

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PM_{2.5}空间异质性和驱动因素的地理探测

王丽丽, 刘笑杰, 李丁, 孙颖琦



■ 主办 中国科学院生态环境研究中心

■ 出版 科学出版社



2022年3月

第43卷 第3期

Vol.43 No.3

目次

2000~2020年天津PM_{2.5}质量浓度演变及驱动因子分析 蔡子颖, 郝团, 韩素芹, 唐颖潇, 杨旭, 樊文雁, 姚青, 邱晓滨(1129)

天津市PM_{2.5}-O₃复合污染特征及来源分析 肖致美, 徐虹, 高璟寰, 蔡子颖, 毕温凯, 李鹏, 杨宁, 邓小文, 戴运峰(1140)

基于随机森林模型的武汉市城区大气PM_{2.5}来源解析 张志豪, 陈楠, 祝波, 陶卉婷, 成海容(1151)

华北南部重污染城市周边区域二次气溶胶的化学特征及来源解析 任秀龙, 胡伟, 吴春苗, 胡偲豪, 高娜娜, 张崇崇, 岳亮, 王金喜, 樊景森, 牛红亚(1159)

“大气十条”实施结束川南城市群秋季霾污染过程中水溶性离子特征 吴安南, 黄小娟, 何仁江, 李金建, 叶秋麟, 吴涛, 肖智丹, 刘子锐, 王跃思, 张小玲, 张军科(1170)

郑州市典型污染过程PM₁₀中重金属浓度、来源及健康风险评估 翟诗婷, 王申博, 张栋, 赵孝因, 杨洁茹, 刘洋, 陈红阳, 张瑞芹(1180)

长江经济带PM_{2.5}空间异质性和驱动因素的地理探测 王丽丽, 刘笑杰, 李丁, 孙颖琦(1190)

长三角地区PM_{2.5}浓度对土地利用/覆盖转换的空间异质性响应 周丽霞, 吴涛, 蒋国俊, 张建珍, 濮励杰, 徐飞, 解雪峰(1201)

“2+26”城市春节和元宵节期间污染特征、气象影响和预报回顾分析 朱媛媛, 王晓斐, 汪巍, 刀谔, 王帅, 陈善荣(1212)

基于小波变换的山西省PM_{2.5}污染特征及影响因素 张可可, 胡冬梅, 闫雨龙, 彭林, 段小琳, 尹浩, 王凯, 邓萌杰(1226)

中国地表臭氧浓度估算及健康影响评估 赵楠, 卢毅敏(1235)

湖南省臭氧污染基本特征分析及长期趋势变化主控因素识别 刘妍妍, 杨雷峰, 谢丹平, 泽仁央宗, 黄志烟, 杨俊, 赵鹏, 韩静磊, 贾文超, 袁自冰(1246)

山东半岛近地面O₃浓度时空变化及潜在源区解析 李乐, 刘旻霞, 肖仕锐, 王思远, 米佳乐(1256)

COVID-19疫情期间雄安新区VOCs的变化特征、臭氧生成潜势及来源解析 刘新军, 王淑娟, 刘程, 范莉茹, 付翠轻, 齐莹, 宿文康(1268)

淄博市城区臭氧超标期间的VOCs污染特征与来源解析 王帅, 王秀艳, 杨文, 王雨燕, 白瑾丰, 程颖(1277)

淄博市夏季城区与背景点VOCs污染特征比较 秦涛, 徐勃, 王信梧, 李丽明, 杨文, 王晓丽, 耿春梅(1286)

四川省餐饮源挥发性有机物组分特征和清单 钱骏, 韩丽, 陈军辉, 王斌, 姜涛, 徐晨曦, 李英杰, 王成辉, 王波(1296)

餐饮源气相与颗粒相多环芳烃排放特征 李源速, 吴爱华, 童梦雪, 栾胜基, 李鹭(1307)

堆肥厂不同工作区空气真菌的多样性与群落结构 于奥园, 邢礼军, 孙兴滨, 仇天雷, 王旭明, 高敏(1315)

城市扬尘污染主要成因与精准治尘思路 李廷昆, 冯银厂, 毕晓辉, 张裕芬, 吴建会(1323)

黄河干流水质评价与时空变化分析 刘彦龙, 郑易安(1332)

典型山地城市河流营养元素空间分布特征及影响因素分析:以重庆市清水溪为例 王超, 叶秋, 贾伯阳, 何文战, 党超军, 黄焱, 杜浪(1346)

三峡库区支流的河-湖两态及其对沉积物不同形态磷含量的影响 黄伟, 张研, 罗晓佼, 张磊(1356)

派河及其支流溶解性有机质分子组成特征 詹亚, 尹浩, 冯景伟, 冯艾荣, 胡艳云, 张刘, 郑刘根(1365)

粤港澳大湾区典型潮间带环境多介质中Cd形态空间分布特征及其影响因素 崔新月, 莫武秋, 廖建波(1375)

骆马湖及主要入湖河流表层水体中抗生素的赋存特征及风险评估 龚润强, 赵华璋, 高占欣, 胡冠九, 卜元卿, 张圣虎, 邱惠(1384)

宁夏第三排水沟中抗生素的污染特征与生态风险评估 李富娟, 高礼, 李凌云, 卜兰香, 陶红, 杨桂钦(1394)

百年来北方湖泊沉积物PAHs的变化特征及其对人类活动的响应 龚雄虎, 赵中华, 丁琪琪, 张路, 姚书春, 薛滨(1404)

长江流域河流和湖库的浮游细菌群落差异 胡愈忻, 张静, 黄杰, 段春建, 李天翠, 刘威, 王英才, 胡圣(1414)

河套平原灌溉间隙期乌梁素海水体细菌群落结构特征 史玉娇, 李文宝, 张博尧, 姚国旺, 史小红(1424)

不同空间尺度的景观结构对袁河浮游细菌群落的影响 舒旺, 王鹏, 丁明军, 张华, 黄高翔, 聂明华(1434)

鄱阳湖白鹤保护区微塑料表面微生物群落结构特征 刘淑丽, 简敏菲, 邹龙, 胡启武(1447)

微塑料对变形杆菌生物膜生长发育的影响 陶辉, 戚怡婷, 于多, 杨兰, 顾颖, 厉彦辉(1455)

乌梁素海低密度微塑料聚合物沉降规律 刘禹, 史小红, 张生, 郝若男, 孙标, 赵胜男(1463)

老化前后微塑料对富里酸的吸附 宋亚丽, 俞娅, 郑磊, 汪华, 朱文芳(1472)

天津市滨海河流N₂O扩散通量及控制因子 汤梦瑶, 胡晓康, 王洪伟, 王云仓, 常素云, 王松庆, 钟继承(1481)

铁矿石和生物炭添加对潜流人工湿地污水处理效果和温室气体排放及微生物群落的影响 陈鑫童, 郝庆菊, 熊艳芳, 胡剑, 江长胜(1492)

降雨径流污染风险等级识别与优化方法 齐小天, 张质明, 赵鑫, 胡文翰, 刘迪(1500)

基于贝叶斯网络的给水管网消毒副产物生成因素分析 江杉杉, 王臻宇, 高权, 杨愿愿, 高方舟, 华佩, 应光国(1512)

聚硫代酰胺修饰活性炭对Au(III)的选择性吸附效果与机制 赵文金, 张顺, 安晓强, 兰华春, 刘会娟, 曲久辉(1521)

F/M对活性污泥微生物生态网络的影响 张冰, 孙展朝, 文湘华(1529)

城乡融合区土壤元素地球化学特征与源解析:以天府新区青龙片区为例 刘书准, 王德伟, 施泽明, 唐亮, 章凤英, 廖程, 李晓雨, 徐文斌(1535)

基于总量与形态的矿区周边土壤重金属生态风险与健康风险评估 王蕊, 陈楠, 张二喜(1546)

湖南锡矿山周边土壤-农作物系统镉迁移转换特征及污染评价 张龙, 宋波, 黄凤艳, 肖乃川, 顿梦杰(1558)

生物炭负载氧化石墨烯对离子型稀土土壤中重金属的阻控效应 杨士, 刘祖文, 龙培, 毕永顺, 林苑, 左华伟(1567)

溶解性有机质强化棉花修复镉污染土壤 闵涛, 罗彤, 陈丽丽, 茹思博, 李俊华(1577)

铁锰氧化物-微生物负载生物炭材料对镉和砷的吸附机制 连斌, 吴骥子, 赵科理, 叶正钱, 袁峰(1584)

不同冬小麦品种镉富集转运及离子组特征差异 刘畅, 徐应明, 黄青青, 陶雪莹, 王林, 孙均兵, 赵立杰(1596)

镉胁迫下不同小麦品种对镉的积累特性 任超, 任或仲, 王浩, 朱利文, 李竞天, 杜倩倩, 李萍(1606)

嘉陵江滨岸带不同土地利用类型对土壤细菌群落多样性的影响 刘坤和, 薛玉琴, 竹兰萍, 徐飞, 朱志豪, 张拓, 张富斌(1620)

蚯蚓/钾改性生物炭对As污染红壤中细菌多样性和群落结构的影响 苏倩倩, 李莲芳, 朱昌雄, 叶婧, 刘雪, 耿兵, 田云龙, 黄晓雅(1630)

DA-6和EDDS施用对龙葵生长、Cd吸收和土壤细菌群落结构的影响 罗洋, 孙丽, 刘方, 任军, 郭金梅, 闫修民(1641)

地膜覆盖对农田土壤养分和生态酶计量学特征的影响 胡志娥, 肖谋良, 王双, 董瑶瑶, 鲁顺保, 陈剑平, 葛体达(1649)

增温和增雨对黄土丘陵区撂荒地土壤呼吸的影响 王兴, 钟泽坤, 朱玉帆, 王佳懿, 杨改河, 任成杰, 韩新辉(1657)

