

方知库
Eco-Environmental
Knowledge Web

环境科学

ENVIRONMENTAL SCIENCE

ISSN 0250-3301 CODEN HCKHDV
HUANJING KEXUE

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素

李芸邑, 刘利萍, 刘元元



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2021年8月

第42卷 第8期

Vol.42 No.8

目 次

上海市夏季臭氧污染特征及削峰方案 严茹莎, 王红丽, 黄成, 王倩, 安静宇 (3577)

天津市夏季不同臭氧浓度级别 VOCs 特征及来源 王文美, 高璟赞, 肖致美, 李源, 毕温凯, 李立伟, 杨宁, 徐虹, 孔君 (3585)

重庆市主城区 O₃ 污染时期大气 VOCs 污染特征及来源解析
..... 李陵, 李振亮, 张丹, 方维凯, 徐芹, 段林丰, 卢培利, 王锋文, 张卫东, 翟崇治 (3595)

汽车维修行业挥发性有机物排放特征及大气化学反应活性 陈鹏, 张月, 张梁, 熊凯, 邢敏, 李珊珊 (3604)

2016 冬季京津冀一次持续重度霾天气过程分析 毛曳, 张恒德, 朱彬 (3615)

北京与成都大气污染特征及空气质量改善效果评估 党莹, 张小玲, 饶晓琴, 康平, 何建军, 卢宁生, 华明, 向卫国 (3622)

郑州市 PM_{2.5} 组分、来源及其演变特征 赵孝因, 王申博, 杨洁茹, 马秋红, 刘洋, 张瑞芹 (3633)

上海市 PM_{2.5} 中重金属元素对 COVID-19 控制的高频响应 程凯, 常运华, 旷雅琼, 邹忠 (3644)

粤港澳大湾区吸收性气溶胶的解析 段家乐, 巨天珍, 黄蕊蕊, 梁卓红, 范佳晨 (3652)

河南省 2016~2019 年机动车大气污染物排放清单及特征 高丹丹, 尹沙沙, 谷幸珂, 卢轩, 张欢, 张瑞芹, 王玲玲, 齐艳杰 (3663)

广州地区室内灰尘中典型非邻苯增塑剂的污染特征与暴露风险 刘晓途, 彭长风, 陈达, 石玉盟, 汤书琴, 谭弘李, 黄维 (3676)

天津市主要河流和土壤中全氟化合物空间分布、来源及风险评价 武倩倩, 吴强, 宋帅, 任加国, 杨胜杰, 吴颜岐 (3682)

河网水源生态湿地水氢氧同位素分异特征 杨婷, 王阳, 徐静怡, 吴萍, 王为东 (3695)

重要饮用水源地天目湖水库有色可溶性有机物来源与组成特征 周蕾, 周永强, 张运林, 朱广伟 (3709)

城市不同类型水体有色可溶性有机物来源组成特征 俞晓琴, 崔扬, 陈慧敏, 朱俊羽, 李宇阳, 郭燕妮, 周永强, 韩龙飞 (3719)

白洋淀典型淀区沉积物间隙水溶解性有机物的光谱时空演变特征
..... 周石磊, 陈召莹, 张甜娜, 张紫薇, 孙悦, 姚波, 崔建升, 李再兴, 罗晓 (3730)

夏季巢湖入湖河流溶解性有机质来源及其空间变化 宁成武, 包妍, 黄涛, 王杰 (3743)

洪泽湖浮游动物时空分布特征及其驱动因素 陈业, 彭凯, 张庆吉, 蔡永久, 张永志, 龚志军, 项贤领 (3753)

农业耕作对三峡水库支流库湾消落带土壤氮、磷含量及流失的影响 罗芳, 鲁伦慧, 李哲, 韦方强 (3763)

沱江流域总氮面源污染负荷时空演变 肖宇婷, 姚婧, 湛书, 樊敏 (3773)

微塑料对海水抗生素抗性基因的影响 周曙屹, 朱永官, 黄福义 (3785)

磺胺甲噁唑对海水养殖废水处理过程中抗性细菌及抗性基因的富集作用 王金鹏, 赵阳国, 胡钰博 (3791)

潮汐-复合流人工湿地系统优化及对抗生素抗性基因的去除效果 程羽霄, 吴丹, 陈铨乐, 高方舟, 杨永强, 刘有胜, 应光国 (3799)

三峡库区香溪河库湾土壤多环芳烃时空分布特征及风险评价 黄应平, 金蕾, 朱灿, 李锟, 谢平, David Johnson, 刘慧刚, 席颖 (3808)

长江经济带工业污染排放空间分布格局及其影响因素 李芸邑, 刘利萍, 刘元元 (3820)

淡水系统中 4 种塑料颗粒的老化过程及 DOC 产物分析 李婉逸, 刘智临, 苗令占, 侯俊 (3829)

DOM 对沉积物悬浮颗粒吸附铜的促进作用及机制 丁翔, 李忠武, 徐卫华, 黄梅, 文佳骏, 金昌盛, 周咪, 陈佳 (3837)

市政污水二级出水中溶解性有机质在紫外/氯处理过程中的转化特性 王雪凝, 张炳亮, 潘丙才 (3847)

亚硝酸盐不同生成方式对短程硝化反硝化除磷颗粒系统的影响 王文琪, 李冬, 高鑫, 张杰 (3858)

A²/O 与倒置 A²/O 工艺低温条件下的氨氮去除能力解析 李金成, 郭雅妮, 齐蝶, 杨敏 (3866)

厌氧氨氧化启动过程细菌群落多样性及 PICRUS2 功能预测分析
..... 闫冰, 付嘉琦, 夏嵩, 易其臻, 桂双林, 吴九九, 熊继海, 魏源送 (3875)

活性污泥微生物群落结构与与环境因素响应关系分析 马切切, 袁林江, 牛泽栋, 赵杰, 黄崇 (3886)

汾河沿岸农田土壤微塑料分布特征及成因解析 朱宇恩, 文瀚萱, 李唐慧烟, 李华, 吴超, 张桂香, 阎敬 (3894)

基于 GIS 及 APCS-MLR 模型的兰州市主城区土壤 PAHs 来源解析 管贤贤, 周小平, 雷春妮, 彭熾雯, 张松林 (3904)

典型碳酸盐岩区耕地土壤剖面重金属形态迁移转化特征及生态风险评价
..... 唐世琪, 刘秀金, 杨柯, 郭飞, 杨峰, 马宏宏, 刘飞, 彭敏, 李括 (3913)

大气 CO₂ 摩尔分数升高对高、低应答水稻稻田 N₂O 排放的影响 于海洋, 黄琼, 王天宇, 张广斌, 马静, 朱春梧, 徐华 (3924)

