

# 袁河抗生素抗性基因分布特征及其驱动因子

楼 倩<sup>1,2,3</sup>, 韩 柳<sup>1,2</sup>, 何 涛<sup>1,2</sup>, 刘梦婷<sup>1,2</sup>, 郑 勇<sup>1,2</sup>, 张静文<sup>1,2</sup>, 丁惠君<sup>4,5,6</sup>

(1. 江西省水利科学院流域水土保持江西省重点实验室; 2. 江西省水利科学院江西省鄱阳湖流域生态水利技术创新中心;  
3. 江西农业大学国土资源与环境学院; 4. 南昌大学鄱阳湖环境与资源利用教育部重点实验室;  
5. 南昌大学流域碳中和教育部工程研究中心; 6. 南昌大学资源与环境学院)

**摘要:** 依托高通量测序技术, 分析了袁河水体相关环境因子、抗生素抗性基因 (ARGs)、可移动遗传元件 (MGEs) 与微生物群落之间的相互关系, 探究了袁河 ARGs 的分布特征、主要驱动因素和宿主特征。结果表明: 袁河水体磺胺甲噁唑和罗红霉素污染突出; 全流域样品共检出 14 大类 159 种 ARGs 亚型, 氨基糖苷类和多重耐药类抗性基因平均检出相对丰度较高, 其中以多重耐药类外排泵基因 (*mdtG*) 的平均相对丰度最高, 为 0.455 (以 16S rRNA 基因为参照); 抗生素总浓度、ARGs 总相对丰度表现为下游地区大于上游地区。Mantel 检验分析结果表明, 袁河水体中 ARGs 与大部分环境因子并非直接相关, MGEs 与各环境因子之间亦未发现显著相关关系; 环境因子、ARGs 与多数优势菌群强烈正相关, 推测环境因子 (含抗生素) 可通过影响优势菌群结构间接影响 ARGs 分布; 菌种 *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* 与 *unclassified\_o\_Vicinamibacterales* 在袁河水体中相对丰度较高, 是流域检测到的 ARGs 最重要的潜在宿主。

**关键词:** 抗生素抗性基因; 微生物群落; 环境因子; 驱动因子; 袁河

**Distribution characteristics and driving factors of antibiotic resistance genes in the Yuan River**// Lou Qian<sup>1,2,3</sup>, Han Liu<sup>1,2</sup>, He Tao<sup>1,2</sup>, Liu Mengting<sup>1,2</sup>, Zheng Yong<sup>1,2</sup>, Zhang Jingwen<sup>1,2</sup>, Ding Huijun<sup>4,5,6</sup> (1. Jiangxi Key Laboratory of Watershed Soil and Water Conservation, Jiangxi Academy of Water Science and Engineering; 2. Jiangxi Provincial Technology Innovation Center for Ecological Water Engineering in Poyang Lake Basin, Jiangxi Academy of Water Science and Engineering; 3. College of Land Resources and Environment, Jiangxi Agricultural University; 4. Key Laboratory of Poyang Lake Environment and Resource Utilization, Ministry of Education, Nanchang University; 5. Engineering Research Center of Watershed Carbon Neutralization, Ministry of Education, Nanchang University; 6. School of Resources & Environment, Nanchang University)

**Abstract:** High-throughput sequencing was applied to analyze correlations among environmental factors, antibiotic resistance genes (ARGs), mobile genetic elements (MGEs) and microbial communities in the Yuan River, so as to explore distribution patterns, primary driving factors and potential host characteristics of ARGs in the river. The results showed that sulfamethoxazole and roxithromycin were dominant antibiotic contaminants in the Yuan River. A total of 159 ARG subtypes belonging to 14 classes were detected across all water samples, among which aminoglycoside and multidrug resistance genes possessed higher average relative abundances, and multidrug efflux pump gene *mdtG* exhibited the highest average relative abundance of 0.455 (normalized to 16S rRNA gene). Both total antibiotic concentrations and total relative abundances of ARGs were higher in downstream reaches than upstream reaches. Mantel test revealed no significant direct correlations between ARGs and most environmental factors, nor between MGEs and environmental parameters. Significant positive correlations were observed among environmental factors, ARGs and most dominant microbial taxa, implying that environmental factors (including residual antibiotics) indirectly regulate distribution of ARGs by altering composition of dominant microbiota. Two taxa, *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* and *unclassified\_o\_Vicinamibacterales*, were predominant in the Yuan River and served as primary potential hosts of detected ARGs throughout the watershed.

**Key words:** antibiotic resistance genes; microbial community; environmental parameters; driving factors; the Yuan River

**基金项目:** 江西省杰出青年基金项目 (20224ACB214013); 江西省自然科学基金重点项目 (20232ACB203023); 国家自然科学基金项目 (42107097); 江西省水利科技项目 (202425YBKT02)

**作者简介:** 楼倩 (1991—), 女, 高级工程师, 博士研究生, 主要从事环境新污染物环境行为及生态风险研究。E-mail: louqiancon@126.com

**通信作者:** 丁惠君 (1983—), 女, 副教授, 博士, 主要从事环境新污染物生态效应及高效去除研究。E-mail: dinghj@ncu.edu

抗生素抗性基因(antibiotic resistance genes, ARGs)作为一类新型污染物,已在环境科学领域引起了广泛关注<sup>[1]</sup>,世界卫生组织将其作为21世纪威胁人类健康的重大挑战之一。自然环境中天然存在ARGs<sup>[2-4]</sup>,但随着抗生素在人类临床医疗与畜禽养殖业中长期大量使用乃至滥用,人畜粪便携带的抗性细菌随着肠道微生物排出体外,成为环境ARGs的重要来源之一<sup>[5]</sup>。与此同时,环境中外源性抗生素<sup>[6]</sup>、重金属<sup>[7-8]</sup>、有机污染物<sup>[9]</sup>、消毒副产物<sup>[10]</sup>等复合污染物通过共同选择机制,使抗性基因直接或间接的选择压力进一步增加<sup>[11]</sup>,从而加速了抗性基因突变与水平转移进程;抗性基因一旦形成则难以消除<sup>[12]</sup>,还可在不同细菌间转移、传播,甚至自我扩增<sup>[13-14]</sup>。

水环境是ARGs的重要归宿,废污水排放与污染土壤淋滤作用使得人源、动物源致病菌最终汇集于水环境。现阶段全球多国水环境中均检测到了ARGs,如中国嘉陵江(重庆段)<sup>[15]</sup>、黑龙江、图们江、鸭绿江<sup>[16]</sup>等水体中均以多重耐药类ARGs最为丰富;黄浦江<sup>[17]</sup>、长江(武汉段)<sup>[18]</sup>、鄱阳湖<sup>[19]</sup>、赣江<sup>[20]</sup>等水体以耐磺胺类ARGs为主;德国、澳大利亚地表水中高频检出耐磺胺类ARGs(*sul1*、*sul2*)与耐甲氧苄氨嘧啶类ARGs(*dfzA1*)<sup>[21]</sup>。环境中ARGs组成与细菌分类组成高度相关<sup>[22]</sup>,细菌能够作为多种ARGs的共同潜在宿主,并通过可移动遗传元件(mobile genetic elements, MGEs)的水平基因转移机制实现种内或种间ARGs转移。MGEs作为ARGs与微生物群落之间的桥梁以及ARGs扩散的重要途径之一,可使流域水环境中与之相关的ARGs更易于传播、持续赋存并促进超级细菌产生<sup>[20,23-25]</sup>;水质因子(pH、总氮(TN)、氨氮(NH<sub>4</sub><sup>+</sup>-N)、抗生素等)亦是影响河流水体ARGs组成和分布的主要驱动力<sup>[15]</sup>。因此,在了解河流常见水质因子、ARGs和微生物群落之间的交互关系外,进一步探究MGEs与这三者间的关联性,对阐明水环境中ARGs的传播途径和作用机制十分必要。

袁河位于鄱阳湖西南部,系赣江一级支流,流域内城镇化水平较高,周围分布着鄱阳湖区重要的畜禽养殖基地和农业灌溉区。受沿线城镇生猪养殖、制药企业、生活等污水排放的影响,大量营养物质和抗生素可能排入水环境中<sup>[26]</sup>。李佳乐等<sup>[27-28]</sup>研究表明,袁河水体存在富营养化(尤其是TN)风险,且克拉霉素具有高生态风险,红霉素、土霉素、恩诺沙星和磺胺噻唑均处于中等生态风险。目前,关于袁河流域抗生素的研究主要集中在其分布特征与生态风险评估方面<sup>[27,29]</sup>,鲜有关于袁河流域水环境中

抗性基因的报道<sup>[20,30]</sup>,对于ARGs的分布特征、驱动因子及形成机制尚不明确。

本文对袁河流域地表水样品中的ARGs、相关环境因子和微生物群落进行了同步监测,研究了袁河水体中ARGs的分布特征,并探讨了影响其变化的主要驱动因素,以期控制ARGs的环境传播、保障流域水安全提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 研究区概况

袁河系鄱阳湖流域赣江一级支流,发源于萍乡市马田乡武功山脉西麓,自西南向东北流经萍乡、宜春、新余等地区,在樟树市张家山镇荷湖馆汇入赣江。袁河流域(27°27'N~28°04'N,114°10'E~115°29'E)集水面积6262 km<sup>2</sup>,主河道长279.0 km,形状呈芭蕉叶形,地势由西向东倾斜,流域内河系发达,北部有蒙山山脉与锦江(赣江一级支流)相隔<sup>[31]</sup>。近年来,受流域内农业种植和畜禽养殖业迅速发展的影响,沿河(湖)水体富营养化风险加剧<sup>[28]</sup>。

### 1.2 样品采集

2021年10月13—14日,在袁河干流均匀设置6个采样点(YH1~YH6)采集样品。采样点布设参考SL 187—1996《水质采样技术规程》,尽量选择河道顺直、无急流湍滩处,避开死水区和人为干扰严重区等不利影响区域,综合考虑行政区划、水文分区、重要节点、人为活动和取样便利性等因素,采样点分布及位置信息分别如图1和表1所示。水样采集方法参照HJ 494—2009《水质采样技术指导》,使用有机玻璃采水器在每个采样点河流近岸有明显水流处采集表层(水深30~50 cm处)水样5~10 L,现场测定水体水温(T)、pH、氧化还原电位(ORP)、溶

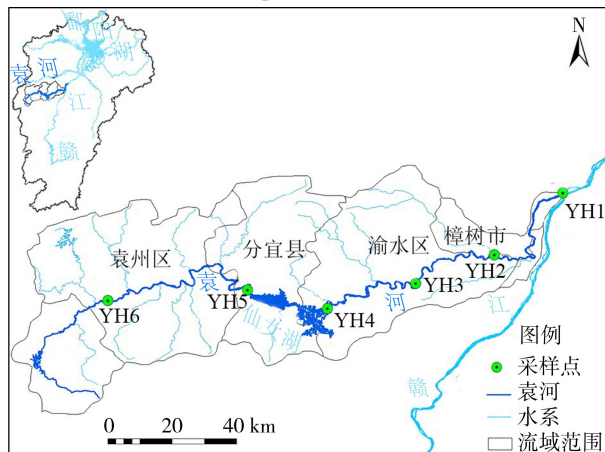


图1 采样点分布

Fig. 1 Distribution of sampling sites

表1 采样点信息

Table 1 Sampling sites information

采样点编号	高程/m	位置
YH1	30	樟树市洲上乡严埠村(汇入赣江前)
YH2	39	樟树市昌傅镇马清村(樟吉高速公路桥下)
YH3	37	新余市渝水区水西镇桥口村
YH4	87	新余市渝水区河下镇江口村(江口水库坝面旁,仙女湖出口)
YH5	114	新余市分宜镇横溪村(仙女湖入口)
YH6	118	宜春市袁州区西村镇河北村(新袁河大桥下)

