·环境与职业卫生·

基于高通量测序的成都市家用空调细菌污染特征分析

唐丽[1,2]，张玲[1]，李静洁[1]，宁柱[1]
1.自贡市疾病预防控制中心结核病防治所，四川 自贡 643000；
2.四川大学华西公共卫生学院 / 华西第四医院，四川 成都 610041

摘要：目的　了解成都市家用空调不同部位细菌菌群组成和分布特点，为有效控制家用空调污染提供依据。**方法**　采用方便抽样法，在成都市选取 15 户居民家庭，将每户使用频率最高的家用空调机组纳入研究，针对空调系统的四个关键部位——出风口、过滤网、散热片及接水槽，分别使用无菌拭子采集微生物样本，共获得样本 60 份；对所有样本采取 16s rRNA 测序，测序完成后用生物信息学分析样本的 α 多样性、β 多样性和细菌群落组成等；分别采用单因素方差分析、Kruskal-Wallis 秩和检验判断四个部位的 α 多样性、β 多样性以及表型是否存在差异。**结果**　经高通量测序，60 个样本共获得 52 个细菌门和 1 618 个细菌属；四个部位代表 α 多样性的 sobs 指数、Simpson 多样性指数、Shannon 多样性指数的差异均具有统计学意义（F=12.392，P=1.981 × 10^{-5}；F=6.290，P=1.898 × 10^{-3}；F=8.294，P=3.479 × 10^{-4}）；变形菌门、厚壁菌门、放线菌门是所有样本中的三大优势菌门；甲基杆菌属、红球菌属、假单胞菌属、鞘氨醇单胞菌属占主导地位；共检测到 6 类潜在致病菌属：假单胞菌属、不动杆菌属、葡萄球菌属、芽孢杆菌属、棒状杆菌属、链球菌属；PCoA 分析显示，出风口样本和过滤网样本的细菌群落组成相似，散热片样本和接水槽样本的细菌群落组成相似；四个部位之间的细菌群落组成差异即 β 多样性具有统计学意义（H=41.135，P=3.469 × 10^{-10}）；BugBase 表型组间差异检验结果显示，家用空调 4 个部位的细菌在生物膜形成（H=25.772，P=7.663 × 10^{-7}）、耐受能力（H=14.933，P=1.538 × 10^{-3}）、致病潜力（H=17.606，P=2.169 × 10^{-4}）和革兰阳性菌比例（H=17.882，P=1.737 × 10^{-4}）上均具有统计学差异。**结论**　高通量测序揭示了成都市 15 户家用空调四个部位的细菌群落差异及潜在致病菌分布特征，提示应针对不同部位采取差异化的清洗消毒策略，以降低细菌暴露风险。

关键词：家用空调；细菌污染；高通量测序
中图分类号：R122.1　　**文献标志码**：A　　**文章编号**：1003-8507（2026）07-1228-07
DOI：10.20043/j.cnki.MPM.202511339

Characterization of bacterial contamination in household air conditioners of Chengdu: a high-throughput sequencing analysis

TANG Li*, ZHANG Ling, LI Jing-jie, NING Zhu
Institute for Tuberculosis Control and Prevention, Zigong Center for Disease Control and Prevention, Zigong, Sichuan 643000, China

Abstract: Objective To investigate the composition and distribution characteristics of bacterial communities in different parts of household air conditioners (ACs) in Chengdu, providing a basis for effective contamination control. **Methods** Using convenience sampling, 15 households in Chengdu were selected, with the most frequently used household air-conditioning unit from each household included in the study. Microbial samples were collected using sterile swabs from four key components of the air-conditioning system, including the air outlet, filter screen, heat sink, and condensate tray, resulting in a total of 60 samples. All samples underwent 16S rRNA sequencing, followed by bioinformatics analysis to assess α-diversity, β-diversity, and bacterial community composition. One-way analysis of variance (ANOVA) and the Kruskal-Wallis rank-sum test were employed to determine whether there were differences in α-diversity, β-diversity, and phenotypes among the four components. **Results** Through high-throughput sequencing, the 60 samples collectively yielded 52 bacterial phyla and 1 618 bacterial genera. The differences in the sobs index, Simpson diversity index, and Shannon diversity index, representing the α-diversity of the four components, were all statistically significant (F=12.392, P=1.981×10^{-5}; F=6.290, P=1.898×10^{-3}; F=8.294, P=3.479×10^{-4}). *Proteobacteria*, *Firmicutes*, and *Actinobacteria* were the three dominant phyla across all samples, with *Methylobacterium*, *Rhodococcus*, *Pseudomonas*, and *Sphingomonas* being the predominant genera. Six categories of potential pathogenic genera were detected: *Pseudomonas*, *Acinetobacter*, *Staphylococcus*, *Bacillus*, *Corynebacterium*, and *Streptococcus*. PCoA analysis revealed that the bacterial community composition of air outlet samples was similar to that of filter screen

