文章类型：论文|刊号（ISSN）：2630-4740 /（中图刊号）：715GL012

土壤抗生素抗性基因污染现状及阻控策略综述

常思远
中国海洋大学环境科学与工程学院
DOI:10.12238/eep.v7i7.2169

[摘　要] 抗生素抗性(antimicrobial resistance,AMR)污染已成为全球性热点问题,抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes,ARGs)已经在诸多环境介质中检出,严重威胁人类健康。其中,土壤由于受到污水排放、畜牧养殖和农业灌溉等人类活动的影响,成为ARGs最大的环境储存库之一。了解土壤中ARGs的来源、污染现状是阻控土壤中ARGs污染的必要条件。本文综述了土壤中ARGs的污染现状,归纳总结了现有的土壤ARGs污染阻控策略,为土壤ARGs的污染水平和风险评估提供了一定的支撑,为土壤ARGs污染阻控技术提供理论依据。
[关键词] 抗生素抗性基因；土壤；环境过程；污染阻控
中图分类号：Q938.1+3　**文献标识码**：A

A review of the status quo and control strategies of antibiotic resistance gene contamination in soil

Siyuan Chang
College of Environmental Science and Engineering, Ocean University of China

[Abstract] Antimicrobial resistance (AMR) pollution has become a global hot issue, antibiotic resistance genes (ARGs) have been detected in many environmental media, seriously threatening human health. Soil is one of the largest environmental reservoirs in ARGs due to human activities such as sewage discharge, livestock raising and agricultural irrigation. It is necessary to understand the source an pollution status of ARGs in soil to prevent and control the pollution of ARGs in soil. In this paper, the status quo of ARGs pollution in soil was summarized, and the existing prevention and control strategies of soil ARGs pollution were summarized, which provided certain support for the pollution level and risk assessment of soil ARGs pollution and provided theoretical basis for soil ARGs pollution prevention and control technology.
[Key words] Antibiotic resistance gene; Soil; Environmental process; Pollution resistance control

引言

自1929年青霉素被发现以来,抗生素(antibiotics,ATs)已被广泛应用于医疗卫生、畜牧养殖和水产养殖等领域。随着抗生素的大量使用甚至滥用,抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes,ARGs)污染问题也迅速出现。ARGs作为一种新型污染物,具有环境持久性和可复制传播的生物学特性,在各种环境介质中传播扩散。其中,土壤是ARGs最大的环境储存库之一,已在全球土壤宏基因组样本(1088个)共检出558种ARGs。土壤中的ARGs会进入植物体内,随着食物链进入人体,严重威胁人类健康。

1 土壤中ARGs的来源

土壤是与人类关系最为密切的自然生态系统,也是环境中最大的ARGs储存库之一[1]。土壤中天然含有抗生素抗性菌,如放线菌和链霉菌等,其自身携带ARGs是土壤中ARGs的自然来源,这些天然ARGs为土壤环境提供了内在抗性[2]。相比于自然来源,人为因素所导致的抗生素抗性增加是土壤ARGs的最主要来源。

(1)抗生素诱导产生ARGs。抗生素在临床医疗、畜牧养殖及水产养殖等领域得到广泛使用。未被人体或动物吸收利用的抗生素会进入医疗废水、动物粪便,并通过污水灌溉、粪便施肥等方式进入土壤,增加了土壤环境的抗生素选择压力,诱导微生物产生ARGs,通过水平基因转移等方式传播扩散,加剧了土壤ARGs污染[3]。

(2)污水排放和粪便堆肥增加ARGs丰度。由于ARGs无法被生物体完全降解,动物粪便中的ARGs丰度可达到10^{5}~$10^{10.5}$copies/g[4]。目前的污水处理技术虽然可以去除部分ARGs,但污水处理厂二级出水中的ARGs丰度仍可达到$10^{1.5}$~10^{6}copies/mL[5],氯消毒、紫外消毒等水处理工艺甚至会裂解抗生素抗性菌,使得细菌内的胞内ARGs(iARGs)释放成为游离的胞外ARGs(eARGs),促进水平基因转移[6]。污水处理厂出水排放以及粪便堆肥也是土壤ARGs重要的直接来源。

(3)共选择压力诱导ARGs产生。抗生素抗性选择压力不仅来自于抗生素本身,土壤共存物质也会参与抗生素抗性的共同选

文章类型：论文|刊号（ISSN）：2630-4740 /（中图刊号）：715GL012

择,诱导细菌产生ARGs。人类活动排放至土壤中的污染物,如重金属、微塑料、消毒剂等,也会提供抗生素抗性的共选择压力,诱导长期暴露其中的土壤微生物通过突变或水平基因转移等方式获得抗生素抗性[7]。

