

污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染特征、来源及潜在风险

姜波¹, 王旭一¹, 黄青², 隋心¹, 杨唐^{*1}, 惠晓亮¹, 张展鹏¹, 高晓东¹

1 青岛理工大学环境与市政工程学院, 山东 青岛 266520

2 青岛首创瑞海水务有限公司, 山东 青岛 266000

姜波, 王旭一, 黄青, 隋心, 杨唐, 惠晓亮, 张展鹏, 高晓东. 污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染特征、来源及潜在风险[J]. 微生物学通报, 2024, 51(1): 36-49.

JIANG Bo, WANG Xuyi, HUANG Qing, SUI Xin, YANG Tang, HUI Xiaoliang, ZHANG Zhanpeng, GAO Xiaodong. Antibiotic resistance of bioaerosols from wastewater treatment plants: pollution characteristics, sources, and potential risks[J]. Microbiology China, 2024, 51(1): 36-49.

摘要: 污水处理厂是抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)和抗生素抗性细菌(antibiotic resistant bacteria, ARB)重要的源和汇, 生物气溶胶是 ARGs 和 ARB 自污水处理厂向周边环境释放的关键载体。目前缺乏对污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染特征、来源及潜在风险的系统性总结。本文从采样方法、检测方法、逸散特征、来源、潜在危害和风险评估等方面对污水处理厂抗生素抗性污染研究现状进行综述。惯性采样法和过滤法是常用的污水处理厂抗生素抗性生物气溶胶主要采集方法, 而宏基因组测序、组装和分箱为其 ARGs 组成、可移动性和宿主提供了有效的检测方法, 抗多药类、抗杆菌肽类、抗氨基糖苷类、抗四环素类、抗 β -内酰胺类、抗磺胺类、抗大环内酯类和抗糖肽类等抗性基因在污水处理厂 PM₁₀、PM_{2.5} 和 PM_{1.0} 颗粒物中广泛检出。格栅间、生化反应池和污泥处理单元是污水处理厂 PM₁₀、PM_{2.5} 和 PM_{1.0} 负载 ARGs 和 ARB 的主要释放单元。污水处理厂不同粒径生物气溶胶中致病性 ARB 的存在增加了抗生素治疗的难度, 而污水和污泥对 ARGs 和 ARB 的释放起到了重要的源的贡献。本文在研究内容、研究技术和控制策略等方面也提出了相关展望, 以期为污水厂生物气溶胶抗生素抗性污染的监测和防护提供参考和借鉴。

关键词: 污水处理厂; 抗生素抗性; 污染特征; 来源; 潜在风险

资助项目: 国家自然科学基金(52100125); 山东省自然科学基金(ZR2021QD022)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (52100125) and the Natural Science Foundation of Shandong Province (ZR2021QD022).

*Corresponding author. E-mail: yangtang@qut.edu.cn

Received: 2023-05-22; Accepted: 2023-06-27; Published online: 2023-08-11

Antibiotic resistance of bioaerosols from wastewater treatment plants: pollution characteristics, sources, and potential risks

JIANG Bo¹, WANG Xuyi¹, HUANG Qing², SUI Xin¹, YANG Tang^{*1}, HUI Xiaoliang¹, ZHANG Zhanpeng¹, GAO Xiaodong¹

1 School of Environmental and Municipal Engineering, Qingdao University of Technology, Qingdao 266520, Shandong, China

2 Qingdao Shouchuang Ruihai Water Limited Company, Qingdao 266000, Shandong, China

Abstract: Wastewater treatment plants (WWTPs) are the major sources and sinks of antibiotic resistance genes (ARGs) and antibiotic resistance bacteria (ARB), and bioaerosols are the key carriers for the emissions of ARGs and ARB from WWTPs to the surrounding environment. The systemic review about the pollution characteristics, sources, and potential risks of the antibiotic resistance of bioaerosols from WWTPs remains to be carried out. We reviewed the research status of antibiotic resistance pollution in bioaerosols from WWTPs from the perspectives of sampling and detection methods, escape characteristics, sources, and potential hazard and risk assessment. Inertial sampling and filtration were the commonly used methods for collecting antibiotic resistant bioaerosols from WWTPs. Metagenomic sequencing, assembly, and binning can probe into the composition, mobility, and hosts of ARGs. The ARGs conferring resistance to multidrug, bacitracin, aminoglycoside, tetracycline, beta-lactam, sulfonamide, macrolide-lincosamide-streptogramin, and glycopeptide were widely detected in PM₁₀, PM_{2.5}, and PM_{1.0} from WWTPs. The main emission units of ARGs and ARB loaded by PM₁₀, PM_{2.5}, and PM_{1.0} from WWTPs were screen rooms, biochemical reaction tanks, and sludge treatment units. The existence of pathogenic ARB in size-segregated bioaerosols from WWTPs increased the difficulty of antibiotic treatment, and sewage and sludge contributed to the release of ARGs and ARB. Furthermore, relevant prospects were proposed in terms of research content, research technology, and control strategies, so as to provide references for monitoring and protecting against bioaerosol antibiotic resistance pollution in WWTPs.

Keywords: wastewater treatment plant; antibiotic resistance; pollution characteristic; source; potential risk

抗生素广泛应用于人类和动物细菌感染的预防和治疗, 过量使用或滥用导致其在人类和动物体内不能被完全代谢吸收, 大部分以原形排出体外进入到水体等自然环境中, 导致了抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)和抗生素抗性细菌(antibiotic resistant bacteria, ARB)的出现、发展和传播^[1-5]。预计到 2050 年, 全球每年可能约有 1 000 万人死于抗生素抗性

污染引起的疾病, 远远高于每年因癌症和糖尿病死亡的总人数^[6-8]。世界卫生组织将 ARGs 和 ARB 污染作为 21 世纪威胁人类健康的最严峻挑战之一^[9-11]。我国于 2022 年由国家卫生健康委等 13 部门联合制定了《遏制微生物耐药国家行动计划(2022–2025 年)》(<http://www.nhc.gov.cn/cms-search/xxgk/getManuscriptXxgk.htm?id=2875ad7e2b2e46a2a672240ed9ee750f>), 指出了应

对细菌抗生素抗性问题的主要任务和保障措施。

污水处理厂汇集了人类生产生活过程中产生的大量生活污水、医疗废水和工业废水^[12-13]。污水处理厂进水中含有大量的抗生素,诱导污水产生抗生素抗性,而污水处理过程对 ARGs 和 ARB 的去除效果普遍不理想^[14-15]。因此,污水处理厂是环境中 ARGs 和 ARB 重要的来源和储存库之一。在污水处理过程中,污水或污泥在分离、搅拌、曝气和机械脱水等驱动作用下污泥絮体突破水汽界面从而形成生物气溶胶^[16-18]。生物气溶胶是 ARGs 和 ARB 从污水或污泥向大气传播的重要载体^[9,19-20]。研究表明,人类呼吸系统疾病的增加与抗生素抗性在环境介质中的迁移和微生物之间的水平转移有关^[21-22]。因此,充分探明污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染特征对保障公共卫生和健康具有重要意义。

