

植物源有机物料添加对农田土壤抗生素抗性基因扩散影响研究进展^①

赵力娟¹, 刘源^{1*}, 李嗣艺¹, 李中阳^{1,2}

(1 中国农业科学院农田灌溉研究所, 河南新乡 453002; 2 河南商丘农田生态系统国家野外科学观测研究站, 河南商丘 476000)

摘要: 抗生素作为新污染物在环境中的行为引起了人们的关注。一方面, 土壤环境中存在大量天然抗生素; 另一方面, 随着我国畜牧养殖业的发展, 畜禽粪便中携带的大量外源抗生素及抗生素抗性基因(Antibiotic resistance genes, ARGs)随粪肥施入土壤, 通过食物链的循环, 进入人体, 严重危害人体健康。近年来, 我国提出了“种养结合”循环农业, 促进农业可持续发展。有机物料添加是种养结合循环农业的重要一环, 能够改良土壤性状、改变土壤微生物群落结构, 进而直接或间接影响土壤抗生素及ARGs的迁移扩散。为明晰植物源有机物料添加对农田土壤ARGs扩散的影响, 本文总结了近年来国内外的相关研究成果, 阐述了植物源有机物料添加对农田土壤中ARGs扩散的影响机制, 不仅能为有机物料资源化利用提供科学依据, 也能进一步完善农田生态系统ARGs风险评价体系。

关键词: 有机物料; 土壤; 抗生素; 抗生素抗性基因

中图分类号: X53 文献标志码: A

Research Progress on Effects of Plant-derived Organic Material Addition on Soil Antibiotic Resistance Gene Diffusion

ZHAO Lijuan¹, LIU Yuan^{1*}, LI Siyi¹, LI Zhongyang^{1,2}

(1 Institute of Farmland Irrigation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Xinxiang, Henan 453002, China; 2 National Research and Observation Station of Shangqiu Agro-ecology System, Shangqiu, Henan 476000, China)

Abstract: Antibiotics, as emerging environmental pollutants, have garnered attention due to their potential impact on public health. On the one hand, numerous natural antibiotics are present in soil environments. On the other hand, the rapid growth of China's animal husbandry industry has resulted in the release of a significant amount of exogenous antibiotics and antibiotic resistance genes (ARGs) through livestock and poultry manure, which can enter the soil and ultimately threaten human health through the food chain. In recent years, China has proposed the "combination of planting and breeding" in promoting sustainable agriculture development. Incorporating organic materials is a crucial aspect of circular agriculture cultivation, enhancing soil properties, altering microbial community structure, and ultimately influencing the migration and spread of antibiotics and ARGs in soil. To examine the influence of plant-derived organic materials on ARGs diffusion in farmland soil, this article reviewed recent researches both domestically and internationally. The effect of plant-derived organic material addition on ARGs diffusion and the associated mechanism in farmland soil were explained. This review could provide a scientific basis for the resourceful use of organic materials, and enhance the risk assessment framework for antibiotic resistance genes within agricultural environments.

Key words: Organic materials; Soil; Antibiotics; Antibiotic resistance genes

土壤环境中存在着丰富的抗生素抗性基因(Antibiotic resistance genes, ARGs), 包括内在抗性和

外源引入。内在抗性是由土壤中的某些微生物通过随机突变对土壤中存在的由微生物合成的天然抗生素

①基金项目: 中国农业科学院农科英才特殊支持计划项目(NKYCQN-2021-028)、河南省自然科学基金项目(242300420230)和国家重点研发计划项目(2021YFD1700900)资助。

* 通信作者(liuyuanfiri88@163.com)

作者简介: 赵力娟(1997—), 女, 甘肃白银人, 硕士研究生, 主要从事农业水资源与水环境研究。E-mail: zhaolijuan202301@163.com

产生抗性^[1]。多项研究表明，在没有人类活动干扰的土壤中存在抗性基因^[2-4]。外源引入主要是由有机肥的施用、污泥农用和废水或再生水的灌溉引起的^[5-6]。由于抗生素在畜牧业应用广泛，其作为一种抗菌药物，能够抑制和杀灭病菌，在促进畜禽生长以及治疗和预防疾病等方面都发挥着重要作用。抗生素的大量使用加速了抗生素及 ARGs 的传播，使很多致病菌对抗生素产生了耐药性^[7]，严重威胁人类健康。欧美等国家对抗生素的使用较早，随着对抗生素不合理利用危害的认识，其使用量呈现下降的趋势，瑞典在 1986 年全面禁止了畜禽养殖饲料中抗生素的应用。随后，欧盟、日本、韩国、美国等国家也相继禁止。但我国对抗生素的使用起步较晚，据统计，2020 年我国兽用抗生素使用量达 3.27 万吨^[8]。在畜牧业中，抗生素能够对抗动物体内的致病菌等病原体，治疗由微生物引起的疾病，并作为饲料组成部分促进畜禽生长，但抗生素的使用在带来效益的同时也引发了许多环境问题和社会问题。一方面，滥用药、混用药、用错药等用药不规范的现象比较常见；另一方面，由于畜禽能够吸收利用的抗生素仅占一小部分，大部分抗生素及 ARGs 会随着畜禽粪便、尿液排出体外。ARGs 通过基因水平转移和垂直转移进行传播，表现出“假持久性”，对环境产生不利影响。动物粪便已经被确定为高水平抗生素、重金属、抗生素耐药菌(Antibiotic resistant bacteria, ARB)、ARGs 和可移动遗传元件(Mobile genetic elements, MGEs)的储存库。由于畜禽粪便施入土壤中时会造成土体污染，且其中的抗生素会经食物链循环进入人体，对人体健康产生危害，我国农业农村部在 2020 年颁布了第 194 号公告^[9]，要求饲料中全面禁止抗生素的使用，以维护我国动物源食品安全和公共卫生安全。同时，我国农业农村部在 2017 年提出了《种养结合循环农业示范工程建设规划(2017—2020 年)》^[10]，指出种养业产生的废弃物是肥料、饲料的重要原料。而农业固体废弃物——有机物料含有丰富的有机质和纤维素，且含有氮、磷、钾、钙、镁、硫等各种营养成分，可以作为肥料改良土壤，提升农业资源利用效率。