椰糠生物炭对热区双季稻田 N₂O 和 CH₄ 排放的影响 王紫君, 王鸿浩, 李金秋, 伍延正, 符佩娇, 孟磊, 汤水荣 (3931)

不同水分管理条件下添加生物炭对琼北地区水稻土 N₂O 排放的影响
..... 王鸿浩, 谭梦怡, 王紫君, 符佩娇, 李金秋, 汤水荣, 伍延正, 孟磊 (3943)

物种多样性对铅锌尾矿废弃地植被及土壤的生态效应 杨胜香, 曹建兵, 李凤梅, 彭禧柱 (3953)

来利山锡尾矿区优势植物调查与生态修复潜力分析 秦芙蓉, 张仕颖, 夏运生, 张乃明, 吴程龙, 何忠俊, 岳献荣, 田森林 (3963)

黄河源区高寒沼泽湿地土壤微生物群落结构对不同退化的响应
..... 林春英, 李希来, 张玉欣, 孙华方, 李成一, 金立群, 杨鑫光, 刘凯 (3971)

秸秆还田配施化肥对稻-油轮作土壤酶活性及微生物群落结构的影响 靳玉婷, 李先藩, 蔡影, 胡宏祥, 刘运峰, 付思伟, 张博睿 (3985)

镉胁迫对芒草根际细菌群落结构、共发生网络和功能的影响
..... 陈兆进, 林立安, 李英军, 陈彦, 张浩, 韩辉, 吴乃成, Nicola Fohrer, 李玉英, 任学敏 (3997)

岩溶区稻田土壤真菌群落结构及功能类群特征 周军波, 靳振江, 肖筱怡, 冷蒙, 王晓彤, 潘复静 (4005)

锌冶炼地块剖面土壤对镉、铅的吸附特征及机制 刘凌青, 肖细元, 郭朝晖, 彭驰, 姜智超, 阳安迪 (4015)

不同土壤调理剂对土壤镉和邻-苯二甲酸酯迁移转化影响 王璨, 张煜行, 何明靖, 刘文新, 卢俊峰, 魏世强 (4024)

4 种钝化剂对污染水稻土中 Cu 和 Cd 的固持机制 丁园, 教师营, 陈怡红, 肖亮亮 (4037)

叶施 L-半胱氨酸对水稻镉和矿质元素含量的影响 张雅荟, 王常荣, 刘月敏, 刘雅萍, 刘仲齐, 张长波, 黄永春 (4045)

镉对不同生长期籽粒菟植物螯合肽的影响 刘佳欣, 陈文清, 杨力, 李娜, 王宇豪, 康愉晨 (4053)

中国造纸业物质代谢演化特征 刘欣, 杨涛, 武慧君, 袁增伟 (4061)

《环境科学》征订启事(3651) 《环境科学》征稿简则(3718) 信息(3836, 3885, 3893)

微塑料对海水抗生素抗性基因的影响

周曙仡^{1,2}, 朱永官^{1,2}, 黄福义^{1,2*}

(1. 中国科学院城市环境研究所城市环境与健康重点实验室, 厦门 361021; 2. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: 水环境中的微塑料和微生物抗生素抗性基因复合污染已经发展成为全球性的重大环境问题, 给人类健康和生态环境带来新的挑战. 海水中的微塑料残留日益增加, 但是不同种类微塑料对海水抗生素抗性基因的干扰和影响还不是很清楚. 选择了聚乙烯(PE)、聚氯乙烯(PVC)和具有一定水溶性的聚乙烯醇(PVA)这3种乙烯基微塑料, 采集海水并添加微塑料进行了曝气培养实验(49 d), 利用高通量定量 PCR 技术, 研究微塑料对海水抗生素抗性基因的影响. 结果表明, 空白对照海水、添加 PE 海水、添加 PVC 海水和添加 PVA 海水抗生素抗性基因的种类分别为 20、35、42 和 64 种, 微塑料使得海水中的抗生素抗性基因种类显著增多; 在丰度水平上, 空白对照海水、添加 PE 海水、添加 PVC 海水和添加 PVA 海水抗生素抗性基因的丰度分别为 4.01×10^6 、 2.75×10^7 、 4.54×10^7 和 1.05×10^8 copies·L⁻¹, 微塑料显著增加了海水中抗生素抗性基因的丰度. 因此, 相较于空白对照海水, 微塑料显著增加了海水抗生素抗性基因多样性和丰度水平; OLS 回归分析显示, 抗生素抗性基因与 16S rRNA 基因和可移动遗传元件有着显著正相关关系, 说明微生物的丰度和基因水平转移机制能够影响海水抗生素抗性基因的分布、存续和演变.

关键词: 微塑料; 海水; 抗生素; 高通量定量 PCR; 抗生素抗性基因(ARGs)

中图分类号: X55 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2021)08-3785-06 DOI: 10.13227/j.hjxx.202101009

Microplastic-Induced Alterations to Antibiotic Resistance Genes in Seawater

ZHOU Shu-yi-dan^{1,2}, ZHU Yong-guan^{1,2}, HUANG Fu-yi^{1,2*}

(1. Key Laboratory of Urban Environment and Health, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, China; 2. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: The increasing and combined pollution of microplastics (MPs) and antibiotic resistance genes (ARGs) in aquatic environments is a great ecological and health concern. However, MP-induced alterations to ARGs in seawater is poorly understood, impeding risk assessment of plastics. We profiled the diversity and abundance of ARGs and mobile genetic elements (MGEs) in seawater after the addition of three different MPs (PE, PVC, and PVA) and 49-day aerated incubation. A total of 20, 35, 42, and 64 ARGs were detected in BLK, PE, PVC, and PVA, with 2, 4, 2, and 3 MGEs, respectively. The absolute abundance of ARGs in the seawater aerated with MPs ranged from 4.01×10^6 copies·L⁻¹ to 1.05×10^8 copies·L⁻¹. Additionally, the variety and richness of ARGs and MGEs in PVA were significantly higher than in the original seawater, or the seawater aerated with the other two MPs. This indicates that PVA, which is water soluble, could induce more diverse and abundant ARGs in seawater. Significant correlations among ARGs, MGEs, and 16S rRNA genes were observed, implying that the occurrence of MGEs in seawater may accelerate the transmission of ARGs through horizontal gene transfer, and bacterial microorganisms could directly affect the propagation and dissemination of ARGs.