基金项目：四川大学横向课题(22H0245)
作者简介：唐丽（1999—），女，硕士，医师，研究方向：环境与健康
通信作者：宁柱，E-mail：365814193@qq.com

samples, while the composition of heat sink samples resembled that of condensate tray samples. The differences in bacterial community composition, i.e., β-diversity, among the four components were statistically significant (H=41.135, P=3.469×10^{-10}). BugBase phenotypic intergroup difference testing showed that the bacteria from the four components of household air conditioners exhibited statistically significant differences in biofilm formation (H=25.772, P=7.663×10−7), stress tolerance (H=14.933, P=1.538×10^{-3}), pathogenic potential (H=17.606, P=2.169×10^{-4}), and the proportion of Gram-positive bacteria (H=17.882, P=1.737×10^{-4}). **Conclusion** High-throughput sequencing revealed differences in bacterial community composition and the distribution of potential pathogenic bacteria across four components of household ACs from 15 households sampled in Chengdu. These findings suggest that differentiated cleaning and disinfection strategies should be implemented for different components to reduce the risk of bacterial exposure.

Keywords: Household air conditioners; Bacterial pollution; High-throughput sequencing

空调系统作为调节室内环境的核心设备，其微生物污染与室内空气质量及居民健康风险密切相关。相较于受卫生规范强制监管的公共场所集中式空调[1]，家用空调缺乏系统维护，内部微生物污染状况，尤其是细菌污染，长期被低估，构成了潜在的公共卫生问题。

目前，针对空调系统细菌污染的评估主要依赖于传统培养法[2-3]，该方法虽可定量检测菌落总数及特定致病菌，如军团菌、β- 溶血性链球菌，但难以覆盖不可培养或难培养的细菌，因而无法全面揭示空调内部菌群的复杂性与多样性。近年来，高通量测序技术因不依赖于培养的特性，在环境微生物研究中得到广泛应用，国内外已有研究利用该技术对公共场所集中空调系统的微生物群落进行分析[4-5]。然而，针对家用空调内部多个功能部位进行系统性的细菌群落对比研究仍较为有限。此外，现有研究多侧重于单一技术层面的描述，缺乏将高通量测序结果与传统培养数据相结合，以多维度评估健康风险的整合性分析。

因此，本研究在前期对成都市 15 户家用空调相同样本完成传统微生物培养分析的基础上[6]，进一步采用 16S rRNA 高通量测序技术，对出风口、过滤网、散热片和接水槽四个关键部位的 60 份样本进行深度测序，系统揭示家用空调不同部位细菌群落的组成结构、α 与 β 多样性差异、潜在致病菌分布以及基于 BugBase 的表型功能预测，以弥补传统培养法的不足，为制定针对性的清洗消毒策略提供科学依据。

1　材料与方法

1.1　实验样本　家用空调纳入标准：(1)购买并使用 2 年或 2 年以上；(2) 选择居民家中使用频率最高的空调；(3) 从未进行专业清洗。采用方便抽样法在成都市选择 15 台符合纳入标准的社区居民家用空调，于 2022 年 5—10 月进行入户采样，每台空调的采样点设为 4 个，分别为出风口、过滤网、散热片和接水槽，共计 60 个样本。

1.2　采样方法　将无菌采样棉签于无菌生理盐水中浸湿，分别在家用空调出风口、过滤网、散热片和接水槽的采样点区域进行涂抹采样，横竖交叉来回涂抹 5 次。阴性对照为将浸湿后的棉签暴露于室内空气中 10 s。取样后将棉签头剪断放入无菌冻存管，4 h 内带回实验室，-80 ℃保存。

1.3　实验方法　将采集的拭子样品溶解在 10 ml 磷酸缓冲盐溶液中，然后进行离心沉淀，使用细菌基因组 DNA 提取试剂盒提取各样本的总 DNA，选取细菌 16S rDNA 的 V4-V5 区片段(引物序列：515F：5'-GTGCCAGCMGCCGCGG-3'；907R 5'-CCGTCAATTCMTTTRAGTTT-3')进行聚合酶链式反应(polymerase chain reaction,PCR)扩增。将 PCR 产物用 QuantiFluor™-ST 蓝色荧光定量系统进行检测定量，双链 DNA 总量≥10 μg 且浓度≥50 ng/μl 的样本送上海美吉生物医药科技有限公司进行测序。测序平台为 Illumina MiSeq，采用双端测序(PE300)，每个样本测序深度不低于 20 000 条 reads。

1.4　数据分析　使用 Uparse 软件对序列进行 97% 相似性聚类，生成 OTU 表格。通过 RDP classifier 对 OTU 代表序列进行物种分类分析，并以 Silva 数据库进行比对注释，获得各样本在不同分类级别下的群落组成。进一步利用 Qiime 平台与 R 软件，对细菌群落进行 α 多样性、菌落组成及 β 多样性分析，并采用单因素方差分析与 Kruskal-Wallis 秩和检验，判断四个部位在 α 多样性、β 多样性及表型方面是否存在显著差异。