目前,国内外已开展大量关于污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染的研究,但缺乏对其研究现状的系统总结。基于此,本研究从采样方法、检测方法、逸散特征、来源、潜在危害和风险评估角度系统分析了污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染特征研究现状,以期为生物气溶胶抗生素抗性污染健康风险评估和控制技术发展提供理论依据和科学支持。

1 污水处理厂抗生素抗性生物气溶胶采样方法

生物气溶胶常见采集方法主要包括沉降采样法、惯性采样法和过滤采样法^[23-24]。污水处理厂中负载 ARGs 和 ARB 生物气溶胶的采集方法主要包括惯性采样法和过滤法(表 1)。惯性采样法是空气中生物气溶胶颗粒获得足够的空气动力后脱离气流,在惯性的作用下撞击到采样介质上从而达到收集的目的^[30]。基于惯性采样

法的采样器主要包括安德森六级等固体撞击式采样器^[20]和 SKC BioSampler 等液体冲击式采样器^[21,29]。其中,安德森六级撞击式采样器的收集载体是选择性培养基^[20];而 SKC BioSampler 的收集载体主要是去离子水^[21]和磷酸缓冲液^[29]等液体。

过滤法通过配置不同流量的悬浮颗粒物采样泵实现^[31]。例如,Reuter 离心取样器^[21]和 TH-150 悬浮颗粒物采样器^[25]的采样流量为 100 L/min; Sartorius MD8^[19]空气采样器的采样流量为 125 L/min; XT-1025 采样器^[26]和 TH-1000 悬浮颗粒物采样器^[28]的采样流量为 1 000 L/min。采样器通过配备不同的切割器实现不同粒径颗粒物的筛选^[32-33]。悬浮颗粒物在抽吸作用下通过扩散、惯性碰撞和吸附等过程富集在石英膜、玻璃纤维膜和聚四氟乙烯膜等收集介质上^[19,25-26,34]。

固体撞击式采样器具有采集效率高、操作简便和灵敏度高等优点,缺点是只能用于检测可培养或者具有活性的微生物,壁损失以及粒子破碎等原因也会导致误差^[31,35]。液体冲击式采样器具有捕获率高、使用方便、可以将采集样品分别分析且采样液对微生物具有保护作用等优点,缺点是不适合低温或者长时间采样,容易受到污染和携带不便等^[36-37]。过滤法具有采样效率高、采集成本低、设备简单和能够在低温环境下采样等优点,缺点是易受滤材性能的影响、滤膜孔径易堵塞和采集量不稳定等^[34,38]。

2 生物气溶胶中 ARGs 和 ARB 检测方法

2.1 基于可培养技术的抗生素敏感性分析

抗生素敏感性试验通过琼脂平板扩散法或系列稀释法获得并检测完全抑制细菌生长的最

表 1 污水处理厂负载 ARGs 生物气溶胶采集方法

Table 1 Sampling methods of ARGs loaded on bioaerosols from wastewater treatment plants

采样原理 Sampling principle	收集载体 Collecting vector	采样器 Samplers	采样流量 Flow (L/min)	采样时间 Sampling time (h)	分析方法 Analytical method	参考文献 References	
过滤法 Filtration method	石英膜 Quartz filter	TH-150 悬浮颗粒物采样器 TH-150 suspended particle samplers	100	24	宏基因组测序 Metagenomic sequencing	[9]	
	聚四氟乙烯膜 Polytetrafluoroethylene	Sartorius MD8 空气采样器 Sartorius MD8 airscan air samplers	125	1/2	qPCR 技术和宏基因组测序 qPCR assays, Metagenomic sequencing	[19]	
	琼脂培养基 Agar medium	Reuter 离心取样器 Reuter centrifugal sampler	100	1/60	宏基因组测序 Metagenomic sequencing	[21]	
	石英膜 Quartz filter	TH-150 悬浮颗粒物采样器 TH-150 suspended particle samplers	100	24	宏基因组测序 Metagenomic sequencing	[25]	
	玻璃纤维膜 Glass fiber filter	XT-1025 采样器 XT-1025 air samplers	1 000	48	宏基因组测序 Metagenomic sequencing	[26]	
	聚碳酸酯膜 Polycarbonate filter	TE-5200 采样器 TE-5200 air samplers	1 500	24	宏基因组测序 Metagenomic sequencing	[27]	
	石英膜 Quartz filter	TH-1000 悬浮颗粒采样器 TH-1000 suspended particle samplers	1 000	24	qPCR 技术、宏基因组测序、组装和分箱 qPCR assays, metagenomic sequencing, assembly and binning	[28]	
	惯性采样法 Inertial sampling	革兰氏阴性菌选择性培养基 Gram-negative bacteria selective medium	安德森六级固体撞击式采样器 Andersen 6-stage impactor	28.3	1/2	可培养技术和抗生素敏感性试验 Culturable technique, antibiotic susceptibility test	[20]
		去离子水 DI water	液体冲击式采样器 SKC BioSampler	12.5	1/2	宏基因组测序 Metagenomic sequencing	[21]
		磷酸缓冲液 Phosphate buffer	液体冲击式采样器 SKC BioSampler	12.5	1/12	qPCR 技术 qPCR assays	[29]

小抗生素浓度，即最小抑制浓度，从而判断菌株是否对某种抗生素具有耐药性^[39-40]。Zhang 等^[20]通过安德森六级撞击式采样器将污水处理厂中的生物气溶胶颗粒收集至 MacConkey 选择性培养基，对分离之后的革兰氏阴性菌株进行抗生素敏感性试验，从而研究样本中 ARB (尤其是致病性 ARB) 的赋存特征。通过可培养技术

来判断抗性的方法在细菌抗药性验证中发挥了很大作用，但基于细菌培养的方法通常是费时和耗力的，且复杂环境中可培养的细菌数量较少，因此在评价抗生素抗性基因时可能造成污水处理厂中 ARGs 的总量较低^[41]。

2.2 qPCR 扩增技术

实时荧光定量 PCR (quantitative real-time

PCR, qPCR)是基于荧光染料或荧光探针实时快速定量检测环境中的 ARGs^[42]。通过 qPCR 扩增技术已实现了对污水处理厂生物气溶胶中四环素类(*tetA*、*tetB*、*tetC*、*tetG*、*tetL*、*tetM*、*tetO*、*tetQ*、*tetW* 和 *tetX*)、磺胺类(*sulI*、*sulII*和 *sulIII*)、 β -内酰胺类(*blaTEM*)和整合子类(*intI1*、*intI2* 和 *intI3*)等 ARGs 的定量鉴别^[21,43-46]。基于 qPCR 扩增技术可对环境中特定的抗性基因进行定量检测,该方法快速、灵敏、准确,但 qPCR 方法最大的缺陷是引物的设计需要获得已知抗性基因序列^[47]。此外,qPCR 技术也受限于扩增反应条件,如扩增反应循环数或退火温度^[48]。

