

DOI: 10.3724/j.1007-6336.2025-0053

紫外消毒法对海水养殖尾水中抗生素抗性基因的 去除影响研究

徐 克¹, 刘 萱^{1,2,3}, 赵慧敏¹

[1.大连理工大学 环境学院,工业生态与环境工程教育部重点实验室,辽宁 大连 116024; 2.大连产品质量检验检测研究院有限公司,辽宁 大连 116023; 3.益研(大连)科技发展有限公司,辽宁 大连 116000]

摘 要:环境中抗生素抗性基因(ARGs)的传播导致细菌耐药性持续增加,对公共卫生安全造成了巨大威胁。海水养殖是促使水环境中 ARGs 增殖的重要人为活动之一,严重威胁海洋环境的生态安全。本研究以集约化海水养殖尾水为研究对象,考察了紫外消毒法对 ARGs 去除效果及细菌微生物群落组成变化的影响。结果表明,紫外消毒法对海水养殖尾水中 ARGs 具有显著去除效果,且去除效果随辐照剂量的增加而提升。同时,细菌微生物 V3-V4 测序结果显示,紫外消毒可诱发海水养殖尾水中优势菌群的相对丰度发生变化。冗余分析(RDA)揭示细菌微生物群落变化是海水养殖尾水中 ARGs 得到有效控制的关键原因,细菌作为潜在宿主为去除 ARGs 提供了核心驱动力。本研究可为海洋环境中 ARGs 污染的管控和防治提供科学依据。

关键词:紫外消毒法; 抗生素抗性基因; 海水养殖尾水; 去除

中图分类号:X131

文献标识码:A

文章编号:1007-6336(2026)02-0197-08

Research on the effect of ultraviolet disinfection on the removal of antibiotic resistance genes from mariculture wastewater

Xu Ke¹, Liu Xuan^{1,2,3}, Zhao Huimin¹

[1.Key Laboratory of Industrial Ecology and Environmental Engineering, Ministry of Education, School of Environment, Dalian University of Technology, Dalian 116024, China; 2.Dalian Product Quality Inspection & Testing Institute Co., Ltd., Dalian 116023, China; 3.YiYan (Dalian) Science & Technology Development Co., Ltd., Dalian 116000, China]

Abstract: The spread of antibiotic resistance genes (ARGs) in the environment has led to a continuous increase in bacterial resistance, posing a great threat to public health safety. Mariculture is one of the important anthropogenic activities that contribute to the proliferation of ARGs in the aquatic environment, which seriously threatens the ecological safety of the marine environment. In this study, the effects of UV disinfection on the removal of ARGs and changes in the composition of bacterial microbial communities were investigated in the wastewater of intensive mariculture. The results showed that the UV disinfection method had a significant removal effect on ARGs in mariculture wastewater, and the removal effect was enhanced with the increase of irradiation dose. Meanwhile, the V3-V4 sequencing results of bacterial microorganisms showed that UV disinfection could induce changes in the relative abundance of the dominant flora in mariculture wastewater. Redundancy analysis (RDA) revealed that the changes in bacterial microbial communities were the key reason for the effective control of ARGs in mariculture wastewater, and bacteria as potential hosts provided the core

收稿日期:2025-03-20, 修订日期:2025-05-30

基金项目:辽宁省生态环境厅科研项目([2024]第019号);国家市场监督管理总局科技计划项目(2024MK142)

作者简介:徐 克(2000—),男,吉林辽源人,硕士研究生,主要研究方向为环境化学, E-mail: 1600035058@qq.com

通信作者:赵慧敏(1974—),女,教授,博士生导师,主要研究方向为环境化学, E-mail: zhaohuim@dlut.edu.cn

driving force for the removal of ARGs. This study can provide a scientific basis for the control and prevention of ARG pollution in the marine environment.

Key words: ultraviolet disinfection method; antibiotic resistance gene; mariculture wastewater; removal

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)作为一类新污染物^[1],是全球细菌耐药性逐年增加的关键因素。研究显示,ARGs及介导其传播的移动基因元件(mobile genetic elements, MGEs)常编码于细菌染色体和质粒^[2],MGEs可以通过不同环境介质中的水平基因转移(horizontal gene transfer, HGT)促进ARGs的传播。整合酶基因(*int1*和*int2*)作为环境中最常检出的MGEs,与磺胺类和四环素类ARGs的赋存关系密切,在HGT中亦起到关键作用^[3]。当外界条件变化时,ARGs宿主因细胞膜破损而消亡,但ARGs仍能以胞外DNA的形式在天然环境中存在数月之久^[4]。细菌耐药性在细菌群落中快速、稳定传播,通过微生物生境最终进入生物食物网,甚至进入人体,对公共卫生安全和人类健康造成威胁^[5]。可见,针对环境中ARGs的增殖和传播特性,研究行之有效的ARGs污染控制方法,从源头上解决ARGs的污染问题对公共卫生安全和人类健康具有重要意义。