2　结　果

2.1　物种分类统计　家用空调 4 个部位共收集 60 个样本(每组 15 个样本)，全部建库合格，以 97%相似度聚类，共获得 6 550 个 OTU，归属于 52 个门、154 个纲、358 个目、636 个科、1 618 个属、3 413 个种，见表 1。文献中通常展示门、属水平，后续的物种分析也将从门、属水平出发。

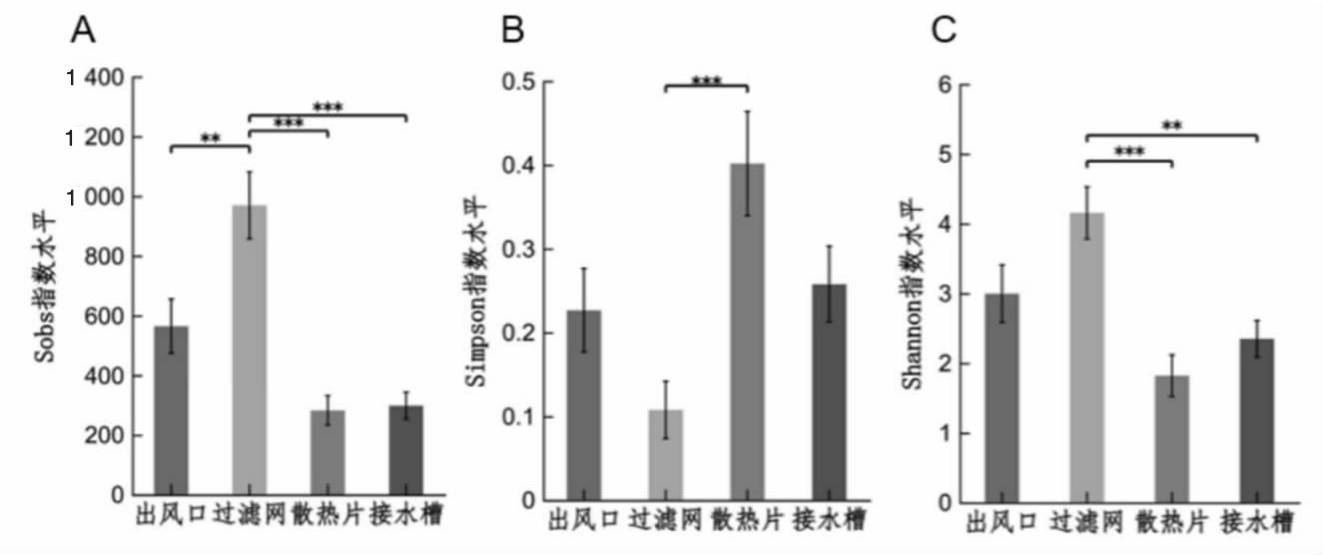
2.2　家用空调各部位样本的 α 多样性分析　图 1 中的 A、B、C 分别展示了四个部位的 sobs 指数、Simpson 多样性指数、Shannon 多样性指数差异检验结果。经单因素方差分析，四个部位的 sobs 指数(F=12.392，

P=1.981 × 10^{-5})、Simpson 多样性指数（F= 6.290，P= 1.898 × 10^{-3})、Shannon 多样性指数（F= 8.294，P= 3.479 × 10^{-4})均存在差异。具体而言，过滤网的 Sobs 指数与 Shannon 指数最高，而 Simpson 指数最低，表明过滤网微生物群落丰富度及多样性均为最高。反之，散热片的 Sobs 指数与 Shannon 指数最低，Simpson 指数最高，说明散热片群落丰富度与多样性最低。出风口和接水槽的多样性指标排序介于两者之间。

表 1　家用空调各部位物种分类统计表

Table 1　Taxonomic composition of household air-conditioner components

分类单元	出风口	过滤网	散热片	接水槽	空调整体
Phylum(门)	46	44	37	34	52
Class(纲)	122	127	104	89	154
Order(目)	284	309	242	227	358
Family(科)	522	542	400	386	636
Genus(属)	1 231	1 368	865	819	1 618
Species(种)	2 311	2 734	1 417	1 339	3 413
OTU	3 806	4 709	1 891	1 913	6 550



注：图 A、B 和 C 分别是四个部位的 sobs 指数、Simpson 多样性指数和 Shannon 多样性指数差异检验；** 表示 P<0.01；*** 表示 P<0.001。

