

# pH 值对污泥热水解/厌氧消化过程抗性基因的影响

姜明吉<sup>1</sup>, 薛 罡<sup>1,2</sup>, 陈 红<sup>1,3</sup>, 孙 敏<sup>1</sup>, 刁茹琦<sup>1</sup>, 于 鑫<sup>1</sup>,  
高 品<sup>1</sup>

(1. 东华大学 环境科学与工程学院, 上海 201620; 2. 上海污染控制与生态安全研究院, 上海 200000; 3. 江苏同益环保科技有限公司, 江苏 盐城 224000)

**摘 要:** 通过改变污泥热水解的初始 pH 值(3、7、11)考察四环素抗性基因(TC-ARGs, 包括 tetA、tetC、tetM、tetO 和 tetX)及 16S rRNA 基因的变化, 包括在泥相和液相中各基因丰度总和的变化及占比情况。同时, 探讨了将不同 pH 值下的热水解污泥加入到厌氧消化系统后, TC-ARGs 和 16S rRNA 基因在泥相和液相的丰度变化。结果表明, 在 pH 值=3 下进行污泥热水解时, 泥相中 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因有最好的削减效果, 且液相中基因丰度较低, 而在 pH 值=11 时去除效果最差, 且大量的 TC-ARGs 被释放到液相中; 同样地, 在 pH 值=3 时, 热水解/厌氧消化系统中泥相和液相的 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因有最好的削减效果, 而在单独厌氧消化过程和 pH 值=11 时的热水解/厌氧消化过程削减效果较差。可见, 初始 pH 值是影响污泥热水解及后续厌氧消化过程中 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因变化的重要因素。

**关键词:** 四环素抗性基因; 污泥热水解; pH 值; 厌氧消化

**中图分类号:** TU992 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4602(2019)13-0016-07

## Effect of pH Value on the Decline of Resistance Genes in Sludge during the Thermal Hydrolysis and Anaerobic Digestion Combined Process

JIANG Ming-ji<sup>1</sup>, XUE Gang<sup>1,2</sup>, CHEN Hong<sup>1,3</sup>, SUN Min<sup>1</sup>, DIAO Ru-qi<sup>1</sup>,  
YU Xin<sup>1</sup>, GAO Pin<sup>1</sup>

(1. School of Environmental Science and Engineering, Donghua University, Shanghai 201620, China;  
2. Shanghai Institute of Pollution Control and Ecological Security, Shanghai 200000, China;  
3. Jiangsu Tongyan Environmental Protection Science and Technology Co. Ltd.,  
Yancheng 224000, China)

**Abstract:** The abundance of tetracycline resistance genes (TC-ARGs, including tetA, tetC, tetM, tetO and tetX) and 16S rRNA genes was observed when changing the initial pH value (pH = 3, 7, 11), including the sum and proportion of genes in sludge phase and the liquid phase. Additionally, the fate of TC-ARGs and 16S rRNA genes in the sludge and liquid phase was also investigated when the thermal hydrolysis of sludge with different initial pH values were added to the digestion system. The results showed that the best reduction of TC-ARGs and 16S rRNA genes was observed at pH of 3 both in the sludge phase and liquid phase during sludge thermal hydrolysis, however, the removal of TC-ARGs

was the worst and there was a large amount TC-ARGs released to the liquid phase at pH of 11; Moreover, at pH of 3, TC-ARGs and 16S rRNA genes in sludge and liquid phase had the greatest decline in thermal hydrolysis – anaerobic digestion system, but the poor ARG reduction was observed in the anaerobic digestion process alone and thermal hydrolysis – anaerobic digestion at pH of 11. It can be seen that the initial pH value is an important factor affecting ARGs and 16S rRNA genes changes in the thermal hydrolysis and subsequent anaerobic digestion of sludge.