1 土壤中 ARGs 的存在特征

土壤是 ARGs 的重要储存库。研究表明，土壤外源抗生素及 ARGs 的残留量一般为 0.62~335 μg/kg，其中磺胺类、四环素类、喹诺酮类及其相应的 ARGs 是主要污染类型^[11]。有研究在果园土壤中检测到了 46 种 ARGs 和 6 种 MGEs^[12]。稻田土壤中 ARGs 的

种类和丰度相对较高，大约检测出 166 种不同的 ARGs 和 9 种 MGEs，主要包括多重耐药类、大环内脂类-林可酰胺类-链阳性菌素 B 类、β-内酰胺类^[13]。施肥蔬菜土壤中也检测到了较高丰度的抗四环素类 ARGs、抗磺胺类以及 I 类整合酶基因^[14]。也有研究在种植香蕉的土壤中检测到了 159 种 ARGs 和 9 种 MGEs，主要有多重耐药类、四环素类、β-内酰胺类、大环内脂类-林可酰胺类-链阳性菌素 B 类、氨基糖苷类、万古霉素类、喹诺酮类-氯霉素类(FCA)类和磺胺类抗性基因^[15]。因此，ARGs 的种类及丰度与农用地类型、作物种类等因素密切相关。

2 植物源有机物料的利用及其对土壤 ARGs 扩散的影响

2.1 植物源有机物料的利用现状

植物源有机物料来源广泛，主要包括作物秸秆、天然草炭、椰子壳等，其在农业生产中的合理使用，能减少化肥的施用、降低农业生产成本。我国是一个农业大国，作物的种植使我国每年都会产生大量的农业固体废弃物。秸秆是常见的还田物料，其成分复杂，主要为木质素、纤维素和半纤维素，富含有机碳、氮、磷、钾、硅等矿质养分^[16-17]。据农业农村部统计，目前我国秸秆每年产量 9 亿多吨，综合利用率超过 82%。植物源有机物料富含多种养分和有机质，施入土壤能够改良土壤性状，增加土壤养分和有机质含量，但其处理不当可能引发一系列的环境问题和社会问题。比如，传统的秸秆露天焚烧会产生大量的二氧化碳和一氧化碳等物质，加剧温室效应；焚烧产生的氨氧化物和硫化物会形成酸雨和酸雾，随着降雨进入田间，严重影响土壤的理化性质，降低土壤耕作性能，对农作物的生长产生不利影响，酸雨进入水体后，还会加速水体酸化，破坏水生生物的生长环境；焚烧还会产生大量的烟尘，降低空气可见度或引发火灾^[18]；有机物料废弃的处理方式不仅浪费资源而且占用农业生产空间。近年来，随着农业生产技术的发展，植物源有机物料的利用方式也更加多元化，其资源化利用包括肥料化、饲料化、基料化、原料化、燃料化 5 个方面^[19]，而将有机物料以不同形式还田是降低污染、资源有效利用的方式之一。

2.2 植物源有机物料添加对土壤 ARGs 扩散的影响

植物源有机物料的种类多样，常用于还田的有机物料主要包括作物秸秆、秸秆炭等。各种植物源有机物料的添加对土壤中抗生素含量及 ARGs 的数量和丰度的影响与 ARGs 种类及有机物料种类有关(表 1)。

表1 植物源有机物料还田对土壤中抗生素和 ARGs 丰度及数量影响文献汇总

Table 1 Literature summary of effects of returning plant organic materials to field on the abundance and quantity of antibiotics and ARGs in soil