解氧(DO)和电导率(EC)等参数。另采集 5 L 水样装入棕色瓶中 4℃ 保存并立即运回实验室,在 48 h 内完成抗生素富集、DNA 提取以及水质化学指标测定工作。

### 1.3 抗生素富集与测定

水体抗生素采用 Oasis HLB 固相萃取小柱(美国 Waters 公司,500 mg,6 mL),结合 SPE-24 固相萃取装置(美国 Supelco 公司)进行富集处理<sup>[32]</sup>。水体中抗生素含量采用超高液相色谱(美国 Agilent 公司,Agilent 1290)-三重四级杆串联质谱联用仪(美国 Agilent 公司,Agilent 6460)同时检测水环境中 15 种目标抗生素(表 2),仪器参数设置参照文献<sup>[33]</sup>。抗生素定量采用内标法<sup>[33]</sup>,内标物为阿特拉津-<sup>13</sup>C<sub>3</sub>(atrazine-<sup>13</sup>C<sub>3</sub>)(德国 Dr Ehrenstorfer 公司,纯度大于等于 96.9%),通过在样品处理过程中加入同位素抗生素(加拿大 Toronto Research Chemicals 公司)作为替代物,分别为磺胺甲噁唑-D4(sulfamethoxazole-D4)、磺胺二甲嘧啶-<sup>13</sup>C<sub>6</sub>(sulfamethazine-<sup>13</sup>C<sub>6</sub>)、噻苯达唑-D4(thiabendazole-D4)、环丙沙星-D8(ciprofloxacin-D8)和红霉素-<sup>13</sup>C,<sub>d</sub><sub>3</sub>(erythromycin-<sup>13</sup>C,<sub>d</sub><sub>3</sub>),保证定量结果的准确性和可靠性。

表2 15种目标抗生素信息

Table 2 Information of 15 target antibiotics

抗生素种类	目标抗生素	缩写	化学式
磺胺类抗生素(SAs)	磺胺吡啶(sulfapyridine)	SP	C <sub>11</sub> H <sub>11</sub> N <sub>3</sub> O <sub>2</sub> S
	磺胺嘧啶(sulfadiazine)	SD	C <sub>10</sub> H <sub>10</sub> N <sub>4</sub> O <sub>2</sub> S
	磺胺甲噁唑(sulfamethoxazole)	SMX	C <sub>10</sub> H <sub>11</sub> N <sub>3</sub> O <sub>3</sub> S
	磺胺甲基嘧啶(sulfamerazine)	SM	C <sub>11</sub> H <sub>12</sub> N <sub>4</sub> O <sub>2</sub> S
	磺胺二甲嘧啶(sulfamethazine)	SMZ	C <sub>12</sub> H <sub>14</sub> N <sub>4</sub> O <sub>2</sub> S
	磺胺对甲氧嘧啶(sulfameter)	SMD	C <sub>11</sub> H <sub>12</sub> N <sub>4</sub> O <sub>3</sub> S
喹诺酮类抗生素(FQs)	诺氟沙星(norfloxacin)	NFC	C <sub>16</sub> H <sub>18</sub> FN <sub>3</sub> O <sub>3</sub>
	恩诺沙星(enrofloxacin)	EFC	C <sub>19</sub> H <sub>22</sub> FN <sub>3</sub> O <sub>3</sub>
	氧氟沙星(ofloxacin)	OFC	C <sub>18</sub> H <sub>20</sub> FN <sub>3</sub> O <sub>4</sub>
四环素类抗生素(TCs)	土霉素(oxytetracycline)	OTC	C <sub>22</sub> H <sub>24</sub> N <sub>2</sub> O <sub>9</sub>
	金霉素(chlotetracycline)	CTC	C <sub>22</sub> H <sub>23</sub> IN <sub>2</sub> O <sub>8</sub>
	强力霉素(doxytetracycline)	DC	C <sub>22</sub> H <sub>24</sub> N <sub>2</sub> O <sub>8</sub>
	四环素(tetracycline)	TC	C <sub>22</sub> H <sub>24</sub> N <sub>2</sub> O <sub>8</sub>
大环内酯类抗生素(MLs)	红霉素(erythromycin)	ETM	C <sub>37</sub> H <sub>67</sub> NO <sub>13</sub>
	罗红霉素(roxithromycin)	RTM	C <sub>14</sub> H <sub>76</sub> N <sub>2</sub> O <sub>15</sub>

### 1.4 DNA 提取及 ARGs 测定

将采集到的水样充分混匀后取 1~2 L,采用 0.2 μm 硝酸纤维滤膜(德国 Sartorius 公司,11407-47-ACN)过滤,将富集有微生物的滤膜置于无菌离心管中、20℃ 条件保存,有待后续 DNA 提取。采用 FastDNA<sup>®</sup> SPIN Kit for Soil 试剂盒(美国 MP Biomedicals 公司)提取滤膜中的 DNA<sup>[32]</sup>,利用超微分光光度计(美国 Thermo Fisher Scientific 公司,Nanodrop 2000)检测 DNA 的含量和纯度。基于 SmartChip 实时 PCR 系统(美国 Wafergen Biosystems 公司),通过 HT-qPCR 方法检测样品中的 ARGs,使用 384 组引物,包括 309 个 ARGs、57 个 MGEs、10 个重金属抗性基因(heavy metal resistance genes, HMRGs)和 8 个含 ARG 的细菌(含 1 个 16S rRNA 基因),根据 Wafergen Biosystems 公司提供的标准方案进行质量控制和保证。每个 qPCR 反应设置 3 个技术重复,检测阈值设定为(Ct)31,3 个技术重复至少 2 个出现扩增,判定为有效扩增。HT-qPCR 试验操作和相对丰度计算方法参考文献<sup>[34]</sup>,即 ARGs 的相对丰度为 ARGs 的基因拷贝数与 16S rRNA 基因拷贝数之比。

### 1.5 细菌 16S rRNA 基因的高通量 Illumina 测序

利用高通量 Illumina 测序对水体样本中的细菌群落结构进行表征。使用引物 515F(GTGCCAGCMGCCGCGG)和 907R(CCGTCAATT-CMTTTRAGTT)扩增细菌 16S rRNA 基因的 V4~V5 区域。PCR 条件如下:95℃ 预变性 3 min,然后进行 30 个 PCR 循环:95℃ 30 s、55℃ 30 s 和 72℃ 45 s,最后 72℃ 延伸 10 min。PCR 反应体系包括 4 μL Fastpfu 聚合酶和 10 ng 模板 DNA。加入适量无核酸酶 H<sub>2</sub>O,使终反应体积为 20 μL。使用 DNA 凝胶提取试剂盒(美国 AxyPrep Biosciences 公司)从 2% 琼脂糖凝胶中提取扩增子并纯化。纯化的 PCR 产物按照标准协议在 Illumina MiSeq 平台上进行测序,并完成物种注释。

### 1.6 水质因子监测

利用配备 DO 探头、ORP 探头、pH 探头以及 EC 探头的便携式双通道多参数水质分析仪(上海哈希公司,HQ40 d),现场直接测定采集水样的 T、pH、ORP、DO 和 EC 等参数。测定前,pH 探头采用 3 点校准(校准液 pH 为 4.01±0.02、7.00±0.02、10.01±0.02);DO 探头采用空气校准方法进行校准;ORP 探头和 EC 探头则分别采用电位 220 mV、电导率 1 000 μs/cm(NaCl)的标准溶液进行校准。校准完毕后,将探头插入水中进行读数测定。根据《水和废水监测分析方法》<sup>[35]</sup>测定水体总磷(TP)、正磷酸

盐( $\text{PO}_4^{3-}\text{-P}$ )、TN、 $\text{NH}_4^+\text{-N}$ 、硝态氮( $\text{NO}_3^-\text{-N}$ )和高锰酸盐指数( $\text{COD}_{\text{Mn}}$ )等化学指标。

### 1.7 统计分析

采样布点图借用 ArcGIS10.0 和 Photoshop9.2 软件绘制;其他数据分析图利用 CNSknowall (生物医学数据分析和可视化综合网络服务)(<https://cnsknowall.com>),使用 R 软件和 OriginPro8.5 生成。利用 R(R-4.4.0)中 corplot 进行 Spearman 相关性分析;vegan 包用于微生物  $\beta$  多样性( Bray-Curtis's abundance-based dissimilarities) 计算;基于 Bray-Curtis 距离进行微生物群落的相似性分析(analysis of similarities, ANOSIM);采用 Scheffé's 多重比较进行组间差异分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 抗生素和抗性基因分布特征

袁河水体中共检测出 4 类 13 种目标抗生素,其中 SD、SMX、OFC、OTC、CTC、DC、RTM 均为 100% 检出。从检出质量浓度上看,袁河水体抗生素总质量浓度表现为下游区域(YH1、YH2、YH3)大于上游区域(YH4、YH5、YH6),与李佳乐等<sup>[27]</sup>研究结果较一致,并在 YH2 达到峰值(87.20 ng/L)(图 2)。其中,SMX(均值为 12.14 ng/L)和 RTM(均值为 11.93 ng/L)的检出浓度最高,在汇入赣江前,SMX(18.39 ng/L)和 RTM(13.77 ng/L)质量浓度均高于其他目标抗生素。

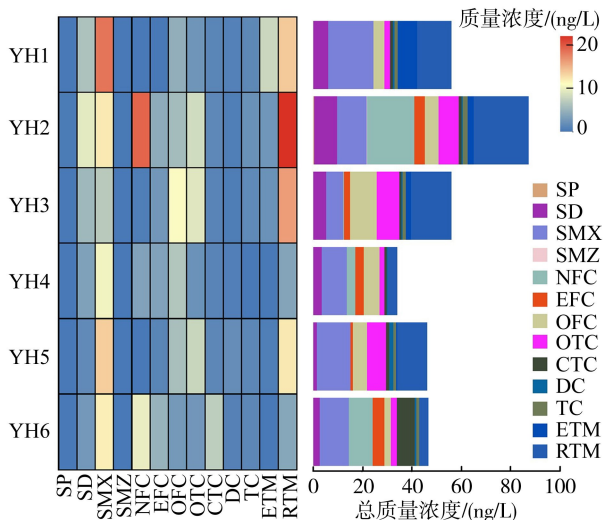


图 2 袁河 13 种目标抗生素质量浓度分布

Fig. 2 Distribution of mass concentrations of 13 target antibiotics in the Yuan River