Key words: microplastics; seawater; antibiotic; high-throughput qPCR; antibiotic resistance genes (ARGs)

塑料具有良好的可塑性和耐用性, 并且价格低廉, 因此塑料制品在工农业、商业和日常生活中的得到了广泛使用^[1,2]. 基于人口密度和经济社会发展的数学模型显示, 世界上 192 个沿海国家早在 2010 年就形成了 2.75 亿 t 的塑料垃圾, 其中大约 1.75% ~ 4.62% 的塑料垃圾最终进入了海洋^[3]. 微塑料是一类直径小于 5 mm 塑料纤维、塑料颗粒或塑料薄膜, 被科学家认为是一种污染物^[4,5]. 微塑料主要分为原生微塑料(来源于脸部洁面产品和化妆品等)和次生微塑料(来源于尺寸较大塑料的碎化和降解等)^[4]. 有研究显示, 大西洋表层 200 m 海水存在主要以聚乙烯、聚丙烯和聚苯乙烯这 3 类为主的大量微塑料, 直径尺寸介于 32 ~ 651 μm, 这些微塑料重量约为 1.16 ~ 2.11

千万 t^[6]. 海洋塑料污染和危害造成的海洋生态经济损失每年高达 130 亿美元^[7]. 在我国, 黄海海域沉积物和海洋生物体的微塑料污染水平较高^[8], 南海西沙海域表层海水微塑料主要来源于海洋渔业活动和陆地人类活动释放的塑料垃圾^[7], 由于塑料具有相对稳定的化学性质, 这些(微)塑料可能在海洋环境存续数百年^[9], 海洋环境的微塑料污染态势非常严峻.

抗生素抗性是指微生物(包括病原微生物)对原本敏感的抗生素产生了高度耐受的特性, 抗生素

收稿日期: 2021-01-03; 修订日期: 2021-01-27

基金项目: 国家自然科学基金项目(41807460, 41977210, 42021005)

作者简介: 周曙仡(1992~), 男, 博士研究生, 主要研究方向为环境微生物生态和环境抗生素抗性, E-mail: sydzhou@iue.ac.cn

* 通信作者, E-mail: fyhuang@iue.ac.cn

抗性使得抗生素对细菌感染引发的相关疾病疗效降低,给人类卫生健康造成了挑战.环境中的塑料与抗生素耐药菌关系密切,有关研究表明,海洋里的塑料垃圾等是抗生素耐药菌(antibiotic-resistant bacteria, ARB)和抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)存储库和扩散媒介^[10, 11].微塑料粒径小,比表面积大,能被不同营养级的生物摄入体内,微塑料及其负载的污染物(重金属和有机污染物等)能在生物体中累积、迁移和传递,影响生态安全、动物生长繁殖和人类健康^[12, 13].水环境中的塑料还能够被微生物等定殖并形成塑料际生物膜^[14],这其中包括有害的条件病原菌^[15].目前关于海洋微塑料和抗生素抗性基因复合污染的研究还比较少,对于不同种类的微塑料对海水抗生素抗性基因的影响特征和驱动因素还缺乏深入认识.因此本研究选择聚乙烯(PE)、聚氯乙烯(PVC)和具有水溶性的聚乙烯醇(PVA)这3种具有乙烯基的不同微塑料,利用高通量定量PCR(high through-put quantitative PCR, HT-qPCR)技术对海水抗生素抗性基因的多样性和丰度

水平变化进行了分析,探究微塑料对海水抗性基因影响和变化特征,阐释海洋微塑料和抗性基因复合污染机制,以期为海洋生态环境质量评估、微塑料污染治理和相关环境政策制定提供科学理论支撑,具有理论和现实的意义.

1 材料与方法

1.1 海水采集与微塑料添加培养实验

本研究中选用的3种微塑料都是具有乙烯基的高聚化合物,分别为聚乙烯(polyethylene, PE)、聚氯乙烯(polyvinyl chloride, PVC)和聚乙烯醇(polyvinyl alcohol, PVA),它们的粒径峰值为160~180 μm,供应商为阿拉丁(Aladdin Industrial Corp, China),形态如图1所示(扫描电镜型号为HITACHI S4800, JAPAN).聚乙烯(PE)为乳白色颗粒或粉末,化学性质稳定,吸水性小;聚氯乙烯(PVC)为白色粉末状,无固定形态结构,光和热的稳定性较差;聚乙烯醇(PVA)是一种有机化合物,是白色片状、絮状或粉末状固体,能溶于水.

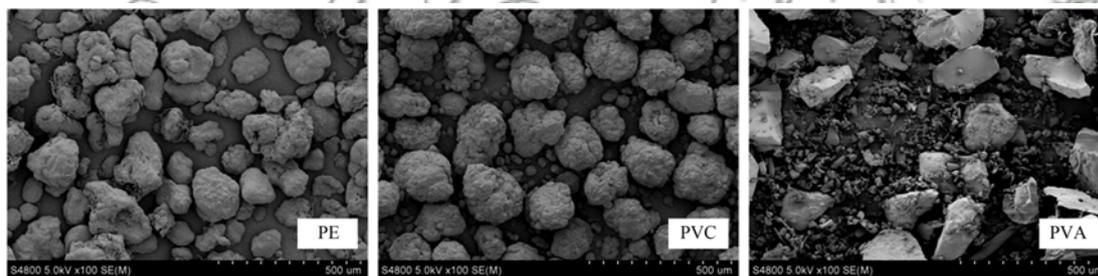


图1 选用的3种微塑料扫描电镜

Fig. 1 Characteristics of microplastics, determined by scanning electron microscopy

采集的海水位于厦门市五缘湾入海口(118.1763°E, 24.5387°N),所在区域海水无异色、异臭和异味.海水的总氮(TN)0.48 mg·L⁻¹,总有机碳(TOC)为9.52 mg·L⁻¹,固体悬浮物(suspended solid, SS)为16.3 mg·L⁻¹.采集的海水装在5 L的棕色玻璃瓶中(装满),共采集了15份平行海水样品(3份海水作为原样,3份用作空白曝气培养,9份水样用于分别添加3种微塑料并曝气培养实验).根据《海水水质标准》(GB 3097-1997)第一类和第二类海水关于悬浮物质人为增加的量不大于10 mg·L⁻¹的规定,本研究的海水培养体系,人为添加的微塑料取其上限值为10 mg·L⁻¹.采集的海水分别转移至透明玻璃瓶中,培养体积全部调整为4 L,进行1 h曝气-1 h静置的连续循环曝气方式,曝气速率为1.5 L·min⁻¹,总培养时间为49 d(7个星期).

1.2 海水总DNA提取与16S rRNA基因定量PCR

海水原水和培养后的海水,采用负压抽滤的方

式(混合纤维素微孔滤膜的尺寸为50 mm,孔径为0.22 μm),获得海水中含有微生物的固体悬浮物(包括添加的微塑料).海水样品抽滤结束后,略微晾干滤膜,避光冷冻保存.提取海水微生物总DNA之前,将所得的滤膜适当剪碎(建议形态大小约为1 mm×1 mm,不宜过大),选用FastDNA Spin Kit快速提取试剂盒(MP Biomedicals, USA),根据试剂盒说明书的方法步骤最终每个样品获得100 μL的DNA溶液.然后用Qubit 3(Thermo Fisher Scientific, USA)测定DNA样品的纯度和浓度.将实验样品的部分海水DNA原液,根据测得的浓度稀释成浓度为50 ng·μL⁻¹,体积45 μL的高通量qPCR上机实验样品.

