

2019年海口市人工泳池水质及耐药基因流行特征

胡高垚^{1,2}, 邝辉³, 吴纪贞¹, 张志明³, 李明雪¹, 周静¹, 许琼军¹, 许士兰¹, 龙文芳¹

1. 海南医学院公共卫生学院热带环境与健康实验室, 海南 海口 571199

2. 长沙县疾病预防控制中心, 湖南 长沙 410100

3. 海口市疾病预防控制中心公共卫生科, 海南 海口 571100

摘要:

[背景] 水环境为细菌耐药基因的储存库, 人工泳池由于和人体接触密切, 其耐药基因与人体存在直接交互作用, 耐药基因可通过水平转移而对人体存在风险。

[目的] 了解海口地区游泳池细菌耐药基因的种类及空间分布特征, 耐药基因与水体的细菌学及消毒指标的关联。

[方法] 于2019年1—6月, 采用多阶段分层随机抽样方法抽取海口16家泳池池水和池壁擦拭样共96份。按GB/T 18204.6—2013《公共场所卫生标准检验方法》检验细菌菌落总数、游离性余氯、化合性余氯水平, 用显色培养基检测大肠杆菌; 提取细菌DNA, 采用PCR法进行耐药基因扩增并测序确认, 分析耐药基因及水质数据相关性。

[结果] 泳池池水菌落总数合格率为77.08% (37/48), 游离性余氯合格率为79.17% (38/48), 化合性余氯合格率为85.42% (41/48), 大肠杆菌合格率为97.92% (47/48); 共检出 *mcr-1*、*mecA*、*floR*、*sul I*、*sul II*、*aadA*、*strA*、*tetS* 8种耐药基因, 检出率25.00% (24/96), 检出频率最高的为 *floR* 基因 (7.29%, 7/96), 最低的为 *tetS* 和 *strA* 基因 (均为1.04%, 1/96)。4个不同行政分区的泳池耐药基因检出率存在差异 ($\chi^2=12.178$, $P=0.007$); 池壁的耐药基因检出率高于池水 (35.42% vs 14.58%; $\chi^2=5.556$, $P=0.018$), 且均检出 *mcr-1* 基因。游离性余氯与细菌菌落总数、耐药基因检出率存在负相关 ($r=-0.395$, $P=0.005$; $r=-0.434$, $P=0.002$)。

[结论] 海口市泳池出现耐药基因频率较高, 检出 *mcr-1* 及多种耐药基因, 水中的游离性余氯含量影响细菌菌落总数含量及细菌耐药基因。

关键词: 游泳池; 耐药基因; 健康风险; 大肠杆菌; 菌落总数

Water quality of swimming pools and prevalence of antibiotic resistance genes in Haikou in 2019 HU Gao-yao^{1,2}, KUANG Hui³, WU Ji-zhen¹, ZHANG Zhi-ming³, LI Ming-xue¹, ZHOU Jing¹, XU Qiong-jun¹, XU Shi-lan¹, LONG Wen-fang¹ (1. Laboratory of Tropical Environment and Health, School of Public Health, Hainan Medical University, Haikou, Hainan 571199, China; 2. Changsha County Center for Disease Control and Prevention, Changsha, Hunan 410100, China; 3. Public Health Department, Haikou Center for Disease Control and Prevention, Haikou, Hainan 571100, China)

Abstract:

[Background] Water environment is a reservoir of antibiotic resistance genes. It may pose a risk of horizontal transfer of antibiotic resistance genes due to its close contact with human body in swimming pools.

[Objective] This study investigates the types and spatial distributions of antibiotic resistance genes, and the correlations between antibiotic resistance genes and the bacteriological or disinfection indicators of water in swimming pools in Haikou.

[Methods] A total of 96 samples of water and wall swabs were collected in 16 swimming pools by multi-stage stratified random sampling methods in Haikou from January to June 2019. The aerobic bacterial count, free chlorine residual, and combined chlorine residual were tested in accordance with the *Test methods for hygienic standards for public places* (GB/T 18204.6—2013), and *E. coli* was detected in chromogenic medium. The DNA extracted from drug-resistant genes were amplified by PCR and confirmed by sequencing. Correlation analysis of drug-resistant genes and water quality indicators was performed.