图 1　各部位样本 α 多样性指数差异检验

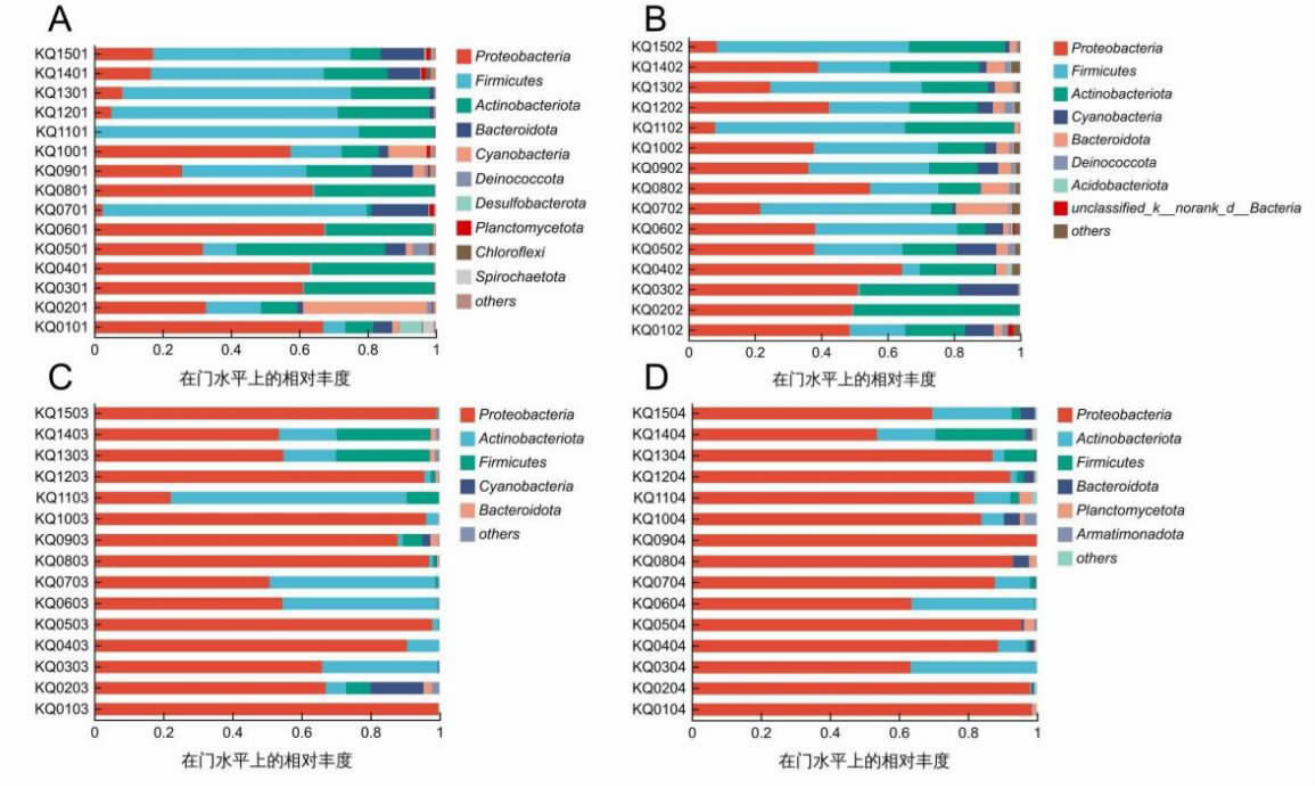
Figure 1　Testing the differences in α-diversity indices among samples from various parts

2.3　家用空调各部位样本的细菌群落组成分析　高通量测序结果显示，不同部位的家用空调样本中微生物群落组成不同。在门水平下，各部位细菌群落结构如图 2 所示，变形菌门（*Proteobacteria*）、厚壁菌门（*Firmicutes*）、放线菌门(*Actinobacteriota*)是三大优势菌门，在样本中三大优势菌门相对丰度之和占比 59.42%～99.88%。

在属水平下，各部位细菌群落结构如图 3 所示，为了便于统计和描述，将同一个部位的样本合并在一起，以均值代表。出风口样本中排名前三的菌属分别是产己酸菌属（*Caproiciproducens*）、红球菌属（*Rhodococcus*）、假单胞菌属(*Pseudomona*)，分别为 12.87%、9.31%、8.54%；过滤网样本排名前三的菌属分别是假单胞菌属、红球菌属、产己酸菌属，分别为 10.31%、6.80%、6.73%；散热片样本排名前三的菌属分别是甲基杆菌属（*Methylobacterium-Methylorubrum*）、红球菌属(*Rhodococcus*)、鞘氨醇单胞菌(*Sphingomonas*)，分别为 48.82%、8.98%、7.55%；接水槽样本排名前三的菌属分别是甲基杆菌属、鞘氨醇单胞菌属、红球菌属，分别为 52.31%、16.42%、5.27%。以上结果提示不同部位的优势菌属在种类和比例上存在一定差异。此外，四个部位的样本中均检出潜在致病菌属：假单胞菌属（*Pseudomonas*）、不动杆菌属(*Acinetobacter*)、葡萄球菌属(*Staphylococcus*)、芽孢杆菌属(*bacillus*)、棒状杆菌属(*Corynebacterium*)、链球菌属(*Streptococcus*)。

2.4　家用空调各部位样本的 β 多样性分析　基于 Bray-Curtis 距离矩阵，利用 PCoA 分析计算样本间的物种距离，样本的细菌群落组成差异越大，PCoA 图中的样本间距离越远，反之距离越近。样本主坐标分析