我国是集约化海水养殖大国^[6],高密度的集约化养殖活动是近岸水质恶化、生物多样性退化的重要原因^[7]。大量研究发现,海水养殖对全球ARGs导致的细菌耐药性增加具有重要的驱动作用^[8],主要与受其影响的外源ARGs输入、微生物群落组成变化、抗生素污染和水质条件变化等因素有关。水产养殖尾水作为全球环境中ARGs传播的重要来源和媒介^[9],经常不经处理或经过不完全处理直接或间接排入近岸海水。一方面将多种类、高丰度的ARGs引入水域生态系统,另一方面则通过诱导天然水质、微生物变化等因素驱动ARGs的增殖^[10]。例如, Lu等^[11]对一循环式海水养殖系统各级处理池中的ARGs丰度进行研究,发现水样中普遍存在10种ARGs,绝对丰度范围高达 $3.20 \times 10^5 \sim 7.80 \times 10^5$ copies/mL,其出水排海可能是近岸海域ARGs增殖的主要来源。王秋水等^[12]研究了秦皇岛市昌黎县养殖海域的ARGs污染情况,发现

该海域内有多种ARGs污染,其中以*triC*、*smeE*、*tetQ*等ARGs为优势基因型,且与养殖水中ARGs的污染轮廓一致,这与人类活动诱发近海微生物群落组成变化密切相关。现阶段针对ARGs污染的控制研究仍主要集中于城市污水,而对于集约化水产养殖尾水中ARGs的污染控制研究较为匮乏。近岸水域ARGs的生态污染风险不容忽视,可能对沿海人类健康产生巨大威胁,开展相关研究已刻不容缓。

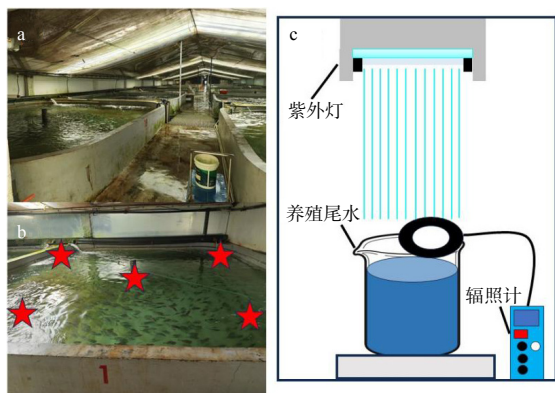
众多关于城市污水的ARGs污染控制研究表明,紫外消毒法可通过削减ARGs赋存种类和丰度达到明显的去除效果^[13]。Zheng等^[14]研究了紫外消毒法对ARGs及其宿主细胞的控制效果,发现不同辐照剂量的紫外处理均呈现较好的去除效果。紫外线可穿透细菌细胞壁被胞内DNA的碱基吸收,引发胸腺嘧啶二聚体等光产物的形成,导致DNA的氢键断裂和碱基配对错误^[15],从而造成基因损伤。相较于城市污水,海水养殖尾水具有典型的高盐特性和大通量特征,这些物化参数的差异显著影响传统污水处理工艺中絮凝沉淀、生物降解等关键过程的处理效果^[16]。然而,目前针对近岸海水环境及集约化水产养殖尾水中ARGs的污染控制研究仍较为缺乏。因此,本研究通过改变紫外消毒法的辐照剂量,探究其对实际海水养殖尾水中ARGs的去除效果,并同步对细菌微生物群落变化进行分析,深入探究其与ARGs丰度变化的关系,为集约化海水养殖中ARGs的污染控制提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 模拟实验

本研究以我国北方渤海沿岸的一个集约化鱼类养殖场(121°19'19.24" E, 38°58'4.63" N)内封闭式养殖系统的海水养殖尾水为研究对象,对其进行紫外消毒模拟实验。模拟实验所用尾水样品采集过程如下:利用无菌采样瓶对养殖系统内养殖尾水集水池进行采集,分别在池中5个不

同位置依次取样后,混合均匀即获得模拟实验所需的海水养殖尾水,每个点位的水样均重复采集3次。养殖尾水池内水温、pH、溶解氧和盐度分别维持在 $21.5\text{ }^{\circ}\text{C} \sim 22.3\text{ }^{\circ}\text{C}$ 、 $7.64 \sim 8.28$ 、 $7.04 \sim 8.25\text{ mg/L}$ 和 $29.4 \sim 31.4$, TN、TP、TAN 和 COD 含量分别不超过 4.86 mg/L 、 0.61 mg/L 、 1.08 mg/L 和 1.36 mg/L 。本实验样品采集的养殖系统实景和尾水池取样位置如图 1a 和图 1b 所示。模拟实验的具体操作过程如下:打开紫外灯 ($50.0\text{ }\mu\text{W}/\text{cm}^2$ 波长为 254 nm), 预热 5 min 后, 将 500 mL 海水养殖尾水置于烧杯内进行紫外照射, 利用辐照计 (FZ-A, 北京师范大学光电仪器厂) 测定紫外辐照剂量, 分别达到 $3.0\text{ mJ}/\text{cm}^2$ 、 $6.0\text{ mJ}/\text{cm}^2$ 、 $15.0\text{ mJ}/\text{cm}^2$ 、 $30.0\text{ mJ}/\text{cm}^2$ 、 $45.0\text{ mJ}/\text{cm}^2$ 、 $90.0\text{ mJ}/\text{cm}^2$ 后关闭紫外灯停止消毒, 收集实验样品, 实验装置如图 1c 所示。上述处理实验重复 3 次, 同时以未处理水样为空白对照, 并设置 3 组平行样品。实验结束后, 立即对全部实验样品进行 DNA 提取。



