



文章栏目：环境生物技术

DOI 10.12030/j.cjee.202210067 中图分类号 X592 文献标识码 A

张媛, 宋璐, 王灿, 等. 不同畜禽养殖场中气载抗生素抗性基因的污染特征与季节性变化[J]. 环境工程学报, 2023, 17(5): 1612-1619.  
[ZHANG Yuan, SONG Lu, WANG Can, et al. Pollution characteristics and seasonal variation of airborne antibiotic resistance genes in different livestock farms[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering, 2023, 17(5): 1612-1619.]

## 不同畜禽养殖场中气载抗生素抗性基因的污染特征与季节性变化

张媛<sup>1,2</sup>, 宋璐<sup>1,2</sup>, 王灿<sup>1,2,✉</sup>, 熊丽君<sup>3</sup>

1. 天津大学环境科学与工程学院, 天津 300350; 2. 天津市室内环境空气质量控制重点实验室, 天津 300092; 3. 中国宏观经济研究院国土开发与地区经济研究所, 北京 100038

**摘要** 由于大量的抗生素被用于畜禽养殖行业, 畜禽养殖场中的抗生素抗性基因 (ARGs, Antibiotic resistance genes) 问题正逐渐变得严重。为调查畜禽养殖场中气载 ARGs 的污染特征及季节性变化, 分别在冬季和夏季采集陕西省渭南市养猪场和养鸡场的空气和粪便样品, 分析不同类型气载 ARGs 的污染水平及 ARGs 与环境因子的相关性。结果表明: 畜禽养殖场空气中主要检出的 ARGs 类型为万古霉素类抗性基因、MLSB 类抗性基因、四环素类抗性基因、FCA 类抗性基因; 在不同类型养殖场中气载 ARGs 总浓度趋势为养鸡场>养猪场, 且养鸡场中每种 ARGs 浓度比养猪场中高约 2 个数量级; 在不同季节养殖场中, 气载 ARGs 总浓度趋势为冬季>夏季, 且每种 ARGs 在冬季均高于夏季 2~3 个数量级。Pearson 相关性分析结果表明, 养殖场中气载 ARGs 总浓度与 PM<sub>2.5</sub> 呈显著相关 ( $P<0.05$ ), 与其他环境因子无显著相关性。本研究成果可为控制畜禽养殖场中气载 ARGs 污染的传播及防控提供参考。

**关键词** 畜禽养殖场; 气载抗生素抗性基因; 环境因子

随着畜禽养殖数量的激增, 畜禽养殖场对抗生素的需求大幅增加。VAN BOECKEL 等<sup>[1]</sup>调查发现大量抗生素在畜牧行业中被使用, 比例约为 73%。2013 年, 我国畜牧行业共使用了 162 000 t 抗生素。其中, 84 240 t 用于动物饲养活动。然而, 抗生素进入动物体内后只能少部分吸收代谢, 仍有大量抗生素通过排泄物进入环境中。通过长期的积累与环境选择性压力的不断诱导, 畜禽养殖场中会产生大量抗生素抗性基因 (ARGs) 及耐药性细菌 (ARB, antibiotic resistance bacteria)<sup>[2]</sup>, 导致养殖场成为了 ARGs 携带菌的热点场所。

猪粪和鸡粪中均存在大量的 ARGs 产生和传播<sup>[3-5]</sup>, 而粪便中的 ARGs 还可通过气溶胶化进入空气中<sup>[6]</sup>。空气中的微生物气溶胶和细颗粒物是携带 ARGs 的耐药菌从牲畜向人类传播的主要途径之一<sup>[7-8]</sup>。一旦空气中携带 ARGs 的致病菌被人体吸入, 将对人群健康产生影响。ARGs 可通过包括质粒、整合子、转座子和噬菌体在内的可移动遗传元件 (mobile genetic elements, MGEs) 在同种属或不同种属之间进行水平转移 (horizontal gene transfer, HGT), 并且可能转移到致病菌 (如肺炎链球菌、金黄色葡萄球菌和铜绿假单胞菌) 中, 进而严重威胁人群健康<sup>[9]</sup>。因此, HGT 可能会对整体抗

收稿日期: 2022-10-14; 录用日期: 2023-01-09

基金项目: 天津市科技计划重点项目 (21JCZDJC00580)

第一作者: 张媛 (1996—), 女, 硕士研究生, [waterzhangyuan@163.com](mailto:waterzhangyuan@163.com); ✉通信作者: 王灿 (1981—), 男, 博士, 教授, [wangcan@tju.edu.cn](mailto:wangcan@tju.edu.cn)

