphingomonas</i> sp.)	99	GQ205098.1
10	慢生根瘤属 (<i>Bradyrhizobiaceae</i> sp.)	99	JQ977355.1	23	鞘酯菌属 (<i>Sphingomonas koreensis</i>)	99	KU647252.1
11	伯克霍尔德氏 (<i>Burkholderiales bacterium</i>)	99	JX828418.1	24	鞘酯菌属 (<i>Sphingomonas</i> sp.)	99	JN082736.1
12	丛毛单胞菌属 (<i>Comamonas</i> sp.)	99	AM184303.1	25	鞘酯菌属 (<i>Sphingomonas koreensis</i>)	97	KU647252.1
13	杜櫟氏菌属 (<i>Duganella zoogloeoides</i>)	98	JQ689172.1	26	共球藻属 (<i>Trebouxia aggregata</i> strain)	99	EU123976.1

2.2 饮用水中可培养微生物的耐药性分析

对龙头水中可培养微生物的多重耐药性进行检测, 如图 2. 结果表明, 芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.) 的耐药能力最强. 随着 5 种不同抗生素浓度由 1 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 增加到 15 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$, 芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.) 对 5 种抗生素始终都具有抗性. 噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.) 在 1~8 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 的抗生素浓度条件下可抗

5 种抗生素, 当抗生素浓度增加到 10 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 时, 对 Rif 不再具有耐药能力. 鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.) 在 1~2 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 抗生素浓度条件下可以抗 5 种抗生素, 在 15 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 时只对 Amp 具有抗性. 结合图 1, 可以发现, 这 3 个种属的细菌抗氧化能力也较强. 已有研究表明抗氯能力强的微生物耐药能力也较强^[21,22]. 除了上述 3 种细菌, 其它种类细菌的耐药

能力随着抗生素浓度的增加不断减弱。

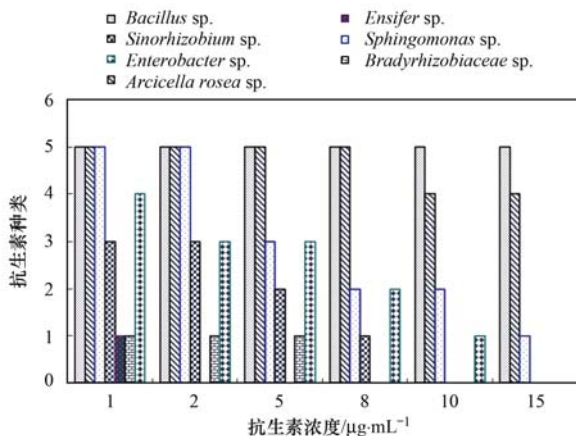


图2 不同耐药细菌的多重耐药能力

Fig. 2 Multidrug resistance for different antibiotic resistant bacteria

2.3 净水工艺过程对饮用水中耐药细菌耐药能力的影响

根据图1和图2,选择净水工艺中普遍存在且耐药性较强的3种菌株[芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)、噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.)、鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.)]研究净水工艺对饮用水中耐药细菌耐药能力的影响。由图3所示,饮用水净水工艺对芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)、噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.)、鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.)这3个属的细菌耐药能力有明显影响。随着抗生素浓度提高,对3种耐药细菌的选择压力逐渐增强,3种细菌的多重耐药能力先后受到净水工艺的影响。但这种影响都有一个共同特点:每当经过原水、预臭氧和沉淀工艺多重耐药能力受到影响后,经过生物活性炭滤池,3种细菌的多重耐药能力又得到恢复或增强。说明生物活性炭滤池对细菌多重耐药能力具有恢复或促进作用。分析认为,这主要是由于生物活性炭表面生长大量微生物,可能通过基因水平转移等途径对细菌的多重耐药能力产生影响。同时,由图3还可以发现,在高浓度抗生素水平条件下,3种微生物的多重耐药能力在龙头水中相对于其它净水工艺单元更强,说明管网输配系统对龙头水样品中耐药细菌的多重耐药能力恢复具有明显的增强作用。分析认为,应当是管网输配系统内壁表面普遍存在的生物膜发挥了重要作用。管网生物膜较大的微生物密度可促进耐药基因的水平转移^[10],使耐药细菌的多重耐药能力得以部分恢复。