2.3 宏基因组学技术

测序、组装和分箱等宏基因组技术被广泛应用于分析污水处理厂生物气溶胶 ARGs 的多样性、潜在移动性和宿主组成等方面^[9,21,25-26,28]。宏基因组测序直接从环境样品中提取全部微生物的 DNA,构建宏基因组文库,对样本中的 DNA 进行高通量测序,与抗生素抗性基因相关数据库进行比对,获取抗生素抗性信息^[9,21,40]。宏基因组组装是把短的 reads 拼接成连续的序列 contigs,预测 contigs 上具有编码蛋白质潜能的开放阅读框,与参考数据库进行比对,可以实现对 ARGs 移动性的评估,并确定抗生素抗性的宿主以及识别携带 ARGs 的人类致病菌^[28,49-50]。宏基因组分箱是将宏基因组测序得到的混合了不同微生物的序列 reads 或宏基因组组装得到的 contigs 或 scaffolds 组装基因组的过程,通过注释组装基因组可以准确了解 ARGs 的宿主以及 ARB 的潜在功能及其抗性基因^[28,51]。

宏基因组学技术具有灵活、方便和易于快速实施等优势,并且其测序成本的不断降低提高了环境样本抗生素抗性监测的经济可行性^[52]。同时,宏基因组学能够在充分了解 ARGs 种类、传播途径以及抗生素耐药机制的基础上,预测

未来可能出现的抗生素抗性以及对人类构成的潜在威胁^[53]。然而,宏基因组数据缺少标准分析方法和统一分析工具,限制了不同环境样本数据的重现性和可比性^[41]。此外,还需要可培养和宏转录组等技术验证 ARB 的存在以及 ARGs 通过水平基因转移的传播^[27-28]。

3 ARGs 和 ARB 的逸散特征

粒径分布是生物气溶胶的重要特征之一,粒径分布决定了颗粒物在人体呼吸系统的沉积位置。 PM_{10} 易沉积在人体上呼吸道, $PM_{2.5}$ 易沉积在肺实质, $PM_{1.0}$ 可以深入渗透至肺泡区并通过体循环转运至肝脏、脾脏、心脏或大脑^[9,54]。 $PM_{1.0}$ 在空气中的停留时间更长,甚至可以随风传播到数千米远的偏远地方^[9,55]。

污水处理厂不同粒径生物气溶胶中存在种类丰富的 ARGs。例如,抗多药类、抗杆菌肽类、抗氨基糖苷类、抗四环素类、抗 β -内酰胺类、抗磺胺类、抗大环内酯类和抗糖肽类等抗性基因在 PM_{10} 、 $PM_{2.5}$ 和 $PM_{1.0}$ 颗粒物中广泛检出^[25-26,28]。然而污水处理厂生物气溶胶 PM_{10} 、 $PM_{2.5}$ 和 $PM_{1.0}$ 颗粒中主导的均是多药类 ARGs^[7,9,28],格栅间、生化反应池和污泥处理单元是污水处理厂生物气溶胶 ARGs 的主要释放单元。Gaviria-Figueroa 等^[19]和 Yang 等^[26]在两个污水处理厂的好氧池和氧化沟生物气溶胶 PM_{10} 样本中分别检测到 42 种和 183 种 ARGs 亚型。Xie 等^[28]在絮凝池、沉淀池和储泥池生物气溶胶 $PM_{2.5}$ 样本中分别检测到 8、15 和 14 种 ARGs 主型。Yang 等^[9]在细格栅、预缺氧池、好氧池和污泥脱水间生物气溶胶 $PM_{1.0}$ 样本中分别检测到 271、257、279 和 282 种 ARGs 亚型。污水处理厂生物气溶胶的逸散会对周边大气环境产生抗生素抗性污染^[20,56]。相较于污水处理厂上风向,下风向生物气溶胶颗粒具有种类更多、

丰度更高的 ARGs 和 ARB^[9]。

污水处理厂生物气溶胶中存在具有抗生素抗性的细菌或潜在致病菌(表 2)。Zhang 等^[20]发现某制药污水处理厂生物气溶胶 PM₁₀ 颗粒中超过 45.00% 的细菌和 50.30% 的潜在致病菌对至少 3 种抗生素存在抗性。Xie 等^[28]报道了中国香港特别行政区一家大型污水处理厂 PM_{2.5} 中 ARGs 主要的宿主是变形菌门(*Proteobacteria*)和厚壁菌门(*Firmicutes*), 分别携带 30.00%–83.00% 和 13.00%–46.00% 已鉴定的 ARGs; 鲍曼不动杆菌(*Acinetobacter baumannii*)和金黄色葡萄球菌(*Staphylococcus aureus*)是污水处理厂 PM_{2.5} 中的主要耐药致病菌; 同时也发现了一些世界卫生组织建议优先研发新型抗生素控制的致病菌, 例如结肠弯曲菌(*Campylobacter coli*)和普雷沃氏菌(*Prevotella losecheii*)。Yang 等^[9]发现济南的某个污水处理厂 PM_{1.0} 中 13 种潜在致病菌携带至少 2 种 ARGs 亚型, 其中放线杆菌(*Actinobacillus* sp.)、放线菌(*Actinomyces* sp.)、弓形杆菌(*Arcobacter* sp.)和金氏菌(*Kingella* sp.)携带高达 14 种 ARGs 亚型(6 种 ARGs 主型), 而多药类 ARGs 至少被 5 种潜在致病菌携带。

另外, 污水处理厂生物气溶胶负载的 ARGs 具有水平移动性。可移动遗传元件(mobile genetic elements, MGEs)是能够在基因组内活动或在细胞间活动的酶类或其他类型蛋白质的 DNA 片段, 主要包括质粒、整合子、转座子和插入序列等^[57-58]。MGEs 可促进 ARGs 的水平转移从而实现 ARGs 在环境中的快速传播^[52]。质粒是污水处理厂生物气溶胶 PM₁₀ 和 PM_{2.5} 颗粒 ARGs 的主要遗传位置^[27-28,59]。研究报道发现 I 类整合子 *intI1* 和插入序列 *ISMmg1* 两种 MGEs 为污水处理厂 PM₁₀ 中四环素类、大环内酯类、磺胺类和氨基糖苷类 ARGs 的水平基因转移起到了重要作用^[57]。同时, Xie 等^[28]报道了整合

酶、转座酶和重组酶编码基因 3 种 MGEs 与污水处理厂 PM_{2.5} 氨基糖苷类和多药类 ARGs 的水平基因转移有关。目前对污水处理厂 PM_{1.0} 中 ARGs 的可移动性研究较少。

4 污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性组来源

ARGs 的排放率和气溶胶化潜力在一定程度上定量反映了抗生素抗性组从特定污染源以生物气溶胶形式向大气环境的逸散能力。ARGs 的排放率是指负载于某粒径生物气溶胶的目标基因绝对量与其在污水或污泥当中绝对量的比值, 为无量纲。Xie 等^[28]发现污水处理厂 PM_{2.5} 负载 ARGs 的排放率是 6×10^{-8} , 比细菌的排放率普遍高出 2 个数量级。Yang 等^[9]报道了污水处理厂 PM_{1.0} 中共有 40 种 ARGs 亚型极易从污水或污泥中被气溶胶化, 分别有 23、21、30 和 32 种 ARGs 亚型在细格栅、预缺氧池、好氧池和污泥脱水间极易被气溶胶化, 其中在细格栅和污泥脱水间最易被气溶胶化的 ARGs 亚型分别是 *tetS* 和 *TEM-101*。

