



推荐阅读:

[广西城市污水处理厂污泥产生及处置现状分析](#)

[平顶山市煤矿区土壤重金属污染程度评价](#)

[基于灰色关联分析法的宜昌市空气质量影响因素分析](#)

[废旧锂离子电池流向及管理现状调研](#)

[生物法处理气态污染物的研究现状与应用前景](#)

[环境敏感区农村生活污水处理工艺设计案例分析](#)

[氨法脱硫+低温 SCR 脱硝工艺在焦炉烟气净化中的应用](#)

[反渗透双膜工艺处理印染废水研究进展](#)

[重金属污染土壤修复技术研究进展](#)

[基于 SARIMA 模型的二氧化氮时间序列预测研究](#)

[碳基功能材料在土壤修复中的应用](#)

[虾蟹壳对水中刚果红吸附性能的研究](#)

[农村生活垃圾生物质热解和燃烧气相数值模拟](#)

[基于灰色 GM\(1, 1\)模型的成都市大气污染物浓度预测](#)

[江苏省非道路移动源大气污染排放清单研究](#)

[欧盟 15 国污水污泥产生量与处理处置方法对比](#)

[基于 Hydrus-1D 的粉煤灰堆场 Cr\(VI\) 在包气带中迁移规律的研究](#)

[工业废水活性炭深度处理的研究](#)



移动扫码阅读

袁涛,程森,路平,等.采煤塌陷地抗生素抗性基因污染现状与机理分析[J].能源环境保护,2020,34(3):8-13.
YUAN Tao, CHENG Sen, LU Ping, et al. Analysis of status and mechanism of antibiotic resistance gene pollution in coal mining subsidence[J]. Energy Environmental Protection, 2020, 34(3): 8-13.

采煤塌陷地抗生素抗性基因污染现状与机理分析

袁涛^{1,2,*},程森²,路平²,瞿旭²

(1.江苏建筑职业技术学院,江苏徐州221116;

(2.中国矿业大学环境与测绘学院,江苏徐州221116)

摘要:针对采煤塌陷区特点,介绍了抗生素抗性基因(ARG)的环境风险,讨论了ARG污染地下水的机理,分析了当前存在的关键问题和主要研究方向。分析认为:细胞间的水平基因转移促进ARG向地下水迁移,并受抗生素、重金属等多种因素影响;微生物群落结构和环境条件改变也影响着ARG的分布;土壤等多孔介质可滞留部分胞内ARG,而胞外ARG的垂向迁移可导致地下水污染;统一环境介质中ARG的丰度表达方式,可根据所采用的测序技术,将绝对丰度和相对丰度分别表示为copy/cell、PPM;需区分细胞内ARG和细胞外ARG,明确ARG在胞间的动态分配机理,分别开展二者在环境介质的界面吸附与迁移行为研究。

关键词:ARG;采煤塌陷区;水平基因转移;胞内ARG;胞外ARG

中图分类号:X523

文献标识码:A

文章编号:1006-8759(2020)03-0008-06

Analysis of status and mechanism of antibiotic resistance gene pollution in coal mining subsidence

YUAN Tao^{1,2,*}, CHENG Sen², LU Ping², QU Xu²

(1. Jiangsu Vocational Institute of Architectural Technology, Xuzhou 221116, China;

2. School of Environmental Science and Spatial Informatics, China University of Mining and Technology, Xuzhou 221116, China)

Abstract: According to the characteristics of coal mining subsidence area, the environmental risk of antibiotic resistance gene (ARG) was introduced. The mechanism of groundwater pollution by ARG was discussed. The key problems and main research directions were analyzed. The results show that horizontal gene transfer among cells promotes the transport of ARG toward groundwater. This process is affected by various factors such as antibiotics and heavy metals. The distribution of ARG is affected by microbial community structure and environmental conditions. Intracellular ARG can be partly retained by porous media such as soil, while extracellular ARG will cause groundwater pollution by vertical transport. According to the sequencing technology, the absolute abundance and relative abundance can be expressed as copy/cell, PPM, respectively, to unify the expression of ARG abundance in the environment. It is necessary to distinguish intracellular ARG and extracellular ARG, and clarify the dynamic allocation mechanism among cells. Their adsorption and migration behaviors at the interface of environmental media should be further studied.

