

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法

杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年5月

第42卷 第5期
Vol.42 No.5

目次

北京冬季 PM _{2.5} 中有机气溶胶的化学特征和来源解析	徐楠, 王甜甜, 李晓, 唐荣志, 郭松, 胡敏 (2101)
北京地区 2019 年 2~3 月供暖结束后两次污染过程特征分析	尹晓梅, 蒲维维, 王继康, 刘湘雪, 乔林 (2110)
北京 2019 年冬季一次典型霾污染特征与成因分析	廉涵阳, 杨欣, 张普, 陈义珍, 杨小阳, 赵好希, 何友江, 赵丹婷 (2121)
青岛沿海地区夏季和冬季新粒子生成特征对比	孙悦, 朱玉姣, 孟赫, 刘兵, 刘玉虹, 董灿, 姚小红, 王文兴, 薛丽坤 (2133)
太原市城乡居民采暖季室内灰尘中重金属的污染特征及其生态风险评价	黄浩, 徐子琪, 严俊霞, 赵秀阁, 王丹璐 (2143)
西安市新装修公共场所空气污染物浓度分析及健康风险评价	范洁, 樊灏, 沈振兴, 党文鹏, 郑伟, 王志华, 付毅 (2153)
超低排放典型燃烧源颗粒物及水溶性离子排放水平与特征	胡月琪, 王铮, 郭建辉, 冯亚君, 丁萌萌, 颜旭 (2159)
合肥市夏季大气颗粒物中微生物群落的高通量测序分析	姜少毅, 孙博文, 代海涛, 王润芳, 马大卫, 朱仁斌 (2169)
郑州市细颗粒物时空差异及管控措施影响	董喆, 袁明浩, 苏方成, 张剑飞, 孙佳葆, 张瑞芹 (2179)
2016~2019 年江西省臭氧污染特征与气象因子影响分析	钱悦, 许彬, 夏玲君, 陈燕玲, 邓力琛, 王欢, 张根 (2190)
天山北坡城市群气溶胶光学特性时空分布特征	张喆, 王建丽, 王瑾杰, 陈香月, 刘兴涛, 阿提干·吾斯曼 (2202)
基于高分影像的城市水体遥感综合分级方法	杨子谦, 刘怀庆, 吕恒, 李云梅, 朱利, 周亚明, 李玲玲, 毕顺 (2213)
太湖水体 Chl-a 预测模型 ARIMA 的构建及应用优化	李娜, 李勇, 冯家成, 单雅洁, 钱佳宁 (2223)
松花湖水空间差异及富营养化空间自相关分析	丁洋, 赵进勇, 张晶, 付意成, 彭文启, 陈渠昌, 李艳艳 (2232)
会仙岩溶湿地丰平枯水期地表水污染及灌溉适用性评价	朱丹尼, 邹胜章, 李军, 樊连杰, 赵一, 谢浩, 朱天龙, 潘民强, 徐利 (2240)
京杭大运河中下游段天然水化学变化特征及驱动因素	程中华, 邓义祥, 卓小可, 代丹, 于涛 (2251)
次降雨过程中不同土地利用配置对径流中氮流失的影响	罗义峰, 陈方鑫, 周豪, 龙翼, 严冬春, 谭文浩, 李丹丹, 陈晓燕 (2260)
碳氮同位素解析典型岩溶流域地下水中硝酸盐来源与归趋	任坤, 潘晓东, 梁嘉鹏, 彭聪, 曾洁 (2268)
冰封状态下里湖冰-水中浮游细菌群落结构差异	李文宝, 杨旭, 田雅楠, 杜蕾 (2276)
城市再生水河道沉积物细菌群落空间变化分析: 以京津冀北运河为例	邱莹, 靳燕, 苏振华, 邱琰茗, 赵栋梁, 郭道宇 (2287)
太湖春夏两季反硝化与厌氧氨氧化速率的空间差异及其影响因素	赵锋, 许海, 詹旭, 朱广伟, 郭宇龙, 康丽娟, 朱梦圆 (2296)
三峡库区典型支流水库浮游动植物群落结构特征及其与环境因子的关系	陈莎, 谢青, 付梅, 江韬, 王永敏, 王定勇 (2303)
铁硫改性生物炭去除水中的磷	桑倩倩, 王芳君, 赵元添, 周强, 蔡雨麒, 邓颖, 田文清, 陈永志, 马娟 (2313)
钢渣对水体中磷的去除性能及机制解析	罗晓, 张峻搏, 何磊, 杨雪晶, 吕鹏翼 (2324)
BS-18 两性修饰膨润土对四环素和诺氟沙星复合污染的吸附	王新欣, 孟昭福, 刘欣, 王腾, 胡啸龙, 孙秀贤 (2334)
Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ 复合光催化剂的制备及其可见光催化性能	高闯闯, 刘海成, 孟无霜, 郝双玲, 薛婷婷, 陈国栋, Joseph Acquah (2343)
可见光驱动下罗丹明 B 自活化过硫酸盐降解双酚 A	张怡晨, 白雪, 石娟, 金鹏康 (2353)
铁钛共掺杂氧化铝诱导表面双反应中心催化臭氧氧化去除水中污染物	张帆, 宋阳, 胡春, 吕来 (2360)
硫化铁铜双金属复合材料的制备及除铬机制	屈敏, 王源, 陈辉霞, 王兴润, 徐红彬 (2370)
电催化-生物电化学耦合系统处理青霉素废水的机制	曲有鹏, 吕江维, 董跃, 冯玉杰, 张杰 (2378)
缺氧/好氧交替连续流的生活污水好氧颗粒污泥运行及污染物去除机制	李冬, 杨敬畏, 李悦, 李帅, 张诗睿, 王文强, 张杰 (2385)
反硝化除磷污泥聚集体内原位除磷活性及有机物浓度的影响	吕永涛, 姜晓童, 徒彦, 王旭东, 潘永宝, 刘爽, 崔双科, 王磊 (2396)
基于臭氧旁路处理的污泥原位减量技术工艺	薛冰, 刘宾寒, 韦婷婷, 王先恺, 陈思思, 董滨 (2402)
活性炭对城市有机固废厌氧消化过程抗生素抗性基因行为特征的影响	马佳莹, 王盼亮, 汪冰寒, 苏应龙, 谢冰 (2413)
6 种农业废弃物初期碳源及溶解性有机物释放机制	凌宇, 闫国凯, 王海燕, 董伟羊, 王欢, 常洋, 李丛宇 (2422)
中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素	李成, 王让会, 李兆哲, 徐扬 (2432)
不同水分条件和微生物生物量水平下水稻土有机碳矿化及其影响因子特征	刘琪, 李宇虹, 李哲, 魏晓梦, 祝贞科, 吴金水, 葛体达 (2440)
青藏高原林地土壤的氮转化特征及其影响因素分析: 以祁连山和藏东南地区为例	何芳, 张丽梅, 申聪聪, 陈金全, 刘四义 (2449)
基于物元可拓模型的兰州市主城区公园表土重金属污染评价	胡梦琨, 李春艳, 李娜娜, 吉天琪, 郑登友 (2457)
长期施用化肥和有机肥对稻田土壤重金属及其有效性的影响	夏文建, 张丽芳, 刘增兵, 张文学, 蓝贤瑾, 刘秀梅, 刘佳, 刘光荣, 李祖章, 王萍 (2469)
川南山区土壤与农作物重金属特征及成因	韩伟, 王成文, 彭敏, 王乔林, 杨帆, 徐仁廷 (2480)
宁东能源化工基地核心区表层土壤中多环芳烃的空间分布特征、源解析及风险评价	杨帆, 罗红雪, 钟艳霞, 王幼奇, 白一茹 (2490)
重金属钝化剂阻控生菜 Cd 吸收的功能稳定性和适用性	庞发虎, 吴雪姣, 孔雪菲, 曾宪, 王晓宇, 陈兆进, 姚伦广, 韩辉 (2502)
典型污染稻田水分管理对水稻镉累积的影响	张雨婷, 田应兵, 黄道友, 张泉, 许超, 朱捍华, 朱奇宏 (2512)
油茶果壳改性生物炭吸附性能及其耦合淹水对土壤 Cd 形态影响	蔡彤, 杜辉辉, 刘孝利, 铁柏清, 杨宇 (2522)
土地利用变化对松花江下游湿地土壤真菌群落结构及功能的影响	徐飞, 张拓, 怀宝东, 隋文志, 杨雪 (2531)
渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落	程森, 路平, 冯启言 (2541)
3 种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响	李曦, 廖汉鹏, 崔鹏, 白玉丹, 刘晨, 文畅, 周顺桂 (2550)
污水再生利用微生物控制标准及其制定方法探讨	陈卓, 崔琦, 曹可凡, 陆韻, 巫寅虎, 胡洪营 (2558)
《环境科学》征订启事 (2439) 《环境科学》征稿简则 (2479) 信息 (2152, 2231, 2286)	

渔业复垦塌陷地抗生素抗性基因与微生物群落

程森¹, 路平^{1*}, 冯启言²

(1. 中国矿业大学环境与测绘学院, 徐州 221000; 2. 中国矿业大学低碳研究院, 徐州 221000)

摘要:水产养殖行业抗生素的广泛使用引起了抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)污染问题. 为探究渔业复垦塌陷地 ARGs 污染特征, 利用宏基因组学技术检测分析了渔业复垦塌陷地 ARGs 的相对丰度和微生物群落结构. 研究区域共检测出 29 种 ARGs, *bacA* 在所有样品中相对丰度最高, 达 $1.96 \times 10^{-5} \sim 1.19 \times 10^{-4}$. 沉积物中磺胺类和四环素类 ARGs 相对丰度较高, 井水中多药类 ARGs 相对丰度较高. 微生物群落结构表明变形菌门(Proteobacteria)在所有样品中为最优势细菌门, 沉积物中绿弯菌门(Chloroflexi)和广古菌门(Euryarchaeota)较为优势. 属水平上, 硫杆菌属(*Thiobacillus*)为沉积物中最优势细菌属, 不动杆菌属(*Acinetobacter*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)为井水中优势细菌属. ARGs 与微生物相关性分析表明, 菌属与 ARGs 间主要呈中度相关, 多种菌属与 ARGs 显著正相关, ARGs 的分布受微生物群落结构的重要影响. 渔业复垦塌陷地沉积物与井水均受到 ARGs 污染, 应加强相应控制措施保护区域环境.