地区	土壤类型	有机物料	研究内容	研究结果	参考文献
上海	荒漠土	秸秆	土壤磺胺甲恶唑及 ARGs 的丰度	↓	[20]
湖南	-	秸秆 生物质炭	土壤 ARGs 丰度	- ↓	[21]
天津	褐土	椰子壳、生物质炭	土壤 ARGs 丰度	↓	[22]
福建	砂壤土	秸秆、生物质炭	土壤诺氟沙星和 ARGs 的丰度	↓	[23]
山西	砂壤土	玉米秸秆生物质炭	土壤 ARGs 丰度	<i>tetW</i> 、 <i>sul2</i> 、 <i>ermB</i> : ↓ <i>tetX</i> 、 <i>intI1</i> : ↑	[24]
天津	潮土	玉米秸秆	土壤四环素抗生素丰度	↓	[25]
湖南	红壤	秸秆	土壤 ARGs 丰度	-	[26]
河南	潮土	麦草生物质炭	土壤 ARGs 丰度	-	[27]
山西	砂质土	玉米秸秆、核桃壳生 物质炭	土壤四环素类、磺胺类、喹诺酮类 抗生素丰度	↓	[28]
英国	-	生物质炭	土壤中 ARGs 丰度	↓	[29]
沙特阿拉伯	砂壤土	木屑生物质炭	土壤-粪肥体系多西环素的解吸	↓	[30]
伊朗	-	稻壳生物质炭	土壤中磺胺嘧啶的解吸	↓	[31]
西班牙	黏土、壤土	生物质炭	土壤-作物系统中 ARGs 丰度	↓	[32]

注: 研究结果中, “↓”表示丰度下降, “-”表示丰度无变化, “↑”表示丰度增加。

秸秆腐解过程中会释放出氨基酸和氨基糖等有机物, 容易被微生物利用, 从而提高微生物活性。Tian 等^[23]研究发现, 水稻秸秆还田加速了诺氟沙星的降解并降低了 *vanR* 的相对丰度, 但增加了 *bacA*、*rosB*、*mexF* 的相对丰度以及一些早期对氯霉素、磺胺类药物和四环素类药物产生耐药性的 ARGs, 认为秸秆还田能有效控制 ARGs 的数量和相对丰度, 尤其是对万古霉素耐药基因。生物质炭具有高吸附性能, 会降低有机化合物的生物可利用性, 减少污染物的生物降解^[23]。也有研究发现它的多孔结构会降低不同微生物之间的联系, 进而减少基因水平转移, 使得 ARGs 丰度降低^[33]。椰子壳是多孔结构高度发达的生物质材料, 椰子壳生物质炭有较强的吸附能力、较大的比表面积和孔隙, 可通过增强土壤的异质性为抑制耐药菌增殖和 ARGs 繁殖创造屏障, 还可通过限制细菌群落的物种扩散减缓 ARGs 的传播。Li 等^[22]研究发现, 施加椰子壳能降低 *acrA-01*, *blaTEM*, *ermB*, *ermF*, *sul2* 和 *tetM-01* 的绝对丰度, 但去除效果不如椰壳生物质炭, 椰子壳生物质炭的微孔能够增强微生物之间的空间位阻, 更有利于抑制 ARGs 在土壤细菌群落中的传播。然而也有研究表明, 生物质炭对 ARGs 的吸附并不能完全去除 ARGs, 吸附的 ARGs 可能在土壤中持续存在且再次释放, 产生风险^[34]。Cui 等^[27]在养殖废水灌溉的土壤中发现, 添加生物质

炭在 30 d 后显著降低了土壤 ARGs 的丰度, 但在 60 d 后显著增加了土壤中 ARGs 的丰度, 同时四环素抗性基因 (*tetX*、*tetG-01*、*tetG-02*、*tetM-01*、*tetM-02*)、磺胺类抗性基因 (*sul1*、*sul2*) 和 *intI1* 的丰度也有所增加, 这可能是由于养殖废水灌溉引入了外源抗生素及 ARGs。包灿鑫等^[33]对竹炭、玉米秸秆生物质炭堆肥的研究表明, ARGs 的总丰度呈现下降的趋势, 但 *sul2* 的丰度有所增加。张桂香等^[28]对土壤中喹诺酮类、磺胺类、四环素类抗生素的研究发现, 喹诺酮和四环素都易于被生物质炭和土壤颗粒吸附固定, 而磺胺类抗生素不易被固定, 具有较高的迁移性。秸秆和生物质炭的添加还会增加土壤中变形菌门、拟杆菌门和酸杆菌门等优势菌门的丰度, 而变形菌门和放线菌门是大多数 ARGs 的潜在宿主^[20, 23]。ARGs 的减少与放线菌的减少有关。稻草、生物质炭的添加对耐氯霉素、甲氧苄啶和万古霉素 ARGs 的相对丰度没有显著影响^[21]。综上可知, 植物源有机物料还田对土壤 ARGs 扩散的影响并未形成一致结论, 有待进一步研究。