Key Words: ARG; Coal mining subsidence area; Horizontal gene transfer; Intracellular ARG; Extracellular ARG

收稿日期:2020-02-16

基金项目:住房与城乡建设部科技项目(2016K4076);江苏省建设系统科技项目(2017ZD013);江苏省高校优秀科技创新团队资助

第一作者简介:袁涛(1983-),男,江苏徐州人,博士研究生,副教授,主要从事水资源评价与水处理技术方面的研究。E-mail:yuantaocumt@

126.com

0 引言

抗生素是微生物在生活过程中产生的能够抗病原体的物质,还被用作饲料添加剂和兽药。目前它们被越来越多地用于畜禽养殖,以治疗感染和促进生长,其生产量、使用量均得到了快速增长。我国是抗生素生产和使用大国,抗生素滥用现象十分严重,使用的抗生素包括红霉素、庆大霉素、诺氟沙星和阿莫西林等,不能完全被动物吸收,大部分会伴随动物的粪便和尿液释放到环境中。如果这些粪便没有得到正确的处理,抗生素残留物便会直接释放进入土壤,通过淋溶、渗滤等方式迁移到其他环境介质,造成环境中抗生素的广泛存在,并诱导细菌产生耐药性。

根据 2017 年联合国环境署发布的《2017 前沿报告》和 2019 年中国工程院战略咨询中心发布的《全球工程前沿》报告,抗生素抗性基因(ARG)是一种新兴环境污染物,ARG 的迁移是生态环境领域科学研究前沿。虽然 ARG 普遍存在于环境^[1],来自家庭、医院、制药系统和农业径流等方面的抗菌化合物被释放到环境中后,将会与自然细菌群落发生直接接触,从而演变出更多的耐药细菌。抗生素和生化因素选择压力下,加剧了细菌耐药性,例如超级细菌金黄色葡萄球菌(MRSA)和肺炎克雷伯菌等菌。根据英国媒体发布的奥尼尔勋爵(Lord O' Neill)报告,到 2050 年,每年因 ARG 而死亡的人数可达 1 000 万人,甚至高于当今癌症造成的死亡。我国对 ARG 的传播问题越来越重视。中国政府相继出台了《遏制细菌耐药国家行动计划(2016-2020 年)》、《中国儿童合理使用抗菌药物行动计划(2017-2020)》、《2017 年动物源细菌耐药性监测计划》,旨在从国家、社会各层面出发,多领域入手,遏制细菌耐药,保护生态环境,维护人民群众的身体健康。

采煤塌陷区较多采取渔业、农业复垦。水产/畜禽养殖、粪肥/污水灌溉、生活污水排放等产生大量抗生素,在大气降水冲刷下,汇集于采煤塌陷低洼积水区底质。底质成为环境中抗生素及抗生素抗性基因(ARG)的重要储存库^[2],污染地表水和地下水,危害城乡供水安全^[3]。更可怕的是,底质中细菌长期暴露于抗生素的选择压力之下,加剧抗生素抗性基因(ARG)广泛传播和扩散,可能严重降低抗生素疗效,对公众健康、生态系统健康构成威胁,并且,阻碍矿区土地复垦和生态修复进

程,成为可持续发展的制约性因素。通过对我国东部煤矿采煤塌陷地土壤与地下水调查,检出 5 类抗生素(四环素类、大环内酯类、奎诺酮类、青霉素类、磺胺类和林可霉素类),铁、锰、铬、镉、砷等重金属,硫酸盐和氟化物等无机盐,12 种挥发性有机物,13 种半挥发性有机物等污染物质。宏基因组测序显示 *evgS*、*macB*、*sav1866*、*ethA*、*katG* 等多种 ARG 在采煤塌陷地浅层地下水被检出,最高相对丰度达 3.90×10^2 PPM。地下水中抗生素耐药细菌不动杆菌属 *Acinetobacter* 相对丰度高达 55.53%,*Acinetobacter* 是感染人类的重要致病菌,可引起呼吸道感染、败血症、脑膜炎、心内膜炎、伤口及皮肤感染、泌尿生殖道感染等,重症者可导致死亡。

