

文菲菲,黄 魁,夏 慧,等.湿地植物对农村污水耐药基因遗传元件的富集 [J]. 中国环境科学, 2025,45(4):1985-1994.

Wen F F, Huang K, Xia H, et al. Enrichment of antibiotic resistance genetic elements in rural sewage by wetland plants [J]. China Environmental Science, 2025,45(4):1985-1994.

## 湿地植物对农村污水耐药基因遗传元件的富集

文菲菲<sup>1</sup>,黄 魁<sup>1,2,3\*</sup>,夏 慧<sup>1</sup>,宋炳昱<sup>1</sup>,赵 梦<sup>1</sup>(1.兰州交通大学环境与市政工程学院,甘肃 兰州 730070; 2.甘肃省黄河重点实验室,甘肃 兰州 730070; 3.寒旱地区水资源综合利用教育部工程研究中心,甘肃 兰州 730070)

**摘要:** 利用土壤生态渗滤系统处理农村污水,分析实验前后湿地植物鸢尾营养器官中整合酶基因 *intI1* 和转座酶基因 *tnpA-04* 的变化,探讨湿地植物对农村污水中 MGEs 的富集作用.结果表明,在 60d 的运行时间内,土壤生态渗滤系统对农村污水中氨氮和化学需氧量的平均去除率分别为 88.50%和 75.17%.鸢尾的平均高度和鲜重分别增加了 3.63%和 43.45%,且鸢尾组织内 MGEs 的含量增多了 1.67ng/g,其中胞内 MGEs 占 68.26%.而且鸢尾中 *tnpA-04* 基因的含量比 *intI1* 基因多 37.86%。*tnpA-04* 基因更容易在鸢尾营养器官中转移.植物营养器官中 MGEs 的生物富集能力表现为:茎>根>叶.此外,土壤的性质变化会显著影响植物对 MGEs 的富集( $P<0.05$ ).研究结果显示,湿地植物可有效富集农村污水中的 MGEs,降低耐药基因的传播风险.

**关键词:** 湿地植物; 土壤渗滤; 污水; 水平转移; 遗传元件

中图分类号: X703:X173 文献标识码: A 文章编号: 1000-6923(2025)04-1985-10

**Enrichment of antibiotic resistance genetic elements in rural sewage by wetland plants.** WEN Fei-fei<sup>1</sup>, HUANG Kui<sup>1,2,3\*</sup>, XIA Hui<sup>1</sup>, SONG Bing-yu<sup>1</sup>, ZHAO Meng<sup>1</sup> (1.School of Environmental and Municipal Engineering, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China; 2.Key Laboratory of Yellow River Water Environment in Gansu Province, Lanzhou 730070, China; 3.Ministry of Education Engineering Research Center of Water Resource Comprehensive Utilization in Cold and Arid Regions, Lanzhou 730070, China). *China Environmental Science*, 2025,45(4): 1985-1994

**Abstract:** This study aimed to explore the accumulation of MGEs by wetland plants in the treatment of rural sewage using a soil ecological infiltration system. Thus, the changes in the integrase gene *intI1* and transposase gene *tnpA-04* in the vegetative parts of the wetland plant *Iris* were investigated before and after treatment. The results showed that, over a 60d operational period, the soil ecological infiltration system achieved average removal rates of ammonia nitrogen and chemical oxygen demand from rural sewage of 88.50% and 75.17%, respectively. The average height and fresh weight of the *Iris* increased by 3.63% and 43.45%, respectively. The concentration of MGEs in the plant increased by 1.67ng/g, with intracellular accounting for 68.26%. Furthermore, the abundance of the *tnpA-04* gene was found to be 37.86% higher than that of the *intI1* gene, which demonstrated a higher propensity for transfer within the vegetative parts of *Iris*. The bioconcentration ability for MGEs in the plant's vegetative parts followed the order: stem > root > leaf. Moreover, variations in soil properties significantly influenced the plant's ability to accumulate MGEs ( $P < 0.05$ ). This study suggests that wetland plants can effectively accumulate MGEs from rural sewage, thereby reducing the risk of antibiotic resistance gene dissemination.

**Key words:** wetland plant; soil infiltration; sewage; horizontal gene transfer; mobile genetic elements

抗生素滥用引起的细菌耐药性对人类健康产生了严重危害.耐药细菌携带的抗生素抗性基因(ARGs)是一类典型新污染物,具有遗传性、广谱性和传播性<sup>[1-2]</sup>.转座子、整合子和质粒等可移动遗传元件(MGEs)介导的水平转移是加速 ARGs 传播的主要途径<sup>[3-4]</sup>.污水被证实是 ARGs 的重要存储库,对其有效的削减已成为污水处理的难题<sup>[5]</sup>.研究表明,整合酶基因(*intI1*)可借助整合酶将 ARGs 整合到细菌整合子结构中进行水平转移<sup>[6]</sup>;而转座酶基因(*tnpA-04*)通过转座酶在基因组的

不同位置插入或易位,从而将 ARGs 转移到新的位置<sup>[7]</sup>.*intI1* 基因和 *tnpA-04* 基因已被认为是 MGEs 的标记基因<sup>[8]</sup>,是 ARGs 水平转移的重要推手.因此,对 MGEs 中 *intI1* 基因和 *tnpA-04* 基因的研究尤为重要.

土壤生态渗滤系统通过基质吸附、植物吸收和微生物分解的协同作用处理农村污水,是一种低碳

收稿日期: 2024-09-06

基金项目: 甘肃省科技厅科技计划项目(22JR5RA335,22JR9KA034);甘肃省教育厅高校科研创新平台重大培育项目(2024CXPT-14)

\* 责任作者, 教授, huangk1199@hotmail.com

经济的绿色处理技术.湿地植物被认为是土壤生态渗滤的节拍器,能够增加污染物质的吸附,调控微生物生长,维持生态系统的自我组织与再生.其中,植物根际是污染物的直接接触和吸收者.湿地植物根际微生物能刺激并促进污水 ARGs 向植物根际的进一步扩散和演化<sup>[9-10]</sup>,从而影响污水 ARGs 在植物根际圈的分布.由于植物根际土壤和内生细菌中含有大量携带 MGEs 的耐药菌<sup>[11]</sup>,可促进 ARGs 向植物微生物组中传播.最新研究发现,植物器官可以富集土壤中的 ARGs 并在植物器官中定殖<sup>[12-13]</sup>,进而削减环境中 ARGs.而且植物对 ARGs 的富集能力与植物种类密切相关<sup>[14]</sup>.先前的研究虽发现植物可富集 ARGs,但 MGEs 作为污水 ARGs 传播的关键驱动者,有关湿地植物对其富集的研究甚少.

本研究以土壤生态渗滤系统中的鸢尾为研究对象,利用实时荧光定量 PCR 技术对植物营养器官(根、茎、叶)中细菌胞内和胞外的 *intI1* 基因与 *tnpA-04* 基因进行定量,分析其在植物营养器官中的富集作用和分布特征,探明土壤性质变化与 MGEs

富集的关系,旨在为植物削减农村污水中 ARGs 的研究提供理论依据.

