

DOI:10.3969/j.issn.1003-5060.2025.11.020

供水管网中抗生素抗性细菌对次氯酸钠和 水流流态的响应

马金山, 刘丽, 单蓉蓉, 韦长林, 陈国炜

(合肥工业大学 土木与水利工程学院, 安徽 合肥 230009)

摘要:近年来,抗生素的滥用导致水环境中抗生素抗性细菌(antibiotic-resistant bacteria, ARBs)和抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)的广泛扩散,严重威胁饮用水水质安全。文章通过搭建给水管网模拟实验装置,研究次氯酸钠和水流流态对抗生素抗性细菌分布特征的影响,构建其与细菌聚集行为的关联。结果表明,次氯酸钠的投加($\rho \leq 1.0$ mg/L)降低了生物膜和水中 ARBs 的丰度,但 1.0 mg/L 次氯酸钠会提高 ARBs 的占比,特别当水流流态为过渡流时,该趋势更为显著。Spearman 相关性分析表明,生物膜和主体水中 ARBs 与异养菌数(heterotrophic plate count, HPC)呈显著正相关,说明不同消毒剂与水流流态下增大生物量特别是其聚集行为有助于 ARBs 的增殖和扩散。此外,种群分析结果表明流态及次氯酸钠对附着与悬浮细菌种群结构有一定的影响,尤其对变形菌纲的相对丰度影响较大,进而调控 ARBs 的空间分布。

关键词:水流流态;次氯酸钠消毒;抗生素抗性细菌(ARBs);生物膜;供水管网

中图分类号:TU991.33;R123.1

文献标志码:A

文章编号:1003-5060(2025)11-1572-07

Response of antibiotic-resistant bacteria in water supply networks to sodium hypochlorite and water flow patterns

MA Jinshan, LIU Li, SHAN Rongrong, WEI Changlin, CHEN Guowei

(School of Civil and Hydraulic Engineering, Hefei University of Technology, Hefei 230009, China)

Abstract: The misuse of antibiotics in recent years has led to the widespread dissemination of antibiotic-resistant bacteria (ARBs) and antibiotic resistance genes (ARGs) in the water environment, which seriously threatens the safety of drinking water quality. This paper investigated the effects of sodium hypochlorite and water flow patterns on the distribution characteristics of ARBs by constructing a simulated experimental setup for water supply network, and established their correlation with bacterial aggregation behavior. The results showed that the dosing of sodium hypochlorite ($\rho \leq 1.0$ mg/L) decreased the abundance of ARBs in biofilm and water body, but 1.0 mg/L sodium hypochlorite increased the percentage of ARBs, and this trend was more significant under transitional flow condition. Spearman correlation analysis revealed a significant positive correlation between the ARBs in biofilm and bulk water and the heterotrophic plate count (HPC), which indicated that increasing biomass, especially its aggregation behavior, contributed to the proliferation and spreading of ARBs under different disinfectants and water flow patterns. In addition, the results of population analysis showed that the flow pattern and sodium hypochlorite had a certain effect on the population structure of attached and suspended bacteria, especially on the relative abundance of Ascomycetes, which in turn regulated

收稿日期:2023-07-13;修回日期:2023-08-30

基金项目:安徽省自然科学基金资助项目(2208085US13)

作者简介:马金山(1995—),男,吉林长春人,合肥工业大学硕士生;

刘丽(1972—),女,安徽寿县人,博士,合肥工业大学教授,硕士生导师,通信作者, E-mail: lliu@hfut.edu.cn.

the spatial distribution of ARBs.

Key words: water flow pattern; sodium hypochlorite disinfection; antibiotic-resistant bacteria(ARBs); biofilm; water supply network

0 引 言

近些年,抗生素的滥用导致抗生素抗性细菌(antibiotic-resistant bacteria, ARBs)和抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)在地表水、饮用水和污水系统等水体环境中广泛扩散,严重威胁公众健康^[1-2]。现代给水处理工艺通常采用次氯酸钠的消毒措施以控制微生物的生长繁殖,进而干预水体中 ARBs 和 ARGs 滋生和传播。文献[3]研究表明,供水管网中 ARBs 和 ARGs 丰度远高于处理厂出厂水,普遍存在的管壁生物膜和消毒剂压力可能会导致 ARBs 的繁殖和扩散。