[Results] The qualified rates of aerobic bacterial count, free chlorine residual, combined chlorine

DOI 10.13213/j.cnki.jeom.2020.20068

基金项目

2018年度海南省教育厅研究生创新项目 (Hys2018-266)

作者简介

胡高垚 (1996—), 女, 硕士生;
E-mail: 944236867@qq.com

通信作者

龙文芳, E-mail: hnsea2001@126.com

利益冲突 无申报

收稿日期 2020-02-26

录用日期 2020-08-03

文章编号 2095-9982(2020)09-0886-05

中图分类号 R12

文献标志码 A

引用

胡高垚, 邝辉, 吴纪贞, 等. 2019年海口市人工泳池水质及耐药基因流行特征 [J]. 环境与职业医学, 2020, 37 (9): 886-890.

► 本文链接

www.jeom.org/article/cn/10.13213/j.cnki.jeom.2020.20068

Funding

This study was funded.

Correspondence to

LONG Wen-fang, E-mail: hnsea2001@126.com

Competing interests None declared

Received 2020-02-26

Accepted 2020-08-03

► To cite

HU Gao-yao, KUANG Hui, WU Ji-zhen, et al. Water quality of swimming pools and prevalence of antibiotic resistance genes in Haikou in 2019 [J]. Journal of Environmental and Occupational Medicine, 2020, 37(9): 886-890.

► Link to this article

www.jeom.org/article/en/10.13213/j.cnki.jeom.2020.20068

residual, and *E. coli* were 77.08% (37/48), 79.17% (38/48), 85.42% (41/48), and 97.92% (47/48), respectively. Eight antibiotic resistance genes such as *mcr-1*, *mecA*, *floR*, *sul I*, *sul II*, *aadA*, *strA*, and *tetS* were found, and the overall positive rate was 25.00% (24/96); the frequency of *floR* was the highest (7.29%, 7/96), and the frequencies of *tetS* and *strA* were both the lowest (1.04%, 1/96). The positive rates of antibiotic resistance genes in swimming pools were different in the four districts of the city ($\chi^2=12.178$, $P=0.007$). The positive rate of swimming pool walls was higher than that of swimming pool water (35.42% vs 14.58%; $\chi^2=5.556$, $P=0.018$), and *mcr-1* were detected in both kinds of samples. There were negative correlations of free chlorine residual with aerobic bacterial count and the positive rate of antibiotic resistance genes ($r=-0.395$, $P=0.005$; $r=-0.434$, $P=0.002$).

[Conclusion] The detection frequency of antibiotic resistance genes, such as *mcr-1*, is high in the swimming pools of Haikou. Free chlorine residual in swimming pool water affects aerobic bacterial count and antibiotic resistance genes.

Keywords: swimming pool; antibiotic resistance gene; health risk; *E. coli*; aerobic bacterial count

细菌的抗生素耐药是全球范围内重大的临床和公共卫生问题。有研究预测,至2050年,全球由于抗生素耐药细菌所致死的人数将达1 000万人^[1]。近年来,多重耐药菌及耐药基因在临床及环境中快速传播,水环境成为细菌耐药基因的储存库。其中新德里金属- β -内酰胺酶-1耐药基因及*mcr-1*分别介导碳青霉烯类抗生素和多黏菌素耐药。多黏菌素和替加环素是当前仅有的能治疗碳青霉烯革兰氏阴性菌感染的抗生素,耐药菌株的出现将突破革兰氏阴性细菌的最后一道防线。自报道以来,*mcr-1*已在全球50多个国家和地区检出^[2],废水、河流、海洋等均检测出大量抗生素耐药基因^[3-5]。娱乐用水的流行病学安全一直备受关注,目前研究主要集中在微生物污染指示菌及其耐药表型的研究,耐药基因作为新兴的环境污染物,对其污染现状及其流行特征研究较少。海南省为我国重要的热带地区,具有密度极高的人工泳池,了解泳池耐药基因的种类分布及其流行特征,可为后续的泳池微生物的健康和耐药风险评估及相关耐药基因标准的制定提供依据。