## 1 材料和方法

### 1.1 供试材料

农村生活污水中平均污染物浓度约为城镇污水的一半<sup>[15]</sup>,因此将兰州交通大学家属区生活污水与纯水 1:1 稀释以模拟农村生活污水.其理化性质和 MGEs 含量见表 1.植物选用具有耐寒耐旱特征的黄花鸢尾(*Iris wilsonii*),购于兰州市安宁区馨悦花店.实验装置使用聚乙烯材料的塑料桶,桶呈圆台形,上口直径 40cm,下口直径 30cm,总高度 50cm,其中土壤填充高度为 40cm.桶中鸢尾的种植密度为 15 株/m<sup>2</sup>(4 株).装置底部设置穿孔板,厚 2mm,孔径 5~6mm,穿孔密度 300 个/m<sup>2</sup>,用于污水下渗、通风以保持有氧环境,同时防止土壤流失.为缓解土壤的淋溶和板结,采用混合均匀的配制土(80%当地黄土、15%泥炭土、5%椰壳),其理化性质和 MGEs 含量见表 2.

表 1 进水理化性质和 MGEs 含量

Table 1 Physicochemical properties of the influent and MGEs content

pH 值	电导率 (μS/cm)	总氮 (mg/L)	总磷 (mg/L)	氨氮 (mg/L)	COD (mg/L)	<i>intI1</i> (ng/L)	<i>tnpA-04</i> (ng/L)
6.32~7.93	757~1238	19.49~38.36	1.94~4.56	45.68~65.71	142~333	40.25~184.65	203.02~581.69

表 2 配制土壤理化性质和 MGEs 含量

Table 2 Physicochemical properties of the preparation soil and MGEs content

pH 值	电导率 (μS/cm)	总氮 (mg/g)	总磷(mg/g)	溶解性有机碳(mg/g)	含水率(%)	<i>intI1</i> (ng/g)	<i>tnpA-04</i> (ng/g)
5.96	914	0.031	0.01	451.27	12.14	0.08	3.51

### 1.2 实验方法

反应器组装后,预运行 10d 对植物与微生物进行驯化.待植物生长挺直、污水的氨氮和化学需氧量(COD)的去除率稳定到 60%以上后进行 60d 的正式实验.进水方式为间歇进水,每隔 1d 投加 1 次,进水量为 2L/次.每次进水均由顶部均匀布水,在底部出水孔收集出水,用于测试分析.实验过程中用空调将温度调节在 22~26℃.待实验结束后取根际土壤(根系 2cm 内)和植物各营养器官样品.所取样品一式三份,第一份新鲜样品用于含水率和有机质的测定;第二份新鲜样品用于提取 DNA.第三份自然风干后研磨,过 60 目筛,用棕色密封玻璃瓶避光保存.

### 1.3 胞内和胞外 DNA 的分离与提取

本研究用胞内和胞外 DNA 提取方法参考 Mao 等<sup>[16]</sup>的方法.简述如下:将 0.5g 植物或土壤样品与 4mL NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>(0.12mol/L,pH 值 8.0)和 0.04g 交联聚乙烯吡咯烷酮(PVPP)混合孵育,在 25℃ 下振荡 10min(250r/min)、离心(5000r/min,4℃,10min)收集上清液,在沉淀中加入 4mL NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub>(0.12mol/L, pH 值 8.0),重复两次上述步骤.收集上述所有步骤上清液并混合后抽滤(0.22μm 孔径,聚碳酸酯膜),收集滤液使用醇沉法收集胞外 DNA,离心后的沉淀收集用于提取胞内 DNA.醇沉法收集胞外 DNA:在滤液中加入乙酸钠(3mol/L)和乙醇,体积比为 10:1:23,然后

-20℃过夜,4℃下 12000g 离心 2min 后收集沉淀以提取胞外 DNA.以上沉淀样品于-20℃冰箱保存备用.

所有样品 DNA 用 TIANamp Soil DNA Kit (Tiangen Biotech, Beijing)提取,具体提取步骤参见试剂盒说明书,并用 Qubit Assays (Thermo Fisher, America)的荧光定量法测定 DNA 浓度,所得 DNA 样品于-20℃冰箱保存备用.

#### 1.4 实时荧光定量 PCR

采用 Thermal Cycle Dice Real Time System Lite(TP700,TaKaRa,东京)对 *int11* 基因、*tnpA-04* 基因以及细菌 16S rDNA(V3~V4 区)进行定量,25μL 的

PCR 反应体系为:TB Green II(TaKaRa,大连)12.5μL, 10μmol/L 上下游引物各 0.5μL,DNA 模板 1μL,DNA-free 超纯水 10.5μL.本研究引物序列及 qPCR 扩增条件参照文献[17]的方法进行,详见表 3,所需引物均购自生工生物技术(中国上海)有限公司.标准品为携带目的基因的质粒(pMD20-T,TaKaRa,大连),详细制备过程参考 Cui 等<sup>[18]</sup>的方法.将标准品浓度 10 倍梯度稀释后形成标准曲线.所有被测基因的扩增效率在 90%~110%之间、熔解曲线显示单峰且位置正确被认为是有效结果.每个样品重复测定 3 次.

表 3 引物和扩增条件

Table 3 Primers and the amplification conditions used

基因	引物序列(5'-3')	变性	退火	延伸	循环数
<i>int11</i>	Forward: CCTCCCGCACGATGATC	94℃, 45s	57℃, 30s	72℃, 45s	
	Reverse: TCCACGCATCGTCAGGC				
<i>tnpA-04</i>	Forward: CCGATCACGGAAGCTCAAG	95℃, 45s	60℃, 30s	72℃, 45s	32
	Reverse: GGCTCGCATGACTTCGAATC				
16S rDNA	Forward: CCTAYGGGRBGCASCAG	95℃, 30s	57℃, 30s	72℃, 40s	
	Reverse: GGACTACNNGGTATCTAAT				

#### 1.5 理化性质测试方法

理化性质测试参照黄魁等<sup>[19]</sup>方法进行,每组样品测 3 个平行数据.进出水样品采取同样的测定方法和条件.将样品混匀后采用电极法测定其 pH 值(雷磁,PHS-3C,上海)和电导率(雷磁,DDS-307,上海).总氮(TN)和总磷(TP)同步消解后 TN 采用碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法(HJ 636-2012)<sup>[20]</sup>测定,TP 采用钼酸铵分光光度法(GB 11893-89)<sup>[21]</sup>测定.氨氮用纳氏试剂分光光度法(HJ 535-2009)<sup>[22]</sup>测定.化学需氧量(COD)采用快速消解分光光度法(HJ/T 399-2007)<sup>[23]</sup>测定.土壤样品按照《土壤环境监测技术规范》(HJ/T 166-2004)<sup>[24]</sup>中的国家标准方法测定.土壤样品在 105 和 650℃下分别测定含水率(重量法,HJ 1222-2021)<sup>[25]</sup>和有机质(灼烧减量法,HJ 761-2015)<sup>[26]</sup>.将土壤混合液(干样:去离子水=1g:50mL), 300r/min 磁力搅拌 30min,测定 pH 值和电导率.将上述混合液在 4000r/min 离心 10min,取上清液测定其余化学指标,方法同水样.将上述混合液过 0.45μm 滤膜,稀释 10 倍后用总有机碳仪(MultiN/C2100,德国)测定 DOC.

先除去表面附着的杂质,用酒精擦拭整株植株后将植物各器官分离,测量其生物量.将植物分别剪

碎均质化后称重,测定植物样品的含水率与有机质.

#### 1.6 数据处理与统计

生物富集因子(BCF)是衡量植物物种从土壤中吸收特定元素并将其积累在其组织中的效率的指标<sup>[27]</sup>;转运因子(TF)是衡量特定元素在植物器官间内部流动性的指标<sup>[28-29]</sup>.