袁河水体样本中共检测到 199 种基因(YH1 因提取的 DNA 浓度太低未检测),包括 14 类 159 种 ARGs 亚型(含 7 种 HMRGs)、35 种 MGEs(包括 5 种插入基因、3 种整合子基因、8 种转座子基因、6 种质

粒和 13 种其他类 MGEs)、4 种含 ARGs 菌类以及 16S rRNA 基因。YH2~YH6 采样点 ARGs 亚型平均检出数量依次为 65、93、30、38、63,其中,YH3 的检出数量显著高于其他采样点( $p < 0.05$ ),YH2 和 YH6 的检出数量显著高于 YH4 和 YH5( $p < 0.05$ )(图 3,组间差异采用 Scheffé's 多重比较,不同小写字母表示采样点间差异显著  $p < 0.05$ ,下同),YH3 相对较高的 ARGs 检出数量可能与城市人类活动密切相关;YH2 和 YH6 虽位于乡村河段,但其上游附近有支流汇入口,提示其受来自支流输入的 ARGs 影响。

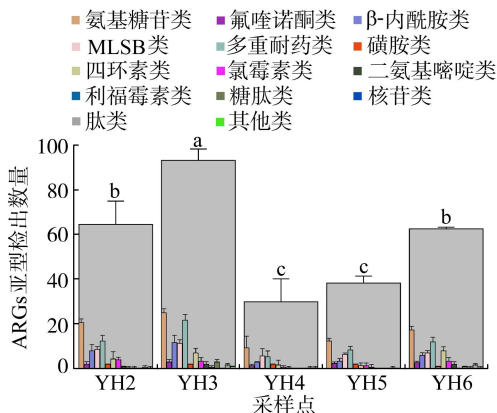


图 3 袁河水体中 ARGs 亚型检出数量

Fig. 3 Number of ARG subtypes detected in the Yuan River

从检出丰度来看,不同采样点 ARGs 总相对丰度范围为 0.07~2.20(以 16S rRNA 基因为参照),其中,YH2 检出的 ARGs 总相对丰度显著高于其上游区域(YH3、YH4、YH5)( $p < 0.05$ )(图 4),与抗生素质量浓度变化趋势较一致(图 2);各 ARGs 亚型相对丰度范围为  $6.86 \times 10^{-7} \sim 4.55 \times 10^{-1}$ (以 16S rRNA 基因为参照)(*mdtG*),*mdtG* 属多重耐药类外排泵基因,Zhang 等<sup>[36]</sup>将其划分为 II 类高风险 ARGs,可能导致不利于人类健康的潜在风险。不同采样点优势 ARGs 类型有所不同,如 YH2 和 YH4 均

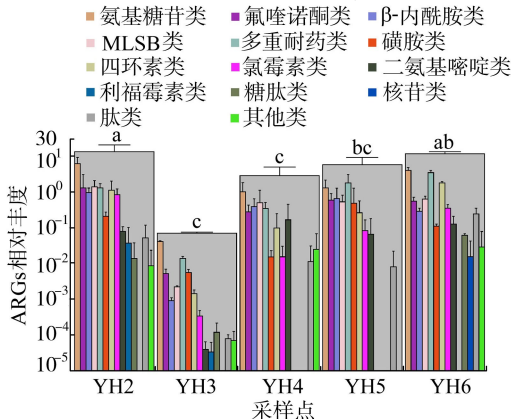


图 4 袁河水体中 ARGs 相对丰度

Fig. 4 Relative abundance of ARGs in the Yuan River

以氨基糖苷类和 MLSB 类(大环内酯类-林可酰胺类-链阳菌素 B 类)为主, YH5 和 YH6 则均以氨基糖苷类和多重耐药类为主(图 4)。从检出频率上看, AAC(3)-Via(氨基糖苷类)、aadA2(氨基糖苷类)、sul1(磺胺类)、czcA(多重耐药类)等亚型的检出频率最高(>80%), 在袁河流域水体中广泛存在。此外, ARGs 与 MGEs 的检出数量、相对丰度之间均呈显著的线性相关关系(图 5), 说明二者之间存在密切联系, 与 Zheng 等<sup>[37-38]</sup>研究结论一致。

## 2.2 袁河水体细菌群落的分类组成

在门分类水平上, 袁河地表水中相对丰度占比最高的 4 个细菌门分别为变形菌(Proteobacteria, 占比(22±7)%)、拟杆菌(Bacteroidota, 占比(17±7)%、绿弯菌(Chloroflexi, 占比(11±2)%和酸杆菌(Acidobacteria, 占比(11±8)%), 平均相对丰度大于 1%的主要优势菌门与刘淑涵等<sup>[39]</sup>对三峡水库香溪河库湾研究结果相似。在属分类水平上, 平均相对丰度前 5 位菌属主要为未分类菌属, 表明微生物群落中属水平尚存在较多特征不明确的细菌谱系,

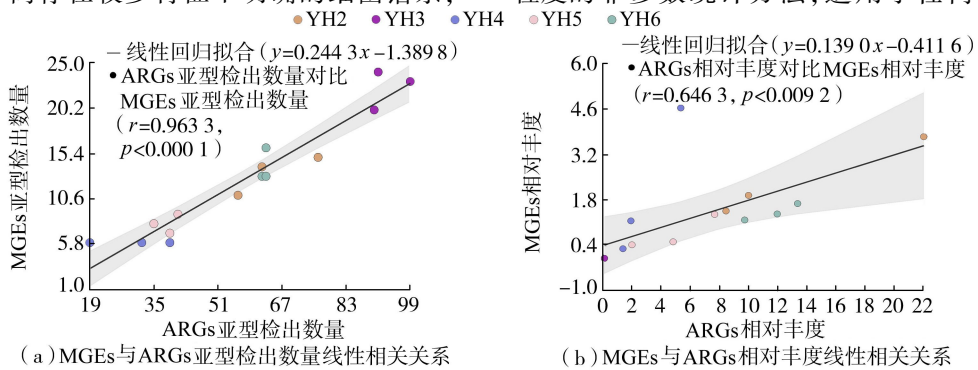


图 5 袁河水体中 ARGs 与 MGEs 检出数量与相对丰度线性相关关系

Fig. 5 Linear correlation between number and relative abundance of detected ARGs and MGEs in water samples collected from the Yuan River

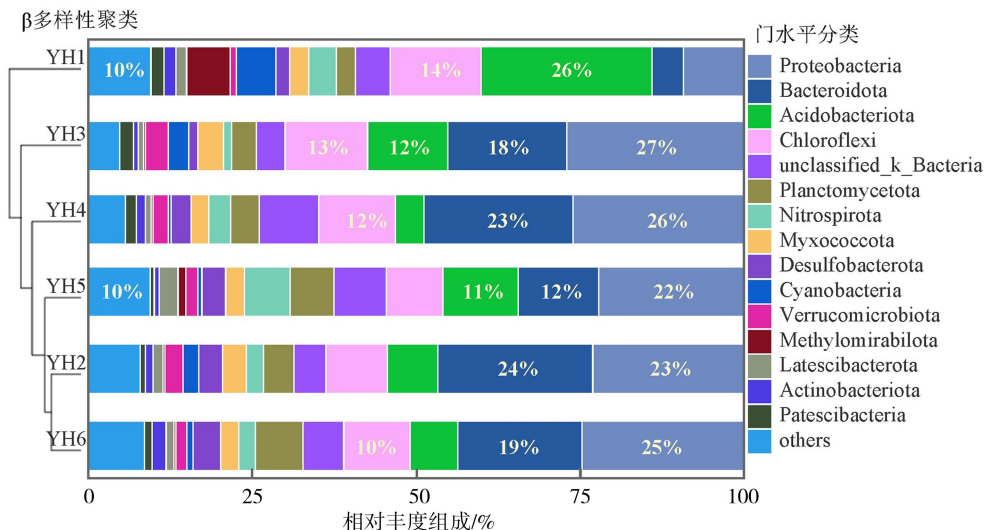


图 6 袁河水体细菌群落  $\beta$  多样性聚类分析(门水平)

Fig. 6 Cluster analysis of  $\beta$ -diversity of bacterial communities in the Yuan River (phylum level)

其细菌分类研究有待进一步探索。不同采样点菌门所占比例存在差异, 根据  $\beta$  多样性聚类分析(图 6)将 6 个采样点分成 3 类, 第一类为 YH1, 主要为河口河段, 以酸杆菌门为主要优势菌群, 该门成员具有高代谢多样性、在不同生态系统间跨殖民能力强的特点<sup>[40]</sup>, 能够在受干扰后成为微生物群落的主要组成部分<sup>[41]</sup>; 第二类为 YH3, 主要存在于靠近城市河段, 以变形菌门为主要优势菌群, 变形菌门在城市污水系统中广泛存在, 亦是 ARGs 的主要潜在宿主<sup>[42]</sup>; 第三类为 YH2、YH4、YH5 和 YH6, 主要存在于乡村河段及沿途湖泊(水库), 微生物群落组成相似性高, 主要优势菌群为变形菌门和拟杆菌门, 二者在淡水环境中均较为常见<sup>[43]</sup>, 尤其是在一些富营养化水体中占主导<sup>[44-45]</sup>。其中, 拟杆菌门还在巢湖表层水环境中被发现与多种 ARGs(如多重耐药类、氨基糖苷类)存在显著关联<sup>[43]</sup>。

## 2.3 袁河水体环境因子与 ARGs、MGEs 的关系

Mantel 检验是一种用于检验两个矩阵之间关联程度的非参数统计方法, 适用于任何可以表示为

2个距离矩阵形式的数据集,对原始数据的类型和分布形式没有要求<sup>[46]</sup>。通过置换检验(permutation test)评估两个距离矩阵之间的整体相关性。Mantel检验天然适合多变量、非正态分布的数据集,并能明确拒绝“伪相关”假说。采用Mantel检验法探究袁河水体各环境因子与ARGs、MGEs之间的相关性,如图7所示(左侧相关性热图中颜色方块越深、颜色矩形面积越大代表相关性系数的绝对值越大;\*代表 $p < 0.05$ ,\*\*代表 $p < 0.01$ ,\*\*\*代表 $p < 0.001$ ,无星号代表 $p > 0.05$ )。右侧网络图中连线的宽度表示相关性绝对值(Mantel's  $r$ )的大小,连线颜色表示 $p$ 值(Mantel's  $p$ )的范围,线型(实线或虚线)表示相关系数的正负,图中仅显示相关性绝对值(Mantel's  $r$ )大于0.4的连线)。