研究显示,给水管网中环境条件(如消毒剂、抗生素和水动力)会对 ARBs 的生长和扩散产生影响。文献[4]研究表明供水管网中抗生素的胁迫促进耐氯菌对次氯酸钠消毒剂产生耐药性,进而更加难以灭活;文献[5]发现低剂量的次氯酸钠会促进细菌产生胞内与胞外 ARGs,并有助于 ARGs 的水平转移^[6];文献[7]发现管网中消毒剂与金属共同作用增强了生物膜的抗生素抗性;文献[8]研究发现,较低的流速提高了环境中 ARGs 的丰度,有助于 ARBs 的增殖和传播。

目前大部分研究主要集中在静置的状态下消毒剂、抗生素等环境条件对饮用水中 ARBs 的影响。实际上,给水管网中细菌不仅面对消毒剂的胁迫,同时也处于不断波动的复杂水动力环境中,但目前综合考虑消毒剂和水动力条件多重胁迫的研究十分有限。针对上述问题,本文构建了给水管网动态模拟实验装置,研究不同次氯酸钠剂量和流态下 ARBs 的分布特征,尝试解析其与细菌分布和种群结构的关联,以为控制供水管网中 ARBs 的生长提供理论指导和技术支持。

1 装置与方法

1.1 实验装置与设置

1.1.1 实验装置

实验装置由 5 m 的蠕动泵专用管道(4.8 mm×6 mm,泰州市亮飞橡塑制品有限公司)、5 L 的容器和 BT300-2J 蠕动泵(保定兰格恒流泵有限公司)组成,用于模拟市政给水管网系统运行。

1.1.2 实验设置

为探究次氯酸钠剂量和流态对 ARBs 空间分布及细菌种群结构的影响,本文选择南方水体中 4 种常见的 ARBs^[9],分别为四环素(TET)、诺氟沙星(NOR)、磺胺甲噁唑(SMZ)和克林霉素(CC) ARBs。实验所用水样取自合肥工业大学土木楼饮用水,取水之前,首先用酒精对取样处水龙头进行消毒,而后放水 3~5 min^[10],取样前,系统用 1 mg/L 次氯酸钠(上海麦克林生化科技有限公司)运行浸泡 2 h 后^[1],将构件置于开启紫外线的 SW-CJ-1FD 超净工作台(上海一恒科学仪器有限公司)晾干,再将容器承装 5 L 的水样静置 24 h 以去除水样中的余氯。实验采用 3 组容积为 5 L 饮用水分配系统(drinking water distribution system, DWDS),反应器示意图如图 1 所示,投加 0、0.5、1.0 mg/L 次氯酸钠,并在每种剂量消毒剂的情况中调节蠕动泵的转速使反应器处于 0.3、0.7、1.0 m/s 这 3 种水流流态,对应流态分别为层流、过渡流、紊流,随后水样通过管道将主体水循环回 5 L 容器。最后对管壁附着及管道主体水中的悬浮细菌取样倒平板并且进行 16S rRNA 分析。

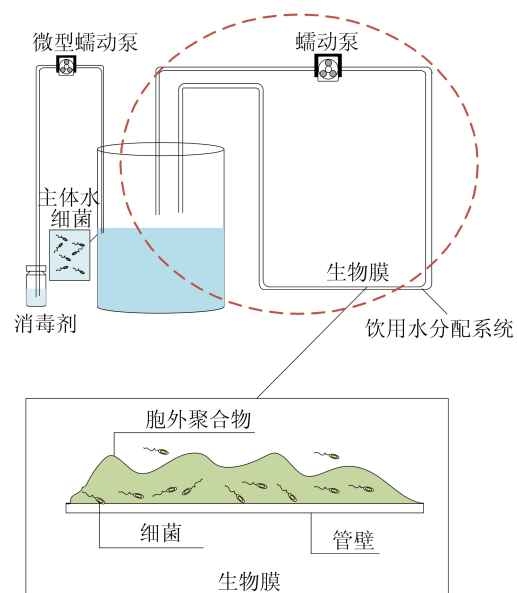


图 1 反应器示意图

1.2 附着及悬浮细菌计数

反应器运行 6 d 后,对管壁上附着细菌进行取

样,取样点为循环管路末端,每隔一定距离剪下 4 cm 的管段,每组 3 个样品,每个样品取 2 支已消毒的棉签刮取管壁细菌,放入有生理盐水的离心管中摇晃 30 s,置于 KQ5200DE 超声机(昆山市超声仪器有限公司)超声 5 min;对管网主体水中细菌取样置于离心管中,分别对 2 个样本进行稀释,而后用 R₂A(环凯生物)琼脂培养基倒平板并加入相应的抗生素以确定反应器中悬浮、附着的异养菌与 ARBs;将平板倒置于 LRH-250-A 恒温培养箱(上海一恒科学仪器有限公司)中 28 °C 培养 7 d 后计数。其中,最小抑菌质量浓度参考美国临床和实验室标准协会的药敏性试验标准,即四环素,磺胺甲噁唑,诺氟沙星及克林霉素最小的抑菌质量浓度^[11]分别为 16.0、50.4、8.0、1.0 mg/L。主体水中及管壁附着的 ARBs 丰度计算公式为:

$$A_R = H_A - H_B \quad (1)$$

$$S_R = H_C - H_B \quad (2)$$

其中: A_R 为附着在管壁上的抗生素抗性细菌丰度; S_R 为在管道主体水中的抗生素抗性细菌丰度; H_B 为生理盐水溶液中的细菌丰度; H_A 为附着异养菌总数; H_C 为管道中主体水中异养菌总数。

1.3 16S rRNA 基因高通量测序

用棉签刮取附着在管壁上的生物膜重悬于 0.90% 生理盐水中,然后用 0.22 μm 硝酸纤维素膜富集生物膜悬浮液,将样品置于 -20 °C 下保存,使用 Qubit3.0 型 DNA 检测试剂盒提取 DNA,所提取 DNA 进行精确定量,对 V4 到 V5 高变区域测序,其通用引物(341F CCTACGG GNGGCWGCAG, 805R GACTACHVGGGTAT CTAATCC)^[12]使用 QIIME 软件,根据其相似度划归操作分类单元,并且以 97.00% 的相似度水平上进行 OTU 分析,最后应用 mothur 软件进行物种丰度分析。

1.4 统计分析

实验数据采用 SPSS 及 Excel 进行统计分析,采用 t 检验方法进行显著性分析,并且取置信水平大于等于 95%。

2 结果与分析

2.1 次氯酸钠和水流流态对 ARBs 分布的影响

经 6 d 培养附着于管壁上的 ARBs 的丰度和占比结果如图 2 所示。

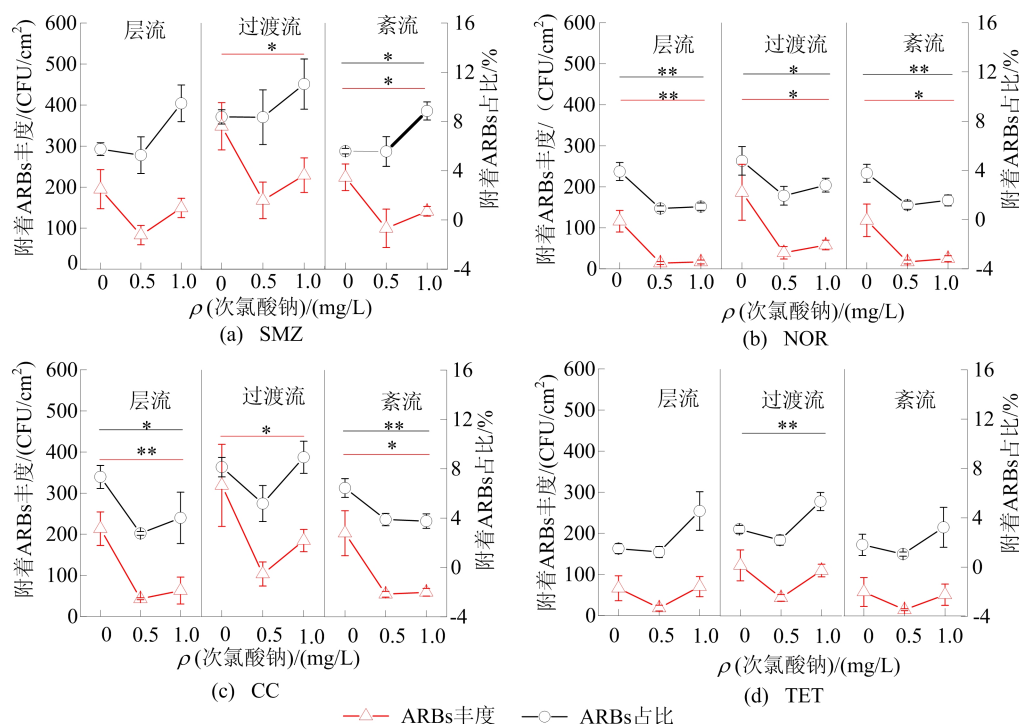


图 2 管壁附着 ARBs 丰度和占比

图 2 中: * * * $P < 0.001$; * * $P < 0.01$; * $P < 0.05$ 。下同。由图 2 可知,随着次氯酸钠剂量的增加(0~1.0 mg/L),在不同流态条件下 4 种 ARBs 的丰度和占比均呈现先下降后上升的趋势,其