**Key words:** tetracycline resistance genes; thermal hydrolysis of sludge; pH value; anaerobic digestion

目前,抗生素被广泛用于人类医疗、农业和畜禽养殖业,极大地促进了人类健康和农业生产<sup>[1]</sup>。然而,大量的使用使其释放至自然生态系统中,对人类、动物和环境造成潜在的生态毒性威胁<sup>[2]</sup>。更重要的是,抗生素的使用会导致抗生素耐药性细菌(ARB)和抗生素抗性基因(ARGs)的产生和积累<sup>[3]</sup>。因此,ARGs被定义为一种新型的污染物。由于使用的抗生素会通过污水系统进入污水处理厂(WWTPs),并积累在剩余污泥中,因此,剩余污泥是ARGs的重要贮存场所<sup>[4]</sup>,同时也成为ARGs集中高效去除的关键环节。

热水解是一种有效的污泥处理技术,不仅可以改善污泥的脱水性能,也可提高污泥的厌氧消化效率<sup>[5]</sup>。目前,已有研究人员针对污泥热水解过程中ARGs的去除进行了相关探究,但其主要作为厌氧消化的预处理,以便于进一步提高ARGs的去除率<sup>[6-8]</sup>。然而,目前关于污泥热水解过程的操作参数基本都是固定的,且主要参考利于污泥厌氧发酵的热水解条件,而影响ARGs的关键因素鲜见报道。研究表明,污泥热水解的pH值影响着微生物细胞的破碎程度<sup>[9]</sup>,因此,pH值可能是热水解过程中ARGs去除的关键因素之一。此外,在已有的研究中,ARGs的削减主要考虑了泥相,然而由于细胞损伤,ARGs可能被释放到液相中,但几乎没有引起研究者的关注。因此,考虑ARGs在污泥热水解过程的总削减量时,需同时考虑ARGs在液相中的削减。此外,已有研究报道了厌氧消化耦合热水解预处理可进一步提高对ARGs的去除效率<sup>[6,10-11]</sup>,但是不同pH值条件下的热水解联合厌氧消化鲜有报道,而且热水解污泥加入厌氧消化系统时,也影响着消化过程中ARGs的变化,但对此目前几乎没有研究者关注。

笔者考察了初始pH值对污泥热水解过程中

TC-ARGs以及16S rRNA基因削减的影响,包括TC-ARGs及16S rRNA基因丰度总和的变化,以及各基因在泥相和液相中的占比情况;同时,将不同pH值条件下的热水解污泥加入污泥厌氧消化系统中,考察热水解联合厌氧消化过程对TC-ARGs以及16S rRNA基因的影响,并探讨两者在泥相和液相的丰度变化情况。

## 1 材料与方法

### 1.1 污泥热水解

将剩余污泥( $V=80\text{ mL}$ )的pH值分别调节为3、7、11后,转移到100 mL的水热釜中,在160℃条件下保持2 h。待反应釜冷却后,将泥水混合物转移到离心管中,在4℃、6 000 r/min下离心15 min,收集离心后的液相和泥相产物。

### 1.2 污泥厌氧消化过程

剩余污泥取自上海松江污水处理厂。以剩余污泥和热水解污泥的混合物作为厌氧消化反应底物,混合后的TSS约为16.78 g/L,接种实验室厌氧发酵体系中已驯化的污泥进行厌氧消化反应。

使用250 mL血清瓶进行污泥厌氧消化,在血清瓶中加入100 mL剩余污泥,同时加入50 mL厌氧污泥和50 mL热水解污泥。污泥厌氧消化分为4组进行,分别记作AD-0、AD-1、AD-2和AD-3,其中AD-0为对照组,其余3组分别投加pH值为3、7、11的热水解污泥,混合后发酵体系的pH值分别为7.35、7.42和7.51,由于pH值相似,厌氧消化时不再调节pH值。将这4组反应器置于摇床内,控制反应温度为 $(52\pm1)^\circ\text{C}$ 、摇速为125 r/min,污泥厌氧消化反应周期为40 d,在0、5、12、18、25、30、40 d采样并进行分析。

### 1.3 DNA提取

泥相DNA提取:按照计划的时间采样,将采集的泥水混合物离心15 min(4℃,6 000 r/min),收集

离心后的泥相。泥相中的 DNA 使用 TIANamp SoilDNA Kit 试剂盒进行提取,具体步骤按照操作说明书进行。

液相 DNA 提取:按照计划的时间采样,将采集的泥水混合物离心 15 min (4 ℃, 6 000 r/min), 收集离心后的液相。取 3 mL 上清液,加入 184  $\mu$ L、10% SDS,混匀,再加入 37  $\mu$ L、10 mg/L 的蛋白酶 K 和 2  $\mu$ L RNase,混匀,37 ℃ 加热 1 h;加入 740  $\mu$ L、5 mol/L 的 NaCl、512  $\mu$ L CTAB/NaCl,65 ℃ 加热 10 min;再加入等体积的氯仿/异戊醇 (24 : 1),在 4 ℃ 和 12 000 r/min 下离心 5 min;取上清液,加入等体积的酚/氯仿/异戊醇 (25 : 24 : 1),在 4 ℃ 和 12 000 r/min 下离心 5 min;取上清液,加入 0.6 体积的异丙醇,在 4 ℃ 和 12 000 r/min 下离心 5 min;加入 TE (无菌)溶解 DNA。

