

水环境中抗生素和抗性基因污染特征及控制措施

徐建, 胡鹏, 吕佳佩, 郭昌胜

中国环境科学研究院, 环境基准与风险评估国家重点实验室, 北京 100012

摘要 抗生素作为一类抗菌类药物被广泛用于医疗、农业和畜牧业等领域, 因其使用量大并能诱导产生耐药菌株, 对人类健康和生态环境造成巨大威胁。在梳理近年来地表水环境中抗生素相关研究的基础上, 阐述了水环境中抗生素和抗性基因的污染来源和污染特征, 分析了环境浓度水平下抗生素污染对人群和生态环境的影响, 讨论了水环境中抗生素污染的控制措施及目前研究的主要问题, 并对今后的研究进行了展望。

关键词 抗生素; 抗性基因; 污染特征; 控制措施

抗生素是微生物(包括细菌、真菌、放线菌属)和高等动植物在代谢过程中产生的一类次级代谢产物或人工化学合成的类似物。作为药物与个人护理品(pharmaceuticals and personal care products, PPCPs)中的一类, 抗生素是日常生活中用量大、与人接触最为频繁的化学品。其具有抗病原体等活性, 能在低微浓度下有选择地抑制或影响细胞和生物体机能^[1]。自1943年发明青霉素批量生产方法以来, 抗生素的种类已达上千种, 应用于临床的亦有几百种^[2-4]。目前, 常见抗生素主要分为四环素类、喹诺酮类、磺胺类、大环内酯类、 β -内酰胺类和氨基糖苷类等^[4,5]。抗生素除被广泛应用于人类感染性疾病的控制, 还作为药物及添加剂等应用于畜禽养殖和水产养殖中, 对促进动物生长、降低死亡率、改善繁殖性能等方面有较大贡献。近年来, 由于抗生素滥用造成的环境影响和可能的生态风险, 已受到国内外学者的广泛关注^[6-8]。

中国作为抗生素的“世界工厂”, 生产和使用的抗

生素量远高于其他国家。2013年中国抗生素的消费总量约为16万t, 是英国的150倍^[9]。其中, 人用抗生素占48%, 平均每天每千人抗生素使用量是英国的6倍多。在所有使用的抗生素中, 磺胺类、喹诺酮类、四环素类和大环内酯类所占比例较高, 占比超过总量的55%。

抗生素在中国使用量巨大, 而且缺乏规范的指导和监督, 因此, 抗生素滥用情况严重, 尤其是兽用与农用抗生素, 此外, 医院医疗过程中抗生素的使用量与频率也远高于发达国家。世界卫生组织(WHO)合理用药的标准要求医院抗生素平均使用率应低于30%, 中国卫生部《医院感染管理规范(试行)》中规定抗生素使用率应在50%以下, 但是中国门诊感冒患者中使用抗生素的人数比例为75%, 住院患者为80%, 外科手术更是高达95%, 可见中国抗生素滥用状况十分严重^[10]。

抗生素进入生物体后不会被完全吸收, 而是以母体或代谢产物的形式排出体外, 并随排泄物进入环境中。多数抗生素的半衰期较短, 能在自然条件下发生

收稿日期: 2018-03-08; 修回日期: 2018-07-31

基金项目: 国家自然科学基金项目(41673120, 41703122)

作者简介: 徐建, 研究员, 研究方向为水环境中污染物监测技术开发、污染物环境行为、控制和去除以及生态效应, 电子信箱: xujian@craes.org.cn; 胡鹏(共同第一作者), 硕士研究生, 研究方向为新型污染物环境行为, 电子信箱: hupky@126.com

引用格式: 徐建, 胡鹏, 吕佳佩, 等. 水环境中抗生素和抗性基因污染特征及控制措施[J]. 科技导报, 2018, 36(15): 13-23; doi: 10.3981/j.issn.1000-7857.2018.15.002

迁移转化,但由于其滥用严重而被持续排入环境中,对环境造成影响,并导致形成“假持久性”现象^[11-12]。抗生素在自然环境和生物体内的积累,潜在危害就是各种环境中微生物抗药性的提高,这将导致环境中以及人体内抗药细菌的大量繁殖,并且抗性基因会在生物体内以及环境中选择性进化,从而导致人或动物体内一些原本用常用的抗生素药物很容易治愈的细菌性感染发展为难以治愈的抗性细菌感染。抗生素在环境中的含量极低(通常在 ppt 或 ppb 级),远没有达到可以抑制细菌生长的最低浓度(minimum inhibitory concentration, MIC),因此细菌能在这样的环境里恢复并重新开始增长,进而产生抗性。

一定浓度的抗生素及其代谢产物在生物体和环境中还会诱导产生耐药菌^[13],它们对原来敏感的药物产生了抵抗性,即由敏感转为不敏感或耐受。耐药菌从持家基因开始演变进化,通过基因突变、基因转移等方式获得抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs),由此导致的抗性基因污染对生态环境和人类健康造成巨大威胁。

1 抗生素污染来源和途径

环境中抗生素的来源和人类活动密切相关。水环境中的抗生素主要来源和途径如图1所示。工业废水、医疗废水、生活污水和养殖废水是抗生素的主要传播介质,部分抗生素直接排入环境中,部分则是以母体或代谢物的形式进入污水处理厂(抗生素最主要的汇集源)和地表水中。现有的污水处理工艺对抗生素的去

除效果有限,大量抗生素通过出水进入地表水体,进而对地下水 and 饮用水造成污染。地表水中的抗生素还会进入鱼虾等水生生物体内,通过食物链富集、放大等作用对人类造成危害。生物体和环境中的抗生素还会诱导产生耐药菌株,造成抗性基因污染,抗性基因兼具“可复制传播”的生物特性和“环境持久性”的物理化学特性^[14],即使抗性细菌被杀灭或消亡,它释放到环境中的DNA与腐殖质等物质相结合时,将逃脱核酸酶的降解,造成抗生素抗性基因污染的恶性循环。

2 抗生素污染状况

近年来,国内外学者对抗生素及其代谢物在水环境中的研究,集中在市政污水处理厂、地表水、地下水以及饮用水源地等水体中。

2.1 污水处理厂中的抗生素

城市污水处理厂的主要目的是去除污水中的悬浮物、COD、氮和磷等物质,一般不具备高效去除抗生素的能力。污水处理厂中,抗生素浓度水平一般为 $\mu\text{g/L}$ 或 ng/L 级。Karthikeyan和Meyer^[14]调查了美国威斯康星州的7家污水处理厂污水中21种常见抗生素含量,其中有6种抗生素被检出,浓度在 ng/L 水平,最高浓度为 1300 ng/L 。Miao等^[15]调查了加拿大8家污水处理厂污水中磺胺类、喹诺酮类、四环素类和大环内酯类抗生素的浓度水平,研究结果表明即使经过紫外和氯化处理后,大多数样品中仍有多种抗生素的残留,检出浓度范围为 $18\sim 977\text{ ng/L}$ 。Lindberg等^[16]研究了瑞典5家污水处理厂的抗生素污染水平,检出频率最高为氧氟沙星、环丙沙星、诺氟沙星、强力霉素和磺胺甲基异恶唑;与Miao等^[15]的研究结果相一致,即使经过污水处理厂的一些工艺,抗生素的去除效果仍十分有限。很多研究表明,同一抗生素在不同国家或同一国家不同地区,甚至同一地区不同时间的污水中浓度也有较大的差异。Hirsch等^[17]对德国8个点位进行检测,只有1个点位检出磺胺二甲嘧啶,而Miao等^[15]发现磺胺二甲嘧啶在加拿大的检出频率较高,这可能是两个国家抗生素的使用类型不同导致的。