中 ARBs 占比的变化趋势更为显著。由图 4a 可知,以层流状态四环素 ARBs 为例,次氯酸钠剂量从 0 增大到 1.0 mg/L,管壁附着 ARBs 丰度分别为 (66.35 ± 30.28) CFU/cm²、 (18.25 ± 7.04) CFU/cm²、

(70.49 ± 24.63) CFU/cm², 占比分别为(1.43 ± 0.40)%、(1.16 ± 0.45)%、(4.47 ± 1.56)%。这表明虽然 0.5 mg/L 次氯酸钠对附着 ARBs 起到了抑制作用,但适度增大次氯酸钠剂量至 1.0 mg/L 则有助于 ARBs 的增殖和其在生物膜中的相对丰度。随着次氯酸钠剂量的改变,诺氟沙星、克林霉素及磺胺甲噁唑 ARBs 也呈现类似的变化趋势,但次氯酸钠对诺氟沙星 ARBs 的影响相对较弱。值得注意的是,相较于层流和紊流流态,过渡流显著促进了附着 ARBs 的丰度和占比。具体地说,与层流相比,过渡水流流态下四环素、克林霉素、诺氟沙星和磺胺甲噁唑 ARBs 丰度分别提高了 1.56、2.93、1.53、1.53 倍,且其占比增大了 1.19、2.23、2.66、1.17 倍。

为分析水中 ARBs 对次氯酸钠消毒和水流流态响应,本文分析不同环境条件下,反应器 6 d 主体水中 ARBs 的丰度和占比,结果如图 3 所示,其中,虚线表示入水口 ARBs 丰度,实线表示反应器入水口 ARBs 占比。由图 3 可知,次氯酸钠剂量从 0 增大到 1.0 mg/L,主体水中 4 种 ARBs 占比

及丰度均呈先降低后升高的变化趋势,尤其对磺胺甲噁唑 ARBs 占比及丰度的影响最为明显,而对诺氟沙星 ARBs 的影响相对较低。以层流条件下磺胺甲噁唑 ARBs 为例,当次氯酸钠剂量为 0、0.5、1.0 mg/L,主体水中 ARBs 丰度分别为 (77.50 ± 3.54) CFU/mL、(35.00 ± 7.07) CFU/mL、(86.00 ± 8.49) CFU/mL,占比则由 (7.11 ± 0.32)%降低为 (3.33 ± 0.67)%再升高为 (6.96 ± 0.69)%,这说明 1.0 mg/L 次氯酸钠会促进主体水中 ARBs 增殖和扩散。尽管如此,改变水流流态并没有对主体水中的 ARBs 丰度和占比产生显著影响。值得注意的是,培养 6 d 后出水中的 ARBs 丰度和占比均高于初始点水样的相应值。进水处的 4 种 ARBs 丰度分别为 (0.75 ± 0.50) CFU/mL、(0.75 ± 0.96) CFU/mL、(0.75 ± 0.50) CFU/mL、(1.25 ± 0.96) CFU/mL,占比分别为 (0.046 ± 0.042)%、(0.050 ± 0.028)%、(0.046 ± 0.041)%、(0.092 ± 0.083)%,这说明给水管网系统为 ARBs 的滋生和传播提供了一个较为理想的栖息场所。

