

畜禽粪污抗性基因污染和消减技术研究进展

余 苹^{1,2}, 王 昊^{1,2}, 王铭愉^{1,3}, 谢琳玉¹, 张云红^{1*}

(1. 农业农村部成都沼气科学研究所, 四川 成都 610000; 2. 成都信息工程大学, 四川 成都 610000; 3. 成都大学, 四川 成都 610000)

摘 要: 畜禽养殖业抗生素滥用导致抗生素抗性基因(ARGs) 大量产生,大量 ARGs 进入环境会引起细菌的多重耐药性,甚至导致“超级细菌”的爆发,严重危害居民生产生活环境及身体健康。目前关于畜禽粪污生化处理出水 ARGs 去除技术研究十分欠缺,成为制约畜禽粪污处理利用的瓶颈。分析了目前畜禽粪污 ARGs 的污染现状,详细介绍了 ARGs 迁移传播途径及环境行为,重点综述了畜禽粪污中 ARGs 的消减技术并提出展望,为今后 ARGs 控制技术的研究提供思路,以期开发更加高效绿色的污染阻控技术,降低人类健康的潜在风险。

关键词: 抗生素抗性基因; 水平基因转移; 污染阻控; 迁移; 畜禽粪污

中图分类号: S216.4; X713 **文献标志码:** A **文章编号:** 1000-1166(2024)03-0003-11

DOI: 10.20022/j.cnki.1000-1166.2024030003

Progress on Livestock and Poultry Manure Resistance Gene Pollution and Abatement Technology / YU Ping^{1,2}, WANG Hao^{1,2}, WANG Mingyu^{1,3}, XIE Linyu¹, ZHANG Yunhong^{1*} / (1. Biogas Institute of Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Chengdu 610000, China; 2. Chengdu University of Information Technology, Chengdu 610000, China; 3. Chengdu University, Chengdu 610000, China)

Abstract: The misuse of antibiotics in livestock and poultry industry leads to the production of a large number of antibiotic resistance genes (ARGs), and ARGs are discharged into the environment to cause multi-drug resistance of bacteria, and even lead to the outbreak of "superbugs", which seriously endangers the living environment and human health. At present, the research on ARGs removal technology of effluent from biochemical treatment of livestock manure is lacking, which has become a bottleneck restricting the treatment and utilization of livestock manure. This paper analyses the current pollution status of ARGs in livestock and poultry manure, describes in detail the migratory transmission pathways and environmental behaviors of ARGs, and focuses on the abatement technology of ARGs in livestock and poultry manure and puts forward the outlook. It provides ideas for future research on ARGs control technologies in order to develop more efficient and green pollution blocking and controlling technologies to reduce the potential risks to human health.

Key words: antibiotic resistance genes; horizontal gene transfer; pollution control; migration; livestock manure

我国是畜禽养殖大国,畜禽养殖业已成为农民增收的重要来源与农村经济发展的重要支柱。为治理动物疫病,抗生素作为抑病剂与促生长剂被大量使用于畜禽养殖业,近年来,国家提出减抗替抗养殖,但减抗不代表无抗,且以往使用的抗生素进入环境后并未完全降解,使得环境中存在药物残留^[1]。2014 年来兽用抗生素的使用量连续 4 年下降,特别是 2018 年下降明显,但是 2018~2020 年间兽用抗

生素出现持续增加的趋势,减抗行动成效不稳定^[2]。经常摄入抗生素会使畜禽肠道中产生大量的抗生素耐药菌群^[3],并会作为抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs) 的宿主随粪尿排出体外,从而导致畜禽粪污成为 ARGs 的重要储存库与传播源^[4]。ARGs 已被视为一类新型环境污染物^[5]而广受关注。在 2013 年英国召开的 G8 峰会上,解决全球抗生素耐药性也被作为首要议题讨论。

收稿日期: 2024-02-29

项目来源: 国家自然科学基金青年科学基金(32102603); 四川省科技计划(2021ZDZX0012); 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(1610012022010_03102); 国家现代农业产业技术体系专项资金(CARS-36-10B); 中国农业科学院科技创新工程(CAAS-ASTIP-2021-BIOMA)。

作者简介: 余 苹(2000 -),女,四川宜宾人,汉族,研究生在读,主要从事畜禽废水的物化处理技术研究等工作。

通信作者: 张云红(1985 -),女,山东邹城人,汉族,副研究员,主要从事畜禽粪污的无害化处理与资源化利用研究等工作。

因此,ARGs 污染问题已成为畜禽粪污处理与资源化利用迫切需要解决的科学问题之一,亟需以国家战略高度加以重视并采取积极有效的应对措施。

2021 年农业农村部发布《“十四五”全国畜牧兽医行业发展规划》(农牧发〔2021〕37 号),其中提出到 2025 年,在绿色发展目标上,畜禽粪污综合利用率达到 80% 以上,形成种养结合、农牧循环的绿色循环发展新方式^[6]。资源化的首要任务是污染物的控制,一系列标准和规范发布以来,企业和科研工作者对于畜禽粪污的污染防控和处理工艺的设计聚焦在有机污染物^[7]、营养物质(如氮、磷)^[8]、重金属^[9]等传统污染物的减量化和资源化利用中^[10],忽略了一些潜在的风险物质的防控。近年来,随着“one health”理念的提出,微塑料、抗生素、ARGs、激素等新污染物逐渐受到国内外研究者的关注^[11],其中 ARGs 给人类健康和环境安全构成了巨大潜在危害。畜禽粪污无论是达标处理,还是资源化利用,终将进入环境,进入环境前的无害化处理至关重要。因此,畜禽粪污无害化处理不仅需要杀灭粪污中寄生虫卵、细菌、病毒等病原微生物,而且应该考虑抗生素以及 ARGs 等危害公共安全物质的去除。

本文根据国内外学者的研究结果综述了畜禽粪污 ARGs 污染现状,总结了目前畜禽粪污中 ARGs 的丰度与分布趋势,且分别从微观水平和环境行为分析了 ARGs 的迁移路径。重点介绍了在畜禽粪污

ARGs 的消减技术,为进一步开发畜禽粪污中 ARGs 的去除技术提供一定思路,对控制 ARGs 水平、解决 ARGs 污染问题提供科学依据和建议。

1 畜禽粪污中 ARGs 污染现状

1.1 畜禽粪污中 ARGs 的丰度与多样性

由应光国团队发布的中国第 1 份抗生素使用量清单显示^[12],2013 年中国抗生素总用量约 16.2 万 t,占全球总用量的一半,其中 52% 为兽用抗生素。从全球范围看,至少 50% 的抗生素都用于养殖业^[13]。四环素类、磺胺类、喹诺酮类、氨基糖苷类、大环内酯类抗生素等是畜禽业中广泛使用的抗生素^[14],抗生素在动物体内或者在环境中长期积累,从而使得细菌在抗生素选择性压力下不断诱导产生 ARGs,导致畜禽废水、粪便、空气、畜禽粪便资源化利用等环境中频繁检出不同种类的 ARGs。已有文献报道,集约化养殖业中抗生素的滥用可使猪粪中 ARGs 的富集比背景值高 1 万倍^[15]。且相较于抗生素的环境可降解性,ARGs 由于具有横向转移与难生物降解的特点,可在环境中持续保存与转移,进而引起细菌的多重耐药性,甚至导致“超级细菌”的爆发,直接威胁人类健康。大量的研究进一步证实了畜禽粪污是 ARGs 的重要储蓄池,畜禽粪污不同环境中均检出较高丰度的 ARGs,如表 1 所示,畜禽粪便的 ARGs 丰度是畜禽养殖环境中最高的,比养殖废水的