#### 1.4 目标 ARGs 定量检测

选取 5 种 TC - ARGs 进行研究<sup>[11-12]</sup>,分别为 tetA、tetC、tetM、tetO 和 tetX 基因,这 5 种 TC - ARGs 归属于 3 种不同的抗性机制,其中 tetA、tetC 为外排泵基因,tetM、tetO 为核糖体保护基因,tetX 为酶修饰基因<sup>[13]</sup>。采用 qPCR 对这 5 种基因进行定量检测,其所涉及的扩增引物序列、退火温度和反应体系见文献[14]和[15]。

## 2 结果与讨论

### 2.1 初始 pH 值对热水解过程削减基因的影响

为考察污泥在热水解过程的总削减量,分别测定热水解后泥相及液相的基因丰度,对其进行加和后作为总基因量,结果如图 1 所示。在原污泥中,16S rRNA 基因的丰度大约是  $1 \times 10^{11}$  copies/g,目标基因 TC - ARGs 的丰度在  $10^5 \sim 10^8$  copies/g。相对来说,tetA、tetC 和 tetX 的浓度更高,丰度在  $10^7 \sim 10^8$  copies/g 之间;而 tetM 和 tetO 的丰度在  $10^5 \sim 10^6$  copies/g。

在 pH 值 = 3 的条件下,所有 TC - ARGs 和 16S rRNA 基因丰度均得到一定的削减,其中,tetM、tetX 和 16S rRNA 基因削减效果最好,达到 3 个数量级;而 tetA、tetC 和 tetO 也有 2 个数量级的削减量。在 pH 值 = 7 的条件下,tetA、tetC 和 tetX 的丰度均呈现降低的趋势,达 1.3 ~ 2.4 个数量级;而 tetM 和 tetO 削减效果较差,基本无去除效果;16S rRNA 基因去除率也较低,约为 0.4 个数量级。在 pH 值 = 11 的条件下,除了 tetM 和 tetX 有 1.3 ~ 1.6 个数量

级的削减量,其余目标基因 TC - ARGs 基本无去除效果;此外,16S rRNA 基因丰度呈现出升高趋势,约为 1 个数量级。在污泥热水解过程中,高温可能使得带有 TC - ARGs 的微生物受到破坏,TC - ARGs 被降解,从而使 TC - ARGs 的数量下降<sup>[11]</sup>。在不同 pH 值下污泥热水解对污泥的破坏程度不同,导致对 ARGs 的宿主微生物的破坏程度也不同,从而使得对 ARGs 的削减效果存在差别。此外,在不同 pH 值下胞内和胞外的有机物释放量不同,在碱性条件下热水解会释放更多的有机物,而在酸性条件下释放的有机物较少<sup>[6]</sup>,而且,有机物对 DNA 具有保护作用<sup>[16]</sup>,因此,在碱性条件下对 ARGs 的削减效果较差。综上所述,污泥热水解可有效削减污泥中的 ARGs,且初始 pH 值对基因削减效果影响显著,在 pH 值 = 3 的条件下对目标 TC - ARGs 和 16S rRNA 基因的总丰度有最好的削减效果。

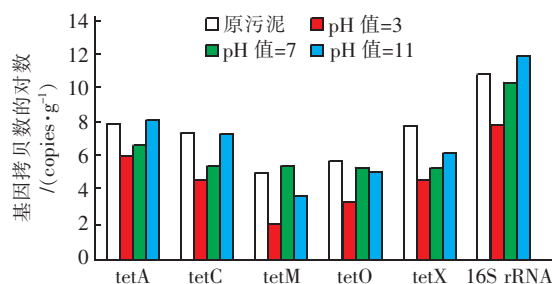


图1 污泥热水解过程中泥相和液相 TC - ARGs 和 16S rRNA 基因的总丰度变化

Fig. 1 Abundance of TC-ARGs and 16S rRNA genes in the sludge and liquid phase during thermal hydrolysis of sludge

