

土壤环境中典型抗生素残留及其与微生物 互作效应研究进展

喻 娇, 冯乃宪, 喻乐意, 莫测辉*

(暨南大学 环境学院 广东省环境污染控制与修复材料工程中心, 广东 广州 510632)

摘 要 抗生素大量不规范使用,其残留对环境和人类健康造成严重威胁。污水灌溉和生物有机肥的施用使土壤成为抗生素的主要归趋地之一,抗生素残留对土壤微生物产生不同程度的影响。首先综述了土壤抗生素污染现状,进一步论述了土壤抗生素残留对抗性基因诱导和微生物群落结构的影响,重点介绍了微生物方法在去除抗生素污染方面的重要作用,并指出了土壤抗生素污染研究中存在的问题,对今后主要研究方向进行展望。

关键词 抗生素;土壤环境;生态风险;微生物降解

中图分类号 Q939.96

文献标识码 A

文章编号 1005-7021(2017)06-0105-09

doi:10.3969/j.issn.1005-7021.2017.06.016

Advances in Typical Antibiotics Residues and Their Mutual Effects with Microorganisms in Soil Environment

YU Jiao, FENG Nai-xian, YU Le-yi, MO Ce-hui

(Schl. of Environm't, Jinan Uni., Guangdong Prov. Engin. Res. Ctr. for Environm't Pollut'n Ctrl. & Remediat'n Materials, Guangzhou 510632)

Abstract The mass and abnormal application of antibiotics causes their residue seriously threatens the environment and human's health. Soil is one of the main reservoirs for the antibiotics derived from wastewater irrigation and bioorganic fertilizers utilization. The antibiotic residue causes different impacts on soil. In this paper, the current status concerning soils polluted with antibiotics was firstly summarized. The influences of antibiotic residues on induction of resistance genes and microbial community structures of antibiotic-polluted soils were further discussed. The roles of microorganisms in removing antibiotics from soils were introduced stressfully. And problems existed in the studies on antibiotic-polluted soil were pointed out, and made a prospect on the future research directions.

Keywords antibiotics; soil environment; ecological risk; microbial degradation

抗生素是一类具有干扰、杀死微生物或生活细胞的有机化学物质,主要是由微生物(细菌、真菌和放线菌)在其生长代谢活动中产生的次级代谢产物,也可以通过化学方法人工合成^[1]。抗生素在临床医疗和畜牧养殖等方面被广泛应用(表1)。抗生素在生物体内停留时间短、代谢效率低,有60%~90%的抗生素以药物原形或其

代谢物随粪尿排出^[2]。目前大多数养殖场粪尿和医院废水处理率较低,导致大量含有抗生素的废水、畜禽粪便和垃圾堆肥的渗滤液以污灌或粪肥形式直接进入土壤,导致抗生素在土壤环境中普遍被检出。抗生素不断进入土壤环境,被土壤颗粒吸附并累积,土壤成为抗生素主要的一个“汇”。抗生素在土壤中积累,改变土壤结构和

基金项目:国家自然科学基金委-广东联合基金重点项目(U1501233)

作者简介:喻娇 女,硕士研究生。研究方向为土壤环境中抗生素、塑化剂等有机污染物的微生物降解。E-mail:yujiao98765@qq.com

* 通讯作者。男,博士后,教授,博士生导师。研究方向为有机固体废物处理与利用、土壤污染生物修复与农产品安全生产等。

E-mail:tchmo@jnu.edu.cn

收稿日期:2017-07-26

生态功能,使土壤微生物区系发生变化,破坏微生态平衡,诱导耐药菌产生并最终导致土壤耕作力下降,农业生产效率降低^[3]。残留在土壤中的抗生素被农作物吸收和累积进入食物链,对动物和人类健康构成威胁^[4]。针对抗生素污染这一环境领域关切的热点问题,本文在概述土壤环境中

抗生素污染现状的基础上,重点介绍了抗生素对微生物的影响以及微生物去除抗生素污染的作用,最后提出了土壤抗生素污染研究中存在的问题和今后研究方向,期望为深入研究治理土壤抗生素污染,改善我国土壤抗生素污染现状,降低生态风险提供参考。

表 1 常见的抗生素类型

Table 1 The common types of antibiotics

类别	抗生素类型	常见种类	功能	合成
天然抗生素	β-内酰胺类	青霉素 G、氨苄青霉素、羟氨苄青霉素、头孢氨苄等	抑制细菌细胞壁合成,抗革兰阳性菌	产黄青霉菌
	氨基糖苷类 氨基环多醇类	链霉素、庆大霉素、卡那霉素等	抑制细菌蛋白质合成,抗革兰阴性菌	链霉菌或 小单孢菌属
	四环素类	四环素、土霉素、强力霉素、金霉素等	广谱抗生素;抑制细菌蛋白质合成,用于治疗畜禽呼吸系统疾病和家畜的细菌性腹泻;促生长,促进产蛋,增加产乳量	链霉菌
	大环内脂类	红霉素、泰乐菌素、螺旋霉素等	抑制细菌蛋白质合成,主要抗革兰阳性菌	放线菌和 小单孢菌
化学合成 抗生素	氯霉素类	氯霉素、甲砒霉素等	广谱抗生药物;作用于核蛋白 50s 亚基上的肽基转移酶,抑制菌体蛋白合成	链霉菌、 可人工合成
	磺胺类	氨苯磺胺、磺胺二甲基嘧啶、磺胺异恶唑、磺胺二甲基嘧啶等	广谱抗生素;广泛应用于养殖业;预防和治疗腹泻及其他感染疾病	人工合成
	喹诺酮类	诺氟沙星、环丙沙星、恩诺沙星、氧氟沙星等	广谱抗生素;抑制细菌的 DNA 回旋酶,干扰 DNA 复制	人工合成