中国学者对污水处理厂中抗生素的污染状况也做了调查研究。Li等^[18]调查了中国23个城市45家污水处理厂污泥中的8种喹诺酮类、9种磺胺类和5种大环内酯类抗生素的污染特征。污泥中喹诺酮类为主要的抗

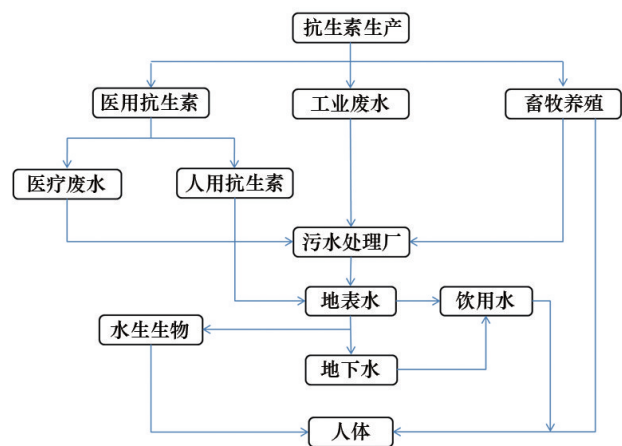


图1 水环境中抗生素的来源与归趋

Fig. 1 Sources and migration routes of antibiotics in water environment

生素,最高浓度为8905 ng/g(干重,以下均为干重),其次是大环内酯类85.1 ng/g和磺胺类22.7 ng/g。研究结果表明抗生素在中国城市污水中存在范围广,而且污染状况比较严重。不同污水处理厂污泥中的抗生素浓度差异显著,污水来源、污泥中有机物含量、污水处理厂工艺是影响污泥中抗生素含量的重要因素。徐维海等^[19]研究了广州和香港4家污水处理厂中8种常用抗生素的含量与分布,结果显示,抗生素的浓度水平与检出率均高于欧美;抗生素在污水处理厂中的去除效果有限,最高去除率为81%;大环内酯类药物在广州的人均消费量明显高于香港地区。甘秀梅等^[20]研究了10种典型抗生素在重庆市污水处理厂的含量水平、去除率等,结果表明抗生素在污水和污泥样品中广泛存在,污泥中浓度最高的为阿奇霉素466.76 ng/g,抗生素在进水和出水中的总质量负荷分别为1.94 mg/天·人和807.17 μg/天·人。

总体来说,抗生素在污水处理厂中的去除率较低,其出水中的抗生素浓度一般远高于天然水体中抗生素的浓度。部分抗生素,如四环素类和喹诺酮类,虽然在污水处理厂出水中的浓度远低于进水中的浓度,但并不是在处理工艺过程中被有效去除,而是吸附在污泥中。因此,对污泥处理不当会使其中的抗生素再次进入环境,从而威胁到环境和人类健康。

2.2 地表水中的抗生素

抗生素通过污水处理厂的出水最终进入到天然水体中,有些抗生素会吸附在沉积物中,有的则会残留在地表水中。

Kim和Carlson于2007年调查了美国Cache la Poudre河地表水中四环素、磺胺和大环内酯类等15种抗生素的浓度与分布情况,其中农业区域检出较高浓度的兽用抗生素,因为流量较小和较低的水温导致冬季抗生素浓度较高^[21]。Choi等^[22]于2008年对韩国首尔汉江地表水样品中11种药物和5种磺胺的含量进行检测,只检测出较高水平的磺胺甲基异恶唑(26.9 ng/L),根据风险商值法,得出各种药物的风险商值均小于1,说明其潜在的环境风险较低。Chang等^[23]检测了日本河流中16种磺胺和甲氧苄氨嘧啶的含量,检出其中10种抗生素,浓度范围为0.03~8.9 ng/L。

中国抗生素污染严重,地表水中抗生素污染的研究较多。Li等^[24]对白洋淀内的湖水、沉积物、水生动植物中的22种抗生素(8种喹诺酮类,9种磺胺类和5种大

环内酯类)进行了调查分析,结果表明,磺胺类在湖水中含量较高(0.86~1563 ng/L),喹诺酮类在沉积物和水生植物中含量较高(65.5~1166 μg/kg; 8.37~6532 μg/kg)。此外,在水生动物和鸟类中检出了喹诺酮和大环内酯的存在。人类活动是影响抗生素含量和分布的最主要因素,保定市的污水排放是白洋淀最主要的抗生素污染源,湖内的抗生素对藻类和水生植物可能存在环境风险。Luo等^[25]2011年调查了海河水体及沉积物中4类(四环素类、磺胺类、喹诺酮类和大环内酯类)12种抗生素污染特征,其中磺胺类检出率和浓度较高,分别为76%~100%和24~385 ng/L。Zhang等^[26]调查了莱州湾及其周边河流内4类抗生素的含量,发现入湾河流中和湾内抗生素种类相似,但是入湾河流中抗生素的浓度大于湾内抗生素的浓度,说明莱州湾内汇入河流可能是抗生素污染的重要来源。风险评价结果表明,依诺沙星、环丙沙星和磺胺甲恶唑对敏感的水生生物具有较高的生态风险。其他流域抗生素污染状况见表1。

2015年6月,中国科学院广州地球化学研究所应光国课题组经过数年研究,预测出全国58个流域的“抗生素环境浓度地图”,预测结果显示,京津冀及海河流域地区属于污染最严重地区。总体来说,东部地区的抗生素污染情况比西部严重,长三角、珠三角、京津冀地区相对更严重,其中海河流域污染最严重。从排放总量看,西江流域达到最高等级,与松花江、黄河、淮河、长江、洞庭湖等流域一样,每年排放量在2190~3560 t;东江流域的抗生素排放总量为237~378 t/a,在广东省的几个流域中最低,在全国58个流域中也属于排放量较少的;北江流域则为378~587 t/a,属排放量居中的等级。从排放密度看,与洞庭湖、淮河、长江等流域相比,珠江流域的抗生素排放总量低,但排放密度最高,达到70.3~109 kg/(km²·a)^[38]。