3 植物源有机物料添加土壤中 ARGs 扩散的影响因素

3.1 土壤理化性质

植物源有机物料添加可以通过影响土壤理化性质进而影响 ARGs 的扩散。土壤结构、总碳、总有机

碳、总氮、C/N 和 pH 是影响土壤中微生物群落变化和 ARGs 数量及丰度的重要因素^[21]。有机物料的添加能增加土壤中有机胶结物质的含量, 改变土壤的疏松程度, 增大土壤孔隙度, 促进土壤水团聚体的形成^[35], 也能够为土壤提供充足的碳源。有研究表明, 良好的结构和通气状况能增加土壤中抗生素耐药菌如变形菌门、厚壁菌门和拟杆菌门等好氧性微生物数量及丰度^[36], 影响 ARGs 传播和增殖。碳源能够通过共代谢加速难降解化合物的降解, 适宜微生物生长的 C : N 为 25 : 1 ~ 30 : 1^[25]。Zhang 等^[20]研究发现, 精秆还田通过改良土壤理化性质, 特别是有机碳来调节细菌群落结构, 消减水稻土中的抗生素和相关 ARGs。植物源有机物料添加对土壤有机质的增加一方面通过为细菌提供养分改变细菌的丰度和多样性影响 ARGs 的组成; 另一方面, 有机质可能会增加重金属或抗生素的有效性进而对土著土壤细菌产生选择压力。有机物料添加也可以改变土壤碳、氮、磷、钾含量, 进而影响细菌群落交替^[37]。精秆添加可以改变土壤 pH, 且抗生素的吸附和解吸与土壤 pH 有关, 土壤对磺胺类化合物的吸附随着 pH 的增加而降低, 土壤组分对大环内酯类化合物的结合性随着 pH 的降低而增加^[38-39]; 同时土壤 pH 也是影响土壤微生物多样性和群落结构的重要因素, 细菌多样性会随着 pH 的降低而减少, 使得细菌群落结构发生明显改变^[26]。由此可见, 土壤性质通过影响细菌群落结构间接影响 ARGs 扩散。

3.2 微生物

微生物是土壤的重要组成部分, 植物源有机物料的添加能为土壤微生物提供丰富的碳源和氮源, 促进微生物生长、繁殖, 提高土壤微生物活性和细菌群落的多样性, 进而影响携带 ARGs 的微生物的繁殖。厚壁菌门、变形菌门和放线菌门被认为是影响 ARGs 扩散和繁殖的主要细菌门^[29]。Liu 等^[37]的研究结果显示, 有机物料还田能够增加土壤变形菌门、绿弯菌门、酸杆菌门和芽单胞菌门的丰度以及属水平鞘氨醇单胞菌和 MND1 的丰度。土壤中各种 ARGs 由不同的共生细菌或致病菌承载^[40], 不同栖息地的细菌群落结构与所携带的 ARGs 有着密切的关系。有研究发现微生物可促进土壤中抗生素从轻结合态甚至紧密结合态向交换态或水溶态转变, 增大了抗生素迁移扩散的风险^[28]。生物多样化的群落比简单群落不容易受到外来微生物的入侵^[41], 比如土著微生物对土壤中有限资源有较强竞争优势, 同时能够通过物种相互作用阻止粪源 ARB 在土壤中入侵和繁殖, 进而抑制

ARGs 从粪肥传播到土壤^[42]。植物源有机物料腐解释放的化感物质也能够影响土壤微生物区系组成。相关研究表明, 木质素的分解能释放大量的酚酸类化感物质^[43]。酚酸类化感物质对土壤微生物的生物量、多样性和群落结构有显著影响, 能够选择性地增加土壤中特殊的微生物种类^[44]。因此, 化感物质可以通过影响微生物群落结构进而影响 ARGs 的扩散, 但关注有机物料释放的化感物质对土壤 ARGs 扩散影响的研究较少。此外, 还有研究发现土壤酶对 ARGs 具有直接影响, 认为土壤酶类型和环境因素对 ARGs 扩散的影响比细菌群落的作用更重要^[22]。综上, 细菌群落和 ARGs 的多样性是由土壤环境中多种因素共同决定的。

3.3 抗生素及可移动遗传元件

抗生素对 ARGs 的扩散有一定的影响, 其在环境中的迁移转化与 ARGs 的扩散具有同步性, 能够促进 ARGs 的水平转移和扩散^[45]。土壤中抗生素的抗菌活性可影响微生物的生长及微生物群落组成^[46]。已有研究表明, 受磺胺甲恶唑(sulfamethoxazole, SMX)污染的土壤中, SMX 的存在能够提高精秆的腐殖化程度, 增加精秆养分释放量, 为微生物提供碳源, 促进可降解 SMX 的变形菌门细菌的生长, 减少 ARGs 的种类和丰度^[20]。