污水处理厂污水或污泥是生物气溶胶抗生素抗性的主要来源。研究表明, 污水处理厂 PM₁₀、PM_{2.5} 和 PM_{1.0} 中约 50.00%、57.00%–60.00% 和 37.55%–44.68% 的 ARGs, 以及约 17.70%、11.00%–13.00% 和 49.54%–72.45% 的 ARB 来源于污水或污泥^[9,19-20,28]。不同处理单元的污水或污泥对污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性源的贡献不同。例如, 研究表明, 污水处理厂格栅、预缺氧池、好氧池和污泥脱水间的污水或污泥对 PM₁₀ 中 ARGs 源的贡献分别为 39.67%、36.78%、55.65% 和 65.85%^[7]; 而对于 PM_{1.0} 颗粒中 ARGs 的贡献分别为 40.22%、37.55%、38.56% 和 44.68%^[9]。这主要是由于不同处理单

表 2 污水处理厂生物气溶胶中具有抗生素抗性的潜在致病菌

Table 2 Potential antibiotic resistant pathogens in bioaerosols from wastewater treatment plants

污水处理厂不同粒径 生物气溶胶 WWTP size-segregated bioaerosols	抗生素抗性致病菌 Antibiotic resistance pathogens	抗生素种类 Drug classes	参考文献 References		
PM ₁₀	<i>Acinetobacter</i> , <i>Alcaligenes</i> , <i>Enterobacter</i> , <i>Klebsiella</i> , and <i>Sphingomonas</i>	Beta-lactam, gentamicin, nitrofurantoin, and tobramycin	[20]		
	<i>Citrobacter</i>	Beta-lactam, nitrofurantoin, and trimethoprim			
	<i>Escherichia</i>	Beta-lactam and levofloxacin			
	<i>Pantoea</i> and <i>Pseudomonas</i>	Beta-lactam, gentamicin, levofloxacin, nitrofurantoin, and tobramycin			
PM _{2.5}	<i>Acinetobacter baumannii</i>	Aminoglycoside and multidrug	[28]		
	<i>Acinetobacter nosocomialis</i> , <i>Mycobacterium avium complex</i> , and <i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	Multidrug			
	<i>Acinetobacter pittii</i>	MLS			
	<i>Aeromonas hydrophila</i>	Fluoroquinolone			
	<i>Alcaligenes faecalis</i>	Aminoglycoside, MLS, and tetracycline			
	<i>Clostridium perfringens</i>	Glycopeptide and tetracycline			
	<i>Corynebacterium singulare</i> , <i>Enterobacter hormaechei</i> , <i>Staphylococcus epidermidis</i>	Aminoglycoside			
	<i>Corynebacterium urealyticum</i>	MLS and phenicol			
	<i>Enterococcus faecium</i>	Glycopeptide, MLS, and tetracycline			
	<i>Escherichia coli</i>	Aminoglycoside, MLS, multidrug, and phenicol			
	<i>Gordonia terrae</i>	Multidrug and tetracycline			
	<i>Macrococcus caseolyticus</i>	Aminoglycoside and MLS			
	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Phenicol			
	<i>Ralstonia insidiosus</i>	Beta-lactam, multidrug, and peptide			
	<i>Ralstonia pickettii</i>	Beta-lactam and multidrug			
	<i>Staphylococcus aureus</i>	Aminoglycoside, MLS, and multidrug			
	PM _{1.0}	<i>Acinetobacter</i> , <i>Actinobacillus</i> , <i>Actinomyces</i> , <i>Arcobacter</i> , and <i>Kingella</i>		Beta-lactam, MLS, multidrug, and sulfonamide	[9]
		<i>Aeromonas</i> and <i>Bacillus</i>		Beta-lactam, MLS, multidrug, sulfonamide, and tetracycline	
		<i>Bacteroides</i>		Chloramphenicol, MLS, sulfonamide, and tetracycline	
<i>Enterobacter</i>		Aminoglycoside			
<i>Neisseria</i>		Aminoglycoside, beta-lactam, chloramphenicol, and multidrug			
<i>Pseudomonas</i>		Bacitracin, beta-lactam, multidrug, and tetracycline			
<i>Staphylococcus</i>		Chloramphenicol, MLS, and tetracycline			
<i>Mycobacterium</i> and <i>Proteus</i>		Beta-lactam			
<i>Corynebacterium</i>		MLS and multidrug			

元对生物气溶胶的驱动力不同。例如, 格栅在分离固体杂质时其驱动装置不断搅动水面, 导致生物气溶胶的排放^[60]; 表面曝气通过转刷旋转形成负压区吸收部分空气, 在水中剧烈搅拌引起水跃, 混合液悬浮固体直接抛出水汽界面, 形成生物气溶胶^[61]; 底部曝气将空气输送到污水处理系统中, 气泡上升到水汽界面并破裂, 混合液悬浮固体突破水汽界面形成生物气溶胶^[33]; 而污泥脱水间通过离心脱水机等对污泥进行连续分离脱水, 高密度固体颗粒在高速离心力的作用下形成生物气溶胶^[60]。同时, 在采样过程中背景空气对生物气溶胶收集的干扰不可避免。例如, Yang 等^[9]发现污水处理厂 PM_{1.0} 颗粒中约 34.22%–42.55% 的 ARGs 和 17.32%–37.76% 的 ARB 来源于背景空气。其他未知来源也包括土壤、植物材料和周围环境中存在的干粉尘或其他材料^[18]。相较于其他来源, 污水或污泥对室内处理单元等相对封闭的环境中生物气溶胶负载的 ARGs 和 ARB 起到更重要的源贡献^[7,9]。

整体上, 由于污水或污泥对污水处理厂生物气溶胶的释放起到重要的源的贡献, 因此, 污水处理厂生物气溶胶与污水或污泥的抗生素抗性组成存在较高的相似性; 同时, 污水处理厂生物气溶胶与其他来源空气样本 ARGs 和 ARB 的组成存在显著的差异性^[9,28]。例如, Xie 等^[28]发现污水处理厂与城市、沿海的 PM_{2.5} 中 ARGs 组成存在显著性的差异, *OXA*、*emrA* 和 *emrB* 等是沿海 PM_{2.5} 中指示性 ARGs, *vanR*、*mdtB* 和 *ermC* 等是城市 PM_{2.5} 中特征性 ARGs, 而 *bacA*、*rosB* 和 *smeE* 等是污水处理厂 PM_{2.5} 中辨别性 ARGs。