性情况产生深远影响。ARGs 可通过生物气溶胶进入环境中并进行远距离传播<sup>[10]</sup>。荷兰科学家研究发现, 来自养殖场的 ARB 可能导致周围半径 3 km 内的居民暴露<sup>[11]</sup>。目前, ARGs 在地表水和土壤 2 种常见介质中的传播已被充分研究<sup>[10, 12-13]</sup>, 而极少有研究关注畜禽养殖场空气中的 ARGs 分布特征。

本课题组选取陕西省渭南市规模化养殖的养鸡场和养猪场为研究对象, 探究畜禽养殖场中气载 ARGs 的分布情况、不同类型(鸡场和猪场)的养殖场中气载 ARGs 的污染特征、养殖场中气载 ARGs 的季节性(冬季和夏季)变化, 从而分析养殖场中气载 ARGs 与环境因素的相关性, 以期为我国畜禽养殖场中气载 ARGs 污染的传播与防控提供参考, 为空气环境生态风险评估提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 样品采集及预处理

选取陕西省渭南市猪场和鸡场为研究对象。这 2 个养殖场采用集约化养殖方式, 均未设置机械净化系统。样品信息如表 1 所示。在夏季养殖场内通过工业风扇通风, 在冬季采用加热设备调节温度。鸡舍的占地面积为 20 m×11 m, 高 3 m; 猪舍的占地面积为 26 m×7 m, 高 3 m。

养殖场内空气样品使用中流量采样器 (TH-150F, 武汉天虹仪器有限公司)。采样流量为 100 L·min<sup>-1</sup>, 采集时间为 6 h, 采样器距离地面 1.5 m。玻璃纤维滤膜经 121 °C 灭菌 20 min。鸡舍内每天进行 2~3 次机械清粪, 猪舍每天 2 次人工清粪。在鸡舍和猪舍内通过四点采样法采集未经任何处理的新鲜的鸡粪和猪粪, 在鸡舍或猪舍内随机布置 4 个采样点, 采样后迅速搅拌混匀作为均一样本。分别在冬季(2月)和夏季(8月)对养猪场和养鸡场的空气和粪便连续采样 3 d, 将测得的平行样本数据取平均值进行分析。在采样同时, 使用温湿度计监测养殖厂内的温度和湿度, 使用风速仪监测风速。PM<sub>2.5</sub> 使用重量法进行测定。

表 1 样品信息

Table 1 Information of the samples

样品编号	季节	养殖场类型	样品类型
WPA	冬季	猪场	空气
SPA	夏季	猪场	空气
WCA	冬季	鸡场	空气
SCA	夏季	鸡场	空气
WPF	冬季	猪场	粪便
SPF	夏季	猪场	粪便
WCF	冬季	鸡场	粪便
SCF	夏季	鸡场	粪便

### 1.2 DNA 提取

使用 FastDNA® Spin Kit for Soil 试剂盒 (MP Biomedicals, 美国) 提取 DNA。将含有气体样品的玻璃纤维滤膜的 1/8 剪碎并进行超声处理, 以保证最佳提取效率<sup>[14]</sup>。称取粪便样本 (约 0.5 g) 添加到试剂盒中的 Lysing Matrix E tube, 按照生产商提供的方法提取 DNA。使用紫外-可见分光光度计 (Q5000; Quawell, USA) 测定 DNA 浓度。将提取的 DNA 样品置于 -20 °C 冰箱保存。

### 1.3 高通量 qPCR

本实验采用 Wafergen SmartChip Real-time PCR 系统进行 HT-qPCR (High Throughput-qPCR)。共使用 296 种引物对提取的 DNA 进行扩增, 这些引物包括 283 个 ARGs 引物, 12 个 MGEs 引物和 16S rRNA 引物<sup>[15]</sup>。每种引物包括 1 个阴性对照。HT-qPCR 反应条件为: 95 °C 预变性 10 min; 95 °C 变性 30 s, 60 °C 退火 30 s, 共进行 40 个循环<sup>[16]</sup>。熔解曲线由 Wafergen 软件自动生成。

