

## 畜禽养殖场气载抗性基因污染特征与技术挑战

王灿, 张媛, 宋璐

### 引用本文:

王灿, 张媛, 宋璐. 畜禽养殖场气载抗性基因污染特征与技术挑战[J]. *农业环境科学学报*, 2023, 42(6): 1187–1194.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0991>

## 您可能感兴趣的其他文章

### Articles you may be interested in

#### 生态循环水养殖池塘抗生素抗性基因污染特征研究

曲疆奇, 张清靖, 吴彦飞, 俞文钰, 赵萌, 朱华

*农业环境科学学报*. 2023, 42(3): 641–651 <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0492>

#### 天津市畜禽粪污处理工艺对抗生素抗性基因的去除效果

闫雷, 丁工尧, 杨凤霞, 阮蓉, 韩秉君, 支苏丽, 张克强

*农业环境科学学报*. 2021, 40(9): 2021–2030 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-1280>

#### 华北地区不同规模畜禽养殖场粪便中抗生素抗性基因污染特征

邹威, 金彩霞, 魏闪, RamasamyRajeshKumar, 周启星

*农业环境科学学报*. 2020, 39(11): 2640–2652 <https://doi.org/10.11654/jaes.2020-0403>

#### 重金属协同选择环境细菌抗生素抗性及其机制研究进展

张佳奇, 徐艳, 罗义, 毛大庆

*农业环境科学学报*. 2016, 35(3): 409–418 <https://doi.org/10.11654/jaes.2016.03.001>

#### 大黄鱼养殖海域沉积物中抗生素抗性基因分布特征及其影响因素

黄薇, 刘洋, 饶秋华, 罗钦, 王为刚, 宋永康, 罗士炎

*农业环境科学学报*. 2023, 42(1): 197–208 <https://doi.org/10.11654/jaes.2022-0693>



关注微信公众号, 获得更多资讯信息

王灿, 张媛, 宋璐. 畜禽养殖场气载抗性基因污染特征与技术挑战[J]. 农业环境科学学报, 2023, 42(6): 1187-1194.

WANG C, ZHANG Y, SONG L. Pollution characteristics and technology threats of airborne antibiotic resistance genes in livestock farmlands [J]. *Journal of Agro-Environment Science*, 2023, 42(6): 1187-1194.

# 畜禽养殖场气载抗性基因污染特征与技术挑战

王灿<sup>1,2</sup>, 张媛<sup>1,2</sup>, 宋璐<sup>1,2\*</sup>

(1. 天津大学环境科学与工程学院, 天津 300350; 2. 天津市室内环境空气质量控制重点实验室, 天津 300072)

**摘要:** 抗生素在畜禽养殖行业的广泛使用导致大量耐药菌的出现, 进而加速了抗生素抗性基因(ARGs)在养殖场环境中的传播扩散。气溶胶作为 ARGs 的储存库, 由于具有较高的潜在风险而成为环境健康中的热点问题。国内外专家针对畜禽养殖场中气载 ARGs 的分布特征与传播转移机制展开了一系列研究。本文综述了近年畜禽养殖场气载 ARGs 的研究进展, 分析了国内外典型养殖场空气中 ARGs 的归趋特性, 阐明了气载 ARGs 的传播转移机制, 并探讨了这一环境污染对人体健康的潜在风险, 以期为今后畜禽养殖工作及 ARGs 的健康风险管控提供参考。

**关键词:** 畜禽养殖场; 气载抗生素抗性基因; 影响因素; 风险机制

中图分类号: X713 文献标志码: A 文章编号: 1672-2043(2023)06-1187-08 doi:10.11654/jaes.2022-0991

## Pollution characteristics and technology threats of airborne antibiotic resistance genes in livestock farmlands

WANG Can<sup>1,2</sup>, ZHANG Yuan<sup>1,2</sup>, SONG Lu<sup>1,2\*</sup>

(1. School of Environment Science and Engineering, Tianjin University, Tianjin 300350, China; 2. Tianjin Key Lab of Indoor Air Environmental Quality Control, Tianjin 300072, China)

**Abstract:** The extensive utilization of antibiotics in livestock farms has resulted in the emergence of numerous antibiotic resistant bacteria, which has invariably accelerated the spread of antibiotic resistance genes (ARGs) in farms. As a repository of ARGs, aerosol has become a critical concern for environmental health owing to its high potential risks. Experts and scholars at home and abroad have conducted series of studies on the distribution characteristics, transmission, and transfer mechanisms of ARGs in the air, and the interaction between ARGs and microorganisms in livestock farms. This paper contains the following: a review on the recent progress in the study of airborne ARGs in livestock farms, an analysis of the fate of ARGs in the air in typical farmlands at home and abroad, as well as the transmission mechanisms, and lastly a discussion on the potential risks, as reference for future risk management and ARGs control in livestock farms.

**Keywords:** livestock farm; airborne ARGs; influencing factor; risk mechanism

近年来, 由于抗生素可以高效预防和治疗由细菌、真菌和原生动物等引起的感染而被广泛使用<sup>[1]</sup>。但抗生素的使用诱导细菌产生了使抗生素药物失效

的抗生素抗性基因(ARGs)。调查表明, 全球超过70%的抗生素都被用于畜禽养殖<sup>[2]</sup>。抗生素在动物体内只有少部分被吸收代谢, 其余30%~90%通过排泄

收稿日期: 2022-10-08 录用日期: 2023-02-08

作者简介: 王灿(1981—), 男, 湖北人, 教授, 主要从事生物气溶胶检测与控制、挥发性有机物与恶臭气体生物净化等方面的研究。

E-mail: wangcan@tju.edu.cn

\*通信作者: 宋璐 E-mail: happylulur@163.com

基金项目: 天津市科技计划重点项目(21JCZDJC00580)

Project supported: The Science and Technology Key Program of Tianjin, China(21JCZDJC00580)