采用生物富集因子 BCF 评价植物营养器官对土壤 MGEs 的富集能力:

$$BCF = C_{\text{Plant}} / C_{\text{Soil}} \quad (1)$$

式中: $C_{\text{Plant}}$  是植物营养器官中 MGEs 的绝对丰度; ng/g; $C_{\text{Soil}}$  是土壤中 MGEs 的绝对丰度, ng/g.

使用转运因子  $TF_{\text{Stem}}$ 、 $TF_{\text{Leaf}}$  和  $TF_{\text{Shoot}}$  分别评价 MGEs 在植物根系向茎、叶和地下部分向地上的转运和易位能力:

$$TF_{\text{Stem}} = C_{\text{Stem}} / C_{\text{Root}} \quad (2)$$

$$TF_{\text{Leaf}} = C_{\text{Leaf}} / C_{\text{Root}} \quad (3)$$

$$TF_{\text{Shoot}} = C_{\text{Shoot}} / (C_{\text{Stem}} + C_{\text{Root}}) \quad (4)$$

式中: $C_{\text{Root}}$  是植物根系中 MGEs 的绝对丰度, ng/g; $C_{\text{Stem}}$  是植物茎中 MGEs 的绝对丰度, ng/g; $C_{\text{Leaf}}$  是植物叶片中 MGEs 的绝对丰度, ng/g; $C_{\text{Shoot}} = C_{\text{Leaf}}$  是植物地上部分中 MGEs 的绝对丰度, ng/g.本研究使用

软件 R 的 ggplot2 包绘制配对箱线图,使用 Origin 2021 绘制正态箱线图和柱形图,使用 CNSknowall 绘制相关性热图.采用 Spearman 相关性分析植物不同部位 2 种 MGEs(*int11*、*tnpA-04*)与土壤基质之间的相关性.不同植物营养器官与胞内和胞外 MGEs 之间的显著性差异采用单因素方差分析(One-way ANOVA)和 T-test 检验进行分析,本研究涉及的统计分析采用 SPSS 软件(Version 27.0,IBM),显著性水平为  $\alpha=0.05$ .

## 2 结果与讨论

### 2.1 土壤生态渗滤系统运行状况

**2.1.1 土壤生态渗滤系统对污水污染物的去除效果** 由图 1(a)可见,土壤生态渗滤系统出水氨氮的浓度为 0.90~12.59mg/L,满足甘肃省《农村生活污水处理设施水污染物排放标准》(DB 62/4014-2019)<sup>[30]</sup>一级排

放标准.由图 1(b)可见,土壤生态渗滤系统出水中 COD 的浓度为 27.00~82.00mg/L,符合甘肃省(DB 62/4014-2019)<sup>[30]</sup>二级排放标准.由图 1(c)可见,土壤生态渗滤系统对农村污水中氨氮和 COD 的平均去除率分别为 88.50%和 75.17%.已有研究以红壤为介质,考察了深度 80cm 的土壤渗滤系统对村镇生活污水的处理效果,发现氨氮去除率可达 70.0%<sup>[31]</sup>.与之相比,本研究对氨氮的去除效果较优.原因可能是红壤透水性差且在实验中处于还原状态,不利于硝化反应的进行.此外,本研究种植了根系发达的鸢尾可吸收利用氮源,也可增加氨氮的去除率.其他学者研究发现土壤渗滤系统处理污水厂出水中 COD 的平均去除率达 73.3%<sup>[32]</sup>.造成这一结果的劣势可能是没有种植植物.研究表明植物根系的吸附截留对去除 COD 有着重要作用.此外,植物根系的生长可提高系统内部氧含量从而增强土壤渗滤系统对有机物的矿化作用.

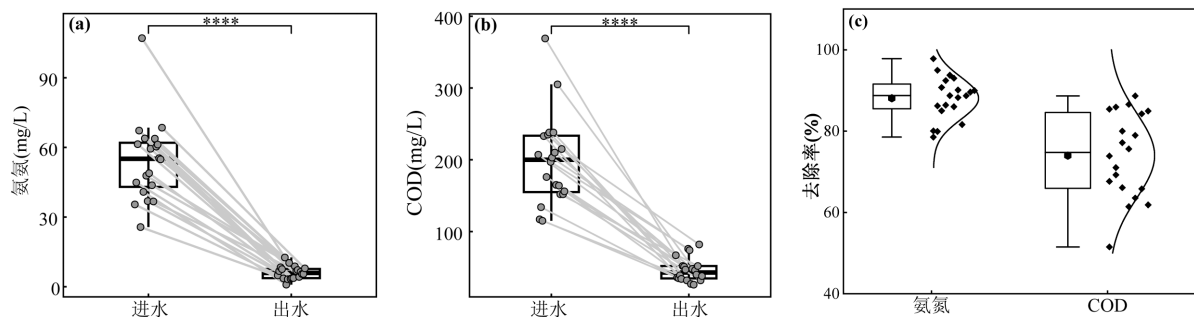


图 1 经土壤生态渗滤系统后农村污水中氨氮和 COD 的浓度变化及去除率

Fig.1 Changes of ammonia nitrogen and COD and their removal rates for rural sewage using soil ecological infiltration system

图(a)和(b)分别为进出水氨氮和 COD 浓度变化的配对箱线图,图(c)为污水氨氮和 COD 的去除率箱线图( $n=20$ ).\*\*\*\*表示  $P<0.001$  级别,具有显著差异;各个点分别代表不同时间所取样品的污染物浓度和去除率,每个箱子中间的横线为中位线.

**2.1.2 土壤生态渗滤系统中植物的生长状况** 由表 4 可知,实验后鸢尾的平均总株高增加了 3.63%,平均每株鲜重增加了 43.45%;其中根、茎和叶分别增加了 134.29%、11.43%和 246.34%.先前的学者用种植菖蒲的潜流人工湿地处理配置污水,150d 后菖蒲鲜重增加了约 9g,叶片长度增加了约 2cm<sup>[33]</sup>.与之相比,本研究中鸢尾生长状况较好.植物利用氮、磷等作为营养,能有效促进农村污水中污染物的去除.因此,植物的生长与植物种类和污水性质密切相关.此外,较多的人工湿地与上述研究<sup>[33]</sup>类似,都使用不同粒径的石子状填料,故本研究土壤的添加可能更适合植物的生长.