徐健课题组对国内水环境中抗生素污染状况做了大量工作,其中,Wei等^[39]针对常用的抗生素(磺胺类、四环素类、大环内酯类和氟喹诺酮类)建立了水体、沉积物和生物的分析方法,通过方法优化实现了对多种抗生素的同时分析检测,并应用于滇池水环境中17种抗生素残留情况的研究。滇池水体中检出13种抗生素,其中近郊区域水体中抗生素含量较高,以磺胺类、付喹诺酮类、大环内酯类为主,氧氟沙星含量达到713.6 ng/L;沉积物中共检出8种抗生素,氟喹诺酮类物质含量最高,磺胺类药物检出量最低。Xu等^[40]调查了

表1 中国地表水中抗生素的污染水平(浓度单位为 ng/L)

Table 1 Concentration of antibiotics in surface waters in China

流域	年份	喹诺酮类	大环内酯类	磺胺类	氯霉素类	β -内酰胺类	四环素类	甲氧苄氨嘧啶	参考文献
巢湖	2015	nd~70.2	—	nd~171.6	—	—	nd~7.5	—	[27]
珠江	2011	1.82~124	0.26~2260	0.88~1080	—	—	—	8.07~605	[28]
九龙江	2011	16.9~60.8	—	0.2~124.4	0.32~26.4	—	—	—	[29]
	2013	5.88~6.81	1.06~9.11	8.59~158.94	—	—	0.45~61.15	—	[30]
黄浦江	2010	3.1~26.2	53.8~84.8	12.2~103.4	—	16.5~181.6	13.0~56.9	—	[31]
	2011	—	—	1.14~57.39	3.36~54.31	0.06~9.93	5.61~118.89	2.23~62.39	[32]
东江	2012	—	nd~37.3	nd~475.8	—	—	—	nd~15.5	[33]
海河	2011	71~240	18~4200	24~385	—	—	18~50	20~220	[25]
辽河	2014	nd~632.52	nd~2834.36	nd~1483.90	—	—	nd~741.85	—	[34]
白洋淀	2012	6.28~212	nd~251	0.86~1562	—	—	—	—	[24]
北部湾	2012	—	1.10~50.9	nd~10.4	—	—	—	nd~3.77	[35]
莱州湾	2012	nd~572	nd~282	Nd~527	—	—	—	nd~13600	[26]
渤海湾	2011	nd~6800	nd~630	nd~140	—	—	—	nd~120	[36]
	2016	—	0.6~38.2	1.2~1454	—	—	nd~13.6	—	[37]

注:—表示未检测;nd表示未检出

太湖水环境中 15 种抗生素的污染特征,沉积物、上覆水、间隙水中抗生素含量分别为 4.1~731 $\mu\text{g}/\text{kg}$, 127~1210 ng/L , 1.5~216 ng/L 。太湖抗生素主要来自于人用和兽用源。Bai 等^[41]对辽河水体、沉积物和生物体内 10 种磺胺类、4 种喹诺酮类、3 种四环素类和 2 种大环内酯类共计 19 种抗生素进行调查,发现水体中大环内酯类物质含量最高,沉积物中四环素和大环内酯类物质含量高,生物体内喹诺酮检出率最高。恩诺沙星生物富集系数最高,达到 45407 L/kg ,而四环素类物质的水-沉积物相间分配系数为 1299~1499 L/kg ,容易吸附在沉积物表面。

3 抗性基因污染状况

抗生素在养殖、医疗等领域被广泛使用,并存在长期滥用现象,导致抗生素抗性细菌和抗性基因在环境中的传播与扩散,严重危害人类健康与环境安全。抗性基因作为一类新型的环境污染物^[42],近年来引起了研究者的极大关注,它广泛存在于污水处理厂、地表水、沉积物等水环境介质中,甚至地下水和饮用水中都有检出。

研究表明,污水处理厂中抗性基因的种类和含量较多,已经成为抗性基因的重要来源库。Zhang 等^[43]

2011 年对国内 11 个和国外 4 个污水处理厂污泥中 14 种四环素抗性基因的污染状况进行了调查,结果表明,15 个污水处理厂污泥中 6 种抗性基因(*tetA*、*tetC*、*tetG*、*tetM*、*tetS*、*tetX*)检出率为 100%;在检出的抗性基因中,*tetG* 的浓度最高,其次是 *tetC*、*tetA*、*tetS*,并且 *tetG* 的基因多样性最高。Ma 等^[44]对南京市某污水处理厂的水样进行了检测,发现了多种抗性基因,其中 *sul1* 检出率达到 100%。Chen 等^[45]对中国东部的城市与农村共 12 个污水处理厂进行了调查,发现了 *tetM*、*tetO*、*tetQ*、*tetW* 等 4 种四环素类基因和 *sul1*、*sul2* 等 2 种磺胺类基因,研究还发现,城市与农村地区污水处理厂中抗性基因含量差别较大,这可能与污水处理厂进水负荷有关。

污水处理厂的处理工艺能够去除部分抗性基因,导致大量抗性基因会随出水进入地表水中。Ling 等^[46]在北江河中检测出 2 种磺胺类抗性基因和 7 种四环素类抗性基因,其中磺胺类抗性基因检出率为 85%,*sul1* 与 *sul2* 含量分别为 1.41×10^{-2} 和 1.58×10^{-3} 拷贝数 $\cdot (16\text{SrDNA})^{-1}$;四环素类抗性基因中 *tetG* 检出率最高,达到 100%,含量最高的则是 *tetC*,其浓度为 $8.30 \times 10^{-2} \sim 13.20$ 拷贝数 $\cdot (16\text{SrDNA})^{-1}$ 。Jiang 等^[47]在黄浦江中检测到 2 种磺胺类抗性基因(*sul1*、*sul2*)、8 种四环素类抗性基因(*tetA*、*tetB*、*tetC*、*tetG*、*tetM*、*tetO*、*tetW*、*tetX*)和 1 种内酰胺类抗性基因(TEM),11 种抗性基因的含量范围在

$3.66 \times 10^1 \sim 1.62 \times 10^5$ 拷贝数 $\cdot \text{mL}^{-1}$ 之间。Luo 等^[48]对天津海河地表水和沉积物中 4 种磺胺抗性基因(*sul1*、*sul2*、*sul3*、*sulA*)和 7 种四环素抗性基因(*tetB*、*tetM*、*tetO*、*tetQ*、*tetS*、*tetT*、*tetW*)进行了调查,磺胺类抗性基因的检出率高达 100%,其中,*sul1* 和 *sul2* 是海河中主要的抗性基因,在所有样品中检出浓度均较高,其沉积物中的最高浓度分别为 $(7.8 \pm 1.0) \times 10^9$ 拷贝数/g 和 $(1.7 \pm 0.2) \times 10^{11}$ 拷贝数/g,沉积物中 *sul1* 和 *sul2* 的浓度是地表水中的 120–2000 倍,说明沉积物是海河中抗性基因的重要储库。Chen 等^[49]分别检测了珠江流域和珠江河口江水中的四环素类抗性基因含量,发现珠江流域检测到四环素类抗性基因的频率与种类都明显高于珠江河口地区,说明人类活动是造成水环境抗性基因污染的重要原因。