物进入环境中<sup>[9]</sup>,这为环境中耐药细菌(ARB)的产生提供了更大的选择优势。有研究表明,养殖场内动物粪便中的微生物容易气溶胶化,进而可以向外排放<sup>[4-5]</sup>,而悬浮在空气中的微生物气溶胶和细颗粒物是携带 ARGs 从牲畜向人类传播的主要途径之一<sup>[6-7]</sup>。人畜共患病抗性病原体在新出现的传染病事件中起到关键作用<sup>[8]</sup>,近年来动物源病原体在空中传播引起的人类健康危机受到了广泛关注<sup>[9-10]</sup>,因此有必要研究畜禽养殖场中 ARGs 及 ARB 的空气传播途径。在此基础上,本研究针对畜禽养殖场中抗生素的使用及气载 ARGs 相关研究和公告做了调查,结果见图1。

目前人们对于水和土壤环境中 ARGs 的赋存规律及归趋特性已经进行了较为深入的研究<sup>[11-13]</sup>,但对于气载 ARGs 的关注较少。同时,由于空气与其他介质不同,空气中的传质阻力更小、扩散性更强,而且机理更为复杂,影响可能更大。因此,本文讨论总结了畜禽养殖场中气载 ARGs 的污染现状与传播转移特点,探究了畜禽养殖场中气载抗性基因传播的影响因素和对人体产生的健康风险,为今后畜禽养殖场生态风险和人体健康风险管控提供参考。

## 1 畜禽养殖场中气载 ARGs 的污染现状

气载 ARGs 的采集方法通常可以按照其采集原理划分为撞击式采样法、气旋式采样法、静电式采样法和过滤式采样法,ARGs 常见的分析方法有 PCR、qPCR、HT-qPCR、ddPCR、宏基因组学或多种方法的组合,采集及检测方法的选择对于最终的检测结果和效率有着重要的影响。近年来,越来越多的研究在畜禽养殖场空气环境中检出 ARGs<sup>[14-23]</sup>(表1)。在养猪场空气环境中,Liu 等<sup>[24]</sup>研究发现 94% 的菌株对磺胺

甲恶唑具有耐药性,有 3 种菌株对 9 种抗生素具有耐药性,并发现携带 ARGs 的金黄色葡萄球菌形成的气溶胶已扩散到养殖场外的环境中。Chen 等<sup>[25]</sup>在猪场、牛场、蛋鸡舍、肉鸡舍内空气中均发现了大量的 ARB。畜禽养殖场空气中的 ARGs 及 ARB 主要来源于动物粪便,粪便中的 ARGs 及 ARB 随着粪便处理和动物移动很容易被气溶胶化<sup>[26]</sup>。但有研究发现,某些 ARGs 如 *mexF* 在气溶胶中的相对丰度高于在粪便中的,这表明气溶胶中的 ARGs 也可能存在其他来源<sup>[27]</sup>。

通过查阅文献,将“空气”“气载”“气溶胶”“大气”“抗性基因”“抗性”“抗菌”“抗生素”“养殖场”“鸡场”“猪场”“牛场”“畜禽”中不同属性的关键词进行组合,在中国知网数据库进行检索,将“air”“airborne”“airborne”“bioaerosol”“atmosphere”“antimicrobial”“antibiotic”“anti-bacterial”“antibiotic resistance”“resist”“antibiotic”“farm”“chicken farm”“pig farm”“livestock and poultry”中不同属性的关键词进行组合,在 Web of Science 中检索近 5 年的文献,并删除不相关文章,对相关文献中国内外典型畜禽养殖场气载 ARGs 检出频次与浓度范围进行整理总结,见图 2。如图 2a 所示,关于养鸡场中气载 ARGs 的研究较多,且集中于四环素类 ARGs。四环素是一类广谱抑菌药物,因其价格低廉且高效的的优势在畜禽养殖中有较高使用频率<sup>[2]</sup>,据调查我国 2013 年用于畜禽养殖行业的四环素总量为 5 780 t,其中 1 130 t 用于养鸡场<sup>[28]</sup>。在选择压力下,许多细菌对四环素类抗生素产生耐药性,且这些细菌广泛存在于各类畜禽养殖场空气环境中。除此以外,四环素类、磺胺类、 $\beta$ -内酰胺类、MLS<sub>B</sub> 类 ARGs 在畜禽养殖场空气环境中均有较高检出浓度,最高可达  $10^8$  copies·m<sup>-3</sup>(图 2b)。值得注意的是,万古霉素类