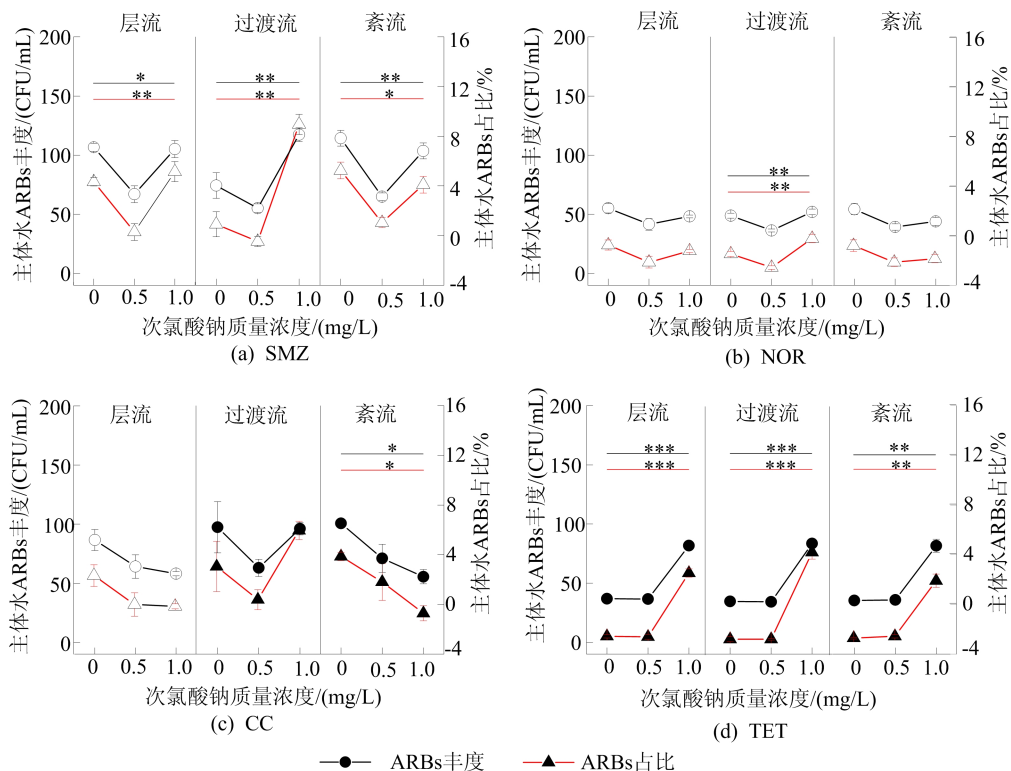


图 3 主体水 ARBs 丰度和占比

2.2 次氯酸钠和水流流态对细菌分布的影响

本文分析了实验 6 d 在管壁附着生物量和主体水中的悬浮生物量,结果如图 4 所示。从图 4 可以看出:处于层流水流状态下,附着于管壁的异

养菌丰度随着次氯酸钠剂量增加(0~1.0 mg/L)呈现先减少后增加的趋势,但 0.5、1.0 mg/L 的次氯酸钠对异养菌丰度的影响并没有显著性差异;增强水动力至过渡流,次氯酸钠对附着异养菌

丰度的影响也呈现类似的变化趋势;继续增强水动力至紊流流态则明显抑制了生物膜的形成。文献[13]结果发现,较小的剪切力会导致细菌附着,而剪切力超过阈值附着细菌则会产生脱离,这可能影响了 ARBs 的空间分布。值得注意的是,增大水动力强度强化了 1.0 mg/L 次氯酸钠对生物膜形成的促进效果。然而,在不同的流态条件下,次氯酸钠未对主体水中的异养菌产生显著性影响 ($P>0.001$)。因此相较于水流流态,次氯酸钠剂量对细菌的空间分布影响更为显著,且 0.5 mg/L 次氯酸钠可有效地抑制管道主体水中与附着在管壁上的异养菌的增殖。

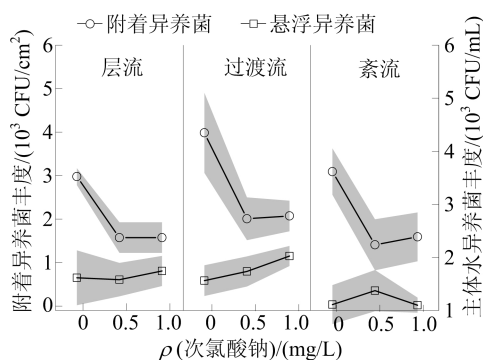


图 4 管壁附着和主体水中异养菌丰度

为进一步探究异养菌与 ARBs 之间的关系,本文将附着或悬浮的 ARBs 与异养菌进行相关分析,结果发现附着的诺氟沙星、青霉素和磺胺甲噁唑 ARBs 数与异养菌数均为正相关,对应的相

系数分别为 0.96 ($P<0.001$)、0.90 ($P<0.001$) 和 0.73 ($P<0.001$),而主体水中的 ARBs 数和异养菌数间的相关系数分别 0.65 ($P<0.001$)、0.69 ($P<0.001$) 和 0.75 ($P<0.001$)。这表明消毒剂剂量与流态的压力下,生物量增大特别是其聚集行为有助于 ARBs 的增殖和扩散。

2.3 次氯酸钠和流态对细菌种群结构的影响

过渡流态、不同次氯酸钠水平下生物膜和主体水细菌种群的分析结果如图 5 所示。

对于纲水平,未投加次氯酸钠时,生物膜的主要种群包括 α -、 β -、 γ -变形菌纲、放线菌纲及芽孢杆菌纲;1.0 mg/L 次氯酸钠则导致 γ -变形菌纲及芽孢杆菌纲相对丰度增加,而 α -、 β -变形菌纲及放线菌纲的相对丰度减少。