1 土壤环境中典型抗生素污染现状

自 1981 年从施用鸡粪的土壤中检测出氯四环素后,多种抗生素从土壤中被相继检出,如磺胺类和喹诺酮类抗生素^[4],浓度范围为 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 至 mg/kg 。德国^[5]、加拿大^[6]等发达国家在过去十几年先后从土壤中检测出多种抗生素。近几年,一些发展中国家也相继从土壤中检测出抗生素,如马来西亚土壤中磺胺嘧啶的浓度为 $12 \sim 5\,773 \mu\text{g}/\text{kg}$,强力霉素的最高浓度达到 $78\,516 \mu\text{g}/\text{kg}$ ^[7];巴西畜禽养殖附近土壤中恩诺沙星的检出浓度为 $22.93 \mu\text{g}/\text{kg}$ ^[8]。与国外相比,我国土壤中抗生素残留情况也不容乐观,尤其是经济发达地区检出率更高。目前我国对于抗生素污染调查主要集中在经济发达的北京、天津、“长三角”、“珠三角”以及设施农业发展较快的山东地区(图 1a)。通过调查发现,有机肥中抗生素含量远高于农田土壤中抗生素的含量(图 1b、1c)。可见,农业、经济的发展程度以及施用有机肥的情况与土壤抗生素

污染具有一定联系,有待进一步研究。

抗生素主要通过污水灌溉、施肥、堆粪等农业生产活动进入到土壤环境。利用污水灌溉的土壤中,抗生素的浓度达到 $22 \mu\text{g}/\text{kg}$,并且随着距离越靠近出水口,抗生素的检出浓度越高^[19]。施用粪肥的“无公害蔬菜”生产基地土壤中喹诺酮类化合物的检出率达到 92% 以上,总含量为 $3.97 \sim 32.03 \mu\text{g}/\text{kg}$ ^[20]。利用畜禽粪便堆肥的农用土壤中检测出磺胺类、四环素类、喹诺酮类等多种类型抗生素,其中磺胺甲恶唑检出浓度为 $1.08 \sim 3.02 \mu\text{g}/\text{kg}$,四环素浓度达到 $15.2 \text{ mg}/\text{kg}$,氧氟沙星、恩诺沙星浓度分别为 $335 \mu\text{g}/\text{kg}$ 和 $96.0 \mu\text{g}/\text{kg}$ ^[21]。在北京 11 个大型温室蔬菜生产基地中的土壤和粪肥样品中均检测出多种抗生素,检出浓度为四环素类 ($102 \mu\text{g}/\text{kg}$) > 喹诺酮类 ($86 \mu\text{g}/\text{kg}$) > 磺胺类 ($1.1 \mu\text{g}/\text{kg}$) > 大环类脂类 ($0.62 \mu\text{g}/\text{kg}$)^[22]。本课题组从珠三角地区蔬菜土壤中检测出四环素、土霉素、金霉素 3 种四环素,磺胺甲恶唑、磺胺嘧啶、磺胺甲嘧啶等 8 种磺胺类和环

丙沙星、恩诺沙星、诺氟沙星等 4 种喹诺酮类抗生素,其中喹诺酮类抗生素检出浓度高达 1 537.4 $\mu\text{g}/\text{kg}$,并且发现在畜禽养殖场附近的蔬菜地土

壤中抗生素检出浓度最高^[23]。可见,土壤抗生素污染状况严重,其与农业生产方式密切相关,控制灌溉水源和肥源是有效控制抗生素污染的根本措施。

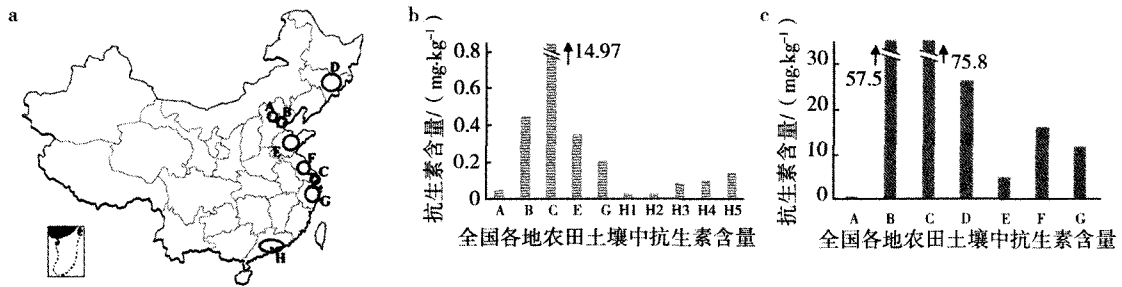


图 1 我国各地区农田土壤及有机肥中抗生素含量分布

Fig. 1 The occurrence of antibiotic residues in soil and organic fertilizer in different regions of China

A 北京^[9-10], B 天津^[11], C 上海^[12-13], D 吉林^[14], E 山东^[14-15], F 江苏^[16], G 浙江^[14,17], H1 广州^[4], H2 佛山^[4,18], H3 惠州^[4,18], H4 深圳^[18], H5 东莞^[4]

