

## 水环境中抗生素抗性基因的分布·转移与去除研究进展

崔红, 张娣, 徐文煦, 程玉鹏\*, 车琦, 王继华\* (哈尔滨师范大学生命科学与技术学院, 黑龙江哈尔滨 150025)

**摘要** 抗生素抗性基因具有可复制、可传播并能稳定表达的特点, 其在水环境中广泛分布, 对生态环境及人体健康具有潜在风险。对水体环境中 ARGs 的分布、转移与去除情况进行了综述。在此基础上, 从 ARGs 的转移机制和去除工艺的改良方面进行了展望。

**关键词** 水体环境; 抗生素抗性基因; 分布; 转移; 去除

**中图分类号** X52 **文献标识码** A

**文章编号** 0517-6611(2021)01-0023-03

**doi**: 10.3969/j.issn.0517-6611.2021.01.006

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



# Advances in the Distribution, Transfer and Removal of Antibiotic Resistance Genes in Water Environment

CUI Hong, ZHANG Di, XU Wen-xu et al (Life Science and Technology College, Harbin Normal University, Harbin, Heilongjiang 150025)

**Abstract** Antibiotic resistance genes have the characteristics of replication, transmission and stable expression and are widely distributed in different water environments, which have potential risks to ecological environment and human health. This paper reviewed the distribution, transfer and removal of ARGs in water environment. On this basis, the prospects of transfer mechanism of ARGs and the improvement of the removal process were discussed.

**Key words** Water environment; Antibiotic resistance gene; Distribution; Transfer; Removal

抗生素是一类由生物体产生或人工合成的具有抑菌或杀菌作用的化学物质<sup>[1]</sup>, 被广泛用于治疗人类和动物疾病, 或添加于动物饲料中以促进生长。我国是抗生素生产大国, 每年生产抗生素原料约 21 万 t<sup>[2]</sup>。但抗生素的实际利用率并不高, 进入人和动物体内的抗生素只有少量被吸收利用, Zhang 等<sup>[3]</sup>的调查显示 2013 年我国常见的 36 种抗生素总使用量为 9.27 万 t, 通过人类和动物排泄的抗生素有 5.40 万 t, 最终经过各种废水处理后有 5.38 万 t 进入到环境中。目前, 在地表水、地下水甚至在饮用水系统中都发现了抗生素的存在, 地表水中浓度为几个至 1 000 余 ng/L, 地下水为几十至几百 ng/L<sup>[4-5]</sup>, 在饮用水中也检测到痕量的抗生素。当细菌生活的环境中有低浓度抗生素长期存在时, 细菌会形成耐药性, 成为抗生素耐药菌(antibiotic resistant bacteria, ARB), 同时导致抗性基因(antibiotic resistant genes, ARGs)的出现。目前在医院<sup>[6]</sup>、饲养场<sup>[7]</sup>、药厂<sup>[8]</sup>和污水处理厂<sup>[9]</sup>等排放的废液中均检测到 ARGs 的存在。有研究表明<sup>[10]</sup>, ARGs 可以通过 I 型整合子等可移动基因元件的作用进行转移, 对环境造成污染。因此, 研究 ARGs 在水环境中的分布情况、转移方式及不同去除工艺的去除效果, 进而探究能有效治理不同水体环境中 ARGs 污染的方法, 对于改善我国水体环境、保证人体健康、提高人们生活水平具有重要意义。

## 1 ARGs 的分布情况与影响因素

由表 1 可知, ARGs 在水环境中广泛分布并且不同的 ARGs 在水环境中的浓度存在一定差异。房平等<sup>[11]</sup>对东江下游典型饮用水源地 ARGs 的分布进行研究时发现, 磺胺类 ARGs 的丰度较高。姜春霞等<sup>[16]</sup>也发现磺胺类 ARGs 无论是