在属水平上,未投加次氯酸钠时生物膜主要菌属为伯克霍尔德氏菌属、苯基杆菌属及铜绿假单胞菌属,而 1.0 mg/L 次氯酸钠会导致生物膜中的乳酸菌属及假单胞菌属相对丰度增加,伯克霍尔德氏菌属与苯基杆菌属的相对丰度减少,且铜绿假单胞菌属相对丰度增加程度最大,这也说明次氯酸钠对生物膜种群结构有一定影响,尤其对 3 种变形菌纲的伯克霍尔德氏菌属、苯基杆菌属及铜绿假单胞菌属影响较大。文献[13-14]表明,在外界压力刺激下,变形菌纲及芽孢杆菌纲会分泌更多的胞外聚合物,而胞外聚合物的增加会促进细菌聚集和相互接触导致抗性基因水平转移的发生,进而有助于 ARBs 的扩散和传播^[15]。

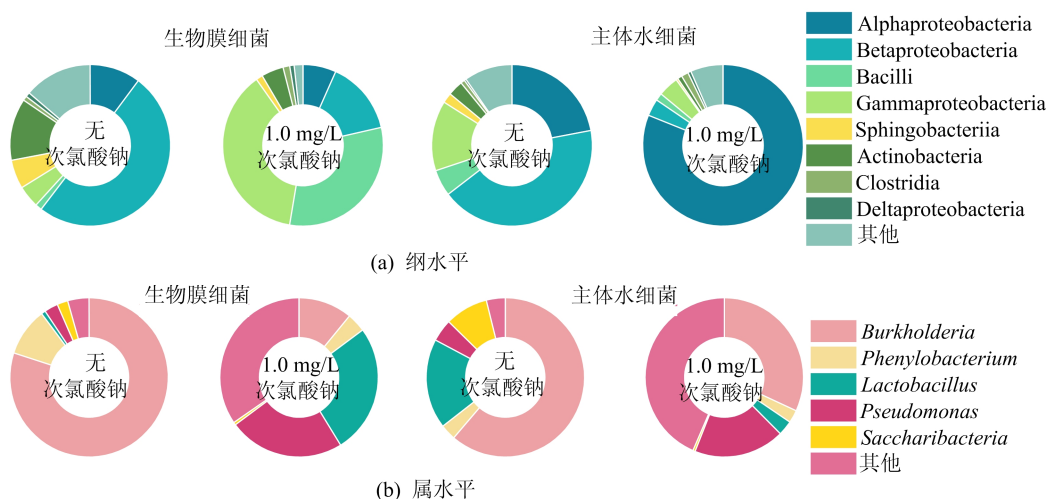


图 5 生物膜和主体水的细菌群落的相对丰度

由图 5b 可知:未投加次氯酸钠时,主体水中的细菌主要由 α -、 β -、 γ -变形菌纲及芽孢杆菌纲组

成;而 1.0 mg/L 次氯酸钠会导致 β -、 γ -变形菌纲及芽孢杆菌纲相对丰度降低,而 α -变形菌纲的相

对丰度增加,并且主体水细菌种群仍然由 α -、 β -、 γ -变形菌纲主导,与文献[16]的研究结果一致,并且成为 ARBs 的潜在宿主。文献[17-18]研究表明,变形菌纲是加入次氯酸钠后水体中主要的细菌,由于耐次氯酸钠与耐药有共同的机制,导致变形菌纲的存在会增加 ARBs 的传播风险,这进一步解释了次氯酸钠对 ARBs 空间分布影响。在属水平上,未投加次氯酸钠时主体水细菌主要有伯克霍尔德氏菌属、苯基杆菌属及铜绿假单胞菌属,投加 1.0 mg/L 次氯酸钠时,主体水种群主要由伯克霍尔德氏菌属、铜绿假单胞菌属及乳酸杆菌属所组成,并且铜绿假单胞菌属相对丰度增加程度最大,说明伯克霍尔德氏菌属、假单胞菌属对次氯酸钠更不敏感。这表明次氯酸钠会改变主体水中细菌的种群结构,进而可能影响 ARBs 的空间分布。

为解析水流流态对细菌种群结构的影响,本文分析 3 种流态下生物膜和主体水细菌的种群结构,而相对丰度较少则归入其他组,结果如图 6 所示。从图 6a 可以看出,在纲水平上,处于层流条件下生物膜种群主要由 α -、 β -、 γ -变形菌及芽孢杆菌纲组成,而在过渡流时, α -、 γ -变形菌纲及芽孢