秸秆还田、地膜覆盖及施肥对冬小麦田N₂O和N₂排放的影响 彭毅, 李惠通, 张少维, 阳婷, 王筱斐, 周春菊, 王林权(1668)

基于Meta分析的不同生产条件下秸秆还田对土壤挥发性的影响 赵政鑫, 王晓云, 田雅洁, 王锐, 彭青, 蔡焕杰(1678)

施肥对农田土壤抗生素抗性基因影响的整合分析 冉继伟, 肖琼, 黄敏, 蔡岸冬, 张文菊(1688)

《环境科学》征订启事(1331) 《环境科学》征稿简则(1403) 信息(1462, 1511, 1605)

施肥对农田土壤抗生素抗性基因影响的整合分析

冉继伟^{1,2}, 肖琼², 黄敏¹, 蔡岸冬³, 张文菊^{2*}

(1. 武汉理工大学资源与环境工程学院, 武汉 430070; 2. 中国农业科学院农业资源与农业区划研究所, 北京 100081; 3. 中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081)

摘要: 探讨施肥措施对农田土壤中抗生素抗性基因(ARGs)的影响,为了解和掌握农田土壤中 ARGs 的来源与积累特征,制定保障生态环境安全和人类健康的管理策略提供科学依据. 通过收集近 20 年(2000 ~ 2020 年)来已发表的文献,获得独立实验条件下农田土壤 ARGs 数量和相对丰度匹配数据 215 组和 201 组. 结果表明,与不施肥相比,配施有机肥显著增加了土壤中 ARGs 的数量和相对丰度,增加幅度分别为 110.0% 和 91.0%,而施化肥对其无显著影响. 配施有机肥对亚热带地区农田土壤 ARGs 相对丰度的增加幅度相当于暖温带的 2.6 倍. 相较于黑土和暗棕壤,配施有机肥显著增加了红壤和水稻土中 ARGs 的相对丰度. 在偏酸性土壤(pH < 7)上配施有机肥增加 ARGs 数量的幅度(147.6%)显著高于 pH > 7 的碱性土壤(110.4%). 施用家畜粪便对土壤中 ARGs 数量和相对丰度的增加幅度均显著高于家禽粪便. 有机肥对磺胺类、多重耐药类和大环内酯类 ARGs 相对丰度的增加幅度(170.5%~201.2%)显著高于喹诺酮类、四环素类和氨基糖苷类 ARGs(61.5%~115.6%). 有机肥施用年限超过 10 a 后,土壤中 ARGs 数量显著增加,增幅为 104.2%~112.3%,而对 ARGs 相对丰度的影响具有一定的不确定性. 气候、土壤空间属性、有机肥来源和用量是影响农田土壤中 ARGs 积累的主要因素. 如何有效减缓 ARGs 在农业生态系统中积累和传播将是未来农业高质量发展需要关注的重点方向.

关键词: 农田; 施肥; Meta 分析; 抗生素抗性基因(ARGs); 数量; 相对丰度

中图分类号: X53 文献标识码: A 文章编号: 0250-3301(2022)03-1688-09 DOI: 10.13227/j.hjks.202105113

Impacts of Fertilization on Soil Antibiotic Resistance Genes Across Croplands: A Meta-Analysis

RAN Ji-wei^{1,2}, XIAO Qiong², HUANG Min¹, CAI An-dong³, ZHANG Wen-ju^{2*}

(1. School of Resources and Environmental Engineering, Wuhan University of Technology, Wuhan 430070, China; 2. Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; 3. Institute of Environment and Sustainable Development in Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: The objective of this study was to clarify and quantify the impact of fertilizer applications on antibiotic resistance genes (ARGs) in cropland soil. The target was to provide scientific basis for a better understanding of the source and accumulation and transportation characteristics of ARGs in soil and adaptive management strategy-making to secure the ecological environment and human health safety. By collecting data from literature published within the last 20 years (2000-2020), we established a database with 215 and 201 groups of a paired data-set consisting of the quantity and relative abundance of ARGs under independent experimental conditions. Compared to that with no fertilizer, the combined application of organic fertilizer significantly increased the quantity and relative abundance of soil ARGs by 110.0% and 91.0%, respectively. However, chemical fertilization had no significant effect on soil ARGs. The increment of relative abundance of soil ARGs by the combined application of organic fertilizer in the subtropical region was equivalent to 2.6 times that in the warm temperate zone. Compared with that in black soil and dark brown soil, the combined application of organic fertilizer significantly increased the relative abundance of ARGs in red soil and paddy soil in the subtropical region. The increment for the quantity of ARGs (147.6%) by the combined application of organic fertilizer in soil with pH < 7 was significantly higher than that in soil with pH > 7 (110.4%). Compared to poultry manure, livestock manure application significantly increased the quantity and relative abundance of ARGs. The increment of the relative abundance of organic fertilizer to sulfonamide, multidrug, and macrolide ARGs (170.5%-201.2%) was significantly higher than that of quinolone, tetracycline, and aminoglycoside ARGs (61.5%-115.6%). After more than 10 years of applying organic fertilizer, the quantity of soil ARGs significantly increased by 104.2%-112.3%, whereas the effect on the relative abundance was uncertain. Climate, soil spatial properties, and source and amount of organic fertilizer were the main factors affecting the accumulation of ARGs in farmland soil. Management strategies and solutions should pay more attention to effectively minimizing the accumulation and spread of ARGs in agro-ecosystems for high-quality agricultural development in the future.

Key words: farmland; fertilization; Meta-analysis; antibiotic resistance genes (ARGs); quantity; relative abundance

施肥是维持和提升土壤生产力的最有效方式之一,能够为由于人口增加带来的粮食消费需求提供有效保障^[1]. 近年来,随着国家有机肥替代化肥行动的推行,有机肥在农田中的施用越来越广泛,其中来自畜禽养殖业中的养殖废弃物是目前农业生产中重要有机肥源之一. 随着规模化养殖业的迅猛发展,饲料添加剂以及抗生素的大量应用,给有机肥的资源化利用带来了一系列环境污染风险也越来越受到

关注^[2]. 据统计,2013 年中国抗生素使用总量的一半(约为 8.1 万 t)被用到禽畜养殖业^[3]. 抗生素的滥用不仅诱导动物体内产生抗生素抗性基因

收稿日期: 2021-05-12; 修订日期: 2021-08-17

基金项目: 中国科学院野外站联盟项目(KFJ-SW-YW035); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(Y2017LM06, 1610132019013)

作者简介: 冉继伟(1995~),男,硕士研究生,主要研究方向为环境化学与污染防治, E-mail: ranjiwei@163.com

* 通信作者, E-mail: zhangwenju01@caas.cn

(antibiotic resistance genes, ARGs), 也导致动物体内的 ARGs 和未被动物完全吸收的抗生素以养殖废弃物的方式进入食物链和环境中, 加速了 ARGs 在环境中细菌间的传播扩散, 对农产品安全和人类健康造成了严重威胁^[4-6].

通过施肥方式进入农田系统的有机肥, 尽管经过无害化处理, 对农田土壤 ARGs 数量和丰度会产生深远的影响, 且因受到气候、土壤类型等诸多因素控制作用而产生较大差异^[7-9]. Li 等^[10]的研究表明, 施用有机肥增加了黑土中 ARGs 的相对丰度, 而 Peng 等^[11]的研究发现施用有机肥并不总是增加黑土中 ARGs 的相对丰度, ARGs 相对丰度主要受细菌群落变化的影响. 有机肥类型和施用年限也是影响土壤中 ARGs 的重要因子, 例如, Parente 等^[12]的研究表明长期施用家禽粪便 30 a 情况下土壤中 ARGs 的相对丰度显著高于施用家禽粪便 1 a, 但 Tang 等^[13]的研究发现长期施用家畜粪便 30 a 并不一定增加土壤中某些 ARGs 的相对丰度. Forsberg 等^[14]的研究却发现化肥, 尤其是氮肥的添加也显著影响了土壤中 ARGs 的数量.

综上所述, 以往大多数研究基于某个特定的实验地点和条件进行相应的分析, 对 ARGs 数量和相对丰度的影响程度均依赖于特定的施肥种类、用量和土壤属性, 且其结果差异较大. 因此, 需根据一些相对独立的样本进行大样本数据的综合分析. 本研究基于数据整合分析方法的原理, 通过已发表文献数据的收集, 定量分析施肥措施对不同气候区、土壤类型及酸碱度条件下农田土壤中 ARGs 数量和相对丰度的影响程度, 以期为有机肥的质量管控和提升, 以及减缓 ARGs 在农业生态系统中积累与传播的策略和解决方案制定提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 数据来源

本研究数据来源于中国知网、万方和 Web of Science 这 3 个文献数据库, 检索关键词分别为“土壤 (soil)”、“施肥 (fertilization)”、“抗生素 (antibiotics)”和“抗性基因 (resistance gene)”, 检索时间自 2000 至 2020 年. 筛选文献的基本原则包括: ①同一实验必须包含配对的对照组和处理组, 对照组为不施肥处理, 处理组为施肥, 主要包括化肥、有机肥或有机肥配施化肥处理; ②实验处理重复数大于或等于 3^[15]. 采用 Excel 2019 软件建立土壤 ARGs 的数据库, 收集内容主要包括: 作者、标题、实验时间、采样点、土壤类型、土壤 pH、施肥处理、有机肥种类、施肥用量、ARGs 数量和 ARGs 相对丰度

等. 在数据收集过程中, 如果数据是以图的形式展示, 利用 GetData Graph Digitizer 2.24 软件来获得. 如果是室内盆栽试验, 以每亩耕层土壤重 30 万斤来进行单位换算^[16], 以便统一施肥量单位 ($t \cdot hm^{-2}$). 对于土壤 pH, 统一为水浸提测定结果, 如果实验中 pH 是采用 $CaCl_2$ 溶液法, 那么使用文献中两种方法测定值进行换算, 即 $pH(H_2O) = 1.65 + 0.86pH(CaCl_2)$ ^[17]. 如图 1 所示, 所收集的 pH 值、ARGs 数量和 ARGs 相对丰度数据权重响应比均符合正态分布 ($P < 0.01$), 其中土壤 pH 值得到 51 组匹配数据, ARGs 数量得到 215 组匹配数据, ARGs 相对丰度得到 201 组匹配数据, 满足 Meta 分析的必要条件.