在海水样品还是沉积物中, 其含量都是最高的。磺胺类抗生素是我国目前使用量较大的抗生素种类之一, 磺胺类 ARGs 在环境中占据主导地位可能与这类抗生素的大量使用有关, 邹世春等<sup>[17]</sup>在调查北江河水中 ARGs 污染情况的研究证明了这一观点。此外, *sul1* 和 *sul2* 的高水平表达也可能与这 2 种基因所寄生的宿主菌对不同环境都具有很强的耐受能力有关, 使这类 ARGs 在水环境中稳定存在。罗晓等<sup>[18]</sup>的研究也表明 ARGs 的分布与特定的微生物有关, 其中 *Methylobacterium* 菌属是影响 *tetA* 分布丰度的主要因素, *Dechloromonas* 和 *Clostridium sensu stricto 1* 菌属是影响 *tetB* 分布丰度的主要因素, *sul1*、*sul2* 分布的丰度则与 *Dechloromonas*、*Clostridium sensu stricto 1* 和 *Methylobacterium* 菌属有关。

ARGs 的分布不仅与微生物有关, 还受到其他因素的影响。孙丽华等<sup>[19]</sup>在探究 ARGs 与 I 型整合子浓度之间的相关性时发现, *tetA* 浓度与 I 型整合子整合酶基因(*int1*)浓度相关性最强, *sul2* 浓度与 *int1* 的相关性最弱。因此, I 型整合子可能影响 ARGs 在水环境中的浓度; 同时还发现 *tetA*、*tetW*、*sul1* 和 *sul2* 的浓度与 16S rDNA 的浓度相关, 并且磺胺类抗性基因浓度与 16S rDNA 浓度的相关性更密切。姚鹏城等<sup>[20]</sup>的研究表明某化工园区废水处理厂的进水中编码外排泵蛋白抗性机制的四环素类 ARGs(*tetA* 和 *tetC*)的浓度要比编码核糖体保护蛋白抗性机制的四环素类 ARGs(*tetO*)高很多, 说明 ARGs 在环境中的浓度与其抗性机制有关。张毓森等<sup>[21]</sup>关于农田生态 ARGs 的研究表明, 农田生态会影响地表径流中的 ARGs 丰度。有研究表明, 位于人类活动密集的高密度建筑区内的南湖和沙湖中 ARGs 的检出率及丰度水平都较高, 这可能是由周边多种污染源和人为因素造成的<sup>[22]</sup>。罗晓等<sup>[18]</sup>的研究也表明人类活动以及城市活动会影响抗性基因的分布和传播。已知的影响 ARGs 在水环境中分布的外部因素有很多, 但目前的研究主要集中在探究 ARGs 与微生物、*int1* 及环境因子相关性的方面, 探究其影响机理的文