国内外均有 ARG 污染地下水的报道^[4],尤其我国多个城市地下水^[5]、乡村井水^[6]、畜禽养殖区井水^[7]、垃圾填埋场地下水^[8],存在大量的 ARG,丰度范围在 $10^2 - 10^{11}$ copies/L。欧洲地下水发现多种 ARGs (*tetO*、*ampC*、*ermB*、*vanA*、*mecA* 和 *blaSHV-5* 等),绝对丰度在 $10^4 - 10^8$ copies/L 之间。垃圾填埋场赋存大量 ARG,调查发现周围地下水共检测到近 200 种 ARG,绝对丰度在 $10^9 - 10^{11}$ copies/L 数量级之间^[8]。全国城市地下水也存在 ARG 污染现象,主要包括四环素类 ARG、磺胺类 ARG,绝对丰度约在 $10^3 - 10^{11}$ copies/L 之间不等^[5]。乡村的井水是当地重要的水源,井水中也分离到的广谱抗菌药耐药基因^[6]。总所周知,畜禽养殖是 ARG 重要排放源,但是其地下水环境中 ARGs 的分布情况鲜为报道。我国某畜禽场地下水四环素类、磺胺类等 ARG 丰度约为 $10^2 - 10^5$ copies/L 数量级之间^[7]。一些研究认为可能是土壤中 ARG 通过降雨入渗从地表运输到地下水中,但是,ARG 从地表迁移到地下水的路径和迁移机理尚不明确。多数研究仅报道了 ARG 的总体丰度,没有进一步区分 ARG 是存在于微生物细胞内的 DNA(胞内 ARG),还是以游离态 DNA 存在于细胞外的无机环境(胞外 ARG)。然而,胞内 ARG 和胞外 ARG 在生态环境中的迁移行为截然不同,污染地下水的机理不明,将从以下几方面做简要分析:

1 ARG 的胞间转移与分配影响地下水污染

ARG 通常包含在质粒或整合子中,可通过水平基因转移到细菌体内(胞内 ARG),或存在于无

机环境中(胞外 ARG)。ARG 在细胞之间的水平转移与动态分配通过以下方式实现:两个实际接触的细胞交换遗传信息;噬菌体将细菌遗传信息由供体菌向受体菌转移;受体菌捕获胞外 DNA 片段获得遗传信息^[9]。大量研究表明水平转移受到很多因素影响:抗生素被认为是环境中抗生素抗性基因最直接最主要的选择压力,研究抗生素与 ARGs 的丰度之间的相关性至关重要^[10-12];因为重金属的存在促进金属与抗生素之间的金属桥连作用,从而可能以某种方式降低抗生素的选择压力和丰富度,重金属是影响 ARGs 分布与迁移的重要因素^[13-21];越来越多的证据都表明可移动元件的多样性与 ARGs 的多样性之间的关系是紧密相关的,相同可移动元件的相对丰度与 ARGs 的相对丰度之间也具有非常显著的相关性,可移动元件例如 I 类整合子 *intI1* 被发现是城市湖泊中抗生素抗性基因转移传播中非常重要的媒介,可移动元件还有质粒、整合子、转座子、基因组岛、整合性结合元素、插入序列、插入序列共有区、噬菌体和基因转移剂等等,对环境中可移动元件的控制可以看作是控制 ARGs 传播行之有效的途径^[22-23];各种金属纳米颗粒对于环境中抗性基因的影响越来越显现,例如纳米氧化铝和纳米氧化钛可以促进 ARGs 的共轭转移,铜纳米颗粒可增强 ARG 的共轭转移和共轭转移频率,金属纳米颗粒也是决定 ARGs 迁移的重要影响因素^[24];除了抗生素的应用之外,非抗生素抗菌化学药品的使用量更大,导致非抗生素抗菌化学药品在更广泛的环境中残留量很高,因此非抗生素抗菌化学药品选择微生物对抗生素的耐药性中的潜在作用创造了必要条件^[25-27]。此外,细菌群落结构和组成是 ARG 分布和富集的主要决定因素^[28-29]。碳、氮、硫等元素是微生物生长的物质基础,直接或间接影响和介导 ARG 的胞间分布:例如从粪肥到生物堆肥,土壤中发现 *tetW*、*tetQ*、*tetL*、*tetM* 和 *tetX* 等基因与总氮,总有机碳、水分、pH 和碳氮比正相关;无机碳、溶解有机碳等理化参数通过对细菌存活的影响来介导 ARGs 的迁移转化;大量研究发现垃圾填埋场的氮会显著促进目标 ARGs 的水平升高,畜禽养殖场环境介质中总氮、总磷与 *intI1*、*sul*、*tet Q* 等众多目标基因有显著相关性^[30-33],可见碳、氮等元素通过控制细菌的存活^[34]或改变细胞膜通透性^[35]影响 ARG 胞间分布。相比之下,硫对 ARG 水平转移与胞间分布的研究十分有限,