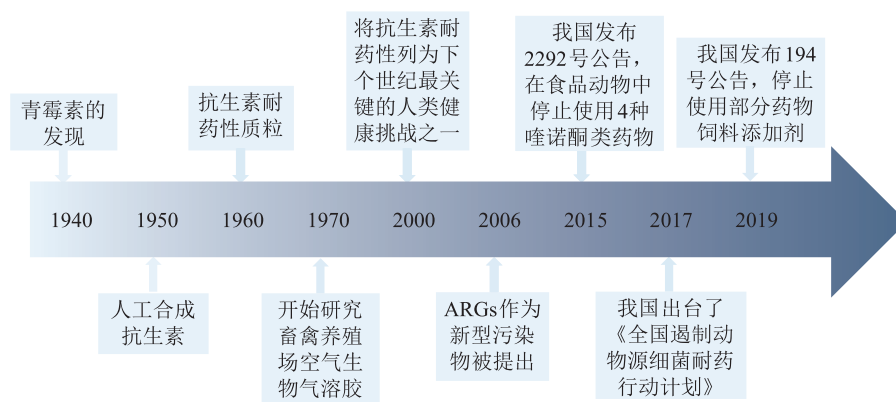


图1 畜禽养殖场中抗生素的使用及气载 ARGs 的研究进展

Figure 1 Development of antibiotics and airborne ARGs in livestock farms

表1 典型畜禽养殖场中气载 ARGs 的检出

Table 1 Detection of airborne ARGs in the livestock farms

养殖场类型 Farm type	检测方法 Detection method	单位 Unit	ARGs 亚型 Subtype of ARGs	参考文献 Reference
猪舍	qPCR	lg copies · m <sup>-3</sup>	<i>strA</i> , <i>qnrA</i> , <i>ermA</i> , <i>ermB</i> , <i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>tetM</i> , <i>tetG</i> , <i>tetO</i>	[14]
鸡舍	qPCR	genes · m <sup>-3</sup>	<i>ermB</i> , <i>ermC</i> , <i>tetA</i> , <i>tetG</i>	[15]
鸡舍	qPCR	copies · m <sup>-3</sup>	<i>tetL</i> , <i>tetW</i>	[16]
鸡舍	qPCR	ARGs · 16s rRNA genes <sup>-1</sup>	<i>aadA</i> , <i>tetO</i> , <i>bla<sub>TEM</sub></i> , <i>fexA</i> , <i>flor</i> , <i>tetO</i> , <i>tetG</i>	[17]
牛舍	qPCR	ARGs · 16s rRNA genes <sup>-1</sup>	<i>aadA</i> , <i>bla<sub>TEM</sub></i> , <i>fexA</i>	[17]
鸡舍	qPCR	copies · m <sup>-3</sup>	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>sul3</i> , <i>ermB</i> , <i>ermC</i> , <i>tetA</i> , <i>tetC</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> , <i>qnrA</i> , <i>qepA</i> , <i>qnrS</i> , <i>ampC</i> , <i>bla<sub>OXA-1</sub></i> , <i>bla<sub>OXA-2</sub></i> , <i>bla<sub>SHV-1</sub></i> , <i>bla<sub>TEM-1</sub></i> , <i>bla<sub>GES-1</sub></i> , <i>aacC2</i> , <i>aacC3</i>	[18]
猪舍	qPCR	copies · ng <sup>-1</sup> DNA	<i>tetG</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> , <i>tetZ</i>	[19]
牛舍	qPCR	copies · ng <sup>-1</sup> DNA	<i>tetG</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> , <i>tetZ</i>	[19]
鸡舍	qPCR	copies · ng <sup>-1</sup> DNA	<i>tetG</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> , <i>tetZ</i>	[19]
猪舍	qPCR	copies · m <sup>-3</sup>	<i>ermB</i> , <i>ermF</i> , <i>tetW</i>	[20]
鸡舍、肉鸽舍、 鹌鹑舍	PCR	—	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>sul3</i>	[21]
鸡舍	qPCR	copies · m <sup>-3</sup>	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>sul3</i> , <i>tetA</i> , <i>tetC</i> , <i>tetM</i> , <i>tetQ</i> , <i>tetW</i> , <i>ermB</i> , <i>ermC</i> , <i>qnrS</i> , <i>qnrA</i> , <i>qepA</i> , <i>aacC2</i> , <i>aacC3</i> , <i>ampC</i> , <i>bla<sub>OXA-1</sub></i> , <i>bla<sub>OXA-2</sub></i> , <i>bla<sub>TEM-1</sub></i> , <i>bla<sub>GES-1</sub></i> , <i>bla<sub>SHV-1</sub></i>	[22]
鸡舍	qPCR	copies · m <sup>-3</sup>	<i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>tetG</i> , <i>tetM</i> , <i>tetO</i> , <i>tetQ</i> , <i>ermA</i> , <i>ermB</i> , <i>strA</i> , <i>qnrA</i> , <i>bla<sub>TEM</sub></i>	[23]

注：“—”表示文章中采用PCR技术定性检测,无单位信息。

Node: “—” indicates the qualitative detection using PCR technique in the article without unit information.

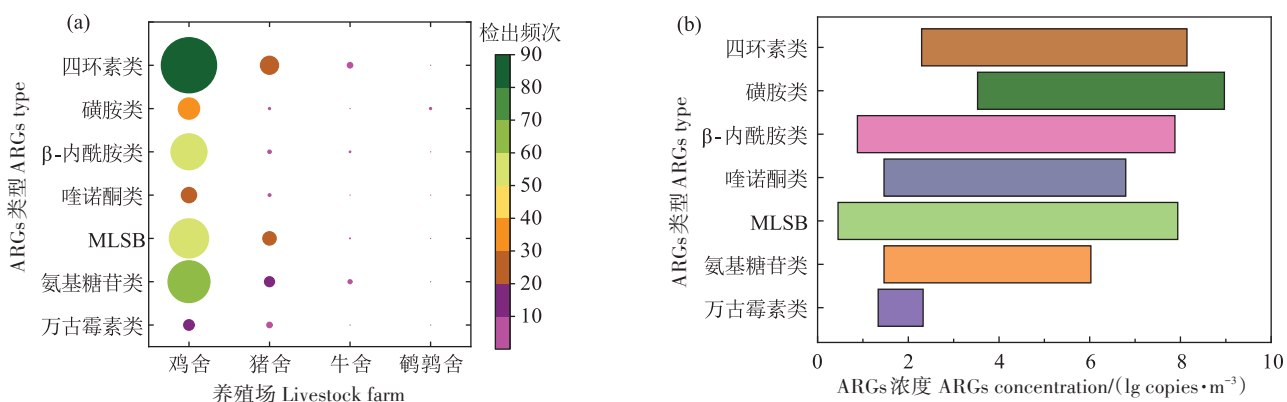


图2 典型畜禽养殖场中气载 ARGs 检出频率及浓度范围

Figure 2 Detection frequency and concentration range of airborne ARGs in the environment of livestock farms

ARGs 虽然检出浓度较低,但其是在所有抗生素均失效的情况下用来治疗严重感染的抗生素,被认为是“最后一线药物”,这表明畜禽养殖场空气环境中存在的抗生素健康风险不容小觑。