2.4 净水工艺过程对饮用水中可移动基因元件的影响

图4为可移动基因元件(转座子和整合子基

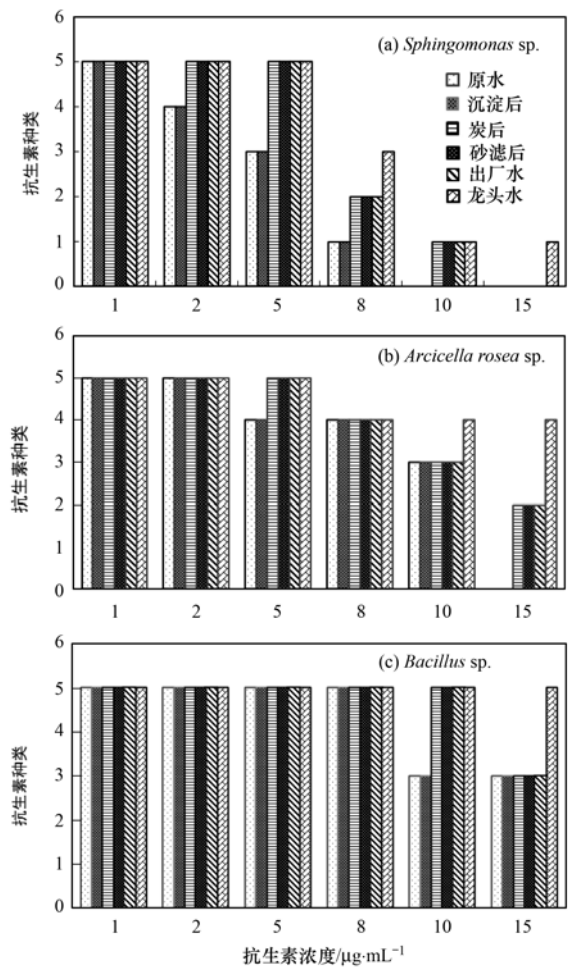
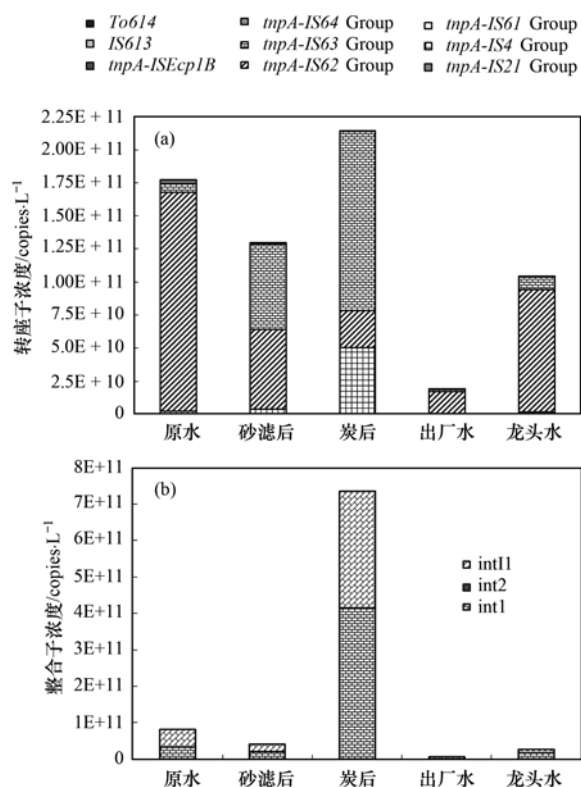


图3 净水工艺对饮用水中耐药细菌耐药能力的影响

Fig. 3 Effect of water treatment process on antibiotic resistance of different ARB