将16S rRNA基因标准质粒(此次制备的标准质粒浓度是1.52×10¹⁰ copies·L⁻¹)10倍梯度稀释后作为标准工作曲线,采用Roche 480 II PCR仪对DNA样品的16S rRNA基因进行荧光定量qPCR实验(Roche Diagnostics Limited, Switzerland).本实验

的 qPCR 反应体系是 20 μL . 具体组分为: SYBR[®] Green Master Mix (10 μL), PCR 级超纯水 (7 μL), DNA 样品模板 (1 μL), 16S rRNA 基因正反向引物 (各 1 μL , 正反向引物浓度均为 10 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$). qPCR 设定了 40 个 cycles, 具体的热循环条件参照 Wang 等^[16] 的研究. DNA 实验样品均进行了 3 次 PCR 技术平行, 并进行 PCR 阴性比照实验.

1.3 高通量定量 PCR (HT-qPCR)

高通量定量 PCR 是本研究所采用的主要实验技术. 本实验所依托的高通量定量 PCR 反应平台为 SmartChip PCR Systems (TaKaRa Bio Inc, USA), 296 对基因引物及基因分类参考 Zhu 等^[17,18] 的相关研究, 其中有 285 种抗生素耐药基因, 10 种可移动遗传元件 (mobile genetic elements, MGEs) 和 1 种细菌 16S rRNA 基因. 选定的这些抗生素耐药基因与可移动遗传元件囊括的种类比较全面, 具备抗生素耐药基因谱集的特点, 代表性较好. SmartChip 的 PCR 通量是 5 184 个, 单个 PCR 的体积仅为 100 nL, 体系中各试剂的终浓度为: 1 倍稀释的 SYBR[®] Green I Master Mix 预混试剂 (Roche Applied Sciences, USA), 5 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 的样品 DNA 模板, 0.5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 的各基因的正反向引物. 高通量定量 PCR 反应循环条件设定为: 时长 10 min, 温度 95 $^{\circ}\text{C}$ 的热启动 (PCR 聚合酶的特性) 过程; 时长 30 s, 温度 95 $^{\circ}\text{C}$ 的 DNA 变性解链过程, 时长 30 s, 温度 60 $^{\circ}\text{C}$ 的 DNA 退火延伸过程, 以上两步进行 40 个 cycle. 最后, 扩增效率介于 1.75 ~ 2.25 的作为本实验有效扩增数据.

1.4 数据处理与统计分析

在对海水原水和培养后的海水进行 16S rRNA 基因常规定量 PCR 的基础上, 根据抗生素抗性基因丰度的研究和计算方法^[2,19], 可获得抗性基因和可移动遗传元件的绝对丰度, 然后进行基于丰度的后续各种分析.

高通量定量 PCR 的原始数据和其它数据采用 Excel 2016 进行整理计算, 直方图是用 OriginPro 9.0 软件进行绘制, 采用 R 3.3.3 软件进行 heatmap 热图和聚类分析以及普通最小二乘法分析 (ordinary least squares analysis, OLS), 文中相关性和显著性分析用 SPSS Statistics 22 软件.

2 结果与讨论

2.1 不同微塑料处理的海水 ARGs 类型与多样性

在海水原水和微塑料培养的海水中总共检测到了 103 种抗生素抗性基因 (ARGs). 根据抗生素对应的类型, 这些海水中的抗生素抗性基因可以概括为图 2 所示的 8 大类型. 此外, 本研究中也检测到有

10 种可移动遗传元件 (MGEs).

海水原水 (ORI) 检测到了 74 种抗性基因和 10 种可移动遗传元件. 按照 1 h 曝气-1h 静置的连续循环曝气培养 49 d 后, 4 种不同处理的海水抗性基因和可移动遗传元件的种类数都显著下降, 空白对照海水 (BLK)、添加聚乙烯海水 (PE)、添加聚氯乙烯海水 (PVC) 和添加聚乙烯醇海水 (PVA) 样品检测到的抗性基因种类数分别为 20、35、42 和 64 种, 而可移动遗传元件 (MGEs) 的种类数分别为 2、4、2 和 3 种. 相关研究表明, 曝气能直接搅拌混匀水体和增加溶解氧, 进而减少水中的化学需氧量 (COD) 和铵离子 ($\text{NH}_4^+ - \text{N}$) 的浓度水平, 可能导致微生物多样性的减少^[20]. 周昕原等^[2] 的研究也显示, 河水在实验室曝气培养后, 水中有机物等碳源和营养元素加快消耗, 抗生素抗性基因种类有所下降. 本研究显示, 曝气培养会使得水中抗性基因种类减少, 但相对于空白对照的海水 (BLK), 在添加微塑料 (PE、PVC 或 PVA) 的海水抗性基因种类显著增加. 此外, 微塑料 PE 和 PVC 不溶于水, 具有较强的疏水性的特点, 微生物在疏水塑料表面定殖需要较长时间才能形成稳定群落^[1,21], 而聚乙烯醇 (PVA) 常温下具有较好的吸水性, 能够被特定的微生物所利用^[22], 促进了微生物的生长和繁殖. 本研究证明微塑料改变了海水抗生素抗性基因的多样性和组成谱, 海水抗生素抗性基因种类显著增加, 微塑料对海水抗生素抗性基因污染的影响需引起更多重视.