关键词:抗生素抗性基因(ARGs); 宏基因组学; 渔业复垦; 微生物群落; 沉积物; 井水

中图分类号: X171 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)05-2541-09 DOI: 10.13227/j.hjkk.202009166

Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area

CHENG Sen¹, LU Ping^{1*}, FENG Qi-yan²

(1. School of Environment Science and Spatial Informatics, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221000, China; 2. Low Carbon Energy Institute, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221000, China)

Abstract: The widespread use of antibiotics in the aquaculture industry has caused antibiotic resistance genes (ARGs) pollution. Metagenomics technology was used to detect and analyze the relative abundance of ARGs and microbial community structure in a fishery reclamation mining subsidence area. A total of 29 ARGs were detected, and *bacA* had the highest relative abundance in all the samples, reaching $1.96 \times 10^{-5} \sim 1.19 \times 10^{-4}$. The relative abundance of sulfonamide and tetracycline ARGs in sediments was relatively high and the relative abundance of multidrug ARGs in well water was relatively high. Proteobacteria was the most dominant bacterial phylum in all the samples, and Chloroflexi and Euryarchaeota were relatively abundant in the sediments. *Thiobacillus* was the most dominant bacterial genus in the sediments, and *Acinetobacter* and *Pseudomonas* were the dominant bacterial genera in the well water. The correlation analysis between the ARGs and microorganisms showed that the genera and ARGs were mainly correlated to a moderate degree, and multiple genera had significant positive correlations with ARGs. The distribution of ARGs was affected by the structure of the microbial community. The sediments and well water in the fishery reclamation mining subsidence area were both contaminated by ARGs, and corresponding control measures should be strengthened to protect the regional environment.

Key words: antibiotic resistance genes (ARGs); metagenomics; fishery reclamation; microbial community; sediment; well water

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)是一种新型环境污染物^[1], 广泛存在于不同环境中, 如地表水^[2]、沉积物^[3]、土壤^[4]和地下水^[5]等. ARGs 致使细菌普遍产生耐药性, 并可通过水平基因转移在细菌间传播^[6], 对人体健康和生态系统构成威胁^[7]. 抗生素长期使用和滥用是 ARGs 产生的根本原因, 且促进 ARGs 的水平基因转移^[8]. 水产养殖行业抗生素滥用现象严重, 导致养殖区域水体中的细菌长期暴露于抗生素的选择压力下, 加剧了养殖区及周变环境的 ARGs 污染^[9]. 世界范围内, 多数研究表明水产养殖区各类 ARGs 丰度显著高于非养殖水体, 如芬兰海水养殖场^[10]、日本海水养殖区^[11]、波兰淡水养殖区^[12]、越南淡水水产养殖区^[13]、我国海南、浙江、江苏和天津等地^[14~17].

我国东部矿区地下水埋藏浅, 采煤塌陷地的

复垦较为广泛地采取了渔业利用模式^[18]. 然而, 尚不明确煤矿渔业复垦塌陷地 ARGs 的污染特征. ARGs 在环境中可通过径流、入渗等途径迁移^[19,20], 复垦区域积水与地下水水力联系紧密^[21]、重金属含量较高^[22]和土壤性质改变^[23]等特性对 ARGs 的迁移具有推动作用, 增加了复垦区域 ARGs 的污染风险.

为此, 本研究选取我国东部渔业复垦塌陷地为研究对象, 采用宏基因组学检测方法, 首次对矿区塌陷地沉积物和井水中 ARGs 和微生物群落进行检测分析, 以丰富 ARGs 环境研究, 以期遏制耐药性传

收稿日期: 2020-09-18; 修订日期: 2020-10-19

作者简介: 程森(1997~), 男, 硕士研究生, 主要研究方向为矿区污染治理, E-mail: chengsen9711@163.com

* 通信作者, E-mail: lupingcumt@126.com

播和环境综合治理提供重要参考.

1 材料与方法

1.1 研究区概况

研究区位于我国东部复垦塌陷地(如图1),曾是我国重要煤炭基地,近年来煤矿已经关闭.该地区

20世纪90年代开始塌陷,采取了以渔业复垦为主,畜禽养殖和农业为辅的综合治理模式.鱼塘整齐排列,集中分布,总面积达0.6 km²以上,水深在2.5~5 m之间,多数水深3 m左右.鱼塘区域内有少数居民看守,以井水为生活用水,周围有河流环绕,用于鱼塘补水排水.

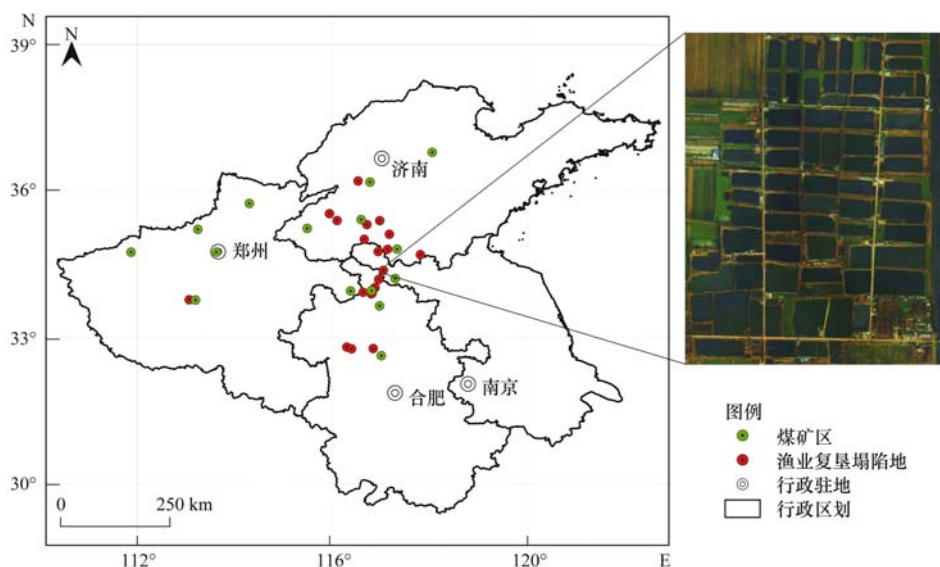


图1 采煤塌陷地渔业复垦区域

Fig. 1 Fishery reclamation areas in the coal mining subsidence

1.2 样品采集与处理

共采集了4个沉积物样品和1个井水样品.在渔业复垦塌陷地,采集了5 a清淤鱼塘沉积物(H1样品)、10 a清淤鱼塘沉积物(H2样品)、河流沉积物(H3样品)和埋深20 m的井水(H5样品).在位于渔业复垦塌陷地东南方约10 km处,采集了湖泊沉积物(H4样品).该湖泊是由采煤塌陷地改造而成的大型生态湿地公园,主题湖面为3.5 km²,由此探究渔业养殖对塌陷地环境的影响.

沉积物样品采于3个不同位点,等份均匀混合,置于无菌密封袋中,放于采样箱中运至实验室.利用水泵抽取井水15 L,置于无菌聚乙烯塑料桶中,运回实验室预处理.根据测序要求,每个沉积物样品混合均匀后,剔除大颗粒沙砾、碎石和生物残体后称取10 g,置于密封袋中,于-80℃冰箱保持.10 L井水样品经0.22 μm已灭菌的滤膜后,将滤膜折叠放于离心管中,于-80℃冰箱保存.预处理后的沉积物和滤膜样品送至上海美吉生物吉医药科技有限公司进行测序.

1.3 样品测序

使用FastDNA[®] Spin Kit for Soil (MP Biomedicals, CA, USA)试剂盒提取样品基因组DNA.采用1%琼脂凝胶电泳检测DNA样品的质量和完整性.用NanoDrop[™] 2000分光光度计(Thermo

Fisher Scientific, MA, USA)和Qubit[®] 2.0荧光光谱仪(Thermo Fisher Scientific, MA, USA)检测DNA的产量和纯度.