### 2.2 初始 pH 值对热水解过程基因分布的影响

图 2 为目标 TC - ARGs 和 16S rRNA 基因在热水解后泥相及液相中的分布。在原污泥中,TC - ARGs 和 16S rRNA 基因主要分布在泥相中,高达 86.8% ~ 100%。污泥经过热水解后,ARGs 丰度在泥相和液相中的占比发生了明显的变化,而且受初始 pH 值的影响较大。当 pH 值 = 3 时,液相中 tetA 和 16S rRNA 基因丰度占比分别达到 61.4% 和 74.0%。分析原因是污泥热水解过程中,微生物细胞被破坏,污泥中的 DNA 释放到液相,导致了液相中 ARGs 丰度的增加<sup>[6]</sup>。其余 TC - ARGs 则主要分布在泥相中,且 tetC、tetM 和 tetO 只存在于泥相中,推测原因是污泥热水解过程中的高温高压也会破坏液相中的 DNA,且 tetC、tetM 和 tetO 较 tetA 及 tetX 更易受到破坏。

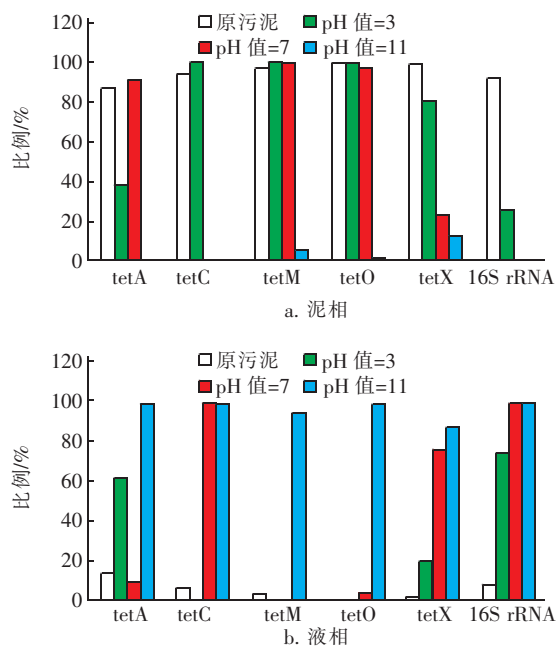


图2 污泥热水解对 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因在泥相和液相分布的影响

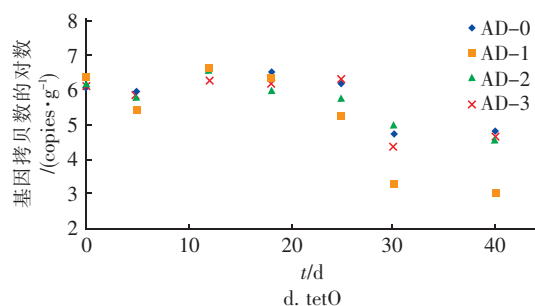
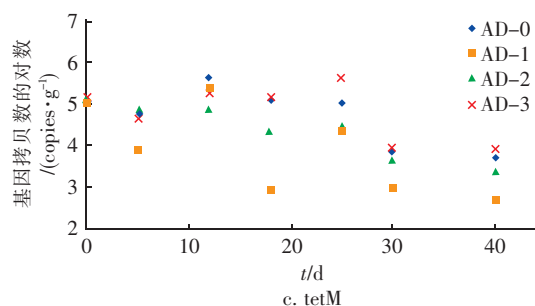
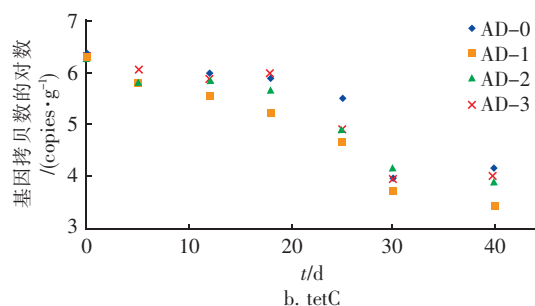
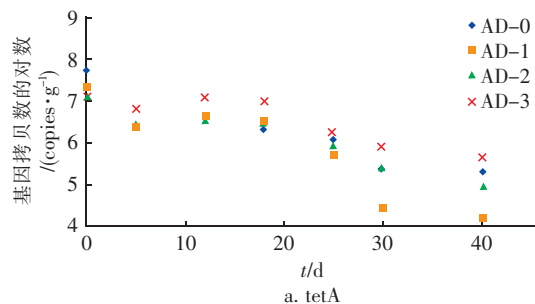
Fig. 2 Proportions of TC-ARGs and 16S rRNA genes in sludge phase and liquid phase after thermal hydrolysis of sludge