因)在净水工艺中的绝对浓度变化规律。本研究中各工艺单元出水的转座子绝对浓度变化规律为:生物活性炭滤池>原水>砂滤后>龙头水>水厂出水[图4(a)],经过生物活性炭滤池后可移动基因元件绝对浓度有明显增加,由 $1.29\text{E} + 11 \text{ copies} \cdot \text{L}^{-1}$ 增加至 $2.14\text{E} + 11 \text{ copies} \cdot \text{L}^{-1}$,其绝对浓度超过原水。整合子绝对浓度变化规律为:生物活性炭>原水>砂滤后>龙头水>水厂出水[图4(b)],经过生物活性炭滤池后可移动基因元件绝对浓度有明显增加,由 $4.00\text{E} + 10 \text{ copies} \cdot \text{L}^{-1}$ 增加至 $7.35\text{E} + 11 \text{ copies} \cdot \text{L}^{-1}$ 。

已有研究证实四环素类耐药基因,如 *tetM*、*tetW*、*tetQ* 等经常在转座子和其它种类可移动基因元件中检测到。*Sull* 基因也被发现位于 *IncN* 质粒中,这些 *IncN* 质粒同样在临床样品中发现,被认为与人类健康有一定的关联性^[23,24]。这些与可移动基因元件结合起来的耐药基因可以通过基因水平转移



(a) Absolute concentration of IS (转座子的绝对浓度);

(b) Absolute concentration of Integron (整合子的绝对浓度)

图4 净水工艺过程中可移动基因元件的变化规律

Fig. 4 Variation of MGEs in drinking water supply system

机制在种间传播^[21],造成耐药基因的扩散和在不同环境中的持久性,同时也可能导致这些耐药基因在净水工艺过程中的行为特征变化。

整合子和转座子基因可促使耐药基因在细菌种内和种间发生水平转移。由于生物活性炭表面微生物大量生长,将进一步加速耐药基因在生物活性炭滤池生物膜上的传播。大量可移动基因元件的增加对增强饮用水中微生物的多重耐药能力发挥了重要作用。由图4(a)也可发现,在龙头水样品中,转座子水平有明显升高。有报道指出,低浓度的氯消毒剂水平可能会促进可移动基因元件在微生物间的水平转移^[25,26]。而在管网输配过程中,由于余氯浓度衰减,到用户末端时余氯水平常常较低,也为图3龙头水中微生物多重耐药能力增强提供了理论支持。无论是细菌体内的耐药基因还是可移动基因元件残留,摄入人体后均可能与人体肠道菌群相互作用,将抗性片段传播至人体肠道细菌,给人体健康带来危害^[27]。

3 结论

(1)在所研究供水系统中共分离鉴定得到 26

株菌,分属 16 个属,其中芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)、噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.)、鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.)在整个供水系统中都有检出。

(2)在相同抗生素浓度条件下,分离获得的芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)、噬纤维菌属(*Arcicella rosea* sp.)、鞘酯菌属(*Sphingomonas* sp.)的多重耐药能力强于其它分离菌。在 5 种抗生素浓度高达 15 $\mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ 时,芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)对 5 种抗生素都有抗性。除上述 3 种菌外,其它种类细菌的耐药能力随着抗生素浓度的增加不断减弱。

(3)经过生物活性炭滤池和管网输配后,3 种分离细菌的多重耐药能力会增强,同时,可移动基因元件的绝对浓度明显增高。生物活性炭表面和输配管网内壁高密度的微生物对耐药基因在微生物之间进行水平转移有促进作用,对饮用水中微生物的多重耐药性有重要影响。

参考文献:

- [1] Laxminarayan R, Duse A, Wattal C, et al. Antibiotic resistance—the need for global solutions [J]. The Lancet Infectious Diseases, 2013, 13(12): 1057-1098.
- [2] Modi S R, Lee H H, Spina C S, et al. Antibiotic treatment expands the resistance reservoir and ecological network of the phage metagenome [J]. Nature, 2013, 499(7457): 219-222.
- [3] Jiang L, Hu X L, Xu T, et al. Prevalence of antibiotic resistance genes and their relationship with antibiotics in the Huangpu River and the drinking water sources, Shanghai, China [J]. Science of the Total Environment, 2013, 458-460: 267-272.
- [4] 王青, 林惠荣, 张舒婷, 等. 九龙江下游水源水中新发病原微生物和抗生素抗性基因的定量 PCR 检测[J]. 环境科学, 2012, 33(8): 2685-2690.
- [5] Wang Q, Lin H R, Zhang S T, et al. Real-time PCR detection and quantification of emerging waterborne pathogens (EWP) and antibiotic resistance genes (ARGs) in the downstream area of Jiulong River [J]. Environmental Science, 2012, 33(8): 2685-2690.
- [6] 崔亚丰, 何江涛, 苏思慧, 等. 某市典型地段地表水及地下水中氟喹诺酮类抗生素分布特征[J]. 环境科学, 2015, 36(11): 4060-4067.
- [7] Cui Y F, He J T, Su S H, et al. Distribution characteristics of fluoroquinolones antibiotics in surface water and groundwater from typical areas in a city [J]. Environmental Science, 2015, 36(11): 4060-4067.
- [8] 梁惜梅, 聂湘平, 施震. 珠江口典型水产养殖区抗生素抗性基因污染的初步研究[J]. 环境科学, 2013, 34(10): 4073-4080.
- [9] Liang X M, Nie X P, Shi Z. Preliminary studies on the occurrence of antibiotic resistance genes in typical aquaculture area of the pearl river estuary [J]. Environmental Science, 2013, 34(10): 4073-4080.
- [10] Marti E, Variatza E, Balcazar J L. The role of aquatic ecosystems as reservoirs of antibiotic resistance [J]. Trends in Microbiology, 2014, 22(1): 36-41.

- [8] Bai X H, Ma X L, Xu F M, *et al.* The drinking water treatment process as a potential source of affecting the bacterial antibiotic resistance [J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **533**: 24-31.
- [9] Xi C W, Zhang Y L, Marrs C F, *et al.* Prevalence of antibiotic resistance in drinking water treatment and distribution systems [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2009, **75**(17): 5714-5718.
- [10] Farkas A, Butiuc-Keul A, Ciataraș D, *et al.* Microbiological contamination and resistance genes in biofilms occurring during the drinking water treatment process [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **443**: 932-938.
- [11] Xu L K, Ouyang W Y, Qian Y Y, *et al.* High-throughput profiling of antibiotic resistance genes in drinking water treatment plants and distribution systems [J]. *Environmental Pollution*, 2016, **213**: 119-126.
- [12] Huerta B, Marti E, Gros M. Exploring the links between antibiotic occurrence, antibiotic resistance, and bacterial communities in water supply reservoirs [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **456-457**: 161-170.
- [13] Stokes H W, Nesbø C L, Holley M, *et al.* Class 1 integrons potentially predating the association with Tn402-like transposition genes are present in a sediment microbial community [J]. *Journal of Bacteriology*, 2006, **188**(16): 5722-5730.
- [14] Gillings M R, Gaze W H, Pruden A, *et al.* Using the class 1 integron-integrase gene as a proxy for anthropogenic pollution [J]. *The ISME Journal*, 2015, **9**(6): 1269-1279.
- [15] Pruden A, Pei R T, Storteboom H, *et al.* Antibiotic resistance genes as emerging contaminants: studies in Northern Colorado [J]. *Environmental Science & Technology*, 2006, **40**(23): 7445-7450.
- [16] 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.
- [17] Wang F H, Qiao M, Su J Q, *et al.* High throughput profiling of antibiotic resistance genes in urban park soils with reclaimed water irrigation [J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, **48**(16): 9079-9085.
- [18] Sun W J, Liu W J, Cui L F, *et al.* Characterization and identification of a chlorine-resistant bacterium, *Sphingomonas* TS001, from a model drinking water distribution system [J]. *Science of the Total Environment*, 2013, **458-460**: 169-175.
- [19] Vaz-Moreir I, Nunes O C, Manaia C M. Diversity and antibiotic resistance patterns of Sphingomonadaceae isolates from drinking water [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, **77**(16): 5697-5706.
- [20] Xie X Q, Liang J D, Pu T N, *et al.* Phosphorothioate DNA as an antioxidant in bacteria [J]. *Nucleic Acids Research*, 2012, **40**(18): 9115-9124.
- [21] Khan S, Beattie T K, Knapp C W. Relationship between antibiotic-and disinfectant-resistance profiles in bacteria harvested from tap water [J]. *Chemosphere*, 2016, **152**: 132-141.
- [22] Shi P, Jia S Y, Zhang X X, *et al.* Metagenomic insights into chlorination effects on microbial antibiotic resistance in drinking water [J]. *Water Research*, 2013, **47**(1): 111-120.
- [23] Coudron P E, Moland E S, Thomson K S. Occurrence and detection of AmpC beta-lactamases among *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, and *Proteus mirabilis* isolates at a veterans medical center [J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2000, **38**(5): 1791-1796.
- [24] Okitsu N, Kaieda S, Yano H, *et al.* Characterization of *ermB* gene transposition by Tn1545 and Tn917 in macrolide-resistant *Streptococcus pneumoniae* isolates [J]. *Journal of Clinical Microbiology*, 2005, **43**(1): 168-173.
- [25] Chen H, Zhang M M. Occurrence and removal of antibiotic resistance genes in municipal wastewater and rural domestic sewage treatment systems in eastern China [J]. *Environment International*, 2013, **55**: 9-14.
- [26] Guo M T, Yuan Q B, Yang J. Distinguishing effects of ultraviolet exposure and chlorination on the horizontal transfer of antibiotic resistance genes in municipal wastewater [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(9): 5771-5778.
- [27] Mathur S, Singh R. Antibiotic resistance in food lactic acid bacteria—a review [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2005, **105**(3): 281-295.