采用宏基因组学技术进行样品测序.运用Illumina HiSeq进行多个样品平行混合测序,提取出的reads数据以fastq格式保存.使用软件fastp (<https://github.com/OpenGene/fastp>)进行质量控制,去除测序接头序列、低质量碱基、N碱基及长度过短reads,获得高质量的质控数据.

质控后的reads利用IDBA-UD (https://i.cs.hku.hk/~alse/hkubrg/projects/idba_ud/)进行拼接组装.拼接组装结果利用MetaGene (<http://metagene.cb.k.u-tokyo.ac.jp/>)进行基因预测.将所有样品预测出来的基因序列,用CD-HIT软件 (<http://www.bioinformatics.org/cd-hit/>)进行聚类,每个类取最长的基因作为代表序列,构建非冗余基因集.使用SOAPaligner软件 (<http://soap.genomics.org.cn/>),分别将每个样品的高质量reads与非冗余基因集进行比对(默认参数为:95%置信度),统计基因在对应样品中的丰度信息.使用BLASTP (BLAST Version 2.2.28+, <http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)将非冗余基因集与NR数据库(非冗余蛋白质的氨基酸序列数据库)进行比对,并通过NR库对应的分类学信

息数据库获得物种注释结果,使用物种对应的基因丰度总和计算该物种的丰度.再将非冗余基因集与 ARDB 数据库 (antibiotic resistance genes database) 进行比对,比对参数设置为“严格 (strict)”比对,获得 ARGs 注释结果.

2 结果与分析

2.1 煤矿渔业复垦塌陷地 ARGs 分布特征

5 个样品总共检测出 29 种 ARGs, H1、H2、H3、H4 和 H5 样品分别检测出 9、6、18、3 和 25 种 ARGs. 如图 2 所示, *bacA* 在所有样品中占比最

高 (42.45% ~ 99.57%). 渔业复垦塌陷地不同清淤年限鱼塘检测出的 ARGs 相近,除 *bacA* 之外磺胺类和四环素类 ARGs 丰度较高,主要包括 *sul1*、*sul2*、*tet36* 和 *tetC* 等. 河流沉积物和井水样品检测出的 ARGs 种类显著多于其他样品,而两者的 ARGs 在种类上存在较大差别. 河流沉积物中磺胺类和四环素类 ARGs 丰度较高,如 *sul1*、*sul2*、*tet36*、*tetM* 和 *tetC* 等; 井水中多药类 ARGs 丰度较高,如 *mexW*、*oprN*、*mexF* 和 *mexE* 等. 非渔业复垦塌陷地沉积物中仅检测出 3 种 ARGs,分别为 *bacA*、*ereA* 和 *tetC*.

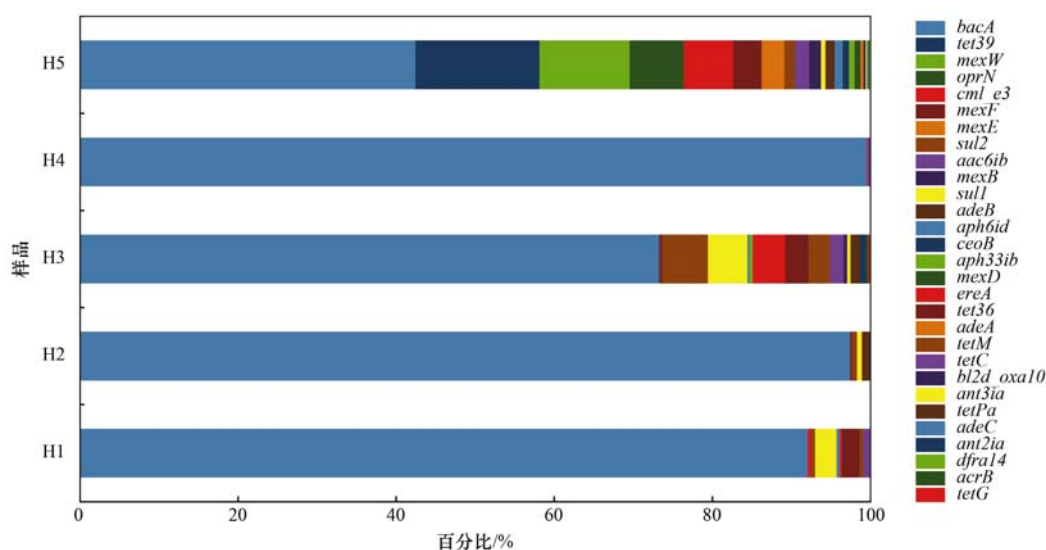


图 2 样品 ARGs 组成

Fig. 2 Composition of sample ARGs

使用 Illumina HiSeq 测序,各样品 reads 数如下: H1 (41 732 918)、H2 (40 757 446)、H3 (52 732 182)、H4 (52 958 728) 和 H5 (51 872 372). ARGs 相对丰度为样品中 ARGs 的 reads 数与样品总 reads 数的比值. 其中 *bacA* 的相对丰度分别为 H1 (1.96×10^{-5})、H2 (2.25×10^{-5})、H3 (2.56×10^{-5})、H4 (3.55×10^{-5}) 和 H5 (1.19×10^{-4}). 其余 ARGs 的相对丰度较低,分别为: H1 ($4.79 \times 10^{-8} \sim 5.75 \times 10^{-7}$)、H2 ($4.98 \times 10^{-8} \sim 1.47 \times 10^{-7}$)、H3 ($3.79 \times 10^{-8} \sim 2.01 \times 10^{-6}$)、H4 ($3.78 \times 10^{-8} \sim 1.13 \times 10^{-7}$) 和 H5 ($3.86 \times 10^{-8} \sim 4.40 \times 10^{-5}$). 渔业复垦塌陷地两种鱼塘沉积物样品 ARGs 相对丰度相近,河流沉积物中的 ARGs 相对丰度略高于鱼塘沉积物. 井水中 ARGs 相对丰度远高于沉积物,多数 ARGs 相对丰度高于 1.0×10^{-6} .

磺胺类和四环素类 ARGs 是水产养殖行业研究重点,煤矿渔业复垦塌陷地中检测到的磺胺类 ARGs 有 *sul1* 和 *sul2*,四环素类有 *tet39*、*tet36*、*tetC*、*tetM*、*tetPa* 和 *tetG*. 如图 3 所示,两种鱼塘沉积物中

四环素类 ARGs 各不相同,而河流沉积物中 8 种磺胺类和四环素类 ARGs 均检测到,且相对丰度高于鱼塘沉积物. 井水中 *tet39*、*sul1* 和 *sul2* 相对丰度较高,多种沉积物中的四环素类 ARGs 未检测到.

2.2 煤矿渔业复垦塌陷地微生物群落结构

5 个样品中共检测出 129 个门,2 731 个属. 在门分类学水平上 (如图 4),变形菌门 (Proteobacteria) 在所有样品中均最为优势,其次较为优势的有绿弯菌门 (Chloroflexi)、广古菌门 (Euryarchaeota)、拟杆菌门 (Bacteroidetes)、厚壁菌门 (Firmicutes) 和放线菌门 (Actinobacteria) 等. 渔业复垦塌陷地沉积物中,两种鱼塘沉积物细菌门分布差异较小,河流沉积物中绿弯菌门 (Chloroflexi) 和广古菌门 (Euryarchaeota) 丰度明显较高. 井水中几乎全为变形菌门 (Proteobacteria).

在属分类学水平上,H1、H2、H3、H4 和 H5 样品分别检测出 2 417、2 305、2 388、2 337 和 1 791 个属. 如图 5 所示,不动杆菌属 (*Acinetobacter*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、水小杆菌属 (*Aquabacterium*)、硫