杆菌纲的相对丰度最大,在紊流时, β -变形菌纲相对丰度最高;随着水动力的增强,主体水细菌主要由 α -、 β -、 γ -变形菌纲、拟杆菌纲及芽孢杆菌纲组成(层流),转变过渡流时 α -变形菌纲相对丰度最高以及转变紊流流态时 β -变形菌纲相对丰度最高。

由图 6 可知,在属水平上,层流时生物膜种群由伯克霍尔德氏菌属、苯基杆菌属及慢生根瘤菌属组成,而在紊流条件下,伯克霍尔德氏菌属的相对丰度最高,同时苯基杆菌属及慢生根瘤菌属的相对丰度最低。这表明流态对生物膜种群结构有一定影响,尤其对 3 种变形菌纲的伯克霍尔德氏菌属、苯基杆菌属及慢生根瘤菌属影响较大。可以看出,层流中主体水细菌主要由伯克霍尔德氏菌属、乳酸杆菌属、铜绿假单胞菌属及糖单胞菌属组成,而在紊流条件下伯克霍尔德氏菌属、苯基杆菌属最高,同时假单胞菌属、乳酸杆菌属及糖单胞菌属相对丰度最小。说明流态的改变会促使伯克霍尔德氏菌属等成为优势菌属,且有可能干预主体水与生物膜中 ARBs 的丰度及占比。文献[19]研究表明,环境压力会促进细菌外排泵系统表达,外排泵增加会降低抗菌素对细菌的伤害。

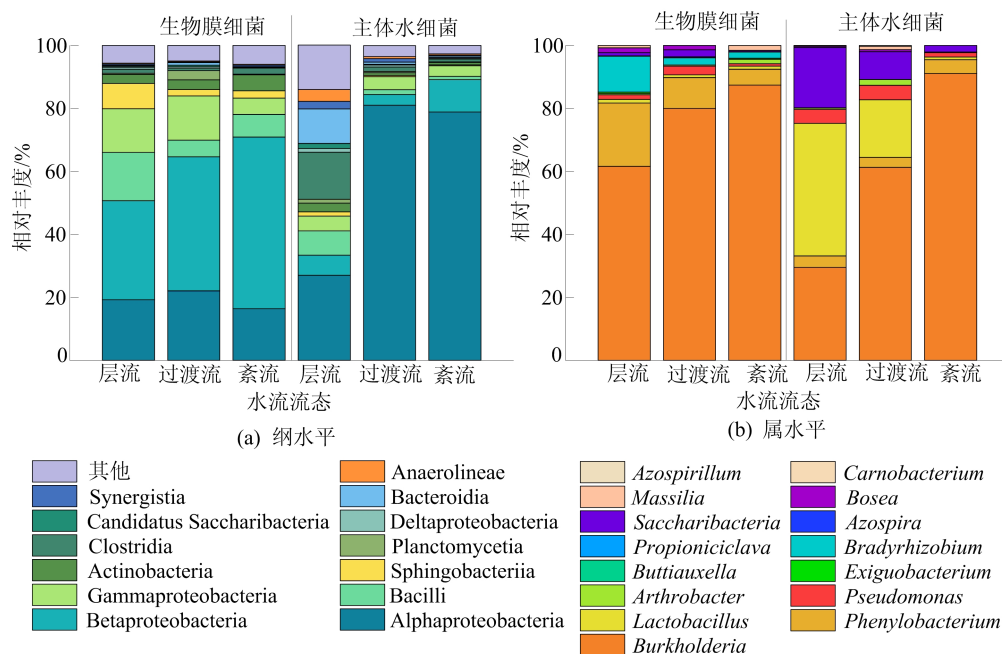


图 6 不同水流流态下生物膜和水中细菌群落相对丰度

3 结 论

本文通过构建 DWDS 模拟市政供水管网,研究了次氯酸钠投加量及流态对 ARBs 在管网中的

空间分布特征,得出的主要结论如下:

1) 0.5 mg/L 次氯酸钠降低了生物膜与水体中 ARBs 的丰度及占比,而 1.0 mg/L 次氯酸钠提高了 ARBs 的丰度及占比,特别当水流流态为

过渡流时,其促进效果更为明显。

2) Spearman 相关性分析结果表明,在次氯酸钠剂量与流态的压力下,管网中生物膜和主体水中的 ARBs 与异养菌总数呈显著正相关,这表明消毒剂与水流流态条件下,生物量的增加特别是其聚集行为有助于 ARBs 的增殖和传播。