当 pH 值 = 7 时, tetA、tetM 和 tetO 主要存在于泥相中,而 tetC、tetX 和 16S rRNA 基因在液相中的占比超过了在泥相中的占比,但是 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因在液相中的占比大部分超过 pH 值 = 3 时的。当 pH 值 = 11 时, TC-ARGs 和 16S rRNA 基因均大量地释放到液相中,液相中基因丰度占比达到了 87.1% ~ 99.4%。因此,在不同 pH 值条件下,液相中 ARGs 的变化特征可能取决于 pH 值对污泥中 DNA 释放程度和液相中 ARGs 削减效率的影响。相比之下,在 pH 值为 7 和 11 的条件下,污泥中 DNA 的释放可能会更快,因此,液相中 ARGs 可能比 pH 值 = 3 时增加得更快。此外,在 pH 值 = 3 时,对 ARGs 的去除率比 pH 值为 7 和 11 时高,这就导致了 pH 值为 3 时 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因在液相中占比较少见的现象。由以上分析可知,在不同的 pH 值条件下,液相中的抗性基因占比甚至超过泥相,因此,若分析热水解对抗性基因削减时仅考虑泥相中的基因丰度,并不能代表总的削减趋势。此外,污泥热水解后的泥水混合液通常直接加入到后续的污泥厌氧消化系统,因此水热液中的基因对发酵过程抗性基因的削减变化也可能产生影响,故

在研究厌氧消化过程抗性基因的变化时 also 需同时考虑泥相和液相中 ARGs 的赋存规律。

### 2.3 厌氧消化过程中泥相的基因变化特征

将在不同 pH 值条件下热水解后的污泥加入污泥消化系统,探讨厌氧消化过程中抗性基因的变化规律,结果如图 3 所示。可以看出,不同 pH 值下的热水解污泥投加到厌氧消化系统后对 TC-ARGs 和 16S rRNA 产生了显著的影响。总的来说,在厌氧消化过程中加入热水解污泥有利于进一步削减 TC-ARGs 基因丰度,这与 Pei 等<sup>[6]</sup>的研究结果类似。





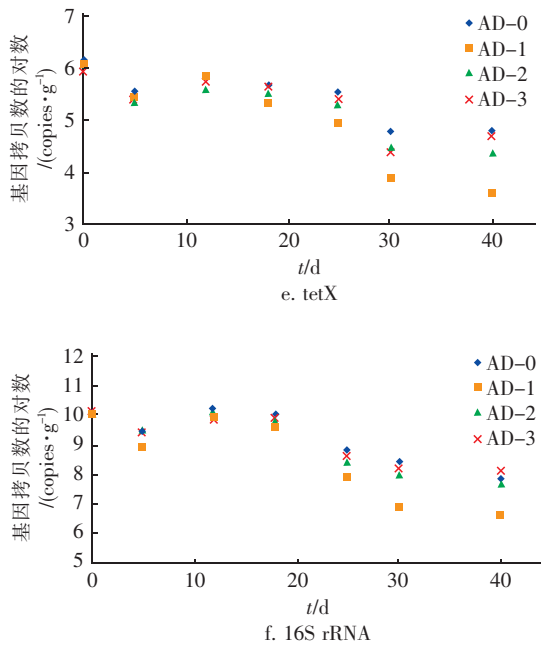


图3 污泥厌氧消化过程中泥相 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度变化特征

Fig.3 Abundance of TC-ARGs and 16S rRNA genes in sludge phase during anaerobic digestion process