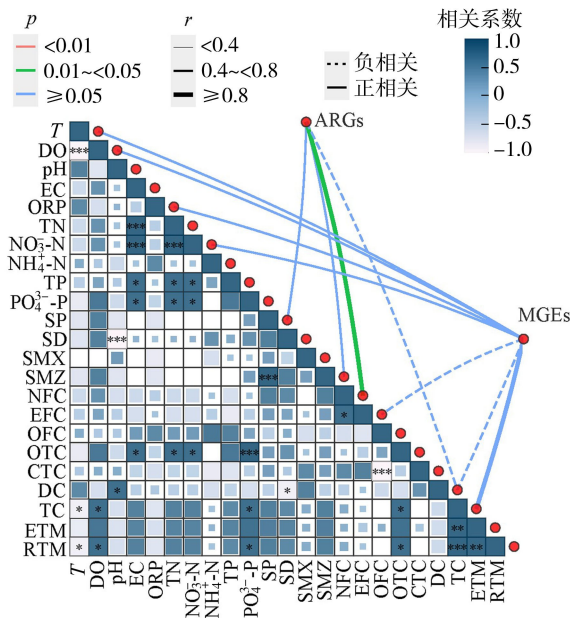


图7 袁河水体环境因子与ARGs、MGEs的Mantel检验分析

Fig.7 Mantel test between environmental factors, ARGs and MGEs in the Yuan River

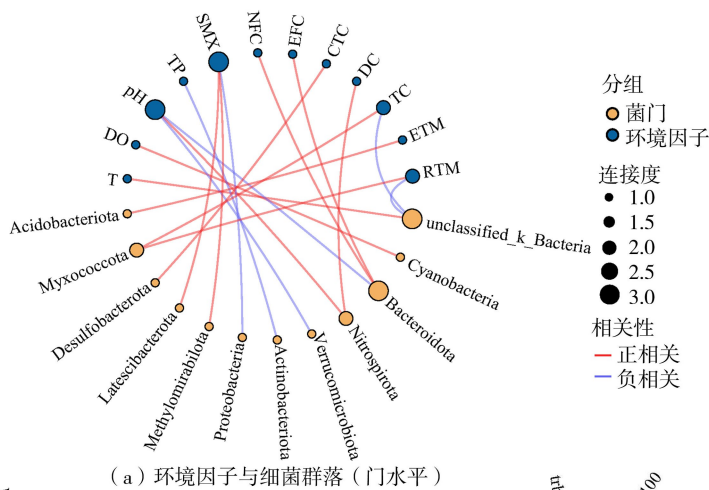
可见,不同水体理化指标之间存在显著的相关关系,如pH与DC之间显著正相关( $p < 0.05$ ),这可能与在较高pH条件下抗生素的阴离子与沉积物(带负电荷)产生静电排斥作用<sup>[47]</sup>,使其不易被河流中沉积物吸附有关<sup>[48]</sup>;TN、NO<sub>3</sub>-N含量分别与TP、PO<sub>4</sub><sup>3-</sup>-P显著正相关( $p < 0.05$ ),TN、NO<sub>3</sub>-N、PO<sub>4</sub><sup>3-</sup>-P含量均与OTC显著正相关( $p < 0.05$ ),PO<sub>4</sub><sup>3-</sup>-P含量还与TC、RTM显著正相关( $p < 0.05$ );同类抗生素(如SAs(SP与SMX之间)、TCs(OTC与TC之间)、FQs(NFC与EFC之间)、MLs(ETM与RTM之间))及不同类抗生素(如TCs(TC、OTC)与MLs(ETM、RTM)之间)显著正相关( $p < 0.05$ )。此外,仅发现袁河水体中ARGs与个别环境因子(如NFC)之间存在

显著正相关( $p < 0.05$ ,  $r = 0.83$ ),MGEs与各环境因子之间未发现显著相关性( $p > 0.05$ )。

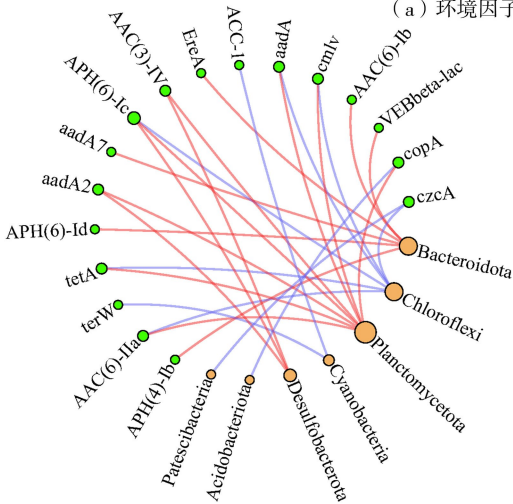
## 2.4 袁河水体细菌群落与环境因素、ARGs、MGEs之间的关系

为进一步探究环境因子与细菌群落(门水平)、细菌群落(门水平)与ARGs亚型之间、细菌群落(门水平)与MGEs亚型之间的关系,分别对相对丰度前15位的菌门与袁河地表水中理化指标(含抗生素)和相对丰度前30位的ARGs、MEGs亚型进行相关性分析,如图8所示(采用Spearman相关性分析,计算不同变量之间的相关系数,仅展示相关系数 $|r| > 0.8$ 且 $p < 0.05$ 的变量;点表示变量,不同颜色的点表示不同分组,点的大小与连接度相关,即点越大连接度越大,与其连接点个数越多;线条的粗细代表相关系数绝对值的大小,即线条越粗,相关性越大)。

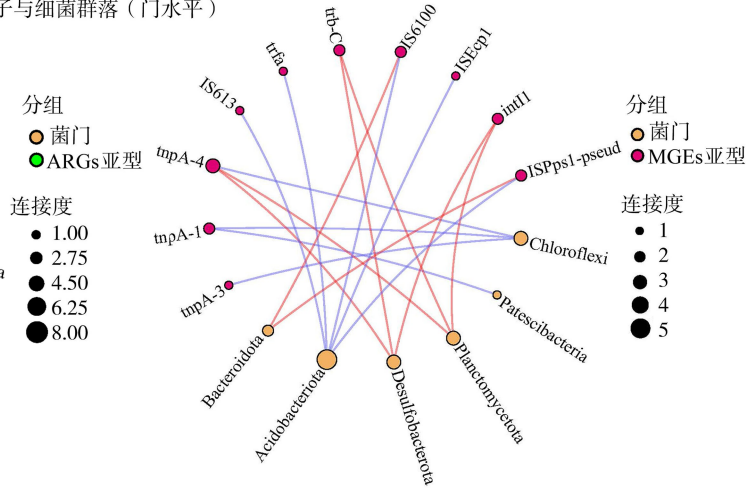
可见,环境因子与多数优势菌群之间存在显著的相关关系( $p < 0.05$ )(图8(a))。其中,T、DO分别与unclassified\_k\_Bacteria、Cyanobacteria(蓝细菌门)显著正相关;pH与Nitrospirota(硝化螺旋菌门)显著正相关,但与Bacteroidota(拟杆菌门)、Verrucomicrobiota(疣微菌门)显著负相关;TP则与Actinobacteriota(放线菌门)呈显著负相关关系。T、DO、pH及营养状况(TN、TP)等环境因子能显著影响微生物群落结构<sup>[49-50]</sup>,袁河水温为( $23.8 \pm 1.8$ ) $^{\circ}\text{C}$ ,处于22~25 $^{\circ}\text{C}$ 范围内,有利于大多数细菌群落的生长,且在适宜范围内水温与优势细菌间往往呈正相关关系<sup>[51]</sup>;Cyanobacteria是进行近似于植物有氧光合作用的一类原核生物,当水体未出现蓝藻暴发时,Cyanobacteria的产氧性光合作用可能使水体中的DO含量有所增加;不同菌门对pH的响应有所不同,Nitrospirota(硝化螺旋菌门)具有多种代谢功能(如无机硫化物歧化、亚硝酸盐氧化等),在水体氮、硫元素循环中发挥了重要作用。江昊飞等<sup>[52]</sup>研究表明,pH的降低会导致Nitrospirota的相对含量下降,从而降低其硝化作用的活性,与本文pH与Nitrospirota显著正相关的规律相符;Bacteroidota、Verrucomicrobiota(疣微菌门)是人和动物肠道微生物组中重要菌门<sup>[53]</sup>,二者均可降解有机物产生如乙酸、丙酸等短链脂肪酸<sup>[54-55]</sup>,因此表现出与pH之间的负相关关系。此外,Bacteroidota种类众多、适应能力强且在肠道中丰度占比高,能接受同属或不同属间耐药基因(如tetQ、ermB)的水平转移<sup>[56]</sup>,成为耐药基因的储存库<sup>[57]</sup>;Actinobacteriota是驱动水体污染物净化的主要微生物之一<sup>[58]</sup>,在生物生态耦合污水处理系统中与TP去除率显著正相



(a) 环境因子与细菌群落 (门水平)



(b) 细菌群落 (门水平) 与 ARGs 亚型



(c) 细菌群落 (门水平) 与 MGEs 亚型

图 8 袁河水体关联网络图

Fig. 8 Correlation network diagram of water samples from the Yuan River

关<sup>[59]</sup>, 对水体磷污染净化具有重要作用。

各优势菌门与不同种类抗生素之间呈强烈正相关关系 ( $p < 0.05$ ), 如 *Methyloimrabilota*、*Latescibacterota* 与 SMX, *Bacteroidota* 与 NFC、EFC, *Nitrospirota* 与 DC, *Desulfobacterota* (脱硫杆菌门) 与 CTC, *Myxocococota* (黏菌门) 与 TC、RTM, *Acidobacteriota* (酸杆菌门) 与 ETM (图 8(a)), 表明这些优势菌门对相应抗生素的耐受程度较高。值得注意的是, 主要优势菌群与 ARGs、MGEs 之间亦存在显著相关关系 ( $p < 0.05$ ) (图 8(b)(c)), *Planctomycetota* (浮酶菌门)、*Bacteroidota* 和 *Desulfobacterota* 对于袁河水体抗生素抗性产生至关重要。其中, *Planctomycetota* 与 ARGs、MGEs 之间的连接度均最高, 表现为与氨基糖苷类 (*aadA*、*aadA2*、*AAC(3)-IV*、*APH(6)-Ic*、*AAC(6)-IIa*)、多重耐药类 (*copA*)、氯霉素类 (*cmlv*)、四环素类 (*tetA*) 等多种 ARGs 亚型之间以及与 *tnpA-4* (转座子)、*trb-C* (质粒)、*intI1* (整合子) 等 MGEs 之间的显著正相关关系; *Bacteroidota* 与  $\beta$ -内酰胺类 (*VEB beta-lac*)、氨基糖苷类 (*aadA7*、*APH(6)-Id*、*APH(4)-Ib*、*AAC(6)-*

*Ib*)、*EreA* (MLSB 类)、*IS6100* (插入序列)、*ISPps1-pseud* (插入子) 之间均显著正相关; *Desulfobacterota* 与氨基糖苷类 (*aadA2*、*AAC(3)-IV*、*APH(6)-Ic*)、*tnpA-4*、*trb-C*、*intI1* 等均显著正相关 ( $p < 0.05$ )。

采用共现网络分析揭示前 50 位 ARGs 亚型和前 50 位 OTUs 之间的共现模式 (图 9, 圆形节点表示 ARGs 亚型与 OTUs, 节点越大表示与其连接的点数量越多; 节点间的连线表示 Spearman 相关系数  $|r| > 0.7$  且经 Benjamini-Hochberg 校正后  $p < 0.05$ ), 进一步探究二者之间的共生关系。