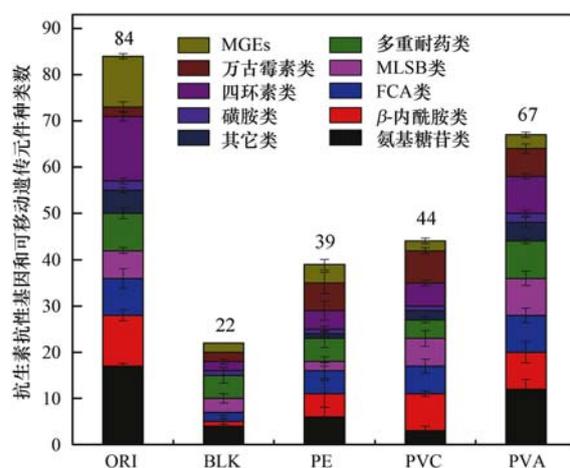


图 2 海水抗生素抗性基因和可移动遗传元件种类数

Fig. 2 Number of ARGs and MGEs detected in seawater

2.2 不同微塑料处理的海水 ARGs 丰度分析

海水原水和不同微塑料处理培养的海水抗性基因的丰度有着显著的不同 (图 3), 海水原水 (ORI)、空白对照海水 (BLK)、添加聚乙烯海水 (PE)、添加聚氯乙烯海水 (PVC) 和添加聚乙烯醇海水 (PVA) 抗生素抗性基因的丰度分别为 5.03×10^7 、 $4.01 \times$

10^6 、 2.75×10^7 、 4.54×10^7 和 1.05×10^8 copies·L⁻¹, 添加微塑料培养组的抗生素抗性基因丰度比空白对照组 (BLK) 显著增加 ($P < 0.05$). 特别是添加聚乙烯醇 (PVA) 微塑料的海水抗生素抗性基因丰度约是空白对照海水的 26 倍, 是海水原水的 2 倍. PVA 具有较强吸水性和表面活性^[22], 形成大量泡沫, 能够干扰海水微生物过程. 有研究表明, 在多种细菌等微生物的作用下, 聚乙烯醇泡棉堆肥 3 a 后 (唯一碳源), PVA1788 最高可降解 74.99%^[23]. 因此 PVA 能够提供足够的碳源和能源, 维持海水微生物的丰度和多样性, 并进而增加抗生素抗性基因的丰度.

从可移动遗传元件 (MGEs) 的丰度分析 (图 3), 海水原水 (ORI)、空白对照海水 (BLK)、添加聚乙烯海水 (PE)、添加聚氯乙烯海水 (PVC) 和添加聚乙烯醇 (PVA) 海水 MGEs 的丰度分别是 1.71×10^7 、 1.16×10^7 、 4.17×10^7 、 1.78×10^7 和 6.13×10^7 copies·L⁻¹. 此外, 空白对照海水 (BLK) 和添加聚乙烯海水 (PE) 可移动遗传元件丰度高于抗生素抗性基因. 相关研究表明, 添加 PVC 和 PVA 微塑料使得入海河口沉积物中抗性基因丰度快速增加, 微塑料对河口-海洋环境抗生素抗性基因污染与传播有重要影响^[13]. 相对于空白对照海水 (BLK), 微塑料的存在使得海水抗性基因的丰度明显增高, 说明微塑料 (包括来源于 PVA 等制成的可降解塑料制品) 对抗性基因的影响和海洋生态风险值得进一步关注.

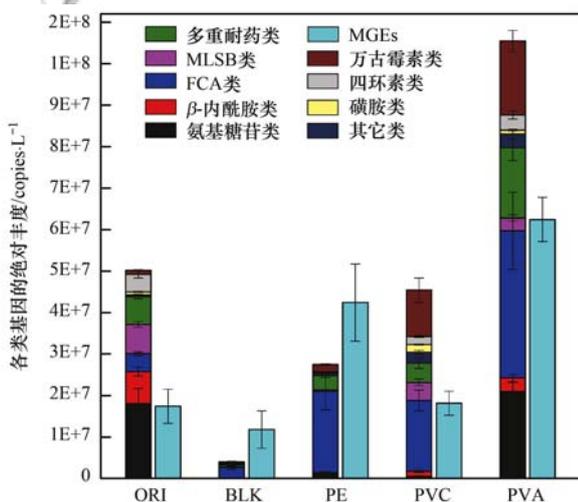


图3 海水抗生素抗性基因和可移动遗传元件的丰度

Fig. 3 Absolute abundance of ARGs and MGEs in seawater

2.3 微塑料对海水 ARGs 的分布格局分析

基于各类抗生素抗性基因、可移动遗传元件 (MGEs) 和总抗生素抗性基因 (ARGs) 的绝对丰度进行热图分析 (图 4), 能够直观地表征微塑料对海水抗性基因分布格局的影响. 图 4 可以看出, 海水经

过 49 d 的培养后, 各类基因聚类成了 3 大簇, A 簇主要包含氟喹诺酮类/氯霉素酰胺醇类 (FCA)、可移动遗传元件 (MGEs) 及总抗生素抗性基因 (ARGs), 这一簇的各类基因丰度总体较高. B 簇则包括磺胺类、大环内酯类/林肯酰胺类/链阳性菌素 B 类 (MLS B)、β-内酰胺类和四环素类抗性基因; B1 区域显示, 以上几类抗性基因在空白对照海水 (BLK) 和添加聚乙烯海水 (PE) 的丰度处于总体比较低的水平; B 簇中, 不同类型的抗生素抗性基因丰度水平差异较大. C 簇主要有氨基糖苷类、多重耐药类和万古霉素类抗性基因.

氟喹诺酮类/氯霉素酰胺醇类 (FCA) 与海水总抗生素抗性基因 (ARGs) 聚类在 A 簇, 微塑料使得氟喹诺酮类/氯霉素酰胺醇类 (FCA) 抗性基因丰度显著增加, 是海水抗生素抗性组最为活跃的组成部分, 对海水总体抗生素抗性基因的贡献最大 (图 3 和图 4). 微塑料复杂的表面结构和较大的比表面积, 对于水中的污染物 (特别是抗生素和重金属等) 具有不同的吸附-解析能力^[24,25], 直接影响海水和塑料表面的微生物组成, 能够在塑料际 (plastispheres) 形成微生物膜^[1,14], 因此, 微塑料改变了抗生素抗性基因分布格局, 加速了抗生素抗性基因在海洋环境传播和扩散, 使得海洋生态环境态势变得更加严峻.

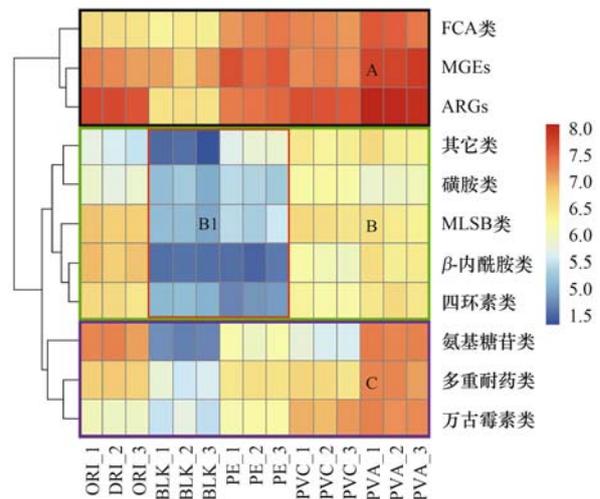


图4 海水抗生素抗性基因聚类分布热图

Fig. 4 Patterns of ARGs in seawater

2.4 海水 ARGs 与 MGEs 和 16S rRNA 基因的关系

相关研究表明, 抗生素抗性基因可以经过水平基因转移机制 (horizontal gene transfer, HGT) 在微生物中迁移扩散^[26], 整合子等加快了抗生素抗性基因在环境中的传播^[27,28]. 整合子和转座子都是重要的可移动遗传元件, 如图 5 所示, 统计了可移动遗传元件 (6 种转座子和 4 种整合子) 与海水抗生素抗性基因的关系, 普通最小二乘法 (OLS) 回归分析表明,