2 土壤中ARGs的丰度和多样性

目前,已经在全球不同种类的土壤中均检测到了ARGs。ARGs作为一种新型污染物,具有环境持久性的特点,能够在土壤中进行吸附解吸、迁移、降解等物理化学过程[8]。ARGs还具有生物学特性,可以以遗传元件为载体整合至微生物基因组进行复制,使其在土壤介质中具有更强的持久性和流动性[9]。土壤中存在ARGs种类约占全部已知ARGs的30%,其中四环素抗性基因和磺胺类抗性基因是土壤中检出最多的ARGs,相对丰度可达到10^{-4}至10^{-3}copies/16S rRNA copies[10]。农田及养殖场土壤由于污水灌溉、粪便施肥等原因,已成为ARGs污染最为严重的土壤类型[11]。我国是抗生素使用大国,土壤ARGs污染也尤为严重。我国的农业土壤中sul1、sul2等磺胺类ARGs的相对丰度为10^{-6}~10^{-2}copies/16SrRNA,tetM、tetW等四环素类ARGs的相对丰度为10^{-8}~10^{-2}copies/16SrRNA[12]。此外,ARGs具有环境持久性和较强的迁移扩散能力,在人类活动影响较小的地区土壤中也存在ARGs,如在青藏高原地区的山地土壤中检测出多重耐药类、β-内酰胺类、万古霉素类等ARGs[13]。由此可见,ARGs在土壤中的污染情况已十分严峻,阻控土壤ARGs污染刻不容缓。

3 土壤中抗生素抗性基因的阻控策略

土壤中的ARGs污染已经引起了全球范围的广泛关注,如何有效控制ARGs在环境中的传播和扩散,是目前全球面临的挑战性问题。已经有诸多土壤ARGs污染阻控技术,如混凝沉淀、好氧堆肥、厌氧消化、噬菌体疗法、施用土壤改良剂等投入使用并发挥作用[14]。土壤ARGs的污染阻控技术主要可以分为源头控制、过程控制和末端治理三个方面。

3.1源头控制

源头控制主要是通过降低ARGs输入载体中的ARGs丰度和活性,减少ARGs的污染风险。土壤ARGs主要是随灌溉污水和粪便施肥直接排放进入土壤。污水处理厂常规的消毒工艺无法有效去除污水中ARGs,甚至能够增加eARGs的比例,提高ARGs的迁移扩散能力。混凝沉淀技术因其操作简便、经济、高效,常被用于污水的前处理工艺,以聚合氯化铝和聚硫酸铁作为混凝剂,采用混凝-沉降-超滤组合工艺能够有效去除污水中ARGs,与仅超滤出水相比去除率可提高2-3个数量级[15]。然而,常用的混凝剂对ARGs仅起到吸附、截留作用,不能从根本上去除ARGs。好氧堆肥和厌氧消化是粪便无害化、资源化的常用手段,可以通过高温抑制粪便内ARGs宿主细菌的生长,阻控ARGs污染[16]。尽管如此,堆肥仍无法彻底去除ARGs,粪便仍是土壤中ARGs的重要来源。

3.2过程控制

过程控制主要是指通过生物防治技术对土壤中已存在的ARGs进行降解。生物防治技术阻控土壤中ARGs污染已经得到广泛的应用且具有一定的阻控效果。目前,阻控土壤ARGs的生物防治技术主要包括抗生素降解菌、噬菌体疗法和土壤动物降解等。

抗生素降解菌是指能够降解环境中一种或多种抗生素的细菌,添加到抗生素污染土壤中可降低抗生素的选择压力,从而缓解土壤ARGs污染。从四环素污染土壤中提取出的Raoultella sp.XY-1和Pandoraea sp.XY-2菌株,可以有效降解土壤中的四环素,经65d培养后四环素降解率可达到43.72%[17]。但目前能够提取、纯化并规模化使用的抗生素降解菌的种类有限,所能降解的抗生素种类较少,因此抗生素降解菌的应用仍需进一步的研究和实践。