污水和地表水中的抗性基因经地表径流和渗透作用会进入到土壤和地下水中,在以地下水为饮用水源的地区,抗性基因可能进入到饮用水系统中。Koike 等^[50]分别对两个养猪场周围地下水中的抗性基因进行了检测,发现地下水含有 7 种四环素类抗性基因,而且养殖废水与地下水中抗性基因的序列较为一致。Xu 等^[51]在 2 个饮用水处理厂(位于钱塘江流域)中检测到多种抗性基因,包括氨基糖苷类、磺胺类和 β -内酰胺类等。Guo 等^[52]对国内 7 个自来水厂中四环素类和磺胺类抗性基因进行检测,发现其中两个污水处理厂中的抗性基因含量较高。目前关于抗性基因在地下水和饮用水中污染状况的研究较少,但由于地下水和饮用水水质对人体健康有直接影响,研究抗性基因在地下水和饮用水中的污染水平和分布特征格外重要。

抗生素诱导产生耐药菌和抗性基因,理论上环境中抗性基因的含量与抗生素浓度呈正相关。Peak 等^[53]对抗生素使用量不同的养牛场污水处理池中 6 种四环素抗性基因浓度进行了分析,发现抗生素使用量较大的养牛场污水池中抗性基因浓度明显高于其他污水池。而有些研究结果得到的结论相反。Ji 等^[54]对上海饲养场周边畜肥和土壤中抗生素浓度与抗性基因含量之间的关系进行了研究,结果表明,除了 *sul2* 含量和磺胺类抗生素有较好的相关性外,其他抗性基因含量和抗生素浓度之间都没有显著的相关关系。Xu 等^[55]研究抗生素抗性基因在北京城市污水处理厂及纳污河流中的浓度水平和分布情况,利用双变量相关分析方法分析了三种抗生素与抗性基因的关系,发现 *tetB* 和 *tetW* 含量与四环素类抗生素有显著地相关关系,但 *sul* 含量和

磺胺类抗生素并没有明显相关性,喹诺酮类抗性基因(*qnrC*)的含量与喹诺酮类抗生素甚至表现出明显负相关。

与抗生素研究相比,中国关于抗性基因污染的研究工作处于起步阶段,对于抗性基因在环境中的环境行为及生态风险研究还有待加强。

4 抗生素污染的环境效应

抗生素及其代谢产物在环境中的残留会导致环境污染,并对水生生物产生毒害作用,甚至对整个生态系统产生潜在危害。环境中抗生素的浓度通常较低,一般不会引起生物体的急性中毒,但是长期暴露于低浓度抗生素的环境中,可能会使生物表现出慢性中毒反应。抗生素的毒性效应主要表现在对微生物、水生动植物、土壤动物以及人体健康的影响。

由于抗生素本身的抗菌性,一定浓度的抗生素会对微生物产生毒性效应。Yamashita 等^[56]通过研究发现左氧氟沙星和克拉霉素 2 种抗生素对微藻类有显著的急性毒性,对细菌(费氏弧菌)则没有急性毒性效应,但是长期暴露实验表明会对细菌产生一定的危害。Jiang 等^[57]利用磺胺类、四环素类以及喹诺酮类抗生素进行发光菌检测实验得到急性半效应浓度 EC_{50} 的范围为 36.39–938.42 mg/L。水生动植物暴露于抗生素环境中也会产生一定的毒性效应。Wollenberger 等^[58]研究了 9 种抗生素对淡水水蚤的急性毒性效应,结果显示恶唑酸的 48 h EC_{50} 最低为 4.6 mg/L,而土霉素的 48 h 急性半效应浓度最高约为 1000 mg/L。Kim 等^[59]研究了四环素、磺胺甲噁唑和洁霉素对月牙藻、费氏弧菌和大型溞的急性毒性效应,其中月牙藻的急性毒性值最低,对抗生素最敏感。此外,有学者研究了抗生素对土壤动物的影响。Bager 等^[60]研究发现土霉素对蚯蚓产生毒性效应的最低浓度为 3000 mg/kg,多数实验中抗生素浓度达到 5000 mg/kg 也不能引起对土壤动物的毒性效应。部分抗生素会对人体各项生理功能造成严重干扰。如青霉素等 β -内酰胺类抗生素可以引起人体的过敏反应,庆大霉素对人体肾脏的毒性较大,喹诺酮类会使人体对光线更加敏感,而四环素类会对儿童牙齿的发育造成严重影响^[6]。

环境中的抗生素会与其它污染物形成复合污染。兽用抗生素和微量重金属(铜、锌、砷)作为饲料添加剂

广泛用于畜禽养殖,很多研究都关注抗生素和重金属的复合污染。Zhu等^[61]研究发现,抗性基因的丰度与环境中抗生素和砷、铜等重金属浓度显著正相关,表明砷、铜等重金属和抗生素的复合污染会增加环境中抗性基因的丰度。阮存鑫^[62]研究表明,铜能抑制蔗糖酶活性,四环素和铜均能显著抑制脲酶活性,二者共存时对蔗糖酶和脲酶的抑制作用要高于四环素或铜单一处理的效果。

5 抗生素及抗性基因的污染控制

抗生素的滥用问题导致大量的抗生素进入环境中,抗生素污染造成各种环境效应,对人和生态环境产生潜在的威胁。缓解和控制抗生素污染问题,最重要的是控制抗生素的源排放。水环境中的抗生素污染主要来源于医用抗生素、畜牧养殖、工厂排放以及污水处理厂排放,因此应从医用过程、畜牧养殖过程以及污水处理技术等3个方面做好抗生素污染控制。

5.1 医用过程

各级政府和有关药监部门应加大对抗生素生产与销售的监管力度,构建完备的用药体系和监督体制;其次,应强化对医务人员的指导与培训,要求医务人员尽量少用或不用抗生素类药物治疗其他非抗生素药物也能治疗的疾病;再次,加大宣传力度,让公众了解到滥用抗生素类药物的危害、抗生素污染的严重性以及控制抗生素类药物的重要性。

5.2 畜牧养殖

中国是畜牧养殖和抗生素使用大国,做好畜牧养殖过程中抗生素的控制措施是削减水环境中抗生素、耐药菌及其抗性基因污染的重要途径之一。在兽用抗生素使用方面,应提高兽医人员的业务水平,保证在动物疾病诊断、治疗、免疫接种等方面用药的安全性、有效性。考虑到抗生素污染的复合效应,对于畜禽粪便中的抗生素和抗性基因,首先应考虑去除抗生素和重金属,使其基因表达处于“休眠期”,这也是目前控制抗生素抗性基因转移和扩散的有效措施。

厌氧消化技术是畜禽粪便资源化、减量化、无害化的生物处理技术之一,它在降解畜禽粪便中抗生素等有机物的同时可产生甲烷。然而国外很多学者通过研究发现,在厌氧消化处理过程中,抗生素对产甲烷细菌有明显抑制作用^[63-65],导致产甲烷效率较低,资源化目