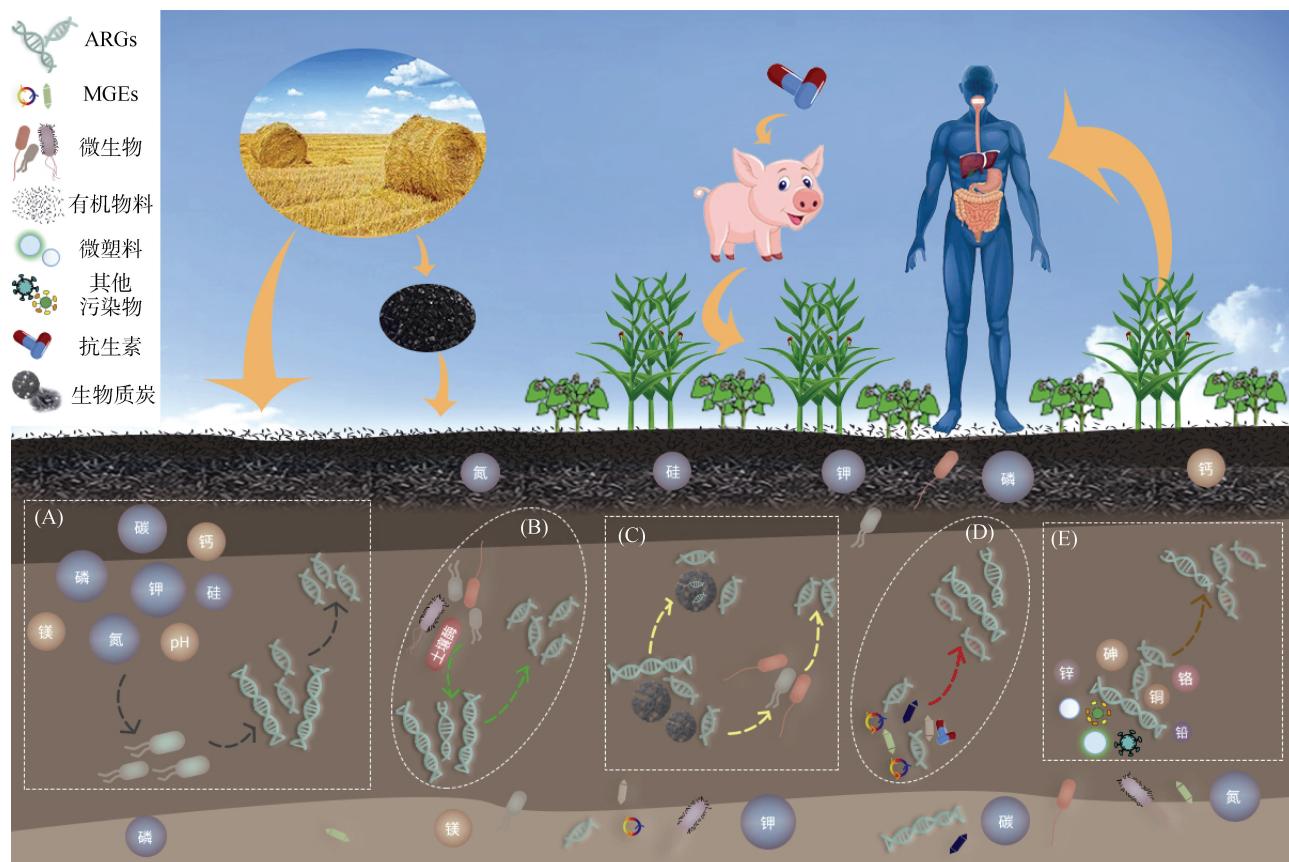
MGEs 在 ARGs 的迁移扩散中起着重要作用。在 MGEs 的作用下, 在临近遗传元件上可产生 ARGs 的共定位^[47], 能够驱动施肥引起的土壤抗性组的改变。ARGs 与传统的污染物相比传播性、环境适应性更强, 当携带 ARGs 的耐药菌死亡后, 携带 ARGs 的裸露 DNA 在脱氧核糖核酸酶的保护下能够在环境中长期存在^[7, 48]。目前已发现了 40 种四环素类 ARGs、4 种磺胺类 ARGs 和 10 种 β-内酰胺类 ARGs 以此种方式在环境中存在并发生转移和增殖^[49]。

3.4 重金属等污染物

在农业生产中植物源有机物料添加可能会引起土壤重金属污染风险, 比如 As 和 Cd 是常见的重金属污染物, 在土壤中积累比例较高^[50]。有机物料能够在根际微环境作用下螯合活化重金属, 促进根系对土壤重金属的吸收^[51]; 还能通过增加土壤有机质含量与 As 竞争吸附位点、形成水合物、改变吸附位点表面的氧化还原性质和 As 的形态促进 As 的释放^[52]。土壤重金属能够促进 ARGs 的筛选和转移, 是维持环境中 ARGs 数量和丰度的因素之一。在重金属污染土壤中, 重金属具有和抗生素相似的抗性产生机制, 可通过共抗性、交叉抗性和共调控对 ARGs 产生选择压

力^[53]。有研究表明, 土壤中重金属浓度与 ARGs 丰度呈正相关, 重金属能够促进土壤中 ARGs 的累积^[54]。Berg 等^[55]发现, 经硫酸铜处理的土壤中耐药性微生物比例明显增加。此外, 环境中的微塑料能够通过垂直基因转移与水平基因转移促进 ARGs 的富集与传播^[56]; 人工合成纳米材料能够通过增加细胞膜透性和上调接合相关基因表达促进 ARGs 的传播^[57]; 多环芳烃通过影响农田土壤微生物群落组成和多样性进而影响 ARGs 的传播^[58]; 环境中持久性有毒污染物 As 和苯胺能增加菌群细胞吸附的 As 浓度, 降低细胞抗氧化酶活性, 改变细菌群落组成^[59], 进而影响 ARGs 的扩散; 常用于医院、工业和化妆品行业中的消毒剂——季铵化合物, 可能通过选择性压力来促进 ARGs 的传播^[60]。