表 1 不同环境下 ARGs 的丰度

环境	基因种类	主要基因类型	基因丰度	单位	参考文献
养猪场污水处理厂	b/p ARGs 有 8 种主要类型和 112 种亚型,共有 142 种独特的 ARGs 和 9 种 MGEs	—	~ 6 ~ 9	Log copies·mL ⁻¹	[8]
后处理生猪废水	—	<i>tetA</i> 、 <i>tetE</i> 、 <i>tetQ</i> 、 <i>ermB</i> 、 <i>sul2</i> 、 <i>int1</i> ;	5.78 ~ 8.77	Log copies·mL ⁻¹	[9]
家畜粪便	—	<i>tet</i> 、 <i>sul</i> 、 <i>erm</i> 、 <i>fca</i> 、 <i>bla</i> ;	6 ~ 11	Log copies·g ⁻¹	[20]
施用粪肥的土壤	—	<i>tetX</i> 、 <i>sul1</i> 、 <i>sul2</i> 、 <i>tetG</i> ;	- 5.23 ~ 0.08	Log copies·16S rRNA ⁻¹	[21]
家庭畜牧场	—	<i>tetO</i> 、 <i>tetQ</i> 、 <i>tetW</i> ;	- 2 ~ 1	Log copies·16S copies ⁻¹	[22]
		<i>sul1</i> 、 <i>sul2</i> 、 <i>aadA</i> 、 <i>strA</i> 、 <i>strB</i> ;	- 4 ~ - 1		
		<i>bla</i> _{OXA-1} 、 <i>bla</i> _{TEM-1} 、 <i>bla</i> _{ampC} ;	- 5 ~ - 1		
鸡粪	—	<i>oqx</i> B;	10.54	Log copies·g ⁻¹	
		<i>sul1</i> 、 <i>sul2</i> ;	9.88 ~ 10.14		
养猪场下游河流	—	<i>sul1</i> 、 <i>sul2</i> ;	~ - 2.35 ~ 0.80	Log copies·16S copies ⁻¹	[23]
		<i>tetO</i> 、 <i>tetA</i> ;	~ 0.23 ~ 3.79		
牲畜粪便底部的土壤	—	<i>sul1</i> 、 <i>sul2</i> ;	~ - 3.3 ~ 0.66		
		<i>tetO</i> 、 <i>tetA</i> ;	~ 0.21 ~ 3		
养殖场周围深 0 ~ 10 cm 的土壤	80 种 ARGs and 5 种 MGEs	<i>tetM</i> 、 <i>tetW</i> 、 <i>aac</i> (6')-Ib、 <i>tetQ</i> 、 <i>tetG</i> 、 <i>int1</i> 、 <i>copA</i> ;	8.67 ~ 8.86	Log copies·g ⁻¹	[24]

注:数值前 ~ 为文章中图表中数据的估值

ARGs 丰度高 1~4 个数量级, 畜禽粪污的污染范围影响较广, 在养殖场下游以及养殖场所在土壤均检出较高丰度的 ARGs 且种类丰富。

畜禽粪污中检出的 ARGs 通常表现出多样性和特异性, ARGs 种类多, 污染范围广; 不同地域和养殖种类之间存在共性但又存在一定差异性, 天津市集约化畜禽养殖场中猪鸡牛共有的 ARGs 有 376 种, 111 种猪粪特有的 ARGs, 90 种鸡粪特有的 ARGs, 牛粪中特有的 ARGs 最少为 85 种, 其中猪粪和鸡粪四环素类 ARGs 丰度最高, 牛粪则是氨基糖苷类 ARGs^[4]。宁夏某养牛场牛粪中共检测到 79~142 种 ARGs 亚型, 其中主要为氨基糖苷类 ARGs^[4]。养殖场对周围土壤 ARGs 影响不明显, 但施加牛粪的土壤 ARGs 相对丰度显著高于其他土壤。畜禽粪污 ARGs 对环境中的动物也存在影响, 在蚯蚓肠道内共鉴别出 377 种 ARGs 亚型, 可分为 24 种 ARGs 类型^[7]。

ARGs 丰度的差异性受畜禽种类、养殖方式、养殖场规模、自然环境等因素所影响。不同种类畜禽养殖场 ARGs 丰度常表现为养猪场 > 养鸡场 > 养牛场^[2], 原因有二: 一是不同畜禽种类的养殖密度不同, 鸡和猪的养殖密度更高, 抗生素的使用量更大; 二是养殖方式的不同, 家禽和猪常采用圈养模式, 此模式下粪便流动性差、易积存, 进而导致 ARGs 的累积^[2]。华北地区不同规模养猪场的 ARGs 丰度表现为中型 > 大型 > 小型, 主要是因为中型养猪场中抗生素滥用情况更为严重, 而不同规模养鸡场 ARGs 丰度没有显著的差异^[2]。ARGs 的丰度也与环境因素密切相关, 温度变化可能会影响抗性基因宿主菌的群落组成^[2], 降雨强度和温度差异等季节性变化会导致 ARGs 的丰度随之变化, 冬季养殖场中气载 ARGs 总浓度总是高于夏季 2~3 个数量级^[2]。

1.2 畜禽粪污中 ARGs 潜在的迁移路径

在畜禽养殖环境中, ARGs 可通过多种途径进行传播扩散, 如吸附、迁移、降解等^[2], 畜禽粪污中 ARGs 传播的主要途径如图 1 所示^[2], ARGs 传播的关键过程主要包括两种形式: 一是在微观分子尺度上的微生物间转移, 可分为水平基因转移 (horizontal gene transfer, HGT) 和垂直基因转移 (vertical gene transfer, VGT); 二是基于各种环境行为的空间传播。