我国现行泳池水质检测的微生物指标为菌落总数和总大肠菌群,但总大肠菌不能精准指示粪便污染,而国际游泳联合会(International Swimming Federation, FINA)游泳水质指标则仅有大肠杆菌而无总大肠菌群。本研究对海口地区的人工泳池进行常见及临床上风险较大的耐药基因进行调查,了解耐药基因的种类分布及其流行特征;并综合考虑上述原因,调查菌落总数及粪便污染指示菌大肠杆菌、游离性余氯和化合性余氯水平,为卫生监督和管理政策制定提供依据。

1 材料与方法

1.1 采样方法

于2019年1—6月对海口市人工泳池进行多阶段

分层随机抽样,按20%的比例抽取海口市人工泳池共16家,其中酒店泳池5家,小区泳池11家。先根据海口市4个行政区(A、B、C、D)进行分层,依据各区总体泳池数量进行分配。同一个区再按泳池面积 $\leq 300\text{ m}^2$, $>300\sim<1\,000\text{ m}^2$, $\geq 1\,000\text{ m}^2$ 分层,综合考虑酒店和小区的泳池数量差异,最终为A区5家(3家小区,2家酒店泳池),B区5家(4家小区,1家酒店泳池),C区4家(2家小区,2家酒店泳池),D区2家(2家均为小区泳池)。泳池为室外泳池,采样时天气良好,避开泳池消毒清洁和泳客游泳时段。

1.2 试剂和仪器

LB培养基、TSB培养基(中国广东环凯),大肠杆菌显色培养基(法国科玛嘉),Ezup柱式细菌基因组DNA抽提试剂盒(中国上海生工),Tanon™核酸染料(中国上海天能),2×Taq PCR MasterMix(中国北京天根),PCR仪(德国eppeidorf),全自动数码凝胶图像分析系统(Tanon-4100,中国天能),DC-1400型泳池水质检测仪(1908-CPO,美国LaMotte)。

1.3 样本采集及处理

依据GB/T 18204.6—2013《公共场所卫生检验方法 第6部分:卫生监测技术规范》,对选定区域内儿童泳池、成人泳池深水区 and 浅水区用无菌采水袋采集泳池水面下30 cm水样,每个点采集各2份水样,1份用于氯的检测,另1份用于细菌计数及耐药基因检测。池壁擦拭样采集:用无菌棉拭子分别对上述成人池深水区、成人池浅水区、儿童池3个区域对应的池壁按5 cm×5 cm区域内涂抹,采集放入灭菌后的离心管,因此用于微生物检测的水样及池壁擦拭样本各为48份。所有采集的样本用冰袋当天运回实验室,4℃保存,4 h内进行培养实验,24 h内进行理化指标分析。

1.4 细菌指标、余氯的测定及评价

参照GB/T 18204.6—2013检测细菌菌落总数,吸取1 mL水样注入灭菌平皿中,将冷却至约45℃的营

养琼脂培养基注入平皿,使水样与培养基充分混匀,待琼脂凝固后倒置于37℃培养48h;同样的平板倾注法,选用显色培养基培养24h计数大肠杆菌;DC-1400型泳池水质检测仪(LaMotte 1908-CPO)检测游离性余氯和化合性余氯。以上指标限值参照游泳池水质标准 CJ/T 244—2016《游泳池水质标准》及2016年FINA游泳池水质标准(大肠杆菌)^[6]。

1.5 DNA的提取及耐药基因的扩增

挑取单克隆细菌于5 mL TSB肉汤中培养,再用水煮法提取细菌DNA,普通PCR扩增时用水煮法进行,测序时用试剂盒提取质粒。选择对革兰氏阴性菌中出现频率高及对人体耐药风险大的共8种基因进行检测。于美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)查找引物序列,由上海生物工程股份有限公司合成。耐药基因种类如表1。扩增条件:共25 μL;反应体系:2×Taq PCR MasterMix 12.5 μL, 10 μmol·L⁻¹正向、反向引物各0.5 μL,无菌水10.5 μL, DNA模板1 μL。扩增程序:94℃预变性5 min, 94℃变性15 s, 退火温度56℃ 30 s, 72℃延伸1 min, 30个循环;分别将上述扩增得到的产物于1.5%琼脂糖凝胶中进行电泳,其中U=120 V, I=100 mA, t=40 min,最后凝胶成像系统观察条带。PCR扩增阳性的菌株经上海生物工程公司测序,测序结果上传至NCBI进行比对,将电泳条带阳性或测序结果准确的菌株均计入基因阳性菌株。