### 1.4 数据分析

HT-qPCR 的基因拷贝数 (gene copies number, 后文缩写为 GCN) 的计算方法参照 Loof 等<sup>[17]</sup>的方法, 用公式 (1) 进行计算。

$$GCN = 10^{(31-C_T)/(10/3)} \quad (1)$$

式中:  $C_T$  为 HT-qPCR 数据, 31 为样品检测限。HT-qPCR 数据采用 Excel 2019 与 SPSS 27 进行计算

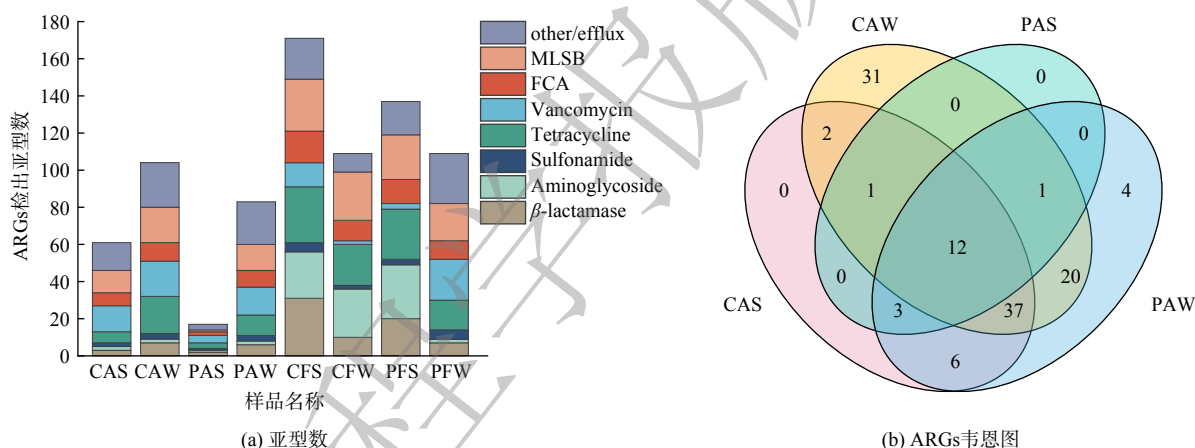
与分析, 并采用 Origin 2023 制图。

## 2 结果与讨论

### 2.1 畜禽养殖场中气载 ARGs 的检出情况

使用 HT-qPCR 对畜禽养殖场空气及粪便样品中的 283 种 ARGs 进行检测。将 ARGs 根据耐抗生素的类型分为 8 类:  $\beta$ -内酰胺类 ARGs ( $\beta$ -lactamase) 52 个; 氨基糖苷类 ARGs (Aminoglycoside) 36 个; 磺胺类 ARGs (Sulfonamide) 7 个; 四环素类 ARGs (Tetracycline) 39 个; 万古霉素类 ARGs (Vancomycin) 32 个、氟喹诺酮类-氯霉素类-胺酰醇类 ARGs (FCA) 24 个; 大环内酯类-林肯酰胺类-链阳性菌素 B 类 ARGs (MLSB) 44 个; 其他类/发挥外排泵作用 ARGs (other/efflux) 49 个。通过分析畜禽养殖场环境中检出 ARGs 亚型数发现四环素类抗性基因、万古霉素类抗性基因和 MLSB 类抗性基因是养殖场环境中的主要检出类型, 分别占总检出类型的 16.51%、14.33%、17.10% (图 1 (a))。此外, 通过 Venn 图进一步分析了 ARGs 在畜禽养殖场空气中的相互关系 (图 1 (b)), 结果表明有 12 种 ARGs 在所有空气样品中均有检出, 其中主要的是四环素类抗性基因。这可能是由于四环素为广谱抗生素, 且价格低廉, 被广泛应用于养殖行业中<sup>[18]</sup>。

图 2 展示了所有样品中每种 ARGs 的浓度。在畜禽养殖场空气样品中的每种 ARGs 浓度可达到



注:  $\beta$ -lactamase 为  $\beta$ -内酰胺类 ARGs; Aminoglycoside 为氨基糖苷类 ARGs; Sulfonamide 为磺胺类 ARGs; Tetracycline 为四环素类 ARGs; Vancomycin 为万古霉素类 ARGs; FCA 为 FCA 类 ARGs; MLSB 为 MLSB 类 ARGs; other/efflux 为其他类/发挥外排泵作用 ARGs。

