



移动扫码阅读

马艳, 韩小蒙, 宋姗姗, 等. 不同停留时间下污水处理单元中抗性基因分布 [J]. 能源环境保护, 2025, 39(6): 107-115.

MA Yan, HAN Xiaomeng, SONG Shanshan, et al. Distribution of Antibiotic Resistance Genes in Wastewater Treatment Units Under Different Hydraulic Retention Times [J]. Energy Environmental Protection, 2025, 39(6): 107-115.

不同停留时间下污水处理单元中抗性基因分布

马 艳, 韩小蒙*, 宋姗姗, 冯修平

(上海城市水资源开发利用国家工程中心有限公司, 上海 200082)

摘要: 抗生素抗性基因(Antibiotic Resistance Genes, ARGs)是影响人类健康的重要公共卫生问题之一。污水处理厂是ARGs的汇聚场所,其运行工况对ARGs向环境的排放有重要影响。然而,目前关于污水处理单元水力停留时间(Hydraulic Retention Time, HRT)与ARGs的分布和去除关系的研究较少。设计了2组不同HRT的AAO(Anaerobic-Anoxic-Oxic)+深度处理+消毒的中试实验装置,其中长HRT组的生物段HRT为38.4 h、砂滤柱滤速为2.3 m/h、消毒段HRT为55 min,短HRT组的生物段HRT为22.0 h、砂滤柱滤速为4.0 m/h、消毒段HRT是30 min。考察了各工艺段的ARGs浓度及其分布,并分析了水质环境因子和微生物群落与ARGs的相关性。实验结果表明,长HRT组的二沉池出水中ARGs浓度低于短HRT组,这可能是因为长HRT组中微生物与ARGs有更充分的接触时间,强化了对ARGs的生物降解作用。混凝沉淀和砂滤组合的深度处理工艺对ARGs的去除效果并不显著。消毒后的长HRT组出水中ARGs浓度仍低于短HRT组,表明延长生物段或消毒段的HRT有助于提高ARGs的去除效率。此外,生物段和消毒段对致病菌属如Aeromonas、Desulfovibrio、Pseudomonas等也具有一定的削减作用。然而,延长消毒时间会显著提高ARGs/16S rDNA的比例,同时可能增加致病菌属的相对丰度,从而影响受纳水体的微生物菌群结构。冗余分析进一步揭示,Nitrospira、Dechloromonas、Ferruginibacter等菌属与ARGs之间存在较强的相关性,16S rDNA和悬浮固体(Suspended Solids, SS)也与ARGs有较高相关性。为污水处理厂在控制ARGs排放风险方面提供了理论支持。

关键词: 抗生素抗性基因; 污水处理厂; 水力停留时间; 生物处理; 消毒

中图分类号: X172; X703 文献标识码: A 文章编号: 2097-4183(2025)06-0107-09

Distribution of Antibiotic Resistance Genes in Wastewater Treatment Units Under Different Hydraulic Retention Times

MA Yan, HAN Xiaomeng*, SONG Shanshan, FENG Xiuping

(Shanghai Urban Water Resources Development and Utilization National Engineering Center Co., Ltd.,
Shanghai 200082, China)

Abstract: Antibiotic resistance genes (ARGs) pose a serious threat to public health. Wastewater treatment plants (WWTPs) are hotspots for ARGs, and their operational conditions significantly influence the removal of ARGs from wastewater. However, research on the effects of hydraulic retention time (HRT) in different wastewater treatment units on ARGs remains limited. In this study, two pilot-scale AAO (Anaerobic-Anoxic-Oxic) systems with advanced treatment and disinfection

收稿日期: 2025-02-21 修回日期: 2025-05-28 接受日期: 2025-05-30 DOI: [10.20078/j.eep.20250602](https://doi.org/10.20078/j.eep.20250602)

基金项目: 上海市自然科学基金面上资助项目(23ZR1421200); 上海城投水务(集团)有限公司科研资助项目(KY.WB.23.001)

第一作者: 马 艳(1986—), 女, 江苏宜兴人, 教授级高级工程师, 主要研究方向为污水处理与资源化。E-mail: my041203@126.com

*通讯作者: 韩小蒙(1988—), 女, 河北石家庄人, 高级工程师, 主要研究方向为市政污水与污泥处理。E-mail: ydxqhxm@126.com

processes were designed with different HRTs to investigate the concentrations and distributions of ARGs at various treatment stages. The correlations among ARGs, water quality parameters, and microbial communities were also analyzed. The results showed that in the long-HRT group, the ARG concentrations in the secondary sedimentation tank effluent were lower than those in the short-HRT group. Regarding the concentrations of ARGs in the activated sludge, the retention of ARGs by sludge was found to be similar in both groups. This suggests that the sludge in the long-HRT group had a longer contact time with the ARGs, potentially promoting their biological degradation. The concentrations of ARGs in the sand filtration effluent of both groups showed no significant decrease compared to those in the secondary sedimentation tank effluent. After disinfection, the concentrations of *bla_{TEM}*, *sull*, *tetX*, *ermB*, *intII*, and 16S rDNA in the long-HRT group decreased to 4.26×10^3 , 2.31×10^5 , 7.15×10^3 , 7.29×10^3 , 4.64×10^4 , and 3.61×10^5 copies/mL, respectively, all of which were lower than those in the short-HRT group. Overall, the removal rates of *bla_{TEM}*, *sull*, *tetX*, *ermB*, *intII*, and 16S rDNA in the long-HRT group reached 2.55, 2.60, 3.23, 2.99, 2.77, and 2.97 log, respectively, indicating that the long-HRT group exhibited higher removal efficiencies of ARGs than the short-HRT group. However, it is worth noting that the ARGs/16S rDNA ratio after disinfection in the long-HRT group was significantly higher than that in the filtration effluent. This indicates that although prolonged disinfection reduces ARG concentration in the effluent, it also significantly increases the ARGs/16S rDNA ratio. This phenomenon may be attributed to horizontal gene transfer of ARGs, as excessive disinfectant dosage damages bacterial cells, increasing the frequency of ARG transfer to non-resistant bacteria. Such changes may impact the microbial community in the receiving water body. In addition, both the biological and disinfection stages reduced the abundance of pathogenic genera such as *Aeromonas*, *Desulfovibrio*, and *Pseudomonas*. However, in both the long- and short-HRT groups, the relative abundance of these genera was higher in the disinfection effluent than in the filtration effluent. Redundancy analysis revealed that genera such as *Nitrospira*, *Dechloromonas*, and *Ferruginibacter* were highly correlated with ARGs, and both 16S rDNA and suspended solids (SS) were highly correlated with ARGs. This study provides theoretical support for better controlling the risks associated with the release of ARGs from WWTPs.