1.2 数据分析

本文所收集的数据均来自相对独立的研究, 数据通过检验符合正态分布 (图 1), 可以通过整合分析来判断施肥对 ARGs 产生的正效应或负效应以及效应大小^[18]. 本研究主要利用 Meta Win 2.1 软件进行整合分析, 量化不同施肥措施对 ARGs 数量和相对丰度的影响程度. 在检验影响因子差异性时, 每组数据均包含平均值 (mean, M)、标准差 (standard deviations, SD) 和样本数 (samples size, n). 如果文献中是标准误 (standard errors, SE), 则根据下式进行换算:

$$SD = SE \sqrt{n} \quad (1)$$

统计学指标采用合并计数资料响应比 (response ratio, RR) 表示, 并计算其 95% 置信区间 (95% CI), 其中 RR 计算公式为:

$$RR = M_a / M_b \quad (2)$$

式中, M_a 表示处理组平均值; M_b 表示对照组平均值.

其中在分析过程中, 需要将 RR 进行对数化, 采用自然对数响应比 ($\ln RR$) 来反映不同施肥措施对 ARGs 的影响程度并通过式 (3) 实现:

$$\ln RR = \ln(M_a / M_b) = \ln M_a - \ln M_b \quad (3)$$

另外, 平均值的变异系数 V 、权重 W_{ij} 、权重响应比 RR_{++} 及 RR_{++} 的标准误 S 和 95% CI 可通过下式进行计算:

$$V = SD_a^2 / (n_a \times M_a^2) + SD_b^2 / (n_b \times M_b^2) \quad (4)$$

$$W_{ij} = 1 / V \quad (5)$$

$$RR_{++} = \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{ki} W_{ij} RR_{ij}}{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{ki} W_{ij}} \quad (6)$$

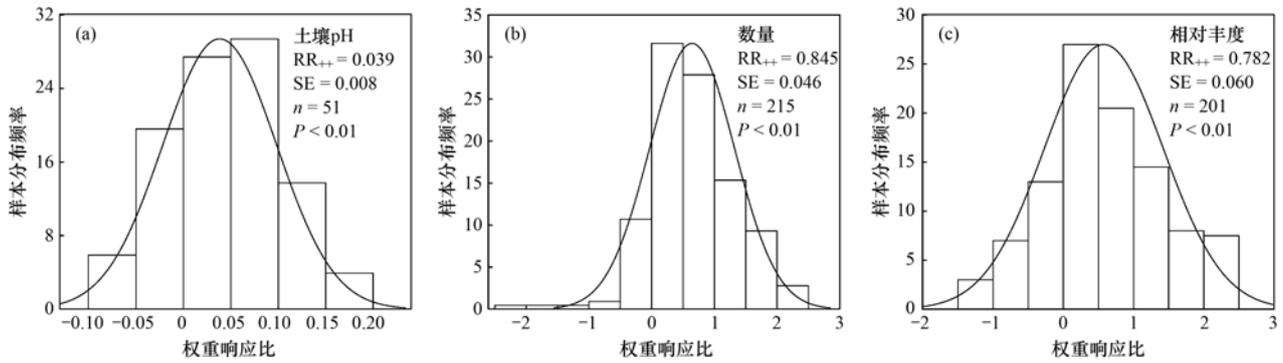
$$S(RR_{++}) = 1 / \left(\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{ki} W_{ij} \right)^{1/2} \quad (7)$$

$$95\% \text{ CI} = RR_{++} \pm 1.96S(RR_{++}) \quad (8)$$

式中, SD_a^2 和 SD_b^2 分别表示处理组和对照组的方差; n_a 和 n_b 分别表示处理组和对照组的样本数. 处

理时,纳入的各研究结果须进行异质性检验,若 $P > 0.1$,表明多个研究具有同质性,此时选择固定效应模型进行分析(fixed effect model, FEM); 若 $P \leq 0.1$,则多个研究不具有同质性,此时选择随机效应模型

(random effect model, REM). 效应值的标准差越小,分配的权重越大,权重响应比及其 95% CI 可以通过 $(e^{RR_{++}} - 1) \times 100\%$ 来转化. 如果 95% CI 包含零值表明该变量中处理与对照没有显著差异($P > 0.05$)^[19].



RR₊₊ 和 SE 分别表示权重响应比和标准误,曲线代表数据的高斯分布, P 为显著性检验

图 1 农田土壤 pH、ARGs 数量和 ARGs 相对丰度的样本分布频率

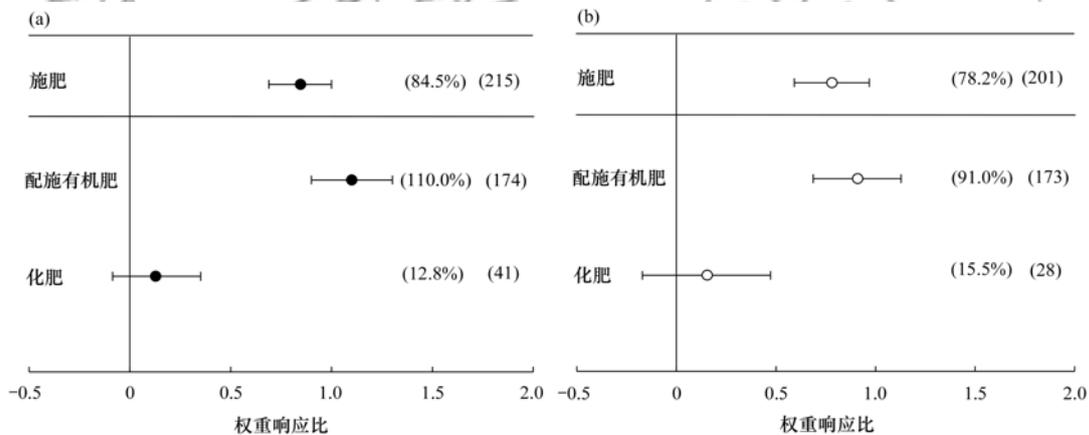
Fig. 1 Data distribution of pH, quantity of ARGs, and relative abundance of ARGs in farmland soil

2 结果与分析

2.1 施肥对农田土壤 ARGs 的影响

整合分析结果表明,与不施肥相比,配施有机肥显著增加了土壤 ARGs 的数量[图 2(a)]和相对丰

度[图 2(b)],增加幅度分别为 110.0% 和 91.0%,而施用化肥对 ARGs 数量和相对丰度的影响由于各研究结果存在较大变异,整体上与不施肥无显著差异.表明有机肥施用可能是农田土壤 ARGs 积累的主要原因.



括号内数值和百分数分别代表样本数和施肥相应的占比,点和误差线分别代表增加的百分比和 95% 置信区间,如果 95% 置信区间没有跨越零线,表示处理与对照存在显著差异,下同

图 2 施肥对农田土壤 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 2 Weighted response ratio of fertilization to soil ARGs quantity and ARGs relative abundance in farmland

2.2 不同气候与土壤条件下施肥对土壤 ARGs 的影响

分析结果表明,中温带和暖温带气候区,与不施肥相比,配施有机肥显著增加了土壤 ARGs 数量[图 3(a)],增加幅度分别为 84.7% 和 126.6%. 配施有机肥在中温带、暖温带和亚热带气候区下均显著增加了土壤中 ARGs 的相对丰度,增加幅度分别为 144.8%、59.0% 和 151.6%. 同时,配施有机肥对中温带和亚热带土壤 ARGs 相对丰度的增加幅度显著高于暖温带地区土壤[$P < 0.05$, 图 3(b)]. 与不施

肥相比,施用化肥在暖温带和亚热带气候区对土壤中 ARGs 数量无显著影响.

配施有机肥增加土壤中 ARGs 的数量在不同类型土壤上有所差异. 与不施肥相比,配施有机肥显著增加潜育水稻土、典型红壤和典型褐土中 ARGs 的相对丰度,增加幅度分别为 210.8%、192.5% 和 169.7%,但配施有机肥对典型黑土区土壤中 ARGs 的相对丰度无显著影响. 与不施肥相比,施用化肥对不同类型土壤 ARGs 的数量和相对丰度无显著影响(图 4).