结果如图 4 所示，PC1 轴和 PC2 轴累积贡献度为 52.86%，表示两轴对细菌群落差异解释度占 52.86%。出风口样本和过滤网样本的距离较近，提示出风口样本和过滤网样本的细菌群落组成相似；散热片样本和接水槽样本的距离较近甚至有的样本发生了重合，提示散热片样本和接水槽样本的细菌群落组成相似。但有部分样本远离该部位样本的集中位置，反映不同家庭的空调内部细菌群落组成存在差异。



注：图 A、B、C 和 D 分别是出风口、过滤网、散热片和接水槽样本群落柱形图。

图 2　各部位样本群落柱形图（门水平）

Figure 2　Phylum-level community composition of samples from different parts

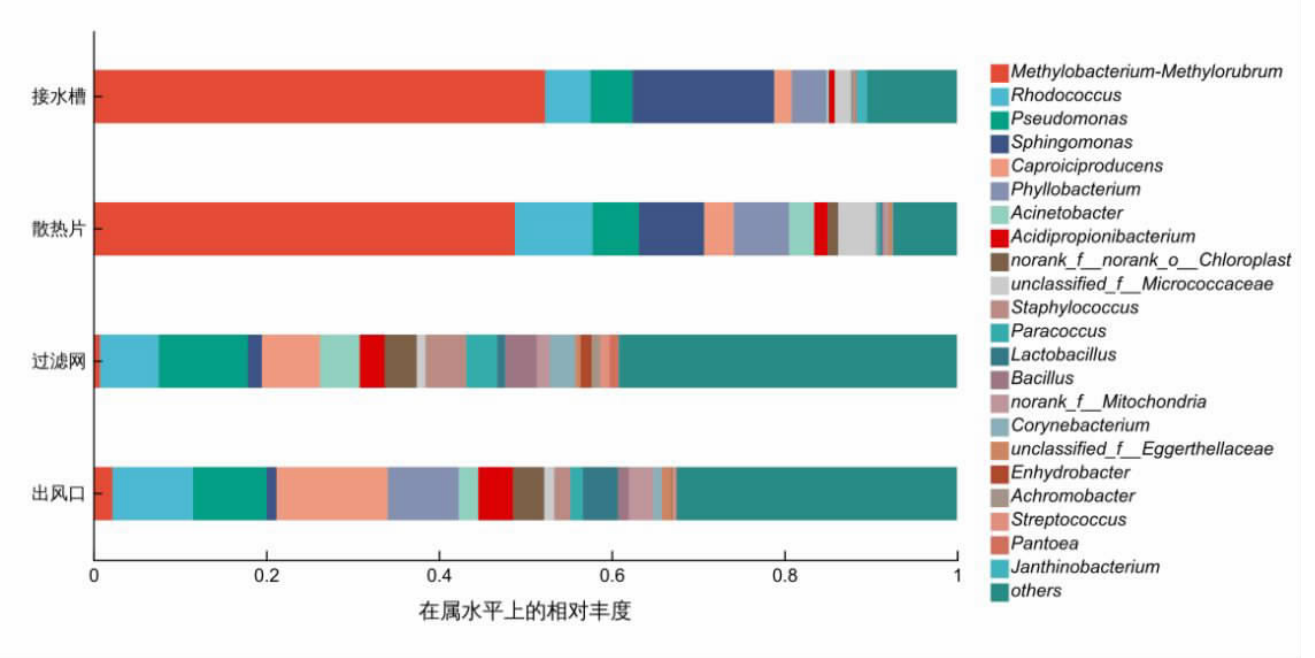


图 3　各部位样本群落柱形图（属水平）

Figure 3　Genus-level community composition of samples from different parts

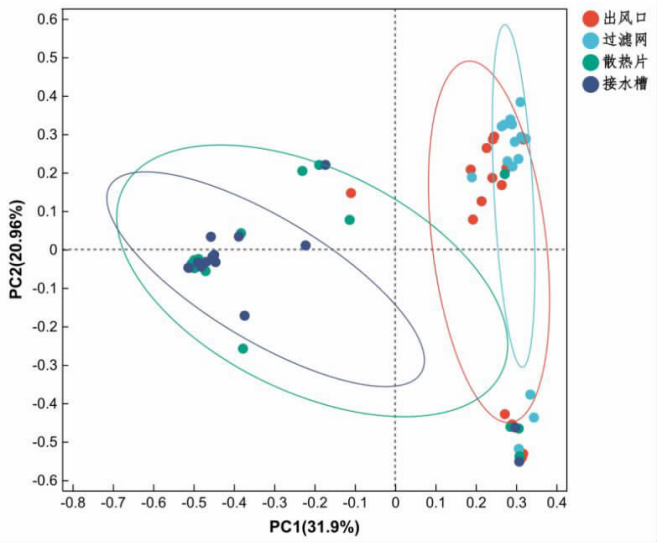


图 4　家用空调各部位微生物群的 PCoA 分析

Figure 4　PCoA of household air-conditioner microbiota by parts

为深入探索不同部位样本细菌群落是否具有差异性，对不同部位之间的距离差异做统计检验，来反映不同部位之间是否存在显著的细菌群落差异。图 5 是四个部位 β 多样性组间差异箱式图，箱子的纵向距离反映了同一部位的样本间的离散程度，出风口样本间的距离相对集中，接水槽样本间的距离相对分散，提示不同家庭的空调出风口细菌群落组成相对接近，而不同家庭的空调接水槽细菌群落组成有较大差异。经 Kruskal-Wallis 秩和检验，四个部位之间的细菌群落组成存在差异性，且差异具有统计学意义。