图 1 ARGs 亚型数检出情况及韦恩图

Fig. 1 The number of subtypes of ARGs and Venn diagram

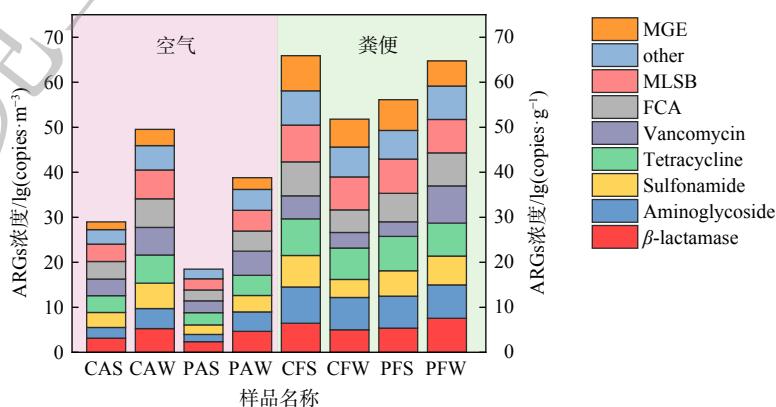


图 2 各类型 ARGs 的浓度

Fig. 2 Concentration of ARGs in all samples

$10^3\sim 10^6$  copies·m<sup>-3</sup>，在粪便样品中浓度可达到  $10^7\sim 10^8$  copies·g<sup>-1</sup>，空气中的 ARGs 浓度以万古霉素类、MLSB 类、四环素类、FCA 类 ARGs 为主，分别占总浓度的 (25.88%±17.52%) ( $5.28\times 10^2\sim 1.85\times 10^6$  copies·m<sup>-3</sup>)、(19.06%±8.88%) ( $2.59\times 10^2\sim 2.24\times 10^6$  copies·m<sup>-3</sup>)、(17.64%±8.06%) ( $1.32\times 10^2\sim 4.25\times 10^5$  copies·m<sup>-3</sup>)、(17.50%±9.73%) ( $4.23\times 10^2\sim 1.35\times 10^6$  copies·m<sup>-3</sup>)。粪便中的 ARGs 浓度以四环素类、MLSB 类和氨基糖苷类 ARGs 为主，分别占总浓度的 (22.12%±13.93%) ( $9.46\times 10^6\sim 1.38\times 10^8$  copies·g<sup>-1</sup>)、(28.40%±15.22%) ( $2.14\times 10^7\sim 1.44\times 10^8$  copies·g<sup>-1</sup>)、(17.28%±9.63%) ( $1.26\times 10^7\sim 1.18\times 10^8$  copies·g<sup>-1</sup>)。畜禽养殖场内的动物粪便是养殖场内空气中微生物的主要来源<sup>[19]</sup>，由于不同的 ARGs 的潜在宿主菌存在差异<sup>[20]</sup>，而不同种类 ARB 的气溶胶化能力亦有差别，故空气样品中的主要 ARGs 种类与粪便样品中的亦存在差异。

### 2.2 不同畜禽种类养殖场中气载 ARGs 的变化

分析养鸡场和养猪场 ARGs 种类和各亚型浓度分别如图 3 和图 4 所示。结果表明，不同养殖场中气载 ARGs 的污染特征存在差异，气载 ARGs 的平均浓度趋势为：养鸡场>养猪场。在检出亚型方面，养鸡场总检出亚型数比猪场多 33 种。养鸡场空气样品中总体浓度比养猪场高约 1 个数量级。其中，FCA 类、MLSB 类、磺胺类抗性基因在养鸡场空气中的平均浓度为  $1.12\times 10^6$  copies·m<sup>-3</sup>、 $1.27\times 10^6$  copies·m<sup>-3</sup>、 $2.13\times 10^5$  copies·m<sup>-3</sup>，比养猪场 ( $1.51\times 10^4$  copies·m<sup>-3</sup>、 $1.96\times 10^4$  copies·m<sup>-3</sup>、 $2.29\times 10^3$  copies·m<sup>-3</sup>) 高约 2 个数量级。因此养鸡场中 ARGs 对环境产生威胁的可能性更大。

值得注意的是，在猪场和鸡场检出的万古霉素类抗性基因、β-内酰胺类抗性基因、氨基糖苷类抗性基因浓度均相近。其中，万古霉素类抗性基因的浓度高达  $10^5$  copies·m<sup>-3</sup>，万古霉素 (C<sub>66</sub>H<sub>75</sub>Cl<sub>2</sub>N<sub>9</sub>O<sub>24</sub>) 属于糖肽类抗生素，万古霉素类抗性基因的高浓度检出暗示养殖场环境中存在较高