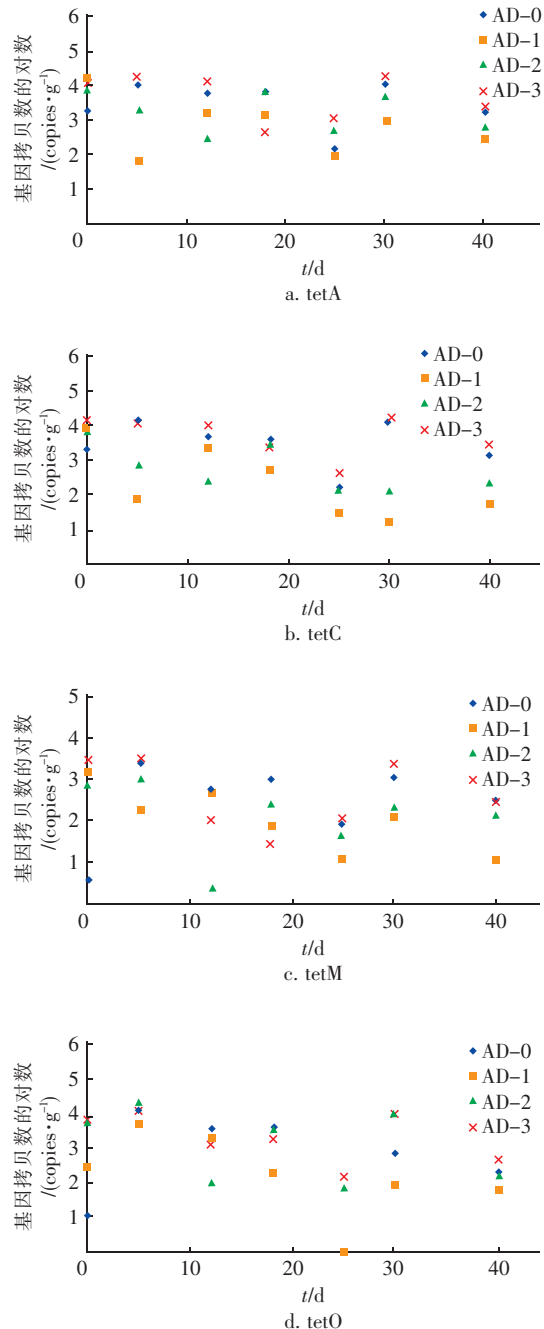
在整个反应周期(40 d)内,投加 pH 值=3 的热水解污泥的 TC-ARGs 基因丰度降幅最大,投加 pH 值=11 的热水解污泥及对照组的降幅较小。在厌氧消化 5 d 内,各反应器中的 TC-ARGs 丰度均呈现出下降的趋势,表明高温厌氧消化可以有效去除污泥中的 TC-ARGs,这与 Ma 等<sup>[7]</sup>的研究结果相似,其中,AD-1 呈现出最好的 TC-ARGs 削减效果,而 AD-3 的削减效果最差;与此同时,TC-ARGs 丰度在 5~12 d 时呈现出升高趋势,这可能是因为投加的热水解污泥液相中含有一定量的 TC-ARGs,在污泥高温厌氧消化过程中,液相中的 TC-ARGs 可能会富集到泥相中,从而导致泥相中的 TC-ARGs 丰度呈现出升高趋势。在厌氧消化的第 12~30 天,TC-ARGs 的丰度随着污泥厌氧消化时间的延长而显著降低,且 AD-1 的降幅最大;而且厌氧消化 30 d 后 TC-ARGs 已基本降至最低并维持稳定。此外,核糖体保护基因(tetM 和 tetO)在厌氧消化过程中波动幅度较大,且反弹的趋势更显著,Ma 等<sup>[7]</sup>同样发现,属于核糖体保护这一抗性机制的基因更容易反弹;而 tetA、tetC 和 tetX 的波动幅度较小,削减过程比较稳定。

此外,由于 16S rRNA 基因能够衡量污泥中生

物量的变化情况,进一步佐证 ARGs 削减效果,因此检测了污泥厌氧消化过程泥相中 16S rRNA 基因的变化情况。由图 3 可知,16S rRNA 基因在污泥中的丰度高于 TC-ARGs,达  $1.38 \times 10^{10}$  copies/g,与大部分 TC-ARGs 变化特征类似,AD-1 中的削减效果最好,达到 3.3 个数量级,而 AD-3 中的削减效果最差。