## 2 畜禽养殖场中气载 ARGs 的传播

畜禽养殖场中 ARGs 分布广泛,对环境和人体健康都存在威胁,其中气载 ARGs 潜在的在宏观环境中的传播扩散途径如图3所示。研究表明,畜禽养殖场气载 ARGs 来源广泛,其中粪便是气载 ARGs 的主要来源之一<sup>[14]</sup>。由于空气动力学的性质,空气传播的 ARGs 可能会由于天气事件的驱动而进行长距离运

输。通过对鸡场和奶牛场的气溶胶及周围空气进行研究并建立大气扩散模型,发现空气中的 ARGs 可以沿风向从畜禽养殖场分散到 10 km 的距离<sup>[17]</sup>。另一项研究表明,来自养殖场的细菌可能导致周围半径 3 km 内的居民暴露<sup>[29]</sup>。同时,相对于水和土壤中的 ARGs,气载 ARGs 传播更迅速,传播距离更远,而且比较容易被人体吸入,因此可能更直接地对人体造成危害。

与此同时,畜禽养殖场中的 ARGs 可以是内源抗性(即自身固有),即可以通过诱变因素诱导而自发突变,还可以通过基因的迁移转化获得<sup>[30-31]</sup>。其中基因的迁移转化机制包括垂直转移(VGT)和水平转移



(HGT)(图4)。HGT是通过可移动的载体将 ARGs 从供体菌转移到受体菌的过程,具体的方式有接合、转化、转导等(图4)<sup>[32]</sup>。在接合过程中,质粒、转座子、整合子、插入序列、插入序列共同区元件、基因组岛和整合接合元件等可移动基因元件(MGEs)通过接合菌毛由供体细胞转移到受体细胞<sup>[33]</sup>。转化是处于感受态的细菌吸收并整合环境中存在的 DNA 的过程<sup>[34]</sup>。转导是将外源宿主遗传物质整合到噬菌体中,噬菌体通过捕食来传递遗传物质的过程<sup>[35]</sup>。畜禽养殖场是易

感细菌产生耐药性并传播的重要场所。研究发现,猪场室内气载 ARGs 在冬季时的主要传播方式是 HGT<sup>[44]</sup>。对于具有耐药性的气载病原体,ARGs 在空气环境中的 HGT 可能对人体健康造成很大的风险。VGT 是指携带 ARGs 的菌株通过繁殖进行的亲代和子代的基因传递。VGT 也可以发生在 HGT 的情况之下,即由 HGT 形成的转导接合物可以通过次级 HGT 和细胞生长进一步促进 ARGs 的传播<sup>[36]</sup>。由于在自然环境中, HGT 与 VGT 共存,在研究中我们需要区分

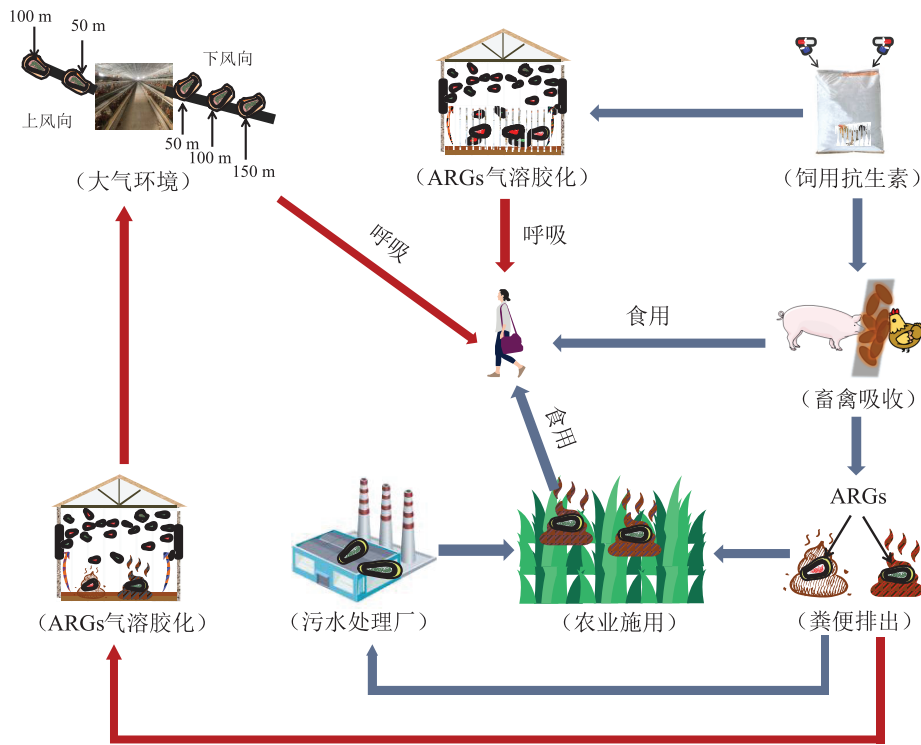


图3 畜禽养殖场中 ARGs 的传播扩散示意图  
Figure 3 Schematic diagram of ARGs spread in livestock farms