表1 抗生素耐药基因扩增的引物序列与产物长度
Table 1 Primer sequences and product lengths of antibiotic-resistant gene amplification

目的基因	引物	引物序列(5'→3')	产物长度/bp
耐甲氧西林类抗生素基因 <i>mecA</i>	正向	TAA TAG TTG TAG TTG TCG GGT TTG	733
	反向	TAA CCT AAT AGA TGT GAA GTC GCT	
多黏菌素耐药基因 <i>mcr-1</i>	正向	CGG TCA GTC CGT TTG TTC	309
	反向	CTT GGT CGG TCT GTA GGG	
氯霉素耐药基因 <i>floR</i>	正向	CGC CGT CAT TCC TCA CCT TC	215
	反向	GAT CAC GGG CCA CGC TGT GTC	
I类磺胺类耐药基因 <i>sul I</i>	正向	CGC ACC GGA AAC ATC GCT GCA C	163
	反向	TGA AGT TCC GCC GCA AGG CTC G	
II类磺胺类耐药基因 <i>sul II</i>	正向	TCC GGT GGA GGC CGG TAT CTG G	191
	反向	CGG GAA TGC CAT CTG CCT TGA G	
四环素类耐药基因 <i>tetS</i>	正向	GAA AGC TTA CTA TAC AGT AGC	169
	反向	AGG AGT ATC TAC AAT ATT TAC	
链霉素类耐药基因 <i>strA</i>	正向	CTT GGT GAT AAC GGC AAT TC	548
	反向	CCA ATC GCA GAT AGA AGG C	
氨基糖苷类耐药基因 <i>aadA</i>	正向	ATC CTT CGG CGC GAT TTT G	283
	反向	GCA GCG CAA TGA CAT TCT TG	

1.6 统计学分析

采用Excel 2010录入数据,SPSS 22.0软件进行统计,通过 χ^2 检验分析不同组的耐药基因率差异,在理论频数小于5的情况下用Fisher精确法;因指标不服从正态性,故以中位数M及百分位数($P_{25} \sim P_{75}$)描述。采用Spearman秩相关进行水质与耐药基因的关联分析。检验水准 $\alpha=0.05$ 。

2 结果

2.1 一般情况

本次实验共抽取16家人工泳池,各指标的M($P_{25} \sim P_{75}$)、合格率(合格数/检测数)分别如下:细菌菌落总数为11.5(3.25~92.50) cfu·mL⁻¹、77.08%(37/48);游离性余氯为1.0(0.21~2.48) mg·L⁻¹、79.17%(38/48);化合性余氯为0.1(0.05~0.26) mg·L⁻¹、85.42%(41/48);大肠杆菌有1份检出,合格率97.92%(47/48)。共有24份样品检测出耐药基因,类型有多黏菌素类(*mcr-1*)、耐甲氧西林类(*mecA*)、氯霉素类(*floR*)、磺胺类(*sul I*、*sul II*)、氨基糖苷类(*aadA*)、链霉素类(*strA*)、四环素类(*tetS*);其中检出频率最高的为氯霉素类耐药基因,占7.29%(7/96),最低的为四环素类(*tetS*基因)和链霉素类(*strA*基因),均占1.04%(1/96)。

2.2 泳池耐药基因空间分布比较

按行政区进行分组比较耐药基因检出率,C区检出率最高为41.67%(10/24),最低A区仅3.33%(1/30),B区为33.33%(10/30),D区为25.00%(3/12),差异有统计学意义($\chi^2=12.178$, $P=0.007$)。对各区域进行两两比较,根据调整后的检验水准 $\alpha=0.007$,A区与C区间差异有统计学意义($\chi^2=12.079$, $P=0.001$),而其他区域比较差异无统计学意义。酒店泳池总体耐药基因检出率为23.33%(7/30),小区总体耐药基因检出率为25.76%(17/66),两者差异无统计学意义($\chi^2=0.065$, $P=0.799$)。池壁来源细菌总体耐药基因检出率为35.42%(17/48),池水来源细菌总体耐药基因检出率为14.58%(7/48),两者差异有统计学意义($\chi^2=5.556$, $P=0.018$)。Fisher精确法检验结果显示:各耐药基因在不同行政区、酒店与小区、池壁与池水间的检出率差异均无统计学意义($P>0.05$)。见表2。