#### 2.4 厌氧消化过程中液相的基因变化特征

厌氧消化过程中液相 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度的变化情况见图 4。



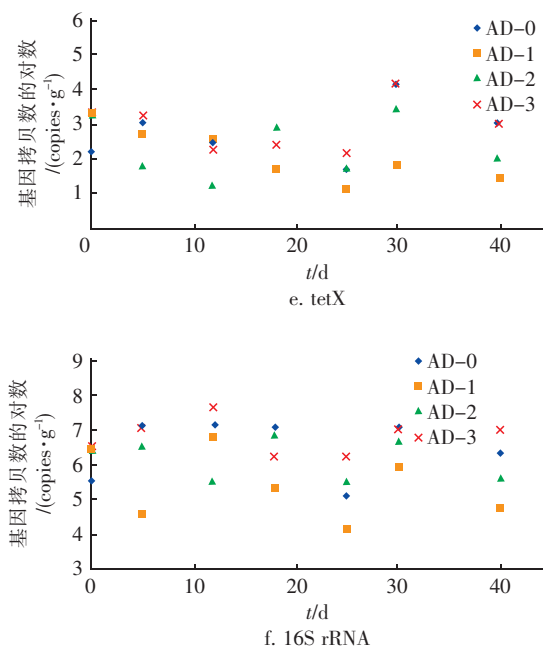


图 4 污泥厌氧消化过程中液相 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度变化特征

Fig. 4 Abundance of TC-ARGs and 16S rRNA genes in liquid phase during anaerobic digestion process

在污泥厌氧消化过程中,液相中存在一定量的 ARGs,且 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度变化显著,波动幅度很大。在厌氧消化开始前,AD-0 中的 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度低于 AD-1、AD-2 和 AD-3,这表明热水解污泥的加入显著增加了液相中 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度。在整个反应周期内,AD-0 中的 tetA 和 tetC 基本无去除效果,而且 tetM、tetO 和 tetX 的基因丰度升高,说明在污泥厌氧消化过程中,可能存在泥相中的 TC-ARGs 不断释放到液相的现象;在 AD-3 中对 TC-ARGs 也基本无削减效果;而在 AD-1 和 AD-2 中 TC-ARGs 均得到一定程度的削减,其中,AD-1 对 TC-ARGs 的去除率更高,tetC 降幅最大,达 2.2 个数量级,而 tetO 降幅最小,仅有 0.7 个数量级。由此可见,虽然热水解污泥的加入提高了液相中 TC-ARGs 的丰度,但是相比于直接厌氧消化过程,热水解联合厌氧消化过程对液相中的 ARGs 仍具有更好的去除效果。

随着厌氧消化时间的增加,AD-0 中 TC-ARGs 丰度整体呈现出先升高后降低的变化趋势,这可能是由于随着厌氧消化的进行,泥相的微生物细胞被破坏的同时释放 DNA 到液相,并不断积累,

导致液相中 TC-ARGs 丰度升高,但厌氧消化过程对液相中的 ARGs 有一定的破坏作用,因此,TC-ARGs 在厌氧消化过程中呈现降低的趋势;AD-1 中 TC-ARGs(除 tetO 以外)丰度虽然在厌氧消化过程中有波动,但相比于初始值整体仍处于下降的趋势,有较好的削减效果;在 AD-2 中,TC-ARGs 丰度随时间波动较大,其中在厌氧消化第 5 天 tetM 和 tetO 的丰度甚至高于其初始值,但 TC-ARGs 丰度整体呈下降的趋势;相比之下,AD-3 中的 TC-ARGs 削减效果较差。在厌氧消化的第 30 天,泥相中的 TC-ARGs 去除效果已基本趋于稳定,但液相中的 TC-ARGs 仍处于波动变化中,这表明液相中的 ARGs 复杂多变,仍有待进行更深入的研究。

由图 4 可知,16S rRNA 基因在液相中的丰度变化与大部分 TC-ARGs 类似,在整个厌氧消化反应周期内,AD-1 中的丰度最低,而 AD-0 和 AD-3 对其削减效果最差。

### 3 结论

① 污泥热水解过程可以有效地降低泥相和上清液中 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度,且热水解的初始 pH 值显著影响对 ARGs 的去除效果,pH 值为 3 的条件下削减效果最好。

② 在污泥热水解过程中随着微生物细胞的破坏,DNA 被释放到液相,其 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度升高;初始 pH 值显著影响热水解泥相和液相中基因的分布,在 pH 值 = 11 的条件下会有更多的 TC-ARGs 被释放到液相中。

③ 热水解作为厌氧消化的预处理过程能够进一步提高厌氧消化对 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因的去除效果。无论是泥相还是液相,均是投加 pH 值 = 3 的热水解污泥的 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因丰度降幅最大;而 pH 值 = 11 的热水解污泥加入到厌氧消化系统后对去除 TC-ARGs 和 16S rRNA 基因的改善作用不显著,与污泥直接厌氧消化的去除效果相当。