2 抗生素残留对土壤微生物的影响

2.1 诱导抗性基因

抗生素在土壤中累积,导致土壤微生物对其产生抗性(表 2)。至今已经多种抗性基因如大环类脂类抗性基因(*mph* 和 *erm*)、头孢菌素类抗性基因(*bla*)、氨基糖苷类抗性基因(*aph* 和 *add*)、四环素类抗性基因(*tet*)等被频繁从土壤中检出^[21],土壤已成为各种抗性基因的蓄积

库。细菌长期受到抗生素的选择压力,主要通过基因的水平转移经过土壤介质传播获得相应的抗性基因^[24]。抗性基因在土壤生态系统中广泛存在,通过移动遗传元件在细菌种群之间发生水平转移,如抗性基因利用接合性质粒、转座子、整合子和基因组岛等遗传元件通过转化、接合和转导等方式实现其与土著微生物进行交换,将外源基因转化给土著微生物^[25]。

表 2 微生物对抗生素的抗性机制

Table 2 The mechanism of microbial resistance to antibiotics

抗生素种类	主要抗性基因	主要作用机制
β -内酰胺类	<i>bla</i>	产生 β -内酰胺酶使抗生素失活;细菌青霉素结合蛋白(PBPs)的改变
氨基糖苷类	<i>aph</i> 、 <i>add</i>	产生氨基糖苷类钝化酶;合成外排泵将药物主动排出; 降低细胞壁通透性;通过甲基化等作用改变菌体 16S rDNA 构象
大环内酯类	<i>mph</i> 、 <i>erm</i>	对 rRNA 进行甲基化修饰,阻碍抗生素与 50S rRNA 结合; 表达合成外排泵;合成灭活酶
喹诺酮类	<i>qnr</i>	DNA 拓扑异构酶 II 的 <i>gyrA</i> 或 <i>parC</i> 的基因组突变;细菌外膜通透性下降; 细菌主动外排
糖肽类	<i>van</i>	细胞壁增厚;肽聚糖链间交联减少
磺胺类	<i>sul</i>	表达对磺胺不敏感的二氢蝶酸合成酶
四环素类	<i>tet</i>	编码泵外排蛋白,将四环素排出细胞;编码核糖体保护蛋白 修饰或钝化四环素类分子的酶

在农业生产活动中,污水灌溉和畜禽粪肥施用使得大量抗生素、抗性基因和抗性菌株进入农

田土壤,导致抗性基因在土壤中的被诱导和传播,对植物、动物或微生物产生一系列潜在的生态风

险。在土壤中反复施加含磺胺类抗生素的粪肥,土壤中磺胺类抗性基因显著提高^[26]。在施用猪粪肥的土壤中检测出多种喹诺酮类抗生素抗性基因,他们可能来源于猪粪^[27]。利用猪场废水灌溉农田,土壤中抗性基因 *tetQ*、*tetZ* 分别提高了 500 和 9 倍^[28]。土壤中抗性基因的含量和丰度与相应的抗生素含量之间存在联系^[29],如养殖场附近或施用猪粪肥土壤中四环素抗性基因 *tetM*、*tetO*、*tetQ* 和 *tetW* 等的绝对拷贝数与相应抗生素残留量存在正相关^[30],并且发现畜禽粪便中 *sulIII* 基因的丰度与相应抗生素含量呈正相关^[12]。

农田土壤中的抗性基因可能会在土壤微生物、蔬菜以及畜禽动物之间水平转移,并在动植物体内富集,威胁食品安全,带来极大的健康风险^[31],如在畜禽类发酵制品中的益生菌体内检出了四环素类、链霉素类和 β -内酰胺类抗性基因^[32];在家禽肉、猪肉及香肠制品中也发现了四环素类、氨基糖苷类和 β -内酰胺类抗性基因^[33]。同样,在新鲜蔬菜(如西红柿、辣椒、黄瓜、胡萝卜及生菜)^[34]及蔬菜沙拉中发现了多种抗性基因^[35]。

2.2 影响土壤微生物群落结构和功能

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,是衡量土壤肥力的重要指标。抗生素在土壤中累积,抑制其靶标微生物的繁殖和代谢活动,选择性的诱杀土著微生物或者诱导抗性菌株的产生,其他未受到抑制的微生物能够获得大量资源而快速繁殖,改变微生物群落组成和功能,破坏土壤微生态平衡,影响土壤肥力。

外源添加青霉素对茶园土壤细菌、放线菌和真菌都具有一定的抑制作用,低浓度的四环素显著抑制细菌和放线菌的生长^[36];长期抗生素暴露下,土壤中细菌/真菌和 G^-/G^+ 比例发生改变,如磺胺嘧啶污染使土壤中细菌/真菌比例下降^[37],而四环素或青霉素处理茶园土壤后 G^-/G^+ 比值升高^[36]。抗生素对土壤微生物的影响因抗生素种类、浓度和土壤性质的不同有较大差异。研究表明,与四环素和环丙沙星相比,磺胺甲恶唑具有较强的生物可利用性,对土壤微生物影响会更大^[38]。红霉素轻度污染能显著抑制氨氧化细菌的生长,而中度和高度污染对土壤氨氧化细菌有增益作用^[39]。在粘土中加入 50 mg/kg 的三氯生