表 4 鸢尾生物量的变化

Table 4 Changes of *Iris wilsonii* biomass

项目	平均株高(cm)	平均重量(g)			总和
		根	茎	叶	
实验前	44.10	1.15	16.00	2.13	19.28
实验后	45.70	2.69	17.83	7.38	27.65

**2.2 土壤生态渗滤系统中植物对 MGEs 的富集效果**

**2.2.1 植物营养器官中 MGEs 的含量变化** 如图 2(a)所示,实验前,鸢尾的 *int11* 基因和 *tnpA-04* 基因的绝对丰度分别为 0.04 和 0.09ng/g,且其含量在各器官中均表现出根>叶>茎的趋势.实验后,*int11* 基因的绝

对丰度在鸢尾的根茎叶内的含量分别显著增加了 20.47 倍、26.93 倍和 1.65 倍( $P<0.05$ );而鸢尾的根茎叶内 *tnpA-04* 基因的绝对丰度分别增加了 4.69 倍、22.41 倍和 23.85 倍( $P<0.05$ ).实验后,鸢尾组织内 *int11* 基因和 *tnpA-04* 基因的含量高达 0.68 和 1.12ng/g,比 *int11* 基因多 64.71%.上述结果表明,不同类型的 MGEs 均可以在湿地植物组织内富集.并且,鸢尾根内 *int11* 基因含量比茎和叶内分别显著高出 4.26 倍和 44.96 倍( $P<0.05$ ).然而,*tnpA-04* 基因的含量则表现出在鸢尾叶内最多,其含量分别是根和茎的 0.46 倍和 0.24 倍( $P<0.05$ ).这说明 MGEs 在湿地植物各营养器官的定殖含量有显著差异,且与 MGEs 的类型有关.相关研究量化了土壤-作物系统中作物不同部位 MGEs 的含量,其根中 *int11* 基因的丰度为 570.0copies/g(约为  $1.88\times 10^{-6}$ ng/g),叶中为 110.0copies/g(约为  $3.64\times 10^{-7}$ ng/g)<sup>[34]</sup>.与之相比,本研究中实验后鸢尾器官内 MGEs 含量更多,这可能与鸢尾的生长环境是污水有关.污水中高丰度的污染物本底值能够加速污染物质转移至植物体内.研究证实实际土壤中 ARGs 的相对丰度下降后其从土壤向植物的转移速率也降低<sup>[35]</sup>.

由图 2(b)可知,实验前,鸢尾的胞内和胞外 MGEs 的绝对丰度分别为 0.07 和 0.06ng/g,且其含量在各器官中均表现出根>叶>茎的趋势.实验后,鸢尾组织内 MGEs 的含量增加了 1.67ng/g,其中胞内 MGEs 占 68.26%.具体而言,胞内 MGEs 的绝对丰度在鸢尾根茎叶内的含量分别显著增加了 11.41 倍、25.15 倍和 20.62 倍( $P<0.01$ );而胞外 MGEs 的绝对丰度则分别增加了 6.93 倍、20.77 倍和 12.10 倍( $P<0.05$ ).并且,鸢尾组织内胞内和胞外 MGEs 的含量高达 1.21 与 0.59ng/g.上述结果表明,胞内和胞外 MGEs 均可以在湿地植物组织内富集,且胞内 MGEs 在植物体内更多.相比而言,鸢尾根的胞内 MGEs 含量比茎和叶的显著高出 1.00 倍和 0.72 倍( $P<0.05$ ).而胞外 MGEs 含量也表现出根部最多.这亦表明, MGEs 在湿地植物各营养器官定殖含量的差异与 MGEs 的存在形态有关.污水中以游离态胞外 DNA 形式存在的胞外 MGEs 可持久存在,并在适宜条件下可通过转化作用重新进入敏感受体细胞<sup>[36-37]</sup>.因此,研究污水中的胞外 MGEs 是揭示 ARGs 转移传播的关键.同时,本研究也发现实验末期鸢尾营养器官

中磺胺类(*sul2*)、四环素类(*tetM*)和大环内酯类(*ermF*)等胞外耐药基因的含量分别为 434.44、8.50 和 5181.17ng/g,其较高的 ARGs 含量可能是由 MGEs 造成的<sup>[38]</sup>.

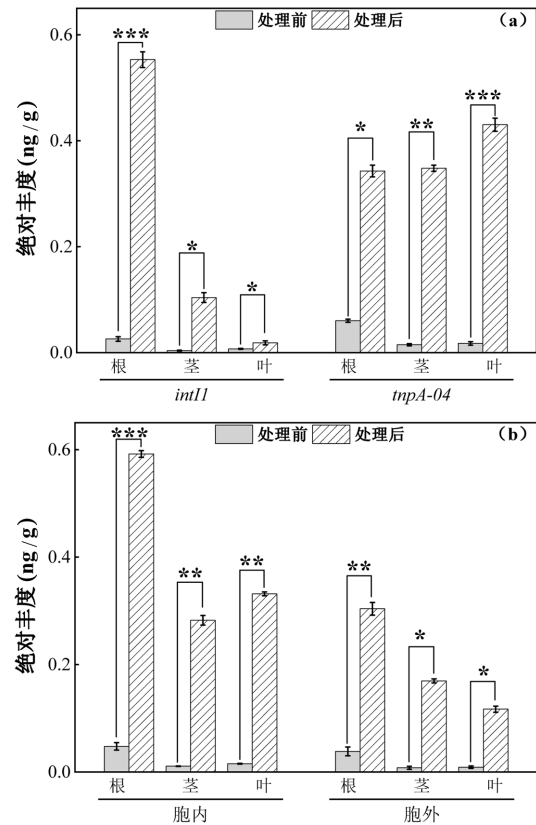


图2 土壤渗滤系统处理前后植物营养器官 *int11* 和 *tnpA-04* 基因的绝对丰度

Fig. 2 Absolute abundances of *int11* and *tnpA-04* genes in vegetative organs before and after soil infiltration system treatment

(a)图为实验前后 *int11* 和 *tnpA-04* 基因的绝对丰度,(b)图为实验前后胞内和胞外基因的绝对丰度.\*表示在 0.05 级别,具有显著差异;\*\*表示在 0.01 级别,具有显著差异;\*\*\*表示在 0.001 级别,具有显著差异;下同

2.2.2 植物营养器官中 MGEs 的富集和转运 植物的生物特性使其具有一定的吸收和积累 MGEs 的能力,其通过细胞膜上的通道、转运蛋白和其他运输系统来吸收富集 MGEs.植物营养器官对 MGEs 的吸收和转运能力与生物富集因子(BCF)和转运因子(TF)密切相关.由图 3 可见,鸢尾营养器官对 *int11* 基因和 *tnpA-04* 基因的 BCF 值分别为 0.06(叶)~1.90(根)和 6.04(叶)~8.61(茎),这说明不同营养器官对同种 MGEs 的富集能力有显著差异( $P<0.05$ ),同一营养器官对不同 MGEs 的富集能力亦有显著差异

( $P < 0.05$ ).

图 3 显示,鸢尾对 MGEs 的 BCF 顺序为茎>根>叶,说明鸢尾的地下部分对 MGEs 的富集能力显著高于地上部分( $P < 0.05$ ).土壤生态渗滤系统中的基质和鸢尾根际能吸附有机物并浓缩化合物,这使地下部分的微生物停留时间更长,从而使 MGEs 得以富集.研究表明丛枝菌根真菌是一类重要的内生菌根真菌,能与鸢尾形成菌根共生体系<sup>[39]</sup>,使根际微生物群落中的相关功能基因丰度和转运蛋白丰度均明显上调<sup>[40]</sup>,进而影响污染物质的吸收、转运与富集过程<sup>[41]</sup>.本研究中鸢尾的须根纤细少分枝,根状茎粗壮且具有比须根大的体积,致使鸢尾营养器官中茎对 MGEs 的 BCF 最高而叶最低.然而,具体原因有待进一步深入研究.

同时,鸢尾对 *int11* 基因和 *tnpA-04* 基因的 BCF 顺序分别为根>茎>叶和茎>根>叶,这归因于只有部分根际或叶际微生物可以在植物体内存活成为内生菌.不同内生菌占据不同的生态位<sup>[42]</sup>,受植物内部理化环境、微生物特性等因素的共同影响.此外,鸢尾对 *tnpA-04* 基因的 BCF 比 *int11* 基因显著高出 18.84 倍( $P < 0.05$ ),这是由于植物器官中 *tnpA-04* 基因的定殖含量较高所致.已有研究也发现,土壤根际伴生微生物对蔬菜中 ARGs 的积累差异有重要的作用<sup>[43]</sup>.