5 污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性潜在危害及风险评估

污水处理厂的工作人员更容易出现呼吸系

统和消化系统相关的疾病^[21,62-63]。污水处理厂生物气溶胶具有抗生素抗性的潜在致病菌的存在, 增加了治疗细菌感染的难度, 延长了治疗细菌感染的时间, 提高了治疗细菌感染的成本^[64-67]。例如, 已有研究发现污水处理厂生物气溶胶中可导致人和动物腹泻疾病的弓形杆菌 (*Arcobacter* sp.) 对多药类、四环素类和大环内酯类抗生素存在抗性^[9,66]; 可导致分泌系统疾病的假单胞菌 (*Pseudomonas* sp.) 对多药类抗生素存在抗性^[67], 可导致人类严重感染和菌血症的芽孢杆菌 (*Bacillus* sp.) 对四环素类和磺胺类抗生素存在抗性^[68-69]。

目前, 关于 ARGs 的风险评估主要包括 3 种方式: 基于暴露剂量的风险评估^[4,36,70], 基于抗性基因组和微生物组共存关系的耐药性风险评估^[28,71], 以及基于上呼吸道气载 ARGs 的体外检测评估^[17]。基于暴露剂量的风险评估根据气溶胶负载 ARGs 丰度、呼吸速率、暴露频率、皮肤接触面积、皮肤渗透率和暴露年限等参数计算并定量比较通过呼吸、皮肤接触和摄食 3 种途径暴露 ARGs 的剂量, 从而判断 ARGs 的暴露风险^[4,36,72]。污水处理厂负载 ARGs 的生物气溶胶呼吸途径暴露剂量远远高于皮肤接触途径^[4,36]。Yan 等^[70]发现人类对 *tetW*、*sulI* 和 *ermC* 这 3 种基因的吸入量较高, 导致 3 种基因在细菌物种内部和细菌物种之间传播和扩散, 威胁工作人员和附近居民的健康。基于抗性基因组和微生物组共存关系进行的耐药性风险评估, 通过分析 ARGs、MGEs 和人类致病菌在宏基因组组装得到的同一 contig 上的共存关系计算抗性污染风险值^[71]。有研究表明, 相较于城市地区和沿海地区, 污水处理厂 PM_{2.5} 样本的抗性污染风险值最高^[28]。基于上呼吸道气载 ARGs 的体外检测评估是通过收集污水处理厂工人的鼻咽拭子对其进行宏基因组分析来实现^[17]。

Zieliński 等^[17]在污水处理厂员工的鼻咽拭子和咽拭子样本中检测到的 ARGs 主要分别对大环内酯类和 β -内酰胺类抗生素具有抗性, 验证了 ARGs 在人体上呼吸道的沉积; 同时, 在污水处理厂员工鼻咽拭子中也检测到 IS 类等 MGEs, 这在一定程度上也反映了污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性的暴露风险。

6 总结与展望

污水处理厂生物气溶胶具有抗生素抗性, 对污水处理厂工人及周边居民存在不容忽视的健康风险。同时, 污水或污泥在分离、搅拌、曝气和污泥脱水等驱动作用下, 对生物气溶胶负载 ARGs 和 ARB 的释放起到了重要的源的贡献。该领域未来的研究方向包括: (1) 利用空气动力学等进一步探究污水处理厂生物气溶胶负载 ARGs 和 ARB 通过水汽界面的微观过程, 定量探究 ARGs 和 ARB 释放率及排放通量^[28]; 综合分析气象条件、污水处理过程、水质和其他典型气态污染物等因素^[16,70]对污水处理厂生物气溶胶负载 ARGs 和 ARB 的影响, 深入探究其释放和逸散机制。(2) 需充分考虑污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性的时空分布特征, 系统探究其分布的地域性和季节性差异, 进一步丰富我国抗生素抗性的基础数据。(3) 尽管宏基因组相关技术为污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性分析提供了有效的手段, 但仍需要进一步通过可培养分离^[50]、纳米孔测序^[73]和宏转录组^[74]等方法和技术来验证污水处理厂生物气溶胶中 ARB (尤其是致病性 ARB) 的存在。(4) 当前国内外关于污水处理厂生物气溶胶负载细菌和 ARGs 的释放缺乏相关标准, 但其可能引起的潜在健康风险需引起足够重视^[28]。可参考负载 ARGs 大气颗粒物的控制技术^[75], 如化学消毒、

过滤、热处理、紫外线照射、微波辐射、静电场、光催化和植物熏蒸等, 进一步验证其在控制污水处理厂抗生素抗性生物气溶胶方面的可行性及有效性。

REFERENCES

- [1] 李中泓, 薛媚, 李顺江, 杜彩丽, 李晓光. 气溶胶中抗生素抗性基因研究进展[J]. 生物工程学报, 2022, 38(7): 2423-2432.
LI ZH, XUE M, LI SJ, DU CL, LI XG. Antibiotic resistance genes in aerosols: a review[J]. Chinese Journal of Biotechnology, 2022, 38(7): 2423-2432 (in Chinese).
- [2] ZHU YG, ZHAO Y, LI B, HUANG CL, ZHANG SY, YU S, CHEN YS, ZHANG T, GILLINGS MR, SU JQ. Continental-scale pollution of estuaries with antibiotic resistance genes[J]. Nature Microbiology, 2017, 2(4): 16270.
- [3] WANG JL, CHEN XY. Removal of antibiotic resistance genes (ARGs) in various wastewater treatment processes: an overview[J]. Critical Reviews in Environmental Science and Technology, 2022, 52(4): 571-630.
- [4] 孙建斌. 污水处理厂气溶胶负载抗生素抗性基因特征研究[D]. 北京: 北京建筑大学硕士学位论文, 2022.
SUN JB. Characteristics of antibiotic resistance genes through aerosols in sewage treatment plants[D]. Beijing: Master's Thesis of Beijing University of Civil Engineering and Architecture, 2022 (in Chinese).
- [5] 邢月, 张雯, 程艳, 程刚, 胡海洋. 西北内陆河抗生素抗性基因赋存特征及其影响因素[J]. 中国环境科学, 2023, 43(6): 3077-3086.
XING Y, ZHANG W, CHENG Y, CHENG G, HU HY. Distribution characteristics and influencing factors of antibiotic resistance genes in inland rivers of Northwest China[J]. China Environmental Science, 2023, 43(6): 3077-3086 (in Chinese).
- [6] VALDERRAMA JA, KULKARNI SS, NIZET V, BIER E. A bacterial gene-drive system efficiently edits and inactivates a high copy number antibiotic resistance locus[J]. Nature Communications, 2019, 10: 5726.
- [7] 杨唐, 惠晓亮, 王振兴, 何煜鑫, 周小琳. 污水处理厂生物气溶胶抗生素抗性污染特征[J]. 中国环境科学, 2022, 42(12): 5626-5632.