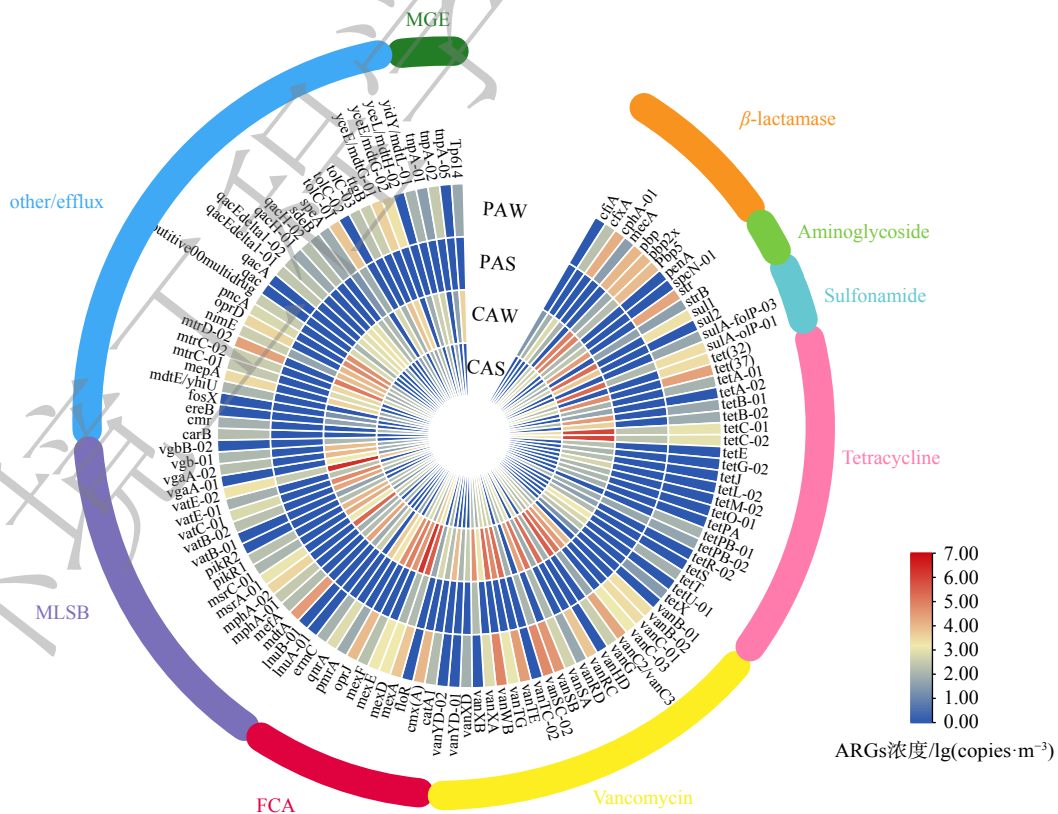


图 3 空气样品中检出 ARGs 亚型的浓度  
Fig. 3 Concentration of ARGs detected in air samples

的生态健康风险及人体健康暴露风险。因此，应加强对畜禽养殖行业相关糖肽类抗生素的添加及使用管理，以控制畜禽养殖场内空气环境中相关 ARGs 的污染情况。

### 2.3 季节对不同畜禽养殖场中气载 ARGs 的影响

通过分析畜禽养殖场中冬季和夏季 ARGs 种类 (图 4) 和亚型 (图 5)，结果发现冬季空气样品中各 ARGs 种类及亚型的检出数量及平均浓度均显著高于夏季空气样品。其中，冬季畜禽养殖场中的空气样品检出的亚型数比夏季空气样本多 55 种。冬季样品中的四环素类、万古霉素类、MLSB 类抗性基因分别比夏季空气样本多 11 种、8 种、10 种，而氨基糖苷类和磺胺类 ARGs 在夏季于冬季空气样本中检出亚型数几乎相同。这说明四环素类和 MLSB 类抗性基因的检出类型受季节影响较大。通过对比冬季和夏季空气样本中 ARGs 的浓度发现冬季样本中的总 ARGs 浓度 ( $4.67 \times 10^6 \text{ copies} \cdot \text{m}^{-3}$ ) 高于夏季 ( $1.65 \times 10^4 \text{ copies} \cdot \text{m}^{-3}$ ) 约 2 个数量级，且每种 ARGs 在冬季均高于夏季 2~3 个数量级。

在冬季，为了保持畜禽养殖场内的温度而减少通风，因此使得室内空气 ARGs 不断富集；而在夏季，养殖场内通常使用机械通风等方式进行降温，养殖场内空气流动性高于冬季，这可能导致了气载 ARGs 的稀释。其次，冬季畜禽养殖场中  $\text{PM}_{2.5}$  的平均质量浓度为  $513.3 \mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$ ，夏季为  $105.68 \mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3}$ ，存在较大差异。又由于  $\text{PM}_{2.5}$  可作为细菌和 ARGs 的载体<sup>[21]</sup>，故可能会对 ARGs 的检出类型和浓度产生影响。另一方面，耐药细菌作为 ARGs 的宿主也会受到季节性变化的影响，冬季气溶胶中具有抗生素耐药性的细菌数量远多于夏季<sup>[22]</sup>，进而影响到 ARGs 的种类和浓度。这亦证明了畜禽养殖场气溶胶中 ARGs 对人群健康的危害不应被忽视。

