

再生水受纳河流中抗生素抗性基因研究综述

严宏应* 杜文静 宋宇洋 郭洪发

中国海洋大学三亚海洋研究院

DOI:10.12238/eep.v7i3.2001

[摘要] 再生水回用是缓解水资源短缺的有效途径,但同时再生水也会携带大量的抗生素(antibiotic,ATs)、抗生素耐药细菌(antibiotic resistant bacteria,ARB)和抗性基因(antibiotic resistance genes,ARGs)进入受纳河流中。研究表明再生水可改变其下游水和沉积物中微生物群落的组成,并且使其下游水和沉积物中的ARGs和移动遗传元件(MGEs)的丰度显著增加,增加了ARGs的暴露和风险。本文综述了现有关于再生水受纳河流中ARGs的赋存状况,分析了ARGs在受纳河流中的时空分布特征和影响因素,并对今后再生水受纳河流中ARGs污染研究进行了展望。

[关键词] 抗性基因; 再生水受纳河流; 时空分布特征; 影响因素

中图分类号: X522 文献标识码: A

A review of antibiotic resistance genes in reclaimed water receiving rivers

Hongying Yan* Wenjing Du Yuyang Song Hongfa Guo

Sanya Institute of Oceanography, Ocean University of China

[Abstract] Reuse of reclaimed water is an effective way to alleviate water shortage, but at the same time, reclaimed water will also carry a lot of antibiotics (ATs), antibiotic resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARGs) entered the receiving river. Studies have shown that regenerated water can change the composition of microbial communities and significantly increase the abundance of ARGs and mobile genetic elements (MGEs) in the water and sediment downstream, increasing the exposure and risk of ARGs. In this paper, the existing status of ARGs in reclaimed water receiving rivers is reviewed, the temporal and spatial distribution characteristics and influencing factors of ARGs in reclaimed water receiving rivers are analyzed, and the future research on ARGs pollution in reclaimed water receiving rivers is prospected.

[Key words] antibiotic resistance genes; reclaimed water receiving river; spatial and temporal distribution characteristics; influence fact

由于多年来抗生素的大量使用并不断排放进入环境中,导致了细菌获得了抗生素耐药性并广泛传播、迁移和扩散^[1]。研究发现越来越多的微生物携带多种抗性基因^[2],环境中的多重耐药菌也越来越多,这将会导致人类面临用药无效的局面。此外,由于抗生素在人和动物体内不能完全被代谢和吸收,所以抗生素经使用后仍然有超过70%的抗生素排出,导致医疗废水^[3]、畜禽养殖废水^[4]、水产养殖废水^[5]和生活污水^[6]等废水中含有抗生素(antibiotic,ATs)、抗性基因(antibiotic resistance genes,ARGs)和耐药菌(antibiotic resistance bacteria,ARB),这些废水经过城镇排水管网汇集进入污水处理厂中。在污水处理厂中不仅可能由于选择压力会产生新的ARGs^[7],ARGs还能通过垂直传递(vertical gene transfer,VGT)或水平基因转移(Horizontal Gene Transfer,HGT)^[8]高速传播,污水处理厂是环境中ATs和ARGs重要的汇集地^[9]。

然而现有的污水处理厂并未设有去除ATs和ARGs的工艺,传统

的污水处理工艺旨在去除固体、氮磷等营养物质和有机物,现有研究表明,现行深度处理工艺还不能将污水中的ATs、ARGs和ARB完全去除^[10],ARGs及ARB在污水处理厂出水和活性污泥中都能被检测出来^[11],因此再生水中还仍存在一定浓度的ARB和ARGs^[12],当其排放进入受纳河流中,加大了河流生态健康风险。现有研究初步探明了再生水受纳河流中ARGs的赋存状况,但这些研究往往只针对某一具体河流,缺乏多维度的比较分析。因此,本文结合近年相关文献综合分析了再生水受纳河流中ARGs的时空分布特征和影响因素,以为再生水受纳河流中ARGs污染控制、河流管理提供参考,对于保护地表水河流生态系统以及促进可持续发展具有重要意义。

1 抗生素抗性基因的分类及来源

ARGs作为一种新污染物,是指微生物基因组上编码抗生素或其他抑菌药物抵抗性的基因,环境中常见的ARGs种类主要包含四环素类、多耐药类、磺胺类、喹诺酮类、大环内酯类、氨

