

河北省典型蔬菜地土壤中抗生素抗性基因的分布特征及其风险评估

李银辉、王凤花、刘瑾

河北师范大学

摘要： 抗生素抗性基因（antibiotic resistance genes, ARGs）作为一种新型环境污染物，已广泛存在于多种环境介质中，对生态安全和人体健康构成潜在威胁。其中，农业生产活动中大量畜禽粪肥的施用，使得农田土壤成为 ARGs 的重要储存库。农田土壤中 ARGs 会转移至农产品中，随农产品的食用，尤其是可生食蔬菜进入人体，给人类健康带来潜在风险。本研究选取河北省典型蔬菜地为研究区域，采集不同施肥类型的蔬菜地土壤样品，利用实时荧光定量 PCR 技术，解析土壤中四环素类 ARGs（tetA、tetC、tetG、tetL、tetM、tetO、tetQ、tetW）、磺胺类 ARGs（sul1、sul2）以及 I 类整合酶基因（intI1）的分布特征。结果表明，蔬菜地土壤中 ARGs 总丰度范围为 $3.30 \times 10^7 \sim 3.42 \times 10^{10}$ copies/g (干土)，磺胺类 ARGs 的平均丰度 [2.59×10^9 copies/g (干土)] 高于四环素类 ARGs [3.78×10^8 copies/g (干土)]。果蔬类蔬菜土壤中 ARGs 平均丰度 [7.13×10^9 copies/g (干土)] 高于叶菜类 [1.08×10^9 copies/g (干土)] 和根茎类 [6.98×10^8 copies/g (干土)]。施加畜禽粪肥土壤中 ARGs 平均丰度 [5.23×10^9 copies/g (干土)] 显著高于未施加粪肥土壤 [2.43×10^8 copies/g (干土)]，说明畜禽粪肥的施用可以显著增加土壤中 ARGs 丰度。土壤中 intI1 基因绝对丰度范围为 $7.90 \times 10^5 \sim 3.21 \times 10^9$ copies/g (干土)，平均丰度为 9.63×10^8 copies/g (干土)。根据 ARGs、intI1 基因与土壤理化性质 Spearman 相关性分析结果表明，有机质和总氮分别与 tetA、tetG、tetL、tetM、tetO、tetQ、tetW、sul1、sul2 和 intI1 基因呈显著正相关 ($P < 0.05$, $P < 0.01$)，表明土壤中有机质和总氮含量会影响 ARGs 的分布。intI1 基因与四环素类 ARGs（tetA、tetC、tetL、tetM、tetO、tetQ）和磺胺类 ARGs（sul1、sul2）均呈显著正相关 ($P < 0.05$, $P < 0.01$)，说明 intI1 基因在 ARGs 的传播扩散中起着重要作用。此外，根据健康风险评估法评估土壤 ARGs 的潜在人体健康风险，得出蔬菜地土壤中 ARGs 人体日均暴露剂量[儿童 3.59×10^4 copies/(g·day)，成人 5.06×10^3 copies/(g·day)] 远高于风险背景值[儿童 36.63 copies/(g·day)，成人 5.17 copies/(g·day)]，表明蔬菜地土壤 ARGs 对人体造成的潜在健康风险不容忽视。其中，手-口直接摄入土壤 ARGs 的暴露剂量高于呼吸吸入和皮肤接触。本研究旨在为评估蔬菜地土壤中 ARGs 污染现状积累基础数据，为土壤中 ARGs 风险管控提供科学依据。

关键词： 抗生素抗性基因、蔬菜地土壤、分布特征、暴露风险