3) 管道中主体水与管壁生物膜种群分析的结果表明,次氯酸钠与水流流态对主体水与生物膜细菌的种群结构有着一定影响,尤其对 α -、 β -、 γ -变形菌纲,这说明次氯酸钠与流态改变了主体水和生物膜的细菌种群结构,进而影响了其 ARBs 的丰度及占比。

[参 考 文 献]

- [1] LI S, ONDON B S, ZHOU Q, et al. Drinking water sources as hotspots of antibiotic-resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARGs): occurrence, spread, and mitigation strategies[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2023, 53: 103907.
- [2] 李柏林, 张贺, 王俊, 等. 长江武汉段水源地典型抗生素及抗性基因污染特征与生态风险评价[J]. *环境科学*, 2023, 44(4): 2032-2039.
- [3] HILAL M G, HAN B, YU Q, et al. Insight into the dynamics of drinking water resistome in China[J]. *Environmental Pollution*, 2023, 322: 121185.
- [4] ZHONG D, ZHOU Z Y, MA W C, et al. Antibiotic enhances the spread of antibiotic resistance among chlorine-resistant bacteria in drinking water distribution system[J]. *Environmental Research*, 2022, 211: 113045.
- [5] LIANG Y B, LI H B, CHEN Z S, et al. Spatial behavior and source tracking of extracellular antibiotic resistance genes in a chlorinated drinking water distribution system[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, 425: 127942.
- [6] LI S Q, NIU Z G, ZHANG Y. The prevalence of extra- and intra-cellular antibiotic resistance genes and the relationship with bacterial community in different layers of biofilm in the simulated drinking water pipelines[J]. *Journal of Water Process Engineering*, 2023, 53: 103780.
- [7] LE T H, TRUONG T, THOU C T L, et al. Antibiotic resistance in the aquatic environments: the need for an interdisciplinary approach[J]. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 2023, 20(3): 3395-3408.
- [8] XU M, HUANG X H, GAO P, et al. Insight into the spatio-temporal distribution of antibiotic resistance genes in estuarine sediments during long-term ecological restoration[J]. *Journal of Environmental Management*, 2023, 335: 117472.
- [9] ZHANG C, CHEN Y Y, CHEN S L, et al. Occurrence, risk assessment, and in vitro and in vivo toxicity of antibiotics in surface water in China[J]. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 2023, 255: 114817.
- [10] KE Y C, SUN W J, JING Z B, et al. Seasonal variations of microbial community and antibiotic resistome in a suburb drinking water distribution system in a northern Chinese city[J]. *Journal of Environmental Sciences*, 2023, 127: 714-725.
- [11] ZHANG J P, LI W Y, CHEN J P, et al. Impact of disinfectant on bacterial antibiotic resistance transfer between biofilm and tap water in a simulated distribution network[J]. *Environmental Pollution*, 2019, 246: 131-140.
- [12] WU T Y, ZHANG Y T, WANG B, et al. Antibiotic resistance genes in Chishui River, a tributary of the Yangtze River, China: occurrence, seasonal variation and its relationships with antibiotics, heavy metals and microbial communities[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 846: 157472.
- [13] WANG L, YUAN L, LI Z H, et al. Extracellular polymeric substances (EPS) associated extracellular antibiotic resistance genes in activated sludge along the AAO process: distribution and microbial secretors[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 816: 151575.
- [14] 许萍, 宋宜林, 欧玉民. 再生水为水源时微润管堵塞现象及其原因探究[J]. *节水灌溉*, 2022(7): 113-118.
- [15] LUO T Y, DAI X H, CHEN Z J, et al. Different microplastics distinctively enriched the antibiotic resistance genes in anaerobic sludge digestion through shifting specific hosts and promoting horizontal gene flow[J]. *Water Research*, 2023, 228: 119356.
- [16] KOIZUMI Y, ICHIJO T, UCHII K, et al. Changes in bacterial diversity and community structure in drinking water distribution system revealed by high throughput sequencing[J]. *Journal of Microorganism Control*, 2023, 28(1): 27-34.
- [17] PAN X R, YUZUAK S, LOU J, et al. Microbial community and antibiotic resistance gene distribution in food waste, anaerobic digestate, and paddy soil[J]. *Science of the Total Environment*, 2023, 889: 164192.
- [18] HAJIAGHA M N, KAFIL H S. Efflux pumps and microbial biofilm formation[J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2023, 112: 105459.
- [19] COMPAGNE N, VIEIRA D C A, MULLAR R T, et al. Update on the discovery of efflux pump inhibitors against critical priority gram-negative bacteria [J]. *Antibiotics*, 2023, 12(1): 180.

(责任编辑 吴 亮)