可见, 网络中节点有 65 个, 边线 105 个 (其中正相关的边 98 个), 共现网络模块化指数为 0.813, 表明菌群与 ARGs 间共发生模式的模块化程度较高, 且大多为显著正相关性, 可为 ARGs 提供潜在宿主信息<sup>[60]</sup>。5 种细菌与 14 个 ARGs 亚型间存在紧密共存关系, 如 OTU46 (*unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17*, 拟杆菌门)、OTU12 (*unclassified\_o\_Vicinamibacterales*, 酸杆菌门) 与 *AAC(6)-IIa*、*aadA* (氨基糖苷类)、*tetA* (四环素类)、*cmlv* (氯霉素类)、*sul1* (磺胺类)、*oleC* (MLSB 类)、*OXY1-1* ( $\beta$ -内酰胺

- Proteobacteria
- Bacteroidota
- Acidobacteriota
- Chloroflexi
- Nitrospirota
- Desulfobacterota
- Myxococcota
- 氨基糖苷类
- 氟喹诺酮类
- 多重耐药类
- 四环素类
- MLSB类
- β-内酰胺类
- 氯霉素类
- 磺胺类
- 二氨基嘧啶类
- 肽类

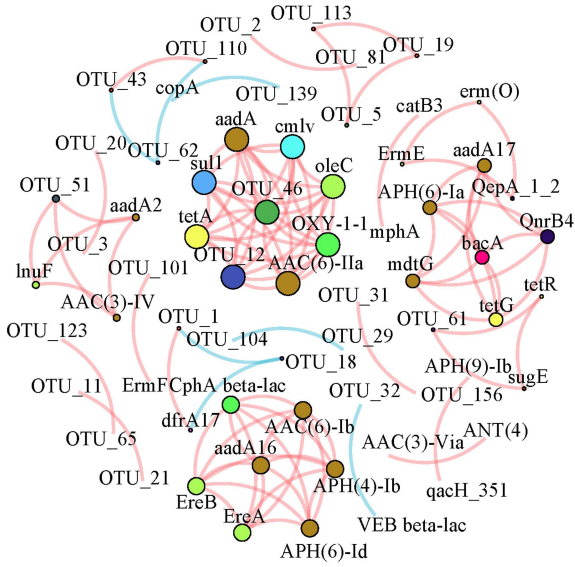


图9 前50位 ARGs 亚型和前50位 OTUs 之间的共现网络分析

Fig. 9 Co-occurrence network analysis between top 50 ARGs subtypes and top 50 OTUs

类)均强烈正相关( $p < 0.05$ ); OTU51 (*unclassified\_g\_Geothermobacter*, 脱硫杆菌门)与 *aadA2*、*AAC(3)-IV* (氨基糖苷类)、*lnuF* (MLSB类)均强烈正相关( $p < 0.05$ ); OTU61 (*unclassified\_g\_Anaeromyxobacter*, 黏菌门)与 *tetR* (四环素类)、*sugE* (多重耐药类)均强烈正相关( $p < 0.05$ ); OTU101 (*Anaerolineae\_bacterium\_UTCFX1*, 绿弯菌门)则分别与 *copA* (多重耐药类)、*ErmF* (MLSB类)强烈正相关( $p < 0.05$ )。在该5种细菌中, *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* 和 *unclassified\_o\_Vicinamibacteriales* 在袁河水体中相对丰度较高,也是流域检测到的 ARGs 最重要的潜在宿主。其中, *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* 是一种发酵菌属,与厌氧硝化和甲烷等产生有关<sup>[61]</sup>, Wei等<sup>[62]</sup>研究表明,污水管道中在重金属(Zn、Cu)共同和交叉抗性压力下, *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* 能够成为多重耐药类(*copA*, *HMRGs*)、磺胺类(*sul2*)、四环素类(*tetM*)、MLSB类(*czcD*)等多种抗性基因的主要潜在宿主之一,与本文研究结果类似。*unclassified\_o\_Vicinamibacteriales* 属严格厌氧微生物,广泛分布于河滩砂质土壤、稻田<sup>[63]</sup>和沉积物<sup>[64]</sup>中,目前尚未见其与 ARGs 之间的关系研究,但已有研究表明其对于重金属环境耐受性高,对矿区高污染环境适应能力强<sup>[65]</sup>。

### 3 讨论

袁河水体主要受 SMX 和 RTM 污染影响。其中, SMX 是在全球超 1000 处地表水监测点中检出率最高的抗生素种类<sup>[66]</sup>, 本文 SMX 的高检出率和检出浓度与李佳乐等<sup>[27]</sup>的研究结果相一致, 检出浓度(平均检出质量浓度 12.14 ng/L)又与同年锦江质量流域的研究结果(12.58 ng/L)<sup>[32]</sup>较为相近, 表明 SMX 是袁河流域地表水中长期存在的最主要抗生素种类。SMX 主要用于畜禽养殖业, 因强大的水溶性、不易水解或被生物降解, 从而广泛存在于水环境中<sup>[67]</sup>。与涪江(163.15 ng/L, 丰水期)<sup>[68]</sup>、辽河(84.90 ng/L)<sup>[69]</sup>、南渡江(65.03 ng/L)<sup>[70]</sup>、钱塘江(杭州段)(3.60 ng/L)<sup>[71]</sup>、长江(武汉段)(3.17 ng/L)<sup>[18]</sup>、大嵩江(1.22 ng/L)<sup>[72]</sup>等水体相比, 袁河 SMX 总体处于中等偏下水平; 而 RTM 的检出质量浓度(11.93 ng/L)则与同年王萌<sup>[29]</sup>的研究结果(33.92 ng/L)处于同一量级, 与同时期锦江流域的最大检出质量浓度较接近(10.83 ng/L)<sup>[32]</sup>。

RTM 是一类人兽共用的大环内酯类抗生素<sup>[73]</sup>, 可作用于革兰氏阴性菌、厌氧菌、衣原体和支原体, 广泛用于治疗人禽呼吸道、尿道和软组织感染等疾病, 其迁移能力强、可生化性较差<sup>[74]</sup>, 常在城市污水处理厂尾水中检出, 且检出浓度整体偏高<sup>[32, 75]</sup>, 因而推测袁河水体中 SMX 和 RTM 主要受生活污水和畜禽养殖共同来源的影响。抗生素的地理分布模式与流经地区的社会因素、环境条件等密切相关。袁河与锦江同为赣江一级支流, 二者所在地理位置与流经地区紧密相邻, 因而主要检出抗生素种类与浓度水平具有相似性。此外, 河流接受来自多种污染源的污染物输入, 表现出高度复杂性, 自河源至河口浓度多呈上升趋势<sup>[76]</sup>。本文袁河水体抗生素总质量浓度和 ARGs 总相对丰度基本表现为下游地区大于上游地区, 与长江(武汉段)的分布模式类似<sup>[18]</sup>。但水流的稀释效应可能会使污染源下游短距离内 ARGs 丰度迅速下降, 如位于城市下游河段 2 km 内的 YH3; 额外的源和汇又能显著影响 ARGs 动态<sup>[77]</sup>, 如 Xu 等<sup>[78]</sup>在对北京城市河流的研究中, 发现点源释放在 ARGs 分布中起到重要作用; 采样点 YH2 的监测结果也表明了来自支流的 ARGs 输入值得引起注意。

袁河水体中 ARGs 亚型检出数量(159种)低于锦江(277种)<sup>[32]</sup>、太湖(235种)<sup>[79]</sup>, 稍高于敖江(城市下游段)(129种)<sup>[80]</sup>、巢湖(146种)<sup>[43]</sup>等天然水域, 整体处于中等水平。值得注意的是, *AAC(3)-Via* (氨基糖苷类)、*aadA2* (氨基糖苷类)、*sul1*

(磺胺类)、*czcA* (多重耐药类, HMRGs) 等 ARGs 亚型在袁河流域水体中广泛存在, 表现出重金属抗性与抗生素抗性的交叉关联。其中, *sul1* 广泛存在于河流自然环境中<sup>[81]</sup>, *AAC(3)-Via* 和 *aadA2* 分别为氨基糖苷类乙酰转移酶和核苷酸转移酶基因, 可通过 N-乙酰化或 O-腺苷化修饰氨基糖苷类化合物上特定位置的活性基团钝化氨基糖苷类抗生素, 在氨基糖苷类抗生素的耐药过程中发挥极大作用<sup>[82]</sup>; *czcA* 作为重金属镉抗性基因, 是存在于重金属抗性质粒 (pMOL30) 上的质子反向运输泵的核心<sup>[83]</sup>, 起到  $\text{Cd}^{2+}$ 、 $\text{Co}^{2+}$ 、 $\text{Zn}^{2+}$  等离子转运和离子通道的作用<sup>[84]</sup>, pMOL30 质粒同时还参与抗生素的外排, 从而产生抗生素抗性<sup>[85]</sup>。

环境中 ARGs 的赋存与传播受微生物群落、多种环境因素间相互作用的综合影响<sup>[86]</sup>, 其中环境因素受外界条件作用复杂多变, 与 ARGs 的赋存与传播存在较强联系<sup>[87]</sup>。例如 Chen 等<sup>[88]</sup> 研究表明, 长江口河口 ARGs 的空间变化与 *T*、pH 及化学污染物 (如抗生素、重金属残留物等) 呈正相关关系。本文部分抗生素与水体氮、磷污染物显著正相关, 环境因子 (如 SMX、NFC、EFC、TC、RTM) 与多数优势菌群间亦存在显著正相关关系, 共同表明袁河水体中氮、磷污染与抗生素污染伴随发生, 这与其存在共同污染来源有关, 因而亦有研究将 TN 作为水样中抗生素总浓度的最佳预测因素<sup>[76]</sup>。除个别环境因子外, 袁河 ARGs 和 MGEs 受大多数环境因子的直接作用并不显著, 这与邢月等<sup>[89]</sup> 的研究结果类似。但本文研究发现, 环境因子 (如 *T*、DO、pH、TP、SMX、NFC、EFC、DC、CTC、TC、RTM、ETM 等) 可通过影响优势菌群结构间接影响 ARGs 的分布, Planctomycetota、Bacteroidota 和 Desulfobacterota 等微生物菌群可通过转座子、质粒、整合子、插入子 (插入序列) 等 MGEs 介导的菌群间水平基因转移, 加速水相环境中 ARGs 的传播。从菌种水平上看, *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* 和 *unclassified\_o\_Vicinamibacterales* 是在袁河流域检测到的 ARGs 最重要的潜在宿主菌种, 其耐污能力强, 易产生多重抗性, 需引起重视。

## 4 结 语

本文研究了袁河流域的地表水理化性质、抗生素和抗性基因的分布特征, 探究了环境因子、抗生素抗性基因 (ARGs)、可移动遗传元件 (MGEs) 和微生物群落 (门、OUT 水平) 之间的相关关系, 发现袁河水体主要受 SMX、RTM 和多重耐药类抗性基因 (*mdtG*) 污染, *AAC(3)-Via* (氨基糖苷类)、*aadA2* (氨

基糖苷类)、*sul1* (磺胺类)、*czcA* (多重耐药类) 等 ARGs 在袁河流域水体中广泛存在, 抗生素总质量浓度和 ARGs 总相对丰度在下游地区高于上游地区。不同区域优势菌门的分布存在差异, 环境因子 (如 *T*、DO、pH、TP、SMX、NFC、EFC、DC、CTC、TC、RTM、ETM 等) 可通过影响优势菌群结构间接影响 ARGs 的分布。值得注意的是, *unclassified\_f\_Bacteroidetes\_vadinHA17* 和 *unclassified\_o\_Vicinamibacterales* 是袁河流域中与多种 ARGs 密切相关的潜在宿主菌种。