Keywords: Antibiotic resistance genes; Wastewater treatment plant; Hydraulic retention time; Biological treatment; Disinfection

0 引言

抗生素被广泛应用于人和动物的疾病预防和治疗, 畜禽、水产养殖行业也将其添加至饲料中以促进动物生长、提高产量。然而大量抗生素会通过排泄物进入环境中, 例如在畜禽治疗中高达30%的抗生素随粪便排出体外^[1]。这将导致环境中的细菌产生选择性压力, 对原先敏感的药物产生抗性, 并诱导形成抗生素抗性基因 ARGs^[2]。ARGs 可以通过食物链在高营养级生物中富集, 从而影响人类健康, 因此世界卫生组织将 ARGs 作为最严重的公共卫生问题之一^[3]。

污水处理厂作为污水集中处理的环节, 是 ARGs 的汇聚场所, 也是阻止其排放至自然环境的屏障^[4]。研究指出, 污水处理厂可以降低 ARGs

含量, 且序批式活性污泥法和膜生物反应器的生物单元去除率优于沉淀或过滤单元^[5]。在进水中投加碳源可以提升 ARGs 的去除效果^[6], 二沉池出水中使用氯化铝、聚合氯化铝等混凝剂或微纳米臭氧消毒也可以提高 ARGs 去除率^[7-8]。污水处理厂丰富的微生物环境也可能引起 ARGs 在不同菌群中的水平转移(Horizontal Gene Transfer, HGT), 即 ARGs 从一种菌株转移到另一菌株中, 使其他菌株获得抗生素抗性, 噬菌体^[9]、原生生物^[10]等可以促进该过程。

污水处理厂的出水、污泥可能向受纳水体、土壤或空气传播 ARGs^[11], 而污水处理厂的运行工况对出水和污泥中的 ARGs 含量有重要影响。在污水厂运行过程中, 为提高出水水质, 会采取延长污水处理厂的 HRT^[12]。合流制系统中, 污水处理

厂进水水量波动会导致 HRT 变化^[13]。目前, 针对 HRT 变化对 ARGs 在生物段、深度处理段和消毒段等不同工艺单元去除效果的影响, 尚缺乏系统性研究。消毒后尾水排放至环境水体, 其 ARGs/16S rDNA 比例和致病菌相对丰度可能影响受纳水体的微生物群落结构, 应给予充分关注。因此, 本研究设置了 2 组不同 HRT 的 AAO(Aerobic-Anoxic-Oxic)+深度处理+消毒中试实验装置, 考察了各工艺段的 ARGs 浓度及分布, 并探索了水质环境因子、微生物菌群与 ARGs 的相关性, 以期为污水处理厂更好地控制 ARGs 排放提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 实验装置

本研究构建了 2 套相同尺寸平行运行的 AAO+深度处理+消毒的中试反应器。生物段包括厌氧区、缺氧区和好氧区, 其有效容积比例为 1.0 : 1.2 : 3.3。竖流式二沉池出水进入深度处理段。深度处理段包括混凝、斜板沉淀和砂滤工艺。砂滤柱出水进行消毒处理, NaClO 浓度为 5 mg/L。生物段接种污泥为市政污水处理厂曝气池污泥, 进水为实际的市政污水。2 组反应器的外回流比为 100%, 内回流比为 400%, 污泥龄为 20 d。

通过调节进水量使生物段 HRT 分别为 38.4 h 和 22.0 h, 砂滤柱滤速分别为 2.3 m/h 和 4.0 m/h, 消毒段 HRT 分别为 55 min 和 30 min, 作为长 HRT 组和短 HRT 组, 2 套反应器运行参数见表 1。在实验装置运行稳定后, 取进水、砂滤柱出水和消毒出水同步检测 ARGs、微生物多样性与常规水质指标。

表 1 污水处理实验装置运行参数

Table 1 Operating parameters of experimental wastewater treatment reactors

参数	长HRT组	短HRT组
生物段HRT/h	38.4	22.0
二沉池表面水力负荷/(m ³ ·m ⁻² ·h ⁻¹)	0.31	0.55
斜板沉淀表面水力负荷/(m ³ ·m ⁻² ·h ⁻¹)	2.9	5.0
砂滤柱滤速/(m·h ⁻¹)	2.3	4.0
NaClO消毒时间/min	55.0	30.0

1.2 测试方法

1.2.1 ARGs 测试方法

水样采集后使用 0.45 μm 孔径滤膜过滤。滤

膜样品剪碎后使用土壤 DNA 提取试剂盒(D3142-02, Magen, 中国)提取膜表面截留的微生物的 DNA。采用微量分光光度计(Nanodrop 2000, Thermo, 美国)测定提取 DNA 的浓度和纯度。根据文献^[14]提供的序列设计不同 ARGs 引物并构建标准曲线, 包括 *sulI*、*tetX*、*ermB*、*bla_{TEM}*、*intII* 和 16S rDNA。DNA 荧光定量检测采用荧光定量 PCR 仪(CFX1000, Bio-RAD, 美国)和模板示踪型染料法定量 PCR 检测试剂盒(Q441-02, 诺维赞, 中国)完成。