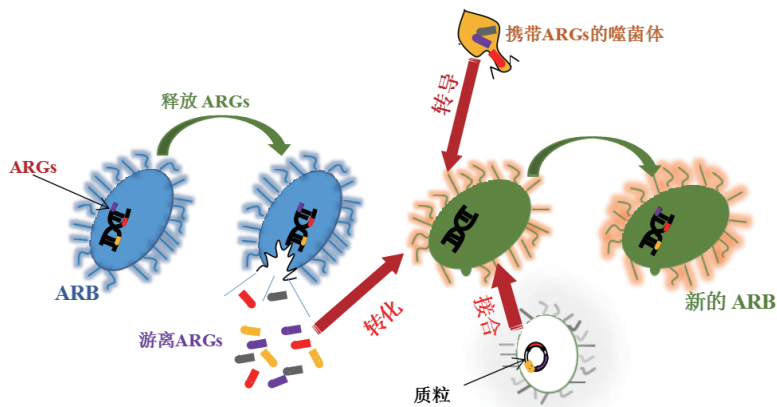


图4 ARGs 在微生物之间的转移  
Figure 4 Transmission of ARGs between microorganisms

VGT和HGT,从而了解这两种重要转移途径的机制,进而深入分析ARGs总体传播的影响因素。

### 3 畜禽养殖场中影响气载ARGs传播的主要因素

#### 3.1 抗生素

抗生素作为预防和促生长添加剂被广泛添加到畜禽饲料中<sup>[37]</sup>。抗生素的影响主要包括消化系统异常、超敏反应、毒性作用以及抗生素耐药细菌的产生和传播。研究表明,畜禽养殖中添加的抗生素经畜禽消化吸收后,会在体内诱导产生大量的ARGs,这些ARGs可通过呼吸或排泄物进入环境中<sup>[38]</sup>。排泄物中的ARGs不仅会污染周围的水和土壤生态系统,还会向大气环境逸散传播<sup>[14]</sup>。Song等<sup>[39]</sup>研究发现使用抗生素的鸡场中气载ARGs的浓度比未使用抗生素的鸡场高约2个数量级,并且添加抗生素时发生HGT的可能性也较高。研究表明,实行抗生素药物管理制度可以成功减少耐药性,例如美国通过有机饲料喂养使得养鸡场的多重耐药率从84%下降至17%<sup>[40]</sup>。因此,限制动物养殖中抗生素的添加是控制环境中ARGs的直接途径<sup>[41]</sup>。

#### 3.2 细菌群落

细菌作为各种ARGs的宿主菌,除了可以用来评估对人类的健康风险外,还可以为ARGs的传播提供针对性信息。细菌群落的变化会影响ARGs的丰度和多样性。Mantel试验表明,ARGs与细菌群落组成密切相关,表明细菌群落结构的变化是影响ARGs变化的重要因素,同时该研究通过方差分解分析确定了细菌群落占ARGs变化总量的27.6%,在ARGs的传播过程中起了关键作用<sup>[42]</sup>。值得注意的是,一些导致人畜共患病的条件致病菌(如*Kocuria*、*Staphylococcus*、*Escherichia*和*Pseudomonas*)与ARGs显著相关,表明这些属可能会改变生物气溶胶中ARGs的结构,并且*Ruminococcus*与多种ARGs均呈正相关,说明其可能具有多重耐药性<sup>[43]</sup>。我们需要进一步研究畜禽养殖场中气载ARGs的宿主,以建立更有效的方法来控制ARGs的传播。

#### 3.3 基因可转移元件

整合子、转座子及质粒等MGEs是ARGs发生HGT的重要载体。既往研究已经建立了MGEs与ARGs之间的共现模式和显著相关性,ARGs与MGEs共现率较高时ARGs有较大的可能发生HGT,HGT能够加快ARGs的传播和繁殖<sup>[44]</sup>。如在养猪场中,冬季

空气样本中的目标ARGs与MGEs的共现率较夏季更高,其中转座子IS613与整合子*int11*几乎与所有ARGs显著相关( $P<0.05$ ),并且气载ARGs浓度分布结果表明,冬季气载ARGs的平均浓度显著高于夏季<sup>[14]</sup>。

#### 3.4 环境因素

温度和湿度等物理因素都在生物气溶胶的发生、迁移、沉积中起着重要的作用。温度影响微生物在空气中的存活时间,进而可改变微生物的群落结构<sup>[45-46]</sup>。微生物群落的丰度和种类随温度变化,从而会影响其ARGs携带能力<sup>[47]</sup>。由于水分会增加生物气溶胶的粒径而增强沉积,因此湿度较大时大气中微生物的丰度会降低,从而导致气载ARGs的减少。同时,潮湿环境使得土壤或粪便中微生物气溶胶化变得更加困难,在一定程度上将会降低空气中微生物群落的丰度,从而影响气载ARGs的赋存<sup>[48]</sup>。Song等<sup>[14]</sup>发现湿度对猪场空气中宿主菌和ARGs/MGEs均有负面影响。此外,畜禽养殖场中积累的排泄物和残留的饲料释放的气溶胶很容易吸附空气中的微生物和氨、硫化氢等污染物<sup>[49]</sup>,一方面,这些污染物作为营养物质,可以为一些细菌的生长和代谢提供能量;另一方面,它们可能对细菌有毒性作用<sup>[50]</sup>,进而影响ARGs的赋存。除此以外,PM<sub>2.5</sub>作为细菌生长的载体也会影响气载ARGs的分布。因此,不同环境因素对气载ARGs的影响机制研究将为养殖条件的管理提供理论指导。

### 4 畜禽养殖场中气载ARGs的健康风险

由ARB引起的感染比由敏感微生物引起的感染更容易引起高死亡率<sup>[11]</sup>。预计到2050年,与ARB相关的人类感染将导致全球约1 000万人死亡<sup>[51]</sup>。抗生素耐药性的健康风险主要有两方面:第一,由耐药菌引起的人体感染使得疾病治疗难度加大;第二,HGT使其他菌落尤其是致病菌产生耐药性,增加了感染的风险。因此根据发生、暴露等数据定量评估ARGs与ARB的人类健康风险尤为重要。

通过分析特定的ARGs与ARB的浓度计算暴露剂量和剂量反应关系,可以评估ARGs与ARB的健康风险<sup>[11]</sup>。暴露剂量( $\text{copies}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ )是指人类个体单位质量每日接触到ARGs的剂量。Wang等<sup>[52]</sup>研究发现,在卫生间和普通室外空气环境中,通过呼吸途径暴露于ARGs的剂量( $10^2\sim 10^4\text{ copies}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ )略低于通过食物摄入的剂量( $10^3\sim 10^5\text{ copies}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ ),但高于通过饮用水摄入的剂量( $10^1\sim 10^5\text{ copies}\cdot\text{kg}^{-1}\cdot\text{d}^{-1}$ ),特别是通