2.3 耐药基因测序结果比对及确认

将每类基因代表性的扩增产物进行测序,将测序结果于NCBI进行序列比对,和已有序列的同源率均大于97%,结果如表3。

表 2 2019 年海口市泳池各耐药基因检出情况

Table 2 Comparison of positive antibiotic resistance genes in swimming pools in Haikou, 2019

基因	合计		行政区								来源					位置					
			A 区 (n=30)		B 区 (n=30)		C 区 (n=24)		D 区 (n=12)		<i>P</i> *	酒店 (n=30)		小区 (n=66)		<i>P</i> *	池壁 (n=48)		池水 (n=48)		<i>P</i> *
	<i>n</i>	%	<i>n</i>	%	<i>n</i>	%	<i>n</i>	%	<i>n</i>	%		<i>n</i>	%	<i>n</i>	%		<i>n</i>	%	<i>n</i>	%	
<i>mcr-1</i>	2	2.08	0	0.00	0	0	2	8.33	0	0.00	0.075	2	6.67	0	0.00	0.095	1	2.08	1	2.08	1.000
<i>floR</i>	7	7.29	1	3.33	4	13.33	1	4.17	1	8.33	0.440	2	6.67	5	7.58	1.000	5	10.42	2	4.17	0.435
<i>Sul I</i>	4	4.17	0	0.00	1	3.3	2	8.33	1	8.33	0.286	0	0.00	4	6.06	0.306	2	4.17	2	4.17	1.000
<i>Sul II</i>	3	3.13	0	0.00	2	6.67	1	4.17	0	0.00	0.591	1	3.33	2	3.03	1.000	3	6.25	0	0.00	0.242
<i>strA</i>	1	1.04	0	0.00	0	0	0	0.00	1	8.33	0.125	0	0.00	1	1.52	1.000	1	2.08	0	0.00	1.000
<i>mecA</i>	2	2.08	0	0.00	2	6.67	0	0.00	0	0.00	0.487	0	0.00	2	3.03	1.000	1	2.08	1	2.08	1.000
<i>aadA</i>	4	4.17	0	0.00	1	3.33	3	12.50	0	0.00	0.168	1	3.33	3	4.55	1.000	3	6.25	1	2.08	0.617
<i>tetS</i>	1	1.04	0	0.00	0	0	1	4.17	0	0.00	0.375	1	3.33	0	0.00	0.312	1	2.08	0	0.00	1.000
合计	24	25.00	1	3.33	10	33.33	10	41.67	3	25.00	—	7	23.33	17	25.76	—	17	35.42	7	14.58	—

[注] 不同行政区比较： $\chi^2=12.178$, $P=0.007$ ；不同来源比较： $\chi^2=0.065$, $P=0.799$ ；不同位置比较： $\chi^2=5.556$, $P=0.018$ 。*：Fisher 精确法所得 P 值。

表 3 2019 年海口市泳池耐药基因测序比对结果

Table 3 Sequencing of antibiotic resistance genes in swimming pools in Haikou, 2019

耐药基因	来源	NCBI 比对序列	同源率/%
<i>mcr-1</i>	酒店成人池深水区	CP047877.1	100.00
	酒店成人池深水区池壁	CP047664.1	99.64
<i>strA</i>	小区儿童池池壁	CP047577.1	99.24
<i>mecA</i>	小区成人池浅水区	CP047577.1	99.72
	小区儿童池池壁	CP047321.1	99.86
<i>tetS</i>	酒店儿童池池壁	CP046123.1	98.53
<i>aadA</i>	小区成人池浅水区池壁	JF806491.1	99.20
	小区儿童池水	MN256779.1	99.59
	小区成人池深水区池壁	MK962306.2	99.59
<i>sul I</i>	小区成人池浅水区池壁	CP026937.1	100.00
	小区儿童池水	CP026937.1	100.00
	小区成人池深水区池壁	CP047662.1	100.00
<i>sul II</i>	小区成人池深水区池壁	CP041749.1	100.00
	酒店成人池深水区池壁	CP047877.1	100.00
	小区成人池浅水区池壁	CP047877.1	98.04
<i>floR</i>	小区儿童池深水区池壁	MK962306.2	98.91
	小区成人池浅水区	MK962306.2	100.00
	小区成人池浅水区池壁	CP041631.1	99.45
	酒店成人池深水区	MK962306.2	99.46