ARGs 在微生物间的传递是微生物耐药性扩散

的主要原因。VGT 是细菌通过细菌分裂在增殖过程中将遗传信息传递给子代的过程, 促使 ARGs 在亲代间传递。HGT 是微生物利用可移动遗传元件 (mobile genetic elements, MGEs) 如质粒、整合子、转座子等, 通过接合、转化、转导等方式, 使 ARGs 在同种或者不同种微生物间扩散 (见图 2)。接合是细菌通过菌毛结构直接接触将质粒 DNA 从供体细菌转移给受体细菌的过程。转导是基于噬菌体介导的细胞间基因水平转移, 通过噬菌体浸染将 ARGs 转移至受体细菌中。转化则是受体细菌直接吸收环境中游离 DNA 片段将其整合在自身基因组的过程。HGT 的其他分子机制还在积极探索中, 如海洋环境中 HGT 转移的重要机制——基因转移因子介导的 HGT 频率远高于其他机制, 基因转移因子是噬菌体内携带细胞基因组随机片段的颗粒, 可通过细胞裂解释放并扩散到受体细胞体内^[1]。细菌 ARGs 的 HGT 可使 ARGs 在致病菌和非致病菌之间快速、广泛传播, 如与具有耐药性大肠杆菌一起培养的敏感菌株仅 3 h 就有 70% 变成耐药菌^[2]。同时, HGT 可导致细菌具有多重耐药性从而形成“超级细菌”, 比单一耐药性危害更大。

畜禽粪污中的 ARGs 通过物理作用和生物作用传播扩散到水、气、土壤等环境介质中, 吸附、降解、植物吸收等多种环境行为影响着 ARGs 的跨介质迁移, 加剧了 ARGs 污染的复杂性和环境风险的不确定性, 进一步影响了 ARGs 对环境的污染程度。畜禽粪便是 ARGs 跨环境介质传播的主要载体, 粪污还田、农肥施用等畜禽粪污资源化利用手段促使 ARGs 进入环境并扩散至水、粮食、蔬菜等, 进而威胁人类的健康与安全^[3]。粪污中的 ARGs 还会扩散到养殖场气溶胶以及周围空气, 形成气载 ARGs, 其传播距离远、速度快, 更易影响人体健康^[4]。为更好地控制畜禽粪污 ARGs 污染, ARGs 在各个环境介质中传播的主要因子还有待进一步明晰^[2]。

ARGs 在环境中扩散的直接驱动力源于抗生素胁迫, 环境中残留的抗生素会提高微生物群落的抗性水平。进入环境的抗生素会对微生物产生选择性压力, 致使耐药菌的产生, 进而通过 HGT 和 VGT 促使 ARGs 在环境中传播。除了抗生素的选择性压力外, 重金属、微塑料、内分泌激素等也是影响 ARGs 传播扩散的重要因素^[5]。重金属通过共选择的方式促进 ARGs 在环境中的扩散, Cu、Zn、Ag 等重金属能促进质粒介导的微生物间的接合转移^[6]。除草

剂^[37]、消毒剂^[38]、纳米材料^[39]等化学类物质也能加速 ARGs 的传播扩散,因此在没有抗生素选择性压力的情况下,抗生素耐药性在环境中传播扩散的风险仍不容忽视。不同环境介质的理化性质也影响

着 ARGs 的抗性水平,例如 pH、有机质、氮磷等营养物质、土壤矿物等。据文献报道,土壤中 ARGs 的丰度与总氮、总磷的含量显著正相关^[40],土壤矿物如钠锰矿可使质粒的接合转移频率增加 1.3~4.3 倍^[41]。

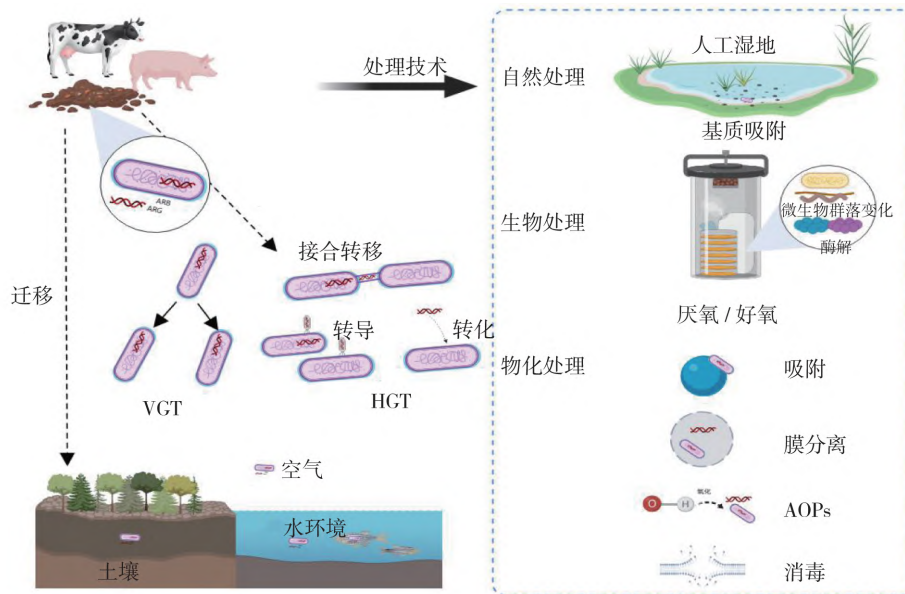


图1 畜禽粪污中 ARGs 的迁移途径与处理技术

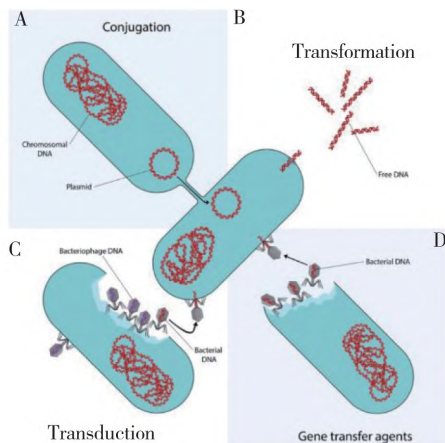


图2 ARGs 水平转移机制^[40,42]

2 畜禽粪污中 ARGs 消减技术

畜禽粪污中 ARGs 的消减技术主要包括自然、生物、物理、化学等处理技术(见图1),但还很不成熟,且大部分研究缺乏对 ARGs 去除机理的深入解析。

2.1 自然处理技术

自然处理是利用水生生物以及微生物的作用达到污水处理目的的技术^[43]。自然处理技术中人工湿地因其投资少、运行成本低、操作简单等优势被广

泛应用于废水处理中^[45,44]。人工湿地是以基质、植物和微生物协同,通过物理、化学和生物作用进行污水处理的人工生态系统。不同类型的人工湿地对 ARGs 的去除效率不同,表面流人工湿地对废水中 ARGs 的丰度未有明显影响,且对不同 ARGs 的去除效果存在差异,表面流人工湿地常与其他类型人工湿地综合利用,研究表明,稳定运行 10 余年的综合表面流人工湿地中 14 种 ARGs 可以得到有效去除^[44]。水平潜流型人工湿地对 ARGs 的去除效果欠佳,仅对磺胺类 ARGs 有较好的去除率^[47],而猪场废水经垂直上流式人工湿地处理后,四环素类 ARGs 减少了 0.26~3.3 logs^[48],ARGs 的有效消减主要源自于人工湿地对细菌较好的清除能力。人工湿地去除 ARGs 的机制主要是基质吸附^[49],人工湿地的基质对 ARGs 的去除有较大的影响,采用沸石基质去除 ARGs 的效率比火山岩更高,这主要是由于孔径差异,较小的孔径除了吸附和微生物沉降以外还可促进机械过滤,从而增强 ARGs 的去除^[50]。ARGs 降解效果受废水中抗生素影响较大,进水中较高浓度的四环素可导致出水中 *tetA*、*tetW* 与整合子基因 *int1*(横向转移指示基因)的丰度增加^[48]。除此之外,人工湿地对 ARGs 的去除,还受水质、水流方向、植物种类、季节等因素影响,因此去除效果