在 0.95 置信度区间条件下,可移动遗传元件的基因与抗生素抗性基因显著正相关,暗示可移动遗传元件参与了海水抗生素抗性基因的增殖及转移过程,加快了抗生素抗性基因在海水环境中的扩散传播。此外,OLS 分析还证实,微生物的丰度也与抗生素抗性基因显著正相关(图 5),表明微生物对抗生素抗性基因的存续、传播和演变有直接的重要作用。

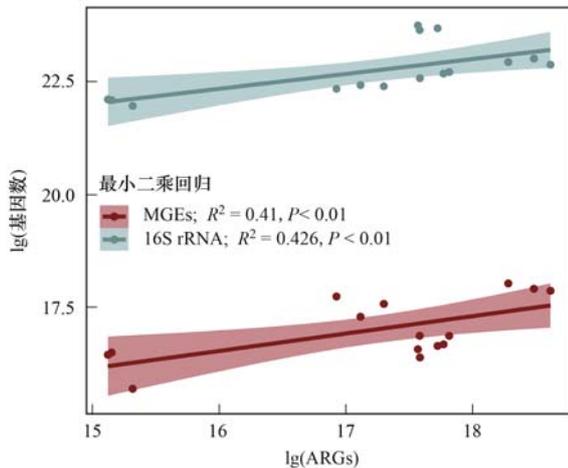


图 5 可移动遗传元件和微生物丰度与海水抗生素抗性基因的回归分析

Fig. 5 OLS regression analysis between MGEs, 16S rDNA, and ARGs in seawater

3 结论

(1)微塑料对海水抗生素抗性基因的种类组成产生了显著影响,空白对照海水(BLK)、添加聚乙烯海水(PE)、添加聚氯乙烯海水(PVC)和添加聚乙烯醇海水(PVA)样品检测到的抗性基因种类数分别为 20、35、42 和 64 种,微塑料使得海水抗生素抗性基因种类显著增加。

(2)微塑料改变了海水微生物抗生素抗性基因的分布特征,空白对照海水(BLK)、添加聚乙烯海水(PE)、添加聚氯乙烯海水(PVC)和添加聚乙烯醇海水(PVA)抗生素抗性基因的丰度分别为 4.01×10^6 、 2.75×10^7 、 4.54×10^7 和 1.05×10^8 copies·L⁻¹,微塑料使得海水抗生素抗性基因丰度显著增高,特别是可溶性微塑料(PVA)对海水抗生素抗性基因丰度影响最大。

(3)海水抗生素抗性基因与 16S rRNA 基因和可移动遗传元件(MGEs)有显著正相关的关联,说明微生物的丰度(16S rRNA 基因)和水平基因转移机制(HGT)都能够影响海水抗生素抗性基因的存续和演变。

参考文献:

[1] Yang K, Chen Q L, Chen M L, *et al.* Temporal dynamics of antibiotic resistome in the plastisphere during microbial

colonization[J]. *Environmental Science & Technology*, 2020, **54**(18): 11322-11332.

[2] 周昕原,王言仔,苏建强,等. 微塑料对河水抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2020, **41**(9): 4076-4080.

Zhou X Y, Wang Y Z, Su J Q, *et al.* Microplastics-induced shifts of diversity and abundance of antibiotic resistance genes in river water[J]. *Environmental Science*, 2020, **41**(9): 4076-4080.

[3] Jambeck J R, Geyer R, Wilcox C, *et al.* Plastic waste inputs from land into the ocean[J]. *Science*, 2015, **347**(6223): 768-771.

[4] Cole M, Lindeque P, Halsband C, *et al.* Microplastics as contaminants in the marine environment; a review[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2011, **62**(12): 2588-2597.

[5] Andrady A L. Microplastics in the marine environment [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2011, **62**(8): 1596-1605.

[6] Pabortsava K, Lampitt R S. High concentrations of plastic hidden beneath the surface of the Atlantic Ocean [J]. *Nature Communications*, 2020, **11**, doi: 10.1038/s41467-020-17932-9.

[7] 黄磊,李芊,徐向荣,等. 西沙群岛海域表层海水中微塑料的组成与分布特征[J]. *科学通报*, 2020, **65**(24): 2627-2635.

Huang L, Li Q, Xu X R, *et al.* Composition and distribution of microplastics in the surface seawater of Xisha Islands [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2020, **65**(24): 2627-2635.

[8] Wang J, Wang M X, Ru S G, *et al.* High levels of microplastic pollution in the sediments and benthic organisms of the South Yellow Sea, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **651**: 1661-1669.

[9] Thompson R C, Olsen Y, Mitchell R P, *et al.* Lost at sea: where is all the plastic? [J]. *Science*, 2004, **304**(5672): 838.

[10] Yang Y Y, Liu G H, Song W J, *et al.* Plastics in the marine environment are reservoirs for antibiotic and metal resistance genes[J]. *Environment International*, 2019, **123**: 79-86.

[11] Moore R E, Millar B C, Moore J E. Antimicrobial resistance (AMR) and marine plastics; can food packaging litter act as a dispersal mechanism for AMR in oceanic environments? [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2020, **150**, doi: 10.1016/j.marpolbul.2019.110702.

[12] 李富云,贾芳丽,涂海峰,等. 海洋中微塑料的环境行为和生态影响[J]. *生态毒理学学报*, 2017, **12**(6): 11-18.

Li F Y, Jia F L, Tu H F, *et al.* Environmental behavior and ecological effects of microplastics in the ocean[J]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2017, **12**(6): 11-18.

[13] 黄福义,杨凯,张子兴,等. 微塑料对河口沉积物抗生素抗性基因的影响[J]. *环境科学*, 2019, **40**(5): 2234-2239.

Huang F Y, Yang K, Zhang Z X, *et al.* Effects of microplastics on antibiotic resistance genes in estuarine sediments [J]. *Environmental Science*, 2019, **40**(5): 2234-2239.

[14] Amaral-Zettler L A, Zettler E R, Mincer T J. Ecology of the plastisphere[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2020, **18**(3): 139-151.

[15] Zettler E R, Mincer T J, Amaral-Zettler L A. Life in the "plastisphere": microbial communities on plastic marine debris [J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, **47**(13): 7137-7146.