基糖苷类、氯霉素类和 β -内酰胺类。环境中ARGs的来源包含内在抗性和获得性抗性,其中内在抗性是指细菌可通过随机突变或表达携带ARGs原型或平时没有表达的ARGs的DNA片段而获得抗性^[13],目前存在一些研究表明在未受人类活动影响的自然环境中也存在ARGs和MGEs,例如D'Costa等在3000年前的冻土中检测到了多种ARGs^[14],而获得性抗性是指在人类平时的生产生活中,在医疗、畜禽养殖及水产养殖等行业中过度使用抗生素,其残留物排放进入环境介质当中诱导ARGs产生与传播。Sara等^[15]在医院废水中检测到了较高的ARGs丰度, Pan等^[16]在短期使用的养猪场发酵床材料中检测到了大量的ARGs和MGEs, Li等^[17]研究了微咸水养殖沉积物中ARGs的流行情况并发现微咸水养殖是ARGs的储存库。此外,动物粪便、人类生活污水以及WWTPs排放的再生水也是自然环境中ARGs的重要来源^[18]。

2 再生水受纳河流中抗生素抗性基因的时空分布特征

已有研究表明,污水处理厂出水可改变下游水体和沉积物中细菌群落的组成^[19],显著增加下游水体和沉积物中的ARGs(如sul1、tetA、qnrS)和I类整合子(int11)的丰度^[15,19]。已有研究表明,污水处理厂出水对受纳河流中ARGs的增殖有很大贡献^[20]。值得注意的是,再生水对受纳河流水和沉积物的影响有所不同, Wu等^[21]研究了再生水对其受纳河流湟水河水和沉积物中抗生素抗性组分的贡献,结果表明再生水显著增加了河水中ARGs和MGEs的多样性和丰度,但对沉积物中抗生素抗性组分的影响较小。

再生水受纳河流中的ARGs具有一定的沿程分布规律,尤其是在较为明显的污染源附近河段,如WWTPs上下游。Wu等^[22]的研究表明城市污水处理厂尾水进入淀浦河后导致水中的ARGs丰度显著增加,且受纳河流水中ARGs丰度呈中游>下游>上游。Marti等^[19]研究了11种ARGs在特尔河中的生物膜和沉积物中的赋存情况,结果表明在WWTPs下游0.1km采集的生物膜样品中ARGs的相对丰度显著增加,且上游和下游样品中的微生物群落结构和组成存在显著差异。Sara等^[15]研究了医院和WWTPs尾水受纳河流中各种抗生素和ARGs的污染水平,发现WWTPs下游水样中ermB、qnrS和sul1的丰度显著高于上游水样。Zhang等^[23]研究了潮白河中磺胺类抗性基因(SRGs)和int11的分布情况,结果显示在再生水补给点检测出了sul1、sul2和int11的最高绝对丰度,而且在8km以外的偏远地区也有较高的丰度。Lee等^[24]对瑞士两条再生水受纳河流中ARGs的赋存特征进行了研究,结果表明ARGs丰度在WWTPs排放口下游短距离(2~2.5km)内迅速下降。Sabri等^[25]研究了荷兰的再生水受纳河流Grote Beerze河水和沉积物中ARGs的时空分布特征,结果表明再生水排放显著增加了受纳河流中ARGs的含量,且ARGs在WWTPs排水口下游20km的水和沉积物中仍持续存在。Zou等^[26]研究了西安的两条再生水受纳河流沉积物中ARGs和毒力因子(VFs)的赋存规律,结果表明两条河WWTPs下游0.5km处检出ARGs和VFs的丰度均高于WWTPs排放口处。张宁^[27]研究了再生水受纳河流潮白河顺义段中的ARGs分布规律,结果表明再生水补水点水中目标ARGs总绝对丰度均高于

同季度其余沿程采样点水中目标ARGs总绝对丰度。

再生水受纳河流中的ARGs赋存特征具有明显的季节性差异。季节的影响取决于污染源、采样周期(降水和温度的变化)、抗生素的使用、地理位置和水动力条件^[25]。在Zhang等^[23]的研究中,潮白河中磺胺类ARGs绝对丰度的季节变化顺序为夏季>秋季>春季>冬季。在张宁^[27]的研究中,夏秋两季再生水受纳河流水中ARGs丰度显著高于春冬两季。Yu等^[28]研究了季节性降雨对再生水受纳水体沙河水库和清河中的胞内和胞外ARGs(iARGs和eARGs)的影响,结果表明枯水期eARGs的绝对丰度比iARGs高出一个数量级以上,iARGs的绝对丰度在丰水期显著增加。在Sabri等^[25]的研究中,受纳河流水和沉积物中ARGs的浓度在不同月份之间变化了1~3个数量级,且除了tetW外,冬季所有检测的ARGs丰度相比于夏季都略有下降。