不稳定^[52,51]。

2.2 生物处理技术

应用于 ARGs 去除的生物处理技术主要包括厌氧处理与好氧处理。

厌氧消化是畜禽粪污处理利用的主流技术,厌氧消化去除 ARGs 归因于系统中微生物群落结构演替以及在水解过程中分泌了细胞外酶,使得大分子分解为小分子被微生物吸收和利用^[53]。然而,有关厌氧消化对 ARGs 去除效果的报道很不一致,一些研究表明厌氧消化尤其是高温厌氧消化可有效减少部分 ARGs^[54-55],但也有文献报道厌氧消化可增加 ARGs 丰度,甚至高温厌氧消化也不能减少某些 ARGs^[56-57]。例如, Yuan^[58] 等采用升流式厌氧污泥床(UASB) 处理 ARGs, 结果表明几乎无去除效果,这一结论也证实了厌氧处理对 ARGs 消减不确定这一结论。许多环境因素都会影响厌氧消化过程中 ARGs 的消减, 65 °C 的高温操作比中温操作更有利于 ARGs 的控制^[58], 这是因为高温条件下微生物组成可发生更大变化, 导致耐药菌死亡且产生细胞外酶使得 ARGs 酶解; 发酵液含固率也是影响厌氧消化的重要因素, 干发酵比湿发酵去除效果更佳^[59]; 稳定的操作温度和较长的固相停留时间会提高 ARGs 的去除效率; pH 值^[60]、原料成分^[61]、启动方式、内外在抑制物^[62] 等因素都会影响厌氧消化中 ARGs 的去除^[62]。为了增强厌氧消化工艺 ARGs 的消减性能, 一系列强化工艺被应用, 高温厌氧消化工艺可通过提高反应器温度来增强微生物活性; 有机废物预处理与厌氧消化联合的方式是常用的强化手段, 详情见 2.4; 外源添加剂强化采用加入石墨、生物炭^[63]、纳米零价铁^[64] 等添加剂, 对 ARGs 的去除有促进作用, 外源性物质的添加可提高微生物和酶的活性^[28,59,65-66], 也可作为吸附剂或者强化电子传递过程从而加速反应过程。

用于去除 ARGs 的好氧处理主要有膜生物反应器(MBR)、活性污泥法(AS)、序批式活性污泥法(SBR)、生物滤池(BF) 等。研究表明, 具有良好沉降性能和截留能力的生物处理工艺对 ARGs 的消减效果较好。例如, MBR 能通过对细菌与细胞内、外 ARGs 的有效截留, 减少出水中 ARGs 的污染^[67], 但去除效果受膜孔径影响较大。当膜孔径为 1 μm 时, 经 MBR 处理后 ARGs 丰度并未减少^[68], 而当膜孔径为 0.12~0.4 μm 时, ARGs 与整合子基因 *int11* 丰度均有大幅降低^[68]。水力停留时间、进水量以及生

物处理工艺是影响膜生物处理去除 ARGs 效果的重要因素。但 ARGs 去除只是 ARGs 从废水向生物量(污泥、生物膜、沉淀物等) 的迁移, 而不是根本上的消除。且 ARGs 在生物量中可发生较高的横向转移, 反而会加剧 ARGs 的污染。

2.3 物化处理技术

物化处理技术是通过利用吸附、截留、沉降等物理手段或者氧化还原为主的化学手段对畜禽粪污中的 ARGs 进行处理的技术。畜禽粪污的 ARGs 物化处理技术主要是围绕生化处理出水的深度处理及消毒技术。

物理消减技术主要包括吸附、膜分离、混凝等。吸附法是吸附剂通过范德华力或者氢键结合对 ARGs 进行吸附的过程, 其中主要的研究重点在于构建高效的吸附剂, 如生物炭可控制 HGT 过程、降低 MGEs 丰度, 另外生物炭形成过程中还会产生自由基, 可破坏 ARGs^[69]。石墨氮化碳比生物炭的稳定性、选择性更高, 其表面积更大, 表面含氮官能团丰富, 为 ARGs 提供吸附位点。膜分离技术是利用膜对耐药菌和 ARGs 的截留作用, 根据孔径的大小可分为反渗透、纳滤、微滤和超滤, 孔径大小决定了 ARGs 的去除效率, 0.45、0.1 μm 孔径微滤膜对 ARGs 的去除率低于 1 logs, 而 100、10 kDa 的超滤膜平均可去除 0.9、3.6 logs^[70], 由于畜禽粪污成分复杂, 容易导致膜污染, 这个问题将限制膜在去除畜禽粪污中 ARGs 的实际应用。目前实际工程中常用混凝沉淀, 混凝沉淀法^[71] 对 ARGs 的去除表现出良好的效果, 去除效率可达 3.1 logs, 但并不能彻底去除 ARGs, 只是将其转移到沉淀物中。

化学手段主要通过氧化工艺实现 ARGs 的去除, 如高级氧化技术(Fenton 氧化、光催化氧化、臭氧氧化等)^[72-73]、传统废水消毒工艺(氯消毒、过氧乙酸消毒、紫外线消毒)^[74-75] 等。高级氧化技术(AOPs) 可以产生高活性自由基, 能使污染物转变为低毒性的可生物降解性产物, 在抗性细菌的灭活和 ARGs 的消减具有潜在优势^[76]。Zhang^[77] 等采用 Fenton 工艺对 ARGs 进行去除, 结果表明 Fenton 对 ARGs 的去除率可达 2.58~3.79 logs, 但仅从强氧化剂·OH 的产生机制探究了 ARGs 的消减, 并未解析 ARGs 的去除机制。同时, Fenton 反应对废水 pH 值要求极高, 在 pH 值为 3~4 时才能达到较好效果, 这无疑增加了操作难度、运行成本以及对设备的要求, 并且 H_2O_2 属于受管制的危险化学品, 使用上