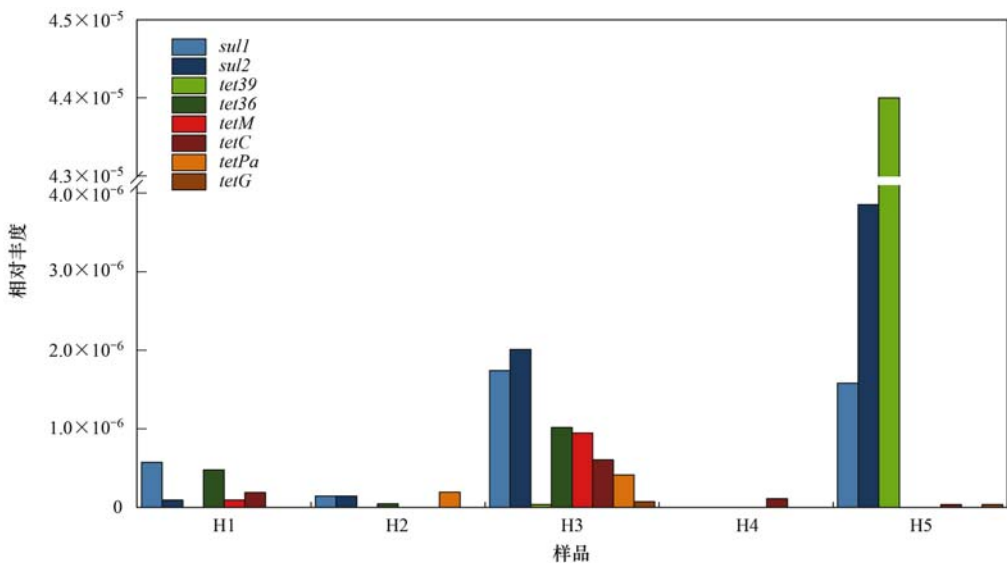


图 3 磺胺类和四环素类 ARGs 相对丰度

Fig. 3 Relative abundance of sulfonamides and tetracyclines ARGs

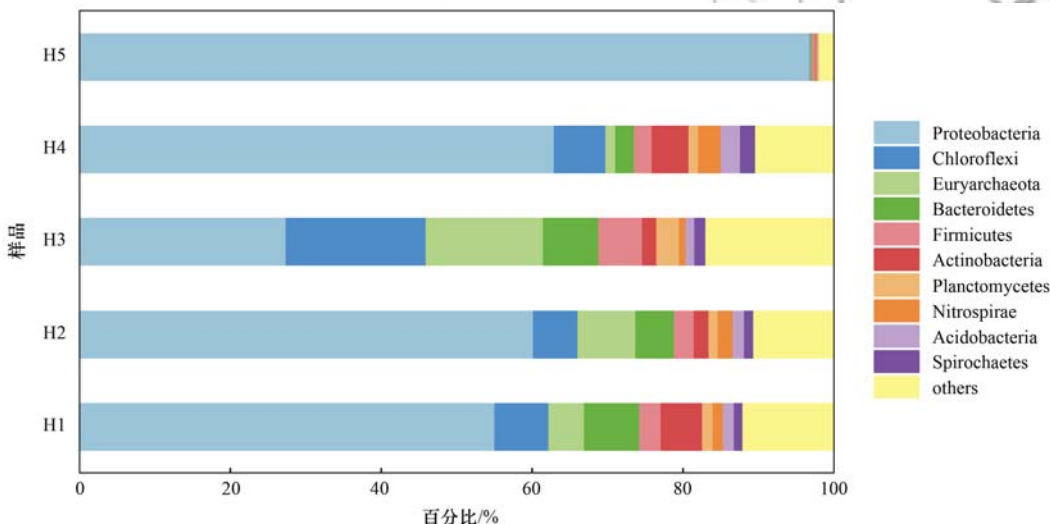


图 4 门水平微生物组成

Fig. 4 Composition of microorganisms at the phylum level

杆菌属(*Thiobacillus*)、甲烷丝菌属(*Methanosaeta*)等丰度较高. 沉积物样品中微生物在属分类学水平上分布较为均匀, 各菌属占比较低, 硫杆菌属(*Thiobacillus*)均为最优势细菌属, 在各样品中分别占比 3.91%、5.92%、2.76% 和 6.89%. 其次, 渔业复垦塌陷地鱼塘和河流沉积物中甲烷丝菌属(*Methanosaeta*)和史密斯氏菌属(*Smithella*)丰度较高, 而非渔业复垦塌陷地湖泊沉积物中丰度较低. 井水中的菌属分布与沉积物样品具有明显差异, 优势菌属主要为不动杆菌属(*Acinetobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和水小杆菌属(*Aquabacterium*), 分别占比 55.32%、19.03% 和 12.55%.

2.3 煤矿渔业复垦塌陷地 ARGs 与微生物相关性分析

选取丰度前 30 的菌属与 ARGs 进行 Spearman

相关性分析, 相关性热图如图 6 所示. 30 种菌属与 29 种 ARGs 间共 870 个对应关系, 其中菌属与 ARGs 间主要(526/870)呈中度相关(相关系数绝对值大于 0.5), 少数(75/870)高度相关(相关系数绝对值大于 0.8). 显著性分析得出菌属与 ARGs 间部分(60/870)相关性显著($P < 0.05$), 而 30 种菌属中有多种菌属与 ARGs 显著正相关(14/30). 不动杆菌属(*Acinetobacter*)、假单胞菌属(*Pseudomonas*)和水小杆菌属(*Aquabacterium*)与绝大多数 ARGs 呈正相关, 不动杆菌属(*Acinetobacter*)与多种 ARGs 相关性显著, 假单胞菌属(*Pseudomonas*)和水小杆菌属(*Aquabacterium*)与 *bacA* 相关性显著. 硫杆菌属(*Thiobacillus*)与 ARGs 主要呈负相关, 与 *cml_e3*、*aph6id* 相关性显著. 此外, 与 ARGs 呈显著负相关的菌属有类固醇

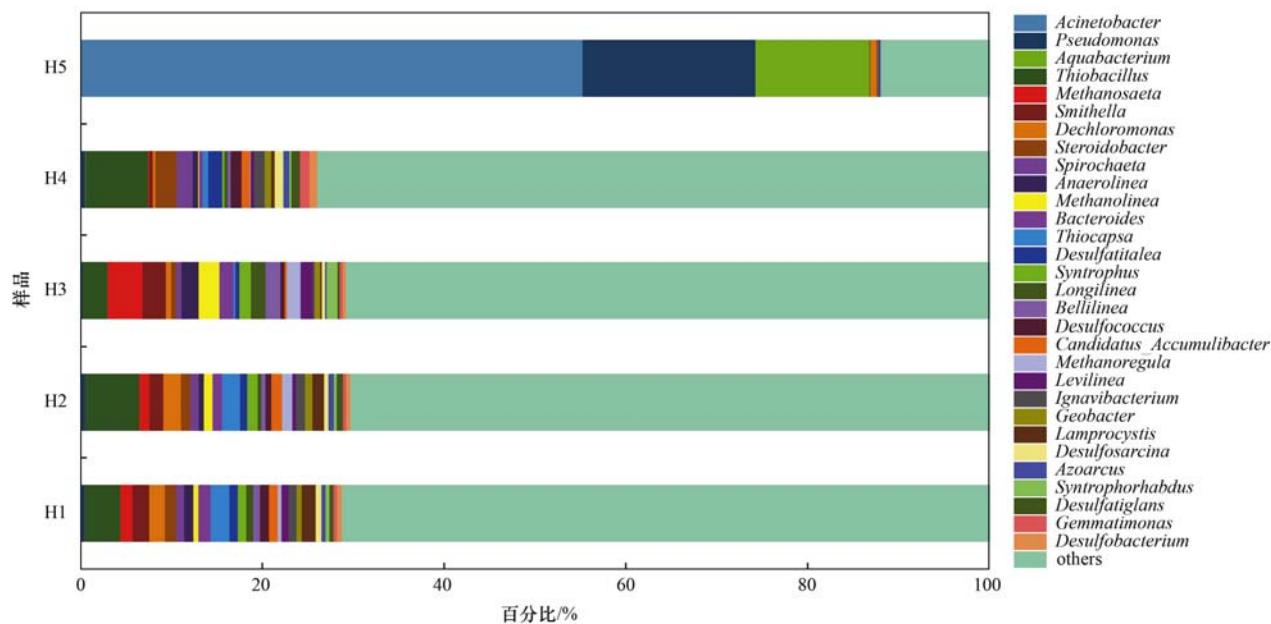
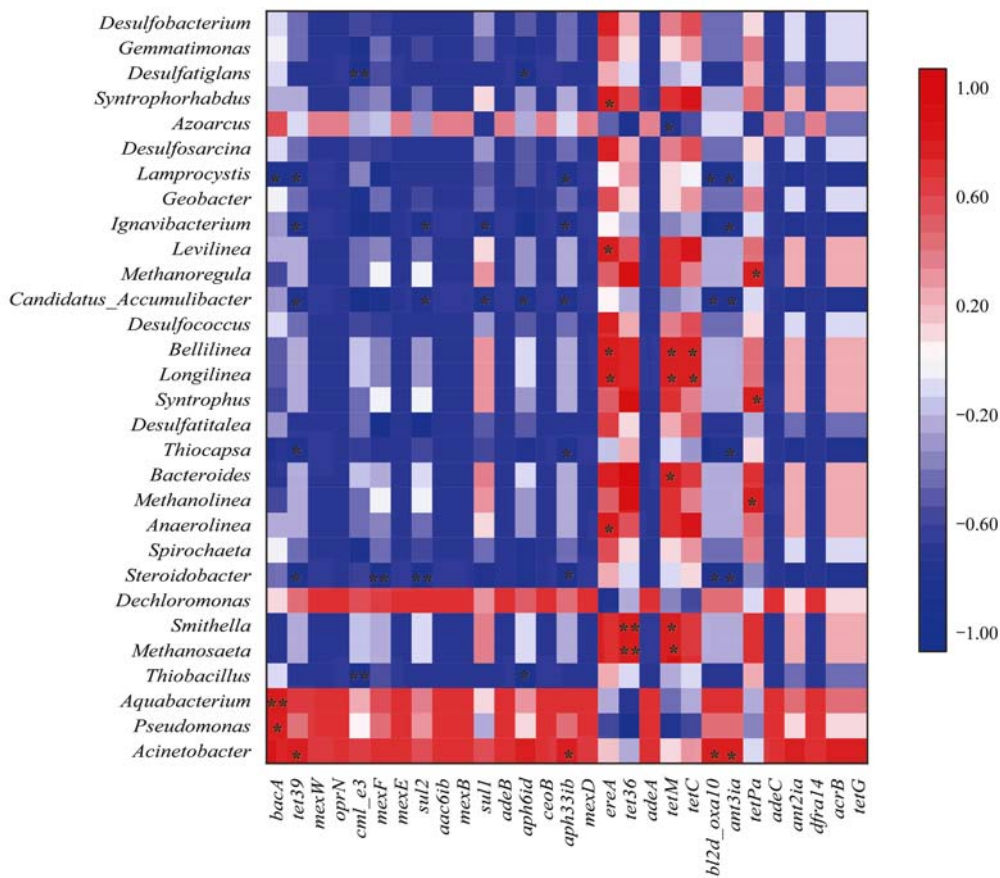