过空气吸入的  $bla_{TEM-1}$  比通过饮用水的暴露剂量高出两个数量级(图5)。与城市或城市固体废物处理系统中的空气相比<sup>[53-55]</sup>, 畜禽养殖场中存在更多的气载 ARGs, 因此造成的人类暴露风险更高<sup>[56]</sup>。如与暴露于城市固体废物处理场的工人相比<sup>[54]</sup>, 养殖场中的工人吸入的  $qnrA$  和  $qnrS$  更多<sup>[57]</sup>。因此, 畜禽养殖场成为了对人类具有较大健康风险的场所。

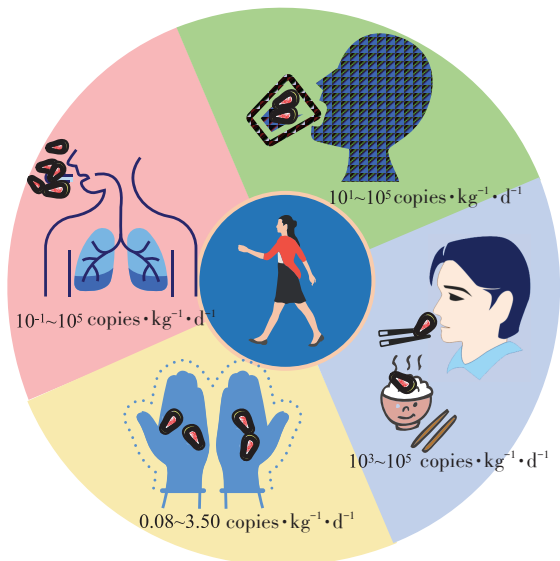


图5 ARGs通过食物、饮用水、接触和呼吸途径的暴露剂量  
Figure 5 Exposure dose rate of ARGs through food intake, drinking water, skin and the respiratory route

## 5 挑战与展望

我国在畜禽养殖行业使用的大量抗生素造成了严重的 ARGs 污染, 但对于畜禽养殖场气溶胶中的 ARGs 的研究较少, 且仍处于起步阶段。本文对畜禽养殖场中气载 ARGs 进行了综合阐述, 包括其性质、行为、传播和人类健康风险。结果表明在畜禽养殖场空气中存在多种类、高浓度的 ARGs, 其中气载 ARGs 的发生和传播方式受到抗生素使用、细菌群落、MGEs 和环境条件等多种因素影响, 具有较高的人体健康暴露风险, 因此本文对未来开展相关的研究提出以下几点建议:

### (1) 优化气载 ARGs 的采集与检测方法

气载 ARGs 与水和土壤中的 ARGs 不同, 空气中可收集颗粒物的可用性有限, 采集的样本生物量低, 导致空气中的 ARGs 不能直接分析和检测。在样本采集方面, 固体撞击采样法会使样品增殖, 从而无法准确定量 ARGs 浓度; 液体撞击采样法仅用于短时间

的空气样品采集, 由于采样时间短、样品生物量低而不能监测空气中较低浓度的 ARGs。而过滤式采样法能在一定程度上解决培养法定量难的问题, 且通过延长采样时间能够实现低浓度空气中 ARGs 的富集, 减小撞击采样法造成的样品损失。现阶段研究对于 ARGs 的检测手段存在缺陷。由于 ARGs 引物的可用性有限, 较多基于 PCR 及 qPCR 的检测方法只能集中于少数类型的 ARGs 亚型, 此外, 常规 PCR 及 qPCR 的低通量和扩增偏差, 使实际畜禽养殖场中气载 ARGs 的完整性及综合性分析具有挑战性。

### (2) 探究畜禽养殖场中气载 ARGs 的传播机制与健康风险

一些人为和生物物理过程影响和控制了气载 ARGs 的传播和转移。结合空气动力学特征, 畜禽养殖场中气载 ARGs 可能在场外广泛传播, 从而造成较大的生态健康风险。全面了解这些人为和环境影响因素对于制定保障人类健康及缓解畜禽养殖行业耐药性战略至关重要。然而, 目前关于气载 ARGs 和 ARB 在畜禽养殖场及周围环境的生物气溶胶中传播和转移的研究过于简单化, 对许多方面仍然知之甚少, 包括: 耐药菌和非耐药菌之间耐药性转移的可能性和机制; 生物气溶胶在沉积过程中 ARGs 和 ARB 的环境行为和持久性; 生物气溶胶的降解过程、人体健康暴露和健康风险研究。因此需要进一步深入研究, 清晰了解各种因素之间的互作关系, 从而减缓畜禽养殖场中气载 ARGs 的产生与传播。

### (3) 评估“禁抗令”对畜禽养殖场中耐药性的影响

我国于 2017 年出台了《全国遏制动物源细菌耐药行动计划》, 打击饲料生产企业违规添加行为; 2019 年 7 月发布了第 194 号公告, 停止生产、进口、经营、使用部分抗生素作为饲料添加剂。在我国已经全面开展“禁抗令”行动的背景下, 畜禽养殖场中仍存在耐药性问题。目前, 针对“禁抗令”对畜禽养殖场中气载 ARGs 及 ARB 影响的相关研究较少, 且由于养殖方式、养殖规模、“禁抗令”前后抗生素药物添加的剂量、种类等不尽相同, “禁抗令”产生的影响也有所差异, 现有研究缺少对“禁抗令”实施后畜禽养殖场所耐药性的全面评估, 因此有待进行深入研究, 以为畜禽养殖行业的科学发展提供理论依据。

### 参考文献:

- [1] LOPES T R, PERIOTTO F, PLETSCH A L. Bacterial resistance in sanitary sewage sludge in different treatment systems[J]. *Management of*