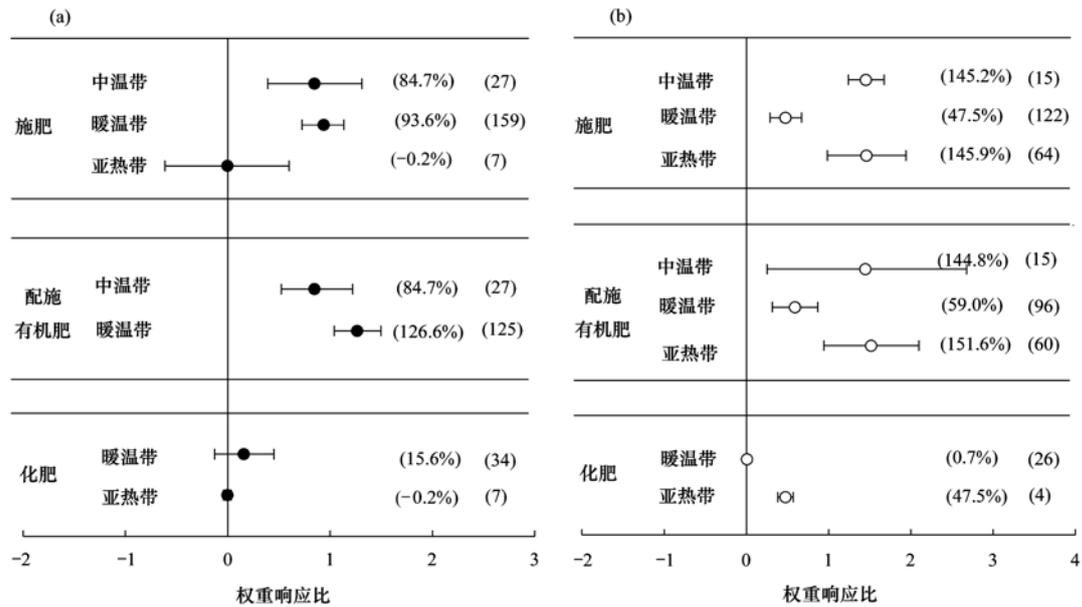


图 3 不同温度带下施肥措施对 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 3 Weighted response ratio of quantity and relative abundance of ARGs to fertilization measures under different temperature zones

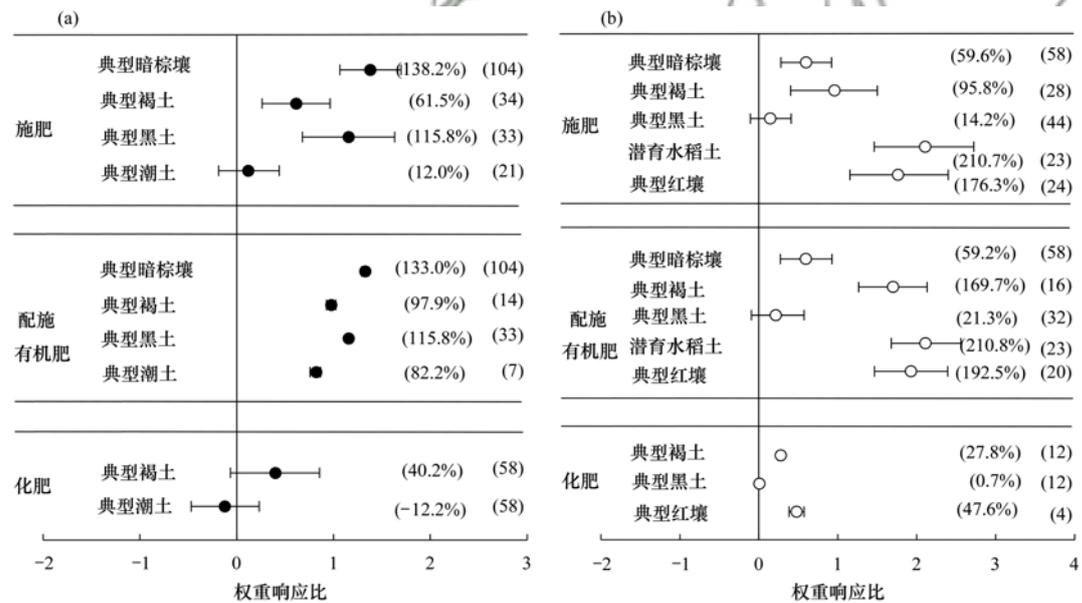


图 4 不同土壤类型下施肥措施对 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 4 Weighted response ratio of quantity and relative abundance of ARGs to fertilization measures under different soil types

土壤 pH 值也是影响施肥条件下土壤 ARGs 数量和丰度变化的重要因子. 配施有机肥增加了 pH < 7 的土壤中 ARGs 的数量的幅度 (147.6%) 显著高于 pH > 7 的土壤 (110.4%) [$P < 0.05$, 图 5 (a)]. 此外, 配施有机肥增加了 pH < 7 的土壤上 ARGs 相对丰度, 增加幅度为 139.7%, 在 pH > 7 的土壤上增加幅度为 79.2%, 但配施有机肥对不同 pH 的土壤 ARGs 相对丰度的影响无显著差异 [$P > 0.05$, 图 5 (b)]. 整体来看, 施用化肥对 ARGs 数量和丰度的影响不显著. 与不施肥相比, 施用化肥在 pH < 7 的土壤上显著增加了土壤中 ARGs 的相对丰度, 增加幅度为 47.6%, 但由于可收集的样本数较小, 此结果

存在较大的不确定性.

2.3 不同有机肥种类、施用量和施用年限对土壤 ARGs 的影响

不同有机肥种类对土壤中 ARGs 的数量和相对丰度的影响存在显著差异 (图 6). 其中, 与施用家禽粪便相比, 施用家畜粪便对土壤中 ARGs 的数量和相对丰度的增加幅度高出 22.3 和 23.4 个百分点. 进一步分析表明, 施用有机肥对土壤中不同种类的 ARGs 数量和相对丰度的影响存在显著差异 ($P < 0.05$, 图 7). 相对不同类型抗生素抗性基因, 与不施肥相比, 施用有机肥显著增加了土壤中氨基糖苷类 ARGs 的数量, 增加幅度为 160.6%, 多重耐药

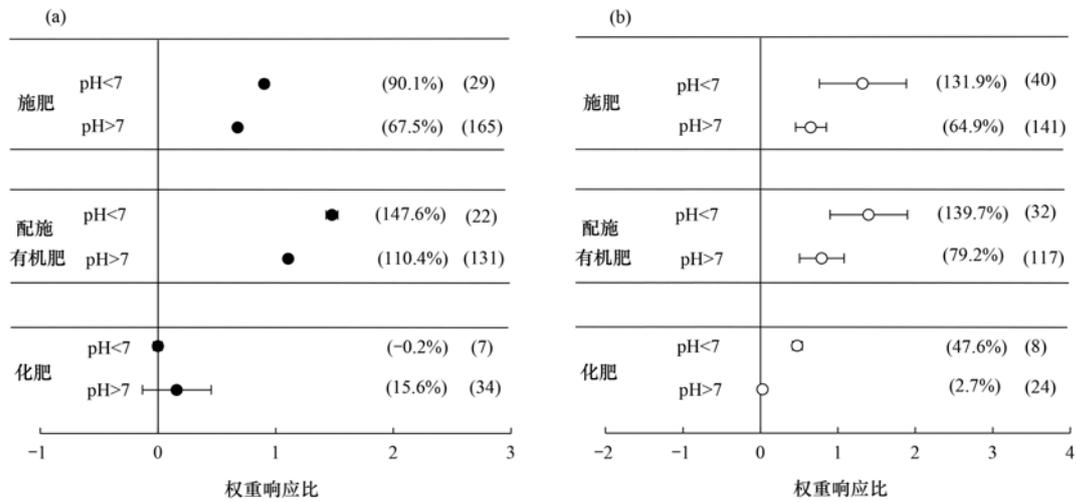


图 5 不同土壤 pH 下施肥措施对 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 5 Weighted response ratio of quantity and relative abundance of ARGs to fertilization measures under different soil pH

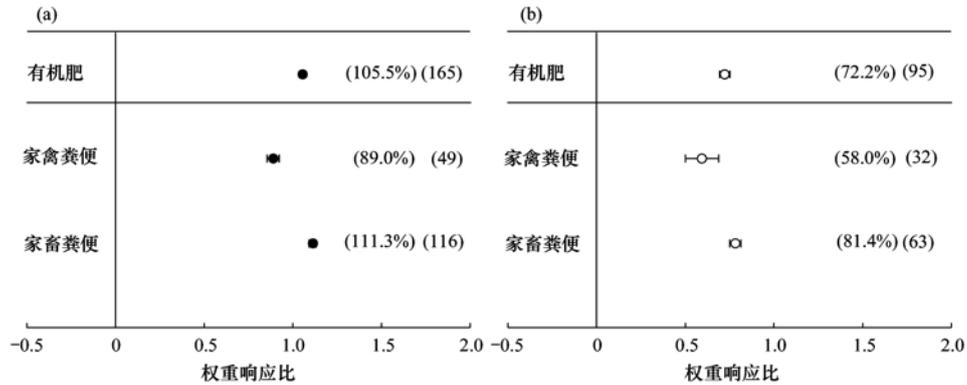


图 6 施用不同类型有机肥对 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 6 Weighted response ratio of quantity and relative abundance of ARGs to different types of organic fertilizer application

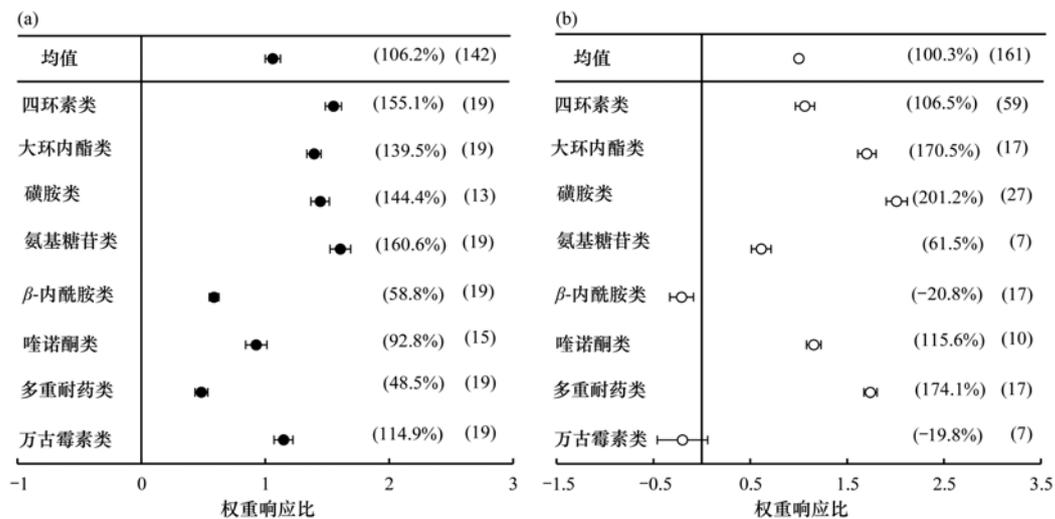


图 7 施用有机肥对土壤 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 7 Weighted response ratio of soil quantity and relative abundance of ARGs to organic fertilizer application