本次调查受单次瞬时、单一介质 (地表水) 采样局限, 所揭示的水体水质、抗生素、ARGs 污染特征、微生物群落组成及其相关关系可能存在偶然性偏差, 在后续研究中将通过多批次、多介质采样验证以排除随机误差, 进一步系统解析季节性变化对 ARGs 传播的影响以及在多介质环境中的 ARGs 归趋机制。

## 参考文献:

- [1] Pruden A, Pei R, Storteboom H, et al. Antibiotic resistance genes as emerging contaminants: studies in northern Colorado [J]. *Environmental Science & Technology*, 2006, 40(23): 7445-7450.
- [2] D'Costa V M, King C E, Kalan L, et al. Antibiotic resistance is ancient [J]. *Nature*, 2011, 477(7365): 457-461.
- [3] Allen H K, Moe L A, Rodbumrer J, et al. Functional metagenomics reveals diverse beta-lactamases in a remote Alaskan soil [J]. *ISME Journal*, 2009, 3: 243-251.
- [4] Zhang Jingjing, Chen Juan, Wang Chao, et al. Distribution characteristics and controlling factors of typical antibiotics and antibiotic resistance genes in river networks in western area of Wangyu River, China [J]. *Water Science and Engineering*, 2022, 15(4): 318-327.
- [5] 苏建强, 黄福义, 朱永官. 环境抗生素抗性基因研究进展 [J]. *生物多样性*, 2013, 21(4): 481-487. (Su Jianqiang, Huang Fuyi, Zhu Yongguan. Antibiotic resistance genes in the environment [J]. *Biodiversity Science*, 2013, 21(4): 481-487. (in Chinese))
- [6] Cheng Dongle, Ngo H H, Guo Wenshan, et al. Contribution of antibiotics to the fate of antibiotic resistance genes in anaerobic treatment processes of swine wastewater: a review [J]. *Bioresource Technology*, 2020, 299: 122654.
- [7] Vats P, Kaur U J, Rishi P. Heavy metal-induced selection and proliferation of antibiotic resistance: a review [J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2022, 132(6): 4058-4076.
- [8] Gao Fangzhou, Hu Lixin, Liu Yousheng, et al. Unveiling the prevalence of metal resistance genes and their

- associations with antibiotic resistance genes in heavy metal-contaminated rivers [ J ]. *Water Research*, 2025, 281:123699.
- [ 9 ] Lu Xiaoming, Lu Pengzhen. Seasonal variations in antibiotic resistance genes in estuarine sediments and the driving mechanisms [ J ]. *Journal of Hazardous Materials*, 2020, 383:121164.
- [ 10 ] 吕露,张梦露,王春明,等. 3 种典型消毒副产物对细菌抗生素抗性的影响 [ J ]. *环境科学*, 2015, 36 ( 7 ): 2525-2531. ( Lyu Lu, Zhang Menglu, Wang Chunming, et al. Effect of three typical disinfection byproducts on bacterial antibiotic resistance [ J ]. *Environmental Science*, 2015, 36 ( 7 ): 2525-2531. ( in Chinese ) )
- [ 11 ] Wright G D. Antibiotic resistance in the environment; a link to the clinic? [ J ]. *Current Opinion in Microbiology*, 2010, 13 ( 5 ): 589-594.
- [ 12 ] 侯俊,刘佳林,潘正国,等. 改性植物单宁絮凝剂对污水中抗生素抗性基因的去除效果 [ J ]. *水资源保护*, 2023, 39 ( 2 ): 244-251. ( Hou Jun, Liu Jialin, Pan Zhengguo, et al. Removal effect of modified plant tannin flocculant on antibiotic resistance genes in sewage [ J ]. *Water Resources Protection*, 2023, 39 ( 2 ): 244-251. ( in Chinese ) )
- [ 13 ] Alonso A, Sanchez P, Martinez J L. Environmental selection of antibiotic resistance genes [ J ]. *Environmental Microbiology*, 2001, 3 ( 1 ): 1-9.
- [ 14 ] Shao Sicheng, Hu Yongyou, Cheng Jianhua, et al. Research progress on distribution, migration, transformation of antibiotics and antibiotic resistance genes ( ARGs ) in aquatic environment [ J ]. *Critical Reviews in Biotechnology*, 2018, 38 ( 8 ): 1195-1208.
- [ 15 ] 何燕. 嘉陵江流域抗生素抗性基因的分布特征和传播机制探究 [ D ]. 南充: 西华师范大学, 2020.
- [ 16 ] Zhao Chen, Li Chenyu, Wang Xiaoming, et al. Monitoring and evaluation of antibiotic resistance genes in three rivers in northeast China [ J ]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2022, 29 ( 29 ): 44148-44161.
- [ 17 ] Jiang Lei, Hu Xialin, Xu Ting, et al. Prevalence of antibiotic resistance genes and their relationship with antibiotics in the Huangpu River and the drinking water sources, Shanghai, China [ J ]. *Science of the Total Environment*, 2013, 458-460:267-272.
- [ 18 ] 李柏林,张贺,王俊,等. 长江武汉段水源典型抗生素及抗性基因污染特征与生态风险评估 [ J ]. *环境科学*, 2023, 44 ( 4 ): 2032-2039. ( Li Bolin, Zhang He, Wang Jun, et al. Pollution characteristics and risk assessment of antibiotics and resistance genes in different water sources in the Wuhan Section of the Yangtze River [ J ]. *Environmental Science*, 2023, 44 ( 4 ): 2032-2039. ( in Chinese ) )
- [ 19 ] Su Sicong, Li Chenyu, Yang Jiping, et al. Distribution of antibiotic resistance genes in three different natural water bodies: a lake, river and sea [ J ]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2020, 17 ( 2 ): 552.
- [ 20 ] 刘森. 鄱阳湖周边水体抗生素抗性基因与细菌群落相关性及其潜在宿主分析 [ D ]. 南昌: 东华理工大学, 2023.
- [ 21 ] Stoll C, Sidhu J P, Tiehm A, et al. Prevalence of clinically relevant antibiotic resistance genes in surface water samples collected from Germany and Australia [ J ]. *Environmental Science & Technology*, 2012, 46 ( 17 ): 9716-9726.
- [ 22 ] Zhu Congmin, Wu Linwei, Ning Daliang, et al. Global diversity and distribution of antibiotic resistance genes in human wastewater treatment systems [ J ]. *Nature Communications*, 2025, 16 ( 1 ): 4006.
- [ 23 ] Liang Hebin, Huang Jin, Tao Yi, et al. Investigating the antibiotic resistance genes and their potential risks in the megacity water environment: a case study of Shenzhen Bay Basin, China [ J ]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 465:133536.
- [ 24 ] 李轶,胡童,王琳琼,等. 环丙沙星和铜复合污染下河流底质微生物群落与抗生素抗性基因的交互关系 [ J ]. *河海大学学报 ( 自然科学版)*, 2022, 50 ( 6 ): 75-84. ( Li Yi, Hu Tong, Wang Linqiong, et al. Interaction relationship between microbial communities and antibiotic resistance genes under ciprofloxacin and copper co-contamination in river sediments [ J ]. *Journal of Hohai University ( Natural Sciences)*, 2022, 50 ( 6 ): 75-84. ( in Chinese ) )
- [ 25 ] Wang Fenghua, Qiao Min, Su Jianqiang, 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.
- [ 26 ] 黄益平,王鹏,徐启渝,等. 袁河流域土地利用方式对河流水体碳、氮、磷的影响 [ J ]. *环境科学研究*, 2021, 34 ( 9 ): 2132-2142. ( Huang Yiping, Wang Peng, Xu Qiyu, et al. Influence of land use on carbon, nitrogen and phosphorus in water of Yuan River Basin [ J ]. *Research of Environmental Sciences*, 2021, 34 ( 9 ): 2132-2142. ( in Chinese ) )
- [ 27 ] 李佳乐,王瑶,董一慧,等. 鄱阳湖流域袁河水体典型抗生素分布特征及生态风险评估 [ J ]. *生态毒理学报*, 2022, 17 ( 4 ): 563-574. ( Li Jiale, Wang Yao, Dong Yihui, et al. Distribution characteristics and ecological risk assessment of typical antibiotics in Yuanhe River of Poyang Lake Basin [ J ]. *Asian Journal of Ecotoxicology*, 2022, 17 ( 4 ): 563-574. ( in Chinese ) )
- [ 28 ] 罗玮,郑芳文,陈家奇,等. 袁河流域河湖水体氮磷特征及污染源识别 [ J ]. *南昌工程学院学报*, 2024, 43 ( 6 ): 18-26. ( Lou Wei, Zheng Fangwen, Chen Jiaqi, et al. Characteristics of nitrogen and phosphorus in river and