3 再生水受纳河流中抗生素抗性基因时空分布的影响因素

再生水受纳河流中的ARGs分布规律受人类生产生活、生物因素和其他环境因子的影响。WWTPs是连接人类活动与自然环境的纽带,收集人类社会各方面的污水和废水,并且其处理后的再生水中还残留一定含量的抗生素、ARGs、营养物质和金属元素等等,这些污染物质排放进入受纳河流中会显著影响ARGs的增殖传播。

再生水受纳河流环境中生物因素对ARGs的赋存具有重要影响,如微生物群落和MGEs, MGEs可通过转导、转化和接合等方式将ARGs在不同的微生物种群之间相互传播。Zou等^[26]的研究表明,再生水受纳河流中微生物群落结构的变化是ARGs和VFs丰度及多样性的主要驱动因素。在Zhang等^[23]的研究中,磺胺类ARGs与int11具有显著相关性,表明磺胺类ARGs传播存在潜在风险。Yu等^[28]的研究表明受纳河流和水库系统中iARGs的相对丰度与细胞内移动遗传元件(iMGE)呈极显著相关,且沙河水库中的eARGs与eMGEs的相对丰度之间的相关性极为密切。在Wu等^[21]的研究中,tnpA表现出促进ARGs传播的潜力最大,并且与多种ARGs具有极显著相关性。

除了人类生产生活、生物因素以外,其他环境因子对再生水受纳河流中ARGs的增殖传播也具有一定的相关性,如河流水及沉积物的常规理化指标(温度、pH和电导率等)、无机组分(氮和磷营养盐)和有机组分(DOM和TOC等)。在Zhang等^[23]的研究中,磺胺类ARGs相对丰度与大部分环境因子呈正相关,与pH呈负相关,TP、TN与磺胺类ARGs绝对丰度的相关系数分别为0.579~0.860和0.580~0.755,且磺胺类ARGs与环境因子之间的相关性存在季节性差异。WWTPs下游ARGs的赋存与NH₄⁺-N相关,而上游ARGs的赋存与浊度、悬浮物和季节因素(如UVA辐射和大型植物的存在)相关。在Yu等^[28]的研究中,环境梯度(水文梯度、水质梯度和人为污染水平)和季节性降雨显著影响DOM组成,而DOM组成与iARGs和eARGs亚型呈显著相关。Zou等^[26]的研究表明再生水受纳河流沉积物中的TOC和NH₄⁺-N含量对ARGs丰度具有显著影响。

4 结论与展望

再生水排放使WWTPs下游水体和沉积物中的ARGs丰度显著

增加,人类生产生活、生物因素以及其他环境因子(河水及沉积物的理化性质)是影响再生水受纳河流中ARGs赋存特征的主要因素。未来研究可以从微观层面探究环境因子是如何影响ARGs在再生水受纳河流中的赋存,可结合宏基因组、宏转录组和宏蛋白组对ARGs的增殖传播进行更深入的研究。

[参考文献]