然而硫元素对微生物群落多样性具有重要作用,仅有文献报道硫在淹水条件下促进根际特异性耐性细菌生长而富集 ARG。任何能够引起微生物群落结构改变的因素都会在群落水平上影响 ARG 的分配,因此需要针对不同环境条件开展特异性研究。

2 ARG 的界面吸附与滞留制约地下水污染

胞内 ARG 没有直接与环境介质发生吸附与释放,应针对 ARG 宿主微生物开展界面作用研究。研究表明微生物表现出复杂的界面相互作用:微生物表面性质、微生物疏水性,细胞外聚合物(例如蛋白质、脂多糖、细胞外多糖),细胞外结构(例如菌毛和鞭毛),细胞形状,吸附介质表面性质、溶液理化性质通过改变微生物或吸附介质表面电荷、双电层电位、或保留位点等,影响微生物在固-液界面吸附与释放^[36]。并且微生物的表面特性会根据细胞对环境条件的应变而变化^[37]。有必要进行更多的研究以更好地量化和预测微生物尤其是 ARG 宿主微生物,与异质环境表面的相互作用。

环境介质中携带 ARG 的游离胞外 DNA,数量远远多于胞内 ARG^[38]。不过,由于胞外 DNA 稳定性较差且易被天然受体菌捕获^[39],对胞外 ARG 的吸附滞留研究较少。有限研究表明,pH 值对天然受体菌捕获胞外 ARG 有显著影响^[40],而间接影响胞外 ARG 的吸附作用。有待开展更多环境因素对胞外 ARG 的吸附作用的研究,还应该关注天然受体菌群与环境介质的相互作用。

3 ARG 在多孔介质环境的垂向迁移导致地下水污染

胞内 ARG 以 ARG 宿主微生物为载体迁移。由于流体流动,与固-液界面弱结合的微生物受到流体动力,再次滑动或脱离,通过流体在环境介质中迁移^[41]。ARG 在多孔介质,如土壤和底质的移动是物理过程、地球化学过程和生物过程的耦合作用结果。有限的研究表明微生物在固-液界面上分离进而迁移受到微生物在界面的吸附解吸行为、流场水动力条件^[42]和水化学条件的影响^[43]。

此外,土壤或沉积物颗粒表面附着的微生物群落形成生物膜,可以保护常驻生物,免受环境压力的影响,因此会显著影响微生物在土壤和含水层中的传播^[44]。尚未发现微生物群落多样性和

结构对胞内 ARG 或宿主微生物迁移的作用研究。

由于对流运输和抑制性 DNA 核酸酶的效率降低,具有生物活性的无细胞 DNA,如细胞外游离的 ARG 可以在土壤环境中运输^[45],且可在环境中持续长达数年的时间^[46],因此被传递^[47]。对胞外 ARG 在环境中的迁移研究甚少,尤其是向地下水的垂向迁移研究更少。对 ARG 的阻控研究发现随着污水通过处理流程,胞内 ARG 数量减少而胞外 ARG 数量增加^[48],垂直砂滤去除研究同样发现胞外 ARG 在砂柱中的垂直迁移能力明显高于胞内 ARG^[49-52]。这些研究表明无细胞的胞外 ARG 在自然环境具有强大的迁移扩散能力。但是,并不能证明胞外 ARG 的独自迁移能力是出水中胞外 ARG 数量增加的唯一原因,因为在迁移过程若发生 ARG 的胞间转移和再分配也会导致出水中胞外 ARG 数量增多。因此,有待开展多孔介质胞外 ARG 的垂向迁移机制研究。