**基金项目** 黑龙江省教育厅科学技术研究项目(11541090)。

**作者简介** 崔红(1996—), 女, 河南郑州人, 硕士研究生, 研究方向: 微生物遗传。\* 通信作者: 程玉鹏, 副教授, 博士, 从事微生物学研究; 王继华, 教授, 从事微生物遗传学、环境生态学研究。

**收稿日期** 2020-06-08; 修回日期 2020-08-19

献较少。而研究不同影响因素对 ARGs 的作用机理更有利于控制其在环境中的分布。

表 1 ARGs 在水环境中的分布情况  
Table 1 Distribution of ARGs in the water environment

| 环境<br>Environment                       | ARGs 类型<br>Types of ARGs                  | ARGs 浓度<br>Concentration of ARGs                  | 参考文献<br>References |
|-----------------------------------------|-------------------------------------------|---------------------------------------------------|--------------------|
| 黄浦江 Huangpu River                       | <i>sul1</i>                               | $3.2 \times 10^7 \sim 1.74 \times 10^8$ copies/L  | [11]               |
|                                         | <i>sul2</i>                               | $4.3 \times 10^7 \sim 4.19 \times 10^8$ copies/L  |                    |
|                                         | <i>tet(M)</i>                             | $2.3 \times 10^3 \sim 5.07 \times 10^3$ copies/L  |                    |
|                                         | <i>tet(O)</i>                             | $1.43 \times 10^3 \sim 5.05 \times 10^3$ copies/L |                    |
| 城市污水处理厂<br>Urban sewage treatment plant | <i>tetA</i>                               | $10^{4.18} \sim 10^{5.05}$ copies/L               | [12]               |
|                                         | <i>tetO</i>                               | $10^{3.58} \sim 10^{4.91}$ copies/L               |                    |
|                                         | <i>tetW</i>                               | $10^{6.12} \sim 10^{6.70}$ copies/L               |                    |
|                                         | <i>Sul1</i>                               | $10^{5.49} \sim 10^{5.84}$ copies/L               |                    |
|                                         | <i>Sul2</i>                               | $10^{8.57} \sim 10^{9.18}$ copies/L               |                    |
| 垃圾填埋场渗透液<br>Landfill leachate           | 磺胺类                                       | $1.72 \times 10^5 \sim 3.30 \times 10^6$ /ng      | [13]               |
|                                         | 氨基糖苷类                                     | $9.71 \times 10^3 \sim 9.01 \times 10^6$ /ng      |                    |
|                                         | 四环素类                                      | $1.59 \times 10^3 \sim 1.23 \times 10^6$ /ng      |                    |
|                                         | 大环内酯类                                     | $1.06 \times 10^4 \sim 2.48 \times 10^6$ /ng      |                    |
|                                         | 多重抗性基因                                    | $1.09 \times 10^4 \sim 1.97 \times 10^6$ /ng      |                    |
| 养殖虾塘 Shrimp pond                        | 喹诺酮类、大环内酯类                                |                                                   | [14]               |
| 钱塘江 Qiantang River                      | <i>tet A</i> 、 <i>sul1</i> 和 <i>ctx-1</i> |                                                   | [15]               |

2 ARGs 的转移方式

一般而言,ARGs 在环境中的转移除了直接从亲本细胞中获得遗传信息,在同种属的菌株间进行基因的垂直传播外,还可通过接合、转化及转导的方式进行不同种属和同种属菌种间基因的水平转移<sup>[23]</sup>。接合转移是通过细胞间的接触,从供体细胞将 DNA 传递给受体细胞;转导需要将 ARGs 导入到微生物的细胞中,这个过程需要噬菌体的参与;转化是利用处于感受态的微生物吸收周围环境中游离的 DNA。最新研究发现<sup>[24]</sup>,在北极冰川的可培养细菌基因组中有抗性基因和整合子的存在。这为抗生素抗性基因的迁移提供了新的证据。Rhodes 等<sup>[25]</sup>发现含四环素类 ARGs 的质粒 DNA 可以在大肠杆菌和气单胞菌属之间进行转移扩散。罗碧珊等<sup>[26]</sup>发现万古霉素肠球菌的抗性基因能向金黄色葡萄球菌转移。在 ARGs 水平转移的过程中,可移动基因元件(MGEs)发挥很大的作用,例如转座子基因、接合性质粒和整合子基因。王卫华等<sup>[27]</sup>对医院耐药大肠埃希菌(MDR-ECO)中的可遗传基因元件进行检测,共检测出 10 种可移动遗传元件,且同一菌株中可能含有多种不同的 MGEs。多重耐药表型与转座子、整合子类型存在相关性,林习等<sup>[28]</sup>的研究证明了这一观点。吴韵斐等<sup>[29]</sup>研究了水源型水库中不同种类的 ARGs 与可移动基因元件之间的相关性,发现氨基糖苷类 ARGs、多重抗药类 ARGs、磺胺类 ARGs 与 MGEs 之间存在极显著相关性( $P<0.01$ ),氯霉素类 ARGs、大环内酯类 ARGs、四环素类 ARGs 与 MGEs 存在显著相关性( $P<0.05$ ),总 ARGs 丰度与 MGEs 也存在极显著相关性( $P<0.01$ )。黄福义等<sup>[30]</sup>对生活垃圾渗滤液中的抗生素抗性基因进行研究,发现其不仅与转座子和整合子等有关,还与 Cr、Cd、Ni、As 等重金属呈现极显著正相关,说明抗生素抗性基因的赋存和转移传播可能受重金属元素和 MGEs 的共同影响。目前已