### 2.4 畜禽养殖场气载 ARGs 与环境因素相关性分析

畜禽养殖场采集样品的环境监测数据如表 2 所示，冬季和夏季的温度与  $\text{PM}_{2.5}$  相差较大，而湿度和风速相差不大。图 6 展示了代表性 ARGs 亚型浓度、总 MGE 浓度、总 ARGs 浓度以及环境因子的 Pearson 相关性。选取每个样品中的 Top10 ARGs 亚型，且为了

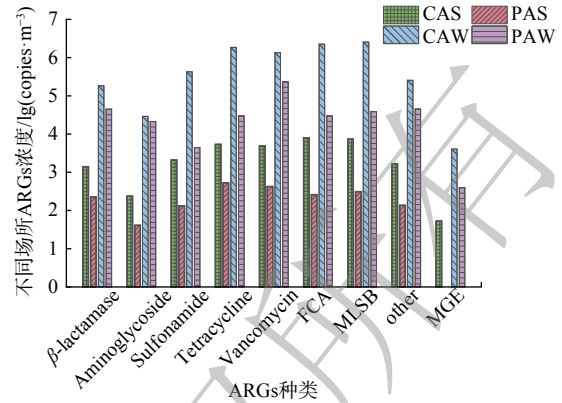


图 4 各类型 ARGs 在不同养殖场空气样品中的检出情况

Fig. 4 The detection of ARGs types in air samples from different farms

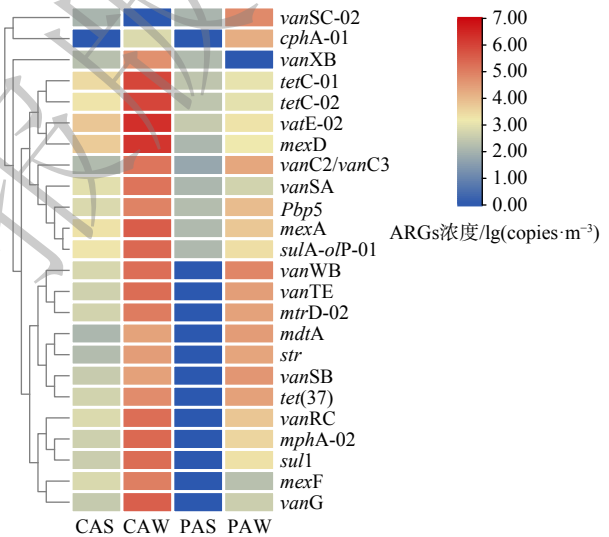


图 5 空气样品中 Top10 ARGs 亚型浓度聚类分析

Fig. 5 Clustering analysis of Top10 ARGs subtype concentrations in air samples

表 2 鸡场和猪场在冬、夏季环境监测数据

Table 2 Environmental monitoring data of chicken farm and pig farm in winter and summer

样品编号	温度/℃	湿度	风速/( $\text{m} \cdot \text{s}^{-1}$ )	$\text{PM}_{2.5}/(\mu\text{g} \cdot \text{m}^{-3})$
CAS	29.97±1.57	98.07%±3.45%	0.01±0.01	99.16±39.05
CAW	7.70±1.25	94.83%±4.10%	0.00±0.00	588.93±160.72
PAS	31.16±1.27	86.07%±19.56%	0.01±0.01	112.20±29.49
PAW	6.2±0.95	87.50%±18.54%	0.00±0.00	437.67±170.46

避免偶然性，选取在每个样品中均有检出的 ARGs 作为代表性 ARGs 亚型。图 6 表明，总 ARGs 及多种 ARGs 亚型与 PM<sub>2.5</sub> 呈显著相关关系，与温度呈正相关，与其他环境因素几乎没有相关性。这表明 PM<sub>2.5</sub> 可能是影响畜禽养殖场中气载 ARGs 的重要因素。*Pbp5*、*mexA* 与总 MGEs 浓度具有显著相关性 ( $p < 0.05$ )。这表明这些 ARGs 亚型在畜禽养殖场空气环境中通过 MGEs 的水平转移可能性较大。*Pbp5*、*VanC2/VanC3* 与总 ARGs 具有显著相关性，故这 2 种 ARGs 可作为养鸡场和养猪场中检测气载 ARGs 的指示型 ARGs (表 3)。然而，由于一些清粪频率、抗生素或其他药物的的投加量等人为行为及粪便中微生物的气溶胶化水平、养殖场动物呼出气中微生物群落特征等