4 小结与展望

为了推动矿区生态修复、土地复垦、水土资源合理开发利用,面向国家重大发展方向“全面推进采煤塌陷区改造转型”、“开展典型受损生态系统恢复”,针对采煤塌陷地 ARG 污染,围绕当地物理、化学和生物特征,环境研究领域需要了解、揭示抗生素抗性基因相关的风险,并提出遏制细菌耐药行动的内容和重点方向,可在以下几方面开展相关研究:

(1) 统一环境介质中 ARG 的丰度表达方式。可根据采用的测序技术,将绝对丰度表示为 copy/cell,或根据相对丰度表示成 PPM。

(2) 胞内 ARG 的迁移与滞留以 ARG 宿主细菌为载体,而胞外 ARG 是游离于细胞外的 DNA 迁移,因此,需区分细胞内 ARG 和细胞外 ARG,明确 ARG 在胞间的动态分配机理,分别开展二者在环境介质的界面吸附与迁移行为研究。

(3) 虽然大量报道发现地下水受到 ARG 的污染,但是缺乏 ARG 向地下水的迁移研究,并不清楚胞内 ARG 和胞外 ARG 污染地下水的迁移路径和机制。

参考文献

[1] D'Costa V. M., King C. E., Kalan L., et al. Antibiotic resistance is ancient [J]. *Nature*, 2011, 477: 457-461.

[2] Lu P., Lai Z., Sen C., et al. Main challenges of closed/Abandoned coal mine resource utilization in China [J]. *Energy*

Sources, Part A: Recovery, Utilization, and Environmental Effects, 2019: 1556-7230.

[3] 武强, 李松营. 闭坑矿山的正负生态环境效应与对策 [J]. *煤炭学报*, 2018, 43 (1): 21-31.

[4] Moustapha Harb, Phillip Wang, Ali Zarei-Baygi, et al. Background antibiotic resistance and microbial communities dominate effects of advanced purified water recharge to an urban aquifer [J]. *Environmental Science & Technology Letters*, 2019, 6 (10): 578-584.

[5] 马业萍. 再生水入渗过程抗生素及抗性基因的分布及关联性分析 [D]. 北京: 清华大学, 2015: 1-20.

[6] Sun P., Bi Z., Nilsson M., et al. Occurrence of bla (KPC-2), bla (CTX-M), and mcr-1 in Enterobacteriaceae from well water in rural China [J]. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 2017, DOI: 10.1128/AAC.02569-16.

[7] Huang L., Xu Y., Xu J., et al. Dissemination of antibiotic resistance genes (ARG) by rainfall on a cyclic economic breeding livestock farm [J]. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 2019, 138: 114-121.

[8] Chen Q., Li H., Zhou X., et al. An underappreciated hotspot of antibiotic resistance: The groundwater near the municipal solid waste landfill [J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 609: 966-973.

[9] Frost L. S., Leplae R., Summers A. O., et al. Mobile genetic elements: The agents of open source evolution [J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2005, 3: 722-732.

[10] Jutkina J., Marathe N. P., Flach C. F., et al. Antibiotics and common antibacterial biocides stimulate horizontal transfer of resistance at low concentrations [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 616: 172-178.

[11] 赖晓琳, 吴平霄, 阮博. 四环素对大肠杆菌抗生素抗性基因进化的影响 [J]. *环境科学学报*, 2019, 39 (8): 2475-2482.

[12] Li G., Quan F., Qu T., et al. Sublethal vancomycin-induced ROS mediating antibiotic resistance in *Staphylococcus aureus* [J]. *Bioscience Reports*, 2015, 35 (6): e00279.

[13] Yang Y., Xu C., Cao X., et al. Antibiotic resistance genes in surface water of eutrophic urban lakes are related to heavy metals, antibiotics, lake morphology and anthropic impact [J]. *Ecotoxicology*, 2017, 26: 831-840.