- lake along Yuanhe River Basin and identification of their pollution sources [J]. Journal of Nanchang Institute of Technology, 2024, 43(6): 18-26. (in Chinese))
- [29] 王萌. 鄱阳湖周边水体典型抗生素检测、分布与生态风险评估[D]. 南昌: 东华理工大学, 2023.
- [30] 华芳. 锦江-恒河流域典型抗生素抗性基因分布及其微生物群落特征研究[D]. 南昌: 东华理工大学, 2020.
- [31] 江西水文局. 江西水系[M]. 武汉: 长江出版社, 2006.
- [32] 楼倩, 韩柳, 何涛, 等. 鄱阳湖流域锦江抗生素和抗性基因的赋存特征、时空分布及来源分析[J]. 生态毒理学报, 2025, 20(3): 233-252. (Lou Qian, Han Liu, He Tao, et al. Antibiotics and antibiotic resistance genes in Jinjiang River of Poyang Lake Basin: occurrence, spatio-temporal distribution and source analysis [J]. Asian Journal of Ecotoxicology, 2025, 20(3): 233-252. (in Chinese))
- [33] 宋焕杰, 谢卫民, 王俊, 等. SPE-UPLC-MS/MS 同时测定水环境中 4 大类 15 种抗生素[J]. 分析试验室, 2022, 41(1): 50-54. (Song Huanjie, Xie Weimin, Wang Jun, et al. Simultaneous determination of 15 antibiotics in 4 categories in water environment by SPE-UPLC-MS/MS [J]. Chinese Journal of Analysis Laboratory, 2022, 41(1): 50-54. (in Chinese))
- [34] Ding Huijun, Qiao Min, Zhong Jiayou, et al. Characterization of antibiotic resistance genes and bacterial community in selected municipal and industrial sewage treatment plants beside Poyang Lake [J]. Water Research, 2020, 174: 115603.
- [35] 国家环境保护总局水和废水监测分析方法编委会. 水和废水监测分析方法[M]. 4 版. 北京: 中国环境科学出版社, 2002.
- [36] Zhang Anni, Gaston J M, Dai Chengzhen, et al. An omics-based framework for assessing the health risk of antimicrobial resistance genes [J]. Nature Communications, 2021, 12(1): 4765.
- [37] Zheng Ji, Zhou Zhenchao, Wei Yuanyuan, et al. High-throughput profiling of seasonal variations of antibiotic resistance gene transport in a peri-urban river [J]. Environmental International, 2018, 5: 87-94.
- [38] Wang Sai, Nie Wenhan, Gu Qing, et al. Spread of antibiotic resistance genes in drinking water reservoirs: insights from a deep metagenomic study using a curated database [J]. Water Research, 2024, 256: 121572.
- [39] 刘淑涵, 宋林旭, 罗丽娜, 等. 三峡水库香溪河沉积物微生物群落时空分布特征[J]. 湖泊科学, 2025, 37(5): 1733-1743. (Liu Shuhan, Song Linxu, Luo Lina, et al. Spatial and temporal distribution of sediment microbial communities in Xiangxi River of Three Gorges Reservoir [J]. Journal of Lake Sciences, 2025, 37(5): 1733-1743. (in Chinese))
- [40] Kristensen J M, Singleton C, Clegg L A, et al. High diversity and functional potential of undescribed “Acidobacteriota” in Danish wastewater treatment plants [J]. Frontiers in Microbiology, 2021, 12: 643950.
- [41] McReynolds E, Elshahed M S, Youssef N H. An ecological-evolutionary perspective on the genomic diversity and habitat preferences of the *Acidobacteriota* [J]. Microbial Genomics, 2025, 11(1): 001344.
- [42] Dong Qian, Sun Bo, Liu Yanchen, et al. Sewerage surveillance tracking characteristics of human antibiotic resistance genes in sewer system [J]. Science of Total Environment, 2024, 952: 175850.
- [43] 孙钰钰, 吴海欣, 刘桂建, 等. 巢湖表层水环境抗生素抗性基因与微生物群落分布特征[J]. 环境科学, 2025, 46(9): 5650-5658. (Sun Yuyu, Wu Haixin, Liu Guijian, et al. Distribution characteristics of antibiotic resistance genes and microbial communities in the surface water environment of Chaohu Lake [J]. Environmental Science, 2025, 46(9): 5650-5658. (in Chinese))
- [44] Bondarczuk K, Piotrowska-Seget Z. Microbial diversity and antibiotic resistance in a final effluent-receiving lake [J]. Science of the Total Environment, 2019, 650: 2951-2961.
- [45] Yanez-Montalvo A, Aguila B, Gómez-Acata E S, et al. Shifts in water column microbial composition associated to lakes with different trophic conditions: “Lagunas de Montebello” National Park, Chiapas, México [J]. PeerJ, 2022, 10: e13999.
- [46] 徐敖, 张雨曦, 董洁, 等. 基于 Mantel 检验的大肠埃希菌耐药率相关性可视化分析[J]. 中国现代应用药学, 2025, 42(15): 2690-2697. (Xu Ao, Zhang Yuxi, Dong Jie, et al. Visual analysis of correlation between bacterial resistance rate of *Escherichia Coli* based on Mantel test [J]. Chinese Journal of Modern Applied Pharmacy, 2025, 42(15): 2690-2697. (in Chinese))
- [47] 剧泽佳, 付雨, 赵鑫宇, 等. 喹诺酮类抗生素在城市典型水环境中的分配系数及其主要环境影响因子[J]. 环境科学, 2022, 43(9): 4543-4555. (Ju Zejia, Fu Yu, Zhao Xinyu, et al. Distribution coefficient of QNs in urban typical water and its main environmental influencing factors [J]. Environmental Science, 2022, 43(9): 4543-4555. (in Chinese))
- [48] Zhang Zheyun, Sun Ke, Gao Bo, et al. Adsorption of tetracycline on soil and sediment: effects of pH and the presence of Cu(II) [J]. Journal of Hazardous Materials, 2011, 190(1-3): 856-862.
- [49] 李玉华, 许其功, 赵越, 等. 松花湖水体中不同空间分布的细菌群落结构分析[J]. 农业环境科学学报, 2013, 32(4): 764-770. (Li Yuhua, Xu Qigong, Zhao Yue, et al. Bacterial community structure in different spatial distribution of Songhua Lake [J]. Journal of Agro-Environment Science, 2013, 32(4): 764-770. (in Chinese))
- [50] Feng Jie, Zhou Letian, Zhao Xiaochao, et al. Evaluation of

- environmental factors and microbial community structure in an important drinking-water reservoir across seasons [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2023, 14: 1091818.
- [51] Lu Cheng, Wang Yong, Zhou Shengnan, et al. Nitrogen reducing mechanism by microporous aeration based on microbial population characteristics: water temperature factor [J]. *Environmental Technology*, 2024, 46 ( 11 ): 1828-1841.
- [52] 江昊飞,李慷,石文智,等.常用渔药及水体 pH 对生物炭填料系统硝化作用和微生物群落结构的影响[J]. *水产学报*, 2022, 46 ( 9 ): 1656-1668. ( Jiang Haofei, Li Kang, Shi Wenzhi, et al. Effects of common fishery drugs and water pH on nitrification performance and microbial community structure of biochar filler system[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2022, 46 ( 9 ): 1656-1668. ( in Chinese ) )
- [53] Wexler A G, Goodman A L. An insider's perspective: *Bacteroides* as a window into the microbiome [J]. *Nature Microbiology*, 2017, 2: 17026.
- [54] 张丹志,尹强,徐文静,等.猪粪厌氧发酵的有机酸代谢与微生物群落相关性分析 [J]. *分析化学*, 2022, 50 ( 8 ): 1260-1268. ( Zhang Danzhi, Yin Qiang, Xu Wenjing, et al. Relationship between organic acid metabolites and microbial communities during anaerobic digestion of pig manure [J]. *Chinese Journal of Analytical Chemistry*, 2022, 50(8): 1260-1268. ( in Chinese ) )
- [55] 陈颖青. 功能性便秘与排便困难婴儿肠道菌群及其代谢产物的相关研究 [D]. 苏州: 苏州大学, 2022.
- [56] Shoemaker N B, Vlamakis H, Hayes K, et al. Evidence for extensive resistance gene transfer among *Bacteroides* spp. and among *Bacteroides* and other genera in the human colon [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(2): 561-568.
- [57] Salyers A A, Gupta A, Wang Yanping. Human intestinal bacteria as reservoirs for antibiotic resistance genes [J]. *Trends in Microbiology*, 2004, 12(9): 412-416.
- [58] 徐盼盼,何培民,何文辉.人工沉床对富营养化河道净化效果及水体微生物群落的影响 [J]. *生态学杂志*, 2023, 42( 10 ): 2410-2418. ( Xu Panpan, He Peiming, He Wenhui. Effects of constructed submerged plant bed on purification effect of eutrophic river and microbial community in water body [J]. *Chinese Journal of Ecology*, 2023, 42( 10 ): 2410-2418. ( in Chinese ) )
- [59] 徐超,刘云根,杨思林,等.新型生物生态耦合工艺对生活污水的净化效果及微生物群落特征 [J]. *环境工程学报*, 2025, 19( 3 ): 578-585. ( Xu Chao, Liu Yungen, Yang Silin, et al. Performance of new bio-ecological coupling process on domestic sewage purification and its microbial community characteristics [J]. *Chinese Journal of Environmental Engineering*, 2025, 19 ( 3 ): 578-585. ( in Chinese ) )
- [60] 黄维,朱超,杨永杰,等.合肥某水源地抗生素抗性基因分布特征及驱动机制 [J]. *环境科学*, 2025, 46 ( 11 ): 6906-6916. ( Huang Wei, Zhu Chao, Yang Yongjie, et al. Distribution characteristics and driving mechanism of antibiotic resistance genes in a water source in Hefei, China [J]. *Environmental Science*, 2025, 46 ( 11 ): 6906-6916. ( in Chinese ) )
- [61] Meng Daizong, Jin Wei, Chen Keli, et al. Cohesive strength changes of sewer sediments during and after ultrasonic treatment: the significance of bound extracellular polymeric substance and microbial community [J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 723: 138029.
- [62] Wei Haodong, Wu Xin, Chen Aoxi, et al. Reserve and proliferation characteristics of antibiotic resistance genes and heavy metal resistance genes in the sewage pipe biofilm under the stress of Cu and Zn [J]. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2025, 13: 116162.
- [63] 田莹莹,郭琦,陈星儒,等.沿黄稻区土壤菌群结构与生态功能研究 [J]. *河南师范大学学报 ( 自然科学版)*, 2024, 54 ( 3 ): 139-150. ( Tian Yingying, Guo Qi, Chen Xingru, et al. Soil microbial community structure and eco-function in the rice zone along Yellow River [J]. *Journal of Henan Normal University ( Natural Science Edition)*, 2024, 54( 3 ): 139-150. ( in Chinese ) )
- [64] 黄昕洋,毛凌晨,李飞鹏.淀山湖沉积物微生物群落结构特征及影响因素 [J]. *湿地科学与管理*, 2024, 20 ( 3 ): 58-64. ( Huang Xinyang, Mao Lingchen, Li Feipeng. Microbial community structure characteristics and influencing factors in sediments of Dianshan Lake [J]. *Wetland Science & Management*, 2024, 20( 3 ): 58-64. ( in Chinese ) )
- [65] Chun S J, Kim Y J, Cui Yingchun, et al. Ecological network analysis reveals distinctive microbial modules associated with heavy metal contamination of abandoned mine soils in Korea [J]. *Environmental Pollution*, 2021, 289: 117851.
- [66] Wilkinson J L, Boxall A B A, Kolpin D W, et al. Pharmaceutical pollution of the world's rivers [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2022, 119( 8 ): e2113947119.
- [67] Dong Jianwei, Yan Dandan, Mo Kangle, et al. Antibiotics along an alpine river and in the receiving lake with a catchment dominated by grazing husbandry [J]. *Journal of Environmental Sciences ( China)*, 2022, 115: 374-382.
- [68] 焦龙,王秀丽,贺颖,等.嘉陵江流域涪江(绵阳段)表层水中抗生素的时空分布、来源解析及生态风险评估 [J]. *环境工程技术学报*, 2025, 15( 5 ): 1542-1555. ( Jiao Long, Wang Xiuli, He Ying, et al. Spatial and temporal distribution, source apportionment and ecological risk assessment of antibiotics in surface water of Fujiang River ( Mianyang Section) in Jialing River Basin [J]. *Journal of*