- YANG T, HUI XL, WANG ZX, HE YX, ZHOU XL. Pollution characteristics of antibiotics resistance associated with bioaerosols from a wastewater treatment plant[J]. *China Environmental Science*, 2022, 42(12): 5626-5632 (in Chinese).
- [8] 张越, 胡雪莹, 王旭明. 噬菌体编码的抗生素抗性基因研究进展[J]. *中国环境科学*, 2022, 42(5): 2315-2320.
- ZHANG Y, HU XY, WANG XM. Recent advances on antibiotic resistance genes encoded by bacteriophages[J]. *China Environmental Science*, 2022, 42(5): 2315-2320 (in Chinese).
- [9] YANG T, JIANG L, BI XJ, CHENG LH, ZHENG X, WANG XD, ZHOU XL. Submicron aerosols share potential pathogens and antibiotic resistomes with wastewater or sludge[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 821: 153521.
- [10] 王丽梅, 罗义, 毛大庆, 周启星. 抗生素抗性基因在环境中的传播扩散及抗性研究方法[J]. *应用生态学报*, 2010, 21(4): 1063-1069.
- WANG LM, LUO Y, MAO DQ, ZHOU QX. Transport of antibiotic resistance genes in environment and detection methods of antibiotic resistance[J]. *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2010, 21(4): 1063-1069 (in Chinese).
- [11] 李十盛, 高会, 赵富强, 陈以芹, 张克玉, 黄加劲, 那广水. 水产养殖环境中抗生素抗性基因的研究进展[J]. *中国环境科学*, 2021, 41(11): 5314-5325.
- LI SS, GAO H, ZHAO FQ, CHEN YQ, ZHANG KY, HUANG JJ, NA GS. Research progress on the occurrence and influencing factors of antibiotic resistance genes in aquaculture environment[J]. *China Environmental Science*, 2021, 41(11): 5314-5325 (in Chinese).
- [12] CZEKALSKI N, DIEZ EG, BURGMANN H. Wastewater as a point source of antibiotic-resistance genes in the sediment of a freshwater lake[J]. *The ISME Journal*, 2014, 8(7): 1381-1390.
- [13] OSIŃSKA A, KORZENIEWSKA E, HARNISZ M, FELIS E, BAJKACZ S, JACHIMOWICZ P, NIESTĘPSKI S, KONOPKA I. Small-scale wastewater treatment plants as a source of the dissemination of antibiotic resistance genes in the aquatic environment[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 381: 121221.
- [14] 窦春玲, 郭雪萍, 尹大强. 污水处理厂抗生素抗性基因分布和去除研究进展[J]. *环境化学*, 2013, 32(10): 1885-1893.
- DOU CL, GUO XP, YIN DQ. Review on distribution and removal of antibiotic resistance genes (ARGs) in wastewater treatment plants (WWTPs)[J]. *Environmental Chemistry*, 2013, 32(10): 1885-1893 (in Chinese).
- [15] PAZDA M, KUMIRSKA J, STEPNOWSKI P, MULKIEWICZ E. Antibiotic resistance genes identified in wastewater treatment plant systems—a review[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 697: 134023.
- [16] YANG T, HAN YP, ZHANG MZ, XUE S, LI L, LIU JX, QIU ZP. Characteristics and exposure risks of potential pathogens and toxic metal(loid)s in aerosols from wastewater treatment plants[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, 183: 109543.
- [17] ZIELIŃSKI W, HUBENY J, BUTA-HUBENY M, ROLBIECKI D, HARNISZ M, PAUKSZTO Ł, KORZENIEWSKA E. Metagenomics analysis of probable transmission of determinants of antibiotic resistance from wastewater to the environment—a case study[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 827: 154354.
- [18] UHRBRAND K, SCHULTZ AC, KOIVISTO AJ, NIELSEN U, MADSEN AM. Assessment of airborne bacteria and noroviruses in air emission from a new highly-advanced hospital wastewater treatment plant[J]. *Water Research*, 2017, 112: 110-119.
- [19] GAVIRIA-FIGUEROA A, PREISNER EC, HOQUE S, FEIGLEY CE, NORMAN RS. Emission and dispersal of antibiotic resistance genes through bioaerosols generated during the treatment of municipal sewage[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 686: 402-412.
- [20] ZHANG MY, ZOU JN, YU X, SHI XC, CHEN L, LI ZX. Quantification of multi-antibiotic resistant opportunistic pathogenic bacteria in bioaerosols in and around a pharmaceutical wastewater treatment plant[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2018, 72: 53-63.
- [21] LI J, ZHOU LT, ZHANG XY, XU CJ, DONG LM, YAO MS. Bioaerosol emissions and detection of airborne antibiotic resistance genes from a wastewater treatment plant[J]. *Atmospheric Environment*, 2016, 124: 404-412.
- [22] LERMINIAUX NA, CAMERON ADS. Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in clinical

- environments[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2019, 65(1): 34-44.
- [23] 闫威卓. 气象条件对北京冬季生物气溶胶浓度和组成的影响[D]. 北京: 清华大学硕士学位论文, 2017.
YAN WZ. Impact of meteorological condition on the concentration and composition of biologicals in the winter of Beijing[D]. Beijing: Master's Thesis of Tsinghua University, 2017 (in Chinese).
- [24] 卢维来, 许添顺, 汤晖, 蒋靖坤, 付钰. 微生物气溶胶检测技术的研究进展[J]. *微生物学报*, 2022, 62(4): 1345-1361.
LU WL, XU TS, TANG H, JIANG JK, FU Y. Technologies for microbial aerosol sampling and identification: a review and current perspective[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2022, 62(4): 1345-1361 (in Chinese).
- [25] HAN YP, YANG T, CHEN TZ, LI L, LIU JX. Characteristics of submicron aerosols produced during aeration in wastewater treatment[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 696: 134019.
- [26] YANG Y, ZHOU RJ, CHEN BW, ZHANG T, HU LG, ZOU SC. Characterization of airborne antibiotic resistance genes from typical bioaerosol emission sources in the urban environment using metagenomic approach[J]. *Chemosphere*, 2018, 213: 463-471.
- [27] HAN I, YOO K. Metagenomic profiles of antibiotic resistance genes in activated sludge, dewatered sludge and bioaerosols[J]. *Water*, 2020, 12(6): 1516.
- [28] XIE JW, JIN L, WU D, PRUDEN A, LI XD. Inhalable antibiotic resistome from wastewater treatment plants to urban areas: bacterial hosts, dissemination risks, and source contributions[J]. *Environmental Science & Technology*, 2022, 56(11): 7040-7051.
- [29] WU Y, SHEN FX, YAO MS. Use of gelatin filter and BioSampler in detecting airborne H5N1 nucleotides, bacteria and allergens[J]. *Journal of Aerosol Science*, 2010, 41(9): 869-879.
- [30] 常留栓, 李蓉, 李倩, 张婷婷, 郭艳婷. 生物气溶胶采样方法及吸入危害研究进展[J]. *军事医学*, 2020, 44(11): 860-864.
CHANG LS, LI R, LI Q, ZHANG TT, GUO YT. Sampling methods and inhalation hazards of bioaerosol: research advances[J]. *Military Medical Sciences*, 2020, 44(11): 860-864 (in Chinese).
- [31] 王彦杰, 李琳, 许光素, 刘俊新, 韩云平. 微生物气溶胶采集技术的特点及应用[J]. *微生物学通报*, 2017, 44(3): 701-709.
WANG YJ, LI L, XU GS, LIU JX, HAN YP. The application and characteristics of technologies for bioaerosols collection[J]. *Microbiology China*, 2017, 44(3): 701-709 (in Chinese).
- [32] 师耀龙, 王瑜, 魏连涛, 董一鸣, 杨明伟, 吕怡兵. PM₁与PM_{2.5}切割器性能与测试系统研究[J]. *中国环境监测*, 2022, 38(6): 221-227.
SHI YL, WANG Y, WEI LT, DONG YM, YANG MW, LÜ YB. Research on the performance of PM₁ and PM_{2.5} selectors and its test system[J]. *Environmental Monitoring in China*, 2022, 38(6): 221-227 (in Chinese).
- [33] YANG T, JIANG L, CHENG LH, ZHENG X, BI XJ, WANG XD, ZHOU XL. Characteristics of size-segregated aerosols emitted from an aerobic moving bed biofilm reactor at a full-scale wastewater treatment plant[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 416: 125833.
- [34] 马雪征, 魏昭慧, 郑飞, 胡孔新, 方志强. 生物气溶胶的采集和分析方法研究进展[J]. *中国国境卫生检疫杂志*, 2022, 45(6): 516-520.
MA XZ, WEI ZH, ZHENG F, HU KX, FANG ZQ. Collection and analysis methods of bioaerosol and its future prospects[J]. *Chinese Journal of Frontier Health and Quarantine*, 2022, 45(6): 516-520 (in Chinese).
- [35] ZHENG YH, YAO MS. Liquid impinger BioSampler's performance for size-resolved viable bioaerosol particles[J]. *Journal of Aerosol Science*, 2017, 106: 34-42.
- [36] 王依竹. 典型环境中生物气溶胶与气载抗生素抗性基因检测及暴露剂量评价[D]. 天津: 天津大学硕士学位论文, 2019.
WANG YZ. Detection and exposure dose evaluation of bioaerosols and airborne antibiotic resistance genes in typical environments[D]. Tianjin: Master's Thesis of Tianjin University, 2019 (in Chinese).
- [37] 贺小萌, 曹罡, 邵明非, 李继. 空气中抗性基因(ARGs)的研究方法及研究进展[J]. *环境化学*, 2014, 33(5): 739-747.
HE XM, CAO G, SHAO MF, LI J. Research method and progress on antibiotics resistance genes (ARGs) in air[J]. *Environmental Chemistry*, 2014, 33(5): 739-747 (in Chinese).
- [38] 周小军, 付莹莹, 王红昌, 贾锐. 大气气溶胶微生物群落的分子生物学检测和监测方法的研究进展[J].