[注] 来自酒店成人池深水区池壁携带 *aadA* 菌株 1 株、小区儿童池水携带 *sul I* 的菌株 1 株、小区成人池深水区池壁 2 株、酒店儿童池池壁 1 株携带 *floR* 的菌株电泳结果为阳性，但测序时未能成功，因此未列入表中。

2.4 细菌指标与余氯状况及与耐药基因的关联

Spearman 相关分析结果表明：游离性余氯水平和细菌菌落总数、耐药基因检出率之间呈负相关 ($r_s=-0.395$, $P=0.005$ ； $r_s=-0.434$, $P=0.002$)；化合性余氯、菌落总数与耐药基因检出率相关均无统计学意义 ($r_s=-0.096$, $P=0.514$ ； $r_s=0.277$, $P=0.057$)。

3 讨论

目前世界范围内对泳池及其公共区域等均报道

了包括致病菌在内的多种细菌，并提示了诸多泳池水体及非水体来源的致病风险^[7-8]，诸多研究认为消毒剂加速了耐药质粒的裂解和菌株的感受性的改变，其风险更多的在于存在水平传播的耐药风险。

本研究检出耐甲氧西林类、链霉素类、多黏菌素类、氯霉素类、磺胺类、氨基糖苷类、四环素类抗生素。这些抗生素中如氯霉素、磺胺类抗生素、四环素等主要来自畜牧、养殖等行业的不合理使用，氨基糖苷和四环素类也与医用抗生素使用不合理有关。再加上医药类工业废水以及人、畜、禽类温血性动物源性粪便污染等原因，使之通过各种途径汇聚于泳池原水，亚抑菌浓度或更低浓度的抗生素大部分未达到微生物的致死浓度，却可导致耐药细菌的生长。有的耐药菌可能并不能使人致病，但其携带的耐药质粒及耐药基因很容易在水环境甚至人体中发生迁移，因而具有更加严重的潜在危害。人体自身携带的耐药菌也可通过游泳活动进入泳池。泳池人流量大，为自限性水体，无自净能力，若场馆缺乏高效的消毒和清洁措施，水中残留抗生素或耐药菌及耐药基因将对池水有蓄积性污染。本研究在泳池检出了质粒携带的 *mcr-1* 基因，同时磺胺类 (*sul I*、*sul II*) 检出率高，这与赵晓祥等^[9]研究水体磺胺类耐药基因研究结果一致。其中的超广谱内酰胺酶能介导三代头孢耐药，*mcr-1* 基因能介导多黏菌素的耐药，四环素类的耐药基因可能存在新的突变机制而导致替加环素耐药，该类菌株提示重要的耐药风险。本研究出现的 *mcr-1* 基因可能来自水源但也可来自游泳人体，需要进一步研究其来源。

本研究显示不同行政区耐药基因的检出存在差异，A 区和 C 区耐药基因检出率存在的差异主要为耐药基因检出种类的差异；但还不太能确定两者其他

影响因素。值得一提的是,本研究揭示池壁来源的耐药基因比池水高,可见在泳池卫生及消毒上可能存在盲区,需要特别加以关注。

本研究结果显示2019年海口市泳池细菌菌落总数合格率为77.08%,和国内泳池的卫生状况相比,稍高于赵宜静等^[10]对上海浦东新区泳池水菌落总数的研究结果,而低于赵仁敏等^[11]对海南省人工泳池水菌落总数的研究结果。余氯含量能指示水的后续杀菌能力,但含量过高会产生消毒副产物,危害人体健康。本次出现少数泳池余氯严重超标,类似的情况出现在广州的泳池调查中(其超标率为46%,总合格率为23%)^[12]。但由于本研究并非长期多次检测,并不能代表泳池日常监测结果。本研究揭示游离性余氯水平与细菌菌落总数、耐药基因检出情况呈负相关,其推测可能与细菌菌落总数少导致的耐药基因少有关,仍需要进一步研究消毒剂对耐药基因的影响机制。