知的基因元件有质粒、转座子和 I 类整合子,是否还有新型的基因元件还有待研究。探究 ARGs 与基因元件的作用位点以及如何抑制携带 ARGs 的基因元件进入微生物体内对抑制其表达和传播具有重要意义。

3 ARGs 的去除工艺

关于去除工艺的研究目前主要集中在对污水中 ARGs 的去除。Mcconnell 等<sup>[31]</sup>发现污水处理厂的二级澄清池能使废水中的 ARGs 浓度显著降低。目前主要采用生物处理、物理或化学处理等方法对 ARGs 进行去除。不同的去除手段对 ARGs 的去除效果存在差异。

生物处理是利用微生物的代谢反应对废水进行处理,分为好氧和厌氧处理。最常见的好氧处理方法有 A/O(厌氧-好氧)工艺、A/A/O(厌氧-缺氧-好氧)工艺等。上海某污水处理厂<sup>[32]</sup>中 ARGs 含量经过 A/O 工艺显著降低( $1.19 \log \sim 3.97 \log$ ),但在最终的出水中浓度仍较高。张欢欢等<sup>[33]</sup>研究也表明,升级 A/O 工艺并不能有效削减 ARGs,出水中 ARGs 的相对丰度提高  $1.3 \sim 2.3 \log$ s。这可能是由于工艺实施过程中一些生物或非生物因素对 ARGs 的去除造成了干扰。厌氧生物处理技术主要用于有机物的大量去除及稳定污水污泥。Diehl 等<sup>[34]</sup>的研究发现,嗜热条件能使四环素类 ARGs(*tetA*、*tetX*)的丰度迅速降低,但却使 *tetM* 基因的丰度有所增加,而 *tetL* 则无论是在嗜热环境还是嗜温环境中都不能被去除,这可能是由于这些基因编码类型不同造成的,其具体机制还有待研究。

物理或化学处理法则通过超滤等物理方法或一系列化学反应将废水中污染物去除,或转化其性质以避免其对环境造成危害。化学处理方法也有很多种,例如有学者<sup>[35]</sup>发现臭氧的氧化能有效地减少活性污泥中 ARGs 的绝对丰度,当臭氧消耗量达  $0.31 \text{ g/g(TSS)}$  时,ARGs 的总量下降了

75.4%。刘亚兰等<sup>[36]</sup>研究表明,污水处理厂的消毒工艺对抗生素抗性菌具有一定的去除效果。但 Jin 等<sup>[37]</sup>发现氯消毒处理可以促进抗药性基因在细菌属间的交换。黄晶晶等<sup>[38]</sup>的研究表明,经紫外线消毒剂处理后灭活的抗生素抗性菌具有复活的潜能。可见消毒工艺不能完全消除抗生素抗性菌和抗性基因。魏欣等<sup>[39]</sup>发现适量  $\text{Fe}^0$  (如 0.1 g/g, 以  $\text{Fe}^0/\text{VSS}$  计)能使四环素类 ARGs 和 *intI1* 基因的消减效果增强。目标基因丰度下降 2.0~4.3 个数量级,可能是携带四环素 ARGs 的抗性菌受到  $\text{Fe}^0$  的影响而逐渐消亡,四环素 ARGs 丰度则随着微生物 DNA 被降解而降低。张启伟等<sup>[40]</sup>利用混凝沉淀-超滤组合工艺对 4 种 ARGs (*sul1*、*sul2* 和 *tetA*、*tetG*) 进行去除,发现去除率达 0.5~3.1 个数量级。这种组合工艺对 4 种 ARGs 的去除率比单独 UF 高 2~3 个数量级。由此可见,研究如何将两种甚至是几种传统工艺进行拼接组合形成更高效的新工艺是很有必要的。

此外, Liu 等<sup>[41]</sup>用不同类型的湿地对养猪场废水中的抗性基因去除进行了研究,发现湿地对抗性基因有一定的去除作用。Fang 等<sup>[42]</sup>研究表明芦苇是降低 ARGs 污染的重要水生植物种类。随着对 ARGs 进行深入研究,发现微生物甚至是植物都对 ARGs 的去除有一定的效果。这为探究更有效地去除 ARGs 的方法提供了思路。