明显抑制土壤的呼吸作用,在沙质土壤中却没有类似现象^[40]。

土壤中残留的抗生素不但改变土壤微生物群落结构,而且会抑制土壤呼吸作用,降低微生物对碳源的利用率,干扰功能微生物参与土壤生态系统元素循环,危及土壤生态系统平衡。研究发现磺胺嘧啶、氧四环素和诺氟沙星 3 种抗生素对土壤呼吸的最大抑制率分别为 76.8%、20.7% 和 21.9%,并且高浓度的抗生素对土壤微生物的硝化作用均表现出不同程度的抑制作用^[41]。外源土霉素和磺胺二甲嘧啶对土壤活性有机碳含量产生明显影响,其中土壤微生物碳和易氧化碳含量呈现降低趋势,而水溶性有机碳和溶解性有机碳含量产生积累效应^[42]。此外,施用含有磺胺嘧啶的粪便作为有机肥,土壤中参与硝化和反硝化作用的氨氧化古菌丰度和多样性发生明显降低^[43]。土壤土霉素污染可抑制土壤氨氧化微生物,改变其微生物群落结构多样性,进而影响土壤中氮元素的生物地球化学过程^[44]。

目前,应用分子技术研究抗生素对土壤微生物群落影响的工作已广泛开展,如利用 T-RFLP(末端限制性片断多样性)方法研究土霉素对微生物群落结构的影响,结果表明土霉素对茶园土壤细菌、放线菌和真菌都具有一定的抑制作用,低浓度的四环素显著抑制细菌和放线菌的生长^[45]。但是这些方法不能同时定性和定量,对微生物群落结构研究具有一定局限性。宏基因组技术与传统分子指纹图谱技术相比能够解析复杂环境中微生物群落物种组成和相对丰度^[46]。目前,该技术主要应用于研究抗生素对水环境微生物群落影响^[47],而对于抗生素胁迫下土壤中微生物群落结构变化鲜有报道。

3 土壤中抗生素微生物消滅方法

3.1 微生物降解

微生物降解是去除土壤中抗生素污染的重要方式。近年来关于抗生素微生物降解的研究已引起国内外学者的广泛关注(表 3)。研究发现磺胺甲恶唑在土壤中易发生好氧降解,结果显示浓度为 40 $\mu\text{g}/\text{kg}$ 的磺胺甲恶唑微生物降解显著^[48]。通过改变土壤养分水平和种植蔬菜等方式提高土壤微生物活性,促进土壤中磺胺二甲嘧啶的微生物

物降解^[49]。如施用粪肥能够增加土壤中有机质含量,促进微生物代谢活性和降解能力,加快磺胺类药物在混合基质中的降解速率。微生物降解作用是土壤磺胺类抗生素降解的主要途径。但是微生物对抗生素的降解能力表现出很大的差异,Alexy 等^[50]发现微生物对苜蓿青霉素的降解率为 27%,阿莫西林降解率为 5%,制霉菌素和甲氧苄氨嘧啶的降解率为 4%,其余抗生素的降解率均低于 4%。

除自然条件下的微生物降解以外,高效降解菌株的筛选和基因工程菌的研究是微生物处理土壤抗生素污染的主要研究方向。目前,关于微生物对抗生素降解的研究主要有喹诺酮类抗生素环丙沙星和诺氟沙星^[51]、四环素类抗生素^[52]、头孢类抗生素^[53]以及磺胺类抗生素^[54]等。从抗生素制药厂、药渣中筛选出四环素高效降解酵母菌(*Trichosporon mycotoxinivorans* XPY-10)、无丙二酸柠檬酸杆菌(*Citrobacter amalonaticus*)、缺陷短波

单胞菌(*Brevundimonas diminuta*)等,对四环素降解率达到 83% 以上^[52];接种土霉素高效降解葡萄球菌(*Staphylococcus* sp. TJ-1)能够将猪粪中土霉素的降解效率提升约 20%^[55]。另据报道,木质素分解真菌(*Pleurotus ostreatus*)能够降解土霉素,并且土霉素的降解产物为 2-乙酰-2-去酰胺土霉素^[56]。从长期堆放泰乐菌素药渣附近土壤中筛选出的越南伯克霍尔德菌(*Burkholderia vietnamiensis*)能够有效降解泰乐菌素;同样来源的无丙二酸柠檬酸杆菌(*Citrobacter amalonaticus*)也能够有效降解泰乐菌素^[57]。嗜热脂肪芽孢杆菌(*Bacillus stearothermophilus*)和苍白杆菌属(*Ochrobactrum haematophilum* AW1-12)对阿维菌素有很强的降解能力^[58-59];郭夏丽等^[60]发现在固定化培养后黄孢原毛平革菌(*Phanerochaete chrysosporium*)对磺胺甲恶唑的去除率达到 100%,其较优碳源和氮源分别是葡萄糖和酒石酸铵。由此可见,利用微生物降解消除土壤抗生素污染是可行的。

表 3 抗生素的主要降解途径及降解酶

Table 3 Primary degradation pathways and enzymes related to degradation of antibiotics

抗生素种类	降解菌类	降解途径	相关酶	参考文献
泰乐菌素	<i>Citrobacter amalonaticus</i>	泰乐菌素首先脱掉 1 个碳霉糖转化成泰乐菌素 B, 然后分子中内酯键和醛基再发生水解还原反应产生 2 种新的产物	胞内酶	[61]
环丙沙星 诺氟沙星	<i>Trametes versicolor</i>	哌嗪取代基的氧化;单羟基化; 形成二聚体	漆酶	[51]
头孢噻吩	<i>Bacillus cereus</i>	糠酸基团侧链的断裂	金属-β-内酰胺酶	[53]
土霉素	<i>Pleurotus ostreatus</i>	土霉素中的酰胺基转化为乙酰基而成为 2-乙酰基-2-去酰胺土霉素	细胞外漆酶	[56]