综上,本研究显示海口市泳池出现耐药基因频率较高,检出多种耐药基因及介导多黏菌素耐药的高风险基因,水中的游离性余氯含量影响细菌菌落总数及细菌耐药基因。需要加强泳池的消毒监管,控制消毒剂水平,并重点关注高危耐药基因;泳池壁或其他附属区域可能存在重要的健康隐患。

参考文献

- [1] COOKE J. How to minimise antibiotic resistance [J]. *Lancet Infect Dis*, 2016, 16 (4) : 406-407.
- [2] SHEN Y, ZHOU H, XU J, et al. Anthropogenic and environmental factors associated with high incidence of mcr-1 carriage in humans across China [J]. *Nat Microbiol*, 2018, 3 (9) : 1054-1062.
- [3] BEYROUT Y, ROBIN F, LESSENE A, et al. MCR-1 and OXA-48 *in vivo* acquisition in KPC-producing *Escherichia coli* after Colistin treatment [J]. *Antimicrob Agents Chemother*, 2017, 61 (8) : e02540-16.
- [4] DE LA CRUZ BARRÓN M, MERLIN C, GUILLOTEAU H, et al. Suspended materials in river waters differentially enrich class 1 Integron- and IncP-1 plasmid-carrying bacteria in sediments [J]. *Front Microbiol*, 2018, 9 : 1443.
- [5] HONG B, BA Y, NIU L, et al. A comprehensive research on antibiotic resistance genes in microbiota of aquatic animals [J]. *Front Microbiol*, 2018, 9 : 1617.
- [6] 脱宁, 包虹, 徐凤, 周耀寰. 东方体育中心泳池水处理系统设计特点 [J]. *给水排水*, 2012, 38 (1) : 62-64.
- [7] SAWABE T, SUDA W, OHSHIMA K, et al. First microbiota assessments of children's paddling pool waters evaluated using 16S rRNA gene-based metagenome analysis [J]. *J Infect Public Health*, 2016, 9 (3) : 362-265.
- [8] KOECK DE, HUBER S, HANIFI N, et al. Occurrence of antibiotic-resistant bacteria in therapy pools and surrounding surfaces [J]. *Int J Environ Res Public Health*, 2018, 15 (12) : 2666.
- [9] 赵晓祥, 杨莲, 程晨, 等. 上海水体中抗生素抗性基因的分布特征 [J]. *安全与环境学报*, 2018, 18 (3) : 1191-1197.
- [10] 赵宜静, 杨敏娟, 胡昕冬, 等. 上海浦东新区婴儿游泳场所卫生状况 [J]. *环境与职业医学*, 2015, 32 (8) : 774-778.
- [11] 赵仁敏, 封丹, 李永忠, 等. 海南省人工游泳池水质卫生状况调查 [J]. *中国热带医学*, 2012, 12 (6) : 775-776.
- [12] WEI X, LI J, HOU S, et al. Assessment of microbiological safety of water in public swimming pools in Guangzhou, China [J]. *Int J Environ Res Public Health*, 2018, 15 (7) : 1416.

(英文编辑: 汪源; 责任编辑: 王晓宇)

(上接第885页)

- [19] 梁晓军, 嵇心怡, 张宏斌, 等. 美容美发场所主要污染物暴露特征及从业人群健康风险评价 [J]. *江苏预防医学*, 2019, 30 (1) : 56-58.
- [20] 梁晓军, 施健, 赵萍, 等. 中国居民室内甲醛暴露水平及健康效应研究进展 [J]. *环境卫生学杂志*, 2017, 7 (2) : 170-181.
- [21] 赵锐, 沈凡, 张屹, 等. 北京市电影院客用3D眼镜卫生状况调查 [J]. *环境与健康杂志*, 2010, 27 (7) : 567.
- [22] 陈丽琼, 刘慧, 林琴香, 等. 龙岩市2017—2018年公共场所集中空调通风系统监测结果 [J]. *海峡预防医学杂志*, 2020, 26 (1) : 64-66.

(英文编辑: 汪源; 责任编辑: 汪源)