- Environmental Quality*, 2017, 28(1):32-42.
- [2] 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.
- [3] ZHAN X, XIAO L. Livestock waste 2016: international conference on recent advances in pollution control and resource recovery for the livestock sector[J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2017, 11(3):1-2.
- [4] WINKEL A, MOSQUERA J, KOERKAMP P, et al. Emissions of particulate matter from animal houses in the Netherlands[J]. *Atmospheric Environment*, 2015, 111:202-212.
- [5] GRIFFIN D W. Atmospheric movement of microorganisms in clouds of desert dust and implications for human health[J]. *Clinical Microbiology Reviews*, 2007, 20(3):459-477.
- [6] LI J, CAO J J, ZHU Y G, et al. Global survey of antibiotic resistance genes in air[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52(19):10975-10984.
- [7] MBARECHE H, VEILLETTE M, PILOTE J, et al. Bioaerosols play a major role in the nasopharyngeal microbiota content in agricultural environment[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2019, 16(8):1375-1399.
- [8] VANDERWAAL K, DEEN J. Global trends in infectious diseases of swine[J]. *PNAS*, 2018, 115(45):11495-11500.
- [9] ZHANG X L, JI Z, YUE Y, et al. Infection risk assessment of COVID-19 through aerosol transmission: a case study of south China seafood market[J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, 55(7):4123-4133.
- [10] KLOMPAS M, BAKER M A, RHEE C. Airborne transmission of SARS-CoV-2 theoretical considerations and available evidence[J]. *JAMA*, 2020, 324(5):441-442.
- [11] AMARASIRI M, SANO D, SUZUKI S. Understanding human health risks caused by antibiotic resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARG) in water environments: current knowledge and questions to be answered[J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2020, 50(19):2016-2059.
- [12] HE L Y, HE L K, LIU Y S, et al. Microbial diversity and antibiotic resistance in swine farm environments[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 685:197-207.
- [13] WANG J, QIN X, GUO J B, et al. Evidence of selective enrichment of bacterial assemblages and antibiotic resistant genes by microplastics in urban rivers[J]. *Water Research*, 2020, 183:116113.
- [14] SONG L, WANG C, JIANG G Y, et al. Bioaerosol is an important transmission route of antibiotic resistance genes in pig farms[J]. *Environment International*, 2021, 154:106559.
- [15] JUST N A, LETOURNEAU V, KIRYCHUK S P, et al. Potentially pathogenic bacteria and antimicrobial resistance in bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations[J]. *Annals of Occupational Hygiene*, 2012, 56(4):440-449.
- [16] GAO M, JIA R Z, QIU T L, et al. Size-related bacterial diversity and tetracycline resistance gene abundance in the air of concentrated poultry feeding operations[J]. *Environmental Pollution*, 2017, 220:1342-1348.
- [17] BAI H, HE L Y, WU D L, et al. Spread of airborne antibiotic resistance from animal farms to the environment: dispersal pattern and exposure risk[J]. *Environment International*, 2022, 158:106927.
- [18] 刘菲. 肉鸡饲养场PM<sub>2.5</sub>、粪便和土壤中抗生素抗性基因污染特征及抗生素耐药菌的分布[D]. 常州:常州大学, 2019. LIU F. Pollution characteristics of antibiotic resistance genes and distribution of antibiotic resistant bacteria in PM<sub>2.5</sub>, feces and soil of broiler farms[D]. Changzhou: Changzhou University, 2019.
- [19] 张喜庆. 不同畜禽舍内微生物气溶胶菌群结构特征及 ARGs 污染情况研究[D]. 长春:吉林农业大学, 2018. ZHANG X Q. Microbial community characteristics and antibiotic resistance genes (ARGs) of microbial aerosol in different livestock houses[D]. Changchun: Jinlin Agricultural University, 2018.
- [20] 刘长利, 郑国砥, 王磊, 等. 养猪场空气中抗性基因和条件致病菌污染特征[J]. 应用生态学报, 2018, 29(8):2730-2738. LIU C L, ZHENG G D, WANG L, et al. Sources and pollution characteristics of antibiotic resistance genes and conditional pathogenic bacteria in concentrated swine feeding operation[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2018, 29(8):2730-2738.
- [21] 金明兰, 孟庆玲, 赵玉鑫, 等. 养殖场空气中 *E. coli* 磺胺类抗生素的抗性[J]. 环境化学, 2017, 36(3):472-479. JIN M L, MENG Q L, ZHAO Y X, et al. Characterization of sulfa antibiotics resistance of *E. coli* from the air of poultry farms[J]. *Environmental Chemistry*, 2017, 36(3):472-479.
- [22] 刘楠. 集约化肉鸡饲养场抗生素抗性基因的分布及污染特征[D]. 杨凌:西北农林科技大学, 2020. LIU N. Distribution and pollution characteristics of antibiotic resistance genes in intensive broiler farms [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2020.
- [23] XU X, ZHOU W, XIE C, et al. Airborne bacterial communities in the poultry farm and their relevance with environmental factors and antibiotic resistance genes[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 846:157420.
- [24] LIU D, CHAI T, XIA X, et al. Formation and transmission of *Staphylococcus aureus* (including MRSA) aerosols carrying antibiotic-resistant genes in a poultry farming environment[J]. *Science of the Total Environment*, 2012, 426:139-145.
- [25] CHEN M, QIU T, SUN Y, et al. Diversity of tetracycline- and erythromycin-resistant bacteria in aerosols and manures from four types of animal farms in China[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2019, 26:24213-24222.
- [26] CHIEN Y C, CHEN C J, LIN T H, et al. Characteristics of microbial aerosols released from chicken and swine feces[J]. *Journal of the Air & Waste Management Association*, 2011, 61(8):882-889.
- [27] YANG Y, ZHOU R J, CHEN B W, et al. Characterization of airborne antibiotic resistance genes from typical bioaerosol emission sources in the urban environment using metagenomic approach[J]. *Chemosphere*, 2018, 213:463-471.
- [28] LI C, CHEN J Y, WANG J H, 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.