- [1]龙进宝,幸鸿雁,李航军.环境中抗生素抗性基因的分布、检测及消除研究进展[J].中南农业科技,2022,43(04):157-160.
- [2]栗利娟,郝秀丽.抗生素耐药性的微生物调控:原生生物对细菌抗生素耐药性的影响[J].科学通报,2024,69(6):746-758.
- [3]李超.新疆地区典型污染源抗生素抗性基因的污染分布的研究分析[D].石河子大学,2016.
- [4]王文洁,于丽明,邵梦莹.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(05):1415-1429.
- [5]李丹怡,王许诺,张广桔,等.水产养殖环境中抗生素抗性基因(ARGs)研究进展[J].南方水产科学,2022,18(05):166-176.
- [6]黄福义,李虎,安新丽,等.城市生活污水和生活垃圾渗滤液抗生素抗性基因污染的比较研究[J].环境科学,2016,37(10):3949-3954.
- [7]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.
- [8]张冰,赵琳,陈坦.城市污水处理厂抗生素抗性基因研究进展[J].环境工程技术学报,2023,13(04):1384-1394.
- [9]窦春玲,郭雪萍,尹大强.污水处理厂抗生素抗性基因分布和去除研究进展[J].环境化学,2013,32(10):1885-1893.
- [10]张治国,李斌绪,李娜,等.污水深度处理工艺对抗生素抗性菌和抗性基因去除研究进展[J].农业环境科学学报,2018,37(10):2091-2100.
- [11]秦志伟.污水处理厂抗生素抗性基因分布和去除研究[J].环境与发展,2020,32(11):107-108.
- [12]张治国.紫外消毒对污水处理厂二级出水中抗生素抗性菌和抗性基因去除的影响和机理研究[D].东南大学,2019.
- [13]朱光平,薛晨晨,范宏亮,等.环境中抗生素抗性基因研究进展[J].预防医学,2020,32(11):1121-1125.
- [14]M,D.V.,E,K.C.,Lindsay,K.,etal.Antibiotic resistance is ancient[J].Nature,2011,477(7365):457-461.
- [15]Rodriguez-Mozaz,S.,Chamorro,S.,Martí,E.,etal.Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in hospital and urban wastewaters and their impact on the receiving river[J]. Water Research,2015,69:234-242.
- [16]Pan,Z.,Wang,W.,Chen,J.,etal.Temporal dynamics of microbial composition and antibiotic resistome in fermentation bed culture pig farms across various ages[J]. Science of the Total Environment,2023,912:168728.
- [17]Li,C.,Chen,H.,Gao,P.,etal.Distribution and drivers of antibiotic resistance genes in brackish water aquaculture

sediment[J].Science of the Total Environment,2023,860:160475.

[18]Hu,A.,Wang,H.,Li,J.,etal.Homogeneous selection drives antibiotic resistome in two adjacent sub-watersheds, China [J].Journal of Hazardous Materials,2020,398:122820.

[19]Martí,E.,Jofre,J.,Balcazar,J.L.Prevalence of antibiotic resistance genes and bacterial community composition in a river influenced by a wastewater treatment plant[J].PLoS One, 2017,8(10):e78906.

[20]Corno,G.,Yang,Y.,Eckert,E.M.,etal.Effluents of wastewater treatment plants promote the rapid stabilization of the antibiotic resistome in receiving freshwater bodies[J].Water Research,2019,158:72-81.

[21]Wu,Y.,Li,S.,Yu,K.,etal.Wastewater treatment plant effluents exert different impacts on antibiotic resistome in water and sediment of the receiving river: Metagenomic analysis and risk assessment[J]. Journal of Hazardous Materials, 2023,460:132528.

[22]Wu,D.,Su,Y.,Xi,H.,etal.Urban and agriculturally influenced water contribute differently to the spread of antibiotic resistance genes in a mega-city river network[J]. Water Research,2019,158:11-21.

[23]Zhang,N.,Liu,X.,Liu,R.,etal.Influence of reclaimed water discharge on the dissemination and relationships of sulfonamide, sulfonamide resistance genes along the Chaobai River, Beijing[J].Frontiers of Environmental Science & Engineering, 2019,13(1):8.

[24]Jangwoo,L.,Feng,J.,Ayella,M-M.,etal.Unraveling the riverine antibiotic resistome: The downstream fate of anthropogenic inputs[J].Water Research,2021,197:117050.

[25]S,N.A.;S,H.;V,D.Z.B.,etal.Prevalence of antibiotics and antibiotic resistance genes in a wastewater effluent-receiving river in the Netherlands[J].Journal of Environmental Chemical Engineering,2020,8(1):102245.

[26]Zou,Y.,Xiao,Z.,Wang,L.,etal.Prevalence of antibiotic resistance genes and virulence factors in the sediment of WWTP effluent-dominated rivers[J].Science of the Total Environment,2023,897:165441.

[27]张宁.再生水补水河流及地下水中抗生素抗性基因分布特性研究[D].清华大学,2018.

[28]Yu,W.,Xu,Y.,Wang,Y.,etal.An extensive assessment of seasonal rainfall on intracellular and extracellular antibiotic resistance genes in Urban River systems[J].Journal of Hazardous Materials,2023,455:131561.

作者简介:

严宏应(1998--),男,汉族,贵州毕节人,中国海洋大学三亚海洋研究院硕士研究生,研究方向:新污染物环境过程与控制。