注: (a) 为养殖场实景; (b) 为养殖系统尾水池; (c) 为模拟实验示意图

图 1 养殖尾水的采样位置及模拟实验示意图

Fig. 1 Sampling location of mariculture wastewater and schematic of simulation experiments

1.2 DNA 提取及 ARGs 检测

将紫外消毒后得到的海水养殖尾水经 47 mm 无菌滤纸过滤, 利用水体基因组 DNA 提取试剂盒 (上海生工生物工程股份有限公司) 对海水养殖尾水中的 DNA 进行提取, 待提取完成, 将得到的 DNA 置于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 条件下保存。

以提取的 DNA 为模板, 利用荧光定量 PCR,

对海水养殖尾水中的两大类 9 种 ARGs (包括 6 种四环素类 ARGs: *tetA*、*tetB*、*tetM*、*tetO*、*tetQ* 和 *tetW* 和 3 种磺胺类 ARGs: *su11*、*su12* 和 *su13*)、两类整合酶基因 (*int1* 和 *int2*) 以及细菌分类通用基因 (16S rRNA) 进行定量检测。荧光定量 PCR 反应体系 ($25\text{ }\mu\text{L}$) 包括: $12.5\text{ }\mu\text{L}$ $2 \times \text{SGExcelFastSYBRMixture}$ 、 $9\text{ }\mu\text{L}$ RNase-Free ddH₂O, $2\text{ }\mu\text{L}$ 模板 DNA, $0.5\text{ }\mu\text{L}$ 正反引物, $0.5\text{ }\mu\text{L}$ $100 \times \text{ROX Reference Dye}$, 循环周期数为 $28 \sim 35$, 每组实验条件均设置阴性对照及 3 组平行样品。本实验所用 ARGs 引物序列及定量检测方法均与本课题组先前报道的研究方法^[17]一致, 定量方法的相关系数 R^2 在 0.871 以上, 扩增效率不低于 92.1% , 检出限为 $10^2 \sim 10^{13}\text{ copies}/\mu\text{L}$, 相对标准偏差不高高于 25% 。

1.3 细菌微生物群落分析

本研究中细菌微生物群落分析委托上海生工生物工程股份有限公司进行, 实验样品为抽滤海水养殖尾水后的水系滤膜, 每个辐照剂量对应一个实验样品。使用 E.Z.N.ATM Mag Bind Soil DNA Kit (Omega, M5635-02, 美国) 提取群落基因组 DNA, 并使用 Qubit 4.0 (Thermo, 美国) 测量 DNA 的浓度, 以保证获得足量高质量基因组 DNA。得到基因组 DNA 后, 采用经 PAGE 纯化的正向引物 (CCTACGGGNGGCWGCAG) 和反向引物 (GACTACHVGGTATCTAATCC), 使用 $2 \times \text{Hieff}^{\circledR} \text{ Robust PCR Master Mix}$ (Yeasten 10105ES03, 中国), 在热分析仪 (Applied Biosystems 9700, 美国) 内进行 16S rRNA 基因的 V3-V4 超变区 PCR 扩增实验。 $30\text{ }\mu\text{L}$ 的 PCR 反应体系主要包括: $2\text{ }\mu\text{L}$ 微生物 DNA ($10\text{ ng}/\mu\text{L}$); $1\text{ }\mu\text{L}$ 扩增子 PCR 正向引物 ($10\text{ }\mu\text{M}$); $1\text{ }\mu\text{L}$ 扩增子 PCR 反向引物 ($10\text{ }\mu\text{M}$); $26\text{ }\mu\text{L}$ $2 \times \text{Hieff}^{\circledR} \text{ Robust PCR Master Mix}$ 。PCR 扩增程序设置如下: $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min ; $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s , $45\text{ }^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s , $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s , 该程序执行 5 个循环; $95\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s , $55\text{ }^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s , $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s , 该程序执行 20 个循环; 最终 $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min 。随即利用 TBE 缓冲液 (Tris, boric acid, EDTA) 配制 2% (w/v) 琼脂糖凝胶, 用于定性分析 PCR 产物的准确性。使用 Hieff NGSTM DNA Selection

Beads 纯化扩增产物中的游离引物和引物二聚体。测序前,使用 Qubit® 4 型荧光检测器测定每个 PCR 产物的浓度,并用生物分析仪(Agilent 2100, 美国)进行质量控制。根据数据覆盖范围的要求,可将所有文库集中运行一次,且保证每个反应混合物中扩增子根据其浓度以等摩尔比例汇集。使用 Illumina MiSeq 系统(Illumina MiSeq, 美国)进行测序。