#### 4 展望

ARGs 在不同的水体环境中均有分布且受微生物群落、抗性机制、人类活动等的影响。目前的研究还处于描述性阶段,不同因素对 ARGs 分布的影响机制还有待研究。

ARGs 转移主要采取水平基因转移的方式,需要借助移动基因元件。目前研究最多的是 I 类整合子,是否有其他整合子以及具体的机制还有待研究。

ARGs 的去除工艺主要集中在对污水处理厂中废水的处理且存在不能完全消除的问题。近年来,河流湖泊和生活用水中也有 ARGs 的存在。不同水体环境中 ARGs 该如何去除,植物、微生物在 ARGs 去除中的作用及组合工艺的应用等都有待研究。

ARGs 具有迁移性,除了在不同水环境中广泛分布外,在禽畜养殖场的土壤及空气中也有 ARB 和 ARGs 的存在。因此,加强国际合作,研究不同生境下 ARB 和 ARGs 的分布及污染情况,为其风险评估和治理提供理论和数据基础。

#### 参考文献

- [1] KIM K R, OWENS G, KWON S I, et al. Occurrence and environmental fate of veterinary antibiotics in the terrestrial environment [J]. Water, air, and soil pollution, 2011, 214 (1/2/3/4): 163-174.
- [2] 张婉茹, 那广水, 陆紫皓, 等. 北黄海近岸海域磺胺类抗生素及其抗性 *Escherichia coli* 分布 [J]. 应用与环境生物学报, 2014, 20 (3): 401-406.
- [3] ZHANG Q Q, YING G C, PAN C G, et al. Comprehensive evaluation of antibiotics emission and fate in the river basins of China: Source analysis, multimedia modeling, and linkage to bacterial resistance [J]. Environmental science & technology, 2015, 49 (11): 6772-6782.
- [4] 叶必雄, 张岚. 环境水体及饮用水中抗生素污染现状及健康影响分析 [J]. 环境与健康杂志, 2015, 32 (2): 173-178.
- [5] 洪蕾洁, 石璐, 张亚雷, 等. 固相萃取高效液相色谱法同时测定水体中的 10 种磺胺类抗生素 [J]. 环境科学, 2012, 33 (2): 652-657.
- [6] 张瑜. 医院周边水环境中美罗培南耐药菌的分布及其污染特征研究 [D]. 济南: 山东建筑大学, 2018.