1.2.2 微生物多样性测试方法

水样滤膜抽滤后, 使用试剂盒提取膜表面截留的微生物的 DNA 并检测浓度和纯度。以基因组 DNA 为模板, 选择 16S V4 区引物(515F 和 806R), 采用带 barcode 的引物及 Premix Taq(TaKaRa) 进行 PCR 扩增。PCR 产物通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测片段长度和浓度, 主带长度符合要求的样品用于后续实验。经 PCR 产物纯化后, 采用 Illumina Hiseq 2500 平台对构建的扩增子文库进行测序。测序数据通过 Trimmomatic、FLASH、Mothur 等软件进行质量过滤和拼接处理, 最终获得分析所需的测序结果。

1.2.3 常规水质测试方法

水样的化学需氧量(Chemical Oxygen Demand, COD)、总氮(Total Nitrogen, TN)、总磷(Total Phosphorus, TP)、氨氮(NH₄⁺-N)、SS 和浊度均使用标准方法^[15]进行测试。测试结果见表 2。

1.3 分析方法

ARGs 的对数去除率(Log Removal Efficiency, LRE)代表了经过某些工艺段后 ARGs 浓度的变化程度, ARGs 对数去除率 E_{LR} 计算公式见式(1)。

$$E_{LR} = \log(C_0/C_i) \quad (1)$$

式中: E_{LR} 为对数去除率, 单位用 \log 表示; C_0 和 C_i 分别为进水和某工艺段出水的 ARGs 浓度, copies/mL。

本研究使用 Canoco 5.0 软件, 通过冗余分析(Redundancy Analysis, RDA)考察了 ARGs 和菌群结构以及水质的关系^[16]。

2 结果与讨论

2.1 各工艺段 ARGs 浓度

图 1 显示了长 HRT 组和短 HRT 组实验装置的进水、二沉池出水、砂滤出水和消毒出水中 ARGs 的浓度。进水 ARGs 浓度水平基本在 10⁶~10⁷ copies/mL 范围, 其中 *sulI* 浓度在 ARGs 中最

表 2 各工艺段常规水质浓度
Table 2 Conventional water quality concentrations at different stages

组别	工艺段	COD _{Cr} /(mg·L ⁻¹)	TN/(mg·L ⁻¹)	NH ₄ ⁺ -N/(mg·L ⁻¹)	TP/(mg·L ⁻¹)	SS/(mg·L ⁻¹)	浊度/NTU
进水	—	351	27.3	20.12	5.21	143	87.02
长HRT组	二沉池出水	21	13.9	0.31	1.41	9	2.08
	砂滤出水	10	13.1	0.19	0.06	5	1.97
	消毒出水	8	12.9	0.15	0.05	5	1.95
短HRT组	二沉池出水	22	10.3	0.18	2.62	8	1.95
	砂滤出水	10	9.2	0.16	0.11	6	1.23
	消毒出水	8	9.0	0.13	0.10	6	1.20

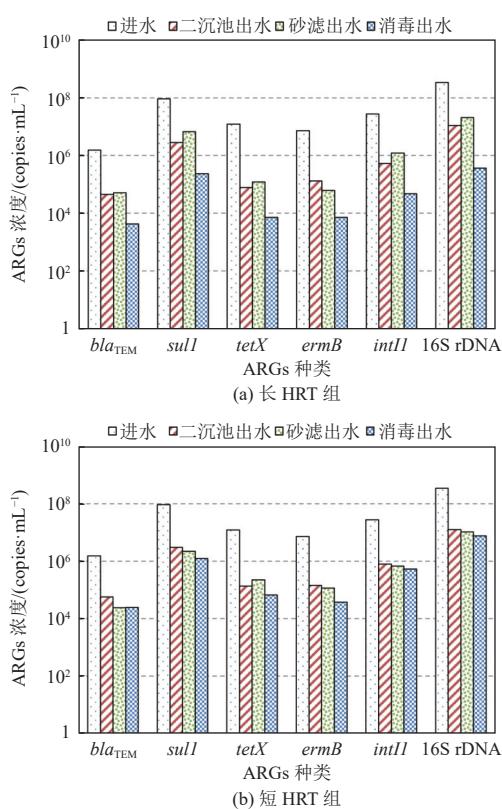


图 1 进水、二沉池出水、砂滤出水和消毒出水中 ARGs 浓度

Fig. 1 ARG concentrations in influent, secondary settling tank effluent, sand filtration effluent, and disinfection effluent

高, 为 9.18×10^7 copies/mL。这与其他研究结果相似, 颜亚玮等^[17]同样发现浙江城市污水厂进水中 *sul1* 浓度最高, 推测原因可能是 *sul1* 为磺胺类 ARGs, 存在于多种常见的病原体中, 而且 *sul1* 易与整合子 *intII* 结合而传播, 因此其检出率和丰度普遍高于其他 ARGs。长 HRT 组二沉池出水中 *bla_{TEM}*、*sul1*、*tetX*、*ermB*、*intII* 和 16S rDNA 浓度分别为 4.48×10^4 、 2.79×10^6 、 7.72×10^4 、 1.29×10^5 、

5.23×10^5 、 1.10×10^7 copies/mL, 短 HRT 组上述数值分别为 5.64×10^4 、 2.96×10^6 、 1.35×10^5 、 1.42×10^5 、 7.90×10^5 、 1.24×10^7 copies/mL, 长 HRT 组数值均低于短 HRT 组浓度, 表明延长生物段 HRT 能够降低 ARGs 浓度。原因在于延长 HRT 可以增强生物段对 ARGs 的吸附能力以及生物降解作用, 从而更有效地去除 ARGs^[18]。在进一步采用混凝沉淀和砂滤过滤的深度处理工艺后, 发现无论长 HRT 组还是短 HRT 组, 砂滤出水与二沉池出水相比, ARGs 浓度均无明显降低。经过消毒工艺后, 长 HRT 组出水 *bla_{TEM}*、*sul1*、*tetX*、*ermB*、*intII* 和 16S rDNA 浓度分别降低至 4.26×10^3 、 2.31×10^5 、 7.15×10^3 、 7.29×10^3 、 4.64×10^4 、 3.61×10^5 copies/mL, 均低于短 HRT 组浓度。综上所述, 长 HRT 组对 ARGs 的削减效果优于短 HRT 组。