类 ARGs 数量的增加幅度最低,为 48.5%。此外,施用有机肥显著增加了除 β-内酰胺类和万古霉素类以外的 ARGs 相对丰度,且对磺胺类、多重耐药类、大环内酯类抗性基因相对丰度的增幅(分别为 201.2%、174.1%、170.5%)显著高于喹诺酮类、四

环素类和氨基糖苷类(分别为 115.6%、106.5% 和 61.5%)。然而,施用有机肥降低了 β-内酰胺类的相对丰度,降幅为 20.8%,对万古霉素类 ARGs 的相对丰度无显著影响。总体而言,施用有机肥显著增加了土壤中不同种类 ARGs 的数量,同时也增加了除 β-

内酰胺类和万古霉素类外的其他种类 ARGs 相对丰度. 随着有机肥施用量的增加, 土壤中 ARGs 数量和相对丰度的增加呈现先增加后降低的趋势[图 8(a)和图 8(b)]. 有机肥施用量在 50 ~ 150 t·hm⁻²时, ARGs 数量和相对丰度增长幅度最高, 分别为 149.9% 和 124.6%; 而有机肥施用量在小于 50 t·hm⁻²和大于 150 t·hm⁻²时, 施用有机肥对 ARGs 数量的增加幅度无显著差异 ($P > 0.05$). 随着施用有机肥年限的变化, 土壤中 ARGs 的数量和相对丰度也发生不断变化. 与不施用有机肥相比, 施用有机

肥年限小于 10 a 时对 ARGs 数量无显著影响, 施用有机肥年限为 10 ~ 30 a 或大于 30 a 显著增加 ARGs 的数量, 增加幅度分别为 104.2% 和 112.3% [图 8(c)]. 随着有机肥施用年限的增加, 土壤中 ARGs 相对丰度的增加呈现先增加后降低的趋势[图 8(d)]. 施用有机肥 10 a 内, 土壤中 ARGs 的相对丰度显著增加了 116.5%. 施用有机肥 10 ~ 30 a 期间, 土壤中 ARGs 的相对丰度增加了 189.2%. 当施用有机肥超过 30 a 后, 土壤中 ARGs 的相对丰度增加幅度降低至 58.1%.

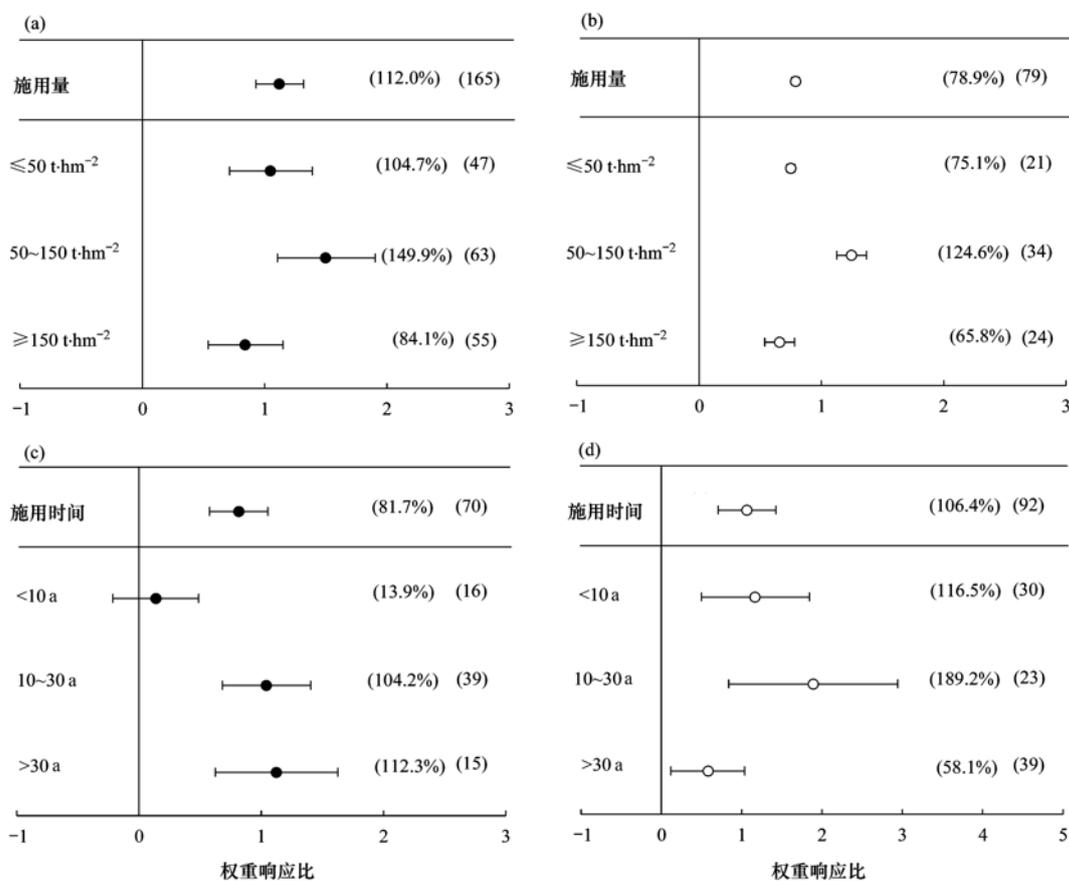


图 8 施用有机肥用量和时间对土壤中 ARGs 数量和相对丰度的权重响应比

Fig. 8 Weighted response ratio of soil quantity and relative abundance of ARGs to organic fertilizer application amount and time

3 讨论

施用有机肥显著增加了农田土壤中 ARGs 的数量和相对丰度, 这与先前多数研究一致^[20~25]. 主要的原因是由于施用有机肥一方面直接增加外源碳的输入, 为细菌提供充足的养分, 导致土壤细菌数量的增加, 进而促进土壤中耐药菌携带的 ARGs 数量和相对丰度的增加; 另一方面有机肥本身作为 ARGs 的储存库, 施肥的同时会带入大量的 ARGs. 施用化肥对 ARGs 数量和相对丰度的增长没有明显的促进作用, 这与 Chen 等^[26]的研究结果相同.

施肥对土壤中 ARGs 的影响在不同气候带下有

所差异, 可能与气候条件密切相关的微生物区系有关联^[27]. 相较于暖温带地区, 施用有机肥在亚热带地区显著增加了土壤中 ARGs 的相对丰度, 主要的原因可能是亚热带条件下年均温较高和年降雨量较多, 施肥促进了作物的生长, 土壤有机碳和细菌生物量 (16S rRNA 基因丰度) 的增加, 土壤土著耐药菌和有机肥携带的耐药菌生长繁殖, 进而促进土壤中 ARGs 相对丰度的增加^[28~30].

与气候密切相关的土壤类型也是影响施肥条件下 ARGs 数量与相对丰度变化的重要因素. 本研究结果表明, 配施有机肥显著增加了黑土 ARGs 的数量, 但对土壤中 ARGs 的相对丰度无显著影响. 可能

原因是由于黑土中土著微生物阻止有机肥携带的微生物生长繁殖及耐药菌携带的 ARGs 传播, 导致有机肥携带的某些耐药菌对土壤环境的不适应. Liu 等^[9] 和 Chen 等^[31] 的研究结果也表明, 有机肥和土壤之间理化性质和微生物群落在很大程度上不相同, 因此当有机肥所携带的微生物加入土壤后, 会与土著微生物之间产生竞争, 导致有机肥引入的耐药菌在黑土中只能存活数周或数月, 进而使得黑土 ARGs 相对丰度出现降低现象. 在红壤和水稻土土壤条件下, 配施有机肥增加了 ARGs 的相对丰度, 均显著高于黑土和暗棕壤. 主要的原因可能是不同土壤类型下抗生素背景浓度和细菌群落结构不同(优势细菌种群不同), 导致土壤中耐药菌数量的增加不同, 进而使得不同土壤类型条件下 ARGs 相对丰度的增加出现差异^[32~35].

土壤酸碱度(pH)是影响土壤微生物群落结构和多样性的重要环境因子, 也是影响 ARGs 数量和相对丰度的一个重要因素^[36,37]. 配施有机肥在 pH < 7 土壤上对于 ARGs 数量的增加幅度显著高于 pH > 7 的土壤, 主要的原因可能是较于碱性土壤, 在酸性土壤下更有利细菌生长繁殖, 为施用有机肥促使耐药菌的增加提供生长环境条件. Han 等^[38] 的研究结果也证实, 在酸性土壤条件下有机肥携带的抗生素对微生物具有刺激作用, 促使土壤环境中耐药菌和 ARGs 的传播, 主要的原因可能是土壤酸碱度与土壤中 ARGs 的富集呈显著正相关, 土壤酸度对土壤中抗

生素的吸附和解吸行为具有重要作用. 本研究结果还表明, 在 pH < 7 的土壤上施用化肥对土壤中 ARGs 相对丰度的增加幅度显著高于 pH > 7 的土壤, 主要的原因可能是施用化肥导致土壤理化性质和微生物群落发生显著变化(α -变形菌和 γ -变形菌的增殖, 变形菌中每个基因组平均 ARGs 数量最多), 促使土壤中耐药菌的生长增殖^[39,40]. 肖琼等^[41] 和 Xie 等^[42] 的研究结果表明, 施用化肥在酸性土壤中对于细菌 PLFA 含量的增加幅度高于在碱性土壤中, 导致某些耐药菌携带的 ARGs 超过 HT-qPCR 检测限, 进而增加了土壤中 ARGs 的相对丰度.