综上, 稼秆、生物质炭等有机物料还田后影响 ARGs 扩散的途径及作用机制包含如下几个方面: ①通过增加土壤氮、磷、钾、钙、镁等养分含量, 提高土壤肥力并改善土壤结构, 调节细菌群落结构, 影响携带 ARGs 的微生物(包括能降解抗生素的微生物)的繁殖, 调节土壤酶活性, 进而影响土壤中的抗生素和相关 ARGs 的传播扩散; ②通过增强土壤的异质性为抑制耐药菌增殖和 ARGs 繁殖创造屏障, 进而影响 ARGs 的传播; ③土壤中抗生素的降解和稼秆腐解相互促进, 通过 MGEs 将 ARGs 转移到病原菌中, 使得病原菌获得耐药性, 影响 ARGs 的转移和增殖; ④通过土壤中外源引入的重金属、微塑料及其他污染物与有机物料发生相互作用产生选择压力影响 ARGs 的富集和传播(图 1)。



(A. 有机物料还田土壤抗生素抗性基因(Antibiotic resistance genes, ARGs)迁移扩散途径; B. 土壤理化性质对 ARGs 扩散的影响; C. 土壤微生物对 ARGs 的作用; D. 生物质炭对 ARGs 的作用; E. 重金属及其他污染物对 ARGs 的影响)

图 1 植物源有机物料添加影响 ARGs 的主要途径

Fig. 1 Main ways in which the addition of plant-derived organic materials affects ARGs

4 研究展望

植物源有机物料含有丰富的有机质及微量元素, 将其还田可以改良土壤结构、增加土壤有机质、提高土壤肥力和增强作物抗逆性, 是实现有机物料资源化

利用的有效措施。目前, 大多研究集中在对植物源有机物料还田过程中土壤理化性状及微生物群落结构的影响分析, 对植物源有机物料还田对土壤中 ARGs 扩散的影响关注较少。本文通过总结植物源有机物料还田对 ARGs 扩散的影响发现, 植物源有机物料种类

多样、来源广泛，不同种类的有机物料及还田方式对土壤抗生素及 ARGs 的影响存在不确定性。为了使有机物料得到合理施用以及探究植物源有机物料添加对土壤 ARGs 扩散的影响，明确土壤理化性质、微生物群落结构等驱动 ARGs 变化的关键因子，未来可以从以下几个方面进行研究及完善：①不同植物源有机物料还田对农田土壤 ARGs 扩散的影响还未形成一致结论，需要进一步研究；②化感物质可以通过影响微生物群落结构进而影响 ARGs 的扩散，但关注有机物料释放的化感物质对土壤 ARGs 扩散影响的研究较少，需要进一步研究；③植物源有机物料生物质炭对农田土壤 ARGs 后期的传播存在一定的风险，需要进行长期监测；④现阶段对植物源有机物料还田对土壤 ARGs 的影响研究较少，关于抗生素及 ARGs 的赋存还未形成系统的数据库，需要进一步完善农田生态系统 ARGs 风险评价体系。