- [7] 金明兰, 李华南, 赵鑫, 等. 养殖场周围水环境中磺胺类抗菌菌、抗性基因分布 [J]. 科学技术与工程, 2019, 19 (9): 266-270.
- [8] 袁立霞, 罗晓, 张文丽, 等. 制药废水厂微生物群落和多种抗性基因相关性分析 [J]. 河北科技大学学报, 2019, 40 (2): 175-181.
- [9] 王国兰, 冯金露, 罗玲, 等. 污水处理厂中四环素和磺胺类抗生素抗性基因的分布、传播及去除 [J]. 应用生态学报, 2019, 30 (8): 2875-2882.
- [10] 苏志国, 张衍, 代天娇, 等. 环境中抗生素抗性基因与 I 型整合子的研究进展 [J]. 微生物学通报, 2018, 45 (10): 2217-2233.
- [11] 房平, 代峰峰, 庄倩, 等. 东江下游典型饮用水源地抗生素抗性基因分布研究 [J]. 生态环境学报, 2019, 28 (3): 548-554.
- [12] 段然. 哈尔滨市污水厂中抗生素抗性基因分布及强化去除研究 [D]. 哈尔滨: 哈尔滨工业大学, 2014.
- [13] 王柳虹, 奚慧, 黄兴华, 等. 城市垃圾填埋场抗生素抗性基因的污染特征 [J]. 应用与环境生物学报, 2019, 25 (2): 333-338.
- [14] 叶繁, 冯时欢, 吴佳佳, 等. 养殖虾塘常见耐药菌的分离鉴定与耐药基因检测 [J]. 生态环境学报, 2019, 28 (9): 1843-1849.
- [15] 范兴丽, 金志敏, 闻若成, 等. 浙江省钱塘江流域抗生素抗性基因监测分析 [J]. 中国卫生检验杂志, 2018, 28 (15): 1898-1901, 1906.
- [16] 姜春霞, 黎平, 李森楠, 等. 海南东寨港海水和沉积物中抗生素抗性基因污染特征研究 [J]. 生态环境学报, 2019, 28 (1): 128-135.
- [17] 邹世春, 朱春敬, 贺玉梅, 等. 北江河水中抗生素抗性基因污染初步研究 [J]. 生态毒理学报, 2009, 4 (5): 655-660.
- [18] 罗晓, 张文丽, 袁立霞, 等. 纳污河流抗性基因和微生物群落相关性 [J]. 中国环境科学, 2019, 39 (6): 2606-2613.
- [19] 孙丽华, 丁宇, 贺宁, 等. BPAC-UF 对二级出水中抗生素抗性基因的去除及膜污染缓解机制 [J]. 环境工程学报, 2019, 13 (10): 2377-2384.
- [20] 姚鹏城, 陈嘉瑜, 张永明, 等. 废水处理系统中抗生素抗性基因分布特征 [J]. 环境科学, 2019, 40 (11): 5024-5031.
- [21] 张毓森, 叶军, 苏建强. 农田生态系统抗生素抗性研究进展与挑战 [J]. 浙江大学学报 (农业与生命科学版), 2017, 43 (6): 691-699.
- [22] YANG Y Y, XU C, CAO X H, et al. Antibiotic resistance genes in surface water of eutrophic urban lakes are related to heavy metals, antibiotics, lake morphology and anthropic impact [J]. Ecotoxicology, 2017, 26 (6): 831-840.
- [23] 杨凤霞, 毛大庆, 罗义, 等. 环境中抗生素抗性基因的水平传播扩散 [J]. 应用生态学报, 2013, 24 (10): 2993-3002.
- [24] MAKOWSKA N, ZAWIERUCHA K, NADOBNA P, et al. Occurrence of integrons and antibiotic resistance genes in cryoconite and ice of Svalbard, Greenland, and the Caucasus glaciers [J]. Science of the total environment, 2020, 716: 1-10.
- [25] RHODES G, HUYS G, SWINGS J, et al. Distribution of oxytetracycline resistance plasmids between aeromonads in hospital and aquaculture environments: Implication of *Tn1721* in dissemination of the tetracycline resistance determinant Tet A [J]. Applied and environmental microbiology, 2000, 66 (9): 3883-3890.
- [26] 罗碧珊, 成敬峰. 耐万古霉素肠球菌菌株产生和传播机制的探讨 [J]. 中国医学创新, 2010, 7 (20): 167-169.
- [27] 王卫华, 陈洁, 汪丽, 等. 多药耐药大肠埃希菌 10 种可移动遗传元件研究 [J]. 中华医院感染学杂志, 2010, 20 (18): 2725-2728.
- [28] 林习, 吕世明, 谭艾娟, 等. 大肠杆菌转座子及整合子携带类型与其多重耐药谱型相关性的研究 [J]. 中国畜牧兽医, 2020, 47 (5): 1547-1559.
- [29] 吴韵斐, 何义亮, 袁其懿, 等. 水源型水库抗生素抗性基因赋存特征研究 [J]. 环境科学学报, 2019, 39 (6): 1834-1841.
- [30] 黄福义, 周曜屹, 颜一军, 等. 生活垃圾渗滤液处理过程中抗生素抗性基因的变化特征 [J]. 环境科学, 2019, 40 (10): 4685-4690.
- [31] MCCONNELL M M, TRUELSTRUP HANSEN L, JAMIESON R C, et al. Removal of antibiotic resistance genes in two tertiary level municipal wastewater treatment plants [J]. Science of the total environment, 2018, 643: 292-300.
- [32] 李侃竹, 吴立乐, 黄圣琳, 等. 污水处理厂中红霉素抗药性基因的污染特征及选择性因子 [J]. 环境科学, 2014, 35 (12): 4589-4595.
- [33] 张欢欢, 贾伟伟, 邵天华, 等. 升级 A/O 工艺污水处理系统中抗生素抗性基因的分布与去除研究 [J]. 环境科学学报, 2020, 40 (4): 1160-1166.
- [34] DIEHL D L, LAPARA T M. Effect of temperature on the fate of genes encoding tetracycline resistance and the integrase of class 1 integrons within anaerobic and aerobic digesters treating municipal wastewater solids [J]. Environmental science & technology, 2010, 44 (23): 9128-9133.