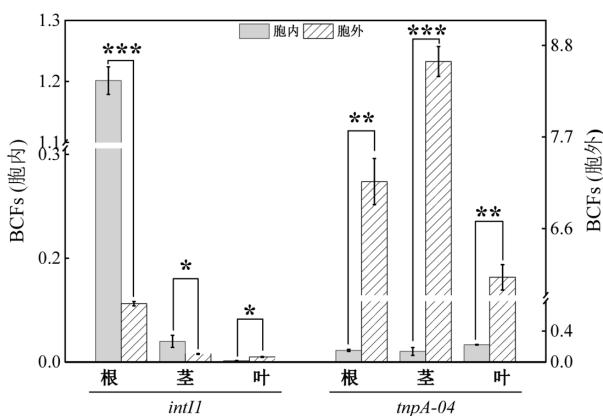


图 3 植物营养器官对 *int11* 和 *tnpA-04* 基因的生物富集因子 (BCFs)

Fig.3 Bioconcentration factors (BCFs) of plant vegetative parts for *int11* and *tnpA-04* genes

由图 3 可知,鸢尾对胞外 MGEs 的 BCF 比胞内高 90.04 倍,而 *int11* 基因在胞内的 BCF 比 *tnpA-04* 基因高 1.94 倍,*int11* 基因在胞外的 BCF 比 *tnpA-04* 基因低 95.54%.以上结果表明,鸢尾对胞外 MGEs 的

富集能力显著高于胞内且对不同 MGEs 的富集能力与其存在形态有关.据前人的研究报道,细胞外 DNA 可以通过水平基因转移(HGT)最终将 ARGs 转移到其他细菌细胞中,而不需要活供体细胞<sup>[44]</sup>.因此,鸢尾对胞外 MGEs 的富集能力显著高于胞内可能是由于进水中胞外 DNA 被吸附到土壤和植物根际,通过转化/转导将 MGEs 转移到鸢尾组织细菌细胞中.此外,*int11* 基因和 *tnpA-04* 基因具有多种不同的潜在宿主菌<sup>[45]</sup>,从而对不同 MGEs 及其存在形态进行定向选择.

由表 5 可见,MGEs 在鸢尾营养器官中的转运因子大小顺序为茎>叶>地上,其中 MGEs 的  $TF_{Stem}$ (根向茎)值为 2.45,分别是  $TF_{Leaf}$ (根向叶)和  $TF_{shoot}$ (地下向地上)的 1.01 倍和 1.98 倍.这表明植物根际是 MGEs 转移的源头,且这种转移能力和植物本身的生理特性有关.另外,*int11* 基因的 TF 比 *tnpA-04* 基因显著低了 91.00%( $P < 0.05$ ),显示出 *tnpA-04* 基因更容易在鸢尾营养器官中转移.这个原因可能归因于转座子是一段具有特异转位功能的 DNA 序列,可以从原位上单独复制或断裂下来,环化后插入另一位点,它不仅能够在细胞内的同一遗传结构中转移,也能在不同细菌的基因组和质粒之间转座,具有广泛的宿主适应性和易于传播的特性<sup>[46]</sup>.具体而言,*int11* 基因的  $TF_{Stem}$  比  $TF_{Leaf}$  和  $TF_{shoot}$  分别显著高 2.78 倍和 3.86 倍( $P < 0.05$ ),而 *tnpA-04* 基因的  $TF_{Leaf}$  分别比  $TF_{Stem}$  和  $TF_{shoot}$  高 0.10 倍和 1.01 倍.以上结果说明,*int11* 基因在鸢尾营养器官中更容易由根向茎转移,而 *tnpA-04* 基因更容易由根向叶转移.这个现象与典型湿地植物对不同重金属的吸收和转移趋势类似<sup>[47]</sup>.这些现象也可能是由于当某种 MGEs 的含量较低时,根部会截留限制 MGEs,从而减少向茎叶的转运.但当某种 MGEs 的含量在鸢尾营养器官内超过一定阈值时,根部吸收的 MGEs 会通过被动运输在各营养器官中转移.

由表 5 可知,胞内 MGEs 的 TF 值比胞外显著高 27.61%( $P < 0.05$ ),表明胞内 MGEs 在鸢尾营养器官中的转运能力强于胞外.有研究发现,携带 ARGs 的荧光标记大肠杆菌可通过维管将 ARGs 从水培溶液转移到植物内生菌(根内生菌和叶内生菌)中<sup>[48]</sup>.本研究结果亦证实胞内 MGEs 可通过植物内生菌从植物地下部分转移到植物地上部分.而根际分泌物增加

了微生物菌群的代谢活性和基因交换<sup>[49]</sup>,故 MGEs 主要由根向茎的转运能力强于其他器官.并且,胞内和胞外 MGEs 的 TF 值均在地上部分最小,其更容易由根向叶和根向茎转移.这是由于胞内和胞外 MGEs 需借助植物组织中的运输蛋白由根向茎叶被动运输,然而运输蛋白对所运输的物质具有选择性,因此造成不同器官对胞外 MGEs 转运能力有差异.

表 5 MGEs 在植物营养器官中的转运因子(TFs)

Table 5 Translocation factors (TFs) of plant vegetative parts for MGEs

基因	项目	茎	叶	地上	P
<i>int11</i>	胞内	0.22±0.004	0.02±0.007	0.01±0.003	0.009
	胞外	0.12±0.003	0.07±0.001	0.06±0.005	0.012
	P	0.045	0.042	0.043	
<i>tmpA-04</i>	胞内	0.91±0.001	1.49±0.069	0.78±0.020	0.016
	胞外	1.20±0.013	0.84±0.094	0.38±0.013	0.045
	P	0.017	0.049	0.017	

### 2.3 土壤生态渗滤系统中土壤性质变化对植物营养器官富集 MGEs 的影响

图 4 显示了实验末期土壤性质变化与植物营养器官中 MGEs 丰度的相关性.土壤总氮(TN)含量与根中胞外 *tmpA-04* 基因的丰度呈显著负相关( $P<0.05$ ),而总磷(TP)含量与根中胞外 *tmpA-04* 基因的丰度呈显著正相关( $P<0.05$ ).上述结果表明,土壤中 TN 含量会抑制根对胞外 *tmpA-04* 基因的吸收富集,而 TP 含量会促进根对胞外 *tmpA-04* 基因的吸收富集.本研究实验后土壤中 TN 含量减少了 30.60%,可能通过影响植物根系中潜在的细菌宿主,进而减少对 MGEs 富集的抑制.同时,植物根系与微生物之间存在氮竞争关系,植物根系会优先吸收氮源以满足其生长需求<sup>[50]</sup>.此外,土壤基质的酸化会导致土壤细菌多样性减少<sup>[51]</sup>,从而影响植物根系的细菌多样性,进而抑制植物对 MGEs 的吸收富集.而实验后 TP 含量增加了 35.99%.研究表明 TP 含量的增加可增加土壤中细胞代谢速率、细胞膜上转移蛋白含量并促进根系发育以增强其对 MGEs 的吸收富集能力和转运能力.同时,TP 含量的增加可改变植物根系分泌物的组成,从而促进植物根系对 MGEs 的吸收富集<sup>[52]</sup>.已有相关研究证明,土壤 TP 与小麦根系中 ARGs 呈正相关( $P<0.05$ )<sup>[53]</sup>,环境 TN 与各基因丰度呈极显著负相关( $P<0.01$ )<sup>[54]</sup>.本研究土壤 TN 和 TP 对植物吸

收富集 MGEs 的影响趋势与之类似.