抗生素微生物降解通常受众多环境因素的影响,如温度、pH、供养情况、生物量等。活性污泥中丰富的碳源和氮源能够影响微生物对抗生素的降解效果,通过优化活性污泥中碳源和氮源配比,针对不同抗生素筛选培养特异性高效降解菌株加入到活性污泥系统中,调节活性污泥系统温度,均能够提高抗生素的降解效果^[54]。活性污泥作为国内外污水处理重要方式,通过对活性污泥中抗生素降解菌的研究,去除污水中抗生素残留,降低

污水灌溉对土壤抗生素污染的生态风险。并且,可以直接利用活性污泥中抗生素降解菌解决土壤抗生素污染问题。

3.2 堆肥降解

堆肥技术是一种经济有效的无害化去除畜禽粪便和污泥中抗生素的方法,主要利用微生物活动和环境条件(如水分、含氧量、温度、pH 和堆料 C/N 等)的共同作用降低粪肥中抗生素的浓度,达到有效去除土壤中残留抗生素的目的,对四环

素类、磺胺类和大环内酯类抗生素的消除效率可达50%~70%^[62-63],如堆肥处理可以去除猪粪中70%~92%四环素类抗生素^[64],鸡粪中48.4%~77.1%的氟喹诺酮类抗生素^[65]以及污泥中85%以上的四环素类抗生素^[66],而磺胺嘧啶则可完全降解^[67]。通过人为控制堆肥条件,促进堆肥中微生物代谢活性,提高微生物体内降解酶的降解能力,进而加速堆肥中抗生素的去除,如翻堆+机械通风能够促进堆肥腐熟进程,提高堆体温度,可以有效去除猪粪中磺胺二甲嘧啶、土霉素、金霉素和泰妙霉素^[68],较高的初始C/N(25.5~32.8)能够有效降解鸡粪堆肥中土霉素的降解^[69]。

添加微生物菌剂也能促进堆肥中抗生素的去除,如添加枯草芽胞杆菌和地衣芽胞杆菌混合菌剂,可以提高鸡粪堆肥的高温期温度,能够提高土霉素的降解速率^[70]。添加高效降解纤维素及金霉素和土霉素的复合菌剂能够促进鸡粪堆肥中金霉素和土霉素的降解^[71];接种外源耐高温产纤维素酶和蛋白酶菌种可以将喹诺酮类抗生素的去除率提高3.3%~7.2%,且诺氟沙星和洛美沙星的去除率显著提高^[65]。因此,畜禽粪便和污泥堆肥无害化处理有利于减少畜牧养殖业对土壤环境抗生素污染,具有广阔的应用前景。

3.3 酶降解

通过微生物降解酶去除土壤中抗生素的研究取得了一定进展。白腐真菌产生的天然木质素过氧化物酶和锰过氧化物酶对四环素和土霉素的降解效率分别为72.5%和84.3%^[72],其所产生的漆酶对环丙沙星的降解率达到97.7%^[51]。番薯链霉菌产生的漆酶在碱性条件下可使两种喹诺酮类抗生素环丙沙星和诺氟沙星的毒性分别降低90%和70%^[73]。利用氯过氧化物酶为催化剂,双氧水为氧化剂对降解磺胺类抗生素和林可酰胺类抗生素的降解率达90%以上。谷胱甘肽转S-转移酶可以降低四环素、磺胺噻唑和氨苄青霉素的微生物毒性^[74]。

4 问题与展望

我国作为抗生素消费大国,土壤抗生素污染状况严重。抗生素残留对微生物的生态毒性主要表现在其对土壤微生物结构功能的影响和诱导抗性基因。由于污水灌溉和畜禽粪肥的施用,使抗

生素污染物源源不断的输入土壤中,而依靠抗生素在土壤中缓慢自然消减很难在短时间内缓解土壤抗生素污染现状。寻找抗生素高效降解微生物是解决当前土壤抗生素污染问题的重要方法。目前对土壤抗生素污染微生物去除和修复的报道还比较少,目前大都还处于实验室研究阶段,抗生素微生物降解途径、降解机制尚不清晰,因此亟需从以下几个方面深入研究:①筛选高效降解抗生素的复合菌系,通过菌株之间的相互协作,利用共代谢机制完成对难降解抗生素的有效去除。目前仅有很少报道能够降解环丙沙星的微生物菌株。本研究组已经筛选出多株喹诺酮类抗生素降解菌,发现多菌株协作降解喹诺酮类抗生素的效率高于单菌。②对微生物降解抗生素的关键酶和关键基因进行研究,深入研究微生物降解途径和降解产物。③土壤抗生素污染是多种抗生素共存,研究能够同时降解多种抗生素的复合功能菌株或微生物复合菌剂并联合植物修复是解决土壤抗生素污染的工作重点。

参考文献:

- [1] Gothwal R, Shashidhar T. Antibiotic pollution in the environment: a review [J]. CLEAN-Soil Air Water, 2015, 43(4): 479-489.
- [2] Lienert J, Bürki T, Escher B I. Reducing micropollutants with source control: substance flow analysis of 212 pharmaceuticals in faeces and urine [J]. Water Science and Technology, 2007, 56(5): 87-96.
- [3] Larsson D G J. Antibiotics in the environment [J]. Upsala Journal of Medical Sciences, 2014, 119(2): 108-112.
- [4] Wu X L, Xiang L, Yan Q Y, et al. Distribution and risk assessment of quinolone antibiotics in the soils from organic vegetable farms of a subtropical city, Southern China [J]. Science of the Total Environment, 2014, 487: 399-406.
- [5] Hamscher G, Sczesny S, Höper H, et al. Determination of persistent tetracycline residues in soil fertilized with liquid manure by high-performance liquid chromatography with electrospray ionization tandem mass spectrometry [J]. Analytical Chemistry, 2002, 74(7): 1509-1518.
- [6] Carlson J C, Mabury S A. Dissipation kinetics and mobility of chlortetracycline, tylosin, and monensin in an agricultural soil in northumberland county, Ontario, Canada [J]. Environmental Toxicology and Chemistry, 2006, 25(1): 1-10.
- [7] Ho Y B, Zakaria M P, Latif P A, et al. Occurrence of veterinary antibiotics and progesterone in broiler manure and agricul-

- tural soil in Malaysia[J]. *Science of the Total Environment*, 2014, 488: 261-267.
- [8] Leal R M P, Figueira R F, Tornisiello V L, et al. Occurrence and sorption of fluoroquinolones in poultry litters and soils from São Paulo State, Brazil[J]. *Science of the Total Environment*, 2012, 432: 344-349.
- [9] 苏思慧, 何江涛, 杨蕾, 等. 北京东南郊土壤剖面氟喹诺酮类抗生素分布特征[J]. *环境科学*, 2014, 35(11): 4257-4266.
- [10] 王佳佳. 北京地区蔬菜土壤抗生素抗性基因分布特征的研究[D]. 吉林: 东北电力大学, 2016.
- [11] 张志强, 李春花, 黄绍文, 等. 土壤及畜禽粪便中四环素类抗生素固相萃取-高效液相色谱法的优化与初步应用[J]. *植物营养与肥料学报*, 2013, 19(3): 713-726.
- [12] Jia X L, Shen Q H, Liu F, et al. Antibiotics 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, 235-236(15): 178-185.
- [13] 沈群辉. 养殖场及周边农田土壤抗生素抗性基因和重金属污染初步研究[D]. 上海: 东华大学, 2013.
- [14] 张树清, 张夫道, 刘秀梅, 等. 规模化养殖畜禽粪主要有毒成分测定分析研究[J]. *植物营养与肥料学报*, 2005, 11(6): 822-829.
- [15] 尹春艳, 骆永明, 滕应, 等. 典型设施菜地土壤抗生素污染特征与积累规律研究[J]. *环境科学*, 2012, 33(8): 2810-2816.
- [16] 罗凯, 李文红, 张海波, 等. 南京典型设施菜地有机肥和土壤中四环素类抗生素的污染特征调查[J]. *土壤*, 2014, 46(2): 330-338.
- [17] 张慧敏, 章明奎, 顾国平. 浙北地区畜禽粪便和农田土壤中四环素类抗生素残留[J]. *生态与农村环境学报*, 2008, 24(3): 69-73.
- [18] Xiang L, Wu X L, Jiang Y N, et al. Occurrence and risk assessment of tetracycline antibiotics in soil from organic vegetable farms in a subtropical city, south China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2016; 23(14): 13984-13995.
- [19] Tamtam F, Van Oort F, Le Bot B, et al. Assessing the fate of antibiotic contaminants in metal contaminated soils four years after cessation of long-term waste water irrigation[J]. *Science of the Total Environment*, 2011, 409(3): 540-547.
- [20] 郇义萍, 莫测辉, 李彦文, 等. 长期施用粪肥土壤中喹诺酮类抗生素的含量与分布特征[J]. *中国环境科学*, 2010, 30(6): 816-821.
- [21] 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.
- [22] Li C, Chen J, Wang J, et al. Occurrence of antibiotics in soils and manures from greenhouse vegetable production bases of Beijing, China and an associated risk assessment[J]. *Science of the Total Environment*, 2015, 521: 101-107.
- [23] Li Y W, Wu X L, Mo C H, et al. Investigation of sulfonamide, tetracycline, and quinolone antibiotics in vegetable farmland soil in the Pearl River Delta area, southern China[J]. *Journal of agricultural and food chemistry*, 2011, 59(13): 7268-7276.
- [24] Andersson D I, Hughes D. Microbiological effects of sublethal levels of antibiotics[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2014, 12(7): 465-478.
- [25] 沈怡雯, 黄智婷, 谢冰. 抗生素及抗性基因在环境中的污染、降解和去除研究进展[J]. *应用与环境生物学报*, 2015, 21(2): 181-187.
- [26] Heuer H, Solehati Q, Zimmerling U, et al. Accumulation of sulfonamide resistance genes in arable soils due to repeated application of manure containing sulfadiazine[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2011, 77(7): 2527-2530.
- [27] Xu Y, Yu W, Ma Q, et al. Occurrence of (fluoro) quinolones and (fluoro) quinolone resistance in soil receiving swine manure for 11 years[J]. *Science of the Total Environment*, 2015, 530: 191-197.
- [28] Hong P Y, Yannarell A C, Dai Q, et al. Monitoring the perturbation of soil and groundwater microbial communities due to pig production activities[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79(8): 2620-2629.
- [29] 王冲, 罗义, 毛大庆. 土壤环境中抗生素的来源、转归、生态风险以及消减对策[J]. *环境化学*, 2014, 33(1): 19-29.
- [30] Li J, Shao B, Shen J Z, et al. Occurrence of chloramphenicol-resistance genes as environmental pollutants from swine feedlots[J]. *Environmental Science and Technology*, 2013, 47(6): 2892-2897.
- [31] 姜阳, 张昭寰, 肖莉莉, 等. 食品源抗生素抗性基因的来源于分布状况研究进展[J]. *食品工业科技*, 2015, 36(12): 368-374.
- [32] Sabine K, Vincent P, Helen B, et al. Antibiotic susceptibility patterns and resistance genes of starter cultures and probiotic bacteria used in food[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2006, 29: 145-155.
- [33] Cristiana G, Carla V, Giada Z, et al. Direct detection of antibiotic resistance genes in specimens of chicken and pork meat[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2007, 113: 75-83.
- [34] Marti R, Scott A, Tien Y C, et al. Impact of manure fertilization on the abundance of antibiotic resistant bacteria and fre-