烤后烟叶要具备优良的品质,各种化学成分含量必须适宜,同时相互之间的比例要协调<sup>[14]</sup>。张继等<sup>[15]</sup>研究表明,烟薯套作模式能显著降低叶片烟碱,协调烟叶化学成分。该研究结果表明,与烤烟连作相比,烟麦套种和烟薯套种模式下,烤烟的总糖和钾含量显著增加,烟碱和总氮含量显著降低,表明烟薯套种可提高烟株对钾素的吸收利用,调节烤烟营养分配,使烤后烟叶化学成分更加趋于协调,这与唐世凯等<sup>[16]</sup>的研究结果一致。

在实际生产过程中,烤后烟叶的等级结构和经济效益对优质烟叶原料的有效供给有重要影响,同时也是烟农及烟草工商业最关心的核心问题<sup>[17-19]</sup>。烤烟套作可以在一定程度上影响单位面积烟叶产量,提高烟叶等级质量,同时获取高效的种植效率和土地利用,取得套作作物的经济收益,在综合效益上比单作有较大的提高<sup>[20]</sup>。唐世凯等<sup>[16]</sup>研究表明,烟薯套种能显著增加烤烟上等烟比例和中等烟比例,降低下等烟比例,对提高烟叶外观等级质量具有一定的作用。该研究结果表明,与烤烟连作相比,烟麦套种和烟薯套种模式下烤烟的产量、产值和中上等烟比例均显著提高,表明合理套种能有效提高烤烟的产量,改善烤后烟叶的品质,实现烤烟增产增效的目的,且以烟薯套种作用效果最佳。这可能是由于烤烟套种甘薯能起到改善根系土壤生态环境、消耗烤烟生长后期残余肥料的作用,更有利于烤烟的成熟落黄,协调烟叶内在化学成分,提升烟叶的产量和品质<sup>[20]</sup>。

### 4 结论

合理套作对烤烟生长发育、烟叶化学成分及其协调性和产质量均有重要影响,烟薯套种能增强烟株根系吸收能力,促进地上部生长发育,协调烟叶内在化学成分,改善烟叶等级结构,提高烟叶生产的经济效益,满足卷烟工业优质烟叶原料的需求。因此,烟薯套种种植模式宜于在平顶山烟区进

(上接第 25 页)

[35] 田少囡,田哲,杨宏,等. 污泥臭氧氧化处理过程中活菌抗药基因丰度的消减[J]. 环境工程学报,2017,11(5):3271-3278.

[36] 刘亚兰,马岑鑫,丁河舟,等. 污水处理厂消毒技术对抗生素抗性菌的强化去除[J]. 环境科学,2017,38(10):4286-4292.

[37] JIN M,LIU L,WANG D N,et al. Chlorine disinfection promotes the exchange of antibiotic resistance genes across bacterial genera by natural transformation[J]. The ISME Journal,2020,14(7):1847-1856.

[38] 黄晶晶,汤芳,席劲瑛,等. 再生水中 5 种抗生素抗性菌的紫外线灭活及复活特性研究[J]. 环境科学,2014,35(4):1326-1331.

一步推广。

### 参考文献

[1] 邓阳春,黄建国. 长期连作对烤烟产量和土壤养分的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2010,16(4):840-845.

[2] 刘晓旭,王涵,王利超,等. 连作对延边烤烟根际微生物和内在品质的影响[J]. 江西农业学报,2013,25(1):87-90.