施用有机肥种类、用量和年限都对土壤中 ARGs 的积累具有重要的影响. 本研究结果表明, 施用家畜粪便对土壤中 ARGs 数量和相对丰度的增加显著高于施用家禽粪便(图 9), 其主要原因是家畜产生的排泄物抗生素含量高于家禽, 而抗生素的增加会进一步诱导耐药菌和 ARGs 的出现^[43~45]. 本研究表明, 连续施用有机肥 10 a 后, ARGs 的数量显著增加, 但 ARGs 丰度的增加幅度变异较大. 而 ARGs 的数量和相对丰度均随着施用年限延长和施用量增加而缓慢下降, 主要的原因是施用有机肥导致土壤中细菌群落抗生素耐药性逐渐增强, 但在施用有机肥达到高剂量和长年限(> 30 a)后, 其施有机肥处理仍然显著高于未处理土壤^[46]. Han 等^[47] 的研究结果也表明, 在土壤中施加不同剂量的有机肥, 中剂量土壤中 ARGs 的数量和相对丰度的增加远高于高剂量(> 150

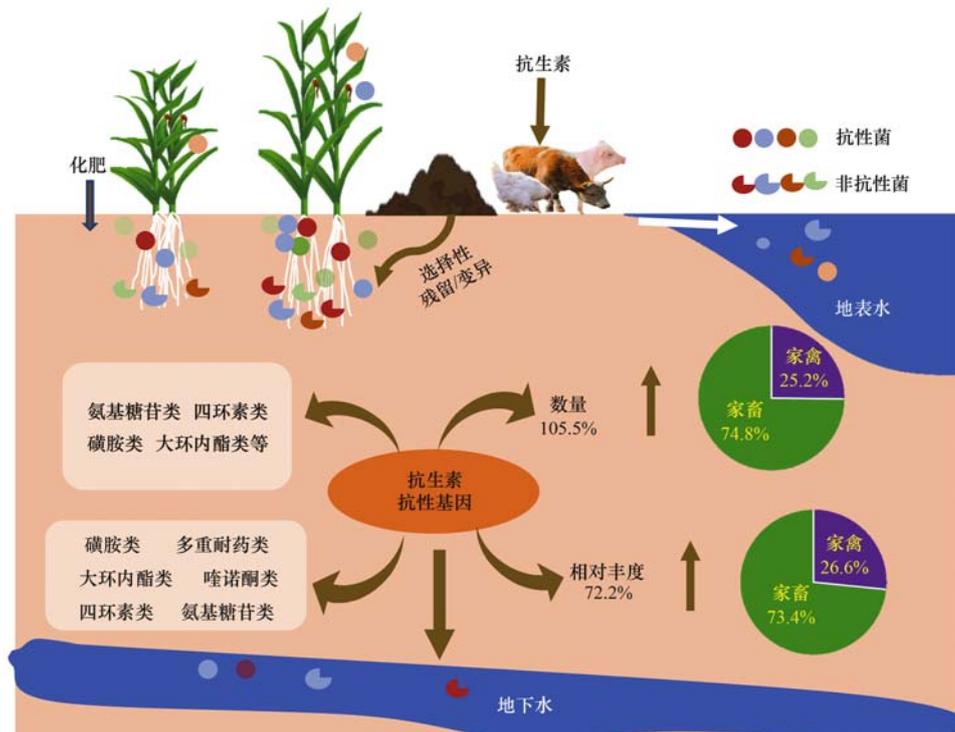


图 9 农田生态系统中 ARGs 的传播示意

Fig. 9 Transmission of ARGs in agricultural ecosystems

t·hm⁻²) 土壤. 相对不同种类 ARGs 数量和相对丰度而言, 各类 ARGs 类型对有机肥施用的响应明显不同, 其中大部分 ARGs 均表现为正增长效应, 但 β -内酰胺类和万古霉素类 ARGs 出现负增长效应, 主要的原因可能是施用有机肥之后残留在土壤中抗生素浓度对微生物携带的 ARGs 刺激效应与土壤中耐药菌的相对生长和衰亡速率、以及耐药菌携带的 ARGs 发生基因水平转移的能力有关^[48,49].

由于收集样本数量的限制, 本研究未能探讨不同种类有机肥对土壤不同种类的 ARGs 协同效应的影响, 也未考虑 ARGs 在植物叶片或动物体内的传播, 部分实验结果有一定的条件适应性. 施用有机肥时, 应该采取适当的无害化处理技术措施降低有机肥中抗生素及其抗性基因数量和丰度, 并且充分考虑影响有机肥来源抗生素抗性基因在土壤中积累的影响因素, 进一步明确有机肥中抗生素及抗性基因等相关的限量标准, 提高有机肥的品质. 未来研究仍需加强有机肥中残留的抗生素及 ARGs 对土壤耐药菌数量与丰度影响机制方面的探究, 有关有机肥中抗生素降解、ARGs 消减和传播途径阻断等关键技术的研发, 将有助于大大降低集约化农业系统中的环境风险, 进一步促进绿色生态农业的高质量发展.

4 结论

(1) 本研究探讨了在不同气候区、土壤类型和土壤酸碱度条件下, 配施有机肥均显著增加土壤 ARGs 数量和相对丰度, 增幅分别为 110.0% 和 91.0%, 而施用化肥对 ARGs 数量和相对丰度的影响由于各研究结果存在较大变异, 整体上与不施肥无显著差异.

(2) 土壤类型和 pH 值是影响施肥条件下土壤 ARGs 数量和相对丰度变化的重要因子. 相较于 pH > 7 的碱性土壤, 配施有机肥增加 ARGs 数量的幅度显著高于 pH < 7 酸性土壤, 但土壤 pH 值对配施有机肥条件下 ARGs 相对丰度的影响程度无显著差异.

(3) 有机肥种类和施用年限也是影响农田土壤 ARGs 的重要因子, 来源于家畜粪便的有机肥对土壤 ARGs 数量和相对丰度的增加幅度显著高于家禽粪便; 施用年限在 10 a 以上时, 土壤中 ARGs 数量显著增加.

(4) 不同类型的抗性基因的数量和相对丰度对有机肥施用的响应有所差异. 磺胺类、多重耐药类、大环内酯类抗性基因相对丰度对有机肥施用的响应程度显著高于喹诺酮类、四环素类和氨基糖苷类 ARGs.

参考文献:

[1] Haque M M, Biswas J C, Islam M R, *et al.* Effect of long-term

chemical and organic fertilization on rice productivity, nutrient use-efficiency, and balance under a rice-fallow-rice system[J]. *Journal of Plant Nutrition*, 2019, **42**(20): 2901-2914.

[2] 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.

[3] Zhang Q Q, Ying G G, Pan C G, *et al.* Comprehensive evaluation of antibiotics emission and fate in the river basins of China: source analysis, multimedia modeling, and linkage to bacterial resistance[J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, **49**(11): 6772-6782.

[4] Letten A D, Hall A R, Levine J M. Using ecological coexistence theory to understand antibiotic resistance and microbial competition[J]. *Nature Ecology & Evolution*, 2021, **5**(4): 431-441.

[5] Pal C, Bengtsson-Palme J, Kristiansson E, *et al.* The structure and diversity of human, animal and environmental resistomes [J]. *Microbiome*, 2016, **4**(1), doi: 10.1186/s40168-016-0199-5.

[6] 张红娜, 崔娜, 申红妙. 基于宏基因组学探讨东平湖水库的菌群结构、耐药基因谱及其公共健康风险[J]. *环境科学*, 2021, **42**(1): 211-220.

Zhang H N, Cui N, Shen H M. Metagenomic analysis provides insights into bacterial communities, antibiotic resistomes, and public health risks in the Dongping Lake reservoir [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(1): 211-220.

[7] Chen B W, Yang Y, Liang X L, *et al.* Metagenomic profiles of antibiotic resistance genes (ARGs) between human impacted estuary and deep ocean sediments[J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, **47**(22): 12753-12760.

[8] Brandt K K, Sjöholm O R, Krogh K A, *et al.* Increased pollution-induced bacterial community tolerance to sulfadiazine in soil hotspots amended with artificial root exudates[J]. *Environmental Science & Technology*, 2009, **43**(8): 2963-2968.

[9] Liu P, Jia S Y, He X W, *et al.* Different impacts of manure and chemical fertilizers on bacterial community structure and antibiotic resistance genes in arable soils [J]. *Chemosphere*, 2017, **188**: 455-464.

[10] Li S, Yao Q, Liu J J, *et al.* Profiles of antibiotic resistome with animal manure application in black soils of northeast China[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, **384**, doi: 10.1016/j.jhazmat.2019.121216.

[11] Peng S, Feng Y Z, Wang Y M, *et al.* Prevalence of antibiotic resistance genes in soils after continually applied with different manure for 30 years[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2017, **340**: 16-25.

[12] Parente C E T, Brito E M S, Caretta C A, *et al.* Bacterial diversity changes in agricultural soils influenced by poultry litter fertilization[J]. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2021, **52**(2): 675-686.

[13] Tang X J, Lou C L, Wang S X, *et al.* Effects of long-term manure applications on the occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) in paddy soils; evidence from four field experiments in south of China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **90**: 179-187.

[14] Forsberg K J, Patel S, Gibson M K, *et al.* Bacterial phylogeny structures soil resistomes across habitats[J]. *Nature*, 2014, **509**(7502): 612-616.

[15] 郭明, 李新. Meta 分析及其在生态环境领域研究中的应用 [J]. *中国沙漠*, 2009, **29**(5): 911-919.

Guo M, Li X. Meta-analysis: a new quantitative research approach in eco-environmental sciences [J]. *Journal of Desert Research*, 2009, **29**(5): 911-919.

[16] 孙向阳. 土壤学[M]. 北京: 中国林业出版社, 2010.