图 5 属水平微生物组成
Fig. 5 Composition of microorganisms at the genus level



* 表示相关性显著 ($P < 0.05$), ** 表示相关性极显著 ($P < 0.01$)

图 6 ARGs 与微生物相关性分析
Fig. 6 Correlation analysis of ARGs and microorganisms

杆菌属 (*Steroidobacter*)、荚硫菌属 (*Thiocapsa*)、*Candidatus Accumulibacter*、*Ignavibacterium* 等; 与 ARGs 呈显著正相关的菌属有甲烷丝菌属 (*Methanosaeta*)、史密斯氏菌属 (*Smithella*)、长绳菌属 (*Longilinea*) 和厌氧绳菌属 (*Bellilinea*) 等. 其中, 磺胺类 ARGs 与部分菌属显著负相关; 四环素类 ARGs 与部分菌属显著正相关; 多药类 ARGs 与菌属的相关性较不显著.

3 讨论

3.1 ARGs 分布特征分析

宏基因组学技术已应用于水、土壤、大气、沉积物和活性污泥等多种环境的 ARGs 检测. 如表 1 所示, 目前应用于 ARGs 检测分析的数据库主要有 ARDB、CARD (comprehensive antibiotic resistance database) 和 SARG (structured ARG reference database) 等. ARDB 是第一个被建立的 ARGs 数据库, 已于 2009 年停止更新, 并将数据整合入 CARD

数据库中. 然而, ARDB 数据库仍然受到一些研究者的青睐, 水产养殖区域的 ARGs 检测分析较为广泛地应用了该数据库. 相比于其他数据库, 多数基于 ARDB 数据库的检测结果显示, *bacA* 相对丰度最高, 并占据全部 ARGs 的较大比例. Gupta 等^[24] 提出不同测序平台和不同 ARGs 数据库, 其检测结果或存在较大的差异, 针对不同环境应选择较为适用的数据库, 以保障检测结果的准确可靠. 本研究为较好地对比分析渔业复垦塌陷地 ARGs 的污染特征, 采用 ARDB 数据库进行 ARGs 注释.

表 1 宏基因组学技术 ARGs 检测信息
Table 1 ARGs information detected by metagenomics technology

样品类型	ARGs 信息	相对丰度	ARGs 数据库	文献
海水养殖水样	<i>sul1</i> , <i>tet34</i> 和 <i>bacA</i> 等 50 种	$4.55 \times 10^{-10} \sim 2.70 \times 10^{-7}$	ARDB	[25]
淡水养殖水样	<i>bacA</i> , <i>arcB</i> 和 <i>mexF</i> 等	$7.62 \times 10^{-6} \sim 4.04 \times 10^{-5}$	ARDB	[26]
淡水养殖沉积物	<i>smeE</i> , <i>mexF</i> 和 <i>bacA</i> 等 67 种	$5.90 \times 10^{-7} \sim 4.05 \times 10^{-6}$	ARDB	[27]
淡水养殖水样	<i>mexF</i> , <i>mexW</i> 和 <i>mexB</i> 等 102 种	$1.00 \times 10^{-7} \sim 1.00 \times 10^{-4}$	ARDB	[27]
河流沉积物	<i>bacA</i> , <i>tet39</i> 和 <i>sul1</i> 等 66 种	8.40×10^{-3}	ARDB	[28]
冰川土壤	34 种中 <i>bacA</i> 占绝大多数 (87%~99%)	1.62×10^{-3}	ARDB	[28]
深层冻土	35 种中 <i>bacA</i> 占绝大多数 (92%~99%)	8.17×10^{-4}	ARDB	[28]
南极土壤	<i>bacA</i> , <i>ceoB</i> 和 <i>dfrE</i> 等 79 种	4.08×10^{-5}	ARDB	[29]
河流沉积物	70 种	1.96×10^{-4}	CARD	[30]
海洋沉积物	46 种	9.30×10^{-5}	CARD	[30]
污水厂活性污泥	94~133 种	$1.68 \times 10^{-4} \sim 1.84 \times 10^{-4}$	CARD	[30]
污水厂活性污泥	<i>sar1688</i> , <i>dfrE</i> 和 <i>mfd</i> 等 74 种	—	CARD	[31]
污水厂脱水污泥	124 种	5.28×10^{-4}	CARD	[32]
污水厂活性污泥	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> 和 <i>ermB</i> 等 153 种	—	SARG	[33]
大气悬浮颗粒物	<i>sul1</i> , <i>bacA</i> 和 <i>lnuA</i> 等 643 种	—	SARG	[34]

* 单个 ARGs 相对丰度范围; ** 全部 ARGs 相对丰度总和; *** “—”表示无相对丰度数据或相对丰度表示方式不同

与先前研究相比, 渔业复垦塌陷地中检测出的 ARGs 种类较少. 样品类型、环境条件和 DNA 提取方法等对测序过程均有影响^[35], 塌陷地沉积物中含有较多的碎石、沙砾等杂质, 可能限制了检测出的 ARGs 种类和相对丰度. 此外, 不同数据库中 ARGs 信息存在差异, 对 ARGs 的检测结果也有一定影响^[24,30]. 沉积物中除 *bacA* 外其余 ARGs 相对丰度处于较低水平, 井水中多数 ARGs 处于较高水平, 研究区域地下水存在安全隐患. Zhao 等^[27] 的研究结果显示同一养殖区域水体中的 ARGs 相对丰度同样高于沉积物. 渔业复垦塌陷地沉积物中检测出一定相对丰度的 *sul1* 和 *sul2*, 水体中其相对丰度或更高, 结合塌陷地地质环境的推动作用以致井水中呈现较高的丰度. 井水中的多种 ARGs 未在沉积物中检测到, 除渔业养殖污染外还包括其他污染源, 如养殖区内的鸡、鸭、羊等或养殖区之外的其他污染源. 鱼塘沉积物中磺胺类和四环素类均在河流沉积物中检测到, 水产养殖废水是该区域河流 ARGs 污染的重要来源.

3.2 微生物群落结构分析

不同区域微生物群落结构存在差异, 环境因素

发挥着重要作用^[36]. 变形菌门 (Proteobacteria) 基本在所有相关研究中均最为优势^[25,26]. 绿弯菌门 (Chloroflexi) 和广古菌门 (Euryarchaeota) 可以在热泉和高盐等极端环境中生存^[37,38]. 厚壁菌门 (Firmicutes) 特殊的细胞结构能适应复杂环境, 环境污染程度较高时呈现出较高的丰度^[39]. 河流沉积物中绿弯菌门 (Chloroflexi)、广古菌门 (Euryarchaeota) 和厚壁菌门 (Firmicutes) 的丰度较高, 污染或最为严重. 由于矿区环境、养殖废水和生活污水的综合作用, 研究区域存在环境污染现象, 进而对微生物群落结构造成了影响. 井水中主要为变形菌门 (Proteobacteria), 推测研究区域地下环境受煤矿污染的程度较轻. 属分类学水平上, 硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 所属变形菌门, 为自养型革兰氏阴性菌, 以元素硫、硫代硫酸盐等物质为能源, 可氧化硫类化合物为单质硫和硫酸盐, 在水污染治理方面具有脱氮除硫的作用^[40]. 沉积物中硫杆菌属 (*Thiobacillus*) 最为优势, 与王龙飞等^[41] 对江苏省水源地的调查结果相同. 甲烷丝菌属 (*Methanosaeta*) 为革兰氏阴性菌, 极端严格厌氧. 水产养殖区污染严重

的水体呈现出高浊度、高色度及富营养化现象,降低了水体氧气含量,从而可能导致了鱼塘和河流沉积物中甲烷丝菌属(*Methanosaeta*)占比较高。鱼塘中具有定期曝气设施以保障鱼类生长生存,降低了甲烷丝菌属(*Methanosaeta*)的丰度。井水中较为优势的不动杆菌属(*Acinetobacter*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)为致病菌,可引起呼吸道、泌尿道等感染和败血症,且具有耐药性^[42],以井水为饮用水水源存在潜在的健康威胁。