CONTENTS

Air Pollutant Emission Inventory and Impact of Typical Industries on PM _{2.5} in Chengde	CHEN Guo-lei, ZHOU Ying, CHENG Shui-yuan, <i>et al.</i> (4069)
Pollution Characteristics and Emission Coefficient of Volatile Organic Compounds from Woodwork-making Industry in Zhejiang Province	YAO Yi, WANG Zhe-ming, HE Zhi-qiao, <i>et al.</i> (4080)
Emission Inventory of Anthropogenic VOCs and Its Contribution to Ozone Formation in Shanxi Province	YAN Yu-long, PENG Lin (4086)
Characteristics and Source Apportionment of VOCs of High Pollution Process at Chemical Industrial Area in Winter of China	GAO Song, CUI Hu-xiong, FU Qing-yan, <i>et al.</i> (4094)
Study and Application of Test Method for VOCs Emission Factor of Refueling in Service Station	HUANG Yu-hu, CHANG Yao-qing, REN Bi-qi, <i>et al.</i> (4103)
NH ₃ Emission Characteristics in Landfill Sites in Beijing	CUI Tong, LI Jin-xiang, YANG Yan-yan, <i>et al.</i> (4110)
Inventory and Characteristics of Anthropogenic Ammonia Emission in Xi'an	SU Hang, YAN Dong-jie, HUANG Xue-min, <i>et al.</i> (4117)
Pollution Characteristics of Non-methane Hydrocarbons During Winter and Summer in Foshan City	ZHOU Xue-ming, XIANG Ping, DUAN Jing-chun, <i>et al.</i> (4124)
Water-soluble Inorganic Ions in the Road Ambient Atmospheric Particles of Tianjin	ZHAO Meng-xue, WU Lin, FANG Xiao-zhen, <i>et al.</i> (4133)
Characteristics of Nitrogen Deposition in Daiyun Mountain National Nature Reserve	YUAN Lei, LI Wen-zhou, CHEN Wen-wei, <i>et al.</i> (4142)
Microbial Activity in Bioaerosols in Winter at the Coastal Region of Qingdao	MENG Xiang-bin, LI Meng-zhe, LI Hong-tao, <i>et al.</i> (4147)
Molecular and Carbon Isotopic Compositions of <i>n</i> -Alkanoic Acids in Smoke from Maize Straw Combustion	LIU Gang, SUN Li-na, XU Hui, <i>et al.</i> (4156)
Gas Transfer Velocity of CH ₄ at Extremely Low Wind Speeds	ZHANG Cheng, LÜ Xin-biao, LONG Li, <i>et al.</i> (4162)
Spectral Characteristics of Chromophoric Dissolved Organic Matter (DOM) from a Typical Reservoir Lake from Inland of Three Gorges Reservoir Areas: In the View of Riparian Ecosystem Analysis	CHEN Xue-shuang, JIANG Tao, LU Song, <i>et al.</i> (4168)
Characteristics and Pollution Source Analysis of Nutrients in Tributary Outlets of Xitaoxi Watershed	CHEN Shi-wen, YUAN Xu-yin, JIN Jing, <i>et al.</i> (4179)
Analysis of Driving Factors on the Nitrogen Decrease in the Early Stage of the Thermal Stratification in Main Area of Zhoucun Reservoir	ZHANG Chun-hua, HUANG Ting-lin, FANG Kai-kai, <i>et al.</i> (4187)
Characteristics of Organic Phosphorus Fractions in the Sediments of the Black Water Aggregation in Lake Taihu	DONG Dan-ping, ZHANG Ting-xi, ZHANG Ding-yu, <i>et al.</i> (4194)
Impacts of Multiple Disturbance on Migration and Transformation of Endogenous Phosphorus in Lake	CAI Shun-zhi, LI Da-peng, WANG Ren, <i>et al.</i> (4203)