### 参考文献:

- [1] Cabello F C. Heavy use of prophylactic antibiotics in aquaculture; a growing problem for human and animal health and for the environment[J]. Environ Microbiol, 2006, 8(7): 1137-1144.
- [2] Xu W, Ryu D, Houtkooper R H, et al. Antibiotic use and

- abuse: A threat to mitochondria and chloroplasts with impact on research, health, and environment [J]. Bioessays, 2015, 37(10): 1045 – 1053.
- [3] Michalova E, Novotna P, Schlegelova J, *et al.* Tetracyclines in veterinary medicine and bacterial resistance to them [J]. Vet Med, 2004, 49(3): 79 – 100.
- [4] Calero-Ceres W, Melgarejo A, Colomer-Lluch M, *et al.* Sludge as a potential important source of antibiotic resistance genes in both the bacterial and bacteriophage fractions [J]. Environ Sci Technol, 2014, 48(13): 7602 – 7611.
- [5] 王治军, 王伟, 李芬芳. 污泥热水解技术的发展及应用 [J]. 中国给水排水, 2003, 19(10): 25 – 27.  
Wang Zhijun, Wang Wei, Li Fenfang. Development and application of thermal hydrolysis of sludge [J]. China Water & Wastewater, 2003, 19(10): 25 – 27 (in Chinese).
- [6] Pei J, Yao H, Wang H, *et al.* Comparison of ozone and thermal hydrolysis combined with anaerobic digestion for municipal and pharmaceutical waste sludge with tetracycline resistance genes [J]. Water Res, 2016, 99: 122 – 128.
- [7] Ma Y, Wilson C A, Novak J T, *et al.* Effect of various sludge digestion conditions on sulfonamide, macrolide, and tetracycline resistance genes and class I integrons [J]. Environ Sci Technol, 2011, 45(18): 7855 – 7861.
- [8] Tong J, Lu X, Zhang J, *et al.* Occurrence of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements in enterococci and genomic DNA during anaerobic digestion of pharmaceutical waste sludge with different pretreatments [J]. Bioresour Technol, 2017, 235: 316 – 324.
- [9] 王治军, 王伟. 污泥热水解过程中固体有机物的变化规律 [J]. 中国给水排水, 2004, 20(7): 1 – 5.  
Wang Zhijun, Wang wei. Transformation regularity of organic solids in sludge thermal hydrolysis process [J]. China Water & Wastewater, 2004, 20(7): 1 – 5 (in Chinese).
- [10] Appels L, Baeyens J, Degreve J, *et al.* Principles and potential of the anaerobic digestion of waste-activated sludge [J]. Progress in Energy & Combustion Science, 2008, 34(6): 755 – 781.
- [11] 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]. Environ Sci Technol, 2010, 44(23): 9128 – 9133.
- [12] Gao P, Munir M, Xagorarakis I, *et al.* Correlation of tetracycline and sulfonamide antibiotics with corresponding resistance genes and resistant bacteria in a conventional municipal wastewater treatment plant [J]. Sci Total Environ, 2012, 421/422(3): 173 – 183.
- [13] Zhang X X, Zhang T, Fang H H P, *et al.* Antibiotic resistance genes in water environment [J]. Appl Microbiol Biotechnol, 2009, 82(3): 397 – 414.
- [14] Gao P, Gu C, Win X, *et al.* The role of zero valent iron on the fate of tetracycline resistance genes and class 1 integrons during thermophilic anaerobic co-digestion of waste sludge and kitchen waste [J]. Water Res, 2017, 111: 92 – 99.
- [15] 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.  
Wei Xin, Xue Shunli, Yang Fan, *et al.* Effect of zero valent iron on the decline of tetracycline resistance genes and class 1 integrons during thermophilic anaerobic digestion of sludge [J]. Environmental Science, 2017, 38(2): 697 – 702 (in Chinese).
- [16] Cai P, Huang Q Y, Zhang X W. Interactions of DNA with clay minerals and soil colloidal particles and protection against degradation by DNase [J]. Environ Sci Technol, 2006, 40: 2971 – 2976.



作者简介:姜明吉(1993 – ),女,江苏淮安人,硕士,  
研究方向为新型污染物环境风险防控。

E-mail: 1260308119@qq.com

收稿日期:2019-01-07