与处理前相比,处理后土壤中胞内细菌数量由  $(1.72 \times 10^5 \pm 1.35)$  ng/g 到  $(2.08 \times 10^5 \pm 2.95)$  ng/g 增加了 21.49%,而胞外由  $(2.08 \times 10^3 \pm 0.02)$  ng/g 到  $(1.60 \times 10^2 \pm 0.02)$  ng/g 减少了 92.28%,总体上增加了 20.13%.根据图 4 中实验末期土壤 16S rDNA 数量与植物营养器官中 MGEs 丰度的相关性可知,土壤胞内 16S rDNA 数量与根中胞内 *int11* 基因的丰度呈显著正相关( $P<0.05$ ),但是土壤胞外 16S rDNA 数量与植物叶片胞内 *int11* 呈显著负相关( $P<0.01$ ).这表明土壤 16S rDNA 数量正向影响植物对胞内 *int11* 基因的吸收富集.土壤细菌、污水细菌以及植物根部活化细菌等细菌之间相互关联,这些细菌的多样性促进了细菌细胞的接触,从而加快 MGEs 在细菌间转移和增殖.土壤细菌可以作为植物内生菌在体内繁殖,部分细菌通过植物组织气孔迁移,被根系吸收后到达叶片<sup>[55-56]</sup>.研究也表明,叶片和根系中的微生物群落相互连通,ARGs 可以利用根际细菌作为传播媒介从土壤转移到植物表面<sup>[57]</sup>.植物根系也可以招募土壤细菌并在根内存活,从而使 ARGs 从土壤转移到植物的根系和表面<sup>[58-59]</sup>.也有研究报道,土壤细菌的丰度变化是大豆生长期间抗性组发生转移的另一个重要原因<sup>[60]</sup>.

土壤胞外 *int11* 基因的丰度与根胞外 *int11* 基因的丰度呈显著正相关( $P<0.05$ ),而土壤胞外 *tmpA-04* 基因的丰度与茎胞外 *tmpA-04* 基因的丰度呈显著正相关( $P<0.05$ ).以上结果说明,土壤胞外 *int11* 基因和 *tmpA-04* 基因的丰度分别会促进根对胞外 *int11* 基因的吸收富集和茎对胞外 *tmpA-04* 基因的吸收富集.这也说明 MGEs 在污水处理后的植物营养器官与土壤之间存在共现性.由于 MGEs 的变化依赖于细菌群落结构的变化,土壤细菌与植物地下部分内生细菌具有高度相似性和相同的生态位,其 MGEs 宿主细菌的丰度和多样性相似<sup>[61]</sup>,因此更有助于 MGEs 在土壤与植物地下部之间的共现.相近研究也表明,葡萄藤叶片和花朵的微生物群与土壤细菌群落的重叠比例很大<sup>[62]</sup>.土壤抗性组是植物抗性组的主要来源<sup>[63]</sup>,且土壤 *int11* 基因对小麦 ARGs 的相对丰度有直接的正向影响( $P<0.001$ )<sup>[56]</sup>.

人工湿地和土壤渗滤系统等植物修复技术可显著削减污水污泥中的 ARGs 已被广泛证实.湿地植物

可吸收、富集并转移传播 ARGs 和 MGEs<sup>[14]</sup>,且污水性质、植物特异性、基质材料和根际微环境<sup>[56,64-66]</sup>等是这一过程的主要影响因素.湿地植物营养器官对 ARGs 和 MGEs 富集转运的研究具有复杂性和学科交叉性,对其进行精确定量还存在一定的问题.因此,在后

续的研究工作中我们将重点关注以下三个方面:(1)建立根际微生物在植物根系吸收 ARGs 机理中的作用.(2)利用荧光供菌体将层际、根际和内生菌联系起来,更清晰地揭示植物在诱导或传播 ARGs 中的作用.(3)ARGs 从植物根际转移到叶片的机制研究.

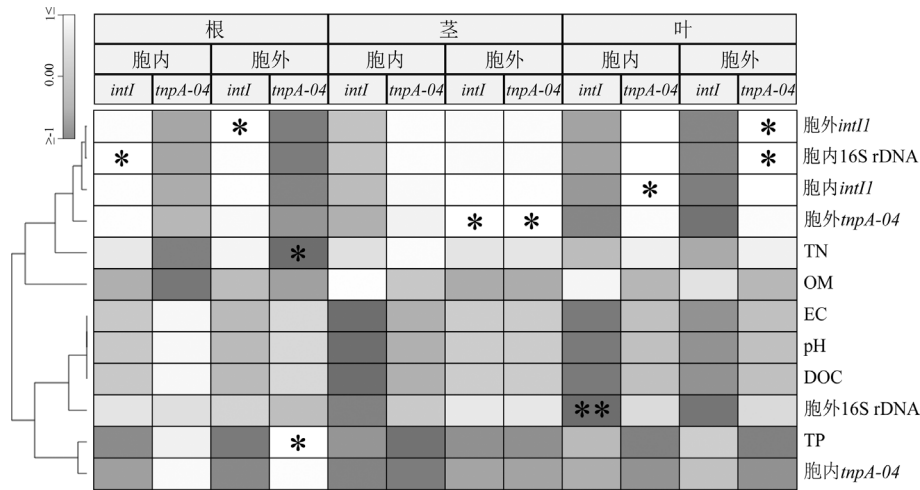


图 4 土壤性质与植物营养器官 MGEs 的相关性热图

Fig.4 Heatmaps of correlations between soil properties and MGEs of plant vegetative parts

### 3 结论

3.1 土壤生态渗滤系统中鸢尾的生长状况良好,对农村污水中氨氮和 COD 的去除效果较优.

3.2 植物根际是 MGEs 转移的源头,鸢尾的地下部分对 MGEs 的富集能力高于地上部分.鸢尾对胞外 MGEs 的富集能力高于胞内.*tmpA-04* 基因在植物营养器官中的转运能力高于 *intI1* 基因.

3.3 土壤总磷含量、细菌数量及 MGEs 丰度均会促进植物营养器官对 MGEs 的富集.

#### 参考文献:

[1] 张宁,李淼,刘翔.土壤中抗生素抗性基因的分布及迁移转化[J]. 中国环境科学, 2018,38(7):2609-2617.  
Zhang N, Li M, Liu X. Distribution and transformation of antibiotic resistance genes in Soil [J]. China Environmental Science, 2018,38(7): 2609-2617.

[2] Jang H M, Lee J, Kim Y M, et al. Fate of antibiotic resistance genes and metal resistance genes during thermophilic aerobic digestion of sewage sludge [J]. Bioresource Technology, 2018,249:635-643.

[3] Partridge S R, Kwong S M, Firth N, et al. Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance [J]. Clinical Microbiology Reviews, 2018,31(4):8-17.

[4] 邢月,张雯,程艳,等.西北内陆河抗生素抗性基因赋存特征及其影响因素 [J]. 中国环境科学, 2023,43(6):3077-3086.