3.3 微生物群落结构对 ARGs 分布的影响分析

微生物群落结构会影响 ARGs 的产生和丰度^[43]。Wang 等^[44]对洪湖中微生物群落和 ARGs 的研究表明,厚壁菌门、变形菌门和芽单胞菌门等与 ARGs 呈显著正相关;罗晓等^[45]对河流中的微生物群落和 ARGs 相关性分析表明,少数菌属与 ARGs 存在相关性。本研究中,多数菌属与 ARGs 间的相关性较强,而少数菌属与 ARGs 间相关性显著。不同环境中微生物群落结构不同,ARGs 的分布和诱导的潜在机制可能有所不同^[46],进而微生物与 ARGs 的相关性存在差异。

不动杆菌属(*Acinetobacter*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)与多种 ARGs 呈显著正相关,致病菌或是多种 ARGs 的共同宿主,与先前研究相符^[41]。多种菌属与四环素类 ARGs 显著正相关,其中甲烷丝菌属(*Methanosaeta*)、甲烷蝇菌属(*Methanolinea*)、长绳菌属(*Longilinea*)和厌氧绳菌属(*Bellilinea*)等属于绿弯菌门(*Chloroflexi*)和广古菌门(*Euryarchaeota*),这些门的微生物可能是沉积物中四环素类 ARGs 的重要宿主。硫杆菌属(*Thiobacillus*)与 ARGs 呈负相关,Chen 等^[47]的研究表明,硫杆菌属(*Thiobacillus*)对土霉素具有一定的生物降解作用,从而可能间接抑制 ARGs 的水平基因转移,降低 ARGs 的相对丰度。多数研究表明微生物群落对 ARGs 分布的影响较大,而环境因素对微生物群落的影响较大^[44,48,49]。煤矿渔业复垦塌陷地中,井水和不同沉积物间的环境条件存在差异,呈现出不同的微生物群落结构,进而呈现出不同的 ARGs 种类和相对丰度。不动杆菌属(*Acinetobacter*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)占比较高的井水中 ARGs 相对丰度较高,而硫杆菌属(*Thiobacillus*)占比较高的沉积物中 ARGs 相对丰度较低,绿弯菌门(*Chloroflexi*)和广古菌门(*Euryarchaeota*)占比较高的河流沉积物中四环素类 ARGs 相对丰度较高,这表明微生物群落结构对 ARGs 的分布具有重要影响。

4 结论

(1) 渔业复垦塌陷地共检测出 29 种 ARGs, *bacA* 在所有样品中相对丰度最高。沉积物中四环素和磺胺类 ARGs 相对丰度较高,井水多药类 ARGs 相对丰度较高。煤矿渔业复垦塌陷地沉积物和井水中均受到 ARGs 的污染,相应的管理和控制措施有待加强。

(2) 微生物群落结构上,变形菌门(*Proteobacteria*)在所有样品中最为优势;沉积物中优势菌属为硫杆菌属,井水中优势菌属为不动杆菌属(*Acinetobacter*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)。

(3) 致病菌属和所属绿弯菌门(*Chloroflexi*)和广古菌门(*Euryarchaeota*)的菌属或是 ARGs 的潜在宿主,微生物群落结构影响着 ARGs 的分布。

参考文献:

- [1] 罗义,周启星. 抗生素抗性基因(ARGs)——一种新型环境污染[J]. 环境科学学报, 2008, 28(8): 1499-1505.
Luo Y, Zhou Q X. Antibiotic resistance genes (ARGs) as emerging pollutants[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2008, 28(8): 1499-1505.
- [2] Liang X M, Guan F L, Chen B W, et al. Spatial and seasonal variations of antibiotic resistance genes and antibiotics in the surface waters of Poyang Lake in China[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, 196, doi: 10.1016/j.ecoenv.2020.110543.
- [3] Zhu Y G, Zhao Y, Li B, et al. Continental-scale pollution of estuaries with antibiotic resistance genes[J]. Nature Microbiology, 2017, 2, doi: 10.1038/nmicrobiol.2016.270.
- [4] Wang L J, Wang J H, Wang J, et al. Soil types influence the characteristic of antibiotic resistance genes in greenhouse soil with long-term manure application[J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 392, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.122334.
- [5] Zhang Y, Zhang Y Z, Kuang Z M, et al. Comparison of microbiomes and resistomes in two karst groundwater sites in Chongqing, China[J]. Groundwater, 2019, 57(5): 807-818.
- [6] Jutkina J, Marathe N P, Flach C F, et al. Antibiotics and common antibacterial biocides stimulate horizontal transfer of resistance at low concentrations[J]. The Science of the Total Environment, 2018, 616-617: 172-178.
- [7] Liu X H, Lu S Y, Guo W, et al. Antibiotics in the aquatic environments: a review of lakes, China[J]. Science of the Total Environment. 2018, 627: 1195-1208.
- [8] 阮晓慧,钱雅洁,薛罡,等. 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[J]. 环境科学, 2020, 41(2): 823-830.
Ruan X H, Qian Y J, Xue G, et al. Effect of tetracycline antibiotic on abundance and transcriptional expression level of tetracycline resistance genes in activated sludge[J]. Environmental Science, 2020, 41(2): 823-830.
- [9] 袁开,吴佳佳,朱诚. 养殖鱼塘底泥微生物抗生素耐药基因分布分析[J]. 环境科学学报, 2017, 37(10): 3649-3655.
Yuan K, Wu J J, Zhu C. Analysis of microbial antibiotic resistance genes in sediment of aquaculture pond[J]. Acta Scientiae Circumstantiae, 2017, 37(10): 3649-3655.
- [10] Muziasari W I, Pärnänen K, Johnson T A, et al. Aquaculture

- changes the profile of antibiotic resistance and mobile genetic element associated genes in Baltic Sea sediments [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, **92** (4), doi: 10.1093/femsec/fiw052.
- [11] Suzuki S, Nakanishi S, Tamminen M, *et al.* Occurrence of *sul* and *tet* (M) genes in bacterial community in Japanese marine aquaculture environment throughout the year; profile comparison with Taiwanese and Finnish aquaculture waters [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **669**: 649-656.
- [12] Harnisz M, Korzeniewska E, Golaś I. The impact of a freshwater fish farm on the community of tetracycline-resistant bacteria and the structure of tetracycline resistance genes in river water [J]. *Chemosphere*, 2015, **128**: 134-141.
- [13] Nakayama T, Hoa T T T, Harada K, *et al.* Water metagenomic analysis reveals low bacterial diversity and the presence of antimicrobial residues and resistance genes in a river containing wastewater from backyard aquacultures in the Mekong Delta, Vietnam [J]. *Environmental Pollution*, 2017, **222**: 294-306.
- [14] Wu J J, Su Y L, Deng Y Q, *et al.* Prevalence and distribution of antibiotic resistance in marine fish farming areas in Hainan, China [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **653**: 605-611.
- [15] Gao P P, Mao D Q, Luo Y, *et al.* Occurrence of sulfonamide and tetracycline-resistant bacteria and resistance genes in aquaculture environment [J]. *Water Research*, 2012, **46** (7): 2355-2364.
- [16] Yuan J L, Ni M, Liu M, *et al.* Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in a typical estuary aquaculture region of Hangzhou Bay, China [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2019, **138**: 376-384.
- [17] 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.
- 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.
- [18] Lu P, Zhou L, Cheng S, *et al.* Main challenges of closed/abandoned coal mine resource utilization in china [J]. *Energy Sources, Part A: Recovery, Utilization, and Environmental Effects*, 2020, **42** (22): 2822-2830.
- [19] Barrios R E, Khuntia H K, Bartelt-Hunt S L, *et al.* Fate and transport of antibiotics and antibiotic resistance genes in runoff and soil as affected by the timing of swine manure slurry application [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **712**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.136505.
- [20] Huang L, Xu Y B, Xu J X, *et al.* Dissemination of antibiotic resistance genes (ARGs) by rainfall on a cyclic economic breeding livestock farm [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2019, **138**: 114-121.
- [21] 姬红英, 韩涤清, 辛亚军, 等. 煤矿沉陷区砾石粘土层水体溶质迁移特征 [J]. *煤炭学报*, 2020, **45** (S1): 293-404.
- Ji H Y, Han D Q, Xin Y J, *et al.* The characteristics on water-body solute migration of gravel clay in mine subsidence area [J]. *Journal of China Coal Society*, 2020, **45** (S1): 293-404.
- [22] 范廷玉, 余乐, 王顺, 等. 采煤沉陷区土壤中重金属的 2 种特征趋势研究 [J]. *环境科学与技术*, 2019, **42** (10): 134-141.
- Fan T Y, Yu L, Wang S, *et al.* Two types of characteristics and trends of heavy metals in soil of coal mining subsidence area [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **42** (10): 134-141.
- [23] 雷少刚, 肖浩宇, 鄢晨龙, 等. 开采沉陷对关键土壤物理性质影响的相似模拟实验研究 [J]. *煤炭学报*, 2017, **42** (2): 300-307.
- Lei S G, Xiao H Y, Qie C L, *et al.* Similar simulation experiment on the influence of mining subsidence on the key physical properties of soil [J]. *Journal of China Coal Society*, 2017, **42** (2): 300-307.
- [24] Gupta C L, Tiwari R K, Cytryn E. Platforms for elucidating antibiotic resistance in single genomes and complex metagenomes [J]. *Environment International*, 2020, **138**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105667.
- [25] Wang J H, Lu J, Zhang Y X, *et al.* Metagenomic analysis of antibiotic resistance genes in coastal industrial mariculture systems [J]. *Bioresource Technology*, 2018, **253**: 235-243.
- [26] Fang H, Huang K L, Yu J N, *et al.* Metagenomic analysis of bacterial communities and antibiotic resistance genes in the *Eriocheir sinensis* freshwater aquaculture environment [J]. *Chemosphere*, 2019, **224**: 202-211.
- [27] Zhao Y T, Zhang X X, Zhao Z H, *et al.* Metagenomic analysis revealed the prevalence of antibiotic resistance genes in the gut and living environment of freshwater shrimp [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2018, **350**: 10-18.
- [28] Zhang S H, Yang G L, Hou S G, *et al.* Distribution of ARGs and MGEs among glacial soil, permafrost, and sediment using metagenomic analysis [J]. *Environmental Pollution*, 2018, **234**: 339-346.
- [29] Yuan K, Yu K, Yang R Q, *et al.* Metagenomic characterization of antibiotic resistance genes in Antarctic soils [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, **176**: 300-308.
- [30] Ma L P, Li B, Zhang T. Abundant rifampin resistance genes and significant correlations of antibiotic resistance genes and plasmids in various environments revealed by metagenomic analysis [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2014, **98** (11): 5195-5204.
- [31] 陈红玲, 张兴桃, 王晴, 等. 宏基因组方法分析医药化工废水厂中抗生素耐药菌及抗性基因 [J]. *环境科学*, 2020, **41** (1): 313-320.
- Chen H L, Zhang X T, Wang Q, *et al.* Metagenomic analysis of antibiotic resistant bacteria and resistance genes in a pharmaceutical and chemical wastewater treatment plant [J]. *Environmental Science*, 2020, **41** (1): 313-320.
- [32] Huang K, Xia H, Zhang Y Y, *et al.* Elimination of antibiotic resistance genes and human pathogenic bacteria by earthworms during vermicomposting of dewatered sludge by metagenomic analysis [J]. *Bioresource Technology*, 2020, **297**, doi: 10.1016/j.biortech.2019.122451.
- [33] Han I, Yoo K. Metagenomic profiles of antibiotic resistance genes in activated sludge, dewatered sludge and bioaerosols [J]. *Water*, 2020, **12** (6), doi: 10.3390/w12061516.
- [34] He P, Wu Y, Huang W Z, *et al.* Characteristics of and variation in airborne ARGs among urban hospitals and adjacent urban and suburban communities: a metagenomic approach [J]. *Environment International*, 2020, **139**, doi: 10.1016/j.envint.2020.105625.
- [35] 黄峰, 王玮韧, 饶鑫, 等. 热带珊瑚岛植物种植对土壤改良及其微生物群落形成的影响 [J]. *生态学报*, 2019, **39** (17): 6227-6237.
- Huang F, Wang W R, Rao X, *et al.* Soil improvements and microbial community development following establishment of plant communities in a tropical coral island [J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2019, **39** (17): 6227-6237.