图 2 为长 HRT 组和短 HRT 组的好氧区活性污泥中 ARGs 浓度。图 2(a)显示, 短 HRT 组好氧区单位体积中 ARGs 浓度略高于长 HRT 组。短 HRT 组和长 HRT 组的好氧区污泥浓度分别为 6.5 g/L 和 4.0 g/L, 因此计算单位污泥量所含 ARGs 后发现, 长 HRT 组和短 HRT 组单位污泥量 ARGs 浓度基本一致, 如图 2(b)所示。活性污泥对 ARGs 的去除机理主要为吸附和生物降解^[18], 图 2 数据显示长 HRT 组和短 HRT 组污泥对 ARGs 的吸附作用接近, 因此推测长 HRT 组中微生物与 ARGs 有更充分的接触时间, 强化了对 ARGs 的生物降解作用^[19]。

2.2 各工艺段 ARGs 去除率及 ARGs/16S rDNA 比例

2.2.1 ARGs 去除率

图 3 显示了生物段、深度处理和消毒工艺段对 ARGs 的对数去除率。长 HRT 组的生物段对

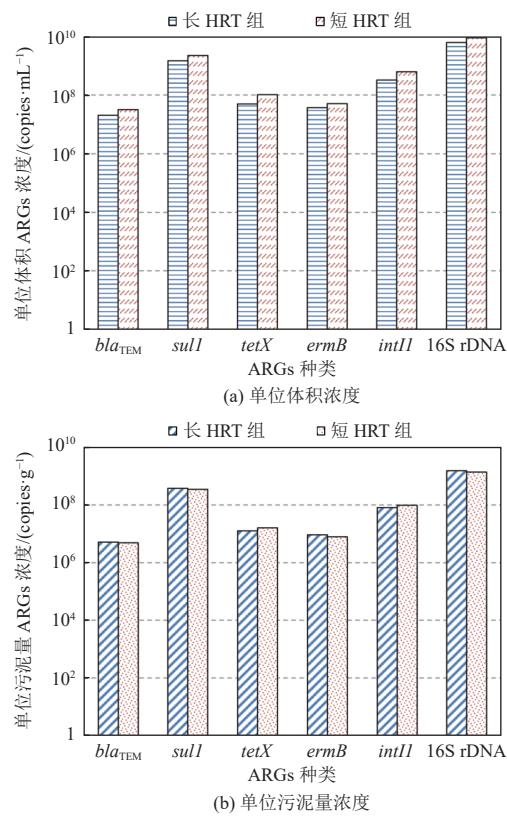


图 2 好氧区活性污泥中 ARGs 浓度

Fig. 2 ARG concentrations of activated sludge in aerobic zone

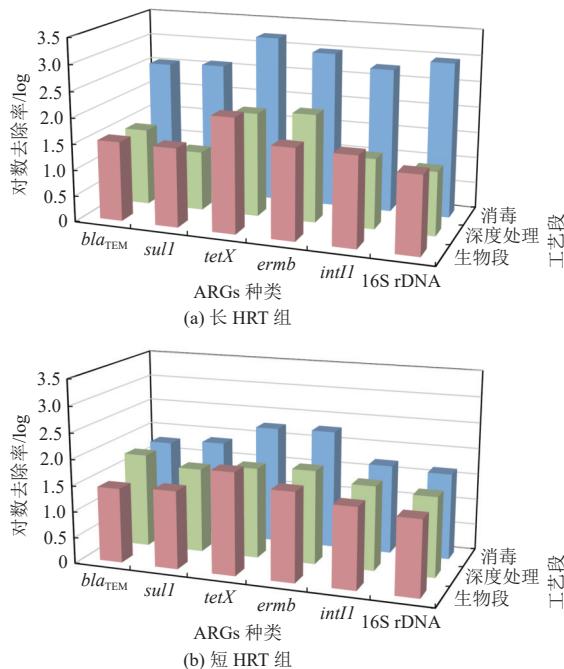


图 3 生物段、深度处理和消毒对 ARGs 的去除率

Fig. 3 Removal efficiency of ARGs by biological treatment, advanced treatment, and disinfection

bla_{TEM} 、 $sulI$ 、 $tetX$ 、 $ermB$ 、 $intII$ 和 16S rDNA 的去除率分别为 1.53、1.52、2.19、1.74、1.72、1.49 log,

均高于短 HRT 组生物段。在其他污水或污泥处理工艺的研究中, 同样发现延长 HRT 可以提高 ARGs 去除率, 短 HRT 组污染负荷更高, 导致了抗生素累积以及抗性细菌的繁殖, 因此造成 ARGs 去除效果下降^[20-21]。在不同 ARGs 中, 长 HRT 组和短 HRT 组对 $tetX$ 去除率最高, 对 $sulI$ 去除率较低, 这可能是因为 $sulI$ 易与整合子 $intII$ 结合发生水平转移^[22]。

生物段出水进入混凝沉淀与砂滤组合的深度处理段后, 长 HRT 组对 ARGs 去除率基本没有提升, 短 HRT 组仅提升了 0.07~0.37 log, 这表明深度处理工艺对 ARGs 的去除效果非常有限。水质数据显示, 长 HRT 组的深度处理段对 SS 的去除率为 44%, 对浊度去除率 5%; 短 HRT 组的深度处理段对 SS 的去除率为 25%, 对浊度去除率 36%。这说明深度处理工艺对 ARGs 的去除与颗粒物去除并不同步。

相比于进水, 消毒后长 HRT 组的 bla_{TEM} 、 $sulI$ 、 $tetX$ 、 $ermB$ 、 $intII$ 和 16S rDNA 的去除率分别达到了 2.55、2.60、3.23、2.99、2.77、2.97 log, 即长 HRT 组对 ARGs 的去除率总体高于短 HRT 组。相比于深度处理环节出水, 长 HRT 组消毒段对上述 ARGs 的去除率分别提升了 1.07、1.46、1.23、0.92、1.42、1.75 log, 也高于短 HRT 组。这说明 55 min 消毒时间对 ARGs 的去除率高于 30 min 消毒时间, 即延长消毒 HRT 有利于去除 ARGs^[23]。