- quency of detection of antibiotic resistance genes in soil and on vegetables at harvest[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2013, 79(18):5701.
- [35] Joana C, Joana M, Nazaré P, et al. Microbiological quality of ready-to-eat salads: An underestimated vehicle of bacteria and clinically relevant antibiotic resistance genes[J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2013, 166:464-470.
- [36] Hammesfahr U, Heuer H, Manzke B, et al. Impact of the antibiotic sulfadiazine and pig manure on the microbial community structure in agricultural soils[J]. *Soil Biology and Biochemistry*, 2008, 40(7): 1583-1591.
- [37] 徐晨光, 张奇春, 侯昌萍. 外源抗生素对茶园土壤微生物群落结构的影响[J]. *浙江大学学报(农业与生命科学版)*, 2014, 40(1): 75-84.
- [38] Conkle J L, White J R. An initial screening of antibiotic effects on microbial respiration in wetland soils[J]. *Journal of Environmental Science and Health, Part A*, 2012, 47(10): 1381-1390.
- [39] Yu B, Wang X, Yu S, et al. Effects of roxithromycin on ammonia-oxidizing bacteria and nitrite-oxidizing bacteria in the rhizosphere of wheat[J]. *Applied Microbiology Biotechnology*, 2014, 98(1): 263-272.
- [40] Waller N J, Kookana R S. Effect of triclosan on microbial activity in Australian soils[J]. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 2009, 28(1): 65-70.
- [41] 杨基峰, 应光国, 赖华杰, 等. 三种抗生素对土壤呼吸和硝化作用的影响[J]. *生态环境学报*, 2014, 23(6): 1050-1056.
- [42] 凌德, 李婷, 张世熔, 等. 外源土霉素和磺胺二甲嘧啶对土壤活性有机碳含量的影响[J]. *农业环境科学学报*, 2015, 34(2): 297-302.
- [43] Schauss K, Focks A, Leininger S, et al. Dynamics and functional relevance of ammonia-oxidizing archaea in two agricultural soils[J]. *Environmental Microbiology*, 2009, 11(2): 446-456.
- [44] Liu W, Pan N, Chen W, et al. Effect of veterinary oxytetracycline on functional diversity of soil microbial community[J]. *Plant Soil Environment*, 2012, 58(7): 295-301.
- [45] 张昊, 张利兰, 王佳, 等. 土霉素暴露对小麦根际抗生素抗性细菌及土壤酶活性的影响[J]. *生态学报*, 2012, 32(2): 0508-0516.
- [46] Rinke C, Schwientek P, Sczyrba A, et al. Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter[J]. *Nature*, 2013, 499(7459): 431-437.
- [47] 刘佳, 易乃康, 熊永娇, 等. 人工湿地构型对水产养殖废水含氮污染物和抗生素去除影响[J]. *环境科学*, 2016, (9): 3430-3437.
- [48] Lin K, Gan J. Sorption and degradation of wastewater-associated non-steroidal anti-inflammatory drugs and antibiotics in soils[J]. *Chemosphere*, 2011, 83(3): 240-246.
- [49] 徐秋桐, 顾国平, 章明奎. 适宜水分和养分提高土壤中磺胺二甲嘧啶降解率[J]. *农业工程学报*, 2016, 32(z1): 132-138.
- [50] Alexy R, Kumpel T, Kümmerer K. Assessment of degradation of 18 antibiotics in the closed bottle test[J]. *Chemosphere*, 2004, 57(6): 505-512.
- [51] Prieto A, Moder M, Rodil R, et al. Degradation of antibiotics norfloxacin and ciprofloxacin by a white-rot fungus and identification of degradation products[J]. *Bioresource Technology*, 2011, 102(23): 10987-10995.
- [52] 冯福鑫, 许旭萍, 程群星, 等. 四环素高效降解酵母菌 *Trichosporon mycotoxinivorans* XPY-10[J]. *环境工程学报*, 2013, 7(12): 4779-4785.
- [53] Erickson B D, Elkins C A, Mullis L B, et al. A metallo- β -lactamase is responsible for the degradation of ceftiofur by the bovine intestinal bacterium *Bacillus cereus* P41[J]. *Veterinary Microbiology*, 2014, 172(3): 499-504.
- [54] Müller E, Schüssler W, Horn H, et al. Aerobic biodegradation of the sulfonamide antibiotic sulfamethoxazole by activated sludge applied as co-substrate and sole carbon and nitrogen source[J]. *Chemosphere*, 2013, 92(8): 969-978.
- [55] 沈东升, 何虹葵, 汪美贞, 等. 土霉素降解菌 TJ-1 在猪粪无害化处理中的作用[J]. *环境科学学报*, 2013, 33(1): 147-153.
- [56] Migliore L, Fiori M, Spadoni A, et al. Biodegradation of oxytetracycline by *Pleurotus ostreatus* mycelium; a mycoremediation technique[J]. *Journal of hazardous materials*, 2012, 215: 227-232.
- [57] 马玉龙, 张作义, 李宁普, 等. 废弃药渣中残留泰乐菌素降解菌的筛选[J]. *环境科学研究*, 2010, 23(8): 1076-1080.
- [58] 胡秀虹, 黄剑. 阿维菌素降解菌 AW1-12 的筛选与分类鉴定[J]. *西南农业学报*, 2013, 26(2): 583-586.
- [59] 魏艳丽, 李纪顺, 扈进冬, 等. 降解阿维菌素耐高温菌株 AZ11 的分离及降解特性[J]. *山东科学*, 2013, 26(4): 16-19.
- [60] 郭夏丽, 朱正威. 黄孢原毛平革菌降解磺胺甲噁唑的影响因素[J]. *环境工程学报*, 2015, (4): 2002-2006.
- [61] 王艳, 马玉龙, 马琳, 等. 泰乐菌素的微生物降解途径及其降解产物研究[J]. *环境科学学报*, 2015, 35(2): 491-498.
- [62] Pruden A, Larsson D G J, Amézquita A, et al. Management options for reducing the release of antibiotics and antibiotic resistance genes to the environment[J]. *Environmental Health*