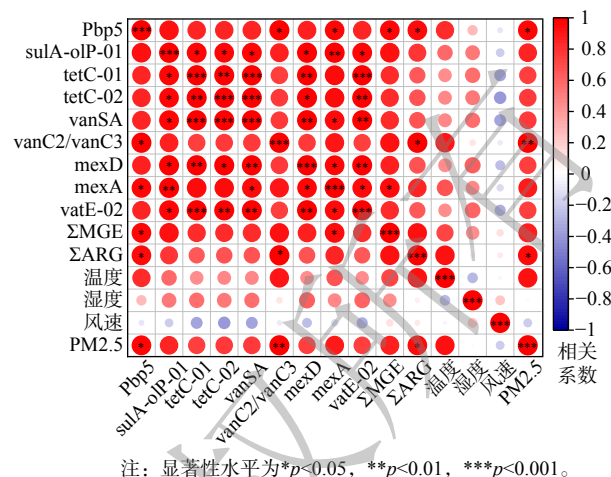


图 6 畜禽养殖场空气样本中 Top10 ARGs、总 ARGs、总 MGEs 浓度与环境因子相关性分析矩阵

Fig. 6 Correlation analysis matrix of Top10 ARGs, ΣARGs, ΣMGEs concentration and environment factors in samples of livestock and poultry farms

表 3 ARGs 与 MGEs 线性拟合方程

Table 3 Linear fitting equation of ARGs and MGEs

y	x	相关系数	线性方程
ΣMGEs	<i>Pbp5</i>	0.991*	$y = 0.05x - 9.58$ ( $R^2 = 0.9998$ )
ΣMGEs	<i>mexA</i>	0.987*	$y = 0.01x + 1.20 \times 10^2$ ( $R^2 = 0.9941$ )
ΣARGs	<i>Pbp5</i>	0.996*	$y = 113.33x - 1.84 \times 10^5$ ( $R^2 = 0.9971$ )
ΣARGs	<i>VanC2/VanC3</i>	0.998*	$y = 66.27x - 2.55 \times 10^5$ ( $R^2 = 0.9907$ )

生物物理过程均可能会引起畜禽养殖场中气载 ARGs 的产生、传播和转移的改变，因此应对各种因素间的互作关系展开进一步研究。

### 3 结论

1) 鸡场中的气载 ARGs 亚型数比猪场多 33 种，其中主要为 MLSB、Vancomycin 类 ARGs; 在畜禽养殖场中，冬季气载 ARGs 的亚型数比夏季多 55 种其中主要为 Tetracycline 类 ARGs。

2) 鸡场中的气载 ARGs 浓度均高于猪场，尤其是鸡场中 FCA 及 MLSB 类 ARGs 的浓度高于猪场约 2 个数量级；在畜禽养殖场中，冬季气载 ARGs 的浓度均高于夏季约 2~3 个数量级。

3) PM<sub>2.5</sub> 与畜禽养殖场中气载 ARGs 浓度呈显著正相关，*Pbp5*、*VanC2/VanC3* 可以作为长期监测畜禽养殖场中气载 ARGs 的指示型 ARGs。