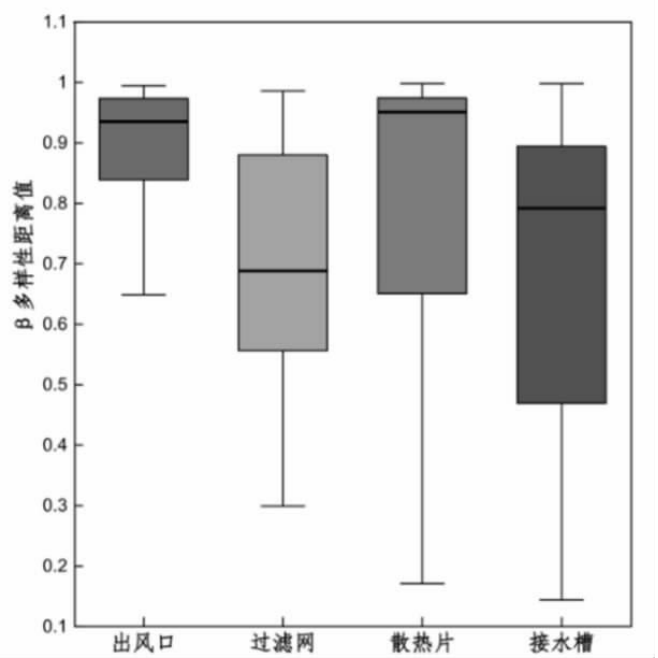


图 5　四个部位 β 多样性组间差异箱式图

Figure 5　Box plot of β-diversity differences among the four parts

2.5　基于 BugBase 的细菌表型功能预测　为探究家用空调样本中细菌群落的功能特征，采用 BugBase 工具对空调四个部位的细菌群落表型进行了预测分析。其中表型类型包括革兰阳性、革兰阴性、生物膜形成、致病潜力、移动元件、氧需求及耐受能力七大类，BugBase 表型组间差异检验结果显示，空调 4 个部位的细菌在生物膜形成、耐受能力、致病潜力和革兰阳性菌比例上均具有统计学差异，见图 6。来自散热片和接水槽的细菌具有更高的生物膜形成和耐受能力；出风口和过滤网中的细菌表现出更高的致病潜力。

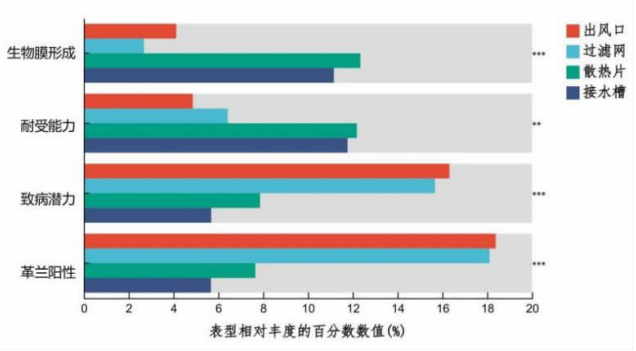


图 6　家用空调细菌菌群功能和表型基因富集的信号通路

Figure 6　Enriched functional and phenotypic gene pathways of household air-conditioner bacterial communities

3　讨　论

家用空调作为室内环境的重要组成部分，其内部积聚的细菌污染问题虽普遍存在，却长期未被公众充分认知与重视。我们前期的传统培养结果显示[6]，清洗消毒前空调各部位细菌总数严重超标，其中接水槽污染最重，细菌总数平均值高达 1.40×10^5 CFU/cm^2，其次为过滤网和散热片。传统培养结果直观地反映了可培养、生长迅速的细菌的生物负载量，凸显了家用空调卫生状况的严峻性。

然而，传统培养方法在揭示家用空调细菌污染的全貌方面存在局限，为此，本研究对相同样本进行 16S rRNA 高通量测序，从定性层面解析家用空调细菌群落物种组成、多样性与结构。本研究共鉴定出 52 个门、1 618 个属，其中变形菌门、厚壁菌门和放线菌门为绝对优势菌门，这一结果与 Hoisington[7]、Sibanda[8]等研究中对空调系统菌群的报道一致，说明空调内部已形成相对稳定的菌群生态。更为重要的是，我们的研究在四个部位均检出潜在致病菌属：假单胞菌属、不动杆菌属、葡萄球菌属、芽孢杆菌属、链球菌属，这些致病菌或条件致病菌对人体的危害已经被充分研究和证实。其中链球菌属在出风口与过滤网亦有分布，而《公共场所集中空调通风系统卫生规范》（WS 394—2012）明确规定送风中不得检出 β- 溶血性链