[16] Wang J Y, An X L, Huang F Y, *et al.* Antibiotic resistome in a landfill leachate treatment plant and effluent-receiving river[J]. *Chemosphere*, 2020, **242**, doi: 10.1016/j.chemosphere.2019.

- 125207.
- [17] 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.
- [18] 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.
- [19] Ouyang W Y, Huang F Y, Zhao Y, *et al.* Increased levels of antibiotic resistance in urban stream of Jiulongjiang River, China [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2015, **99**(13): 5697-5707.
- [20] Yuan Q B, Shen Y, Huang Y M, *et al.* A comparative study of aeration, biostimulation and bioaugmentation in contaminated urban river purification [J]. *Environmental Technology & Innovation*, 2018, **11**: 276-285.
- [21] Roager L, Sonnenschein E C. Bacterial candidates for colonization and degradation of marine plastic debris [J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, **53**(20): 11636-11643.
- [22] 刘云柯, 周云横, 卫亚红. 聚乙烯醇微生物降解研究进展 [J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2018, **46**(6): 124-128, 144.
Liu Y K, Zhou Y H, Wei Y H. Research progress on microbial degradation of PVA [J]. *Journal of Northwest A&F University* (Natural Science Edition), 2018, **46**(6): 124-128, 144.
- [23] 刘亚兰, 段梦洁, 林晓珊, 等. 聚乙烯醇降解细菌筛选及其降解特性 [J]. *生物技术通报*, 2019, **35**(6): 91-98.
Liu Y L, Duan M J, Lin X S, *et al.* Identification and characterization of bacteria degrading polyvinyl alcohol [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2019, **35**(6): 91-98.
- [24] Li J, Zhang K N, Zhang H. Adsorption of antibiotics on microplastics [J]. *Environmental Pollution*, 2018, **237**: 460-467.
- [25] Torres F G, Dioses-Salinas D C, Pizarro-Ortega C I, *et al.* Sorption of chemical contaminants on degradable and non-degradable microplastics: recent progress and research trends [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, **757**, doi: 10.1016/j.scitotenv.2020.143875.
- [26] Fan X T, Li H, Chen Q L, *et al.* Fate of antibiotic resistant *Pseudomonas putida* and broad host range plasmid in natural soil microcosms [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.00194.
- [27] An X L, Chen Q L, Zhu D, *et al.* Impact of wastewater treatment on the prevalence of integrons and the genetic diversity of integron gene cassettes [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2018, **84**, doi: 10.1128/aem.02766-17.
- [28] 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.