- [36] 刘晓丹, 黄毅, 王永花, 等. 西藏尼洋河沉积物中微生物群落结构特征分析[J]. 环境科学, 2020, **41**(7): 3249-3256.
- Liu X D, Huang Y, Wang Y H, *et al.* Structural characteristics of microbial communities in the sediments of the Niyang River in Tibet[J]. Environmental Science, **41**(7): 3249-3256.
- [37] Lavrentyeva E V, Radnagurueva A A, Barkhutova D D, *et al.* Bacterial diversity and functional activity of microbial communities in hot springs of the Baikal Rift Zone [J]. Microbiology, 2018, **87**(2): 272-281.
- [38] Nunoura T, Nishizawa M, Hirai M, *et al.* Microbial diversity in sediments from the bottom of the Challenger Deep, the Mariana Trench[J]. Microbes and Environments, 2018, **33**(2): 186-194.
- [39] Sun W M, Xiao T F, Sun M, *et al.* Diversity of the sediment microbial community in the Aha watershed (southwest China) in response to acid mine drainage pollution gradients[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2015, **81**(15): 4874-4884.
- [40] 徐金兰, 陈紫薇, 张少枫, 等. 信号分子联合脱氮硫杆菌对同步脱氮除硫的影响[J]. 环境科学, 2019, **40**(9): 4177-4184.
- Xu J L, Chen Z W, Zhang S F, *et al.* Effect of signal molecule combined with *Thiobacillus denitrificans* on simultaneous removal of nitrogen and sulfur[J]. Environmental Science, 2019, **40**(9): 4177-4184.
- [41] 王龙飞, 程逸群, 胡晓东, 等. 江苏省代表性水源地抗生素及抗性基因赋存现状[J]. 环境科学, 2021, **41**(2): 749-760.
- Wang L F, Cheng Y Q, Hu X D, *et al.* Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in representative drinking water resources in Jiangsu Province[J]. Environmental Science, 2021, **41**(2): 749-760.
- [42] 姜肖玉, 黄志卓. 亚胺培南耐药鲍曼不动杆菌和铜绿假单胞菌的耐药性和耐药机制研究[J]. 现代预防医学, 2015, **42**(17): 3200-3203.
- Jiang X Y, Huang Z Z. Drug resistance and resistant mechanisms of *Acinetobacter baumannii* and *Pseudomonas aeruginosa* [J]. Modern Preventive Medicine, 2015, **42**(17): 3200-3203.
- [43] Zhang H H, He H Y, Chen S N, *et al.* Abundance of antibiotic resistance genes and their association with bacterial communities in activated sludge of wastewater treatment plants: Geographical distribution and network analysis [J]. Journal of Environmental Science, 2019, **82**: 24-38.
- [44] Wang Z, Han M Z, Li E H, *et al.* Distribution of antibiotic resistance genes in an agriculturally disturbed lake in China: their links with microbial communities, antibiotics, and water quality[J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, **393**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2020.122426.
- [45] 罗晓, 张文丽, 袁立霞, 等. 纳污河流抗性基因和微生物群落相关性[J]. 中国环境科学, 2019, **39**(6): 2606-2613.
- Luo X, Zhang W L, Yuan L X, *et al.* Correlation between resistance genes and microbial community in polluted rivers[J]. China Environmental Science, 2019, **39**(6): 2606-2613.
- [46] Shen X X, Jin G Q, Zhao Y J, *et al.* Prevalence and distribution analysis of antibiotic resistance genes in a large-scale aquaculture environment[J]. Science of the Total Environment, 2020, **711**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2019.134626.
- [47] Chen J F, Yang Y W, Liu Y Y, *et al.* Bacterial community shift and antibiotics resistant genes analysis in response to biodegradation of oxytetracycline in dual graphene modified bioelectrode microbial fuel cell [J]. Bioresource Technology, 2019, **276**: 236-243.
- [48] Zheng J, Gao R X, Wei Y Y, *et al.* High-throughput profiling and analysis of antibiotic resistance genes in East Tiaoxi River, China[J]. Environmental Pollution, 2017, **230**: 648-654.
- [49] Jia S Y, Bian K Q, Shi P, *et al.* Metagenomic profiling of antibiotic resistance genes and their associations with bacterial community during multiple disinfection regimes in a full-scale drinking water treatment plant[J]. Water Research, 2020, **176**, doi: 10.1016/j.watres.2020.115721.