球菌。结合 BugBase 表型预测显示出风口和过滤网菌群具有较高“致病潜力”，表明家用空调可能成为潜在病原体的传播载体，致病菌可随送风在室内扩散。这一发现提示，家用空调的微生物风险需得到更深入的评估与关注。

通过对空调不同部位样本的 16S rRNA 测序结果进一步分析，我们发现空调不同部位的细菌污染特征存在显著差异。PCoA 分析表明，出风口与过滤网的细菌群落结构相似，而散热片与接水槽的群落结构聚为一类，这种空间分布特征可能与各部位的微环境及污染物来源有关。出风口和过滤网直接暴露于室内气流，菌群主要受空气影响。研究证实，空调过滤网因过滤、吸附空气中的悬浮颗粒物、气溶胶而附着各类微生物，如同一个长期空气采样器[9-10]，成为了多种细菌的定植位点。出风口和过滤网作为空调系统与室内环境的关键界面，应作为日常清洗重点，以有效降低微生物暴露风险。而在空调内部，散热片表面因制冷产生的冷凝水持续流入接水槽，可能导致两个部位的菌群通过水流扩散逐渐相似。我们的研究发现，甲基杆菌属、红球菌属、假单胞菌属和鞘氨醇单胞菌属在散热片和接水槽中占据主导地位，甲基杆菌属即使在寡营养的干燥环境中也能存活并表现出生长的潜力，所以在恶劣环境中甲基杆菌属往往占据较大比例[11-12]。此外，甲基杆菌属与鞘氨醇单胞菌属、红球菌属通常协同形成丰富的生物膜，以抵御不同的环境压力[13]，这从生态机制上解释了为何前期传统培养发现接水槽清洗消毒后合格率仍较低[6]，说明生物膜保护下的菌群更难被物理冲刷和常规消毒剂清除。

进一步评估空调各部位细菌群落的潜在健康风险与功能特征，本研究利用 BugBase 进行了细菌群落表型预测。结果显示，四个部位的细菌在生物膜形成能力、环境耐受性、致病潜力及革兰阳性菌比例上存在显著差异，且该差异与上述群落分布规律高度吻合。具体而言，为适应散热片与接水槽潮湿且动态的微环境（如水流波动、寡营养和间歇干燥等），散热片和接水槽的细菌群落进化出较强的生物膜形成能力与环境耐受性，有助于菌群抵御环境压力，维持长期定植[14]。此发现与前述散热片和接水槽中优势菌属的生物膜形成特性相互印证，提示针对散热片和接水槽的清洗消毒需要更严苛的条件才能达到理想的效果。与之对应的是，出风口和过滤网相对干燥且气流交换频繁，更适合耐受干燥、易通过气溶胶传播的细菌生存，细菌群落表型预测显示出风口与过滤网的细菌群落则表现出更强的致病潜力和更高的革兰阳性菌比例。本研究检出的葡萄球菌属、链球菌属、芽孢杆菌属均属于革兰阳性菌，其中包括金黄色葡萄球菌[15]、肺炎链球菌[16]、化脓性链球菌[17]及炭疽芽孢杆菌[18]等致病菌，可能随送风扩散，构成呼吸道感染风险。以上提示对于出风口和过滤网的清洁，首要目标是高效移除和杀灭附着于表面的潜在病原菌。

本研究通过覆盖空调使用高峰期（5—10 月）的样本测序分析，证实家用空调内部存在丰富细菌及多种潜在致病菌。空调作为室内空气循环核心设备，可能成为微生物暴露的潜在来源，对居民尤其是易感人群健康构成风险。基于此，建议采取更具针对性的清洗消毒策略：对于出风口和过滤网，应实施高频清洁并重点杀灭致病菌；对于散热片和接水槽，则需采用能有效穿透生物膜的专业技术或试剂进行清洗，并确保后续彻底干燥，以破坏其适宜生存环境。

本研究也存在一定的局限性。首先，样本数量有限，研究结果的代表性和外推性需谨慎对待；其次，采样仅在夏季，未包含冬季制热模式下的微生物动态；此外，研究仅聚焦细菌群落，未涉及同样可能构成健康风险的真菌和病毒。未来研究需扩大样本量，实施跨季节纵向采样，并结合宏基因组学等方法，以更全面解析家用空调微生物污染全貌，从而为制定精准的卫生管理规范提供科学依据。

利益冲突声明　本研究不存在任何利益冲突

参考文献

[1] 中华人民共和国卫生部. WS394-2012 公共场所集中空调通风系统卫生规范[S]. 北京：中国标准出版社，2013.
Ministry of Health of the People's Republic of China. WS 394-2012 Hygienic specification for central air conditioning ventilation systems in public places [S]. Beijing: Standards Press of China, 2013. (In Chinese)

[2] 杨晶，邵连军. 2019-2023 年某铁路辖区内集中空调通风系统微生物污染状况调查 [J]. 中国国境卫生检疫杂志，2025，48（2）：135-138.
Yang J, Shao LJ. Investigation of microbial contamination in central air conditioning ventilation systems within a railway jurisdiction from 2019 to 2023 [J]. Chinese Journal of Frontier Health and Quarantine, 2025, 48(2): 135-138.(In Chinese)