- Sun X Y. Soil science[M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 2010.
- [17] Biederman L A, Harpole W S. Biochar and its effects on plant productivity and nutrient cycling: a meta-analysis [J]. *GCB Bioenergy*, 2013, **5**(2): 202-214.
- [18] 彭少麟, 郑凤英. Meta 分析及 MetaWin 软件[J]. *土壤与环境*, 1999, **8**(4): 295-299.
- Peng S L, Zheng F Y. Introduction of MetaWin software [J]. *Soil and Environmental Sciences*, 1999, **8**(4): 295-299.
- [19] Niu L A, Hao J M, Zhang B Z, *et al.* Influences of long-term fertilizer and tillage management on soil fertility of the north China plain [J]. *Pedosphere*, 2011, **21**(6): 813-820.
- [20] Jauregi L, Epelde L, Alkorta I, *et al.* Agricultural soils amended with thermally-dried anaerobically-digested sewage sludge showed increased risk of antibiotic resistance dissemination [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2021, **12**, doi: 10.3389/fmicb.2021.666854.
- [21] Peng S, Wang Y M, Zhou B B, *et al.* Long-term application of fresh and composted manure increase tetracycline resistance in the arable soil of eastern China [J]. *Science of the Total Environment*, 2015, **506-507**: 279-286.
- [22] He J Z, Yan Z Z, Chen Q L. Transmission of antibiotic resistance genes in agroecosystems: an overview [J]. *Frontiers of Agricultural Science and Engineering*, 2020, **7**(3): 329-332.
- [23] Chen Q L, An X L, Zheng B X, *et al.* Long-term organic fertilization increased antibiotic resistome in phyllosphere of maize [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, **645**: 1230-1237.
- [24] Hu H W, Wang J T, Li J, *et al.* Field-based evidence for copper contamination induced changes of antibiotic resistance in agricultural soils [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(11): 3896-3909.
- [25] Marti R, Tien Y C, Murray R, *et al.* Safely coupling livestock and crop production systems: how rapidly do antibiotic resistance genes dissipate in soil following a commercial application of swine or dairy manure? [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2014, **80**(10): 3258-3265.
- [26] Chen Q L, An X L, Li H, *et al.* Long-term field application of sewage sludge increases the abundance of antibiotic resistance genes in soil [J]. *Environment International*, 2016, **92-93**: 1-10.
- [27] Sun H Y, Wu Y H, Zhou J, *et al.* Climate influences the alpine soil bacterial communities by regulating the vegetation and the soil properties along an altitudinal gradient in SW China [J]. *CATENA*, 2020, **195**, doi: 10.1016/j.catena.2020.104727.
- [28] Zhang N, Juneau P, Huang R L, *et al.* Coexistence between antibiotic resistance genes and metal resistance genes in manure-fertilized soils [J]. *Geoderma*, 2021, **382**, doi: 10.1016/j.geoderma.2020.114760.
- [29] Xia X, Wang Z, Fu Y L, *et al.* Association of colistin residues and manure treatment with the abundance of *mcr-1* gene in swine feedlots [J]. *Environment International*, 2019, **127**: 361-370.
- [30] 李成, 王让会, 李兆哲, 等. 中国典型农田土壤有机碳密度的空间分异及影响因素 [J]. *环境科学*, 2021, **42**(5): 2432-2439.
- Li C, Wang R H, Li Z Z, *et al.* Spatial differentiation of soil organic carbon density and influencing factors in typical croplands of China [J]. *Environmental Science*, 2021, **42**(5): 2432-2439.
- [31] Chen Q L, An X L, Li H, *et al.* Do manure-borne or indigenous soil microorganisms influence the spread of antibiotic resistance genes in manured soil? [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2017, **114**: 229-237.
- [32] Lin H, Sun W C, Zhang Z L, *et al.* Effects of manure and mineral fertilization strategies on soil antibiotic resistance gene levels and microbial community in a paddy-upland rotation system [J]. *Environmental Pollution*, 2016, **211**: 332-337.
- [33] Wang F, Xu M, Stedtfeld R D, *et al.* Long-Term effect of different fertilization and cropping systems on the soil antibiotic resistome [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, **52**(22): 13037-13046.
- [34] Zheng F, Zhu D, Giles M, *et al.* Mineral and organic fertilization alters the microbiome of a soil nematode *Dorylaimus stagnalis* and its resistome [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, **680**: 70-78.
- [35] Lopatto E, Choi J, Colina A, *et al.* Characterizing the soil microbiome and quantifying antibiotic resistance gene dynamics in agricultural soil following swine CAFO manure application [J]. *PLoS One*, 2019, **14**(8), doi: 10.1371/journal.pone.0220770.
- [36] Geisseler D, Scow K M. Long-term effects of mineral fertilizers on soil microorganisms-A review [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2014, **75**: 54-63.
- [37] Rousk J, Bååth E, Brookes P C, *et al.* Soil bacterial and fungal communities across a pH gradient in an arable soil [J]. *The ISME Journal*, 2010, **4**(10): 1340-1351.
- [38] Han X M, Hu H W, Shi X Z, *et al.* Impacts of reclaimed water irrigation on soil antibiotic resistome in urban parks of Victoria, Australia [J]. *Environmental Pollution*, 2016, **211**: 48-57.
- [39] Xun W B, Zhao J, Xue C, *et al.* Significant alteration of soil bacterial communities and organic carbon decomposition by different long-term fertilization management conditions of extremely low-productivity arable soil in South China [J]. *Environmental Microbiology*, 2016, **18**(6): 1907-1917.
- [40] Zhou J, Guan D W, Zhou B K, *et al.* Influence of 34-years of fertilization on bacterial communities in an intensively cultivated black soil in northeast China [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2015, **90**: 42-51.
- [41] 肖琼, 王齐齐, 郭磊, 等. 施肥对中国农田土壤微生物群落结构与酶活性影响的整合分析 [J]. *植物营养与肥料学报*, 2018, **24**(6): 1598-1609.
- Xiao Q, Wang Q Q, Wu L, *et al.* Fertilization impacts on soil microbial communities and enzyme activities across China's croplands: a meta-analysis [J]. *Journal of Plant Nutrition and Fertilizers*, 2018, **24**(6): 1598-1609.
- [42] Xie W Y, Yuan S T, Xu M G, *et al.* Long-term effects of manure and chemical fertilizers on soil antibiotic resistome [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **122**: 111-119.
- [43] Munk P, Knudsen B E, Lukjancenko O, *et al.* Abundance and diversity of the faecal resistome in slaughter pigs and broilers in nine European countries [J]. *Nature Microbiology*, 2018, **3**(8): 898-908.
- [44] Qiao M, Ying G G, Singer A C, *et al.* Review of antibiotic resistance in China and its environment [J]. *Environment International*, 2018, **110**: 160-172.
- [45] Rovira P, McAllister T, Lakin S M, *et al.* Characterization of the microbial resistome in conventional and "raised without antibiotics" beef and dairy production systems [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, **10**, doi: 10.3389/fmicb.2019.01980.
- [46] Hu H W, Han X M, Shi X Z, *et al.* Temporal changes of antibiotic-resistance genes and bacterial communities in two contrasting soils treated with cattle manure [J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2016, **92**(2), doi: 10.1093/femsec/fiv169.
- [47] Han X M, Hu H W, Chen Q L, *et al.* Antibiotic resistance genes and associated bacterial communities in agricultural soils amended with different sources of animal manures [J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2018, **126**: 91-102.
- [48] Chen Z Y, Zhang W, Yang L X, *et al.* Antibiotic resistance genes and bacterial communities in cornfield and pasture soils receiving swine and dairy manures [J]. *Environmental Pollution*, 2019, **248**: 947-957.
- [49] Wang F H, Han W X, Chen S M, *et al.* Fifteen-year application of manure and chemical fertilizers differently impacts soil ARGs and microbial community structure [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2020, **11**(62), doi: 10.3389/fmicb.2020.00062.