## 参考文献

- [1] VAN BOECKEL T, PIRES J, SILVESTER R, et al. Global trends in antimicrobial resistance in animals in low-and middle-income countries[J]. *Science*, 2019, 365(6459): eaaw1944.
- [2] ZHAN N, XIAO N. LivestockWaste 2016-International Conference on Recent Advances In Pollution Control and Resource Recovery for the Livestock Sector[J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2017, 11(3): 16.
- [3] LI W L, YANG J S, ZHANG D Z, et al. Concentration and community of airborne bacteria in response to cyclical haze events during the fall and midwinter in Beijing, China [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01741>.
- [4] HEUER H, SCHMITT H, SMALLA K. Antibiotic resistance gene spread due to manure application on agricultural fields[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2011, 14(3): 236-243.
- [5] 董子琨. 鸡粪施用土壤中抗生素抗性基因在土壤-植物系统的迁移与阻控研究 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2022.
- [6] MCEACHRAN A D, BLACKWELL B R, HANSON J D, et al. Antibiotics, bacteria, and antibiotic resistance genes: Aerial transport from cattle feed yards via particulate matter[J]. *Environmental Health Perspectives*, 2015, 123(4): 337-343.
- [7] LI J, CAO J J, ZHU Y G, et al. Global survey of antibiotic resistance genes in air[J]. *Environmental Science & Technology*, 2018, 52(19): 10975-10984.
- [8] MBARECHE H, VEILLETTE M, PILOTE J, et al. Bioaerosols play a major role in the nasopharyngeal microbiota content in agricultural environment[J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2019, 16(8): 1375.
- [9] MONROE S, POLK R. Antimicrobial use and bacterial resistance[J]. *Current Opinion in Microbiology*, 2000, 3(5): 496-501.
- [10] HE L Y, HE L K, LIU Y S, et al. Microbial diversity and antibiotic resistance in swine farm environments[J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 685: 197-207.
- [11] DE ROOIJ M M T, HOEK G, SCHMITT H, et al. Insights into livestock-related microbial concentrations in air at residential level in a livestock dense area[J]. *Environmental Science & Technology*, 2019, 53(13): 7746-7758.
- [12] WANG J, QIN X, GUO J B, et al. Evidence of selective enrichment of bacterial assemblages and antibiotic resistant genes by microplastics in urban rivers[J]. *Water Research*, 2020, 183: 116113.
- [13] AMARASIRI M, SANO D, SUZUKI S. Understanding human health risks caused by antibiotic resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARG) in water environments: Current knowledge and questions to be answered[J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2020, 50(19): 2016-2059.
- [14] SONG L, WANG C, WANG Y Z. Optimized determination of airborne tetracycline resistance genes in laboratory atmosphere[J]. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 2020, 14(6): 39-49.
- [15] ZHU Y G, JOHNSON T A, SU J Q, et al. Diverse and abundant antibiotic resistance genes in Chinese swine farms[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2013, 110(9): 3435-3440.
- [16] WANG F H, QIAO M, SU J Q, et al. High throughput profiling of antibiotic resistance genes in urban park soils with reclaimed water irrigation[J]. *Environmental Science & Technology*, 2014, 48(16): 9079-9085.
- [17] LOOFT T, JOHNSON T A, ALLEN H K, et al. In-feed antibiotic effects on the swine intestinal microbiome[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2012, 109(5): 1691-1696.
- [18] ZHANG Q Q, YING G G, 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.
- [19] CAMBRA-LOPEZ M, TORRES A G, AARNINK A J A, et al. Source analysis of fine and coarse particulate matter from livestock houses[J]. *Atmospheric Environment*, 2011, 45(3): 694-707.
- [20] SONG L, WANG C, JIANG G Y, et al. Bioaerosol is an important transmission route of antibiotic resistance genes in pig farms[J]. *Environment International*, 2021, 154: 106559.
- [21] 刘菲. 肉鸡饲养场PM<sub>2.5</sub>、粪便和土壤中抗生素抗性基因污染特征及抗生素耐药菌的分布 [D]. 常州: 常州大学, 2019.
- [22] 贾世杰, 王娇, 王钦, 等. 青岛冬春季大气气溶胶中抗生素抗性基因组成及影响因子[J]. *中国海洋大学学报(自然科学版)*, 2022, 52(8): 60-70.

(责任编辑: 靳炜)

## Pollution characteristics and seasonal variation of airborne antibiotic resistance genes in different livestock farms

ZHANG Yuan<sup>1,2</sup>, SONG Lu<sup>1,2</sup>, WANG Can<sup>1,2,\*</sup>, XIONG Lijun<sup>3</sup>

1. School of Environment Science and Engineering, Tianjin University, Tianjin 300350, China; 2. Tianjin Key Lab of Indoor Air Environmental Quality Control, Tianjin 300072, China; 3. Institute of Spatial Planning & Regional Economy, Academy of Macroeconomic, Beijing 100038, China

\*Corresponding author, E-mail: wangcan@tju.edu.cn

**Abstract** In recent years, antibiotic resistance genes (ARGs) in livestock farms have attracted widespread attention due to the massive use of antibiotics. In this study, in order to investigate the pollution characteristics and seasonal changes of airborne ARGs in livestock farms, air and fecal samples were collected from pig farms and chicken farms in Weinan, Shaanxi Province in winter and summer, respectively. The pollution levels of airborne ARGs and the correlation between ARGs and environmental factors in all samples were analyzed. The results showed that the main types of airborne ARGs detected in livestock farms were vancomycin resistance genes, MLSB resistance genes, tetracycline resistance genes and FCA resistance genes. The total concentration of airborne ARGs in different types of farms was higher in chicken farms than in pig farms, and the concentration of ARGs in chicken farms was about 2 orders of magnitude higher than that in pig farms. The total concentration trend of airborne ARGs in different seasons was: winter > summer, and the concentration of ARGs in winter was 2~3 orders of magnitude higher than that in summer. In addition, pearson correlation analysis showed that the total concentration of ARGs in air was positive correlated with PM<sub>2.5</sub> ( $P < 0.05$ ), but had no significant correlation with other environmental factors.

**Keywords** livestock farms; airborne antibiotic resistance gene; environmental factors