- Perspectives, 2013, 121(8): 878-885.
- [63] Kim K R, Owens G, Ok Y S, et al. Decline in extractable antibiotics in manure-based composts during composting [J]. Waste Management, 2012, 32(1): 110-116.
- [64] Wu X F, Wei Y S, Zheng J X, et al. The behavior of tetracyclines and their degradation products during swine manure composting [J]. Bioresource Technology, 2011, 102: 5924-5931.
- [65] 孟磊, 杨兵, 薛南冬, 等. 高温堆肥对鸡粪中氟喹诺酮类抗生素的去除 [J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(2): 377-383.
- [66] 韦蓓, 黄福义, 李虎, 等. 污泥堆肥过程中磺胺类和大环内酯类抗性基因的残留 [J]. 应用于环境生物学报, 2014, 20(3): 395-400.
- [67] Selvam A, Xu D, Zhao Z, et al. Fate of tetracycline, sulfonamide and fluoroquinolone resistance genes and the changes in bacterial diversity during composting of swine manure [J]. Bioresource Technology, 2012, 126: 383-390.
- [68] 潘寻, 强志民, 贲伟伟. 高温堆肥对猪粪中多类抗生素的去除效果 [J]. 生态与农村环境学报, 2013, 29(1): 64-69.
- [69] 王桂珍, 李兆君, 张树清, 等. 碳氮比对鸡粪堆肥中土霉素降解和堆肥参数的影响 [J]. 中国农业科学, 2013, 46(7): 1399-1407.
- [70] 仇天雷, 高敏, 韩梅琳, 等. 鸡粪堆肥过程中四环素类抗生素及抗性细菌的消减研究 [J]. 农业环境科学学报, 2015, 34(4): 795-800.
- [71] 秦莉, 高茹英, 徐亚平, 等. 堆肥中高效降解纤维素及金霉素和土霉素的复合菌系的构建 [J]. 农业环境科学学报, 2014, 33(30): 465-470.
- [72] Wen X H, Jia Y N, Li J X. Enzymatic degradation of tetracycline and oxytetracycline by crude manganese peroxidase prepared from *Phanerochaete chrysosporium* [J]. Journal of Hazardous Materials, 2010, 177: 924-928.
- [73] Blázquez A, Guillén F, Rodríguez J, et al. The degradation of two fluoroquinolone based antimicrobials by *SilA*, an alkaline laccase from *Streptomyces ipomoeae* [J]. World Journal of Microbiology and Biotechnology, 2016, 32(3): 1-8.
- [74] Park H, Choung Y K. Degradation of antibiotics (tetracycline, sulfathiazole, ampicillin) using enzymes of glutathione S-transferase [J]. Human and Ecological Risk Assessment, 2007, 13: 1147-1155.

· 写作常识 ·

摘要及关键词

按照国家标准《科学技术报告、学位论文和学术论文的编写格式》(GB7713-87)的规定,摘要是报告、论文的内容不加注释和评论的简短陈述,应具有独立性和自含性,即不阅读报告、论文的全文,就能获得必要的信息。摘要中有数据、有结论,是一篇完整的短文,可以独立使用,可以引用,可以用于工艺推广。摘要的内容应包含与报告、论文同等量的主要信息,供读者确定有无必要阅读全文,也供文摘等二次文献采用。摘要一般应说明研究工作目的、实验方法、结果和最终结论等,而重点是结果和结论。中文摘要一般不宜超过200~300字,外文摘要不宜超过250个实词,如遇特殊需要字数可以略多。除了实在无变通办法可用以外,摘要中不用图、表、化学结构式、非公知公用的符号和术语。

关键词是为了文献标引工作从报告、论文中选取出来用以表示全文主题内容信息款目的单词或术语,选自题名、副题名和正文中。每篇报告、论文选取3~8个词作为关键词。如有可能,尽量用《汉语主题词表》等词表提供的规范词,但也允许使用未进入词表的新学科领域内的新词、新术语。关键词既能起到在检索文献时快速查询作用,又能在理解文献时起到准确地引导、定位作用。