噬菌体疗法能够靶向裂解ARGs宿主细菌,已被提出作为阻控环境中ARGs污染的有效方法。研究表明,多价噬菌体PhiYSZ-KK与土壤改良剂共同施用,可有效抑制土壤中四环素、氯霉素抗性基因宿主细菌的生长繁殖,经60d处理后ARGs丰度显著下降2~6个数量级[18]。然而另有研究表明,噬菌体的DNA也是ARGs的储存库之一,在携带ARGs的噬菌体侵染非ARGs宿主菌时,也能通过转导作用增加环境中的ARGs丰度[19]。噬菌体对ARGs传播和阻控的贡献仍具有争议。

土壤动物能够通过改变群落结构对土壤ARGs传播扩散进行控制。蚯蚓是常见的土壤动物,对土壤功能的调节具有重要作用。研究表明,与周围土壤相比,蚯蚓肠道中的ARGs、MGEs丰度以及ARGs宿主菌丰度和种类显著降低,添加蚯蚓后土壤中的ARGs丰度也随之降低,这表明蚯蚓的添加可作为缓解土壤ARGs污染风险的有效手段[20]。土壤动物在阻控ARGs方面具有巨大潜力,有待进一步研究。

3.3末端治理

施用土壤改良剂是ARGs污染阻控末端治理的方式,也是缓解土壤ARGs污染的有效手段。土壤改良剂的添加,能够改变土壤理化性质、改变土壤群落结构、降低共存污染物的选择压力,缓解ARGs的传播扩散风险。目前用于ARGs污染阻控的土壤改良剂有煅烧蛋壳、纳米材料、生物炭及其衍生物木醋液等,但并非所有的土壤改良剂都能对ARGs的阻控产生积极影响。

经硫酸铝改性后的煅烧蛋壳,作为土壤改良剂添加到甜椒种植的土壤中,显著增强了四环素、磺胺嘧啶等抗生素的降解,降低了土壤中ARGs和其宿主菌的丰度,甜椒果实中ARGs的相对丰度降低至10-^{10}copies/16SrRNA copies,这有效缓解了土壤ARGs通过食物链进入人体的风险[21]；CeO_2纳米粒子是用于提高作物产量的土壤改良剂之一,1~5mg/L的CeO_2纳米粒子,对ARGs接合转移抑制效率达到22-26%,较低浓度的CeO_2纳米粒子能够降低细菌活性氧水平,抑制细胞外聚合物中多糖的合成从而减少细胞间接触,抑制调节质粒转移的表达基因。木醋液是木质生物质经高温热解后产生的凝析产物,也是制备生物炭的副产物,具有强大的抗氧化性和抑菌作用,单独施用至土壤中可以使土壤 ARGs的相对丰度降低22.4 - 75.4%[22],与生物炭共同施用可使土壤ARGs的绝对丰度降低47.5-72.9%[23]。

此外,部分土壤改良剂的施用还会增加土壤ARGs的污染风险。鸟粪石是一种优质肥料和土壤改良剂。研究发现,在油菜种植土壤中添加鸟粪石改良剂后,土壤与植株根际、叶际中的ARGs

的种类和丰度都有所增加,在土壤和植株中均检测出鸟粪石中特有的ARGs种类,这也表明了鸟粪石的添加增加了土壤ARGs的污染水平,鸟粪石作为土壤改良剂是土壤ARGs污染的来源之一[24]。上述研究也表明,施用土壤改良剂对阻控土壤ARGs污染具有一定作用,但其结果仍然存在不确定性,并非所有的土壤改良剂都能对ARGs的污染阻控起到积极效果。

4 结语

土壤已成为ARGs最大的环境储存库之一,土壤ARGs污染日益严峻,严重危害了人类健康和社会发展。目前已有诸多ARGs污染阻控技术已投入使用,并起到一定积极效果,但从土壤中全面消除ARGs污染仍需要更加深入的研究,以寻求更加高效且稳定的土壤ARGs污染阻控技术。

[参考文献]

[1]李泽楷,韩淼,秦超,等.土壤环境中抗生素抗性基因污染研究进展和热点分析[J].生态与农村环境学报,2024,40(1):11-22.

[2]蔡天贵,张龙,张晋东.抗生素抗性基因的生态风险研究进展[J].应用生态学报,2022,33(05):1435-1440.

[3]丁曼琳,陈文碧,张菲阳,等.亚抑制浓度抗生素对细菌水平基因转移的研究进展[J].西南医科大学学报,2022,45(05):447-450.

[4]王文洁,于丽明,邵梦莹,等.畜禽养殖环境中抗生素抗性基因污染的研究进展[J].应用生态学报,2023,34(5):1415-1429.