Xing Y, Zhang W, Cheng Y, et al. Distribution characteristics and influencing factors of antibiotic resistance genes in inland rivers of Northwest China [J]. China Environmental Science, 2023,43(6):3077-3086.

[5] 罗晓,袁立霞,张文丽,等.制药废水厂抗性基因和微生物群落相关性研究 [J]. 中国环境科学, 2019,39(2):831-838.  
Luo X, Yuan L X, Zhang W L, et al. Correlation study between resistance genes and microbial communities in pharmaceutical wastewater treatment plants [J]. China Environmental Science, 2019, 39(2):831-838.

[6] Haenelt S, Wang G, Kasmanas J C, et al. The fate of sulfonamide resistance genes and anthropogenic pollution marker *intI1* after discharge of wastewater into a pristine river stream [J]. Front Microbiology, 2023,14:1058350.

[7] Zhang Y X, Zhao Z X, Xu H T, et al. Fate of antibiotic resistance genes and bacteria in a coupled water-processing system with wastewater treatment plants and constructed wetlands in coastal eco-industrial parks [J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2023, 252:114606.

[8] Zhu Y G, Johnson Timothy 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, 2013,110:3435-3440.

[9] Christofilopoulos S, Kaliakatsos A, Triantafyllou K, et al. Evaluation of a constructed wetland for wastewater treatment: addressing emerging organic contaminants and antibiotic resistant bacteria [J]. New Biotechnology, 2019,52:94-103.

[10] 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.
- [11] Chen P, Yu K F, He Y L. The dynamics and transmission of antibiotic resistance associated with plant microbiomes [J]. *Environment International*, 2023,176:107986.
- [12] Afzal I, Shinwari Z K, Sikandar S, et al. Plant beneficial endophytic bacteria: Mechanisms, diversity, host range and genetic determinants [J]. *Microbiological Research*, 2019,221:36-49.
- [13] 林小如, 李子歆, 孙安琪, 等. 模拟增温对木荷叶际抗生素抗性基因的影响 [J]. *中国环境科学*, 2023,43(12):6689-6699.
- Lin X R, Li Z X, Sun A Q, et al. Effect of stimulated warming on phyllosphere antibiotic resistance genes of *Schima superba* [J]. *China Environmental Science*, 2023,43(12):6689-6699.
- [14] Liu L M, Han X, Hu J D, et al. Jointly considering multi-medium and full-cycle to better reveal distribution and removal of antibiotic resistance genes in long-term constructed wetland [J]. *Science of the Total Environment*, 2024,955:177276.
- [15] 邵劲博, 荣懿, 刘星, 等. 基于污水排放特性的陕南村镇污水处理厂优化运行与节能降耗研究 [J]. *给水排水*, 2022,58(8):24-30.
- Shao J B, Rong Y, Liu X, et al. Study on rural wastewater discharge characteristics and optimal operation of typical township wastewater treatment plants in Southern Shaanxi [J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2022,58(8):24-30.
- [16] Mao D Q, Luo Y, Mathieu J, et al. Persistence of extracellular DNA in river sediment facilitates antibiotic resistance gene propagation [J]. *Environmental Science & Technology*, 2014,48(1):71-78.
- [17] Guan M X, Peng L S, Chen J Y, et al. Effects of corn cob biochar on the microbial communities and ARGs during vermicomposting of dewatered sludge [J]. *China Environmental Science*, 2021,41(6):2744-2751.
- [18] Cui G Y, Bhat S A, Li W J, et al. Gut digestion of earthworms significantly attenuates cell-free and -associated antibiotic resistance genes in excess activated sludge by affecting bacterial profiles [J]. *Science of the Total Environment*, 2019,691:644-653.
- [19] Huang K, Xia H, Chen J Y, et al. Effects of earthworms on changes of microbial characteristics during vermicomposting of municipal sludge [J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2018,38(8):3146-3152.
- [20] HJ 636-2012 水质总氮的测定碱性过硫酸钾消解紫外分光光度法 [S].
- HJ 636-2012 Water quality-Determination of total nitrogen-Alkaline potassium persulfate digestion UV spectrophotometric method [S].
- [21] GB 11893-89 水质总磷的测定钼酸铵分光光度法 [S].
- GB 11893-89 Water quality-Determination of total phosphorus-Ammonium molybdate spectrophotometric method [S].
- [22] HJ 535-2009 水质氨氮的测定纳氏试剂分光光度法 [S].
- HJ 535-2009 Water quality-Determination of ammonia nitrogen-Nessler's reagent spectrophotometry [S].
- [23] HJ/T 399-2007 水质化学需氧量的测定快速消解分光光度法 [S].
- HJ/T 399-2007 Water quality-Determination of the chemical oxygen demand-Fast digestion spectrophotometric method [S].
- [24] HJ/T 166-2004 土壤环境监测技术规范 [S].
- HJ/T 166-2004 The technical specification for soil environmental monitoring [S].
- [25] HJ 1222-2021 固体废物水分和干物质含量的测定重量法 [S].
- HJ 1222-2021 Solid waste-Determination of water content and dry matter-Gravimetric method [S].
- [26] HJ 761-2015 固体废物有机质的测定灼烧减量法 [S].
- HJ 761-2015 Solid waste-Determination of organic matter-Ignition loss method [S].
- [27] Dan A, Oka M, Fujii Y, et al. Removal of heavy metals from synthetic landfill leachate in lab-scale vertical flow constructed wetlands [J]. *Science of the Total Environment*, 2017,584:742-750.
- [28] Sasmaz A, Obek E, Hasar H. The accumulation of heavy metals in *Typha latifolia* L. grown in a stream carrying secondary effluent [J]. *Ecological Engineering*, 2008,33(3/4):278-284.
- [29] Martin J W, Asher B J, Beeson S, et al. PFOS or PreFOS? Are perfluorooctane sulfonate precursors (PreFOS) important determinants of human and environmental perfluorooctane sulfonate (PFOS) exposure? [J]. *Journal of Environmental Monitoring*, 2010,12(11): 1979-2004.
- [30] DB 62/4014-2019 农村生活污水处理设施水污染物排放标准 [S].
- DB 62/4014-2019 Discharge standard of pollutants for rural sewage treatment facilities [S].
- [31] 张建, 黄霞, 刘超翔, 等. 地下渗滤处理村镇生活污水的中试 [J]. *环境科学*, 2002,23(6):57-61.
- Zhang J, Huang X, Liu C X, et al. Pilot study on subsurface wastewater infiltration system applied in rural sewage treatment [J]. *Environmental Science*, 2002,23(6):57-61.
- [32] 秦可娜. 土壤渗滤系统深度处理污水厂含抗生素出水的效能与机制 [D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2021.
- Qin K N. Performance and mechanism of soil aquifer treatment for polishing antibiotics-containing effluent from WWTP [D]. Harbin: Harbin Institute of Technology, 2021.
- [33] 黄磊, 陈玉成, 赵亚琦, 等. 生物炭添加对湿地植物生长及氧化应激响应的影响 [J]. *环境科学*, 2018,39(6):2904-2910.
- Huang L, Chen Y C, Zhao Y Q, et al. Influence of biochar application on growth and antioxidative responses of macrophytes in subsurface flow constructed wetlands [J]. *Environmental Science*, 2018,39(6): 2904-2910.
- [34] Cerqueira F, Matsmoros V, Bayona J M, et al. Antibiotic resistance gene distribution in agricultural fields and crops. A soil-to-food analysis [J]. *Environmental Research*, 2019,177:108608.
- [35] Wang F H, Qiao M, Chen Z, et al. Antibiotic resistance genes in manure amended soil and vegetables at harvest [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2015,299:215-221.
- [36] Dong H, Chen Y L, Wang J, et al. Interactions of microplastics and antibiotic resistance genes and their effects on the aquaculture environments [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021,403:123961.
- [37] Zhang Y, Li A L, Dai T J, et al. Cell-free DNA: a neglected source for antibiotic resistance genes spreading from WWTPs [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018,52(1):248-257.
- [38] Chen P, Guo X Y, Li S N, et al. A review of the bioelectrochemical system as an emerging versatile technology for reduction of antibiotic resistance genes [J]. *Environment International*, 2021,156:106689.
- [39] Li X R, Zhou M, Shi F, et al. Influence of arbuscular mycorrhizal