标难以完成。很多研究表明,抗生素及抗性基因在好氧条件下降解速率明显高于厌氧^[66,67]。堆肥化是利用微生物在一定条件下将复杂有机物分解为腐殖质,并在高温下杀死病原微生物、寄生虫及其虫卵等,使之达到无害化、资源化和稳定化的技术^[68],目前的研究表明,堆肥法对畜禽粪便中抗生素的去除有较高的适应性^[69-71]。对不同的畜禽粪便,其去除效果也不尽相同。Bao等^[72]、Arikan等^[73]研究证明,堆肥法对鸡粪和牛粪中抗生素的去除率大于90%,而对于猪粪中抗生素的去除率则不高,仅为27%左右。在对畜禽粪便堆肥过程中,抗生素抗性基因的去除率受pH、含水率、温度等影响,保持较高含水率和温度,对于提高畜禽粪便中抗生素的去除率有明显作用,在55℃条件下牛粪中金霉素的去除率甚至高达99%^[74]。

5.3 污水处理厂

污水处理厂排放是环境中抗生素与抗性基因污染的主要来源,污水处理厂是污染物进入环境中一道重要防线,控制和削减污水处理厂的抗生素能有效降低排入环境中的量,减轻对水环境造成的污染。

5.3.1 污水处理工艺

活性污泥法、生物膜法、高级氧化方法等是目前污水处理厂处理有机污染物的主要途径。活性污泥法对抗生素和抗性基因的去除包括污泥吸附和微生物降解。活性污泥是微生物群落和其依附的有机物和无机物的结合体,呈多孔絮状,具有较大的比表面积。Li等^[75]研究发现活性污泥处理工艺中抗生素主要靠活性污泥的吸附作用去除,其中四环素类去除率最高,达到92.3%~98.0%。抗生素对微生物有毒性,可能会对活性污泥法效果产生一定影响,但耐药性菌株的产生及驯化反而会提高活性污泥对抗生素及抗性基因的去除效率。研究表明,活性污泥法对不同抗生素去除率差别较大(0~100%),可能与产生的不同耐药菌株有关^[76,77]。

高级氧化技术属于污水深度处理技术,利用活性极强的自由基(如HO·)对污水中生物处理工艺难以去除的污染物进行氧化分解,提高出水水质。Öncü等^[78]发现,用臭氧氧化处理质粒有明显的效果,其可破坏DNA双螺旋结构,当臭氧剂量达到0.9 mg/L时,DNA双螺旋结构完全消失。Cengiz等^[79]应用高级氧化技术去除养牛厂废水中的四环素类抗性基因*tetM*时发现效果很好,且抗性基因去除率与氧化剂剂量呈显著的正相关。Munir等^[80]比较了活性污泥法与氯消毒、氧化沟与

紫外消毒、旋转生物接触氧化与氯消毒、膜生物反应器与紫外消毒以及活性污泥与紫外消毒 5 种污水处理厂的组合工艺对抗性基因的去除效果,发现膜生物反应器与紫外消毒组合工艺对抗性基因的去除效果最好,原因可能在于与传统活性污泥法相比,膜生物反应器污泥负荷较低且剩余污泥量较少,去除抗性基因的效率较高。也有学者通过混凝技术和活性炭技术来提高抗生素和抗性基因的去除率。庄耀等^[81]发现聚合氯化铝(PACl)和聚合硫酸铁(PFS)混凝处理城市生活污水时,混凝剂投加量和 pH 值对抗性基因去除效果有显著影响,且 PACl 的处理效果优于 PFS。王健行等^[82]通过活性炭技术提高抗生素去除率,发现 KC16 颗粒活性炭对抗生素废水的吸附效果最好,且当 KC16 活性炭投加量为 30 g/L,吸附时间为 6 h 时,吸附效果达到稳定。此外,人工湿地对抗生素也有一定的去除效果^[83],但目前关于人工湿地对抗生素抗性基因处理的研究还较少。Chen 等^[45]调查发现,应用人工湿地能有效改善污水处理厂对抗性基因的去除效果,在生物曝气滤池、紫外消毒及人工湿地 3 种技术中,人工湿地对抗生素抗性基因的去除效果最好^[84]。

5.3.2 污泥处置工艺

与污水相比,目前污泥中抗生素残留浓度水平和去除工艺的研究较少。然而污水处理厂绝大多数的抗性细菌及抗生素抗性基因都残留在污泥中^[85]。污泥中积累的抗生素可能会随污泥回用进入环境中,并诱导产生抗性基因。

不同污泥处理工艺对抗生素抗性基因的去除效果有所不同,同常规的污泥脱水和污泥重力浓缩工艺相比,污泥厌氧消化和石灰稳定化工艺可显著去除污泥中的四环素抗性基因 *tet(O)* 和磺胺抗性基因 *sul1*^[86]。Ma 等^[87]发现,污泥中温厌氧消化可显著降低磺胺抗性基因 *sul1*, *sul2*, 四环素抗性基因 *tet(C)*, *tet(G)* 和 *tet(X)*, 且污泥龄越长,它们的去除效果越好。但红霉素抗性基因 *erm(B)*, *erm(F)* 和四环素抗性基因 *tet(W)* 的浓度却在中温厌氧消化后有所升高。污泥高温厌氧消化可降低大部分抗性基因浓度,但高温厌氧消化污泥的生物多样性小于中温厌氧消化污泥,限制宿主范围可能是污泥高温厌氧消化过程中抗性基因减少的重要机制^[86]。污泥处置方法不当,不仅抗生素抗性基因去除效果不好,而且容易造成抗性基因的水平转移,因此,需要进一步加强污水处理厂污泥中抗性基因的去除及其影响机制研究。

6 结论

与中国地表水环境中其他有机污染物相比,抗生素、耐药菌及抗性基因的污染总体检出率和浓度水平均较高。中国是抗生素生产和使用大国,但相关研究工作起步较晚。目前国内抗生素污染研究正处于快速发展阶段,还需要在抗生素环境行为和毒性效应方面继续深入,尤其是环境浓度水平下长期慢性毒性效应研究。此外,应注重抗生素、抗性基因污染的防控技术研究,提高不同抗生素抗性基因储存库的去除率,将抗生素和抗性基因污染的环境风险尽可能降到最低。

参考文献 (References)