[3] 周德海,高峰,王在军,等. 间作桔梗对烤烟主要农艺性状及效益的影响[J]. 山东农业科学,2014,46(9):60-62.

[4] 苏海燕,程传策,马啸,等. 烤烟连作对重庆土壤养分状况的影响[J]. 河南农业科学,2012,39(12):59-62.

[5] 潘文杰,姜超英,陈懿,等. 烤烟连作对土壤及烟株氮素特征的影响[J]. 作物杂志,2010(5):84-88.

[6] 付利波,王毅,杨跃,等. 利用烟田套作调控高肥力土壤烤烟生产[J]. 植物营养与肥料学报,2005,11(1):128-132.

[7] 时安东,李建伟,袁玲. 轮间作系统对烤烟产量、品质和土壤养分的影响[J]. 植物营养与肥料学报,2011,17(2):411-418.

[8] 贾健,朱金峰,杜修智,等. 不同种植模式对土壤酶、烤烟生长及烟叶致香成分的影响[J]. 中国农业科技导报,2016,18(3):141-149.

[9] 陈丹梅,陈晓明,梁永江,等. 轮作对土壤养分、微生物活性及细菌群落结构的影响[J]. 草业学报,2015,24(12):56-65.

[10] 张志良. 植物生理学实验指导[M]. 2 版. 北京:高等教育出版社,1990.

[11] 祖朝龙,薛明德,王正刚,等. 皖北地区烤烟合理套种的关键技术研究[J]. 中国烟草科学,1998,19(1):22-25.

[12] 徐锐,陈明,王晓丽,等. 我国烤烟间套作种植效应研究进展[J]. 安徽农业科学,2020,48(1):24-26.

[13] 刘剑,侯跃亮,王乐三,等. 烤烟地瓜间作模式研究[J]. 中国烟草科学,2007,28(1):40-42.

[14] 薛刚,杨志晓,张小全,等. 不同氮肥用量和施用方式对烤烟生长发育及品质的影响[J]. 西北农业学报,2012,21(6):98-102.

[15] 张继,李兴跃,罗永涛,等. 烟薯套作对气候资源利用率及经济效益的影响[J]. 安徽农业科学,2015,43(25):42-43,46.

[16] 唐世凯,刘丽芳,李永梅. 烤烟套种甘薯对烟叶质量和经济效益的影响[J]. 西南农业学报,2009,22(5):1267-1270.

[17] 刘领,李冬,申洪涛,等. 摘除不适用叶与喷施光碳核肥对烤烟上部叶生理代谢及品质的影响[J]. 烟草科技,2019,52(2):25-32.

[18] 江厚龙,徐宸,汪代斌,等. 摘除下部叶对不同肥力水平烤烟品质和经济效益的影响[J]. 西南农业学报,2016,29(9):2180-2186.

[19] 李冬,周俊学,刘领,等. 摘除不适用烟叶数量与方式对烤烟生理特性及产质量的影响[J]. 贵州农业科学,2018,46(5):19-24.

[20] 李志贤,冯远娇,杨文享,等. 甘蔗间作种植研究进展[J]. 中国生态农业学报,2010,18(4):884-888.

[39] 魏欣,薛顺利,杨帆,等. 零价铁对污泥高温厌氧消化过程中四环素抗性基因及第一类整合子的消减影响[J]. 环境科学,2017,38(2):697-702.

[40] 张启伟,孙丽华,史鹏飞,等. 混凝沉淀-UF 工艺去除二级出水中 ARGs 效能研究[J]. 环境科学研究,2019,32(4):718-724.

[41] LIU L,LIU C X,ZHENG J Y,et al. Elimination of veterinary antibiotics and antibiotic resistance genes from swine wastewater in the vertical flow constructed wetlands[J]. Chemosphere,2013,91(8):1088-1093.

[42] FANG H S,ZHANG Q,NIE X P,et al. Occurrence and elimination of antibiotic resistance genes in a long-term operation integrated surface flow constructed wetland[J]. Chemosphere,2017 173:99-106.