2.2.2 ARGs/16S rDNA 比例

ARGs/16S rDNA 表示 ARGs 相对于细菌总量(以 16S rDNA 为代表)的相对丰度, 可以消除不同样品之间细菌数量差异的影响, 因此本文使用该指标反映 ARGs 在菌群中的相对变化趋势。表 3 为各工艺段 ARGs/16S rDNA 比例。相比于进水, 长 HRT 组和短 HRT 组好氧污泥工艺段中 ARGs/16S rDNA 的比例均有所下降。DAI 等^[24]的研究同样发现, 在中国香港的数座污水处理厂中活性污泥的 ARGs 相对丰度低于进水, 其原因是在生物段可以利用有机物和氮磷等污染物的非抗性菌处于竞争优势地位, 其大量增殖从而降低了 ARGs 相对丰度。长 HRT 组和短 HRT 组二沉池出水中, bla_{TEM} /16S rDNA、 $sulI$ /16S rDNA、 $tetX$ /16S rDNA 的比例与好氧污泥工艺段相近, 可能是由于二沉池沉淀过程中, bla_{TEM} 、 $sulI$ 、 $tetX$ 的去除与微生物去除较为同步。好氧污泥和二沉池出水中 $ermB$ /16S rDNA 的比例低于进水, 这可能是携带 $ermB$

表 3 各工艺段 ARGs/16S rDNA 比例

Table 3 ARGs/16S rDNA ratios at different stages %

组别	工艺段	ARGs/16S rDNA比例				
		<i>bla_{TEM}</i>	<i>sulI</i>	<i>tetX</i>	<i>ermB</i>	<i>intII</i>
长HRT组	进水	0.45	27.08	3.56	2.10	8.03
	好氧污泥	0.33	24.20	0.82	0.60	5.29
	二沉池出水	0.41	25.27	0.70	1.17	4.74
	砂滤出水	0.25	32.37	0.59	0.29	5.98
短HRT组	消毒出水	1.18	63.91	1.98	1.98	12.84
	好氧污泥	0.36	24.93	1.15	0.57	7.04
	二沉池出水	0.45	23.80	1.09	1.14	6.35
	砂滤出水	0.23	21.45	2.16	1.11	6.52
	消毒出水	0.33	16.21	0.88	0.49	7.01

的细菌在对底物的竞争中处于劣势地位,因此 *ermB*/16S rDNA 比例降低^[25]。值得注意的是,长 HRT 组消毒出水中所有 ARGs/16S rDNA 均大幅高于砂滤出水,而短 HRT 组消毒出水中仅有 *sulI*/16S rDNA 和 *intII*/16S rDNA 高于砂滤出水。例如,长 HRT 组砂滤出水到消毒出水, *bla_{TEM}*/16S rDNA 由 0.25% 上升至 1.18%, *sulI*/16S rDNA 由 32.37% 大幅上升至 63.91%, *tetX*/16S rDNA 由

0.59% 上升至 1.98%, *ermB*/16S rDNA 由 0.29% 上升至 1.98%, *intII*/16S rDNA 由 5.98% 大幅上升至 12.84%。这表明延长消毒时间,虽然可以降低出水中 ARGs 浓度,但是同时也会导致 ARGs/16S rDNA 比例急剧上升。其原因可能是消毒时间增加会减少包括抗性细菌在内的总细菌存活数量,但是由于存在 ARGs 水平转移作用,过度增加消毒时间反而造成破损细胞增多,ARGs 向非抗性细菌的转移频率提高^[26],使 ARGs/16S rDNA 比例上升。当消毒出水排放至自然水体时可能会影响受纳水体的微生物菌群^[27],因此该现象应引起重视。

2.3 ARGs 与微生物菌群、环境因子的相关性

2.3.1 ARGs 与微生物菌群的相关性

为进一步探索 ARGs 与微生物菌群的关系,本研究对长 HRT 组和短 HRT 组各工艺段的水样或污泥样品进行了微生物多样性测试。图 4 为各工艺段样品在属水平上的相对丰度(由高到低排序取前 20 种),其中相对丰度较高的菌属包括 *Arcobacter*、*Dechloromonas*、*Bacteroides*、*Ferruginibacter* 等。根据文献研究, *Aeromonas*、*Desulfovibrio*、*Acinetobacter*、*Pseudomonas* 等菌属含有致病菌,排放至受纳水体后对环境健康有重要影响^[16]。表 4 进一步对比了上述菌属在本研究中不同样品中的分布情况。其中 *Aeromonas*、*Desulfovibrio*、