受到很大限制。消毒工艺可以改变微生物细胞膜的通透性,破坏微生物蛋白质结构,使细胞失活。以往研究表明,消毒可以有效的灭活耐药细菌,但 ARGs 可能还存在于细胞碎片中,完整的 DNA 在体外可通过 HGT 传播导致耐药菌的再活化或转移下游细菌体内^[7],Zhang^[9]等采用氯法处理城市污水处理厂出水的 ARGs,去除率为 1.30 ~ 1.49 logs,去除效果有限。化学手段去除效果明显但容易产生二次污染,而且还容易受畜禽废水水质复杂程度的影响。

2.4 技术组合

单一的处理技术对污染物去除具有局限性,多种方法结合可取得更好的去除效果,如表 1 所示,组合工艺对 ARGs 的去除率普遍高于单一工艺,多种

工艺联合处理可弥补单一技术的缺点与不足,但存在操作复杂、成本增加的问题。

单一的好氧或厌氧技术在应用中存在缺陷,因此畜禽废水 ARGs 的处理中常用好氧-厌氧相结合的技术。表 2 中厌氧-好氧堆肥整体效能优于单一技术,与单一的好氧技术相比,好氧-厌氧两相堆肥可以有效抑制部分 ARGs 的增殖,并能使整合子等 MGEs 丰度降低,有效减少致病菌及宿主微生物从而进一步抑制 ARGs 的迁移,减少环境风险^[8]。在猪场废水的处理过程中,“厌氧消化+氧化塘”工艺可使四环素抗性基因较传统养殖场废水降低了 30.13%,而“厌氧消化(UASB)+好氧生物(生物接触氧化)”法可使降幅达到 82.35%^[8]。

表 2 畜禽粪污中 ARGs 的消减技术

分类	方法	ARGs 种类	去除率 / logs	特点	参考文献
自然处理技术	垂直潜流人工湿地	<i>tetW</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> ;	1.12 ~ 1.37	经济、高效、易于维护和管理,具有广谱去污能力。但人工湿地土壤中 ARGs 会累积。	[6]
	水平潜流人工湿地	<i>tetA</i> , <i>tetC</i> , <i>tetE</i> , <i>tetG</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> , <i>tetT</i> , <i>tetX</i> ;	约 2 ~ 3	同上。	[7]
生物处理技术	嗜热厌氧沼气法	<i>tetC</i> , <i>tetM</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetX</i> , <i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>gyrA</i> , <i>intI1</i> , <i>intI2</i> ;	1.0 ~ 1.5	占地面积小、成本低、无二次污染,但消减效果不佳。	[7]
	好氧污泥法	<i>bla</i> _{TEM} , <i>sul1</i> , <i>tetX</i> , <i>ermB</i> , <i>intI1</i> ;	0.77 ~ 0.92	适用范围广操作简单但能耗高、成本高、产生大量污泥。	[8]
	膜生物反应器 (MBR)	<i>ermB</i> , <i>ermF</i> , <i>mefA</i> , <i>ereA</i> , <i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>tetM</i> , <i>tetG</i> , <i>tetX</i> ;	1.5 ~ 3.78	具有从滤液中分离微生物和基因的高能力,但去除效果受膜孔径影响,易造成膜污染。	[9,88]
	厌氧-好氧联合堆肥	<i>tetB</i> , <i>tetD</i> , <i>tetH</i> , <i>tetM</i> , <i>tetX</i> , <i>tetBP</i> , <i>bla</i> _{CTX} , <i>floR</i> , <i>pcoA</i> ;	0.74 ~ 2	有效去除 ARGs 和病原体,但消化时间长,消化前期 ARGs 可能有所增长。	[9]
物化处理技术	消毒法(氯、紫外、臭氧)	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>tetA</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> ;	0.54 ~ 0.80	成本低、易操作;通过破坏细胞膜或 DNA 来抑制 ARGs;但可能会诱导氧化应激,促进 HGT。	[1]
	混凝法	<i>tetO</i> , <i>tetW</i> , <i>tetQ</i> , <i>sul1</i> , <i>sul2</i> ;	0.5 ~ 3.1	处理效果好、药剂用量节约、占地面积少。但其处理速度慢、处理效果易受水质变化影响。	[1]
	石墨氮化碳吸附	<i>ampC</i> , <i>ermB</i> ;	3.2 ~ 4.2	操作简便、效率高、成本经济;吸附剂 g-C ₃ N ₄ 稳定性高、合成成本低、选择性高。	[2]
	改良的光芬顿法	<i>bla</i> _{TEM-1} , <i>tetA</i> ;	4 ~ 5.80	一种高效的高级氧化工艺(AOP),降解率高、效率高;容易产生二次污染,能耗高。	[3]
	磁性活性炭-超滤混合工艺	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>sul3</i> , <i>tetM</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> ;	1.96 ~ 4.33	通过多孔材料吸附去除 ARGs,减少膜污染,去除效率较好,但仅为物理转移,易重返环境。	[4]
	预混凝-微滤集成工艺	<i>intI45</i> , <i>tetA</i> , <i>sul1</i> , <i>sul2</i> ;	tARG(> 2.9) eARG(> 5.2)	高效、不受环境温度影响、无二次污染等,缓解了膜处理工艺中膜易污染的问题。	[5]

有研究表明^[2]采用预处理(絮凝沉降)、两级膜过滤(超滤和反渗透)组合工艺处理猪废水,结果

表明,预处理后 ARGs 去除率为 0.39 ~ 0.91 logs,而经超滤、反渗透膜后 ARGs 的去除率增加到 2.20 ~

3.08 logs。也有文献报道,与碱性或微波相结合的 Fenton 处理可以大大降低 ARG 丰度(2.15 ~ 3.56 logs),明显高于同等剂量的单独 Fenton 过程^[83]。复合型人工湿地可综合各种类型和技术强化了普通人工湿地基础类型的功能,其去除效率较普通人工湿地更高。将生物炭-间歇曝气技术应用于垂直潜流人工湿地,无曝气人工湿地 ARGs 的去除率在 0.16 ~ 0.77 logs,而曝气人工湿地去除率在 0.43 ~ 1.55 logs,添加生物炭-间歇曝气人工湿地与传统人工湿地对 ARGs 具有更好的消减能力^[84]。由 1 个调节池、4 个表层和潜流人工湿地和 1 个稳定单元组成的复合人工湿地使得农村生活污水中 ARGs 降低了 1 ~ 3 logs^[85]。利用碱、超声、微波、臭氧等物化手段预处理强化厌氧消化有利于 ARGs 丰度的消减^[86],可能是因为预处理对游离的 ARGs 和 MGEs 具有一定的破坏作用,还能够破坏细胞膜释放蛋白质和 DNA 便于后续处理工艺对 ARGs 的去除。