- [29] DE ROOIJ M M T, HOEK G, SCHMITT H, et al. Insights into livestock-related microbial concentrations in air at residential level in a livestock dense area[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 53(13): 7746–7758.
- [30] 王严, 宁唤唤, 梁鹰, 等. 细菌耐药性的起源与演变[J]. 基因组学与应用生物学, 2015, 34(4): 855–861. WANG Y, NING H H, LIANG Y, et al. The origin of resistance genes and evolution of antibiotic resistance[J]. *Genomics and Applied Biology*, 2015, 34(4): 855–861.
- [31] SHARMA V K, JOHNSON N, CIZMAS L, et al. A review of the influence of treatment strategies on antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes[J]. *Chemosphere*, 2016, 150: 702–714.
- [32] AMINOV R I. Horizontal gene exchange in environmental microbiota [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2011, 2: 158.
- [33] MARTI E, VARIATZA E, BALCAZAR J L. The role of aquatic ecosystems as reservoirs of antibiotic resistance[J]. *Trends in Microbiology*, 2014, 22(1): 36–41.
- [34] THOMAS C M, NIELSEN K M. Mechanisms of, and barriers to, horizontal gene transfer between bacteria[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2005, 3(9): 711–721.
- [35] CALERO-CACERES W, MUNIESA M. Persistence of naturally occurring antibiotic resistance genes in the bacteria and bacteriophage fractions of wastewater[J]. *Water Research*, 2016, 95: 11–18.
- [36] SEOANE J, YANKELEVICH T, DECHESNE A, et al. An individual-based approach to explain plasmid invasion in bacterial populations [J]. *Fems Microbiology Ecology*, 2011, 75(1): 17–27.
- [37] VAN BOECKEL T, PIRES J, SILVESTER R, et al. Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries[J]. *International Journal of Infectious Diseases*, 2020, 101: 1944.
- [38] CHEN Q L, AN X L, LI H, et al. Long-term field application of sewage sludge increases the abundance of antibiotic resistance genes in soil[J]. *Environment International*, 2016, 92/93: 1–10.
- [39] SONG L, JIANG G Y, WANG C, et al. Effects of antibiotics consumption on the behavior of airborne antibiotic resistance genes in chicken farms[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 437: 129288.
- [40] SAPKOTA A R, HULET R M, ZHANG G Y, et al. Lower prevalence of antibiotic-resistant enterococci on US conventional poultry farms that transitioned to organic practices[J]. *Environmental Health Perspectives*, 2011, 119(11): 1622–1628.
- [41] PRUDEN A, LARSSON D G J, AMEZQUITA 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.
- [42] HAN X M, HU H W, CHEN Q L, et al. Antibiotic resistance genes and associated bacterial communities in agricultural soils amended with different sources of animal manures[J]. *Soil Biology & Biochemistry*, 2018, 126: 91–102.
- [43] XU X, ZHOU W, XIE C, et al. Airborne bacterial communities in the poultry farm and their relevance with environmental factors and antibiotic resistance genes[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 846: 157420.
- [44] GYLES C, BOERLIN P. Horizontally transferred genetic elements and their role in pathogenesis of bacterial disease[J]. *Veterinary Pathology*, 2014, 51(2): 328–340.
- [45] ZHEN Q, DENG Y, WANG Y Q, et al. Meteorological factors had more impact on airborne bacterial communities than air pollutants[J]. *Science of the Total Environment*, 2017, 601: 703–712.
- [46] LIU H, ZHANG X, ZHANG H, et al. Effect of air pollution on the total bacteria and pathogenic bacteria in different sizes of particulate matter[J]. *Environmental Pollution*, 2018, 233: 483–493.
- [47] YANG T, JIANG L, HAN Y P, et al. Linking aerosol characteristics of size distributions, core potential pathogens and toxic metal (loid)s to wastewater treatment process[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 264: 114741.
- [48] UETAKE J, TOBO Y, UJI Y, et al. Seasonal changes of airborne bacterial communities over Tokyo and influence of local meteorology[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2019, 10: 1572.
- [49] KHAN I, WANG W, YE X, et al. Comparison of bacterial community structure in PM<sub>2.5</sub> within broiler houses under different rearing systems in China[J]. *Sustainability*, 2022, 14(3): 1357.
- [50] ZHOU Y, ZHANG M, LIU Q, et al. The alterations of tracheal microbiota and inflammation caused by different levels of ammonia exposure in broiler chickens[J]. *Poultry Science*, 2020, 100(2): 685–696.
- [51] O' Neill J. Antimicrobial resistance: tackling a crisis for the health and wealth of nations[J]. *The Review on Antimicrobial Resistance*, 2016, 12: 1–16.
- [52] WANG Y Z, WANG C, SONG L. Distribution of antibiotic resistance genes and bacteria from six atmospheric environments: exposure risk to human[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 694: 133750.
- [53] LI L, WANG Q, BI W, et al. Municipal solid waste treatment system increases ambient airborne bacteria and antibiotic resistance genes[J]. *Environmental Science and Technology*, 2020, 54(7): 3900–3908.
- [54] XIE J, JIN L, HE T, et al. Bacteria and antibiotic resistance genes (ARGs) in PM<sub>2.5</sub> from China: implications for human exposure[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 53: 963–972.
- [55] XIE J, JIN L, WU D, et al. Inhalable antibiotic resistome from wastewater treatment plants to urban areas: bacterial hosts, dissemination risks, and source contributions[J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56: 7040–7051.
- [56] GWENZI W, MUSIYIWA K, MANGORI L. Sources, behaviour and health risks of antimicrobial resistance genes in wastewaters: a hot-spot reservoir[J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2020, 8(1): 102220.
- [57] XIN H, GAO M, WANG X, et al. Animal farms are hot spots for airborne antimicrobial resistance[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 851: 158050.

(责任编辑:李丹)