[5]Zarei-Baygi A,Smith A L.Intracellular versus extracellular antibiotic resistance genes in the environment: Prevalence, horizontal transfer,and mitigation strategies[J].Bioresource Technology,2021,319.

[6]胡啸威,沈梦楠,杨帆,等.污水处理系统中抗性基因的研究进展[J].化工设计通讯,2023,49(08):160-161+182.

[7]李晓天,黄焯燊,汤有千,等.畜禽养殖废物中抗生素和重金属抗性基因的产生机制和控制方法研究进展[J].应用生态学报,2022,33(06):1719-1728.

[8]高晓宇,王磊.抗生素抗性基因在土壤中积累、转移与消减的研究进展[J].生态环境学报,2023,32(11):2062-2071.

[9]朱冬,陈青林,丁晶,等.土壤生态系统中抗生素抗性基因与星球健康:进展与展望[J].中国科学:生命科学,2019,49(12):1652-1663.

[10]Wang J H,Wang L J, Zhu L S, et al. Antibiotic resistance in agricultural soils: Source, fate, mechanism and attenuation strategy[J].Critical Reviews in Environmental Science and Technology,2022,52(6):847-889.

[11]汤欣悦,赵家奕,王义佳,等.农田生态系统中抗生素抗性基因迁移扩散的研究进展[J].生态毒理学报,2023,18(02):111-127.

[12]Zhou Y T, Niu L L, Zhu S Y, et al. Occurrence, abundance, and distribution of sulfonamide and tetracycline resistance genes in agricultural soils across China[J]. Science of the Total Environment, 2017,599:1977-1983.

[13]刘燕,路璐.贡嘎山不同海拔土壤中抗生素抗性基因的多样性特征[J].西昌学院学报(自然科学版),2021,35(02):1-7.

[14]李书唱,倪妮,王娜,等.我国土壤中抗生素抗性基因污染的消减策略[J].生态与农村环境学报,2024,40(05):589-601.

[15]SunLH,Ding Y, Zhang Q W, et al. Removal efficiency and mechanisms of antibiotic resistance genes in secondary effluent by combined process of coagulation-sedimentation-ultrafiltration[J].Desalination and Water Treatment,2020,190:80-88.

[16]郭宇兵,鲁琳,周俊言.好氧堆肥消减畜禽粪便抗生素耐药基因积累研究进展[J].中国畜牧杂志,2023,59(12):80-86.

[17]WuXL, Gu Y C,Wu X Y,etal.Construction of a Tetracycline Degrading Bacterial Consortium and Its Application Evaluation in Laboratory-Scale Soil Remediation[J]. Microorganisms, 2020,8(2).

[18]Chen X L,Ke Y C,Zhu Y,etal.Enrichment of tetracycline-degrading bacterial consortia: Microbial community succession and degradation characteristics and mechanism[J]. Journal of Hazardous Materials,2023,448.

[19]陈莫莲,安新丽,杨凯,等.土壤噬菌体及其介导的抗生素抗性基因水平转移研究进展[J].应用生态学报,2021,32(06):2267-2274.

[20]徐俊杰,夏慧,魏枫沂,等.污泥蚯蚓堆肥对染色体和质粒上耐药基因归趋的影响[J].中国环境科学,2023,43(2):694-701.

[21]Ye M, Sun M M, Feng Y F, et al. Calcined Eggshell Waste for Mitigating Soil Antibiotic-Resistant Bacteria/Antibiotic Resistance Gene Dissemination and Accumulation in Bell Pepper[J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2016, 64(27):5446-5453.

[22]Zheng H, Wang R R, Zhang Q, et al. Pyroligneous acid mitigated dissemination of antibiotic resistance genes in soil[J]. Environment International,2020,145.

[23]Zheng H,Feng N L,Yang T N,etal.Individual and combined applications of biochar and pyroligneous acid mitigate dissemination of antibiotic resistance genes in agricultural soil[J]. Science of the Total Environment,2021,796.

[24]Cai J S,Ye Z L,Ye C S,etal.Struvite crystallization induced the discrepant transports of antibiotics and antibiotic resistance genes in phosphorus recovery from swine wastewater [J].Environmental Pollution,2020,266.

作者简介：

常思远(1998--),男,汉族,山东烟台人,中国海洋大学环境科学与工程学院硕士研究生,环境工程专业,研究方向：土壤污染过程与修复。