1.4 数据分析

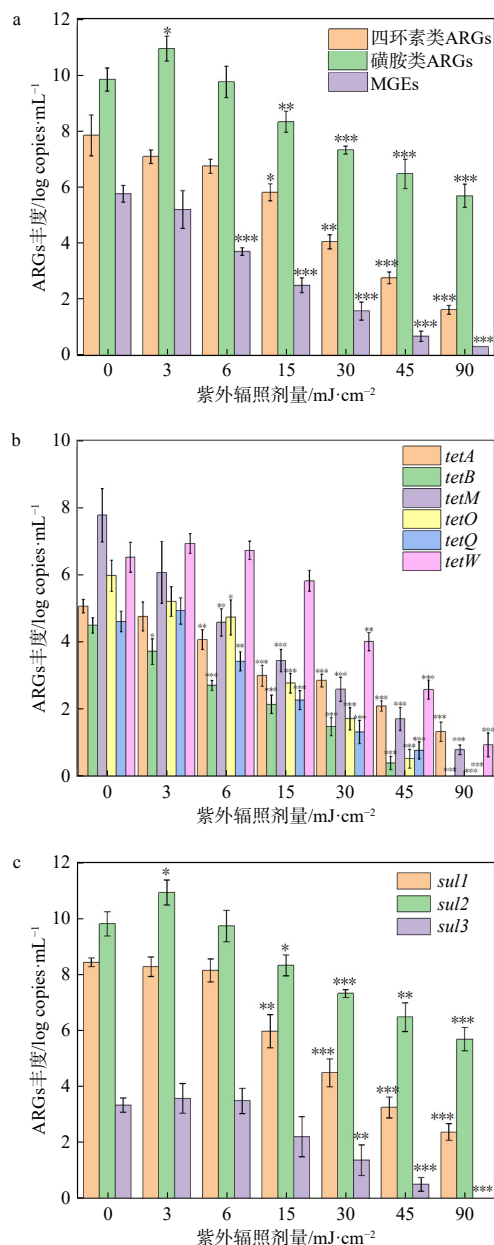
采用 Origin 2021 (美国, OriginLab 公司)计算样品中 ARGs 丰度的平均值和标准差,并绘制本研究中所有柱状图。采用 SPSS 29.0 软件(T 检验)(美国, IBM 公司),对实验内组间数据的差异性进行统计学分析。基于 Pearson 分析结果制作网络分析图表,并使用 Gephi (v 0.10.1)进行修改,以解析本研究中 ARGs 与 MGEs 间的关系。应用 Canoco 软件(版本 4.5),基于 ARGs、MGEs 和细菌微生物群落组成,采用冗余分析(redundancy analysis, RDA)和偏冗余分析(partial redundancy analysis, pRDA),考察紫外消毒影响下两类 MGEs 和细菌微生物群落组成对海水养殖尾水中 ARGs 丰度变化的贡献率。

2 结果与讨论

2.1 紫外消毒法对海水养殖尾水中 ARGs 的去除效果

利用荧光定量 PCR 技术对实验前后海水养殖尾水中 9 种 ARGs 的丰度变化进行了检测分析,以阐明不同紫外辐照剂量对 ARGs 的去除效果。由图 2 可知,紫外消毒法对海水养殖尾水中各目标 ARGs 去除效果显著,且效果随辐照剂量的增加而增强。当辐照剂量达到 15.0 mJ/cm² 时,各种 ARGs 的丰度出现了显著的下降,该辐照剂量阈值可作为养殖尾水紫外消毒处理的最低有效标准。当辐照剂量达到 90.0 mJ/cm² 时,3 种四环素类 ARGs (*tetB*、*tetO*、*tetQ*)和 1 种磺胺类 ARGs (*sul3*)的丰度低于检出限,*tetM* 和 *sul2* 的丰度分别降低了 6.98 log copies/mL 和 4.12 log copies/mL,说明该辐照剂量可对养殖尾水中这两类 ARGs 实现有效控制。如图 2a 所示,原水中磺胺类 ARGs 的含量最高,其次是四

环素类 ARGs 以及 MGEs,表明磺胺类 ARGs 为海水养殖尾水中最优势 ARGs,这可能与磺胺类 ARGs 常与 I/II 类整合子存在于同一质粒,在环境中传播能力较强有关^[18]。结合图 2b 和图 2c,当紫外辐照剂量过低时,部分 ARGs (*tetQ*、*tetW*、*sul2*、*sul3*)的丰度有所增加,这可能是因为



注: * $p < 0.05$ 、** $p < 0.01$ 、*** $p < 0.001$ 分别表示与对照组相比存在显著性、高度显著性和极高度显著性差异

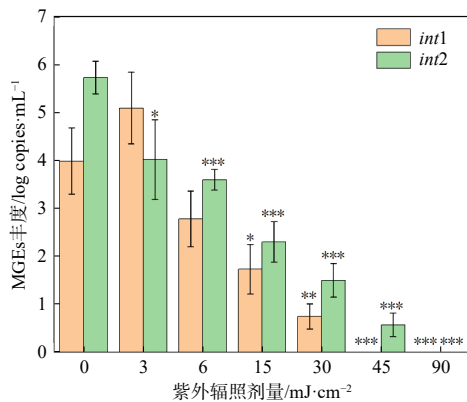
图 2 不同辐照剂量对海水养殖尾水中 ARGs 的去除效果

Fig. 2 Removal effects of different irradiation doses on ARGs in mariculture wastewater