[14] Lu X., Lu P.. Synergistic effects of key parameters on the fate of antibiotic resistance genes during swine manure composting [J]. *Environmental Pollution*, 2019, 252: 1277-1287.

[15] Lin H., Jiang L., Li B., et al. Screening and evaluation of heavy metals facilitating antibiotic resistance gene transfer in a sludge bacterial community [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 695: 133862.

[16] Zhang Y., Gu A., 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.

[17] Ji X., Shen Q., Liu F., et al. Antibiotic resistance gene abundances associated with antibiotics and heavy metals in ani-

- mal manures and agricultural soils adjacent to feedlots in Shanghai, China [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2012, 235: 178-185.
- [18] Knapp C. W., Callan A. C., Aitken B., et al. Relationship between antibiotic resistance genes and metals in residential soil samples from Western Australia [J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2012, 24: 2484-2494.
- [19] Zhang B., Wang M., Wang B., et al. The effects of bio-available copper on macrolide antibiotic resistance genes and mobile elements during tylosin fermentation dregs co-composting [J]. *Bioresource Technology*, 2018, 251: 230-237.
- [20] Ohore O. E., Addo F. G., Zhang S., et al. Distribution and relationship between antimicrobial resistance genes and heavy metals in surface sediments of Taihu Lake, China [J]. *Journal of Environmental Sciences-China*, 2019, 77: 323-335.
- [21] Zhou B., Wang C., Zhao Q., et al. Prevalence and dissemination of antibiotic resistance genes and coselection of heavy metals in Chinese dairy farms [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2016, 320: 10-17.
- [22] Oladeinde A., Cook K., Lakin S. M., et al. Horizontal gene transfer and acquired antibiotic resistance in salmonella enterica serovar heidelberg following in vitro incubation in broiler ceca [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2019, Doi: 10.1128/Aem.01903-19.
- [23] Debroas D., Siguret C. Viruses as key reservoirs of antibiotic resistance genes in the environment [J]. *Isme Journal*, 2019, 13 (11): 2856-2867.
- [24] Qiu Z., Shen Z., Qian D. Effects of nano-TiO₂ on antibiotic resistance transfer mediated by RP4 plasmid [J]. *Nanotoxicology*, 2015, 9 (7): 895-904.
- [25] Lu J., Jin M., Nguyen SH., et al. Non-antibiotic antimicrobial triclosan induces multiple antibiotic resistance through genetic mutation [J]. *Environment International*, 2018, 118: 257-265.
- [26] Zhang Y., Gu A., He M., et al. Subinhibitory concentrations of disinfectants promote the horizontal transfer of multidrug resistance genes within and across genera [J]. *Environmental Science & Technology*, 2017, 51 (1): 570-580.
- [27] Jutkina J., Marathe N. P., Flach C. F., et al. Antibiotics and common antibacterial biocides stimulate horizontal transfer of resistance at low concentrations [J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 616: 172-178.
- [28] Chen Q., An X., Li H., et al. Do manure-borne or indigenous soil microorganisms influence the spread of antibiotic resistance genes in manured soil? [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2017, 114: 229-237.
- [29] Forsberg K. J., Patel S., Gibson M. K., et al. Bacterial phylogeny structures soil resistomes across habitats [J]. *Nature*, 2014, 509 (7502): 612-616.
- [30] Zhu L., Zhao Y., Yang K., et al. Host bacterial community of MGEs determines the risk of horizontal gene transfer during composting of different animal manures [J]. *Environmental Pollution*, 2019, 250: 166-174.
- [31] Tang X., Lou C., Wang S., et al. Effects of long-term manure applications on the occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes (ARG) in paddy soils: Evidence from four field experiments in south of China [J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2015, 90: 179-187.
- [32] Pu C., Yu Y., Diao J., et al. Exploring the persistence and spreading of antibiotic resistance from manure to biocompost, soils and vegetables [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 688: 262-269.
- [33] Su J., Wei B., Ou-Yang W., et al. Antibiotic resistome and its association with bacterial communities during sewage sludge composting [J]. *Environmental Science & Technology*, 2015, 49 (12): 7356-7363.
- [34] He P., Yu Z., Shao L., et al. Fate of antibiotics and antibiotic resistance genes in a full-scale restaurant food waste treatment plant: Implications of the roles beyond heavy metals and mobile genetic elements [J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2019, 85: 17-34.
- [35] Liao J., Chen Y., Huang H. Effects of CO₂ on the transformation of antibiotic resistance genes via increasing cell membrane channels [J]. *Environmental Pollution*, 2019, Doi: 10.1016/j.envpol.2019.113045.
- [36] Metge D. W., Harvey R. W., Aiken G., et al. Influence of organic carbon loading, sediment associated metal oxide content and sediment grain size distributions upon *Cryptosporidium parvum* removal during riverbank filtration operations, Sonoma County, CA [J]. *Water Research*, 2010, 44: 1126-1137.
- [37] Foppen J. W. A., Schijven J. F.. Evaluation of data from the literature on the transport and survival of *Escherichia coli* and thermotolerant coliforms in aquifers under saturated conditions [J]. *Water Research*, 2006, 40: 401-426.
- [38] 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.
- [39] Cameron A. D. S., Redfield R. J.. Non-canonical CRP sites control competence regulons in *Escherichia coli* and many other γ -proteobacteria [J]. *Nucleic Acids Research*, 2006, 34: 6001-6014.
- [40] Traglia G. M., Quinn B., Schramm S. T., et al. Serum albumin and Ca²⁺ are natural competence inducers in the human pathogen *Acinetobacter baumannii* [J]. *Antimicrob Agents Chemother*, 2016, 60 (8): 4920-4929.
- [41] Zevi Y., Gao B., Zhang W., et al. Colloid retention at the meniscus-wall contact line in an open microchannel [J]. *Water Research*, 2012, 46: 295-306.
- [42] Bradford S. A., Torkzaban S., Wiegmann A. Pore-scale simulations to determine the applied hydrodynamic torque and colloid immobilization [J]. *Vadose Zone Journal*, 2011, 10: 252-261.
- [43] Suzuki Y., Hashimoto R., Xie H., et al. Growth and antibi-