- 中国生物制品学杂志, 2022(7): 867-873.
- ZHOU XJ, FU YY, WANG HC, JIA R. Progress in research on molecular biological approaches for detection and monitoring of microbial communities in bioaerosols[J]. Chinese Journal of Biologicals, 2022(7): 867-873 (in Chinese).
- [39] de OLIVEIRA AJFC, PINHATA JMW. Antimicrobial resistance and species composition of *Enterococcus* spp. isolated from waters and sands of marine recreational beaches in Southeastern Brazil[J]. Water Research, 2008, 42(8/9): 2242-2250.
- [40] 李中浚. 基于宏基因组学的城市污水处理系统中 ARGs 和 MGEs 的归趋研究[D]. 南昌: 南昌航空大学硕士学位论文, 2021.
- LI ZH. Research on the trend of ARGs and MGEs in urban sewage treatment system based on metagenomics[D]. Nanchang: Master's Thesis of Nanchang Hangkong University, 2021 (in Chinese).
- [41] 安新丽, 苏建强. 活性污泥抗生素抗性基因研究进展[J]. 微生物学通报, 2019, 46(8): 2069-2079.
- AN XL, SU JQ. Resistome in activated sludge: current knowledge and future directions[J]. Microbiology China, 2019, 46(8): 2069-2079 (in Chinese).
- [42] KARKMAN A, DO TT, WALSH F, VIRTA MPJ. Antibiotic-resistance genes in waste water[J]. Trends in Microbiology, 2018, 26(3): 220-228.
- [43] 张明美. 污水处理系统中抗生素抗性基因污染研究[D]. 杭州: 浙江大学硕士学位论文, 2013.
- ZHANG MM. The pollution of antibiotic resistance genes in wastewater treatment systems[D]. Hangzhou: Master's Thesis of Zhejiang University, 2013 (in Chinese).
- [44] 杨莲. 抗生素抗性基因在城镇污水处理系统的分布与去除机制研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学博士学位论文, 2019.
- YANG L. Distribution and removal mechanism of antibiotic resistance genes in municipal wastewater treatment system[D]. Harbin: Doctoral Dissertation of Harbin Institute of Technology, 2019 (in Chinese).
- [45] LUO Y, MAO DQ, RYSZ M, ZHOU DX, ZHANG HJ, XU L, ALVAREZ PJJ. Trends in antibiotic resistance genes occurrence in the Haihe River, China[J]. Environmental Science & Technology, 2010, 44(19): 7220-7225.
- [46] CHEN H, SHU WQ, CHANG XS, CHEN JA, GUO YB, TAN Y. The profile of antibiotics resistance and integrons of extended-spectrum beta-lactamase producing thermotolerant coliforms isolated from the Yangtze River Basin in Chongqing[J]. Environmental Pollution, 2010, 158(7): 2459-2464.
- [47] ALLEN HK. Antibiotic resistance gene discovery in food-producing animals[J]. Current Opinion in Microbiology, 2014, 19: 25-29.
- [48] LUBY E, IBEKWE AM, ZILLES J, PRUDEN A. Molecular methods for assessment of antibiotic resistance in agricultural ecosystems: prospects and challenges[J]. Journal of Environmental Quality, 2016, 45(2): 441-453.
- [49] ZHANG JY, YU DW, DIAN L, HAI YL, XIN Y, WEI YS. Metagenomics insights into the profiles of antibiotic resistome in combined sewage overflows from reads to metagenome assembly genomes[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 429: 128277.
- [50] ZHAO RX, YU K, ZHANG JY, ZHANG GJ, HUANG J, MA LP, DENG CF, LI XY, LI B. Deciphering the mobility and bacterial hosts of antibiotic resistance genes under antibiotic selection pressure by metagenomic assembly and binning approaches[J]. Water Research, 2020, 186: 116318.
- [51] ZHANG J, YUE ZF, DING CF, ZHOU ZG, ZHANG TL, WANG XX. Metagenomic binning analyses of pig manure composting reveal potential antibiotic-degrading bacteria and their risk of antibiotic resistance genes[J]. Bioresource Technology, 2023, 371: 128540.
- [52] 苏志国, 陈吕军, 温东辉. 环境耐药组及其健康风险的宏基因组学研究策略和方法[J]. 微生物学通报, 2023, 50(4): 1538-1558.
- SU ZG, CHEN LJ, WEN DH. Metagenomic strategies and methods for studying environmental resistome and its health risk[J]. Microbiology China, 2023, 50(4): 1538-1558 (in Chinese).
- [53] 胡海燕, 刘慧敏, 孟璐, 董蕾, 兰图, 郑楠, 程建波, 王加启. 宏基因组学在微生物抗生素抗性基因检测中的应用[J]. 微生物学通报, 2019, 46(11): 3110-3123.
- HU HY, LIU HM, MENG L, DONG L, LAN T, ZHENG N, CHENG JB, WANG JQ. Application of metagenomics in the detection of microbial antibiotic resistance genes[J]. Microbiology China, 2019, 46(11): 3110-3123 (in Chinese).
- [54] FALCON-RODRIGUEZ CI, OSORNIO-VARGAS AR, SADA-OVALLE I, SEGURA-MEDINA P. Aeroparticles,