低紫外辐照剂量的刺激增加了细胞膜的通透性,进而促进了 ARGs 的水平基因转移^[19]。当紫外辐照剂量增大后,紫外线对细胞膜造成的损伤难以修复,细胞结构被破坏导致死亡,进而出现 ARGs 丰度下降。

2.2 紫外消毒法对海水养殖尾水中 MGEs 的去除效果

He 等^[3]研究表明, *int1* 和 *int2* 与磺胺类 ARGs 和四环素类 ARGs 具有显著相关性,在 ARGs 的 HGT 中起到关键作用,因此本研究选择 *int1* 和 *int2* 作为研究对象。由图 3 可知,当紫外辐照剂量逐步增加时,两种 MGEs 的丰度持续下降,且 *int1* 的去除效果优于 *int2*。当辐照剂量达到 45.0 mJ/cm² 时,海水养殖尾水中 *int1* 的丰度低于检出限,辐照剂量继续增大至 90.0 mJ/cm² 时, *int2* 的丰度亦低于检出限,表明紫外消毒法可有效去除海水养殖尾水中的 MGEs,并通过抑制 HGT 进而降低 ARGs 的丰度。紫外线造成的损伤会导致 DNA 双链中的碱基形成二聚体,阻碍 DNA 的复制,从而达到抑制传播的效果^[20]。



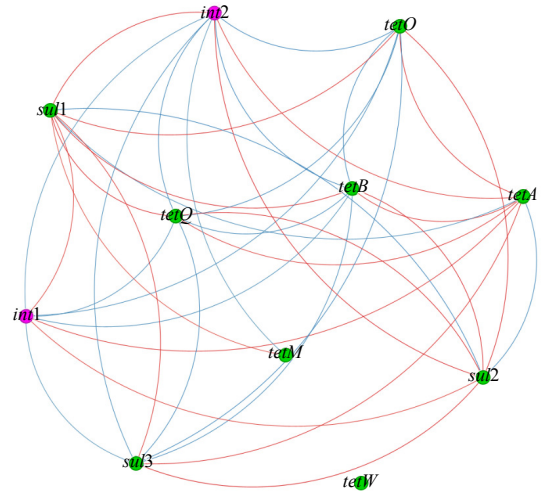
注: * $p < 0.05$ 、** $p < 0.01$ 、*** $p < 0.001$ 分别表示与对照组相比存在显著性、高度显著性和极高度显著性差异

图3 不同紫外辐照剂量对海水养殖尾水中 MGEs 的去除效果

Fig. 3 Removal effects of different irradiation doses on MGEs in mariculture wastewater

有研究显示,环境中 MGEs 是影响 ARGs 增殖和传播的重要因素^[21]。因此,本研究利用 Gephi 分析并绘制了 ARGs 与 MGEs 的相关性网络图(图 4),以解析紫外消毒法对海水养殖尾水中 ARGs 和 MGEs 影响的潜在机制。结果显示,

海水养殖尾水中两类整合酶基因(*int1* 和 *int2*)与多种 ARGs 具有显著相关性, *int1* 和 *int2* 与 *tetA*、*sul1*、*sul2* 呈显著正相关性,揭示了两类整合酶基因是海水养殖尾水中 *tetA*、*sul1*、*sul2* 快速传播的关键。



注:红色线条和蓝色线条表示两种 ARGs 或 MGEs 存在显著正相关性或显著负相关性

图4 海水养殖尾水中 ARGs 及 MGEs 的相关性网络

Fig. 4 Correlation network diagram of ARGs and MGEs in mariculture wastewater

2.3 紫外消毒法对海水养殖尾水中细菌微生物群落组成的影响

微生物群落组成是影响养殖水环境中 ARGs 分布和传播的重要因素^[22]。图 5 为不同紫外辐照剂量下海水养殖尾水中细菌群落的组成变化图。如图 5a 所示,原水中门水平上的优势菌落占总细菌群落 92.3% 的相对丰度,其中,变形菌门(Pseudomonadota)相对丰度占比为 60.0%,拟杆菌门(Bacteroidota)相对丰度占比为 32.3%。当紫外辐照剂量由 3.0 mJ/cm² 逐渐增加至 15.0 mJ/cm² 时,变形菌门的相对丰度不断增加,而拟杆菌门、疣微菌门(Verrucomicrobiota)、酸骨菌门(Patescibacteria)的相对丰度不断减少。当紫外辐照剂量高于 30.0 mJ/cm² 并持续增加时,弯曲菌门(Campylobacterota)的相对丰度先增加后减少,这可能是该菌群在经紫外辐射后细胞膜或遗传物质易损伤,细菌转变为虽存活但无法生长繁殖(VBNC)状态^[23],增加紫外辐照剂量会导致细菌无法维持该状态而死亡,故出现