[3] 陈永彪，柳娇娇，郭志南，等. 2017-2019 年福建省厦门市公共场所集中空调通风系统卫生状况分析[J]. 现代疾病预防控制，2024，35（5）：390-393.
Chen YB, Liu JJ, Guo ZN, et al. Analysis of hygiene status of central air conditioning ventilation systems in public places in Xiamen City, Fujian Province from 2017 to 2019 [J]. Modern Disease Prevention and Control, 2024, 35(5): 390-393.(In Chinese)

[4] Bakker A, Siegel JA, Mendell MJ, et al. Bacterial and fungal ecology on air conditioning cooling coils is influenced by climate and building factors[J]. Indoor Air, 2020, 30(2): 326-334.

[5] Chen Y, Li X, Gao W, et al. Microfiber-loaded bacterial community in indoor fallout and air-conditioner filter dust [J]. Science of the Total Environment, 2023, 856(Pt 2): 159211.

[6] 唐丽，熊文晓，孙伟莲，等. 家用空调微生物污染现状及清洗消

毒效果的实验研究 [J]. 现代预防医学,2023,50(14):2627-2632, 2644.
Tang L, Xiong WX, Sun WL, et al. Experimental study on current status of microbial contamination and the effectiveness of cleaning and disinfection in household air conditioners[J]. Modern Preventive Medicine, 2023, 50(14): 2627-2632, 2644.(In Chinese)

[7] Hoisington A, Maestre JP, Kinney KA, et al. Characterizing the bacterial communities in retail stores in the United States [J]. Indoor Air, 2016, 26(6): 857-868.

[8] Sibanda T, Selvarajan R, Ogola HJ, et al.Distribution and comparison of bacterial communities in HVAC systems of two university buildings: Implications for indoor air quality and public health [J]. Environ Monit Assess, 2021, 193(1): 47.

[9] 陈琪. 医院空调滤网积尘中耐药菌的生物膜形成能力研究[D]. 武汉:华中科技大学,2020.
Chen Q. Study on biofilm formation capacity of drug-resistant bacteria in dust accumulation on hospital air conditioner filters[D]. Wuhan: Huazhong University of Science and Technology, 2020.(In Chinese)

[10] 倪骏,张海云,陈健,等. 基于 16S rRNA 测序的上海市某三甲医院集中空调通风系统细菌群落的分布特征[J]. ,2025,42(6):732-739.
Ni J, Zhang HY, Chen J, et al. Distribution characteristics of bacterial communities in central air conditioning ventilation systems of a tertiary hospital in Shanghai based on 16S rRNA sequencing[J]. Journal of Environmental & Occupational Medicine, 2025, 42(6): 732-739.(In Chinese)

[11] Park C, Jung HS, Park S, et al. Dominance of Gas-Eating, Biofilm-Forming methylobacterium species in the evaporator cores of automobile Air-Conditioning systems [J]. mSphere, 2020, 5 (1): e00761.

[12] Zhang Y, Peng Y, Qu X, et al. On-orbit microbial succession patterns of the China Space Station during the construction period[J]. Microbiome, 2025, 13(1): 73.

[13] Bridier A, Briandet R, Thomas V, et al. Resistance of bacterial biofilms to disinfectants: a review [J]. Biofouling, 2011, 27 (9): 1017-1032.

[14] Sun D, Liu XB, Zhang Y, et al. Local c-di-GMP signaling, triggered by cross-regulation of cAMP-CRP and c-di-GMP, controls biofilm formation under nutrient limitation [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2025, 122(35): e2516964122.

[15] Touaitia R, Mairi A, Ibrahim NA, et al. Staphylococcus aureus: A Review of the Pathogenesis and Virulence Mechanisms [J]. Antibiotics-Basel, 2025, 14(5): 470.

[16] Darkwah S, Somda NS, Mahazu S, et al. Pneumococcal serotypes and their association with death risk in invasive pneumococcal disease: a systematic review and meta-analysis[J]. Frontiers of Medicine, 2025, 12: 1566502.

[17] Esposito S, Masetti M, Calanca C, et al. Recent changes in the epidemiology of group a streptococcus infections: observations and implications[J]. Microorganisms, 2025, 13(8): 1871.

[18] Ashique S, Biswas A, Mohanto S, et al. Anthrax: a narrative review [J]. New Microbes and New Infections, 2024, 62: 101501.

收稿日期:2025-11-23

读者·作者·编者

优先征集国家、省部级基金项目及重点攻关项目论文启事

为了提高本刊的学术水平，促进本刊发展，特向各医学院校、医院、医学科研机构广泛征集国家、省部级自然科学基金资助项目和重点攻关项目的论文，范围包括基础医学、预防医学和临床医学各专业的论著、调查报告、技术与方法等。对上述专业范围的基金项目或攻关项目产出的文稿须在首页下注明项目名称、项目编号，并提交有关证明的复印件，本刊一经审查合格，将优先发表，免收审稿费。

欢迎积极撰文，踊跃投稿。