3 结论与展望

畜禽粪污中的 ARGs 可通过 HGT、VGT、吸附、迁移、光解、水解等多途径传播扩散,还会因自然迁移和人类活动进入其他环境介质,造成周边空气、土壤、水体等污染,导致 ARGs 治理更加复杂与困难,迫切需要畜禽粪污 ARGs 污染阻控技术的研发与创新。目前养殖环境中的 ARGs 主要采用人工湿地、高级氧化、消毒、堆肥、膜处理等物理、化学和生物方法,这些消减技术都有不同程度的去除效果,但也还存在诸多不足。目前,畜禽粪污中的 ARGs 污染范围广,对于 ARGs 的迁移传播还没有高效的阻断方法,而且污染阻控技术还面临着如何实现工艺的低成本、高效率的挑战。因此,今后科研可关注以下两点。

(1) 进一步研究畜禽粪污中 ARGs 的赋存特征以及 ARGs 向其他环境介质迁移的机制,采用荧光标记等方法实现 ARGs 环境过程的可视化,并研发有利于研究阻断 ARGs 转移的相关技术。

(2) 采用物理、化学、生物等多技术联用,开发更多高效经济的新技术,探究共存物质如重金属、有机污染物等对 ARGs 去除的影响及机理,实现畜禽粪污中多污染物联合处理,加强协同控制技术研究。

参考文献:

[1] 钱坤,陈永平,高丽娜,等. 减抗替抗背景下兽用抗

菌药的使用现状与对策 [J]. 国外畜牧学(猪与禽), 2023, 43(3): 88-90.

[2] 刘晓莹,何志霞,王春悦,等. 中国兽用抗菌药使用现状及“减抗”建议 [J]. 天津农林科技, 2022(4): 33-35.

[3] GAO F Z, ZOU H Y, WU D L, et al. Swine farming elevated the proliferation of Acinetobacter with the prevalence of antibiotic resistance genes in the groundwater [J]. Environment International, 2020, 136: 105484.

[4] BARRIOS R E, KHUNTIA A 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: 136505.

[5] PRUDEN A, PEI R, STORTEBOOM H, et al. Antibiotic Resistance Genes as Emerging Contaminants: Studies in Northern Colorado [J]. Environmental Science Technology, 2006, 40(23): 7445-7450.

[6] 农业农村部关于印发《“十四五”全国畜牧兽医行业发展规划》的通知 [EB/OL]. [2023-11-16]. http://www.moa.gov.cn/govpublic/xmsyj/202112/t20211220_6385081.htm.

[7] 李无双,潘淑君. 畜禽养殖有机废弃物的污染与治理现状 [J]. 农业环境与发展, 2012, 29(5): 15-17.

[8] 武淑霞. 我国农村畜禽养殖业氮磷排放变化特征及其对农业面源污染的影响 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2005.

[9] 王瑞,魏源送. 畜禽粪便中残留四环素类抗生素和重金属的污染特征及其控制 [J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(9): 1705-1719.

[10] 朱凤连,马友华,周静,等. 我国畜禽粪便污染和利用现状分析 [J]. 安徽农学通报, 2008(13): 48-50+12.

[11] 曹燕,胡双庆,沈根祥,等. 基于文献计量的畜禽养殖废弃物新污染物研究态势分析 [J]. 农业环境科学学报, 2021, 40(11): 2296-2304.

[12] 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, American Chemical Society, 2015, 49(11): 6772-6782.

[13] 朱永官,欧阳纬莹,吴楠,等. 抗生素耐药性的来源与控制对策 [J]. 中国科学院院刊, 2015, 30(4): 509-516.

[14] 梁雨,邱志刚,李辰宇,等. 冬季天津典型集约化畜禽养殖场粪便抗性基因物种归属关系研究 [J]. 环境

- 与健康杂志, 2020, 37(2): 130–133+91.
- [15] 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, 2013, 110(9): 3435–3440.
- [16] 张俊华, 陈睿华, 刘吉利, 等. 宁夏养牛场粪污和周边土壤中抗生素及抗生素抗性基因分布特征 [J]. 环境科学, 2021, 42(6): 2981–2991.
- [17] YANG F, WANG X, TIAN X, et al. Cow manure simultaneously reshaped antibiotic and metal resistome in the earthworm gut tract by metagenomic analysis [J]. Science of The Total Environment, 2023, 856: 159010.
- [18] YANG Y, XING S, CHEN Y, et al. Profiles of bacteria/phage-comediated ARGs in pig farm wastewater treatment plants in China: Association with mobile genetic elements, bacterial communities and environmental factors [J]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 404: 124149.
- [19] ZHANG Y, WANG L, XIONG Z, et al. Removal of antibiotic resistance genes from post-treated swine wastewater by mFe/nCu system [J]. Chemical Engineering Journal, 2020, 400: 125953.
- [20] HE Y, YUAN Q, MATHIEU J, et al. Antibiotic resistance genes from livestock waste: occurrence, dissemination, and treatment [J]. npj Clean Water, Nature Publishing Group, 2020, 3(1): 1–11.
- [21] DUAN M, GU J, WANG X, et al. Factors that affect the occurrence and distribution of antibiotic resistance genes in soils from livestock and poultry farms [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2019, 180: 114–122.
- [22] GU Y, SHEN S, HAN B, et al. Family livestock waste: An ignored pollutant resource of antibiotic resistance genes [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2020, 197: 110567.
- [23] LI C, JIANG C, WU Z, et al. Diversity of antibiotic resistance genes and encoding ribosomal protection proteins gene in livestock waste polluted environment [J]. Journal of Environmental Science and Health Part B Taylor Francis, 2018, 53(7): 423–433.
- [24] ZHANG X, GONG Z, ALLINSON G, et al. Environmental risks caused by livestock and poultry farms to the soils: Comparison of swine, chicken, and cattle farms [J]. Journal of Environmental Management, 2022, 317: 115320.
- [25] ZHAO L, DONG Y H, WANG H. Residues of veterinary antibiotics in manures from feedlot livestock in eight provinces of China [J]. Science of The Total Environment, 2010, 408(5): 1069–1075.
- [26] 李纤慧, 李建政, 张成成, 等. 畜禽粪便中抗生素抗性基因的分布特征及消减技术研究进展 [J]. 微生物学报, 2022, 62(12): 4740–4755.
- [27] 邹威, 金彩霞, 魏闪, 等. 华北地区不同规模畜禽养殖场粪便中抗生素抗性基因污染特征 [J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(11): 2640–2652.
- [28] 朱文博, 许继飞, 张秋萍, 等. 不同温度牛粪厌氧消化中四环素类抗性基因的丰度变化特征 [J]. 环境科学与技术, 2020, 43(2): 108–114.
- [29] 张媛, 宋璐, 王灿, 等. 不同畜禽养殖场中气载抗生素抗性基因的污染特征与季节性变化 [J]. 环境工程学报, 2023, 17(5): 1612–1619.
- [30] 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.
- [31] 蔡海元. 基因转移因子——一类在海洋中广泛存在的介导水平基因转移的新型生物因子 [J]. 微生物学报, 2012, 52(1): 12–21.
- [32] 李嘉敏, 张玲. 水平基因转移促进细菌耐药性传播机制的研究进展 [J]. 国际检验医学杂志, 2023, 44(13): 1630–1634.
- [33] 从光雷, 夏双双, 刘春雪, 等. 猪粪中抗生素抗性基因对土壤和种植作物的污染及其处理方法的研究进展 [J]. 广东饲料, 2023, 32(2): 23–27.
- [34] 王灿, 张媛, 宋璐, 等. 畜禽养殖场气载抗性基因污染特征与技术挑战 [J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(6): 1187–1194.
- [35] 董子琨. 鸡粪施用土壤中抗生素抗性基因在土壤-植物系统的迁移与阻控研究 [J]. 泰安: 山东农业大学, 2022.
- [36] ZHANG Y, GU A Z, CEN T, et al. Sub-inhibitory concentrations of heavy metals facilitate the horizontal transfer of plasmid-mediated antibiotic resistance genes in water environment [J]. Environmental Pollution, 2018, 237: 74–82.
- [37] 李曦, 廖汉鹏, 崔鹏, 等. 3种常用除草剂对细菌抗生素耐药性的影响 [J]. 环境科学, 2021, 42(5): 2550–2557.
- [38] ZHU S, YANG B, JIA Y, et al. Comprehensive analysis of disinfectants on the horizontal transfer of antibiotic resistance genes [J]. Journal of Hazardous Materials, 2023, 453: 131428.
- [39] SHI X, XIA Y, WEI W, et al. Accelerated spread of antibiotic resistance genes (ARGs) induced by non-antibiotic conditions: Roles and mechanisms [J]. Water Research, 2022, 224: 119060.