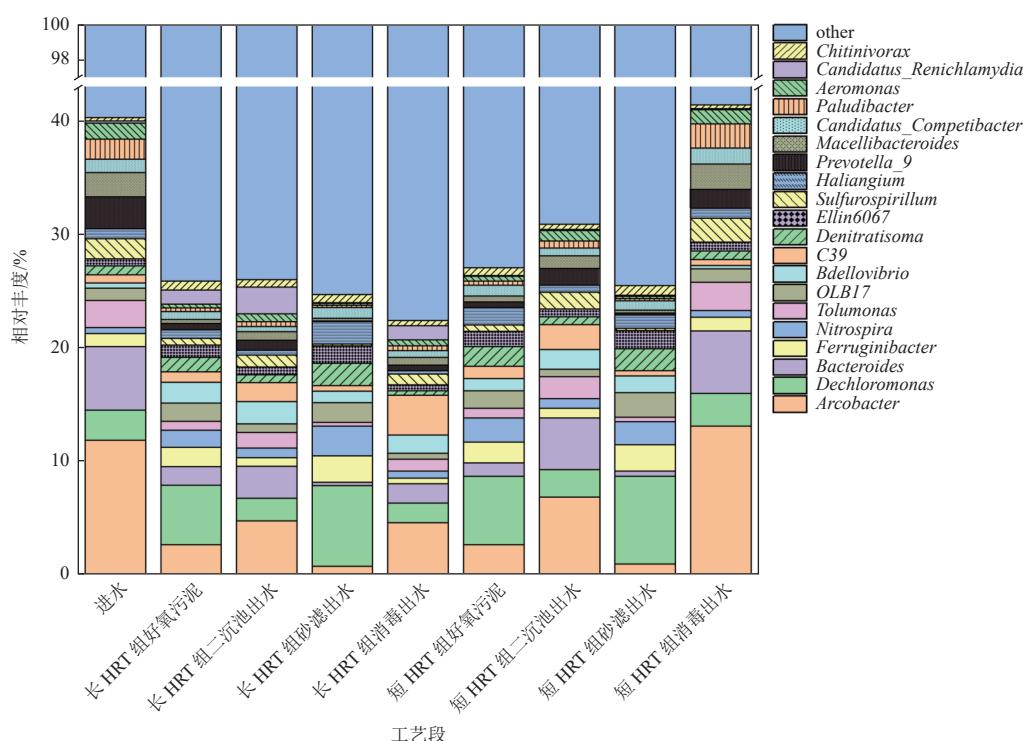


图 4 长 HRT 组和短 HRT 组各工艺段细菌在属水平上的相对丰度

Fig. 4 Genus-level relative abundance of bacteria in different stages of the long- and short-HRT groups

Pseudomonas 在进水中相对丰度最高,二沉池出水和消毒出水中的相对丰度低于进水。短 HRT 组中 *Desulfovibrio* 在二沉池出水中相对丰度低于进水,消毒出水中的相对丰度高于进水。这反映了污水处理工艺对这些致病菌具有一定的削减作用。然而应注意到,在长 HRT 组和短 HRT 组中,

Aeromonas、*Desulfovibrio*、*Acinetobacter*、*Pseudomonas* 均呈现了消毒出水中相对丰度高于砂滤出水的现象。这可能是由于氯消毒的选择性作用,上述菌属因其生理特性对氯消毒具有较强的抵抗能力^[28-29]。当其他对氯消毒较敏感的菌属被大量杀灭后,这些菌属的相对丰度随之上升。

表 4 各工艺段部分致病菌菌属的相对丰度

Table 4 Relative abundance of certain pathogenic bacterial genera at different stages

组别	工艺段	致病菌菌属相对丰度				%
		<i>Aeromonas</i>	<i>Desulfovibrio</i>	<i>Acinetobacter</i>	<i>Pseudomonas</i>	
进水	—	1.408	0.404	0.611	0.364	
长HRT组	好氧污泥	0.347	0.173	0.139	0.175	
	二沉池出水	0.689	0.329	0.147	0.208	
	砂滤出水	0.170	0.059	0.075	0.059	
	消毒出水	0.508	0.211	0.287	0.290	
短HRT组	好氧污泥	0.402	0.192	0.088	0.123	
	二沉池出水	0.912	0.108	0.095	0.083	
	砂滤出水	0.178	0.434	0.207	0.246	
	消毒出水	1.250	0.512	0.495	0.303	

以 *bla_{TEM}*、*ermB*、*sulI*、*tetX*、*intII* 作为环境因子,结合各样本微生物群落结构,选取相对丰度由高到低排序前 20 的菌属作为样本,利用冗余分析方法研究微生物与环境因子的相关性,如图 5 所示。主轴 1(RDA1)解释了微生物菌群与 ARGs 参数的 78.4%,主轴 2(RDA2)解释了 12.4%。由图 5 可知 *Nitrospira*、*Denitratisoma*、*Dechloromonas*、*Ferruginibacter* 和 *Haliangium* 菌属等与 ARGs 相关性较高。文献研究同样显示,污水处理厂样本

中 *Nitrospira* 菌属携带有 ARGs^[30], *Dechloromonas* 菌属和 *Ferruginibacter* 菌属是多种 ARGs 的潜在宿主^[31-32], *Haliangium* 菌属作为宿主对 ARGs 分布有重要影响^[33]。这反映了某些特定菌属与 ARGs 之间存在较为紧密的相关性。

2.3.2 ARGs 与环境因子的相关性

本研究还考察了 COD、SS、TN、TP、浊度等水质指标和 16S rDNA 与 ARGs 的相关性。图 6 中轴 1 和轴 2 对 ARGs 变化的解释度总计 96.5%。16S rDNA 对 ARGs 的解释度为 68.6%,影响具有显著性,这与文献研究一致^[34],反映了 ARGs 浓度受细菌量以及菌群结构等影响较大。此外,在常规水质指标中 SS 对 ARGs 的解释度较高,推测 ARGs 可能易吸附在污水颗粒物上,因此与颗粒物相关性较高。

3 结 论

在 AAO+深度处理+消毒的污水处理中试验装置中,长 HRT 组二沉池出水中 ARGs 浓度低于短 HRT 组,混凝沉淀和砂滤组合的深度处理工艺对 ARGs 无明显去除,消毒后长 HRT 组出水 ARGs 浓度仍然低于短 HRT 组浓度。可见延长生物段或者消毒段 HRT 可以提高 ARGs 去除效率。长 HRT 组和短 HRT 组的生物段和消毒对

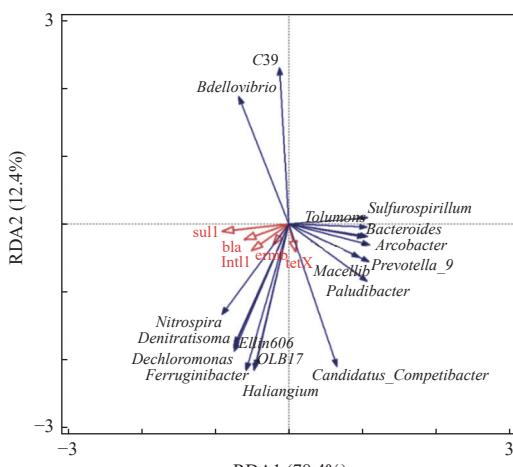


图 5 ARGs 与属水平的菌群相关性分析

Fig. 5 Correlation analysis between ARGs and bacterial communities at the genus level