- otic resistance acquisition of *Escherichia coli* in a river that receives treated sewage effluent [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 690: 696-704.
- [44] Klayman B. J., Volden P. A., Stewart P. S., et al. *Escherichia coli* O157: H7 requires colonizing partner to adhere and persist in a capillary flow cell [J]. *Environmental Science & Technology*, 2009, 43: 2105-2111.
- [45] 徐冰洁, 罗义, 周启星, 等. 抗生素抗性基因在环境中的来源、传播扩散及生态风险 [J]. *环境化学*, 2010 (2): 169-178.
- [46] Pietramellara G., Ascher J., Borgogni F., et al. Extracellular DNA in soil and sediment: fate and ecological relevance [J]. *Biology and Fertility of Soils*, 2009, 45 (3): 219-235.
- [47] Pote J., Ceccherini M. T., Rosselli W., et al. Fate and transport of antibiotic resistance genes in saturated soil columns [J]. *European Journal of Soil Biology*, 2003, 39 (2): 65-71.
- [48] Zhang Y., Li A., Dai T., et al. Cell-free DNA: A neglected source for antibiotic resistance genes spreading from WWTPs [J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52: 248-257.
- [49] Jennifer L. Hayward, Yannan Huang, Christopher K. Yost, et al. Lateral flow sand filters are effective for removal of antibiotic resistance genes from domestic wastewater [J]. *Water Research*, 2019, 162: 482-491.
- [50] Morales V. L., Parlange J. Y., Steenhuis T. S.. Are preferential flow paths perpetuated by microbial activity in the soil matrix? A review [J]. *Journal of Hydrology*, 2010, 393 (1-2): 29-36.
- [51] Tao Yuan, Ping Lu, Zhaoji Li. Attachment of cryptosporidium-sized microspheres by holly plant roots [J]. *Nature Environment and Pollution Technology*, 2019, 18: 629-632.
- [52] 孔亚东. 植物根系作用下隐孢子虫卵囊替代物土-水介质迁移规律与传播机制 [D]. 徐州: 中国矿业大学, 2017: 1-8.