- [40] 袁居龙. 猪粪回田后土壤抗生素抗性基因变化及 Pb/SMX 对水培辣椒联合毒性研究 [D]. 南京: 南京大学, 2019.
- [41] WU S, WU Y, HUANG Q, et al. Insights into conjugative transfer of antibiotic resistance genes affected by soil minerals [J]. *European Journal of Soil Science*, 2021, 72(3): 1143–1153.
- [42] WINTERSDORFF C J H, PENDERS J, NIEKERK J M, et al. Dissemination of Antimicrobial Resistance in Microbial Ecosystems through Horizontal Gene Transfer [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016, 7: 173.
- [43] 冷庚, 但德忠. 畜禽废水处理技术及其应用进展 [J]. *四川环境*, 2009, 28(1): 68–72.
- [44] LI X, ZHANG M, LIU F, et al. Seasonality distribution of the abundance and activity of nitrification and denitrification microorganisms in sediments of surface flow constructed wetlands planted with *Myriophyllum elatinoides* during swine wastewater treatment [J]. *Bioresource Technology*, 2018, 248: 89–97.
- [45] DU L, ZHAO Y, WANG C, et al. Removal performance of antibiotics and antibiotic resistance genes in swine wastewater by integrated vertical-flow constructed wetlands with zeolite substrate [J]. *Science of The Total Environment*, 2020, 721: 137765.
- [46] 张子扬, 刘舒巍, 张璐. 人工湿地去除畜禽养殖废水中磺胺类抗生素抗性基因研究 [J]. *环境科学与管理*, 2016, 41(5): 89–92.
- [47] 赵伟, 范增增, 杨新萍. 水平潜流人工湿地对畜禽养殖废水中特征污染物的去除 [J]. *环境科学*, 2021, 42(12): 5865–5875.
- [48] HUANG X, LIU C, LI K, et al. Performance of vertical up-flow constructed wetlands on swine wastewater containing tetracyclines and tet genes [J]. *Water Research*, 2015, 70: 109–117.
- [49] CHEN Y, WEN Y, TANG Z, et al. Effects of plant biomass on bacterial community structure in constructed wetlands used for tertiary wastewater treatment [J]. *Ecological Engineering*, 2015, 84: 38–45.
- [50] LIU L, LIU Y, LIU C, et al. Potential effect and accumulation of veterinary antibiotics in *Phragmites australis* under hydroponic conditions [J]. *Ecological Engineering*, 2013, 53: 138–143.
- [51] LIU L, LIU Y, WANG Z, et al. Behavior of tetracycline and sulfamethazine with corresponding resistance genes from swine wastewater in pilot-scale constructed wetlands [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2014, 278: 304–310.
- [52] FANG H, ZHANG Q, NIE X, et al. Occurrence and elimination of antibiotic resistance genes in a long-term operation integrated surface flow constructed wetland [J]. *Chemosphere*, 2017, 173: 99–106.
- [53] ZOU Y, TU W, WANG H, et al. Anaerobic digestion reduces extracellular antibiotic resistance genes in waste activated sludge: The effects of temperature and degradation mechanisms [J]. *Environment International*, 2020, 143: 105980.
- [54] TIAN Z, CHI Y, YU B, et al. Thermophilic anaerobic digestion reduces ARGs in excess sludge even under high oxytetracycline concentrations [J]. *Chemosphere*, 2019, 222: 305–313.
- [55] WU X, TIAN Z, LV Z, et al. Effects of copper salts on performance, antibiotic resistance genes, and microbial community during thermophilic anaerobic digestion of swine manure [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 300: 122728.
- [56] 孙薇. 畜禽粪便厌氧发酵过程中抗生素抗性基因变化机理研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2017.
- [57] SUN W, QIAN X, GU J, et al. Mechanisms and effects of arsanilic acid on antibiotic resistance genes and microbial communities during pig manure digestion [J]. *Bioresource Technology*, 2017, 234: 217–223.
- [58] YUAN Q B, GUO M T, WEI W J, et al. Reductions of bacterial antibiotic resistance through five biological treatment processes treated municipal wastewater [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016, 23(19): 19495–19503.
- [59] 向银萍, 熊炜平, 张燕茹, 等. 厌氧消化对污泥中抗生素抗性基因削减的影响 [J]. *环境工程*, 2022, 40(10): 192–202+241.
- [60] 姜明吉, 薛昱, 陈红, 等. pH 值对污泥热水解/厌氧消化过程抗性基因的影响 [J]. *中国给水排水*, 2019, 35(13): 16–22.
- [61] 李萍, 卢铁东, 辛苑, 等. 底物类型对厌氧消化过程中胞内外抗生素抗性基因归趋的影响研究 [J]. *环境科学学报*, 2021, 41(6): 2079–2091.
- [62] 刘贞敏, 许彬, 黄亚丽, 等. 厌氧消化对抗生素抗性基因消减作用研究进展 [J]. *环境科学与技术*, 2022, 45(9): 204–211.
- [63] 马佳莹, 王盼亮, 汪冰寒, 等. 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 [J]. *环境科学*, 2021, 42(5): 2413–2421.
- [64] 向银萍. 纳米零价铁和纳米四氧化三铁强化污泥厌氧消化产气和抗性基因削减的研究 [D]. 长沙: 湖南大学, 2020.