CONTENTS

Characteristics and Control Strategies on Summertime Peak Ozone Concentration in Shanghai	YAN Ru-sha, WANG Hong-li, HUANG Cheng, <i>et al.</i> (3577)
Characteristics and Sources of VOCs at Different Ozone Concentration Levels in Tianjin	WANG Wen-mei, GAO Jing-yun, XIAO Zhi-mei, <i>et al.</i> (3585)
Pollution Characteristics and Source Apportionment of Atmospheric VOCs During Ozone Pollution Period in the Main Urban Area of Chongqing	LI Ling, LI Zhen-liang, ZHANG Dan, <i>et al.</i> (3595)
Emission Characteristics and Atmospheric Chemical Reactivity of Volatile Organic Compounds(VOCs) in Automobile Repair Industry	CHEN Peng, ZHANG Yue, ZHANG Liang, <i>et al.</i> (3604)
Analysis of the Continuous Heavy Pollution Process in the Winter of 2016 in Beijing, Tianjin, and Hebei	MAO Ye, ZHANG Heng-de, ZHU Bin (3615)
Evaluation of Air Pollution Characteristics and Air Quality Improvement Effect in Beijing and Chengdu	DANG Ying, ZHANG Xiao-ling, RAO Xiao-qin, <i>et al.</i> (3622)
Chemical Components and Sources of PM _{2.5} and Their Evolutive Characteristics in Zhengzhou	ZHAO Xiao-nan, WANG Shen-bo, YANG Jie-ru, <i>et al.</i> (3633)
High-frequency Responses to the COVID-19 Shutdown of Heavy Metal Elements in PM _{2.5} in Shanghai	CHENG Kai, CHANG Yun-hua, KUANG Ya-qiong, <i>et al.</i> (3644)
Analysis of Ultraviolet Aerosol Index in Guangdong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area	DUAN Jia-le, JU Tian-zhen, HUANG Rui-ni, <i>et al.</i> (3652)
Vehicle Air Pollutant Emission Inventory and Characterization in Henan Province from 2016 to 2019	GAO Dan-dan, YIN Sha-sha, GU Xing-ke, <i>et al.</i> (3663)
Characterization and Exposure Risk Assessment of Non-phthalate Plasticizers in House Dust from Guangzhou	LIU Xiao-tu, PENG Chang-feng, CHEN Da, <i>et al.</i> (3676)
Distribution, Sources, and Risk Assessment of Polyfluoroalkyl Substances in Main Rivers and Soils of Tianjin	WU Qian-qian, WU Qiang, SONG Shuai, <i>et al.</i> (3682)
Differentiation of Hydrogen and Oxygen Isotopes in the Water Source Treatment Wetlands of Stream Networks	YANG Ting, WANG Yang, XU Jing-yi, <i>et al.</i> (3695)
Characterizing Sources and Composition of Chromophoric Dissolved Organic Matter in a Key Drinking Water Reservoir Lake Tianmu	ZHOU Lei, ZHOU Yong-qiang, ZHANG Yun-lin, <i>et al.</i> (3709)
Sources and Optical Dynamics of Chromophoric Dissolved Organic Matter in Different Types of Urban Water Bodies	YU Xiao-qin, CUI Yang, CHEN Hui-min, <i>et al.</i> (3719)
Temporal and Spatial Evolution Characteristics of DOM Spectra in Sediment Interstitial Water in Typical Zones of Baiyangdian Lake	ZHOU Shi-lei, CHEN Zhao-ying, ZHANG Tian-na, <i>et al.</i> (3730)
Sources and Spatial Variation of Dissolved Organic Matter in Summer Water of Inflow Rivers Along Chaohu Lake Watershed	NING Cheng-wu, BAO Yan, HUANG Tao, <i>et al.</i> (3743)
Spatio-temporal Distribution Characteristics and Driving Factors of Zooplankton in Hongze Lake	CHEN Ye, PENG Kai, ZHANG Qing-ji, <i>et al.</i> (3753)
Effects of Farming Practices on Soil Nitrogen and Phosphorus Concentrations and Its Loss in the Drawdown Area of the Tributary Embayment of the Three Gorges Reservoir	LUO Fang, LU Lun-hui, LI Zhe, <i>et al.</i> (3763)
Temporal and Spatial Evolution of Non-point Source Pollution Load of Total Nitrogen in Tuojiang River Basin	XIAO Yu-ting, YAO Jing, CHEN Shu, <i>et al.</i> (3773)
Microplastic-Induced Alterations to Antibiotic Resistance Genes in Seawater	ZHOU Shu-yi-dan, ZHU Yong-guan, HUANG Fu-yi (3785)
Enrichment of Antibiotic Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Genes by Sulfamethoxazole in the Biological Treatment System of Mariculture Wastewater	WANG Jin-peng, ZHAO Yang-guo, HU Yu-bo (3791)
Optimization of Tidal-Combined Flow Constructed Wetland System and Its Removal Effect on Antibiotic Resistance Genes	CHENG Yu-xiao, WU Dan, CHEN Quan-le, <i>et al.</i> (3799)
Temporal-spatial Distribution and Risk Assessment of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Soil of Xiangxi Bay in Three Gorges Reservoir Area	HUANG Ying-ping, JIN Lei, ZHU Can, <i>et al.</i> (3808)
Spatial Distribution Pattern and Influencing Factors of Industrial Pollution Emissions in Yangtze River Economic Belt	LI Yun-yi, LIU Li-ping, LIU Yuan-yuan (3820)
Aging Process and DOC Analysis of Four Different Types of Plastic Particles in Freshwater Systems	LI Wan-yi, LIU Zhi-lin, MIAO Ling-zhan, <i>et al.</i> (3829)
Promotion and Mechanisms of DOM on Copper Adsorption by Suspended Sediment Particles	DING Xiang, LI Zhong-wu, XU Wei-hua, <i>et al.</i> (3837)
Transformation Characteristics of Dissolved Organic Matter During UV/Chlorine Treatment of Municipal Secondary Effluent	WANG Xue-ning, ZHANG Bing-liang, PAN Bing-cai (3847)
Effects of Different Nitrite Generation on the Short-cut Nitrification Denitrifying Phosphorus Removal Granules System	WANG Wen-qi, LI Dong, GAO Xin, <i>et al.</i> (3858)
Ammonia Nitrogen Removal Performance with Parallel Operation of Conventional and Inverted A ² /O Sewage Treatment Processes in Winter	LI Jin-cheng, GUO Ya-ni, QI Rong, <i>et al.</i> (3866)
Diversity and PICRUSt2-based Predicted Functional Analysis of Bacterial Communities During the Start-up of ANAMMOX	YAN Bing, FU Jia-qi, XIA Song, <i>et al.</i> (3875)
Microbial Community Structure of Activated Sludge and Its Response to Environmental Factors	MA Qie-qie, YUAN Ling-jiang, NIU Ze-dong, <i>et al.</i> (3886)
Distribution and Sources of Microplastics in Farmland Soil Along the Fenhe River	ZHU Yu-en, WEN Han-xuan, LI Tang-hui-xian, <i>et al.</i> (3894)
Source Apportionment of Soil PAHs in Lanzhou Based on GIS and APCS-MLR Model	GUAN Xian-xian, ZHOU Xiao-ping, LEI Chun-ni, <i>et al.</i> (3904)
Migration, Transformation Characteristics, and Ecological Risk Evaluation of Heavy Metal Fractions in Cultivated Soil Profiles in a Typical Carbonate-Covered Area	TANG Shi-qi, LIU Xiu-jin, YANG Ke, <i>et al.</i> (3913)
Effect of Elevated CO ₂ on N ₂ O Emissions from Different Rice Cultivars in Rice Fields	YU Hai-yang, HUANG Qiong, WANG Tian-yu, <i>et al.</i> (3924)
Effects of Coconut Chaff Biochar Amendment on Methane and Nitrous Oxide Emissions from Paddy Fields in Hot Areas	WANG Zi-jun, WANG Hong-hao, LI Jin-qiu, <i>et al.</i> (3931)
Effects of Biochar Addition Under Different Water Management Conditions on N ₂ O Emission From Paddy Soils in Northern Hainan	WANG Hong-hao, TAN Meng-yi, WANG Zi-jun, <i>et al.</i> (3943)
Ecological Effects of Species Diversity on Plant Growth and Physico-Chemical Properties in a Pb-Zn Mine Tailings	YANG Sheng-xiang, CAO Jian-bing, LI Feng-mei, <i>et al.</i> (3953)
Investigation of Dominant Plants and Analysis of Ecological Restoration Potential in Lailishan Tin Tailings	QIN Fu-rong, ZHANG Shi-ying, XIA Yun-sheng, <i>et al.</i> (3963)
Responses of Different Degradation Stages of Alpine Wetland on Soil Microbial Community in the Yellow River Source Zone	LIN Chun-ying, LI Xi-lai, ZHANG Yu-xin, <i>et al.</i> (3971)
Effects of Straw Returning with Chemical Fertilizer on Soil Enzyme Activities and Microbial Community Structure in Rice-Rape Rotation	JIN Yu-ting, LI Xian-fan, CAI Ying, <i>et al.</i> (3985)
Shifts in Rhizosphere Bacterial Community Structure, Co-occurrence Network, and Function of <i>Miscanthus</i> Following Cadmium Exposure	CHEN Zhao-jin, LIN Li-an, LI Ying-jun, <i>et al.</i> (3997)
Investigation of Soil Fungal Communities and Functionalities within Karst Paddy Fields	ZHOU Jun-bo, JIN Zhen-jiang, XIAO Xiao-yi, <i>et al.</i> (4005)
Adsorption Characteristics and Mechanism of Cd and Pb in Tiered Soil Profiles from a Zinc Smelting Site	LIU Ling-qing, XIAO Xi-yuan, GUO Zhao-hui, <i>et al.</i> (4015)
Influence of Different Soil Conditioner on the Transfer and Transformation of Cadmium and Phthalate Esters in Soil	WANG Can, ZHANG Yu-hang, HE Ming-jing, <i>et al.</i> (4024)
Immobilization Mechanism of Four Types of Amendments on Cu and Cd in Polluted Paddy Soil	DING Yuan, AO Shi-ying, CHEN Yi-hong, <i>et al.</i> (4037)
Foliar Application of L-Cysteine: Effects on the Concentration of Cd and Mineral Elements in Rice	ZHANG Ya-hui, WANG Chang-rong, LIU Yue-min, <i>et al.</i> (4045)
Effect of Cadmium Stress on Phytochelatins in <i>Amaranthus hypochondriacus</i> L. During Different Growth Periods	LIU Jia-xin, CHEN Wen-qing, YANG Li, <i>et al.</i> (4053)
Evolution of Material Metabolism in China's Pulp and Paper Industry	LIU Xin, YANG Tao, WU Hui-jun, <i>et al.</i> (4061)