- fungi on mercury accumulation in rice (*Oryza sativa* L.): From enriched isotope tracing perspective [J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2023,255:114776.
- [40] Zhao W, Chen Z B, Yang X Q, et al. Metagenomics reveal arbuscular mycorrhizal fungi altering functional gene expression of rhizosphere microbial community to enhance *Iris tectorum*'s resistance to Cr stress [J]. *Science of The Total Environment*, 2023,895:164970.
- [41] Bati C B, Santilli E, Lombardo L. Effect of arbuscular mycorrhizal fungi on growth and on micronutrient and macronutrient uptake and allocation in olive plantlets growing under high total Mn levels [J]. *Mycorrhiza*, 2014,25(2):97-108.
- [42] 李 港,刘博文,王子晗,等.植物内生菌研究进展 [J]. *现代农业科技*, 2022,17:110-113.  
Li G, Liu B W, Wang Z H, et al. Research progress on plant endophytes [J]. *Modern Agricultural Science and Technology*, 2022,17:110-113.
- [43] Yu T, Liu Z S, Hu B L, et al. Field-based investigation reveals selective enrichment of companion microbes in vegetables leading to specific accumulation of antibiotic resistance genes [J]. *Science of the Total Environment*, 2024,929:172636.
- [44] Serna-Galvis E A, Salazar-Ospina L, Jimenez J N, et al. Elimination of carbapenem resistant *Klebsiella pneumoniae* in water by UV-C, UV-C/persulfate and UV-C/H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>. Evaluation of response to antibiotic, residual effect of the processes and removal of resistance gene [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2020,8:102196.
- [45] Wang L J, Yan X J, Zhu L S, et al. Spread and driving factors of antibiotic resistance genes in soil-plant system in long-term manured greenhouse under lead (Pb) stress [J]. *Science of the Total Environment*, 2023,855:158756.
- [46] Pan Y S, Zong Z Y, Li Y, et al. Complete Sequence of pEC012, a multidrug-resistant Inc11ST71 plasmid carrying blaCTX-M-65, rmtB, fosA3, floR, and oqxAB in an avian *Escherichia coli* ST117 strain [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2016,7:1117.
- [47] Yan X X, Jing A, Yin Y C, et al. Heavy metals uptake and translocation of typical wetland plants and their ecological effects on the coastal soil of a contaminated bay in Northeast China [J]. *Science of the Total Environment*, 2022,803:149871.
- [48] Xu H, Chen Z Y, Huang R Y, et al. Antibiotic resistance gene-carrying plasmid spreads into the plant endophytic bacteria using soil bacteria as carriers [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021,55(15):10462-10470.
- [49] Chen Q L, Cui H L, Su J Q, et al. Antibiotic resistomes in plant microbiomes [J]. *Trends in Plant Science*, 2019,24(6):530-541.
- [50] DeMalach N. Toward a mechanistic understanding of the effects of nitrogen and phosphorus additions on grassland diversity [J]. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 2018,32:65-72.
- [51] Liu W X, Jiang L, Yang S, et al. Critical transition of soil bacterial diversity and composition triggered by nitrogen enrichment [J]. *Ecology*, 2020,101:e03053.
- [52] Chai Y N, Schachtman D P. Root exudates impact plant performance under abiotic stress [J]. *Trends in Plant Science*, 2022,27(1):80-91.
- [53] Gao Y J, Luo W, Zhang H F, et al. Enrichment of antibiotic resistance genes in roots is related to specific bacterial hosts and soil properties in two soil-plant systems [J]. *Science of the Total Environment*, 2023,886:163933.
- [54] Li X, Li Y Y, Wu J S. Different in root exudates and rhizosphere microorganisms effect on nitrogen removal between three emergent aquatic plants in surface flow constructed wetlands [J]. *Chemosphere*, 2023,337:139422.
- [55] Haridoim P R, van Overbeek L S, Elsas J D v. Properties of bacterial endophytes and their proposed role in plant growth [J]. *Trends in Microbiology* 2008,16(10):463-471.
- [56] Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, et al. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota [J]. *Nature* 2012,488(7409):91-95.
- [57] 徐双圆,朱家辉,王栋茹,等.植物套作系统修复镉污染农田土壤的效应——以苏南地区为例 [J]. *中国环境科学*, 2024,44(6):3289-3300.  
Xu S Y, Zhu J H, Wang D R, et al. Effect of plant intercropping system on remediation of cadmium contaminated farmland soil—A case study on the southern Jiangsu province area [J]. *China Environmental Science*, 2024,44(6):3289-3300.
- [58] 52Lundberg D S, Lebeis S L, Paredes S H, et al. Defining the core *Arabidopsis thaliana* root microbiome [J]. *Nature*, 2012,488:86-90.
- [59] 53Bulgarelli D, Rott M, Schlaeppi K, et al. Revealing structure and assembly cues for *Arabidopsis* root-inhabiting bacterial microbiota [J]. *Nature*, 2012,488:91-5.
- [60] 54Luan X, Han Z M, Shen Y P, et al. Assessing the effect of treated erythromycin fermentation residue on antibiotic resistome in soybean planting soil: In situ field study [J]. *Science of the Total Environment*, 2021,779:146329.
- [61] 55Liao H, Lu X, Rensing C, et al. Hyperthermophilic composting accelerates the removal of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements in sewage sludge [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018,52(1):266-276.
- [62] 56Zarraonaindia I, Owens S M, Weisenhorn P, et al. The soil microbiome influences grapevine-associated microbiota [J]. *mBio*, 2015,6:e02527-14.
- [63] 57Chen Q L, An X L, Zhu Y G, et al. Application of struvite alters the antibiotic resistome in soil, rhizosphere, and phyllosphere [J]. *Environmental Science & Technology*, 2017,51:8149-8157.
- [64] 58Liu L, Li J, Xin Y, et al. Evaluation of wetland substrates for veterinary antibiotics pollution control in lab-scale systems [J]. *Environmental Pollution*, 2021,269:116152.
- [65] 59Bengtsson P, Johan, Jonsson, et al. What is the role of the environment in the emergence of novel antibiotic resistance genes? A modeling approach [J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, 55:15734-15743.
- [66] 60Chen P, Yu K F, He Y L. The dynamics and transmission of antibiotic resistance associated with plant microbiomes [J]. *Environment International*, 2023,176:107986.

作者简介: 文菲菲(1999-),女,甘肃定西人,兰州交通大学硕士研究生,主要研究方向为水环境生态治理.发表论文1篇.1809858825@qq.com.