相对丰度下降的现象。由图5b可知,在原水中,属水平上的优势菌种分别为太平洋杆菌属(*Pacificibacter*, 相对丰度占比为12.7%)、假黄褐杆菌属(*Pseudofulvibacter*, 相对丰度占比为7.2%)、科尔韦氏菌属(*Colwellia*, 相对丰度占比为6.7%)、假交替单胞菌属(*Pseudoalteromonas*, 相对丰度占比为6.0%)、黄杆菌属(*Flavobacterium*, 相对丰度占比为5.8%)。其中太平洋杆菌属、科尔韦氏菌属、假交替单胞菌属属于变形菌门,假交替单胞菌属可以通过分泌黑色素阻挡外界辐射,从而抵御紫外线的攻击,具有较强紫外抗性^[24],是变形菌门相对丰度较高的原因。

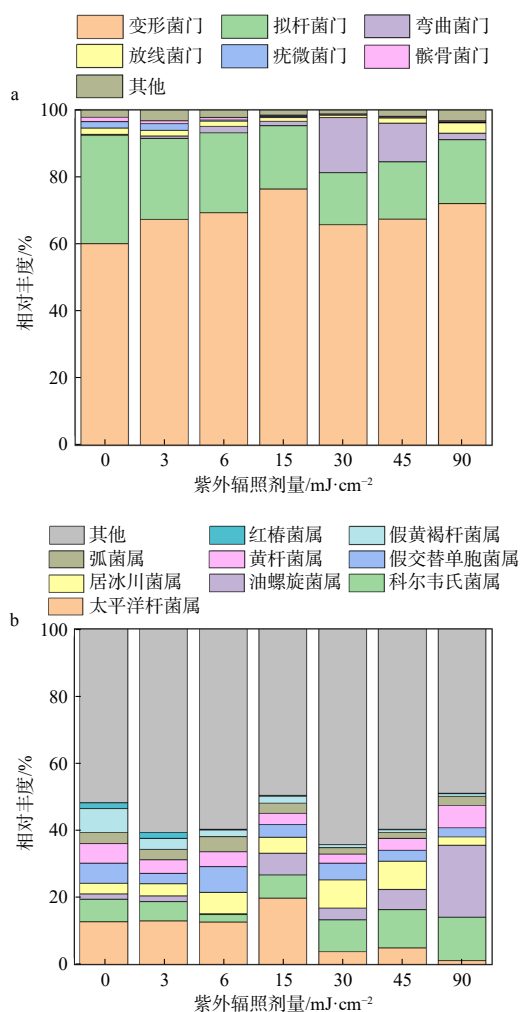
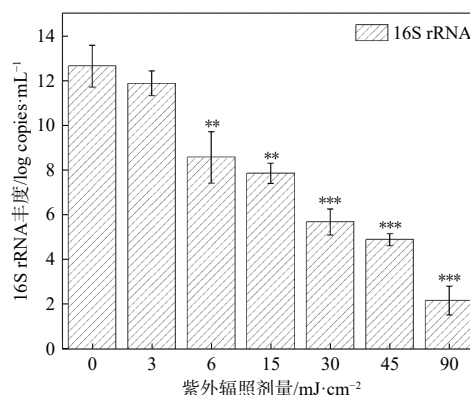


图5 不同辐照剂量下海水养殖尾水中门水平(a)和属水平(b)上的细菌群落组成变化

Fig. 5 Changes in bacterial community composition at phylum level (a) and genus level (b) in mariculture wastewater under different irradiation doses

同时,本研究对实验前后海水养殖尾水中细菌16S rRNA基因的丰度进行了检测,实验结果如图6所示。随着紫外辐照剂量的增加,海水养殖尾水中16S rRNA基因的丰度不断减少,表明紫外消毒法对海水养殖尾水中的细菌微生物具有良好的去除效果。



注: * $p < 0.05$, ** $p < 0.01$, *** $p < 0.001$ 分别表示与对照组相比存在显著性、高度显著性和极高度显著性差异

图6 不同辐照剂量对海水养殖尾水中16S rRNA基因的去除效果

Fig. 6 Removal effects of different irradiation doses on 16S rRNA gene in mariculture wastewater

基于紫外消毒对ARGs和MGEs的去除效果,进一步对ARGs丰度变化与微生物群落变化之间的相关性进行分析(图7)。结果表明,海水养殖尾水中的拟杆菌门(Bacteroidota)与*tetM*呈显著正相关性,表明拟杆菌门可能是*tetM*传播的潜在宿主。疣微菌门与*tetM*和*int1*之间的显著正相关性进一步表明,疣微菌门可能通过HGT促进*tetM*和*int1*在微生物群落中的传播。此外,酸杆菌门(Patescibacteria)与*tetM*和拟杆菌门、疣微菌门之间呈显著正相关性,说明酸杆菌门在海水养殖尾水里ARGs传播中的作用亦不可忽视。研究表明^[25],酸杆菌门是ARGs传播的关键宿主,尤其在*tetM*的传播中具有显著作用。