- Environmental Engineering Technology, 2025, 15 ( 5 ) : 1542-1555. ( in Chinese )
- [ 69 ] 张晓娇, 柏杨巍, 张远, 等. 辽河流域地表水中典型抗生素污染特征及生态风险评估 [ J ]. 环境科学, 2017, 38 ( 11 ) : 4553-4561. ( Zhang Xiaojiao, Bai Yangwei, Zhang Yuan, et al. Occurrence, distribution, and ecological risk of antibiotics in surface water in the Liaohe River Basin, China [ J ]. Environmental Science, 2017, 38 ( 11 ) : 4553-4561. ( in Chinese ) )
- [ 70 ] 黄丹瑜, 王晟, 程龙, 等. 南渡江流域抗生素污染的时空变化及多层次生态风险评估 [ J ]. 环境科学, 2026, 47 ( 3 ) : 1675-1687. ( Huang Danyu, Wang Sheng, Cheng Long, et al. Spatiotemporal variation of antibiotic pollution and multi-level ecological risk assessment in Nandu River Basin [ J ]. Environmental Science, 2026, 47 ( 3 ) : 1675-1687. ( in Chinese ) )
- [ 71 ] 叶旭红, 张宝峰, 周猛, 等. 钱塘江流域杭州段地表水中典型抗生素的分布特征及生态风险评价 [ J ]. 中国环境科学, 2024, 44 ( 6 ) : 3247-3258. ( Ye Xuhong, Zhang Baofeng, Zhou Meng, et al. Distribution characteristics and ecological risk evaluation of typical antibiotics in surface water of Hangzhou Section of the Qiantang River Basin [ J ]. China Environmental Science, 2024, 44 ( 6 ) : 3247-3258. ( in Chinese ) )
- [ 72 ] 丁明, 刘丽萍, 孟金柳. 大嵩江流域地表水中 23 种抗生素时空分布特征及生态风险评估 [ J ]. 环境工程, 2023, 41 ( 增刊 2 ) : 6-11. ( Ding Ming, Liu Liping, Meng Jinliu. Distribution characteristics and ecological risk assessment of selected antibiotics in Dasongjiang River, Ningbo [ J ]. Environmental Engineering, 2023, 41 ( S2 ) : 6-11. ( in Chinese ) )
- [ 73 ] 王娅南, 彭洁, 黄合田, 等. 贵阳市城市河流典型抗生素的分布特征 [ J ]. 环境化学, 2018, 37 ( 9 ) : 2039-2048. ( Wang Ya ' nan, Peng Jie, Huang Hetian, et al. Distribution characteristics of typical antibiotics in urban rivers of Guiyang City [ J ]. Environmental Chemistry, 2018, 37 ( 9 ) : 2039-2048. ( in Chinese ) )
- [ 74 ] Yan Shiwei, Ding Ning, Yao Xiunan, et al. Effects of erythromycin and roxithromycin on river periphyton: structure, functions and metabolic pathways [ J ]. Chemosphere, 2023, 316 : 137793.
- [ 75 ] 郭文建, 曹燕燕, 李琳, 等. 固相萃取-超高效液相色谱-串联质谱法同时测定环境水体中 10 种大环内酯类抗生素的含量 [ J ]. 理化检验-化学分册, 2025, 61 ( 5 ) : 577-586. ( Guo Wenjian, Cao Yanyan, Li Lin, et al. Simultaneous determination of 10 macrolide antibiotics in environmental water bodies by ultra-high performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry with solid phase extraction [ J ]. Physical Testing and Chemical Analysis: Part B: Chemical Analysis, 2025, 61 ( 5 ) : 577-586. ( in Chinese ) )
- [ 76 ] Hu Jingrun, Li Si, Zhang Wei, et al. Animal production predominantly contributes to antibiotic profiles in the Yangtze River [ J ]. Water Research, 2023, 242 : 120214.
- [ 77 ] Lee Jangwoo, Feng Ju, Maile-Moskowitz A, et al. Unraveling the riverine antibiotic resistome: the downstream fate of anthropogenic inputs [ J ]. Water Research, 2021, 197 : 117050.
- [ 78 ] Xu Yan, Guo Changsheng, Luo Yi, et al. Occurrence and distribution of antibiotics, antibiotic resistance genes in the urban rivers in Beijing, China [ J ]. Environmental Pollution, 2016, 213 : 833-840.
- [ 79 ] Zhang Yongpeng, Shen Genxiang, Hu Shuangqing, et al. Deciphering of antibiotic resistance genes ( ARGs ) and potential abiotic indicators for the emergence of ARGs in an interconnected lake-river-reservoir system [ J ]. Journal of Hazardous Materials, 2021, 410 : 124552.
- [ 80 ] 张丹丹, 郭亚平, 任红云, 等. 福建省敖江下游抗生素抗性基因分布特征 [ J ]. 环境科学, 2018, 39 ( 6 ) : 2600-2606. ( Zhang Dandan, Guo Yaping, Ren Hongyun, et al. Characteristics of antibiotic resistance genes in downstream areas of Aojiang River, Fujian Province [ J ]. Environmental Science, 2018, 39 ( 6 ) : 2600-2606. ( in Chinese ) )
- [ 81 ] Chaturvedi P, Singh A, Chowdhary P, et al. Occurrence of emerging sulfonamide resistance ( *sul1* and *sul2* ) associated with mobile integrons-integrase ( *int11* and *int12* ) in riverine systems [ J ]. Science of the Total Environment, 2021, 751 : 142217.
- [ 82 ] 许桓, 唐春雷, 范为正. 氨基糖苷类抗生素的研究进展 [ J ]. 中国新药杂志, 2019, 28 ( 15 ) : 1828-1835. ( Xu Huan, Tang Chunlei, Fan Weizheng. Research progress in aminoglycoside antibiotics [ J ]. Chinese Journal of New Drugs, 2019, 28 ( 15 ) : 1828-1835. ( in Chinese ) )
- [ 83 ] 侯运楠. 重金属抗性菌的生物吸附特性及抗性基因 *CzcA* 的克隆表达 [ D ]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
- [ 84 ] Manasi, Rajesh V, Kumar A S K, et al. Biosorption of cadmium using a novel bacterium isolated from an electronic industry effluent [ J ]. Chemical Engineering Journal, 2014, 235 : 176-185.
- [ 85 ] Volesky B. Detoxification of metal-bearing effluents: biosorption for the next century [ J ]. Hydrometallurgy, 2001, 59 : 203-216.
- [ 86 ] Sun Jiali, Wang Xiaoqi, He Yuanjie, et al. Environmental fate of antibiotic resistance genes in livestock farming [ J ]. Archives of Microbiology, 2025, 207 ( 5 ) : 120.
- [ 87 ] 刘崇万, 朱晓华, 杨洪生, 等. 江苏沿海斑点叉尾鮰养殖环境中抗生素抗性基因污染特征及其与环境因子相关性 [ J ]. 生态与农村环境学报, 2025, 41 ( 12 ) : 1633-1642. ( Liu Chongwan, Zhu Xiaohua, Yang Hongsheng, et al. Pollution characteristics of antibiotic resistance genes and their correlation with environmental factors in coastal

- channel catfish (*Ictalurus punctatus*) aquaculture areas of Jiangsu Province [J]. *Journal of Ecology and Rural Environment*, 2025, 41(12): 1633-1642. (in Chinese))
- [88] Chen Yuru, Guo Xingpan, Niu Zuoshun, et al. Antibiotic resistance genes (ARGs) and their associated environmental factors in the Yangtze Estuary, China: from inlet to outlet [J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2020, 158: 111360.
- [89] 邢月, 张雯, 程艳, 等. 西北内陆河抗生素抗性基因赋存特征及其影响因素 [J]. *中国环境科学*, 2023, 43(6): 3077-3086. (Xing Yue, Zhang Wen, Cheng Yan, et al. Distribution characteristics and influencing factors of antibiotic resistance genes in inland rivers of northwest China [J]. *China Environmental Science*, 2023, 43(6): 3077-3086. (in Chinese))
- ( 收稿日期: 2025-06-27 编辑: 胡新宇)
- 
- (上接第 197 页)
- [8] 贾丹妮, 武连洲, 粟晓玲, 等. 跨流域调水工程“用户-枢纽”群联合优化调配 [J]. *水资源保护*, 2024, 40(6): 188-197. (Jia Danni, Wu Lianzhou, Su Xiaoling, et al. Joint optimization and allocation model of “user-hub” group in inter-basin water transfer project [J]. *Water Resources Protection*, 2024, 40(6): 188-197. (in Chinese))
- [9] 刘万新, 刘洋, 王瑶. 南水北调中线受水区 2001—2023 年水资源量与用水量变化分析 [J]. *河海大学学报(自然科学版)*, 2025, 53(5): 18-25. (Liu Wanxin, Liu Yang, Wang Yao. Analysis on changes of water resources quantity and water consumption in water-receiving areas of Middle Route of South-to-North Water Diversion Project from 2001 to 2023 [J]. *Journal of Hohai University (Natural Sciences)*, 53(5): 18-25. (in Chinese))
- [10] 刘为锋, 李云玲, 卢庆文, 等. 新形势下南水北调东线工程主要水源来水演变规律及适应性对策 [J]. *水资源保护*, 2025, 41(2): 165-172. (Liu Weifeng, Li Yunling, Lu Qingwen, et al. Runoff evolution of the main water sources and adaptive measures for Eastern Route of South-to-North Water Diversion Project under new situation [J]. *Water Resources Protection*, 2025, 41(2): 165-172. (in Chinese))
- [11] 张建云, 陈洁云. 南水北调东线工程优化调度研究 [J]. *水科学进展*, 1995, 6(3): 198-204. (Zhang Jianyun, Chen Jieyun. Research on optimal operation of Eastern Route of South-to-North Water Diversion Project [J]. *Advances in Water Science*, 1995, 6(3): 198-204. (in Chinese))
- [12] Liu Yueyi, Zheng Hang, Wan Wenhua, et al. Optimal operation toward energy efficiency of the long-distance water transfer project [J]. *Journal of Hydrology*, 2023, 618: 129152.
- [13] Zhong Huayu, Liao Tao, Fang Guohua, et al. Exploring optimal joint operating rules for large-scale inter-basin water transfer projects with multiple water sources, diversion routes, and water demand areas [J]. *Journal of Hydrology-Regional Studies*, 2023, 49: 101504.
- [14] 王文杰, 吴学文, 方国华, 等. 南水北调东线工程江苏段水量优化调度研究 [J]. *南水北调与水利科技*, 2015, 13(3): 422-426. (Wang Wenjie, Wu Xuewen, Fang Guohua, et al. Optimal water operation in Jiangsu Section of the South-to-North Water Diversion Project [J]. *South-to-North Water Transfers and Water Science & Technology*, 2015, 13(3): 422-426. (in Chinese))
- [15] Cao Minglin, Liu Weifen, Xu Bin, et al. Multi-scenario optimization model for operation of inter-basin water transfer-supply systems considering cost-benefit relationships [J]. *Journal of Water and Climate Change*, 2023, 14(8): 2872-2884.
- [16] 游进军, 林鹏飞, 王静, 等. 跨流域调水工程水量配置与调度耦合方法研究 [J]. *水利水电技术*, 2018, 49(1): 16-22. (You Jinjun, Lin Pengfei, Wang Jing, et al. Study on method for coupling water allocation with project operation for inter-basin water transfer project [J]. *Water Resources and Hydropower Engineering*, 2018, 49(1): 16-22. (in Chinese))
- [17] 钟华昱, 方国华, 闻昕, 等. 洪泽湖和骆马湖北调水位控制对南水北调东线工程江苏段水量调度的影响 [J]. *水资源保护*, 2026, 42(1): 49-58. (Zhong Huayu, Fang Guohua, Wen Xin, et al. Influence of water level control for north water transfer in Hongze Lake and Luoma Lake on water regulation of Jiangsu Section of Eastern Route of South-to-North Water Diversion Project [J]. *Water Resources Protection*, 2026, 42(1): 49-58. (in Chinese))
- ( 收稿日期: 2025-08-08 编辑: 胡新宇)