参考文献：

- [1] 陈优, 张瑶, 肖方景, 等. 土壤中抗生素抗性基因研究进展[J]. 应用化工, 2023, 52(8): 2402–2407.
- [2] Allen H K, Donato J, Wang H H, et al. Call of the wild: Antibiotic resistance genes in natural environments[J]. Nature Reviews Microbiology, 2010, 8(4): 251–259.
- [3] D'Costa V M, King C E, Kalan L, et al. Antibiotic resistance is ancient[J]. Nature, 2011, 477(7365): 457–461.
- [4] Chen B W, Yuan K, Chen X, et al. Metagenomic analysis revealing antibiotic resistance genes (ARGs) and their genetic compartments in the Tibetan environment[J]. Environmental Science & Technology, 2016, 50(13): 6670–6679.
- [5] Chee-Sanford J C, Mackie R I, Koike S, et al. Fate and transport of antibiotic residues and antibiotic resistance genes following land application of manure waste[J]. Journal of Environmental Quality, 2009, 38(3): 1086–1108.
- [6] Chen C Q, Li J, Chen P P, et al. Occurrence of antibiotics and antibiotic resistances in soils from wastewater irrigation areas in Beijing and Tianjin, China[J]. Environmental Pollution, 2014, 193: 94–101.
- [7] 罗义, 周启星. 抗生素抗性基因(ARGs)——一种新型环境污染物[J]. 环境科学学报, 2008, 28(8): 1499–1505.
- [8] 中华人民共和国农业农村部. 2020 年中国兽用抗菌药使用情况报告[N]. 中国畜牧兽医报, 2021-11-14(003).
- [9] 中华人民共和国农业农村部. 中华人民共和国农业农村部公告第 194 号[EB/OL]. (2019-7-10). http://www.xmsyj.moa.gov.cn/zcjd/201907/t20190710_6320678.htm
- [10] 农业部. 农业部关于印发《种养结合循环农业示范工程建设规划(2017—2020 年)》的通知[EB/OL]. (2017-09-20). http://www.moa.gov.cn/nybgb/2017/djq/201802/t201802_6136360.htm
- [11] 喻娇, 冯乃宪, 喻乐意, 等. 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[J]. 微生物学杂志, 2017, 37(6): 105–113.
- [12] Yang L Y, Zhou S Y D, Lin C S, et al. Effects of biofertilizer on soil microbial diversity and antibiotic resistance genes[J]. Science of the Total Environment, 2022, 820: 153170.
- [13] 何燕, 朱冬, 王东, 等. 四川省稻田土壤的抗生素抗性基因多样性研究[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(6): 1249–1258.
- [14] 郑子英, 丁林, 杨晶, 等. 不同施肥类型对蔬菜地土壤抗生素抗性基因和细菌群落结构的影响[J]. 中国生态农业学报(中英文), 2023, 31(12): 1953–1962.
- [15] 黄福义, 周曙光, 王佳妮, 等. 不同作物农田土壤抗生素抗性基因多样性[J]. 环境科学, 2021, 42(6): 2975–2980.
- [16] Lal R. The role of residues management in sustainable agricultural systems[J]. Journal of Sustainable Agriculture, 1995, 5(4): 51–78.
- [17] 张斯梅, 段增强, 顾克军, 等. 不同水稻灌溉模式和氮肥减量对还田麦秸腐解特性及土壤养分的影响[J]. 土壤, 2023, 55(4): 749–755.
- [18] Li H, Dai M W, Dai S L, et al. Current status and environment impact of direct straw return in China's cropland—A review[J]. Ecotoxicology and Environmental Safety, 2018, 159: 293–300.
- [19] 洪叶, 王静, 梅剑飞. 创新技术用得好还田离田都是宝[N]. 新华日报, 2023-12-01(005).
- [20] Zhang Y, Zheng X Q, Xu X Y, et al. Straw return promoted the simultaneous elimination of sulfamethoxazole and related antibiotic resistance genes in the paddy soil[J]. Science of the Total Environment, 2022, 806: 150525.
- [21] Li Z M, Shen J P, Wang F F, et al. Impacts of organic materials amendment on the soil antibiotic resistome in subtropical paddy fields[J]. Frontiers in Microbiology, 2023, 13: 1075234.
- [22] Li H Y, Wang X L, Tan L, et al. Coconut shell and its biochar as fertilizer amendment applied with organic fertilizer: Efficacy and course of actions on eliminating antibiotic resistance genes in agricultural soil[J]. Journal of Hazardous Materials, 2022, 437: 129322.
- [23] Tian S H, Sun X C, Xiao H, et al. Evaluation of rice straw and its transformation products on norfloxacin degradation and antibiotic resistome attenuation during soil incorporation[J]. Chemosphere, 2023, 313: 137451.
- [24] Shi Z M, Zhang P, Liu Y, et al. Accumulation of antibiotic resistance genes in pakchoi (*Brassica chinensis* L.) grown in chicken manure-fertilized soil amended with fresh and aged biochars[J]. Environmental Science and Pollution Research International, 2022, 29(26): 39410–39420.
- [25] Zhang Z Q, Wang X B, Li C H, et al. Effects of straw addition on increased greenhouse vegetable yield and reduced antibiotic residue in fluvo-aquic soil[J]. Journal of