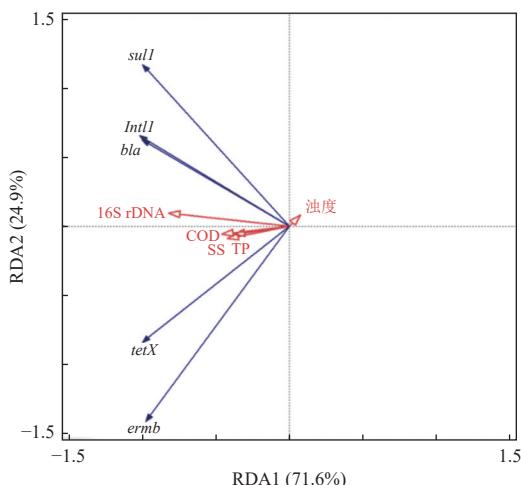


图 6 ARGs 与水质环境因子相关性分析

Fig. 6 Correlation analysis between ARGs and water quality environmental factors

Aeromonas、*Desulfovibrio*、*Pseudomonas* 等致病菌属也有削减作用。然而, 延长消毒时间会导致 ARGs/16S rDNA 比例急剧上升, 并且消毒也导致了上述致病菌属的相对丰度上升, 这可能会影响受纳水体微生物菌群结构。因此未来应重点关注消毒工艺对 ARGs 和致病菌属的影响, 通过优化反应时间或调整消毒剂类型等措施, 在确保出水微生物指标达标的前提下降低 ARGs 和致病菌属的比例。通过冗余分析发现, *Nitrospira*、*Dechloromonas*、*Ferruginibacter* 菌属等与 ARGs 相关性较高, 16S rDNA 和 SS 与 ARGs 具有较高相关性。

参考文献 (References) :

- [1] HAO Rongzhang, ZHAO Rongtao, QIU Shaofu, et al. Antibiotics crisis in China[J]. *Science*, 2015, 348(6239): 1100–1101.
- [2] 何子晗, 李文譞, 李彦宇, 等. 水环境中抗生素抗性基因研究进展 [J]. 化工进展, 2024, 43(S1): 533–544.
HE Zihan, LI Wenxuan, LI Yanyu, et al. Progress in the study of antibiotic resistance genes in the aquatic environment[J]. *Chemical Industry and Engineering Progress*, 2024, 43(S1): 533–544.
- [3] MACHADO E C, FREITAS D L, LEAL C D, et al. Antibiotic resistance profile of wastewater treatment plants in Brazil reveals different patterns of resistance and multi resistant bacteria in final effluents[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 857: 159376.
- [4] KARKMAN A, DO T T, WALSH F, et al. Antibiotic-resistance genes in waste water[J]. *Trends in Microbiology*, 2018, 26(3): 220–228.
- [5] 胡健双. 高标准污水处理厂沿程 ARGs、MGEs 赋存特征和微生物群落相关性研究 [D]. 无锡: 江南大学, 2023: 66.
- [6] 旦澳江, 姚俊芹, 贾阳阳, 等. 投加甲醇对工业园区污水处理厂菌群及 ARGs 的影响 [J]. *环境工程*, 2024, 42(9): 124–131.
DAN Aojiang, YAO Junqin, JIA Yangyang, et al. Effect of adding methanol on microbial communities and ARGs in a wastewater treatment plant of an industrial park[J]. *Environmental Engineering*, 2024, 42(9): 124–131.
- [7] 宋磊, 何云天, 柳彦俊, 等. 铝形态对铝系混凝剂去除抗性基因的影响 [J]. *环境科学学报*, 2024, 44(5): 48–56.
SONG Lei, HE Yuntian, LIU Yanjun, et al. Effect of aluminum species on removal of antibiotic resistance genes by aluminum-based coagulants[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2024, 44(5): 48–56.
- [8] HSIAO S S, HSU C Y, ANANTHAKRISHNAN B, et al. Ozone micron bubble pretreatment for antibiotic resistance genes reduction in hospital wastewater treatment[J]. *Sustainable Environment Research*, 2023, 33(1): 40.
- [9] WANG Yixin, LIU Xiuhong, HUANG Chenduo, et al. Antibiotic resistance genes and virulence factors in the plasti-sphere in wastewater treatment plant effluent: Health risk quantification and driving mechanism interpretation[J]. *Water Research*, 2025, 271: 122896.
- [10] WANG Qiang, WANG Min, YANG Qingxiang, et al. The role of bacteriophages in facilitating the horizontal transfer of antibiotic resistance genes in municipal wastewater treatment plants[J]. *Water Research*, 2025, 268: 122776.
- [11] 李俊谊, 孙皓, 强志民, 等. 城镇污水处理厂抗生素抗性基因的环境传播途径与机制 [J]. 给水排水, 2024, 60(5): 153–160.
LI Junyi, SUN Zhe, QIANG Zhimin, et al. Dissemination pathways and mechanisms of antibiotic resistance genes from municipal wastewater treatment plants to the environment[J]. *Water & Wastewater Engineering*, 2024, 60(5): 153–160.
- [12] 王勇, 欧阳兵, 徐军礼, 等. 延安市污水处理厂提标改造工程设计方案与实施效果 [J]. *环境工程学报*, 2021, 15(10): 3410–3417.
WANG Yong, OUYANG Bing, XU Junli, et al. Design scheme and implementation effect of upgrading project for Yan'an sewage treatment plant[J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2021, 15(10): 3410–3417.
- [13] JIANG Luman, ZHANG Zhenjian, LI Yunhui, et al. Under-loaded operation of an anaerobic-anoxic-aerobic system in dry and wet weather dynamics to prevent overflow pollution: Impacts on process performance and microbial community[J]. *Bioresource Technology*, 2023, 376: 128837.
- [14] 韩小蒙. 秋冬季节抗性基因在 AAO 反应器生物段的去除和水平转移过程 [J]. *净水技术*, 2021, 40(S2): 84–88+93.
HAN Xiaomeng. Removal and horizontal transfer of ARGs in

biological treatment unit of AAO reactor in autumn and winter[J]. *Water Purification Technology*, 2021, 40(S2): 84–88+93.