CONTENTS

Chemical Characteristics and Source Apportionment of Organic Aerosols in Atmospheric PM _{2.5} in Winter in Beijing	XU Nan, WANG Tian-tian, LI Xiao, <i>et al.</i> (2101)
Characteristics of Two Pollution Episodes Before and After City Heating in Beijing from February to March of 2019	YIN Xiao-mei, PU Wei-wei, WANG Ji-kang, <i>et al.</i> (2110)
Analysis of Characteristics and Causes of a Typical Haze Pollution in Beijing in the Winter of 2019	LIAN Han-yang, YANG Xin, ZHANG Pu, <i>et al.</i> (2121)
New Particle Formation Events in Summer and Winter in the Coastal Atmosphere in Qingdao, China	SUN Yue, ZHU Yu-jiao, MENG He, <i>et al.</i> (2133)
Characteristics of Heavy Metal Pollution and Ecological Risk Evaluation of Indoor Dust from Urban and Rural Areas in Taiyuan City During the Heating Season	HUANG Hao, XU Zi-qi, YAN Jun-xia, <i>et al.</i> (2143)
Concentration Analysis and Health Risk Assessment of Air Pollutants in Newly Decorated Public Places in Xi'an	FAN Jie, FAN Hao, SHEN Zhen-xing, <i>et al.</i> (2153)
Emission Concentration and Characteristics of Particulate Matter and Water-Soluble Ions in Exhaust Gas of Typical Combustion Sources with Ultra-Low Emission	HU Yue-qi, WANG Zheng, GUO Jian-hui, <i>et al.</i> (2159)
High-Throughput Sequencing Analysis of Microbial Communities in Summertime Atmospheric Particulate Matter in Hefei City	JIANG Shao-yi, SUN Bo-wen, DAI Hai-tao, <i>et al.</i> (2169)
Spatiotemporal Variations in Fine Particulate Matter and the Impact of Air Quality Control in Zhengzhou	DONG Zhe, YUAN Ming-hao, SU Fang-cheng, <i>et al.</i> (2179)
Characteristics of Ozone Pollution and Relationships with Meteorological Factors in Jiangxi Province	QIAN Yue, XU Bin, XIA Ling-jun, <i>et al.</i> (2190)
Temporal and Spatial Distribution Characteristics of Aerosol Optical Properties in Urban Agglomerations on the North Slope of the Tianshan Mountains	ZHANG Zhe, DING Jian-li, WANG Jin-jie, <i>et al.</i> (2202)
Comprehensive Classification Method of Urban Water by Remote Sensing Based on High-Resolution Images	YANG Zi-qian, LIU Huai-qing, LÜ Heng, <i>et al.</i> (2213)
Construction and Application Optimization of the Chl-a Forecast Model ARIMA for Lake Taihu	LI Na, LI Yong, FENG Jia-cheng, <i>et al.</i> (2223)
Spatial Differences in Water Quality and Spatial Autocorrelation Analysis of Eutrophication in Songhua Lake	DING Yang, ZHAO Jin-yong, ZHANG Jing, <i>et al.</i> (2232)
Pollution and Irrigation Applicability of Surface Water from Wet, Normal, and Dry Periods in the Huixian Karst Wetland, China	ZHU Dan-ni, ZOU Sheng-zhang, LI Jun, <i>et al.</i> (2240)
Changes in Water Chemistry and Driving Factors in the Middle and Lower Reaches of the Beijing-Hangzhou Grand Canal	CHENG Zhong-hua, DENG Yi-xiang, ZHUO Xiao-ke, <i>et al.</i> (2251)
Effects of Different Land Use Practices on Nitrogen Loss from Runoff During Rainfall Events	LUO Yi-feng, CHEN Fang-xin, ZHOU Hao, <i>et al.</i> (2260)
Sources and Fate of Nitrate in Groundwater in a Typical Karst Basin: Insights from Carbon, Nitrogen, and Oxygen Isotopes	REN Kun, PAN Xiao-dong, LIANG Jia-peng, <i>et al.</i> (2268)
Changes in the Bacterioplankton Community Between "Ice" and "Water" in the Frozen Dali Lake	LI Wen-bao, YANG Xu, TIAN Ya-nan, <i>et al.</i> (2276)
Analysis of the Spatial Changes in Bacterial Communities in Urban Reclaimed Water Channel Sediments; A Case Study of the North Canal River	QIU Ying, JIN Yan, SU Zhen-hua, <i>et al.</i> (2287)
Spatial Differences and Influencing Factors of Denitrification and ANAMMOX Rates in Spring and Summer in Lake Taihu	ZHAO Feng, XU Hai, ZHAN Xu, <i>et al.</i> (2296)
Structural Characteristics of Zooplankton and Phytoplankton Communities and Its Relationship with Environmental Factors in a Typical Tributary Reservoir in the Three Gorges Reservoir Region	CHEN Sha, XIE Qing, FU Mei, <i>et al.</i> (2303)
Application of Iron and Sulfate-Modified Biochar in Phosphorus Removal from Water	SANG Qian-qian, WANG Fang-jun, ZHAO Yuan-tian, <i>et al.</i> (2313)
Analysis of the Performance and Mechanism of Phosphorus Removal in Water by Steel Slag	LUO Xiao, ZHANG Jun-bo, HE Lei, <i>et al.</i> (2324)
Adsorption of BS-18 Amphoterically Modified Bentonite to Tetracycline and Norfloxacin Combined Pollutants	WANG Xin-xin, MENG Zhao-fu, LIU Xin, <i>et al.</i> (2334)
Preparation of Ag ₃ PO ₄ /g-C ₃ N ₄ Composite Photocatalysts and Their Visible Light Photocatalytic Performance	GAO Chuang-chuang, LIU Hai-cheng, MENG Wu-shuang, <i>et al.</i> (2343)
Activation of Permonosulfate by Rhodamine B for BPA Degradation Under Visible Light Irradiation	ZHANG Yi-chen, BAI Xue, SHI Juan, <i>et al.</i> (2353)
Fe-Ti Co-Doped Alumina-Induced Surface Dual Reaction Center for Catalytic Ozonation to Remove Pollutants from Water	ZHANG Fan, SONG Yang, HU Chun, <i>et al.</i> (2360)
Preparation of Sulfidated Copper-Iron Bimetallic Compositing Material and Its Mechanism for Chromium Removal	QU Min, WANG Yuan, CHEN Hui-xia, <i>et al.</i> (2370)
Mechanisms of Penicillin Wastewater Treatment by Coupled Electrocatalytic and Bioelectrochemical Systems	QU You-peng, LÜ Jiang-wei, DONG Yue, <i>et al.</i> (2378)
Aerobic Granular Sludge Operation and Nutrient Removal Mechanism from Domestic Sewage in an Anaerobic/Aerobic Alternating Continuous Flow System	LI Dong, YANG Jing-wei, LI Yue, <i>et al.</i> (2385)
In-situ Phosphorus Removal Activity and Impact of the Organic Matter Concentration on Denitrifying Phosphorus Removal in Sludge Aggregates	LÜ Yong-tao, JIANG Xiao-tong, TU Yan, <i>et al.</i> (2396)
In-situ Sludge Reduction Technology Based on Ozonation	XUE Bing, LIU Bin-han, WEI Ting-ting, <i>et al.</i> (2402)
Effects of Activated Carbon on the Fate of Antibiotic Resistance Genes During Anaerobic Digestion of the Organic Fraction of Municipal Solid Waste	MA Jia-ying, WANG Pan-liang, WANG Bing-han, <i>et al.</i> (2413)
Release Mechanisms of Carbon Source and Dissolved Organic Matter of Six Agricultural Wastes in the Initial Stage	LING Yu, YAN Guo-kai, WANG Hai-yan, <i>et al.</i> (2422)
Spatial Differentiation of Soil Organic Carbon Density and Influencing Factors in Typical Croplands of China	LI Cheng, WANG Rang-hui, LI Zhao-zhe, <i>et al.</i> (2432)
Characteristics of Paddy Soil Organic Carbon Mineralization and Influencing Factors Under Different Water Conditions and Microbial Biomass Levels	LIU Qi, LI Yu-hong, LI Zhe, <i>et al.</i> (2440)
Analysis of Nitrogen Transformation Characteristics and Influencing Factors of Forestland Soil in the Qinghai-Tibet Plateau; A Case Study of the Qilian Mountains and Southeast Tibet	HE Fang, ZHANG Li-mei, SHEN Cong-cong, <i>et al.</i> (2449)
Using the Matter-Element Extension Model to Assess Heavy Metal Pollution in Topsoil in Parks in the Main District Park of Lanzhou City	HU Meng-jun, LI Chun-yan, LI Na-na, <i>et al.</i> (2457)
Effects of Long-Term Application of Chemical Fertilizers and Organic Fertilizers on Heavy Metals and Their Availability in Reddish Paddy Soil	XIA Wen-jian, ZHANG Li-fang, LIU Zeng-bing, <i>et al.</i> (2469)
Characteristics and Origins of Heavy Metals in Soil and Crops in Mountain Area of Southern Sichuan	HAN Wei, WANG Cheng-wen, PENG Min, <i>et al.</i> (2480)
Spatial Distribution Characteristics, Source Apportionment, and Risk Assessment of Topsoil PAHs in the Core Area of the Ningdong Energy and Chemical Industry Base	YANG Fan, LUO Hong-xue, ZHONG Yan-xia, <i>et al.</i> (2490)
Functional Stability and Applicability of Heavy Metal Passivators in Reducing Cd Uptake by Lettuce	PANG Fa-hu, WU Xue-jiao, KONG Xue-fei, <i>et al.</i> (2502)
Effects of Water Management on Cadmium Accumulation by Rice (<i>Oryza sativa</i> L.) Growing in Typical Paddy Soil	ZHANG Yu-ting, TIAN Ying-bing, HUANG Dao-you, <i>et al.</i> (2512)
Adsorption Properties of Oiltea Camellia Shell-Modified Biochar and Effects of Coupled Waterlogging on Soil Cd Morphology	CAI Tong, DU Hui-hui, LIU Xiao-li, <i>et al.</i> (2522)
Effects of Land Use Changes on Soil Fungal Community Structure and Function in the Riparian Wetland Along the Downstream of the Songhua River	XU Fei, ZHANG Tuo, HUAI Bao-dong, <i>et al.</i> (2531)
Distribution of Antibiotic Resistance Genes and Microbial Communities in a Fishery Reclamation Mining Subsidence Area	CHENG Sen, LU Ping, FENG Qi-yan (2541)
Effects of Three Commonly Used Herbicides on Bacterial Antibiotic Resistance	LI Xi, LIAO Han-peng, CUI Peng, <i>et al.</i> (2550)
Discussion of Microbial Control Standards of Water Reclamation and Formulation Methods	CHEN Zhuo, CUI Qi, CAO Ke-fan, <i>et al.</i> (2558)