- Integrative Agriculture, 2015, 14(7): 1423–1433.
- [26] Xie W Y, Yuan S T, Xu M G, et al. Long-term effects of manure and chemical fertilizers on soil antibiotic resistome[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2018, 122: 111–119.
- [27] Cui E P, Gao F, Liu Y, et al. Amendment soil with biochar to control antibiotic resistance genes under unconventional water resources irrigation: Proceed with caution[J]. Environmental Pollution, 2018, 240: 475–484.
- [28] 张桂香, 赵志华, 韩志旺, 等. 生物质炭对农田土壤中抗生素消减和潜在风险的影响[J]. 环境科学学报, 2021, 41(6): 2369–2378.
- [29] Ejileuga C. Biochar can mitigate co-selection and control antibiotic resistant genes (ARGs) in compost and soil[J]. Heliyon, 2022, 8(5): e09543.
- [30] Al-Wabel M I, Ahmad M, Al-Swadi H A, et al. Sorption-desorption behavior of doxycycline in soil-manure systems amended with mesquite wood waste biochar[J]. Plants, 2021, 10(12): 2566.
- [31] Ahmadabadi Z, Zarei M, Yasrebi J, et al. How can organic amendments help to bind sulfadiazine in the soil? –an Iranian soil study[J]. Communications in Soil Science and Plant Analysis, 2019, 50(19): 2397–2410.
- [32] Jauregi L, González A, Garbisu C, et al. Organic amendment treatments for antimicrobial resistance and mobile element genes risk reduction in soil-crop systems[J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 863.
- [33] 包灿鑫, 张园, 陈明龙, 等. 不同生物炭对猪粪堆肥过程中抗生素及抗生素抗性基因的削减规律研究[J]. 环境污染与防治, 2022, 44(2): 160–164, 172.
- [34] Yao B, Luo Z R, Yang J, et al. Fe^{II}Fe^{III} layered double hydroxide modified carbon felt cathode for removal of ciprofloxacin in electro-Fenton process[J]. Environmental Research, 2021, 197: 111144.
- [35] 李玮, 尹广生, 陈冲, 等. 秸秆及其配施对黄灌区盐碱土壤团聚体结构、持水及收缩特性的影响[J/OL]. 农业资源与环境学报. <https://doi.org/10.13254/j.jare.2023.0625>.
- [36] Zhu P C, Wu Y X, Ru Y N, et al. Industrial-scale aerobic composting of livestock manures with the addition of biochar: Variation of bacterial community and antibiotic resistance genes caused by various composting stages[J]. Environmental Pollution, 2022, 314: 120270.
- [37] Liu Z P, Zhou H P, Xie W Y, et al. Long-term effects of maize straw return and manure on the microbial community in cinnamon soil in Northern China using 16S rRNA sequencing[J]. PLoS One, 2021, 16(4): e0249884.
- [38] Liu Z F, Han Y T, Jing M, et al. Sorption and transport of sulfonamides in soils amended with wheat straw-derived biochar: Effects of water pH, coexistence copper ion, and dissolved organic matter[J]. Journal of Soils and Sediments, 2017, 17(3): 771–779.
- [39] 栾璐, 郑洁, 程梦华, 等. 不同秸秆还田方式对旱地红壤细菌多样性及群落结构的影响[J]. 土壤, 2021, 53(5): 991–997.
- [40] Martínez J L, Coque T M, Baquero F. What is a resistance gene? Ranking risk in resistomes[J]. Nature Reviews Microbiology, 2015, 13(2): 116–123.
- [41] Selek L, Mauconduit F, Nissou M F, et al. Biodiversity as a barrier to glioma cell invasion[J]. Medical Hypotheses, 2012, 78(4): 459–461.
- [42] Chen Q L, An X L, Li H, et al. Do manure-borne or indigenous soil microorganisms influence the spread of antibiotic resistance genes in manured soil?[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2017, 114: 229–237.
- [43] 谢星光, 陈晏, 卜元卿, 等. 酚酸类物质的化感作用研究进展[J]. 生态学报, 2014, 34(22): 6417–6428.
- [44] Qu X H, Wang J G. Effect of amendments with different phenolic acids on soil microbial biomass, activity, and community diversity[J]. Applied Soil Ecology, 2008, 39(2): 172–179.
- [45] 刘建, 毛大庆, 任君, 等. 抗生素抗性基因连锁传播的侧翼保守元件分析[J]. 应用生态学报, 2012, 23(1): 240–246.
- [46] Cycoń M, Mrozik A, Piotrowska-Seget Z. Antibiotics in the soil environment-degradation and their impact on microbial activity and diversity[J]. Frontiers in Microbiology, 2019, 10: 338.
- [47] Ma L P, Li A D, Yin X L, et al. The prevalence of integrons as the carrier of antibiotic resistance genes in natural and man-made environments[J]. Environmental Science & Technology, 2017, 51(10): 5721–5728.
- [48] 李娟, 魏源送, 陈倩. 北京地区畜禽养殖场周边蔬菜地生食蔬菜抗生素耐药基因(ARGs)的赋存特性[J]. 环境化学, 2018, 37(4): 625–635.
- [49] Aminov R I. Horizontal gene exchange in environmental microbiota[J]. Frontiers in Microbiology, 2011, 2: 158.
- [50] Wu J, Wang J Y, Li Z T, et al. Antibiotics and antibiotic resistance genes in agricultural soils: A systematic analysis[J]. Critical Reviews in Environmental Science and Technology, 2023, 53(7): 847–864.
- [51] 李传哲, 杨苏, 姚文静, 等. 有机物料输入对土壤及玉米籽粒重金属来源解析及风险评估[J]. 农业环境科学学报, 2020, 39(6): 1230–1239.
- [52] Wang S L, Mulligan C N. Effect of natural organic matter on arsenic release from soils and sediments into groundwater[J]. Environmental Geochemistry and Health, 2006, 28(3): 197–214.
- [53] Wright M S, Peltier G L, Stepanauskas R, et al. Bacterial tolerances to metals and antibiotics in metal-contaminated and reference streams[J]. FEMS Microbiology Ecology, 2006, 58(2): 293–302.
- [54] Lin H, Sun W C, Zhang Z L, et al. Effects of manure and mineral fertilization strategies on soil antibiotic resistance gene levels and microbial community in a paddy-upland rotation system[J]. Environmental Pollution, 2016, 211: 332–337.

- [55] Berg J, Tom-Petersen A, Nybroe O. Copper amendment of agricultural soil selects for bacterial antibiotic resistance in the field[J]. Letters in Applied Microbiology, 2005, 40(2): 146–151.
- [56] 陈瑶, 夏子渊, 苟敏, 等. 微塑料富集环境抗生素抗性基因的研究进展[J]. 塑料科技, 2023, 51(2): 93–98.
- [57] 陈菲然, 许一诺, 杜昊, 等. 纳米材料与环境抗生素耐药性: 抗性基因流在土壤-植物系统中的迁移与阻断[J]. 科学通报, 2022, 67(35): 4206–4223.
- [58] 杜京旗, 贾彤, 罗正明, 等. 多环芳烃污染土壤原生生物群落的构建机制[J]. 山西大学学报(自然科学版), 2023, 46(6): 1467–1478.
- [59] 陈钰璇, 朱翔宇, 王钺博, 等. 砷(V)及苯胺联合暴露对土壤微生物群落组成及抗氧化酶活性的影响[J]. 生态毒理学报, 2023, 18(5): 121–130.
- [60] Buffet-Bataillon S, Tattevin P, Bonnaure-Mallet M, et al. Emergence of resistance to antibacterial agents: The role of quaternary ammonium compounds—A critical review[J]. International Journal of Antimicrobial Agents, 2012, 39(5): 381–389.