2.4 紫外消毒法影响下海水养殖尾水中ARGs、MGEs与细菌微生物群落关系

基于上述实验结果,本研究根据6种门水平菌群及两类整合酶基因(*int1*和*int2*),对ARGs的丰度变化进行了限制性排序,以阐明紫外消毒

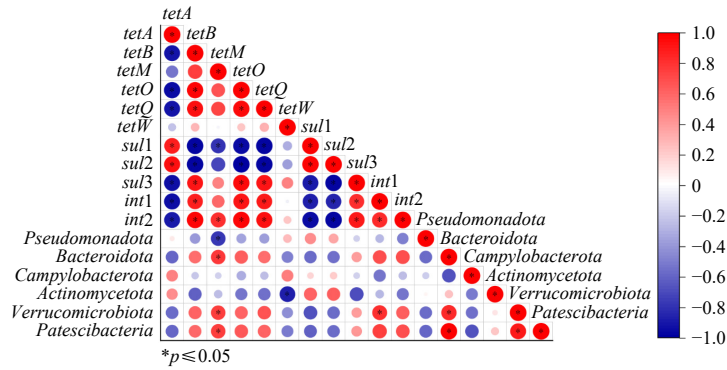


图 7 ARGs 与 MGEs、微生物群落组成的相关性

Fig. 7 Correlation plot of ARGs with MGEs and microbial community composition

影响下的 MGEs 和微生物菌群因素对海水养殖尾水中 ARGs 去除的贡献率(图 8)。图 8a 由 6 种门水平细菌微生物群落和两种 MGEs 共排列组成, ARGs 丰度方差矩阵的排序梯度小于 4, 适用于双峰模型的 RDA 统计, 可解释 75.2% 的 ARGs 丰度变化。除 *tetW* 和 *sul2* 之外, 沿第一象限横坐标轴, 其余目标 ARGs 均以顺时针聚集为一簇, 与门水平上的拟杆菌门、疣微菌门、酸杆菌门和两种 MGEs 呈现显著的正相关性, 共解释

了 48.6% 的 ARGs 丰度变化, 表明紫外消毒是通过影响优势菌群以及 MGEs 的组成和丰度变化, 达到去除 ARGs 的效果。如图 8b 所示, pRDA 揭示紫外消毒处理下拟杆菌门、疣微菌门、酸杆菌门等门水平的细菌群落组成对 ARGs 丰度变化的贡献率最大为 38.7%, 表明其为海水养殖尾水中 ARGs 的有效去除提供了核心驱动力。

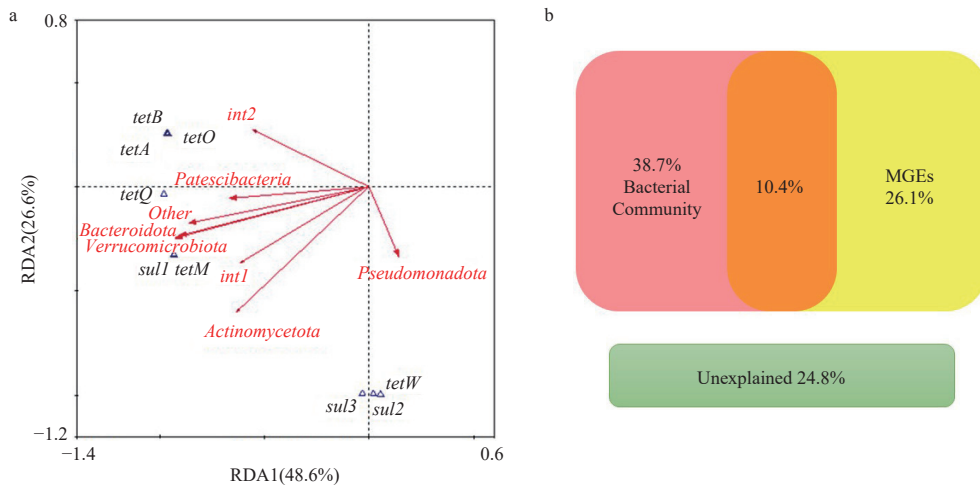


图 8 ARGs 与 MGEs、微生物群落组成的 RDA 图 (a) 和 pRDA 图 (b)

Fig. 8 RDA plot (a) and pRDA plot (b) of ARGs with MGEs and microbial community composition

3 结论

(1) 紫外消毒法可有效去除海水养殖尾水中常见的四环素类 ARGs、磺胺类 ARGs 及 MGEs, 且 MGEs 与 ARGs 的丰度变化具有密切联系, 增大紫外辐照剂量有助于提高 ARGs 的去除效率。

(2) 当紫外辐照剂量达到 15.0 mJ/cm^2 时,

ARGs 丰度出现了明显下降, 90.0 mJ/cm^2 的紫外消毒可使部分 ARGs 的丰度低于检出限, 超过该辐照剂量的紫外消毒可有效去除海水养殖尾水中 ARGs。

(3) 紫外消毒通过破坏 ARGs 宿主及其遗传物质显著降低 ARGs 丰度, 并伴随拟杆菌门等潜在宿主菌群丰度的减少, 表明菌群结构调控可能

协同增强 ARGs 去除效果。然而,养殖环境中菌群动态受到多因素影响,未来研究需将紫外消毒与其他协同应用,以提升 ARGs 污染控制效果。

参考文献:

- [1] Bodus B, O'malley K, Dieter G, et al. Review of emerging contaminants in green stormwater infrastructure: Antibiotic resistance genes, microplastics, tire wear particles, PFAS, and temperature[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 906: 167195.
- [2] Alekshun M N, Levy S B. Molecular mechanisms of antibacterial multidrug resistance[J]. *Cell*, 2007, 128(6): 1037-1050.
- [3] He L Y, Liu Y S, Su H C, et al. Dissemination of antibiotic resistance genes in representative broiler feedlots environments: Identification of indicator ARGs and correlations with environmental variables[J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, 48(22): 13120-13129.
- [4] Zhang Y P, Niu Z G, Zhang Y, et al. Occurrence of intracellular and extracellular antibiotic resistance genes in coastal areas of Bohai Bay (China) and the factors affecting them[J]. *Environmental Pollution*, 2018, 236: 126-136.
- [5] Li N, Liu W, Zheng X Y, et al. Antimicrobial hydrogel with multiple pH-responsiveness for infected burn wound healing[J]. *Nano Research*, 2023, 16(8): 11139-11148.
- [6] Wang Q C, Ji W, Xu Z. Current use and development of fish vaccines in China[J]. *Fish & Shellfish Immunology*, 2020, 96: 223-234.
- [7] Liu X, Steele J C, Meng X Z. Usage, residue, and human health risk of antibiotics in Chinese aquaculture: A review[J]. *Environmental Pollution*, 2017, 223: 161-169.
- [8] Watts J E M, Schreier H J, Lanska L, et al. The rising tide of antimicrobial resistance in aquaculture: Sources, sinks and solutions[J]. *Marine Drugs*, 2017, 15(6): 158.
- [9] Liu X, Wang H, Zhao H M. Propagation of antibiotic resistance genes in an industrial recirculating aquaculture system located at northern China[J]. *Environmental Pollution*, 2020, 261: 114155.
- [10] Lu J, Wu J, Zhang C, et al. Occurrence, distribution, and ecological-health risks of selected antibiotics in coastal waters along the coastline of China[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 644: 1469-1476.
- [11] Lu J, Zhang Y X, Wu J, et al. Effects of microplastics on distribution of antibiotic resistance genes in recirculating aquaculture system[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2019, 184: 109631.
- [12] 王秋水, 程波, 刘悦, 等. 昌黎县海域细菌群落和抗生素抗性基因分析[J]. *环境科学*, 2024, 45(1): 567-575.
- [13] Luo L, Wang Z M, Huang X, et al. The fate of antibiotic resistance genes in wastewater containing microalgae treated by chlorination, ultra-violet, and Fenton reaction[J]. *Water Research*, 2024, 254: 121392.
- [14] Zheng J, Su C, Zhou J W, et al. Effects and mechanisms of ultraviolet, chlorination, and ozone disinfection on antibiotic resistance genes in secondary effluents of municipal wastewater treatment plants[J]. *Chemical Engineering Journal*, 2017, 317: 309-316.
- [15] 姜玲玲, 曹琴琴. 紫外线对 DNA 的损伤及应用影响[J]. *中国安全防范技术与应用*, 2022(1): 74-79.
- [16] 徐成龙. 微生物改性凹凸棒石强化人工湿地去除海水养殖废水中磷的研究[D]. 北京: 北京科技大学, 2024.
- [17] 刘萱. 东北地区典型水产养殖水中抗生素抗性基因分布研究[D]. 大连: 大连理工大学, 2023.
- [18] Man Y, Li W X, Wang J X, et al. Plants inhibit the relative abundance of sulfonamide resistance genes and class 1 integron by influencing bacterial community in rhizosphere of constructed wetlands[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 824: 153977.
- [19] Ye C S, Feng M B, Chen Y Q, et al. Dormancy induced by oxidative damage during disinfection facilitates conjugation of ARGs through enhancing efflux and oxidative stress: A lagging response[J]. *Water Research*, 2022, 221: 118798.
- [20] Das D, Bordoloi A, Achary M P, et al. Degradation and inactivation of chromosomal and plasmid encoded resistance genes/ARBs and the impact of different matrices on UV and UV/H₂O₂ based advanced oxidation process[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 833: 155205.
- [21] Li X N, Wang P L, Chu S Q, et al. The variation of antibiotic resistance genes and their links with microbial communities during full-scale food waste leachate biotreatment processes[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, 416: 125744.
- [22] Wang J H, Lu J, Zhang Y X, et al. Metagenomic analysis of antibiotic resistance genes in coastal industrial mariculture systems[J]. *Bioresour Technol*, 2018, 253: 235-243.
- [23] Zhao L Y, Hu Y B, Zhao Y G, et al. Removal of typical sulfonamide resistance genes by ultraviolet/hydrogen peroxide advanced oxidation process in mariculture wastewater[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2023, 55: 104262.
- [24] Guo Z W, Feng Q, Mao X M, et al. Increased secretion of bacterial pyromelanin caused by light accelerates corrosion of low alloy steel[J]. *Chemosphere*, 2024, 359: 142353.
- [25] Kim J J, Seong H J, Johnson T A, et al. Persistence of antibiotic resistance from animal agricultural effluents to surface water revealed by genome-centric metagenomics[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2023, 457: 131761.

(本文编辑: 曲丽梅)