Change of Soil Nitrogen Leaching with Summer Maize Growing Periods Under Plastic Film Mulched Cultivation in Danjiangkou Reservoir Area, China	WANG Wei, YU Xing-xiu, HAN Qiang, <i>et al.</i> (4212)
Nutrients Recovery on the Growth of Nitrogen and Phosphorus Starved <i>Microcystis aeruginosa</i>	YUE Dong-mei, LI Jie, XIAO Lin (4220)
Inactivation Efficiency and Mechanism of Three Dominant Fungal Spores in Drinking Groundwater by Chlorine	WEN Gang, ZHU Hong, HUANG Ting-lin, <i>et al.</i> (4228)
Effect of Water Treatment Process on the Bacterial Multidrug Resistance in Drinking Water	MA Xiao-lin, LU Yang, WANG Yu, <i>et al.</i> (4235)
Characteristics of Disinfection By-products and Genotoxicity During Drinking Water Disinfection with Potassium Monopersulfate Compound Powder	AO Xiu-wei, LI Hao-jie, LIU Wen-jun, <i>et al.</i> (4241)
Heterogeneous Activation of Peroxymonosulfate with Three-dimensional Ordered Mesoporous Co ₃ O ₄ for the Degradation of Rhodamine B	FENG Shan-fang, DENG Si-ping, DU Jia-wen, <i>et al.</i> (4247)
Enhanced Mitigation of Membrane Fouling by Regulations on Floc Morphology in Electrocoagulation	ZHAO Kai, YANG Chun-feng, SUN Jing-qiu, <i>et al.</i> (4255)
Effect of Initial pH on Nitrogen Removal Performance and N ₂ O Emission of a Sequencing Batch CANON Reactor	FU Kun-ming, WANG Hui-fang, SU Xue-ying, <i>et al.</i> (4261)
Operational Characteristics of the Simultaneous Nitrogen and Phosphorus Removal and Removal of Phthalate Esters by Three-dimensional Biofilm-electrode Coupled with Iron/Sulfur Reactor	ZHANG Ya, HAO Rui-xia, XU Peng-cheng, <i>et al.</i> (4268)
Phosphorus Removal Mechanism of Sulfur/Sponge Iron Composite Fillers Based on Denitrification	FAN Jun-hui, HAO Rui-xia, LI Meng, <i>et al.</i> (4275)
Optimization of Denitrifying Phosphorus Removal Performance Based on ABR-MBR Combined Process	CHENG Chao-yang, ZHAO Shi-hui, LÜ Liang, <i>et al.</i> (4282)
Effect of Moderate and Room Temperature on Nitrogen Removal in PN-ANAMMOX Process	YUAN Yan, ZHU Liang (4289)
Influence of Biological Activated Carbon on Simultaneous Nitrification and Denitrification in Inflow with Different C/N Ratios	CUI Yan-ni, QIU Xin, ZHANG Qing-rong, <i>et al.</i> (4296)
Biotransformation of Nitrate to Nitrogen Gas Driven by ANAMMOX Microbes via Zero-valent Iron Under Anaerobic Conditions	ZHOU Jian, WANYAN De-qing, HUANG Yong, <i>et al.</i> (4302)
A Comparative Study on Performance of an Intermittent Aeration SBR and a Traditional SBR for Treatment of Digested Piggery Wastewater	DONG Bao-gang, SONG Xiao-yan, LIU Rui, <i>et al.</i> (4309)
Biological Pre-treatment of Surplus Sludge Using the Protease-secreting Bacteria	HE Pin-jing, WANG Ying, HU Jie, <i>et al.</i> (4317)
Transfer and Fate of Polybrominated Diphenyl Ethers in an Electrical Equipment Dismantling Area Using a Multimedia Fugacity Model	XUE Nan-dong, CHEN Xuan-yu, YANG Bing, <i>et al.</i> (4326)