- [1] Kemper N. Veterinary antibiotics in the aquatic and terrestrial environment[J]. *Ecological Indicators*, 2008, 8(1): 1-13.
- [2] Halling-Sørensen B, Nors Nielsen S, Lanzky P F, et al. Occurrence, fate and effects of pharmaceutical substances in the environment—A review[J]. *Chemosphere*, 1998, 36(2):357.
- [3] Martinez J L. Environmental pollution by antibiotics and by antibiotic resistance determinants[J]. *Environmental Pollution*, 2009, 157(11): 2893-2902.
- [4] 符明淳, 席会平, 刘彦钊. 乳、肉制品中抗生素残留现状及监控对策[J]. *中国动物检疫*, 2008, 25(6): 20-22.
Fu Mingchun, Xi Huiping, Liu Yanzhao. Present status and the monitoring measures of antibiotics residues in dairy and meat products[J]. *China Animal Health Inspection*, 2008, 25(6): 20-22.
- [5] 章强, 辛琦, 朱静敏, 等. 中国主要水域抗生素污染现状及其生态环境效应研究进展[J]. *环境化学*, 2014, 33(7): 1075-1083.
Zhang Qiang, Xin Qi, Zhu Jingmin, et al. The antibiotic contaminations in the mian water bodies in China and the associated environmental and human health impacts[J]. *Environmental Chemistry*, 2014, 33(7): 1075-1083.
- [6] Kümmerer K. Antibiotics in the aquatic environment—A review—Part I[J]. *Chemosphere*, 2009, 75(4): 417-434.
- [7] Sapkota A, Sapkota A R, Kucharski M, et al. Aquaculture practices and potential human health risks: Current knowledge and future priorities[J]. *Environment International*, 2008, 34(8): 1215-1226.
- [8] Yang J F, Ying G G, Zhao J L, et al. Spatial and seasonal distribution of selected antibiotics in surface waters of the Pearl Rivers, China[J]. *Journal of Environmental Science & Health Part B Pesticides Food Contaminants & Agricultural Wastes*, 2011, 46(3): 272-280.

- [9] 张芊芊. 中国流域典型新型有机污染物排放量估算、多介质趋趋模拟及生风险评估[D]. 广州:中国科学院广州地球化学研究所, 2015.
Zhang Qianqian. Emission estimation, multimedia fate modeling and risk assessment of typical emerging pollutants at river basin scale in China[D]. Guanzhou: Guangzhou Institute of Geochemistry, Chinese Academy of Sciences, 2015.
- [10] 郑英丽, 周子君. 抗生素滥用的根源、危害及合理使用的策略[J]. 医院管理论坛, 2007, 24(1): 23-27.
Zheng Yingli, Zhou Zijun. Harm, Cause and rational use of abusing antibiotics[J]. Hospital Management Forum, 2007, 24(1): 23-27.
- [11] Hernando M, Mezcuca M, Fernandezalba A, et al. Environmental risk assessment of pharmaceutical residues in wastewater effluents, surface waters and sediments[J]. Talanta, 2006, 69(2): 334-342.
- [12] Gulkowska A, Leung H W, So M K, et al. Removal of antibiotics from wastewater by sewage treatment facilities in Hong Kong and Shenzhen, China[J]. Water Research, 2008, 42(1/2): 395-403.
- [13] Baquero F, Martínez J L, Cantón R. Antibiotics and antibiotic resistance in water environments[J]. Current Opinion in Biotechnology, 2008, 19(3): 260-265.
- [14] Karthikeyan K G, Meyer M T. Occurrence of antibiotics in wastewater treatment facilities in Wisconsin, USA[J]. Science of the Total Environment, 2006, 361(1-3): 196-207.
- [15] Miao X S, Bishay F, Chen M, et al. Occurrence of antimicrobials in the final effluents of wastewater treatment plants in Canada[J]. Environmental Science & Technology, 2004, 38(13): 3533-3541.
- [16] Lindberg R H, Patrik W, Johansson M I, et al. Screening of human antibiotic substances and determination of weekly mass flows in five sewage treatment plants in Sweden[J]. Environmental Science & Technology, 2005, 39(10): 3421-3429.
- [17] Hirsch R, Ternes T, Haberer K, et al. Occurrence of antibiotics in the aquatic environment[J]. Science of the Total Environment, 1999, 225(1-2): 109-118.
- [18] Li W, Shi Y, Gao L, et al. Occurrence and removal of antibiotics in a municipal wastewater reclamation plant in Beijing, China[J]. Chemosphere, 2013, 92(4): 435-444.
- [19] 徐维海, 张干, 邹世春, 等. 典型抗生素类药物在城市污水处理厂中的含量水平及其行为特征[J]. 环境科学, 2007, 28(8): 1779-1783.
Xu Weihai, Zhang Gan, Zhou Shichun, et al. Occurrence, distribution and fate of antibiotics in sewage treatment plants[J]. Environmental Science, 2007, 28(8): 1779-1783.
- [20] 甘秀梅, 严清, 高旭, 等. 典型抗生素在中国西南地区某污水处理厂中的行为和趋趋[J]. 环境科学, 2014, 35(5): 1817-1823.
Gan Xiumei, Yan Qing, Gao Xu, et al. Occurrence and fate of typical antibiotics in a wastewater treatment plant in south-west China[J]. Environmental Science, 2014, 35(5): 1817-1823.
- [21] Kim S C, Carlson K. LC-MS2 for quantifying trace amounts of pharmaceutical compounds in soil and sediment matrices [J]. Trac Trends in Analytical Chemistry, 2005, 24(7): 635-644.
- [22] Choi K, Kim Y, Park J, et al. Seasonal variations of several pharmaceutical residues in surface water and sewage treatment plants of Han River, Korea[J]. Science of the Total Environment, 2008, 405(1): 120-128.
- [23] Chang H, Hu J, Asami M, et al. Simultaneous analysis of 16 sulfonamide and trimethoprim antibiotics in environmental waters by liquid chromatography-electrospray tandem mass spectrometry[J]. Journal of Chromatography A, 2008, 1190(1): 390-393.
- [24] Li W, Shi Y, Gao L, et al. Occurrence of antibiotics in water, sediments, aquatic plants, and animals from Baiyangdian Lake in North China[J]. Chemosphere, 2012, 89(11): 1307-1315.
- [25] Luo Y, Xu L, Rysz M, et al. Occurrence and transport of tetracycline, sulfonamide, quinolone, and macrolide antibiotics in the Haihe River Basin, China[J]. Environmental Science & Technology, 2011, 45(5): 1827-1833.
- [26] Zhang R, Zhang G, Zheng Q, et al. Occurrence and risks of antibiotics in the Laizhou Bay, China: Impacts of river discharge[J]. Ecotoxicology & Environmental Safety, 2012, 80(2): 208-215.
- [27] Tang J, Shi T, Wu X, et al. The occurrence and distribution of antibiotics in Lake Chaohu, China: Seasonal variation, potential source and risk assessment[J]. Chemosphere, 2015, 122:154-161.
- [28] Yang J F, Ying G G, Zhao J L, et al. Spatial and seasonal distribution of selected antibiotics in surface waters of the Pearl Rivers, China[J]. Journal of Environmental Science & Health Part B Pesticides Food Contaminants & Agricultural Wastes, 2011, 46(3): 272-280.
- [29] Zheng S, Qiu X, Chen B, et al. Antibiotics pollution in Jiulong River estuary: Source, distribution and bacterial resistance[J]. Chemosphere, 2011, 84(11): 1677-1685.
- [30] Jiang H, Zhang D, Xiao S, et al. Occurrence and sources of antibiotics and their metabolites in river water, WWTPs, and swine wastewater in Jiulongjiang River basin, south China[J]. Environmental Science & Pollution Research, 2013, 20(12): 9075-9083.
- [31] 陆克祥, 隋铭皓, 高乃云. 固相萃取-超高压液相色谱-串联