[15] 国家环境保护总局. 水和废水监测分析方法 [M]. 4 版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.

The State Environmental Protection Administration. Water and wastewater monitoring analysis method [M]. 4th Edition. Beijing: China Environmental Science Press, 2002.

[16] 武彩云, 李慧莉, 覃彩霞, 等. 螺旋霉素废水处理过程中菌群结构、水质特征及抗性基因之间关系分析 [J]. 环境科学, 2021, 42(9): 4358–4365.

WU Caiyun, LI Huili, QIN Caixia, et al. Mutual influence between microbial community, wastewater characteristics, and antibiotic resistance genes during spiramycin production wastewater treatment[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(9): 4358–4365.

[17] 越亚伟, 於驰晟, 李菲菲, 等. 某市污水厂抗生素和抗生素抗性基因的分布特征 [J]. 环境科学, 2021, 42(1): 315–322.

XIE Yawei, YU Chisheng, LI Feifei, et al. Distribution characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in wastewater treatment plants[J]. *Environmental Science*, 2021, 42(1): 315–322.

[18] NNADOZIE C F, KUMARI S, BUX F. Status of pathogens, antibiotic resistance genes and antibiotic residues in wastewater treatment systems[J]. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, 2017, 16(3): 491–515.

[19] LIN Xiaojun, RUAN Jingjing, HUANG Lu, et al. Comparison of the elimination effectiveness of tetracycline and AmpC β -lactamase resistance genes in a municipal wastewater treatment plant using four parallel processes[J]. *Ecotoxicology*, 2021, 30(8): 1586–1597.

[20] 吴学深, 胡勇有, 廖子聰, 等. 热碱解-中温两相厌氧消化工艺运行效能及抗生素抗性基因(ARGS)变化研究 [J]. 环境科学学报, 2019, 39(7): 2088–2098.

WU Xueshen, HU Yongyou, LIAO Zicong, et al. Efficiency and the change of antibiotic resistance genes during thermal-alkaline hydrolysis and mesophilic two-phase anaerobic digestion of excess sludge[J]. *Acta Scientiae Circumstantiae*, 2019, 39(7): 2088–2098.

[21] SONG Hailiang, LI Hua, ZHANG Shuai, et al. Fate of sulfadiazine and its corresponding resistance genes in up-flow microbial fuel cell coupled constructed wetlands: Effects of circuit operation mode and hydraulic retention time[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2018, 350: 920–929.

[22] SUN Shaojing, GENG Jialu, LI Bo, et al. Temporal variations of antibiotic resistance genes in influents and effluents of a WWTP in cold regions[J]. *Journal of Cleaner Production*, 2021, 328: 129632.

[23] XU Jixiao, FENG Huajun, YE Ling, et al. Performance and potential mechanisms for reactive electrochemical ceramic membrane system to inhibit resistance transmission in antibiotic-resistant contaminated wastewater: From a microbial perspective[J]. *Process Safety and Environmental Protection*, 2024, 192: 887–895.

[24] DAI Dongjuan, BROWN C, BÜRGMANN H, et al. Long-read metagenomic sequencing reveals shifts in associations of antibiotic resistance genes with mobile genetic elements from sewage to activated sludge[J]. *Microbiome*, 2022, 10(1): 20.

[25] YANG Lian, WEN Qinxue, CHEN Zhiqiang, et al. Impacts of advanced treatment processes on elimination of antibiotic resistance genes in a municipal wastewater treatment plant[J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2019, 13(3): 32.

[26] FURUKAWA T, JIKUMARU A, UENO T, et al. Inactivation effect of antibiotic-resistant gene using chlorine disinfection[J]. *Water*, 2017, 9(7): 547.

[27] 李雨浓, 温东辉. 污水处理厂尾水排放对受纳水域微生物群落的影响 [J]. 环境工程, 2024, 42(9): 167–179.

LI Yunong, WEN Donghui. Impacts of wastewater treatment plants effluent on microbial community of receiving water bodies[J]. *Environmental Engineering*, 2024, 42(9): 167–179.

[28] YAO Shijie, YE Jianfeng, YANG Qing, et al. Occurrence and removal of antibiotics, antibiotic resistance genes, and bacterial communities in hospital wastewater[J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2021, 28(40): 57321–57333.

[29] CASTAÑO HENAO L, MENDEZ D F G, EGAN S, et al. Changes in groundwater and surface water bacterial communities under disinfection processes: Chlorination, ozonization, photo-Fenton and ultraviolet radiation[J]. *Current Research in Microbial Sciences*, 2024, 7: 100244.

[30] XU Ming, GAO Peng, CHEN Haoqiang, et al. Metagenomic insight into the prevalence and driving forces of antibiotic resistance genes in the whole process of three full-scale wastewater treatment plants[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, 344: 118369.

[31] NÖLVAK H, TRUU M, OOPKAUP K, et al. Reduction of antibiotic resistome and integron-integrase genes in laboratory-scale photobioreactors treating municipal wastewater[J]. *Water Research*, 2018, 142: 363–372.

[32] REN Ze, GAO Hongkai. Antibiotic resistance genes in integrated surface ice, cryoconite, and glacier-fed stream in a mountain glacier in Central Asia[J]. *Environment International*, 2024, 184: 108482.

[33] ZHI Qiqi, ZHENG Bufan, TENG Kai, et al. Metagenomic approach reveals the role of bioagents in the environmental dissemination risk of rhizosphere soil antibiotic resistance genes pollution[J]. *Environmental Research*, 2024, 263: 120090.

[34] CHEN Hong, ZHANG Mingmei. Occurrence and removal of antibiotic resistance genes in municipal wastewater and rural domestic sewage treatment systems in Eastern China[J]. *Environment International*, 2013, 55: 9–14.