Distribution Characteristics of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Environmental Media in Nanning City	MIAO Ying, KONG Xiang-sheng (4333)
PBDEs Levels in House Dust and Human Exposure to PBDEs via Dust Ingestion in Hangzhou	JIN Man-tong, TENG Dan-dan, ZHENG Yan-xia, <i>et al.</i> (4341)
Evaluating Biochar-Water Sorption Coefficients of Pharmaceutically Active Compounds by Using a Linear Free Energy Relationship	WANG Jia-yi, BI Er-ping (4349)
Characteristics of Bacterial Communities in Surface-flow Constructed Wetlands	WEI Jia-ming, CUI Li-juan, LI Wei, <i>et al.</i> (4357)
Community Structure and Activity Analysis of the Nitrifiers in Raw Sewage of Wastewater Treatment Plants	YU Li-fang, DU Qian-qian, FU Xue-tao, <i>et al.</i> (4366)
Effects of Fertilization on Soil Microbial Abundance and Community Structure at DNA and cDNA Levels in Paddy Soils	WANG Cong, WU Ne, HOU Hai-jun, <i>et al.</i> (4372)
Effects of Bisphenol A on Characteristics of Paddy Soil Microbial Community Under Different Cultural Conditions	LIU Chang, HUANG Ya-dan, ZHANG Ying, <i>et al.</i> (4380)
Identification of a Facultative Bacterium Strain with the Ability to Methylate Mercury Under Both Aerobic and Anaerobic Conditions	TAO Lan-lan, XIANG Yu-ping, WANG Ding-yong, <i>et al.</i> (4389)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes in Vegetable Soils in Beijing	ZHANG Lan-he, WANG Jia-jia, HA Xue-jiao, <i>et al.</i> (4395)
Distribution Characteristics of Antibiotic Resistance Genes in Sika Deer Farm	HUANG Fu-yi, AN Xin-li, CHEN Qing-lin, <i>et al.</i> (4402)
Comparison of Toxic Effect of Siliceous Mineral Dusts on Lung Epithelial A549 Cells	HUO Ting-ting, DONG Fa-qin, DENG Jian-jun, <i>et al.</i> (4410)
Effect of Adding Compound Adsorbent on Phenanthrene and Cr(VI) Absorption by Lou Soil	LI Wen-bin, MENG Zhao-fu, WU Qiong, <i>et al.</i> (4419)
Effect of Biochar on Adsorption Behavior of Nonylphenol onto Loess Soil in Northwest China	ZHANG Zhen-guo, JIANG Yu-feng, MU Zhong-feng, <i>et al.</i> (4428)
Soil Respiration in Response to Different Ridge/Furrow Ratios and Its Relationship with Soil Moisture and Temperature Under Ridge-Furrow Planting Patterns	WANG Chang-jiang, SHI Cheng-xiao, FENG Fan, <i>et al.</i> (4437)
Effects of Straw in Combination with Reducing Fertilization Rate on Soil Nutrients and Enzyme Activity in the Paddy-Vegetable Rotation Soils	HUANG Rong, GAO Ming, WAN Yi-lin, <i>et al.</i> (4446)

《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)

2016年11月15日 第37卷 第11期

ENVIRONMENTAL SCIENCE

(Monthly Started in 1976)

Vol. 37 No. 11 Nov. 15, 2016

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	北京北林印刷厂	Printed	by	Beijing Bei Lin Printing House
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: 120.00元

国外发行代号: M 205

国内外公开发行