- 质谱测定水中 19 种抗生素[J]. 分析测试学报, 2010, 29(12): 1209–1214.
- Lu Kexiang, Sui Minghao, Gao Naiyun. Simultaneous determination of 19 antibiotics in environmental water samples using solid phase extraction–ultra pressure liquid chromatography coupled with tandem mass spectrometry[J]. *Journal of Instrumental Analysis*, 2010, 29(12): 1209–1214.
- [32] Jiang L, Hu X, Yin D, et al. Occurrence, distribution and seasonal variation of antibiotics in the Huangpu River, Shanghai, China[J]. *Chemosphere*, 2011, 82(6): 822–828.
- [33] Ruijie Zhang, Gan Zhang, Jianhui Tang, et al. Levels, spatial distribution and sources of selected antibiotics in the East River (Dongjiang), South China[J]. *Aquatic Ecosystem Health & Management*, 2012, 15(15): 210–218.
- [34] Bai Y, Meng W, Xu J, et al. Occurrence, distribution and bioaccumulation of antibiotics in the Liao River Basin in China [J]. *Environmental Science Processes & Impacts*, 2014, 16(3): 586–593.
- [35] Zheng Q, Zhang R, Wang Y, et al. Occurrence and distribution of antibiotics in the Beibu Gulf, China: Impacts of river discharge and aquaculture activities[J]. *Marine Environmental Research*, 2012, 78(8): 26–33.
- [36] Zou S, Xu W, Zhang R, et al. Occurrence and distribution of antibiotics in coastal water of the Bohai Bay, China: Impacts of river discharge and aquaculture activities[J]. *Environmental pollution*, 2011, 159(8): 2913–2920.
- [37] Niu Z G, Kai Z, Ying Z. Occurrence and distribution of antibiotic resistance genes in the coastal area of the Bohai Bay, China[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2016, 107(1): 245–250.
- [38] 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.
- [39] Wei Y, Zhang Y, Xu J, et al. Simultaneous quantification of several classes of antibiotics in water, sediments, and fish muscles by liquid chromatography–tandem mass spectrometry [J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2014, 8(3): 357–371.
- [40] Xu J, Zhang Y, Zhou C, et al. Distribution, sources and composition of antibiotics in sediment, overlying water and pore water from Taihu Lake, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, 497–498(3): 267.
- [41] Bai Y, Meng W, Xu J, et al. Occurrence, distribution and bioaccumulation of antibiotics in the Liao River Basin in China [J]. *Environmental Science Processes & Impacts*, 2014, 16(3): 586.
- [42] 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.
- [43] Zhang X X, Zhang T. Occurrence, abundance, and diversity of tetracycline resistance genes in 15 sewage treatment plants across China and other global locations[J]. *Environmental science & technology*, 2011, 45(7): 2598–2604.
- [44] Ma L P, Zhang X X, Zhao F Z, et al. Sewage treatment plant serves as a hot-spot reservoir of integrons and gene cassettes [J]. *Journal of Environmental Biology*, 2013, 34: 391–399.
- [45] Chen H, Zhang M. Occurrence and removal of antibiotic resistance genes in municipal wastewater and rural domestic sewage treatment systems in eastern China[J]. *Environment International*, 2013, 55 (4): 9–14.
- [46] Ling Z H, Yang Y, Huang Y L, et al. A preliminary investigation on the occurrence and distribution of antibiotic resistance genes in the Beijiang River, south China[J]. *Journal of Environmental Sciences (China)*, 2013, 25: 1656–1661.
- [47] Jiang L, Hu X, Xu T, et al. Prevalence of antibiotic resistance genes and their relationship with antibiotics in the Huangpu River and the drinking water sources, Shanghai, China[J]. *Science of the Total Environment*, 2013, 458–460(3): 267–272.
- [48] Yi L, Mao D Q, Rysz M, et al. Trends in antibiotic resistance genes occurrence in the Haihe River, China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, 44(19): 7220–7225.
- [49] Chen B, Liang X, Huang X, et al. Differentiating anthropogenic impacts on ARGs in the Pearl River Estuary by using suitable gene indicators[J]. *Water Research*, 2013, 47(8): 2811–2820.
- [50] Koike S, Krapac I G, Oliver H D, et al. Monitoring and source tracking of tetracycline resistance genes in lagoons and groundwater adjacent to swine production facilities over a 3-year period[J]. *Applied & Environmental Microbiology*, 2007, 73(15): 4813–4823.
- [51] Xu L, Ouyang W, Qian Y, et al. High-throughput profiling of antibiotic resistance genes in drinking water treatment plants and distribution systems[J]. *Environmental Pollution*, 2016, 213:119–126.
- [52] Guo X, Li J, Yang F, et al. Prevalence of sulfonamide and tetracycline resistance genes in drinking water treatment plants in the Yangtze River Delta, China.[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, 493: 626–631.
- [53] Peak N, Knapp C W, Yang R K, et al. Abundance of six tetracycline resistance genes in wastewater lagoons at cattle feedlots with different antibiotic use strategies[J]. *Environmental Microbiology*, 2007, 9(1): 143–151.
- [54] Ji X, Shen Q, Liu F, et al. Antibiotic resistance gene abundances associated with antibiotics and heavy metals in animal