- [65] 郑宁. 牛粪粪水厌氧消化联合超声—吸附削减四环素类抗性基因的研究 [D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2022.
- [66] 庞小可. 添加玉米芯对牛粪厌氧消化中抗生素抗性基因丰度的影响 [D]. 呼和浩特: 内蒙古大学, 2021.
- [67] JASSIM N, ANSARI M I, HARB M, et al. Removal of bacterial contaminants and antibiotic resistance genes by conventional wastewater treatment processes in Saudi Arabia: Is the treated wastewater safe to reuse for agricultural irrigation? [J]. Water Research, 2015, 73: 277–290.
- [68] DU J, GENG J, REN H, et al. Variation of antibiotic resistance genes in municipal wastewater treatment plant with A2O-MBR system [J]. Environmental Science and Pollution Research, 2015, 22(5): 3715–3726.
- [69] HUANG H, HUANG D, CHEN S, et al. Removing antibiotic resistance genes under heavy metal stress with carbon-based materials and clay minerals: By sorption alone? [J]. Chemical Engineering Journal, 2022, 446: 137121.
- [70] RIQUELME BREAZEL M V, NOVAK J T, VIKESLAND P J, et al. Effect of wastewater colloids on membrane removal of antibiotic resistance genes [J]. Water Research, 2013, 47(1): 130–140.
- [71] LI N, SHENG G P, LU Y Z, et al. Removal of antibiotic resistance genes from wastewater treatment plant effluent by coagulation [J]. Water Research, 2017, 111: 204–212.
- [72] CHU L, CHEN D, WANG J, et al. Degradation of antibiotics and inactivation of antibiotic resistance genes (ARGs) in Cephalosporin C fermentation residues using ionizing radiation, ozonation and thermal treatment [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 382: 121058.
- [73] ZHAO Q, LI M, ZHANG K, et al. Effect of ultrasound irradiation combined with ozone pretreatment on the anaerobic digestion for the biosludge exposed to trace-level levofloxacin: Degradation, microbial community and ARGs analysis [J]. Journal of Environmental Management, 2020, 262: 110356.
- [74] ZHOU C, WU J, DONG L, et al. Removal of antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes in wastewater effluent by UV-activated persulfate [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 388: 122070.
- [75] LIU X, HU J Y. Effect of DNA sizes and reactive oxygen species on degradation of sulphonamide resistance genes by combined UV/free chlorine processes [J]. Journal of Hazardous Materials, 2020, 392: 122283.
- [76] 戚徐健, 魏凡皓, 樊佳炜. 高级氧化技术处理抗生素及其抗性基因的研究进展 [J]. 工业水处理, 2022, 42(12): 55–64.
- [77] ZHANG Y, ZHUANG Y, GENG J, et al. Reduction of antibiotic resistance genes in municipal wastewater effluent by advanced oxidation processes [J]. Science of The Total Environment, 2016, 550: 184–191.
- [78] HUANG J J, HU H Y, TANG F, et al. Inactivation and reactivation of antibiotic-resistant bacteria by chlorination in secondary effluents of a municipal wastewater treatment plant [J]. Water Research, 2011, 45(9): 2775–2781.
- [79] ZHANG Y, ZHUANG Y, GENG J, et al. Inactivation of antibiotic resistance genes in municipal wastewater effluent by chlorination and sequential UV/chlorination disinfection [J]. Science of The Total Environment, 2015, 512–513: 125–132.
- [80] 李厚禹, 徐艳, 成卫民, 等. 好氧-厌氧两相堆肥过程中抗生素耐药基因的变化特征及影响因素研究 [J]. 环境科学研究, 2021, 34(2): 431–438.
- [81] 程战斗. 典型猪场污水处理过程四环素抗性基因演变及其在受纳环境的分布特征 [D]. 扬州: 扬州大学, 2022.
- [82] LIANG C, WEI D, ZHANG S, et al. Removal of antibiotic resistance genes from swine wastewater by membrane filtration treatment [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2021, 210: 111885.
- [83] WANG G, DENG D, HU C, et al. More effective removal of antibiotic resistance genes from excess sludge by microwave integrated fenton treatment [J]. International Biodeterioration & Biodegradation, 2020, 149: 104920.
- [84] 陈映润. 生物炭联合间歇曝气强化人工湿地处理实际生活污水的效能研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.
- [85] CHEN J, LIU Y S, SU H C, et al. Removal of antibiotics and antibiotic resistance genes in rural wastewater by an integrated constructed wetland [J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2015, 22(3): 1794–1803.
- [86] 郑加玉, 刘琳, 高大文, 等. 四环素抗性基因在人工湿地中的去除及累积 [J]. 环境科学, 2013, 34(8): 3102–3107.
- [87] 韩小蒙. 秋冬季节抗性基因在 AAO 反应器生物段的去除和水平转移过程 [J]. 净水技术, 2021, 40(S2): 84–88+93.
- [88] 葛程畅. 膜生物反应器对污水中抗生素抗性基因的去除及膜污染特征研究 [D]. 合肥: 合肥工业大学, 2021.
- [89] 段彤, 曾小芸, 谈树成. MBR 处理猪场废水过程中抗

- 生素抗性基因的去除 [J]. 环境工程, 2022, 40(4): 8 – 13 + 21.
- [90] MIN JANG H, CHOI S, SHIN J, et al. Additional reduction of antibiotic resistance genes and human bacterial pathogens via thermophilic aerobic digestion of anaerobically digested sludge [J]. Bioresource Technology, 2019, 273: 259 – 268.
- [91] ZHENG J, SU C, ZHOU J, et al. Effects and mechanisms of ultraviolet, chlorination, and ozone disinfection on antibiotic resistance genes in secondary effluents of municipal wastewater treatment plants [J]. Chemical Engineering Journal, 2017, 317: 309 – 316.
- [92] ZHAN H, WANG Y, MI X, et al. Effect of graphitic carbon nitride powders on adsorption removal of antibiotic resistance genes from water [J]. Chinese Chemical Letters, 2020, 31(10): 2843 – 2848.
- [93] AHMED Y, ZHONG J, YUAN Z, et al. Simultaneous removal of antibiotic resistant bacteria, antibiotic resistance genes, and micropollutants by a modified photo-Fenton process [J]. Water Research, 2021, 197: 117075.
- [94] TAN Y, WEN Q, LI M, et al. Simultaneous antibiotic resistance genes reduction and membrane fouling mitigation by a hybrid process of magnetic activated carbon adsorption and ultrafiltration for wastewater reuse [J]. Separation and Purification Technology, 2022, 303: 122227.
- [95] LI Z H, YUAN L, GAO S X, et al. Mitigated membrane fouling and enhanced removal of extracellular antibiotic resistance genes from wastewater effluent via an integrated pre-coagulation and microfiltration process [J]. Water Research, 2019, 159: 145 – 152.