- composition, and lung diseases[J]. *Frontiers in Immunology*, 2016, 7: 3.
- [55] ZHANG JM, YANG LX, MELLOUKI A, WEN L, YANG YM, GAO Y, JIANG P, LI YY, WANG WX. Chemical characteristics and influence of continental outflow on PM_{1.0}, PM_{2.5} and PM₁₀ measured at Tuoji Island in the Bohai Sea[J]. *Science of the Total Environment*, 2016, 573: 699-706.
- [56] WANG Y, HAN YP, LI L, LIU JX, YAN X. Distribution, sources, and potential risks of antibiotic resistance genes in wastewater treatment plant: a review[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 310: 119870.
- [57] 胡嘉琳. 污水处理厂空气中菌群、ARGs、MGEs 的时空分布特征及其相关性研究[D]. 南京: 南京大学硕士学位论文, 2017.
- HU JL. Correlations and distribution patterns of ARGs, MGEs and airborne microbial communities in wastewater treatment plant[D]. Nanjing: Master's Thesis of Nanjing University, 2017 (in Chinese).
- [58] PARTRIDGE SR, KWONG SM, FIRTH N, JENSEN SO. Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance[J]. *Clinical Microbiology Reviews*, 2018, 31(4): e00088-17.
- [59] 吴效俭, 施国静, 王莹莹. 微塑料影响抗性基因的传播与水平基因转移[J]. *中国环境科学*, 2022, 42(8): 3957-3968.
- WU XJ, SHI GJ, WANG YY. Effects of microplastics on the spread and horizontal gene transfer of antibiotic resistance genes[J]. *China Environmental Science*, 2022, 42(8): 3957-3968 (in Chinese).
- [60] YANG KX, LI L, WANG YJ, XUE S, HAN YP, LIU JX. Airborne bacteria in a wastewater treatment plant: emission characterization, source analysis and health risk assessment[J]. *Water Research*, 2019, 149: 596-606.
- [61] HAN YP, YANG T, YAN X, LI L, LIU JX. Effect of aeration mode on aerosol characteristics from the same wastewater treatment plant[J]. *Water Research*, 2020, 170: 115324.
- [62] LIANG ZS, YU Y, YE ZK, LI GY, WANG WJ, AN TC. Pollution profiles of antibiotic resistance genes associated with airborne opportunistic pathogens from typical area, Pearl River Estuary and their exposure risk to human[J]. *Environment International*, 2020, 143: 105934.
- [63] ZIELIŃSKI W, KORZENIEWSKA E, HARNISZ M, HUBENY J, BUTA M, ROLBIECKI D. The prevalence of drug-resistant and virulent *Staphylococcus* spp. in a municipal wastewater treatment plant and their spread in the environment[J]. *Environment International*, 2020, 143: 105914.
- [64] 胡静. 城市污水处理厂中抗生素抗性细菌和抗生素抗性基因的污染特征研究[D]. 青岛: 青岛理工大学硕士学位论文, 2021.
- HU J. Study on the contamination characteristic of antibiotic bacteria and antibiotic resistant genes in municipal wastewater treatment plants[D]. Qingdao: Master's Thesis of Qingdao University of Technology, 2021 (in Chinese).
- [65] ZENG SS, XU ZJ, WANG X, LIU WL, QIAN L, CHEN X, WEI J, ZHU MW, GONG ZC, YAN YL. Time series analysis of antibacterial usage and bacterial resistance in China: observations from a tertiary hospital from 2014 to 2018[J]. *Infection and Drug Resistance*, 2019, 12: 2683-2691.
- [66] YANG T, JIANG L, HAN YP, LIU JW, WANG XD, YAN X, LIU JX. Linking aerosol characteristics of size distributions, core potential pathogens and toxic metal(loid)s to wastewater treatment process[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 264: 114741.
- [67] KRISTENSEN JM, NIERYCHLO M, ALBERTSEN M, NIELSEN PH. Bacteria from the genus *Arcobacter* are abundant in effluent from wastewater treatment plants[J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2020, 86(9): e03044-19.
- [68] ARNESEN LPS, FAGERLUND A, GRANUM PE. From soil to gut: *Bacillus cereus* and its food poisoning toxins[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2008, 32(4): 579-606.
- [69] PEDEMONTE NBA, ROCCHETTI NS, VILLALBA J, TENENBAUM DL, SETTECASE CJ, BAGILET DH, COLOMBO LG, GREGORINI ER. *Bacillus cereus* bacteremia in a patient with an abdominal stab wound[J]. *Revista Argentina De Microbiología*, 2020, 52(2): 115-117.
- [70] YAN X, MA JH, CHEN XQ, LEI M, LI TN, HAN YP. Characteristics of airborne bacterial communities and antibiotic resistance genes under different air quality levels[J]. *Environment International*, 2022, 161: 107127.
- [71] OH M, PRUDEN A, CHEN CQ, HEATH LS, XIA K,

- ZHANG LQ. MetaCompare: a computational pipeline for prioritizing environmental resistome risk[J]. *FEMS Microbiology Ecology*, 2018, 94(7): fyy079.
- [72] LI YP, ZHANG HF, QIU XH, ZHANG YR, WANG HR. Dispersion and risk assessment of bacterial aerosols emitted from rotating-brush aerator during summer in a wastewater treatment plant of Xi'an, China[J]. *Aerosol and Air Quality Research*, 2013, 13(6): 1807-1814.
- [73] BERTRAND D, SHAW J, KALATHIYAPPAN M, NG AHQ, KUMAR MS, LI CH, DVORNICIC M, SOLDI JP, KOH JY, TONG CX, TEK NG O, BARKHAM T, YOUNG B, MARIMUTHU K, CHNG KR, SIKIC M, NAGARAJAN N. Hybrid metagenomic assembly enables high-resolution analysis of resistance determinants and mobile elements in human microbiomes[J]. *Nature Biotechnology*, 2019, 37(8): 937-944.
- [74] YUAN L, WANG YB, ZHANG L, PALOMO A, ZHOU JZ, SMETS BF, BÜRGMANN H, JU F. Pathogenic and indigenous denitrifying bacteria are transcriptionally active and key multi-antibiotic-resistant players in wastewater treatment plants[J]. *Environmental Science & Technology*, 2021, 55(15): 10862-10874.
- [75] SONG L, ZHOU JF, WANG C, MENG G, LI YF, JARIN M, WU ZY, XIE X. Airborne pathogenic microorganisms and air cleaning technology development: a review[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 424(B): 127429.