- manures and agricultural soils adjacent to feedlots in Shanghai; China[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2012, s235-236 (20): 178-185.
- [55] Xu J, Xu Y, Wang H, et al. Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes in a sewage treatment plant and its effluent-receiving river[J]. *Chemosphere*, 2015, 119: 1379-1385.
- [56] Yamashita N, Yasojima M, Nakada N, et al. Effects of antibacterial agents, levofloxacin and clarithromycin, on aquatic organisms[J]. *Water Science & Technology*, 2006, 53(11):65-72.
- [57] Jiang L, Lin Z, Hu X, et al. Toxicity prediction of antibiotics on luminescent bacteria, photobacterium phosphoreum, based on their quantitative structure-activity relationship models[J]. *Bulletin of Environmental Contamination & Toxicology*, 2010, 85(6): 550-555.
- [58] Wollenberger L, Halling-Sørensen B, Kusk K O. Acute and chronic toxicity of veterinary antibiotics to *Daphnia magna*[J]. *Chemosphere*, 2000, 40(7): 723-730.
- [59] Kim H Y, Lee M J, Yu S H, et al. The individual and population effects of tetracycline on *Daphnia magna* in multigenerational exposure[J]. *Ecotoxicology*, 2012, 21(4): 993-1002.
- [60] Bager A J, Jensen J, Krogh P H. Effects of the antibiotics oxytetracycline and tylosin on soil fauna[J]. *Chemosphere*, 2000, 40(7): 751-757.
- [61] 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.
- [62] 阮存鑫. 四环素与铜复合污染对土壤硝化作用及植物生长的影响[D]. 南京: 南京林业大学, 2010.
Ruan Cunxin. Effect of combined pollution of tetracycline and copper on soil nitrification and plant grow[D]. Nanjing: Nanjing Forestry University, 2010.
- [63] Gartiser S, Urich E, Alexy R, et al. Anaerobic inhibition and biodegradation of antibiotics in ISO test schemes[J]. *Chemosphere*, 2007, 66(10): 1839-1848.
- [64] Álvarez J A, Otero L, Lema J M, et al. The effect and fate of antibiotics during the anaerobic digestion of pig manure[J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(22): 8581-8586.
- [65] Akyol C, Ince O, Cetecioglu Z, et al. The fate of oxytetracycline in two-phase and single-phase anaerobic cattle manure digesters and its effects on microbial communities[J]. *Journal of Chemical Technology & Biotechnology*, 2016, 91(3): 806-814.
- [66] Wu X, Wei Y, Zheng J, et al. The behavior of tetracyclines and their degradation products during swine manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(10): 5924-5931.
- [67] Varel V H, Wells J E, Shelver W L, et al. Effect of anaerobic digestion temperature on odour, coliforms and chlortetracycline in swine manure or monensin in cattle manure[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2012, 112(4): 705-715.
- [68] 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(9): 1705-1719.
Wang Rui, Wei Yuansong. Pollution and control of tetracyclines and heavy metals residues in animal manure[J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2013(9): 1705-1719.
- [69] Bao Y, Zhou Q, Guan L, et al. Depletion of chlortetracycline during composting of aged and spiked manures[J]. *Waste Management*, 2009, 29(4): 1416-1423.
- [70] Ramaswamy J, Prasher S O, Patel R M, et al. The effect of composting on the degradation of a veterinary pharmaceutical [J]. *Bioresource Technology*, 2010, 101(101): 2294-2299.
- [71] Wu X, Wei Y, Zheng J, et al. The behavior of tetracyclines and their degradation products during swine manure composting[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(10): 5924-5931.
- [72] Bao Y, Zhou Q, Guan L, et al. Depletion of chlortetracycline during composting of aged and spiked manures[J]. *Waste Management*, 2009, 29(4): 1416-1423.
- [73] Arikan O A, Sikora L J, Mulbry W, et al. Composting rapidly reduces levels of extractable oxytetracycline in manure from therapeutically treated beef calves[J]. *Bioresource Technology*, 2007, 98(1): 169-176.
- [74] Wang Q, Yates S R. Laboratory study of oxytetracycline degradation kinetics in animal manure and soil[J]. *Journal of Agricultural & Food Chemistry*, 2008, 56(5): 1683-1688.
- [75] Li B, Zhang T. Biodegradation and adsorption of antibiotics in the activated sludge process[J]. *Environmental Science & Technology*, 2010, 44(9): 3468-3473.
- [76] Rosal R, Rodríguez A, Perdigón-Melón J A, et al. Occurrence of emerging pollutants in urban wastewater and their removal through biological treatment followed by ozonation[J]. *Water Research*, 2010, 44(2): 578-588.
- [77] Watkinson A J, Murby E J, Costanzo S D. Removal of antibiotics in conventional and advanced wastewater treatment: Implications for environmental discharge and wastewater recycling[J]. *Water Research*, 2007, 41(41): 4164-4176.
- [78] Öncü Nalan Bilgin, Menciloğlu Yusuf Ziya, Balcıoğlu Işıl Ak-mehmet. Comparison of the effectiveness of chlorine, ozone, and photocatalytic disinfection in reducing the risk of antibiotic resistance pollution[J]. *Journal of Advanced Oxidation Technologies*, 2011, 14(14): 1452-1464.
- [79] Cengiz M, Uslu M O, Balcıoğlu I. Treatment of *E. coli* HB101 and the *tetM* gene by Fenton's reagent and ozone in cow manure[J]. *Journal of Environmental Management*, 2010, 91(12): 2590-2593.

- [80] Munir M, Wong K, Xagorarakis I. Release of antibiotic resistant bacteria and genes in the effluent and biosolids of five wastewater utilities in Michigan[J]. *Water Research*, 2011, 45(2): 681–693.
- [81] 庄耀, 任洪强, 耿金菊, 等. 混凝法去除城市生活污水中抗性基因[J]. *环境工程学报*, 2014, 8(12): 5105–5110.
Zhuang Yao, Ren Hongqiang, Gen Jinju, et al. Removal of antibiotic resistant genes in municipal wastewater with coagulation method[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2014, 8(12): 5105–5110.
- [82] 王健行, 魏源送, 成宇涛, 等. 颗粒活性炭深度处理抗生素废水[J]. *环境工程学报*, 2013, 2(2): 401–410.
Wang Jianxing, Wei Yuansong, Cheng Yutao, et al. Advanced treatment of antibiotic wastewater by granular activated carbon [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2013, 2(2): 401–410.
- [83] Hijosa-Valsero M, Fink G, Schlüsener M P, et al. Removal of antibiotics from urban wastewater by constructed wetland optimization[J]. *Chemosphere*, 2011, 83(5): 713–719.
- [84] Chen H, Zhang M. Effects of advanced treatment systems on the removal of antibiotic resistance genes in wastewater treatment plants from Hangzhou, China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2013, 47(15): 8157–8163.
- [85] Burch T R, Sadowsky M J, Lapara T M. Aerobic digestion reduces the quantity of antibiotic resistance genes in residual municipal wastewater solids[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, 4(4): 17.
- [86] 佟娟, 魏源送. 污水处理厂削减耐药菌与抗性基因的研究进展[J]. *环境科学学报*, 2012, 32(11): 2650–2659.
Tong Juan, Wei Yuansong. State-of-the-art removal of antibiotic resistance bacteria (ARB) and antibiotic resistance gene (ARG) in wastewater treatment plants (WWTPs)[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2012, 32(11): 2650–2659.
- [87] Ma Y, Wilson C A, Novak J T, et al. Effect of various sludge digestion conditions on sulfonamide, macrolide, and tetracycline resistance genes and class I integrons[J]. *Environmental Science & Technology*, 2011, 45(18): 7855–7861.

Pollution characteristics and control measures of antibiotics and antibiotic resistance genes in the aquatic environment

XU Jian, HU Peng, LÜ Jiawei, GUO Changsheng

State Key Laboratory of Environmental Criteria and Risk Assessment, Chinese Research Academy of Environmental Sciences, Beijing 100012, China

Abstract Antibiotics are widely used in medical, agricultural and animal husbandry fields, however, they can induce drug-resistant bacteria and resistance genes, posing a great threat to human health and ecological environment. Based on a comprehensive analysis of antibiotics and their resistance genes in the aqueous environment, this paper reviews the current state of knowledge on antibiotics and antibiotic resistance genes, including their sources and migration paths, the occurrence and concentration levels in aquatic environment, and their possible ecotoxicity. Besides, the control measures of antibiotics pollution in the water environment are discussed and current research topics on antibiotics are proposed as well.

Keywords antibiotics; resistance genes; pollution characteristics; control measures ●



(责任编辑 祝叶华)