CONTENTS

Analysis of Change and Driving Factors of PM _{2.5} Mass Concentration in Tianjin from 2000 to 2020	CAI Zi-ying, HAO Jian, HAN Su-qin, <i>et al.</i> (1129)
Characteristics and Sources of PM _{2.5} -O ₃ Compound Pollution in Tianjin	XIAO Zhi-mei, XU Hong, GAO Jing-yun, <i>et al.</i> (1140)
Source Analysis of Ambient PM _{2.5} in Wuhan City Based on Random Forest Model	ZHANG Zhi-hao, CHEN Nan, ZHU Bo, <i>et al.</i> (1151)
Chemical Characteristics and Sources of Atmospheric Aerosols in the Surrounding District of a Heavily Polluted City in the Southern Part of North China	REN Xiu-long, HU Wei, WU Chun-miao, <i>et al.</i> (1159)
Characteristics of Water-soluble Ions in an Autumn Haze Process in the Southern Sichuan Urban Agglomeration After the Implementation of China's Air Pollution Prevention and Control Action Plan	WU An-nan, HUANG Xiao-juan, HE Ren-jiang, <i>et al.</i> (1170)
Concentration, Source, and Health Risk Assessment of PM ₁ Heavy Metals in Typical Pollution Processes in Zhengzhou	ZHAI Shi-ting, WANG Shen-bo, ZHANG Dong, <i>et al.</i> (1180)
Geographical Detection of Spatial Heterogeneity and Drivers of PM _{2.5} in the Yangtze River Economic Belt	WANG Li-li, LIU Xiao-jie, LI Ding, <i>et al.</i> (1190)
Spatial Heterogeneity of PM _{2.5} Concentration in Response to Land Use/Cover Conversion in the Yangtze River Delta Region	ZHOU Li-xia, WU Tao, JIANG Guo-jun, <i>et al.</i> (1201)
Analysis of Pollution Characteristics, Meteorological Impact, and Forecast Retrospective During the Spring Festival and the Lantern Festival in "2 + 26" Cities	ZHU Yuan-yuan, WANG Xiao-fei, WANG Wei, <i>et al.</i> (1212)
Pollution Characteristics and Influencing Factors of PM _{2.5} in Shanxi Province Based on Wavelet Transform	ZHANG Ke-ke, HU Dong-mei, YAN Yu-long, <i>et al.</i> (1226)
Estimation of Surface Ozone Concentration and Health Impact Assessment in China	ZHAO Nan, LU Yi-min (1235)
Analysis of Ozone Pollution Spatio-temporal Evolution Characteristics and Identification of Its Long-term Variation Driving Factor over Hunan Province	LIU Yan-yan, YANG Lei-feng, XIE Dan-ping, <i>et al.</i> (1246)
Temporal and Spatial Variation in O ₃ Concentration Near the Surface of Shandong Peninsula and Analysis of Potential Source Areas	LI Le, LIU Min-xia, XIAO Shi-ni, <i>et al.</i> (1256)
Characteristics, Ozone Formation Potential, and Source Apportionment of VOCs During the COVID-19 Epidemic in Xiong'an	LIU Xin-jun, WANG Shu-juan, LIU Cheng, <i>et al.</i> (1268)
Characteristics and Source Analysis of VOCs Pollution During the Period of Ozone Exceeding the Standard in Zibo City	WANG Shuai, WANG Xiu-yan, YANG Wen, <i>et al.</i> (1277)
Comparison of VOCs Pollution Characteristics Between an Urban Site and a Background Site in Summer in Zibo	QIN Tao, XU Bo, WANG Xin-wu, <i>et al.</i> (1286)
Emission Characteristics and Inventory of Volatile Organic Compounds from Cooking in Sichuan Province	QIAN Jun, HAN Li, CHEN Jun-hui, <i>et al.</i> (1296)
Emission Characteristics of Gas-and Particle-Phase Polycyclic Aromatic Hydrocarbons from Cooking	LI Yuan-ju, WU Ai-hua, TONG Meng-xue, <i>et al.</i> (1307)
Diversity and Community Structure of Airborne Fungi in Different Working Areas of Composting Plants	YU Ao-yuan, XING Li-jun, SUN Xing-bin, <i>et al.</i> (1315)
Main Problems and Refined Solutions of Urban Fugitive Dust Pollution in China	LI Ting-kun, FENG Yin-chang, BI Xiao-hui, <i>et al.</i> (1323)
Water Quality Assessment and Spatial-temporal Variation Analysis in Yellow River Basin	LIU Yan-long, ZHENG Yi-an (1332)
Spatial Distribution and Influential Factors of Nutrients in Rivers of a Typical Mountainous City: A Case Study of the Qingshuixi River in Chongqing	WANG Chao, YE Qiu, JIA Bo-yang, <i>et al.</i> (1346)
River-Lake States in the Tributary of the Three Gorges Reservoir Area and Their Effects on the Phosphorus Content of Different Forms in the Sediment	HUANG Wei, ZHANG Xing, LUO Xiao-jiao, <i>et al.</i> (1356)
Molecular Signatures of Dissolved Organic Matter in the Paihe River and Its Tributaries	ZHAN Ya, YIN Hao, FENG Jing-wei, <i>et al.</i> (1365)
Multiphase Spatial Distribution Characteristics of Cd Morphology in Typical Intertidal Zones in the Guanglong-Hong Kong-Macao Greater Bay Area and Its Influencing Factors	CUI Xin-yue, MO Wu-qiu, LIAO Jian-bo (1375)
Occurrence Characteristics and Risk Assessment of Antibiotics in the Surface Water of Luoma Lake and Its Main Inflow Rivers	GONG Run-qiang, ZHAO Hua-jin, GAO Zhan-qi, <i>et al.</i> (1384)
Contamination Characteristics and Ecological Risk Assessment of Antibiotics in the Third Drain of Ningxia	LI Fu-juan, GAO Li, LI Ling-yun, <i>et al.</i> (1394)
Historical Changes and Responses to Human Activities of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in Lake Sediments from Northern China During the Past 100 Years	GONG Xiong-hu, ZHAO Zhong-hua, DING Qi-qi, <i>et al.</i> (1404)
Characteristics of Bacterioplankton Community Between River and Lake/Reservoir in the Yangtze River Basin	HU Yu-xin, ZHANG Jing, HUANG Jie, <i>et al.</i> (1414)
Characteristics of Bacterial Community Structure in Wuliangs Lake During an Irrigation Interval in Hetao Plain	SHI Yu-jiao, LI Wen-bao, ZHANG Bo-yao, <i>et al.</i> (1424)
Effects of Landscape Structures on Bacterioplankton Communities at Multi-spatial Scales in the Yuanhe River	SHU Wang, WANG Peng, DING Ming-jun, <i>et al.</i> (1434)
Microbial Community Structure on Microplastic Surface in the <i>Grus leucogeranus</i> Reserve of Poyang Lake	LIU Shu-li, JIAN Min-fei, ZOU Long, <i>et al.</i> (1447)
Influence of Microplastics on the Development of <i>Proteus</i> Biofilm	TAO Hui, QI Yi-ting, YU Duo, <i>et al.</i> (1455)
Deposition Law of Low-Density Microplastics Aggregation in Wuliangs Lake	LIU Yu, SHI Xiao-hong, ZHANG Sheng, <i>et al.</i> (1463)
Adsorption of Fulvic Acid on Virgin and Aging Microplastics	SONG Ya-li, YU Ya, ZHENG Lei, <i>et al.</i> (1472)
Diffusive Fluxes and Controls of N ₂ O from Coastal Rivers in Tianjin City	TANG Meng-yao, HU Xiao-kang, WANG Hong-wei, <i>et al.</i> (1481)
Effects of Hematite and Biochar Addition on Wastewater Treatment Efficiency, Greenhouse Gas Emission, and Microbial Community in Subsurface Flow Constructed Wetland	CHEN Xin-tong, HAO Qing-ju, XIONG Yan-fang, <i>et al.</i> (1492)
Identification and Optimization Method of Rainfall-Runoff Pollution Risk Level	QI Xiao-tian, ZHANG Zhi-ming, ZHAO Xin, <i>et al.</i> (1500)
Factor Analysis of Disinfection Byproduct Formation in Drinking Water Distribution Systems Through the Bayesian Network	JIANG Shan-shan, WANG Zhen-yu, GAO Quan, <i>et al.</i> (1512)
Selective Adsorption of Au(III) by Activated Carbon Supported Polythioamides and Adsorption Mechanism	ZHAO Wen-jin, ZHANG Shen, AN Xiao-qiang, <i>et al.</i> (1521)
Impacts of F/M Ratio on Microbial Networks in Activated Sludge	ZHANG Bing, SUN Chen-xiang, WEN Xiang-hua (1529)
Geochemical Characteristics and Source Apportionment of Soil Elements in an Urban-rural Integration Area: A Case Study in the Qinglong Area of Tianfu New District	LIU Shu-huai, WANG De-wei, SHI Ze-ming, <i>et al.</i> (1535)
Ecological and Health Risk Assessments Based on the Total Amount and Speciation of Heavy Metals in Soils Around Mining Areas	WANG Rui, CHEN Nan, ZHANG Er-xi (1546)
Characteristics of Antimony Migration and Transformation and Pollution Evaluation in a Soil-Crop System Around a Tin Mine in Hunan Province	ZHANG Long, SONG Bo, HUANG Feng-yan, <i>et al.</i> (1558)
Effect of Controlling Heavy Metals in Soil of Rare Earth Mining Area by Biochar Supported Graphene Oxide	YANG Shi, LIU Zu-wen, LONG Bei, <i>et al.</i> (1567)
Enhanced Remediation of Cd Contaminated Soil by Cotton with DOM	MIN Tao, LUO Tong, CHEN Li-li, <i>et al.</i> (1577)
Novel Insight into the Adsorption Mechanism of Fe-Mn Oxide-Microbe Combined Biochar for Cd(II) and As(III)	LIAN Bin, WU Ji-zi, ZHAO Ke-li, <i>et al.</i> (1584)
Variations in Cadmium Accumulation and Transport and Ionic Traits Among Different Winter Wheat Varieties	LIU Chang, XU Ying-ming, HUANG Qing-qing, <i>et al.</i> (1596)
Cadmium Accumulation Characteristics of Different Heat Varieties Under Cadmium Stress	REN Chao, REN Yu-zhong, WANG Hao, <i>et al.</i> (1606)
Effect of Different Land Use Types on the Diversity of Soil Bacterial Community in the Coastal Zone of Jialing River	LIU Kun-he, XUE Yu-qin, ZHU Lan-ping, <i>et al.</i> (1620)
Effects of Earthworms/Biochar on Bacterial Diversity and Community in As-contaminated Red Soil	SU Qian-qian, LI Lian-fang, ZHU Chang-xiong, <i>et al.</i> (1630)
Effects of DA-6 and EDDS on Growth and Cd Uptake by <i>Solanum nigrum</i> L. and on the Soil Bacterial Community Structure	LUO Yang, SUN Li, LIU Fang, <i>et al.</i> (1641)
Effects of Plastic Mulch Film on Soil Nutrients and Ecological Enzyme Stoichiometry in Farmland	HU Zhi-e, XIAO Mou-liang, WANG Shuang, <i>et al.</i> (1649)
Effects of Warming and Increased Precipitation on Soil Respiration of Abandoned Grassland in the Loess-Hilly Regions	WANG Xing, ZHONG Ze-kun, ZHU Yu-fan, <i>et al.</i> (1657)
Effect of Film Mulching, Straw Retention, and Nitrogen Fertilization on the N ₂ O and N ₂ Emission in a Winter Wheat Field	PENG Yi, LI Hui-tong, ZHANG Shao-wei, <i>et al.</i> (1668)
Effects of Straw Returning on Soil Ammonia Volatilization Under Different Production Conditions Based on Meta-analysis	ZHAO Zheng-xin, WANG Xiao-yun, TIAN Ya-jie, <i>et al.</i> (1678)
Impacts of Fertilization on Soil Antibiotic Resistance Genes Across Croplands: A Meta-Analysis	RAN Ji-wei, XIAO Qiong, HUANG Min, <i>et al.</i> (1688)